

Vorhabensbeschreibung

GISA – Genetische Informationen zum Schutz von Ackerwildkräutern

Karsten Wesche, Laura Fortmann, Veit Herklotz, Björn Usadel, Heiko Schmied

I. Rahmenbedingungen

Bezug zur Ausschreibung: „Untersuchungen zur genetischen Diversität von Ackerwildkräutern zur Umsetzung des §40 BNatSchG“ des Bundesamt für Naturschutz (BfN) vom 01.06.2022; Förderkennzeichen (FKZ): 3522821000

Partner – Bietergemeinschaft:

Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung (SGN) – Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz (SGN). Im Rahmen eines Werkvertrags soll Deutschlands wichtigster Experte für Ackerwildkräuter, Dr. St. Meyer (StM), einbezogen werden.

Stiftung Rheinische Kulturlandschaft, Bonn (SRK), als Mitglied der Bietergemeinschaft

Hauptbieter (bevollmächtigter Vertreter): SGN

Darüber hinaus werden wir auf Kooperationspartner angewiesen sein, darunter das Team von Prof. B. Usadel, Heinrich-Heine Universität (HHU) und Forschungszentrum Jülich, der besondere genomische Expertise mitbringt.

Laufzeit: Ab 1. September 2022 bis 31. August 2025

II. Zusammenfassung

Die biologische Vielfalt der deutschen Kulturlandschaft ist in den letzten Jahrzehnten massiv zurück gegangen, dies gilt insbesondere auch für den Ackerbereich. Damit bekommen Restaurierungs- und Anpflanzungsmaßnahmen zunehmende Bedeutung; sichtbarster Ausdruck sind die vielfach angelegten Blühstreifen. Diese sollten wenn möglich mit heimischen Arten bestückt werden, dazu wäre laut BNatSchG gebietseigenes Saatgut zu verwenden.

Das angebotene Projekt hat zum Ziel, die derzeit vorgeschlagenen 22 Provenienzregionen für gebietseigenes Saatgut dahingehend zu überprüfen, ob sie den genetischen Strukturen von Ackerwildkräutern entsprechen. Dafür werden von 15 Arten (seltene sowie häufige) pro Provenienzregion zwei Populationen beprobt, davon für ein Drittel der Regionen eine Population so umfassend, dass auch eine Einschätzung der genetischen Diversität möglich ist. Zur genetischen Analyse wird *genotyping by sequencing* genutzt, bioinformatische Methoden werden angewendet, um Diversität und Gruppenstruktur zu bestimmen. Parallel sollen für zwei Arten in einem kleinen *Common Garden*-Experiment genetische Veränderungen durch Kultivierung bestimmt werden. Das Projekt wird

erstmals für Deutschlands wichtigsten Flächennutzungstyp umfassende wissenschaftlichen Grundlagen zu Herkunftsregionen liefern und damit auch praktische Relevanz z.B. für die Saatgutproduktion haben.

III. Hintergrund

Mit zunehmend schwindender Biodiversität in der deutschen Kulturlandschaft wächst die Bedeutung von Biotoperhaltungs- und Artunterstützungsmaßnahmen. Seit längerem sieht das Bundesnaturschutzgesetz (§ 40 BNatschG) im Bereich Restaurierung und Anpflanzungen vor, dass nur mit im weiteren Sinne lokalen Provenienzen gearbeitet werden soll. Grundlage sind hier allgemeine theoretische und empirische Grundlagen der Ökologie und Evolution. Auf dieser Basis wurden von Prasse et al. (2010) Herkunftsregionen definiert, innerhalb derer Material als lokal und nicht gebietsfremd gilt. Die Grundlage für die Einstufung waren im Wesentlichen klassische geographisch-naturräumliche Gliederungen von Deutschland, ohne dass Daten zur genetischen Struktur oder lokalen Adaptation genutzt werden konnten.

Heute ist die Datenlage besser, wenn auch nicht eindeutig. Für Grünlandarten ist verschiedentlich lokale Adaptation nachgewiesen worden (Bucharova et al. 2017, Breed et al. 2018), typischerweise als Fitnessunterschiede zwischen lokalen und gebietsfremden Provenienzen. Solche Studien sind aufwändig und nur für Einzelarten machbar. Unter der Annahme, dass diese Fitnessunterschiede genetisch kodiert sind, können mit modernen genetischen und genomischen Methoden ebenfalls Hinweise auf lokale Unterschiede (in Gestalt von räumlichen genetischen Strukturen) gewonnen werden. Dies kann auch für mehrere Arten durchgeführt werden. Entsprechend konnten u.a. in einem BfN-geförderten Projekt (RegioDiv) Durka et al. (Durka et al. 2017, Durka et al. 2019, Conrady et al. 2022) für Wiesenpflanzen zeigen, dass die genetischen Strukturen nicht einheitlich stark ausgeprägt sind.

