

Aktuelle Ansätze zur Modellierung der Auswirkungen von Klimaveränderungen auf die biologische Vielfalt

Current approaches to modelling the impacts of climate change on biodiversity

Ingolf Kühn, Katrin Vohland, Franz Badeck, Jan Hanspach, Sven Pompe und Stefan Klotz

Zusammenfassung

Zu erwartende Auswirkungen des Klimawandels auf die biologische Vielfalt werden meist mit Computermodellen ermittelt. Diese lassen sich in statistische und prozessbasierte Modelle unterteilen. Erstere beschreiben Muster der Natur auf statistischem Wege, ignorieren aber eine Vielzahl biologisch relevanter Prozesse. Dafür sind sie vergleichsweise schnell und können leicht für viele Arten parametrisiert werden. Letztere orientieren sich an den in der Natur beobachteten Prozessen, sind damit näher an ökologischen Wechselwirkungen, aber auch aufwändiger in der Parametrisierung und der Ergebnisberechnung. Daher können sie meist nur für die Modellierung weniger Arten, Pflanzentypen oder Vegetationseinheiten genutzt werden.

1 Einleitung

Unser jetziges Handeln bestimmt die zukünftigen Entwicklungen in unserer Umwelt. Durch die Abschätzung, wie diese Entwicklungen aussehen könnten, bieten Modelle Entscheidungshilfen. Ein aktuelles Beispiel sind Klimamodellierungen und ihre Implikationen für die Klimaschutzpolitik. Aufbauend auf Klimamodellen können mit weiteren Modellierungen mögliche Folgen des Klimawandels für die biologische Vielfalt abgeschätzt werden. Zum einen können diese Modelle zu einem besseren ökologischen Prozessverständnis beitragen, indem sie aufzeigen, welche ökologischen Vorgänge tatsächlich relevant sind, um ein vorgefundenes Muster zu erklären. Zum anderen können sie helfen, eine vorausschauende Naturschutzpolitik zu unterstützen und gezielte Naturschutzmaßnahmen abzuleiten. So lässt sich über Modelle beispielsweise ermitteln, welche Arten (und mit welchen Merkmalen) oder welche Schutzgebiete durch den Klimawandel besonders betroffen sind.

Häufig wird die Fähigkeit und Aussagekraft von Modellen allerdings überschätzt. Modelle können weder ein de-

tailgetreues Abbild der Natur sein noch die Zukunft vorhersagen. Die Zusammenhänge und Wechselwirkungen zwischen belebter und unbelebter Natur sind so hochkomplex, dass sie bisher nur in Ansätzen verstanden werden. Dieses Verständnis basiert auf Vereinfachungen, die es ermöglichen, Regeln abzuleiten. Ähnlich wie bei einer Landkarte helfen Vereinfachungen, die wesentlichen Aspekte eines Systems aufzuzeigen. Eine Landkarte im Maßstab 1 : 1 würde die Orientierung nicht nur nicht verbessern, sondern sogar behindern. Auch ein Modell sollte daher nicht alle, sondern nur die als wichtig identifizierten Prozesse beinhalten, um so zu einem möglichst guten Abbild des untersuchten Systems zu kommen. Abweichungen von der Realität sind unumgänglich, die charakteristischen Eigenschaften sollten aber wiederzuerkennen sein (vgl. Abb. 1). Wenn gleich ein Großteil der im Folgenden verwendeten Beispiele aus der Botanik stammt, sind die prinzipiellen Überlegungen und technischen Grundlagen in der Regel allgemeingültig, egal ob es sich um Tiere, Pflanzen, biologische Merkmale, Lebensgemeinschaften oder Ähnliches handelt.

Grob lässt sich zwischen zwei Gruppen von Modellen unterscheiden: statistischen Modellen und prozessorientierten Modellen.

2 Statistische Modelle

Statistische Modelle versuchen auf der Grundlage von verschiedenen statistischen Herangehensweisen Zusammenhänge zwischen dem Vorkommen einer Art und biologisch relevanten Umweltvariablen wiederzugeben. Eine Vielzahl von Verfahren wird in der Fachliteratur als so genannte „bioclimatic envelope models“ zusammengefasst (PEARSON u. DAWSON 2003). In diesen Modellen wird das Wuchsgebiet (Areal) einer Art (vgl. Abb. 2a) nicht geographisch dargestellt, sondern mit Hilfe der im geographischen Raum gemessenen Klimavariablen (vgl. Abb. 2b) beschrieben. Damit lassen sich bioklimatische Leistungsgrenzen berechnen, die das jeweilige Areal einer Art begrenzen. Dabei wird davon ausgegangen, dass eine Art alle aktuell klimatisch günstigen Bereiche, aber auch nur diese, besiedelt hat. Unter der Annahme, dass die Beziehung zwischen geeigneten bioklimatischen Parametern für Wachstum

