

Trockenrasenverbund in der Region Hegau-Randen-Klettgau



Dissertation

Stephanie Kissling

Institut für Landschaftsplanung und Ökologie
der Universität Stuttgart

2009

Trockenrasenverbund in der Region Hegau-Randen-Klettgau

Von der Fakultät für Architektur und Stadtplanung
der Universität Stuttgart
zur Erlangung der Würde eines Doktors der
Ingenieurwissenschaften (Dr.-Ing.) genehmigte Abhandlung

Vorgelegt von
Dipl-Geogr. Stephanie Kissling
aus Würzburg

Hauptberichter: Prof. Dr. G. Kaule
Mitberichter: PD. Dr. K. Henle

Tag der mündlichen Prüfung: 13. Mai 2009

Institut für Landschaftsplanung und Ökologie
der Universität Stuttgart
2009

Danksagung

Ich bedanke mich herzlich bei Prof. Kaule für die Betreuung der Arbeit. Sein Interesse an dem Thema und seine wohlwollende Unterstützung hat zum Gelingen der Arbeit wesentlich beigetragen. Prof. Henle danke ich für die Übernahme des Koreferates. Am Institut für Landschaftsplanung und Ökologie habe ich die hilfsbereiten und netten Kolleginnen und Kollegen sehr geschätzt. Dr. Rüdiger Jooß schrieb die AML-Skripte seiner Verbundraumanalyse so um, daß ich sie auf mein Untersuchungsgebiet anwenden konnte. Dr. Hans-Georg Schwarz von-Raumer nahm sich der Avenue-Skripte an und war insbesondere bei Diskussionen zu statistischen Belangen sehr hilfreich. Stefan Hafner, Gabriel Hermann und Dr. Sabine Geißler-Strobel danke ich für die Einführung in die Welt der Falter. Sie waren zu zahlreichen Gesprächen bereit und ihre Erfahrungen und Hinweise haben mir geholfen, die Kartierungen im Gelände durchzuführen. Dr. Walter Durka und Dr. Christof Reisch bin ich für ihre Beratung bei den genetischen Analysen zu Dank verpflichtet. Dabei war es keine Selbstverständlichkeit, daß ich bei Dr. Walter Durka in seinem Labor mitarbeiten konnte und ich bedanke mich bei ihm recht herzlich für seine Hilfsbereitschaft. Herrn Billing und Herrn Bollinger von der Naturschutzverwaltung des Kantons Schaffhausen sowie den Mitarbeitern des Naturschutzreferates am Regierungspräsidium Freiburg möchte ich für ihr Interesse und die unkomplizierte Bereitstellung der Daten danken. Meinen Eltern und Freunden danke ich für den moralischen und praktischen Beistand. Nicht zuletzt sei den Mitgliederinnen des E-Teams des Mentoring-Programmes für ihre Unterstützung herzlich gedankt. Finanziell wurde die Arbeit durch die Landegraduiertenförderung und durch einen Zuschuß der Landesbank Baden-Württemberg unterstützt.

Danksagung.....	ii
Inhaltsverzeichnis.....	iii
Tabellenverzeichnis.....	vii
Abbildungsverzeichnis.....	ix

Inhaltsverzeichnis

1 Einführung.....	1
1.1 Fragmentierung und Gefährdung von Trockenrasen.....	1
1.2 Fragestellung und Konzeption der Arbeit.....	3
1.3 Zielartenansatz.....	5
1.4 Argumentationsebenen im Naturschutz.....	8
1.5 Theoretischer Hintergrund, Modelle und Ansätze.....	9
1.5.1 Fragmentierung.....	9
1.5.2 Inselbiogeographie, Metapopulationskonzept und Biotopverbund.....	12
1.5.2.1 Inselbiogeographie.....	12
1.5.2.2 Metapopulationskonzept.....	14
1.5.2.3 Biotopverbund.....	17
2 Gegenstand der Untersuchung.....	23
2.1 Untersuchungsgebiet.....	23
2.1.1 Geographische Lage.....	24
2.1.2 Naturräumliche Einordnung.....	25
2.1.3 Klima.....	26
2.1.4 Geologischer Aufbau und Böden.....	27
2.1.5 Vegetationsentwicklung.....	29
2.2 Trockenrasen.....	31
2.3 Charakterisierung <i>Zygaena carniolica</i>.....	37
2.4 Charakterisierung <i>Pulsatilla vulgaris</i>.....	42

3	Daten und Methoden.....	47
3.1	Vorliegende landesweite Kartierungen der Trockenrasen.....	47
3.1.1	Ansprache der Erfassungseinheiten im Gelände.....	47
3.1.2	Abgleich der Datenbasis.....	48
3.1.2.1	Aufbereitung der Geometrien.....	49
3.1.2.2	Aufbereitung der Sachdaten.....	50
3.2	Geländekartierungen der Zielarten.....	51
3.2.1	<i>Zygaena carniolica</i>	51
3.2.1.1	Rasterkartierung <i>Zygaena carniolica</i>	51
3.2.1.2	Kartierung der Habitatqualität für <i>Zygaena carniolica</i>	53
3.2.1.3	Flächenauswahl.....	53
3.2.1.4	Erhebungsbogen.....	56
3.2.2	<i>Pulsatilla vulgaris</i>	59
3.2.2.1	Recherche Historische Vorkommen.....	59
3.2.2.2	Recherche Aktuelle Vorkommen.....	59
3.2.2.3	Übersichtskartierung.....	60
3.2.2.4	Probennahme für genetische Analysen.....	61
3.3	Konnektivitätsanalysen.....	63
3.3.1	Hintergrund: Räumliche Analysen.....	63
3.3.2	Flächenhafte Abbildung von Verbundräumen.....	63
3.3.3	Zusammenhang zwischen dem Vorkommen von <i>Zygaena carniolica</i> und den Konnektivitätswerten.....	65
3.3.4	Proximityindex.....	67
3.3.5	Distanzgewichtete Verbundraumanalyse (DVS).....	68
3.4	Statistische Auswertungen der Einflussgrößen Habitatgröße, Habitatqualität und Isolation auf das Vorkommen von <i>Zygaena carniolica</i>.....	69
3.4.1	Hintergrund: Statistische Habitatmodellierungen.....	69
3.4.2	Statistische Auswertungen der Daten zu <i>Zygaena carniolica</i>	72
3.4.2.1	Explorative Datenanalyse.....	74
3.4.2.2	Logistische Regressionsanalyse.....	76
3.5	Genetische Analysen <i>Pulsatilla vulgaris</i>.....	79
3.5.1	Hintergrund: Größe, Isolation und genetische Diversität von Pflanzenpopulationen.....	79
3.5.2	Amplified Fragmentation Length Polymorphism (AFLP).....	82
3.5.2.1	Laboranalyse.....	84
3.5.2.2	Analyse der Rohdaten - Bestimmung der Genotypen.....	86
3.5.2.3	Statistische Datenanalyse.....	87

4	Ergebnisse	91
4.1	Konnektivität der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet	91
4.1.1	Verbundräume im Untersuchungsgebiet.....	91
4.1.2	Auswahl des Konnektivitätsmaßes.....	97
4.2	Ergebnisse <i>Zygaena carniolica</i>	101
4.2.1	Vorkommen <i>Zygaena carniolica</i> im Untersuchungsgebiet	101
4.2.2	Charakterisierung der Untersuchungsflächen	101
4.2.3	Zusammenhänge zwischen den Umweltfaktoren.....	107
4.2.4	Ermittlung der für das Vorkommen von <i>Zygaena carniolica</i> relevanten Faktoren.....	111
4.2.5	Hauptkomponentenanalyse der Habitatstrukturen und des Nahrungs angebotes	113
4.2.6	Modellierung der Vorkommenswahrscheinlichkeiten von <i>Zygaena carniolica</i>	115
4.2.6.1	Multikollinearitätstest.....	115
4.2.6.2	Univariate Logistische Regression.....	116
4.2.6.3	Multivariate logistische Regression	118
4.2.6.4	Räumliche Darstellung der Modellergebnisse	122
4.3	Ergebnisse <i>Pulsatilla vulgaris</i>	125
4.3.1	Vorkommen von <i>Pulsatilla vulgaris</i> im Untersuchungsgebiet	125
4.3.2	Genetische Diversität von <i>Pulsatilla vulgaris</i>	133
4.3.2.1	Genotypisierung	133
4.3.2.2	Genetische Variabilität innerhalb der Populationen.....	133
4.3.2.3	Genetische Differenzierung zwischen den Populationen.....	135
4.3.2.4	Korrelation zwischen genetischer Variabilität und Populationsgröße	141
4.3.2.5	Korrelation zwischen genetischer Differenzierung und geographischer Distanz.....	142
5	Diskussion.....	143
5.1	Die besiedlungsbestimmenden Faktoren und Modellierung der Vorkommenswahrscheinlichkeiten von <i>Zygaena carniolica</i>	143
5.2	Genetische Diversität von <i>Pulsatilla vulgaris</i>	151
5.3	Auswirkungen der Fragmentierung der Trockenrasen auf die Zielarten und Diskussion um das Metapopulationskonzept, den Zielartenansatz und den Biotopverbund in der Region Hegau-Randen-Klettgau	158

6 Zusammenfassung 171

7 Summary 173

Literaturverzeichnis 181

Anhang

Tabellen

- 1-1 Argumentationsebenen Naturschutz
- 1-2 Räumliche Ebenen des Biotopverbundes in Deutschland
- 1-3 Bedeutung überregionaler Lebensraumkorridore für verschiedene Anspruchstypen
- 2-1 Kurzbeschreibung der im Untersuchungsgebiet liegenden Anknüpfungsstellen
- 2-2 Trockenstandorte und ihre Pflanzengesellschaften im Untersuchungsgebiet
- 3-1 Anzahl und Größe der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der TWW-Kartierung
- 3-2 Anzahl, Größe und Anteil der Trockenrasenfläche der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der §32-Kartierung
- 3-3 Anzahl und Größe der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der Waldbiotopkartierung
- 3-4 Verteilung der Trockenrasen nach Naturräumen
- 3-5 Schlüssel der Biotopnummer
- 3-6 Kriterien für Stichprobenauswahl für Habitatqualitätskartierung *Zygaena carniolica*
- 3-7 Vegetationsbezogene Faktoren und deren Klasseneinteilung für die Erfassung der Habitatqualität von *Zygaena carniolica*
- 3-8 Probestellen *Pulsatilla vulgaris*
- 3-9 Liste der mit GIS ermittelten Gebietsparameter und der erhobenen Habitatfaktoren
- 3-10 Verwendete statistische Verfahren
- 3-11 Klassifikationsmatrix und Güteparameter für Vorkommensprognosen
- 3-12 Variabilitäten und Differenzierungen für unterschiedliche Pflanzengruppen
- 3-13 Mögliche und getestete Primerkombinationen der PCR 2
- 4-1 Anzahl und Größe der 750-Meter-Verbundräume nach Regionen
- 4-2 U-Test der Distanzgewichteten Verbundraumsummen
- 4-3 U-Test der Proximitywerte
- 4-4 AUC-Werte für Distanzgewichteten Verbundraumsummen
- 4-5 AUC-Werte für Proximitywerte
- 4-6 Omnibus-Test der Distanzgewichteten Verbundraumsummen
- 4-7 Omnibus-Test der Proximitywerte
- 4-8 Korrelationsmatrix der mit GIS ermittelten Gebietsparameter und der erhobenen Habitatfaktoren
- 4-9 Kreuztabelle und Chi-Quadrat-Test der Variablen „Nutzung“ und „Exposition“
- 4-10 U-Test für die Variablen der Gebietsparameter und Futterpflanzen
- 4-11 U-Test für die Variablen der internen Habitatqualität
- 4-12 Kommunalitäten der Variablen
- 4-13 Erklärte Gesamtvarianz der Hauptkomponenten
- 4-14 PCA - Rotierte Komponentenmatrix
- 4-15 Korrelation und Variance Inflection Faktor-Werte für die Nahrungspflanzen
- 4-16 Güteparameter der univariaten logistischen Regression
- 4-17 Vergleich der Modellgüte mit unterschiedlicher Anzahl von Variablen
- 4-18 Vergleich der Modelle mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität
- 4-19 U-Test für Flächengröße und Konnektivitätswert bei einer engeren Flächenauswahl
- 4-20 Variablenselektion und Modellgüte der multivariaten logistischen Regression bei einer engeren Flächenauswahl
- 4-21 Vergleich der automatischen und manuellen Genotypisierung
- 4-22 Genetische Variabilität der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen
- 4-23 Mittelwerte und Standardabweichungen der genetische Variabilität der Populationen nach Regionen
- 4-24 Permutationstest für die genetische Differenzierung zwischen den Populationen
- 4-25 Genetische Differenzierung der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen nach Regionen

- 4-26 Paarweise F_{st} -Werte und geographische Distanz der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen
4-1 AMOVA für unterschiedliche Gruppierungen

Abbildungen

- 1-1 Konzeption der Untersuchung
- 1-2 Prinzip Zielartenkonzept
- 1-3 Habitatfragmentierung
- 1-4 Gleichgewichtsmodelle einzelner und mehrerer Inseln
- 1-5 Kolonisation unbesetzter Habitate *Hesperia comma* in Abhängigkeit zur Entfernung zur nächsten besiedelten Fläche
- 1-6 Modelle zum Genfluss in der Landschaft
- 2-1 Nationale Anknüpfungsstellen für den Biotopverbund
- 2-2 Geographische Lage des Untersuchungsgebietes
- 2-3 Naturräumliche Gliederung des Untersuchungsgebietes
- 2-4 Kontinentalitätskarte
- 2-5 Klimadiagramme
- 2-6 Geologische Übersichtskarte 1:200 000
- 2-7 Wanderschäferei in Süddeutschland
- 2-8 Fotos Typen von Trockenrasen im Untersuchungsgebiet
- 2-9 Fotos *Zygaena carniolica*
- 2-10 Ökogramm Optimalbereiche für starke Populationene der Zygaenen
- 2-11 Verbreitung *Zygaena carniolica*
- 2-12 Fundpunkte *Zygaena carniolica* in Baden-Württemberg
- 2-13 Fundpunkte *Zygaena carniolica* in der Schweiz
- 2-14 Verbreitung *Pulsatilla vulgaris*
- 2-15 Fotos *Pulsatilla vulgaris*
- 2-16 Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* in Baden-Württemberg
- 2-17 Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* in der Schweiz
- 3-1 Häufigkeitsverteilung der 800-Meter-Verbundräume nach Trockenrasenfläche
- 3-2 Häufigkeitsverteilung der Trockenrasen nach Flächengröße
- 3-3 Stichprobenflächen für Habitatqualitätskartierung *Zygaena carniolica*
- 3-4 Erhebungsflächen für Habitatqualitätskartierung *Zygaena carniolica*
- 3-5 Probestellen *Pulsatilla vulgaris*
- 3-6 Schema Verbundraum
- 3-7 Beispiel für Potenzielle Verbundräume
- 3-8 Klassifizierung vorhersagender Art-Habitat-Modelle
- 3-9 Populationsgröße und Überlebensdauer
- 3-10 workflow Genanalyse
- 3-11 Elektropherogramm
- 4-1 Trockenrasen im Untersuchungsgebiet
- 4-2 Verbundräume unterschiedlicher Distanzen für den Ausschnitt Randen-Hegaualb
- 4-3 Verbundräume für 750-Meter Distanz im gesamten Untersuchungsgebiet
- 4-4 Entwicklung der Verbundraumgröße für die Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica*
- 4-5 Entwicklung der Verbundraumgröße für unterschiedliche DVS-Werte
- 4-6 Rasterkartierung Vorkommen *Zygaena carniolica*
- 4-7 Fotos Flächentypen mit Vorkommen von *Zygaena carniolica*
- 4-8 Verteilung der Vorkommen von *Zygaena carniolica* nach den Stichprobenkategorien
- 4-9 Verteilung der Vorkommen von *Zygaena carniolica* nach den Flächenkategorien
- 4-10 Flächengröße, Konnektivität und Höhe über NN der Untersuchungsflächen
- 4-11 Falter- und Raupenfutterpflanzen in den Untersuchungsflächen
- 4-12 Streudiagramme für Gebietseigenschaften, Futterpflanzen und interne Habitatqualität

- 4-13 Ordination der Hauptkomponenten der internen Habitatqualität
- 4-14 Streudiagramm der Hauptkomponenten der internen Habitatqualität
- 4-15 Korrekte Prognosen, Sensitivität und Spezifität der univariaten logistischen Regression
- 4-16 AUC-Diagramm für Verfilzungsgrad, DVS-750-Wert und Hangneigung
- 4-17 Vergleich der Modelle mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität
- 4-18 AUC-Diagramm für alle Variablen, mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität
- 4-19 Modellierung der Vorkommenswahrscheinlichkeiten und tatsächliche Vorkommen von *Zygaena carniolica*
- 4-20 Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Flora von Kummer 1941
- 4-21 Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Recherche 2005
- 4-22 Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Kartierung 2006 und Lage der Probestellen
- 4-23 Größe der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-24 Fotos Biotoptypen der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-25 Anteile Biotoptypen der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-26 Wald- und Gehölznähe der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-27 Höhe NN der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-28 Exposition und Hangneigung der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-29 Bodengründigkeit und Biotoptypen der *Pulsatilla vulgaris*-Populationen im Untersuchungsgebiet
- 4-30 Bodenbedeckung der *Pulsatilla*-Standorte im Untersuchungsgebiet
- 4-31 UPGMA Clustering von 17 *Pulsatilla vulgaris*-Populationen
- 4-32 UPGMA Clustering von 13 *Pulsatilla vulgaris*-Populationen
- 4-33 Streudiagramm Populationsgröße und Anteil polymorpher loci
- 4-34 Streudiagramm Populationsgröße und erwartete Heterozygotität
- 4-35 Streudiagramm paarweise geographischer und genetischer Distanz

1 Einführung

1.1 Fragmentierung und Gefährdung von Trockenrasen

Mitteleuropa besteht aus vom Menschen geprägten Landschaften, welche seit Jahrtausenden gerodet und umgestaltet werden und dicht bevölkert sind. Die menschliche Nutzung trug über lange Zeit durch die Schaffung neuer, extensiv genutzter Ökosysteme zu einer Diversifizierung der Kulturlandschaft bei. Aus den menschlichen Aktivitäten resultiert eine kleinräumige Landschaftsstruktur mit mehr oder weniger klar abgrenzbaren Einzelflächen (KLEYER et al. 1996: 142), wobei einige Habitate ursprünglich kleinflächig und isoliert vorkommen, während andere durch anthropogenen Einfluss fragmentiert wurden. Die Verbreitung der Arten wird durch die räumliche Verteilung ihrer Lebensräume sowie bei Pflanzen durch unterschiedlichen Ausbreitungsmechanismen und bei Tieren durch Wanderungsbewegungen bestimmt. Aufgrund der veränderten Landnutzung ist die Ausbreitung von Arten durch menschliche Aktivitäten heute häufig nicht mehr gegeben. Beispielsweise hatte in traditionell genutzten Landschaften die Wanderschäfferei erheblich zur Verbreitung von Pflanzenarten beigetragen (POSCHLOD et al. 2000: 119). Seit den 50er Jahren des letzten Jahrhunderts fand durch Intensivierung, Stilllegung und Aufforstung von Flächen ein durchgreifender Wandel in der Kulturlandschaft statt, welcher eine Erhöhung der Fragmentierung der Lebensräume und einen dramatischen Artenrückgang zur Folge hatte (SUKOPP: 1998; KORNECK et al.: 1998; MÜHLENBERG und SLOWICK 1997: 15; POSCHLOD und SCHUHMACHER 1998). Die extensiv genutzten Biotope, wie zum Beispiel artenreiches Grünland, haben heute eine besondere Bedeutung für den Naturschutz, da ihr Anteil aufgrund der Intensivierung der Nutzungsökosysteme innerhalb des letzten Jahrhunderts von 30% der Kulturlandschaftsfläche auf weniger als 1% gesunken ist (MÜHLENBERG et al. 1996: 152).

Trockenrasen gehören zu den artenreichsten Lebensgemeinschaften in Mitteleuropa und sind von Natur aus nicht großflächig ausgeprägt, sondern kommen meist in Komplexen mit Felsen, Gebüsch, Trockensäumen und lichten wärmeliebenden Wäldern vor (KAULE 1991: 115 f.; ELLENBERG 1996: 665 f.; WILLMANN 1998: 192 f.; POTT 1996). Trocken- und Halbtrockenrasen sind in ihrem Bestand stark gefährdet (RIECKEN et al. 2006: 32 ff.) Für einige Regionen in Deutschland wie z.B. der Kalkeifel, in welcher der Biotoptyp ursprünglich weit verbreitet war, ist seit Mitte des 19. Jahrhunderts ein Flächenverlust von 97% dokumentiert. Für die Südwestdeutschen Mittelgebirge wurde seit 1930 ein Verlust von „nur“ 17,8% ermittelt, wobei die Literaturobwertung zeigt, dass bereits vor 1930 erhebliche Verluste eingetreten sind (RIECKEN et al. 2006: 31). Im Nordwestschweizerischen Jura sind zwischen 1950 und 1997 mehr als 75% der nährstoffarmen Kalkmagerrasen zerstört worden (STÖCKLIN und FISCHER 2000: 116). Aktuell sind die Trockenrasen sowohl durch direkte Flächenverluste, wie z.B. durch Gesteinsabbau oder Aufforstung als auch durch qualitative Veränderungen durch Nutzungsaufgabe, Nährstoffeintrag oder Freizeitnutzung gefährdet.

Die Gefährdung von Arten extremer Standortbedingungen, insbesondere von lichtliebenden Pflanzen nährstoffarmer Böden, hat stark zugenommen. In den Trocken- und Halbtrockenrasen kommen etwa ein Viertel der gefährdeten Farn- und Blütenpflanzen von Deutschland vor, das sind in absoluten Zahlen ca. 200 Arten (KORNECK et al. 1998: 299). Auswertung nach Arealtypen bestätigen, dass mediterrane, ozeanische und kontinentale Arten, die in Mitteleuropa ihren Arealrand erreichen und meist auf Extremstandorten wachsen, die höchsten Anteile gefährdeter Vertreter haben (KORNECK et al. 1998).

Blütenreiches Extensivgrünland ist mit seinem vielfältigen Angebot an Raupenfutterpflanzen und Nektar-Saugpflanzen lebensnotwendig für zahlreiche Falterarten. Bei den Großschmetterlingen machen die Falter der Trocken- und Halbtrockenrasen und anderer Trockenbiotope mit 258 Arten rund die Hälfte der gefährdeten Arten aus (BINOT et al. 1998: 91). Die Ursachen für die Gefährdung der Falter in Trockenbiotopen sind wie bei den Pflanzenarten eine intensivierete Flächennutzung mit starker Düngung, Biozidanwendung, Meliorationen, Flächenumbruch sowie Aufforstungen. Ferner ist die natürliche Sukzession in Form von Verbuschung und Vergrasung nach Aufgabe extensiver und historischer Nutzungsformen für den Rückgang verantwortlich. Da viele der gefährdeten Tagfalterarten in Flächen vorkommen, die nur mit Hilfe von Naturschutzmaßnahmen in dem gewünschten Zustand erhalten werden können, kam in den letzten zwei Jahrzehnten als weitere Gefährdungsursache fehlender oder verfehlter Naturschutz hinzu (ACHTZIGER et al. 2005: 292 f.). Die Situation bei den Großschmetterlingen steht stellvertretend für viele weitere Tiergruppen, bei denen ca. 40% der Arten gefährdet sind, und entspricht daher dem Mittelwert aller berücksichtigten Tiergruppen (BINOT et al. 1998: 22 ff.) Bei zahlreichen Tiergruppen zeichnete sich von Mitte der 80er Jahre bis Ende der 90er Jahre des letzten Jahrhunderts ein negativer Trend in der Gesamtbilanz ab, welcher z.B. in dem zunehmenden Anteil ausgestorbener und vom Aussterben bedrohter Arten bei den Großschmetterlingen zum Ausdruck kommt (BINOT et al. 1998: 25). Bei den Lebensräumen für Großschmetterlinge nehmen die Magerrasen eine herausragende Stellung ein, da in ihnen rund ein Drittel der gefährdeten Arten vorkommt (BINOT et al. 1998: 27).

In Anbetracht des trotz vielfältiger Naturschutzmaßnahmen anhaltenden Verlustes an Arten kamen Anfang der 90er Jahre des letzten Jahrhunderts Zweifel an der bislang praktizierten Naturschutzstrategie auf (KAULE und HENLE 1991). Bislang wurden - in der Annahme, dass mit dem Vorkommen die Ansprüche an die Habitatqualität und Flächengröße einer Art erfüllt sind - zahlreiche kleine Naturschutzgebiete ausgewiesen. Neuere Strategien beziehen nicht nur das Vorkommen von Arten in einzelnen Gebieten ein, sondern berücksichtigen mit Biotopverbundplanungen die räumliche Verteilung potentieller Habitate (JEDICKE 1994) und die langfristige Überlebensfähigkeit von Populationen (HENLE 1993: 58). In dem Forschungsverbund Isolation, Flächengröße, Biotopqualität (FIFB) wurde untersucht, inwieweit die in den USA, Australien und Neuseeland bereits gebräuchliche Methode der Populationsgefährdungsanalysen in den vergleichsweise sehr kleinräumigen Landschaften Mitteleuropas sinnvoll anzuwenden sind (HENLE 1993: 58; KUHN 1998: 23).

Die Kulturlandschaft Mitteleuropas stellt für Tier- und Pflanzenarten ein sich räumlich-zeitlich veränderndes Gefüge von mehr oder weniger geeigneten und ungeeigneten Habitaten dar, in welchem sich die Arten abhängig von ihren Aktions- Wanderungs- und Ausbreitungsradien bewegen. (KLEYER et al. 1996: 144). Für ein Schutzgebietssystem, welches das langfristige Überleben von Populationen sichern soll, bedeutet dies, dass zum einen das lokale Aussterben von Populationen durch ausreichende Qualität und Größe der Habitate verhindert, zum anderen die Verbindung zwischen den Habitaten aufrecht erhalten werden muss, damit ein Austausch von lokalen Populationen stattfinden kann (KAULE 1991: 32; POETHKE et al. 1996: 81 f.). Die Fragmentierung der Lebensräume, welche in direktem Zusammenhang mit der Verkleinerung und dem Verlust von Verbindungen zwischen den Habitaten steht, ist nach HENLE und MÜHLENBERG der Hauptgrund für den Verlust der Biodiversität. (HENLE und MÜHLENBERG 1996: 119; MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 125). Auch HAFERNIK bestätigt, dass für die wirbellosen Tierarten die anthropogen verursachte Fragmentierung einst weit verbreiteter Habitate die Hauptgefährdung darstellt (HAFERNIK 1992: 180).

1.2 Fragestellung und Konzeption der Arbeit

In einem Workshop zum länderübergreifenden Biotopverbund, der mit Teilnehmern aus der Naturschutzverwaltung und -forschung aus der Schweiz, Frankreich und Deutschland im März 2005 in Basel stattfand, wurde die deutsch-schweizerische Grenzregion Hegau-Randen-Klettgau als prioritär für den Verbund von Trockenbiotopen identifiziert. Die zentrale Aufgabenstellung der vorliegenden Arbeit ist es, den aktuellen Bestand an Trockenrasen in dieser Region in Hinblick auf einen möglichen Biotopverbund zu analysieren.

Anhand ausgewählter Zielarten, einer kleineren Tierart und einer Pflanze, soll überprüft werden, inwieweit der überörtliche Austausch zwischen den Populationen in der fragmentierten Landschaft noch möglich ist. Neben der räumlichen Konfiguration der potentiellen Habitate wird die Habitatqualität berücksichtigt. Mit *Zygaena carniolica* und *Pulsatilla vulgaris* werden zwei für Trockenstandorte typische Arten ausgewählt, wobei ein relativ weites Spektrum an Biotoptypen abgedeckt wird. Für *Zygaena carniolica* als einen Vertreter der Artengruppe der flugfähigen Insekten mit einer aktiven Ausbreitung ist die Bedeutung überregionaler Korridore generell als hoch einzuschätzen (RECK et al. 2004). Für *Pulsatilla vulgaris* werden bei der Ausbreitung der Samen durch den Wind nur kleinräumige Distanzen überwunden, während für die Ausbreitung der Pollen durch Insekten theoretisch auch der regionale Maßstab von Bedeutung sein kann.

Der Schwerpunkt der Untersuchung liegt auf der regionalen Ebene. Der regionale Maßstab stellt eine besondere Herausforderung dar, weil einerseits die kleinmaßstäbigen Konzepte der Länder konkretisiert werden sollen, andererseits eine flächendeckende Bearbeitung aller Trockenrasen nicht möglich ist. Daher muss ein Ansatz entwickelt werden, welcher über eine systematische Bearbeitung der Fragestellung für die Landschaftsebene gültige Aussagen ermöglicht. Dabei soll, basierend auf dem physisch-geographischen Verbund, der funktionale Verbund der Trockenrasen berücksichtigt werden. Die Bearbeitung des funktionalen Verbundes erfolgt anhand von ausgewählten, für Trockenrasen typischen Zielarten, wobei floristische wie faunistische Aspekte unterschiedlicher Artengruppen berücksichtigt werden sollten. Für die praktische Bearbeitung ist es von Vorteil, wenn die untersuchten Arten nicht zu selten vorkommen. Als Zielart wurde zum einen das relativ flugfreudige Esparsettenwidderchen (*Zygaena carniolica*) ausgewählt, welches als eine gute Indikatorart für Trockenrasen gilt (u.a. HOFMANN 1994). Als zweite Zielart wurde die aufgrund ihrer geringen Ausbreitungs- und Wiederbesiedlungsfähigkeit potenziell stark gefährdete Gemeine Küchenschelle (*Pulsatilla vulgaris*) ausgewählt (POSCHLOD et al. 1999: 91), die zudem eine Verbandscharakterart der Volltrockenrasen ist (OBERDORFER 1990). In dem Ansatz wird bei *Zygaena carniolica* über die Vorkommensverteilung und bei *Pulsatilla vulgaris* über die genetische Differenzierung auf die funktionale Beziehungen zwischen den Trockenrasenfragmenten geschlossen. Die Konzeption der Untersuchung ist in Abb. 1-1 dargestellt.

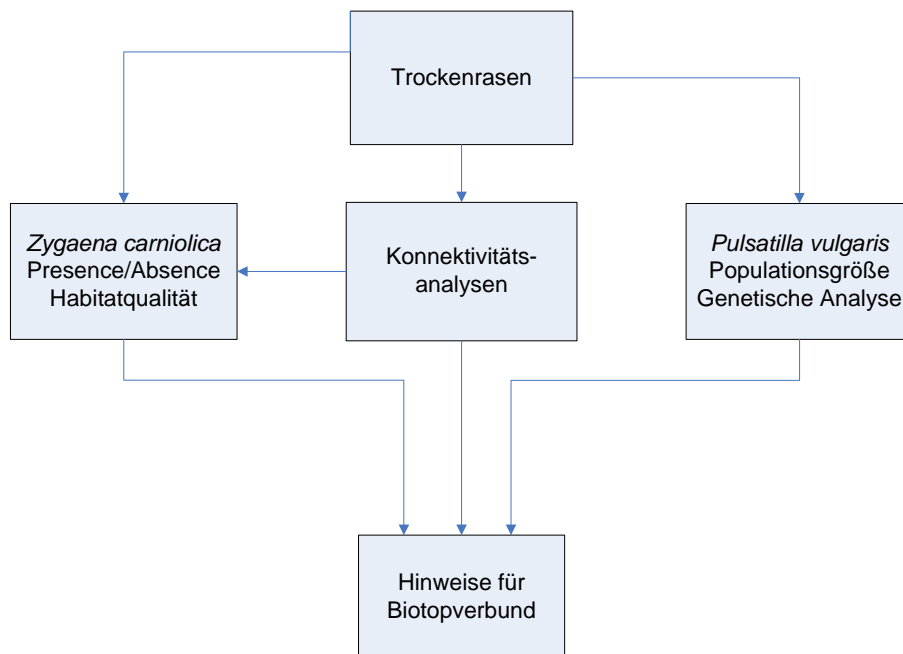


Abb.1-1: Konzeption der Untersuchung

Für den potenziellen Trockenrasenverbund ergeben sich im Einzelnen folgende Fragestellungen:

- Wie kann der physisch-geographische Verbund der Trockenrasen quantifiziert und räumlich dargestellt werden?
- Welchen Einfluss haben Konnektivität, Habitatqualität und Flächengröße auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica*?
- Findet zwischen den näher beieinander liegenden Populationen von *Pulsatilla vulgaris* ein stärkerer genetischer Austausch statt als zwischen weiter voneinander entfernten Populationen? Welche Bedeutung haben die kleinen Populationen für die genetische Diversität von *Pulsatilla vulgaris* in der Region?
- Welche Auswirkungen hat die Fragmentierung der Trockenrasen auf die Zielarten? Inwieweit kann das Metapopulationskonzept die Populationsstrukturen der Zielarten erklären?
- Welche Hinweise für die Planung eines Trockenrasenverbundes lassen sich aus den Ansprüchen bzw. der genetischen Struktur der Zielarten ableiten? Welche Bedeutung haben kleine Trockenrasenflächen im Verbundsystem? Welche Maßnahmeempfehlungen zum Erhalt der Zielarten lassen sich aus den Ergebnissen der Untersuchung ableiten?

1.3 Zielartenansatz

Bei der Bearbeitung von ökologischen Fragestellungen ist es häufig notwendig und sinnvoll, einen arten- oder artengruppenspezifischen Ansatz zu verfolgen. Beispielsweise sind konkrete Aussagen zum Biotopverbund nur über den Habitatverbund für bestimmte Arten möglich. Da die Bearbeitung aller Arten praktisch nicht möglich ist, werden Arten ausgewählt, für welche dann Daten erhoben und ausgewertet werden (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 63). Hypothetisch sollen durch den Schutz der ausgewählten Arten, welche die empfindlichsten und schutzbedürftigsten der relevanten Anspruchstypen umfassen, weitere Arten mit gesichert werden (RECK 2004: 312, WALTER et al. 1998: 11). Dahinter steht der Ansatz, durch die Förderung ausgewählter Arten die biologische Vielfalt insgesamt zu erhalten (RECK 2004: 312). Generell werden Zielarten dafür genutzt, um komplexe Sachverhalte einfach aber integrativ darzustellen und um gleichzeitig konkrete Anforderungen an die Landschaftsentwicklung abzuleiten (RECK et al. 2007: 1).

Nach MÜHLENBERG und SLOWIK (1997) sollten pragmatischerweise diejenigen Arten ausgewählt werden, die im „Rahmen der derzeitigen Zielsetzung für den Naturschutz sinnvoll erscheinen...“, (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 67). Unter dem Begriff Zielarten werden die planerisch ausgewählten Arten verstanden. (PLACHTER et al. 2003: 124) Die Auswahl der Zielarten ist ein planerischer Prozess und lässt sich wissenschaftlich nicht begründen, ermöglicht aber ein objektives Vorgehen in der Planung (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 67). Mit Zielarten können dann aber mit wissenschaftlichen Methoden die Qualität von Schutzmaßnahmen bewertet werden und Empfehlungen zur Nachbesserung gegeben werden. Somit ist das Zielartenkonzept ein Instrument für das Monitoring im Naturschutz (HOVESTADT et al. 1991: 183).

Der Begriff „Zielarten“ ist von den ökologisch geprägten Begriffen Indikator- bzw. Zeigerarten zu trennen, welche bestimmte Gebietseigenschaften oder Umweltzustände anzeigen. Im Folgenden sind die Begriffs-Standards nach PLACHTER et al. (2003) aufgeführt. Zur weiteren Begriffsklärung siehe auch KRATOCHWIL und SCHWABE (2001), MEYER-CORDS und BOYE (1999) und FLADE (1995).

Begriffs-Standard: Bioindikatoren, Indikatorart
(SCHUBERT 1991 in PLACHTER et al. 2003: 120)

„Bioindikatoren sind (...) Organismen oder Organismengemeinschaften, deren Lebensfunktion sich mit bestimmten Umweltfaktoren so eng korrelieren lassen, dass sie als Zeiger dafür verwendet werden können“

Begriffs-Standard: Zeigerarten
(PLACHTER 1991 in PLACHTER et al. 2003: 122)

“Arten, die insbesondere im Rahmen der Gebietscharakterisierung und –bewertung relativ komplexe Eigenschaften von Ökosystemen anzeigen. Zwischen den Arten und den indizierten Umweltfaktoren bestehen weniger enge Korrelationen und kausale Zusammenhänge können hier nur sehr viel schwerer aufgeklärt werden als z.B. bei der Bioindikation von stofflichen Umweltbelastungen“

Begriffs-Standard: Zielart
(PLACHTER et al. 2003: 124)

„Zielarten sind planerisch ausgewählte Arten, die das prioritäre Ziel von Schutz-, Pflege- oder Entwicklungsmaßnahmen darstellen. Die Maßnahmen werden vorrangig auf ihre artspezifischen Lebensraumsprüche ausgerichtet.“

Der Ansatz des Zielartenkonzeptes in Abb. 1-2 zeigt die Stellung zwischen Planung und Ökosystemforschung. In einem iterativen Verfahren werden über die Auswahl von Artengruppen repräsentative Zielarten ausgewählt. Die Auswahl der Zielarten erfolgt nach festgelegten Kriterien, die offen zu legen sind (RECK 2004, MÜHLENBERG und SLOWIK 1997). Als räumliches Bezugssystem ist die naturräumliche Gliederung sinnvoll, da sie die Standortfaktoren sowie die kulturhistorischen Gegebenheiten berücksichtigt. MÜHLENBERG

und SLOWIK stellen einen Kriterienkatalog für die Auswahl von Zielarten vor, welcher zum einen den Gefährdungsgrad der Arten und der Lebensräume berücksichtigt. Zum anderen spielt das Vorkommen der Art in seiner Geographischen und Regionalen Verbreitung eine Rolle, wobei die Art für die methodische Bearbeitung nicht zu selten und eine reelle Chance der Populationssicherung gegeben sein sollte. Weitere Kriterien sind die Schlüssel-funktion für andere Arten und die Popularität (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 66).

Planung	Reale Vorkommen	Gesamte örtliche Tier- und Pflanzenwelt	
		Reduktion zur Bestandsbeurteilung	
	Bestandsaufnahme	Biotoptypen und Auswahl von Artengruppen	↓
		Reduktion zur planerischen Umsetzung	
	Planung	Auswahl von Zielarten	↓
Erfolgskontrolle und Biomonitoring	Erfolgskontrolle	Auswahl von Zielarten	↑
	Ökologische Beweissicherung	Auswahl von Artengruppen	↑
	Ökosystemforschung	Analyse funktionaler Beziehungen	

Abb. 1-2: Prinzip Zielartenkonzept (RECK 2004: 312, verändert)

In dem Zielartenkonzept Baden-Württemberg, welches bislang die umfassendste Anwendung in Deutschland ist, wurden in drei Zielgruppen unterschieden, Zielarten ausgewählt. (RECK 2004: 311, WALTER et al. 1998). Auf Grund der unterschiedlichen Ansprüche dieser Arten wird ein weites Spektrum von Habitaten abgedeckt, von dem wiederum verschiedene Anspruchstypen profitieren (RECK 2004: 326). Aufgrund der mangelnden Repräsentanz sind Zielartenansätze mit einer oder wenigen Arten als kritisch zu bewerten. Nach BAUMANN (1999) sind Ein-Arten-Ansätze zum scheitern verurteilt, während andere Autoren fordern, dass diese wenigen Zielarten im Sinne des biozönotischen Ansatzes wenigstens die gesamte Lebensgemeinschaft vertreten sollen (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 67; RECK 2004: 324).

Inwieweit einzelne Arten andere Arten repräsentieren, ist schwer zu erfassen. Mit statistischen Methoden wie der multivariaten Ordinationsanalyse können Artengemeinschaften ausgewertet werden. Für das Zielartenkonzept Baden-Württemberg wurden solche Auswertungen zur Validierung des Ansatzes durchgeführt (JOß 2006b). Über die Analyse, wie häufig Vorkommen mit denen anderer Arten korrelieren, wird auch versucht, Zielarten

zu ermitteln (RECK 2004: 324). Mit der Orientierung an den Ansprüchen der ausgewählten Zielarten führte die Anwendung des Zielartenkonzeptes auch zu neuen Kriterien in der Habitatbewertung, in denen „Fragen nach der Habitatgröße und spezifischen Habitatqualität, der Populationsgröße und der Entfernung zur nächstgelegenen Population entscheidend“ sind (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 68). Für den überörtlichen Biotopverbund eignen sich Zielarten, um Raumansprüche bzw. die Raumfunktionen darzustellen, stellen damit aber nur eine Teilmenge der für die Naturschutzplanung relevanten Arten dar (RECK 2007: 4). Nach BURKARD et al. sind „Zielarten für Biotopverbund Arten, die in besonderer Weise auf die Wiederherstellung von räumlichen und funktionalen Beziehungen in der Landschaft angewiesen sind.“ (BURKHARD 2003: 59) Während für Säugetiere und Reptilien und Amphibien gute Kenntnisse über die Wanderungsbewegungen vorliegen, ist es bei den Wirbellosen schwieriger, die räumlichen Ansprüche zu quantifizieren. Die Zielarten für den Biotopverbund helfen bei der Auswahl der zu verbindenden Kerngebiete und bei der Identifikation und Sicherung der Funktion von Verbindungsflächen.

1.4 Argumentationsebenen im Naturschutz

Je nach Datengrundlage und Zielsetzung wird im Naturschutz auf unterschiedlichen Maßstabsebenen gearbeitet. In Tab. 1-1 sind die unterschiedlichen Argumentationsebenen für den Naturschutz dargestellt, welche unterschiedlichen räumlichen Maßstäbe entsprechen (HENLE und MÜHLENBERG 1996: 120; MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 76).

In der höchsten Ebene werden unter Berücksichtigung verschiedener Klimabereiche und Vegetationsformen die schutzbedürftigen Habitate identifiziert, für welche in der nächsten Stufe Artenlisten erstellt werden. Auf der regionalen Ebene geht es um Korrelation zwischen einigen Arten und bestimmten Habitatmerkmalen. Die Habitatflächen und lokalen Populationen können im regionalen Maßstab miteinander in Verbindung stehen. Auf der niedrigsten Ebene, dem lokalen Maßstab, kann die Habitatwahl der Arten im Detail untersucht werden und Aussagen über die Überlebenswahrscheinlichkeiten der Populationen getroffen werden.

Ebene	Argumentationsbasis	Mögliche Aussagen	Bemerkung
1. Ebene ↓	Vegetationskarten, Biotopkartierungen	Identifizierung von schutzwürdigen Lebensräumen	Keine Aussagen über Arten möglich
2. Ebene ↓	Artenlisten	Identifizierung von Flächen mit schutzwürdigen Arten	Aussagen über Vorkommen der Arten, ohne Begründungen
3. Ebene ↓	Biologie einzelner Arten	Spezielle Schutzmaßnahmen einzelner Ressourcen	Untersuchung der Art-Umwelt- Beziehung; Aussagen zur Habitatqualität für die Arten
4. Ebene	Überlebenswahrscheinlichkeit von Populationen ausgewählter Arten	Optimale Ausstattung und räumliche Konfiguration von Lebensräumen für ausgewählte Arten	Quantifizierung der Habitatansprüche

Tab. 1-1: Argumentationsebenen im Naturschutz
(nach HENLE und MÜHLENBERG 1996: 120, vereinfacht)

1.5 Theoretischer Hintergrund, Modelle und Ansätze

1.5.1 Fragmentierung

Der Begriff Fragmentierung wird im Zusammenhang mit Habitaten unterschiedlich verwendet (FAHRIG 2003: 488). Er bezeichnet nach WILCOVE einen Prozess, in dem „ein großflächiges Habitat in eine Anzahl kleinerer Patches transformiert wird, wobei die Gesamtfläche des Habitates abnimmt und die Patches voneinander durch eine vom ursprünglichen Habitat verschiedene Matrix isoliert werden.“ (WILCOVE in FAHRIG 2003: 490). Habitatfragmentierung ist ein Prozess, der auf der Landschaftsebene stattfindet und vom geographischen Maßstab abhängig ist (FAHRIG 2003: 490; MCGARIGAL und MARKS: 1994; MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 126).

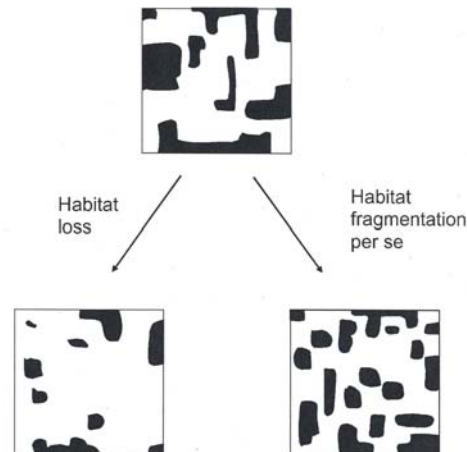


Abb. 1-3: Habitatverlust und Habitatfragmentierung (FAHRIG 2003: 496)

FAHRIG (2003) hebt hervor, dass Fragmentierung und Habitatverlust nicht gleichbedeutend sind (s. Abb. 1-3). Die Fragmentierung der Landschaft führt zu folgenden Veränderungen in den Habitatstrukturen: (a) Abnahme der Habitatverfügbarkeit (b) Zunahme der Anzahl der Habitatpatches (c) Abnahme der Größe der Habitatflächen (d) Zunahme der Isolation der Habitatpatches. Die Isolation eines Patches ist ein Maß für fehlende Habitate in der umgebenden Landschaft eines Patches.

Aus ökologischer Sicht ist die Fragmentierung der Landschaft ein relativer Begriff, der für jede Tier- und Pflanzenart anders zu bewerten ist, da die Absolutheit der Grenzen zwischen den Habitaten und die Lebensfeindlichkeit der Matrix für jede Art unterschiedlich ist (WIENS 1997: 101). Für die Folgen der Fragmentierung spielen die Zeit seit der Isolation, die Entfernung zwischen den bewohnten Habitatinseln und der Grad ihrer Verbundenheit in der Landschaft eine wichtige Rolle (MÜHLENBERG und SLOWIK 1997: 129).

KENDI et al. (2001: 82 f.) unterscheiden bei den Auswirkungen der Fragmentierung zwischen Prozessen, die im Bereich innerhalb eines Fragments wirken (within-fragment spatial scale) und Prozessen, die zwischen den Fragmenten wirken (between-fragment spatial scale). Innerhalb der Patches erhöht die Isolation die Gefahr des lokalen Aussterbens, da die Populationen im Vergleich zu Populationen in nicht fragmentierten Landschaften kleiner sind. Die Randeinflüsse (edge effects) machen sich in kleineren Fragmenten stärker bemerkbar. Insbesondere bei Wäldern, die sich unter naturnahen Bedingungen durch eine starke Differenzierung in unterschiedliche Ökotope auszeichnen, wirkt sich die Fragmentierung durch physikalische Veränderungen der Randzonen negativ aus. Zwischen den Patches ist der Austausch (dispersal) der entscheidende Prozess, der auf die Überlebenswahrscheinlichkeit von Arten Einfluss nimmt. Mit der Theorie der Metapopulationen ist die Bedeutung der Ausbreitung und dynamischen Prozesse für Überlebenswahrschein-

lichkeit der Arten stärker ins Bewusstsein gerückt. Die Landschaftsmatrix beeinflusst die Austauschprozesse zwischen den Habitaten, indem sie die Kolonisationsraten verändern kann, aber auch dadurch, dass sie insbesondere für Generalisten alternative Lebensräume zur Verfügung stellen kann. Eine weitergehende Darstellung dynamischer Aspekte in fragmentierten Landschaften findet sich bei KENDI et. al. 2001.

Empirische Untersuchungen zur Fragmentierung belegen, dass in kleinen Resthabitaten ein stärkerer Artenrückgang stattfindet als in großen Habitaten (HENLE und MÜHLENBERG 1996: 115; FAHRIG 2003: 487) und dass der Flächenanspruch von Individuen einer Art stark in Abhängigkeit von der Habitatqualität variiert. (HENLE und MÜHLENBERG 1996: 115). Kleine Populationen sind theoretisch aufgrund demographischer und genetischer Prozesse und der Umweltstochastizität stärker gefährdet als große Populationen (FAHRIG 1985; HENLE et al. 1996: 374). Für den Nachweis, dass die genetische Diversität einer Population und die Gefährdung einer Art kausal zusammenhängen, sind weitere Untersuchungen zur Reproduktion, Fitness und genetischer Variabilität in Populationen unterschiedlicher Größe notwendig (HENLE et al. 1996: 376). In dem Forschungsverbund FIFB wurden die Auswirkungen der Fragmentierung der Landschaft auf das Überleben von Arten am Beispiel von Trockenrasen untersucht. Bei der Auswahl der zu untersuchenden Arten wurden verschiedene Arten aus Artengruppen unterschiedlichster ökologischer Ansprüche berücksichtigt. Die Ergebnisse zeigen, dass viele der Trockenrasenarten eine große Ausbreitungsfähigkeit haben und als Metapopulationen strukturiert sind. Diese Arten reagierten tendenziell sensibler auf Änderungen in der Habitatqualität als auf Isolation oder kleine Habitatgröße per se (HENLE et al. 1996: 378). Die negativen Auswirkungen der Fragmentierung hängen nach HENLE und MÜHLENBERG (1996) von dem Isolationsgrad, der Größe und der Qualität der Resthabitate ab. Nach FAHRIG ist der negative Einfluss hauptsächlich auf den Verlust der Habitatfläche zurückzuführen, während die Auswirkungen der Habitatfragmentierung per se wesentlich schwächer sind und positiv oder negativ sein können (FAHRIG 2003: 487).

KENDI et al. (2001: 90 ff.) formulieren als prioritären Forschungsbedarf die Einschätzung der relativen Bedeutung der Auswirkungen innerhalb der Fragmente im Verhältnis zu den Auswirkungen zwischen den Fragmenten. Für lokale Populationen stellt sich die Frage nach der Bedeutung der Einflussfaktoren Habitatqualität und Populationsgröße. Für Metapopulationen sollte untersucht werden, inwieweit der Maßstab, in dem die Populationen einer bestimmten Art räumlich strukturiert sind, in Zusammenhang steht mit der räumlichen Dimension, in welcher die Landschaft fragmentiert ist.

1.5.2 Inselbiogeographie, Metapopulationskonzept und Biotopverbund

1.5.2.1 Inselbiogeographie

Theoretischer Hintergrund

Nach MACARTHUR und WILSON (1971) ist Ziel der Entwicklung dieser Theorie der Biogeographie, die Vielzahl von Fakten durch eine Theorie zu ersetzen. Dabei weist eine Theorie auf mögliche Faktoren und Beziehungen in der realen Welt hin. Eine Theoriebildung erfordert nach WIENS (1995) eine Vereinfachung der Realität, mit der ein Grundverständnis der Abläufe erlangt werden kann, die es ermöglichen, verlässliche Vorhersagen zu treffen. Die meisten ökologischen Theorien beinhalten Annahmen über kausale Zusammenhänge. Wenn ein in der Natur beobachtetes Muster einer Theorie zugeordnet werden kann, ist es möglich, eine Erklärung für das Muster und den zugrundeliegenden Prozess zu finden. Um natürliche Phänomene zu verstehen, ist es notwendig, die Theorie zu prüfen, d.h. zu validieren, ob die von der Theorie vorgeschlagene Erklärung richtig ist (WIENS 1995: 3). Eine Theorie wie die Inselbiogeographie regt damit zu neuen Formen empirischer Forschungen an (MACARTHUR UND WILSON 1971: 14). Vor MACARTHUR und WILSON wurden für die Biogeographie kaum quantitative Theorien entwickelt. Der Hauptgrund liegt darin, daß die fundamentalen Vorgänge, nämlich Verbreitung, Invasion, Konkurrenz, Anpassung und Aussterben, zu den am schwersten zu untersuchenden und verstehenden Prozessen in der Biologie gehören (MACARTHUR und WILSON 1971: 11).

Bei der Inseltheorie stehen nicht einzelne Arten, sondern Biozönosen im Vordergrund, und die wichtigste statistische Größe ist die Artenzahl (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 16; SACHTELEBEN 2000). Nach der Inseltheorie besteht eine auffallend regelmäßige Beziehung zwischen der Flächengröße und der Artenvielfalt (MACARTHUR und WILSON 1971: 14). Demnach kann als eine erste Annäherung an die Artenzahl der Inselfauna mit der Gleichung $S = A^c$ ermittelt werden, in der S die Anzahl der Arten eines auf der Insel gegebenen Taxon und A den Flächeninhalt bedeuten. c ist eine Konstante, die unter den Taxa variiert (MACARTHUR und WILSON 1971: 24). Als eine weitere Gesetzmäßigkeit wird das Gleichgewichtsmodell postuliert: die Kurven der Einwanderungsrate fallen und die Kurven der Aussterberate steigen bei Zunahme der Anzahl ansässiger Arten, d.h. es findet ein Artenaustausch (turnover) statt (Abb.1-4 a). Für die Arten-Distanz-Beziehung beschreibt das Modell, dass auf nahen Inseln mehr Arten einwandern als auf entlegenen und dass die Artenzahl auf kleinen Inseln schneller abnehmen als auf großen Inseln. (Abb. 1-4 b). Als dritter Punkt wird in der Inseltheorie mit einer theoretischen Analyse die Bedeutung von Trittsteinen behandelt. Demnach können selbst winzige Inseln den biotischen Austausch erheblich verstärken, vorausgesetzt, sie haben die Fähigkeit, Populationen der Arten überhaupt zu unterhalten. Wenn sie zudem nahe an der Empfänger-Insel liegen, vermögen sie es die Anzahl der einwandernden Arten um ein Vielfaches zu erhöhen (MACARTHUR und WILSON 1971: 145).

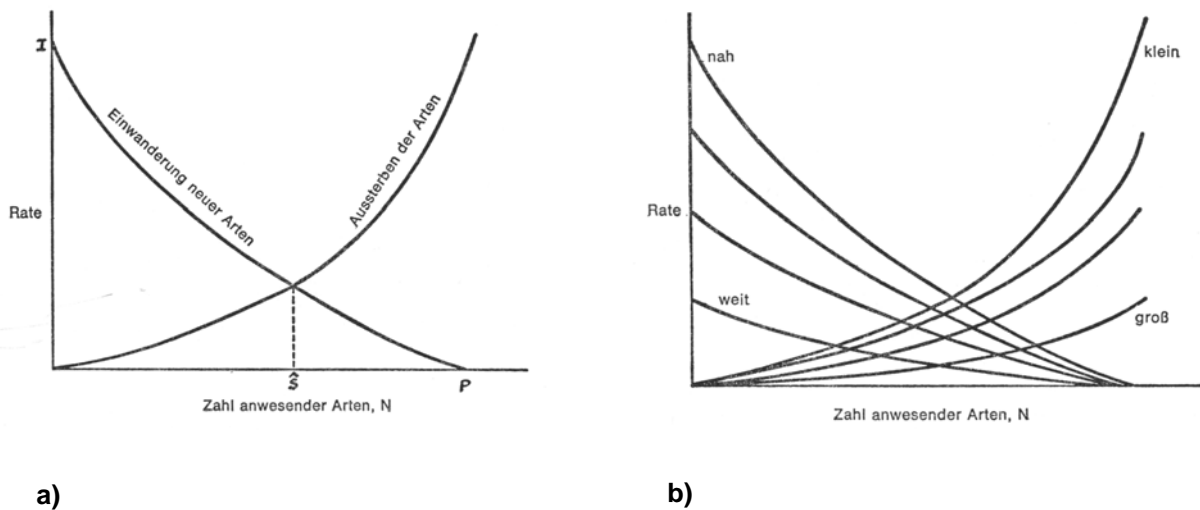


Abb. 1-4: Gleichgewichtsmodell a) einer einzelnen Insel b) mehrerer Inseln (MACARTHUR and WILSON 1971)

MACARTHUR und WILSON entwickelten ihre Theorie auf der Basis von Daten zu den Galapagosinseln und anderen Archipelen, wobei die Prinzipien in geringerem oder größerem Maß für alle natürlichen Habitate gelten, welche in ihrer räumlichen Konfiguration Inseln ähnlich sind. Die Übertragbarkeit der Theorie von den Inseln auf andere Habitate sehen MACARTHUR und WILSON dadurch eingeschränkt, dass bereits auf den Habitat-Inseln ansässige Arten unter einem ständigen Druck durch die Einwanderung weniger gut angepasster Arten aus den umliegenden Habitaten stehen (MACARTHUR und WILSON 1971: 123). HOVESTADT et al. (1991) weisen auf weitere Unterschiede zwischen ozeanischen und anderen Inselhabitaten hin. Bei den nicht-ozeanischen Habitaten können sich die ökologischen Rahmenbedingungen rasch ändern, da sie von der umgebenden Landschaft beeinflusst werden. Die Randeffekte, welche von außen auf die Patches einwirken, spielen bei den nicht-ozeanischen Lebensräumen eine größere Rolle. Bei den terrestrischen Habitaten fehlen zudem häufig die Quellhabitats, aus welchen die Arten einwandern können (HOVESTADT et al. 1991: 86).

Die Bedeutung der Theorie der Inselbiogeographie für den Naturschutz besteht zunächst in der einfachen Erkenntnis, dass auf größeren Flächen mehr Arten vorkommen. Weitere Aspekte sind, dass sensitive Arten leichter aussterben und lokale Populationen auf kleinen Flächen häufiger erlöschen. Daraus kann aber nicht geschlossen werden, dass für alle Arten große Flächen immer von Vorteil sind. Die Frage, ob einzelne große Flächen oder mehrere kleine Flächen für die Arten von Vorteil ist (SLOSS- single large or several small), ist für die einzelnen Arten unterschiedlich zu beantworten (HOVESTADT et al. 1991: 86).

Zur Inseltheorie wurden zahlreiche empirische Untersuchungen durchgeführt. Beispielsweise konnte die Abhängigkeit von der Entfernung zum nächsten besiedelten Patch

und der Größe der neu besiedelten Bereiche u.a. von THOMAS (1995) mit Falterpopulation empirisch bestätigt werden (Abb. 1-5).

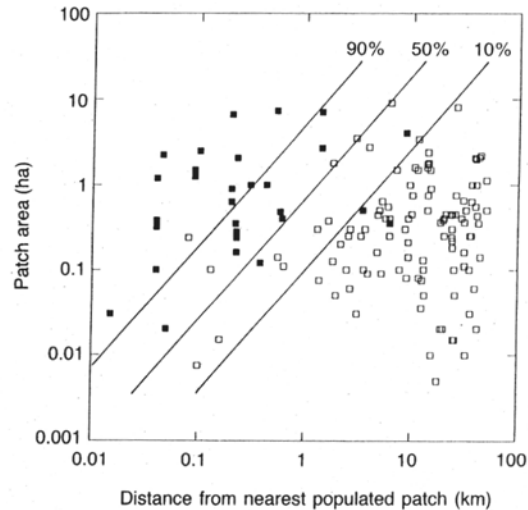


Abb.: 1-5: Kolonisation unbesetzter Habitats durch *Hesperia comma* zwischen 1982 und 1991 in Abhängigkeit von Flächengröße und Isolation. Alle Flächen waren 1982 unbesetzt. gefülltes Rechteck: 1991 besiedelt; leeres Rechteck: 1991 unbesiedelt. (THOMAS 1995: 53)

Die Theorie der Inselbiogeographie war in den späten 80er Jahren zum Paradigma im Naturschutz geworden. Die Inseltheorie besagt mit der Arten-Areal-Beziehung aber nichts über die Chance, mit denen einzelne Arten auf einer Insel fläche erhalten werden können. (JEDICKE 1994: 84) Mit der Verschiebung des Fokus von Artenzahlen auf die Populationen einzelner Arten, an welchen Ökologen wie Genetiker gleichermaßen interessiert waren, gewann die Theorie der Metapopulation an Bedeutung (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 25, WIENS 1997: 94).

