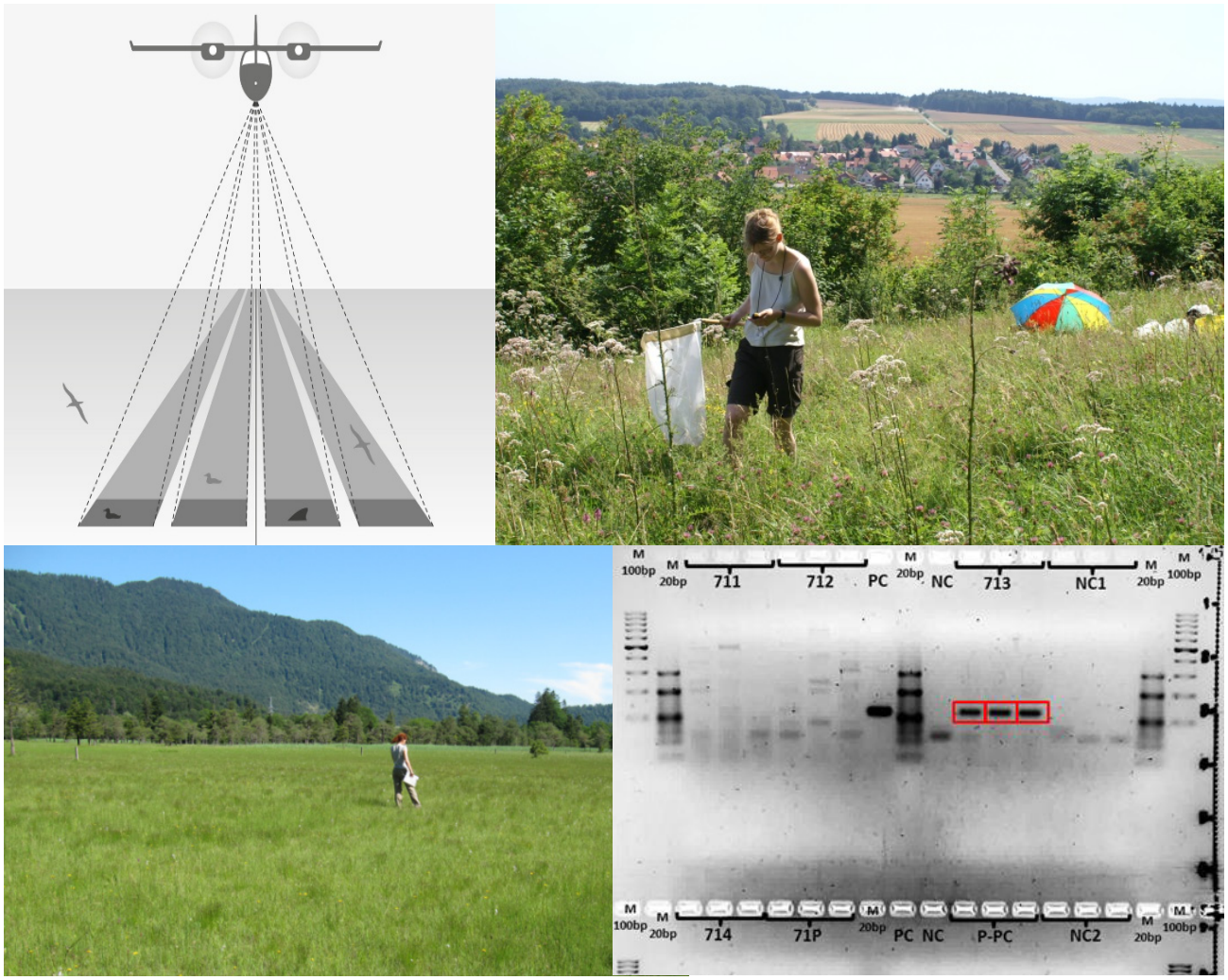
Wiebke Zühart, Stefanie Stenzel und
Beate Fritsche (Hrsg.)

Umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring



BfN-Skripten 585

2020

Umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring

Ergebnisse einer Vilmer Fachtagung

Herausgegeben von
Wiebke Züghart
Stefanie Stenzel
Beate Fritsche

BfN
Bundesamt für Naturschutz

Titelbild: oben links: Schematische Darstellung zur flugzeugbasierten Erfassung von Seevögeln und Meeressäugetieren (Sissi Coppe, © 2018 FTZ); oben rechts: Kartierung von Wildbienen bei Göttingen, NI (M. Ludwig); unten links: Vegetationskartierung bei Murnau, BY (H. Feilhauer); unten rechts: Gelbild zu eDNA-Erfassung des Kammmolchs aus Teichwasserproben bei Grimma, SN (S. Mittl).

Adresse der Herausgeberinnen:

Dr. Wiebke Züghart
Dr. Stefanie Stenzel
Beate Fritsche

Bundesamt für Naturschutz
Fachgebiet II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“
Konstantinstr. 110, 53179 Bonn
E-Mail: wiebke.zueghart@bfn.de

Diese Veröffentlichung wird aufgenommen in die Literaturdatenbank „DNL-online“ (www.dnl-online.de).

BfN-Skripten sind nicht im Buchhandel erhältlich. Eine pdf-Version dieser Ausgabe kann unter http://www.bfn.de/skripten.html heruntergeladen werden.

Institutioneller Herausgeber: Bundesamt für Naturschutz
Konstantinstr. 110
53179 Bonn
URL: www.bfn.de

Der institutionelle Herausgeber übernimmt keine Gewähr für die Richtigkeit, die Genauigkeit und Vollständigkeit der Angaben sowie für die Beachtung privater Rechte Dritter. Die in den Beiträgen geäußerten Ansichten und Meinungen müssen nicht mit denen des institutionellen Herausgebers übereinstimmen.

Diese Schriftenreihe wird unter den Bedingungen der Creative Commons Lizenz Namensnennung – keine Bearbeitung 4.0 International (CC BY - ND 4.0) zur Verfügung gestellt (https://creativecommons.org/licenses/by-nd/4.0/deed.de).

Druck: Druckerei des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU).
Gedruckt auf 100% Altpapier

ISBN 978-3-89624-346-1

DOI 10.19217/skr585

Bonn - Bad Godesberg 2020

Inhaltsverzeichnis

Vorwort 5

Bundesweite Monitoringprogramme des Naturschutzes zur Erfassung der Biodiversität
Wiebke Zúghart und Stefanie Stenzel 7

Standards und Indikatorartengruppen – Erfahrungen aus der ÖFS in Nordrhein-Westfalen
Heinrich König.....17

Heuschrecken als Indikatoren für den ökologischen Zustand des Offenlandes in Deutschland
Thomas Fartmann.....33

Anwendung digitaler Methoden zur Erfassung von marinen Wirbeltieren
Esther Rickert und Mirko Hauswirth 43

Viele bunte Bilder, nur was steckt dahinter? – Eine Einführung in die vegetationskundliche Fernerkundung
Stefanie Stenzel und Hannes Feilhauer: 59

Fallbeispiele für den Einsatz von Fernerkundung im Vegetationsmonitoring
Hannes Feilhauer und Ulrike Faude.....69

Internet der Fledermäuse – vernetze Ultraschallrekorder zur Erfassung der Fledermausaktivität
Martin Koch, Peter Fischer, Lukas Schauer, Simon Käfer.....81

Anwendung genetischer Methoden im Biodiversitätsmonitoring
Axel Hochkirch.....91

Umwelt-DNA (eDNA) zum Nachweis schwer erfassbarer Arten in aquatischen Ökosystemen
Claudia Wittwer, Maria Riaz und Carsten Nowak.....107

Einsatz der eDNA-Methode im naturschutzfachlichen Monitoring – Fallbeispiel Kammmolch (*Triturus cristatus*)
Sabrina Mittl, Klaus Richter und Detlef Tolke 115

Bestandsveränderungen ausgewählter Brutvogelarten: Einflussvariablen, Datenverfügbarkeit und Ursachenanalyse
Jakob Katzenberger, Sven Trautmann, Malte Busch,
Rainer Dröschmeister und Christoph Sudfeldt.....129

Tagfalter-Monitoring Deutschland – Methoden der Auswertung und ausgewählte Ergebnisse
Martin Musche, Reinhart Feldmann, Alexander Harpke, Elisabeth Kühn und Josef Settele 143

Biogeographische Modellierung mit Monitoringdaten: Baumarten im Klimawandel
Klara Dolloš und Ulrike Märkel.....151

Monitoring und Modellierung – Synergien für eine anwendungsorientierte Biodiversitätsforschung
Katja Schiffers: 159

Synergien von Modellierung und Monitoring am Beispiel von Wäldern und Grünland
Franziska Taubert, Friedrich Bohn, Edna Rödig und Andreas Huth..... 171

Blickpunkte des Fachaustausches zum umfassenden bundesweiten Biodiversitätsmonitoring
Stefanie Stenzel und Wiebke Zúghart 189

Vorwort

Um dem Verlust der biologischen Vielfalt wirksam entgegentreten zu können, sind aussagekräftige Daten zu Zustand und Veränderung von Natur und Landschaft erforderlich. Über ein Monitoring der Biodiversität werden standardisiert und über lange Zeiträume wissenschaftlich fundierte Daten erhoben und für fachpolitische Entscheidungen aufbereitet. Sie sind eine wichtige Grundlage für Analysen der Ursachen von Veränderungen und die Ableitung von Handlungsmöglichkeiten zum Schutz der biologischen Vielfalt. Monitoringprogramme mit Bezug zum Naturschutz zu entwickeln, deren Umsetzung fachlich und organisatorisch zu unterstützen und die Vernetzung der beteiligten Akteurinnen und Akteure zu fördern ist eine wichtige Aufgabe für das Bundesamt für Naturschutz (BfN).

Die Ergebnisse von Monitoringprogrammen, die repräsentative Elemente der Biodiversität erfassen, bilden die Grundlage für viele Indikatoren der Nationalen Strategie zur Biologischen Vielfalt. Mit diesen können Zustand und Trends der biologischen Vielfalt dargestellt werden. Der Indikatorenbericht 2014 zeigt deutlich, dass bisher ergriffene Maßnahmen nicht ausreichen alle Ziele zum Schutz und zur Wiederherstellung der Biodiversität zu erreichen. Auch die Naturschutzoffensive 2020 des Bundesumweltministeriums weist auf die weiterhin prekäre Situation der Biodiversität hin und legt außerdem ein Handlungsprogramm vor. Dieses sieht unter anderem eine Verbesserung der Datenlage zur biologischen Vielfalt vor. Dazu sollen unter anderem das Biodiversitätsmonitoring weiterentwickelt und neue Programme auf bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen umgesetzt werden. Auf die Notwendigkeit, das Biodiversitätsmonitoring auszubauen, weisen auch andere Akteure aus Wissenschaft und Politik, wie der Sachverständigenrat für Umweltfragen, der Wissenschaftsrat oder das Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung hin.

Das bundesweite Monitoring im Naturschutz umfasst bislang unter anderem etablierte Programme wie das FFH-Monitoring, das Vogelmonitoring und das Meeresmonitoring. In der Erprobung befinden sich zum Beispiel das Ökosystem-Monitoring und das Insektenmonitoring. Mit dem nationalen Monitoringzentrum zur Biodiversität sollen künftig die bundesweiten Aktivitäten im limnischen, terrestrischen und marinen Bereich ressortübergreifend gebündelt und weiterentwickelt werden.

Auf Einladung des BfN tauschten sich MonitoringexpertInnen aus Verwaltung, Anwendung und Wissenschaft auf der Tagung „Das umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring – Aktuelle Entwicklungen und Perspektiven“ Ende 2017 an der Internationalen Naturschutzakademie Vilm über die fachlichen Anforderungen an das Biodiversitätsmonitoring aus. Wir danken allen AutorInnen für interessante Vorträge und konstruktive Diskussionen auf der Tagung sowie für ihre Beiträge zu diesem Band. Da uns Familienplanung, Gesundheit und Arbeitsspitzen eine längere Zwangspause bescherten danken wir an dieser Stelle auch für die uns entgegengebrachte Geduld und die Bereitschaft die Artikel auf aktuellem Stand zu halten.

In dem hier vorliegenden Band werden nun die Beiträge und die Diskussionsergebnisse der Tagung zusammengefasst.

Wiebke Züghart, Stefanie Stenzel, Beate Fritsche
Fachgebiet II 1.3 - Terrestrisches Monitoring, Bundesamt für Naturschutz

Bundesweite Monitoringprogramme des Naturschutzes zur Erfassung der Biodiversität

Wiebke Züghart und Stefanie Stenzel

Zusammenfassung

Eines der Ziele der Naturschutz-Offensive 2020 ist die Verbesserung der Datenlage zur Biodiversität in Deutschland. Dazu soll das Naturschutz-Monitoring weiterentwickelt und ausgebaut werden. Mit dem FFH-Monitoring, dem HNV-Monitoring, dem Vogelmonitoring und dem Meeresmonitoring sind bereits Programme etabliert, die standardisiert und über lange Zeiträume Daten zur Biodiversität erfassen. Weitere Programme, wie z.B. das Insektenmonitoring oder das Ökosystem-Monitoring sind in der Entwicklung bzw. Erprobung. Bei der Weiterentwicklung des Naturschutz-Monitorings liegt der Schwerpunkt auf der Erfassung des Zustands und der Entwicklung der Biodiversität in der Gesamtlandschaft. Die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen bilden hierfür das räumliche und konzeptionelle Grundgerüst. Die Verwendung einer einheitlichen Flächenkulisse unterstützt die Nutzung von Synergien z.B. bei der Datenauswertung und die Vernetzung der Beobachtungsprogramme. Auf der Fachtagung „Das umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring – Derzeitige Entwicklungen und Perspektiven“ Ende 2017 auf Vilm fand ein intensiver, fachlicher Austausch zwischen MonitoringexpertInnen aus Verwaltung, Anwendung und Forschung zu Fragen der Weiterentwicklung des Biodiversitätsmonitorings statt.

Abstract

One of the goals of the Nature Conservation Offensive 2020 is to improve the data situation on biodiversity in Germany. To this end, nature conservation monitoring is to be further developed and expanded. Programmes have already been established in the form of FFH monitoring, HNV monitoring, bird monitoring and marine monitoring, which collect data on biodiversity in a standardized way and over long periods of time. Other programs, such as insect monitoring or ecosystem monitoring, are being developed or tested. In the further development of nature conservation monitoring, the focus is on recording the status and development of biodiversity in the overall landscape. The nationwide representative sample areas form the spatial and conceptual basis for this. The use of a uniform area backdrop supports the use of synergies, e.g. in data evaluation and the networking of the monitoring programs. At the conference "Comprehensive nationwide biodiversity monitoring – current developments and perspectives" held on Vilm at the end of 2017, an intensive, professional exchange took place between monitoring experts from administration, application and research on questions regarding the further development of biodiversity monitoring.

1 Einleitung

Um dem Verlust der biologischen Vielfalt wirksam entgegenzutreten wird umfassendes und belastbares Wissen zu Zustand und Veränderung von Natur und Landschaft sowie zu wichtigen Einflussgrößen benötigt. Die dazu erforderlichen Daten müssen wissenschaftlich fundiert sein und daher standardisiert und über lange Zeiträume erhoben werden. Über ein Monitoring generierte Daten zur Biodiversität können zuverlässig für naturschutzfachliche und politische Entscheidungen aufbereitet und bereitgestellt werden. Sie sind eine wichtige Grundlage für Analysen der Ursachen von Veränderungen und für die Ableitung von Handlungsmöglichkeiten zum Biodiversitätsschutz.

Im Jahr 2008 hat das BfN eine erste Tagung zum Thema Monitoring unter dem Titel „Naturschutz-Monitoring in Deutschland – Stand und Perspektiven“ durchgeführt (Dörpinghaus

et al. 2010). VertreterInnen aus Behörden, Verbänden und wissenschaftlichen Einrichtungen haben sich über laufende Monitoringprogramme ausgetauscht sowie bundesweite Fehlstellen und mögliche Kooperationen für die Zukunft diskutiert. Als eines der zentralen Ergebnisse wurde festgehalten, dass für die Verbesserung der Datenlage insbesondere eine Ergänzung der bestehenden Programme um ausgewählte Artengruppen sowie ein bundesweites Biotopmonitoring wünschenswert sind. Den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen, auf denen bereits das Monitoring häufiger Brutvögel und das HNV-Farmland Monitoring durchgeführt werden, wurde auch für zukünftige weitere Monitoringprogramme eine große Bedeutung beigemessen. Die Nutzung ein und derselben Flächenkulisse ermöglicht kombinatorische Auswertungen und bietet für die Analyse komplexer Entwicklungen, wie z.B. der Auswirkungen des Klimawandels auf die Biodiversität, verbesserte Datengrundlagen.

Unterstützung erhält die Weiterentwicklung des Naturschutz-Monitorings auch durch die Politik. Nachdem der Indikatorenbericht 2014 (BMUB 2015a) zur Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt (NBS) deutlich gezeigt hat, dass die bisher ergriffenen Maßnahmen nicht ausgereicht haben die Ziele der NBS zu erreichen, wurde die Naturschutz-Offensive 2020 (BMUB 2015b) auf den Weg gebracht. Sie identifiziert Handlungsfelder, in denen die größten Defizite bestehen und formuliert vordringliche Maßnahmen. In dem Handlungsfeld IX „Kennen und Verstehen – Den Schatz des Naturwissens bewahren und vermehren“ wird die derzeitige Datenlage problematisiert. Um diese zu verbessern soll ein sogenanntes „umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring“ unter Nutzung der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen eingeführt werden. Dafür soll das bestehende Monitoring so erweitert, harmonisiert und mit den Ländern abgestimmt werden, dass künftig aktuelle Fragen zu Zustand und Entwicklung der biologischen Vielfalt in Deutschland verlässlich beantwortet werden können. Im Koalitionsvertrag zur 19. Legislaturperiode bekennt sich die Regierung zudem zum Aufbau eines nationalen Monitoringzentrums zur Biodiversität, dessen Zentrale am Bundesamt für Naturschutz angesiedelt wird. Das Monitoringzentrum soll wichtige Impulse für eine Zusammenführung und Weiterentwicklung der Monitoringaktivitäten im terrestrischen, marinen und limnischen Bereich hin zu einem sektorübergreifenden Gesamtkonzept des Biodiversitätsmonitorings in Deutschland setzen.

2 Bundesweite Monitoringprogramme des Naturschutzes

Seit 2008 konnten die bundesweiten Monitoringprogramme des Naturschutzes deutlich weiterentwickelt werden. Außerdem sind neue, ergänzende Monitoringprogramme in der Entwicklung bzw. Erprobung.

2.1 Was wurde bereits etabliert?

Gemäß § 6 des BNatSchG beobachten Bund und Länder im Rahmen ihrer Zuständigkeiten den Zustand und die Veränderungen von Natur und Landschaft, einschließlich der Ursachen und Folgen dieser Veränderungen. Weiter heißt es, das Bund und Länder sich bei der Beobachtung unterstützen. Den Ländern obliegt in der Regel die Umsetzung der Monitoringprogramme. Ausnahme ist das Meeresmonitoring in der AWZ, für dessen Umsetzung der Bund zuständig ist sowie das ehrenamtlich getragene und vom Dachverband Deutscher Avifaunisten (DDA) koordinierte Vogelmonitoring. Der Bund fördert und unterstützt u.a. bei der Konzeptentwicklung, dem Qualitätsmanagement und der Datenauswertung. Wichtig ist auch die Unterstützung bei der Weiterentwicklung der Programme. Auf Grundlage der Praxiserfahrungen werden Methoden, Analysen und das Datenmanagement optimiert und wo sinnvoll, an die aktuellen technischen Entwicklungen angepasst. Diese Optimierungen müssen jedoch so erfolgen, dass keine unnötigen methodenbedingten Brüche

in Langzeit-Datenreihen entstehen und die Kontinuität in der Erfüllung der Zielstellung der jeweiligen Programme gewahrt bleibt. Bundesweite Monitoringprogramme des Naturschutzes, bei denen Bund, Länder und Fachverbände eng zusammenarbeiten, sind das FFH-Monitoring, das HNV-Farmland-Monitoring, das Vogelmonitoring sowie das Meeresmonitoring.

Grundlage für das FFH-Monitoring ist die Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (92/43/EWG, FFH-RL). Diese verpflichtet die Mitgliedstaaten in Art. 11 zur Überwachung des Erhaltungszustands der Lebensraumtypen (Anhang I) und Arten (Anhänge II, IV und V) von europäischem Interesse. In einem mehrjährigen Abstimmungsprozess haben sich Bund und Länder auf ein bundesweit abgestimmtes Vorgehen beim FFH-Monitoring geeinigt (Sachteleben, Behrens 2010). Dabei werden die LRT nach Anhang I und die Arten der Anhänge II und IV in der atlantischen und der kontinentalen Region in Stichproben mit jeweils mindestens 63 Vorkommen untersucht. Sind weniger als 63 Vorkommen eines LRT oder einer Art in einer biogeografischen Region bekannt, werden alle Vorkommen in das Monitoring einbezogen (Totalzensus). Insgesamt wurden in der Berichtsperiode 2013 - 2018 auf ca. 14.000 Probeflächen Monitoringdaten erhoben. Methodik, Untersuchungsaufwand und Schwellenwerte für die dreistufige Bewertung des Erhaltungsgrads der einzelnen Vorkommen sind in den FFH-Bewertungsschemata festgelegt, die gemeinsam von Ländern und Bund unter Beteiligung zahlreicher weiterer Expertinnen und Experten erarbeitet wurden (Arten: BfN, BLAK (2017a), LRT: BfN, LAK (2017b). Das Monitoring ist eine wichtige Grundlage für die nach Art. 17 FFH-RL zu erstellenden nationalen Berichte. Die Ergebnisse des ersten Monitoring-Durchlaufs waren Teil des dritten nationalen Berichts 2013, der zweite Monitoring-Durchlauf liefert Datengrundlagen für die Bewertungen in dem vierten nationalen Bericht, der Ende August 2019 an die Europäische Kommission übermittelt wurde (BfN 2019a). Die Methoden, Bewertungsvorgaben und Abläufe des FFH-Monitorings werden fortlaufend überprüft und wo notwendig und sinnvoll angepasst.

Das Monitoring von Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert (High-Nature-Value (HNV)-Farmland-Monitoring) wird seit 2009 bundesweit durchgeführt. Ziel dieses Monitorings ist es, die Erfolge und Misserfolge bei den Anstrengungen zur Verbesserung der Umweltsituation in der Landwirtschaft, die von den Ländern, dem Bund und der Europäischen Union unternommen werden, abzubilden. Dazu wurde der HNV-Farmland Indikator entwickelt, der den Anteil von Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert an der gesamten Agrarlandschaftsfläche misst. Als Flächenkulisse werden die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen, auf denen auch das Monitoring häufiger Brutvögel durchgeführt wird, genutzt (Abb.1). Um den Indikator berechnen zu können, werden im 4-Jahresrhytmus alle landwirtschaftlichen Nutzflächen auf den Stichprobenflächen über die Erfassung von Pflanzenarten und -artengruppen, die eine erhöhte floristische Artenvielfalt bzw. eine extensive Nutzung indizieren, einer Qualitätsbewertung unterzogen. Gleichermaßen werden Landschaftselemente über typspezifische Vielfalts- und Strukturparameter bewertet (Benzler et al. 2015). Im Laufe der Jahre sind immer mehr Länder dazu übergegangen, neben den Stichprobenflächen des Grundprogramms auch die Stichprobenflächen des Vertiefungsprogramms zu bearbeiten, was deutlich differenziertere Aussagen und den frühzeitigeren Nachweis von Trends erlaubt (Hünig, Benzler 2017). Die seit 2009 vorliegende Zeitreihe an Indikatorwerten basiert auf drei vollständigen Kartierzyklen. Der vierte Durchgang wird 2021 vollendet sein. Derzeit wird die Berechnung des Indikators methodisch modifiziert mit dem Ziel, die Präzision des Indikators zu steigern. Dabei soll insbesondere die Bezugsfläche auf Bundesebene genauer bestimmt und die Ergebnisse der Erfassung der Vertiefungsprogramme in den Ländern integriert werden. Die Modifikation wird zwar zu einer Veränderung der Indikatorwerte führen, die Kontinuität der Wertereihen aber nicht beeinträchtigen.

Das Vogelmonitoring in Deutschland startete bereits in den 1960er und 70er Jahren und basiert zu einem erheblichen Anteil auf ehrenamtlichen Erfassungen, dazu kommen Programme der Länder und Seevogelzählungen des BfN in der Ausschließlichen Wirtschaftszone (Sudfeldt et al. 2012). Das bundesweite ehrenamtlich getragene Vogelmonitoring (Monitoring häufiger Brutvögel, Monitoring seltener Brutvögel und Monitoring rastender Wasservögel) wird bundesweit vom Dachverband Deutscher Avifaunisten (DDA) koordiniert und in Zusammenarbeit mit dem BfN sowie den Vogelschutzwarten der Länder wissenschaftlich für Naturschutzfragen ausgewertet. Die gemeinsame Nutzung der Ergebnisse aus dem ehrenamtlichen Vogelmonitoring Deutschlands durch Bund und Länder und die Finanzierung der durch den DDA dafür zu erbringenden Leistungen wird in der Bund-Länder-Verwaltungsvereinbarung Vogelmonitoring (VV Vogelmonitoring) geregelt. Die VV Vogelmonitoring besteht seit 2008 und hat sich als Modell für eine Kooperation zwischen Bund, Ländern und ehrenamtlich getragenem Fachverband bewährt. Das Monitoring häufiger Brutvögel wird auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen durchgeführt, wogegen das Monitoring rastender Wasservögel eine Gebietskulisse von mehreren tausend Zählgebieten an Still-, Fließ- und Küstengewässern verwendet. Das Vogelmonitoring wurde und wird fortlaufend weiterentwickelt und optimiert. Ein besonderer Schwerpunkt liegt derzeit auf der Einführung digitaler Werkzeuge für die Kartierung im Feld bis hin zur Datenauswertung, wodurch der Datenfluss erheblich beschleunigt und die Kartierenden von der analogen Datenaufbereitung entlastet werden sollen. Bei der Weiterentwicklung des Monitorings seltener Brutvögel werden bundesweit einheitliche Methoden eingeführt, die auf die breite Beteiligung des Ehrenamtes zugeschnitten und auf die Ermittlung von Bestandstrends fokussiert sind.

Die im Meer geltenden rechtlichen Anforderungen an das Monitoring entsprechen z.T. auch den an Land bekannten rechtlichen Verpflichtungen, wie z.B. der FFH-Richtlinie. Darüber hinaus sind im Meer weitere europäische Richtlinien und internationale Übereinkommen verpflichtend, im Wesentlichen sind dies die Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie sowie die Übereinkommen zum Schutz des Nordost-Atlantiks und der Ostsee. Die aktuelle Schutzgebietskulisse in der deutschen Nord- und Ostsee zeigt, dass knapp die Hälfte (45 %) der ca. 56.500 km² großen deutschen Meeresfläche in der Nord- und Ostsee als Natura 2000-Gebiete ausgewiesen sind. Die Besonderheit beim Meeresmonitoring ist, dass für die Umsetzung auf den Flächen der Ausschließliche Wirtschaftszone (AWZ, 12 - 200 sm) der Bund zuständig ist. Die Koordination erfolgt durch den Bund/Länder Ausschuss für Nord- und Ostsee (BLANO). Der durch die rechtlichen Anforderungen vorgegebene Fokus des Biodiversitäts-Meeresmonitorings liegt auf Meeressäugetieren, Fischen, Seevögeln und benthischen Arten und Biotopen.

Über die beschriebenen Monitoringprogramme hinaus gibt es in Deutschland weitere bundesweite Programme, die ganz eigenen Zielstellungen folgen, in denen aber auch Daten zur Biodiversität erhoben werden. Dazu gehören z.B. das Monitoring nach Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) für die Zustandsbewertung der Oberflächenwasserkörper, die Bundeswaldinventur (BWI), die Bodenzustandserfassung (BZE) oder die Boden-Dauerbeobachtung der Länder. Bundesweit etabliert ist außerdem das ehrenamtliche Tagfalter-Monitoring Deutschland, das vom Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ) koordiniert wird.



Abb. 1: Grundprogramm der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen. Die 1.000 Stichprobenflächen wurden 2004 für das Monitoring häufiger Brutvögel vom Statistischen Bundesamt gezogen. Um der Heterogenität der Gesamtlandschaft Rechnung zu tragen, wurde die Stichprobe als geschichtete Stichprobe (sechs Nutzungs- und 21 Standorttypen) konzipiert (Mitschke et al. 2005) (Quelle: BfN & StBA 2004; Geodaten: ©GeoBasis-DE/BKG 2003).

2.2 Was ist in der Entwicklung?

Zur Erreichung des Ziels der Naturschutzoffensive 2020, die Datenlage zur Biodiversität zu verbessern, sollen die bereits bestehenden Monitoringprogramme des Naturschutzes um weitere Programme zur Erfassung der Biodiversität ergänzt werden. Dabei soll der Schwerpunkt auf Erhebungen in der Gesamtlandschaft gelegt und hierfür die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen genutzt werden (Abb. 1). Dieses Stichprobennetz bildet das räumliche und konzeptionelle Grundgerüst, an dem sich die zukünftigen Entwicklungen orientieren.

Die Vernetzung der Monitoringaktivitäten und die Nutzung von Synergien sind zentrale Leitgedanken bei dem Ausbau der bereits bestehenden und der Entwicklung neuer Monitoringprogramme. Die Durchführung verschiedener Beobachtungen auf einer einheitlichen Flächenkulisse ermöglicht die gemeinsame und damit vertiefte Auswertung der Daten und fördert die Analyse von Wirkungszusammenhängen und Ursachen für den Rückgang der biologischen Vielfalt. Synergien ergeben sich aber auch in Bezug auf die Infrastruktur, die verwendeten Parameter und Methoden, die Daten zu Umweltparametern und anderen Einflussgrößen oder dem Erhebungsdesign.

Der Bedarf an bundesweiten Informationen zur Häufigkeit, Verteilung, flächenmäßigen Ausdehnung sowie zum Zustand und zu Veränderungen von Biotopen in der Gesamtlandschaft wurde bereits auf dem Workshop in 2008 zum Ausdruck gebracht. Um diese Lücke zu füllen wird seit 2016 ein Ökosystem-Monitoring entwickelt und erprobt. Dabei wird die Erfassung der HNV-Anteile auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen um eine vollständige Kartierung der Biotope und ihrer Qualitätsmerkmale erweitert. Mit dem Ökosystem-Monitoring werden bundesweite Aussagen zum Landschaftswandel möglich. Neben der Qualität, Ausstattung oder Naturnähe von Biotopen können Einflussfaktoren wie Landnutzungswandel, Versiegelung und Zerschneidung oder Intensivierung der Landwirtschaft repräsentativ für die Gesamtlandschaft dokumentiert und bewertet werden. Unterstützt durch ein Forschungsvorhaben wurden die erforderlichen methodischen Grundlagen für das Ökosystem-Monitoring entwickelt und erprobt. Dazu gehören eine Kartieranleitung samt bundesweit gültigem Kartierschlüssel, Zuordnungslisten zu den Länderschlüsseln, die eine Vergleichbarkeit mit Kartierungen der Länder sicherstellen und eine Erfassungssoftware (PAN 2020). In einem Folgevorhaben wird das Ökosystem-Monitoring auf einer breiten Auswahl von Stichprobenflächen in Deutschland angewendet und die Methodik optimiert. Die Daten bilden die Grundlage für die Entwicklung eines soliden Aus- und Bewertungsverfahren.

Aktuelle Veröffentlichungen zu Rückgängen lokaler Insektenpopulationen haben auch den Ruf nach bundesweiten, systematisch erhobenen Langzeitdaten zu Bestandsveränderungen der Insektenfauna laut werden lassen. Die Bundesregierung hat die Entwicklung und Umsetzung eines bundesweiten Insektenmonitorings in den Maßnahmenkatalog des „Aktionsprogramm Insektenschutz“ (BMU 2019) aufgenommen. Im Sommer 2018 ist ein Forschungsvorhaben mit dem Ziel gestartet, die konzeptionellen Grundlagen für ein bundeweites Insektenmonitoring zu entwickeln. Um einen harmonisierten Einstieg in das Insektenmonitoring zu ermöglichen, wurde Anfang 2019 in enger Zusammenarbeit mit den Landesfachbehörden, ein „Einheitlicher Methodenleitfaden Insektenmonitoring“ (BfN 2019b), erarbeitet. Er beschreibt Zielstellung und Grundstruktur des Monitorings und enthält Methodenbeschreibungen für erste Bausteine des Minimalprogramms. Das bundesweite Insektenmonitoring soll zum einen Aussagen zu häufigen Insekten der Gesamtlandschaft Deutschlands ermöglichen. Für dieses „Monitoring häufiger Insekten“ wird das Netz der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen genutzt. Zum anderen sollen Insekten seltener Lebensräume und aus Naturschutzsicht besonders wertvolle Insekten wie zum Beispiel seltene und gefährdete Arten berücksichtigt werden. Für dieses „Monitoring seltener Insekten“ sind ergänzende und teilweise sehr spezifische Flächenkulissen erforderlich. Der Methodenleitfaden stellt einen wichtigen ersten Meilenstein, hin zu einem bundesweiten Insektenmonitoring, dar. Auf ihn baut die weitere Konzeptentwicklung auf.

Im Unterschied zur FFH-Richtlinie enthält die bereits 1979 verabschiedete Vogelschutzrichtlinie (VRL) keine expliziten Monitoringverpflichtungen. Um auch für die Vogelarten eine Übersicht über den Erhaltungszustand zu ermitteln, wurde von der EU-Kommission und den Mitgliedstaaten 2011 ein entsprechend modifiziertes Berichtsformat für den Vogelschutzbericht eingeführt. Mit der Novellierung des Art. 12 der VRL im Rahmen der EU-VO 2019/1010 im Juni 2019 ist nun auch für die Umsetzung der VRL ein Monitoring europäischer Vogelarten innerhalb und außerhalb der EU-Vogelschutzgebiete verpflichtend. Neben den Beständen, der Verbreitung und den Trends der Vogelarten in Deutschland ist zu berichten, wie sich die wertgebenden Arten in den Vogelschutzgebieten entwickeln. Die nationalen Berichte nach Vogelschutzrichtlinie 2013 und 2019 haben gezeigt, dass gerade in diesem Bereich noch Defizite beim Monitoring herrschen (Gerlach et al. 2019), die durch eine stärkere Abstimmung und Ergänzung der Beobachtungen in den Vogelschutzgebieten

behoben werden sollen. Wichtig sind dafür der Ausbau des Monitorings seltener Brutvögel und der alle sechs Jahre zu wiederholenden Brutbestandserfassung durch die Länder in den EU-Vogelschutzgebieten. In einem Forschungsvorhaben werden derzeit die fachlichen und organisatorischen Grundlagen für ein harmonisiertes Monitoring europäischer Vogelschutzgebiete erarbeitet und die Länder dabei unterstützt, ein bundesweit harmonisiertes Monitoring zu etablieren.

Mit der Initiative des Nationalen Naturerbes (NNE) wurden für den Naturschutz bedeutsame Flächen des Bundes unentgeltlich an Länder, die Deutsche Bundesstiftung Umwelt (DBU) sowie Naturschutzverbände und Naturschutzstiftungen übertragen. Ein Teil der NNE-Flächen ist beim Bund verblieben. Insgesamt sind aktuell 156.000 ha als Naturerbeflächen gesichert. An die Übertragung dieser Flächen ist die Aufgabe der Wahrung der Belange des Naturschutzes gebunden. Rund zweidrittel der Flächen sind Waldlebensräume, die langfristig dem Prozessschutz unterliegen. Wertvolle Offenlandökosysteme sind dagegen ebenso wie Moore und naturnahe Auen-, Ufer- und Gewässerbereiche zu erhalten und ggf. zu entwickeln. Auch wenn ein Monitoring der NNE-Flächen nicht verpflichtend vorgeschrieben ist, besteht doch ein großes Interesse von Bund und Flächeneigentümern, die Entwicklung der NNE-Flächen zu dokumentieren und die Wirksamkeit von Maßnahmen zu bewerten. Die FlächeneigentümerInnen, weitere Akteure und der Bund haben sich zum Ziel gesetzt ein praktikables Monitoring-System für Naturerbeflächen zu entwickeln und zu begleiten (Züghart et al. in Vorb.). Mit dem Basis-Modul des Waldmonitorings (Schwill et al. 2016), dem Handbuch für ein Foto-Monitoring (Peinelt et al. 2016) und dem Basismodul I – Monitoring häufiger Brutvögel auf Flächen des Nationalen Naturerbes (Sudfeldt et al. 2018) stehen bereits erste Methoden für die breite Anwendung zur Verfügung. Ein Basismodul II – seltene Brutvögel ist in der Bearbeitung. Das Basismodul für Tagfaltererfassungen wird gemeinsam mit dem UFZ erarbeitet und für 2020 zum Testen bereitstehen.

Während über den Bestand seltener und häufiger Gefäßpflanzen aus verschiedenen Erfassungsprojekten oder Kartierungsinitiativen in der Regel gute Daten vorliegen, fehlen diese bei den sogenannten mittelhäufigen Arten. Um eine valide Grundlage für die Bewertung der Bestandstrends von Pflanzenarten in der Gesamtlandschaft zu erhalten, wird derzeit in einem Forschungsvorhaben geprüft, welche Methode für eine standardisierte und regelmäßige Erfassung mittelhäufiger Pflanzenarten auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen geeignet ist. Die Erfassung der Gefäßpflanzen soll so konzipiert werden, dass sie und das Ökosystem-Monitoring ineinandergreifen um Synergieeffekte zu erzielen.

3 Die Weiterentwicklung des Biodiversitätsmonitorings

In den vergangenen Jahren wurden viele wichtige Schritte getan um den Ausbau und die Weiterentwicklung des „umfassenden bundesweiten Biodiversitätsmonitorings“ (Naturschutz-Offensive 2020) voran zu bringen. Um diesen Prozess fortzuführen, bieten sich vielfältige Handlungsstränge an. Um die Datenlage und damit die Aussagemöglichkeiten zu Zustand und Trends der Biodiversität, weiter zu verbessern, müssen relevante Datenlücken identifiziert und durch ergänzende Beobachtungsansätze geeigneter Indikatoren geschlossen werden. Technische Innovationen können klassische Erfassungsmethoden ergänzen, erleichtern oder beschleunigen, aber auch ganz neue Lebensräume und Artengruppen für das Monitoring erschließen. Für die Weiterentwicklung des Monitorings ist es daher wichtig, den Stand der Forschung zu verfolgen, die Fragestellungen und Anforderungen des Monitorings in den Forschungsprozess einzubringen und auf die Eignung von Methoden für den Routineeinsatz hinzuwirken. Aber auch Methoden für die Analyse von Daten werden ständig weiterentwickelt. Ziel sollte nicht nur sein, die Datenlage an sich zu verbessern, sondern die Daten die bereits generiert werden immer besser auszuwerten.

Mit diesen drei Handlungssträngen hat sich die Fachtagung „Das umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring – Derzeitige Entwicklungen und Perspektiven“ Ende 2017 in der internationalen Naturschutzakademie auf Vilm beschäftigt. Die Leitfragen der Veranstaltung waren:

1. Was sind die Kriterien für ein umfassendes Biodiversitätsmonitoring?

   Bei dieser Frage geht es darum, die konkreten Schritte für den weiteren Ausbau des Naturschutz-Monitorings hin zu einem „umfassenden“ Monitoring der Biodiversität zu diskutieren. Welche konkreten Fragestellungen sollen mit dem Monitoring beantwortet werden, welche Indikatoren sind dafür relevant und was wird gebraucht um dies umzusetzen.

2. Welche neuen technischen Entwicklungen können das Monitoring unterstützen und/oder ergänzen?

   Die Forschung im Bereich neuer technischer Entwicklungen schreitet rasant voran. Viele neue Techniken wie z.B. Fernerkundung, bioakustische Sensoren, automatisierte Bilderkennungsverfahren oder eDNA besitzen das Potential zur Unterstützung des Biodiversitätsmonitorings. Allerdings liegen zwischen der Neuentwicklung einer Methode und deren routinemäßiger Anwendung in einem systematischen Monitoring oft viele Arbeitsschritte und lange Zeiträume. Ziel ist es hier, sich über den Stand aktueller Entwicklungen auszutauschen und die Möglichkeiten der Anwendung für das Monitoring zu diskutieren.

3. Wie können die vorhandenen Daten weitergehender ausgewertet und aufbereitet und Synergien genutzt werden?

   In diesem dritten Block werden verschiedene Ansätze zur Auswertung, Analyse und Modellierung von Monitoringdaten anhand konkreter Beispiele vorgestellt, Erfahrungen ausgetauscht und weitergehende Anwendungsmöglichkeiten diskutiert.

Mit der Veranstaltung wurde der Raum für einen fachlichen Austausch zwischen MonitoringexpertInnen aus Verwaltung, Anwendung und Wissenschaft zu Fragen der Weiterentwicklung des Biodiversitätsmonitorings geboten und auch angenommen. Die Inhalte der Vorträge und Diskussionen werden in den folgenden Kapiteln dieses Bandes zusammengefasst und können auf dem Weg zu einem umfassenden, bundesweiten Biodiversitätsmonitoring einen wichtigen Beitrag leisten.

Literaturverzeichnis

Benzler, A., Fuchs, D., Hünig, C. (2015): Methodik und erste Ergebnisse des Monitorings der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. Beleg für aktuelle Biodiversitätsverluste in der Agrarlandschaft. Natur und Landschaft 90 (7): 309-316.

Bundesamt für Naturschutz (BfN) (2019a): Nationaler Bericht 2019 gemäß FFH-Richtlinie. URL: https://www.bfn.de/themen/natura-2000/berichte-monitoring/nationaler-ffh-bericht.html (letzter Zugriff 28.07.2019).

Bundesamt für Naturschutz (BfN) (2019b): Einheitlicher Methodenleitfaden Insektenmonitoring. URL: https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Methodenleitfaden_Insektenmonitoring_2019.pdf (letzter Zugriff 22.07.2020).

Bundesamt für Naturschutz (BfN), Bund-Länder-Arbeitskreis (BLAK) FFH-Monitoring und Berichtspflichten (Hrsg.) (2017a): Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring. BfN-Skripten 480, Teil I, 374 S.

Bundesamt für Naturschutz (BfN), Bund-Länder-Arbeitskreis (BLAK) FFH-Monitoring und Berichtspflichten (Hrsg.) (2017b): Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring. BfN-Skripten 481, Teil II, 242 S.

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB) (2015a): Indikatorenbericht 2014 zur Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt. Bonn, 111 S.

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB) (2015b): Naturschutz-Offensive 2020. Für biologische Vielfalt! Berlin, 39 S.

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU) (2019): Aktionsprogramm Insektenschutz. Gemeinsam wirksam gegen das Insektensterben. URL: https://www.bmu.de/fileadmin/Daten_BMU/Pools/Broschueren/aktionsprogramm_insektenschutz_kabinettversion_bf.pdf (letzter Zugriff 22.07.2020).

Dörpinghaus, A., Dröschmeister, R., Fritsche, B. (Bearb.) (2010): Naturschutz Monitoring in Deutschland. Stand und Perspektiven. Naturschutz und Biologische Vielfalt 83, 274 S.

Gerlach, B., Dröschmeister, R., Langgemach, T., Sudfeld, C. et al. (2019): Vögel in Deutschland – Übersichten zur Bestandssituation. DDA, BfN, LAG VSW. Münster (DDA), 63 S.

Hünig, C., Benzler, A. (2017): Das Monitoring der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. BfN-Skripten 476, 45 S.

Mitschke, A., Sudfeldt, C., Heidrich-Riske, H., Dröschmeister, R. (2005): Das neue Brutvogelmonitoring in der Normallandschaft Deutschlands – Untersuchungsgebiete, Erfassungsmethode und erste Ergebnisse. Vogelwelt 126: 127-140.

Peinelt, N., Kathke, S., Hönig, L., Schleyer, E. et al. (2016): Handbuch Fotomonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Naturstiftung David (Hrsg.). 30 S. URL: https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE_Infoportal/Monitoring/Handbuch_Fotomonitoring.pdf (letzter Zugriff 17.04.2020).

Planungsbüro für angewandten Naturschutz GmbH (PAN) (2020): Ökosystem-Monitoring auf bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen. Abschlussbericht des gleichnamigen F+E-Vorhabens (FKZ 3516 82 1100). BfN-Skripten 585, 189 S.

Sachteleben, J., Behrens, M. (2010): Konzept zum Monitoring des Erhaltungszustandes von Lebensraumtypen und Arten der FFH-Richtlinie in Deutschland. – Ergebnisse des F+E-Vorhabens „Konzeptionelle Umsetzung der EU-Vorgaben zum FFH-Monitoring und Berichtspflichten in Deutschland“. BfN-Skripten 278, 180 S.

Schwill, S., Schleyer, E., Planek, J. (2016): Handbuch Waldmonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Naturstiftung David (Hrsg.): 15 S. URL:https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE_Infoportal/Monitoring/Handbuch_Waldmonitoring.pdf (letzter Zugriff 17.04.2020).

Sudfeldt, C., Dröschmeister, R., Stenzel, S., Trautmann, S. et al. (2018): Anleitung für das Brutvogelmonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Basismodul I – häufige Brutvögel. Münster (Dachverband Deutscher Avifaunisten), 9 S.

Sudfeld, C., Dröschmeister, R., Wahl, J., Trautmann, S. et al. (2012): Vogelmonitoring in Deutschland. Programme und Anwendungen. Naturschutz und Biologische Vielfalt 119, 257 S.

Zügehart, W., Reiter, K., Metzmacher, A. (in Vorb.): Monitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Erfahrungsaustausch zu Monitoringkonzepten auf Flächen des Nationalen Naturerbes. BfN-Skripten.

Adresse der Autorinnen:

Wiebke Züghart* und Stefanie Stenzel
Bundesamt für Naturschutz
Fachgebiet II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“
Konstantinstr. 110, 53179 Bonn
E-Mail: *wiebke.zueghart@bfn.de

Standards und Indikatorartengruppen – Erfahrungen aus der ÖFS in Nordrhein-Westfalen

Heinrich König

Zusammenfassung

Die Ökologische Flächenstichprobe (ÖFS) ist im Verlauf der letzten 20 Jahre in NRW zu einem fest etablierten zentralen Modul im landesweiten Biodiversitätsmonitoring geworden. Vor über 20 Jahren ist dieses Monitoringprogramm als Landschaftsmonitoring für die Normallandschaft bzw. Gesamtlandschaft konzipiert worden. Ziel war es repräsentative Daten und Zahlen für das Land NRW zu erhalten und eine Entwicklung dieser Daten im zeitlichen Verlauf systematisch sicher zu stellen und zu dokumentieren. Bei der Methodenentwicklung der ÖFS Mitte der 90iger Jahre konnte seinerzeit auf keine umfangreichen Erfahrungen in Deutschland oder Europa zurückgegriffen werden. Notwendige Standards für das Stichprobendesign wie Größe und Zuschnitt der ÖFS-Untersuchungsflächen, ihre Anzahl und Verteilung in der Fläche musste sowohl mathematisch-statistischen Vorgaben als auch fachlichen Kriterien genügen. Einerseits sollten die Untersuchungsflächen so groß gewählt werden, dass auch repräsentative Landschaftsausschnitte dargestellt werden, andererseits dürfen die Untersuchungsflächen nicht zu groß gewählt werden, dass aus methodischen Gründen eine Geländearbeit in hoher Detailtiefe nicht mehr zu bewältigen ist. Bei der Auswahl der Indikatorengruppen stand neben einer hohen Indikatoreigenschaft auch im Vordergrund, ob diese methodisch auf Landschaftsausschnitten im Gelände zu erfassen sind und genügend erfahrene KartiererInnen zur Verfügung stehen. Die anfänglichen Basis-Indikatorengruppen Biotoptypen, Gefäßpflanzen und Brutvögel sind im Laufe der Zeit ergänzt worden. Im Jahre 2019 hat NRW damit begonnen systemattisch Heuschrecken und Tagfalter auf ÖFS-Flächen zu erfassen. Neben Landesaufgaben sind mit den Jahren auch Berichtspflichten auf Bundes- und EU-Ebene hinzugekommen, die mit den Ergebnissen der ÖFS bedient werden können (König 2010).

Abstract

During the last 20 years, Ecological Area Sampling (ÖFS) has become a well-established core module within biodiversity monitoring in North-Rhine – Westphalia (NRW). Twenty years ago, ÖFS was established as a monitoring program for the ‘average’ landscape. The aim was to obtain representative data and figures for NRW and to systematically document trends in this data over time. When the methods for ÖFS were developed in the mid-1990s, no comprehensive experience in this field was available from Germany or Europe. Standards for sample design such as size and form of the sample plots, their number and distribution had to suffice mathematical-statistical requirements as well as technical criteria. The sample plots need to be large enough to show representative sections of the landscape; on the other hand, the plots should not be too large in order to still allow detailed sampling to take place. For the selection of indicator groups, besides the general suitability as indicator, it was important that indicators can be well sampled in the field within the given plot and that there are enough experienced persons to undertake the sampling. Initially, habitat types, vascular plants and breeding birds were chosen as indicator groups, to which more groups were added over time. In 2019, the systematic sampling of grasshoppers and crickets, and butterflies was added to the ÖFS portfolio. The results of the ÖFS not only serve NRW-wide tasks, but also national reporting at federal state and EU level.



Abb. 1: ÖFS-Untersuchungsgebiet als Ausschnitt der Normallandschaft im Ballungsraums Rhein/Ruhr (Quelle: eigene Darstellung, Luftbild © Geobasis NRW).

1 Einleitung

In den 90iger Jahren war der Datenbedarf für eine umweltökonomische Gesamtrechnung seitens des Statistischen Bundesamtes (StBA) der Auslöser für ein in den Jahren 1994 - 1997 vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) finanziertes Pilotprojekt „Entwicklung eines Indikatorensystems für den Zustand der Umwelt in der Bundesrepublik Deutschland mit Praxistest für ausgewählte Indikatoren und Bezugsräume“ (Radermacher et al. 1998).

In dieser vom Bundesumweltministerium (BMU) und dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) unterstützten Studie wurde erstmals die Ökologische Flächenstichprobe (ÖFS) als geeignetes Monitoringprogramm für die Normallandschaft beschrieben, das gut geeignet ist, auf einem repräsentativen Untersuchungsnetz biotoptypenbezogene Strukturparameter, floristische und faunistische Daten zu erheben, um Umwelt- und Naturschutzindikatoren zu bedienen. Weiterhin kann sie notwendige Daten liefern, um den Zustand der Normallandschaft bzw. der Gesamtlandschaft zu beschreiben und Einflussgrößen auf ökosystemare Veränderungen abbilden.

Fast zeitgleich wurde im Bundesland NRW 1994 das naturschutzbezogene Monitoring, ein umfassendes Biodiversitätsmonitoring, auf drei Säulen gestellt, neu strukturiert und organisiert:

- Artmonitoring,
- Biotopmonitoring,
- Landschaftsmonitoring.

Während die Beobachtung und gar ein Monitoring (seltener) Arten und Lebensräume (Art- und Biotopmonitoring), zumindest zum Teil, bereits auf eine gewisse Tradition zurückbli-

cken können, war ein Landschaftsmonitoring ein Novum (Wolff-Straub et al. 1996). Denn nicht die „Perlen des Naturschutzes“ standen bei diesem Monitoringprogramm im Vordergrund, sondern die genutzte Agrar-, Forst- und Industrie- und Siedlungslandschaft, in denen Naturschutzaktivitäten bislang eher als unbedeutend einzustufen waren.

Um eine große Datenlücke zu schließen, war der Anspruch an das nordrhein-westfälische Landschaftsmonitoring klar mit dem Ziel umrissen, umwelt- und naturschutzbezogene Daten auf Landesebene zu ermitteln. Im Vordergrund standen häufige und mittelhäufige Biotoptypen und deren Strukturparameter und Arten. Eine landesweit vollständige, oder nahezu vollständige Erfassung, Kartierung, Bearbeitung und Bewertung von häufigen Arten und Biotoptypen war von vornherein ausgeschlossen. Daher konnte nur ein geeignetes repräsentatives Untersuchungsnetz Grundlage sein.

In dem Industrieland NRW mit 18 Millionen Einwohnern und mit dem Ruhrgebiet dem größten Ballungsraum in Europa (Abb. 1) stellten sich bei der Festlegung von Standards und der Auswahl von Indikatorengruppen für ein solches Monitoring gewisse neue Herausforderungen, die hier im Folgenden besprochen werden.

2 Methodik der ÖFS

2.1 Stichprobendesign und Standards

Stichprobengröße

Als Größe für eine Untersuchungsfläche des Landschaftsmonitorings wurden quadratische Landschaftsausschnitte von je 100 ha als normativ sinnvoll und geeignet festgelegt. In 100 ha großen Landschaftsausschnitten können einerseits noch Charakteristika einer Landschaft, wie bspw. Zusammenhänge zwischen verschiedenen Biotoptypen und Lebensräumen analysiert und dargestellt werden. Andererseits ist es bis zu dieser Flächengröße noch möglich mit vertretbaren Aufwand Indikatorengruppen flächig und quantitativ im Gelände zu erfassen.

Stichprobendesign

Raum- und flächenbezogene Monitoringnetze sind mehrheitlich als regelmäßige Raster mit standardisiertem Abstand der Untersuchungsflächen zueinander ausgebildet, wie beispielsweise in der bundesweiten bzw. landesweiten Waldinventur (BWI, LWI) oder dem Schweizer Biodiversitätsmonitoring (Küttel 2010). Für ein festes Raster-Untersuchungsnetz sind im Vorfeld einer Festlegung der Untersuchungsflächen keine umfangreichen Analysen notwendig. Als nachteilig ist jedoch anzusehen, dass aus statistischer Sicht großflächige Landschaftsräume „unnötig“ zu häufig bearbeitet werden, während kleinflächige Landschaftsräume schnell unterrepräsentiert sind. Diese Probleme können bei einer geschichteten Zufallsstichprobe minimiert oder gar weitgehend ausgeschlossen werden. Ziel der Planung des Stichprobendesigns der ÖFS war es, ausreichend Untersuchungsflächen zu ermitteln, die in der Flächensumme ca. 0,5 % der NRW-Landesfläche repräsentieren. Den geschichteten Zufallsstichproben lagen einerseits sechs Landschaftsräume (z.B. „Sandiges Tiefland“) und drei Landnutzungs-Haupttypen (Agrarräume, forstliche und urbane Räume) zu Grunde. Die sechs Landschaftsräume sind aus der Karte der potentiellen natürlichen Vegetation (Trautmann 1972) entwickelt worden, in dem die dort dargestellten 37 Vegetationseinheiten zu sechs Obergruppen (= Landschaftsräume) zusammengefasst wurden. Die Differenzierung in die drei Landnutzungsräume erfolgte auf Grundlage der aktuell flächig zur Verfügung stehenden ATKIS-Daten. Vor der Ermittlung der ÖFS-Untersuchungsflächen wurden alle überlappungsfreien ca. 34.000 100-ha-Landschaftsausschnitte in NRW einem Landschaftsraum und einem Haupt-

Landnutzungstyp zugeordnet. Auf der Grundlage dieser Charakteristika aller potentiellen 34.000 Untersuchungsflächen konnten dann im Rahmen eines geschichteten Zufallsstichproben-Verfahrens 170 ÖFS-Untersuchungsflächen gezogen bzw. ermittelt werden (Abb. 2).

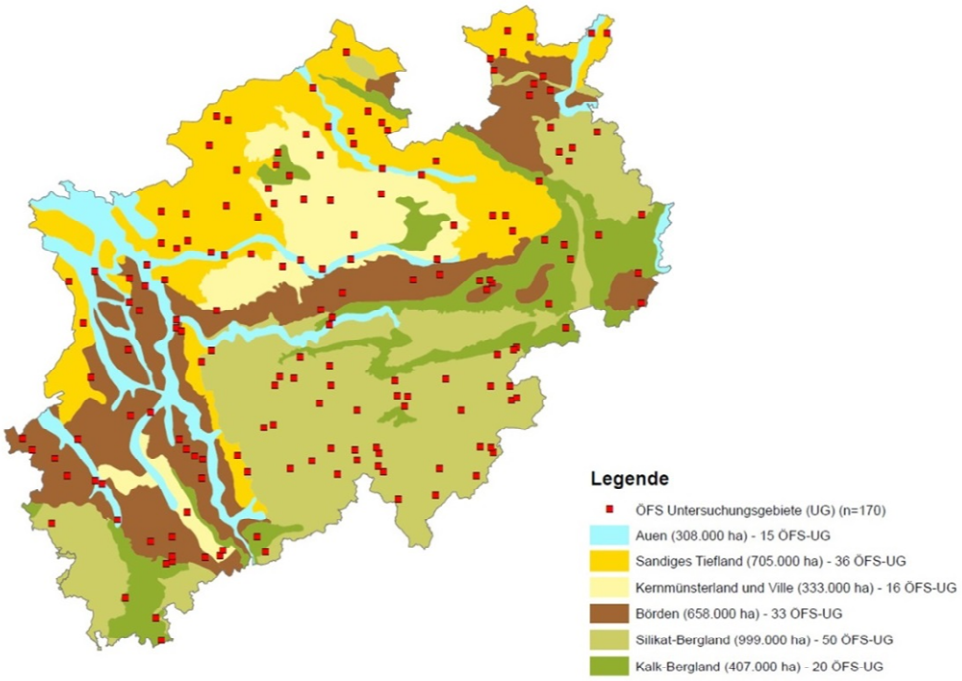


Abb. 2: Karte der ÖFS-Untersuchungsflächen in NRW (Quelle: eigene Darstellung, Geobasisdaten © Geobasis NRW).

Diese 170 ÖFS-Untersuchungsflächen sind Teil des zeitlich später festgelegten bundesweiten Untersuchungsnetzes, das die Grundlage für das HNV-Monitoring und das Monitoring häufiger Brutvögel ist. Die Festlegung der Untersuchungsflächen erfolgte in NRW bereits 1996. Im Jahre 2011 wurde das ÖFS-Stichprobennetz im Zuge der Planung eines landesweiten Klimafolgenmonitorings im Ballungsraum Rhein/Ruhr um 21 Untersuchungsflächen auf 30 verdichtet, um für diesen besonders klimasensitiven Raum mit einer der höchsten Bevölkerungsdichten in Europa aus statistischer Sicht genügend Untersuchungsflächen zur Verfügung zu haben. Somit sind auch spezifische Auswertungen bzw. Aussagen für den Ballungsraum möglich.

Neben den aktuell 191 ÖFS-Untersuchungsflächen wurden zusätzlich insgesamt 29 sogenannte Referenzflächen ausgewählt und festgelegt. Hierbei handelt es sich um Landschaftsausschnitte überwiegend in Schutzgebieten, die z.B. im Wald, durch einen hohen Laub- und Totholzanteil und Nutzungsverzicht (Wildnisgebiete) gekennzeichnet sind. In der Agrarlandschaft sind es großflächige, als Acker oder Grünland extensiv genutzte Landschaftsausschnitte. Da die Referenzflächen methodisch identisch zu den ÖFS-Untersuchungsflächen der Normallandschaft bearbeitet werden, bieten die Ergebnisse im Vergleich Interpretationshilfe und Unterstützung bei der Bewertung der Ergebnisse aus der Normallandschaft.

Repräsentativität

Für welchen Bezugsraum und für welche Parameter kann nun die ÖFS als Landschaftsmonitoring in der Normallandschaft belastbare Aussagen treffen? Im Naturschutz haben z.B. Biotopkataster und die Bestandserfassung seltener Arten längere Traditionen. Gemeinsam ist hier das Ziel, möglichst auf Landesebene vollständige Daten zu erheben. Bei einem Monitoring wie der ÖFS, bei dem lediglich 0,5 % der Landesfläche auf Stichprobenflächen untersucht werden, sind die Ergebnisse keine absoluten Zahlen, sondern Ergebnisse von Hochrechnungen.

Bezugsraum

Bei der Festlegung der Untersuchungsflächen im Rahmen einer doppelt geschichteten Zufallsstichprobe war es das Ziel, ein repräsentatives Untersuchungsnetz für das Land festzulegen. Da sich in NRW die 191 ÖFS-Untersuchungsflächen zu etwa gleichen Teilen im Flachland und Bergland befinden, die gleichzeitig auch die atlantische und kontinentale Region im Rahmen der FFH-Berichtspflicht wiederspiegeln, lassen sich repräsentative Aussagen häufig auch für diese beiden Regionen treffen. Auf der Ebene der Landschaftsräume ist dies nur bedingt oder mit Einschränkungen möglich.

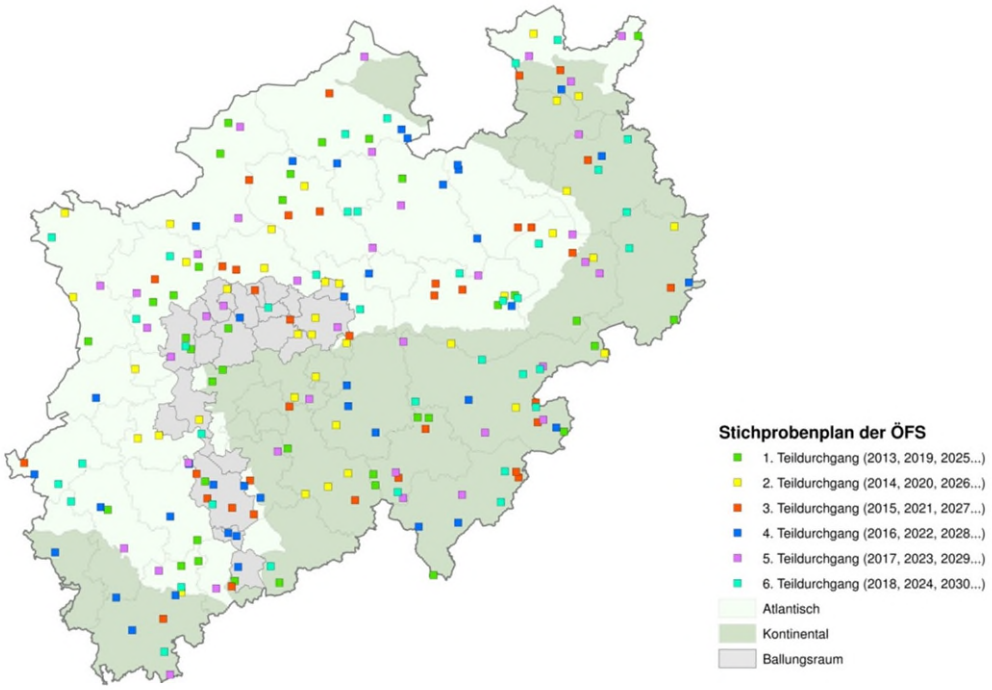


Abb. 3: Stichprobenplan der ÖFS in NRW (Quelle: eigene Darstellung, Geobasisdaten © Geobasis NRW).

Untersuchungsrhythmus/Geländearbeit

Nach einer Erprobungsphase im Jahre 1996 begannen die Gelände- und Kartierarbeiten im Jahr 1997. Dabei war es nie das Ziel, alle ÖFS-Untersuchungsflächen in einem Jahr zu bearbeiten. Das wäre schon allein aus Kapazitätsgründen von qualifizierten FeldbiologInnen (BotanikerInnen, OrnithologInnen) gescheitert. Zum heutigen Tag ist ein Stichprobenplan umgesetzt, der jedes Jahr die Bearbeitung/Aktualisierung eines Sechstels der Gesamtheit aller Untersuchungsflächen vorsieht. Dieses Sechstel ist jeweils eine repräsentative Unterstichprobe der Gesamtheit aller ÖFS-Untersuchungsgebiete (Abb. 3). Bei der Hochrechnung von Jahreswerten für Arten bzw. Parametern werden immer die aktuellsten

Daten aller ÖFS-Untersuchungsgebiete zu Grunde gelegt. Diese Vorgehensweise wird in der Statistik als „Gleitender Mittelwert“ bezeichnet.

2.2 Parameter und Indikatoren der ÖFS

Grundlagen

Bei dem Monitoring in der Normallandschaft stehen häufige (bzw. mittelhäufige) Biotoptypen und Arten im Vordergrund. Die Aussagekraft der hochgerechneten Ergebnisse lässt sich mit Berechnung und Darstellung der Standardabweichung bzw. des Konfidenzinterwalls absichern bzw. eingrenzen. Grundsätzlich bestimmen neben der Häufigkeit (Stetigkeit, Antreffwahrscheinlichkeit) auch die Häufigkeitsverteilung und Häufigkeitsspanne das Konfidenzinterwall.

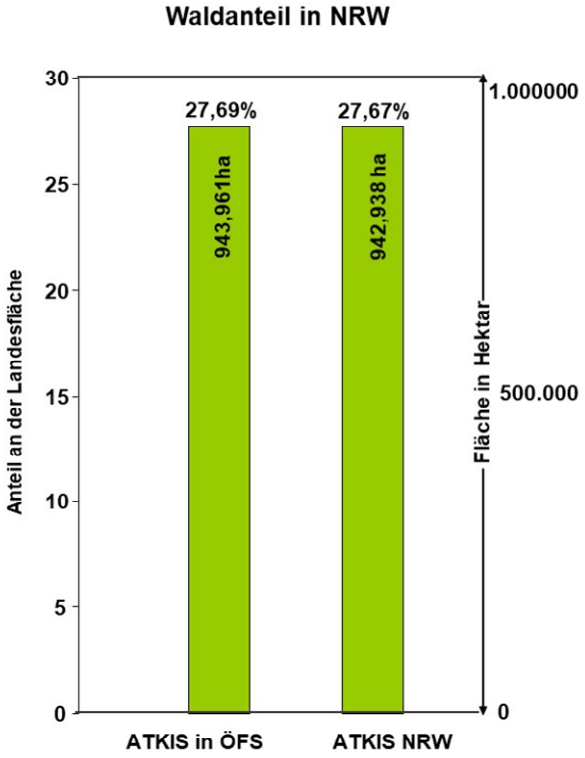


Abb. 4: Der Vergleich des Waldanteils aus ATKIS auf der gesamten Landesfläche im Vergleich mit ATKIS auf den ÖFS-Untersuchungsflächen zeigt die hohe Repräsentativität des ÖFS-Stichprobennetzes für Wald.

Unter Plausibilitätsgesichtspunkten ist es hilfreich den hochgerechneten Ergebnissen in den Fällen, wo es möglich ist, Zahlen einer vollständigen Gesamterhebung gegenüberzustellen. So unterscheidet sich beispielsweise, basierend auf ATKIS Daten, der Waldanteil Nordrhein-Westfalens für die Gesamtfläche des Landes im Vergleich zum Waldanteil auf den ÖFS-Untersuchungsflächen nur um 0,02 % (Abb. 4).

Biotoptypen

Wichtige Grundlageninformationen zur Normallandschaft liefert eine Biotoptypenkartierung (Abb. 5). Sie bietet die Möglichkeit Landschaftsausschnitte für rechnergestützte Auswertungen differenziert zu analysieren und zu bewerten. Damit eine flächige Biotoptypenkartierung aller ÖFS-Untersuchungsgebiete gewährleistet werden konnte, musste der vorhandene Biotoptypenschlüssel NRW, der z.B. im Biotopkataster Anwendung findet, deutlich erweitert werden. Dieses trifft insbesondere für den besiedelten Bereich außerhalb von

Schutzgebieten zu. Die Grundlage dieser Erweiterung bilden sogenannte Struktur-Biotoptypen und nicht etwa Biotoptypen, die sich durch ihre vegetationskundliche Ausprägung charakterisieren lassen, denn letztere nehmen in der Normallandschaft wegen ihrer geringen Verbreitung in der Normallandschaft eine untergeordnete Rolle ein.

Eine Kartiereinheit der ÖFS ist als homogene Fläche definiert, die durch gleiche oder ähnliche Strukturen charakterisiert ist. Dabei werden alle vorkommenden Biotoptypen, wie z.B. Buchenwald, Tankstelle oder Neophytensaum, gleichrangig behandelt. Biotoptypenspezifische kennzeichnende und charakteristische Strukturparameter werden entweder qualitativ (präsens/absens) oder quantitativ (z.B. in Prozentangaben) erfasst. Eine Biotopbewertung auf einer 11-teiligen Skala von 0 bis 10 fasst die wesentlichen wertgebenden Strukturparameter zusammen. Sie erfolgt auf der Grundlage folgender naturschutzfachlich anerkannter Kriterien (Biedermann et al. 2008):

- Natürlichkeit,
- Gefährdung/Seltenheit,
- Ersetzbarkeit/Wiederherstellbarkeit,
- Vollkommenheit.

FFH-Lebensraumtypen

Werden FFH-Lebensraumtypen (LRT) auf den ÖFS-Untersuchungsflächen angetroffen, werden alle zusätzlich lebensraumtypischen Parameter, die für eine LRT-Bewertung notwendig sind, zusätzlich erfasst (LANUV 2019).

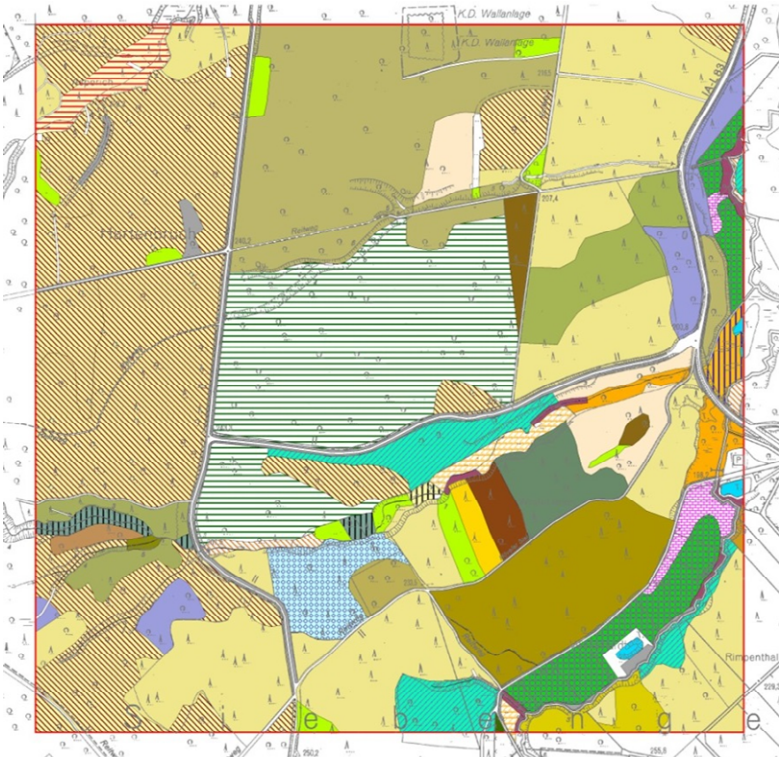


Abb. 5: Beispiel der Biotoptypenverteilung auf einer ÖFS-Untersuchungsfläche. Jede Farbe bzw. Schraffur stellt einen Biotoptyp (ohne Legende) dar. Linienförmige (z.B. Säume) und punktförmige (z.B. Biotopbäume) Objekte sind aus Maßstabsgründen nicht dargestellt (Quelle: eigene Darstellung, Geobasisdaten © Geobasis NRW).

Flora

Bei der Erfassung von Pflanzen war in der ÖFS eine Beschränkung auf die Gefäßpflanzen schon allein aus pragmatischen Gründen unerlässlich. Für Moose, Flechten, Pilze usw. sind die Geländemethoden entweder zu aufwendig und/oder es stehen landesweit nicht genügend Fachleute zur Verfügung, die die Geländearbeit übernehmen könnten. Eine umfangreiche floristische Inventarisierung böte zwar einen nahezu vollständigen Überblick über Häufigkeit und Verteilung von Arten. Andererseits liegen bei den Gefäßpflanzen umfangreiche Parameter über die ökologischen Charakteristika (Zeigerwerte) vor, so dass ihre Standorte sehr gut bewertet werden können (Ellenberg 2001).

Die floristische Erfassung im Gelände erfolgt auf Biotoptypenebene, d.h. auf jeder abgegrenzten, einzelnen Kartiereinheit. Auf eine klassische Vegetationsaufnahme bzw. auf die Einrichtung von Vegetations-Dauerquadraten wird verzichtet. Vielmehr ist es das Ziel, möglichst alle vorkommenden Gefäßpflanzen einer jeden Kartiereinheit, teils in mehreren Schichten, wie z.B. bei Wäldern, zu listen. Häufigkeitsangaben erfolgen als Schätzung der Deckung in Prozent, bezogen auf die gesamte Kartiereinheit von 0,1 bis 100 %. Hierbei steht 0,1 % für Einzelpflanzen. Bei häufigeren Arten wird eine Schätzung in 5%-Stufen empfohlen, die sich in den letzten Jahren bewährt hat. Es liegt im Ergebnis somit für alle Kartiereinheiten jeder ÖFS-Untersuchungsfläche eine vollständige Gefäßpflanzenliste mit quantitativen Häufigkeitsangaben vor. Die Verteilung einer Art, innerhalb der Kartiereinheit wird zusätzlich mit z.B. „lokal“, „randlich“ oder „gleichmäßig verteilt in der Fläche“ angegeben. Im Mittel kommen ca. 250 Kartiereinheiten pro ÖFS-Untersuchungsfläche vor.

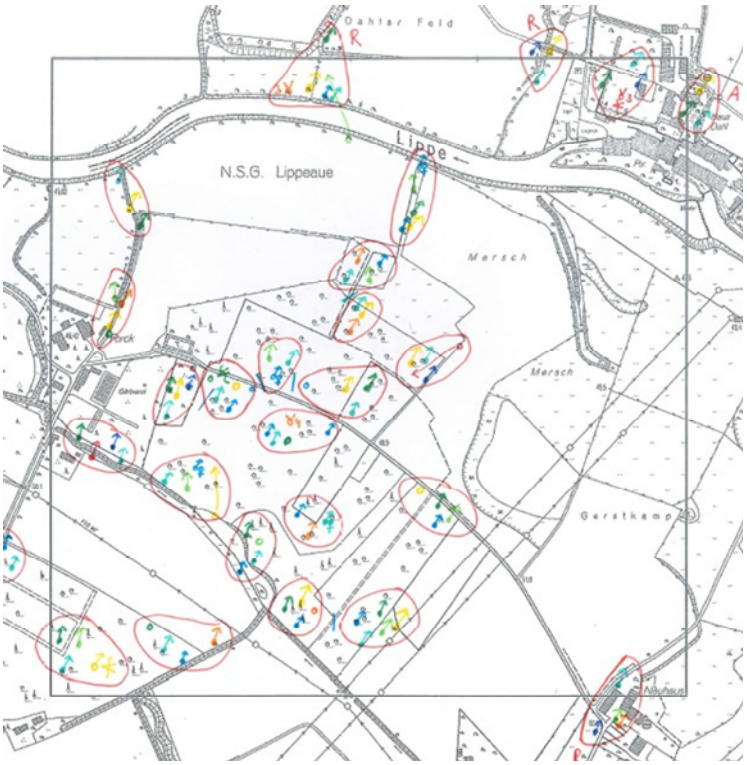


Abb. 6: Papierrevierkarte der Kohlmeise von einer ÖFS-Untersuchungsfläche (Quelle: eigene Darstellung, Geobasisdaten © Geobasis NRW).

Fauna/Brutvögel

Bei der (Aus-)Wahl einer Faunengruppe für die ÖFS wurden folgende Aspekte geprüft:

1. Kommt die Faunengruppe in allen oder zumindest möglichst vielen Biotoptypen der Normallandschaft vor?
2. Hat die Faunengruppe eine hohe Indikatorwirkung?
3. Stehen ausreichend fachkundige ArtkennerInnen für ein Monitoring zur Verfügung?
4. Existieren Methoden um die Faunengruppe qualitativ und quantitativ flächig auf 100 ha großen Untersuchungsflächen unter vertretbarem Zeitaufwand und finanziellen Rahmenbedingungen zu erfassen?
5. Hat die Faunengruppe in der Bevölkerung bzw. bei politisch Entscheidenden hohe bzw. positive Akzeptanz?

Die Brutvögel sind die einzige Faunengruppe, für die die o.a. Aspekte alle eindeutig mit „ja" beantwortet werden konnten. Als Kartiermethode wurde in der ÖFS die standardisierte Reviermethode gewählt, bei der als Ergebnis aus revieranzeigenden Beobachtungen sogenannte „Papierreviere" abgeleitet werden: Polygone, die entsprechend der Kartiervorgaben ein vermutetes Brutrevier in der Fläche darstellen (Abb. 6). Im Ergebnis erhält man mit dieser Methode für jedes Untersuchungsgebiet von jeder Art die Anzahl der festgestellten Brutreviere/Brutpaare pro ÖFS-Fläche und durch die Verortung einen Bezug zum Biotoptyp. Eine Verschneidung von Papierrevier und Biotoptyp ermöglicht vielfältige Auswertungen.

2.3 Von den Geländedaten zur Datenbank

Um im Rahmen von landesweiten Hochrechnungen von Monitoringdaten auf Untersuchungsflächen, die 0,5 % der Landesfläche repräsentieren, möglichst präzise Ergebnisse mit akzeptablen Konfidenzintervallen zu erzielen, sind neben einem gut durchdachten Stichprobendesign auch hochqualitative Daten Voraussetzung. Die Kartierarbeit wird als Auftragsarbeit an fachkundige Kartierbüros bzw. BiologInnen, LandschaftsökologInnen, BotanikerInnen oder ZoologInnen (OrnithologInnen) vergeben. Sowohl für das Modul „Biotoptypen/Strukturen/Flora" als auch für das Modul „Brutvögel" sind für die ÖFS zur Gewährleistung standardisierter Erfassungsmethoden umfangreiche und detaillierte Kartieranleitungen erstellt worden (Biotop- und Lebensraumtypenkatalog NRW, LANUV 2016, LANUV 2019). Da inzwischen alle ÖFS-Untersuchungsflächen bereits mehrmals kartiert bzw. im Gelände aktualisiert worden sind, werden für die Geländearbeit die Daten der Letztkartierung als Datenreports (Abb. 7 und 8) sowie die graphischen Abgrenzungen der einzelnen Kartiereinheiten den Kartierbüros zur Verfügung gestellt.

Die Erfassung der fachlichen Sachdaten erfolgt im Gelände in analoger Form. Topografische Karten und Luftbildkarten dienen als Grundlage (Abb. 9). Für die spätere, digitale Datenerfassung durch die Kartierbüros werden die Grafik- und Sachdaten der vorangegangenen Kartierungen digital zur Verfügung gestellt. Bei den Sachdaten werden jedoch numerische/quantitative Angaben verdeckt, so dass auch bei unveränderten Zuständen die aktuellen Daten immer wieder bewusst neu eingetragen werden müssen.

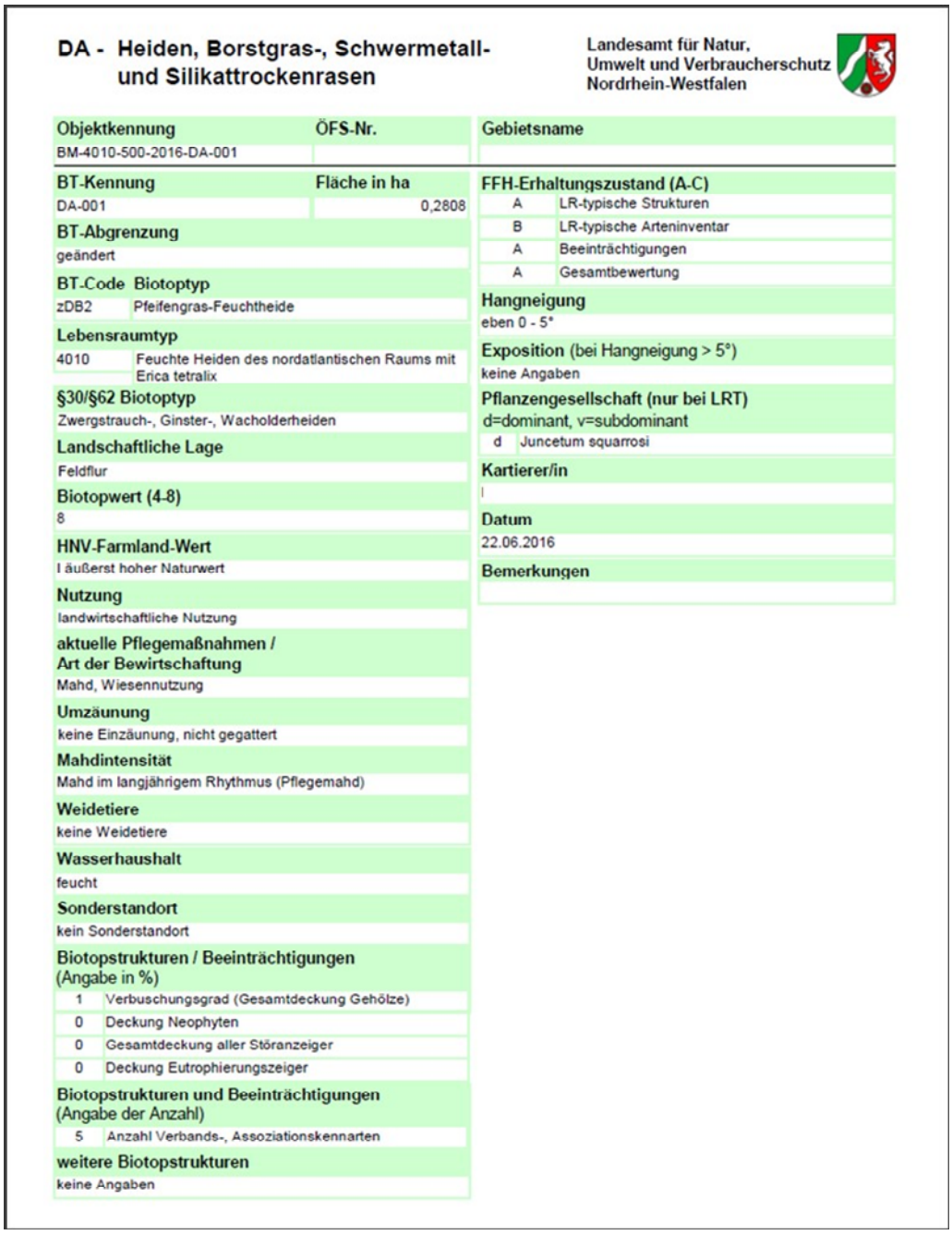
Bei Eingang der digitalen Daten im LANUV durchlaufen diese eine automatisierte, technisch-fachliche Plausibilitäts- und Qualitätsprüfung. Hierbei werden vor allem fehlende Daten und Datensätze, die zueinander grob fachlich nicht zusammenpassen, determiniert und zusammengestellt. Diese Mängelliste wird nachfolgend von den Kartierbüros abgearbeitet und somit fehlende Daten ergänzt bzw. Unplausibilitäten korrigiert. Nach erneutem Eingang

der überarbeiteten Kartierdaten erfolgt eine umfassende fachliche Plausibilitätskontrolle. Hierzu gehören z.B.:

- Prüfung der Abgrenzungen der Kartiereinheiten anhand aktueller Luftbilder,
- Prüfung stichprobenhaft bzw. in Einzelfällen durch Vor-Ort-Kontrolle,
- Abgleich der Pflanzenliste mit der vegetationskundlichen Einstufung insbesondere bei FFH-LRT,
- Abgleich der Pflanzenartenliste mit der fachlichen Bewertung: allgemeine Biotopbewertung, FFH-LRT-Bewertung, HNV-Bewertung,
- Abgleich der Strukturparameter mit der fachlichen Bewertung: allgemeine Biotopbewertung, FFH-LRT-Bewertung, HNV-Bewertung,

Auch bei diesem Arbeitsschritt sind in der Regel Rücksprachen, Korrekturen und Ergänzungen durch die Kartierbüros erforderlich, bevor die geprüften Daten in eine zentrale Datenbank eingespeist werden können.

Zur Aufrechterhaltung eines hohen fachlichen Niveaus bei den eingesetzten KartiererInnen und Kartierbüros und zur Feinabstimmung sowie Besprechung von Neuerungen und Weiterentwicklungen bei den Kartiervorschriften, finden jährliche KartiererInnentreffen statt, bei denen häufige Probleme und Fragen umfassend diskutiert und fachlich abgestimmt werden. Hierzu gehören auch fachliche Anregungen aus dem Kreis der KartiererInnen, die sich im Rahmen der Geländearbeit ergeben.



DA - Heiden, Borstgras-, Schwermetall- und Silikattrockenrasen

Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen

Objektkennung	ÖFS-Nr.
BM-4010-500-2016-DA-001	

BT-Kennung	Fläche in ha
DA-001	0,2808

BT-Abgrenzung
geändert

BT-Code	Biotoptyp
zDB2	Pfeifengras-Feuchtheide

Lebensraumtyp	
4010	Feuchte Heiden des nordatlantischen Raums mit Erica tetralix

§30/§62 Biotoptyp
Zwergstrauch-, Ginster-, Wacholderheiden

Landschaftliche Lage
Feldflur

Biotopwert (4-8)
8

HNV-Farmland-Wert
I äußerst hoher Naturwert

Nutzung
landwirtschaftliche Nutzung

aktuelle Pflegemaßnahmen / Art der Bewirtschaftung
Mahd, Wiesennutzung

Umzäunung
keine Einzäunung, nicht gegattert

Mahdintensität
Mahd im langjährigem Rhythmus (Pflegemahd)

Weidetiere
keine Weidetiere

Wasserhaushalt
feucht

Sonderstandort
kein Sonderstandort

Biotopstrukturen / Beeinträchtigungen (Angabe in %)

1	Verbuschungsgrad (Gesamtdeckung Gehölze)
0	Deckung Neophyten
0	Gesamtdeckung aller Störanzeiger
0	Deckung Eutrophierungszeiger

Biotopstrukturen und Beeinträchtigungen (Angabe der Anzahl)

5	Anzahl Verbands-, Assoziationskennarten

weitere Biotopstrukturen
keine Angaben

Gebietsname

FFH-Erhaltungszustand (A-C)

A	LR-typische Strukturen
B	LR-typische Arteninventar
A	Beeinträchtigungen
A	Gesamtbewertung

Hangneigung
eben 0 - 5°

Exposition (bei Hangneigung > 5°)
keine Angaben

Pflanzengesellschaft (nur bei LRT)
d=dominant, v=subdominant

d	Juncetum squarrosi

Kartierer/in
I

Datum
22.06.2016

Bemerkungen

Abb. 7: Sachdatenreport der Letztkartierung als Grundlage für die Aktualisierung im Gelände, Teil 1.

DA - Heiden, Borstgras-, Schwermetall - und Silikattrockenrasen

Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz Nordrhein-Westfalen

Objektkennung	ÖFS-Nr.	Gebietsname:
BM-4010-500-2016-DA-001		

mögliche Schichten: 1. Baumschicht, 2. Baumschicht, Strauchschicht, Krautschicht, Heide, Borstgrasrasen (Krautschicht)

Pflanzenliste

S	Krautschicht	Deck. in	V
	Gesamtdeckung:	96	
e	Alopecurus geniculatus		
	Calluna vulgaris	3	l
n	Carex echinata	0,1	
	Carex nigra	20	f
	Carex panicea	0,1	l
	Carex pilulifera (subsp. pilulifera)	1	l
	Erica tetralix	5	f
	Eriophorum angustifolium	10	l
	Festuca ovina	4	f
	Galium saxatile	1	f
e	Galium uliginosum		
n	Gentiana pneumonanthe	0,1	l
	Juncus acutiflorus (subsp. acutifl	3	l
	Juncus effusus (subsp. effusus)	3	l
	Juncus squarrosus	5	f
n	Luzula congesta	1	l
e	Luzula multiflora (subsp. multiflor		
	Molinia caerulea	40	f
	Nardus stricta	10	f
n	Polygala serpyllifolia	0,1	l
	Potentilla erecta (subsp. erecta)	2	f
	Trichophorum germanicum	1	l
n	Vaccinium myrtillus	0,1	l

S	Moosschicht	Deck. in	V
	Gesamtdeckung:	75	
	Moose unbestimmt	30	f
	Polytrichum commune	40	f
e	Polytrichum strictum		
	Sphagnum spec.	5	l

S	Solitärbäume > 50 cm BHD	Anzahl	V
	Gesamtdeckung:		
	Betula pendula	1	l

Abb. 8: Sachdatenreport der Letztkartierung als Grundlage für die Aktualisierung im Gelände, Teil 2.