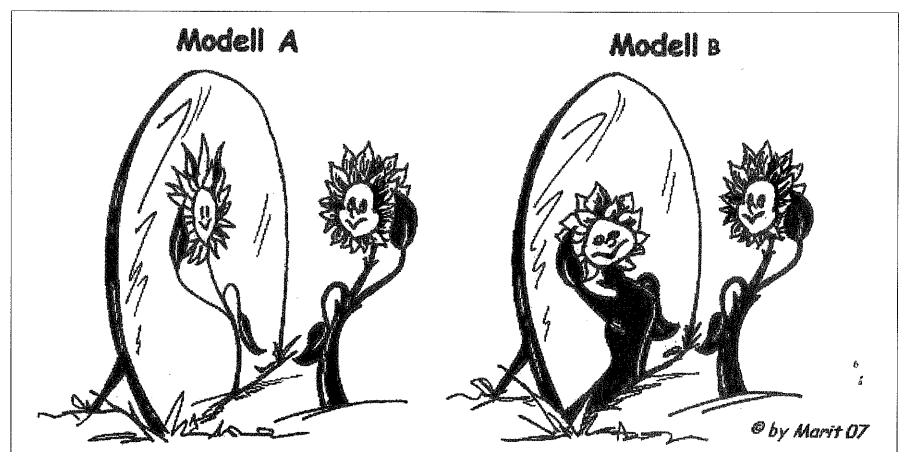


Abb. 1: Modelle geben nicht die Wirklichkeit wieder und können die Realität sowohl über- als auch unterschätzen. Sie sollen aber mit möglichst wenigen Parametern ein möglichst gutes Abbild erzeugen. (Idee: Sven Pompe, Zeichnung: Marit Bodenstern)

Fig. 1: Models do not display reality and may underestimate or overestimate real-world situations. They should, however, be able to generate a good image using few parameters.