1.5.2.2 Metapopulationskonzept

Das Metapopulationskonzept umfasst räumlich mehr oder weniger isoliert und zerstreut verteilte Habitatpatches, in denen dynamische Prozesse wie lokales Aussterben und Wiederbesiedeln, einschließlich temporär unbesetzter Habitats betrachtet werden (OPDAM 1988). Der Begriff „Metapopulation“ wurde von LEVINS im Rahmen von Untersuchungen zur Schädlingsbekämpfung eingeführt. LEVINS stellte für die Dynamik des Aussterbens und Neugründung von lokalen Populationen mathematische Gleichungen auf (LEVINS 1970: 77). Das Metapopulationskonzept wurde dabei eingeführt „as a population of populations which go extinct locally and recolonize.“ (LEVINS 1970: 105). In den „klassi-

schen“ Untersuchungen zur Metapopulation liegt demnach der Schwerpunkt auf den turnover von Populationen. Die lokale Populationsdynamik verläuft im Verhältnis zu der Dynamik der Metapopulation in wesentlich kürzeren Zeitzyklen (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 9). Mit der Formulierung der unterschiedlichen Geschwindigkeit der Dynamiken werden die Ebenen der lokalen von der der meta- Populationen voneinander abgegrenzt.

Die Grundannahme des Metapopulationskonzeptes ist, dass Populationen in Gruppen von lokalen Populationen räumlich strukturiert vorliegen und dass Wanderungen zwischen den lokalen Populationen einen Einfluss auf die lokale Dynamik der Populationen haben (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 6) Demnach überdauert eine Metapopulation in einem stochastischen Gleichgewicht zwischen lokalem Aussterben und Wiederbesiedlung in geeigneten Habitatpatches, wobei ein einzelnes Habitatpatch für das langfristige Überleben der zugehörigen lokalen Population nicht groß genug ist (MOILANEN und HANSKI 1998: 2503). In Abb. 1-6 sind unterschiedliche Abstraktionsebenen des Modells dargestellt.

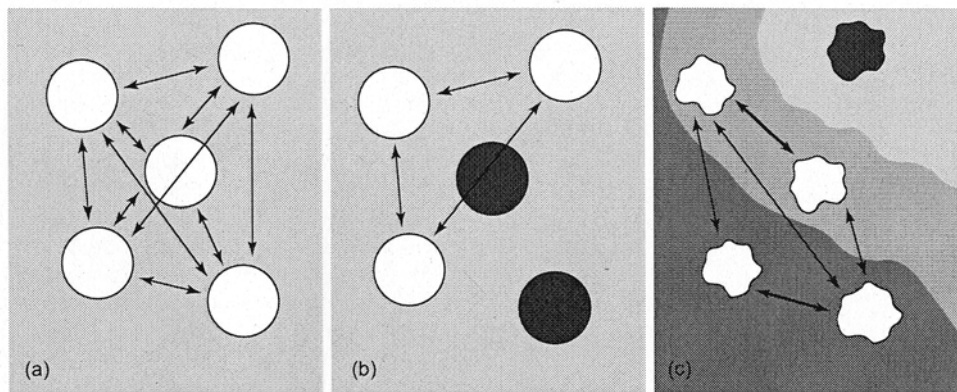


Abb. 1-6: Modelle zum Genfluss in der Landschaft (SORK et al (1999): 220).

- a) Inselmodell nach WRIGHT (1969); Kreise: Populationen; Pfeile: Genfluss
- b) Metapopulationsmodell. dunkle Kreise: Habitate ohne Vorkommen
- c) Landschaftskontextmodell (= räumlich realistisches Metapopulationsmodell). Graustufen der Hintergrundflächen stellen Landschaftsmosaik dar. Stärke der Pfeile steht für die Stärke des Genaustausches.

Mit der Einteilung der Landschaft in geeignete und ungeeignete Habitatpatches und der Bewegung von Individuen zwischen den Habitatpatches stellt das Metapopulationskonzept eine diskrete Modellierung des Raumes dar und verfolgt damit den gleichen räumlichen Ansatz wie die Inseltheorie (s. Kap. 1.5.2.1). Im Gegensatz zu der Inseltheorie liegt aber bei dem Metapopulationskonzept der Schwerpunkt der Betrachtung in der Populationsstruktur einzelner Arten, wobei statistische Größen wie die Anzahl der besetzten Habitatpatches berechnet werden (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 16).

Metapopulationen bei Tagfaltern

Zu der Anwendbarkeit des Metapopulationskonzeptes liegen für die Artengruppe der Schmetterlinge zahlreiche Untersuchungen vor. Für das Vorkommen von *Melitaea cinxia* in Südfinnland belegen umfassende Metapopulationsanalysen, dass das langfristige Überleben der Art auf einer Balance zwischen stochastischer lokaler Extinktion und Rekolonisierung beruht, wobei alle lokalen Populationen für langfristiges Überleben zu klein sind (MOILNANEN und HANSKI, 1998: 2503). Ein längerfristiges Erfassungsprogramm von *Glaucopsyche nautithous* in Deutschland zeigt mit dem Wechsel zwischen Anwesenheit und Abwesenheit auf den Habitatpatches ebenfalls eine Dynamik, die den Vorstellungen einer Metapopulationsverteilung entspricht (SETTELE et al. 1996: 191). THOMAS (1995) untersuchte die Schutzbemühungen von Tagfaltern in Großbritannien vor dem Hintergrund, dass Managementmaßnahmen auf lokaler Ebene das Aussterben einzelner Arten nicht verhindern konnten. Nach THOMAS (1995) existieren in Großbritannien zahlreiche Schmetterlingsarten als Metapopulationen, weisen also gelegentlichen Austausch, Kolonisation- und Aussterbeprozesse auf. Alle lokalen Populationen einer bestimmten Art, die innerhalb der normalen Erreichbarkeit liegen, können als derselben Metapopulation zugehörig betrachtet werden. Dabei kann die Art alle Bereiche auch in mehreren Schritten, d.h. in mehreren Generationen erreichen, auch wenn ein Tier nicht in der Lage ist, weiter entfernte Patches zu erreichen (SETTELE et al. 1996: 192).

Metapopulationen bei Pflanzen

Der Nachweis einer Metapopulationsstruktur bei Pflanzen liegt nur für wenige Arten vor. Beispielsweise konnten TERO et al. (2003) für eine Leimkrautart eine Metapopulationsstruktur belegen. Bei den meisten Pflanzenarten ist es jedoch aufgrund der geringen Kenntnis der Ausbreitungs- und Etablierungsprozesse schwierig nachzuweisen, dass Metapopulationsstrukturen vorliegen, d.h. dass das Aussterben und die Wiederbesiedlung von Standorten für das langfristige Überleben einer Art in einem bestimmten Raum notwendig ist. Trotz der eingeschränkten Nachweisbarkeit von Metapopulationen können einige theoretische Überlegungen angestellt werden, unter welchen Bedingungen Metapopulationsstrukturen bei Pflanzen eher zu erwarten sind. Nach POSCHLOD trifft das Metapopulationskonzept wahrscheinlich nur auf bestimmte Arten und auf eine kleine Zahl von Lebensräumen zu (POSCHLOD 1996: 176). Pflanzenpopulationen stehen über Transport von Diasporen und über Transport von Pollen in Verbindung, wobei der Genfluss via Pollen vor allem bei kleinen Pflanzenpopulationen oft ein entscheidender Faktor für das Überleben ist (OSTERMEIJER et al. 1996; POSCHLOD 1996: 162). Damit ist im Gegensatz zu Tieren bei Pflanzen das „Überleben einer Population nicht immer auf eine Ansiedlung neuer Individuen angewiesen. Genfluss findet in höherem Maße durch Pollentransfer zwischen Populationen statt.“ (POSCHLOD 1996: 176). Je mehr Diasporen produziert werden, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit der (Wieder-)Besiedlung eines geeigneten Standortes. Daher bilden möglicherweise Pflanzen mit hoher Diasporenproduktion eher Metapopulati-

onen aus. Arten, die Metapopulationen aufbauen, dürften deshalb häufiger Merkmale von r- als von K-Strategen besitzen.¹ Eine weitere Besonderheit bei Pflanzen stellen die Samenbanken dar, welche häufig bei r-Strategen ausgebildet sind. Durch Samenbanken überdauern Arten an einem Standort, wodurch das Erkennen von Einwanderungs- oder Aussterbeprozesse erschwert wird. Die Möglichkeit der Neugründung von Populationen ist auf Störfaktoren oder auf kleine Habitate, in denen stochastische Prozesse zum Aussterben von Populationen führen können, angewiesen. Demnach sind Metapopulationen eher in Lebensräumen zu erwarten, die einem dauernden Wandel unterworfen und die immer wieder auf Besiedlung von außen angewiesen sind (POSCHLOD 1996: 162).

1.5.2.3 Biotopverbund

Vor dem Hintergrund der zunehmenden Fragmentierung der Landschaft mit den zentralen Gefährdungsfaktoren des Verlustes und Zerschneidung von Lebensraumfläche wurde in den 90er Jahren des 20. Jahrhunderts der Biotopverbund verstärkt in den Naturschutz berücksichtigt (JEDICKE 1994). Als regionalplanerisches Konzept wurde der Biotopverbund bereits 1977 im Rahmen der Auswertung der Biotopkartierungen von KAULE und JÜRGING formuliert (KAULE und JÜRGING 1977: 8). Mit dem Biotopverbund soll dem Verlust von Ausbreitungsvektoren und der erhöhten Lebensfeindlichkeit in der Fläche durch die intensiven Nutzökosysteme entgegengesteuert werden (BLAB 2004: 534). Der Biotopverbund ist mit der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (FFH-Richtlinie)² auf europäischer Ebene und damit in Deutschland mit den Naturschutzgesetzen auf Bundes- und Länderebene rechtlich vorgeschrieben.

Die Inseltheorie und das Metapopulationskonzept bilden neben dem Mosaik-Zyklus-Konzept (DUELLI 1992) die wesentliche theoretische Grundlage für den Biotopverbund (RECK et al. 2004: 5). Aufgrund der räumlichen Isolation der naturnahen Restflächen durch große Zwischenabstände, zerschneidende Strukturen und eine oft lebensfeindliche Umgebung ist der Austausch von Individuen zwischen verschiedenen Tier- und Pflanzenpopulationen häufig verhindert (RIECKEN et al. 2004: 2). Ziel des Biotopverbundes ist nach JEDICKE „den Kontakt insoweit wieder zu rekonstruieren, dass er die verbliebenen, voneinander isolierten kleinen Teilpopulationen in die Lage versetzt, sich untereinander auszutauschen. Das heißt, Einzelindividuen der einen Population muss es möglich sein, im Zuge üblicher Ortsveränderungen eine andere Population zu erreichen.“ (JEDICKE 1994: 21).

¹ r-Strategen setzen auf eine hohe Reproduktionsrate, während k-Strategen wenige Nachkommen produzieren, die jedoch eine höhere Überlebensfähigkeit haben. „Die Populationsentwicklung von k-Strategen ist durch eine langfristige konstante Populationsgröße gekennzeichnet [...]; die Populationsentwicklung von r-Strategen ist durch starke Populationschwankungen gekennzeichnet.“ (Herder-Lexikon der Biologie Bd. 7: 401).

² der vollständige Titel lautet: Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen.

Der im folgenden Absatz definierte Begriff „Biotopverbund“ meint zum einen den räumlichen Kontakt zwischen Lebensräumen und beschreibt den physisch-geographischen Verbund von Flächen. Zum anderen beinhaltet er auch die funktionale Beziehung zwischen pflanzlichen und/oder tierischen Organismen. Da der Biotopverbund räumliche und funktionale Kohärenz anstrebt, ist er nach BLAB „insbesondere (auch) funktional definiert.“ (BLAB 2004: 534). Auch KAULE und JÜRGING forderten, dass insbesondere auf regionaler Ebene „im „Verbundsystem der Biotope“ ein Austausch zwischen den einzelnen Lebensräumen“ möglich sein muss (KAULE und JÜRGING 1977: 8).

Biotopverbund wird folgendermaßen definiert:

Unter Biotopverbund soll die Bewahrung, Regeneration oder Wiederherstellung traditioneller und die Entwicklung neuer funktionsfähiger ökologischer Beziehungen in der Landschaft verstanden werden. Diese bestehen oder bestanden sowohl zwischen ganz unterschiedlichen Biotoptypen als auch zwischen Beständen des gleichen Lebensraumtyps. Dabei sind auch Beziehungen zwischen naturnahen Bereichen und Kulturflächen/Wirtschaftsflächen ausdrücklich eingeschlossen (RIECKEN et al. 2004: 4).

JEDICKE (1994) bezeichnet den räumlichen Kontakt als „Verbund“ und grenzt den Begriff von dem funktionalen Beziehungssystem, der „Vernetzung“, ab. (JEDICKE 1994: 84, 31). Im englischen Sprachgebrauch wird für die strukturelle Verbindung zwischen Elementen der Begriff „connectedness“ verwendet, während „connectivity“ die funktionale Beziehung beschreibt. „Connectivity measures the processes by which sub-populations of organisms are interconnected into a functional demographic unit“ (BAUDRY und MERRIAM 1992: 23). Nach SETTELE (1996) ist der Begriff „Biotopverbund“ aus ökologischer Sicht falsch. „Der Biotopverbund ist eine räumliche Konfiguration von Habitaten, die für die entsprechenden Arten in erreichbarer Entfernung liegen“ (SETTELE 1996: 188). Aus ökologischer Sicht müsste die Verbindung von Populationen unter Modifikation der räumlichen Anordnung der Habitate der betreffenden Art als Habitatverbund eigentlich als Populationsverbund bezeichnet werden (SETTELE 1996: 187). In der vorliegenden Arbeit wird im Planungskontext der Begriff „Biotopverbund“ verwendet, während bei der artspezifischen Betrachtungsebene der Begriff „Habitatverbund“ gebraucht wird.

Die Strategie des Biotopverbundes wird kontrovers diskutiert. Mögliche negative Auswirkungen von Biotopverbundsystemen sind beispielsweise die Ausbreitung von Parasiten oder konkurrenzstärkeren Arten (SIMBERLOFF et al. 1992: 498ff). In einzelnen Fällen kann es auch sinnvoll sein, durch Isolation bestehende einzigartige Genotypen zu schützen, indem gerade eine Durchmischung mit anderen Populationen verhindert wird. Neben den theoretischen Überlegungen ist die Praxis der Biotopverbundplanung kritisch zu betrachten. In ihrer Arbeit zu den Auswirkungen von Biotopverbundmaßnahmen auf das Vorkommen von *Maculinea nausithous* stellen GEIBLER-STROBEL et al. fest, dass die als Verbundmaßnahme durchgeführte Pflanzung von Gehölzen zu einer Halbierung der

Individuenzahl geführt hat. In einer Vergleichsgemeinde, welche krautige Saumstrukturen förderte, konnte sich dagegen der Bestand positiv entwickeln (GEIBLER-STROBEL et al. 2000). In der Diskussion um das Für und Wider von Korridoren zwischen gleichartigen Lebensräumen sollte das Konzept des Biotopverbundes nicht grundsätzlich in Frage gestellt werden, auch wenn in Einzelfällen, wie beispielsweise bei stark invasiven Arten, ein Verzicht auf die Vernetzung die bessere Alternative sein kann (VOLG, 2004: 269). Für die Wiederherstellung funktionaler Beziehungen zwischen den Habitaten liefern die ökologischen Theorien teils gegensätzliche Angaben. Beispielsweise spricht in der SLOSS-Debatte (single large or several small) die Inseltheorie für großflächige Schutzgebiete, während nach dem Metapopulationskonzept mehrere Einzelflächen von Vorteil sein können.

Die Planung eines funktionalen Biotopverbundsystems ist nur unter der Berücksichtigung der Ansprüche von Arten möglich. Ein umfassender Biotopverbund, welcher sämtliche Tier- und Pflanzenarten einbezieht, kann nur unter der Berücksichtigung verschiedener räumlicher Ebenen seine Aufgabe erfüllen, da die ökologischen Wechselwirkungen je nach Organismus in ganz unterschiedlichen räumlichen Maßstäben stattfinden (BURKHARDT in FINK et al. 2005: 364). Die räumlichen Ebenen, auf denen der Biotopverbund gesichert bzw. wiederhergestellt werden muss (BLAB 2004: 534), sind in Tab. 1-2 dargestellt.

Ebene	Administrative Einheit	Maßstab
Lokal	Kommunen/Kreise	1 : 2.500 – 1 : 10.000
Regional	Kreise/Bezirke	1 : 10.000 – 1 : 50.000
Überregional/landesweit	Länder	1 : 100.000 – 1 : 500.000
Länderübergreifend/national	Länder/Bund	1 : 500.000 – 1 : 1.000.000
Europäisch	Länder/Bunde/EU/Europarat	1 : 5.000.000

Tab. 1-2: Räumliche Ebenen des Biotopverbundes in Deutschland (RIECKEN et al. 2004: 5)

Die Unterscheidung in Kernflächen, Verbundflächen und Trittsteine, wie sie häufig in der Biotopverbundplanung angewendet wird, ist in Anbetracht der unterschiedlichen ökologischen Anspruchstypen wenig sinnvoll, da „je nach betrachteter Tiergruppe oder Pflanzenart die einzelnen Landschaftsbestandteile eine sehr unterschiedliche Funktion haben“ können (RIECKEN et al. 2004: 5). Die Auswahl der Arten, für welche eine Biotopverbundplanung durchgeführt werden soll, wird diskutiert: Für einen umfassenden Biotopverbund müssen alle Arten des Gesamtlebensraumes berücksichtigt werden (RIECKEN et al. 2004: 9). Andere Autoren schlagen vor, sich an besonders empfindlichen Arten zu orientieren (SETTELE 1996: 188) oder biotoptypische Pflanzen- und Tierarten, die als Leitarten für die charakteristischen Biozönosen fungieren können, auszuwählen (JEDICKE 1994).

Biotopverbundplanungen auf länderübergreifender Ebene

Der Aufbau eines Biotopverbundes ist gesetzlich sowohl auf nationaler Ebene im Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) als auch auf EU-Ebene mit der FFH-Richtlinie verankert. Nach dem BNatSchG ist ein Netz verbundener Biotope zu schaffen, das mindestens 10% der Landesfläche umfasst (§3(1)). Das Ziel des Biotopverbundes nach §3(2) ist funktional definiert, wobei für jedes einzelne Gebiet grundsätzlich eine Eignungsprüfung erforderlich ist. Für die länderübergreifende Ebene wurde ein Arbeitskreis zur Erstellung eines gemeinsamen Katalogs geeigneter Kriterien für die Auswahl und Bilanzierung geeigneter Flächen für den Biotopverbund gegründet (BURKHARDT et al. 2003: 418). In einem mehrstufigen Verfahren zur Gebietsauswahl werden sowohl die vorhandenen Gebiete als auch der Bedarf berücksichtigt. Als Biotopverbundflächen im Sinn der Bilanz nach §3 (1) BNatSchG sollen jedoch nur solche Flächen zählen, die von mindestens regionaler Bedeutung sind (BLAB 2004: 539). Die lokale Biotopvernetzung ist in der Regel ohne Relevanz für den länderübergreifenden Biotopverbund, da höhere Anforderungen an Qualität, Flächengröße und Lage im Raum gestellt werden (BURKHARDT et al. 2003: 418). Für alle maßstäblichen Betrachtungsebenen des Biotopverbundes sollten Zielarten festgelegt werden.

Das Bundesamt für Naturschutz legte auf Basis der Biotopverbundplanungen der Länder und deutschlandweiter Expertenkonzepte im Jahr 2004 eine länderübergreifende Initiativskizze für Lebensraumkorridore vor. Sie ist in Anlehnung an das von dem Europarat erarbeiteten Pan European Ecological Network (PEEN) (KLIJN et al. 2003) erstellt worden. Bei den Lebensraumkorridoren werden Wälder, Feucht- und Trockenlebensräume sowie Küstenlebensräume getrennt dargestellt (RECK et al. 2004). Für die Anspruchstypen ist die Bedeutung der überregionalen Korridore je nach Art ihrer Raumnutzung unterschiedlich (s. Tab. 1-3). Bei den Artengruppen wird zwischen den verschiedenen Wanderungsbewegungen unterschieden. Lebensraumkorridore haben für großräumig wandernde Säugetiere die höchste Bedeutung, während sie beispielsweise für windverbreitete Pflanzenarten keine entscheidende Rolle spielen. Die Methoden für die Ermittlung der national bedeutsamen Flächen für den Biotopverbund wurde weiterentwickelt und die Flächenkulisse aktualisiert (FUCHS et al. 2007).

Artengruppe / Anspruchstyp	t-range	mig-r	dis-r	Fkt.
Große Säuger mit großräumigen Wanderbewegungen	0	++	++	+++
Große und mittelgroße, wenig migrierende Säuger	0	+	++	+++
Baumbewohnende Kleinsäuger	0	-	+++	+
Bodenlebende Kleinsäuger	0	-	+++	+
Vögel / Fledermäuse	00	++	+	++
Amphibien / Reptilien	00	000	+++	-
Flugunfähige Wirbellose, die sich aktiv ausbreiten (z.B. Laufkäfer)	00	00	+++	-
Flugfähige I., aktive Ausbreitung, Kfz schlecht ausweichend (Tagfalter)	00	00	+++	-
Flugf. Insekten, aktive Ausbreitung, Kfz gut ausweichend (Bienen)	00	00	++	-
Wirbellose mit passiver (anemochor) oder geringer Ausbreitungsfähigk.	0	-	+	-
Wirbellose mit passiver (zoochor) oder geringer Ausbreitungsfähigkeit	0	-	+++	-
Pflanzen mit überwiegend anemochorer Ausbreitung	-	-	+	-
Pflanzen mit überwiegend zoochorer Ausbreitung	-	-	+++	-
Pflanzen mit überwiegend hydrochorer Ausbreitung	-	-	++	-

trivial range	/ Erhaltung von Aktionsräumen (Indiv., Gruppen, Lokalpopul.)	+++	hoch,
migration range	/ Erhaltung von Migrationswegen	++	mittel,
dispersal range	/ Erhaltung der Möglichkeiten für Dispersal, inkl. Austausch von Individuen zwischen Teilpopulationen von Metapopul.	+ / L	gering,
Fkt.	/ Erhaltung der Vektor- und Habitatbildungsfunktion	-	keine Bed.
		0	lokale Optimierung durch Erhöhen der Heterogenität

Tab. 1-3: Bedeutung überregionaler Lebensraumkorridore für verschiedene Anspruchstypen (RECK et al. 2004: 18)

Auf der Initiativskizze der Lebensraumkorridore aufbauend wurden für grenzüberschreitende Kerngebiete bzw. Anknüpfungsstellen Biotopverbundachsen erarbeitet. Grundlage für insgesamt 94 nationale Anknüpfungsstellen sind existierende Biotopverbundplanungen und die FFH-Gebietsmeldungen (FINK et al. 2005). In der Schweiz ist das Réseau écologique national (REN) die Planungsgrundlage für das ökologische Netzwerk auf nationaler Ebene (BERTHOUD et al. 2004). Für das REN wurden Daten aus wissenschaftlichen und statistischen Quellen überlagert und mit einem mathematischen Modell Flächen, die bereits Vorrangfunktion besitzen, sowie potentiell wertvolle Flächen ausgewiesen. Ähnlich wie bei der Initiativskizze Lebensraumkorridore und den nationalen Anknüpfungsstellen wird zwischen Waldgebieten, Feuchtgebieten, Trockenwiesen und Landwirtschaftsgebieten unterschieden. Die ermittelten Biotopverbundflächen wurden von den Fachstellen der Kantone auf ihre Richtigkeit hin überprüft.

Die nationalen Biotopverbundplanungen ermöglichen eine Orientierung, wie regionale Netzwerke auszurichten sind. Die länderübergreifenden Lebensraumkorridore sollten in einem nächsten Schritt auf der regionalen Planungsebene konkretisiert werden. Auch JEDICKE und MARSCHALL fordern, die Aussagen der Initiativskizze zu den Lebensraumkorridoren auf Landesebene und im Rahmen von Einzelprojekten großmaßstäblich zu verfeinern (JEDICKE und MARSCHALL 2003: 108).

2 Gegenstand der Untersuchung

2.1 Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet bildet großräumig betrachtet den Übergang vom Französisch-Schweizer Jura zum Schwäbisch-Fränkischen Jura und zeichnet sich durch einen hohen Anteil von Trockenstandorten aus. Auswahlkriterium für diese Region waren die nationalen Verbundkonzepte der Schweiz und Deutschland. In Abb. und Tab. 2-1 sind die nationalen Anknüpfungsstellen für den Biotopverbund im Südwesten von Deutschland dargestellt. Das Untersuchungsgebiet umfasst zwei aneinandergrenzende potenzielle Trockenhabitatverbundachsen. Im Schweizer Teil des Untersuchungsgebietes liegen Kandidaten für Smaragd-Gebiete der Trockenstandorte.³ Von beiden Ländern wird ein Verbund von Trockenstandorten über die Landesgrenzen hinweg für naturschutzfachlich sinnvoll erachtet.

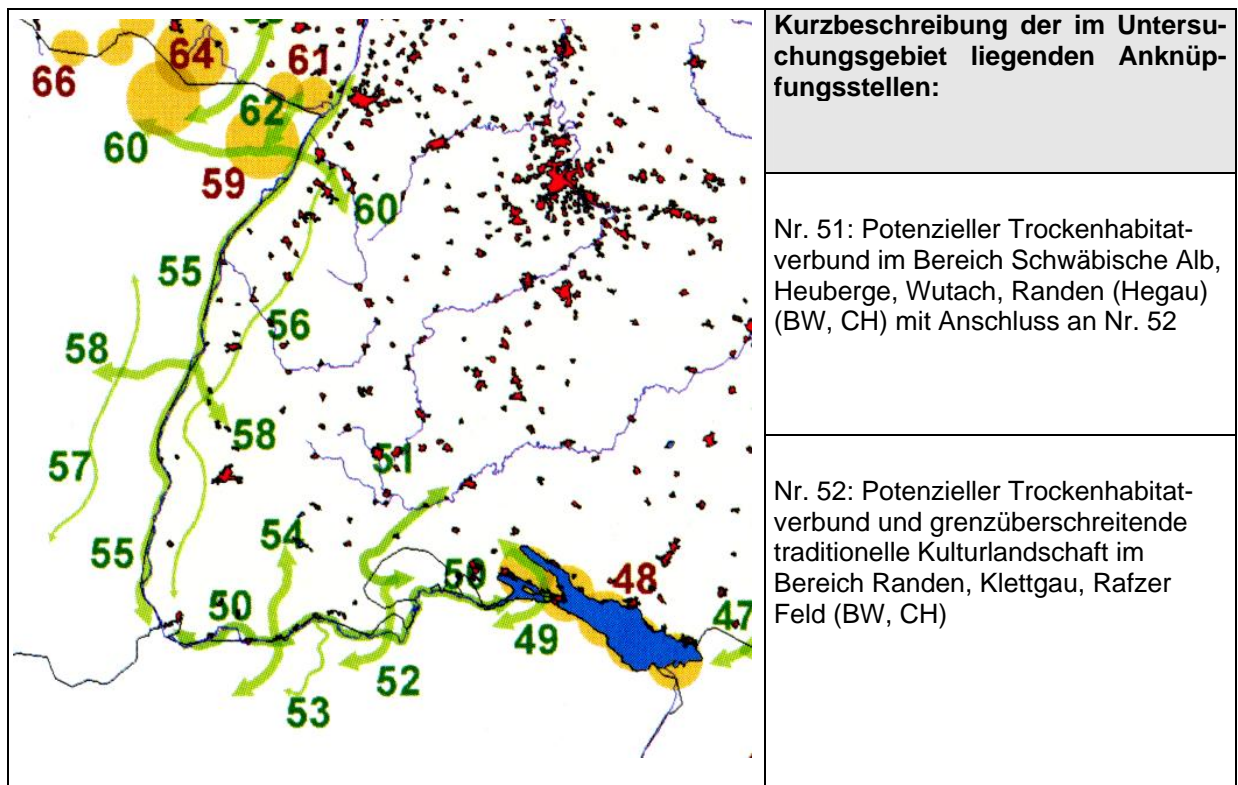


Abb. 2-1 und Tab. 2-1: Nationale Anknüpfungsstellen für den Biotopverbund. Ausschnitt SW-Deutschland. rote Flächen: Siedlungen; gelbe Kreise: grenzüberschreitende Kerngebiete; grüne Pfeile: grenzüberschreitende Biotopverbundkorridore; Nummern: Anknüpfungsstellen (FINK et al. 2005: 367).

³ Smaragdgebiete der Schweiz wurden weitgehend nach Kriterien der FFH-Richtlinie der EU ausgewählt.

2.1.1 Geographische Lage

Das Untersuchungsgebiet liegt in der Deutsch-Schweizer Grenzregion Hegau-Randen-Klettgau. Es erstreckt sich in SW-NO über rund 45 km und hat eine W-O-Ausdehnung von rund 20 km. Es umfasst den nordwestlich von Schaffhausen gelegenen Schweizer Randen und schließt Richtung Nordosten bei Engen an die Ausläufer der Schwäbischen Alb an. Nach Süden wird es durch den Rhein begrenzt.

Geographische Lage des Untersuchungsgebietes

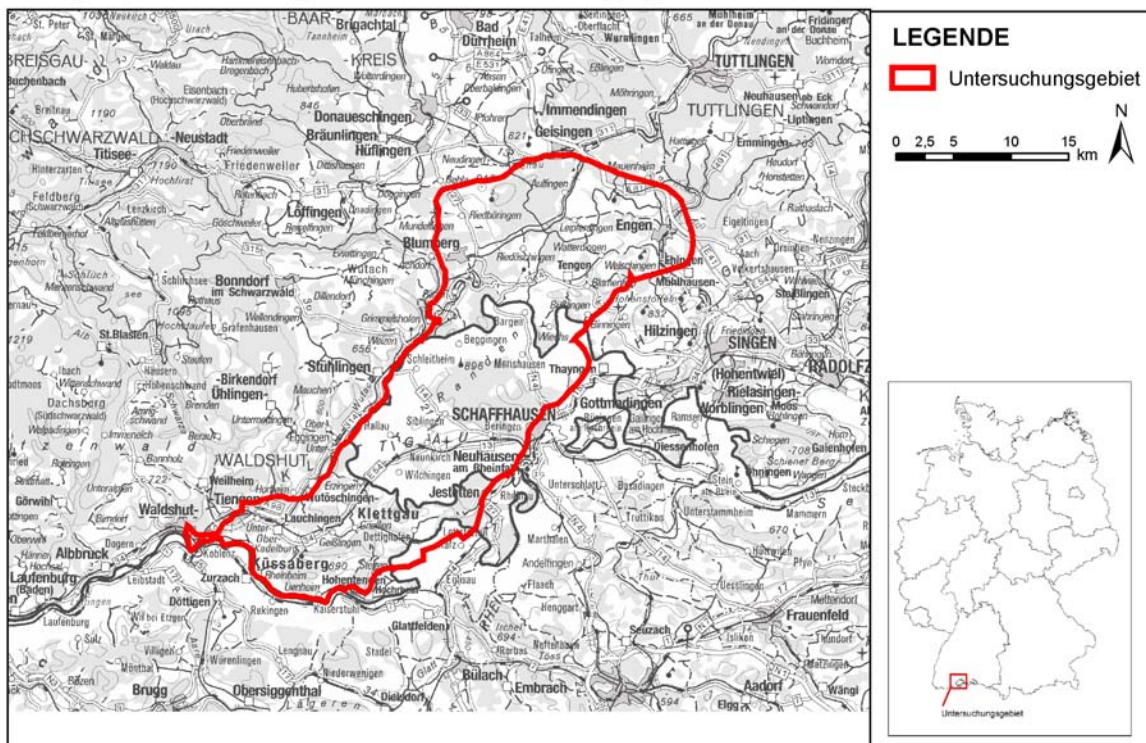


Abb. 2-2: Geographische Lage des Untersuchungsgebietes

Die folgenden Erläuterungen zu den Naturräumen stammen im Wesentlichen aus MEYEN und SCHMITTHÜSEN (1954) sowie BENZING (1964). Die Angaben zur Geologie sind in dem Grundlagenwerk von GEYER und GWINNER (1991) beschrieben. Weitere Erläuterungen zur Geologie des Kantons Schaffhausen finden sich bei HOFMANN (1977).

2.1.2 Naturräumliche Einordnung

Das Untersuchungsgebiet hat Anteile an den naturräumlichen Großlandschaften der Baar- und Hegau-Alb, des Hegaus, des Randens und dem Alb-Wutach-Gebiet (Abb. 2-3).

Der Nordwesten des Untersuchungsgebietes, welcher im Bereich der Baaralb liegt, ist durch weite Tallandschaften geprägt. Mit 918 m NN am Schächer befindet sich hier auch der höchste Punkt des Untersuchungsgebietes. Das südlich anschließende Aitrachtal ist in die bewaldeten Hochflächen 100 bis 200 m tief eingeschnitten. Östlich an die Baaralb schließt sich die Hegualb an. Sie bildet die südliche Abdachung der Schwäbischen Alb zum Hegau hin. Durch die Klimagunst ist der Hegau seit alters Ackerbaugebiet und zählt zum Altsiedelland. Die Hochflächen sind von Erosion angegriffen und bilden Geländeformen mit hoher Reliefenergie. Charakteristisch für die Landschaft der Hegualb und des Hegaus sind die markanten Basaltberge des tertiären Vulkanismus. Der Hegau als Teil des Bodenseebeckens wird von dem Untersuchungsgebiet nur im äußersten Westen kleinräumig angeschnitten. Im Westen setzen sich Hegau und Hegualb gegen den steil ansteigenden Randen ab. Das Alb-Wutach-Gebiet und der Randen sind durch die 3-4 km breite Klettgauer Talung in den Schaffhauser Randen und den Kleinen Randen oder Klettgaurücken gegliedert.

Naturräumliche Gliederung

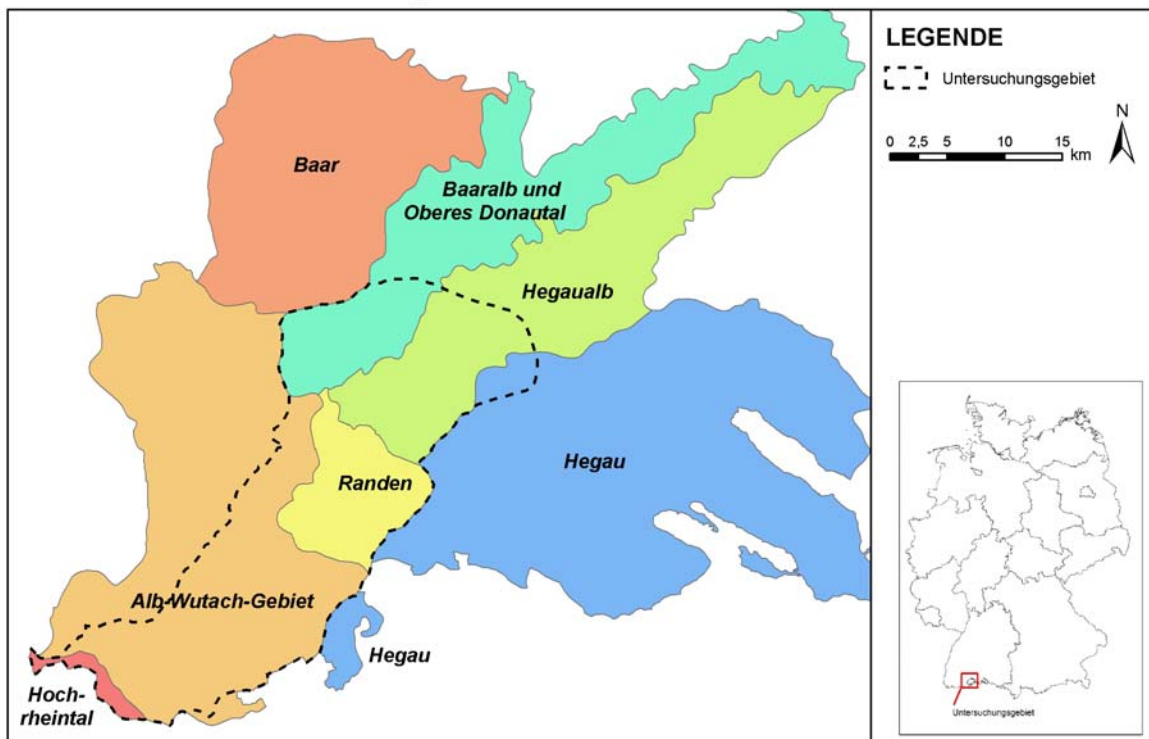


Abb. 2-3: Naturräumliche Gliederung des Untersuchungsgebietes

Geologisch ist der Randen eine herausgehobene Scholle, die im Westteil Höhen von über 900 m NN erreicht und gegen die Wutach an seiner westlichen Traufseite steil abfällt. Das Haupttal bildet die Durach, welche wie auch die anderen Täler tief in den Randen eingeschnitten ist. Richtung O bildet der Reiat mit rund 600 m NN eine etwas niedrigere, kaum zertalte Fortsetzung des Randenplateaus. Der Kleine Randen gehört zu dem Naturraum Alb-Wutach-Gebiet, welches großräumig betrachtet die südlichste Einheit der Gäuplatten darstellt. Der östlich der Wutach gelegene Teil des Alb-Wutach-Gebietes wird als Klettgauer Schichtstufenland bezeichnet. Morphologisch gekennzeichnet ist es durch große Höhenunterschiede auf kleinem Raum und einen kleinräumigen Wechsel des geologischen Untergrundes. Die Klettgauer Talung bildet mit einer Höhenlage von 400 m NN einen Übergang zur Terrassenlandschaft des Hochrheins. An der Küssaburg auf dem kleinen Randen endet im weitesten Sinne die Schichtstufe der Schwäbischen Alb (GEYER und GWINNER 1991: 358).

2.1.3 Klima

Im Untersuchungsgebiet herrscht großräumig ein feucht gemäßigtes Klima mit warmen Sommern vor (Cfb nach Köppen). Durch die Lage im Regenschatten des Schwarzwaldes ist es durch eine relative Niederschlagsarmut geprägt. Der Hegau zeichnet sich zudem durch das Beckenklima mit noch geringeren Niederschlägen aus.

Kontinentalitätskarte

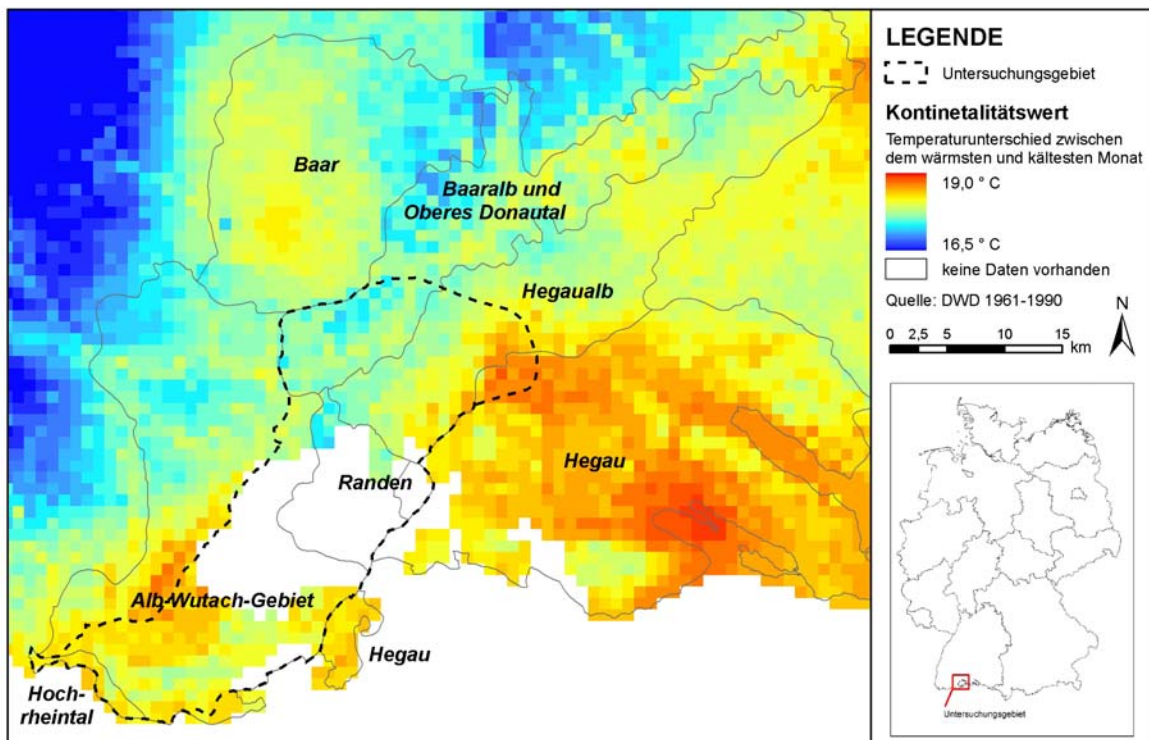


Abb. 2-4: Kontinentalitätskarte. Abgebildet werden die Temperaturunterschiede zwischen dem kältesten und dem wärmsten Monat (Quelle: DWS 1961-1990).

In den breiten Tälern der Baaralb treten regelmäßig Temperaturumkehrungen auf (MEY-NEN und SCHMITTHÜSEN 1954: 156). Die Temperaturverhältnisse im Alb-Wutach-Gebiet sind durch die großen Höhenunterschiede bestimmt und sind im jährlichen Gang ausgeglichener als in der benachbarten Baaralb. Die Wärmegunsträume im Untersuchungsgebiet liegen im Hegau und in Teilen des Klettgaus. Sie sind auf der Kontinentalitätskarte (Abb. 2-4) deutlich gegenüber den kühleren Höhenlagen der Baaralb und des Klettgaurückens abgegrenzt. Stellvertretend für den Klimagradienten im Untersuchungsgebiet sind in Abb. 2-5 die Klimadiagramme von Wutöschingen, Engen und Schaffhausen aufgeführt. Die mittlere jährliche Niederschlagsmenge liegt bei 995 mm im Westen und nimmt auf 809 mm im Osten ab. Der ansteigende Temperaturgradient von N nach S ist bei den ausgewählten Klimastationen von der Höhe über NN überlagert. In dem rund 150 Höhenmeter tiefer und 25 Kilometer südlicher gelegenen Wutöschingen ist die Jahresdurchschnittstemperatur um 0,5 Grad Celsius höher als in Engen.

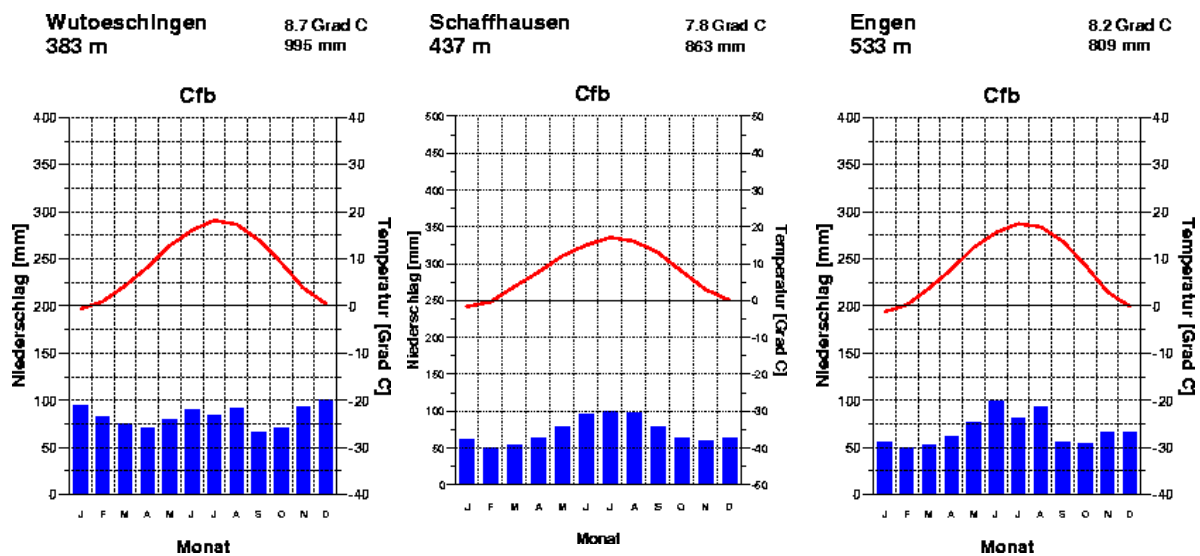


Abb. 2-5: Klimadiagramme von Stationen im Untersuchungsgebiet
Quelle: <http://www.klimadiagramme.de>

2.1.4 Geologischer Aufbau und Böden

Großräumig betrachtet liegt das Untersuchungsgebiet in dem Bogen der anstehenden Jura-gesteine, der sich vom Französischen über den Schweizer hin zum Schwäbisch-Fränkischen Jura erstreckt. Im Untersuchungsgebiet überwiegen die Gesteinsschichten des aus gebankten Folgen von Mergel- und Kalksteinkomplexen aufgebauten Weißen Jura, welche stellenweise von tertiären und quartären Schichten überlagert sind.

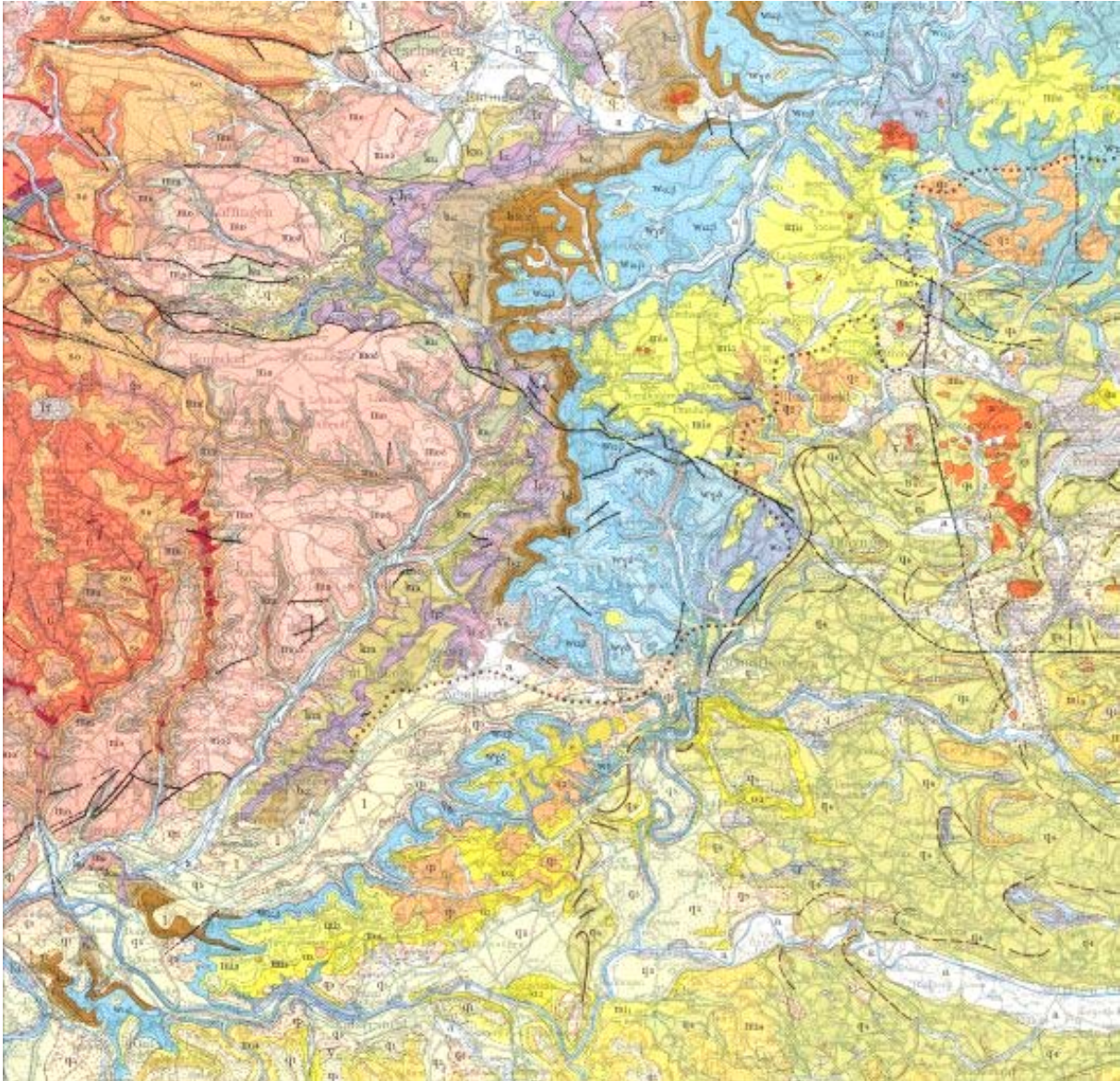


Abb. 2-6: Ausschnitt aus der geologischen Übersichtskarte 1:200 000.
blau: Weißjura; braun: Braunjura; hellgelb: Tertiär; blassgelb: Quartär; blassrot: Muschelkalk; dunkelrot: Eruptivgesteine

Eine detaillierte Betrachtung der Geologie zeigt, dass der weiße Jura südlich der Donau unter die Molasse abtaucht. Daher sind im Hegau tertiäre Sedimente wie die obere Süßwassermolasse und die Konglomeratschichten der Juranagelfluh weit verbreitet. Schotter und Moränen des Riß- und Würm-Glazials überdecken vom Süden her große Gebiete. Tektonisch liegt der Hegau in einer Störungszone mit herzynisch streichenden Brüchen. Im SSW ist das Plateau des Randens entlang der „Randensprünge“ herausgehoben. Der Randen gehört geologisch zu der Weißjura-Tafel der Schwäbischen Alb. Seine Gesteine gleichen den Ausbildungen der Westalb und des Hegaus. Molasse-Sedimente sind im Randen nur in geringer Verbreitung vorhanden. Ebenso fehlen größere pleistozäne Ablagerungen, da weder Riß- noch Würmgletscher den Randen überdeckten (GEYER und GWINNER 1991: 356). An der Westseite bildet der Randen eine markante Weißjura- β -Schichtstufe über dem Wutachtal. Die

im W des Wutachtals gelegenen Muschelkalk-Hochflächen liegen außerhalb des Untersuchungsgebietes. Der obere Muschelkalk sowie Schichten des Keupers, des Schwarzen und Braunen Juras treten lediglich kleinräumig am Hallauer Rücken zu Tage. Die Klettgauer Talung ist eine pleistozäne Schmelzwasserrinne, die im Würm-Glazial angelegt wurde. Weitere kleine Schmelzwasserrinnen wie das Wangental und Schwarzbachtal durchziehen ebenfalls in W-O Richtung das Juramassiv. Der Kleine Randen wird von Jura- und Molassegesteinen aufgebaut. Die Weißjura-Schichtstufe am Nordabfall ist steil ausgeprägt, während sich der Südhang sanft zum Rhein absenkt. Im Hochrheintal sind die würmeiszeitlichen Schotterebenen durch den Rhein in Hoch- und Niederterrassen gegliedert.

Gemäß dem geologischen Untergrund sind die Böden im Untersuchungsgebiet sehr heterogen ausgeprägt. Im Hegau, der Hegau- und Baar-Alb herrschen Podsole und Gleyböden mit unterschiedlichen Anteilen an Tonen, Sanden und Lehm vor. Auf den anstehenden Malm-schichten des Jura sind in exponierten Lagen flachgründige Rendzinen ausgebildet. In weniger geneigtem Gelände tritt eine Bodenentwicklung hin zu Podsolen auf kalkigem Untergrund auf. Im Klettgau herrscht ein kleinräumiger Wechsel von Podsolen, Gleyen und Rendzinen.

2.1.5 Vegetationsentwicklung

Das Untersuchungsgebiet ist aus botanischer Sicht besonders interessant, da sich hier in Hinblick auf die nacheiszeitliche Wiederbesiedlung „ein Wanderstrom aus dem Südwesten Europas mit einem solchen aus dem Osten trifft“ (OBERDORFER 1939). Die Vegetationsentwicklung seit der letzten Eiszeit wird stellvertretend für das Untersuchungsgebiet am Beispiel des gut untersuchten Randens dargestellt (ZOLLER 1958). Die Zusammensetzung der Arten ist zunächst durch die Einwanderung kontinentaler Arten im Präboreal gekennzeichnet. In der anschließenden frühen und mittleren Wärmezeit breiteten sich Arten der Eichenmischwälder aus, die in der späten Wärmezeit unter feuchteren und kühleren Bedingungen von der Buchenwaldflora verdrängt wurde. Seit ca. 500 v. Chr. verändert der menschliche Einfluss, zunächst durch Rodung und Nutzung der Wälder die Vegetation erheblich. Die mittelalterlichen Siedlungsgründungen hatten eine starke Auflichtung der Wälder zur Folge. Die heimischen subalpinen, kontinentalen und submediterranen Arten fanden an den neu entstandenen Waldrändern, Hecken und Lesesteinhaufen und auf den mageren Weiden der alten Gemein-deallmenden geeignete Standorte (ZOLLER, 1958: 192). Im 19. Jahrhundert wurde mit der Einführung der Dreifelderwirtschaft der Ackerbau auf den gering rentablen Hochflächen des Randens aufgegeben, und es entstanden lichte Föhrenwälder im Wechsel mit mageren Trockenwiesen, während in der Nähe der Dörfer die Landwirtschaft intensiviert wurde. Die auf den ehemaligen Ackerflächen entstandenen Trockenrasen waren für ein Jahrhundert die typischen Heuwiesen und bedeckten eine große Fläche (KEEL 1995: 23). Seit den 50er Jahren des 20. Jahrhunderts ermöglicht die Motorisierung der Landwirtschaft die Düngung der Trockenwiesen auf den Hochflächen, was zu einem erheblichen Rückgang der charakteristischen Trockenarten geführt hat (ZOLLER 1958: 187). Im Gegensatz zum Randen war im Hegau und der Hegualb die Schafbeweidung weiter verbreitet. In Abb. 2-7 sind die Trieb-

wege zwischen den Sommer- und Winterweidegebieten im Südwestdeutschen Raum dargestellt. Im nördlichen Teil des Untersuchungsgebietes liegt beispielsweise das Pfaffental, durch welches ehemals die Triebwege zwischen der Schwäbischen Alb und den Niederungen am Oberrhein führten. Auch die Ortsbezeichnungen „Allmend“, wie sie beispielsweise bei Küssaburg im Klettgau vorkommen, belegen die ehemalige Nutzung als Weideland.

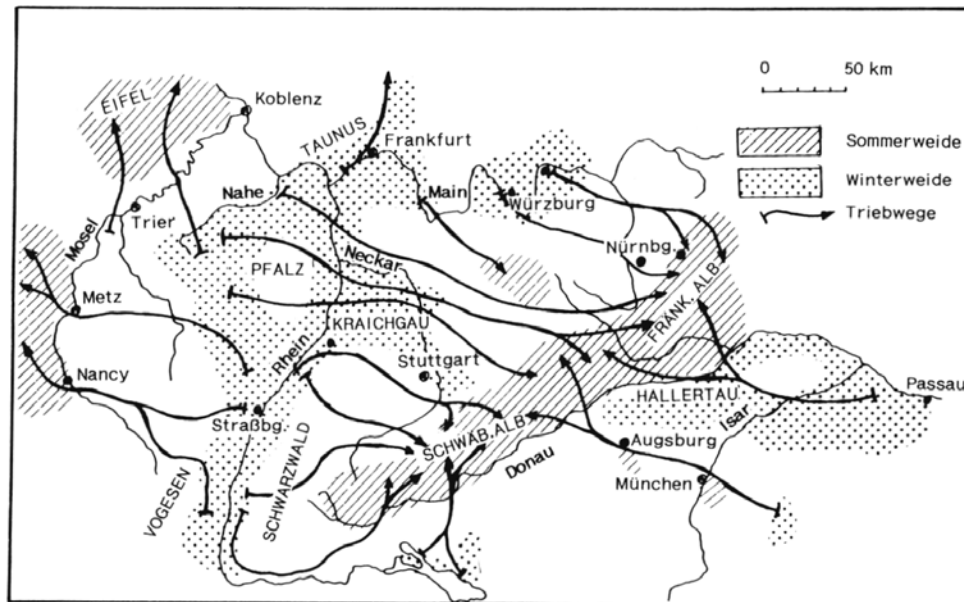


Abb. 2-7: Wanderschäferei in Süddeutschland (JACOBEIT in BEINLICH 1995)

Als Teil der Südwestdeutschen Schichtstufenlandschaft gehört das Untersuchungsgebiet zu den Gebieten Mitteleuropas, welche „besonders reich an wärmebedürftigen und trockenharten Biotopen und Biototypenkomplexe sind“ (POTT 1996: 338). Die potentielle natürliche Vegetation⁴ orientiert sich an den Böden und naturräumlichen Einheiten im Untersuchungsgebiet (WALTER UND THEIS 1992: 3). Auf den kalkreichen Standorten in der Hegaualb dominiert der Waldmeister- bzw. Perlgrasbuchenwald. In dem höher gelegenen Randen mischt sich die Tanne in den Buchenwald ein. In der Baaralb kommen in den Talungen kleinräumig Niedermoorkomplexe vor. Neben den Buchenwäldern sind hier auch die feuchteren Traubenkirschen-Erlen-Eschenwälder verbreitet. Der Klettgau ist durch einen kleinräumigen Wechsel von Waldmeister- bzw. Perlgrasbuchenwälder und Waldlabkraut-Traubeneichen-Hainbuchenwäldern gekennzeichnet. Im Rheintal bilden die wärmeliebenderen Sternmieren-Stieleichen-Hainbuchenwälder die potentielle natürliche Vegetation.