Abb. 9: Topografische Karten und Luftbildkarten sind die Grundlagenkarten für die Geländearbeit (Quelle: eigene Darstellung, Geobasisdaten und Luftbild © Geobasis NRW).

3 „ÖFS – PLUS“

Die Ökologische Flächenstichprobe ist seit über 20 Jahren zentrales Modul im Landes-Biodiversitätsmonitoring. In dieser Zeit haben sich immer wieder zusätzliche Fragestellungen und Anforderungen ergeben, für die ergänzende Parameter zusätzlich erhoben und bereitgestellt werden mussten. In nachfolgend aufgeführten Fällen ist nicht ein jeweils gänzlich neues Monitoring eingerichtet worden, sondern das etablierte ÖFS-Monitoring ist erweitert bzw. ergänzt worden. Maßgebliche Gründe hierfür sind methodischer oder synergetischer Art.

3.1 FFH-LRT-Monitoring

Einige häufige FFH-LRT werden durch das ÖFS-Untersuchungsnetz wegen ihrer landesweiten Häufigkeit und Verteilung ausreichend oft erfasst, so dass Auswertungen, z.B. zum Erhaltungszustand, sowohl für die atlantische als auch die kontinentale Region über die ÖFS ermöglicht werden. Für weniger häufige FFH-LRT, die nicht über die ÖFS abgedeckt werden konnten, wurde das sogenannte Biotopmonitoring um ein repräsentatives Untersuchungsnetz für jeden seltenen FFH-LRT erweitert Die statistisch notwendige Untergrenze liegt bei mindestens 30 Untersuchungsflächen je Einheit. Um in diesen Fällen sowohl die Kartierergebnisse aus der ÖFS als auch aus dem Biotopmonitoring für Landesaussagen hochrechnen zu können, ist die Anwendung einer einheitlichen Kartiermethode eine Grundvoraussetzung. Demensprechend wird die für die ÖFS entwickelte Kartieranleitung (Biotoptypen/Flora) auch für das Biotopmonitoring angewandt.

3.2 GVO-Monitoring

Im Vorfeld der möglichen Freisetzung und Ausbringung von gentechnisch-verändertem Saatgut wurde Raps als die Nutzpflanze identifiziert, bei der nachweislich durch Pollentransfer gentechnisch-verändertes Erbgut auf acht Pflanzenarten übertragen werden kann. Um ein landesweites System zu etablieren, das in der Lage ist, gentechnisch-veränderte Sequenzen bei Wildpflanzen festzustellen, wurde festgelegt, vom spontan wachsenden Raps und den acht potentiellen Kreuzungspartnern im Rahmen der Kartierungen auf ÖFS-Untersuchungsflächen Pflanzenproben zu nehmen, die dann in landeseigenen chemischen Untersuchungsämtern auf das Vorhandensein veränderter Transgene untersucht werden.

3.3 Klimafolgenmonitoring

Im Zuge der globalen Klimaveränderung hat das Land NRW auch den Anspruch entwickelt, klimabedingte Auswirkungen auf die Biodiversität zu erfassen. Im Wesentlichen erfasst die ÖFS bereits Biotoptypen, Lebensräume, Strukturen, Flora und Fauna, so dass für den Bereich „Normallandschaft“ kein eigenes, neues Monitoringsystem für ein Klimafolgenmonitoring notwendig ist. Der Schwerpunkt bei der Interpretation der Ergebnisse liegt jedoch insbesondere auf der Ursachenforschung und der Frage inwieweit direkte, anthropogene Einflüsse von denen der globalen Klimaveränderung separiert, beschrieben und nachgewiesen werden können. Um einen der größten Ballungsräume Europas, der sich schon allein durch eine sehr hohe Bevölkerungsdichte und hohe Bebauungs- und Versiegelungsgrade auszeichnet, gesondert auswerten und betrachten zu können, ist im Rahmen eines sogenannten Klima-Innovationsfonds das ÖFS-Untersuchungsnetz in dem Rhein-Ruhr-Verdichtungsraum auf die statistisch notwendige Mindestgröße von 30 ÖFS-Untersuchungsflächen verdichtet und erweitert worden (siehe Kap. 4.1).

3.4 Wildnismonitoring

Mit der Umsetzung und Ausweisung von geeigneten Wildnis-(entwicklungs-) Gebieten im öffentlichen Wald (Staatswald) ging die Etablierung eines geeigneten Monitorings einher. Um die Entwicklung von wichtigen Strukturparametern von nutzungsfreien Wäldern, wie Uraltbäume, Großhöhlenbäume oder großdimensionierte Totholzbäume sowie Indikator-Vogelarten für Altwälder, wie z.B. die Gruppe der Spechte, besser interpretieren zu können, war die Anwendung der ÖFS-Methode naheliegend – auch um den Vergleich zum Wirtschaftswald zu ermöglichen.

Aus allen Wildnisentwicklungsgebieten wurde ein repräsentatives Stichproben-Netz „gezogen“, das mittels der ÖFS-Methodik bearbeitet wird. Bei einigen Wildnisentwicklungsgebieten, die bereits zufällig in ÖFS-Untersuchungsflächen gelegen sind, ergeben sich Synergieeffekte.

3.5 Insektenmonitoring

Erst seit wenigen Jahren ist der intensive Rückgang der Insekten auch in das Bewusstsein einer breiten Öffentlichkeit gelangt. Insbesondere mit der Veröffentlichung einer Studie des Entomologischen Vereins Krefeld 2013 (Sorg et al. 2013, Hallmann et al. 2017) wurde deutschlandweit über den Schutz von Insekten und über ein Insektenmonitoring diskutiert. Die Erkenntnisse des Krefelder Entomologischen Vereins zum Rückgang der Insekten waren Anlass, die ÖFS um die Erfassung der Insektenbiomasse zu erweitern. Um repräsentative Aussagen auch für das gesamte Bundesland zu erhalten, wurde aus dem ÖFS-Untersuchungsnetz eine repräsentative Unterstichprobe von 60 Untersuchungsflächen gezogen, in denen Malaisefallen aufgestellt wurden und werden (Abb. 10).

Darüber hinaus wird ein vom LANUV gemeinsam mit der Universität Osnabrück gestartetes Forschungsvorhaben (2019-2022) die Grundlagen für ein landesweites Insektenmonitoring schaffen. Das Vorhaben wird vom Umweltministerium NRW gefördert (Grüneberg et al. 2019). Dabei wird die Gruppe der Tagfalter entlang von Transekten auf allen ÖFS-Untersuchungsflächen und die Gruppe der Heuschrecken auf repräsentativen Grünlandflächen auf ÖFS-Untersuchungsflächen erfasst.



Abb. 10: Malaisefalle im Randbereich von Wald und Agrarlandschaft (Foto: H. König).

4 Fazit

Die Ökologische Flächenstichprobe (ÖFS) hat sich nach 20-jähriger Anwendung in NRW als Analyse- und Überwachungsinstrument für den Zustand und die Entwicklung der Biodiversität in der Normallandschaft bewährt. Inzwischen können mit den Ergebnissen zahlreiche Indikatoren zu Landes-, Bundes- und EU-Berichtspflichten bedient werden. Die ÖFS ist so konzipiert, dass bei neuen Fragestellungen zusätzliche Parameter erfasst und in das Stichprobendesign ergänzt werden können.

Literaturverzeichnis

Biedermann, U., Werking-Radtke, J., Woike, M., König, H. (2008): Numerische Bewertung von Biotoptypen für die Eingriffsregelung in NRW. Recklinghausen (LANUV NRW), 37 S.

Biotop- und Lebensraumtypenkatalog NRW, Landesamt für Natur-, Umwelt- und Verbraucherschutz. URL: http://methoden.naturschutzinformationen.nrw.de/methoden/de/listen/lrtMonitoring (letzter Zugriff 11.02.2020).

Ellenberg, H. (2001): Zeigerwerte von Pflanzen in Mitteleuropa. Göttingen (Goltze Verlag), 262 S.

Grüneberg, C., Löffler, F., Fartmann, F. (2019): Monitoring von Insekten in Nordrhein-Westfalen. Natur in NRW 2019 (2): 12-15.

Hallmann, C., Sorg, M., Jongejans, E., de Kroon, H. et al. (2017): More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. PLOS ONE 12 (10), e0185809.

König, H. (2010): Die Ökologische Flächenstichprobe (ÖFS) in Nordrhein-Westfalen. In: Doerpinghaus, A., Dröschmeister, R., Fritsche, B. (Bearb.): Naturschutz-Monitoring in Deutschland: Stand und Perspektiven. Tagungsband zum Statusseminar an der Internationalen Naturschutzakademie Insel Vilm vom 14. bis 18. April 2008. Naturschutz und Biologische Vielfalt 83: 19-28.

Kütte, M. (2010): Das Biodiversitätsmonitoring der Schweiz – Stand und Perspektiven. Naturschutz und Biologische Vielfalt 83, 29-41.

LANUV (2016): Arbeitsanleitung für die Brutvogel-Revierkartierung im Auftrag des LANUV NRW. URL: http://methoden.naturschutzinformationen.nrw.de/methoden/web/babel/media/Arbeitsanleitung_fuer_Brutvogel_Revierkartierungen_NRW.pdf (letzter Zugriff 11.02.2020).

LANUV (2019): Biodiversitätsmonitoring-Kartieranleitung (ÖFS/BM). URL: http://methoden.naturschutzinformationen.nrw.de/methoden/web/babel/media/oefs-bm-kartieranleitung-2019.pdf (letzter Zugriff 11.02.2020).

Radermacher, W., Zieschank, R., Hoffmann-Kroll, R., Van Nouhuys, J., Seibel, S. (1998): Entwicklung eines Indikatorensystems für den Zustand der Umwelt in der Bundesrepublik Deutschland mit Praxistest für ausgewählte Indikatoren und Bezugsräume. SchrR Beiträge zu den UmweltÖkonomischen Gesamtrechnungen 5, 457 S.

Sorg, M., Schwan, H., Stenmann, W., Müller, A. (2013): Ermittlung der Biomasse flugaktiver Insekten im Naturschutzgebiet Orbroicher Bruch mit Malaise-Fallen in den Jahren 1989 und 2013. Mitteilungen aus dem Entomologischen Verein Krefeld 2013 (1): 1-5.

Trautmann, W. (1972): Vegetation (potentielle natürliche Vegetation). Deutscher Planungsatlas Bd 1., Lfg. 3 Nordrhein-Westfalen. Hannover (Jänecke), 29 S.

Wolff-Straub, R., Verbücheln, G., Gehrmann, J., König, H. et al. (1996): Biomonitoring – ein neu zu gestaltendes Aufgabenfeld der LÖBF. LÖBF-Mitt. 21 (4): 12-18.

Adresse des Autors:

Heinrich König*
FB 25 – „Monitoring, Effizienzkontrolle in Naturschutz und Landschaftspflege“
Landesamt für Natur, Umwelt und Verbraucherschutz (LANUV) NRW
Leibnizstr. 10, 45659 Recklinghausen
E-Mail: *heinrich.koenig@lanuv.nrw.de

Heuschrecken als Indikatoren für den ökologischen Zustand des Offenlandes in Deutschland

Thomas Fartmann

Zusammenfassung

Durch die Transformation von der traditionellen Kulturlandschaft zur industriellen Agrarlandschaft sind nährstoffarme Habitate großflächig verändert worden. Sowohl die Intensivierung der landwirtschaftlichen Nutzung als auch die Nutzungsaufgabe haben zu Verlust, Fragmentierung und Degradierung solcher Lebensräume mit negativen Folgen für Heuschrecken geführt. Aktuell stellt der Klimawandel eine weitere Gefahr dar.

In diesem Artikel wird die Reaktion von Heuschrecken auf den Landnutzungs- und Klimawandel behandelt. Abschließend wird die Bedeutung von Heuschrecken als Bioindikatoren für Umweltveränderungen dargestellt. Die wichtigsten Umweltfaktoren, die das Vorkommen von Heuschrecken in fragmentierten Landschaften bestimmen sind erstens die Qualität, zweitens die Größe und drittens die Konnektivität der Habitate. Trotz des großen Verlusts an Habitaten, der zunehmenden Isolation der Habitate und abnehmenden Qualität der verbliebenen Habitate, haben sich 26 der 79 bodenständigen Heuschreckenarten als Folge des Klimawandels in Deutschland ausgebreitet. Das Ausmaß der Arealexpansion variiert stark zwischen den Arten und hängt von ihren Habitatansprüchen und Ausbreitungsfähigkeiten sowie der Landschaftsstruktur am Arealrand ab. Heuschrecken sind empfindliche Indikatoren für Veränderungen auf der Habiat- und Landschaftsebene. Sie reagieren schnell auf Änderungen der Landnutzung und des Klimas. Zudem sind sie wichtige Surrogatarten und Schlüsselorganismen in Graslandökosystemen, da sie zu den wichtigsten Konsumenten und Nahrungsressourcen für Wirbeltiere (z.B. Vögel und Eidechsen) in Graslandökosystemen zählen. Die Kombination aus hoher indikatorischer Bedeutung, leichter Erfassbarkeit und einfacher Standardisierung der Erfassungsmethoden macht Heuschrecken zu einer prädestinierten Insektengruppe für ein Biodiversitätsmonitoring.

Abstract

Due to the transition from traditional land use to modern agriculture throughout Europe, semi-natural habitats have been subject to severe environmental changes. Both agricultural intensification and abandonment have caused loss, fragmentation and degradation of such habitats with adverse effects on Orthoptera. Recently, climate change has become an additional threat.

In this paper, the response of Orthoptera to (i) land-use change and (ii) climate change was addressed. Finally, the importance of Orthoptera as bioindicators of environmental change was highlighted. The most important drivers of Orthoptera species richness in our fragmented landscapes are (i) habitat quality, (ii) patch size and (iii) connectivity. Although land-use change has resulted in a strong habitat loss, an increased isolation and a decrease in habitat quality of the remaining habitat patches, 26 out of the 79 indigenous Orthoptera species in Germany expanded their range due to climate warming. The extent of the range expansion varied greatly among the species and depended on their habitat requirements and dispersal ability as well as the landscape structure at the range margin. Orthoptera are sensitive indicators at the habitat and partly landscape scale. They respond rapidly to land-use and climate change. Moreover, they are important surrogate taxa and key organisms in grassland ecosystems, as they are the main arthropod consumers and food source for vertebrates (e.g. birds or lizards). The combination of (i) a high sensitivity to environmental

change, (ii) the ease with which they can be sampled and (iii) the high standardisation of the sampling techniques makes Orthoptera a prime group of insects for biodiversity monitoring.

1 Einleitung

Seit der Industrialisierung und insbesondere nach dem zweiten Weltkrieg hat der Mensch die Umwelt stark verändert (Rockström et al. 2009). Dies hatte dramatische Auswirkungen auf die Biodiversität. Gegenwärtig sind die Aussterberaten von Pflanzen- und Tierarten tausendmal höher als es natürlicherweise der Fall wäre (De Vos et al. 2014). Entsprechend prognostizieren Forscherinnen und Forscher ein sechstes Massenartensterben, sollte diese Entwicklung wie bisher voranschreiten (Barnosky et al. 2011). Vor allem die anthropogene Änderung der Landnutzung hat erheblich zum Verlust der Artenvielfalt beigetragen (Sala et al. 2000, Foley et al. 2005). Seit Ende des letzten Jahrtausends ist zudem die Bedeutung des ebenfalls menschengemachten Klimawandels für den Rückgang der Artenvielfalt im wissenschaftlichen Fokus (Essl, Rabitsch 2013, Streitberger et al. 2016).

Der Landnutzungswandel hat zu gravierenden Veränderungen der mitteleuropäischen Landschaften geführt (Gatter 2000, Fartmann 2006, 2017a, b, Ellenberg, Leuschner 2010, Poschlod 2015, Finck et al. 2017). Die Siedlungs- und Verkehrsfläche hat deutlich zugenommen und extensiv oder kaum genutzte Habitate wie Magerrasen oder Heiden haben massiv abgenommen (Fartmann 2006, 2017a, 2017b). Letztere kommen heute meist nur noch kleinflächig und isoliert in unserer Landschaft vor. Die Qualität der verbliebenen Habitate in diesen fragmentierten Landschaften ist oft durch Nutzungsintensivierung oder -aufgabe sowie atmosphärische Stickstoffeinträge (Stevens et al. 2004) nur noch gering (Veen et al. 2009, Fartmann 2017a, 2017b).



Abb. 1: Kurzflügelige Beißschrecke (*Metrioptera brachyptera*): eine flugunfähige Heuschreckenart, die geschlossene Populationen ausbildet (Foto: T. Fartmann).

Die Jahresmitteltemperaturen sind in Deutschland im letzten Jahrhundert um bis zu 1 °C gestiegen (Jonas et al. 2005, Rapp 2000, UBA 2006). In diesem Jahrhundert wird sogar von einem Anstieg von 2,5 - 3,5 °C ausgegangen (UBA 2006). Der Jahresniederschlag hat im letzten Jahrhundert in Westdeutschland um bis zu 20 % zugenommen (insbesondere im Winter, bei Abnahme im Sommer), während in Ostdeutschland kein klarer Trend erkennbar war (Leuschner, Schipka 2004). Zukünftig könnten sich der Anstieg der Winterniederschläge und der Rückgang der Sommerniederschläge fortsetzen (UBA 2006). Extreme Wetterereignisse wie Hitzewellen (wie im Sommer 2018), Starkniederschläge oder Stürme dürften häufiger auftreten (Jonas et al. 2005). Eine ausführliche Übersicht über die Auswirkungen des Klimawandels auf die Biozönosen in Mitteleuropa geben Streitberger et al. (2016).

Aktuell kommen 79 Heuschreckenarten bodenständig in Deutschland vor (Fischer et al. 2016). Sie besiedeln hier eine Vielzahl von Offenlandhabitaten, insbesondere extensiv genutzte und nährstoffarme (Detzel 1998, Schlumprecht, Waeber 2003). Die meisten Heuschreckenarten können selbst in isolierten Habitaten über lange Zeit überleben, sofern diese groß genug sind und eine günstige Habitatqualität aufweisen (Fartmann 2017a, b). Ein typisches Beispiel für eine Art, die geschlossene Populationen ausbildet ist die flugunfähige Kurzflügelige Beißschrecke (*Metrioptera brachyptera*) (Poniatowski, Fartmann 2010; Abb. 1). Flugfähige und deutlich mobilere Arten – wie die meisten Tagfalter, aber auch einige Heuschrecken (Abb. 2) – weisen dagegen eher Metapopulationsstrukturen auf. Ihr Vorkommen hängt von der Qualität, Größe und Isolation der Habitate ab (Thomas et al. 2001, Anthes et al. 2003, Wallis De Vries 2004, Eichel, Fartmann 2008, Reich 2006, Stuhldreher, Fartmann 2014, Poniatowski et al. 2018).

Basierend auf den zuvor gemachten Ausführungen können Arten, die geschlossene Populationen aufweisen als Indikatoren für die Habitatqualität herangezogen werden (Fartmann 2017a, b). Metapopulationsarten gelten darüber hinaus als Indikatoren für die Landschaftsstruktur: Sie sind auf ein Netz von Habitaten mit günstiger Qualität und ausreichender Größe in räumlicher Nachbarschaft angewiesen. Die Übergänge zwischen Arten mit geschlossenen Populationen und Metapopulationen sind teilweise fließend.

Da die Bedeutung der Schlüsselfaktoren Flächengröße, Habitatqualität und Isolation für das Vorkommen von Heuschrecken in der stark durch den Menschen modifizierten mitteleuropäischen Kulturlandschaft in Fartmann (2017a, b) ausführlich dargestellt wurde, soll der Fokus dieses Artikels erstens auf den Auswirkungen des rezenten Landnutzungs- und Klimawandels auf die Verbreitung der Heuschrecken und zweitens der Bedeutung von Heuschrecken für das ökologische Monitoring liegen.



Abb. 2: Gefleckte Schnarrschrecke (*Bryodemella tuberculata*): eine flugfähige Heuschreckenart, die Metapopulationen ausbildet (Foto: T. Fartmann).

2 Auswirkungen des Klimawandels auf Heuschrecken

Der großflächige Verlust, die zunehmende Isolation und oft geringere Qualität der verbliebenen Habitate in unserer Landschaft (Kap. 1) hat für das Gros der Heuschreckenarten stark negative Auswirkungen (Fartmann, Mattes 1997, Detzel 1998, Maas et al. 2002, Schlumprecht, Waeber 2003, Poniatowski, Fartmann 2008, Fartmann et al. 2012, Löffler, Fartmann 2017). Trotz dieser negativen Effekte des Landnutzungswandels konnten zahlreiche Heuschreckenarten ihr Areal in Deutschland seit Ende der 1980er-Jahre aufgrund der Klimaerwärmung erweitern (Abb. 3; Poniatowski et al. 2018, Löffler et al. 2019). Insbesondere in den ehemals sommerkühlen Regionen wie den meisten Mittelgebirgen, dem atlantisch geprägten Nordwesten Deutschlands und den küstennahen – durch Nord- und

Ostsee klimatisch gepufferten – Regionen haben sich zahlreiche Arten ausgebreitet. Das Spektrum der betroffenen Heuschrecken reicht von Offenbodenspezialisten (z.B. *Oedipoda caerulescens*; Brose, Peschel 1998) über Arten mittlerer Stadien der Offenlandsukzession (z.B. *Roeseliana roeselii*; Poniatowski et al. 2012) bis hin zu typischen Bewohnern hochwüchsiger Brachen (z.B. *Phaneroptera falcata*; Grein 2007). Zudem sind sowohl ausgesprochen xerophile Arten (z.B. *Sphingonotus caerulans*; Kettermann, Fartmann 2018) als auch hygrophile Arten unter den expandierenden Taxa (z.B. *Stethophyma grossum*; Trautner, Hermann 2008). Gemeinsames Kennzeichen aller 26 Arten, die aktuell vom Klimawandel profitieren (Poniatowski et al. 2018, Löffler et al. 2019) sind zumindest eine gewisse Thermophilie sowie meist eine (obligat oder fakultativ) vorhandene Flugfähigkeit oder effektive passive Ausbreitungsmechanismen (z.B. *Meconema meridionale*, Abb. 3; Maas et al. 2002).

Zu den vom Klimawandel negativ betroffenen Arten gehören nach jetzigem Kenntnisstand vermutlich *Decticus verrucivorus*, *Metrioptera brachyptera*, *Omocestus viridulus*, *Pseudochorthippus montanus* und *Tettigonia cantans* (Poniatowski et al. 2018). Alle fünf Arten weisen relativ austrocknungsempfindliche Eier auf. Die wenigen in Deutschland ausschließlich montan und alpin verbreiteten Arten dürften ebenfalls Verlierer des Klimawandels aufweisen.

Besonders gut erforscht sind die Auswirkungen des Landnutzungs- und Klimawandels auf mögliche Arealveränderungen bei flügeldimorphen Beißschrecken. Sowohl die Kurzflügelige Beißschrecke (*Metrioptera brachyptera*) als auch Roesels Beißschrecke (*Roeseliana roeselii*) sind normalerweise kurzflügelig und flugunfähig (Poniatowski, Fartmann 2009). Bei Dichtestress in der frühen Larvalphase kommt es allerdings bei beiden Arten zur Ausbildung makropterer Formen (Poniatowski, Fartmann 2009, 2011a, 2011b), die flugfähig sind (Poniatowski, Fartmann 2011c). Aufgrund des Klimawandels traten in der jüngsten Vergangenheit gehäuft warme Frühjahre auf, die eine geringe Larvensterblichkeit und höhere Populationsdichten zur Folge hatten (Abb. 4).

Die Dichten des Habitatspezialisten *M. brachyptera* sind natürlicherweise im Freiland deutlich geringer als die des Habitatgeneralisten *R. roeselii*. Bei *M. brachyptera* werden daher im Freiland – trotz Klimawandel – so gut wie nie Larvendichten festgestellt, die zur Ausbildung makropterer Tiere führen. Selbst in den wenigen Fällen, in denen dies der Fall ist sind die Chancen auf eine erfolgreiche Ausbreitung gering, da in unserer fragmentierten Landschaft kaum noch geeignete Habitate in erreichbarer Nähe vorhanden sind (Poniatowski, Fartmann 2011b). Deutlich anders ist die Situation beim Habitatgeneralisten *R. roeselii*. Die durchschnittlichen Freilanddichten sind generell deutlich höher als bei *M. brachyptera* und in warmen Frühjahren kommt es inzwischen regelmäßig zur Ausbildung makropterer Tiere; Makropterenanteile von über 20 % innerhalb der Populationen sind inzwischen keine Seltenheit (Poniatowski, Fartmann 2011a und b). Diese makropteren Tiere sind deutlich mobiler als die kurzflügeligen Individuen (Poniatowski, Fartmann 2011c). Da geeignete Habitate für die Art weit verbreitet sind, kann sich *R. roeselii* ausbreiten und dem Klimawandel folgen.

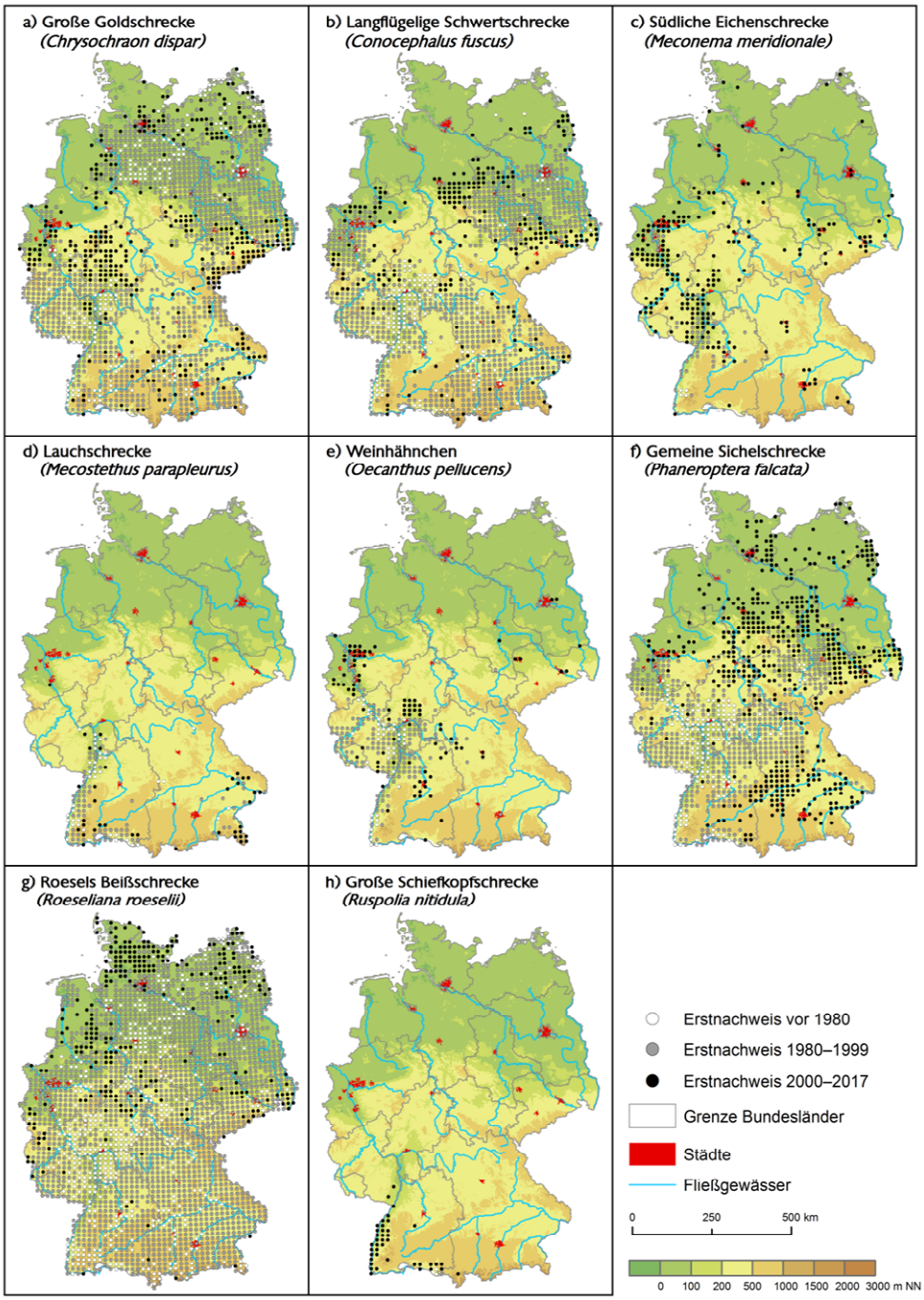


Abb. 3: Verbreitung von a) Chrysochraon dispar, b) Conocephalus fuscus, c) Meconema meridionale, d) Mecostethus parapleurus, e) *Oecanthus pellucens*, f) *Phaneroptera falcata*, g) *Roeseliana roeselii* und h) *Ruspolia nitidula* in Deutschland. Die Verbreitungslücken von *C. fuscus* und *P. falcata* in Brandenburg sind auf fehlende Daten zurückzuführen (Poniatowski et al. 2018).

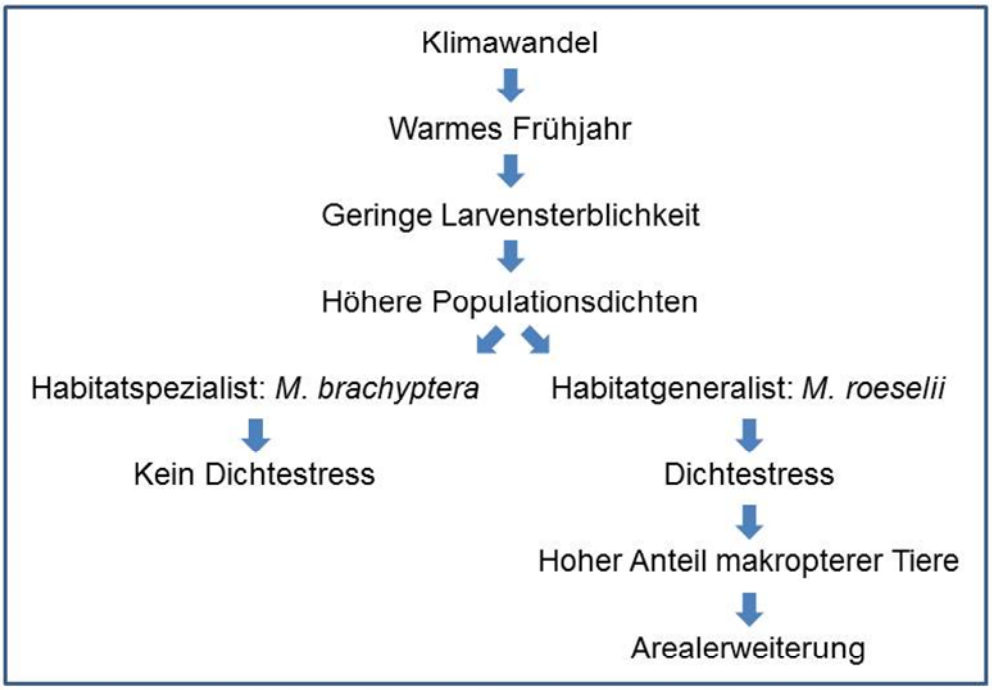


Abb. 4: Schematische Darstellung der Auswirkungen des Klimawandels auf den Habitatspezialisten Kurzflügelige Beißschrecke (*Metrioptera brachyptera*) und den Habitatgeneralisten Roesels Beißschrecke (*Roeseliana roeselii*) (Poniatowski, Fartmann 2011a und b).

3 Ökologisches Monitoring mit Heuschrecken

Heuschrecken sind sensible Bioindikatoren auf der Habitat- und teilweise Landschaftsebene (Kap. 1, Fartmann 2017a, b). Sie reagieren gleichermaßen empfindlich auf Veränderungen der Landnutzung als auch des Klimas (Kap. 1 und 2). Darüber hinaus sind sie eine wichtige Surrogat-Artengruppe. So zeigen Heuschrecken nach Sauberer et al. (2004) sehr ähnliche Reaktionsmuster auf Umweltveränderungen in Agrarlandschaften wie Moose, Gefäßpflanzen, Schnecken, Spinnen, Laufkäfer, Ameisen und Vögel. Allan et al. (2014) konnten zudem nachweisen, dass Heuschrecken ähnlich stark negativ auf eine Intensivierung der Graslandnutzung reagieren wie Höhere Pflanzen, Flechten, Spinnen und Schmetterlinge. Im Vergleich zu vielen anderen indikatorisch bedeutsamen Taxa, inklusive der zuvor genannten Gruppen, lassen sie sich aber auch anhand lebender Tiere leicht bestimmen (Fischer et al. 2018) und mit relativ geringem Zeitaufwand standardisiert erfassen (z.B. Poniatowski, Fartmann 2008, Fartmann et al. 2012, Helbing et al. 2014, Löffler, Fartmann 2017). Darüber hinaus sind Heuschrecken Schlüsselorganismen (key species) in Graslandökosystemen (Curry 1994), da sie bei hoher Abundanz eine wichtige Nahrungsquelle für Wirbeltiere (insbesondere eine Reihe von Vogelarten und Eidechsen) darstellen (Abb. 5) (Belovsky, Slade 1993).

Wie aus den zuvor gemachten Ausführungen hervorgeht, zählen Heuschrecken zu den prädestinierten Insektengruppen für ein Biodiversitätsmonitoring in Offenlandhabitaten. Die Kombination aus hoher indikatorischer Bedeutung, leichter Erfassbarkeit und guter Standardisierung der Erfassung wird von keiner anderen Insektengruppe erreicht.



Abb. 5: Der Weißstorch (*Ciconia ciconia*) zählt zu den Vogelarten, die von hohen Heuschreckendichten profitiert (Foto: T. Fartmann).

Literaturverzeichnis

Allan, E., Bossdorf, O., Fischer, M. et al. (2014): Interannual variation in land-use intensity enhances grassland multidiversity. PNAS 111 (1): 308-313.

Anthes, N., Fartmann, T., Hermann, G., Kaule, G. (2003): Combining larval habitat quality and metapopulation structure – The key for successful management of pre-alpine *Euphydryas aurinia* colonies. Journal of Insect Conservation 7: 175-185.

Barnosky, A., Matzke, N., Ferrer, E. et al. (2011): Has the Earth's sixth mass extinction already arrived? Nature 471: 51-57.

Belovsky, G., Slade, J. (1993): The role of vertebrate and invertebrate predators in a grasshopper community. Oikos 68: 193-201.

Brose, U., Peschel, R. (1998): Neue Nachweise von *Conocephalus discolor* Thunberg, 1815, *Chrysochraon dispar* (Germar, 1831), *Oedipoda caerulescens* (Linnaeus, 1758) und *Platycleis albopunctata* (Goeze, 1778) an der nördlichen Verbreitungsgrenze. Articulata 13 (2): 39-46.

Curry, J. (1994): Grassland Invertebrates – Ecology, Influence on Soil Fertility and Effects on Plant Growth. London (Chapman and Hall), 438 S.

Detzel, P. (1998): Die Heuschrecken Baden-Württembergs. Stuttgart (Ulmer), 580 S.

De Vos, J., Joppa, L., Gittleman, J., Stephens, P., Pimm, S. (2014): Estimating the normal background rate of species extinction. Conservation Biology 29: 452-462.

Eichel, S., Fartmann, T. (2008): Management of calcareous grasslands for Nickerl's fritillary (*Melitaea aurelia*) has to consider habitat requirements of the immature stages, isolation, and patch area. Journal of Insect Conservation 12: 677-688.

Essl, F., Rabitsch, W. (Hrsg.) (2013): Biodiversität und Klimawandel. Auswirkungen und Handlungsoptionen für den Naturschutz in Mitteleuropa. Berlin, Heidelberg (Springer), 458 S.

Ellenberg, H., Leuschner, C. (2010): Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen. Stuttgart (Ulmer), 1334 S.

Fartmann, T. (2006): Welche Rolle spielen Störungen für Tagfalter und Widderchen? In: Fartmann, T., Hermann, G. (Hrsg.): Larvalökologie von Tagfaltern und Widderchen in Mitteleuropa. Abhandlungen des Westfälischen Museums für Naturkunde 68 (3/4): 259-270.

Fartmann, T. (2017a): Überleben in fragmentierten Landschaften – Grundlagen für den Schutz der Biodiversität Mitteleuropas in Zeiten des globalen Wandels. Naturschutz und Landschaftsplanung 49 (9): 277-282.

Fartmann, T. (2017b): Überleben in fragmentierten Landschaften – der Schutz der Insektenfauna mitteleuropäischer Agrarlandschaften in Zeiten des globalen Wandels. In: Vischer-Leopold, M., Ellwanger, G., Balzer, S., Ssymank, A., Brandt, K., Meyer-Rath, A. (Hrsg.): Natura 2000 und Artenschutz in der Agrarlandschaft. Naturschutz und Biologische Vielfalt 164, 83-99.

Fartmann, T., Krämer, B., Stelzner, F., Poniatowski, D. (2012): Orthoptera as ecological indicators for succession in steppe grassland. Ecological Indicators 20: 337-344.

Fartmann, T., Mattes, H. (1997): Heuschreckenfauna und Grünland – Bewirtschaftungsmaßnahmen und Biotopmanagement. Arbeiten aus dem Institut für Landschaftsökologie 3: 179-188.

Finck, P., Heinze, S., Raths, U., Riecken, U., Ssymank, A. (2017): Rote Liste der gefährdeten Biotoptypen Deutschlands. Dritte fortgeschriebene Fassung 2017. Naturschutz und Biologische Vielfalt 156, 637 S.

Fischer, J., Steinlechner, D., Stettmer, C. et al. (2016): Die Heuschrecken Deutschlands und Nordtirols: Bestimmen, Beobachten, Schützen. Wiebelsheim (Quelle & Meyer), 367 S.

Foley, J, DeFries, R., Snyder, P. et al. (2005): Global consequences of land use. Science 309: 570-574.

Gatter, W. (2000): Vogelzug und Vogelbestände in Mitteleuropa. Wiebelsheim (AULA-Verlag), 670 S.

Grein, G. (2007): Zur Ausbreitung von *Phaneroptera falcata* (Poda, 1761) und *Conocephalus fuscus* (Fabricius, 1793) in Niedersachsen. Articulata 22 (1): 91-98.

Helbing, F., Blaeser, T., Löffler, F., Fartmann, T. (2014): Response of Orthoptera communities to succession in alluvial pine woodlands. Journal of Insect Conservation 18: 215-224.

Jonas, M., Staeger, T., Schönwiese, C. (2005): Berechnung der Wahrscheinlichkeiten für das Eintreten von Extremereignissen durch Klimaänderungen – Schwerpunkt Deutschland. Umweltbundesamt, Forschungsbericht 201 41 254, 248 S.

Kettermann, M., Fartmann, T. (2018): Auswirkungen des globalen Wandels auf Heuschrecken. Besiedelung von Steinbrüchen der Westfälischen Bucht (NW-Deutschland) durch die Blauflügelige Sandschrecke. Naturschutz und Landschaftsplanung 50 (1): 23-29.

Leuschner, C., Schipka, F. (2004): Vorstudie Klimawandel und Naturschutz in Deutschland. BfN-Skripten 115: 35 S.

Löffler, F., Fartmann, T. (2017): Effects of landscape and habitat quality on Orthoptera assemblages of pre-alpine calcareous grasslands. Agriculture, Ecosystems and Environment 248: 71-81.

Löffler, F., Poniatowski, D., Fartmann, T. (2019): Orthoptera community shifts in response to land-use and climate change – Lessons from a long-term study across different grassland habitats. Biological Conservation 236: 315-323.

Maas, S., Detzel, P., Staudt, A. (2002): Gefährdungsanalyse der Heuschrecken Deutschlands. Verbreitungsatlas, Gefährdungseinstufung und Schutzkonzepte. Bundesamt für Naturschutz. Münster (Landwirtschaftsverlag): 401 S.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2008): The classification of insect communities: Lessons from Orthoptera assemblages of semi-dry calcareous grasslands in central Germany. European Journal of Entomology 105: 659-671.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2009): Experimental evidence for density-determined wing dimorphism in two bush-crickets. European Journal of Entomology 106: 599-605.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2010): What determines the distribution of a flightless bush-cricket (*Metrioptera brachyptera*) in a fragmented landscape? Journal of Insect Conservation 14: 637-645.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2011a): Weather-driven changes in population density determine wing dimorphism in a bush-cricket species. Agriculture, Ecosystems and Environment 145: 5-9.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2011b): Dispersal capability in a habitat specialist bush-cricket: the role of population density and habitat moisture. Ecological Entomology 36: 717-723.

Poniatowski, D., Fartmann, T. (2011c): Does wing dimorphism affect mobility in *Metrioptera roeselii* (Orthoptera: Tettigonidae)? European Journal of Entomology 108: 409-415.

Poniatowski, D., Heinze, S., Fartmann, T. (2012): The role of macropters during range expansion of a wing-dimorphic insect species. Evolutionary Ecology 26: 759-770.

Poniatowski, D., Münsch, T., Helbing, F., Fartmann, T. (2018a): Arealveränderungen mitteleuropäischer Heuschrecken als Folge des Klimawandels. Natur und Landschaft 93 (12): 553-561.

Poniatowski, D., Stuhldreher, G., Löffler, F., Fartmann, T. (2018b): Patch occupancy of grassland specialists: Habitat quality matters more than habitat connectivity. Biological Conservation 225: 237-244.

Poschlod, P. (2015): Geschichte der Kulturlandschaft. – Stuttgart (Ulmer), 320 S.

Rapp, J. (2000): Konzeption, Problematik und Ergebnisse klimatologischer Trendanalysen für Europa und Deutschland. Offenbach (Deutscher Wetterdienst), Bericht Nr. 212, 145 S.

Reich, M. (2006): Linking metapopulation structures and landscape dynamics: Grasshoppers (Saltatoria) in alluvial floodplains. Articulata Beiheft 11: 1-154.

Rockström, J., Steffen, W., Foley, J.A. et al. (2009): A safe operating space for humanity. Nature 461 (7263): 472-475.

Sala, O., Chapin, F., Wall, D. et al. (2000): Biodiversity – global biodiversity scenarios for the year 2100. Science 287: 1770-1774.

Sauberer, N., Zulka, K., Grabherr, G. et al. (2004): Surrogate taxa for biodiversity in agricultural landscapes of eastern Austria. Biological Conservation 117: 181-190.

Schlumprecht, H., Waeber, G (2003): Heuschrecken in Bayern. Stuttgart (Ulmer), 515 S.

Stevens, C., Dise, N., Mountford, J., Gowing, D. (2004): Impact of nitrogen deposition on the species richness of grasslands. Science 303: 1876-1879.

Streitberger, M., Ackermann, W., Nehring, S. et al. (2016): Strategien und Handlungskonzept für den Artenschutz in Deutschland unter Klimawandel. Naturschutz und Biologische Vielfalt 147, 367 S.

Stuhldreher, G., Fartmann, T. (2014): When habitat management can be a bad thing – Effects of habitat quality, isolation and climate on a declining grassland butterfly. Journal of Insect Conservation 18: 965-979.

Thomas, J, Bourn, N., Goodger, B. et al. (2001): The quality and isolation of habitat patches both determine where butterflies persist in fragmented landscapes. Proceedings of the Royal Society London, Series B: Biological Science 268: 1791-1796.

Trautner, J., Hermann, G. (2008): Die Sumpfschrecke (*Stethophyma grossum* L., 1758) im Aufwind – Erkenntnisse aus dem zentralen Baden-Württemberg. Articulata 23 (2): 37-52.

UBA (Umweltbundesamt) (Hrsg.) (2006): Künftige Klimaänderungen in Deutschland – Regionale Projektionen für das 21. Jahrhundert. Dessau (Umweltbundesamt), Hamburg (Max Planck Institut für Meteorologie), 7 S.

Veen, P., Jefferson, R., de Smidt, J., van Straaten, J. (2009): Grasslands in Europe of high nature value. Zeist (KNNV Publishing), 319 S.

Wallis De Vries, M. (2004): A quantitative conservation approach for the endangered butterfly *Maculinea alcon*. Conservation Biology 18: 489-499.

Adresse des Autors:

Prof. Dr. Thomas Fartmann*
Universität Osnabrück
Abteilung für Biodiversität und Landschaftsökologie
Barbarastraße 11, 49076 Osnabrück
E-Mail: *t.fartmann@uos.de

Anwendung digitaler Methoden zur Erfassung von marinen Wirbeltieren

Esther Rickert und Mirko Hauswirth

Zusammenfassung

Die Erfassung von marinen Wirbeltieren ermöglicht es die Verbreitungen sowie die Populationsdichten abzuschätzen und so den Zustand von Populationen bewerten und ggf. rechtzeitig schützen zu können. In deutschen Gewässern wird das Monitoring von marinen Wirbeltieren innerhalb der ausschließlichen Wirtschaftszone (AWZ) durch das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU) und das Bundesamt für Naturschutz (BfN) vertreten.

Das Monitoring von Seevögeln und Meeressäugetieren innerhalb dieser Meeresgebiete erfolgt mithilfe unterschiedlicher Linientransekt-Erfassungsmethoden. Folgende Methoden kommen dabei zum Einsatz: schiffs- und flugzeuggestützte beobachterbasierte Erfassungsmethoden sowie flugzeuggestützte digitale Erfassungsmethoden. Der größte Teil des Monitorings in deutschen Gewässern wurde bisher mithilfe der flugzeuggestützten beobachterbasierten Erfassungsmethoden durchgeführt. Der Vorteil dieser Methode ist, dass große Meeresgebiete zeit- und kosteneffizient erfasst werden können.

Mit dem Ausbau der Offshore-Windparks in der deutschen Nord- und Ostsee wurde diese Erfassungsmethode innerhalb von Offshore-Windparks aufgrund von Sicherheitsbedenken verboten. Eine sichere Alternative stellen die flugzeugbasierten digitalen Erfassungsmethoden dar, da diese Methoden in deutlich größeren Flughöhen operieren und somit eine Kollision mit Windkraftanlagen ausgeschlossen werden kann. Zurzeit existieren verschiedene digitale Kamerasysteme sowie Bildanalyseverfahren, die zur Erfassung von Seevögeln und Meeressäugetieren in deutschen Offshore-Windparkgebieten eingesetzt werden. Die vergleichsweise neuen digitalen Erfassungsmethoden unterliegen derzeit noch keiner Kalibrierung. Eine vergleichende Analyse der verschiedenen Erfassungsmethoden sowie die Ermittlung von Kalibrierungsfaktoren stellt einen ersten wichtigen Schritt in Richtung Vergleichbarkeit der verschiedenen Methoden dar. Dies ist nötig, um eine einheitliche Bewertung ökologisch wichtiger und schützenswerter Artgruppen zu gewährleisten.

Abstract

The monitoring of marine wildlife allows an estimation of the distribution and population densities in order to assess their status and to make timely decisions on the application of conservation actions. Within the Exclusive Economic Zone (EEZ), the responsibility for the monitoring of marine vertebrates belongs to the Federal Ministry for the Environment, Nature Conservation and Nuclear Safety (BMU) and the Federal Agency for Nature Conservation (BfN).

The monitoring of seabirds and marine mammals is performed by means of different line transect methods. The following monitoring techniques have been applied: ship and aircraft observer-based methods as well as airborne digital monitoring methods. So far, most of the vertebrate monitoring in German waters has been performed by means of the airborne observer-based method. The great advantage of this method is that large marine areas can be surveyed in a time and cost-efficient manner.

With the expansion of offshore wind farms in the German North Sea and the Baltic, this monitoring method has been banned from offshore wind farm areas due to safety concerns of the low altitudes required to perform them effectively. Aircraft-based digital monitoring methods represent a safe alternative for monitoring tasks in these areas since they can

take place from a higher altitude and thus the collision risk with wind turbines can be mitigated. Currently, a range of digital camera systems as well as different image analysis processes are used to monitor seabirds and marine mammals within German offshore wind farm areas. The comparatively new digital monitoring methods are not yet calibrated. A comparative analysis of the different monitoring methods as well as the determination of calibration factors represents an important first step towards comparability of the different methods. This is necessary to ensure a consistent assessment of ecologically important species groups.

1 Marines Monitoring in deutschen Gewässern – Ausgangslage

Mit Inkrafttreten der europäischen Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (FFH-RL) 1992 verpflichteten sich die Mitgliedsstaaten der EU, ein zusammenhängendes Netz von Schutzgebieten zu schaffen. Diese Gebiete von gemeinschaftlicher Bedeutung (Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie, 92/43/EWG vom 21. Mai 1992) bilden zusammen mit den Europäischen Vogelschutzgebieten gemäß der EU-Vogelschutzrichtlinie (VRL) (79/409/EWG vom 02. April 1979) das Schutzgebietssystem Natura 2000. Für die Umsetzung von Natura 2000 an Land und in den Hoheitsgewässern (innerhalb der 12-Seemeilen-Zone) sind in Deutschland die Bundesländer zuständig. Im Bereich der daran anschließenden ausschließlichen Wirtschaftszone Deutschlands (AWZ; 12 bis 200 Seemeilen von der Küstenbasislinie) wird der Meeresnaturschutz durch das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMU) und das Bundesamt für Naturschutz (BfN) vertreten. Die Bundesrepublik Deutschland hat somit gemäß BNatSchG die gesetzliche Zuständigkeit für 32.991 km² Meeresfläche in der deutschen Nord- und Ostsee, in der sie sich auf Grundlage dieser EU-Richtlinien bereits 1992 verpflichtet hat, ein zusammenhängendes Netz von Schutzgebieten zu schaffen. Neben anderen naturschutzfachlichen Verpflichtungen ist das Monitoring und die Bewertung des Erhaltungszustands geschützter Arten und Lebensräume Bestandteil der Schutzaufgaben. (https://www.bfn.de/themen/meeresnaturschutz/nationale-meeresschutzgebiete.html, 28. Mai 2018).

Im Jahr 2004 hat Deutschland der EU-Kommission 10 Natura 2000-Gebiete innerhalb der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee gemeldet und im September 2017 wurden diese Gebiete durch sechs Schutzgebietsverordnungen national unter Schutz gestellt (Abb. 1, Nordsee: Doggerbank, Sylter Außenriff – Östliche Deutsche Bucht, Borkum Riffgrund; Ostsee: Fehmarnbelt, Kadetrinne, Pommersche Bucht – Rönnebank). Sie schließen die zur Umsetzung der VRL bereits ausgewiesenen Naturschutzgebiete (NSG) mit ein und ersetzen die beiden bereits bestehenden Naturschutzgebietsverordnungen.

Die Bestimmungen der FFH-RL sowie der VRL verpflichten die EU-Mitgliedsstaaten, für alle Lebensräume und Arten von gemeinschaftlichem Interesse einen günstigen Erhaltungszustand und damit die Sicherung der Artenvielfalt zu erreichen. Sie sind verpflichtet, den Zustand der zu schützenden Lebensräume und Arten zu überwachen und über den Erfolg ihrer Schutzmaßnahmen zu berichten. Um diesen Verpflichtungen gerecht zu werden, wurden die für Natura 2000 relevanten Schutzgüter entsprechende Monitoring-Programme entwickelt. Die Vorgaben für dieses Monitoring und die Berichtspflichten ergeben sich aus den Anforderungen dieser Richtlinien zusammen mit den Anforderungen an die Regionalkonventionen Oslo-Paris Konvention (OSPAR), Helsinki-Konvention (HELCOM) und die Trilaterale Wattenmeer-Kooperation (TWSC), sowie an die Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie (MSRL). Letztgenannte dient als Umweltsäule der EU-Meerespolitik dem Schutz und Erhalt der europäischen Meeresumwelt und verpflichtet die Mitgliedsstaaten zu

weitergehenden entsprechenden Monitoring-Programmen (Art. 11 MSRL). Das MSRL-Monitoring in Deutschland folgt auf dieser Grundlage einer eigenen Struktur mit MSRL-Monitoring- und Subprogrammen und der Einteilung der Deskriptoren zur Festlegung des guten Umweltzustands (Anhang I MSRL). Die Entwicklung und Durchführung dieser MSRL-Monitoring-Programme werden mit den Anrainerstaaten der Nord- und Ostsee mit dem Ziel abgestimmt, die Vergleichbarkeit von Monitoring und Bewertung innerhalb der Meeresregionen zu gewährleisten. Auch hierbei stützt sich Deutschland auf die Strukturen und die Ergebnisse der langjährig bestehenden regionalen Übereinkommen und Kooperationen OSPAR, HELCOM und TWSC. Für die Bewertung des Erfolges von Schutzmaßnahmen und Programmen zur ökosystemgerechten und nachhaltigen Nutzung werden weiterhin spezifisch entwickelte Indikatoren verwendet, so zum Beispiel die unter OSPAR entwickelten EcoQOs (Ecological Quality Objectives).

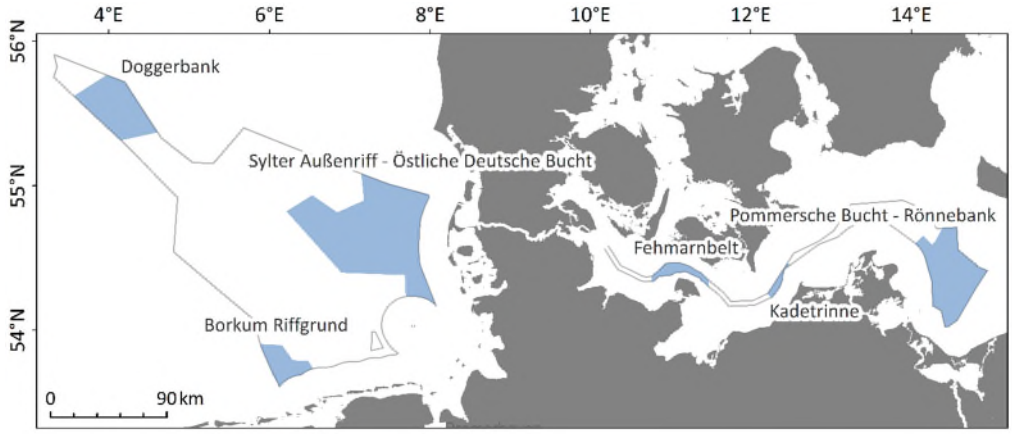


Abb. 1: Naturschutzgebiete (NSG) in der deutschen Nord- und Ostsee innerhalb der ausschließlichen Wirtschaftszone (AWZ). Die graue Linie zeigt die Grenze der deutschen AWZ, die blauen Flächen weisen die NSG innerhalb der deutschen AWZ aus. Map data © OpenStreetMap contributors.

Aus diesen umfangreichen Anforderungen der europäischen Richtlinien und Regionalabkommen leiten sich die Schutzgüter der Meeressäugetiere, Fische, Seevögel, benthischen Arten und Biotope ab, die über das Monitoring erfasst werden müssen.

2 Monitoring mariner Wirbeltiere

Das vom BfN seit 2007 durchgeführte reguläre Monitoring der marinen Wirbeltiere umfasst die Überwachung des Erhaltungszustands und die Erfassung von Bestandsentwicklungen dieser Arten (Sonntag et al. 2010, Gilles et al. 2010, 2011 und 2014, Markones et al. 2011, 2012 und 2014, Viquerat et al. 2015). Von den in der deutschen AWZ vorkommenden sieben Meeressäugetierarten und sechs Fischarten, die im Anhang II der FFH-RL aufgeführt sind, kommen nur Schweinswale, Kegelrobben und Seehunde in ausreichender Zahl vor. Neuere Beobachtungen lassen darauf schließen, dass auch Zwergwale die deutsche AWZ im Bereich der Doggerbank regelmäßig auf ihren Wanderungen nutzen. Für diese Arten von gemeinschaftlichem Interesse trägt Deutschland eine besondere Verantwortung. Aufgrund einer Vereinbarung zwischen dem Bund und den Küstenbundesländern ist das BfN für das Monitoring der Wale zuständig, während das Monitoring der Robben in der Zuständigkeit der Länder liegt. Weiterhin wurden in der deutschen AWZ 25 Vogelarten identifiziert, welche die küstenfernen Bereiche der deutschen Nord- und Ostsee regelmäßig als Nahrungs-, Rast- oder als Mausergebiet nutzen. Dies sind die in Anhang I der europäischen VRL aufgeführten Arten sowie die regelmäßig auftretenden Zugvogelarten in der deutschen AWZ der Nord- und Ostsee (Artikel 4 (2) VRL).

Um Unterschiede in der Entwicklung belastbar darstellen zu können, ist der Erhaltungszustand sowohl innerhalb als auch außerhalb von Natura 2000-Gebieten zu erfassen. Für die Bewertung des Erhaltungszustandes werden Angaben über die Verbreitung von Arten und ihren Habitaten verlangt. Hier spielt die Größe der Bestände eine wichtige Rolle. Dem Monitoring kommt eine hohe Bedeutung zu, da z.B. die Feststellung einer Verschlechterung des Erhaltungszustands die Umsetzung von Maßnahmen erfordert, die ggf. auch zu Einschränkungen bestehender Nutzungen führen können, wenn diese ursächlich oder fördernd für den negativen Trend sind.

2.1 Beobachterbasierte Erfassungsmethoden

Um den inhaltlichen Anforderungen an eine langfristige und systematische Beobachtung von Arten und Lebensräumen gerecht zu werden, werden Methoden mit möglichst hochauflösenden Angaben zur Dichte und zur Verbreitung benötigt. Zur Anwendung kommen bei den Zählungen von Seevögeln und Meeressäugern v.a. international standardisierte Methoden wie die beobachterbasierten Linientransekt-Zählungen vom Schiff oder aus dem Flugzeug (Gilles et al. 2009; Markones et al. 2009).

Die Erfassung von Seevögeln von Schiffen aus erfolgt in enger Anlehnung an eine für die nordwesteuropäischen Gewässer standardisierte Methode (Tasker et al. 1984, Garthe et al. 2002, Camphuysen et al. 2004). Hier werden von den beobachtenden Personen auf einem 300 m breiten Transekt parallel zur Kiellinie auf einer Seite des Schiffes alle fliegenden und schwimmenden Individuen erfasst (Abb. 2 A-B). Die Suche nach den Vögeln erfolgt mit dem bloßen Auge. Mit dem Fernglas werden Art-, Alters-, Geschlechtsbestimmung usw. durchgeführt bzw. überprüft (Abb. 2 B). Seetaucher und Meeresenten haben oft hohe Fluchtdistanzen (Garthe, Hüppop 2004, Schwemmer et al. 2011), daher muss nach ihnen systematisch mit dem Fernglas gesucht werden, um sie nicht zu übersehen (Garthe et al. 2002, Hüppop et al. 2002).

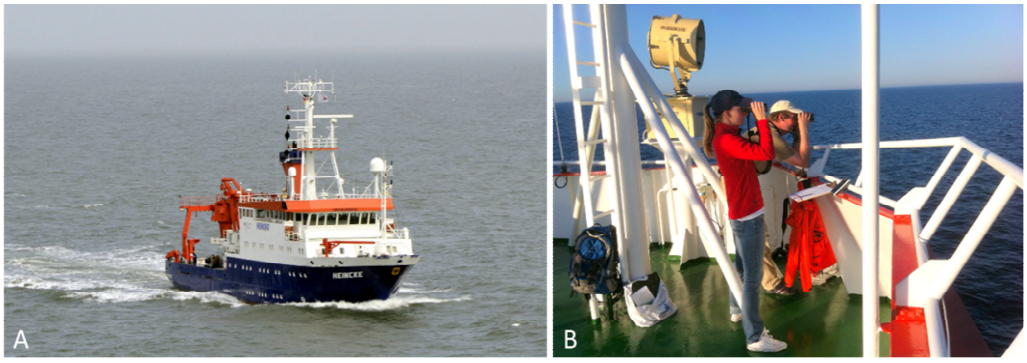


Abb. 2 A-B: Beobachterbasierte Linientransekt-Zählung zur Erfassung von Seevögeln und Meeressäugern vom Schiff. A: Forschungsschiff Heincke (Alfred-Wegener Institut, Bremerhaven) während einer Forschungsausfahrt in der Nordsee 2013. B: Zwei beobachtende Personen auf dem Peildeck der Heincke während einer Linientransekt-Zählung (Foto: M. Petrikowski).

Bei Linientransekt-Zählungen sowohl von Meeressäugetieren als auch von Seevögeln werden die Tiere quantitativ erfasst. Die Methode zur Seevogelerfassung unterscheidet sich dabei in Details von der Schweinswalerfassung und wird u.a. von Kahlert et al. (2000), Diederichs et al. (2002) und Camphuysen et al. (2004) beschrieben. Die Standarderfassungsmethodik wird nach der so genannten „line-transect distance sampling“ Methode durchgeführt (Buckland et al. 2001).

Bei den beobachterbasierten Flügen befindet sich das Flugzeug in einer konstanten Flughöhe von 183 m (600 ft) mit einer Geschwindigkeit von 185 km/h (100 kn) zur Erfassung von marinen Säugern bzw. in einer Flughöhe von 76 m (250 ft) mit 180 km/h (97 kn) zur Erfassung von Seevögeln. Aus Sicherheitsgründen werden beobachterbasierte Erfassungsflüge nur mit zweimotorigen Flugzeugen durchgeführt, z.B. vom Typ Partenavia P68. In der Regel sitzen zwei beobachtende Personen in der ersten Sitzreihe (Abb. 3 A) an nach außen gewölbten Fensterscheiben (sog. bubble windows, siehe Abb. 3 B). Alle Beobachtungen werden während des Fluges sekundengenau auf ein digitales Diktiergerät gesprochen und gespeichert. Dabei werden Angaben zur Art, Anzahl, Alter, Geschlecht und dem Verhalten sowie der Flug- bzw. Schwimmrichtung der Seevögel und Wale erfasst. Die genaue Position wird während des Fluges von einem GPS-Gerät aufgezeichnet, wodurch jede Beobachtung lokalisiert werden kann.



Abb. 3 A-B: Beobachterbasierter Erfassungsflug mit einer Partenavia P68. A: Während des Fluges sitzen zwei beobachtende Personen in der ersten Sitzreihe und erfassen zu beiden Seiten Seevögel sowie marine Meeressäuger. B: Beobachter am sog. bubble window mit zur Orientierung aufgeklebten Markierungen. Die Erfassung erfolgt nach einer international standardisierten Linientransekt-Methode (Foto: E. Rickert).

2.2 Digitale Erfassungsmethoden

Im Jahr 2013 wurde die Umstellung von beobachterbasierten Erfassungsflügen auf digitale Erfassungssysteme für Umweltverträglichkeitsstudien im Offshore-Bereich gemäß dem Standarduntersuchungskonzept 4 (StUK4, BSH 2013) verbindlich festgelegt und beobachterbasierte Erfassungsflüge in Offshore-Windparkgebieten verboten. Diese Umstellung wurde aus Sicherheitsgründen vorgeschrieben, da sich die Windenergieanlagen mit einer Nabenhöhe von ca. 90 m (BSH, BMU 2014), unmittelbar in der Flughöhe der beobachterbasierten Erfassungsflüge (Diederichs et al. 2002) befinden und somit gefährliche Hindernisse darstellen. Durch den weiter voranschreitenden Ausbau der Offshore-Windenergie (BSH 2017), werden beobachterbasierte Erfassungen von Seevögeln und Meeressäugern in der deutschen Nord- und Ostsee in Zukunft stark eingeschränkt. Digitale Erfassungen für Monitoring-Vorhaben in Windparkflächen werden daher an Bedeutung gewinnen.

Die digitale, flugzeugbasierte Erfassung von Seevögeln und Meeressäugern ist somit in Deutschland vergleichsweise neu. Zurzeit existieren verschiedene digitale Kamerasysteme sowie Bildanalyseverfahren, die zur flugzeugbasierten Erfassung von Seevögeln und Meeressäugern in deutschen Offshore-Gebieten eingesetzt werden (Thaxter, Burton 2009, Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016). Bei den eingesetzten

Kamerasystemen handelt es sich um hochauflösende Digitalkameras, die Standbilder oder Videos aus einer Flughöhe zwischen 400 und 550 m mit einer Bodenauflösung von meist 2 cm aufzeichnen können und so im jeweiligen Untersuchungsgebiet alle fliegenden und schwimmenden Individuen und Objekte erfassen (Thaxter, Burton 2009, Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016).



Abb. 4 A-C: A: Hochflügelige, zweimotorige Kleinflugzeuge vom Typ Partenavia P.68, mit eingebauten Kamerasystemen. B: Gyrostat mit zwei Mittelformatkameras zur Standbilderfassung. C: Energieversorgungs-, Speicher- und Kontrolleinheiten der Kameraplattform montiert im Flugzeuginneren (© 2016 DAISI; IfAÖ GmbH).

Zur Durchführung der digitalen Erfassungsflüge werden in der Regel genau wie bei den beobachterbasierten Erfassungsflügen, hochflügelige, zweimotorige Kleinflugzeuge vom Typ Partenavia P.68 eingesetzt (Abb. 4 A). Während der Erfassungsflüge sind die Kamerasysteme in einer Bodenluke im Flugzeug montiert und mithilfe einer gyroskopischen Plattform gegen Erschütterungen und Vibrationen stabilisiert (Abb. 4 B). Über eine Computereinheit an Bord des Flugzeuges werden die gyroskopisch stabilisierten Kamerasysteme gesteuert sowie das Bildmaterial gespeichert (Abb. 4 C, Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016).

Während eines digitalen Erfassungsfluges werden die Positionsdaten des Flugzeugs ebenfalls mithilfe des globalen Positionsbestimmungssystem (GPS) erfasst und später zur Georeferenzierung des aufgezeichneten Bildmaterials genutzt. Durch die nachträgliche Georeferenzierung wird eine Verortung der detektierten Seevögel und Meeressäuger möglich (Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015).

2.2.1 Kameraplattformen

Im Folgenden werden exemplarisch zwei unterschiedliche Erfassungsmethoden vorgestellt. Da die digitalen Erfassungssysteme einer ständigen technischen Weiterentwicklung unter-

liegen und spezifische Kameraeinstellungen sowie Flugparameter häufig der jeweiligen Fragestellung angepasst sind, werden hier nur die wichtigsten Charakteristika der Methoden beschrieben.

Eine der Erfassungsmethoden basiert auf vier hochauflösenden Videokameras. Vier Videokameras erfassen in einer Standardflughöhe von ca. 549 m (1.800 ft) kontinuierlich die Meeresoberfläche mit einer Gesamtbreite von 544 m (Abb. 5 A, Weiß et al. 2016). Die zwei äußeren Videokameras zeichnen dabei die Meeresoberfläche mit einer Streifenbreite von 143 m auf und die zwei inneren Videokameras erreichen eine Breite von 129 m (F. Weiß, persönliche Kommunikation). Im Offshore-Bereich sind die Videokameras so eingestellt, dass zwischen den vier Kameras Lücken entstehen (Abb. 5 A). Diese Einstellung erlaubt es, Doppelzählungen auszuschließen (Weiß et al. 2016).

Eine weitere digitale Erfassungsmethode basiert auf zwei hochauflösenden Standbildkameras. Bei dieser Methode erfassen die zwei Kameras, in einer Flughöhe von ca. 427 m (1.400 ft), die Meeresoberfläche mit einer Gesamtbreite von ca. 460 m (A. Wegener, persönliche Kommunikation, Abb. 5 B). Jede der zwei Kameras erfasst einen Streifen von 236 m, mit einer mittigen Überlappung von ca. 12 m (A. Wegener, persönliche Kommunikation, Abb.5 B). Diese überlappende Einstellung erlaubt es, Bildverluste durch Sonnenreflexion sowie Vignettierungseffekte des Kameraverschlusses zu kompensieren (Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015).

Die beschriebenen digitalen Kamerasysteme können Objekte auf der Meeresoberfläche je nach Flughöhe mit einer Bodenauflösung von meist 2 cm erfassen (Thaxter, Burton 2009, Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016).

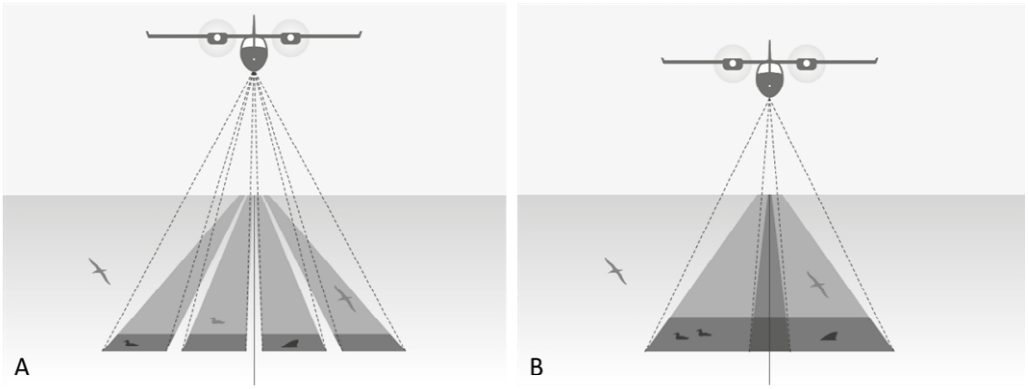


Abb. 5 A-B: Schematische Darstellung digitaler Erfassungsmethoden zur flugzeug-basierten Erfassung von Seevögeln und Meeressäugetieren. Die gestrichelten Linien deuten die Kamerawinkel während der Erfassung an. Die grauen Felder zeigen die erfasste Fläche quer zur Flugrichtung an. Innerhalb dieser erfassten Fläche ist die Kameraüberlappung in dunkelgrau dargestellt. Die in dunkel- und hellgrau dargestellten Tiere befinden sich innerhalb bzw. außerhalb der erfassten Fläche. Die durchgehende Mittellinie stellt die Transektlinie dar, entlang der die Erfassung erfolgt. A: Digitale Erfassung mit vier hochauflösenden Videokameras B: Digitale Erfassung mit zwei hochauflösenden Standbildkameras (S. Coppe, © 2018 FTZ).

2.2.2 Bildanalyseverfahren

Neben den verschiedenen Kamerasystemen unterscheiden sich die digitalen Erfassungssysteme auch in Hinblick auf ihre Bildanalyseverfahren. Die Bildanalyse erfolgt nach dem Flug und gliedert sich im Wesentlichen in drei Bearbeitungsschritte (Coppack, Weidauer 2014, Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016). Da auch die Bildanalyse einer ständigen

Weiterentwicklung unterliegt, wird im Folgenden nur auf die wichtigsten Bearbeitungsschritte eingegangen.

Im ersten Bearbeitungsschritt wird das aufgezeichnete Video- bzw. Fotomaterial an Bildschirmen durch geschultes Personal manuell gesichtet. Mithilfe einer speziellen Software werden im Bildmaterial alle biologischen Objekte (v.a. Seevögel und Meeressäuger) sowie anthropogene Strukturen (z.B. Schiffe, Windenergieanlagen, Seezeichen, usw.) manuell markiert. Einhergehend mit der Markierung werden die geographischen Positionen gespeichert und außerdem Informationen zu den Wetterverhältnissen während der Erfassung, wie z.B. Intensität der Sonnenreflexion, Seegang, etc., notiert. Zur Qualitätssicherung werden 10 - 20 % des Bildmaterials durch eine zweite Person gesichtet, die erneut alle biologischen Objekte markiert. Diese Qualitätskontrolle gilt als bestanden, wenn eine Übereinstimmung von 90 % erreicht wird (Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016).

Im nachfolgenden Bearbeitungsschritt werden die markierten Seevögel und Meeressäuger von erfahrenen Experten und Expertinnen bis zur tiefst möglichen taxonomischen Ebene bestimmt und quantifiziert. Darüber hinaus wird versucht, den jeweiligen Sichtungen ergänzende Informationen, wie z.B. Alter (adult, immatur), Geschlecht, Verhalten (z.B. nahrungssuchend, sturztauchend, auffliegend) sowie bei fliegenden Vögeln eine Flugrichtung zuzuordnen. Einer Formation oder einem Schwarm fliegender Vögel wird eine Gruppe zugeordnet. Im Anschluss an diese Bestimmung findet erneut eine Qualitätssicherung statt. Hierbei werden 10 - 20 % der Individuen zufällig ausgewählt und durch eine zweite erfahrene Person erneut bestimmt. Die Qualitätssicherung gilt auch hier als bestanden, wenn eine Übereinstimmung von 90 % erreicht wird.

Nach der Bestimmung erfolgt die abschließende Bearbeitung der erhobenen Daten. In diesem Arbeitsschritt werden die georeferenzierten Beobachtungen sowie alle zusätzlich erhobenen Informationen zu den Tieren, aber auch zum Untersuchungsgebiet und den Wetterbedingungen in georeferenzierten Dateien ausgegeben sowie in ein einheitliches Tabellenformat (Digi-StUK-Format, BSH) überführt (Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016).

Die Analyseergebnisse des Luftbildmaterials dienen als Grundlage für die Berechnung von Verbreitungsmustern und Individuendichten (Individuen pro km^2) sowie für die Bestandsschätzungen von Seevögeln und Meeressäugern im jeweiligen Untersuchungsgebiet.

2.2.3 Wichtige Einflussfaktoren

Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Seevögeln und Meeressäugern hängt stark von den Wetter- und Lichtverhältnissen im jeweiligen Untersuchungsgebiet sowie von der jeweiligen Tierart ab (Coppack et al. 2015, Weiß et al. 2016). Daher sind zur erfolgreichen Durchführung von digitalen Erfassungsflügen spezifische Wetterbedingungen erforderlich.

Wetter- und Lichtverhältnisse

Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Seevögeln und Meeressäugern wird beispielsweise durch Wind verursachten Seegang und die damit einhergehende Schaumbildung (Abb. 6 A) beeinflusst. Eine unruhige Meeresoberfläche mit weißen Schaumflächen erschwert die Detektion der Tiere. Besonders kleine und helle Seevögel wie zum Beispiel Seeschwalben, sind optisch nur schwer von Schaumflächen zu differenzieren. Weitere Faktoren, welche die Erfassungswahrscheinlichkeit beeinflussen sind z.B. Sonnenreflexionen (engl. glare, Abb. 6 B-C) auf der Wasseroberfläche sowie Seenebel (Abb. 6 C). Die Wetterbedingungen während der Erfassung werden daher zu jeder Bild- bzw. Videosequenz positionsgenau vermerkt. Diese Vermerke zu den Wetterbedingungen können so bei späteren Auswertungen berücksichtigt werden.

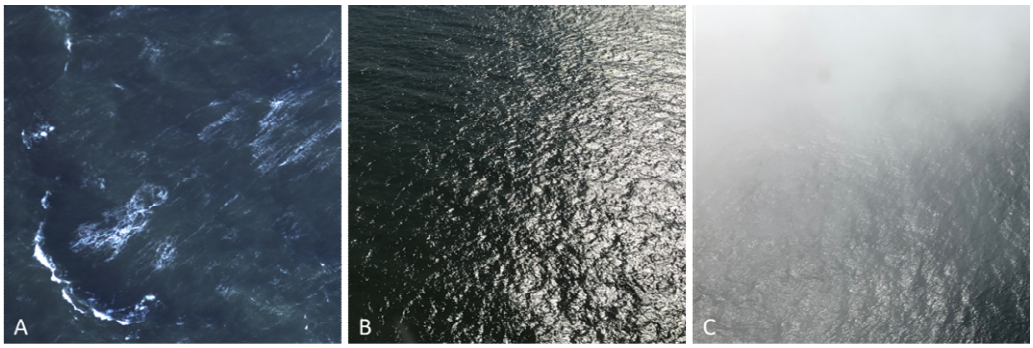


Abb. 6 A-C: Wetter- und Lichtverhältnisse, die die Erfassungswahrscheinlichkeit von Seevögeln und Meeressäugern beeinflussen. A: Starker Seegang mit weißen Schaumflächen. B: Sonnenreflexion (engl. *glare*) auf der Wasser-oberfläche. C: Seenebel über der Meeresoberfläche und Sonnenreflexion auf der Wasseroberfläche (Foto: A: HiDef, B und C: E. Rickert).

Die Erfassung von Meeressäugern und tauchenden Seevögeln wird zusätzlich durch den Grad der Wassertrübung beeinflusst (Abb. 7 A-F). Je trüber das Wasser ist, desto schlechter können Individuen unter der Wasseroberfläche detektiert werden. Klares Wasser ermöglicht hingegen auch die Detektion von Individuen unter der Wasseroberfläche (Abb. 7 C-D). Zusätzlich zum Trübungsgrad des Wassers beeinflusst der Winkel des einfallenden Lichtes, wie transparent das Wasser erscheint und wie gut Individuen unter der Oberfläche detektiert werden können. Ruhige Windverhältnisse, ein geringer Seegang, gute Sicht sowie eine Wolkenuntergrenze oberhalb der Flughöhe sind somit die Grundvoraussetzungen für eine erfolgreiche, flugzeugbasierte, digitale Erfassung von Seevögeln und Meeressäugern. Diese Grundvoraussetzungen führen dazu, dass besonders in den Wintermonaten nur sehr eingeschränkt günstige Wetterfenster existieren.

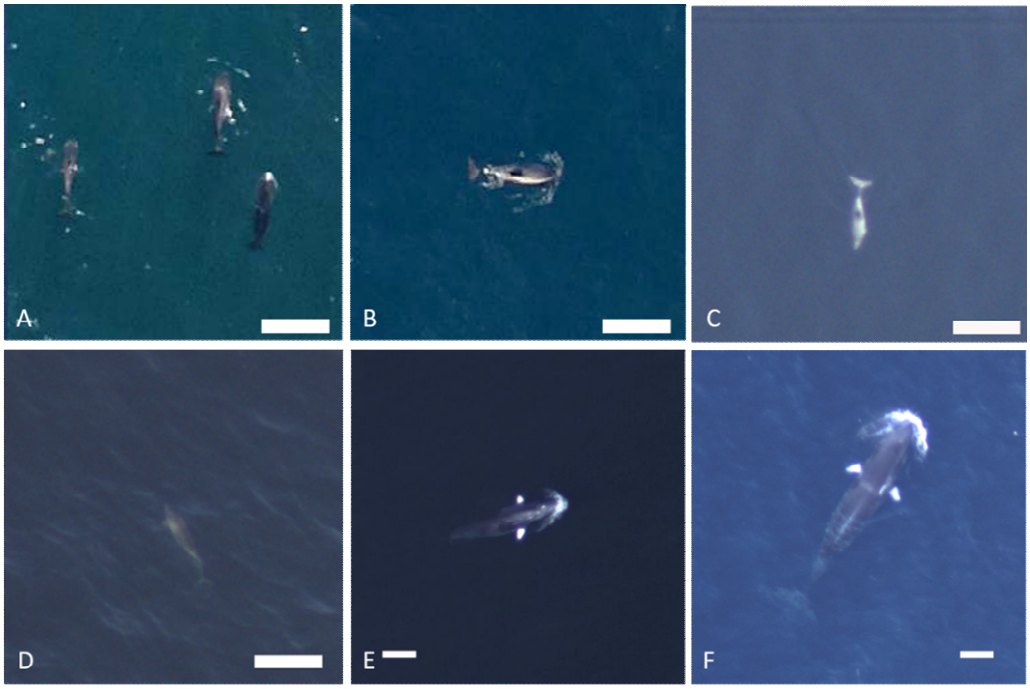


Abb. 7 A-F: Schweinswale (*Phocoena phocoena*) und Zwergwale (*Balaenoptera acutorostrata*), aufgenommen mit hochauflösenden Kamerasystemen während digitaler Erfassungsflüge. A: Zwei abtauchende und ein auftauchender Schweinswal. B: Abtauchender Schweinswal. C, D: Unter der Oberfläche schwimmender Schweinswal. E, F: Auftauchender Zwergwal; Maßstab A-D 1 m, E 2 m, F 1 m (Foto: A, B: DAISI, IfAÖ GmbH; C-F: HiDef).

Artspezifische Erfassungswahrscheinlichkeit

Neben der Beeinflussung durch Wetter- und Lichtverhältnisse ist die Erfassungswahrscheinlichkeit von Seevögeln zusätzlich artspezifisch. So sind kleine oder sich sehr ähnliche Arten wie z.B. Seeschwalben (Abb. 8 A-C) oder auch Trottellummen und Tordalken (Abb. 8 D-F) häufig nur schwer auf Artniveau bestimmbar. Diese Artgruppen können auch bei der beobachterbasierten Erfassung oft nicht auf Artniveau bestimmt werden.

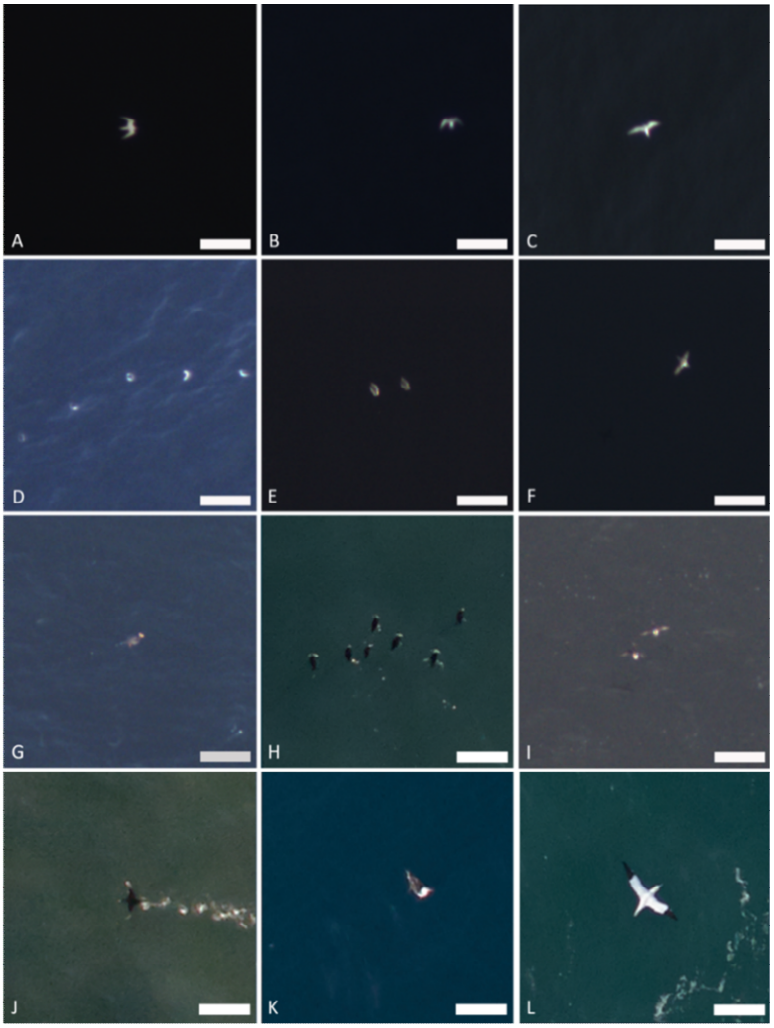


Abb. 8 A-L: Luftbildaufnahmen von Seevögeln, aufgenommen während digitaler Erfassungsflüge in der deutschen Nord- und Ostsee. A: Brandseeschwalbe (*Sterna sandvicensis*), fliegendes Individuum. B: Unbestimmte Seeschwalbe (*Sterna* sp.), fliegendes Individuum. C: Brandseeschwalbe, fliegendes Individuum. D: Tordalk (*Alca torda*), fünf schwimmende Individuen. E: Trottellumme (*Uria aalge*), zwei schwimmende Individuen. F: Trottellumme, fliegendes Individuum. G: Samtente (*Melanitta fusca*), ein schwimmendes Individuum. H: Trauerente (*Melanitta nigra*), sieben schwimmende Individuen. I: Eisenten (*Clangula hyemalis*), zwei fliegende Individuen. J: Kormoran (*Phalacrocorax carbo*), ein auffliegendes Individuum. K: Heringsmöwe (*Larus fuscus*), schwimmendes Individuum. L: Basstölpel (*Sula bassana*), fliegendes Individuum; Maßstab 1 m (Foto: A-G, I: HiDef und H, J,-L: DAISI IfAÖ GmbH).

Kleinere und dunkle Arten, wie z.B. Trauerente (*Melanitta nigra*) und Samtente (*Melanitta fusca*), sind häufig vor einer dunklen Meeresoberfläche aufgrund des fehlenden Kontrasts schwer zu detektieren (Abb. 8 G-I). Größere und helle Arten, wie z.B. Kormoran (*Pha*

lacrocorax carbo), Heringsmöwe (*Larus fuscus*) oder – besonders auffällig – der Basstölpel (*Sula bassana*), sind hingegen leichter zu detektierende Arten (Abb. 8 J-L).

3 Digitale Erfassungsmethoden – vergleichende Erprobungen

Die noch vergleichsweise neuen digitalen Erfassungsmethoden von Seevögeln und Meeressäugetieren unterliegen derzeit noch keiner Kalibrierung und es existieren verschiedene Erfassungsmethoden nebeneinander. Eine Kalibrierung dieser Methoden sowie die Ermittlung von Kalibrierungsfaktoren sind allerdings von besonderer Bedeutung, um eine einheitliche Bewertung ökologisch wichtiger und schützenswerter Artgruppen zu gewährleisten. Eine vergleichende Analyse der verschiedenen Methoden stellt einen ersten Schritt in Richtung Vergleichbarkeit der Methoden dar. Bisher wurde im Rahmen des Projektes HELBIRD, finanziert durch das Bundesministerium für Wirtschaft und Energie (BMWi), anhand von zwei Vergleichsflügen in einem Nordsee-Untersuchungsgebiet eine vergleichende Studie digitaler (foto- und videobasiert) sowie beobachterbasierter Erfassungsmethoden, durchgeführt.

Um die Datenbasis zu erhöhen und dadurch fundiertere sowie weiterführende Ergebnisse wie z.B. methodenspezifische Kalibrierungsfaktoren zu erzielen, wurde in 2016 ein umfangreiches, mittlerweile abgeschlossenes Projekt zur vergleichenden Erprobung digitaler Erfassungsmethoden vom BfN finanziert und vom Forschungs- und Technologiezentrum (FTZ) der Christian-Albrechts Universität zu Kiel aufgenommen. Im Rahmen dieses Projektes „PhoViComp“, kurz für „Photo Video Comparison“, sollten Grundlagen für eine Kalibrierung der digitalen Erfassungsmethoden, hinsichtlich ihrer Erfassungswahrscheinlichkeit von Seevögeln und Meeressäugern generiert werden. Darüber hinaus sollte untersucht werden, wie die digitalen Erfassungsmethoden in das großräumige BfN-Wirbeltier-Monitoring in der deutschen ausschließlichen Wirtschaftszone (AWZ) von Nord- und Ostsee integriert werden können.

Für diese vergleichende Studie wurden ein Nordsee- sowie ein Ostsee-Untersuchungsgebiet festgelegt (siehe Abb. 9). Das Nordsee-Untersuchungsgebiet wurde aufgrund seiner hohen Individuendichte an Schweinswalen im Sommer und die hohe Anzahl an Seetauchern im Frühjahr ausgewählt (Mendel et al. 2008, Gilles et al. 2009, Narberhaus et al. 2012, Garthe et al. 2012). Außerdem sind in dem Gebiet verschiedene weitere Fokusarten des marinen Biodiversitätsmonitorings wie Trottellummen, Heringsmöwen, Basstölpel und Dreizehenmöwen verbreitet (Mendel et al. 2008, Markones et al. 2015). Das ausgewählte Ostsee-Untersuchungsgebiet schließt einen Teil der Oderbank, den Adlergrund sowie den Greifswalder Bodden ein und deckt somit einen großen Teil des Schutzgebietes Pommersche Bucht ab (siehe Abb. 9). In diesen Gebieten ist mit großen Ansammlungen von Meeresenten wie z.B. Eis-, Trauer- und Samtenten (Markones et al. 2014) zu rechnen. Das Untersuchungsgebiet eignet sich daher besonders gut, die Erfassbarkeit großer und gemischter Schwärme zu untersuchen. Darüber hinaus lässt sich auch die Erfassbarkeit kleiner, schwer zu detektierender Arten, wie z.B. von Gryllteiste oder Ohrentauchern, analysieren. Für diesen umfassenden Methodenvergleich wurden zu unterschiedlichen Jahreszeiten insgesamt acht Vergleichsflüge, jeweils vier in der deutschen Nord- und Ostsee, durchgeführt.