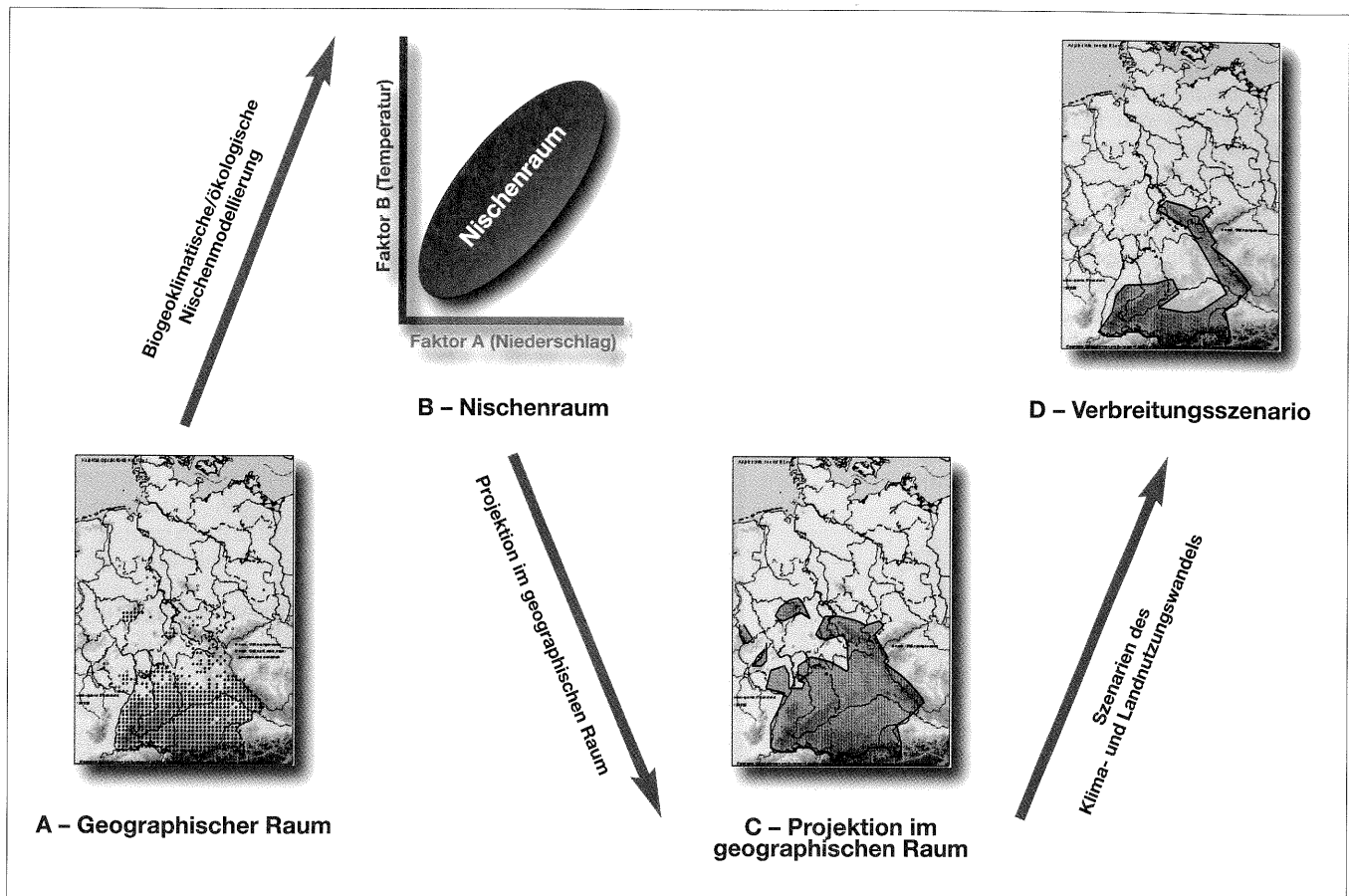


Abb. 2: Schematische Darstellung der statistischen Modellierungsschritte für ein gegenwärtiges und ein projiziertes Areal einer Art am Beispiel der Verbreitung aus FloraWeb (<http://www.floraweb.de>). Aus dem Areal einer Art (A) und den dort vorhandenen Umweltverhältnissen lassen sich statistisch die Umweltansprüche einer Art ermitteln (B). Werden diese Ergebnisse wieder in den geographischen Raum projiziert (C), sollte sich eine möglichst gute Übereinstimmung mit der beobachteten Verbreitung ergeben. Daraufhin können Szenarien für Umweltvariablen in der Zukunft in das Modell eingegeben werden, um ein Szenario für die Verbreitung einer Art in der Zukunft zu bekommen (D). (Graphik nach Autorenvorlage W. Kohlhammer GmbH/S. Mailänder)

Fig. 2: Schematic diagram of the steps involved in statistical modelling for current and projected ranges of a species, using data from FloraWeb (<http://www.floraweb.de>). The range of a species (A) covers a gradient of environmental factors which are reconstructed statistically (B). This reconstruction will then be projected in geographical space again (C) and should yield a good fit with the original data. Then scenarios of environmental variables can be applied to acquire a scenario for a species' future range (D).

und Fortpflanzung einer Art auch in Zukunft konstant bleibt, lassen sich so auf Grundlage von Szenarien für die Klimaentwicklung mögliche zukünftige Areale projizieren.

Die Areale von Tier- und Pflanzenarten sind jedoch nicht allein durch das Klima limitiert. Eine Erweiterung bioklimatischer Ansätze sind deshalb so genannte „Habitatmodelle“, „Artverbreitungsmodelle“ oder „ökologische Nischenmodelle“ (GUISAN u. ZIMMERMANN 2000). Hier werden neben bioklimatischen Variablen auch Landnutzung, Boden oder andere Faktoren berücksichtigt (PEARSON u. DAWSON 2003; POMPE et al. 2008). In der allgemeinen Methodik unterscheiden sich diese Ansätze aber nicht; der Unterschied liegt allein in der Auswahl der Eingangsvariablen.

Um zu prüfen, wie gut ein Modell Verbreitungsgebiete einer Art beschreibt, wird deren Areal auf Grundlage der ak-

tuellen Umweltdaten projiziert (Abb. 2c). Hierbei sollte sich eine möglichst gute Übereinstimmung des beobachteten mit dem modellierten Areal ergeben. Wenn nicht, ist das Modell schlecht kalibriert und für Projektionen in die Zukunft ungeeignet. Ein Problem besteht jedoch darin, dass mit zunehmend besserer Beschreibung eines aktuellen Areals die Komplexität des Modells steigt. Dies kann dazu führen, dass die Verallgemeinerbarkeit für Zukunftsprojektionen sinkt, da zwar Muster genauer beschrieben werden, diese aber nicht unbedingt allgemeingültig sind.

Für eine ökologisch sinnvolle Modellierung ist es grundsätzlich notwendig, möglichst das gesamte Areal einer Art (Weltareal oder meist zumindest europäisches Areal) zu betrachten, um den Umweltgradienten vollständig zu erfassen. Wird bei weit verbreiteten Arten nur das deutsche Areal zu Grunde gelegt

(wie in Abb. 2), wird insgesamt die Toleranz der Art hinsichtlich verschiedener Gradienten von Umweltvariablen unterschätzt. So kann z. B. ein Modell über das Buchenareal in Deutschland zu dem Schluss kommen, dass diese Art unter wärmeren Klimaten, wie sie teilweise im Buchenareal Frankreichs, Italiens oder dem Balkan herrschen, nicht wachsen kann. Damit würde das potenzielle Areal dieser Art unter Klimaerwärmung stark unterschätzt und der zu erwartende Rückgang überschätzt. Bei Arten mit sehr kleinem Verbreitungsgebiet ist eine Modellierung wegen des geringen Stichprobenumfangs der Vorkommen häufig unmöglich.

