

4 3 6

# Julius-Kühn-Archiv

Stefan Kühne, Jörg Hoffmann

## Tagungsband

Fachgespräch „Biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft“

09.-10. Februar 2012, Berlin-Dahlem

## Proceedings

Workshop „Biological Diversity in Agricultural Landscapes“

February 09-10, 2012, Berlin-Dahlem



### **Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI)**

Das Julius Kühn-Institut ist eine Bundesoberbehörde und ein Bundesforschungsinstitut. Es umfasst 15 Institute zuzüglich gemeinschaftlicher Einrichtungen an zukünftig sechs Standorten (Quedlinburg, Braunschweig, Kleinmachnow, Dossenheim, Siebeldingen, Dresden-Pillnitz) und eine Versuchsstation zur Kartoffelforschung in Groß Lüsewitz. Quedlinburg ist der Hauptsitz des Bundesforschungsinstituts.

Hauptaufgabe des JKI ist die Beratung der Bundesregierung bzw. des BMELV in allen Fragen mit Bezug zur Kulturpflanze. Die vielfältigen Aufgaben sind in wichtigen rechtlichen Regelwerken, wie dem Pflanzenschutzgesetz, dem Gentechnikgesetz, dem Chemikaliengesetz und hierzu erlassenen Rechtsverordnungen, niedergelegt und leiten sich im Übrigen aus dem Forschungsplan des BMELV ab. Die Zuständigkeit umfasst behördliche Aufgaben und die Forschung in den Bereichen Pflanzengenetik, Pflanzenbau, Pflanzenernährung und Bodenkunde sowie Pflanzenschutz und Pflanzengesundheit. Damit vernetzt das JKI alle wichtigen Ressortthemen um die Kulturpflanze – ob auf dem Feld, im Gewächshaus oder im urbanen Bereich – und entwickelt ganzheitliche Konzepte für den gesamten Pflanzenbau, für die Pflanzenproduktion bis hin zur Pflanzenpflege und -verwendung. Forschung und hoheitliche Aufgaben sind dabei eng miteinander verbunden.

Weiterführende Informationen über uns finden Sie auf der Homepage des Julius Kühn-Instituts unter <http://www.jki.bund.de>. Spezielle Anfragen wird Ihnen unsere Pressestelle ([pressestelle@jki.bund.de](mailto:pressestelle@jki.bund.de)) gern beantworten.

### **Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for cultivated plants (JKI)**

The Julius Kühn-Institut is both a research institution and a higher federal authority. It is structured into 15 institutes and several research service units on the sites of Quedlinburg, Braunschweig, Kleinmachnow, Siebeldingen, Dossenheim und Dresden-Pillnitz, complemented by an experimental station for potato research at Groß Lüsewitz. The head quarters are located in Quedlinburg. The Institute's core activity is to advise the federal government and the Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection in particular on all issues relating to cultivated plants. Its diverse tasks in this field are stipulated in important legal acts such as the Plant Protection Act, the Genetic Engineering Act and the Chemicals Act and in corresponding legal regulations, furthermore they arise from the new BMELV research plan.

The Institute's competence comprises both the functions of a federal authority and the research in the fields of plant genetics, agronomy, plant nutrition and soil science as well as plant protection and plant health. On this basis, the JKI networks all important departmental tasks relating to cultivated plants – whether grown in fields and forests, in the glasshouse or in an urban environment – and develops integrated concepts for plant cultivation as a whole, ranging from plant production to plant care and plant usage. Research and sovereign functions are closely intertwined.

More information is available on the website of the Julius Kühn-Institut under <http://www.jki.bund.de>. For more specific enquiries, please contact our public relations office ([pressestelle@jki.bund.de](mailto:pressestelle@jki.bund.de)).

**Gemeinschaft der Förderer und Freunde  
des Julius Kühn-Instituts, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen e.V. (GFF)**

Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg,

Tel.: 03946 47-200, E-Mail: [GFF@jki.bund.de](mailto:GFF@jki.bund.de)

Internet: <http://www.jki.bund.de/> Bereich "Über das JKI"

4 3 6

Julius-Kühn-Archiv

Stefan Kühne, Jörg Hoffmann

**Tagungsband**

Fachgespräch „Biologische Vielfalt in der  
Agrarlandschaft“

09.-10. Februar 2012, Berlin-Dahlem

**Proceedings**

Workshop „Biological Diversity in  
Agricultural Landscapes“

February 09-10, 2012, Berlin-Dahlem



**Herausgeber:**

Stefan Kühne und Jörg Hoffmann  
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen  
Institut für Strategien und Folgenabschätzung  
Stahnsdorfer Damm 81  
14532 Kleinmachnow

**Programmkomitee Arbeitsgruppe Biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft des Julius Kühn-Institutes:**

Barbara Baier  
(Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz)  
Holger Beer  
(Leitung)  
Wolfgang Büchs  
(Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde)  
Lothar Frese  
(Institut für Züchtungsforschung an landw. Kulturen mit Versuchsstation zur Kartoffelforschung)  
Jörg Hoffmann  
(Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde)  
Hella Kehlenbeck  
(Institut für Strategien und Folgenabschätzung)  
Stefan Kühne  
(Institut für Strategien und Folgenabschätzung)  
Gritta Schrader  
(Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit)  
Kornelia Smalla  
(Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik)

**Veranstalter:**

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

**Foto Titel:**

Agrarlandschaft in Brandenburg (Märkische Schweiz)  
Jörg Hoffmann, Julius Kühn-Institut

**Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek**

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

ISSN 1868-9892  
ISBN 978-3-930037-86-5  
DOI 10.5073/jka.2012.436.000

© Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg, 2012. Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersetzung, des Nachdrucks, des Vortrages, der Entnahme von Abbildungen, der Funksendung, der Wiedergabe auf fotomechanischem oder ähnlichem Wege und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen, bleiben bei auch nur auszugsweiser Verwertung vorbehalten. Eine Vervielfältigung dieses Werkes oder von Teilen dieses Werkes ist auch im Einzelfall nur in den Grenzen der gesetzlichen Bestimmungen des Urheberrechtsgesetzes der Bundesrepublik Deutschland vom 9. September 1965 in der Fassung vom 24. Juni 1985 zulässig. Sie ist grundsätzlich vergütungspflichtig. Zuwiderhandlungen unterliegen den Strafbestimmungen des Urheberrechtsgesetzes.  
Printed in Germany by Arno Brynda GmbH, Berlin.

## Inhalt – Contents

### Vorworte

Georg F. Backhaus  
Präsident und Professor des Julius Kühn-Institutes, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen 5

Clemens Neumann  
Leiter der Abteilung Biobasierte Wirtschaft, Nachhaltige Land- und Forstwirtschaft des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz 8

### Agrarlandschaft/Lebensräume 11

Jörg Hoffmann, Ina Wiegand, Udo Wittchen, Sigrid Ehlert, Gert Berger, Holger Pfeffer  
**Bewertung und Verbesserung der Biodiversität in landwirtschaftlichen Gebieten unter besonderer Berücksichtigung von Vogelarten als Bioindikatoren** 11

Stefan Kühne, Bernd Freier  
**Saumbiotope und ihre Bedeutung für Artenvielfalt und biologischen Pflanzenschutz** 24

Frank Riepert, Barbara Baier, Dieter Felgentreu, Thomas Strumpf  
**Regenwurmzönosen als Indikatoren der Bodenfruchtbarkeit am Beispiel weinbaulich genutzter Flächen** 37

### Artenvielfalt 44

Wolfgang Büchs  
**Bewertung der Evertebraten-Biodiversität landwirtschaftlicher Nutzflächen – Möglichkeiten und Grenzen der Nutzung biotischer Elemente als Indikatoren für Biodiversität der Agrarlandschaft** 44

Annette Herz  
**1000 Arten für den Pflanzenschutz - die Vielfalt der Nützlinge schützen, fördern und nutzen!** 54

Michael Maixner, Matthias Porten, Thomas Schmitt  
**Wechselwirkungen zwischen der Bewirtschaftung und der Biodiversität von Weinbau-Steillagen** 62

Uwe Starfinger, Gritta Schrader  
**Invasive Pflanzen als Gefahr für die biologische Vielfalt** 67

Jörg Hoffmann, Nils Hempelmann, Michael Glemnitz, Laszlo Radics, Gyula Czimbert, Udo Wittchen  
**Einfluss von Temperatur und Nutzung auf die floristische Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas** 70

Jörg Hoffmann  
**Blütenvielfalt der Wildpflanzenarten in Getreidefeldern Europas** 77

Barbara Baier	
<b>Die Kennzeichnung von Pflanzenschutzmitteln hinsichtlich ihrer Auswirkungen auf Nützlinge – ein Beitrag zur Erhaltung der biologischen Vielfalt</b>	82
Dieter Felgentreu, Frank Riepert, Barbara Baier	
<b>Prüfung der Auswirkungen von Pflanzenschutzmitteln auf die strukturelle Diversität in Böden</b>	86
Monika Höfer, Henryk Flachowsky, Magda-Viola Hanke	
<b>Russisch-Deutsche Kaukasusexpedition 2011</b>	92
<b>Innerartliche Vielfalt</b>	97
Lothar Frese, Christoph Germeier, Marion Nachtigall	
<b>Identifizierung, Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK)</b>	97
Lothar Frese	
<b>Schutz und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen: eine komplexe, langfristige und konflikträchtige Querschnittsaufgabe</b>	107
Lothar Frese, Marion Nachtigall, Jeanette Rode, Frank Ordon, Jens Léon	
<b>Netzwerk zur Erhaltung der Anpassungsfähigkeit von Kulturpflanzen (NEA*-KULT), Teilvorhaben Wintergerste</b>	111
Kornelia Smalla, Holger Heuer	
<b>Mikrobielle Vielfalt in der Rhizosphäre und im Boden</b>	115
Stephan König, Stefan Wagner, Falko Feldmann	
<b>Taxonomische und funktionelle Diversität arbuskulärer Mykorrhizasymbiosen im Pflanzenbau</b>	123
Christoph Germeier, Lothar Frese	
<b>Dokumentation der innerartlichen Vielfalt von Kulturarten – Informationssysteme für pflanzengenetische Ressourcen</b>	130
Christoph Germeier, Matthias Herrmann	
<b>Inwertsetzung pflanzengenetischer Ressourcen des Hafers - ein Beitrag zur Kulturartenvielfalt in der Landwirtschaft</b>	136
Hans Krüger	
<b>Der Nutzen sekundärstofflicher Variabilität in Bezug auf biologischen Pflanzenschutz, Lebensmittel und Phytopharmaka</b>	141
Wolfgang Schütze	
<b>Die Glucosinolate der Brassicaceen – ein Potential für den biologischen Pflanzenschutz</b>	146
Ramona Thieme, Thilo Hammann, Marion Nachtigall	
<b>Genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen Schaderreger bei Kartoffel</b>	153
<b>Autorenverzeichnis – Index of Authors</b>	161

## Vorwort

*Welcome*

Dr. Georg F. Backhaus  
Präsident und Professor  
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen  
Erwin-Baur-Str.27, 06484 Quedlinburg  
praesident@jki.bund.de

DOI: 10.5073/jka.2012.436.001

Das JKI sieht sich als Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen in einer besonderen fachlichen Verantwortung für die Umsetzung der Biodiversitätsstrategie der EU und die Integration der Biodiversitätsziele in eine nachhaltige Landwirtschaft. Das JKI besitzt umfangreiche Expertise im Bereich der landwirtschaftlichen Produktion in Verbindung zu Fragen der Biodiversität für die Bereiche pflanzengenetische Ressourcen, intraspezifische genetische Vielfalt, inhaltsstoffliche Bewertung, Anbausysteme, Kleinstrukturen, Auswirkungen invasiver gebietsfremder Arten, Artenvielfalt und Lebensräume in der Agrarlandschaft u. a. Ziel des Fachgespräches war es, die Expertise und Aktivitäten zur Biodiversität zu kommunizieren und weiter zu vernetzen. Die laufenden Forschungsarbeiten wurden diskutiert und Schlussfolgerungen sowie Empfehlungen für weitere Forschungsarbeiten wurden abgeleitet.

In der EU-Biodiversitätsstrategie wird mit Blick auf das Jahr 2020 das Ziel formuliert, den „... Verlust an biologischer Vielfalt und die Verschlechterung der Ökosystemdienstleistungen aufzuhalten und weitestgehend wiederherzustellen“.

Insgesamt werden 6 sich gegenseitig ergänzende und voneinander abhängige Einzelziele sowie 20 Maßnahmen festgelegt.

Diese 6 Einzelziele sind:

1. Vollständige Umsetzung der Vogelschutz- und der Habitatrichtlinie,
2. Erhaltung und Wiederherstellung von Ökosystemen und Ökosystemdienstleistungen,
3. Erhöhung des Beitrags von Land- und Forstwirtschaft zur Erhaltung und Verbesserung der Biodiversität,
4. Sicherstellung der nachhaltigen Nutzung von Fischereiressourcen,
5. Bekämpfung invasiver gebietsfremder Arten,
6. Beitrag zur Vermeidung des globalen Biodiversitätsverlustes.

Viele Arbeiten des Julius Kühn-Instituts als Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen haben mit Ausnahme des Ziels 4 (Fischerei) engen Bezug zu all diesen Einzelzielen. In den Vorträgen und Postern des Fachgesprächs wurden einige dieser Arbeiten dargestellt. Auf ausgewählte Beispiele mit Bezug zu den Einzelzielen 2 und 3 möchte ich besonders hinweisen.

Laut Biodiversitätsstrategie sollen die Mitgliedsstaaten bis 2014 den Zustand der Ökosysteme und der ökosystemaren Dienstleistungen in ihrem Hoheitsgebiet kartieren und bewerten. Darüber hinaus soll der wirtschaftliche Wert von Ökosystemdienstleistungen bestimmt werden.

Die Erfüllung dieser Forderung der Kommission setzt voraus, dass die Arten und ihre Beziehungen zu den verschiedenen Formen der landwirtschaftlichen Nutzungen sowie ihre Leistungen für die biologische Vielfalt bekannt sind. Die Vorträge des Fachgesprächs zeigen, dass im JKI intensiv zu ausgewählten Bioindikatoren gearbeitet wird. Sie zeigen aber auch, dass die wissenschaftlichen Grundlagen für die Bewertung ihrer Wirkung auf die Biodiversität noch nicht ausreichen. Hier besteht erheblicher Forschungsbedarf.

Die Kommission sieht die Mehrheit unserer Agrarökosysteme und der von ihnen erbrachten ökosystemaren Dienstleistungen als degradiert an. Ganz abgesehen von der Sinnhaftigkeit dieser Feststellung ist aber eine Definition notwendig, welche Ökosysteme in welchem Zustand als degradiert und welche als „nichtdegradiert“ angesehen werden müssen. Wenig zielführend ist es sicherlich, die Vielfalt der agrarisch genutzten Landschaften bewertend über einen Kamm zu scheren. Wir brauchen spezifisch ausgearbeitete Schutzziele für die Biodiversität in den speziellen Agrarlandschaften sowie eine differenzierte Betrachtung der für diese Agrarlandschaften jeweils sinnvollen ökosystemaren Dienstleistungen. Dabei ist auch zwischen naturnahen Biotopen und den eigentlichen landwirtschaftlichen Nutzflächen zu unterscheiden.

Auch dürfen wir nicht vergessen, dass Agrarökosysteme grundsätzlich vom Menschen geschaffen wurden. Eine Prioritätensetzung auf die „Wiederherstellung natürlicher Zustände“ ist daher nicht zielführend. Sinnvoller dürfte es sein, die für die einzelnen Kulturlandschaften typischen Artengemeinschaften zu definieren und zu charakterisieren, und Möglichkeiten aufzuzeigen, sie zu erhalten bzw. wiederherzustellen. In dem Beitrag „Wechselwirkungen zwischen der Bewirtschaftung und der Biodiversität von Weinbau-Steillagen“ wurde dieser Aspekt aufgegriffen. Gerade hier zeigt sich, dass eine schon seit der Römerzeit geschaffene und erhaltene Kulturlandschaft ihre eigenen vielfältigen biologischen Systeme entwickelt hat, die nicht nur durch Kultur- und Anbaumaßnahmen gefährdet sein können, sondern dass auch die Kultur des Steillagenweinbaus ganz oder in Teilen aufgegeben werden musste.

In diesem Zusammenhang sollte die Wiederherstellung nicht nur als Rückkehr zu historischen Formen der Landnutzung verstanden werden, sondern es sollte geprüft werden, inwiefern neue Landnutzungsformen, welche sich unter Berücksichtigung von Klimaanpassungs- und Klimaschutzstrategien heraus entwickeln, zur Wiederherstellung auch der biologischen Vielfalt genutzt werden können.

Aktuell wichtige Ziele der EU 2020-Biodiversitätsstrategie sind die Anbaudiversifizierung sowie die Etablierung von ökologischen Vorrangflächen (7 %). Hierfür werden in der Landwirtschaft effiziente Methoden und Maßnahmen benötigt, die eine leistungsfähige, innovative Produktion mit den gestellten Biodiversitätszielen verbinden und diese verbessert integrieren. Die Ergebnisse werden dabei gegenwärtig sowie auch in der Zukunft anhand der Bioindikatoren, z. B. des Indikators „Artenvielfalt und Landschaftsqualität“ gemessen. Allerdings besteht ein noch erheblicher Forschungsbedarf zu den Wirkungen verschiedener landwirtschaftlicher Nutzungen auf Indikatorarten und mit welchen Maßnahmen effiziente Effekte zur Verbesserung der Habitatbedingungen von Bioindikatoren erreicht werden können. In dem Beitrag „Bewertung und Verbesserung der Biodiversität in landwirtschaftlichen Gebieten unter besonderer Berücksichtigung von Vogelarten als Bioindikatoren“ wird dieses Thema aufgegriffen.

Die Kommission hat angekündigt, bis 2012 eine Strategie für die Förderung grüner Infrastrukturen in städtischen und ländlichen Gebieten zu fördern, um Anreize für Vorab-Investitionen in grüne Infrastrukturprojekte und die Erhaltung von Ökosystemdienstleistungen, beispielsweise durch gezieltere Verwendung von EU-Mitteln und öffentlich-private Partnerschaften, zu schaffen. Es stellt sich natürlich die Frage, was man unter „grüner Infrastruktur in Agrarlandschaften“ versteht. Wir arbeiten im JKI schon seit vielen Jahren, ja Jahrzehnten an dieser Frage. In dem Beitrag „Saumbiotope und ihre Bedeutung für Artenvielfalt und biologischen Pflanzenschutz“ wird gezeigt, welche Bedeutung Saumbiotope oder auch andere Kleinstrukturen für die nachhaltige Landbewirtschaftung, speziell für den nachhaltigen Pflanzenschutz haben.

Grundsätzlich ist der Begriff Biotopvernetzung ein Faktor, der noch mit weiterem Wissen unterlegt werden muss; insbesondere hinsichtlich möglicher Zielkonflikte im Zusammenhang mit der Ausbreitung invasiver Arten. Es stellt sich darüber hinaus die Frage, wie viele Biotope (naturräumlich angepasste und ökologisch wertvolle Flächenanteile bzw. Kleinstrukturen) man in welchen Agrarräumen bräuchte, um die regionalen Biodiversitätsfunktionen der Agrarlandschaft zu verbessern. Das JKI hat hierfür z. B. eine Methode erarbeitet, um den Anteil an Kleinstrukturen in

Agrarlandschaften GIS-gestützt zu erfassen. Im Bundesanzeiger werden die Ergebnisse regelmäßig bekannt gegeben.

Gemäß Einzelziel 3 der Biodiversitätsstrategie soll der Erhaltungszustand von Arten und Lebensräumen, die von der Landwirtschaft abhängen oder von ihr beeinflusst werden, bis 2020 deutlich verbessert werden. Einen Beitrag hierfür kann man leisten, wenn messbare Biodiversitätskriterien in bestehende und in weiter zu entwickelnden Produktionssysteme, z. B. im gesamten Bereich der pflanzlichen Bioenergieerzeugung und des Pflanzenschutzes, integriert werden. So kann durch die gezielte Anwendung nachhaltiger Pflanzenschutzverfahren (z. B. biologischer Pflanzenschutz) die Belastung von Nichtzielorganismen im Agrarökosystem deutlich vermindert werden (siehe Beitrag „1.000 Arten für den Pflanzenschutz – die Vielfalt der Nützlinge schützen, fördern und nutzen“). Positive Ansätze sind hier u. a. im Nationalen Aktionsplan zur nachhaltigen Anwendung von Pflanzenschutzmitteln (NAP) enthalten.

Ein weiteres für das JKI bedeutendes Arbeitsgebiet, die Erhaltung der genetischen Vielfalt der europäischen Landwirtschaft, wird mit der Maßnahme 10 angesprochen. Die Kommission beabsichtigt, Agrarumweltmaßnahmen zu fördern, die der Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Landwirtschaft dienen. Mit der Sektorstrategie „Agrobiodiversität“ des BMELV werden die Potenziale der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft und der Beitrag zur nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt der Bundesregierung sichtbar dargestellt. Die Agrobiodiversitätsstrategie wird durch vier Nationale Fachprogramme zu den pflanzen-, tier-, forst- und aquatischen genetischen Ressourcen mit der Kennzeichnung des konkreten sektorspezifischen Handlungsbedarfs untersetzt. Das Nationale Fachprogramm zu den pflanzengenetischen Ressourcen wird derzeit aktualisiert.

Eine ganze Anzahl von Agrarumweltmaßnahmen der laufenden Förderperiode unterstützt die Erhaltung der genetischen Vielfalt in der Landwirtschaft, wie z. B. Streuobstwiesenprogramme, Extensivierungsmaßnahmen im Grünland, ohne dass immer eine genaue Zielwirkung zur Erhaltung der genetischen Vielfalt aufgeführt ist. Entscheidend wird hier die zukünftige Ausgestaltung der 1. und 2. Säule der GAP sein.

Das JKI leistet besondere Beiträge zur Erhaltung der pflanzengenetischen Vielfalt. Ich denke hier besonders an die Deutsche Genbank Obst und die Genbank Rebe sowie unsere eigenen Genbanken. Das JKI ist beteiligt an der Identifizierung, dem Aufbau und dem Ausbau genetischer Schutzgebiete. Wichtig ist aber auch die züchterische Bearbeitung bisher vernachlässigter Kulturpflanzen, wie z. B. der Lupine oder anderer Eiweißpflanzen.

## Grußwort

*Welcome*

Clemens Neumann  
Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz  
Abteilung Biobasierte Wirtschaft, Nachhaltige Land- und Forstwirtschaft  
Rochusstraße 1, 53123 Bonn  
poststelle@bmelv.bund.de

DOI: 10.5073/jka.2012.436.002

Die Bedeutung der biologischen Vielfalt in allen Bereichen der Landwirtschaft, der Forstwirtschaft und der Fischerei – damit ist natürlich auch die Agrarlandschaft inbegriffen – ist in den letzten Jahren immer stärker in das Bewusstsein der Gesellschaft gerückt.

Der andauernde Verlust an Biodiversität in den meisten Lebensräumen zeigt, dass es eine vorrangige Aufgabe der Zukunft sein wird, die Biodiversitätsziele in die einzelnen Sektorpolitiken noch stärker zu integrieren, um so eine nachhaltige Entwicklung zu fördern. Dies gilt natürlich auch im Bereich der landwirtschaftlichen Produktion.

Ich begrüße daher das heute und morgen stattfindende Fachgespräch, welches die Verbindung zwischen den verschiedensten Aspekten der Biodiversität beleuchtet. Die genetischen Ressourcen auf dem Acker und im Boden werden ebenso betrachtet wie auf ökosystemarer Ebene die Lebensräume in der Agrarlandschaft.

Auf dem Weltnachhaltigkeitsgipfel 2002 in Rio formulierten die Nationen das Ziel, den Rückgang an biologischer Vielfalt in den Natur- und Kulturlandschaften bis 2010 deutlich zu reduzieren. Dieses Ziel, dass wissen wir alle, wurde verfehlt.

Die deutsche und europäische Agrarpolitik haben das Thema „Biologische Vielfalt“ als eine der globalen Herausforderungen der kommenden Jahre und Jahrzehnte benannt.

Um die Nachfrage einer wachsenden Weltbevölkerung nach Lebensmitteln und nachwachsenden Rohstoffen zu sichern, ist eine sozialverträgliche Agrarwirtschaft erforderlich, die Ressourcen schont und die Biologische Vielfalt erhält.

Sie muss unter den Bedingungen des Klimawandels produktiv sein und zugleich zur Verminderung der Treibhausgasemissionen beitragen.

Damit Agrarwirtschaft dies alles leisten kann, muss sie auf ein breites Spektrum unterschiedlichster Pflanzensorten und Tierrassen zurückgreifen können. Gleichzeitig bilden die vielfältigen Leistungen der Ökosysteme eine wesentliche Produktionsgrundlage.

Die Erhaltung der genetischen Vielfalt und der Vielfalt der Ökosysteme – also der Agrobiodiversität – ist damit eine fundamentale Voraussetzung für die Erhaltung der Zukunftsfähigkeit unserer Landwirtschaft.

2007 wurde daher die „Strategie des BMELV für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt in der Ernährung, Land- Forst- und Fischereiwirtschaft“ verabschiedet.

Die „Agrobiodiversitätsstrategie“ fügt sich als Sektorstrategie in die „Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt“ der Bundesregierung ein. Sie ergänzt und konkretisiert diese in vielen Punkten.

Drei Hauptaufgaben prägen die Agro-biodiversitätsstrategie:

- Erhaltungsinfrastruktur sichern und ausbauen,
- Nutzungssysteme weiter entwickeln und
- die internationale Zusammenarbeit verstärken.

In Bezug auf die Sicherung der Erhaltungsstrukturen haben wir in Deutschland bereits viel erreicht. Das gilt vor allem für den Ex-situ-Bereich.

Neben international bekannten Einrichtungen wie der „Bundeszentralen Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen“ in Gatersleben sind in den letzten Jahren zahlreiche weitere Strukturen geschaffen wurden.

Dabei hat das JKI aktiv mitgewirkt und heute eine tragende Funktion, insbesondere in der „Deutschen Genbank Obst“ und der „Deutsche Genbank Reben“.

Im Bereich der In-situ-Erhaltung ist die Situation etwas schwieriger, aber auch hier machen wir Fortschritte.

So bietet z. B. das morgen von Ihnen diskutierte Konzept der „genetischen Schutzgebiete“ einen interessanten Ansatz.

Seit 2005 leistet das BMELV mit der Förderung von Modell- und Demonstrationsvorhaben einen erheblichen Beitrag zur Weiterentwicklung der Strukturen der In-situ-Erhaltung. Dafür stehen im Jahr immerhin bis zu 2 Mio. € an Fördergeldern bereit.

Auch die Möglichkeit, Erhebungsprojekte zur biologischen Vielfalt mit 1,5 Mio. € im Jahr fördern zu können, unterstützt die Schaffung und Stärkung der Erhaltungsstrukturen und Netzwerke.

Eines unserer wesentlichen Anliegen ist die Schaffung und Unterstützung innovativer Nutzungskonzepte für Agrobiodiversität und die genetischen Ressourcen. Denn Schutz und Nutzung sind gleichermaßen wichtig.

Die nachhaltige Nutzung und damit auch die Inwertsetzung der genetischen Ressourcen sichert ihren Erhalt. Unsere Kommunikationskampagne „Biologische Vielfalt - Schutz durch Nutzung“, hat gezeigt, dass wir auch in unserer Rolle als Verbraucher aktiv dazu beitragen können.

Die Möglichkeiten der nachhaltigen Nutzung der biologischen Vielfalt werden in Europa ganz wesentlich von der Gemeinsamen Agrarpolitik bestimmt.

Die Erwartungen an die Politik sind groß. Allen Beteiligten dürfte bewusst sein, dass die Agrarpolitik nach 2013 stärker als bisher auf die zentralen Herausforderungen ausgerichtet sein muss.

Daher wird von uns, die im Rahmen des Reformprozesses der Agrarpolitik angestrebte Stärkung der Umweltbeiträge durch die GAP unterstützt, allerdings müssen diese in angemessener Weise mit den Zielen der Nahrungsmittelversorgung und der Bereitstellung nachwachsender Rohstoffe für die energetische und stoffliche Nutzung in Einklang stehen.

Hier könnte z. B. der Vorschlag der EU-Kommission mindestens 7 % der Fläche eines Betriebes als ökologische Vorrangfläche bereit zu stellen zu Zielkonflikten führen, wenn auf diesen Flächen überhaupt keine landwirtschaftlichen Produkte mehr erzeugt werden dürften.

Vor dem Hintergrund, dass der Flächenverbrauch für Siedlungs- und Verkehrszwecke in Deutschland pro Tag 77 ha (Wert 2010) beträgt, verschärft sich der Nutzungskonflikt um landwirtschaftliche Produktionspotentiale zusätzlich.

Daher sollten insbesondere bestimmte Agrarumweltmaßnahmen als auch bestimmte Flächen des Natura 2000 Schutzgebietsnetzwerkes auf die Vorrangflächen angerechnet werden sowie der Anbau von Kulturen ohne Stickstoffdüngung auf diesen Flächen zugelassen werden.

Bei der Umsetzung eines solchen Ansatzes im Rahmen der GAP nach 2013 könnten gleichermaßen die Ziele zum Erhalt eines produktiven Agrarsektors in Europa und zur Steigerung der Umweltbeiträge durch die GAP realisiert werden.

Dies bedeutet, um auf die Zielsetzung ihres Fachgespräches zurückzukommen, dass wir die Biodiversität in den Agrarlandschaften und deren Gefährdungsursachen zunächst bewerten müssen, um dann zielgerichtete Maßnahmen zum Erhalt und der nachhaltigen Nutzung der Agrobiodiversität entwickeln zu können,

Und zwar im Kontext auch aller anderen Herausforderungen, namentlich Welternährung und Klimawandel.

Die dritte Säule der Agrobiodiversitätsstrategie, meine Damen und Herren, ist die Stärkung der internationalen Zusammenarbeit. Diese Zusammenarbeit war von Anfang an ein wichtiger Baustein unserer Arbeit.

Die globalen Herausforderungen – und zu diesen gehört auch der Erhalt der biologischen Vielfalt in der Land- und Ernährungswirtschaft - können nicht allein national bewältigt werden.

Ebenso wie wir uns z.B. in der FAO auf globaler Ebene engagieren, ist auch Ihre Forschung international ausgerichtet.

An dieser Stelle möchte ich mich auch für die umfangreiche und sehr wertvolle Unterstützung bedanken, die sie durch Ihre Arbeit am Institut und durch die Entsendung von Experten aus Ihrem Institut in die verschiedensten europäischen und globalen Gremien leisten.

Die Umsetzung der Agrobiodiversitätsstrategie wird in weiten Teilen von den nationalen Fachprogrammen in den Sektoren Pflanze, Forst, Tier, Fischerei und Mikroorganismen getragen.

Das „Nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen“ wurde bereits 2002 verabschiedet.

In den vergangenen 10 Jahren haben wir mit diesem Fachprogramm gearbeitet und es konsequent weiterentwickelt. An diesen Arbeiten hat auch das JKI aktiv mitgewirkt. Eine Neuauflage steht kurz vor dem Abschluss.

Als eine wichtige Forderung der Agrobiodiversitätsstrategie wird derzeit das Fachprogramm „Mikroorganismen“ entwickelt. Der Überbegriff Mikroorganismen umfasst dabei die gesamte assoziierte Biodiversität vom Virus bis zu den Invertebraten.

Dabei ist das JKI ebenfalls wesentlich an den bisherigen Arbeiten, insbesondere für den Bereich Boden, beteiligt.

Auch hier möchte ich dem JKI für die hervorragende Arbeit danken und gleichzeitig betonen, dass dieses Vorhaben auch weiterhin den Einsatz und die Expertise des JKI benötigt.

Ich wünsche diesem Symposium einen guten Verlauf, viele interessante Diskussionen und Anregungen für unsere und Ihre tagtägliche Arbeit. Ich hoffe, dass wir alle neue Impulse für unsere weitere Arbeit gewinnen können.

## Agrarlandschaft/Lebensräume

### Bewertung und Verbesserung der Biodiversität in landwirtschaftlichen Gebieten unter besonderer Berücksichtigung von Vogelarten als Bioindikatoren

*Evaluation and improvement of biodiversity in arable landscape under consideration of bird species as bio-indicators*

Jörg Hoffmann<sup>1\*</sup>, Ina Wiegand<sup>1/2</sup>, Udo Wittchen<sup>1</sup>, Sigrid Ehlert<sup>2</sup>, Gert Berger<sup>2</sup> & Holger Pfeffer<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Stahnsdorfer Damm 81, D-14532 Kleinmachnow

<sup>2</sup> Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung, Eberswalder Straße 84, D-15374 Müncheberg

\* Korrespondierender Autor, joerg.hoffmann@jki.bund.de, +49(0)33203 48360

DOI: 10.5073/jka.2012.436.003

#### Zusammenfassung

Agrarlandschaften besitzen hohe Funktionen für den Erhalt der Biodiversität. Besonders in Ackerbaugebieten gehen jedoch, entgegen den Biodiversitätszielen, zunehmend Lebensraumfunktionen und biologische Vielfalt verloren. Wichtige Bioindikatoren sind in diesem Zusammenhang Vogelarten, deren Vorkommen und Abundanzen als Maßstab für Artenvielfalt und Landschaftsqualität gelten.

Um präzise Informationen über die Lebensraumansprüche von Indikatorvogelarten in Ackerbaugebieten zu gewinnen, wurden avifaunistische Erhebungen nach der Methode der Revierkartierung in Verbindung mit landwirtschaftlichen Untersuchungen auf 29, je 1 km<sup>2</sup> großen Untersuchungsgebieten 2009 und 2010 durchgeführt. Die Datenaufnahmen sowie Analysen erfolgten in einem hierarchisch strukturierten Versuchsdesign mit den Komponenten Agrarlandschaft, Agrarlandschaftsteile, Kulturen/Biotope, Vegetationsstrukturen und Habitatmatrix.

Es wurden die Artenvielfalt sowie die Abundanzen in den räumlichen Skalen unter Berücksichtigung unterschiedlicher Anbaukulturen ermittelt. Die Abundanzen weisen am Beispiel der Feldlerche auf den Bedarf für lichte Vegetationsstrukturen (Höhe, Deckungsgrad, Dichte) der Kulturen hin. Mit Hilfe der Habitatmatrixanalysen wurden die Revierflächenkonfigurationen von Feldlerche, Graumammer, Goldammer, Schafstelze, Braunkehlchen und Neuntöter ermittelt. Der Vergleich mit der Situation in der Agrarlandschaft zeigt erhebliche Lebensraumdefizite der Indikatorarten auf. Demnach besteht ein hoher Flächenbedarf für naturnahe Graslandvegetation, hier besonders selbstbegrünte Ackerbrachen sowie für artspezifische Mindestanteile naturnaher Kleinstrukturen. Hohe Fruchtartenvielfalt trägt zur Vegetationsstrukturvielfalt und damit auch zur Artenvielfalt bei. Ermittelte Habitatkonfigurationen können für stärker auf die Erhaltung der Biodiversität ausgerichtete Agrarumweltmaßnahmen einen Beitrag leisten.

**Stichwörter:** Vogelmonitoring, Ackerbaugebiete, Brutvögel, Bioindikatoren, Revierkartierung, Abundanzen, Habitatmatrix, Vegetationsstrukturen

#### Summary

Agricultural landscapes have crucial functions for biodiversity conservation. Contrary to the goals of biodiversity protection the habitat functions and the biological diversity are deteriorating, especially in arable areas. In this respect, the occurrence and abundance of bird species are important indicators for biological diversity and landscape quality.

In order to gain precise information about the preferred habitats for indicator bird species in arable areas, we conducted field studies according to the territory mapping method combined with data of the agricultural land use. We studied 29 agricultural areas, each with a size of 1 km x 1 km in 2009 and 2010. In a hierarchical design we analyzed habitat characteristics on different spatial scales: agricultural landscape, sections of agricultural landscape, habitats, including crops, vegetation structure, and habitat matrix.

The species diversity and the abundances were calculated for the various spatial scales in relation to the agricultural crops. For example, the abundances of the skylark pointed to a preference for a more open, light vegetation structure (height, coverage, density) of the crops. With help of vegetation matrix analysis the habitat configurations of the territories for skylark, corn bunting, yellowhammer, yellow wagtail, whinchat and red-backed shrike were analyzed. In comparison of this configurations to the habitat structures in the agricultural landscape, significant deficits of suitable habitats for farmland bird are evident. Especially, a need for natural and semi-natural grassland vegetation, e.g. self greened fallow fields and bird species specific minimum occurrence of semi-natural habitat structures like hedges or small water bodies become clear. A high diversity of crops contributes to high diversity of vegetational diversity and thus to bird species diversity. The identification of suitable habitat configurations for farmland bird species can be translated into meaningful approaches for the conservation of biodiversity, e.g. through agri-environmental schemes.

**Keywords:** bird monitoring scheme, arable landscape, breeding birds, bio-indicators, territory mapping, abundances, habitat matrix, vegetation structures

## 1. Einleitung

Das in sehr unterschiedlichen Facetten ausgeprägte Ackerland bildet in Verbindung mit einem oft bestehenden räumlichen Mosaik naturnaher Kleinstrukturen den für Vogelarten artenreichsten Lebensraum unter den Agrarland-Haupttypen (WEIJDEN *et al.*, 2010). Hohe Artenvielfalt besitzen dabei vor allem jene Gebiete, die sich durch Nutzungs- und Strukturvielfalt auszeichnen. Aktuell weisen jedoch zahlreiche Ergebnisse darauf hin, dass besonders durch Nutzungsintensivierungen in den Ackerbaugebieten und einer Verringerung der regionalen Kulturpflanzenvielfalt die avifaunistische Artenvielfalt des Agrarlandes stark rückläufig ist (z. B. NEWTON, 2004; DONALD *et al.*, 2006; WRETENBERG *et al.*, 2006; GEIGER *et al.*, 2010). Ein deutliches Signal für den Bestandsrückgang der Agrarlandvogelarten in Europa ist im Vogelindikator der EU sowie in den einzelnen europäischen Ländern erkennbar (PECBMS, 2009, EEA, 2010).

Agrarflächen sollen möglichst dauerhaft Produktionsfunktionen für die wirtschaftlich rentable Erzeugung von Nahrungs- und Futtermitteln sowie von nachwachsenden Rohstoffen erfüllen und gleichzeitig Ökosystemfunktionen gerecht werden, insbesondere die Erhaltung der Biodiversität gewährleisten. Folglich sind mit den Agrarflächennutzungen negative Auswirkungen auf die Biodiversität zu vermeiden und die Erhaltung und Verbesserung der Lebensraumfunktionen zu sichern (BMELV, 2008; FEINDT *et al.*, 2011).

Nachdem bundesweit die für 2010 anvisierten Biodiversitätsziele im Agrarbereich überwiegend nicht erreicht wurden, sollen sie nun im Rahmen der neuen EU-Biodiversitätsstrategie (EUROPEAN COMMISSION, 2011) bis 2020 verwirklicht werden. Für diese ambitionierte Zielstellung dienen als wichtige Messgrößen ausgewählte Bioindikatoren, insbesondere der durch ein bundesweites Monitoring jährlich erfasste Bestandsindex einiger Brutvogelarten des Indikators „Artenvielfalt und Landschaftsqualität“. Der nach Hauptlebensräumen differenzierte Indikator charakterisiert für die Agrarlandschaft in Deutschland gegenwärtig ein niedriges Index-Niveau von etwa 66 % mit statistisch signifikantem Trend weg vom Zielwert 100 % (SUDFELDT *et al.*, 2010; BMU, 2010, S. 13). Die Situation in den Agrargebieten Europas ist vergleichbar (PECBMS, 2009). Unter den landwirtschaftlichen Hauptnutzungen zeichnen sich vornehmlich in den Ackerbaugebieten die Bedingungen für die Bestandssituation der Agrarvogelarten als besorgniserregend ab (FLADE *et al.*, 2011), mit zunehmender Verschlechterung der Biodiversität. In diesen Gebieten sind daher dringend Maßnahmen zu identifizieren und in entsprechendem Umfang in die landwirtschaftlichen Praktiken einzubeziehen, mit den Zielen, weitere Verluste der biologischen Vielfalt zu vermeiden und eine Verbesserung der Biodiversität anzusteuern.

Der gegenwärtig bestehende Vogelindikator informiert jedoch als dimensionsloser Bestandesindex nicht über aktuelle Abundanzen und Populationsgrößen der Indikatorvogelarten. Ferner bestehen auf Grund praktizierter Erhebungsmethoden keine hinreichenden Informationen über Ursache-Wirkungsbeziehungen zwischen landwirtschaftlichen Nutzungen und Bestandsveränderungen der Indikatorarten. Bisherige Agrarumweltmaßnahmen in Ackerbaugebieten sind zudem für den Erhalt der Biodiversität schwach ausgerichtet und daher bislang ohne hinreichenden Erfolg.

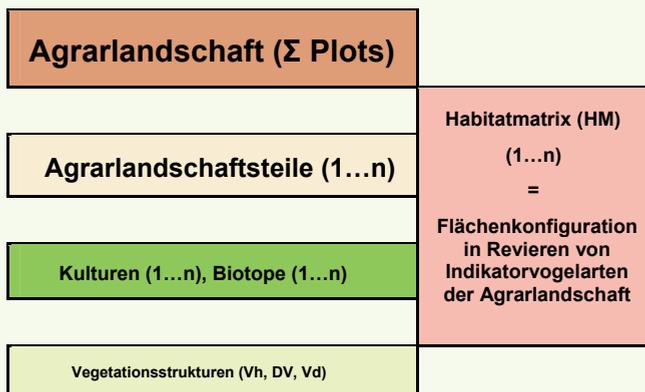
Um wirkungsvollere Agrarumweltmaßnahmen mit den Landwirten zu etablieren, besteht daher ein hoher Bedarf für Kenntnisse zum Einfluss der Anbaukulturen und Biotope sowie der räumlichen Konfiguration beider Flächentypen auf die Bestände der Indikatorvogelarten.

Im Rahmen des Projektes „Biodiversität in Ackerbaugebieten“<sup>1</sup> wurde daher die Zielstellung verfolgt, durch Verbindung von avifaunistischen Erhebungen parallel mit landwirtschaftlichen Untersuchungen möglichst präzise Informationen über die Lebensraumsansprüche der Indikatorvogelarten in Ackerbaugebieten zu gewinnen. Zu diesem Zweck war ein landwirtschaftlich ausgerichtetes Versuchskonzept zu entwickeln und in Ackerbaugebieten anzuwenden. Durch Datenanalysen waren dann Effekte der Anbaukulturen und der Biotopstrukturen auf die Artenvielfalt und die Abundanzen der Indikatorarten zu identifizieren und mit Hilfe von Habitatmatrixanalysen günstige Flächenkonfigurationen für Anbaukulturen und Biotope zur Verbesserung der Biodiversität zu ermitteln.

## 2. Material und Methoden

### 2.1 Modellstruktur für Felderhebungen und Datenanalysen

Das Versuchsdesign wurde in einer hierarchischen Struktur konzipiert (Abb. 1). Das landwirtschaftlich basierte Vogel-Monitoring wurde dazu hinsichtlich der späteren Datenanalysen mit Relevanz für die gesamte Agrarlandschaft sowie einzelne Agrarlandschaftsteile, Kulturen, Biotope und schließlich auch Vegetationsstrukturen der verschiedenen Kulturen ausgerichtet. Von besonderer Bedeutung für die Identifikation der Flächenkonfigurationen von Indikatorvogelarten, die im Vergleich zur gesamten Agrarlandschaftsanalyse ausschließlich in den Brutrevieren der Individuen der einzelnen Arten erfolgen, sind die Habitatmatrixanalysen mit übergreifendem Raumbezug (Abb. 1).



**Abb. 1** Hierarchische Struktur des landwirtschaftlich basierten Vogel-Monitorings für Datenanalysen in unterschiedlichen räumlichen und strukturellen Ebenen

**Fig. 1** Hierarchical structure of the agricultural based bird monitoring scheme for the data analysis in different spatial and structural levels

### 2.2 Untersuchungsregion und Felderhebungsmethoden

Die Felderhebungen wurden im Bundesland Brandenburg auf insgesamt 29, je 1 km<sup>2</sup> großen Untersuchungsgebieten in der Agrarlandschaft 2009 und 2010 durchgeführt. Tabelle 1 informiert über die auf diesen Plots vorkommenden Nutzungen und Kleinstrukturen (Biotope). Es dominierten

<sup>1</sup> BMELV-gefördertes und von BLE betreutes Projekt (Förderkennzeichen 2808HS033) in Zusammenarbeit von ZALF und JKI: <http://pub.jki.bund.de/index.php/BerichteJKI/issue/current>

die Ackerkulturen Winterweizen, Winterraps, Schwarzbrache/Mais sowie selbstbegrünte ältere Ackerbrachen, die überwiegend typische Graslandvegetationsstrukturen aufwiesen.

Auf den Plots wurden mit Hilfe der Methode der Revierkartierung durch 8 Feldbegehungen von März bis Juli in zweiwöchentlichem Takt die vorkommenden Arten ermittelt. Dabei wurde zwischen Brutvogelarten (revieranzeigende Arten) sowie Rast- und Nahrungsgästen unterschieden. Die Identifikation von revieranzeigenden Arten erfolgte nach den üblichen Methoden der Revierkartierung (DORNBUSCH, 1968; OELKE *et al.*, 1968; FISCHER *et al.*, 2005; HOFFMANN *et al.*, 2012). Die Lage ermittelter Revierpunkte (RP) wurde dazu während der Feldbegehungen in Feldkarten lagegetreu eingetragen. Die RP wurden anschließend digitalisiert und in Datenbanken abgelegt. Für die Feldkartierungen der Vogelarten wurde je 100 ha Plot und Feldbegehung im Mittel ein Zeitaufwand von 230 Minuten getätigt.

Parallel erfolgte eine komplette Erfassung der Schlagkonturen und der Schlaggrößen aller Nutzflächen, die Ermittlung der darauf befindlichen Kulturen und der Vegetationsstrukturen dieser Kulturen. Um eine vollständige Information über die Flächenzusammensetzung der Untersuchungsgebiete zu erhalten, wurden ferner die Biotope basierend auf dem Brandenburger Biotoptypenschlüssel (LUA, 1994) kartiert. Die erhaltenen Datensätze wurden digitalisiert sowie für nachfolgende Analysen in Datenbanken abgelegt (HOFFMANN *et al.*, 2012).

**Tab. 1** Kulturen und Biotope mit Flächenanteilen (ha und %) der untersuchten 29 km<sup>2</sup> Ackerbaulandschaft 2009 und 2010

**Tab. 1** *Cultivated plants and biotopes (areas in ha and %) of the investigated 29 km<sup>2</sup> by arable land dominated landscape 2009 and 2010*

Jahr	Nutzungen									
	Winterweizen		Winterraps		Mais		Ackerbrache		andere Kulturen	
	ha	%	ha	%	ha	%	ha	%	ha	%
<b>2009</b>	755	26,0	645	22,2	496	17,1	407	14,1	470	16,2
<b>2010</b>	609	21,0	689	23,8	649	23,1	337	11,6	415	14,3

Jahr	Biotope											
	Gehölze		Grasland		Gewässer		Verkehrsfl.		Siedlungsfl.		Moor / Sumpf	
	ha	%	ha	%	ha	%	ha	%	ha	%	ha	%
<b>2009</b>	51,7	1,8	33,5	1,2	24,5	0,8	9,1	0,3	5,2	0,2	3,3	0,1
<b>2010</b>	51,4	1,8	31,5	1,2	29,0	1,0	7,2	0,25	14,5	0,5	5,6	0,2

### 2.3 Ermittlung von Artenvielfalt und Abundanzen

Die Artenvielfalt wurde aus der Summe der ermittelten Arten der Kategorie Brutvögel sowie separat der Rast- und Nahrungsgäste analysiert. Dabei fanden die Raumeinheiten Agrarlandschaft sowie Agrarlandschaftsteile, die eine unterschiedliche Dominanz einzelner Anbaukulturen aufwiesen, Berücksichtigung.

Die Berechnung der Abundanz, als eine Maßzahl für die Siedlungsdichte der revieranzeigenden Arten (Brutvögel), erfolgte für die normierte Bezugseinheit „Reviere je 100 ha“ für den Raumbezug Landschaft und für die weiteren Raumeinheiten um eine 10er Potenz kleiner in „Reviere je 10 ha“. Ergänzend wurde die Maßzahl ERN berechnet. Diese Kenngröße charakterisiert die mittlere Flächengröße, die zur Erfassung eines Reviers im Feld kartiert werden musste. ERN kann für jeden beliebigen Zeitabschnitt der Feldkartierungen in der Einheit „ha“ berechnet werden.

### 2.4 Analyse von Vegetationsstrukturen in Beziehung zu Abundanzen

Besonderen Einfluss auf die Habitataignung der Agrarflächen besitzen die Vegetationsstrukturen. Diese unterscheiden sich bei einzelnen Anbaukulturen oft stark. Während der Brutzeit von März bis

Juli treten zudem mit der jahreszeitlich gesteuerten Vegetationsentwicklung deutliche Veränderungen der Vegetationsstrukturen in Erscheinung. Während jeder der acht Begehungen auf den Plots wurden daher schlag- und kulturartenbezogen die Merkmale Vegetationshöhe (Vh), Deckungsgrad der Vegetation (DV) und Vegetationsdichte (Vd) auf allen Schlägen geschätzt (Tab. 2). Je nach Ausprägung der einzelnen Vegetationsmerkmale erfolgte dies anteilig entsprechend der in Tabelle 2 aufgeführten Kategorien. Die erhaltenen Daten wurden in Datenbanken abgelegt und anschließend flächengewichtet, Vegetationsindexwerte für die Vegetationsmerkmale Vh, DV und Vd im Wertebereich von 0–1 errechnet (HOFFMANN *et al.*, 2012).

**Tab. 2** Kategorien für die Schätzung von Vegetationsparametern: Höhe (Vh), Deckungsgrad (DV) und Dichte (Vd) je einzelne Ackerfläche

**Tab. 2** *Categories for the estimation of vegetation parameters: Height (Vh), coverage (DV) and density for evaluated arable fields*

Vegetationsmerkmale	Kategorien (Flächenanteile in % von 100)			
Vh (m)	0-0,25	>0,25-0,5	>0,5-0,75	>0,75
DV (%)	0-25	>25-50	>50-75	>75
Vd	gering	mittel	hoch	sehr hoch

### 2.5 Identifikation günstiger Flächenanteile in den Revieren von Indikatorarten

Vogelarten bzw. die Individuen der Arten wählen aus der in der Landschaft bestehenden gesamten Flächenkonfiguration die Bereiche als Brutrevier aus, die ihren Lebensraumsansprüchen entsprechen. Agrarlandschaften können daher, je nach bestehenden Nutzungs- und Biotopstrukturen, Reviere einzelner Arten aufweisen oder nicht. Üblicherweise werden die Habitatqualitäten durch Angabe von Siedlungsdichten in bestimmten Landschaftsteilen oder aber einzelnen Biotopen angegeben. Eine genauere Quantifizierung der durch die Arten tatsächlich ausgewählten Flächenzusammensetzung wird jedoch erst durch einen Blick in die engere Revierumgebung möglich. Um diese Informationen zu erhalten, wurden Habitatmatrixanalysen (HMA) im Revierbereich durchgeführt. Unter HMA werden, bezogen auf die ermittelten Revierpunkte der revieranzeigenden Individuen, vollständige Analysen der die einzelnen Revierpunkte umgebenden Flächen, hier die Nutzflächen und Biotope, verstanden. Die HMA erfolgten auf der Basis der digitalisierten Revierpunkte (RP) im zeitlichen Verlauf von März bis Juli für Umgebungsradien von  $r=10$  m ( $314 \text{ m}^2$ ) bis  $r=100$  m ( $31.400 \text{ m}^2=3,14 \text{ ha}$ ), jeweils in 10 m-Schrittweiten (HOFFMANN *et al.*, 2012). Auf diese Weise wurde die Zusammensetzung aller Flächenanteile der Nutzungen und der Biotope bei schrittweiser Vergrößerung der betrachteten Revierfläche um den ermittelten Revierpunkt quantitativ (Umfang) und qualitativ (Arten der Nutzungen und der Biotope) analysiert. Die HMA wurden für die Indikatorvogelarten Feldlerche (*Alauda arvensis*), Grauammer (*Emberiza calandra*), Goldammer (*Emberiza citrinella*), Schafstelze (*Motazilla flava*), Braunkehlchen (*Saxicola rubetra*) und Neuntöter (*Lanius collurio*) durchgeführt. Mit Hilfe des Programmpaketes SAS wurden die analysierten Daten für die betrachteten Arten über den gesamten Erfassungszeitraum von März bis Juli ausgewertet (vgl. HOFFMANN *et al.*, 2012).

### 3. Ergebnisse

Nachfolgend werden ausgewählte Ergebnisse der Datenanalysen aufgeführt. Ausführlichere Informationen finden sich in HOFFMANN *et al.*, 2012 sowie digital unter <http://pub.jki.bund.de/index.php/BerichteJKI/article/viewFile/1809/2150>.

#### 3.1 Artenvielfalt und Abundanzen

In der untersuchten Agrarlandschaft wurden 103 revieranzeigende Vogelarten, im weiteren Sinne Brutvogelarten, ermittelt. Einige dieser Arten, z. B. Feldlerche, Grauammer und Schafstelze waren relativ häufig. Die überwiegende Zahl, z. B. Rebhuhn, Turteltaube, Raubwürger und Wiesenweihe, trat hingegen selten in Erscheinung.

125 Arten der Kategorie Rast- und Nahrungsgäste wurden festgestellt. Zu den häufigen zählten Star, Wachholderdrossel und Rauchschnalbe sowie auch Kranich und Lachmöwe. Überwiegend setzte sich die Artenvielfalt der Rast- und Nahrungsgäste jedoch aus sporadisch bis vereinzelt auftretenden Arten, z. B. Zwergschnepfe, Kornweihe, Großer Brachvogel und Merlin, zusammen.

Die für die untersuchte Agrarlandschaft ermittelten Abundanzen von 24 ausgewählten und typischen Agrarvogelarten sind in Tab. 3 enthalten. Der aufgeführte zeitliche Verlauf von März bis Juli charakterisiert die Abundanzdynamik der Brutvogelarten. Während einige, z. B. Feldlerche und Goldammer bereits im März die Reviere besetzen, treffen vor allem Langstreckenzieher, die in afrikanischen Gebieten überwintern, z. B. Braunkehlchen, Gelbspötter und Neuntöter, erst später in den Revieren ein.

ERN charakterisiert in Tab. 3 die mittlere Flächengröße für den Nachweis eines Reviers zum Zeitpunkt der höchsten Abundanz einzelner Agrarvogelarten. Während z. B. für die häufige Feldlerche im Mittel 3 ha Untersuchungsfläche erforderlich waren, um ein Revier festzustellen, waren dies bei der Goldammer 44 ha und beim Kiebitz 483 ha.

**Tab. 3** Abundanzen von 24 Agrarvogelarten in der Agrarlandschaft von März bis Juli (2010) und ERN zur Zeit der höchsten Revierdichte

**Tab. 3** *Abundances of 24 farmland bird species within the agricultural landscape from March to July (2010) and ERN in the time range with the highest territory density*

Arten	Artk.	März 2	April 1	April 2	Mai 1	Mai 2	Juni 1	Juni 2	Juli 1	ERN
Abundanzen je 100 ha										
Braunkehlchen	Bk	0,00	0,00	0,24	1,24	1,72	1,66	1,24	0,55	58
Baumpieper	Bp	0,00	0,10	0,41	0,62	0,24	0,38	0,41	0,07	161
Dorngrasmücke	Dg	0,00	0,00	0,34	1,10	1,07	1,24	0,97	0,93	94
Elster	E	0,17	0,10	0,14	0,10	0,07	0,07	0,03	0,03	580
Fasan	Fa	0,24	0,28	0,24	0,45	0,45	0,45	0,41	0,31	223
Feldsperling	Fe	0,21	0,48	0,66	0,48	0,59	0,52	0,31	0,17	153
Feldlerche	Fl	23,76	28,48	30,00	27,24	24,55	23,52	21,31	16,34	3
Goldammer	G	2,14	1,86	2,14	2,28	2,17	1,90	1,59	1,83	44
Grauammer	Ga	1,83	2,48	2,55	3,03	3,14	3,17	2,72	2,66	32
Grünfink	Gf	0,24	0,41	0,59	0,45	0,52	0,62	0,55	0,45	161
Gelbspötter	Gp	0,00	0,00	0,00	0,17	0,90	1,07	0,79	0,55	94
Bluthänfling	Hae	0,10	0,10	0,14	0,03	0,14	0,21	0,10	0,07	483
Heidelerche	Hei	0,28	0,28	0,10	0,07	0,14	0,03	0,21	0,00	363
Kranich	Kch	0,14	0,21	0,03	0,07	0,03	0,03	0,03	0,00	483
Klappergrasmücke	Kg	0,00	0,07	0,34	0,52	0,34	0,14	0,21	0,10	193
Kiebitz	Ki	0,07	0,17	0,14	0,21	0,14	0,14	0,07	0,00	483
Neuntöter	Nt	0,00	0,00	0,00	0,24	0,79	1,03	0,97	0,93	97
Rohrweihe	Row	0,00	0,07	0,14	0,00	0,03	0,00	0,00	0,03	725
Rauchschnalbe	Rs	0,00	0,03	0,00	0,14	0,14	0,00	0,03	0,03	725
Schafstelze	St	0,00	0,03	1,90	2,66	3,38	3,34	2,83	2,52	30
Stieglitz	Sti	0,14	0,31	0,17	0,48	0,31	0,24	0,28	0,31	207
Sumpfrohrsänger	Su	0,00	0,00	0,00	0,21	1,72	2,62	2,00	1,45	38
Turmfalke	Tf	0,00	0,00	0,03	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	2900
Wachtel	Wa	0,00	0,00	0,00	0,00	0,14	0,17	0,10	0,07	580

### 3.2 Vegetationsstrukturen und Abundanzen

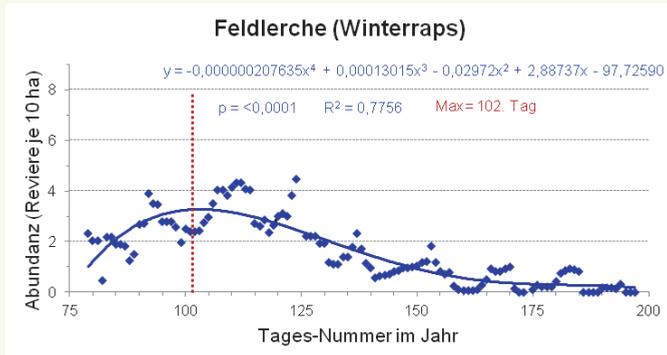
Das Abundanzmaximum sowie der Abundanzverlauf der Brutvogelarten unterscheiden sich in den verschiedenen Ackerkulturen stark. Am Beispiel der Feldlerche, eine häufige Art, deren Reviere vornehmlich in landwirtschaftlichen Kulturlflächen liegen und die ihre Nester am Boden in den Ackerkulturen anlegt, wird der Abundanzverlauf in den Kulturen Wintertraps, Winterweizen, Mais sowie in selbstbegrüntem Ackerbrachen dargestellt (Tab. 4). Demnach wiesen Ackerbrachen ein deutlich höheres Abundanzmaximum sowie über die gesamte Brutzeit höchste Abundanzwerte auf, im Vergleich zu den Kulturen. Maisflächen, denen im Untersuchungsraum jeweils nahezu

vegetationsfreie Schwarzbrachen bis zur Bestellung Ende April vorgelagert waren, zeigten zu Beginn der Brutperiode geringste Abundanzen. Wintereraps sowie Winterweizen wiesen am Anfang der Brutperiode relativ günstige Habitatbedingungen auf. Mit zunehmender Bestandesentwicklung kam es allerdings auf Wintereraps-schlägen zu einem drastischen Rückgang der Abundanzen (Abb. 2), d. h. zu einer „Rapsflucht“ der Feldlerche bereits zum Ende der ersten Brut und ausgeprägt während der Zeit der zweiten Brut.

Die ermittelten Abundanzdaten wurden zur Errechnung des Eintrittstages der maximalen Abundanz der Feldlerche genutzt. Gleichzeitig wurden, um die Kulturen miteinander gut vergleichbar zu machen, erhobene Vegetationsstrukturdaten der einzelnen Kulturen zu Indexwerten für Vegetationshöhe, Deckungsgrad und Dichte der Bestände umgerechnet und für diese signifikante ( $p < 0,050-0,001$ ) bzw. hochsignifikante ( $p < 0,001$ ) zeitabhängige Funktionen ermittelt (HOFFMANN et al., 2012).

**Tab. 4** Zeitlicher Verlauf der Abundanzen der Feldlerche von März bis Juli in Winterweizen, Wintereraps, Mais und Brachen  
**Tab. 4** *Abundances of the skylark from March to July in winter rape, winter wheat, maize and self greened fallow fields*

Feldlerche – Abundanzen in Reviere je 100 ha								
Kulturen	März 2	April 1	April 2	Mai 1	Mai 2	Juni 1	Juni 2	Juli 1
Winterweizen	19,96	25,64	35,52	35,00	31,88	29,72	26,86	17,58
Wintereraps	19,13	28,05	29,88	19,58	11,46	6,09	4,35	3,63
Mais	17,20	20,37	21,41	20,89	21,69	25,21	25,00	21,31
Ackerbrache	48,03	51,12	51,04	48,37	46,29	44,81	41,43	30,78



**Abb. 2** Abundanzen der Feldlerche in Wintereraps, Maximum der Abundanz am 102. Tag des Jahres  
**Fig. 2** *Abundances of skylark in winter rape, maximum of abundance on the 102nd day of the year*

Maximale Abundanzen wurden bei geringen bis mittleren Vegetationsstrukturindexwerten aller Nutzungen gefunden, d. h. bei geringen bis mittleren Vegetationshöhen, geringem bis hohem (Brachen) Vegetationsdeckungsgrad sowie geringen bis mittleren Vegetationsdichten. Bezogen auf die Vegetationsklassifizierung (Tab.2) besagt der Index Vegetationshöhe = 0, dass alle Schläge Vegetationshöhen von 0 bis maximal 25 cm Höhe aufweisen. Der Index der Vegetationshöhe von 1 charakterisiert alle Schläge zu 100 % mit Vegetationshöhen >75 cm, Werte des Index zwischen >0 und <1 dagegen Wuchshöhen der Kulturen, die zwischen diesen Höhenstufen liegen. Analog informieren die Indexwerte zu Deckungsgrad und Dichte der Vegetation.

Der zeitliche Verlauf der Abundanzen (vgl. Abb.2) sowie der ermittelte Zeitpunkt maximaler Abundanzen korreliert mit den Bestandesparametern der Vegetationsstrukturen der Kulturen.

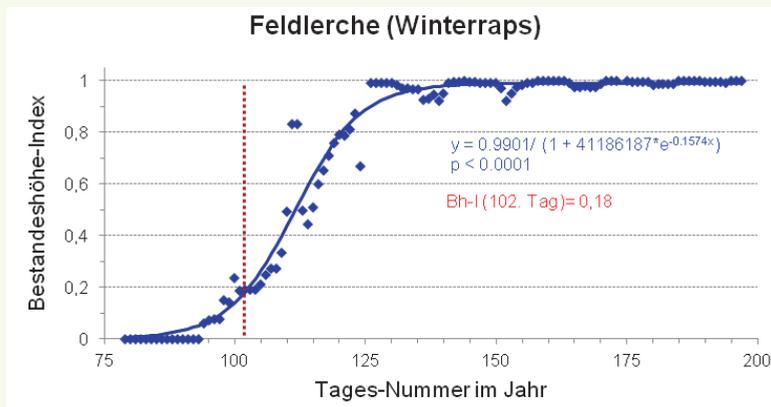
Abbildung 3 zeigt am Beispiel von Wintereraps den zeitlichen Verlauf des Bestandeshöhen-Index sowie den errechneten Zeitpunkt maximaler Abundanz (102.Tag) der Feldlerche. Ein Bestandeshöhenindex im Bereich von  $\approx 0,18$  gewährt z.B. für die Feldlerche günstige Habitatbedingungen auch in Wintereraps, bei Indexwerten des Deckungsgrades von  $\approx 0,45$  und Dichteindex von  $\approx 0,23$  (vgl. Tab. 5). Gemäß vorliegenden Analysen lassen sich für weitere Kulturen günstige Vegetationsstrukturen für hohe Abundanzen der Feldlerche quantifizieren (vgl. Tab. 5). Das Maximum der Abundanzen dieser Art lag deutlich ausgeprägt in selbstbegrüntem Ackerbrachen, deren floristische Zusammensetzung naturnahen Graslandlebensräumen nahe steht. Hier wurden bei niedriger bis mittlerer Indexzahl (Höhe und Dichte) sowie relativ hohem Deckungsgrad-Index günstigste Habitatbedingungen gefunden.

Auf Grund der späten Vegetationsentwicklung waren die Indexwerte der Maiskulturen bei gleichzeitig niedrigen Abundanzen insgesamt und bei vergleichsweise spätem Abundanzmaximum am 158.Tag relativ niedrig. Aufgrund der bis zu diesem Zeitpunkt fehlenden bzw. sehr spärlichen Vegetation (Höhen-, Deckungsgrad- und Dichteindex  $\leq 0,06$ ), bestanden für die Feldlerche überwiegend ungünstige Habitatbedingungen.

**Tab. 5** Abundanzmaximum der Feldlerche und zugehörige Vegetationsstruktur (Index Höhe, Deckungsgrad, Dichte) bei Wintereraps, Winterweizen, Mais und selbstbegrünter Ackerbrache

**Tab. 5** Abundance maximum of skylark in relation to vegetation structure (index height, coverage, density) for winter rape, winter wheat, maize and self greened fallow fields

Kulturen	Abundanz- maximum (Reviere je 100 ha)	Feldlerche		Vegetationsstrukturen (Indexbereich 0 - 1)		
		Zeitliches Eintreten des Abundanz-maximums im Jahresverlauf (Kalendertag)		Höhe	Deckungs- grad	Dichte
Winterweizen	35,5	134	0,36	0,44	0,31	
Wintereraps	29,9	102	0,18	0,45	0,23	
Mais	25,2	158	0,06	0,06	0,06	
Ackerbrache	51,2	125	0,21	0,80	0,51	



**Abb. 3** Bestandeshöhe (Index) von Wintereraps im zeitlichen Verlauf und Abundanzmaximum der Feldlerche (gepunktete Linie) am 102. Tag des Jahres

**Fig. 3** Hight (index) of winter rape and abundance maximum of skylark (dashed line), 102nd day in the year

### 3.3 Ackerkulturen und Biotope in den Revieren von Indikatorvogelarten

Die erzielten Ergebnisse der HMA ermöglichten es, für einzelne Agrarvögel sowie speziell für die als Bioindikatoren ausgewiesenen Indikatorvogelarten (ACHTZIGER *et al.*, 2004; HOFFMANN und KIESEL, 2007; HOFFMANN und KIESEL, 2009) Flächenbilanzen in den Revieren vorzunehmen, wie sie in der Realität in der Agrarlandschaft auftreten. Bedeutsam ist dabei die Klärung der Frage, wie sich die Konfiguration der Flächen in den Revieren einzelner Arten im Vergleich zur bestehenden Flächensituation in der gesamten Agrarlandschaft ausbildet. Wichtig sind besonders, welche Nutzflächen, Kulturen und Biotope in welchen Flächenproportionen von den einzelnen Arten für die Revierbildung und Reproduktion genutzt werden (und welche nicht). Die Kenntnis dieser Flächenkonfiguration ermöglicht dann eine zielgerichtetere Beeinflussung der Anbauverhältnisse (Anbaudiversifizierung) und der Ausgestaltung von ökologischen Vorrangflächen, um Vogelbestände und schließlich Biodiversität positiv zu beeinflussen.

Auf der Basis der in den Untersuchungen ermittelten Reviere der Indikatorvogelarten wurden für die Feldlerche 5.661 RP=56.610 HMA, Grauammer 626 RP=6.260 HMA, Goldammer 451 RP=4.510 HMA, Schafstelze 483 RP=4830 HMA, Braunkehlchen 193 RP=1.930 HMA, Neuntöter 115 RP=1.150 HMA durchgeführt und statistisch ausgewertet.

Ermittelte Flächenkonfigurationen sind in Tabelle 6 für die Kulturen Winterweizen, Winterraps, Mais, Triticale und zusammengefasst „andere Kulturen“ sowie in Tabelle 7 für die Biotope aufgeführt. Um einen direkten Vergleich der Revierflächeninhalte der Indikatorvogelarten mit der gesamten Flächensituation in der Agrarlandschaft zu ermöglichen, wurden deren Flächenanteile in den Tabellen mit dargestellt. Ergänzend enthält Tabelle 7 Informationen über den Flächenumfang aller naturnahen Biotope sowohl in der Agrarlandschaft als auch in den Revieren der Indikatorvogelarten. Zu den naturnahen Biotopen wurden hier Flurgehölze und Waldflächen, Gewässer, Graslandflächen sowie die selbstbegrünt, zumeist älteren Ackerbrachen gerechnet. Die Summe der naturnahen Biotope der Agrarlandschaft lag bei 16 %. In den Revieren der Indikatorvogelarten waren diese Flächenanteile, mit Ausnahme der Schafstelze, deutlich höher (vgl. Tab. 7). Diese ist als eine typische Art der Ackerkulturen nur relativ wenig auf naturnahe Biotope während der Brutzeit in den ackerbaulich genutzten Gebieten angewiesen, wesentlich stärker dagegen auf bestimmte Anbaukulturen und deren Vegetationsstrukturen, hier besonders Getreideflächen. Alle weiteren Arten, auch die Feldlerche, wählten jedoch Revierkonfigurationen mit einem deutlich höheren Flächenanteil naturnaher Biotope.

**Tab. 6** Konfiguration der Kulturf Flächen in der Agrarlandschaft und in den Revieren von Feldlerche, Grauammer, Goldammer, Schafstelze, Braunkehlchen und Neuntöter  
**Tab. 6** Configuration of the cultivated areas in the agricultural landscape and in the territories of skylark, corn bunting, yellowhammer, yellow wagtail, whinchat and red-backed shrike

Nutzungen und deren Flächenanteil (%) in der Agrarlandschaft	Flächenanteile (%) der Nutzungen in den Revieren von Indikatorvogelarten		
	Feldlerche	Grauammer	Goldammer
Winterweizen 21,00	± 21 (15,7 – 26,3)	<16 (13,8 – 16,3)	± 18 (14,8 – 22,6)
Winterraps 24,00	<<24 (5,8 – 23,9)	<17 (12,4 – 16,1,3)	± 23 (19,1 – 27,3)
Mais 23,00	± 24 (17,1 – 30)	<10 (6,2 – 10)	<15 (9,8 – 14,5)
Triticale 3,26	± 4 (3,1 – 4,4)	± 4 (3,1 – 5,8)	± 3 (1,9 – 6,1)
andere Kulturen 9,8	>11 (11,5 – 19,8)	>11 (10,8 – 17,8)	± 13 (9,6 – 15,6)
	Schafstelze	Braunkehlchen	Neuntöter
Winterweizen 21,00	>37 (37,2 – 50,9)	<10 (0,2 – 10,1)	<16 (9,9 – 16,6)
Winterraps 24,00	<<24 (6,6 – 23,7)	<16 (3,6 – 15,8)	± 20 (13,3 – 31,8)
Mais 23,00	± 17 (11,1 – 42,5)	<4,5 (1,4 – 4,5)	± 10 (9,4 – 11,9)
Triticale 3,26	± 3 (0 – 4,3)	± 3 (0 – 5)	>10 (9,1 – 11,9)
andere Kulturen 9,8	<10 (3,9 – 9,5)	>10 (8,4 – 21,7)	± 9 (4,1 – 13,5)

**Tab. 7** Konfiguration der Biotope in der Agrarlandschaft und in den Revieren von Feldlerche, Grauammer, Goldammer, Schafstelze, Braunkehlchen und Neuntöter mit Information zur Summe der naturnahen Biotope

**Tab. 7** Configuration of biotopes in the agricultural landscape and the territories of skylark, corn bunting, yellowhammer, yellow wagtail, whinchat and red-backed shrike with additional information of the area of the semi-natural biotopes

Biotope und deren Flächenanteil (%) in der Agrarlandschaft	Flächenanteile (%) der Biotope in den Revieren von Indikatorvogelarten		
	Feldlerche	Grauammer	Goldammer
Flurgehölze 1,14	< <b>0,4</b> (0,25 – 0,38)	≈ <b>4,6</b> (4,2 – 5,1)	≈ <b>10</b> (8,6 – 12,3)
Wald 0,64	≈ <b>0</b> (0 – 0,06)	≈ <b>0,5</b> (0,03 – 1,3)	> <b>2</b> (2 – 5,8)
Gewässer 1,00	< <b>0,4</b> (0,24 – 0,41)	≈ <b>1,5</b> (0,8 – 2,1)	≈ <b>4</b> (3,8 – 5,0)
(Grasland)Brachen ≈12	> <b>19</b> (19 – 23,7)	> <b>27</b> (26,9 – 32,6)	≈ <b>8</b> (6 – 10,2)
Grasland 1,20	< <b>0,6</b> (0,37 – 0,61)	> <b>2,5</b> (2,4 – 5,6)	≈ <b>3</b> (1,3 – 4,5)
Siedlungsflächen 0,25	< <b>0,3</b> (0,07 – 0,27)	≈ <b>1,1</b> (0,6 – 1,7)	≈ <b>1,2</b> (0,9 – 2,1)
Verkehrsflächen 0,50	≈ <b>0,2</b> (0,12 – 0,21)	≈ <b>0,5</b> (0,03 – 1,3)	≈ <b>0,2</b> (0,06 – 0,32)
<b>Summe naturnahe Biotope 15,98</b>	≈ <b>20</b>	≈ <b>36</b>	≈ <b>27</b>
	<b>Schafstelze</b>	<b>Braunkehlchen</b>	<b>Neuntöter</b>
Flurgehölze 1,14	≈ <b>2</b> (1,8 – 2,6)	≈ <b>1,7</b> (1,4 – 2,1)	≈ <b>11</b> (9,47 – 12,48)
Wald 0,64	≈ <b>0</b> (0)	< <b>0,9</b> (0 – 0,86)	≈ <b>2,5</b> (0,9 – 4,29)
Gewässer 1,00	≈ <b>1,8</b> (1,6 – 2,1)	≈ <b>1,4</b> (0,6 – 2,3)	< <b>0,98</b> (0 – 0,98)
(Grasland)Brachen ≈12	< <b>4</b> (0,02 – 4,3)	> <b>40</b> (35,1 – 62,8)	≈ <b>10</b> (0 – 13,84)
Grasland 1,20	≈ <b>0,6</b> (0,2 – 1,1)	> <b>6,0</b> (6,0 – 12,4)	≈ <b>4</b> (1,27 – 7,21)
Siedlungsflächen 0,25	< <b>0,4</b> (0 – 0,4)	≈ <b>0,4</b> (0,3 – 0,6)	< <b>4</b> (1,76 – 4,13)
Verkehrsflächen 0,50	≈ <b>0,2</b> (0,14 – 0,42)	≈ <b>0,4</b> (0,3 – 0,6)	< <b>0,5</b> (0 – 0,52)
<b>Summe naturnahe Biotope 15,98</b>	≈ <b>7</b>	≈ <b>49</b>	≈ <b>28</b>

Die Revierbildung und schließlich Reproduktion erfordert bei den untersuchten Indikatorarten einen relativ hohen Anteil naturnaher, extensiv oder zeitweilig nicht genutzter Lebensräume, deren Umfang in den von den Arten gewählten Lebensraumkonfigurationen im Mittel bei 20 % bis 50 % Flächenanteil lag. Die Analyse der einzelnen Biotoptypen zeigte, dass einzelne Indikatorvogelarten unterschiedliche Anforderungen an den Anteil und die Zusammensetzung der naturnahen Biotopstrukturen besitzen. Bei den für die Agrarlandschaft typischen Offenlandarten ist der Bedarf für naturnahe Graslandvegetationsstrukturen besonders hoch (vgl. Tab.7: Summe aus (Grasland) Brachen und Grasland).

#### 4. Diskussion und Schlussfolgerungen

Der für die Bewertung der Biodiversität in Europa verwendete Vogelindikator zeigt seit Beginn seiner Erfassung einen negativen Bestandstrend der Agrarvogelarten an. Diese Situation steht mit den sich verändernden landwirtschaftlichen Praktiken in engem Zusammenhang (NEWTON, 2004; DONALD *et al.*, 2006; WILSON *et al.*, 2009). Vor allem Nutzungsintensivierungen und Ertragssteigerungen mit dichteren und homogeneren Pflanzenbeständen, verringerte Vielfalt der Anbaukulturen und engere Fruchtfolgen, die Reduzierung des Flächenanteils naturnaher Kleinstrukturen, der Mangel an Nahrungsquellen für Agrarvogelarten, u. a. als Folge langjähriger Herbizidapplikationen, werden als wichtige Ursachen genannt. Häufig sind derartige Nutzungsänderungen drastisch und erfolgen in kurzer Zeit. 2007 wurde in der EU z. B. die bis dahin bestehende Regelung zur Stilllegung von 10 % der Agrarflächen aufgehoben. Gleichzeitig wurde der Anbau von Bioenergiepflanzen stark forciert. Dies hatte in Deutschland erhebliche Veränderungen der Flächenproportionen der Anbaukulturen zur Folge, z. B. eine sprunghafte Zunahme des Maisanbaus (FLADE *et al.*, 2011). Ferner sind Auswirkungen auf die Fruchtfolge und die Anbauvielfalt feststellbar. Als Konsequenz ist eine zunehmende Verringerung der Biodiversität in der Agrarlandschaft zu erwarten, die den Zielen der

Nachhaltigkeitsstrategie der Bundesregierung sowie den Biodiversitätszielen der EU (COM, 2011, 2011a) entgegen steht.

Unter Verwendung von Vogelarten, die als Bioindikatoren für die Bewertung der Biodiversität gelten (EEA, 2007; HOFFMANN and KIESEL, 2009; SUDFELDT *et al.*, 2010; EEA, 2010), sollten daher Bestandsveränderungen von Agrarvogelarten gezielt unter Einbeziehung von Kenntnissen zu konkreten landwirtschaftlichen Bedingungen untersucht und analysiert werden. Das hierfür entwickelte, hierarchisch strukturierte Monitoringschema ermöglicht es unter diesen Aspekten, nicht nur eine Agrarlandschaftsbewertung vorzunehmen, sondern auch Teilbereiche dieser, z. B. von Agrarlandschaftsteilen mit spezieller Nutzungs- und/oder Biotopstrukturausprägung sowie auch einzelne Kulturen und Biotoptypen, Vegetationsstrukturen und schließlich die Habitatmatrix näher hinsichtlich der Lebensraumeignung für Agrarvogelarten zu analysieren. Mögliche Ursachen für Bestandsveränderungen können somit bezüglich einzelner landwirtschaftlicher Nutzungen besser identifiziert, deren Auswirkungen quantifiziert und schließlich effizientere Maßnahmen für den Vogelschutz in landwirtschaftliche Nutzungssysteme integriert werden.

Für den Biodiversitätsschutz sind zusammenhängende, größere, natürliche und naturnahe Areale, z. B. Nationalparks, Biosphärenreservate und Naturschutzgebiete primär. Weltweit ist jedoch auch die potenzielle Funktion agrarisch genutzter Lebensräume für die avifaunistische Artenvielfalt hoch (WEIJDEN *et al.*, 2010). Die hier auf 29 km<sup>2</sup> ermittelte regionale Vielfalt der Brutvogelarten beträgt 50 % der Brutvogelartenvielfalt des Bundeslandes Brandenburg (ABBO, 2001), dessen Fläche als übergeordneter Naturraum 30.000 km<sup>2</sup> umfasst. Bemerkenswert ist demnach, dass Agrarlandschaften eine teils verkannte, hohe Biodiversität aufweisen können. Diese wird jedoch sehr stark von der Art und der Intensität der Bewirtschaftung, dem Flächenanteil naturnaher Kleinstrukturen (HOFFMANN *et al.*, 2000; HOFFMANN *et al.*, 2012), den Vegetationsstrukturen sowie der räumlichen Flächenkonfiguration bestimmt. Die international sowie regional dokumentierten Negativtrends der Bestände vieler europäischer Agrarvogelarten (z. B. DONALD *et al.*, 2001; BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2004; SUDFELDT *et al.*, 2010; FLADE *et al.*, 2011) weisen jedoch darauf hin, dass gegenwärtig diese Funktionen agrarischer Gebiete zunehmend verloren gehen. Die ermittelten Kenngrößen Artenvielfalt, Abundanz und ERN können in diesem Zusammenhang als biotische Qualitätsmerkmale der Agrarlandschaft und Agrarlandschaftsteile sowie auch für einzelne Kulturen und deren Vegetationsstrukturen Verwendung finden (vgl. HOFFMANN *et al.*, 2012).

Der über acht Zeitschritte, von Beginn der Revierbesetzung bis zum Ende der Brutzeit, ermittelte Abundanzverlauf ermöglicht eine differenzierte Habitatbewertung von Anbaukulturen im Wachstumsverlauf unter Berücksichtigung der sich verändernden Vegetationsstrukturen. Die Identifikation der für einzelne Agrarvogelarten günstigen Wachstumsphasen der Kulturen bietet Optionen für ein zielgerichtetes Management der Vegetationsstrukturen einzelner Kulturen oder von Teilflächen dieser zur Steuerung der Bestände lokaler Vogelpopulationen (MORRIS *et al.*, 2004; WILSON *et al.*, 2005; FISCHER *et al.*, 2009). Bestandsverbesserungen könnten z. B. in dichten Vegetationsstrukturen durch die Schaffung von künstlichen Fehlstellen auf Nutzflächen in Form kleinerer Plots (Felderchenfenster) oder Streifen, in denen keine Saatbettbestellung vorgenommen wird, erfolgen. Dafür wäre jedoch eine Bemessung (Größe und räumliche Konfiguration) entsprechend der für einzelne Arten erforderlichen Habitatbedingungen (vgl. Feldlerche Tab. 3) Voraussetzung, um eine entsprechende Wirksamkeit zu erreichen. Ferner ist durch Wahl der Kulturpflanzenart und -sorte, der Beeinflussung der Aussaatdichte während der Bestellung sowie der Düngung und Bewässerung eine Vegetationsstrukturbeeinflussung der Kulturpflanzenbestände möglich. Ermittelte Vegetationsstrukturindexwerte können in diesem Kontext in Zusammenhang mit erfassten Abundanzen der Indikatorvogelarten wichtige Informationen über für die Arten günstigen Vegetationsstrukturen und potenziellen Möglichkeiten der Vegetationssteuerung im Sinne der Integration von Biodiversitätszielen geben.

