

NATUR UND LANDSCHAFT

Zeitschrift für Naturschutz und Landschaftspflege

94. Jahrgang 2019

Heft

Seiten

DOI:

© 2019 W. Kohlhammer, Stuttgart

Verlag W. Kohlhammer

Kohlhammer

Regionales Saatgut von Wiesenpflanzen: genetische Unterschiede, regionale Anpassung und Interaktion mit Insekten

Regional seed of grassland plants: genetic differences, regional adaptation and interaction with insects

Walter Durka, Oliver Bossdorf, Anna Bucharova, Mark Frenzel,
Julia-Maria Hermann, Norbert Hölzel, Johannes Kollmann und Stefan G. Michalski

Zusammenfassung

Ab dem Jahr 2020 ist bei der Neuanlage von Grasland in der freien Landschaft die Verwendung gebietseigenen Saatguts („Regiosaatgut“) gesetzlich vorgeschrieben. Das Regiosaatgut-Konzept beruht auf der Annahme, dass Pflanzen unterschiedlicher Regionen genetisch verschieden und an die jeweiligen Umweltbedingungen angepasst sind. Wir überprüften dies an sieben Arten aus acht Regionen mit genetischen Markern und in Anzuchtexperimenten. Bei allen Arten waren die Pflanzen aus verschiedenen Regionen genetisch unterschiedlich, wobei *Arrhenatherum elatius* und *Daucus carota* schwache, *Galium album*, *Hypochaeris radicata* und *Centaurea jacea* intermediäre, *Lychnis flos-cuculi* und *Knautia arvensis* die stärkste Differenzierung zeigten. Bei vier Arten nahmen die Unterschiede mit der Entfernung der Herkünfte oder mit Klimaunterschieden der Regionen zu. Regionale Pflanzen hatten mehr Blüten und Biomasse als nicht regionale. Die Mehrzahl der Arten zeigte abnehmende Fitness und abweichendes Blühverhalten mit zunehmender Entfernung der Herkünfte oder zunehmenden Klimaunterschieden. Auch die Insekten in Blütenköpfen unterschieden sich. Somit sind viele Graslandarten regional angepasst. Die Eignung von Saatgut nimmt mit zunehmender Entfernung zwischen Einsatzort und Herkunftsregion ab.

Regiosaatgut – Fitness – genetische Diversität – genetische Differenzierung – lokale Anpassung – regionale Anpassung – Graslandarten – Neuanlage

Abstract

From the year 2020 on, the use of autochthonous seed (in German: Regiosaatgut) is mandatory for restoration of grassland in the open landscape. The Regiosaatgut system is based on the assumption that plant populations from different regions are genetically differentiated and adapted to their respective environments. We tested this with seven grassland species from eight regions using molecular markers and transplant experiments. In all species, regions were genetically differentiated, with *Arrhenatherum elatius* and *Daucus carota* exhibiting the weakest, *Galium album*, *Hypochaeris radicata* and *Centaurea jacea* intermediate, and *Lychnis flos-cuculi* and *Knautia arvensis* the strongest differentiation. In four species, genetic differentiation increased with geographic or climatic distance. Regional plants had more inflorescences and more biomass compared to non-regional plants. In the majority of the species, fitness decreased and flowering behaviour changed with increasing geographical or climatic distance. Insect communities in flower heads were also found to be affected. It follows that many grassland plant species are regionally adapted. The suitability of seeds decreases with increasing distance between the place of use and the region of origin.

Regional seed – Fitness – Genetic diversity – Genetic differentiation – Local adaptation – Regional adaptation – Grassland species – Restoration

Manuskripteinreichung: 12. 9. 2018, Annahme: 22. 1. 2019

DOI: 10.17433/4.2019.50153679.146-153

1 Einleitung

Die Neuanlage blütenreichen Graslands durch Ansaat von Blumen- oder Blümmischungen ist eine häufige Maßnahme des Naturschutzes und der Landschaftspflege im Rahmen von Renaturierungs- und Rekultivierungsaktivitäten und wird zunehmend auch im Privatbereich praktiziert. Ab 2020 ist hierfür nach Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) § 40 in der freien Landschaft die Verwendung von gebietseigenem Saatgut, so genanntem „Regiosaatgut“, vorgeschrieben. Deutschland ist weltweit eines der wenigen Länder, in dem es ein detailliert ausgearbeitetes und praktisch umgesetztes Regiosaatgut-System gibt. Es wurde in einem DBU-Projekt erarbeitet (Prasse et al. 2010) und besteht im Wesentlichen aus der Festlegung von Herkunftsregionen (Abb. 1), regionsspezifischen Artenlisten und Regeln für die Gewinnung und Vermehrung von Saatgut. Das deutsche Regiosaatgut-System

ist außerdem die Basis der Erhaltungsmischungsverordnung (ErMiV 2011), die die EU-Direktive 2010/60 umsetzt. Die Verwendung von Regiosaatgut wird schon seit Längerem propagiert (Seitz, Kowarik 2008; Thews, Werk 2014; Molder 2015) und macht einen zunehmenden Anteil in der praktischen Renaturierung aus. Allerdings gibt es nur sehr wenige empirische Studien, die die theoretischen Grundlagen und die ökologischen Konsequenzen der Verwendung von Regiosaatgut im Vergleich zu nicht regionalem Saatgut untersuchen.

Eine wesentliche Annahme des Regiosaatgut-Systems ist, dass Pflanzenpopulationen an ihre lokalen Umweltbedingungen, insbesondere Klima, Boden und assoziierte Organismen, angepasst sind und so an ihrem Wuchsort sowie in ihrer Herkunftsregion eine höhere Fitness aufweisen als andernorts. Man spricht hier von lokaler bzw. regionaler Anpassung, die z. B. im Falle von Renaturierungen den Erfolg einer Ansaat erhöhen würde. In der Regel geht eine sol-

che Anpassung auch mit einer genetischen Differenzierung der Pflanzenpopulationen einher, deren Erhaltung ein weiteres Ziel von Regiosaatgut ist. Die Datenlage zur Existenz lokaler Anpassung ist allerdings nicht eindeutig: Metaanalysen zeigen, dass lokale Anpassung zwar häufig, aber nicht zwingend ist (Oduor et al. 2016). Es stellt sich somit die Frage, wie häufig regionale Anpassung bei deutschen Regiosaatgut-Arten auftritt und wie groß die positiven oder negativen Effekte bei der Verwendung gebiets-eigenen bzw. gebietsfremden Saatguts sind, z. B. auf Wachstum und Blüte. Hierzu fehlen für die meisten Regiosaatgutarten belastbare Untersuchungsergebnisse.

In einem kürzlich abgeschlossenen Kooperationsprojekt haben wir versucht, die Annahmen des Regiosaatgut-Systems zu überprüfen und gleichzeitig dessen Effekt auf Pflanzen und assoziierte Organismen zu testen (Durka et al. 2017; Bucharova et al. 2016 a, b, 2017 a, b). In dem vorliegenden Artikel fassen wir die wichtigsten Ergebnisse dieser Studien zusammen und diskutieren deren Relevanz für die Praxis der Verwendung von Regiosaatgut.