Das wirft die Frage auf, wie die Frage der Provenienz für Arten anderer Biotopkomplexe zu beantworten ist. Äcker sind der in Deutschland wichtigste Flächentyp (je nach Bundesland 30 bis über 40 % der Landesfläche) und im Ackerbereich sind die Verluste an Biodiversität besonders dramatisch (Meyer et al. 2013, Meyer et al. 2015a). Agrarökologische Maßnahmen im weiteren Sinne sollen hier Abhilfe schaffen; prominentes Beispiel sind Blühstreifen. Diese sind aber häufig von Kulturpflanzen (z. B. *Malva sylvestris mauritiana*, *Phacelia tanacetifolia*) oder Gartenakzessionen von Wildpflanzen (z. B. hellblaue *Cyanus segetum*) dominiert (Dietzel et al. 2019). Aus Naturschutzsicht wären heimische Ackerwildkräuter zu bevorzugen, die mit Blick auf § 40 BNatschG dann aus lokalen/regionalen Herkünften stammen müssten.

Leider gibt es zur genetischen Struktur von Ackerwildkräutern nach wie vor nur sehr wenige Untersuchungen in Mitteleuropa (Delýe et al. 2010, Brütting et al. 2012a, Brütting et al. 2012b, Brütting et al. 2013, Meyer et al. 2015b). Diese sowie theoretische Überlegungen legen nahe, dass auch hier die Frage nach genetischer Differenzierung komplex ist:

- Studien an mitteldeutschen Akzessionen seltener Ackerwildkräuter weisen darauf hin, dass die genetischen Strukturen umso ausgeprägter sind, je gefährdeter die Arten sind (Brütting et al. 2012b).
- Häufige Arten zeigen offenbar nur schwach ausgeprägte genetische Struktur (Delyé et al. 2010).
- Bei einer seltenen Art (*Buplerum rotundifolium*, Brütting et al. 2012a) sind zwar ausgeprägte genetische Strukturen beobachtet worden, aber in mitteleuropäischer Perspektive konnten nur wenige (bei *B. rotundifolium* zwei) genetische Gruppen und keinesfalls 22 wie bei Prasse et al. (2010) identifiziert werden.
- Die allermeisten Ackerwildkräuter sind nicht heimisch, sondern Archäophyten, sind also durch Transport über lange Strecken eingebracht und entsprechend vermutlich auch durchmischt worden.

All dies legt nahe, dass die genetischen Strukturen sowohl häufiger als auch seltener Ackerwildkräuter im Hinblick auf die vorgeschlagenen Provenienzregionen untersucht werden sollten.

IV. Arbeitspakete

Wie gefordert sollen in vorliegendem Projekt die genetischen Strukturen von Ackerwildkräutern untersucht werden, die Gliederung ergibt sich aus Ausschreibung und Leistungsbeschreibung.

Da die Spanne an Arbeiten umfangreich ist, treten wir als Gemeinschaft von Bietern mit komplementären Expertisen auf. Alle Bieter haben Erfahrung in Organisation und Umsetzung größerer auch interdisziplinärer Verbundvorhaben. Auch diskutieren wir in anderen Kontexten bereits seit Längerem diese und verwandte Thematiken. Wir vereinen dabei Expertise in den Bereichen

- Agrobiodiversität im Allgemeinen und Ackerwildkräuter im Besonderen (SGN, StM, SRK)
- Genomische Ansätze, Mikroevolution und Bioinformatik (SGN mit Unterstützung durch Partner HHU)
- Umsetzung und Öffentlichkeitsarbeit (SRK, StM, SGN)

Bei allen Arbeiten, insbesondere im Arbeitspaket 2, werden Beeinträchtigungen minimiert, naturschutzfachliche Regeln (z. B. Artenschutz) beachtet sowie die gängige gute wissenschaftliche Praxis berücksichtigt.

1. Arbeitspaket 1: Projektstart und Abstimmen der Methodik

Das Konsortium ist dank ausführlicher vorbereitender Diskussionen und ohnehin vorhandener längerfristiger Arbeitsschwerpunkte im Feld bereits gut aufgestellt, so dass ein schneller Projektstart erwartet werden kann. Auch methodische Grundlagen wurden seit Längerem etabliert, sodass vor allem noch zu klären ist, welche Arten zu beproben

wären. Dies wird v.a. SGN mit StM verantworten. SRK bereitet parallel die PAG und deren erste Sitzung vor.

Bei den auszuwählenden 15 Arten sind verschiedene Aspekte zu berücksichtigen: Lebensdauer (Fokus auf kurzlebige Arten, potentielle Bedeutung für Blühstreifen / Ansaaten, Nutzung für Bestäuber, Attraktivität), Repräsentativität für wichtige Ackertypen (Sand-, Lehm, Kalkäcker), Abdeckung unterschiedlicher Häufigkeits- und Gefährdungsklassen, Seltenheit und Gefährdung. Problemunkräuter sollen ausgeschlossen werden. Die Bietergemeinschaft ist hier besonders ausgewiesen:

- Aktuell arbeitet SGN gemeinsam mit BfN und Partnern an Ausbau und Aktualisierung von Floraweb als wichtiger Informationsquelle.
- Stefan Meyer hat umfangreichen Daten zu Ackerwildkräutern, verfügt über eigene spezialisierte Datenbanken zu ihren biologischen Interaktionen (u.a. mit Bestäubern) und hat auch einen eigenen Entwurf für eine spezialisierte Rote Liste der Ackerwildkräuter verfasst.
- SGN gibt den Rothmaler (Müller et al. 2021) mit heraus, der als ausführlichste deutsche Flora (gerade auch im Hinblick auf Habitatansprüche) eine wichtige Grundlage ist.

