

NATUR UND LANDSCHAFT

Zeitschrift für Naturschutz und Landschaftspflege

99. Jahrgang 2024 Heft

Seiten

DOI:

© 2024 W. Kohlhammer, Stuttgart

Verlag W. Kohlhammer

Kohlhammer

Projekt RegioDiv – genetische Vielfalt krautiger Pflanzen in Deutschland: Ergebnisse und Empfehlungen für die Regiosaatgut-Praxis

RegioDiv project – Genetic diversity of herbaceous plants in Germany: Results and recommendations for seed zone management

Walter Durka, Stefan G. Michalski, Johannes Höfner, Filip Kolář, Christina M. Müller, Christoph Oberprieler, Kristýna Šemberová und das RegioDiv-Konsortium*

Zusammenfassung

Gebietseigenes Saatgut für Begrünungen und Renaturierungen in der freien Landschaft wird in Deutschland nach Regeln des Regiosaatgutkonzepts in 22 Ursprungsgebieten (UG) produziert. Das Projekt RegioDiv untersuchte die genetische Diversität von über 30 Pflanzenarten des Grünlands deutschlandweit, um zu überprüfen, wie gut die beobachtete räumliche Verteilung der genetischen Strukturen dem geographischen Zuschnitt der UG entspricht. Jede Art zeigte ein artspezifisches innerartliches räumlich-genetisches Diversitätsmuster, aber fast alle Arten zeigten das Muster von „Isolation-durch-Distanz“, also zunehmende genetische Distanz mit zunehmender räumlicher Entfernung. Bei einigen Arten mit mehreren Ploidiestufen, d. h. innerartlichen Taxa mit verschiedenen Anzahlen an Chromosomensätzen, die eigenständige biologische Arten darstellen können, konnten auf Basis ihrer Verbreitungsgebiete spezifische Regeln entwickelt werden. Die Synthese der Verbreitungsmuster der innerartlichen Gruppen über alle Arten hinweg identifizierte Schwächen des aktuellen UG-Systems. Im vorliegenden Beitrag werden wichtige Einzelergebnisse vorgestellt und Empfehlungen für die Praxis gegeben. Unter anderem werden Vorschläge für alternative Zuschnitte der UG, die die genetische Vielfalt besser repräsentieren, vorgestellt. Diese bilden die Grundlage für mögliche Änderungen am UG-System, die in naher Zukunft mit den relevanten Akteuren erarbeitet werden müssen.

Genetische Variation – genetische Differenzierung – Regiosaatgut – Ursprungsgebiet – Herkunftsregion – Polyploidie – Anpassung

Abstract

Autochthonous seed material for ecological restoration is produced in accordance with the rules of the German regional seed (Regiosaatgut) system in 22 seed zones. The RegioDiv project analysed the genetic diversity of more than 30 grassland plant species in all seed zones across Germany to test how well the geographical delineation of the seed zones represents spatial genetic patterns. Each species exhibited a species-specific spatial pattern of genetic variation but nearly all species exhibited an isolation-by-distance pattern of increasing genetic distance with increasing geographic distance. For some species with multiple ploidy levels, i. e. intraspecific taxa with different numbers of chromosome sets that can represent separate biological species, specific management rules were developed based on their respective distribution. The synthesis of the distribution patterns of intraspecific genetic groups identified mismatches with current seed zones. In this article, important individual results are presented and recommendations for practice are given. Among other things, alternative layouts of seed zones that better integrate genetic patterns across all species are presented. They are the basis for potential changes to the seed zone system which will need to be developed together with stakeholders in the near future.

Genetic variation – Genetic differentiation – Regional seed – Seed zone – Region of origin – Polyploidy – Adaptation

Manuskripteinreichung: 27.11.2023, Annahme: 19.4.2024

DOI: 10.19217/NuL2024-07-02 (inkl. Zusatzmaterial)

1 Einleitung

Die Erhaltung der Biodiversität und essenzieller Ökosystemfunktionen, das Verhindern und Umkehren weiterer Habitaterstörung und die Wiederherstellung vielfältiger Lebensräume ist eine globale Herausforderung (UN Decade on Ecosystem Restoration 2024). Dem Aspekt der innerartlichen Vielfalt als Grundlage für die Vielfalt der Arten und Ökosysteme kommt dabei auf allen räumlichen Skalen eine besondere Bedeutung zu, weswegen die innerartliche Vielfalt eines der drei zentralen Schutzgüter des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity – CBD) und damit auch der Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt (NBS) ist.

In der Natur- und Kulturlandschaft Mitteleuropas beherbergen Wiesen, Weiden und andere baumfreie Offenlandhabitate eine außergewöhnlich große Biodiversität, die stark gefährdet ist (Poschlod 2017). Ein Werkzeug zur Erhaltung und Wiederherstellung verschiedener artenreicher Grasland-Habitattypen und zur Erhaltung der innerartlichen Vielfalt ist das in Deutschland etablierte Regiosaatgut-System, das den genehmigungsfreien Einsatz gebietseigener Herkünfte weitverbreiteter Arten ermöglicht. Die biologische Begründung für eine solche, im § 40 Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) niedergelegte Regelung liegt in der für viele Pflanzenarten vorhandenen Anpassung an ihre lokale Umwelt (Leimu, Fischer 2008; Bucharova et al. 2017) und in der durch die

* Die Mitglieder des RegioDiv-Konsortiums sind in Tab.A im Online-Zusatzmaterial unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/> aufgelistet.

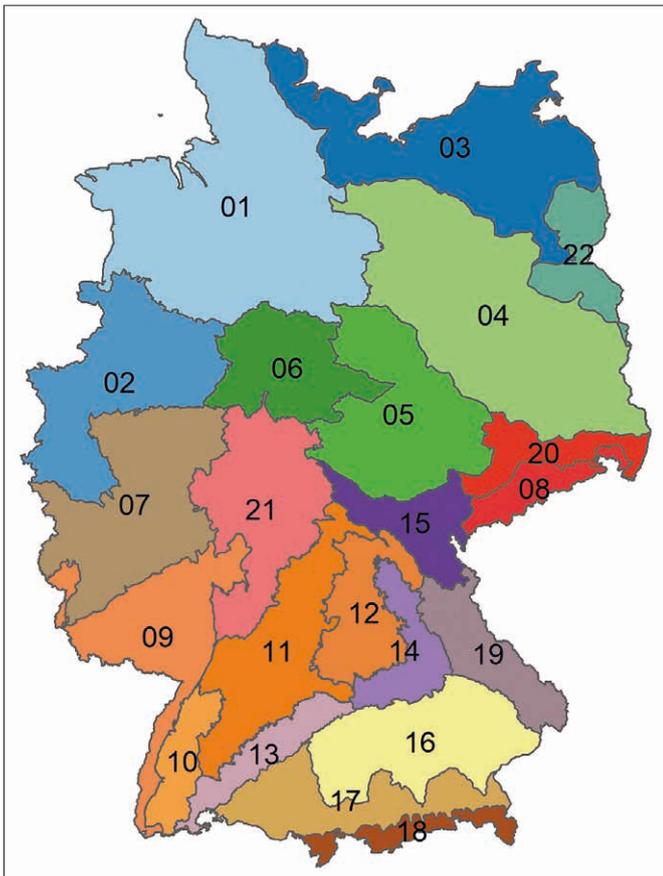


Abb. 1: Karte der 22 Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebietseigenes Saatgut krautiger Pflanzen.

Fig. 1: Map of the 22 seed zones (UG) for regional native seeds of herbaceous plants.

Evolutionsgeschichte der Arten geprägten räumlich-genetischen Muster (Durka et al. 2019).

In Deutschland werden für die praktische Umsetzung dieser gesetzlichen Vorgabe die in Prasse et al. (2010) definierten 22 Ursprungsgebiete (UG; Abb. 1) unterschieden, die in die Erhaltungsmischungsverordnung (ErMiV) übernommen wurden. In den einzelnen UG wird Saatgut gesammelt, das nach Vermehrung wieder innerhalb des jeweiligen UG genehmigungsfrei ausgebracht werden kann. Deutschland verfügt damit über ein funktionierendes Regiosaatgut-System (Bucharova et al. 2019), das zwei Grundanliegen beachtet: „vielfältig und passgenau“ („mix and match“). Passgenau, weil die Abgrenzungen der UG eine regionale Anpassung des Saatguts an die vor Ort herrschenden Umweltbedingungen sicherstellen. Vielfältig, weil das in einem UG angebotene Saatgut aus mehreren Ursprungspopulationen stammt und damit eine große genetische Vielfalt umfasst. Unterschiedliche Zertifikate sichern die jeweilige Qualität in einem wachsenden Markt.

Der Zuschnitt der 22 UG beruht auf naturräumlichen Einteilungen (Meynen et al. 1953–1962) und ist damit im Wesentlichen durch abiotische Faktoren begründet. Dies kann kritisch betrachtet werden, da keine spezifischen empirischen Informationen über diejenigen Pflanzenarten eingingen, für die das System geschaffen wurde. Einzig aus generellen genetischen Überlegungen wurden einige langgestreckte Gebiete (> 300 km) geteilt. Von Seiten der Saatgutproduzenten wurde außerdem kritisiert, dass die UG grundsätzlich zu klein seien (Mainz, Wieden 2019). Der Zuschnitt der UG sollte daher vor dem Hintergrund pflanzengenetischer Erkenntnisse überdacht werden.

Regiosaatgut umfasst sehr viele Pflanzenarten, die sich in ihrer Biologie und Evolutionsgeschichte stark voneinander unterschei-

den. Neben klar umrissenen und unterscheidbaren Arten sind darunter auch sog. gemischt-ploide Arten, die mehrere Ploidiestufen umfassen, d.h. es treten innerhalb einer Art z.B. diploide Individuen mit zwei Chromosomensätzen und tetraploide Individuen mit vier Chromosomensätzen auf. Solche genetischen Linien mit unterschiedlicher Ploidie können getrennte biologische Arten darstellen, die nicht mehr im Genaustausch miteinander stehen (Kolář et al. 2017). Diese zum Teil morphologisch nicht erkennbare – kryptische – Diversität ist nur unzureichend untersucht und die räumliche Verteilung der Linien ist unbekannt. Für die Wildsamensproduktion und das Ausbringen des Saatguts in der Landschaft sind solche Informationen jedoch hochgradig relevant, da mehr als ein Viertel (27%) der Regiosaatgut-Arten – darunter sehr häufig verwendete Arten – gemischt-ploid sind (vgl. Anhang in Durka et al. 2024). Das Regiosaatgut-System beruht auf generell gültigen Ursprungsregionen, die für alle Arten in gleicher Weise gelten; daher muss eine große Zahl an Arten untersucht werden, um die Eignung der Abgrenzungen der UG zu prüfen.

Ziel des vom Bundesamt für Naturschutz (BfN) geförderten Projekts RegioDiv war es, eine breite empirische Datenbasis der genetischen Vielfaltsmuster von Wiesenpflanzen zu erarbeiten, um auf dieser Basis Empfehlungen für das Regiosaatgut-System ableiten zu können. Der vorliegende Beitrag stellt wichtige Aspekte des ausführlichen frei verfügbaren RegioDiv-Abschlussberichts (Durka et al. 2024) dar. Im Folgenden wird nach kurzer Nennung der Methoden ein Überblick über die festgestellten räumlich-genetischen Muster gegeben, exemplarisch auf den Kleinen Odermennig (*Agri-monia eupatoria*) und das Problem der gemischt-ploiden Arten eingegangen. Schließlich werden Konsequenzen für das Regiosaatgut-System diskutiert und einige Empfehlungen für die Regiosaatgut-Praxis gegeben.

2 Projektorganisation und Methoden

Zusammen mit einer projektbegleitenden Arbeitsgruppe (PAG), in der sich Vertreterinnen und Vertreter des Bundes, der Länder, der Wissenschaft und der Wildsamensproduzenten zusammenfanden, wurde eine Liste zu untersuchenden Arten abgestimmt, deren Samen häufig als Regiosaatgut produziert und verwendet werden. Die Liste umfasste 40 Taxa, darunter 4 Artenaggregate und 2 Arten mit mehreren Ploidiestufen. Auf Artniveau befanden sich darunter 8 Gräser und 24 Kräuter (Tab. 1, S. 324).

Die 22 UG wurden in jeweils 3–4 Teilgebiete (TG, insgesamt N=72) unterteilt, mit dem Ziel, alle Arten aus möglichst vielen TG zu sammeln, um so eine repräsentative, flächendeckende Probenahme zu gewährleisten. Wir luden Freiwillige ein, gemäß einem Protokoll Blattproben in einem oder mehreren TG zu sammeln. Ziel war es, in jedem TG insgesamt mindestens 5 individuelle Proben von insgesamt mindestens 3 Populationen der festgelegten Taxa in möglichst natürlichen Habitaten zu gewinnen. 160 Freiwillige sammelten an über 2.500 Standorten insgesamt ca. 19.000 Pflanzenproben. Wegen begrenzten Budgets charakterisierten wir in der Regel nur für eine Probe pro Taxon und Sammelort den individuellen Genotyp (single nucleotide polymorphism marker – SNP-Marker), d.h. für ca. 12.000 Proben. Wir erzeugten DNA-Sequenzdaten nach Peterson et al. (2012) und extrahierten daraus SNP-Genotypen wie in Durka et al. (2024) beschrieben. Wir werteten schließlich 33 Taxa aus, wobei für eine Art (Rundblättrige Glockenblume – *Campanula rotundifolia*) zwei Ploidiestufen unterschieden wurden. Die Zahl der aus Deutschland stammenden Proben in den finalen Datensätzen lag zwischen 89 (Östlicher Bocksart – *Tragopogon orientalis*) und 891 (Wiesen-Witwenblume – *Knautia arvensis*, 4x), im Mittel bei 339 Proben je Taxon. Die Zahl der SNP-Marker lag zwischen 1.465 (Wiesen-Platterbse – *Lathyrus pratensis*) und 11.341 (Rotes Straußgras – *Agrostis capillaris*) (Mittelwert: 5.521).