2 Material und Methoden

Wir untersuchten sieben Pflanzenarten des mageren bis mesophytischen Graslands, v. a. des Arrhenatherion (Glatthaferwiesen) aus acht Herkunftsregionen Deutschlands. Um die genetische und phänotypische Differenzierung sowie regionale Anpassung zu testen, kombinierten wir molekular-genetische Analysen mit vergleichenden Anzuchtexperimenten. Im Mittelpunkt der molekularen Analysen standen dabei folgende Fragen:

1. Wie stark unterscheiden sich die Pflanzenarten genetisch zwischen den acht Herkunftsregionen?
2. Zeigen die sieben Arten ähnliche Differenzierungsmuster?
3. Hängt die genetische Differenzierung mit der geographischen Entfernung oder mit klimatischen Unterschieden zusammen?

In den Anzuchtexperimenten an vier Standorten untersuchten wir das Wachstum und Blühverhalten der Pflanzen zur Beantwortung folgender Fragen:

1. Wie stark unterscheiden sich die Herkunftsregionen bezüglich Wachstum und Blühphänologie?
2. Wachsen Pflanzen regionaler Herkunft generell besser als Pflanzen nicht regionaler Herkunft?
3. Nimmt der Wachstumserfolg mit zunehmender Entfernung oder zunehmenden klimatischen Unterschieden zwischen Herkunft und Wuchsort ab? Darüber hinaus konnten wir testen, ob
4. die Herkunft aus einer besonders trockenen und warmen Region in einem überdurchschnittlich warmen Jahr Vorteile gegenüber regionalen Herkünften hat und
5. welche Auswirkungen die Saatgut-Herkunft der Pflanzen auf assoziierte Insekten hat.

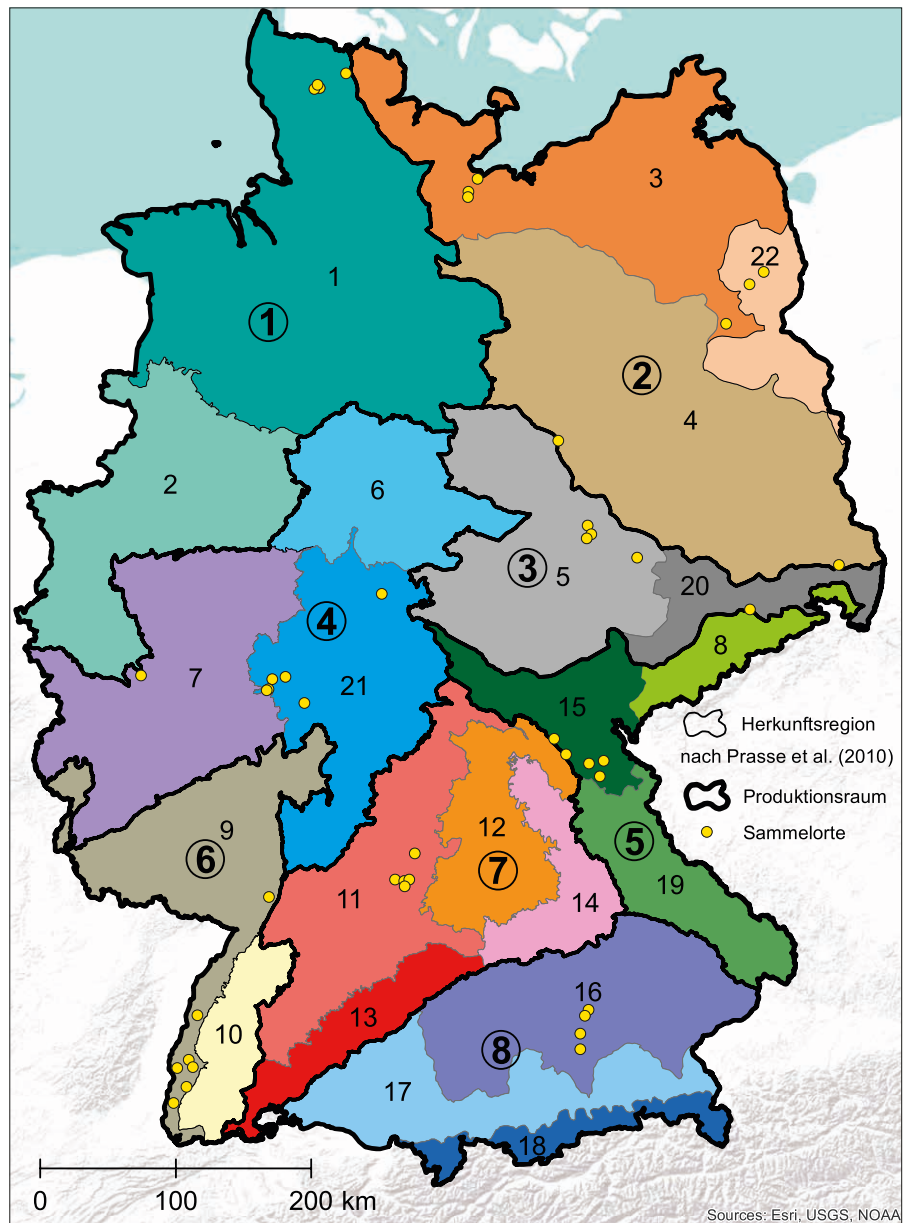


Abb. 1: Herkunftsregionen (1–22) nach Prasse et al. (2010), Produktionsräume (1–8 im Kreis) und Sammelorte der untersuchten regionalen Herkünfte von Saatgut.








Fig. 1: Regions of origin (1–22) according to Prasse et al. (2010), production areas (1–8 in a circle) and collection sites of the investigated regional seeds.

Wir arbeiteten mit Regiosaatgut von sieben weit verbreiteten Wiesenpflanzen-Arten: *Arrhenatherum elatius* (L.) P.B. ex J. et C. PRESL (Glatthafer), *Centaurea jacea* L. (Wiesen-Flockenblume), *Daucus carota* L. (Wilde Möhre), *Galium album* MILL. (Weißes Labkraut), *Hypochaeris radicata* L. (Gewöhnliches Ferkelkraut), *Knautia arvensis* (L.) COULT. (Acker-Witwenblume) und *Lychnis flos-cuculi* (L.) GREUTER, BURDET (Kuckucks-Lichtnelke). Der Einfachheit halber benennen wir die Arten im Folgenden nur mit ihren Gattungsnamen. Jede Art war mit je einer Herkunftsregion (= Ursprungsgebiet) aus jeder der acht Produktionsräume vertreten (Abb. 1). Das Saatgut wurde von einem auf regionales Saatgut spezialisierten Produzenten (Rieger-Hofmann GmbH) bezogen. Es stammte in vielen Fällen aus einer einzigen, teilweise aber aus bis zu fünf verschiedenen natürlichen Ursprungspopulationen und war über maximal vier Generationen vermehrt worden.

Bei allen Herkunftsregionen der sieben Arten untersuchten wir sowohl die Muster neutraler genetischer DNA-Marker als auch das Wachstum und die Blüh-Phänologie. Zusätzlich untersuchten wir

Tab. 1: Genetische Differenzierung und regionale Anpassung von sieben Graslandarten für (A) molekulare Marker, (B) Fitness-Merkmale und (C) Blüh-Phänologie.

Table 1: Genetic differentiation and regional adaptation of seven grassland species for (A) molecular markers, (B) fitness traits and (C) flowering phenology.