Von Bedeutung für die Lebensraumqualität der Vegetationsstrukturen auf Ackerflächen sind für die Agrarvogelarten zudem anteilig enthaltene Wildpflanzenarten in den Kulturpflanzenbeständen, deren Vielfalt besonders durch Intensivierung unter Einsatz von Herbiziden europaweit stark zurückgegangen ist (HOFFMANN *et al.*, 2012a). Wildpflanzen bilden gemeinsam mit den Kulturpflanzen die aufwachsende Vegetationsstruktur und besitzen besonders aus nahrungsökologischer Sicht wichtige Funktionen für Agrarvogelarten (FLADE *et al.*, 2003). Meist sind die Abundanzen der

Agrarvogelarten auf ökologisch bewirtschafteten Flächen deutlich höher, weil das Nahrungsspektrum und die Nahrungsmenge durch höhere Vielfalt von Wildpflanzenarten und damit korrespondierend auch das Blüten- und Pollenangebot für Invertebraten erheblich größer ist (FUCHS und STEIN-BACHINGER, 2008; HOFFMANN, 2012).

Mit Hilfe der HMA wird ein direkter Blick in die Reviere einzelner Individuen möglich. Während Abundanzen den räumlichen Bezug zur Landschaft sowie Landschaftsteilen und einzelnen Kulturen bzw. Biotopen ohne den engeren Territorialbereich herstellen, wird durch HMA das von der Art während der Brutzeit ausgewählte lokale „Revierflächengemisch“ identifiziert. Die von den Individuen gewählte Flächenkonfiguration während der Brutzeit liefert mit dieser Methode detaillierte Informationen über den von einzelnen Agrarvogelarten genutzten Flächenanteil (quantitativ) und die Zusammensetzung der verschiedenen Nutzungen und Biotope (qualitativ). Durch HMA werden dadurch in Erweiterung zu Informationen aus Bestandesindexwerten, Abundanzen und ERN konkrete revierbezogene Raumdaten der Habitatsprüche einzelner Arten verfügbar (HOFFMANN *et al.*, 2012). Die ermittelte Revierflächenzusammensetzung informiert somit darüber, welcher Flächenanteil der Landschaft in welcher Zusammensetzung der Teillebensräume für einzelne Arten besondere Relevanz besitzt. Aus diesen Informationen kann abgeleitet werden, wie sich aktuelle oder zukünftige Veränderungen in den Proportionen der Flächennutzungen, der Anbaukulturen und der Biotope auf den Bestand einzelner Agrarvogelarten auswirken. Mit Hilfe von ausgewählten Indikatorvogelarten, in Deutschland zählen dazu u. a. Feldlerche, Grauammer, Goldammer, Schafstelze und Braunkehlchen (ACHTZIGER *et al.*, 2004; HOFFMANN und KIESEL, 2007), wird auf diese Weise die Verträglichkeit von Nutzungen und Biotopen sowie der spezifische Raumbedarf aus Sicht der Biodiversität identifizierbar und quantifizierbar. Dabei wird aus erhaltenen Ergebnissen der verschiedenen Agrarvogelarten ersichtlich, dass eine Verbesserung der Lebensraumbedingungen für das gesamte Spektrum der Arten auf größere Areale, z. B. biogeografische Regionen des Landes ausgerichtet sein muss. Werden kleinere Landschaftsteile oder z. B. nur einzelne Agrarbetriebe betrachtet, sollte der Fokus zur Erhaltung und Verbesserung der Lebensraumbedingungen für Agrarvögel auf regional- bzw. lokaltypische Arten gerichtet sein.

Mit Hilfe des hierarchisch strukturierten Monitoring- und Analyseschemas lassen sich auf unterschiedlichen räumlichen Ebenen Effekte der Landwirtschaft auf die Bestände der Indikatorvogelarten näher quantifizieren und können Ursache-Wirkungsbeziehungen bezogen auf angebaute Kulturpflanzenarten, bestehende Biotope und Vegetationsstrukturen ermittelt werden. Um den Biodiversitätszielen besser gerecht zu werden, sollten daher landwirtschaftliche Praktiken stärker als bisher Lebensraumfunktionen der Flächen für Agrarvögel berücksichtigen und diese in die Nutzungspraktiken integrieren.

Aus den ermittelten Kenngrößen Abundanz, ERN, Vegetationsstrukturen sowie HMA leiten sich konkrete Zielstellungen und Maßnahmen zur Bestandesförderung der Agrarvogelarten in den landwirtschaftlichen Gebieten ab. Um die Wirksamkeit von Agrarumwelt- sowie regionalen Naturschutzmaßnahmen in der Agrarlandschaft zu erhöhen, sollten daher entsprechende Kenngrößen in deren Konzipierung und Durchführung Eingang finden.

## Danksagung

Herzlichen Dank für die große Unterstützung des Projektes „Biodiversität in Ackerbaugebieten“, besonders Herrn Dr. Weihrauch, Frau von Houwald, Frau Lorenz, Frau Neumann, Simone Müller, Martin Fiddicke, Rainer Fiddicke, Franco Ehlert, Torsten Blohm, Ulf Kraatz, Gerd Haase, Andreas Koszinski, Oliver Büxler, Hartmut Haupt, Joachim Kiesel, Ilse Wolf, Viola Voigt, Thorsten Schönbrodt und Erhard Moritz.

## Literatur

ABBO, 2001: Die Vogelwelt von Brandenburg und Berlin. Natur & Text, Rangsdorf.

ACHTZIGER, R., H. STICKROTH und R. ZIESCHANK, 2004: Nachhaltigkeitsindikator für die Artenvielfalt – ein Indikator für den Zustand der Natur und Landschaft in Deutschland. *Angewandte Landschaftsökologie* **63**. Landwirtschaftsverlag, Münster-Hiltrup.

BMELV, 2008: Forschungsplan des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz 2008. BMELV.

BMU, 2010: Indikatorenbericht 2010 zur nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt. Schottenheim druck&werbung, Eichenau.

- BIRDLIFE INTERNATIONAL, 2004: Birds in Europe – Population estimates, trends and conservation status. Information Press, Oxford.
- COM, 2011: Our life insurance, our natural capital: an EU biodiversity strategy to 2020, 244 final. European Commission, Brussels.
- COM, 2011a: Legislativvorschläge zur Regelung der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) von 2014–2020. [http://ec.europa.eu/agriculture/cap-post-2013/legal-proposals/index\\_de.htm](http://ec.europa.eu/agriculture/cap-post-2013/legal-proposals/index_de.htm).
- DONALD, P.F., R. E. GREEN and M.-F. HEATH, 2001: Agricultural intensification and the collapse of Europe's farmland bird populations. *Proc. R. Soc. London B* **268**, 25-29.
- DONALD, P.F., F. J. SANDERSON, I. J. BURFIELD and F. P. V. BOMMEL, 2006: Further evidence of continentwide impacts of agricultural intensification on European farmland birds 1990-2000. *Agriculture, Ecosystems and Environment* **116**, 189-196.
- DORNBUSCH, M., G. GRÜN, H. KÖNIG und B. STEPHAN, 1969: Zur Methode der Ermittlung von Brutvogel-Siedlungsdichten auf Kontrollflächen. *Mitt. IG Avifauna DDR* **1**, 7-16.
- EEA, 2007: Halting the loss of biodiversity by 2010: proposal for first set of indicators to monitor progress in Europe. Luxembourg: Office for Official Publications of the European Community, Technical report 2007, **11**.
- EEA, 2010: Assessing biodiversity in Europe – the 2010 report. European Environment Agency, Copenhagen.
- EUROPEAN COMMISSION, 2011: Our life insurance, our natural capital: an EU biodiversity strategy to 2020. Brussels, 3.5.2011, COM (2011) 244 final, Communication From The Commission To The European Parliament, The Council, The Economic And Social Committee And The Committee Of The Regions.
- FISCHER J., M. JENNY and L. JENNY, 2009: Suitability of patches and in-field strips for Skylarks *Alauda arvensis* in a small-parceled mixed farming area. *Bird Study* **56**, 34-42.
- FEINDT, P., F. BEGEMANN und B. GEROWITT, HRSG., 2011: Chancen für die biologische Vielfalt in der Landwirtschaft nutzen – 10 Schlüsselthemen für die Agrobiodiversität in der Agrarpolitik. Stellungnahme des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz.
- FISCHER, S., M. FLADE und J. SCHWARZ, 2005: 2.3.1 Revierkartierung. – In: SÜDBECK, P., H. ANDRETTZKE, S. FISCHER, K. GEDON, T. SCHIKORE, K. SCHRÖDER und CH. SUDFELDT, HRSG.: Methodenstandards zur Erfassung der Brutvögel Deutschlands. Mugler Druck, Hohenstein-Ernstthal.
- FLADE, M., CH. SUDFELDT, K. DZIEWIATY, H. HÖTKER, J. HOFFMANN, P. BERNADY, J. D. LUDWIGS, R. JOST, T. LANGGEMACH, L. ACHILLES, H. RÜMKORF, R. TÜLLINGHOFF, B. GIEBING, M. KRAMER, S. TRAUTMANN und M. DANKELMANN, 2011: Positionspapier zur aktuellen Bestandssituation der Vögel der Agrarlandschaft. Vogelkdl. Ber. Niedersachsen. **42**, 175-184.
- FLADE, M., H. PLACHTER, E. HENNE und K. ANDERS, (HRSG.), 2003: Naturschutz in der Agrarlandschaft. Quelle & Meyer Verlag Wiebelsheim.
- FUCHS, S. und K. STEIN-BACHINGER, 2008: Nature Conservation in Organic Agriculture. [www.bfn.de](http://www.bfn.de)
- GEIGER, F., G. R. D. SNOO, F. BERENDSE, I. GUERRERO, M. B. MORALES, J. J. ONATE, S. EGGERS, T. PÄRT, R. BOMMARCO, J. BENGTTSSON, L. W. CLEMENT, W. W. WEISSER, A. P. OLZEWSKI, P. CERYNGIER, V. HAWRO, P. INCHAUSTI, CH. FISCHER, A. FLOHRE, C. THIES and T. TSCHARNTKE, 2010: Landscape composition influences farm management effects on farmland birds in Winter: A pan-European approach. *Agriculture, Ecosystems and Environment* **139**, 571-577.
- HOFFMANN, J., G. BERGER, I. WIEGAND, U. WITTCHEN, H. PFEFFER, J. KIESEL und F. EHLERT, 2012: Bewertung und Verbesserung der Biodiversität leistungsfähiger Nutzungssysteme in Ackerbaugebieten unter Nutzung von Indikatorvogelarten. Berichte aus dem Julius Kühn-Institut **163**, 215 S. und 6 Anlagend. <http://pub.jki.bund.de/index.php/BerichteJKI/article/viewFile/1809/2150>.
- HOFFMANN, J., N. HEMPELMANN, M. GLEMMITZ, L. RADICS, G. CZIMBER und U. WITTCHEN, 2012a: Einfluss von Temperatur und Nutzung auf die floristische Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.
- HOFFMANN, J., 2012: Blütenvielfalt der Wildpflanzen in Getreidefeldern Europas. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.
- HOFFMANN, J. und J. KIESEL, 2009: Farmland bird indicator on the basis of abundance and landscape systematization. *Avocetta* **33**, 79-86.
- HOFFMANN, J. und J. KIESEL, 2007: Abundanzen und Populationen von Brutvogelarten als Grundlage für einen Vogelindikator der Agrarlandschaft. *Otis* **15**, 61-77.
- HOFFMANN, J., H. KRETSCHMER und H. PFEFFER, 2000: Effects of patterning on biodiversity in Northeast German agricultural landscapes. *Ecological studies* **147**, 325-340.
- LUA (Landesumweltamt Brandenburg), 1994: Erfassungseinheiten der CIR-Biototypen und Landnutzungskartierung Brandenburg.
- MORRIS, A., J. M. HOLLAND, B. SMITH and N. E. JONES, 2004: Sustainable arable farming for an improved environment (SAFFIE): Managing winter wheat sward structure for Skylarks *Alauda arvensis*. *Ibis* **146** (Suppl. 2), 155-162.
- NEWTON, I., 2004: The recent declines of farmland bird populations in Britain: an appraisal of causal factors and conservation actions. *Ibis* **146**, 579-600.
- PECBMS, 2009: The State of Europe's Common Birds 2008. CSO/RSPB, Prague, Czech Republic.
- OELKE, H., 1968: Empfehlungen für Untersuchungen der Siedlungsdichte von Sommervogelbeständen. *Vogelwelt* **89**, 69-78.
- SUDFELDT, C., R. DRÖSCHMEISTER, T. LANGGEMACH und J. WAHL, 2010: Vögel in Deutschland – 2010. DDA, BfN, LAG, VSW, Münster.
- WEIJDEN, W. v. d., P. TERWAN und A. GULDEMOND, (EDS.), 2010: Farmlandbirds across the world. Ingoprint, Barcelona.
- WILSON, J. D., D. E. ANDREA und P. V. GRICE, 2009: Bird Conservation and Agriculture. Cambridge, University Press.
- WILSON, J. D., M. J. WHITTINGHAM und R. B. BRADBURY, 2005: The management of crop structure: A general approach to reversing the impacts of agricultural intensification on birds? *Ibis* **147**, 453-463.
- WRETENBERG, J., A. LINDSTRÖM, S. SVENSSON, T. THIERFELDER und T. PÄRT, 2006: Population trends of farmland birds in Sweden and England: similar trends but different patterns of agricultural intensification. *J. App. Ecology* **43**, 1110-1120.

## Saumbiotope und ihre Bedeutung für Artenvielfalt und biologischen Pflanzenschutz

*Field margins and their meaning for species richness and biological control*

Stefan Kühne\* & Bernd Freier

Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Stahnsdorfer Damm 81, D-14532 Kleinmachnow

\* Korrespondierender Autor, stefan.kuehne@jki.bund.de, +49(0)33203 48307

DOI: 10.5073/jka.2012.436.004

### Zusammenfassung

Die Agrarlandschaft in Deutschland wird durch eine Vielzahl unterschiedlicher linien- und punktförmiger Landschaftselemente wie z. B. Hecken, Feld- und Wiesenraine, Waldränder oder Feldgehölze gegliedert. Sie prägen entscheidend das Landschaftsbild und haben aufgrund ihrer Naturbelassenheit für die Artenvielfalt eine bedeutende Funktion. Insbesondere für oftmals hoch spezialisierte Nützlinge bieten sie Ersatznahrung und sind Überwinterungs- und Rückzugshabitat. Das Julius Kühn-Institut (JKI) (früher Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft) startete 1993 das Projekt „Brandenburger Schichtholzhecke“, mit dem der Weg einer ökonomischen und ökologischen Neuanlage von Saumstrukturen demonstriert werden sollte. In einer Langzeitbeobachtung wurde die Etablierung der Hecke dokumentiert und ihre Bedeutung als Lebensraum für Pflanzen und Tiere untersucht. Innerhalb von 10 Jahren hat sich die Anzahl der Gehölze um 30 % von 354 auf 460 Bäume und Sträucher erhöht. Die Artenzahl vervielfachte sich von 12 auf 55 Gehölzarten. Die Lockwirkung der blütenreichen Krautstreifen auf die blütenbesuchenden Schwebfliegen konnte demonstriert werden. Bis 100 m Feldtiefe wirkte sich die hohe Nützlingsdichte befallsreduzierend auf Blattläuse aus. Vogelbestandsbefragungen zeigten, dass die Hecke schon 1994 vom Neuntöter (*Lanius collurio*), einem typischen Heckenbewohner, als Brutrevier genutzt wurde. Zehn Jahre nach Anlage der Hecke erreichte die Zahl der Reviere der Singvögel einen Wert von 2,3 je 100 lfd. Meter Hecke. Das Beispiel zeigt, dass sich in kurzer Zeit durch die Kombination von Hecken und blütenreichen Krautstreifen wertvolle, strukturreiche Landschaftselemente in die Agrarfläche einfügen lassen. Neben der funktionellen Biodiversität mit der Förderung von Nützlingen wird damit allgemein zum Erhalt der Artenvielfalt beigetragen.

**Stichwörter:** funktionelle Biodiversität, Hecken, Feldraine, Vögel, Heuschrecken, Schwebfliegen

### Summary

The agricultural landscape in Germany is structured by a variety of linear and point-like landscape elements such as hedgerows, field margins, edges of woods, copses, etc.. Hedges and field margins are forming the landscape and because of the naturalness it has an important function for the species biodiversity. It offers especially for the highly specialized predators additional food resources and wintering habitats and retreats. In 1993 we started the project "Brandenburg stacked-wood hedge" to demonstrate an ecological and economical way for the new establishment of hedges and field margins. The long-term monitoring of the hedge shows the development and the importance as a habitat for plants and animals. Within 10 years the number of trees increased about 30 % from 354 to 460. The number of tree species is now 5 times higher, a growth from 12 to 55 tree species. The attraction of the blossomy herb strip was shown by the flower-visiting hover-flies. To 100 m depth of the field, the higher population of beneficial insects had a positive effect reducing aphids. Bird monitoring in the hedge showed, that already in 1994 the red-backed shrike (*Lanius collurio*) used it as a breeding ground. Ten years after building the hedge, the bird density reached a value of 2.3 breeding bird territories per 100 meters. The example shows, that into a short time through a combination of hedges and flowering field margins a valuable, structurally rich landscape element can be build in an arable area. Beside the functional biodiversity by beneficial insects, it is also a preservation of biodiversity in general.

**Keywords:** functional biodiversity, hedges, field margins, bird, grass hopper, hover flies

### 1. Einleitung

Saumbiotope sind für die Landwirtschaft als Wind- und Erosionsschutz von Bedeutung und als Biotope oftmals ganz wichtige Bereiche, in denen Artenvielfalt erhalten und Artenschutz betrieben

werden kann. Nachdem in den 1980er und 1990er Jahren die Forschung und Diskussion um die Bedeutung und Funktion der Saumbiotope intensiv geführt wurde, trat das Thema in den letzten 10 Jahren etwas aus dem Fokus. Der fortschreitende Verlust der Artenvielfalt in der Agrarlandschaft zwingt jedoch, sich mit der Erhaltung, Neuanlage und Pflege dieser Strukturen zu beschäftigen (BERGER und PFEFFER, 2011).

Die Agrarlandschaft in Deutschland wird durch eine Vielzahl unterschiedlicher linien- und punktförmiger Kleinstrukturen wie z. B. Hecken, Feld- und Wiesenraine, Waldränder, Feldgehölze oder Lesesteinhaufen gegliedert. Sie prägen entscheidend das Landschaftsbild und sind das Ergebnis einer Jahrhunderte währenden Landbewirtschaftung (Abb. 1). Aufgrund ihrer Naturbelassenheit und Vielfalt zählen sie zu den artenreichsten Biotopen, wobei generell mit steigender Pflanzenartenzahl das Arteninventar der Saumbiotope zunimmt (HEYDEMANN und MEYER, 1983; KRETSCHMAR *et al.*, 1994; HOFFMANN *et al.*, 2000). Dabei wird eingeschätzt, dass sich mit zunehmender Breite der Saumbiotope, aufgrund der höheren Pufferfähigkeit gegenüber negativen Einflüssen (Düngemittel, Pflanzenschutzmittelabdrift), stabilere Lebensgemeinschaften mit höheren Arten- und Individuenzahlen ausbilden (KRETSCHMAR *et al.*, 1994; KÜHNE *et al.*, 2000).



**Abb. 1** Typisierung von Kleinstrukturen in der Agrarlandschaft (Kühne *et al.*, 1999)

**Fig. 1** *Typing of field boundaries in the agricultural landscape*

Besonders für die oftmals hoch spezialisierten Nützlinge sind sie von besonderer Bedeutung. Allgemein dienen Hecken und Raine als Überwinterungstätte z. B. für Spinnen, Marienkäfer und zahlreiche andere Insektengruppen (BASEDOW, 1987; STACHOW, 1987). Von hier werden im Frühjahr die Felder neu besiedelt. In dieser Jahreszeit bieten dann frühblühende Ackerwildkräuter und Heckensträucher den Blütenbesuchern (z. B. Schwebfliegen, parasitische Wespen) die erste Nahrung, die sie im Laufe des Sommers zunehmend von den Pflanzen der Feld- und Wegraine erhalten. Während und nach der Ernte können Raine und Hecken Ersatzbiotope für zahlreiche Nützlinge darstellen, in denen sie Nahrung finden. Da sich aber die Struktur und der Pflanzenbestand der verschiedenen Kleinstrukturen erheblich voneinander unterscheiden, verändert sich die Attraktivität für die Nützlinge im Jahresverlauf. Die deutlichsten Unterschiede findet man zwischen den krautigen Saumbiotopen (z. B. Feld-, Wiesen- und Wegraine) und den Gehölzstrukturen (Hecken, Waldränder). Im Jahr 1993 startete das Pilotprojekt „Brandenburger Schichtholzhecke“, mit dem der Weg einer ökonomischen und ökologischen Neuanlage von Saumstrukturen demonstriert werden sollte. Im Rahmen einer Langzeitbeobachtung wurde die Etablierung der Hecke innerhalb der ersten 10 Jahre ausführlich dokumentiert und ihre Bedeutung als Lebensraum für Pflanzen und Tiere untersucht, wobei nachfolgend die wichtigsten Ergebnisse zusammengefasst werden sollen. Sie bieten die

Grundlage für weitere vergleichende Erhebungen, die im 20sten Jahr des Bestehens der Hecke im Jahr 2013 fortgeführt werden sollen.

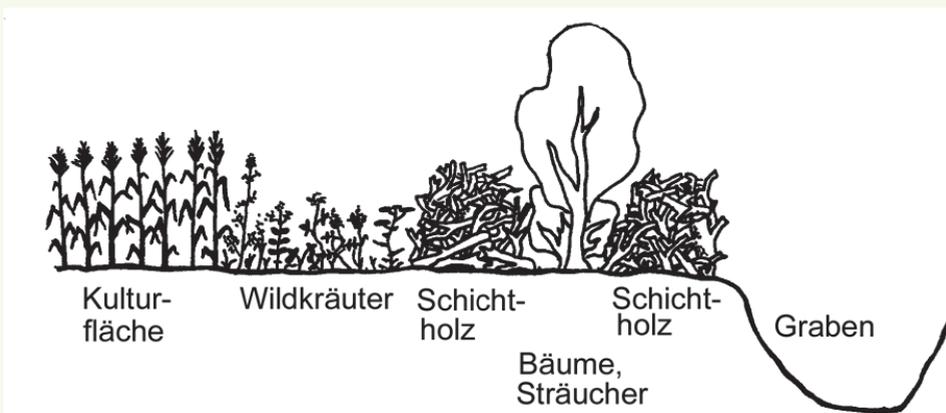
## 2. Material und Methoden

Die Idee zur Anlage der Hecke ist einfach, aber nicht ganz neu. Bereits in den 30er Jahren des vergangenen Jahrhunderts hat der Brandenburger Chirurg und Begründer der naturnahen Waldwirtschaft August Bier (1861–1949) Baum- und Strauchschnitt am Waldrand als Windschutz zu hohen Wällen aufgeschichtet (BIER, 1933). Hermann Benjes hat das Prinzip in Westdeutschland in den 1980er Jahren zur Neuanlage von Hecken populär gemacht (BENJES, 1998). Die sogenannten Benjeshecken sind aufgeschichtete Totholzwälle, die durch Selbstbegrünung entstehen. Gehölzsamen werden durch Windanflug oder Vogelkot eingetragen und keimen im Schutz der Wälle. Das Totholz gibt gewissermaßen die Starthilfe für das Wachstum der Heckensträucher. Auf Zäune als Verbisschutz gegen Rehwild kann dabei verzichtet werden, da das Gestrüpp den jungen Aufwuchs schützt.

### Die Brandenburger Benjes-Variante

Ob diese in vielen Teilen Westdeutschlands erfolgreich erprobte Methode auf die Brandenburger Verhältnisse zu übertragen war, musste Anfang der 1990er Jahre noch geklärt werden, denn die sandigen Böden der Mark und geringe Niederschläge erschweren das Pflanzenwachstum. Die Idee, eine Begrünung der Hecke durch Pflanzung junger Bäume und Sträucher gezielt zu lenken und zu beschleunigen, war naheliegend und wurde an verschiedenen Orten in Ostdeutschland gleichzeitig praktiziert.

Das Pilotprojekt „Brandenburger Schichtholzhecke“ hat neben der einreihigen Bepflanzung der Totholzwälle mit Bäumen und Sträuchern die Anlage von blühenden Krautstreifen in die Konzeption eingeschlossen, um die ökologischen Vorteilswirkungen von Feldhecken und Feldrainen zu kombinieren (Abb. 2).



**Abb. 2** Querschnitt durch die Brandenburger Schichtholzhecke

**Fig. 2** Cross-sectional view of the Brandenburg stacked-wood hedge

Die Umsetzung des Projektes erfolgte in gemeinsamer Arbeit mit den Berliner Stadtgütern als Bewirtschafter der Flächen, dem Forst und einer örtlichen Naturschutzgruppe auf einer Ackerfläche am südlichen Stadtrand von Berlin in der Gemeinde Osdorf. Vom Frühjahr bis zum Herbst 1993 wurden auf einer Länge von 575 Metern zwei parallel zueinander verlaufende Gestrüppwälle (3 m breit, 2 m hoch) aus Totholz, entlang eines Grabens, maschinell aufgeschichtet und dazwischen heimische Bäume und Sträucher (z. B. Feldulme, Vogelkirsche, Eberesche, Traubeneiche, Winterlinde,

Holzpfel, Schlehe) einreihig gepflanzt. Den Abschluss der Wälle bildeten große, übereinanderliegende Baumstammabschnitte. Im Frühjahr 1994 ist entlang der Hecke ein 5 m breiter Wildkrautstreifen angelegt worden, der im Abstand von 50 bis 60 Metern durch querverlaufende, buhnenförmige Tothholzwälle von der Ackerfläche abgegrenzt und dadurch gegen das Überpflügen durch Landmaschinen geschützt wurde. Es erfolgte die Aussaat von drei unterschiedlichen Samenmischungen (Tübinger Mischung, Mischung des JKI, Nentwig-Mischung), die in den nachfolgenden Jahren mit einer Selbstbegrünungsvariante verglichen wurden. Die „Nentwig-Mischung“ wurde in der Schweiz durch Prof. Wolfgang Nentwig zur Einsaat von Ackerkrautstreifen innerhalb von Feldkulturen entwickelt. Sie besteht aus einer speziellen Mischung von Deckfrüchten, Bodendeckern und Wildpflanzen. Insgesamt enthält sie 32 Arten. Der Anteil an Stauden und Zweijährigen ist dabei mit 23 Arten hoch. Die „Mischung des JKI“ wurde zur Anlage dauerhafter Wildkräuterstreifen unter Verwendung von 22 Pflanzenarten zusammengestellt. Sie enthält neben ein- und mehrjährigen Wildkräutern eine Grasunter Saat. Die konkurrenzschwachen, horstbildenden Gräser sollen für eine hohe Bodendeckung im zweiten Jahr sorgen und so die Ansiedlung ausdauernder Ackerunkräuter (z. B. Acker-Kratzdistel - *Cirsium arvense*) erschweren. Die „Tübinger Mischung“ wurde vornehmlich als Bienenweide mit 12 Pflanzenarten von einer Arbeitsgruppe der Universität Tübingen entwickelt. Sie enthält hauptsächlich Kulturpflanzen und Gartenformen von Wildpflanzen. Die Mischung wurde für Rotationsbrachen empfohlen.

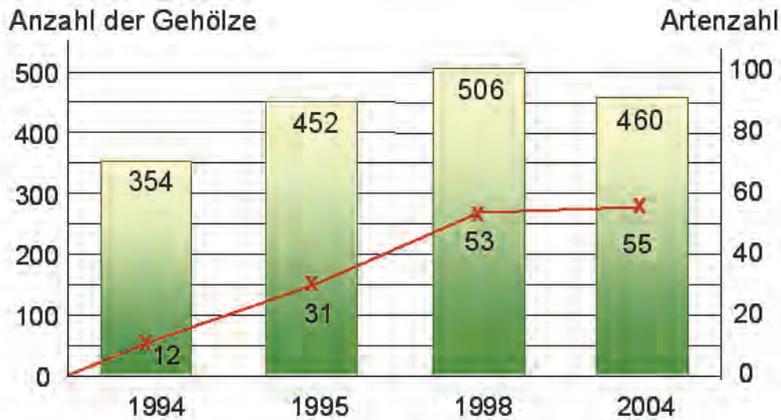
Im Jahr 1995, 1998 und 2004 wurden das Artenspektrum, die Anzahl der Bäume und Sträucher der Hecke bestimmt. Ein Vergleich mit den im Jahr 1993 gepflanzten Gehölzen ermöglichte es, das Ausmaß der natürlichen Ansiedlung und den Entwicklungsstand der Bäume und Sträucher zu beurteilen. Die Länge und Höhe der Tothholzwälle im Jahr 2004 ist vermessen worden und gibt Auskunft über den Zersetzungsgrad dieser Strukturen. Die Vegetationsuntersuchungen der Krautstreifen umfassten jeweils die Bestimmung der Gesamtpflanzenarten sowie des Deckungsgrades auf 25 m<sup>2</sup> jeder Teilfläche nach BRAUN-BLANQUET (1964). Das Artenspektrum und die Aktivitätsdominanz der Schwebfliegen (*Syrphidae*) wurde mit Hilfe von Malaise-Fallen und wöchentlicher Fallenleerung in den Monaten Juni bis Anfang August erfasst. Das Auftreten der Blattläuse in der angrenzenden Feldkultur erfolgte durch Zählungen an jeweils 5 x 25 Pflanzen in 5 m, 25 m, und 100 m Abstand zum Feldrand in den Monaten Juni und Juli. Dabei wurde das Räuber/Beuteverhältnis im angrenzenden Feld entlang der Hecke mit dem auf der gegenüberliegenden Feldseite (Entfernung 1300 m) verglichen, einem strukturarmen Wirtschaftsweg mit einem etwa einen Meter breiten, grasigen Saum. Von Ende Juni bis Anfang August erfolgten in zunehmendem Abstand (5 m, 25 m und 100 m) vom Feldrand wöchentliche Bonituren von jeweils 10x10 Pflanzen pro Linie. Die Zahlen der bonitierten Marienkäfer, Marienkäferlarven, Schwebfliegenlarven, Florfliegenlarven und Spinnen wurden zur besseren Vergleichbarkeit des Räuber-Beuteverhältnisses in Prädatoreinheiten (FREIER *et al.*, 2007) umgerechnet. Damit wird es möglich, die Leistung der verschiedenen Nützlingsgruppen vergleichbar zu bewerten. Heuschreckenarten und deren Abundanz sind mit mobilen 1 m<sup>2</sup> großen Fangkäfigen im Monat August bestimmt worden. Die Siedlungsdichteuntersuchungen der Singvögel erfolgte in den Jahren 1995, 1996, 1997, 1998 und 2004. Nach der Methode der Revierkartierung (OELKE, 1968) wurden alle Beobachtungen in Feldkarten aufgezeichnet. In jedem Jahr fanden 12–14 Kontrollgänge zwischen Ende März und Anfang Juli statt. Bei der Interpretation der Ergebnisse muss beachtet werden, dass es sich um Beobachtungen der Entwicklung eines einzelnen Saumbiotopes handelt, denen keine statistisch auswertbaren Wiederholungen zugrunde liegen.

### 3. Ergebnisse und Diskussion

#### *Die Gehölze der Hecke*

Der Gehölzbestand hat sich mit insgesamt 354 gepflanzten Gehölzen 1994 über 506 Gehölze im Jahr 1998 auf 460 Gehölze im Jahr 2004 stabilisiert. Insgesamt 117 Gehölze haben sich auf dem angrenzenden Wildkräuterstreifen bisher angesiedelt, darunter auch nichtheimische Arten wie z. B. der Eschenblättrige Ahorn (*Acer negundo*) und die Späte Traubenkirsche (*Prunus serotina*). Die

Artenzahl der Gehölze hat sich insgesamt fast verfünffacht, von 12 angepflanzten Arten 1993 auf 55 Arten im Jahr 2004 (Abb. 3). Durch Vogelkot bzw. durch das Totholz eingebrachte Gehölzsamen (insbesondere verschiedene Wildrosenarten – *Rosa* spp.) haben schon 1994 zu diesem Artenanstieg beigetragen.



**Abb. 3** Die Anzahl und Artenzahl der Gehölze der Brandenburger Schichtholzhecke von 1994 bis 2004

**Fig. 3** The number and species richness of woody plants of the Brandenburg stacked-wood hedge 1994-2004

Die Totholzwälle sind nach 10 Jahren zum großen Teil verrottet und nicht mehr vorhanden (Abb. 4). Auf einer Strecke von insgesamt 536 m Länge findet man noch Totholzstreifen von 0,5 bis 1 m Höhe, die aber immer stärker durch Pflanzen wie z. B. die Ackerwinde (*Convolvulus arvensis*) oder die Gewöhnliche Waldrebe (*Clematis vitalba*) bewachsen werden. Das entspricht einem Anteil von 44 % der ursprünglichen Gesamtlänge der Wälle von 1210 m. Die einreihig gepflanzten Gehölze dominieren nun das Erscheinungsbild der Hecke. Die Abbildung 5 verdeutlicht die Größenzunahme der Traubeneiche (*Quercus petraea*) und die Abnahme der Gestrüppwälle innerhalb von 10 Jahren. Eine Selbstbegrünung der Totholzwälle aus der Mitte der Schichtholzpackungen heraus ist nicht erfolgt. Nur am unmittelbaren Außenrand der Gestrüppwälle ist es insbesondere den Wildrosen (*Rosa* spp.) und Weiden (*Salix* spp.) gelungen, sich selbst anzusiedeln. Es ist aber nur dort erfolgt, wo die Totholzpackungen auf den gepflügten Ackerboden abgelegt wurden. Hier hatten Sämlinge die Möglichkeit, sich im Schutz der Wälle zu etablieren. Der westliche Gehölzwall ist auf den mit Gräsern bewachsenen Grabenrand abgelegt worden und deshalb ohne nennenswerten Gehölzzuwachs. Aus diesem Grund hat sich keine durchgehende dreireihige Heckenstruktur herausgebildet, wie bei der Konzeption erhofft. Vielmehr wird der einreihige Bewuchs durch dicht zusammenstehende Gehölzgruppen z. B. von bis zu 10 Weidengehölzen (*Salix* spp.) aufgegliedert, die entlang der Querwälle bis an den Rand der Ackerfläche reichen. Die ursprünglich geradlinige Anlage der Hecke mit ihrer strengen Aufteilung in Kraut- und Gehölzstreifen ist dadurch aufgebrochen. Die Strukturvielfalt hat sich durch viele verschiedene, räumlich abgetrennte Lebensräume enorm erhöht.



1994



2004

**Abb. 4** Entwicklung der Brandenburger Schichtholzhecke innerhalb von 10 Jahren

**Fig. 4** *Development of Brandenburg stacked-wood hedge within 10 years*



1994



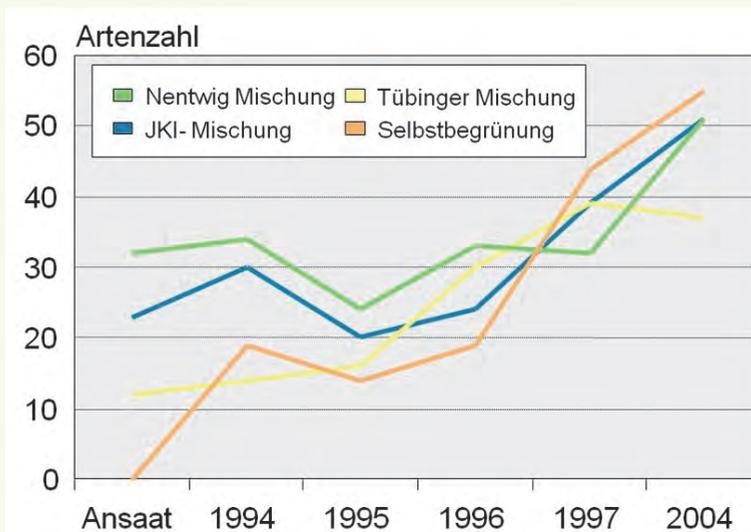
2004

**Abb. 5** Größenzunahme der Traubeneiche (*Quercus petraea*) und die Abnahme des Totholzes innerhalb von 10 Jahren

**Fig. 5** *Increase in the size of the sessile oak (*Quercus petraea*) and the decrease of dead wood within 10 years*

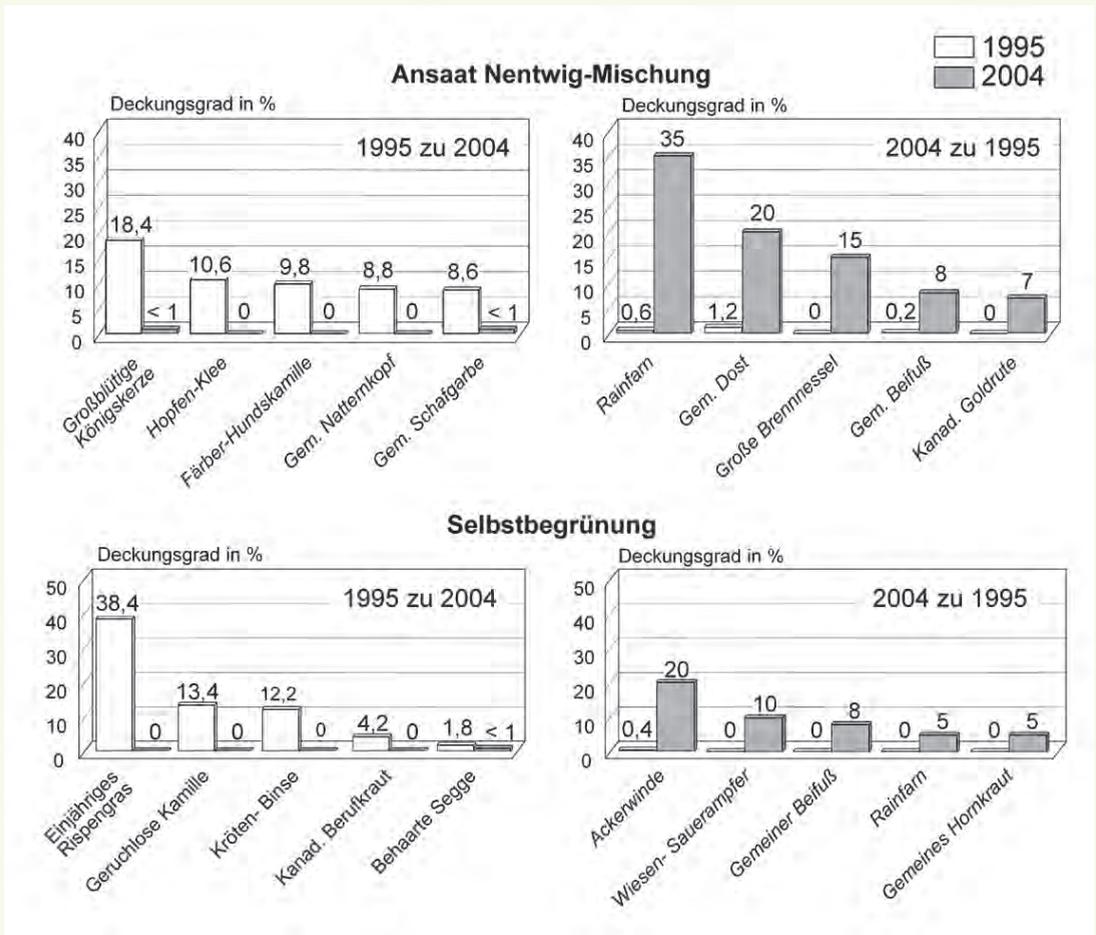
### Der Krautstreifen der Hecke

Die Wildkrautstreifen der Nentwig-Mischung und der Selbstbegrünung unterscheiden sich auch 10 Jahre nach ihrer Etablierung. Auf der Ansaatfläche hat sich der Rainfarn (*Tanacetum vulgare*) deutlich ausgebreitet, aber auch die Flockenblume (*Centaurea cyanus*), Moschus-Malve (*Malva moschata*) und Gewöhnliche Schafgarbe (*Achillea millefolium*) sind lokal bestandsbildend. Einige Ansaatpflanzen haben sich auch auf Bereichen der Selbstbegrünung ausgebreitet wie z. B. die Großblütige Königskerze (*Verbascum densiflorum*) und die Wilde Karde (*Dipsacus fullonum*). Während auf den Flächen der Nentwig-Mischung noch 15 der 32 Ansaatarten vorhanden sind, wurden auf den Flächen der Tübinger Mischung alle angesäten Arten verdrängt. Letztere bestand aus 12 Ansaatarten, wobei die Samenmischung als Bienenweide für die Rotationsbrachebegrünung entwickelt wurde und sich hauptsächlich aus einjährigen Kulturpflanzenarten zusammensetzte z. B. Rainfarn-Phacelie, Öl-Rettich, Gelb-Senf und Kornblume. Die Flächen der Selbstbegrünung wiesen nach 10 Jahren die höchste Pflanzenartenvielfalt auf (Abb. 6).



**Abb. 6** Entwicklung der Pflanzenartenzahlen in den Wildkrautparzellen  
**Fig. 6** Development of plant species richness in the weed plots

Auf allen Flächen kam es innerhalb der ersten 10 Jahre erwartungsgemäß zu einer Umschichtung der dominierenden Pflanzenarten. Als Beispiel soll hier der Vergleich zwischen der Nentwig-Mischung und der Selbstbegrünung dienen. In der Abbildung 7 sind die 5 häufigsten krautigen Pflanzenarten zwischen den Jahren 1995 und 2004 verglichen. Es wird deutlich, dass sich auf den Ansaatflächen die Entwicklung zu einer Hochstaudenflur mit dominierendem Rainfarn schneller vollzogen hat.

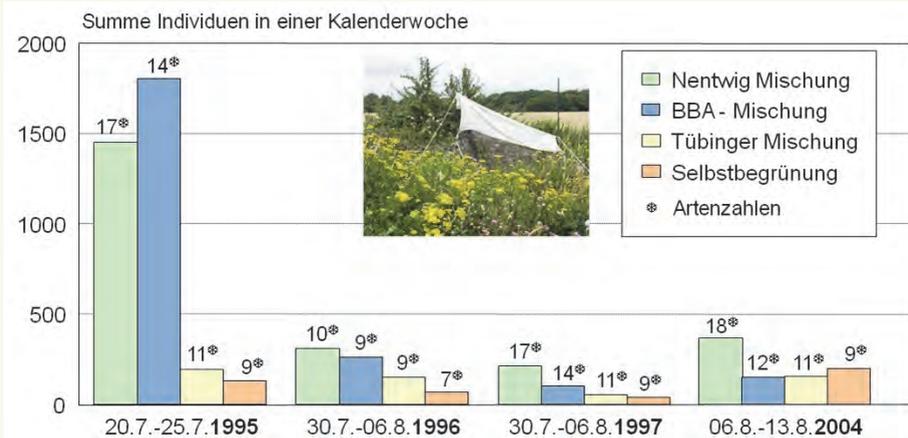


**Abb. 7** Vergleich des Deckungsgrades der 5 häufigsten Pflanzenarten auf der Ansaat Nentwig-Mischung und der Selbstbegrünung der Jahre 1995 und 2004

**Fig. 7** Comparison of the coverage ratio of the 5 most common species in the Nentwig-seeding mixture and self greening between the years 1995 and 2004

### Blütenreiche Staudenfluren locken Nützlinge an

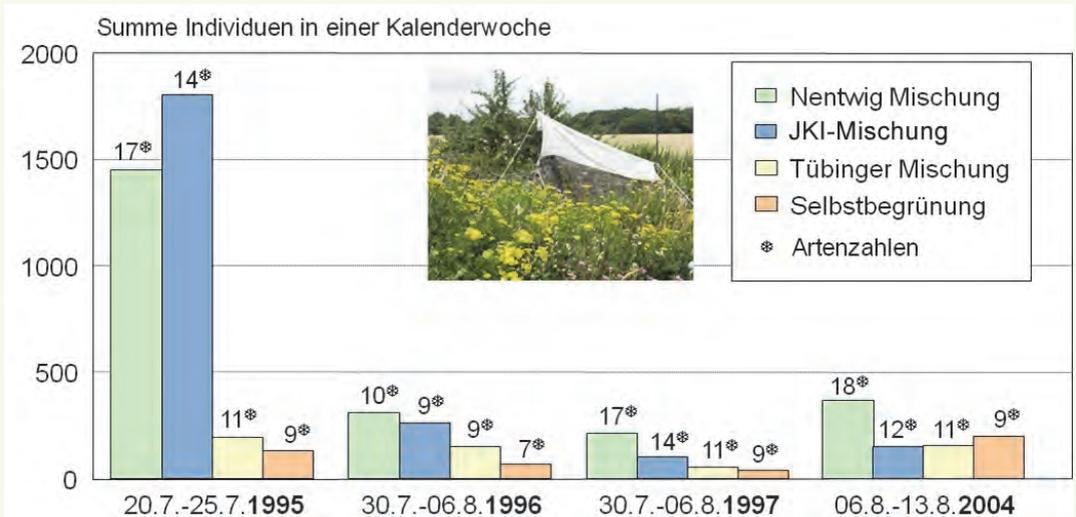
In diesem Zusammenhang ist auf die besondere Bedeutung des Blütenreichtums für die Anlockung blütenbesuchender Nützlinge in den verschiedenen Krautstreifen hinzuweisen. Während die Ansaatflächen, insbesondere die Nentwig- und JKI-Mischung, schon im ersten Jahr eine große Attraktivität auf Schwebfliegen ausübten, wurden die selbstbegrüneten Flächen aufgrund ihrer geringeren Blütenattraktivität für Schwebfliegen nur wenig besucht. Auch nach 10 Jahren hatte die Nentwig-Mischung gegenüber Schwebfliegen die höchste Attraktivität (Abb. 8).



**Abb. 8** Arten- und Individuenzahl von Schwebfliegen (Syrphidae) in den verschiedenen Wildkrautparzellen (Malaisefänge)

**Fig. 8** Species and individuals number of hoverflies (Syrphidae) in the different weed plots (Malaise-traps)

Untersuchungen zum Auftreten von Schwebfliegen auf den Wildkräuterstreifen und dem angrenzenden Feld haben ergeben, dass die Aktivität auf den Krautstreifen 1995 fünfmal höher ist als im 5 m Bereich des angrenzenden Winterweizenfeldes. Mit Hilfe von jeweils einer Malaisefalle wurden in einem vierwöchigen Zeitraum in den Monaten Juni und Juli im Krautstreifen 4940 Schwebfliegen gefangen, während im 5 m Bereich des Feldes nur 904 Individuen gezählt wurden (Abb. 9). Obwohl im Jahr 2004 im gleichen Fangzeitraum im Krautstreifen etwa nur die Hälfte der Individuen (2413 Individuen/Malaisefalle) im Vergleich zu 1995 gefangen wurde, erhöhte sich das Aktivitätsverhältnis zum Feld (Winterroggen) um das siebenfache (336 Schwebfliegen/Malaisefalle). Die Zahlen belegen, wie der blütenreiche Randstreifen durch die Insektenwelt belebt wird.

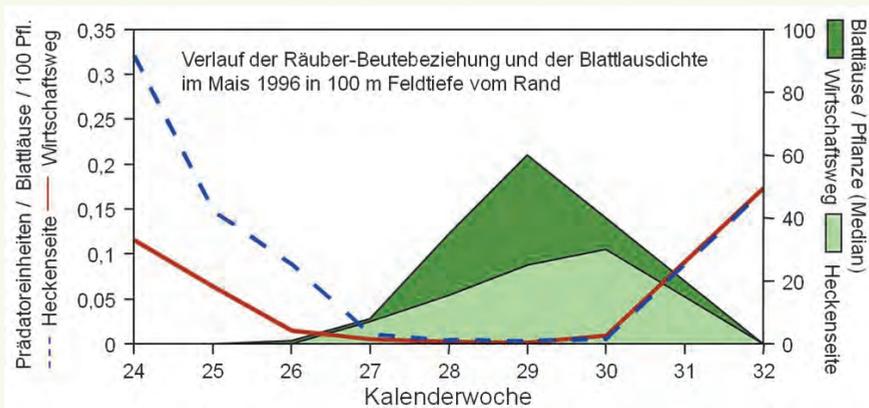


**Abb. 9** Arten- und Individuenzahl von Schwebfliegen (Syrphidae) in unterschiedlichen Feldtiefen vom Rand der Hecke

**Fig. 9** Species and individuals number of hoverflies (Syrphidae) in different depths of field from the edge of the hedge

*Auswirkungen höherer Nützlingsdichten auf Blattläuse in der angrenzenden Feldkultur*

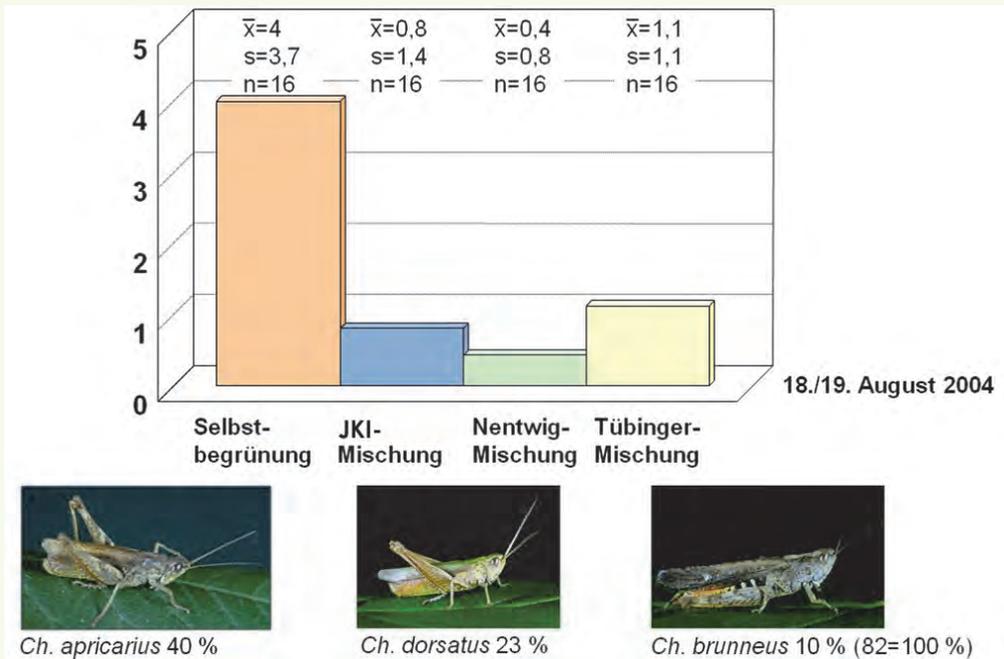
Dass die Zunahme der Schwebfliegen infolge der blütenreichen Krautstreifen auch höhere Nützlingszahlen in dem angrenzenden Feld zur Folge haben kann und damit die schädlichen Blattlauspopulationen geringere Abundanzen aufweisen, haben dreijährige Untersuchungen von 1995 bis 1997 gezeigt. Während 1995 im Winterweizen nur geringfügige Unterschiede zwischen der Entwicklung der Blattlauspopulation im Feld an der Hecke im Vergleich zum Feld an dem strukturarmen Saumbiotop auf der gegenüberliegenden Feldseite zu beobachten waren, zeigten sich dagegen in der Kultur Mais 1996 und 1997 deutliche Unterschiede. Über den gesamten Zeitraum der Untersuchung waren insgesamt die Blattlausdichten auf der Heckenseite in allen drei Felddiefen geringer. Das Räuber-Beuteverhältnis (Prädatoreinheiten/Blattläuse/100 Pflanzen) gestaltete sich 1996 und 1997, vor dem Beginn der Blattlausentwicklung, auf Seiten der strukturreichen Hecke in allen Felddiefen günstiger als in dem gegenüberliegenden Feldbereich. Dies kann als Ursache für die geringeren Blattlausdichten angenommen werden. Die Abb. 10 soll diese Entwicklung beispielhaft verdeutlichen.



**Abb. 10** Verlauf der Räuber-Beutebeziehung und der Blattlausdichte im Mais 1996 in 100 m Felddiefe vom Rand der Hecke  
**Fig. 10** Course of the predator-prey relationship and the aphids in corn in 1996 in 100 m depth from the edge of the hedge

*Staudenfluren als Lebensraum für Heuschrecken (Saltatoria)*

Heuschrecken werden für Deutschland in der phytomedizinischen Fachliteratur nicht mehr als Schadorganismen beschrieben (HEITFUSS, 2000). Für Europa wird die Bedeutung als Schädling als gering eingestuft (HALLMANN *et al.*, 2007). Sie sind aber an die Besonderheiten der Saumbiotop angepasst und stellen aus naturschutzfachlicher Sicht Bioindikatoren dar. Aus diesem Grund wurde die Besiedlung der Krautstreifen durch Heuschrecken untersucht und es zeigte sich im Gegensatz zu den Vorlieben der blütenbesuchenden Insekten ein völlig anderes Verteilungsbild auf den Krautstreifen. Diese wärmeliebende Insektengruppe meidet die dichten und hohen Staudenfluren der Ansaatflächen. Sie bevorzugen die grasigen und kurzen Bestände der Selbstbegrünung, die sich durch die Sonnenstrahlung schnell erwärmen. Im Durchschnitt haben sich 4 Individuen pro Quadratmeter dort angesiedelt, während auf der Nentwig- und JKI-Mischung durchschnittlich weniger als eine Heuschrecke pro Quadratmeter zu finden war (Abb. 11).

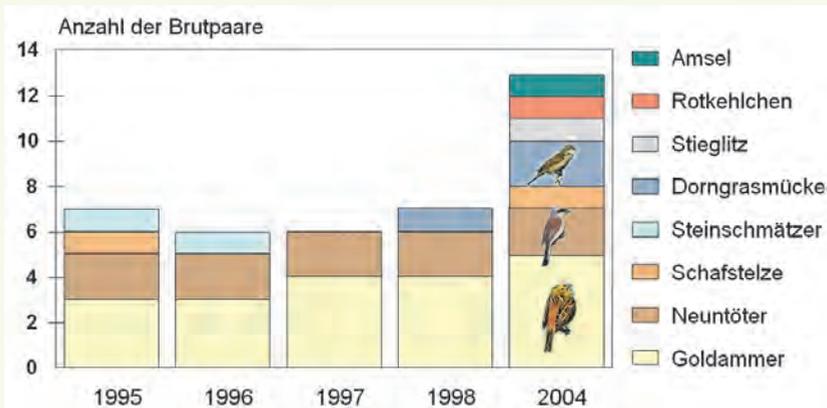


**Abb. 11** Mittlere Anzahl Heuschrecken in den verschiedenen Wildkrautparzellen  
**Fig. 11** Mean number of grass hoppers (*Saltatoria*) in the different weed plots

### Die Singvögel der Hecke

Mit Schaffung der Hecke brüteten 1995 sofort 4 Arten mit 7 Revieren (Abb. 12). Der Verlauf der Besiedlung durch Singvögel geht mit der Biotopentwicklung auf der Fläche einher. Während 1994 die reine Ackerfläche nur für Offenlandarten wie z. B. der Feldlerche Revierplätze bot, lieferte bereits das Gerüst der Hecke – das Schichtholz – genügend Strukturen, um mehreren Vogelarten Nistmöglichkeiten zu bieten, die strukturreichere Lebensräume bevorzugen. Bereits im Sommer 1994, nachdem die Anlage der Hecke mit der Aussaat der Krautstreifen beendet war, konnte ein Brutpaar des Neuntöters bei der Aufzucht der Jungvögel in den Totholzwällen beobachtet werden. Damit hat eine Leitart für Heckenbiotope (FLADE, 1994) die entstandene Habitatstruktur sofort als Brutplatz genutzt. In den Folgejahren haben jeweils zwei Brutpaare dieser Art die Hecke besiedelt.

In der ersten Hälfte des Beobachtungszeitraumes bis 1998 lag die jährliche Zahl der Reviere aller Singvögel pro 100 lfd. Meter bei 1,0 bis 1,2. Im Jahr 2004 verdoppelte sie sich dann mit 13 Revieren auf 2,3 Reviere pro 100 lfd. Meter. Damit entsprechen diese Dichten den Revierdichten vergleichbarer naturnaher Heckenstrukturen anderer Gebiete (z. B. NICKLAUS, 1992; BAIRLEIN und SONNTAG, 1994). Die Stagnation bzw. der geringfügige Rückgang von Artenzahl und Brutpaardichte im zweiten und dritten Jahr lässt sich anhand der Biotopentwicklung erklären: Steinschmätzer und Schafstelze sind typische Offenlandarten, die den zunehmenden Bewuchs der Gehölzstruktur meiden. Erst im vierten Jahr hat sich die Strukturvielfalt so weit erhöht, dass auch die Dorngrasmücke als typischer Heckenvogel das Biotop nutzen konnte. Das Totholz kann somit die Heckenbesiedlung durch biototypische Vögel beschleunigen und es bietet Strukturen, die normalerweise erst alte Hecken aufweisen.



**Abb. 12** Entwicklung der Arten- und Revierpaarzahlen der Hecke von 1995 bis 2004  
**Fig. 12** *Development of bird species and numbers of breeding bird territories of the Hedge 1995-2004*

*Probleme bei der Anlage von Schichtholzhecken*

Dem Beispiel des Pilotprojektes Brandenburger Schichtholzhecke folgend, sind in den 1990er Jahren eine Vielzahl ähnlicher Hecken am Stadtrand von Berlin und in Brandenburg entstanden. Probleme mit Vermüllung gab es immer dort, wo Anwohner direkten Zugang zu den Gestrüppwällen hatten. Regelmäßig mussten solche Hecken von Kühlschränken, Autobatterien, alten Fahrrädern oder aber auch Gartenabfällen gereinigt werden (Abb. 13). Teilweise kam es auch zu mutwilligen Zerstörungen durch Feuer. Obwohl die Schichtholzpackungen sehr schlecht brennen, ist es durch die Anwendung von Brandbeschleunigern gelungen, größere Abschnitte zu vernichten. Aufgrund der heutigen Nutzung von Schnitt- und Totholz für die Energiegewinnung wird die Anlage von Schichtholzhecken unattraktiv und wird in den letzten Jahren kaum noch genutzt.



**Abb. 13** Vermüllung einer Schichtholzhecke  
**Fig. 13** *Littering a Brandenburg stacked-wood hedge*

## Literatur

- BAIRLEIN, F. und B. SONNTAG, 1994: Zur Bedeutung von Straßenhecken für Vögel. *Natur und Landschaft* **69** (2), 43–48.
- BASEDOW, T., 1987: Die Bedeutung von Hecken, Feldrainen und pflanzenschutzmittelfreien Ackerrandstreifen für die Tierwelt der Äcker. *Gesunde Pflanzen* **39**, 421–429.
- BENJES, H., 1998: Die Vernetzung von Lebensräumen mit Benjeshecken. 5. Auflage, Natur & Umwelt Verlagsges., 154 S.
- BERGER, G. und H. PFEFFER, 2011: Naturschutzbrachen im Ackerbau: Anlage und optimierte Bewirtschaftung kleinflächiger Lebensräume für die biologische Vielfalt – Praxishandbuch. *NATUR & TEXT in Brandenburg*, 160 S.
- BIER, A., 1984: August Bier und der Wald in SauenSonderdr.[für Forsthof Polau, Kr. Uelzen(Niedersachsen)], Verlag Erde u. Kosmos, 20 S.
- BRAUN-BLANQUET, J. 1964: Pflanzensoziologie, Grundzüge der Vegetationskunde. (3. Auflage). Springer Verlag, Wien, 865 S.
- FLADE, M., 1994: Die Brutvogelgemeinschaften Mittel- und Norddeutschlands – Grundlagen für den Gebrauch vogelkundlicher Daten in der Landschaftsplanung. IHW-Verlag, Echingen: 879 S.
- FREIER, B., H. TRILTSCH, M. MÖWES, und E. MOLL, 2007: The potential of predators in natural control of aphids in wheat: Results of a ten-year field study in two German landscapes. *BioControl*, **52** (6), 775-788.
- GNIELKA, R.; R. SCHÖNBRODT; T. SPRETKE und J. ZAUMSEIL, 1990: Anleitung zur Brutvogelkartierung. *Apus* **7**, (4/5), 145 - 239.
- HALLMANN, J., A. QUADT-HALLMANN und A. A. VON TIEDEMANN, 2007: *Phytomedizin*. Ulmer, Stuttgart, 516 S.
- HEITFUSS, R., 2000: *Pflanzenschutz*, Thieme Verlag, Stuttgart, 399 S.
- HOFFMANN, J., H. KRETSCHMER und H. PFEFFER, 2000: Effects of patterning on biodiversity in Northeast German agricultural landscapes. *Ecological studies*, (**147**), S. 325-340.
- KRETSCHMER, H., H. PFEFFER, J. HOFFMANN, I. FUX, I. und G. SCHRÖDL, 1994: Strukturelemente in Agrarlandschaften Ostdeutschlands – Bedeutung für den Biotop- und Artenschutz. *ZALF-Berichte* **19**, Münchenberg: 164 S.
- KÜHNE S., S. ENZIAN, B. JÜTTERSONKE, B. FREIER, R. FORSTER und H. ROTHERT, 2000: Beschaffenheit und Funktion von Saumstrukturen in der Bundesrepublik Deutschland und ihre Berücksichtigung im Zulassungsverfahren im Hinblick auf die Schonung von Nichtzielarthropoden. *Mitt. Biol. Bundesanst. Land-Forstwirtsch. Berlin-Dahlem*, (378), 128 S.
- KÜHNE S., B. FREIER, S. ENZIAN und R. FORSTER, 1999: Kategorisierung von Kleinstrukturen in Nachbarschaft zu Agrarflächen und Analyse ihrer Flächenanteile in der Bundesrepublik Deutschland – Grundlage einer differenzierten Risikoabschätzung von Pflanzenschutzmaßnahmen auf Nichtzielflächen. *Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd.*, **51** (10), 262–267.
- NICKLAUS, A., 1992: Die Bedeutung der Hecken für Vögel in einer intensiv genutzten Agrarlandschaft – untersucht im nördlichen Erftkreis. *Charadrius* **3** (28), 121–133.
- OELKE, H., 1968: Empfehlungen für Untersuchungen der Siedlungsdichte von Sommervogelbeständen. *Vogelwelt* **89**, 69-78.
- STACHOW, U., 1987: Aktivitäten von Laufkäfern in einem intensiv wirtschaftenden Ackerbaubetrieb unter Berücksichtigung des Einflusses von Wallhecken. *Schriftenreihe des Inst. Wasserwirtschaft Landschaftsökologie Univ. Kiel*, (5), 1–128.

## Regenwurmzönosen als Indikatoren der Bodenfruchtbarkeit am Beispiel weinbaulich genutzter Flächen

*Earthworm cenoses used as indicators of soil fertility applied to sites of viticulture*

Frank Riepert\*, Barbara Baier, Dieter Felgentreu & Thomas Strumpf

Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, D-14195 Berlin

\*Korrespondierender Autor, frank.riepert@jki.bund.de, +49(0)30 83042350

DOI: 10.5073/jka.2012.436.005

### Zusammenfassung

Im Vortrag wurden erste Ergebnisse der Auswertung einer Beprobung von Regenwurmzönosen an 8 Standorten von Winzerbetrieben in der Pfalz, Rheinhessen, Baden und an der Mosel vorgestellt. Die Standorte waren maßgeblich unter Gesichtspunkten wie der Abbildung der Spanne an Kupfergesamtgehalten und Bodeneigenschaften in der oberen Bodenschicht (0-20 cm) sowie nach praktisch orientierten Eignungskriterien ausgewählt worden. Als Ergebnis lässt sich festhalten, dass sich bei niedriger und mittlerer Belastung Gesamtabundanzen als eher unempfindlicher Parameter erwiesen haben. Die Verteilung auf Lebensformtypen und ganz besonders die Artenvielfalt erwiesen sich als die deutlich empfindlicheren Parameter.

**Stichwörter:** Kupferbelastung, Weinbau, Regenwürmer, Populationseffekte

### Abstract

The presentation comprised first results of the evaluation of a sampling of earthworm populations at 8 sites of vine growing farms in Palatinate, Rheinhessen, Baden and at the Mosel river. The sites had been selected to cover criteria like the range of total copper contents and soil properties in the upper soil layer (0-20 cm), and practical aspects of sampling. Total abundance revealed to be a rather insensitive parameter at lower or medium copper loads. The relative distribution of abundance to life-forms and especially species diversity were much more sensitive parameters.

**Keywords:** Copper load, viticulture, earthworms, effects on population level

### Vortragsskizzenfassung

Auf der Grundlage der 2009 begonnenen Erhebung zum Kupfergehalt in der belebten Bodenschicht bis 20 cm Tiefe in den Hauptsonderkulturen Wein-, Obst- und Hopfenbau (RIEPERT *et al.*, 2010 und STRUMPF *et al.*, 2011) konnten unter Berücksichtigung der breiten Spanne der bestimmten Kupfergesamtgehalten auf den Bewirtschaftungsflächen und anderer wichtiger Bodenkenngrößen der Stichprobe insgesamt 8 Betriebe für eine Freilandbeprobung der Regenwurmlebensgemeinschaft im Ökologischen Weinbau ausgewählt werden. Bestimmend für die Auswahl waren neben den Cu-Gesamtgehalten, Bodeneigenschaften, denen eine wichtige Rolle bei der Verfügbarkeit des Kupfers zugemessen wird (Tab. 1).

Da Beprobungen nur während der Aktivitätsphasen von Regenwürmern, in unseren Breiten im Frühjahr und im Herbst, sinnvoll sind, wurde die Beprobung von jeweils 4 Betrieben auf den Herbst 2010 und das Frühjahr 2011 gelegt. Je zwei Betriebe fielen dabei auf die Anbaugelände Pfalz (PF), Rheinhessen (RH) sowie Mittelmosel (MO) und Baden (BA). Je Betrieb wurden im Regelfall 3 Versuchsglieder, eine in Bewirtschaftung befindliche Fläche (Prüffläche), eine möglichst niemals genutzte Fläche (Kontrolle) und eine ehemals genutzte Fläche (Referenz) einbezogen. Letztere Fläche dient der Einschätzung des Einflusses von Bewirtschaftungsmaßnahmen wie z. B. der Bodenbearbeitung oder der Düngung. Je Versuchsglied wurden 4 x 0,25 m<sup>2</sup>, verteilt über den Schlag, per Handauslese und Formalinextraktion gemäß den Vorgaben nach DIN ISO 11266-1 beprobt. Die taxonomische Bestimmung bis auf Artebene (Tab. 2) wurde durch das Labor Dr. Krück in Berlin durchgeführt.

**Tab. 1** Kurzcharakterisierung der Beprobungsflächen  
**Tab. 1** Short description of the sampling sites

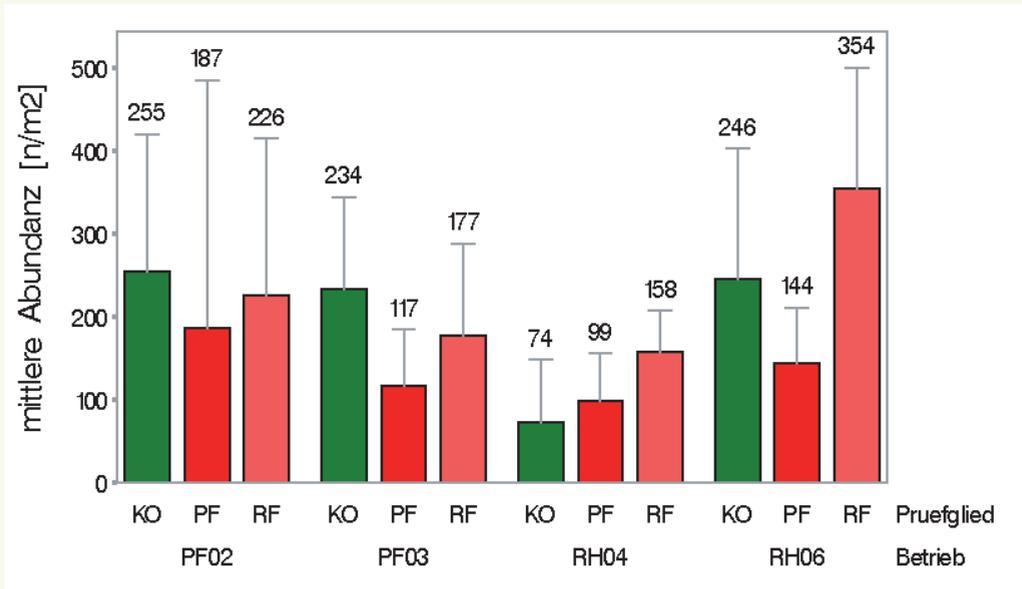
Betriebs-code	Prüfglied	Cu-Gesamtgehalt [mg/kg]	pH	org. Substanz [%]	Bodenart - Flächenbeschreibung
RH04	Prüffläche	133	7,5	10,8	UI3 - Bewirtschaftung seit mindestens 100 Jahren, seit 1990 ökol.
	Kontrollfl.	20	7,6	9,4	UI2 - Wiese mit Spontanvegetation (Rand-/Ruderalfläche), neben Ackerflächen
RH06	Prüffläche	38	7,7	5,2	Ltu - ökologische Bewirtschaftung; alternierende Begrünung
	Kontrollfl.	25	7,6	6,7	Ltu - Ackerfläche, gegenüber Prüfflächen
PF02	Prüffläche	74	7,6	8,4	Ltu - Bewirtschaftung seit mindestens 100 Jahren, seit 1989 ökol., alternierende Begrünung, Hanglage 20 %
	Kontrollfl.	42	7,6	8,6	Ltu - Dauergrünland in Hofnähe
PF03	Prüffläche	179	6,8	5,2	Lt2 - Bewirtschaftung seit mindestens 100 Jahren, seit 1980 ökol. Untersaatmischung abwechselnd mit Dauerbegrünung
	Kontrollfl.	36	7,3	7,7	Lu4 - Dauergrünland
BA01	Prüffläche 1	27	7,5	4,2	Ltu - Anbau 30 Jahre, ökol. Anbau seit 1990, Dauerbegrünung
	Prüffläche 2	225	7,5	4,3	Tu - Anbau 50 Jahre, ökol. Anbau seit 1990, Dauerbegrünung
	Kontrollfl.	88	7,2-7,8	4,2	TI - Streuobstwiese seit 40 J.
BA02	Prüffläche	186	7,2-7,5	4,1	Tu - konv. Anbau seit 100 J.
	Kontrollfl.	25	6,1-7,7	2,6	Ltu - Wiese, früher 2 J. Apfelanbau
MO03	Prüffläche 1	29	5,9-6,8	2,0	Lu4 - ökol. Anbau 14 Jahre, Dauerbegrünung
	Prüffläche 2	212	6,4-6,8	3,2	Lu - Nutzung seit 100 J., ökol. Anbau seit 28 J., Dauerbegrünung
	Kontrollfl.	19	5,4-5,9	2,4	Lu - Wiese seit 30 J.
MO06	Prüffläche	227	6,8	3,3	Us - Anbau > 100 Jahre, seit 7 J. ökol.,
	Kontrollfl.	22	5,0	2,1	SI4 - Streuobstwiese seit 1975

**Tab. 2** Identifizierte Regenwurmarten (fett: dominante Arten)  
**Tab. 2** Identified earthworm species (bold: dominant species)

Lebensformen		
Streubewohner (epigäisch lebend)	Mineralbodenbewohner (endogäisch lebend)	Tiefengräber (anözisch lebend)
<i>Dendrobaena rubida</i>	<b><i>Aporrectodea caliginosa</i></b>	<i>Allolobophora longa</i>
<i>Dendrobaena octaedra</i>	<b><i>A chlorotica</i></b>	<b><i>Lumbricus terrestris</i></b>
<i>Eisenia fetida</i>	<i>A. icterica</i>	
<b><i>Lumbricus rubellus</i></b>	<i>A. nocturna</i>	
<b><i>L. castaneum</i></b>	<i>A. rosea</i>	
<i>Dendrobaena rubida</i>	<i>Octolasion cyaneum</i>	
	<i>O. tyraeum</i>	

Die Vorortbeprobungen wurden von chemischen und biologischen Labortests mit Bodenproben des Aushubs begleitet, um eine exakte Cu-Gehaltsbestimmung der Beprobungsstelle und eine zusätzliche Interpretationshilfe der multifaktoriell beeinflussten Freilandsituation zu erhalten. Die Ergebnisse der biologischen Labortests werden gesondert dargestellt (s. FELGENTREU *et al.* in diesem Band)

Als Ergebnis der Freilanduntersuchung im Oktober 2010 hat sich herausgestellt, dass die Gesamtabundanzen (Anzahl Würmer über alle Arten) bei niedriger und mittlerer Kupferbelastung wenig aussagekräftig sind und streuungsbedingt Mittelwertvergleiche zu keinen signifikanten Unterschieden führen (Abb. 1a). Signifikante Unterschiede zur Kontrolle ( $p \leq 0,05$ ) fanden sich nur bei der Referenzfläche von RH04.



**Abb. 1a** Mittlere Gesamtabundanzen [ $n/m^2$ ] der in den 3 Versuchsgliedern Kontrolle (KO), Prüffläche (PF) und Referenzfläche (RF) extrahierten Regenwürmer der im Oktober 2010 beprobten 4 Betriebe der Pfalz und Rheinhessens. Zur Ergänzung der Grafik finden sich in Tab. 3a die Cu-Gesamtgehalte [ $mg/kg$  Boden TM], gemessen in Proben des Aushubs der Wurmextraktion. Die Gehalte in den aktuell bewirtschafteten Prüfflächen (fett) decken einen Bereich geringer bis mittelstarker Belastung aus.

**Fig. 1a** Mean total abundance [ $n/m^2$ ] of the extracted earthworms in the 3 treatment groups, untreated control (KO), test plot (PF) and reference plot (RF) of 4 farms located in Palatinate and Rheinhessen being selected for the October sampling in 2010. Complementary to the figure, Table 3a lists the total copper contents determined in samples of the excavated soil from earthworm extraction. The content values determined at sites currently under cultivation (bold) represent a range of mild to moderate contamination.

**Tab. 3a** Cu-Gesamtgehalte [ $mg/kg$ ], gemessen in Proben des Aushubs für die Wurmextraktion bei der Beprobung im Oktober 2010 in Betrieben der Pfalz und Rheinhessens

**Tab. 3a** Total copper contents [ $mg/kg$ ] determined in samples of the excavated soil for the earthworm extraction during the sampling in October 2010 in farms of Palatinate and Rheinhessen

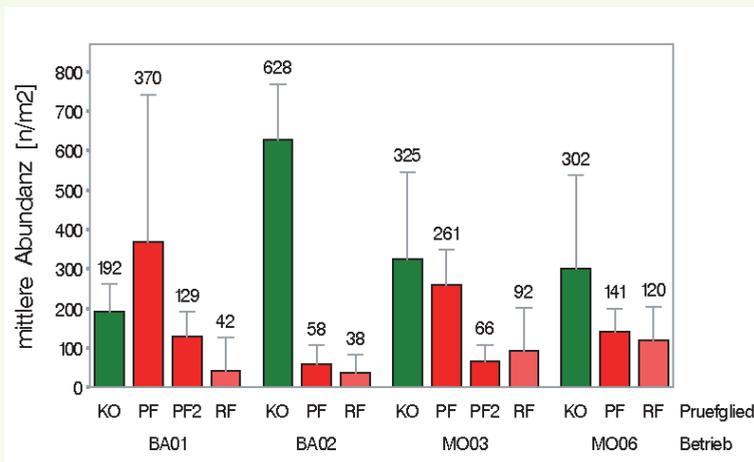
PF02			PF03			RH04			RH06		
KO	PF	RF	KO	PF	RF	KO	PF	RF	KO	PF	RF
47	<b>74</b>	49	28	<b>179</b>	34	18	<b>133</b>	124	26	<b>38</b>	107

**Tab. 3b** Cu-Gesamtgehalte [mg/kg], gemessen in Proben des Aushubs für die Wurmextraktion bei der Beprobung im April 2011 in Betrieben Badens und an der Mosel

**Tab. 3b** Total copper contents [mg/kg] determined in samples of the excavated soil for the earthworm extraction during the sampling in April 2011 in farms of Baden and at the river Mosel

BA01				BA02			MO03				MO06		
KO	PF	PF2	RF	KO	PF	RF	KO	PF	PF2	RF	KO	PF	RF
88	<b>27</b>	<b>225</b>	188	25	<b>186</b>	305	19	<b>29</b>	<b>212</b>	276	22	<b>227</b>	93

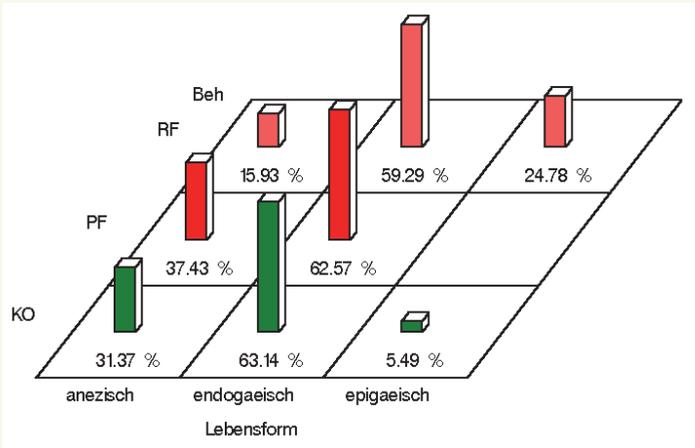
Bei der Beprobung im Frühjahr 2011 in den Weinanbaugebieten Badens und der Mosel waren Betriebe mit einer Spanne von Gesamtgehalten ausgewählt worden, die auf den Prüfflächen zwischen 27 und 227 mg Gesamtkupfer/kg Boden reichte (Tab 3b). Insbesondere bei den Betrieben an der Mosel fielen die Abundanzunterschiede in der Tendenz und auch statistisch klarer aus. Statistisch signifikant ( $p \leq 0,05$ ) verschieden zur Kontrolle waren die Prüfglieder PF2 und RF von MO03 und RF von MO06 (Abb. 1b). Angesichts der hohen Gehalte in den Prüfflächen aller untersuchten Betriebe war jedoch ein klareres Ergebnis erwartet worden.



**Abb. 1b** Mittlere Gesamt-Abundanzen [n/m<sup>2</sup>] der in den 3 Versuchsgliedern (zweimal musste wegen der sehr geringen Kupferbelastung in der ausgewählten Prüffläche eine weitere Prüffläche (PF2) hinzugezogen werden) Kontrolle (KO), Prüfflächen (PF/PF2) und Referenzfläche (RF) extrahierten Regenwürmer der im April 2011 beprobten 4 Betriebe Badens und an der Mosel. Zur Ergänzung der Grafik finden sich in Tab. 3b die Cu-Gesamtgehalte [mg/kg Boden TM], gemessen in Proben des Aushubs der Wurmextraktion. Die Gehalte in den aktuell bewirtschafteten Prüfflächen (fett) decken einen Bereich geringer bis starker Belastung aus.

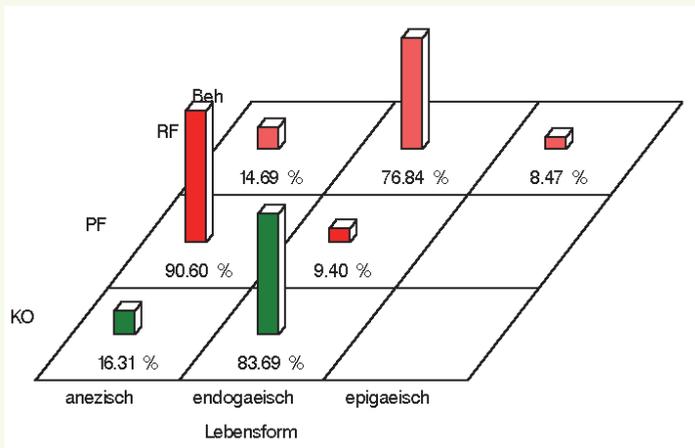
**Fig. 1b** Mean total abundance [n/m<sup>2</sup>] of the extracted earthworms in the 3 treatment groups (due to a very low copper load in the selected test plot, in two cases test plots with higher load (PF2) had to be included additionally), untreated control (KO), test plot (PF) and reference plot (RF) of 4 farms located in Baden and at the Mosel river being selected for the April sampling in 2011. Complementary to the figure, Table 3b lists the total copper contents determined in samples of the excavated soil from earthworm extraction. The content values determined at sites currently under cultivation (bold) represent a range of mild to severe contamination.

Bei näherer Betrachtung der Verteilung auf Lebensformen [Streubewohner (epigäisch), Mineralbodenbewohner (endogäisch) und Tiefengräber (anezisch)] (Abb. 2a und b) und erst recht bei Betrachtung der Artenzahlen der Beprobungen im Oktober 2010, werden dagegen Auswirkungen erkennbar (Abb. 3a und b).



**Abb. 2a** Relativer Anteil [%] der Lebensformen an den Abundanzen je Prüfglied im Betrieb PF02 (Kupfergesamtgehalte s. Tab. 3a)

**Fig. 2a** Relative percentage of life forms in % abundance in each of the treatment groups of the farm PF02 (total copper contents see Tab. 3a)

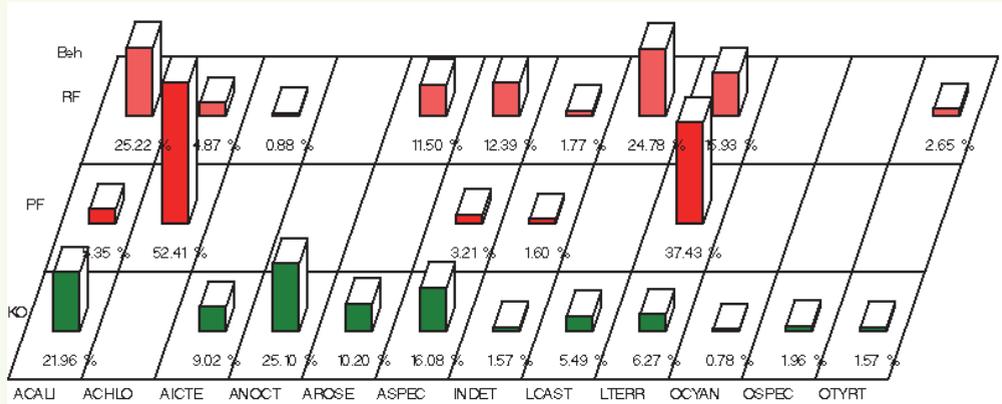


**Abb. 2b** Relativer Anteil [%] der Lebensformen an den Abundanzen je Prüfglied im Betrieb PF03 (Kupfergesamtgehalte s. Tab. 3a)

**Fig. 2a** Relative percentage of life forms in % abundance in each of the treatment groups of the farm PF03 (total copper contents see Tab. 3a)

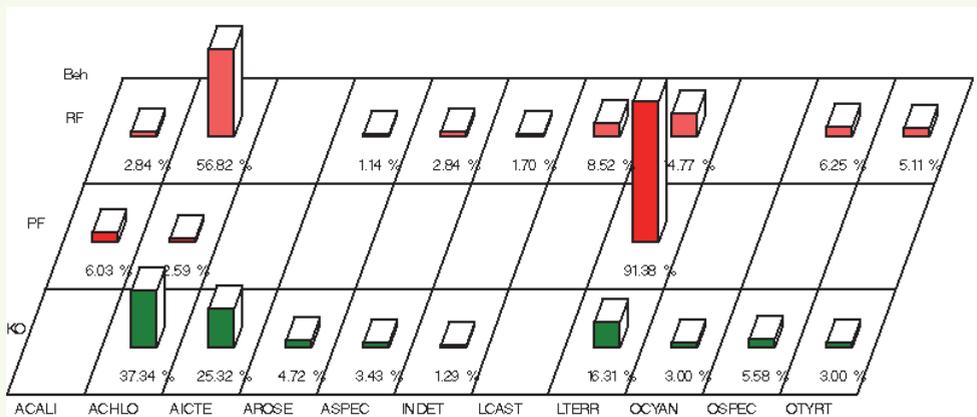
Im Betrieb PF02 mit seiner mäßigen Kupferbelastung auf der Prüffläche ist die Verteilung der Abundanzen auf die Lebensformtypen in allen drei Prüfgliedern sehr ähnlich. Die stets schwach vertretenen epigäischen Arten wurden auf der Prüffläche nicht extrahiert, was angesichts der geringen Zahlen in der Kontrolle wohl nicht der Cu-Belastung zuzuschreiben ist. Anders stellt sich das Bild beim Betrieb PF03 dar, der mit 179 mg Cu/kg Boden schon eine deutlich erhöhte Belastung

aufweist. Hier ist der Anteil endogäischer Arten auf der Prüffläche gegenüber den beiden anderen Prüfgliedern mit geringerer Belastung stark reduziert und verhilft den anezischen Arten zu einem überproportional hohen relativen Anteil. Bei einer Verfeinerung der Analyse zeigt sich allerdings, dass auch die Prüffläche des Betriebs PF02 auf der Ebene der Arten von einer Reduktion betroffen ist, obwohl der zahlenmäßige Anteil endogäisch lebender Regenwürmer noch nicht betroffen ist. Für den Betrieb PF03 gilt dies in verstärktem Maße (Abb. 3a und 3b), wobei endogäisch lebende Würmer kaum noch gefunden wurden.