⁴ Die potentielle natürliche Vegetation ist die Vegetation, „die sich von selbst einstellen würde, sobald der Einfluss des Menschen ausbliebe“ (Herder: Lexikon der Biologie, Bd. 6, S. 123)

2.2 Trockenrasen

Im Rahmen der Aufgabenstellen, welche Flächen für den Verbund von Trockenstandorten in Frage kommen, besteht die Notwendigkeit, den Begriff der Trockenrasen relativ weit zu fassen. Da die ehemals nur in echten Trockenrasen vorkommenden Arten aufgrund der Landschaftsentwicklung heute auch in den trockenen Wiesen des Wirtschaftsgrünlandes vorkommen, ist es aus naturschutzfachlicher Sicht sinnvoll, die mageren Wiesen bei den Trockenrasen mit einzubeziehen. Daher sind Gegenstand der vorliegenden Untersuchung die unter dem Begriff „Trockenrasen“ zusammengefassten, trockenen und nährstoffarmen Standorte des Offenlandes. Primäre und sekundäre Halbtrockenrasen werden unter anderem bei WENDELBERGER (1954), ZOLLER (1954), OBERDORFER (1993), WITSCHEL (1980), ELLENBERG (1996) und WILMANNNS (1998) beschrieben. Die Trocken- und Halbtrockenrasen des Schweizer Randen sind mit den Arbeiten von beispielsweise KEHLHOFER (1915), KUMMER (1937-41), ZOLLER (1958) und KEEL (1995) in langer Tradition gut untersucht. Für die übrigen Teile des Untersuchungsgebietes liegen mit WITSCHELS Xerothermvegetation Südbadens und dem von BEINLICH und PLACHTER herausgegebenen Band zu den Kalkmagerrasen der Schwäbischen Alb großräumigere Abhandlungen vor. Hinzu kommen einzelne kleinräumige Arbeiten, wie z.B. BRAUN-BLANQUETS (1931) Schrift zu den Trockenrasen des Hegaus.

Die Trockenrasen im Untersuchungsgebiet sind relativ niederwüchsige und mehr oder weniger lückige Rasen auf flachgründigen, kalkhaltigen und trockenen Böden. Primäre, natürliche Trockenrasen-Biotope sind in Mitteleuropa nur kleinflächig ausgeprägt, während die sekundären Trockenrasen als Ergebnis historischer Bewirtschaftungsweisen früher oftmals landschaftsprägend waren. Dabei nahmen die auf etwas tiefgründigeren Böden vorkommenden Halbtrockenrasen große Bestände der landwirtschaftlichen Flächen ein, während die extrem flachgründigen Volltrockenrasen nirgendwo großflächig vorhanden waren (BEINLICH 1995: 109 ff.). Aufgrund der überwiegend intensiven Nutzung der Landschaft kommen Trockenrasen heute nur noch kleinflächig vor und sind häufig mit Trockensäumen, Gebüsch und lichten Wäldern vergesellschaftet (KAULE 1991: 115). Nach WILMANNNS sind die Halbtrockenrasen „eine eindeutig anthropozoogene Gesellschaft, in ihrer extensiven Nutzung zugleich ein Zeuge früherer Wirtschaftsweise.“ (WILMANNNS 1998: 97). Mit den Herausforderungen ihrer Erhaltung, Entwicklung und Wiederherstellbarkeit sind die Trocken- und Halbtrockenrasen heute eine zentrale Aufgabe des Naturschutzes (POTT 1996: 353). In Abb. 2-8 sind Beispiele der Trockenrasentypen im Untersuchungsgebiet dokumentiert.

In der Roten Liste der Biotoptypen wird der Biotoptyp „Trockenrasen“ wie folgt definiert: „natürlich waldfreie Trockenrasen auf flachgründigen, überwiegend auf Fels oder Felsgrus meist steil südexponierten Hängen mit lückiger Vegetation“ (RIECKEN 2006: 206). Gegenüber den Trockenrasen werden die Halbtrockenrasen als „sekundäres, durch extensive Bewirtschaftung entstandenes trockenes Grünland auf i.d.R. flach- bis mittelgründigen Standorten mit Schwerpunkt an südexponierten Hängen oder auf trockenen Kuppen“ abgegrenzt (RIECKEN 2006: 207). In der vorliegenden Arbeit wird zwischen den Volltrockenrasen (Xerobrometen) und den Halbtrockenrasen (Mesobrometen) jedoch nicht wie in der Roten Liste nach

ihrem primären oder sekundären Vorkommen, sondern nach ökologischen Gesichtspunkten bezüglich ihres Wasserhaushaltes unterschieden (vgl. WILMANN 1998: 197). Der entscheidende Unterschied zwischen primären und sekundären Trockenrasen ist, dass sich die sekundären Trockenrasen nach der Nutzungsaufgabe über Saum- und Gebüschstadien in der Regel zum Wald zurückentwickeln (POTT 1996: 354).



(a) Mosaikkomplex von Trockenstandorten im Bienzental



(b) Reliktföhrenwald Langenhaag



(c) Voll- bis Halbtrockenrasen am Steinbruch bei Zimmerholz



(d) Voll- bis Halbtrockenrasen nordöstlich von Blumberg



(e) Heuwiesen auf dem Randen Mösli



(f) Heuwiesen auf dem Randen Mösli



(g) Reliktföhrenwald mit Versaumung am Billibuck



(h) Mosaikkomplex Föhren-Saum-Wiese am Buchberg

Abb. 2-8: Typen von Trockenrasen im Untersuchungsgebiet

Die Trockenrasen im Untersuchungsgebiet kommen meist auf flachgründigen mit geringer Wasserhaltekapazität ausgestatteten Standorten vor und sind in der Regel warm und sonnenexponiert. Allgemein ist die Xerothermvegetation im temperaten Mitteleuropa auf trocken-warme Standorte beschränkt. Der prägendste Standortfaktor für das Vorkommen von Trockenrasen ist der geologische Untergrund und die sich daraus entwickelnden Böden. Sie bestimmen zusammen mit dem Klima das Vorkommen von Trockengebieten. Hinzu kommt auf lokaler Ebene die geomorphologische Situation, wobei eine südliche Exposition und eine zum Sonneneinstrahlungswinkel günstige Inklination der Hänge das Wachstum der Trockenrasenarten begünstigt (POTT 1996: 353). Charakteristisch für die Trockenstandorte ist, dass sie einen mosaikartigen Vegetationskomplex aus lückigen Grasfluren, Felsdriften, Trockenrasen, thermophilen Saum- und Gebüschgesellschaften und lichten Trockenwäldern bilden (POTT 1996: 337, WITSCHHEL 1980, WENDELSBERGER 1954, KAULE 1991: 90). Einen Überblick über die einzelnen Gesellschaften dieses Vegetationskomplexes ist im oberen Teil der Tab. 2-2 gegeben.

Für den anthropogen nicht beeinflussten Vegetationskomplex an Felsen in der Übergangszone vom Wald zur offenen Vegetation, prägte Gradmann den Begriff „Steppenheide“. (WITSCHHEL 1980: 9). Der Vegetationskomplex der Steppenheide lässt sich in Einzelglieder auflösen, die pflanzensoziologisch gesehen Gesellschaften der Felsfluren, Trockenrasen, Säume, Mäntel und Trockenwälder darstellen. Diese primären Gesellschaften treten aber ebenso auf Sekundärstandorten, d.h. durch den Menschen beeinflussten Standorten, in ähnlicher Kombination auf (WITSCHHEL 1980: 9, KAULE 1991: 90). In Anlehnung an WITSCHHEL (1980: 95 ff.) werden die Gesellschaften im Folgenden kurz beschrieben.

	Gesellschaften	Standort/Böden	Bemerkung
Primär waldfrei:			
Offene Vegetation	Felsfluren	Felsstandorte bis schwach entwickelte Rendzinen	Steppenheidekomplex sensu Gradmann
Säume	Blutstorchschnabelsäume		
Gebüsche	Felsenbirnengebüsche		
	Liguster-Schlehen-Gebüsche		
Trockenwälder	Eichenmischwälder		
	Steppen-Föhrenwälder		
Sekundär waldfrei:			
Halbtrockenrasen Mesobromion- Gesellschaften	Heilwurz-Halbtrockenrasen Seseliето-Libanotidis- Mesobrometum	Unentwickelte Kolluvialböden an Hängen	Assoziationen für schwäbisch- nordschweizerische Fazies des Jura nach Zoller (1954)
	Berg-Leinblatt- Halbtrockenrasen Thesieto-bavari- Mesobrometum	Unentwickelte Rendzinen auf Hochflächen	
	Platterbsen-Halbtrockenrasen Lathyreto-heterophylli- Mesobrometum	Schwach entwickelte Rendzinen auf Hochflächen	
	Salbei-Halbtrockenrasen Salviето-Mesobrometum	Mäßig entwickelte, schwach bis mäßig gedüngte Böden an Hängen	

Tab. 2-2: Überblick über Trockenstandorte und ihre Pflanzengesellschaften im Untersuchungsgebiet

In der Übergangszone vom Trockenwald zum Trockenrasen löst sich der Wald mosaikartig in einzelne Gehölzgruppen und Einzelbäume auf, um welche sich Hochstauden sammeln. Typischer Vertreter im submediterranen Bereich sind die xero-thermophilen Saumgesellschaften mit Blutstorchschnabel (*Geranium sanguineum*). An den gleichen Standorten wie die thermophilen Säume stocken auch Gebüschgesellschaften. Auf extrem flachgründigen und warmen Standorten sind es Felsenbirnengebüsche (*Cotoneastro-Amelanchieretum*), während die Schlehen-Liguster-Gebüsche (*Pruno-Ligustretum*) zu gemäßigeren Standorten überleiten. Ehemals auf die Waldränder beschränkt, kommen heute die Gebüsche und Hecken auch in der offenen Flur vor. Als lichte Trockenwälder kommen Eichenmischwälder (*Lithospermo-Quercetum*) mit Einmischung der Flaumeiche (*Quercus pubescens*) und lichte Föhrenwälder (*Cytiso-Pinetum*) vor. Die Reliktföhrenwälder stellen eine Besonderheit im Untersuchungsgebiet dar. Da sie auf primären Standorten vorkommen, können sie als Zeuge eines früher weiter verbreiteten Vegetationstyps angesehen werden. Da der Großteil des Untersuchungsgebietes von der letzten Eiszeit überdeckt war, stocken die meisten Reliktföhrenwälder auf einst vergletscherten Böden. Die Kiefernbestände und die begleitenden Pflanzenarten sind also in dem Sinne Relikte, dass sie seit ihrer postglazialen Etablierung nicht der Konkurrenz anderer Arten gewichen sind, sondern überdauert haben (vgl. ELLENBERG 1996: 366 ff.).

Die xerothermen Arten sind submediterran-mediterraner oder pontisch-sarmatischer Herkunft und können als Relikte der postglazialen Vegetations- und Landschaftsentwicklung Mitteleuropas gedeutet werden (POTT 1996: 337). Während sie in ihren Herkunftsgebieten in verschiedenen Vegetationsgesellschaften und unter unterschiedlichen Bodenverhältnissen gedeihen, können sie sich im temperaten Klima Mitteleuropas nur auf extremen, trockenwarmen, konkurrenzarmen Standorten behaupten (ZOLLER 1954:150 f.). Da eine Arealerweiterung der meisten wärmeliebenden Pflanzen nicht mehr möglich und der Kontakt zu den submediterranen und subkontinentalen Ausbreitungszentren abgebrochen ist, sind sie zu Relikten geworden (WITSCHHEL 1980: 9).

Den flächenmäßig größten Anteil an der xerothermen Vegetation im Untersuchungsgebiet haben die Halbtrockenrasen (Mesobromion). Pflanzensoziologisch können die Halbtrockenrasen unterschiedlich gruppiert werden. Die Klasse der Festuco-Brometea, welche alle basiphytischen Magerrasen umfasst, gliedert sich in Mitteleuropa nach ihren Arealen in die subkontinentale Ordnung der Festucetalia valesiacea und die submediterrane Ordnung der Brometalia erecti. Die Brometalia sind in Mitteleuropa weit verbreitet, während die Festucetalia nach Westen hin ausklingen. Die Brometalia erecti umfassen die zwei Verbände Xerobromion und Mesobromion (WILLMANN 1998: 192). Aufgrund ihrer unterschiedlichen floristischen Zusammensetzung lassen sich nach BEINLICH innerhalb des Mesobromion-Verbandes das gemähte Mesobrometum (Kalkmagerwiese) und das beweidete Gentiano-Koelerietum (Kalkmagerweide) unterscheiden (BEINLICH 1995: 110). Im regionalen Kontext unterscheidet ZOLLER in seinen Untersuchungen zu den Arten der Bromus-erectus-Wiesen des Schweizer Jura eine schwäbische-nordschweizerische und eine jurassisch-helvetische Fazies. Innerhalb des Verbandes des Mesobromions grenzt er in der schwäbisch-nordschweizerischen Fazies vier Gesellschaften ab (siehe Tab. 2-2). An den unentwickelten Humuskarbonatböden an den steilen, sonnigen Hängen kommt Seselieta Libanotidis-Mesobrometum vor. Auf den Hochflächen an den unentwickelten Rendzinaböden stockt an sonnigen Waldrändern das Thesieto bavari-Mesobrometum, welches bei zunehmender Bodenentwicklung von dem Lathyreto heterophylli-Mesobrometum abgelöst wird. Das Salvieto-Mesobrometum, welches an Standorten mit mäßig entwickelten rendzinoiden Humuskarbonatböden vorkommt, leitet zu den wirtschaftlich intensiver genutzten Grünlandwiesen über (ZOLLER 1954: 26 f.).

Nach WITSCHHEL können in Südbaden die submontan-montane Magerrasen durch die dealpinen Arten *Bupthalmum salicifolium*, *Thesium bavarum*, *Rhinanthus cristatus* und *Phyteuma orbiculare* gut gegen die kollinen Magerrasen differenziert werden (WITSCHHEL 1980: 71). Als mesophilere Trennarten des Mesobromion gegen das Xerobromion sind *Ranunculus bulbosus*, *Knautia arvensis*, *Plantago media*, *Centaurea jacea* geeignet. Für eine Zuordnung zum Xerobromion würde das Auftreten von *Pulsatilla vulgaris*, *Teucrium montanum* und *Globularia elongata* sprechen (WITSCHHEL 1980: 77).

Die floristische Zusammensetzung der Halbtrockenrasen wird hauptsächlich durch die Art der Bewirtschaftung bestimmt, entweder der Beweidung oder Mahd oder einer Kombination der beiden (WITSCHHEL 1980: 65). Während Teile des Hegaus und des Alb-Wutach-Gebietes

im Bereich der traditionellen Wanderschafthaltung liegen (JACOBEIT in BEINLICH 1995: 98), ist für den Randen die Wiesennutzung typisch. Im Kanton Schaffhausen wurde 1937 lediglich 1% der futterbaulichen Fläche als Weideland bewirtschaftet (KUMMER 1937: 81), während die Heuwiesen weite Teile der Hochfläche einnahmen. Der Einfluss der Nutzung auf die floristische Zusammensetzung ist im Gelände häufig erst bei einer längerfristigen Konstanz der Bewirtschaftung zu erwarten. Bei einer ein- oder zweimaligen Mahd werden durch den regelmäßigen Schnitt die hochwüchsigeren Arten gefördert. In den meisten Trockenrasen herrscht dann *Bromus erectus* vor (ELLENBERG 1996: 705). In Untersuchungsgebieten zur Xerothermvegetation Südbadens war der floristische Unterschied zwischen Wiesen und Weiden oft gering, insbesondere weil sich nach Aufgabe der Nutzung die Unterschiede noch mehr verwischen. „Die Art der früheren Bewirtschaftung ließ sich daher in dem Aufnahme-material meist nur vermuten, selten aber klar erkennen“ (WITSCHHEL 1980: 84). Nach den Ergebnissen von Bewirtschaftungsexperimenten in den Halbtrockenrasen des Randens hat die Bewirtschaftung nur einen geringen Einfluss auf die Artenzahlen und das Artenspektrum (LANGENAUER et al. 2000: 39; KEEL 1995). Durch den Wechsel der Bewirtschaftung von der Mahd zur Verbrachung oder umgekehrt sind kurzfristig keine Arten verschwunden. Das Abbrennen hatte kurzfristig starke Auswirkungen auf die Vegetation, aber der Artenrückgang war nicht sehr hoch (KEEL 1995: 133). Weitere Ergebnisse der Untersuchungen zeigen, dass seit Mitte der 50er Jahre (ZOLLER 1954) die Verhältnisse etwas stickstoffreicher sind, wobei es ungeklärt ist, ob dies auf einen vermehrten Stickstoffeintrag aus der Atmosphäre und/oder aus der Landwirtschaft zurückzuführen ist. Zudem hat der Gefährdungsgrad der Arten der regelmäßig, aber spät gemähten, sehr nährstoffarmen und (wechsel-) trockenen Flächen noch stärker zugenommen (KEEL 1995: 132).

Aufgrund der extremen Lebensbedingungen gehören die Magerrasen zu den artenreichsten Lebensgemeinschaften Mitteleuropas (KAULE 1991: 31). Zudem kann die hohe Artenvielfalt der Pflanzen in den Mesobrometen durch die groß- und kleinflächige Vielfalt an Standortbedingungen erklärt werden. Aufgrund der extremen Standortbedingungen ist die Dominanz konkurrenzstarker, hochwüchsiger Arten beschränkt, weshalb viele stressresistente Individuen kleinwüchsiger Arten auszuhalten vermögen (KEEL 1994: 134). Die zahlreichen unterschiedlichen Kleinstandorte, das Wärme- und Strahlungsangebot und die Vielzahl an Wirtspflanzen ist ausschlaggebend für die hohe Artenvielfalt der Tiere. Da die primären Trockenrasen in Mitteleuropa nicht großflächig vorkommen, gibt es auch keine großen Tierarten, die ausschließlich in Trockenrasen existieren. Für zahlreiche Reptilien, Vögel und Kleinsäuger bilden die Trockenstandorte jedoch zumindest Teillebensräume und haben insbesondere über das Nahrungsangebot eine zentrale Bedeutung. Für Insekten spielen Trockenstandorte eine herausragende Rolle. Die Vegetationskomplexe der Trockenstandorte bilden zudem ein Rückzugsgebiet für einige Vogelarten der ehemals strukturreicheren Kulturlandschaft (KAULE 1991: 92, 115).

2.3 Charakterisierung *Zygaena carniolica*

Als eine Zielart für die Analyse des Trockenrasenverbundes wurde *Zygaena carniolica* ausgewählt (s. Kap. 1.3). Von der Familie der Zygaenidae, in der deutschsprachigen Literatur auch als Widderchen oder Blutströpfchen bezeichnet, kommen in Mitteleuropa Arten der Unterfamilien der Grünwidderchen (Procridinae) und der Rotwidderchen (Zygaeninae) vor. Für die Widderchenarten der Trockenrasen wird angenommen, dass sie die Glazialperioden in hoher Artenzahl im Mediterrangebiet und im pannonischen Raum überdauert und anschließend mit Verbesserung des Klimas Mitteleuropa neu besiedelt haben (ALBERTI in WIPKING 1985: 39). Taxonomisch zu den Nachtfaltern gehörend, sind die tagaktiven Rotwidderchen mit der rot-schwarzen Färbung der Imagines und der gelb-schwarzen Färbung der Raupen sehr auffällige Arten. Trotz ihrer geringen Körpergröße von zwei bis drei Zentimetern haben sie ein gutes Flugvermögen (SMOLIS und GERKEN 1987: 103), gelten aber als flugträge und standorttreue Schmetterlinge (HOFMANN 1994: 208). Aufgrund ihrer Standorttreue und teilweise sehr engen Bindung an bestimmte Umweltbedingungen werden Widderchen häufig als Bioindikatoren verwendet (HOFMANN 1994: 206).

Zygaena carniolica wird im deutschsprachigen Raum Esparsettenwidderchen oder Krainisches Widderchen genannt. Die Populationen werden in eine osteuropäische ssp. *borolensis* und einer zentraleuropäischen ssp. *modesta* unterteilt. Weitere subspezifische Abtrennungen wurden für Populationen des Kaiserstuhls und der Schwäbischen Alb unternommen, werden aber nach dem heutigen Stand in der Subspezies *modesta* zusammengefasst (HOFMANN 1994: 243 f.).

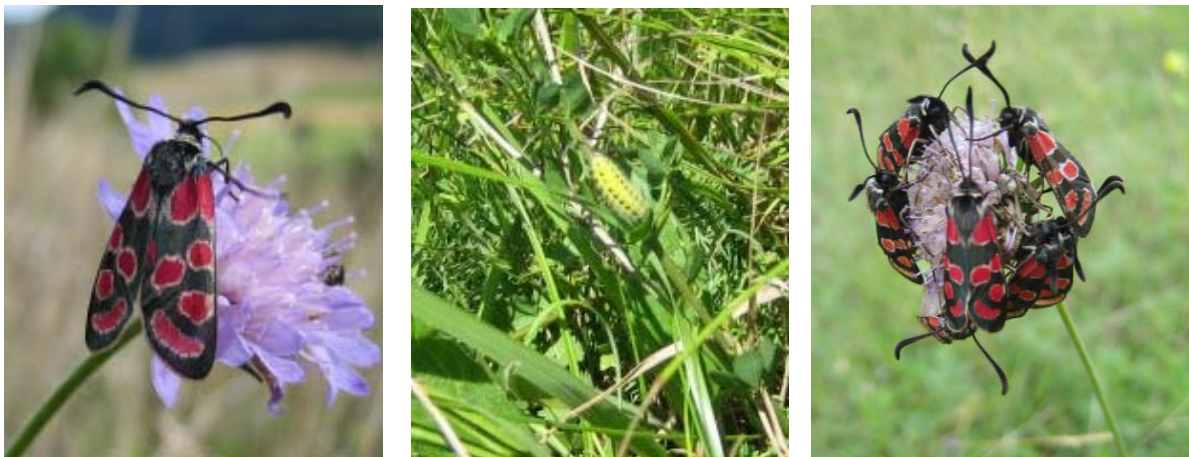


Abb. 2-9: *Zygaena carniolica*: (a) Einzelindividuum - Beggingen, Heeresbuck 8.08.2005;
 (b) Raupe – Blumberg, Eichberg 1.07.2006
 (c) Schlafgemeinschaft – Küssaburg, Im Allmend 6.08.2006

Zygaena carniolica (Abb.2-9 a) gilt aufgrund der Zeichnung auf der Vorderflügeloberseite mit sechs Flecken, von denen der hinterste seleniform und niemals mit den davor liegenden Flecken verbunden ist, als unverwechselbar (NAUMANN et al. 1999: 235). Bei der ssp. *modesta* sind die Flecken der Vorderflügeloberseite schmal weiß umrandet, während bei der ssp. *beolinensis* die Umrandung fehlt oder nur sehr schwach ausgebildet ist (KOCH 1984: 196). Die rote Hinterflügeloberseite weist am Außenrand eine schmale, schwarze Zone auf. Die Falter erreichen eine Körpergröße von zwei bis drei Zentimetern, wobei die Weibchen etwas größer werden. Die Fühler sind wie bei allen Rotwidderchen schlank keulenförmig. Der schwarze, gedrungene Körper von *Zygaena carniolica* kann einen roten Hinterleibsgürtel tragen (SBN 1997: 326). Die fahlgrünen bis fahlgelbgrünen Raupen (Abb. 2-9 b) sind pro Segment mit je zwei unterschiedlich großen, schwarzen Flecken gekennzeichnet (SBN 1997: 326), können jedoch leicht mit den Raupen anderer Widderchenarten, z.B. *Zygaena filipendula* verwechselt werden.

Zygaena carniolica überwintert als Raupe und beginnt nach der Frühjahrshäutung Ende März erneut mit der Nahrungsaufnahme. Die Raupen ernähren sich oligophag von *Onobrychis viciifolia* und *Lotus corniculatus*. Ein Teil der Raupen entwickelt sich zu Faltern, während andere nach einer kurzen Aktivitätsphase erneut überwintern (SBN 1997: 327). Bezüglich der Larvalökologie gehört *Zygaena carniolica* zu den frühen Arten, die nach der Überwinterung eine langsame Entwicklung durchlaufen (WAGNER 2006: 181). Die Raupen verpuppen sich ab Ende Mai, wobei z.T. erhebliche regionale Unterschiede bestehen. Unter Zuchtbedingungen dauerte die Puppenruhe in den seidenglänzenden Gespinsten etwa drei Wochen (SBN 1997: 327, KOCH 1984: 196 f.). Je nach Region beginnt die Flugzeit Mitte Juni bis Anfang August und dauert vier bis fünf Wochen (HOFMANN 1994: 247), auf der Schwäbischen Alb wurden bis zu sieben Wochen beobachtet (WAGNER, 1999.: 65). Die Lebenserwartung der Individuen liegt bei zwei bis drei Wochen (SMOLIS UND GERKEN 1987: 107; KREUSEL 1999: 260). Die höchsten Abundanzen von *Zygaena carniolica* treten Ende Juli bis Mitte August auf (WAGNER, 1999: 65), weshalb *Zygaena carniolica* als typisches Hochsommertier bezeichnet wird (HOFMANN 1994: 248). Die Falter saugen bevorzugt an blauviolettten Blüten, wie *Scabiosa columbaria*, *Knautia arvensis*, *Centaurea jacea* und *Centaurea scabiosa*. Daneben werden die oben genannten Raupennahrungspflanzen und *Origanum vulgare* häufiger besucht (HOFMANN 1994: 252). Ein eigentümliches Verhalten von *Zygaena carniolica* ist das Bilden von Schlafgemeinschaften (Abb. 2-9 c). In den so genannten „Parkstationen“ sitzen am Spätnachmittag oft fünf, zehn oder mehr Falter an einer Blüte (HOFMANN 1994: 252, SBN 1997: 327). Die bei anderen Widderchen häufig beobachtete Kopulation verschiedener Arten, tritt bei *Zygaena carniolica* nicht auf. Die Weibchen werden nach dem Verlassen des Kokons von den Männchen aufgesucht, und nach der Erstkopula erfolgt die erste Eiablage. Um den Reproduktionserfolg zu steigern, werden die Eier nicht auf einmal, sondern zeitlich und räumlich verteilt, bevorzugt an der Blattunterseite der Raupennahrungspflanzen abgelegt (BURGREFF in SMOLIS UND GERKEN 1987: 113; HOFMANN 1994: 253). Nach einer 6-10 tägigen Eiphasen durchlaufen die Raupen drei Häutungsphasen und überwintern als Raupe im vierten Larvalstadium (SBN 1997: 326, HOFMANN 1994: 200 ff.).

Die aus Wiederfangversuchen ermittelten Flugweiten der Falter von *Zygaena carniolica* liegen bei 200 - 300 Meter für einen Aktionsradius, in dem sich fast alle Individuen bewegen. Eine zweite Häufung der Flugweiten liegt bei 800 - 1000 Meter, während bei einzelnen Individuen Extremwerte von bis zu fünf Kilometern nachgewiesen wurden (KREUSEL 1999; SMOLIS und GERKEN 1987; HÜBNER 2002).³⁴ *Zygaena carniolica* gilt nach BLAB und KUDRNA (1982) als eine xerothermophile Offenlandart, die in warmen, trockenen, sonnigen Magerrasen vorkommt. HOFMANN (1994) beschreibt die bevorzugten Lebensräume als „mäßig bis nicht beweidete Halbtrockenrasen und Wacholderheiden, warme Kalk-Magerrasen, trocken-warme Lehnen, südlich exponierte xerophile, seltener mesophile Hanglagen, wenig beschattete Steinbrüche und geeignete Böschungen und Bahndämme, bisweilen auch stillgelegte Kiesgruben und mäßig ruderalisierte Bereiche.“ (HOFMANN 1994: 249 f.) In Mitteleuropa ist die Art kalkstet, wobei Untersuchungen zur Habitatbindung ergaben, dass keine mittelbare Kalkbindung besteht, sondern dass die meso- bis mikroklimatischen und hygrischen Verhältnisse über Kalkböden die standortbestimmenden Faktoren darstellen (WIPKING 1985: 48; HOFMANN 1994: 250).

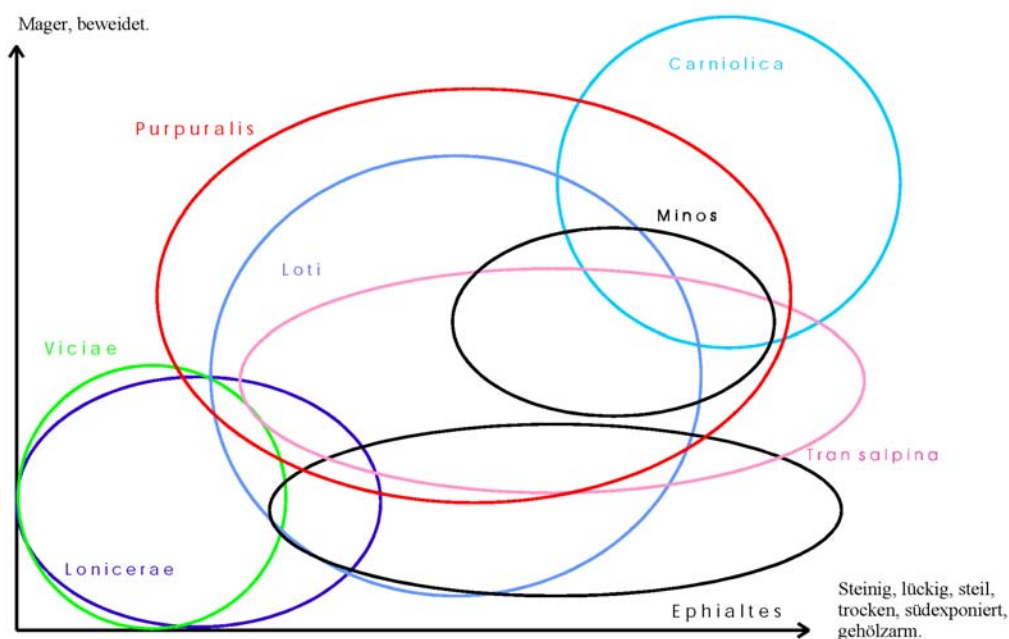


Abb. 2-10: Ökogramm Optimalbereiche für starke Populationen der Zygaenen (WAGNER 2002: 88)

Die ökologische Einnischung der auf der Schwäbischen Alb vorkommenden Widderchenarten ist in Abb. 2-10 dargestellt. *Zygaena carniolica* ist die Art mit den extremsten Ansprüchen und einer geringen Standortsamplitude (WAGNER 2006: 185) und ist daher als Zielart für Trockenrasen besonders gut geeignet. Pflanzensoziologisch sind die Verbreitungsschwerpunkte der Larvalhabitate von *Zygaena carniolica* den Halbtrockenrasen (Mesobrometen) und

³ Zu den Wiederfangversuchen ist anzumerken, dass die Daten auf dem Nachweis markierter Individuen in den Untersuchungsflächen beruhen. Die maximalen Flugdistanzen werden mit der Methode nicht direkt gemessen und dürften in den meisten Fällen höher liegen. Die Methode wird dennoch aufgrund mangelnder Alternativen häufig angewendet (vgl. SETTELE et al 1996: 194).

Übergangsbereichen zum Volltrockenrasen (*Xerobrometum erecti*) zuzuordnen. Die Imaginalhabitate leiten mit dem Vorkommen der Falternahrungspflanzen zu den Saumgesellschaften über (HOFMANN 1994: 251).

Zygaena carniolica hat ihren Verbreitungsschwerpunkt in Mittel- und Südosteuropa (Abb. 2-11). In Westfrankreich und südlich der Pyrenäen kommen vereinzelt disjunkte Populationen vor. Nach Norden reicht das Verbreitungsgebiet bis zu den Benelux-Staaten, Norddeutschland, Pommern und Weißrussland, im Osten fast bis zum Baikalsee und Nordwestchina (HOFMANN 1994: 243).

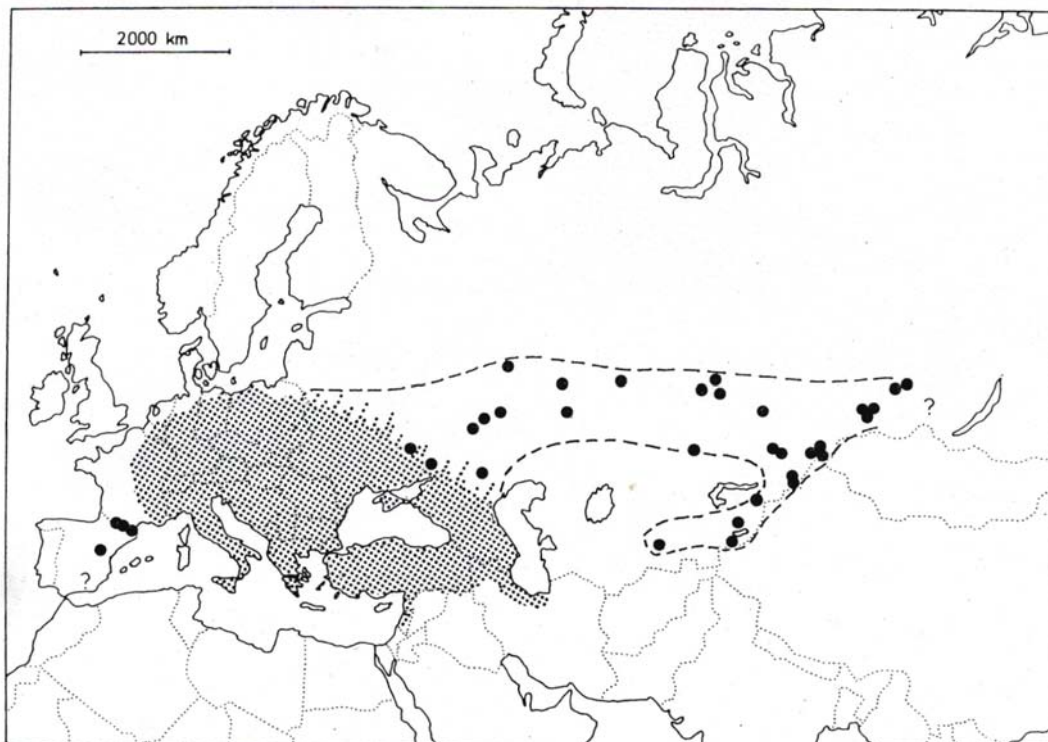


Abb. 2-11: *Zygaena carniolica* Verbreitung (NAUMANN et al. 1984: 26)

In der Schweiz kommt *Zygaena carniolica* südlich entlang des Juras, in der Region um Chur sowie im Rhonetal und in den Haupttälern des Tessins vor (Abb. 2-13). Auffallend ist das fast vollständige Fehlen im Mittelland (SBN 1997: 328). In Baden-Württemberg ist die Verbreitung von *Zygaena carniolica* auf kalkreiche, basische Muschelkalk-, Löß- und Jura-standorte beschränkt. Es gibt noch vier rezente Verbreitungsschwerpunkte, nämlich mittlere Schwäbische Alb, südliche Schwäbische Alb (= Wutachgebiet, Hegaualb, Klettgau), Neckar-Tauberland und Kaiserstuhl (Abb. 2-12) (HOFMANN 1994: 244). Die vertikale Verbreitungsgrenze liegt unterhalb der hochmontanen Stufe. Ehemals war *Zygaena carniolica* auch in der planaren Stufe anzutreffen, kommt heute aber fast nur noch ab der kollinen und montanen Region vor (HOFMANN 1994: 246; SBN 1997: 327).

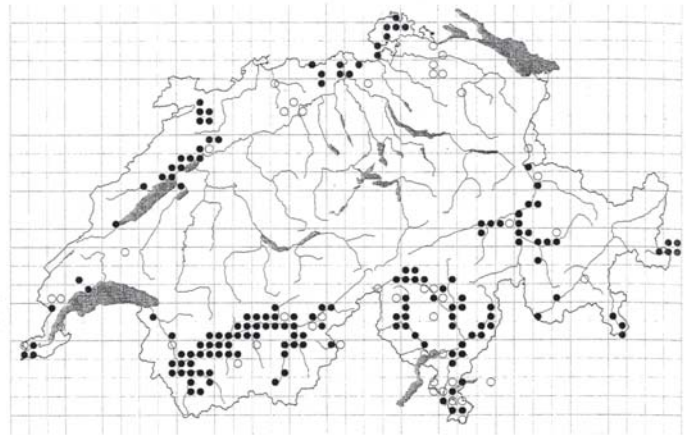
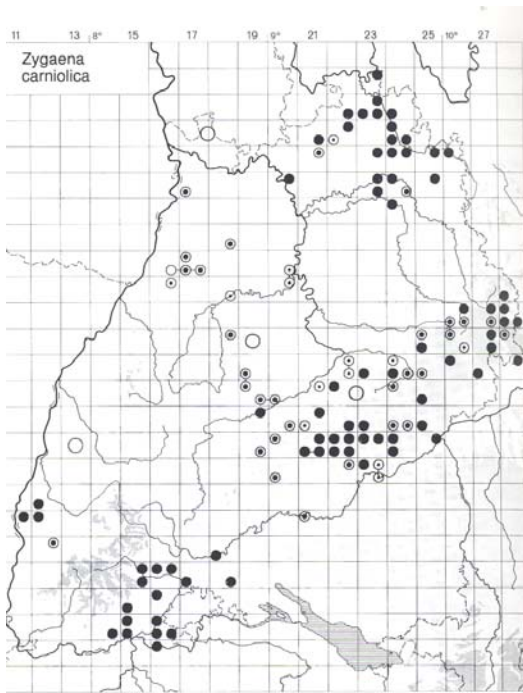


Abb. 2-12 (links): Fundpunkte *Zygaena carniolica* in Baden-Württemberg (HOFMANN 1994: 244). Volle Punkte bedeuten Fundmeldungen nach 1970; halb ausgefüllte Kreise bedeuten Fundmeldungen von 1951 bis 1970; unausgefüllte Kreise bedeuten Fundmeldungen vor 1900 (Ebert 1994: 18).

Abb. 2-13 (rechts): Fundpunkte *Zygaena carniolica* in der Schweiz (SBN 1997: 328). Volle Punkte bedeuten Funde nach 1960; unausgefüllte Kreise bedeuten Funde vor 1960.

Zygaena carniolica steht auf der Roten Liste der gefährdeten Tierarten. In Baden-Württemberg ist die Art mit dem Gefährdungsgrad 3 (gefährdet) eingestuft. Die Gefährdung besteht hauptsächlich aufgrund ihrer Abhängigkeit von den stark gefährdeten Trocken- und Halbtrockenrasen. Die Beurteilung der Gefährdungssituation wird aber durch die starken Schwankungen der Individuendichte innerhalb der gleichen Population erschwert (SBN 1997: 327; HOFMANN 1994: 206). Eindrückliche Beispiele für die extremen Populationschwankungen sind bei HOFMANN aufgeführt. (HOFMANN 1994: 245 ff.). Für die Populationen auf der Schwäbischen Alb und im Tauberland ist bei der Erhaltung der dortigen Standorte nicht mit einem gravierenden Rückgang zu rechnen. Der Rückgang des Bestandes im Kaiserstuhl ist bedenklich, zumal die Art in der Oberrheinebene in den 80er Jahren ausgestorben ist. Die eigentlichen Ursachen für die Bestandsveränderungen im Kaiserstuhl sind noch unklar, da ausreichend Larval- und Imaginalhabitate vorhanden sind (HOFMANN 1994: 254).

2.4 Charakterisierung *Pulsatilla vulgaris*

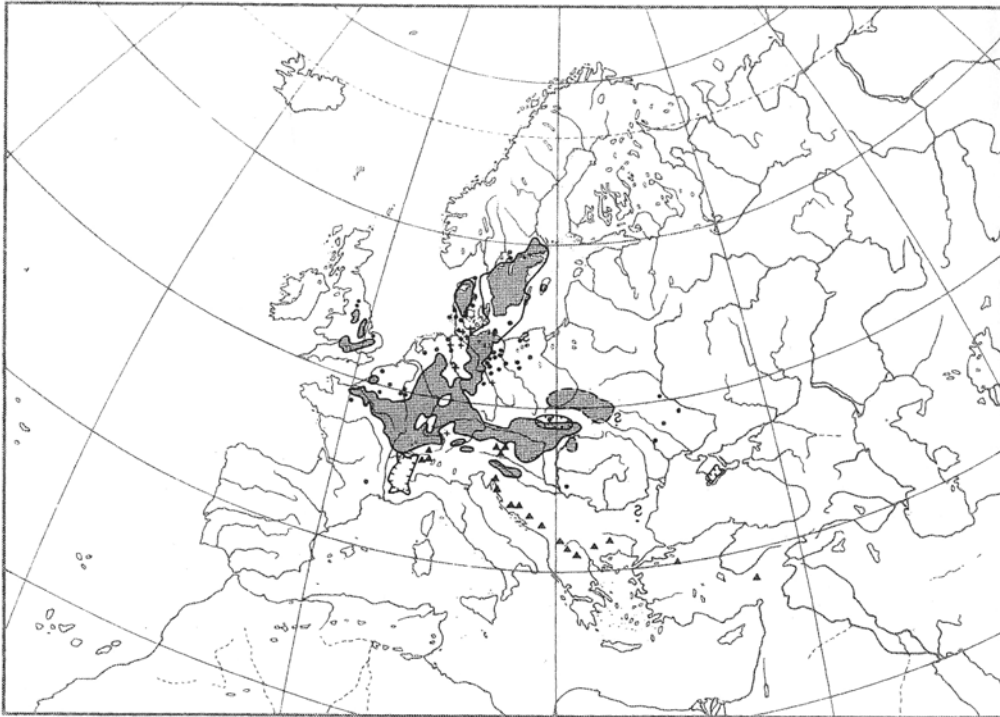


Abb. 2-14: Verbreitung *Pulsatilla vulgaris* (MEUSEL 1965)

Als zweite Zielart für den Trockenrasenverbund wurde *Pulsatilla vulgaris* ausgewählt. *Pulsatilla vulgaris* ist ein typisches europäisches Florenelement (Abb. 2-14). Ihr Verbreitungsgebiet reicht bis zum 60sten Grad nördliche Breite (England, Niedersachsen, Südschweden), ostwärts vereinzelt bis in die Ukraine, westwärts bis Nordfrankreich und im Süden bis in die Nordschweiz und Tirol (SEBALD 1993: 262). Die Gattung *Pulsatilla* umfasst etwa 30 Arten, die in der nördlichen Hemisphäre auftreten. Die Sippen der Subsektion *Vulgares*, die heute Mitteleuropa bewohnen, sind aus östlichen und westlichen Gebieten nacheinander eingewandert (ZIMMERMANN 1952; KRATCHOWIL 1988: 318). Als europäisch-kontinentale Arten überschreiten die *Pulsatilla*-Arten den Ural im Osten nicht (ZOLLER 1958: 189). Eine ausführliche Beschreibung der Entstehung der Arten liefert ZIMMERMANN (1952). Die formenreiche Artengruppe von *Pulsatilla vulgaris* s.lat. umfasst einige schwer abgrenzbare Sippen, die an ihren Grenzgebieten fast kontinuierlich durch Bildung von Bastarden miteinander verbunden sind. An der östlichen Arealgrenze trifft *Pulsatilla vulgaris* auf *Pulsatilla vulgaris* ssp. *grandis* und bildet dort Hybridformen aus, denen ein eigener taxonomischer Rang zugeordnet wird, zum Beispiel *Pulsatilla vulgaris* ssp. *oenipontana*. (WELLS und BARLING 1958: 276; ERSCHBARMER und SCHERER 1999). Die im Untersuchungsgebiet vorkommende *Pulsatilla vulgaris* ist diploid und hat eine Chromosomenzahl von $2n=32$ (OBERDORFER 1990).

Pulsatilla vulgaris ist ein ausdauernder, bis zu 15 cm hoher, krautiger Hemikryptophyt, der lang zottig und weiß behaart ist. Die einfach gefiederten Blätter der grundständigen Blattrosette sind 4-6 cm lang, die Stengelblätter etwa 2-3 cm lang und mit 15-25 schmalen Zipfeln. Die Blätter von *Pulsatilla vulgaris* sind nicht überwintert. *Pulsatilla vulgaris* blüht Mitte März bis Ende Mai, selten nochmals im Herbst. Pro Pflanze werden ein bis drei radiäre, glockenförmige, violette Blüten mit gelben Staubbeuteln ausgebildet (Abb. 2-15), bei kräftigen Pflanzen kommen bis zu zwölf Blüten vor (WELLS und BARLING 1958: 275). Die jungen Blüten sind im Allgemeinen aufrecht und mit zusammen geneigten Perigonblättern, die sich später mehr oder weniger ausbreiten und zur Bodenoberfläche neigen (Abb. 2-15 a).



Abb. 2-15: *Pulsatilla vulgaris*: (a) blühendes Individuum - Hausen, Pfaffental, 9.04.2006;
(b) Fruchtstand - Engen, Langenhaag, 10.05.2006

Pulsatilla vulgaris ist insektenbestäubt, wobei aufgrund des frühen Blühzeitpunktes erst wenige Bestäuber zur Verfügung stehen (KRATCHOWIL 1988: 262). Gegen Ende der Blütezeit biegt sich der Griffel, so dass es auch zur Selbstbestäubung kommen kann. Nach der Blüte bewirkt ein starkes Wachstum des Internodiums zwischen dem obersten Stengelblatt und der Blüte, dass sich die Achänen über die durchschnittliche Höhe der anderen Graslandarten erheben (WELLS und BARLING 1958: 275). In fruchtendem Zustand kann *Pulsatilla vulgaris* eine Höhe von bis zu 40 cm erreichen (Abb. 2-15 b). Die Nüsschen sind mit einem 3,5-5 cm langen Griffel ausgestattet. Die Angaben zur Verbreitung der Samen durch den Wind sind sehr unterschiedlich und reichen von weniger als 20 cm (WELLS und BARLING 1958: 288), über wenige Meter (TACKENBERG 2001: 34) bis zu 80 m (SEBALD 1993: 261). Der Samen bohrt sich an offenen Bodenstellen unter hygroskopischen Bewegungen in den Boden hinein (ZIMMERMANN 1952: 136). *Pulsatilla vulgaris* gehört mit Wurzeln bis über einen Meter Länge zu den Tiefwurzlern (SEBALD 1993: 261) und bildet vertikal verzweigende Rhizome aus (WELLS und BARLING 1958: 275). Die Vermehrung verläuft überwiegend vegetativ, nur

gelegentlich durch Samen. Das Alter großer Pflanzen, deren Rhizome einen Durchmesser von 10-15 mm haben, wird auf mindestens 20 Jahre geschätzt (WELLS und BARLING 1958: 286).

Pulsatilla vulgaris ist eine Licht- und Halbschattenpflanze, die auf warmen, trockenen, kalkhaltigen, nährstoffarmen, steinigen Kalkverwitterungsböden sowie Sand- und Lössböden vorkommt. In Baden-Württemberg kommt *Pulsatilla vulgaris* in den meisten Kalkgebieten aber auch auf den basischen Gesteinen der Hegauberge vor (SEBALD 1993: 262; ZIMMERMANN 1952: 137). Die Verbreitungskarte für Baden-Württemberg ist in Abb. 2-16 dargestellt. Vor allem in Randgebieten bestehen Populationen häufig nur aus wenigen Pflanzen (SEBALD 1993: 263). In der Schweiz sind heute noch ungefähr 50 Populationen bekannt, von denen zehn bis 20 Populationen angepflanzt sind (FACHSTELLE NATURSCHUTZ KANTON ZÜRICH 2004: 8). Abb. 2-17 zeigt, dass der Schwerpunkt der Verbreitung im Nordosten der Schweiz liegt. Für die Vermehrung durch Samen ist sie auf offene Bodenstellen angewiesen. *Pulsatilla vulgaris* ist gut an Beweidung angepasst, (WELLS and BARLING 1958: 284) reagiert aber recht empfindlich gegen Kulturmaßnahmen wie Düngung oder häufigeren Schnitt (ZIMMERMANN 1952: 132; KAPHAN 1957: 11). Die Pflanze verträgt einmalige Mahd und extensive Beweidung ab Ende Juni (SEBALD 1993: 263).

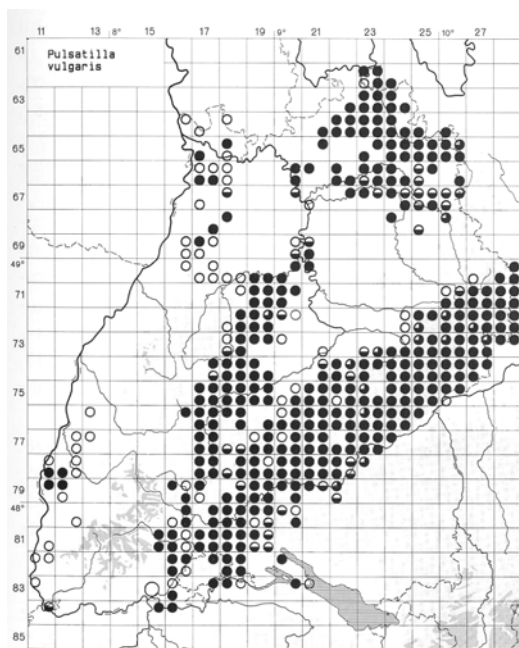


Abb. 2-16: Verbreitung *Pulsatilla vulgaris* in Baden-Württemberg.
 Volle Punkte: Beobachtungen nach 1970; halb ausgefüllte Kreise: Beobachtungen zwischen 1900 und 1970; kleine unausgefüllte Kreise: Beobachtungen vor 1900; große unausgefüllte Kreise: Beobachtungen für ein Messtischblatt ohne Quadrantenangabe, Zeitraum 1945 und später (SEBALD et al. 1993: 50)

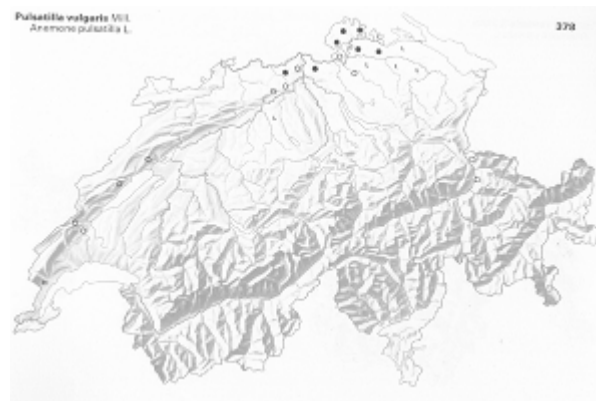


Abb. 2-17: Fundpunkte *Pulsatilla vulgaris* in der Schweiz.
 Volle Kreise: reichliches oder häufiges Vorkommen; unausgefüllte Kreise: spärliches oder seltenes Vorkommen (WELTEN und SUTTER 1982 2004)

Aufgrund ihrer ökologischen Ansprüche ist *Pulsatilla vulgaris* in Magerrasen (Festuco-Brometalia-Gesellschaften), seltener Kalk-Kiefern-Wälder (Cytiso- und Erico-Pinion) vergesellschaftet. GRADMANN (1950) beschreibt *Pulsatilla vulgaris* als „Hauptleitpflanze der Steppenheide“. Nach ZOLLER (1954) sind die primären Standorte Kalkfelsfluren und Pineto-Cytisetum nigricantis-Gesellschaften, während die Xerobrometen und Mesobrometen die sekundären Standorte darstellen (ZOLLER 1954: 139). Pflanzensoziologische Untersuchungen weisen jedoch darauf hin, dass *Pulsatilla vulgaris* aufgrund ihres großen Habitatspektrums nicht so gesellschaftstreu ist, dass man sie als eine „Charakterart“ im engeren Sinn einer bestimmten Pflanzengesellschaft zuordnen kann (KAPHAN 1957: 20, PFEIFER et al. 2002).

Pulsatilla vulgaris ist in Baden-Württemberg auf der Roten Liste der Farn- und Samenpflanzen mit dem Gefährdungsgrad 3 eingestuft. Dies bedeutet, dass noch relativ große Populationen vorkommen, diese jedoch durch laufende beziehungsweise absehbare Einwirkungen bedroht sind, so dass ein weiterer Rückgang zu erwarten ist. In der Schweiz erfolgt keine numerische Bewertung der Gefährdungssituation. Nach der schweizerischen Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen ist *Pulsatilla vulgaris* aufgrund der sehr wenigen Vorkommen als „stark gefährdet“ eingestuft (MOSER et al. 2002: 90). Dies bedeutet, dass die Art einem sehr hohen Risiko ausgesetzt ist, in der freien Natur auszusterben. Da das Hauptareal der Gesamtverbreitung von *Pulsatilla vulgaris* in Deutschland liegt, besteht für Deutschland eine sehr große Schutzverantwortung für die weltweite Erhaltung der Art (WELK 2001: 31).

3 Daten und Methoden

3.1 Vorliegende landesweite Kartierungen der Trockenrasen

Wichtigste Datengrundlagen für die Geländearbeit sind für Baden-Württemberg die überwiegend in den Jahren 1994-96 durchgeführte §32 Kartierung und die Waldbiotopkartierung (WBK). Für die Schweiz bildet die bundesweite Erhebung der Trockenwiesen und -weiden (TWW) aus dem Jahr 2004 die Datengrundlage. In allen diesen Kartierungen basiert die Definition der Erfassungseinheiten auf der Beschreibung von Vegetationseinheiten, welche anhand von Zeigerarten bestimmt werden (EGGENBERG et al. 2001, LANDESANSTALT FÜR UMWELTSCHUTZ 1997;). Zu den Gebieten in Baden-Württemberg liegen Informationen bis auf Artebene vor, während bei der TWW-Kartierung die Bedeutung und Bewertung der Vegetationseinheiten anhand eines hierarchisch aufgebauten Vegetationsschlüssels im Vordergrund steht. Über die Vegetation ist eine Ansprache der standörtlichen Bedingungen möglich (ELLENBERG 1996, KAULE 1991, DIERSCHKE 1994, WILMANN 1998, KRATCHOWIL und SCHWABE 2001).

3.1.1 Ansprache der Erfassungseinheiten im Gelände.

Für die Standortansprache und zum Abgleich der vorliegenden Kartierungen wurden von Ende Mai bis Mitte Juni 2005 stichprobenartig 25 vegetationskundliche Aufnahmen der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet gemacht. Mit den Aufnahmen sollte auch untersucht werden, inwieweit die mit den unterschiedlichen Kartieranleitungen erhobenen Flächen miteinander vergleichbar sind. Die Flächen für die vegetationskundlichen Aufnahmen wurden nach folgenden Kriterien ausgewählt: Erstens sollten möglichst alle Naturräume des Untersuchungsgebietes bearbeitet werden. Zweitens sollten auch die Reliktstandorte mit einer starken Vernetzung mit den Waldbiotopen berücksichtigt werden. Als drittes Kriterium sollten möglichst unterschiedliche Flächengrößen abgedeckt werden. Zunächst wurden die Gebiete von landesweiter oder regionaler Bedeutung aufgesucht. Die möglichst homogenen Aufnahmeflächen betragen je 25 Quadratmeter, die Artmächtigkeit wurde nach der Methode von Braun-Blanquet geschätzt. Die Aufnahmepunkte wurden mit dem GPS erfasst und in GIS-Daten transformiert. Die Bestimmung der Pflanzenarten erfolgte nach OBERDORFER (1990) und ROTHMALER (1991). Die nach Charakter- und Differentialarten sortierte Vegetationstabelle ist in Anhang 1 aufgeführt. Eine Übersichtskarte der Aufnahmepunkte sowie die verwendete Schätzskala befinden sich ebenfalls im Anhang.

Bromus erectus, eine Ordnungscharakterart der Trespentrockenrasen (Brometalia) kommt in allen Aufnahmen vor. Ebenfalls eine hohe Stetigkeit haben die häufig in Magerrasen vorkommenden Arten *Salvia pratensis* und *Sanguisorba minor*. Des Weiteren lassen sich aufgrund des Artenspektrums trockenere und mesophilere Standorte unterscheiden.

3.1.2 Abgleich der Datenbasis

Ausgehend von den Habitatansprüchen der Zielarten *Zygaena carniolica* und *Pulsatilla vulgaris* werden von der landesweiten §32 Kartierung Baden-Württembergs die Biotoptypen 36.30 Wachholderheiden, 36.50 Magerrasen basenreicher Standorte, 35.20 Saumvegetation trocken-warmer Standorte und 36.70 Trockenrasen berücksichtigt. In der Waldbiotopkartierung entspricht dies den Biotoptypen 36.00 und 35.00. Die Biotoptypen der Magerrasen und ihrer Säume liegen ebenfalls dem im Zielartenkonzept von Baden-Württemberg definiertem Anspruchstyp „Kalkmagerrasen“ zu Grunde (JOOß 2006b: 92). Aus dem TWW-Projekt werden die als „echte“ Halbtrockenrasen (Mesobrometen) kartierten Flächen unterschiedlicher Ausprägung, d.h. mit Ruderalzeigern und Anteilen von trockenen Saumgesellschaften berücksichtigt, während Flächen mit Fettzeigern für die Zielarten weniger geeignete Habitate darstellen und daher nicht mit einbezogen werden. Eine Tabelle mit den kennzeichnenden Pflanzenarten für die berücksichtigten §32 und TWW-Kartierungseinheiten befindet sich in Anhang. Trotz Unterschiede in der Erfassungstiefe und den daraus resultierenden unterschiedlichen Datenstrukturen der beiden Kartierungen ist eine Zusammenführung der beiden Datenquellen als Grundinformation für die Geländearbeit über das Vorkommen von Trockenrasen sinnvoll.

Die GIS-Daten für den deutschen Teil des Untersuchungsgebietes liegen für den Offenland- und Waldbereich in zwei unterschiedlichen Datenbeständen vor. Bei den Erhebungsbögen der Offenlandbiotope der §32-Kartierung sind die Artenlisten für die einzelnen Biotoptypen getrennt aufgeführt, während die Waldbiotopkartierung lediglich Gesamtartenlisten enthält. Aufgrund der engen Verzahnung der Lebensräume können daher die als ein Biotop erfassten Flächen Anteile verschiedener Biotoptypen enthalten. Die Geometrien der GIS-Daten für das schweizerische Gebiet liegen in einem Datenbestand vor, während die Sachdaten zu den Vegetationseinheiten der Gebiete in separaten Erhebungsbögen dokumentiert sind. Die nachfolgenden Tabellen 3-1 bis 3-3 liefern einen Überblick über das Vorkommen der in der Untersuchung berücksichtigten Biotoptypen. Von den Flächen auf Schweizerischem Gebiet stellen rund die Hälfte der in dem TWW-Projekt kartierten Trockenrasen potentielle Habitate für die Zielarten dar (Tab. 3-1). In der §32-Biotopkartierung überwiegen im gesamten Untersuchungsgebiet die Halbtrockenrasen basenreicher Standorte (Tab. 3-2). Die als Wachholderheiden kartierten Flächen liegen alle am Buchberg bei Blumberg. 12 der 19 kartierten Volltrockenrasen sind Teilbiotope von NSG Bizental-Kirnerberg und haben Flächenanteil von < 2%. Bei der Waldbiotopkartierung dominieren die den Wäldern vorgelagerten trockenen Säume (Tab. 3-3).

TWW-Projekt	Anz. der Flächen	Größe der Flächen (ha)
insgesamt im UG	282	230,02
Mesobrometen ohne Fettzeiger	149	144,71

Tab. 3-1: Anzahl und Größe der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der TWW-Kartierung

Biotoptyp nach § 32	Anzahl der Flächen	Größe Gesamtbiotop (ha)	Anteil Trockenrasenfläche (ha)
36.50 Magerrasen basenreicher Standorte	1 099	305,98	208,42
36.30 Wachholderheiden	6	9,59	0,24
35.20 Saumvegetation trocken-warmer Standorte	95	37,52	3,96
36.70 Trockenrasen (Volltrockenrasen)	19	7,60	0,61

Tab. 3-2: Anzahl, Größe und Anteil der Trockenrasenfläche der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der §32-Kartierung

Biotoptyp nach WBK	Anzahl der Flächen	Größe Gesamtbiotop (ha)
35.00 Saumvegetation	43	54,58
36.00 Heiden, Sand- und Trockenrasen	5	27,12

Tab. 3-3: Anzahl und Größe der Biotope im Untersuchungsgebiet nach der Waldbiotopkartierung

3.1.2.1 Aufbereitung der Geometrien

Erster Schritt des Aufbaus eines länderübergreifenden Datenbestandes ist eine einheitliche Georeferenzierung der räumlichen Daten. Die schweizerischen Daten wurden von dem Koordinatensystem der Schweizer Landesvermessung von 1903 in das im landesweiten RIPS⁴-Datenbestand von Baden-Württemberg verwendeten Gauß-Krüger-Koordinatensystem überführt.