							
	ARR	CEN	DAU	GAL	HYP	KNA	LYC
(A) Molekulare Marker							
Herkünfte sind differenziert	**	***	**	***	***	***	***
Differenzierung steigt mit geographischer Distanz	*			***	**	** (Polyploide)	
Differenzierung steigt mit klimatischer Distanz	*			*	*		
(B) Fitness-Merkmale							
Biomasse							
Herkünfte unterscheiden sich		***	***	**	***	***	***
Regionale Pflanzen sind produktiver	-0,4 %	+ 14 %	- 1 %	+39 % ***	+ 12 % (*)	- 3 %	+ 16 % **
Veränderung je 100 km Distanz	+ 2 %	- 5 % (*)	- 4 %	- 9 % **	- 3 % *	- 0,6 %	+ 2 %
Veränderung je 1 °C klimatischer Distanz	- 0,05 %	- 17 % *	+ 9 %	- 8 % **	+ 3 %	+ 35 %	- 3 %
Anzahl Blütenstände							
Herkünfte unterscheiden sich	**	***	***	***	***	***	***
Regionale Pflanzen sind produktiver	+ 5 %	+ 34 % *	+ 1 %	- 19 %	+ 18 %	- 3 %	+ 37 % *
Veränderung je 100 km Distanz	0 %	- 10 % **	- 8 % *	+ 9 %	- 2 %	+ 6 %	+ 4 %
Veränderung je 1 °C klimatischer Distanz	- 8 % (*)	- 13 % *	+ 8 %	+ 26 %	- 1 %	+ 74 %	- 20 % **
(C) Blüh-Phänologie							
Blüh-Wahrscheinlichkeit							
Herkünfte unterscheiden sich		***	**	***		***	***
Veränderung je 100 km Distanz	+ 3 %	+ 3 % *	+ 3 % *	+ 3 %	+ 3 % (*)	- 16 % **	+ 2 %
Veränderung je 1 °C klimatischer Distanz	- 1 % *	+ 3 %	+ 3 %	+ 4 %	0 %	+ 9 %	- 4 %
Blüh-Zeitpunkt							
Herkünfte unterscheiden sich	***	***	***	***	***	(*)	***
Verschiebung (Tage) je 100 km Distanz	+ 0,1	+ 0,3	+ 0,8	+ 0,5	- 0,1	- 0,4	+ 0,0
Verschiebung (Tage) je 1 °C klimatischer Distanz	+ 1,1 (*)	- 2,4	+ 1,3	- 5,5 **	+ 1,9 *	+ 0,5	+ 1,7 *

Die **Farben der Zellen** zeigen an: signifikante Effekte (blau), signifikante Effekte in der erwarteten Richtung (grün), nicht signifikante Effekte in der erwarteten Richtung (hellgrün) und nicht signifikante Effekte entgegen der erwarteten Richtung (hellrot).

Signifikanzniveaus: *** < 0,001, ** < 0,01, * < 0,05, (*) < 0,1

Die **Zahlen in den Zellen** zeigen die Effektstärke.

ARR = *Arrhenatherum elatius*, CEN = *Centaurea jacea*, DAU = *Daucus carota*, GAL = *Galium album*, HYP = *Hypochaeris radicata*, KNA = *Knautia arvensis*, LYC = *Lychnis flos-cuculi*

bei *Centaurea* die herbivore Insektengemeinschaft der Blütenköpfe. Eine detaillierte Beschreibung der Methodik ist in Durka et al. (2017) und Bucharova et al. (2017 b) zu finden. Hier nennen wir daher nur die wichtigsten Punkte: Die genetische Differenzierung wurde mittels AFLP-Markern an jeweils 12 Individuen jeder Herkunft untersucht. AFLP-Marker stellen eine DNA-Information dar, die weitgehend als neutral zu betrachten ist und nicht auf ihren Anpassungswert hin selektiert wird. Allerdings können einzelne Marker mit Anpassungen korreliert sein. Die genetische Differenzierung zwischen den Herkünften quantifizierten wir durch den F_{ST} -Wert mittels AMOVA (Analyse der molekularen Varianz). Der F_{ST} -Wert liegt zwischen 0 und 1 und beschreibt den Anteil der genetischen Variation zwischen Populationen verglichen mit der Gesamtvariabilität. Wir testeten außerdem mit einem Mantel-Test auf Zusammenhänge zwischen der genetischen und der geographischen Distanz bzw. der klimatischen Unterschiedlichkeit (Klimadistanz) zwischen allen Herkunftspaaren. Für die Klimadistanz extrahierten wir aus 19 Klimavariablen einer Klimadatenbank (BioClim) mittels Hauptkomponentenanalyse die zwei Hauptfaktoren, von denen der erste vor allem absolute Temperatur- und Niederschlagswerte widerspiegelte und der zweite deren saisonale Schwankungen. Mit den genetischen Daten führten wir außerdem Clusteranalysen durch, um vorhandene Genpools, d. h. genetisch abgrenzbare Gruppen, zu identifizieren. Schließlich untersuchten wir den DNA-Gehalt, um unterschiedliche Ploidiestufen zu erfassen.

Die phänotypischen Unterschiede zwischen den Pflanzenherkünften untersuchten wir in vier Versuchsgärten in Münster, Halle,

Tübingen und Freising. In einem standardisierten Topfversuch zogen wir an den vier Orten jeweils 12 Pflanzen jeder Art und Herkunft an (insgesamt 2 496 Pflanzen). Wir ermittelten den Blütezeitpunkt (Tag der ersten Blüte), den Wachstumserfolg (Gesamt-Biomasse im Spätsommer) und die Zahl der Blüten oder Blütenstände. Als Maß für die Fitness der verschiedenen Herkünfte verwendeten wir die Biomasse und Anzahl der Blüten. Da das Experiment im Sommer und ohne starken Trockenstress durchgeführt wurde (die Pflanzen wurden bei Bedarf gegossen), verwendeten wir zur Untersuchung einer möglichen Anpassung an das Klima der Herkunftsregion lediglich die mittlere Sommertemperatur (von Juni bis August) der verschiedenen Herkunftsorte. Signifikante Unterschiede zwischen Herkünften stellen jeweils einen Beleg für genetisch bedingte Unterschiede im Phänotyp dar, da die verschiedenen Herkünfte der Arten in den Versuchsgärten jeweils gemeinsam unter identischen Bedingungen wuchsen.

Zusätzlich zu den oben beschriebenen Untersuchungen an allen sieben Arten, untersuchten wir bei *Centaurea* die in den Blütenköpfen vorhandenen herbivoren Bohrfiegen sowie Erz- und Schlupfwespen als deren Parasitoide. Bohrfiegen legen ihre Eier in die Blütenköpfe und die Larven fressen Samen. An die Bohrfiegenlarven legen dann Erz- und Schlupfwespen ihre Eier und diese Larven fressen die der Bohrfiegen. Der Einfluss der Pflanzenherkunft auf dieses tritrophische Pflanze-Herbivor-Parasitoid-Netzwerk wurde an einem Teil der *Centaurea*-Pflanzen untersucht. Dazu sammelten wir Blütenköpfe und bestimmten die daraus schlüpfenden Bohrfiegen-, Erz- und Schlupfwespenarten sowie deren Häufigkeit.