Tab. 1: Untersuchte Arten bzw. Taxa mit der Anzahl (N) der beprobten Sammelorte, der genetisch untersuchten Proben, der SNP-Marker (single nucleotide polymorphism marker) und der Chloroplasten-Marker (chloroplast single nucleotide polymorphism marker – cpSNP-Marker).

Table 1: Species and taxa studied with number (N) of sampling sites, samples analysed genetically, SNP markers (single nucleotide polymorphism markers) and chloroplast markers (chloroplast single nucleotide polymorphism markers – cpSNP markers).

Art/Taxon		N	N	N SNP-	N cpSNP-
Deutscher Name	Wissenschaftlicher Name	Sammelorte	Proben	Marker	Marker
Gewöhnliche Schafgarbe (Aggregat)	<i>Achillea millefolium</i> agg.	577	639	5.813	69
Gewöhnliche Schafgarbe (i. e. S.)	<i>Achillea millefolium</i> s. str.	375	378	5.047	60
Wiesen-Schafgarbe	<i>Achillea pratensis</i>	167	173	4.409	57
Kleiner Odermennig	<i>Agrimonia eupatoria</i>	343	355	3.067	57
Rotes Straußgras	<i>Agrostis capillaris</i>	365	368	11.341	60
Gewöhnliches Ruchgras	<i>Anthoxanthum odoratum</i>	382	598	9.392	133
Glatthafer	<i>Arrhenatherum elatius</i>	497	517	10.318	56
Schlangen-Wiesknöterich	<i>Bistorta officinalis</i>	209	222	8.122	61
Aufrechte Trespe	<i>Bromus erectus</i>	201	224	10.319	69
Rundblättrige Glockenblume	<i>Campanula rotundifolia</i>	337	348	4.482	117
Rundblättrige Glockenblume (diploid)	<i>Campanula rotundifolia</i> , 2x	149	153	3.713	78
Rundblättrige Glockenblume (tetraploid)	<i>Campanula rotundifolia</i> , 4x	188	195	4.261	102
Wiesen-Flockenblume	<i>Centaurea jacea</i>	492	522	10.139	220
Gewöhnliches Silbergras	<i>Corynephorus canescens</i>	136	188	9.018	61
Weide-Kammgras	<i>Cynosurus cristatus</i>	260	270	6.984	49
Zypressen-Wolfsmilch	<i>Euphorbia cyparissias</i>	367	389	6.974	177
Rot-Schwingel (Aggregat)	<i>Festuca rubra</i> agg.	327	332	7.194	64
Horst-Schwingel	<i>Festuca nigrescens</i>	152	155	5.697	48
Rot-Schwingel (i. e. S.)	<i>Festuca rubra</i> s. str.	154	156	5.572	53
Echtes Mädesüß	<i>Filipendula ulmaria</i>	420	431	5.646	116
Weißes Labkraut	<i>Galium album</i>	518	538	9.403	70
Gewöhnliches Ferkelkraut	<i>Hypochaeris radicata</i>	315	345	3.286	98
Wiesen-Witwenblume	<i>Knautia arvensis</i>	533	961	6.397	113
Wiesen-Witwenblume (diploid)	<i>Knautia arvensis</i> , 2x	28	56	2.510	53
Wiesen-Witwenblume (tetraploid)	<i>Knautia arvensis</i> , 4x	515	891	6.103	109
Wiesen-Platterbse	<i>Lathyrus pratensis</i>	423	428	1.465	19
Wiesen-Margerite (Aggregat)	<i>Leucanthemum vulgare</i> agg.	387	507	3.451	81
Wiesen-Margerite (tetraploid)	<i>Leucanthemum ircutianum</i> , 4x	305	394	3.352	79
Frühe Margerite (i. e. S.) (diploid)	<i>Leucanthemum vulgare</i> s. str., 2x	95	113	2.410	56
Gewöhnlicher Hornklee	<i>Lotus corniculatus</i>	460	477	3.669	54
Kuckucks-Lichtnelke	<i>Lychnis flos-cuculi</i>	293	454	2.457	27
Kleine Pimpinelle	<i>Pimpinella saxifraga</i>	317	347	3.106	108
Gewöhnliche Braunelle	<i>Prunella vulgaris</i>	288	295	3.517	62
Scharfer Hahnenfuß	<i>Ranunculus acris</i>	448	458	2.982	34
Wiesen-Salbei	<i>Salvia pratensis</i>	216	220	4.268	78
Gewöhnliches Leimkraut	<i>Silene vulgaris</i>	275	297	4.288	64
Arznei-Thymian	<i>Thymus pulegioides</i>	306	318	5.012	278
Wiesen-Bocksbart (Aggregat)	<i>Tragopogon pratensis</i> agg.	354	380	7.581	171
Wiesen-Bocksbart (i. e. S.) und Kleiner Bocksbart	<i>Tragopogon pratensis</i> s. str. inkl. <i>T. minor</i>	261	236	3.439	123
Östlicher Bocksbart	<i>Tragopogon orientalis</i>	83	89	4.653	115

agg. = Aggregat, i. e. S. = im engeren Sinne, s. str. = sensu stricto

Die Datenanalyse umfasste u. a. eine Hauptkomponentenanalyse (principal component analysis – PCA) und eine Clusteranalyse mit dem Programm Admixture (Alexander et al. 2009). Dieses identifiziert Genpools, die als innerartliche Gruppen gedeutet werden können, und weist jedem Pflanzenindividuum eine Wahrscheinlichkeit der Zugehörigkeit zu diesen Genpools zu. Die individuelle Zuweisungswahrscheinlichkeit zu den innerartlichen Gruppen wurde, räumlich interpoliert (sog. Kriging), als farbige Karte dargestellt. Außerdem analysierten wir den Zusammenhang zwischen der genetischen und der geographischen Distanz zwischen Paaren von UG, die jeweils als Vorkommensgebiete getrennter Populationen interpretiert wurden. Eine signifikante Korrelation wird als „Isolation-durch-Distanz“ (isolation-by-distance – IBD) bezeichnet und ist gekennzeichnet durch das Zusammenspiel von Genfluss (durch Samen- und Pollenausbreitung) und genetischer Drift (Hutchison, Templeton 1999). Die Methoden sind ausführlich in Durka et al. (2024) dargestellt.

3 Ergebnisse und Diskussion

3.1 Räumlich-genetische Strukturen

Wir untersuchten Datensätze für 33 verschiedene Taxa, wobei zwischen 2 und 8 innerartliche genetische Gruppen unterschieden werden konnten (Darstellung der Ergebnisse in 36 Karten in Abb. 2 und Abb. A, B im Online-Zusatzmaterial unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/>, Kasten 1, S. 326 f.). Die innerartlichen Gruppen bilden in der Regel räumlich kohärente, artspezifische geographische Gebiete ab. Nur in Ausnahmefällen (z. B. Wiesen-Knöterich – *Bistorta officinalis*, Taubenkropf-Leimkraut – *Silene vulgaris*) treten innerartliche Gruppen räumlich verteilt auf, was auf Fernausbreitung zurückzuführen sein könnte. Bei wenigen Arten sind Gruppen sehr schwach ausgeprägt mit entsprechend diffusen Grenzen, z. B. beim Glatthafer (*Arrhenatherum elatius*). Die Verbreitungsgrenzen der innerartlichen Gruppen

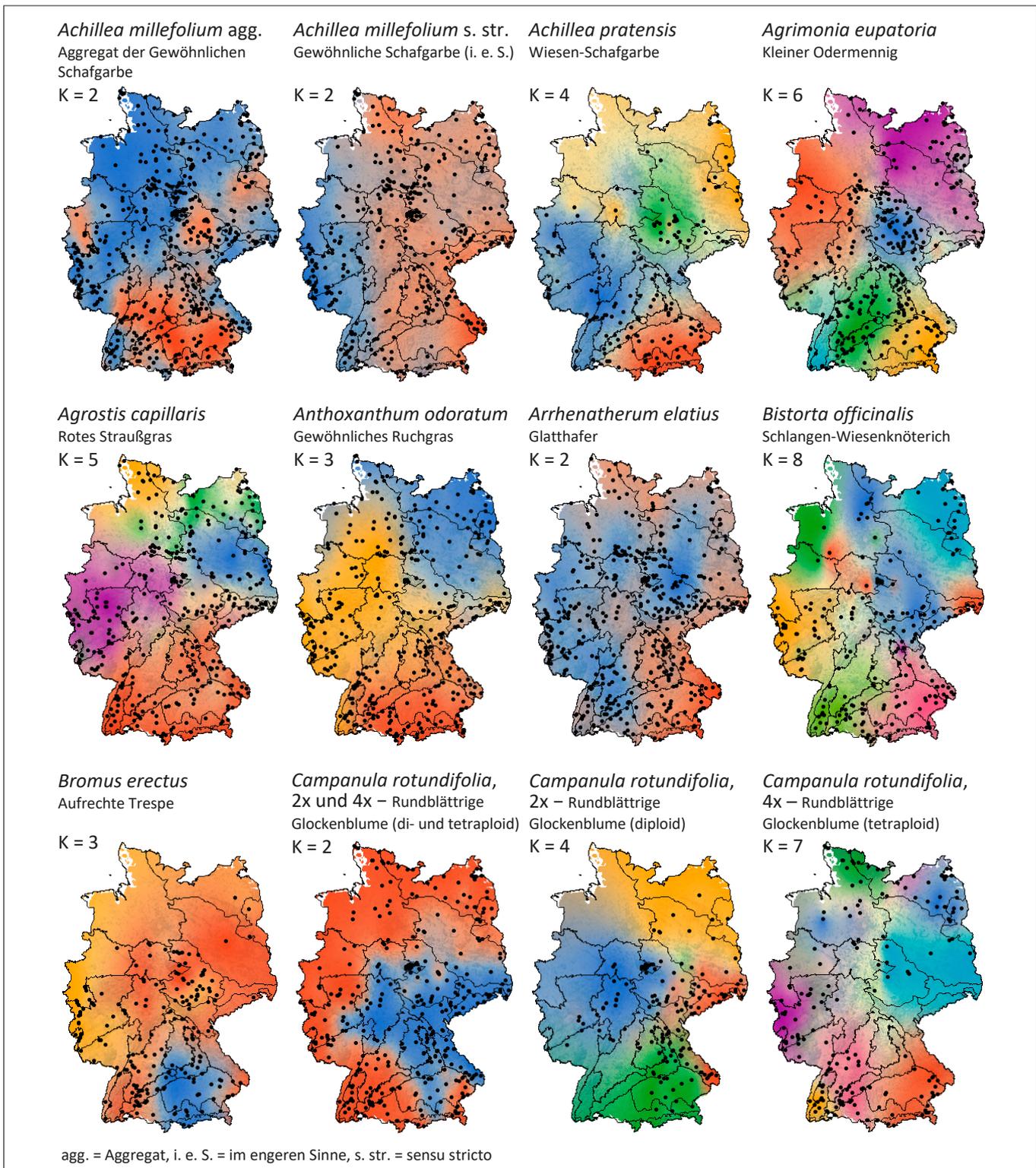


Abb. 2: Verbreitung der innerartlichen genetischen Gruppen in Deutschland für 12 Taxa der Wiesenpflanzen (für weitere Taxa siehe Abb. A, B im [Online-Zusatzmaterial](#)). Schwarze Linien stellen die Grenzen der 22 Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebiets-eigenes Saatgut krautiger Pflanzen dar. Jede Farbe entspricht einer genetischen Gruppe, Farbverläufe zeigen die Vermischung der Gruppen, „K“ gibt die Anzahl der genetischen Gruppen an. Bei dem gemischt-ploiden Aggregat der Gewöhnlichen Schafgarbe (*Achillea millefolium* agg.) und der gemischt-ploiden Rundblättrigen Glockenblume (*Campanula rotundifolia*) werden sowohl die Karte des Taxons mit mehreren Ploidiestufen als auch die Karten der Taxa der einzelnen Ploidiestufen gezeigt. Die Interpolation umfasst auch Gebiete, in denen die Taxa nicht verbreitet sind (z. B. bei der Aufrechten Trespe – *Bromus erectus*).

Fig. 2: Distribution of intraspecific genetic groups in Germany for 12 taxa of grassland plants (for further taxa see Figures A, B in the [online supplementary material](#)). Black lines represent the boundaries of the 22 seed zones (UG) for regional native seeds of herbaceous plants. Colours represent genetic groups, colour gradients indicate mixture or admixture of genotypes, “K” indicates the number of genetic groups. In the mixed-ploid aggregate of yarrow (*Achillea millefolium* agg.) and in the mixed-ploid harebell (*Campanula rotundifolia*), both a map of the taxon with several ploidy levels and maps of the taxa of single ploidy levels are shown. The interpolation covers the whole of Germany irrespective of distribution gaps (e. g. in erect brome – *Bromus erectus*).