Da die potenziellen Habitate der beiden Zielarten aus mehreren Erfassungseinheiten der auf vegetationskundlicher Basis erstellten Kartierungen bestehen, ist es für die Verbundanalyse sinnvoll, direkt aneinandergrenzende Biotope der entsprechenden Erfassungseinheiten zusammenzufassen. Um kurze Entfernungen zwischen und innerhalb von Flächen zu eliminieren, wurden die Flächen eines Biotoptyps zunächst nach außen und anschließend nach innen mit einer Puffergröße von 5 Metern gepuffert. Als Ergebnis „verschmelzen“ dicht beieinander liegende Geometrien. Die Aggregation der Flächen wurde getrennt für die Schweizerischen und Baden-Württembergischen Flächen durchgeführt und anschließend in einen Datenbestand zusammengeführt.

Tab. 3-4 liefert eine Übersicht über den aggregierten Datenbestand der Trockenrasen. Obwohl aus landesweiter Sicht im Untersuchungsgebiet ein Schwerpunkt der Vorkommen der Trockenrasen liegt, ist Tab. 3-4 zu entnehmen, dass im Untersuchungsgebiet die Trockenrasen weniger als 0,5 Prozent der gesamten Fläche einnehmen. Eine Betrachtung nach den Naturräumen zeigt, dass die Flächen im Hegau inklusive der Hegualb im Schnitt deutlich kleiner sind als die in der Baaralb oder im Randen. Vergleichsweise wenig Trockenrasen kommen im

⁴ Räumliches Planungs- und Informationssystem (RIPS)

Alb-Wutach-Gebiet vor, während die Baaralb mit fast einem Prozent Flächenanteil überdurchschnittlich viele Trockenrasen aufweisen kann.

Naturraum	Naturraumfläche im Untersuchungsgebiet (ha)	Anzahl der Trockenrasen	Fläche der Trockenrasen insgesamt (ha)	Flächenanteil der Trockenrasen (%)
Randen	10 847	99	61,48	0,57
Alb-Wutach-Gebiet	27 522	222	78,42	0,28
Baaralb	8 501	174	82,76	0,97
Hegau und Hegualb	14 332	340	82,47	0,58
Hochrheintal	1 408	27	7,69	0,55
gesamt	62 610	849 / 862 *	298,39 / 312,82 *	0,48

Tab. 3-4: Übersicht über die Verteilung der Trockenrasen in den einzelnen Naturräumen.
* Abweichungen ergeben sich dadurch, daß 13 Trockenrasen sich über Naturraumgrenzen hinweg erstrecken. Sie wurden zu beiden Naturräumen hinzugezählt.

3.1.2.2 Aufbereitung der Sachdaten

Für die aggregierten Geometrien der Trockenrasen im gesamten Untersuchungsgebiet wurde ein eindeutiger 12- bzw. 13- stelliger Schlüssel generiert. Bei den Baden-Württembergischen Flächen wurde die Biotopnummer übernommen, bei den Schweizerischen Flächen die Nummern der Bewertungs- und Erfassungseinheiten. Der Schlüssel setzt sich wie folgt zusammen:

	Ziffer 1	Ziffer 2	Ziffer 3	Ziffer 4	Ziffer 5	Ziffer 6	Ziffer 7	Ziffer 8	Ziffer 9	Ziffer 10	Ziffer 11	Ziffer 12	Ziffer 13 (fakultativ)
D	1- §32 2- WBK	Blattnummer TK 25				Kreisnummer			laufende Nummer				Zusatz
CH	3- TWW	Bewertungseinheit				Erfassungseinheit			laufende Nummer				

Tab. 3-5: Schlüssel der Biotopnummern

Die Biotopnamen der §32-Kartierung wurden als Namen der Fläche übernommen, wobei Biotopbeschreibungen wie „Magerrasen“ oder „Gehölz“ weggelassen wurden. Die Lokalitätsnamen der TWW-Kartierung wurden original übernommen.

3.2 Geländekartierungen der Zielarten

3.2.1 *Zygaena carniolica*

Die Erhebung von *Zygaena carniolica* erfolgte zunächst mit einer Übersichtskartierung auf Rasterbasis. Im Folgejahr wurde für ausgewählte Flächen eine Detailerhebung für die Erfassung der Habitatqualität durchgeführt. Angaben zur aktuellen Verbreitung von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet liegen nur lückenhaft vor. Einen ersten Überblick auf Basis der Quadranten der TK 1:25 000 liefert das Grundlagenwerk des Artenschutzprogrammes Baden-Württemberg (EBERT 1994). Für den Schaffhauser Randen vergleicht SCHIEß-BÜHLER (1993) die Angaben zur Tagfalter- und Widderchenfauna aus den 20er Jahren des letzten Jahrhunderts (VOGELSANGER 1936/37) mit Erhebungen in den 1990er Jahren. Für Baden-Württemberg liegen neben den Informationen aus dem Grundlagenwerk für einige Gebiete, die im Rahmen eines Projektes im Hegau bearbeiteten wurden, detailliertere Daten zur Schmetterlingsfauna vor (HAFNER, unveröffentlicht).

3.2.1.1 Rasterkartierung *Zygaena carniolica*

Ziel dieser Übersichtskartierung ist es, innerhalb einer Flugzeit, welche ca. fünf Wochen dauert (HOFMANN 1994: 247), mit einer Rasterkartierung einen Überblick über die aktuelle Verbreitung von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet zu bekommen. Da am Anfang und Ende der Flugzeit weniger Individuen anzutreffen sind, beschränkt sich der Kartierungszeitraum auf ca. drei Wochen der Hauptflugzeit. Die Kartierung der Widderchen fand nur bei trockenen und nicht zu windigen Witterungsbedingungen statt. Den vom Naturschutzbund herausgegebenen Richtlinien zum Monitoring tagfliegender Schmetterlinge folgend wurden die Kartierungen zwischen 10 und 17 Uhr durchgeführt (LEOPOLD et al. 2005). *Zygaena carniolica* ist als relativ robuste Art in der Regel auch bei bedecktem Himmel gut als Falter nachweisbar (HERRMANN, mündlich).

Die für das Untersuchungsgebiet zusammengeführten Daten der landesweiten Kartierungen der Trockenrasen (s. Kap. 3.1.2) wurden als potentielle Habitate für *Zygaena carniolica* betrachtet. Die Eignung der Auswahl der Biotoptypen für den Anspruchstyp Kalkmagerrasen ist u.a. für die Artengruppe der Tagfalter und Widderchen in Baden-Württemberg validiert worden. Dabei zeigte sich eine hohe Übereinstimmung der Vorkommen von typischen Kalkmagerrasenarten mit den potentiellen Habitaten (JOß 2006b: 109 ff.). Die Beschränkung der Erhebung auf die Trockenrasen erfolgte aus pragmatischen Gründen und ist aufgrund der bekannten Habitatansprüche der Art vertretbar. Dennoch ist es nicht auszuschließen, dass es Vorkommen von *Zygaena carniolica* gibt, die außerhalb der kartierten Trockenrasen liegen. Gründe hierfür können in den Erfassungskriterien der Biotopkartierungen liegen, welche zum einen floristisch orientiert sind und zum anderen eine Mindestflächengröße voraussetzen.

Insbesondere Letzteres ist bei *Zygaena carniolica* problematisch, da Fundorte auf sehr kleinen Flächen bekannt sind (HERRMAN; GEIBLER-STROBEL, mündlich).

Als Kartierungsgrundlage für die Rasterkartierung wurden die Trockenrasen in der Topographischen Karte 1:25 000 mit dem Sechzehntel-Quadranten-Raster der Topographischen Karte 1:25 000 überlagert. Das Untersuchungsraaster besteht aus den Sechzehntel Quadranten der TK 25-Blattschnitte, wodurch sich eine Kantenlänge der einzelnen Raster von ca. 3 km ergibt. Das Untersuchungsgebiet wurde damit in 98 Rasterzellen unterteilt. Die Größe der Rasterzellen orientiert sich an der in einer Flugzeit erfassbaren Menge an Rasterzellen. Eine weitere Unterteilung des Rasters wäre aus Sicht der durchschnittlichen Flugweiten von *Zygaena carniolica* sinnvoll. Damit wäre aber die Bearbeitung des gesamten Untersuchungsgebietes in einem Jahr nicht mehr möglich. Falls mehrere potentielle Habitate in einem Raster vorkommen, richtet sich die Reihenfolge der Begehung nach folgenden Kriterien: Hauptkriterium für die Gebietsauswahl war der Anteil der Magerrasenfläche nach den WBK, §32- und TWW-Kartierungen. Über Ortholuftbilder (Maßstab ca. 1:16 000), die für Baden-Württemberg und teilweise auch für die angrenzende Schweiz zur Verfügung stehen, wurde mit visueller Interpretation der Waldanteil bzw. Verbuschungsgrad der Flächen geschätzt. Weitere Informationen zur Exposition und Hangneigung wurden aus den Topographischen Karten 1:25 000 entnommen. Größere Trockenrasenflächen mit einem geringeren Verbuschungsgrad und steilem, südexponierten Gefälle wurden vorrangig begangen.

In den potentiellen Habitaten wurden die Blüten der Falternahrungspflanzen, insbesondere *Scabiose columbaria*, *Knautia arvensis* und *Centaurea jacea* nach Imagines von *Zygaena carniolica* abgesehen. Größere Flächen wurden in etwa zehn Meter breiten Streifen hangparallel abgelaufen. Die Dauer einer Begehung betrug maximal 30 Minuten (HERMANN 1992: 226). Konnte bis dahin kein Vorkommen festgestellt werden, wurde für die Untersuchungsfläche ein Nicht-Vorkommen angenommen. Für die Flächen wurde neben den Präsenzen und Absenzen die Abundanzen von *Zygaena carniolica* in folgender vierstufigen Skala unterschieden:

- 1 = Vorkommen (1 Individuum in maximal 30 Minuten)
- 2 = häufiges Vorkommen (2-10 Individuen in 5 Minuten)
- 3 = sehr häufiges Vorkommen (10-50 Individuen in 5 Minuten)
- 4 = Massenvorkommen (> 50 Individuen in 5 Minuten)

Für den Fall, daß ein Nachweis von *Zygaena carniolica* erfolgte, blieben die anderen potentiellen Habitate des Rasters unberücksichtigt.

In der Zeit von Ende Juli bis Mitte August (28.07.-19.08.2005) wurden insgesamt 108 Flächen aufgesucht, auf denen in 33 Fällen *Zygaena carniolica* vorkam.

3.2.1.2 Kartierung der Habitatqualität für *Zygaena carniolica*

Die Kartierung verfolgt zwei Ziele: Zum einen werden für Flächen mit unterschiedlicher Flächengröße und Konnektivitätsgraden die Habitatqualität erfasst, um anschließend mit statistischen Auswertungen der im Gelände erhobenen Daten die Bedeutung der Einflussfaktoren Habitatqualität, Flächengröße und Isolationsgrad auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* zu ermitteln. Zum anderen wird die Habitatqualität erfasst, um für das Untersuchungsgebiet die in der Literatur genannten Habitatansprüche durch Ansprache im Gelände zu spezifizieren.

3.2.1.3 Flächenauswahl

Die erste Gruppe der Flächen, für welche die Habitatqualität erfasst wird, bilden die Gebiete, auf denen in der Rasterkartierung ein Vorkommen von *Zygaena carniolica* nachgewiesen wurde. Zudem werden aus den potentiellen Habitaten für isolierte und gut verbundene Flächen unterschiedlicher Größe Zufallsstichproben genommen. Aus anderen Naturräumen sind stabile Populationen von *Zygaena carniolica* auf extrem kleinen Flächen von nur wenigen Quadratmetern bekannt, so daß es keine Areal-Untergrenze für die Art gibt (GEIBLER-STROBEL; HERRMAN, mündlich). Mit der Erhebung unterschiedlich großer Flächen stehen Daten zur Verfügung, anhand welcher die Bedeutung der Flächengröße für die Art analysiert werden kann.

Die Datenbasis für die Zufallsstichproben sind die potentiellen Habitats der in Kap. 3.1.2 beschriebenen zusammengeführten Trockenrasen. Die Kriterien für die Stichprobenauswahl sind in Tab. 3-6 dargestellt.

Bezeichnung der Flächen	Lage 800-m-Verbundraum	Trockenrasenfläche	Anzahl der Stichproben
„Isoliert“	außerhalb	beliebig	20
„Groß“ und „gut verbundenen“	innerhalb	größer 20 000 m ²	20
„klein“ und „gut verbunden“	innerhalb	zwischen 1000 m ² und 5000 m ²	20
„winzig“ und „gut verbunden“	innerhalb	kleiner 500 m ²	20

Tab. 3-6: Kriterien für Stichprobenauswahl für die Kartierung der Habitatqualität von *Zygaena carniolica*

Die Auswahl der Stichproben erfolgte innerhalb der nach den Kriterien Verbundenheit und Flächengröße getrennten Gruppen. Dabei gelten als „gut verbunden“ diejenigen Flächen, welche maximal eine Distanz von 800 m zum nächsten potentiellen Habitat aufweisen. Für die Auswahl wurden die in der Konnektivitätsanalyse erstellten Geometrien der 800 m-Distanz verwendet (s. Kap. 3.3.2).⁷ Neben der Lage innerhalb eines 800 Meter-Verbundraumes wird für „gut verbundene Fläche“ als zusätzliches Kriterium ein Mindestanteil an Trockenrasenfläche innerhalb der Verbundräume verwendet, um sicher zu stellen, dass eine Verbundsituation von Trockenrasenflächen gegeben ist. Anhand der statistischen Verteilung der Anteile von Trockenrasenflächen in den Verbundräumen wird definiert, dass „gut verbundene“ Verbundräume mindestens 5 ha Trockenrasen haben und damit nicht deutlich unter dem Durchschnitt liegen (Abb. 3-1).

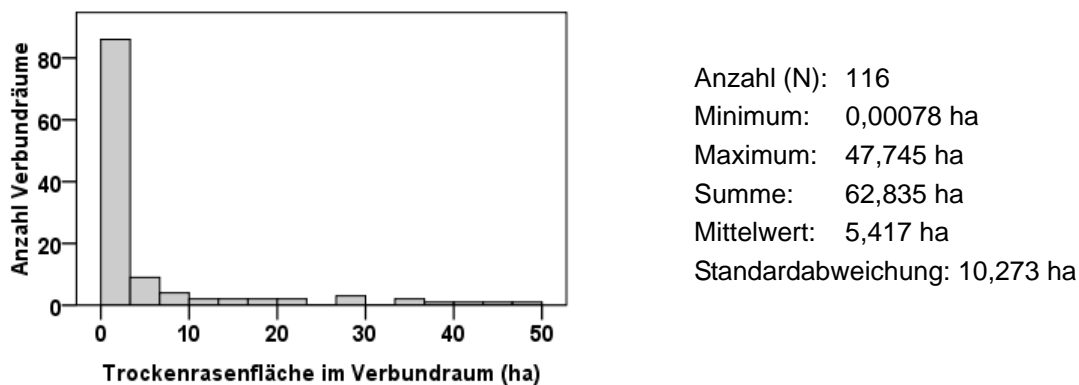


Abb.3-1: Häufigkeitsverteilung der Größe der Trockenrasenflächen innerhalb der 800-m-Verbundräume

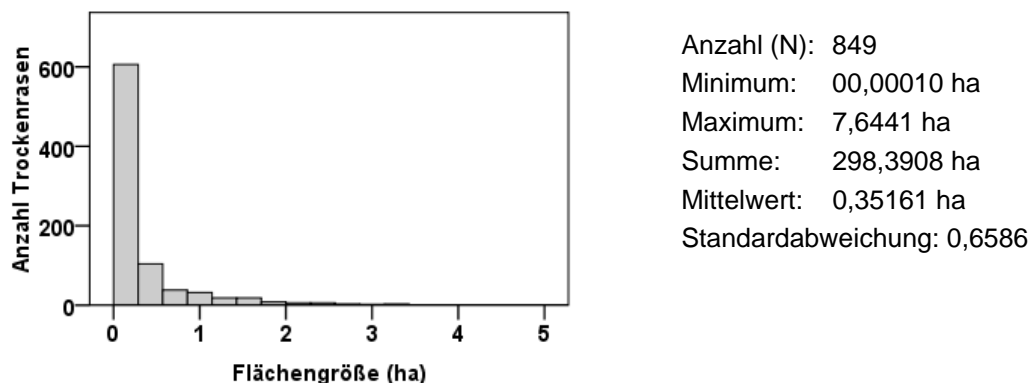


Abb.3-2: Häufigkeitsverteilung der Flächengrößen der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet.

⁷ Die Distanz von 800 m wurde als ein Näherungswert nach Angaben zu den Flugdistanzen von *Zygaena carniolica* aus der Literatur verwendet. Die Ergebnisse aus Kap. 4.1.2 validieren diesen Wert.

Für die Zufallsauswahl der Flächen werden vier Typen „isoliert“, „groß“, „klein“ und „winzig“ unterschieden. Die Definition der Flächen ist in Tab. 3-6 aufgeführt. Die „großen“, „kleinen“, und „winzigen“ Flächen weisen eine gute Verbundsituation auf. Die Definitionen der Schwellenwerte für die Flächengrößen innerhalb dieser Gruppe wurden aufgrund der Verteilung der Flächengrößen festgelegt (Abb. 3-2). Da die Anzahl der Stichprobenfläche aufgrund des Arbeitsaufwandes begrenzt ist, wurden, um möglichst deutliche Unterschiede zwischen den Gruppen zu gewährleisten, größere, kleinere und extrem kleine Flächen bearbeitet, während die mittlere Flächengröße bei der Stichprobenauswahl unberücksichtigt blieb. Aus den vier Gruppen wurde mit dem Statistikprogramm SPSS je eine Zufallsstichprobe von 20 Flächen genommen. In Abb. 3-3 ist die räumliche Verteilung der Zufallsstichproben im Untersuchungsgebiet dargestellt.

Stichprobenauswahl *Zygaena carniolica*

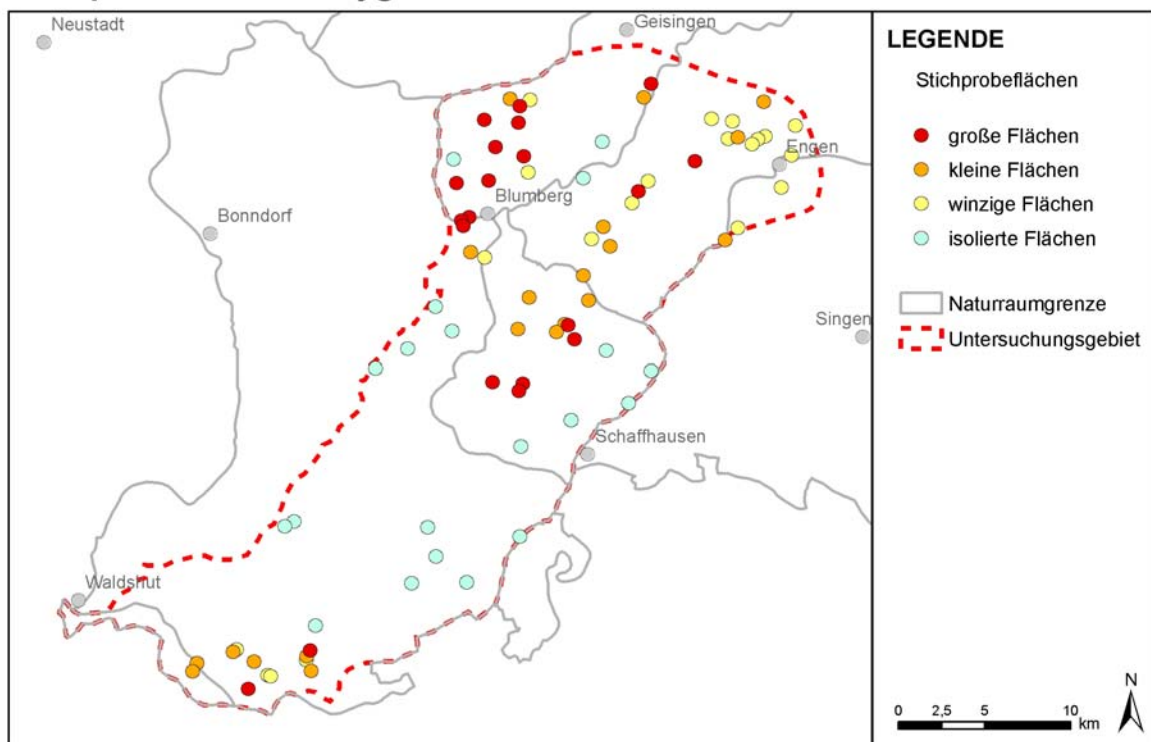


Abb. 3-3 Stichprobenflächen für die Kartierung der Habitatqualität von *Zygaena carniolica*

Da für die statistische Auswertung eine Mindestanzahl von Flächen mit Vorkommen von *Zygaena carniolica* notwendig ist, wurden neben den Zufallsstichproben die Flächen mit den aus der Übersichtskartierung bekannten Vorkommen mit in die Erhebung der Habitatqualität einbezogen. Die räumliche Verteilung aller in der Kartierung der Habitatqualität berücksichtigten Flächen zeigt Abb. 3-4.

Erhebungsflächen Habitatqualität *Zygaena carniolica*

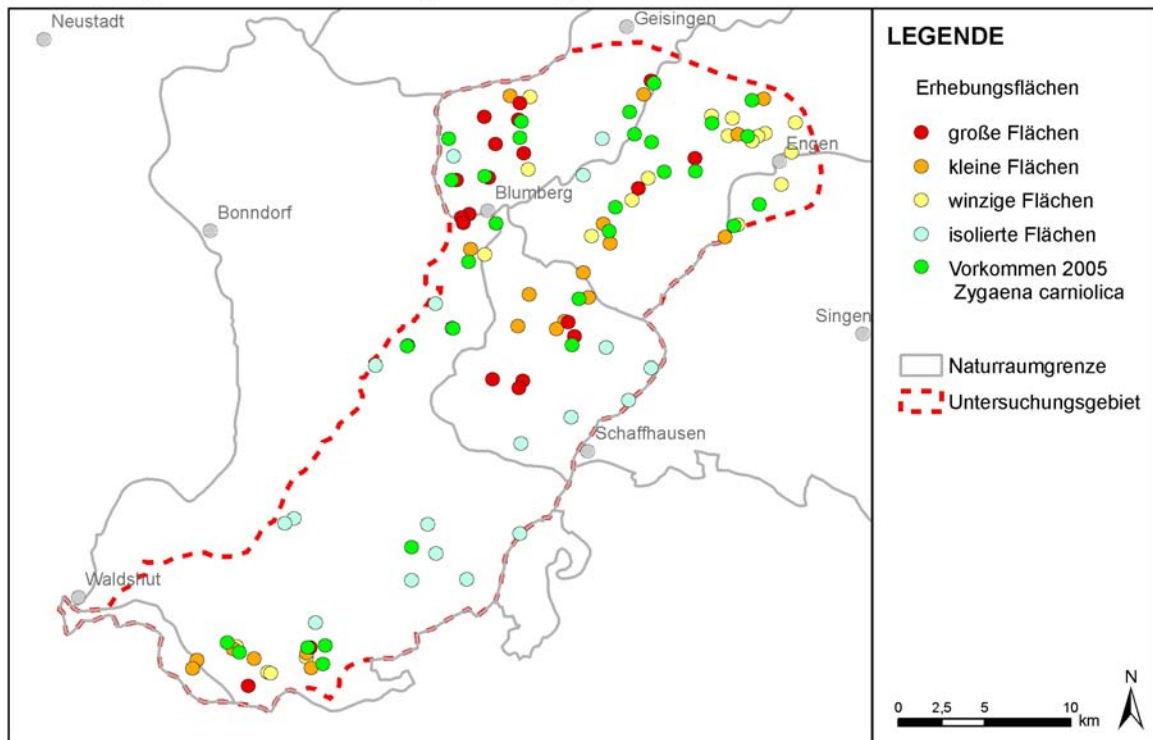


Abb. 3-4 Erhebungsflächen für die Kartierung der Habitatqualität von *Zygaena carniolica*

3.2.1.4 Erhebungsbogen

Mit der Erhebung der Habitatqualität werden die für *Zygaena carniolica* in Literatur als relevant erachteten Umweltparameter kartiert. Die Erfassungsmethode orientiert sich zum einen an WAGNERS Arbeiten zu den Widderchen auf der Schwäbischen Alb (WAGNER 2002, 2003, 2006), zum anderen konnte das Wissen von Experten einfließen (HAFNER, HERRMANN, mündlich). Die Habitatqualität des Larval- und Imaginalhabitats wurde unter Verwendung eines Erhebungsbogens erfasst (Anhang 3). Neben Informationen zur Exposition, Hangneigung und den Abundanzen von *Zygaena carniolica* wird die Dichte der wichtigsten Falternahrungspflanzen erhoben. Die Anzahl Blütenköpfe von *Scabiosa columbaria*, *Knautia arvensis* und *Centaurea jacea* pro 25 m² wurde an drei Stellen gezählt und der Mittelwert gebildet. Für die Qualität der Larvalhabitate wird das Vorkommen von *Onobrychis viciifolia* und *Lotus corniculatus* erfasst. Es wird zwischen punktuellen Vorkommen und Vorkommen im gesamten Gebiet unterschieden. Die Flächen wurden hangparallel abgegangen und die Vorkommen der Pflanzen in zwei Meter breiten Streifen gezählt. Eine intensivere Suche fand nur bei fehlendem Vorkommen der Raupenfutterpflanzen statt, ansonsten wurden nur die beim Überschreiten der Fläche erkennbaren Pflanzen gezählt. In dichter, hochwüchsiger Vegetation werden bei diesem Vorgehen eventuell einige Individuen nicht blühender *Lotus corniculatus* übersehen. Zusätzlich wurde die Anzahl der Individuen von *Onobrychis viciifolia* und *Lotus corniculatus* in der gesamten Fläche geschätzt. Die im Gelände erkennbare Nutzung wird in

Beweidung, Mahd und Rückschnitt unterschieden. Die Homogenität bzw. Heterogenität der Vegetation wird in vier Stufen unterschieden, wobei die typische Ausprägung von Wiese mit Saum als homogen betrachtet wird. Der Großteil der für *Zygaena carniolica* relevanten Gebietseigenschaften kann über die Vegetation erfasst werden. Im Einzelnen sind dies Vegetationshöhe, Trockenheit/Magerkeit, Lückigkeit, Verfilzung und Kräuterreichtum der Flächen. Hier wird eine vierstufige Skala verwendet, deren einzelnen Kategorien bei der Lückigkeit, Verfilzungsgrad und Kräuterreichtum über den Deckungsgrad definiert sind. Die Anordnung der Wertstufen erfolgte so, daß die Wertstufe „1“ jeweils die optimale Bedingung für *Zygaena carniolica* darstellt. Neben dem Durchschnittswert für die Flächen wird der Optimalwert für die Gebietsparameter in der Fläche erhoben und die Flächengröße des Optimalwertes geschätzt. Die floristische Artenausstattung der Flächen wird über typische Vertreter von Artengruppen, die als Zeigerarten für bestimmte Standorteigenschaften stehen, erfasst. Tab. 3-7 gibt einen Überblick über die Erfassungskriterien der für die Habitatqualität relevanten Vegetationsparameter. Weitere Erläuterungen sind in dem Erhebungsbogen in Anhang 3 zu finden.

Habitatfaktor	Kriterien / Klassen
Homogenität der Vegetationsstruktur	1 - sehr homogen; 2 - homogen; 3 - heterogen; 4 - sehr heterogen
Vegetationshöhe	1 = sehr niedrigwüchsig (nur wenige Vegetationsteile erreichen eine Höhe über 15 cm); 2 = mäßig niedrigwüchsig (deutlich mehr Vegetationsteile über 15 cm); 3 = mäßig hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über 30 cm); 4 = hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über ca. 50 cm)
Lückigkeit der Vegetation	Anteil offener Boden: 1 > 25 %; 2 = 16 - 25 %; 3 = 6 - 15 %; 4 = < 5 %
Trockenheit der Vegetation	1 = Arten des Mesobrometum + Xerobrometum; 2 = Arten des Mesobrometum; 3 = Arten des Mesobrometum + Arrhenatheretum; 4 = Arten des Arrhenatheretum überwiegen
Verfilzungsgrad der Vegetation	Deckung Streuschicht: 1 < 5 %; 2 = 5 - 25%; 3 = 26 - 50%; 4 = > 50 %
Kräuteranteil der Vegetation	Deckung Kräuter: 1 = > 50 %; 2 = 26 - 50%; 3 = 5 - 25%; 4 = < 5 %

Tab. 3-7: Vegetationsbezogene Faktoren und deren Klasseneinteilung für die Erfassung der Habitatqualität von *Zygaena carniolica*

Anfang Juli 2006 wurde auf zwanzig Flächen die Erfassung der Habitatqualität mit einer ersten Version des Erhebungsbogens getestet. Nach dieser Erprobungsphase wurde der Erhebungsbogen leicht modifiziert. Im zweiten Durchgang wurden von Ende Juli bis Mitte August (28.07.-17.08.2006) insgesamt 108 Flächen erfasst, davon 80 zufällig ausgewählte Flächen der unterschiedlichen Größen- und Isolationskategorien und 28 Flächen, auf denen *Zygaena carniolica* im Jahr 2005 nachgewiesen wurde. Sieben Flächen mit Vorkommen im Jahr 2005 waren gleichzeitig Zufallsstichproben. Am Eichberg und Buchberg kommen großflächig Trockenrasen vor, und es wurden bei der Zufallsstichprobe mehrere Teilflächen

ausgewählt, so daß eine eindeutige Zuordnung zu den §32-Biotopnummern nicht möglich ist. Für diese Fälle wurde die Biotopnummer um eine zusätzliche Ziffer erweitert.

3.2.2 Pulsatilla vulgaris

Die Bearbeitung von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet erfolgte in drei Schritten: zunächst wurden nach Informationen über die historische und aktuelle Verbreitung recherchiert, dann eine Übersichtskartierung der aktuellen Vorkommen durchgeführt und anschließend von ausgewählten Populationen Proben für die genetische Analyse genommen.

3.2.2.1 Recherche Historische Vorkommen

In der „Flora von Schaffhausen und den angrenzenden Gebieten“ hat KUMMER im dritten Band von 1941 die Fundorte von *Pulsatilla vulgaris* beschrieben. Der Schwerpunkt liegt im Kanton Schaffhausen, wobei größere Vorkommen in der Hegualb und im Klettgau ebenfalls aufgeführt sind, während die Baaralb von KUMMER nicht bearbeitet wurde. Historische Angaben zu den Fundorten von *Pulsatilla vulgaris* im Hegau finden sich auch bei BARTSCH (BARTSCH 1924: 303 F.). Die Fundortangaben von KUMMER wurden in den Topographischen Karten 1:25 000 von Baden-Württemberg (Blattnummern TK 8118, TK 8217, TK 8316, TK 8416) sowie in der Swisstopo Nr. 2511 lokalisiert. Für die Schweiz konnte auf die Arbeiten von KLECAK (1996, 1997) zurückgegriffen werden, in welchen für den Randen die Fundorte von *Pulsatilla vulgaris* in einer Karte dargestellt sind. Da die Namen, z.B. von Tälern häufig nicht genau einem Punkt zugeordnet werden können, wird die Lagegenauigkeit der historischen Fundpunkte wie folgt mit angegeben:

- 1 = *eindeutig (bis auf ca. 50 m in TK 1: 25 000 lokalisierbar)*
- 2 = *ungefähr klar (bis auf ca. 200 m lokalisierbar)*
- 3 = *genaue Lage unklar (bis auf ca. 500 m lokalisierbar)*
- 4 = *nur Angabe von Ort ohne Lokalität*

Rund zehn Prozent der von KUMMER angegebenen Ortsnamen konnten nicht gefunden werden. Eine Tabelle mit der Gesamtliste aller Fundortangaben nach der Flora von KUMMER befindet sich im Anhang. Für die historischen Vorkommen wurde im Geographischen Informationssystem (GIS) eine Punktgeometrie mit Angaben zum Namen und der Lagegenauigkeit erstellt.

3.2.2.2 Recherche Aktuelle Vorkommen

Eine Datenquelle für das aktuelle Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* sind die landesweiten Kartierungen. Für das Untersuchungsgebiet sind bei 76 Biotopen der §32 Kartierung und der Waldbiotopkartierung Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* erwähnt. In den TWW-Erhebungsbögen sind lediglich für zwei Gebiete Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* ver-

merkt. Informationen zu den aktuellen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* wurden zudem bei der Naturschutzverwaltung des Kantons Schaffhausen und dem Regierungspräsidium Freiburg angefragt. Diese vermittelten neben eigenen Angaben Kontakte zu Botanikern, welche Experten für die Flora der Region sind.⁸ Für die Naturschutzgebiete auf deutschem Gebiet wurden zusätzlich die floristischen Angaben aus der Veröffentlichung zu den Naturschutzgebieten (REGIERUNGSPRÄSIDIUM FREIBURG 2004) ausgewertet. Für den Randen liegen mit den Arbeiten von PFEIFER (1998) und KLECAK (1996) relativ aktuelle Angaben über die Verbreitung von *Pulsatilla vulgaris* vor.

Aus den gesammelten Informationen wurde für das Untersuchungsgebiet eine Punktgeometrie mit den 85 aktuell bekannten Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* erstellt.

3.2.2.3 Übersichtskartierung

Für die Geländeerhebung wurde eine Kartierungsgrundlage erstellt, bestehend aus den Trockenrasen, überlagert mit den Informationen zum historischen und aktuellen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris*. Für die Bearbeitung der insgesamt 210 Angaben wurde eine Prioritätenliste erstellt. Vorrangig wurden die Gebiete aufgesucht, in denen nach Angaben der Experten der Region aktuelle Vorkommen bekannt sind. Zweites Kriterium war der Standort, d.h. es wurden vorrangig Trockenrasen und Säume kartiert, während Vorkommen auf Felsen nicht berücksichtigt wurden. Die Übersichtskartierung für *Pulsatilla vulgaris* wurde im Frühjahr 2006 von Ende März bis Mitte April durchgeführt. Aufgrund des kalten Frühjahrs mit Schnee bis Ende April war die Entwicklung der Küchenschelle in den Regionen unterschiedlich weit fortgeschritten. Während die Pflanzen auf den wärmebegünstigsten Standorten im Hegau bereits fruchteten, kamen auf den Hochflächen im Randen die ersten Sprosse unter der Schneedecke hervor. Aufgrund der unterschiedlichen phänologischen Entwicklung der Standorte sind Fehler bei der Ermittlung der Populationsgröße nicht auszuschließen. Die Fundpunkte wurden mit einem GPS aufgenommen und in das GIS übertragen. Die Erfassung der Standorte von *Pulsatilla vulgaris* erfolgte unter Verwendung eines Erhebungsbogens, welcher in Anhang 7 aufgeführt ist.

Der Erhebungsbogen enthält Angaben zum Biotoptyp, Höhe, Exposition, Hangneigung, Lichtgenuss sowie zur im Gelände erkennbaren Nutzung. Die Populationsgröße wird für Populationen mit bis zu 50 Individuen gezählt, für größere geschätzt. Die Schätzung erfolgte durch Zählen der Individuen auf einer bestimmten Fläche, die dann mit der geschätzten Gesamtfläche des Vorkommens multipliziert wurde. Zwei Individuen werden unterschieden, wenn sie weiter als 10 cm voneinander entfernt liegen (vgl. PFEIFER, 1998). Räumlich werden zwei Populationen unterschieden, wenn ungeeignete Habitate zwischen den Vorkommen liegen (vgl. VAN ROSSUM et al. 2004). Nach Angaben der Experten lagen die Populationen

⁸ namentlich bedanken möchte ich mich bei Herrn Billing, Herrn Bolliger, Herrn Dannert, Herrn Genser, Herrn Hafner, Herrn Koch, Herrn Sauerbier und Herrn Zinke.

von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet i.d.R. mindestens 200 Meter voneinander entfernt. Die Klasseneinteilung der Populationsgrößen erfolgt logarithmisch, da die kleineren Individuenzahlen stärker differenziert werden sollten als die größeren. Die Bestimmung der Individuendichte erfolgte anhand der durchschnittlichen Anzahl der Individuen pro Quadratmeter. Die Vegetationsstruktur wird in einer deskriptiven 4-stufigen Skala unterschieden. Für die Bestimmung der Bodengründigkeit wurde eine Gartenschaufel verwendet. Die mittlere Vegetationshöhe wurde mit einem Zollstock dort gemessen, wo eine 50 x 50 Zentimeter große Pappe liegen bleibt (vgl. VOGEL 1997). Für die Schätzung der prozentualen Anteile des offenen Bodens sowie der Bodenbedeckung von Kraut- Streu- und Moosschicht wurde ein Schätzrahmen mit 1 x 1 Meter Fläche, unterteilt in ein 10 x 10 Zentimeter - Raster, verwendet. Die Begleitvegetation von *Pulsatilla vulgaris* wird über typische Vertreter von Artengruppen der §32-Biototypen dokumentiert.

Insgesamt wurden 60 Standorte aufgesucht, wobei an sieben Standorten mit Angaben zu bekannten Vorkommen keine *Pulsatilla vulgaris* nachgewiesen werden konnte.

3.2.2.4 Probennahme für genetische Analysen

Für *Pulsatilla vulgaris* erfolgt nach einem Probendesign, welches unterschiedliche Populationsgrößen und Isolationsgrade berücksichtigt, die Probennahme für die genetischen Analysen. Die in der Übersichtskartierung dokumentierten Populationen von *Pulsatilla vulgaris* können großräumig betrachtet von Süden nach Norden in vier verschiedenen Regionen unterteilt werden: dem Hochrheintal, dem Randen, der Hegaualb inklusive dem Hegau (Hegaualb) und der Baaralb. Die Populationsgrößen, welche von wenigen bis zu mehreren Hunderten Individuen reichen, wurden in sieben Klassen unterteilt. Die Probennahme erfolgte nach dem Grundmuster, aus den unterschiedlichen Regionen von unterschiedlich großen Populationen Proben zu nehmen. Aus statistischen Gründen sollten pro Standort möglichst zehn Individuen genommen werden. Als weitere Anforderung des Probendesigns sollten sich die räumlichen Distanzen zwischen den Populationen deutlich unterscheiden. Tab. 3-7 enthält eine Übersicht der Populationen, von denen Proben für die genetische Analyse genommen wurden. Die räumliche Lage der Probestellen ist in Abb. 3-5 dargestellt.

Von den 17 ausgewählten Populationen wurden Anfang Mai (9.-10.05.2006) insgesamt 143 Proben genommen. Um zu vermeiden, daß Ausläufer der gleichen Mutterpflanze genommen werden, lagen die beprobten Individuen mindestens 1 m voneinander entfernt. Für die Proben wurden ein bis zwei Blättchen (mind. 5 g Blattmasse) gesammelt, in feuchtes Papier eingeschlagen, gekühlt in Plastiktüten verwahrt und anschließend eingefroren. Für jede beprobte Population wurde ein Lageplan mit einem 1 x 1 Meter-Raster angefertigt, in dem die Lage der Individuen, von denen Proben genommen wurden, eingezeichnet wurde. Im Gelände wurden die beprobten Individuen mit Nummernkärtchen versehen und mit Photos dokumentiert. Die Lageskizzen und Photos der Probestellen befinden sich in Anhang. Bezüglich der Individuenzahlen ist anzumerken, dass bei den sehr kleinen Populationen aufgrund der

niedrigen Individuenzahlen eine statistisch abgesicherte Auswertung kritisch ist. Bei den Populationen mit weniger als zehn Individuen wurde von jedem Individuum eine Probe genommen, wobei die Individuen z.T. weniger als einen Meter voneinander entfernt lagen. Diese Ausnahmefälle sind in den Lageskizzen dokumentiert.

Name/ Code	Rechtswert	Hochwert	Region
AUL	5304450	3474355	Baaralb
NID	5305310	3468160	Baaralb
OBS	5304645	3474535	Baaralb
OSS	5305300	3473710	Baaralb
OSW	5305280	3473865	Baaralb
BIE	5303245	3482140	Hegau(alb)
FUL	5305380	3421290	Hegau(alb)
HEI	5299750	3484670	Hegau(alb)
LAN	5299940	3482635	Hegau(alb)

Name/ Code	Rechtswert	Hochwert	Region
MAR	5303320	3483585	Hegau(alb)
SWI	5303485	3484420	Hegau(alb)
GRA	5291400	3471145	Randen
HAN	5294305	3473540	Randen
SUS	5288745	3468220	Randen
HUE	5272990	3448330	Hochrhein
ORW	5272275	3449580	Hochrhein
PUW	5272325	3448610	Hochrhein

Tab. 3-8: Probestellen *Pulsatilla vulgaris*

Probestellen *Pulsatilla vulgaris*

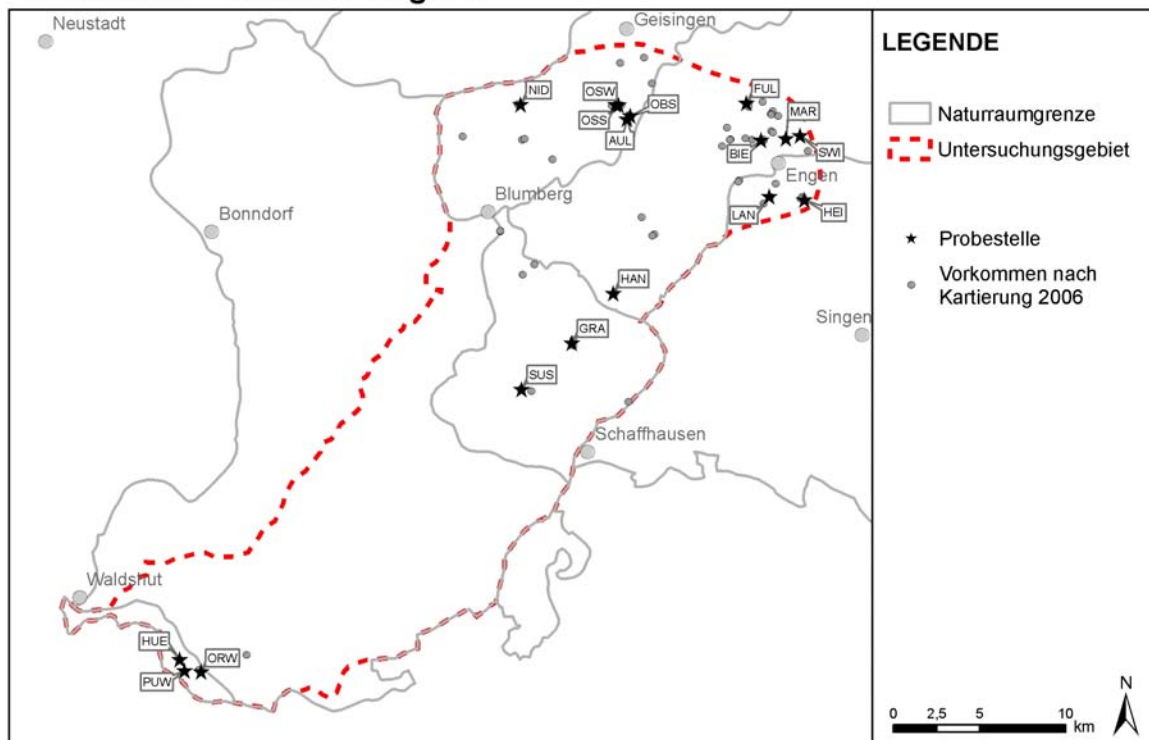


Abb.3-5: Probestellen *Pulsatilla vulgaris*

3.3 Konnektivitätsanalysen

3.3.1 Hintergrund: Räumliche Analysen

Nach dem von FORMAN und GODRON (1986) eingeführten Patch-Korridor-Matrix-Modell setzt sich die Landschaft aus verschiedenen Landschaftselementen zusammen, welche in Form und Funktion unterscheidbar sind. Dem Modell liegt eine diskrete Betrachtung des Raumes zugrunde, d.h. es ist möglich und sinnvoll, zwischen Flächen zu unterscheiden, die als Lebensraum für die untersuchten Arten geeignet sind, und der restlichen Landschaft, die als Matrix bezeichnet wird (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 9). Ein Patch wird als eine zusammenhängende Fläche definiert, in der alle notwendigen Ressourcen für das Überdauern einer lokalen Population vorhanden sind und die durch nicht geeignete Habitats von anderen Patches getrennt ist (HANSKI und SIMBERLOFF 1997: 11).

Für die Quantifizierung von Landschaftsstrukturen haben sich die unter Verwendung von Geographischen Informationssystemen berechneten Landschaftsstrukturmaße etabliert. Einen Überblick über die Maße geben beispielsweise MCGARIGAL und MARKS (1995), GUSTAFSON (1998) oder BLASCHKE (2000). Im Wesentlichen erfolgt die Analyse auf drei Ebenen: der einzelnen Patches, der Patchklassen und der Landschaft als Ganzes. Proximitätsmaße beschreiben die Entfernungen zwischen gleichen Habitats, sind also auf der Patchebene einzuordnen, wobei die Flächengröße der Patches in unterschiedlichem Maße berücksichtigt werden können. Die Eigenschaften und Anwendbarkeit verschiedener Proximitätsmaße stellt u.a. LANG (1999) dar.

Für die Ermittlung von Verbindungsräumen zwischen zwei Habitats einer Klasse sind unterschiedliche GIS-basierte Verfahren entwickelt worden. Ausgehend von den potenziellen Habitats für Anspruchstypen werden Verbindungsräume innerhalb bestimmter Distanzklassen erzeugt. Die vektorbasierten Verfahren bieten eine Alternative bzw. Ergänzung zu den oft verwendeten, rasterbasierten „Cost-Distance“-Funktionen, welche Verbindungen zwischen immer nur einem Quell- und einem Zielhabitat ermitteln (MÜLLER et al. 2003; HÄNEL 2006: 243). Der Vorteil der vektorbasierten Verfahren liegt darin, dass eine nachvollziehbare und planungsorientierte Flächenkulisse erzeugt wird (JOOB 2006a: 262).

3.3.2 Flächenhafte Abbildung von Verbundräumen

Mit der Verbundraumanalyse können, aufbauend auf dem Gerüst der potentiellen Habitats, zusammenhängende potentielle Lebensräume visualisiert werden. Die Verbundräume aggregieren einzelne Flächen und ermöglichen so eine landschaftsbezogene Bewertung der Verbundsituation. Das von JOOB entwickelte Verfahren verbindet alle Flächen (Patches), die näher als ein bestimmter Schwellenwert beieinander liegen, zum kleinstmöglichen Umrisspolygon mit Eckpunkten in den enthaltenen Flächen (s. Abb. 3-6).

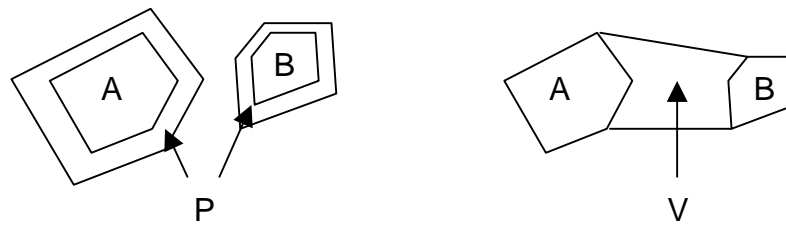


Abb. 3-6: Schema Vergleich Puffer vs. Verbundraum.
A, B sind Patches; P - Pufferfläche; V – Verbundraumfläche

Alle Patches, die in einem als „potenzieller Verbundraum [...] bezeichneten Umrisspolygon liegen, haben demnach mindestens ein benachbartes Patch, das nicht weiter als der gewählte Distanzwert entfernt liegt“ (Jooß 2006a: 259). Im Gegensatz zu einem einfachen Puffer werden bei den Verbundräumen nur die Flächen berücksichtigt, welche „in Richtung“ eines anderen potentiellen Habitates liegen. In Abb. 3-7 sind die Habitatpotenzialflächen, die Verbindungsflächen und potentielle Verbundräume für eine 200 m-Distanz beispielhaft dargestellt. Zur Betrachtung der Verbundsituation einzelner Patches besteht die Möglichkeit, Verbundräume mit einer Reihe von Wanderungsdistanzen zu erzeugen und die Entwicklung der Maße zu analysieren (s. Kap. 3.3.5) (Jooß 2006a: 262).

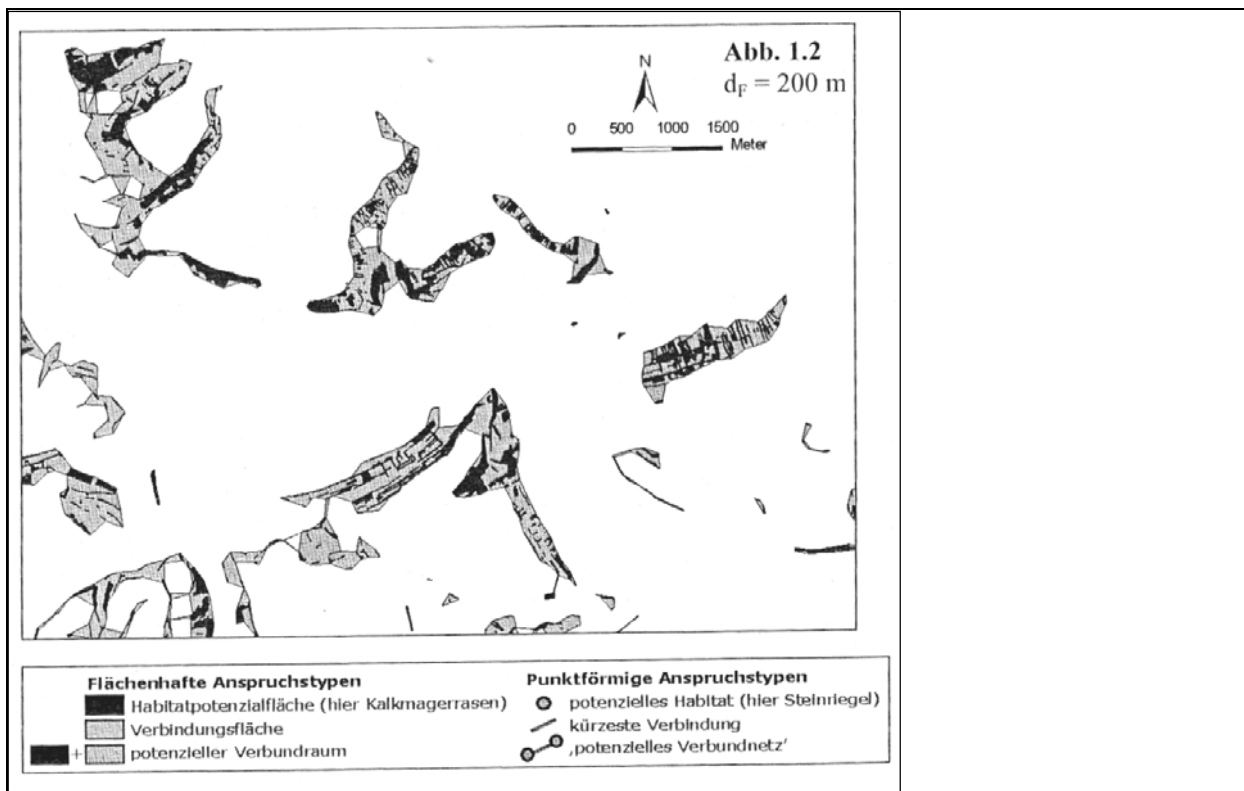


Abb.3-7: Potenzielle Verbundräume (Jooß 2006b: 260)

Nach dem oben vorgestellten Verfahren wurden für das Untersuchungsgebiet für Distanzen von 0 bis 1000 m im Abstand von 25 m Verbundräume um die Trockenrasen erzeugt. Ab der 1000 m-Distanz wurden die Abstände auf 50 m erhöht. Die technische Umsetzung der Berechnungen der Verbundräume erfolgte mit von Herrn Jooß zu Verfügung gestellten AML-Skripten. Bei der Analyse der Verbundräume können unterschiedliche Aspekte berücksichtigt werden. Neben der Größe der Verbundräume sind der Anteil und die Anzahl der darin enthaltenen Trockenrasen aufschlussreich. Mit einem größeren Anteil an potentieller Habitatfläche innerhalb der Verbundräume verringert sich im Allgemeinen die Distanz zwischen den Flächen. Dieselbe Gesetzmäßigkeit gilt auch für die Anzahl der Flächen, nach der mit einer größeren Anzahl sich die Distanzen zwischen den Flächen verringern (vgl. JOOß 2006b: 56).

3.3.3 Zusammenhang zwischen dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* und den Konnektivitätswerten

Konnektivitätsanalysen sollen Aussagen über die Erreichbarkeit der Flächen für einzelne Arten ermöglichen. Die in der vorliegenden Arbeit durchgeführten Konnektivitätsanalysen verfolgen den Ansatz, über die Analyse der Vorkommen von *Zygaena carniolica* den Aktionsradius der Art einzugrenzen. Die Verteilung der Populationen von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet ist einerseits von der räumlichen Konfiguration der potentiellen Habitate, andererseits von der spezifischen Wanderungskapazität der Art abhängig. Allgemein kann bei dem Mobilitätsverhalten der Tiere zwischen Bewegungen innerhalb einer Fläche und Bewegungen zwischen den Flächen unterschieden werden. Die kleinräumigeren Bewegungen sind mit Aktivitäten wie der Nahrungssuche verbunden. Die Ausbreitung oder dispersal einer Art, d.h. die Besetzung neuer Habitate findet auf der Landschaftsebene statt und ist Gegenstand der vorliegenden Untersuchung (vgl. IMS 1995; DYCK und BAGUETTE 2005).

Einfachstes Maß für Erreichbarkeit eines potentiellen Habitats ist die direkte Entfernung zum nächsten potentiellen Habitat. Komplexere Konnektivitätsmaße berücksichtigen neben der Entfernung auch die Dichte vergleichbarer Lebensräume. Nach der Theorie der Inselbiogeographie (s. Kap. 1.5.2.1) beeinflussen sowohl die Größe als auch die Entfernung zu anderen Inseln das Vorkommen von Arten. Beide Faktoren gehen in unterschiedlicher Gewichtung in die Berechnung der Konnektivitätswerte mit ein. Eine von MOILANEN und NIEMINEN durchgeführte Metaanalyse bestätigt, dass Konnektivitätsmaße, welche die Größe von und Distanzen zu den Nachbarschaftsflächen berücksichtigen, am besten geeignet sind, um die Vorkommen von Arten vorherzusagen (MOILANEN und NIEMINEN 2002: 1131). Neben der Berücksichtigung der Flächengröße ist ein weiterer Aspekt komplexerer Konnektivitätsindizes, dass sie um einen sogenannten Fokalpatch⁹ eine Distanz¹⁰ definieren, innerhalb welcher - auf Basis der Konfiguration der Patches - der Index berechnet wird. Die Puffergröße richtet

⁹ das Fokal-Patch ist die Ausgangsfläche, für welche die Nachbarschaftsanalyse durchgeführt wird

¹⁰ für die Distanzen werden auch die Begriffe „Nachbarschaftsraum“ oder „Puffer“ verwendet

sich nach der artspezifischen Wahrnehmung und ist ein Äquivalent für den Aktionsraum einer Art.

Entfernungen von rund 200 m gehören zum Aktionsradius, in welchem sich fast alle Individuen von *Zygaena carniolica* bewegen (KREUSEL 1999, SMOLIS und GERKEN 1987, HÜBNER 2002). Für Verbundanalysen, welche zum Ziel haben, die Interaktionen zwischen den Flächen zu analysieren, erscheint dieser Wert zu gering. Eine fundierte Festlegung eines richtigen Distanzmaßes ist nicht möglich, wohl aber kann der Bereich nach dem heutigen Stand des Wissens eingegrenzt werden. Den in der Literatur erwähnten Wanderungsdistanzen von *Zygaena carniolica* zufolge werden Konnektivitätswerte mit Radien von 250, 500, 750, 1000 und 3000 gerechnet. Aus ökologischer Sicht ist es für *Zygaena carniolica* problematisch zu beurteilen, ob kleinere Flächen isolierter sind als größere. Für die Art ist keine minimale Arealgröße bekannt, und stabile Populationen kommen auf sehr kleinen Flächen vor (HERMANN; GEIBLER-STROBEL, mündlich). Dies spricht dafür, die Flächengröße beim Konnektivitätsmaß nicht mit zu berücksichtigen. Andererseits steht mit einer größeren Fläche mehr potentiell Habitat zur Verfügung, welches wiederum die Besiedlungswahrscheinlichkeit erhöht.

In der vorliegenden Arbeit kommen für die Konnektivitätsanalyse zwei unterschiedliche Verfahren zum Einsatz: die flächengewichtete Distanzanalyse mit einem modifizierten Proximityindex und die am Institut für Landschaftsplanung und Ökologie (ILPOE) entwickelte Verbundraumanalyse. Beide Verfahren werden in den folgenden Kapiteln erläutert. Ein weiteres häufig verwendetes Konnektivitätsmaß ist der Isolationsindex nach HANSKI, welcher die Summe der beobachteten Inzidenzen auswertet (HANSKI 1999; KUHN und KLEYER 1996; KRAUB 2003; GRÜNEBERG 2003). Die Verwendung dieses Index ist im Projekt nicht möglich, da keine flächendeckende Information über das Vorkommen der Art vorliegt.

In der statistischen Auswertung der Konnektivitätswerte wird zunächst mit einem U-Test die Hypothese getestet, ob sich die Gruppen der Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* für die berechneten Konnektivitätswerte signifikant unterscheiden. Anschließend erfolgt eine weitere Analyse des Zusammenhangs zwischen den Konnektivitätswerten und dem Vorkommen von *Zygaena carniolica*. Über eine univariate binäre logistische Regression mit dem Vorkommen als Antwortvariable und Konnektivitätswert als erklärende Variable wird der besterklärende Konnektivitätswert ermittelt. Die Güte des logistischen Regressionsmodells wird über die Signifikanzwerte und dem Nagelkerke's R^2 nach dem Omnibustest, den Güteparametern der Klassifikationsmatrix und der ROC-Kurve bewertet. Das Verfahren der logistischen Regression und die Gütebewertung ist in Kapitel 3.4.2.2 weiter beschrieben.

Die Konnektivitätswerte werden für alle Flächen berechnet, welche im Rahmen der Kartierungen von *Zygaena carniolica* aufgesucht wurden. Insgesamt sind es aus den beiden Erhebungsjahren 157 Untersuchungsflächen, zu denen Informationen über Präsenz und Absenz

von *Zygaena carniolica* vorliegen.¹¹ Die Konnektivitätswerte werden für diese 157 Fokal-Patches ermittelt, wobei in die Nachbarschaftsanalyse alle potentiellen Habitate für *Zygaena carniolica* eingehen. In den folgenden Abschnitten werden die beiden angewendeten Konnektivitätsmaße vorgestellt.