3 Ergebnisse

3.1 Genetische Differenzierung der Herkünfte

3.1.1 Artspezifische Unterschiede

Bei allen sieben untersuchten Pflanzenarten fanden wir eine signifikante genetische Differenzierung zwischen den Herkünften (Tab. 1), und fast immer unterschieden sich die Herkünfte auch paarweise (Durka et al. 2017). Ausnahmen waren *Daucus* und *Arrhenatherum*, bei denen viele Herkunftsregionen jeweils zu demselben Genpool gehörten (Tab. 2). Insgesamt gab es große Unterschiede zwischen den Arten: Die geringste genetische Differenzierung zeigten das weit verbreitete und windbestäubte Gras *Arrhenatherum* ($F_{ST} = 0,035$) und die sehr häufige *Daucus* ($F_{ST} = 0,066$), während wir bei *Centaurea*, *Galium* und *Hypochaeris* eine mittlere Differenzierung ($F_{ST} = 0,15$; $0,15$; $0,17$), bei *Knautia* ($F_{ST} = 0,344$) und der selbstkompatiblen und insektenbestäubten *Lychnis* ($F_{ST} = 0,246$) eine starke Differenzierung fanden. *Knautia* war ein Sonderfall, da es bei dieser Art unterschiedliche Ploidiestufen (Cytotypen) gab: Pflanzen aus drei süddeutschen Regionen waren diploid (Herkunftsregionen 11, 16, 21), die der übrigen Regionen tetraploid. Innerhalb derselben Ploidiestufe wiesen die *Knautia*-Herkünfte mittlere Differenzierungswerte auf ($F_{ST} = 0,139$ bzw. $0,142$).

3.1.2 Einfluss von geographischer Distanz und Klima

Um festzustellen, welche Faktoren die genetische Differenzierung zwischen Herkünften verursacht haben könnten, korrelierten wir die paarweisen genetischen Distanzen (F_{ST} -Werte) mit geographischen und klimatischen Distanzen. Bei vier Arten (*Arrhenatherum*, *Galium*, *Hypochaeris*, tetraploide *Knautia*) waren genetische und geographische Distanz miteinander korreliert, d.h. die genetische Distanz zwischen Populationen nahm mit der geographischen Entfernung zu (Abb. 2, S. 150). Bei den ersten drei dieser Arten stieg die genetische Distanz auch mit den Unterschieden im Klima. Die übrigen drei Arten (*Centaurea*, *Daucus*, *Lychnis*) waren unabhängig von der geographischen und der klimatischen Distanz der Herkünfte genetisch differenziert.

3.1.3 Geographische Muster genetischer Gruppen

Die Clusteranalysen zeigten, dass jede Art eine andere räumliche Gliederung ihrer Genpools aufwies. Die stärkste geographische Untergliederung mit sieben gleichrangigen genetischen Gruppen fanden wir bei *Centaurea*. Bei drei weiteren Arten waren die meisten Regionen eigenständig mit sechs bis acht Genpools (Tab. 2). Bei *Galium*, *Hypochaeris*, *Knautia* und *Lychnis* waren die Genpools hierarchisch gegliedert mit einer nördlichen und einer südlichen Gruppe. Bei *Arrhenatherum* und *Daucus* fanden wir nur zwei Genpools, wobei jeweils eine große Gruppe (sieben Regionen) einer einzelnen genetisch verschiedenen Region gegenüberstand. Wenn man die Daten aller Arten zusammen betrachtete, dann war jede der acht Regionen für mindestens zwei Arten eigenständig. Die geringste Eigenständigkeit zeigte die Region 2 (Nordostdeutsches Tiefland), die höchste wies Region 4 (Westdeutsches Berg- und Hügelland) auf.

Tab. 2: Gruppierung der Regionen R1–R8 zu genetischen Gruppen (1, 2, ... 7) und genetischen Untergruppen (1 a, 1 b, ... 1 f und 2 a, 2 b, 2 c) für die Herkünfte der sieben untersuchten Arten als Ergebnis der Bayesischen Cluster-Analyse mit STRUCTURE. Darstellung als Karte für *Galium* siehe Abb. 2, S. 150.

Table 2: Grouping of the regions R1–R8 in genetic groups (1, 2, ... 7) and genetic subgroups (1 a, 1 b, ... 1 f and 2 a, 2 b, 2 c) for the origins of the seven species examined derived from Bayesian cluster analysis with STRUCTURE. For map of *Galium* see Fig. 2, p. 150.

Art	Regionen								Anzahl Genpools
	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	
<i>Arrhenatherum elatius</i>	1	2	2	2	2	2	2	2	2
<i>Centaurea jacea</i>	1	2	2	3	4	5	6	7	7
<i>Daucus carota</i>	1	1	1	2	1	1	1	1	2
<i>Galium album</i>	1a	1b	1c	2a	2b	2c	2b	2b	6
<i>Hypochaeris radicata</i>	1a	1a	1b	1c	2a	2b	2b	2c	6
<i>Knautia arvensis</i>	1a	1a	1b	2a	1c	1d	2b	2c	7
<i>Lychnis flos-cuculi</i>	1a	1b	1c	1d	1e	1f	2a	2b	8
Einzigartigkeit¹	4	2	4	6	5	4	3	4	

¹ Zahl der Fälle (von 7), für die die Region einen eigenständigen Genpool bildet

3.2 Wachstum, Biomasse, Blüte

3.2.1 Unterschiede zwischen Herkünften

In den Experimenten zeigten sich deutliche genetisch bedingte Unterschiede in Wachstum, Reproduktion und Blühphänologie zwischen den Herkunftsregionen (Bucharova et al. 2017 b). Bei allen Arten fanden wir Herkunftsunterschiede in der Blütenzahl, bei allen, außer *Knautia*, Unterschiede im Blühzeitpunkt und bei allen, außer *Arrhenatherum*, Unterschiede im Wachstum (Biomasse). Die Stärke dieser Effekte variierte jedoch stark zwischen den Arten: Bei den Fitness-Merkmalen (Biomasse und Blütenzahl) zeigten sich die größten Herkunftseffekte bei *Knautia*, *Galium*, *Lychnis* und *Centaurea*. Die phänologischen Merkmale waren generell besonders stark differenziert, z. B. variierte die Blühwahrscheinlichkeit der *Lychnis*-Herkünfte zwischen 25 % und 93 %, bei *Galium* schwankte der Blütezeitpunkt um bis zu 23 Tage und bei *Centaurea* um bis zu 17 Tage.

3.2.2 Regionale Anpassung

Bei zwei der sieben Arten wuchsen regionale Herkünfte generell besser als nicht regionale Herkünfte (Tab. 1; Bucharova et al. 2017 b): Über alle Versuchsgärten gemittelt produzierten regionale *Galium*-Herkünfte 39 % mehr Biomasse und regionale *Lychnis*-Herkünfte 16 % mehr Biomasse. Bei *Hypochaeris* war der Biomasse-Effekt mit 12 % noch schwach signifikant. Bei *Centaurea* und *Lychnis* war die Zahl der Blütenstände bei regionalen Herkünften um 30 % bzw. 40 % höher. Somit zeigten drei der sieben Arten eine regionale Anpassung bei Merkmalen, die für die Fortpflanzung wichtig sind. In keinem Fall wiesen nicht regionale Herkünfte im Durchschnitt stärkeres Wachstum auf. Über alle Arten gemittelt entwickelten regionale Herkünfte 8 % mehr Biomasse ($p = 0,07$) und 10 % mehr Blüten ($p = 0,09$) als nicht regionale Herkünfte.