Kasten 1: Genetische Struktur des Kleinen Odermennig (*Agrimonia eupatoria*).

Box 1: Genetic structure of common agrimony (*Agrimonia eupatoria*).

Der Kleine Odermennig (*Agrimonia eupatoria*; Abb. 3, S. 328) ist eine in ganz Europa einheimische Art, in Deutschland im Flach- und Hügelland weit verbreitet, im Nordwesten und den Mittelgebirgsregionen aber selten bis fehlend. Die Art ist tetraploid, im Gegensatz zum in Deutschland nur zerstreut vorkommenden oktaploiden Großen Odermennig (*Agrimonia procera*). Zwischen beiden Arten kann es zur Hybridisierung kommen, wobei die Nachkommen steril sind. Die Blüten des Kleinen Odermennig werden von Schwebfliegen und Bienen besucht. Die mit Haken besetzten Früchte werden von größeren Tieren ausgebreitet. Die Art wurde als Zeigerpflanze für historisch altes Grasland identifiziert (Karlik, Poschlod 2019).

Im Projekt RegioDiv wurden 355 Proben aus allen Ursprungsgebieten (UG) untersucht und an 3.067 SNP-Markern (single nucleotide polymorphism marker) genotypisiert. Einige der gesammelten Proben stellten sich als *Agrimonia procera* heraus und wurden aus dem Datensatz entfernt. Entsprechend der Gesamtverbreitung sind die herzynischen Mittelgebirge, der Schwarzwald, die Alpen und Voralpen schlecht repräsentiert.

Mittels Hauptkomponentenanalyse (principal component analysis – PCA) lassen sich die genetischen Distanzen zwischen den Proben darstellen (Abb. K1-1). Die PCA zeigt eine deutliche, räumlich-genetische Strukturierung, wobei sich entlang der ersten Achse (PC1) Proben aus dem Nordosten Deutschlands von eher südwestlich gelegenen Proben trennen. Entlang der zweiten Achse (PC2) trennt sich diese zweite Gruppe entlang einer Nordwest-Südost-Achse weiter auf. Die relative scharfe Trennung zwischen den Gruppen deutet auf langanhaltende Isolation hin und wäre kompatibel mit historischen disruptiven Ereignissen während der letzten Eiszeit. Auf pan-europäischer Skala sind die populationsgenetischen Signaturen bspw. verschiedener glazialer Refugialgebiete und entsprechender postglazialer Migration bei vielen Grasslandarten erkennbar (z. B. Van Rossum et al. 2018; Xue et al. 2023).

Die modellbasierte Clusteranalyse weist ebenfalls auf eine ausgeprägte Populationsstruktur hin. Biologisch plausibel, d. h. mit eindeutigen individuellen Gruppenzuweisungen, und räumlich kohärent sind Lö-

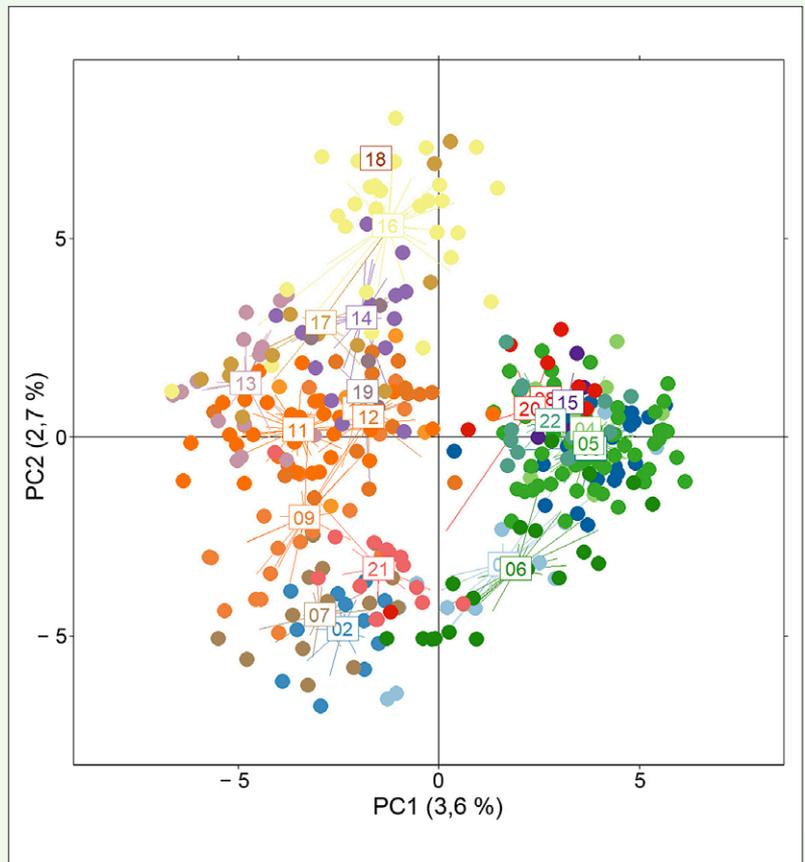


Abb. K1-1: Darstellung der genetischen Distanzen zwischen den Proben des Kleinen Odermennig (*Agrimonia eupatoria*). Es werden die ersten zwei Achsen einer Hauptkomponentenanalyse (principal component analysis – PCA) dargestellt; Farben und Nummern repräsentieren das Ursprungsgebiet (UG) der jeweiligen Proben (zu den UG siehe Abb. 1, S. 323).

Fig. K1-1: Visualisation of the genetic distances between samples of common agrimony (*Agrimonia eupatoria*). The first two axes of a principal component analysis (PCA) are shown; colours and numbers represent seed zones (UGs) of the respective samples (for the UGs see Fig. 1, p. 323).

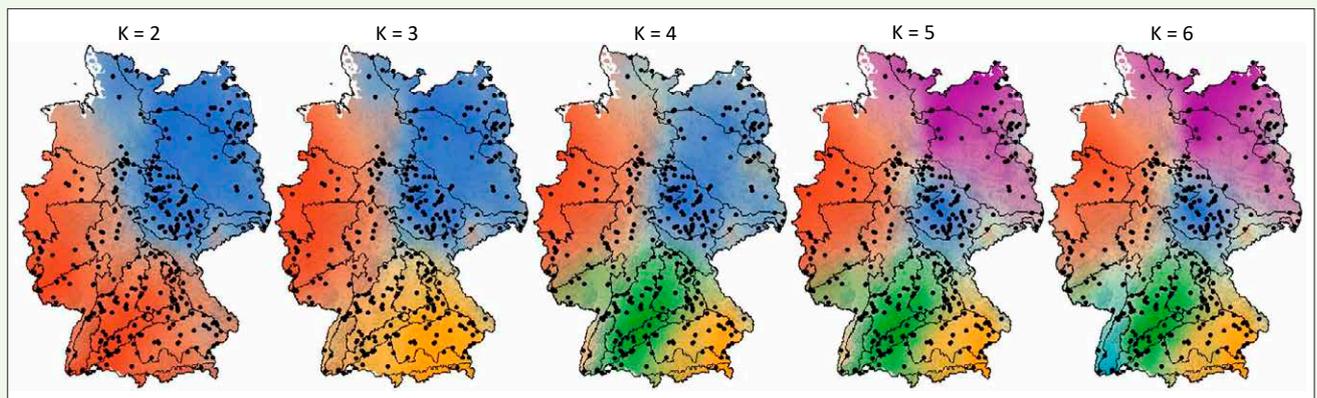


Abb. K1-2: Verbreitung innerartlicher genetischer Gruppen des Kleinen Odermennig (*Agrimonia eupatoria*) auf Basis der räumlichen Interpolation individueller Abstammungskoeffizienten für 2–6 Gruppen (K = 2 bis K = 6). Jede Farbe entspricht einer genetischen Gruppe, Farbverläufe zeigen die Vermischung der Gruppen.

Fig. K1-2: Distribution of intraspecific genetic groups of common agrimony (*Agrimonia eupatoria*) based on spatial interpolation of individual ancestry coefficients for two to six ancestral groups (K = 2 to K = 6). Colours represent genetic groups, colour gradients indicate mixture or admixture of genotypes.

Kasten 1: Fortsetzung.

Box 1: Continued.

sungen mit 2–6 Gruppen (K=2 bis K=6; Abb. K1-2). Mit zunehmender Gruppenzahl zeigt sich hier die Hierarchie der räumlich-genetischen Struktur.

Wie in der PCA wird in der Clusteranalyse bei K=2 der Nordosten vom Südwesten getrennt, bei K=3 trennt sich die letztere Gruppe in eine West- und eine Südgruppe auf. Bei K=4 teilt sich diese Südgruppe weiter auf, bei K=5 trennt sich von der Nordostgruppe der mitteldeutsche Raum ab, bei K=6 separiert sich noch einmal eine kleine Gruppe im äußersten Südwesten. Einige der 22 UG (Abb. 1, S. 323) lassen sich diesen Gruppen eindeutig zuordnen. Bei K=6 entsprechen die UG 3, 4 und 22 der nordöstlichen Gruppe (lila in Abb. K1-2), das UG 5 der mitteldeutschen Gruppe (blau) und die UG 11, 12 und 13 der mittleren Südgruppe (grün). Andere UG zeigen ein eher heterogenes Bild mit unterschiedlichen Gruppenanteilen, z. B. UG 6, 16, 17 und 21.

Die globale Analyse der genetischen Varianz zeigt, dass für *Agrimonia eupatoria* die UG 6,4% der Gesamtvarianz erklären können. Dieser Anteil übersteigt den Mittelwert über alle untersuchten Arten deutlich (2,6%). Auch dies belegt die starke räumlich-genetische Struktur für diese Art.

Die genetische Differenzierung zwischen UG, gemessen an den paarweisen F_{ST} -Werten, ist daher ebenfalls vergleichsweise hoch. Alle UG sind signifikant voneinander differenziert mit F_{ST} -Werten meist zwischen 0,05 und 0,10. Diese paarweise Differenzierung steigt deutlich mit zunehmender räumlicher Distanz der UG, d. h. es besteht eine deutlich ausgeprägte Isolation-durch-Distanz (isolation-by-distance – IBD) mit – im Vergleich zu anderen Arten – hoher Steigung von 0,012 $F_{ST}/100$ km (Abb. K1-3). Diese kontinuierliche Änderung der genetischen Zusammensetzung im Raum besteht auch innerhalb der durch die Clusteranalyse identifizierten Gruppen (Daten nicht gezeigt) und quantifiziert damit die kleinräumigste der von uns erfassbaren räumlich-genetischen Strukturen.

Bei einem Mangel an verfügbarem Saatgut könnte für ein bestimmtes UG Ersatzsaatgut aus einem angrenzenden UG verwendet werden. Ob dies aus populationsgenetischer Sicht zulässig ist, lässt sich durch einen Vergleich der genetischen Distanzen zwischen Individuen innerhalb des Ziel-UG mit den genetischen Distanzen zwischen Individuen aus Ziel- und Ersatzgebiet bewerten. Nach dieser Analyse (Abb. K1-4) ist für *Agrimonia eupatoria* die Mehrzahl der möglichen Ziel- und Ersatzgebietskombinationen nicht geeignet. Für 9 UG ist keine Nachbarregion als Ersatz geeignet, für 11 UG kommen 1–2 Ersatzregionen in Frage und nur für die UG 15, 17 und 19 wäre ein Ersatz aus der Mehrzahl angrenzender UG möglich. *A. eupatoria* ist aber in den meisten der letztgenannten UG nur wenig verbreitet und wird damit über den Artenfilter ohnehin nicht als Regioaatgut empfohlen.

Die Analysen zeigen detailliert die Muster der genetischen Vielfalt der Art in den Grenzen Deutschlands. Allerdings ist aufgrund der geographischen Beschränkung bei dieser und den weiteren Arten ein umfassendes Verständnis der beobachteten räumlich-genetischen Muster nicht möglich. So können einzelne Befunde nur spekulativ interpretiert werden, z. B. die Besiedlungsgeschichte, die sich erst aus einer arealweiten oder zumindest gesamteuropäischen Perspektive erschließt (vgl. Taberlet 1998).

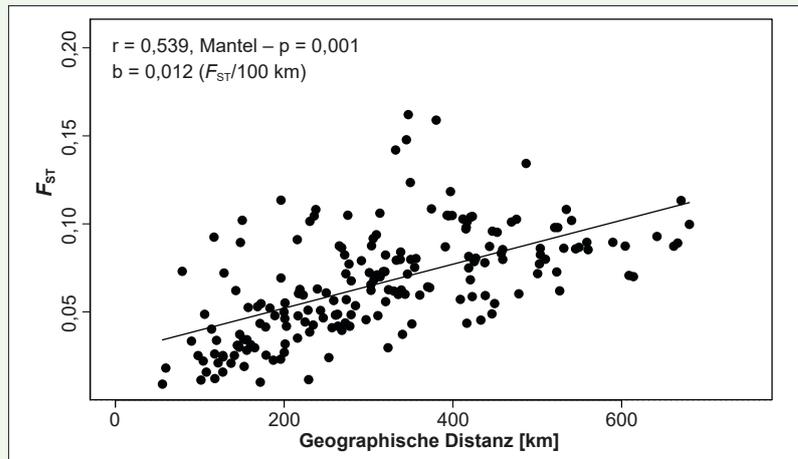


Abb. K1-3: Isolation-durch-Distanz (isolation-by-distance – IBD) beim Kleinen Odermennig (*Agrimonia eupatoria*). Dargestellt ist die paarweise genetische Differenzierung (F_{ST} , ohne Dimension) in Abhängigkeit von der räumlichen Distanz zwischen Ursprungsgebieten (UG), die hier als Population interpretiert werden; r = Korrelationskoeffizient, p = Irrtumswahrscheinlichkeit nach Mantel-Test, b = Steigung.