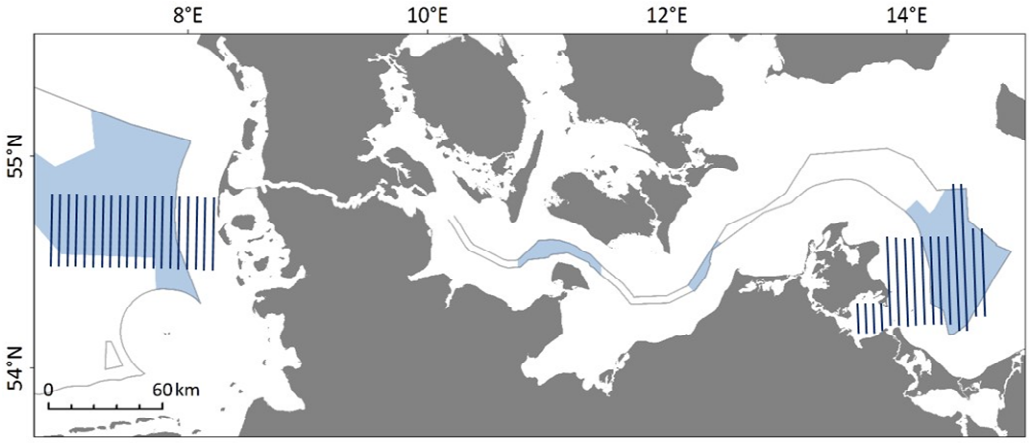


Abb. 9: Untersuchungsgebiete in der Nord- und Ostsee im Projekt PhoViComp. Die blauen Linien stellen die einzelnen Transektlinien dar. Entlang dieser Transektlinien fand die vergleichende Erprobung der digitalen Erfassungsmethoden statt. Map data © OpenStreetMap contributors.

Während eines Vergleichsfluges befanden sich die beiden digitalen Erfassungsmethoden zeitgleich auf dem Transekt (Abb. 10 A, B). Der zeitliche Abstand zwischen den zwei digitalen Erfassungsmethoden betrug ca. 1 min (Abb. 10 A, B), was einem räumlichen Abstand von ca. 3 km entspricht. An fünf von acht Vergleichsflügen war zusätzlich zu den digitalen Erfassungsmethoden noch die beobachterbasierte Erfassungsmethode beteiligt.

Da das Flugzeug mit der beobachterbasierten Erfassungsmethode (Abb. 10 C), in einer sehr geringen Flughöhe von nur ca. 76 m fliegt und dadurch eine Scheuchwirkung auf störungsempfindliche Seevögel (Garthe, Hüppop 2004) haben kann, betrug der Abstand zu den zwei Flugzeugen mit den digitalen Erfassungsmethoden ca. 30 Minuten.

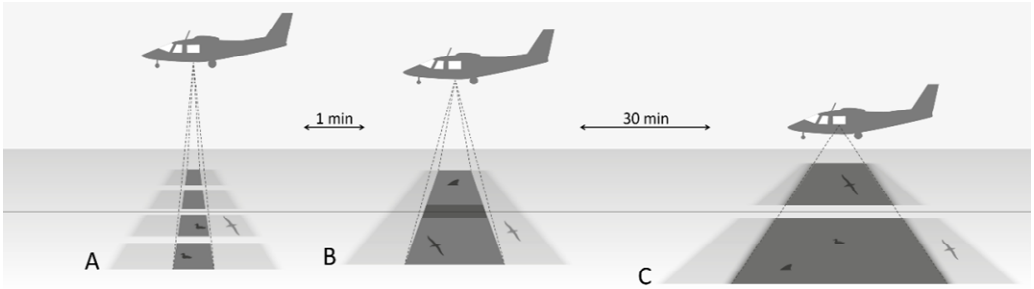


Abb. 10 A-C: Schematische Darstellung der Flugzeuganordnung während eines Vergleichsfluges. A: Flugzeug mit videobasierter Erfassungsmethode. B: Flugzeug mit fotobasierter Erfassungsmethode. C: Flugzeug mit beobachter-basierter Erfassungsmethode. Die Angaben in Minuten geben den zeitlichen Abstand zwischen den verschiedenen Erfassungsmethoden, während eines Vergleichsfluges, an. Die dunkelgrauen Flächen stellen die aktuell erfasste Fläche dar. Die hellgrauen Flächen zeigen die bereits erfasste bzw. die zu erfassende Fläche. Die durchgezogene Mittellinie stellt dasTransekt dar
(S. Coppe, © 2018 FTZ).

Um ein ausbalanciertes Versuchsdesign zu erzielen, wurde nach jeder zweiten Transektlinie ein Positionswechsel zwischen den zwei Flugzeugen mit den digitalen Erfassungsmethoden durchgeführt. Die beobachterbasierte Erfassungsmethode hat nicht an diesem Positionswechsel teilgenommen. Die im Rahmen der vergleichenden Erprobung erhobenen Daten befinden sich weiter in der Auswertung und werden nach Abschluss der Analysen veröffentlicht.

4 Fazit

Luftbilderfassung unterliegt einer sehr schnellen Entwicklung und wird in Zukunft weiter an Bedeutung in der ökologischen Forschung gewinnen (Morgan et al. 2010, Weimerskirch et al. 2018). Im Rahmen des Projektes PhoViComp wurde ein umfangreicher Datensatz zur Evaluation und Vergleichbarkeit digitaler Erfassungsmethoden generiert. Darüber hinaus wurden Erkenntnisse gewonnen, die zu einer erfolgreichen Organisation und Durchführung von großflächigen, digitalen Erfassungsflügen beitragen. Dadurch kann das Projekt grundlegend dabei helfen, digitale Erfassungsmethoden erfolgreich in das großräumige marine BfN-Wirbeltier-Monitoring zu integrieren. Ein weiterer Entwicklungsschritt in der digitalen Erfassung von Seevögeln und Meeressäugern stellt die automatische Bildanalyse mit Hilfe von Algorithmen dar (Groom et al. 2013), an deren Entwicklung gearbeitet wird.

Danksagung

Die Autoren danken Dr. Jochen Krause, Prof. Dr. Stefan Garthe, Dr. Nele Markones, Henriette Schwemmer, Katharina Fließbach und Dr. Kai Borkenhagen für Korrekturen und Anmerkungen zum vorliegenden Text.

Literaturverzeichnis

Bundesamt für Seeschifffahrt und Hydrgraphie (BSH) (2013): Standard – Untersuchungen der Auswirkungen von Offshore-Windenergieanlagen auf die Meeresumwelt (StUK4). Hamburg, 86 S.

Federal Maritime and Hydrographic Agency (BSH), Federal Ministry for the Environment, Nature Conservation and Nuclear Safety (BMU) (2014): Ecological Research at the Offshore Windfarm *alpha ventus* – Challenges, Results and Perspectives. Wiesbaden (Springer Spektrum), 201 S.

Bundesamt für Seeschifffahrt und Hydrgraphie (BSH) (2017): Bundesfachplan Offshore für die deutsche ausschließliche Wirtschaftszone der Nordsee 2016/2017 und Umweltbericht (BFO-N). Hamburg, 143 S.

Buckland, S., Anderson, D., Burnham, K., Laake, J., Borchers, D., Thomas, L. (2001): Introduction to distance sampling. Estimating abundance of biological populations. Oxford (Oxford University Press), 448 S.

Camphuysen, C., Fox, A., Leopold, M., Petersen, I. (2004): Towards standardized seabirds at sea census techniques in connection with environmental impact assessments for offshore wind farms in the U.K. Final report to COWRIE-BAM-02-2002. Texel (Cowrie), 38 S.

Coppack, T., Weidauer, A. (2014): DAISI – ein digitales Luftbild-System zur Erfassung von Seevögeln und Meeressäugetieren. Wasser und Abfall 16 (7-8): 38-42.

Coppack, T., Weidauer, A., Kemper, G. (2015): Erfassung von Seevogel- und Meeressäugerbeständen mittels georeferenzierter Digitalfotografie. AGIT Journal für Angewandte Geoinformatik 1: 358-367.

Diederichs, A., Nehls, G., Pedersen, I. (2002): Flugzeugzählungen zur großflächigen Erfassung von Seevögeln und marinen Säugern als Grundlage für Umweltverträglichkeitsstudien im Offshorebereich. Seevögel 23: 38-46.

Garthe, S., Hüppop, O., Weichler, T. (2002): Anleitung zur Erfassung von Seevögeln auf See von Schiffen. Seevögel 23: 47-55.

Garthe, S., Hüppop, O. (2004): Scaling possible adverse effects of marine wind farms on seabirds: developing and applying a vulnerability index. Journal of Applied Ecology 41: 724-734.

Garthe, S., Markones, N., Mendel, B., Krause, J. et al. (2012): Protected areas for seabirds in German offshore waters: Designation, retrospective consideration and current perspectives. Biological Conservation 156: 126-135.

Gilles, A., Siebert, U. (2009): Erprobung eines Bund/Länder-Fachvorschlags für das Deutsche Meeresmonitoring von Seevögeln und Schweinswalen als Grundlage für die Erfüllung der Natura 2000-Berichtspflichten mit einem Schwerpunkt in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee (FFH-Berichtsperiode 2007-2012), Teilbericht: Visuelle Erfassung von Schweinswalen. Bonn (Bundesamt für Naturschutz), 78 S.

Gilles, A., Scheidat, M., Siebert, U. (2009): Seasonal distribution of harbour porpoises and possible interference of offshore wind farms in the German North Sea. Marine Ecology Progress Series 383: 295-307.

Gilles, A., Siebert, U. (2010): Monitoringbericht 2009 - 2010. Marine Säugetiere und Seevögel in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Teilbericht marine Säugetiere – Visuelle Erfassung von Schweinswalen. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz: 4-34.

Gilles, A., Peschko, V., Siebert, U. (2011): Monitoringbericht 2010 - 2011. Marine Säugetiere und Seevögel in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Teilbericht marine Säugetiere – Visuelle Erfassung von Schweinswalen und akustische Erfassung im Seegebiet Doggerbank. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz: 5-73 (plus Anhang).

Gilles, A., Viquerat, S., Siebert, U. (2014). Monitoring von marinen Säugetieren 2013 in der deutschen Nord- und Ostsee – Visuelle Erfassung von Schweinswalen. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz, 57 S.

Groom, G., Stjernholm, M., Nielsen, D., Petersen, I. et al. (2013): Remote Sensing image data and automated analysis to describe marine bird distributions and abundances. Ecological Informatics 14: 2-8.

Hüppop, O., Exo, K., Garthe, S. (2002): Empfehlungen für projektbezogene Untersuchungen möglicher bau- und betriebsbedingter Auswirkungen von Offshore-Windenergieanlagen auf Vögel. Ber. Vogelschutz 39: 77-94.

Kahlert, J., Desholm, M., Clausager, I., Petersen, I. (2000): Environmental impact assessment of an offshore wind farm at Rødsand: technical report on birds. NERI report, National Environmental Research Institute; Kalø, Denmark, 80 S.

Markones, N., Garthe, S. (2009). Erprobung eines Bund/Länder-Fachvor-schlags für das Deutsche Meeresmonitoring von Seevögeln und Schweinswalen als Grundlage für die Erfüllung der Natura 2000-Berichts-pflichten mit einem Schwerpunkt in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee (FFH Berichtsperiode 2007-2012). Teilvorhaben Seevögel. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz, Vilm, 60 S.

Markones, N., Garthe, S. (2011). Marine Säugetiere und Seevögel in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Monitoringbericht 2010 - 2011 – Teilbericht Seevögel. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz, Vilm, 64 S.

Markones, N., Schwemmer, H., Garthe, S. (2012). Seevogel-Monitoring 2011 - 2012 in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Bericht für das Bundesamt für Naturschutz, Vilm, 71 S.

Markones, N., Guse, N., Borkenhagen, K., Garthe, S. et al. (2014). Seevogel-Monitoring 2012 - 2013 in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz, Vilm, 77 S.

Markones, N., Guse, N., Borkenhagen, K., Garthe, S. et al. (2015): Seevogel-Monitoring 2014 in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Bericht für das Bundesamt für Naturschutz, Vilm, 127 S.

Mendel, B., Sonntag, N., Wahl, J., Garthe, S. et al. (2008): Artensteckbriefe von See- und Wasservögeln der deutschen Nord- und Ostsee. Verbreitung, Ökologie und Empfindlichkeiten gegenüber Eingriffen in ihren marinen Lebensraum. Naturschutz und Biologische Vielfalt 59, 437 S.

Morgan, J., Gergel, S., Coops, N. (2010): Aerial Photography: A Rapidly Evolving Tool for Ecological Management. BioScience 60 (1): 47-59.

Narberhaus, I., Krause, J., Bernitt, U. (2012): Bedrohte Biodiversität in der deutschen Nord- und Ostsee. Empfindlichkeiten gegenüber anthropogenen Nutzungen und den Effekten des Klimawandels. Naturschutz und Biologische Vielfalt 116, 674 S.

Schwemmer, P., Mendel, B., Sonntag, N., Garthe, S. et al. (2011): Effects of ship traffic on seabirds in offshore waters: implications for marine conservation and spatial planning. Ecological Applications 21 (5): 1851-1860.

Sonntag, N., Markones, N., Garthe, S. (2010). Marine Säugetiere und Seevögel in der deutschen AWZ von Nord- und Ostsee. Monitoringbericht 2009/ 2010 – Teilbericht Seevögel. Endbericht für das Bundesamt für Natur-schutz, Vilm, 49 S.

Tasker, M., Jones, P., Dixon, T., Blake, B. (1984): Counting seabirds at sea from ships: A review of methods employed and a suggestion for a standardized approach. The Auk 101: 567-577.

Thaxter, C, Burton, N. (2009): High Definition Imagery for Surveying Seabirds and Marine Mammals: A Review of Recent Trials and Development of Protocols. Norfolk, (British Trust for Ornithology Report Commissioned by Cowrie Ltd.), 30 S.

Viquerat, S., Gilles, A., Herr, H., Siebert, U. (2015): Monitoring von marinen Säugetieren 2014 in der deutschen Nord- und Ostsee – Visuelle Erfassung von Schweinswalen. Endbericht für das Bundesamt für Naturschutz, 83 S.

Weimerskirch, H., Prudor, A., Schull, Q. (2018): Flights of drones over sub-Antarctic seabirds show species- and status-specific behavioural and physiological responses. Polar Biology 41 (2): 259-266.

Weiß, F., Büttger, H., Baer, J., Nehls, G. et al. (2016): Erfassung von Seevögeln und Meeressäugetieren mit dem HiDef Kamerasystem aus der Luft. Seevögel 37 (2): 14-21.

Adressen des Autors und der Autorin:

Esther Rickert*
Forschungs- und Technologie Zentrum (FTZ)
ECOLAB - Ökologie mariner Tiere
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (CAU), 25761 Büsum
E-Mail: *rickert@ftz-west.uni-kiel.de

Mirko Hauswirth
Bundesamt für Naturschutz (BfN),
AS Insel Vilm,
Fachgebiet II 5.2 „Meeresschutzgebiete, Management, Monitoring“
Insel Vilm, 18581 Putbus

Viele bunte Bilder, nur was steckt dahinter? – Eine Einführung in die vegetationskundliche Fernerkundung

Stefanie Stenzel und Hannes Feilhauer

Zusammenfassung

Für das Monitoring im Naturschutz werden Daten zur Landbedeckung meist durch Kartierende im Feld erhoben. In manchen Gegenden sind solche Erfassungen jedoch nicht oder nur schwer durchführbar. Informationen von oben, wie sie Fernerkundungsdaten liefern, könnten hier prinzipiell unterstützen. Auch wenn keine stichprobenbasierten Datensätze, sondern flächenhafte Informationen gesammelt werden müssen, bietet sich die Arbeit mit Fernerkundungsdaten grundsätzlich an. Eine routinemäßige Anwendung findet jedoch bisher nicht statt. Dies hat vielfältige Gründe wie hohe Kosten, räumlich, zeitlich oder inhaltlich stark begrenzte Studien sowie unzureichende Genauigkeiten der Ergebnisse. Intensiver Austausch zwischen den Akteuren aus Naturschutz und Fernerkundung und verständliche Einblicke in Grundlagen und Geschehnisse der jeweils anderen Fachrichtung könnten zukünftige gemeinsame Entwicklungen, wie die Verwendung von fernerkundlichen Daten im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings positiv beeinflussen. Dieser Artikel bietet eine kurze Zusammenfassung von Grundlagenwissen zu Fernerkundung und der Anwendung von Fernerkundungsdaten, insbesondere mit Bezug auf ein Monitoring der Vegetation.

Abstract

For monitoring purposes in nature conservation, data on land cover are usually collected by field mapping. In some areas, however, such surveys are difficult or impossible to carry out. Information from above, as offered by remote sensing, could provide a remedy. If no random sample-based data sets are needed but extensive information, working with remote sensing data could also be promising. However, remote sensing has not yet been used routinely in this context. Reasons that hinder use are that results from (pilot) studies are limited in terms of space, time, content and accuracy. Intensive exchange between actors from nature conservation and remote sensing leading to understandable insights into the basics and trends of the other discipline could positively influence future joint developments, such as the use of remote sensing data in the context of biodiversity monitoring. This article provides a brief summary of basic knowledge about remote sensing and the application of remote sensing data, particularly with reference to vegetation monitoring.

1 Einleitung

Im Rahmen der Diskussion um ein standardisiertes, umfassendes, bundesweites Biodiversitätsmonitoring werden neben der reinen terrestrischen Kartierung auch das Potential und die routinemäßige Anwendung zusätzlicher technischer Methoden in Erwägung gezogen. Insbesondere wenn mensch keine stichprobenbasierten Datensätze generieren, sondern flächenhafte Informationen sammeln möchte, bietet sich die Arbeit mit Fernerkundungsdaten an.

An Universitäten und Forschungseinrichtungen gibt es seit Jahren eine Vielzahl von Grundlagenprojekten, aber auch Forschungs- und Entwicklungsvorhaben zu Fernerkundung, welche die Themenfelder Biodiversitätserfassung und Naturschutz abdecken. Behörden verwenden seit langem Luftbilder für meist visuelle Bildinterpretationen. Eine routinemäßige Anwendung von Fernerkundungsdaten und -produkten sowie (halb-)automatisierten Analysemethoden an Behörden im Bereich des Naturschutzes findet jedoch bisher nicht statt. Dabei gibt es diverse Themenfelder, in der die Fernerkundung eine wertvolle Hilfestellung

bieten könnte. Fernerkundungsdaten liefern Informationen von oben, lassen also den Blick auf kleine bis sehr große Gebiete zu und dies gleich mehrfach im Jahr, ohne dass die Areale physisch betreten werden müssen. Dies kann sowohl im Naturschutz als auch in anderen Themenfeldern ein Vorteil sein, da es Gebiete gibt, die nicht betreten werden sollen oder können, oder es nicht genügend Kapazitäten gibt, bestimmte Regionen flächendeckend abzulaufen und zu kartieren. Woran liegt es also, dass Fernerkundungsdaten nicht häufiger genutzt werden? Zum einen sind Fernerkundungsprodukte in der Vergangenheit für die regelmäßige Anwendung zu teuer gewesen. Studien, die sich mit naturschutzfachlichen Fragestellungen beschäftigt haben, lieferten lokal oft gute Ergebnisse, doch ließen sich die dort erprobten Ansätze nicht immer ohne weiteres auf andere Gebiete übertragen. Dies gilt auch für die Übertragbarkeit von Modellen und Verfahren auf andere Ökosysteme oder phänologische Stadien. Was im einen Ökosystem gut funktioniert, muss nicht zwangsläufig auch in anderen Fällen brauchbare Ergebnisse liefern. Auch ist die Arbeit mit langen Zeitreihen und der damit verbundenen Detektierung von eindeutigen Veränderungen (change detection) oft nicht möglich gewesen, da die meisten Forschungsprojekte standardmäßig eine Laufzeit von nur drei Jahren haben. Zudem genügten die mit Fernerkundungsmethoden erreichten Genauigkeiten den AnwenderInnen meist nicht. Und zuletzt mag es auch an mangelnder Kommunikation zwischen NutzerInnen und AnbieterInnen gelegen haben sowie an fehlendem Wissen über die Entwicklungen im jeweils anderen Arbeitsfeld.

Mit diesem Artikel soll daher Grundlagenwissen vermittelt werden, welches benötigt wird, wenn mensch sich mit dem Potential der Anwendung von Fernerkundungsdaten im Bereich des Naturschutzes, insbesondere in Bezug auf Monitoring von Vegetation, beschäftigen möchte.

2 Fernerkundung

2.1 Eine kurze Definition

Fast jeder hat schon einmal mit Fernerkundungsdaten bzw. -produkten gearbeitet und verwendet diese unbewusst im alltäglichen Gebrauch. Wir betrachten Satellitenbilder oder lassen uns daraus abgeleitete Produkte auswerten, bspw. wenn wir eine Route von A nach B im Internet von Kartendiensten wie Google Maps berechnen lassen. Wir verlassen uns auf die Wettervorhersage, die mithilfe von Daten von Wetter- bzw. Radarsatelliten generiert wird. Im beruflichen Umfeld agieren Kartierende seit Jahrzehnten mit Luftbildern, um sich vorab ein Bild ihres Gebietes machen zu können, bereits Flächen abzugrenzen oder sich vor Ort besser orientieren zu können. Dies alles kann zur Nutzung von Fernerkundung im weitesten Sinne gezählt werden. Denn erst einmal ist die Fernerkundung die Übermittlung von Informationen über ein Objekt ohne direkten Kontakt bzw. die berührungsfreie Erkundung der Erdoberfläche (Albertz 2001). Von Fernerkundung im engeren Sinne wird dann meist gesprochen, wenn (halb-)automatisierte Verfahren zur digitalen Bildbearbeitung sowie Sensoren von Satelliten, Flugzeugen oder Drohnen verwendet werden.

2.2 Plattformen und Sensoren

Fernerkundungsdaten werden von Sensoren aufgenommen, die auf verschiedenen Trägerplattformen verankert sein können. Hierbei handelt es sich zumeist um Satelliten, bemannte Luftfahrzeuge und neuerdings auch immer häufiger um Drohnen (auch UAV (unmanned airborne vehicle) genannt). Nachdem die satellitengestützte Fernerkundung zunächst auf militärische bzw. Spionageanwendungen beschränkt war, wurde 1972 mit Landsat 1 der erste Satellit im All etabliert, der Bilddaten für wissenschaftliche Zwecke lieferte. Aber auch vor Erschließung der Satellitenfernerkundung wurden Bilder von der Erdoberfläche aufgenommen, und zwar aus Flugzeugen, Zeppelins oder Heißluftballons. Heutzutage

kreisen hunderte Erdbeobachtungssatelliten (Earth Observation, EO) um unseren Planeten, die z.T. zielgerichtet sehr spezielle Daten für ein insgesamt breites Spektrum von Anwendungen bieten (CEOS 2015). Das Problem, überhaupt Bilddaten zu bekommen, hat sich gewandelt in das Problem, hierbei den Überblick zu behalten und aus der Fülle von verfügbaren Daten die richtigen auszuwählen.

An den jeweiligen Trägerplattformen sind die eigentlichen Sensoren befestigt, welche die Fernerkundungsdaten erheben. Hierbei kann es sich um aktive oder passive Sensoren handeln. Aktive Sensoren senden aktiv Signale aus und messen die Rückstrahlung. Radarsensoren, die Signale im Mikrowellenbereich aussenden, sowie Lidarsensoren, die Laserstrahlen emittieren, gehören zu dieser Gruppe. Passive Sensoren hingegen senden kein Signal aus, sondern empfangen ausschließlich Strahlung aus natürlichen Strahlungsquellen. Optische Sensoren erfassen das von der Erdoberfläche reflektierte Sonnenlicht in verschiedenen Wellenlängenbereichen und Thermalsensoren die von der Oberfläche ausgestrahlte Wärme (Pettorelli et al. 2014).

3 Fernerkundung und Vegetation

3.1 Optische Fernerkundung

Die Fernerkundung deckt somit ein breites Spektrum an Sensorik, aber auch an Methoden ab. Die wohl gängigsten und bekanntesten Verfahren, besonders im Bereich der Analyse von Vegetation, sind die der optischen Fernerkundung, welche auf ähnlichen Prinzipien wie die Photographie beruhen. Auf diese soll hier näher eingegangen werden:

Das von der Erdoberfläche reflektierte Sonnenlicht wird von einem Sensor erfasst, welcher so ein Bild der Oberfläche macht. Dieses Bild ist, wie ein Digitalfoto, aus einzelnen Bildpunkten, den sogenannten Pixeln, aufgebaut. Jedes Pixel enthält das Reflexionssignal für einen kleinen Ausschnitt der Erdoberfläche. Das gemessene reflektierte Licht wird meist in einzelne Farbbereiche (Wellenlängenbereiche) unterteilt, so dass diese einzelnen Informationen in Analysen berücksichtigt werden können. Als praxisnahes Beispiel: Eine Digitalkamera misst in den Wellenlängenbereichen, in denen blaues, rotes und grünes Licht reflektiert wird. Aus diesen drei Reflexionsinformationen wird das Farbbild generiert. Die Bilder eines Sensors, der nur in einem Wellenlängenbereich misst, können nur in schwarzweiß dargestellt werden (panchromatisch).

Die verfügbaren Sensorsysteme unterscheiden sich in ihrer

- räumlichen Auflösung, also der von einem Pixel abgedeckten Fläche am Boden (Abb. 1). Diese bestimmt, welche Mindestgröße ein Objekt haben muss, um im Bild erkennbar zu sein. Daten mit hoher räumlicher Auflösung (d.h. die vom einzelnen Pixel abgedeckte Fläche ist klein) zeichnen sich durch eine hohe Bildschärfe aus und erlauben eine detaillierte Kartierung. Bei behördlichen Luftbildern beträgt die Pixelkantenlänge oft nur 20 cm am Boden. Die räumliche Auflösung steht oft im Zusammenhang mit den zu erwartenden Kosten: Bilddaten mit gröberer Auflösung (d.h. > 10 m Pixelkantenlänge) sind derzeit auch kostenfrei zu bekommen, Bilder mit feinerer Auflösung sind dagegen oft nur gegen Bezahlung erhältlich.
- Streifenbreite, und damit der vom Gesamtbild abgedeckten Fläche am Boden. Diese legt fest, wie groß die kartierbare Gesamtfläche ist. Auch hier ist ein Zusammenhang mit der räumlichen Auflösung zu beobachten. Je feiner die Auflösung, desto kleiner ist zumeist die Fläche, die von einem Bild abgedeckt wird. Die detailreiche Erfassung großer Flächen wird dadurch ermöglicht, dass mehrere benachbarte Bilder zu einem Mosaik

zusammensetzt werden. Die Erstellung eines Mosaiks bringt jedoch oft Fehler oder Ungenauigkeiten im Gesamtbild mit sich und ist keineswegs trivial.

- spektralen Auflösung, also der Anzahl der gemessenen Wellenlängenbereiche, den so genannten spektralen Bändern oder Kanälen. Hier gilt als Faustregel, dass eine größere Anzahl von schmalen Wellenlängenbereichen, die zusammen einen möglichst breiten Bereich des Lichtspektrums abdecken, eine genauere Unterteilung von Vegetationseinheiten erlaubt, die sich nur in feinen Details unterscheiden. Fast alle Sensoren erfassen das Licht in den Bereichen, für die das menschliche Auge empfindlich ist. Abweichungen bei den Sensoren gibt es vor allem im unsichtbaren Infrarotbereich. Hier weisen Pflanzen und Vegetationsbestände starke Unterschiede in ihrem Reflexionsverhalten auf. Ob diese in den Bilddaten erkennbar sind, hängt vor allem davon ab, ob die entsprechenden Wellenlängenbereiche abgedeckt werden. Sensoren mit hoher räumlicher Auflösung (also hoher Bildschärfe) bieten meist weniger spektrale Bänder und umgekehrt. Sensoren mit nur einem Kanal werden panchromatisch genannt, während solche mit bis zu 20 Bändern multispektral heißen und hyperspektrale Sensoren weisen weit über 200 Kanäle auf.
- Trägerplattform des Sensors. Satellitendaten decken zumeist große Gebiete in regelmäßigen Intervallen ab. Flugzeug- und drohnengetragene Sensoren liefern für ausgewählte Zeitpunkte Daten für kleinere Gebiete, besitzen aber häufig eine feinere räumliche Auflösung. Satellitendaten sind im Allgemeinen günstiger als vom Flugzeug erhobene Bilder, da bei letzteren die Bereitstellungs- und Anflugzeiten die Kosten in die Höhe treiben. Drohnensysteme werden als unkompliziert und flexibel einsetzbar beworben. Mensch muss jedoch in Kauf nehmen, dass die drohnentaugliche Sensortechnik aufgrund der notwendigen Miniaturisierung viele Einschränkungen mit sich bringt und oft wenig Spektralinformation zum Infrarot-Bereich bietet. Des Weiteren können damit nur kleine Gebiete abgedeckt werden, da der Einsatz (in Deutschland) nur in Sichtweite erlaubt ist. Auch fallen Schutzgebiete und urbane Räume (Wohngrundstücke, Flugplätze, behördliche Einrichtungen, Industrieanlagen) aus der Liste der kartierbaren Gebiete raus, da die Luftverkehrsordnung hier den Einsatz untersagt (Verordnung zur Regelung des Betriebs von unbemannten Fluggeräten vom 30. März 2017 (BGBl I (17), S.683)). Ausnahmen davon durch Antrag oder Eigentum sind jedoch möglich.
- zeitlichen Auflösung, also der zeitlichen Wiederholrate der Datenerhebung. Diese wird maßgeblich von der Trägerplattform und der vom Bild abgedeckten Fläche am Boden beeinflusst. Während prinzipiell eine einzelne Sommeraufnahme für die meisten Kartierungen genügt, kann eine hohe Wiederholrate trotzdem wünschenswert sein: so erhöht sich die Wahrscheinlichkeit, auch in Mitteleuropa ein wolkenfreies Bild zu bekommen, sowie für ein Langzeit-Monitoring Bilddaten aus ähnlichen phänologischen Stadien zu erhalten. In manchen Fällen kann es sinnvoll sein, Bilder aus mehreren Jahreszeiten zu berücksichtigen, um saisonale Unterschiede der zu erfassenden Vegetationseinheiten (ihren phänologischen Verlauf) auszunutzen.

Im Allgemeinen gilt zu beachten, dass je höher die räumliche Auflösung, je größer die Streifenbreite, je höher die spektrale Auflösung und je höher die zeitliche Auflösung ist, desto mehr Speichervolumen wird für die jeweiligen Fernerkundungsdaten benötigt.

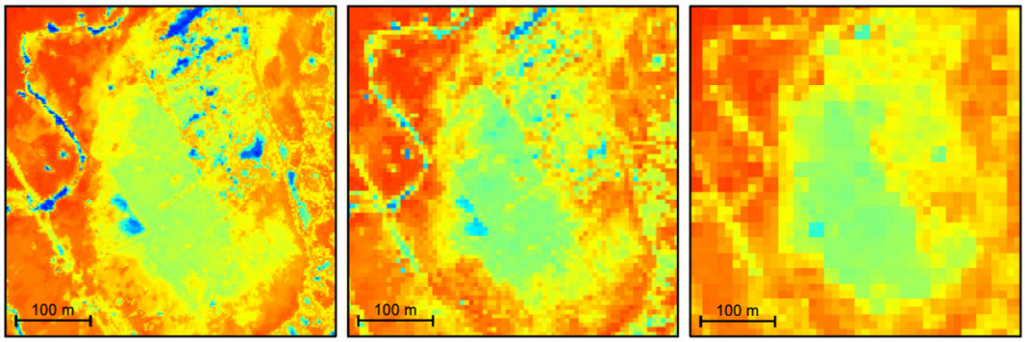


Abb. 1: Ausschnitt dreier Gradientenkarten einer Moorlandschaft bei Ettal, BY. Ähnliche Farbwerte symbolisieren eine ähnliche Artenzusammensetzung. Unterschiede zwischen den drei Karten derselben Region sind bedingt durch unterschiedlich räumliche und spektrale Auflösung: v.l.n.r. AISA Dual 2 x 2m, RapidEye 6 x 6m, Sentinel-2 60 x 60m (modifiziert aus Feilhauer et al. 2014).

Möchte mensch für ein Biodiversitätsmonitoring in Erwägung ziehen, optische Fernerkundungsdaten routinemäßig und (halb-)automatisiert auszuwerten und anzuwenden, ist folgendes zu beachten: Bei der Auswertung der Fernerkundungsdaten werden die räumlichen Muster in den Bildern meist in Bezug zu einer Stichprobe der Vegetation (z.B. Vegetationsaufnahmen) gesetzt. Es gibt verschiedene Pflanzen- und Vegetationsmerkmale, die für das Reflexionsverhalten verantwortlich sind. Diese Merkmale lassen sich grob in strukturelle und biochemische Eigenschaften unterteilen. Zu den biochemischen Eigenschaften zählt vor allem die Pigmentkonzentration der Blätter, der Blattwassergehalt oder der Gehalt an Trockenmasse, welche für die Absorption von Licht verantwortlich sind (Ollinger 2011). Pigmente absorbieren vor allem im für das menschliche Auge sichtbaren Spektralbereich, Wasser und Blatttrockenmasse im Infrarotbereich. Optisch aktive strukturelle Merkmale der Vegetation sind die Blattfläche, die Blattform und -orientierung, der Blattbau, aber auch das Vorhandensein nicht-grüner Pflanzenteile (Asner 1998). Diese Merkmale beeinflussen hauptsächlich die Streuung des Lichts im Bestand und wirken sich so auf das zum Sensor zurückgestreute Licht aus. Daneben ist das Reflexionsverhalten (Abb. 2) von (semi-)natürlicher Vegetation häufig stark vom Vorhandensein abgestorbener Pflanzenteile oder – vor allem auf mageren und trockenen Standorten – von offenen Bodenstellen beeinflusst (Asner 1998). Sowohl das Reflexionssignal von abgestorbenen Pflanzenteilen als auch von Boden unterscheidet sich stark von dem Grün der Blätter (Fassnacht et al. 2015). Daneben wird das vom Bestand reflektierte Licht durch Dunst und Wasserdampf in der Atmosphäre, dem Schattenwurf des Reliefs oder den jeweiligen Beleuchtungswinkel beeinflusst. Im Rahmen der Datenvorbereitung für die Analyse gilt es daher, diese störenden Einflüsse weitgehend zu minimieren.

3.2 Auswertung der Daten

Fernerkundungsdaten werden seit vielen Jahrzehnten produziert, ausgewertet und genutzt. In frühen Jahren aber auch heute noch handelte es sich bei der Analyse vorwiegend um die visuelle Bildinterpretation. Die Bilddaten wurden und werden dabei zumeist am Bildschirm betrachtet und von einer auswertenden Person bearbeitet. So gibt es in Deutschland, bspw. in Mecklenburg-Vorpommern oder Brandenburg, Biotopkartierungen, die mit visueller Bildinterpretation von Color-Infrared (CIR) Luftbildern aus Flugzeugbefliegungen und einem zugehörigen Kartierschlüssel erstellt wurden. Das was heutzutage unter Analyseverfahren der Fernerkundung im engeren Sinne verstanden wird, ist die (halb-) automatische Auswertung der Daten, die digitale Bildbearbeitung.

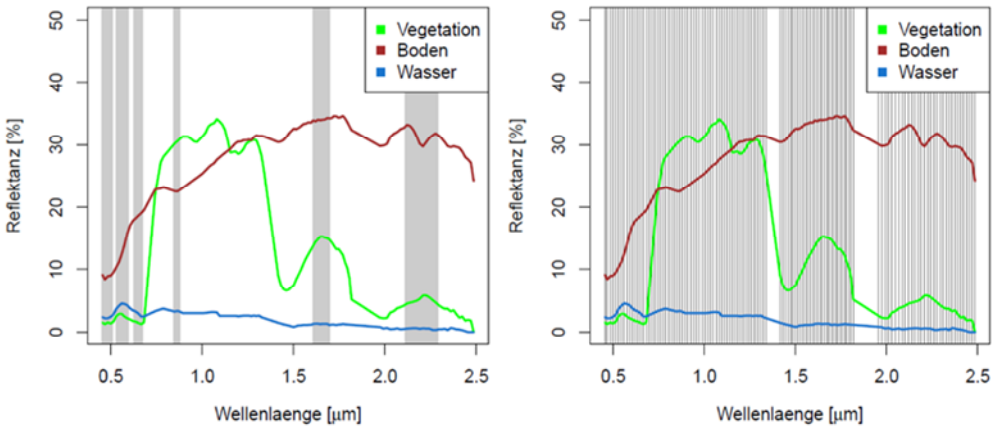


Abb. 2: Gemessene Reflektanz (Anteil reflektierter elektromagnetischer Strahlung) über verschiedenen Wellenlängen. Das Reflexionsverhalten unterschiedlicher Oberflächen wie Vegetation, offenem Boden oder Wasserkörper weicht voneinander ab und kann daher zu Identifikation verwendet werden. In grau die Abdeckung des Spektrums durch Kanäle eines Sensors: links wenige, breite Kanäle (multispektral), rechts viele, schmale Kanäle (hyperspektral) (mit Genehmigung von F. Fassnacht).

Hierbei gibt es zahlreiche Ansätze, Methoden und Verfahren, teils etabliert, teils in der frühen Entwicklung, teils übernommen aus anderen Themenfeldern, teils neu generiert. Bei der Arbeit mit optischen Daten können die Ansätze objektbasiert oder pixelbasiert sein. Im erstgenannten werden mehrere Pixel zuerst zu größeren Objekten vereint und anschließend weiter klassifiziert. Dies wird seltener im Bereich der Vegetationserhebungen angewandt, bspw. aber für Baumartenklassifikation oder Verbuschungsdetektion (Förster et al. 2008). Bei der für das Vegetationsmonitoring gängigeren Methode der pixelbasierten Auswertung lassen sich verschiedene Hauptgruppen unterscheiden: unüberwachte Klassifikation, überwachte Klassifikation sowie auf Regressionsverfahren basierende Gradientenkartierungen. Bei der unüberwachten Klassifikation wird ein Algorithmus auf die Bilddaten angewandt ohne zusätzliche Trainingsdaten mit Geländeinformation hinzuzufügen. Die Klassenbildung geschieht rein datengetrieben anhand von Ähnlichkeitsmustern in der Farbgebung und Helligkeit der Bildpunkte. Da diese Verfahren aufgrund der spektralen Ähnlichkeit von vegetationsbestandenen Flächen nur schlecht geeignet sind, unterschiedliche Vegetationseinheiten voneinander abzugrenzen, ist ihr Einsatz für ein Biodiversitätsmonitoring limitiert. Bei überwachten Klassifikationen werden dem Algorithmus Trainingsdaten mit Geländeinformationen zur Verfügung gestellt. Dies ist möglich, wenn die zu trennenden Klassen vorab über einen Kartier- oder Klassifikationsschlüssel definiert worden sind. Hier lässt sich unterteilen in Klassifikatoren, die sämtliche Pixel in mehrere Klassen einteilen (multiclass Ansätze: bspw. SVM (Support Vector Machine, Vapnik 1998), Random Forest (Breiman et al. 1984)), sowie Einklassenklassifikatoren (Abb. 3), die nur die Klasse von Interesse detektieren und den Rest der Pixel zurückweisen (one-class classification: bspw. Maxent (Phillips et al. 2004), BiasedSVM (Liu et al. 2003)). Sollen keine diskreten Klassen gebildet, sondern graduelle Übergänge in der Artenzusammensetzung der Vegetation abgebildet werden (Abb. 1), können Vegetationsaufnahmen einer Ordination unterworfen werden. Die Position der Aufnahmen im Ordinationsraum dient dabei als Maß für die Artenzusammensetzung, sie wird über ein Regressionsmodell in Bezug zu den Reflexionswerten der Pixel gesetzt und ergibt als Ergebnis Kontinuumskarten (Feilhauer et al. 2014, Schmidtlein, Sassin 2004).

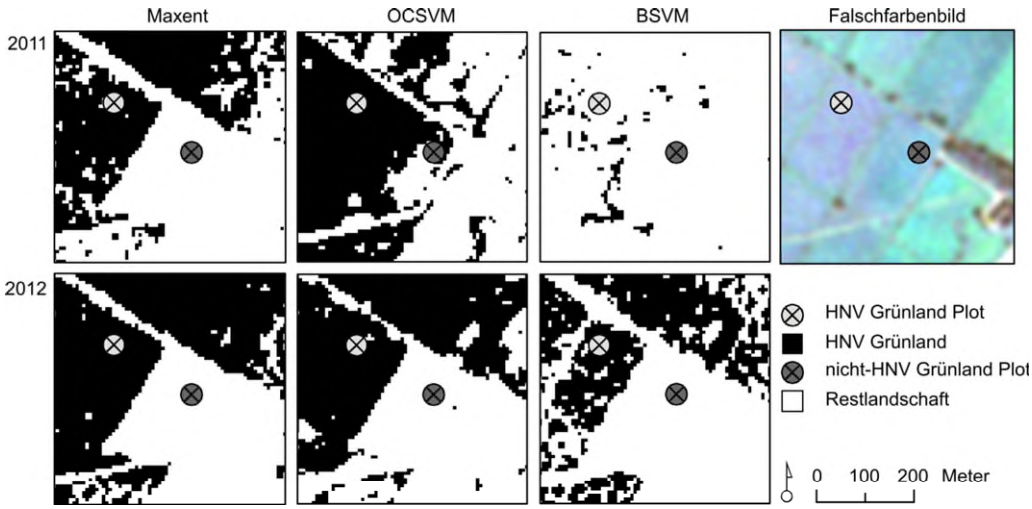


Abb. 3: Ausschnitt aus Klassifikationskarten einer Region mit unterschiedlich bewirtschafteten Feuchtwiesen bei Murnau, BY. Schwarze Flächen HNV-Grünland, weiße Flächen Restlandschaft, grauer Punkt Feldkartierung artenarmes Grünland, weißer Punkt Feldkartierung HNV-Grünland. In Spalten sind Ergebnisse dreier unterschiedlicher Klassifikatoren dargestellt, in Zeilen Ergebnisse aus unterschiedlichen Jahren, rechts oben ein Falschfarbenbild des Landschaftsausschnitts. Klassifikationsergebnisse zeigen sich abhängig von Methoden- und Bildauswahl (modifiziert aus Stenzel et al. 2017).

3.3 Fernerkundung – für ein Vegetationsmonitoring?

Schon in den 90er Jahren gab es Studien zu automatisierten Erfassungen großer Vegetationseinheiten, bspw. zur Detektion von Landbedeckungsänderungen durch die Abholzung brasilianischer Regenwälder (Skole, Tukker 1993). Bei frühen Studien ließen sich zumeist nur großräumig vorkommende, klar abgrenzbare Klassen effektiv trennen, wie Wald/nicht-Wald. Dies lag an der Verfügbarkeit von räumlich, spektral sowie zeitlich nur gering aufgelösten Daten. Mit der Weiterentwicklung der Technik sowie der Analysemethoden gibt es heutzutage Studien, die erfolgreich die Artzusammensetzung gemischter Offenland-Bestände differenzieren können (z.B. Schmidtlein, Sassin 2004). Im Themenfeld der Landwirtschaft wird die Fernerkundung bereits häufig erfolgreich angewendet. Da hier meist auf Schlagebene mit klar abgrenzbaren Strukturen gearbeitet wird, erreichen Klassifikationen oft hohe Genauigkeiten (Conrad et al. 2011, Orynbaikyzy et al. 2019). Auch im forstwirtschaftlichen Umfeld scheint sich die Fernerkundung für großräumige Inventuren anzubieten (Kennedy et al. 2009, Fassnacht et al. 2016). Je feiner die Unterschiede der Vegetationseinheiten werden, welche voneinander abgegrenzt werden sollen, desto herausfordernder ist es auch heute noch für die Forschung, eine hohe Genauigkeit zu erreichen. Studien zu Feucht- und Küstengebieten (Landmann et al. 2013, Stenzel et al. 2014, Feilhauer et al. 2014, Unberath et al. 2019), zur Verbuschung in Heidegebieten (Schmidt et al. 2017), zur Wertigkeit von Grasland in Savannen (Ferner et al. 2015) oder Grünland in Deutschland (Stenzel et al. 2017) liefern solide Ergebnisse, zeigen aber auch deutlich Grenzen für eine routinemäßige Anwendung auf. Für einen Überblick über die zahlreichen Studien zum Vegetationsmonitoring eignen sich diverse Reviews (z.B. Gillespie et al. 2008, Lawley et al. 2016, Nagendra et al. 2001, Schimel et al. 2013, Vanden Borre et al. 2011).

Es zeigt sich, dass bereits einige Erfahrung mit der vegetationskundlichen Erfassung mittels Fernerkundung existiert. Bisher wird Fernerkundung für ein operationelles Vegetationsmonitoring, bspw. im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings, nicht verwendet. Zwar gibt es Studien, die naturschutzfachliche Aspekte aufgreifen und bearbeiten: Mücher et al. 2013 detektierte Vergrasung in FFH-Heidegebieten, Schuster et al. 2011 klassifizierte verschiedene FFH-Grünländer mittels Überwachung des Mahdregimes, auch gibt es Ansätze

von objektbasierten Methoden zur Erfassung von FFH-Heide- und FFH-Wald-Lebensraumtypen (Förster et al. 2008) bis hin zur Erfassung der Artzusammensetzung verschiedener FFH-Offenland Lebensraumtypen (Feilhauer et al. 2014) oder der Detektion von invasiven Arten (Ewald et al. 2020, Skowronek et al. 2016). Dass trotz erfolgversprechender Studien keine routinemäßige Anwendung von Fernerkundung im Naturschutzmonitoring stattfindet, hat verschiedene Gründe, welche bislang die Vorteile (Abdeckung schwer zugängiger Gebiete sowie Abdeckung großer Gebiete, die mit Feldkartierung nicht zu bewältigen wären, aus Mangel an Zeit, Geld und/oder Personal) überwiegen. Zum einen waren Fernerkundungsdaten bisher nur eingeschränkt oder kostenschwer zu bekommen. Zudem wurden die in Studien entwickelten Methoden meist nur kleinräumig oder auf ein bestimmtes Szenario angewandt, eine Übertragung auf andere Gebiete oder eine deutschlandweite Anwendung fand meistens nicht statt, wären für bundesweite Monitoringansätze jedoch notwendig. Durch die limitierte Finanzierungszeit von Forschungsprojekten gibt es zudem wenig Erfahrung mit Verlässlichkeit von langen Zeitreihen, die aber für ein Monitoring essentiell sind. Auch wurden Klassifikationen meist nur auf einigen wenigen Vegetationseinheiten, bspw. ausgewählten Lebensraumtypen im Rahmen des FFH-Monitorings, sowie begrenzten Teilaspekten der zu erhebenden Parameter angewendet, so dass die Ergebnisse nicht in bestehende Programme integriert werden können. Vielen AnwenderInnen waren zudem die Genauigkeiten der Studien nicht hoch genug, um sie für eine Etablierung in Erwägung zu ziehen. Oft fehlte auch in der Vergangenheit eine gemeinsame Kommunikationsebene von Nutzern und Produzenten der Daten, so dass Diskussionen zu Kosten-Nutzen und Bedarf-Bereitstellung von beiden Seiten aus ins Leere führten (Vanden Borre et al. 2011).

4 Ausblick

In den letzten Jahren hat sich einiges verbessert, die interdisziplinäre Zusammenarbeit wird ausgebaut, in gemeinsamen Forschungsvorhaben kommen AnwenderInnen und BereitstellerInnen von Fernerkundungsprodukten immer intensiver ins Gespräch. Die Weiterentwicklung von Technik und Methoden verbessert die erzielten Ergebnisse und bietet damit robustere Anwendungsmöglichkeiten. Cloud-basierte Anwendung erleichtert die Bearbeitung und Lagerung von großen Datenmengen. Daten sind einfacher und günstiger zu beschaffen, durch die Verfügbarkeit von Drohnen, aber vor allem auch durch das Copernicus Programm der EU (https://www.copernicus.eu/de), welches Satellitendaten sowie bereits abgeleitete Produkte kostenfrei zur Verfügung stellt. Diese positiven Entwicklungen gilt es voranzutreiben, bspw. durch Fachpersonal an ausführenden Stellen, welches mit kritischem, aber auch offenem Auge die sich bietenden Möglichkeiten verfolgt. Bestenfalls sollte noch einen Schritt weiter gegangen werden als nur zu beobachten, vorteilhaft wäre es die weitere Entwicklung aktiv zu begleiten, die eigenen Bedarfe einzubringen und interdisziplinäre Forschung sowie den Austausch zwischen den verschiedenen Akteuren zu fördern. Die nationalen FachkoordinatorInnen für Copernicus-Dienste liefern hier bereits wertvolle Arbeit. Fernerkundung kann, soll und wird die etablierten Felderhebungen nicht ersetzen, sie könnte aber wichtige Zusatzinformationen liefern und dort Abhilfe schaffen, wo bisher mit etablierten Verfahren keine Daten erhoben werden können.

Literaturverzeichnis

Albertz, J. (2001): Einführung in die Fernerkundung: Grundlagen der Interpretation von Luft- und Satellitenbildern. Darmstadt (WBG), 254 S.

Asner, G. (1998): Biophysical and biochemical sources of variability in canopy reflectance. Remote Sensing of Environment 64: 134-153.

Breiman, L., Friedman, J., Olshen R., Stone, C (1984): Classification and regression trees. Belmont CA (Wadsworth International Group), 368 S.

Committee on Earth Observations Satellites (CEOS) (2015): The CEOS Earth Observation Handbook. Satellite earth observatins in support of climae information challenges. Special 2015 COP21 Edition. URL: http://database.eohandbook.com (letzter Zugriff 15.06.2020).

Conrad, C., Colditz, R., Vlek, P. et al. (2011): Temporal segmentation of MODIS time series for improving crop classification in Central Asian irrigation systems. International Journal of Remote Sensing 32 (23): 8763-8778.

Ewald, M., Skowronek, S., Aerts, R., Schmidtlein, S. (2020). Assessing the impact of an invasive bryophyte on plant species richness using high resolution imaging spectroscopy. Ecological Indicators, 110, Art.-Nr.: 105882.

Fassnacht, F., Stenzel, S., Gitelson, A. (2015): Non-destructive estimation of foliar carotenoid content of tree species using merged vegetation indices. Journal of Plant Physiology 176: 210-217.

Fassnacht, F., Latifi, H., Steréczak, K., Ghosh, A. et al. (2016): Review of studies on tree species classification from remotely sensed data. Remote Sensing of Environment 186: 64-87.

Feilhauer, H., Dahlke, C., Stenzel, S. et al. (2014): Mapping the local variability of Natura 2000 habitats with remote sensing. Applied Vegetation Science 17 (4): 765-779.

Ferner, J., Linstädter, A., Südekum, K., Schmidtlein, S. (2015): Spectral indicators of forage quality in West Africa's tropical savannas. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 41: 99-106.

Förster, M., Frick, A., Walentowski, H., Kleinschmit, B. (2008): Approaches to utilising QuickBird data for the monitoring of NATURA 2000-habitats. Community Ecology 9 (2): 155-168.

Gillespie, T., Foody, G., Saatchi, S. et al. (2008): Measuring and modelling biodiversity from space. Progress in Physical Geography 32 (2): 203-221.

Kennedy, R. et al. (2009): Remote sensing change detection tools for natural resource managers: Understanding concepts and tradeoffs in the design of landscape monitoring projects. Remote Sensing of Environment 113 (7): 1382-1396.

Landmann, T., Schramm, M., Huettich, C., Dech, S. (2013): MODIS-based change vector analysis for assessing wetland dynamics in Southern Africa. Remote Sensing Letters 4 (2): 104-113.

Lawley, V., Lewis, M., Clarke, K., Ostendorf, B. (2016): Site-based and remote sensing methods for monitoring indicators of vegetation condition: an Australian review. Ecological Indicators, 60: 1273-1283.

Liu, B., Dai, Y., Yu, P. et al. (2003): Building text classifiers using positive and unlabeled examples. In: Proceedings of the Third IEEE International Conference on Data Mining, Melbourne, FL, USA, 19 - 22 November 2003, 179-188.

Mücher, C., Kooistra, L., Vermeulen, M. et al. (2013): Quantifying structure of Natura 2000 heathland habitats using spectral mixture analysis and segmentation techniques on hyperspectral imagery. Ecological Indicators 33: 71-81.

Nagendra, H. (2001): Using remote sensing to assess biodiversity. International Journal of Remote Sensing 22 (12): 2377-2400.

Ollinger, S. (2011): Sources of variability in canopy reflectance and the convergent properties of plants. New Phytology 189 (2): 375-394.

Orynbaikyzy, A., Gessner, U., Conrad, C. (2019): Crop type classification using a combination of optical and radar remote sensing data: a review. International Journal of Remote Sensing, 40 (17): 6553-6595.

Pettorelli, N., Laurance, W., Turner, W. et al. (2014): Satellite remote sensing for applied ecologists: opportunities and challenges. Journal of Applied Ecology 51 (4): 839-848.

Phillips, S., Dudik, M., Schapire, R. (2004): A Maximum Entropy Approach to Species Distribution Modeling, Proceedings of the Twenty-First International Conference on Machine Learning. New York (ACM Press): 655-662.

Schimel D., Asner G., Moorcroft P. (2013): Observing changing ecological diversity in the Anthropocene. Frontiers in Ecology and the Environment 11 (3): 129-137.

Schmidt, J., Fassnacht, F., Lausch, A., Schmidtlein, S. (2017): Assessing the functional signature of heathland landscapes via hyperspectral remote sensing. Ecological Indicators 73: 505-512.

Schmidtlein, S., Sassin, S. (2004): Mapping of continuous floristic gradients in grasslands using hyperspectral imagery. Remote Sensing of Environment 92 (1): 126-138.

Schuster, C., Ali, I., Lohmann, P. et al. (2011): Towards Detecting Swath Events in TerraSAR-X Time Series to Establish NATURA 2000 Grassland Habitat Swath Management as Monitoring Parameter. Remote Sensing 3 (12): 1308-1322.

Skole, D., Tukker, C. (1993): Tropical deforestation and habitat fragmentation in the Amazon: satellite data from 1978 to 1988. Science 260: 1905-1910.

Skowronek, S., Ewald, M., Schmidtlein, S. et al. (2016): Mapping an invasive bryophyte species using hyperspectral remote sensing data. Biologic Invasions 19: 1-16.

Stenzel, S., Fassnacht, F., Schmidtlein, S. (2017): Identification of high nature value grassland with remote sensing and minimal field data. Ecological Indicators 74: 28-38.

Stenzel, S., Feilhauer, H., Schmidtlein, S. et al. (2014): Remote sensing of scattered Natura 2000 habitats using a one-class classifier. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 33: 211-217.

Unberath, I., Vanierschot, L., Somers, B., Feilhauer, H. et al. (2019). Remote sensing of coastal vegetation: Dealing with high species turnover by mapping multiple floristic gradients. Applied Vegetation Science, 22 (4): 534-546.

Vanden Borre, J. et al. (2011): Integrating remote sensing in Natura 2000 habitat monitoring: Prospects on the way forward. Journal for Nature Conservation 19 (2): 116-125.

Vapnik, V. (1998): Statistical Learning Theory. New York (Wiley & Sons), 768 S.

Adressen der Autorin und des Autors:

Stefanie Stenzel*
Bundesamt für Naturschutz
Fachgebiet II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“
Konstantinstr. 110, 53179 Bonn
E-Mail: *stefanie.stenzel@bfn.de

Hannes Feilhauer
Universität Leipzig
Remote Sensing Center for Earth System Research
Talstr. 35, 04103 Leipzig

Fallbeispiele für den Einsatz von Fernerkundung im Vegetationsmonitoring

Hannes Feilhauer und Ulrike Faude

Zusammenfassung

In zahlreichen Übersichtsartikeln wird der Fernerkundung ein großes Potenzial für den Einsatz in der Naturschutzplanung und dem Vegetationsmonitoring bescheinigt. Doch wann ist ein Einsatz wirklich zielführend und löst Probleme, die mit konventionellen Ansätzen schwer zu bearbeiten sind? Dieses Kapitel befasst sich anhand von aktuellen Beispielen mit praxisorientierten Einsatzmöglichkeiten von Fernerkundungsverfahren im Vegetationsmonitoring. Der erforderliche technische Aufwand in den aufgeführten Fallstudien steigt von Beispiel zu Beispiel; parallel dazu wächst der dadurch erzielte Zugewinn an thematischer Information. Ausgehend von einer retrospektiven Änderungsdetektion in Schutzgebieten durch eine visuelle Interpretation von historischen Luftbildern wird der Einsatz von Zeitreihen spektraler Indizes zur objektiven Bewertung des Zustandes der Vegetation über längere Perioden hinweg besprochen. In Anschluss werden die fernerkundungsbasierte Erfassung von FFH-Lebensraumtypen und die Kartierung gradueller Übergänge in der Vegetation vorgestellt. Abschließend wird ein Ausblick auf aktuell laufende Initiativen zur Entwicklung neuer Fernerkundungsprodukte gegeben. Der Fokus liegt in der Diskussion darauf, wann und wofür der Einsatz von Fernerkundungsverfahren im Vergleich zu konventionellen Kartierungen einen Mehrwert bietet.

Abstract

Several review articles conclude that remote sensing approaches offer great opportunities for conservation planning and vegetation monitoring. But when do these techniques actually offer an added value to traditional mapping approaches and help to tackle problems that are otherwise difficult to address? This chapter aims to discuss applications of remote sensing to nature conservation and vegetation monitoring. Based on case studies we describe opportunities for a retrospective change detection in conservation areas through visual interpretation of time series of aerial photographs and explain the use of spectral indices for an assessment of spatio-temporal changes in the vegetation condition. Further, we discuss how Natura 2000 habitat types can be detected in image data and how remote sensing can be used to map gradual transitions in the species composition of extensively managed vegetation. Finally, we provide an outlook on ongoing initiatives for the development of new remote sensing products for a biodiversity monitoring. In the discussion we put the emphasis on the question when and how remote sensing is able to complement the established mapping approaches.

1 Einführung

Ein Biodiversitätsmonitoring in Deutschland erfordert die Analyse von Veränderungen in der Zusammensetzung und dem Zustand der Vegetation über große Flächen hinweg. Angesichts dieser Aufgabe ist es nicht verwunderlich, wenn die Idee aufkommt, zumindest einen Teil der Veränderungsanalyse mit Methoden der Fernerkundung zu bewältigen.

In der Vergangenheit haben derartige Versuche und Pilotprojekte zu eher gemischten Ergebnissen geführt. Dies ist zum Teil darauf zurückzuführen, dass die beteiligten Akteure sehr unterschiedliche Vorstellungen von den Möglichkeiten und Limitationen der Daten und Analyseverfahren auf der einen Seite und von den naturschutzfachlichen Anforderungen

auf der anderen Seite haben. Die Missverständnisse führen zu zahlreichen Enttäuschungen, z.B. im Hinblick auf

- die entstehenden Kosten,
- die Flächengrößen, die mit überschaubarem Ressourceneinsatz effizient erfasst und bewertet werden können,
- die Anforderungen an die Datengrundlagen,
- die Detailgenauigkeit der Ergebnisse,
- die Möglichkeit, bestehende Kartierschlüssel für die Feldarbeit ohne Einschränkung auf die Fernerkundung übertragen zu können (Schmidt et al. 2017) oder
- die Übertragbarkeit von Modellen und Verfahren auf andere phänologische Stadien oder Ökosysteme (Vanden Borre et al. 2017). Was im einen Ökosystem gut funktioniert, muss nicht zwangsläufig auch für andere Flächen oder zu einem anderen Zeitpunkt brauchbare Ergebnisse liefern.

Dieser Beitrag hat daher das Ziel, anhand von Beispielen die Möglichkeiten und Limitationen der Fernerkundung zu verdeutlichen. Der Fokus liegt hierbei auf optischen Daten und auf Einsatzbereichen, bei denen durch den Einsatz von Fernerkundungsverfahren ein verlässlicher Effizienzgewinn erzielt werden kann.

2 Wann ist der Einsatz von Fernerkundungsverfahren sinnvoll?

Im vorangehenden Kapitel dieses Bandes wurden bereits die wesentlichen reflexionsbestimmenden Merkmale beschrieben. Diese lassen sich als Hauptverantwortliche für das Reflexionssignal der Vegetation relativ leicht und sicher aus den Bilddaten bestimmen. So gehört z.B. eine Abschätzung der Blattfläche oder des Chlorophyll-Gehaltes zu den häufigsten Anwendungen der Fernerkundung. Je weiter man sich mit der Zielvariable der Erfassung von diesen reflexionsbestimmenden Merkmalen entfernt, desto unsicherer wird die Abschätzung. So sind z.B. Lebensformen, funktionelle Typen, phänologische Zustände, Stresssymptome oder Effekte einer Landnutzung noch recht eng an die Verteilung der genannten reflexionsbestimmenden Merkmale gekoppelt und können daher zumeist einfach und genau abgeschätzt werden. Die Verbreitungsmuster von Einzelarten, Pflanzengesellschaften, Lebensraumtypen, Habitaten oder Diversitätsmuster stehen kausal weiter davon entfernt und erfordern daher mehr Aufwand und Aufmerksamkeit und führen zu einer erhöhten Fehlerwahrscheinlichkeit in der Erfassung.

Ob und wann der Einsatz von Fernerkundungsverfahren sinnvoll ist, ergibt sich aus dem Verhältnis von zusätzlichem Informationsgewinn, technischem Mehraufwand und den daraus entstehenden Kosten. In manchen Fällen ermöglicht ein kleiner Mehraufwand einen deutlich höheren Informationsgewinn, in anderen Fällen kann nur mit großem Aufwand eine Information abgeleitet werden, die mit konventionellen Kartiermethoden sehr leicht in besserer Qualität erfasst werden kann. Im Folgenden soll anhand von Beispielen diskutiert werden, wann der Einsatz von Fernerkundungsverfahren für ein Biodiversitätsmonitoring sinnvoll sein kann. Diese können hierbei Geländeerhebungen nur unterstützen, jedoch nicht ersetzen. Ein Einsatz von Fernerkundungsverfahren ohne Geländedaten ist nur in ganz seltenen Fällen sinnvoll und kann im Allgemeinen nicht empfohlen werden.

2.1 Analyse von Archivdaten für ein retrospektives Monitoring

Archive mit Fernerkundungsdaten werden in zunehmendem Maß freigegeben. Die darin enthaltenen Luft- und Satellitenbilder decken weite Teile Deutschlands ab. Die ältesten Aufnahmen entstammen zumeist den Aufklärungsflügen der Alliierten zum Ende des zweiten Weltkrieges; für die darauf folgenden Jahrzehnte sind bundesweit die amtlichen Luftbildbefliegungen als analoges Bildmaterial vorhanden. Da diese historischen Bilder – anders als aktuelle Bilddaten – häufig im Winterhalbjahr aufgenommen wurden, ist ein Einsatz für ein Biodiversitätsmonitoring z.T. schwierig. Ergänzend kommen zu diesen Datensätzen die hochauflösenden Bilder der Keyhole-Spionagesatelliten aus den 60er und 70er Jahren hinzu, die mittlerweile ihren Geheimhaltungsstatus verloren haben und der Öffentlichkeit zugänglich sind. Erste digitale Satellitenbilder sind für die 70er Jahre mit dem Start der Landsat-Satelliten-Missionen vorhanden. Mit zunehmendem technologischem Fortschritt wurde die Datenqualität und -verfügbarkeit der Fernerkundungsdaten immer besser.

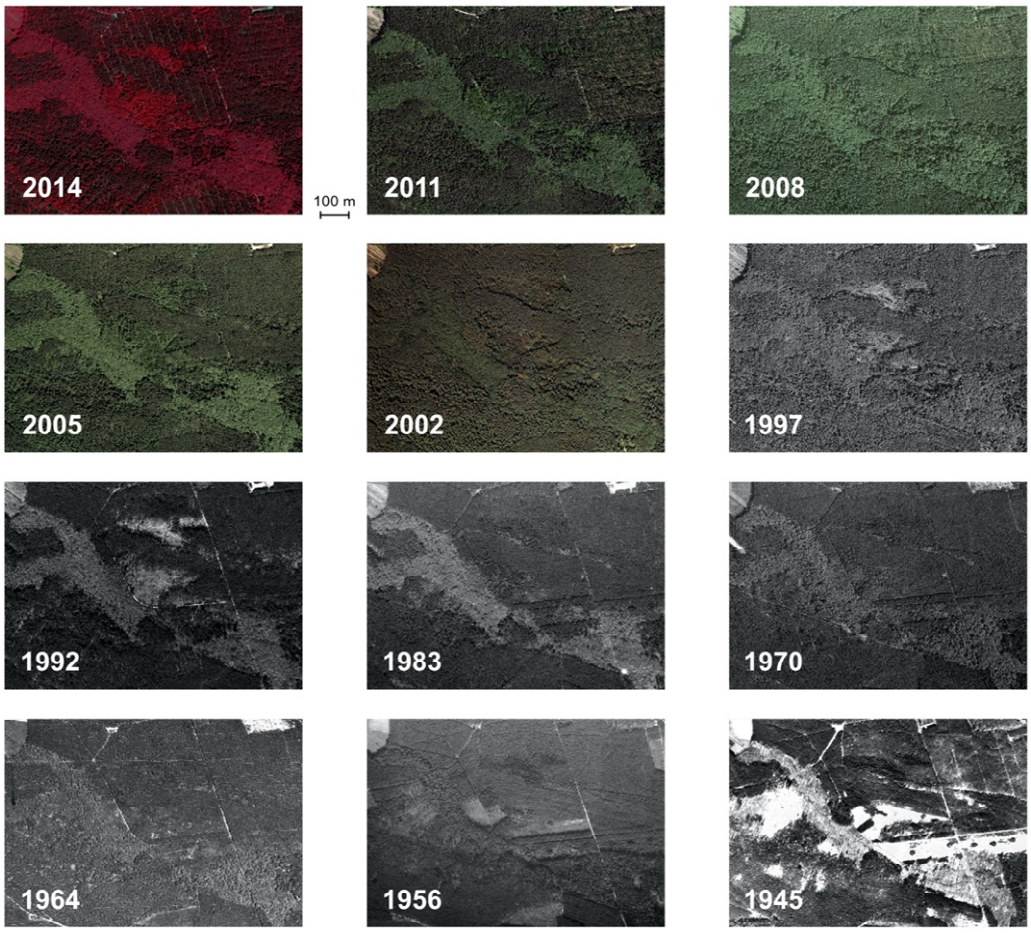


Abb. 1: Luftbild-Zeitreihe des NSG Brucker Lache bei Erlangen. (Geobasisdaten (c) Bayerische Vermessungsverwaltung, 2020): Neben dem offensichtlichen technologischen Fortschritt von den frühen Schwarz-Weiß-Bildern über Echtfarben hin zur Infrarot-Falschfarbenaufnahmen (CIR) lassen sich verschiedene Änderungen in der Vegetation erkennen. Dazu gehören forstwirtschaftliche Eingriffe, die ebenfalls dem Wandel der Zeit unterliegen und sich von Kahlschlägen (1945, 1956) hin zum Harvestereinsatz (2011, 2014) ändern. Ebenfalls sind die Auswirkungen des Orkans Wiebke (1992, 1997) zu erkennen. In Detailansichten lässt sich die Entwicklung einzelner Bäume verfolgen.

Doch auch die frühesten Aufnahmen besitzen bereits einen erstaunlich hohen Informationsgehalt, der die Rückverfolgung der Zustandsentwicklung von groben Vegetationsmustern ermöglicht. Abbildung 1 illustriert dies am Beispiel einer Luftbildzeitreihe des NSG Bru-

cker Lache südlich von Erlangen (siehe Nezadal, Roder 1994, für eine genaue Beschreibung der Vegetation im Gebiet). Hier sind deutlich Änderungen in der Struktur des Schwarzerlen-Eschen-Auwaldes in der Bildmitte und des Preiselbeer-Kiefern-Eichenwaldes in den Randbereichen zu sehen. Neben der natürlichen Sukzession lassen sich die Auswirkungen forstwirtschaftlicher Eingriffe und von Ereignissen wie dem Orkan Wiebke im Jahr 1990 erkennen. Einzelne Bäume lassen sich leicht über die Jahre hinweg identifizieren und in ihrer Entwicklung verfolgen. Die Auswertung ist jedoch aufgrund der stark schwankenden Bildqualität, der unterschiedlichen Jahreszeiten der Aufnahmezeitpunkte und der variablen Beleuchtungswinkel nicht automatisierbar. Auch müssen die älteren, analogen Bilddaten erst gescannt und georeferenziert werden, bevor sie im GIS über die neueren, digitalen Bilder gelegt werden können. Die größte Herausforderung ist dabei jedoch die nicht standardisierte Suche in den unterschiedlichen Archiven, die etwas Erfahrung erfordert. Derartige Analysen bieten sich daher vor allem für einzelne Flächen oder abgegrenzte Einheiten mit unbekannter Entwicklungsgeschichte, wie z.B. ehemalige Truppenübungsplätze an.

2.2 Änderungsdetektion mit Vegetationsindizes

Luft- und Satellitenbilder, die spektrale Bänder im roten, sichtbaren Bereich und im nahen Infrarotbereich besitzen, ermöglichen sehr einfache, aber aussagekräftige Analysen zur Änderung des Vegetationszustandes. Im roten Spektralbereich absorbiert das Chlorophyll in den Blättern photosynthetisch aktiver Vegetation nahezu alles Licht, im nahen Infrarot wird ein großer Teil reflektiert. Die Differenz der Reflexionswerte zwischen den beiden Bereichen erlaubt Rückschlüsse auf die photosynthetische Aktivität der Vegetation, die wiederum im Zusammenhang mit Eigenschaften wie der Blattfläche, der Biomasse, dem Chlorophyllgehalt oder der Vitalität der Vegetation stehen. Sogenannte Vegetationindizes quantifizieren Differenzen oder Verhältnisse von Reflexionswerten verschiedener Spektralbereiche und können als einfache Indikatoren für Vegetationseigenschaften dienen. Der wohl bekannteste und meistgenutzte Index, der Unterschiede zwischen den roten Bereich und dem nahen Infrarot beschreibt, ist der Normalized Difference Vegetation Index (NDVI, Tucker 1979). Durch die normalisierte Form ist er leicht interpretierbar: numerische Werte von 0 oder kleiner entstehen für Pixel, die keine grüne Vegetation enthalten. Je mehr sich der Indexwert an den Maximalwert von eins annähert, desto üppiger, grüner und vitaler ist der abgebildete Vegetationsbestand. Ein Vergleich von zwei NDVI-Bildern aus unterschiedlichen Jahren, die jedoch in derselben Jahreszeit aufgenommen wurden, erlaubt auf sehr schnellem Weg eine räumlich explizite Aussage dazu, wo sich die photosynthetische Aktivität der Vegetation wie stark verändert hat.

In der Land- und Forstwirtschaft werden solche Analysen zur Detektion von Stressereignissen und im Biomassemonitoring eingesetzt. Für diese Anwendungen gilt die Faustregel, dass eine Zunahme des NDVI-Wertes positiv zu werten ist und eine Abnahme eine Verschlechterung des jeweiligen Zustandes darstellt. Für Anwendungen im Naturschutzbereich ist diese Regel nicht unbedingt zutreffend. Eine Zunahme des NDVI kann hier z.B. durchaus auf einen unerwünschten Nährstoffeintrag in einem Magerrasen oder auf die fortschreitende Verbuschung und Vergrasung eines Hochmoores oder einer Heide hindeuten. Änderungen des Indexwertes sind daher jeweils im Kontext des analysierten Ökosystems zu bewerten. In jedem Fall stellt die Index-basierte Änderungsanalyse ein einfaches, aber wirkungsvolles Hilfsmittel für die Planung von Wiederholungskartierungen dar. Es kann davon ausgegangen werden, dass eine Indexänderung auf jeden Fall auf eine Änderung in der Vegetation zurückzuführen ist. Geländebegehungen können somit gezielt die in der Fernerkundungsanalyse identifizierten Änderungsstellen berücksichtigen. Es sollte jedoch beachtet werden, dass nicht jede Änderung der Vegetation, z.B. im Hinblick auf die Artenzu-

sammensetzung, mit einer Änderung des NDVI einhergeht. Es werden nur Änderungen sichtbar, die sich auch auf die genannten Parameter wie Biomasse, Blattfläche oder Pigmentierung auswirken. Ein blindes Vertrauen in die Ergebnisse der NDVI-Änderungsanalyse ist daher nicht zu empfehlen.

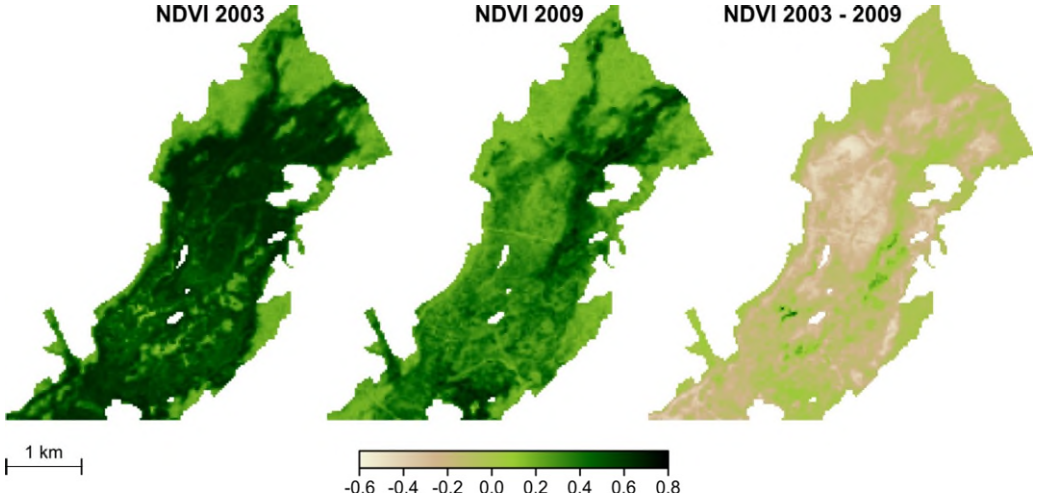


Abb. 2: Bi-temporaler Vergleich der Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) Muster im spanischen Nationalpark Las Tablas de Daimiel (verändert nach Feilhauer et al. 2018). Im Differenzbild wird deutlich, dass der NDVI in weiten Teilen des Parks von 2003 nach 2009 aufgrund einer lang anhaltenden Trockenperiode deutlich abgenommen hat, was auf einen Rückgang der photosynthetischen Aktivität der Vegetation hindeutet. Die damit verbundenen Änderungen in der Vegetation können entweder auf den geänderten Zustand der Pflanzen oder auf einen Austausch der Helophyten durch an die Trockenheit angepasste Arten zurückzuführen sein.

Abbildung 2 zeigt ein Beispiel für den Einsatz einer solchen Analyse im Nationalpark Las Tablas de Daimiel in Zentralspanien (Feilhauer et al. 2018). Dieser beheimatet ein ausgedehntes Feuchtgebiet, das seit den 50er Jahren wiederholt von ausgeprägten Dürre-Ereignissen betroffen wurde, die durch die Wasserentnahme zur Bewässerung der umliegenden Agrarflächen verschärft wurden. Die letzte Trockenphase dauerte vom Sommer 2003 bis zum Herbst 2009 und wurde durch lang anhaltende Starkregen beendet. Mit Hilfe von Archivdaten des NASA-Satelliten Landsat 5 (30 m Pixelgröße) wurde der Zustand der Vegetation vor der Dürre im Sommer 2003 und zum Höhepunkt der Trockenheit im Sommer 2009 dokumentiert. Die Differenz der beiden Indexbilder zeigt, in welchen Bereichen des Nationalparks die Vegetation besonders stark von der Trockenheit betroffen war. Dies trifft insbesondere für die *Cladium mariscus* Bestände in den Zentralbereichen des Feuchtgebiets zu. Die Binsen- und Seggenbestände und die halophytische Vegetation in den Flachwasserzonen im Randbereich zeigen wenig Änderung in den Indexwerten, was darauf zurückzuführen ist, dass sie zum einen bereits im Sommer 2003 trocken gefallen waren, und zudem wenig Änderungen zeigen, die sich im Index widerspiegeln. Bereiche, die eine Zunahme des Indexwertes aufweisen, sind ehemalige offene Wasserflächen, die trocken gefallen und von annuellen, windverbreiteten Ruderalarten besiedelt wurden.

Eine derartige Analyse ist sehr schnell (ca. 1 - 2 h inklusive Suche in den Archiven und Download der Bilddaten) durchführbar und erfordert neben einem Standard-GIS-Programm keine weitere Software. Sie lässt sich auch mit den amtlichen CIR-Luftbildern umsetzen. Eine NDVI-basierte Änderungsanalyse bietet somit einen effizienten Weg zur Vorbereitung und Unterstützung von Kartierungen.

2.3 Erfassung von Arten und Vegetationseinheiten

Herkömmliche, auf Fernerkundungsdaten basierende Kartierungen erfordern, dass für alle im Bild vorkommenden Einheiten Daten zur Verfügung stehen, mit denen der Auswertungsalgorithmus trainiert werden kann. In einem einfachen Fall können dies die Einheiten Wald, Offenland, Boden und Straße sein. Für den Naturschutz relevanter sind jedoch z.B. die Unterscheidungen einzelner Pflanzengesellschaften oder FFH-Lebensraumtypen. Alle Einheiten, die nicht über Trainingsdaten abgedeckt werden, werden vom Algorithmus der nächst ähnlichen Reflexion einer bekannten Einheit zugeordnet. Im oben genannten Beispiel wird also z.B. die nicht-beprobte Straße als (beprobter) Wald klassifiziert werden, da beide im Erscheinungsbild eher dunkel sind. Für eine richtige und vollständige Karte müssen daher alle im Bild vorhandenen Oberflächenelemente durch Geländedaten repräsentiert werden. Dies erzeugt einen gewaltigen Aufwand, der schwer zu rechtfertigen ist. Des Weiteren sind bei diesen Ansätzen bereits existierende Geländedaten als Grundlage für eine Fernerkundungskartierung nur bedingt verwendbar, da sie selektiv die naturschutzfachlich relevanten Einheiten und nicht alle Oberflächenelemente enthalten. Um diesen Missstand zu beheben, werden vermehrt sogenannte One-class classifier eingesetzt. Diese modellieren – analog zu Artverbreitungsmodellen – die räumlichen Verbreitungsmuster der Art oder Vegetationseinheit von Interesse und erfordern keine Informationen zu evtl. vorhandenen anderen Bildelementen. Die Geländedatenerhebung kann daher sehr effizient und zielgerichtet erfolgen: Es wird zunächst nur eine Stichprobe der Zielgröße benötigt. Um die Güte und Genauigkeit der Verbreitungskarte beurteilen zu können, wird in einem abschließenden Validierungsschritt zumeist ein weiterer Datensatz benötigt, der beschreibt, wo die Zielgröße nicht zu finden ist. Dieser kann jedoch mit vergleichsweise reduziertem Aufwand erhoben werden.

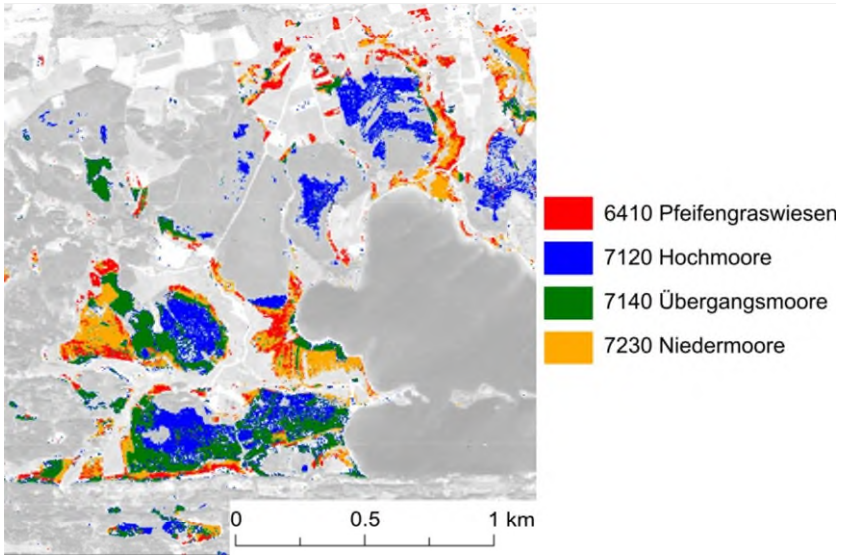


Abb. 3: Über einen One-class classifier Ansatz aus RapidEye-Daten abgeleitete Karte der Verbreitung von FFH Lebensraumtypen im Bereich des Staffelsees bei Murnau, Bayern. Als Eingangsdaten dient neben den Bilddaten nur eine Punktstichprobe der Lebensraumtypen (modifiziert aus Stenzel et al. 2014).

Die möglichen Anwendungen für diese Ansätze sind vielfältig; es wurden damit beispielsweise erfolgreich die Verbreitung ausgewählter Natura 2000 Lebensraumtypen erfasst (Sanchez-Hernandez et al. 2007, Stenzel et al. 2014, Abb. 3) oder invasive Arten in gemischten Beständen detektiert (Skowronek et al. 2017a, b). Die Anforderungen an die Geländedaten sind hierbei, dass die gesuchte Art oder der gesuchte Vegetationstyp nicht zu

selten ist und innerhalb eines Pixels größere Flächenanteile aufweist. Andernfalls ist es schwierig bis unmöglich, dem numerischen Algorithmus beizubringen, wonach er in den Bilddaten suchen soll und die Güte des Ergebnisses zu bewerten. Dies führt zu einigen Einschränkungen im Rahmen einer frühzeitigen Erfassung invasiver Arten: Im Prinzip kann die Art umso besser erfasst werden, je fortgeschrittener die Invasion ist. Dies ist natürlich nicht im Sinn eines effizienten Managements und einer effizienten Bekämpfung. Dennoch ist unter günstigen Rahmenbedingungen selbst bei unscheinbaren Arten in begrenztem Rahmen eine frühzeitige Erfassung möglich (Skowronek et al. 2017b). Die einmal kalibrierten Modelle erlauben darüber hinaus – ebenfalls unter günstigen Umständen – eine Übertragung auf Landschaften mit einem ähnlichen Arteninventar und ähnlichen Umweltbedingungen (Skowronek et al. 2018b). So kann beispielsweise eine Abschätzung der Verbreitungsmuster in Vogelschutzgebieten erfolgen, ohne Störungen zur Brutzeit zu verursachen. Eine Bewertung, welche der in Deutschland relevanten invasiven Pflanzenarten mit solchen oder ähnlichen Ansätzen erfasst werden können, ist in Skowronek et al. (2018a) enthalten.

2.4 Kartierung gradueller Übergänge in der Artenzusammensetzung

Ein gängiges Problem bei der Geländekartierung von Vegetationsmustern ist die Abgrenzung homogener Einheiten. Die verschiedenen, subjektiven Herangehensweisen der kartierenden Person führen dazu, dass die Flächen zwischen wiederholten Aufnahmen z.T. nur schlecht vergleichbar sind oder zumindest der Homogenisierungsaufwand immens ist. Darüber hinaus ist es oft schwer, eine Fläche klar einer Kartiereinheit zuzuordnen, was im Extremfall zu einer Dominanz von Übergangstypen in der Karte führt.

Auch hier kann die Fernerkundung mit überschaubarem Mitteleinsatz einen Beitrag leisten, die Abgrenzungs- und Zuordnungsproblematik zu reduzieren und darüber hinaus graduelle Übergänge in der Artenzusammensetzung abzubilden. Dies ist möglich, da die kontinuierlichen Reflexionswerte in den Bilddaten alle graduellen Übergänge in der Vegetation als solche abbilden. Warum sollte man – abgesehen von einer Erfüllung der Vorgaben eines Kartierschlüssels – diese wunderbare Informationstiefe durch Kategorisierung reduzieren? Zahlreiche Studien zu diesem Thema zeigen, dass es auch anders geht (z.B. Feilhauer et al. 2011, Harris et al. 2015, Neumann et al. 2015, Schmidtlein et al. 2007, Schmidtlein und Sassin 2004).

Für eine solche Kartierung gradueller Übergänge wird als Datengrundlage neben den Bilddaten eine repräsentative Stichprobe der Vegetation in Form von Vegetationsaufnahmen benötigt. Diese werden einer Gradientenanalyse oder Ordination unterworfen, um die graduellen Änderungen in der Artenzusammensetzung zu beschreiben. Die Position der Aufnahmen im Ordinationsraum bzw. auf den Achsen dient als Maß für die Artenzusammensetzung; sie wird nun über Regressionsmodelle in Bezug zu den Reflexionswerten des entsprechenden Pixels gesetzt. Im Anschluss werden die Regressionsmodelle (eines für jede Ordinationsachse) auf die Bilddaten angewendet und so jedem Pixel eine Position im Ordinationsraum zugewiesen. Das Ergebnis dieser Bemühungen ist eine Gradientenkarte (siehe Abb. 4 für ein Beispiel), die entweder direkt als Vegetationskarte oder als Halbfertigprodukt für eine weitere Analyse der Vegetationsmuster verwendet werden kann. Durch eine angepasste Wahl der Vegetationsaufnahmeflächen und einer entsprechenden räumlichen Auflösung der Bilddaten lassen sich die Gradienten auf unterschiedlichen räumlichen Skalen abbilden. In Abbildung 4 wurde die Gradientenkarte mit einer diskreten Karte der Verteilung von Natura 2000 Lebensraumtypen überlagert. Die Gradientenkarte ermöglicht dadurch Einblicke in die Variabilität der abgegrenzten Flächen und beschreibt zudem, wo die Abgrenzung einer klaren Grenze folgt und wo die Grenzziehung eher willkürlich ist.

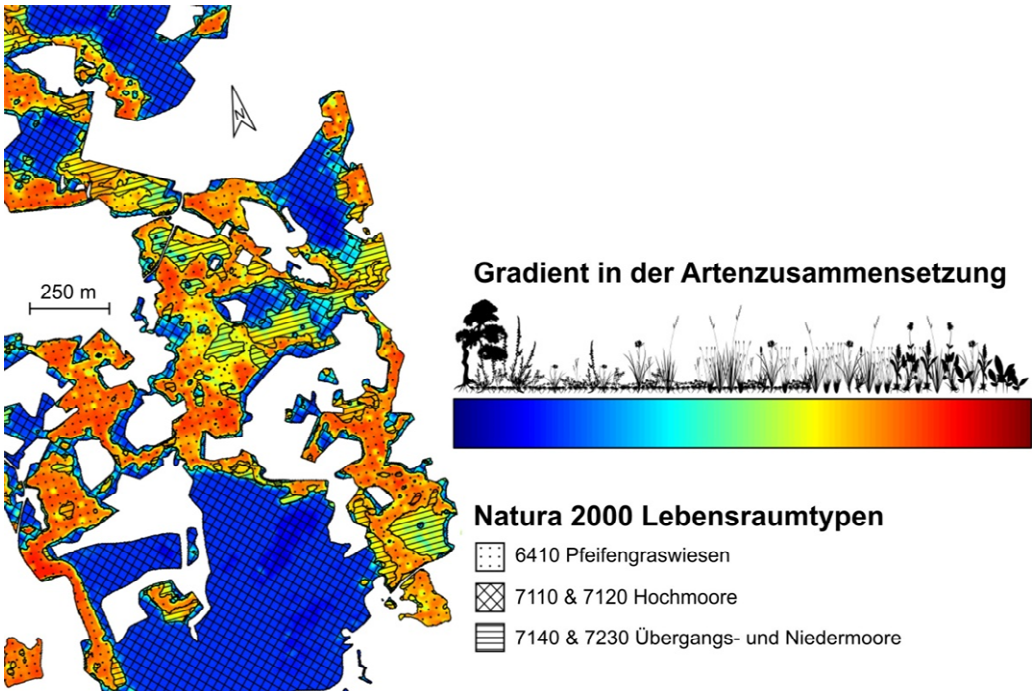


Abb. 4: Ausschnitt einer Gradientenkarte der Moorlandschaft bei Grasleiten bei Peißenberg, Bayern (modifiziert aus Feilhauer et al. 2014). Dargestellt ist nur der Hauptgradient, untergeordnete Gradienten wurden nicht berücksichtigt. Ähnliche Farbwerte symbolisieren eine ähnliche Artenzusammensetzung. Die Karte ist mit diskret abgegrenzten Natura 2000 Lebensraumtypen überlagert und ermöglicht so eine Abschätzung, wo die Grenzen eindeutig und wo sie willkürlich gezogen wurden. Eine genaue Beschreibung des Gradienten kann Feilhauer et al. (2014) entnommen werden.