Bei vier Arten (*Centaurea*, *Daucus*, *Galium*, *Hypochaeris*) fanden wir, dass die Fitness-Unterschiede zwischen verschiedenen Herkünften signifikant mit der geographischen Entfernung zwischen Herkunftsort und Versuchsgarten zusammenhingen: Je weiter entfernt die Herkunft der Pflanzen, desto niedriger ihre Biomasse und/oder Reproduktion. Die stärksten Effekte zeigte *Galium*, dessen Wachstum in 700 km Entfernung um 62 % verringert war, was einer Abnahme von fast 9 % pro 100 km Entfernung entspricht (Abb. 2, S. 150). Ähnliche Effekte gab es bei der Blütenzahl von *Centaurea*.

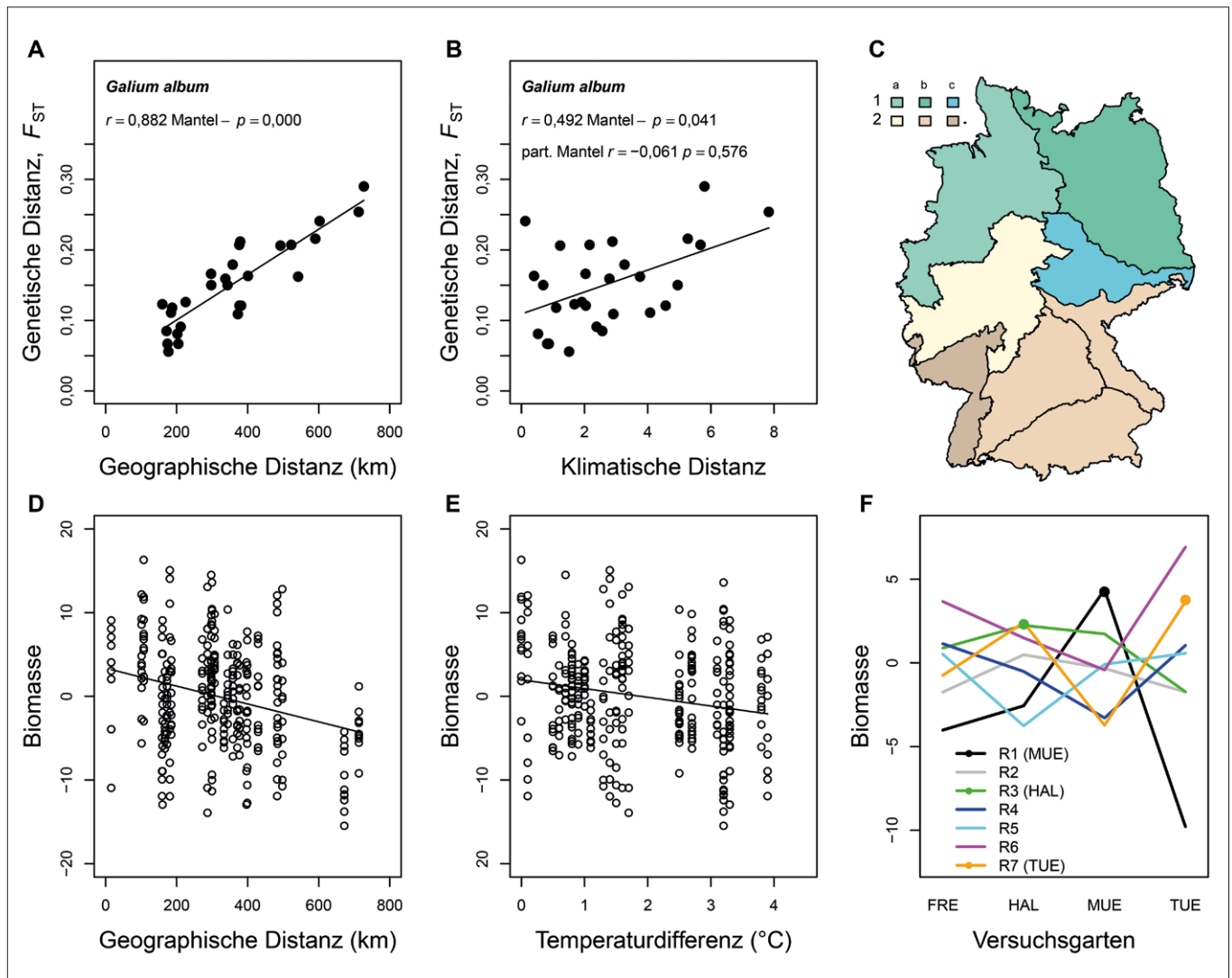


Abb. 2: Exemplarische Ergebnisse für *Galium album*. Die molekularen genetischen Marker zeigen die Zunahme der paarweisen genetischen Differenzierung zwischen Herkünften (F_{ST}) (A) mit der geographischen Distanz und (B) mit der klimatischen Distanz. Die Clusteranalyse (C) zeigt eine nördliche und eine südliche Hauptgruppe (1, 2), die jeweils in drei genetisch differenzierte Untergruppen gegliedert ist (siehe auch Tab. 2, S. 149). Im Versuchsgarten zeigte sich eine Abnahme der Biomasse (D) mit der geographischen Distanz zum Herkunftsort und (E) mit der Temperaturdifferenz. Die Biomasse der Herkünfte (F) unterschied sich zwischen den Versuchsgärten (FRE: Freising, HAL: Halle, MUE: Münster, TUE: Tübingen). Die jeweils regionale Herkunft erzeugte oft die größte Biomasse (R1 in MUE, R3 in HAL, R7 in TUE; regionale Herkunft für FRE fehlte im Experiment). Die Werte der Biomasse sind korrigiert auf gartenspezifische Effekte.

Fig. 2: Representative findings for *Galium album*. Molecular genetic markers show an increase of pair-wise genetic differentiation among regions of origin (F_{ST}) (A) with geographic distance and (B) with climatic distance. Cluster analysis (C) indicates a northern and a southern main group (1, 2), each with three genetically differentiated subgroups (see Table 2, p. 149). Trial garden findings reveal a decrease of biomass (D) with geographic distance to seed origin and (E) with temperature difference. Biomass of regions of origin (F) differs among trial gardens (FRE: Freising, HAL: Halle, MUE: Münster, TUE: Tübingen). The respective regional origin often produced the largest biomass (R1 in MUE, R3 in HAL, R7 in TUE; regional origin for FRE was missing in the experiment). Biomass data are corrected for garden-specific effects.