Ein Vorteil der statistischen Modellierung ist, dass sie die Analyse eines großen Spektrums an Arten ermöglicht. Im Gegensatz zu prozessbasierten Modellen (s. u.) müssen die der Arealausprägung zu Grunde liegenden ökophysiologischen

Prozesse nicht bekannt sein und für jede Art einzeln parametrisiert werden. Allerdings ist das nicht unkritisch zu sehen, da eine Vielzahl von ökologisch und/oder evolutionär wichtigen Faktoren dabei vernachlässigt werden:

- Die Verbreitung der Arten ist nicht immer im Gleichgewicht mit den Umweltfaktoren, d. h. nicht alle potenziell besiedelbaren Bereiche sind auch tatsächlich besiedelt. So ist etwa bekannt, dass noch nicht alle Arten ihre nach-eiszeitliche Ausbreitung abgeschlossen haben (SVENNING et al. 2008).
- Arten erfahren lokal oder kurzzeitig andere Klimabedingungen als es zeitlich und räumlich generalisierte Klimawerte wiedergeben können. Störungen wie kurzfristige Extremereignisse und mikroklimatische Besonderheiten spielen für das Fehlen/Auftreten von Arten oft eine größere Rolle.
- Arten weisen eine innerartliche Plastizität auf. Insbesondere können sich verschiedene Populationen in ihrem Areal hinsichtlich ihrer Toleranz gegenüber bestimmten Umweltvariablen unterscheiden.
- Biologische Interaktionen (beispielsweise zwischenartliche Konkurrenz, Bestäubung, Fraß) sind wichtige Faktoren bei der Begrenzung des Areals und damit auch bei zukünftigen Arealentwicklungen.
- Pflanzenarten reagieren unterschiedlich auf den erhöhten Kohlendioxidgehalt der Atmosphäre. Auch dies kann zu Verschiebungen im Konkurrenzgefüge führen.
- Arten können sich durch (mikro-) evolutionäre Veränderungen an neue Standortfaktoren anpassen.
- Arten können sich nicht in alle potenziell neu verfügbaren Areale ausbreiten. Die Wanderungsgeschwindigkeit vieler Arten ist unbekannt, und es ist unwahrscheinlich, dass alle mit der projizierten Geschwindigkeit des Klimawandels Schritt halten können. Weiterhin wird die Ausbreitung insbesondere häufiger Arten durch die erhöhte Mobilität und Transporte des Menschen verstärkt. Demgegenüber kann bei meist seltenen Arten mit besonderen Standortansprüchen die Ausbreitungsfähigkeit durch eine zunehmende Isolation von Lebensräumen herabgesetzt sein. Ausbreitungsgeschwindigkeiten lassen sich dementsprechend in statistischen Analysen nur stark vereinfacht einbeziehen.

3 Prozessbasierte Modelle

Im Gegensatz zu statistischen Modellen stehen in prozessbasierten Modellen die funktionellen Zusammenhänge zwischen