Die taxonomische Einordnung der Arten orientiert sich an der Florensynopse von Buttler et al. (2018) bzw. an der kontinuierlicher Fortschreibung der Florenliste (Hand et al. 2022). Diese sind ihrerseits Grundlage für die aktuelle Bearbeitung des Rothmaler (Müller et al. 2021), der dazu die nötigen taxonomischen Konzepte (also die Artumgrenzungen) liefert.

Ein Austausch zwischen SGN und der Arbeitsgruppe Durka (RegioDiv-Projekt) besteht bereits, sodass der gewünschte Erfahrungsaustausch bezüglich der Projektmethodik gewährleistet ist.

Teil von AP 1 ist auch die Erstellung und kontinuierliche Aktualisierung einer Internetseite zum Projekt. Diese wird von der SRK voraussichtlich als Unterseite der Hauptseite der SRK-Homepage www.rheinische-kulturlandschaft.de in Rücksprache mit dem BfN angelegt und gepflegt.

2. Arbeitspaket 2: Zusammentragen des zu untersuchenden Saatgutes

Die genetischen Untersuchungen sollen an 15 Arten durchgeführt werden, dabei sollten alle 22 Herkunftsregionen von Prasse et al (2010) berücksichtigt werden bzw. alle für die Art in Deutschland relevanten Herkunftsregionen. Diese Einschränkung ist nötig, denn gerade die naturschutzfachlich oft besonders interessanten seltenen oder gefährdeten Arten sind nicht (mehr) in allen Regionen zu finden (s. Abb. 1).

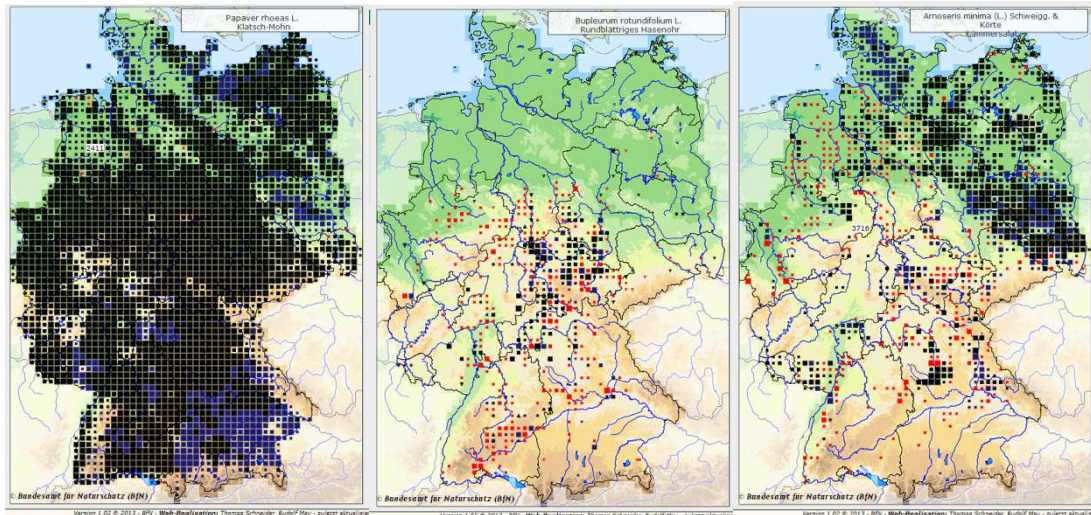


Abb. 1: Deutschlandweite Verbreitung von typischen Ackerwildkrautarten (alle nach Floraweb / florkart, Zugriff 4.7.2022) a) *Papaver rhoeas* als weit verbreitete Art; b) *Bupleurum rotundifolium* als gefährdete Art der Kalkäcker (Bundes-RL 2); c) *Arnoseris minima* als gefährdete Art der Sandäcker (Bundes-RL 2)

Wir werden dabei je Herkunftsregion (soweit auffindbar) zwei Populationen je Art beproben. Für die Bestimmung genetischer Ähnlichkeit sind drei Individuen je Population ausreichend, aber dies erlaubt keine Bestimmung der genetischen Diversität. Diese ist im Mittel aber mit Fitness korreliert (Leimu et al. 2006) und deswegen soll für mindestens ein Drittel der Herkunftsregionen zumindest eine Population mit 12 Pflanzen beprobt werden. Wenn diese Populationen (weitgehend) repräsentativ über Deutschland verteilt werden, sind neben Mustern der genetischen Ähnlichkeit (Struktur) auch Muster in der genetischen Diversität bewertbar.