**Abb. 3a** Relativer Anteil [%] der extrahierten Arten an den Abundanzen je Prüfglied im Betrieb PF02 (Kupfergesamtgehalte s. Tab. 3a)

**Fig. 3a** Relative percentage of the identified species in % abundance in each of the treatment groups of the farm PF02 (total copper contents see Tab. 3a)



**Abb. 3b** Relativer Anteil [%] der extrahierten Arten an den Abundanzen je Prüfglied im Betrieb PF03 (Kupfergesamtgehalte s. Tab. 3a)

**Fig. 3b** Relative percentage of the identified species in % abundance in each of the treatment groups of the farm PF03 (total copper contents see Tab. 3a)

In allen untersuchten Flächen beider Beprobungsjahre äußerten sich die Wirkungen maßgeblich in einer Reduktion der Artenzahl der Mineralbodenbewohner. Im Falle geringerer Belastung (< 100 mg Cu/kg Boden) war diese Lebensform zwar noch zahlenmäßig präsent, aber nur durch eine Art repräsentiert. Bei hohen Gehalten (> 200 mg Cu/kg Boden) entfiel diese Lebensform zur Gänze und

Streubewohner und Tiefengräber bestimmten die Lebensgemeinschaft bei nun auch deutlich reduzierter Gesamtabundanz. In der Mehrzahl der untersuchten Flächen aller 8 Betriebe reichte eine anteilige Auftrennung der relativen Abundanzen nach Lebensform aus, um Effekte sichtbar zu machen.

## Schlussfolgerungen

— Hinsichtlich der Wirkungsbeschreibung:

- Zur Beschreibung der Auswirkungen der Bodenbelastung auf die Regenwurmpopulation des Standortes haben sich die Gesamtabundanzen als Endpunkt bei geringer bis mittlerer Belastung als unempfindlich erwiesen.
- Die Abundanzverteilung nach Lebensformtypen hat sich mit einer Ausnahme als empfindlicher Endpunkt erwiesen.
- Auf Artebene konnte auch in Fällen geringerer Kupferbelastung eine Reduktion der Artenzahl beobachtet werden, auch wenn der relative Abundanzanteil, bezogen auf die Lebensform, vergleichbar mit der Kontrolle war. Die Artenzahl erwies sich somit als der empfindlichste Endpunkt.

— Hinsichtlich des Handlungsbedarfs:

- Welche Bodeneigenschaften beeinflussen in welchem Maße die Wirkungsausprägung?
- Wie sind die Auswirkungen im Hinblick auf die Nachhaltigkeit landwirtschaftlicher Nutzung zu bewerten?
- Wann sind die Grenzen der Elastizität des Ökosystems Boden erreicht?

## Literatur

RIEPERT, F., A. STEINDL, R. EIBACH, M. MAIXNER, C. REICHMUTH, J. STRASSEMAYER und T. STRUMPF, 2010: Monitoring of total contents of copper in organically and conventionally managed soils. Part 1: Study plan and preliminary sampling of copper and other anthropogenic induced heavy metal contents in vineyard soils. *Journal für Kulturpflanzen*, **62** (2), 42-50.

STRUMPF, T., A. STEINDL, J. STRASSEMAYER und F. RIEPERT, 2011: Erhebung von Kupfergesamtgehalten in ökologisch und konventionell bewirtschafteten Böden. Teil 1: Gesamtgehalte in Weinbergsböden deutscher Qualitätsanbaugebiete. *Journal für Kulturpflanzen*, **63** (5), 131-143.

## Artenvielfalt

### **Bewertung der Evertebraten-Biodiversität landwirtschaftlicher Nutzflächen – Möglichkeiten und Grenzen der Nutzung biotischer Elemente als Indikatoren für Biodiversität der Agrarlandschaft**

*Evaluation of the invertebrate biodiversity of arable land – potential and limits to use biotic parameters as indicators for the biodiversity of rural areas*

Wolfgang Büchs

Julius-Kühn-Institut, Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde, Bundesallee 50, D-38116 Braunschweig, wolfgang.buechs@jki.bund.de, +49(0)531 5962309

DOI: 10.5073/jka.2012.436.006

#### **Zusammenfassung**

Vielfach wird der Begriff der „Biologischen Vielfalt“ sehr linear benutzt: Ein „Mehr“ an Arten oder genetischen Variationen wird undifferenziert als positiv betrachtet. Entsprechend wird in der politischen Umsetzung die Garnierung der Landschaft mit möglichst vielen Strukturen gleichgesetzt mit der Förderung der biologischen Vielfalt. In der vorliegenden Arbeit wird dargestellt, dass neben der Quantität (Maximierung der Artenzahl) auch die Qualität (Förderung von stenöken Habitatspezialisten) beachtet werden muss, dass regional auch Strukturarmut qualitative Biodiversität fördern kann und dass die bewirtschaftete Fläche selbst einen Beitrag zur Biodiversitätssicherung leisten kann. Es werden biotische Indikatoren auf Basis von Wirbellosentaxa zur Bewertung agrarisch genutzter Landschaften dargestellt sowie Probleme und Perspektiven ihrer Anwendung aufgezeigt. Dies schließt Anwendungsbeispiele für surrogate Indikatoren ein. Ebenso wird verdeutlicht, dass selbst in der gut untersuchten Agrarlandschaft bzgl. der Erfassung zoologischer Taxa Erkenntnisdefizite bestehen, die gelöst werden müssen, um „Biodiversität“ überhaupt bewerten zu können.

**Stichwörter:** Biodiversität, Vielfalt, Evertebraten, Wirbellose, Arthropoden, Insekten, Spinnen, Bioindikatoren, Bewirtschaftung, landwirtschaftliche Nutzfläche

#### **Summary**

In many cases the term „biodiversity“ is used in a very simplistic way: a „more“ of species or genetical variations is undifferentiatedly judged as positive. In consequence, in the political conversion a topping of the landscape with as much structural elements as possible is regarded as the way for a most efficient enhancement of biodiversity. This paper shows that beside quantity (maximum no. of species) also the quality (enhancement of habitat specialists) is of significant importance, that in certain regions even agricultural areas poor in structural elements are able to promote qualitative biodiversity and that even areas under plough deliver their contribution to save biodiversity of rural landscapes. Biotic indicators on the basis of invertebrates to evaluate the quality of arable land are demonstrated and perspectives and limitations of their application shown including examples for the application of surrogate indicators. Finally, it is demonstrated that even in the well investigated agro-ecosystems remain significant deficiencies regarding the assessment and knowledge of certain zoological which have to be solved in order to enable us for a sound and profound evaluation of „biodiversity“.

**Keywords:** biodiversity, invertebrates, arthropods, insects, spiders, biotic indicators, arable land, agriculture, crop management

#### **Einleitung**

Wenn von Biodiversität oder „Biologischer Vielfalt“ gesprochen wird, meinen viele, es geht nur um die Artenzahl oder die Zahl genetischer Varianten und „viel“ (d. h. ein „mehr“ an Arten oder genetischen

Varianten) ist gleich gut. Nach NOSS (1990) ist der Begriff Biodiversität allerdings wesentlich komplexer. Er besteht aus den Grundelementen „Struktur“, „Komposition“ und „Funktion“, die interagieren und aus zahlreichen, hierarchisch angeordneten Ebenen bestehen, von denen die Artenvielfalt bzw. genetische Vielfalt jeweils nur einen Ausschnitt darstellen. D. h. wir müssen bei der Betrachtung von „Biodiversität“ wesentlich umfassender herangehen als nur Arten, Rassen/Sorten oder genetische Varianten zu zählen.

### **Widerspruch zwischen Inseltheorie und Mosaikkonzept: Maximierung der Artenvielfalt vs. Förderung von Habitatspezialisten**

Bezüglich der Förderung von Artenvielfalt gibt es einen Widerspruch zwischen der Inseltheorie von MACARTHUR & WILSON (1967) und dem Mosaikkonzept von DUELLI (1992). Nach der Inseltheorie nimmt die Artenvielfalt mit der Arealgröße eines Habitattyps zu (weil viele Arten eine Mindestarealgröße benötigen). Nach der Mosaiktheorie, nimmt dagegen die Artenvielfalt zu, je mehr Habitattypen in einem begrenzten Raum zur Verfügung stehen und je heterogener die Habitate sind, die in dem begrenzten Areal vertreten sind. Der Theorie folgend neutralisieren sich Insel- und Mosaiktheorie. In der Realität funktioniert das Ganze nicht so modellgemäß, u. a. weil es einen Austausch zwischen verschiedenen Habitaten gibt, aber für ein begrenztes Areal ist klar: Je größer jeder Habitattyp ist, desto geringer wird die Gesamtzahl verschiedener Habitate sein. Darüber hinaus ist auch die „Qualität“ der Arten zu berücksichtigen (euryöke [„anspruchslöse“] Arten vs. stenöke Arten [mit sehr spezifischen Ansprüchen]): Ohne Zweifel wird eine höhere Artenvielfalt festzustellen sein, wenn man den Anteil struktureller Elemente in der Agrarlandschaft steigert. Allerdings sind die zusätzlich eingebrachten Elemente dann zwangsläufig von geringer Flächenausdehnung. Damit werden zwar „neue“ Arten eingeführt (also die Vielfalt steigt) aber es handelt sich i.d.R. um anspruchslöse Allerwärtsarten, während anspruchsvolle und meist gefährdete Arten erst dann auftreten wenn der Habitattyp eine entsprechende Mindestgröße aufweist (KRUESS & TSCHARNTKE, 1994; BROSE, 2003 u. a.). Wenn wir Vielfalt nicht ausschließlich unter dem anthropozentrisch funktionellen Gesichtspunkt betrachten (z. B. Maximierung der Prädatoren- oder Zersetzerabundanz im Hinblick auf eine effektive Schädlingsreduktion oder einen schnellen Stoffumsatz), müssen wir Biodiversitäts-Konzepte entwickeln, die gerade die anspruchsvollen, störungsempfindlichen Habitatspezialisten, die bei Belastungen i.d.R. auch als erste verschwinden, fördern.

DÖRING & KROMP (2003) zeigen, dass Ökologischer Landbau stenotope Feldarten unter den Carabiden fördert. Dies erfolgt insbesondere auf eher sandigen Standorten. Das sind dann nicht die zusätzlichen Allerwärts-Arten, die z. B. aus Feldrainen einwandern, sondern Habitatspezialisten, die eine ackerbauliche Bewirtschaftung brauchen, aber auf bestimmte Belastungen (wie z. B. durch mineralische Dünger und Pflanzenschutzmittel) sehr empfindlich reagieren.

### **Strukturvielfalt – das Patentrezept zur Förderung der Biodiversität in Agrarlandschaften?**

In landwirtschaftlich genutzten Regionen wird das Einbringen von Strukturen oft als das A und O der Förderung von Biologischer Vielfalt angesehen und bildet z. B. einen Kernbereich des sog. „High-Nature Value“- Indikators (ANDERSON *et al.*, 2003; BENZLER, 2009; MÜLLER, 2010). Strukturvielfalt ist grundsätzlich sicherlich nicht falsch, aber vor dem Hintergrund Habitatspezialisten fördern zu wollen (s. o.) sehr differenziert zu betrachten: Niemand wird auf die Idee kommen, z. B. die Biodiversität eines Schilfgürtels als ebenfalls struktur- und artenarmes Ökosystem durch Einbeziehen eines Netzes gehölzbestandener Dämme künstlich zu erhöhen (BÜCHS, 2001).

Unmittelbar nach der Wende gab es zwischen west- und ostdeutschen Agrarentomologen einen intensiven Diskurs, ausgelöst durch eine Publikation von WETZEL (1993) aus Halle/Saale mit dem Titel „Genug Nützlinge auch auf Großflächen“. Es folgten aufgebrachte Gegenpublikationen westdeutscher Kollegen (POEHLING *et al.*, 1994). Dieser Diskurs erstreckte sich bis in das neue Jahrtausend (KREUTER, 2000; WETZEL, 2004). Was war geschehen? Von VOLKMAR & WETZEL (1998) wurden auf 43 ha und 25 ha großen Schlägen in Sachsen-Anhalt 158 Spinnenarten nachgewiesen, darunter

21 Arten der Roten Liste. Dabei wurden verschiedene gefährdete Spinnenarten in der Feldmitte mit ähnlich hoher Individuenzahl wie in den randnäheren Bereichen festgestellt.

Auch bei den Laufkäfern zeigte sich nach 5-jährigen Untersuchungen von KREUTER (2000), in denen ein Vergleich zweier 3,8 bzw. 7,5 ha großer Schläge in strukturreicher Umgebung mit einem 42,5 ha großen Schlag in „ausgeräumter“ Umgebung, alle seit 1993 ökologisch bewirtschaftet, erfolgte:

- Es bestanden kaum Unterschiede in der Gesamtartenzahl und Aktivitätsdichte, bei allerdings geringfügig höheren Artenzahlen und Aktivitätsdichten im Inneren der kleinen Schläge.
- Der große Schlag wies in seinem zentralen Bereich mehr bestandsbedrohte Laufkäferarten (25) auf als die beiden kleinen Felder (22).
- Die ausgeräumte Feldflur enthielt einige faunistisch bemerkenswerte Arten, die in den kleinen Feldern nicht zu finden waren. (z. B. *Calosoma auropunctatum*, *Carabus auratus*, *C. granulatus*, *Broscus cephalotes*, *Amara ingenua*, *Dolichus halensis*).

Bei einem Vergleich von konventionell geführten 24 ha und 141 ha großen Feldern in der Magdeburger Börde (Sachsen-Anhalt) mit einem nur 6 ha kleinen Schlag bei Braunschweig (alle Schläge in weitgehend ausgeräumter Landschaft) wurde der Unterschied im Artenspektrum und der Dominanzstruktur noch offensichtlicher: Im Westen wurden auf dem kleinen Schlag deutlich weniger Arten als auf den östlichen Großschlägen gefunden. Dies waren zudem nahezu ausschließlich Arten, die man als Intensivierungsindikatoren bezeichnen könnte (VOLKMAR *et al.*, 1994).

Bei den im Zentrum von Großschlägen vorkommenden gefährdeten Arten handelt es sich meist um xerothermophile Arten, deren Verbreitungsschwerpunkt sich in den weiter östlich gelegenen Steppenhabitaten befindet, d. h. es handelt sich um eine an die spezielle klimatische Situation im mitteldeutschen Trockengebiet angepasste Fauna. Dort herrschen im Vergleich zum übrigen Deutschland deutlich kontinentalere, dem Steppenklima ähnliche Bedingungen vor. Dieses Steppenklima finden diese Arten im Zentrum der großen Felder. D. h., hier erhalten wir durch Einbringen von Strukturen zwar mehr Arten, fördern aber nicht unbedingt diese aus dem Osten vordringenden Habitatspezialisten. Schon wenige Kilometer weiter westlich bei Braunschweig ist die Fauna dagegen mehr atlantisch geprägt, Steppenarten fehlen nahezu völlig. Hier kann die Erhöhung der strukturellen Vielfalt nur positive Effekte auf die Biodiversität haben.

Einen sehr ähnlichen Effekt beobachteten auch MÜHLENBERG & SLOWIK (2002) bei einem Vergleich großräumiger und strukturarmer Agrarlandschaften Polens mit der kleinstrukturierten Agrarlandschaft Unterfrankens: In Polen wurde die gleiche Insektendiversität bei sehr viel geringerem Strukturreichtum erreicht wie in Unterfranken. Strukturreichtum ist also nicht der alleinige und auch nicht der wesentliche Faktor für eine hohe Biodiversität.

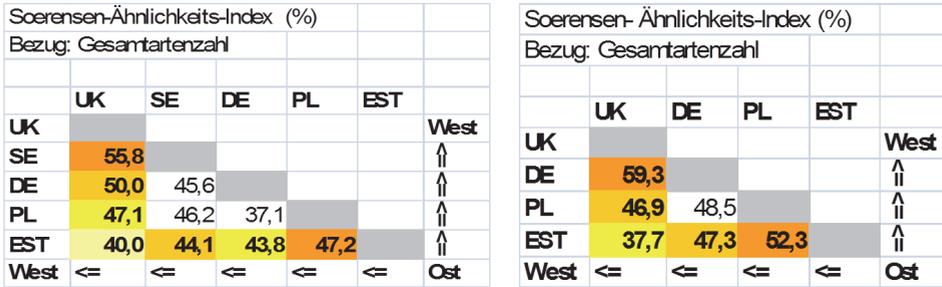
Die Beispiele belegen

- die zentrale Bedeutung der bewirtschafteten Flächen für Bewertungsansätze,
- dass gängige Klischeevorstellungen wie strukturreiche Agrarlandschaften sind „intakter“ bzw. strukturarme Agrarlandschaften sind „ausgeräumt“ und bzgl. Biodiversität „verarmt“ kritisch überdacht werden müssen.

### **Biodiversitätspotenzial scheinbar einförmiger Habitate**

Wie stark die Artenzusammensetzung selbst scheinbar einförmiger Habitate wie z. B. Rapsfelder in verschiedenen Regionen variieren kann, zeigt dieser Vergleich der Ähnlichkeit der Laufkäferzönosen in Winterrapsflächen in verschiedenen europäischen Ländern: Ihre Ähnlichkeit ist umso geringer, je größer die geographische Distanz zwischen den Rapsflächen ist. Während der Ähnlichkeitsindex zwischen England und Deutschland noch fast bei 60 % liegt, beträgt die Ähnlichkeit der Laufkäferartengemeinschaft zwischen England und Estland nur noch wenig mehr als 1/3. Die regionalen Unterschiede sind größer als die Unterschiede zwischen verschiedenen Bewirtschaftungsintensitäten einer Region (Abb. 1). Ebenso gibt es Unterschiede bei den (eu-) dominanten Arten: Während in Großbritannien z. B. *Asaphidion flavipes* im Raps sehr häufig ist und in

westlichen Ländern (Großbritannien, Deutschland, Schweden) Arten wie *Amara similata* und *Anchomenus dorsalis* vorherrschen, treten diese Arten weiter östlich (Polen, Estland) stark zurück und werden z. B. durch *Poecilus cupreus*, *Amara eurynota* und verschiedene *Harpalus*-Arten ersetzt (BÜCHS *et al.*, 2007). Im Südosten (Kroatien, Serbien) dominieren dann *Brachinus*-Arten, die in (Nord-)Westeuropa fehlen und hier nur rezident vertreten sind (BÜCHS, PRESCHER, SCHMIDT, L. SIVCEV, GOTLIN-CULJAK, I. SIVCEV, JURAN, GRAORA, DJELINIC, in Vorb.). Insgesamt sind es über 130 Arten. Dies belegt, dass auch scheinbar monoton wirkende, +- intensiv bewirtschaftete Flächen keine nivellierte „Einheitsfauna“ aufweisen, sondern hinsichtlich ihrer Entomozöosen einen Beitrag zur Biodiversität der Agrarlandschaft leisten.



**Abb. 1** Ähnlichkeit (%) der Laufkäferartengemeinschaften (Coleoptera: Carabidae) aus Bodenfallenfängen in Rapsfeldern in Großbritannien (UK), Schweden (SE), Deutschland (DE), Polen (PL) und Estland (EST) in 2004 (links) und 2005 (rechts)  
**Fig. 1** Similarity (%) of ground beetle assemblages (Coleoptera: Carabidae) from pitfall traps in oilseed rape fields of Great Britain (UK), Sweden (SE), Germany (DE), Poland (PL) and Estonia (EST) in 2004 (left) and 2005 (right)

**Artenvielfalt allein reicht zur Bewertung von Agrarökosystemen nicht aus**

Tab. 1 stellt die Artenzahl der Diptera mit unterschiedlichen Nahrungspräferenzen in transgenen und isogenen Maisflächen dar und zeigt scheinbar eindeutig, dass Bt-Mais im Vergleich zur isogenen Variante die Vielfalt der Dipteren-Arten offenbar fördert, und unter diesen insbesondere die Vielfalt der Zersetzer.

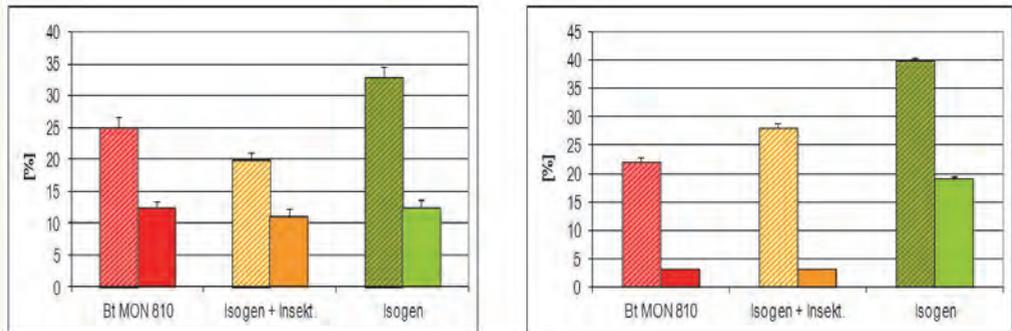
**Tab. 1** Anzahl der Arten verschiedener funktioneller Gruppen der Zweiflügler (Insecta: Diptera) aus Bodenphotoelektoren in MON 810 Bt-Mais sowie isogenem Mais mit und ohne Insektizidbehandlung (BÜCHS, PRESCHER, MÜLLER, LARINK, 2004)  
**Tab. 1** Species numbers of different functional groups of flies and midge (Insecta: Diptera) from emergence traps in MON 810 Bt-maize and in isogenic maize with and without insecticide treatment (BÜCHS, PRESCHER, MÜLLER, LARINK, 2004)

	saprophag	phytophag	zoophag
Bt MON 810 (Novelis)	63	17	15
Isogene Sorte (Nobilis)	48	13	12
Isogene Sorte + Insektizid	44	12	18

**Bedeutung von Fitnessparametern**

Wenn man sich die Arten genauer ansieht und ihre Fitness testet, stellt man fest, dass die mit durchschnittlich 20 % hochdominante Trauermücken-Art *Lycoriella castanescens* durch Bt-Mais offenbar gehandicapt wird in Form signifikant geringerer Schlupfraten, während bei der weniger häufigen Art *Bradysia difformis* keine signifikanten Effekte sichtbar sind (Abb. 2). D. h. durch den weitgehenden Ausfall der vorherrschenden Art *Lycoriella castanescens* werden offenbar andere Arten

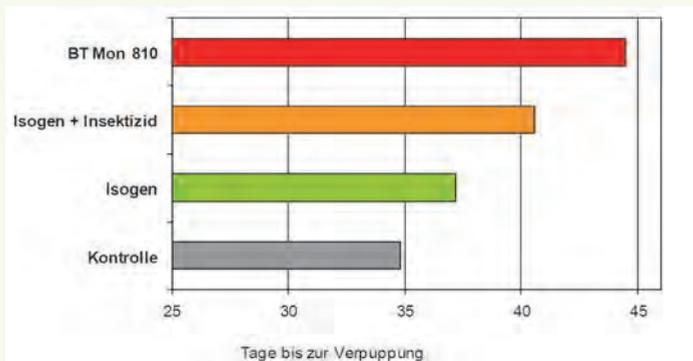
begünstigt, so dass die Artenzahl insgesamt steigt. Der „Dämpfer“ für die eudominante Art ist aus Sicht der Vielfalt sicherlich günstig, aus funktioneller Sicht weniger, wenn die Zersetzungslleistung aufgrund einer geringeren Gesamtindividuenzahl zurückgeht.



**Abb.2** Verpuppungsraten (schraffiert) und Schlupfraten (gefüllt) der Trauermückenarten *Bradysia diffiformis* (links) und *Lycoriella castanescens* (rechts) nach Aufnahme von Bt- bzw. Bt-freien Maispollen (8 Wdh. mit jeweils 0,2 g Pollen und 8 Larven; Cry 1Ab-Gehalt im Pollen: 5,7 ng/g Frischgewicht; Mann-Whitney U-Test  $p < 0,05$ )

**Fig. 2** Pupation rate (shaded columns) and hatching rates (filled columns) of the fungus gnat *Bradysia diffiformis* (left) and *Lycoriella castanescens* (right) after feeding on Bt-containing or Bt-free maize pollen (8 replicates, each with 0.2 g pollen and 8 larvae; Cry1Ab-content of pollen: 5.7 ng/g fresh weight; Mann-Whitney-U-test  $p < 0.05$ )

Schließlich zeigt sich in Fraßversuchen mit dem Laufkäfer *Poecilus cupreus* (Abb. 3), dass die Aufnahme von Bt-haltigen Larven der Trauermückenart *Bradysia diffiformis* zu einer Verzögerung der Larvalentwicklung bei den Prädatoren führt, was für die Prädatorenzönose insgesamt nachteilig sein kann. Hieraus wird deutlich, dass die Artenzahl eines Taxons alleine wenig aussagt, sondern immer mehrere Taxa betrachtet werden müssen und man Nahrungsketteneffekte, die die Fitness der Arten beeinträchtigen können, im Auge behalten muss.



**Abb. 3** Durchschnittlicher Tag der Verpuppung von Larven des Laufkäfers *Poecilus cupreus*, aufgezogen mit Bt-haltigen (Bt MON 810) oder Bt-freien Larven der Trauermückenart *Bradysia diffiformis* (15 Wdh./Variante; Kontrolle: *Calliphora*-Puppen; Mann-Whitney-U-Test  $p < 0,05$ )

**Fig. 3** No. of days until pupation of larvae of the ground beetle *Poecilus cupreus* fed with Bt-containing (Bt MON 810) or alternatively with Bt-free larvae of the fungus gnat *Bradysia diffiformis* (15 replicates/treatment; control: *Calliphora*-pupae as food; Mann-Whitney-U-test  $p < 0.05$ )

### Aktivitätsdauer des Goldlaufkäfers als Indikator für Bewirtschaftungsintensität

Als geeigneter Indikator für die Bewertung der Bewirtschaftungsintensität erweist sich weiterhin die Zahl der Fangperioden, in denen der Goldlaufkäfer (*Carabus auratus*) ermittelt wird (Abb. 4). Hierbei zeigt sich über zwei Jahre die klare Tendenz einer Zunahme der Aktivitätsdauer je extensiver gewirtschaftet wird (BÜCHS *et al.*, 2003). Dies ist ein einfach anwendbarer Indikator, da er lediglich auf einer Präsenz-/Absensentscheidung beruht, d. h. auf der Frage: Kommt die Art in einer Fangperiode vor oder nicht? Zeitraubende Sortier- und Zählarbeiten sind nicht nötig.

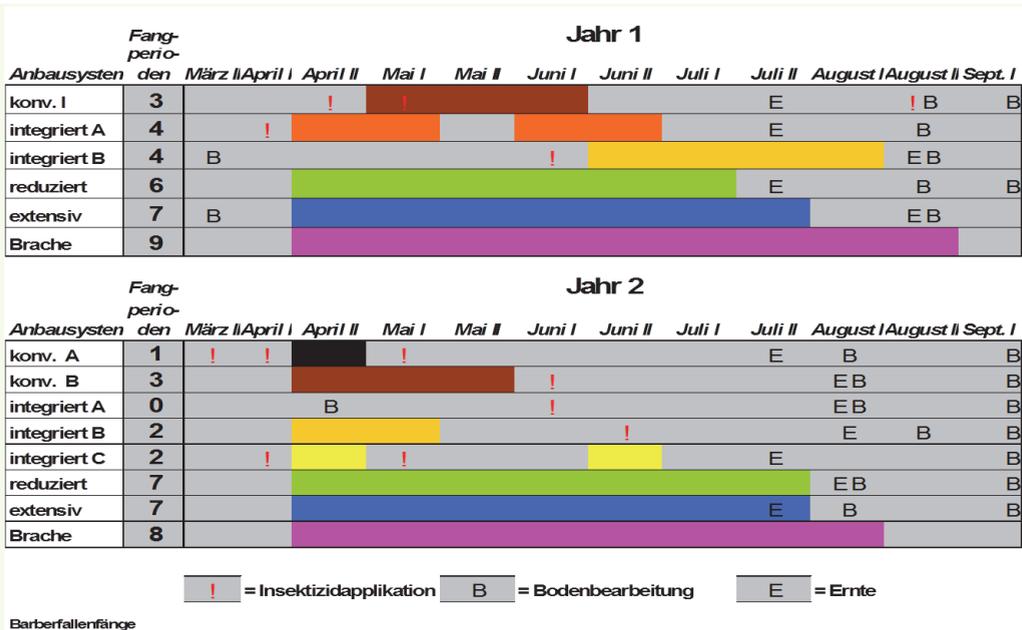
Der Goldlaufkäfer wird als Indikator schon recht breit angewendet:

[http://www.halophila.de/startseite/lexika/insekten/carabus\\_auratus/carabusauratus.html](http://www.halophila.de/startseite/lexika/insekten/carabus_auratus/carabusauratus.html)

[http://www.halophila.de/rundgang/01Neumarkt/fauna/body\\_carabus.html](http://www.halophila.de/rundgang/01Neumarkt/fauna/body_carabus.html)

<http://www.uni-giessen.de/fbr09/ipaz/basedow/laufkaefer.htm>

[http://www.smul.sachsen.de/umwelt/download/boden/Zum\\_Einfluss\\_der\\_Bodenbearbeitung\\_auf\\_ausgewaehlte\\_Elemente\\_des\\_Bodenlebens.pdf](http://www.smul.sachsen.de/umwelt/download/boden/Zum_Einfluss_der_Bodenbearbeitung_auf_ausgewaehlte_Elemente_des_Bodenlebens.pdf)



Barberfallenfänge

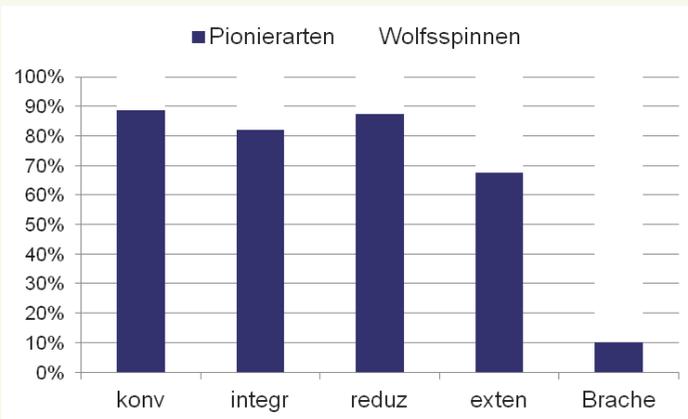
**Abb. 4** Anzahl der 14-tägigen Fangperioden mit Nachweisen des Goldlaufkäfers (*Carabus auratus*) in Bodenfallen (Raum Braunschweig) unterschiedlich intensiv bewirtschafteter Ackerflächen und einer Dauerbrachfläche. Darstellung der Fänge aus zwei Vegetationsperioden

**Fig. 4** Numbers of 14-days sampling period with records of the ground beetle *Carabus auratus* in pitfall traps (region of Braunschweig) of differently managed arable fields and a set-aside area. Samples from two seasons are displayed

### Anteil Pionierarten als Indikator für Belastungs- und Störungsintensität

Ein wichtiges Kriterium für die Beurteilung der Nachhaltigkeit einer Landbewirtschaftung ist die Frage, inwieweit die Fauna und Flora eines Lebensraumes durch Pionierelemente geprägt ist. Die Zwerg- und Baldachinspinnen (Araneae: Linyphiidae) sind als Pionierarten unter den Spinnen typisch für stark gestörte Flächen. Derartige Störungen durch Vorgänge wie Ernte, Pflanzenschutzmittel-Anwendungen und Bodenbearbeitungen sind auf Ackerflächen zwar systemimmanent, aber in sehr unterschiedlicher Intensität und Ausprägung. Die Wolfsspinnen (Araneae: Lycosidae) reagieren dagegen sehr empfindlich auf derartige Eingriffe. Beim Vergleich der verschiedenen intensiv

bewirtschafteten Anbausysteme und der Dauerbrachfläche zeigt sich über drei Jahre eine einheitliche Tendenz: Abnahme der Pionierarten (Araneae: Linyphiidae) mit zunehmender Extensivierung bei gleichzeitiger Zunahme der Wolfsspinnen (Araneae: Lycosidae) als Störungsanzeiger. Während die Pionierarten in den bewirtschafteten Flächen immer überwiegen, ist es in der ungestörten Dauerbrache umgekehrt, hier überwiegen die störungsempfindlichen Wolfsspinnen (BÜCHS *et al.*, 2003).



**Abb. 5** Verhältnis von Pionierarten (Araneae: Linyphiidae) und störungsempfindlichen Wolfsspinnen (Araneae: Lycosidae) aus Bodenfallenfängen (Raum Braunschweig) in unterschiedlich intensiv geführten Produktionssystemen und einer 5-jährigen Dauerbrache

**Fig. 5** *Ratio of disturbance tolerant „pioneer species“ (Araneae: Linyphiidae) and sensitive wolf spiders (Araneae: Lycosidae) from pitfall traps (region of Braunschweig) in differently managed production systems and a 5-year set-aside area*

Wie diese kleine Auswahl an Beispielen gezeigt hat, existieren zahlreiche Möglichkeiten den zumindest auf bewirtschafteten Flächen wenig aussagesicheren Parameter „Artenvielfalt“ durch syn- und autökologische „Fitness- und Strukturparameter“ zu ersetzen, die uns eine graduelle und sehr feine Beurteilung struktureller sowie (indirekt auch) funktioneller Auswirkungen der jeweiligen Bewirtschaftung ermöglichen (BÜCHS, 2003). Das Problem liegt also nicht in den Möglichkeiten der Bewertung der (konventionell) bewirtschafteten Flächen, sondern in der praktischen Umsetzung. Es gibt zahlreiche tierökologische Parameter sowohl auf Populations- als auch auf Zoozönoseebene, die sich als Indikatoren in dem uns interessierenden Bereich eignen (Tab. 2).

Die Probleme der praktischen Umsetzung sind ausgesprochen vielfältig. Ein großes Problem stellt die Ermittlung von Referenzwerten und Baselines dar, die sich – wenn überhaupt – nur mit großem Aufwand erheben lassen. Infolge des Fehlens von Referenzwerten sind immer Vergleichsuntersuchungen erforderlich, d. h. neben der Fläche, die ich eigentlich bewerten will, braucht man zumindest eine zweite Fläche als Referenz- bzw. Bezugsgröße. Darüber hinaus müssen wir uns eingestehen, dass wir die „wahre“ Biodiversität der verschiedenen Lebensräume in der Agrarlandschaft nicht kennen und daher auch nicht beurteilen können. Wie groß dieses Defizit gerade im zoologischen Bereich ist, sehen wir, wenn wir uns die Verwendung zoologischer Taxa im Rahmen raum- und umweltrelevanter Planungsverfahren ansehen (RIEKEN, 1992): Insgesamt kommen überhaupt nur 12 Tiergruppen zum Zuge, von denen oft sogar nur Teilgruppen bearbeitet werden (z. B. die Tagfalter unter den Schmetterlingen, die Gehäuseschnecken unter den Schnecken, die Laufkäfer unter den Käfern etc.). An erster Stelle finden in fast allen Planungen mit zoologischem Beitrag die Vögel Berücksichtigung. Es folgen die übrigen Wirbeltiergruppen (mit Ausnahme der Fische) sowie die Schnecken und dann artenärmere, leichter bestimmbarere Insektentaxa.

**Tab. 2** Beispiele für biodiversitätsrelevante (Fitness)Parameter auf Populations- und Zoozönoseebene sowie Surrogate als Grundlage für die Bewertung von Agrarökosystemen  
**Tab. 2** *Examples of (fitness)parameters relevant to assess biodiversity on the population or community level and of surrogates as basis for the evaluation of agro-ecosystems*

<b>Population</b>	<b>Zoozönose</b>
Abundanz/Aktivitätsdichte	Artenzahl
Präsenz/Konstanz/Frequenz	Strukturelle Ausprägung von Artenbeständen (Dominanzstruktur, Arten-Dominanzidentität, Clusterbildung, Korrelationen, Korrespondenzen)
Arten/Unterarten/Rassen	Verhältnis r- und K-Strategien
Ernährungssituation (Größe, Gewicht, Fraß-/Umsatzleistung)	Verhältnis euryöke / stenöke Arten; Pionieratenanteil
Geschlechterverhältnis	Verhältnis der Habitatpräferenzen
	Verhältnis ökologischer Präferenzen
Reproduktionsphasen/-raten	Verhältnis phyto-/saprophager Arten zu Carnivoren und Parasitoiden (i.w.S. predator/prey rel.)
Phänologie	Zoogeographische Struktur
Wachstumsrate	Taxonomische Struktur (e. g. taxonomische Distanz)
Altersstruktur	<b>Surrogate</b>
Morphologische Merkmale	Bodenpunktzahl
Entwicklung Flugmuskulatur	Schluffanteil (bzw. allg. Bodentyp)
Fluctuating Assymetry	Anteil (Klein-)Strukturen
Kurz-/Langflügeligkeit	Bodenbedeckungsgrad/Bodenfeuchte/Leitfähigkeit
Netzstruktur (Spinnen), Kokonstrukt (holometabole Insekten)	Schlaggröße, Verhältnis Feldrand vs. Feldfläche
Parasitierung, Krankheiten, Mißbildungen	Stoffumsatzrate/Prädations-/Parasitierungsrate/ Bestäubungsrate
Überwinterungsverhalten/-erfolg	Produktionsmittel (Kulturartenvielfalt/Bodenbearbeitung/ Pestizide/Dünger/Sorte/Aussaaddichte)
Habitatpräferenzen	Anteil organischer Landbau

Einige besonders artenreiche Taxa wie z. B. die parasitischen Hymenopteren, die Nematocera und Brachycera, die Milben sowie die gesamten Zersetzer, ja selbst die übrigen Käfer oder die Spinnen, von denen wir ein umfassendes Hintergrundwissen bzgl. ihrer ökologischen Ansprüche haben, werden praktisch nie als Grundlage für Planungen im Bereich Naturschutz und Landschaftspflege herangezogen. Während für die Bewertung von Gewässern klare Richtlinien bzgl. der (zahlreich) zu berücksichtigenden Taxa bestehen (HAASE *et al.*, 2005), hat sich im terrestrischen Bereich die von RIEKEN (1992)(!) geschilderte Praxis im Prinzip bis heute nicht verändert. D. h. wir können die Biodiversität einiger der artenreichsten Taxa selbst in gut untersuchten und einfach strukturierten Agrarökosystemen nur lückenhaft einschätzen. Das Problem ist, dass der Erhebungsaufwand für nahezu alle Indikatoren auf Art- oder Biozönoseebene selbst bei maximaler Vereinfachung (wie z. T. hier dargestellt) als sehr hoch betrachtet wird. Folge ist, dass fast alle bestehenden Bewertungsverfahren den biotischen Bereich nur über abgeleitete Parameter erfassen, mit – wenn überhaupt – nur sehr indirektem Bezug zu Aspekten der Biodiversität. Aufgrund dieser Problematik werden immer mehr surrogate (= abgeleitete) Indikatoren entwickelt, wie der von JOSCHKO *et al.* (2010) vorgestellte Zusammenhang zwischen elektrischer Leitfähigkeit und Regenwurmabundanz (man könnte sich dadurch die sehr aufwändigen Regenwurmerfassungen sparen). Dieser Indikator betrifft zwar nur sehr indirekt die Biodiversität, und funktioniert nur unter bestimmten Bedingungen (z. B. Bodentyp), aber es ist ein erster surrogater Ansatz mit dem Ziel der Vereinfachung. Bei den im REPRO-Modell benutzten Indikatoren „Bodenbedeckungsgrad“ und „Kulturartenvielfalt“ ist HEIER *et al.* (2003) für Laufkäfer ein Bezug zur Biodiversität sowohl über die Artenvielfalt als auch über die Einbeziehung der Aktivitätsdichten gelungen. Auch wenn hier wieder das reduzierte Verständnis der Biodiversität im Sinne einer Vielfaltsmaximierung zum Tragen kommt und das Ganze auf Laufkäfer

beschränkt ist, scheint es ein beachtenswerter Ansatz für einen Ausweg aus dem geschilderten Dilemma der biotischen Indikation zu sein: Denn wenn sich Beziehungen wie die dargestellte wiederholt absichern lassen, ist keine aufwändige Erfassung der Artenvielfalt mehr erforderlich, sondern kann mit der Erhebung einfacher Parameter wie hier dem Bodenbedeckungsgrad erfolgen, der sich per Fernerkundung (via Satellit) nahezu automatisiert erfassen lässt. Die Biodiversitätssicherung könnte in diesem Zusammenhang über festzulegende Schwellenwerte erfolgen.

### Danksagung

Danken möchte ich von ganzem Herzen für die vielfachen Hilfen und Kooperationen im Rahmen zahlreicher Projekte, die dieser Darstellung zugrunde liegen. Insbesondere danke ich den langjährigen KollegInnen und Mitarbeiterinnen im Labor Dr. Sabine Prescher, Dr. Oliver Schlein, Dr. Daniela Felsmann, Andreas Müller, Dr. Joachim Zimmermann, Dr. Alexander Harenberg, Fabian Zelmanski, Ruth Polok und Karina Lamik.

### Schlußfolgerungen

Es hat sich gezeigt, dass zwischen quantitativer (Maximierung der Artenzahl) und qualitativer Biodiversität (Förderung von Habitatspezialisten) unterschieden werden muss. Dabei ist die Förderung von Habitatspezialisten höher zu bewerten, da diese an ganz spezifische Zustände gebundenen Arten mit geringer ökologischer Valenz bei Veränderungen am schnellsten verschwinden. Es ist dokumentiert, dass regional (klimatisch bzw. vom Bodentyp bedingt) auch strukturarme Zustände positive Effekte vor allem im Hinblick auf die Förderung und Sicherung qualitativer Biodiversität haben können. Ebenso wurde deutlich, dass nicht nur die begleitenden, meist linearen Landschaftsstrukturen (Hecken, Feldraine etc.) biodiversitätsrelevant sind, sondern auch die bewirtschaftete Fläche einen nennenswerten Beitrag zur Sicherung funktioneller und qualitativer Biodiversität liefert und somit bewirtschaftete Flächen in Biodiversitätskonzepten mit einbezogen werden müssen.

Als biodiversitätsfördernde Maßnahmen auf den landwirtschaftlichen Nutzflächen sind denkbar: Sicherung der Bewirtschaftung von Grenzertragsstandorten auf Böden mit höherem Sandanteil; Beachtung schlaginterner Segregation (z. B. Kuppen mit geringer Bodenaufgabe, feuchte Senken, Sölle etc.), weite Fruchtfolgen unter Integration von Rotations- und Dauerbrachen, Spezialkulturen, Zwischenfrüchte, Verzicht auf Sommerungen, periodische Reduktion der Bodenbearbeitung (z. B. Mulchsaat), Einrichtung von Ackerrandstreifen, conservation headlands<sup>2</sup> Verzicht bzw. Minimierung des Pflanzenschutzmitteleinsatzes (vor allem Insektizide, Herbizide), mechanische Unkrautbekämpfung, Verzicht auf Voraufbauherbizide; Reduktion mineralische Düngemittel, weitere Pflanzabstände, krankheitstolerante Sorten, alte Sorten, precision farming etc.

Die Erfassung und Bewertung von Biodiversität erfolgt auch 20 Jahre nach Identifikation des Problems immer noch auf Basis weniger Taxa (Vögel, Blütenpflanzen, ggf. Tagfalter, Heuschrecken sowie im Ausnahmefall Laufkäfer). Es fehlen weiterhin Grundlagendaten zur Biodiversität zahlreicher individuen- und artenreichen Taxa in der Agrarlandschaft (z. B. Käfer, Hautflügler, saprophage und phytophage Dipteren, Milben, Springschwänze) auf verschiedenen Funktionsebenen (Zersetzer, Prädatoren, Parasitoide, Bestäuber). Es fehlen „all taxa biodiversity inventories“ (ATBI) für die Agrarlandschaft. Ansätze hierzu gibt es in den USA <http://www.atbialliance.org/> und EU-gefördert in Europa <http://www.atbi.eu/wp7/> mit einem Standort in Deutschland (Spreewald). Sie konzentrieren sich bisher vornehmlich auf Nationalparks, enthalten aber mit Grünland, Gemüse- und Obstbauflächen auch Agrarökosysteme. ATBI's schaffen nicht nur eine Grundlagendatenbasis, sie führen auch zu Erkenntnissen über biodiversitätsrelevante Interaktionen verschiedener Taxa und sind letztendlich unverzichtbar für Validierung von Indikatoren im Hinblick auf die Übertragbarkeit auf andere Taxa. Beispiel: Die politische Umsetzung der EU-Biodiversitätsförderung erfolgt derzeit wesentlich durch Anwendung des Vogelindikators und des High-Nature-Value-Indikators (ANDERSEN *et al.*, 2003; BENZLER, 2009; MÜLLER, 2010). Es fehlen jedoch Validierungen im Hinblick auf die Übertragbarkeit dieser Indikatoren wie z. B. inwiefern ist die Aussage des Vogelindikators übertragbar

<sup>2</sup> [http://www.gwct.org.uk/education\\_\\_advice/english\\_entry\\_level\\_stewardship/habitat\\_issues/336.asp](http://www.gwct.org.uk/education__advice/english_entry_level_stewardship/habitat_issues/336.asp)

auf die Biodiversitätssituation z. B. der Bodenmilben als Zersetzer, der Kurzflügelkäfer als Prädatoren oder der Wildbienen als Bestäuber? Wie ist sichergestellt, dass der HNV-Indikator nicht nur im Sinne einer Maximierung der Artenvielfalt vornehmlich Allerweltsarten fördert, sondern auch stenöke Habitatspezialisten? Biodiversitäts-Indikatoren auf der Basis von Invertebraten werden bisher kaum angewendet. Hierzu wurden gangbare Ansätze vorgestellt (Präsenz/Absenz Goldlaufkäfer, Wolfsspinnenanteil), den Erhebungs- und Bestimmungsaufwand sowie Anforderungen an fachliche Qualifikation der Anwender minimieren. In diesem Bereich ist die Entwicklung weiterer Indikatormodelle erforderlich, ebenso wie die fortgesetzte Validierung der bereits vorhandenen Ansätze.

## Literatur

- ANDERSEN, E. *et al.*, 2003: Developing a high nature value farming area indicator: Internal report. - Copenhagen (EEA).
- BENZLER, A., 2009: Implementierung des HNV-Farmland-Indikatoren in Deutschland. - Newsletter des Europäischen Evaluierungsnetzwerks für ländliche Entwicklung. Rural Evaluation News Nr. 2, März 2009  
[http://ec.europa.eu/agriculture/rurdev/eval/network/newsletter/02\\_de.pdf](http://ec.europa.eu/agriculture/rurdev/eval/network/newsletter/02_de.pdf) (02.04.2009).
- BROSE, U., 2003: Regional diversity of temporary wetland carabid beetle communities: a matter of landscape features or cultivation intensity? - In: BÜCHS, W. (Ed.), Biotic Indicators for Biodiversity and Sustainable Agriculture. Agriculture, Ecosystems and Environment **98**, 423-434.
- BÜCHS, W., 2001: Alles Vielfalt oder was? - Probleme der Anwendung des Vielfaltbegriffs bei der Bewertung von Produktionsflächen und Ansätze zu Alternativen. - ForschungsReport **1/2001**, 9-13.
- BÜCHS, W., 2003: Biodiversity and agri-environmental indicators - general scopes and skills with special reference to the habitat level. - In: BÜCHS, W. (ed.), Biotic Indicators for Biodiversity and Sustainable Agriculture. - Agriculture, Ecosystems and Environment **98**, 35-78.
- BÜCHS, W., A. HARENBERG, J. ZIMMERMANN, and B. WEIB, 2003: Biodiversity the ultimate agri-environmental indicator? Potential and limits for the application of faunistic elements as gradual indicators in agroecosystems. - In: BÜCHS, W. (ed.), Biotic Indicators for Biodiversity and Sustainable Agriculture. - Agriculture, Ecosystems and Environment **98**, 99-123.
- BÜCHS, W., S. PRESCHER, A. MÜLLER, and O. LARINK, 2004: 1.1.4 Auswirkungen von Bt-Mais auf terricole, saprophage Dipteren. - Abschlussbericht zum BMBF-Verbundprojekt 0 31 26 31 G: Sicherheitsforschung und Monitoring-Methoden zum Anbau von Bt-Mais, 39pp., Braunschweig.
- BÜCHS, W., B. AHMAN, D. FELSMANN, Z. KLUKOWSKI, A. LUIK, C. NILSSON, and I. WILLIAMS, 2007: Key predator species in oilseed rape crops - results of a joint field trial in integrated and standard oilseed rape crop management in United Kingdom, Germany, Sweden, Poland and Estonia. - Proceedings of the 12<sup>th</sup> International Rapeseed Congress, March 26-30, 2007, Wuhan, China, Vol. **IV**, 236-239.
- DÖRING, T. F., and B. KROMP, 2003: Which carabid species benefit from organic agriculture? A review of comparative studies in winter cereals in Germany and Switzerland. - In: BÜCHS, W. (ed.), Biotic Indicators for Biodiversity and Sustainable Agriculture. - Agriculture, Ecosystems and the Environment **98**, 153-161.
- DUELLI, P., 1992: Mosaikkonzept und Inseltheorie in der Kulturlandschaft. - Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie **21**, 379-384.
- HAASE, P., A. SUNDERMANN, and K. SCHINDEHÜTTE, 2005: Informationstext zur Operationellen Taxaliste als Mindestanforderung an die Bestimmung von Makrozoobenthosproben aus Fließgewässern zur Umsetzung der EU-Wasserrahmenrichtlinie in Deutschland. - Forschungsinstitut Senckenberg, Abteilung für Limnologie und Naturschutzforschung; 24pp.
- HEYER, W., K.-J. HÜLSBERGEN, C. WITTMANN, S. PAJAJA, and O. CHRISTEN, 2003: Field related organisms as possible indicators for evaluation of land use intensity. - Agriculture, Ecosystems and Environment **98**, 453-461.
- JOSCHKO, M., R. GEBBERS, D. BARKUSKY, J. TIMMER, 2010: The apparent electrical conductivity as a surrogate variable for predicting earthworm abundances in tilled soils. - Journal of Plant Nutrition and Soil Science **173**, 584-590.
- KRUESS, A., T. TSCHARNTKE, 1994: Habitat fragmentation, parasitoid species loss, and biological control. - Science **264**, 1581-1584.
- MACARTHUR, R. and E. O. WILSON, 1967: The theory of Island Biogeography. - Princeton University Press, Princeton.
- MÜHLENBERG, M. and J. SLOWIK, 2002: Kulturlandschaft als Lebensraum. - 312 pp., Quelle & Meyer, Stuttgart.
- MÜLLER, J., 2010: Die Bestimmung von „High Nature Value Farmland“ Flächen mit GIS. Vergleichende Untersuchungen zur Identifizierung von High Nature Value Farmland auf Basis von Biotoptypen, Acker- und Grünlandkennarten und der Flächeninanspruchnahme durch seltene Tierarten. - In: BUNDESAMT FÜR NATURSCHUTZ (Hrsg.): Treffpunkt Biologische Vielfalt, **IX/2010**, 125-130.
- NOSS, R. F., 1990: Indicators for monitoring biodiversity: a hierarchical approach. - Conservation Biology **4**, 355-364.
- POEHLING, H.M., S. VIDAL and B. ULBER, 1994: Genug Nützlinge auf Großflächen - Wunsch oder Wirklichkeit? - Pflanzenschutz-Praxis **3/1994**, 34-37.
- RIEKEN, U., 1997: Arthropoden als Bioindikatoren in der naturschutzrelevanten Planung - Anwendung und Perspektive. - Mitteilungen der Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewandte Entomologie **11**, 45-56.
- SHANNON, C. E., 1948: A mathematical theory of communication. - Bell. Syst. Technol. **J. 27**, 379-423, 623-656.
- SHANNON, C. E. and W. WEAVER, 1963: The Mathematical Theory of Communication. - University of Illinois Press, Urbana Illinois, 117 pp.
- VOLKMAR, C. and T. WETZEL, 1998: Zum Auftreten gefährdeter Spinnenarten (Arachnida: Araneae) auf Agrarflächen in Mitteldeutschland. - Archiv für Phytopathologie und Pflanzenschutz **31**, 561-574.
- VOLKMAR, C., S. BOTHE, T. KREUTER, M. LÜBKE-AL HUSSEIN, L. RICHTER, U. HEIMBACH and T. WETZEL, 1994: Epigäische Raubarthropoden in Winterweizenbeständen Mitteldeutschlands und ihre Beziehungen zu Blattläusen. - Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem **299**, 152pp.
- WETZEL, T., 1993: Genug Nützlinge auch auf Großflächen. - Pflanzenschutz-Praxis **4/1993**, 16-19.
- WETZEL, T., 2004: Integrierter Pflanzenschutz in Agroökosystemen. - 2. erweiterte Auflage. Steinbeis-Transferzentrum Integrierter Pflanzenschutz und Ökosysteme, Pausa/Vogtland, 288pp.
- WETZEL, T., C. VOLKMAR, M. LÜBKE-AL HUSSEIN, D. JANY and L. RICHTER, 1997: Zahlreiche "Rote-Liste-Arten" epigäischer Raubarthropoden auf großen Agrarflächen Mitteldeutschlands. - Archives of Phytopathology and Plant Protection **31** (2), 165-183.

## 1000 Arten für den Pflanzenschutz – die Vielfalt der Nützlinge schützen, fördern und nutzen!

*1000 species for Biological Control – how to protect, enhance and use the diversity of beneficial organisms.*

Annette Herz

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstr. 243, D-64287 Darmstadt  
annette.herz@jki.bund.de, +49(0)6151 407236

DOI: 10.5073/jka.2012.436.007

### Zusammenfassung

Nützlinge sind als natürliche Gegenspieler von Schaderregern an Kulturpflanzen unverzichtbare Elemente des integrierten Pflanzenschutzes. Ihre Funktionserhaltung im Agrarökosystem durch den Einsatz selektiver Pflanzenschutzverfahren hat absolute Priorität. Doch Nützlinge können durch geeignete Maßnahmen auch ganz gezielt für den Pflanzenschutz rekrutiert werden, entweder durch ihre besondere Förderung oder durch den aktiven Einsatz. Diese funktionelle Biodiversität sollte durch geeignete Agrarumweltmaßnahmen unterstützt werden. Voraussetzung ist eine Agrarlandschaft, die die notwendigen Ressourcen für das Überleben dieser Arten in ausreichendem Maße bereitstellt. Eine breite Palette verschiedener Nützlingsarten steht für eine Vielzahl von Anwendungen, besonders unter Glas, kommerziell zur Verfügung. Allerdings schaffen Resistenzentwicklungen oder auch die Einschleppung neuartiger Schaderreger immer wieder neue Pflanzenschutzprobleme. Die Vielfalt der Nützlinge, die dem biologischen Pflanzenschutz zur Verfügung stehen, ist aber bei weitem noch nicht ausgeschöpft. Forschung und Entwicklung können hier neue Lösungen erarbeiten.

**Stichwörter:** Biologischer Pflanzenschutz, Ökosystemdienstleistung, funktionale Biodiversität, Nützlingseinsatz

### Summary

Beneficial macroorganisms belonging to the Arthropoda or Nematoda are key elements of Integrated Pest Management. Whenever plant protection measures have to be taken, selective low-risk pesticides should be given priority in order to minimize any negative side-effects on these beneficials. Natural occurring antagonists should be supported by providing any necessary resources and creating ecological infrastructures in the agricultural landscape. As consequence, suitable agro-environmental schemes are needed to support this functional biodiversity. Today inundative biological control can rely on a plenty of species available for commercial use as essential part of Integrated Production in many crop systems. Nevertheless, increasing insecticide resistance or the occurrence of invasive pests steadily bears new challenges for plant protection. Hence, the huge diversity of beneficial organisms can provide new candidates and new solutions for biological control also in the future.

**Keywords:** Biological control, ecosystem service, functional biodiversity, augmentative release of beneficials

### Einleitung

Nützlinge im Sinne des Pflanzenschutzes sind in der Regel wirbellose Tiere, die als Räuber, Parasitoide oder Parasiten verschiedene Stadien von Schaderregern abtöten oder in ihrer Vitalität schwächen. Sie gehören meistens zu den Arthropoda oder auch zu den Nematoda. Im Biologischen Pflanzenschutz kennt man verschiedene Strategien, Nützlinge als Gegenspieler von Schaderregern zu nutzen. Bei der klassischen biologischen Schädlingsbekämpfung werden eingeschleppte Schädlinge mittels nachgeführten, spezialisierten Antagonisten aus dem ursprünglichen Herkunftsgebiet reguliert. Trotz erfolgreicher Beispiele in der Vergangenheit (z. B. die Zehrwespen *Aphelinus mali* gegen die Blutlaus in 1930er Jahren bzw. *Prospaltella perniciosi* gegen die San-José-Schildlaus in den 1950er Jahren, KRIEG und FRANZ, 1989) spielt diese Form des Nützlingseinsatzes derzeit in Deutschland keine Rolle. Dagegen ist man sich der Bedeutung von Nützlingen im Agrarökosystemen bewusst und sucht durch angepasste Pflanzenschutz- und Agrarumweltmaßnahmen deren natürliche Vielfalt für einen konservativen biologischen Pflanzenschutz zu erhalten und zu fördern. Bei der selektiven

Nützlingsförderung werden dabei für die jeweilige Kultur bzw. Schädlingsfrage geeignete Konzepte entwickelt (LANDIS *et al.*, 2000). Inokulativer bzw. inundativer biologischer Pflanzenschutz nutzt den aktiven Einsatz von in der Regel im Labor produzierten Tieren, die dann präventiv oder beim ersten Auftreten bestimmter Schädlinge in der entsprechenden Kultur ausgesetzt werden. Beim inundativen biologischen Pflanzenschutz geht man davon aus, dass der Nützlichling sich nicht etabliert und daher immer wieder freigelassen werden muss (KRIEG und FRANZ, 1989).

Die Protagonisten des biologischen Pflanzenschutzes rekrutieren sich aus der verfügbaren Biodiversität nützlicher Organismen. Während der konservative biologische Pflanzenschutz auf die Erhaltung bzw. Optimierung der funktionellen Biodiversität in den betreffenden Agrarökosystemen zielt, schöpft der inundative biologische Pflanzenschutz aus dem Repertoire züchtbarer und im Labor getesteter Arten.

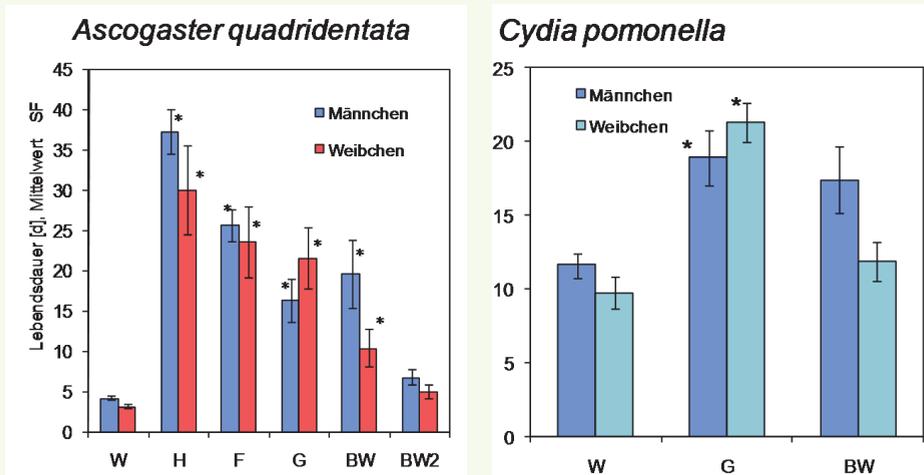
Im Laufe der letzten Jahrzehnte intensiver Forschung wurde viel erreicht, doch entstehen durch den Klimawandel, durch veränderte Anbaubedingungen und auftretende Insektizidresistenzen, vor allem aber auch durch die Einschleppung invasiver Schaderreger immer wieder neue Problemsituationen im Pflanzenschutz. Innovative Verfahren auf der Basis von Nützlingen sind daher nach wie vor notwendig. Der Beitrag möchte anhand von Fallbeispielen aus der aktuellen Forschung zeigen, welche konkrete Bedeutung dabei die biologische Vielfalt für die Weiterentwicklung des biologischen Pflanzenschutzes mit Nützlingen besitzt.

### **Vielfalt im Agrarökosystem - oder was brauchen Nützlinge?**

Seit mehr als 30 Jahren erkennt das Konzept des Integrierten Pflanzenschutzes die enorme Bedeutung der biologischen Schädlingsregulierung als Ökosystemdienstleistung an (BOLLER *et al.*, 2011). Nützliche Organismen sind von einer Vielzahl verschiedener Taxa der wirbellosen Tiere bekannt (CLAUSEN, 1940). Gerade die parasitoiden Hymenopteren zeichnen sich dabei durch eine besonders hohe Artendiversität aus. So umfassen in Deutschland z. B. die Echten Schlupfwespen (Ichneumonidae) mehr als 3000 nachgewiesene Arten (HORSTMANN, 2001) und viele von ihnen können als wichtige Gegenspieler von Schädlingen gelten. Im Zulassungsverfahren kommt daher der ökotoxikologischen Bewertung von Wirkstoffen bzw. Produkten gegenüber Nichtziorganismen eine entscheidende Bedeutung zu. Es ergeben sich daraus entsprechende Auflagen bzw. Hinweise bei der Anwendung des betreffenden Pflanzenschutzmittels, die auch die Wahl integrierbarer Präparate bei der Kulturführung ermöglichen. Durch vorrangige Berücksichtigung biologischer, biotechnischer, pflanzenzüchterischer sowie anbau- und kulturtechnischer Maßnahmen gilt es die Anwendung von chemischen Pflanzenschutzmitteln auf das notwendige Maß zu beschränken (Pflanzenschutzgesetz, Fassung vom 06. Februar 2012).

Vor allem in Freilandkulturen sucht man aber auch durch die gezielte Förderung von Nützlingen Kalamitäten von Schädlingen zu verhindern. Diese Strategie setzt auf die Bereitstellung aller für das Überleben und die Reproduktion dieser Organismen notwendigen Ressourcen in der Agrarlandschaft. Seit den 1980er Jahren wurde die Forschung dazu intensiviert (ALTIERI, 1994; LANDIS *et al.*, 2000). Auch am Institut für Biologischen Pflanzenschutz der damaligen Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (heute Julius Kühn-Institut) in Darmstadt wurde die Bedeutung von ökologischen Strukturelementen in der Agrarlandschaft für verschiedene Nützlingsgruppen (Schwebfliegen, Laufkäfer) erforscht (z. B. RUPPERT, 1993). So konnte vielfach gezeigt werden, dass die Leistungsfähigkeit vieler Nützlinge von der ausreichenden Versorgung der adulten Stadien mit Nektar und Pollen abhängig ist (WÄCKERS *et al.*, 2008; LAUBERTIE *et al.*, 2012). Diese Ressource kann z. B. durch ausreichendes Vorhandensein bestimmter Wildkräuter, aber auch durch gezielt eingebrachte Pflanzen bereitgestellt werden. Agrarumweltmaßnahmen, die dem Landwirt die Schaffung von Ackerrandstreifen, Blühstreifen, Ausgleichsflächen, Hecken und andere Strukturelemente (BOLLER *et al.*, 2004) durch finanzielle Unterstützung von Seiten der Agrarpolitik honorieren, sind bei einer nützlingsgerechten Diversifizierung der Agrarlandschaft ein unverzichtbares Werkzeug (HOLLAND, 2012). Davon profitieren vor allem sehr mobile Organismen, wie Marienkäfer oder Schwebfliegen (HAENKE *et al.*, 2009), die von diesen Bereichen in die Kultur einwandern können. Vor allem bei Dauerkulturen sollte das Begrünungsmanagement aber auch

innerhalb der Kulturlandschaft zur Erhöhung der pflanzlichen Vielfalt beitragen. Dabei kann der zusätzliche Anbau von Pflanzenarten mit multifunktionalen Eigenschaften, wie Beikrautunterdrückung, Gründüngung, die Förderung von Bestäuberinsekten oder auch Nutzpflanzen (Futter, Kräuter, Ölsaaten), für den Landwirt besonders attraktiv sein (z. B. BUGG und WADDINGTON, 1994; FIEDLER *et al.*, 2008). Bei der selektiven Nützlingsförderung will man durch die angebauten Pflanzen bestimmte Schlüsselantagonisten, nicht aber Schädlinge fördern (LAVANDERO *et al.*, 2006; WINKLER *et al.*, 2010; GÉNEAU *et al.*, 2012). Wichtig sind dabei genaue Kenntnisse der Nahrungsökologie dieser Nützlinge, vor allem der adulten Stadien, die teilweise oder auch ganz auf pflanzliche Nahrungsquellen angewiesen sind. Nicht jede Nektar- und Pollenführende Pflanze, die z. B. von Bestäubern nutzbar ist, kann auch von anderen Insekten, wie z. B. Parasitoiden aus der Gruppe der Hymenoptera oder Diptera mit i.d.R. nicht spezialisierten Mundwerkzeugen genutzt werden (KUGLER, 1970). Am Institut für Biologischen Pflanzenschutz des JKI wird die Bedeutung derartiger Ressourcen (Nektar, Pollen, andere Kohlenhydratlieferanten) für die Leistungsfähigkeit ausgewählter Nützlinge untersucht, wobei hier parasitischen Hymenopteren im Vordergrund stehen. Die Brackwespe *Ascogaster quadridentata* ist ein natürlicher Gegenspieler verschiedener schädlicher Wicklerarten im Obst-, Wein- und Gemüsebau (CAMERON, 1938; HUDDLESTON, 1984; ATHANASSOV *et al.*, 1997; THIÉRY *et al.*, 2011). In ersten Laborversuchen konnten wir zeigen, dass die Lebensdauer dieser Art entscheidend vom Zugang zu Zucker- bzw. Nektarquellen abhängt (Abb. 1).



**Abb. 1** Einfluss des Nahrungsangebotes (W = Wasser, H = Honig, F = Fructose, G = Glucose, BW = Buchweizen-Blüten täglich frisch, BW2 = Buchweizen-Blüten alle 2 Tage angeboten) auf die Lebensdauer von *A. quadridentata* bzw. *C. pomonella* (\*: signifikant unterschiedlich zur reinen Wasserversorgung,  $p < 0.05$ )

**Fig. 1** Longevity of *A. quadridentata* and its host *C. pomonella* when provided with different sugar solutions (F=fructose, G=glucose), honey (H) or buckwheat flowers (BW), offered daily or every second day (BW2) in comparison to water (W) only. (\*: significant difference to water control,  $p \leq 0.05$ )

Doch von mehreren bisher getesteten Pflanzenarten (Büschelschön, Ackersenf, Pastinake, Buchweizen, Rotklee) erwies sich dabei nur Buchweizen als geeignete Nahrungspflanze für diesen Nützling und erhöhte die Lebensdauer beider Geschlechter um das Drei- bis Fünffache im Vergleich zur reinen Wasserversorgung (HERZ *et al.*, 2012). Buchweizen wird bereits im Weinbau zur Begrünung angebaut, hat hervorragende bodenverbessernde Eigenschaften und die Samen dienen auch zur menschlichen Ernährung oder zur Arzneigewinnung (ÖLSCHLÄGER, 2006). Durch ihre reiche Nektarproduktion ist sie für eine Vielzahl von Blütenbesuchern attraktiv. Ob davon auch Schädlinge wie z. B. der Apfelwickler davon profitieren, ist nach unseren bisherigen Ergebnissen nicht ganz

eindeutig. Im Laborversuch waren Lebensdauer und Fertilität des Apfelwicklers tendenziell, nicht aber signifikant zur reinen Wasserversorgung erhöht (Abb. 1).

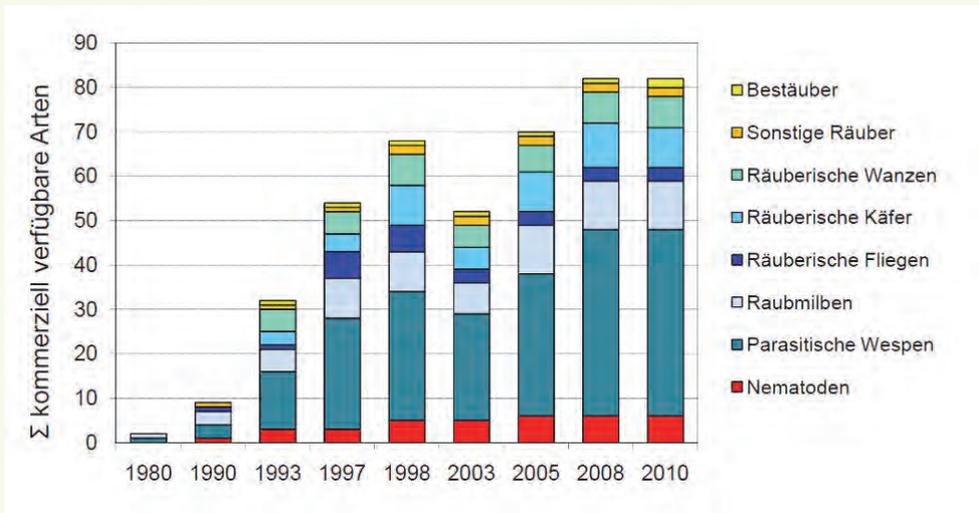
Weitere Untersuchungen werden abklären, ob Buchweizen selektiv nützlingsfördernde Eigenschaften besitzt und daher für den Anbau in Dauerkulturen empfohlen werden kann. Auch Wildkräuter und Pflanzenarten, die sich für eine Baumstreifenbegrünung eignen (KORTE und POREMBSKI, 2010), werden in die weiteren Versuche miteinbezogen. Die gewählte Zielart *A. quadridentata* gilt dabei als Stellvertreter der Parasitoidengemeinschaft der Tortricidae. Ziel ist, durch die bewusste Gestaltung einer geeigneten pflanzlichen Diversität in der Kultur die Leistungsfähigkeit dieser funktionellen Gruppe zu sichern.

### **Nützlinge im Einsatz - oder wie können wir ihre Vielfalt nutzen?**

Der inundative Einsatz von Nützlingen erfordert in der Regel die Verfügbarkeit von in Massenzucht produzierten Organismen, die in ausreichender Zahl und zum richtigen Zeitpunkt auf die sich entwickelnde Population des Schaderregers angesetzt werden. Neben der Spezifität des Nützlings sind daher auch andere Faktoren für die Eignung wesentlich: vor allem die Produzierbarkeit unter kostengünstigen Bedingungen, die Eignung für bestimmte Applikationstechniken und schließlich die Integrierbarkeit in das gesamte Pflanzenschutzprogramm einer bestimmten Kultur, also z. B. die bewusste Abstimmung notwendiger Anwendungen von Pflanzenschutzmitteln mit der Nützlingsfreilassung. Der gewerbliche Einsatz von Nützlingen begann in systematischer Weise in Deutschland vor etwa 30 Jahren. Zu diesem Zeitpunkt standen kommerziell zwei Nützlinge in größerem Maßstab zur Verfügung: die Raubmilbe *Phytoseilus persimilis* gegen Spinnmilben und die Erzwespe *Encarsia formosa* zur Bekämpfung der Weißen Fliege *Trialeurodes vaporariorum* (FRANZ, 1984). Dabei hatte *E. formosa* bereits eine erfolgreiche Einsatzgeschichte in den 1930er Jahren erlebt, die aber 20 Jahre später durch den weltweiten Siegeszug synthetischer Insektizide ein jähes Ende fand. Erst Ende der 1960er Jahre wurde dieser Nützing für den biologischen Pflanzenschutz wieder entdeckt (HUSSEY, 1985). G. DOSSE erkannte das große Potential der Raubmilbe *P. persimilis*, die in einer Lieferung von Orchideen aus Chile nach Deutschland eingeführt wurde (BRAVENBOER und DOSSE, 1962). In beiden Fällen half auch das Interesse von engagierten Gemüseproduzenten den Nützlingen zum Durchbruch (HUSSEY, 1985). In den folgenden Jahrzehnten zeichnete sich eine stete Zunahme verfügbarer Arten ab, meist Ergebnis systematischer Suche und sicherlich auch ein Verdienst der an der Produktion und Vermarktung beteiligten Unternehmen (Abb. 2).

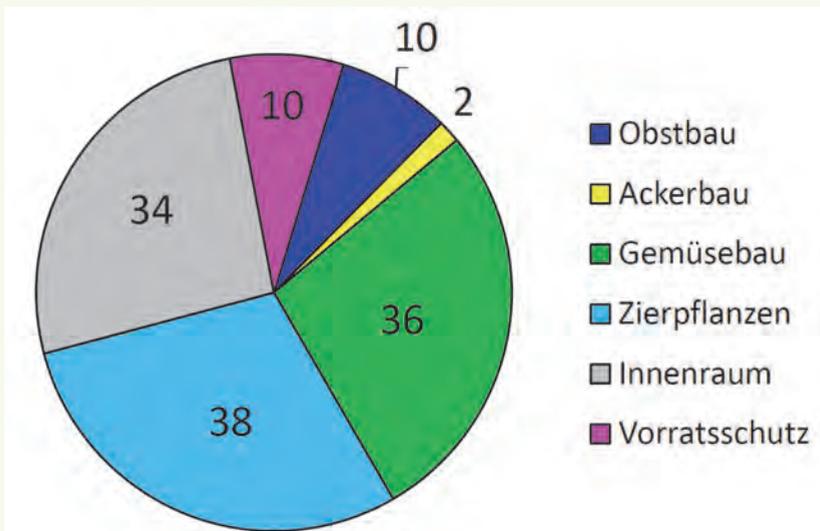
Auch deren Zahl stieg seit den 1990er Jahren stetig an und ging oftmals aus einer vorherigen engen Verbindung der Firmengründer mit Wissenschaft und Forschung hervor (EHLERS, 2007). Derzeit stehen mehr als 80 Arten zur Verfügung (JKI, 2011). Darunter sind monophage Arten, meist Parasitoide, die nur bestimmte Wirtsarten befallen und deren sinnvoller Einsatz die genaue Kenntnis des Schädlings voraussetzt. Auf Grund ihrer Spezialisierung können sie aber besonders effektiv sein, da sie in der Regel über eine gute Suchleistung verfügen und bereits bei geringen Wirtsdichten aktiv sind. Generalisten, wie die Larven der Florfliege *Chrysoperla carnea* oder die Raubmilbe *Amblyseius swirskii*, bewähren sich auch bei multiplen Schädlingsproblemen.

Die Mehrzahl der käuflichen Nützlinge wird unter Glas eingesetzt (Gemüsebau, Zierpflanzenbau) und bietet bei Pflanzenschutzproblemen in der Innenraumdekoration oder Schaugewächshäusern die bevorzugte, aber auch oftmals die einzig machbare Option (Abb. 3). Bei Freilandkulturen (Obstbau, Ackerbau, Freilandgemüse) dagegen ist der Nützlingseinsatz teilweise zu teuer oder auch nicht ausreichend wirksam. Wenige Verfahren haben sich hier langfristig durchgesetzt, wie z. B. die Anwendung von entomopathogenen Nematoden zur Kontrolle von Dickmaulrüsslerbefall oder die Freilassung des Eiparasitoiden *Trichogramma brassicae* gegen den Maiszünsler auf mittlerweile nahezu 20.000 ha Fläche (ALBERT *et al.*, 2008).



**Abb. 2** Anzahl kommerziell erhältlicher Nützlinge in Deutschland in den letzten 30 Jahren (zusammengestellt nach FRANZ, 1984; ALBERT *et al.*, 1997 und BATHON, 1999, Nützlingslisten der BBA bzw. des JKI)

**Fig. 2** *Number of species of beneficial arthropods commercially available in Germany since 1980. Data compiled according to FRANZ, 1984; ALBERT et al., 1997 and BATHON, 1999 and producer questionnaires*



**Abb. 3** Anzahl der im Jahr 2010 verfügbaren Nützlingsarten für den biologischen Pflanzenschutz in verschiedenen Anwendungsbereichen

**Fig. 3** *Number of species of beneficial arthropods commercially available on the German market for application in different crop systems in 2010*

Mehr als 60 % der verfügbaren kommerziellen Nützlinge rekrutieren sich aus der in Deutschland natürlicherweise vorhandenen Fauna. Mitunter können heimische Arten auch eingeschleppte Schädlinge, die zunächst große Probleme bereiten, nach einer gewissen Zeit sehr gut regulieren. So parasitieren die heimischen Schlupfwespen *Dacnusa sibirica* und *Diglyphus isaea* die Ende der 1980er Jahre aus den USA eingeschleppten Minierfliegen *Liriomyza trifolii* und *L. huidobrensis* so erfolgreich, dass deren Auftreten in den Gewächshäusern gut kontrollierbar ist (LEUPRECHT, 1992). Beide Parasitoide sind auch kommerziell zu erwerben und können bei rechtzeitigem Einsatz einen Befall weitgehend verhindern. Die natürliche Vielfalt der in Europa vorkommenden Räuber und Parasitoide bietet ein längst noch nicht ausgeschöpftes Repertoire an Nützlingen. Am Institut für Biologischen Pflanzenschutz werden verschiedene Arten auf ihre Eignung hin geprüft (Tab. 1). Dabei steht nicht nur die Frage der Effizienz dieser Nützlinge, sondern auch die Praktikabilität ihrer Anwendung im Fokus dieser Untersuchungen. D. h. auch das Vorhandensein eines Massenzuchtverfahrens und ein wenig aufwändiges Ausbringungsverfahren entscheiden über die Tauglichkeit eines bestimmten Nützlings und die Perspektiven für seine erfolgreiche Anwendung.

**Tab. 1** Prüfung verschiedener Nützlinge für eine Anwendung im biologischen Pflanzenschutz in einem mehrstufigen System seit 2009. Biotests dienen zur Festlegung des Grundpotentials im Labor, Versuche unter Halbfreilandbedingungen testen die Eignung auf der Pflanze oder im Boden. Praktikabilität bewertet Züchtbarkeit und Ausbringungsverfahren. k. T.: kein Test durchgeführt. +, ++, +++: mäßige, gute, sehr gute Wirkung. -: keine Wirkung

**Tab. 1** *Assessment of several beneficial arthropods for potential use in biological control at the Institute for Biological Control (JKI) since 2009. Testing is performed in a stepwise manner from laboratory, semi-field to field testing. In addition, prospects for efficient mass production and application methods are evaluated for practicability. k. T.: no test performed. +, ++, +++: effect moderate, good, very good, -: no effect*

Nützling	Schädling	Labor	Halbfreiland	Praxis	Praktikabilität
<i>Forficula auricularia</i> (Dermaptera: Forficulidae)	<i>Eriosoma lanigerum</i>	k.T.	k.T.	+*	+
<i>Encarsia tricolor</i> (Hymenoptera: Aphelinidae)	<i>Aleyrodes prolella</i>	++	k.T.	+*	++
<i>Muscidifurax raptor</i> (Hymenoptera: Pteromalidae)	<i>Rhagoletis spec.</i>	+++	-	k.T.	++
<i>Platynaspis luteorubra</i> (Coleoptera: Coccinellidae)	<i>Aphis fabae</i>	++	++	k.T.	-
<i>Trichogramma dendrolimi</i> (Hymenoptera: Trichogrammatidae)	<i>Cydalima perspectalis</i>	++	+	k.T.	+++
<i>Steinernema carpocapsae</i> (Nematoda: Steinernematidae)	<i>Cydalima perspectalis</i>	+++	+++	+	+++

\*: Versuche in Zusammenarbeit mit verschiedenen Projektpartnern.