Bei drei Arten gab es auch signifikante Klimaeffekte, d.h. Biomasse oder Blütenzahl verringerten sich mit zunehmender klimatischer Distanz. Klimaeffekte gab es auch im Blütezeitpunkt (Tab. 1, S. 148), so verschob sich bei *Galium*, *Hypochaeris* und *Lychnis* der Blütezeitpunkt in Abhängigkeit von Temperaturunterschieden zwischen Herkunftsort und Versuchsgarten. Am stärksten reagierte *Galium* mit einer Verschiebung von 5,5 Tagen pro 1 °C-Klima-Unterschied und einer maximalen Verschiebung um 19,2 Tage. Der Einfluss von geographischer Entfernung und Klimaunterschieden war artspezifisch. Während bei manchen Arten die klimatische Distanz einen starken Einfluss hatte (*Centaurea*: 58 % Abnahme der Biomasse über den untersuchten Temperaturgradienten), spielte bei anderen Arten die geographische Entfer-

nung eine größere Rolle (*Galium*: 62 % Abnahme der Biomasse über die maximale geographische Distanz).

3.2.3 Potenzielle Auswirkungen des Klimawandels

Das Untersuchungsjahr 2013 war überdurchschnittlich warm, was zu einer besseren Entwicklung von Herkünften trocken-warmer Regionen hätte führen können. Allerdings übertraf bei keiner Art das Wachstum der warm-angepassten Herkunft das Wachstum der regionalen Herkunft (Bucharova et al. 2016 a). Dagegen waren in zwei Fällen die regionalen Herkünfte sogar der warm-angepassten Herkunft deutlich überlegen (*Lychnis*: + 18 % Biomasse; *Hypochaeris*: + 16 % Blüten).

3.2.4 Assoziierte Herbivore und Parasitoide

Die Befallsrate durch die an Samen herbivoren Bohrfiegen *Acanthophilus helianthi* und *Chaetorellia jaceae* schwankte zwischen den *Centaurea*-Herkünften um den Faktor drei (Bucharova et al. 2016 b). Auch bei vier Parasitoidenarten der Bohrfiegen fanden wir starke Unterschiede in der Befallsrate (um bis zu Faktor vier) und in der Abundanz (um bis zu Faktor neun). Diese Unterschiede hingen jedoch nicht vom Blühzeitpunkt ab, sondern waren herkunftsspezifisch.

4 Diskussion

4.1 Herkünfte sind regional differenziert

Unsere Untersuchungen zeigen für alle sieben Graslandarten eine deutliche genetische Differenzierung zwischen den acht hier unterschiedenen Regionen in Deutschland. Dies gilt sowohl für die molekularen Marker (Durka et al. 2017) als auch für die Wachstums- bzw. Blühmerkmale (Bucharova et al. 2017 b). Vergleicht man die Arten, so ist die molekulare Differenzierung umso größer, je weniger häufig und weniger fremdbestäubt die Arten sind (z.B. *Lychnis*) und umso kleiner, je häufiger und stärker auskreuzend sie auftreten (z.B. *Arrhenatherum*). Diese Ergebnisse entsprechen den aus der Literatur bekannten Befunden (siehe z.B. Reisch, Bernhardt-Römermann 2014).

4.2 Pflanzen sind regional angepasst

Von regionaler Anpassung kann man sprechen, wenn Pflanzen innerhalb ihrer Ursprungsregion eine höhere Fitness aufweisen als Pflanzen, die aus anderen Regionen stammen. Wir konnten zeigen, dass typische mesophytische Grasland-Pflanzenarten, die häufig in Saatgut-Mischungen enthalten sind, in Deutschland regional angepasst sind: Pflanzen aus regionalem Saatgut hatten gemittelt über alle Arten und Standorte 7 % mehr Biomasse und 10 % mehr Blüten als Pflanzen aus nicht regionalem Saatgut. Da wir sieben Arten aus acht Herkünften in vier Versuchsgärten untersuchten, stellen unsere Ergebnisse gleichzeitig eine der bisher stärksten und allgemeingültigsten Aussagen über regionale Anpassung bei Pflanzen dar (Bucharova et al. 2017 a).

Bisherige Erkenntnisse über lokale Anpassung stammen meist aus Studien einzelner Arten, und Meta-Analysen zeigen, dass lokale Anpassung häufig, aber nicht immer nachgewiesen werden kann. Dies entspricht auch unseren Ergebnissen, da bei vier der sieben Arten die regionalen Herkünfte besser wuchsen als andere. Noch wichtiger ist aber, dass wir keine Hinweise **gegen** eine regionale Anpassung fanden, denn bei keiner Art wuchsen fremde Herkünfte im Mittel besser als regionale. Je nach Art und Merkmal übertraf die Leistung regionaler Herkünfte die der nicht regionalen um 16 – 40 %. Solche Effektgrößen wurden auch in anderen Studien zur lokalen Anpassung gefunden (Joshi et al. 2001; Becker et al. 2006). Zusammen mit diesen früheren Studien zeigen unsere Ergebnisse, dass regionale Anpassung bei Graslandarten weit verbreitet ist und zwar auf einer für Regiosaatgut relevanten geographischen Skala und mit deutlichen Effekten.

Regionale Anpassung kann neben der Wachstumsleistung der Pflanzen auch abhängige Organismen wie Herbivore betreffen. Ein Schlüsselmerkmal in diesem Kontext ist der Blühzeitpunkt, der bei Herkünften von *Centaurea* und *Galium* um mehr als zwei oder drei Wochen variierte. Solche Verschiebungen dürften Auswirkungen z. B. auf Bestäuber haben (Steffan-Dewenter, Schiele 2008). Wie wir zeigen konnten, variieren die Befallsraten von Herbivoren und Parasitoiden bei *Centaurea* mit der Herkunft (Bucharova et al. 2016 b). Der Grund für diese Unterschiede ist vermutlich die enge Synchronisation der Eiablage der Bohrfiegen mit der Blüh-

phänologie der Wirtspflanzen. Bei fremden Pflanzenherkünften mit unterschiedlichen Blühzeitpunkten ist diese Wechselwirkung dann vermutlich stark beeinträchtigt.

4.3 Regionale Differenzierung und Anpassung hängen zusammen mit geographischer Distanz und Klima

Wenn Pflanzenherkünfte genetisch voneinander differenziert und regional angepasst sind, stellt sich die Frage, mit welchen Faktoren diese Effekte zusammenhängen. Bei der Mehrzahl der Arten nahmen sowohl die molekulargenetischen Unterschiede der Herkünfte als auch die Unterschiede in Wachstum und Blühphänologie mit der geographischen Entfernung zu. Da Samen und Pollen nur ein begrenztes Ausbreitungspotenzial aufweisen, entstehen langfristig und in artspezifischer Weise Unterschiede zwischen Regionen. Diese Muster von „Isolation durch Distanz“ sind das Ergebnis einer Ausbreitungslimitierung. Einen klaren Beleg für Anpassung an das Klima erbrachten die Anzuchtexperimente, bei denen die Unterschiede mit zunehmendem klimatischem Abstand zwischen Versuchsort und Herkunft zunahm. Die Beobachtung von „Isolation durch Distanz“ und „Isolation durch Klima“ bei mehreren Arten und für mehrere Merkmale zeigt, dass es grundsätzlich richtig ist, geographische Regionen oder Klimaregionen als Herkunftsregionen abzugrenzen. Wenig überraschend zeigte jede Art eine etwas andere geographische Gruppierung ihrer Genpools. Bei vier Arten gab es eine übergeordnete Gliederung in eine nördliche und eine südliche Gruppe mit wiederum voneinander abgegrenzten Herkünften. Dies deutet auf eine großräumige phylogeographische Struktur hin, die vermutlich mit der nacheiszeitlichen Wiederbesiedlung aus unterschiedlichen glazialen Refugien zusammenhängt.