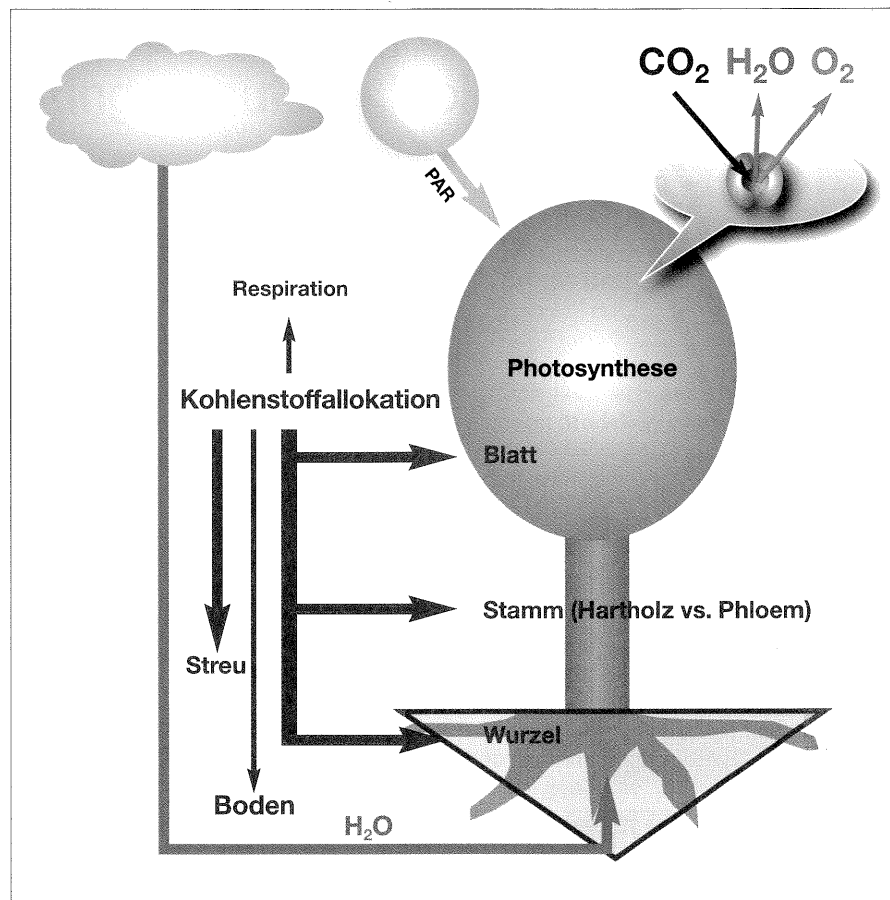


Abb 3: Mechanismus von LPJ-GUESS. Treiber sind klimatische Daten wie Temperatur, Strahlung und Niederschlag sowie der Kohlendioxidgehalt der Luft. Assimilierter Kohlenstoff wird – in Abhängigkeit vom funktionellen Pflanzentyp – auf die unterschiedlichen Kompartimente Blatt, Stamm und Wurzel aufgeteilt. Ein Teil des Kohlenstoffs geht in die temporären Speicher Streu und Bodenkohlenstoff. PAR: Fotosynthetisch aktive Strahlung. (Graphik nach Autorenvorlage W. Kohlhammer GmbH/S. Mailänder)

Fig. 3: Mechanism of LPJ-GUESS. Drivers are climatic data such as temperature, radiation and precipitation as well as atmospheric carbon dioxide. Assimilated carbon will be allocated to the different compartments: leaf, trunk and root – depending on the plant functional type. A fraction of carbon will be temporarily stored as litter or in the soil. PAR: Photosynthetically active radiation.

den Zielorganismen untereinander sowie den Umweltfaktoren im Vordergrund. Ursprünglich wurden prozessbasierte Modelle in der Pflanzenökologie für die Simulation von Gasaustausch (Wasser, Kohlendioxid und Sauerstoff), Wachstum, Populationsdynamik oder Metapopulationsdynamik einzelner oder weniger Arten entwickelt. In den vergangenen zwei Jahrzehnten wurden prozessbasierte Ansätze sowohl in Sukzessionsmodelle als auch in Modelle der Vegetationszonen integriert. Sukzessionsmodelle beschreiben die Konkurrenz einer begrenzten Zahl von Arten und die daraus resultierende Dynamik der Artenzusammensetzung (BADECK et al. 2001). Globale Vegetationsmodelle dagegen beschreiben die Konkurrenz zwischen funktionellen Pflanzentypen, also Arten, die auf Grund bestimmter funktionaler Eigenschaften zusammengefasst

wurden (PRENTICE et al. 2000). Die Aggregation der Arten erfolgt dabei nicht nach taxonomischen Einheiten, sondern nach funktionellen Gemeinsamkeiten.

Prozessbasierte Modelle sind für Studien von Änderungen in der Zusammensetzung von Artengemeinschaften und der Struktur von Lebensräumen geeignet, weil sie die Effekte von Elementen des globalen Wandels (wie z. B. Klimawandel, Landnutzungswandel, geänderte Immissionen) unter Berücksichtigung ökophysiologischer Prozesse sowie entsprechender Interaktionen, wie z. B. die Konkurrenz um Licht und Wasser, abbilden. So können prozessbasierte Modelle der Sukzessionsdynamik zum Studium von Änderungen in der Artenzusammensetzung, so etwa von Grasländern, Gemeinschaften sedentärer Meerestiere oder der Baumflora von Wäldern, verwendet werden. Dynamische globale Ve-

getationsmodelle eignen sich zum Explorieren möglicher Änderungen in der räumlichen Verteilung von Lebensraumtypen, die aus der Interaktion von Änderungen in der abiotischen Umwelt und der Konkurrenz zwischen funktionellen Pflanzentypen resultieren. Das Sekretariat der Klimarahmenkonvention hat kürzlich eine Zusammenstellung von wesentlichen Modellen in der Klimafolgenforschung veröffentlicht (UNFCCC 2008).

Beispielhaft für diese Optionen sind hier Anwendungen des globalen mechanistischen Vegetationsmodells LPJ (Lund-Potsdam-Jena) und seines Hybrids mit dem Waldsukzessionsmodell GUESS aufgezeigt. Ausgangspunkt für die Entwicklung des Modells LPJ war die Erkenntnis, dass sich Vegetationszonen großräumig durch klimatische Parameter und die Wasserverfügbarkeit abgrenzen lassen, und entsprechend Veränderungen dieser Faktoren Veränderungen in der globalen Verteilung der Vegetationszonen, also z. B. dem Auftreten von Regenwald, Savanne oder arktischer Tundra, mit sich bringen. Die diese Zusammenhänge beschreibenden biogeographischen Modelle wurden mit Modulen zur Simulation des Energie-, Wasser- und Stoffhaushalts sowie der Konkurrenz zwischen funktionellen Pflanzentypen kombiniert (PRENTICE et al. 2000; SITCH et al. 2003).