Insgesamt rechnen wir mit bis zu >3000 Proben. Diese große Menge kann nur gesammelt werden, wenn wir Fachexpertise nutzen. Mit StM steht ein Experte (für einen Werkvertrag) bereit, der den wohl bundesweit besten Überblick hat (Meyer et al. 2014). Auch verfügt StM über ein hervorragendes Netzwerk, sodass bei lokalen Populationen gerade seltener Arten auch auf Fachexpertise vor Ort zurückgegriffen werden kann.

Da es gut dokumentierte *ex-situ* Populationen und auch Samenbanken kaum gibt (s. u.a. Brütting et al. 2013), werden wir v.a. auf Frischmaterial angewiesen sein. Dieses wird vor Ort gesammelt und auf Silicagel aufbewahrt. StM hat bereits umfangreiche Erfahrung mit dieser Art von Beprobung, die zudem auch technisch nicht anspruchsvoll ist (Durka et al. 2019).

Wir gehen davon aus, dass die Sammlung im Wesentlichen nach zwei Jahren abgeschlossen ist, sehen aber auch kleinere Ressourcen für das dritte Jahr vor. Wie in AP 1 wird SRK eine PAG-Sitzung zu den AP 2 und 3 organisieren. Diese wird nach dem Abschluss der ersten Sammelperiode durchgeführt, um etwaige Hinweise für evtl. Korrekturen nutzen zu können.

3. Arbeitspaket 3: Durchführen der genetischen Analysen

3a) Kernarbeit in diesem Arbeitspaket ist die Durchführung der genetischen Struktur, also der Ähnlichkeit zwischen Populationen sowie ihrer genetischen Diversität. Für beides stehen etablierte Standardmarker bereit. Während die o.g. älteren Studien noch mit anonymen Markern durchgeführt wurden (RAPDs, ISSR), waren über lange Jahre Mikrosatelliten (SSR) die Marker der Wahl. Sie sind anonymen Marker deutlich überlegen und lassen sich heute relativ leicht etablieren. In der Bietergemeinschaft gibt es auch Erfahrungen in diesem Bereich (Seeber et al. 2014, Herklotz & Ritz 2017, Oyundelger et al. 2020). Im Vergleich sind aber moderne genomische Markern noch weitaus aussagekräftiger, denn sie geben um Größenordnungen mehr Daten (breit verteilte *Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs). Sie lassen sich gut an Firmen *outsourcen* und sind dann auch finanziell konkurrenzfähig, da bei SSR-Analysen erhebliche Personalmittel anfallen. Wie auch schon Durka et al. (2019) werden wir Methoden aus dem Bereich des *Genotyping By Sequencing* - GBS nutzen. Ein schnelles und zuverlässiges Werkzeug hierfür ist die ddRAD-Genotypisierung, (*double digest Restriction Associated DNA*). Sie bietet eine Komplexitätsreduzierung durch die Auswahl genomischer DNA-Fragmente, die durch die Spaltung mit zwei Restriktionsenzymen erzeugt werden, gefolgt von einer genauen Größenauswahl und anschließender Hochdurchsatzsequenzierung (*Next Generation Sequencing*, NGS). Diese Technologie erlaubt eine massive Parallel-Sequenzierung vieler Proben gleichzeitig. Für die ddRAD-Genotypisierung braucht es nicht nur technische Möglichkeiten, sondern auch Lizenzen, sodass wir nach längerem Prüfen entschlossen sind, die eigentlichen GBS-Arbeiten an eine Firma zu vergeben. Die vorgeschaltete DNA-Extraktion erfordert ebenfalls Expertise und wird SGN im eigenen Labor durchführen. Die eigentlichen bioinformatischen Analysen sowie das Speichern der Daten erfolgt unter Einbeziehung der Infrastruktur von LOEWE-Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik (TBG), das bei Senckenberg in Frankfurt angesiedelt ist.

3b) Mit genomischen Methoden lassen sich auch feine Veränderungen über die Zeit detektieren. Aus diesem Grund haben wir uns entschlossen, für zwei ausgewählte Arten (mind. eine davon aus der Familie der genomisch sehr gut bekannten *Brassicaceae*) ein kleines *Common Garden* Experiment durchzuführen. Da die wenigen verfügbaren Analysen nahelegen, dass Zuchten von Ackerwildkräutern oft kaum noch genetische Ähnlichkeit mit Wildvorkommen haben (Brütting et al. 2013), glauben wir, dass der Aufwand im Hinblick auf die Praxis gerechtfertigt scheint. Praktische Handlungsempfehlungen sollten auch Aussagen darüber treffen, in welchen Intervallen ggf. Zuchten durch erneutes Sammeln von Wildstandorten aufzufrischen sind.

Im Rahmen von AP 3 wird auch ein Zwischenbericht (Meilenstein I) verfasst, in dem u.a. die Ergebnisse der Sammlung und die Methoden der genetischen Analysen beschrieben werden. Aller Partner liefern Textbeiträge zu Ihren Aufgabenschwerpunkten, die SRK koordiniert die Erstellung des Berichtes und übernimmt die redaktionelle Bearbeitung.