3.3.4 Proximityindex

Der Proximityindex wurde primär entwickelt, um die relative Konnektivität von Habitatsinseln vorherzusagen (MCGARIGAL und MARKS 1994: 46; GUSTAFSON 1998: 148). Er berücksichtigt die Größe und kürzeste Distanz aller Flächen, die innerhalb eines definierten Radius liegen. Daher ist der Proximityindex sowohl ein Maß für den Grad der Isolation des einzelnen Patches als auch ein Maß für die Fragmentierung des entsprechenden Habitattyps (MCGARIGAL und MARKS 1994: 46). Höhere Werte des Proximityindex können aus einer größeren Fläche oder geringeren Distanzen resultieren.

Der Proximityindex wurde vielfach modifiziert. SACHTELEBEN (2000) differenziert je nach Art bzw. Artengruppe unterschiedliche Dispersionstypen. Bei einer gerichteten linearen Bewegung nimmt die Isolation proportional zur Entfernung zu. Die kürzeste Entfernung zwischen Flächen gilt daher genau genommen nur für die Abbildung zielgerichteter Bewegung. Für Falter hingegen sind diffuse Dispersionsbewegungen typisch. „Eine Bewegung im Sinne einer ungerichteten Diffusion kann durch Quadrierung der Entfernung berücksichtigt werden – es gilt dann [...] Isolation der Fläche $i = \sum A_j/d_j^2$ (SACHTELEBEN 2000: 24).

Um den Einfluss der Flächengröße und der Entfernungen auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* zu überprüfen, werden unterschiedliche Proximitymaße berechnet und der beste Wert ermittelt. Bei Parametrisierung der Flächengröße mit dem Parameter γ und der Distanz mit dem Parameter β gilt für den Proximitywert einer Fläche:

$$P_i = \alpha \sum \frac{A_j^\gamma}{d_j^\beta}$$

P_i = Proximity der Fläche i

A_j = Größe der Fläche j

d_j = Entfernung zwischen Fläche j und Fläche i innerhalb einer definierten Entfernung

α = Skalierungsfaktor

¹¹ Die Differenz zwischen den 157 Flächen und den 107 Flächen, für welche die Habitatqualität kartiert wurde, bilden die Flächen, auf denen in der Rasterkartierung kein Vorkommen von *Zygaena carniolica* nachgewiesen wurde.

Die Berechnung erfolgt innerhalb von Suchradien in 250 m-Abständen ($d = 250, 500, 750, 1000, 3000$), mit und ohne Berücksichtigung der Flächengröße ($\gamma = 0$ und $\gamma = 1$) sowie für unterschiedliche Potenzen der Distanzen zwischen den Flächen ($\beta = 0, \beta = 0.5, \beta = 1.0, \beta = 1.5$ und $\beta = 2$).

Die technische Umsetzung der Berechnung der Proximitywerte erfolgte mit einer modifizierten Version der ArcView Extension `nearestneighbour.avx`. Die Modifikationen umfassen die Parametrisierungen der Entfernung und Flächengröße sowie einen Saklierungsfaktor. In dem Tool kann die Berechnung der geographischen Distanz zwischen den Flächen entweder von Innenpunkt-zu-Innenpunkt („Center-to-Center“) oder von Ecke-zu-Ecke („Edge-to-Edge“) durchgeführt werden. Die Rechenzeiten sind bei dem Innenpunkt-Verfahren wesentlich kürzer. Da jedoch aus ökologischer Sicht *Zygaena carniolica* auch in den Randbereichen eines Patches vorkommt, also eine für Randeffekt insensitive Art ist, wurden die Entfernungen von Ecke-zu-Ecke berechnet.

3.3.5 Distanzgewichtete Verbundraumanalyse (DVS)

Während bei der in Kap. 3.3.2 vorgestellten Verbundraumanalyse der Fokus auf den Verbundräumen liegt, wird im Folgenden ein Ansatz vorgestellt, welcher die Quantifizierung der Konnektivität der einzelnen Flächen ermöglicht. Von der Verbundraumanalyse ausgehend, wird die Betrachtungsebene von den Verbundräumen auf die darin enthaltenen Einzelflächen gewechselt. Mit der Distanzgewichteten Verbundraum-Flächensumme (DVS) können die Ergebnisse der Verbundraumanalyse für die einzelnen Flächen berechnet werden. Der DVS integriert die Verbundsituation eines Patches über Distanzen hinweg (Joob 2006b: 205). Dafür werden in der vorliegenden Untersuchung innerhalb Distanzen von 250, 500, 750 und 1000 m der Quotient aus Verbundraumflächen und Verbundraumdistanzen in 25 m-Schritten aufsummiert. Die Distanzgewichtete Verbundraum-Flächensumme (DVS) wird wie folgt berechnet:

$$DVS = \sum_{i=1}^n \left(\frac{A_{Vi}}{d_i} \right)$$

n = Anzahl der Verbundräume

A_{Vi} = Größe des Verbundraums i

d_i = Wanderungsdistanz, die zu Verbundraum i geführt hat

Für jedes Fokal-Patch kann so analog zu dem Proximityindex die Verbundraumgröße (DVS_v), die Anzahl der Patches (DVS_a) und der Anteil der Trockenrasenfläche (DVS_m) innerhalb des gewählten Radius berechnet werden. Im Gegensatz zu dem Proximitywert, welcher für eine einzige Distanz berechnet wird, berücksichtigt der DVS-Wert durch die Aufsummierung die Entwicklung der Fläche über mehrere Verbundraumdistanzen hinweg.

3.4 Statistische Auswertungen der Einflussgrößen Habitatgröße, Habitatqualität und Isolation auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica*

3.4.1 Hintergrund: Statistische Habitatmodellierungen

Das Vorkommen und die Abundanz von Arten stehen in einem engen Zusammenhang mit den Eigenschaften eines Habitates (WIENS 2002: 739). Das Ziel von Habitatmodellierungen ist, die Beziehung zwischen den Umweltbedingungen und den Habitatansprüchen von Arten zu formalisieren (SCHRÖDER 2000a: 201; KLEYER et al. 2000: 177). Ein Modell ist eine formale Darstellung eines Ausschnittes der realen Welt. Modelle sind hilfreich, um in einer vereinfachten und verständlichen Form den Einfluss von Umweltfaktoren auf das Vorkommen von Arten darzustellen (MORRISON et al. 1998: 328). Ein mathematisches Modell quantifiziert die Beziehungen zwischen dem Verhalten von Arten und verschiedenen Umweltparametern durch die Bestimmung von relevanten Koeffizienten und der Aufstellung von Gleichungen, welche Korrelationen oder kausale Zusammenhänge beschreiben (MORRISON et al. 1998: 311).

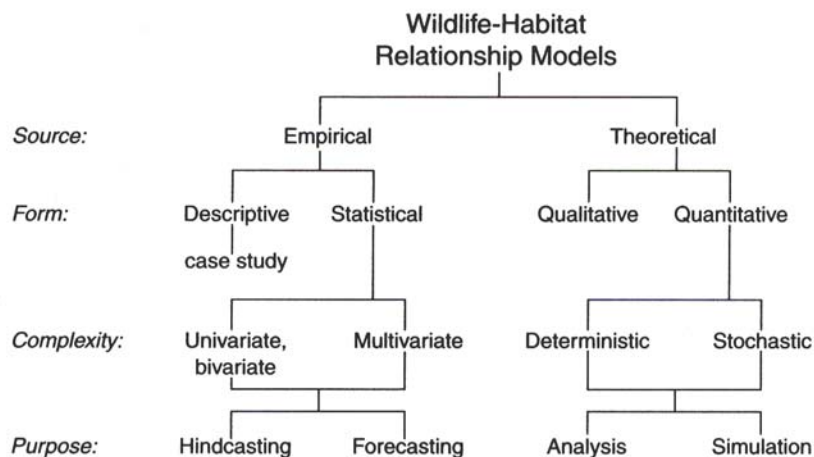


Abb. 3-8: Klassifizierung vorhersagender Art-Habitat-Modelle (MORRISON et al. 1998: 311)

Die unterschiedlichen Typen von Habitatmodellen sind in Abb. 3-8 dargestellt. MORRISON et al. (1998) unterscheiden zunächst theoretische Modelle, die bestehendes Wissen aus der Literatur verarbeiten und empirische Modelle, welche auf der Auswertung von Geländedaten beruhen. Theoretische und empirische Modelle können entweder qualitativ-deskriptiv oder quantitativ-mathematisch und unterschiedlich komplex sein. Eine Zwischenstellung nehmen wissensbasierte Habitatmodelle ein, in denen die langjährigen Geländeerfahrungen von Experten formalisiert werden (KLEYER et al. 2000: 177). In bezug auf ihre Anwendung und der Implementierung differenzieren sich Modelle, welche den Einfluss der Variablen auf beobachtete Vorkommen diagnostizieren („hindcasting“, „analysis“) und Modelle, welche eine Prognose der Verteilungsmuster vornehmen („forecasting“, „simulation“) (MORRISON et

al. 1998: 311; KUHN 1998a: 116). Bei komplexen theoretischen, hierarchisch gegliederten Habitatmodellen kann eine Kombination von Fuzzy- und Neurotechniken eingesetzt werden (KLEYER et al. 2000: 180).

Nach SCHRÖDER tragen Habitatmodelle zur „Analyse der Umweltfaktoren bei, welche die Verteilung der Arten beeinflussen und ermöglichen die Charakterisierung von Optimalhabitaten. Auf der Ebene von Zielarten können Landschaftsräume hinsichtlich ihrer Eignung als Habitat bewertet werden“ (SCHRÖDER 2000a: 202). Unter der Verwendung von GIS ist es möglich, die Verteilung und Konfiguration der Habitate abzubilden (WIENS 2002: 740). Mit Habitatmodellen können abiotische und biotische Schlüsselfaktoren der Arten präzisiert und ihr Einfluss quantifiziert werden. Bei der Anwendung von Habitatmodellen „vom Punkt in die Fläche“ ist es notwendig, dass zu jeder Fläche die Informationen für alle Habitatfaktoren vorliegen, die als unabhängige Variablen im Habitatmodell berücksichtigt werden (KLEYER et al. 2000: 184). „Voraussagende“ Modelle (predictive models) erlauben, auf Grundlage der quantifizierten Habitatqualität das Vorkommen der Arten vorherzusagen (SCHRÖDER 2000a: 201).

Die Analysen zur Population Viability Analysis (PVA) und Minimum Viable Population (MVP) beurteilen die Entwicklung der Populationen aufgrund von demographischen Größen der aktuellen Populationen, des Flächenanspruchs der Arten sowie der Habitatqualität und der erwarteten Entwicklung der Landschaft (HENLE UND MÜHLENBERG 1996: 116). Diese aufwendigen Modelle erfordern eine detaillierte Datengrundlage, die häufig nicht gegeben ist (SACHTELEBEN 1999: 10). Nach MORRISON et al. (1998) ist der Habitat-Suitability-Index (HSI) der am häufigsten angewendete Ansatz, um Umweltbedingungen zu modellieren (MORRISON et al. 1998: 328; WIENS 2002: 740). Dabei werden die Schlüsselkomponenten der Habitate zu Indexwerten für die Habitatqualität verknüpft (HOVESTADT et al. 1991: 206). In den USA wurden in dem Projekt Wildlife 2000 solche Habitat-Suitability-Index-Modelle für einige Wirbeltierarten entwickelt. (MORRISON et al. 1998; KUHN 1998: 209; WIENS 2002: 740). Da es bei Modellierungen, welche auf empirischen Beobachtungen beruhen, nicht immer ersichtlich ist, ob die Korrelationen auch kausale Zusammenhänge abbilden, sollten HSI-Modelle als Hypothesen und weniger als kausale Funktionsbeziehungen für die Arten-Habitat-Beziehungen interpretiert werden (MORRISON et al. 1998: 315, 328).

Die Auswahl des Modellansatzes hängt auch von der verfügbaren Datengrundlage ab. Bei Präsenz-Absenz-Daten kommt für die Habitatmodellierung als mathematisches Verfahren die logistische Regression in Frage (HOSMER UND LEMESHOW 2000; JONGMAN et al. 1995). Sie ist neben der Diskriminanzanalyse das am häufigsten angewendete Verfahren für die Erstellung von Habitatmodellen (KLEYER et al. 2000: 181). Ziel der Verfahren ist, die Zusammenhänge zwischen dem Vorkommen der Arten und den Habitatfaktoren zu quantifizieren und darauf aufbauend die Habitate zu klassifizieren. Mit der logistischen Regression können unabhängige, kategoriale und kontinuierliche Daten analysiert werden und Vorhersagemodelle entwickelt werden (MORRISON et al. 1998: 198). Bei Habitatmodellen mit logistischer Regression handelt sich um statische Modelle, die auf einzelnen Erhebungen beruhen und lediglich

Aufschluss über das Vorkommen der Art geben. Sie sind von populationsdynamischen Habitatmodellen, wie der PVA oder MVP, die Aussagen über Populationsgrößen ermöglichen, abzugrenzen (SCHRÖDER 2000a: 214). Habitatmodellierung mit logistischer Regression beruht auf der Prämisse, dass die Präsenz einer Art mit geeigneten Habitaten und die Abwesenheit mit ungeeigneten Habitaten übereinstimmen (WIENS 2002: 746). Die logistische Regression hat grundsätzlich einen korrelativen, retrospektiven und beschreibenden Charakter, da sie Koinzidenzen auswertet (SCHRÖDER 2000a: 215). Neben der Überprüfung der statistischen Signifikanz sollte daher auch die Sinnhaftigkeit der Ergebnisse mit biologischem Expertenwissen validiert werden (KLEYER et al. 2000: 184; SCHRÖDER 2000a: 215).

Als eine Voraussetzung für die Modellierung müssen die ausgewählten Umweltvariablen die für das Vorkommen und Überdauern der Arten relevanten Habitateigenschaften hinreichend gut charakterisieren (SCHRÖDER 2000a: 203). Die geeigneten Kriterien zur Beurteilung der Habitatqualitäten lassen sich direkt aus der Biologie der betreffenden Art ableiten (HOVESTADT et al. 1991: 29). MORRISON formuliert „we must try to see through the eyes of the animal and understand its sensory perceptions“ (MORRISON et al. 1998: 139). Neben dem biologischen Wissen kann für die Auswahl der erklärenden Variablen das Wissen, welches aus schon vorliegenden Habitatmodellen für diese spezielle Art vorliegt, herangezogen werden. (HOVESTADT et al. 1991: 208; SCHRÖDER 2000a: 205; GUIBAN und ZIMMERMANN 2000: 155). WIENS weist darauf hin, dass auch Traditionen und die zur Verfügung stehenden Instrumentarien die Auswahl der Umweltvariablen beeinflussen. Mit den computergestützten Verfahren besteht in Anbetracht der Schwierigkeiten der Auswahl die Versuchung, mit dem „Schrotflintenansatz“ eine große Anzahl von Umweltvariablen zu erheben, in der Hoffnung, dass statistische Analysen die Entscheidenden herausfiltern. Mit den steigenden Kapazitäten Daten zu erheben, wächst auch die Wahrscheinlichkeit, signifikante, aber sinnlose Zusammenhänge zu finden (WIENS 2002: 744). Nach WIENS sind Aussagen über die Art-Habitat-Beziehung nur dann sinnvoll, wenn sie einem Maßstab zugeordnet werden, da Muster, die in kleinen Räumen oder über kurze Zeitperioden erkennbar sind, sich im größeren Maßstab auflösen oder eventuell durch andere Muster ersetzt werden (WIENS 2002: 746; ALTMOOS 2003: 214). Die Arten bestimmen durch ihre Aktionsradien, welcher Maßstab und welche Umweltvariablen für sie relevant sind. Der Maßstab hat somit direkte Auswirkungen auf die Habitatmodellierung, da er die Datengrundlage und Auswertungsmethoden bestimmt. Im Allgemeinen können aus methodischen Gründen ökologische Untersuchungen nur in relativ kleinen Gebieten durchgeführt werden, d.h. der Untersuchungsmaßstab ist häufig wesentlich größer als der gewünschte Maßstab für die Umsetzung (WIENS 2002: 747). Die Quantifizierung der Art-Umwelt-Beziehung mit Habitatmodellen ermöglichen es, im Naturschutz quantitative Forderungen zu begründen (HOVESTADT et al. 1991: 8; GUIBAN und ZIMMERMANN 2000: 148).

Die neuere Entwicklung von Habitatmodellen sind für den deutschsprachigen Raum beispielsweise von DORMANN et al. (2004) zusammengestellt.

Für die Region Hegau-Randen-Klettgau liegen mit den Daten der Geländekartierungen für 108 Flächen Informationen zu den für *Zygaena carniolica* relevanten Habitatfaktoren sowie zur Präsenz/Absenz der Art vor. Auf dieser Datenbasis kann mit dem Verfahren der logistischen Regressionsanalyse ein Habitatmodell für *Zygaena carniolica* entwickelt werden.

3.4.2 Statistische Auswertungen der Daten zu *Zygaena carniolica*

Zur Vorbereitung der Modellierung der Art-Umwelt-Beziehung mit der logistischen Regressionsanalyse sind zunächst explorative Verfahren der Datenanalyse sinnvoll. Für die statistische Absicherung der Ergebnisse der logistischen Regression ist eine bestimmte Mindestanzahl von Fällen mit einem Vorkommen von *Zygaena carniolica* notwendig (BACKHAUS 2003: 137 ff.). Logistische Regression funktioniert nur, wenn geeignete wie auch weniger geeignete Habitate im Datensatz enthalten sind. Aus diesem Grund bilden die Daten der Zufallsstichproben zusammen mit den aus der Rasterkartierung bekannten Vorkommen die Datenbasis für die statistischen Analysen.

Die statistische Auswertung der Bedeutung der Faktoren Habitatqualität, Konnektivitätswert und Flächengröße für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* erfolgt für die in Tab. 3-9 zusammengestellten Daten. Sie umfassen die mit dem GIS ermittelten quantitativen Größen sowie die in der Geländekartierung erhobenen allgemeine Gebietsparametern, den Angaben zum Nahrungsangebot und der „internen“ Habitatqualität der Flächen.

Gruppe	Habitatfaktor / Gebietsparameter	Abkürzung	Skalenniveau	Einheiten / Klassen
Abhängige Variable	Vorkommen <i>Zygaena carniolica</i>	VOR_Zcar	binär	0- Absenz, 1- Präsenz
	Häufigkeit <i>Zygaena carniolica</i>	HFG_Zcar	ordinal	0- kein Vorkommen, 1- vereinzelt, 2- häufig, 3 – sehr häufig
Gebietsparameter	Magerrasenfläche	MGRFL	metrisch	Quadratmeter
	Isolationsgrad	DVS_750	metrisch	Quadratmeter
	Höhe über NN	H_NN	metrisch	Meter
	Exposition	EXP	nominal	s-sw-w-nw-n-no-o-so
	Hangneigung	Hang	ordinal	1 = 1m auf > 6 m; 2 = 1m auf 4 - 6m; 3 = 1m auf 2 - 4m; 4 = 1m auf < 2m
	Nutzungsart	NUTZ	nominal	Beweidet, gemäht, beweidet und gemäht, keine Nutzung erkennbar

Gruppe	Habitatfaktor /Gebietsparameter	Abkürzung	Skalenniveau	Einheiten / Klassen
Nahrungspflanzen	Falternahrung gesamt	F_Futter	metrisch	Anzahl Falterfutterpflanzen pro 100 m ²
	Scabiose columbaria	Scol	metrisch	Anzahl <i>S.columbaria</i> pro 100 m ²
	Knautia arvensis	Karv	metrisch	Anzahl <i>K.arvensis</i> pro 100 m ²
	Centaurea jacea	Cjac	metrisch	Anzahl <i>C.jacea</i> pro 100 m ²
	Raupennahrung gesamt	Raupe_ges	metrisch	Anzahl Raupenfutterpflanzen pro 100 m ²
	Lotus corniculatus	Lcorn	metrisch	Anzahl <i>L.corniculatus</i> pro 100 m ²
	<i>Onobrychis viciifolia</i>	Ovic	metrisch	Anzahl <i>O.viciifolia</i> pro 100 m ²
„interne“ Habitatqualität	Homogenität der Vegetationsstruktur	Veghomo	ordinal	1 - sehr homogen; 2 - homogen; 3 - heterogen; 4 - sehr heterogen
	Vegetationshöhe	Veghöhe	ordinal	1 = sehr niedrigwüchsig (nur wenige Vegetationsteile erreichen eine Höhe über 15 cm); 2 = mäßig niedrigwüchsig (deutlich mehr Vegetationsteile über 15 cm); 3 = mäßig hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über 30 cm); 4 = hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über ca. 50 cm)
	Lückigkeit der Vegetation	Lückig	ordinal	Anteil offener Boden: 1 > 25 %; 2 = 16 - 25 %; 3 = 6 -15 %; 4 = < 5 %
	Trockenheit der Vegetation	Trocken	ordinal	1 = Arten des Mesobrometum + Xerobrometum; 2 = Arten des Mesobrometum; 3 = Arten des Mesobrometum + Arrhenatheretum; 4 = Arten des Arrhenatheretum überwiegen
	Verfilzungsgrad der Vegetation	Verfilzt	ordinal	Deckung Streuschicht: 1 < 5 %; 2= 5 - 25%; 3 = 26 -50%; 4 = > 50 %
	Kräuteranteil der Vegetation	Kräuter	ordinal	Deckung Kräuter: 1 = > 50 %; 2 = 26 -50%; 3 = 5 - 25%; 4 = < 5 %

Tab. 3-9: Liste der mit GIS ermittelten Gebietsparameter und der im Untersuchungsgebiet erhobenen Habitatfaktoren

Das Skalenniveau der Variablen legt die Möglichkeiten der statistischen Verfahren fest. Bei den ordinal skalierten Variablen zu den Gebietseigenschaften „Lückigkeit“, „Kräuterreichtum“ und „Verfilzungsgrad“ sind über die Prozentangaben gleiche Abstände zwischen den Klassen festgelegt. Somit haben sie ähnliche Eigenschaften wie metrisch skalierte Variablen. Bei den Variablen „Vegetationshöhe“, „Hangneigung“, und „Trockenheit/Magerkeit“ sind die Klassen verbal so definiert, dass die Abstände zwischen den Klassen vergleichbar sind. Die Mittelwertbildung bei ordinalskalierten Variablen ist dennoch mathematisch nicht korrekt, obwohl sie in der Praxis häufig verwendet und gut interpretierbar sind (LEYER und

WESCHE 2007). JONGMAN et al. (1995) empfehlen, ordinalskalierte Daten wie nominal bzw. metrische Daten zu behandeln.

Tab. 3-10 enthält eine Übersicht über die bei der Auswertung der Daten zu *Zygaena carniolica* verwendeten statistischen Verfahren. Die Korrelationsrechnung ermittelt die Stärke des Zusammenhangs zwischen zwei Variablen, während die Regressionsanalyse dazu dient, die Art des Zusammenhangs aufzudecken und den Wert einer Variablen aus den Werten anderer Variablen vorherzusagen (BÜHL und ZÖFEL 2005).

Verfahren	Ziel
I. Histogramme und Boxplots	Überblick über Daten, Überprüfung der Normalverteilung, Auffinden von Ausreißern; Vergleich der Stichproben isolierte vs. gut verbundene Flächen unterschiedlicher Größe
II. Streudiagramme	Visuelle Interpretation der Zusammenhänge zwischen den Variablen
III. Korrelationen nach Spearman	Statistische Tests der Zusammenhänge zwischen den Variablen
IV. Kreuztabellen, U-Test	Vergleich der Flächen mit und ohne Vorkommen
V. Hauptkomponentenanalyse	Bündelung der Variablen; Schwerpunkt „interne“ Habitatqualität
VI. Univariate Logistische Regression	Erklärungswert der einzelnen Variablen für das Vorkommen bzw. Nicht-Vorkommen
VII. Multivariate Logistische Regression	Relative Bedeutung der Variablen für logistisches Regressionsmodell

Tab. 3-10: Übersicht über die angewendeten statistischen Verfahren

3.4.2.1 Explorative Datenanalyse

Um einen Überblick über die Daten zu bekommen, werden zunächst mit einer univariaten, deskriptiven Statistik Histogramme und Boxplots für alle Variablen erstellt. Sie ermöglichen für die metrisch skalierten Daten eine Überprüfung der Normalverteilung und das Auffinden von Ausreißern. Einen ersten visuellen Eindruck über die Zusammenhänge zwischen den Variablen ermöglichen bivariate Streudiagramme mit Anpassungslinien, wobei aus Gründen der Übersichtlichkeit für die Gruppen der Habitatqualitätsparameter und Gebietsparameter die Diagramme getrennt dargestellt werden. Anschließend wird der Frage nachgegangen, ob sich die Gruppen der Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* statistisch signifikant unterscheiden. Für die nominalskalierten Variablen werden Kreuztabellen erstellt und mit dem Chi-Quadrat-Test der Zusammenhang zwischen dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* und den Variablen analysiert. Der Chi-Quadrat-Test vergleicht erwartete mit beobachteten Häufigkeiten und berechnet die Wahrscheinlichkeit, daß ein Zusammenhang

zwischen den Variablen besteht. Er lässt jedoch keine Aussage über die Richtung oder die Stärke des Zusammenhangs zu (weitere Erläuterungen siehe z.B. BÜHL und ZÖFEL 2005: 241 ff.). Für die Analyse der metrischen und der ordinal skalierten Variablen werden die Gruppen der Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* als zwei voneinander unabhängige Stichproben betrachtet.¹² Es wird die Wahrscheinlichkeit für die Aufrechterhaltung der Nullhypothese, dass beide Stichproben aus der gleichen Grundgesamtheit stammen, berechnet. Da die metrischen Variablen, abgesehen von den Höhenangaben, nicht normalverteilt sind, erfolgt der Vergleich der Gruppen mit dem nicht-parametrischen U-Test, welcher Rangplätze verarbeitet. Um eine möglichst einheitliche Vorgehensweise zu gewährleisten, werden in der vorliegenden Arbeit für metrische und ordinal skalierte Variable möglichst Verfahren verwendet, die Rangplätze statt Mittelwerte verwenden.

Naturgemäß bestehen mehr oder weniger starke Zusammenhänge zwischen den Gebietseigenschaften, d.h. die ökologische Matrix enthält redundante Informationen, und die Variablen sind untereinander korreliert (LEYER und WESCHE 2007: 105). Beispielsweise ist aufgrund der Höherwüchsigkeit von Grasarten eine negative Korrelation zwischen dem Kräuteranteil und der Wuchshöhe der Vegetation zu erwarten. Um in einem ersten Schritt die Beziehungen zwischen den Variablen zu analysieren, wird für jede Variablenpaarung der Rangkorrelationskoeffizient nach Spearman berechnet und ein zweiseitiger Test auf Signifikanz durchgeführt.

Mit einer Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis - PCA) werden die wechselseitigen Zusammenhänge zwischen den Variablen der „internen“ Habitatqualität genauer untersucht. Auf Basis der Korrelationsmatrix werden mit der PCA die Variablen, welche stark korrelieren, zu einem Faktor zusammengefasst (Variablenbündelung) und die Datenmenge auf den wesentlichen Informationsgehalt reduziert. Die Voraussetzung eines metrischen Skalenniveaus für die PCA ist nur für die Futterpflanzen und die Gebietsparameter gegeben. Die gemeinsame Analyse metrischer und ordinaler Variablen erscheint dennoch vertretbar, da die Berechnungen der PCA nicht auf Regressionen, sondern lediglich auf Korrelationen beruht (vgl. PERINGER 2008: 47). Weitere Erläuterungen zu dem Verfahren siehe beispielsweise bei BÜHL und ZÖFEL (2005), LEYER und WESCHE (2007) und BACKHAUS (2003). Das in der vorliegenden Arbeit verwendete Verfahren extrahiert die Hauptkomponenten nach dem Kaiser-Kriterium die Eigenwerte größer 1, d.h. die extrahierenden Faktoren sollten mehr Varianz beinhalten als eine einzelne Variable. Nach der Faktorextraktion wurde eine Rotation nach dem Varimax-Verfahren durchgeführt, um die Variablenbündel besser den Faktoren zuordnen zu können.

¹² Die Definition einer abhängigen Stichprobe lautet: „Zwei Stichproben sind dann voneinander abhängig, wenn jedem Wert der einen Stichprobe auf sinnvolle und eindeutige Weise genau ein Wert der anderen Stichprobe zugeordnet werden kann“ (BÜHL und ZÖFEL 2005: 111)

3.4.2.2 Logistische Regressionsanalyse

Allgemein kann mit Hilfe von Regressionsmodellen die Abhängigkeit einer Variablen von einer oder mehreren erklärenden Variablen beschrieben werden (LEYER und WESCHE 2007: 13). In der Ökologie werden Regressionsanalysen häufig dazu verwendet, um die Beziehung zwischen einer Art und ihrer Umwelt an einer Reihe von Flächen zu untersuchen. In Abgrenzung zu anderen statistischen Verfahren, welche mehrere Arten gleichzeitig analysieren, liegt der Fokus bei den Regressionsanalysen in der Betrachtung einer einzelnen Art und mehreren Umweltparametern. Dabei wird u.a. der Frage nachgegangen, welche Umweltvariable den größten Einfluss auf das Vorkommen der Art hat und welche von geringerer Bedeutung sind (JONGMAN et al. 1995: 29).

In der vorliegenden Untersuchung werden die Präsenz-Absenz-Daten von *Zygaena carniolica* mit einer binären logistischen Regression ausgewertet, d.h. die abhängige Variable, also das Vorkommen der Art, kann nur den Wert 0 oder 1 annehmen. Die unabhängigen Variablen können ein beliebiges Skalenniveau aufweisen (BÜHL und ZÖFEL 2005: 372; BACKHAUS 2003: 106). Mit dem Regressionsmodell werden die Vorkommenswahrscheinlichkeiten für *Zygaena carniolica* prognostiziert, wobei der Prognosewert auf das Intervall [0,1] beschränkt ist (LEYER und WESCHE 2007: 27, SCHRÖDER 2000b: 24).

Das Prinzip der logistischen Modellbildung ist iterativ, d.h. ausgehend von einem Anfangsmodell werden, je nach gewählter Methode, erklärende Variablen hinzugefügt oder entfernt und anschließend die Güte des Modells neu berechnet. Nach HOMSER AND LEMESHOW ist das „guiding principle“ der logistischen Regression „to compare observed values of the response variable to predicted values obtained from models with and without the variable in question.“ (HOMSER und LEMESHOW 2000: 12). In der vorliegenden Arbeit erfolgt ein schrittweiser Ausschluss der Variablen aus dem Modell, d.h. ausgehend von einem Regressionsmodell, welches alle erklärenden Variablen berücksichtigt, werden nacheinander jeweils die Variablen mit der geringsten Korrelation ausgeschlossen bis sich keine signifikante Modellverschlechterung mehr ergibt. Als Signifikanzkriterium wurden die Standardwerte 0,5 für die Aufnahme und 0,1 für den Ausschluss aus dem Modell gewählt (SPSS 16). Die mathematische Herleitung des logistischen Regressionsmodells ist beispielsweise bei JONGMAN et al. (1995) und BACKHAUS (2003) beschrieben. Hinweise zur praktischen Durchführung finden sich bei HOSMER und LEMESHOW (2000), BÜHL und ZÖFEL (2005) und BACKHAUS (2003).

Bei der Modellbewertung wird zum einen die Trennschärfe des Modells, zum anderen die Übereinstimmung zwischen beobachteten und vom Modell vorhergesagten Werten (goodness-of-fit) betrachtet (SCHRÖDER 2000b: 28). Für die Güte der Trennschärfe quantifiziert beispielsweise das Bestimmtheitsmaß nach Nagelkerke den Anteil der durch die logistische Regression erklärten Varianz (BÜHL und ZÖFEL 2005: 376). Bei jeder Klassifikation können zwei Fehler auftreten: falsche Vorkommensprognosen, d.h. Prognose Präsenz bei beobachteter Absenz und falsche Nichtvorkommensprognosen, d.h. Prognose Absenz bei beobachtetem Vorkommen (FIELDING und BELL 1997: 39). Die Sensitivität ist der Anteil der korrekten

Vorkommensprognosen an allen Vorkommensprognosen und die Spezifität der Anteil der korrekten Nichtvorkommensprognosen an allen Nichtvorkommensprognosen. Die Zusammenhänge zwischen der Klassifikationsmatrix und den Güteparametern sind in Tab. 3-11 dargestellt. Die Klassifikationsgüte wird in einer Klassifikationsmatrix angegeben, wobei die Klassifikationen stark von dem gewählten Klassifikationsschwellenwert abhängig sind.

Klassifikationsmatrix				Güteparameter	
		Prognose		Anteil korrekter Prognosen: $(a+d) / n$	a = korrekte Vorkommensprognose
				Sensitivität: $a / (a+c)$	b = falsche Vorkommensprognose
Vorkommen		0	1	Spezifität: $d / (b+d)$	c = falsche Nicht-Vorkommensprognose
		d	c		d = korrekte Nicht-Vorkommensprognose
	1	b	a		

Tab. 3-11: Klassifikationsmatrix und Güteparameter für Vorkommensprognosen

Ein alternatives Gütemaß ist die sogenannte ROC-Kurve (Receiver Operating Characteristic), welche einem Streudiagramm entspricht, in dem die Sensitivität gegen 1-Spezifität für sämtliche Vorhersagewerte aufgetragen wird (SCHRÖDER 2000b: 31). Die Werte für die Fläche unter der Kurve (Area under Curve - AUC) liegen zwischen 0,5 bei einem Zufallsmodell und 1 bei perfekter Trennung der Gruppen (vgl. SCHRÖDER 2000b: 31).

Gemäß der Empfehlung von HOSMER und LEMESHOW (2000) wird zunächst für alle erklärenden Variablen getrennt eine univariate logistische Regression durchgeführt. Anschließend untersucht die rückwärts gerichtete multivariate logistische Regression die Beziehung zwischen allen Umweltparametern und dem Vorkommen von *Zygaena carniolica*. Analysen mit vorwärts gerichteter Selektion der Variablen werden zur Überprüfung der Stabilität des Modells durchgeführt (vgl. SCHRÖDER 2000b: 39). Die abschließende Validierung der Modelle erfolgt durch eine Plausibilitätskontrolle der Experten.

Selektion der Variablen für die multivariate logistische Regression

Die Auswahl der Variablen für logistische Regressionsanalysen erfolgt je nach Disziplin nach unterschiedlichen Kriterien und bleibt subjektiv (HOMSER und LEMESHOW 2000: 92; GUISIAN und ZIMMERMANN 2000: 155). Ein Ziel der Untersuchung ist es, den Einfluss der Konnektivität auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* zu analysieren. Daher werden Modelle mit und ohne Berücksichtigung des Konnektivitätswertes verglichen. Zunächst werden in die multivariate logistische Regression alle Variablen einbezogen, die aufgrund der Ergebnisse der univariaten Statistiken relevant sind. HOMSER und LOMESHOW (2000) verweisen auf Untersuchungen, die gezeigt haben, dass bei einem Signifikanzwert von 0,05 der univariaten Analysen häufig wichtige Variablen unberücksichtigt bleiben und empfehlen daher ein Signifikanzniveau von 0,25. Andererseits spricht eine größere Stabilität und Allge-

meingültigkeit des Modells dafür, die Anzahl der Variablen im Modell zu minimieren (HOSMER und LEMESHOW 2000: 92). Daher wird als Kriterium für die Berücksichtigung im Modell ein Signifikanzwert von 0,05 der univariaten Analyse verwendet.

Das Problem der Multikollinearität

Für die multiple logistische Regression darf keine Multikollinearität vorliegen, d.h. die im Modell berücksichtigten erklärenden Variablen sollten möglichst frei von linearen Abhängigkeiten sein (BACKHAUS 2003: 137). Erste Hinweise für die Zusammenhänge zwischen den Variablen liefern die Streudiagramme und Korrelationskoeffizienten. In der Literatur werden Korrelationskoeffizienten von bis zu 0,7 als unproblematisch für logistische Regressionsanalysen genannt (GREEN in FIELDING und HAWORTH in SCHRÖDER (2000b)). Die Gefahr, durch Multikollinearität ein verzerrtes Modell zu erhalten, ist nach SCHRÖDER bei der schrittweisen Modellbildung nicht so groß, da die Variablen, welche mit einer bereits im Modell berücksichtigten Variablen hoch korreliert sind, aufgrund ihres sehr ähnlichen Informationsgehaltes kaum zur Modellverbesserung beitragen können (SCHRÖDER 2000b: 27). Bei metrisch skalierten Variablen kann zur Überprüfung der Multikollinearität in linearen Regressionsanalysen u.a. ein Toleranzwert berechnet werden. Dieser gibt an, wie viel Varianz durch eine Variable erklärt wird, die nicht gleichzeitig durch andere Variablen erklärt werden kann. Der „Variance Intolerance Factor“ (VIF) ist der Kehrwert der Toleranz. Ein hoher VIF (Richtwert $VIF > 2$) zeigt eine Multikollinearität an (ULLRICH 2007: 85). Für ordinal skalierte Daten, wie sie zur Habitatqualität vorliegen, kann dieser Test zur Multikollinearität nicht durchgeführt werden. Um eine eigene Einschätzung des möglichen Problems der Multikollinearität zu erlangen, wird für einige metrische Variablen mit unterschiedlich starken Korrelationen in linearen Regressionsanalysen ein Kollinearitätstest durchgeführt. Mit dem Test kann für die metrisch skalierten Variablen ein Korrelationskoeffizient ermittelt werden, bei dem Multikollinearitätsprobleme auftreten. Dieser Grenzwert wird dann auch bei den ordinal skalierten Variablen angewendet.

3.5 Genetische Analysen *Pulsatilla vulgaris*

In dem folgenden Kapitel wird zunächst der theoretische Einfluss der Fragmentierung auf die genetische Diversität von Pflanzenpopulationen dargestellt, wobei ein Schwerpunkt bei den biologisch-ökologischen Merkmalen von Pflanzen liegt. Anschließend werden die angewendeten Methoden zur Bestimmung der genetischen Diversität erläutert.

3.5.1 Hintergrund: Größe, Isolation und genetische Diversität von Pflanzenpopulationen

Allgemein ist die Überlebenswahrscheinlichkeit einer Population von der Größe der Population abhängig. Während die Dynamik in kleinen Populationen über das „Schicksal“ der einzelnen Individuen bestimmt wird, ist die Dynamik von großen Populationen durch die Gesetzmäßigkeiten der durchschnittlichen Umweltbedingungen gesteuert (CAUGHLEY 1994: 217).

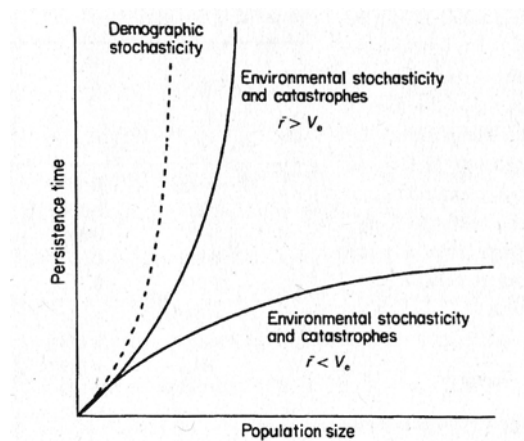


Abb. 3-9: Populationsgröße und Überlebensdauer (CAUGHLEY 1994: 218)

In Abb. 3-9 ist das Verhältnis zwischen Populationsgröße und Überlebenswahrscheinlichkeiten dargestellt. Demnach können Populationen, die mit wenigen Individuen eine lange Zeit überdauern, leicht durch Zufall aussterben. In diesem Zusammenhang wurde der für kleinere Populationen relevante Begriff der „demographic stochasticity“ (Bestandsstochastizität), welcher die Unsicherheiten der Individuen beschreibt eingeführt und gegenüber der für größere Populationen relevanten „environmental stochasticity“ (Umweltstochstizität) abgegrenzt (CAUGHLEY 1994: 218). Die Bedeutung der Populationsgröße wird in der Populationsbiologie mit unterschiedlichen Sichtweisen betrachtet. Das „small-population paradigm“ fokussiert die Auswirkungen der begrenzten Anzahl von Individuen auf die Überlebenswahrscheinlichkeit von Populationen, während das „declining-population paradigm“ die Gründe für und Maßnahmen gegen die Verkleinerung von Populationen in den Vordergrund stellt. Das small-population paradigm steht somit im Zusammenhang mit der Theorie der Metapo-

pulationen, während sich das declining-population paradigm mit der Fragmentierung der Habitate beschäftigt (CAUGHLEY 1994: 238).

Für Pflanzen sind bislang wenige Untersuchungen zu Metapopulation durchgeführt worden. Gründe hierfür liegen zum einen in methodischen Schwierigkeiten, bei Pflanzen Aussterbe-, Besiedlungs- und Ausbreitungsprozesse zu beobachten. Zum anderen besitzen nur wenige Pflanzen Metapopulationsstrukturen, die durch häufiges Aussterben und Wiederbesiedeln gekennzeichnet sind (SORK et al. 1999: 220), während es zahlreiche Nachweise von kleinen und stabilen Pflanzenpopulationen gibt (CAUGHLEY 1994: 239). Die Vernichtung und Fragmentierung der Habitate ist eine Ursache für die Abnahme der genetischen Variabilität. Zur Einschätzung der Bedeutung der „small and declining population paradigm“ für den Naturschutz bemerkt CAUGHLEY, dass bislang kein Beispiel des Aussterbens einer Art durch die genetische Defekten bekannt sind, während Beispiele durch direkte Verluste zahlreich sind. „No instance of extinction by genetic malfunction has been reported, whereas the examples of driven extinction are plentiful“ (CAUGHLEY 1994: 239).

Der Einfluss der Fragmentierung und verminderter Populationsgrößen auf die genetische Struktur ist bei Pflanzenpopulationen häufig untersucht worden. Bei der genetischen Diversität wird zwischen der Variabilität innerhalb und der Differenzierung zwischen den Populationen unterschieden. Nach WRIGHTs Inselmodell (1969) wird erwartet, dass die Stärke des Genflusses monoton mit steigender geographischer Distanz zwischen den Populationen abnimmt (SORK et al. 1999: 219) und die genetische Variabilität mit der Populationsgröße ansteigt. (POSCHLOD et al. 2000: 111). Zur Diskussion des Inselmodells und des Genflusses im regionalen Kontext sei hier auf HUTCHISON und TEMPLETON (1999) verwiesen.

Eine von LEIMU et al. (2006) durchgeführte Metaanalyse zeigt, dass negative Auswirkungen der Habitatfragmentierung auf die Fitness der Pflanzen und deren genetische Variation weit verbreitet sind. Alle Untersuchungen belegen einen signifikanten, positiven Zusammenhang zwischen Populationsgröße, Fitness und genetischer Variabilität. Bezüglich der Populationsgröße sind kurzlebige Pflanzen stärker anfällig für die negativen Folgen kleinerer Populationen als langlebige Pflanzen. Entscheidend für die Ausprägungen der genetischen Diversität sind die biologisch-ökologischen Merkmale der Pflanzenarten. In Tab. 3-10 sind die in einer Metaanalyse erhobenen Variabilitäten (H_{pop}) und Differenzierungen (ϕ_{ST} , G_{ST}) für nach unterschiedlichen Merkmalen gruppierten Pflanzengruppen zusammengestellt. Den wichtigsten Einfluss auf die genetischen Strukturen hat das Bestäubungssystem. Bei auskreuzenden Arten ist die Variabilität höher als bei selbstbestäubenden Arten, während die genetische Differenzierung zwischen den Populationen niedriger ist (HAMRICK in LEIMU et al. 2006: 943, NYBOM 2000). Neben der Bestäubungsart ist die Lebensform der Pflanzen ein wichtiger Faktor, welcher die genetische Diversität von Populationen beeinflusst. Die genetische Differenzierung ist bei den annuellen Arten höher als bei ausdauernden, langlebigen Arten (s. Tab. 3-12). Die geographische Verbreitung und die Ausbreitungsmechanismen der Arten haben keinen entscheidenden Einfluss auf die genetische Diversität. Der taxonomische Status zeigt einen hoch signifikanten Zusammenhang zu der genetischen Variabilität, aber keinen

zur genetischen Differenzierung. Die Zuordnung der Pflanzenarten zu einem Sukzessionsstadium hat einen schwachen Einfluss sowohl auf die Variabilität als auch auf die Differenzierung.

Variable	<i>N</i>	H_{pop}	<i>N</i>	ϕ_{ST}	<i>N</i>	G_{ST}
Taxonomic status		***		ns		ns
gymnosperms	5	0.386 ^a	8	0.24	6	0.18
monocotyledons	9	0.190 ^b	11	0.38	6	0.31
dicotyledons	27	0.191 ^b	59	0.36	19	0.32
Life form		ns		***		ns
annual	4	0.125	8	0.70 ^a	2	0.47
short-lived perennial	13	0.207	32	0.39 ^b	13	0.30
long-lived perennial	23	0.242	37	0.25 ^c	14	0.23
Geographic range		ns		*		ns
endemic	5	0.191	14	0.20 ^a	5	0.19
narrow	4	0.233	15	0.34 ^{ab}	7	0.22
regional	16	0.222	27	0.43 ^b	9	0.35
widespread	15	0.208	19	0.42 ^b	9	0.33
Breeding system		***		***		***
selfing	8	0.091 ^a	12	0.70 ^a	5	0.59 ^a
mixed	6	0.219 ^b	9	0.27 ^b	5	0.19 ^b
outcrossing	24	0.260 ^b	46	0.28 ^b	18	0.23 ^b
Seed dispersal		ns		ns		ns
gravity	16	0.212	36	0.44	16	0.30
attached	3	0.165	3	0.44	2	0.47
ingested	17	0.228	20	0.29	9	0.17
wind and/or water	3	0.261	11	0.25	2	0.23
Successional status		*		**		**
early	10	0.166 ^a	20	0.45 ^a	8	0.50 ^a
mid	19	0.195 ^a	31	0.40 ^a	13	0.23 ^b
late	12	0.287 ^b	22	0.21 ^b	9	0.20 ^b

^{ns} $P \geq 0.05$; * $0.05 > P > 0.01$; ** $0.01 > P > 0.001$; *** $P < 0.001$

Means followed by the same letter in a column are not significantly different at the 5% probability level.

Tab. 3-12: Erwartete Heterozygotie und genetische Differenzierung nach unterschiedlichen Merkmalen der Pflanzenarten (NYBOM et al. 2000: 100);
N: Anzahl der untersuchten Studien; H_{pop} : mittlere genetische Variabilität; ϕ_{ST} , G_{ST} : mittlere genetische Differenzierung

Für den Genaustausch in der Landschaft ist neben der geographischen Distanz der gesamte Landschaftskontext, d.h. Habitattypen, Grad der Isolation, Größe des Fragments und die Durchlässigkeit der umgebenden Landschaft entscheidend (SORK et al. 1999: 219). Neben dem Genfluss sind der genetische Drift und die Inzucht die entscheidenden Prozesse, welche die genetischen Diversität von Populationen beeinflussen (OOSTERMEIJER 2000: 24).

Molekulare Marker ermöglichen es bei Angiospermen, zwischen Genomen nuclearer (biparentally) und organeller (maternally) Herkunft zu unterscheiden und somit historisch abzuschätzen, welchen Anteil Pollen und Samen an der genetischen Struktur einer Art haben. Generell übertrifft der Genfluss per Pollen den Genfluss per Samen bei weitem (SORK et al. 1999: 221). Landschaftsveränderungen können Auswirkungen auf die Verbreitung von Pollen

über Bestäuber haben. Durch Barrieren und Veränderungen der Populationsgrößen und – dichten betrifft die Fragmentierung sowohl die Pflanzen, als auch die Bestäuber (KWAK et al. 1998). Dabei sind nach KWAK et al. folgende Auswirkungen möglich: die geringere Bestäuberdichte vermindert die Häufigkeit und Effektivität der Bestäubungsbesuche und kleine Populationen mit einer geringeren floristischen Diversität können die Wahrscheinlichkeit reduzieren, dass ein Bestäuber angelockt wird. Eine Abnahme von Bestäubern wird im Zusammenhang mit der Habitatfragmentierung vermutet. Diese Abnahme könnte nicht nur die Samenproduktion, sondern auch die Auskreuzungsrate negativ beeinflussen (SORK et al. 1999: 222).

Für die in der Region Hegau-Randen-Klettgau stark fragmentierten Populationen von *Pulsatilla vulgaris* stellt sich die Frage, inwieweit die Populationen durch ihre geringe Größe und durch einen verminderten Genfluss gefährdet sind. Mit der Kartierung der aktuellen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* in den Trockenrasen liegen Informationen über die Verbreitung und die Populationsgrößen im Untersuchungsgebiet vor. Die genetische Diversität wurde für 17 ausgewählte Populationen unterschiedlicher Größe mit der im Folgenden beschriebenen Methode bestimmt.

3.5.2 Amplified Fragmentation Length Polymorphism (AFLP)

Bei den genetischen Analysen haben sich als Labormethoden in den letzten Jahren die Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) und Amplified Fragmentation Length Polymorphism (AFLP) etabliert. Bei beiden Methoden wird die DNA in Fragmente zerlegt, wobei die Wahl der Primersequenzen die Zahl der Fragmente und den Grad ihrer Polymorphie bestimmt. Die beiden Methoden unterscheiden sich darin, dass bei der RADP die DNA-Fragmente zufällig ausgewählt werden, während bei der AFLP durch unterschiedliche Primerkombinationen die Auswahl der DNA-Fragmente beeinflusst werden kann (VOS et al. 1995: 4407). Während bei der RAPD-Methode die Zerlegung in DNA-Fragmente mit einer unspezifischen Polymerase Kettenreaktionen (Polymerase Chain Reaction, PCR) erfolgt, wird bei der AFLP die DNA zunächst mit Restriktionsenzymen geschnitten und anschließend werden selektive DNA-Fragmente mittels einer hochspezifischen PCR vervielfältigt. Die individuentypischen Fragmente können auf einem Elektrophorese-Gel oder mit einem Lasergerät sichtbar gemacht werden. AFLP und RADP sind dominante Marker, d.h. eine Unterscheidung zwischen homo- und heterozygoten Individuen ist mit den Methoden nicht möglich. Die Interpretation der ermittelten genetischen Diversität erfolgt unter bestimmten Annahmen, z.B. bezüglich des Hardy-Weinberg-Gesetzes. Demnach erfolgt in den Populationen die Bestäubung zufällig. Das Verhältnis zwischen heterozygoten und homozygoten Individuen bleibt konstant.

Die Entscheidung, die genetischen Analysen mit AFLP durchzuführen erfolgte letztlich aus pragmatischen Gründen. Es bestand die Möglichkeit, mit dem Department für Biozönoseforschung des Umweltforschungszentrums zu kooperieren, welches über langjährige Erfahrungen mit der AFLP-Methode verfügt. Die genetischen Analysen unterteilen sich in Laborarbeit und anschließender statistischer Auswertung der Daten. Abb. 3-10 gibt einen Überblick der einzelnen Schritte, die im Folgenden beschrieben werden.

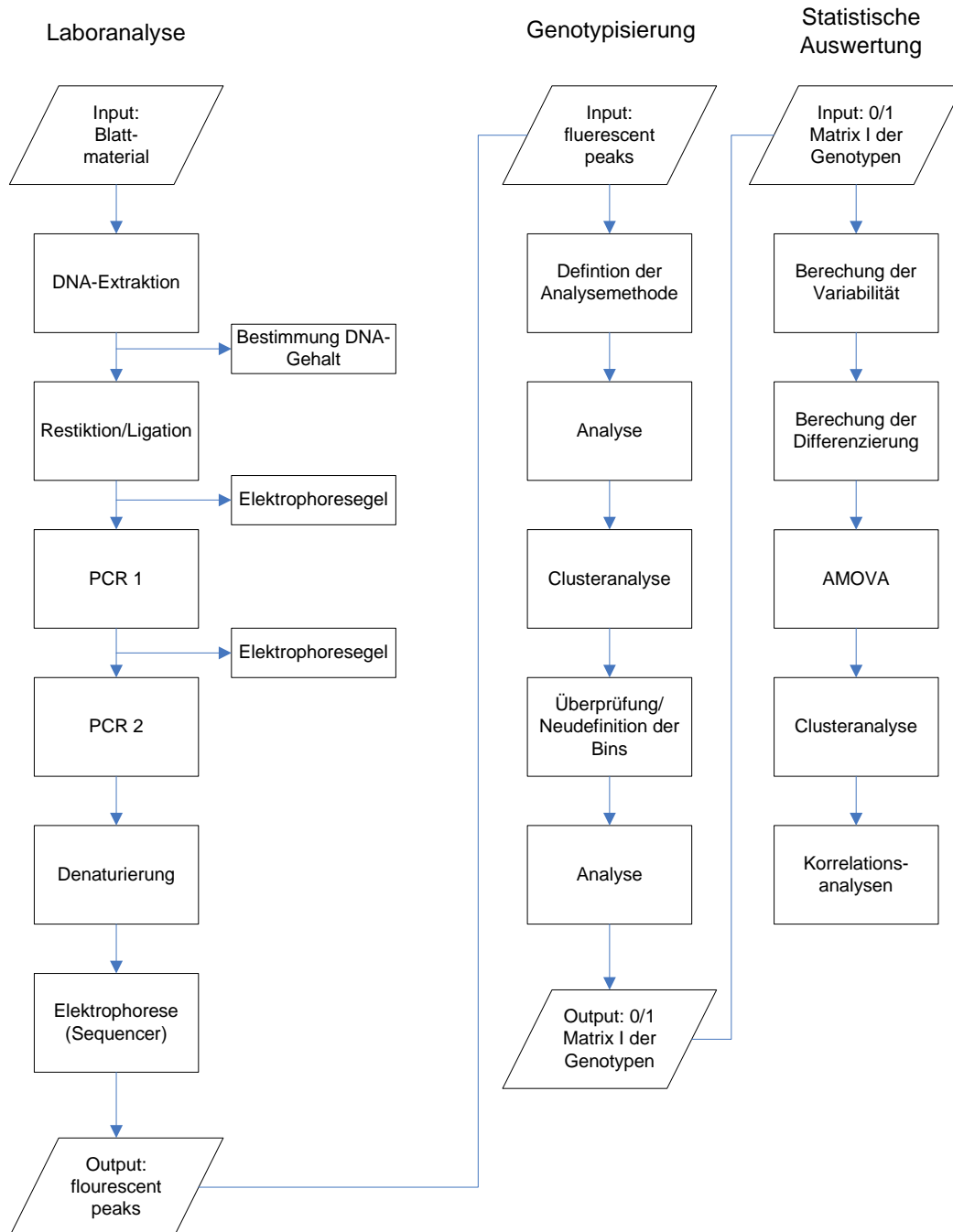


Abb. 3-10 Workflow Genanalyse

3.5.2.1 Laboranalyse

Die einzelnen Schritte der Laborarbeit folgten dem Skript „Molekularen Methoden für die Populationsgenetik“ des Umweltforschungszentrums (DURKA, unveröffentlicht). Das tief gefrorene Probenmaterial wurde über 48 Stunden gefriergetrocknet und von jedem Individuum 5-10 mg getrocknetes Blattmaterial für die Analyse entnommen. Die Extraktion der DNA erfolgte mit dem DNeasy 96 plant Kit (Firma Quiagen). Anschließend wurde von je 1 µl der extrahierten DNA-Lösung der DNA-Gehalt von 20 zufällig ausgewählten Proben mit dem Spektralphotometer der Firma NanoDrop gemessen. Die gemessenen Werte des DNA-Gehaltes der Proben liegen zwischen 33,3 ng/µl und 117,8 ng/µl. Der DNA-Gehalt der Pulsatilla-Arten ist verglichen mit anderen Arten als relativ hoch einzuschätzen (BENNETT und SMITH 1991: 331). Ein hoher DNA-Gehalt ist bei ausdauernden Arten häufig, da sie im Gegensatz zu annuellen Arten in zeitlich begrenzten Habitaten die DNA nicht schnell entwickeln müssen (vgl. NYBOM 2000: 100, DURKA 2002). Die AFLP Analysen sind bei Arten mit einem hohem DNA-Gehalt tendenziell schwierig (FAY et al. 2005: 237). Der Extinktionskoeffizient 260/280 ist ein Maß für die Reinheit der DNA und liegt bei reiner DNA bei 1,8 (NANODROP Handbuch, 5-2). Die für die Proben gemessenen Werte schwanken um den Wert 1,7, wobei der Tiefstwert 1,53 beträgt und der Höchstwert 1,95. Im Anhang sind alle DNA-Werte der Proben aufgeführt. Der DNA-Gehalt und die Extinktionskoeffizienten zeigen, dass die extrahierte DNA der Proben für eine weitere Analyse geeignet sind.

Die Restriktion und Ligation erfolgte in einem Schritt. Für die Restriktion wurden 0,55 µl BSA, 1,1 µl T4 DNA-Ligase Puffer, 0,05 µl DNA-Ligase, 1,1 µl NaCl, 0,05 µl H₂O sowie 0,1 µl Eco RI und 0,05 MSEI als Reaktionsmix auf Eis gemischt. Um Fehler beim Pipettieren von sehr kleinen Mengen auszuschließen, konnte das Reaktionsmix für alle Proben auf einmal angesetzt werden. Für die Ligation kamen die MSEI Adapter und Eco RI Adapter mit je 1 µl zum Einsatz. Von dem Reaktionsgemisch wurden 5 µl genommen und mit 6 µl der verdünnten DNA-Lösung vermischt. Für die in einem Schritt durchgeführte Restriktion und Ligation wurden die Proben im Thermocycler für zwei Stunden auf 37 Grad Celsius erwärmt. Nach Testläufen der Restriktion und Ligation mit 1:1, 1:5 und 1:20 mit reinem H₂O verdünnter DNA, wurde mit einer 1:10 verdünnten DNA weiter gearbeitet. Zur Überprüfung der Restriktion- und Ligationreaktion (RL) wurde von 12 zufällig ausgewählten Proben 6 µl RL mit 2 µl Auftragspuffer auf ein Agarose Gel aufgetragen und eine Stunde bei 110 Volt elektrophoresiert. Nach 15 Minuten Einfärbung des Gels in einer Ethidium Bromid-Lösung konnten die Proben unter uv-Licht ausgewertet werden. Die RL wurde unverdünnt weiter verwendet.

Bei der Polymerase Kettenreaktionen (Polymerase Chain Reaction, PCR) kam das AFLP CoreMix (Firma Applied Biosystems) zum Einsatz. Für die PCR 1 wurden 2 µl RL mit 7,5 µl CoreMix und je 0,5 µl Eco RI und MSE I preselective Primern gemischt. Für die Vervielfältigung der DNA-Fragmente wurden die Proben in einem Thermocycler für 2 Minuten bei 72 Grad Celsius denaturiert, dann in 20 Zyklen von 20 Sekunden bei 94 Grad, 30 Sekunden bei 56 Grad und zwei Minuten bei 72 Grad amplifiziert und abschließend 30 Minuten bei 60 Grad synthetisiert. Die Überprüfung der PCR1 Reaktion erfolgte wie bei der Restriktion- und

Ligationreaktion anhand von 16 zufällig ausgewählten Proben über Agarose-Gelelektrophorese und der Auswertung unter uv-Licht. Die PCR 1 wurde 1:10 mit reinem H₂O verdünnt.