Fig. K1-3: Isolation-by-distance (IBD) pattern in common agrimony (*Agrimonia eupatoria*). Plot of pairwise genetic differentiation (F_{ST} , without dimension) in relation to spatial distances among seed zones (UG), which were interpreted here as populations; r = correlation coefficient, p = probability of error according to Mantel test, b = slope.

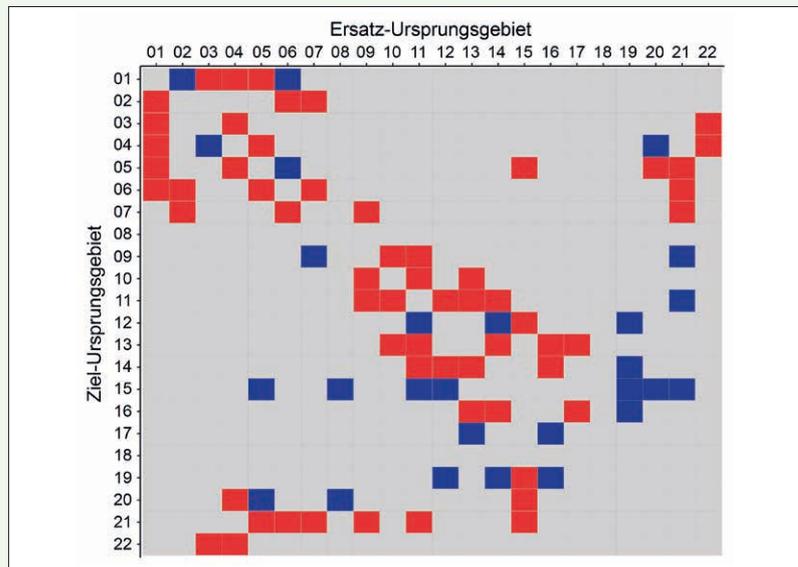


Abb. K1-4: Zulässige und unzulässige Kombinationen aus Ziel-Ursprungsgebiet (Ziel-UG) und Ersatz-Ursprungsgebiet (Ersatz-UG) für den Kleinen Odermennig (*Agrimonia eupatoria*). Aus populationsgenetischer Sicht mögliche Kombinationen aus Ziel-UG mit einem benachbarten Ersatz-UG sind in Blau, ungeeignete in Rot dargestellt. Grau hinterlegt sind die Kombinationen nicht benachbarter Gebiete bzw. von Gebieten mit ungenügenden Daten für eine Bewertung. Die Ziffern geben die Nummern der UG an (siehe auch Abb. 1, S. 323).

Fig. K1-4: Permissible and impermissible combinations of target seed zones and replacement seed zones for common agrimony (*Agrimonia eupatoria*). From a population genetic point of view, possible combinations of target seed zones with neighbouring replacement seed zones are shown in blue, unsuitable combinations in red. Combinations of non-neighbouring seed zones or combinations of seed zones with lacking data are shown in grey. The numbers indicate the numbers of the seed zones (see also Fig. 1, p. 323).



Abb. 3: Kleiner Odermennig (*Agrimonia eupatoria*). (Foto: Donald Hobern, <https://commons.wikimedia.org>, CC BY 2.0 DEED)

Fig. 3: Common agrimony (*Agrimonia eupatoria*).

stimmen nur in Ausnahmefällen mit den jetzigen UG-Grenzen überein. Oft gibt es große Übergangsbereiche, in denen sich die genetischen Gruppen mischen. Über mehrere Arten hinweg sind einige geographische Regionen durch bestimmte innerartliche genetische Gruppen gekennzeichnet, z. B. der Norden u. a. bei *Agrostis capillaris*, der tetraploiden Rundblättrigen Glockenblume – *Campanula rotundifolia* (4x) und beim Wiesen-Kammgras – *Cynosurus cristatus*, der Nordwesten u. a. bei Kleinem Odermennig – *Agrimonia eupatoria*, Abb. 3, Gewöhnlichem Hornklee – *Lotus corniculatus* und der Kuckucks-Lichtnelke – *Lychnis flos-cuculi*, aber auch der Nordosten, Südosten, Südwesten, Westen oder Mitteldeutschland. Allerdings sind diese geographischen Regionen in der jeweiligen konkreten Ausdehnung und Abgrenzung artspezifisch und nicht generalisierbar.

Zusätzlich zu den innerartlichen Gruppen ist die genetische Diversität durch kontinuierliche Gradienten gekennzeichnet. Mit einer Ausnahme (Frühe Margerite – *Leucanthemum vulgare* s. str.) folgt die genetische Struktur aller Arten dem IBD-Muster, d. h. einer stetigen Vergrößerung der genetischen Distanz mit zunehmender geographischer Distanz. Allerdings unterscheiden sich die Arten in der Stärke dieser Veränderung. Die geringsten Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung mit zunehmender räumlicher Distanz zeigen die Gräser *Arrhenatherum elatius*, Aufrechte Treppe (*Bromus erectus*) und Rot-Schwengel (*Festuca rubra* s. str.) und die Wiesen-Margerite (*Leucanthemum ircutianum*). Zu den Arten mit der stärksten Veränderung gehören *Agrimonia eupatoria* (siehe **Kasten 1**, S. 326 f.), *Lychnis flos-cuculi* und die Bocksbart-Arten (*Tragopogon orientalis*, Wiesen-Bocksbart – *T. pratensis* inkl. Kleiner Bocksbart – *T. minor*). Unter der Annahme einer stetig linearen Beziehung zwischen genetischer und geographischer Distanz erhöht sich bei allen diesen Arten die genetische Distanz um 10% pro 70 km Entfernung. Sowohl die Existenz der innerartlichen Gruppen als auch das IBD-Muster belegen, dass die Ausbreitung von Samen und Pollen räumlich begrenzt ist und daher die sich aus der Evolutions- und Besiedlungsgeschichte ergebenden Muster relativ stabil bleiben.

3.2 Gemischt-ploide Arten

Einige der untersuchten Taxa sind bekanntermaßen „schwierige“ Gruppen, bestehend aus mehreren Arten oder Linien. Polyploidisierung kann eine Ursache für die Ausbildung solcher Komplexe sein. Die Ploidiestufen sind dabei nicht immer morphologisch unterschieden, sodass bei vielen gemischt-ploiden Arten sowohl die

ökologische als auch die räumliche Verbreitung der Ploidiestufen ungeklärt ist. Das gemeinsame Vorkommen verschiedener Ploidiestufen am selben Wuchsort ist in der Natur selten, da die Kreuzung z. B. zwischen Di- und Tetraploiden in der Regel zu nicht lebensfähigen oder sterilen triploiden Nachkommen führt, die sich nicht weiter sexuell fortpflanzen. Daher sollten sowohl in der Wildsamenerzeugung als auch in der Renaturierung gemischt-ploide Populationen vermieden werden. Bei der Auswahl der Entnahmeorte und Vermehrung des Saatguts ist daher besondere Sorgfalt nötig. Aufgrund der Bedeutung dieser Thematik für das Regiosaatgut-System stellen wir im Folgenden die Hauptergebnisse der gemischt-ploiden Arten im Einzelnen vor (siehe **Abb. 2**, S. 325, und **Abb. A, B** im **Online-Zusatzmaterial**).

Die tetraploide Unterart von *Knautia arvensis* ist überall in Deutschland die häufigste Unterart, die diploide dagegen sehr selten. Tatsache ist aber, dass die diploide Form teilweise mit Regiosaatgut ausgebreitet wurde (**Durka et al. 2017**; **Kaulfuß, Reisch 2019**). Hier sollten die zu vermehrenden Herkünfte genauer geprüft werden.

Bei *Campanula rotundifolia* kommen beide – die diploide und die tetraploide Form – häufig vor, wobei von Tschechien ausgehend in der Mitte Deutschlands eher die diploide Form, weiter westlich und nördlich dagegen ausschließlich die tetraploide Form vorkommt. Die Grenzen sind relativ scharf, aber nicht mit UG-Grenzen identisch (**Abb. 4**), weswegen hier die im neuen Leitfaden zur Verwendung gebietseigenen Saatguts (**Skowronek et al. 2023**) eröffnete Möglichkeit genutzt werden sollte, subregionale Herkünfte entsprechend der Ploidiestufe zu verwenden.

Weitere gemischt-ploide Arten sind die Kleine Bibernelle (*Pimpinella saxifraga*) mit weniger klar getrennten Arealen und das Wiesen-Margeriten-Aggregat mit dem diploiden *Leucanthemum vulgare* und dem tetraploiden *L. ircutianum*, die beide in fast allen UG vorkommen. Allerdings ist das sonst meist seltenere *L. vulgare* s. str. im Norden Deutschlands (UG 1, 3, 22) ebenso häufig wie *L. ircutianum*, sodass dort auch nicht – wie aktuell üblich – nur die tetraploide Form, sondern auch die diploide Form – allerdings jeweils getrennt voneinander – im Regiosaatgut eingesetzt werden sollte. Bei der Zypressen-Wolfsmilch (*Euphorbia cyparissias*) besetzen, neben den überall sonst vorkommenden tetraploiden Individuen, die diploiden Individuen ein kleines, bisher unbekanntes Areal im äußersten Westen Deutschlands (gelbe Gruppe in **Abb. A** im **Online-Zusatzmaterial**). Für das Aggregat der Gewöhnlichen Schafgarbe (*Achillea millefolium* agg.) wurden v. a. die beiden schwer voneinander zu unterscheidenden Arten der Gewöhnlichen Schafgarbe (*A. millefolium* s. str., 6x) und der erst vor 30 Jahren beschriebenen Wiesen-Schafgarbe (*A. pratensis*, 4x) als weit verbreitet festgestellt, wobei letztere z. B. im Alpenvorland vorzuherrschen scheint (**Abb. 2**, S. 325).

Aufgrund der guten Datenlage können wir für die oben genannten Arten und ihre Ploidiestufen detaillierte Empfehlungen für das nötige Management im Regiosaatgut machen. Ziel muss es sein, diese Arten mit teilweise kryptischer Diversität nicht per Artenfilter auszuschließen, sondern entsprechend ihrer räumlichen Verbreitung und Häufigkeit im Regiosaatgut zu verwenden.

3.3 Bewertung des derzeitigen Gebietssystems

In einem System von UG, das generelle öko-genetischen Einheiten repräsentiert, sollten die Taxa verschiedener TG eines UG untereinander genetisch ähnlicher sein im Vergleich zu den Taxa der TG anderer UG. Eine entsprechende Analyse über alle Arten hinweg zeigte, dass es mit Ausnahme des UG 5 in allen UG ein bis mehrere TG gibt, deren Taxa eher denen von TG anderer UG nahestehen. Diese Ergebnisse zeigen allgemeine Schwächen der derzeitigen Gebietsabgrenzung auf und könnten als Ausgangspunkt für Veränderungen der Gebietsgrenzen dienen.

In ähnlicher Weise kann artspezifisch getestet werden, ob aus genetischer Sicht der Ersatz einer bestimmten Herkunft durch andere

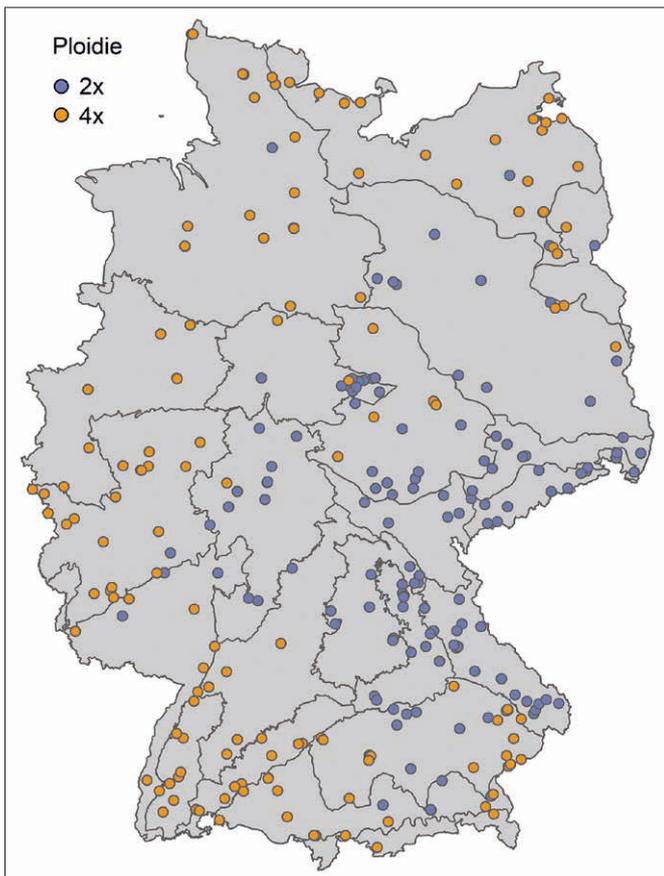


Abb. 4: Verbreitung der diploiden (blau) und tetraploiden (orange) Ploidiestufen der Rundblättrigen Glockenblume (*Campanula rotundifolia*) in Deutschland. Schwarze Linien stellen die Grenzen der 22 Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebietseigenes Saatgut krautiger Pflanzen dar.