4. Arbeitspaket 4: Auswertung der Ergebnisse

Die gewählten GBS-Marker liefern wie dargestellt sehr große Datensätze, die umfangreiche Analysen zu den aufgeworfenen Fragen ermöglichen. Muster genetischer

Ähnlichkeit lassen sich hier sehr gut berechnen, dafür stehen neben klassischen Maßen (z.B. FST / GST, Pearse & Crandall 2004, Heller & Siegismund 2009) auch spezialisierte bioinformatische Methoden zur Verfügung (für ein eigenes Beispiel, s. Herklotz et al. 2021). Daran können parametrische aber auch bayesische Cluster-Methoden (STRUCTURE) angeschlossen werden, die inzwischen auch für große genomische Datensätzen implementiert wurden (Frichot & François 2015). Mit diesen und (anderen) multivariaten Verfahren kann die Zahl genetisch unterscheidbarer Gruppen festgelegt werden und diese Gruppenstruktur kann dank unseres umfassenden Samplings auch räumlich explizit für Deutschland diskutiert werden.

Die genetische Diversität muss auch betrachtet werden, denn sie ist wichtig für die fachliche Einschätzung der beschriebenen genetischen Struktur (Diversität und Differenzierung sind nicht unabhängig; Jost 2008), vor allem hat sie aber auch wie dargestellt einen eigenen Wert für naturschutzfachliche Fragestellungen (Frankham et al. 2002). Auch hier stehen klassische Ansätze der Berechnung der Diversität zur Verfügung (Wright *F-Statistics*), bzw. angepasste Methoden für informationsreiche genomische Datensätze.

Wie in AP 2 auch werden wir eine PAG durchführen, sobald wir ein erstes Set von Arten in AP 3 und AP 4 bearbeitet haben, um so Hinweise und Rückmeldungen zu erhalten und nachjustieren zu können. Diese wird wieder von Bieter SRK organisiert.

5. Arbeitspaket 5: Ableiten von praxisrelevanten Empfehlungen

Die naturschutzgenetischen Ergebnisse werden in praxisrelevante Empfehlungen umgesetzt. Aus den Mustern der genetischen Struktur (und Diversität) ist ableitbar, wie stark bei Provenienzen regional differenziert werden muss. Dabei ist denkbar, dass auch innerhalb der Herkunftsgebiete noch Differenzierung vorhanden ist (s. z. B. Brütting et al. 2012b für kleinräumige Strukturen) oder dass auch weit weniger als 22 „Populationen“ in Deutschland unterschieden werden können (s. Brütting et al. 2012a für ein Beispiel mit nur zwei klaren Herkunftstypen). Naturgemäß kann das Projekt nur für 15 Arten fundierte Äußerungen machen, aber gegenüber der frühen Expertenmeinung von Prasse et al. (2010) wird auch die Grundlage für allgemeine Empfehlungen deutlich verbessert. Wir erwarten, dass wir auch zur Frage der nötigen Auffrischung bei Kulturen deutlich besser fundierte Aussagen treffen können.

Entsprechend sollen spezielle und allgemeine Empfehlungen abgeleitet werden, die erst innerhalb des Konsortiums und dann *en Detail* mit dem BfN abgestimmt werden. Wir erwarten, dass gerade in diesem Bereich die Abstimmung im Rahmen der PAG besonders wichtig ist, weil praktische Expertise hier unverzichtbar ist. Der Abstimmung mit der Praxis dient auch eine eintägige Tagung (die Vorgaben zum lacto-vegetabilen bzw. veganen Catering sowie zur Erreichbarkeit per ÖPNV werden beachtet), auf der die Ergebnisse bis zu 50 weiteren Akteuren vorgestellt und diskutiert sowie hinsichtlich der praktischen Implikationen bewertet werden. Alle Bieter tragen hier bei, aber PAG und Tagung werden verantwortet von Bieter SRK, der zudem (gemeinsam mit StM) die meiste praktische Erfahrung im Themenfeld hat.

6. Arbeitspaket 6: Publikation der Ergebnisse

Wir gehen davon aus, dass die Publikation bzw. Verbreitung der Ergebnisse vier wesentlichen Instrumente umfasst:

- Öffentlichkeitsarbeit, Website etc.: Das Projekt wird (in Abstimmung mit dem BfN) eine Website pflegen, hier Bild- und Informationsmaterial bereitstellen (siehe AP 1). Wiederum gemeinsam mit dem BfN werden Pressematerialien inkl. einer Fotodokumentation erstellt. Beides wird vom Bieter SRK koordiniert.
- BfN-Schriften als Meilenstein II: Eine umfassende Darstellung der Ergebnisse und Handlungsempfehlungen soll als längeres Manuskript für die BfN-eigene Schriftenreihe aufbereitet werden. Hierbei wird auf die Formatvorgaben sowie auf die Anweisungen zur Barrierefreiheit geachtet, die Bieter haben hier bereits Erfahrungen (s. Becker et al. 2019, Schuch et al. 2020). Die Erstellung der BfN-Schrift wird vom Bieter SRK koordiniert und redaktionell bearbeitet.
- In gekürzter Form sollen die Ergebnisse in einer (oder mehreren) Veröffentlichung(en) für Natur und Landschaft aufbereitet werden (auch hier werden die Formatvorgaben beachtet). Die Erstellung dieser Publikation(en) koordiniert SGN.
- Schließlich sollten die wesentlichen Ergebnisse auch einem internationalen Publikum verfügbar gemacht werden, da einerseits eine noch breitere kritische Diskussion zu erwarten ist und andererseits die Ergebnisse auch international für die Fragen der Provenienz bei Wiederanpflanzungen gerade im Ackerbereich relevant sind. Die Erstellung dieser Publikation(en) koordiniert SGN.

Die beigelegte Datei zu den bisherigen Publikationen und Projekte belegt, dass die Bietergemeinschaft in den genannten Bereichen umfangreiche Erfahrungen hat.

7. Projektbesprechungen bzw. -arbeitsgemeinschaften

Die projektbegleitende Arbeitsgruppe (PAG) wird in der ersten Projektphase eingerichtet und soll sicherstellen, dass sowohl Expertise aus der Fachwissenschaft (z. B. AG Walter Durka), Naturschutzpraxis (z. B. Genehmigungsbehörden – Obere Naturschutzbehörden) als auch der Produktion (z. B. Betriebe aus dem Bereich Regiosaatgut) im Projektumfeld verfügbar ist. Wir gehen von max. acht externen Personen aus, die sich zu den oben erwähnten Themen austauschen. Wesentliches Element werden Sitzungen sein, die wir im Moment in Präsenz planen. Nicht zuletzt aus Kostengründen sind hier gut erreichbare Orte, an denen die Bietergemeinschaft Zugriff auf kostenfreie Tagungsräume hat, bevorzugt (z.B. Bonn, Frankfurt). Alternativ, oder auch bei konkreten Fragen zwischen den PAG-Sitzungen, stehen Online-Formate (WebEx, Zoom) zur Verfügung.

8. Projektlaufzeit

01.09.2022 - 01.09.2025

9. Zeitplan

Aus dem oben Dargestellten ergibt sich ein Zeitplan, den Abb. 2 in knapper Form darstellt. Neben den wesentlichen Aktivitäten sind auch die PAG-Treffen sowie die Meilensteine vermerkt.

Arbeitspakete laut Leistungsbeschreibung vom 1.6.22				Laufzeit: 1.9.22 bis 1.9.25																	
				2022				2023				2024				2025					
				Quartale				Quartale				Quartale				Quartale					
AP	Aufgaben	Teil-AP	Aufgaben	Verantwortlich bzw. Koordination																	
1	Projektstart + Methodik	a	Artenauswahl + Abstimmung Methodik mit BfN	SGN																	
		b	Austausch mit RegioDiv-Projekt	SGN																	
		c	1. PAG-Sitzung	alle (Koordination: SRK)																	
		d	Projekt-Website	SRK																	
2	Zusammentragen Pflanzenmaterial	a	Zusammentragen/Sammeln	SGN (mit S. Meyer)																	
		b	2. PAG-Sitzung	alle (Koordination: SRK)																	
3	Genetische Analysen	a	Zwischenbericht (Meilenstein 1)	alle (Koordination: SRK)																	
		b	Molekulargenet. Analysen versch. Herkünfte	SGN (mit Partner HHU)																	
		c	Gartenkultur von 2 Arten	SGN (mit Partner HHU)																	
		d	Molekulargenet. Analysen dieser 2 Arten	SGN (mit Partner HHU)																	
4	Auswertung	a	Auswertung + Einordnung Molekulargenetik	SGN (mit Partner HHU)																	
		b	3. PAG-Sitzung	alle (Koordination: SRK)																	
5	Praxisempfehlungen	a	Empfehlungen für untersuchte Arten	alle (Koordination: SRK)																	
		b	Übertragung der Empfehlungen auf weitere Arten	alle (Koordination: SRK)																	
		c	Abstimmung Empfehlungen mit BfN	alle (Koordination: SRK)																	
		d	4. PAG-Sitzung	alle (Koordination: SRK)																	
		e	Tagung	alle (Koordination: SRK)																	
6	Publikationen	a	Erstellung Manuskript für BfN-Schriften	alle (Koordination: SRK)																	
		a	Fertigstellung Manuskript für BfN-Schriften (Meilenstein 2)	alle (Koordination: SRK)																	
		b	Manuskript für NuL	alle (Koordination: SGN)																	
		c	Veröffentlichung internationale Zeitschriften	alle (Koordination: SGN)																	
		d	Fotomaterial etc	alle (Koordination: SRK)																	

SGN - Senckenberg; SRK - Stiftung Rheinische Kulturlandschaft; HHU - Heinrich-Heine Universität

Abb. 2: Zeitplan mit Darstellung des zeitlichen Ablaufs der Arbeitspakete bzw. der darin enthaltenen Aktivitäten, sowie zeitliche Verortung der PAG-Treffen und Meilensteine.