4.4 Klimaextreme und „assisted migration“

Pflanzen haben prinzipiell drei Möglichkeiten, auf den Klimawandel zu reagieren:

1. am gegenwärtigen Wuchsort zu verbleiben und die veränderten Bedingungen zu tolerieren oder sich daran evolutiv anzupassen,
2. mit den sich verschiebenden Klimazonen zu wandern oder
3. auszusterben.

Eine aktuell viel diskutierte Maßnahme des Natur- und Artenschutzes ist die sogenannte „assisted migration“, d. h. das absichtliche Verbringen „vorangepasster“ Genotypen an neue Wuchsorte, in der Regel von Süden nach Norden, in der Erwartung, dass an wärmere Bedingungen angepasste Herkünfte den Klimawandel besser überstehen sollten (Hermann et al. 2013). Da unsere Untersuchungen in einem extrem warmen Jahr stattfanden, konnten wir testen, ob die an Wärme angepassten Herkünfte besser abschnitten als die jeweils regional angepassten. Dies war nicht der Fall, denn die regionalen Herkünfte übertrafen jeweils die an Wärme angepasste Herkunft in mehreren Fällen. Unser Ergebnis ist ein weiteres Beispiel dafür, dass „assisted migration“ zwar ein auf den ersten Blick sehr attraktives Konzept ist, für dessen Richtigkeit es aber bislang kaum belastbare Beweise gibt (Bucharova et al. 2016a; Bucharova 2017). Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass lokale Anpassung komplex ist und nicht alleine durch Temperatur gesteuert wird. Andererseits stammen unsere Daten nur von wenigen Herkünften, vier Versuchsorten und einem Jahr. Für eine fundierte Beurteilung der Vor- und Nachteile von „assisted migration“ sind umfassende Studien wünschenswert.

5 Schlussfolgerungen für Regiosaatgut

Das Regiosaatgut-System in Deutschland (Prasse et al. 2010; siehe auch Molder 2015) verbindet zwei Elemente: einerseits die Beschränkung

der Samenvermarktung innerhalb von 22 Herkunftsregionen und andererseits die Empfehlung, je Herkunftsregion mehrere Ursprungspopulationen im Vermehrungsgut zu versammeln. Damit verbindet diese Strategie Elemente beider Seiten des bekannten „Mix-or-match“-Dilemmas der Renaturierung (Lesica, Allendorf 1999), d. h. Renaturierungen durchzuführen einerseits mit lokalem, möglichst in der Nähe gesammeltem, gut angepasstem Saatgut („match“) und andererseits mit möglichst vielfältigem, gemischtem Material mit hohem Anpassungspotenzial („mix“). Unsere Ergebnisse der genetisch differenzierten und regional angepassten Herkünfte, die oft Isolation durch Distanz oder Klima zeigen, unterstützen klar eine „Mix-and-match“-Strategie (Bucharova et al. 2018).

Da die acht untersuchten Regionen vielfältige Differenzierungsmuster zeigten, ist für die noch nicht untersuchten Herkunftsregionen mit ähnlicher oder sogar noch ausgeprägterer Differenzierung zu rechnen. Dies gilt insbesondere für die Mittelgebirgslagen, bei denen eine starke klimatisch bedingte Differenzierung zu erwarten ist. Zusätzlich zu der Differenzierung auf regionaler Ebene ist davon auszugehen, dass innerhalb der Regionen kleinräumige lokale Anpassung, z. B. an Bodenfeuchte oder den pH-Wert, stattgefunden hat (z. B. Bischoff et al. 2006). Daher unterstützen wir die Empfehlung, mehrere Ursprungspopulationen je Herkunftsregion in die Saatgutproduktion einzubeziehen, um eine bestmögliche Repräsentation der innerartlichen Vielfalt zu erhalten.

Im Vergleich der sieben untersuchten Arten zeigte sich eine artspezifische räumliche Differenzierung, teilweise mit übergeordneten Nord-Süd-Kontrasten; ähnliche geographisch-genetische Differenzierung wurde auch für Graslandarten in Norwegen gefunden (z. B. Jorgensen et al. 2014). Unsere Ergebnisse belegen zugleich, dass jede Art ein anderes Differenzierungsmuster aufweist, dass aber alle acht untersuchten Herkunftsregionen für mehrere Arten einzigartige Genpools enthalten. Dies zeigt, dass – obwohl für einzelne Arten (z. B. für *Arrhenatherum*) eine geringere Zahl an Genpools existiert im Vergleich zur Zahl der Herkunftsregionen – eine große Zahl an Regionen nötig ist, um die innerartliche Diversität vieler Arten abzudecken. Prinzipiell könnte zur Optimierung der innerartlichen Vielfalt jede Art mit einer artspezifischen Zahl artspezifisch zugeschnittener Herkunftsregionen repräsentiert werden, wie dies z. B. für forstliches Saatgut üblich ist. Allerdings wäre eine solche Einzelarten-Lösung bei der großen Zahl der als Regiosaatgut vermarkteten Graslandarten aus praktischen und wirtschaftlichen Erwägungen kaum umsetzbar. Im Regiosaatgut-System gelten derzeit für alle Arten dieselben Herkunftsregionen, obgleich diese Regionen für manche Arten zu eng, für andere Arten zu weit definiert sein dürften.

In der vorliegenden Arbeit haben wir Saatgut aus nur acht Herkunftsregionen untersucht, je eine aus jedem Produktionsraum. Dies hatte ausschließlich logistische Gründe, da zum Zeitpunkt des Versuchs Saatgut der untersuchten Arten aus weiteren Regionen nur vereinzelt verfügbar war. Dies soll auf keinen Fall so verstanden werden, als hielten wir eine Einteilung Deutschlands in acht Regionen für ausreichend. Weitere detaillierte Untersuchungen sind daher dringend nötig, da für einzelne Arten einerseits bekannt ist, dass sie nur schwach differenziert sind (z. B. auch Listl et al. 2018), andererseits aber auch starke kleinräumigere Differenzierungsmuster innerhalb von Herkunftsregionen gefunden wurden (Michalski, Durka 2012).

Unsere Untersuchungen zeigen, dass Graslandarten in Deutschland genetisch stark differenziert sind und dass bei vielen Arten die regionalen Herkünfte die nicht regionalen in ihrem Wachstum übertrafen. Die genetischen und phänotypischen Unterschiede nehmen dabei mit der geographischen und klimatischen Distanz zu. Dies zeigt, dass viele Pflanzenarten an die regionalen Umweltbedingungen ihrer Heimatregion angepasst sind. Somit steigt das Risiko, schlecht angepasst zu sein, mit der geographischen Entfernung der Saatgutherkunft zum Ort der Renaturierung. Die Verwendung von Regiosaatgut sollte somit generell den Renaturierungserfolg

erhöhen. Auch wenn die vordefinierten Herkunftsregionen nicht exakt die genetische Struktur vieler Arten abbilden, scheinen sie dennoch geeignet, einen erheblichen Teil der innerartlichen genetischen Variation zu erhalten.