Die grundlegenden physiologischen Mechanismen, die in dynamischen Vegetationsmodellen wie LPJ betrachtet werden, sind die Allokation von Kohlenstoff in unterschiedliche Kompartimente, also Wurzeln, Stamm und Blätter, sowie der Austausch mit den Kohlenstoffspeichern im Boden und in der Luft (CO₂; vgl. Abb. 3). Bei geringer Bodenfeuchte profitieren Pflanzen, die viel Kohlenstoff in die Wurzeln investiert haben. Bei ausreichender Bodenfeuchte steigen Biomasse und Blattflächenindex stärker an, wenn der Kohlenstoff in oberirdisches Wachstum alloziert wird. Diese unterschiedlichen Reaktionsmuster der funktionellen Typen führen dazu, dass sich ihre Konkurrenzkraft bei veränderten Bedingungen verschiebt. Dies lässt drastische Folgen des Klimawandels für die Biosphäre erwarten.

Im Rahmen der Klimafolgenforschung interessieren nicht nur globale Fragestellungen, sondern auch regionale und lokale Veränderungen, da Handlungsoptionen sich vornehmlich auf diese Skala beziehen. Mit LPJ-GUESS wurde es möglich, für bestimmte Eigenschaften funktioneller Pflanzentypen, wie z. B. den Kohlenstoffgehalt von Blättern oder ihre Lebensdauer, Werte auf der Ebene von einzelnen Baumarten zuzuordnen. Diese Parametrisierung auf Artebene er-

laubt, Veränderungen der Vegetationszusammensetzung auf Grund des Klimawandels zu simulieren (HICKLER et al. 2004, 2009; Abb. 4).

Es gibt jedoch einige Limitationen in der dynamischen Vegetationsmodellierung: Zum einen können nur die Interaktionen einer begrenzten Anzahl von funktionellen Pflanzentypen, also hier Baumarten, modelliert werden, zum anderen ist die Parametrisierung der einzelnen Arten wegen der hohen Anzahl differenzierender Eigenschaften und ihrer z. T. spärlichen Dokumentation in der Literatur sehr aufwändig. Der Zielkon-

flikt besteht in der Genauigkeit der Prozessbeschreibung einerseits und der Gültigkeit für große Skalen andererseits.

Auch die Beschreibung der Effekte der Verfügbarkeit von Nährstoffen, der Konkurrenz im Wurzelraum und der Nischen in der Verfügbarkeit von Licht und Raum ist gegenwärtig durch den Stand des Prozessverständnisses sowie die Parameterverfügbarkeit limitiert. Ähnlich den statistischen Modellen haben auch die prozessbasierten Modelle Grenzen in der Simulation von biotischen Wechselwirkungen, artspezifischen Ausbreitungsprozessen, innerartlicher genetischer Di-