Für die PCR 2 wurden 5 ul CoreMix, 1 ul verdünnte PCR 1 mit je 0,6 ul der selektiven Primern auf Eis gemischt. Von 64 möglichen selektiven Primerkombinationen erfolgten für 42 Kombinationen Testläufe, auf Grund deren Resultate die vier besten Primerkombinationen ausgewählt wurden (Abb. 3-11). Als selten fragmentierende, selektive Primer lieferten die floureszierenden Eco RI Primer ACT-fam (blau), ACG-vic (grün), AAG-ned (rot) und AGG-pet (gelb) die besten Ergebnisse. Als häufig fragmentierendes, selektives Restriktionsenzym wurde immer MSE I sel-CAG verwendet, so daß sich für die PCR 2 folgende Primerkombinationen ergeben: ACT-fam-CAG, ACG-vic-CAG, AAG-ned-CAG und AGG-pet-CAG (Tab. 3-13).

	Msel_CAA	Msel_CAC	Msel_CAG	Msel_CAT	Msel_CTA	Msel_CTC	Msel_CTG	Msel_CTT
EcoRI_AAC_FAM		x	x	x	x		x	
EcoRI_ACT_FAM			x	x	x	x		x
EcoRI_ACA_VIC		x	x	x	x		x	
EcoRI_ACG_VIC			x	x	x	x		x
EcoRI_AAG_NED		x	x	x	x		x	
EcoRI_ACC_NED			x	x	x	x		x
EcoRI_AGC_PET			x	x	x			x
EcoRI_AGG_PET		x	x	x	x	x	x	

Tab. 3-13: Primerkombinationen; „x“ kennzeichnet die getesteten Primerkombinationen, die ausgewählten Primerkombinationen sind fett hervorgehoben.

Testläufe mit Verdünnungen der PCR 1 und erhöhten Primermengen hatten keinen Einfluss auf die Reaktionsergebnisse. In der PCR 2 wurden die Proben im Thermocycler für 2 Minuten auf 94 Grad Celsius erhitzt, dann folgten für die Amplifizierung 10 Zyklen mit 94 Grad für 20 Sekunden, 66 Grad für 30 Sekunden, mit einer Abnahme um 1 Grad pro Zyklus, dann zwei Minuten bei 72 Grad. Es folgten 25 Zyklen mit 94 Grad für 20 Sekunden und 56 Grad für 30 Sekunden, dann zwei Minuten bei 72 Grad. Abschließend wurden die Proben für die Synthese der DNA für 30 Minuten auf 60 Grad erwärmt.

In einem letzten Reaktionsschritt werden die selektiven Amplifikationsprodukte der PCR 2 mit 14,7 ul Formamid als Puffer und 0,3 ul GeneScan-500 LIZ size standard gemischt. Zu dem 10 ul Puffer-LIZ-Standard-Gemisch wurden je 2 ul der PCR 2-Amplifikationsprodukte gegeben. Die Proben wurden für drei Minuten auf 95 Grad denaturiert und anschließend auf Eis schnell abgekühlt.

Die Elektrophorese erfolgte mit dem Sequenzierungsgerät ABI Prism 3100 (Fa. Applied Biosystems) nach einem Standardprotokoll mit folgenden Parametern: dem G5-Farbenset, bestehend aus fam, vic, ned, pet und dem LIZ-Standard, einer Kapillarlänge von 50 Zentimetern und dem Laufmittel Pop60. Die Injektionszeit betrug 60 Sekunden, die Dauer der Elektrophorese 2000 Sekunden. Die Ergebnisse der Elektrophorese werden graphisch in Elektropherogrammen dargestellt.

3.5.2.2 Analyse der Rohdaten - Bestimmung der Genotypen

Zunächst wurde mit der Software GeneMapper (Version 3.7) (Fa. Applied Biosystems) die Datenqualität überprüft, um mögliche Fehlproben zu identifizieren. Die „Sizing Quality“ gibt Auskunft darüber, ob eine gute Kalibrierung mit dem LIZ-Standard möglich war oder nicht. Wird der Standard erfüllt, erfolgt eine vergleichende Analyse der Spektralkurven der Proben. Bei fünf Proben (HUE02, GRA03, NID01, FUL09, OBS10) war keine gute Eichung mit dem LIZ-Standard möglich. Bei den Proben GRA03, NID01 und OBS10 wurde der Längenstandard manuell akzeptiert, die beiden anderen Proben wurden aus der weiteren Analyse ausgeschlossen. Zwei von den insgesamt 144 Proben werden aufgrund der nicht den Qualitätsstandard erfüllenden Kalibrierung mit dem LIZ-Standard aus der Analyse ausgeschlossen.

Die AFLP-Analysemethode der Software GeneMapper wurde dahingehend leicht modifiziert, dass vier Farben (blue-fam, green-vic, red-pet, yellow-ned) analysiert und orange mit dem GeneScan-500 LIZ-Standard belegt wurde. Die Ermittlung der Scheitelpunkte (peak detection) erfolgte mit dem Standardalgorithmus in dem Bereich von 50 - 500 Basenpaaren. Mit der Definition eines Bins wird der Bereich festgelegt, welcher ein Allel definiert, d.h. die Position im Elektropherogramm, an dem eine Bande erwartet wird. Um Fehler in der Genotypisierung zu erkennen und zu vermeiden, wurden die Bins zunächst von der Software automatisch generiert und anschließend visuell überprüft und korrigiert (BONIN et al. 2004: 3270). Die Bandenmuster des gelben Markers zeigen bei allen Proben ein starkes Rauschen. Daher bleibt der gelbe Marker bei den weiteren Auswertungen unberücksichtigt. Von den übrigen drei Markern zeigen der blaue und der grüne Marker mehr und höhere Scheitelpunkte (peaks) als der rote Marker. In Abb. 3-11 ist ein Elektropherogramm des blauen Markers für fünf Proben in dem Basenpaarbereich von 140-180 dargestellt. Für *Pulsatilla vulgaris* als eine Art mit einem hohen DNA-Gehalt ist das Rauschen der Kurve typisch, da in den Proben viele Fragmente enthalten sind, welche unterhalb des Grenzwertes für die Ermittlung der Scheitelpunkte (peak detection) liegen (Fay et al. 2005: 243). Die Ähnlichkeit der Kurven belegt die gute Reproduzierbarkeit der AFLP Analyse und Elektrophorese. Beispielhaft ist bei Basenpaar 160 ein polymorpher Loci rot markiert.

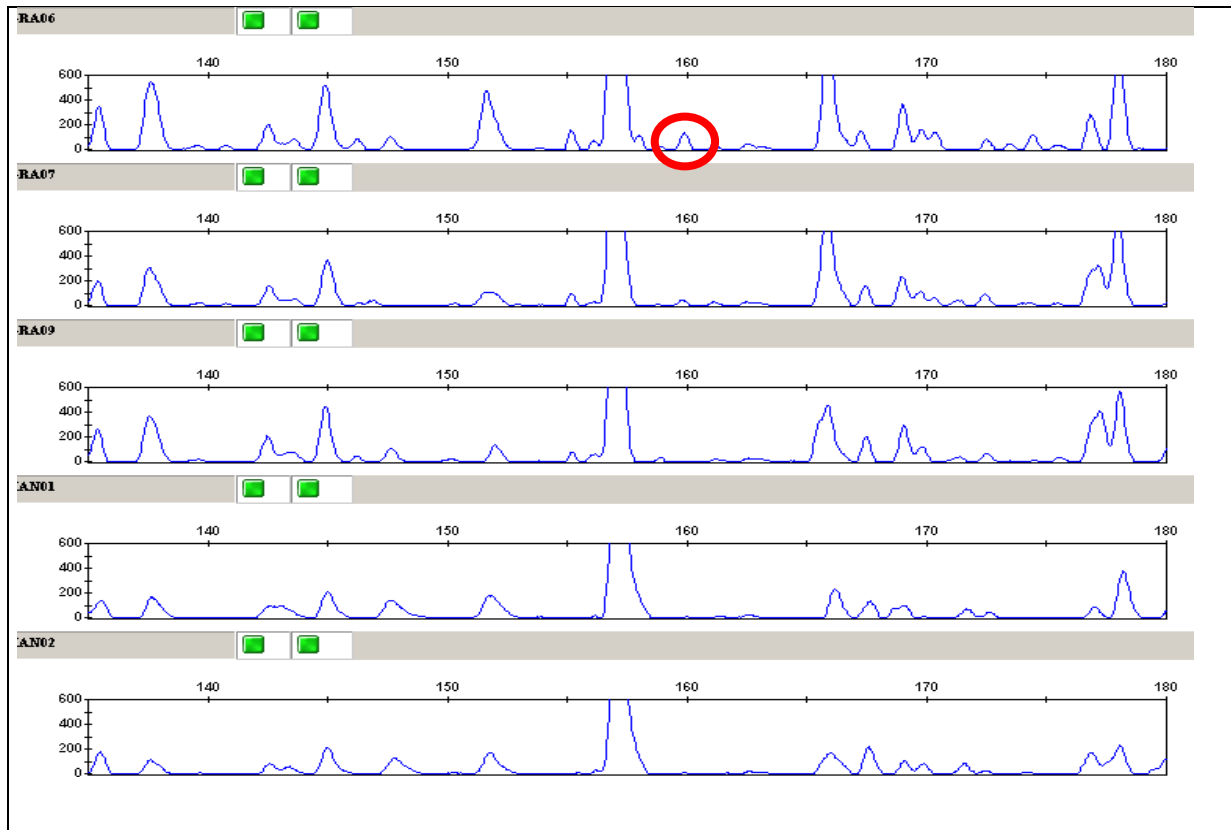


Abb. 3-11: Elektropherogramm

NYBOM et al. geben einen Richtwert von mindestens 50-100 polymorpher Loci für AFLP-Analysen an. (NYBOM 2000: 105). Gemäß ihrer Empfehlung werden zur besseren Vergleichbarkeit verschiedener Untersuchungen nur die polymorphen Loci berücksichtigt. Als polymorph wurden alle Loci gewertet, deren Allel eine Frequenz von weniger als 99% aufweist (vgl. DANNEMANN 2000). Die Banden des flueszierenden AFLP-Musters werden als vorhanden (1) oder nicht vorhanden (0) kodiert, so dass der Genotyp jeder Probe mit einer 0/1-Datenmatrix abgebildet wird.

3.5.2.3 Statistische Datenanalyse

Die statistische Datenanalyse erfolgte auf Basis der 0/1-Matrix der Genotypen. Die genetische Struktur der Populationen wird über den Anteil der Varianzen innerhalb und zwischen den Populationen angegeben. In der vorliegenden Arbeit wird der Begriff „Variabilität“ für die genetische Diversität innerhalb der Populationen verwendet, während für die genetische Diversität zwischen den Populationen der Begriff „Differenzierung“ gebraucht wird. Für die genetische Differenzierung zwischen den Populationen wird ein Signifikanztest mit Resampling-Verfahren, wie z.B. Permutationstests oder Bootstrapping durchgeführt. Dazu werden iterativ zufällig ausgewählte Fälle mit den gleichen Verfahren analysiert und die Sicherheit der Ergebnisse validiert.

Genetische Variabilität

Für die genetische Variabilität der Populationen wurde der Anteil polymorpher Loci (P), die beobachtete Heterozygotie (H_o) und die erwartete Heterozygotie (H_e) berechnet. Da die Populationen z.T. sehr klein sind, konnten nicht von allen Populationen zehn Proben genommen werden. Die Anzahl der Proben hat direkten Einfluss auf die Berechnung der Variabilität, d.h. bei mehr Proben ist eine höhere Variabilität zu erwarten. Um die unterschiedliche Anzahl der Proben pro Population auszugleichen, wurden von den größeren Populationen drei Proben zufällig ausgewählt und die Variabilität berechnet. Die Zufallsauswahl von drei Proben wurde zehnmal wiederholt und anschließend aus den zehn Werten der Mittelwert ermittelt. Dieser korrigierte Wert der erwarteten Heterozygotie wird als „rarefied expected heterozygosity“ (H_e_r) bezeichnet. Die Kalkulationen wurden mit dem Programm AFLPSurv (VEKEMANS et al. 2002) nach den Methoden von LYNCH und MILLGAN (1994) durchgeführt. Die Berechnungen erfolgten nach der Square-Root-Methode (NEI 1987, in VEKEMANS et al. 2002) unter Annahme des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes mit 1000 Permutationen für 1000 bootstraps. Der Vorteil der Square-Root-Methode liegt darin, daß keine große Anzahl von Individuen pro Population notwendig ist, um die erwartete Heterozygotie richtig berechnen zu können, vorausgesetzt dass ausreichend polymorphe Loci ausgewertet werden können (KRAUSS 2000: 1242). Da keine Angaben zur Inzuchtrate bei *Pulsatilla vulgaris* vorliegen, wird eine vollkommene Auskreuzung der Art angenommen.

Genetische Differenzierung

Die genetische Differenzierung zwischen Populationen kann mit der F-Statistik nach WRIGHT (1951) quantifiziert werden. Bei der F-Statistik wird die Heterozygotie auf den Ebenen der Individuen (I), der Teilpopulation (S) und der Totalpopulation (T) bestimmt und ins Verhältnis zueinander gesetzt. F_{ST} ist der Anteil der Diversität zwischen den Populationen an der gesamten genetischen Diversität.

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

Ein F_{ST} -Wert von 0 zeigt an, daß keine Differenzierung zwischen den Populationen stattgefunden hat. Ein F_{ST} -Wert von 1 bedeutet die vollständige Isolation der Subpopulation. Mit dem Programm AFLPSurv wurden die für genetische Differenzierung zwischen den Populationen die paarweisen F_{ST} -Werte sowie das Standardmaß Nei's genetic distance berechnet. Die paarweisen F_{ST} -Werte werden in einer Matrix ausgegeben. Die Signifikanzwerte für die paarweise genetische Differenzierung (F_{ST}) wurden mit einem Permutationstest (1000 Permutationen) in dem Programm Arlequin bestimmt. Mit den Permutationen wird die Null-Hypothese getestet, dass kein Unterschied zwischen den Populationen besteht. Aus Wiederho-

lungsprobennahmen (bootstrapping) wurde mit AFLP-Surv eine Datei mit den Distanzmatrices erstellt, mit der eine Clusteranalyse durchgeführt wurde.

AMOVA

In einer Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) wurde in einem hierarchischen Ansatz die Verteilung der gesamten genetischen Diversität auf Untergruppen ermittelt (Software Arlequin). Die Gruppierung erfolgte nach der geographischen Lage der Populationen, wobei zunächst die vier Naturräume Hochrhein, Randen, Baaralb und Hegau(alb) unterschieden wurden. Weitere Analysen erfolgten mit weniger Gruppen, wozu Naturräume zusammengefasst wurden. Die Signifikanzwerte der Varianzen wurden mit 1000 Permutation ermittelt. Die Berechnungen erfolgten zunächst für alle Populationen und in einem zweiten Durchgang nur unter Einbeziehung der Populationen, welche aus mindestens neun Individuen bestehen.

Clusteranalyse

Um Gruppierungen von Populationen aufzufinden, wurden die paarweisen F_{ST} -Werte mit einer UPGMA (unweighted pair group method with arimetric mean) weiter untersucht. Die UPGMA ist ein einfacher Algorithmus zur Erstellung von Ähnlichkeitsbäumen, bei dem schrittweise ausgehend von der kürzesten Distanz Cluster zusammengefasst und die Distanzmatrices neu berechnet werden. In der vorliegenden Arbeit wurden mit der UPGMA die Distanzmatrices der 1000 bootstraps der paarweisen F_{ST} -Werte mit dem Programmen Phylip in einer Baumstruktur dargestellt.

Zusammenhang zwischen genetischer Diversität und Populationsgröße und geographischer Distanz

Die Korrelation zwischen Populationsgröße und genetischer Variabilität wurde mit dem Spearman's Rangkorrelationskoeffizienten (Software SPSS 16) berechnet. Die Berechnung erfolgte zunächst für alle Populationen. In einer weiteren Berechnung blieben die sehr kleinen Populationen mit weniger als neun Individuen unberücksichtigt. Der Zusammenhang zwischen der paarweisen genetischen Distanz (F_{ST} und Nei-Werte) und der geographischen Distanz wurde mit einem Manteltest mit 1000 Permutationen getestet (Software Arlequin).

4 Ergebnisse

4.1 Konnektivität der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet

4.1.1 Verbundräume im Untersuchungsgebiet

In Abb. 4-1 ist die Verbreitung der Trockenrasen im gesamten Untersuchungsgebiet räumlich dargestellt. Während in den Gebieten der Baaralb, Hegualb, Hegau, Randen und dem südlichen Alb-Wutach-Gebiet verbreitet Trockenrasen vorkommen, sind in dem Gebiet zwischen Randen und Klettgau kaum noch Trockenrasen vorhanden. Die Anzahl und Flächengröße der Trockenrasen in den Naturräumen wurde bereits in Kap. 3.1.2.1 dargestellt. Die Ergebnisse der Verbundraumanalyse mit unterschiedlichen Distanzen sind beispielhaft für den Übergangsbereich zwischen Randen und Hegualb in Abb. 4-2 abgebildet. Im ersten Schritt sind die maximal 250 m voneinander entfernten Flächen miteinander verbunden. Die dargestellten Verbundraumflächen der 250 m-Distanz entsprechen den Aktionsradien, in welchen sich die meisten Individuen von *Zygaena carniolica* beispielsweise bei der Nahrungssuche bewegen dürften. Bei einer Distanz von 500 m schließen sich die rund 200 Patches zu 29 Verbundräumen zusammen. Erst bei einer Distanz von rund 1000 m bestehen Verbindungen, welche die beiden Naturräume übergreifen. Größere Entfernung von mehr als einem Kilometer, wie sie hier bei der Verbindung über die Naturraumgrenzen hinweg dargestellt sind, können nur von einzelnen Individuen von *Zygaena carniolica* überwunden werden.

In Abb. 4-3 sind die Verbundräume für die 750 m-Distanz dargestellt. Diese Distanz liegt in einem Bereich, in dem sich nach der Auswertung der Daten von WAGNER (2002) die Metapopulationsstrukturen von Widderchen am wahrscheinlichsten abbilden lassen (JOOB 2006: 179). Der Wert von 750 m wurde auch in der vorliegenden Arbeit als Maß ermittelt (siehe Kap. 4.1.2), welches bei einer univariaten Analyse das Vorkommen von *Zygaena carniolica* am besten erklärt. Im Untersuchungsgebiet kommen für die Distanz von 750 m insgesamt 74 Verbundräume vor. Von den insgesamt 849 Trockenrasen im Untersuchungsgebiet liegen 97% innerhalb der 750 m-Verbundräume, lediglich 23 Flächen sind isoliert. Die Ausstattung der einzelnen Naturräume mit Verbundräumen ist in Tab. 4-1 dargestellt. Bemerkenswert große Verbundräume kommen in allen Naturräumen vor. Deutlich ausgedünnt ist die Verbreitung in der Klettgauer Talung und im nördlichen Alb-Wutach-Gebiet. In diesen landwirtschaftlich intensiv genutzten Bereichen sind Trockenrasen und damit auch deren Verbundräume selten. Die im Schnitt deutlich kleineren Verbundräume können durch eine starke Fragmentierung der Trockenrasen erklärt werden. Bei Riedern kommt ein kleinerer Verbundraum mit Trockenrasen vor. Diese Flächen sind im Rahmen des Hegauprojektes untersucht (HAFNER, unveröffentlicht) und verfügen über wertvolle Tagfaltervorkommen. Der kleine Verbundraum bei Osterfingen, welcher u.a. Flächen am Steinbruch mit echten Volltrockenrasen umfassen, ist relativ isoliert.

Trockenrasen im Untersuchungsgebiet

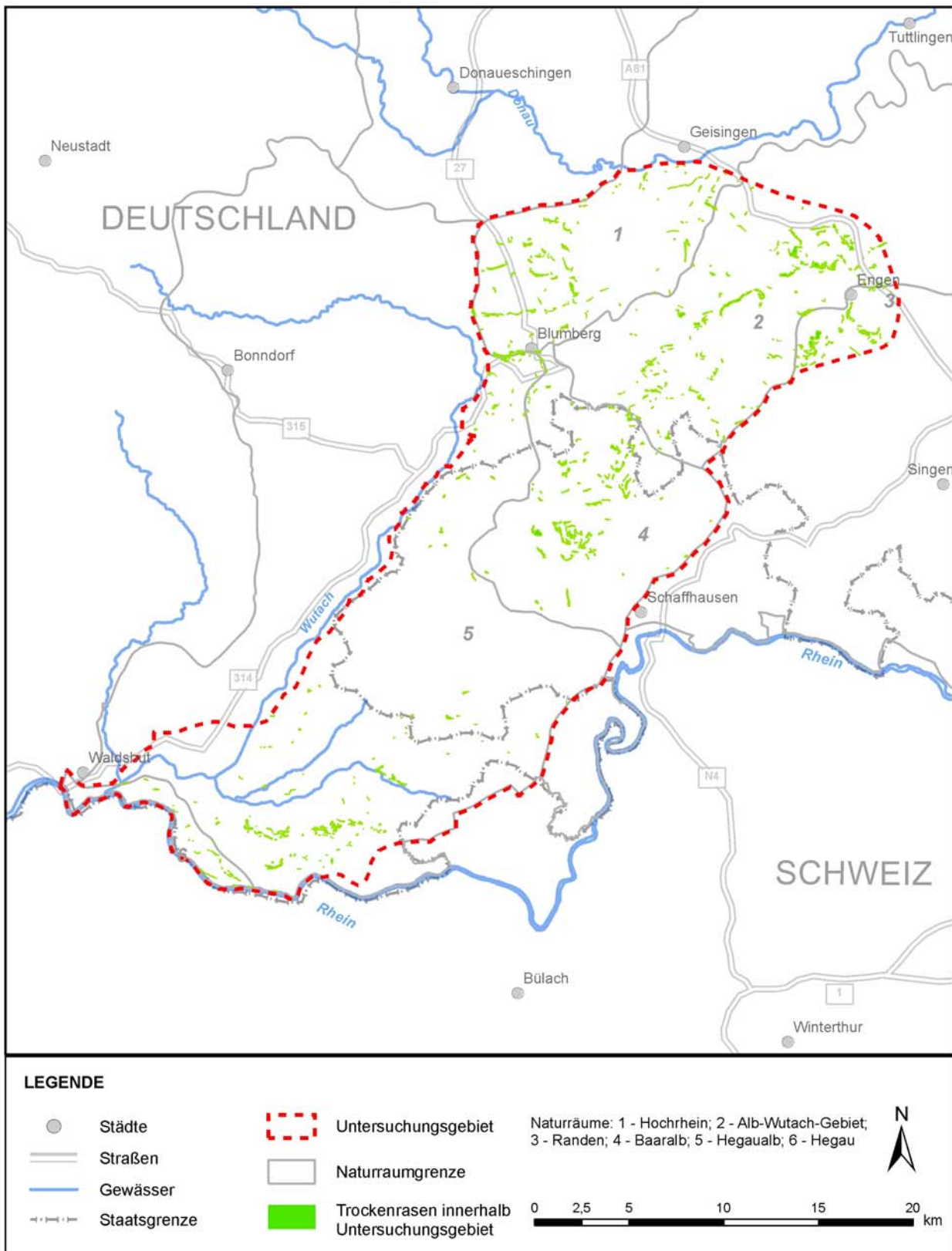


Abb. 4-1: Trockenrasen im Untersuchungsgebiet

Verbundräume Ausschnitt NO Randen - SW Hegaualb

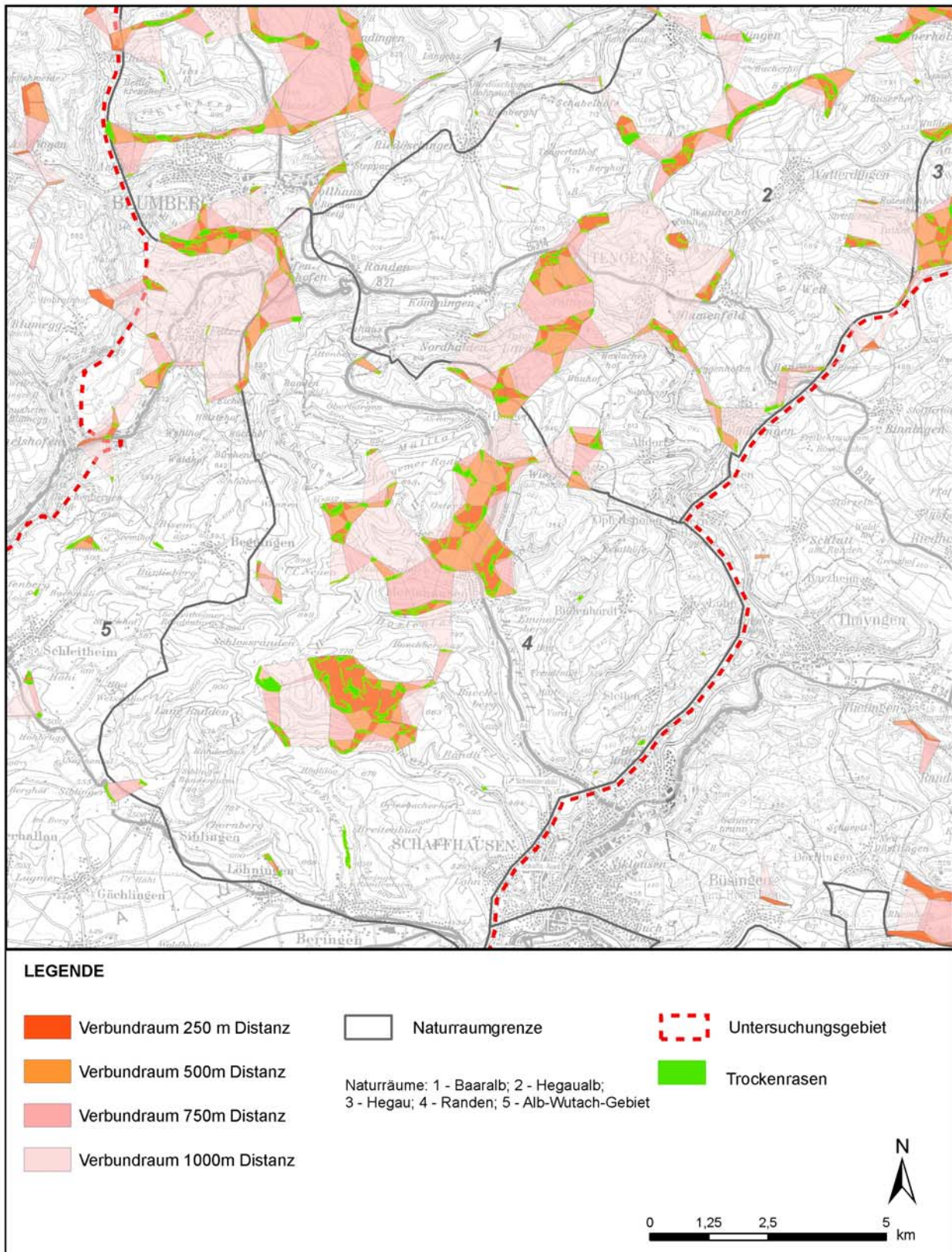


Abb. 4-2: Verbundräume unterschiedlicher Distanzen für den Ausschnitt Hegaualb – Randen

Verbundräume für 750 Meter Distanz

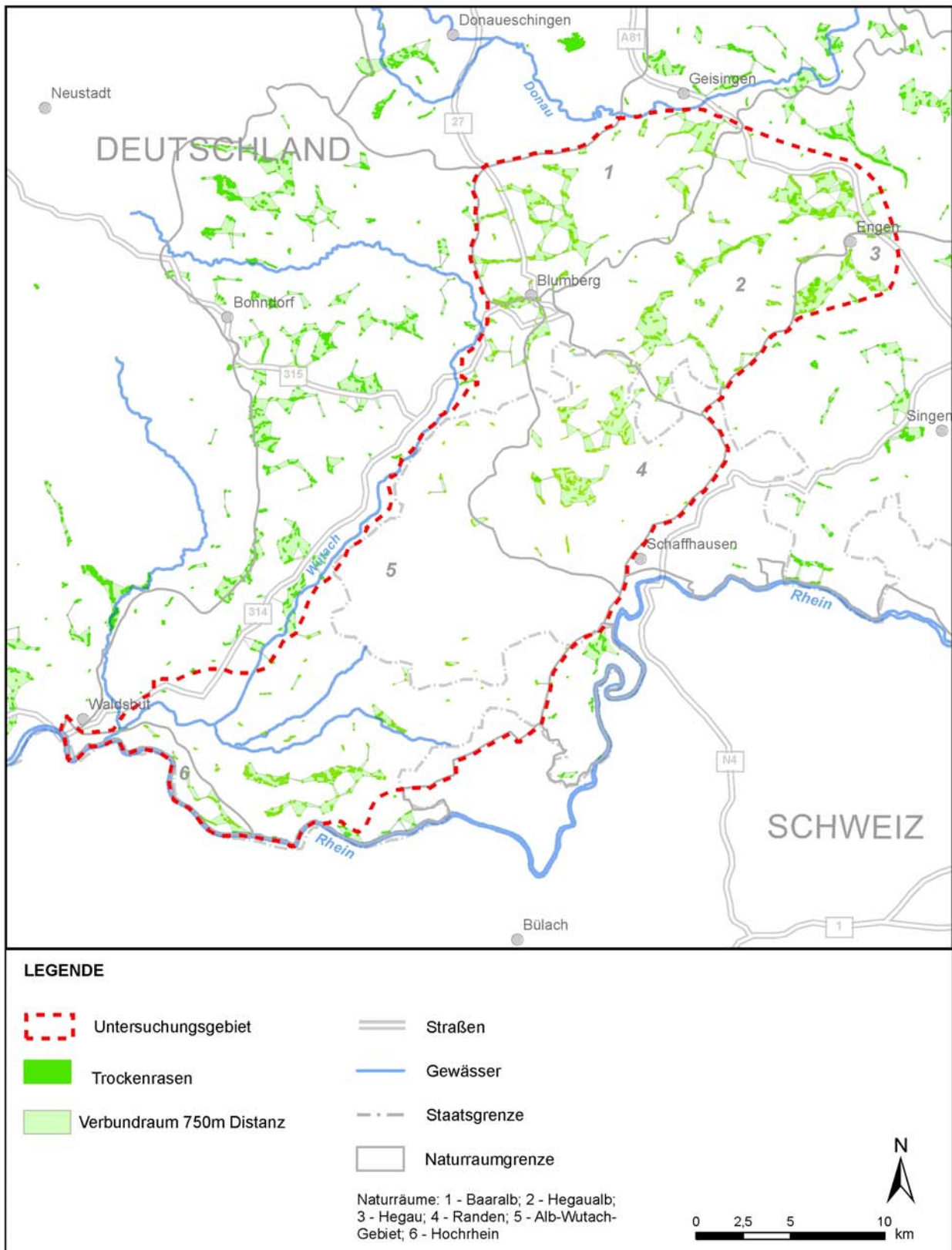


Abb. 4-3: Verbundräume für die 750 m-Distanz im Untersuchungsgebiet

Region	Anzahl Verbundräume	durchschnittl. Größe der Verbundräume [m ²]	größter Verbundraum [m ²]	kleinster Verbundraum [m ²]
Baaralb	15	1 155 889	6 218 946	3 984
Hegau(alb)	25	1 035 387	7 186 228	4 457
Randen	12	1 522 865	5 075 232	17 174
Alb-Wutach	29	762 742	6 218 946	802
Hochrhein	3	512 426	1 374 343	43 686
gesamtes Untersuchungsgebiet	74	828 849	7 186 227	802

Tab. 4-1: Anzahl und Flächengröße der 750 m-Verbundräume nach Regionen

Große Verbundräume, welche ein Mosaik von Trockenrasen und Steppenwaldbiotopen umfassen, kommen im nördlichen und nordwestlichen Bereich des Untersuchungsgebietes vor. In der Baaralb und in der Hegualb ist daher die Verbundsituation der Trockenrasen als ähnlich einzustufen und zeichnet sich durch ein relativ dichtes Netz von relativ großen Verbundräumen aus. Im Randen sind die Verbundräume im Schnitt größer, was auf die weiten Hochflächen mit Trockenrasen zurückzuführen ist. Hier bilden die Hänge um Merishausen und die Flächen um Hemmental zwei Verbundräume, die durch größere Waldgebiete voneinander getrennt sind. Die Entwicklung der Verbundraumgröße der Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica* für die unterschiedlichen Distanzen ist in Abb. 4-4 dargestellt (vgl. Jooß 2006b: 204). Das Diagramm zeigt den Trend, dass ab einer Distanz von 850 m die Größe der Verbundraumfläche stark ansteigt, während sie für die isolierten Flächen gering bleibt. Bei einer Distanz von 1000 m bilden die 849 Trockenrasen im Untersuchungsgebiet 45 Verbundräume. Von diesen umfassen 19 weniger als zehn Trockenrasen; 28 verbinden mehr als 100 Trockenrasen miteinander. Bei der Validierung der potenziellen Verbundräume des landesweiten Zielartenkonzeptes sind ähnliche Werte für andere Untersuchungsgebiete in Baden-Württemberg ermittelt worden (Jooß 2006b: 205).

In Abb. 4-5 ist exemplarisch für Flächen mit unterschiedlichen DVS-Werten die Entwicklung der Verbundsituation mit zunehmender Distanz dargestellt. Die Fläche mit dem höchsten DVS-750-Wert, nämlich 29620, liegt „Am Alten Postweg“ in der Hegualb und zeigt bereits bei sehr kleinen Distanzen überdurchschnittliche hohe Verbundwerte. Der niedrigste DVS-750-Wert von 162 wurde für eine Fläche im Alb-Wutach-Gebiet bei Schleithem ermittelt, welche bei einer Distanz von 600 m noch isoliert bleibt. Bei einer Distanz zwischen 600 bis 675 m wird diese Fläche mit anderen potentiellen Habitaten zu einem relativ kleinem Verbundraum verbunden, welcher dann aber weiterhin isoliert bleibt. Mit den Rechtecken ist in dem Diagramm die Entwicklung der Verbundsituation für eine Fläche an der „Gräte“ im Randen abgebildet, für welche ein mittlerer DVS-750-Wert (9402) berechnet wurde. Sie liegt von kleinen Distanzen an in einem Verbundraum, der mit zunehmenden Distanzen mit anderen Verbundräumen verbunden wird. Vergleicht man die Größe

der Verbundräume bei der 750 m-Distanz für die „Gräte“ und den „Alten Postweg“, so unterscheiden sie sich kaum. Die deutlichen Unterschiede des DVS-Wertes für diese beiden Flächen ergeben sich dadurch, dass bei der distanzgewichteten Verbundraumsumme die Entwicklung der Verbundsituation mit zunehmender Distanz berücksichtigt wird und die Verbundräume bei geringen Distanzen am „Alten Postweg“ größer sind. Ab einer Distanz von 900 m sind die Flächen an der „Gräte“ mit denen am „Alten Postweg“ miteinander verbunden und beide liegen in dem gleichen Verbundraum.

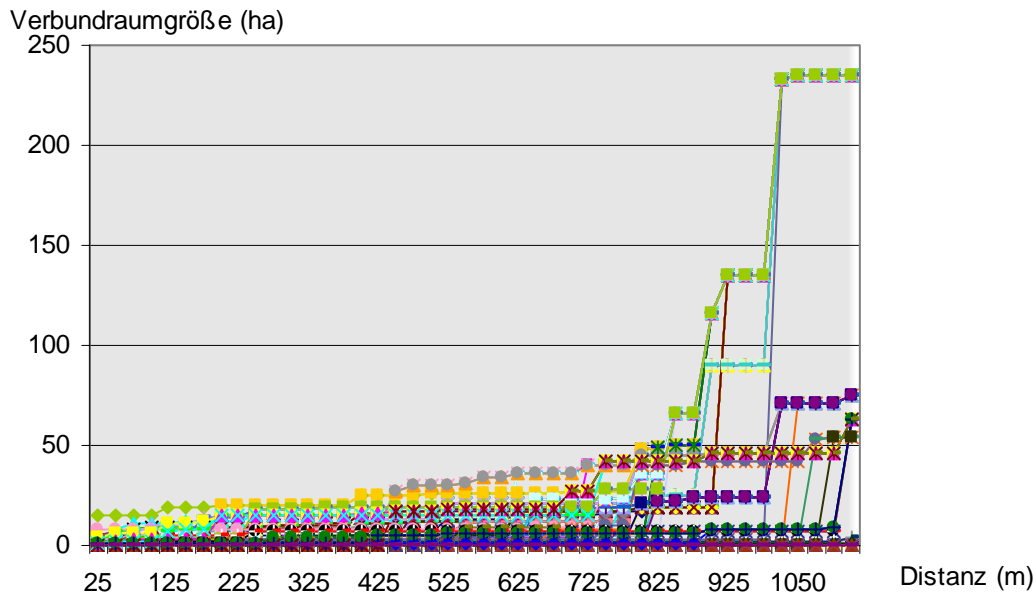


Abb. 4-4: Entwicklung der Verbundraumgröße mit zunehmender Distanz für die Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica*

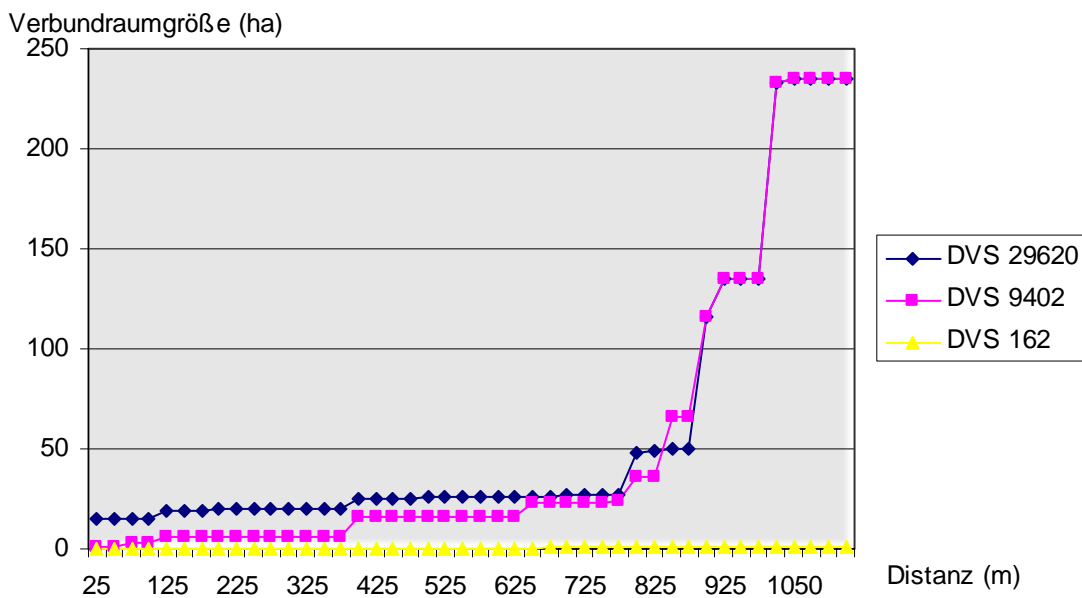


Abb. 4-5: Vergleich der Entwicklung der Verbundraumgröße mit zunehmender Distanz für unterschiedliche DVS-Werte.

4.1.2 Auswahl des Konnektivitätsmaßes

Neben der Quantifizierung und Visualisierung der Verbundsituation im Untersuchungsgebiet ist ein Ziel der Konnektivitätsanalyse, die Konnektivitätswerte hinsichtlich ihres Erklärungswertes für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* zu evaluieren. Die Ergebnisse des statistischen Vergleichs der Proximity- und Verbundraumwerte für die Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* zeigen, dass bei 61 von den 62 berechneten Konnektivitätswerten ein signifikanter Unterschied zwischen den Gruppen mit und ohne Vorkommen besteht, von denen 14 hochsignifikant sind. Die Tabellen der statistischen Tests sind im Folgenden aufgeführt.

	DVS_m _250	DVS_v _250	DVS_a _250	DVS_m _500	DVS_v _500	DVS_a _500
U-Test	1348.0	1758.0	1926.0	1325.0	1784.0	1840.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.000	.004	.028	.000	.006	.011

	DVS_m _750	DVS_v _750	DVS_a _750	DVS_m _1000	DVS_v _1000	DVS_a _1000
U-Test	1340.0	1931.0	1847.0	1538.0	2181.0	1979.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.000	.030	.012	.000	.233	.047

Tab. 4-2: U-Test der Distanzgewichteten Verbundraumsummen (DVS) nach ihrem Trockenrasenanteil (DVS_m), Verbundraumgröße (DVS_v) und Anzahl der Flächen im Verbundraum (DVS_a) für unterschiedliche Wanderungsdistanzen; getestet wurde die Unterscheidbarkeit der Gruppen der Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica*

	P250_ 00_0	P250_ 05_0	P250_ 10_0	P250_ 15_0	P250_ 20_0	P250_ 00_1	P250_ 05_1	P250_ 10_1	P250_ 15_1	P250_ 20_1
U-Test	1856.5	1828.5	1886.5	1965.5	2001.5	1902.0	1889.0	1903.0	1924.0	1924.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.010	.008	.015	.034	.048	.018	.016	.018	.023	.023

	P500_ 00_0	P500_ 05_0	P500_ 10_0	P500_ 15_0	P500_ 20_0	P500_ 00_1	P500_ 05_1	P500_ 10_1	P500_ 15_1	P500_ 20_1
U-Test	1902.5	1854.0	1869.0	1950.5	1984.0	1796.0	1793.0	1807.0	1856.0	1885.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.018	.011	.013	.030	.042	.006	.005	.006	.011	.015

	P750_00_0	P750_05_0	P750_10_0	P750_15_0	P750_20_0	P750_00_1	P750_05_1	P750_10_1	P750_15_1	P750_20_1
U-Test	1918.0	1848.0	1870.0	1946.5	1992.0	1720.0	1738.0	1788.0	1855.0	1886.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.022	.010	.013	.029	.045	.002	.003	.005	.011	.016

	P1000_00_0	P1000_05_0	P1000_10_0	P1000_15_0	P1000_20_0	P1000_00_1	P1000_05_1	P1000_10_1	P1000_15_1	P1000_20_1
U-Test	1855.0	1834.5	1864.5	1943.5	1996.0	1707.5	1696.5	1759.5	1834.5	1871.5
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.011	.009	.013	.029	.047	.002	.002	.004	.009	.014

	P3000_00_0	P3000_05_0	P3000_10_0	P3000_15_0	P3000_20_0	P3000_00_1	P3000_05_1	P3000_10_1	P3000_15_1	P3000_20_1
U-Test	1864.0	1798.0	1833.0	1935.0	1995.5	1909.0	1759.0	1762.0	1832.0	1881.0
Asymptotische Signifikanz (zweiseitig)	.012	.006	.009	.026	.047	.020	.004	.004	.009	.015

Tab. 4-3: U-Test der Proximitywerte ($Pd_{\beta\gamma}$) für unterschiedliche Wanderungsdistanzen (d : 250, 500, 750, 1000 und 3000 m), unterschiedliche Potenzen der Entfernungen (β : 0,5; 1; 1,5; 2) und mit und ohne Berücksichtigung der Flächengröße (γ : 0;1); getestet wird die Unterscheidbarkeit der Gruppen der Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica*

Für genauere Aussagen zu dem Erklärungswert der einzelnen Konnektivitätswerte wurde eine univariate logistische Regression durchgeführt. Die Vorhersagemodelle mit der logistischen Regression, welche nur den Konnektivitätswert berücksichtigen, sind erwartungsgemäß als nicht für die Praxis anwendbar einzustufen, da andere Faktoren, welche für das Vorkommen der Art entscheidend sind, nicht mit berücksichtigt werden. Da für beide Konnektivitätswerte (Proximityindex und distanzgewichtete Verbundraumsumme) dieselbe Flächenkulisse verwendet wurde, besteht eine starke Korrelation zwischen den Werten. Grundlage beider Maße sind die Flächengröße und die Distanzen zwischen den Flächen, die jedoch in unterschiedlichem Maße berücksichtigt werden. Für die Güte der Vorhersagemodelle wird sowohl der AUC als auch der Omnibus-Test herangezogen (vgl. Kap. 3.4.2.2). In den folgenden Tabellen sind die AUC-Werte und die Ergebnisse des Omnibus-Tests für die Verbundraum- und Proximitywerte dargestellt.

Wanderungsdistanz d [m]	AUC DVS-m	AUC DVS-v	AUC DVS-a
250	0,729	0,646	0,613
500	0,734	0,641	0,630
750	0,730	0,612	0,629
1000	0,691	0,561	0,602

Tab. 4-4: AUC-Werte für Distanzgewichtete Verbundraumsummen

Wanderungsdistanz d [m]		$\beta = 0$	$\beta = 0,5$	$\beta = 1$	$\beta = 1,5$	$\beta = 2$
250	$\gamma = 0$	0,630	0,635	0,624	0,608	0,601
	$\gamma = 1$	0,621	0,623	0,621	0,616	0,616
500	$\gamma = 0$	0,621	0,630	0,627	0,611	0,604
	$\gamma = 1$	0,642	0,643	0,640	0,630	0,624
750	$\gamma = 0$	0,618	0,632	0,627	0,612	0,603
	$\gamma = 1$	0,657	0,654	0,644	0,630	0,624
1000	$\gamma = 0$	0,630	0,634	0,628	0,613	0,602
	$\gamma = 1$	0,660	0,662	0,649	0,634	0,627
3000	$\gamma = 0$	0,628	0,642	0,635	0,614	0,602
	$\gamma = 1$	0,619	0,649	0,649	0,635	0,625

Tab. 4-5: AUC-Werte für Proximity-Werte. Erläuterungen für β und γ s. Tab. 4-3.

Wanderungsdistanz d [m]	DVS-m		DVS-v		DVS-a	
	Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²
250	0,000	0,013	0,112	0,023	0,085	0,027
500	0,000	0,165	0,121	0,022	0,036	0,040
750	0,000	0,191	0,094	0,026	0,026	0,045
1000	0,000	0,131	0,473?	0,005	0,081	0,028

Tab. 4-6: Distanzgewichtete Verbundraumsummen - Omnibus-Test der univariaten binären logistischen Regression

Wanderungs- distanz d [m]		$\beta = 0$		$\beta = 0,5$		$\beta = 1$		$\beta = 1,5$		$\beta = 2$	
		Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²	Sign.	N.-R ²
250	$\gamma = 0$	0,016	0,052	0,024	0,046	0,079	0,028	0,026	0,012	0,585	0,003
	$\gamma = 1$	0,113	0,023	0,117	0,022	0,204	0,015	0,371	0,007	0,584	0,003
500	$\gamma = 0$	0,050	0,035	0,032	0,041	0,073	0,029	0,252	0,012	0,581	0,003
	$\gamma = 1$	0,124	0,020	0,110	0,023	0,187	0,016	0,362	0,008	0,581	0,003
750	$\gamma = 0$	0,042	0,037	0,027	0,044	0,066	0,031	0,247	0,012	0,580	0,003
	$\gamma = 1$	0,014	0,054	0,034	0,040	0,140	0,020	0,347	0,008	0,578	0,003
1000	$\gamma = 0$	0,015	0,053	0,015	0,053	0,055	0,033	0,241	0,012	0,579	0,003
	$\gamma = 1$	0,017	0,051	0,031	0,042	0,132	0,021	0,344	0,008	0,577	0,003
3000	$\gamma = 0$	0,014	0,054	0,008	0,063	0,037	0,039	0,231	0,013	0,577	0,003
	$\gamma = 1$	0,015	0,053	0,014	0,054	0,102	0,024	0,336	0,008	0,576	0,003

Tab. 4-7: Proximityindices - Omnibus-Test der univariaten binären logistischen Regression. Erläuterungen für β und γ s. Tab. 4-3

Den besten Erklärungswert für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* liefert die Distanzgewichtete Verbundraumsumme für den Trockenrasenanteil innerhalb der Verbunddistanz von 750 m. Mit diesem Konnektivitätswert können 73% der Vorkommen und Nichtvorkommen richtig prognostiziert werden, wobei der Wert der richtig vorhergesagten Präsenzen bei 25% liegt. Die deutlich niedrigeren AUC-Werte der anderen DVS-Werte zeigen, dass der Anteil der Trockenrasenfläche und nicht die Anzahl der Flächen im Verbundraum oder die Größe des Verbundraumes für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* entscheidend sind. Der beste Wert bei den Proximityindices liegt für die richtig vorhergesagten Präsenzen dagegen bei 7%. Zu der Berechnung des Proximityindex ist anzumerken, dass für das Untersuchungsgebiet die absoluten Werte der Flächengrößen wesentlich höher sind als die Werte für die Distanzen zwischen den Flächen. Die Proximitywerte, bei denen die Fläche berücksichtigt wird ($\gamma = 1$ in Tab. 4-5 und Tab. 4-7), sind tendenziell besser als die ohne Einbeziehung der Fläche. Eine Ausnahme bilden die Proximityindices für den Suchradius von 250 m, bei dem die Entfernung maximal einfach eingeht. Innerhalb dieser kleinen Aktionsräume ist die Flächengröße nicht entscheidend. Bei den Suchradien entspricht das Ergebnis der Proximitywerte denjenigen der DVS-Werte. Ab einem Radius von 750 m verbessern die Proximitywerte das Signifikanzniveau des Vorhersagemodells für *Zygaena carniolica* um 0,01. Der beste Proximitywert wird bei 1000 m Radius mit Berücksichtigung der Flächengröße und einer Gewichtung der Entfernung als Quadratwurzel erreicht. Die von SACHTELEBEN (2000) vorgeschlagene Quadrierung der Entfernung ($\beta = 2$ in Tab. 4-5 und Tab. 4-7), welche auch in dem Standardmaß PROXIM bei fragstat implementiert ist, liefert im Vergleich zu den einfachen Entfernungen schlechtere Ergebnisse. Tendenziell erklären die Proximitywerte mit einer relativ schwachen Gewichtung der Distanz ($\beta = 0,5$ in Tab. 4-5 und Tab. 4-7) am besten das Vorkommen von *Zygaena carniolica*. Dies deutet darauf hin, dass Entfernungen von bis zu einem Kilometer von *Zygaena carniolica* leicht überwunden werden können und daher die Distanzen zwischen den einzelnen Patches nur eine untergeordnete Rolle spielen. Generell ist anzumerken, dass nicht einzig ein hoher Konnektivitätswert das Vorkommen der Art bedingt. Andere Voraussetzungen wie z.B. das Vorkommen der Nahrungspflanzen müssen ebenfalls erfüllt sein. Die Bedeutung der Konnektivität für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* im Verhältnis zu anderen Eigenschaften der Habitate in Kap. 4.2.6.4 genauer analysiert und in Kap. 5.1 diskutiert.

Zusammenfassend zeigt sich, dass es mit der Verbundraumanalyse möglich ist, die Flächen hinsichtlich ihrer Verbundsituation quantitativ zu vergleichen. Für *Zygaena carniolica* liegen nach den Ergebnissen der Untersuchung der Großteil der potentiellen Habitate in einer Verbundsituation vor, in welcher ein Teil der Individuen die nächstgelegenen Nachbarflächen erreichen können. Ähnliche Ergebnisse sind für andere Untersuchungsgebiete in Baden-Württemberg ermittelt worden. Die für *Zygaena carniolica* anzunehmende Distanz, in welcher die Populationen im Sinne von Metapopulationen miteinander in Verbindung stehen, liegen der Untersuchung zufolge bei Werten von rund 750 m.

4.2 Ergebnisse *Zygaena carniolica*

4.2.1 Vorkommen *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet

Die in Abb. 4-6 dargestellten Ergebnisse der Rasterkartierung liefern eine Übersicht über die Verbreitung von *Zygaena carniolica* in der Region Hegau-Randen-Klettgau. *Zygaena carniolica* ist im Norden und Süden des Untersuchungsgebietes verbreitet. In dem Gebiet vom südlichen Randen bis zum Klettgaurücken konnte nur ein Vorkommen nachgewiesen werden. In der Baaralb, der Hegualb und dem nördlichen Randen kommen größere Populationen vor. Das Verbreitungsmuster von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet ist im Wesentlichen mit der Verbreitung der Trockenrasen zu erklären, welche die Grundlage der Kartierung bildeten. Diese Lebensräume sind in der Hegualb, Baaralb und im Randen noch weiter verbreitet, während sie in großen Teilen des Alb-Wutach-Gebietes verschwunden sind. Bemerkenswert ist das Fehlen der Art im südlichen Randen, wo große Trockenrasen vorkommen. Mit der Rasterkartierung liegen keine Informationen über die besiedlungs-limitierenden Faktoren vor. Die Analysen der Habitatqualität und der räumlichen Konfiguration der potentiellen Habitate liefern weitere Erklärungen für das Vorkommen von *Zygaena carniolica*.

4.2.2 Charakterisierung der Untersuchungsflächen

Die untersuchten potentiellen Habitatflächen für *Zygaena carniolica* sind bezüglich ihrer Vegetation und räumlichen Konfiguration sehr unterschiedlich. In Abb. 4-7 sind die Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica* mit Bestandsfotos und Detailsicht auf die Vegetation dokumentiert. Die ökologische Spannweite der Biotoptypen reicht von Halbtrockenrasen trockener und typischer Ausprägung bis zu den mesophileren Salbei-Glatthaferwiesen. In einigen versaumten Flächen, teilweise mit Gehölzsukzession, konnten Imagines von *Zygaena carniolica* nachgewiesen werden.

Rasterkartierung *Zygaena carniolica*

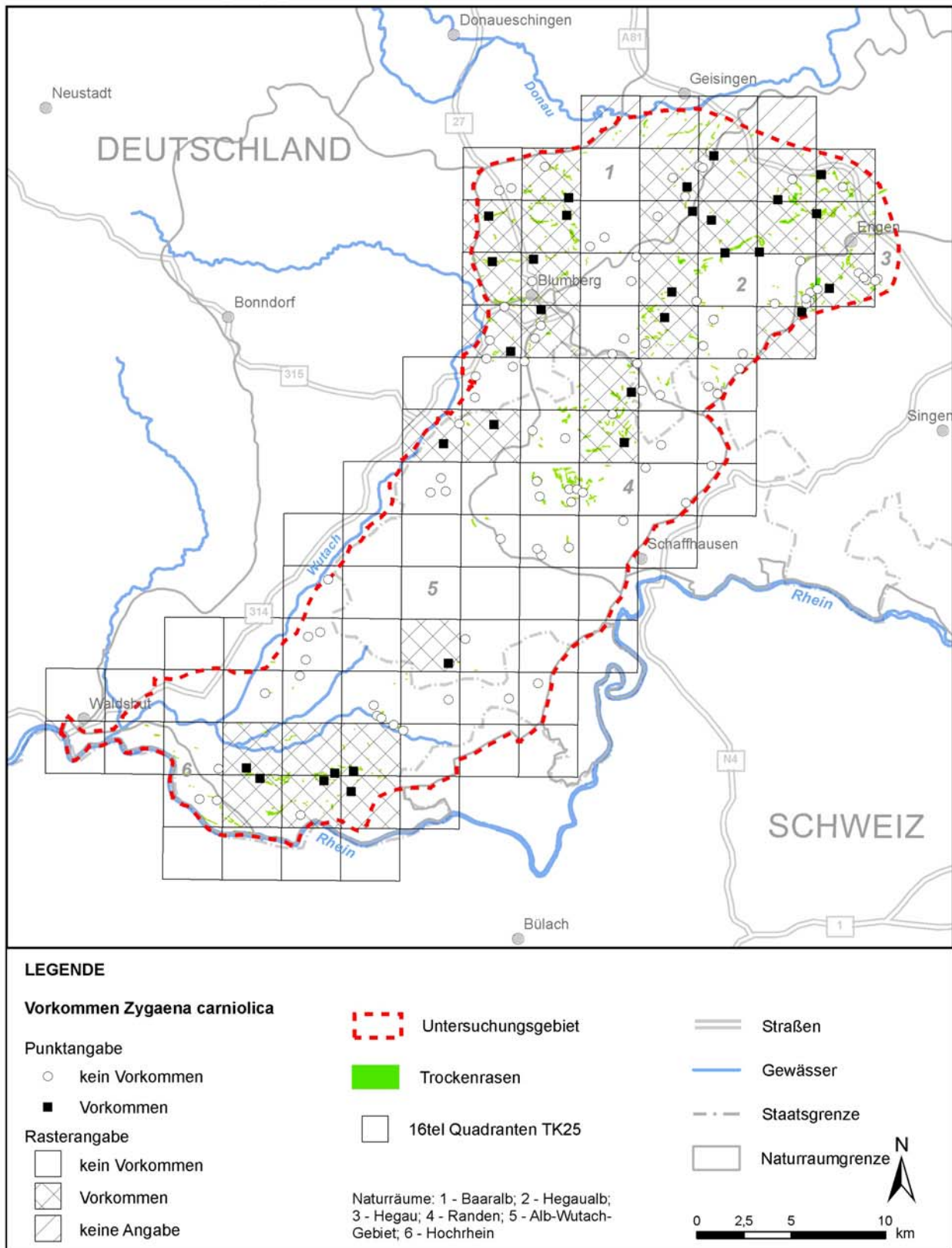


Abb. 4-6: Rasterkartierung *Zygaena carniolica*



I a: Halbtrockenrasen trockener Ausprägung am Eichberg nordöstlich von Blumberg (Biotopnummer 181173260087)



I b: Aufsicht auf Vegetation von I a; lückige Vegetation auf steinigem Untergrund.



II a: Salbei-Glatthafer-Wiese in der Unteren Badig südlichen Klettgau (Biotopnummer 183163370781)



II b: Aufsicht auf Vegetation von II a; relativ hochwüchsig, mit *Salvia pratensis*, *Centaurea jacea* und relativ hohem Grasanteil



III a: typischer Halbtrockenrasen Am Alten Postweg in Hegaualb (Biotopnummer 181183350010)



III b: Aufsicht auf Vegetation von III a; diverse Krautschicht mit *Lotus corniculatus*



IV a: kleinflächiger Trockenstandort an Hangkante im Giblen südlich von Fützen (Biotopnummer 181173260267)



IV b: Aufsicht auf Vegetation von IV a; lückige Vegetation mit hohem Kräuteranteil



V a: versaumender Halbtrockenrasen im Föhrenwald-Verbund Billibuck in Baaralb (Biotopnummer 281179990191)



V b: Aufsicht auf Vegetation von V a; von Gräsern dominierte Vegetation mit Gehölzkeimlingen



VI a: verbrachter Halbtrockenrasen östlich von Leipferdingen (Biotopnummer 181183270028)



VI b: Aufsicht auf Vegetation von VI a; stark verfilzter, von Gräsern dominierte Vegetation mit vereinzelt *Centaurea jacea*

Abb. 4-7: Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica*

In Abb. 4-8 ist die Verteilung der Vorkommen von *Zygaena carniolica* nach den unterschiedlichen Stichprobenkategorien dargestellt. Das Probendesign ermöglicht ein Vergleich der isolierten und gut verbundenen Flächen unterschiedlicher Flächengröße. Als „gut verbunden“ wurden die Trockenrasen eingestuft, welche innerhalb eines 800 m-Verbundes liegen (siehe Kap. 3.2.1.2.1). Von den 80 Stichprobenflächen konnte nur auf 17 Flächen *Zygaena carniolica* nachgewiesen werden. Von diesen 17 Flächen gehörten wiederum elf der Kategorie „groß und gut verbunden“. Die übrigen sechs verteilen sich zur Hälfte auf isolierte Flächen, zwei in winzigen und ein Vorkommen in einer kleinen Fläche. Aufgrund der geringen Fallzahlen wird von einer weiteren statistische Auswertung nach den Flächenkategorien abgesehen. Die Auswertung der Bedeutung der Flächengröße erfolgt im Rahmen der multivariaten logistischen Regressionsanalyse (siehe Kap. 4.2.4.3).