6 Literatur

- Becker U., Colling G. et al. (2006): Local adaptation in the monocarpic perennial *Carlina vulgaris* at different spatial scales across Europe. *Oecologia* 150: 506–518.
- Bischoff A., Cremieux L. et al. (2006): Detecting local adaptation in widespread grassland species – the importance of scale and local plant community. *Journal of Ecology* 94: 1 130–1 142.
- Bucharova A. (2017): Assisted migration within species range ignores biotic interactions and lacks evidence. *Restoration Ecology* 25: 14–18.
- Bucharova A., Durka W. et al. (2016 a): Plants adapted to warmer climate do not outperform regional plants during a natural heat wave. *Ecology and Evolution* 6: 4 160–4 165.
- Bucharova A., Frenzel M. et al. (2016 b): Plant ecotype affects interacting organisms across multiple trophic levels. *Basic and Applied Ecology* 17: 688–695.
- Bucharova A., Durka W. et al. (2017 a): Are local plants the best for ecosystem restoration? It depends on how you analyze the data. *Ecology and Evolution* 7: 10 683–10 689.
- Bucharova A., Michalski S.G. et al. (2017 b): Genetic differentiation and regional adaptation among seed origins used for grassland restoration: lessons from a multi-species transplant experiment. *Journal of Applied Ecology* 54: 127–136.
- Bucharova A., Bosdorf O. et al. (2018): Mix and match! Regional admixture provenancing strikes a balance among different seed-sourcing strategies for ecological restoration. *Conservation Genetics*. DOI: 10.1007/s10592-018-1067-6
- Durka W., Michalski S.G. et al. (2017): Genetic differentiation within multiple common grassland plants supports seed transfer zones for ecological restoration. *Journal of Applied Ecology* 54: 116–126.
- ErMiV/Erhaltungsmischungsverordnung (2011): Verordnung über das Inverkehrbringen von Saatgut von Erhaltungsmischungen (Erhaltungsmischungsverordnung). *Bundesgesetzblatt Teil I, Nr. 65*, 2 641.
- Hermann J.M., Kiehl K. et al. (2013): Renaturierungsökologie im Spannungsfeld zwischen Naturschutz und neuartigen Ökosystemen. *Natur und Landschaft* 88(4): 149–154.
- Jorgensen M.H., Elameen A. et al. (2014): Use of molecular markers for defining site specific seed material for restoration in Norway. In: Kiehl K., Kirmer A. et al. (Hrsg.): *Guidelines for Native Seed Production and Grassland Restoration*. Cambridge Scholars Publishing, Newcastle upon Tyne: 57–74.
- Joshi J., Schmid B. et al. (2001): Local adaptation enhances performance of common plant species. *Ecology Letters* 4: 536–544.
- Lesica P., Allendorf F.W. (1999): Ecological genetics and the restoration of plant communities: Mix or match? *Restoration Ecology* 7: 42–50.
- Listl D., Poschod P., Reisch C. (2018): Do seed transfer zones for ecological restoration reflect the spatial genetic variation of the common grassland species *Lathyrus pratensis*? *Restoration Ecology* 26: 667–676.
- Michalski S.G., Durka W. (2012): Assessment of provenance delineation by genetic differentiation patterns and estimates of gene flow in the common grassland plant *Geranium pratense*. *Conservation Genetics* 13: 581–592.
- Molder F. (2015): Begrünungen mit gebietseigenem Saatgut. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 47: 173–180.
- Oduor A.M., Leimu R., Van Kleunen M. (2016): Invasive plant species are locally adapted just as frequently and at least as strongly as native plant species. *Journal of Ecology* 104: 957–968.
- Prasse R., Kunzmann D., Schröder R. (2010): Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzenaatgut krautiger Pflanzen.

Abschlußbericht zum Forschungsprojekt (DBU FKZ: 23931). Institut für Umweltplanung, Leibniz Universität Hannover. Hannover: 166 S.

Reisch C., Bernhardt-Römermann M. (2014): The impact of study design and life history traits on genetic variation of plants determined with AFLPs. *Plant Ecology* 215: 1 493 – 1 511.

Seitz B., Kowarik I. (2008): Erhaltung der regionalen genetischen Vielfalt durch die Verwendung gebietseigenen Saat- und Pflanzguts. *Natur und Landschaft* 83(9/10): 441 – 443.

Steffan-Dewenter I., Schiele S. (2008): Do resources or natural enemies drive bee population dynamics in fragmented habitats? *Ecology* 89: 1 375 – 1 387.

Thews K., Werk K. (2014): Verwendung gebietseigenen Saatgutes nach § 40 (4) BNatSchG. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 46: 315 – 319.

Dr. Walter Durka

Korrespondierender Autor

Helmholtz Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung (BZF)
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)

und

Deutsches Zentrum für Integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig
Deutscher Platz 5e
04103 Leipzig
E-Mail: walter.durka@ufz.de



Studium der Biologie und Promotion an der Universität Bayreuth. Leiter der Arbeitsgruppe Molekulare Ökologie am Department Biozönoseforschung des Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung – UFZ. Seine wissenschaftliche Arbeit umfasst verschiedene Bereiche der Biodiversitätsforschung mit Schwerpunkt auf Fragen der innerartlichen genetischen Diversität und deren Bedeutung für die Ökologie von Pflanzenarten.

Prof. Dr. Oliver Bossdorf
Evolutionäre Ökologie der Pflanzen
Institut für Evolution und Ökologie
Universität Tübingen
Auf der Morgenstelle 5
72076 Tübingen
E-Mail: oliver.bossdorf@uni-tuebingen.de

Dr. Anna Bucharova
Evolutionäre Ökologie der Pflanzen
Institut für Evolution und Ökologie
Universität Tübingen
Auf der Morgenstelle 5
72076 Tübingen

und

AG Biodiversität und Ökosystemforschung
Institut für Landschaftsökologie
Universität Münster
Heisenbergstraße 2
48149 Münster
E-Mail: anna.lampe-bucharova@uni-muenster.de

Dr. Mark Frenzel
Helmholtz Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung (BZF)
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: mark.frenzel@ufz.de

Dr. Julia-Maria Hermann
Renaturierungsökologie
Department für Ökologie und Ökosystemmanagement
Technische Universität München
Emil-Ramann-Straße 6
85354 Freising
E-Mail: juliamaria.hermann@googlemail.com

Prof. Dr. Norbert Hölzel
AG Biodiversität und Ökosystemforschung
Institut für Landschaftsökologie
Universität Münster
Heisenbergstraße 2
48149 Münster
E-Mail: nhoelzel@uni-muenster.de

Prof. Dr. Johannes Kollmann
Renaturierungsökologie
Department für Ökologie und Ökosystemmanagement
Technische Universität München
Emil-Ramann-Straße 6
85354 Freising
E-Mail: jkollmann@wzw.tum.de

Dr. Stefan G. Michalski
Department Biozönoseforschung (BZF)
Helmholtz Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: stefan.michalski@ufz.de

Anzeige

Der Waldkauz
 Vogel des Jahres 2017

SCHWEGLER

Lebensräume schaffen und erhalten mit SCHWEGLER-Nisthöhlen!

KOSTENLOS KATALOG ANFORDERN

www.schwegler-natur.de
 Vogel- u. Naturschutzprodukte GmbH
 Heinkelstr. 35 · D-73614 Schorndorf