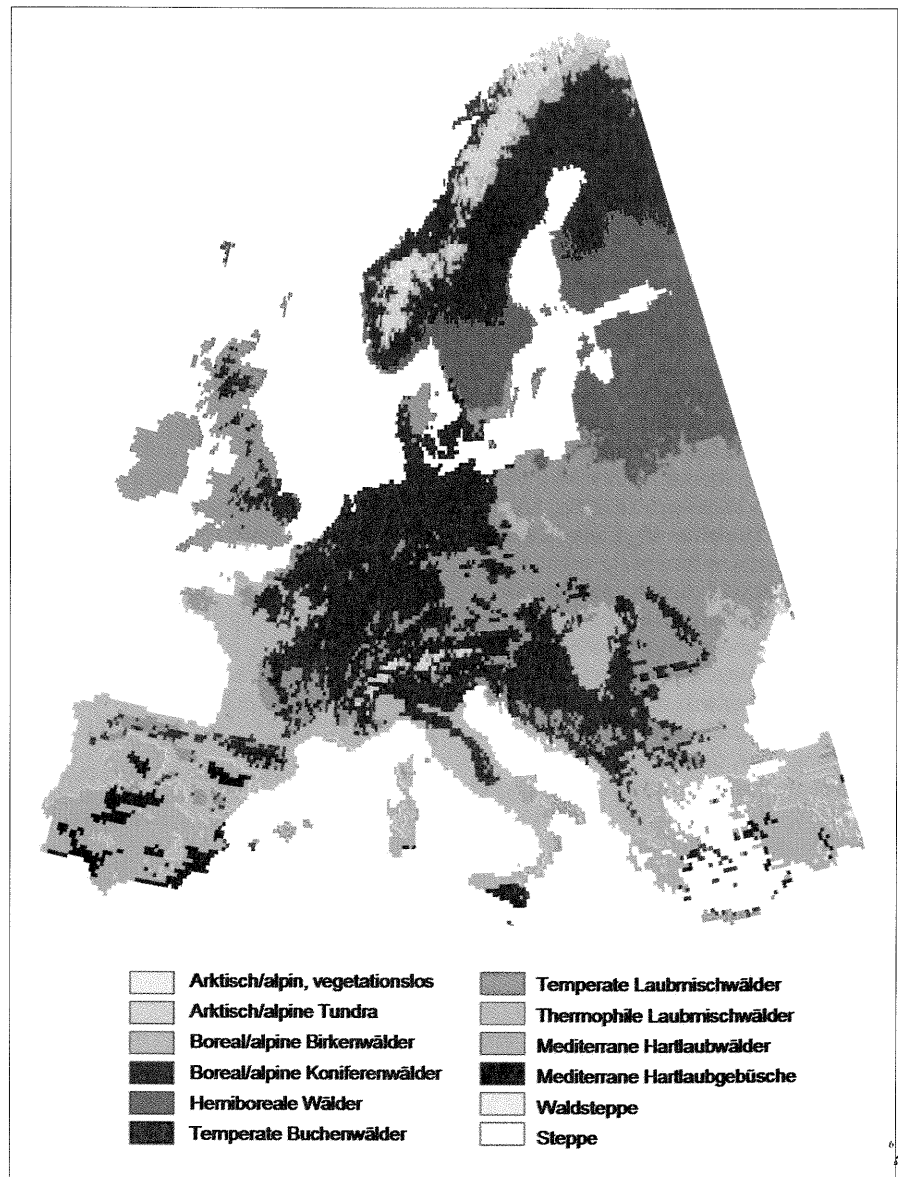


Abb. 4: Projizierte Vegetationszonen in Europa als Ergebnis von LPJ-GUESS. Die Vegetationszonen wurden nach der relativen Häufigkeit der wichtigsten Baumarten bzw. der entsprechenden funktionellen Pflanzentypen klassifiziert. Die Darstellung beruht auf Klimadaten im Zeitraum 1961–1980. (Verändert nach HICKLER et al. 2009).

Fig. 4: Projected vegetation zones in Europe as a result of LPJ-GUESS. Vegetation zones were modelled according to the relative abundance of the most important tree species or the respective plant functional types. This map is based on climate data from the reference period 1961–1980. Modified after HICKLER et al. (2009).

versität und evolutiver Anpassungen. Sie sind zwar prinzipiell geeignet zur Simulation dieser Faktoren, die Realisierung dieser Potenziale steckt jedoch noch in den Kinderschuhen.

4 Aussagekraft und Limitation von Modellen

Beide Arten der Modellierung haben ihre Vor- und Nachteile. Statistische Modelle können relativ schnell für viele Tausend Arten angewandt werden. Allerdings werden viele wichtige ökologische und evolutionäre Prozesse nicht explizit berücksichtigt. Implizit sind diese Informationen häufig in den Modellen enthalten. Weil eine explizite Parametrisierung jedoch fehlt, fällt die Koppelung mit prozessbasierten Modellen schwer. Prozessbasierte Modelle können relevante ökologische Prozesse besser widerspiegeln, sind aber wegen der aufwändigen Parametrisierung nur für wenige, gut untersuchte Arten zu erstellen. Neuerdings gibt es erste Ansätze, beide Formen der Modellierung zu verknüpfen, d. h. Prozesse wie die Ausbreitung an ein statistisches Modell anzuhängen oder Resultate von prozessbasierten Modellen in statische Verfahren einzuspeisen. So sind z. B. die Ergebnisse von prozessbasiert ermittelter Bodenfeuchteentwicklung von RICKEBUSCH (2008) bei der statistischen Modellierung von Artarealen berücksichtigt worden.

Der jeglichen Modellen innewohnende Zwang zur Vereinfachung und die Limitierung der zur Verfügung stehenden Information führen zu verschiedenen Quellen der Unsicherheit, z. B. Fehler bei den Eingangsdaten, Unsicherheiten der Modellierung bzw. des Modellierungsansatzes, Missachtung wichtiger ökologischer Prozesse (s. o.) sowie Unsicherheiten bei der zukünftigen Entwicklung der Eingangsparameter. Einige Arten der Unsicherheit können minimiert werden. Eingangsdaten, wie z. B. die Ergebnisse von Artkartierungen, Klima- oder Bodenmesswerte, können nach und nach verbessert werden. Durch Kombination unterschiedlicher Ansätze oder durch die parallele Nutzung verschiedener Verfahren und Modelle lässt sich der Raum der Unsicherheit besser beschreiben oder sogar eingrenzen (THULLER et al. 2008). Die größte Quelle der Unsicherheit – die zukünftige Entwicklung der Menschheit und in Folge der Ausstoß an Treibhausgasen, die Klimaänderung und die damit verbundene Landnutzungsänderung – lässt sich nur berücksichtigen, indem unterschiedliche plausible zukünftige Trends in Form von Szenarien beschrieben und durch verschiedene Methoden quantitativ unterlegt werden. Allerdings muss diese Unsicherheit dann auch in allen folgenden Schritten

(wie z. B. bei Szenarien der Artverbreitung) beachtet werden, indem die Analysen die Spanne der potenziell möglichen Entwicklungen einbeziehen.

5 Summary

The anticipated impacts of climate change on biodiversity are usually assessed using computer models which can be classified into (i) statistical and (ii) process based models. The former describe natural patterns in a statistically formalized way but ignore several ecologically relevant processes. However, they are relatively fast to parameterize even across many species. The latter recognize natural processes and are hence closer to ecological relationships but much more time-consuming to set up. Therefore they are usually only used to model small numbers of species, functional types or vegetation units.