In den weiteren Auswertungen werden neben den Zufallsstichproben auch die Flächen mit den aus der Übersichtskartierung bekannten Vorkommen von *Zygaena carniolica* berücksichtigt. Die Verteilung der Flächen auf die Größenkategorien ist in Abb. 4-9 dargestellt. Im Vergleich zu Abb. 4-8 kommt eine weitere mittlere Größenkategorie hinzu (weder groß noch klein nach Definition Kap. 3.2.1.2.1), auf denen in der Rasterkartierung *Zygaena carniolica* nachgewiesen wurde. Die isolierten Flächen sind in Abb. 4-9 einer Größenkategorie zugeordnet, wobei die isolierten Flächen entweder klein oder mittelgroß sind.

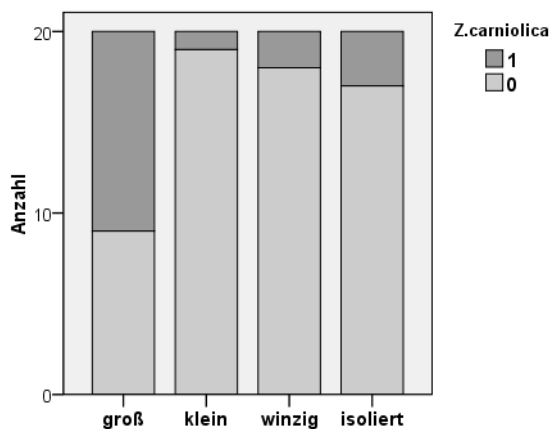


Abb. 4-8: Stichprobenauswahl: Verteilung der Vorkommen von *Zygaena carniolica* nach den unterschiedlichen Stichprobenkategorien

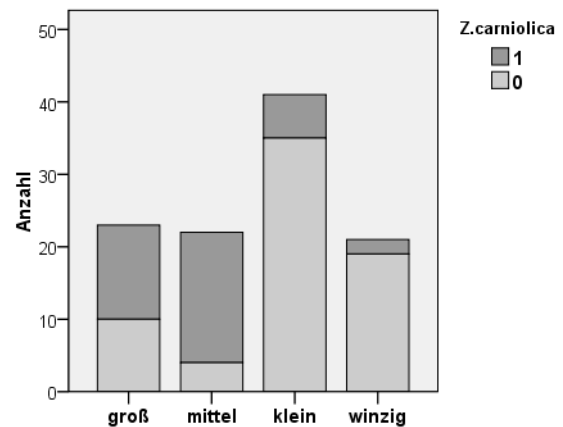


Abb. 4-9: Stichprobenauswahl + bekannte Vorkommen: Verteilung der Vorkommen von *Zygaena carniolica* nach der Flächengrößenkategorien

Bemerkenswert ist, dass 58 % der Untersuchungsflächen kleiner als 5000 m² sind. Abb. 4-10 a zeigt, dass die Flächen mit einem Vorkommen von *Zygaena carniolica* im Schnitt größer sind, wobei die Spannweite sehr groß ist.⁶ Extrem große Flächen sind teilweise unbesetzt und auch in kleinen und winzigen Flächen kommt *Zygaena carniolica* vor. Der Konnektivitätswert (Abb. 4-10 b) liegt bei den Flächen mit Vorkommen im Durchschnitt etwas höher, wenn auch bei einem sehr kleinen Wert ein Vorkommen auftrat. Die Höhenlage der Untersuchungsflächen (Abb. 4-10 c) reichen von 350 m NN im Klettgau bis zu 915 m NN in der Baaralb, wobei alle Höhenlagen vertreten sind. Die Flächen mit Vorkommen liegen im Bereich des Durchschnittes, d.h. extrem niedrige und extrem hohe Bereiche sind nicht besetzt. Insgesamt liegen die Flächen mit Vorkommen eher in den höheren Lagen.

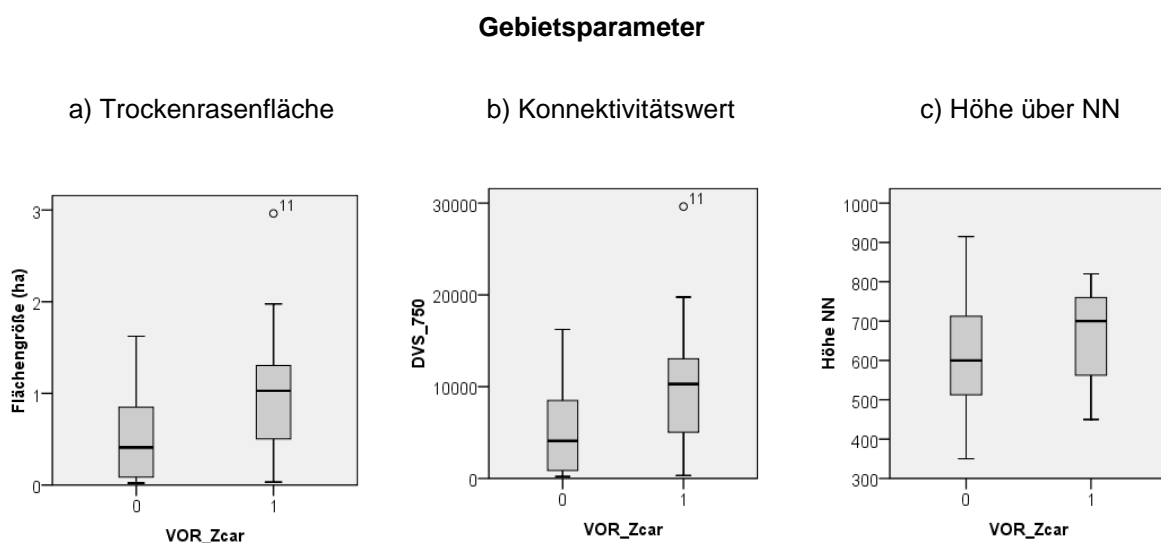


Abb. 4-10: Boxplots der Gebietsparameter für die Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica*

Das Nahrungsangebot für Raupen und Falter von *Zygaena carniolica* nimmt bei der Habitatqualität eine Schlüsselposition ein und wurde daher qualitativ und quantitativ erfasst. Die Ergebnisse sind in Abb. 4-11 dargestellt. Bei rund einem Viertel der Flächen kommen keine Falterfutterpflanzen vor, der Anteil ohne Raupenfutterpflanzen ist ähnlich hoch. *Centaurea jacea* ist die am häufigsten vorkommende Falterfutterpflanze. Bei den Raupenfutterpflanzen ist *Lotus corniculatus* im Durchschnitt doppelt so häufig wie *Onobrychis viciifolia*.

Die Histogramme der Variablen zur internen Habitatqualität und Hangneigung sind im Anhang aufgeführt.

⁶ Erläuterungen zu Boxplot: Die innere Linie in der Box zeigt den Median an. Die Box wird durch das 25. Perzentil nach unten und durch das 75. Perzentil nach oben begrenzt. Die Striche ober- und unterhalb der Box markieren die größten und kleinsten Werte, sofern sie keine Ausreißer sind. Ausreißer liegen mehr als eineinhalb Kastenlängen außerhalb der Box und werden mit einem Kreis markiert. Analog werden Extremwerte, welche laut Definition mehr als drei Kastenlängen außerhalb der Box liegen, mit einem Stern gekennzeichnet. (BÜHL UND ZÖFEL 2005:224 FF.)

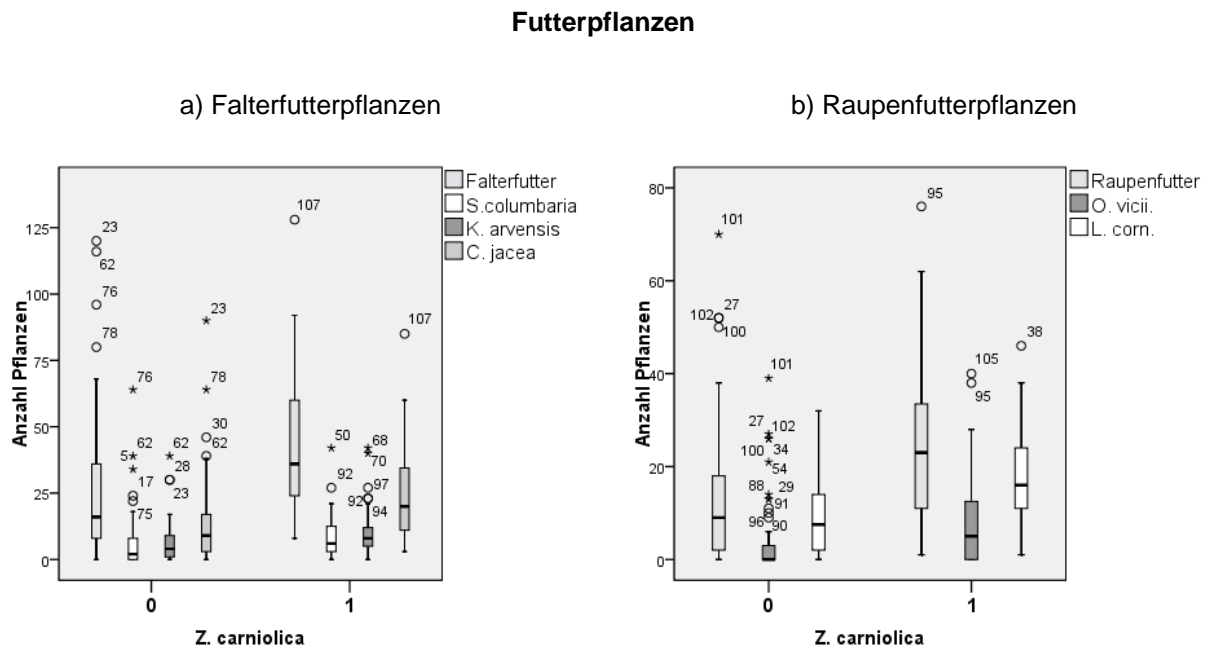


Abb. 4-11: Boxplots der Futterpflanzen für die Untersuchungsflächen von *Zygaena carniolica*

4.2.3 Zusammenhänge zwischen den Umweltfaktoren

Naturgemäß bedingen sich die ökologischen Eigenschaften eines Gebietes gegenseitig. Für die Statistik bedeutet dies, dass die erhobenen Eigenschaften miteinander korrelieren, was wiederum die Auswahl der statistischen Verfahren beeinflusst (LEYER und WELSCH 2007).

Die Streudiagramme in Abb. 4-12 zeigen, dass zwischen den einzelnen Parametern der Gebietseigenschaften, der Futterpflanzen und der Habitatstrukturen weitgehend lineare Zusammenhänge bestehen. Der Konnektivitätsgrad nimmt mit zunehmender Trockenrasenfläche zu (Abb. 4-12 a), da bei der Berechnung des DVS-Wertes die Flächengröße mitberücksichtigt wird (s. Kap.3.3.5). Ein ebenfalls positiver Zusammenhang besteht mit der Höhe, da in den Höhenlagen die Fragmentierung der Trocken- und Halbtrockenrasen im Vergleich zu den tieferen, dichter besiedelten Lagen weniger stark ausgeprägt ist. Abb. 4-12 b zeigt die starken linearen Zusammenhänge zwischen den einzelnen Futterpflanzen und den aggregierten Werten des Falter- und Raupenfutters, wobei *Centaurea jacea* und *Lotus corniculatus* jeweils die stärksten Zusammenhänge aufweisen. Bemerkenswert ist, dass die Falter- und Raupennahrungspflanzen weitgehend unabhängig voneinander sind (vgl. Korrelationskoeffizient S. 110).

Bei den Parametern der internen Habitatqualität sind bei der Homogenität der Vegetation und der Hangneigung kaum lineare Zusammenhänge mit den anderen Parametern festzustel-

len. Die Vegetationshöhe, die Trockenheit und der Verfilzungsgrad der Vegetation nehmen eine Zwischenstellung ein, während die Lückigkeit und der Kräuteranteil der Vegetation stark mit anderen Faktoren zusammenhängen. Dies kann so interpretiert werden, dass die Lückigkeit und der Kräuteranteil der Vegetation auch die anderen internen Habitatqualitätsparameter beschreiben.

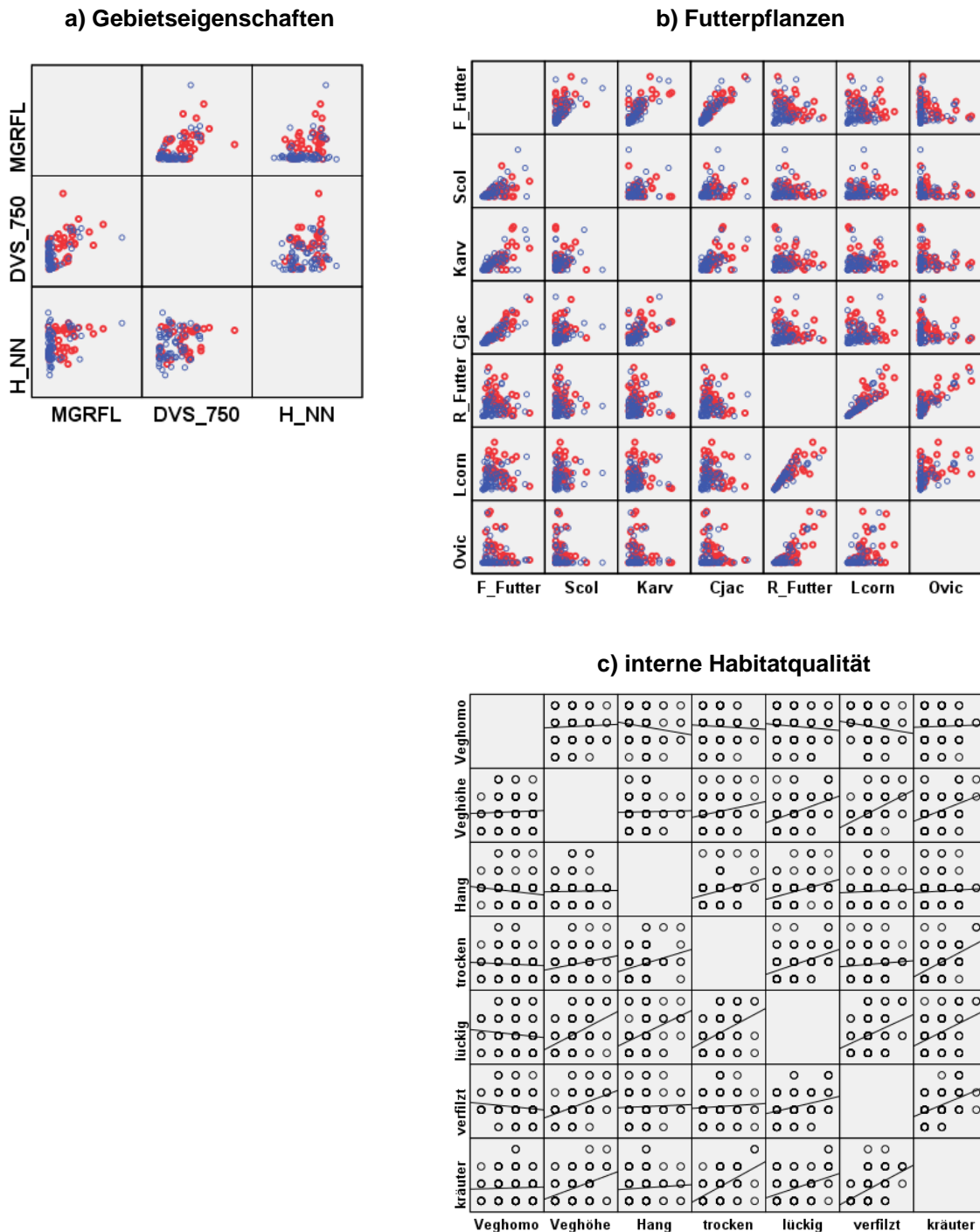


Abb. 4-12: Streudiagramme der Variablen für *Zygaena carniolica*.
Bei a) und b) sind Flächen mit Vorkommen von *Zygaena carniolica* fett (rot) unterlegt, während die Flächen ohne Vorkommen mit einem normalen Kreis (blau) dargestellt sind.

Die im obigen Abschnitt beschriebenen in den Streudiagrammen visuell erkennbaren Zusammenhänge lassen sich durch die Rangkorrelationskoeffizienten nach Spearman und deren Signifikanztests weiter präzisieren. Die Korrelationskoeffizienten sind in Tab. 4-8 aufgeführt.⁷ Von den insgesamt 136 Variablenkombinationen weisen 54 einen höchst signifikanten Zusammenhang auf ($p < 0,01$), neun weitere einen hoch signifikanten Zusammenhang ($p < 0,05$). Die stärksten Zusammenhänge bestehen zwischen den einzelnen Futterpflanzenarten und ihren aggregierten Werten. Weitere Korrelationskoeffizienten (von $P > 0,5$) bestehen zwischen der Magerrasenfläche und dem Raupenfutter, zwischen der Vegetationshöhe und dem Raupenfutter sowie zwischen dem Kräuteranteil und der Trockenheit der Vegetation. Die Magerrasenfläche, der Kräuteranteil und der Verfilzungsgrad korrelieren in zwölf bzw. elf von 16 Fällen signifikant mit anderen Faktoren. Weitgehend unabhängig von den anderen Parametern ist der Homogenitätsgrad der Vegetation. Die Höhe korreliert zwar signifikant mit der Magerrasenfläche und dem Konnektivitätsgrad, nicht aber mit den anderen Habitatqualitätsparametern.

Die Trockenrasenfläche nimmt indirekt eine herausragende Stellung für die Ansprüche von *Zygaena carniolica* ein. Sie korreliert mit der Anzahl der Futterpflanzen positiv und mit den Habitatqualitätsparametern negativ, was aufgrund der inversen Kodierung der Habitatqualitätsparameter (1 entspricht optimale Habitatqualität) wiederum als positiv für *Zygaena carniolica* zu bewerten ist. Die häufigen signifikanten Korrelationen bei dem Kräuteranteil und dem Verfilzungsgrad sind zum einen auf die ökologisch bedingten Zusammenhänge der Eigenschaften zurückzuführen. Zum anderen ergeben sie sich dadurch, dass allgemeine Eigenschaften durch weitere Parameter spezifiziert werden. Bemerkenswert ist, dass die Raupennahrung signifikant negativ mit der Vegetationshöhe korreliert, d.h. in niedrigwüchsiger Vegetation häufiger vorkommt, während dies für die Falternahrungspflanzen nicht zutrifft. Bei den Falterfutterpflanzen ist aufgrund der unterschiedlichen Korrelationen mit *Lotus corniculatus* und der Trockenheit ein ökologischer Gradient von *Scabiosa columbaria* über *Centaurea jacea* zu *Knautia arvensis* erkennbar. Bei den Raupenfutterpflanzen weist die schwach positive Korrelation von *Onobrychis viciifolia* und der Hangneigung darauf hin, dass in steileren Lagen aufgrund ihrer geringeren Eignung zur Bewirtschaftung die Futterpflanze früher nicht angebaut wurde und daher heute auch seltener vorkommt.

Tab. 4-8 (folgende Seite): Korrelationen nach Spearman für die untersuchten Umweltfaktoren von *Zygaena carniolica*

⁷ Für die Interpretation der Korrelationswerte ist folgender Sprachgebrauch üblich: bis 0,2: sehr geringe Korrelation; bis 0,5: geringe Korrelation; bis 0,7: mittlere Korrelation; bis 0,9: hohe Korrelation; über 0,9: sehr hohe Korrelation (BÜHL und ZÖFEL 2005: 322).

Korrelationen

			MGRFL	DVS_750	H_NN	F_Futter	Scol	Karv	Cjac	R_Futter	Ovic	Lcorn	Veghomo	Veghöhe	Hang	trocken	lückig	verfilzt	kräuter
Spearman-Rho	MGRFL	Korrelationskoeffizient	1,000	,457**	,288**	,311**	,351**	,166	,334**	,534**	,445**	,509**	,135	-,328**	,028	-,286**	-,175	-,406**	-,477**
		Sig. (2-seitig)	.	,000	,003	,001	,000	,092	,001	,000	,000	,000	,175	,001	,778	,004	,081	,000	,000
		N	107	107	107	104	104	104	104	105	107	105	103	101	101	101	101	101	101
DVS_750	Korrelationskoeffizient		,457**	1,000	,278**	,266**	,221*	,174	,310**	,250*	,369**	,175	,105	-,074	-,048	-,037	-,065	-,322**	-,293**
		Sig. (2-seitig)	,000	.	,004	,006	,024	,077	,001	,010	,000	,074	,291	,462	,633	,711	,520	,001	,003
		N	107	107	107	104	104	104	104	105	107	105	103	101	101	101	101	101	101
H_NN	Korrelationskoeffizient		,288**	,278**	1,000	,138	,305**	,180	,048	,071	,141	,066	,116	,111	-,116	-,091	,087	-,152	-,056
		Sig. (2-seitig)	,003	,004	.	,162	,002	,068	,631	,470	,146	,502	,241	,267	,247	,365	,386	,129	,576
		N	107	107	107	104	104	104	104	105	107	105	103	101	101	101	101	101	101
F_Futter	Korrelationskoeffizient		,311**	,266**	,138	1,000	,607**	,708**	,934**	,172	,087	,227*	,059	-,048	,112	-,264**	-,092	-,268**	-,405**
		Sig. (2-seitig)	,001	,006	,162	.	,000	,000	,000	,084	,379	,022	,554	,631	,264	,008	,358	,007	,000
		N	104	104	104	104	104	104	104	102	104	102	102	101	101	101	101	101	101
Scol	Korrelationskoeffizient		,351**	,221*	,305**	,607**	1,000	,264**	,423**	,205*	,051	,286**	,151	-,048	-,081	-,451**	-,095	-,160	-,385**
		Sig. (2-seitig)	,000	,024	,002	,000	.	,007	,000	,038	,607	,004	,129	,636	,422	,000	,343	,109	,000
		N	104	104	104	104	104	104	104	102	104	102	102	101	101	101	101	101	101
Karv	Korrelationskoeffizient		,166	,174	,180	,708**	,264**	1,000	,611**	,172	,156	,179	,031	,034	,176	,006	,020	-,218*	-,160
		Sig. (2-seitig)	,092	,077	,068	,000	,007	.	,000	,084	,114	,072	,760	,737	,078	,949	,845	,029	,110
		N	104	104	104	104	104	104	104	102	104	102	102	101	101	101	101	101	101
Cjac	Korrelationskoeffizient		,334**	,310**	,048	,934**	,423**	,611**	1,000	,170	,151	,187	-,008	-,100	,163	-,216*	-,075	-,269**	-,370**
		Sig. (2-seitig)	,001	,001	,631	,000	,000	.	,087	,127	,059	,934	,321	,103	,030	,457	,006	,000	
		N	104	104	104	104	104	104	104	102	104	102	102	101	101	101	101	101	101
R_Futter	Korrelationskoeffizient		,534**	,250*	,071	,172	,205*	,172	,170	1,000	,738**	,941**	-,161	-,543**	,214*	-,013	-,135	-,409**	-,371**
		Sig. (2-seitig)	,000	,010	,470	,084	,038	,084	,087	.	,000	,106	,106	,000	,033	,901	,181	,000	,000
		N	105	105	105	102	102	102	102	105	105	105	102	100	100	100	100	100	100
Ovic	Korrelationskoeffizient		,445**	,369**	,141	,087	,051	,156	,151	,738**	1,000	,517**	-,216*	-,424**	,251*	,000	-,017	-,284**	-,160
		Sig. (2-seitig)	,000	,000	,146	,379	,607	,114	,127	,000	.	,000	,029	,000	,011	,997	,870	,004	,110
		N	107	107	107	104	104	104	104	105	107	105	103	101	101	101	101	101	101
Lcorn	Korrelationskoeffizient		,509**	,175	,066	,227*	,286**	,179	-,187	,941**	,517**	1,000	-,132	-,474**	,166	-,063	-,139	-,402**	-,440**
		Sig. (2-seitig)	,000	,074	,502	,022	,004	,072	,059	,000	,000	.	,185	,000	,098	,532	,166	,000	,000
		N	105	105	105	102	102	102	102	105	105	105	105	102	100	100	100	100	100
Veghomo	Korrelationskoeffizient		,135	,105	,116	,059	,151	,031	-,008	-,161	-,216*	-,132	1,000	,039	-,174	-,049	-,130	-,142	,027
		Sig. (2-seitig)	,175	,291	,241	,554	,129	,760	,934	,106	,029	,185	.	,699	,082	,627	,194	,157	,791
		N	103	103	103	102	102	102	102	103	103	102	103	101	101	101	101	101	101
Veghöhe	Korrelationskoeffizient		-,328**	-,074	,111	-,048	-,048	,034	-,100	-,543**	-,424**	-,474**	1,000	,007	,187	,427**	,424**	,351**	
		Sig. (2-seitig)	,001	,462	,267	,631	,636	,737	,321	,000	,000	,000	,699	.	,943	,062	,000	,000	
		N	101	101	101	101	101	101	101	100	101	100	101	101	101	101	101	101	101
Hang	Korrelationskoeffizient		,028	-,048	-,116	,112	-,081	,176	,163	,214*	,251*	,166	-,174	,007	1,000	,282**	,390**	,015	,089
		Sig. (2-seitig)	,778	,633	,247	,264	,422	,078	,103	,033	,011	,098	,082	,943	.	,004	,000	,882	,377
		N	101	101	101	101	101	101	101	100	101	100	101	101	101	101	101	101	101
trocken	Korrelationskoeffizient		-,286**	-,037	-,091	-,264**	-,451**	,006	-,216*	-,013	,000	-,063	-,049	,187	,282**	1,000	,429**	,089	,543**
		Sig. (2-seitig)	,004	,711	,365	,008	,000	,949	,030	,901	,997	,532	,627	,062	,004	.	,000	,376	,000
		N	101	101	101	101	101	101	101	100	101	100	101	101	101	101	101	101	101
lückig	Korrelationskoeffizient		-,175	-,065	,087	-,092	-,095	,020	-,075	-,135	-,017	-,139	-,130	,427**	,390**	,429**	1,000	,279**	,355**
		Sig. (2-seitig)	,081	,520	,386	,358	,343	,845	,457	,181	,870	,166	,194	,000	,000	,000	.	,005	,000
		N	101	101	101	101	101	101	101	100	101	100	101	101	101	101	101	101	101
verfilzt	Korrelationskoeffizient		-,406**	-,322**	-,152	-,268**	-,160	-,218*	-,269**	-,409**	-,284**	-,402**	-,142	,424**	,015	,089	,279**	1,000	,456**
		Sig. (2-seitig)	,000	,001	,129	,007	,109	,029	,006	,000	,004	,000	,157	,000	,882	,376	,005	.	,000
		N	101	101	101	101	101	101	101	100	101	100	101	101	101	101	101	101	101
kräuter	Korrelationskoeffizient		-,477**	-,293**	-,056	-,405**	-,385**	-,160	-,370**	-,371**	-,160	-,440**	,027	,351**	,089	,543**	,355**	,456**	1,000
		Sig. (2-seitig)	,000	,003	,576	,000	,000	,110	,000	,000	,110	,000	,791	,000	,377	,000	,000	,000	.
		N	101	101	101	101	101	101	101	101	101	100	101	101	101	101	101	101	101

** Die Korrelation ist auf dem 0,01 Niveau signifikant (zweiseitig).

* Die Korrelation ist auf dem 0,05 Niveau signifikant (zweiseitig).

4.2.4 Ermittlung der für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* relevanten Faktoren

Die im obigen Abschnitt beschriebenen Zusammenhänge werden im Folgenden hinsichtlich ihrer Bedeutung für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* statistisch getestet. Die Auswahl der Tests richtet sich nach dem Skalenniveau der Daten. Weitere Erläuterungen siehe BÜHL und ZWÖLFEL (2005).

Nach dem Chi-Quadrat-Test besteht ein signifikanter Zusammenhang zwischen dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* und der Nutzungsart (Tab. 4-9 a, b). Die meisten Vorkommen von *Zygaena carniolica* wurden auf gemähten Flächen nachgewiesen. Bei einer binären Kodierung der Nutzung, d.h. ohne Differenzierung in die einzelnen Nutzungsarten, können die Gruppen sogar hochsignifikant voneinander getrennt werden (Signifikanzwert von 0,002 bei Mann-Whitney-U-Test). Die Exposition steht in keinem signifikanten Zusammenhang mit dem Vorkommen (Tab. 4-9 c, d). Dies ist darauf zurückzuführen, dass 90 von den 107 Flächen in südliche Richtung geneigt sind und an nord- bis nordwest exponierten Hängen keine potenziellen Habitate vorkommen.

		VOR_Zcar		
		0	1	Gesamt
NUTZ	B	7	5	12
	M	28	24	52
	Bm	2	3	5
	K	26	3	29
	k.A.	5	4	9
	Gesamt	68	39	107

a.

	Wert	df	Asymptotische Signifikanz (2-seitig)
Chi-Quadrat nach Pearson	12.232 ^a	4	.016
Likelihood-Quotient	13.909	4	.008
Anzahl der gültigen Fälle	107		

b.

		VOR_Zcar		
		0	1	Gesamt
EXP	No	3	0	3
	O	1	0	1
	S	39	22	61
	So	7	7	14
	Sw	7	8	15
	W	10	2	12
	999	1	0	1
	Gesamt	68	39	107

c.

	Wert	df	Asymptotische Signifikanz (2-seitig)
Chi-Quadrat nach Pearson	7.855 ^a	6	.249
Likelihood-Quotient	9.662	6	.140
Anzahl der gültigen Fälle	107		

d.

Tab. 4-9: Kreuztabellen und Chi-Quadrat-Test die Variablen Nutzungsart (a+b) und Exposition (c+d); dabei bedeuten: b – beweidet; m – gemäht; bm – beweidet und gemäht; k – keine Nutzung erkennbar; k.A. – keine Angaben; 999 – ebene Fläche

Die metrisch skalierten Variablen zur Flächengröße, Höhenangaben, Konnektivitätswerten und zu den Futterpflanzen wurden wie die ordinal skalierten Variablen mit dem U-Test auf die Unterscheidbarkeit der Gruppen mit und ohne Vorkommen untersucht (Tab. 4-10). Nach den Signifikanzwerten des U-Tests sind die Unterschiede zwischen den Gruppen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* für die Trockenrasenfläche und dem Konnektivitätswert höchst signifikant. Bezüglich der Höhe unterscheiden sich die beiden Gruppen nicht signifikant. Ebenfalls signifikant für das Vorkommen sind die Falter- und Raupenfutterpflanzen, wobei lediglich *Scabiosa columbaria* eine hohe und keine höchste Signifikanz aufweist.

	MGRFL	DVS-750	H_NN	F_Futter	Scol	Karv	Cjac	R_Futter	Ovic	Lcorn
U-Test	647.00	683.50	1043.50	697.00	901.50	835.50	703.00	659.50	838.00	677.00
Asymptotische Signifikanz (2-seitig)	.000	.000	.067	.000	.012	.004	.000	.000	.001	.000

Tab. 4-10: Mann-Whitney-U-Test für die Variablen der Gebietsparameter und Futterpflanzen

Die für *Zygaena carniolica* nach der Literatur relevanten internen Habitatqualitäten wurden mit sieben Variablen in jeweils vier Stufen erfasst. Die Ergebnisse des univariaten Signifikanztests zeigen für den Kräuteranteil, dem Verfilzungsgrad, der Vegetationshöhe und der Trockenheit der Vegetation einen signifikanten Unterschied zwischen den Flächen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* (Tab. 4-11). Die Lückigkeit hat für die Unterscheidung der Gruppen ein Signifikanzniveau von 0,127. Bezüglich der Hangneigung und Homogenität der Vegetation können die beiden Gruppen nicht unterschieden werden (Signifikanzniveau 0,589 bzw. 0,699).

	Veghomo	Veghöhe	Hang	trocken	lückig	verfilzt	kräuter
U-Test	1172.00	822.50	1159.00	947.00	1000.00	603.00	615.00
Asymptotische Signifikanz (2-seitig)	.589	.004	.699	.049	.127	.000	.000

Tab. 4-11: Mann-Whitney-U-Test für die Variablen der internen Habitatqualität

Die Ergebnisse der univariaten und bivariaten Statistik zeigen, dass die in der Kartierung erfassten Informationen für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* relevant sind. Lediglich bei fünf von 19 Variablen besteht kein statistisch signifikanter Zusammenhang mit dem Vorkommen von *Zygaena carniolica*. Es ist aber möglich, dass diese Gebietseigenschaften in Kombination mit anderen Gebietseigenschaften für das Widderchen entscheidend sind. Die im Folgenden dargestellten Ergebnisse der multivariaten Verfahren können darüber Aufschluss geben.

4.2.5 Hauptkomponentenanalyse der Habitatstrukturen und des Nahrungsangebotes

Mit der Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis - PCA) werden das Nahrungsangebot und die internen Habitatqualitätsparameter genauer untersucht. Die Hangneigung und der Homogenitätsgrad bleiben aufgrund ihrer geringeren Bedeutung für *Zygaena carniolica* unberücksichtigt (s. Ergebnis der univariaten Analyse Kap. 4.2.4). Die zwischen 63 und 85% liegende erklärte Varianz für die einzelnen Variablen ist als gut einzustufen (Tab. 4-12). Mit drei extrahierten Faktoren können über 73% der Varianz erklärt werden (Tab. 4-13). Die rotierte Komponentenmatrix zeigt eine Komponente der Raupennahrung, mit stärkeren Ladungen bei der Vegetationshöhe und dem Verfilzungsgrad, eine trocken-lückige Komponente und eine Falternahrungskomponente (Tab. 4-14). Der Kräuteranteil der Vegetation lädt auf alle drei Komponenten annähernd gleich stark. Eine Reduzierung auf drei Variablen ermöglicht die graphische Darstellung der Zusammenhänge im drei- bzw. zweidimensionalen Raum (Abb. 4-13 und Abb. 4-14). Bemerkenswert ist die Verteilung der Vorkommen entlang der ersten Hauptkomponente in Abb. 4-14. Während die Vorkommen entlang der zweiten und dritten Hauptkomponenten relativ gleichmäßig verteilt sind, tritt entlang der ersten Hauptkomponente eine deutliche Häufung auf. Dies führt zur Hypothese, dass im Untersuchungsgebiet das Vorkommen von *Zygaena carniolica* entscheidend von den Larvalhabitaten abhängt.

	Anfänglich	Extraktion
F_Futter	1.000	.851
R_Futter	1.000	.681
Veghöhe	1.000	.718
trocken	1.000	.822
lückig	1.000	.671
verfilzt	1.000	.634
kräuter	1.000	.757

Tab. 4-12: Kommunalitäten der Variablen

Komponente	Anfängliche Eigenwerte		
	Gesamt	% Varianz	Kumulierte %
1	2.819	40.265	40.265
2	1.334	19.052	59.317
3	.981	14.014	73.330
4	.671	9.591	82.921
5	.515	7.351	90.272
6	.427	6.102	96.374
7	.254	3.626	100.000

Tab. 4-13: Erklärte Gesamtvarianz der Hauptkomponenten

	Komponente		
	1	2	3
R_Futter	-.824	.037	.014
Veghöhe	.747	.377	-.131
verfilzt	.704	.096	.358
trocken	-.111	.874	.215
lückig	.306	.759	-.035
kräuter	.426	.542	.531
F_Futter	.018	-.076	-.919

Tab 4-14: PCA - Rotierte Komponentenmatrix

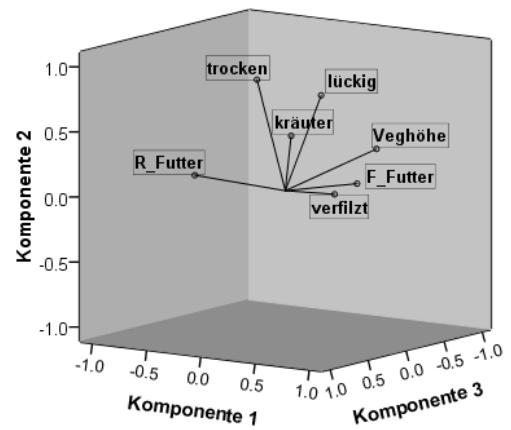


Abb. 4-13: PCA- Komponentendiagramm im rotierten Raum

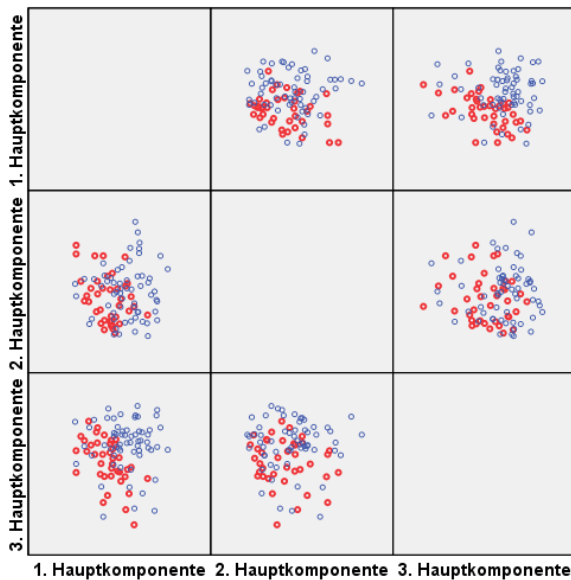


Abb. 4-14: Streudiagramm der Hauptkomponenten; Flächen mit Vorkommen von *Zygaena carniolica* sind fett (rot) unterlegt, während die Flächen ohne Vorkommen mit einem normalen Kreis (blau) dargestellt sind.

4.2.6 Modellierung der Vorkommenswahrscheinlichkeiten von *Zygaena carniolica*

Mit dem Verfahren der logistischen Regression können aus den vorliegenden Daten für die Flächen die Vorkommenswahrscheinlichkeit von *Zygaena carniolica* berechnet werden. Von besonderem Interesse ist dabei, welche Daten die besten Modelle liefern. Die Ergebnisse werden so interpretiert, dass diese Daten die für *Zygaena carniolica* entscheidenden Habitat-eigenschaften beschreiben. Vor der multivariaten Modellierung wurde ein Test auf Multikollinearität und eine univariate logistische Regression durchgeführt (s. Kap. 3.4.2.2).

4.2.6.1 Multikollinearitätstest

Ziel des Tests ist es, einen Richtwert für den Korrelationskoeffizienten zu ermitteln, bei dem das Problem der Multikollinearität auftritt. Die Ergebnisse des Multikollinearitätstests der linearen Regressionsanalysen sind in Tab. 4-15 zusammengefasst. Zwischen dem Vorkommen von *Scabiosa columbaria* und *Centaurea jacea* besteht eine geringe, wenn auch hochsignifikante Korrelation (Spearman = 0,423). Werden *Scabiosa columbaria* und *Centaurea jacea* als erklärende Variablen für das Vorkommen der Raupennahrung in einer linearen Regressionsanalyse berücksichtigt, liegt keine Multikollinearität vor (VIF = 1,072). Bei der Verwendung von Variablen mit mittleren Korrelationen wie dem Vorkommen von *Onobrychis viciifolia* und *Lotus corniculatus* (Spearman = 0,517) als erklärende Variablen für das Falternahrungsangebot, tritt ebenfalls kein Multikollinearitätsproblem auf (VIF = 1,281). Ebenso verhält es sich bei der Analyse, inwieweit das Raupennahrungsangebot mit dem Falternahrungsangebot und dem Vorkommen von *Scabiosa columbaria*, als stärkste Trockenheit anzeigende Art der drei Falterfutterpflanzen, erklärt werden kann. Hohe Korrelationen bestehen zwischen *Knautia arvensis* und den Falterfutterpflanzen (Spearman = 0,708). Verwendet man das Falterfutterangebot und *Knautia arvensis* als erklärende Variablen für das Raupennahrungsangebot, wird $VIF > 2$ und es tritt das Problem der Kollinearität auf.

Abhängige Var.	Erklärende Var.	Korrelationskoeffizient nach Spearman	Toleranz	VIF
R_Futter	Scol, Cjac	0,423	0,933	1,072
F_Futter	Ovic, Lcorn	0,517	0,781	1,281
R_Futter	F_Futter, Scol	0,607	0,669	1,496
R_Futter	F_Futter, Karv	0,708	0,491	2,038
F_Futter	R_Futter, Ovic	0,738	0,296	3,373

Tab. 4-15: Korrelations und Variance Intolerance Factor-Werte (VIF) für Nahrungspflanzen

Geht man der Frage nach inwieweit das Falternahrungsangebot durch das Raupennahrungsangebot und insbesondere durch die der zu den nährstoffreicheren Standorte überleitenden *Onobrychis viciifolia*, erklärt werden kann, kommen ebenfalls hoch korrelierende erklärende Variablen zum Einsatz; VIF-Wert von 3,373 weist auf Multikollinearität hin.

Die Ergebnisse zeigen, dass bereits bei mittleren Korrelationen Probleme mit der Multikollinearität auftreten. Der hier ermittelte kritische Grenzwert für den Korrelationskoeffizienten liegt zwischen 0,6 und 0,7. Dieser Wert entspricht den Angaben in der Literatur (GREEN in FIEDLING und HARWORTH in SCHRÖDER 2000b). Da so hohe Korrelationswerte lediglich zwischen den aggregierten Falter- und Raupennahrungspflanzen und den einzelnen Arten vorkommen, bleiben in der weiteren Analyse die einzelnen Futterpflanzenarten unberücksichtigt. Bei allen übrigen Variablen besteht kein Problem der Multikollinearität.

4.2.6.2 Univariate Logistische Regression

Mit der univariaten logistischen Regression können die Ergebnisse des Vergleichs der beiden Gruppen Vorkommen und Nichtvorkommen weiter differenziert werden. Die Ergebnisse der univariaten logistischen Regression sind in Abb. 4-15 dargestellt. Tab. 4-16 führt die Modellgüte für alle Variablen auf. Abb. 4-16 zeigt exemplarisch drei AUC-Werte.

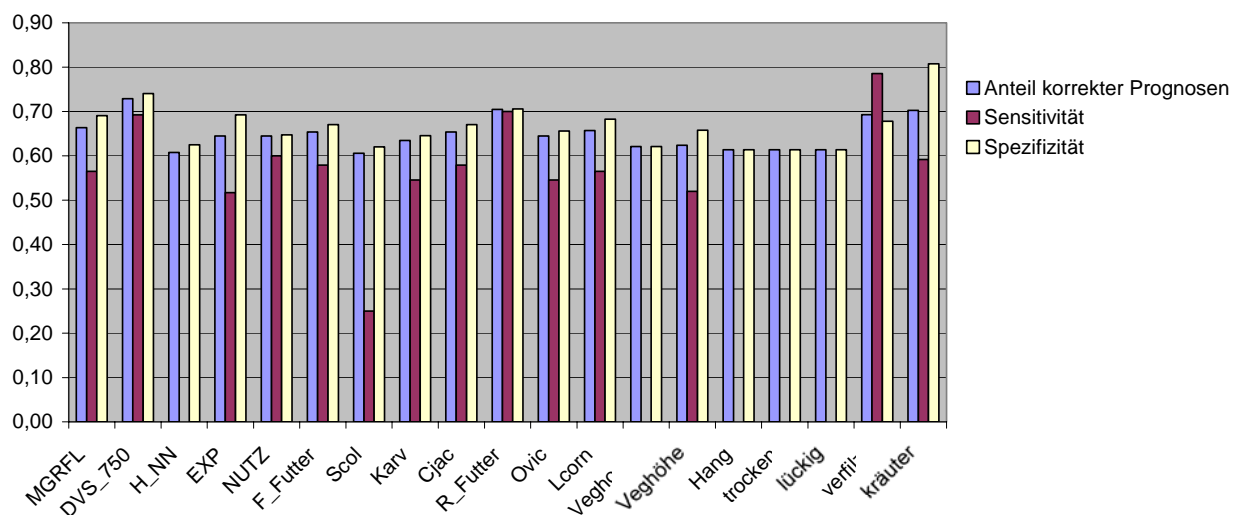


Abb. 4-15: Modellgüte der univariaten logistischen Regressionen

Variable	AUC	Nagelkerke's R ²	Ant. korrekter Prognosen	Sensitivität	Spezifität
MGRFL	0,736	0,167	0,66	0,57	0,69
DVS_750	0,744	0,216	0,73	0,69	0,74
H_NN	0,620	0,039	0,61	0,00	0,63
EXP	0,627	0,118	0,64	0,52	0,69
NUTZ	0,666	0,167	0,64	0,60	0,65
F_Futter	0,707	0,121	0,65	0,58	0,67
Scol	0,628	0,014	0,61	0,25	0,62
Karv	0,651	0,073	0,63	0,55	0,65
Cjac	0,704	0,120	0,65	0,58	0,67
R_Futter	0,723	0,177	0,70	0,70	0,71
Ovic	0,667	0,076	0,64	0,55	0,66
Lcorn	0,715	0,196	0,66	0,57	0,68
Lcorn	0,715	0,196	0,66	0,57	0,68
Veghomo	0,537	0,003	0,62	n.d.	0,62
Veghöhe	0,661	0,123	0,62	0,52	0,66
Hang	0,526	0,002	0,61	n.d.	0,61
trocken	0,607	0,037	0,61	n.d.	0,61
lückig	0,593	0,042	0,61	n.d.	0,61
verfilzt	0,753	0,323	0,69	0,79	0,68
kräuter	0,752	0,280	0,70	0,59	0,81

Tab. 4-16: Modellgüte der univariaten logistischen Regressionen; n.d.: nicht definiert

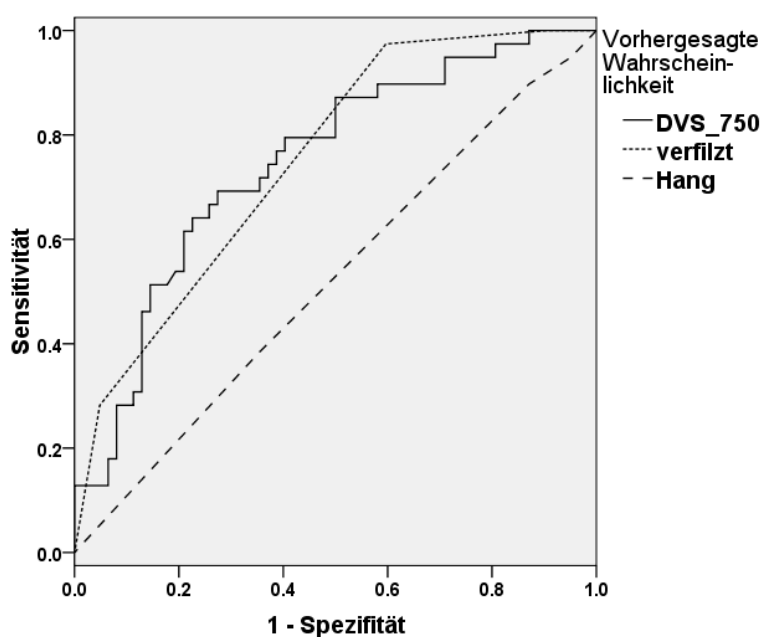


Abb. 4-16: AUC-Diagramm für DVS-750 m, Verfilzungsgrad und Hangneigung

Der Verfilzungsgrad und der Kräuteranteil in den Habitaten liefern mit AUC-Werten von 0,75 die besten univariaten Modelle, gefolgt von dem Konnektivitätswert und der Trockenrasenfläche mit je 0,74 Fläche unter der Kurve. Die nächst besten Erklärungsvariablen sind die Futterpflanzen, wobei die Raupennahrung mit einem AUC von 0,72 über dem Erklärungswert der Falternahrung von 0,70 liegt. Der Anteil der korrekten Prognosen unterschreitet bei keiner Variable den Wert von 61%, da in das logistische Modell die Gerade miteinbezogen wurde, welche den Ausgangswert der Verteilung der Gruppen mit einbezieht. In Bezug auf die Modellgüte ist der Anteil der richtig vorhergesagten Präsenzen höher einzustufen. Mit einem Sensitivitätswert von 79% nimmt hier der Verfilzungsgrad eine herausragende Stellung ein, gefolgt von den Raupenfutterpflanzen mit 70 % und dem Konnektivitätswert mit 69%. Bei fünf Variablen tritt der Fall ein, dass kein einziges Vorkommen richtig prognostiziert wird. Die Homogenität der Vegetation und die Hangneigung liegen mit ihren AUC-Werten von unter 0,54 nahe dem Zufallsmodell. Die erklärenden Variablen Höhe über NN, Trockenheit und Lückigkeit der Vegetation sind mit AUC-Werten um 0,6 etwas besser einzustufen. Dies ist durch die Signifikanzwerte des U-Tests bestätigt.

Die Ergebnisse der univariaten logistischen Regression sind die Grundlage für die Auswahl der Variablen für die multivariate logistische Regression.

4.2.6.3 Multivariate logistische Regression

In die multivariate logistische Regressionsanalyse werden aufgrund der Ergebnisse der univariaten Analysen die Variablen MGRFL, DVS_750, NUTZ, F_Futter, R_Futter, Veghöhe, trocken, verfilzt und kräuter mit einem rückwärts gerichtetem Verfahren eingegeben. Die einzelnen Futterpflanzen bleiben aufgrund ihrer hohen Korrelationswerte unberücksichtigt (s. Kap. 4.2.6.1). Die Homogenität der Vegetation und die Hangneigung sind nach den Ergebnissen der univariaten Statistik für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* nicht relevant und gehen daher nicht in das Modell ein (s. Kap. 4.2.6.2). In der rückwärts gerichteten logistischen Regression wird als erste Variable die Nutzung ausgeschlossen, gefolgt von der Vegetationshöhe und der Magerrasenfläche (s. Tab. 4-17). Länger beibehalten im Modell werden die Falter- und Raupenfutterpflanzen. Die Abnahme der Modellgüte erfolgt mit abnehmender Variablenanzahl weitgehend kontinuierlich, d.h. es sind keine „Sprünge“ erkennbar. Mit einem Habitatmodell, welches die acht Parameter kräuter, verfilzt, DVS_750, R_Futter, F_Futter, trocken, MGRFL und Veghöhe berücksichtigt, können 83% der Vorkommen und Nichtvorkommen korrekt prognostiziert werden (siehe Tab. 4-18 und Abb. 4-17). Die Spezifität der Prognosen liegt mit 85% um 6%-Punkte höher als die Sensitivität. Unter Einbeziehung der vier Variablen Raupenfutterpflanzen, Konnektivitätswert, Kräuteranteil und Verfilzungsgrad liegt der Anteil korrekter Prognosen immer noch bei über 80%, mit Sensitivitätswerten von 76%. Bei der rückwärts gerichteten Selektion der Variablen, werden Konnektivitätswert, Kräuteranteil und Verfilzungsgrad am längsten beibehalten. Mit diesen Variablen sind immer noch 78% der Vorhersagen korrekt, wobei die Sensitivität auf 74% sinkt.

	ROC		Variablen
	mit DVS	ohne DVS	
Schritt_1	0,884	0,857	Nutz, Veghöhe, MGRFL, trocken, F_Futter, R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_2	0,882	0,857	Veghöhe, MGRFL, trocken, F_Futter, R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_3	0,880	0,858	MGRFL, trocken, F_Futter, R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_4	0,875	0,856	trocken, F_Futter, R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_5	0,874	0,858	F_Futter, R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_6	0,875	0,851	R_Futter, verfilzt, kräuter, (DVS)
Schritt_7	0,868	0,834	verfilzt, kräuter, (DVS)

Tab. 4-17: Vergleich der Modellgüte mit unterschiedlicher Anzahl von Variablen für alle Datensätze

Der Anteil der korrekten Prognosen bei den Modellen ohne Berücksichtigung der Konnektivitätswerte liegt im Vergleich zu den Modellen mit den Konnektivitätswerten um rund 5% niedriger. Auffallend ist die relativ starke Abnahme der korrekt vorhergesagten Präsenzen in den Modellen ohne Konnektivitätsgrad bei Berücksichtigung weniger Variablen. So sinkt die Sensitivität bei Modellen, welche lediglich den Verfilzungsgrad und den Kräuteranteil berücksichtigen, auf 66%, während die Spezifität mit 85% hoch bleibt. Mit dem Konnektivitätsparameter liegt der Anteil der korrekt prognostizierten Vorkommen deutlich höher (Schritt 7: 74% gegenüber 66%), während die Absenz-Prognosen ohne DVS besser sind (Schritt 7: 85% gegenüber 80%). Abb. 4-18 zeigt, dass die Fläche unter der Kurve für das Modell ohne Berücksichtigung der Konnektivität etwas kleiner ist als mit DVS.

	mit DVS			ohne DVS		
	Anteil korrekter Prognosen	Sensitivität	Spezifität	Anteil korrekter Prognosen	Sensitivität	Spezifität
Schritt_1	0,83	0,79	0,85	0,79	0,71	0,84
Schritt_2	0,84	0,79	0,87	0,78	0,72	0,82
Schritt_3	0,83	0,79	0,85	0,76	0,69	0,80
Schritt_4	0,82	0,76	0,86	0,77	0,71	0,81
Schritt_5	0,80	0,74	0,84	0,77	0,70	0,82
Schritt_6	0,81	0,76	0,84	0,78	0,71	0,83
Schritt_7	0,78	0,74	0,80	0,76	0,66	0,85

Entferne Variablen: Schritt_1: Nutz, Schritt_2: Veghöhe, Schritt_3: MRGFL, Schritt_4: trocken, Schritt_5: F_Futter, Schritt6: R_Futter, Schritt_7: (DVS), verfilzt, kräuter

Tab. 4-18: Vergleich der Modellgüte mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität

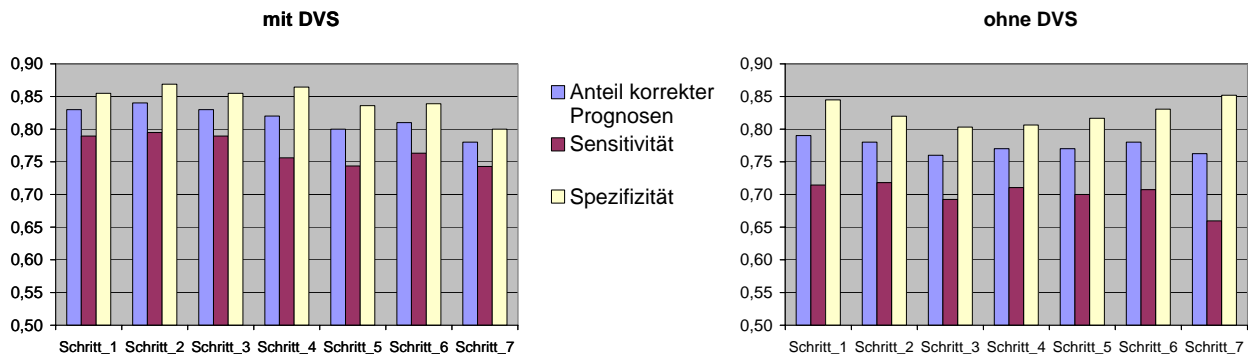


Abb. 4-17: Vergleich der Modellgüte mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität (DVS)

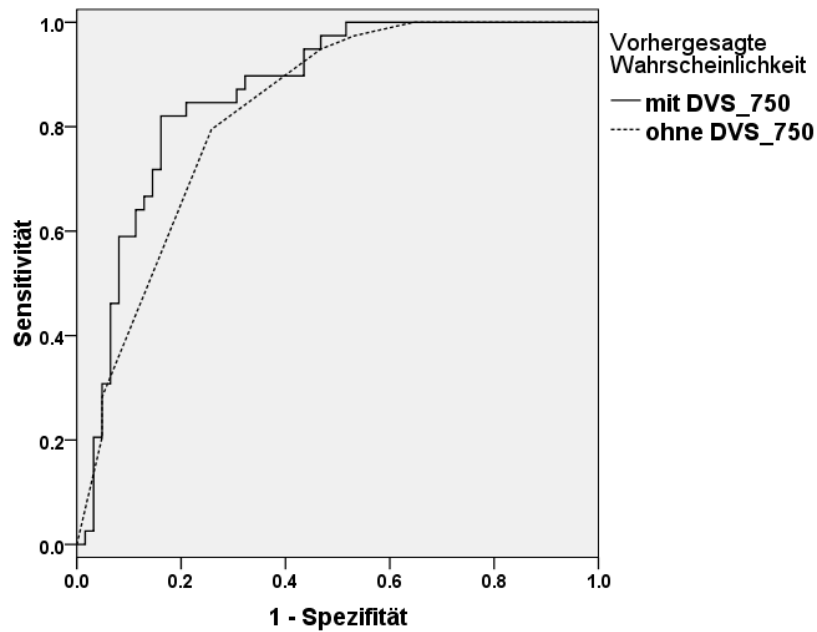


Abb. 4-18: ROC-Kurven für Modelle mit allen Variablen mit und ohne DVS

Die Validierung mit vorwärts gerichteter Selektion der Variablen führt zu den gleichen Ergebnissen wie das rückwärts gerichtete Verfahren. Als erste Variable wird der Verfilzungsgrad, dann der Kräuteranteil und anschließend der Konnektivitätswert in das Modell mit einbezogen.

In einer weiteren Auswertung der Geländedaten zu *Zygaena carniolica* wurde die Auswahl der analysierten Flächen eingeschränkt. Es wurden nur die potentiellen Habitate berücksichtigt, welche nach den Erkenntnissen der Geländekartierung für *Zygaena carniolica* als Habitat geeignet sind. Als Kriterien hierfür müssen in den Flächen sowohl Raupen- als auch Falternahrungspflanzen vorkommen und die Flächen dürfen nicht stark verfilzt sein, d.h. maximal 25% des Bodens darf mit einer Streuschicht bedeckt sein. Von den im Gelände kartierten 108 potentiellen Habitaten erfüllten 72 Flächen diese Bedingungen. Die Ergebnisse der Gruppenvergleichstests (s. Kap. 4.2.4) und die Variablenselektion der logistischen Regression sind in Tab. 4-19 und Tab. 4-20 dargestellt.