\*: trials were done in cooperation with different project partners

Ein großes Hindernis bei der Suche nach geeigneten Arten ist allerdings die Unkenntnis über die hiesige Diversität, vor allem bei den schwierig anzusprechenden parasitoiden Hymenoptera und Diptera. Ein gutes Beispiel sind die Arten der Trichogrammatidae, die zu den Erzwespen gehören und

nur sehr schwierig bis zum Artniveau zu bestimmen sind. Auf Grund der günstigen biologischen Eigenschaften (Kontrolle des Wirtes im Eistadium, relative Polyphagie, Eignung zur Massenzucht) stellen aber diese Eiparasitoide bei neuen Problemschädlingen immer wieder eine Option für die Entwicklung eines biologischen Verfahrens dar. Sowohl eingeschleppte Schädlinge (z. B. Buchsbaumzünsler, Baumwollkapselwurm, Tomatenminiermotte) als auch Schädlinge, die auf Grund der Klimaveränderung eine Ausweitung ihres Ausbreitungsareals oder Veränderung ihres Voltinismus erfahren (z. B. Maiszünsler, Wicklerarten, bestimmte Noctuiden (Gammaeule, Saateule), sind Zielorganismen für diese Nützlinge. Aktuelle Übersichten über die europäischen Arten geben PINTUREAU (2008) und darauf aufbauend POLASZEK (2010). Es werden für Deutschland 11 Arten genannt (*T. aurosum*, *T. brassicae*, *T. cacoeciae*, *T. cephalciae*, *T. dendrolimi*, *T. embryophagum*, *T. evanescens*, *T. piniperda*, *T. pinto* [nur bei Pintureau, 2008], *T. semblidis*, *T. zeirapherae*), doch sind diese Nachweise z.T. nicht unter Kenntnis der aktuell geltenden Systematik dieser Gruppe entstanden. Vier der genannten Arten sind für den biologischen Pflanzenschutz in Deutschland verfügbar (*T. brassicae*, *T. cacoeciae*, *T. dendrolimi*, *T. evanescens*). Faunistische Erhebungen zu dieser Gattung beschränken sich auf regionale Nachweise in bestimmten Kulturen, so dass das Wissen über die geographische Verbreitung und Artendiversität dieser Gruppe in Deutschland bzw. Mitteleuropa eher lückenhaft ist. Neben der geographischen Verbreitung unterscheiden sich *Trichogramma*-Arten vor allem in ihrer Lebensstrategie. Dies betrifft vor allem ihren speziellen Reproduktionsmodus, ihre Lebensdauer, ihr Suchvermögen bei der Wirtslokalisierung und ihr Eiablageverhalten. Sie scheinen daher unterschiedliche ökologische Nischen zu besetzen, allerdings ist über eine Diversifizierung in verschiedenen Lebensräumen nur wenig bekannt. Auch die Existenz von an bestimmte Habitate angepasste "Ökotypen" innerhalb einer Art wird postuliert, doch letztendlich fehlen hinreichende Beweise über ihr tatsächliches Auftreten. Eine Charakterisierung der biologischen und genetischen Diversität dieser Nützlinge in Agrarhabitaten und naturräumlichen Regionen Deutschlands sowie letztendlich auch ihre Erhaltung in Form einer „Biobank“, d. h. der Etablierung ausgewählter, lebender Stammzuchtlinien in zugänglichen Sammlungen, wie sie z. B. am Institut für Biologischen Pflanzenschutz des JKI gepflegt wird, ist aber notwendig, um das Potential dieser Arten auch auf Dauer für den biologischen Pflanzenschutz nutzbar zu machen.

## Ausblick

Die Biodiversität nützlicher Organismen bietet ein nahezu unerschöpfliches Reservoir an Arten, die für den Biologischen Pflanzenschutz zur Verfügung stehen. Entwicklung von Konzepten für eine spezielle Nützlingsförderung in der Agrarlandschaft als auch die Gewinnung neuer effizienter Kandidaten aus der heimischen Fauna, aber auch aus dem Ursprungsgebiet eingeschleppter Schädlinge sind auch in Zukunft unverzichtbare Strategien bei der Bewältigung von Pflanzenschutzproblemen. Der biologische Pflanzenschutz mit Nützlingen bietet aber keine *ad hoc*-Lösungen. Vielmehr benötigt er auf Grund seiner Komplexität ein besonderes Verständnis des Anwenders, das ihm für die umweltfreundliche Erzeugung von Kulturpflanzen von der Gesellschaft honoriert werden sollte.

## Literatur

ALBERT, R., S.A. HASSAN und G.A. LANGENBRUCH, 1997: Biologische Schädlingsbekämpfung. AID Infodienst Nr. 1030/1997, Bonn.

ALBERT, R., G. MAIER und K. DANNEMANN, 2008: Maiszünslerbekämpfung – Bekämpfung und neue Entwicklungen beim *Trichogramma brassicae*-Einsatz. Gesunde Pflanzen. **60**, 51-54.

ALTIERI, M. A., 1994: Biodiversity and pest management in agroecosystems. New York, Haworth Press.

ATHANASSOV, A., P. CHARMILLOT, P. JEANNERET und D. RENARD, 1997: Les parasitoides des larves et des chrysalides du carpocapsae *Cydia pomonella* L. Revue Suisse de Viticulture, d'Arboriculture et d'Horticulture **29**, 100-106.

BATHON, H., 1999: Biologischer Pflanzenschutz mit Nützlingen. 1. In Deutschland angebotene Nützlingsarten. Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd. **51**, 25-31.

- BOLLER, E. F., F. HÄNI und H.-M. POEHLING (Eds.), 2004: Ecological Infrastructures: Ideabook on Functional Biodiversity at the Farm Level Temperate Zones of Europe. IOBC-WPRS. Lindau, Switzerland. Swiss Centre for Agricultural Extension and Rural Development.
- BOLLER, E. F., J. AVILLA, E. JOERG, C. MALAVOLTA, F. G. WIJNANDS und P. ESBJERG, 2011: IOBC Integrated production: Objectives, principles and technical guidelines. In: *Integrated production – Objectives, Principles and Technical Guidelines*. Eds.: BAUR R., F. WIJNANDS und C. MALAVOLTA, 2011: IOBC-WPRS Bulletin, Special Issue. IOBC-WPRS, Darmstadt, 1-23.
- BRAVENBOER, L. und G. DOSSE, 1962: *Phytoseiulus riegei* Dosse als Prädator einiger Schadmilben aus der *Tetranychus urticae* Gruppe. *Entomologia Exp. Appl.* **5**, 291-304.
- BUGG, R. L. und R. WADDINGTON, 1994: Using cover crops to manage arthropod pests of orchards: a review. *Agriculture, Ecosystems and Environment* **50**, 11-28.
- CAMERON, E., 1938: A study of the natural control of the pea moth, *Cydia nigricana* Steph. *Bull. Ent. Res.* **29**, 277-313.
- CLAUSEN, C. P., 1940: Entomophagous insects. McGraw-Hill Book Company, New York.
- EHLERS, R. U., 2007: Entomopathogenic nematodes: from science to commercial use. In: *Biological Control: a Global Perspective*. Eds.: VIENCENT, C., M.S. GOETTEL und G. LAZAROVITS. CAB Internationa. Cromwell Press, Trowbridge, 136-151.
- FIEDLER, A. K., D. A. LANDIS und S. D. WRATTEN, 2008: Maximizing ecosystem services from conservation biological control: the role of habitat management. *Biological Control* **45**, 254-271.
- FRANZ, J. M., 1984: Welche Nutzorganismen sind in Europa für den biologischen Pflanzen- und Gesundheitsschutz verfügbar? *Anz. Schädlingskde, Pflanzenschutz, Umweltschutz* **57**, 105-111.
- GÉNEAU, C. E., F. L. WÄCKERS, H. LUKA, C. DANIEL und O. BALMER, 2012: Selective flowers to enhance biological control of cabbage pests by parasitoids. *Basic and Applied Ecology* **13**, 85-93.
- HAENKE, S., B. SCHEID, M. SCHAEFER, T. TSCHARNTKE und C. THIES, 2009: Increasing syrphid fly diversity and density in sown flower strips within simple vs. complex landscapes. *Journal of Applied Ecology* **46**, 1106-1114.
- HERZ, A., G. EDER, S. FEIERTAG und S. WITTLICH, 2012: Use of nectar resources by *Ascogaster quadridentata* WESMAEL (Hymenoptera, Braconidae), an important egg-larval parasitoid of the codling moth: first evidence from laboratory studies. *Proceedings of the 15<sup>th</sup> International Conference on Organic Fruit-Growing*. 20<sup>th</sup> to 22<sup>nd</sup> February 2012, University of Hohenheim, Germany.
- HOLLAND, J., 2012: Promoting agri-environment schemes for conservation biocontrol. *IOBC-WPRS Bulletin* **75**, 99-103.
- HORSTMANN, K., 2001: Ichneumonidae. In: *Verzeichnis der Hautflügler Deutschlands (Entomofauna Germanica 4)*. Hrsg: DATHE, H. H., A. TAEGER und S. M. BLANK, Dresden. *Entomologische Nachrichten und Berichte, Beiheft* **7**, 69-103.
- HUDDLESTON, T., 1984: The Palearctic species of *Ascogaster* (Hymenoptera: Braconidae). *Bull. Br. Mus. Nat. Hist. (Ent.)* **49** (5), 341-392.
- HUSSEY, N.W., 1985: History of Biological Control in protected culture: Western Europe. In: *Biological Pest Control: the glasshouse experience*. Eds.: HUSSEY, N.W. und N. SCOPTERS, Blandford Press, Dorset, 11-22.
- JKI (JULIUS KÜHN-INSTITUT), 2011: Nützlinge zu Kaufen - Liste der in Deutschland kommerziell erhältlichen Nützlinge mit Anwendungsmöglichkeiten und Bezugsquellen auch für Hobby- und Kleingärtner. Faltblatt zum Download, <http://www.jki.bund.de/de/startseite/veroeffentlichungen/broschueren-und-faltblaetter/n-bis-s.html> Download am 10.05.12
- KORTE, N. und S. POREMBSKI, 2010: Suitability of different cover crop mixtures and seedlings for a new tree row management in an organic orchard. *Gesunde Pflanzen* **62**, 45-52.
- KRIEG, A. und J. M. FRANZ, 1989: Lehrbuch der biologischen Schädlingsbekämpfung. Berlin und Hamburg, Paul Parey.
- KUGLER, H., 1970: Blütenbiologie. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart.
- LANDIS, D. A., S. D. WRATTEN und G. M. GURR, 2000: Habitat management to conserve natural enemies of arthropod pests in agriculture. *Ann. Rev. Entomol.* **45**, 175 – 201.
- LAVANDERO, B., S. D. WRATTEN, R. K. DIDHAM und G. GURR, 2006: Increasing floral diversity for selective enhancement of biological control agents: A double-edged sword? *Basic and Applied Ecology* **7**, 236-243.
- LAUBERTIE, E. A., S. D. WRATTEN, J.-L. HEMPTINNE, 2012: The contribution of potential beneficial insectary plant species to adult hoverfly (Diptera: Syrphidae) fitness. *Biological Control* **61**, 1-6.
- LEUPRECHT, B., 1992: Biologische Bekämpfung von *Liriomyza huidobrensis* in Gemüsekulturen im Gewächshaus. *Gesunde Pflanzen* **44**, 222-229.
- ÖLSCHLÄGER, C., 2006: Charakterisierung des Phenolstoffwechsels von Buchweizensamen (*Fagopyrum esculentum* Moench) als Grundlage für die Züchtung von flavonoidreichen Genotypen. Dissertation, Technische Universität München.
- PINTUREAU, B., 2008: Les espèces européennes de Trichogrammes. In *Libro Veritas*. 95 pp.
- POLASZEK, A., 2010: Species diversity and host associations of *Trichogramma* in Eurasia. In: *Egg parasitoids in agroecosystems with emphasis on Trichogramma*. Eds.: CONSOLI F.L., J.R.P. PARRA. und R.A. ZUCCHI, Springer Dordrecht, 237-265.
- RUPPERT, V., 1993: Einfluss blütenreicher Feldrandstrukturen auf die Dichte blütenbesuchender Nutzinsekten insbesondere der Syrphinae (Diptera: Syrphidae). *Agrarökologie* **8**. Haupt-Verlag, Bern
- THIÉRY, D., L. DELBAC, C. VILLEMANT und J. MOREAU, 2011: Control of grape berry moth larvae using parasitoids: should it be developed? *IOBC/wprs Bulletin* **67**, 189-196.
- WÄCKERS, F. L., P. C. J. VAN RIJN und G. E. HEIMPEL, 2008: Honeydew as a food source: making the best of a bad meal? *Biological Control* **45**, 176–184.
- WINKLER, K., F. L. WÄCKERS, A. J. THERMORSHUIZEN, J. C. VAN LENTEREN, 2010: Assessing risks and benefits of floral supplements in conservation biological control. *BioControl* **55**, 719-72.

## Wechselwirkungen zwischen der Bewirtschaftung und der Biodiversität von Weinbau-Steillagen

*Interactions between vineyard management and biodiversity in steep slope viticulture*

Michael Maixner<sup>1\*</sup>, Matthias Porten<sup>2</sup> & Thomas Schmitt<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, D-54470 Bernkastel-Kues

<sup>2</sup>DLR-Mosel, D-54470 Bernkastel-Kues

<sup>3</sup>Universität Trier, Biogeographie FB VI, D-54286 Trier

\* Korrespondierender Autor, michael.maixner@jki.bund.de, +49(0)6531 971821

DOI: 10.5073/jka.2012.436.008

### Zusammenfassung

Rebflächen sind als Dauerkulturen mit langen Umtriebszeiten relativ stabile Agroökosysteme. Eine Besonderheit sowohl in Bezug auf die Bewirtschaftungsbedingungen als auch in Hinblick auf die meso- und mikroklimatischen Verhältnisse und die kleinräumige Strukturierung stellen die Weinbau-Steillagen dar. Die Lebensgemeinschaften dieser Areale sind durch xerothermophile sowie durch an die weinbauliche Nutzung angepasste Arten charakterisiert. Trotz der großen landeskulturellen Bedeutung der Steillagen und ihrem Stellenwert für den Naturschutz liegen bislang wenig Informationen zum Einfluss unterschiedlicher Bewirtschaftungsparameter auf die Biodiversität in den Steillagenbiozöosen vor. Ein neues Forschungsprojekt, das sich diesen Fragen widmet, wird beschrieben.

**Stichwörter:** Weinbau, Steillagen, Biodiversität, Bewirtschaftungsverfahren

### Abstract

Vineyards as permanent cropping systems with long rotation periods are relatively stable agro-ecosystems. Viticulture on steep slopes is characterized by particular conditions for vineyard management as well as specific meso- and microclimatic conditions and a highly structured landscape. Fauna and flora of these habitats are characterized by xerothermic species as well as species that are adapted to the intermediate degree of disturbance by the vineyard management. In spite of the importance of steep slope vineyards for both landscape and nature conservation, little is known so far about the interactions between the quality and intensity of vineyard management on steep slopes with biodiversity. A current research project focusing on this question is described.

**Keywords:** Steep slope viticulture, biodiversity, management system

### Einleitung

In Deutschland werden in 16 Weinbaugebieten auf ca. 100.000 ha Reben angebaut. Aufgrund der Ansprüche der Weinrebe *Vitis vinifera* ist der Weinbau weitgehend auf klimatisch begünstigte Regionen beschränkt. Folglich herrschen für die Reben an der nördlichen Grenze des europäischen Weinbaus besonders günstige Bedingungen in den exponierten, xerothermen Steilhängen der Flusstäler. Da vielerorts in Deutschland Weinbau schon seit der Römerzeit betrieben wurde, entstanden über die jahrhundertelange weinbauliche Nutzung spezifische Lebensräume, und es entwickelten sich spezifische, an diese Art der Bewirtschaftung angepasste und teilweise davon abhängige Lebensgemeinschaften.

Weinberge sind Dauerkulturen mit Umtriebszeiten von mehr als 25 Jahren. Im Vergleich zu vielen anderen Kulturen stellen sie daher stabilere Agrar-Ökosysteme dar. Oberflächlich betrachtet sind Weinberge Monokulturen, da nur die Weinrebe selbst genutzt wird. Die Reben als holzige Pflanzen sind jedoch abhängig von der Bewirtschaftungsweise mit einer mehr oder weniger reichhaltigen Flora einjähriger und perennierender krautiger Pflanzen assoziiert (WILMANN, 1993). Diese profitiert

von der relativ geringen Beschattung des Bodens zwischen den Rebzeilen. Das Artenspektrum variiert, abhängig von den Standortbedingungen und der Art der Bodenpflege (BRUGGISSER *et al.*, 2010). Die Struktur der Weinbergsanlagen bedingt eine hohe Variabilität der Mikrohabitate durch den Wechsel besonnener und beschatteter Flächen, offenen Boden im Unterstockbereich und mehr oder weniger geschlossener Begrünung in den Gassen zwischen den Rebzeilen (WALCH, 1991). Die typischen Lebensgemeinschaften in den Weinbergen sind an die moderate Störungsintensität durch die weinbauliche Bewirtschaftung und die Bodenpflege adaptiert und stellen typischerweise eine Kombination aus konkurrenzstarken und störungsresistenten Arten dar (BRUGGISSER *et al.*, 2010).

Etwa 9 % der Rebflächen befinden sich an Steilhängen mit Hangneigungen zwischen 30 % und bis über 70 %, die sich in Bezug auf Struktur und Bewirtschaftung von Direktzuglagen mehr oder weniger deutlich unterscheiden. Die weinbaulich genutzten, nach Südost bis Südwest exponierten Steilhänge zeichnen sich durch besondere meso- und mikroklimatische, meist xerotherme Bedingungen aus. Bedingt durch die Topographie sind die Rebflächen meist kleinräumig strukturiert und charakterisiert durch einen hohen Anteil von Übergangsbereichen, Saumhabitaten, unbewirtschafteten Flächen und Strukturelementen wie Felsnasen, Trockenmauern und Böschungen. Die eingeschränkten Mechanisierungsmöglichkeiten, aber auch die klimatischen Bedingungen der Steillagen, lassen in diesen Rebflächen in der Regel keine bewirtschaftete Bodenbegrünung zu. Aber auch unbewirtschaftete Flächen sind aufgrund der xerothermen Bedingungen durch eine schütterte Pflanzendecke charakterisiert.

Für den Naturschutz sind Weinbau-Steillagen als Lebensraum xerothermer Floren- und Faunenelemente folglich von besonderem Interesse. Zu den Leitarten dieser Lebensräume zählen unter anderem der Weiße Mauerpfeffer (*Sedum album*) und als Vertreter der Wirbeltiere die Mauereidechse (*Podarcis muralis*), die Smaragdeidechse (*Lacerta bilineata*), die Schlingnatter (*Coronella austriaca*) und die Zippammer (*Emberiza cia*). Unter den Insekten sind die Steppen-Sattelschrecke (*Ephippiger ephippiger*), die Blau- und Rotflügelige Ödlschrecke (*Oedipoda caerulescens*, *O. germanica*), die Spanische Flagge (*Euplagia quadripunctaria*) und der Segelfalter (*Iphiclides podalirius*) besonders zu erwähnen. Der eng an *Sedum album* gebundene Apollofalter tritt in den Steilhängen der Mosel sogar in einer eigenen Unterart dieser Region auf (*Parnassius apollo vinningensis*).

In den Steillagenweinbaugebieten stellt der Weinbau das landschaftsprägende Element mit hoher touristischer Anziehungskraft dar. Aufgrund der besonderen klimatischen Bedingungen sind diese Areale auch Trittsteine für sich ausbreitende wärmeliebende Arten, womit sie sich auch als Modellregionen zur Untersuchung der Auswirkungen sich ändernder Umweltbedingungen eignen. Andererseits sind auch viele weinbauliche Schaderreger thermophile Organismen, die im Zuge ihrer Ausbreitung nach Norden die Weinbausteillagen als Lebensraum nutzen. Besonders pflanzensaugende Homopteren wie Zikaden, Schild- und Schmierläuse spielen dabei als Überträger von Rebspäthogenen eine wichtige Rolle (BOUDON-PADIEU und MAIXNER, 2008). So hat sich z. B. die Schwarzholzkrankheit, eine Phytoplasmose, zunächst in den Steillagengebieten an Mosel und Mittelrhein etabliert, bevor sie sich im letzten Jahrzehnt über nahezu alle deutschen Weinbaugebiete ausbreitete.

### **Untersuchungen zu Wechselwirkungen von Steillagenbewirtschaftung und biologischer Vielfalt**

Trotz der über die Erzeugung hochwertiger Weine hinausgehenden landeskulturellen Bedeutung der Steillagen und ihrem Stellenwert auch für den Naturschutz liegen bislang wenige Informationen zum Einfluss unterschiedlicher Bewirtschaftungsparameter auf die Biodiversität in den Steillagenbiozöten vor. Im Rahmen eines von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung geförderten Forschungsprojekts sollen solche Daten erarbeitet werden. In diesem Zusammenhang soll die intravarietale Biodiversität der Rebsorte Riesling in den einzigartigen Altbeständen der

Weinbausteillagen erfasst, gesichert und dem Weinbau für die weitere nachhaltige Nutzung zur Verfügung gestellt werden. Ebenso werden der Einfluss und die Bedeutung der weinbaulichen Nutzung für die assoziierte Biodiversität der Weinbausteillagen untersucht und mögliche Auswirkungen ökonomisch notwendiger Änderungen der Anbaubedingungen auf die biologische Vielfalt analysiert. Wie oben erwähnt, stellen Weinbausteillagen aufgrund ihrer besonderen klimatischen und strukturellen Bedingungen sehr geeignete Areale dar, um Auswirkungen der Veränderungen der Umweltbedingungen wie z. B. des Klimas auf die genutzte wie die assoziierte Biodiversität zu untersuchen. Im Rahmen dieses Projekts sollen daher Indikatorarten für längerfristige Monitoringvorhaben identifiziert werden.

Die Untersuchungen im Rahmen des o. g. Projektes sind in drei Arbeitsfelder gegliedert:

- (1) Untersuchung und Sicherung der intravarietalen Diversität der Rebsorte Riesling
- (2) Untersuchung der Wechselwirkungen zwischen weinbaulicher Bewirtschaftung und der biologischen Vielfalt in Weinbau-Steillagen
- (3) Einfluss von Habitatmanagementmaßnahmen zur Senkung des Infektionsdrucks von Rebspathogenen auf die biologische Vielfalt in Weinbergsbrachen

### **Sicherung der intravarietalen Diversität der Rebsorte Riesling**

Mit der Umstellung des Weinbaus auf Propfbrebanbau als Antwort auf die Reblauskalamitäten und der Einführung einer systematischen Klonenselektion, schwerpunktmäßig in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts, verminderte sich die intravarietale Diversität der Rebsorten (ZIPSE und KLIPPEL, 2004). So wurde z. B. seit 1965 an der Mosel für die Bestockung von Rieslingflächen fast ausschließlich Pflanzmaterial von zehn leistungsfähigen Klonen verwendet (KONRAD *et al.*, 2009). Mit der Einengung der genetischen Variabilität steigt jedoch das Risiko, dass sich der Weinbau mit dem verfügbaren Rebmateriale nicht mehr ausreichend an sich ändernde Anbaubedingungen (z. B. Klimawandel) anpassen kann, denn die gängigen Klone zeigen eine gegenüber Reben alter Herkünfte eingeschränkte Bandbreite z. B. in Bezug auf weinbauliche Kenngrößen wie Traubenertrag und Mostgewicht (KONRAD *et al.*, 2012). Der überwiegende Teil der noch existierenden vor 1965 gepflanzten Weinberge steht in den Steilhängen des Moseltals, wo diese Rebflächen im Rahmen der Projektarbeiten zunächst identifiziert und anschließend gesichtet werden sollen. Auf geeigneten Parzellen werden die einzelnen Reben anhand weinbaulich relevanter Merkmale bewertet und von potentiell geeigneten Akzessionen wird Vermehrungsmaterial entnommen (KONRAD *et al.*, 2012). Nach erfolgreich durchlaufenen Virustests werden Pfropfbreben erzeugt und auf einem Prüffeld im Freiland ausgepflanzt, um ihre phänotypischen und weinbaulichen Eigenschaften zu evaluieren. Geeignetes Rebmateriale wird weiter vermehrt und nach Abschluss der Selektions- und Evaluationsarbeiten der weinbaulichen Praxis für den Anbau zur Verfügung gestellt werden. Diese Arbeiten sind ein Beitrag zum Erhalt der intravarietalen Vielfalt der Rebsorte Riesling und somit der nachhaltigen Sicherung der Anbaueignung dieser für die nördlichen Weinbaugebiete typischen Leit-Rebsorte.

### **Einfluss der weinbaulichen Bewirtschaftung auf die Biodiversität ausgewählter Gruppen**

Durch taxonbezogene Studien wird der Einfluss sowohl bewirtschaftungs- als auch topologiebedingter Strukturen auf die Biodiversität der Flora und ausgewählter Gruppen der Fauna der Weinbausteillagen untersucht. Ziel ist es dabei, die besonderen Verhältnisse der Weinbausteillagen zu beschreiben. Andererseits soll untersucht werden, wie im Zuge der fortschreitenden Anpassungen des Steillagenweinbaus an die ökonomischen Rahmenbedingungen, z. B. einer weiteren Mechanisierung, dem Erhalt und der Förderung der kulturtypischen und steillagenspezifischen Biodiversität Rechnung getragen werden kann.

In Steillagenarealen werden Flächen mit unterschiedlicher Nutzungsstruktur (Weinberge, Weinbergsbrachen, Sukzessionsflächen, Habitatmanagementflächen, Saumareale) und Bewirtschaftungsintensität untersucht und miteinander verglichen.

Die Gefäßpflanzen stehen als Produzenten an der Basis der Nahrungskette, und zahlreiche spezialisierte Herbivoren sind auch direkt von bestimmten Arten abhängig. Die ursprüngliche weinbergstypische, durch Frühjahrs-Geophyten charakterisierte Weinbergsflora ist im Zuge der modernen Bodenpflege durch sekundäre Pflanzengesellschaften ersetzt worden, die abhängig von den Bewirtschaftungs- und Umweltbedingungen variieren (WILMANN, 1993) Für die xerothermen Weinbergssteillagen sind offene Böden mit spärlicher Vegetation und für die unbewirtschafteten Areale Trocken- und Magerrasen typisch (HILBIG, 2008). Neben den Standortbedingungen beeinflussen auch Art und Intensität der Herbizidanwendung sowie der Bodenpflege- und Bewirtschaftungsmaßnahmen die Diversität und Dominanzstruktur der Flora. Für die aktuelle Studie ist auch der Einfluss der Böschungsbegrünung von Fahrterrassen und der Habitatmanagementmaßnahmen auf Weinbergsbrachen auf die Flora von Interesse. Vegetationsaufnahmen bilden daher die Grundlage für alle weiteren Untersuchungen.

Als weitere Modellorganismengruppen wurden Tagfalter und Widderchen sowie akuleate Hymenopteren (stachelbewehrte Hautflügler) ausgewählt, da diese Gruppen viele Arten enthalten, die eng mit bestimmten Pflanzenarten assoziiert sind oder mit diesen interagieren. Weiterhin erlaubt der gute Kenntnisstand ihrer Ökologie und Taxonomie, sie als Indikatorgruppen einzusetzen. Tagfalter und Widderchen sind als eine geeignete ökologische Indikatorgruppe voll etabliert (RÁKOSY und SCHMITT, 2011) Viele Arten sind in der Larvalphase abhängig von speziellen Pflanzenarten und spielen als Imagos eine wichtige Rolle als Bestäuber. In Weinbergsarealen der Mosel ist diese Gruppe ausreichend divers, um den Einfluss der Nutzungsstrukturen und der Bewirtschaftungsintensität zu analysieren (SCHMITT *et al.*, 2009) Wildbienen und Grabwespen zeichnen sich durch eine große Zahl hoch spezialisierter Arten aus (WESTRICH, 1989). Viele sind eng an einzelne Pflanzenarten gebunden. Darüber hinaus stellen sie teilweise äußerst präzise Anforderungen an ihre Niststellen, wodurch sie als Indikatororganismen für spezifische Strukturmerkmalen der Weinbergsareale (Trockenmauern, Felsbereiche, Hangböschungen etc.) eine besondere Eignung besitzen.

### **Habitatmanagementmaßnahmen**

Gegenüber der vollmechanisierten Bewirtschaftung von Direktzuglagen ist die Kultivierung der Steillagen wesentlich arbeits- und damit kostenintensiver. Die damit einhergehende Aufgabe der Bewirtschaftung einzelner Rebparzellen aufgrund ökonomischer Zwänge bedingt eine zunehmende Durchsetzung bislang zusammenhängender Steillagenreblächen mit verwilderten Weinbergen (Drieschen) und Weinbergsbrachen in unterschiedlichen Sukzessionsstadien. Abgesehen von der Beeinträchtigung des Landschaftsbildes erwachsen daraus auch phytopathologische Risiken für den Weinbau. Jüngere Weinbergsbrachen und unbewirtschaftete Randstrukturen stellen für das Pathosystem der Schwarzholzkrankheit wichtige Reservoirflächen dar, in denen die wichtigsten Wirtspflanzen sowohl des Pathogens als auch des Vektors, die Ackerwinde *Convolvulus arvensis* und die Große Brennnessel *Urtica dioica*, auf den schütter bewachsenen Flächen verbreitet auftreten. Der einzig bekannte Vektor der Schwarzholzkrankheit ist die Glasflügelzikade *Hyalesthes obsoletus* (MAIXNER, 1994) Diese wärmeliebende Zikade wanderte in den letzten Jahrzehnten aus Südeuropa nach Deutschland ein (JOHANNESSEN *et al.*, 2008) und war zunächst nur in Weinbausteillagen verbreitet. Auf den Weinbergsbrachen der Steillagen findet sie nicht nur besonders günstige mikroklimatische Bedingungen, sondern auch verbreitete Vorkommen ihrer Wirtspflanzen. Bereits die im Boden lebenden Larven der Zikade nehmen die Phytoplasmen von den Wurzeln infizierter Wirtspflanzen auf (KAUL *et al.*, 2009), sodass das Pathogen später durch die adulten Vektoren auf die Reben angrenzender Weinberge übertragen werden kann (BRESSAN *et al.*, 2007) Eine direkte Bekämpfung des Vektors z.B. durch Insektizide ist aufgrund der Lebensweise der Zikade und ihrer Verbreitung auf unbewirtschafteten Flächen nicht möglich (MAIXNER, 2007) Dagegen haben sich

Habitatmanagementmaßnahmen, welche das Ziel verfolgen, die Wirts- und Reservoirpflanzen von Vektor und Pathogen zurückzudrängen und die mikroklimatischen Bedingungen zu Ungunsten des Vektors zu beeinflussen, als sehr viel aussichtsreichere Strategie erwiesen. In diesem Zusammenhang stellt die einmalige Einsaat der Problemflächen mit standortangepassten Wildkräutern, die dichte Bestände bilden und sich selbst weiter vermehren, einen praxistauglichen Ansatz dar. Im Rahmen des Projektes wird einerseits die Effizienz dieser Maßnahmen in Hinblick auf die Senkung des Infektionsdrucks der Schwarzholzkrankheit überprüft. Zum anderen wird aber auch untersucht, wie sich die Anlage solcher Wildkräuterbestände auf die biologische Vielfalt der oben aufgeführten Gruppen auf den behandelten Flächen und in den angrenzenden Weinbergen auswirkt.

## Literatur

- BOUDON-PADIEU, E. und M. MAIXNER, 2008: Potential effects of climate change on distribution and activity of insect vectors of grapevine pathogens. Actes du Colloque International "Réchauffement climatique, quels impacts probables sur les vignobles ?", Dijon, Frankreich, 28.-30. März 2007, 1-8.  
[http://www.prodirna.inra.fr/prodirna/pinra/data/2008/06/PROD2008d0be8eb\\_20080625041803219.pdf](http://www.prodirna.inra.fr/prodirna/pinra/data/2008/06/PROD2008d0be8eb_20080625041803219.pdf)
- BRESSAN, A., R. TURATA, M. MAIXNER, S. SPIAZZI, E. BOUDON-PADIEU und V. GIROLAMI, 2007: Vector activity of *Hyaalsthes obsoletus* living on nettles and transmitting a stolbur phytoplasma to grapevines: a case study. *Annals of applied biology* **150**, 331-339.
- BRUGGESSER, O. T., M. H. SCHMIDT-ENTLING, und S. S. BACHER, 2010: Effects of vineyard management on biodiversity at three trophic levels. *Biological Conservation* **143** (6), 1521-1528.
- HILBIG, W., 2008: Vergleichende Vegetationsuntersuchungen von konventionell und ökologisch bewirtschafteten Weinbergen in Unterfranken. Braunschweiger Geobotanische Arbeiten **9**, 223-236.
- JOHANNESSEN, J., B. LUX, K. MICHEL, A. SEITZ und M. MAIXNER, 2008: Invasion biology and host specificity of the grapevine yellows disease vector *Hyaalsthes obsoletus* in Europe. *Entomologia Experimentalis et Applicata* **126**, 217-227.
- KAUL, C., A. SEITZ, M. MAIXNER und J. JOHANNESSEN, 2009: Infection by Bois Noir tuf-type-I stolbur phytoplasma in *Hyaalsthes obsoletus* (Homoptera: Cixiidae) and influence on larval size. *Journal of Applied Entomology* **133** (8), 596-601.
- KONRAD, H., E. RÜHL, T. WEIHL und M. PORTEN, 2012: Erhaltungszüchtung bei traditionellen Rebsorten. 21. International Geisenheim Conference on Grapevine Propagation, Geisenheim Campus, Germany, July 21-23, 2011. *Geisenheimer Berichte* **70**, 323-340.
- KONRAD, H., J. SCHMID, B. LINDNER, S. PRÜM, E. RÜHL, T. WEIHL und M. PORTEN, 2009: How to maintain genetic diversity of traditional German varieties. IX International Conference on Grape Genetics and Breeding, Udine, Italy, July 2-6, 2006. *Acta Horticulturae* **827**, 199-202
- MAIXNER, M., 1994: Transmission of German grapevine yellows (Vergilbungskrankheit) by the planthopper *Hyaalsthes obsoletus* (Auchenorrhyncha: Cixiidae). *Vitis* **33**, 103-104.
- RÁKOSY, L. und T. SCHMITT, 2011: Are butterflies and moths suitable ecological indicator systems for restoration measures of semi-natural calcareous grassland habitats? *Ecological Indicators* **11** (5), 1040-1045.
- SCHMITT, T., B. AUGENSTEIN, und A. A. FINGER, 2009: The influence of changes in viticulture management on the butterfly (Lepidoptera) diversity in a wine growing region of southwestern Germany. *European Journal of Entomology* **105**, 249-255.
- WALCH, H. (1991): Faunistisch-ökologische Untersuchungen in flurbereinigten Weinbergen im mittleren Neckarraum. Dissertation, Universität Hohenheim, 235 S.
- WESTRICH, P., 1989: Die Wildbienen Baden-Württembergs. E. Ulmer, Stuttgart. 2 Bände, 972 S.
- WILMANN, O., 1993: Plant strategy types and vegetation development reflecting different forms of vineyard management. *Journal of Vegetation Science* **4**, 235-240.
- ZIPSE, W. und A. KLIPPEL, 2004: Riesling S-Klone, genetische Variation und Unterlagen—Die *Winzer-Zeitschrift* **19** (11), 28-31.

## Invasive Pflanzen als Gefahr für die biologische Vielfalt

*Invasive alien plants as a threat for the biological diversity*

Uwe Starfinger\* & Gritta Schrader

Julius Kühn-Institut, Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit,  
Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig

\*Korrespondierender Autor, uwe.starfinger@jki.bund.de, +49(0)531 2993380

DOI: 10.5073/jka.2012.436.009

### Zusammenfassung

Biologische Invasionen gelten weltweit als eine der wesentlichen Gefährdungsursachen für die biologische Vielfalt. Sie werden auch in Europa verstärkt als Problem wahrgenommen, so dass hier die Vorsorge stärker entwickelt werden soll. National und international sind sowohl der Umwelt- als auch der Landwirtschaftssektor betroffen. Gerade invasive Pflanzenarten zeigen dies, da sie Regelungsbereiche des Naturschutzes (Biodiversitätskonvention, BNatSchG), als auch der Landwirtschaft (Internationales Pflanzenschutzübereinkommen) betreffen. Eine besondere Rolle bei der Minderung der Gefahren kommt der Prävention zu, also z.B. der Verhinderung der Einschleppung neuer invasiver Arten oder der Vermeidung der Verwendung bestimmter Arten in Risikosituationen. Für die Umsetzung von Prävention spielen internationale und nationale rechtliche Regelungen, freiwillige Selbstbeschränkungen und die Öffentlichkeitsarbeit über die Risiken eine Rolle. Ein Kernpunkt ist die Unterscheidung von sicheren und risikoreichen Aktivitäten im Handel und bei der Verwendung von Pflanzenarten, dafür ist das Instrument der phytosanitären Risikoanalyse stetig weiterentwickelt worden.

**Stichwörter:** Invasive gebietsfremde Arten, Risikoanalyse, IPPC, CBD, biologische Vielfalt, biologische Invasionen

### Abstract

Biological invasions are recognised as one of the biggest threats for biological diversity world wide. Also in Europe the awareness of this threat is recently increasing. Invasive plants in particular call for the reaction of both the environmental sector (nature conservation acts, CBD) and the agricultural (i.e. plant health, IPPC) sector. Most important is the prevention of new invasions triggered by human activities. This is the aim of legal measures, public awareness campaigns and the formulation and application of voluntary codes of conduct, e.g. in the gardening industry. The key instrument to decide which species should be targeted by policies against invasive species is the phytosanitary risk assessment (PRA) that is constantly being developed further, e.g. by the European Plant Protection Organisation (EPPO).

**Keywords:** invasive alien species, risk assessment, IPPC, CBD, biological diversity, biological invasions

### Einleitung

Unter den wissenschaftlichen Arbeiten des Julius Kühn-Instituts zum Themenkomplex Biologische Vielfalt gibt es neben einem Fokus auf bestimmte Elemente der Biodiversität (z.B. Artengruppen) und ihre Lebensbedingungen auch Arbeiten zu bestimmten Bedrohungsfaktoren. Hierher gehören die Arbeiten am Institut für Pflanzengesundheit zu den Gefahren der Ein- und Verschleppung von Schadorganismen von Pflanzen. Diese Organismen können neben wirtschaftlichen Schäden auch, bei einigen sogar in erster Linie, ökologische Schäden auslösen und damit die Biodiversität bedrohen. Das Thema invasive Arten betrifft deshalb neben dem Umwelt- und Naturschutzsektor in erheblichem Maße den Bereich Pflanzengesundheit/Pflanzenquarantäne und den Landwirtschaftssektor. Dies trifft in besonderer Weise auf invasive Pflanzen zu, wie hier erläutert wird.

### Das Problem

Die biologische Vielfalt der Welt hat sich nur deshalb so reich entwickeln können, weil Ausbreitungsbarrieren wie Meere, Wüsten und Gebirge Tier- und Pflanzenarten daran hindern, sich weltweit auszubreiten. Seit Jahrtausenden greift der Mensch jedoch in die so entstandene biogeografische Ordnung ein, indem er Organismen beabsichtigt oder unbeabsichtigt in neue Gebiete bringt. Die so entstehenden „biologischen Invasionen“ werden seit Mitte des 20. Jahrhunderts intensiv erforscht, so dass inzwischen die Invasionsbiologie als Forschungsdisziplin innerhalb der Ökologie etabliert ist (KOWARIK, 2010). Neben vielen erwünschten Auswirkungen bei der Nutzung der neuen Arten für Land- und Forstwirtschaft, als Zierpflanzen, Haustiere usw. können durch sie auch negative Effekte

entstehen. Einige der eingeschleppten Organismen können sich im neuen Gebiet einbürgern und ausbreiten und dabei die einheimische biologische Vielfalt durch Konkurrenz, Prädation, Einschleppung von Krankheitserregern oder Veränderung der Lebensbedingungen beeinträchtigen. Solche Arten werden international „invasive alien species (IAS)“ genannt. Neben diesen ökologischen Schäden entstehen auch erhebliche negative ökonomische Auswirkungen und einige der neuen Arten schädigen die menschliche Gesundheit. Lange wurden die negativen Auswirkungen vor allem in den Tropen, hier besonders auf Inseln, und allgemein stärker in anderen Kontinenten wahrgenommen. In jüngerer Zeit werden die Ausmaße des Problems auch in Europa immer deutlicher. So wurde kürzlich geschätzt, dass invasive Arten in Europa jährlich Schäden von mindestens 12,5 Mrd. € verursachen (KETTUNEN *et al.*, 2008). Auch über die Zahlen gebietsfremder und invasiver Arten in Europa gibt es seit Kurzem bessere Daten. Im EU Forschungsprojekt DAISIE (Delivering Alien Invasive Species Inventories for Europe) wurden ca. 11.000 gebietsfremde Arten in Europa gelistet, von denen 1094 ökologische und 1347 ökonomische Schäden verursachen (VILÁ *et al.*, 2010). Unter den gebietsfremden Arten sind mehr als die Hälfte Pflanzen (DAISIE, o. J.).

Obwohl es Einfuhr und Einschleppung gebietsfremder Arten seit Jahrtausenden gibt, sind biologische Invasionen kein Problem der Vergangenheit, sondern nehmen eher an Bedeutung zu. In Europa hat die Zahl der gebietsfremden Arten von 1970 bis 2007 um 76 % zugenommen (BUTCHART *et al.*, 2010). Besonders bei Pflanzen zeigt sich ein starker anhaltender Trend der Zunahme an neuen Arten über das letzte Jahrhundert (HULME *et al.*, 2009).

### **Gegensteuerungsmöglichkeiten**

Die von invasiven Arten ausgehenden Gefahren sind seit Langem bekannt. Dies hat zur Formulierung zahlreicher nationaler und internationaler Regelungen und Standards geführt. Mehrere internationale Übereinkommen gehen explizit auf diese Gefahren ein und beinhalten Regelungen oder Hinweise zur Begrenzung der Gefahren, insbesondere die Biodiversitätskonvention und das Internationale Pflanzenschutzübereinkommen.

Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt („Biodiversitätskonvention“; CBD 1991) enthält im Abschnitt 8h die Verpflichtung für die Mitgliedsstaaten, die Einfuhr gebietsfremder Arten, welche Ökosysteme, Lebensräume oder andere Arten gefährden, zu verhindern bzw. sie zu kontrollieren oder auszurotten. Das Thema IAS war auf den im zweijährigen Turnus stattfindenden Vertragsstaatenkonferenzen wiederholt Schwerpunktthema. So wurden 2002 die Leitprinzipien verabschiedet, in denen u. a. der dreistufige hierarchische Ansatz enthalten ist, der darauf hinweist, dass Prävention von Invasionen vor Früherkennung und rechtzeitiger Ausrottung und diese vor langjähriger Bekämpfung stehen sollte (CBD, 2002). Dieser Regelung im Naturschutz- bzw. Umweltsektor entspricht auch die Handhabung des Themas im neuen Bundesnaturschutzgesetz (BNATSCHG, 2009), in dem die Genehmigung der Freisetzung, aber auch Maßnahmen zur Beseitigung gebietsfremder Arten geregelt werden. In diesem Rahmen werden zurzeit für Deutschland Schwarze Listen invasiver Arten erarbeitet (NEHRING *et al.*, 2010).

Daneben besteht eine lange Tradition der Verhinderung von Ein- und Verschleppung unerwünschter Arten im Pflanzengesundheitssektor (SCHRADER *et al.*, 2010). Das IPPC hat das Ziel, Pflanzen vor Schadorganismen zu schützen, indem es den Vertragsstaaten Standards zu Einfuhrvorschriften und Quarantänebestimmungen zur Verfügung stellt. Während im Bereich der CBD neue Rahmenbedingungen geschaffen wurden (s.o.), wurde im Jahr 2000 in diversen Standards sowie Statements der IPPC-Mitgliedstaatenkonferenz klargestellt, dass die IPPC basierten Maßnahmen gegen Schadorganismen invasive Arten einschließen, soweit diese direkt oder indirekt Pflanzen schädigen. Dies schließt invasive Pflanzen ein. Weltweit sind daher IPPC basierte Regelungen gegen invasive Pflanzen lange Tradition, während in der EU mit der zuständigen Pflanzenschutzrichtlinie 2000/29 EG bisher keine invasive Pflanzenart mit Einfuhrverboten belegt ist. Dies wird jedoch im Zuge der Überarbeitung des EU Pflanzengesundheitssystems als eine mögliche Option für die Zukunft diskutiert (FCEC 2010).

Die weitgehende Übereinstimmung der Ziele von CBD und IPPC im Bezug auf die Verhinderung der Ein- und Verschleppung von Schadorganismen wurde mehrfach festgestellt und in einem „Memorandum of Co-operation“ zwischen beiden Organisationen beschrieben. Die Anwendung pflanzengesundheitlicher Regelungen auf eine breitere Zielgruppe von invasiven Arten, als dies bislang in Europa Praxis ist, hätte unter anderem den Vorteil, dass auch die Welthandelsorganisation (WTO) Handelsbeschränkungen als Mittel zur Verminderung von pflanzengesundheitlichen Risiken anerkennt (SPS AGREEMENT 1994). Dazu muss allerdings die Gefahr für die Pflanzengesundheit durch phytosanitäre Risikoanalyse (PRA) klar belegt

sein, d. h. Maßnahmen müssen technisch gerechtfertigt sein. Für die Durchführung von PRAs gibt es IPPC-Standards (IPPC 2004) und seit langem Arbeiten der EPPO. In jüngerer Zeit hat das EU FP7 Projekt „PRATIQUE“ zur Konsolidierung und Weiterentwicklung von PRA-Methoden beigetragen und dabei auch auf die generelle Anwendbarkeit des Verfahrens für alle Typen von Schadorganismen, insbesondere auch für invasive Pflanzen, gezielt (STEFFEN *et al.*, 2012). Die EPPO hat seit 2002 ein umfangreiches Arbeitsprogramm zu invasiven Pflanzen (SCHRADER, 2004). Darin wurden unter Mitwirkung des JKI Instituts für Pflanzengesundheit in den letzten Jahren insgesamt für 10 Pflanzenarten Risikoanalysen durchgeführt und als Ergebnis eine Regelung als Quarantäneschadorganismus vorgeschlagen (*Crassula helmsii*, *Eichhornia crassipes*, *Heracleum persicum*, *Heracleum sosnowskyi*, *Hydrocotyle ranunculoides*, *Ludwigia peltoides* & *L. grandiflora*, *Polygonum perfoliatum*, *Pueraria lobata*, *Solanum elaeagnifolium*).

Eine gesetzliche Regelung der absichtlichen oder unabsichtlichen Einfuhr neuer invasiver Arten erscheint den Gefahren durch neue Arten angemessen. Im Zusammenhang mit den Arbeiten des EU Generalkommissariats „Umwelt“ oder im Zuge der Revision des EU Pflanzengesundheitssystems sind für Europa Regelungen für invasive Arten zu erwarten. Um den Gefahren durch solche Arten zu begegnen, ist das Wissen über die Arten und die Anwendungsrisiken in einer breiten Öffentlichkeit und besonders bei den Anwendern potentiell gefährlicher Arten zu vermehren. Freiwillige Maßnahmen könnten im Verzicht auf Arten mit Invasionsrisiko und ihrem Ersatz durch weniger gefährliche Arten bestehen. Gerade im Bereich Gartenbau trägt die Verwendung immer neuer Pflanzen erheblich zum Risiko neuer biologischer Invasionen bei, so dass gerade hier der freiwillige Verzicht auf bestimmte Arten oder die beschränkte Anwendung in weniger risikoreicher Weise die Sicherheit erhöhen könnten. Hier gibt es national und international Beispiele für die Formulierung so genannter „Codes of Conduct“ (ZVG 2008; HEYWOOD und BRUNEL, 2009). Ein von der EPPO und dem Europarat organisierter Workshop zeigte weitere Initiativen auf und machte auf diese Möglichkeiten aufmerksam (EPPO, 2009).

### Ausblick

Biologische Invasionen und invasive gebietsfremde Pflanzen werden auch in Mitteleuropa in Zukunft weiter eine wesentliche ökologische und ökonomische Bedrohung darstellen. Dazu trägt die anhaltende Einfuhr bzw. Einschleppung neuer Arten ebenso bei wie die mögliche Entwicklung von invasivem Potential bei bereits eingeführten Arten. Gerade im Zuge des prognostizierten Klimawandels ist mit verändertem Invasionspotential von Pflanzenarten zu rechnen. Deshalb werden sowohl wissenschaftliche Arbeiten zu den Gefahren der Einschleppung, Etablierung und Ausbreitung als auch Informationen von Fachbehörden und der Öffentlichkeit zu Risiken und zu möglichen Maßnahmen weiter notwendig bleiben bzw. intensiviert werden müssen. Unabhängig von der Ausgestaltung neuer - nationaler und internationaler - gesetzlicher Regelungen wird dafür ein interdisziplinärer Ansatz benötigt.

### Literatur

- BRUNEL, S., E. BRANQUART, G. FRIED, J. VAN VALKENBURG, G. BRUNDU, U. STARFINGER, S. BUHOLZER, A. ULUDAG, M. JOSEFSSON, and R. BAKER, 2010: The EPPO prioritization process for invasive alien plants. EPPO Bulletin **40**, 407-422.
- BUTCHART, S. H. M. *et al.*, 2010: Global biodiversity: indicators of recent declines. *Science* **328**, 1164–1168.
- CBD (2002) COP 6 Decision VI/23: Alien species that threaten ecosystems, habitats or species. <http://www.cbd.int/decision/cop/?id=7197>
- FCEC (2010) Evaluation of the Community Plant Health Regime. European Commission Directorate General for Health and Consumers. 386 p. [http://ec.europa.eu/food/plant/strategy/docs/final\\_report\\_eval\\_en.pdf](http://ec.europa.eu/food/plant/strategy/docs/final_report_eval_en.pdf)
- HEYWOOD, V. and S. BRUNEL, 2009: Code of conduct on Horticulture and Invasive Alien Plants. Convention on the Conservation of European Wildlife and Natural Habitats (Bern Convention). Nature and environment, No. 155. Council of Europe Publishing. 74 p. [http://www.coe.int/t/dg4/cultureheritage/nature/Bern/IAS/Publication\\_Code\\_en.pdf](http://www.coe.int/t/dg4/cultureheritage/nature/Bern/IAS/Publication_Code_en.pdf)
- HULME, P., PYSEK, P., NENTWIG, W. & VILA M. 2009: Will threat of biological invasions unite the European Union? – *Science* **324**, 40–41
- IPPC (2004) ISPM No. 11 Pest Risk Analysis for Quarantine Pests Including Analysis of Environmental Risks and Living Modified Organisms. <https://www.ippc.int/id/13399>
- KOWARIK, I., 2010: Biologische Invasionen. Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa. [Mit Beiträgen von Wolfgang Rabitsch]. 2. Aufl., Ulmer, Stuttgart.
- NEHRING, S., F. ESSL, F. KLINGENSTEIN, C. NOWACK, O. STÖHR, und W. RABITSCH, 2010: Kriteriensystem für eine Schwarze Liste invasiver Arten. BfN-Skripten **285**, 7-52.
- SCHRADER, G., 2004: A New Working Programme on Invasive Alien Species Started by a Multinational European Organisation Dedicated to Protecting Plants. *Weed Technology* **18**, 1342–1348.
- SCHRADER, G., J.-G. UNGER, and U. STARFINGER, 2010: Invasive alien plants in plant health: a review of the past ten years. EPPO Bulletin **40** (2), 239–247.
- SPS-AGREEMENT (1994) Agreement on the Application of Sanitary and Phytosanitary Measures, World Trade Organisation, Geneva
- STEFFEN, K., G. SCHRADER, U. STARFINGER, S. BRUNEL, and A. SISSON, 2012: Pest risk analysis and invasive alien plants: progress through PRATIQUE. EPPO Bulletin **42**, 28-34.
- VILA, M., C. BASNOU, P. PYSEK, M. JOSEFSSON, P. GENOVESI, S. GOLLASCH, W. NENTWIG, 2010: How well do we understand the impacts of alien species on ecosystem services? A pan-European, cross-taxa assessment. *Frontiers in Ecology and the Environment* **8**, no. 3, 135-144.
- ZENTRALVERBAND GARTENBAU E.V. (ZVG) (2008): Umgang mit invasiven Arten. Empfehlungen für Gärtner, Planer und Verwender. in Zusammenarbeit und Abstimmung mit dem Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und Reaktorsicherheit (BMU) und dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) auf der Basis der Neophyten-Datenbank des BfN unter [www.neophyten.de](http://www.neophyten.de). <http://www.g-net.de/download/Empfehlung-Invasive-Arten.pdf>

# **Einfluss von Temperatur und Nutzung auf die floristische Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas**

*Effects of temperature and land use on the floristic species diversity in grain field areas of Europe*

Jörg Hoffmann<sup>1\*</sup>, Nils Hempelmann<sup>2</sup>, Michael Glemnitz<sup>3</sup>, László Radics<sup>4</sup>, Gyula Czimer<sup>5†</sup> & Udo Wittchen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Stahnsdorfer Damm 81, D-14532 Kleinmachnow

<sup>2</sup> Helmholtz-Zentrum Geesthacht Zentrum für Material- und Küstenforschung GmbH, Climate Service Center (CSC), Chilehaus, Fischertwiete 1, D-20095 Hamburg

<sup>3</sup> Leibniz-Centre for Landscape Research (ZALF), Eberswalder Straße 84, D-15374 Müncheberg

<sup>4</sup> Universität Budapest Budapest University of Economy and Public Administration, Faculty of Horticulture Science, Villányi út 29-35, H-1518 Budapest

<sup>5†</sup> West-Hungarian University, Dep. of Biological and Environmental Sciences, Mosonmagyaróvár

\* Korrespondierender Autor, joerg.hoffmann@jki.bund.de, +49(0)33203 48360

DOI: 10.5073/jka.2012.436.010

## **Zusammenfassung**

Die Segetalflora der Getreideanbaugebiete Europas bildet auf Grund der landwirtschaftlichen Kulturgeschichte sowie der Größe der Anbaufläche einen wichtigen Bestandteil der Biodiversität. Um den Einfluss der Klimabedingungen in Verbindung mit bestehenden Nutzungsformen auf die Artenvielfalt der Segetalflora in den Getreideanbaugebieten zu prüfen, wurden Modellrechnungen basierend auf mehrjährigen Felduntersuchungen und europaweiten Klimadaten durchgeführt. Die verwendeten Modelleingangsdaten basieren auf mehrjährigen Felduntersuchungen zur Artenvielfalt der Segetalflora in Getreideanbaugebieten mit 3,5 °C bis 16,4 °C Jahresmittel der Lufttemperaturen.

Die ermittelte räumliche Verteilung der Artenvielfalt zeigt europaweit große Unterschiede. Höchste Artenzahlen, die Hot-spots der Segetalflora, befinden sich in den mediterranen Getreideanbaugebieten mit bis über 410 Arten je berechneter Gitterbox von 25 km x 25 km. In ausschließlich intensiv, mit Herbizideinsatz bewirtschafteten Getreideanbaugebieten reduziert sich die floristische Artenvielfalt etwa um den Faktor 3 in den mediterranen und um 1,5 bis 2 in den gemäßigten bis kühlen Klimagebieten.

Für die Sicherung der Biodiversität in Ackerbaugebieten sind aus floristischer Sicht größere Flächenanteile mit extensiven Nutzungen ohne Einsatz von Herbiziden sowie selbstbegrünte, ein- bis zweijährige Ackerbrachen erforderlich. Dadurch könnte einer durch intensive Nutzungen starken Verarmung sowie Uniformierung der Artenvielfalt in den Ackerbaugebieten Europas entgegen gewirkt werden.

**Stichwörter:** Europa, Klima, Temperaturen, Segetalflora, Getreideanbau, Nutzungsintensitäten, räumliche Verteilung Artenvielfalt

## **Summary**

The weeds (segetalflora) in European grain-growing regions is due to the agricultural and cultural history and due to the size of the cultivated area an important component of biodiversity. Model calculations were performed to investigate the influence of climatic conditions in conjunction with different agricultural uses on the biodiversity of the segetalflora. As input data the model uses datasets on European climate and from field studies. These are based on several years of field studies on the biodiversity of segetalflora in grain-producing regions within a mean annual air temperature range from 3.5 °C to 16.4 °C.

The calculated spatial distribution of biodiversity in Europe shows great variation. The highest number of species, considered as hot-spots of segetalflora are located in the Mediterranean grain-growing regions with over 410 species for each calculated grid (25\*25km). In intensively used grain-growing regions with herbicide applications the floristic diversity is reduced by a factor of 3 in the Mediterranean and by 1.5 to 2 in temperate to cool climates.

From floristic point of view large extensively used fields without herbicide applications and self greened 1-2 year old fallow fields are necessary/suitable to protect the biodiversity in agricultural areas. The implementation of such structures could counteract impoverishment and uniformity of biodiversity in intensively used agricultural areas in Europe.

**Keywords:** Europe, climate, temperatures, weeds, segetalflora, grain field areas, land use intensity, spatial distribution of species diversity

## 1. Einleitung

In den EU27-Ländern werden gegenwärtig ca. 106,7 Mio. ha (25,3 % der Landflächen, 60 % der landwirtschaftlichen Flächen) ackerbaulich bewirtschaftet. In der über 10.000-jährigen Ackerbaugeschichte haben sich die Anbauggebiete aus dem zunächst mediterran-kontinentalen Florenraum auf nahezu alle Regionen Europas ausgebreitet. Diese lange Zeitdauer sowie der heute große Flächenumfang machen die europäischen Ackerbauggebiete zu etwas Besonderem, sie bilden neben ihren Produktionsfunktionen einen wichtigen Bestandteil der Kulturgeschichte und der Biodiversität (HOFFMANN, 2012). Getreideanbau und die mit diesen Nutzungen assoziierten Wildpflanzenarten und -gemeinschaften (Synonym: Segetalflora) sind gegenwärtig über nahezu ganz Europa verbreitet.

Um den Einfluss von Klimabedingungen (Jahresmittel der Lufttemperaturen) in Verbindung mit bestehenden Nutzungsformen im Getreideanbau auf die Artenvielfalt der Segetalflora zu prüfen, wurden in einem europäischen Klimatranssekt von Südeuropa (mediterrane Florenraum Süditalien) bis Nordeuropa (nordischer Florenraum Mittelfinnland) mehrjährige Felderhebungen auf Getreideanbauflächen durchgeführt. Die Untersuchungen erfolgten in acht Getreideanbauregionen jeweils in den Varianten „extensiver Getreideanbau ohne Herbizide“, „intensiver Getreideanbau mit Herbiziden“ und zeitweilige Nutzungsauffassung in Form „ein- bis zweijähriger, selbstbegrünter Brachen“ (HOFFMANN *et al.*, 2002; HOFFMANN *et al.*, 2002a; GLENNITZ *et al.*, 2003; RADICS *et al.*, 2004; RADICS *et al.*, 2004a; CZIMBER *et al.*, 2004). Differenziert nach Klima- und Bewirtschaftung erfolgten Analysen bezogen auf die im Klimatranssekt gefundenen 768 Segetalarten der Getreidekulturen (GLENNITZ *et al.*, 2004; HOFFMANN *et al.*, 2004; GLENNITZ *et al.*, 2006; GLENNITZ *et al.*, 2006a; HOFFMANN *et al.*, 2009; GLENNITZ *et al.*, 2010).

Die Zielstellung dieser Arbeit besteht darin, mit Hilfe ermittelter felddatenbasierter Regressionsgleichungen der durchgeführten Klimatranssektehebungen die Artenvielfalt der Segetalflora für Getreideanbauggebiete Europas zu modellieren. Die durch Klima und Nutzung entstandenen Effekte auf die floristische Artenvielfalt sollen dabei durch Berechnung der räumlichen Artendichten europaweit visualisiert und evaluiert werden.

## Material und Methoden

Die mit dem Klimaparameter Temperatur (Jahresmittel der Lufttemperatur) in Beziehung gestellte Artenvielfalt berücksichtigt alle 768 gefundenen Pflanzenarten im Bereich der nördlichsten Untersuchungsregion Vaasa (Mittelfinnland: 3,5 °C) und südlichsten Untersuchungsregion Lecce (Süditalien: 16,4 °C). Für diesen Temperaturbereich wurden Regressionsgleichungen, auf der Basis einer Klassifizierung der Arten nach geografisch-klimatischen Merkmalen (OBERDORFER, 1990; PIGNATTI, 1997) in Klimatypen (HOFFMANN, 2006, S. 43ff.) für die klima- und nutzungsabhängige Artenvielfalt unter Verwendung der Programmsoftware Excel und SAS ermittelt. Dabei wurde zwischen der Artenvielfalt der Segetalflora insgesamt ohne Nutzungsdifferenzierungen ( $\Sigma$ Nutzungsvarianten) und getrennt zwischen den Nutzungsvarianten „nur extensiv“, „nur intensiv“ und „nur selbstbegrünte Brache“ unterschieden (Tab. 1).

Erforderliche klimatische Temperaturwerte wurden unter Verwendung des Modells REMO (JACOB and PODZUN, 1997; JACOB *et al.*, 2001) mit ERA40 Reanalysedaten (UPPALA *et al.*, 2005) als globale Antriebsdaten ermittelt. Dieser Datensatz liegt für das ENSEMBES Projects (HEWITT, 2005; VAN DER LINDEN, 2008) vor.

Das Klimamodell wird hier verwendet, um einem Beobachtungsdatensatz entsprechende Reanalysedaten auf ein Gitter von 25 km Maschenweite zu übertragen. Unsicherheiten treten auf durch die Methode zur Ermittlung des Reanalysedatensatzes aus Beobachtungsdaten und durch die anschließende Modellierung mit einem Klimamodell. Die Temperaturwerte sind jeweils repräsentativ für eine Gitterbox.

Als zeitlicher Bezug für die Temperaturen wurden der 30-jährige Zeitraum von 1961 bis 1990 gewählt und die dafür erhaltenen klimatischen Jahresmitteltemperaturen in der räumlichen Auflösung einzelner Gradbogen in der Größe von 25 km x 25 km für die Landfläche Europas berechnet. Dabei wurden klimatische Jahresmitteltemperaturen für den gesamten Temperaturbereich, für die Modellierung der räumlichen Verteilungen der Artenvielfalt jedoch nur der Temperaturbereich von

2 °C bis 19 °C für einzelne Gradbogen berücksichtigt, da dieser im Wesentlichen auch den für die Betrachtungen relevanten temperaturabhängigen Getreideanbau Raum in Europa charakterisiert (vgl. HOFFMANN, 2012). Gebiete < 2 °C und > 19 °C blieben daher in den Berechnungen für die räumliche Verteilung der floristischen Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten und deren Darstellung unberücksichtigt.

**Tab. 1** Funktionen der Artenvielfalt der Segetalflora in Getreideanbaugebieten für Jahresmittel der Lufttemperatur (3,5 – 16,4 °C) Europas

**Tab. 1** *Functions of species diversity of the segetalflora (weeds) in grain field areas across Europe in relation to climate (temperature range 3,5 – 16,4 °C)*

Artenvielfalt Segetalflora	Funktion Artenvielfalt für Jahresmittel Lufttemperatur 3,5 °C – 16,4 °C	F
ΣNutzungsvarianten	$y = 96,652e^{0,0822x}$	<0,0001
nur intensiv	$y = 43,172e^{0,0703x}$	<0,0001
nur extensiv	$y = 65,658e^{0,0762x}$	<0,0001
nur Brache	$y = 83,802e^{0,0748x}$	<0,0001

Mit Hilfe einer C++ Applikation wurden unter Verwendung der Regressionsgleichungen aus Tab. 1 den klimatischen Temperaturen entsprechende Artenanzahlen in den Gitterboxen zugeordnet. Erhaltene Berechnungsergebnisse wurden in diesem Prozess in NetCDF-Dateien (mehrdimensionale Datensätze) abgelegt und anschließend zur Visualisierung GIS-basierte farbige thematische Karten zur räumlichen Verteilung der Artenvielfalt der Segetalflora Europas (einschließlich Nordafrika und Kleinasien) erstellt.

## Ergebnisse

Die ermittelte räumliche Verteilung der Segetalflora zeigt europaweit große Unterschiede der floristischen Artenvielfalt (Abb. 1). Höchste Artenzahlen, die Hot-spots der Artenvielfalt, sind in mediterranen Getreideanbaugebieten mit maximalen Artenzahlen je Gitterbox von etwa 410 (teilweise mehr) lokalisiert. Hohe Flächenanteile artenreicher Gebiete finden sich besonders in Spanien, Südfrankreich, Süditalien, den küstennahen Gebieten Griechenlands, in küstennahen westlichen Teilen der Türkei sowie in größeren Gebieten Nordafrikas, hier in Marokko und Algerien.

Von mediterranen (Mittelmeerraum) über gemäßigte (Mitteleuropa) bis hin zu kühlen, nordisch-borealen Klimabedingungen ist eine temperaturabhängig starke Verringerung der Artenvielfalt feststellbar. Deutlich klimabedingte (biogeografische) Unterschiede der Artendichten zeichnen sich bereits in den südlichen Ländern mit der Höhenzonierung der Temperaturen in Berglagen relativ kleinräumig ab. Sie treten jedoch vor allem großräumig in Richtung der Getreideanbaugrenzen, z. B. über Mitteleuropa hinaus Richtung Süd- und Mittelschweden, die baltischen Republiken, Russland und Finnland zunehmend in Erscheinung (vgl. Abb. 1). In den nördlichen Getreideanbaugebieten, z. B. in Mittelschweden Raum Uppsala und Mittelfinnland Raum Vaasa, erreichen die errechneten maximalen Zahlen der Artenvielfalt der Segetalflora je Gitterbox noch etwa 90 Arten.

Auf ausschließlich intensiv, mit Herbizideinsatz bewirtschafteten Getreideanbaugebieten reduziert sich das Maximum der Artenvielfalt im mediterranen Florenraum auf etwa 135 Arten je Gitterbox und weniger, d. h. etwa um den Faktor 3 gegenüber der komplexeren und höheren Nutzungsvielfalt einschließlich extensiver Nutzungen und junger selbstbegrünter Ackerbrachen. Von warm zu kühl sind ebenso deutlich geringere Artenzahlen bei intensiven Nutzungen feststellbar. Dies betrifft die regionalen temperaturabhängigen Höhenzonierungen sowie auch die großräumige Klimaausprägung bis hin nach Mittel- und Nordeuropa. Ausgeprägte Hot-spots der Artenvielfalt fehlen bei intensiver Bewirtschaftung in ganz Europa (vgl. Abb. 1 mit Abb. 2).

Die ermittelte räumliche Verteilung der Artenvielfalt zeigt bei intensiven Bewirtschaftungsbedingungen unter Verwendung von Herbiziden eine starke Senkung der

floristischen Artenvielfalt sowie Homogenisierung der räumliche Verteilungsmuster der Segetalflora. Das bedeutet, wenn extensive Nutzungen (ohne Einsatz von Herbiziden) und Flächen mit zeitweiliger Nutzungsauffassung in Form der selbstbegrünten ein- bis zweijährigen Ackerbrachen fehlen, dann geht die floristische Artenvielfalt der Getreideanbauggebiete großräumig stark zurück. Europaweit ist ein erheblicher Verlust an floristischer Artenvielfalt in den Getreideanbaugebieten erkennbar (Abb. 2). Die sonst artenreichen mediterranen Gebiete zeichnen sich unter diesen Bewirtschaftungsbedingungen in ihrer Artenvielfalt bei insgesamt niedrigem Niveau nur noch relativ gering von den nördlicheren Gebieten ab, die allerdings auch eine um den Faktor von etwa 1,5 bis 2 niedrigere Artenvielfalt unter diesen Anbaubedingungen aufweisen.

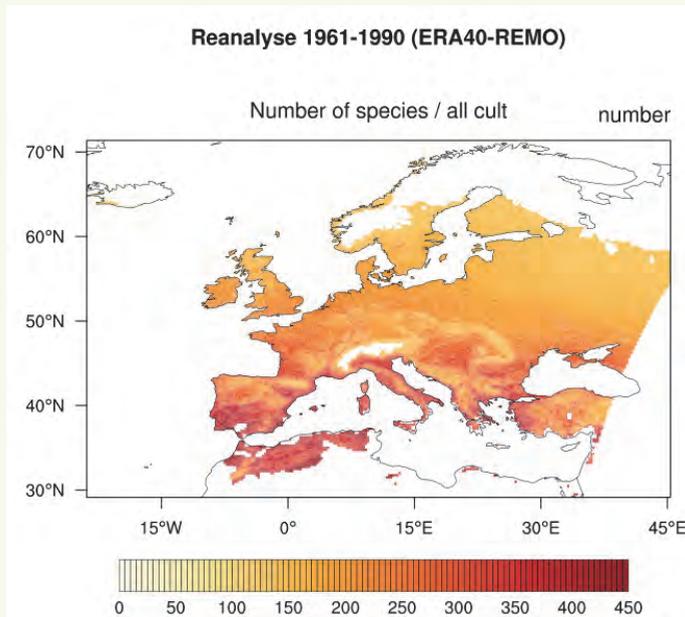
### Diskussion und Schlussfolgerungen

Ermittelte Artendichten der Segetalflora und deren räumliche Verteilung weisen auf hohe floristische Artenvielfalt mit wichtigen Biodiversitätsfunktionen in den Getreideanbaugebieten Europas hin. Hot-Spots der Artenvielfalt befinden sich in den mediterranen Klimazonen der biogeografischen Regionen Südeuropas, Nordafrikas und Kleinasiens. In den gemäßigten und kühlen Gebieten Europas ist die Artenvielfalt deutlich niedriger. Die verschiedenen Klimaregionen weisen jedoch deutliche Unterschiede in der floristischen Artenzusammensetzung auf. Neben nur relativ wenigen, weitgehend Klimaindifferenzen, z. B. *Cirsium arvense* und *Polygonum aviculare*, deren Verbreitung vom mediterranen bis in den nordischen Florenraum reicht, zeigen die Mehrzahl der Segetalarten eine durch Klimafaktoren gesteuerte Verbreitung, die durch die Art der Bewirtschaftung der Flächen stark überlagert wird (GLEMNITZ *et al.*, 2004; GLEMNITZ *et al.*, 2006; GLEMNITZ *et al.*, 2006a und HOFFMANN, 2012).

Die Untersuchungsergebnisse belegen für den gesamten biogeografischen Raum, dass für den Erhalt der floristischen Artenvielfalt in den Getreideanbaugebieten traditionelle extensive und/oder ökologische Flächennutzungen in Verbindung mit ein- bis zweijährigen, selbstbegrünten Ackerbrachen notwendig sind und ausschließlich intensive Nutzungen zu starken Verlusten der Biodiversität führen. Dabei wird über die Darstellung der Artenzahlen noch nicht das Ausmaß des lokalen Artenverlustes auf einzelnen intensiv bewirtschafteten Ackerschlägen und intensiv wirtschaftenden Betrieben deutlich. Ein großer Teil der Arten ließ sich hier nur in der Summe vieler intensiv bewirtschafteter Schläge und dort oft auch nur an Fehlstellen der Kulturpflanzenbestände sowie in schmalen Ackerrandlagen mit geringer Individuenzahl beobachten (GLEMNITZ *et al.*, 2003). D. h., die floristische Artenvielfalt vieler der intensiv bewirtschafteten Gebiete kann heute nur als ein Relikt früherer Nutzungen verstanden werden und zeigt durch Teile der bestehenden floristischen Artenvielfalt diesen temporären Zustand noch an.

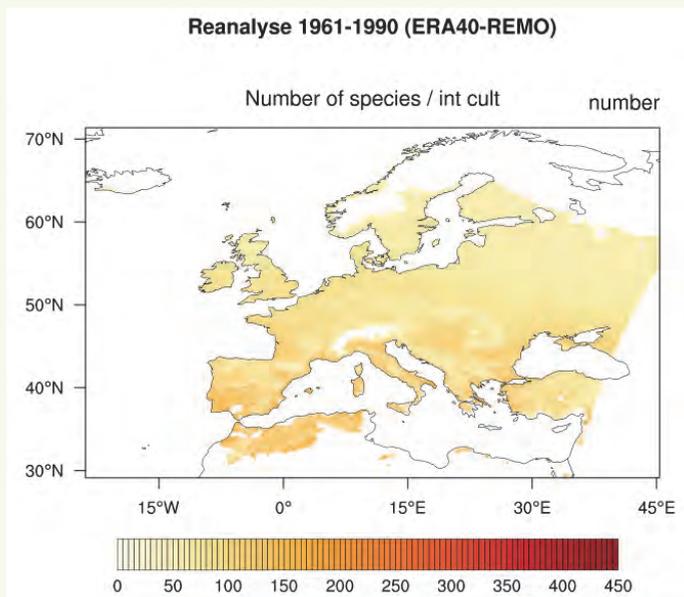
Für den Erhalt der floristischen Artenvielfalt unter den intensiven Nutzungsbedingungen könnten integrative Maßnahmen in Betracht kommen, wie z. B. die Etablierung von Ackerrandstreifen sowie gemanagte Naturschutzbrachen (vgl. BERGER und PFEFFER, 2011) in Teilflächen der Schläge mit Intensivkulturen. Der hohe Anteil gefährdeter Arten der Segetalflora in der Roten Liste der Gefäßpflanzenarten Deutschlands (MEYER *et al.*, 2010) verweist auf den Bedarf für erforderliche Erhaltungs- und Schutzmaßnahmen der Segetalflora. Schutzäcker (MEYER *et al.*, 2008) und Wildflorenereservate sind hierfür wichtige, bisher jedoch nur punktuelle Erhaltungsansätze.

Werden floristisch artenreiche Nutzungen nicht in einem hinreichenden Flächenumfang in regionale sowie europäische Maßnahmen der Biodiversitätserhaltung integriert, verliert Europa große Teile seiner kulturhistorisch über lange Zeit „gewachsenen“ floristischen Artenvielfalt der Ackerbauggebiete. Die heute bestehenden Flächenrelationen zwischen intensiv genutzten und extensiv genutzten sowie ein- bis zweijährigen Ackerbrachen weisen darauf hin, dass gegenwärtig, entsprechend der vorliegenden Modellergebnisse, überwiegende Flächenteile der Ackerbauggebiete floristisch bereits stark verarmt sind. Dies hat auch Konsequenzen für die Blütenvielfalt der Segetalflora in den Getreideanbaugebieten (HOFFMANN, 2012a) sowie für andere Artengruppen, z. B. Vogelarten der Agrarlandschaft (vgl. HOFFMANN *et al.*, 2012), Nützlinge wie Wildbienen, Schwebfliegen und Tagfalter, die auf vielfältige Nektar- und Pollenquellen der Blütenpflanzen angewiesen sind.



**Abb. 1** Räumliche Verteilung der floristischen Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas alle Nutzungen

**Fig. 1** *Spatial distribution of the floristic species diversity in grain field areas of Europe, all use forms (intensive use, extensive use, fallow fields)*



**Abb. 2** Räumliche Verteilung der floristischen Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas, nur intensive Nutzungen mit Herbiziden

**Fig. 2** *Spatial distribution of the floristic species diversity in grain field areas of Europe, only areas with intensive use forms (application of herbicides)*

Zur Verwirklichung nationalen Biodiversitätsziele sollte daher für den Bereich Ackerbau u. a. ein Netzwerk „Biodiversitätserhaltende Ackerflächen“ in ausreichender Größe etabliert und durch agrarpolitische Rahmenbedingungen, z. B. über Agrarumweltmaßnahmen, hinreichend gefördert werden.

Werden floristisch artenreiche Nutzungen nicht in einem hinreichenden Flächenumfang in regionale sowie europäische Maßnahmen der Biodiversitätserhaltung integriert, verliert Europa große Teile seiner kulturhistorisch über lange Zeit „gewachsenen“ floristischen Artenvielfalt der Ackerbaugebiete. Die heute bestehenden Flächenrelationen zwischen intensiv genutzten und extensiv genutzten sowie ein- bis zweijährigen Ackerbrachen weisen darauf hin, dass gegenwärtig, entsprechend der vorliegenden Modellergebnisse, überwiegende Flächenteile der Ackerbaugebiete floristisch bereits stark verarmt sind. Dies hat auch Konsequenzen für die Blütenvielfalt der Segetalflora in den Getreideanbaugebieten (HOFFMANN, 2012a) sowie für andere Artengruppen, z. B. Vogelarten der Agrarlandschaft (vgl. HOFFMANN *et al.*, 2012), Nützlinge wie Wildbienen, Schwebfliegen und Tagfalter, die auf vielfältige Nektar- und Pollenquellen der Blütenpflanzen angewiesen sind. Zur Verwirklichung nationalen Biodiversitätsziele sollte daher für den Bereich Ackerbau u. a. ein Netzwerk „Biodiversitätserhaltende Ackerflächen“ in ausreichender Größe etabliert und durch agrarpolitische Rahmenbedingungen, z. B. über Agrarumweltmaßnahmen, hinreichend gefördert werden.

Diese präsentierte Untersuchung beruht auf der Temperaturabhängigkeit der Artendichten. Weitere klimatische Einflussfaktoren wie Niederschlag oder Temperaturextreme sind bisher noch wenig erforscht und sollten nach Möglichkeit in weiterführenden Arbeiten stärker berücksichtigt werden.

## Literatur

CZIMBER, G., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN und L. RADICS, 2004: A gyomnövények terjedése és a klímaváltozás hatása. *Agro napló* **11-12**, 31-36.

BERGER, G., H. PFEFFER, (unter Mitarbeit von T. v. ELSEN, F. GOTTWALD, U. HAMPICKE, K.-U. HARTLEB, M. HAUKE, J. HOFFMANN, H. KÄCHELE, F. LIERMANN, R. OPPERMANN, R. PLATEN, CH. SAURE und D. SCHEIBE: Naturschutzbrachen im Ackerbau - Anlage und optimierte Bewirtschaftung kleinflächiger Lebensräume für die biologische Vielfalt – Praxishandbuch – . Natur & Text, Rangsdorf.

GLEMNITZ, M., T. HYVÖNEN, L. RADICS, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2010: Weeds in changing climate – a north european perspective. *NJF Report* **6**, No **1**, 55-57.

GLEMNITZ, M., G. CZIMBER, L. RADICS and J. HOFFMANN, 2006: Weed flora diversity and composition in different agricultural management systems - comparative investigations in Hungary, Germany and Europe. *Magyar gyomkutatas es technologia*, **7/1**, 83-100.

GLEMNITZ, M., L. RADICS, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2006a: Weed species richness and species composition of different arable field types - A comparative analysis along a climates gradient from south to north Europe. *Journal of plant diseases and protection* **20**, 577-586.

GLEMNITZ, M., J. HOFFMANN, L. RADICS and G. CZIMBER, 2004: Interactions between climate and land use on the composition of weed floras along a climate gradient from south to north Europe. In: **12**. Colloque International sur la Biologie des Mauvaises Herbes, 31 aout - 2 septembre 2004, Dijon, France: 345-354.

GLEMNITZ, M., J. HOFFMANN, G. CZIMBER and L. RADICS, 2003: „Wildkräuter\_Klimatranssekt\_Klima“ der floristischen Artenkartierung im europäischen Klimatranssekt, unveröffentlichte Originaldaten der Felderhebungen in europäischen Ländern.

HEWITT, C. D., 2005: The ENSEMBLES Projekt - Providing ensemble-based predictions of climate changes and their impacts. Published article appears in the EGGS newsletter, **13**, 22-25. <http://www.the-eggs.org/?issueSel=24>

HOFFMANN, J., 2012: 3.2 - Species rich arable land. – In: Oppermann, R., G. G. Beaufoy and R. Jones (eds.): High Nature Farming in Europe. Regionalkultur, Ubstadt. 58-69.

HOFFMANN, J., 2012a: Blütenvielfalt der Wildpflanzen in Getreidefeldern Europas. *Julius-Kühn-Archiv*, in diesem Journal.

HOFFMANN, J., 2006: Flora des Naturparks Märkische Schweiz. Cuvillier Verlag, Göttingen.

HOFFMANN, J., N. HEMPELMANN, M. GLEMNITZ, L. RADICS, G. CZIMBER und U. WITTCHEN, 2012: Bewertung und Verbesserung der Biodiversität in landwirtschaftlichen Gebieten unter besonderer Berücksichtigung von Vogelarten als Bioindikatoren. *Julius-Kühn-Archiv*, in diesem Journal.

HOFFMANN, J., M. GLEMNITZ, L. RADICS and G. CZIMBER, 2009: Assessing changes in weed flora diversity due to climate change in Europe. *Weeds and Biodiversity*, Lleida, Spain, 12-13 March, 78-79.

HOFFMANN, J., L. RADICS, M. GLEMNITZ and G. CZIMBER, 2004: Vielfalt der Segetalfloren im europäischen Klimagradient bei unterschiedlicher Bewirtschaftung der Ackerflächen. *Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften* **16**, 55-56.

HOFFMANN, J., G. CZIMBER, M. GLEMNITZ and L. RADICS, 2002a: Effekt eines sich verändernden Klimas auf die Unkrautflora in Europa. *Angewandte Wissenschaft* **494**, 269-272.

- HOFFMANN, J., M. GLEMNITZ, G. CZIMBER and L. RADICS, 2002: Diversity of flora on arable land in a climate gradient from Southern to Northern Europe in intensive and extensive fields. In: Ecology in a Changing World: proceedings of the 8th INTECOL International Congress of Ecology, August 11-18, 2002, Seoul (Korea), 78.
- JACOB, D., U. ANDRAE, G. ELGERED, C. FORTELIUS, L. P. GRAHAM, S. D. JACKSON, U. KARS TENS, CHR. KOEPKEN, R. LINDAU, R. PODZUN, B. ROCKEL, F. RUBEL, H. B. SASS, R. N. D. SMITH, B. J. J. M. VAN DEN HURK and X. YANG, 2001: A Comprehensive Model Intercomparison Study Investigating the Water Budget during the BALTEX-PIDCAP Period. Meteorology and Atmospheric Physics, Vol.77, Issue 1-4, 19-43.
- JACOB, D. and R. PODZUN, 1997: Sensitivity studies with the regional climate model REMO. Meteorology and Atmospheric Physics, Url: <http://dx.doi.org/10.1007/BF01025368>, Doi: 10.1007/BF01025368
- MEYER, S., K. WESCHE, CH. LEUSCHNER, T. VAN ELSSEN and J. METZNER, 2010: Schutzbemühungen für die Segetalflora in Deutschland – Das Projekt „100 Äcker für die Vielfalt“. Treffpunkt Biologische Vielfalt IX, Bundesamt f. Naturschutz, Bonn. 59-64.
- MEYER, S., C. LEUSCHNER and T. VAN ELSSEN, 2008: Schutzäcker für die Segetalflora in Deutschland – Bestandsanalyse und neue Impulse durch das Projekt „Biodiversität in der Agrarlandschaft“. J. f. Plant Diseases and Protecion, **XXI**, 363-368.
- OBERDORFER, E., 1990: Pflanzensoziologische Exkursionsflora. Ulmer, Stuttgart.
- PIGNATTI, S. (ed), 1997: Flora d'Italia. Edagricole, Bologna, Italy.
- RADICS, L., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2004: Composition of weed floras in different agricultural management systems within the European climatic gradient. In: D. CLOUTIER and J. ASCARD, (eds.). Proceedings 6th EWRS Workshop on Physical and Cultural Weed Control, Lillehammer, Norway, 8-10 March 2004. 39-49.
- RADICS, L., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2004a: Composition of weed floras in different agricultural management systems within a north-south European climatic gradient. Acta agronomica ovariensis **46/2**, 119-133.
- UPPALA, S. M., P. W. KÄLLBERG, A. J. SIMMONS, U. ANDRAE, V. FI DA COSTA BECHTOLD, M. ORIO, J. K. GIBSON, J. HASELER, A. HERNANDEZ, G. A. KELLY, X. LI, K. ONOGI, S. SAARINEN, N. SOKKA, R. P. ALLAN, E. ANDERSSON, K. ARPE, M. A. BALMASEDA, A. C. M. BELJAARS, L. VAN DE BERG, J. BIDLOT, N. BORMANN, S. CAIRES, F. CHEVALLIER, A. DETHOF, M. DRAGOSAVAC, M. FISHER, M. FUENTES, S. HAGEMANN, E. HÖLM, B. J. HOSKINS, L. ISAKSEN, P. A. E. M. JANSSEN, R. JENNE, A. P. MCNALLY, J. F. MAHFOUF, J. J. MORCLETTE, N. A. RAYNER, R. W. SAUNDERS, P. SIMON, A. STERL, K. E. TRENBERTH, A. UNTCH, D. VASILJEVIC, P. VITERBO and J. WOOLLEN, 2005: The ERA-40 re-analysis. Quart. J. R. Meteorol. Soc., **131**, 2961-3012. doi:10.1256/qj.04.176
- VAN DER LINDEN, P. J., 2008: The ENSEMBLES climate change project, chapter in AGRIDEMA. Nova Publishing Ltd, New York, USA.