10. Anmerkungen zum Finanzplan

Alle Bieter sind mit eigenem Ressourcenbedarf an der Gesamtsumme beteiligt. Dabei verteilen sich die Kosten im Wesentlichen wie folgt:

Personal – Genetische Analysen und Auswertung (1 Jahr TVL 13 100%, 2 x TVL13 65 %). Wegen der gerade anfangs nötigen Expertise bei der Etablierung der Methodik und Auswertung möchten wir einen erfahrenen PostDoc für das Äquivalent von einem Jahr Vollzeit einstellen (SGN). Dieser arbeitet eine(n) Promovierende(n) ein, die /der zwei Jahre über das Projekt finanziert wird (ein drittes Jahr finanzieren wir gemeinsam mit Partnern als Eigenleistung).

Personal – Koordination, Öffentlichkeitsarbeit: Bieter SRK macht hier drei Jahre mit insgesamt 1380 Stunden geltend, diese werden mit 65 Euro plus Umsatzsteuer veranschlagt.

„Personal“ – Werkvertrag: SGN beantragt Mittel für einen Werkvertrag an StM, der als Experte unverzichtbar für das Gelingen des Projektes ist.

Sach – Genetik: Aufgrund der zu erwartenden hohen Probenzahl sind die Kosten für GBS-Analysen zur genetischen Struktur sehr hoch, diese sind auch bei knapper Kalkulation und nach erneuter Diskussion mit möglichen Firmen mit 30 Euro für GBS plus 5 Euro Materialkosten für Extraktion anzusetzen (Personal wird über die Stellen für genetische Analysen oben abgedeckt). Die Kosten für die Analysen der zeitlichen Veränderungen sind dank umfangreicher Kooperationen vernachlässigbar.

Sach – Empfehlungen und Austausch: SRK organisiert die PAG-Treffen und macht hier Kosten für ein einfaches ovo-lacto-vegetarisches oder veganes *Catering* geltend. Zudem organisiert SRK die eintägige Tagung für 50 Teilnehmende und macht hierfür Kosten für ovo-lacto-vegetarisches oder veganes *Catering* (Mittagessen, Kaffeepausen), Raummiete, Technik sowie Reisekosten und Honorare für Referenten geltend. Reisekosten werden von SRK vorgesehen, falls Projekttreffen außerhalb Bonns in Präsenz durchgeführt werden.

Sach – Publikation: Bieter SRK veranschlagt hier Kosten für eine Publikation (äquivalent zu einer *Open Access* Publikation in einem internationalen Fachjournal).

11. Zitierte Literatur

- Becker, N., Handke, J., Muchow, T. & Wellens, C. 2019: (2019): Natur auf Zeit. Rechtliche und fachliche Rahmenbedingungen. Kurzfassung des Abschlussberichts des F+E-Vorhabens „Natur auf Zeit: Rechtliche und fachliche Rahmenbedingungen“ (FKZ 3516 81 0800). Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
- Breed, M. F. et al. 2018: Priority actions to improve provenance decision-making. *BioScience* **68**: 510-516.
- Brütting, C., Hensen, I. & Wesche, K. 2013: Ex situ cultivation affects genetic structure and diversity in arable plants. *Plant Biology* **15**: 505-513.
- Brütting, C., Meyer, S., Kühne, P., Hensen, I. & Wesche, K. 2012a: Spatial genetic structure and low diversity of the rare arable plant *Bupleurum rotundifolium* L.