Ein Problem derartiger Gradientenkartierungen ist, dass sie sich nur schwer mit vordefinierten Kartierschlüsseln in Übereinstimmung bringen lassen. Die Ordination ist ein datenbasiertes Verfahren und ermittelt die Muster aus der Datenstruktur des Vegetationsdatensatzes heraus. Je nach Eingangsdaten unterscheidet sich das Ergebnis. Dies erschwert einen Vergleich zweier Gebiete und stellt auch eine Herausforderung für Wiederholungskartierungen oder ein Monitoring dar. Dennoch ist die Technik eine hilfreiche Einsatzmöglichkeit der Fernerkundung, da sich so Vegetationsmuster abbilden lassen, die anderweitig nicht beschrieben werden können.

3 Neuartige Fernerkundungsprodukte

Alle bisher genannten Anwendungen nutzen als Eingangsdaten die Reflexionswerte der Bilddaten. Die Bewertung und Interpretation der Zusammenhänge zwischen diesen Reflexionswerten und den zugrundeliegenden Vegetationsmustern ist wenig intuitiv und erfordert Expertenwissen. Dies mag ein weiterer Grund für den begrenzten Einsatz von Fernerkundungsverfahren im Biodiversitätsmonitoring sein.

Neuere Entwicklungen und Trends im Bereich der Fernerkundung könnten diesen Hinderungsgrund jedoch zumindest teilweise beseitigen. Initiativen wie GEO BON (Group on Earth Observation – Biodiversity Observation Networks, http://geobon.org/) arbeiten an der Definition und Entwicklung von aus Fernerkundungsdaten ableitbaren Vegetationsparametern, die als Indikatoren für verschiedene Teilbereiche der Biodiversität dienen können (Skidmore et al. 2015). Diese Essential Biodiversity Variables (EBVs) sind biotische Parameter, die Ökosystemzustände oder -funktionen beschreiben, sensitiv für Veränderungen sind und für eine Vielzahl von Ökosystemen aussagekräftig sind (geobon.org). Die genaue Liste der berücksichtigten Parameter und die räumliche Skala der Beobachtung werden

noch diskutiert. Jedoch sollen die aus Fernerkundungsdaten abgeleiteten Parameter mittelfristig als Produkte für interessierte Nutzer bereitgestellt werden. Diese können alternativ zu den regulären Bilddaten als Eingangsdaten für weiterführende Kartierungen, Bewertungen oder Monitoring-Programme dienen.

Erste Tests des Konzepts versprechen eine gute Interpretierbarkeit und hohe Vorhersagekraft für die Beantwortung ökologischer Fragestellungen (Feilhauer et al. 2017). Auch wenn es im Moment noch zu früh für eine umfassende Bewertung dieser EBVs (Pereira et al. 2013) ist und umfassende praxisorientierte Tests noch ausstehen, lohnt es sich doch, diese und ähnliche Entwicklungen weiter zu verfolgen. Darüber hinaus sind die Initiativen offen für Rückmeldungen und Gedankenanstöße aus der Praxis, was die Möglichkeit bietet, diese neuen Datenquellen aktiv mitzugestalten.

4 Fazit

Es lässt sich festhalten, dass die Fernerkundung ein hilfreiches Werkzeug im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings sein kann. Dennoch lassen sich bei weitem nicht alle Monitoringaufgaben sinnvoll mit Fernerkundungsverfahren erledigen. Viele Erfassungen sind ‚zu Fuß' effizienter, kostengünstiger und genauer durchführbar. Auch für den Einsatz von Fernerkundung werden – wie in den angeführten Beispielen gezeigt wurde – stets Geländedaten benötigt, sodass derartige Ansätze primär ergänzend zu Geländeerhebungen eingesetzt werden können. In dieser ergänzenden Rolle kann die Fernerkundung jedoch auf objektive Weise dazu beitragen, eine Erfassung selbst für größere Gebiete mit relativ homogener Beprobungsdichte und gleichbleibendem Fehler der bearbeitenden Person durchzuführen, Änderungen in der Vegetation schnell und unkompliziert zu ermitteln, eine retrospektive Bewertung vergangener Entwicklungen zu ermöglichen oder graduelle Übergänge in der Artenzusammensetzung zu erfassen. Das Potenzial der Fernerkundung ist mit diesen Beispielen bei weitem nicht erschöpft; eine Reihe von Übersichtsartikeln wie z.B. von Corbane et al. (2015), Schmidtlein et al. (2014) oder Vanden Borre et al. (2011) führen weitere Einsatzgebiete vertieft aus.

Limitiert wird der Einsatz von Fernerkundungsverfahren dadurch, dass die (optische) Sensorik nur die oberste Bestandesschicht erfasst und nur in sehr begrenztem Umfang Rückschlüsse auf den Unterwuchs zulässt. Des Weiteren ist die Übertragbarkeit der ermittelten Zusammenhänge auf andere Gebiete – wie bei statistischen Modellen üblich – nur in begrenztem Umfang gewährleistet, so dass für jedes weitere Kartiergebiet neu kalibriert werden muss. Diese fundamentalen Limitationen werden dadurch verstärkt, dass nur wenige Kartierschlüssel im Hinblick auf den Einsatz von Fernerkundungsverfahren entwickelt wurden. Der Versuch, die existierenden Schlüssel ohne Anpassung auf alternative Kartiermethoden anzuwenden ist daher wenig aussichtsreich. Stattdessen werden für einen sinnvollen und erfolgversprechenden Einsatz von Fernerkundungsverfahren im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings interdisziplinär ausgebildete Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter benötigt, die sowohl mit der zu erfassenden Vegetation, als auch mit den technischen Verfahren vertraut sind.

Literaturverzeichnis

Corbane, C., Lang, S., Förster, M. et al. (2015): Remote sensing for mapping natural habitats and their conservation status − New opportunities and challenges. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 37: 7-16.

Feilhauer, H., Faude, U., Schmidtlein, S. (2011): Combining Isomap ordination and imaging spectroscopy to map continuous floristic gradients in a heterogeneous landscape. Remote Sensing of Environment 115: 2513-2524.

Feilhauer, H., Dahlke, C., Stenzel, S. et al. (2014): Mapping the local variability of Natura 2000 habitats with remote sensing. Applied Vegetation Science 17: 765-779.

Feilhauer, H., Somers, B., van der Linden, S. (2017): Optical trait indicators for remote sensing of plant species composition: predictive power and seasonal variability. Ecological Indicators 73: 825-833.

Feilhauer, H., Schmid, T., Cirujano, S. et al. (2018): Are remotely-sensed traits suitable for ecological analysis? A case study of long-term drought effects on Leaf Mass per Area of wetland vegetation. Ecological Indicators 88: 232-240.

Harris, A., Charnock, R., Lucas, R. (2015): Hyperspectral remote sensing of peatland floristic gradients. Remote Sensing of Environment 162: 99-111.

Nezadal, W., Roder, A. (1994): Die Vegetation der Brucker Lache. Mitteilungen der Fränkischen Geographischen Gesellschaft 41: 241-261.

Neumann, C., Weiss, G., Brell, M. et al. (2015): Gradient-based assessment of habitat quality for spectral ecosystem monitoring. Remote Sensing 7: 2871-2898.

Pereira, H., Ferrier, S., Wegmann, M. et al. (2013): Essential Biodiversity Variables, a global system of harmonized observation is needed to inform scientist and policy-makers. Science 339: 277-278.

Sanchez-Hernandez, C., Boyd, D., Foody, G. (2007). Mapping specific habitats from remotely sensed imagery: Support vector machine and support vector data description based classification of coastal saltmarsh habitats. Ecological Informatics 2: 83-88.

Schmidt, J., Fassnacht, F., Schmidtlein, S. et al. (2017): Adapting a Natura 2000 fieldguide for a remote sensing based assessment of heathland conservation status. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 60: 61-71.

Schmidtlein, S., Faude, U., Stenzel, S., Feilhauer, H. (2014): Remote sensing of vegetation for nature conservation. In: Manakos, I., Braun, M. (Eds.): Land use and land cover mapping in Europe. Practices and trends. Dord-recht (Springer): 203-216.

Schmidtlein, S., Sassin, J. (2004): Mapping continuous floristic gradients in grasslands using hyperspectral imagery. Remote Sensing of Environment 92: 126-138.

Schmidtlein, S., Zimmermann, P., Schüpferling, R., Weiß, C: (2007). Mapping the floristic continuum: Ordination space position estimated from imaging spectroscopy. Journal of Vegetation Science 18: 131-140.

Skidmore, A., Pettorelli, N., Coops, N., Mücher, C. et al. (2015): Environmental science: Agree on biodiversity metrics to track from space. Nature 523: 403-405.

Skowronek, S., Asner, G., Feilhauer, H. (2017a): Performance of one-class classifiers for invasive species mapping using airborne imaging spectroscopy. Ecological Informatics 37: 66-76.

Skowronek, S., Ewald, M., Feilhauer, H. et al. (2017b): Mapping an invasive bryophyte species using hyperspectral remote sensing data. Biological Invasions 19: 239-254.

Skowronek, S., Stenzel, S., Feilhauer, H. (2018a): Invasive Arten aus der Vogelperspektive – wie kann Fernerkundung zur Erfassung invasiver Pflanzen in Deutschland beitragen? Natur und Landschaft 93 (9/10): 434-438.

Skowronek, S., Van De Kerchove, R., Feilhauer, H. et al. (2018b): Transferability of species distribution models for the detection of an invasive alien bryophyte using imaging spectroscopy data. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 68: 61-72.

Stenzel, S., Feilhauer, H., Schmidtlein, S. et al. (2014): Remote sensing of scattered Natura 2000 habitats using a one-class classifier. International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation 33: 211-217.

Tucker, C. (1979): Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. Remote Sensing of Environment 8: 127-150.

Vanden Borre, J., Paelinckx, D., Schmidt, A. et al. (2011): Integrating remote sensing in Natura 2000 habitat monitoring: prospects on the way forward. Journal for Nature Conservation 19: 116-125.

Vanden Borre, J., Spanhove, T., Haest, B. (2017): Towards a Mature Age of Remote Sensing for Natura 2000 Habitat Conservation: Poor Method Transferability as a Prime Obstacle. In: Díaz-Delgado, R. et al. (Eds.): The Roles of Remote Sensing in Nature Conservation. New York (Springer): 11-37.

Adressen des Autors und der Autorin:

Hannes Feilhauer*
Universität Leipzig
Remote Sensing Center for Earth System Research
Talstr. 35, 04103 Leipzig
E-Mail: *hannes.feilhauer@uni-leipzig.de

Ulrike Faude
Andreas-Paulus-Str. 57, 91080 Spardorf

Internet der Fledermäuse – vernetze Ultraschallrekorder zur Erfassung der Fledermausaktivität

Martin Koch, Peter Fischer, Lukas Schauer und Simon Käfer

Zusammenfassung

Die Vernetzung von Ultraschallsensoren mit einem Server über das Internet, in Kombination mit einer automatisierten Datenanalyse, Archivierung und visuellen Aufbereitung bietet die Möglichkeit, ein standardisiertes, effizientes Monitoring-System für Fledermäuse aufzubauen. Durch den weiträumigen und langfristigen Einsatz eines Sensor-Netzwerks können Veränderungen der Fledermausaktivität über Raum und Zeit registriert werden. Wir stellen hier ein lokal eingesetztes, skalierbares System mit dedizierten Softwarekomponenten vor und diskutieren Vorteile gegenüber bisherigen Erfassungspraktiken, sowie die aktuellen Grenzen der automatisierten Klassifizierung. In Kombination mit weiteren, automatisiert erfassten Umweltdaten lassen sich wertvolle Erkenntnisse zum Verhalten von Fledermäusen und der Reaktion von Fledermauspopulationen auf Gefährdungsursachen sowie Schutzmaßnahmen messen und die gewonnenen Daten interpretieren.

Abstract

Connecting Ultrasonic-sensors with a server via the Internet in combination with automated data analyses, storage and visualisation provides a standardized, efficient Monitoring-System for bats. A continuous, wide-ranging deployment of a Internet-of-Things-based System gives opportunities to track changes in bat activity over time and space. We demonstrate a local deployed, but extendible system with dedicated software components and discuss advantages over common approaches of bat monitoring as well as limitations of auto-classifications. In combination with additional environmental data, valuable information and insights in bat behaviour and population responses to threats and conservation measurements can be observed and explained.

1 Einleitung

Den Zustand von Fledermauspopulationen zu erfassen ist keine leichte Aufgabe. Fledermäuse leben häufig gut versteckt und agieren jenseits der menschlichen Wahrnehmungsgrenzen. Obwohl diverse Fledermausarten mitunter sehr nah am Menschen leben und z.B. Quartiere an oder in Gebäuden beziehen oder sich urbane Räume mit dem Menschen teilen, bedarf es einiger Ausdauer und Aufwand, um Informationen über das Vorkommen dieser Artengruppe zu sammeln.

Über die gesetzlichen Verpflichtungen hinaus (Fauna Flora Habitat-Richtlinie (FFH)) gibt es viele Gründe, den Zustand von Fledermauspopulationen regelmäßig zu erfassen. Die Artengruppe der Fledermäuse besitzt Eigenschaften, die sie zu guten Indikatoren für die ökologische Leistungsfähigkeit der Landschaft machen. Fledermäuse reagieren unmittelbar auf den Verlust von Nahrungshabitaten, der durch fortschreitende Urbanisierung oder Fragmentierung der Landschaft, durch Rodung strukturgebender Landschaftselemente wie Hecken und Feldgehölze entsteht (Frey-Ehrenbold et al. 2013). Auch die Intensivierung der Beleuchtung ehemals dunkler Landschaftsteile kann zur Verschlechterung eines geeigneten Fledermaushabitats führen (Stone et al. 2009). Die in Mitteleuropa vorkommenden Fledermausarten sind ausnahmslos insektivor. Als Taxa auf einer hohen trophischen Ebene zeigen Fledermäuse Veränderungen im Beutetierangebot an. Insbesondere vor dem Hintergrund der aktuell diskutieren Abnahme der Insektenabundanz (Hallmann et al. 2017, Stuart et al. 2010) ist den Fledermäusen ein hoher Indikatorwert zuzuschreiben. Fleder-

mäuse sind als einzige aktiv fliegende Säugetiere ein bedeutender Bestandteil der allgemeinen Biodiversität. Der fortschreitende Ausbau der Windenergie-Nutzung trifft insbesondere wandernde Fledermausarten, wie die Rauhautfledermaus (*Pipistrellus nathusii*) oder auch den Abendsegler (*Nyctalus noctula*). Nach Ansicht von Experten und Expertinnen stellt die Windenergie-Nutzung einen bedeutenden Mortalitätsfaktor für diese und auch weitere Arten dar (O'Shea et al. 2016). Veränderungen des Klimas in Europa könnten ebenfalls einen negativen Einfluss auf Fledermauspopulationen haben (Rebelo et al. 2010, Sherwin et al. 2013), da z.B. amphibische Insekten als Beutetiere durch Dürren ausbleiben.

Die vorhandene Fülle der potentiell negativen Einflüsse auf den Erhaltungszustand der Fledermauspopulationen unterstreicht den Bedarf eines kontinuierlichen Monitorings der Fledermausvorkommen mit hinreichend belastbaren Daten. Dabei ist zu berücksichtigen, dass nicht alle Fledermausarten mit derselben Methode gleich gut zu erfassen sind (Battersby 2010). Es gibt Arten, die im Sommer traditionell dasselbe Wochenstubenquartier nutzen, wie z.B. das Mausohr (*Myotis myotis*) und die Hufeisennasen (*Rinolophus spec*.). Diese Arten können dort direkt gezählt werden. Andere Arten nutzen nicht einsehbare Quartiere oder wechseln diese häufig, so dass eine direkte Zählung meist mit einer vorherigen Quartiersuche einhergehen muss, wie z.B. bei der Bechsteinfledermaus. Dabei teilt sich die Fledermauskolonie mitunter auf und nutzt mehrere Quartiere parallel (Fission-Fusion-Dynamik, Kerth, Konig 1999), so dass alle Quartiere einer Kolonie bekannt sein und die Fledermäuse dort synchron gezählt werden müssen. Dann kann allerdings recht präzise die Populationsgröße geschätzt werden.

2 Einsatz der Bioakustik

Eine indirekte Nachweismethode für Fledermäuse ist die bioakustische Erfassung der Lautäußerungen mit Hilfe von Ultraschall-Detektoren. Alle mitteuropäischen Fledermausarten nutzen Echoortung, um sich im Raum zu orientieren und rufen daher während des Fluges (Jones, Holderied 2007). Die Bioakustik der Fledermäuse ist ein breites Forschungsfeld, in dem in den vergangenen vier Jahrzehnten große Fortschritte gemacht wurden (Grinnell et al. 2016). Die technische Weiterentwicklung der Ultraschall-Detektoren hat dabei immer wieder neue Forschungsfelder erschlossen.

Die Bioakustik der Fledermäuse findet in Deutschland insbesondere in der Eingriffsregelung, international aber auch beim Populations-Monitoring Anwendung (z.B. Barlow et al. 2015; Battersby 2010). Die Methode lässt sich generell in mobile (Transekte) und stationäre Erfassung (Punkterfassung) unterteilen. Die Aufnahme von Fledermäusen kann sowohl manuell (aktiv) als auch automatisiert (passiv) erfolgen (Kunz, Parsons 2009). Erfasst wird jeweils die Anwesenheit einer Fledermaus an einem bestimmten Punkt zu einer bestimmten Zeit. Über arttypische Rufcharakteristika lässt sich häufig die Fledermausart bestimmen. Allerdings können die Tiere ihre Ortungsrufe der gegebenen Situation (Wald, Waldrand, Offenland etc.) und der aktuellen Intention (Jagd, Transferflug, Balz etc.) anpassen (Barclay 1999, Obrist 1995, Obrist, Boesch, Flückiger 2004). Arttypische Charakteristika der Lautäußerungen können dann intraspezifisch variieren und sich interspezifisch überschneiden (Frick 2013, Russo et al. 2017). Daher ist es nicht immer möglich eine Art anhand ihrer Rufe mit zufriedenstellender Sicherheit zu bestimmen. Bei manchen Arten ist die interspezifische Überschneidung der Rufcharakteristika regelmäßig so weitreichend, dass eine sichere Ansprache der Art meist nicht möglich ist.

Bei der manuellen Erfassung (Abb. 1-A) lassen sich neben den Echoortungsrufen ggf. weitere Informationen zur Artbestimmung heranziehen. Beobachtung des Flugverhaltens, der Flughöhe und der Größe des Tieres können die Bestimmungssicherheit ggf. erhöhen (Lim-

pens 2004). Die Fledermauserfassung kann nur von erfahrenen Personen mit Fledermausdetektoren auf aktuellem technischen Stand durchgeführt werden (Ahlén, Baagoe 1999). Dennoch kann es bei verschiedenen Bearbeitern und Bearbeiterinnen durch unterschiedliche Reaktionszeiten und Aufmerksamkeitsspannen zu unterschiedlichen Ergebnissen kommen, wodurch eine Standardisierung dieser Methode nur einschränkt möglich ist. Zuzüglich zu der Felderfassung kommt noch der Aufwand der Nachbearbeitung durch manuelle Verifizierung der Artbestimmung anhand von im Feld gemachten Aufnahmen hinzu. Im Naturschutz – insbesondere in der ehrenamtlichen Arbeit – sind die finanziellen und zeitlichen Ressourcen häufig begrenzt, so dass sich ein kontinuierliches, großräumiges Monitoring mit manueller bioakustischer Erfassung der Fledermäuse in Deutschland bisher nicht etablieren konnte.

Die automatisierte bioakustische Erfassung verlagert den Aufwand vom Feld auf die nachgelagerte Datenauswertung. Ein zeitlich gesteuerter Echtzeit-Voll-Spektrum Ultraschall-Rekorder macht im Feld Aufnahmen, sobald akustische Signale registriert werden, die eine Fledermaus als Ursprung vermuten lassen. In diesem Prozessabschnitt gibt es bereits verschiedene Parameter (Hardwareauswahl, Software-Einstellungen), welche die Detektion einer Fledermaus beeinflussen (Adams et al. 2012). Zur Unterstützung der Auswertung großer Datenmengen sind kommerzielle und nicht-kommerzielle Software-Angebote verfügbar, die Klassifizierungs-Algorithmen anwenden, um die aufgenommenen Rufe auf Übereinstimmung mit hinterlegten Referenzen für einzelne Klassen (Artengruppen, Arten) zu testen. Ob eine Fledermausart in der Aufnahme in einem automatisierten Analyseprozess zuverlässig bestimmbar ist, hängt von der Qualität der Aufnahme ab. Werden die Schwellenwerte zum Auslösen einer Aufnahme zu niedrig eingestellt, werden Dateien bereits dann angelegt, wenn das Signal nur wenig über dem Grundrauschen liegt. Ist dieses Signal-Rausch-Verhältnis in einer Aufnahme ungünstig, ist es für die Algorithmen schwierig, die einzelnen Rufe in einer Aufnahme korrekt abzugrenzen. Bei nicht korrekt abgegrenzten Pulsen werden auch die Rufcharakteristika nicht korrekt berechnet und in der Klassifizierung sind Übereinstimmungen mit den Referenzklassen nur gering oder gar Trugschlüsse. Die Qualität der im Feld gemachten Aufnahmen sollte also der Qualität der Referenz-Rufe entsprechen (Stathopoulos et al. 2017). Der gesamte Prozess der automatisierten Fledermauserfassung hat diverse Einflussfaktoren, die eine Vergleichbarkeit zweier Erfassungen mit unterschiedlichen Detektoren oder Software-Einstellungen einschränken. Ein System, bei dem alle Komponenten aufeinander abgestimmt sind lässt allerdings einen hohen Grad an Standardisierung zu. Der Aufwand der Datenerfassung reduziert sich gegenüber einem manuellen System erheblich. Mit dem hier vorgestellten Internet der Fledermäuse (Abb. 1-B) könnte ein hochgradig standardisiertes, voll automatisiertes Netzwerk zur Erfassung der Fledermäuse aufgebaut werden.

3 Konzept des Internet der Fledermäuse

Das Prinzip des IoT – des Internet of Things – wird seit bald 20 Jahren in Industrie und Wissenschaft angewandt und permanent weiterentwickelt. Grundlegendes Konzept in der Anwendung von IoT-Systemen ist, dass Computer über das Internet miteinander kommunizieren (Gubbi et al. 2013). Diese Computer können Sensoren sein, z.B. zur Erfassung von Temperatur, Luftfeuchtigkeit, Stickoxid-Konzentration, Ultraschall etc. Die Sensoren werden mit Komponenten zur Zwischenspeicherung, ggf. Datenanalyse und zur digitalen Kommunikation (LAN, WiFi, UMTS) kombiniert. Die erbrachten Daten werden direkt oder vorausgewertet an einen zentralen Datenspeicher (Server) übermittelt und dort in weiteren Schritten prozessiert. Die Sensoren sind so eingerichtet, dass sie vollkommen automatisiert funktionieren. Eine permanente Stromversorgung (Hausstrom oder Solarpanel mit Batterie)

muss sichergestellt sein. Die Kommunikation zwischen Sensor und Server erfolgt ebenfalls automatisiert, entweder nach Aufforderung von einem Server oder spontan vom Sensor aus. Der Betreuungsaufwand der Sensoren im Feld bleibt auf die Fehlerbehebung beschränkt. Die Daten-Organisation auf dem Server muss die Integrität der Daten über die gesamte Prozesskette gewährleisten. Die einzelnen Datensätze müssen jederzeit einem Sensor (Ort) und einem Zeitpunkt zugeordnet werden können. Prozessschritte, Zwischenergebnisse und ggf. Fehlermeldungen müssen protokolliert werden, um Abläufe und Funktionen überwachen und bei Bedarf optimieren zu können. Je nach zeitlicher Auflösung der Datenerhebung sowie der Anzahl der Sensoren, die in ein Netzwerk eingebunden sind, ist die anfallende Datenmenge bzw. Informationsmenge sehr groß und kann nicht mehr manuell überwacht werden. Um die Informationen, die in den Daten stecken, erfassbar zumachen, gehört zu einem vollständigen Post-Processing auch die Aufbereitung der Informationen in Grafiken oder überschaubare Tabellen und Karten.

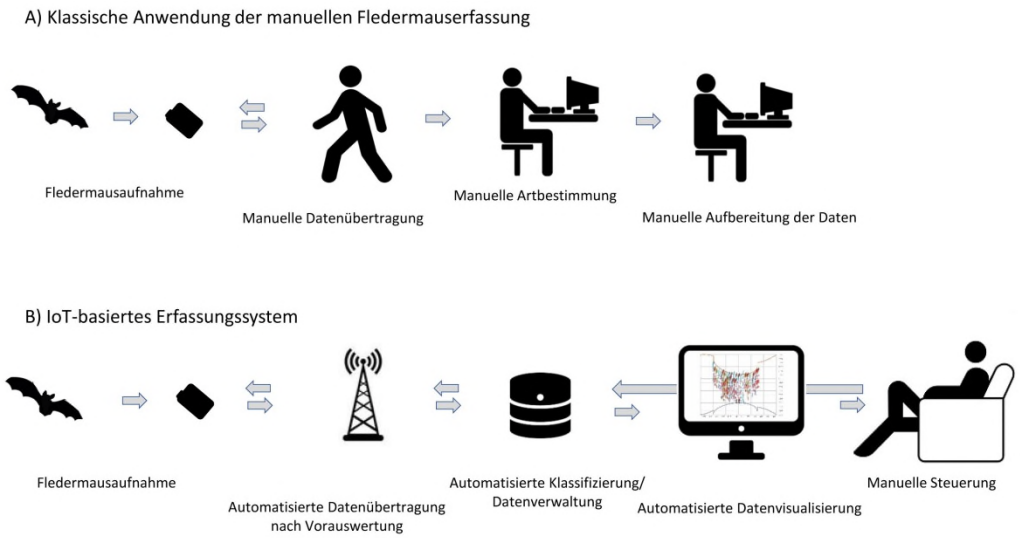


Abb. 2: Schematische Darstellung der klassischen Anwendung von passiver Fledermauserfassung und einem IoT-basierten Erfassungsnetzwerk.

4 Aufbau des Sensor-Netzwerkes zur Erfassung von Fledermäusen

Schon seit einiger Zeit gibt es IoT-Netzwerke zur Erfassung von Wildtieren (Xiaohan Liu et al. 2015). Ein Netzwerk zur automatisierten Erfassung von Fledermausaktivität gibt es ebenfalls bereits, bspw. in London (siehe naturesmartcities.com).

Das in diesem Artikel beschriebene IoT-Netzwerk zur Erfassung der Fledermäuse besteht im Wesentlichen aus vier dedizierten Komponenten: Dem Recorder, dem Analyser, dem Classifier und einem Webportal. Diese grundlegenden Systemkomponenten werden mit einander verknüpft (z.B. Upload-Service) und können mit weiteren Informationen kombiniert werden (z.B. Wetterdaten). Im Feld befindet sich ein Detektor (Sensor), der zunächst mit der Software Recorder Aufnahmen von Fledermäusen erstellt. Die Aufnahmen werden im Feld durch das Programm Analyser ausgewertet. Hierbei werden aus den Originaldateien nur die Informationen selektiert, die für den weiteren Prozess benötigt werden. Der Datenumfang wird dabei um den Faktor 5.000 (500MB -> 100kB) reduziert. Kompakte Datenmengen sind mobil und können in kurzer Zeit über ein Netzwerk durch den Upload-Service verschickt werden (LAN, WiFi oder UMTS). Nach Eingang der Daten auf einem Server werden die Informationen aus der Datei ausgelesen und in eine Datenbank übertragen. Zu den Daten werden auch Metadaten wie Sensor-ID und Zeitpunkt der Aufnahme sowie Temperatur und Luftfeuchtigkeit am Sensorstandort übermittelt. Die Klassifizierung der Da-

ten in Fledermausarten und -artengruppen wird durch das Programm Classifier auf dem Server durchgeführt. Dabei werden die benötigten Informationen einer Aufnahme aus der Datenbank ausgelesen, berechnet und letztendlich das Klassifizierungsergebnis wieder in die Datenbank zurückgeschrieben. Zu jedem Aufnahmeort werden zudem Wetterdaten des Deutschen Wetterdienstes (DWD) gespeichert. Damit sind die Auswertungsergebnisse sowie hilfreiche Daten zur Interpretation der Ergebnisse zur Abfrage über ein Webportal in der Datenbank vorgehalten. Es können verschiedene Abfragen (Zeiträume und Ortkombinationen) formuliert werden. Die Ergebnisse werden in Tabellenform und Graphen dargestellt. Abbildung 2 zeigt eine vereinfachte Übersicht der im Folgenden beschriebenen Komponenten des Internet der Fledermäuse.

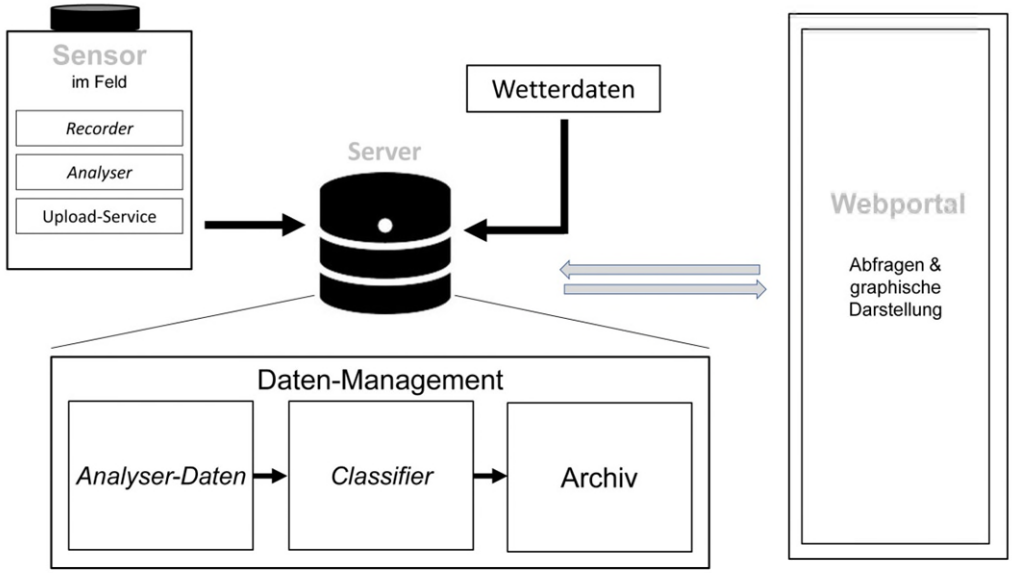


Abb. 2: Schematische Übersicht der Komponenten des Internet der Fledermäuse.

4.1 Software-Entwicklung

Die wesentlichen Komponenten des Internet der Fledermäuse sind nicht grundlegend neu. Die hier eingesetzten Funktionen gibt es auch in etablierten Systemen zur Erfassung und Klassifizierung von Fledermauslauten. Neu ist, den Prozessablauf von der Erfassung über die Auswertung bis hin zur Aufbereitung vollständig zu automatisieren. Dazu wurde Software entwickelt, die auf die Performanz der Hardware-Komponenten abgestimmt ist und den Einsatzzweck der völligen Automatisierung erfüllt. Die hier dargestellte Vorgehensweise stellt den derzeitigen Entwicklungsstand dar. Mit fortschreitendem Feldeinsatz und der Integration zukünftiger Forschungserkenntnisse lässt sich das System ausbauen und verbessern.

4.2 Funktionsweise des Analyser

Das Programm Analyser führt die Lautanalyse der Audiodateien durch und verdichtet die Fledermausrufe in den aufgenommenen Rufsequenzen auf eine Reihe von Kenngrößen. Die Kenngrößen repräsentieren die wichtigsten Rufcharakteristika des zeitaufgelösten Spektrums eines Rufs, wie Frequenzminimum und -maximum, Ruflänge und Frequenzabfall pro Zeiteinheit. Die Kenngrößen FC (charakteristische Frequenz), FMin (Frequenz-Minimum), FMax (Frequenz-Maximum) sowie weitere Kenngrößen und deren Definition wurden aus Walters et al. 2012 übernommen. Letztendlich gibt der Analyser die Kenngrößen je Ruf als Datensatz in einer Protokoll-Datei aus.

4.3 Funktionsweise des Classifier

Der Classifier ist in der derzeitigen Version ein Python-Skript (van Rossum 1995), welches sich auf einem Webserver befindet. Das Programm liest die Kenngrößen-Datensätze aus einer PostgreSQL-Datenbank aus und berechnet diese. Ein erster Prozessschritt bei der Klassifizierung der Audio-Signale ist die Unterscheidung Fledermausruf und Störgeräusch. Die Rufe der in Deutschland vorkommenden Fledermausarten haben ihr Intensitätsmaximum oberhalb von 15 kHz. Bei Regengeräuschen, anderen Tierstimmen (z.B. Vögel, Heuschrecken) und auch Windgeräuschen liegt das Intensitätsmaximum i.d.R. unterhalb von 15kHz. Dieses Kriterium wird für eine erste Filterstufe genutzt, um unerwünschte Geräusche auszusieben. Geräusche, deren Intensitätsmaximum unterhalb 15 kHz liegen, werden im Output nicht protokolliert; der Puls wird quasi übersprungen.

Die Klassifizierung erfolgt anschließend in aufeinander folgenden Schritten:

1. Rufklassifizierung nach Artengruppen

Das Prinzip der Klassifizierung sei hier anhand des ersten Schrittes etwas genauer erläutert. Für jeden Puls wird eine erste grobe Einteilung nach den Rufgruppen *Pipistrellen, Nyctaloiden, Myotis/Plecotus-Arten* und *Rhinolophus*-Arten vorgenommen. Der Classifier vergleicht dazu zwei aus einem Puls ermittelte Kenngrößen, die charakteristische Frequenz FC und die Steigung der zweiten Pulshälfte FCtrEndS, mit den Wahrscheinlichkeitsprofilen dieser Kenngrößen für die jeweiligen Artgruppen. Die Kenngröße FC, vereinfacht gesagt ein Maß für die Höhe der Ruffrequenz, eignet sich gut, die niederfrequent rufenden Arten (*Nyctaloiden*) von den höherfrequent rufenden (*Pipistrellen*, *Myotis/Plecotus*-Arten) und den höchstfrequent rufenden Arten (*Rhinolophus*) zu unterscheiden. Die Kenngröße FCtrEndS, ein Maß für die Steilheit des Frequenzabfalls, ermöglicht die Unterscheidung von *Myotis/Plecotus*-Arten von den *Pipistrellen*.

Das Wahrscheinlichkeitsprofil ist ein aus eigenen Aufnahmen und Literaturangaben (z.B. Baratoud et al. 2016, Dietz, Helversen, Nill 2007, Russ 2012, Skiba 2009) ermittelter diskreter, funktioneller Zusammenhang. Setzt man beispielsweise Artengruppe = „*Pipistrellen*“ und Kenngröße = „FC“, dann drückt das Wahrscheinlichkeitsprofil folgendes aus: Wie groß ist die relative Wahrscheinlichkeit, dass bei Auswertung eines Rufes im statistischen Mittel für die Rufgruppe *Pipistrellen* eine charakteristische Frequenz (FC) im Intervall [f1;f2] gefunden wird? (f2 - f1) ist dabei die Schrittweite der Vergleichswerte auf der Frequenzskala.

Abbildung 3 zeigt die aktuell als Referenz genutzten Wahrscheinlichkeitsprofile p (Kenngröße = FC, Artgruppe) für alle vier Artgruppen.

Mit wachsendem Umfang der Referenz-Bibliothek an klassifizierten Rufdateien werden die noch recht rohen Profile sukzessive optimiert, die Klassifizierung wird also trainiert.

2. Rufklassifizierung nach Artvarianten

Aufbauend auf der Einteilung nach Artengruppen wird eine Feinbestimmung in „Artvarianten“ durch Vergleich von sieben Kenngrößen mit Referenzdaten durchgeführt (vgl. Walters et al. 2012). „Artvarianten“ ermöglichen es, verschiedene Ruftypen ein und derselben Art separat zu behandeln (z.B. „Plip“-Ruf und „Plop“-Ruf eines Abendseglers).

3. Rückverdichtung der „Artvarianten“ auf sicher abgrenzbare Arten

Manche Arten lassen sich aufgrund interspezifischer Überschneidungen der Rufcharakteristika kaum automatisiert unterscheiden, beispielsweise wird man immer wieder Verwechselungen innerhalb der *Nyctaloiden* finden. In einem letzten Schritt der Rufklassifizierung werden deshalb die zu den „Artvarianten“ ermittelten relativen Wahrscheinlichkeiten auf

einen Satz sicher abgrenzbarer Arten verdichtet. Der derzeitige Trainings-Stand des Classifiers unterscheidet mit zufriedenstellender Sicherheit die in Deutschland vorkommenden *Pipistrellus*-Arten (Einschränkung: *P. nathusii, P. kuhlii*, s.u.), das Mausohr (*Myotis myotis*), die in Deutschland vorkommenden Hufeisennasen sowie – bei typischen Rufen – den Abendsegler (*Nyctalus noctula*). Die weiteren Myotis-Arten (inkl. *Plecotus*) werden in die Rufgruppe *Myotis*, die Arten *Eptesicus spc., Vepertillio murinus* und *Nyctalus leisleri* in die Rufgruppe *Nyctaloid* zusammengefasst.

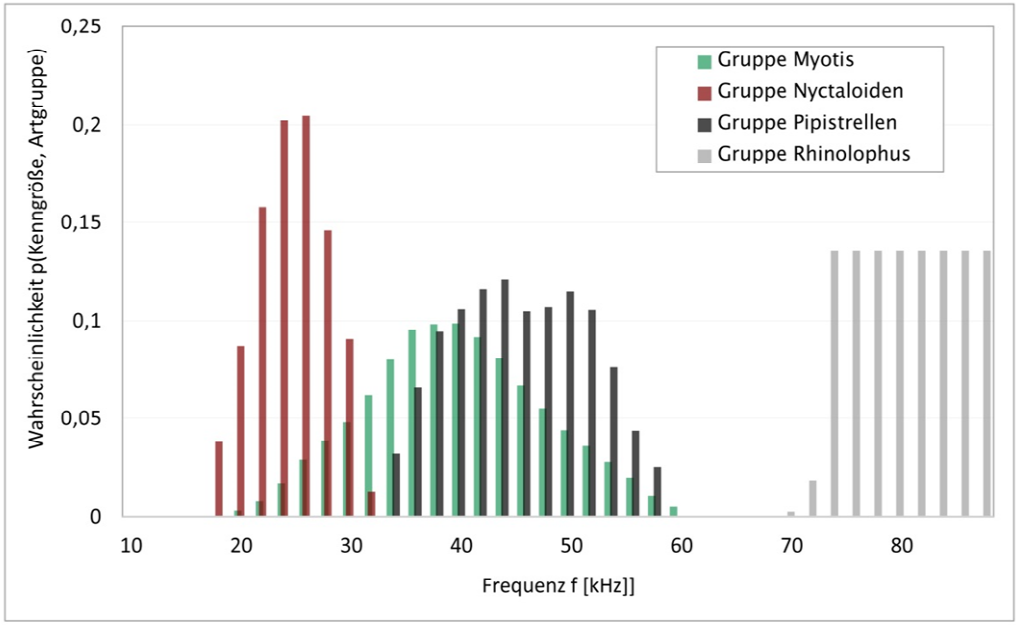


Abb. 3: Wahrscheinlichkeitsprofil zur Kenngröße FC für vier Artengruppen.

4. Sequenz-Klassifizierung

Letztlich bietet die Artbestimmung je Rufsequenz (Aufnahme) eine Steigerung der Klassifizierungssicherheit gegenüber der Einzelruf-Klassifizierung. Es ist bei der Auswertung zu unterscheiden, ob abweichende Klassifizierungsergebnisse für einzelne Rufe einer Sequenz auf schlechte Aufnahmen, Auswertungsfehler, Doppler-Effekt etc. zurückzuführen sind oder ob in der fraglichen Sequenz tatsächlich mehr als eine Art gerufen hat. Als wirksam hat sich eine Betrachtung der Nachbarschaftsbeziehungen der Einzelrufe erwiesen. Wenn mindestens drei zeitlich aufeinander folgende Rufe derselben Art zugeordnet wurden, dann ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass die Art korrekt bestimmt wurde.

Das Ergebnis der Einzelruf- und der Rufsequenz-Klassifizierung wird nach Abschluss der Klassifizierung in die Datenbank als Datensatz (Ruf- bzw. Sequenz-ID, Art/Rufgruppe als Ergebnis + relative Wahrscheinlichkeit der richtigen Bestimmung) zurückgeschrieben. In der aktuellen Version des Rekorders werden die Originalaufnahmen gespeichert und stehen somit einer späteren Verifizierung der Klassifizierungsergebnisse sowie zum Training des Classifier zu Verfügung. Der lernende Klassifizierungsalgorithmus lässt sich auch rückwirkend auf die Analyser-Daten anwenden, so dass mit einer fortschreitenden Verbesserung der Klassifizierung Datenreihen neu ausgewertet werden und ggf. rückwirkend korrigiert werden können.

4.4 Umsetzung des Internet der Fledermäuse

Zur Einrichtung eines dauerhaften, stationären Netzwerks zur Erfassung der Fledermäuse

müssen verschiedene Faktoren beachtet werden, welche die Nutzbarkeit des Systems beeinflussen. Das System zielt auf akustisch gut abgrenzbare Arten ab. Es sollten also Aufnahmestandorte ausgewählt werden, an denen mit einem Auftreten dieser Arten zu rechnen ist. Des Weiteren muss eine sichere Stromversorgung (Hausleitung oder Solarpanel mit Batterie) gegeben sein. Zudem muss der Zugang zu einem Netzwerk mit Anschluss an das Internet vorhanden sein, damit die Kommunikation zwischen Sensor und Server gewährleistet ist. Es kann entweder ein offenes oder privates W-LAN genutzt werden oder eine Erreichbarkeit des Mobilfunknetzwerks gegeben sein. Es müssen keine hohen Verbindungsgeschwindigkeiten erreicht werden, da die Daten durch die hohe Informationsverdichtung (ca. 100kB täglich) sehr mobil sind und in kürzester Zeit übermittelt werden können.

Neben den technischen Voraussetzungen ist die richtige Auswahl des Standortes im Hinblick auf die zu erwartende Fledermausaktivität wichtig. Da Fledermäuse ihre Rufe der Situation anpassen, führt die Platzierung des Mikrofons an Stellen, an denen die Fledermäuse regelmäßig von ihrem typischen Rufverhalten abweichen zu einer Verschlechterung der Klassifizierungsergebnisse und einer höheren Rate an Fehlbestimmungen. Engpässe (z.B. unter Brücken) oder eine Platzierung des Mikrofons nah an dichter Vegetation kann zu Echos führen oder die Fledermaus dazu zu veranlassen, ihren Ruf derart zu verändern, dass arttypische Charakteristika nicht mehr auftreten. Die Wahl eines Standortes nah an einem Quartier oder mitten in einem Jagdgebiet führen mitunter zu einer hohen Rate von Sozialrufen oder Beute-Fang-Rufen (Feeding-Buzz), die wiederum sehr variabel sein können und durch die Referenzdateien derzeit nicht abgedeckt werden. Ein Garten- oder Waldrandstandort etwas abseits eines Gewässers bietet in der Regel gute Voraussetzungen. Stellt sich nach einiger Laufzeit allerdings heraus, dass die Klassifizierungsergebnisse unbefriedigend sind, muss ggf. ein alternativer Standort ausgewählt und getestet werden. Wird aber ein geeigneter Standort gefunden, der im Laufe der Zeit unverändert bleibt, dann werden hochgradig standardisierte Datenreihen gebildet.

5 Datenauswertung und Ausblick

Die erfassten Fledermausdaten lassen verschiedene Interpretationsmöglichkeiten zu. Es lässt sich z.B. die allgemeine Fledermausaktivität an einem Standort beschreiben und damit die Habitatqualität für Fledermäuse von Jahr zu Jahr bewerten. Der Zugfortschritt wandernder Fledermausarten kann ebenso erfasst werden. Wie dargestellt, kann für gut abgrenzbare Arten die Aktivität auf Artniveau aufgelöst werden. Die Aktivitätsentwicklung innerhalb eines Jahres bzw. von Jahr zu Jahr kann somit auch für Einzelarten verglichen werden. So können bspw. Veränderungen detektiert werden, wenn Fledermäuse früher im Frühjahr bzw. länger in den Winter hinein aktiv sind.

Bei der Interpretation der Daten im Sinne eines Populations-Monitorings ist zu bedenken, dass die erfasste Aktivität keinen direkten Rückschluss auf die Anzahl der Individuen erlaubt. In jüngerer Zeit wurden allerdings verschiedene Modelle entwickelt, welche dieses Problem überwinden (Lucas et al. 2015, Marques et al. 2013) und Populationstrends anhand akustischer Daten ableiten können. Grundlage für die Modellierungen ist eine standardisierte Erfassung der Fledermäuse in Raum und Zeit.

Durch die Installation eines Sensor-Netzwerks wie dem hier vorgestellten Internet der Fledermäuse könnte die Erfassung der Fledermausaktivität als Teil eines allgemeinen Biodiversitätsmonitorings realisiert werden. Durch die vollständige Automatisierung der Datenerhebung und -analyse sind die Kosten des langfristigen Betriebs verhältnismäßig gering und werden mit zunehmender Reife des Netzwerks noch weiter gesenkt werden können.

Literaturverzeichnis

Adams, A., Jantzen, M., Hamilton, R. et al. (2012): Do You Hear What I Hear? Implications of Detector Selection for Acoustic Monitoring of Bats. Methods in Ecology and Evolution 3 (6): 992-98.

Ahlén, I., Baagoe, H. (1999): Use of Ultrasound Detectors for Bat Studies in Europe: Experiences from Field Identification, Surveys, and Monitoring. Acta Chiropterologica 1 (2): 137-50.

Baratoud, M., Tupinier, Y., Limpens, H. et al. (2016): Acoustic Ecology of European Bats: Species Identification, Study of Their Habitats and Foraging Behavior. Journal of Mammalogy 97 (6): 1784-85.

Barclay, R. (1999): Bats Are Not Birds – a Cautionary Note on Using Echolocation Calls to Identify Bats: A Comment. Journal of Mammalogy 80 (1) : 290-96.

Barlow, K. et al. (2015): Citizen Science Reveals Trends in Bat Populations: The National Bat Monitoring Programme in Great Britain. Biological Conservation 182: 14-26.

Battersby, J. (2010): Guidelines for Survilliance and Monitoring of European Bats. EUROBATS, Publication Series No. 5. edited by C. Boye and T. Meyer-Cords. Bonn, Germnay (UNEP/EUROBATS Secretariat), 95 S.

Dietz, C., Helversen, O. von, Nill, D. (2007): Handbuch der Fledermäuse Europas. Stuttgart (Kosmos), 399 S.

Frey-Ehrenbold, A., Bontadina, F., Arlettaz, R, Obrist, M. (2013): Landscape Connectivity, Habitat Structure and Activity of Bat Guilds in Farmland-Dominated Matrices. Journal of Applied Ecology 50 (1): 252-61.

Frick, W. (2013): Acoustic Monitoring of Bats, Considerations of Options for Long-Term Monitoring. Therya 4 (1): 69-78.

Grinnell, A., Edwin Gould, D., Brock Fenton, M. (2016): A History of the Study of Echolocation. In: Bat Bioacoustics, edited by Fenton, M.B., Grinnell, A.D., Popper, A.N., Fay, R.R. New York, NY (Springer): 1-25.

Gubbi, J., Buyya, R., Marusic, S., Palaniswami, M. (2013): Internet of Things (IoT): A Vision. Architectural Elements and Future Directions. Future Generation Computer Systems 29 (7): 645-1660.

Hallmann, C. et al. (2017): More than 75 Percent Decline over 27 Years in Total Flying Insect Biomass in Protected Areas. E.G. Lamb (Ed.). PLOS ONE 12 (10): e0185809.

Jones, G., Holderied, M. (2007): Bat Echolocation Calls: Adaptation and Convergent Evolution. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 274 (1612): 905-12.

Kerth, G., Konig, B. (1999): Fission, Fusion and Nonrandom Associations in Female Bechstein's Bats (*Myotis Bechsteinii*). Behaviour 136 (9): 1187-1202.

Kunz, T., Parsons, S. (2009) (Eds.): Ecological and Behavioral Methods for the Study of Bats. 2nd Edition. Baltimore, Maryland (John Hopkins University Press), 920 S.

Limpens, H. (2004): Field Identification: Using Bat Detetctors to Identify Speceis. In: Brigham, R.M., Jones, G., Kalko, E.K.V., Parsons, S (Eds.).: Bat Echolocation Research: tools, techniques and analysis.. Austin, Texas (Bat Conservation International): 46-57.

Lucas, T., Moorcroft, E., Jones, K. et al. (2015): A Generalised Random Encounter Model for Estimating Animal Density with Remote Sensor Data. Methods in Ecology and Evolution 6: 500-509.

Marques, T. et al. (2013): Estimating Animal Population Density Using Passive Acoustics. Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society 88 (2): 287-309.

O'Shea, T., Cryan, P., Streicker, D. et al. (2016): Multiple Mortality Events in Bats: A Global Review. Mammal Review 46 (3): 175-90.

Obrist, M. (1995): Flexible Bat Echolocation: The Influence of Individual, Habitat and Conspecifics on Sonal Signal Design. Behavioral Ecology and Sociobiology 36 (3): 207-19.

Obrist, M., Boesch, R., Flückiger, P. (2004): Variability in Echolocation Call Design of 26 Swiss Bat Species: Consequences, Limits and Options for Automated Field Identification with a Synergetic Pattern Recognition Approach. Mammalia 68 (4): 307-322.

Rebelo, H., Tarroso, P., Jones, G. (2010): Predicted Impact of Climate Change on European Bats in Relation to Their Biogeographic Patterns. Global Change Biology 16 (2): 561-576.

Russ, J. (2012): British Bat Callls. A Guide to Species Identification. 1st ed. Exeter, United Kingdom (Pelagic Publishing), 192 S..

Russo, D., Ancillotto, L., Jones, G. (2017): Bats Are Still Not Birds in the Digital Era: Echolocation Call Variation and Why It Matters for Bat Species Identification. Canadian Journal of Zoology (September): cjz-2017-0089. URL: http://www.nrcresearchpress.com/doi/10.1139/cjz-2017-0089 (letzter Zugriff 15.03.2019).

Sherwin, H., Montgomery, W., Lundy, M. (2013): The Impact and Implications of Climate Change for Bats. Mammal Review 43 (3): 171-82.

Skiba, R. (2009): Europäische Fledermäuse. 2nd ed. Hohenwarsleben (Westarp Wissenschaften-Verlagsgesellschaft), 220 S.

Stathopoulos, V., Zamora-Gutierrez, V., Jones, K., Girolami, M. (2017): Bat Echolocation Call Identification for Biodiversity Monitoring: A Probabilistic Approach. Journal of the Royal Statistical Society. Series C: Applied Statistics 67 (1): 165-183.

Stone, E., Jones, G., Harris, S. (2009): Street Lighting Disturbs Commuting Bats. Current Biology 19 (13): 1123-27.

Stuart, S., Wilson, E., McNeely, J., Mittermeier, R., Rodríguez, E. (2010): The Barometer of Life. Science 328 (5975): 177.

van Rossum, G. (1995): Python Tutorial. Technical Report CS-R9526.

Walters, C. et al. (2012): A Continental-Scale Tool for Acoustic Identification of European Bats. Minderman. J. (Ed.). Journal of Applied Ecology 49 (5): 1064-74.

Xiaohan, L., Tao, Y., Baoping, Y. (2015): Internet of Things for Wildlife Monitoring: 62-66 In: 2015 IEEE/CIC International Conference on Communications in China – Workshops (CIC/ICCC). IEEE. URL: http://ieeexplore.ieee.org/document/7961581/ (letzter Zugriff 20.01.2019).

Adresse des Autors:

Martin Koch*
Rücksgasse 18, 53332 Bornheim
E-Mail: *kochma@uni-trier.de

Anwendung genetischer Methoden im Biodiversitätsmonitoring

Axel Hochkirch

Zusammenfassung

Obgleich die genetische Diversität eine wichtige Grundlage für die Anpassungsfähigkeit und damit Überlebensfähigkeit von Organismen ist und eine der drei in der Biodiversitätskonvention genannten Ebenen der biologischen Vielfalt darstellt, spielt die Genetik im praktischen Naturschutz immer noch eine untergeordnete Rolle. Lediglich in der naturschutzbiologischen Forschung hat das Feld der „Naturschutzgenetik“ eine zunehmende Bedeutung gewonnen. Im Kontext des Biodiversitätsmonitorings muss man prinzipiell bei den derzeit verbreiteten Methoden der Naturschutzgenetik solche, die für den Nachweis und die Identifikation von Arten verwendet werden (DNA-Barcoding, eDNA) unterscheiden von Methoden, die für die Bestimmung der genetischen Vielfalt und Strukturierung innerhalb und zwischen Populationen geeignet sind (Populationsgenetik). Während erstere Methoden Einzug in das Monitoring von FFH-Anhangsarten gehalten haben (z.B. Wolf, Wildkatze), ist das eigentliche Monitoring der genetischen Vielfalt nur mit Hilfe populationsgenetischer Methoden möglich. Um den zeitlichen Trend der genetischen Vielfalt in Deutschland zu überwachen, sollte eine Auswahl potentiell interessanter Arten getroffen werden (20-50 Arten), deren genetische Vielfalt über einen langen Zeitraum bundesweit untersucht wird. Hierbei sollten vor allem solche Arten im Mittelpunkt stehen, bei denen genetische Veränderungen zu erwarten sind. Als Kriterien für die Auswahl von Arten lassen sich geringe Ausbreitungsfähigkeit, Seltenheit, Fragmentierung der Populationen, Hybridisierung, anthropogene Verbreitung (invasive Arten, aber auch Wildblumensaatgut), sowie natürliche Hybridzonen heranziehen. Bevor eine Art in ein bundesweites Monitoringprogramm der genetischen Vielfalt aufgenommen wird, sollte jeweils in einer intensiven Pilotstudie ihre Eignung getestet werden und damit auch der Basiszustand für spätere Evaluationen gesetzt werden. Räumlich explizite Daten zur Verteilung und zeitlichen Entwicklung der genetischen Vielfalt können helfen, negative Entwicklungen rechtzeitig zu erkennen und wenn nötig Gegenmaßnahmen zu treffen, etwa durch die Errichtung von Korridoren zwischen genetisch verarmten Populationen. Ein Monitoring der genetischen Vielfalt ist daher von höchstem Interesse, um eine schleichende Degradation der genetischen Diversität zu verhindern.

Abstract

Genetic diversity is one of the key levels of biodiversity and the basis of adaptability and viability of organisms, but genetics plays only a minor role in practical conservation. However, in the research field of conservation biology the study of conservation genetics becomes increasingly important. In the context of biodiversity monitoring, two principal aims of genetic tools can be distinguished: (a) methods that are aiming at the genetic identification of species (DNA-Barcoding, meta-barcoding, eDNA) and (b) methods that are aiming at identifying and monitoring the genetic diversity and structuring within and between populations (population genetics). While DNA-barcoding has become common practice for the monitoring of some species listed on the annexes of the habitats directive (e.g. wolf, wildcat), the direct monitoring of genetic diversity still needs to be developed. The latter aims at delivering spatial explicit data on the distribution and temporal changes of genetic diversity, which are crucial for identifying negative trends and threats timely and instigate counteractive measures (e.g. increasing population connectivity by creating corridors). In order to monitor temporal and spatial variation in genetic diversity, a sample of potentially interesting species needs to be selected (20-50 species) to measure their genetic constitution over a

long period. Focal species should be pre-selected based upon their probability to undergo genetic changes, based upon knowledge of their dispersal capability, population fragmentation, population sizes, hybridization or anthropogenic dispersal. Before a species becomes a focal species of a national monitoring program of genetic diversity, its suitability for such a program should be evaluated by an intensive pilot study, which also can be used as a basis for later assessments of changes in genetic diversity. A systematic monitoring of genetic diversity is of strong interest to avoid an unnoticed degradation of genetic diversity.

1 Einleitung

Der Schutz der Biodiversität umfasst alle drei Ebenen der Biodiversität: Artenvielfalt, Ökosystem-Vielfalt und genetische Vielfalt. Traditionell beschäftigt sich der Naturschutz vornehmlich mit der Artenvielfalt, doch bereits seit langem ist bekannt, dass Arten nur mit ausreichendem Schutz ihrer Lebensräume geschützt werden können, wodurch der Ökosystem-Schutz zunehmend an Bedeutung gewann. Dagegen findet die genetische Vielfalt im praktischen Naturschutz nur wenig Beachtung (Holderegger et al. 2016). Selbst in den Aichi Targets (Aichi Target 13) der Biodiversitätskonvention geht es beim Schutz der genetischen Diversität vorwiegend um den Schutz von Kulturpflanzen und domestizierten Tieren, sowie ihrer wilden Verwandten, obgleich auch „sozioökonomisch und kulturell wertvolle Arten“ erwähnt werden.

In der nationalen Biodiversitätsstrategie Deutschlands (BMUB 2007) werden dagegen klare Ziele für die Erhaltung der genetischen Vielfalt formuliert. Hierzu gehören die „Erhaltung einer Vielfalt von regional angepassten Populationen“, die „Vermeidung der Verfälschung der genetischen Vielfalt der wildlebenden Tier- und Pflanzenwelt durch Ansiedlung und Ausbreitung von nicht heimischen Tier- und Pflanzenarten“, und die „Sicherstellung des natürlichen genetischen Austauschs wildlebender Arten“. Dies ist auch in der Vision implementiert, in der es heißt: „In Deutschland sind die wildlebenden Arten (Tiere, Pflanzen, Pilze, Mikroorganismen) in ihrer genetischen Vielfalt und natürlichen Verteilung vorhanden. Gebietstypische Populationen bleiben in ihrer genetischen Vielfalt erhalten.“ (BMUB 2007). Trotz dieser Bekenntnisse zum Schutz der genetischen Vielfalt gibt es bislang nur wenige praktische Initiativen zum Schutz der genetischen Diversität.

Spricht man von „genetischem Monitoring“, so muss man den Einsatz von genetischen Methoden für das Monitoring der Anwesenheit oder Abundanz von Arten vom eigentlichen Monitoring der genetischen Vielfalt unterscheiden. Während ersteres in zahlreichen Projekten und Studien getestet und angewendet wurde (z.B. Monitoring von Wolf oder Wildkatze in Deutschland, Steyer et al. 2013, Kraus et al. 2014), gibt es bislang keine generellen Monitoring-Programme für die genetische Vielfalt. Es fehlt also eine systematische, bundesweite Langzeitbetrachtung der Veränderungen genetischer Diversität von Organismen. Da die genetische Vielfalt eine wichtige Grundlage für die Anpassungsfähigkeit und damit Überlebensfähigkeit von Populationen darstellt, ist ein Monitoring der genetischen Diversität von großer Wichtigkeit. Die Gewinnung von räumlich-expliziten, flächendeckenden Daten zur zeitlichen Entwicklung der genetischen Vielfalt erlaubt, negative Entwicklungen rechtzeitig zu erkennen und bei Bedarf Gegenmaßnahmen einzuleiten (wie z.B. die Errichtung von Lebensraumkorridoren zur Vernetzung fragmentierte Populationen).

Bei molekulargenetischen Methoden für naturschutzbiologische Fragestellungen sind prinzipiell zwei wichtige Themenbereiche zu unterscheiden, die unterschiedliche zeitliche Bezüge haben und daher auch unterschiedliche Anwendungsbereiche:

1. das DNA-Barcoding, welches einen evolutionsbiologischen Bezugsrahmen hat und geeignet ist, Arten oder evolutionäre Linien innerhalb von Arten zu unterscheiden und

2. die Populationsgenetik, die einen rezenteren, eher ökologischen Bezugsrahmen hat und bei der die genetische Vielfalt innerhalb und zwischen Populationen untersucht wird.

Genetische Unterschiede beim DNA-Barcoding basieren auf längeren, evolutionsbiologischen Prozessen. Daher dienen sie vorwiegend der Unterscheidung von Einheiten, die getrennt gemanagt werden sollten (Moritz 1994). Dagegen werden genetische Unterschiede in der Populationsgenetik zur Beschreibung und Quantifizierung der genetischen Vielfalt und ihrer Verteilung genutzt. Unterschiede auf populationsgenetischer Ebene basieren meist auf unterschiedlichen Häufigkeiten verschiedener Allele („Allelfrequenzen“) und können z.B. auch durch Verlust genetischer Vielfalt, etwa durch Flaschenhalseffekte oder Gründereffekte entstehen. Im Folgenden sollen die beiden Methoden im Hinblick auf ihren Nutzen für ein Monitoring der Biodiversität diskutiert werden.

2 DNA-Barcoding

Als DNA-Barcoding bezeichnet man die Bestimmung von Organismen mit Hilfe kurzer, aber sehr spezifischer Abschnitte der Erbsubstanz (also der DNA). Es handelt sich also um die Nutzung des „genetischen Fingerabdruckes“ von Arten. Beim DNA-Barcoding werden bislang üblicherweise einzelne Gene sequenziert, um Arten oder evolutionäre Linien innerhalb von Arten zu unterscheiden (Hebert et al. 2005). Da DNA-Abschnitte nach dem Tod eines Organismus im Laufe der Zeit in kleinere Abschnitte fragmentieren, ist es sinnvoll, möglichst kurze Abschnitte für das Barcoding einzusetzen. Hierdurch lässt sich die Methode auch bei historischem Material anwenden oder bei Material, welches ungünstigen Lager-Bedingungen ausgesetzt war. Diese DNA-Abschnitte müssen variabel genug sein, um Arten sicher unterscheiden zu können. Des Weiteren ist entscheidend, dass die verwendeten Methoden bei möglichst vielen Arten funktionieren. Hierfür werden sogenannte „konservierte Primer“ verwendet, die an spezifischen Stellen der DNA zahlreicher Arten binden. Bei Tierarten sind dies üblicherweise mitochondriale Genabschnitte (zum Beispiel COI bei Insekten, 16S rRNA bei Amphibien), bei Pflanzen ist es Chloroplasten-DNA (matK und rbcL), bei Pilzen das nukleare Gen ITS. Prinzipiell ist aber die Verwendung anderer, ähnlicher Genabschnitte möglich, um Arten zu unterscheiden (z.B. Schulte et al. 2012a für evolutionäre Linien der Mauereidechse).

Die Sequenzierung von einzelnen DNA-Sequenzen wurde ursprünglich in der Phylogenetik, also der Rekonstruktion von Stammbäumen, verwendet. Im Idealfall werden auch bei der Anwendung für das Barcoding Sequenzen eines Organismus in einem Stammbaum auf Artzugehörigkeit überprüft. In den letzten Jahrzehnten sind durch diese Methode auch zahlreiche neue Arten entdeckt worden, etwa indem neue evolutionäre Linien im Stammbaum auftauchten, die keinem vorhandenen Artnamen zuzuordnen waren. Oft zeigt ein späterer Vergleich morphologischer Merkmale, dass solche unbenannten Linien auch andere Unterschiede zeigen, wie etwa die hohen Ruffrequenzen der Nymphen-Fledermaus im Vergleich zu verwandten Arten (von Helversen et al. 2001) oder die Barrenmuster der Barren-Ringelnatter im Vergleich zur Ringelnatter (Kindler et al. 2017).

Aufgrund seiner Eigenschaften ist DNA-Barcoding vorwiegend geeignet, um die Anwesenheit und Identität einer Art festzustellen. Hierbei macht man sich die lange Haltbarkeit und Omnipräsenz von DNA zu Nutze, um Arten auch in Umweltproben nachzuweisen. Im Falle des Meta-Barcodings können sogar ganze Artgemeinschaften erfasst werden (Andersen et al. 2011). Eine besondere Bedeutung hat das DNA-Barcoding bei der Identifizierung von Arten basierend auf schwer bestimmbaren Spuren (z.B. Kot, Federn, Haare, Schalen, Exuvien) oder Stadien (Eier, Larven, Samen etc.). DNA lässt sich aber auch aus Gewässer- und Bodenproben extrahieren. In diesem Fall spricht man von „environmental DNA“ (eD-

NA). Grundsätzlich lassen sich also in einer kleinen Gewässerprobe alle in dem entsprechenden Gewässer vorkommenden Arten nachweisen. Diese Methode ist daher ideal, um Arten nachzuweisen, die schwierig zu finden sind oder Arten ohne erhebliche Störung („nicht-invasiv“) aufzufinden. Auch retrospektive Analysen sind möglich. So konnte z.B. das Einwandern der Quagga-Muschel in Deutschland mit Hilfe von alten Proben der Umweltprobenbank des Bundes vordatiert werden (Paulus et al. 2014).

Kernfragen, die mit Hilfe von DNA-Barcoding beantwortet werden können sind:

1. Ist (oder war) eine bestimmte Art (oder evolutionäre Linie) anwesend?
2. Wie verändert(e) sich die Abundanz einer Art?

Zurzeit gibt es zahlreiche Projekte zur Entwicklung und zum Einsatz von eDNA. Hierbei gibt es allerdings noch diverse Fallstricke, die gelöst werden müssen. So ist z.B. bislang (Stand August 2020) nicht einmal für die Hälfte der in Deutschland vorkommenden etwa 33.000 Insektenarten ein DNA-Barcode verfügbar (GBOL 2020). Einige Artengruppen (wie die Feldheuschrecken) scheinen sich nicht mit einem einzigem Gen bestimmen zu lassen, da es zahlreiche Pseudogene von COI gibt (Hawlitschek et al. 2017). Globale Gen-Datenbanken wie „Genbank“ oder „BOLD“ enthalten zudem zahlreiche fehlerhafte Eintragungen (Vilgalys 2003), so dass zunächst zuverlässige Referenz-Datenbanken geschaffen werden bzw. Ergebnisse kritisch überprüft werden müssen. Auch haben die bei genetischen Analysen verwendeten Polymerasen unterschiedliche Eigenschaften und synthetisieren teils bevorzugt DNA mit bestimmten chemischen Eigenschaften (z.B. DNA die reich an Guanin und Cytosin ist).

Bislang fehlt noch ein einheitliches, zuverlässiges Meta-Barcoding-System, welches über Labore hinweg reproduzierbare Ergebnisse produziert. Allerdings ist die Entwicklung im Bereich des Meta-Barcoding sehr rasant, so dass die Methode schon bald zum Standard für die Erfassung artenreicher Gemeinschaften werden könnte.

Während der Nachweis der bloßen Anwesenheit einer Art mit Hilfe des DNA-Barcoding technisch keine große Herausforderung ist, ist die Bestimmung der Abundanz von Arten mit Hilfe von Barcoding technisch aufwändiger. Tatsächlich korreliert die Menge von DNA in der Umwelt mit der Menge der Individuen (Thomsen et al. 2012, Pilliod et al. 2013). Hierfür macht man sich die Methode der „quantitativen PCR“ (qPCR oder RealTime-PCR) zu Nutze, bei der die Mengenzunahme von DNA-Fragmenten während der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) gemessen wird. Da die PCR eine asymptotische Zunahme von DNA-Fragmenten bewirkt, ist eine reine Messung des Endergebnisses der DNA-Menge nicht ausreichend. Der Anstieg der Menge des PCR-Produktes ist das entscheidende Maß für die Quantifizierung. Standardmäßig wird qPCR bereits heute etwa zur Quantifizierung der Befallsraten von Amphibien durch den Chytridpilz verwendet (Kielgast et al. 2010). Auch die Zahl der „reads“ bei Meta-Barcoding-Projekten scheint mit der Abundanz der Arten zu korrelieren (Krehenwinkel et al. 2017). Daher ist es möglich, dass genetische Methoden in Zukunft an Bedeutung gewinnen werden, um z.B. Bestandstrends von limnischen Arten mit genetischen Methoden zu untersuchen. Allerdings können sowohl die Umweltbedingungen, insbesondere die Temperatur und Sauerstoffreichtum, als auch die verwendeten Filtermethoden die Ergebnisse stark beeinflussen (Lacoursière-Roussel et al. 2016). Dem ist jedoch hinzuzufügen, dass auch traditionelle Monitoring-Methoden stark von der Durchführung der Methode und anderen Randbedingungen beeinflusst werden können. Daher ist eine qualitativ hochwertige Probenahme und eine gute Standardisierung der Methode essentiell für die Verwendung von eDNA für Abundanzbestimmungen.

3 Populationsgenetische Methoden

Anders als das DNA-Barcoding dienen populationsgenetische Methoden zur Bestimmung der genetischen Vielfalt innerhalb und zwischen Populationen. Zwar sind rein theoretisch populationsgenetische Analysen auch mit den DNA-Sequenzen der mitochondrialen oder Chloroplasten-DNA möglich, die zum Barcoding genutzt wird, jedoch ist die Variabilität dieser Marker gerade in Mitteleuropa meist zu gering, um sie zur Bestimmung der genetischen Vielfalt einzusetzen. Auch versucht man bei populationsgenetischen Analysen üblicherweise eine Übersicht über einen größeren Bereich des Genoms zu bekommen und nicht über einen einzelnen Genabschnitt. Hierfür lassen sich verschiedene genetische Methoden einsetzen.

Zurzeit ist der Einsatz von Mikrosatelliten (noch) die gebräuchlichste Methode der Populationsgenetik. Bei Mikrosatelliten handelt es sich um kurze, repetitive Genabschnitte, die vermutlich keine besondere Funktion haben (Ellegren 2004). Dadurch evolvieren sie sehr schnell und sind hochvariabel. Zudem gelten sie als „selektiv neutral“, was bedeutet, dass sie ein neutrales Bild der Verwandtschaft von Individuen zeigen, die nicht durch gleiche Selektionsdrücke verursacht sein können. In dieser Hinsicht unterscheiden sie sich von den in den 1970er bis 1990er Jahren gebräuchlichen Allozym-Untersuchungen (die aber genau genommen keine echte molekulargenetische Methode darstellen sondern eine Untersuchung von Proteinen), die stark durch Selektion beeinflusst werden können (z.B. Johannesson et al. 1995). Mikrosatelliten lassen sich aufgrund ihrer starken Variabilität auch für Individualbestimmung und Elternschaftsanalysen einsetzen, was für besondere Fragestellungen des Naturschutzes interessant sein kann (z.B. um Wanderungsbewegungen von Individuen nachzuvollziehen). Bei den meisten naturschutzgenetischen Anwendungen stehen aber die genetische Diversität oder Konnektivität von Populationen im Mittelpunkt der Untersuchungen (z.B. Beninde et al. 2016).

Da sich genetische Methoden rasant weiter entwickeln, wird die Mikrosatelliten-Methode zunehmend von moderneren Methoden abgelöst. Bereits jetzt nimmt der Einsatz von SNPs („Single Nucleotide Polymorphisms“) von Jahr zu Jahr zu (Morin et al. 2004). Als SNPs bezeichnet man die Untersuchung einer großen Anzahl einzelner genetischer Veränderungen über das gesamte Genom. SNP-Datensätze lassen sich mit unterschiedlichen genetischen Methoden erzielen, die hier nicht weiter im Detail erläutert werden können. Generell haben diese Methoden den Vorteil, dass mit relativ wenig Aufwand ein großer Datensatz über das gesamte Genom von Organismen untersucht werden kann. Dabei wird ein deutlich breiterer Bereich des Genoms betrachtet als bei Mikrosatelliten. Hierunter können sowohl Genabschnitte fallen, die selektiv neutral sind, als auch solche, die für die Anpassung an die Umwelt eine besondere Rolle spielen. Daher lassen sich mit Hilfe von SNPs noch breitere Fragestellungen bearbeiten als dies mit Mikrosatelliten möglich ist. Untersucht man das gesamte Genom von Arten, so spricht man von Populationsgenomik (Ellegren 2014). Zwar ist auch diese Methode im Aufwind, allerdings ist die erzeugte Datenmenge sehr hoch und lässt sich derzeit nur mit Hilfe von Bioinformatikern bewältigen. Für die meisten naturschutzgenetischen Fragestellungen ist die Untersuchung des gesamten Genoms nicht nötig. Gezielte Untersuchungen von interessanten Genabschnitten, die z.B. für die Anpassung von Arten an ihren Lebensraum bedeutsam sein können, sind vielversprechender als in solch großen Datenmengen nach eventuellen Signalen für Anpassung zu suchen.

Grundsätzliche Fragestellungen, die mit den gebräuchlichen populationsgenetischen Methoden bearbeitet werden können und auf die im Folgenden detaillierter eingegangen wird, sind:

1. Wie hoch ist/war die genetische Diversität innerhalb einer Population oder wie verändert sie sich?
2. Wie hoch ist/war der Genfluss zwischen Populationen und wie verändert er sich?
3. Wo kommen Individuen (sowohl räumlich auch als genealogisch) her?
4. Welche Landschaftsstrukturen beeinflussen den Genfluss? Gibt es z.B. Strukturen, die als Barrieren oder Korridore wirken?
5. Wie häufig kommt Hybridisierung vor?

Der Vergleich der genetischen Diversität von Populationen ist für viele Anwender von besonderem Interesse. Die genetische Vielfalt von Populationen wird von zahlreichen Faktoren bestimmt. Hierbei spielen das Alter, die Größe und die Stabilität von Populationen eine besondere Rolle. Während sich die Größe von Populationen mit nicht-genetischen Methoden oft leichter bestimmen lässt, sind Informationen zu ihrem Alter seltener verfügbar. Daher kann der Vergleich der genetischen Diversität dazu beitragen, für den Naturschutz wertvolle Populationen zu identifizieren, um diese dann besonders zu schützen. Auch beim ex situ Naturschutz, also dem Schutz von Arten in Zoologischen oder Botanischen Gärten oder in Samenbanken, spielt eine hohe genetische Diversität eine wichtige Rolle (Witzenberger; Hochkirch 2011). Es ist bereits lange bekannt, dass es bei mangelndem Austausch von Individuen zu Inzucht oder zum Verlust der genetischen Vielfalt kommen kann (Frankham 1995). Daher sind genetische Begleituntersuchungen bei ex situ-Schutzprogrammen häufiger zu finden.

Die zweite wichtige Fragestellung, die mit den gleichen populationsgenetischen Datensätzen geklärt werden kann, ist die nach dem genetischen Austausch zwischen Populationen. Während Wanderungen von Individuen sich auch mit herkömmlichen ökologischen Freilandmethoden untersuchen lassen (z.B. Beringung von Vögeln oder Telemetrie), ist erst über genetische Methoden auch der genetische Austausch von Populationen (durch Reproduktion) effizient nachweisbar. Für die Berechnung der genetischen Differenzierung gab es in den vergangenen Jahren zahlreiche Weiterentwicklungen. Generell gilt, dass ein Vergleich über verschiedene Arten oder verschiedene Methoden schwierig ist, da die genetische Diversität auch von den untersuchten Genorten („Loci“) abhängt. Innerhalb einer Untersuchung bieten aber die üblichen Maße genetischer Differenzierung Aufschluss darüber, welche Populationen näher miteinander verwandt sind und daher vermutlich mehr genetischen Austausch haben.

Ein Faktor, der die genetische Differenzierung stark beeinflussen kann, ist die Gendrift (also die zufällige Veränderung von Allelfrequenzen). Gerade in kleinen Populationen kann Gendrift zu starker genetischer Differenzierung führen (Schulte et al. 2013). Daher ist gerade beim Vergleich der Differenzierung Vorsicht geboten. Nicht jede stark differenzierte Population ist genetisch einzigartig und muss daher als getrennte Einheit gemanagt werden. Sie kann genauso gut genetisch stark verarmt sein und daher dringend genetischen Austausch benötigen. Ein Vergleich der genetischen Differenzierung ist oft erst im Zusammenhang mit dem Vergleich der genetischen Diversität aufschlussreich.

Die genetische Verwandtschaft ist ein gutes Maß, um die Herkunft von Individuen zu bestimmen. Die genealogische Herkunft, also die Frage nach den Vorfahren und Verwandten spielt gerade beim ex situ-Naturschutz eine wichtige Rolle, da es z.B. auch in Zoo-Populationen zu Elternschaften außerhalb der bekannten Paarbindungen kommt (Griffith et al. 2002). Auch die geographische Herkunft von Individuen lässt sich mit genetischen Methoden klären, da die Genealogie auch die Verwandtschaftsverhältnisse im Raum beein-

flusst. Mit sogenannten Zuordnungstests (oder Assignment-Tests) wird die Wahrscheinlichkeit berechnet, mit der ein Individuum einer bestimmten Population angehört. Hierfür sind aber gute Daten über die für die Fragestellung relevanten potentiellen Herkunftspopulationen nötig. Mit Hilfe von Assignment-Tests konnte z.B. die illegale Ansiedlung von Rotwild in Luxemburg nachgewiesen werden (Frantz et al. 2006), die mehrfache Einführung des Waschbären in Deutschland (Fischer et al. 2015), aber auch die Ausbreitung von Roesels Beißschrecke am Arealrand rekonstruiert werden (Hochkirch; Damerau 2009).

Bei Methoden der Landschaftsgenetik werden die genetischen Daten mit Landschaftsdaten kombiniert (Manel et al. 2003). Diese Methoden wurden vor allem entwickelt, um genauere Einblicke in die Funktion von bestimmten Landschaftsstrukturen als Barrieren oder Korridore für den Genfluss zu bekommen. Bei der Methode werden (vereinfacht gesagt) Daten aus Geographischen Informationssystemen (GIS) mit den räumlichen genetischen Daten abgeglichen. So konnte z.B. gezeigt werden, dass die genetische Strukturierung von Mauereidechsen-Populationen in Trier vornehmlich durch den Verlauf der Mosel bestimmt wird und nur in einem geringen Maße durch städtische Strukturen, wie Parks, Straßen o.ä. beeinflusst wird (Beninde et al. 2016).

Ein besonderes Anwendungsfeld der Populationsgenetik, das in den letzten Jahrzehnten zunehmend an Bedeutung gewonnen hat, ist die Hybridisierung zwischen Arten. Da Hybride nicht immer leicht morphologisch zu erkennen sind, ist die Anwendung populationsgenetischer Methoden ideal, um Wissenslücken zur Hybridisierung zu schließen. Hierbei ist jedoch zu berücksichtigen, dass bei der Verwendung von Mikrosatelliten, lediglich die erste Hybridgeneration leicht zu erkennen ist (Rohde et al. 2015). Insbesondere Rückkreuzungen ähneln genetisch oft einer der Elternarten zu stark, um diese sicher ansprechen zu können. Auch hier ist die Anwendung modernerer, genomischer Ansätze hilfreich, um auch ältere Hybridisierungsvorgänge in Populationen zu erkennen (Galaverni et al. 2017). Die beim DNA-Barcoding verwendeten Abschnitte der mitochondrialen oder Chloroplasten-DNA werden dagegen üblicherweise nur von der Mutter weitergegeben und bieten dadurch nur eine Information auf die mütterliche Verwandtschaft. Auch dies kann eine interessante Information sein, insbesondere wenn die Morphologie und diese Linie nicht übereinstimmen, was auf einen Hybridisierungsvorgang in der Vergangenheit schließen lässt. In diesem Fall spricht man von Introgression (also der Einbindung artfremder DNA-Abschnitte im Genom).

4 Monitoring der genetischen Diversität

Bislang gibt es noch keine implementierten Monitoring-Programme, die sich mit der genetischen Diversität beschäftigen (Holderegger et al. 2016). Zwar werden gelegentlich genetische Methoden eingesetzt, um bestimmte Arten nachzuweisen (z.B. Steyer et al. 2013), jedoch sind selbst diese Einsatzbereiche häufig kurz- bis mittelfristige Projekte, um bestimmte Fragestellungen zu klären. Lediglich bei Anhangsarten der FFH-Richtlinie mit hohem Konfliktpotential, wie dem Wolf, ist derzeit absehbar, dass genetische Methoden auch dauerhaft routinemäßig verwendet werden, um Rechtssicherheit bei der Artbestimmung zu gewinnen. Genetische Methoden haben das Potential, das Monitoring insbesondere von schwer nachweisbaren Arten zu erleichtern. Gerade in Gewässern könnten eDNA-Methoden langfristig eine deutliche Vereinfachung des systematischen Biodiversitätsmonitoring bedeuten. Zwar gibt es hier noch einen erheblichen Entwicklungsbedarf (insbesondere was den Aufbau von Referenz-Datenbanken und der Standardisierung von Methoden angeht), die prinzipielle Eignung der Methoden steht aber außer Frage. Daher wäre beim Aufbau eines umfassenden Biodiversitätsmonitorings eine standardisierte Probenahme und Lagerung von Gewässerproben (eventuell auch Bodenproben) sinnvoll. Diese Proben ließen sich so konservieren, dass sie auch in Zukunft noch retrospektiv analysiert werden

können. Auch Fänge aus Fallen (z.B. Barberfallen, Malaisefallen usw.) ließen sich langfristig für zukünftige Meta-Barcoding-Projekte aufbewahren.

Anders als die reine Verwendung genetischer Methoden für das Art-Monitoring ist die genetische Diversität als Schutzgut bislang nur wenig beachtet. Holderegger et al. (2016) schlagen daher die Einführung eines generellen Monitorings der genetischen Diversität vor. Hierbei steht also nicht die Artbestimmung im Mittelpunkt, sondern die genetische Vielfalt (und damit die Anpassungsfähigkeit) der Arten selber. Daten zur genetischen Vielfalt sind von besonderer Bedeutung für die Anpassungsfähigkeit von Populationen und damit für ihre Überlebenswahrscheinlichkeit. Daher sind räumliche explizite Informationen zur zeitlichen Entwicklung der genetischen Diversität von hoher Bedeutung, um negative Trends rechtzeitig zu identifizieren und Gegenmaßnahmen einzuleiten. Da es derzeit unmöglich ist, die genetische Diversität sämtlicher in Deutschland vorkommenden Arten genetisch zu überwachen, muss eine Auswahl von Arten getroffen werden, die repräsentativ für die Verteilung und Entwicklung der genetischen Diversität insgesamt stehen. Diese Auswahl sollte ein breites Spektrum von taxonomischen Artengruppen, ökologischen Funktionen und Lebensräumen abdecken. Für ein bundesweites systematisches Monitoring der genetischen Diversität ist keine jährliche Probenahme nötig, da genetische Prozesse meist relativ langsam verlaufen. Eine Probenahme alle zehn Jahre kann durchaus ausreichend sein (Holderegger et al. 2016). Die Beprobung muss das gesamte Verbreitungsgebiet der jeweiligen Art umfassen und umfangreich genug sein, um Veränderungen der genetischen Vielfalt in Zeit und Raum zu verstehen. Räumlich explizite Daten zur Verteilung und zeitlichen Entwicklung der genetischen Vielfalt können helfen, negative Entwicklungen rechtzeitig zu erkennen und wenn nötig Gegenmaßnahmen zu treffen, etwa durch die Errichtung von Korridoren zwischen genetisch verarmten Populationen.

Bei der Auswahl der Arten ist zu berücksichtigen, dass häufige und gut ausbreitungsfähige Arten meist nur wenig genetische Strukturierung und eine ausreichend hohe genetische Vielfalt aufweisen. Zwar sind solche Arten aufgrund ihrer weiteren Verbreitung und höheren Abundanz meist einfacher zu beproben, jedoch dürfte der Erkenntnisgewinn bei Arten mit stabilen, großen Populationen nur gering sein. Daher ist es wichtig, bei der Arten-Auswahl gerade solche Arten in den Mittelpunkt zu stellen, bei denen eine Änderung der genetischen Diversität wahrscheinlich ist. Dies können zum Beispiel seltene Arten mit fragmentierten Populationen sein (da aufgrund des mangelnden genetischen Austausches zwischen Populationen ein Rückgang der genetischen Vielfalt zu erwarten ist), Arten mit negativen Bestandstrends (da hiermit auch ein Rückgang der genetischen Diversität verbunden ist) oder Arten, die genetisch mit anderen Arten interagieren (also hybridisieren).

Generell können folgende Aspekte bei der Auswahl von Arten für ein genetisches Monitoring helfen (siehe auch Tab. 1):

1. Ausbreitungsfähigkeit: Bei Arten mit geringer Ausbreitungsfähigkeit ist der genetische Austausch zwischen Populationen oft reduziert und daher ist mit einer stärkeren genetischen Strukturierung im Raum zu rechnen. Auch ist bei solchen Arten die Gefahr des Verlusts genetischer Diversität höher als bei gut ausbreitungsfähigen Arten.
2. Häufigkeit: Seltenere Arten mit isolierten Populationen können eher genetische Diversität verlieren als weiter verbreitete Arten mit zusammenhängenden Populationen.
3. Hybridisierung: Bei Arten, die mit verwandten Arten, Unterarten, genetischen Linien oder domestizierten/kultivierten Verwandten hybridisieren, besteht die Gefahr des Verlustes der genetischen Integrität (Rohde et al. 2017). Daher sind solche Arten für ein genetisches Monitoring von besonderem Interesse.

4. Invasive Arten: Bei nicht-heimischen Arten lassen sich Einschleppung und Ausbreitung mit genetischen Methoden rekonstruieren. Auch illegale Einführungen lassen sich dadurch aufdecken. Bei bestimmten Arten kann es auch zu massiven Verschleppungen
5. innerhalb des natürlichen Areals kommen (z.B. durch Wildblumensaatgut). Auch solche Arten sind für ein Monitoring interessant.

Arten mir mehreren evolutionären Linien in Deutschland: Zahlreiche Arten oder Artenpaare haben in Deutschland eine östliche und eine westliche Linie (z.B. Wildkatze, Rotbauchunke – Gelbbauchunke, Ringelnatter – Barren-Ringelnatter, Ostigel – Westigel). Verschiebungen in der Verbreitung dieser Arten oder Vermischungen sind für den Naturschutz von großem Interesse. Auch illegale Ansiedlungen außerhalb des eigentlichen Areals lassen sich hierdurch nachweisen, wie z.B. der Nachweis der östlichen Smaragdeidechse in einer Population der westlichen Smaragdeidechse am Kaiserstuhl.

Tab. 1: Auswahlkriterien für Arten für ein systematisches Monitoring der genetischen Diversität

Faktor	**interessante Eigenschaften für Monitoring**
Verbreitung	Arealrand oder Hybridzone in Deutschland
Herkunft	nicht nativ in Deutschland
Häufigkeit	selten
Populationen	fragmentiert/klein
Ausbreitungsvermögen	gering
Anthropogener Einfluss	durch Menschen verbreitete (anthropochore) Arten
Bestandstrend	negativ/positiv
Habitatbindung	spezialisiert
Interaktionen	hybridisiert mit anderen Arten

Basierend auf diesen Faktoren sollen einige Beispiele für Arten folgen, bei denen ein Monitoring der genetischen Vielfalt vielversprechend ist. Die Auswahl erfolgte basierend auf der Verfügbarkeit populationsgenetischer Studien. Da diese eher mit der Beliebtheit von Arten korreliert als mit ihrer Artenvielfalt oder Eignung, kann die Liste weder umfassend noch ausgeglichen sein. Sie soll lediglich einen Einblick vermitteln, welche Eigenschaften potentielle Zielarten eines umfassenden bundesweiten Monitorings der genetischen Diversität haben können. Für ein umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring sollte aber auf eine ausgeglichene Verteilung auf taxonomische Gruppen und Lebensräume geachtet werden. Dieser Umstand verdeutlicht auch die Notwendigkeit, einer genetischen Vorstudie bevor eine Art tatsächlich in das Programm eines umfassenden bundesweiten Monitoring der genetischen Diversität aufgenommen wird.

1. Wildkatze (*Felis silvestris*): Die Wildkatze hat in Deutschland eine östliche und eine westliche evolutionsbiologische Linie (Ottoni et al. 2017), wobei die östliche Linie eine stärkere Verwandtschaft zur Falbkatze (und damit auch zur Hauskatze) zu haben scheint. Seit einigen Jahrzehnten breitet sich die Wildkatze in Deutschland aus und beide Linien treffen nun in Hessen aufeinander. Zudem kam es zu Ansiedlungen von Tieren aus Zoobeständen, die vermutlich mit Hauskatzen hybridisiert sind (Witzenberger; Hochkirch 2014). Aufgrund dieser hohen Populationsdynamik mit zusätzlicher genetischer Interaktion verschiedener Linien, sind tiefgreifende genetische Veränderungen in den Wildkatzenbeständen möglich. Daher ist die zukünftige genetische Entwicklung der Wildkatzenbestände in Deutschland von hohem Interesse. Die Probenahme von Haarproben über Baldrian-Lockstöcke ist gut erprobt (Steyer et al. 2013).