6 Literatur

- BADECK, F. W.; LISCHKE, H.; BUGMANN, H.; HICKLER, T.; HONNINGER, K.; LASCH, P.; LEXER, M. J.; MOUILLOT, F.; SCHABER, J. u. SMITH, B. (2001): Tree species composition in European pristine forests: Comparison of stand data to model predictions. *Climatic Change* 51: 307–347.
- GUISAN, A. u. ZIMMERMANN, N. E. (2000): Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecol. Mod.* 135: 147–186.
- HICKLER, T.; SMITH, B.; SYKES, M. T.; DAVIS, M. B.; SUGITA, S. u. WALKER, K. (2004): Using a generalized vegetation model to simulate vegetation dynamics in northeastern USA. *Ecology* 85: 519–530.
- HICKLER, T.; VOHLAND, K.; COSTA, L.; CRAMER, W.; MILLER, P. A.; SMITH, B.; FEEHAN, J.; KÜHN, I. u. SYKES, M. (2009): Vegetation on the move – where do conservation strategies have to be re-defined? In: SETTELE, J.; PENEV, L.; GEORGIEV, T.; GRABAUM, R.; GROBELNIK, V.; HAMMEN, V.; KLOTZ, S. u. KÜHN, I. (Hrsg.): *Atlas of Biodiversity Risk*. Pensoft. Sofia. Im Druck.
- PEARSON, R. G. u. DAWSON, T. P. (2003): Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Global Ecol. Biogeog.* 12: 361–371.
- POMPE, S.; HANSBACH, J.; BADECK, F.; KLOTZ, S.; THULLER, W. u. KÜHN, I. (2008): Climate and land use change impacts on plant distributions in Germany. *Biol. Lett.* 4: 564–567.
- PRENTICE, H. C.; LONN, M.; LAGER, H.; ROSEN, E. u. VAN DER MAAREL, E. (2000): Changes in allozyme frequencies in *Festuca ovina* populations after a 9-year nutrient/water experiment. *J. Ecol.* 88: 331–347.
- RICKEBUSCH, S.; THULLER, W.; HICKLER, T.; ARAÚJO, M. B.; SYKES, M. T.; SCHWEIGER, O. u. LAFOURCADE, B. (2008): Incorporating the effects of changes in vegetation functioning and CO₂ on water availability in plant habitat models. *Biol. Lett.* 4: 556–559.
- SITCH, S.; SMITH, B.; PRENTICE, I. C.; ARNETH, A.; BONDEAU, A.; CRAMER, W.; KAPLAN, J. O.; LEVIS, S.; LUCHT, W.; SYKES, M. T.; THONICKE, K. u. VENEVSKY, S. (2003): Evaluation of ecosystem dynamics, plant geography and terrestrial carbon cycling in the LPJ dynamic global vegetation model. *Global Change Biol.* 9: 161–185.
- SVENNING, J. C.; NORMAND, S. u. SKOV, F. (2008): Post-glacial dispersal limitation of widespread forest plant species in nemoral Europe. *Ecography* 31: 316–326.
- THULLER, W.; ALBERT, C.; ARAÚJO, M. B.; BERRY, P. M.; CABEZA, M.; GUISAN, A.; HICKLER, T.; MIDGELY,

G. F.; PATERSON, J.; SCHURR, F. M.; SYKES, M. T. u. ZIMMERMANN, N. E. (2008): Predicting global change impacts on plant species' distributions: Future challenges. *Persp. Plant Ecol. Evol. Syst.* 9: 137–152.

UNFCCC SECRETARIAT (2008): Compendium on methods and tools to evaluate impacts of, and vulnerability and adaptation to, climate change: http://unfccc.int/adaptation/nairobi_workprogramme/compendium_on_methods_tools/items/2674.php

Dr. Ingolf Kühn
 • Korrespondierender Autor •
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: ingolf.kuehn@ufz.de



Studium der Biologie und Geographie in Münster sowie Bochum (Schwerpunkte Botanik, Ökologie); Promotion 2000. Seit 2001 Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ); derzeit Leiter der Arbeitsgruppe Makroökologie, Koordination deutscher und europäischer Projekte zu Klimawandel und Biodiversität. Weitere Arbeitsschwerpunkte: Verbreitungsmuster von Pflanzenarten und funktionellen Merkmalen, speziell: biologische Invasionen, Stadtökologie und Methoden räumlicher Analysen.

Dr. Katrin Vohland
Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung (PIK)
Telegraphenberg A62
14473 Potsdam
E-Mail: katrin.voland@pik-potsdam.de

Dr. Franz Badeck
Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung (PIK)
Postfach 60 12 03
14412 Potsdam
E-Mail: badeck@pik-potsdam.de

Jan Hanspach
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: jan.hanspach@ufz.de

Sven Pompe
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: sven.pompe@ufz.de

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