- indicate fragmentation in Central Europe. *Agricultural, Ecosystems and Environment* **161**: 70-77.
- Brütting, C., Wesche, K., Meyer, S. & Hensen, I. 2012b: Genetic diversity of six arable plants in relation to their Red List status. *Biodiversity and Conservation* **21**: 745-761.
- Bucharova, A., Durka, W., Hölzel, N., Kollmann, J., Michalski, S. & Bossdorf, O. 2017: Are local plants the best for ecosystem restoration? It depends on how you analyze the data. *Ecology and Evolution* **7**: 10683-10689.
- Buttler, K. P., May, R. & Metzger, D. 2018: Liste der Gefäßpflanzen Deutschlands. Florensynopse und Synonyme. Bundesamt für Naturschutz, Bonn.
- Conrady, M., Lampei, C., Bossdorf, O., Durka, W. & Bucharova, A. 2022: Evolution during seed production for ecological restoration? A molecular analysis of 19 species finds only minor genomic changes. *Journal of Applied Ecology* **59**: 1383-1393.
- Delye, C., Clément, J. A. J., Pernin, F., Chauvel, B. & Le Corre, V. 2010: High gene flow promotes the genetic homogeneity of arable weed populations at the landscape level. *Basic and Applied Ecology* **11**: 504-512.
- Dietzel, S., Sauter, F., Moosner, M., Fischer, C. & Kollmann, J. 2019: Blühstreifen und Blühflächen in der landwirtschaftlichen Praxis – eine naturschutzfachliche Evaluation. *ANLiegen Natur* **4**: 73-86.
- Durka, W., Bossdorf, O., Bucharova, A., Frenzel, M., Hermann, J.-M., Hölzel, N., Kollmann, J. & Michalski, S. 2019: Regionales Saatgut von Wiesenpflanzen: genetische Unterschiede, regionale Anpassung und Interaktion mit Insekten. *Natur und Landschaft* **4**: 146-153.
- Durka, W., Michalski, S. G., Berendzen, K. W., Bossdorf, O., Bucharova, A., Hermann, J.-M., Hölzel, N. & Kollmann, J. 2017: Genetic differentiation within multiple common grassland plants supports seed transfer zones for ecological restoration. *Journal of Applied Ecology* **54**: 116-126.
- Frankham, R. D., Ballou, J. D. & Briscoe, D. A. 2002: Conservation genetics. University Press, Cambridge.
- Frichot, E. & François, O. 2015: LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution* **6**: 925-929.
- Hand, R., Thieme, M. & Mitarbeiter 2022: Florenliste von Deutschland (Gefäßpflanzen), begründet von Karl Peter Buttler, Version 12. Retrieved 25 Mar 2022, <https://www.kp-buttler.de>.
- Heller, R. & Siegismund, H. R. 2009: Relationship between three measures of genetic differentiation G_{ST} , D_{EST} and G'_{ST} : how wrong have we been? *Molecular Ecology* **18**: 2080-2083.
- Herklotz, V., Kovarik, A., Wissemann, V., Lunerova, J., Vozarova, R., Buschmann, S., Olbricht, K., Groth, M. & Ritz, C. M. 2021: Power and weakness of repetition - Evaluating the phylogenetic signal from repeatomes in the family Rosaceae with two case studies from genera prone to polyploidy and hybridization (*Rosa* and *Fragaria*). *Frontiers in Plant Science* **12**.
- Herklotz, V. & Ritz, C. M. 2017: Multiple and asymmetric origin of polyploid dogrose hybrids (*Rosa* L. sect. *Caninae* (DC.) Ser.) involving unreduced gametes. *Annals of Botany* **120**: 209-220.
- Jost, L. 2008: G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology* **17**: 4015-4026.
- Leimu, R., Mutikainen, P. I. A., Koricheva, J. & Fischer, M. 2006: How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *Journal of Ecology* **94**: 942-952.
- Meyer, S., Bergmeier, E., Becker, T., Wesche, K., Krause, B. & Leuschner, C. 2015a: Detecting long-term losses at the plant community level – arable fields in Germany revisited. *Applied Vegetation Science* **18**: 432-442.

- Meyer, S., Hans, J., Wesche, K., Leuschner, C. & Albach, D. 2015b: Landscape complexity has limited effects on genetic structure of two arable weed species, *Adonis aestivalis* and *Consolida regalis*. *Weed Research* **55**: 406-415.
- Meyer, S. et al. 2014: Agrobiodiversitätsschutz durch Schutzäcker – 100 Äcker für die Vielfalt. *Natur und Landschaft* **89**: 434-441.
- Meyer, S., Wesche, K., Krause, B. & Leuschner, C. 2013: Dramatic losses of specialist arable plants in Central Germany since the 1950s/60s – a cross-regional analysis. *Diversity and Distributions* **19**: 1175-1187.
- Müller, F., Ritz, C. M., Welk, E. & Wesche, K. (Eds). 2021. Rothmaler Exkursionsflora von Deutschland. Grundband. Berlin, Heidelberg, Springer.
- Oyundelger, K., Ritz, C. M., Munkhzul, O., Lang, B., Ahlborn, J., Oyuntsetseg, B., Römermann, C. & Wesche, K. 2020: Climate and land use affect genetic structure of *Stipa glareosa* P. A. Smirn. in Mongolia. *Flora* **266**: 151572.
- Pearse, D. E. & Crandall, K. A. 2004: Beyond F_{ST} : Analysis of population genetic data for conservation. *Conservation Genetics* **5**: 586-602.
- Prasse, R., Kunzmann, D. & Schröder, R. 2010. Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzensaatgut krautiger Pflanzen. Abschlußbericht zum Forschungsprojekt (DBU FKZ: 23931). Hannover:, Institut für Umweltplanung, Leibniz Universität Hannover.: 166.
- Schuch, S., Ludwig, H. & Wesche, K. 2020: Erfassungsmethoden für ein Insektenmonitoring - Eine Materialsammlung. BfN Skripten **135**: 70.
- Seeber, E., Winterfeld, G., Hensen, I., Sharbel, T. F., Durka, W., Liu, J., Yang, Y.-P. & Wesche, K. 2014: Ploidy in the alpine sedge *Kobresia pygmaea* (Cyperaceae) and related species: combined application of chromosome counts, new microsatellite markers and flow cytometry. *Botanical Journal of the Linnean Society* **176**: 22-35.