2. Waschbär (*Procyon lotor*): Diese in Europa invasive Art breitet sich stark aus. Mit genetischen Methoden konnte man mindestens vier unabhängige Ansiedlungen in Deutschland nachweisen (Fischer et al. 2015). Diese treffen inzwischen aufeinander und auch zusätzliche Gefangenschaftsflüchtlinge wurden gefunden (Fischer et al. 2017). Diese Durchmischung von Populationen lässt eine Zunahme der genetischen Diversität in der Zukunft erwarten, die die Invasivität der Art verstärken können. Die Probenahme wäre über die Jagd relativ einfach organisierbar.
3. Feldhamster (*Cricetus cricetus*): Der Feldhamster kommt in Deutschland an seiner westlichen Verbreitungsgrenze vor. Seine Populationen sind stark fragmentiert und unterscheiden sich genetisch deutlich (Neumann et al. 2005). Die Populationen im Westen Deutschlands sind genetisch deutlich weniger variabel als im Osten. Aufgrund der naturschutzbiologischen Bedeutung des Feldhamsters ist ein genetisches Monitoring empfehlenswert. Eine nicht-invasive Probenahme ist über die Verwendung von Haarproben möglich (Smulders et al. 2003).
4. Birkhuhn (*Tetrao tetrix*): Während viele Vogelarten aufgrund ihrer Flugfähigkeit und ihres Zugverhaltens eine große Konnektivität ihrer Populationen haben, ist dies beim Birkhuhn und beim Auerhuhn nicht der Fall (Segelbacher et al. 2014). Aufgrund der starken Isolation der Populationen eignen sich diese Vogelarten daher für ein genetisches Monitoring. Hierbei ist auch die nicht-invasive Probenahme über Federn und Losung möglich (Vallant et al. 2018).
5. Mauereidechse (*Podarcis muralis*): Von dieser Art gibt es sowohl heimische als auch eingeschleppte Populationen. Neuere Untersuchungen haben gezeigt, dass es zu einer Verdrängung der heimischen Populationen, insbesondere durch italienische Linien kommt (Schulte et al. 2012b). Hierdurch ist eine hohe Dynamik der genetischen Diversität zu erwarten. Die Probenahme über Mundschleimhaut-Abstriche ist gut erprobt (Schulte et al. 2011).
6. Feuersalamander (*Salamander salamandra*): Aufgrund der Einschleppung des Salamander-Chytridpilzes (Martel et al. 2014) ist mit einer starken Abnahme der Bestände in der Zukunft zu rechnen, so dass auch ein Rückgang der genetischen Diversität erwartet werden kann. Trotz seiner recht weiten Verbreitung von der iberischen Halbinsel und Griechenland bis Norddeutschland gilt der Feuersalamander als Verantwortungsart Deutschlands, was ihn zusätzlich für ein bundesweites Monitoring der genetischen Diversität qualifiziert. Die Probenahme ist durch Abstriche der Schleimhaut möglich. Hierbei lässt sich zeitgleich die Infektion durch den Salamander-Chytridpilz überprüfen.
7. Gelbbauchunke (*Bombina variegata*)/Rotbauchunke (*Bombina bombina*): Die beiden Unkenarten haben in Deutschland eine natürliche Hybridzone. Beide Arten sind gefährdet und zeigen eine recht hohe genetische Differenzierung zwischen Populationen (Weihmann et al. 2009, Dolgener et al. 2012). Auch andere Amphibienarten, wie die Geburtshelferkröte, Wechselkröte und der Laubfrosch kämen als Kandidaten für ein populationsgenetisches Monitoring in Frage. Bei Beprobung durch Hautabstriche wäre bei allen Arten ein zeitgleiches Monitoring des Amphibien-Chytridpilzes möglich.
8. Sumpfgrashüpfer (*Pseudochorthippus montanus*; Abb. 1): Die Art ist rückläufig, hat stark fragmentierte Populationen und hybridisiert zudem mit dem Gemeinen Grashüpfer (*Pseudochorthippus parallelus*). In Populationen im Hunsrück wurde hierdurch eine genetische Verdrängung festgestellt (Rohde et al. 2017). Die Probenahme ist aufgrund der Flugunfähigkeit der Art einfach. Die Entnahme eines Hinterbeines oder Fußes ist für die Analysen ausreichend.



Abb. 1: Der (*Pseudochorthippus montanus*) wird genetisch durch seine Schwesterart, den Gemeinen Grashüpfer (*Pseudochorthippus parallelus*), verdrängt (Foto: A. Hochkirch).

9. Grubenlaufkäfer (*Carabus variolosus*): Der Grubenlaufkäfer ist durch die FFH-Richtlinie geschützt. Genetische Untersuchungen zeigten, dass der Austausch selbst zwischen benachbarten Populationen äußerst gering ist (Matern et al. 2009). Auch bei der Goldleiste (*Carabus violaceus*) konnte eine starke Differenzierung durch die Zerschneidung eines Waldgebietes durch Straßen auf kleinstem Raum festgestellt werden (Keller, Largiadèr 2002). Dies lässt vermuten, dass auch viele andere flugunfähige Käferarten (und vermutlich viele flugunfähige Insekten) empfindlich auf Fragmentierung ihres Lebensraumes reagieren und für populationsgenetische Analysen daher prinzipiell geeignet sind. Allerdings sind Insekten trotz ihrer deutlich größeren Artenvielfalt im Vergleich zu Wirbeltieren deutlich seltener genetisch untersucht worden, so dass genetische Voruntersuchungen häufig fehlen. Informationen über ihre Habitat-Spezialisierung, Ausbreitungsfähigkeit, Bestandsrückgang oder potentielle Hybridisierung sind jedoch gute Indikatoren für eine potentielle Eignung für ein genetisches Monitoring. Gleiches gilt für andere Wirbellose, wie z.B. Schnecken, Tausendfüßer, Spinnen und Regenwürmer. Da die Populationen der meisten wirbellosen Tierarten nicht empfindlich auf die Entnahme einzelner Individuen reagieren, ist auch eine Beprobung vollständiger Exemplare hier unproblematisch. Allerdings lassen sich auch wirbellose Tierarten minimal-invasiv beproben (etwa durch die Entnahme einzelner Beine, Tarsen o.ä.).

10. Blauschillernder Feuerfalter (*Lycaena helle*): Obgleich die meisten Schmetterlingsarten aufgrund ihrer Flugfähigkeit eine weniger starke genetische Strukturierung aufweisen als flugunfähige Insekten, wurde auch beim Blau-schillernden Feuerfalter eine starke Populationsdifferenzierung festgestellt (Habel et al. 2009). Generell ist zu vermuten, dass die weniger ausbreitungsfähigen Bläulinge – insbesondere Arten mit hoher Habitat-Spezialisierung für ein genetisches Monitoring geeignet sind. Auch bei Schmetterlingen ist die Entnahme einzelner Beine oder Flügelteile eine geeignete Methode der Probenahme (Koscinski et al. 2011).

11. Gemeine Akelei (*Aquilegia vulgaris*): Die Art gilt als Wildpflanze in einigen Bundesländern als gefährdet und ist durch die Bundesartenschutzverordnung besonders geschützt. Gleichzeitig gibt es zahlreiche Bestände verwilderter Gartenpflanzen anderer Aquilegia-Arten, die mit den heimischen Pflanzen hybridisieren (Bleeker et al. 2008). Bleeker et al. (2008) nennen 17 weitere Pflanzenarten, die durch Hybridisierung betroffen sein könnten und somit für ein genetisches Monitoring interessant wären. Hierzu gehören z.B. diverse Weidenröschen-Arten (Gattung Epilobium), der Wildapfel (*Malus sylvestris*), die Schwarzpappel (*Populus nigra)* und einige Veilchenarten (Gattung

Viola). Generell ist die Probenahme bei Pflanzenarten weniger kompliziert als bei Tierarten, da einzelne Blätter für genetische Analysen ausreichen.

12. Rübsen (*Brassica rapa*)/Acker-Rettich (*Raphanus raphanistrum*): Da einige Kreuzblütler mit Raps hybridisieren (Warwick et al. 2003), ist eine Einbringung von Genen z.B. aus genetisch modifizierten Pflanzen in Wildpopulationen möglich. Hierdurch sind diese Pflanzenarten auch unter dem Gesichtspunkt der Überwachung der Konsequenzen des Anbaus genetisch modifizierter Nutzpflanzen interessant.
13. Pilze: Interessanterweise gibt es zur Populationsgenetik von Pilzen so gut wie keine Untersuchungen, sieht man von pathogenen Pilzen ab. Mit Sicherheit sind auch bei dieser Artengruppe geeignete Kandidaten-Arten zu finden, die selten sind und fragmentierte Populationen haben und sich daher für ein genetisches Monitoring eignen.

Die Auflistung oben stellt nur einen Überblick über mögliche Organismen, die für ein bundesweites Monitoring der genetischen Diversität geeignet wären, dar. Natürlich kann diese Liste weder vollständig sein, noch einheitlichen objektiven Kriterien folgen, da unser Wissen über die genetische Strukturierung der heimischen Fauna und Flora sehr unvollständig ist. Generell sind Arten mit hohem Naturschutzwert (aufgrund von Bestandsrückgang oder Seltenheit) für ein systematisches Monitoring besser geeignet als häufige Generalisten. In jedem Fall wären für die Auswahl der Arten eines Monitorings der genetischen Diversität intensive Pilotstudien sinnvoll, um zunächst die Eignung dieser Arten für ein bundesweit umfassendes Biodiversitätsmonitoring zu bewerten.

Literaturverzeichnis

Andersen, K., Bird, K., Rasmussen, M. et al. (2011): Meta-barcoding of ‚dirt' DNA from soil reflects vertebrate biodiversity. Molecular Ecology 21: 1966-1979.

Beninde, J., Feldmeier, S., Werner, M. et al. (2016): Cityscape Genetics: Structural versus functional connectivity of an urban lizard population. Molecular Ecology 25: 4984-5000.

Bleeker, W., Schmitz, U., Ristow, M. (2008): Ist Hybridisierung mit Neophyten eine Bedrohung für indigene Pflanzenarten? Naturschutz und Biologische Vielfalt 60: 11-16.

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit. (BMUB) (2007): Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt. Berlin,180 S.

Dolgener, N., Schröder, C., Schneeweis, N., Tiedemann, R. (2012): Genetic population structure of the Fire-bellied toad *Bombina bombina* in an area of high population density: implications for conservation. Hydrobiologia 689: 111-120.

Ellegren, H. (2004): Microsatellites: simple sequences with complex evolution. Nature Reviews Genetics 5: 435-445.

Ellegren, H. (2014): Genome sequencing and population genomics in non-model organisms. Trends in Ecology and Evolution 29: 51-63.

Fischer, M., Hochkirch, A., Heddergott, M. et al. (2015): Historical invasion records can be misleading: Genetic evidence for multiple introductions of invasive raccoons (*Procyon lotor*) in Germany. PLOS ONE 10 (5): e0125441.

Fischer, M., Salgado, I., Beninde, J. et al. (2017): Multiple founder effects are followed by range expansion and admixture during the invasion process of the raccoon (*Procyon lotor*) in Europe. Diversity & Distributions 23: 409-420.

Frankham, R. (1995): Inbreeding and extinction: A threshold effect. Conservation Biology 9: 792-799.

Frantz, A., Tigel Pourtois, J., Heuertz, M. et al. (2006): Genetic structure and assignment tests demonstrate illegal translocation of red deer (*Cervus elaphus*) into a continuous population. Molecular Ecology 15: 3191-3203.

Galaverni, M., Caniglia, R., Pagani, L. et al. (2017): Disentangling timing of admixture, patterns of introgression and phenotypic indicators in a hybridizing wolf population. Molecular Biology and Evolution 34: 2324-2339.

GBOL (2020): German Barcode of Life. URL: https://bolgermany.de/gbol1/ergebnisse/results (letzter Zugriff 07.08.2020).

Griffith, S., Owens, I., Thuman, K. (2002): Extra pair paternity in birds: a review of interspecific variation and adaptive function. Molecular Ecology 2002: 2195-2212.

Habel, J., Augenstein, B., Meyer, M. et al. (2009): Population genetics and ecological niche modelling reveal high fragmentation and potential future extinction of the endangered relict butterfly *Lycaena helle*. In: Habel, J., Assmann, T. (Eds.): Relict Species. New York (Springer): 417-439.

Hawlitschek, O., Morinière, J., Lehmann, G. et al. (2017): DNA barcoding of crickets, katydids and grasshoppers (Orthoptera) from Central Europe with focus on Austria, Germany and Switzerland. Molecular Ecology Resources 17: 1037-1053.

Hebert, P., Gregory T. (2005): The promise of DNA barcoding for taxonomy. Systematic Biology 54: 852-859.

Helversen, O. von, Heller, K., Mayer, F. et al. (2001) Cryptic mammalian species: a new species of whiskered bat (*Myotis alcathoe* n.sp.) in Europe. Naturwissenschaften 88: 217-223.

Hochkirch, A., Damerau, M. (2009): Rapid range expansion of a wing-dimorphic bush-cricket after the 2003 climatic anomaly. Biological Journal of the Linnean Society 97: 118-127.

Holderegger, R., Segelbacher, G., Widmer, A. (2016): Genetisches Monitoring. In: Holderegger, R., Segelbacher, G. (Hrsg.): Naturschutzgenetik – Ein Handbuch für die Praxis. Bern (Haupt): 165-182.

Johannesson, K., Johannesson, B., Lundgren, U. (1995): Strong natural selection causes microscale allozyme variation in a marine snail. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 92: 2602-2606.

Keller, I., Largiadèr, C. (2002): Recent habitat fragmentation caused by major roads leads to reduction of gene flow and loss of genetic variability in ground beetles. Proceedings of the Royal Society London (B) 270: 417-423.

Kielgast, J., Rödder, D., Veith, M., Lötters, S. (2010): Widespread occurrence of the amphibian chytrid fungus in Kenya. Animal Conservation 13, Suppl 1: 36-43.

Kindler, C., Chèvre, M., Ursenbacher, S. et al. (2017): Hybridization patterns in two contact zones of grass snakes reveal a new Central European snake species. Scientific Reports 7: 7378.

Kraus, R., Holdt, B., Cocchiararo, B. von et al. (2014): A single-nucleotide polymorphism-based approach for rapid and cost-effective genetic wolf monitoring in Europe based on noninvasively collected samples. Molecular Ecology Resources 15: 295-305.

Krehenwinkel, H., Wolf, M., Gillespie, R.G. et al. (2017) Estimating and mitigating amplification bias in qualitative and quantitative arthropod metabarcoding. Scientific Reports 7: 17668

Koscinski, D., Crawford, L., Heller, H., Keyghobadi, N. (2011): Effects of different methods of non-lethal tissue sampling on butterflies. Ecological Entomology 36: 301-308.

Lacoursière-Roussel, A., Rosabal, M., Bernatchez, L. (2016): Estimating fish abundance and biomass from eDNA concentrations: variability among capture methods and environmental conditions. Molecular Ecology Ressources 16: 1401-1414.

Manel, S., Schwartz, M., Luikart, G., Taberlet, P. (2003): Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. Trends in Ecology and Evolution 18: 189-197.

Martel, A., Blooi, M., Adriaensen, C. et al. (2014): Recent introduction of a chytrid fungus endangers Western Palaearctic salamanders. Science 346: 630-631.

Matern, A., Desender, K., Drees, C. et al. (2009): Genetic diversity and population structure of the endangered insect species *Carabus variolosus* in its western distribution range: Implications for conservation. Conservation Genetics 10: 391-405.

Morin, P., Luikart, G., Wayne, R. (2004): SNPs in ecology, evolution and conservation. Trends in Ecology and Evolution 19: 208-216.

Moritz, C. (1994): Defining ‚Evolutionary Significant Units' for conservation. Trends in Ecology and Evolution 9: 373-375.

Neumann, K., Michaux, J., Maak, S. et al. (2005): Genetic spatial structure of European common hamsters (*Cricetus cricetus*) – a result of repeated range expansion and demographic bottlenecks. Molecular Ecology 14: 1473-1483.

Ottoni, C., Van Neer, W., De Cupere, B. et al. (2017) The palaeogenetics of cat dispersal in the ancient world. Nature Ecology and Evolution 1: 0139.

Paulus, M., Teubner, D., Hochkirch, A., Veith, M. (2014): Journey into the past: using cryogenically stored samples to reconstruct the invasion history of the quagga mussel (*Dreissena rostriformis*) in German river systems. Biological Invasions 16: 2591-2597.

Pilliod, D., Goldberg, C., Arkle, R., Waits, L. (2013): Estimating occupancy and abundance of stream amphibians using environmental DNA from filtered water samples. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 70: 1123-1130.

Rohde, K., Hau, Y., Weyer, J., Hochkirch, A. (2015): Wide prevalence of hybridization in two sympatric grasshopper species may be shaped by their relative abundances. BMC Evolutionary Biology 15: 191.

Rohde, K., Hau, Y., Kranz, N. et al. (2017): Climatic effects on population declines of a rare wetland species and the role of spatial and temporal isolation as barriers to hybridization. Functional Ecology 31: 1262-1274.

Segelbacher, G., Strand, T., Quintela, M. et al. (2014): Analysis of historical and current populations of black grouse in Central Europe reveal strong effects of genetic drift and loss of genetic diversity. Conservation Genetics 15: 1183-1195.

Schulte, U., Gebhard, F., Heinz, L. et al. (2011): Buccal swabs as a reliable non-invasive tissue sampling method for DNA analysis in lacertid lizards. Northwestern Journal of Zoology 7: 325-328.

Schulte, U., Hochkirch, A., Lötters, S. et al. (2012a): Cryptic niche conservatism among evolutionary lineages of an invasive lizard. Global Ecology and Biogeography 21: 198-211.

Schulte, U., Veith, M., Hochkirch, A. (2012b): Rapid genetic assimilation of native wall lizard populations (*Podarcis muralis*) through extensive hybridization with introduced lineages. Molecular Ecology 21: 4313-4326.

Schulte, U., Veith, M., Mingo, V. et al. (2013): Strong genetic differentiation due to multiple founder effects during a range expansion of an introduced wall lizard population. Biological Invasions 15: 2639-2649.

Smulders, M., Snoek, L., Booy, G., Vosman B. (2003): Complete loss of MHC genetic diversity in the Common Hamster (*Cricetus cricetus*) population in The Netherlands. Consequences for conservation strategies. Conservation Genetics 4: 441-451.

Steyer, K., Simon, O., Kraus, R. et al. (2013): Hair trapping with valerian-treated lure sticks as a tool for genetic wildcat monitoring in low-density habitats. European Journal of Wildlife Research 59: 39-46.

Thomsen, P., Kielgast, J., Iversen, L. et al. (2012): Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. Molecular Ecology 21: 2565-2573.

Vallant, S., Niederstätter, H., Berger, B. et al. (2018): Increased DNA typing success for feces and feathers of capercaillie (*Tetrao urogallus*) and black grouse (*Tetrao tetrix*). Ecology and Evolution 8 (8): 3941-3951.

Vilgaliys, R. (2003): Taxonomic misidentification in public DNA databases. New Phytologist 160: 4-5.

Warwick, S., Simard, M., Stewart Jr., C. et al. (2003): Hybridization between transgenic *Brassica napus* L. and its wild relatives: *Brassica rapa* L., *Raphanus raphanistrum* L., *Sinapis arvensis* L., and *Erucastrum gallicum* (Willd.) O.E. Schulz. Theoretical and Applied Genetics 107: 528-539.

Weihmann, F., Podloucky, R., Hauswaldt, S., Pröhl, H. (2009): Naturschutzgenetische Untersuchungen von Populationen der Gelbbauchunke (*Bombina v. variegata*) im südlichen Niedersachsen. Zeitschrift für Feldherpetologie 16: 183-200.

Witzenberger, K., Hochkirch, A. (2011): Ex situ conservation genetics: A review of molecular studies on the genetic consequences of captive breeding programmes for endangered animal species. Biodiversity and Conservation 20: 1843-1861.

Witzenberger, K., Hochkirch, A. (2014): The genetic integrity of the ex situ population of the European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) is seriously threatened by introgression from domestic cats (*Felis silvestris catus*). PLOS ONE 9 (8): e106083.

Adresse des Autors:

Axel Hochkirch*
Universität Trier
FB VI, Biogeographie
54286 Trier
E-Mail: *hochkirch@uni-trier.de

Umwelt-DNA (eDNA) zum Nachweis schwer erfassbarer Arten in aquatischen Ökosystemen

Claudia Wittwer, Maria Riaz und Carsten Nowak

Zusammenfassung

Die angewandte Biodiversitätsforschung setzt sich den Schutz gefährdeter Arten und dem Erhalt natürlicher Lebensräume zum Ziel. Aufgrund der hohen Zahl an zu erfassenden Arten und Lebensräumen muss ein erheblicher Aufwand mit konventionellem Monitoring, wie etwa mit direktem Beobachten, Fangmethoden oder bioakustischen Verfahren, betrieben werden. Auf environmental DNA (eDNA) basierte Nachweismethoden können das konventionelle Monitoring sinnvoll ergänzen, entweder zur (semi-) quantitativen Erfassung einzelner Arten oder zur Detektion zahlreicher Arten mittels moderner Hochdurchsatzsequenzierungsverfahren. Anhand von Anwendungsbeispielen aus der eigenen Forschung werden die Chancen und Grenzen dieser neuen Methoden aufgezeigt. Aufgrund der Komplexität von eDNA- Forschungsvorhaben könnte die Schaffung von Kompetenzzentren für eDNA-Analytik die Entwicklung von standardisierten, praxistauglichen Anwendungen für den angewandten Naturschutz weiter vorantreiben.

Abstract

Applied biodiversity research aims to protect endangered species and natural habitats. Instead of relying on conventional monitoring to survey species or habitats, environmental DNA (eDNA)-based detection methods can be used for (semi-) quantitative detection of individual species or for the assessment of complete communities via modern high-throughput sequencing methods. Based on application examples, the opportunities and limitations of these new methods are discussed. Due to the complexity of eDNA research, the implementation of centers of expertise in eDNA analytics could further enhance the development of standardized and practicable applications for conservation management.

1 Biodiversitätsforschung

Zum Erhalt von Biodiversität und naturnahen Lebensräumen wurden internationale Arten- und Naturschutzabkommen unterzeichnet, die mit der Implementierung der Vogelschutzdirektive (2009/147/EC), der Fauna-Flora-Habitatrichtlinie (92/43/EWG), der Wasserrahmenrichtlinie (2000/60/EG) sowie der Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie (2008/56/EC) Eingang in europäische Umweltgesetzgebung gefunden haben. Neben weitreichenden Bestimmungen wie etwa zur Erweiterung der Schutzräume für einheimische und gefährdete Arten innerhalb des Natura 2000-Netzwerks stellt das Monitoring gefährdeter und invasiver Arten ein wichtiges Instrument zur Bestandsüberwachung und Erfolgskontrolle von Schutzmaßnahmen dar.

Für zahlreiche Artengruppen existieren standardisierte Verfahren zum Monitoring. Trotzdem stellt der teils erhebliche Aufwand zur wissenschaftlich abgesicherten Bestandsüberwachung sowie die hohe Zahl an zu erfassenden Arten und Lebensräumen eine große Herausforderung dar (Bourlat et al. 2013). Gerade sehr seltene und versteckt lebende Arten können zudem mit klassischen Methoden teils nur unzureichend erfasst werden (Gu, Swihart, 2004). Neue Ansätze, die den Fang oder das direkte Beobachten einzelner Individuen überflüssig machen, stellen daher eine interessante Alternative dar und eröffnen neue Möglichkeiten im Bestandsmonitoring und der Biodiversitätsforschung. Neben Fernerkundung und bioakustischen Verfahren bieten sich hier vor allem molekularbiologische Ansätze an, die auf der Sichtbarmachung von DNA-Spuren in der Umwelt beruhen.

2 Environmental DNA

Erst seit einigen Jahren hat sich eine Arterfassungsmethode etabliert, die auf der Sichtbarmachung von DNA-Spuren in der Umwelt („environmental DNA"= „eDNA“) basiert. Alle Organismen hinterlassen solche DNA-Spuren; die eDNA kann somit aus einer Vielzahl von Umweltproben, wie etwa Wasser, Boden und Luft gewonnen werden (Taberlet et al. 2012). Die in einer Probe vorhandenen eDNA-Moleküle sind eine komplexe Mischung aus genetischem Material zahlreicher im Lebensraum vorkommender Arten (Bohmann et al. 2014). eDNA findet den Weg in die Umwelt hauptsächlich durch Exkretion von Urin, Exkrementen und Schleim oder durch sich zersetzendes Material von Tierkadavern oder verrottendem Pflanzenmaterial (Barnes, Turner 2016). In kurzer Zeit werden diese intrazellulären eDNA-Quellen durch Umwelteinflüsse und Mikroorganismen zu kurzen und hochdegradierten eDNA-Fragmenten zersetzt (Strickler et al. 2015, Zhu 2006), welche sich auch an Sedimente anlagern und so längere Zeit überdauern können (Pietramellara et al. 2009).

Im aquatischen Bereich lässt sich eDNA je nach zu untersuchendem Gewässertyp und Zielorganismus durch direkte Entnahme von Wasserproben (z.B. Dejean et al. 2011, Ficetola et al. 2008) oder mittels Filtrierung größerer Wasservolumen (z.B. Jerde et al. 2011, Smith, Hill 2009) gewinnen. In nachfolgenden Schritten wird die eDNA extrahiert und die Zielorganismen mittels modernster molekulargenetischer Analysetechniken wie beispielsweise der Realtime-PCR (Polymerase-Kettenreaktion) und Next Generation Sequencing (NGS) nachgewiesen. Ausgehend von ersten Studien an Amphibien (Ficetola et al. 2008) und Fischen (Jerde et al. 2011) wird das eDNA-gestützte Monitoring in Großbritannien bereits als Überwachungsmaßnahme für Amphibien mittels citizen science genutzt (Biggs et al. 2015).

Nachfolgend wird anhand von zwei Anwendungsbeispielen aus der eigenen Forschung demonstriert, welchen Beitrag der Einsatz von eDNA-Verfahren im angewandten Naturschutz leisten kann. Die Beispiele sollen demonstrieren, dass eDNA zukünftig ein wichtiger Baustein des Art- und Umweltmonitorings sein kann, jedoch eher als wertvolle Ergänzung denn als Ersatz für bisherige Verfahren verstanden werden muss.

2.1 Anwendungsbeispiel: Krebspest

Der Oomycet *Aphanomyces astaci* ist der Auslöser der Krebspest, einer für europäische Flusskrebsarten tödlichen Krankheit. Dieser hochgradig infektiöse Erreger wurde Ende des 19. Jahrhunderts (Alderman, Polglase 1988) durch nordamerikanische Flusskrebse nach Europa eingeführt. Diese sind aufgrund einer langen co-evolutionären Beziehung zumindest teilresistent gegenüber einer *A. astaci*-Infektion, übertragen aber den Erreger an europäische Arten, die aufgrund einer kaum vorhandenen Resistenz in kurzer Zeit sterben (Unestam, Weiss 1970). Durch die zunehmende Verbreitung infizierter invasiver Krebsarten in europäischen Gewässern wird auch die Krebspest weiter verbreitet, wodurch die Bestände an einheimischen Flusskrebsarten wie beispielsweise dem Edelkrebs *Astacus astacus* bundesweit gefährdet sind.

Infizierte invasive Flusskrebse setzen kontinuierlich Zoosporen ins umgebende Wasser frei (Strand et al. 2012), wodurch eine permanente Übertragungsgefahr gegeben ist. Der Infektionsstatus einer infizierten Population kann sowohl konventionell über Bereusung oder mittels eDNA-basierten Nachweisverfahren erhoben werden (Strand et al. 2014, Wittwer et al. 2018, 2019). Die Bereusung und Beprobung infizierter Krebsarten zum konventionellen Krebspestmonitoring ist dabei zeitlich beschränkt auf die höhere Aktivität der Flusskrebse zwischen Mai und Oktober. Um die Sporen über eDNA nachweisen zu können, werden bis zu 10 L Wasser über Glasfaserfilter filtriert (Strand et al. 2014; Wittwer et al. 2018). Die

Filter werden anschließend in einem Non-invasivlabor extrahiert und mit einem hochspezifischen Real-time PCR Assay (Vrålstad et al. 2009) semi-quantitativ auf *A. astaci*-spezifische Sequenzmuster abgesucht.

Bei der Anwendung von eDNA konnte gezeigt werden, dass Sporen über das gesamte Jahr in Wasserproben detektiert werden können (Wittwer et al. 2018), und das unabhängig vom Erfolg der parallel erfolgten Bereusung infizierter Krebsbestände (Abb. 1). Während die konventionelle Methode höhere Bestandsdichten und einen hohen Durchseuchungsgrad zur Beurteilung des Infektionsstatus einer infizierten Population benötigen, ist die eDNA-basierte Nachweismethode auch bei geringeren Populationsdichten und Infektionsgraden einsetzbar (Wittwer et al. 2019).



Abb. 1: Ergebnis einer Studie zum eDNA-basierten Nachweis der Krebspest (*A. astaci*) am Gewässer Lütter/Rhön. Klar positive Nachweise wurden an den ersten Probestellen A bis C (rot-oranger Verlauf) erhalten, an diesen wurde auch eine A. astaci-positive Signalkrebspopulation mittels Bereusung nachgewiesen. Stromabwärts nahm der A. astaci-eDNA-Gehalt in Wasserproben ab, bis an den letzten Probestellen G und H (grüner Verlauf) keine eDNA mehr detektiert werden konnte.

Der Einsatz des eDNA Verfahrens zum Schutz der einheimischen Flusskrebsbestände ist gerade in Hinblick auf die Umsetzung der europäischen Richtlinien im Gewässerschutz wichtig. Die Wasserrahmenrichtlinie setzt sich zum Ziel, einen guten ökologischen Zustand aller europäischen Gewässer zu erreichen. Dafür soll der Eintrag von Umweltschadstoffen drastisch reduziert und die Durchgängigkeit der Fließgewässer wieder hergestellt werden. Letzteres soll durch den Rückbau von Wanderhemmnissen wie beispielsweise Wehren umgesetzt werden. Durch die Beseitigung dieser Hindernisse wird die Ausbreitung invasiver Flusskrebsarten erleichtert, die einheimische Arten sowohl durch ihre Eigenschaft als Vektor des Krankheitserregers als auch durch ihre hohe Konkurrenzfähigkeit um Ressourcen wie Nahrung und Unterschlupf verdrängen (Groß 2009). Durch den Einsatz von eDNA kann zum einen eine Gefährdung stromaufwärtsliegender Gewässerabschnitte mit einheimischen Flusskrebsbeständen durch migrierende invasive Flusskrebsarten abgeschätzt werden. Zum anderen kann die eDNA-basierte Nachweismethode zur Untersuchung von Gefahrenquellen, z.B. unbeabsichtigter Sporeneintrag durch Transportwasser von Fischbesatzmaßnahmen oder über Abflüsse von Fischereibetrieben (Wittwer et al. 2019), genutzt werden. Die schnellere und sensitivere eDNA-Detektion (Wittwer et al. 2018) ermöglicht den raschen Einsatz von Gegenmaßnahmen, z.B. chemische oder manuelle Beseitigungsprogramme in definierten Gewässerabschnitten, um die Übertragungsgefahr auf einheimische Flusskrebsarten zu minimieren.

2.2 Anwendungsbeispiel: Schneider

Durch die Gewässerbelastung der letzten Jahrzehnte wurden die Bestände zahlreicher Fischarten stark dezimiert. Der Schneider (*Alburnoides bipunctatus*) beispielsweise, ein ehemals häufiger Vertreter der Cyprinidae (Karpfenartige), ist aus zahlreichen Fließgewäs-

sern verschwunden (Rothe 2002; Boppe 2011). In Hessen wurde die Art in den Jahren 2009 - 2015 in sieben Regionen wiederangesiedelt (Kinzig, Nidda, Sinn, Mümling, Lahn, Döllbach und Ulster; Bobbe 2015). Obwohl über Elektrobefischung vereinzelte Nachweise der Art in den Besatzregionen gelangen, ist der langfristige Erfolg der Wiederansiedlungsmaßnahmen aufgrund des schwierigen Nachweises als unsicher einzustufen.

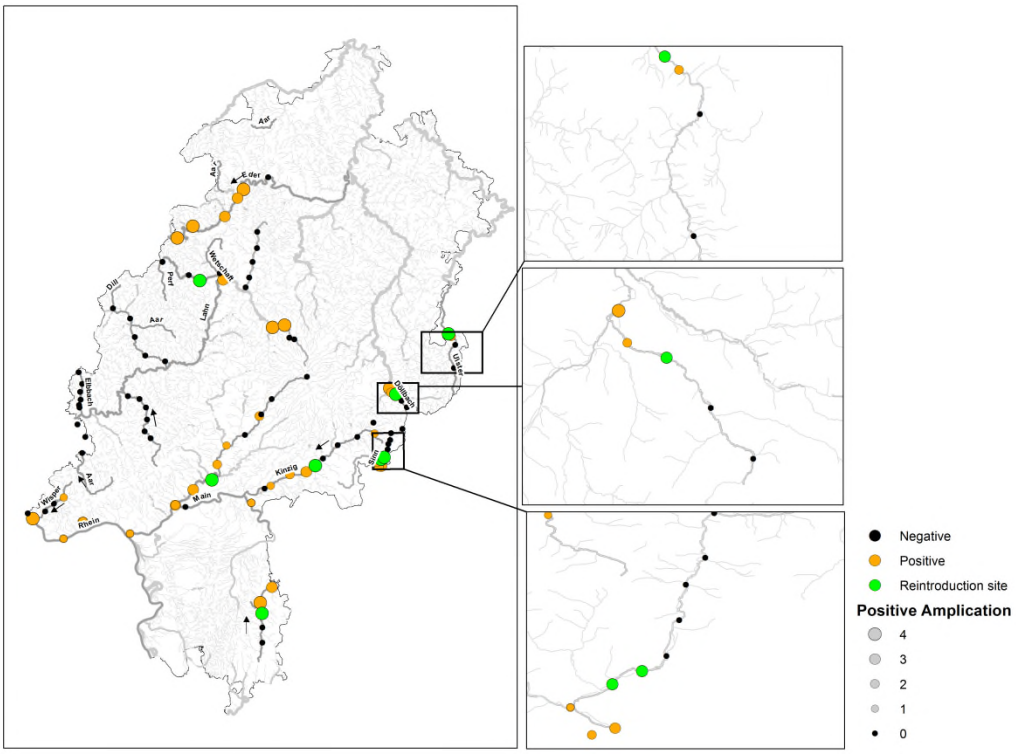


Abb. 2: Lage und Ergebnis einer Studie zum eDNA-basierten Nachweis des Schneiders (*A. bipunctatus*). Schwarze Punkte stellen Negativnachweise dar, orangene belegen erfolgreich detektierte Schneider-Vorkommen. Besatzstandorte sind durch grüne Punkte symbolisiert. Die Größe der Punkte korreliert mit der Anzahl erfolgreicher Artnachweise an einem Untersuchungsstandort. © OpenStreetMap contributors.

Um die Datenlage zu verbessern und den Erfolg der Maßnahmen zu evaluieren, aber auch potentiell unbekannte Vorkommen nachweisen zu können, wurde bei Senckenberg ein eDNA-geeignetes, Schneider-spezifisches Markersystem entwickelt und in zahlreichen hessischen Fließgewässern getestet (Riaz et al. 2018). Zur Detektion werden Wasserproben mit Volumen von bis zu 2 L werden auf kommerziell erhältliche Filterkapseln überführt. Die Entnahme von 115 Wasserproben von 33 Gewässern führte zu 36 positiven Nachweisen der Art (Abb. 2).

Neben den bekannten Reliktvorkommen wie an der nordhessischen Eder konnten bestehende Vorkommen in allen sieben Auswilderungsgewässern bestätigt werden. Hiermit ist der Nachweis erbracht, dass die Besatzmaßnahmen erfolgreich waren. Die ermittelten DNA-Mengen zeigen ferner, dass es sich nicht lediglich um wenige Einzelindividuen, sondern um echte Populationen handeln muss. In einem nächsten Schritt soll die Methode nun auf weitere Fischarten ausgeweitet werden. Ziel ist die parallele, semiquantitative Detektion ganzer Fischgemeinschaften für ein effizientes Biodiversitätsmonitoring in Gewässerökosystemen.

3 Metabarcoding: Die parallele Erfassung ganzer Artgemeinschaften

Während die oben genannten Beispiele die Möglichkeiten zur (semi-) quantitativen Erfassung einzelner Arten aufzeigen, lassen sich mittels eDNA auch zahlreiche Arten parallel detektieren. Moderne Hochdurchsatzsequenzierungs-verfahren (Next Generation Sequencing) ermöglichen es, komplette Artgemeinschaften aus einer einzigen Wasser- oder Bodenprobe heraus zu charakterisieren (Metabarcoding). Die Technik bietet sich auch für ansonsten nur durch Spezialisten zu bestimmende sowie morphologisch kryptische Gruppen, wie etwa Mikroorganismen (Medinger et al. 2010) oder Chironomiden (Zuckmücken) an (Carew et al. 2013). Dies ermöglicht eine Erweiterung bisheriger Ansätze zum Biodiversitätsmonitoring, die traditionell häufig auf gut bestimmbaren Taxa beruhen und bei schwierigen Gruppen Abstriche in der taxonomischen Auflösung machen. Das Metabarcoding wird zwar nicht alle auftretenden taxonomischen Probleme lösen, könnte jedoch zukünftig dabei helfen, ein umfassendes taxaumspannendes Biodiversitätsmonitoring auf Ökosystemebene zu ermöglichen. Auch für die aufwändige Erfassung besonders artenreicher Gruppen in globalen Biodiversitätshotspots hat das eDNA-basierte Metabarcoding ein großes Potential, klassische Erfassungsmethoden wertvoll zu ergänzen. So konnten Balint et al. (2018) in einer Pilotstudie in der Trockenwaldregion Boliviens anhand von Wasserproben aus fünf Tümpeln 25 Arten von Froschlurchen nachweisen; genauso viele wie ein parallel durchgeführtes bioakustisches Expertenmonitoring.

4 Chancen und Grenzen der eDNA-Methode

Die drei obigen Beispiele aus der eigenen Forschung zeigen, dass eDNA-gestützte Nachweisverfahren funktionieren und verlässliche Resultate erzielen. Darüber hinaus ermöglicht der Einsatz von eDNA bereits gute Einschätzungen der Populationsdichte (Thomsen et al. 2012, Dunn et al. 2017) oder der Häufigkeit einer Art (Lodge et al. 2012, Pilliod et al. 2013). Es wird erwartet, dass zukünftig mit eDNA basierten Nachweismethoden schnelle Bestandserfassungen und -beobachtungen im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings gewährleistet werden können.

Jedoch hat die Methodik auch ihre Fallstricke und Limitationen. So kann der Nachweis von Zielorganismen über eDNA unter bestimmten Umständen problematisch sein. Saisonal variierende Umweltfaktoren wie z.B. Temperatur, Wasserführung oder der Eintrag von Schwebstoffen können die Nachweisbarkeit im Wasser stark beeinflussen (Strickler et al. 2015, Jane et al. 2015). Stark variierende eDNA Konzentrationen, beispielsweise aufgrund spezies-spezifisch unterschiedlicher eDNA Exkretion (Thomsen et al. 2012), können die Einschätzung von Populationsdichten erschweren. Da man die zu detektierenden Organismen bei einem eDNA Monitoring oftmals nicht direkt vor Augen hat (Bohmann et al. 2014), kann es bei der Erhebung und Interpretation der Daten zu falsch-positiven und falsch-negativen Ergebnissen kommen. Falsch-positive Ergebnisse zeigen fälschlicherweise eDNA Signale in einer Probe, obwohl der Zielorganismus nicht im untersuchten Gebiet vorkommt. Dieser Fehler tritt in der Regel bei unspezifischen Markersystemen oder Kontaminationen auf. Falsch-negative Ergebnisse zeigen fälschlicherweise kein eDNA Signal, obwohl die Zielart im Untersuchungsgebiet vorhanden ist. Dieser Fehler tritt auf, wenn das genutzte Markersystem nicht sensitiv genug ist oder die Bestandsdichten zu gering sind. Bislang sind die Nachweisgrenzen und deren Einflussfaktoren bei den meisten veröffentlichen Markersystemen nicht hinreichend untersucht. Auch bedingt die hohe Fehler- und Kontaminationsanfälligkeit der Untersuchungen eine besondere labortechnische Ausstattung sowie umfangreiche Expertise des Analyselabors.

5 Kompetenzzentren für eDNA-Analytik

Aktuell steigt die Zahl der Ausgründungen im Gebiet eDNA in Europa immer weiter an, so dass bereits jetzt für entsprechende Forschungsvorhaben zwischen mehreren Anbietern gewählt werden kann. Für den Auftraggeber derartiger Untersuchungen ist es hierbei wichtig zu beachten, dass neben der Beprobung und Analyse selbst auch eine umfangreiche Beratung und Kommunikation sowohl vor stattfindenden Beprobungen als auch zur Interpretation der Ergebnisse unabdingbar ist, um die oben erwähnten Detektionsgrenzen und Umweltfaktoren in die Gesamtbetrachtung einzubeziehen. Insbesondere bei Metabarcoding-Studien ist die Interpretation der Ergebnisse aufgrund der enormen Datenvolumen oft sehr komplex und kann nur mit viel Erfahrung und sehr guten bioinformatischen Kenntnissen geleistet werden. Die Etablierung eines oder mehrerer Kompetenzzentren für eDNA-Analytik wäre ein wichtiger Schritt, um die Entwicklung von standardisierten, praxistauglichen Anwendungen zu unterstützen und eine langfristige, dauerhafte Kompetenz aufzubauen. Unzweifelhaft wird die Methode zukünftig eine immer weiter steigende Rolle im Biodiversitätsmonitoring und Artenschutz spielen.

Literaturverzeichnis

Alderman, D., Polglase, J. (1988): Pathogens, Parasites and Commensals. In: Holdich, D.M., Lowery, R.S. (Eds.): Freshwater Crayfish: biology, management and exploitation. London (Croom Helm): 167-212.

Bálint, M., Nowak, C., Márton, O., Jansen, M. et al. (2018): Accuracy, limitations and cost-efficiency of eDNA-based community survey in tropical frogs. Molecular Ecology Resources 18: 1415-1426.

Barnes, M., Turner, C. (2016): The ecology of environmental DNA and implications for conservation genetics. Conservation Genetics 17: 1-17.

Biggs, J., Ewald, N., Valentini, A., Dunn, F. et al. (2015) Using eDNA to de-velop a national citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (*Triturus cristatus*). Biological Conservation 183: 19-28.

Bobbe, T. (2011): Erste Erfahrungen bei der Wiederansiedlung des Schneiders in Südhessen. Präsentation: Bildungsseminar Kassel-Wilhelmshöhe. URL: http://flussgebiete.hessen.de/fileadmin/dokumente/5_service/bobbe_wiederansiedlung_schneider_20110405.pdf (letzter Zugriff 23.07.2019).

Bobbe, T. (2015): Wiederansiedlung des Schneiders *Alburnoides bipunctatus* (BLOCH 1782) in Südhessen 2009 - 2015. Regierungspräsidium Darmstadt, Obere Fischereibehörde, März 2016, 60 S.

Bohmann, K., Evans, A., Gilbert, M., de Bruyn, M. et al. (2014): Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. Trends in Ecology & Evolution 29: 358-367.

Bourlat, S., Borja, A., Gilbert, Obst, M. et al. (2013): Genomics in marine monitoring: new opportunities for assessing marine health status. Marine pollution bulletin 74: 19-31.

Carew, M., Pettigrove, V., Metzeling, L., Hoffmann, A. (2013): Environmental monitoring using next generation sequencing: rapid identification of macroinvertebrate bioindicator species. Frontiers in zoology 10: 45.

Dejean, T., Valentini, A., Duparc, A., Miaud, C. et al. (2011): Persistence of Environmental DNA in Freshwater Ecosystems. PLOS ONE 6 (8): e23398.

Dunn, N., Priestley, V., Herraiz, A., Arnold, R., Savolainen, V. (2017): Behavior and season affect crayfish detection and density inference using environmental DNA. Ecology and Evolution 7: 7777-7785.

Ficetola, G., Miaud, C., Pompanon, F., Taberlet, P. (2008): Species detection using environmental DNA from water samples. Biology Letters 4: 423-425.

Groß, H. (2009): Edelkrebs kontra Signalkrebs. Natur in NRW 4/09: 2–5.

Gu, W., Swihart, R. (2004): Absent or undetected? Effects of non-detection of species occurrence on wildlife-habitat models. Biological Conservation 116: 195-203.

Jane, S., Wilcox, T., McKelvey, K., Whiteley, A. et al. (2015) Distance, flow and PCR inhibition: eDNA dynamics in two headwater streams. Molecular Ecology Resources 15: 216-227.

Jerde, C., Mahon, A., Chadderton, W., Lodge, D. (2011): "Sight-unseen" detection of rare aquatic species using environmental DNA. Conservation Letters 4: 150-157.

Lodge, D., Turner, C., Jerde, C., Pfrender, M. et al. (2012): Conservation in a cup of water: estimating biodiversity and population abundance from environmental DNA. Molecular Ecology 21: 2555-2558.

Medinger, R., Nolte, V., Pandey, R., Boenigk, J. et al. (2010): Diversity in a hidden world: potential and limitation of next-generation sequencing for surveys of molecular diversity of eukaryotic microorganisms. Molecular Ecology 19: 32-40.

Pietramellara, G., Ascher, J., Borgogni, F., Nannipieri, P. et al. (2009): Extracellular DNA in soil and sediment: fate and ecological relevance. Biology and Fertility of Soils 45: 219-235.

Pilliod, D., Goldberg, C., Arkle, R., Waits, L., Richardson, J. (2013): Estimating occupancy and abundance of stream amphibians using environmental DNA from filtered water samples. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 70: 1123-1130.

Riaz, M., Wittwer, C., Nowak, C., Cocchiararo, B. (2018): An environmental DNA assay for detecting populations of the locally extinct freshwater fish *Alburnoides bipunctatus* in Germany. Conservation Genetics Resources 12, 41-43.

Rothe, U. (2002): Kurzmitteilung – Short Communication. Mitteilungen aus dem Museum für Naturkunde in Berlin/Zoologische Reihe 78: 183-185.

Smith, C., Hill, V. (2009): Dead-end hollow-fiber ultrafiltration for recovery of diverse microbes from water. Applied and Environmental Microbiology 75: 5284-5289.

Strand, D., Jussila, J., Viljamaa-Dirks, S., Vrålstad, T. et al. (2012): Monitoring the spore dynamics of *Aphanomyces astaci* in the ambient water of latent carrier crayfish. Veterinary Microbiology 160: 99-107.

Strand, D., Jussila, J., Johnsen, S.I., Morgan E. et al. (2014): Detection of crayfish plague spores in large freshwater systems. Journal of Applied Ecology 51: 544-553.

Strickler, K., Fremier, A., Goldberg, C. (2015): Quantifying effects of UV-B, temperature, and pH on eDNA degradation in aquatic microcosms. Biological Conservation 183: 85-92.

Taberlet, P., Coissac, E. Hajibabaei, M., Rieseberg, L. (2012): Environmental DNA. Molecular Ecology 21: 1789-1793.

Thomsen, P., Kielgast, J., Iversen, L., Willerslev, E. et al. (2012): Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. Molecular Ecology 21: 2565-2573.

Unestam, T., Weiss, D. (1970): The host-parasite relationship between freshwater crayfish and the crayfish disease fungus *Aphanomyces astaci*: Responses to infection by a susceptible and a resistant species. Journal of General Microbiology 69: 77-90.

Vrålstad, T., Knutsen, A., Tengs, T., Holst-Jensen, A. (2009): A quantitative TaqMan® MGB real-time polymerase chain reaction based assay for detection of the causative agent of crayfish plague *Aphanomyces astaci*. Veterinary Microbiology 137: 146-155.

Wittwer, C., Stoll, S., Strand, D., Vrålstad, T., Nowak, C., Thines, M. (2018): eDNA-based crayfish plague monitoring is superior to conventional trap-based assessments in year-round detection probability. Hydrobiologia 807: 87-97.

Wittwer, C., Stoll, S., Thines, M., Nowak, C. (2019): eDNA-based crayfish plague detection as practical tool for biomonitoring and risk assessment of *A. astaci*-positive crayfish populations. Biological Invasions 21: 1075-1088.

Zhu, B. (2006): Degradation of plasmid and plant DNA in water microcosms monitored by natural transformation and real-time polymerase chain reaction (PCR). Water Research 40: 3231-3238.

Adresse der Autorinnen und des Autors:

Claudia Wittwer*, Maria Riaz und Carsten Nowak
Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung
Fachgebiet Naturschutzgenetik
Clamecystraße 12, 63571 Gelnhausen
E-Mail: *Claudia.Wittwer@senckenberg.de

Einsatz der eDNA-Methode im naturschutzfachlichen Monitoring – Fallbeispiel Kammmolch (*Triturus cristatus*)

Sabrina Mittl, Klaus Richter und Detlef Tolke

Zusammenfassung

In der vorliegenden Studie wurde die grundsätzliche Eignung der eDNA-Methode für Artnachweise von Amphibien im limnischen Bereich am Beispiel des Kammmolches (*Triturus cristatus*) untersucht und bestätigt. Gegenüber der traditionellen Fangmethode erwies sie sich als sensitiver. In 16 von 28 Fällen konnte über die eDNA ein Nachweis erfolgen, nur in sechs von 28 Fällen mittels Flaschenfallen.

Hauptproblem sind die teilweise geringen DNA-Mengen, die zur Untersuchung herangezogen werden können. Umso wichtiger sind eine gute Planung der Probenahme und ein verlustfreies Arbeiten während Extraktion und PCR. Die Annahme, dass eDNA im Gewässer homogen verteilt vorliegt und dadurch Probenahmen ohne Kenntnisse zur Biologie der Zielarten möglich sind, wird im Ergebnis allerdings kritisch gesehen. Die Gefahr falschnegativer Nachweise erscheint relativ hoch, was für die Naturschutzpraxis problematisch ist. Hier sind weitere Untersuchungen notwendig.

Im Rahmen der Studie wurden neue Primer für die in Mitteldeutschland vorkommenden Amphibien entwickelt und intensiv hinsichtlich der Artspezifität und Sensitivität getestet. Der Einsatz von Primer-Kombinationen wird zur Absicherung der Befunde empfohlen.

Die mittelfristige Aufnahme der eDNA-Methode in Monitoringprogramme des Naturschutzes wird diskutiert. Neben weiteren Untersuchungen ist zur Überführung in die Praxis auch der Aufbau entsprechender Strukturen und Kapazitäten notwendig, die bisher in der Praxis höchstens ansatzweise vorhanden sind.

Abstract

The general suitability of the eDNA method to verify the occurrence of amphibian species was investigated and confirmed at the example of the great crested newt (*Triturus cristatus*). The method was more sensitive as traditional catches. Using eDNA the newt were recorded in 16 out of 28 samples, while bottle traps only resulted in six detections.

The key problem is the partially very low amount of DNA in the samples. The sampling design and lossless laboratory work during extraction and PCR are among the most relevant factors. The assumption that eDNA occurs more or less homogenous in the water body has to be critically judged. As a consequence detailed knowledge on the biology of the target species is necessary for taking the water samples. The risk of false negative evidence seems to be still rather high and more investigations are necessary.

During the investigations new primers for the amphibian species occurring in Middle Germany were developed and intensely tested with respect to species specificity and sensitivity. The use of primer combinations is generally recommended.

A medium-term inclusion of the eDNA method as a standard in practical nature conservation is discussed. Alongside with further research it is necessary to establish appropriate structures and capacities that thus far barely exist.

1 Einleitung

Die Kenntnis über das Vorkommen von Pflanzen- und Tierarten ist eine wesentliche Voraussetzung für den Naturschutz, sowohl bei der Beurteilung von Planvorhaben als auch bei der Umsetzung praktischer Schutzmaßnahmen und deren Erfolgskontrolle. Die Anforderungen an die Erfassung von Arten sind in den letzten Jahren deutlich gestiegen. In Umsetzung der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (FFH-RL) ergibt sich die Verpflichtung, bei einer Vielzahl von Planverfahren artenschutzrechtliche Prüfungen durchzuführen sowie eine dauerhafte Überwachung ausgewählter Lebensräume und Arten einzurichten.

In Deutschland findet das FFH-Monitoring als Stichprobenmonitoring nach bundesweit einheitlichen Methoden statt (Bundesamt für Naturschutz, Bund-Länder-Arbeitskreis FFH-Monitoring und Berichtspflicht 2017) und basiert auf traditionellen Feldmethoden. Molekularbiologische Verfahren spielen hier bislang keine Rolle.

Die Erfassung und Bewertung von Arten erfordert Expertenwissen. Dieses ist selbst bei traditionell gut untersuchten Artengruppen – wie bspw. den Amphibien – im erforderlichen Umfang oft nicht ausreichend vorhanden oder langfristig gesichert. Folglich besteht ein starkes Interesse daran, ergänzende oder gar alternative Erfassungsmethoden zu nutzen.

Vor etwa 10 Jahren wurden erste Untersuchungen vorgestellt, bei denen einzelne aquatische Arten allein mit Hilfe von DNA-Spuren nachgewiesen wurden, welche die Individuen im Gewässer als sogenannte Umwelt-DNA = environmental DNA hinterlassen (Ficetola et al. 2008, Beija-Pereira et al. 2009, Darling, Mahon 2011, Dejean et al. 2011). Seitdem beschäftigen sich viele Arbeiten damit, die Nutzung von eDNA für den Präsenznachweis invasiver oder seltener Arten oder gar für die Abschätzung derer Populationsgrößen weiter zu entwickeln (Thomsen et al. 2012, Eichmiller et al. 2016). Einen Überblick über die methodischen Ansätze und Probleme geben Rees et al. (2014) sowie Taberlet et al. (2018) und weisen auf die Notwendigkeit einer weiteren Standardisierung der eDNA-Methode hin.

Viele Studien belegen die Effizienz und die hohe Sensitivität des eDNA-Verfahrens (u.a. Biggs et al. 2015, Eiler et al. 2018), die Gefahr falsch positiver oder falsch negativer Ergebnisse ist jedoch noch recht groß (Darling, Mahon 2011). Es besteht weiterhin Untersuchungsbedarf um die Zuverlässigkeit und die Aussagekraft der Ergebnisse zu erhöhen.

Für eine routinemäßige Anwendung der eDNA-Methode im Naturschutz ist eine hohe Zuverlässigkeit notwendig. In der hier vorgestellten Fallstudie wird diese sowohl für die Probenahme als auch für die Durchführung der labortechnischen Verfahren getestet.

Nicht zuletzt stellt sich die Frage, wie die im Naturschutz tätigen Akteure und Akteurinnen strukturell auf die Anwendung dieser neuen Methode eingestellt sind.

2 Die eDNA-Methode und deren Anwendung im Naturschutz

Die eDNA liegt in Form von Geweberesten, abgestoßener Haut und Darmzellen (intrazellulär) oder in Ausscheidungen, z.B. Speichel oder Kot (extrazellulär) vor. Sie kann als ein Gemisch aus DNA-Fragmenten vieler Organismen in einer Umweltprobe (z.B. Wasser, Sediment) gesammelt und untersucht werden (vgl. Taberlet et al. 2018).

Die eDNA-Methode umfasst folgende Verfahrensschritte: 1. Probenahme, 2. DNA-Fällung, 3. DNA-Extraktion, 4. Polymerasekettenreaktion (PCR) und 5. Visualisierung (Gelelektrophorese = klassische PCR, Signalkurve in der quantitativen PCR = real time PCR). Im Rahmen der Qualitätskontrolle sollte ein bestimmter Prozentsatz der Amplifikate sequenziert und hinsichtlich der eindeutigen Zuordnung zur Ziel-Art geprüft werden.

Welche Artengruppen und Ökosysteme sich für die Anwendung der eDNA-Verfahren eignen hängt im Wesentlichen davon ab, ob die Organismen eine entsprechende Menge eDNA in der Umwelt hinterlassen und ob diese effektiv in einer Umweltprobe eingesammelt werden kann. Bei aquatischen Organismen wie zum Beispiel Amphibien, Fischen und Mollusken trifft das zu (Thomsen, Willerslev 2015, Taberlet et al. 2018). In terrestrischen Habitaten spielen Arten eine Rolle, die sich über Exkremente (Fledermäuse) oder speicheldurchtränkte Holzreste (xylobionte Käfer) nachweisen lassen (vgl. Rees et al. 2014). Mit der Weiterentwicklung der Methode werden auch andere Organismengruppen wie Libellen, Krebstiere und Pflanzenarten stärker in den Fokus geraten (Thomsen et al. 2012, Taberlet et al. 2018).

Die für bestimmte, vor allem aquatische Artengruppen (z.B. Amphibien) belegte höhere Sensitivität gegenüber traditionellen Feldmethoden gilt als eine der maßgeblichen Vorzüge beim Einsatz von eDNA (Jerde et al. 2011, Biggs et al. 2015, Eiler et al. 2018). Vorteilhaft ist die Tatsache, dass der Nachweis zusätzlich über schwer erfassbare Entwicklungsstadien (Kaulquappen, Larven) erfolgen kann. Damit vergrößert sich der Erfassungszeitraum auch im Sinne der besseren Verteilung von Arbeitskapazitäten (vgl. Thomsen, Willerslev 2015). Die Anwendung der eDNA-Methode ist zudem nicht invasiv (vgl. auch Thomsen, Willerslev 2015). Es muss nicht auf Individuen ggf. streng geschützter Arten zugegriffen werden und Habitate werden weitgehend geschont. Erste Untersuchungen haben ergeben, dass sich die eDNA-Methode für qualitative Artnachweise schnell und kostengünstig anwenden lässt (vgl. auch die detaillierte Effizienzbetrachtung bei Herder et al. 2014).

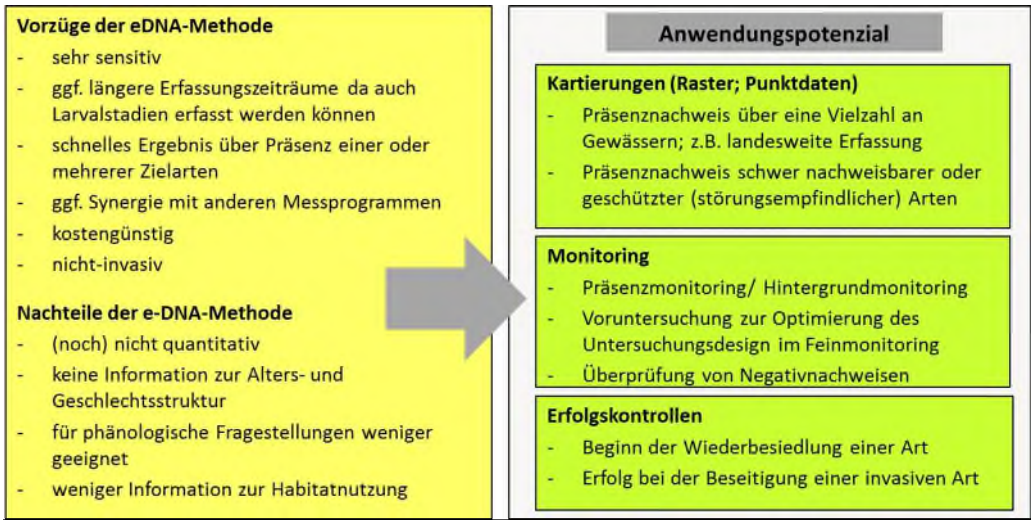


Abb. 1: Vorzüge und Nachteile der eDNA-Methode und die sich daraus ergebenden Anwendungspotenziale im Sinne einer Routineanwendung im Naturschutz.

Unabhängig von noch vorhandenen methodischen Problemen hat das Verfahren aber auch Nachteile. Die quantitative PCR (= real-time-PCR) bietet zwar die Möglichkeit, über eine Signalkurve die DNA-Konzentration der Zielart in der Laborprobe zu messen, eine zuverlässige Abschätzung der Populationsgröße ist damit jedoch noch nicht möglich. Dafür gibt es mehrere Gründe. Es ist nicht belegt, dass die DNA homogen verteilt ist. Eine genügend hohe Probenzahl um die Repräsentativität zu gewährleisten, ist nicht praktikabel. Auch nach der Probenahme beeinflusst eine Vielzahl weiterer Faktoren die DNA-Konzentration (Taberlet et al. 2018). Für eine quantitative Auswertung von eDNA-Proben bieten die bisher vorliegenden Studien (u.a. Thomsen et al. 2012, Thalinger et al. 2018) lediglich erste Ansätze. Auch über Geschlechter- und Altersstruktur der Population lassen sich keine Aussagen treffen. Selbst der oben als positiv dargelegte, erweiterte Erfassungszeitraum kann

sich im Einzelfall als Nachteil erweisen, wenn es um phänologische Daten geht. Fragen der Habitatnutzung lassen sich mit traditionellen Methoden besser beantworten.

Angesichts der dargelegten Potenziale der eDNA-Methode ist sie als Routineanwendung im Naturschutz vor allem bei Erfassungsprogrammen denkbar, bei denen Präsenznachweise im Vordergrund stehen (siehe Abb. 1).

3 Fallstudie – Kammmolch (*Triturus cristatus*)

3.1 Aufgabenstellung

Um die Anwendung der eDNA-Methode für routinemäßige Aufgaben im Naturschutz zu testen, sollte eine planungsrelevante Art untersucht werden. Der Kammmolch (*Triturus cristatus*) ist eine in der FFH-Richtlinie Anhang II gelistete Art, deren Vorkommen bei Planvorhaben und im Rahmen der Monitoringverpflichtung regelmäßig erfasst und bewertet werden müssen. Mit den Studien von Thomsen et al. (2012) und Biggs et al. (2015) liegen erste Erfahrungen und Vergleichsdaten für diese Art vor.

Das stichprobenbasierte Monitoring in Sachsen, bei dem der traditionelle Flaschenfallen-Fang eingesetzt wurde, erbrachte häufig keinen Nachweis des Kammmolches im untersuchten Gewässer. Die eDNA-Methode könnte ein Zweitverfahren zur Verifizierung von Negativnachweisen sein. Dies war der konkrete Anlass für die Durchführung der Fallstudie, welche in Zusammenarbeit der Hochschule Anhalt und dem Praxispartner BfUL (Staatliche Betriebsgesellschaft für Umwelt und Landwirtschaft) im Rahmen einer Masterarbeit durchgeführt wurde (Mittl 2017).

Dabei standen die Implementierung des eDNA-Verfahrens in den Naturschutz, die Weiterentwicklung des Probenahmedesigns und der Vergleich der traditionellen Methode mit Ergebnissen der eDNA-Methode im Vordergrund.

Die Spezifität und die Sensitivität des Verfahrens sollten getestet und erforderlichenfalls optimiert werden. Des Weiteren waren Kontaminationsrisiken zu identifizieren und verfahrenstechnisch auszuschließen. Hinsichtlich des Probenahmedesigns war das konkrete Handling festzulegen. In der Arbeit von Mittl (2017) wurde speziell der Frage nachgegangen, ob tatsächlich von einer homogenen Verteilung der eDNA im Gewässer ausgegangen werden kann.

Insgesamt sollten anwendungsbezogene Probleme identifiziert und ggf. Anforderungen an die Weiterentwicklung und Standardisierung der Methode formuliert werden.

3.2 Versuchsanordnung

3.2.1 Feldmethoden

Für die Fallstudie wurde ein bekanntes Kammmolch-Gewässer in Sachsen ausgewählt. Dieser Teich bei Grimma ist ca. 2 ha groß und in großen Teilen (80 %) nur 0,5 m tief.

Nordwestlich des Gewässers verläuft eine Straße, an der in der Zeit vom 01. März bis Mitte April 2017 seitens der unteren Naturschutzbehörde Nordsachsen ein Amphibienschutzzaun installiert wurde. Die in Eimern gefangenen Kammmolche und anderen Amphibien wurden über die Straße hinweg unmittelbar in den Teich gesetzt. Damit liegen Informationen zur Migration des Kammmolches sowohl im Hinblick auf Dauer als auch der Individuenzahl vor.

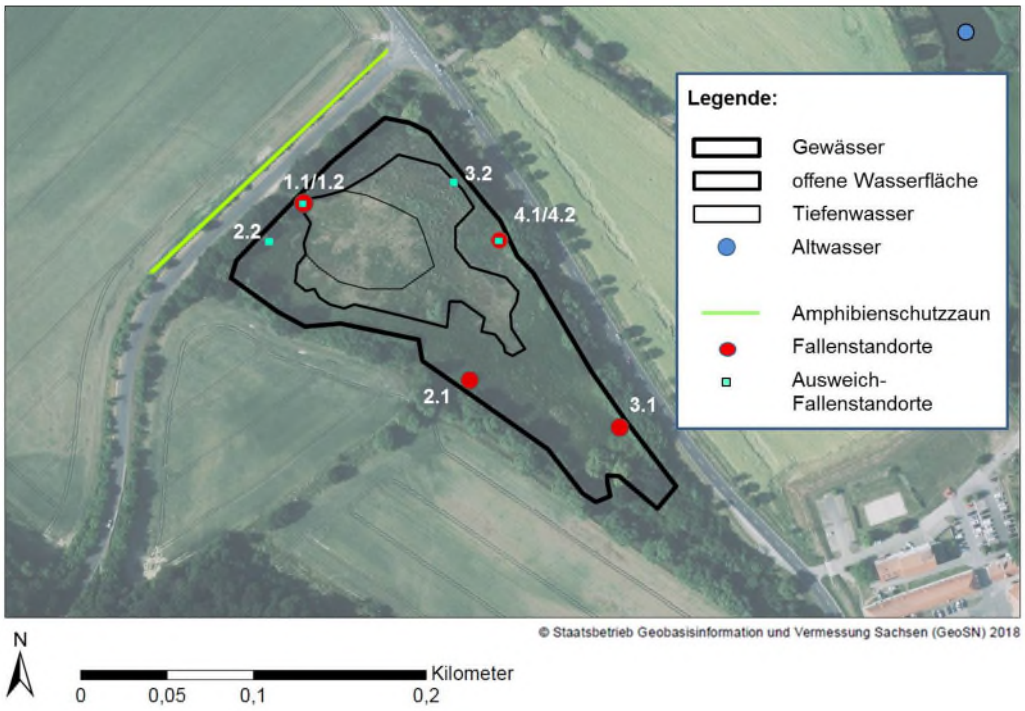


Abb. 2: Untersuchungsgebiet Aueteich bei Grimma (Sachsen).

Für die Fallstudie wurden 1-2 m von der Uferlinie entfernt vier Fallensets mit je fünf Flaschenfallen ausgebracht. Dies erfolgte in insgesamt sieben Fangperioden à drei Nächten von Mitte März bis Mitte Juni 2017. Die Fallen lagen etwa 0,5 - 2 m voneinander entfernt. Die Fallensets wurden in vier verschiedenen als Kammmolchhabitate geeignet erscheinenden Bereichen eingebracht (siehe Abb. 2). Die Fallensets 2 und 3 mussten in den beiden letzten Fangperioden wegenwegen eines zu geringen Wasserstandes verlagert werden (2.2 und 3.2, vgl. Abb. 2).

Je Fallenstandort wurden drei 15-ml Wasserproben eine Armlänge vom Gewässerrand entnommen. Außerdem erfolgte eine sogenannte gepoolte Probe. Von drei zufällig ausgewählten Fallenstandorten wurden dazu je 15-ml Wasser gesammelt. Damit sollen Vergleichsdaten erhoben werden um zu klären, ob sich mit einer zufälligen Beprobung in gleicher Weise ein Nachweiserfolg einstellt wie mit einem strikten und räumlich festgelegten Beprobungsplan (siehe auch Abb. 3).

3.2.2 Labortechnische Methoden

Die labortechnischen Methoden richten sich nach Ficetola et al. (2008). Für die Extraktion wurde DNeasy Blood & Tissue-Kit (Qiagen) verwendet. Die Amplifikation (Vervielfältigung der DNA) erfolgte in einem klassischen Thermocycler und die Visualisierung im 2,5 % Agarose-Gel mit 5 µl Rotisafe (Farbstoff). Zur Absicherung der Artansprache wurden über 50 % der PCR-Produkte, die ein positives Ergebnis für *Triturus cristatus* zeigten, sequenziert. Das Ergebnis wurde mittels SeqTrace und BioEdit editiert und interpretiert.

Nachfolgend sollen Ausführungen zur Primer-Entwicklung gemacht werden, da diese für die Implementierung des Verfahrens überaus bedeutsam ist. Kleinere methodische Spezifikationen in den sonstigen Verfahrensschritten sind bei Mittl (2017) enthalten.

Die Primer bestimmen auf einem DNA-Strang den Abschnitt, der mittels PCR millionenfach vervielfältigt und später identifiziert wird. Diese Primer müssen für Einzelart-Nachweise artspezifisch sein. Die Länge des abzulesenden DNA- Stranges beeinflusst die Sensitivität

des Verfahrens. In der sich zersetzenden DNA sind oft keine langen Stränge mehr enthalten. Darum empfiehlt es sich Primer für kürzere DNA-Stränge einzusetzen. Diese bergen aber das Risiko geringerer Artspezifität.

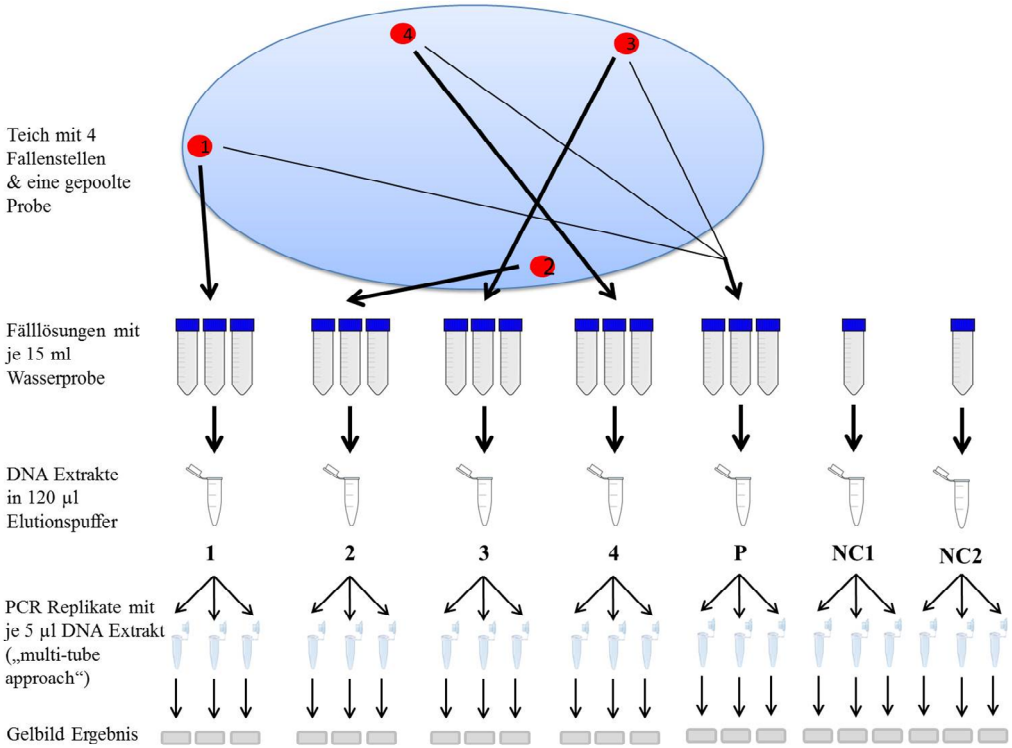


Abb. 3: Beprobungsschema der eDNA-Beprobung an den Fallenstandorten und Probenaufteilung bei der Aufbereitung und Analyse je Beprobungstermin („Einzelproben“ (1-4), eine gepoolte Probe (P) und zwei Negativkontrollen (NC1-2)).

Da bei nah miteinander verwandten Arten, wie beispielsweise den Molchen, die Gefahr falschpositiver Nachweise hoch ist, muss die Primerentwicklung einen Test der Artspezifität enthalten.

In der Literatur, die sich mit der methodischen Entwicklung der eDNA-Methode beschäftigt, wird der Schritt der Amplifizierung (Polymerasekettenreaktion) mit der klassischen PCR (Ficetola et al. 2008) wie auch mit der quantitativen PCR beschrieben (vgl. Thomsen et al. 2012, Thomsen, Willerslev 2015, Taberlet et al. 2018).

Die von Thomsen et al. (2012) in einer quantitativen PCR getesteten Primer für den Kammmolch haben sich bei der Anwendung bei der klassischen PCR als problematisch erwiesen. Es kam zu falsch positiven Nachweisen, wenn DNA des Teichmolches (*Lissotriton vulgaris*) in der Probe enthalten war. Die Spezifität von Primern, die in der quantitativen PCR erfolgreich getesteten wurden, ist möglicherweise nur in der quantitativen PCR gegeben.

Zu Beginn der Fallstudie wurden deshalb für alle in Mitteldeutschland einheimischen Amphibienarten weitere Primerpaare für die klassische PCR entwickelt. Dies erfolgte mit Hilfe der GenBank (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/) und des Datenbank-Tools Clustal Omega. Danach wurden die Primer in „silicio“ auf Artspezifität unter Nutzung der Primer-Blast-Software (von NCBI (National Center for Biotechnology Information)) geprüft. Hier festgestellte Überschneidungen mit nahverwandten Arten (*Triturus carnifex, T. kalinii und T.*

dobrogicus) sind unkritisch, da sie im Gebiet nicht vorkommen. Ein weiterer Test der Primer im Labor unter Verwendung von DNA-Proben der heimischen Molcharten (*L. vulgaris* und *I. alpestris*) konnte Überschneidungen ausschließen.

Als nächster Schritt wurde die Sensitivität der entwickelten Primer geprüft. Für den Kammmolch wurden dafür zwei Primer-Paare ausgewählt: Primerpaar 1 amplifiziert weniger als 150 bp (Basenpaare) (forward 5'-GCTAACGGAGCCTCGCTAT-3', reverse 5'-CCAGAAATAGTAAGACTACGCC-3'; 118 bp amplicon, Tm 54 °C), Primerpaar 2 amplifiziert ca. 300 bp (forward 5´-CGTAGTCTTACTATTTCTGGTC-3´, reverse 3´-AGAGGAGATGCCTGTTGGATTG-5´; 291 bp amplicon, Tm 59.5°C).

Für die einheimischen Arten erwiesen sich die entwickelten Primer als absolut artspezifisch, zeigten jedoch unterschiedliches Nachweisverhalten bei Verdünnung (Nachweisgrenzen von 0,1 ng mit Primerpaar 2 und bis zu 0,01 ng für Primerpaar 1; siehe Abb. 4).

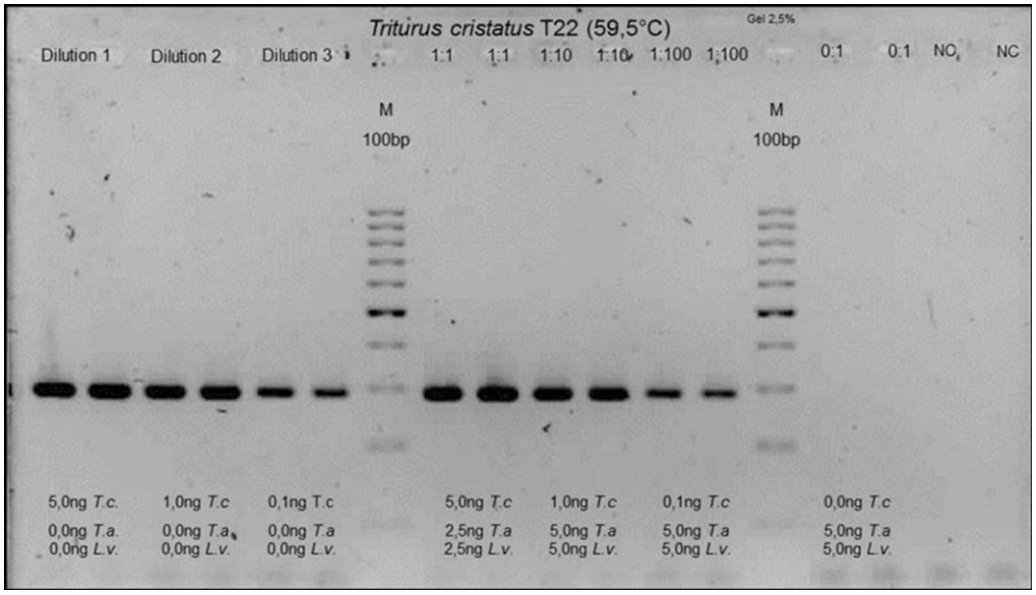


Abb. 4: Visualisierung der erfolgreich amplifizierten eDNA von *Triturus cristatus* im Sensitivitätstest (Verdünnungsreihe) in Kombination mit DNA nahe verwandter Molcharten zum Test der Spezifität (T.c. = *Triturus cristatus*, T.a. = *Ichthyosaura alpestris*, L.v. = *Lissotriton vulgaris*) (Foto: S. Mittl).

3.3 Ergebnisse

Mit letztlich sieben Beprobungsterminen und vier Probestellen (ohne gepoolte Probe) ergaben sich 28 Nachweisoptionen. Mit dem Primerpaar 1 waren acht von 28 möglichen Nachweisoptionen erfolgreich, beim Primerpaar 2 waren es immerhin 14 der 28 Optionen. In Kombination beider Primerpaare waren 16 der 28 Nachweisoptionen erfolgreich. Mit dem Primerpaar 1 wurden mehr Nebenbanden erzeugt als mit Primerpaar 2, was die Interpretation erschwerte (siehe Abb. 5 links im Vergleich zu Abb. 5 rechts). Der Nachweiserfolg war je Probenahmestelle und Beprobungstermin sehr unterschiedlich.

Die gepoolten eDNA-Proben erbrachten mit dem Primerpaar 1 in drei Fällen (Perioden) keine Nachweise, obwohl an den Einzelstandorten ein Nachweis gelang. Dies ist weniger der geringeren Sensitivität des eigentlich sensitiveren Primers 1 zuzuordnen sondern deutet viel mehr auf zu geringe DNA-Konzentration hin. Wenn mit dem Primerpaar 2 ein Nachweis für mindestens einen Einzelstandort gelang, war auch die gepoolte Probe positiv. Primerpaar 2 ist robuster und hat in unserem Test trotz seiner geringeren Sensitivität eine

höhere Nachweisrate erbracht. Die Stärken der jeweiligen Primerpaare werden durch den gepaarten Einsatz kombiniert.

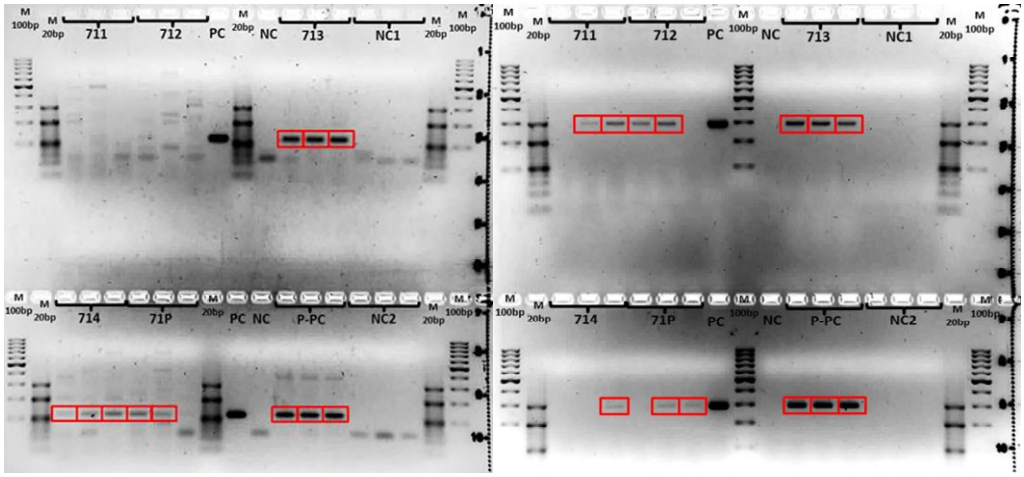


Abb. 5: Gelbild zur Visualisierung der amplifizierten Ziel-Sequenz von *Triturus cristatus* mit Primerpaar 1 (links) und Primerpaar 2 (rechts) aus realen Teich-wasserproben am 7. Beprobungstermin. Die Kennzeichnung der jeweiligen 3er-Proben (z.B. 711) codifiziert den Beprobungstermin (7), den Teich (1) und die Fallenstelle (1). Die erfolgreich amplifizierte Ziel-Sequenz wird durch Banden an den entsprechenden Positionen visualisiert (rot umrandet). An den Fallenstandorten 1 und 2 konnte nur mit dem Primerpaar 2 ein Nachweis des Kammmolches erfolgen. Die Positiv- und Negativkontrollen zeigen einen gelungenen Ablauf von Probenahme und Laborarbeit. (Foto: S. Mittl).

Die Sequenzierung bestätigte anhand der Banden im Gel die Identifikation des Kammmolches. Einzelne Sequenzierungsergebnisse führten auch zu anderen Arten, die jedoch in Deutschland nicht vorkommen.

Am Amphibienschutzzaun wurden 191 Kammmolche gefangen, die in den Teich verbracht wurden. Dort konnten mittels Flaschenfallen lediglich 15 Individuen nachgewiesen werden. Sowohl in räumlicher als auch zeitlicher Hinsicht (Anzahl der Nachweistermine) gelangen mittels eDNA mehr Nachweise als mit der traditionellen Flaschenfang-Methode (siehe Tab. 1 und Abb. 6). Anhand der eDNA war an sechs der sieben vergleichbaren Beprobungstermine ein Nachweis gelungen, mit der Fallenfangmethode nur an vier der sieben der Fangperioden. An nur zwei der vier Fallenstandorte wurden Kammmolche gefangen. Nachweise über eDNA gelangen hingegen an allen Standorten, allerdings zu unterschiedlichen Zeiten. Die bislang vorherrschende Annahme einer homogenen Verteilung der eDNA wird durch die Ergebnisse folglich nicht gestützt.

Tab. 1: Übersicht über die Nachweise von *Triturus cristatus* im Vergleich der Fallen-fangmethode und der eDNA-Methode mit der Kombination von 2 Primer-paaren.

Periode	**Standort 1**		**Standort 2**		**Standort 3**		**Standort 4**	
	Fallenfang	eDNA (Pp1/2)	Fallenfang	eDNA (Pp1/2)	Fallenfang	eDNA (Pp1/2)	Fallenfang	eDNA (Pp1/2)
0	-	1/0	-	1/0	-	0	-	0
1	0	0	0	0	0	0	1	0
2	0	0	0	0	1	1/1	1	0/1
3	0	0	0	0	0	0	0	1/0
4	0	1/1	0	0	0	0/1	0	0/1
5	0	1/1	0	1/0	0	0	0	1/1
6	0	0/1	0	0/1	1	0	1	0/1
7	0	0/1	0	0/1	0	1/1	1	1/1
Summe	0	4 (2/4)	0	3 (1/2)	2	3 (2/3)	4	6 (3/5)

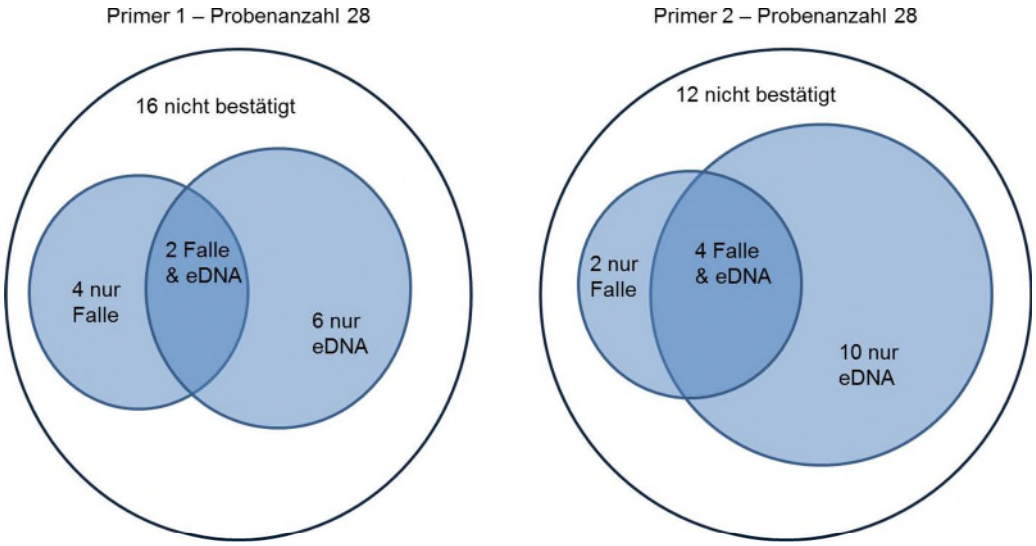


Abb. 6: Positivnachweise im Vergleich Flaschenfallen und eDNA für die beiden jeweiligen Primer.

4 Diskussion

Die Studie bestätigt die bereits von Biggs et al. (2015) getroffene Feststellung, dass für Präsenznachweise von Kammmolchen die eDNA-Methode gegenüber dem Fallenfang sensitiver ist.

Die Ergebnisse der Fallstudie zeigen jedoch auch, dass trotz Beobachtung der Zielart (Fallenfang) nicht jede am Fallenstandort entnommene eDNA-Probe einen Nachweis erbrachte. Für diese falsch-negativen Befunde gibt es mehrere Gründe. Das sind einerseits die zu geringe Konzentration der eDNA im Gewässer bzw. an unterschiedlichen Probestellen sowie in der Probenaufbereitung und andererseits eine unzureichende Sensitivität der artspezifischen Primer.

Die eDNA unterliegt Abbauprozessen. Dejean et al. (2011) weisen darauf hin, dass die Nachweisbarkeit von wenigen Tagen bis mehreren Wochen reichen kann. Hohe Temperaturen und die einhergehende hohe Aktivität von Mikroorganismen beschleunigen die Zersetzung der DNA, die Anwesenheit absorbierender Partikel hingegen kann verzögernd wirken (Taberlet et al. 2018). Die zur Probenahme vorgefundenen Wasserverhältnisse (z.B. Algenwuchs, Sedimentaufwirbelungen) sollten protokolliert werden, um die Ergebnisse später besser interpretieren zu können.

Aus Gründen der geringen DNA-Konzentration und wegen des nicht exakt kalkulierbaren DNA-Zerfalls sollte zunächst standardmäßig die Beprobung wie bei der traditionellen Methode im Hauptaktivitätszeitraum der Art stattfinden. Außerhalb dieser Periode ist mit zu geringer DNA-Konzentration zu rechnen, was zu falsch-negativen Ergebnissen führt. Erst wenn weitere Studien eine ausreichend hohe eDNA-Konzentration im Gewässer auch später im Jahr (bspw. Larvalzeit) belegen, kann der Erfassungszeitraum ggf. auch entsprechend erweitert werden (siehe Eiler et al. 2018).

Die häufig getroffene Annahme einer gleichmäßigen Verteilung der eDNA im Gewässer (vgl. Thomsen et al. 2012, Wittwer et al. 2017) wird hier kritisch gesehen und durch die Ergebnisse der Studie nicht unterstützt. Über die Diffusionsraten und räumliche Verteilung der eDNA in natürlichen Ökosystemen liegen auch nach Ansicht anderer Autoren keine ausreichenden Erkenntnisse vor (Davison et al. 2016, Diaz-Ferguson, Moyer 2014, Taberlet et al. 2018). Eine homogene Verteilung trifft eventuell bei Gewässern mit überwiegend freier

Wasserfläche zu, weniger jedoch bei Teichen mit dichten Pflanzenbeständen, die einen Wasseraustausch behindern.

Bei nur 3 x 15 ml Wasserprobe, wie von Thomsen et al. 2012, Rees et al. 2014, Sigsgaard et al. 2015 empfohlen, ist die Gefahr sehr groß, dass bei heterogener Verteilung zu wenig DNA der Zielart eingesammelt wird. Ein Positivnachweis ist dann am besten gewährleistet, wenn Probenehmende die Habitatbereiche im Gewässer einschätzen können (vgl. auch Rees et al. 2014).

Um das Risiko einer zu geringen DNA-Konzentration zu minimieren, empfiehlt sich eine Erhöhung der Probenanzahl oder der Probenmenge. Bei letzterem kann ein in Fließgewässern getestetes Filterverfahren angewandt werden (Laramie et al. 2015, Eiler et al. 2018). Neben der geringen DNA-Konzentration im Gewässer spielt auch der DNA-Zerfall in der Probenaufbereitung eine maßgebliche Rolle. Die hier verwendete Methode der DNA-Fällung in einem gekühlten Natriumacetat-Ethanol-Gemisch hat sich bewährt. Die DNA sollte so schnell wie möglich extrahiert werden, erst dann sind die Proben nahezu unbegrenzt lagerfähig (vgl. auch Taberlet et al. 2018).