## Blütenvielfalt der Wildpflanzenarten in Getreidefeldern Europas

*Diversity of wild flowers in grain crop fields of Europe*

Jörg Hoffmann

Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Stahnsdorfer Damm 81, D-14532 Kleinmachnow, joerg.hoffmann@jki.bund.de, +49(0)33203 48360

DOI: 10.5073/jka.2012.436.011

### Zusammenfassung

Die Ackerflächen Europas besitzen eine hohe floristische Artenvielfalt mit wichtigen ökologischen Funktionen der Blütenvielfalt. Im Rahmen der Kartierung von Wildpflanzenarten (Segetalflora) in Getreideanbauflächen unterschiedlicher Klimaregionen Europas wurde ein Teil der taxonomisch erfassten Arten fotografisch dokumentiert. Aus insgesamt 768 Arten wurde eine Bildtafel mit 49 Arten zusammengestellt und auf diese Weise die hohe Vielfalt der Blütenformen und der Blütenfarben visualisiert. Nur einige dieser Arten treten heute in größerer Zahl in Getreideanbauflächen mit hoher Nutzungsintensität auf, nahezu alle Arten dagegen in extensiven Systemen. Es wird auf Funktionen der Wildpflanzenarten für Invertebraten, als pflanzengenetische Ressourcen und für die Bodenmikroorganismenvielfalt hingewiesen. Für die Weiterentwicklung moderner landwirtschaftlicher Nutzungssysteme sollte Biodiversität als ein beabsichtigtes Produktionsgut integriert werden.

**Stichwörter:** Wildpflanzen, Getreideanbau, Segetalflora, Europa, Blütenvielfalt

### Summary

European arable land is home of highly diverse vegetation. Important ecological functions of this diversity include for example the diversity of pollinators. Within a project aiming at mapping the distribution of wild plants in grain crop fields in various climatic zones in Europe, a part of the species was documented by photos. Out of 768 species 49 species were selected for a photographic flower mosaic to visualize the great variety of flower types and colors. Only a few of these species actually occur abundantly within intensively managed grain crop fields, whereas all species occur in low input systems. Additional functions of wild plants within crop fields include the importance for invertebrates and soil microorganisms, and as plant genetical resources. We suggest to include biodiversity as a specific target for further development of modern agricultural productions systems.

**Keywords:** wild plants species, grain field areas, weeds, segetalflora, Europe, diversity of flowers

### Einleitung

Die Ackerflächen Europas zeichnen sich in ihrer Gesamtheit durch eine große Vielfalt der Tier- und der Pflanzenarten aus, die jedoch bis heute noch nicht durch entsprechende taxonomische Inventarlisten umfassend zusammengestellt und in ihren ökologischen Funktionen bewertet wurden. Etwa 1.500 bis 2.000 Blütenpflanzenarten sind den Ackerflächen sowie den jüngeren, ein- bis zweijährigen Ackerbrachen zugehörig. Dies entspricht ca. 10 % der floristischen Artenvielfalt Europas. Die Einbeziehung älterer, selbstbegrünter Ackerbrachen, deren Vegetationsstruktur und Artenzusammensetzung oft naturnahen Graslandgesellschaften nahe stehen, dürfte diese Zahlen noch deutlich erhöhen (HOFFMANN, 2012).

Die an das Mittelmeer angrenzenden Länder weisen wegen der für die Entstehung artenreicher Lebensgemeinschaften günstigen mediterranen Klimabedingungen sowie der langen Nutzungsgeschichte besonders hohe Diversitätszahlen auf (HOFFMANN, 2012). In Frankreich wurden z. B. über 1.000 verschiedene Wildpflanzenarten auf Äckern gefunden (JAUZEIN, 1995). Nach Norden, in den zunehmend kühleren Klimaregionen, nimmt die floristische Artenvielfalt ab (vgl. HOFFMANN *et al.*, 2002; CZIMBER *et al.*, 2004; GLEMNITZ *et al.*, 2004; RADICS *et al.*, 2004; RADICS *et al.*, 2004a; Glemnitz *et al.*,

2006). In Deutschland zählen z. B. noch etwa 350 Pflanzenarten zu den Ackerwildkräutern und -gräsern, die sich mehrheitlich in Getreidekulturen finden. Diese Zahl entspricht rund 10 % der dortigen Flora.

Jede der Wildpflanzenarten der Getreidefelder Europas weist eine eigene Blütenmorphologie und farbliche Ausprägung auf, die als Mikrohabitate und Nahrungsquellen, u. a. Nektar und Pollen für Insekten, fungieren. Das Ziel dieses Beitrages besteht in einer Visualisierung der Formen- und der Farbenvielfalt der Wildpflanzen in Getreidekulturen (Segetalflora). Damit soll indirekt auf die vielfältigen ökologischen Funktionen der Segetalflora im Kontext zur Sicherung der Biodiversität in den europäischen Ackerbaugebieten hingewiesen werden.

## Material und Methoden

Im Rahmen mehrjähriger Felduntersuchungen in einem europäischen Klimatranspekt von Südeuropa (mediterrane Florenraum) bis Nordeuropa (nordischer Florenraum) wurden in Getreideanbaugebieten 768 Arten der Segetalflora taxonomisch bestimmt (HOFFMANN *et al.*, 2002; GLEMNITZ *et al.*, 2003; CZIMBER *et al.*, 2004), deren Vorkommen nach Nutzungsintensitäten differenziert und ihre räumliche Verbreitung nach bioklimatischen Merkmalen klassifiziert europaweit dargestellt (vgl. HOFFMANN, 2012a). Für einen Teil dieser Arten erfolgte während der Felderhebungen eine fotografische Dokumentation der Blütenformen und deren Farben. Die Blüten wurden in der Zeit von Ende April / Anfang Mai bis Ende Juni / Anfang Juli, in etwa gleicher Phänophase der Getreidekulturen in den untersuchten Regionen, jeweils kurz vor und zu Beginn der Getreideblüte, aufgenommen. Dies war möglich, weil sich klimaabhängig die Phasen der Vegetationsentwicklung der Getreidekulturen von Süd- nach Nordeuropa zeitlich stark verschieben.

## Ergebnisse

Für die Visualisierung der Blütenformen und -farben wurde eine Auswahl der im Klimatranspekt gefundenen 768 Arten in einer Bildtafel zusammengestellt (Abb. 1). Die darin aufgeführten Arten stammen aus unterschiedlichen biogeografischen Regionen Europas. Die Abbildung zeigt von oben rechts nach unten links 49 Arten sowie eine von der Nominatform abweichende Artenvarietät (für die Farbvarietät von *Galeopsis speciosa* wurde die Bezeichnung *G. sp. var. uppsalaica* vergeben, da diese ausschließlich in der Region Uppsala, Mittelschweden, gefunden wurde) der Getreideäcker, die somit unterschiedlichen floristischen Klimatypen (HOFFMANN, 2006) zugehörig sind. Dies sind *Allium nigrum*, *Galeopsis speciosa*, *Crepis rubra*, *Chrysanthemum segetum*, *Vicia atropurpurea*, *Euphorbia helioscopia*, *Ajuga chamapitys*, *Mentha arvensis*, *Matricaria inodora*, *Tragopogon porrifolius*, *Ornithogalum pyramidata*, *Myosotis arvensis*, *Papaver rhoeas*, *Calendula arvensis*, *Malva sylvestris ssp. mauritiana*, *Silene noctiflora*, *Nigella damascena*, *Filago arvensis*, *Limosella aquatica*, *Papaver dubium*, *Stachys palustris*, *Lathyrus tuberosus*, *Allium roseum*, *Bellardia trixago*, *Legusia speculum-veneris*, *Centaurea cyanus*, *Linaria pelisseriana*, *Tragopogon minor*, *Anagallis foemina*, *Gladiolus segetum*, *Matricaria recutita*, *Chrysanthemum coronarium*, *Stachys arvensis*, *Malva sylvestris*, *Galactides tomentosa*, *Convolvulus arvensis*, *Myosotis minimus*, *Spergula arvensis*, *Orlaya grandiflora*, *Rorippa palustris*, *Adonis annua*, *Erodium cicutarium*, *Consolida regalis*, *Agrostemma githago*, *Crepis capillaris*, *Orobancha spec.*, *Cirsium spec.*, *Erysimum cheiranthoides*, *Bromus hordeaceus* und *Galeopsis speciosa var. uppsalaica*.

Nur 12 dieser Arten, z. B. *Euphorbia helioscopia*, *Papaver rhoeas* und *Convolvulus arvensis* waren auch unter intensiven Nutzungsbedingungen häufig und weit verbreitet. Die überwiegende Zahl der Arten hatte ihren Verbreitungsschwerpunkt auf Flächen mit extensiven Nutzungsformen, z. B. die Acker-Gladiole *Gladiolus segetum* sowie einige weitere, ausschließlich unter diesen

## Blütenvielfalt der Wildpflanzen in Getreidefeldern Europas

Jörg Hoffmann  
Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde 38116 Braunschweig, Bundesallee 50



Die Fotos entstanden während der Feldarbeiten zum europäischen Unkrautprojekt "Climate change and weeds" in den Ländern Italien, Ungarn, Deutschland, Schweden und Finnland. Das Forschungsprojekt wurde in Zusammenarbeit von Ungarn (Prof. Dr. L. Radics, Budapest, Prof. Dr. Gy. Czímber, Mosonmagyaróvár) und Deutschland (Dr. M. Glennitz, Müncheberg, Dr. Dr. J. Hoffmann, Braunschweig), sowie unter Beteiligung von Forschungseinrichtungen in Lecce, Rom (Italien), Uppsala (Schweden) und Jokioinen (Finnland) durchgeführt.

Kontakt: joerg.hoffmann@ki.bund.de

www.ki.bund.de

- Abb. 1** Wildpflanzenarten der Getreideflächen Europas – jede Blütenform und Blütenfarbe besitzt spezifische ökologische Funktionen im Ökosystem „Getreidefeld“
- Abb. 1** *Wild plant species in grain crop fields in various climatic zones in Europe – every kind of flower has specific ecological functions in the ecosystem "grain crop field"*

Bedingungen, namentlich z. B. *Allium nigrum*, *Vicia atropurpurea*, *Allium roseum* und *Tragopogon porrifolius*.

## Diskussion und Schlussfolgerungen

Unter den aktuellen Nutzungsbedingungen mit vielfach einseitig ausgerichteten Produktionszielen zur Ertragsmaximierung weniger Anbaukulturen findet gleichzeitig ein starker Rückgang der floristischen Artenvielfalt sowie insgesamt der Biodiversität in den Agrarlandschaften Europas statt (vgl. HOFFMANN, 2012a). Agrarflächen mit extensiven Nutzungsformen und geringerer Ertragsleistung, jedoch oft hoher Artenvielfalt, im englischen Sprachgebrauch als „High-Nature-Value-Farmland“ bezeichnet, besitzen europaweit eine Schlüsselfunktion für den Erhalt der Biodiversität (OPPERMANN *et al.*, 2012) sowie der Artenvielfalt der Segetalflora (HOFFMANN, 2012; HOFFMANN, 2012a; HOFFMANN *et al.*, 2012b) und damit eine hohe Schutzwürdigkeit. Diese Flächen sollten daher im Flächenumfang nicht verringert sondern wieder vergrößert werden.

Wichtige Habitatsfunktionen besitzt die Blütenvielfalt der Wildpflanzenarten nicht nur für Invertebraten, z. B. Wildbienen und Schwebfliegen (KÜHNE und FREIER, 2012) sondern auch für die Artenvielfalt der Bodenmikroorganismen. Nach SMALLA, 2012 sowie SMALLA und HEUER, 2012 besitzen einzelne Wildpflanzenarten einen voneinander differenzierten „Mikrokosmos“ teils unterschiedlicher Artzusammensetzung der Bodenlebewesen, deren Funktionen, z. B. für die Bodenfruchtbarkeit und für die Sicherung der Biodiversität in den Böden noch nicht hinreichend bekannt ist. Mit Verlusten der floristischen Artenvielfalt würden sich demnach auch (analoge) Verluste in der Artenvielfalt der an diese Pflanzen angepassten Bodenmikroorganismen ergeben.

Schließlich besitzen Wildpflanzen der Getreideanbauflächen auch bedeutsame Funktionen als potenziell nutzbare Arten, z. B. für Gartenkulturen die Arten *Nigella damascena* und *Agrostemma githago*, die verbreitet in Ziergärten angebaut werden. Eine nach Nutzungstypen ausgerichtete Klassifizierung von Wildpflanzenarten als pflanzengenetische Ressourcen (PRG) erfolgte z. B. durch SCHLOSSER *et al.*, 1991 für die verschiedenen potenziellen Nutzungsmöglichkeiten. Ein Großteil der in Deutschland vorkommenden Wildpflanzen gilt heute auch als PGR. Für diese mehr als 3000 Arten wurden biologisch-ökologische Merkmale zusammengetragen, u. a. zur bioklimatischen Verbreitung (HOFFMANN und WOLTERS DORF, 2005) und bundesweite Datenbanken im Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen verfügbar gemacht (BIG 2012). Viele der Segetalarten sind demnach nicht nur in Form und Farbe attraktive Blütenpflanzen mit wichtigen Ökosystemfunktionen sondern auch potenzielle Nutzpflanzenarten. Die Sicherung der Lebensraumbedingungen für eine arten- und blütenreiche Vielfalt der Segetalflora in Getreideäckern und anderen Anbaukulturen sollte daher auch aus der Sicht zukünftig potenzieller Nutzungsmöglichkeiten dieser Arten erfolgen.

Für die Weiterentwicklung landwirtschaftlicher Praktiken wäre die Erhaltung der Biodiversität nicht wie in früheren Systemen extensiver Landwirtschaft mit hoher und in intensiver Landwirtschaft mit niedriger Biodiversität als „Nebenprodukt“ sondern als ein beabsichtigtes Produktionsgut und Schlüsselfaktor der landwirtschaftlichen Erzeugung in moderne Produktionssysteme zu integrieren (OPPERMANN und PARACCHINI, 2012).

## Literatur

BIG, 2012: Bundesinformationssystem Genetische Ressourcen [HTTP://WWW.BIGFLORA.DE/INHALT.HTM#INHALT](http://www.bigflora.de/INHALT.HTM#INHALT)

CZIMBER, G., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN und L. RADICS, 2004: A gyomnövények terjedése és a klímaváltozás hatása. Agro napló **11-12**, 31-36.

GLEMNITZ, M., L. RADICS, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2006a: Weed species richness and species composition of different arable field types - A comparative analysis along a climate gradient from south to north Europe. Journal of plant diseases and protection **20**, 577-586.

GLEMNITZ, M., J. HOFFMANN, G. CZIMBER and L. RADICS, 2003: „Wildkräuter\_Klimatranssekt\_Klima“ der floristischen Artenkartierung im europäischen Klimatranssekt, unveröffentlichte Originaldaten der Felderhebungen in europäischen Ländern.

HOFFMANN, J., 2012: 3.2 - Species rich arable land. – In: Oppermann, R., G. G. Beaufoy and R. Jones (eds.): High Nature Farming in Europe. Regionalkultur, Ubstadt, 58-69.

HOFFMANN, J., 2012a: Einfluss von Temperatur und Nutzung auf die floristische Artenvielfalt in Getreideanbaugebieten Europas. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.

HOFFMANN, J., N. HEMPELMANN, M. GLEMNITZ, L. RADICS, G. CZIMBER und U. WITTCHEM, 2012b: Bewertung und Verbesserung der Biodiversität in landwirtschaftlichen Gebieten unter besonderer Berücksichtigung von Vogelarten als Bioindikatoren. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.

HOFFMANN, J., 2006: Flora des Naturparks Märkische Schweiz. Cuvillier Verlag, Göttingen.

HOFFMANN, J. und H. WOLTERS DORF, 2005: Wissensbasierte Datenbank für die als pflanzengenetische Ressourcen (PGR) ausgewiesenen Wildpflanzenarten Deutschlands. Unveröffentlichter Bericht und Datenbank der PGR in Deutschland: Access\_db\_pgr\_wildpflanzen-03.

HOFFMANN, J., G. CZIMBER, M. GLEMNITZ and L. RADICS, 2002: Effekt eines sich verändernden Klimas auf die Unkrautflora in Europa. *Angewandte Wissenschaft* **494**, 269-272.

JAUZIN, 1995: Flore des champs cultivees. INRA, Sopra, Paris.

KÜHNE, S. und B. FREIER, 2012: Saumbiotope und ihre Bedeutung für Artenvielfalt und biologischen Pflanzenschutz am Beispiel der „Brandenburger Schichtholzhecke“. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.

OPPERMANN, R., G. G. BEAUFOY and R. JONES (eds.), 2012: High Nature Farming in Europe. *Regionalkultur*, Ubstadt, 544 p.

OPPERMANN, R. und M. L. PARACCHINI, 2012: HNV farming – central to European cultural landscapes and biodiversity. In: Oppermann, R., G. G. Beaufoy and R. Jones (eds.): High Nature Farming in Europe. *Regionalkultur*, Ubstadt, 17-23.

RADICS, L., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2004: Composition of weed floras in different agricultural management systems within the European climatic gradient. In: D. CLOUTIER and J. ASCARD, (eds.). *Proceedings 6th EWRS Workshop on Physical and Cultural Weed Control*, Lillehammer, Norway, 8-10 March 2004, 39-49.

RADICS, L., M. GLEMNITZ, J. HOFFMANN and G. CZIMBER, 2004a: Composition of weed floras in different agricultural management systems within a north-south European climatic gradient. *Acta agronomica ovariensis* **46/2**, 119-133.

SCHLOSSER, S., L. REICHHOFF and P. HANELT, 1991: Wildpflanzen Mitteleuropas. Nutzung und Schutz. Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin.

SMALLA, K., 2012: Funktionen der floristischen Artenvielfalt auf Ackerflächen für die Artenvielfalt der Bodenmikroorganismen, mündliche Mitteilung.

SMALLA, K. und H. HEUER, 2012: Mikrobielle Vielfalt in der Rhizosphäre und im Boden. Julius-Kühn-Archiv, in diesem Journal.

## **Die Kennzeichnung von Pflanzenschutzmitteln hinsichtlich ihrer Auswirkungen auf Nützlinge – ein Beitrag zur Erhaltung der biologischen Vielfalt**

*The labelling of plant protection products according to their effects on beneficial arthropods - a contribution to the conservation of biodiversity*

Barbara Baier

Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz,  
Königin-Luise-Straße 19, D-14195 Berlin, barbara.baier@jki.bund.de, +49(0)30 83042356

DOI: 10.5073/jka.2012.436.012

### **Zusammenfassung**

Im Rahmen des Zulassungsverfahrens werden in Deutschland Pflanzenschutzmittel hinsichtlich ihrer Auswirkungen auf Nützlinge bewertet und entsprechend gekennzeichnet.

Die Kennzeichnung erfolgt artbezogen und nur für Nützlinge, die in der Kultur, wo das Präparat angewandt werden soll, von Bedeutung sind. Grundlage dafür sind eine oder mehrere Studien mit der jeweiligen Nützlingsart. Bewertet werden dabei letale und subletale Effekte wie Mortalität, Parasitierungsrate, Fraßleistung, Eiablageleistung und Verhaltensänderungen. Basierend auf den bestimmten letalen und subletalen Effekten erfolgt eine Klassifizierung der Präparate in „nichtschädigend“, „schwachschrädigend“ bzw. „schädigend“ gegenüber den entsprechenden Nützlingsarten.

**Stichwörter:** Pflanzenschutzmittel, Nützlinge, Test- und Bewertungsschema, Kennzeichnung

### **Abstract**

In Germany plant protection products are evaluated and labeled during the approval process according to their effects on beneficial arthropods.

Products are labelled for each individual species of beneficial arthropod relevant to the treated crop. Labelling is based on one or more studies with the beneficial arthropod species in question. Lethal and sublethal effects like mortality, rates of parasitism or feeding, fertility and behavioural disorders are evaluated. Based on lethal and sublethal effects determined, products are classified as not harmful, slightly harmful or harmful to the beneficial arthropod species in question.

**Keywords:** plant protection products, beneficial arthropods, testing and evaluating scheme, labelling

### **Einleitung**

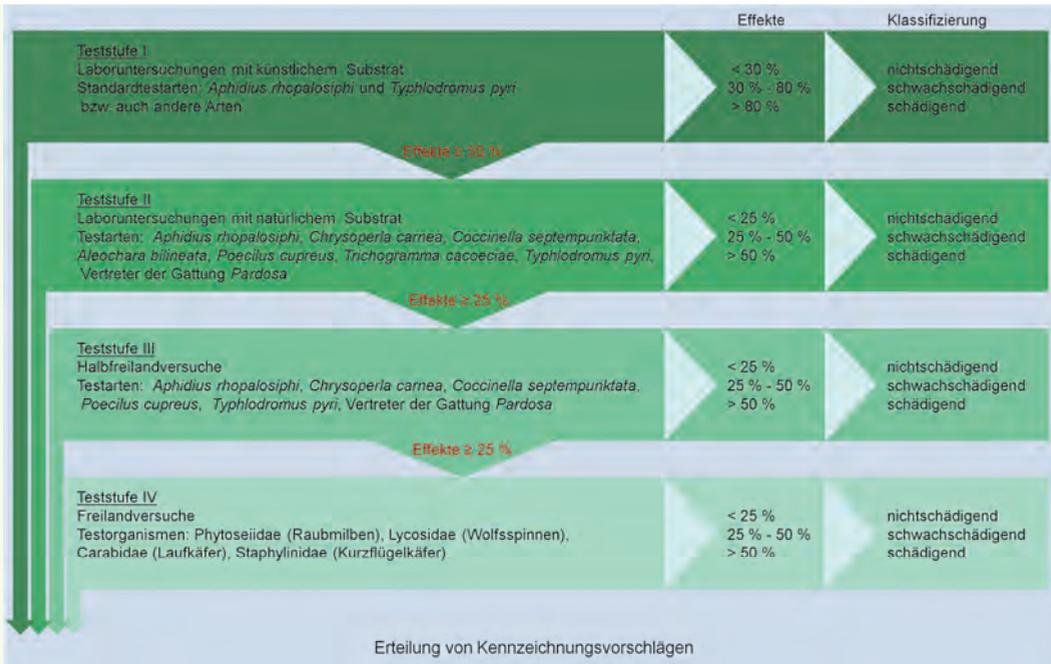
Die Entwicklung und Umsetzung von kulturpflanzen- und sektorspezifischen Leitlinien für den integrierten Pflanzenschutz im Rahmen des nationalen Aktionsplanes zur nachhaltigen Anwendung von Pflanzenschutzmitteln erfordert Kenntnisse zu den Wirkungen von Pflanzenschutzmitteln auf Nützlinge. Dieser Forderung wird in Deutschland u. a. mit dem hier dargestellten Verfahren zur Bewertung der Auswirkungen von Pflanzenschutzmitteln auf relevante Antagonisten von Schaderregern im Rahmen der Wirksamkeitsbewertung innerhalb des Zulassungsverfahrens entsprochen.

### **Verfahrensweise**

Die Bewertung erfolgt mittelbezogen. Berücksichtigt werden letale und subletale Effekte wie Mortalität, Parasitierungsrate, Fraßleistung, Eiablageleistung und Verhaltensänderungen.

Dazu werden Studien, die seitens des Antragstellers im Rahmen des Zulassungsverfahrens zum Mittel zu den Punkten AIII A-10.5 der Richtlinie 91/414/EWG bzw. A-10.5 der Verordnung (EU) 545/2011 zur Durchführung der Verordnung (EG) 1107/2009 eingereicht werden, herangezogen.

Wie Abb.1 zeigt, sind dieses in der Teststufe I zunächst Ergebnisse aus Laboruntersuchungen, wo die Testtiere Pflanzenschutzmittelbelägen, die auf künstliches Substrat (Glas) appliziert wurden, ausgesetzt werden. Das Prüfkonzept bedient sich dabei sogenannter „worst case“ Bedingungen. Als Testorganismen kommen *Aphidius rhopalosiphi* und *Typhlodromus pyri*, ein Blattlausparasitoid und eine Raubmilbe zum Einsatz, die aufgrund ihrer Sensitivität und Handhabbarkeit im Labor als Standardtestarten stellvertretend für die Gruppe der Nützlinge bzw. nützlichen Spinnentiere auserwählt wurden (BARRETT *et al.*, 1994, CANDOLFI *et al.*, 2000a). In der Teststufe I können aber auch andere Nützlinge, wie die epigäische Raubarthropoden *Aleochara bilineata* (Kurzflügelkäfer), *Poecilus cupreus* (Laufkäfer) oder Vertreter der Gattung *Pardosa* (Wolfsspinnen) zum Einsatz kommen. Dieses ist z. B. dann der Fall, wenn die Auswirkungen von Saatgutbehandlungsmitteln bestimmt werden sollen. Testsubstrat ist dann Quarzsand.



**Abb. 1** Schema für die Prüfung und Bewertung von Pflanzenschutzmitteln hinsichtlich ihrer Auswirkungen auf Nützlinge

**Fig. 1** Testing and evaluating scheme of plant protection products according to their effects on beneficial arthropods

In der Teststufe II werden die Testorganismen im Labor Pflanzenschutzmittelbelägen auf natürlichem Substrat ausgesetzt. Als natürliches Substrat kommen hauptsächlich Bohnenblätter (*Phaseolus vulgaris*) bzw. die Standardtestböden Lufa 2.1 und Lufa 2.2 zum Einsatz. Testorganismen sind neben den beiden Standardtestarten *Aphidius rhopalosiphi* und *Typhlodromus pyri* in der Regel die in Abb. 1 genannten Nützlinge.

Führen frische Pflanzenschutzmittelbeläge, d.h. das Aufsetzen der Testtiere ist bis maximal 1,5 h nach der Applikation abgeschlossen, zu hohen Effekten bei den Testtieren, können in der Teststufe II sogenannte „aged residue tests“ angeschlossen werden. In diesen Tests werden die Nützlinge im Labor auf Pflanzenschutzmittelbeläge gesetzt, die  $\geq 1$  d alt sind. Hiermit soll die Dauerwirkung eines Präparates bestimmt werden.

In der Teststufe III, den Halbfreilandversuchen, werden im Freiland stehende Einzelpflanzen oder kleine Feldabschnitte (0,5 – 1 m<sup>2</sup>) behandelt. Die Testorganismen stammen jedoch aus Laborzuchten. In vielen Fällen werden die Versuchsflächen durch Überdachungen vor Regen geschützt.

In der Teststufe IV, der höchsten der vorgesehenen Teststufen, werden die Auswirkungen von Pflanzenschutzpräparaten auf die jeweils im Feld vorhandenen Nützlingspopulationen untersucht. Sie werden dann angelegt, wenn die Effekte in den niedrigen Teststufen sehr hoch waren oder wenn die zu bewertenden Präparate mehr als 3-mal/Kultur und Jahr zum Einsatz kommen sollen, wie dieses oft bei Fungiziden im Obst- und Weinbau der Fall ist.

Alle Laboruntersuchungen werden in der Regel nach Standardrichtlinien (CANDOLFI *et al.*, 2000b; MEAD-BRIGGS *et al.*, 2010) bzw. nach Richtlinienentwürfen (HEIMBACH *et al.*, 2002) durchgeführt. Für Halbfreiland- und Freilanduntersuchungen liegt z. Z. nur jeweils eine Standardrichtlinie vor. Dazu gehören die Halbfreilandmethode für *Poecilus cupreus* und die Feldmethode für Raubmilben im Obst- und Weinbau (CANDOLFI *et al.*, 2000b). In allen anderen bisher vorgelegten Halbfreiland- und Freilandstudien wurden die Auswirkungen der eingesetzten Präparate nach eigenen Methoden oder Methoden aus Veröffentlichungen erfasst. Grundlage nahezu aller Versuchsdurchführungen sowohl unter Labor-, Halbfreiland- und Freilandbedingungen sind aber die Testprinzipien der IOBC Arbeitsgruppe „Pesticides and Beneficial Organisms“ (HASSAN and VOGT, 2006).

Basierend auf den in den einzelnen Studien ermittelten Effekten erfolgt eine Klassifizierung des Präparates nach den BBA-Bewertungskriterien, die aus den IOBC-Bewertungskriterien hervorgegangen sind, als „nichtschädigend“, „schwachschrädigend“ bzw. „schädigend“ für die jeweilige Nützlingsart wie in Abb.1 dargestellt (ANONYMOUS,1998).

Liegen für ein Präparat und eine Nützlingsart Ergebnisse aus mehreren Teststufen vor, sind für die Bewertung immer die Ergebnisse aus der höchsten Teststufe entscheidend.

Wie Abb. 1 zeigt, können Kennzeichnungsvorschläge aus jeder Teststufe heraus erfolgen.

Voraussetzung für die Vergabe eines Kennzeichnungsvorschlages ist aber, dass die Nützlingsart im für das Mittel vorgesehenen Einsatzgebiet auch relevant ist.

Beispiele für Kennzeichnungsvorschläge im Obst- und Weinbau:

- Das Mittel wird als nichtschrädigend für Populationen der Art *Typhlodromus pyri* eingestuft
- Das Mittel wird als schwachschrädigend für Populationen der Art *Poecilus cupreus* eingestuft.
- Das Mittel wird als schrädigend für Populationen der Art *Chrysoperla carnea* eingestuft.

Beispiele für Kennzeichnungsvorschläge im Ackerbau bei der Kultur Getreide:

- Das Mittel wird als nichtschrädigend für Populationen der Art *Poecilus cupreus* eingestuft
- Das Mittel wird als schwachschrädigend für Populationen der Art *Chrysoperla carnea* eingestuft.
- Das Mittel wird als schrädigend für Populationen der Art *Aphidius rhopalosiphii* eingestuft.

Liegen für ein Präparat nur Ergebnisse zu den beiden Standardtestarten *Aphidius rhopalosiphii* und *Typhlodromus pyri* vor und sind beide oder eine der Arten im für das Mittel vorgesehenen Einsatzgebiet nicht relevant, können folgende Kennzeichnungsvorschläge erteilt werden:

- Entsprechend den Ergebnissen zu *Aphidius rhopalosiphii*: Das Mittel wird als nichtschrädigend bzw. schwachschrädigend bzw. schrädigend für Populationen relevanter Nutzinsekten eingestuft.
- Entsprechend den Ergebnissen zu *Typhlodromus pyri*: Das Mittel wird als nichtschrädigend bzw. schwachschrädigend bzw. schrädigend für Populationen relevanter Raubmilben und Spinnen eingestuft.

Die Kennzeichnungsvorschläge sind Bestandteil des „Benehmens“ des JKI, das im Rahmen des Zulassungsverfahrens erteilt wird. Die endgültige Entscheidung über die Vergabe einer

Kennzeichnung obliegt dem Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) als Zulassungsbehörde.

### **Konsequenz für den Erhalt der Artenvielfalt**

Nach der Zulassung des Pflanzenschutzmittels durch das BVL kann die Kennzeichnung des Präparates hinsichtlich seiner Auswirkungen auf Nützlinge der Gebrauchsanweisung entnommen werden. Somit ist der Anwender über die Wirkung jedes Mittels auf Nützlinge informiert und kann selbst durch die Mittelwahl dazu beitragen, dass Nützlinge geschont werden.

### **Literatur**

ANONYMOUS, 1998: BBA-Bewertungskriterien: Nutzarthropoden (ausgenommen Honigbienen). In Datenanforderungen und Entscheidungskriterien der Europäischen Union und der Bundesrepublik Deutschland im Zulassungsverfahren für Pflanzenschutzmittel. Mitt. Biol. Bundesanst. Land-Forstwirtschaft **354**, 96-99.

BARRETT, K. L., N. GRANDY, E. G. HARRISON, S. HASSAN and P. OOMEN, 1994: Guidance Document on Regulatory Testing Procedures for Pesticides with Non-Target Arthropods. ESCORT 1 Workshop. 51 pp.

CANDOLFI, M. P., K. L. BARRETT, P. J. CAMPBELL, R. FORSTER, N. GRANDY, M. C. HUET, G. LEWIS, P. A. OOMEN, R. SCHMUCK and H. VOGT, 2000a: Guidance Document on Regulatory Testing and Risk Assessment Procedures for Plant Protection Products with Non-Target Arthropods. ESCORT 2 Workshop. 46 pp.

CANDOLFI, M. P., S. BLÜMEL, R. FORSTER, F. M. BAKKER, C. GRIMM, S. A. HASSAN, U. HEIMBACH, M. A. MEAD-BRIGGS, B. REBER, R. SCHMUCK and H. VOGT, 2000b: Guidelines to evaluate side-effects of plant protection products to non-target arthropods. Dreier-Druck, 158 pp.

HASSAN, S. A. and H. VOGT, 2006: Working Group Pesticides and beneficial Organisms (1974-present). In: International Organization for Biological Control of Noxious Animals and Plants (IOBC). History of the first 50 Years (1956-2006). Eds.: BOLLER, E. F., J. C. VAN LENTEREN and V. DELUCCHI, Wageningen, Ponsen & Looijen, 221-228.

HEIMBACH, U., B. BAIER, M. BARTH, S. BLÜMEL, I. GEUIJEN, B. JÄCKEL, C. MAUS, K. NIENSTEDT, S. SCHMITZER, P. STÄBLER, A. UFER and G. WINKELMANN, 2002: First ring test results of a laboratory method to evaluate effects of plant protection products on larvae of *Poecilus cupreus* (Coleoptera: Carabidae). IOBC/wprs Bulletin vol. **25** (11), 19-26.

MEAD-BRIGGS, M. A., M. MOLL, C. GRIMM, M. SCHULD, A. UFER and H. WALKER, 2010: An extended laboratory test for evaluating the effects of plant protection products on the parasitic wasp, *Aphidius rhopalosiphi* (Hymenoptera, Braconidae). BioControl **55**, 329-338.

## **Prüfung der Auswirkungen von Pflanzenschutzmitteln auf die strukturelle Diversität in Böden**

*Testing effects of pesticides on the structural diversity in soils*

Dieter Felgentreu\*, Frank Riepert & Barbara Baier

Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, D-14195 Berlin

\* Korrespondierender Autor, dieter.felgentreu@jki.bund.de, +49(0)30 83042365

DOI: 10.5073/jka.2012.436.013

### **Zusammenfassung**

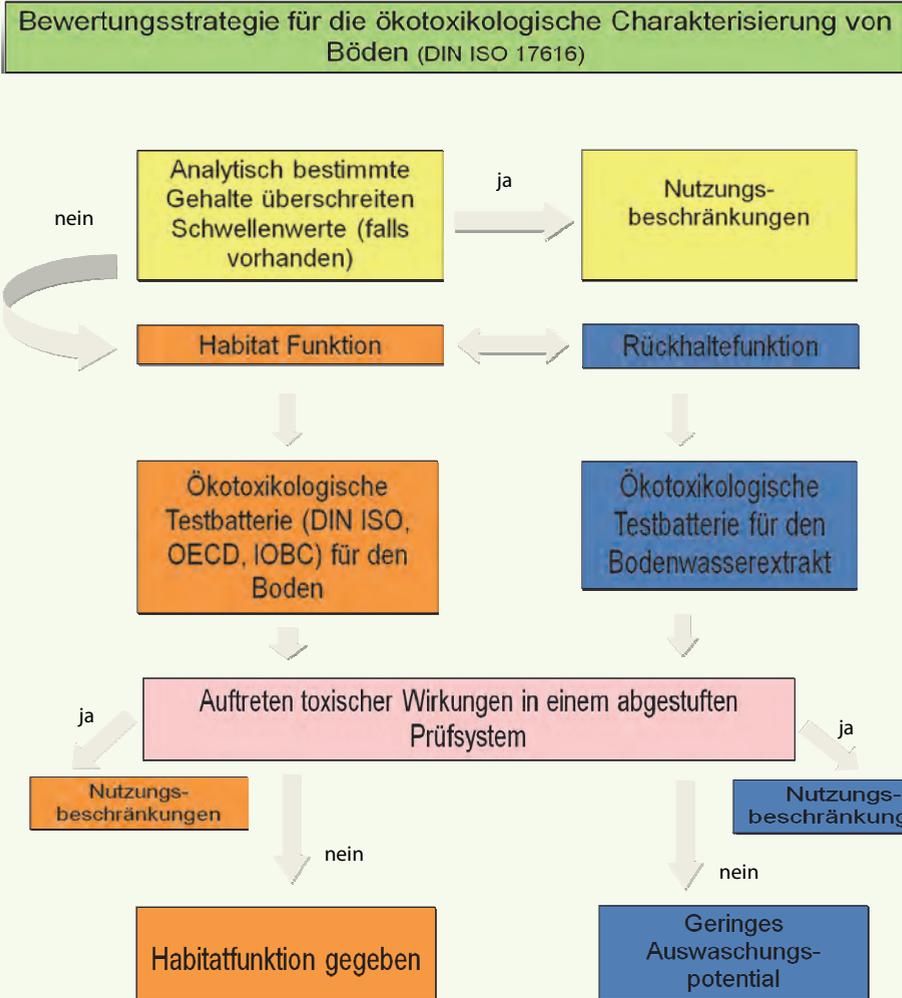
Ab- und Umbauprozesse im Boden sind ein Ergebnis der Aktivität von Bodenorganismen und chemischen und physikalischen Eigenschaften des Bodens. Etwa 80 % des stofflichen Umsatzes im Boden leisten Bodenfauna und –mikroflora. Bei Einsatz von Pflanzenschutzmitteln oder Eintrag anderer anthropogener Stoffe kann es zu kurzfristigen oder/und nachhaltig wirkenden Beeinflussungen der Aktivität der Bodenorganismen kommen. Durch Anwendung von Verfahren der biologischen Bodencharakterisierung können diese Auswirkungen auf das Bodenleben beschrieben werden. Am Beispiel der Auswirkungen von Kupfereinträgen im Weinbau durch Anwendung kupferhaltiger Pflanzenschutzmittel zur Bekämpfung von pilzlichen Schaderregern werden die Aussagekraft von Laboruntersuchungen und die Bewertungsstrategie für die ökotoxikologische Charakterisierung von Böden demonstriert.

### **Abstract**

Mineralisation and transformation processes in soil are passing in co-operation of soil organisms and chemical and physical properties of the soil. About 80 % of the substantial transformation in soil is achieved by soil fauna and soil micro-flora. Application of pesticides or input of other anthropogenic substances may induce acute or long-term effects on the activity of soil organisms. Biological methods developed for testing soil quality are appropriate to characterize the effects to the soil ecosystem. The effects of copper loads in viticulture by application of copper containing pesticides for the control of fungal diseases is taken as an example to assess the significance of standardized laboratory tests being part of an assessment strategy for ecotoxicological characterization of soil quality.

### **Einleitung**

Bodenorganismen spielen für die Bodenfruchtbarkeit und ihrer Nachhaltigkeit eine bedeutende Rolle. Ihre Leistungen umfassen die Mineralisation tierischer, pflanzlicher und mikrobieller Substanzen sowie den Um- und Abbau von Xenobiotika. Sie sind für die Mobilisierung und Immobilisierung von Nähr- und Spurenelementen, dem Aufbau der mikrobiellen Biomasse und des Humus mit verantwortlich. Dabei wird ihre Aktivität durch verschiedene standortbezogene Faktoren beeinflusst. Neben dem Klima, den physiko-chemischen Eigenschaften des Bodens und der auf der Fläche wachsenden Vegetation ist es vor allem die Art und Weise der Bewirtschaftung, die den größten Einfluss besitzt. Seit langem sind biologische Indikatoren bekannt, die eine Störung dieser Kreisläufe sehr empfindlich darstellen können. Es wurde eine sogenannte ökotoxikologische Testbatterie gebildet, die es erlaubt, eine Charakterisierung von Böden und Bodensubstraten vorzunehmen, die mit abiotischen Standortfaktoren und/oder mit Effekten von z. B. agrarrelevanten Stoffen verglichen werden können. Mit der DIN ISO 17616 wurde eine Bewertungsstrategie genormt (siehe Abbildung 1), die es erlaubt, eine ökotoxikologische Charakterisierung von Böden und Bodensubstraten vorzunehmen.



**Abb. 1** Bewertungsstrategie für die ökotoxikologische Charakterisierung von Böden (DIN ISO 17616)

**Fig. 1** Assessment strategy for the ecotoxicological characterization of soils (DIN ISO 17616)

Neben der Überschreitung von Schwellenwerten analytisch bestimmter Gehalte im Boden, die zu einer Nutzungseinschränkung führen können, werden vor allem das Auftreten toxischer Wirkungen auf die Habitatfunktion in einem mehrstufigem Prüfsystem untersucht. Hierzu liegt eine Reihe von validierten und genormten Methoden der OECD, IOBC, DIN ISO für den Bereich Boden vor. Im Ergebnis können stufenweise Nutzungsbeschränkungen bzw. Auflagen für die Anwendung erteilt werden.

### **Anwendung von biologischen Verfahren zur Beschreibung der Auswirkungen von Kupferbelastungen im Boden**

In Deutschland werden seit über 150 Jahren Kupfer-haltige Präparate gegen Pilzkrankheiten wie den Falschen Mehltau an Weinrebe und Hopfen oder die Kraut- und Knollenfäule an der Kartoffel eingesetzt. Bei wiederholter und langjähriger Anwendung kommt es zur Akkumulation von Kupfer im

Böden, die sich nachgewiesener Weise schädigend auf viele Bodenorganismen auswirken kann (RIEPERT, 2009).

### Modellböden mit unterschiedlichen Kupfergesamtgehalten

Um einen ersten Überblick über die biologischen Aktivitäten in Böden von Reblagen mit unterschiedlichen Kupfergehalten zu bekommen, wurden 3 (Modell)-Böden ausgesucht, bei denen ein ansteigender Gesamtgehalt von Kupfer (Königswasser-Aufschluss) analysiert wurde. Die Gesamtgehalte hatten eine Spannweite von 150 mg bis 2040 mg Cu/kg TM Boden. Der bioverfügbare Anteil nach  $\text{NH}_4\text{NO}_3$ -Aufschluss bewegte sich zwischen 0,22 und 3,08 mg/kg (STRUMPF *et al.*, 2011).

Die Böden wurden Labortests unterzogen. Eingesetzt wurden folgende Prüfverfahren:

Regenwurm-Fluchttest (DIN ISO 17512-1)

Regenwurm-Reproduktionstest (DIN ISO 11268-2)

Collembolen-Fluchttest (DIN ISO 17512-2)

Collembolen-Reproduktionstest (DIN ISO 11267)

Enchytraeen Reproduktionstest (DIN ISO 16387)

Laufkäfer-(*Poecilus cupreus*)-Larventest; korrigierte Mortalität (HEIMBACH *et al.* 2002)

Laufkäfer-(*Poecilus cupreus*)-Larventest; Verhaltensänderungen (HEIMBACH *et al.* 2002)

Dehydrogenase-Aktivität (DIN ISO 23753-1,-2)

Mikrobielle Biomasse (Bodenatmung) (DIN ISO 16072)

Potentielle Nitrifikation (DIN ISO 15685)

**Tab. 1** Ergebnisse von Laboruntersuchungen zu Auswirkungen langjähriger Kupfereinträge auf das Bodenleben in Modellböden

**Tab. 1** Results of laboratory tests to determine the effects of long-term copper loads on the soil life in model-soils

	GRAA	KARD	HE (25 %)	HE (50 %)	HE (75 %)	HE (99/100 %)
Gesamt-Gehalt [mg Cu/kg TM Boden]	428	151	510	1026	1532	2043
org. Substanz [%]	8,5	4,8				9,6
<b>Prüfverfahren</b>	Signifikante Unterschiede zur Kontrolle. ** alpha ≤ 0,05					
Regenwurm-Fluchttest (48 h)	**			**	**	**
Regenwurm Repro.-Test Wachstum (28 d) + Juvenile (56 d)			**	**	**	**
Collembolen-Fluchttest (48 h)						
Coll.-Repro.-Test (28 d)	**	**				**
<i>Poecilus cupreus</i> - Larventest Korrigierte Mortalität [%]	70	100				5
<i>Poecilus cupreus</i> - Larventest Verhaltensänderung im Vergleich zur Referenz	ja	ja				nein
Substratinduzierte Atmung [mg CO <sub>2</sub> /100 g TM * h]	5,9	5,23	3,80	4,08	5,48	7,51

Tabelle 1 zeigt die Ergebnisse von Laboruntersuchungen zu den Auswirkungen langjähriger Kupfereinträge auf das Bodenleben in Modellböden als Beispiel für die Anwendung und Aussagekraft einer Positivkontrolle als Mittel zur Interpretation der Testsysteme.

Die Labortests an Indikatoren der Bodenmakrofauna und Bodenmikroflora (Tabelle 1) zeigten bezogen auf die eingesetzten Testsysteme und Gesamtkupfergehalte unterschiedliche Ergebnisse. Während sich der das Meidungsverhalten von Würmern nutzende Regenwurmfluchttest (48 h) und der chronische Reproduktionstest (56 d) als sehr empfindlich gegenüber steigenden Kupfergehalten erwiesen, zeigte der Collembolen-Fluchttest über 48 h keine Reaktion. Der erheblich länger laufende Test mit Larven des Laufkäfers *Poecilus cupreus* (Mortalität und Verhaltensänderung) zeigte Effekte an. Hier war allerdings zu beachten, dass die Effekte nicht ausschließlich durch Kupfer zu erklären waren, da außer bei den hoch belasteten Modellböden (HE) keine klare Dosis-Wirkungsbeziehung erkennbar war. Noch deutlicher zeigt sich dies bei der Aktivität der Mikroorganismen. Da die Untersuchungen mit den im Boden vorhandenen Mikroorganismen durchgeführt wurden, hatten diese insofern genügend Zeit, sich an die erhöhten Kupfergehalte zu adaptieren. So war auch der Effekt zu erklären, dass bei der Abstreckung eines Modellbodens mit sehr hohen Kupfergesamtgehalten mit einem Referenzboden mit geringen Gehalten, die substratinduzierte mikrobielle Kurzzeitatmung trotz zunehmender Cu-Gesamtgehalte anstieg. Hier spielten offensichtlich andere Effekte eine Rolle, die noch näher untersucht werden müssen.

### **Ergebnisse von Laboruntersuchungen zu Auswirkungen langjähriger Kupfereinträge auf das Bodenleben im Weinanbau**

Um die Effekte von Kupfer in Weinbergsböden zu untersuchen, wurden 8 Betriebe, die über die Qualitätsweinbaugebiete Deutschlands verteilt sind, beprobt. Die Auswahl der Flächen basiert auf der 2009 begonnenen Erhebung zum Kupfergehalt in der belebten Bodenschicht bis 20 cm Tiefe in den Hauptsonderkulturen Wein-, Obst- und Hopfenbau (RIEPERT *et al.*, 2010 und STRUMPF *et al.*, 2011). Von der Prüffläche (unterschiedlich langer Anbau von Wein), einer Referenzfläche (eine Brache, auf der mindestens seit 10 Jahren kein Wein mehr angebaut bzw. Kupfer ausgebracht wurde) und einer zugeordneten Kontrolle (Fläche auf der kein Wein angebaut wurde bzw. nie kupferhaltige PSM ausgebracht wurden) wurden Bodenproben genommen und im Labor untersucht.

Die Labortests an Indikatoren der Bodenmakrofauna und Bodenmikroflora zeigten bezogen auf die eingesetzten Testsysteme ein uneinheitliches Bild (Tab. 2). Ähnlich wie in früheren Untersuchungen erwies sich der das Meidungsverhalten von Würmern nutzende Regenwurmfluchttest (48 h) als der empfindlichste Test. Auch der erheblich längere Enchytraeen-Reproduktionstest und der bis zu 7 Wochen dauernde Test mit Larven des Laufkäfers *Poecilus cupreus* zeigten Effekte an. Die euedaphisch lebende Collembolenart *Folsomia candida* hingegen erwies sich als unempfindlich gegenüber einer breiten Spanne von Kupferkonzentrationen (siehe auch Tab. 1).

Die mikrobiologischen Funktionstests zeigten hinsichtlich unterschiedlicher Kupferbelastung keine signifikanten Unterschiede zur Kontrolle. Die Unterschiede in den Ergebnissen der Freiland- und Laborstudien lassen sich möglicherweise mit der eher geringen Verfügbarkeit der gealterten Rückstände für die Labortestsysteme begründen (Yu *et al.*, 2002), während die Freilanddaten die längerfristige Entwicklung unerwünschter Effekte auf Populationsebene widerspiegeln. Im Gegensatz zu den anderen ökotoxikologischen Testverfahren wurden hier bei Laboruntersuchungen keine Organismen aus Laborzuchten zugesetzt.

Bekannt ist auch aus den langen Erfahrungen mit der Risikobewertung bei der Umsetzung des Chemikalien- und Pflanzenschutzgesetzes, dass ein biologischer Indikator allein nicht ausreicht, um die Auswirkung von agrarrelevanten Stoffen auf die strukturelle Diversität im Boden zu beschreiben und zu bewerten. Entweder sind diese nur Vertreter eines bestimmten Habitates oder werden in ihrer Lebensweise von einem oder mehreren Parametern beeinflusst, die nicht beim Monitoring oder

Labortest untersucht wurden. Eine Kombination mit möglichst vielen Indikatoren unterschiedlicher trophischer Ebenen und unterschiedlicher Zeitdauer (Problem der Nachhaltigkeit) lassen eine relativ sichere Bewertung der Auswirkungen von Pflanzenschutzmitteln auf das Bodenleben zu.

**Tab. 2** Ergebnisse von Laboruntersuchungen zu Auswirkungen langjähriger Kupfereinträge auf das Bodenleben im Weinanbau

**Tab. 2** Results of laboratory tests to determine the effects of long-term copper loads on the soil life in viniculture

Betriebe		PF02	PF03	RH04	RH06	BA01	BA02	MO03	MO06
Gesamt-Gehalt [mg Cu/kg TM Boden]	PF1	74	179	133	38	27	186	29	227
	PF2					225		212	
	KON	47	28	18	26	88	25	19	22
org. Substanz [%]	PF1	8,4	5,2	10,8	5,2	4,18	4,08	1,97	3,31
	PF2					4,27		3,19	
	KON	8,6	7,7	9,4	6,7	4,24	2,56	2,42	2,09
<b>Prüfverfahren</b>		Statistisch signifikante Unterschiede zur Kontrolle: ** p ≤ 0,05							
Regenwurm-Fluchttest (48 h)					**		**	**	**
Regenwurm Repro.-Test Wachstum (28 d) + Juv. (56 d)			**			Sehr geringe Repro. in Kontrolle u. PF		Geringere Repro. in Kontrolle	**
Collembolen-Fluchttest (48 h)					**	Keine Tests durchgeführt			
Coll.-Repro.-Test (28 d)				**					**
Enchytraeen Repro.-Test (21d)			**				**		**
<i>Poecilus cupreus</i> - Larventest Käfergewichte						**		**	**
<i>Poecilus cupreus</i> - Larventest Korrigierte Mortalität > 50 % Prüffläche		nein	nein	nein	nein	nein	nein	nein	nein
<i>Poecilus cupreus</i> - Larventest Verhaltensänderungen Prüffläche zu Referenz		nein	ja	nein	ja	nein	nein	nein	nein
Dehydrogenase-Aktivität				**					
Mikrobielle Biomasse						**			
Potentielle Nitrifikation					**	**	**		n.d.

## Literatur

DIN ISO 11267:2001 Bodenbeschaffenheit – Hemmung der Reproduktion von Collembolen (*Folsomia candida*) durch Bodenschadstoffe (ISO 11267:1999).

DIN ISO 15685:2004 Bodenbeschaffenheit – Bestimmung der potentiellen Nitrifizierung und Hemmung der Nitrifizierung – Schnellverfahren mittels Ammoniumoxidation (ISO 15685:2004).

DIN ISO 23753-1:2006 Bodenbeschaffenheit – Bestimmung der Dehydrogenaseaktivität in Böden – Teil 1 Verfahren mit Triphenyltetrazoliumchlorid (TTC) und Teil 2: Verfahren mit Iodotetrazoliumchlorid (ISO 23753-1,2:2005).

DIN ISO 17512-2:2009 Bodenbeschaffenheit – Vermeidungstest zur Bestimmung der Bodenbeschaffenheit und der Auswirkungen von Chemikalien auf das Verhalten – Teil 1: Prüfung mit Collembolen (*Folsomia candida*) (ISO/CD 17512-2:2008).

DIN ISO 17512-1:2010 Bodenbeschaffenheit – Vermeidungstest zur Bestimmung der Bodenbeschaffenheit und der Auswirkungen von Chemikalien auf das Verhalten – Teil 1: Prüfung von Regenwürmern (*Eisenia fetida* und *Eisenia andreii*) (ISO 17512-1:2008).

DIN ISO 11268-2:2010 Bodenbeschaffenheit – Wirkung von Schadstoffen auf Regenwürmer (*Eisenia fetida/Eisenia andreii*) – Teil 2: Bestimmung der Wirkung auf die Reproduktionsleistung (ISO CD 11268-2:2010).

DIN ISO 16072:2011 Bodenbeschaffenheit – Laborverfahren zur Bestimmung der mikrobiellen Bodenatmung (ISO 16072:2002).

DIN ISO 14240-1:2011 Bodenbeschaffenheit – Bestimmung der mikrobiellen Biomasse von Böden – Teil 1: Substrat-induziertes Respirationsverfahren (ISO 14240-1:1997) Deutsche Fassung EN ISO 14240-1:2011.

HEIMBACH, U., B. BAIER, M. BARTH, S. BLÜMEL, I. GEUJEN, B. JÄCKEL, C. MAUS, K. NIENSTEDT, S. SCHMITZLER, P. STÄBLER, A.

UFER and G. WINKELMANN, 2002: First ring test results of a laboratory method to evaluate effects of plant protection products on larvae of *Poecilus cupreus* (Coleoptera: Carabidae). IOBC/wprs Bulletin vol. **25** (11), 19-26.

RIEPERT, F., A. STEINDL, R. EIBACH, M. MAIXNER, CH. REICHMUTH, J. STRASSEMAYER and T. STRUMPF, 2010: Monitoring of total contents of copper in organically and conventionally managed soils. Part 1: Study plan and preliminary sampling of copper and other anthropogenic induced heavy metal contents in vineyard soils. Journal für Kulturpflanzen, **662** (2), 42-50.

RIEPERT, F., 2009: Auswirkungen von Kupferbelastungen auf ausgewählte Indikatoren der Bodenöziose, Journal für Kulturpflanzen, **61** (4), 131-139.

STRUMPF, T., A. STEINDL, J. STRASSEMAYER und F. RIEPERT, 2011: Erhebung von Kupfergesamtgehalten in ökologisch und konventionell bewirtschafteten Böden. Teil 1: Gesamtgehalte in Weinbergsböden deutscher Qualitätsanbaugebiete. Journal für Kulturpflanzen, **63** (5), 131-143.

YU, S., Z. L. HE, C. Y. HUANG, G. C. CHEN and D. V. CALVERT, 2002: Adsorption-desorption behavior of copper contaminated levels in red soils from China. J. Environ. Qual. **31**, 1129-1136.

## Russisch-Deutsche Kaukasusexpedition 2011

*Russian-German expedition into the Caucasus 2011*

Monika Höfer\*, Henryk Flachowsky & Magda-Viola Hanke

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, Pillnitzer Platz 3a, D-01326 Dresden

\* Korrespondierender Autor, monika.hoefer@jki.bund.de, +49(0)351 2610271

DOI: 10.5073/jka.2012.436.014

### Zusammenfassung

Vom 22. August bis 4. September 2011 fand eine gemeinsame Sammelreise von Wissenschaftlern des Julius Kühn-Institutes (JKI) und russischen Wissenschaftlern des Nikolaj I. Vavilov Forschungsinstitutes für Pflanzenbau (VIR) im nördlichen Kaukasus statt. Ziel der Expedition war es, genetische Ressourcen von im Kaukasus vorkommenden Obstarten zu sammeln und diese in die Genbanken der beteiligten Institute zu überführen. Das gesammelte Material wird von den beteiligten Partnern gleichermaßen evaluiert und auf das Vorkommen wertgebender Eigenschaften geprüft, um nachfolgend neues Ausgangsmaterial für künftige Züchtungsarbeiten bereitzustellen und Core-Kollektionen für die Obstarten abzuleiten.

**Stichwörter:** Apfel, Birne, *Malus orientalis*, *Pyrus caucasica*, Russland, genetische Ressourcen, Obstarten

### Summary

From August 22<sup>nd</sup> to September 4<sup>th</sup>, 2011 a joint expedition of scientists from Germany and Russia of the Julius Kühn-Institute (JKI) and the Nikolaj I. Vavilov Research Institute of Plant Industry (VIR) into North Caucasus has been taken place. The expedition was aimed on collection of fruit genetic resources in this region and their introduction into national collections for fruit genetic resources of both countries. Subsequently, the collected material will be evaluated by the participating partners regarding sources of agronomical important traits in order to provide new resources for breeding purposes, and aid in determining accessions for core collections of the fruit species.

**Key words:** apple, pear, *Malus orientalis*, *Pyrus caucasica*, Russia, fruit species, genetic resources

---

Die wissenschaftliche Transliteration von dem Kyrrillischen in das Lateinische erfolgte entsprechend GOST 7.79-2002 and ISO 9:1995.

### Einleitung

Das Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst des Julius Kühn-Institutes (JKI) am Standort Dresden-Pillnitz (ZGO) hat die Aufgabe, obstgenetische Ressourcen zu erhalten und neue Obstsorten bei Apfel, Kirsche und Erdbeere zu züchten. Der Schwerpunkt der Züchtungsarbeiten liegt dabei neben der Erhöhung der Fruchtqualität vor allem in der Verbesserung der Resistenz neuer Obstsorten gegenüber bedeutenden Schaderregern und abiotischen Stressfaktoren. Dabei spielen die Werteigenschaften in den genetischen Ressourcen der Wildarten eine entscheidende Rolle. Neben der Evaluierung der vorhandenen Sammlungen in der Obstgenbank des ZGO in Dresden-Pillnitz kommt der Suche von geeigneten genetischen Ressourcen in den mit Kulturarten verwandten Wildarten (im internationalen Sprachgebrauch ‚crop wild relatives‘) in den genetischen Mannigfaltigkeitszentren eine herausragende Bedeutung zu. Bereits Vavilov (1930) charakterisierte den Kaukasus als Zentrum unermesslicher Wälder, die einzig und allein aus den wilden Vorfahren des Obstes bestehen. BURMISTROV (1995) spezifizierte den Kaukasus als eines der reichsten Diversitätszentren von wilden Obstarten der Erde: über 260 Arten von 37 Gattungen wurden nachgewiesen. In diesem Gesichtspunkt erfolgte im August/September 2011 eine Sammelexpedition in den Nordkaukasus an der sowohl Wissenschaftler aus dem JKI in Dresden-Pillnitz als auch des Nikolaj I. Vavilov Forschungsinstitutes für Pflanzenbau (VIR) in St. Petersburg und

Maikop teilnahmen. Das Hauptziel der Expedition war es, genetische Ressourcen der Obstarten *Malus orientalis* als auch *Pyrus caucasica*, *Prunus cerasifera* und *Fragaria* zu sammeln. Gleichzeitig bestand das Interesse darin, Landsorten bei Apfel und Birne, die auf die alte Gartenbaukultur der Tscherkessen (Adygeer) zuführen sind, aufzufinden und Reisermaterial zu entnehmen.

### Verlauf der Sammelexpedition

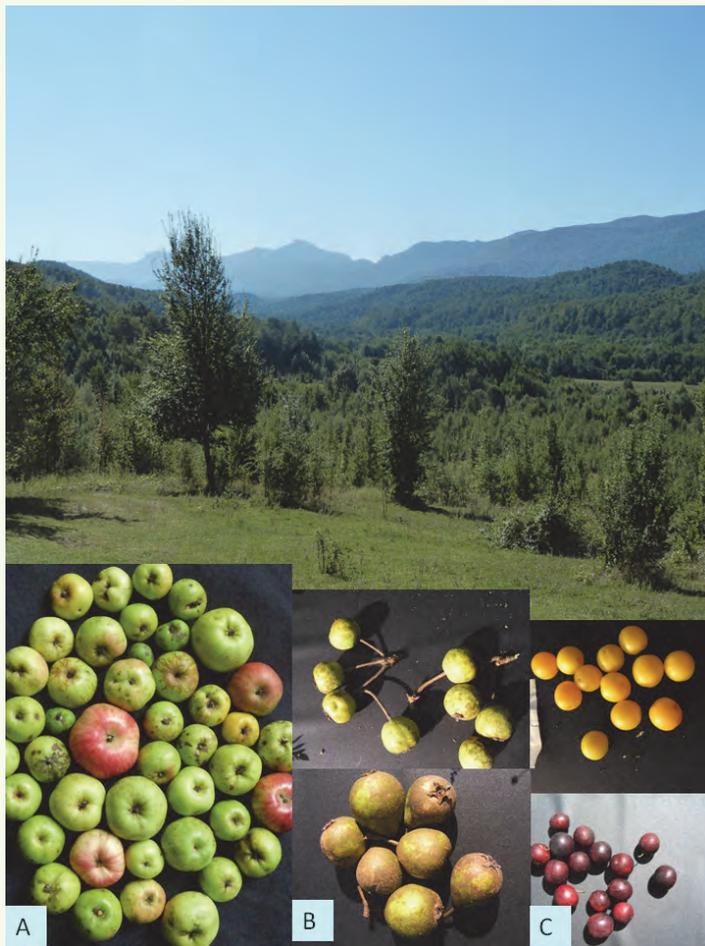
Am 22. August 2011 reiste die russisch-deutsche Wissenschaftlergruppe nach einem Besuch des VIR in St. Petersburg in das von Moskau 1.200 km südlich gelegene Krasnodar. Per Auto erreichten die Teilnehmer nach 130 km in südöstliche Richtung Maikop, die Hauptstadt der Teilrepublik Adygea. Der Name Maikop bedeutet auf adygeisch ‚Tal der Äpfel‘, was noch einmal mehr das Ziel der Expedition unterstreicht. Die Versuchsstation des VIR in Maikop befindet sich etwas außerhalb in der Übergangszone vom Kaukasusvorland in die Kubanebene. Neben der Erhaltung und Evaluierung von Pflanzensammlungen bei landwirtschaftlichen und gartenbaulichen Kulturen, u.a. Klee, Luzerne, Getreide, Kartoffel, Winterraps, Rübe, Sonnenblume, Tomate, Aubergine, Salat, Knoblauch, Zwiebel, Paprika, Gurke und Kohl, besitzt die Versuchsstation in Maikop eine Obstsammlung von ca. 5.000 Akzessionen von Apfel, Birne, Pflaume, Süßkirsche, Erdbeere sowie Haselnuss.

Nach dem Besichtigung der Versuchsstation Maikop und dem Treffen letzter Vorbereitungen startete die Expedition am 24. August 2011 in Richtung Kaukasus. An den ersten drei Expeditionstagen wurden Sammelexkursionen in die Umgebung der Versuchsstation nach Dagestanskaâ, Novosvobodnaâ und Timirâzeva unternommen. Ziel war es, neben den im Kaukasus wild vorkommenden Obstarten *Malus orientalis*, *Pyrus caucasica* und *Prunus cerasifera* alte Apfel- und Birnensorten in verlassenen Kosakendörfern zu sammeln. Die Region um Maikop ist durch viele ehemalige landwirtschaftlich intensiv genutzte Flächen charakterisiert, welche über die Jahre verwildert sind. Auf diesen Flächen wachsen Zufallsämlinge von Apfel und Birne, die sowohl auf reine Wildarten als auch auf Kreuzungen zwischen Wild- und Kulturformen zurückgehen. Auf diesen Flächen konnte eine sehr große biologische Vielfalt insbesondere bei Apfel nachgewiesen werden, die sich in der Größe, der Farbe und der Form der Früchte sowie der Reaktion auf den Befall mit unterschiedlichen Schaderregern widerspiegelte (Abb. 1). Das Vorkommen einer solchen Diversität in einem begrenzten Areal ist für Züchter ideal, da neben besonderen phänotypischen Merkmalen auch extrem widerstandsfähiges Pflanzenmaterial ausgelesen werden kann.

In den darauffolgenden fünf Tagen durchquerte die Expedition den Kaukasus in Richtung Süden bis zum Schwarzen Meer, wobei neben Orten in der Teilrepublik Adygea auch Teile der Region Krasnodar durchquert wurden: Apšeronsk – Hadyžensk – Tal des Flusses Pšiš (Abb. 2) zum Šaumân Pass – Gojthskij Pass – Tuapse. Von der Stadt Tuapse am Schwarzen Meer ging es entlang der Küstenstraße Richtung Nordwesten und dann wieder über die Berge zurück nach Maikop: Šepsi – Aul Aguj-Šapsug und Psebe – Džubga – Richtung Nordwest Gorâčij Klûč (vgl. Hanke *et al.*, 2012). Neben der Sammlung von *Malus orientalis* und *Pyrus caucasica* *in situ* waren insbesondere in den Aul in der Nähe vom Schwarzen Meer (der Begriff Aul bezeichnet bei den Turkvölkern eine Siedlung oder ein Dorf) das Auffinden von alten lokalen kaukasischen Apfel- und Birnensorten von großer Bedeutung. Eine besondere Stellung nehmen dabei die so genannten tscherkessischen Sorten ein, welche durch das Volk der Tscherkessen (Adygeer) im Ergebnis einer 3.000 Jahre alten Gartenbaukultur geschaffen worden sind. Eine der spezifischen Charakteristika der adygeischen Obstproduktion war die sehr hohe Diversität hinsichtlich der Sortenstruktur. Die Obstproduktion war nicht auf die Gärten in der Nähe der Häuser begrenzt, der umgebende Wald wurde in den sogenannten Wald-Garten transformiert. U. a. wurden die tscherkessischen Sorten Čerkesskij Bergamot (Birne) und Čerkesskij Rozmarin (Apfel) gefunden.

Am 1. September 2011 war es das Ziel der Expedition, das Hochplateau von Lago-Naki zu erreichen. Dieses Hochplateau nimmt eine Fläche von 650 km<sup>2</sup> ein und befindet sich in einer Höhe zwischen 1.490 m und 2.200 m über NN. Rund um das Plateau erheben sich einige ‚Dreitausender‘ des Hochkaukasus. Ein Großteil dieses Gebietes gehört zum UNESCO-Weltkulturerbe. Am Fuße des Plateaus konnten Wildäpfel bis zu einer Höhe von über 1.300 m über NN gefunden werden, auf 1.745 m über NN wurde der Azišskij Pass erreicht. Auf dem Rückweg nach Maikop bestand die

Möglichkeit das Kloster Svâto-Mihajlovskij, welches 1878 gegründet wurde und zu bedeutendsten Klöstern in der Kaukasusregion zählte, zu besuchen. Nachdem im Jahre 1928 das Kloster geschlossen wurde und die Gebäude zerstört wurden, wird es seit 2001 wieder aufgebaut. Der Klostergarten mit einem alten, vermutlich aus der Entstehungszeit erhaltenen Baumbestand, war in gutem Erhaltungszustand und Reisermaterial von Apfel- und Birnensorten konnte gesammelt werden. Am 10. und letzten Tag der Expedition bestand noch einmal die Möglichkeit in den Waldgebieten in der Nähe von Maikop zu sammeln. Hauptziel dieses Tages war eine alte verlassene, mitten im Wald gelegene Obstanlage des Kosakenatamans Krylov. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt konnte man zwischen anderen Bäumen und einer enormem Strauch- und Krautschicht nur mit Mühe noch einzelne Apfel- und Birnenbäume ausfindig machen. Nach dem Verpacken des Sammelmaterials und dem Einholen der notwendigen phytosanitären Zertifikate wurde am 4. September von Krasnodar aus die Heimreise gestartet.



**Abb. 1** Bäume von *Malus orientalis* und *Pyrus caucasica* auf den Gebirgswiesen des Kaukasus; Vielfalt der Früchte in Farbe, Größe und Form **A:** *Malus orientalis*, **B:** *Pyrus caucasica*, **C:** *Prunus cerasifera*

**Fig. 1** Naturally grown *Malus orientalis* and *Pyrus caucasica* in the meadow of the Caucasus; diversity of fruits in color, size and shape **A:** *Malus orientalis*, **B:** *Pyrus caucasica*, **C:** *Prunus cerasifera*



**Abb. 2** Landschaftsbild am Fluss Pšiš; im Hintergrund die Pässe des Kaukasus  
**Fig. 2** Landscape on the river Pšiš; in the background passes of the Caucasus

### Fazit und Ausblick

Insgesamt wurden in den Expeditionstagen ca. 1.500 km zurückgelegt und acht Sammlungsgebiete aufgesucht. Das Hauptgebiet der Expedition lag zwischen 44°10' N Breite und 40°26' E Länge. Die Sammlungsbäume lagen in einer Höhe von 67 bis 1.033 m über dem Meeresspiegel. Für *Malus orientalis* konnten 103 Bäume bonitiert und beerntet werden (Tab. 1). 7.955 Samen wurden gesammelt. Auf einem speziell für die Expedition ausgearbeiteten Boniturbogen wurden 26 morphologische Merkmale erfasst, wobei vier die Baummorphologie und 22 die Früchte beschrieben. Außerdem wurde eine Fotodokumentation von allen Akzessionen angefertigt. Von den anderen Obstarten wurden bei *Pyrus caucasica* von 26 Bäumen 891 Samen und bei *Prunus ceracifera* von zehn Bäumen 160 Steine gewonnen. Zusätzlich wurden 21 Pflanzen von *Fragaria vesca* und sieben Pflanzen der Wilderbeere *Fragaria viridis* mitgebracht. Neben Samen und Pflanzen der wilden Obstarten wurden Reiser von 40 alten Lokalsorten bei Apfel, Birne und Kirsche zur vegetativen Vermehrung geschnitten.

Das gesammelte Material wird von den beteiligten Partnern gleichermaßen evaluiert und auf das Vorkommen wertgebender Eigenschaften geprüft, um nachfolgend neues Ausgangsmaterial für künftige Züchtungsarbeiten bereitzustellen und Core-Kollektionen für die Obstarten abzuleiten. Im Detail werden Resistenztests mit dem Erreger von Apfelschorf (*Venturia inaequalis*), Mehltau (*Podosphaera leucotricha*), und Feuerbrand (*Erwinia*), Untersuchungen der genetischen Diversität unter Einsatz von einem standardisierten Set von SSR-Markern (vorgeschlagen von ECP/GR) und umfangreiche phänotypische Evaluierungen an den Nachkommenschaften durchgeführt, die es erlauben werden, Aussagen zur Populationsgenetik und der Diversität zwischen und innerhalb der Sammlungsgebiete der Expedition im Nordkaukasus zu treffen.

**Tab. 1** Anzahl der gesammelten Proben der einzelnen Wildobstarten und Kultursorten  
**Tab. 1** *Number of samples of the wild fruit species and cultivars collected*

<b>Gattung</b>	<b>Art</b>	<b>Anzahl Proben</b>	
<i>Malus</i>	<i>orientalis</i>	103	7955 Samen
	<i>x domestica</i>	27*	
<i>Pyrus</i>	<i>caucasica</i>	26	891 Samen
	<i>communis</i>	12*	
<i>Fragaria</i>	<i>vesca</i>	21*	
	<i>viridis</i>	7*	
<i>Prunus</i>	<i>cerasifera</i>	10	160 Steine
	<i>domestica</i>	1*	

\* Reiser bzw. Pflanzen

## Literatur

BURMISTROV, L., 1995: New Crops and Wild Fruits and Nuts. URL:  
[http://www.newcrops.uq.edu.au/acotanc/papers/burmis%t2.htm\\_\(Stand:17.01.2012\)](http://www.newcrops.uq.edu.au/acotanc/papers/burmis%t2.htm_(Stand:17.01.2012))

HANKE, M.-V., H. FLACHOWSKY, M. HÖFER, V. SEMĚNOV, A. ŠLĀVAS, I. BANDURKO, A. SOROKIN and S. ALEXANIAN, 2012: Collecting fruit genetic resources in the North Caucasus region. *Journal für Kulturpflanzen*. **64**, 126-136.

VAVILOV, N. I., 1930: Wild progenitors of the fruit trees of Turkestan and the Caucasus and the problem of the origin of fruit trees. *Rep. Proc. 9th Intl. Hort Congr.*, 271-286.

## Innerartliche Vielfalt

### Identifizierung, Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK)

*Identification, establishment and development of genetic reserves for crop wild relatives (CWR)*

Lothar Frese\*, Christoph Germeier & Marion Nachtigall

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

\*Korrespondierender Autor, lothar.frese@jki.bund.de, +49(0)3946 47701

DOI: 10.5073/jka.2012.436.015

#### Zusammenfassung

Mit Kultur- und Nutzpflanzenarten verwandte Wildarten sind ungeachtet ihres großen Potenzials als Quellen neuartiger genetischer Variation für die Pflanzenzüchtung nicht ausreichend geschützt. Zur Verbesserung ihres langfristigen Schutzes fordern sowohl internationale als auch nationale Biodiversitätsstrategien die Umsetzung einer In-situ-Erhaltungsstrategie, insbesondere für jene Arten, die für den Menschen von unmittelbarer Bedeutung sind. Zur Operationalisierung dieser Strategie wurde im Rahmen des vom Julius Kühn-Institut koordinierten AEGRO-Projektes die Konzeption des genetischen Schutzgebietes erprobt. Für vier Kulturpflanzengattungen (*Avena*, *Beta*/*Patellifolia*, *Brassica*, *Prunus*) wurde das Konzept bis zur Anwendungsreife weiterentwickelt. Nur vier Entscheidungsschritte sind notwendig, um aus einer Vielzahl in Europa verbreiteter Arten jene Vorkommen auszuwählen, für die der Ausbau eines genetischen Schutzareals erforderlich ist. Zur Unterstützung dieser Vier-Schritte-Methode wurden das Informationssystem „Population Level Information System“ (PLIS) und zur Dokumentation der Ergebnisse des Auswahlverfahrens das Informationssystem „Genetic Reserve Information System (GenResIS)“ entwickelt. In GenResIS sind detaillierte ökogeographische Informationen zu 52 genetischen Schutzgebieten und den darin vorkommenden Arten zu finden. Diese Schutzgebiete dienen nicht nur zur Bewahrung oder Wiederherstellung eines guten Erhaltungszustandes von Pflanzenarten in ihrem natürlichen Lebensraum, sondern auch der Erhaltung von Genen für die Pflanzenzüchtung, wie exemplarisch am Beispiel von *Beta vulgaris* subsp. *maritima* als Quelle der Resistenz gegen das Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV) erläutert wird.

**Stichwörter:** Genetische Ressourcen, In-situ-Erhaltungsstrategie, genetische Schutzgebiete, Wildarten

#### Abstract

Despite their great potential as sources of novel genetic variation for plant breeding crop wild relatives are not protected sufficiently. International as well as national biodiversity strategies call therefore the implementation of the *in situ* conservation strategy, in particular for those species of immediate relevance to mankind. The genetic reserve concept was tested in the context of the AEGRO project, coordinated by the Julius Kühn-Institut, to operationalise the *in situ* conservation strategy and to develop the concept for the genera *Avena*, *Beta*/*Patellifolia*, *Brassica*, *Prunus* to the point that it can be put into use. Only four decision steps are required to determine those occurrences among the multitude of species distributed in Europe for which the establishment of a genetic reserve is essential. The information system “Population Level Information System” (PLIS) was developed to support the four step methodology; the “Genetic Reserve Information System” (GenResIS) was established to document the results of the selection procedure. GenResIS provides detailed ecogeographic information on 52 genetic reserves as well as on species occurring within these areas. The reserves do not only serve the protection or recovery of species in their natural habitat. They also serve the maintenance of genes for plant breeding as explained using *Beta vulgaris* subsp. *maritima*, the source of resistance against the Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV), as an example.

**Keywords:** Genetic resources, in situ conservation strategy, genetic reserve, wild species

## Einleitung

Mit unseren Kultur- und Nutzpflanzen verwandte Wildarten sind auch in ökonomischer Hinsicht wertvolle Ausgangsressourcen (HODGKIN und HAJJAR, 2008) für die Pflanzenzüchtung. Wildgerste (SCHOLZ *et al.*, 2008), Wildrüben (BIANCARDI *et al.*, 2012), Wildkartoffeln (THIEME *et al.*, 2012) und viele andere Arten nutzen Pflanzenzüchter als Ausgangsmaterial zur Einkreuzung spezifischer Eigenschaften sowie zur Erweiterung der genetischen Variation agronomischer Eigenschaften (z. B. SCHMALENBACH *et al.*, 2009). Obwohl das International Biological Programme (IBP) bereits in den 1970er Jahren die große Bedeutung von Wildpflanzenarten für die Erhaltung der Produktivität in der Landwirtschaft hervorhob und bereits damals auf die Bedrohung von Wildarten durch die fortschreitende Zerstörung ihrer Lebensräume hinwies (FRANKEL, 1970), wurden Wildpflanzenarten nur sporadisch gesammelt und in Genbanken konserviert. Erst zu Beginn des 21. Jahrhunderts beschloss die internationale Staatengemeinschaft angesichts des unverminderten Artenschwundes die Globale Strategie zur Erhaltung der Pflanzen mit dem Ziel, die Artenverlustrate zu vermindern (CBD, 2002). Der Schutz genetischer Vielfalt von Pflanzenarten wird auch in der Agrobiodiversitätsstrategie des BMELV (2007) als Ziel ausdrücklich genannt.

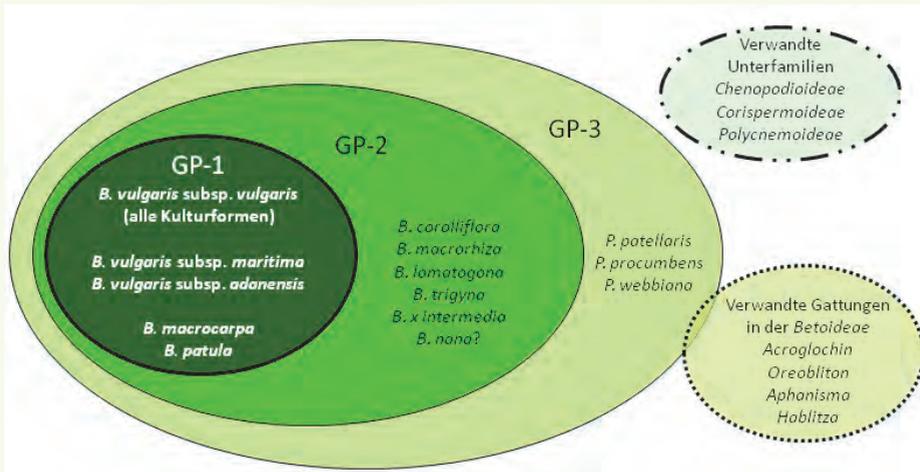
Eine Analyse der Daten von EURISCO, dem zentralen Inventar europäischer Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen, ergab, dass nur 9% aller Genbankkzessionen zur Kategorie „Wildarten“ gehören (DIAS *et al.*, 2012). Mithin wird eine wichtige Ausgangsressource der Pflanzenzüchtung weder durch europäische Genbanken noch im Rahmen des Natur- und Artenschutzes ausreichend geschützt (MAXTED *et al.*, 1997). Deshalb entwickelte das „*In situ* and On-farm Conservation Network“ des Europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) eine Konzeption für die Erhaltung züchterisch wichtiger Wildpflanzenarten in Schutzgebieten und initiierte das EU-Projekt „An Integrated European *In Situ* Management Workplan: Implementing Genetic Reserve and On Farm Concepts“ (AEGRO, Laufzeit 2007 – 2011). Das Ziel des AEGRO-Projektes bestand in der beispielhaften Erprobung dieser Konzeption anhand ausgewählter Arten sowie in der Förderung der In-situ-Erhaltung landwirtschaftlich und gartenbaulich nutzbarer Arten. Dieser Beitrag beschreibt ein Verfahren für den Aufbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK) und fasst die wesentlichen Ergebnisse des AEGRO-Projektes zusammen.

## Definitionen

Im Artikel 5.1., d) des Internationalen Vertrages über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vereinbarten die Vertragsparteien eine Förderung der „In-situ-Erhaltung von verwandten Wildarten der Nutzpflanzen und von Wildpflanzen für die Nahrungsmittelerzeugung – auch in Schutzgebieten“. In-situ-Erhaltung ist laut Art. 2 des Internationalen Vertrages die Erhaltung von Ökosystemen und natürlichen Lebensräumen sowie die Bewahrung und Wiederherstellung lebensfähiger Populationen von Arten in ihrer natürlichen Umwelt (BGBL, 2003). Die 10. Vertragsstaatenkonferenz zur Konvention über biologische Vielfalt (CBD) betont ebenfalls in ihrem strategischen Plan für den Zeitraum von 2011 – 2020 die Notwendigkeit zur Verbesserung des Erhaltungszustandes wildlebender Verwandter von Kulturarten innerhalb und außerhalb bestehender Schutzgebiete (CBD, 2010). Ein strategischer Entwurf kann keine konkreten Lösungsansätze für Probleme bieten. Vielmehr müssen diese im Rahmen der Operationalisierung der Strategie entwickelt werden. Hierfür ist eine Definition der Erhaltungsobjekte und ihrer hierarchischen Ordnung notwendig. Es gibt drei Hierarchieebenen der biologischen Vielfalt: die Ebene (1) der innerartlichen Vielfalt, (2) der Artenvielfalt und (3) der Vielfalt der Lebensgemeinschaften. Lebensgemeinschaften sind bestimmten Lebensraumtypen zugeordnet und stehen mit diesen in Wechselwirkung (OTT *et al.*, 2007).

Ein wichtiges Ziel der In-situ-Erhaltungsstrategie besteht in der Vermeidung oder Verminderung des Verlustes innerartlicher Vielfalt; denn ohne ausreichende genetische Vielfalt innerhalb von Populationen ist deren Anpassungsfähigkeit gefährdet. Nach Artikel 5.1. Abs. d) des Internationalen

Vertrages ist das Erhaltungsobjekt eine „wildlebende Verwandte von Kulturarten“ (WVK). Ob eine Art zur dieser Kategorie gehört, entscheidet der Grad ihrer Verwandtschaft mit einer Kultur- oder Nutzpflanzenart (MAXTED *et al.*, 2006). Als Entscheidungsgrundlage dient das Genpool-Konzept von HARLAN und DE WET (1971). Alle zum primären, sekundären und tertiären Genpool gehörenden Arten gelten danach als WVK (Abb. 1). Exemplarisch dargestellt sind WVK-Arten der Kulturrüben (Zucker- und Futterrübe sowie gartenbaulich genutzte Formen) und ihre Einordnung in den jeweiligen Genpool. Kreuzungsbarrieren zwischen dem primären, sekundären und tertiären Genpool erschweren die Einkreuzung von Eigenschaften aus Wildarten in die Kulturform. Je nach Ausprägung der Kreuzungsbarriere werden Arten in den primären (GP-1, keine oder sehr schwache Kreuzungsbarrieren), sekundären (GP-2, ausgeprägte Kreuzungsbarrieren) und tertiären (GP-3, Überwindung von Kreuzungsbarrieren sehr schwierig) Genpool eingeordnet.