Fig. 4: Distribution of diploid (blue) and tetraploid (orange) ploidy levels of harebell (*Campanula rotundifolia*) in Germany. Black lines represent the boundaries of the 22 seed zones (UG) for regional native seeds of herbaceous plants.

Herkünfte aus einer Nachbarregion akzeptabel ist, wie es derzeit laut ErMiV § 4 (2) noch möglich ist. Es wurde also untersucht, ob die genetische Distanz zwischen Herkünften eines bestimmten UG und eines benachbarten UG größer ist als die Distanz entsprechender Herkünfte innerhalb des betrachteten UG. Die Ergebnisse der Analyse zeigen, dass die Verwendung von Saatgut aus Ersatzgebieten im Allgemeinen nicht empfohlen werden kann. Tatsächlich gibt es in dieser Hinsicht große Unterschiede zwischen den Arten, wobei zwischen 22 % (*Festuca rubra* s.str.) und 79 % (*Knautia arvensis*, 4x) der betrachteten Ersatzgebiete ungeeignet sind. Auf Basis der Ergebnisse sind jedoch art- und UG-spezifische Angaben für Ersatzgebiete möglich (Abb.K1-4, S.327). Diese Spielräume könnten in der Praxis genutzt werden.

3.4 Alternative Vorschläge für ein Gebietssystem

Ein Vergleich der derzeitigen UG mit alternativen Gebietszuschnitten auf Basis der im RegioDiv-Projekt erhobenen Daten setzt einen über Arten hinweg gültigen Bewertungsparameter voraus. Im Projekt nutzen wir die mittlere, standardisierte erklärte genetische Varianz (sV_{UG}), die erfasst, wie gut die genetischen Muster aller betrachteten Arten durch ein bestimmtes UG-System repräsentiert sind. Das aktuelle System der 22 UG erreicht hier einen Referenzwert von $sV_{UG} = 0,7$. Alternative Gebietssysteme sollten daher mindestens diesen Wert erreichen. Wir ermittelten dann alternative UG auf Basis

der innerartlichen genetischen Gruppen in den 72 TG. Mit unterschiedlichen Ansätzen zur Beschreibung der genetischen Muster und mehrstufigen automatisierten Klassifikationsalgorithmen setzten wir dabei die TG zu einer vorher festgelegten Zahl neu zugeschnittener UG so zusammen, dass die UG möglichst homogen sind.

Generell nimmt sV_{UG} mit der Anzahl der UG zu. Die algorithmisch erzeugten Gebietssysteme können bereits mit 16 UG den Referenzwert für das derzeitige System erreichen und übertreffen ihn mit weiter steigender Zahl der Gebiete. Die Grenzen der so erzeugten alternativen UG weichen dabei deutlich von den derzeitigen Grenzen der UG ab (Abb.5a, S.330).

Diese neuen UG sind, obwohl keine geographische Information in die Analyse eingegangen war, meist räumlich kohärent und relativ kompakt. Langgestreckte Naturräume werden aufgetrennt, z. B. wird die aktuell gültige Trennung von Schwäbischer und Fränkischer Alb und die Teilung der herzynischen Gebirge (Bayerischer Wald, Frankenwald, Erzgebirge) in mehrere UG konsequent bestätigt. Auch langgestreckte UG werden aufgeteilt (z. B. UG 11, 16, 17). Diese Bildung kompakter Gebiete ist die Konsequenz des generell gefundenen IBD-Musters und der Grenzen der Verbreitungsgebiete, die sich bei innerartlichen Gruppen mehrerer Arten ähneln (vgl. Abb. 2, S.325, und Abb. A, B im Online-Zusatzmaterial).

Im Vergleich verschiedener algorithmischer Lösungen bilden sich in konsistenter Weise einige charakteristische Gruppen von Gebieten heraus, z. B.

- die beiden Teile von UG 1 und 3 in Schleswig-Holstein wurden nie getrennt, sondern waren immer in derselben Gruppe;
- eine „West-Gruppe“ wurde aus Teilen von UG 2, 7 und 9 gebildet;
- das kleine UG 22 wurde immer zwischen UG 3 und 4 aufgespalten;
- das Voralpenland (UG 16 und 17) wurde in West-Ost-Richtung aufgeteilt.

Interessanterweise wurde das Vorland von Mittelgebirgen und Alpen nicht von den Hochlagen getrennt, sondern mit diesen vereinigt, aber gemeinsam quer zur Längsachse geteilt.

Ein grundsätzlicher Befund ist, dass keine eindeutige Lösung für eine optimale Zahl an UG existiert und es auch für eine bestimmte Zahl an UG jeweils keinen „einzig richtigen“ UG-Zuschnitt gibt, sondern viele ähnlich gute. Diese Tatsache spiegelt einerseits die Unterschiedlichkeit der Arten wider, kann andererseits aber als Chance und Verhandlungsspielraum bei der Entwicklung eines alternativen Gebietssystems verstanden werden.

Diese algorithmisch erzeugten Gebietszuschnitte können nur ein erster Schritt bei der Entwicklung eines möglichen neuen UG-Systems sein. Praktische Erwägungen von Seiten der Wildsamensproduzenten und der zuständigen Behörden müssen hier integriert werden. Die Erarbeitung einer eventuellen Neufassung der UG-Kulisse war nicht Aufgabe des Projekts. Dennoch wurden erste Versuche in diese Richtung im Rahmen der PAG unternommen (Abb.5b, S.330), ohne allerdings zu einem abschließenden Vorschlag zu kommen.

4 Empfehlungen

Aus den vorgelegten Befunden zur Strukturierung der genetischen Vielfalt können eine Reihe von Empfehlungen für die Regioaatgut-Praxis und alle beteiligten Akteure abgeleitet werden:

- Bezüglich der **Problematik gemischt-ploider Arten** sollten sich die Saatgutproduzenten Klarheit über die Ploidie der Vermehrungslinien dieser Arten verschaffen. Wir empfehlen, für die Arten, von denen ausreichende Daten vorliegen, art- und UG-spezifisch die Verwendung von Saatgut der dominierenden Ploidiestufe oder – falls Verbreitungsgrenzen durch ein UG verlaufen – die Verwendung subregionalen Saatguts für das ploidy-spezifische Verbreitungsgebiet. Es besteht weiterer **Forschungsbedarf**

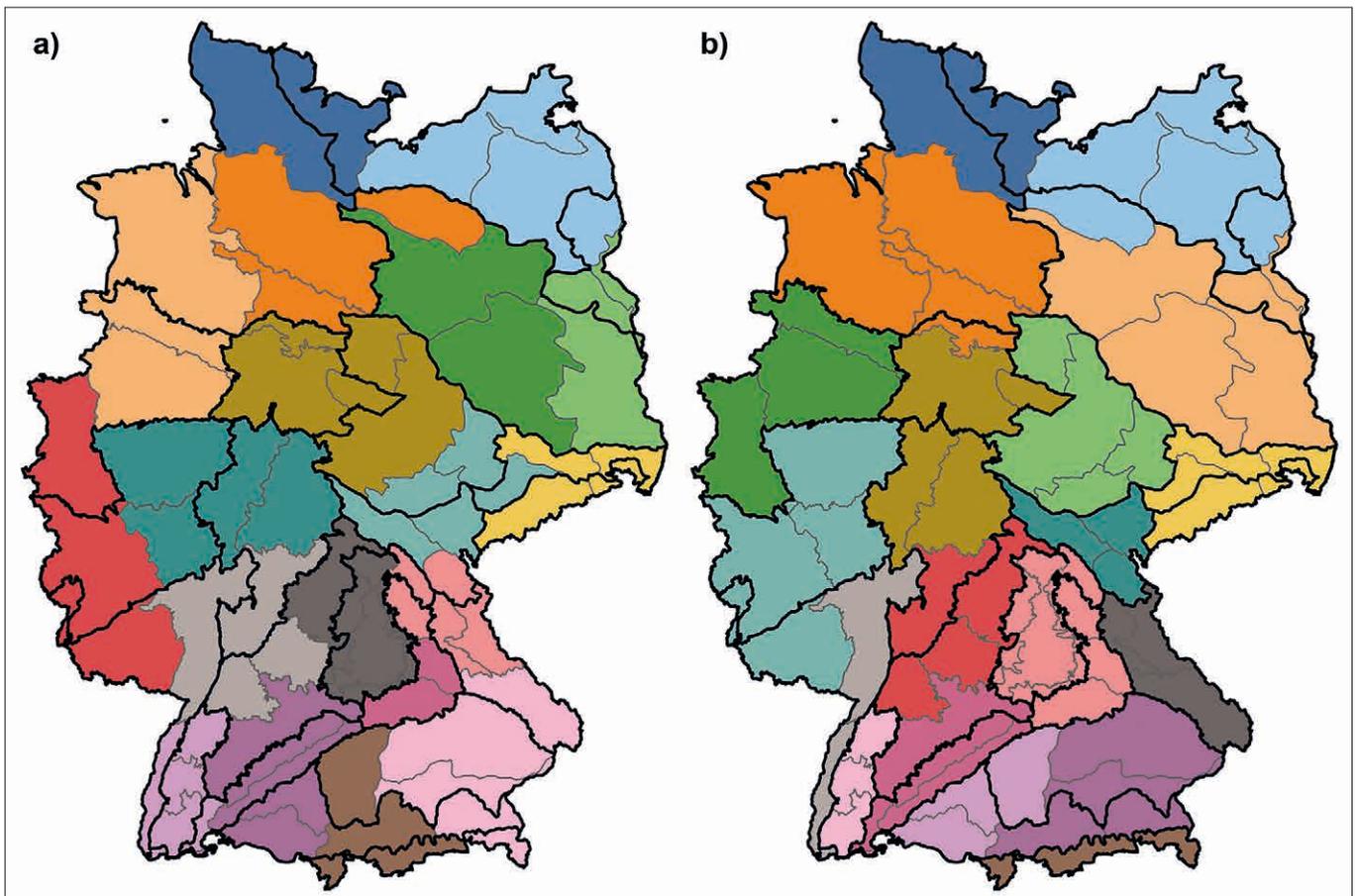


Abb. 5: Aktuelle (schwarze Grenzen) und alternative (farbige Polygone) Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebietseigenes Saatgut krautiger Pflanzen, aggregiert aus Teilgebieten der UG. a) Rein algorithmisch erzeugte Variante mit 19 UG auf Basis der Hauptkomponentenanalysen (principal component analysis – PCA; mittlere, standardisierte erklärte Varianz – $sV_{UG} = 0,748$; siehe Abb. 89H in Durka et al. 2024). b) Expertenvorschlag mit 19 UG ($sV_{UG} = 0,724$); dieser integriert wesentliche Ergebnisse der algorithmischen Lösungen, vereinigt ganze UG (z. B. um Angebotsengpässe zu mindern) und belässt biogeographisch eigenständige Gebiete der (Mittel)gebirge als getrennte Gebiete.

Fig. 5: Current (black outline) and alternative (coloured polygons) seed zones (UGs) for regional native seeds of herbaceous plants, aggregating subareas of UGs. a) Purely algorithmic solution with 19 UGs based on PCA analysis (mean standardised explained variance $sV_{UG} = 0.748$; see Fig. 89H in Durka et al. 2024). b) Expert proposal with 19 UGs ($sV_{UG} = 0.724$) which integrates major findings of algorithmic solutions, unites whole UGs (e. g. to reduce shortage of seed supply) and keeps mountain ranges separate due to their biogeographic uniqueness.

bezüglich der Verbreitung der Ploidiestufen bei gemischt-ploiden Arten sowie grundsätzlich zu kryptischer Diversität bei weit verbreiteten Arten.

- Grundsätzlich bildet das derzeitige UG-System, wie auch jedes andere System mit genügend räumlichen Einheiten, das generell vorhandene IBD-Muster ab. Dies bedeutet, dass die Orientierung an einem **Gebietssystem grundsätzlich vorteilhaft** ist, auch wenn nicht alle Arten optimal im System abgebildet werden. Allerdings zeigen die kontinuierlichen genetischen Muster auch, dass **von UG-Grenzen im Einzelfall abgewichen werden kann**. So ist die Verwendung UG-eigenen Saatguts innerhalb einer Maßnahme über die UG-Grenze hinaus (bis 1 km) aus genetischer Sicht unkritisch, z. B. wenn eine Begrünungsmaßnahme mit einem kleinen Flächenanteil über eine UG-Grenze hinaus reicht. Grundsätzlich, d. h. unabhängig von den UG, wäre auch eine projekt- und ortsspezifische Verwendung von Saatgut innerhalb eines bestimmten Umkreises empfehlenswert (Distanzregel bis z. B. 70 km Entfernung), soweit auch hier mehrere Ursprungspopulationen miteinander gemischt werden.
- Noch bis zum 1.3.2027 wird laut ErMiV § 4 (2) bei Nichtverfügbarkeit von Saatgut eines bestimmten UG der **Ersatz durch Saatgut aus einem benachbarten UG** geduldet. **Unsere Ergebnisse**

sprechen klar gegen eine solche pauschale Praxis. Wir definieren für die im Projekt RegioDiv untersuchten Arten genetisch begründete artspezifische Regeln für die Auswahl geeigneter benachbarter Ersatz-UG bei Nichtverfügbarkeit von Saatgut eines bestimmten UG (Abb. K1-4; für weitere Arten siehe Durka et al. 2024).