Die nach der Extraktion erzielten DNA-Mengen waren in der Studie sehr gering. Die Wahrscheinlichkeit ist somit groß, dass beim Pipettieren kleinster Mengen der extrahierten DNA keine Ziel-DNA in die zumeist nur drei vorgesehenen Replikate zur PCR gelangt. Es sollte erwogen werden die Anzahl der Replikate zu erhöhen.

Ein weiteres Risiko falsch-negativer Befunde besteht bei unzureichender Sensitivität der Primer. Wie die Ergebnisse der Studie zeigen, führen unterschiedliche Primer zu abweichenden Ergebnissen (siehe auch Eiler et al. 2018). Die Primer-Spezifität läuft der Primer-Sensitivität teilweise zuwider. Es gibt möglicherweise keine perfekten Primer. Primer für kürzere Amplifikationen sind sensitiver, erzeugten aber in der vorliegenden Studie Nebenbanden im Elektrophorese-Gel, die die Interpretation der Ergebnisse beeinträchtigten. In der hier vorgestellten Fallstudie wurde eine Kombination von zwei Primerpaaren angewandt. Dieser Ansatz erhöht die Zuverlässigkeit der eDNA-Methode, wie auch Beja-Pereira et al. (2009) zeigen konnten.

Trotz größter Sorgfalt besteht neben falsch-negativen Befunden auch immer die Gefahr falsch-positiver Ergebnisse durch Kontaminationen. Für die Implementierung einer speziellen Anwendung in den jeweiligen Laboren sind Tests durchzuführen, um laborspezifische Kontaminationsrisiken und andere Artefakte bewerten und eingrenzen zu können (vgl. auch Taberlet et al. 2018). In Tabelle 2 sind die kritischen Verfahrensschritte bei der Implementierung der eDNA-Methode zusammengefasst dargestellt.

Die Anwendung der eDNA-Methode im Biodiversitätsmonitoring wird trotz noch vorhandener methodischer Probleme und der zurzeit bestehenden Beschränkung auf qualitative Aussagen empfohlen. Nur so können sich die erforderlichen Strukturen und Fachkapazitäten bei den beteiligten Akteuren entwickeln und eine breite Basis für die Weiterentwicklung des eDNA-Verfahrens bilden. Dies sollte in Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Einrichtungen stattfinden. Für die Routineanwendung werden die Universitäten und öffentlichen Forschungsinstitute jedoch keine Partner sein können. Die Implementierung der Verfahren in die staatlichen Umweltlabore der Länder wäre ein wichtiger Schritt zur Anwendung der eDNA-Methode imnaturschutzfachlichen Monitoring. Private Auftragnehmer könnten hier eine Kapazitätserweiterung bilden.

Tab. 2 : Übersicht über die kritischen Verfahrensschritte bei der Implementierung der eDNA-Methode

Verfahrensschritt	kritische Größe	Empfehlung
Probenahme	Auswahl der Probestellen	nach fachlichen Kriterien (Habitateignung für die Zielart)
		Einsatz geschulter Probenehmer
		mindestens 3 Probestellen; ggf. an mehreren Stellen beproben und bereits im Gelände poolen
	Anzahl der Proben	mindestens 3 x 15-ml Probewasser; bei Ungewissheit einer hinreichenden Vermischung des Wasserkörpers je nach Länge der Uferlinie weitere Proben
	Reinheit der Proben	Probenwasser möglichst ohne Verunreinigungen aufnehmen (z.B. pipettieren)
	Kontamination	mit Einweg-Materialien arbeiten
		Negativkontrollen bereits im Gelände mitführen
		Auffälligkeiten am Probenahmeort protokollieren (Algenwuchs, Verunreingungen), möglichst pH-Wert messen
	Beprobungszeitraum	möglichst im Hauptaktivitätszeitraum (Ausweitung auf Nebenaktivitätszeiträume oder Zeiträume mit Larvalstadien erst, wenn eine Nachweisbarkeit in einer Pilotstudie festgestellt wurde)
	Lagerung/ Transport	Ethanolfällung im Gelände; möglichst umfassend Proben und Probengefäße auch im Gelände kühl halten (Optimum: -20°C mittels Trockeneis).
DNA-Extraktion	zu geringe DNA-Konzentration	Proben poolen
		anderen Kit verwenden (oder bereits bei der Probenahme auf Filterung umstellen)
	Kontamination	stets Negativ-Proben mitführen
Primer-Entwicklung	Spezifität und Sensitivität	vor der Routineanwendung Spezifität der Primer unter konkreten Verfahrensbedingungen testen (Kreuztest mit nah verwandten Arten).
		Primersensitivität im Verdünnungsexperiment testen
		Kombination von Primern, die unterschiedlich lange Sequenzen amplifizieren, verwenden
PCR und Visualisierung	Gerätespezifik	vor Routineanwendung mit high-quality-DNA (aus Geweben oder Häutungen) das Verfahren testen
	zu geringe DNA-Mengen	mehr Replikate anfertigen, da die Gefahr besteht, dass bei den geringen Mengen und geringer DNA-Konzentration einzelne Replikate keine Ziel-DNA enthalten.
	zu geringe Sensitivität in der Visualisierung	statt klassischer PCR real-time-PCR anwenden
	Kontamination	stets Positiv- und Negativ-Proben mitführen

Molekularbiologische Verfahren halten auch in anderen Umweltbereichen Einzug. Für die Erhebung des Makrozoobenthos zur Umsetzung der Anforderungen aus der Wasserrahmen-Richtlinie werden derzeit molekularbiologische Methoden entwickelt (Greyer et al. 2017). In der Futtermittelüberwachung sind diese bereits gesetzlich vorgeschrieben. Die Zentrallabore der Länder verfügen über die labortechnische Ausstattung und Fachkompetenz. In Sachsen wurde 2011 ein Fachbereich „Messnetz Naturschutz“ in der Betriebsgesellschaft für Umwelt und Landwirtschaft (BfUL) für die Durchführung des Monitorings nach FFH-RL und Vogelschutz-Richtlinie gegründet. Synergien mit den anderen Umweltbereichen ermöglichen es, auch im Naturschutz schrittweise molekularbiologische Verfahren einzusetzen.

Literaturverzeichnis

Bundesamt für Naturschutz (BfN), Bund-Länder-Arbeitskreis (BLAK): FFH-Monitoring und Berichtspflicht (Hrsg.) (2017): Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring – Teil 1: Arten des Anhanges II und IV der FFH-Richtlinie (mit Ausnahme der marinen Säugetiere). BfN-Skripten 480, 374 S.

Beja-Pereira, A., Oliviera, R., Alves, P., Schwartz, M., Luikart, G. (2009): Advancing ecological understandings through technological transformations in noninvasive genetics. Molecular Ecology Resources 9 (5): 1279-1301.

Biggs, J., Ewald, N., Dunn, F. et al. (2015): Using eDNA to develop a national citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (*Triturus cristatus*). Biological Conservation 183: 19-28.

Darling, J., Mahon, A. (2011): From molecules to management: Adopting DNA-based methods for monitoring biological invasions in aquatic environments. Environmental Research 111 (7): 978-988.

Davison, P., Creach, V., Copp, G. et al. (2016): Laboratory and field validation of a simple method for detecting four species of non-native freshwater fish using eDNA. Journal of Fish Biology 89 (3): 1782-1793.

Dejean, T., Valentini, A., Miaud, C. et al. (2011): Persistence of environmental DNA in freshwater ecosystems. PLOS ONE 6 (8): e23398.

Diaz-Ferguson, E., Moyer, G. (2014): History, applications, methodological issues and perspectives for the use of environmental DNA (eDNA) in marine and freshwater environments. Revista de Biologia Tropical 62 (4): 1273-1284.

Eichmiller, J., Miller, L., Sorensen, P. (2016): Optimizing techniques to capture and extract environmental DNA for detection and quantification of fish. Molecular Ecology Resources 16 (1): 56-68.

Eiler, A., Löfgren, A., Saetre, P. et al. (2018): Environmental DNA (eDNA) detects the pool frog (*Pelophylax lessonae*) at times when traditional monitoring methods are insensitive. Scientific reports (2018) 8: 5452.

Ficetola, G., Miaud, C., Pompanon, F., Taberlet, P. (2008): Species detection using environmental DNA from water samples. Biology Letters 4: 423-425.

Greyer, M., Rother, A., Doege, A. et al. (2017): Einsatzmöglichkeiten molekularbiologischer Verfahren zur Ermittlung des ökologischen Zustandes nach EG-Wasserrahmenrichtlinie: Erste Erfahrungen aus der Praxis. Landesamt f. Umwelt. Landwirtschaft und Geologie Sachsen (Hrsg.). Schriftr., 24 S.

Herder, J., Valentini, A., Taberlet, P. et al. (2014): Environmental DNA – a review on possible application for the detection of (invasive) species. Stichting RAVON, Nijmegen: Report 2013: 111 S.

Jerde, C., Mahorn, A., Chadderton, W., Lodge, D. (2011): “Sigth-unseen” detecting of rare aquatic species using environmental DNA. Conservation Letter 4 (2011): 150-157.

Laramie, M., Pilliod, D., Goldberg, C., Strickler, K. (2015): Environmental DNA sampling protocol – Filtering water to capture DNA from aquatic organisms. Chapter 13 of section A, biological science. Book 2, collecting of environmental data. Reston, Virginia (U.S. Geological Survey), 15 S.

Mittl, S. (2017): Importance of sampling design using an eDNA Monitoring approach for pond living amphibians. Umea (Swedish University of Agriculture, Master Thesis), 30 S. – URL: https://stud.epsilon.slu.se/12836 (letzter Zugriff 14.04.2019).

Rees, H., Bishop, K., Gough, K. et al. (2014): The application of eDNA for monitoring of the great crested newt in the UK. Ecology and Evolution 4 (21): 4023-4032.

Sigsgaard, E., Carl, H., Moller, P., Thomsen, P. (2015): Monitoring the near-extinct European weather loach in Denmark based on environmental DNA from water samples. Biological Conservation 183: 46-52.

Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L., Coissac, E. (2018): Environmental DNA. for biodiversity research and monitoring. Oxford (Oxford University Press.), 253 S.

Thalinger, B., Sint, D., Traugott, M. et al. (2018): Quantifizierung von Fischbeständen mittels eDNA in alpinen Fließgewässern. Wasserwirtschaft 2-3: 30-34.

Thomsen, P., Kielgast, J., Willerslev, E. et al. (2012): Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. Molecular Ecology 21 (11): 2565-2573.

Thomsen, P., Willerslev, E. (2015): Environmental DNA as an emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. Biological Conservation 183: 4-18.

Wittwer, C., Breyer, P., Groß, H. (2017): Environmental DNA – eDNA-Monitoring aquatischer Organismen als vielversprechende Möglichkeit in der Gewässerökologie. Natur in NRW (1): 26-30.

Adressen der Autorin und der Autoren:

Sabrina Mittl*
Auf dem Rade 4A, 30926 Seelze
E-Mail: *sabrina.mittl@gmail.com

Prof. Klaus Richter
Hochschule Anhalt, FB Landwirtschaft, Ökotrophologie und Landschaftsentwicklung;
Faunistik und Naturschutz
Strenzfelder Allee 28, 06406 Bernburg (Saale)

Detlef Tolke
Staatliche Betriebsgesellschaft für Umwelt und Landwirtschaft,
GB Umweltanalytik und Naturschutzmonitoring
01683 Nossen

Bestandsveränderungen ausgewählter Brutvogelarten: Einflussvariablen, Datenverfügbarkeit und Ursachenanalyse

Jakob Katzenberger, Sven Trautmann, Malte Busch, Rainer Dröschmeister und Christoph Sudfeldt

Zusammenfassung

Daten aus dem Monitoring häufiger Brutvögel (MhB) eignen sich neben der Überwachung von Bestandsveränderungen auch zur vertiefenden Analyse von Populationsveränderungen steuernden Einflussgrößen. Daten zur Entwicklung relevanter Umweltparameter können durch statistische Modellierung genutzt werden, um die Variation in Bestandtrends von Vogelarten oder Artengruppen zu erklären. Voraussetzung ist, dass aussagekräftige Daten zur Beschreibung als relevant erachteter Umweltparameter in geeignetem zeitlichen Umfang und räumlicher Auflösung vorliegen. Da Vogelbestände neben regional variierenden lebensraumspezifischen Einflussfaktoren auch durch übergeordnete Faktoren wie Witterung sowie spezifische Arteigenschaften beeinflusst werden, müssen für eine umfassende Analyse bestandsverändernder Treiber eine Vielzahl von Einflussgrößen abgebildet werden.

Im Rahmen eines vom BfN geförderten Forschungs- und Entwicklungsvorhabens wurde geprüft, in welchem Umfang Datenreihen zur Modellierung bestandsverändernder Einflussgrößen vorliegen. Für eine Auswahl von Indikatorvogelarten wurden 98 mögliche Populationsdynamik steuernde Einflussgrößen identifiziert und die Verfügbarkeit geeigneter Datensätze recherchiert.

Während die Datenverfügbarkeit lebensraumspezifisch stark variiert, zeigten sich deutliche Fehlstellen auch im Hinblick auf hoch relevante Einflussgrößen wie z.B. Prädation oder Flurbereinigung. Zwar erlaubt die Datenlage die umfassende Modellierung bestandsverändernder Ursachen für einzelne Lebensräume, eine vollständige Analyse unter Berücksichtigung aller zentralen Einflussgrößen ist zum heutigen Zeitpunkt jedoch nicht möglich. Problematisch ist, dass viele Umweltparameter nicht jährlich (insbesondere Parameter zur Waldentwicklung) und nicht unter Anwendung gleichbleibender methodischer Vorgaben (z.B. Grünlandkategorien) erfasst werden. Daten zu Umweltparametern liegen häufig nur stark aggregiert vor und sind damit ungeeignet, um regional unterschiedliche Stärken spezifischer Einflussgrößen abzubilden. So sind z.B. Daten zum Pestizideinsatz nur in Form nationaler Absatzzahlen verfügbar. Auch liegen für verschiedene Parameter umfangreiche Rohdaten vor (z.B. Grundwasserabsenkung), die jedoch nichtzeitlich und räumlich aufbereitet und somit für fachfremde Analysen nicht nutzbar sind.

Zugleich wurde deutlich, dass verschiedene Akteure mit der regelmäßigen Fortschreibung von Datenreihen zu wichtigen Einflussgrößen begonnen haben. Im Rahmen eines bundesweiten Biodiversitätsmonitorings bietet die flächenscharfe Erfassung von Beständen (Brutvögel, landwirtschaftliche Flächen mit hohem Naturwert, Biotoptypen, Insekten) sowie zentraler Einflussgrößen auf identischen Stichprobenflächen in Zukunft großes Potenzial um durch Synergieeffekte aus dem Monitoring die Datengrundlage für Ursachenanalysen zu verbessern.

Abstract

In addition to monitoring population trends, data from breeding bird monitoring are also suitable for in-depth analysis of variables driving population changes. Since bird populations are influenced not only by regionally varying habitat-specific factors but also by over-

arching factors such as weather conditions and species traits, a large number of influencing variables must be collected for a comprehensive analysis. Within the scope of a project funded by the Federal Agency for Nature Conservation (BfN), it was examined to what extent existing data series can be used for modelling bird population changes to draw robust conclusions.

For a selection of indicator bird species, 98 possible influencing variables controlling population dynamics were identified and the availability of suitable data sets was researched. While the availability of data varied strongly depending on habitat-type, clear deficiencies were found with regard to highly relevant influencing variables such as predation or decreasing landscape diversity. Although the data allowed modelling species-specific trends for some habitats, a complete analysis taking into account all central influencing variables is not possible at present. It is problematic that many environmental parameters are not recorded on a regular basis and under constant methodical guidelines. Also, environmental parameters are often only available in highly aggregated form and are therefore unsuitable for mapping regionally different effect strengths in a detailed analysis.

In future, monitoring abundance of bird populations together with the central biotic and abiotic influencing variables at site-level promises both effective environmental reporting and surveillance, while it will also increase the possibilities for inference using analytical methods.

1 Einleitung

Durch langfristige, standardisierte Erfassungen bietet das Vogelmonitoring in Deutschland die Möglichkeit Bestandsveränderungen bei Vogelarten über einen Zeitraum von nahezu 25 Jahren zu untersuchen. Die wesentliche Grundlage hierfür bilden ehrenamtlich durchgeführte Vogelerfassungen auf repräsentativen Stichprobenflächen, welche in den Monitoringprogrammen des Dachverbands Deutscher Avifaunisten e.V. (DDA) koordiniert und in Zusammenarbeit mit dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) und den Länderfachbehörden ausgewertet werden (Sudfeldt et al. 2012). Im Rahmen des durch das BfN geförderten F+E-Vorhabens „Ursachenanalyse von Bestandsveränderungen bei Indikatorvogelarten und Energiewende“ wurden Brutbestandsveränderungen über die Laufzeit der Monitoringprogramme insbesondere von Vogelarten des Indikators „Artenvielfalt und Landschaftsqualität“ der nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt wissenschaftlich untersucht und in Verbindung mit weiteren Umweltparametern analysiert, um fachlich belastbare Aussagen über die die Populationsdynamik steuernden Ursachen und Faktoren treffen zu können. Dabei wurden die Hauptlebensräume Agrarland, Wälder, Siedlungen und Binnengewässer in den Fokus genommen, wobei nicht für alle Lebensräume in ausreichendem Maße Daten für eine tiefergehende Analyse verfügbar waren. Zudem wurden Vergleiche zwischen Bestandsveränderungen ausgewählter Indikatorartenarten und den zusammengefassten Bestandsentwicklungen von Vogelgilden, denen eben diese Indikatorarten zuzurechnen sind, durchgeführt. In Anbetracht der Anstrengungen ein umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring zu etablieren, wird in diesem Artikel auf die Schlüsselrolle der Datenverfügbarkeit für die Ursachenanalyse sowie die Vorteile einer umfassenden flächenscharfen Datenerhebung auf Probeflächenbasis eingegangen.

2 Hypothesenbildung und Datenrecherche

In einem ersten Schritt wurden im genannten Vorhaben die mutmaßlich bestandsverändernden Faktoren identifiziert. Dazu wurden die Einflussgrößen herangezogen, die die Brutpopulationen der zu untersuchenden Vogelarten maßgeblich beeinträchtigen können

(„maßgeblichen Beeinträchtigungen“, s. nationaler Bericht nach Art. 12 der Vogelschutzrichtlinie, Grüneberg et al. 2017). Die ermittelten Beeinträchtigungen wurden, wenn nötig, in einem zweiten Schritt artspezifisch und basierend auf umfangreichen Literaturrecherchen aufgefächert und konkretisiert und werden im Folgenden als Einflussgrößen oder Einflussvariablen bezeichnet.

Basierend auf der Gegenüberstellung der relevanten Vogelarten mit den Beeinträchtigungen des Art. 12-Berichtsformats und deren artspezifischer Konkretisierung (Einflussgrößen) wurde eine Vielzahl (674) von Arbeitshypothesen zur Populationsdynamik und diese steuernde Einflussgrößen erzeugt. Voraussetzung für die Prüfung dieser Hypothesen (also die Durchführung korrelativer Analysen) ist, dass die maßgeblich auf Brutvogelpopulationen wirkenden Einflussgrößen durch Parameter gemessen werden können, zu denen auf räumlicher und zeitlicher Ebene umfassende Daten vorliegen. Im Vorhaben wurden 138 potenzielle Einflussgrößen identifiziert, für welche die generelle Verfügbarkeit beschreibender Datensätze zunächst geprüft wurde. Durch die Entfernung von redundanten Einflussgrößen, sowie von solchen die nur für einzelne Arten von Relevanz sind, wurde auf 98 Einflussgrößen reduziert. Für diese 98 Einflussgrößen wurde eine weitergehende Prüfung zur Verwendung für modellbasierte Auswertungen sowie eine umfassende Datenrecherche vorgenommen (Abb. 1).

Anhand der identifizierten biotischen und abiotischen Einflussgrößen wurde zunächst eine Übersicht über potenziell nutzbare Datensätze und Datenquellen erstellt bzw. Ideen entwickelt, wo bestimmte Daten angefragt werden könnten. Für mehrere sehr spezifische Einflussgrößen, für die keine Datensätze verfügbar waren, wurden Überlegungen angestellt, welche Art von Informationen zur thematischen Annäherung (als „Proxy“) herangezogen werden könnten, d.h. ob es andere Variablen gibt, die mit der eigentlichen Einflussgröße vermutlich stark korrelieren und daher ersatzweise verwendet werden könnten.

Im nächsten Schritt wurde die Verfügbarkeit von Daten zu einzelnen Einflussvariablen geprüft. Im Idealfall waren Datenreihen, wie z.B. für verschiedene Landnutzungsparameter, über verschiedene Internet-Portale der statistischen Bundes- und/oder Landesämter abrufbar oder konnten bei Fachverbänden (z.B. dem Deutschen Maiskomitee) angefragt werden. Zudem waren Datensätze zu einzelnen Themen über Bundesforschungseinrichtungen verfügbar (z.B. Daten der Bundeswaldinventur über das Thünen-Institut). Daten zum Thema Energiewende, wie z.B. zu Windkraftanlagen, mussten für jedes Bundesland einzeln bei den zuständigen Behörden angefragt werden. Für einzelne Einflussgrößen musste festgestellt werden, dass zwar grundsätzlich relevante Daten verfügbar wären, für die Nutzung aber umfangreiche Aufbereitungsschritte notwendig sind, die im Rahmen des Vorhabens nicht leistbar waren (z.B. die Aufbereitung der Daten von Grundwassermessstellen, um so die flächige Entwicklung des Grundwasserstandes nachvollziehen zu können).

Bestimmt durch die Verfügbarkeit regionalisierter Populationsindexwerte aus den Monitoringprogrammen des DDA (Monitoring häufiger Brutvögel MhB, Monitoring seltener Brutvögel MsB, Sudfeldt et al. 2012), wurde der Untersuchungszeitraum auf 1991-2013 festgelegt. Als Regionen wurden NW-Deutschland (NRW, SH, HH, HB, NI), O-Deutschland (BB, SN, ST, TH, BE, MV) und SW-Deutschland (BW, BY, HE, SL, RP) unterschieden. Die Auswahl zu untersuchender Vogelarten basierte auf Indikatorvogelarten mit bundes- und teilweise auch landesspezifischer Relevanz und variierte je nach Hauptlebensraum (Busch et al. 2018), im Rahmen der Modellierung wurden außerdem weitere Arten für spezifische Habitatgilden (nach Wahl et al. 2014) einbezogen um die statistische Aussagekraft zu verbessern. Bei den Bestandtrends handelt es sich um Zeitreihen von Indexwerten in den Regionen O-, NW- und SW-Deutschland, die mit Hilfe der Software TRIM (Pannekoek, van

Strien 2005) berechnet wurden und die relative Veränderung von Vogelbeständen im Vergleich zum Basisjahr der Datenreihe abbilden. Die Menge der auf Artebene verfügbaren Daten des MhB und des MsB unterscheidet sich erheblich von Art zu Art, z.B. in Abhängigkeit von der Verteilung und der Anzahl der besiedelten und für die Indexberechnung verfügbaren Probeflächen. Entsprechend unterschiedlich ist die Robustheit der Bestandsentwicklung, welche durch den jeweiligen Standardfehler der Indexwerte definiert wird. Es wurden daher nur Arten für weitere Modellauswertungen genutzt, für die aus mindestens zwei der drei Regionen verlässliche Bestandsindizes vorlagen. Verlässliche Bestandsdaten sind eine grundlegende Voraussetzung, um Indexwerte als Antwortgröße in der korrelativen Analyse zu verwenden.

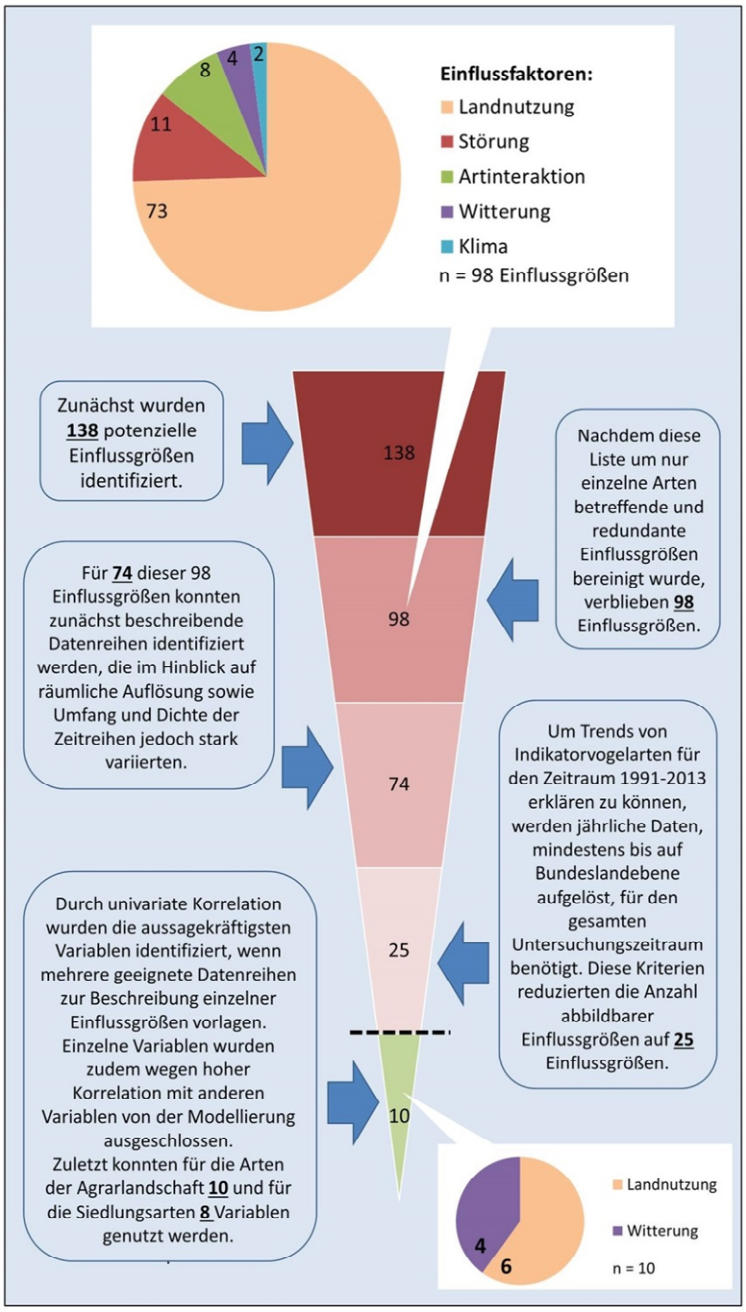


Abb. 1: Vorgehen und Ergebnis der Recherche geeigneter Datensätze zur Beschreibung von potenziell bestandsverändernden Einflussgrößen. Siehe auch Tab. 1, (Busch et al. 2017).

3 Herausforderungen bei der Datenverfügbarkeit von Einflussvariablen

Im Rahmen der Datenrecherche wurde deutlich, dass für eine Vielzahl als potenziell relevant erachteter Einflussgrößen keine oder keine geeigneten Datenreihen vorliegen (Abb. 1). Deutliche Fehlstellen zeigten sich auch im Hinblick auf hoch relevante Einflussgrößen wie z.B. Prädation oder Flurbereinigung. Dabei konnten insbesondere die folgenden Problemfelder im Hinblick auf die Verfügbarkeit und Nutzbarkeit von Daten identifiziert werden:

- Viele Einflussgrößen werden nicht jährlich erfasst. Dies trifft insbesondere auf Variablen zur Waldentwicklung zu, die nur alle 10 Jahre im Rahmen der Bundeswaldinventur erhoben werden.

  Teilweise werden Einflussgrößen nicht unter Anwendung gleichbleibender methodischer Vorgaben erfasst und Langzeitdatenreihen dadurch unterbrochen. Im Falle der Grünlandnutzung war es daher z.B. nicht möglich, zwischen verschiedenen Nutzungsintensitäten (Wiesen, Weiden, Hutungen u. Streuwiesen etc.) zu unterscheiden.

- Daten zu Einflussgrößen liegen oft nur stark aggregiert vor und sind damit ungeeignet, um die regional häufig unterschiedlichen Stärken spezifischer Einflussgrößen abzubilden. So sind z.B. Daten zum Pestizideinsatz nur in Form nationaler Absatzzahlen verfügbar, die keine Aussage über die räumlich-zeitliche Anwendungsmenge erlauben.

- Für verschiedene Einflussgrößen liegen umfangreiche Rohdaten vor (z.B. Grundwasserabsenkung), die jedoch nicht zeitlich und räumlich aufbereitet und somit für fachfremde Analysen nicht nutzbar sind.

Grundsätzlich wurde zudem ersichtlich, dass die Datenverfügbarkeit lebensraumspezifisch stark variiert. So erlaubte die Datenlage die umfassende Modellierung bestandsverändernder Ursachen für einzelne Lebensräume (insbesondere im Agrarland, siehe auch Tab. 1), eine vollständige Analyse unter Berücksichtigung aller zentralen Einflussgrößen ist derzeit jedoch nicht möglich (Abb. 1).

4 Methodenauswahl für die Ursachenanalyse

Das Ziel der Analysen im Vorhaben war es, Rückschlüsse zu Bestandsveränderungen auf Ebene der ökologischen Gilden zu ziehen, indem gleichzeitig die Effektstärken verschiedener Faktoren, die möglicherweise die Populationsentwicklung bestimmen, abgeschätzt werden sollten. Explorative Analysen zeigten jedoch eine erhebliche Heterogenität in der Entwicklung der Vogelbestände auf Artebene. Diese Heterogenität konnte nur unzureichend durch Gildenmodelle repräsentiert werden, da bei diesen Ansätzen die Daten verschiedener Arten zusammengeführt werden, um dann die Effekte ausschließlich auf Gildenebene abzuschätzen. Weiterhin wurde eine klare und konsistente Interpretation der zu modellierenden Beziehungen benötigt, da die Analysen darauf abzielten, Rückschlüsse anhand der Daten zu ziehen. Schlussendlich wurden daher lineare Modelle verwendet, welche es erlaubten, auf Artebene zu modellieren und dann später die Ergebnisse auf Gildenebene zu aggregieren. Andere methodische Ansätze wie Pfadmodelle (auch Strukturgleichungsmodelle genannt) oder ‚machine learning' Algorithmen wie Random Forest Klassifikationen wurden ebenfalls überprüft aber verworfen (Abb. 2), da sie sich entweder als zu komplex erwiesen (Pfadmodelle) oder aber weniger klare Effekt-Interpretationen zuließen (Random Forest). Trotz des langen Zeitrahmens der Datenreihe (23 Jahre) reichte diese Stichprobengröße nicht aus, um mittels multivariater Modelle Populationstrends einzelner Arten auf nationaler Ebene zu modellieren. Die Trendstratifizierung in drei Regionen (NW-, O- und SW-Deutschland) erhöhte einerseits die Robustheit der Modellschätzungen,

da die Entwicklung der Vogelpopulationen eine konsistente Entwicklung in den verschiedenen Regionen zeigen musste, um einen eindeutigen Effekt zu erkennen. Andererseits ermöglichte dieser Ansatz die gleichzeitige Untersuchung mehrerer erklärender Variablen durch multivariate, regionale Artmodelle.

Tab. 1: Einflussgrößen in der Agrarlandschaft (AL) sowie im Siedlungsraum (SIED) für die Daten zur Modellierung von Bestandsveränderungen nutzbar waren.

Faktor	**Lebensraum**	**Einflussgröße**	**Datentyp**
Landnutzung	AL	Verlust von Brachflächen	Brachfläche (ha)
Landnutzung	AL	Änderung der Nutzungsart/ -intensität	Fläche Winterweizen (ha)
Landnutzung	SIED	Aufgabe von Kleinviehhaltung und Kleingärten	Fläche Haus- und Nutzgärten
Witterung	AL, SIED	Dürren in der Sahelzone	Sahel Rainfall Index
Witterung	AL, SIED	Kältewinter	Hellmann Kältesumme
Landnutzung	AL	Verlust von Grünland	Dauergrünland (ha), Unterteilung nach Extensivierungsgrad nicht möglich
Witterung	AL, SIED	kaltes Frühjahr	Temperatur April bis Juli
Witterung	AL, SIED	erhöhte Niederschläge	Niederschlagsmengen in mm April bis Juli
Landnutzung	AL	Produktion erneuerbarer Energien	Silo u. Körnermaisanbau in ha
Landnutzung	AL	Produktion erneuerbarer Energien	Anbaufläche Raps (ha)
Landnutzung	SIED	Lebensraumverlust (Siedlung)	Fläche Grünflächen im Siedlungsbereich
Landnutzung	SIED	Aufgabe traditioneller Milchkuh- und Weidehaltung	Anzahl Betriebe mit Rinderhaltung
Landnutzung	AL, SIED	landwirtschaftliche Nutzungsintensivierung	Hektarerträge Wintergetreide

Für jede Art wurde ein Lineares Gemischtes Modell erstellt (Bolker et al. 2009), um zu untersuchen, welche Variablen die Variation der Bestandsindizes von 1991 - 2013 am besten erklären (Busch et al. 2020). Die logarithmierten Bestandsindizes in den drei Regionen Deutschlands wurden hierfür als Antwortvariable verwendet, die Untersuchungsjahre wurden als Zufallseffekt berücksichtigt. Alle erklärenden Variablen wurden vor der Analyse z-standardisiert und können so später in ihrer Effektstärke direkt verglichen werden (Schielzeth 2010). Die Einflussvariablen wurden auf Multikollinearität untersucht sowie die Erfüllung der Modellannahmen anhand der Residuen geprüft (Zuur et al. 2010). Die begrenzte Anzahl von Datenpunkten, die auf Artebene zur Verfügung stand, erlaubte es allerdings nicht für Interaktionen der Variablen in den Modellen zu testen. Welche Kombination von Prädiktorvariablen die Variation der Bestandsindizes einer Art am besten erklärt, wurde mit dem korrigierten Akaike-Informationskriterium bewertet (AICc; Burnham, Anderson 2002, Zuur et al. 2009). Verschiedene Kombinationen von Prädikatorvariablen mit einem ähnlichen Informationsgehalt (Delta AICc < 2 zum Modell mit dem geringsten AICc-Wert) werden dadurch als konkurrierende Modelle zur Erklärung der Bestandsveränderungen definiert. Im nächsten Schritt wurden für jede Art alle konkurrierende Modelle selektiert und im Weiteren mit der konditionellen Durchschnittsmethode gemittelt (Grueber et al. 2011). So konnten auch weniger stark ausgeprägte Effekte von Einflussgrößen untersucht werden und sowohl auf Art- als auf Gildenebene berücksichtigt werden. Die resultierenden Schät-

zungen der Effektstärke auf Artebene und ihre Unsicherheit wurden im Anschluss verwendet, um die Effekte der einzelnen Arten mittels eines Bootstrap-Verfahrens zu einem Gildeneffekt zu aggregieren.

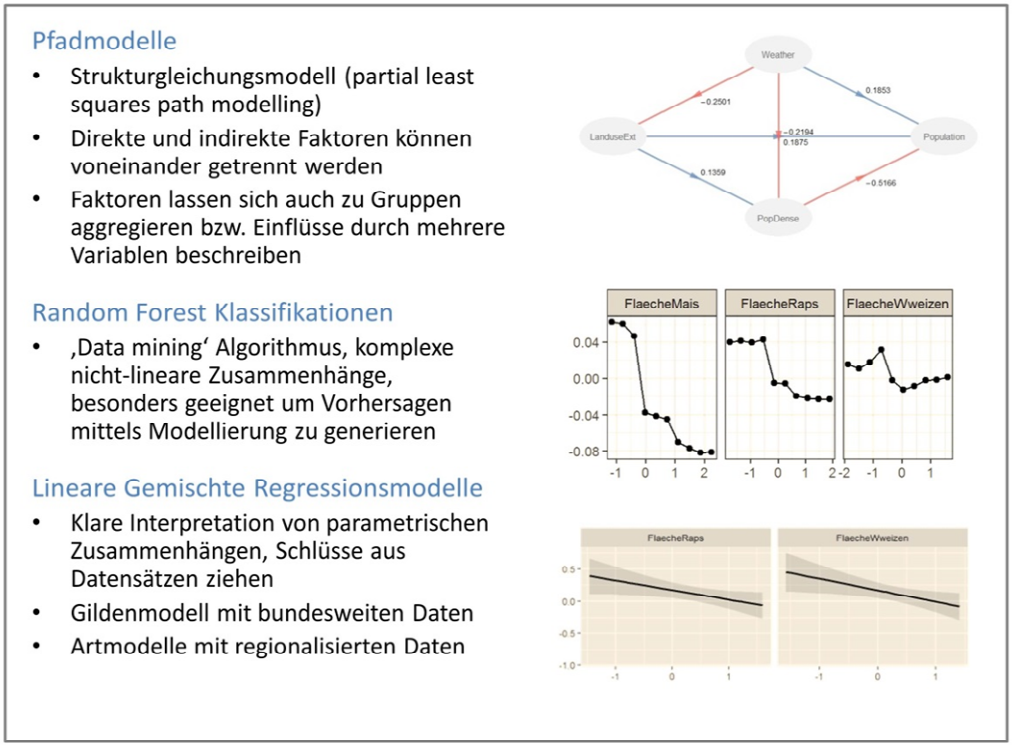


Abb. 3: Zusammenfassende Darstellung verschiedener Modellierungsansätze die im Rahmen des Vorhabens getestet wurden.

Die artspezifischen Ergebnisse der Modellierung für die Vögel der Agrarlandschaft zeigten deutliche Unterschiede im Anteil der erklärten Variabilität und der Effektstärke einzelner Einflussgrößen (Abb. 3). So konnten z.B. Modelle für den Kiebitz nahezu 70 % der Trendvariabilität erklären, da viele wichtige Landnutzungseffekte abgebildet wurden, während die Modelle für den Neuntöter, sicherlich auch bedingt durch das Fehlen wichtiger Variablen außerhalb des Brutgebietes, weniger als 10 % der Variabilität erklären konnten. Der gewählte zweistufige Auswertungsansatz erlaubte es, sowohl die erhebliche Variabilität auf Ebene der Arten mit deutlichen regionalen Unterschieden zu berücksichtigen, als auch eine zusammenfassende Bewertung und einen Vergleich von Effektstärken auf Gilden-Ebene für eine Zeitreihe von mehr als 20 Jahren durchzuführen. Für eine ausführliche Darstellung der artspezifischen Ergebnisse mit einer Abschätzung der Bedeutung einzelner Einflussgrößen für die Agrarvogelgilde siehe Busch et al. (2020).

Generell zeigte sich jedoch auch, dass der Ansatz flächenscharfe Daten zu einigen übergeordneten Einheiten zu aggregieren limitiert ist in seiner statistischen Aussagekraft – daher versprechen Auswertungen auf Ebene einzelner Probeflächen zukünftig einen weiteren Erkenntnisgewinn in der Ursachenanalyse.

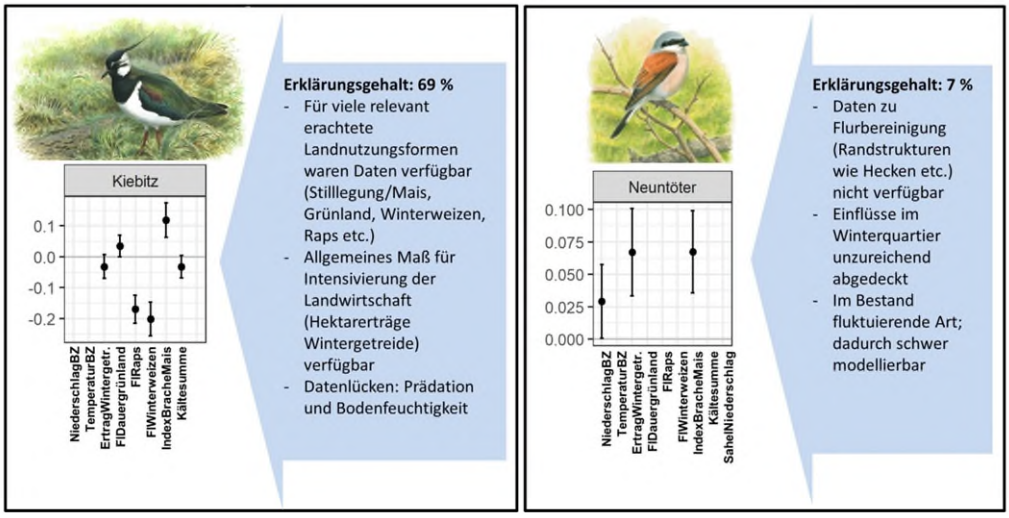


Abb. 4: Artspezifische Modellierungsergebnisse (gemittelte Effektstärken aus konkurrierenden Modellen) für Kiebitz und Neuntöter. Fl = Fläche, BZ = Brutzeit.

5 Das Potenzial gemeinsamer Probeflächen für die Ursachenanalyse

Ein interessantes Beispiel für das Potenzial, dass die Erfassung von verschieden Parametern auf einem identischen Probeflächenset bietet, lässt sich an der Verbindung des High Nature Value Farmland (HNV) Monitorings (Benzler et al. 2015) und des Monitorings häufiger Brutvögel (MhB) darstellen. Die Daten beider Monitoring-Programme werden auf identischen Stichprobenflächen erhoben, wodurch sich Erfassungen der verschiedenen Programme für weitergehende Auswertungen verbinden lassen. Insbesondere ermöglicht dies flächenscharfe Auswertungen wie landwirtschaftliche Habitate mit hohem Naturwert das Vorkommen und die Bestandstrends von Brutvögeln der Agrarlandschaft beeinflussen (Doxa et al. 2012, Aue et al. 2014).

Zu berücksichtigen ist allerdings auch, dass Unterschiede im Erfassungsturnus der beiden Programme sowie eine ehrenamtliche Bearbeitung im MhB, während das HNV-Monitoring durch Hauptamtliche durchgeführt wird, dazu führen, dass nicht immer eine gleichzeitige Bearbeitung auf einer Probefläche in beiden Programmen gegeben ist. Von 600 Probeflächen mit mind. dreimaliger HNV-Erfassung in den Jahren 2009 - 2015 lagen daher nur für 334 Flächen in mind. einem Jahr Vogeldaten vor. Bedingt durch den Aufbau des MhB als ehrenamtliches Monitoring liegen die Reviere der Vogelarten auf den Probeflächen aktuell nicht punktgenau digitalisiert vor, sondern als eine Reviersumme pro Fläche (unterschieden nach Lebensräumen). Die Daten des HNV-Monitorings werden auf den landwirtschaftlich genutzten Anteilen der Probeflächen erhoben, es ergibt sich durch die Verschneidung mit den MhB Reviersummen pro Agrarlandschaftsfläche (ALF) also eine gewisse Unschärfe. Um zu vermeiden, dass Flächen mit sehr geringen HNV-Anteilen diese Unschärfe verstärken, wurden die zur Analyse verwendeten Probeflächen mit einem Kriterium des Anteils HNV-Fläche an der gesamten landwirtschaftlich genutzten Fläche eingegrenzt. Ein Sensitivitätstest verschiedener Anteile zeigte, dass mit einem Wert von mind. 30 % HNV-Fläche an der ALF einer Probefläche belastbare Aussagen generiert werden können (n = 141 Begehungen auf 77 Probeflächen).

Zur Auswertung von möglichen Zusammenhängen zwischen Agrarvögeln und der HNV-Kulisse wurden Generalisierte Lineare Gemischte Modelle mit einer Poisson-Fehlerverteilung verwendet (Bolker et al. 2009, Zuur et al. 2009). Hierbei wurde als Antwortvariable die Anzahl von Revieren, bzw. die Anzahl von Arten, der Agrarvögel verwen-

det. Um die Mehrfacherfassung auf den gleichen Probeflächen zu berücksichtigen, wurde ein Zufallseffekt der Probeflächen-ID verwendet. Die Modelle wurden auf eine erhöhte Variabilität („overdispersion“) getestet – falls dies gegeben war, wurde ein Zufallseffekt mit der Anzahl an Stichproben („observation level RE“) zur Korrektur verwendet. Als mögliche Einflussgröße wurde zunächst die gesamte HNV-Fläche untersucht. Um nachfolgend feinere Zusammenhänge zwischen bestimmten HNV-Landschaftselementen und Artgruppen bzw. Habitatgilden der Agrarvögel zu prüfen, wurden exemplarisch Hypothesen anhand der Gildendatenbank (Wahl et al. 2014) gebildet. Die Revierzahlen der entsprechenden Arten wurden dann nach dem beschriebenen Ansatz in einem Modell auf einen Zusammenhang mit der Fläche oder der Länge entsprechender HNV-Elemente geprüft.

Die Ergebnisse zeigten einen positiven Zusammenhang der HNV-Fläche mit den Revierzahlen der Agrarvögel auf den Probeflächen (Abb. 4), sowohl innerhalb der ALF – insbesondere aber auch einen signifikant positiven Effekt auf die Revieranzahl der Agrarvögel auf der gesamten Probefläche. Auch die Anzahl an Agrarvogelarten stieg signifikant an mit einer Zunahme der HNV-Fläche.

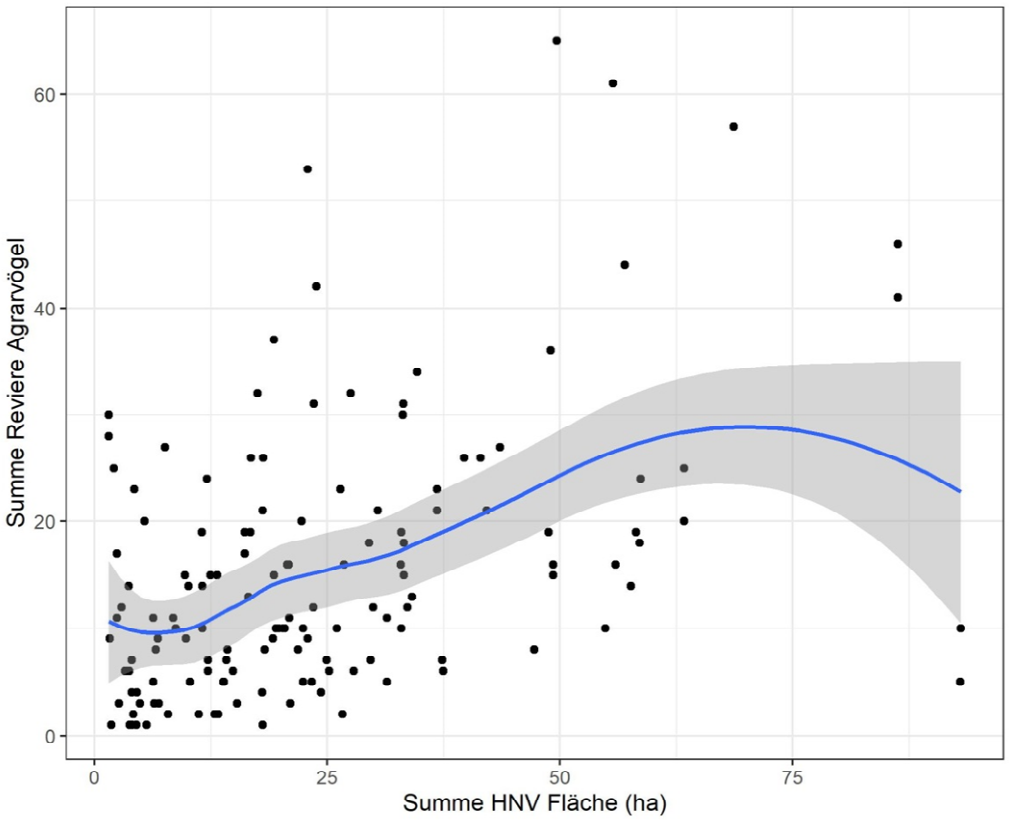


Abb. 5: Darstellung der Anzahl Reviere von Agrarvogelarten im Verhältnis zur HNV-Fläche auf Probeflächen bei denen der Anteil von HNV an der Agrarfläche mind. 30 % betrug. Blaue Linie zeigt einen gleitenden Mittelwert.

Um zu untersuchen, inwieweit die Verbindung von HNV-Kulisse mit dem MhB weitere Informationen zu speziellen Artengruppen bzw. Strukturelementen liefert, wurden detailliertere Zusammenhänge anhand von Hypothesen zu ökologischen Habitatgilden untersucht. Insbesondere zu Einflussgrößen, für die im Rahmen der vorausgegangenen Modellierungen keine Daten zu Parametrisierung vorlagen, konnte die Verbindung von HNV- mit MhB-Daten weitere wichtige Informationen liefern. So zeigte sich ein signifikant positiver Effekt der Bodenfeuchte (anhand feuchter HNV-Elemente) auf die Revierzahlen der Arten Kiebitz, Feldschwirl, Sumpfrohrsänger, Wacholderdrossel und Wiesenschafstelze (Tab. 2). Eine

weitere wichtige Fehlstelle vorheriger Analysen waren Daten zum Verlust von Strukturelementen in der Agrarlandschaft. Die Auswirkungen hiervon auf die Gebüschbrüter Neuntöter, Dorngrasmücke, Bluthänfling und Goldammer konnten Anhand von HNV-Elementen wie Hecken, Gebüschen und Feldgehölzen untersucht werden. Hier zeigte sich ebenfalls ein deutlicher, signifikant positiver Effekt auf die Revierzahlen der Arten mit einer Zunahme der Fläche dieser HNV-Elemente (Tab. 2).

Tab. 2: Zusammenhang der Revierzahl von Arten die feuchte Bruthabitate bevorzugen bzw. in Gehölzen brüten mit der Fläche von HNV-Elementen auf MhB-Probeflächen (PF). P-Werte aus einem Likelihood-Quotienten-Test mit Generalisierten Linearen Gemischten Modellen mit, bzw. ohne den entsprechenden festen Effekt. Stichprobengröße = 141 Begehungen auf 77 PF.

Arten	**Habitatgilde (Wahl et al. 2014)**	**Messgröße (HNV-Landschaftselemente)**	**Modellierte Effektstärke**	**P-Wert**
Kiebitz, Feldschwirl, Sumpfrohrsänger, Wacholderdrossel, Wiesenschafstelze	Feuchte des Brutlebensraums: frisch	Fläche ha: Feuchtgebietselemente (Seggenriede, Röhrichte, Staudenfluren nasser Standorte), Stehende Gewässer, Gräben, Bäche und Quellen	Mit Zunahme der HNV-Elemente um 1 ha nimmt die Revierzahl der Arten um 13 % zu	0,001
Neuntöter, Dorngrasmücke, Bluthänfling, Goldammer	Struktur des Brutlebensraums: Gebüsche, Hecken, Feldgehölze	Fläche ha: Hecken, Gebüsche, Feldgehölze, Komplex-Elemente (Feldraine, Böschungen mit Gehölzen), Baumreihen, Baumgruppen, Einzelbäume	mit Zunahme der HNV-Elemente um 1 ha nimmt die Revierzahl der Arten um 12 % zu	0,03

Insgesamt zeigt die Verschneidung von Daten aus dem Monitoring häufiger Brutvögel mit dem High Nature Value Farmland Monitoring großes Potenzial um bestehenden Datenlücken zu füllen und detaillierte Wirkungsbeziehungen besser zu untersuchen. Die Möglichkeiten zur Verknüpfung und Verschneidung verschiedener Erfassungen auf identischen Probeflächen steigert sich noch, wenn die expliziten räumlichen Beziehungen als Geodaten durch Punkt- bzw. Flächeninformationen festgehalten werden. Durch die aktuell erfolgende Umstellung des Brutvogelmonitorings auf eine digitalisierte Erfassung (F+E- Vorhaben zur Beschleunigung des Datenflusses im Vogelmonitoring) werden sich zukünftig daher noch weitergehende Auswertungsmöglichkeiten der Zusammenhänge zwischen HNV- und MhB-Datensätzen bieten.

6 Ausblick

Im Rahmen unserer Datenrecherche wurde deutlich, dass verschiedene Akteure mit der Sammlung und regelmäßigen Fortschreibung von Datenreihen zu wichtigen Einflussgrößen begonnen haben (z.B. räumliche Aufarbeitung der Flächenstatistik im IÖR Monitor, www.ioer-monitor.de). Auch wenn sich bestimmte Datenreihen wegen vergleichsweise kurzer Laufzeiten aktuell noch nicht für die Analyse von Bestandsveränderungen über längere Zeiträume eignen, werden diese Datenreihen zukünftig relevant. Der Aufbau eines bundesweiten Biodiversitätsmonitoring bietet daher große Chancen die dargestellten Fehlstellen in der Datenverfügbarkeit für Ursachenanalysen zu verringern. Aus der Sicht des Vogelmonitorings sind insbesondere die folgenden Entwicklungen von besonderem Interesse:

Aktuell arbeitet das BfN mit Forschungsnehmern an der Umsetzung des Ökosystem-Monitorings (ÖSM): Dessen Daten wären prinzipiell von großem Interesse, insbesondere, da sie auf den Flächen des Monitorings häufiger Brutvögel erhoben werden. Im ÖSM wer-

den Daten zu Biotop- und Nutzungstypen und deren Qualität generiert, die genutzt werden könnten, um die Veränderungen der Habitatbedingungen für Vögel auf den Probeflächen zu charakterisieren und mit den Bestandstrends zu korrelieren. Zudem werden abgeleitete Maße wie die Landschaftsvielfalt im ÖSM ermittelt und können mit den Bestandsdaten der Vögel in Bezug gesetzt werden. Die Daten zu Biotop- und Nutzungstypen sollten möglichst für alle einzelnen Begehungen separat digital vorliegen, um sie direkt mit den zukünftig ebenfalls digital und räumlich explizit vorliegenden Daten der einzelnen MhB-Kartiergänge verschneiden zu können. Durch Vergleiche zwischen Normallandschaft und Schutzgebieten können auch die Auswirkungen von Habitatmanagement messbar gemacht werden.

Zu solchen Erfolgskontrollen könnte ferner neben dem in der Entwicklung befindlichen Monitoring in EU-Vogelschutzgebieten (SPA) (F+E-Vorhaben „Bundesweites Vogelmonitoring in EU-Vogelschutzgebieten“) auch ein neu gestartetes Vogelmonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes NNE (Sudfeldt et al. 2018) dienen, da es große Überschneidungsbereiche von NNE und SPA Flächen gibt.

Des Weiteren arbeitet das BfN zusammen mit Bundesländern und Forschungsnehmern an der Entwicklung eines bundesweiten Insektenmonitorings. Auch Bestandserfassungen dieser Artengruppe wären für Auswertungen im Rahmen des Vogelmonitorings hochinteressant. Bei Insektenerfassungen sollten insbesondere Fluginsekten im Fokus stehen oder zumindest getrennt von anderen Insektengruppen erfasst werden. Zudem wäre eine Trennung in große (u.a. Tagfalter, Libellen) und kleine Fluginsekten (u.a. Käfer und Fliegen) sinnvoll, da sich seit 1990 die Bestände Groß- und Kleininsekten fressender Vogelarten z.T. deutlich unterschiedlich entwickelt haben.

Für umfangreiche Ursachenanalysen im Rahmen des Vogelmonitorings würde die Erfassung weiterer Parameter auf der gemeinsamen Probekulisse einen großen Mehrwert liefern. Dazu gehören:

- die Erfassung und Erfolgskontrolle von Agrar-Umweltmaßnahmen oder anderer Fördermaßnahmen,
- die Erfassung zusätzlicher abiotischer Daten zu Klima, Wasserhaushalt, Nährstoffeinträgen oder auch Verschmutzung,
- die Erfassung der landwirtschaftlichen Arbeitsgänge über die Saison oder anderer saisonaler Veränderungen,
- die Erfassung von Neophyten, wie sie auf Probeflächen des MhB in Sachsen-Anhalt bereits durch das Unabhängige Institut für Umweltfragen e.V. durchgeführt wird.

Weiterhin wären Ergebnisse aus der Erfassung von Klein- (v.a. Mäuse) und Raubsäugern (Marder, Waschbär, Fuchs etc.) von großer Bedeutung um Prädationseffekte näher zu untersuchen. Diese Daten werden noch nicht bundesweit einheitlich erfasst und stellen ebenfalls eine wesentliche Fehlstelle in der Datenverfügbarkeit für Ursachenanalysen dar.

In Anbetracht eines bundesweiten Biodiversitätsmonitorings wird deutlich, dass es von Vorteil ist möglichst viele Daten auf identischen Probeflächen zu erheben. So können Synergieeffekte genutzt werden um eine verbesserte Datenverfügbarkeit für Ursachenanalysen zu schaffen. Allerdings ist es wichtig zu berücksichtigen, dass verschiedene Erfassungsprogramme bestmöglich aufeinander abgestimmt werden um Synergien auch sinnvoll nutzen zu können. Die Verfügbarkeit von flächenscharfen Daten aus der Erfassung von Beständen (oder anderer Schutzgüter) sowie von verschiedenen Einflussgrößen ermöglicht hierbei sowohl die Kernaufgaben der Überwachung und Berichterstattung im Monitoring als auch tiefergehende Auswertungen mittels statistischer Methoden.

Danksagung

Wir bedanken uns bei allen Mitgliedern der projektbegleitenden Arbeitsgruppe. Diese Arbeit wurde gefördert durch das Bundesamt für Naturschutz mit Mitteln des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (FKZ 3514 82 1000).

Literaturverzeichnis

Aue, B., Diekötter, T., Hotes, S. et al. (2014): How High Nature Value (HNV) farmland is related to bird diversity in agro-ecosystems – Towards a versatile tool for biodiversity monitoring and conservation planning. Agriculture, Ecosystems & Environment 194: 58-64.

Benzler, A., Fuchs, D., Hünig, C. (2015): Methodik und erste Ergebnisse des Monitorings der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. Natur und Landschaft 90 (7): 309-316.

Bolker, B., Brooks, M., White, J.. et al. (2009): Generalized linear mixed models: a practical guide for ecology and evolution. Trends in Ecology & Evolution 24 (3): 127-135.

Burnham, K., Anderson, D. (2002): Model selection and multi-model in-ference: A practical information-theoretic approach. (2. Ausg.). New York (Springer), 514 S.

Busch, M., Trautmann, S., Katzenberger, J., Dröschmeister, R. (2017): Datenverfügbarkeit zur Ursachenanalyse von Bestandsveränderungen bei Indikatorvogelarten. Vogelwarte 55 (4): 356-357.

Busch, M., Trautmann, S., Katzenberger, J., Gerlach, B. (2018): Ursachen-analyse von Bestandsveränderungen bei Indikatorvogelarten und Energiewende. Unveröffentlichter Abschlussbericht zum gleichnamigen Projekt im Auftrag des BfN. Münster (Dachverband Deutscher Avifaunisten), 147 S.

Busch, M., Katzenberger, J, Sudfeldt, C. et al. (2020): Drivers of population change in common farmland birds in Germany. Bird Conservation International First View First View 30 (3): 335-354.

Doxa, A., Paracchini, M., Jiguet, F. et al. (2012): Preventing biotic homogenization of farmland bird communities: the role of High Nature Value farmland. Agriculture, Ecosystems & Environment 148: 83-88.

Grueber, C., Nakagawa, S., Laws, R., Jamieson, I. (2011): Multimodel inference in ecology and evolution: Challenges and solutions. J. Evol. Biol. 24: 699-711.

Grüneberg, C., Dröschmeister, R., Wahl, J. et al. (2017): Vogelschutzbericht 2013: Methoden, Organisation und Ergebnisse. Naturschutz und Biologische Vielfalt 157, 230 S.

Pannekoek, J., Van Strien, A. (2005): TRIM 3 Manual (TRends & Indices for Monitoring data). Voorburg (Statistics Netherlands), 57 S.

Schielzeth, H. (2010): Simple means to improve the interpretability of regression coefficients. Methods in Ecology and Evolution 1(2): 103-113.

Sudfeldt, C., Dröschmeister, R., Trautmann, S. et al. (2012): Vogelmonitoring in Deutschland. Programme und Anwendungen. Naturschutz und Biologische Vielfalt 119, 257 S.

Sudfeldt, C., Dröschmeister, R., Stenzel, S., Trautmann, S. et al. (2018): Anleitung für das Brutvogelmonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Basismodul I – häufige Brutvögel. Münster (Dachverband Deutscher Avifaunisten), 9 S.

Wahl, J., König, C., Grüneberg, C., Trautmann, S. (2014): Entwicklung, Charakterisierung und Abstimmung von ökologischen Gruppen von Vogelarten. Unveröffentlichter Abschlussbericht zum gleichnamigen Projekt im Auftrag des BfN. Münster (Dachverband Deutscher Avifaunisten), 43 S.

Zuur, A., Ieno, E., Walker, N., Saveliev, A., Smith, G. (2009): Mixed effects models and extensions in ecology with R. New York: (Springer), 596 S.

Zuur, A., Ieno, E., Elphick, C. (2010): A protocol for data exploration to avoid common statistical problems. Methods in Ecology and Evolution 1: 3-14.

Adressen der Autoren:

Jakob Katzenberger*, Sven Trautmann, Malte Busch und Christoph Sudfeldt
Dachverband Deutscher Avifaunisten (DDA) e.V.
An den Speichern 2, 48157 Münster
E-Mail: *katzenberger@dda-web.de

Rainer Dröschmeister
Bundesamt für Naturschutz
Fachgebiet II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“
Konstantinstrasse 110, 53179 Bonn

Tagfalter-Monitoring Deutschland – Methoden der Auswertung und ausgewählte Ergebnisse

Martin Musche, Reinart Feldmann, Alexander Harpke, Elisabeth Kühn und Josef Settele

Zusammenfassung

Standardisiert erhobene Langzeitdaten mit einer großen räumlichen Abdeckung sind erforderlich, um Veränderungen der Biodiversität zu analysieren. Ehrenamtlich getragene Erfassungsprogramme wie das Tagfalter-Monitoring Deutschland (TMD) bieten ein hohes Potenzial, entsprechende Daten zu gewinnen. Da solche Programme oftmals nicht einem idealtypischen Monitoringdesign entsprechen, sind spezielle Auswertungsmethoden erforderlich. Die Populationsentwicklung von Insekten ist durch eine starke Saisonalität gekennzeichnet. Zudem treten ausgeprägte jährliche Populationsschwankungen auf. Eine hohe Erfassungsfrequenz sowie die jährliche Bearbeitung von Probeflächen (im Fall des TMD sind dies Transekte) sind daher notwendig, um verlässliche Abundanzindizes und Trends zu berechnen. Aus persönlichen Gründen können viele ehrenamtlich Aktive eine solch hohe Bearbeitungsintensität nicht leisten. Zudem werden laufend neue Transekte angelegt und ältere aufgegeben. Auf diese Weise entstehen Datensätze, die durch verschiedene Kategorien an fehlenden Werten gekennzeichnet sind. Im vorliegenden Beitrag werden Methoden vorgestellt, die für die Analyse solcher Datensätze geeignet sind und im Rahmen des TMD zur Anwendung kommen.

Abstract

The analysis of changes in biodiversity requires standardized long-term data with large spatial coverage. Volunteer based monitoring programs such as the German Butterfly Monitoring Scheme offer excellent opportunities to obtain such data. Since respective programs often do not correspond to an ideal monitoring design, specific statistical methods are required for data analysis. The population development of insects is characterized by a strong seasonality and pronounced annual fluctuations. High frequency observations and continuous sampling across years are required in order to calculate reliable abundance indices and trends. For personal reasons many volunteers are not able to ensure such high sampling intensity. In addition, new transects are constantly being established and older ones abandoned. In this way data sets are created that are characterized by different types of missing values. In the present article methods are presented which take into account this datatructure and which are applied to estimate trends from the butterfly monitoring scheme.

1 Tagfalter-Monitoring Deutschland

Weltweit gehen die Bestände an Insekten zurück (Dirzo et al. 2014). Insbesondere auf regionaler Ebene ist ein Verlust an Arten und Individuen zu verzeichnen (Habel et al. 2016, Hallmann et al. 2017). Stellvertretend für viele Insektengruppen wird auch die Bestandssituation vieler Tagfalterarten als kritisch eingeschätzt (Reinhardt, Bolz 2011, van Swaay et al. 2010a). Die aktuelle Diskussion zum Thema „Insektensterben“ zeigt jedoch auch, dass es an flächendeckenden Langzeitdaten mangelt, um belastbare Trends abzuleiten und die Ursachen von Biodiversitätsveränderungen zu ergründen.

Das Tagfalter-Monitoring Deutschland (TMD) wurde im Jahr 2005 gestartet, um eine Datengrundlage zu schaffen, die eine verlässliche Einschätzung von Bestandsveränderungen zulässt und vielfältige Möglichkeiten für wissenschaftliche Analysen bietet. Das Monitoringprogramm wird weitgehend von ehrenamtlich tätigen Zählerinnen und Zählern sowie Koor-

dinatorinnen und Koordinatoren getragen. Die zentrale Koordination liegt beim Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung UFZ in enger Kooperation mit der Internetplattform science4you. Seit Start des Programms wurden 976 Transekte angelegt, wovon jährlich ca. 450 Transekte bearbeitet werden. Die räumliche Verteilung der im Jahr 2016 bearbeiteten Transekte ist in Abbildung 1 dargestellt.

Die Erfassungen erfolgen mittels einer Transektbegehung (Pollard, Yates 1993), die auch in anderen Europäischen Ländern zur Anwendung kommt. Während einer Begehung werden alle Individuen artgenau erfasst und gezählt, die sich in einem definierten Zählkorridor befinden (Kühn et al. 2014). Um eine Transektbegehung durchführen zu können, müssen bestimmte Wetterbedingungen vorherrschen. Die Erfassungen finden idealerweise wöchentlich im Zeitraum von Anfang April bis Ende September statt. Die hohe Erfassungsfrequenz ist notwendig, um auch Arten mit sehr kurzen Flugzeiten gut zu erfassen.

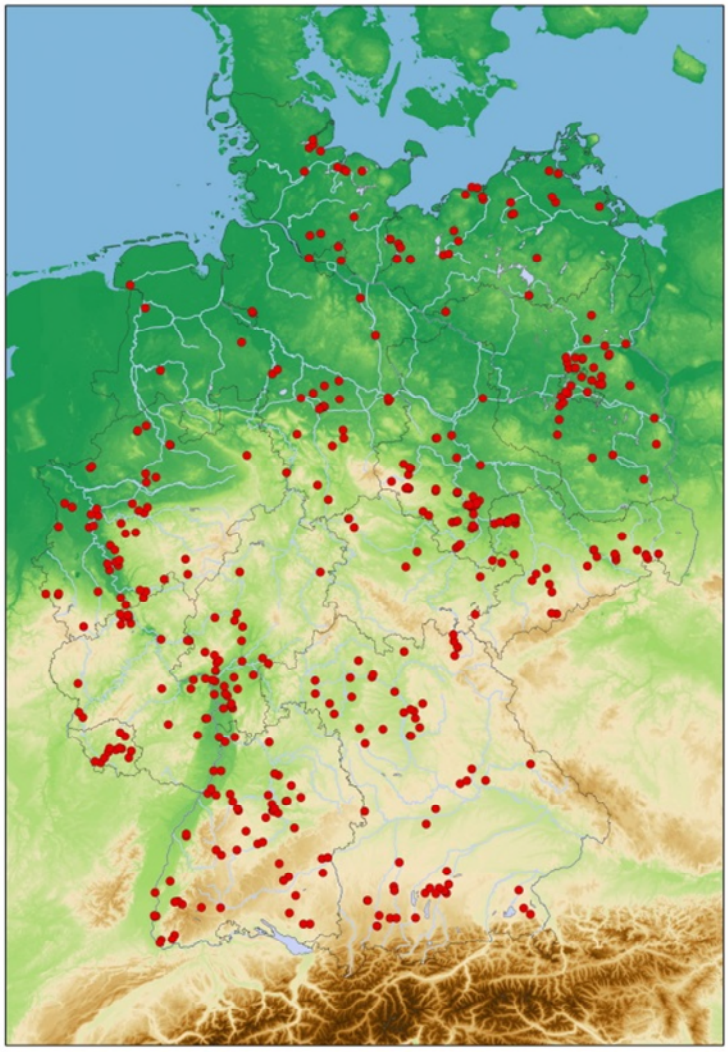


Abb. 1: Räumliche Verteilung der im Jahr 2016 bearbeiteten Transekte des TMD. Kartengrundlage: TOPO-WMS by Mundialis, © OpenStreetMap Contributors.

2 Eigenschaften der Daten

Der ehrenamtliche Charakter des Monitoringprogramms hat Auswirkungen auf die Struktur der erhobenen Daten. Im Gegensatz zu professionell durchgeführten Programmen ist ein aus wissenschaftlicher Sicht ideales raum-zeitliches Design nicht umsetzbar. Vielmehr haben die TransektzählerInnen die Möglichkeit, ihre Zählstrecken sowie Erfassungszeitpunkte

selbst zu wählen. Oftmals ist es ihnen jedoch nicht möglich, wöchentliche Zählungen durchzuführen. Ortswechsel führen dazu, dass Transekte aufgegeben und neue eingerichtet werden. Diese Faktoren schlagen sich in der Datenstruktur nieder. Für die Berechnung von Abundanzindizes und Trends sind zwei Sachverhalte besonders relevant. Zum einen entstehen Datenlücken innerhalb einer Zählsaison. Wenn dadurch die Phänologie einer Tagfalterart nicht richtig erfasst wird, ist eine Ableitung von Abundanzindizes nicht ohne weiteres möglich. Zum anderen entstehen durch die Aufgabe und Neuanlage von Transekten Datenlücken, die eine Abschätzung von Bestandsveränderungen über mehrere Jahre hinweg erschweren. Im folgenden Abschnitt werden Methoden vorgestellt, die für Standardanalysen des Tagfalter-Monitorings verwendet werden und auch die Einbeziehung lückenhafter Daten ermöglichen.

3 Vorgehensweise zur Ermittlung von Bestandstrends

3.1 Abundanzindizes

Eine Grundvoraussetzung für die Analyse zeitlicher Bestandsveränderungen ist die Berechnung verlässlicher Abundanzindizes für jede Art, jedes Transekt und jedes Begehungsjahr. Tagfalter sind in der Regel kurzlebig und zeigen ein ausgeprägtes saisonales Auftreten. Dabei unterscheiden sich die Flugzeiten und die Anzahl der Generationen von Art zu Art. Um den Verlauf der Flugperiode gut abzudecken sind wöchentliche Transektbegehungen vorgesehen. Mit dieser Begehungsfrequenz ist die Wahrscheinlichkeit hoch, Beginn, Maximum und Ende der Flugzeit zu erfassen. In diesem idealtypischen Fall kann ein Abundanzindex abgeleitet werden, indem die wöchentlichen Zählwerte summiert werden (Pollard, Yates 1993). Diese Vorgehensweise ist jedoch nicht möglich, wenn Begehungen fehlen oder unregelmäßig über die Flugzeit verteilt sind. Fehlende wöchentliche Zählwerte müssen dann interpoliert werden. Ein traditionelles Verfahren ist die lineare Interpolation mit Hilfe der Trapezregel, bei der die vorhandenen wöchentlichen Zählwerte vor und nach einem fehlenden Wert genutzt werden, um diesen abzuleiten. Ein Abundanzindex kann dann anhand der Fläche unter der vervollständigten Flugzeitkurve geschätzt werden. Eine Alternative stellen Generalisierte Additive Modelle (GAM) dar, die für jede Kombination aus Art, Transekt und Jahr berechnet werden, und die im Vergleich zur linearen Interpolation verlässlichere Schätzwerte liefern (Rothery, Roy 2001). Bei beiden Methoden steigt jedoch die Unsicherheit bei einem größeren Anteil fehlender Werte, insbesondere wenn das Flugzeitmaximum nicht erfasst wird. Unter diesen Umständen können viele Daten nicht in die Auswertung einbezogen werden.

Eine Lösung des Problems bietet der Zwei-Stufen-Ansatz nach Dennis et al. (2013). In einem ersten Schritt wird mit Hilfe eines GAM für jede Art und jedes Jahr eine Gesamtphänologie über alle Transekte hinweg modelliert. Abbildung 2 zeigt beispielhaft solche Phänologien für vier Arten mit unterschiedlichen Lebenszyklen. Erkennbar sind auch die Unterschiede in Phänologie und Abundanz zwischen einzelnen Jahren. Mit Hilfe dieser Gesamtphänologie werden in einem zweiten Schritt fehlende wöchentliche Zählwerte für jede Art auf Transektebene geschätzt. Dabei kommen Generalisierte Lineare Modelle (GLM) zum Einsatz. Auf der Basis reeller und geschätzter Zählwerte lassen sich anschließend mit Hilfe der linearen Interpolation jährliche Abundanzindizes für jede Art und jedes Transekt ableiten.

Die Methode weist eine Reihe von Vorteilen auf. Auch wenn der Anteil fehlender wöchentlicher Begehungen hoch ist, fallen die Schätzfehler im Vergleich zu anderen Methoden geringer aus (Schmucki et al. 2016). Dadurch lassen sich auch Transekte in die Analyse einbeziehen, die eine geringere Begehungshäufigkeit aufweisen. Ebenso ist es möglich, ge-

nauere Abundanzindizes aus reduzierten Erfassungsansätzen zu gewinnen. Ein weiterer Vorteil der Methode ist, dass die geschätzten Abundanzindizes keine falschen Tendenzen in eine bestimmte Richtung aufweisen (Bias).

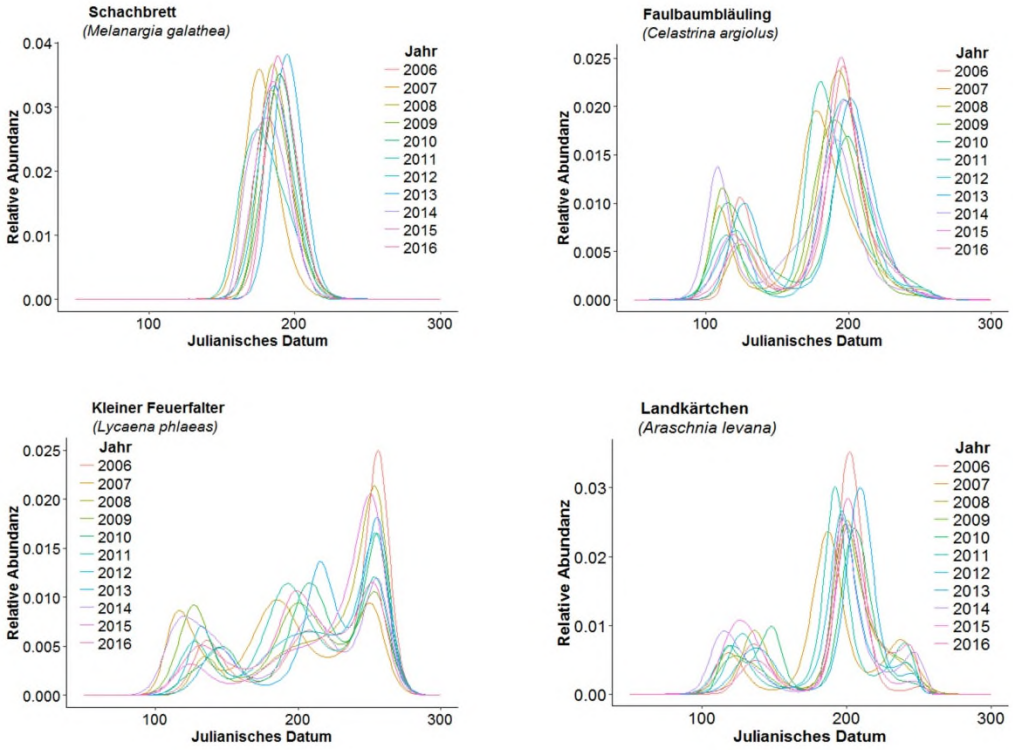


Abb. 2: Modellierte Phänologien für vier Tagfalterarten mit unterschiedlichen Lebenszyklen (Schachbrett: eine Generation, Faulbaumbläuling: zwei Generationen, Kleiner Feuerfalter: drei, zum Teil überlappende Generationen, Landkärtchen: zwei Generationen und eine partielle dritte Generation) (Tagfalter-Monitoring Deutschland).

Eine wesentliche Voraussetzung für die Anwendung des Zwei-Stufen-Ansatzes ist, dass die betrachtete Art über alle zu analysierenden Transekte hinweg eine ähnliche Phänologie aufweist. Wenn die phänologischen Unterschiede zu groß sind, müssen separate Berechnungen durchgeführt werden. In Deutschland bestehen solche Unterschiede zum Beispiel zwischen Nordost- und Südwestdeutschland, aber auch entlang von Höhengradienten.

3.2 Trends

Die oben beschriebene Methode liefert für jede Art, jedes Transekt und jedes Jahr einen Abundanzindex. Diese Indizes werden herangezogen, um die Bestandsentwicklung über mehrere Jahre (Trends) abzuschätzen. Dazu werden loglineare Regressionsmodelle verwendet, die im Programm TRIM (Pannekoek, van Strien 2005) implementiert sind. TRIM, das auch als Paket (rtrim) für die Statistiksoftware R (R Core Team 2018) vorliegt, bietet die Möglichkeit, fehlende Werte durch Imputation zu ergänzen. Dadurch können Transekte mit unterschiedlichen Bearbeitungszeiträumen in die Analyse einbezogen werden. Das Programm gibt jährliche Indizes mit Standardfehlern sowie einen Trend mit Signifikanzwert und einer Klassifikation aus (starke Zu- bzw. Abnahme, moderate Zu- bzw. Abnahme, stabil, unsicher), die sich nach der Stärke des Trends und der Weite der Konfidenzintervalle richtet. Abbildung 3 zeigt beispielhaft Arten mit positiver, negativer, stabiler und unsicherer Populationsentwicklung. Ein positiver bzw. negativer Trend liegt vor, wenn dieser signifikant verschieden von Null ist. Ist der Trend nicht signifikant und die Konfidenzintervalle sind eng, wird von einer stabilen Populationsentwicklung ausgegangen. Sind die Konfidenzintervalle

dagegen weit, wird sie als „unsicher“ eingestuft. Der letzte Fall tritt oftmals auf, wenn Arten nur in sehr geringen Populationsdichten auftreten, z.B. der Trauermantel (Abb. 3).

4 Weitergehende Anwendungen auf Basis der beschriebenen Methoden

Die mit Hilfe des Zwei-Stufenansatzes und TRIM berechneten Indizes können für eine Reihe weiterführender Analysen sowie die Entwicklung von Indikatoren verwendet werden. So lassen sich zusammengefasste Indizes für mehrere Arten berechnen. Dieser Ansatz wird unter anderem bei der Berechnung des Europäischen Indikators für Tagfalter des Grünlandes verfolgt (van Swaay et al. 2016), der die Bestandstrends von 17 typischen Arten trockener und feuchter Grünländer aus 22 europäischen Monitoringprogrammen zusammenfasst. Eine relativ neue Methode erlaubt es, Indizes und Standardfehler aus TRIM für die Berechnung zusammengefasster Indizes (multi species index, MSI) zu nutzen. Die im R-Paket msi (Soldaat et al. 2017) implementierten Modelle geben neben dem zusammengefassten Index und dessen Standardfehler auch einen Trend mit Konfidenzintervallen aus. Abbildung 4 zeigt einen beispielhaften MSI für die zwei im TMD erfassten Weißlingsarten. Während der Grünader-Weißling einen positiven Trend zeigt, nimmt der Kleine Kohlweißling tendenziell ab. Der MSI zeigt, dass beide Arten zusammen genommen stabil sind. Arten lassen sich je nach Fragestellung nach verschiedenen Kriterien gruppieren, z.B. nach Arteigenschaften oder Habitatbindung.

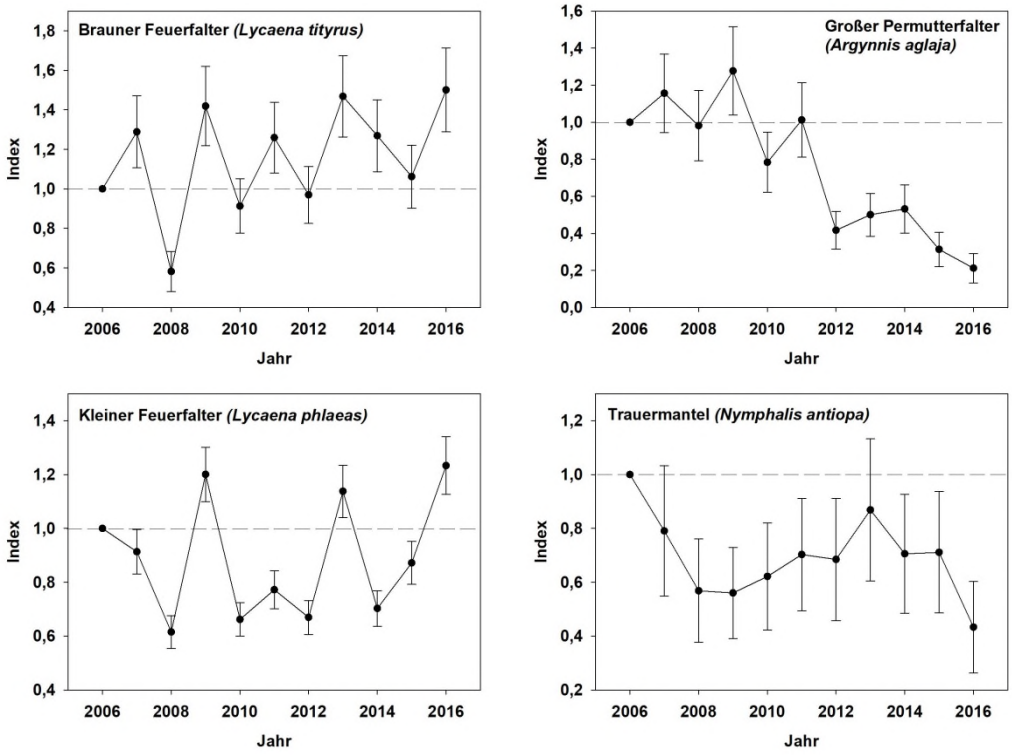


Abb. 3: Beispiele für eine positive (Brauner Feuerfalter), negative (Großer Perlmutterfalter), stabile (Kleiner Feuerfalter) und unsichere (Trauermantel) Populationsentwicklung. Dargestellt sind die mittleren Indizes und Standardfehler (Kühn et al. 2017).

Auch Indikatoren, die die Veränderungen von Artengemeinschaften gegenüber bestimmten Einflussgrößen anzeigen, können auf Basis der aus Monitoringprogrammen gewonnenen Abundanzindizes quantifiziert werden. Ein bekanntes Beispiel ist der Community Temperature Index (CTI), der die Zusammensetzung einer Artengemeinschaft hinsichtlich der Temperaturansprüche der in ihr enthaltenden Arten widerspiegelt. Der CTI der Tagfalter zeigt auf verschiedenen räumlichen Skalen über die letzten Jahrzehnte einen Anstieg, der mit

dem Anstieg der Jahresmitteltemperaturen einhergeht (Devictor et al. 2012; Musche et al. 2014, van Swaay et al. 2010b, Wiemers et al. 2013). Basis der Berechnung sind die STI-Werte (species temperature indices), die für die meisten Arten auf Basis der europäischen Verbreitung in Schweiger et al. (2014) zusammengestellt sind. Einen ähnlichen Ansatz gibt es, um Tagfalter Entwicklung, Charakterisierung und Abstimmung von ökologischen Gruppen von Vogelarten. gemeinschaften hinsichtlich ihrer Reaktion auf Stickstoff zu charakterisieren (Wallis de Vries, van Swaay 2017).

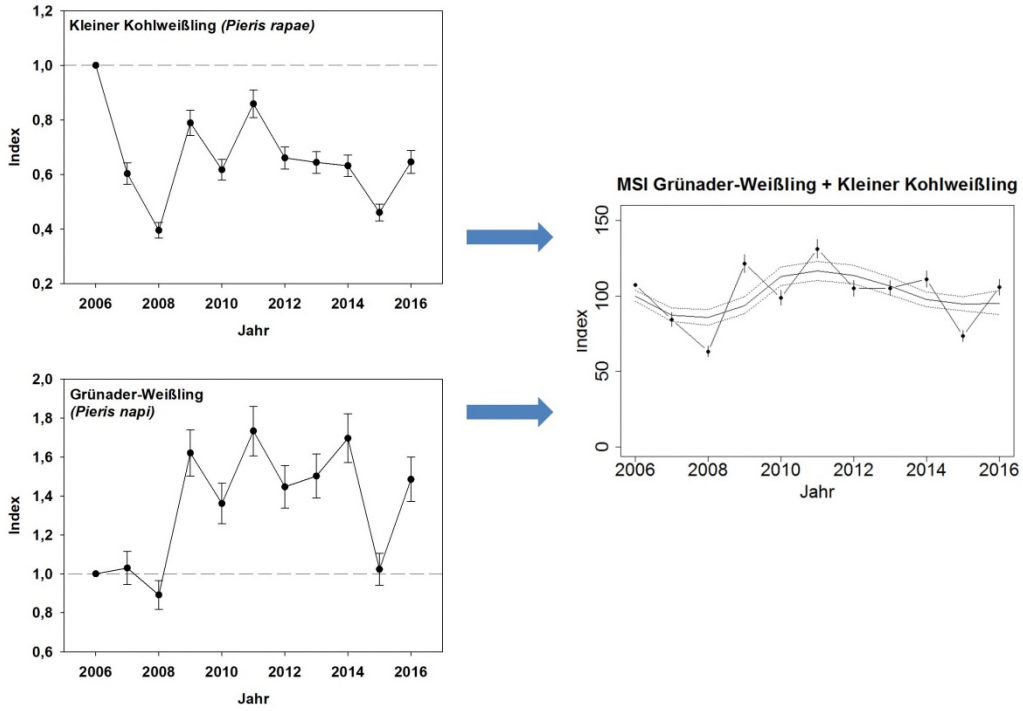


Abb. 4: Bestandsentwicklung des Grünader-Weißlings (positiv), Kleinen Kohlweißlings (negativ) sowie beider Arten zusammengefasst (stabil). Die rechte Abbildung zeigt den MSI (multi species index) mit Standardfehler sowie die Trendlinie mit 95 % Konfidenzintervallen (Kühn et al. 2017, Tagfalter-Monitoring Deutschland).

5 Ausblick

Viele Monitoringprogramme – wie das TMD – sind auf die Erfassung häufiger und weit verbreiteter Arten ausgelegt. Für solche Arten lassen sich ohne Probleme robuste Trends ermitteln. Schwieriger sind entsprechende Berechnungen für Arten, die nur in wenigen Transekten vorkommen, da sie nur in lokal begrenzten Populationen oder geringen Populationsdichten auftreten. Der Zwei-Stufen-Ansatz eignet sich, um für solche Arten verlässlichere Abundanzindizes zu berechnen. Dazu könnten Daten aus anderen europäischen Monitoringprogrammen, die in der gleichen bioklimatischen Zone liegen, für die Berechnung einer Gesamtphänologie genutzt werden (Schmucki et al. 2016). Ebenso besteht das Potenzial, Daten des TMD zu nutzen, um genauere Abundanzindizes aus reduzierten Erfassungsprogrammen zu berechnen, die oftmals zur Maßnahmenkontrolle im Naturschutz oder zur Erfüllung von Berichtspflichten etabliert werden. Eine solche Verknüpfung von Daten aus verschiedenen Quellen bietet die Chance, die Aussagekraft und Repräsentativität des Biodiversitätsmonitorings zu erhöhen. Dazu ist es nötig, Methoden soweit wie möglich zu harmonisieren, Standards für die Erfassung, Speicherung und Weitergabe von Daten festzulegen sowie den rechtlichen Rahmen dafür zu bestimmen. Eine enge Abstimmung zwischen

den verschiedenen Programmen ist daher eine wesentlich Voraussetzung, um potenzielle Synergieeffekte zu nutzen.

Danksagung

Wir danken allen ehrenamtlich tätigen TransektzählerInnen sowie KoordinatorInnen, ohne deren Arbeit die Auswertungen nicht möglich wären. Dank gilt auch den zuständigen Behörden für die Erteilung artenschutzrechtlicher Ausnahmegenehmigungen.

Literaturverzeichnis

Dennis, E., Freeman, S., Brereton, T. et al. (2013): Indexing butterfly abundance whilst accounting for missing counts and variability in seasonal pattern. Methods in Ecology and Evolution 4: 637-645.