**Abb. 1** Einteilung von Arten der Gattungen *Beta* und *Patellifolia* in GP-1, 2 oder 3 (nach JASSEM, 1992 sowie KADEREIT *et al.*, 2006)

**Fig. 1** Classification of species of the genus *Beta* and *Patellifolia* into the primary (GP-1), secondary (GP-2) or tertiary (GP-3) gene pool (according to JASSEM, 1992 as well as KADEREIT *et al.*, 2006)

Für den Schutz innerartlicher Vielfalt entwickelten MAXTED *et al.*, (1997) das Konzept des genetischen Schutzgebietes. Ein genetisches Schutzgebiet ist definiert als Fläche, die für aktive und dauerhafte Erhaltungsmaßnahmen ausgewiesen wird und auf der Management und Monitoring der genetischen Diversität natürlich vorkommender Wildpopulationen erfolgen. Aus pragmatischen Gründen sollten genetische Schutzgebiete zunächst innerhalb bestehender, durch die Naturschutzgesetzgebung gesicherter Gebiete eingerichtet werden. Für den Schutz wichtiger Wildpflanzenpopulationen außerhalb gesetzlich geschützter Gebiete besteht eine Notwendigkeit, wie OETMANN (1994) für *Lolium perenne* darstellte, jedoch fehlt eine Konzeption für die fachpraktische Umsetzung damit verbundener Maßnahmen.

### Identifizierung genetischer Schutzgebiete

In der euro-mediterranen Region sind 30.983 Pflanzenarten bekannt. Davon gelten 23.483 als nutzbare oder potenziell nutzbare Arten (KELL *et al.*, 2008). Angesichts dieser Zahlen erscheinen Maßnahmen zum Schutz individueller Vorkommen einer spezifischen Art als ein nicht realistisches Unterfangen. Untersuchungen von MAXTED *et al.* (2007) zeigen indes, dass 66 % der 226 in England heimischen WVK-Arten in nur 17 Schutzgebieten vorkommen, mithin wenige Institutionen

populationserhaltende oder – stärkende Pflegemaßnahmen bei ausgewählten WVK durchführen müssten.

Da die Kapazitäten für Artenschutzmaßnahmen begrenzt sind, gilt es, jene WVK-Vorkommen zu identifizieren, die besonders schützenswert sind. Zu diesem Zweck entwickelten KELL *et al.* (2012) ein Verfahren, welches in vier Schritten zur Auswahl von Vorkommen und Flächen für genetische Schutzgebiete führt.

#### Zuordnung von Taxa zu einem Genpool (Schritt 1)

Der erste Schritt besteht in der Auflistung von Arten und die Zuordnung klar voneinander abgrenzbarer Taxa zu einem Genpool. Hierfür wurden aus Veröffentlichungen und Datenbanken wie EURSICO, den ECCDB und GBIF Informationen zu Arten der Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* zusammengetragen, harmonisiert und analysiert. Diese zwingend erforderlichen informationstechnischen Vorarbeiten erwiesen sich als außerordentlich zeitaufwändig, weil die Datenquellen unterschiedlich strukturiert und die Qualität der Daten eine teils manuelle Aufbereitung erforderte. Dies betraf sowohl die Fundortbeschreibungen als auch die taxonomischen Bezeichnungen. Letztere mussten zunächst in akzeptierte Artnamen und ihre Synonyme aufgeteilt werden. Die Tab. 1 zeigt zur Illustration dieses Arbeitsschrittes die im AEGRO-Projekt verwendeten akzeptierten Taxa der Gattungen *Beta* und *Patellifolia*. Das verwendete System entspricht mit geringen Abweichungen dem System für die Gattungen *Beta/Patellifolia* des USDA/ARS (2012). Nach der Festlegung eines taxonomischen Systems folgte der zweite Entscheidungsschritt.

**Tab. 1** Im AEGRO-Projekt verwendetes taxonomisches System für Arten der Wild- und Kulturrübe.

**Tab. 1** *Taxonomic system for species of cultivated and wild beets used in the AEGRO project.*

---

*Beta macrocarpa* Guss.  
*Beta patula* Aiton  
*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*  
*Beta vulgaris* subsp. *maritima* (L.) Arcang.  
*Beta vulgaris* subsp. *adanensis* (Pamukç. ex Aellen) Ford-Lloyd & J. T. Williams  
*Beta corolliflora* Zosimovic ex Buttler  
*Beta macrorhiza* Steven  
*Beta lomatogona* Fisch. & C. A. Mey.  
*Beta trigyna* Waldst. & Kit.  
*Beta* × *intermedia* Bunge  
*Beta nana* Boiss. & Heldr.  
*Patellifolia procumbens* (C. Sm.) A. J. Scott et al.  
*Patellifolia patellaris* (Moq.) A. J. Scott et al.  
*Patellifolia webbiana* (Moq.) A. J. Scott

---

#### Bildung einer Prioritätenliste für Taxa eines Genpools (Schritt 2)

Zur Ermittlung der Position (Grad der Schutzbedürftigkeit) einer Art auf der Rangfolgenliste können ethische, rechtliche, ökonomische, demographische, geographische und genetische Kriterien herangezogen werden. Im Rahmen von Fallstudien wurde die Dringlichkeit von Schutzmaßnahmen für in Europa heimische Arten der Gattungen *Avena*, *Beta*, *Brassica* ermittelt. Die Ergebnisse zeigen, dass in der Regel solche Arten ausgewählt wurden, die nach den IUCN-Kriterien als gefährdet gelten. Von den 14 in Tab. 1 genannten Taxa wurde 4 *Beta*- und 2 *Patellifolia*-Arten auf die Prioritätenliste gesetzt und der Aufbau genetischer Schutzgebiete für diese Arten vorgeschlagen.

### Analyse der Diversität innerhalb ausgewählter Taxa (Schritt 3)

Innerhalb einer Art gilt es, Vorkommen im Verbreitungsareal zu finden, die zusammen die innerartliche Vielfalt einer Art repräsentieren. Hierzu sind systematische ökogeographische Studien, wie sie beispielsweise VON BOTHMER *et al.* (1991) für *Hordeum* vornahmen, sowie Untersuchungen zur räumlichen Verteilung genetischer Diversität von Arten eines Genpools notwendig (z. B. LETSCHERT, 1993). Im Rahmen des AEGRO-Projektes standen keine Kapazitäten für systematische Studien zur Verfügung. Vielmehr musste die Auswahl von Vorkommen auf der Grundlage von vorhandenem Wissen vorbereitet werden.

Bereits MARSHALL und BROWN (1975) befassten sich mit der Frage, wie eine Art zur Sicherung ihrer genetischen Variation zu bemustern sei. Sie unterteilten Allele in häufige und seltene sowie weit oder lokal verbreitete. Von besonderem Interesse für die Erhaltung innerartlicher Vielfalt ist die Gruppe der nur lokal – aber dort häufig – vorkommenden Allele, die auf eine Anpassung von Vorkommen einer Art an spezifische Standortbedingungen hinweisen. Im Fall der 4 *Beta*- und 2 *Patellifolia*-Arten erfolgte die Auswahl von Vorkommen auf der Grundlage von Daten zu Standorten, die von Sammlern genetischer Ressourcen aufgezeichnet und in der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) dokumentiert wurden. Ferner wurden Vorkommen aus klimatisch unterschiedlichen Verbreitungsarealen in die engere Wahl genommen und Kenntnisse über genetische Unterschiede zwischen Vorkommen einer Art mit berücksichtigt (FRESE *et al.*, 2011)

Für die Auswahl von genetischen Schutzgebieten für *Beta nana* wurden die vorläufigen Ergebnisse der Analyse genetischer Diversität dieser Species mit 3 SSR-Markern (PANELLA *et al.*, 2010) verwendet, weil keine weiteren nutzbaren genetischen Informationen über diese seltene Wildart zur Verfügung standen. Eine Analyse der genetischen Diversität bei *Beta patula* mit Hilfe von 25 SSR-Markern zeigte Unterschiede zwischen geographisch isolierten Vorkommen. Die Ergebnisse dienten als Grundlage für die Auswahl und Planung eines Schutzgebietes (FRESE *et al.*, 2012) für diese gefährdete Art (BILZ *et al.*, 2011). Durch die Analyse genetischer Diversität einer Pflanzenart mittels SSR-Markern können Strukturen genetischer Diversität sichtbar gemacht und Maßnahmen zum Schutz von Vorkommen abgeleitet werden (GREGORIUS *et al.*, 2004).

### Identifizierung geeigneter Flächen (Schritt 4)

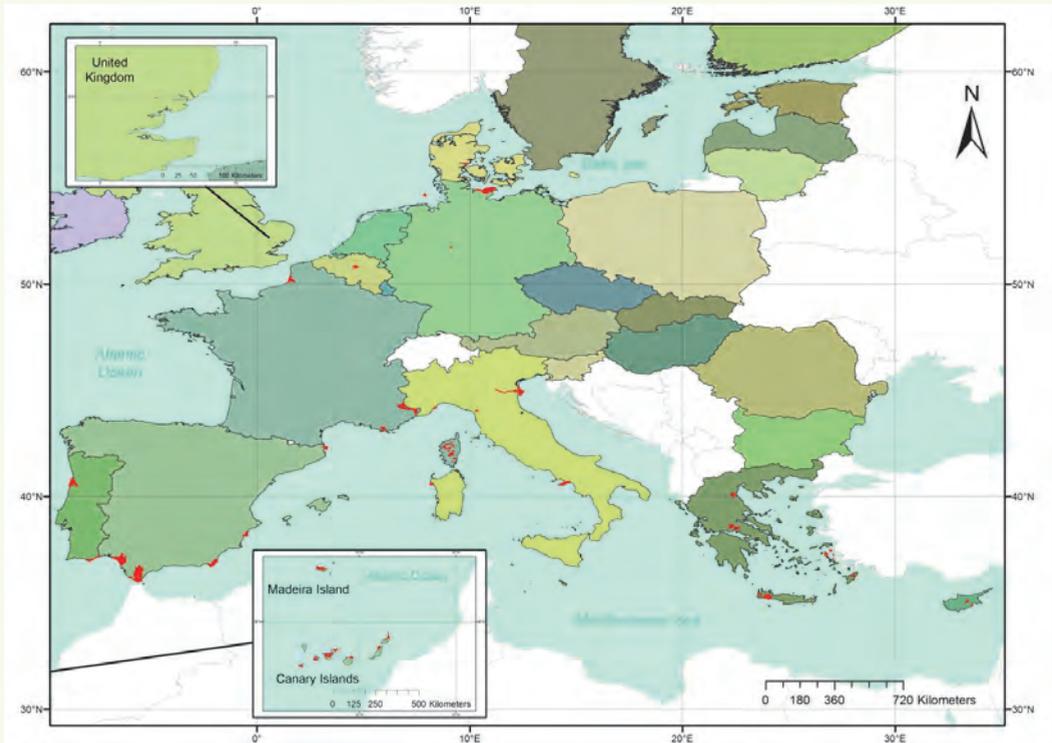
In einem abschließenden Schritt wurde geprüft, ob die ausgewählten Vorkommen innerhalb von Natura-2000-Flächen auftreten. Zu diesem Zweck wurden mit Hilfe eines GIS-Systems die punktgenauen geographischen Fundortdaten dieser Vorkommen mit den Flächenkoordinaten von Natura-2000-Flächen verschnitten. Bei den Gattungen *Beta* bzw. *Patellifolia* gelang es, insgesamt 26 Vorkommen innerhalb geschützter Gebiete zu identifizieren.

## **Aufbau und Ausbau eines europäischen Netzwerkes**

Für die Gattungen *Avena*, *Beta*/*Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* wurden insgesamt 61 Vorkommen nach der 4-Schritte-Methode von KELL *et al.* (2012) für den Aufbau eines Netzwerkes genetischer Schutzgebiete vorgeschlagen. Davon befinden sich 53 innerhalb und 4 Vorkommen außerhalb von Schutzgebieten (IRIONDO *et al.*, 2011). In einem Schutzgebiet kann mehr als ein ausgewähltes Vorkommen auftreten. Abb. 2 zeigt die Lage der insgesamt 52 Flächen auf dem Gebiet der Europäischen Union.

An der Durchführung des AEGRO-Projektes waren ausschließlich Forschungseinrichtungen beteiligt, die konzeptionelle und methodische Vorarbeiten leisteten und Vorschläge für den Aufbau genetischer Schutzgebiete im Rahmen von Fallstudien begründeten (KELL *et al.*, 2012). Die konkrete Planung und der Aufbau genetischer Schutzgebiete, fällt in den Zuständigkeitsbereich von Naturschutzbehörden, die ordnungsrechtlichen Rahmenbedingungen für ein genetisches Schutzgebiet klären (siehe z. B. KRISTIANSEN und FRESE, 2011) sowie Aktionspläne für den Aufbau und die Bewirtschaftung genetischer Schutzgebiete z. B. in Zusammenarbeit mit Vertretern nationaler

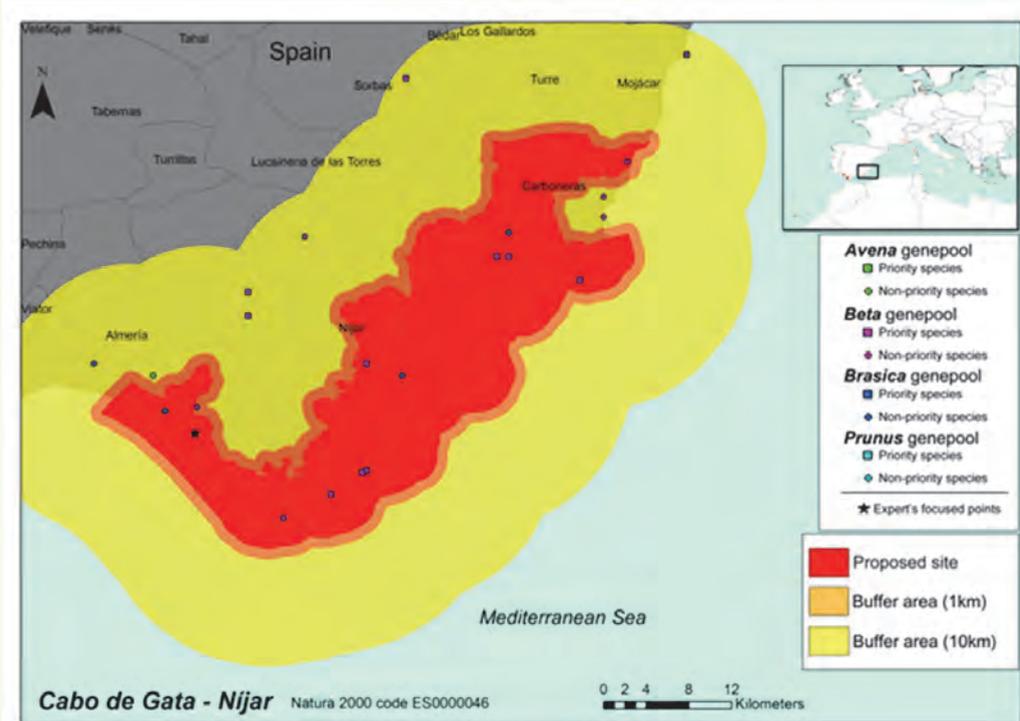
Fachprogramme für pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft oder den fruchtartspezifischen Arbeitsgruppen des ECPGR weiterentwickeln können (siehe z. B. PINHEIRO DE CARVALHO und FRESE, 2011).



**Abb. 2** Lage der vorgeschlagenen Flächen für genetische Schutzgebiete in der Europäischen Union (Quelle: Rey Juan Carlos Universität, Madrid, Spanien)

**Fig. 2** Location of the proposed sites for genetic reserves within the European Union (sources: Rey Juan Carlos University, Madrid, Spain)

Gezielte Eingriffe in Schutzgebiete zur Vermeidung von Beeinträchtigungen eines ausgewählten Vorkommens verursachen Kosten. Durch den gleichzeitigen Schutz mehrerer WVK-Arten innerhalb einer Fläche könnten die verfügbaren Mittel für das Management genetischer Schutzgebiete effizienter genutzt werden. Deshalb prüfte IRIONDO (2011), ob Arten der Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* sowie weitere WVK-Arten gemeinsam in ausgewählten Schutzgebieten auftreten. Abb. 3 zeigt exemplarisch das Natura-2000-Gebiet Cabo de Gata – Níjar (ES0000046), vorgeschlagen für den Aufbau eines genetischen Schutzgebietes für *Beta macrocarpa* in Südostspanien, in dem drei priorisierte Wildrübenarten und je eine nicht-priorisierte Art der Gattungen *Avena* und *Brassica* zu finden sind. Diese und weitere Informationen zu den 52 vorgeschlagenen genetischen Schutzgebieten sind im „Genetic Reserve Information System“ (GenResIS, 2012) zu finden.



**Abb. 3** Lage von WVK-Vorkommen der Gattungen *Avena*, *Beta*, *Brassica* im Natura-2000-Schutzgebiet Cabo de Gata – Níjar (ES0000046) bzw. in der 10-km-Pufferzone (GenResIS, 2012)

**Fig. 3** Location of CWR occurrences of the genera *Avena*, *Beta*, *Brassica* in the Natura 2000 protected area Cabo de Gata – Níjar (ES0000046) respectively in the 10 km buffer zone (GenResIS, 2012)

### Ausblick und Schlussfolgerungen

Das Auftreten von WVK-Arten innerhalb von Schutzgebieten garantiert noch nicht einen guten Erhaltungszustand dieser Arten, weil in der Vergangenheit die Ausweisung von Natura-2000-Gebieten oftmals aus anderen naturschutzfachlichen Gründen erfolgte. So wurde die Einrichtung des Naturschutzgebietes P1532-325 auf der Insel Fehmarn beschlossen, um den Fortbestand der gefährdeten Rotbauchunke zu sichern, nicht jedoch zur Förderung dort verbreiteter WVK-Arten (FRESE, 2006). Bei konkurrierenden Schutzziele innerhalb eines Natura-2000-Gebietes müssen gegebenenfalls durch Änderungen der Maßnahmenpläne die Voraussetzungen für die Erhaltung von WVK-Arten optimiert werden, ohne andere Arten zu beeinträchtigen, oder es müssen alternative Flächen für den Aufbau eines genetischen Schutzgebietes gesucht werden. Entscheidungen, die den Erhaltungszustand einer WVK-Art verbessern, können durch die zuständigen Naturschutzbehörden umso besser begründet werden, je mehr über den Wert eines Vorkommens bekannt ist.

Die Pflanzenzüchtungsforschung bewertet Genbankakzessionen von Wildarten im Rahmen von Evaluierungsarbeiten. Ist die geographische Herkunft von Akzessionen dokumentiert, so können Rückschlüsse auf den Nutzwert wildlebender Vorkommen gezogen werden. Abb. 4 zeigt die Verbreitung von Wildrüben sowie die Bewertung dieser Ausgangsressourcen für die Züchtung der Kulturrüben auf Resistenz gegen das Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV). Im Rahmen des AEGRO-Projektes wurde die Einrichtung eines genetischen Schutzgebietes für *Beta vulgaris* subsp. *maritima* bei Kalundborg vorgeschlagen, weil die Resistenz gegen BNYVV aus einem Vorkommen

abstammt, das US-amerikanische Wissenschaftler im Jahr 1952 in diesem Teil Dänemarks sammelten. Die Herkünfte gingen unter der Bezeichnung WB41 und WB42 in die Züchtungsgeschichte ein (BIANCARDI *et al.*, 2012). Eine weitere Quelle ist das Muster RNR870909, das vom Institut für Zuckerrübenforschung im Jahr 1995 als BNYVV-resistent bewertet wurde (BÜTTNER *et al.*, 1997). RNR870909 stammt von einem Muster C ab, welches niederländische Forscher bei Brighton in der Picardie im Jahr 1970 fanden. Mit den Resistenzgenen *Rz1* bis *Rz5* kann das BNYVV derzeit noch unter Kontrolle gehalten werden. Resistenzzüchter sind dennoch bestrebt, ein möglichst diverses Resistenzgensortiment bereitzuhalten (BIANCARDI *et al.*, 2012), da unterschiedliche Typen des BNYVV in Zuckerrübenanbaugebieten auftreten (KOENIG *et al.*, 1997). Neue genetische Variation für das Merkmal BNYVV-Resistenz würde man vorzugsweise im Herkunftsgebiet der *Rz*-Gene bei Brighton und Kalundborg suchen.



**Abb. 4** Vorkommen von Wildrüben (überwiegend *B. vulgaris* subsp.). Die Farben der Symbole kennzeichnen die Bewertung der Resistenz gegen BNYVV auf einer Skala von 1 bis 9. 1= grün= sehr geringer Befall; 9= rot= sehr starker Befall (IDBB, 2010)

**Fig. 4** Occurrences of wild beets (mainly *B. vulgaris* subsp.). The color of the symbols indicate the degree of resistance against BNYVV on a scale from 1 to 9. 1= green = very low infestation; 9= red= very high infestation (IDBB, 2010)

Im Rahmen des EU-Projektes „An Integrated European In Situ Management Workplan: Implementing Genetic Reserve and On Farm Concepts“ konnten das „Population Level Information System“ (PLIS) für die Gattungen *Avena*, *Beta/Patellifolia*, *Brassica* und *Prunus* (GERMEIER *et al.*, 2012) zur Unterstützung des In-situ-Managements von WVK sowie Verfahren zur Identifizierung, dem Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete entwickelt werden. Am Beispiel des Schutzgebietes Cabo de Gata konnte gezeigt werden, wie – ausgehend vom einzelnen Vorkommen der Zielart *Beta macrocarpa*, welches für die Erhaltung der innerartlichen Vielfalt (Ebene 1) ausgewählt wurde – auch der Schutz von Artenvielfalt (Ebene 2) bzw. Lebensgemeinschaften (Ebene 3) gefördert werden kann.

Ein nachhaltiger Schutz genetischer Ressourcen durch einen verbesserten Schutz ihrer Lebensräume ist eine staatliche Vorsorgemaßnahme, die sich langfristig lohnt. Im AEGRO-Projekt gewonnene

Erfahrungen können vom Beratungs- und Koordinierungsausschuss für pflanzengenetische Ressourcen des BMELV aufgegriffen und für die Umsetzung von Maßnahmen des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen verwendet werden.

### Danksagung

Das EU-Projekt "An integrated European *in situ* management work plan: implementing genetic reserves and on farm concepts" (AEGRO), AGRI GENRES 057, wurde im Rahmen der Richtlinie (EC) No. 870/2004 durch die EU-Kommission, DG AGRI, kofinanziert.

### Literatur

BGBL [Bundesgesetzblatt], 2003: Gesetz zu dem Internationalen Vertrag vom 3. November 2001 über pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vom 10. September 2003. Bundesgesetzblatt Jahrgang 2003 Teil II Nummer 23, ausgegeben zu Bonn am 16. September 2003, 906-944.

BIANCARDI, E., L. W. PANELLA und R. T. LEWELLEN, 2012: *Beta maritima*. The origin of beets. Springer, New York, Dordrecht, Heidelberg, London.

BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED und R. V. LANSDOWN, 2011: European Red List of Vascular Plants. Luxembourg, Publications Office of the European Union.

BMELV (Hrsg.), 2007: Agrobiodiversität erhalten, Potenziale der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft erschließen und nutzen. Eine Strategie des BMELV für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft. Bonn, BMELV.

BÜTTNER, G., L. FRESE und G. STEINRÜCKEN, 1997: Selektion von *Rizomania*-Resistenzgenen aus Wildrüben (*Beta vulgaris* L.). In: *Beiträge und Poster von IIRB-Kongressen 5/1997*. Hrsg.: Institut für Zuckerrübenforschung (Göttingen), International Institut for Sugar Beet Research (Brussels), Göttingen, Cuvillier, 1-11.

CBD, 2002: Global Strategy for Plant Conservation. Published by the Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Quebec, Canada.

CBD, 2010: Conference of the parties to the Convention on Biological Diversity, Tenth meeting Nagoya, Japan, 18-29 October 2010. Decision adopted by the conference of the Parties to the convention on biological diversity at its tenth meeting. **X/2**. The Strategic Plan for Biodiversity 2011 –2020 and the Aichi Biodiversity Targets.

DIAS, S., M. E. DULLOO und E. ARNAUD, 2012: The role of EURISCO in promoting use of agricultural biodiversity. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 270-277.

FRANKEL, O. H., 1970: Genetic conservation of plants useful to man. *Biol. Conser.* **2**, 162-169.

FRESE, L., 2006: Political, legislative and practical aspects of *in situ* conservation in Germany in the context of genetic erosion. In: *Genetic Erosion and Pollution Assessment Methodologies. Proceedings of PGR Forum Workshop 5, Terceira Island, Autonomous Region of the Azores, Portugal, 8 – 11 September 2004*. Eds.: FORD-LLOYD, B. V., S. DIAS, und E. BETTENCOURT, published on behalf of the European Crop Wild Relative Diversity Assessment and Conservation Forum, by Bioersity International, Rome, Italy, 15-24.

FRESE, L., M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO und C. DUARTE, 2011: Crop case study *Beta* L. (including *Patellifolia* A. J. Scott *et al.*). Annex 07 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt (<http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012)).

FRESE, L., M. NACHTIGALL, M. ENDERS und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, 2012: *Beta patula* Ait. genetic diversity analysis. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 45-51.

GENRESIS, 2012: Genetic Reserve Information System, <http://www.agrobiodiversidad.org/aegro/> (aufgerufen am 4. Mai 2012).

GERMEIER, C. U., J. M. IRIONDO, L. FRESE, C. HÖHNE und S. P. KELL, 2012: Population level information management for crop wild relatives. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 256-263.

GREGORIUS, H. R., B. HARLIZIUS und J. ENGELS, 2005: Zusammenfassende Diskussion und Schlussfolgerungen des Beirates für Biodiversität und genetische Ressourcen beim BMELV. In: *Analyse und Bewertung der genetischen Vielfalt in der Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft zur Ableitung von Entscheidungskriterien für Erhaltungsmaßnahmen. Tagungsband eines Symposiums am 27. September 2004 in Mariensee, Neustadt am Rbge. Schriften zu Genetischen Ressourcen. Schriftenreihe der ZADI-IBV, Band 24*. Hrsg.: BEGEMANN, F., SCHRÖDER, S. und S. WEIGEND, Bonn, XI-XVII.

Harlan, J. und J. de Wet, 1971: Towards a rational classification of cultivated plants. *Taxon*, **20**, 509-517.

- HODGKIN, T. und R. HAJJAR, 2008: Using crop wild relative for crop improvement: trends and perspectives. In: *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK, Wallingford, CABI Publishing, 535-548.
- IDBB, 2010: Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, International Database for Beta (IDBB), <http://idbb.jki.bund.de> (aufgerufen am 05.05.2010).
- IRIONDO, J. M., 2011: Synthesis of proposed sites report. Annex 16 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- IRIONDO, J. M., 2011: CWR umbrella conservation approach. Annex 9\_2 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- JASSEM, B., 1992: Species relationships in the genus *Beta* as revealed by crossing experiments. In: *International Beta Genetic Resources Network. A report on the 2nd International Beta Genetic Resources Workshop held at the Institute for Crop Science and Plant Breeding, Braunschweig, Germany, 24 – 28 June 1991. International Crop Network Series No. 7.*, Ed.: L. FRESE, Rome, IBPGR, 55-61.
- KADEREIT, G., S. HOHMANN und W. KADEREIT, 2006: A synopsis of *Chenopodiaceae* subfam. *Betoideae* and notes on the taxonomy of *Beta*. *Willdenowia* **36**, 9-19.
- KELL, S. P., H. KNÜPFER, S. L. JURY, B. V. FORD-LLOYD und N. MAXTED, 2008: Crops and wild relatives of the Euro-Mediterranean region: making and using a conservation catalogue. In: *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK, Wallingford, CABI Publishing, 69-109.
- KELL, S. P., N. MAXTED, L. FRESE und J. M. IRIONDO, 2012: *In situ* conservation of crop wild relatives in Europe: a strategy for identifying priority genetic reserve sites. In: *Agrobiodiversity Conservation: Securing the diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Eds.: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO und M. Á. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, UK, CABI Publishing, 7-19.
- KOENIG, R., A. M. HAEBERLE und U. COMMANDEUR, 1997: Detection and characterization of adistinct type of beet necrotic yellow vein virus RNA 5 in a sugarbeet growing area in Europe. *Archives of Virology* **142**, 1499-1504.
- KRISTIANSEN, K. und L. FRESE, 2011: The legal framework and action plans relevant to the establishment of a genetic reserve in Denmark. Annex 9 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- LETSCHERT, J. P. W., 1993: *Beta* section *Beta*: biogeographical patterns of variation and taxonomy. *Wageningen University Papers*, 93-1.
- MARSHALL, D. R. und A. H. D. BROWN, 1975: Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: *Crop genetic resources for today and tomorrow*. Eds.: FRANKEL, O. H. und J. G. HAWKES, International Biological Programme 2, Cambridge, Cambridge University Press, 53-80.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD und J. T. WILLIAMS (Hrsg.), 1997: A practical model for *in situ* genetic conservation. In: *Plant Genetic Conservation: The In Situ Approach*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD und J. G. HAWKES, Chapman and Hall, London, 339-367.
- MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. L. JURY, S. P. KELL und M. A. SCHOLTEN, 2006: Towards a definition of a crop wild relative. *Biodiversity and Conservation* **15/8**, 2673-2685.
- MAXTED, N., M. SCHOLTEN, R. CODD und B. V. FORD-LLOYD, 2007: Creation and use of a national inventory of crop wild relatives. *Biological Conservation* **140**, 142-159.
- OETMANN, A., 1994: Untersuchungen zur intraspezifischen phänotypischen Variabilität autochthoner Weidelgrasherkünfte (*Lolium perenne* L.) und ihre Bedeutung für die Erhaltung wertvoller Standorte vor Ort (in situ). Dissertation, Kassel.
- OTT, K., H. R. GREGORIUS und I. KISSLING, 2007: Biodiversität als Lebensgrundlage-Grundprinzipien zu Schutz und Nutzung. In: *Biodiversität-Schlüsselbegriff des Naturschutzes im 21. Jahrhundert*. Hg.: T. Potthast, BfN, Bonn-Bad Godesberg, 185-222.
- PANELLA, L., A. FENWICK, L. FRESE, B. HELLIER, und C. M. RICHARDS, 2010: Genetic diversity within and among occurrences of *Beta nana*. *Book of abstracts. 72nd IIRB Congress – 72ème Congrès de l'IIRB – 72. IIRB Congress, 22 – 24/06/2010*, Copenhagen, Denmark.
- PINHEIRO DE CARVALHO M. Á. A. und L. FRESE, 2011: *Beta patula* Aiton genetic reserve action plan. Annex 10 des Abschlussberichtes zum AEGRO-Projekt, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 04. Mai 2012).
- SCHMALENBACH, I., J. LÉON, und K. PILLEN, 2009: Identification and verification of QTLs for agronomic traits using wild barley introgression lines. *Theor. Appl. Genet.* **118**, 483-497.
- SCHOLZ, M., B. RUGE-WEHLING, A. HABEKUß, G. PENDINEN, O. SCHRADER, K. FLATH, E. GROBE und P. WEHLING, 2008: The secondary gene pool of barley as gene donors for crop improvement. In: *Using crop wild relative for crop improvement: trends and perspectives*. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO und J. TUROK (Eds.) *Crop Wild Relative Conservation and Use*. CABI Publishing, Wallingford, 535-548.
- THIEME, R., T. HAMMANN und M. NACHTIGALL, 2012: Genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen Schaderreger bei Kartoffel. *Julius-Kühn Archiv*, in diesem Heft
- USDA, ARS, National Genetic Resources Program. Germplasm Resources Information Network - (GRIN) [Online Datenbank], 2012: National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. [http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/tax\\_search.pl](http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/tax_search.pl) (aufgerufen am 03. Mai 2012).
- VON BOTHMER, R., N. JACOBSEN, C. BADEN, R. B. JØRGENSEN und I. LINDE-LAURSEN, 1991: An ecogeographical study of the genus *Hordeum*. *Systematic and ecogeographical studies on crop gene pools* **7**. Rome, IPBGR.

## **Schutz und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen: eine komplexe, langfristige und konfliktträchtige Querschnittsaufgabe**

*Protection and use of plant genetic resources: a complex, long-term, controversial and transversal task*

Lothar Frese

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg, lothar.frese@jki.bund.de, +49(0)3946 47701

DOI: 10.5073/jka.2012.436.016

### **Zusammenfassung**

Für die Erhaltung der Anpassungsfähigkeit landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturen an veränderte Umwelt- und Anbaubedingungen durch Züchtung ist der Schutz gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen und ein unkomplizierter, freier Zugang zu diesen Ressourcen eine unabdingbare Voraussetzung. Der Beitrag beschreibt Strategien zur Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen sowie rechtliche Rahmenbedingungen, die den Zugang zu genetischen Ressourcen regeln.

**Stichwörter:** Genetische Ressourcen, Schutzstrategien, internationale Abkommen, Vorteilsausgleich

### **Abstract**

The protection of threatened plant genetic resources and a straightforwardly, free access to these resources are an indispensable precondition for the maintenance of the adaptability of agricultural and horticultural crops through breeding. This contribution described strategies for the maintenance of plant genetic resources as well as the general legal framework regulating access to genetic resources.

**Keywords:** Genetic resources, protection strategies, international agreements, ABS

### **Einleitung**

Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGREL) sind ein Rohstoff für die Pflanzenzüchtung und deshalb ein besonders wertvoller Bestandteil der biologischen Vielfalt. Der Fortbestand genetischer Ressourcen ist gefährdet. Ihr Schutz in Deutschland und die Sicherung des Zugangs zu den genetischen Ressourcen anderer Länder ist deshalb Teil staatlicher Vorsorgepolitik, die das BMU und das BMELV im Rahmen der jeweiligen Zuständigkeiten federführend gestalten.

Ohne freien, einfachen und in rechtlicher Hinsicht eindeutig geregelten Zugang zu diesen Ressourcen ist die kontinuierliche genetische Anpassung von Kulturpflanzen an geänderte Anbaubedingungen, vor allem als Folge des Klimawandels, nicht zu leisten. Die dafür benötigten neuen Eigenschaften besitzen mit unseren Kulturpflanzen verwandte Wildarten, Landsorten oder frühere Zuchtsorten. BIANCARDI *et al.* (2012) beschreiben stellvertretend für viele Autoren den großen züchterischen Wert von Wildarten und NEWTON *et al.* (2010) die Bedeutung von Landsorten für die Pflanzenzüchtung.

### **Schutzstrategien**

Weltweit sind ca. 270.000 Arten höherer Pflanzen bekannt. Allein in der euro-mediterranen Region kommen 30.983 Pflanzenarten vor (KELL *et al.*, 2008). BILZ *et al.* (2011) bewerteten die Gefährdung von Pflanzenarten nach den Kriterien des IUCN (International Union for Conservation of Nature). In Europa gelten danach durchschnittlich 11,5 % der Arten der Kategorie „crop wild relative“ (wildlebende Verwandte von Kulturarten) in ihrem natürlichen Lebensraum als gefährdet. Des Weiteren verdrängen seit Jahrzehnten verbesserte Sorten Landsorten und frühere Zuchtsorten vom Markt. Die Konsequenzen dieses Verdrängungsprozesses für die Pflanzenzüchtung werden kontrovers

diskutiert, im Allgemeinen jedoch als ein Verlust von züchterisch wertvollem Ausgangsmaterial und als ein Verlust von Kulturgut verstanden (HAMMER und DIEDERICHSEN, 2009).

Für den Schutz und die Sicherstellung von PGREL wurden aus diesen Gründen zwei einander komplementäre Strategien entwickelt.

Die In-situ- einschließlich On-farm-Strategie dient dem Schutz

- der innerartlichen Vielfalt
- der Artenvielfalt und
- der Vielfalt von Lebensgemeinschaften

als unabdingbare Voraussetzung für Evolution. Diese Kategorien biologischer Vielfalt sind Lebensräumen zugeordnet und stehen mit diesen in Wechselwirkung. Die Ex-situ-Strategie kommt zum Einsatz, falls der Lebensraumschutz versagt. Gefährdete PGREL werden dann aufgesammelt, konserviert und im weltweiten Genbanknetzwerk für künftige Nutzungen sichergestellt.

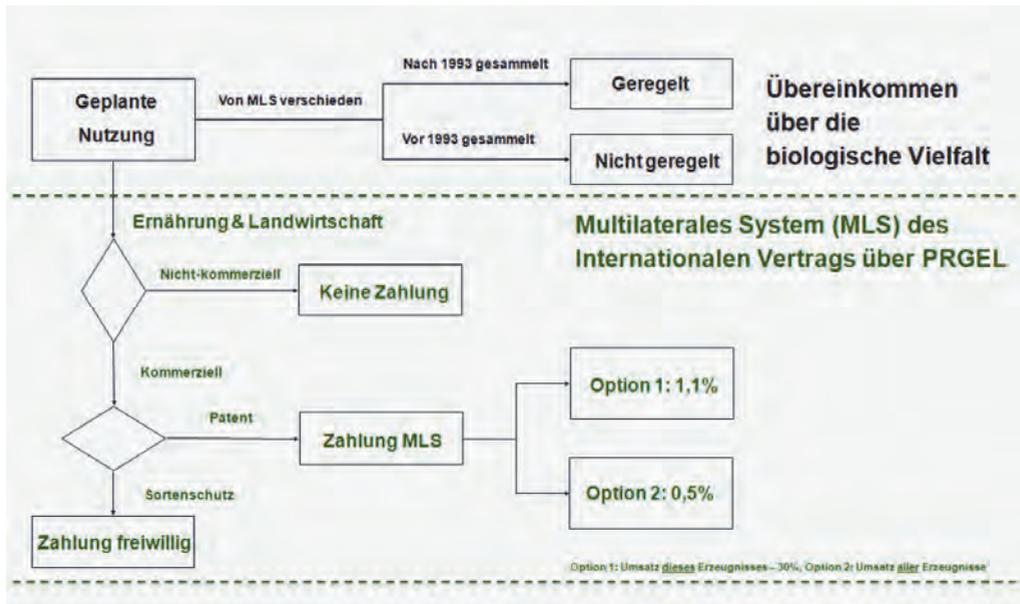
### **Zugang, Nutzung und Vorteilsausgleich**

Zwei völkerrechtlich verbindliche Systeme sollen den Zugang zu genetischen Ressourcen, ihre Nutzung und den Vorteilsausgleich regeln:

1. Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt (BGBL, 1993) mit den Zielen Erhaltung, nachhaltige Nutzung und Vorteilsausgleich im Rahmen des „Access and Benefit Sharing“ (ABS). Für Verhandlungen zum Übereinkommen ist das BMU zuständig.
2. Der Internationale Vertrag über PGREL (BGBL, 2003) mit den drei Zielen: Schutz und Sicherung, nachhaltige Nutzung und Vorteilsausgleich im Rahmen des Multilateralen Systems (MLS). Das BMELV ist für die Verhandlungen zum Internationalen Vertrag zuständig.

Vor dem Jahr 1992 galten PGREL als gemeinsames Erbe der Menschheit und somit als eine prinzipiell frei zugängliche Ressource. Mit dem Inkrafttreten des Übereinkommens über die biologische Vielfalt besitzen nationale Staaten Hoheitsgewalt über ihre biologischen Ressourcen, einschließlich PGREL. Seitdem finden komplizierte Verhandlungen über Zugangsregelungen sowie über den ausgewogenen und gerechten Ausgleich von Vorteilen, die sich aus der Nutzung dieser Ressourcen ergeben, statt. Erst nach erfolgreichem Abschluss dieser Verhandlungen werden Länder wie China, Indien, Peru und andere den Zugang zu ihren biologischen Ressourcen vereinfachen. Diese erweisen sich unter anderem deshalb als schwierig und konfliktträchtig, weil die Definition des Begriffs PGREL keine zweifelsfreie Zuordnung einer Pflanzenart zu einer landwirtschaftlichen oder gartenbaulichen Nutzung einerseits oder pharmazeutischen Nutzung andererseits erlaubt. Der Vorteilsausgleich nach einer wirtschaftlich erfolgreichen pharmazeutischen Nutzung derselben Art würde im Rahmen des ABS vollzogen. Auch die Wissenschaft muss Regeln des ABS beachten wie BIBER-KLEMM und MARTINEZ (2006) in einer Handlungsanleitungen beschreiben.

Für die Sicherung der Welternährung sind bestimmte Pflanzenarten von herausragender Bedeutung. Deshalb verabschiedete die internationale Staatengemeinschaft im Jahr 2001 ein Spezialabkommen, den Internationalen Vertrag über PGREL, und vereinbarte im Jahr 2006 das Multilaterale System (MLS) (BMELV, 2012). Das MLS betrifft die 60 Annex-I-Arten des Internationalen Vertrags. Es soll den schnellen Zugang zu diesen PGREL garantieren und zugleich finanzielle Mittel für ihre Erhaltung generieren. Vor der Abgabe von MLS-Material vereinbaren Geber und Empfänger im Rahmen eines „standard Material Transfer Agreement“ (sMTA) unter anderem die Weitergabe des Materials und/oder Nachkommenschaften an Dritte. Ferner verpflichtet sich der Empfänger zu Zahlungen an das MLS unter bestimmten Voraussetzungen (Abb. 1).



**Abb. 1** Die Pflanzenart und die Art ihrer Nutzung als genetische Ressource entscheidet darüber, welches System (ABS oder MLS) zur Anwendung kommt. Betrifft die Nutzung Pflanzenarten des Annex I, so sind nicht-kommerzielle Nutzungen von Zahlungen an das MLS befreit. Falls eine genetische Ressource zur Entwicklung einer Sorte führt, ist es entscheidend, ob die Sorte im Rahmen des Patentrechtes oder des Sortenschutzrechtes geschützt wird. Da nach dem Sortenschutzgesetz Sorten als Kreuzungspartner durch Dritte verwendet werden können, gelten diese Sorten als frei verfügbare genetische Ressource, die dem MLS zur Verfügung steht. Zahlungen an das MLS sind in diesem Fall nicht erforderlich aber dennoch gewünscht. Nur im Fall einer Patentierung ist der Nehmer einer genetischen Ressource zu Zahlungen an das MLS verpflichtet.

**Fig. 1** *The plant species and the typ of use as genetic resources decide on which system (ABS or MLS) is to be applied. If plant species of Annex I are concerned non-commercial uses are exempt from payments to the MLS. If a genetic resource contributes to the development of a variety, it is decisive whether the variety is patented or protected according to the plant varieties protection law. As the plant varieties protection law allows third parties to use the protected variety as parent in breeding, these varieties are considered a freely accessible genetic resource at disposal to the MLS. In this case payments to the MLS are not mandatory but welcomed. Only in the case of a patented variety the recipient of a genetic resource is obliged to make payments to the MLS.*

Im Verlauf der Umsetzung des MLS in Europa wird zunächst der Zugang zu Sammlungen in Genbanken neu geregelt. Zweiundvierzig europäische Staaten konservieren insgesamt 1.096.182 Akzessionen in ihren Genbanken. Davon wurden bislang 246.216 Akzessionen dem MLS zur Verfügung gestellt (EURISCO, 2011). Mit seinen beiden Genbanken für obstgenetische Ressourcen in Dresden-Pillnitz und reben genetischen Ressourcen in Siebeldingen leistet auch das Julius Kühn-Institut einen Beitrag zum Aufbau des MLS in Europa.

Neben Zahlungen an das MLS durch die private Pflanzenzüchtung werden auch geldwerte Beiträge öffentlicher Institutionen in Form von frei verfügbarem Forschungsmaterial oder in Form von

Informationen über den Nutzwert von Genbankakzessionen den freien, weltweiten Austausch von Material fördern.

## Literatur

BIANCARDI, E., L. W. PANELLA and R. T. LEWELLEN, 2012: *Beta maritima. The origin of beets*. Springer, New York, Dordrecht, Heidelberg, London.

BIBER-KLEMM, S. and S. MARTINEZ, 2006: Access and Benefit Sharing. Good practice for academic research on genetic resources. Swiss Academy of Sciences, Schwarztorstr. 9, 3007 Bern, Switzerland.

BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED and R. V. LANSDOWN, 2011: European Red List of Vascular Plants. Luxembourg, Publications Office of the European Union.

BGBL [Bundesgesetzblatt], 1993: Gesetz zu dem Übereinkommen vom 5. Juni 1992 über die biologische Vielfalt. Bundesgesetzblatt Teil II, Nr. 32, 1741-1770.

BGBL [Bundesgesetzblatt], 2003: Gesetz zu dem Internationalen Vertrag vom 3. November 2001 über pflanzen genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft vom 10. September 2003.

Bundesgesetzblatt Jahrgang 2003 Teil II Nummer 23, ausgegeben zu Bonn am 16. September 2003, 906-944.

BMELV, 2012:

<http://www.bmelv.de/SharedDocs/Standardartikel/Landwirtschaft/Klima-und-Umwelt/BioVielfalt/standardisierteMaterialuebertragungsvereinbarung.html> (aufgerufen am 23. Januar 2012).

EURISCO, 2011: EURISCO e-bulletin December 2011. [http://eurisco.ecpgr.org/releases/e\\_bulletin.html](http://eurisco.ecpgr.org/releases/e_bulletin.html).

HAMMER, K. and A. DIEDRICHSEN, 2009: Evolution, status, perspectives for landraces in Europe. In: *European landraces: on-farm conservation, management and use. Bioersity Technical Bulletin No. 15*. Eds.: VETELÄINEN, M., NEGRI, V. AND N. MAXTED, Rome, Italy, Bioersity International, 23-44.

KELL, S., H. KNÜPFER, S. L. JURY, B. V. FORD-LLOYD and N. MAXTED, 2008: Crops and wild relatives of the Euro-mediterranean region: making and using a conservation catalogue. In: *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Eds.: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, S. P. KELL, J. IRIONDO, E. DULLOO and J. TUROK, CABI Publishing, Wallingford, 69-109.

NEWTON, A. C., T. AKAR, J. P. BARESEL, P. J. BEBELI, E. BETTENCOURT, K. V. BLADENOPOULOS, J. H. CZEMBOR, D. A. FASOULA, A. KATSIOTIS, K. KOUTIS, M. KOUTSIKA-SOTIRIOU, G. KOVACS, H. LARSSON, M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO, D. RUBIALES, J. RUSSELL, T. M. M. DOS SANTOS and M. C. VAZ PATTO, 2010: Cereal landraces for sustainable agriculture. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 30, 237-269.

## Netzwerk zur Erhaltung der Anpassungsfähigkeit von Kulturpflanzen (NEA\*-KULT), Teilvorhaben Wintergerste

*Network for the maintenance of the adaptability of crops (NEA-KULT), sub-project winter barley*

Lothar Frese\*<sup>1</sup>, Marion Nachtigall<sup>1</sup>, Jeanette Rode<sup>2</sup>, Frank Ordon<sup>3</sup> & Jens Léon<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

<sup>2</sup>Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Professur für Pflanzenzüchtung, Betty-Heimann-Str. 3, D-06120 Halle

<sup>3</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

<sup>4</sup>Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES), Fachbereich Nutzpflanzen-genetik und Biotechnologie, Nußallee 9, D-53115 Bonn

\* Korrespondierender Autor, lothar.frese@jki.bund.de, +49(0)3946 47701

DOI: 10.5073/jka.2012.436.017

### Zusammenfassung

Dieser Beitrag begründet, weshalb das JKI ein Langzeitprojekt bei Wintergerste koordiniert und 32 genetisch verschiedene Wintergerstensorten nach dem Schema „Multi-parent Advanced Generation Intercross“ kreuzt. Im Jahr 2011 wurde die Erzeugung der zweiten Generation (G2) abgeschlossen. In der ersten Phase des Vorhabens entwickelte Verfahren zur Überprüfung des Kreuzungserfolges mit Mikrosatelliten-Markern sowie geplante Arbeiten werden beschrieben.

**Stichwörter:** Genetische Ressourcen, Anpassungsfähigkeit, MAGIC, Wintergerste

### Abstract

This contribution states why the JKI is coordinating a winter barley long-term project and is performing crosses between 32 genetically distinct winter barley varieties according to the "Multi-parent Advanced Generation Intercross" schema. The production of the second generation (G2) was completed in the year 2011. Procedures developed during the first phase of the project suited for controlling the success of crosses with microsatellite marker as well as planned works are described.

**Keywords:** Genetic resources, adaptability, MAGIC, winter barley

### Einleitung

Das Ziel besteht in der kostengünstigen Verbesserung von Populationen der Wintergerste durch natürliche Selektion bei gleichzeitiger Minimierung des Verlustes günstiger Allele (LÉON *et al.*, 2008). Ein entsprechendes Managementverfahren konzipierte eine französische Arbeitsgruppe (HENRY *et al.*, 1991). Das Verfahren wurde unter der Bezeichnung „dynamic management“ erfolgreich erprobt, wie GOLDRINGER *et al.* (2001) zeigten. Im Jahre 1984 gründete die Arbeitsgruppe einen Kooperationsverbund für die Durchführung des Langzeitexperimentes. Als Versuchsmaterial standen drei Kreuzungspopulationen des Weizens zur Verfügung, die ab dem Jahr 1984 an 7 bis 12 Standorten in Frankreich über mehrere Jahre ohne züchterische Auslese reproduziert wurden. Nach sechs Jahren der Reproduktion an diesen Standorten waren erste, durch standortspezifische Anpassung verursachte, signifikante genetische Unterschiede zwischen den Teilpopulationen zu erkennen. Nach Ablauf von weiteren sieben Jahren veröffentlichten GOLDRINGER *et al.* (2001) eine zusammenfassende Analyse und Bewertung der Ergebnisse. Ihre Arbeiten bei Weizen zeigen, dass für den Erhalt der ursprünglich in einer Kreuzungspopulation vorhandenen genetischen Variabilität bereits sieben bis zwölf ökogeographisch kontrastierende Standorte ausreichend sind. Allele, die in

einer Teilpopulation durch Drift und standortspezifischen Selektionsdruck verloren gingen, blieben in anderen Teilpopulationen erhalten. Das Managementverfahren ist den Ergebnissen bei Weizen zufolge sowohl verlustfrei als auch sicher. Darüber hinaus entstehen auf kostengünstige Weise an unterschiedliche Umweltbedingungen angepasste Ausgangspopulationen für die Pflanzenzüchtung. GOLDRINGER *et al.* (2001) wiesen ferner nach, dass auch eine langfristig tragende Organisationsform für die praktische Durchführung gefunden werden kann.

Die Entwicklung von Strategien zur Erhaltung und Erweiterung genetischer Diversität in landwirtschaftlichen Nutzungssystemen ist ein besonderes Anliegen des BMELV (BMELV, 2007). Deshalb entwickelte der Beratungs- und Koordinierungsausschuss für genetische Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen (BeKo) auf der Grundlage von Fachgesprächen verschiedene Lösungsansätze, unter anderem eine langfristige Strategie für das Management genetischer Ressourcen in Anlehnung an das skizzierte französische Langzeitexperiment. Die bislang am Julius Kühn-Institut durchgeführten Arbeiten bei Wintergerste werden dargestellt.

### **Material und Methoden**

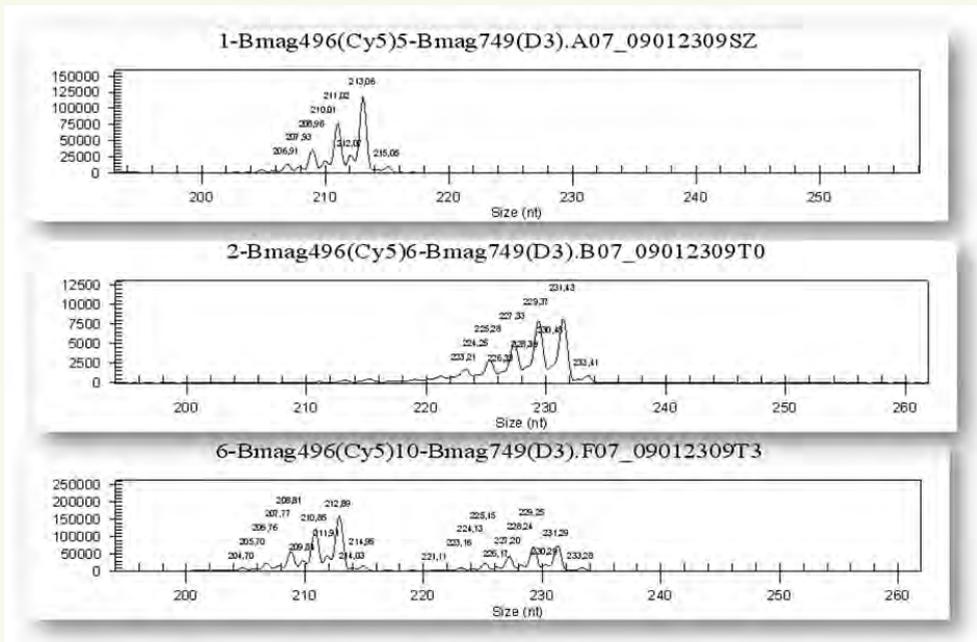
Im Jahr 2007 begann der Aufbau einer hoch variablen Population. Als Ausgangsmaterial standen 227 Gerstensorten zur Verfügung, die im Zeitraum von 1914 bis 2003 gezüchtet wurden. Aufgrund von Vorarbeiten (REETZ, 2004; ORDON *et al.*, 2005) wurden 58 Sorten ausgewählt und die genetischen Distanzen zwischen ihnen mit 20 SSR-Markern ermittelt. Genetische Variation wird nach dem Schema Multi-parent Advanced Generation Intercross (MAGIC) von CAVANAGH *et al.* (2008) erzeugt.

### **Ergebnisse**

Die genetischen Distanzen aller 58 Genotypen wurden durch die Hauptkoordinatenanalyse geschätzt und anschließend 32 möglichst divergente Genotypen als Kreuzungspartner ausgewählt. Diese wurden in 4 Gruppen (LÉON *et al.*, 2008) eingeteilt. Zur Herstellung der Generation 1 (G1) wurden Eltern innerhalb eines Quadranten ausgewählt und gekreuzt. Im Jahr 2010/2011 wurde die Erzeugung der G2 abgeschlossen.

Die fehlerfreie Auswahl von Eltern für den jeweils folgenden Kreuzungszyklus ist für die spätere wissenschaftliche Auswertung entscheidend. Fokussiert auf die Entwicklung eines markergestützten Prüfsystems wurden deshalb die 32 Genotypen mit 70 SSR-Markern gescreent, um polymorphe Marker zur Überprüfung des Kreuzungserfolges zu identifizieren. Insgesamt wurden 16 SSR-Marker selektiert, die eine Verifizierung von G1-Pflanzen gestatten (Abb. 1).

Im Winter 2011/12 erfolgt die Überprüfung der Nachkommenschaften aus Kreuzungen von G1-Individuen. Abb. 2 illustriert das Verfahren zur Auswahl von G2-Pflanzen, die zur Erzeugung der G3 verwendet werden.



**Abb. 1** Identifikation einer G1-Pflanze aus der Kreuzung von Cervoise x Vulcan mittels Polyacrylamidgelelektrophorese. Die Kreuzungseltern (oberes und mittleres Diagramm) zeigen bei der Analyse des Markers Bmag496 jeweils ein Allel mit einer spezifischen Größe. Eine G1-Pflanze (unteres Diagramm) muss am gleichen Locus die Allele beider Eltern aufweisen. Selbstungen zeigen dagegen nur das Allel des mütterlichen Elters.

**Fig. 1** Identification of a G1-plant from a cross between the varieties Cervoise x Vulcan using polyacrylamide gel electrophoresis. The parents (upper and central diagram) each show an allele of the marker Bmag496 with a variety specific size. A G1-plant (lower diagram) must show the specific alleles of both parents at the same locus whereas selfings would show the allele of the seed parent, only.

Eltern	Abstammung von G1-1				Abstammung von G1-2		
	Sorna	x	Gaulois	x	Vulcan	x	Cervoise
G1-1 x G1-2							
<b>Bmac 93</b>	161	x	161		157	x	157

**Abb. 2** Der Mikrosatelliten-Marker Bmac93 eignet sich zur Identifikation von Pflanzen in der entsprechenden G2-Nachkommenschaft. G1-1 ist für das Allel mit einer Fragmentgröße von 161 bp und G1-2 für das Allel mit einer Fragmentgröße von 157 bp monomorph. In einer G2-Pflanze sind daher beide Allele zu erwarten.

**Fig. 2** The microsatellite marker Bmac93 is suited for the identification of G2-plants in the respective cross offspring. G1-1 is monomorphic for the allele with a fragment size of 161 bp while G1-2 is so for the allele with a fragment size of 157 bp. In a G2-plant both alleles are to be expected.

## Planung des Netzwerkes

Nach der Vermehrung der G3 am Standort Quedlinburg wird die G4 voraussichtlich im Jahr 2014 zur Verfügung stehen. Das G4-Saatgut wird aufgeteilt und an mindestens 12 ökogeographisch kontrastierenden Standorten (das „Netzwerk“) über einen Zeitraum von mindestens 8 Jahren angebaut. Der Aufbau des Netzwerkes beginnt im Jahr 2012.

## Schlussfolgerungen

Mit dem hier dargestellten Vorhaben setzt das Julius Kühn-Institut Empfehlungen des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen um. Im Verlauf der kommenden Jahre entstehen Forschungsmaterial für hochauflösende QTL-Kartierungen bei Gerste mittels assoziationsgenetischer Studien (LÉON *et al.*, 2008) und an den Klimawandel angepasste Genotypen der Wintergerste auf züchterisch interessantem Leistungsniveau. Wie GOLDRINGER *et al.* (2001) bei Weizen zeigten, ermöglicht ein Netzwerk die Bearbeitung verschiedenster evolutionsbiologischer Fragestellungen auch im Bereich der Phytopathologie und Resistenzgenetik.

## Danksagung

Viele Experten waren an der Beratung und Planung des Vorhabens beteiligt. Besonderer Dank gilt der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), die das Vorhaben auch finanziell unterstützte und allen Personen, die bislang mithalfen und beständiges Interesse am Fortgang des langfristigen Vorhabens zeigen.

\*Nea: griechisch „neu“. Auch Kurzform des schwedischen weiblichen Vornamens Linnea, der vom Namen des Botanikers Carl von Linné abgeleitet wurde.

## Literatur

BMELV (Hrsg.), 2007: Agrobiodiversität erhalten, Potenziale der Land-, Forst-, und Fischereiwirtschaft erschließen und nutzen. Eine Strategie des BMELV für die Erhaltung und nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt für die Ernährung, Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft. Bonn, BMELV.

CAVANAGH, C., M. MORELL, I. MACKAY und W. POWELL, 2008: From mutations to MAGIC: resources for gene discovery, validation and delivery in crop plants. *Current Opinion in Plant Biology*, **11**, 215-221.

GOLDRINGER, I., J. ENJALBERT, J. DAVID, S. OAILLARD, J. L. PHAM und P. BRABANT, 2001: Dynamic management of genetic resources: a 13-year experiment on wheat. In: *Broadening the genetic base of crop production*. Eds.: COOPER, H. D., C. SPILLANE und T. HODGKIN, Rome, IPGRI/FAO, 245-260.

HENRY, J. P., C. PONTIS, J. DAVID und P. H. GOUYON, 1991: An experiment on dynamic conservation of genetic resources with metapopulations. In: *Species conservation: a population-biological approach*. Eds.: SEITZ, A. and V. LOESCHKE, Basel, Birkhäuser Verlag, 185-198.

LÉON, J., J. RODE, L. FRESE, J. AHLEMEYER und F. ORDON, 2008: Aufbau von genetisch diversen Ramschpopulationen für die Wintergerstenzüchtung. In: *Mitt. Ges. Pflanzenbauwiss., Band 20 und Vortr. Pflanzenzücht., Band 77*. Hrsg.: HOFFMANN, S., A. HERRMANN und F. TAUBE, Kiel, Verlag Schmidt & Klaunig KG, 166-169.

ORDON, F., J. AHLEMEYER, K. WERNER, W. KÖHLER und W. FRIEDT, 2005: Molecular assessment of genetic diversity in winter barley and its use in breeding. *Euphytica* **146**, 21-28.

REETZ, T. C. und J. LÉON, 2004: Die Erhaltung der genetischen Diversität bei Getreide. Auswahl einer Gersten Core-Collection aufgrund geographischer Herkunft, Abstammung, Morphologie, Qualität, Anbaubedeutung und DNA Markeranalyse. Institut für Pflanzenbau, Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung. Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen, Bonn, Forschungsbericht Nr. **119**, ISSN 1610-2460.

## Mikrobielle Vielfalt in der Rhizosphäre und im Boden

*Microbial diversity in rhizosphere and bulk soil*

Kornelia Smalla\* & Holger Heuer

Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11/12, D-38104 Braunschweig

\*Korrespondierender Autor, kornelia.smalla@jki.bund.de, +49(0)531 2993814

DOI: 10.5073/jka.2012.436.018

### Zusammenfassung

Bodenmikroorganismen sind von enormer Bedeutung für funktionierende Stoffkreisläufe und die Pflanzengesundheit. Die Entwicklung und Anwendung von Nukleinsäure-basierten Untersuchungstechniken hat ein neues Verständnis der Vielfalt von Mikroorganismen in der Rhizosphäre und im Boden ermöglicht. Mit Hilfe dieser kultivierungsunabhängigen Methoden konnte gezeigt werden, dass die mikrobielle Diversität durch eine Vielzahl biotischer und abiotischer Faktoren beeinflusst wird. Basierend auf der Sequenzanalyse von 16S rRNA-Genen und ITS-Fragmenten, die aus Boden-DNA amplifiziert wurden, wurde die taxonomische Zuordnung (Gattungen, Arten) der Mikroorganismen ermöglicht, deren Abundanz durch die Pflanzenart oder -sorte, den Standort oder Änderungen in der landwirtschaftlichen Praxis beeinflusst wird. Die Diversifizierung innerhalb einer Art und die Anpassung von Bakterienpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen erfolgen häufig durch mobile genetische Elemente. Pathogenitätsdeterminanten, Gene für die Interaktion mit der Wirtspflanze oder Antibiotika- und Schwermetallresistenzgene sind häufig auf Plasmiden lokalisiert. Dieser Artikel fasst die Forschungsarbeiten zur mikrobiellen Diversität im Boden an der BBA und im JKI in Braunschweig zusammen.

**Stichwörter:** Mikrobielle Diversität, Bakterien, Pilze, DNA-Extraktion, Kultivierbarkeit, genetische Flexibilität, Gentransfer, mobile genetische Elemente

### Summary

Soil microbes are of enormous importance for functioning nutrient cycles as well as for plant health. The development and application of nucleic acid based techniques provided new insights into the diversity of bulk and rhizosphere soil microbes. The microbial diversity in soils was shown by means of cultivation-independent methods to be influenced by various biotic and abiotic factors. Sequence based analysis of 16S rRNA genes and ITS fragments amplified from total DNA extracted directly from soil allows to determine the taxonomic affiliation (phylum, class, order, genera and species) of those taxa influenced in their relative abundance by the plant species or genotype, the site, or changes in agricultural management. The diversification within a species and the adaptation of bacterial populations to changing environmental conditions is often fostered by mobile genetic elements. Pathogenicity determinants, genes responsible for the bacterial interaction with its host plant or antibiotic and heavy metal resistance genes are often localized on plasmids. This review summarizes research on microbial diversity performed over more than twenty years at the BBA and now in the JKI in Braunschweig.

**Keywords:** Microbial diversity, bacteria, fungi, DNA extraction, culturability, genetic flexibility, gene transfer, mobile genetic elements

### Einleitung

Die enorme Diversität von Mikroorganismen im Boden ist durch die Heterogenität dieses Lebensraums bestimmt. In unmittelbarer räumlicher Nähe können die Lebensbedingungen durch Gradienten abiotischer ( $O_2$ , pH, Wasserverfügbarkeit, Porengrößen bestimmt durch die mineralische Zusammensetzung) und biotischer Faktoren (mikrobieller Austausch organischer Nährstoffe, Wurzelexsudate) sehr unterschiedlich sein. Mikronischen mit anaeroben, mikro-aerophilen und aeroben Bedingungen existieren innerhalb weniger Millimeter einer Bodenprobe, so dass in einem Gramm Boden sehr viele (geschätzt: 5.000-50.000) unterschiedliche Bakterienarten vorkommen (GANS

et al., 2005). Die Zahl von Bakterienzellen pro Gramm Boden wird basierend auf der Bestimmung der 16S rRNA-Genkopien auf  $10^{10}$ - $10^{11}$  geschätzt. Als Rhizosphäre wird der Boden bezeichnet, der durch die Exsudate von Pflanzen beeinflusst wird (BERG und SMALLA, 2009). Mikroorganismen im Boden sind von Bedeutung für funktionierende Stoffkreisläufe, aber auch für das Pflanzenwachstum und die Pflanzengesundheit. Die Untersuchung der mikrobiellen Vielfalt im Boden und in der Rhizosphäre und wie diese auf sich ändernde Umweltfaktoren wie z.B. die landwirtschaftliche Praxis reagiert, war bis Mitte der 90-er Jahre sehr schwierig, da nur ein geringer Anteil der Bakterien mit Hilfe von traditionellen Kultivierungsverfahren isoliert und dann als Reinkultur untersucht werden konnte. Ursachen für den geringen Erfolg, Bodenbakterien zu isolieren, sind in der Nutzung ungeeigneter Kultivierungsverfahren zu sehen (zu hohe Nährstoffkonzentrationen, nicht optimale  $O_2$ -,  $CO_2$ - oder pH-Bedingungen, zu kurze Kultivierungszeiten).

Aber auch Bakterien, die normalerweise durch traditionelle Kultivierungsbedingungen untersucht werden können, wie z. B. der Erreger der Schleimkrankheit bei Kartoffeln, *Ralstonia solanacearum*, oder verschiedene Humanpathogene können durch Umweltstress (z. B. Temperaturen unter  $10^\circ C$ ) die Fähigkeit verlieren, Kolonien zu bilden. Die Limitierungen der traditionellen kultivierungsabhängigen Analyse von Bakterien können durch die Nutzung Nukleinsäure-basierter Untersuchungsmethoden überwunden werden. Auch die Taxonomie der Mikroorganismen hat sich durch Sequenzierung phylogenetischer Markergene (16S rRNA: Bakterien, Archaea; 18S rRNA oder ITS: Pilze, Oomyceten) in den letzten 25 Jahren grundlegend geändert. Dabei werden noch nicht gültig beschriebene Bakterienarten oft auch als „operational taxonomic unit“ (OTU) bezeichnet und definiert durch eine 16S rRNA-Genidentität über 97 %. Für Isolate wird als weiteres Kriterium eine DNA-DNA-Ähnlichkeit von über 70 % herangezogen. Mit der Entwicklung und Nutzung Nukleinsäure-basierter Nachweismethoden begann Anfang der 90-er Jahre ein neues Zeitalter in der Untersuchung der Vielfalt pflanzen- und bodenassoziierter Mikroorganismen. In diesem Beitrag stellen wir insbesondere die am JKI in diesem Zusammenhang durchgeführten Arbeiten kurz dar.

### Extraktion von Nukleinsäuren

Die kultivierungsunabhängige Analyse basiert zumeist auf der Untersuchung von DNA oder RNA, die direkt aus Boden- und Pflanzenproben extrahiert wird. Auch wenn verschiedene Böden unterschiedliche Anforderungen an notwendige Reinigungsschritte stellen, gilt die Extraktion von Nukleinsäuren als für die Routine geeignet und kann auch für große Probenzahlen angewendet werden (SMALLA et al., 1993; VAN ELSAS et al., 2000; SMALLA und van ELSAS, 2010; DING et al., 2011). Nach einem harschen Zellaufschluss mit Hilfe einer Kugelmühle (z. B. der FastPrep-Maschine) kann die DNA oder RNA direkt aus der Bodenmatrix oder aus Pflanzenproben isoliert werden. Allerdings müssen ko-extrahierte Huminsäuren gründlich entfernt werden, bevor die Untersuchung mit molekularen Methoden wie z. B. der Polymerasekettenreaktion (PCR) möglich ist. Bei problematischen Böden (z. B. mit Schwermetallen kontaminiert) oder bei Rhizosphärenproben wird häufig zunächst das Mikroorganismenpellet extrahiert. Diese Methode wird auch als indirekte Nukleinsäureextraktion bezeichnet. Zumeist werden mit dieser Methode geringere DNA/RNA-Mengen extrahiert, dafür enthält die Nukleinsäure-Lösung geringere Kontaminationen mit ko-extrahierten, die PCR inhibierenden Stoffen. Direkt extrahierte DNA aus Bodenproben enthält nicht nur die Erbsubstanz von Mikroorganismen, sondern auch der Mesofauna oder von Pflanzen. Durch den harschen Zellaufschluss ist auch die DNA von Sporen oder Dauerformen repräsentiert. Die Ausbeute und Fragmentierung der DNA kann nach Agarosegelelektrophorese analysiert werden, aber erst die Quantifizierung der 16S rRNA-Kopienzahlen erlaubt eine Abschätzung der Bakterienzahl. Dabei muss beachtet werden, dass die Zahl der 16S rRNA-Gene pro Zelle zwischen 1-15 bei verschiedenen Spezies variiert. Direkt extrahierte RNA ermöglicht die Analyse der metabolisch aktiven Fraktion oder auch der Genexpression (GOMES et al., 2004, 2005).

## Analyse der strukturellen Diversität im Boden: welche Arten und wie häufig?

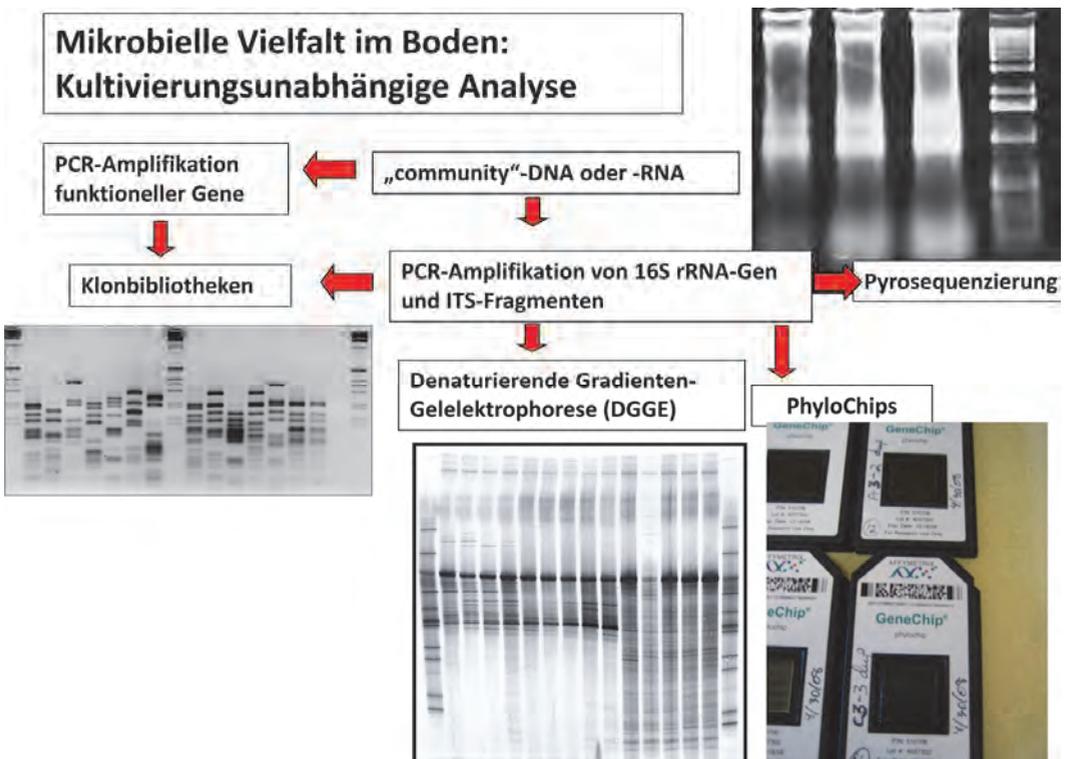
Um zu untersuchen, welche Bakterien- oder Pilzarten in einem Boden oder in der Rhizosphäre vorhanden sind, werden meist Genfragmente der 16S rRNA bzw. der ITS aus der direkt extrahierten DNA mit Hilfe von Primern, die an konservierte Regionen binden, amplifiziert. Zwischen den konservierten Regionen liegen variable Sequenzabschnitte, die eine phylogenetische Zuordnung der amplifizierten 16S rRNA-Gensequenzen nach Sequenzierung durch Vergleiche mit Sequenzen in der Genbank ermöglichen. Zu Beginn der 90-er Jahre wurden PCR-Produkte durch Klonierung und Sequenzierung analysiert. Diese Methode war zeit- und kostenaufwändig und konnte daher nur für geringe Probenzahlen genutzt werden. Erst durch die Entwicklung molekularer Fingerprinting-Techniken wurde es möglich, größere Probenzahlen vergleichend zu analysieren. Die Auftrennung von PCR-Produkten gleicher Größe basiert auf den Sequenzunterschieden. Die in den 90-er Jahren etablierten Fingerprint-Methoden erlaubten erstmals die vergleichende Analyse verschiedener Proben (NÜBEL *et al.*, 1996; HEUER *et al.*, 1997; MUYZER und SMALLA, 1998; SMALLA *et al.*, 2007). In den an der BBA bzw. dem JKI durchgeführten Forschungsprojekten wurden 16S rRNA-Genfragmente mit Hilfe der denaturierenden Gradientengelelektrophorese (DGGE) basierend auf sequenzabhängigen Unterschieden im Schmelzverhalten der doppelsträngigen DNA aufgetrennt. Die Ähnlichkeit der DGGE-Fingerprints innerhalb einer Behandlung und zwischen Behandlungen (zwischen Böden, zwischen nicht-durchwurzeltem Boden und Rhizosphäre oder Rhizosphären von verschiedenen Pflanzenarten) konnte verglichen werden und Banden, die nur bei bestimmten Behandlungen auftraten, durch Klonierung und Sequenzierung charakterisiert werden (SMALLA *et al.*, 2001; HEUER *et al.*, 2002; GOMES *et al.*, 2001, 2003; MILLING *et al.*, 2004; KROPF *et al.*, 2004; COSTA *et al.*, 2006A,B, 2007; OROS-SICHLER *et al.*, 2006; WEINERT *et al.*, 2009). Wird das 16S rRNA-Genprodukt mit bakterienspezifischen Primern erzeugt, stellt der DGGE-Fingerprint ein Display der am häufigsten vorkommenden Bakterienpopulationen dar, und die Bandenintensität gibt einen Hinweis auf die relative Abundanz. Um auch seltenere Bakterienpopulationen zu erfassen, wurde die Strategie der Nutzung gruppenspezifischer Primer verfolgt. So können Fingerprints der *Actinobacteria* (HEUER *et al.*, 1997), *Alphaproteobacteria* (HEUER und SMALLA, 1999), *Betaproteobacteria* (GOMES *et al.*, 2001), *Pseudomonadaceae* (MILLING *et al.*, 2004), *Enterobacteriaceae* (BINH *et al.*, 2010) oder Streptomyceten (WEINERT *et al.*, 2009) erfasst werden. Dadurch kann die Empfindlichkeit der Detektion deutlich verbessert werden. Da zumeist nur ein Bruchteil der aus einem Gramm extrahierten DNA für die PCR eingesetzt wird, werden Mikroorganismen, die in Zellzahlen unter 100 pro Gramm im Boden vorkommen, wahrscheinlich nicht erfasst. Die größte Diversität von Mikroorganismen befindet sich aber in der sogenannten „rare biosphere“. Molekulare Fingerprints wurden im Rahmen von DFG-, EU- und BMBF-geförderten Projekten an der BBA bzw. im JKI genutzt, um den Einfluss des Standorts (Boden, Klima, Fruchtfolge etc.), der Pflanzenart und der Sorte auf die Zusammensetzung der bakteriellen und pilzlichen Gemeinschaften in der Rhizosphäre zu untersuchen. In verschiedenen Projekten konnte gezeigt werden, dass der Boden häufig den stärksten Effekt auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft hat (HEUER *et al.*, 2002; WEINERT *et al.*, 2009). Die Zusammensetzung bakterieller und pilzlicher Gemeinschaften in der Rhizosphäre unterscheidet sich oft dadurch, dass die relative Abundanz einiger Populationen in der Rhizosphäre erhöht ist. Saisonale Veränderungen in der relativen Abundanz von Bakterien und Pilzpopulationen sowie die pflanzenartabhängige Diversität in der Rhizosphäre konnten mit Hilfe von DGGE-Analysen gezeigt werden (SMALLA *et al.*, 2001; GOMES *et al.*, 2003). In einigen Fällen sind die Wurzelexsudate von Pflanzen für eine spezifische Anreicherung von Bakterienpopulationen verantwortlich. So scheinen die Wurzelexsudate von *Rosaceae* eine ausgeprägte Anreicherung z.B. von Actinobakterien oder Pseudomonaden zu verursachen (COSTA *et al.*, 2006A-C, 2007), was im Hinblick auf die Bodenmüdigkeit von Bedeutung sein könnte. Molekulare Fingerprints wurden auch zur Untersuchung von Effekten gentechnisch veränderter Pflanzen auf die Zusammensetzung mikrobieller Gemeinschaften genutzt. Es konnte gezeigt werden, dass für die untersuchten gentechnisch veränderten Kartoffeln die Effekte im Rahmen der normalen Sortenvariabilität lagen (HEUER *et al.*, 2002; MILLING *et al.*, 2004; WEINERT *et al.*, 2009). In Kooperation mit der Arbeitsgruppe von Gary Anderson wurden PhyloChips genutzt, um die Diversität von Bakterien in der Rhizosphäre von

drei Kartoffelsorten, die an zwei Standorten in Bayern angebaut wurden, zu analysieren. Mehr als 2.400 OTU, die zu 12 Phyla gehörten, konnten detektiert werden. Die statistische Analyse zeigte, dass sich die Fluoreszenz von 692 OTU signifikant zwischen den Standorten unterschied, während 207 OTU sich signifikant zwischen den Sorten unterschieden. Interessanterweise gehörten viele der sortenspezifischen OTU zu den *Pseudomonadales*, *Actinomycetales* und *Enterobacteriales*. Dieses Ergebnis ist interessant, weil bakterielle Antagonisten, aber auch Pathogene, sehr häufig zu diesen Familien gehören. Für die gleichen Rhizosphärenproben wurde pro Sorte und Standort eine Klonbibliothek analysiert. Beide Techniken zeigten, dass die meisten OTU zu den *Alpha*- und *Betaproteobacteria* sowie den *Acidobacteria* gehörten. Acidobakterien werden bei traditionellen Kultivierungsverfahren gewöhnlich nicht beobachtet, da es oft mehrere Wochen dauert, bis sie Kolonien auf festen Nährmedien bilden. Obwohl aus den sechs Klonbibliotheken nur eine begrenzte Zahl von Klonen sequenziert wurde (insgesamt 311), konnten wir zeigen, dass in den Rhizosphärenproben der drei Kartoffelsorten ‚Désirée‘, ‚Baltica‘ und ‚Sibu‘, die an den Standorten Roggenstein und Oberviehhausen in Bayern angebaut wurden, Alpha- und Betaproteobakterien gefolgt von den Acidobakterien am häufigsten vorkamen. OTU, die zu den *Acidobacteriaceae*, *Planctomycetaceae*, *Verrucomicrobiales* oder der TM7-Gruppe gehören, wurden an fast allen Sorten nachgewiesen, d.h., sie gehörten zu den dominanten Rhizobakterien. Die Rolle dieser teilweise durch keinerlei Isolate repräsentierten Bakterien ist noch völlig unklar. Mit Hilfe von DGGE-Fingerprints konnten DEMATHEIS *et al.*, (2012) zeigen, dass sich in Folge des Fressverhaltens von *Diabrotica*-Larven die Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaft in der Rhizosphäre von Mais änderte und Populationen wie *Acinetobacter calcoaceticus* in der Rhizosphäre möglicherweise durch erhöhte phenolische Substanzen angereichert wurden. Molekulare Fingerprinting-Methoden sind gut geeignet, Effekte der Inokulation von Biokontrollstämmen (GÖTZ *et al.*, 2006; ADESINA *et al.*, 2009; XUE *et al.*, 2012; GROSCHE *et al.*, 2012) oder die Effekte von Kontaminationen wie durch Veterinärantibiotika (KOPMANN *et al.*, 2012 Revision), polyaromatische Kohlenwasserstoffe (PAK; GOMES *et al.*, 2005) oder durch Pestizide (DEALTRY *et al.*, in Vorbereitung) zu untersuchen. Während DGGE-Fingerprints geeignet sind, die Variabilität in der relativen Abundanz von Bakterien- und Pilzpopulationen zu detektieren, werden Informationen über die taxonomische Zuordnung erst nach der Sequenzierung von Banden re-amplifizierter PCR-Produkte möglich. Daher wird zunehmend die direkte Sequenzierung von PCR-Amplikons mit Hilfe der Pyrosequenzierung quasi als Fingerprinting-Technik genutzt. Werden 16S rRNA Gen-PCR-Produkte von Wiederholungen der gleichen Behandlung sequenziert, dann wird nicht nur die Inventarisierung der vorhandenen OTU und ihrer relativen Abundanz möglich, sondern auch die Ermittlung signifikant erhöhter OTU und die Cluster-Analyse, wie sie üblicherweise bei der DGGE angewendet wird. Erfreulich ist die Übereinstimmung der Ergebnisse der 16S rRNA Amplikon-Analyse mit der DGGE und der Pyrosequenzierung. Die Zahl der Sequenzen, die pro Wiederholung erhalten wird, liegt zwischen 5.000 und 10.000, und deren bioinformatische Analyse ist derzeit eine große Herausforderung (DING *et al.*, 2011).

### **Herausforderung der Verknüpfung der strukturellen und funktionellen Diversität**

Differenzierende Banden können durch Sequenzierung identifiziert werden. Oft geben diese sogenannten „responder“ auch Hinweise auf Änderungen in der Abundanz von Populationen mit bestimmten funktionellen Genen (GOMES *et al.*, 2005). Mit PCR-Systemen für Gene, die für Enzyme kodieren, die am ersten Schritt des aeroben Abbaus von PAK beteiligt sind, konnten wir zeigen, dass in landwirtschaftlichen Böden diese Gene zunächst nicht detektierbar waren und nach einer Inkubation, z. B. mit Naphthalin oder Phenanthren, in künstlich kontaminierten Böden die entsprechenden Abbaugene angereichert wurden (GOMES *et al.*, 2005; DING *et al.*, 2010). Die Klonierung und Sequenzierung von PCR-Produkten dieser funktionellen Gene zeigt, dass deren Häufigkeit und Diversität abhängig vom Bodentyp war (DING *et al.*, 2010). In Kooperation mit J. Zhou, Universität Oklahoma, und D. Pieper, HZI Braunschweig, wurden auch die Möglichkeiten und Limitierungen sogenannter „functional gene arrays“ ausgelotet, die eine parallele Detektion vieler funktioneller Gene ermöglichen (GOMES *et al.*, 2010; Ding *et al.*, im Druck). In Abb.1 ist das

experimentelle Herangehen zur Untersuchung der mikrobiellen Diversität von Bodenmikroorganismen dargestellt.