5 Fazit

Das Projekt RegioDiv hat eine umfassende Datenbasis der genetischen Struktur von Grünlandpflanzen in Deutschland gelegt. Das Saatgut der innerartlichen Vielfalt wird damit für Deutschland erstmals repräsentativ und vergleichend für eine Reihe häufiger Grünlandarten quantifiziert und räumlich beschrieben. Alle Arten zeigen räumlich strukturierte genetische Differenzierung, sodass zum Schutz der gesamten genetischen Diversität ein Gebietssystem notwendig ist, das die genetisch differenzierten innerartlichen Gruppen abbildet.

Das bestehende System der UG bildet – allein aufgrund der relativ großen Zahl an UG – schon jetzt einen Teil der innerartlichen, genetischen Strukturen ab, ist aber verbesserungsfähig. Dies

betrifft sowohl den Zuschnitt als auch die Zahl der UG, wobei ein großer Gestaltungsspielraum vorhanden ist. Wie die Diskussion in der PAG jedoch zeigte, ist die Abwägung zwischen wissenschaftlichen Kenntnissen der Grundlagen genetischer Vielfalt, den Interessen des behördlichen Naturschutzes und der angewandten Regiosaatgut-Praxis ein anspruchsvoller, aber notwendiger Prozess. Dieser muss in naher Zukunft weitergeführt und abgeschlossen werden. Vor dem Hintergrund des immer deutlicher werdenden Klimawandels sind die vorhandenen Produktionskapazitäten für regionales Saatgut und ein funktionierendes Regelsystem Voraussetzungen für in der Zukunft mögliche, flexible Anpassungen im Umgang mit gebietseigenem Saatgut. Perspektivisch müssen dazu neben den räumlich-genetischen Grundlagen auch ein phylogeographisches Verständnis auf einer überregionalen pan-europäischen Skala sowie wissenschaftlich fundierte Zukunftsszenarien und Risikobewertungen erarbeitet werden.

6 Literatur

- Alexander D.H., Novembre J., Lange K. (2009): Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* 19(9): 1.655 – 1.664. DOI: 10.1101/gr.094052.109
- Bucharova A., Bossdorf O. et al. (2019): Mix and match: Regional admixture provenancing strikes a balance among different seed-sourcing strategies for ecological restoration. *Conservation Genetics* 20: 7 – 17. DOI: 10.1007/s10592-018-1067-6
- Bucharova A., Michalski S.G. et al. (2017): Genetic differentiation and regional adaptation among seed origins used for grassland restoration: Lessons from a multi-species transplant experiment. *Journal of Applied Ecology* 54(1): 127 – 136. DOI: 10.1111/1365-2664.12645
- Durka W., Bossdorf O. et al. (2019): Regionales Saatgut von Wiesenpflanzen: genetische Unterschiede, regionale Anpassung und Interaktion mit Insekten. *Natur und Landschaft* 94(4): 146 – 153. DOI: 10.17433/4.2019.50153679.146-153
- 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(1): 116 – 126. DOI: 10.1111/1365-2664.12636
- Durka W., Michalski S.G. et al. (2024): RegioDiv – Genetische Vielfalt krautiger Pflanzenarten in Deutschland und Empfehlungen für die Regiosaatgut-Praxis. BfN-Schriften 687. Bundesamt für Naturschutz. Bonn: 315 S. DOI: 10.19217/skr687
- Hutchison D.W., Templeton A.R. (1999): Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: Inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability. *Evolution* 53(6): 1.898 – 1.914. DOI: 10.1111/j.1558-5646.1999.tb04571.x
- Karlik P., Poschlod P. (2019): Identifying plant and environmental indicators of ancient and recent calcareous grasslands. *Ecological Indicators* 104: 405 – 421. DOI: 10.1016/j.ecolind.2019.05.016
- Kaulfuß F., Reisch C. (2019): Restoration of grasslands using commercially produced seed mixtures: Genetic variation within and among natural and restored populations of three common grassland species. *Conservation Genetics* 20: 373 – 384. DOI: 10.1007/s10592-018-01138-0
- Kolář F., Čertner M. et al. (2017): Mixed-ploidy species: Progress and opportunities in polyploid research. *Trends in Plant Science* 22(12): 1.041 – 1.055. DOI: 10.1016/j.tplants.2017.09.011
- Leimu R., Fischer M. (2008): A meta-analysis of local adaptation in plants. *PLOS ONE* 3(12): e4010. DOI: 10.1371/journal.pone.0004010
- Mainz A.K., Wieden M. (2019): Ten years of native seed certification in Germany – A summary. *Plant Biology* 21(3): 383 – 388. DOI: 10.1111/plb.12866
- Meynen E., Schmithüsen J. et al. (Hrsg.) (1953 – 1962): *Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands*. Bundesanstalt für Landeskunde. Bad Godesberg: 1.339 S.
- Peterson B.K., Weber J.N. et al. (2012): Double digest RADseq: An inexpensive method for De Novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLOS ONE* 7: e37135. DOI: /10.1371/journal.pone.0037135
- Poschlod P. (2017): *Geschichte der Kulturlandschaft*. Ulmer. Stuttgart: 320 S.
- Prasse R., Kunzmann D., Schröder R. (2010): *Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzenaatgut krautiger Pflanzen*. Abschlussbericht. Deutsche Bundesstiftung Umwelt. Hannover: 166 S.
- Skowronek S., Eberts C. et al. (2023): Leitfaden zur Verwendung von gebietseigenem Saat- und Pflanzgut krautiger Arten in der freien Natur Deutschlands. Hinweise zur Umsetzung des § 40 Abs.1 BNatSchG. BfN-Schriften 647. Bundesamt für Naturschutz. Bonn: 97 S. DOI: 10.19217/skr647
- Taberlet P., Fumagalli L. et al. (1998): Comparative phylogeography and post-glacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7(4): 453 – 464. DOI: 10.1046/j.1365-294x.1998.00289.x
- UN Decade on Ecosystem Restoration (2024): Preventing, halting and reversing loss of nature. <https://www.decadeonrestoration.org/> (aufgerufen am 27.4.2024).
- Van Rossum F., Martin H. et al. (2018): Phylogeography of a widely distributed species reveals a cryptic assemblage of distinct genetic lineages needing separate conservation strategies. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 35: 44 – 51. DOI: 10.1016/j.ppees.2018.10.003
- Xue Z., Chiappella J.O. et al. (2023): Phylogeographic patterns of *Deschampsia cespitosa* (Poaceae) in Europe inferred from genomic data. *Botanical Journal of the Linnean Society* 201(3): 341 – 360. DOI: 10.1093/botlinnean/boac067

7 Online-Zusatzmaterial



Zwei weitere Abbildungen zur Verbreitung der innerartlichen genetischen Gruppen für 24 weitere Wiesenpflanzen in Deutschland und eine Übersicht über die Mitglieder des RegioDiv-Konsortiums sind als Online-Zusatzmaterial über den QR-Code oder unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/> abrufbar.

Förderung und Dank

Das Projekt RegioDiv wurde gefördert durch das Bundesamt für Naturschutz (BfN) mit Mitteln des Bundesumweltministeriums (BMUV) (FKZ 3520 82 06A-AW, Modul 2). Wir danken Ina Geier und Martina Herrmann (Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ) und Sabine Härtl, Maximilian Kurz, Sandra Rast und Maximilian Schall (Universität Regensburg) für ihre engagierte und zuverlässige Laborarbeit. Außerdem danken wir den zahlreichen Sammlerinnen und Sammlern der Proben im Gelände.

Dr. Walter Durka
Korrespondierender Autor
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung (BZF)
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: walter.durka@ufz.de

und
Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung
(iDiv) Halle-Jena-Leipzig
Puschstraße 4
04103 Leipzig



Der Autor studierte Biologie an der Universität Bayreuth und promovierte in den Themenfeldern Vegetation und Biogeochemie. Er ist Leiter der Arbeitsgruppe „Molekulare Ökologie“ am Department Biozönoseforschung des Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung – UFZ in Halle mit den Arbeitsschwerpunkten Populationsgenomik von Pflanzen und populationsbiologisch relevante Merkmale der Flora Deutschlands.

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

Johannes Höfner
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung (BZF)
Theodor-Lieser-Straße 4
06120 Halle (Saale)
E-Mail: johannes.hoefner@ufz.de

Prof. Dr. Filip Kolář
Charles University
Faculty of Science, Department of Botany
Benátská 2
128 01 Praha 2
TSCHECHISCHE REPUBLIK
E-Mail: filip.kolar@gmail.com

Dr. Christina M. Müller
Justus-Liebig-Universität
Arbeitsgruppe Spezielle Botanik
Stephanstraße 24
35390 Gießen
E-Mail: christina.m.mueller@bot1.bio.uni-giessen.de

Prof. Dr. Christoph Oberprieler
Universität Regensburg
Arbeitsgruppe Evolution und Systematik der Pflanzen
Universitätsstraße 31
93053 Regensburg
E-Mail: christoph.oberprieler@ur.de

Dr. Kristýna Šemberová
Czech Academy of Sciences
Institute of Botany
Zámek 1
252 43 Průhonice
TSCHECHISCHE REPUBLIK
E-Mail: kristyna.semberova@seznam.cz

RegioDiv-Konsortium
Die Mitglieder des RegioDiv-Konsortiums sind in Tab. A im Online-Zusatzmaterial unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/> aufgelistet.

Zusatzmaterial zu: Projekt RegioDiv – genetische Vielfalt krautiger Pflanzen in Deutschland: Ergebnisse und Empfehlungen für die Regiosaatgut-Praxis

Supplement to:

RegioDiv project – Genetic diversity of herbaceous plants in Germany:
Results and recommendations for seed zone management

Walter Durka, Stefan G. Michalski, Johannes Höfner, Filip Kolář, Christina M. Müller,
Christoph Oberprieler, Kristýna Šemberová und das RegioDiv-Konsortium*

Natur und Landschaft – 99. Jahrgang (2024) – Ausgabe 7: 322 – 332

Zusammenfassung

Gebietseigenes Saatgut für Begrünungen und Renaturierungen in der freien Landschaft wird in Deutschland nach Regeln des Regiosaatgutkonzepts in 22 Ursprungsgebieten (UG) produziert. Das Projekt RegioDiv untersuchte die genetische Diversität von über 30 Pflanzenarten des Grünlands deutschlandweit, um zu überprüfen, wie gut die beobachtete räumliche Verteilung der genetischen Strukturen dem geographischen Zuschnitt der UG entspricht. Jede Art zeigte ein artspezifisches innerartliches räumlich-genetisches Diversitätsmuster, aber fast alle Arten zeigten das Muster von „Isolation-durch-Distanz“, also zunehmende genetische Distanz mit zunehmender räumlicher Entfernung. Bei einigen Arten mit mehreren Ploidiestufen, d. h. innerartlichen Taxa mit verschiedenen Anzahlen an Chromosomensätzen, die eigenständige biologische Arten darstellen können, konnten auf Basis ihrer Verbreitungsgebiete spezifische Regeln entwickelt werden. Die Synthese der Verbreitungsmuster der innerartlichen Gruppen über alle Arten hinweg identifizierte Schwächen des aktuellen UG-Systems. Im vorliegenden Beitrag werden wichtige Einzelergebnisse vorgestellt und Empfehlungen für die Praxis gegeben. Unter anderem werden Vorschläge für alternative Zuschnitte der UG, die die genetische Vielfalt besser repräsentieren, vorgestellt. Diese bilden die Grundlage für mögliche Änderungen am UG-System, die in naher Zukunft mit den relevanten Akteuren erarbeitet werden müssen.

Genetische Variation – genetische Differenzierung – Regiosaatgut – Ursprungsgebiet – Herkunftsregion – Polyploidie – Anpassung

Abstract

Autochthonous seed material for ecological restoration is produced in accordance with the rules of the German regional seed (Regiosaatgut) system in 22 seed zones. The RegioDiv project analysed the genetic diversity of more than 30 grassland plant species in all seed zones across Germany to test how well the geographical delineation of the seed zones represents spatial genetic patterns. Each species exhibited a species-specific spatial pattern of genetic variation but nearly all species exhibited an isolation-by-distance pattern of increasing genetic distance with increasing geographic distance. For some species with multiple ploidy levels, i. e. intraspecific taxa with different numbers of chromosome sets that can represent separate biological species, specific management rules were developed based on their respective distribution. The synthesis of the distribution patterns of intraspecific genetic groups identified mismatches with current seed zones. In this article, important individual results are presented and recommendations for practice are given. Among other things, alternative layouts of seed zones that better integrate genetic patterns across all species are presented. They are the basis for potential changes to the seed zone system which will need to be developed together with stakeholders in the near future.

Genetic variation – Genetic differentiation – Regional seed – Seed zone – Region of origin – Polyploidy – Adaptation

Manuskripteinreichung: 27.11.2023, Annahme: 19.4.2024

DOI: 10.19217/NuL2024-07-02 (inkl. Zusatzmaterial)

* Die Mitglieder des RegioDiv-Konsortiums sind in Tab. A im Online-Zusatzmaterial unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/> aufgelistet.