Devictor, V., van Swaay, C., Brereton, T. et al. (2012): Differences in the climatic debts of birds and butterflies at a continental scale. Nature Climate Change 2: 121-124.

Dirzo, R., Young, H., Galetti, M. et al. (2014): Defaunation in the Anthropocene. Science 345: 401.

Habel, J., Segerer, A., Ulrich, W. et al. (2016): Butterfly community shifts over two centuries. Conservation Biology 30: 754-762.

Hallmann, C. et al. (2017): More than 75 Percent Decline over 27 Years in Total Flying Insect Biomass in Protected Areas. E.G. Lamb (Ed.). PLOS ONE 12 (10): e0185809.

Kühn, E., Musche, M., Harpke, A. et al. (2014): Tagfalter-Monitoring Deutschland. Anleitung. Oedippus 27: 2-48.

Kühn, E., Musche, M., Settele, J. et al. (2017): Tagfalter-Monitoring Deutschland: Jahresauswertung 2016. Oedippus 34: 6-33.

Musche, M., Wiemers, M., Kühn, I. (2014): Konzept für ein Monitoring der Auswirkungen des Klimawandels auf die biologische Vielfalt Thüringens. Landschaftspflege und Naturschutz in Thüringen 51: 67-78.

Pannekoek, J., Van Strien, A. (2005): TRIM 3 Manual (TRends & Indices for Monitoring data). Voorburg (Statistics Netherlands), 57 S.

Pollard, E., Yates, T. (1993): Monitoring butterflies for ecology and conservation: The British Butterfly Monitoring Scheme. Conservation biology series No. 1. London (Chapman and Hall), 292 S.

R Core Team. R (2018): A language and environment for statistical computing. Wien (R Foundation for Statistical Computing, 16 S.

Reinhardt, R., Bolz, R. (2011) Rote Liste und Gesamtartenliste der Tagfalter (Rhopalocera) (Lepidoptera: Papilionoidea et Hesperioidea) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt 70: 167-194.

Rothery, P., Roy, D. (2001): Application of generalized additive models to butterfly transect count data. Journal of Applied Statistics 28: 897-909.

Schmucki, R., Pe'er, G., Roy, D., Stefanescu, C. et al. (2016): A regionally informed abundance index for supporting integrative analyses across butterfly monitoring schemes. Journal of Applied Ecology 53: 501-510.

Schweiger, O., Harpke, A., Wiemers, M. et al. (2014): CLIMBER: Climatic niche characteristics of the butterflies in Europe. Zookeys 367: 65-84.

Soldaat, L., Pannekoek, J., Verweij, R. et al. (2017): A Monte Carlo method to account for sampling error in multi-species indicators. Ecological Indicators 81: 340-347.

van Swaay, C., Cuttelod, A., Collins, S. et al. (2010a): European Red List of Butterflies. Luxembourg (Publications Office of the European Union), 58 S.

van Swaay, C., Harpke, A., van Strien, A. et al. (2010b): The impact of climate change on butterfly communities 1990 - 2009. Report VS2010.025. Wageningen (De Vlindersticht-ing), 22 S.

van Swaay, C., van Strien, A., Aghababyan, K. et al. (2016): The European Butterfly Indicator for Grassland Species 1990 - 2015. Report VS2016.019. Wageningen (De Vlinder-stichting), 44 S.

Wallis de Vries, M., van Swaay, C. (2017) A nitrogen index to track changes in butterfly species assemblages under nitrogen deposition. Biological Conservation 212: 448-453.

Wiemers, M., Musche, M., Striese, M. et al. (2013): Naturschutzfachliches Monitoring Kli-mawandel und Biodiversität. Teil 2: Weiterentwicklung des Monitoringkonzeptes und Auswertung ausgewählter vorhandener Daten. Schriftenreihe des LfULG 25, 165 S.

Adressen der Autorin und der Autoren:

Martin Musche*, Alexander Harpke, Elisabeth Kühn und Josef Settele
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
Department Biozönoseforschung
Theodor-Lieser-Str. 4, 06120 Halle
E-Mail: *martin.musche@ufz.de

Reinart Feldmann
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ
iDiv Koordinator
Permoserstr. 15, 04318 Leipzig

Biogeographische Modellierung mit Monitoringdaten: Baumarten im Klimawandel

Klara Dološ und Ulrike Märkel

Zusammenfassung

Monitoringdaten sind Grundlage für Analysen zum Verständnis großräumiger und langfristiger Entwicklungen der Biodiversität. Erst mit einer soliden Datenbasis, einem Biodiversitätsmonitoring, werden wichtige Veränderungen der Biodiversität in Deutschland, aber auch in Europa oder global frühzeitig erkannt und wissenschaftlich belegbar. Die biogeographische Modellierung mit Biodiversitäts- und Umweltdaten kann dazu einen wichtigen Teil beitragen.

Biogeographische Modelle, bspw. zur Standorteignung von Baumarten, werden in der Klimafolgenforschung aktuell eingesetzt und auch operationalisiert. Dabei werden Klima-Artverbreitungsmodelle berechnet und deren Prognosen als Standorteignung interpretiert. Eine derartige Verwendung von Monitoringdaten in der Modellierung wird hier mittels einer Fallstudie vorgestellt. Anhand von Daten aus der Bundeswaldinventur (BWI) konnten dabei Regionen in Deutschland identifiziert werden, die bei der Anpassung an den Klimawandel Priorität haben sollten. Die Daten aus der BWI bewährten sich für die Modellierung und können ein positives Beispiel für zukünftige Planungen geben. Da ein Biodiversitätsmonitoring sowohl aufwendig als auch langfristig angelegt ist, ist die Planungsphase enorm wichtig. Dabei verschiedene Ziele und DatennutzerInnen einzubeziehen, wird helfen eine sinnvolle Mehrfachnutzung der Daten zu ermöglichen und Synergien mit anderen Projekten zu identifizieren.

Neben einem klar formulierten Kernziel des bundesweiten Biodiversitätsmonitoring, wird eine weitsichtige Planung über die effektive Nutzung der Monitoringdaten zur Beantwortung relevanter Fragen im Themenfeld Biodiversität und Nachhaltigkeit entscheiden.

Abstract

Monitoring data are the basis to analyze and understand large-scale and long-term developments in biodiversity. Only with a solid database important changes in biodiversity in Germany and Europe can be recognized early and can scientifically be proven. Biogeographical modeling with biodiversity data and environmental data can play an important part in this.

Biogeographic models, e.g. for the suitability of tree species, are currently used in climate impact research but are also operationalized. Species distribution models are calculated and their forecasts interpreted as suitability for the location. Such use of monitoring data in modeling is presented here using a case study. Using data from the National Forest Inventory of Germany (Bundeswaldinventur, BWI), regions in Germany could be identified that should be given priority when adapting to climate change. The data from the BWI have proven themselves for modeling and can be a positive example for future monitoring projects. Since biodiversity monitoring is both complex and long-term, the planning phase is extremely important. Including different goals and users will help to enable meaningful multiple use of the data and to identify synergies with other projects.

A clearly formulated core goal of nationwide biodiversity monitoring and far-sighted planning will decide on the effective use of the monitoring data to answer relevant questions in the field of biodiversity and sustainability.

1 Einleitung

Basis für die Abschätzung von Klimawandelfolgen für Wälder sind neben Baumringanalysen, forstlichen Versuchsflächen und Experimenten vor allem langfristige Monitoringdaten. Diese stehen in Form von nationalen Waldinventuren in vielen europäischen Ländern zur Verfügung (Tomppo 2010). Im forstlichen Bereich wurde in Deutschland die Bundeswaldinventur eingeführt, um zunächst den Holzvorrat und weitere forstwirtschaftlich relevante Parameter und deren Entwicklungstrends auf grober räumlicher Skala zu schätzen. Mittlerweile werden diese Daten jedoch auch für andere Fragestellungen u.a. aus den Bereichen Ökologie, Biogeographie und in der Klimafolgenforschung verwendet (Benito-Garzón et al. 2013, Hanewinkel et al. 2014). Erfahrungen mit der biogeografischen Modellierung dieser bundesweiten Wald-Monitoringdaten können für die weiteren Überlegungen zur Auswertung der Daten eines Biodiversitätsmonitorings genutzt werden.

2 Baumarten im Klimawandel

Die statistische Modellierung im Sinne der Biogeographie und Makroökologie hat zum Ziel messbare Einflussfaktoren als Prädiktoren für ökologische Zielvariablen zu nutzen. Die häufigste Anwendung statistischer Modellierung in der Biogeographie und Makroökologie ist die biogeographische Artverbreitungsmodellierung (Franklin 2009). Aus der geographischen Artverbreitung wird die Verbreitung in Abhängigkeit von Umweltvariablen berechnet. Sie wird meist eingesetzt, um ökologische Standortansprüche von Arten zu charakterisieren und Verbreitungsgebiete abzugrenzen. Diese Modelle werden auch dazu genutzt, Klimafolgen abzuschätzen.

Biogeographische Modelle zur Standorteignung von Baumarten werden in der Klimafolgenforschung aktuell eingesetzt und auch operationalisiert (Kölling 2009, Falk, Mellert 2011, Falk et al. 2013, Hanewinkel et al. 2014). Dabei zu berücksichtigen ist der Inhalt des Begriffs „Standorteignung“, der in den Forstwissenschaften sehr deutlich definiert ist und neben dem Einfluss des Klimas auch lokale Bodenverhältnisse und anderes einschließt. Im Gegensatz dazu wird der Begriff Standorteignung (Engl. site suitability) in der Biogeographie und Makroökologie recht locker und oft synonym mit den Prognosen eines Klima-basierten Artverbreitungsmodells verwendet.

In der später vorgestellten Studie zur Standorteignung von Baumarten (Dolos et al. 2015, Märkel, Dolos 2017) wurde dieser weiter gefasste Begriff der Standorteignung verwendet (Klima- und Bodennische basierend auf einem Artverbreitungsmodell), es wurden aber nicht einfach relative Vorkommenswahrscheinlichkeiten angegeben, wie es oft der Fall ist. Die Bundeswaldinventur stellt aufgrund ihres Designs als Wiederholungsaufnahme neben reinen Präsenz-Absenz-Daten auch Brusthöhendurchmesser für Baumindividuen zu mehreren Zeitpunkten zur Verfügung. Daraus kann der individuelle Baumzuwachs berechnet und in der Modellierung verwendet werden. Es war möglich, Artverbreitungsmodelle und Zuwachsmodelle für sechs Baumarten zu berechnen (*Picea abies, Fagus sylvatica, Abies alba, Pinus sylvestris, Quercus petraea, Q. robur*). Anhand dieser Modelle konnten standort-abhängige Verbreitungskarten und Karten des Baumwachstums erstellt und die zugehörigen Umweltnischen visualisiert werden.

2.1 Artverbreitungsmodelle

Für die Berechnung von Artverbreitungsmodellen wird eine ausreichende Anzahl an Koordinaten benötigt, an denen das Vorkommen der Art beobachtet wurde (Stockwell, Peterson 2002), um ihre Umweltnische abzubilden. Noch besser ist ein Aufnahmedesign, welches eine Zufallsstichprobe im Raum darstellt, an denen die Präsenz oder Absenz einer Art

überprüft und notiert wurde (Tab. 1). So besteht der Datensatz aus Koordinaten, für die die Präsenz oder Absenz einer Art bekannt ist. Eine Alternative oder Ergänzung dieses kosten- und zeitintensiven Datensatzes stellen „Background"-Daten dar. Dies sind rein zufällig im Raum verteilte Punkte, die in ausreichender Menge das verfügbare Habitat bzw. die Umweltverhältnisse im Gebiet repräsentieren. Wahlweise können Modelle allein mit Präsenz-Daten (Envelope-Modelle, one-class support vector machines (OCSVM)), mit Präsenz-Absenz-Daten (generalized linear models (GLM), generalized additive models (GAM), boosted regression trees (BRT)), mit Präsenz-Background-Daten (MaxEnt, Biased support vector machines (BSVM)) oder auch mit Präsenz-Absenz-Background-Daten (Semi-Supervised-Learning Methoden) berechnet werden.

Tab. 1: Übersicht der Datentypen, die für die Artverbreitungsmodellierung verwendet werden können.

Datentyp	**Beschreibung**	**Information u. Aufwand (bei gleicher Anzahl)**
P – Präsenzen	Das Vorkommen von Individuen einer Art wurde beobachtet, d.h. sie kann dort mindestens eine Weile überleben (sich aber nicht unbedingt reproduzieren). Beobachterfehler ist klein.	Viel; aufwendig
A – Absenzen	Es wurde die Abwesenheit von Individuen einer Art beobachtet. Der Grund für die Abwesenheit ist nicht bekannt und ist stark durch zufällige Ereignisse bestimmt. Aus der Abwesenheit kann nicht geschlossen werden, dass die Standortbedingungen unpassend sind. Beobachterfehler ist größer als bei P.	Mittel; genauso aufwendig wie P
B – Background	Umweltbedingungen an zufällig im Raum verteilten Punkten. Sie repräsentieren die „Hintergrundverteilung" der Umweltdaten, d.h. das verfügbare Habitat.	Wenig, aber „ gratis", d.h. in beliebiger Menge verfügbar
„Pseudoabsenzen"	Ähnlich B, jedoch mit einer Zusatzbedingung, z.B. Mindestabstände zu Präsenzen. Dies bringt statistische Probleme mit sich, kann aber bei sehr schlechter Datenlage einen Ausweg darstellen.	Unklar, evtl. mehr als B

In allen Fällen werden für jede Koordinate bzw. jeden Punkt in der Landschaft verschiedene Standortparameter ermittelt. In der Regel werden solche verwendet, für die flächendeckende Informationen vorhanden sind, z.B. Rasterdaten für Temperatur und Niederschlag. So wird aus geographischen Punktinformationen zum Vorkommen einer Art mittels eines Modellalgorithmus ihre Verbreitung im Umweltraum (die Umweltnische, ähnlich einem Ökogramm) berechnet (Kölling 2007, Dolos et al. 2015). Dabei handelt es sich um ein Abbild der realisierten Verbreitung, d.h. es ist nicht möglich eine „potentielle" Nische abzuleiten oder eine finale Verbreitungskarte für eine sich in der Ausbreitung befindliche (invasive) Art „vorab" zu berechnen. Es kann mittels eines Artverbreitungsmodells nur wiedergegeben werden, was in den Daten vorhanden ist; es ist eine Grundannahme in der Artverbreitungsmodellierung, dass Artverbreitung und Umwelt im Gleichgewicht sind (Elith et al. 2010). Sowohl die projizierte geographische Verbreitung in Form einer Verbreitungskarte, als auch die direkte Interpretation der modellierten Umweltnische, sind trotzdem nützliche Grundlagen für ökologische Diskussionen und manchmal auch für Managemententscheidungen.

2.2 Bundeswaldinventur

Die Bundeswaldinventur (BWI) bietet eine sehr gute Datengrundlage für Wald und Forste in Deutschland auf nationaler Skala (Polley et al. 2016). Nationale Waldinventuren gibt es außerdem in allen angrenzenden Ländern, so dass ein geographisch weitläufiger Datensatz gebildet werden kann (Tomppo 2009, San-Miguel-Ayanz et al. 2016, Dolos et al. 2016). Dies ist sinnvoll, da das Verbreitungsgebiet der in Deutschland wichtigen Baumarten weit größer ist als das Bundesgebiet, und daher Nischengrenzen mit rein nationalen Datensätzen nur teilweise abgebildet werden können.

Das Aufnahmedesign der Bundeswaldinventur ist größtenteils in statistischer Hinsicht vorbildhaft für ein Monitoring, beinhaltet jedoch auch Einschränkungen. Positiv ist, dass ein regelmäßiges Raster besteht, was die statistische Auswertung stark vereinfacht. Durch die Wiederholung der Aufnahmen auf denselben Flächen an denselben Baumindividuen ist eine Auswertung über die Zeit nicht nur von zusammenfassenden Größen wie Mittelwerten für Holzvorrat pro Baumart und Bundesland, sondern auch zum Beispiel der Entwicklung des individuellen Baumwachstums möglich (Märkel, Dolos 2017). Für die biogeographische Modellierung von Artverbreitung und vor allem Baumwachstum und -mortalität ist jedoch die Winkelzählprobe, die immer noch in der BWI verwendet wird, ungünstig. Dabei werden nicht alle Individuen einer bestimmten Fläche aufgenommen, sondern einige repräsentative Individuen. In anderen nationalen Waldinventuren in Europa werden an jedem Aufnahmepunkt mehrere konzentrische Kreise verschiedener Radien genutzt, innerhalb derer alle Baumindividuen einer bestimmten Größenklasse vermessen werden. Solche Daten sind zum Beispiel zur Berechnung entfernungsabhängiger Konkurrenzindizes notwendig. Außerdem werden für die biogeographische Modellierung von allen Arten mit europäischem Verbreitungsgebiet länderübergreifende Datensätze benötigt, um Nischengrenzen abzubilden. Eine Angleichung der Aufnahmedesigns angrenzender Länder vereinfacht es, Datenbanken zu harmonisieren und den vollen Nutzen aus den Aufwendungen zu ziehen.

2.3 Prioritäre Regionen für Anpassungsmaßnahmen: Ein Anwendungsbeispiel

Eine Studie zur Identifikation von Regionen, die bei der Anpassung an den Klimawandel Priorität haben sollten (Märkel, Dolos 2017), kann hier als Beispiel für eine Verwendung von Monitoringdaten dienen. Oft werden Klima-Artverbreitungsmodelle berechnet und deren Prognosen als Standorteignung interpretiert. Negative Veränderungen unter Klimawandel werden dann als Hinweis darauf interpretiert, dass eine Änderung der im Bestand geförderten Baumarten vorgenommen werden sollte (Kölling 2007, Falk, Mellert 2011). Eine Studie zur Identifikation von solchen Regionen, die bei der Anpassung an den Klimawandel Priorität haben sollten (Märkel, Dolos 2017), soll hier als Beispiel für eine Verwendung von Monitoringdaten in der Modellierung dienen.

Da sich die Muster der Vorkommens- und Wachstumsmodelle einer vorangegangenen Studie, basierend auf den Bundeswaldinventurdaten, unterschieden (Dolos et al. 2015), stellte sich die Frage, wie beide Aspekte in die Bewertung der Standorteignung einfließen könnten. Dabei bildet die Artverbreitung vermehrt das Risiko ab, Wachstum die Produktivität. Beides ist unter wirtschaftlichen Gesichtspunkten wichtig bei der Beurteilung der forstlichen Standorteignung. Um dem gerecht zu werden, wurden beide Aspekte zu einer Größe kombiniert, in Form eines einfachen Summen-Index, dem „Happy Tree Index“ (HTI) (Märkel, Dolos 2017). Dieser ermöglicht es auszurechnen, welche Flächen sich unter Klimawandel Baumarten-spezifisch voraussichtlich verbessern oder verschlechtern.

Dabei ist es, im Hinblick auf praktische Fragestellungen, interessant, die aktuellen Bestände einzubeziehen. Auch sind Aussagen für Flächen, die heute anderen Nutzungen unterliegen (Siedlungen, Landwirtschaft) nicht direkt für Klimafolgen-Anpassungen der Forstwirtschaft relevant, da diese vermutlich nicht in nächster Zeit für Anpassungsmaßnahmen in Frage kommen. Eine Verschlechterung der Standorteignung (HTI) für die Fichte (*Picea abies*) im trockenen Nord-Osten Deutschlands ist beispielsweise praktisch wenig relevant, da sie dort schon jetzt nicht vorkommt bzw. gepflanzt wird. Eine Verschlechterung der Standorteignung für eine Art auf Flächen, wo sie heute als Hauptbaumart vorkommt und gepflanzt wird, macht jedoch eine Neuorientierung erforderlich.

Auf dieser Basis wurden Gebiete identifiziert, in denen sich für die tatsächlich in relevanter Stärke vorkommenden Baumarten die Bedingungen verschlechtern könnten (Märkel, Dolos 2017). Dieses Vorgehen wurde für die sechs ausgewählten Arten angewandt. Eine Bilanzierung für Deutschland unter Berücksichtigung der aktuellen Vorkommen zeigte, dass sich die Bedingungen für die Fichte großflächig verschlechtern, i.e. auf 79 % ihrer heutigen Anbaufläche (Abb. 1). Für wärme- und trocken-tolerante Arten (*Quercus petraea, Q. robur*) wurde eine Verbesserung der Standorteignung für heutige Vorkommen und für die aktuelle Waldfläche Deutschlands modelliert.

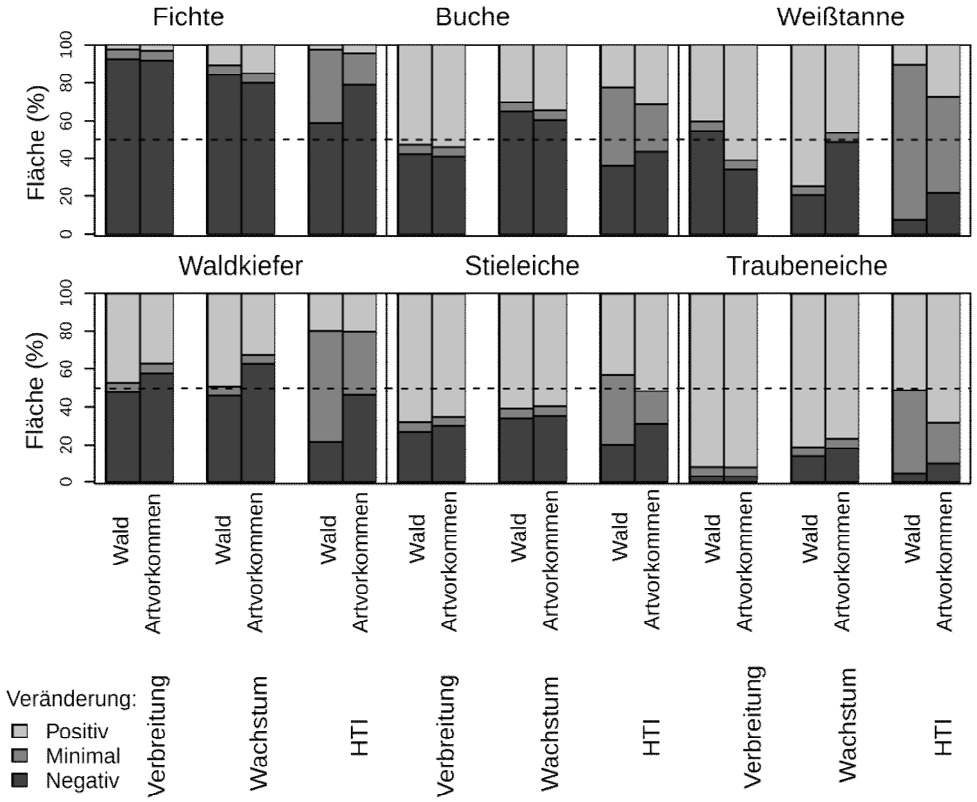


Abb. 1: Veränderung der Standorteignung in Prozent der Fläche für jeden Proxy der Standorteignung (Vorkommen, Wachstum, HTI) für das IPCC Szenario RCP 8.5 im Jahr 2050. Eine Verschlechterung der Standorteignung für die Fichte (*Picea abies*) wurde sowohl für die heutigen Vorkommen (Artvorkommen) als auch für die gesamte aktuelle Waldfläche (Wald) modelliert, wohingegen wärme- und trocken-tolerantere Baumarten eher an Fläche gewinnen (*Pinus sylvestris, Quercus petraea, Q. robur*) (Märkel, Dolos 2017).

Die resultierenden Karten wurden anschließend kombiniert, um eine Klimafolgen-Risikokarte für Deutschland zu erstellen, die anzeigt, für welche Regionen starke negative Veränderungen erwartet werden. Solche Regionen benötigen erhöhte Aufmerksamkeit. So

ergab die beschriebene Studie, dass die Bundesländer Rheinland-Pfalz und Hessen absolut gesehen die größten Waldflächen besitzen, die als prioritär eingestuft wurden, wohingegen in den großen Bundesländern Bayern und Brandenburg nur wenige Flächen als prioritär eingestuft wurden (Abb. 2, vgl. auch Abb. 7 in Märkel, Dolos 2017). Solche Ergebnisse könnten genutzt werden, um finanzielle und zeitliche Ressourcen sinnvoll und einigermaßen objektiviert einzuteilen.

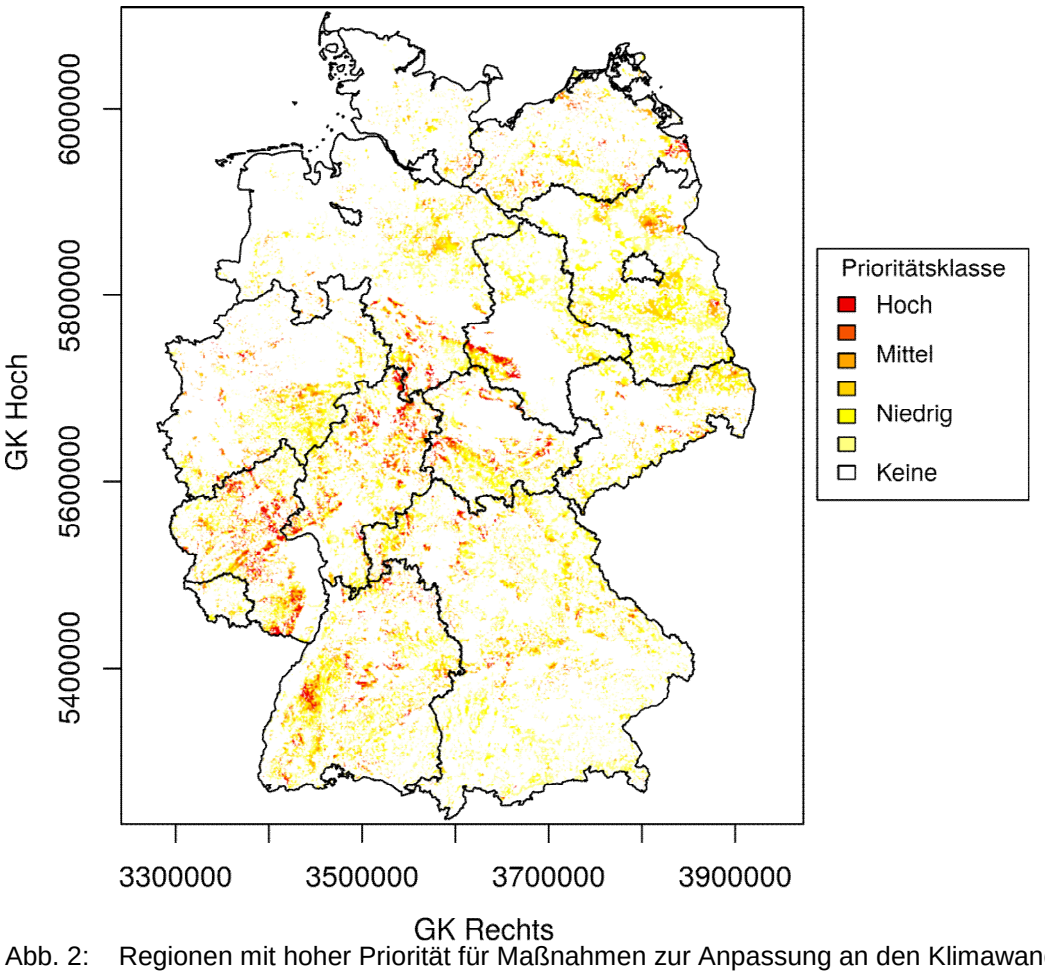


Abb. 2: Regionen mit hoher Priorität für Maßnahmen zur Anpassung an den Klimawandel abgeleitet aus negativen Veränderungen der Standorteignung (HTI). Die Karte zeigt Prioritätsklassen für Art-spezifische Vorkommen abgeleitet aus der Bundeswaldinventur in Waldflächen entsprechend der CORINE Land Cover Daten (Märkel, Dolos 2017).

3 Monitoringdaten und biogeographische Modellierung

Monitoringdaten sind die Grundlage für Analysen zum Verständnis großräumiger und langfristiger Entwicklungen der Biodiversität. Erst mit einer soliden Datenbasis, einem Biodiversitätsmonitoring, werden wichtige Veränderungen wie z.B. der Rückgang der Diversität der Bestäuber und Amphibien in Europa frühzeitig erkannt und wissenschaftlich unumstößlich belegbar. Die biogeographische Modellierung mit Biodiversitäts- und Umweltdaten liefert Artverbreitungsmodelle, Biotopverbreitungen, individuelles Wachstum, Abundanz und Frequenz von Arten sowie Zukunftsprognosen für verschiedene Klima- und Nutzungsszenarien.

Die Modellierung mit Monitoringdaten muss dabei klar abgegrenzt werden vom Fernerkundungsmonitoring, für das ebenfalls oft der Begriff „Modellierung“ verwendet wird. Das Fernerkundungsmonitoring kann ebenfalls im Feld erhobene Punktdaten nutzen. Diese Punktdaten (z.B. Biotoptypen, Biomasse) werden unter Zuhilfenahme von spektraler Information

durch Modelle in die Fläche gebracht (Stenzel et al. 2014, Fassnacht et al. 2016). Prognosen für die Entwicklung der Zustandsvariablen für Klimawandel- und Landnutzungsszenarien sind mittels Fernerkundungsmonitoring daher logischerweise nicht möglich, Klassifikationen zeigen hier immer nur den Ist-Zustand.

Die Daten für eine möglichst große Gruppe von NutzerInnen attraktiv zu machen, erhöht die Anzahl und Intensität der Analysen ohne Mehraufwand auf der Seite des Monitoring-Projekts. Für eine gute Nutzbarkeit in der biogeographischen Modellierung ist ein mit anderen Monitoringprogrammen abgestimmtes räumliches/zeitliches und methodisches Aufnahmedesign hilfreich. Eine Nutzung der Stichprobenpunkte oder Flächen anderer Monitoringprogramme, zumindest teilweise, ermöglicht eine Kombination der Datensätze in Ursachenanalysen, sowie eine Kalibrierung für z.B. eine Erweiterung von Zeitreihen. Im Falle der Bundeswaldinventur würde beispielsweise eine Abkehr von der Winkelzählprobe und eine Angleichung an die in Europa weitläufig verwendete Methodik der konzentrischen Kreise aus Sicht der biogeographischen Modellierung eine Vereinfachung darstellen (Tomppo 2009).

Eine Dokumentation der Erhebungsmethodik sowie der Datenstruktur auch auf Englisch vereinfachen den Einstieg für nicht-deutschsprachige NutzerInnen. Statistisch gesehen ist eine Angabe zur Herkunft und Genauigkeit jeder Messung/Angabe wünschenswert und macht Analyseergebnisse verlässlicher. Ein einfacher Zugang zur Datenbank (mit oder ohne Nutzungsvertrag) und ein kompetenter Kontakt für Rückfragen sind gute Voraussetzungen für eine weitreichende Datennutzung.

Da ein Biodiversitätsmonitoring sowohl aufwendig als auch langfristig angelegt ist, ist die Planungsphase enorm wichtig. Dabei verschiedene Ziele und Datennutzer einzubeziehen, wird helfen eine sinnvolle Mehrfachnutzung der Daten zu ermöglichen und Synergien mit anderen Projekten zu identifizieren (z.B. BWI und Ökologische Flächenstichprobe ÖFS in NRW). Allem voran steht jedoch ein klar formuliertes Kernziel des bundesweiten Biodiversitätsmonitorings, das einen klaren Rahmen für alles Weitere setzt.

Literaturverzeichnis

Benito-Garzón, M., Ruiz-Benito, P., Zavala, M. (2013): Interspecific differences in tree growth and mortality responses to environmental drivers determine potential species distributional limits in Iberian forests: Including tree growth and mortality into species distribution. Global Ecology and Biogeo-graphy 22: 1141-1151.

Dološ, K,, Bauer, A., Albrecht, S. (2015): Site suitability for tree species: Is there a positive relation between a tree species' occurrence and its growth? European Journal of Forest Research 134: 609-621.

Dološ, K., Mette, T., Wellstein, C. (2016) Silvicultural climatic turning point for European beech and sessile oak in Western Europe derived from national forest inventories. Forest Ecology and Management 373: 128-137.

Elith, J., Kearney, M., Phillips, S. (2010): The art of modelling range-shifting species. Methods in Ecology and Evolution 1: 330-342.

Falk, W., Mellert, K. (2011): Species distribution models as a tool for forest management planning under climate change: Risk evaluation of Abies alba in Bavaria. Journal of Vegetation Science 22: 621-634.

Falk, W., Mellert, K., Bachmann-Gigl, U., Kölling, C. (2013) Bäume für die Zukunft: Baumartenwahl auf wissenschaftlicher Grundlage. Anbaurisikokarten jetzt um Boden- und Reliefparameter ergänzt. LWF Aktuell 94: 8-11.

Fassnacht, F., Latifi, H., Stereńczak, K. et al (2016): Review of studies on tree species classification from remotely sensed data. Remote Sensing of Environment 186: 64-87.

Franklin, J. (2009): Mapping species distributions: Spatial inference and prediction. Cambridge University Press (Cambridge, New York), 340 S.

Hanewinkel, M., Cullmann, D., Michiels, H., Kändler, G. (2014): Converting probabilistic tree species range shift projections into meaningful classes for management. Journal of Environmental Management. 134: 153-165.

Kölling, C. (2009): Was wächst künftig wo? Klima-Risikokarten als Planungs-unterlagen für den Waldumbau. BLW 48: 58-60.

Kölling, C. (2007): Klimahüllen für 27 Waldbaumarten. AFZ-Der Wald 23: 1242-1245.

Märkel, U., Dološ, K. (2017): Tree species site suitability as a combination of occurrence probability and growth and derivation of priority regions for climate change adaptation. Forests 8: 181.

Polley, H., Hennig, P., Stauber, T. et al. (2016): Der Wald in Deutschland – Ausgewählte Ergebnisse der Dritten Bundeswaldinventur. Berlin (Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)), 56 S.

San-Miguel-Ayanz, J., Rigo, D. de, Caudullo, G. et al. (2016): European atlas of forest tree species. Luxembourg (Publication Office of the European Union), 197 S.

Stenzel, S., Feilhauer, H., Mack, B. et al. (2014): Remote sensing of scattered Natura 2000 habitats using a one-class classifier. International Journal of Earth Observation and Geoinformation 33: 211-217.

Stockwell, D., Peterson, A. (2002): Effects of sample size on accuracy of species distribution models. Ecological Modelling 148: 1-13.

Tomppo, E., Gschwantner, T., Godinho-Ferreira, P. et al. (2010). National forest inventories: Pathways for common reporting. New York (Springer), 612 S.

Adressen der Autorinnen:

Klara Dološ*
Karlsruher Institut für Technologie (KIT)
Institut für Geographie und Geoökologie
Kaiserstr. 12, 76131 Karlsruhe
E-Mail: *klara.dolos.geco@gmail.com

Ulrike Märkel
Hochschule für Forstwirtschaft Rottenburg
Schadenweilerhof, 72108 Rottenburg am Neckar

Monitoring und Modellierung – Synergien für eine anwendungsorientierte Biodiversitätsforschung

Katja Schiffers

Zusammenfassung

Der rasante Biodiversitätsverlust, den wir derzeit erleben, erfordert schnelles politisches Handeln, das auf robusten Vorhersagemodellen und hochwertigen Daten beruht. Während es offensichtlich ist, dass Vorhersagemodelle von einer hohen Qualität der Daten profitieren, können auch Modelle effizientes Monitoring und die optimale Nutzung von Biodiversitätsdaten unterstützen. Die Integration von Monitoring und Modellierung kann in drei Kategorien unterteilt werden: (i) Modellierung als Werkzeug zur Optimierung von Monitoring-Designs, (ii) Modellierung zur Integration von Daten unterschiedlicher Herkunft und Qualität und (iii) systematisches Testen von Analysemethoden durch synthetisch generierte Daten. Im folgenden Kapitel werden diese drei Ansätze genauer erläutert und anhand verschiedener Beispiele illustriert.

Abstract

Increasing threats on biodiversity require high-quality data on biodiversity dynamics and robust projections of future projected trends of biodiversity. While it is well known that projection models benefit from robust monitoring data, models can also support proper data collection or help using biodiversity observations more effectively. There are three broad categories on how monitoring and modelling can be integrated for promoting applied biodiversity science: (i) modelling as a tool to optimize monitoring design, (ii) modelling for integrating data of different quality and (iii) testing analytical methods on the basis of synthetic data. In the following chapter, these approaches are presented in more detail and illustrated with a number of examples

1 Einleitung

Robustes Monitoring von Biodiversitätsdynamiken – also eine standardisierte, wiederholte Erfassung von Artvorkommen und Abundanzen – ist essentiell, um die Gefährdung geschützter Arten einzuschätzen, Ursachen möglicher Veränderungen zu identifizieren (Mace, Lande 1991), Fortschritte im Hinblick auf internationale Naturschutzziele zu quantifizieren (Stuart et al. 2010) und computergestützte Vorhersagen zukünftiger Biodiversitätsszenarien zu generieren (Guisan et al. 2013). Die Ergebnisse solcher Analysen fließen in die Entwicklung von Managementmaßnahmen und politische Entscheidungen ein (Pereira et al. 2013). Belastbare Aussagen – und damitauch die Qualität der zugrundeliegenden Daten – sollten deshalb höchste Priorität haben (Collen et al. 2013).

Die Verfügbarkeit von Monitoringdaten ist in den letzten ein bis zwei Jahrzehnten rasant gestiegen. Dem liegt eine Anzahl neuer Methoden zugrunde. Dazu gehören das DNA-(Meta-)Barcoding, neue Anwendungsbereiche der Fernerkundung und die Entwicklung von Sensorstationen für die automatisierte Aufnahme von Daten zu Artvorkommen. Darüber hinaus gibt es zahlreiche Initiativen (z.B. GBIF, Scholes et al. 2012), welche unter dem Schlagwort Citizen Science die Beobachtungsdaten ehrenamtlicher ArtenkennerInnen zusammentragen. Zwar sind sie mit deutlich mehr Unsicherheiten behaftet als die standardisierten Monitoringdaten, können aber durch statistische Verfahren so aufbereitet werden, dass sie für Forschungszwecke verfügbar sind.

Trotz dieser positiven Trends gibt es noch immer große Lücken in unserer Kenntnis zum Vorkommen und zur Abundanz von Arten, sowohl auf nationaler als auch auf internationaler Ebene. Insbesondere internationale wissenschaftspolitische Initiativen wie IPBES, GEO BON und Future Earth sind stark durch eine mangelnde Verfügbarkeit von Monitoringdaten auf Artebene limitiert (Pereira et al. 2013, Proença et al. 2016). So gibt es starke regionale Schwankungen in der Datenverfügbarkeit, taxonomische Schieflagen (Boakes et al. 2010, Meyer et al. 2015) und einen generellen Mangel an Langzeitdaten. Auch in Deutschland gibt es bisher keine Infrastruktur, die analog zu dem Netzwerk der Messstationen der Klimaforschung Daten in einem standardisierten Verfahren deutschlandweit erhebt und zentral zusammenfasst.

Diese Lücken zu schließen, stellt eine große Herausforderung dar: Zum einen werden Daten auf verschiedenen Komplexitätsebenen und räumlichen Maßstäben benötigt. Zum anderen sind die zeitlichen und finanziellen Ressourcen für Monitoring-Programme naturgemäß beschränkt (Levrel et al. 2010). Bei der Gestaltung solcher Programme muss deshalb ein großes Augenmerk auf der Effizienz des Monitorings liegen (Haughland et al. 2010). Darüber hinaus wird es eine wichtige Aufgabe sein, vorhandene Daten verschiedener Herkunft und Qualität zu integrieren und zu harmonisieren, um den Informationsgehalt der kumulierten Daten voll ausschöpfen zu können. Nicht zuletzt wird es notwendig sein, die neu entwickelten Methoden des Monitoring und der Datenauswertung zu testen, um robuste Ergebnisse zu gewährleisten.

Computer-gestützte Modellierung kann im Hinblick auf die drei oben genannten Aufgabengebiete unterstützend eingesetzt werden. Während es auf der Hand liegt, dass gute Monitoring-Daten eine der wichtigsten Voraussetzungen für robuste Modell-Vorhersagen sind, gilt auch umgekehrt – wenn auch weniger offensichtlich – dass Modelle bei der Datenaufnahme und -auswertung eine zentrale Rolle spielen können (Guisan et al. 2006, 2013, Ferrier 2011). Zwar gibt es einzelne Beispiele in der Literatur, die den Nutzen von Modellier-Ansätzen im Biodiversitätsmonitoring darlegen (z.B. Guisan, Theurillat 2005, Tuanmu et al. 2011, Amorim et al. 2014, Pagel et al. 2014, Carvalho et al. 2016), Die Möglichkeiten dieser Synergien werden aber derzeit bei weitem nicht erschöpfend genutzt (Honrado et al. 2016).

In diesem Kapitel werden skizzenhaft die wichtigsten Ansätze aufzeigen, Monitoring und nicht standardisierte Datenerhebung auf der einen Seite und Modellierung auf der anderen Seite zu effizienten Werkzeugen zur Erfassung von Biodiversitätsdynamiken zu integrieren. Der Schwerpunkt liegt dabei auf der Ebene der Biodiversität von Arten. Im ersten Teil wird der Nutzen von Modellen bei der Implementierung von effizienten Monitoring-Programmen diskutiert und beispielhaft dargelegt. Im zweiten Abschnitt werden die Möglichkeiten der Integration von Daten unterschiedlicher Herkunft und Qualität durch flexible hierarchische Modelle erläutert. Im letzten Abschnitt wird anhand von drei Beispielen der Nutzen von synthetisch generierten Daten zum Testen von Monitoring- und Auswertungsmethoden gezeigt. Die wichtigsten Arbeiten, auf denen diese Zusammenschau basiert, sind jene von Isaac et al. (2014), Pagel et al. (2014) und Honrado et al. (2016).

2 Modellierung als Werkzeug zur Optimierung von Monitoring Designs

Getriggert durch die Nachfrage aus Politik und Gesellschaft steigt international die Zahl der Biodiversitätsmonitoring-Programme stetig an (Pereira et al 2010). Da die finanziellen und zeitlichen Ressourcen begrenzt sind, gilt es, die Effizienz der Monitoring-Programme durch eine Optimierung des Monitoring-Designs – also der räumlichen und zeitlichen Verteilung der Datenaufnahmen – zu maximieren (Haughland et al. 2010). Hierbei soll eine optimale

Balance zwischen Aufwand und Kosten auf der einen Seite und der Quantität und Qualität der Daten auf der anderen Seite erreicht werden (Filed, Tyre, Possingham 2005).

Beim Monitoring von Einzelarten ist der größte Vorteil von Modell-gestützten Monitoring-Designs, dass die Detektierbarkeit der Art erhöht werden kann, indem ihre (zukünftige) potentielle Nische modelliert und das Monitoring-Design daran angepasst wird (Guisan et al. 2006, Metzger et al. 2013). Dies ist bei invasiven Arten (Vicente et al. 2011, 2016, Epanchin-Niell et al. 2014, Petitpierre et al. 2016), oder auch dort, wo starke Veränderungen von Umweltvariablen erwartet werden (Carvalho et al. 2011) besonders erfolgsversprechend.

Beim gleichzeitigen Monitoring vieler Arten können Modelle dazu dienen, die Kosteneffizienz von Monitoring-Programmen zu optimieren. Dabei werden die informativsten Aufnahmeflächen ausgesucht und gleichzeitig die Anzahl der Flächen minimiert. Die Informationen zu den zu erwartenden Arten in jeder Fläche basiert auch bei diesen Ansätzen auf Artverbreitungsmodellen, die bestehendes Wissen zu Habitat- und Klimapräferenzen von Arten in den Raum projizieren. Auf dem Gebiet der strategischen Schutzgebietsplanung sind mathematische Ansätze und computer-gestützte Werkzeuge entwickelt worden, um Gebiete für den Naturschutz zu priorisieren (Margules und Pressey 2000). Eine vielversprechende Möglichkeit ist, diese bereits bestehenden Software-Pakete wie MARXAN (Ball, Possingham, Watts 2009) oder ZONATION umzuwidmen, um sie als Werkzeug zur Entwicklung von Monitoring Designs für multiple Arten zu verwenden. Bei der Planung von Schutzgebieten ist das Ziel, mit limitierten Ressourcen eine optimale Fläche zu finden, die vorzugsweise eine hohe Konnektivität aufweist (Elith, Leathwick 2009, Carvalho et al. 2010, 2011). Effizientes Monitoring zu planen, ist vom Ansatz her ein ähnliches Problem und kann tatsächlich mit den gleichen Optimierungswerkzeugen durchgeführt werden (Amorim et al. 2014, Vicente et al. 2016). Anders als bei der Planung von Schutzgebieten sollte beim Design von Monitoring allerdings die Konnektivität der Plots minimiert werden, um Probleme der räumlichen Autokorrelation zu vermeiden und eine statistische Unabhängigkeit der Datenpunkte anzustreben.

Beispiel für eine solche Optimierung des Monitoringdesigns ist die Arbeit von Carvalho et al. (2016). Anhand der Software MARXAN haben die Autoren das Stichprobendesign zum Monitoring von Amphibien und Reptilien in Portugal optimiert. Die optimale Verteilung der Monitoringflächen variierte entsprechend der zugrundeliegenden Fragestellung nach (i) generellen Trends in Auftreten und Abundanz der Arten (ii) der Abhängigkeit der Trends von Umweltvariablen (iii) der Abhängigkeit der Trends vom Schutzstatus der untersuchten Gebiete und (iv) Interaktionen zwischen Umweltvariablen und Schutzstatus. Durch einen Vergleich mit (stratifiziert) zufällig gewählten Flächen für das Monitoringdesign konnten sie zeigen, dass das optimierte Stichprobendesign sowohl eine höhere erwartete Anzahl an Arten pro Fläche aufweist, als auch mit geringeren finanziellen und zeitlichen Ressourcen auskommt (Carvalho et al. 2016).

Ein weiterer Vorteil bei der Modell-gestützten Auswahl von Monitoringflächen ist, dass Sensitivitätsanalysen und die Quantifizierung der Unsicherheit des Auftretens von Arten in den einzelnen Flächen, die Abschätzung der erwarteten Variabilität der Monitoring-Daten ermöglicht. Dies wiederum erleichtert es, tatsächlich bestehende Muster von Hintergrundrauschen zutrennen (Zielinski, Stauffer 1996) und die Robustheit von Vorhersagen abzuschätzen (Naujokaitis-Lewis et al. 2013).

3 Modelle integrieren Daten unterschiedlicher Herkunft und Qualität

Seit einiger Zeit gibt es starke Bestrebungen Monitoring-Programme zu vereinheitlichen. Initiativen wie das Global Biodiversity Observation Network der Group on Earth Observati-

ons (GEO BON) propagieren einen hierarchischen Ansatz für die Datenaufnahme, welcher Daten wie Präsens-Rekorde mit detaillierteren Daten wie systematischen Abundanz-Aufnahmen kombiniert (Scholes et al. 2008., 2012, Pereira et al. 2010). Ziel ist, diese Daten mit einer so großen Auflösung für jeden Punkt in Raum und Zeit verfügbar zu machen, dass aus ihnen Rückschlüsse über die wichtigsten Veränderungen in der Biodiversität gezogen werden können.

Bis diese Vorhaben praktisch umgesetzt sind und standardisierte Monitoringdaten in ausreichender Quantität liefern, gilt es, die bestehenden Lücken mit Daten auch aus nicht-standardisierter Datenerhebung zu füllen. Diese Daten können dementsprechend sehr heterogener Natur sein: So gibt es zum Beispiel Präsens-Absens-Daten, Nur-Präsens-Daten, Abundanz-Daten, unterschiedliche Feldmethoden zur Abschätzung der Abundanzen, Fernerkundungsdaten, DNA-Barcoding-Daten und Citizen-Science-Daten, um nur einige zu nennen. Darüber hinaus gibt es große Digitalisierungsinitiativen um naturkundliche Forschungssammlungen elektronisch zu erschließen, deren Objekte zu digitalisieren und online zugänglich zu machen (Beaman, Cellinese 2012).

Für einige wenige Datentypen ist ein Standard für die Datenaufnahme entwickelt worden, wie der Darwin Core für Punktdaten (Wieczorek et al. 2012), der dazu beigetragen hat, dass dieser Datentyp relativ gut repräsentiert ist. Für andere Datentypen, wie zum Beispiel den taxonomischen Bestandsverzeichnissen, stehen die Bemühungen solcher Standards erst ganz am Anfang (Guralnick et al. 2018). Um trotzdem das volle Potential aus den vorhandenen Daten schöpfen zu können, ist es nötig, sie zu harmonisieren und zu integrieren. Ein erster Schritt in diese Richtung ist das Zusammenführen der Daten und Metadaten und die Standardisierung zum Beispiel der Artbezeichnungen, der geographischen Angaben, der Aufnahmeprotokollen etc. Beispiel einer solchen Initiative ist das derzeitig im Aufbau befindliche GFBio-Portal, das neben der Publikation und Kuration von Daten auch erste Schritte zur Harmonisierung, zum Beispiel durch Taxonomie-Server, sowie erste visuelle Auswertungen der Daten erlaubt (GFBio 2014).

Um heterogene Daten kumuliert auswerten zu können, müssen sie aber auch statistisch integriert werden. Dies lässt sich gut an Daten aus einer wichtigen neuen Quelle – den Citizen Science Programmen – nachvollziehen (z.B. Dickinson et al. 2012, Tulloch et al. 2013). Daten aus solchen Programmen sind insbesondere wertvoll, um grobskalige Veränderungen der Biodiversität zu beschreiben (z.B. Thomas et al. 2004, Devictor, Whittaker, Beltrame 2010, Carvalheiro et al. 2013). Das Fehlen von standardisierten Protokollen stellt aber eine große Schwierigkeit bei der Analyse dar. Viele dieser Programme liefern willkürlich gesammelte Artenlisten (Roberts, Donald und Green 2007) von Aufnahmen, die durch ungleichmäßige geographische und zeitliche Verteilungen und nicht-standardisierte Beobachterbemühungen charakterisiert sind (van Strien, van Sway, Termaat 2013). Das Rauschen, das durch die Unterschiede in der Aufnahme generiert wird, kann sowohl tatsächlich bestehende Trends verschleiern, als auch Muster finden, die in der Realität nicht vorhanden sind. Isaac und Pocock (2015) definieren vier Quellen von Fehlern in solchen Daten: (1) die zeitlich heterogene Intensität der Datenaufnahme (z.B. Besuche pro Jahr), (2) die Heterogenität in der räumlichen Abdeckung der Datenaufnahme, (3) eine unterschiedliche Intensität des Suchens nach den Arten pro Besuch und (4) die unterschiedliche Detektierbarkeit der Arten.

In der Vergangenheit wurden solche Daten in grobe Zeitperioden eingeteilt um die Variation in der Intensität der Datenaufnahme zum Teil zu kompensieren. Allerdings sind dafür relativ lange Zeiträume nötig, sodass kurzfristige Trends in Abundanzverschiebungen nicht detektiert werden können. Eine andere Herangehensweise ist, die Daten, basierend auf der An-

zahl von Besuchen pro Ort oder die Anzahl der Arten pro Besuch zu filtern. Hierbei geht naturgemäß ein Teil der Informationen verloren. Eine weitere Möglichkeit ist, indirekt die Intensität der Beobachtung abzuschätzen und die erhobenen Daten entsprechend zu korrigieren. Zum Beispiel haben Telfer, Preston und Rothery (2002) den Trend aller Arten zusammen als Indikator für die Beobachtungsintensität verwendet. Falls die Abundanz aller Arten in einer bestimmten Periode höher war, wurde davon ausgegangen, dass die Intensität der Beobachtung größer war. Abweichungen vom generellen Trend aller Arten wurde als Signal einer Veränderung der Art von Interesse interpretiert. Szabo et al. (2010) haben die Anzahl der beobachteten Arten als Proxy für die Intensität der Beprobung pro Besuch gewertet. Eine andere Art der Korrektur ist, Bezugsarten zu verwenden. Diese Arten sind weit verbreitete Arten, von denen angenommen wird, dass ihre Verbreitung und Abundanz keine generelle Veränderung zeigen (Hill 2012).

In letzter Zeit wurden eine Anzahl von hierarchischen statistischen Modellieransätzen entwickelt (Abb. 1), die explizit zwischen den Prozessen, welche die Variation in ökologischen Zustandsvariablen (wie Auftreten und Abundanz) kontrollieren, und jenen der Datengenerierender Beobachtung unterscheiden (Royle und Dorazio 2008). Modelle, die das Auftreten von Arten von Präsens-/ Absens-Beobachtungen mit unsicherer Detektion der Art abschätzen (Mac-Kenzie et al. 2006), sind erfolgreich auf Daten von Citizen Science Programmen angewendet worden (Kery et al. 2010, van Strien, van Sway, Termaat 2013). Analoge hierarchische Modelle sind genutzt worden, um Abundanzschätzungen von fehlerbehafteten Zähldaten abzuschätzen (Royle und Dorazio 2006, Royle et al. 2007, Kery et al. 2009).

Fithian et al. (2015) kombinieren in ihrer Studie zur Verbreitung von 36 Eukalyptusarten in Südost-Australien Nur-Präsens Daten, die von ehrenamtlichen Artenkennern aufgenommen worden, mit Präsens-/Absens-Daten aus systematischen Aufnahmen. Sie entwickeln ein wahrscheinlichkeitstheoretisches Modell, um die Daten zu zusammenzuführen und gleichzeitig für den Fehler in den Aufnahmen der Nur-Präsens-Daten zu korrigieren. Dies wird durch die Annahme ermöglicht, dass der Fehler für alle Arten der gleiche ist. Mit ihren Auswertungen können sie zeigen, dass es eine starke Verschiebung der Datenaufnahme hin zu Gebieten an der Küste und um Sydney herum gibt. Dies bedeutet, dass zum Beispiel dem Fehlen von Datenpunkten einer Art in Gebieten, die weiter entfernt der Küste liegen, nicht unbedingt das Fehlen der Art selbst zugrunde liegt, sondern auch der Tatsache geschuldet sein kann, dass dort keine Aufnahmen gemacht wurden. Wird diese Tendenz aber durch die neue Methode herausgerechnet, tragen die Daten trotzdem zu einer deutlich verbesserten Vorhersagekraft der Verbreitungsmodelle bei.

Pagel et al. (2014) präsentieren ebenfalls ein hierarchisches Modell, das systematische Zähldaten und opportunistische Beobachtungsdaten eines Citizen Science Programms integriert, um räumlich-zeitliche Abundanz-Trends von Arten zu schätzen. Für beide Datentypen formulieren sie spezifische Beobachter-Submodelle, um Unterschiede in der Datenstruktur und -qualität zu erfassen. Sie testen die neue Methode anhand einer Studie mit virtuellen Daten (siehe Kap. 1.4) und wenden es zur Abschätzung von Abundanzdynamiken mehrerer Schmetterlingsarten in Großbritannien an. Diese Studie zeigt, wie das Modell verschiedene Quellen von Unsicherheit von der Datenerhebung bis hin zur Modellierung der Abundanzen einbezieht. Gleichzeitig zeigen die Autoren, wie die Integration verschiedener Datentypen die Abschätzung der Abundanzentwicklung verbessert.

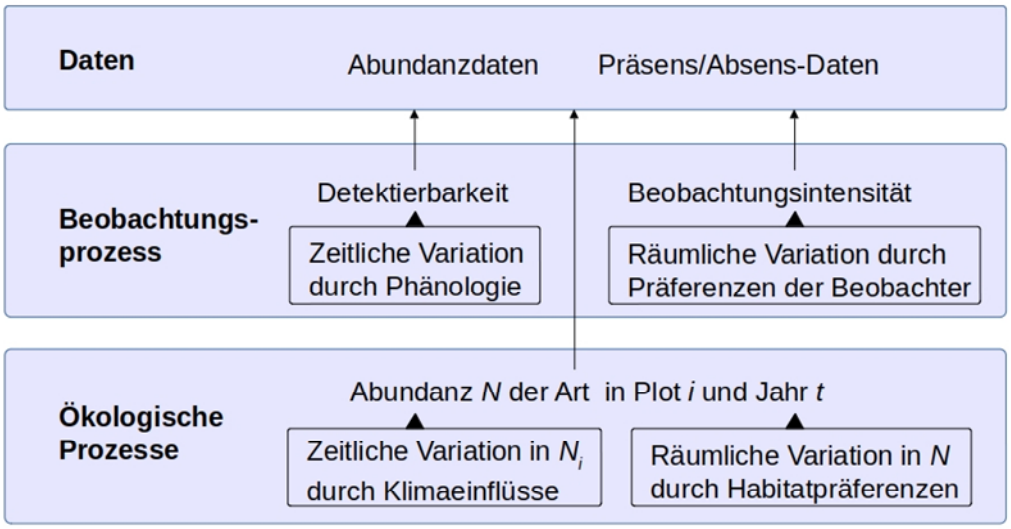


Abb. 1: Schematische Darstellung eines hierarchischen Modells mit separaten Ebenen für die ökologischen Prozesse und für den Prozess der Datenaufnahme mit den jeweiligen Parametern (gestrichelt umrandet). Auf beiden Ebenen gibt es Quellen für Unsicherheit, die explizit in die Modellvorhersage mit einbezogen werden.

Über die oben beschriebenen Möglichkeiten hinaus, Daten unterschiedlichen Ursprungs zusammenzuführen, gibt es auch zahlreiche Möglichkeiten, mittels statistischer Modelle Daten in andere Datentypen umzuwandeln, um bestehende Lücken in Datensätzen zu schließen. Zum Beispiel können einige Umweltvariablen, die stark mit Artverbreitungen korrelieren, durch Fernerkundung erfasst werden (He et al. 2015). Nach dem Prinzip der Nischen-Modellierung kann die Verbreitung der Art, basierend auf den statistischen Korrelationen zwischen Umweltvariablen und dem Auftreten der Art, in den Raum oder auf eine andere räumliche Auflösung projiziert werden (z.B. Keil et al. 2013). Auch können grobe Abschätzungen von Verbreitungsgrenzen von Arten durch Landnutzungsdaten und entsprechende Landnutzungsmodelle der Arten verfeinert werden (Visconti et al. 2011, Jetz, McPherson, Guralnick 2012).

4 Systematische Tests der neu entwickelten Methoden durch synthetisch generierte Daten

Neben den neuen Methoden der Datenaufnahme entstehen mit zunehmender Datenverfügbarkeit und steigender Rechenleistung von Computern auch ständig neue Methoden zur Auswertung von Biodiversitätsdaten. Wie gut aber spiegeln die Ergebnisse dieser Analysen die realen Biodiversitätsdynamiken wider? Idealerweise würden wir das Verhalten von Indices und anderen Methoden-Ergebnissen anhand einer Reihe von empirischen Szenarien testen, deren genaue Eigenschaften (z.B. als Zeitreihen von Art-Abundanzen) wir kennen. Allerdings erweist sich dieser Ansatz in der Realität als kompliziert, da wir typischerweise nur eine geringe Anzahl möglicher Szenarien beobachten können, uns vor allem aber die genaue Kenntnis der zugrundeliegenden Dynamiken fehlt. Ein Ausweg hieraus ist die Verwendung von synthetisch generierten Szenarien – dem 'virtual ecologist' Ansatz (Zurell et al. 2010).

Bei der Nutzung von synthetisch generierten Biodiversitätsszenarien sind dem Nutzer die Zusammensetzung der virtuellen Artgemeinschaft und deren Veränderung über die Zeit bekannt (Abb. 2). Werden aus diesen synthetischen Daten Stichproben genommen und mit der zu testenden Methode analysiert, zeigt ein Vergleich der Ergebnisse dieses Tests mit den tatsächlichen virtuellen Biodiversitätsmustern, wie gut die Methode geeignet ist, um die

Dynamik widerzuspiegeln. Beispiele für solche Methodentests sind zum Beispiel die Studien von Isaac et al. (2014) und Santini et al. (2017).

Isaac et al. (2014) vergleichen in ihrer Arbeit verschiedene Methoden, welche zum Ziel haben, bei Beobachtungsdaten aus Citizen Science Programmen für die variierende Beobachtungsintensität zu korrigieren. Hierfür implementieren sie ein Simulationsmodell, um die Methoden anhand einer Bandbreite realistischer Szenarien der Datenaufnahme gegeneinander zu testen. Dabei haben sie die Rate der Fehler vom Typ 1 sowie die statistische Power der Methoden, tatsächlich vorhandene Muster zu detektieren, gemessen. Die besten Ergebnisse erzielten hierbei Methoden, welche den Prozess der Datenaufnahme explizit modellieren.

Santini und Koautoren (2017) vergleichen in ihrer Studie die Performanz von 14 Biodiversitätsindikatoren anhand synthetisch generierter Artgemeinschaften von Herbivoren, Karnivoren und Omnivoren, die in zwei verschiedenen Habitattypen vorkommen. Es wurden neun verschiedene Szenarien zum Verlust von Individuen simuliert (nur seltene Arten, nur häufige Arten, nur große Arten, etc.) und in regelmäßigen Zeitschritten die verschiedenen Indices berechnet. Insgesamt konnte in dieser Studie von den 14 getesteten Methoden der Sörensen Index am besten die verschiedenen Biodiversitätsdynamiken widerspiegeln. Die allgemeine Schlussfolgerung der Studie ist aber, dass je nach Fragestellung separate Indices für die Artzusammensetzung, den Artenreichtum und die Artabundanzen verwendet werden sollten.

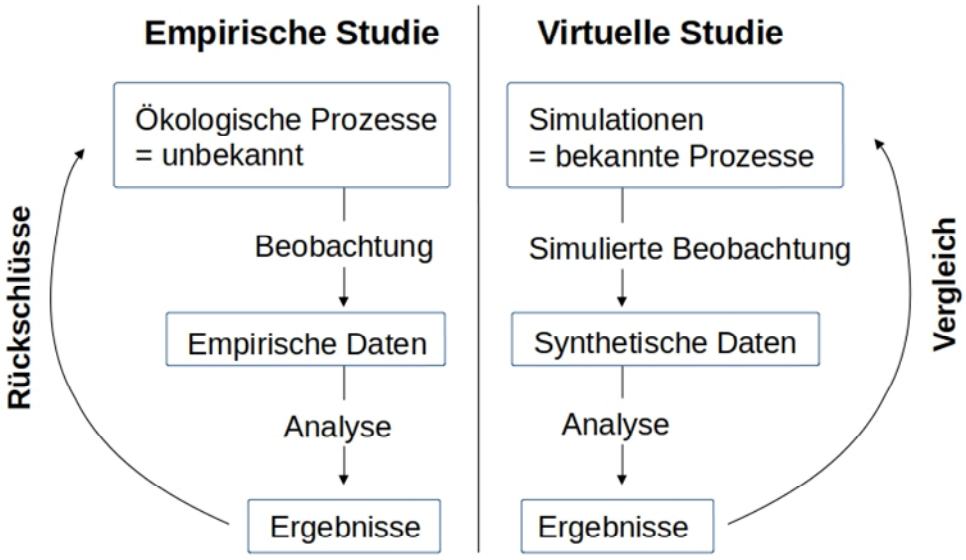


Abb. 2: Schematische Darstellung der Funktionsweise von Methodentests anhand synthetischer Daten. Anders als bei empirischen Studien werden hier sowohl die ökologischen Dynamiken als auch der Beobachtungsprozess simuliert. Danach erfolgt eine Auswertung der Daten mittels der zu testenden Methode. Die Ergebnisse der Auswertung werden dahingehend überprüft, wie gut sie die simulierten (und daher bekannten) ökologischen Dynamiken widerspiegeln. Auch verschiedene Methoden der Datenaufnahme können so getestet werden.

5 Fazit

Die drei vorhergehenden Abschnitten haben gezeigt, dass computergestützte Modellierung helfen kann, die Erhebung und Analyse von Biodiversitätsdaten effizient und robust zu gestalten: Monitoring-Designs können optimiert, heterogene Daten anhand von flexiblen, hierarchischen Modellen integriert und Analysemethoden mit Hilfe synthetischer Daten getes-

tet werden. Darüber hinaus können Vorhersagemodelle dazu beitragen, die Effizienz von Monitoring-Designs, die Detektierbarkeit von Arten und die frühe Erkennung von Treibern des Biodiversitätsverlustes zu verbessern (Honrado et al. 2016). Nicht zuletzt tragen Modelle dazu bei, Monitoring-Ergebnisse besser zu kommunizieren und damit nutzbarer für Entscheidungsträger zu machen (Guisan et al. 2013).

Literaturverzeichnis

Amorim, F., Carvalho, S., Honrado, J., Rebelo, H. (2014): Designing optimized multi-species monitoring networks to detect range shifts driven by climate change: a case study with bats in the North of Portugal. Plos One 9 (1), e87291.

Ball, I., Possingham, H., Watts, M. (2009): Marxan and relatives: Software for spatial conservation prioritisation. Chapter 14. In: Moilanen, A., Wilson, K.A., Possingham, H.P (Eds.): Spatial conservation prioritisation: Quantitative methods and computational tools. Oxford, Uk (Oxford University Press): 185-195.

Beaman, R., Cellinese, N. (2012): Mass digitization of scientific collections: new opportunities to transform the use of biological specimens and underwrite biodiversity science. In: Blagoderov, D., Smith, V. (Eds.): No Specimen Left Behind: Mass Digitization of Natural History Collections. ZooKeys 209: 7-17, special issue.

Boakes, E., McGowan, P., Mace, G. et al. (2010): Distorted views of biodiversity: spatial and temporal bias in species occurrence data. PLOS Biol 8 (6): e1000385.

Carvalheiro, L., Kunin, W., Keil, P. et al. (2013): Species richness declines and biotic homogenisation have slowed down for NW-European pollinators and plants. Ecology Letters 16 (7): 870-878.

Carvalho, S., Brito, J., Pressey, R., Crespo, E., Possingham, H. (2010): Simulating the effects of using different types of species distribution data in reserve selection. Biological Conservation 143: 426-438.

Carvalho, S., Brito, J., Crespo, E., Watts, M., Possingham, H. (2011): Conservation planning under climate change: toward accounting for uncertainty in predicted species distributions to increase confidence in conservation investments in space and time. Biological Conservation 144: 2020-2030.

Carvalho, S., Goncalves, J., Guisan, A., Honrado, J. (2016): Systematic site selection for multispecies monitoring networks. Journal of Applied Ecology 53: 1305-1316.

Collen, B., Pettorelli, N., Baillie, J., Durant, S. (Eds.) (2013): Biodiversity Monitoring and Conservation: Bridging the Gap between Global Commitment and Local Action. West Sussex, UK (John Wiley & Sons), 448 S.

Devictor, V., Whittaker, R., Beltrame, C. (2010): Beyond scarcity: Citizen science programmes as useful tools for conservation biogeography. Diversity and Distributions 16 (3): 354-362.

Dickinson, J. Shirk, J., Bonter, D. (2012): The current state of citizen science as a tool for ecological research and public engagement. Frontiers in Ecology and the Environment 10: 291-297.

Elith, J., Leathwick, J. (2009): The contribution of species distribution modelling to conservation prioritization. Spatial Conservation Prioritization: Quantitative Methods and Computational Tools (Eds.: Moilanen, A., Wilson, K., Possingham, H.). Oxford (Oxford University Press): 70-93.

Epanchin-Niell, R., Brockerhoff, E., Kean, J., Turner, J. (2014): Designing cost-efficient surveillance for early detection and control of multiple biological invaders. Ecological Applications 24: 1258-1274.

Ferrier, S. (2011): Extracting more value from biodiversity change observations through integrated modeling. BioScience 61: 96-97.

Field, S., Tyre, A., Possingham, H. (2005): Optimizing Allocation of Monitoring Effort under Economic and observational constraints. Papers in Natural Resources 456, 473-482.

Fithian, W., Elith, J., Hastie, T., Keith, D. (2015): Bias correction in species distribution models: pooling survey and collection data for multiple species. Methods in Ecology and Evolution 6: 424-438.

German Federation for Biological Data (GFBio). (2014): GFBio – Einstieg. URL: http://www.gfbio.org (letzter Zugriff 26.11.2019).

Guisan, A., Theurillat, J. (2005): Appropriate monitoring networks are required for testing model-based scenarios of climate change impact on mountain plant distribution. Global Change and Mountain Regions, Advances in Global Change Research, Vol. 23 (Eds.: Huber, U., Bugman, H.K.M., Reasoner, M.A.). Zurich, Switzerland (Springer): 467-476.

Guisan, A., Broennimann, O., Zimmermann, N. et al. (2006) Using niche-based models to improve the sampling of rare species. Conservation Biology 20: 501-511.

Guisan, A., Tingley, R., Baumgartner, J., Naujokaitis-Lewis, I., Sutcliffe, P., Tulloch, A. et al. (2013): Predicting species distributions for conservation decisions. Ecology Letters 16: 1424-1435.

Guralnick R., Walls, R., Jetz, W. (2017): Humboldt Core – toward a standardized capture of biological inventories for biodiversity monitoring, modeling and assessment. Ecography 41 (5): 713-725.

Haughland, D., Hero, J., Schieck, J., Magnusson, W. et al. (2010): Planning forwards: biodiversity research and monitoring systems for better management. Trends in Ecology and Evolution 25: 199-200.

He, K., Bradley, B., Cord, A., Rocchini, D., Pettorelli, N. et al. (2015): Will remote sensing shape the next generation of species distribution models? Remote Sensing in Ecology and Conservation 1: 4-18.

Hill, M. (2012): Local frequency as a key to interpreting species occurrence data when recording effort is not known. Methods in Ecology and Evolution 3: 195-205.

Honrado, J., Pereira, H., Guisan, A. (2016): Fostering integration between biodiversity monitoring and modelling. Journal of Applied Ecology 53: 1299-1304.

Isaac, N., Pocock, M. (2015): Bias and information in biological records. Biological Journal of the Linnean Society 115 (3): 522-531.

Isaac, N., van Strien, A., August, T., de Zeeuw, M., Roy, D. (2014): Statistics for citizen science: extracting signals of change from noisy ecological data. Methods in Ecology and Evolution 5: 1052-1060.

Jetz, W., McPherson, J., Guralnick, R. (2012): Integrating biodiversity distribution knowledge: toward a global map of life. Trends in Ecology & Evolution 27: 151-159.

Keil, P., Belmaker, J., Wilson, A., Unitt, P., Jetz, W. (2013): Downscaling of species distribution models: a hierarchical approach. Methods in Ecology and Evolution 4: 82-94.

Kery, M., Dorazio, R., Soldaat, L., van Strien, A., Zuiderwijk, A., Royle, J. (2009): Trend estimation in populations with imperfect detection. Journal of Applied Ecology 46: 1163-1172.

Kery, M., Gardner, B., Monnerat, C. (2010): Predicting species distributions from checklist data using site-occupancy models. Journal of Biogeography 37: 1851-1862.

Levrel, H., Fontaine, B., Henry, P., Couvet, D. et al. (2010): Balancing state and volunteer investment in biodiversity monitoring for the implementation of CBD indicators: a French example. Ecological Economics 69: 1580-1586.

Mace G., Lande, R. (1991): Assessing extinction threats: toward a reevaluation of IUCN threatened species categories. Conservation Biology 5: 2.

MacKenzie, D., Nichols, J., Royle, J., Hines, J. et al. (2006): Occupancy Estimation and Modeling: Inferring Patterns and Dynamics of Species Occurrence. San Diego, CA (Academic Press), 643 S.

Margules, C., Pressey, R. (2000): Systematic conservation planning. Nature 405: 243-253.

Metzger, M., Brus, D., Bunce, R., Zomer, R. et al. (2013): Environmental stratifications as the basis for national, European and global ecological monitoring. Ecological Indicators 33: 26-35.

Meyer, C., Kreft, H., Guralnick, R., Jetz, W. (2015): Global priorities for an effective information basis of biodiversity distributions. Nature Communications 6: 8221.

Naujokaitis-Lewis, I., Curtis, J., Fortin, M.. et al. (2013): Uncertainties in coupled species distribution – metapopulation dynamics models for risk assessments under climate change. Diversity and Distributions 19: 541-554.

Pagel J., Anderson B., O′Hara R., Schurr F. et al. (2014): Quantifying range-wide variation in population trends from local abundance surveys and widespread opportunistic occurrence records. Methods in Ecology and Evolution 5 (8): 751-760.

Pereira, H., Leadley, P., Fernandez-Manjarres, J. et al. (2010): Scenarios for global biodiversity in the 21st century. Science 330: 1496-1502.

Pereira, H., Ferrier, S., Walters, M., Scholes, R.J. et al. (2013): Essential biodiversity variables. Science 339: 277-278.

Petitpierre, B., McDougall, K., Seipel, T., Kueffer, C. et al. (2016): Will climate change increase the risk of plant invasions into mountains? Ecological Applications 26: 530-544.

Proença V., Martin, L., Pereira, H., Fernandez, M., McRae, L., Belnap, J. et al. (2016): Global biodiversity monitoring: from data sources to essential biodiversity variables. Biological Conservation 213 (B): 256-263.

Roberts, R., Donald, P., Green, R. (2007): Using simple species lists to monitor trends in animal populations: new methods and a comparison with independent data. Animal Conservation 10: 332-339

Royle, J., Kery, M., Gautier, R., Schmid, H. (2007): Hierarchical spatial models of abundance and occurrence from imperfect survey data. Ecological Monographs 77: 465-481.

Royle, J., Dorazio, R. (2006): Hierarchical models of animal abundance and occurrence. Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics 11: 249-263.

Royle, J., Dorazio, R. (2008): Hierarchical Modeling and Inference in Ecology: The Analysis of Data from Populations, Metapopulations, and Communities. San Diego, CA (Academic Press), 464 S.

Santini, L., Belmaker, J., Costello, M.J., Rondinini C. et al. (2017): Assessing the suitability of diversity metrics to detect biodiversity change. Biological Conservation 22 (12): 3948-3959.

Scholes, R., Mace, G., Turner, W., Mooney, H. et al. (2008): Toward a global biodiversity observing system. Science 321: 1044-1045.

Scholes, R., Walters, M., Turak, E., Saarenmaa, H., Heip, C. et al. (2012): Building a global observing system for biodiversity. Current Opinion in Environmental Sustainability 4: 139-146.

Stuart H., Butchart S., Walpole M., Collen B. et al. (2010): Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science* 328 (5982): 1164-1168.

Szabo, J. et al. (2010): Regional avian species declines estimated from volunteer-collected long-term data using list length analysis. Ecol. Appl. 20: 2157-2169.

Telfer, M., Preston, C., Rothery, P. (2002): A general method for the calculation of relative change in range size from biological atlas data. Biological Conservation 107: 99-109.

Thomas, J., Telfer, M., Roy, D., Lawton, J. et al. (2004): Comparative losses of British butterflies, birds, and plants and the global extinction crisis. Science 303: 1879-1881.

Tuanmu, M., Vina, A., Roloff, G., Liu, J.G. et al. (2011): Temporal transferability of wildlife habitat models: implications for habitat monitoring. Journal of Biogeography 38: 1510-1523.

Tulloch, A., Possingham, H., Joseph, L., Szabo, J., Martin, T. (2013): Realising the full potential of citizen science monitoring programs. Biological Conservation 165: 128-138.

van Strien, A., van Swaay, C., Termaat, T. (2013): Opportunistic citizen science data of animal species produce reliable estimates of distribution trends if analysed with occupancy models. Journal of Applied Ecology 50: 1450-1458.

Vicente, J., Randin, C., Goncalves, J., Guisan, A. et al. (2011): Where will conflicts between alien and rare species occur after climate and land-use change? A test with a novel combined modelling approach. Biological Invasions 13: 1209-1227.

Vicente, J., Alagador, D., Guerra, Vaz, A. et al. (2016): Cost-effective monitoring of biological invasions under global change: a model-based framework. Journal of Applied Ecology 53 1317-1329.

Visconti, P., Pressey, R., Giorgini, D., Boitani, L. et al. (2011): Future hotspots of terrestrial mammal loss. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 366: 2693-2702.

Wieczorek, J. et al. (2012): Darwin Core: an evolving community-developed biodiversity data standard. PLOS ONE 7 (1): e29715.

Zielinski, W., Stauffer, H. (1996): Monitoring Martes populations in California: survey design and power analysis. Ecological Applications 6: 1254-1267.

Zurell, D., Berger, U., Cabral, J., Jeltsch, F., Meynard, C., Münkemüller, T. et al. (2010): The virtual ecologist approach: simulating data and observers. Oikos 119: 622-635.

Adresse der Autorin:

Katja Schiffers
Universität Bonn
INRES – Gartenbauwissenschaften
Auf dem Hügel 6, 53121 Bonn
E-Mail: *katja.schiffers@gmail.com

Synergien von Modellierung und Monitoring am Beispiel von Wäldern und Grünland

Franziska Taubert, Friedrich Bohn, Edna Rödig und Andreas Huth

Zusammenfassung

Wälder und Grünland verzeichnen eine besonders hohe Vielfalt an Pflanzenarten, welche in der Vergangenheit als wichtige Größe für Ökosystemfunktionen identifiziert wurde. Um den Zusammenhang von Biodiversität und Ökosystemfunktionen auf verschiedenen räumlichen und zeitlichen Skalen besser verstehen zu können, ist das Zusammenwirken von Monitoring und Modellierung von großer Bedeutung. Anhand von drei Ansätzen der Vegetationsmodellierung wird erläutert, wie Monitoringdaten und Modellierung verknüpft werden können um die Entwicklung von Biodiversität und Ökosystemfunktionen besser vorhersagen zu können.

Abstract

Forests and grassland host a high diversity of plant species, which has been identified as a key role for deriving ecosystem functions. The interplay between monitoring and modelling is of great importance in order to better understand the relation of species diversity with ecosystem functions at various spatial and temporal scales. Here, we highlight three approaches of vegetation modelling to show how monitoring and modelling can be combined in order to better project the development of biodiversity and ecosystem functioning.

1 Biodiversität in Wäldern und im Grünland

In Deutschland bedecken Wälder und Grünland einen Anteil von mehr als 50 % der Landfläche (Eurostat 2017). Diese Habitate bieten einen wichtigen Lebensraum für zahlreiche Pflanzenarten, aber auch Tierarten wie Insekten und Wirbeltiere. Während man in Naturschutzflächen meist eine höhere Artenzahl vorfinden kann – wird auf wirtschaftlich genutzten Flächen oft eine geringere Pflanzenvielfalt beobachtet. Auch aufgrund von besonderen klimatischen und bodenphysikalischen Standortfaktoren können Artenzahlen variieren. Die Artenzahl hat sich in der Vergangenheit als relevante Größe für Ökosystemfunktionen und -dienstleistungen herauskristallisiert (TEEB, Sukhdev et al. 2010, Ring et al. 2010).

Eine wichtige Funktion terrestrischer Ökosysteme ist deren Produktivität (Kohlenstoffbindung oder Ertrag). Experimentelle Untersuchungen haben gezeigt, dass eine höhere Anzahl an Pflanzenarten oftmals mit einer höheren Produktivität der Vegetation einhergeht (Tilman et al. 1996, Tilman et al. 2001, Vilà et al. 2007, Zhang et al. 2012, Morin et al. 2011). Die Stärke dieses Zusammenhangs kann je nach Standort variieren (Spehn et al. 2005) oder sich auch in Einzelfällen umkehren (Jacob et al. 2010). Während Umweltvariablen (wie Boden, Klima und Management) für einen lokalen Standort kaum variieren und somit der Effekt von Diversität direkt untersucht werden kann, beeinflussen heterogene Umweltbedingungen auf größeren räumlichen Skalen zusätzlich den Zusammenhang von Produktivität und Artenvielfalt (Loreau et al. 2001, Grace et al. 2016). So können produktive Ökosysteme auf günstigen Standorten (fruchtbarer Boden und günstiges Klima) eine ähnlich geringe Artenzahl aufweisen wie auch Ökosysteme geringer Produktivität unter ungünstigen Umweltbedingungen. Das generelle Verständnis des Diversitäts-Produktivitäts-Zusammenhangs auf unterschiedlichen räumlichen Skalen ist von großer Bedeutung, um die Auswirkungen von verschiedenen Veränderungen wie z.B. Klimaänderungen oder Landnutzung auf Ökosysteme abschätzen und bewerten zu können (Loreau et al. 2001,

Adler et al. 2011). Monitoring und Modellierung sind wichtige Elemente um hierzu Fortschritte erzielen zu können. Feldmessungen sind nicht nur zentral um zunächst dynamische Prozesse in der Vegetation verstehen und beschreiben zu können, sondern sind auch für die Kalibrierung und Validierung der entwickelten Modelle unerlässlich. Vegetationsmodelle bieten dann die Möglichkeit, die Interpretation, Synthese und Generalisierung von Beobachtungsdaten gezielt zu unterstützen.

Ein umfassendes Monitoring sollte neben den vorkommenden Arten ebenso lokale Standorteigenschaften (z.B. Niederschlag oder Bodentyp) erheben. Hierbei steht man vor den Herausforderungen, sowohl räumlich als auch zeitlich ausreichend häufige Messungen durchzuführen. Verschiedene abiotische und biotische Einflussfaktoren sowie Landnutzung durch den Menschen führen zu heterogenen Landschaften und somit zu einer räumlich-zeitlichen Variabilität von Ökosystemeigenschaften (z.B. der Anzahl an Arten).

Vegetationsmodelle, welche auf längeren Zeitskalen das Wachstum von Pflanzen und deren Interaktion beschreiben, sind auf Monitoringdaten angewiesen. Abiotische Einflussfaktoren (z.B. Lichteinstrahlung oder Bodenfeuchte) sind notwendig um zentrale Prozesse im Modell anzutreiben (z.B. Pflanzenwachstum). Regelmäßige Wiederholungsmessungen unterstützen die Konzipierung und Optimierung verschiedener Modellprozesse (z.B. Einwuchs und Verlust von Arten) und deren Kalibrierung sowie die Validierung mittels unabhängiger Beobachtungsdaten. Zusätzlich können kontrollierte Feldexperimente durch Manipulation lokaler Umweltbedingungen (wie Klima oder Nährstoffverfügbarkeit) die Beschreibung ökophysiologischer Prozesse in Vegetationsmodellen verbessern. Im Umkehrschluss erlauben Vegetationsmodelle die Untersuchung zeitlicher Entwicklungen der Pflanzenvielfalt, deren Stabilität oder etwaiger Schwankungen aufgrund von Umweltveränderungen.

Modelle ermöglichen neben der reinen Artenzusammensetzung verschiedene Variablen und Funktionen (z.B. Produktivität) für Ökosysteme abzuschätzen. Beispielsweise liefern mechanistische Waldmodelle, die anhand von Inventurmessungen kalibriert und validiert wurden, zusätzlich Informationen zum fixierten Kohlenstoff oder zum Wasseraustausch zwischen Vegetation und Atmosphäre auf Basis der modellierten Wachstumsprozesse. Aus Modellen abgeleitete Ökosystemfunktionen können so Informationslücken schließen, insbesondere wenn diese oft nicht oder gegebenenfalls nur aufwendig gemessen werden können (z.B. die Kohlenstoffbilanz eines Ökosystems).

Das Zusammenwirken von Modellierung und Monitoring zur Analyse von Diversitätseffekten in Ökosystemen profitiert in den letzten Jahren zunehmend auch von der Fernerkundung. Fortschritte hinsichtlich räumlicher und spektraler Auflösungen haben dazu geführt, dass wichtige Informationen zum Vegetationszustand sowie zum Teil auch zur Artenzusammensetzung aus Fernerkundungsmessungen abgeschätzt werden können (Turner et al. 2003).

In diesem Beitrag werden drei Ansätze der Vegetationsmodellierung vorgestellt: in Kapitel 2 das Graslandmodell GRASSMIND, in Kapitel 3 die „Forest Factory“ und in Kapitel 4 das Waldmodell FORMIND.

2 Diversität und Ökosystemfunktionen im Grünland

2.1 Biodiversitätsexperimente

Biodiversitätsexperimente untersuchen bereits über Jahrzehnte die Artenvielfalt im Grünland und deren Effekt auf verschiedene Ökosystemfunktionen. Bekannte Beispiele umfassen die Experimente im Cedar Creek Ecosystem Science Reserve in den USA (Tilman et

al. 1996, Tilman et al. 2001), das Jena Biodiversity Experiment in Mitteldeutschland (Weisser et al. 2017), deutschlandweite Beobachtungen der Biodiversitätsexploratorien (Fischer et al. 2010), länderübergreifend das BIODEPTH Project in Europa (Hector et al. 2005, Spehn et al. 2005) und weltweit Standorte des Nutrient Network (Adler et al. 2011, Borer et al. 2014). Alle Projekte sind ähnlich konzipiert, so dass auf Flächen einer bestimmten Größe (z.B. 20 m x 20 m) Pflanzenarten unterschiedlicher Diversität erfasst und in Zusammenhang zum jährlichen Biomasseertrag gestellt wurden – mit oftmals positiv beobachteten Effekten.

Die beobachteten Effekte können jedoch teils stark variieren – abhängig von den untersuchten Standorten, welche sich hinsichtlich Bodenqualität, Klima und Management unterscheiden können. Auf mediterranen Standorten in Griechenland wurde beispielsweise keinerlei Wirkung einer erhöhten Artenanzahl auf die Produktivität des Grünlands gemessen (Spehn et al. 2005). Globale Meta-Analysen wiesen auf teils verschiedene Zusammenhänge von Diversität und Produktivität auf unterschiedlichen räumlichen Skalen hin (Adler et al. 2011, Fraser et al. 2015).

2.2 Die Rolle einzelner Pflanzenarten

Eine genauere Analyse der Diversitätseffekte in den Experimenten zeigte, dass das Vorkommen bestimmter Pflanzenarten eine wesentliche Rolle für eine erhöhte Produktivität des Grünlands spielt (z.B. Roscher et al. 2007). Oftmals werden beispielsweise Leguminosen als wichtigen Bestandteil von naturnahem, produktivem Grünland hervorgehoben (Weisser et al. 2017, Spehn et al. 2002, Thein et al. 2007). Durch die getrennte Betrachtung von Monitoringflächen, die bestimmte Arten beinhalten oder ausschließen, konnten unter anderem im BIODEPTH Experiment unterschiedliche Effekte von Diversität auf die Produktivität entdeckt werden. Die Exklusion einer Glanzgrasart (Phalaris coerulescens) beispielsweise führte zu einem positiven Effekt, wohingegen auf Teilflächen, auf denen das Glanzgras auftrat, ein negativer Einfluss auf die Produktivität zu verzeichnen war (Troumbis et al. 2000).

Um den Einfluss einzelner Pflanzenarten im Grünland genau zu analysieren, wäre eine Untersuchung aller paarweisen Interaktionen dieser Arten erforderlich. Diversitätsexperimente sind jedoch in der Regel so gestaltet, dass nur ein Teil der lokal vorkommenden Arten als Monokultur und in jeder möglichen Kombination einer Mehrartengemeinschaft untersucht wird. Auf diese Weise können wichtige intra- und interspezifische Pflanzeninteraktionen in den Analysen nicht berücksichtigt werden. Neue Studien, die die Koexistenz in der Artengemeinschaft durch Interaktion aller Arten untersucht haben, konnten auch die Pflanzendichte als einen weiteren wichtigen Faktor ermitteln (Kraft et al. 2015).

Mit Monitoringdaten validierte individuen- und prozess-basierte Grünlandmodelle erlauben es hierbei, Feldexperimente (z.B. Ebeling et al. 2014) durch eine kontinuierliche Variation von Artenanzahl und deren jeweiliger Dichte in Grünlandsimulationen zu ergänzen.

2.3 Grünlandmodellierung

2.3.1 Das GRASSMIND Modell

Das prozess- und individuen-basierte Grünlandmodell GRASSMIND ermöglicht die Analyse der Wirkung von Artenvielfalt und der Rolle von Eigenschaften einzelner Pflanzen auf die Produktivität im Grünland (Taubert et al. 2012). Das Modell beinhaltet verschiedene Elemente, welche für die Modellierung artenreicher Ökosysteme in temperaten Regionen wie Deutschland notwendig sind. Diese umfassen die Berücksichtigung von:

- ökophysiologischen Prozessen der Pflanzen (z.B. Photosynthese und Respiration),
- einzelnen Pflanzenindividuen und deren Demographie,
- verschiedenen Pflanzeneigenschaften,
- pflanzenverfügbareren Ressourcen (Licht, Bodenwasser und -nährstoffe), die durch Klima (Niederschlag, Temperatur, Tageslänge und Strahlung), Saisonalität und Bodenprozesse variieren können,
- Bewirtschaftung des Grünlands (Mahd, Bewässerung, Düngung, Beweidung).