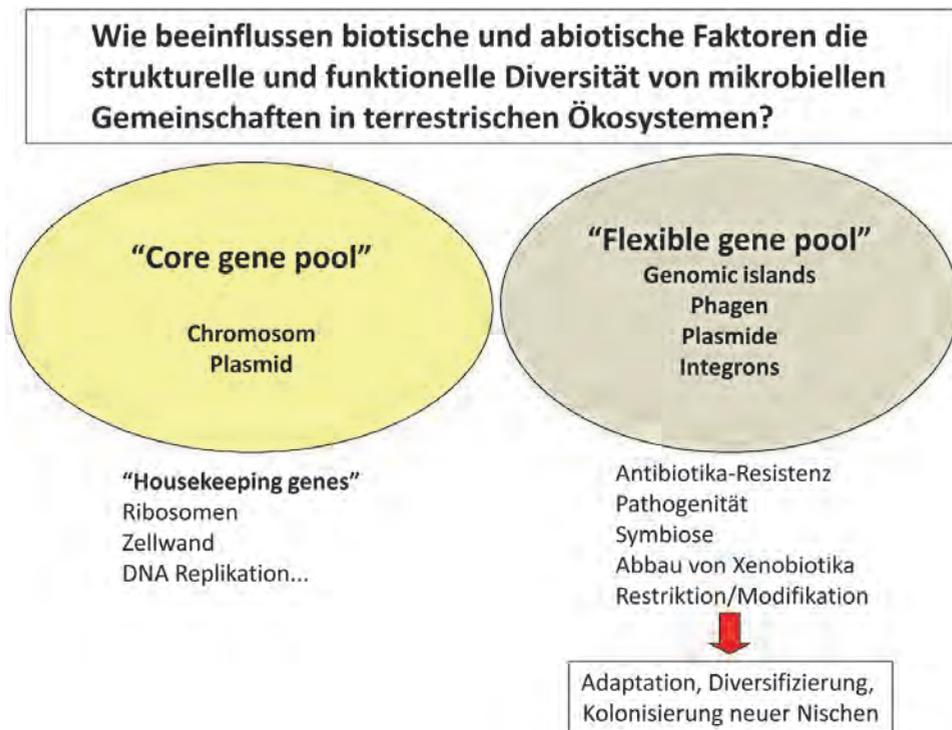
**Abb. 1** Experimentelle Ansätze zur Untersuchung der strukturellen und funktionellen Diversität von mikrobiellen Gemeinschaften im Boden

**Fig. 1** Experimental approaches for studying the structural and functional diversity of microbial communities in soil

### Bedeutung mobiler genetischer Elemente für die bakterielle Vielfalt von Bakterien

Der evolutionäre Erfolg von Bakterien wird wesentlich durch die hohe Plastizität bakterieller Genome bestimmt. Erkenntnisse basierend auf der zunehmenden Zahl vollständig sequenzierter Genome bestätigen das von CARNIEL und HACKER (2001) vorgeschlagene Konzept, dass Bakterien einer Art das sogenannte Core-Genom teilen, sich aber häufig im sogenannten flexiblen Genpool deutlich unterscheiden (s. Abb. 2). Der flexible Genpool trägt wesentlich zur innerartlichen Vielfalt von Bakterien bei. Mobile genetische Elemente wie Plasmide, Phagen, Transposons, Integrons, oder Pathogenitäts- bzw. genomische Inseln tragen häufig Gene und Gencluster, die wesentlich für die Anpassung von Bakterienpopulationen an sich ändernde Umweltbedingungen bzw. Umweltstress (Schwermetalle, Antibiotika, Pestizide) sind. Gene, die für die Interaktion mit Pflanzen bedeutsam sind, sind ebenfalls häufig auf Plasmiden lokalisiert, wie z. B. bei Pflanzenpathogenen wie *Pseudomonas syringae* oder *Agrobacterium tumefaciens* (HEUER *et al.*, 2008; HEUER und SMALLA, 2012). Insbesondere der Beitrag von Plasmiden bei der Anpassung von Bodenbakterien an Selektionsdruck durch Antibiotika, Schwermetalle und Pestizide wurde am JKI mit Hilfe von kultivierungsunabhängigen Methoden im Rahmen von DFG-, EU- und INTAS-Projekten untersucht. Die vollständige Sequenz verschiedener Plasmide konnte in Zusammenarbeit mit Eva Top (University of Idaho, Moscow, Idaho) ermittelt werden. Basierend auf den Sequenzinformationen können

Primersysteme entwickelt werden, die eine PCR-basierte Detektion dieser Plasmide in direkt extrahierter DNA ermöglichen. Mit Hilfe der real-time PCR ist eine Quantifizierung des Vorkommens von Plasmiden, aber auch von Resistenz- und Abbaugenen in Gesamt-DNA in Abhängigkeit von Kontamination und Bioverfügbarkeit möglich. Mit diesen Methoden konnten wir zeigen, dass das Vorhandensein von Antibiotika in Schweinegülle, die zur Düngung von Böden verwendet wird, zu einer erhöhten Abundanz von Resistenzgenen und mobilen genetischen Elementen führt. Aber auch sogenannte Biofilter, die zur Biodegradation von Pestiziden verwendet werden, führen zu einer Anreicherung mobiler genetischer Elemente, die zur Anpassung der Bakterien an sich ändernde Bedingungen beitragen.



**Abb. 2** Die Sequenzierung von bakteriellen Genomen zeigte: Bakterien einer Art haben das gleiche Core-Genom, unterscheiden sich aber häufig im sogenannten flexiblen Genpool.

**Fig. 2** *Sequencing of bacterial genomes revealed: bacteria affiliated to the same species share the genes of the core gene pool but often differ in the genes of the flexible gene pool.*

### Zusammenfassung und Ausblick

Die Analyse von aus Boden und Pflanzenproben direkt extrahierten Nucleinsäuren hat zu einem neuen Verständnis der mikrobiologischen Vielfalt und deren Dynamik und Plastizität in Bezug auf ihre Antwort auf sich ändernde Umweltbedingungen geführt. Die Detektion und Quantifizierung von pathogenspezifischen Sequenzen erlaubt den kultivierungsunabhängigen Nachweis von Pflanzenpathogenen und ermöglicht damit auch neue Einblicke in deren Ökologie. Die molekularen Fingerprinting-Methoden sind ebenfalls geeignet, Effekte von biologischen Kontrollstämmen und Pestiziden auf die strukturelle Diversität mikrobieller Gemeinschaften nachzuweisen und sollten zukünftig die bislang angewendeten „black box“-Methoden ergänzen. Diese Methoden können auch angewendet werden, um Effekte landwirtschaftlicher Praxis auf mikrobielle Gemeinschaften -

insbesondere im Hinblick auf Suppressivität gegenüber Phytopathogenen - zu untersuchen. Weiterhin soll mit molekularen Techniken untersucht werden, welche Bakterien und Pilze im Boden spezifisch an pflanzenparasitäre Nematoden anheften. Die Cuticula von Nematoden ist eine extrazelluläre Matrix, die eine Schutzfunktion vor der Adhäsion schädlicher Mikroorganismen im Boden hat. Der Nutzen einer dennoch stattfindenden Anheftung für die Mikroben soll untersucht werden (Transport zur Wurzelzone, Ko-Infektion der Wurzel, Infektion des Nematoden).

Ein Schwerpunkt der Forschungsarbeiten zur mikrobiellen Vielfalt am JKI wird auch zukünftig die Untersuchung des flexiblen und insbesondere des plasmidlokalisierten Genpools bleiben, da dieser für die Anpassung von Bakterien an sich ändernde Umweltbedingungen von Bedeutung ist. Besonders spannend wird es, mit Hilfe molekularer Methoden das pflanzliche Mikrobiom und dessen Kommunikation mit der Pflanze besser zu verstehen, um diese Erkenntnisse gezielt für den Pflanzenschutz nutzen zu können.

Danksagung: Die Forschung zur biologischen Vielfalt in der Rhizosphäre wurde unterstützt durch DFG-, BMBF- und EU-Drittmittelprojekte.

## Literatur

- ADESINA, M., R. GROSCH, A. LEMBKE, T. VATCHEV and K. SMALLA, 2009: *In vitro* antagonists of *Rhizoctonia solani* tested on lettuce: rhizosphere competence, biocontrol efficiency and rhizosphere microbial community response. *FEMS Microbiology Ecology* **69**, 62-74.
- BERG, G. and K. SMALLA, 2009: Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere. *FEMS Microbiology Ecology* **68**, 1-13.
- BINH, C. T. T., H. HEUER, N. C. M. GOMES, M. KAUPENJOHANN and K. SMALLA, 2010: Similar bacterial community structure and high abundance of sulfonamide resistance genes in field-scale manures. *In* Manure: Management, Uses and Environmental Impacts. C.S. Dellaguardia, Ed., pp 141-166. Nova Science Publishers, Inc., New York.
- COSTA, R., N. C. M. GOMES, R. PEIXOTO, N. RUMJANEK, G. BERG, L. MENDONÇA-HAGLER and K. SMALLA, 2006a: Diversity and antagonistic potential of *Pseudomonas* spp. in the rhizosphere of maize grown in a subtropical organic farm. *Soil biology and biochemistry* **38**, 2434-2447.
- COSTA, R., M. GÖTZ, N. MROTZEK, J. LOTTMANN, G. BERG and K. SMALLA, 2006b: Effect of site and plant species on rhizosphere community structure as revealed by molecular analysis of different microbial guilds. *FEMS Microbiology Ecology* **56**, 236-249.
- COSTA, R., J. F. SALLÉS, G. BERG and K. SMALLA, 2006c: Cultivation-independent analysis of *Pseudomonas* species in soil and in the rhizosphere of field-grown *Verticillium dahliae* host plants. *Environmental Microbiology* **8**, 2136-2149.
- COSTA, R., N. C. M. GOMES, E. KRÖGERRECKLENFORT, K. OPELT, G. BERG and K. SMALLA, 2007: *Pseudomonas* community structure and antagonistic potential in the rhizosphere: insights gained by combining phylogenetic and functional gene-based analyses. *Environmental Microbiology* **9**, 2260-2273.
- DEMATHEIS, F., U. ZIMMERLING, C. FLOCCO, B. KURTZ, S. VIDAL, S. KROPF and K. SMALLA, 2012: Multitrophic interaction in the rhizosphere of maize: Root feeding of Western Corn Rootworm larvae alters the microbial community composition. *PLoS ONE*, in press.
- DING, G. C., H. HEUER and K. SMALLA, 2011: Molecular Techniques of Handbook of Soil Sciences: Properties and Processes. Chapter 28-1. Second Edition, Pan Ming Huang, Yuncong Li and Malcolm E. Sumner. CRC Press 2011, Print ISBN: 978-1-4398-0305-9, eBook ISBN: 978-1-4398-0306-6.
- DING, G.-C., H. HEUER, Z. HE, J. XIE, J. ZHOU and K. SMALLA, 2012: More functional genes and convergent overall functional patterns detected by GeoChip in phenanthrene spiked soils. *FEMS Microbiology Ecology*, in press.
- GANS, J., M. WOLINSKY and J. DUNBAR, 2005: Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil. *Science* **309**, 1387-1390.
- GÖTZ, M., N. C. M. GOMES, A. DRATWINSKI, R. COSTA, G. BERG, R. PEIXOTO, L. MENDONÇA-HAGLER and K. SMALLA, 2006: Survival of *gfp*-tagged antagonistic bacteria in the rhizosphere of tomato plants and their effects on the indigenous bacterial community. *FEMS Microbiology Ecology* **56**, 207-218.
- GOMES, N. C. M., H. HEUER, J. SCHÖNFELD, R. COSTA, L. HAGLER-MENDONÇA and K. SMALLA, 2001: Bacterial diversity of the rhizosphere of maize (*Zea mays*) grown in tropical soil studied by temperature gradient gel electrophoresis. *Plant and Soil* **232**, 167-180.
- GOMES, N. C. M., O. FAGBOLA, R. COSTA, N. G. RUMJANEK, A. BUCHNER, L. MENDONÇA-HAGLER and K. SMALLA, 2003: Dynamics of fungal communities in bulk and maize rhizosphere soil in the tropics. *Applied and Environmental Microbiology* **69**, 3758-3766.
- GOMES, N. C. M., R. COSTA and K. SMALLA, 2004: Rapid simultaneous extraction of DNA and RNA from bulk and rhizosphere soil. Chapter 1.12: 159-169. *In* Molecular Microbial Ecology Manual. G.A. Kowalchuk, F.J. de Bruijn, I.M. Head, A.D.L. Akkermans and J.D. van Elsas, Eds., 2nd edition. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.

- GOMES, N. C. M., I. A. KOSHELEVA, W.-R. ABRAHAM and K. SMALLA, 2005: Effects of the inoculant strain *Pseudomonas putida* KT2442 (pNF142) and of naphthalene contamination on the soil bacterial community. *FEMS Microbiology Ecology* **54**, 21-33.
- GROSCH, R., S. DEALTRY, S. SCHREITER, G. BERG, L. MENDONÇA-HAGLER and K. SMALLA, 2012: Biocontrol of *Rhizoctonia solani*: complex interaction of biocontrol strains, pathogen and indigenous microbial community in the rhizosphere of lettuce shown by molecular methods. *Plant and Soil*, in press.
- HACKER, J. and E. CARNIEL, 2001: Ecological fitness, genomic islands and bacterial pathogenicity. A Darwinian view of the evolution of microbes. *EMBO Rep* **2**, 376-381.
- HEUER, H., M. KRSEK, K. SMALLA and E. M. H. WELLINGTON, 1997: Analysis of actinomycete communities by specific amplification of 16S rDNA and gel electrophoretic separation in denaturing gradients. *Applied and Environmental Microbiology* **63**, 3233-3241.
- HEUER, H. and K. SMALLA, 1999: Bacterial phyllosphere communities of *Solanum tuberosum* L. and T4-lysozyme producing variants. *FEMS Microbiology Ecology* **28**, 357-371.
- HEUER, H., E. KRÖGERECKLENFORT, E. M. H. WELLINGTON, S. EGAN, J. D. VAN ELSAS, L. VAN OVERBEEK, J.-M. COLLARD, G. GUILLAUME, A. D. KARAGOUNI, T. L. NIKOLAKOPOULOU and K. SMALLA, 2002: Gentamicin resistance genes in environmental bacteria: Prevalence and transfer. *FEMS Microbiology Ecology* **42**, 289-302.
- HEUER, H., R. M. KROPPENSTEDT, J. LOTTMANN, G. BERG and K. SMALLA, 2002: Effects of T4 lysozyme release from transgenic potato roots on bacterial rhizosphere communities are negligible relative to natural factors. *Applied and Environmental Microbiology* **68**, 1325-1335.
- HEUER, H., Z. ABDO and K. SMALLA, 2008: Patchy distribution of flexible genetic elements in bacterial populations mediates robustness to environmental uncertainty. *FEMS Microbiology Ecology* **65**, 361-371.
- HEUER, H., H. SCHMITT and K. SMALLA, 2011: Antibiotic resistance genes spread due to manure application on agricultural fields. *Current Opinion in Microbiology* **14**, 236-243.
- HEUER, H., C. T. T. BINH, S. JECHALKE, C. KOPMANN, U. ZIMMERLING, E. KRÖGERECKLENFORT, T. LEDGER, B. GONZÁLEZ, E. TOP and K. SMALLA, 2012: IncP-1e plasmids are important vectors of antibiotic resistance genes in agricultural systems: diversification driven by class 1 integron gene cassettes. *Frontiers in Microbiology* **3** (2), 1-8.
- HEUER, H. and K. SMALLA, 2012: Plasmids foster diversification and adaptation of bacterial populations in soil. *FEMS Microbiology Reviews*, DOI:10.1111/j.1574-6976.2012.00337.x
- KROPF, S., H. HEUER, M. GRÜNING and K. SMALLA, 2004: Significance test for comparing complex microbial community fingerprints using pairwise similarity measures. *Journal of Microbiological Methods* **57**, 187-195.
- MILLING, A., K. SMALLA, F. X. MAIDL, M. SCHLOTTER and J. C. MUNCH, 2004: Effect of transgenic potatoes with an altered starch composition on the diversity of soil and rhizosphere bacteria and fungi. *Plant and Soil* **266**, 23-39.
- MUYZER, G. and K. SMALLA, 1998: The need for DGGE and TGGE in microbial ecology. *Antonie van Leeuwenhoek* **73**, 127-141.
- NÜBEL, U., B. ENGELEN, A. FELSKE, J. SNAIRD, A. WIESHUBER, R. I. AMANN, W. LUDWIG and H. BACKHAUS, 1996: Sequence heterogeneities of genes encoding 16S rRNAs in *Paenibacillus polymyxa* detected by temperature gradient gel electrophoresis. *Journal of Bacteriology* **178**, 5636-5643.
- OROS-SICHLER, M., N. C. M. GOMES, G. NEUBER and K. SMALLA, 2006: A new semi-nested PCR protocol to amplify large 18S rRNA gene fragments for PCR-DGGE analysis of soil fungal communities. *Journal of Microbiological Methods* **65**, 63-75.
- SMALLA, K., N. CRESSWELL, L. C. MENDONÇA-HAGLER, A. WOLTERS and J. D. VAN ELSAS, 1993: Rapid DNA extraction protocol from soil for polymerase chain reaction-mediated amplification. *Journal of Applied Bacteriology* **74**, 78-85.
- SMALLA, K., M. OROS-SICHLER, A. MILLING, H. HEUER, S. BAUMGARTE, R. BECKER, G. NEUBER, S. KROPF, A. ULRICH and C. C. TEBBE, 2007: Bacterial diversity of soils assessed by DGGE, T-RFLP and SSCP fingerprints of PCR-amplified 16S rRNA gene fragments: do the different methods provide similar results? *Journal of Microbiological Methods* **69**, 470-479.
- SMALLA, K., G. WIELAND, A. BUCHNER, A. ZOCK, J. PARZY, S. KAISER, N. ROSKOT, H. HEUER and G. BERG, 2001: Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed. *Applied and Environmental Microbiology* **67**, 4742-4750.
- SMALLA, K. and J. D. VAN ELSAS, 2010: The Soil Environment. In: *Environmental Molecular Microbiology*, W.-T. Liu and J. K. Jansson, pp. 111-130. Caister Academic Press, Norfolk, UK.
- VAN ELSAS, J. D., K. SMALLA and C. C. TEBBE, 2000: Extraction and analysis of microbial community nucleic acids from environmental matrices, 29-51. In: J.K. Jansson, J.D. van Elsas, and M.J. Bailey (eds) *Tracking genetically-engineered microorganisms*. Eurekah, Austin, Texas.
- WEINERT, N., R. MEINCKE, C. GOTTWALD, H. HEUER, N. C. GOMES, M. SCHLOTTER, G. BERG and K. SMALLA, 2009: Rhizosphere communities of genetically modified zeaxanthin-accumulating potato plants and their parent cultivar differ less than those of different potato cultivars. *Applied and Environmental Microbiology* **75**, 3859-3865.
- XUE, Q.-Y., G.-C. DING, S.-M. LI, Y. YANG, C.-Z. LAN, J.-H. GUO and K. SMALLA, 2012: Rhizocompetence and antagonistic activity towards genetically diverse *Ralstonia solanacearum* strains – an improved strategy for selecting biocontrol agents. *Applied Microbiology and Biotechnology*, in press.

## Taxonomische und funktionelle Diversität arbuskulärer Mykorrhizasymbiosen im Pflanzenbau

Stephan König\*, Stefan Wagner & Falko Feldmann

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Messeweg 11-12, D-38104 Braunschweig

\* Korrespondierender Autor, stephan.koenig@jki.bund.de, +49(0)531 2994422

DOI: 10.5073/jka.2012.436.019

### Zusammenfassung

Die arbuskuläre Mykorrhiza (AM) führt zu einer Steigerung der ökologischen Fitness ihrer Pflanzenpartner und kann vielseitig genutzt werden. Sie fungiert dabei im Pflanzennutzungssystem nicht ausschließlich mutualistisch, sondern in einem Kommensalismus-Mutualismus-Kontinuum. Die taxonomische Zusammensetzung der am jeweiligen Standort vorhandenen Mykorrhizapilzgemeinschaften besitzt Einfluss auf die quantitative und qualitative Wirksamkeit der Symbiose, auf die sich weiterhin u. a. die genetische Identität der Wirtspflanze, der Bodennährstoffgehalt, sowie strukturelle Beschaffenheit des Bodens auswirken. Darüber hinaus begründet die genetische Vielfalt unterhalb der Artebene der Mykorrhizapilze die nutzungsrelevante funktionelle Diversität der Symbiosen.

**Stichwörter:** Arbuskuläre Mykorrhizapilze, Intra-spezifische Diversität, Nutzpflanzen, Produktivität, Symbiose, Bodenfaktoren, Bodenbearbeitung

### Summary

Naturally occurring arbuscular mycorrhizal fungi improve ecological fitness of their plant hosts. In agricultural practice, mycorrhizal associations function along a commensalism-mutualism continuum. Species composition of mycorrhizal fungal communities in different habitats was found to determine quantitative and qualitative symbiotic performance. Besides this, genotype of the plant host, soil nutrition status, and soil structure were identified to strongly affect symbiotic outcome. Furthermore, mycorrhiza fungi clonal diversity below fungal species level was shown to have considerable influence on functional diversity in terms of a functional complementarity of the fungal inoculum which is important for the agricultural exploitation of the arbuscular mycorrhizal symbiosis.

**Key words:** arbuscular mycorrhizal fungi, intra-specific diversity, crops, productivity, symbioses, soil parameters, tillage

### Funktionsspektrum der arbuskulären Mykorrhizapilze (AMP)

Die wichtigste Funktion einer arbuskulären Mykorrhiza (AM) besteht im Nährstoffaustausch zwischen Pilz und Pflanze. Der Pilzsymbiont erhält zwischen 20 und 30 % der von der Pflanze produzierten Photoassimilate in Form von Saccharose (JAKOBSEN und ROSENDAHL, 1990), die er umgehend in den pilzspezifischen Zucker Trehalose umwandelt (VAN DER HEIJDEN *et al.*, 2008) und zumeist in Form von Lipiden speichert. Im Austausch dafür erleichtert der Pilz die Aufnahme von Nährstoffen wie Phosphat (z.B. FITTER, 2005) und Stickstoff (BLANKE *et al.*, 2005; GOVINDARAJULU *et al.*, 2005; JOHNSON, 2010) in die Pflanze. Dies geschieht über das außerhalb der Pflanze befindliche Hyphensystem der Pilze, dessen Oberfläche das der Wirtspflanzenwurzel um das 1000-fache übertreffen kann (SMITH und READ, 2008). Dieses Hyphensystem verbindet zudem verschiedene Wirte unabhängig von der Pflanzenart untereinander (FITTER *et al.*, 1998; VAN DER HEIJDEN *et al.*, 2008; LEKBERG *et al.*, 2010).

Neben dem Nährstoffaustausch erfüllt die AM noch weitere Funktionen, z.B. die Verbesserung der Wasserversorgung des Wirtes (QUEREJETA *et al.*, (2009), eine Erhöhung der Toleranz ihres Wirtes gegenüber pathogenen Pilzen (NEWSHAM *et al.*, 1995) und eine Erhöhung der Überlebensfähigkeit ihrer Wirte auf Schwermetall-belasteten Böden (HILDEBRANDT *et al.*, 1999; ZAREI *et al.*, 2008). Nicht zuletzt tragen AMP durch das von ihnen gebildete Protein Glomalin auch erheblich zur

Bodenaggregatbildung und damit zur direkten Bindung der Pflanzenwurzeln an die Bodenmatrix bei (MILLER und JASTROW, 2000; RILLIG und MUMMEY, 2006).

In der pflanzenbaulichen Praxis erweist sich die AM-Symbiose indes nicht ausschließlich als mutualistische Beziehung zu gegenseitigem Vorteil, sondern befindet sich abhängig von Umweltbedingungen und Genotyp der Symbionten im ständigen Spannungsfeld zwischen Mutualismus und Kommensalismus (FELDMANN, 1998a), experimentell kann sogar Parasitismus hinzutreten (DOUGLAS, 2010). Sie stärkt in einer (Nutz-)Pflanzengesellschaft auch nicht die individuelle Fitness der Wirte in gleicher Weise. Vielmehr wirkt sie sich auf die Konkurrenz zwischen Nachbarn aus (JOHNSON *et al.*, 1997).

### **Verfügbarkeit von AMP und Zustandekommen der Symbiose**

Wenngleich unter den AMP ubiquitäre Arten vorkommen, kann die Artzusammensetzung einer AMP-Gemeinschaft kleinräumig schwanken. Da die AMP als Bodenlebewesen einen nur begrenzten Verbreitungsradius haben, bilden sich, ebenfalls kleinräumig, Ökotypen durch Einnischung in unterschiedliche Umwelten (Wirtspflanzen, Bodenelementstatus, Störung der Bodenmatrix – aber auch klimatische Bedingungen, (LEKBERG *et al.*, 2007; DUMBRELL *et al.*, 2009). Während der zeitlichen und räumlichen Limitierung einer Ausbreitung von Organismen werden in der Ökologie auf Ebene einzelner Individuen, ihrer Entwicklungsstadien, Ausbreitungsmuster bis hin zur Entstehung neuer Arten betrachtet und bilden die Grundlage einer nischenunabhängigen ökologischen Modellierung (HUBBELL, 2001). Im kleineren Radius scheint die Nischenqualität in Form der vorhandenen Wirtspflanzen und ihrer funktionellen Eigenschaften, Nährstoffe und eventueller Störungseinflüsse allerdings die Zusammensetzung der AMP-Gemeinschaften weitgehend zu erklären (KÖNIG *et al.*, 2010).

Ein entscheidender Punkt für das Zustandekommen einer symbiontischen Lebensgemeinschaft wird durch die Frage beschrieben, wer den Symbiosepartner auswählt – Wirt oder symbiontischer Mikroorganismus. Nach unserer heutigen Auffassung wählt der Wirt seinen Symbiosepartner aus den Reihen der am Standort vorhandenen symbiontischen Mikroorganismen aus (HELGASON *et al.*, 2007; BENNETT und BEVER, 2009; BEVER *et al.*, 2009). Viele Pflanzen sind obligat mykotroph (JANOS, 2007). Sie besitzen auf die Auswahl ihrer Symbiosepartner geringen Einfluss (z. B. *Plantago lanceolata*). Schnell wachsende r-Strategen unter den AMP, welche zumeist Generalistenstatus besitzen, kommen in vielen Habitaten weltweit vor und besiedeln unspezifisch eine hohe Zahl von Wirtspflanzenarten. Sie verschaffen sich einen Konkurrenzvorteil gegenüber positiv wirksameren zumeist langsamer wachsenden und störungsanfälligen Symbionten (K-Strategen), dadurch, dass sie kaum zum symbiontischen Erfolg ihres Wirtes beitragen und damit kaum Energie für die symbiontische Interaktion aufwenden, jedoch überproportional von den C-Quellen ihres Wirtes profitieren (BENNETT und BEVER, 2009). Die positiv wirksamen Symbionten sind dadurch gezwungen, auf andere Wirtspflanzenarten auszuweichen, die weniger stark durch Generalisten besiedelt werden, andererseits werden aber auch die durch Generalisten besiedelten Wirtspflanzen in ihrer Konkurrenzfähigkeit geschwächt. Diesen Pilzen kann demzufolge nur eine hohe Pflanzenartendiversität ein Verbleiben an ihrem angestammten Standort sichern (BENNETT und BEVER, 2009). Die Zusammensetzung einer AMP-Gemeinschaft wird nicht einseitig durch die Pflanzengemeinschaft eines Standortes bedingt, sondern kann umgekehrt auch Einfluss auf die Artenzusammensetzung der Pflanzenbestände haben (VAN DER HEIJDEN *et al.*, 1998), wobei in erster Linie Anzahl und Deckung einzelner Pflanzenarten (Abundanz der Art) modifizierbar sind, indem AMP obligat mykotrophe Arten gegenüber nicht-mykotrophen Arten fördern (GRIME *et al.*, 1987; HARTNETT und WILSON, 1999).

Die Wurzeln einer Wirtspflanze werden zumeist von mehreren Pilzen (5-10) gleichzeitig besiedelt (VANDENKOORNHUYSE *et al.*, 2002; VANDENKOORNHUYSE *et al.*, 2003; HEMPEL *et al.*, 2007). VANDENKOORNHUYSE *et al.* (2003) konnten allerdings zeigen, dass ein Wirt mit hoher Kontinuität von derselben AMP-Gemeinschaft, unabhängig von der Menge der im Boden vorhandenen Schlüsselnährstoffe P und N besiedelt wird. Gleiches konnten KÖNIG *et al.* (2010) in Untersuchungen experimenteller Pflanzengesellschaften für Pflanzen mit den gleichen funktionellen Eigenschaften (stickstofffixierende Leguminosen einerseits gegenüber Gräsern und übrigen Kräutern) belegen. Zwei

Arten können nicht zum gleichen Zeitpunkt dieselbe ökologische Nische besetzen (GAUSE, 1934), es sei denn, die Nischen eines Standortes sind mehrdimensional (HUTCHINSON, 1957) d.h. AMP-Gemeinschaften können verschiedene Wirte besiedeln, unterscheiden sich in der vorwiegend besiedelten Bodenschicht, wechseln sich über den Jahresverlauf sukzessive ab oder erfüllen verschiedene Funktionen in einem Wirt. Die Ansiedlung mehrerer Symbionten innerhalb einer Wirtspflanze wurde dabei durch die Übernahme verschiedener sich gegenseitig ergänzender (=komplementärer) symbiontischer Funktionen (Phosphataufnahme, Pathogenresistenz) durch verschiedene AMP-Klone bereits relativ früh in einer Studie von MOSSE und HAYMAN (1971) erforscht. MAHERALI und KLIRONOMOS (2007) fanden in diesem Zusammenhang sogar Übereinstimmungen zwischen funktionellen Eigenschaften von AMP-Klonen und deren taxonomisch-phylogenetischer Einordnung. Die funktionelle Komplementarität der Pilze ermöglicht deren Einnischung am selben Standort, sogar im selben Wirt und spricht für die Erhaltung einer hohen Diversität der AMP, die im Umkehrschluss auch mit hoher Diversität der Wirtspflanzenarten einhergeht. Viele Autoren (u. a. VAN DER HEIJDEN *et al.*, 1998; KÖNIG *et al.*, 2010) konnten belegen, dass eine gesteigerte Pflanzenartenzahl zu gesteigerter AMP-Zahl führt und dies zudem Rückzugsräume für konkurrenzschwächere AMP gewährleistet. Obwohl VOGELANG *et al.* (2006) hinsichtlich der Pflanzenproduktivität eine hohe Diversität der AMP-Gemeinschaften *per se* mit hoher Produktivität verbinden, konnte nachgewiesen werden, dass im Sinne der funktionellen Komplementarität, die Anwesenheit einzelner Klone in direkten Bezug zur Produktivitätserhöhung gesetzt werden konnten (FELDMANN, 1998a), was sich aus der statistischen Tatsache ableitet, dass mit zunehmender Größe eines Artenpools die Wahrscheinlichkeit steigt, produktivitätssteigernde AMP darin zu finden (sog. „Sampling effect“, VAN DER HEIJDEN *et al.*, 1999; WARDLE, 1999).

### **Einfluss abiotischer Bodenparameter auf Vorkommen und Wirksamkeit der AMP**

Für eine mutualistische Ausrichtung der Lebensgemeinschaft von AMP und Pflanzen spielen zahlreiche Umweltfaktoren wie Temperatur oder Lichtverhältnisse eine Rolle (Übersicht s. FELDMANN, 1998b). Die abiotischen Bodenparameter sind aber wahrscheinlich die entscheidenden Faktoren.

Die Mengenverhältnisse der Bodennährstoffe, bedeutsam dabei vor allem P und N, spielen eine entscheidende Rolle. Die optimale Wirkung der AM ist nur unter gleichermaßen limitierten P und N Verhältnissen im Boden gegeben (HODGE und FITTER, 2010; JOHNSON, 2010). Bei erhöhtem P-Gehalt des Bodens welchem für die Symbiose höhere Bedeutung zukommt als dem N-Gehalt, wobei Phosphatverbindungen zudem noch wesentlich stärker an die Bodenmatrix gebunden sind als Nitrat oder Ammonium, wird die AM für den pflanzlichen Wirt zunehmend unbedeutend. Die Wirte haben die Fähigkeit, den Pilz unter diesen Bedingungen „abzustoßen“ (JOHNSON *et al.*, 1997; VAN DER HEIJDEN *et al.*, 2008), was auch Konsequenzen für die Zusammensetzung der AMP-Gemeinschaften hat. Diese verarmen auf stark mineralgedüngten Standorten spürbar an Artenzahl. Vor allem funktionell für die Nährstoffversorgung des Wirtes bedeutsame AMP stehen an diesen Standorten nur noch eingeschränkt zur Verfügung (BODDINGTON und DODD, 2000).

Einer Störung der Bodenstruktur zum Beispiel infolge von landwirtschaftlicher Bearbeitung scheint eine ebenso hohe Bedeutung für das Funktionieren der Symbiose und die auftretenden AMP-Symbionten zuzukommen, wie der Zusammensetzung der Pflanzengesellschaften und dem Bodennährelementstatus (LEKBERG und KOIDE, 2005; OEHL *et al.*, 2010; SCHNOOR *et al.*, 2011). Eine Bodenbearbeitung unterbricht in jedem Fall die Außenmyzelverbindungen des Pilznetzes der oberen Bodenschichten. Da dem Außenmyzel der AMP essentielle Bedeutung für die Erschließung von Nährstoffressourcen im Boden zukommt, können vor allem die AMP-Klone, die mutualistisch bedeutsam für die Nährstoffversorgung des Wirtes sind und in ihrer Biomasse überproportional den Boden und weniger stark die Wurzel erschließen, einen Konkurrenznachteil gegenüber den Generalisten unter den AMP erleiden, die verstärkt die Wurzel und damit die C-Ressourcen der Pflanzen erschließen (HELGASON *et al.*, 2007). Zudem spielt das Außenmyzel für eine Reihe von Pilzen auch eine Rolle als Verbreitungs- und Überdauerungsstadium (MARTINEZ und JOHNSON, 2010). Eine Reihe von AMP, vor allem schnell wachsende r-Strategen der Gattungen *Glomus* und *Acaulospora*, können aber die beschädigten Hyphenverbindungen relativ schnell wieder herstellen (sog. „Hyphenregenerationsvermögen“), während AMP langsam wachsender K-Strategen (z. B. Vertreter

der Gigasporaceae) die zerstörten Hyphen nur langsam oder nie ersetzen können (DE LA PROVIDENCIA *et al.*, 2005). Eine Folge regelmäßiger Bodenstörungen sind hinsichtlich der AMP-Klondiversität verarmte Standorte (5-15 differenzierbare AMP-Klone im intensivierten Ackerbau, verglichen mit bis zu 50 im Magerrasen, ÖPIK *et al.*, 2006), die selektioniert nur noch störungstolerante r-Strategen und mutualistisch wenig wirksame wurzelbesiedelnde AMP aufweisen (JANSA *et al.*, 2002; MARTINEZ und JOHNSON, 2010; OEHL *et al.*, 2010). Dies hat natürlich auch direkte - negative - Konsequenzen auf die Funktion der arbuskulären Mykorrhizasymbiose, die durch das Verschwinden vieler AMP genetisch verarmen (OEHL *et al.*, 2010). Untersuchungen auf aus Ackerland regenerierten artenreichen Grünlandstandorten der Pflanzenassoziaton *Dauco-Arrhenatheretum* (ELLENBERG, 1996) nahe Jena konnten das lange Andauern der verarmten AMP-Gemeinschaften belegen, die auch sieben Jahre nach Nutzungsumwidmung aus lediglich 13 molekularbiologisch unterscheidbaren Vertretern bestand (KÖNIG *et al.*, 2010).

### **Nutzung der Mykorrhiza im Pflanzenbau**

Die Nutzbarmachung der Mykorrhizasymbiosen in der Pflanzenproduktion hatte vor dem Hintergrund des Gesagten das Problem der Auswahl wirksamer Pilzpartner zu lösen und die Etablierung dieser selektierten Pilze im Pflanzenbausystem zu garantieren.

Inokulum arbuskulärer Mykorrhizapilze wurde lange Zeit als eine Einheit behandelt, der man spezielle Eigenschaften, wie z. B. „eine“ Wirksamkeit, als charakteristisch zuschrieb. Diese Einheit, früher als Isolat, später als Linie oder „strain“, hier als „Klon“ bezeichnet, war Gegenstand von Auswahlverfahren, die auf den „wirksamsten“ Klon arbuskulärer Mykorrhizapilze abzielte. Diese Einheit gibt es aber nicht (FELDMANN, 1998a). Ein Inokulum besteht, je nach eingesetzter Menge, aus hunderten, tausenden oder hunderttausenden einzelner Sporen, von denen jede einzelne speziell wirksam, hoch variabel und genetisch verschieden von den anderen sein kann (FELDMANN, 1998a, ROSENDAHL, 2008). Alle Glomeromycota sind coenocytisch, d.h. sie haben nicht wie die übrigen Gruppen der höheren Pilze (Asco-, Basidiomycota) regelmäßig septierte vegetative Hyphen, mit einem bis zwei Kernen pro Segment, sondern sind vielkernig und unseptiert. Ein „Individuum“ (Klon) eines arbuskulären Mykorrhizapilze erstreckt sich in der Regel über viele Quadratmeter und verbindet damit eine Vielzahl von Wirten mittels Außenmyzelhyphen. Es fehlen sexuelle Fortpflanzungsstadien in ihrem Entwicklungszyklus, so dass davon ausgegangen werden kann, dass diese Pilze seit ihrer Entstehung im Devon (420 M.y., PIROZYNSKI und MALLOCH, 1975) eingefrorene Sippen bilden (REDECKER, 2002; ROSENDAHL, 2008). Die Vielzahl der im Myzel vorhandenen Kerne können zudem Unterschiede in ihrer Erbinformation (des einzelnen Kerngenoms) enthalten. Ein Klon kann in seinem Genotyp (Gesamtheit aller Gene in allen Kernen eines Klons) demnach heterokaryotisch sein (umstrittene These, siehe PAWLOWSKA und TAYLOR, 2004; CROLL *et al.*, 2009). Einzelne Klone können unter noch nicht vollständig geklärten Bedingungen in ihren Hyphen über sogenannte Anastomosen (GIOVANNETTI *et al.*, 1999) miteinander verschmelzen, was einen wichtigen Bestandteil einer artähnlichen Klon-Abgrenzung darstellt, da sich nur sehr nahe verwandte Klone erkennen können.

Für die symbiontischen Fähigkeiten eines Klons spielen jedoch nur die genetischen Ressourcen eine Rolle, die zum Zeitpunkt der Symbiose vorhanden und zudem auch phänotypisch in Form transkribierter Proteinen abrufbar sind, wohingegen phänotypisch-morphologische Merkmale in einem gewissen Grad (Sporengroße, Sporenfarbe) variabel sind. Bei der Abtrennung von Sporen (Chlamydospore) an den Hyphenspitzen kommt es zudem wieder zur Aufspaltung (Segregation) auf die in den jeweiligen Hyphenbereichen vorhandenen Kerne (zumeist mehrere hundert Kerne pro Spore) und damit zu einer Verringerung der abrufbaren genetischen Information des Sporenklons verglichen mit der des Ursprungklons, was wiederum einer Limitierung auch in den phänotypischen Fähigkeiten des aus der Spore entstehenden neuen Klons mit sich bringt. Im Endeffekt ist jeder Klon in seinen funktionellen Eigenschaften (Phänotyp) einzigartig (EGERTON-WARBURTON *et al.*, 2007).

Unsere Daten belegen, dass durch die Wirtspflanzen eine gerichtete Auswahl von Genotypen aus der Population der AMP, zusammengefasst in einem Inokulum, erfolgt. In welche Richtung selektioniert wird, sogar, ob überhaupt selektioniert wird, hängt von der genetischen Konstitution der Pflanze ab. Die unüberschaubaren Wechselwirkungen zwischen Wirt, Umwelt und Mykorrhizapilz erforderten deshalb ein radikales Umdenken in der Praxis: die Selektion von AMP-Isolaten wurde ersetzt durch

die Nutzung der phänotypischen Plastizität des Genoms der Pilzpartner in Verbindung mit der Nutzung des o. g. „Sampling Effektes“. So wurde durch die gezielte Änderung der AMP-Mengenverhältnisse im Wurzelsystem eine Etablierung extern vermehrter Pilze anvisiert.

Bei der technologischen Produktion von AMP-Inokulum wurde ein Generalist zunächst auf relative-K-Strategie selektioniert und sodann unter Einfluss von gesteuerten Umweltfaktoren die Zusammensetzung der funktionellen Genotypen im Inokulum beeinflusst (Directed Inoculum Production Process, DIPP; FELDMANN und GROTKASS, 2002; FELDMANN *et al.*, 2009a). Wird dieses Inokulum zur rechten Zeit im richtigen Mengenverhältnis zur vorhandenen Pilzgesellschaft eingesetzt, so prägen sich die Eigenschaften in der Wirksamkeit der Symbiosen aus. Auf diese Weise konnten eine Reihe biotischer und abiotischer Funktionen, wie Probleme des Bodenelementstatus oder Störungsbedingungen des jeweiligen Standortes, überwunden werden. Als größter Einflussfaktor für die Vorhersage der Wirksamkeit erweist sich noch heute die Sortenzugehörigkeit der Wirtspflanze, da sie von fakultativ bis obligat mykotroph unterschiedlich sein kann (vergl. FELDMANN *et al.*, 2009b).

### Fazit

Für die Praxis bedeutet dies zusammengefasst, dass vor der Mykorrhizanutzung in einer Pflanzenkultur zunächst die Frage zu klären ist, ob der zur Verfügung stehende AMP in der Lage ist, die Pflanze unter den gegebenen Kultur- oder Umweltverhältnissen überhaupt zu besiedeln. Das Wissen um die prinzipielle Mykorrhizierfähigkeit der Zielpflanze lässt sich oft aus der vorhandenen Literatur (z. B. HARLEY und HARLEY, 1987) recherchieren. Ist noch unbekannt, ob die kultivierte Pflanzenart arbuskuläre Mykorrhizen bilden kann, bedarf es hierzu eines Testes mit verschiedenen AMP. Da bei den AMP von einem breiten Wirkkreis ausgegangen werden kann, ist bei Ausbleiben einer Besiedelung durch mehrere AMP entweder die generelle, genetisch fixierte Empfänglichkeit der Pflanzenart sehr gering oder aber die kulturtechnischen Rahmenbedingungen führen zu einem Ausbleiben der Besiedelung, obwohl eine prinzipielle Fähigkeit zur Ausbildung einer arbuskulären Mykorrhizasymbiose vorliegt.

Ob nach erfolgreicher Besiedelung ein Mykorrhizapilz die erhofften Wirkungen haben kann oder nicht, kann sich mit der nötigen Sicherheit nur durch einen Test erweisen, d.h. man muss die vorliegende AMP/Pflanze-Kombination „ausprobieren“. Die Vorhersagbarkeit einer Wirkung wird umso wahrscheinlicher, je mehr über den Grad der Abhängigkeit von der Mykorrhizaausprägung der Zielpflanze bekannt ist.

Die Übertragbarkeit der an einer Pflanzenart oder -sorte ermittelten Symbiose-Wirksamkeit auf eine andere Sorte oder gar Art erscheint nur in gewissem Umfang möglich. Potentielle Wirtspflanzen sind durch ihre genetisch fixierte Veranlagung und die herrschenden Umweltbedingungen in der Lage, einen Phänotyp auszubilden, der bestimmte, oft nicht-wirksame, aber auch wirksame AMP-Genotypen bei der Zusammensetzung der nächsten Sporenpopulation bevorzugt (FELDMANN, 1998b). Von obligat mykotrophen Pflanzen wissen wir, dass positive Wirksamkeit auch dann zustande kommt, wenn die Wirksamkeit auf der Ursprungspflanze sehr gering war. Möglicherweise prägt ein AMP-Genotyp verschiedene Phänotypen in großer Plastizität aus; oder die Pflanze „entscheidet“ auch in positiver Richtung darüber, „was gut für sie ist“.

In Pflanzenbaubetrieben können nahezu alle Variablen durch eine angepasste Verfahrenstechnologie und Regelung der Einsatzbedingungen in engen Grenzen kontrolliert werden. Dazu gehört z. B. die Gewährleistung der Koinzidenz beider Symbiosepartner, d. h. die korrekte Applikation zum rechten Zeitpunkt mit dem besiedelungsfähigen Pilzmaterial und die Einstellung des Inokulumspotentials. Das Pflanzenmaterial ist natürlich durch die Marktorientierung vorgegeben. Wird Inokulum im gartenbaulichen Hobbybereich eingesetzt, gelangt es unter eine Vielfalt von Umweltbedingungen, die eine große Rolle für die Wirksamkeit spielen können. Weiterhin sollte es - wie es bei der Durchführung der Qualitätskontrolle kommerziellen Inokulums geplant ist - immerhin möglich sein, die augenblickliche Wirksamkeit eines Inokulums auf einer Standardpflanze zu charakterisieren. Wenn diese und die spätere Zielpflanze obligat mykotrophe Arten oder Sorten sind, kann mit großer Wahrscheinlichkeit die Art der Wirkung vorhergesagt werden. Der quantitative Aspekt, die Wirksamkeit, wird wegen noch zusätzlich einwirkender Umweltfaktoren nicht exakt, sondern

allenfalls in gewissem Umfang und für einen mehr oder weniger großen Bereich vorhergesagt werden können.

Am einfachsten stellt sich die Vorhersagbarkeit der Symbiose-Wirksamkeit dar, wenn eine Charge eines Inokulums unter konkreten Einsatzbedingungen charakterisiert wird und dann unter identischen oder nur wenig veränderten Bedingungen eingesetzt wird. Selbst wenn dann mit gealtertem Inokulum gearbeitet wird, kann von einer relativ sicheren Reproduktion zuvor ermittelter Wirkungen - nicht exakter Wirksamkeit- gerechnet werden.

Die praktische Konsequenz für den Ackerbau ist, dass bei der Inokulumsproduktion oder bei der Standortvorbereitung darauf geachtet werden muss, ein genetisch möglichst heterogenes AMP Inokulum sicher zu stellen. Das kann bedeuten, durch geeignete Vorfrüchte das Inokulumspotential aufzubauen oder durch die Art der Feldvorbereitung nicht zu zerstören. Sogar die Belassung von Unkräutern kann hilfreich sein (FELDMANN und BOYLE, 1998). Handlungsanleitungen und Kenntnisse zum schonenden Umgang mit Mykorrhizapilzen im Acker gibt es bereits umfangreiche.

Für die gezielte Nutzung im Pflanzenbausystem ist indes nicht die Artenvielfalt der AMP-Gemeinschaften, sondern die funktionelle Diversität des Genpools entscheidend. Dies kann bedeuten, dass wenige Arten im Nutzungssystem ausreichen. Sie machen es sogar leichter, extern produzierte Pilze zu etablieren.

## Literatur

- BENNETT, A. E. und J. D. BEVER, 2009: Trade-offs between arbuscular mycorrhizal fungal competitive ability and host growth promotion in *Plantago lanceolata*. *Oecologia* **160** (4), 807-816.
- BEVER, J. D., S. C. RICHARDSON, B. M. LAWRENCE, J. HOLMES und M. WATSON, 2009: Preferential allocation to beneficial symbiont with spatial structure maintains mycorrhizal mutualism. *Ecol. Lett.* **12** (1), 13-21.
- BLANKE, V., C. RENKER, M. WAGNER, K. FÜLLNER, M. HELD, A. J. KUHN und F. BUSCOT, 2005: Nitrogen supply affects arbuscular mycorrhizal colonization of *Artemisia vulgaris* in a phosphate-polluted field site. *New Phytol* **166** (3), 981-992.
- BODDINGTON, C. L. und J. C. DODD, 2000: The effect of agricultural practices on the development of indigenous arbuscular mycorrhizal fungi. II. Studies in experimental microcosms. *Plant Soil* **218** (1-2), 145-157.
- ROLL, D., M. GIOVANNETTI, A. M. KOCH, C. SBRANA, M. EHINGER, P. J. LAMMERS und I. R. SANDERS, 2009: Nonself vegetative fusion and genetic exchange in the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices*. *New Phytol.* **181** (4), 924-937.
- DE LA PROVIDENCIA, I. E., F. A. DE SOUZA, F. FERNANDEZ, N. S. DELMAS und S. DECLERCK, 2005: Arbuscular mycorrhizal fungi reveal distinct patterns of anastomosis formation and hyphal healing mechanisms between different phylogenetic groups. *New Phytol* **165** (1), 261-271.
- DOUGLAS, A. E., 2010: *The Symbiotic Habit*. Princeton and Oxford, Princeton University Press.
- DUMBRELL, A. J., M. NELSON, T. HELGASON, C. DYTAM und A. H. FITTER, 2009: Relative roles of niche and neutral processes in structuring a soil microbial community. *ISME Journal*.
- EGERTON-WARBURTON, L. M., N. C. JOHNSON und E. B. ALLEN, 2007: Mycorrhizal community dynamics following nitrogen fertilization: A cross-site test in five grasslands. *Ecol. Monogr.* **77** (4), 527-544.
- ELLENBERG, H., 1996: *Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen: In ökologischer, dynamischer und historischer Sicht*. 5th. Auflage Stuttgart, Ulmer Verlag.
- FELDMANN F., I. HUTTER, C. SCHNEIDER, 2009: Best Production Practice of Arbuscular Mycorrhizal Inoculum. In: Varma, A., A. C. Kharkwal (eds.): *Symbiotic Fungi - Principles and Practice*, Springer, Berlin, 319-336.
- FELDMANN F., M. GILLESSEN, I. HUTTER und C. SCHNEIDER, 2009: Should we breed for effective mycorrhiza symbioses? In: Feldmann, F., D. V. Alford, C. Furk, 2009 (eds.): *Crop Plant Resistance to Biotic and Abiotic Factors: Current Potential and Future Demands*. DPG-Verlag, Braunschweig, ISBN 978-3-941261-05-1, 507-522.
- FELDMANN, F. und C. GROTKASS, 2002: Directed inoculum production - shall we be able to design AMF populations to achieve predictable symbiotic effectiveness? In: Gianinazzi, H., Schuepp, H., Barea, J.M., Haselwandter, K.: "Mycorrhiza Technology in Agriculture: from Genes to Bioproducts" , Birkhäuser, Switzerland, 261-279.
- FELDMANN, F. und C. BOYLE, 1998: Concurrent development of arbuscular mycorrhizal colonization and powdery mildew infection on three *Begonia hiemalis* cultivars. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz* **105** (2), 121-129.
- FELDMANN, F., 1998a: The Strain - Inherent Variability of Arbuscular Mycorrhizal Effectiveness: II. Effectiveness of single spores. *Symbiosis*, **25**, 131-143.
- FELDMANN, F., 1998b: *Symbiontentechnologie in der Praxis: Arbuskuläre Mykorrhiza im Gartenbau*. Thalacker-Medien, Braunschweig, ISBN 3-87815-109-8.
- FITTER, A. H., 2005: Darkness visible: reflections on underground ecology. *Journal of Ecology* **93** (2), 231-243.
- FITTER, A. H., J. D. GRAVES, N. K. WATKINS, D. ROBINSON und C. SCRIMGEOUR, 1998: Carbon transfer between plants and its control in networks of arbuscular mycorrhizas. *Funct. Ecol.* **12** (3), 406-412.
- GAUSE, I., 1934: *The Struggle for Existence*. Baltimore, USA, Williams & Wilkins.
- GIOVANNETTI, M., D. AZZOLINI und A. S. CITERNESI, 1999: Anastomosis formation and nuclear and protoplasmic exchange in arbuscular mycorrhizal fungi. *Applied and Environmental Microbiology* **65** (12), 5571-5575.
- GOVINDARAJULU, M., P. E. PFEFFER, H. R. JIN, J. ABUBAKER, D. D. DOUDS, J. W. ALLEN, ... Y. SHACHAR-HILL, 2005: Nitrogen transfer in the arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Nature* **435** (7043), 819-823.
- GRIME, J. P., J. M. L. MACKAY, S. H. HILLIER und D. J. READ, 1987: Floristic diversity in a model system using experimental microcosms. *Nature* **328** (6129), 420-422.
- HARLEY, J. L. und E. L. HARLEY, 1987: A check-list of mycorrhiza in the British Flora. *The New Phytologist* **105** (2), 1-102.

- HARTNETT, D. C. und G. W. T. WILSON, 1999: Mycorrhizae influence plant community structure and diversity in tallgrass prairie. *Ecology* **80** (4), 1187-1195.
- HELGASON, T., J. W. MERRYWEATHER, J. P. W. YOUNG und A. H. FITTER, 2007: Specificity and resilience in the arbuscular mycorrhizal fungi of a natural woodland community. *J. Ecol.* **95** (4), 623-630.
- HEMPEL, S., C. RENKER und F. BUSCOT, 2007: Differences in the species composition of arbuscular mycorrhizal fungi in spore, root and soil communities in a grassland ecosystem. *Environmental Microbiology* **9** (8), 1930-1938.
- HILDEBRANDT, U., M. KALDORF und H. BOTHE, 1999: The zinc violet and its colonization by arbuscular mycorrhizal fungi. *Journal Of Plant Physiology* **154** (5-6), 709-717.
- HODGE, A. und A. H. FITTER, 2010: Substantial nitrogen acquisition by arbuscular mycorrhizal fungi from organic material has implications for N cycling. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **107** (31), 13754-13759.
- HUBBELL, S. P., 2001: *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. Princeton, USA, Princeton University Press.
- HUTCHINSON, G. E., 1957: Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* **22**, 415-427.
- JAKOBSEN, I. und L. ROSENDAHL, 1990: Carbon flow into soil and external hyphae from roots of mycorrhizal cucumber plants *New Phytol.* **115** (1), 77-83.
- JANOS, D. P., 2007: Plant responsiveness to mycorrhizas differs from dependence upon mycorrhizas. *Mycorrhiza* **17** (2), 75-91.
- JANSA, J., A. MOZAFAR, T. ANKEN, R. RUH, I. R. SANDERS und E. FROSSARD, 2002: Diversity and structure of AMF communities as affected by tillage in a temperate soil. *Mycorrhiza* **12** (5), 225-234.
- JOHNSON, N. C., 2010: Resource stoichiometry elucidates the structure and function of arbuscular mycorrhizas across scales. *New Phytol.* **185** (3), 631-647.
- JOHNSON, N. C., J. H. GRAHAM und F. A. SMITH, 1997: Functioning of mycorrhizal associations along the mutualism-parasitism continuum. *New Phytol.* **135** (4), 575-586.
- KÖNIG, S., T. WUBET, C. F. DORMANN, S. HEMPEL, C. RENKER und F. BUSCOT, 2010: TaqMan Real-Time PCR Assays To Assess Arbuscular Mycorrhizal Responses to Field Manipulation of Grassland Biodiversity: Effects of Soil Characteristics, Plant Species Richness, and Functional Traits. *Applied and Environmental Microbiology* **76**, 3765-3775.
- LEKBERG, Y., E. C. HAMMER und P. A. OLSSON, 2010: Plants as resource islands and storage units - adopting the mycencentric view of arbuscular mycorrhizal networks. *FEMS Microbiol. Ecol.* **74** (2), 336-345.
- LEKBERG, Y. und R. T. KOIDE, 2005: Is plant performance limited by abundance of arbuscular mycorrhizal fungi? A meta-analysis of studies published between 1988 and 2003. *New Phytol.* **168** (1), 189-204.
- LEKBERG, Y., R. T. KOIDE, J. R. ROHR, L. ALDRICH-WOLFE und J. B. MORTON, 2007: Role of niche restrictions and dispersal in the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. *J. Ecol.* **95** (1), 95-105.
- MAHERALI, H. und J. N. KLIRONOMOS, 2007: Influence of phylogeny on fungal community assembly and ecosystem functioning. *Science* **316** (5832), 1746-1748.
- MARTINEZ, T. N. und N. C. JOHNSON, 2010: Agricultural management influences propagule densities and functioning of arbuscular mycorrhizas in low- and high-input agroecosystems in arid environments. *Applied Soil Ecology* **46** (2), 300-306.
- MILLER, R. M. und J. D. JASTROW, 2000: Mycorrhizal fungi influence soil structure. In: *Arbuscular mycorrhizas: physiology and function*. Eds.: KAPULNIK, Y. und D.D.J. DOUDS, Doordrecht, The Netherlands, Kluwer Academic Publishers, 3-18.
- MOSSE, B. und D.S. HAYMAN, 1971: Plant growth responses to vesicular-arbuscular mycorrhiza. 2. In unsterilized field soils. *New Phytol* **70** (1), 29
- NEWSHAM, K. K., A. H. FITTER und A. R. WATKINSON, 1995: Arbuscular mycorrhiza protect an annual grass from root pathogenic fungi in the field. *J. Ecol.* **83** (6), 991-1000.
- OEHL, F., E. LACZKO, A. BOGENRIEDER, K. STAHR, R. BOSCH, M. VAN DER HEIJDEN und E. SIEVERDING, 2010: Soil type and land use intensity determine the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. *Soil Biol. Biochem.* **42** (5), 724-738.
- ÖPIK, M., M. MOORA, J. LIIRA und M. ZOBEL, 2006: Composition of root-colonizing arbuscular mycorrhizal fungal communities in different ecosystems around the globe. *J. Ecol.* **94** (4), 778-790.
- PAWLOWSKA, T. E. und J. W. TAYLOR, 2004: Organization of genetic variation in individuals of arbuscular mycorrhizal fungi. *Nature* **427** (6976), 733-737.
- PIROZYNSKI, K. A. und D. W. MALLOCH, 1975: The origin of land plants: a matter of mycotrophism. *BioSystems* **6**, 153-164.
- QUEREJETA, J. I., L. M. EGERTON-WARBURTON und M. F. ALLEN, 2009: Topographic position modulates the mycorrhizal response of oak trees to interannual rainfall variability. *Ecology* **90** (3), 649-662.
- REDECKER, D., 2002: Molecular identification and phylogeny of arbuscular mycorrhizal fungi. *Plant Soil* **244** (1-2), 67-73.
- RILLIG, M. C. und D. L. MUMMEY, 2006: Mycorrhizas and soil structure. *New Phytol* **171** (1), 41-53.
- ROSENDAHL, S., 2008: Communities, populations and individuals of arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytol.* **178** (2), 253-266.
- SCHNOOR, T. K., Y. LEKBERG, S. ROSENDAHL und P. A. OLSSON, 2011: Mechanical soil disturbance as a determinant of arbuscular mycorrhizal fungal communities in semi-natural grassland. *Mycorrhiza* **21** (3), 211-220.
- SMITH, S. E. und D. J. READ, 2008: *Mycorrhizal symbiosis*. Cambridge, UK, Academic Press.
- VAN DER HEIJDEN, M. G. A., R. D. BARDGETT und N. M. VAN STRAALLEN, 2008: The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecol. Lett.* **11** (3), 296-310.
- VAN DER HEIJDEN, M. G. A., T. BOLLER, A. WIEMKEN und I. R. SANDERS, 1998: Different arbuscular mycorrhizal fungal species are potential determinants of plant community structure. *Ecology* **79** (6), 2082-2091.
- VAN DER HEIJDEN, M. G. A., J. N. KLIRONOMOS, M. URSIC, P. MOUTOGLIS, R. STREITWOLF-ENGEL, T. BOLLER, I. R. SANDERS, 1999: "Sampling effect", a problem in biodiversity manipulation? A reply to David A. Wardle. *Oikos* **87** (2), 408-410.
- VANDENKOORNHUYSE, P., R. HUSBAND, T. J. DANIELL, I. J. WATSON, J. M. DUCK, A. H. FITTER und J. P. W. YOUNG, 2002: Arbuscular mycorrhizal community composition associated with two plant species in a grassland ecosystem. *Mol. Ecol.* **11** (8), 1555-1564.
- VANDENKOORNHUYSE, P., K. P. RIDGWAY, I. J. WATSON, A. H. FITTER und J. P. W. YOUNG, 2003: Co-existing grass species have distinctive arbuscular mycorrhizal communities. *Mol. Ecol.* **12** (11), 3085-3095.
- VOGELSANG, K. M., H. L. REYNOLDS und J. D. BEVER, 2006: Mycorrhizal fungal identity and richness determine the diversity and productivity of a tallgrass prairie system. *New Phytol.* **172** (3), 554-562.
- WARDLE, D. A., 1999: Is "sampling effect" a problem for experiments investigating biodiversity-ecosystem function relationships? *Oikos* **87** (2), 403-407.
- ZAREI, M., S. KÖNIG, S. HEMPEL, M. KHAYAM NEKOUËI, G. SAVAGHEBI und F. BUSCOT, 2008: Community structure of arbuscular mycorrhizal fungi associated to *Veronica rechingeri* at the Anguran zinc and lead mining region. *Environmental Pollution* **in press**.

## **Dokumentation der innerartlichen Vielfalt von Kulturarten – Informationssysteme für pflanzengenetische Ressourcen**

*Documentation of intra-specific diversity in crops – information systems for plant genetic resources*

Christoph Germeier\* & Lothar Frese

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg

\* Korrespondierender Autor, christoph.germeier@jki.bund.de, +49(0)3946 47702

DOI: 10.5073/jka.2012.436.020

### **Zusammenfassung**

Die biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft wird geprägt von der Vielfalt von Kulturarten im Anbau und von der Vielfalt innerhalb der angebauten Kulturarten (Genotypen- oder Sortenvielfalt). Zur Sicherstellung letzterer wurden mehrere Millionen Muster verschiedener Kulturarten und ihrer wildlebenden Verwandten in Genbanken eingelagert. Moderne Informationstechnik hilft, diese Vielfalt effizient zu erschließen und nutzbar zu machen. Im Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) werden für fruchtartspezifische Arbeitsgruppen zentrale fruchtartspezifischen Datenbanken betrieben. Das Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen betreut die Internationale Datenbank für *Beta* und die Europäische *Avena* Datenbank. Als typische Anwendungsfälle für die Arbeit an genetischen Ressourcen werden Implementierungen vorgestellt für die verbundene Recherche von Herkunfts- (Passport-) und Merkmalsdaten, für die geographische Verortung von Vorkommen und Merkmalen, für das Management von Feldversuchen zur Charakterisierung und Evaluierung genetischer Ressourcen und für die Fotodokumentation.

**Stichwörter:** Sortenvielfalt, Genbankmuster, fruchtartspezifische Datenbanken, Merkmalsdaten, geographische Verortung, Feldversuchsmanagement.

### **Summary**

The biological diversity in agricultural areas is formed by the diversity of crops and the diversity within crops (diversity of genotypes or cultivars). To conserve the diversity within crops several millions of samples of crop species and their wild relatives have been stored in genebanks. Modern information technology helps to make this diversity accessible and get it into use. In the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR) central crop databases are provided to crop specific working groups. The Institute for Breeding Research on Agricultural Crops manages the International Database for *Beta* (IDBB) and the European *Avena* Database (EADB). As typical use cases for the work in genetic resources following implementations are shown: combined research for origin (passport) and trait data (characterisation and evaluation); geographic localisation of occurrences and traits; management of field experiments for characterisation and evaluation of crop genetic resources; documentation of images.

**Keywords:** Cultivar diversity, genebank accessions, European central crop databases, trait data, geographic localisation, management of field experiments.

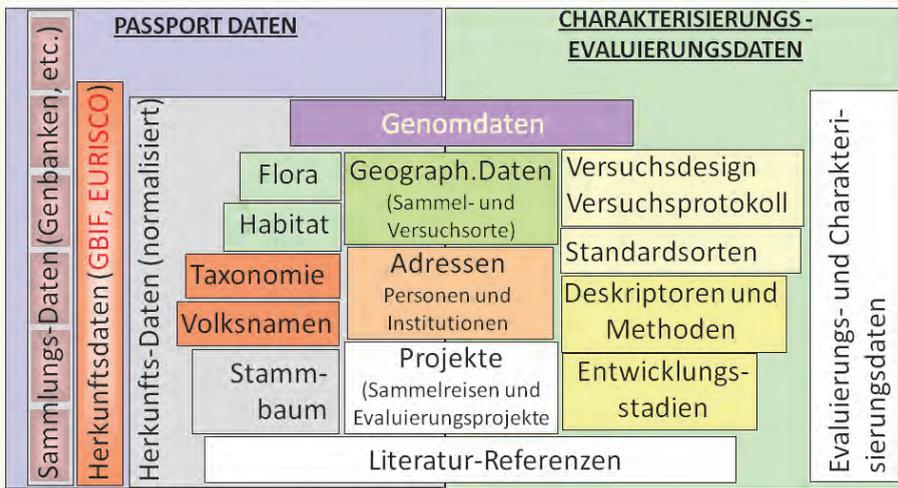
### **Einleitung**

Die biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft wird geprägt von der Anbauvielfalt (Kulturartenvielfalt) und von der Vielfalt innerhalb der angebauten Kulturarten (Genotypen- oder Sortenvielfalt). Zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurden erste Genbanken zur Sicherstellung der Vielfalt innerhalb der Kulturarten ins Leben gerufen vor allem für jene Arten und Formen, die in ihrem natürlichen Lebensraum von genetischer Erosion bedroht sind. Heute lagern mehrere Millionen Muster verschiedener Kulturarten und mit ihnen verwandter Wildarten in diesen Genbanken. Doch erst durch die moderne Informationstechnik kann diese Vielfalt effizient erschlossen und nutzbar gemacht werden. Seit den 1980er Jahren wurde im Europäischen Kooperationsprogramm für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) ein fruchtartspezifischer kooperativer Ansatz in der

Erschließung der in Genbanken lagernden Vielfalt verfolgt, der sich in fruchtartsspezifischen Arbeitsgruppen und zentralen fruchtartsspezifischen Datenbanken kristallisierte. Seit dieser Zeit betreut die Arbeitsgruppe 'Pflanzengenetische Ressourcen' am Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen des Julius Kühn-Instituts die Internationale Datenbank für *Beta* (<http://idbb.jki.bund.de>) und die Europäische *Avena* Datenbank (<http://eadb.jki.bund.de>). Auf der Basis dieser Datenbanken koordinierte die Arbeitsgruppe EU-Projekte zur Charakterisierung und Evaluierung sowie zum Management pflanzengenetischer Ressourcen am natürlichen Standort (in situ) bzw. im landwirtschaftlichen Betrieb (on-farm). Es werden Anwendungsfälle aus diesen Bereichen dargestellt.

### Datenbereiche

Erforderlich sind komplexe, interdisziplinär angelegte Informationssysteme. Abb. 1 zeigt wichtige Bereiche. Primäre Herkunftsdaten (Vorkommens- oder sog. Passportdaten) werden von naturhistorischen Sammlungen, botanischen Gärten oder Genbanken über zentrale Internetportale (GBIF, EURISCO) bereitgestellt. Für die landwirtschaftliche Beurteilung und Nutzung der Vielfalt ist die Integration von Passportdaten mit Daten zu züchterisch und agronomisch wichtigen Merkmalen (morphologische Eigenschaften, Ertrag, Qualität, Resistenz), zunehmend auch unter Einbeziehung von Daten zur molekularen Charakterisierung, wichtig.



**Abb.1** Datenbereiche in der Dokumentation zu genetischen Ressourcen  
**Fig. 1** Data domains in the documentation of plant genetic resources

### Anwendungsfall verbundene Recherche

Eine Internet-Plattform erlaubt für beide Fruchtarten (*Avena*, *Beta*) verbundene Abfragen von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten zur Auswahl von Mustern europäischer Genbanken (Abb. 2). Es können Ergebnislisten zu Herkunfts- und Merkmalsdaten angezeigt oder im Excel-Format heruntergeladen werden. Auch Details zur Versuchsdurchführung und zur Beobachtungs- und Analysenmethodik können angezeigt werden.

The screenshot shows the EADB (European Avena Database) search interface. It is divided into several sections:

- Passport Data:** A search form with fields for Item (Genotype), Descriptor, Operator, and Value. Below it, a section for Characterisation and Evaluation Data with Trait (Paricle), Descriptor (Shape of paricle), Operator (Min), and Compare (>=) options. A dropdown menu for Shape of paricle shows options: 1: Unilateral, 2: Subbilateral, 3: Equilateral.
- SQL Query:** A text box containing a complex query: `(VIEW_PASSPORT.REGISTRATION<='1950' and (VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='ETH' OR VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='DNR' or VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='FIN' or VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='FRA' or VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='ESP' or VIEW_PASSPORT.ORIGINCODE='ESP-SPAIN'))`
- Display results:** A list of categories with checkboxes:
  - Cross table: for selected characterisation and evaluation descriptors
  - Observations: for selected characterisation and evaluation descriptors
  - Standard observations: listed for selected characterisation and evaluation descriptors
  - Observation methodology: used for the selected characterisation and evaluation descriptors
  - Experimental details: for the selected characterisation and evaluation observations
  - Passport data: for the selected accessions as available
  - Genebanks: holding the selected accessions
  - Pictures: for the selected accessions as available
  - Alleles: found for the selected traits and accessions
- Aggregated:** A checkbox labeled "aggregated" which is checked.
- Include duplicates:** A checkbox labeled "include duplicates" which is checked.
- Genotype wise:** A button labeled "Genotype wise" which is checked.

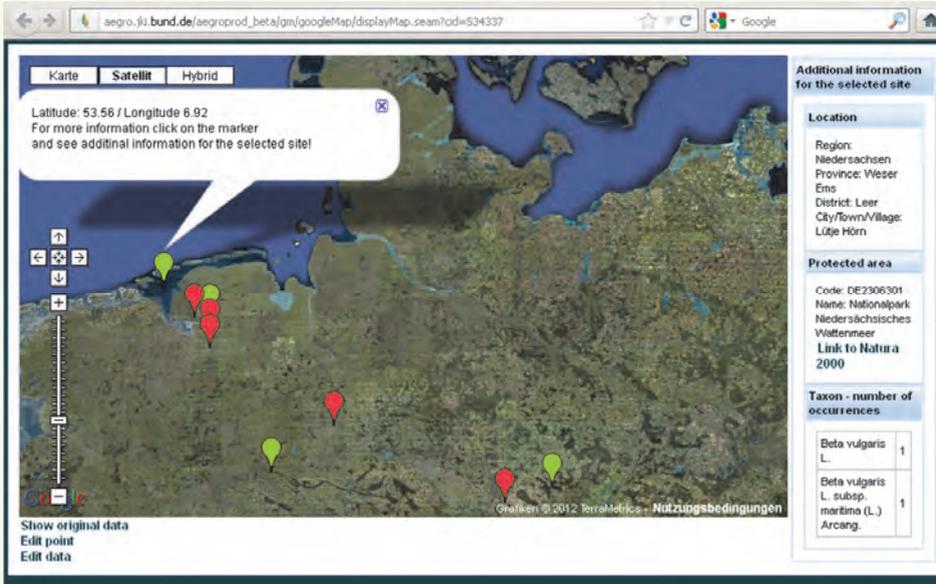
At the bottom, it states "35 Accessions found" and a "Display results" button.

**Abb. 2** Verbundene Internet-Abfrage zu Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten und Aufruf verschiedener Datenkategorien

**Fig. 2** Combined online research for passport, characterisation and evaluation data and call of available data domains

## Anwendungsfall geographische Verortung

Für das Management und die Erhaltung der biologischen Vielfalt am natürlichen Standort (in situ) ist die geographische Verortung von Daten wichtig. Diese kann mit botanischen Sammlungs- und Herbaraten (z.B. aus <http://data.gbif.org/occurrences>) und mit Genbankdaten (z.B. aus <http://eurisco.ecpgr.org/>) durchgeführt werden, soweit sie georeferenzierbar sind (GERMEIER *et al.*, 2012). Eine geographische Verortung ist interessant zum Abgleich räumlicher Herkunftsdaten mit Schutzgebieten (Abb. 4) oder für die Darstellung der geographischen Verteilung interessanter Merkmalsausprägungen (ENDRESEN, 2010). Für Abb. 5 wurden in der IDBB *Beta vulgaris* ssp. *maritima* Akzessionen mit einer mindestens mittleren Resistenz gegen *Erysiphe betae* vorselektiert und in einer Karte angezeigt. Diese können nun durch Auswahl eines weiteren Merkmals bzw. einer weiteren Krankheit entsprechend deren Merkmalsausprägung farblich markiert und/oder zusätzlich gefiltert werden (Resistenz gegenüber *Cercospora beticola*).



**Abb. 3** Verortung dokumentierter Fundorte von *Beta* in Niedersachsen (in Schutzgebieten grün, außerhalb rot) - AEGRO PLIS ([http://aegro.jki.bund.de/aegroprod\\_beta](http://aegro.jki.bund.de/aegroprod_beta))

**Fig. 3** Geographic localisation of documented occurrences of the genus *Beta* in Lower Saxony (in protected areas green markers, outside red markers) - AEGRO PLIS ([http://aegro.jki.bund.de/aegroprod\\_beta](http://aegro.jki.bund.de/aegroprod_beta))



**Abb. 4** Fundorte werden geographisch dargestellt und entsprechend eines Resistenzmerkmals eingefärbt oder gefiltert (<http://idbb.jki.bund.de>)

**Fig. 4** Collecting sites are displayed on a map and coloured or filtered according to the expression of a disease resistance (<http://idbb.jki.bund.de>)

## Anwendungsfall Versuchsmanagement

Die Bewertung der Nutzbarkeit der verfügbaren Vielfalt setzt ein umfangreiches Evaluierungsprogramm mit Feldanbau, agronomischer, epidemiologischer und qualitativer Bewertung voraus. Um regionalspezifische Anpassungen erfassen zu können, sollte das Feldversuchsprogramm geographisch verteilt (mehrortig) durchgeführt werden. Zur Koordinierung geographisch verteilter Feldversuchsprogramme wurden durch die Arbeitsgruppe 'Pflanzengenetische Ressourcen' Web-Anwendungen entwickelt (<http://aveq.jki.bund.de>). Zur Gewährleistung einer orthogonalen Versuchsanstellung werden Feldpläne randomisiert und entsprechende Aussaat- und Boniturlisten sowie Excel-Dateien für die Dateneingabe entsprechend einer Beobachtungsmethodik, die wie die Experiment- und Standortbeschreibung online gepflegt werden kann, zum Herunterladen erzeugt. Versuchsergebnisse werden online eingepflegt.

Lanes>	1	2
Plots	1	2
V		
23	DEU087 CPV020040091 IVORY A. sativa	SVK001 1005 Vendelin A. sativa
22	DEU146 AVE 544 A. sativa var. macrantha	POL003 PL50661 PERSIDSKIJ ZOLTYJ A. sativa subsp. sativa var. persica
21	RUS001 200111657 Liniya 2	FRA040 20491 KER PILHOU

**Abb. 5** Erstellen eines randomisierten Feldplans für den Anbau genetischer Ressourcen  
**Fig. 5** A randomized field plan for a field experiment with genetic resources is generated online

## Anwendungsfall Fotodokumentation

Zur Darstellung der morphologischen Vielfalt oder zu dokumentarischen Zwecken können Fotos zu einzelnen Versuchspartellen parzellenorientiert eingelesen werden. Aus dem Feldplan werden automatisch Passportdaten zugeordnet.



**Abb.6** Parzellenorientiertes Einlesen von Bildern (<http://aveqprod.jki.bund.de>)  
**Fig. 6** Plot wise upload of pictures (<http://aveqprod.jki.bund.de>)

## Literatur

GERMEIER, C. U., J. M. IRIONDO, L. FRESE, C. HÖHNE und S. P. KELL, 2012: Population level information management for crop wild relatives. In: *Agrobiodiversity Conservation*. Eds.: MAXTED, N., DULLOO, M. E., FORD-LLOYD, B. V., FRESE, L., IRIONDO, J. M. und M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO, Wallingford, CABI, 256-263.

ENDRESEN, D. T. F., 2010: Predictive Association between Trait Data and Ecogeographic Data for Nordic Barley Landraces, *Crop Science* **50**, 2418-2430.

## Inwertsetzung pflanzengenetischer Ressourcen des Hafers - ein Beitrag zur Kulturartenvielfalt in der Landwirtschaft

*Maintenance and development of plant genetic resources for oat improvement – an input to agricultural diversity*

Christoph Germeier und Matthias Herrmann  
Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen  
Erwin-Baur-Str. 27; 06484 Quedlinburg.  
E-Mail: Christoph.germeier@jki.bund.de; Tel. 0394647702

DOI: 10.5073/jka.2012.436.021

### Zusammenfassung

Im Rahmen einer unter dem EU-Programm 870/2004 geförderten konzertierten europäischen Aktion „Avena - Genetische Ressourcen für die menschliche Ernährung (AVEQ)“ wurden für den Gesundheitswert in der menschlichen Ernährung relevante Qualitätsmerkmale, Resistenz gegen *Fusarium* und Mykotoxinkontamination sowie Kältetoleranz bei einer großen Vielfalt an genetischen Ressourcen des Hafers untersucht. Im Feld wurden an mehreren über Europa verteilten Standorten agronomisch wichtige Merkmale erhoben. Im Labor wurden Protein- und Fettgehalte, Rohfaser und  $\beta$ -Glucangehalt, Mineralstoffe, Antioxidantien und Mykotoxine mit Standardmethoden der Lebensmittelchemie erfasst. Besonders hohe  $\beta$ -Glucangehalte erreichen die diploiden Wildarten *A. damascena* und *A. wiestii*. Doch auch im hexaploiden *Avena*-Genpool wurden erhebliche Variationsbreiten für die untersuchten Qualitätsmerkmale gefunden. Die Dokumentation der Ergebnisse erfolgt durch JKI-ZL im Rahmen der Europäischen *Avena* Datenbank. Die züchterische Erschließung interessanter Merkmale aus der biologischen Vielfalt innerhalb der Gattung *Avena* wird am Beispiel der Mehлтаuresistenz und des  $\beta$ -Glucangehalts dargestellt.

**Stichwörter:** *Avena*, Qualität, genetische Ressourcen,  $\beta$ -Glucan, Antioxidantien, Mykotoxin, prebreeding

### Abstract

In modern plant breeding programmes genetic variation is often not sufficient to reach certain trait combinations. To guard against such situations, plant genetic resources are evaluated and developed via backcrossing programmes with modern cultivars. In a European concerted action with 15 partners in nine European countries genebank material and current commercial varieties were evaluated for traits considered important for future oat breeding in a European premium market. These are quality traits as protein-, fat- and  $\beta$ -glucan content, avenanthramides, resistance to contamination by mycotoxins and tolerance to cold. Relatively high values for  $\beta$ -glucan content were found in wild *A. damascena* and *A. wiestii* accessions. But also within the hexaploid *Avena* genepool large ranges for each trait were found. Results are documented within the European *Avena* Database (EADB). The development of genetic resources is demonstrated for powdery mildew resistance and the  $\beta$ -glucan content.

**Keywords:** *Avena*, quality, genetic resources,  $\beta$ -glucan, avenanthramides, mycotoxin, prebreeding

### Einleitung

Die Veränderungen in der Agrarlandschaft in Deutschland innerhalb der vergangenen 50 Jahre sind durch eine Zunahme von wenigen besonders rentablen Kulturen wie Weizen, Raps, Zuckerrüben und Mais gekennzeichnet, wogegen andere Arten wie Leguminosen oder Hafer – die gleichwohl wertvolle und einzigartige Ökosystemleistungen erbringen könnten – zunehmend verdrängt werden. Diese Entwicklung ist sowohl von politischen Rahmenbedingungen als auch der Nachfrage in Abhängigkeit von der Kaufkraft etc. marktwirtschaftlich beeinflusst. Der Hafer gilt aufgrund seiner besonderen Inhaltsstoffe als unser ernährungsphysiologisch wertvollstes Getreide (HAMPSHIRE 1998). Hier sind vor

allem die Schleimstoffe („Hafereschleim“, d. h. (1->3)(1->4)- $\beta$ -D-Glucan) zu nennen. Aufgrund ihrer cholesterinsenkenden Wirkung können seit 2011 auch in der EU Haferprodukte als gesundheitsfördernd beworben werden (Europäische Kommission 2011). In neuerer Zeit sind vor allem antioxidative Inhaltsstoffe wie Tocole (Vitamin E) und Avenanthramide, eine für Hafer charakteristische, auch als Phytoalexin wirksame Stoffklasse (Dimberg et al. 1993), von Interesse. Das Protein des Hafers ist durch den vergleichsweise hohen Gehalt an essenziellen Aminosäuren wie Lysin, Methionin und Threonin wertiger als jenes anderer Getreidearten und auch die Haferlipide zeichnen sich durch vorteilhafte hohe Anteile mehrfach ungesättigter Fettsäuren aus. Der Wert des Hafers sowohl in der Tierfütterung als auch in der menschlichen Ernährung rechtfertigt deshalb eine forschungspolitische Förderung, um die Konkurrenzfähigkeit des Haferanbaus in Europa zu stärken, eine weitere Verdrängung aus den Fruchtfolgen zu verhindern und damit die Agrobiodiversität zu erhalten.

Um neue Genvarianten relevanter Merkmale in die Sortenentwicklung einführen zu können, werden Genbanksortimente evaluiert und geeignete Akzessionen über wiederholte Rückkreuzungen mit Hochleistungsmaterial erschlossen. Dieser Prozess der züchterischen Erschließung wertvoller Merkmalsgene aus der biologischen Vielfalt kann durch die Kenntnis der Vererbung der betreffenden Merkmale und die Verfügbarkeit von einfach und schnell erfassbaren molekularen Markern wesentlich erleichtert werden. Die vom EU-Programm 870/2004 geförderte und vom Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, koordinierte konzertierte Aktion „Avena - Genetische Ressourcen für die menschliche Ernährung (AVEQ)“ beschäftigt sich mit der Evaluierung, Charakterisierung und Dokumentation der gesammelten Vielfalt an genetischer Ressourcen des Hafers. Das Verbundprojekt ist auf Qualitätsmerkmale des Haferkerns fokussiert, die für den Gesundheitswert in der menschlichen Ernährung relevant sind. Zwei weitere im AVEQ-Projekt erfasste Merkmale sind die Kältetoleranz und die Kontamination mit Mykotoxinen.

#### Evaluierung im Feld

Innerhalb von zwei Feldversuchsjahren wurden an sieben über Europa verteilten Standorten insgesamt über 600 Akzessionen angebaut. Im Feld wurden Merkmale wie Bestandesdichte, Wuchshöhe, Ertrag, Zeitigkeit, Resistenz gegen Blattkrankheiten und *Fusarium*, Risprototyp, Korngewicht, Hektolitergewicht, Spelzengehalt und Kornfarbe erfasst.