1 Verbreitung der innerartlichen genetischen Gruppen ausgewählter Taxa der Wiesenpflanzen in Deutschland

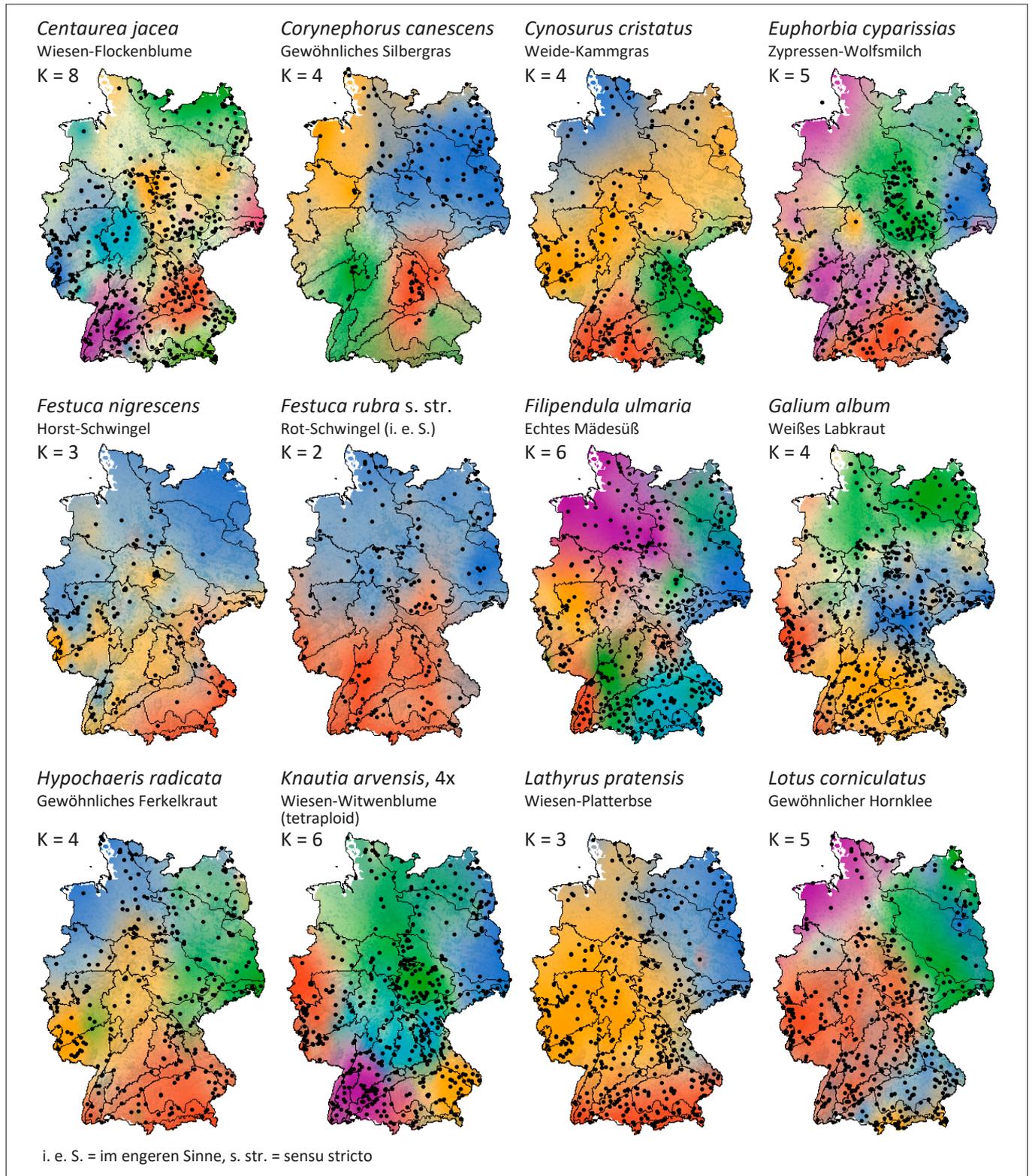


Abb. A: Verbreitung der innerartlichen genetischen Gruppen in Deutschland für 12 Taxa der Wiesenpflanzen (für weitere Taxa siehe Abb. B und Abb. 2, S. 325 in der gedruckten Fassung). Schwarze Linien stellen die Grenzen der 22 Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebietseigenes Saatgut krautiger Pflanzen dar. Jede Farbe entspricht einer genetischen Gruppe, Farbverläufe zeigen die Vermischung der Gruppen, „K“ gibt die Anzahl der genetischen Gruppen an. Die Interpolation umfasst auch Gebiete, in denen die Taxa nicht verbreitet sind (z. B. beim Horst-Schwingel – *Festuca nigrescens*).

Fig. A: Distribution of intraspecific genetic groups in Germany for 12 taxa of grassland plants (for further taxa see Fig. B and Fig. 2, p. 325 in the print edition). Black lines represent the boundaries of the 22 seed zones (UG) for regional native seeds of herbaceous plants. Colours represent genetic groups, colour gradients indicate mixture or admixture of genotypes, „K“ indicates the number of genetic groups. The interpolation covers the whole of Germany irrespective of distribution gaps (e. g. in Chewing’s fescue – *Festuca nigrescens*).

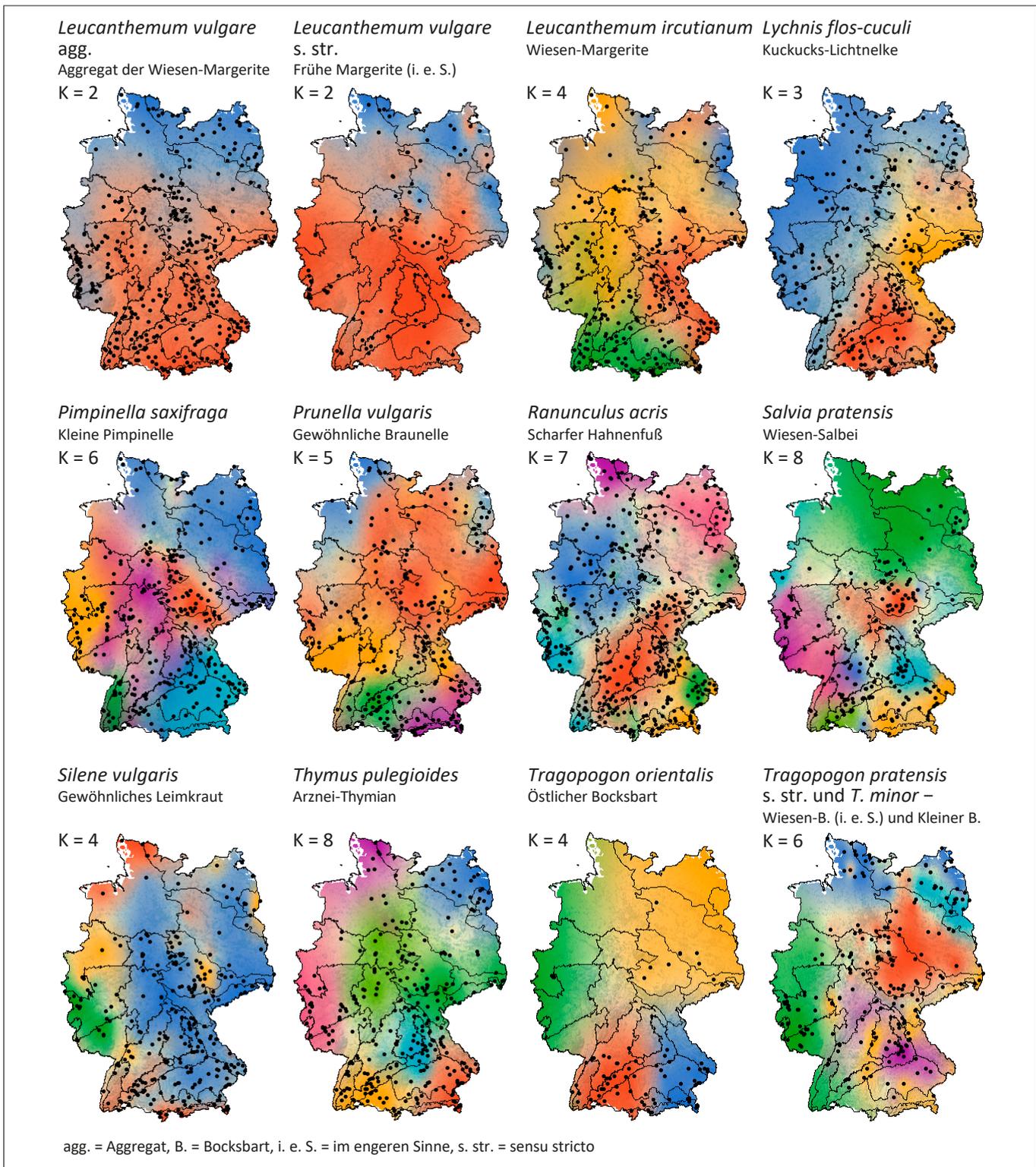


Abb. B: Verbreitung der innerartlichen genetischen Gruppen in Deutschland für 12 Taxa der Wiesenpflanzen (für weitere Taxa siehe [Abb. A](#) und [Abb. 2](#), S. 325 in der gedruckten Fassung). Schwarze Linien stellen die Grenzen der 22 Ursprungsgebiete (UG) für regionales gebietseigenes Saatgut krautiger Pflanzen dar. Jede Farbe entspricht einer genetischen Gruppe, Farbverläufe zeigen die Vermischung der Gruppen, „K“ gibt die Anzahl der genetischen Gruppen an. Bei der gemischt-ploiden Wiesen-Margerite (*Leucanthemum vulgare* agg.) werden sowohl die Karte des Aggregats mit mehreren Ploidiestufen als auch die Karten der Taxa der einzelnen Ploidiestufen gezeigt. Die Interpolation umfasst auch Gebiete, in denen die Taxa nicht verbreitet sind (z. B. beim Wiesen-Salbei – *Salvia pratensis*).

Fig. B: Distribution of intraspecific genetic groups in Germany for 12 taxa of grassland plants (for further taxa see [Fig. A](#) and [Fig. 2](#), p. 325 in the print edition). Black lines represent the boundaries of the 22 seed zones (UG) for regional native seeds of herbaceous plants. Colours represent genetic groups, colour gradients indicate mixture or admixture of genotypes, “K” indicates the number of genetic groups. In mixed-ploid ox-eye daisy (*Leucanthemum vulgare* agg.), both a map of the taxon with several ploidy levels and maps of the taxa of single ploidy levels are shown. The interpolation covers the whole of Germany irrespective of distribution gaps (e. g. in meadow clary – *Salvia pratensis*).

2 RegioDiv-Konsortium

Im RegioDiv-Konsortium arbeiten verschiedene Privatpersonen und Vertreterinnen und Vertreter öffentlicher Behörden, von Landschaftspflegevereinen, Naturschutzverbänden, ökologischen Dienstleistern und aus der Wissenschaft zusammen, um Material von Wildpflanzen für die Analyse der genetischen Vielfalt zu sammeln (siehe Tab.A). Weitere Informationen unter <https://www.ufz.de/regiodiv/>.