Prozesse wie das Pflanzenwachstum, Konkurrenz zwischen Pflanzen (Beschattung, Selbstausdünnung, Wasser- und Stickstoffaufnahme), Mortalität und die Regeneration werden im Grünlandmodell abgebildet und tageweise simuliert (Taubert et al. 2012, Taubert 2014). Zur Abbildung der Bodenprozesse wurde das Grünlandmodell mit dem Bodenmodell CANDY gekoppelt (Franko et al. 1995). Das Bodenmodell beschreibt die Kohlenstoff-, Stickstoff- und Wasserdynamik und liefert somit Information zur Verfügbarkeit wichtiger Ressourcen für die Pflanzen.

2.3.2 Variation verschiedener Arteigenschaften

Durch Variation verschiedener Arteigenschaften, die zum Beispiel die Aufnahme wichtiger Ressourcen betreffen (Licht-, Wasser- und Stickstoffaufnahme), wurde in der folgenden Simulationsstudie deren Einfluss auf die Grünlandproduktivität untersucht. Derartig virtuelle Experimente bieten die Möglichkeit, die Rolle bestimmter Arteigenschaften systematisch zu untersuchen.

Die unterschiedlichen Arteigenschaften umfassen die spezifische Blattfläche, die Wurzeltiefe und die spezifische Wurzellänge. Basierend auf einer typischen Grasart (*Festuca pratensis*), welche mit Messungen des Jena Experiments parametrisiert wurde (Taubert 2014), wurden durch Veränderung der Arteigenschaften virtuelle Arten gebildet. Beispielsweise wurde eine virtuelle Art generiert, die durch tiefe Wurzeln Zugang zu zusätzlichen Bodenwasserressourcen hat, jedoch hingegen eine geringe Feinwurzellänge (zur Absorption von Stickstoff im Boden) und geringe spezifische Blattfläche (wichtig für die Photosynthese) aufweist. Eine andere virtuelle Art ist beispielsweise durch längere Feinwurzeln und eine hohe Blattfläche charakterisiert, kann jedoch nur flach wurzeln. Es wurden insgesamt sechs verschiedene virtuelle Arten gebildet.

In der Simulationsstudie wurden dann Artengemeinschaften unterschiedlicher Diversität (beginnend bei Monokulturen bis zur Gemeinschaft mit sechs Arten) simuliert und der Einfluss der Artenanzahl auf die oberirdische Produktivität (jährlicher Zuwachs an oberirdischer Pflanzenbiomasse) für die Jahre 2003 und 2004 beobachtet. Die Simulationen starteten jeweils mit einer Brachfläche, die mit dem Jena Experiment hinsichtlich Klima und Boden vergleichbar ist (Taubert 2014). Das simulierte Wachstum der virtuellen Arten begann im Mai 2002 mit einer simulierten Mahd zweimal pro Jahr (Taubert 2014). Artengemeinschaften, die in 2003 oder 2004 nicht überlebensfähig waren, wurden aus der Analyse ausgeschlossen.

2.3.3 Das Zusammenspiel von Arteigenschaften und Klima

Die simulierten Jahre 2003 und 2004 unterscheiden sich durch deren Niederschlagsdynamik. Das Jahr 2003 ist durch häufigere Trockenperioden und variablere Niederschlagsmengen geprägt (Abb. 1 oben, Ciais et al. 2005). So wurde beispielsweise im August 2004

doppelt so viel Niederschlag (32 mm pro Monat und durchschnittlich 1 mm pro Tag) dokumentiert als im August 2003, welcher durch eine längere Trockenheit geprägt war.

Die simulierte Produktivität von Monokulturen variiert stark zwischen beiden Jahren in Abhängigkeit der vorhandenen Arten. Tiefwurzelnde Pflanzenarten weisen im simulierten Jahr 2003 im Mittel eine doppelt so hohe Produktivität auf wie jene Arten ohne diese Eigenschaft (Abb. 1). Dieser Effekt kann im simulierten Jahr 2004 nicht mehr beobachtet werden.

Der Zusammenhang von Artenanzahl und Produktivität zeigt im Jahr 2003 im Mittel eine positive Relation (Abb. 2a). Die produktivsten Artengemeinschaften weisen dabei eine ähnlich hohe Produktivität auf wie die produktivsten Monokulturen. Dies ist auf tiefwurzelnde Arten zurückzuführen, welche bei Trockenheit profitieren und somit artenreiche Pflanzengemeinschaften dominieren. Zusätzliche Arteigenschaften (z.B. Feinwurzeln) bringen dabei keinen weiteren Vorteil.

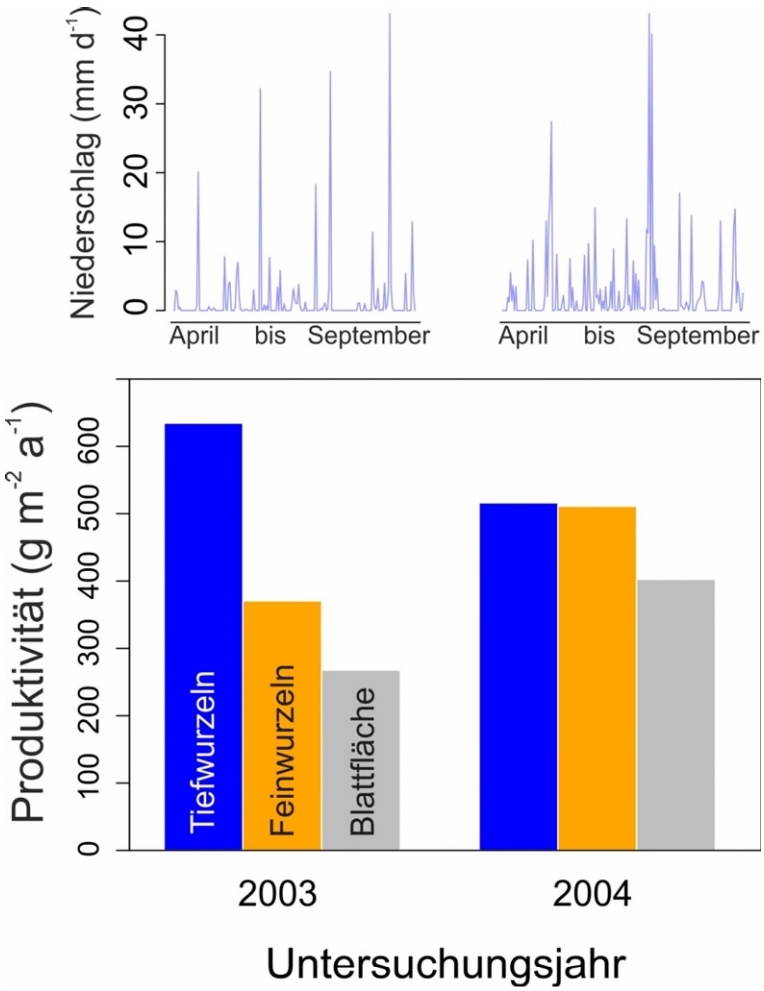


Abb. 1: Vergleich der jährlichen Produktivität von Monokulturen verschiedener Arten. Dargestellt ist die jährliche oberirdische Produktivität (g/m²) von Monokultursimulationen für das Jahr 2003 und 2004. Beide Jahre unterscheiden sich in ihrer Niederschlagsdynamik innerhalb der Wachstumsperiode (oben, in mm pro Tag). Das Jahr 2003 ist charakterisiert durch eine höhere Variabilität der Niederschläge und häufigere Trockenperioden als 2004. Die simulierten Monokulturen umfassen tiefwurzelnde Pflanzen (blaue Balken), feinwurzelnde Pflanzen (orange Balken) und Pflanzen, welche eine höhere Blattfläche aufweisen (graue Balken). Es zeigt sich, dass bestimmte Arteigenschaften (hier die Wurzeltiefe) besonders in Stresssituationen (z.B. Trockenheit in 2003) eine wichtige Rolle spielen.

Im darauffolgenden Jahr 2004 verschwindet der positive Arteneffekt mit der erhöhten Wasserverfügbarkeit wieder (Abb. 2b). Die jährliche Produktivität aller Artengemeinschaften liegt im Mittel bei etwa 510 g pro m² (organische Trockenmasse), jedoch können nun Kombinationen bestimmter Arteigenschaften (z.B. Tief- und Feinwurzeln) zusätzliche Vorteile bringen. Gemeinschaften mit tiefwurzelnden Arten weisen in 2004 eine höhere Variabilität ihrer jährlichen Produktivität im Vergleich zum Vorjahr auf (Abb. 2).

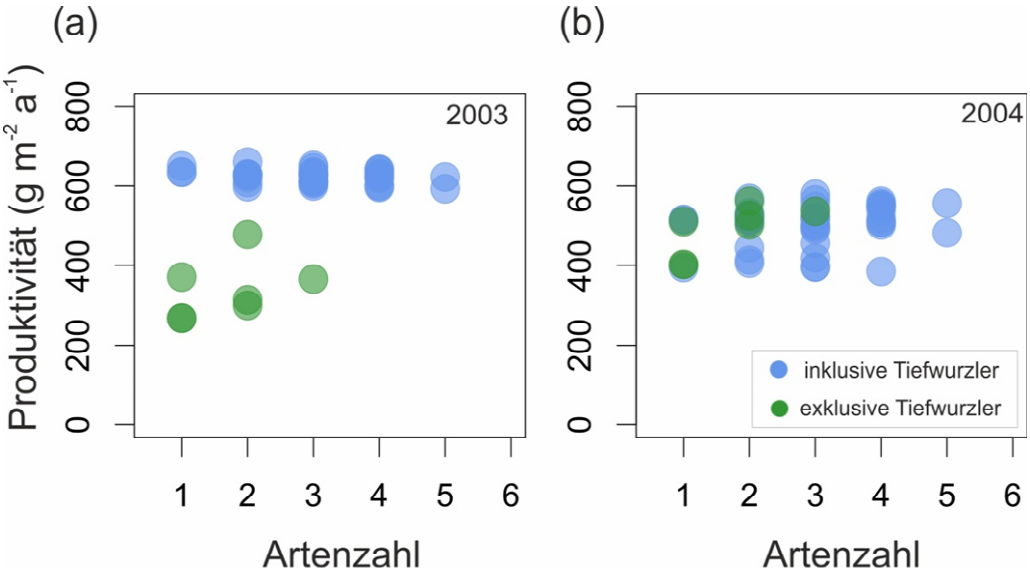


Abb. 2: Simulierte Diversitätseffekte einer erhöhten Anzahl an Arten auf die ober-irdische Produktivität von Grünland. Jeder Punkt repräsentiert für die Jahre (a) 2003 (von Trockenheit geprägt) und (b) 2004 die Simulation einer Artengemeinschaft der entsprechenden Anzahl an virtuellen Arten. Blaue Punkte repräsentieren dabei Artengemeinschaften, die tiefwurzelnde Arten beinhalten. Grüne Punkte hingegen zeigen Gemeinschaften ohne tief-wurzelnde Arten.

Anhand des virtuellen Artenexperiments kann die Rolle verschiedener Arteigenschaften (sogenannter ‚Traits') verdeutlicht werden, deren Relevanz sich besonders während und nach Extremereignissen zeigt (z.B. der Vorteil tiefer Wurzeln bei Trockenheit). Die Rolle bestimmter Arteigenschaften kann sich dabei in Abhängigkeit der zeitlich und räumlich variablen abiotischen Umweltbedingungen ändern. Durch systematische Variation von Artenanzahl und ihrer Eigenschaften sowie auch Pflanzendichte und verschiedener Umweltbedingungen können weiterführende Analysen zu Fortschritten im Verständnis von Diversitätseffekten führen.

3 Struktur und Diversität in Wäldern

3.1 Biodiversität in Wäldern

Etwa 32 % der Landfläche Europas ist mit Wald bedeckt. Über die Hälfte dieser Wälder sind stark bewirtschaftete Reinbestände und lediglich 4 % sind ungestört (Forest Europe, U.N.E.C.E., FAO, 2011). Ungestörte Wälder zeichnen sich durch eine heterogene Altersklassenstruktur aus und enthalten meist mehrere Baumarten.

Um den Einfluss von Baumartenvielfalt auf die Produktivität von Wäldern besser zu verstehen, wurden im letzten Jahrzehnt Biodiversitätsexperimente ähnlich zu denen im Grünland durchgeführt (Scherer-Lorenzen et al. 2007, Bruelheide et al. 2014). Experimente berücksichtigen neben der Baumartenvielfalt auch Dichte und Alter der Waldbestände, von denen jene mit mehr Arten oft ein schnelleres Wachstum aufwiesen (Haase et al. 2015). Derartige

Experimente erlauben jedoch bisher nur Aussagen über junge Waldbestände (Scherer-Lorenzen et al. 2007, Bruelheide et al. 2014).

Analysen, die Inventuren bestehender Wälder integrieren, konnten positive Effekte der Baumartenvielfalt auf Ökosystemfunktionen wie die Produktivität des Waldes beobachten (Edgar, Burk 2001, Vilà et al. 2007, Paquette, Messier 2011, Brassard et al. 2011, Vilà et al. 2013, Jucker et al. 2014). Untersuchung im mediterranen Raum ergaben, dass komplementäre Strategien in den Lichtbedürfnissen der Baumarten diesen positiven Einfluss erklären können (Jucker et al. 2014). Studien, die auch negative Effekte der Artenvielfalt auf die Waldproduktivität entdecken konnten (z.B. Jacob et al. 2010 in ausgewachsenen Laubwäldern), vermuten einen stärkeren Einfluss klimatischer und edaphischer Faktoren sowie artspezifischer Eigenschaften (z.B. Baumphysiologie und -morphologie, Jacob et al. 2010).

3.2 Struktureigenschaften in Waldinventuren

Verschiedene Studien lieferten Hinweise, dass die Waldstruktur einen wichtigen Einfluss auf die Produktivität hat. Neben aggregierten Strukturmaßen (z.B. Basalfläche, Vilà et al. 2007) können auch detailliertere Maße (z.B. Heterogenität der Baumhöhen oder Stammdurchmesser, Cordonnier, Kunstler 2015, Bourdier et al. 2016, Dănescu et al. 2016) zur Beschreibung der Waldstruktur verwendet werden. Waldinventuren, bei denen alle Bäume nicht nur in ihrer Größe, sondern auch mit ihrer räumlichen Position erfasst werden, ermöglichen dabei eine genauere Beschreibung der Waldstruktur durch räumliche Strukturmaße (Pretzsch 1997). Beispielsweise wurde in Bayern ein Waldgebiet etabliert, auf dessen 25 ha großen Monitoringfläche mehr als 30.000 Bäume in ihrer Größe, Art und Position alle fünf Jahre vermessen werden (Helmholtz-Allianz Earth System Dynamics, HGF-EDA). Die regelmäßige und räumlich kontinuierliche Erfassung derartig großer Waldflächen ist jedoch sehr aufwendig.

Waldinventuren, die große Gebiete abdecken, stützen sich daher in der Regel auf Stichprobenflächen. Beispielsweise ist die deutsche Bundeswaldinventur entlang eines gleichmäßigen Rasters angeordnet (Hennig 2016). Dadurch repräsentieren Waldinventuren jedoch nur Waldstrukturen, die bereits existieren und von dem vorherrschenden Managementkonzept dominiert werden (z.B. gleichalte Monokulturen). Um Zusammenhänge von verschiedenen Waldeigenschaften (z.B. Diversität und Struktur) zu Ökosystemfunktionen (z.B. Produktivität) besser verstehen zu können, insbesondere für alternative Bewirtschaftungsregimes, können Waldmodelle ein geeignetes Werkzeug darstellen.

3.3 Modellierung der Struktur artenreicher Wälder

3.3.1 Der „Forest Factory“-Modellierungsansatz

Der Modellierungsansatz der „Forest Factory“ ermöglicht es, eine große Anzahl an Waldbeständen unterschiedlicher Artenvielfalt und Struktur im Computer zu erzeugen. Diese Waldbestände umfassen sowohl Monokulturen als auch artenreiche Bestände und unterscheiden sich in ihrer Waldstruktur hinsichtlich Bestandsdichte (horizontale Struktur) und Baumgrößenverteilung (vertikale Struktur) (Bohn, Huth 2017). Auf diese Weise ist es möglich, die Effekte von Artendiversität und Waldstruktur auf die Produktivität von natürlichen und bewirtschafteten Wäldern detailliert zu untersuchen.

Für jeden erzeugten Bestand in der „Forest Factory“ kann zum Beispiel durch dessen Basalfläche die horizontale Struktur und durch die Heterogenität der Baumhöhen die vertikale Waldstruktur quantifiziert werden (Abb. 3). Der Einfluss dieser Strukturvariablen auf die Waldproduktivität (und anderer Ökosystemfunktionen) kann so analysiert werden.

Zur Erzeugung von verschiedenen Waldbeständen werden im „Forest Factory“-Ansatz nacheinander Bäume „gepflanzt“. Die „gepflanzten“ Bäume eines Waldbestandes unterscheiden sich in ihrer Baumart und Größe und werden zufällig unter Berücksichtigung der folgenden Kriterien ausgewählt:

- Der Bestand soll die vorgegebene Artenzahl und Waldstruktur wiedergeben (z.B. anhand einer Stammzahl-Durchmesser-Verteilung).
- Jeder neu „gepflanzte“ Baum benötigt ausreichend Raum für seine Baumkrone innerhalb des Waldbestandes.
- Alle Bäume des Bestandes müssen eine positive Produktivität (Netto-Zuwachs der oberirdischen Biomasse) aufweisen.

Die Berechnung der Produktivität eines Baumes hängt neben artspezifischen Wuchseigenschaften (z.B. Holzdichte) auch von lokalen Standortfaktoren wie der Temperatur, dem verfügbaren Bodenwassergehalt und dem oberhalb der Baumkrone verfügbaren Licht ab.

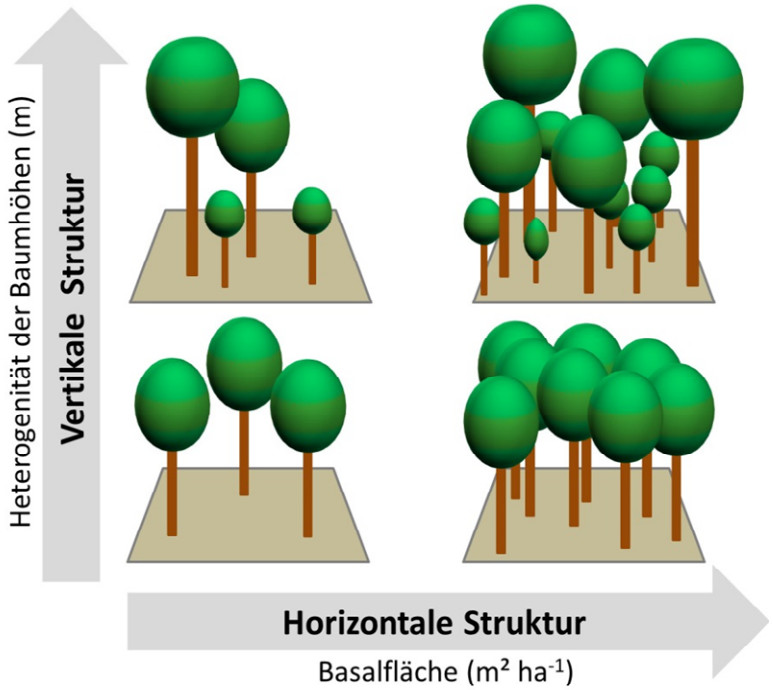


Abb. 3: Darstellung unterschiedlich erzeugter Waldbestände in der „Forest Factory“. Die Bestände unterscheiden sich in ihrer horizontalen und vertikalen Waldstruktur. Mit steigender horizontaler Struktur steigt die Dichte des Waldes, wohingegen mit steigender vertikaler Struktur die Heterogenität der Baumgrößen im Bestand zunimmt (modifiziert aus Bohn, Huth 2017).

3.3.2 Biodiversitätszusammenhänge aus virtuellen Waldbeständen

Für eine erste Studie wurden insgesamt ca. 400.000 verschiedene temperate Waldbestände von 0.04 ha erzeugt, die eine systematische Analyse von Struktureigenschaften und Artenzusammensetzung zulassen (Bohn, Huth 2017). Das Konzept der „Forest Factory“ lässt sich auch auf andere Waldbiome übertragen.

Berücksichtigt wurden insgesamt acht verschiedene Baumarten, deren Baumgeometrien und Wuchseigenschaften anhand von Ertragstafeln und Waldinventuren aus Deutschland parametrisiert wurden (Bohn et al. 2014). Neben den derzeit in Deutschland dominierenden Arten wie Buche und Fichte (jeweils schattentolerante Baumart) sowie Kiefer (lichtliebende

Art) wurden auch potentiell relevante Baumarten wie z.B. Esche und Eiche in der „Forest Factory“ berücksichtigt. Für jeden Baum, welche die „Forest Factory“ einem Bestand hinzufügt, wurde die Produktivität für ein Jahr basierend auf mittlerentäglichen Klimadaten und mittleren bodenphysikalischen Eigenschaften (schluffiger Lehmboden) für Deutschland ermittelt (Bohn, Huth 2017).

Um einen Gradienten verschiedener Waldstrukturen von stark gemanagten bis zu natürlichen sowie jungen und alten Wäldern abbilden zu können, wurden insgesamt 15 verschieden Stammzahl-Durchmesser-Verteilungen betrachtet. Jede dieser Waldstrukturen wurde mit jeder möglichen Artenzusammensetzung (1-, 2-, bis zu 8-Arten) in der „Forest Factory“ kombiniert. Bestände geringerer Dichte können sich ergeben, wenn die „Pflanzung“ der Bäume beendet wird, sobald beispielsweise eine negative Produktivität eines Baumes verzeichnet wird. Die so erzeugten Waldbestände repräsentieren sowohl Monokulturen als auch artenreiche Wälder in unterschiedlichen Sukzessionsstadien.

3.3.3 Der Einfluss von Waldstruktur und Diversität auf die Produktivität

Anhand der „Forest Factory“-Simulationen konnte gezeigt werden, dass die Waldstruktur ein wesentliches Element zur Charakterisierung von Ökosystemfunktionen ist (Bohn, Huth 2017). Die Analysen der Simulationen lassen einen positiven Zusammenhang zwischen Basalfläche und Produktivität des Waldes erkennen (Abb. 4a), welcher jedoch bei zunehmender Heterogenität der Baumgrößen (vertikale Waldstruktur) abgeschwächt wird (Abb. 4a). Dichte Wälder (große Basalfläche), die eine große Vielfalt und Heterogenität an Baumgrößen aufweisen, zeigen eine geringere Produktivität. Hintergrund dafür ist, dass in vertikal heterogenen Wäldern kleinere Bäume stärker beschattet werden. Die Ergebnisse der „Forest Factory“-Analysen konnten durch Feldmessungen validiert werden (ca. 5.000 Stichproben der Bundeswaldinventur, Abb. 4b).

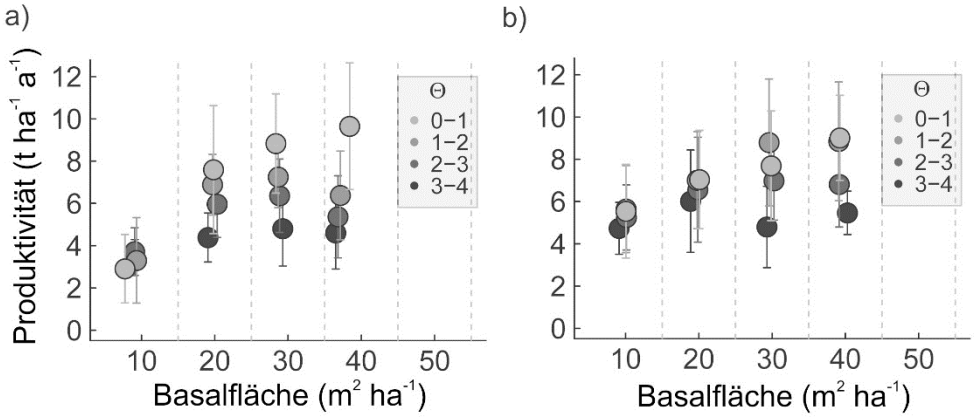


Abb. 4: Zusammenhang zwischen Waldstruktur und Produktivität. Die Waldstruktur eines Bestands wird mittels der Basalfläche (m² pro ha) und der Heterogenität der Baumhöhen (Standardabweichung θ in m) beschrieben. Der Einfluss der Waldstruktur auf die oberirdische Produktivität (t organischer Trockensubstanz pro Hektar und pro Jahr) ist für Waldbestände aus (a) etwa 400.000 „Forest Factory“-Simulationen und (b) ca. 5.000 Probenflächen der Deutschen Bundeswaldinventur dargestellt (modifiziert aus Bohn, Huth 2017).

Die „Forest Factory“-Analyse zeigt zudem, dass Artenvielfalt im Mittel keinen Einfluss auf die Produktivität von Wäldern gleicher Größenstruktur besitzt (Abb. 5). Artenreichere Waldbestände weisen jedoch eine geringere Variabilität der Waldproduktivität auf als vergleichbare Monokulturen (Abb. 5). Dieser stabilisierende Effekt durch Artenvielfalt wurde auch in

Feldstudien (Jucker et al. 2014), analog zum Grünland (Isbell et al. 2009), sowie in Untersuchungen mit Waldmodellen gefunden (Morin et al. 2014).

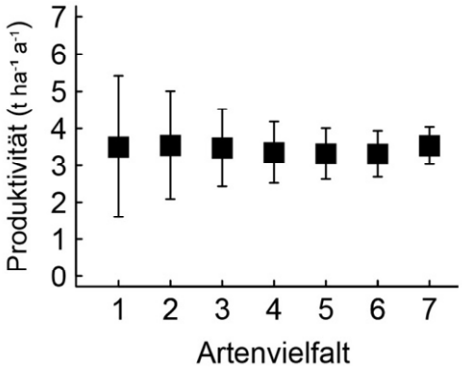


Abb. 5: Zusammenhang zwischen Artenvielfalt und Produktivität. Mittels des „Forest Factory"-Ansatzes ist unter Berücksichtigung gleicher Waldstrukturen der Einfluss der Artenvielfalt (Anzahl verschiedener Baumarten innerhalb eines Waldbestandes) auf dessen oberirdische Produktivität dargestellt (modifiziert aus Bohn, Huth 2017).

Die Untersuchungen der „Forest Factory" am Beispiel Deutschland zeigen, dass hier die Waldstruktur einen stärkeren Einfluss auf die Produktivität besitzt als die Anzahl der vorkommenden Arten. Die Größen- und Altersstruktur eines Ökosystems ist somit ein weiteres wichtiges Element, welches in zukünftigen Studien und somit auch in Monitoringuntersuchungen berücksichtigt werden sollte.

4 Großskalige Analysen in hoher Auflösung

4.1 Regionale Biomassekarten artenreicher Wälder

Die meist hohe Artenzahl und heterogene Altersklassenstruktur natürlicher Wälder hat mitunter zur Folge, dass Waldbiomasse und Kohlenstoffflüsse räumlich variabel sind. Informationen zur Biomasse und Produktivität in Wäldern auf regionalen Skalen (z.B. deutschland-/europaweit oder global) sind von großer Bedeutung um abzuschätzen, wie viel Kohlenstoff aus der Atmosphäre gebunden werden und so natürlichen und anthropogenen CO_2-Emissionen entgegenwirken kann. Um das aktuelle und zukünftige Speicherpotential von Wäldern im globalen Kohlenstoffkreislauf korrekt schätzen zu können, werden detaillierte Karten zur Biomasseverteilung auf der Erde benötigt.

Als besonderes Beispiel gilt hier der größte tropische Wald – der Amazonas Regenwald, welcher sich durch eine hohe Artenvielzahl auszeichnet. Aktuell wird geschätzt, dass der etwa sechs Millionen km² große Wald ca. 16.000 verschiedene Baumarten beherbergt (Ter Steege et al., 2013). Mit etwa 400 Feldstationen (jeweils 1 ha, Mitchard et al. 2014) werden damit lediglich 8 x 10-9 % der Gesamtfläche abgedeckt. Waldinventuren sind hier besonders aufwändig, da viele Gebiete nur schwierig zu erreichen sind.

Zur Erstellung von Biomassekarten von Wäldern werden jedoch ausreichend viele Inventurflächen benötigt. Länder, wie beispielsweise Deutschland oder die USA sind Vorreiter in der Erstellung eines dichten Stichprobennetzes (z.B. alle 4 km in der Bundeswaldinventur, Hennig 2016). In Regionen, in denen räumlich nur wenig Monitoringdaten verfügbar sind, kommt daher vermehrt die Fernerkundung zum Einsatz um z.B. Aussagen über die Biomasseverteilung von Wäldern zu treffen (z.B. im Amazonas, Baccini et al. 2012, Saatchi et al. 2011).

4.2 Fernerkundung des Waldzustandes

Bisherige Fernerkundungstechniken, wie Messungen mit optischen Sensoren (z.B. MODIS oder Sentinel-II), liefern zumeist zweidimensionale Oberflächeninformationen, aus denen zum Beispiel die Vegetationsbedeckung (über NDVI) über längere Zeiträume abgeleitet werden kann. Weitere Techniken wie LiDAR- und Radarfernerkundung (z.B. ICESat, Sentinel-I oder Tandem-X) können zudem auch großflächig dreidimensionale Informationen über Wälder erfassen. Hierbei werden Signale aktiv ausgesendet, die von verschiedenen Vegetationsschichten reflektiert werden und somit Informationen über die Struktur von Wäldern liefern.

Fernerkundungstechniken können bisher nur erste Abschätzungen zur Artenzusammensetzung treffen (Turner et al. 2003), welche jedoch aufgrund verschiedener Arteigenschaften (z.B. Holzdichte oder Mortalitätsrate) einen Einfluss auf die Biomasse eines artenreichen Ökosystems haben kann. Beispielsweise weichen Biomassekarten des Amazonas, welche mittels Fernerkundung erstellt wurden, derzeitig im Mittel um 25 % von Messungen aus Waldinventuren ab (Mitchard et al. 2014).

Individuen-basierte Waldmodelle bieten die Möglichkeit Fernerkundungsmessungen und Waldinventuren zu verbinden und somit Informationslücken zu schließen. Derartige Modelle erlauben es, Prozesse in artenreichen Wäldern auf verschiedenen räumlichen und zeitlichen Skalen zu simulieren, und damit die Interpretation von Fernerkundungsmessungen zu unterstützen sowie auch die zeitlich und räumlich unterschiedlichen Skalen von Fernerkundung und Monitoringdaten zu überbrücken.

Waldmodelle wurden bislang kaum mit Fernerkundungsdaten verknüpft (Shugart et al. 2015). Eine Verknüpfung erlaubt es vielfältige Waldeigenschaften (z.B. Produktivität, Kohlenstoffbindung, Wasserflüsse) auf verschiedenen räumlichen Skalen (vom individuellen Baum bis zur gesamten Region) abzuschätzen – auch unter verändertem Klima. Das im nächsten Abschnitt erläuterte Waldmodell FORMIND und das vorgestellte Konzept zur Verbindung von Fernerkundung und Vegetationsmodellierung ist generisch (Rödig et al. 2017b, 2018), das bedeutet es kann auch für andere Regionen (z.B. Europa) angewandt werden.

4.3 Modellierung von Waldbiomasse und Kohlenstoffflüssen

4.3.1 Das Waldmodell FORMIND

FORMIND ist ein individuen- und prozessbasiertes Baumwachstumsmodell. Es wurde bereits an verschiedenen Standorten weltweit angewandt (Fischer et al. 2016), vorranging in tropischen Wäldern wie in Panama (Knapp et al. 2018), Ecuador (Dislich et al. 2009), Brasilien (Groeneveld et al. 2009, Dantas de Paula et al. 2015, Pütz et al. 2014), Malaysia (Köhler, Huth 1998) und Tansania (Fischer et al. 2015). In den letzten Jahren fand das Modell zudem ebenso Anwendung in temperaten Wäldern Europas (Rödig et al. 2017a, Bohn et al. 2014).

Das Waldmodell beschreibt verschiedene ökologische Grundprozesse wie Regeneration, Mortalität, Baumwachstum und die Konkurrenz zwischen Bäumen um die Ressourcen Licht, Bodenwasser und Raum. Das Wachstum eines Baumes wird über eine Kohlenstoffbilanz berechnet (Photosynthese und Respiration). Jeder modellierte Prozess wird beeinflusst von der Anzahl interagierender Baumarten und ihrer artspezifischen Eigenschaften.

Dieser Modellierungsansatz erlaubt die Abschätzung des Kohlenstoffflusses von der individuellen Baumebene bis hin zum Ökosystem Wald. Neben den ökologischen Grundprozessen können zusätzlich veränderte Umweltbedingungen berücksichtigt werden wie bei-

spielsweise Landrutsche (Dislich et al. 2009), Feuerereignisse (Knapp et al. 2018), Waldnutzung (Huth et al. 2005), Fragmentierung (Dantas de Paula et al. 2015) und Klimawandel (Gutiérrez et al. 2014).

4.3.2 Verschneidung von Fernerkundung und Waldmodellierung

In einer Simulationsstudie wurde mit dem Waldmodell FORMIND jeder Baum im Amazonas Regenwald simuliert. Einzelne Baumarten wurden in drei funktionellen Gruppen zusammengefasst – von schnellwachsenden, lichtliebenden Arten bis zu langsam wachsenden, schattentoleranten Arten. Diese funktionellen Gruppen werden zur Abbildung verschiedener Sukzessionsstadien eines Waldes herangezogen.

In den Wäldern des Amazonas konnten räumlich unterschiedliche Mortalitätsraten beobachtet werden (Quesada et al. 2012), wodurch sich unterschiedliche Walddynamiken (Sukzessionsstadien) ergeben können, die auch die Waldbiomasse beeinflussen. Um den realen aktuellen Zustand der Wälder im Amazonas mit dem Waldmodell FORMIND zu schätzen, wurden Simulationen des Modells mit Daten aus der Fernerkundung verschnitten. Informationen zur Waldhöhe, welche aus LiDAR-Messungen abgeleitet wurden (ICE-Sat Satellit, Simard et al. 2011), wurden verwendet, um lokal aktuelle Sukzessionszustände im Amazonas Regenwald zu bestimmen.

Die Kombination des Waldmodells FORMIND mit Fernerkundungsmessungen erlaubte die Erstellung einer Karte zu den Kohlenstoffvorräten und -flüssen der Wälder im Amazonas (Abb. 6, Rödig et al. 2017b, 2018). Die Simulationsergebnisse wurden zusätzlich mit Inventurdaten und unabhängigen Produkten aus der Fernerkundung validiert (Rödig et al. 2017b, Rödig et al. 2018, Rödig et al. 2019).

4.3.3 Der Tropenwald als Kohlenstoffsenke

Die Simulationsergebnisse für den gesamten Amazonas (410 Milliarden einzelne Bäume) zeigen, dass die Wälder im Amazonasgebiet große Mengen an oberirdischer Biomasse (77 Gt) speichern (Rödig et al. 2017b). Im Nordosten (Guayana Shield) weist die Waldbiomasse höhere Werte auf, wogegen die zentralen Amazonasgebiete auf Grund von Überschwemmungen und die südlichen Regionen auf Grund von Abholzung eine geringe Waldbiomasse zeigen.

Derzeit bindet der Amazonas Regenwald jährlich 0.6 Gt Kohlenstoff durch Photosynthese (’Net Ecosystem Exchange‘ (NEE) ohne Emissionen durch Feuer oder Holzernte, Rödig et al. 2018). Der Amazonas Regenwald stellt somit eine wichtige globale Kohlenstoffsenke dar. Dies kompensiert ungefähr den Emissionsanteil, der jährlich in dieser Region durch Landnutzung und Abholzung freigesetzt wird (0.43 bis 0.63 Gt Kohlenstoff pro Jahr, Baccini et al. 2012).

Anhand der Simulationen ergab sich zudem, dass Wälder mittlerer Biomasse eine höhere Produktivität aufweisen als Wälder mit hoher Biomasse (Rödig et al. 2018). Diese Relation stimmt mit Beobachtungen aus Waldinventuren überein, konnte aber bislang nicht in globalen Vegetationsmodellen abgebildet werden (Dolman et al. 2018).

Die Integration von Fernerkundung und Waldinventuren in Modellierungsansätze zeigt am Beispiel des Amazonas Regenwaldes, dass Modellierung und Monitoring es im gegenseitigen Austausch ermöglichen den Zustand und Funktionen von Ökosystemen zu beschreiben. Erkenntnisse zu Zusammenhängen verschiedener Waldeigenschaften (z.B. Waldbiomasse, Waldstruktur und Diversität) können aus derartigen Ansätzen abgeleitet werden

und so unter anderem Prognosen der Waldentwicklung unter Klima- oder Nutzungswandel verbessern.

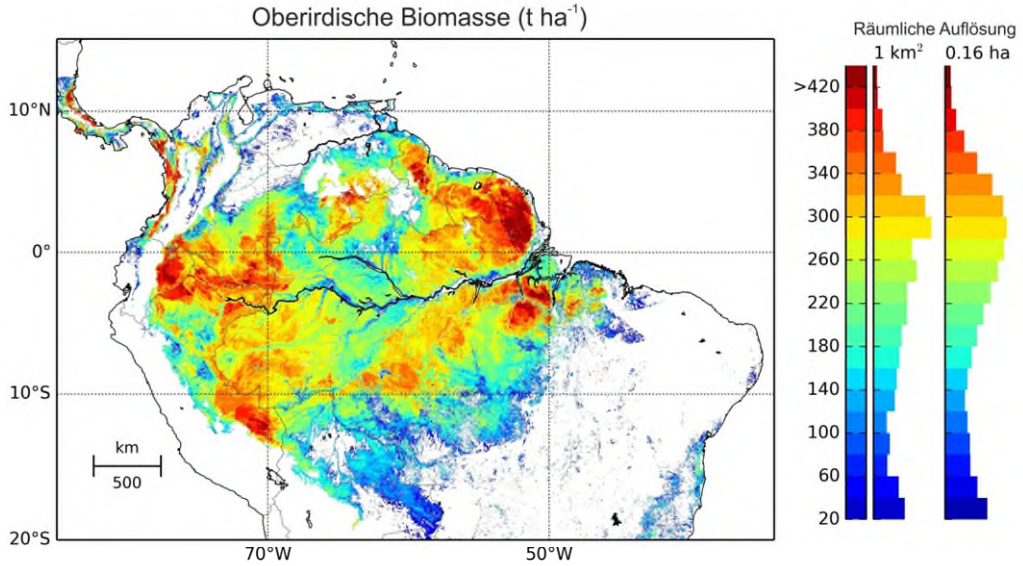


Abb. 6: Biomassenkarte von aktuellen Waldbeständen im Amazonasgebiet mit einer räumlichen Auflösung von 1 km² (links). Da das Waldmodell jeden Baum simuliert, kann die Biomasse auf beliebigen räumlichen Skalen untersucht werden. Beispielhaft werden hier die normalisierten Häufigkeitsverteilungen (rechts) mit einer räumlichen Auflösung von 1 km² und 0.16 ha abgebildet (modifiziert aus Rödig et al. 2018).

5 Zukunftsperspektiven und Herausforderungen

Die vorgestellten Beispiele aus der Vegetationsmodellierung dieses Beitrags demonstrieren, wie die Kombination von Monitoring und Modellierung das Verständnis von Biodiversitätseffekten in Ökosystemen fördern kann. Vom Monitoring inspirierte Modellanalysen in Grünland und Wäldern ließen erkennen, dass Artenanzahl sowie Ökosystemstruktur eine wichtige Rolle für die Funktionen von Ökosystemen einnehmen. Wechselwirkungen zwischen der Artenzahl (und deren funktioneller Eigenschaften) und der Größenstruktur eines Ökosystems sind dabei bisher nur teilweise verstanden.

Das Zusammenspiel von Artenvielfalt und Ökosystemfunktion auf räumlich und zeitlich unterschiedlichen Skalen birgt zusätzliche Unbekannte. Veränderungen in der Landnutzung und im Klima können Änderungen in der Artenzusammensetzung eines Ökosystems auslösen und somit dessen Funktionen verändern. Ebenso können Änderungen in der geographischen Ausbreitung oder gar das Aussterben von Arten, die Anpassung ihrer Arteigenschaften sowie Veränderungen im Interaktionsverhalten zwischen Arten die bisher beobachteten Diversitäts-Produktivitäts-Zusammenhänge modifizieren. Mithilfe von ökologischen Modellen kann die räumlich-zeitliche Entwicklung der Artenzusammensetzung in terrestrischen Ökosystemen und deren Stabilität untersucht werden. Eine interessante Frage ist hierbei, wie Schwankungen im Artenreichtum welche Veränderungen in Ökosystemfunktionen hervorrufen können. Durch den weiteren Austausch zwischen Modellierung und Monitoring können – ähnlich wie in Wettervorhersage-Modellen – zukünftige Abschätzungen zur Artenvielfalt und Ökosystemeigenschaften verbessert werden.

Die Verbindung von Monitoring und Modellierung von terrestrischen Ökosystemen über mehrere trophische Ebenen hinweg (z.B. mikrobielle Bodenorganismen oder Tierpopulationen) ermöglicht zudem, das Verständnis für weitere Zusammenhänge innerhalb eines Ökosystems, insbesondere zwischen lokal vorherrschenden Pflanzen- und Tierarten, zu erwei-

tern. Darauf basierend könnten Schlüsselfaktoren oder Indikatoren zur Abschätzung der räumlichen Verbreitung und Abundanz bestimmter Arten hergeleitet werden. So könnte beispielsweise die Präsenz einer bestimmten Insektenart als Indikator für das Vorkommen bestimmter Gras- und Kräuterarten, oder ein heterogen strukturierter Buchenwald als Indikator für das Vorkommen bestimmter mikrobieller Organismen im Waldboden herangezogen werden.

Wichtige Einflussfaktoren für die Pflanzen- und Tierartenvielfalt Deutschlands stellen neben dem Klimawandel insbesondere auch Landnutzungsänderungen dar. Analysen von Landschaften mit unterschiedlicher und zeitlich veränderlicher Nutzungsform sind daher in Kombination mit der Verbreitung von Pestiziden in der Landschaft und dem Stickstoffaustrag im Boden besonders relevant. Indirekte Effekte intensiver Landwirtschaft auf die Artenvielfalt angrenzender Wälder und Grünländer könnten beispielsweise durch regionale Modellierungsansätze kombinierter Wald-, Grünland- und Agrarmodelle in Verbindung mit Inventurmessungen analysiert werden.

Es bleibt weiterhin eine offene Frage, inwiefern Biodiversität, insbesondere die Pflanzenvielfalt in Wäldern und Grünland, direkt mittels Fernerkundung zuverlässig erfasst werden kann (Skidmore et al. 1997). Sensoren, die die Reflexionsspektren der Vegetation erfassen, ermöglichen bereits grobe Abschätzungen von Pflanzeneigenschaften (Asner et al. 2017), jedoch ist die umfassende Bestimmung der Artenvielfalt, insbesondere in dicht und heterogen strukturierten Wäldern bisher nicht möglich. Großflächige Inventuren (insbesondere mit detaillierten Informationen zur Struktur und Diversität) bleiben daher als Teststandorte von wichtiger Bedeutung, auch um Fernerkundungsmessungen zur Beschreibung des Zustands von Ökosystemen zu verbessern. Jedoch zielen die meisten Inventuren auf die Erfassung potentieller Erträge (Holznutzung oder Schnittmenge des Grünlands) und deren Management ab und wurden nicht zur Untersuchungen von Biodiversität und Ökosystemfunktionen durchgeführt. Eine zusätzliche modell-basierte Standortauswahl könnte den Aufwand eines umfangreicheren und regelmäßig wiederholten Monitorings effizient gestalten.

Literaturverzeichnis

Adler, P. et al. (2011): Productivity is a poor predictor of plant species richness. Science 333 (6050): 1750-1753.

Asner, G. et al. (2017): Airborne laser-guided imaging spectroscopy to map forest trait diversity and guide conservation. Science 355 (6323): 385-389.

Baccini, A. et al. (2012): Estimated carbon dioxide emissions from tropical deforestation improved by carbon-density maps. Nature Climate Change 2 (3): 182.

Bohn, F.. et al. (2014): Of climate and its resulting tree growth: Simulating the productivity of temperate forests. Ecological Modelling 278: 9-17.

Bohn, F.., Huth, A. (2017): The importance of forest structure to biodiversity-productivity relationships. Royal Society open science 4 (1): 160521.

Borer, E. et al. (2014): Finding generality in ecology: a model for globally distributed experiments. Methods in Ecology and Evolution 5 (1): 65-73.

Bourdier, T. et al. (2016): Tree size inequality reduces forest productivity: an analysis combining inventory data for ten European species and a light competition model. PLOS ONE 11 (3): e0151852.

Brassard, B. et al. (2011): Differences in fine root productivity between mixed and single species stands. Functional Ecology 25 (1): 238-246.

Bruelheide, H. et al. (2014): Designing forest biodiversity experiments: general considerations illustrated by a new large experiment in subtropical China. Methods in Ecology and Evolution 5 (1): 74-89.

Ciais, P. et al. (2005): Europe-wide reduction in primary productivity caused by the heat and drought in 2003. Nature 437 (7058): 529.

Cordonnier, T., Kunstler, G. (2015): The Gini index brings asymmetric competition to light. Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics 17 (2): 107-115.

Dănescu, A. et al. (2016): Structural diversity promotes productivity of mixed, uneven-aged forests in southwestern Germany. Oecologia 182 (2): 319-333.

Dantas de Paula, M. et al. (2015): Tropical forest degradation and recovery in fragmented landscapes – simulating changes in tree community, forest hydrology and carbon balance. Global Ecology and Conservation 3: 664-677.

Dislich, C. et al. (2009): Simulating forest dynamics of a tropical montane forest in South Ecuador. Erdkunde 63 (4): 347-364.

Dolman, A., Janssen, T. (2018): The enigma of the Amazonian carbon balance. Environmental Research Letters 13 (6): 061002.

Edgar, C., Burk, T. (2001): Productivity of aspen forests in northeastern Minnesota, USA, as related to stand composition and canopy structure. Canadian Journal of Forest Research 31 (6): 1019-1029.

Ebeling, A. et al. (2014): A trait-based experimental approach to understand the mechanisms underlying biodiversity-ecosystem functioning relationships. Basic and Applied Ecology 15 (3): 229-240.

Eurostat regional yearbook 2017. URL: https://ec.europa.eu/eurostat/web/products-statistical-books/-/KS-HA-17-001?inheritRedirect=true&redirect=%2Feurostat%2Fweb%2Ftransport%2Fpublications (letzter Zugriff 28. September 2018).

Fischer, M. et al. (2010): Implementing large-scale and long-term functional biodiversity research: The Biodiversity Exploratories. Basic and Applied Ecology 11 (6): 473-485.

Fischer, R. et al. (2015): Simulating carbon stocks and fluxes of an African tropical montane forest with an individual-based forest model. PLOS ONE 10 (4): e0123300.

Fischer, R. et al. (2016): Lessons learned from applying a forest gap model to understand ecosystem and carbon dynamics of complex tropical forests. Ecological modelling 326: 124-133.

Forest Europe, U.N.E.C.E., FAO (2011): State of Europe's forests 2011. Status and trends in sustainable forest management in Europe. Oslo (FOREST EUROPE Liaison Unit), 34 S.

Franko, U. et al. (1995): Simulation of temperature-, water-and nitrogen dynamics using the model CANDY. Ecological Modelling 81 (1-3): 213-222.

Fraser, L. et al. (2015): Worldwide evidence of a unimodal relationship between productivity and plant species richness. Science 349 (6245): 302-305.

Grace, J. et al. (2016): Integrative modelling reveals mechanisms linking productivity and plant species richness. Nature 529 (7586): 390.

Groeneveld, J. et al. (2009): The impact of fragmentation and density regulation on forest succession in the Atlantic rain forest. Ecological Modelling 220 (19): 2450-2459.

Gutiérrez, A. et al. (2014): Increased drought impacts on temperate rainforests from southern South America: results of a process-based, dynamic forest model. PLOS ONE 9 (7): e103226.

Haase, J. et al. (2015): Contrasting effects of tree diversity on young tree growth and resistance to insect herbivores across three biodiversity experiments. Oikos 124 (12): 1674-1685.

Hector, A. et al. (2005): Ecosystem effects of the manipulation of plant diversity in European grasslands: data from the BIODEPTH project. Ecological Archives M075-001.

Hennig, P. (2016): Die Bundeswaldinventur in der Geodateninfrastruktur des Thünen-Instituts. URL: http://docplayer.org/38676464-Die-bundeswald inventur-in-der-geodateninfrastruktur-des-thuenen-instituts.html (letzter Zugriff 28. September 2018).

Huth, A. et al. (2005): Using multicriteria decision analysis and a forest growth model to assess impacts of tree harvesting in Dipterocarp lowland rain forests. Forest Ecology and Management 207 (1-2): 215-232.

Isbell, F. et al. (2009): Biodiversity, productivity and the temporal stability of productivity: patterns and processes. Ecology letters 12 (5): 443-451.

Jacob, M. et al. (2010): Productivity of temperate broad-leaved forest stands differing in tree species diversity. Annals of Forest Science 67 (5): 503.

Jucker, T. et al. (2014): Competition for light and water play contrasting roles in driving diversity-productivity relationships in Iberian forests. Journal of Ecology 102 (5): 1202-1213.

Knapp, N. et al. (2018): Linking lidar and forest modeling to assess biomass estimation across scales and disturbance states. Remote Sensing of Environment 205: 199-209.

Kraft, N. et al. (2015): Plant functional traits and the multidimensional nature of species coexistence. Proceedings of the National Academy of Sciences 112 (3): 797-802.

Köhler, P., Huth, A. (1998): The effects of tree species grouping in tropical rainforest modelling: simulations with the individual-based model FORMIND. Ecological Modelling 109 (3): 301-321.

Loreau, M. et al. (2001): Biodiversity and ecosystem functioning: current knowledge and future challenges. Science 294 (5543): 804-808.

Mitchard, E. et al. (2014): Markedly divergent estimates of Amazon forest carbon density from ground plots and satellites. Global Ecology and Biogeography 23 (8): 935-946.

Morin, X. et al. (2011): Tree species richness promotes productivity in temperate forests through strong complementarity between species. Ecology Letters 14 (12): 1211-1219.

Morin, X. et al. (2014): Temporal stability in forest productivity increases with tree diversity due to asynchrony in species dynamics. Ecology Letters 17 (12): 1526-1535.

Paquette, A., Messier, C. (2011): The effect of biodiversity on tree productivity: from temperate to boreal forests. Global Ecology and Biogeography 20 (1): 170-180.

Pretzsch, H. (1997): Analysis and modeling of spatial stand structures. Methodological considerations based on mixed beech-larch stands in Lower Saxony. Forest ecology and Management 97 (3): 237-253.

Pütz, S. et al. (2014): Long-term carbon loss in fragmented Neotropical forests. Nature Communications 5: 5037.

Quesada, C. et al. (2012): Basin-wide variations in Amazon forest structure and function are mediated by both soils and climate. Biogeosciences 9 (6): 2203-2246.

Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen. URL: https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/?uri=celex:31992L0043 (letzter Zugriff 28. September 2018).

Ring, I. et al. (2010): Challenges in framing the economics of ecosystems and biodiversity: the TEEB initiative. Current Opinion in Environmental Sustainability 2 (1-2): 15-26.

Roscher, C. et al. (2007): Detecting the role of individual species for overyielding in experimental grassland communities composed of potentially dominant species. Oecologia 154 (3): 535-549.

Rödig, E. et al. (2017a): Estimating the carbon fluxes of forests with an individual-based forest model. Forest Ecosystems 4 (1): 4.

Rödig, E. et al. (2017b): Spatial heterogeneity of biomass and forest structure of the Amazon rain forest: Linking remote sensing, forest modelling and field inventory. Global Ecology and Biogeography 26 (11): 1292-1302.

Rödig, E. et al. (2018): The importance of forest structure for carbon flux estimates in the Amazon rainforest. Environmental Research Letters 13 (5): 054013.

Rödig, E. et al. (2019): From small-scale forest structure to Amazon-wide carbon estimates. Nature communications 10 (1): 1-7.

Saatchi, S. et al. (2011): Benchmark map of forest carbon stocks in tropical regions across three continents. Proceedings of the National Academy of Sciences 108 (24): 9899-9904.

Scherer-Lorenzen, M. et al. (2007): Exploring the functional significance of forest diversity: a new long-term experiment with temperate tree species (BIOTREE). Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics 9 (2): 53-70.

Shugart, H. et al. (2015): Computer and remote-sensing infrastructure to enhance large-scale testing of individual-based forest models. Frontiers in Ecology and the Environment 13 (9): 503-511.

Simard, M. et al. (2011): Mapping forest canopy height globally with spaceborne lidar. Journal of Geophysical Research: Biogeosciences 116 (G4).

Skidmore, A. et al. (1997): Use of remote sensing and GIS for sustainable land management. ITC journal 3 (4): 302-315.

Spehn, E. et al. (2002): The role of legumes as a component of biodiversity in a cross-European study of grassland biomass nitrogen. Oikos 98 (2): 205-218.

Spehn, E. et al. (2005): Ecosystem effects of biodiversity manipulations in European grasslands. Ecological monographs 75 (1): 37-63.

Sukhdev, P. et al. (2010): The economics of ecosystems and biodiversity: mainstreaming the economics of nature: a synthesis of the approach, conclusions and recommendations of TEEB (No. 333.95 E19). UNEP, Ginebra (Suiza), 36 S.

Taubert, F. et al. (2012): A review of grassland models in the biofuel context. Ecological modelling 245: 84-93.

Taubert, F. (2014): Modelling and Analysing the Structure and Dynamics of Species-rich Grasslands and Forests. Leipzig: (Helmholtz Centre for Environmental Research, UFZ, Dissertation), 148 S.

Ter Steege, H. et al. (2013): Hyperdominance in the Amazonian tree flora. Science 342 (6156): 1243092.

Thein, S. et al. (2008): Effects of trait plasticity on aboveground biomass production depend on species identity in experimental grasslands. Basic and Applied Ecology 9 (5): 475-484.

Tilman, D. et al. (1996): Productivity and sustainability influenced by biodiversity in grassland ecosystems. Nature 379 (6567): 718.

Tilman, D. et al. (2001): Diversity and productivity in a long-term grassland experiment. Science 294 (5543): 843-845.

Troumbis, A. et al. (2000): Hidden diversity and productivity patterns in mixed Mediterranean grasslands. Oikos 90 (3): 549-559.

Turner, W. et al. (2003). Remote sensing for biodiversity science and conservation. Trends in ecology & evolution 18 (6): 306-314.

Vilà, M. et al. (2007): Species richness and wood production: a positive association in Mediterranean forests. Ecology Letters 10 (3): 241-250.

Vilà, M. et al. (2013): Disentangling biodiversity and climatic determinants of wood production. PLOS ONE 8 (2): e53530.

Zhang, Y. (2012): Forest productivity increases with evenness, species richness and trait variation: a global meta-analysis. Journal of ecology 100 (3): 742-749.

Adresse der Autorinnen und der Autoren:

Franziska Taubert*, Friedrich Bohn, Edna Rödig und Andreas Huth
Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ
Permoserstrasse 15, 04318 Leipzig
E-Mail: *franziska.taubert@ufz.de

Blickpunkte des Fachaustausches zum umfassenden bundesweiten Biodiversitätsmonitoring

Stefanie Stenzel und Wiebke Züghart

Zusammenfassung

Die Fachtagung „Umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring – Derzeitige Entwicklungen und Perspektiven“ im Winter 2017 auf der Insel Vilm befasste sich mit der Weiterentwicklung des Biodiversitätsmonitorings im Naturschutz. In diesem Beitrag werden relevante Diskussionen zusammengefasst. Das „umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring“ sollte aus verschiedenen Modulen bestehen, die jeweils durch weitere Bausteine ergänzt werden können. Als Basismodul soll dabei die Flächenkulisse der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen dienen. Als Herausforderung für eine Durchführung komplexer Analysen gilt weiterhin die Verfügbarkeit von Daten zu Einflussgrößen. Für umfangreiche Auswertungen wie Modellierungen wäre ein konstanter Austausch mit ExpertInnen wünschenswert, um auch neue Fragestellungen entwickeln und valide modellieren zu können. Synergien zu etablierten und anstehenden Programmen im Naturschutz, aber auch darüber hinaus, sollten immer geprüft und wo möglich genutzt werden. Bezüglich technischer Entwicklungen wie Fernerkundung, akustische Erfassung, eDNA oder Meta-Barcoding für das Monitoring wurde festgestellt, dass diese Potential für zukünftige Arbeiten im Biodiversitätsmonitoring besäßen, aber noch einige Schritte von der Forschung hin zur routinemäßigen Anwendung zurückzulegen sind. Eine solide Dateninfrastruktur sowie eine bessere Vernetzung der verschiedenen AkteurInnen wären für eine Verwendung essentiell.

Abstract

At the symposium "Comprehensive nationwide biodiversity monitoring – current developments and perspectives" held on Vilm in winter 2017, further development of biodiversity monitoring in nature conservation was discussed. This article summarizes relevant debates. The “comprehensive nationwide biodiversity monitoring” should consist of different modules, which can be supplemented by further components. The nationwide representative sample areas should serve as the basic module. Monitoring programs on specific could be supplemented. Studies and meta-analyses should complete the “comprehensive nationwide biodiversity monitoring”. The availability of data on influencing variables continues to be a challenge. For extensive analyses such as modelling, a constant exchange with experts would be desirable. Synergies with established and upcoming programs in nature conservation and beyond, should always be examined and exploit. With regard to technical developments such as remote sensing, acoustic recording, eDNA or meta-barcoding for monitoring, it was found that these have potential for future work in biodiversity monitoring, but that there are still a few steps to be taken from research to routine application. A solid data infrastructure and good networking of the various actors would be essential for their integration.

1 Einleitung

Auf der Fachtagung „Umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring – Derzeitige Entwicklungen und Perspektiven“ im Winter 2017 auf der Insel Vilm diskutierten ExpertInnen verschiedener Disziplinen über die Weiterentwicklung des Biodiversitätsmonitorings des Naturschutzes. Zentrale Themen waren die Grundlagen des Naturschutz-Monitorings, Indikatorartengruppen, technische Entwicklungen und Auswertung von Monitoringdaten. In

Arbeitsgruppen wurden spezifische Fragestellungen im Kontext des bis dahin Gehörten und Besprochenen vertieft behandelt. Die Leitfragen, die sich durch die Veranstaltung zogen waren:

- Was sind die Kriterien für ein umfassendes Biodiversitätsmonitoring? (und unterstützend: Haben wir alles erfasst? Was fehlt wofür?)
- Welche technischen Entwicklungen können das Monitoring unterstützen oder ergänzen? (und unterstützend: Was sind Erfahrungen aus dem Plenum bezüglich des Einsatzpotentials bioakustischer Methoden, bildgebender Methoden oder von eDNA? Mit Blick auf die genetische Vielfalt wildlebender Arten, welches sind geeignete Parameter für das Biodiversitätsmonitoring?)
- Wie können die vorhandenen Daten weitergehend ausgewertet und aufbereitet werden sowie Synergien genutzt werden? (und unterstützend: Sind die Auswertungsmöglichkeiten voll ausgeschöpft? Was wird für die Optimierung benötigt? Wie kann die Datenlage zu Einflussvariablen verbessert werden? Was sind die Erfahrungen aus dem Plenum bezüglich Modellierung? Wie können Forschung und Anwendung voneinander lernen?)

Wichtige Inhalte der Diskussionen und Kleingruppenarbeit werden auf den folgenden Seiten vorgestellt und in den Kontext einer möglichen Weiterentwicklung eines umfassenden, bundesweiten Biodiversitätsmonitoring gesetzt.

2 Einblicke in die Diskussionen der Fachtagung zum Biodiversitätsmonitoring

2.1 Kriterien für ein umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring

Um über die Kriterien für die Weiterentwicklung eines „umfassendes bundesweites Biodiversitätsmonitoring“ (BMUB 2015) diskutieren zu können, wurde vorab ein gemeinsames Verständnis der Definition und der Zielstellung des Monitorings hergestellt. Ziel des „umfassenden, bundesweiten Biodiversitätsmonitorings“ des Naturschutzes sei es, den Zustand und die Veränderung der Biodiversität auf verschiedenen Skalen zu beobachten, zu dokumentieren und auszuwerten. Die Begriffe „umfassend“ und „bundesweit“ stehen jedoch nicht dafür, dass die gesamte bundesweite Vielfalt erhoben werde, sondern nach festgelegten Kriterien Arten- und Ökosystemgruppen, ggf. auch weitere Parameter wie z.B. die genetische Diversität von Arten und Populationen ausgewählt werden. Bei der Konzeption eines Biodiversitätsmonitorings muss zunächst die Fragestellung konkretisiert werden. Das „Warum“, das „Wofür“ zu beantworten ist der erste zu gehende Schritt. Erst im Anschluss können das „Wie“ bearbeitet und zu erfassende Targets sinnvoll ausgewählt werden.

Auch wenn der Gedanke, bei null anzufangen und ein vollständig neues Konzept für ein Biodiversitätsmonitoring zu entwickeln verlockend erschien, wurde in der Diskussion der Ansatz verfolgt, auf das bereits Bestehende aufzubauen. In seiner Grundstruktur soll das „umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring“ aus verschiedenen Modulen bestehen, die jeweils durch weitere Bausteine ergänzt werden können. Als Basismodul soll dabei die Flächenkulisse der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen dienen (Mitschke et al. 2005), auf der bereits das Monitoring häufiger Brutvögel sowie das HNV-Farmland-Monitoring durchgeführt und das Ökosystem-Monitoring sowie Teile des Insektenmonitorings erprobt werden. Anforderung an das Basismodul sei, dass es grundsätzlich ausbaufähig ist, um weitere Fragestellungen mit Bezug zur Gesamtlandschaft beantworten zu können. Andere, bereits bestehende oder geplante Monitoringprogramme des Naturschutzes, wie z.B. das FFH-Monitoring, die andere Flächenkulissen nutzen, werden in das Kon-

zept des Basismoduls integriert. Es wurde diskutiert, das Basismodul durch zwei weitere Module zu ergänzen. Zum einen sollen Monitoringprogramme zu spezifischen Fragestellungen, die je nach Zielstellung in Umfang und Dauer variieren können, ergänzt werden können. Zum anderen sollen Studien und Metaanalysen das „umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring“ komplettieren.

Die Diskussion der Auswahl von Indikatoren ergab, dass bereits mit einem Monitoring einer verhältnismäßig kleinen Artengruppe (wie bspw. den Heuschrecken oder Wildbienen) weitreichende Aussagen zu Treibern der Veränderungen der biologischen Vielfalt getroffen werden können. Durch die richtige Vorauswahl werden sensible Bioindikatoren erfasst, welche zum einen Stellvertreterfunktionen einnehmen und zum anderen übergeordnete Aussagen zu Veränderungen des Klimas oder der Landnutzung liefern können. Zudem können derartige Schlüsselorganismen teilweise wichtige Informationen für das Entwicklungspotential anderer Artengruppen liefern, bspw. bezüglich ihrer Biomasse und der daraus resultierenden Futtermasse für Fressfeinde. Immer mit in die Planung eines Monitoringprogrammes einzubeziehen ist daher die Frage, welche zusätzlichen Parameter erhoben werden sollen, die nicht aus oft standardmäßig erfasster Individuen- und Artenzahl abgeleitet werden können. Informationen etwa zur genannten Biomasse, zu Phänologie, Morphologie etc. können für das jeweilige Programm von Relevanz, aber auch für gemeinsame Auswertungen mit anderen Monitoringdaten äußerst wertvoll sein.

Einen generellen Anhaltspunkt für die Auswahl der zu erhebenden Daten könnte auch der Ansatz von GEO BON (Group on Earth Observation – Biodiversity Observation Networks) bezüglich EBVs (Essential Biodiversity Variables, Pereira et al. 2013) liefern. Bei diesen handelt es sich um einen Vorschlag für ein Minimum-Set von Biodiversitätsindikatoren für ein einheitliches globales Monitoringsystem.

Auch der Frage nach dem Hintergrund der Kartierenden wurde nachgegangen und divers diskutiert. Für ein bundesweites Biodiversitätsmonitoring nach § 6 BNatSchG sollten professionelle Kartierbüros beauftragt werden. Bund und Länder hätten hier eine Vorbildfunktion, sie würden damit die Nachfrage nach ArtenkennerInnen verstärken und damit die Beschäftigungssituation verbessern. Gleichzeitig sollte dem Ehrenamt die Möglichkeit gegeben werden, an einem Biodiversitätsmonitoring teilzuhaben bzw. dazu beizutragen. Die Qualität und Reproduzierbarkeit der Daten muss aber auf jeden Fall gewährleistet sein. So führe bspw. eine freie Wahl bezüglich der zu kartierenden Flächen zu einem Bias hinsichtlich der Repräsentativität der Daten für die Gesamtlandschaft. Da die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen oft eher unattraktiv hinsichtlich der Artenvielfalt und der Erreichbarkeit sind, wurde vorgeschlagen entweder das Ehrenamt mit Aufwandsentschädigungen zu stärken oder die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen nur mit professionellen KartiererInnen zu bearbeiten.

2.2 Verfügbarkeit von Einflussvariablen und Nutzung von Synergien

Als zentrale Herausforderung für die Durchführung weitreichender Auswertungen gilt die Verfügbarkeit passender und hochwertiger Daten zu Einflussgrößen. Sie sind eine wichtige Grundlage für die Analyse von Kausalzusammenhängen. Daten zu relevanten Einflussgrößen werden oft entweder nicht erhoben, stehen nicht zur Verfügung oder haben nicht die erforderliche räumliche und zeitliche Auflösung (Busch et al. 2017). Gerade Daten der landwirtschaftlichen Nutzung, zu Pestizid- und Düngemitteleinsatz, und damit potentiellen Treibern des Rückgangs der biologischen Vielfalt wären für weitreichende Auswertungen wichtig. Eine Bereitstellung von Daten gemäß INSPIRE sowie eine gute gemeinsame Geo-Dateninfrastruktur werden als wünschenswert gesehen. Ein diskutierter Lösungsansatz zur

Verfügbarkeit relevanter Landwirtschaftsdaten könnte sein, dass die einzelnen Anbauverbände Daten anonymisiert zur Verfügung stellen. Generell müsste für die weitere Planung eines Biodiversitätsmonitorings festgelegt werden, welche Treiber, neben der bereits angesprochenen intensiven Landwirtschaft, als die Haupttreiber des Verlustes an Biodiversität angesehen werden. In einem nächsten Schritt müsste geprüft werden, über welche Einflussfaktoren sie abgebildet werden können und ob und wie die Daten dazu erhoben bzw. verfügbar gemacht werden können.

Dabei sollen, wo möglich, ressortübergreifend Synergien zu bereits bestehenden Programmen genutzt werden. Es muss weiter kritisch und offen geprüft werden, ob und inwieweit die teils jahrzehntelangen Erhebungen von Umweltdaten, wie bspw. die Klimadaten des Deutschen Wetterdienstes, wertvolle Informationen für das Biodiversitätsmonitoring liefern könnten. Dies sollte sowohl für die etablierten als auch für die geplanten Programme des Biodiversitätsmonitorings recherchiert werden.

Potentiell verwendbare Daten aus bereits bestehenden Quellen müssen aber nicht nur Einflussvariablen betreffen, sie könnten bestenfalls auch direkte oder abgeleitete Informationen zur Biodiversität selbst bereitstellen und damit weitere Synergien generieren. Erhebungen biotischer Daten aus Programmen abseits des Naturschutzes sind daher aufmerksam hinsichtlich ihrer Verwendbarkeit zu prüfen. Ein gutes Beispiel, in dem solche Synergien bereits genutzt werden, ist das FFH-Monitoring, in welches Daten aus der Bundeswaldinventur einfließen (Ellwanger et al. 2014). Bei der Entwicklung neuer Monitoringprogramme des Naturschutzes, aber auch der anderen Ressorts, sollte sich daher frühzeitig abgestimmt und Kooperationen von Beginn an aufgebaut werden.

Synergien sollten sich im besten Fall bereits hinsichtlich einer gemeinsamen Flächennutzung ergeben, wie es sie beispielsweise bei den Programmen des Naturschutzes auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen gibt (siehe Kap. 2.1). Gleichzeitig darf eine gemeinsame Flächenkulisse auch nicht übernutzt werden, da sowohl Bekanntheits- als auch Betretungseffekte die Aussagekraft der Repräsentativität über die Jahrzehnte herabsetzen können.

2.3 Auswertung von Monitoringdaten

Das „umfassende bundesweite Biodiversitätsmonitoring“ soll nicht nur Daten zum Zustand, zur Entwicklung und zu Trends der biologischen Vielfalt erheben, sondern diese auch ausführlich analysieren und im Sinne des Naturschutzes bewerten. Dies sollte immer unter Berücksichtigung neuester wissenschaftlicher Erkenntnisse aus biologischen, ökologischen und mathematischen Gesichtspunkten geschehen. Basierend auf statistisch und fachlich belastbaren Ergebnissen können valide Aussagen zu Ursachen von Biodiversitätsveränderungen und zur Wirksamkeit von Naturschutzmaßnahmen gemacht sowie Handlungsoptionen zum Schutz der Biodiversität abgeleitet werden. Dies gewährleistet schlussendlich eine faktenbasierte Politikberatung. Die bereits verfügbaren Daten der Monitoringprogramme des Naturschutzes werden hinsichtlich ihrer primären Zielstellungen bereits sinnvoll und valide ausgewertet.

Positive langjährige Erfahrungen mit einfachen Modellen, die mit lückenhaften Datenreihen umgehen können, gibt es bereits im Vogelmonitoring und auch im Tagfaltermonitoring. Hier werden Trendauswertungen mit TRIM (Trends and Indices for Monitoring Data, Pannekoek, van Strien 2005) gemacht. Dieses Programm wurde zur Berechnung und statistischen Prüfung von Bestandsindices in den Niederlanden entwickelt und hat sich vielfach bewährt, denn für häufige Arten können auch bei lückenhaften Datenreihen gute Bestandstrends ermittelt werden.

Darüber hinaus könnten noch weitere Analysemöglichkeiten angewendet oder hinsichtlich ihrer Eignung überprüft werden. Besonders im Themenfeld der Modellierung scheint es noch unausgeschöpftes Potential zu geben. So wurde angemerkt, dass Modelle das Monitoring hinsichtlich der Datenverfügbarkeit brauchen, das Monitoring aber auch von Modellen profitiert. Denn die Modellierung des räumlichen Monitoringdesigns – wo sind die größten Veränderungen zu finden? – könnte Kosten und Aufwand reduzieren. Selbstverständlich, aber von großer Wichtigkeit bei einer potentiellen Verwendung der Modellierung im Biodiversitätsmonitoring ist es immer zu bedenken, dass ein Modell nur ein Modell ist und nicht die Realität. Ein Modell bildet nur ein abgeschlossenes, durch seine Variablen definiertes System ab, welches so einen konkreten Sachverhalt darstellt. Trivial und existentiell, aber zu oft nicht beachtet ist dabei, die zu der Verteilung der Daten passenden und nur damit korrekten Modelle zu verwenden. Erwähnt werden muss zudem, dass bezüglich der Bearbeitung, Präsentation und Publikation von Monitoringergebnissen intensiv darauf hingewiesen wurde, dass bei statistischen Auswertungen und Modellierungen nicht auf Vertrauensintervalle, Standardfehler oder Effektgrößen verzichtet werden darf. Es muss immer offensichtlich sein, welche Verlässlichkeit präsentierte Ergebnisse besitzen. Für umfangreiche Modellierungen im Rahmen des Biodiversitätsmonitorings wäre ein konstanter Austausch zu Möglichkeiten und Grenzen mit ExpertInnen wünschenswert, um auf Grundlage der verfügbaren Daten neue Fragestellungen entwickeln und korrekt modellieren zu können.

2.4 Fernerkundung – Monitoring von oben unterstützen

In den Monitoringprogrammen des Naturschutzes werden Daten meist durch Kartierende im Feld erhoben. In bestimmten Regionen sind solche Erfassungen nicht durchführbar, da ein Betreten nicht erlaubt oder nicht möglich ist. Informationen aus der Vogelperspektive, wie sie Fernerkundungsdaten liefern, könnten hier prinzipiell unterstützen. Die Fernerkundung ist die Erkundung einer Oberfläche ohne direkten Kontakt, meist wird die Bedeckung der Erdoberfläche mittels Sensoren von Satelliten, Flugzeugen oder Drohnen erfasst (Albertz 2001). Es gibt bereits vielfach Grundlagenforschung und auch einige Erprobungsvorhaben bezüglich der Fragestellung der Verwendung im Naturschutz. Eine routinemäßige Anwendung haben fernerkundliche Daten und Produkte jedoch bisher im Naturschutz-Monitoring nicht erfahren. Wissenschaftliche Studien zeigen zwar oft gute Resultate, bezüglich von Etablierungsansätzen im behördlichen Sektor ist jedoch von unzureichenden Ergebnissen zu berichten.

Von den ExpertInnen wurde diskutiert, dass Fernerkundung für ein Monitoring in begrenzten Gebieten, wie einzelnen Naturschutzgebieten oder auf Flächen des Nationalen Naturerbes, für bestimmte Fragestellungen gute Ergebnisse liefern könnte und aufgrund des nicht-Betretens gegenüber den Felderhebungen einen deutlichen Vorteil bietet. Bezogen auf bundesweite Erhebungen für den Naturschutz, wie im Biodiversitätsmonitoring notwendig, scheint es jedoch deutliche Limitationen der Qualität der Ergebnisse, aber auch der Verfügbarkeit von Daten, der notwendigen IT-Ausstattung in Behörden oder mangelnder Fachkenntnis zu geben. Bezüglich der Qualität der Ergebnisse wurde darauf hingewiesen, dass auch terrestrische Kartierungen teils hohe Ungenauigkeitsfaktoren besitzen (Ullerud et al. 2018). Für das Biodiversitätsmonitoring müsste gemeinsam erarbeitet werden, welche Genauigkeit Fernerkundungsprodukte haben und wie die erforderliche räumliche und zeitliche Auflösung definiert sein müsste. Wichtig wäre auch, welche relevanten Faktoren Fernerkundung mit welcher Genauigkeit ansprechen kann. Letztlich gehe es nicht um ein Ersetzen, sondern ein Ergänzen. Nur dort, wo wirklich ein Mehrwert gegeben sei, sollten auch neue Technologien eingesetzt werden.

Als mögliche fernerkundliche Potentiale für ein Biodiversitätsmonitoring wurden benannt: Die Beschreibung der Canopy roughness (mittels Copernicus-Daten) per Fernerkundung könnte zur Detektion von Fledermaus Habitaten für das FFH-Monitoring beitragen. Automatisiert erstellte Strukturlayer könnten Hilfestellung liefern hinsichtlich der Erfassung des Verbuschungsgrades von FFH-LRT. Eine Zusammenarbeit mit dem Copernicus-Programm oder der Fernerkundungssparte von GEO-BON könnte die neusten Entwicklungen unterstützen.

2.5 Monitoring der Biodiversität in Umweltproben

Ebenfalls interessant für ein Biodiversitätsmonitoring erscheint die Erfassung der Artenvielfalt durch Methoden der Genetik. Das DNA-Barcoding ist eine Methode zur Identifikation einer Art mittels einer meist kurzen, spezifischen DNA-Sequenz eines Markergens und ist derzeit globaler Standard zur zügigen und zuverlässigen genetischen Artbestimmung (Hebert, Gregory 2005). Umwelt-DNA, auch environmental-DNA oder eDNA genannt, wird dazu verwendet, mittels DNA-Barcoding das aktuelle oder rezente Vorhandensein von bestimmten Arten an bestimmten Orten nachzuweisen (Bohmann et al. 2014). Mittels eDNA konnten in verschiedenen Studien bereits für den Naturschutz relevante Organismen(-gruppen) hinsichtlich Präsenz/Absenz erfasst werden. Für ein Biodiversitätsmonitoring könnten so Rückschlüsse auf die Biodiversität sowie deren Veränderung gezogen werden. Eine Erfassung der Quantität von Vorkommen per eDNA wäre ebenfalls von Interesse für ein Monitoring, methodisch befindet sich derartiges aber noch in Entwicklung. Problematisch für eDNA Analysen ist aktuell noch sogenannte Zombie-DNA, also DNA-Reste bereits ausgestorbener oder abgewanderter Arten, die Ergebnisse verfälschen kann. DNA-Reste halten sich in Gewässern um die zwei Wochen, in Totholz jedoch wesentlich länger. Generell könnten Verfahren der eDNA aber bereits für ein Biodiversitätsmonitoring erprobt werden, bspw. als Negativkontrolle in Stichproben des FFH-Monitorings oder zur Kontrolle von Vorkommen invasiver Arten.

Metabarcoding ist die Erfassung ganzer Lebensräume mittels eDNA bzw. DNA-Barcoding, also die Identifikation des gesamten Artenbestands (Valentini et al. 2009). Die Anwendung für ein Biodiversitätsmonitoring wird bisher noch als unzureichend erachtet, besonders hinsichtlich der Erfassung von Quantitäten, welche aber für die Beschreibung von Artengemeinschaften wichtig seien. Besonders der quantitative Nachweis von Artengemeinschaften im Wasser sei derzeit noch nicht möglich. Auch liegen nicht immer Referenzgenome für alle benötigten Arten vor, auch wenn derzeit viele Datenbanken aufgebaut würden.

Für Fragestellungen im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings konnten sich die TeilnehmerInnen eine Verwendung genetischer Methoden bezüglich Untersuchungen zu Inzucht, illegaler Ansiedlung bestimmter Arten, der Ausbreitungsrichtung oder zur Populationsgrößenbestimmung vorstellen. Hierzu sei aber immer noch Forschung von Nöten. eDNA-Untersuchungen könnten in den Gewässern, welche bisher auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen noch nicht bezüglich ihrer Arten erfasst werden, angestrebt werden. Im FFH-Monitoring könnten relevante Arten der Gewässer oder des Totholzes mittels eDNA ermittelt werden. Neben der Anwendung von genetischen Methoden erscheint für ein Biodiversitätsmonitoring auch ein Monitoring der genetischen Vielfalt als wichtig.

2.6 Akustisches Monitoring – Artenvielfalt erhören

Neben den bildgebenden Verfahren oder Labormethoden zählt auch die Erfassung der akustischen Aktivität zu den interessanten technischen Entwicklungen. Manche Tierarten können nicht ausreichend gut visuell vor Ort kartiert werden. Bestimmte Arten wechseln häufig ihre Areale oder Quartiere oder diese sind nicht oder nur unverhältnismäßig schwie-

rig zugängig. Manche Populationen teilen sich unüberschaubar auf oder nutzen zeitgleich diverse Quartiere. Dies gilt bspw. für Fledermäuse, bei denen die Erfassung der akustischen Aktivität als indirekte Nachweismethode mittels Aufnahme der Lautäußerungen durch (Schall-)Detektoren seit Jahrzehnten studiert wird (Grinnell et al. 2016) und auch bundesweit Anwendung in der Eingriffsregelung findet. Die ExpertInnen waren sich einig, dass Fledermäuse eine wertvolle Artengruppe für das Biodiversitätsmonitoring hinsichtlich ihrer Indikatorfunktion sind und über ein akustisches Monitoring in dieses integriert werden könnten. Bezüglich seines Potentials könnte das akustische Monitoring auch bei der Erfassung der für das FFH-Monitoring relevanten Fledermäuse beitragen. Zu überlegen ist, für welche andere Arten(-gruppen) die Erfassung über eine akustische Erfassung zielführend und möglich ist. Für das Biodiversitätsmonitoring könnten Artengruppen wie Heuschrecken getestet werden.

Zudem sollte der Frage nachgegangen werden, ob ein akustisches Monitoring auch für ein Monitoring von Bestandsveränderungen angewendet werden könnte. Zentrale Problemstelle ist dabei, dass die erfasste Aktivität keinen direkten Rückschluss auf die Anzahl an Individuen ziehen lässt. Studien im Bereich der Modellierung beschäftigen sich derzeit mit möglichen mathematischen Lösungsansätzen.

Auch an der automatisierten Erfassung und Vorauswertung wird derzeit bei der akustischen Erfassung von Arten akribisch geforscht. Basis ist das „Internet of Things“ (IoT, Internet der Dinge), also der Aufstellung einer komplexen Infrastruktur, die virtuelle und physische Gegenstände digital miteinander vernetzt und sie durch teils autonome Kommunikationstechniken zusammenarbeiten lässt. So wird aktuell daran gearbeitet, über die Vernetzung von Ultraschallsensoren mit einem Server in Kombination mit automatisierter Datenanalyse, Archivierung und visueller Aufbereitung die Möglichkeit zu bieten, ein standardisiertes, automatisches und effizientes Monitoringkonzept für Fledermäuse aufzubauen. Solch (halb-)automatisierte Monitoringansätze könnten zeit-, ressourcen- und damit kosteneffizient sein, besonders bei ansonsten schwierig zu erfassenden Arten.

2.7 Integration neuer Technologien – durch Vernetzung der Aktiven

Bezüglich aller besprochener neuen technischen Entwicklungen herrschte Konsens darüber, dass diese Potential für zukünftige Arbeiten im Biodiversitätsmonitoring besäßen, aber noch einige Schritte von der Forschung hin zur routinemäßigen Anwendung zurückzulegen sind und besonders der Austausch zwischen den AkteurInnen intensiviert werden muss. Um einen Mehrwert für ein Biodiversitätsmonitoring liefern zu können, müssten für die Integration dieser neuer Technologien bestimmte Voraussetzungen geschaffen werden. Dabei geht es zum einen um die Dateninfrastruktur bei potentiellen AnwenderInnen, aber auch um eine bessere Vernetzung der verschiedenen AkteurInnen, beispielsweise über eine gemeinsame Plattform oder regelmäßige Treffen der ExpertInnen. Bestenfalls gäbe es FachkoordinatorInnen bei AnwenderInnen, um Bedarfe zu ermitteln, zu kanalisieren, zu kommunizieren und Entwicklungen bedarfsgerecht zu steuern. Auch auf die Diskrepanz, dass in der Wissenschaft viel Grundlagenforschung betrieben wird und Veröffentlichungen erreicht werden müssten, aber keine praxistauglichen Tools gewünscht seien, wurde hingewiesen. Die Praxistauglichkeit sei aber für die AnwenderInnen von zentralem Interesse. Hier sei ein Brückenschlag zwischen Usern und Producern notwendig. Eine bessere Vernetzung muss es dabei nicht nur von Wissenschaft und AnwenderInnen geben, sondern auch mit Planungsbüros, denn die seien diejenigen, die ebenden Brückenschlag bewältigen können, von der Grundlagenforschung zur Umsetzung im Feld.

3 Fazit und Ausblick

Die Veranstaltung auf Vilm war geprägt von informativen Fachvorträgen, einem konstruktiven Austausch zu den Fachthemen und einer angeregten Diskussion entlang der Leitfragen des Workshops. Sie lieferte vielfältige Anregungen für die Weiterentwicklung eines „umfassenden bundesweiten Biodiversitätsmonitorings“. Mit den bestehenden Monitoringprogrammen werden bereits wichtige Artengruppen und Lebensräume für den Naturschutz bundesweit erfasst. Dies ist ein guter Ausgangspunkt auf dem Weg zu einem „umfassenden bundesweiten Biodiversitätsmonitoring“. Die Diskussionen haben aber auch noch einmal unterstrichen, dass noch große Lücken bestehen und das Biodiversitätsmonitoring auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen um weitere Programme ergänzt werden muss. Mit der Entwicklung und Erprobung des Ökosystem-Monitorings und des Insektenmonitorings werden hier erste Schritte getan. Diese müssen jedoch auch in die Praxis umgesetzt werden.

Darüber hinaus müssen zur Verbesserung der Datenlage zur Biodiversität weitere relevante Indikatoren identifiziert und Methoden und Design für die Erfassung ausgearbeitet werden. Dabei sollte immer auch abgewogen werden, ob neue technische Entwicklungen bei den Erhebungen und Auswertungen unterstützen können. Eine wichtige Erkenntnis des Workshops war, dass viele neue Technologien ein großes Potential für eine Anwendung im Biodiversitätsmonitoring besitzen, aber von einer routinemäßigen Anwendung noch weit entfernt sind. Um diesen Entwicklungsprozess zielgerichtet durchzuführen und zu beschleunigen, ist ein enger Austausch zwischen Forschung und Anwendung dringend geboten.

Essentiell für vertiefende Auswertungen der Monitoringdaten und die Analyse von Kausalzusammenhängen ist die Verfügbarkeit geeigneter Umweltinformationen und Daten zu Einflussvariablen. Der dringende Bedarf hier zu einer Verbesserung zu kommen wurde immer wieder betont.

Mit der Einrichtung des nationalen Monitoringzentrums zur Biodiversität sollen viele dieser Themen aufgegriffen werden. Eine zentrale Aufgabe wird die Weiterentwicklung und Verstetigung des Biodiversitätsmonitorings in Deutschland sein. Ziel ist ein sektorübergreifendes Biodiversitätsmonitoring, das auf die bestehenden Programme im limnischen, terrestrischen und marinen Bereich aufbaut und so weiterentwickelt und ergänzt, dass sich ein komplementäres Gesamtgefüge zur Erfassung der Biodiversität ergibt. Auch die Verbesserung der Verfügbarkeit von Daten zu Einflussvariablen sowie von Geodaten sind Aufgaben, denen sich das Monitoringzentrum annehmen wird. Ein weiteres Anliegen des zukünftigen Monitoringzentrums ist die engere Verknüpfung von Forschung und Monitoringpraxis. Es soll die Monitoringakteure in Deutschland, Ressorts, Bundesbehörden, Landesbehörden, Verbände, Fachgesellschaften und wissenschaftliche Institutionen vernetzen und den Informationsaustausch und die Zusammenarbeit befördern.

Literaturverzeichnis

Albertz, J. (2001): Einführung in die Fernerkundung: Grundlagen der Interpretation von Luft- und Satellitenbildern. Darmstadt (WBG), 254 S.

Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB) (2015): Naturschutz-Offensive 2020: Für biologische Vielfalt! Berlin, 40 S.

Bohmann, K., Evans, A., Gilbert, M., De Bruyn, M. et al. (2014): Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. Trends in Ecology & Evolution 29 (6): 358-367.

Busch, M., Trautmann, S., Katzenberger, J., Dröschmeister, R. (2017): Datenverfügbarkeit zur Ursachenanalyse von Bestandsveränderungen bei Indikatorvogelarten. Vogelwarte 55 (4): 356-357.

Ellwanger, G., Ssymank, A., Buschmann, A., Vischer-Leopold, M. et al. (2014): Der nationale Bericht 2013 zu Lebensraumtypen und Arten der FFH-Richtlinie. Ein Überblick über die Ergebnisse. Natur und Landschaft 89 (5): 185-192.

Grinnell, A., Edwin Gould, D., Brock Fenton, M. (2016): A History of the Study of Echolocation. In: Fenton, M.B., Grinnell, A.D., Popper, A.N., Fay, R.R.(Eds.): Bat Bioacoustics. New York, NY (Springer): 1-25.

Hebert, P., Gregory T. (2005): The promise of DNA barcoding for taxonomy. Systematic Biology 54: 852-859.

Mitschke, A., Sudfeldt, C., Heidrich-Riske, H., Dröschmeister, R. (2005): Das neue Brutvogelmonitoring in der Normallandschaft Deutschlands – Untersuchungsgebiete, Erfassungsmethode und erste Ergebnisse. Vogelwelt 126: 127-140.

Pannekoek, J., Van Strien, A. (2005): TRIM 3 Manual (TRends & Indices for Monitoring data). Voorburg (Statistics Netherlands), 57 S.

Pereira, H., Ferrier, S., Wegmann, M. et al. (2013): Essential biodiversity variables. Science 339: 277-278.

Ullerud, H., Bryn, A., Halvorsen, R., Hemsing, L. (2018): Consistency in land-cover mapping: influence of field workers, spatial scale and classification system. Applied Vegetation Science 21: 278-288.

Valentini, A., Pompanon, F., Taberlet, P. (2009): DNA barcoding for ecologists. Trends in Ecology & Evolution 24: 110-117.

Adresse der Autorinnen:

Stefanie Stenzel* und Wiebke Züghart
Bundesamt für Naturschutz
FG II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“
Konstantinstr. 110, 53179 Bonn
E-Mail: *stefanie.stenzel@bfn.de