**Abb. 1** Feldversuchs- und Analysenstandorte im europäischen Kooperationsprojekt AVEQ. Grün: Feldversuche zur Ernte von Material für die Qualitätsanalytik, violett: Feldversuche mit *Fusarium*-Inokulation; Gelb: Analysestandorte; blau: Projektkoordination

**Fig. 1** Location of field experiments and of analytical laboratories in the European concerted action AVEQ. Green: field experiments to harvest sample material for quality analyses, violet: field experiments with *Fusarium*-inoculation; yellow: analytical labs; blue: project coordination

## Evaluierung im Labor

Im Labor wurden Protein- und Fettgehalte, Rohfaser und  $\beta$ -Glucangehalt, Mineralstoffe, Antioxidantien (Tocole = Vitamin E, Avenantramide), und Mykotoxine mit Standardmethoden der Lebensmittelchemie erfasst. Tab. 1 zeigt Merkmale mit besonderer Bedeutung für den Gesundheitswert von Haferprodukten. Hier zeigt sich häufig, dass ursprüngliche Formen mit geringem Ertrag und Korngewicht höhere Gehalte an solchen Inhaltsstoffen haben. Im Mittel fanden sich im Sandhafer (*A.strigosa*), einer diploiden Kulturform, die heute nur noch unter marginalen Anbaubedingungen kultiviert wird, deutlich höhere Gehalte sowohl an  $\beta$ -Glucan wie an Antioxidantien als im hexaploiden Saathafer. Moderne und alte Sorten zeigten nur tendenzielle Unterschiede. Besonders hohe  $\beta$ -Glucangehalte erreichen die diploiden Wildarten *A. damascena* und *A. wiestii* mit 6,8 % TM bzw. 6,6 % TM. Für den Pflanzenzüchter sind weniger die Mittelwerte, sondern vor allem die Variationsbreiten von Bedeutung. Hier zeigt auch der Saathafer erhebliches Potential.

**Tab. 1**  $\beta$ -Glucan- und Vitamin E (Tocol)-Gehalte in genetischen Ressourcen des Hafers (mittlere Werte sind Mittelwerte und die äußeren zeigen die Spannweite an)



	$\beta$ -Glucan (g/100g TM)	Tocole ("Vitamin E") (mg/kg TM)
Moderne Sorten	3,1 – 4,7 <b>b</b> <sup>1</sup> – 5,9	27 – 66 <b>b</b> – 143
Alte Sorten	2,4 – 4,7 <b>b</b> – 6,6	25 – 72 <b>b</b> – 142
<i>A. strigosa</i>	3,5 – 5,1 <b>a</b> – 6,7	24 – 122 <b>a</b> – 171
Wildlebende Verwandte		
<i>A. fatua</i>	3,5 – 3,7 – 3,8	68 – 94 – 144
<i>A. barbata</i>	4,9 – 5,2 – 5,5	86 – 108 – 154
<i>A. damascena</i>	6,8	95
<i>A. wiestii</i>	6,6	88

<sup>1</sup>Verschiedene Buchstaben zeigen signifikante Unterschiede (Tukey,  $p=0,05$ )

**Abb. 2** Diploider Sandhafer (*A. strigosa*) mit interessanten Inhaltsstoffgehalten

**Fig. 2** Diploid sand or bristle oat (*A. strigosa*) with remarkable contents of nutritionally interesting ingredients

## Dokumentation

Die dauerhafte und genaue Dokumentation der Ergebnisse ist die Voraussetzung für ihre spätere Nutzbarkeit. Hierzu betreibt das Julius Kühn-Institut im Rahmen des europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen eine zentrale fruchtartspezifische Datenbank für genetische Ressourcen des Hafers inkl. wildlebender Verwandter der Gattung *Avena* (<http://eadb.jki.bund.de/eadb/index.html>).

<i>Avena sativa</i> ssp. <i>sativa</i> convar. <i>orientalis</i> var. <i>obtusata</i> Alef. <i>Avena sativa</i> ssp. <i>sativa</i> convar. <i>sativa</i> var. <i>mutica</i> Alef.		Jygeva Roostekindlam		EST: ESTONIA		1930-1965	
<b>Origin</b>				<b>Collecting Site</b>			
SAMPLESTATUS: Advanced cultivar COLLECTINGDATE: 1930				ENVIRONMENT: Institute / Research COUNTRY: EST: ESTONIA LOCATION: Jygeva SITE: Jygeva LONGITUDE: 2624E LATITUDE: 5824N ELEVATION: 35			
<b>Picture Data</b>				<b>Selected Evaluation Data</b>			
HOLDER: CZE047 ACCESSION: 03C0700263 PROJECT: GENRES106 EXPERIMENT: 2002AVEN08 DATE: 2002-07-28 DESCRIPTION: Panicle detail				GRAIN YIELD: [178-]398[-757] g/m <sup>2</sup> Seed weight: [21-]27.6[-38] g Test weight: 45.4 kg/hl Biomass yield: 755.6 g/plot Kernel weight: 16 g Days to heading: [84-]108.4[-168] Days Height of plant: [104-]126.1[-150] cm Protein in caryopsis: 15 % Lodging at mature stage: [1-]3.4[-5] Score Erysiphe graminis avenae: [1-]5.3[-9] Score Puccinia coronata avenae: [2-]4.3[-9] Score			

**Abb. 3** Zusammenfassung relevanter Informationen für eine alte Hafersorte in der Europäischen *Avena* Datenbank (<http://eadb.jki.bund.de>)

**Fig. 3** Summary of relevant information for an old oat cultivar in the European *Avena* Database (<http://eadb.jki.bund.de>)

### Züchterische Erschließung der biologischen Vielfalt

Der züchterische Aufwand zur Erschließung wertvoller Genvarianten aus genetischen Ressourcen hängt wesentlich von den zu überwindenden Kreuzungsbarrieren sowie der Vererbung des Merkmals ab. Monogene Merkmale, wie Krankheitsresistenzen, lassen sich i. A. einfacher erschließen als die im AVEQ-Projekt untersuchten komplexen Merkmale der Ernährungsqualität. Am Anfang steht in jedem Fall die Kreuzung des exotischen Merkmalsdonors mit einer Kultursorte oder näher verwandten Art zur Erzeugung von Hybriden, die eine Kreuzung mit dem hexaploiden Saathafer erleichtern. An den Kreuzungsnachkommen kreuzungskompatibler Partner können Spaltungsverhältnisse und damit die Anzahl beteiligter Gene nachgewiesen werden, wie es exemplarisch in Tab. 2 für die Mehltreuerresistenzen aus den beiden *A. byzantina*-Herkünften AVE2925 und AVE2406 dargestellt ist. Die Resistenzen beider Akzessionen wurden im Blattsegmententest (Abb. 4) geprüft und monogene Ergänge nachgewiesen. Der nächste Schritt ist die molekulargenetische Kartierung der Resistenzgene mit Hilfe von genetisch gekoppelten DNA-Markern, z. B. Mikrosatellitenmarkern (SSR-Markern). Für das Mehltreuerresistenzgen *Eg5* aus *A. macrostachya* konnte auf diese Weise eine Position auf der Kopplungsgruppe KO-22\_44+18 der internationalen Kanota-Ogle-Referenzkarte beschrieben werden (Abb. 4; Yu and Herrmann 2006).

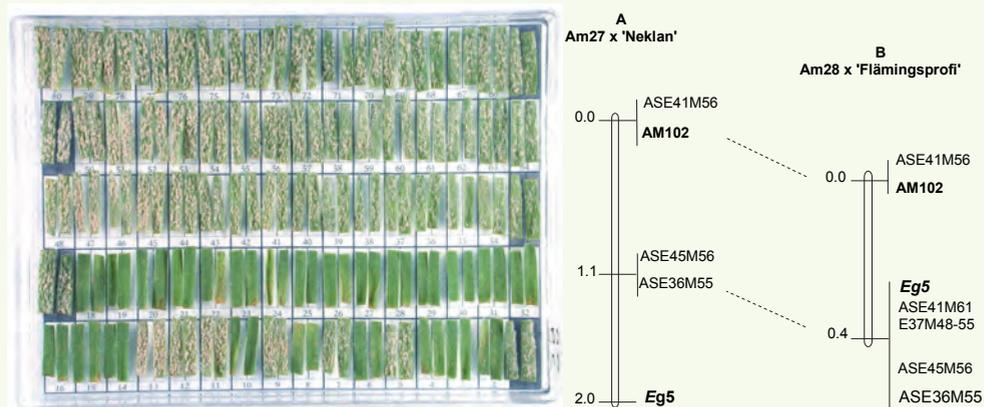
Bisher wurden am JKI Resistenzgene gegen Mehltreuer aus *A. strigosa*, *A. macrostachya*, *A. occidentalis*, *A. byzantina* und *A. sativa* in aktuelles Haferzuchtmaterial eingekreuzt, um die genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen diesen Krankheitserreger zu verbreitern.

Zur Erschließung wertvoller Genvarianten quantitativ vererbter Merkmale aus exotischen Herkünften wurde die sogenannte AB-QTL-Analyse (*Advanced Backcross QTL Analysis*) als effiziente Strategie angewandt ( Tanksley and Nelson 1996). Unter AB-QTL-Analyse wird die molekulargenetische und phänotypische Charakterisierung fortgeschrittener Rückkreuzungspopulationen verstanden,

wodurch ein Verlust wertvoller Donorallele durch die QTL-Kartierung in den Rückkreuzungspopulationen minimiert werden kann. In einem vom BMBF geförderten Projekt unter Beteiligung von JKI konnten u.a. QTL für das Merkmal  $\beta$ -Glucangehalt kartiert werden, die vorwiegend von der  $\beta$ -glucanreichen Haferakzession IAH611-447 stammen.

**Tab. 2** Spaltungsanalyse für Mehлтаuresistenz an F3-Familien aus Kreuzungen mit *A. byzantina* AVE2925 und AVE2406

Kreuzung	resistent	segregierend	anfällig	Angenommenes Verhältnis	$\chi^2$
Dominik / AVE 2925	36	91	44	1:2:1	1,46
Dominik / AVE 2406	44	112	42	1:2:1	3,45



**Abb. 4** Selektion mehлтаuresistenter Nachkommen im Blattsegmenttest und genetische Kartierung des Mehлтаuresistenzgens *Eg5* nach dessen Einkreuzung aus *A. macrostachya* in den Kulturhafer

**Fig. 4** Selection of mildew resistant progeny in a leaf segment test and genetic mapping of the *Eg5* gene for mildew resistance after crossing of cultivated oats with the wild species *A. macrostachya*

Ergebnisse der hier vorgestellten Forschungsaktivitäten von der Evaluierung und Erschließung bis zur AB-QTL-Kartierung sind bereits in die Sortenentwicklung eingeflossen. Sie leisten somit einen Beitrag zu verbesserten Hafersorten und zur Erhöhung der Attraktivität der vernachlässigten Fruchtart Hafer, und unterstützen somit die Fruchtartenvielfalt in der Landwirtschaft.

### Danksagung

Das Projekt AVEQ (Förderkennzeichen AGRI 2006-0397) wurde durch die Europäische Kommission, Generaldirektion Landwirtschaft und ländliche Entwicklung nach der Rats-Verordnung 870/2004, durch die Peter Kölln KGaA, Deutschland, durch Emco spol. s r. o., Tschechische Republik, sowie durch die Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) gefördert.

Das Projekt zur AB-QTL-Kartierung (FKZ 03i0619) wurde durch das BMBF gefördert.

### Literatur

DIMBERG L.H., O. THEANDER und H. LINGNERT 1993: Avenanthramides - a group of phenolic compounds in oats. *Cereal Chemistry* 70, 637–641.

HAMPSHIRE, J. 1998: Zusammensetzung und ernährungsphysiologische Qualität von Hafer. *Nutrition* 22, 505–508.

EUROPÄISCHE KOMMISSION 2011: Verordnung (EU) Nr. 1160/2011 der Kommission über die Zulassung bzw. Nichtzulassung bestimmter gesundheitsbezogener Angaben über Lebensmittel betreffend die Verringerung eines Krankheitsrisikos, Amtsblatt der Europäischen Union, L 296/26, <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2011:296:0026:0028:DE:PDF>

TANKSLEY S.D. und C.J. NELSON 1996: Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theoretical and Applied Genetics* 92:191–203.

YU J. und M. HERRMANN 2006: Inheritance and mapping of a powdery mildew resistance gene introgressed from *Avena macrostachya* in cultivated oat. *Theoretical and Applied Genetics* 113:429–437.

## **Der Nutzen sekundärstofflicher Variabilität in Bezug auf biologischen Pflanzenschutz, Lebensmittel und Phytopharmaka**

*Application of the secondary metabolite variability regarding biological plant protection, food and phytopharmaceuticals*

Hans Krüger

Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Erwin-Baur-Straße 27, D-06484 Quedlinburg, hans.krueger@jki.bund.de, +49(0)3946 47351

DOI: 10.5073/jka.2012.436.024

### **Zusammenfassung**

Die Vielfalt an Sekundärstoffen in Fenchel, Rosmarin und Kamille ist der Ursprung für konkrete Anwendungen in den Bereichen Pflanzenschutz, Lebensmittel und Phytopharmaka, wobei die Pflanzenzüchtung wesentlichen Anteil daran hat, die unterschiedlichen Wirkstoffe nutzbar zu machen.

**Stichwörter:** Diversität, Sekundärmetabolite, Anwendung, Fenchel, Rosmarin, Kamille

### **Abstract**

The diversity of secondary metabolites in fennel, rosemary and chamomile is the origin of specific applications in plant protection, food and phytopharmaceuticals. Plant breeding has a considerable stake in making different active substances useful.

**Keywords:** Diversity, secondary metabolites, application, fennel, rosemary, chamomile

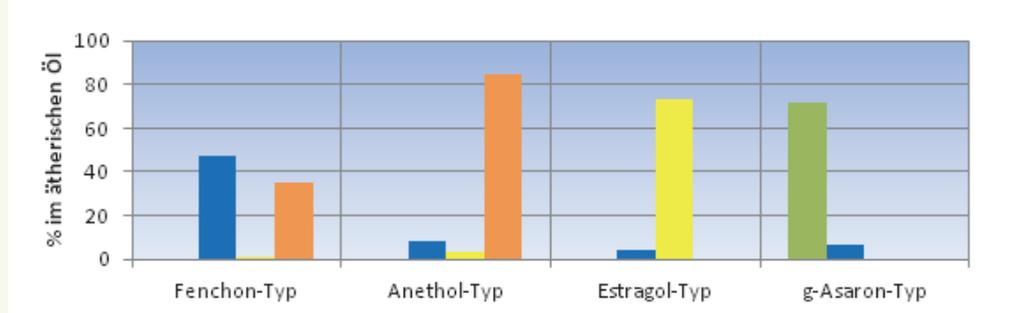
### **Einleitung**

Am Beispiel von Medizinal- und Aromapflanzen lässt sich sehr gut der praktische Nutzen biologischer Diversität nachweisen, weil die biologische Diversität oft mit einer chemischen Diversität der Sekundärstoffe einhergeht. Die chemische Variabilität unterliegt nicht nur ontogenetischen und umweltbedingten Einflüsse, sondern kann auch genetisch determiniert sein, weshalb gelegentlich auch von Chemodemen, Chemotypen oder chemischen Rassen gesprochen wird (STAHL und JORK, 1964). Die Variabilität im Segment der Medizinal- und Aromapflanzen ist auch deshalb besonders auffällig, weil neben den Kultur- auch noch zahlreiche Wildformen verfügbar sind. Am Beispiel von Fenchel, Rosmarin und Kamille sollen einige qualitative und quantitative Aspekte der Sekundärstoffnutzung hervorgehoben werden.

### **Biologischer Pflanzenschutz am Beispiel Fenchel**

Fenchel spielt im biologischen Pflanzenschutz bisher kaum eine Rolle. Es existieren aber Chemotypen, deren Hautinhaltsstoffe durchaus für die Bekämpfung bestimmter Schadorganismen in Frage kommen. Dabei handelt es sich meist um Chemotypen, die für die arzneiliche Verwendung nicht geeignet sind, weil sie zum Teil giftige oder sensorisch abstoßende Eigenschaften besitzen. HALBROCK (2011) weist diesbezüglich auf neue Wege der Pflanzenzüchtung hin und betont: „Ausgerechnet die züchterisch beseitigten Gift- und Geschmacksstoffe gehören jedoch zu denjenigen Pflanzeninhaltsstoffen, die in den ursprünglichen Wildformen der Abwehr von Krankheitserregern und Fraßschädlingen dienen. Bei allen Zuchtformen, die keine oder verringerte Mengen solcher Abwehrstoffe besitzen, muss dieser Mangel durch chemischen Pflanzenschutz ausgeglichen werden.“

Fenchel (*Foeniculum vulgare* L.) besteht neben dem arzneilich genutzten trans-Anethol-Typ auch aus anderen Chemotypen, welche Fenchon, Estragol bzw.  $\gamma$ -Asaron als Hauptkomponenten im ätherischen Öl enthalten (Abb.1).



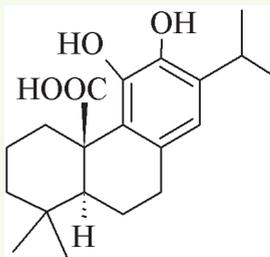
**Abb. 1** Chemotypen bei Fenchel  
**Fig. 1** Fennel chemotypes

Fenchon, Estragol und  $\gamma$ -Asaron sind an anderer Stelle bereits als biologisch aktive Substanzen erwähnt worden. Fenchon war gegenüber *Leptinotarsa decemlineata* aktiv (KORDALI *et al.*, 2007), Estragol zeigte antifungale, antibakterielle und anthelmintische Wirkung (DE MARTINO *et al.*, 2009) und  $\gamma$ -Asaron ist das fungitoxische Prinzip im ätherischen Öl von *Caesulia axillaris* gegenüber *Aspergillus flavus* (VARMA *et al.*, 2002).

Estragol und  $\gamma$ -Asaron sind dabei aus Arten isoliert worden, die zum Teil in Mitteleuropa nicht verfügbar sind oder aus Staudenkulturen stammen, welche weit aufwändiger zu kultivieren sind als Fenchel. Da Fenchel eine ein- bzw. zweijährige Mähdruschkultur ist, ergibt sich die Chance, diese Wirkstoffe kostengünstig verfügbar zu machen.

### Rosmarin als Quelle von natürlichen Antioxdationsmitteln in Lebensmitteln

Rosmarin (*Rosmarinus officinalis* L.) enthält als wesentlichen Sekundärstoff Carnosolsäure (Abb. 2), welche als natürliches Antioxdans, Konservierungsmittel oder Aromastoff in Lebensmitteln und Kosmetika Verwendung findet z.B. in Fleischwaren, Ölen und Fetten, Mehl, Milchpulver, Fischprodukten, Saucen, aber auch in Tierfutter.

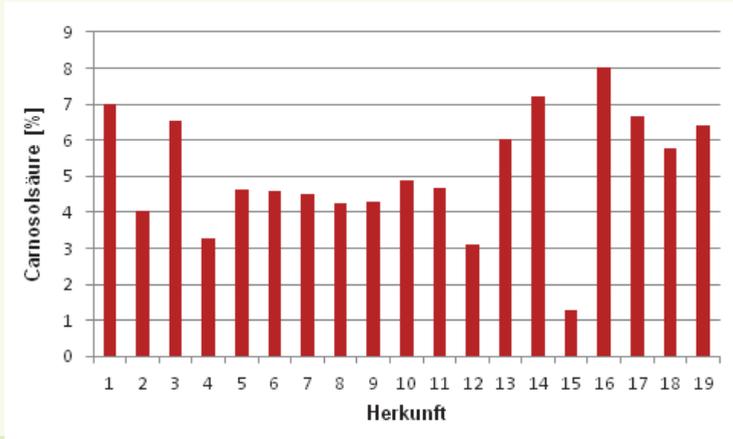


**Abb. 2** Carnosolsäure  
**Fig. 2** Carnosic acid

Die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) bescheinigte die Unbedenklichkeit von Carnosolsäure zur Verwendung in Lebensmitteln (ANONYM, 2008). In den USA besitzt Rosmarinöl, das bis zu 30 % Carnosolsäure und Carnosol enthält, bereits seit 1965 eine positive Einstufung in Bezug auf seine Verwendung in Lebensmitteln.

Die Isolierung von Carnosolsäure erfolgt durch Extraktion mit überkritischem CO<sub>2</sub>. Das Extraktionsregime wird dabei maßgeblich durch die Ausgangskonzentration in der Droge beeinflusst.

In Wildherkünften, die bisher für die Extraktion herangezogen wurden, ist diese Konzentration aber großen Schwankungen unterworfen (Abb. 3).



**Abb. 3** Carnosolsäure-Verteilung in 19 Rosmarin-Herkünften  
**Fig. 3** *carnosic acid distribution of 19 rosemary populations*

Da große Inhomogenität eine effiziente Extraktion nicht zulässt, wurden inhaltsstoffreiche Herkünfte evaluiert, isoliert und vegetativ vermehrt (Abb. 4) (KADNER *et al.*, 2002).

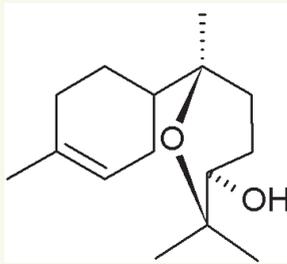


**Abb. 4** Versuchsanbau von Rosmarin-Klonen  
**Fig. 4** *Test cultivation of rosemary clones*

Mit der Inkulturnahme von Hochleistungsklonen gelingt nicht nur eine weitgehende Homogenisierung des Ausgangsmaterials sondern es wird auch eine standardisierte und kostenstabile Extraktion der Carnosolsäure ermöglicht.

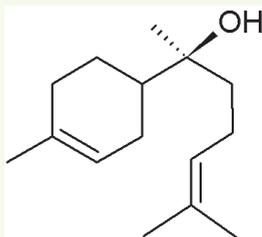
### Kamille-Chemotypen beeinflussen die Qualität von Phytopharmaka

Die chemische Variabilität bei Kamille (*Matricaria recutita* L.) umfasst vier Chemotypen. In Mitteleuropa dominiert ein Chemotyp, der vor allem Bisabololoxid A (Abb. 5) im ätherischen Öl enthält.



**Abb. 5** Bisabololoxid A ist der wesentliche Inhaltsstoff mitteleuropäischer Wildkamillen  
**Fig. 5** Bisabololoxide A is the fundamental component of central-European wild chamomiles

Eine in Spanien vorkommende  $\alpha$ -Bisabolol-haltige Form hat sich jedoch als qualitativ hochwertiger erwiesen, weshalb die Züchtung moderner Kamillesorten auf einen hohen Gehalt an  $\alpha$ -Bisabolol (Abb. 6) gerichtet war (BUNDESSORTENAMT, 2002).



**Abb. 6**  $\alpha$ -Bisabolol ist der wesentliche Inhaltsstoff moderner Kamillesorten  
**Fig. 6**  $\alpha$ -Bisabolol is the fundamental component of modern chamomile cultivars

Die in Deutschland im Anbau befindlichen Kamillesorten (Abb. 7) enthalten fast alle  $\alpha$ -Bisabolol als Hauptkomponente im ätherischen Öl.



**Abb. 7** Kamillenernte in Thüringen, Kamille ist mit ca. 1000 ha die anbaustärkste Arzneidroge in Deutschland. Im Anbau befinden sich fast ausschließlich  $\alpha$ -Bisabolol-haltige Sorten.

**Fig. 7** *Chamomile harvest in Thuringia. With about 1000 ha, chamomile is the most cultivated medicinal drug in Germany. Nearly only  $\alpha$ -bisabolol containing cultivars are under cultivation.*

Die Kenntnis der natürlichen sekundärstofflichen Variabilität konnte im Falle von Kamille direkt für die Produktion hochwertiger Phytopharmaka genutzt werden.

## Literatur

ANONYM, 2008: Use of rosemary extracts as a food additive. Scientific Opinion of the Panel on Food Additives, Flavourings, Processing Aids and Materials in Contact with Food. EFSA Journal **721**, 1-29.

BUNDESSORTENAMT, 2002: Beschreibende Sortenliste, Arznei- und Gewürzpflanzen, Kamille, 80-88.

DE MARTINO, L., V. DE FEO, F. FRATIANNI und F. NAZZARO, 2009: Chemistry, Antioxidant, Antibacterial and Antifungal Activities of Volatile Oils and their Components. Nat. Prod. Commun. **4** (12), 1741-1750.

HAHLBROCK, K., 2011: Nach 10 000 Jahren auf neuen Wegen – Pflanzenzüchtung für Ernährung und Umwelt. Naturwissenschaftliche Rundschau **64** (2), 61-72.

KADNER, R., W. JUNGHANN, F. HENNIG und B. WEINREICH, 2002: Produktion von Rosmarinjungpflanzen (*Rosmarinus officinalis* L.) Vermehrung über Stecklinge. Z. Arznei- und Gewürzpfl. **7** (2), 319-323.

KORDALI, S., M. KESDEK und A. ÇAKIR, 2007: Toxicity of monoterpenes against larvae and adults of Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* Say (Coleoptera: Chrysomelidae). Ind. Crop. Prod. **26** (3), 278-297.

STAHL, E. und H. JORK, 1964: Chemische Rassen bei Arzneipflanzen. Arch. Pharm. **297**, 273-281.

VARMA, J., M. TRIPATHI, V. J. RAM, V. B. PANDEY und N. K. DUBEY, 2002: gamma-Asarone - the fungitoxic principle of the essential oil of *Caesulia axillaris*. World J. Microb. Biot. **18** (3), 277-279.

## Die Glucosinolate der Brassicaceen - ein Potential für den biologischen Pflanzenschutz

*The glucosinolates of Brassicas – a potential of biological plant protection*

Wolfgang Schütze

Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz,  
Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg  
wolfgang.schuetze@jki.bund.de, +49(0)3946 47304

DOI: 10.5073/jka.2012.436.022

### Zusammenfassung

Im Rahmen von HPLC-Untersuchungen wurden mehrere hundert Genotypen der Familie der Brassicaceen auf ihren Gehalt an Glucosinolaten (GSL) im Blattmaterial, in den Wurzeln und im Samen untersucht (Einzelpflanzen / Mischproben in Doppelbestimmung). Das Screening hatte das Ziel, interessantes Material im Hinblick auf seine Eignung zur pflanzenbauliche Verwendung als Zwischenfrüchte für den biologischen Pflanzenschutz (Biofumigation) zu selektieren (Genotypen mit hohem Gehalt an Isothiocyanat (ITC) - bildenden GSL). Für das Biofumigationsverfahren war die überwiegende Mehrzahl der untersuchten Genotypen ungeeignet, da der Glucosinolatgehalt vieler Genotypen zu gering war und sie deshalb nicht mit den derzeit im Anbau befindlichen Sorten bzw. Stämmen konkurrieren können, bzw. die enthaltenen GSL keine ITC bilden. Aussichtsreich scheint die Suche nach leistungsfähigen Formen im Genbankmaterial von *Brassica juncea*, *Sinapis alba*, *Bunias orientalis* und *Raphanus sativus*. Der Einsatz von Kreuzblütlern für den „biologischen Pflanzenschutz“ ist ein innovatives und viel versprechendes Verfahren zur Bekämpfung bodenbürtiger Schaderreger in gemäßigten Klimaregionen, das zudem kostengünstig in die gängige Praxis integriert werden kann.

**Stichwörter:** Brassicaceen, Biofumigation, Glucosinolate, Isothiocyanate, HPLC

### Abstract

In the context of HPLC-analysis some hundred genotypes of the Brassica family were analysed for their content of glucosinolates (GSL) in leaf material, roots and seeds (single plants / mixed samples in repeat determination). The aim of the screening was to select and find interesting material for the development as catch crop for biological plant protection (biofumigation), i. e. plants with a high content of glucosinolates which can produce isothiocyanates (ITC). For the biofumigation procedure most Brassica forms were unsuitable, because their glucosinolate content was too low or the glucosinolates could not generate ITC. Promising seems the search of efficient forms in gene bank material of *Brassica juncea*, *Sinapis alba*, *Bunias orientalis* and *Raphanus sativus*. The use of cruciferous plants for biological plant protection is an innovative and promising technique for the combat of soil-borne pests in temperate climate area, which can be integrated cost-effectively into the practice.

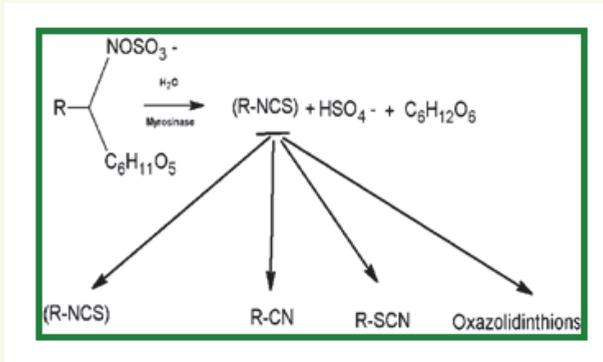
**Keywords:** Brassicas, biofumigation, glucosinolates, isothiocyanates, HPLC

### Einleitung

Zur Familie der Kreuzblütengewächse (Brassicaceae) gehören etwa 170 Gattungen mit etwa 2.000 Arten [Ordnung Kreuzblütenartige (Brassicales) – Familie Kreuzblütengewächse].

Durch viele Kulturpflanzen innerhalb der Familie sind sie von großer wirtschaftlicher Bedeutung. Kreuziferen enthalten Glucosinolate. Dies sind glycosidische Verbindungen, die in unterschiedlichen Konzentrationen und Verhältnissen in den einzelnen Pflanzenorganen auftreten. Es handelt sich um eine schwefelhaltige Stoffgruppe mit mehr als 100 z. Z. bekannten Verbindungen. Sie bestehen chemisch aus einer  $\beta$ -D-Glucoseeinheit, einer mit der Glucose als Thiohydroxamat verknüpften Aglucongruppierung (R) und einem Sulfatanion am Hydroxamat-Stickstoff (ETTLINGER *et al.*, 1956; ETTLINGER *et al.*, 1957). Sie unterscheiden sich nur im Aglucon R-, das Alkyl-, Alkenyl-, Aryl- bzw. Indolstruktur aufweisen kann. Werden die Zellwände von Kreuziferenpflanzen zerstört, kommt es unter dem Einfluss des Enzyms Myrosinase zu deren Umsetzung. Je nach Ausgangsverbindungen kommt es zur Freisetzung physiologisch aktiver Thio- bzw. Isothiocyanate, Nitrile oder

Oxazolidinthione. Die toxische Wirkung der ITC gegen bodenbürtige Pflanzenschädlinge ist seit langem bekannt (WALKER *et al.*, 1937). Von KIRKEGAARD *et al.* wurde 1993 für eine spezielle Form des biologischen Pflanzenschutzes der Begriff „Biofumigation“ zur Beschreibung der suppressiven Wirkung von Kreuzifern gegenüber bodenbürtigen Schaderregern eingeführt. Einige der Glucosinolate (Indolglucosinolate, Glucoraphanin) sind andererseits auf Grund ihres antikanzerogenen Potentials interessant für eine gesunde Ernährung.



**Abb. 1** Spaltungsschema der Glucosinolate nach Zerstörung der Pflanzenzellen unter Einfluss des pflanzeigenen Enzyms „Myrosinase“ (nach C. H. VAN ETTEN *et al.*)

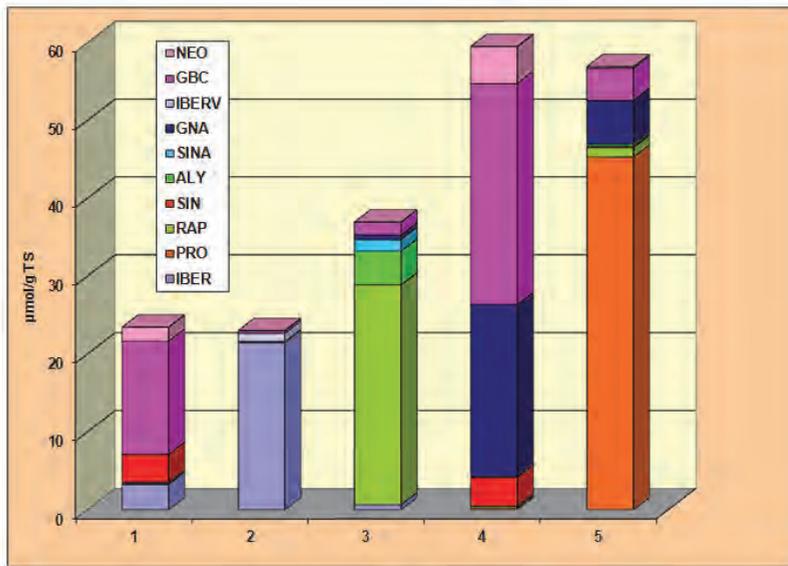
**Fig. 1** Partition procedure of glucosinolates after plant cell deletion below the influence of plant enzyme myrosinase (on C. H. VAN ETTEN *et al.*)

## Material und Methode

Durch moderne züchtungsbegleitende Analytik ist eine schnelle und effektive Selektion von Kreuzifern-Formen mit einem hohen Wirkstoffpotential möglich. Zur Extraktion der Glucosinolate werden jeweils ca. 200 mg des gefriergetrockneten, fein vermahlenden Probenmaterials eingewogen, in einer aufwändigen Prozedur aus dem Pflanzenmaterial extrahiert und durch das Enzym „Sulfatase“ in die für die HPLC-Analytik zugänglichen desulfatisierten Verbindungen umgewandelt (SCHÜTZE *et al.*, 2004; PETERKA *et al.*, 2004). Für die Untersuchungen wurden sowohl konventionelle Sorten von *Sinapis alba*, *Brassica juncea*, *Rapanus sativus* als auch Genbankmaterial aus dem IPK Gatersleben sowie aus dem VIR St. Petersburg eingesetzt.

## Ergebnisse

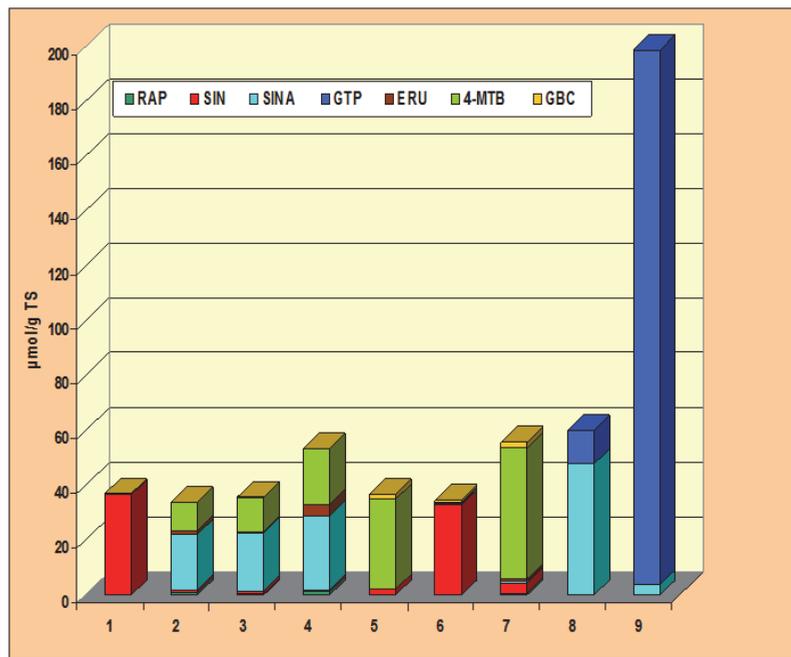
Die überwiegende Mehrzahl der untersuchten Genotypen war für das Biofumigationsverfahren ungeeignet, da einerseits ihr Glucosinolatgehalt zu gering war und sie deshalb nicht mit den derzeit im Anbau befindlichen Sorten bzw. Stämmen konkurrieren können, andererseits zwar höhere Glucosinolatgehalte auftreten, diese Verbindungen aber auf Grund ihrer Struktur kein ITC bilden (PRO, EPRO, GNL, Indolglucosinolate). Unter diesen Aspekten haben u. a. *Eruca*, *Camelina*, Formen von *Brassica rapa*, *Brassica napus*, *Crambe*, *Barbarea* oder verschiedene Formen von *Lipidium* (Abb. 2) keine Bedeutung für das Biofumigationsverfahren (Blattmaterial).



**Abb. 2** 1-*Brassica incana*, 2-*Brassica tournefortii* Gouan., 3-*Brassica villosa*, 4-*Brassica cretica*, 5-*Brassica insularis* – Genbankmaterial aus dem VIR St. Petersburg (Russland) mit teilweise sehr hohem GSL-Gesamtgehalt. Auf Grund der Struktur der Hauptkomponenten sind sie teilweise geeignet als Ausgangsmaterial für die Züchtung von Formen mit einem hohen Potential für die gesunde Ernährung (1, 4 – hoher Gehalt an Indol - GSL, 3 – hoher Gehalt an Glucoraphanin) [ALY-Alyssin; GBC-Glucobrassicin, GNA-Gluconapin, IBER-Glucoiberin, IBERV-Glucoiberiverin, NEO-Neoglucobrassicin, PRO-Progoitrin, RAP-Glucoraphanin, SINA-Sinalbin, SIN-Sinigrin].

**Fig. 2** 1-*Brassica incana*, 2-*Brassica tournefortii* Gouan., 3-*Brassica villosa*, 4-*Brassica cretica*, 5-*Brassica insularis* – gene bank material from the VIR St. Petersburg (Russia) with partially high contents of glucosinolates. Based on the main component structure they are partially suitable as basic material for breeding of forms with a high potential of healthy nutrition (1, 4 – high content of indole - GSL, 3 – high content of glucoraphanine) [ALY-alyssine; GBC-glucobrassicine, GNA-gluconapine, IBER-glucoiberine, IBERV-glucoiberiverine, NEO-neoglucobrassicine, PRO-progoitrine, RAP-glucoraphanine, SINA-sinalbine, SIN-sinigrine].

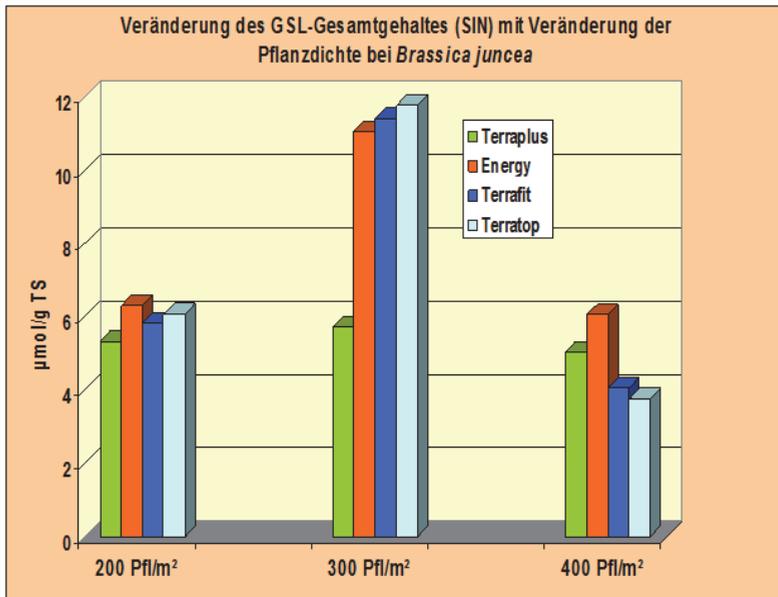
Aussichtsreich scheint dagegen die Suche nach leistungsfähigen Formen im Genbankmaterial von *Brassica juncea*, *Sinapis alba*, *Bunias orientalis* und *Raphanus sativus*. Interessant ist auch der extrem hohe Glucosinolatgehalt in den Wurzelknollen von *Lepidium meyenii* von über 200 µmol/g TS, überwiegend Glucotropaeolin (Abb. 3). Hier sind jedoch die Fragen der Anbaubedingungen und der Verfügbarkeit der Glucosinolates für das Biofumigationsverfahren völlig offen.



**Abb. 3** 1 - Brauner Senf (*B. juncea*), 2-4 - *Bunias orient.* (Zackenschötchen), 5 - *Raphanus sativus*, 6 - *Brassica oleracea*, 7- *Raphanus sativus*, 8-*Sinapis alba*, 9 - *Lepidium meyenii* (Wurzel) – Genbankmaterial bzw. Stämme, die auf Grund ihres GSL-Verteilungsmusters für das Biofumigationsverfahren geeignet sind, da die Haupt-GSL ITC bilden. (RAP-Raphanin, SIN-Sinigrin, SINA-Sinalbin, GTP-Glucotropaeolin, ERU-Glucoerucin, 4-MTB-Glucorapha-satin, GBC-Glucobrassicin (Indol-GSL)

**Fig. 3** 1 - Indian mustard (*B. juncea*), 2-4 - *Bunias orient.*, 5 - *Raphanus sativus*, 6 - *Brassica oleracea*, 7- *Raphanus sativus*, 8-*Sinapis alba*, 9 - *Lepidium meyenii* (root) – gene bank material respectively strains, based on here GSL-distribution pattern adapted for the biofumigation process – the main glucosinolates forms ITC. (RAP-raphanine, SIN-sinigrine, SINA-sinalbine, GTP-gluco tropaeoline, ERU-glucoerucine, 4-MTB-gluco raphasatine, GBC-gluco brassicine (indole-GSL)

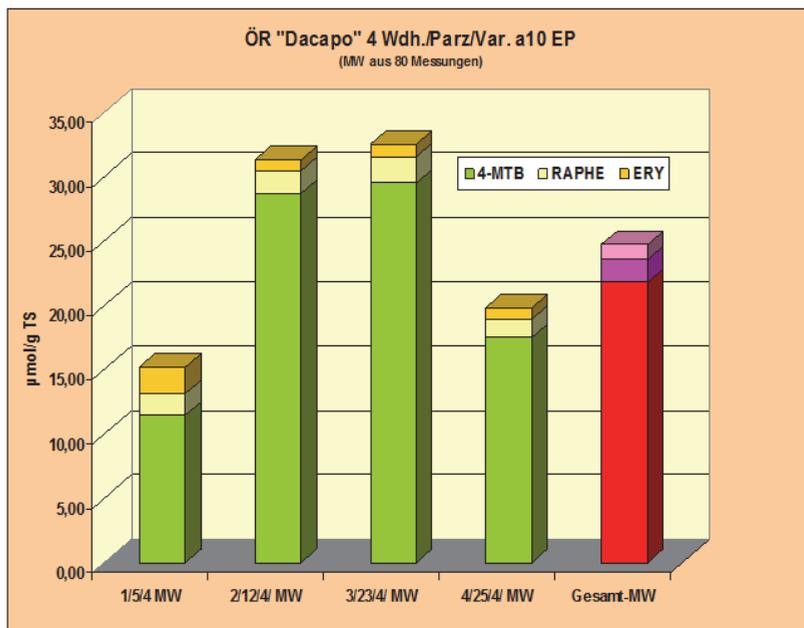
Nach bisher vorliegenden einjährigen Versuchsergebnissen zum Einfluss der Aussaatdichte (Pfl./m<sup>2</sup>) deuten sich für die untersuchten *Sinapis alba* – und *Brassica juncea* – Genotypen bei einer Pflanzdichte von 300 Pfl./m<sup>2</sup> ein Optimum im Glucosinolatgehalt an. Es scheint auch ein sortenspezifisches Verhalten „Pflanzen/m<sup>2</sup> - Glucosinolatgehalt“ vorzuliegen (Abb. 4).



**Abb. 4** Einfluss der Aussaatdichte (Pflanzen/m<sup>2</sup>) auf die Höhe des Gehaltes der Hauptkomponente Sinigrin (SIN) – bis zu 99 % des Gesamtgehaltes – am Beispiel von *Brassica juncea*-Genotypen.

**Fig. 4** Influence of sowing concentration (plants/sqm) on the quantity of glucosinolates (main compound sinigrine) – up to 99 % of the total content – using the example of *Brassica juncea*-genotype.

Weiterhin deutet sich auch eine gegenseitige Beeinflussung im GSL - Gehalt bei Mischungen zwischen *Brassica juncea* und *Raphanus sativus*, untersucht am Beispiel unterschiedlicher Mischungsverhältnisse zwischen Sareptasenf „Terraplus“ und Ölrettich „Defender“ an (o. Abb.). Für eine Bestätigung sind weitere Untersuchungen über mehrere Vegetationsperioden erforderlich. Genotyp bedingt wurden sehr große Glucosinolatgehaltsdifferenzen (bis zu 80 µmol/g TS) zwischen Einzelpflanzen gemessen. Auch im Feldwiederholungsanbau zeigten sich große Gehaltsunterschiede, dargestellt am Beispiel von Ölrettich „Dacapo“ (Abb. 5), angebaut am Standort Birgel (Rheinland-Pfalz).



**Abb. 5** Variabilität der für die Biofumigation relevanten Einzelverbindungen 4-Methylthiobutenyl-GSL (4-MTB), Erysolin (ERY) und Raphenin (RAPHE) und des Gesamtgehaltes am Beispiel von *Raphanus sativus* (Dacapo) im Feldwiederholungsanbau. Der Gesamtgehalt der Einzelpflanzen variierte zwischen 20,8 und 101,7 µmol/g TS.

**Fig. 5** Variability of single compounds - relevant for the biofumigation procedure (4-methylthiobutenyl-GSL (4-MTB), erysoline (ERY) and raphenine (RAPHE) and the total content) using the example of *Raphanus sativus* (Dacapo) in field repetition cultivation. The total content of single plants varied between 20.8 and 101.7 µmol/g dm.

Durch weitere züchterische Bearbeitung, z. B. durch Einbeziehung von Genbankmaterial mit hohem Glucosinolatgehalt, einem anderen Glucosinolatverteilungsmuster und Selektion geeigneter Varianten ist mit einer deutlichen Verbesserung der Biofumigationswirkung und somit für den biologischen Pflanzenschutz zu rechnen. Die nachfolgende Übersicht gibt eine Anleitung zur Berechnung des maximalen Wirkstoffeintrages bei einem 100 %-igen Umsatz der Glucosinolate zum entsprechenden ITC am Beispiel von Sinigrin.

**Berechnung des Eintrags an Wirkstoffmenge für die Biofumigation**

Angenommener Trockenmasseertrag:	30 dt/ha = 3000 kg/10.000m <sup>2</sup> = 300 g/m <sup>2</sup>
Mittlerer GSL - Gehalt pro g TRM (TS):	31 µmol Sinigrin
Mittlerer SIN-Gehalt/m <sup>2</sup> :	9300 µmol (300 g x 31 µmol)
Molekulargewicht Sinigrin: (desulfatisierte Verbindung)	279,3 g/Mol
Menge Sinigrin/m <sup>2</sup> (in g):	2,597 g/m <sup>2</sup> (1Mol/279,3 g = 0,0093 Mol/x)
Menge Sinigrin/ha:	25,975 kg/ha
Molekulargewicht ITC von Sinigrin:	99,15 g/Mol
Menge ITC/m <sup>2</sup> :	0,9221 g/m <sup>2</sup>
Menge ITC/ha:	9,221 kg/ha (angenommen 100 % Umsatz)

**Molekulargewichte zur Berechnung der Wirkstoffmenge der für das Biofumigationsverfahren wichtigsten GSL und ihrer ITC**

	Molekulargewicht m/z (desulfatis. Verb.)	Molekulargewicht m/z (ITC)
Sinialbin	345	165,21
Glucotropaeolin	329	149,21
Raphenin	355	175,27
Erysoin	373	193,29
4-MTB	339	159,27
Sinigrin	279	99,15

Der Einsatz von Kreuzblütlern für die „biologischen Pflanzenschutz“ ist ein innovatives und viel versprechendes Verfahren zur Bekämpfung bodenbürtiger Schaderreger in gemäßigten Klimaregionen, das zudem kostengünstig in die gängige Praxis integriert werden kann.

**Danksagung**

Das Material für die Untersuchungen wurde freundlicherweise bereitgestellt durch das VIR St. Petersburg (Frau Dr. A. Artemyeva), dem IPK Gatersleben (Frau Dr. U. Lohwasser) sowie von der Fa. P.H. Petersen Saatucht Lundsgaard (Frau M. Schlathölter); in Zusammenarbeit mit Dr. M. Daub (A, Elsdorf), Dr. J. Hallmann (EP, Münster).

**Literatur**

ETTLINGER, M. G. und A. J. LUNDEEN, 1956: The structure of sinigrin and sinialbin; an enzymatic rearrangement. J. Amer. Chem. Soc. **78**, 4172.

ETTLINGER, M. G. und A. J. LUNDEEN, 1957: First synthesis of a mustard oil glucoside: the enzymatic lossen rearrangement. J. Amer. Chem. Soc. **79**, 1764.

H. VAN ETTEN et al., 1980: Glucosinolates: Potential Toxicants in cabbage Cultivares. J. Amer. Soc. Hort. Sci. **105**(5), 710-714.

KIRKEGAARD, J. A., P. A. GARDNER, J. M. DESMARCHELIER und J. F. ANGUS, 1993: Biofumigation – using Brassica species to control pests and diseases in horticulture and agriculture. In: N. Wratten, R.J. Mailer (Hrsg.) Proceedings 9th Australian Research Assembly on Brassicas. Agricultural Research Institute, Wagga Wagga, 77-82.C.

PETERKA, H., H. BUDAHN, O. SCHRADER, R. AHNE und W. SCHÜTZE, 2004: Transfer of resistance against the beet cyst nematode from radish (*Raphanus sativus*) to rape (*Brassica napus*) by monosomic chromosome addition. Theor. Appl. Genet. **109** (1), 30-41.

SCHÜTZE, W., R. QUILTSCH und M. SCHLATHÖLTER, 2004: Glucosinolate testing of leaves and stems in brassicas with HPLC and mid IR spectroscopy Agroindustria **3** (3), 399-401.

WALKER, J.C., S. MORELL und H. FOSTER, 1937: Toxicity of mustard oils and related sulphur compounds to certain fungi. Am. J. Bot. **24**, 536-541.

## Genetische Diversität für die Widerstandsfähigkeit gegen Schaderreger bei Kartoffel

*Improvements in the genetic diversity of potato associated with resistance to diseases and pests*

Ramona Thieme\*, Thilo Hammann & Marion Nachtigall

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg,

Rudolf-Schick-Platz 3a, OT Groß Lüsewitz, D-18190 Sanitz, zl@jki.bund.de

\* Korrespondierender Autor, ramona.thieme@jki.bund.de, +49(0)38209 45205

In Kooperation mit Kollegen aus:

Deutschland, Russland, Rumänien, China, Polen, Finnland, Kanada, Vietnam

DOI: 10.5073/jka.2012.436.023

### Zusammenfassung

Zur Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel wurde ein umfangreicher Wildkartoffel-Genpool auf bislang züchterisch noch ungenutzte wertvolle Genvarianten für Krankheitsresistenz evaluiert. Verschiedene mögliche Resistenndonoren wurden hinsichtlich ihrer züchterischen Nutzung analysiert. Durch den Einsatz der somatischen Hybridisierung können auch Wildkartoffelarten, die bisher aufgrund ihrer Kreuzungsbarrieren nur schwer für die Züchtung zugänglich waren, in Züchtungsprogramme integriert werden. Somit kann der Genpool der Kulturkartoffel stetig erweitert und die genetische Diversität für Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten (Virosen, Bakterien) und Schädlinge (Blattläuse, Kartoffelkäfer) nachhaltig verbessert werden. Gegenwärtig sind Zuchtstämme mit geringerer Anfälligkeit für die Kraut- und Braunfäule verfügbar.

**Stichwörter:** Pflanzengenetische Ressourcen, Wildkartoffelarten, Protoplastenfusion, Kartoffelvirus Y, Kraut- und Braunfäule, Kartoffelzuchtprogramm

### Abstract

In order to increase the genetic diversity of common potato, *Solanum tuberosum*, wild diploid tuber-bearing Mexican potato species were screened for genetic variants that could be used in breeding programmes to improve the resistance of potato to diseases and pests. Genebank accessions of *Solanum cardiophyllum*, *S. pinnatisectum* and *S. tarnii* are extremely resistant to potato virus Y, late blight and Colorado potato beetle, and those of *S. bulbocastanum* and *S. demissum* to late blight and nematodes. Somatic hybridization by protoplast fusion or inter-specific crosses can be used to combine the genomes of these wild species with that of cultivated potato. Methods, like *in situ* hybridization techniques (GISH), flow cytometry, molecular markers and phytopathological analysis are used to select plant material with these important characters. Recently, breeding lines with improved resistance to pathogens and pests and acceptable agronomic traits have been developed and are being integrated into pre-breeding material in potato breeding programmes. This plant material is also of interest for fundamental research on the genetics of resistance in plants to pests and diseases.

**Keywords:** Plant genetic resources, wild potato species, protoplast fusion, Potato virus Y, late blight, potato breeding programme

### Einleitung

Der Begriff der biologischen Vielfalt umfasst unterschiedliche Aggregationsebenen, nämlich die Vielfalt der Lebensgemeinschaften (Biozönosen) von Tieren, Pflanzen, Mikroorganismen und Viren, die Vielfalt der Arten und die genetische Vielfalt innerhalb der Arten. Diese biologischen Komponenten stehen sowohl untereinander als auch mit den abiotischen Komponenten ihres Lebensraumes in Wechselwirkung (OTT *et al.*, 2007). Die innerartliche Vielfalt ist dem unmittelbaren menschlichen Erfahrungshorizont weitgehend verborgen und wird daher in der Diskussion um die

biologische Vielfalt in Agrarlandschaften nicht selten verkürzt behandelt. Dabei hat sie grundlegende Bedeutung für die Bemessung des Spielraumes, der uns für die Anpassung unserer Kulturpflanzen an sich wandelnde Umwelt- und Produktionsbedingungen und Anforderungen des Marktes zur Verfügung steht. Im Hinblick auf die Gesundheit unserer Kulturpflanzen ist das Auftreten von Krankheitserregern mit neuen Virulenzen, welche die vorhandenen Krankheitsresistenzen überwinden können, ein Thema von fortdauernder Aktualität und Dringlichkeit. Darüber hinaus ist mit vom Klimawandel bewirkten Änderungen in der Abundanz und im Artenspektrum von Schaderregern zu rechnen. Vor diesem Hintergrund sind adaptierte, widerstandsfähige Kulturpflanzen als Teil landwirtschaftlich geprägter Lebensgemeinschaften (Äcker, Wiesen, Obstplantagen etc.) und als Komponente des nachhaltigen Resistenzmanagements im Rahmen des integrierten Pflanzenschutzes unentbehrlich. Widerstandsfähige Kulturpflanzen ermöglichen es, den Aufwand an chemischem Pflanzenschutz zu vermindern. Sie tragen hierdurch zur Förderung einer insgesamt artenreichen Agrarlandschaft bei.

Die Widerstandsfähigkeit unserer Kulturpflanzen gegenüber Schaderregern kann nur aufrechterhalten und verbessert werden, wenn mit Hilfe geeigneter Züchtungsmethoden ein breites Spektrum genetischer Ressourcen für die Resistenzzüchtung erschlossen wird. Das Ausgangsmaterial, welches für die Resistenzzüchtung bei der Kartoffel zur Verfügung steht, und Züchtungsmethoden zur Erschließung der genetischen Diversität dieses Materials für die Züchtung gesunder Kartoffeln werden im vorliegenden Beitrag exemplarisch beschrieben.

### **Bewertung pflanzengenetischer Ressourcen (PGR)**

Bisher sind etwa 18 Wildkartoffelarten der Gattung *Solanum*, darunter *S. demissum* (*dms*), als PGR für Resistenzgenen gegen *Phytophthora infestans* (*P.i.*) und andere Pathogene bekannt und in die Sortenentwicklung in Europa und Nordamerika einbezogen worden. Züchterisch bislang nicht genutzte PGR aus dem Wildkartoffel-Genpool stehen in Genbanken zur Verfügung. Von besonderem Interesse sind die in der Andenregion vorkommenden Wildarten, die für ihre Resistenz gegen verschiedene Schaderreger bekannt sind und bislang in der Sortenzüchtung weitgehend unbeachtet geblieben sind. Unsere Arbeiten sind auf die Verbesserung der Widerstandsfähigkeit gegen das Kartoffelvirus Y (PVY) und die Kraut- und Braunfäule (*P.i.*) fokussiert. Weiterhin werden Akzessionen von Wildarten sowie Zuchtklone auch auf ihre Widerstandsfähigkeit gegen Virusvektoren, Kartoffelkäfer und Kartoffelnematoden untersucht.

### **Erschließung genetischer Diversität für die Resistenzzüchtung**

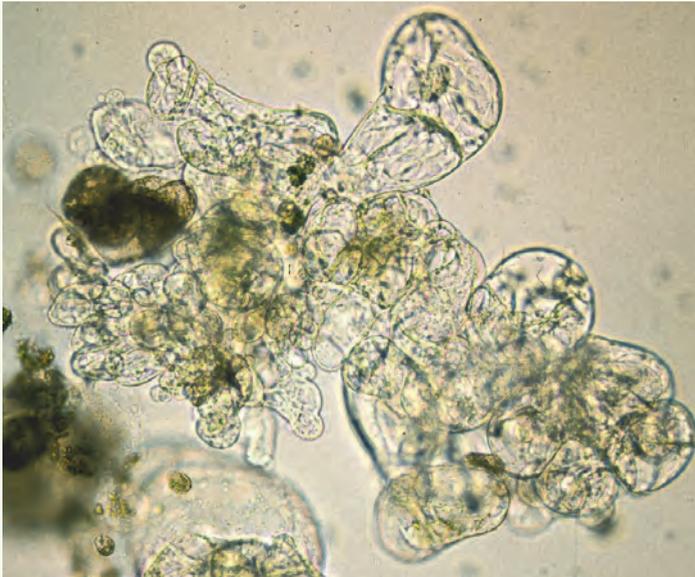
In Kooperation mit internationalen Partnern aus Forschung und Praxis werden am JKI divergente Kreuzungseltern mit verbesserter Anpassungsfähigkeit an neue Schaderregerpopulationen unter sich verändernden Klimabedingungen selektiert. Die daraus resultierenden neuen, wertvollen Genvarianten werden unter Anwendung von Züchtungsmethoden, die sich sowohl genomanalytischer Ansätze als auch fortgeschrittener Reproduktionsmethoden (SMART<sup>1</sup> Breeding) bedienen, in adaptiertes Zuchtmaterial eingekreuzt.

Es werden verschiedene Ansätze verfolgt:

- Erzeugung interspezifischer somatischer Hybriden (Wildart + Kartoffelsorte) durch Protoplastenfusion (Abb. 1) und ihre Identifizierung durch genomische In-situ-Hybridisierung (Abb. 2), Flowzytometrie und molekulare Marker (Abb. 3, THIEME *et al.*, 2008)
- Erzeugung interspezifischer Hybriden durch Artkreuzung

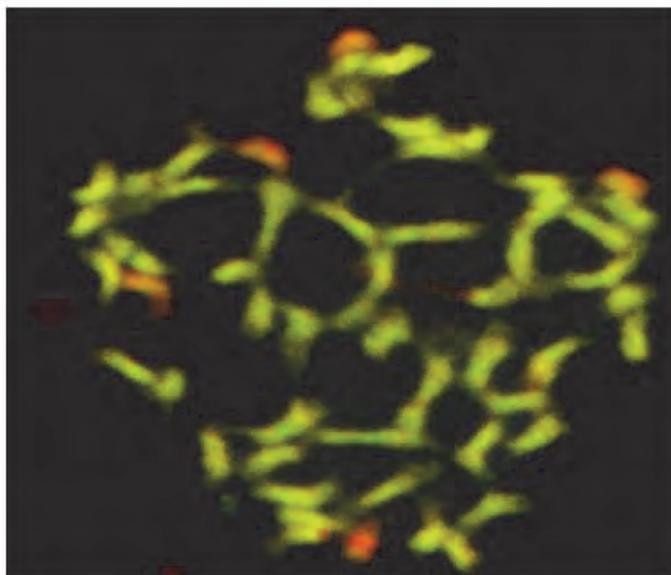
In beiden Fällen schließen sich Rückkreuzungen der Hybriden mit der Kulturkartoffel und die Auslese von Rückkreuzungsnachkommen auf züchterisch relevante Eigenschaften wie Widerstandsfähigkeit gegen Schaderreger (Abb. 4–7), Qualität, Ertrag und Veredlungseignung an.

<sup>1</sup> Selection with Markers and Advanced Reproductive Technologies



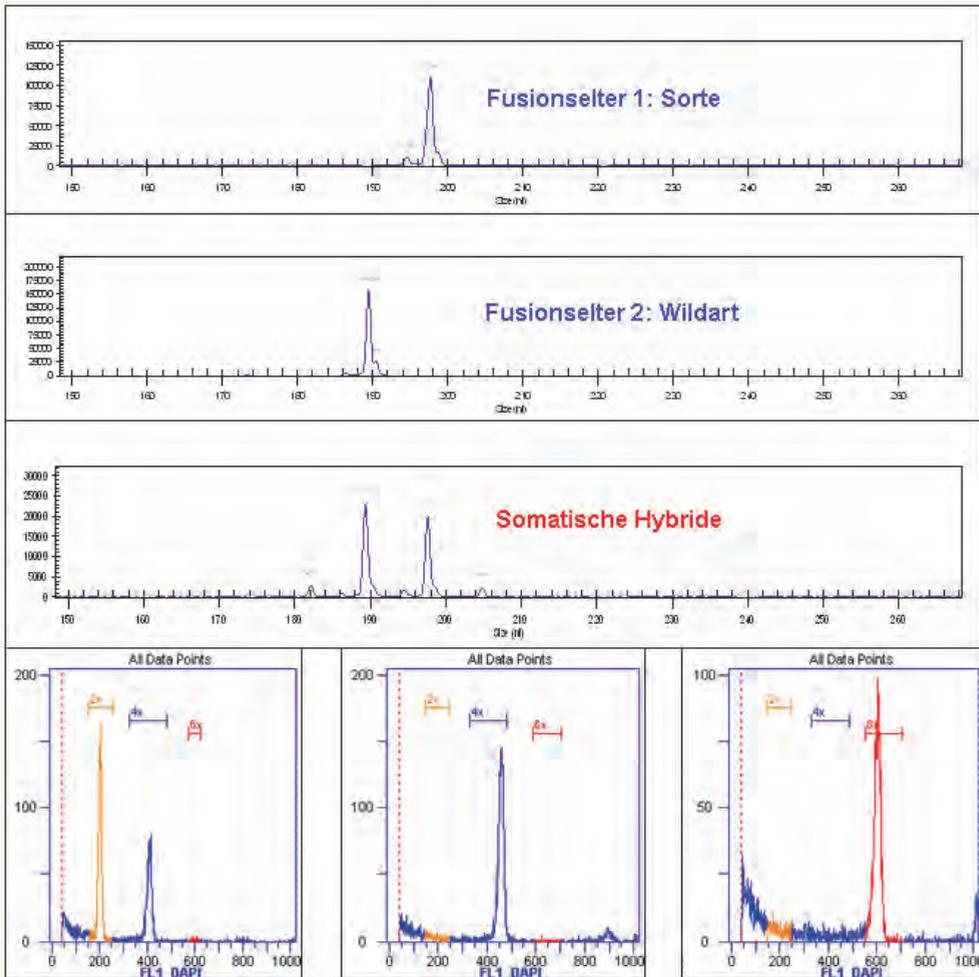
**Abb. 1** Bildung von Zellaggregaten nach Protoplastenfusion als Voraussetzung für die Regeneration von Sprossen zur Erzeugung somatischer Hybriden

**Fig. 1** *Production of somatic hybrids by protoplast fusion, the induction of cell aggregates and regeneration of plants*



**Abb. 2** Charakterisierung der Hybriden und Nachkommen durch In-situ-Hybridisierung: Zelle einer Pflanze der zweiten Rückkreuzungsgeneration mit verbliebenen fünf Chromosomen der Wildart *S. tarnii* (rot) und 48 Chromosomen der Kulturkartoffel (gelb)

**Fig. 2** *Characterization of the hybrids and progenies by in-situ hybridization: a cell of a second backcross generation plant carrying five chromosomes of the wild potato species *S. tarnii* (red) and 48 chromosomes of cultivated potato (yellow)*



**Abb. 3** Identifizierung einer somatischen Hybride durch molekulare Marker (oben) und Bestimmung der Ploidiestufe durch Flowzytometrie: diploide Wildart ( $2n=2x=24$ ), tetraploide Kulturkartoffel ( $2n=4x=48$ ) und hexaploide Hybride ( $2n=6x=72$ )

**Fig. 3** Identification of a somatic hybrid using molecular markers (above) and flow cytometry for estimating ploidy level: diploid wild species ( $2n=2x=24$ ), tetraploid potato ( $2n=4x=48$ ) and hexaploid hybrid ( $2n=6x=72$ )

### Ergebnisse und Diskussion

Nach umfangreichen Untersuchungen mit für Pathogene und Schaderreger spezifischen Nachweistests im Labor, Gewächshaus bzw. Feld wurde in Genbankherkünften der mexikanischen Wildarten *S. cardiophyllum* (*cph*), *S. pinnatisectum* (*pnt*) und *S. tarnii* (*trn*) extreme PVY-Resistenz, Resistenz gegen *P.i.* sowie Kartoffelkäfer nachgewiesen. Akzessionen von *S. bulbocastanum* (*blb*) zeigen hohe *P.i.*-Resistenz und die von *dms* hohe *P.i.*- und Nematodenresistenz. Es wurden zahlreiche Artbastarde und mehr als 1600 somatische Hybriden zwischen den genetisch weit entfernten Kreuzungspartnern der Kulturkartoffel und Wildkartoffelarten erzeugt. Basierend auf Kombinationen von ausgewählten fertilen Hybridpflanzen mit der Kulturkartoffel sind u. a. Nachkommen aus *cph*-, *pnt*- und *trn*-Hybriden mit extremer PVY-Resistenz und agronomisch verbesserten Merkmalen

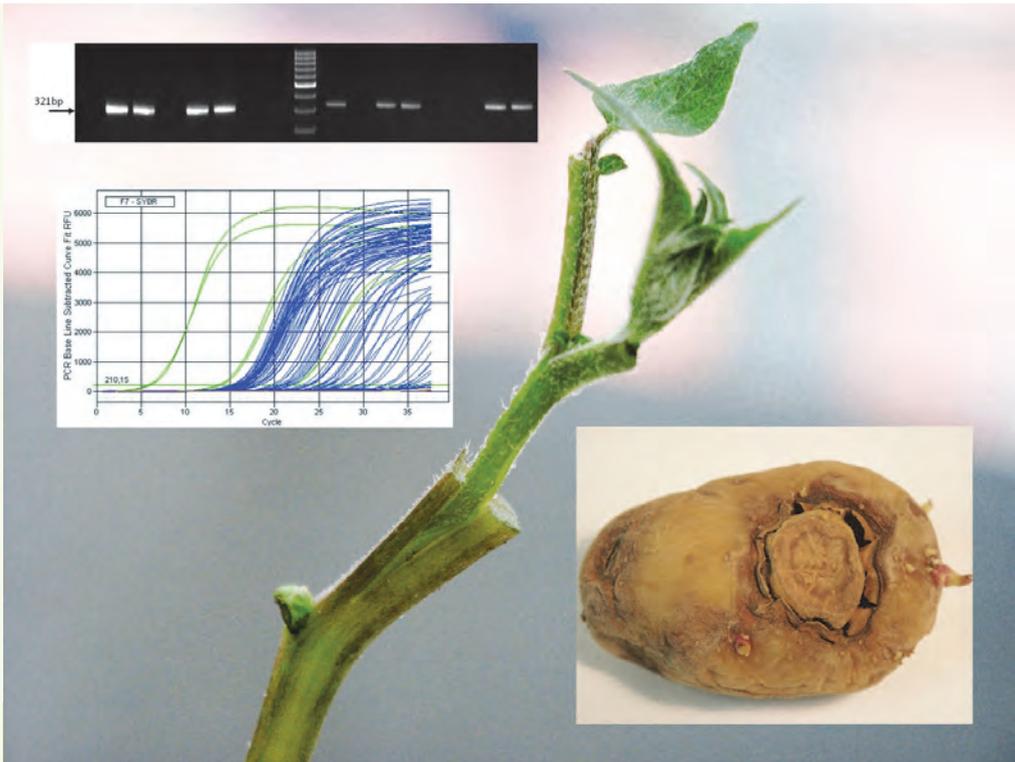
entstanden (Abb. 4, THIEME *et al.*, 2008; 2010). Da es durch Einsatz der genomischen In-situ-Hybridisierung möglich ist, die elterlichen Genome in den Hybridpflanzen oder auch einzelne Chromosomen oder Chromosomenabschnitte von Wildart- und Kulturart-Elter optisch voneinander zu differenzieren, ist die im Laufe mehrerer Rückkreuzungen erfolgende, schrittweise Reduzierung der Wildart-Chromosomen in den Nachkommen direkt zu verfolgen (Abb. 2). Mittlerweile liegen Stämme mit extremer Widerstandsfähigkeit gegen PVY aus der 4. Rückkreuzungsgeneration vor. Diese Stämme tragen nur noch 1–3 Chromosomen aus *trn*. Weitere Kreuzungen dieses Materials mit Kulturkartoffeln unter Selektion auf PVY-Resistenz werden schließlich zu resistenten und agronomisch akzeptablen Kartoffelzuchtklonen führen.

In weiteren Untersuchungen zum Befall durch Virusvektoren wurden eine hohe Mortalität und eine verringerte Gewichtszunahme bei Blattläusen an *trn* sowie Hybriden mit *trn*-Genomanteilen ermittelt. Einige Rückkreuzungsnachkommen erwiesen sich als Wirtspflanzen mit verminderter Nahrungsqualität für die Kartoffel besiedelnde Grüne Pflirsichblattlaus (*Myzus persicae*).

Durch die Verwendung von molekularen Markern für bereits gefundene *Rpi-blb*-Gene konnten (*blb* + Delikat)-Hybriden und Nachkommen mit verbesserter Krautfäuleresistenz ausgelesen werden (Abb. 5). Unter besonderer Beachtung des Zuchtziels der horizontalen Resistenz gegen Kraut- und Braunfäule wurden durch kontinuierliche Selektion Kartoffelstämme erzeugt, die hohe *P.i.*-Resistenz mit günstigen agronomischen Merkmalen, guter Speiseeignung und Verarbeitungseigenschaften vereinen (Abb. 7, HAMMANN *et al.*, 2009). In einigen Zuchtklonen höherer Rückkreuzungsgenerationen ist es uns gelungen, die Abhängigkeit zwischen *P.i.*-Resistenz und später Abreife zu durchbrechen (Abb. 6). In einem dreijährigen Forschungsprojekt konnten in diesem Zusammenhang zwei QTL (erklärte genetische Varianz: 47 % bzw. 7 %) für reifekorrigierte *P.i.*-Resistenz auf Chromosom IV bzw. XI identifiziert werden (TRUBERG *et al.*, 2009).

Die Hybriden, welche im Zuge der genetisch-züchterischen Erschließung von Wildkartoffeln erzeugt worden sind, bieten ein wertvolles Ausgangsmaterial für die Verbreiterung der genetischen Diversität innerhalb des Kulturkartoffelgenpools. Als züchterisch adaptiertes Basismaterial kann es nicht nur in die Sortenentwicklung einfließen, sondern ist darüber hinaus auch für grundlagenorientierte Fragestellungen in der Resistenzforschung von Interesse.

Die in unseren Untersuchungen verwendeten Wildkartoffelarten stammen aus Süd- bzw. Mittelamerika, wo sie in ihren natürlichen Lebensräumen für die Kartoffelzüchtung wichtige Eigenschaften entwickelten. Den Modellrechnungen von JARVIS *et al.*, (2008) zufolge könnte der Klimawandel in den kommenden 30 Jahren die Lebensräume dieser Wildarten nachteilig beeinflussen und ihre Verbreitungsareale verkleinern oder verändern. Auch die Auslöschung einzelner Arten ist nach JARVIS *et al.*, (2008) zu erwarten, was den Verlust züchterischer Optionen nach sich ziehen wird. Unsere Untersuchungen an Wildarten zur Widerstandsfähigkeit gegenüber Schaderregern unterstreichen die Bedeutung, die der In-situ-Schutz pflanzengenetischer Ressourcen hat. Durch den Aufbau genetischer Schutzareale (FRESE *et al.*, 2012) in Süd- und Mittelamerika würden nicht nur wertvolle Ausgangsressourcen der Pflanzenzüchtung erhalten, sondern auch evolutionäre Prozesse von Mutation, Rekombination und Selektion aufrecht erhalten, die in der Vergangenheit züchterisch wertvolle Merkmalsgene hervorbrachten und auch in Zukunft hervorbringen könnten.



**Abb. 4** Prüfung der Widerstandsfähigkeit gegen das Kartoffelvirus Y durch Pfropfung der Pflanzen auf eine mit PVY infizierte anfällige Kartoffelsorte und nachfolgendem quantitativen Virusnachweis (RT-qPCR)

**Fig. 4** *Assessment of resistance to potato virus Y obtained by grafting the plant on to a susceptible and virus infected potato cultivar, which was confirmed using a quantitative virus test (RT-qPCR)*



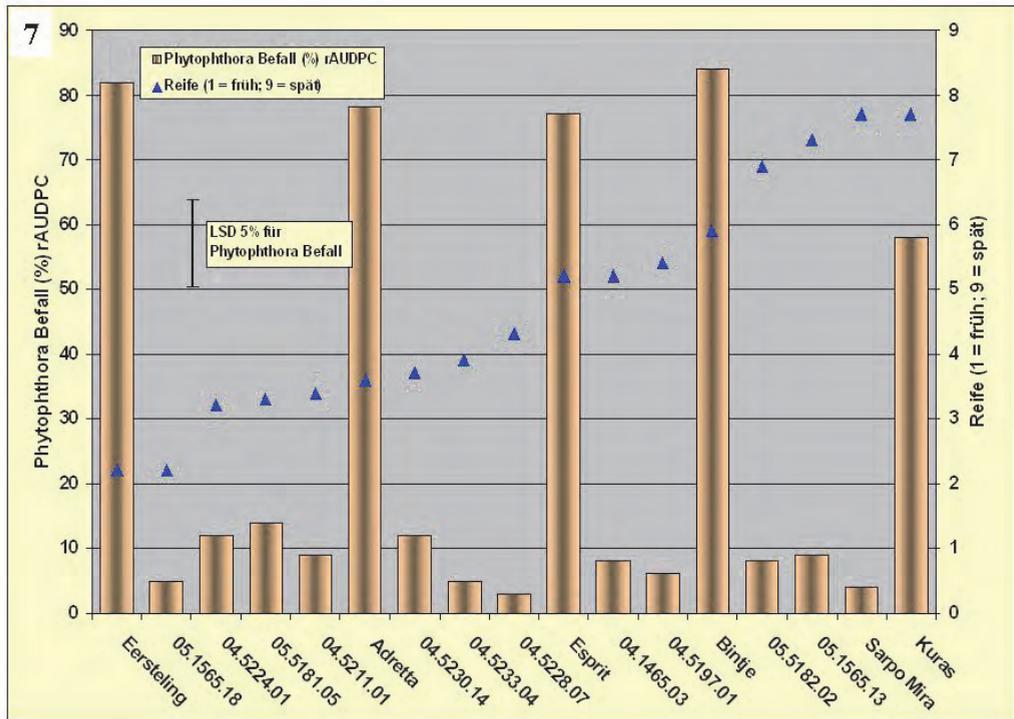
**Abb. 5** Resistenzprüfung bei interspezifischen somatischen Hybriden und Nachkommen sowie Einsatz molekularer Marker zur Selektion von Zuchtstämmen mit verbesserter Krautfäuleresistenz

**Fig. 5** Assessment of resistance to late-blight of inter-specific somatic hybrids and progenies by a detached leaflet assay and use of molecular markers to select breeding lines with improved resistance to foliage blight



**Abb. 6** Zuchtfortschritt in der Knollenform bei Kartoffelzuchtstämmen (BC) nach Kreuzung mit *S. demissum* (dms)

**Fig. 6** Breeding progress for good tuber shape in potato pre-basic material after crossing potato cultivar and *S. demissum* (dms) followed by continued back crossing (BC, to BC<sub>5</sub>)



**Abb. 7** Krautfäulebefall (*Phytophthora infestans*), gemessen als relative Fläche unter der Befallskurve (rAUDPC), und Reifezeit von ausgewählten Kartoffelzuchtstämmen und Standardsorten in Groß Lüsewitzer Feldversuchen

**Fig. 7** Infestation of foliage blight (*Phytophthora infestans*) calculated in terms of relative Area Under Disease Progress Curve (rAUDPC) and time of maturation of selected potato breeding lines and standard cultivars in field trials at Groß Lüsewitz

## Danksagung

Besonderer Dank gilt den Kooperationspartnern des In- und Auslandes, dem DAAD und dem BMELV für die finanzielle Unterstützung zahlreicher bilateraler Kooperationsprojekte.

## Literatur

FRESE, L., C. GERMEIER und M. NACHTIGALL, 2012: Identifizierung, Aufbau und Ausbau genetischer Schutzgebiete für wildlebende Verwandte unserer Kulturarten (WVK). JKI-Archiv in diesem Journal.

HAMMANN, T., B. TRUBERG und R. THIEME, 2009: Improving resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) by using interspecific crosses in potato (*Solanum tuberosum* ssp.). Proceedings of the 3rd Internat. Symposium on Plant Protection and Plant Health in Europe, Berlin-Dahlem, Germany, 14 – 16 May 2009, In: Crop Plant Resistance to Biotic and Abiotic Factors: Current Potential and Future Demands. Eds.: FELDMANN, F., D.V. ALFORD und C. FURK, Braunschweig, DPG Verlag, 407-414.

JARVIS, A., A. LANE und R. J. HUMANS, 2008: The effect of climate change on crop wild relatives. Agriculture, Ecosystems and Environment **126**, 13-23. doi:10.1016/j.agee.2008.01.013

OTT, K. H., R. GREGORIUS und I. KISSLING, 2007: Biodiversität als Lebensgrundlage – Grundprinzipien zu Schutz und Nutzung. In: Biodiversität – Schlüsselbegriff des Naturschutzes im 21. Jahrhundert. Hg.: T. POTTHAST, BfN, Bonn-Bad Godesberg, 85-222.

THIEME, R., E. RAKOSY-TICAN, T. GAVRILENKO, O. ANTONOVA, J. SCHUBERT, M. NACHTIGALL, U. HEIMBACH und T. THIEME, 2008: Novel somatic hybrids (*Solanum tuberosum* L. + *Solanum tarnii*) and their fertile BC<sub>1</sub> progenies express extreme resistance to potato virus Y and late blight. Theor. Appl. Genet. **116**, 691-700.

THIEME, R., E. RAKOSY-TICAN, M. NACHTIGALL, J. SCHUBERT, T. HAMMANN, O. ANTONOVA, T. GAVRILENKO, U. HEIMBACH und T. THIEME, 2010: Introduction of multiple resistance traits of *Solanum cardiophyllum* Lindl. into commercial potato cultivars by somatic hybridization. Plant Cell Reports **29**, 1187-1201.

TRUBERG, B., R. THIEME, T. HAMMANN und U. DARSOW, 2009: A QTL study on quantitative maturity-corrected resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*). Proceedings of the 3rd Internat. Symposium on Plant Protection and Plant Health in Europe, Berlin-Dahlem, Germany, 14 – 16 May 2009, In: Crop Plant Resistance to Biotic and Abiotic Factors: Current Potential and Future Demands. Eds.: FELDMANN, F., D.V. ALFORD und C. FURK, Braunschweig, DPG Verlag, 415-418.

## Autorenverzeichnis - Index of authors

### B

Backhaus, Georg F. .... 5  
Baier, Barbara ..... 37, 82, 86  
Berger, Gerd ..... 11  
Büchs, Wolfgang ..... 44

### C

Czimer, Gyula ..... 70

### E

Ehlert, Sigrid ..... 11

### F

Feldmann, Falko ..... 123  
Felgentreu, Dieter ..... 37, 86  
Flachowsky, Henryk ..... 92  
Freier, Bernd ..... 24  
Frese, Lothar ..... 97, 107, 111, 130

### G

Germeier, Christoph ..... 97, 130, 136  
Glemnitz, Michael ..... 70

### H

Hamann, Thilo ..... 153  
Hanke, Magda-Viola ..... 92  
Hempelmann, Nils ..... 70  
Herrmann, Matthias ..... 136  
Herz, Annette ..... 54  
Heuer, Holger ..... 115  
Höfer, Monika ..... 92  
Hoffmann, Jörg ..... 11, 70, 77

### K

König, Stephan ..... 123  
Krüger, Hans ..... 141  
Kühne, Stefan ..... 24

### L

Léon, Jens ..... 111

### M

Maixner, Michael ..... 62

### N

Nachtigall, Marion ..... 97, 111, 153  
Neumann, Clemens ..... 8

### O

Ordon, Frank ..... 111

### P

Pfeffer, Holger ..... 11  
Porten, Matthias ..... 62

### R

Radics, László ..... 70  
Riepert, Frank ..... 37, 86  
Rode, Jeanette ..... 111

### S

Schmitt, Thomas ..... 62  
Schrader, Gritta ..... 67  
Schütze, Wolfgang ..... 146  
Smalla, Kornelia ..... 115  
Starfinger, Uwe ..... 67  
Strumpf, Thomas ..... 37

### T

Thieme, Ramona ..... 153

### W

Wagner, Stefan ..... 123  
Wiegand, Ina ..... 11  
Wittchen, Udo ..... 11, 70

**Fachgespräch „Biologische Vielfalt in der Agrarlandschaft“ in Berlin-Dahlem,  
09. – 10. Februar 2012**

Mit der nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt hat die Bundesregierung einen Weg zur Umsetzung der Ziele des UN-Übereinkommens über die biologische Vielfalt aufgezeigt, die bis 2020 umgesetzt werden sollen. In diesem Zusammenhang ist die Erhaltung der biologischen Vielfalt ein wesentliches Element für eine nachhaltige Landwirtschaft. Vor diesem Hintergrund wurden im Rahmen des Fachgespräches Forschungsarbeiten des Julius Kühn-Institutes (JKI) auf dem Gebiet der Biodiversitätsforschung vorgestellt und diskutiert. Die Beiträge gliederten sich in die Bereiche Agrarlandschaft/Lebensräume, Artenvielfalt und innerartliche Vielfalt. Zu diesen Themenschwerpunkten wurden 23 Beiträge vorgestellt und Schlussfolgerungen für weitere Forschungsarbeiten und die Politikberatung gezogen.

**Workshop „Biological Diversity in Agricultural Landscapes“ –  
February 09-10, 2012, Berlin-Dahlem**

With the national strategy on biological diversity, the federal government has identified a way to implement the objectives of the UN Convention on Biological Diversity, which shall be implemented by 2020. In this context, the conservation of biological diversity is an essential element for sustainable agriculture. Against this background research results of the Julius Kuehn-Institute (JKI) were presented and discussed. The papers were divided into the areas of agricultural diversity of landscape / habitats, species diversity and intraspecific diversity. These topics were presented in 23 presentations with implications for further research and policy advice.