Tab. A: Das RegioDiv-Konsortium.				
Table A: The RegioDiv consortium.				
Nr.	Titel	Name	Institution	Stadt
1		Wolfram Adelman	Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)	83410 Laufen an der Salzach
2		Markus Bauer	Technische Universität München (TUM), School of Life Sciences, Lehrstuhl für Renaturierungsökologie, https://orcid.org/0000-0001-5372-4174	85354 Freising
3		Robert Bauer	Landschaftserhaltungsverband Landkreis Ravensburg e. V.	88212 Ravensburg
4		Birgit Beermann		69115 Heidelberg
5	Dr.	Walter Bleeker	Biodiversitätsmanagement	49082 Osnabrück
6		Rainer Borchering	Schutzstation Wattenmeer	25813 Husum
7		Barbara Bouillon	Biologische Station im Rhein-Sieg-Kreis e. V.	53783 Eitorf
8		Stefan Brändel	Botanischer Garten der Universität Ulm	89081 Ulm
9		Lara Braun		72525 Münsingen
10		Thomas Braun	Haus der Natur – Biologische Station im Rhein-Kreis Neuss e. V.	41540 Dormagen
11		Thomas Breunig	Institut für Botanik und Landschaftskunde	76185 Karlsruhe
12	Prof. Dr.	Anna Bucharova	Conservation Biology, Philipps-University Marburg	35043 Marburg
13		Franziska Bucher		07743 Jena
14		Michael Buß	Landschaftserhaltungsverband Hohenlohekreis e. V.	74653 Künzelsau
15		Cora Carmesin	Universität Ulm, Institut für Botanik	89081 Ulm
16		Silke Dehe		56355 Hunzel
17		Anja Dichtl		84371 Triftern-Anzenkirchen
18		Wolfgang Diewald	Büro für Botanik	94315 Straubing
19		Christian Dolnik	Stiftung Naturschutz Schleswig-Holstein	24113 Molfsee
20	Dr.	Walter Durka	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ	06120 Halle (Saale)
21		Julia Eberl		96123 Litzendorf
22		Pia Eibes	Institute of Physical Geography, Goethe-Universität Frankfurt	60438 Frankfurt am Main
23		Annika Eickelmann	Biologische Station Hochsauerlandkreis e. V.	59929 Brilon
24	Dr.	Michael Ewald	Karlsruher Institut für Technologie (KIT), Institut für Geographie und Geoökologie	76131 Karlsruhe
25		Thomas Frankenberg		54316 Pluwig
26		Klara Friederich	Landschaftserhaltungsverband Hohenlohekreis e. V.	74653 Künzelsau
27		Vinzenz Gilgenreiner		93049 Regensburg
28		Ronny Goldberg	Nationalpark Sächsische Schweiz –SBS	01814 Bad Schandau
29		Andreas Golde		09599 Freiberg
30	Dr.	Kerstin Grant	Landwirtschaftliches Zentrum Baden-Württemberg (LAZBW)	88326 Aulendorf
31		Claudia Gruber	Landschaftspflegeverband Ostallgäu e. V.	87616 Marktoberdorf
32		Kerstin Günther		16515 Oranienburg
33		Sebastian Haas		90537 Feucht
34	Prof. Dr.	Sylvia Haider	Leuphana Universität Lüneburg, Institut für Ökologie	21335 Lüneburg
35		Bernhard Hake	Naturschutzbeauftragter Schwarzwald-Baar-Kreis	79215 Biederbach
36		Alexander Harpke	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ	06120 Halle (Saale)
37		Friedhelm Haun	Landratsamt Kulmbach	95326 Kulmbach
38		Peter Heffner	Landschaftserhaltungsverband Landkreis Biberach e. V.	88400 Biberach
39		Johannes Höfner	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ	06120 Halle (Saale)
40		Birgitta Hohnheiser	Naturpark Altmühltal (Südliche Frankenalb) e. V.	85072 Eichstätt
41		Alexander Holstein	Landwirtschaftliches Technologiezentrum (LTZ) Augustenberg	75334 Straubenhardt
42		Jakob Huber	Lehrstuhl für Renaturierungsökologie, Technische Universität München (TUM)	55758 Stipshausen
43		Desiree Jakubka		07743 Jena
44	Dr.	Rico Kaufmann		75323 Bad Wildbad
45	Dr.	Stefan Kesting	Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LFULG) Sachsen	08543 Pöhl
46		Gitte Kieke		15537 Gosen-Neu Zittau
47		Uta Kietsch	Wildsamen-Insel	17268 Temmen-Ringenwalde
48		Karsten Kindermann		32139 Spenge
49		Karel Kleijn		94545 Hohenau
50		Astrid Kohl	Landschaftserhaltungsverband KN e. V.	78333 Stockach
51		Anna Kohnle		72401 Haigerloch
52		Filip Kolar	Department of Botany, Faculty of Science, Charles University	128 01 Praha, Tschechische Republik
53	Dr.	Lotte Korell	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Department Biozönoseforschung	06120 Halle (Saale)

Tab. A: Fortsetzung.

Table A: Continued.

Nr.	Titel	Name	Institution	Stadt
54		Birgit Krummhaar	Förder- und Landschaftspflegeverein Biosphärenreservat Mittlere Elbe e. V.	06844 Dessau-Roßlau
55	Dr.	Dierk Kunzmann	Institut für Landschaftsökologie und Consulting (IlöC)	26215 Wiefelstede OT Ofenerfeld
56		Sabrina Laufenburg	Pamme Saatgut und Wildpflanzen	37671 Hötter
57	Dr.	Daniel Lauterbach	Botanischer Garten der Universität Potsdam	14469 Potsdam
58		Simon Leib	Rieger-Hofmann GmbH	74523 Schwäbisch Hall
59		Katharina Leib		99097 Erfurt
60	Dr.	Nikola Lenzewski	Universität Hamburg, Institut für Pflanzenwissenschaften und Mikrobiologie	22609 Hamburg
61		Cora Leroy		92360 Weiherndorf
62	Prof. Dr.	Ilona Leyer	Hochschule Geisenheim	65366 Geisenheim
63		Holger Loritz	ABL Freiburg, Bürogemeinschaft für Landschaftsökologie	79102 Freiburg im Breisgau
64		Anna-Maria Madaj	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Department Biozönoseforschung	06120 Halle
65	Dr.	Elke Maier		80997 München
66	Dr.	Ann Kareen Mainz	Verband deutscher Wildsamens- und Wildpflanzenproduzenten e. V.	35428 Langgöns
67		Rene Mause	Biologische Station im Kreis Düren e. V.	52385 Nideggen
68		Kristine Mayer		54497 Morbach-Hoxel
69		Philipp Meinecke	Ausgleichsagentur Schleswig-Holstein GmbH	23829 Kükels
70		Hanna Mertens		52066 Aachen
71		Maren H. Meyer	Hochschule Anhalt, Fachbereich Landwirtschaft, Ökotoxikologie und Landschaftsentwicklung	06406 Bernburg (Saale)
72		Stefan Michalski	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ	06120 Halle
73		Jörg Mildenerberger	Stadtgärtnerei Stadt Straubing	94315 Straubing
74		Marco Müller	Naturpark Bayerischer Wald	94065 Waldkirchen
75	Dr.	Christina M. Müller	Justus-Liebig-Universität Giessen, Arbeitsgruppe Spezielle Botanik	35390 Gießen
76		Martin Musche	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Department Naturschutzforschung	06120 Halle (Saale)
77	Prof. Dr.	Christoph Oberprieler	Universität Regensburg, Institut für Pflanzenwissenschaften, Professur für Evolution und Systematik der Pflanzen	93053 Regensburg
78		Wolfgang Petrick		
79		Simone Peuleke	Naturpark Nördlicher Oberpfälzer Wald	92660 Neustadt an der Waldnaab
80	Dr.	Hans Pfestorf	Büro für Wissenschaftlichen Naturschutz	99094 Erfurt
81		Barbara Pfitzner		86529 Schrobenhausen
82		Elisabeth Pleyl		82057 Icking
83		Simon Reith		94032 Passau
84		Martin Renger		
85		Tina Richter	Landschaftsplanung Freital	01705 Freital
86		Kerstin Rieche	Landesverband für Landschaftspflege Sachsen-Anhalt e. V.	38899 Hasselfelde
87		Michael Ristow	Universität Potsdam, Vegetationsökologie und Naturschutz	14476 Potsdam
88		Christoph Rosche	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Biologie/Geobotanik	06108 Halle (Saale)
89	PD Dr.	Christiane Roscher	Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, Department Physiologische Diversität und Deutsches Zentrum für Integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig	04103 Leipzig
90		Annemarie Röske		06110 Halle (Saale)
91		Jessica Rossow	Landschaftspflegeverband Dingolfing-Landau e. V.	84130 Dingolfing
92	Dr.	Jochen Späth	Landschaftspflegeverband Dingolfing-Landau e. V.	84130 Dingolfing
93	Prof. i. R. Dr.	Barbara Ruthsatz	Universität Trier	54296 Trier
94		Beate Rutkowski	Bund Naturschutz Traunstein e. V., Landschaftspflegeverband Traunstein e. V.	83278 Traunstein
95	Dr.	Daniel Rutte	Universität Bonn, Institut für Geowissenschaften	53115 Bonn
96		Ariane Sambataro	Bund Naturschutz Seubersdorf e. V.	92358 Seubersdorf OT Schnufenhofen
97	Dr.	Annemarie Schacherer		30853 Langenhagen
98		Leonie Schaefer	Landschaftspflegeverband Oberallgäu-Kempton	87527 Sonthofen
99		Sabine Schlenkermann		04838 Eilenburg
100	Prof. i. R. Dr.	Wolfgang Schmidt		37136 Waake
101		Joraine Schmoltdt	Universität Greifswald	17489 Greifswald
102	Dr.	Simone Schneider	Nationalmuseum für Naturgeschichte Luxemburg	2160 Luxembourg, Luxemburg
103		Robert Schönfeld	Gartengestaltung	79299 Wittnau
104	Dr.	Roland Schröder	DBU Naturerbe GmbH	49090 Osnabrück
105		Werner Schubert	Biologische Station Hochsauerlandkreis e. V.	59929 Brilon
106		Friederike Schumann	Biologische Station Minden-Lübbecke e. V.	32425 Minden
107		Jan-Hinnerk Schwarz		17489 Greifswald
108		Helene Seitz	Verein Naturpark Oberpfälzer Wald e. V.	92507 Nabburg

Tab. A: Fortsetzung.				
Table A: Continued.				
Nr.	Titel	Name	Institution	Stadt
109	Dr.	Kristýna Šemberová	Czech Academy of Sciences, Institute of Botany	25243 Průhonice, Tschechische Republik
110		Birgit Simmeth	Landkreis Schwandorf	92421 Schwandorf
111	Dr.	Sandra Skowronek	Bundesamt für Naturschutz (BfN)	53179 Bonn
112	Dr.	Stephanie Socher	Paris Lodron University Salzburg, Botanical Garden	5020 Salzburg, Österreich
113		Monika Sommer		33397 Rietberg
114	Dr.	Nils Stanik	Universität Kassel, Fachgebiet Landschafts- und Vegetationsökologie	34127 Kassel
115		Laura Steiner	Naturpark Oberer Bayerischer Wald	93413 Cham
116		Ann-Katrin Stockinger	Naturpark Altmühltal (Südliche Frankenalb) e. V.	91161 Hilpoltstein
117		Anne Straub		88273 Fronreute
118		Melanie Takla	Nagola Re GmbH	03197 Jänschwalde
119		Cynthia Tobisch	Hochschule Weihenstephan-Triesdorf, Institut für Ökologie und Landschaft	85354 Freising
120		Gisela Twenhöven		25853 Bohmstedt
121	Dr.	Alina Twerski	Leuphana Universität Lüneburg, Institut für Ökologie	21335 Lüneburg
122		Linda Vogt		86647 Buttenwiesen
123		Katrin Voigt	Regierungspräsidium Tübingen, Referat für Naturschutz und Landschaftspflege	72072 Tübingen
124		Guido Warthemann		06842 Dessau-Roßlau
125		Johanna Webersberger	Landratsamt Deggendorf	94469 Deggendorf
126		Carmen Weicker-Zöller		63897 Miltenberg
127		Karin und Martin Weiß		73467 Kirchheim am Ries
128		Gabriele Weiß	ecostrat GmbH	04741 Roßwein
129	Dr.	Maria Weißbecker		65326 Aarbergen
130		Markus Wieden (†)	Verband deutscher Wildsamens- und Wildpflanzenproduzenten e. V.	35428 Langgöns
131		Alexander Wille	UmweltPlan GmbH Stralsund	17489 Greifswald
132		Inga Willecke	Stiftung NaturSchutzFonds Brandenburg	14473 Potsdam
133		Laura Wollschläger	Naturpark Oberer Bayerischer Wald	93413 Cham
134		Markus K. Zaplata	Nagola Re GmbH und Hochschule Anhalt, Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie und Landschaftsentwicklung	03197 Jänschwalde und 06406 Bernburg (Saale)
135	Dr.	Andreas Zehm	Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz (StMUV)	81925 München
136	Prof. Dr.	Christian Zidorn	Universität zu Kiel, Abteilung für Pharmazeutische Biologie	24118 Kiel
137		Lutz Zwiebel	Landwirtschaft Wildpflanzensaatgut	02829 Markersdorf

Dr. Walter Durka
Korrespondierender Autor
 Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
 Department Biozönoseforschung (BZF)
 Theodor-Lieser-Straße 4
 06120 Halle (Saale)
 E-Mail: walter.durka@ufz.de

und
 Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung
 (iDiv) Halle-Jena-Leipzig
 Puschstraße 4
 04103 Leipzig



Der Autor studierte Biologie an der Universität Bayreuth und promovierte in den Themenfeldern Vegetation und Biogeochemie. Er ist Leiter der Arbeitsgruppe „Molekulare Ökologie“ am Department Biozönoseforschung des Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung – UFZ in Halle mit den Arbeitsschwerpunkten Populationsgenomik von Pflanzen und populationsbiologisch relevante Merkmale der Flora Deutschlands.

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

Johannes Höfner
 Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
 Department Biozönoseforschung (BZF)
 Theodor-Lieser-Straße 4
 06120 Halle (Saale)
 E-Mail: johannes.hoefner@ufz.de

Prof. Dr. Filip Kolář
 Charles University
 Faculty of Science, Department of Botany
 Benátská 2
 128 01 Praha 2
 TSCHECHISCHE REPUBLIK
 E-Mail: filip.kolar@gmail.com

Dr. Christina M. Müller
 Justus-Liebig-Universität
 Arbeitsgruppe Spezielle Botanik
 Stephanstraße 24
 35390 Gießen
 E-Mail: christina.m.mueller@bot1.bio.uni-giessen.de

Prof. Dr. Christoph Oberprieler
 Universität Regensburg
 Arbeitsgruppe Evolution und Systematik der Pflanzen
 Universitätsstraße 31
 93053 Regensburg
 E-Mail: christoph.oberprieler@ur.de

Dr. Kristýna Šemberová
 Czech Academy of Sciences
 Institute of Botany
 Zámek 1
 252 43 Průhonice
 TSCHECHISCHE REPUBLIK
 E-Mail: kristyna.semberova@seznam.cz

RegioDiv-Konsortium
 Die Mitglieder des RegioDiv-Konsortiums sind in **Tab. A** im Online-Zusatzmaterial unter <https://www.natur-und-landschaft.de/extras/zusatzmaterial/> aufgelistet.