	MGRFL	DVS_750
U-Test	462.00	391.0
Asymptotische Signifikanz (2-seitig)	.038	.004

Tab. 4-19: Mann-Whitney-U-Test für Flächengröße und Konnektivitätswert bei einer engeren Flächenauswahl (n=72)

	Entfernte Variable	Anteil korrekter Prognosen	Sensitivität	Spezifizität
Schritt_1	F_Futter	0,78	0,81	0,75
Schritt_2	Nutz	0,78	0,81	0,75
Schritt_3	Veghöhe	0,78	0,79	0,72
Schritt_4	R_Futter	0,78	0,79	0,72
Schritt_5	trocken	0,79	0,81	0,77
Schritt_6	MGRFL	0,78	0,79	0,72
Schritt_7	verfilzt	0,78	0,79	0,72
Schritt_8	DVS, kräuter	0,69	0,69	0,70

Tab. 4-20: Variablenselektion und Modellgüte der multivariaten logistischen Regression bei einer engeren Flächenauswahl (n=72)

Der Vergleich der Gruppen mit und ohne Vorkommen von *Zygaena carniolica* zeigt, dass bei einer engeren Flächenauswahl der Konnektivitätswert die Gruppen deutlicher voneinander unterscheidet als die Flächengröße. Die in Tab. 4-18 dargestellten Ergebnisse der logistischen Regressionsanalyse unterscheiden sich nicht von den Ergebnissen, bei denen alle potentiellen Habitate miteinbezogen wurden. Auch bei der engeren Flächenauswahl sind der Kräuteranteil und der Konnektivitätswert die das Vorkommen am besten erklärenden Variablen. Im Vergleich zu dem Modell, welches alle Untersuchungsflächen berücksichtigt, ist der Anteil der korrekten Prognosen etwas schlechter. Die Sensitivität ist im Vergleich zur Spezifizität insgesamt etwas besser, da die ungeeigneten Flächen nicht mit in die Analyse einbezogen wurden.

4.2.6.4 Räumliche Darstellung der Modellergebnisse

In Abb. 4-19 ist die berechnete Vorkommenswahrscheinlichkeit für *Zygaena carniolica* mit einem aus sechs Variablen erstelltem Modell mit Berücksichtigung der Konnektivität sowie die kartierten Präsenz-Absenz-Informationen dargestellt. Für das gesamte Untersuchungsgebiet ist mit einem Anteil von über 80% korrekter Prognosen der Großteil der Vorhersagen richtig. Im Folgenden werden die einzelnen Prognosewerte für die nördlichen, mittleren und südlichen Naturräume getrennt erläutert.

In der Baaralb und in der Hegau(alb) sind die Vorhersagen überdurchschnittlich gut. In der Baaralb konnten mit dem Modell 18 der 20, in der Hegau(alb) 24 der 27 Präsenz-Absenz-Daten korrekt vorhergesagt werden. Bei den Fehlern des Modells überwiegen die Fälle, in welchen *Zygaena carniolica* trotz niedriger Prognosewerte von 0,3 präsent war. Dies kann zum einen mit der relativ weiten Verbreitung und hohen Dichte von *Zygaena carniolica* in diesen Naturräumen erklärt werden, was dazu führt, dass auch weniger geeignete Habitate besetzt werden. Zum anderen wurde hier ein Zufallsvorkommen außerhalb der Larvalhabitate nachgewiesen.

Für den Randen lieferte das Modell bis auf zwei Ausnahmefälle korrekte Prognosen (Randen: 16 von 18 korrekt). In den Flächen des südlichen Randens kam trotz hoher Vorkommenswahrscheinlichkeit keine *Zygaena carniolica* vor. Die Habitatqualität ist in den mageren Trockenrasen der Hochflächen beispielsweise am Mösli als geeignet einzustufen. Das Fehlen der Art könnte zum einen auf die durch die Waldgebiete erhöhte Isolation zurückgeführt werden. Die klimatische Ungunst auf den Hochflächen ist als Erklärung eher unwahrscheinlich, da in der Baaralb *Zygaena carniolica* in Höhenlagen über 800 m NN vorkam. Die einfachste Erklärung ist, dass die Art im südlichen Randen einfach nicht verbreitet ist und aufgrund der relativ abgeschiedenen Lage bislang keine Besiedlung stattfand. Die relative Seltenheit von *Zygaena carniolica* in dem Gebiet um Hemmental ist historisch durch die Aufzeichnungen von RIES, welcher um 1920 die Falter des Randens beobachtete, belegt (VOGELSDÄNGER 1936/37: 169 ff.).

Ähnlich wie in der Hegau(alb) unterschätzt das Modell im westlichen Randenvorland (5 von 9 korrekt) die Verbreitung von *Zygaena carniolica*, d.h. in drei Fällen konnte die Art trotz niedriger Prognosewerte nachgewiesen werden. Bemerkenswert ist die Fehlklassifikation der relativ isolierten Fläche am Müliweg, in der bei einer modellierten Besiedlungswahrscheinlichkeit von 40 Prozent starke Abundanzen festgestellt wurden. Mögliche Erklärungen sind ebenfalls die relativ weite Verbreitung der Art in diesem Naturraum und die starken Populationschwankungen von *Zygaena carniolica*. Für den mittleren Klettgau liefert das Modell durchschnittliche Ergebnisse (6 von 8 Prognosen korrekt). Bei Osterfingen war ein nach dem Modell hochwertiges Habitat nicht besetzt, dafür kam auf einer rund 1,5 km entfernten Fläche bei einem Prognosewert von 43 Prozent *Zygaena carniolica* vor. Bei einem starken Populationsanstieg ist es möglich, dass einige Individuen die umliegenden Trockenrasenfragmente besiedeln, wenn auch die Dichte der potenziellen Habitate in diesem Naturraum gering ist.

Modellierung und Vorkommen von *Zygaena carniolica*

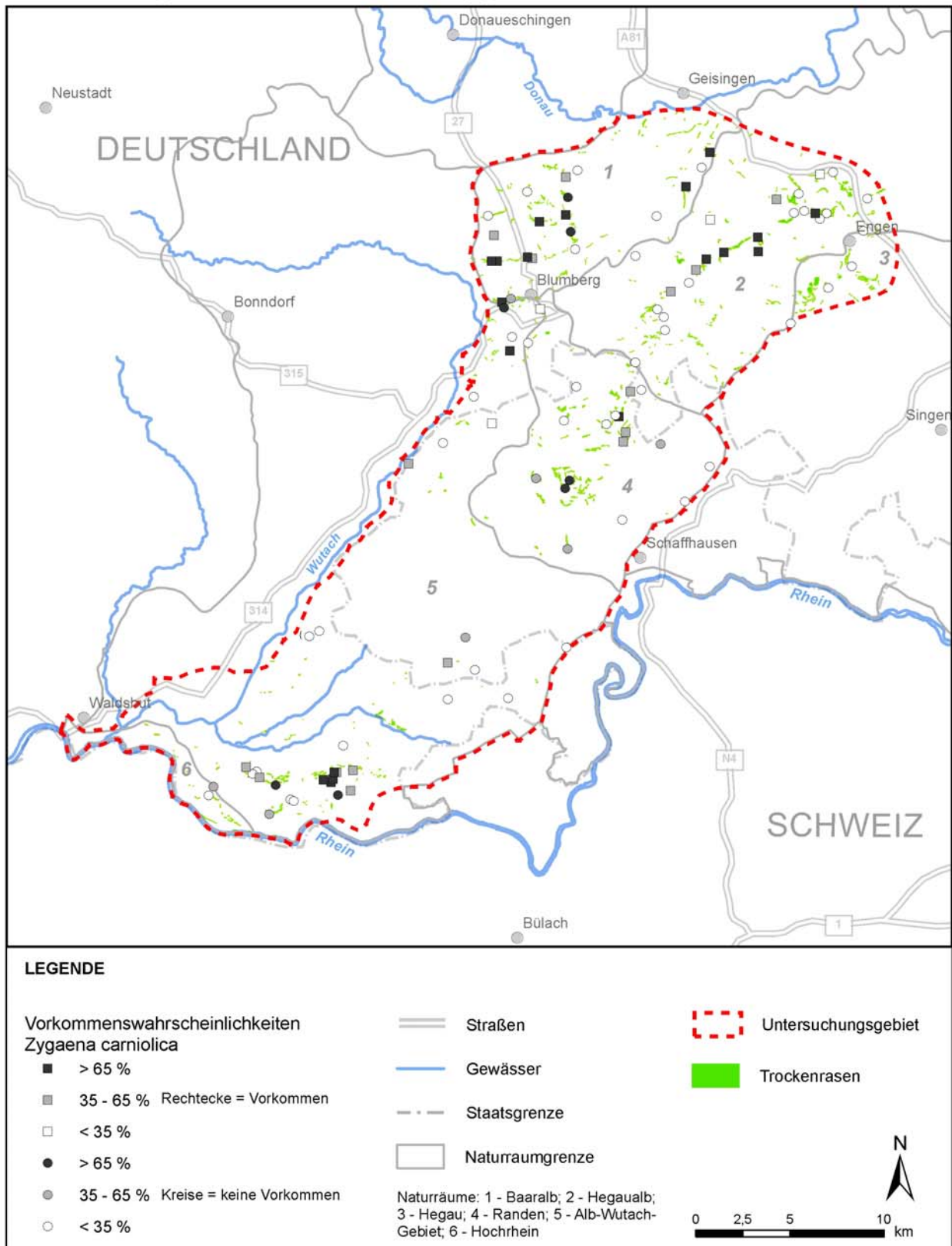


Abb. 4-19: Modellierung und Vorkommen von *Zygaena carniolica*

Im südlichen Klettgaurücken wurde die weite Verbreitung von *Zygaena carniolica* beim Großteil der Flächen korrekt vorhergesagt (16 von 19 korrekt). In einem Fall kommt *Zygaena carniolica* trotz eines Prognosewertes von nur 43 % vor, zwei kleine Flächen konnte sie dagegen trotz einer Besiedlungswahrscheinlichkeit von 66 bzw. 72 % nicht nachgewiesen werden. Die Fehler der prognostizierten Vorkommen darin, dass *Zygaena carniolica* trotz der weiten Verbreitung in dem Naturraum nicht in jeder Fläche nachgewiesen werden konnte. Aufgrund der hohen Konnektivität der Trockenrasen in dieser Region ist jedoch ein Aussterben und Wiederbesiedeln der einzelnen Flächen für die Art möglich, so dass die Art in einem Jahr nicht überall nachgewiesen werden kann, obwohl sie in dem Naturraum stark vertreten ist. Eine allgemeine Erklärung für die hohe Dichte der Art in diesem Naturraum ist die Wärmegunst.

4.3 Ergebnisse *Pulsatilla vulgaris*

4.3.1 Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet

In Abb. 4-20 sind die in der Flora von KUMMER aus dem Jahr 1941 erwähnten Fundpunkte von *Pulsatilla vulgaris* abgebildet. Eine Tabelle mit allen Fundorten einschließlich der Lagegenauigkeit befindet sich in Anhang 6. Der Schwerpunkt der Flora von KUMMER lag im Kanton Schaffhausen, was die hohe Anzahl der Fundpunkte dort erklärt. Doch auch im Alb-Wutach-Gebiet und im westlichen Randenvorland sind einige Vorkommen vorhanden. Neben dem Randen liegt ein weiterer Verbreitungsschwerpunkt im Hegau bzw. in der Hegualb, während die Baaralb von KUMMER nicht untersucht wurde.

Die Verbreitungssituation von *Pulsatilla vulgaris* Anfang des 21. Jahrhunderts ist in Abb. 4-20 zu sehen. Datengrundlage sind Informationen der Naturschutzverwaltungen und regionaler Florenkenner. Es kann davon ausgegangen werden, dass aufgrund der Auffälligkeit, Schönheit und relativen Seltenheit von *Pulsatilla vulgaris* ein breites Interesse an der Art besteht und daher die meisten Vorkommen bekannt sind. Auf der Karte ist ein deutlicher Verbreitungsschwerpunkt im Norden des Untersuchungsgebietes, insbesondere in der östlichen Baaralb und der Hegualb erkennbar. Einzelne Vorkommen finden sich im Randen und im Hochrheintal. Im Vergleich zu den Angaben von KUMMER ist *Pulsatilla vulgaris* im westlichen Randenvorland und in weiten Teilen des Alb-Wutach-Gebietes verschwunden. Die Karte verdeutlicht, dass die Bestandssituation in den einzelnen Naturräumen sehr unterschiedlich ist. Die starken regionalen Unterschiede in der Gefährdung sind auch für ganz Baden-Württemberg ausgeprägt (vgl. SEBALD et al. 1993: 263). Die Vorkommen in den Steppeheidekomplexen in der Hegau- und Baaralb sind in ihrem Bestand stabil. Anders ist die Situation in den bewirtschafteten Halbtrockenrasen. Hier liegen die Ursachen für den starken Rückgang der Art zum überwiegenden Teil in der Änderung der Standortbedingungen durch Intensivierung oder Wegfallen der Nutzung. Eine Sonderstellung nehmen die Populationen auf dem Abhang der Niederterrassen am Hochrhein ein. Die Gebiete sind seit Anfang der 1960er Jahre aufgrund der großen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* als Naturschutzgebiete geschützt (REGIERUNGSPRÄSIDIUM FREIBURG 2004: 651).

Auf Basis der bekannten Vorkommen wurde für die Standorte außerhalb der Felsen eine Kartierung der Populationsgröße und Standorte durchgeführt. Bei Felsstandorten ist es aufgrund der eingeschränkten Zugänglichkeit schwieriger einen Überblick zu bekommen. Aus Naturschutzsicht sind die Felsstandorte vergleichsweise weniger gefährdet, da der Nutzungsdruck auf die Flächen geringer ist. Bei Schaffhausen wurden Klettergebiete außerhalb der größeren Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* ausgewiesen (Herr Billing und Herr Bolliger, mündlich).

Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach Flora von Kummer 1941

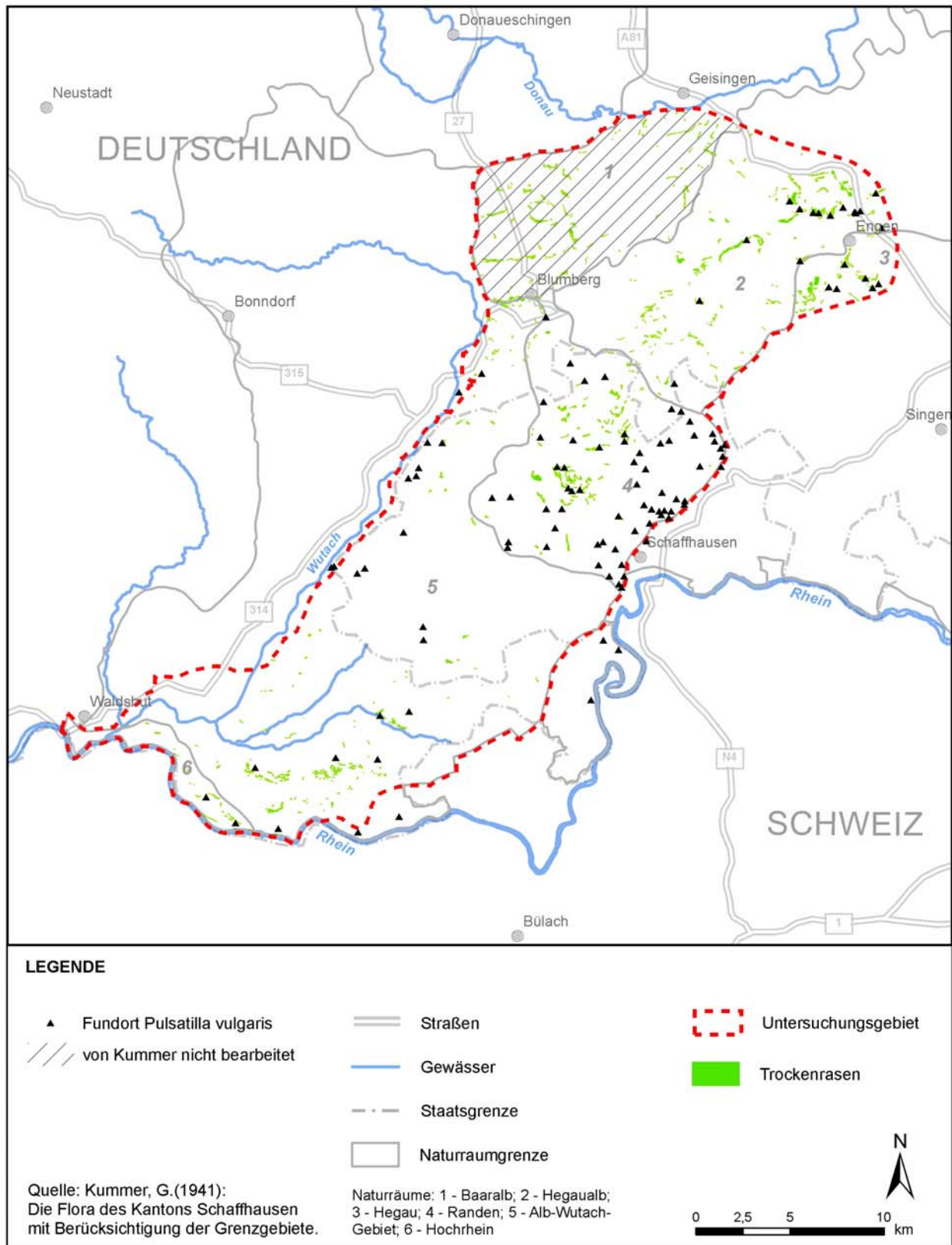


Abb. 4-20: Historische Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Flora von KUMMER

Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach Recherche 2005

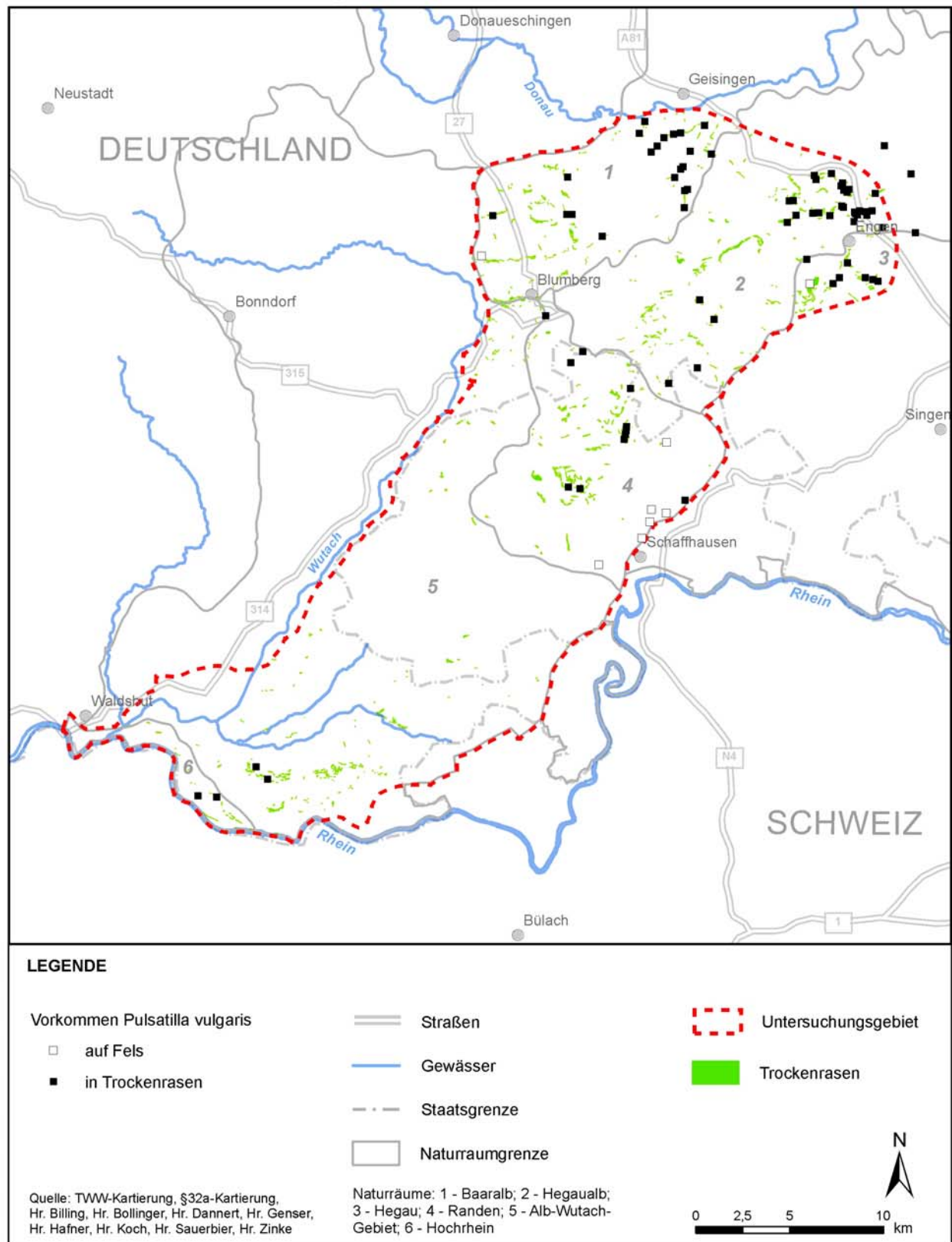


Abb. 4-21: Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Recherche 2005

Kartierung *Pulsatilla vulgaris* 2006

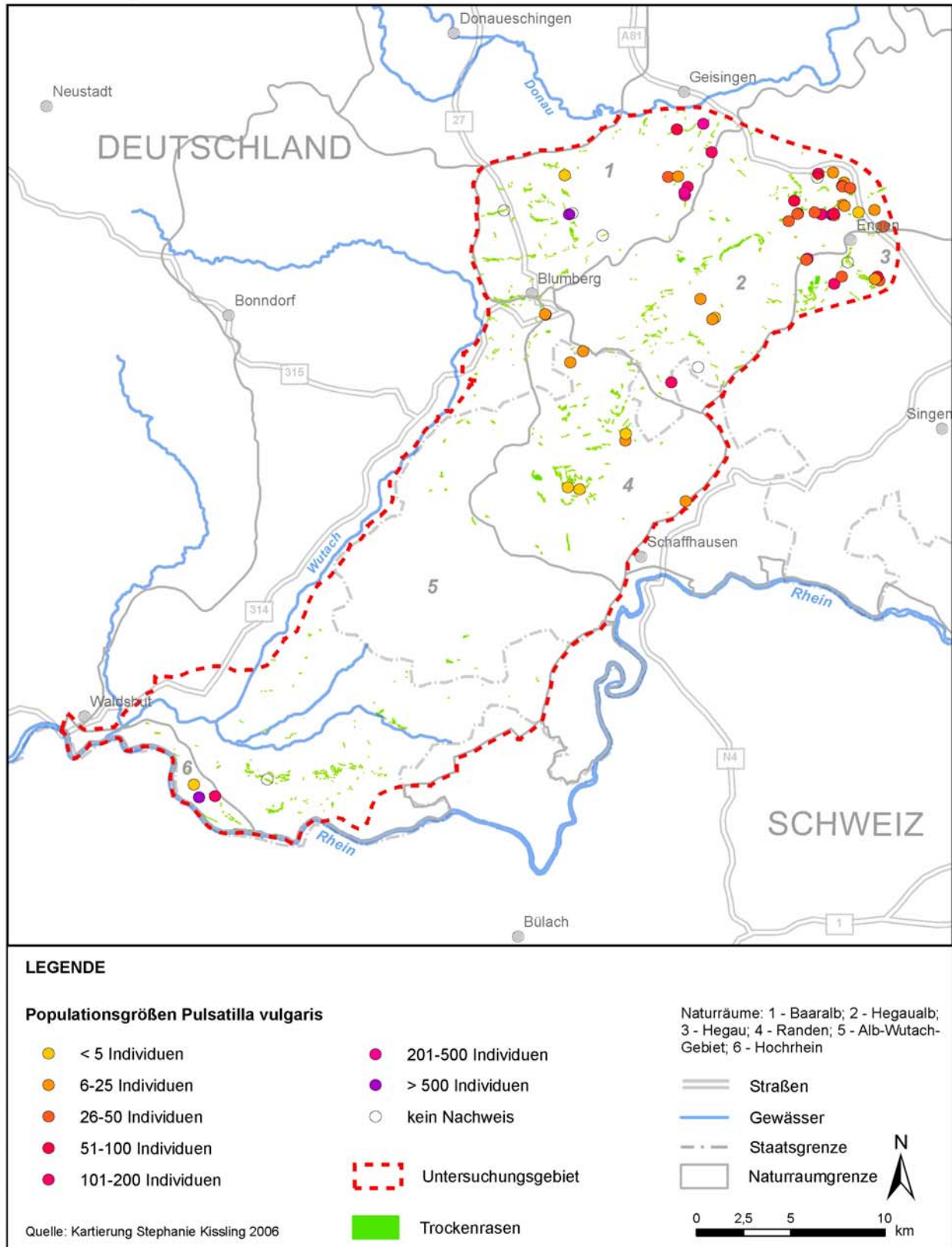


Abb. 4-22: Aktuelle Vorkommen *Pulsatilla vulgaris* nach der Kartierung 2006

Die bekannten Vorkommen bildeten eine gute Informationsbasis für die Kartierung der Populationen in einem kurzen Zeitraum. Da die Angaben aus den Biotopkartierungen teilweise aus den 1990er Jahren stammen war eine Überprüfung der Daten notwendig. Zudem wurden einige der von Kummer erwähnten Fundpunkte aufgesucht, bei denen die Naturschutzverwaltung des Kantons Schaffhausen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* nicht mit Sicherheit ausschließen konnte (Bolliger, mündlich). In Abb. 4-22 sind die Ergebnisse der Kartierung der aktuellen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* dargestellt. Insgesamt wurden 53 Populationen aufgenommen. Im Anhang befindet sich eine Liste aller kartierten Populationen.

Die größte Dichte an Vorkommen ist in der Hegaualb und in der Gegend des Aitrachtales zu finden. In der Baaralb und im Randen sind noch einige Populationen vorhanden, während zwischen dem Randen und dem südlichen Klettgaurücken keine Vorkommen nachgewiesen werden konnten. Große Populationen mit mehr als 800 Individuen kommen nur in den Naturschutzgebieten Biezental bei Engen und in den Pulsatillawiesen bei Dangstetten vor. Größere Bestände mit mehr als 200 Individuen kommen an den Reliktstandorten wie dem Hannisbüel, Zisiberg oder Langenhaag vor. Zu den Angaben zur Populationsgröße ist anzumerken, dass die Angaben auf der Anzahl blühender Individuen beruht. Die wirkliche Größe der Populationen ist höher einzuschätzen, da nicht alle Pflanzen jedes Jahr blühen. Abb. 4-23 zeigt die Verteilung der Populationsgrößen. Mehr als die Hälfte der Populationen besteht aus weniger als 50 Individuen. Die Anzahl der Populationen mit weniger als fünf Individuen ist mit sieben Populationen genauso groß wie die Anzahl der Populationen, in denen mehr als 200 Individuen vorkommen. Die Entfernung zwischen den Populationen beträgt maximal 2 km, der Median liegt bei 600 m, der Mittelwert bei 790 m. Die mittleren Entfernungswerte sind nur bedingt aussagekräftig, da sie stark von der großen Anzahl der geringen Entfernungen in der Hegaualb bestimmt werden.

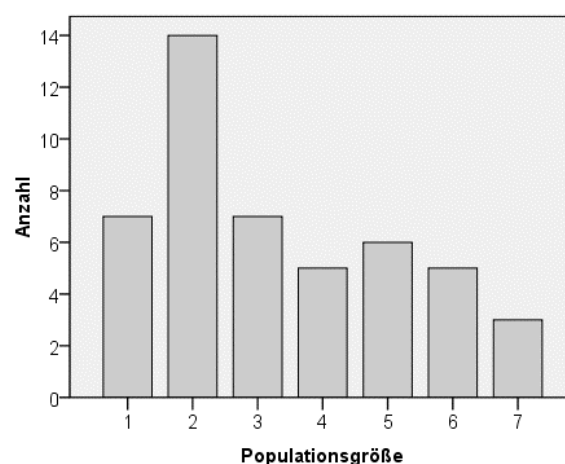


Abb. 4-23: Größenverteilung der kartierten Populationen ⁸

⁸ Bei der Populationsgröße wurden die in verschiedenen Biototypen vorkommenden Populationen zusammengefasst, sofern sie nicht durch ungeeignete Habitats voneinander getrennt waren und weniger als 100 m voneinander entfernt lagen.

Bei der Erhebung der Habitate wurde zwischen Säumen, Waldstandorten und Wiesen unterschieden. Die Standorte sind in Abb. 4-25 dokumentiert. Mit 31 Fällen wurde der überwiegende Teil der Fundorte dem Biotoptyp Wiese zugeordnet, gefolgt von etwa halb so vielen Saumstandorten; nur acht Vorkommen lagen im Wald (Abb. 4-26). Die Zuordnung zu den Biotoptypen ist häufig nicht eindeutig, da aufgrund der für die Trockenstandorte charakteristischen Mosaikstruktur die Übergänge fließend sind. Als Wiese werden die Flächen angesprochen, bei denen eine regelmäßige Nutzung erkennbar ist. Sie sind pflanzensoziologisch überwiegend den Mesobrometen zuzuordnen. Die Saumstandorte zeichnen sich durch eine höherwüchsige Vegetation aus, bei der abgesehen von Rückschnitt der Gehölze keine Nutzung erkennbar war. Die Wegböschungen im Wald wurden ebenfalls zu den Saumstandorten gezählt. Als Waldstandorte wurden die Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* angesprochen, welche unter Bäumen liegen.



I: Föhrenwald bei Zimmerholz



II: Wiese Boschental bei Zimmerholz,



III: Waldböschungen Pfaffental bei Hausen



IV: Wiesenböschung Halde bei Zimmerholz

Abb. 24: Biotoptypen mit Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris*

Bemerkenswert ist, dass 30 der 53 Populationen am Waldrand vorkommen (Abb. 4-25). Berücksichtigt man auch die Gehölze, so liegt keine der Populationen weiter als 100 m von einem Gehölz oder Wald entfernt. Die hohe Affinität von *Pulsatilla vulgaris* zu den Waldstandorten ist dadurch zu erklären, dass im Untersuchungsgebiet die meisten Vorkommen in den Vegetationskomplexen der Reliktföhrenwälder liegen. Als Glazialrelikt überdauert die Art an diesen Standorten. In dem angrenzenden Naturraum der Schwäbischen Alb kommen hingegen große Bestände von *Pulsatilla vulgaris* in beweideten Kalkmagerrasen vor, welche im Untersuchungsgebiet fast gänzlich fehlen.

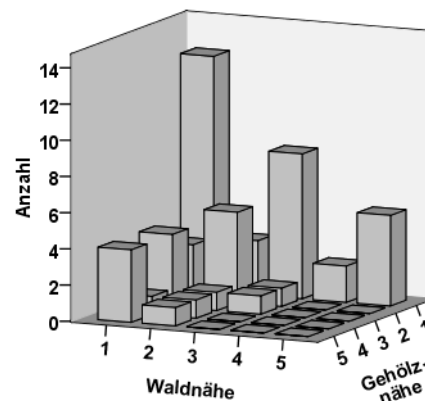
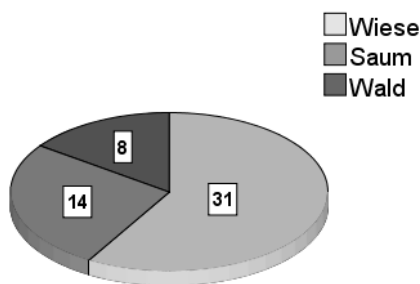


Abb.: 4-25: Verteilung der Biotoptypen der kartierten *Pulsatilla*-Populationen; Zahlen in den Segmenten bedeuten Anzahl der Fälle

Abb.: 4-26: Wald- und Gehölznähe der *Pulsatilla*-Vorkommen; dabei bedeutet: 1: < 10 m; 2: 11-50m; 3: 51-100 m; 4: 101-200 m; 5: > 200 m

Der Großteil der Populationen lag in einer Höhe zwischen 550 und 650 NN (Abb. 4-27). Ausnahmen sind die drei Populationen am Hochrhein, welche lediglich 350 NN liegen. Die Standorte sind zu über 90% mindestens mäßig steil und südlich oder westlich exponiert (Abb. 4-28). Die geeigneten Flächen in den Höhenlagen sind für eine intensive landwirtschaftliche Nutzung unattraktiv. Auf südexponierten, wärmebegünstigten Flächen konnte hier *Pulsatilla vulgaris* überdauern.

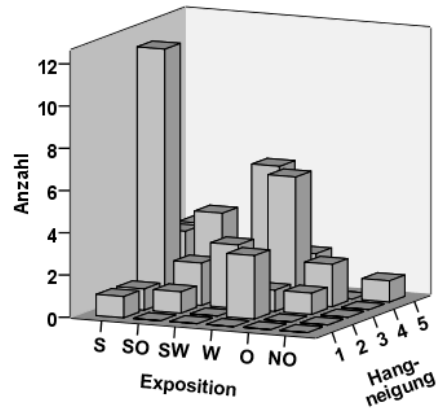
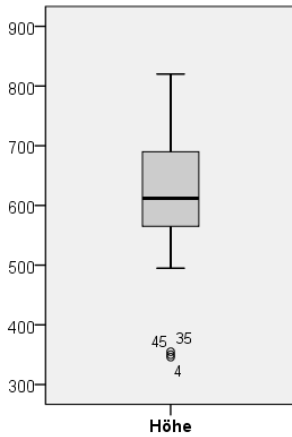


Abb. 4-27: Höhe m NN der Pulsatilla-Standorte

Abb. 4-28.: Exposition und Hangneigung der Pulsatilla-standorte. Bei der Hangneigung bedeutet 1: flach; 2: leicht geneigt; 3: mäßig steil; 4: steil; 5: sehr steil

Bei den Beständen überwiegen flachgründige Böden von weniger als 15 cm Gründigkeit (Abb. 4-29). Bei knapp einem Drittel der Standorte fand eine Bodenentwicklung von mehr als 15 cm statt, wobei dies überwiegend Wiesen sind. Bei der Bodenbedeckung zeichnet sich ein recht ausgeglichenes Bild der Standorte. Im Mittelwert sind offener Boden, Krautschicht und Moos mit je bis zu 25% vertreten (Abb. 4-30). Die Deckung der Streuschicht ist im Mittel etwa doppelt so hoch, wobei sie bei den Saumstandorten im Schnitt 50 bis 75% einnimmt. Zu der Schätzung der Bodenbedeckung ist anzumerken, dass die Erhebungen Anfang April durchgeführt wurden. Zur Blühzeit von *Pulsatilla vulgaris* ist die übrige Vegetation noch kaum entwickelt und daher die Differenzierung der Standorte noch nicht ausgeprägt.

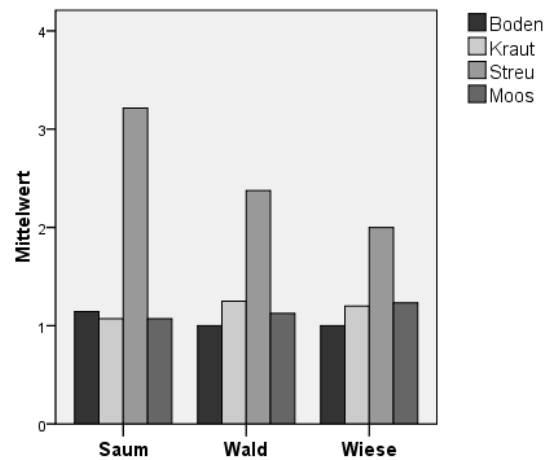
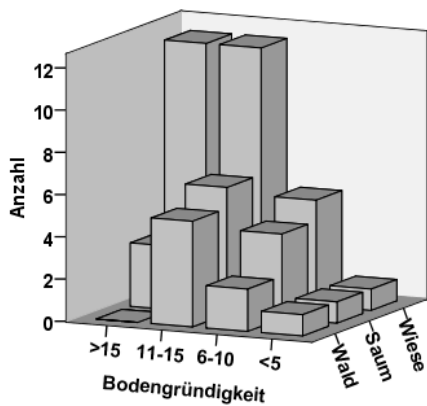


Abb. 4-29: Bodengründigkeit und Biotyp der Pulsatilla-Standorte. (Bodengründigkeit in cm)

Abb. 4-30: Bodenbedeckung der Pulsatilla-Standorte

4.3.2 Genetische Diversität von *Pulsatilla vulgaris*

4.3.2.1 Genotypisierung

In Tab. 4-21 sind die manuelle und automatische Auswertung für die verschiedenen Primerkombinationen vergleichend aufgeführt. Die hohen Werte bei der automatischen Auswertung beruhen darauf, dass alle Banden - unabhängig von ihrer Häufigkeit - ausgewertet werden. Bei der manuellen Auswertung werden über die drei Marker für 139 Proben insgesamt 127 Bins definiert, welche die Position von polymorphen Loci bestimmen. Aufgeteilt auf die einzelnen Marker sind das für den blauen Marker 57 Bins im Basenpaarbereich von 54-517, für den grünen Marker 47 Bins im 55-354 Basenpaarbereich und für den roten Marker 32 Bins im Bereich von 58-320 Basenpaaren. Zwei Proben zeigen von den anderen Proben stark abweichende Bandenmuster und werden aus der weiteren Analyse ausgeschlossen. In der Genotypenmatrix der manuellen Auswertung wurden alle polymorphe Loci berücksichtigt, deren Allel eine Frequenz von weniger als 98% aufweist; Allele, die nur in ein oder zwei Proben vorkommen, werden nicht berücksichtigt (vgl. DANNEMANN 2000, HATTEMER et al. 1993). Die Anzahl der letztendlich ausgewerteten polymorphen Loci lag bei 127.

Primerkombination	Banden insgesamt	Polymorphe Banden automatische Auswertung	Polymorphismus (%) für automatische Auswertung	Polymorphe Banden manuelle Auswertung	Polymorphismus (%) für manuelle Auswertung
ACT-fam-CAG	378	281	74,3	57	15,1
ACG-vic-CAG	375	273	72,8	47	12,5
AGG-pet-CAG	270	115	42,6	32	11,9
total	1023	669	65,4	136	13,3

Tab. 4-21: Manuelle und automatische Genotypisierung.
Verwendete Primerkombination, Anzahl der Banden und Grad der Polymorphie

4.3.2.2 Genetische Variabilität innerhalb der Populationen

Um die genetische Variabilität innerhalb einer Population zu erfassen wurden verschiedene Meßgrößen der Heterozygotität erfasst: die Anzahl und der Anteil polymorpher Loci (P) sowie die im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht erwartete Heterozygotität (H_e). P ist unstatistisch, da er mit der Anzahl der Proben ansteigt (CAUGHLEY 1994: 219). Der Heterozygotiegrad gibt an, an wie vielen Genorten die Individuen einer bestimmten Population im Durchschnitt mischerbig sind; er ist somit ein Maß für die genetische Variabilität der Individuen (VEITH et al. 1999: 114). Die erwartete Heterozygotität bezieht sich auf eine Population und beschreibt die Summe aller genetischen Variationen zwischen den Individuen innerhalb einer Population (YOUNG et al. 1996: 413).

In Tab. 4-22 ist die genetische Variabilität der beprobten *Pulsatilla*-Populationen aufgeführt. Der Anteil polymorpher Loci liegt in den Populationen zwischen 30,7 und 76,4%, der Mittelwert liegt bei 62,4 %. Da P mit der Anzahl der Proben ansteigt, liegen die Werte für die kleinen Populationen (SUS mit 36,2% und MAR mit 40,2%) deutlich unter den großen Populationen, die zum Teil über 75% polymorpher Loci aufweisen. Die nach dem Hardy-Weinberg-Gesetz erwartete Heterozygotität liegt bei den 17 untersuchten Populationen zwischen 17,0 und 28,4%. Der geringste Wert wurde für die Population an der Gräte ermittelt. Da in den sehr kleinen Populationen die Anzahl der Proben beschränkt war, wurde in den größeren Populationen die Probenanzahl korrigiert (siehe Kap. 3.5.2.3). Für die korrigierten Werte der Heterozygotität sind die Werte zwischen 18 und 26%, d.h. die großen Populationen sind etwas nach unten korrigiert worden. Bei dem Anteil der polymorphen Loci liegen die korrigierten Werte im Schnitt um fast 30% niedriger als bei den unkorrigierten Werten. Über alle 17 Populationen gemittelt liegt die genetische Variabilität bei 25,4% (korrigierte Werte 23,2%).

Name/ Code	Region	Pop- größe (Anz. Ind.)	Proben- anzahl	Anz. Poly- morpher Loci	Poly- morphe Loci (%)	Erwarte- te Hetero- zygotität	Polymor- phe Loci rarified (%)	Erw. Hetero- zygotität rarified
AUL	Baaralb	250	7	89	70,1	0,28	43,6	0,25
NID	Baaralb	2	2	39	30,7	0,24	30,7	0,24
OBS	Baaralb	160	9	96	75,6	0,27	48,5	0,25
OSS	Baaralb	27	10	93	73,2	0,26	41,5	0,24
OSW	Baaralb	21	10	95	74,8	0,28	40,0	0,23
BIE	Hegau(alb)	>800	10	97	76,4	0,28	43,4	0,24
FUL	Hegau(alb)	49	9	92	72,4	0,27	45,0	0,24
HEI	Hegau(alb)	31	9	88	69,3	0,25	38,5	0,21
LAN	Hegau(alb)	120	10	97	76,4	0,28	45,8	0,25
MAR	Hegau(alb)	3	3	51	40,2	0,24	40,2	0,24
SWI	Hegau(alb)	9	8	86	67,7	0,25	42,0	0,23
GRA	Randen	11	7	53	41,7	0,17	25,5	0,18
HAN	Randen	150	10	96	75,6	0,27	47,0	0,26
SUS	Randen	3	3	46	36,2	0,21	36,2	0,21
HUE	Hochrhein	5	4	46	36,2	0,21	25,5	0,19
ORW	Hochrhein	200	9	85	66,9	0,27	38,7	0,24
PUW	Hochrhein	>1000	10	98	77,2	0,27	45,0	0,25

Tab. 4-22: Genetische Variabilität der *Pulsatilla*-Populationen

Region	Anz. Polymorpher Loci	Polymorphe Loci (%)	Erwartete Heterozygotität	Polymorphe Loci rarified (%)	Erw. Heterozygotität rarified
Baaralb	82 (+-22)	64,9 (+-17,2)	0,27 (+-0,01)	40,9 (+-5,8)	0,24 (+-0,01)
Hegau(alb)	85 (+-16)	67,1 (+-12,4)	0,26 (+-0,02)	42,5 (+-2,6)	0,24 (+-0,01)
Randen	65 (+-22)	51,2 (+-17,4)	0,22 (+-0,04)	36,2 (+-8,8)	0,22 (+-0,03)
Hochrhein	76 (+-22)	60,1 (+-17,4)	0,25 (+-0,03)	36,4 (+-8,1)	0,23 (+-0,03)
ges. UG	76 (+-21)	60,0(+16,6)	0,24 (+-0,03)	39,0 (+- 7,2)	0,23 (+- 0,02)

Tab. 4-23: Mittelwerte und Standardabweichungen der genetische Variabilität der Populationen nach Regionen und im gesamten Untersuchungsgebiet

Tab. 4-23 zeigt, dass nach der Korrektur der geringen Probenzahl aufgrund der kleinen Populationen, die erwartete Heterozygotität in allen Naturräumen über das gesamte Untersuchungsgebiet hinweg annähernd gleich groß ist.

4.3.2.3 Genetische Differenzierung zwischen den Populationen

Der F_{ST} -Wert gibt die genetische Differenzierung zwischen den Populationen an. Die Ergebnisse für das gesamte Untersuchungsgebiet sind in Tab. 4-24 enthalten. Der mittlere Wert für alle Populationen liegt bei 0,1671, d.h. rund 17% der genetischen Variation liegt zwischen den einzelnen Populationen. Der F_{ST} -Wert sinkt auf 0,14, wenn nur die Populationen berücksichtigt werden, die aus mindestens neun Individuen bestehen. Dass die beobachteten F_{ST} -Werte sehr viel höher sind als die Percentile der randomisierten Daten zeigt eine signifikante Differenzierung zwischen den Populationen. Statistisch formuliert widerlegt der Permutationstest für den F_{ST} -Wert hochsignifikant die Null-Hypothese, dass keine genetische Differenzierung zwischen den Populationen besteht (VEKEMANS 2002: Kap. 5).

	F_{ST}	
	17 Populationen	13 Populationen
beobachteter Wert	0.1671	0.1366
untere 95% Grenze	0.0363	0.0110
obere 95% Grenze	0.0734	0.0339
untere 99% Grenze	0.0286	0.0078
obere 99% Grenze	0.0836	0.0389

Table 4-24: Permutationstest für die genetische Differenzierung zwischen den Populationen. Untere und obere 95/99 % Percentile beziehen sich auf randomisierten Daten; die Resampling Statistik beruht auf 1000 Permutationen.

Die genetische Differenzierung für die Regionen ist in Tab. 4-25 dargestellt. Innerhalb der Regionen liegen die F_{ST} -Werte bei Berücksichtigung aller Populationen zwischen 11 und 30 Prozent. Gegenläufig zu der genetischen Variabilität innerhalb der Populationen ist die

genetische Differenzierung zwischen den Populationen in der Region Randen am deutlichsten ausgeprägt, während sie in der Baaralb den geringsten Wert aufweist. Bemerkenswert ist, dass die Differenzierung ohne Berücksichtigung der sehr kleinen Populationen im Randen und Hochrhein fast genauso groß bleibt, während sie in der Baaralb und in der Hegualb um 3 bzw. 5% abnimmt. Dies bedeutet, dass die kleinen Populationen in den nördlichen Naturräumen verhältnismäßig stark zu der genetischen Differenzierung beitragen, während sie in den stärker differenzierten Naturräumen weniger zur Differenzierung beisteuern.

Name der Region	Name der Populationen	F_{ST} alle Populationen	F_{ST} Pop. mit mind. 9 Ind.
Baaralb	AUL, OBS, OSS, OSW, (NID)	0,1050	0,0642
Hegau(alb)	BIE, FUL, HEI, LAN, SWI, (MAR)	0,1128	0,0789
Randen	GRA, HAN, (SUS)	0,2975	0,2842
Hochrhein	ORW, PUW, (HUE)	0,1672	0,1628

Tab. 4-24: Genetische Differenzierung von *Pulsatilla vulgaris* nach Regionen

Bei den Ergebnissen ist zu berücksichtigen, daß im Randen und am Hochrhein nur drei Populationen untersucht wurden, während es in der Baaralb und in der Hegau(alb) fünf bzw. sechs Populationen waren. Die im Mittel höheren F_{ST} -Werte in den erstgenannten Naturräumen lässt sich dadurch erklären, daß bei wenigen Populationen die Wahrscheinlichkeit höher ist, Unterschiede zwischen den Populationen zu finden. Da die genetische Differenzierung von zahlreichen Einflüsse abhängt, ist ein Vergleich von F_{ST} -Werten schwierig. Eine mögliche Erklärung ist, dass die vergleichsweise geringere genetische Differenzierung zwischen den Populationen in der Baaralb und der Hegualb auf die höhere Vorkommensdichte von *Pulsatilla vulgaris* in diesen Naturräumen zurückzuführen ist. Der Austausch von Pollen zwischen den Populationen ist aufgrund der geringeren Distanzen zwischen den Populationen wahrscheinlicher als im Randen, wo die Populationen mehrere km voneinander entfernt liegen. Diese Erklärung ist auch für die Populationen am Hochrhein plausibel, wo die Distanzen zwischen den Populationen einige hundert Meter betragen.

Die paarweise genetische Distanz ist Tab. 4-26 abgebildet. Von den 136 Populationspaaren weisen 118 eine signifikante genetische Differenzierung auf. P zeigt die Wahrscheinlichkeit an, dass bei 1000 Wiederholungen eine zufällig ausgewählte genetische Distanz bei einem Signifikanzniveau von 0,05 größer ist als die beobachtete Distanz. Bei der aus nur zwei Individuen bestehenden Population im Nidental (NID) sind 13 der 16 Paarungen nicht signifikant. Bei den beiden anderen sehr kleinen Populationen auf dem Sustallchäppli (SUS) und an der Martinskapelle (MAR) sind zwei bzw. drei Paarungen nicht signifikant, während bei den größeren Populationen im Biezentel (BIE) und bei Aulendorf (AUL) auch drei bzw. fünf nicht signifikante Paarungen vorkommen. Die Signifikanz ist daher nicht eindeutig von der Populationsgröße abhängig.

	AUL	NID	OBS	OSS	OSW	BIE	FUL	HEI	LAN	MAR	SWI	GRA	HAN	SUS	HUE	ORW	PUW
AUL	0.0000	6400	500	1200	1000	7900	7200	11300	9300	9300	10200	13500	10000	16700	40800	40500	41200
NID	0.1283	0.0000	6500	5500	6100	14300	13400	17600	15300	15800	16600	14500	12400	16600	37900	37800	38300
OBS	0.0844*	0.1566	0.0000	1100	700	7800	7000	11200	9200	9200	10000	13700	10500	17200	41200	40900	41500
OSS	0.0680*	0.1990	0.0991*	0.0000	500	8900	8000	12600	10500	10300	11100	14100	10800	17300	41000	40800	41300
OSW	0.0308	0.1663	0.0733*	0.0241*	0.0000	8400	7400	12000	10100	9700	10600	14300	11000	17600	41300	41100	41600
BIE	0.0550	0.1322	0.0681*	0.0608*	0.0280	0.0000	2400	4300	3500	1500	2300	16300	12200	20000	45400	45100	45700
FUL	0.1005*	0.1832	0.0952*	0.1080*	0.0867*	0.0854*	0.0000	6500	6000	3100	3700	17500	13600	21300	46300	46000	46700
HEI	0.1299*	0.2121	0.0811*	0.1123*	0.1367*	0.0941*	0.0777*	0.0000	2300	3800	3700	16000	12300	19900	45100	44600	45300
LAN	0.0306	0.1687	0.0701*	0.0178*	0.0341*	0.0352*	0.0688*	0.0700*	0.0000	4000	4400	13900	10100	17800	43200	42600	43400
MAR	0.0941	0.1358	0.2117*	0.1434*	0.1318*	0.1718*	0.1590*	0.2352*	0.1312	0.0000	800	17400	13400	21300	46500	46200	46800
SWI	0.0779*	0.1273	0.0558*	0.0722*	0.0543*	0.0701*	0.1209*	0.1146*	0.0510*	0.1806*	0.0000	18000	14200	22000	47300	47000	47600
GRA	0.2410*	0.3506*	0.3455*	0.3250*	0.2693*	0.3143*	0.3356*	0.3750*	0.3014*	0.3246*	0.3614*	0.0000	4000	4000	29300	28800	29500
HAN	0.0451*	0.1709	0.0832*	0.0553*	0.0618*	0.0598*	0.0476*	0.0755*	0.0248*	0.1528*	0.0699*	0.2920*	0.0000	7800	33100	32700	33300
SUS	0.1287*	0.1549	0.1791*	0.2116*	0.2056*	0.1669*	0.2240*	0.1459*	0.1675*	0.2737	0.1878*	0.4174*	0.1842*	0.0000	25500	24850	25600
HUE	0.1825*	0.1994	0.2759*	0.2630*	0.2257*	0.2290*	0.2867*	0.3118*	0.2104*	0.2734*	0.2710*	0.2945*	0.2453*	0.3333*	0.0000	1200	800
ORW	0.1213*	0.2288*	0.2307*	0.2189*	0.1866*	0.1763*	0.1843*	0.2332*	0.1605*	0.2325*	0.2146*	0.2666*	0.1605*	0.2092*	0.1815*	0.0000	850
PUW	0.1100*	0.1882*	0.1286*	0.1262*	0.1128*	0.1082*	0.1893*	0.1529*	0.1131*	0.2389*	0.1385*	0.2801*	0.1431*	0.2042*	0.1598*	0.1628*	0.0000

Tab.4-26: Paarweise F_{ST} -Werte (li unterer Teil der Matrix) und geographische Distanz [in m] (re obere Teil der Matrix) der Pulsatilla-Populationen

AMOVA

Die AMOVA untersucht die Verteilung der gesamten genetischen Diversität auf Untergruppen. Bei der Unterscheidung in die vier Regionen Baaralb, Hegaualb, Randen und Hochrhein verteilt sich die Differenzierung auf 4% zwischen den Gruppen und 11% innerhalb der Gruppen (Tab. 4-27).

Gruppierung	Prozentanteil		
	zwischen Gruppen	zwischen Pop., innerhalb Gruppe	innerhalb Populationen
4 Regionen: {PUW,HUE,ORW} ; {SUS,GRA,HAN} ; {NID,AUL,OBS,OSS,OSW} ; {BIE,FUL,LAN,HEI,SWI,MAR}	3.35	11.53	85.12
3 Regionen: {PUW,HUE,ORW} ; {SUS,GRA,HAN} ; {NID,AUL,OBS,OSS,OSW; BIE,FUL,LAN,HEI,SWI,MAR}	5.05	11.29	83.66
2 Regionen: {PUW,HUE,ORW} ; {SUS,GRA,HAN;NID,AUL,OBS,OSS,OSW;BIE,FUL,LAN,HEI,SWI,MAR}	6.54	11,65	81.81
2 Regionen: {SUS,GRA,HAN} ; {PUW,HUE,ORW;NID,AUL,OBS,OSS,OSW; BIE,FUL,LAN,HEI,SWI,MAR}	0.81	13.91	85.28

Tab. 4-27: AMOVA nach unterschiedlichen Gruppierungen

Bei einer größeren Einteilung der Regionen, bei welcher die Baaralb und die Hegaualb zusammengefasst werden, verschiebt sich die Verteilung auf 6% zwischen den Gruppen und 10% innerhalb der Gruppen. Eine noch etwas deutlichere Unterteilung ergibt sich, wenn die Gruppe der südlichen Hochrheinregion von den übrigen Populationen abgegrenzt wird. Hier liegen dann 8% zwischen den Regionen und 10% innerhalb der Gruppen. Betrachtet man die Populationen des Randen als eigene, von den anderen Populationen abgrenzbare Gruppe, liefert die AMOVA keinen Hinweis, dass sich diese Gruppierung genetisch fixiert ist, da die gesamte genetische Differenzierung zwischen den Populationen innerhalb der Gruppen besteht.

Clusteranalyse

Die Permutationstests für die paarweisen genetischen Distanzen zeigen, dass eine signifikante Differenzierung zwischen den Populationen vorliegt. Abb. 4-31 zeigt die Baumstrukturen der 1000 Permutationsmatrices der paarweisen F_{ST} -Werte. An den Linien des Ähnlichkeitsbaumes sind jeweils die Anzahl der Fälle angegeben, in denen die entsprechende Gruppierung unterschieden wurde.

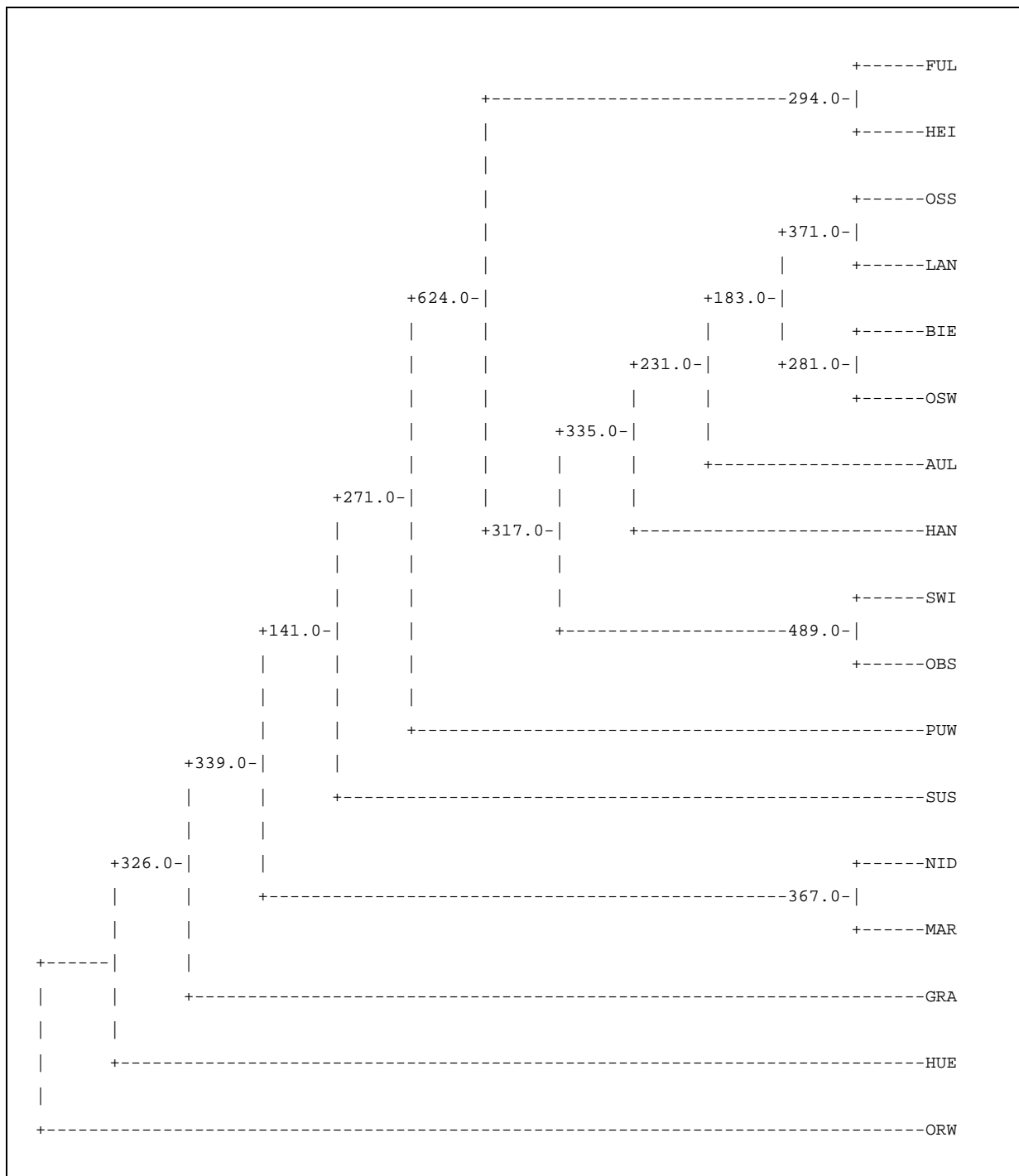


Abb. 4-31: Ergebnis der UPGMA Clustering von 17 Pulsatilla-Population

Die höchste Anzahl der Fälle, in denen dieselben Unterscheidungen getroffen werden, liegt bei 624; die meisten Werte liegen zwischen 250 und 370. Dies bedeutet, dass die 1000 Permutationen sehr unterschiedlich gruppiert wurden. Damit sind die Baumstrukturen, welche mit den paarweisen genetischen Distanzen erzeugt werden, nicht reproduzierbar, und die abgebildete Baumstruktur ist nicht aussagekräftig. Die Ergebnisse bei Berücksichtigung aller Populationen (Abb. 4-31) und bei Auswertung ohne die extrem kleinen Populationen (Abb. 4-32) unterscheiden sich nicht. Die mäßig zuverlässigen Gruppierungen (wie z.B. in Abb. 4-31 die oberen beiden Populationen oder in Abb. 4-32 die oberen zehn Populationen) sind nicht sinnvoll erklärbar. In der genetischen Differenzierung zwischen den Populationen ist keine Gruppierung erkennbar. Mit der AFLP können keine Aussagen über die individuellen Verwandtschaftsbeziehungen der Pulsatilla-Populationen gemacht werden.

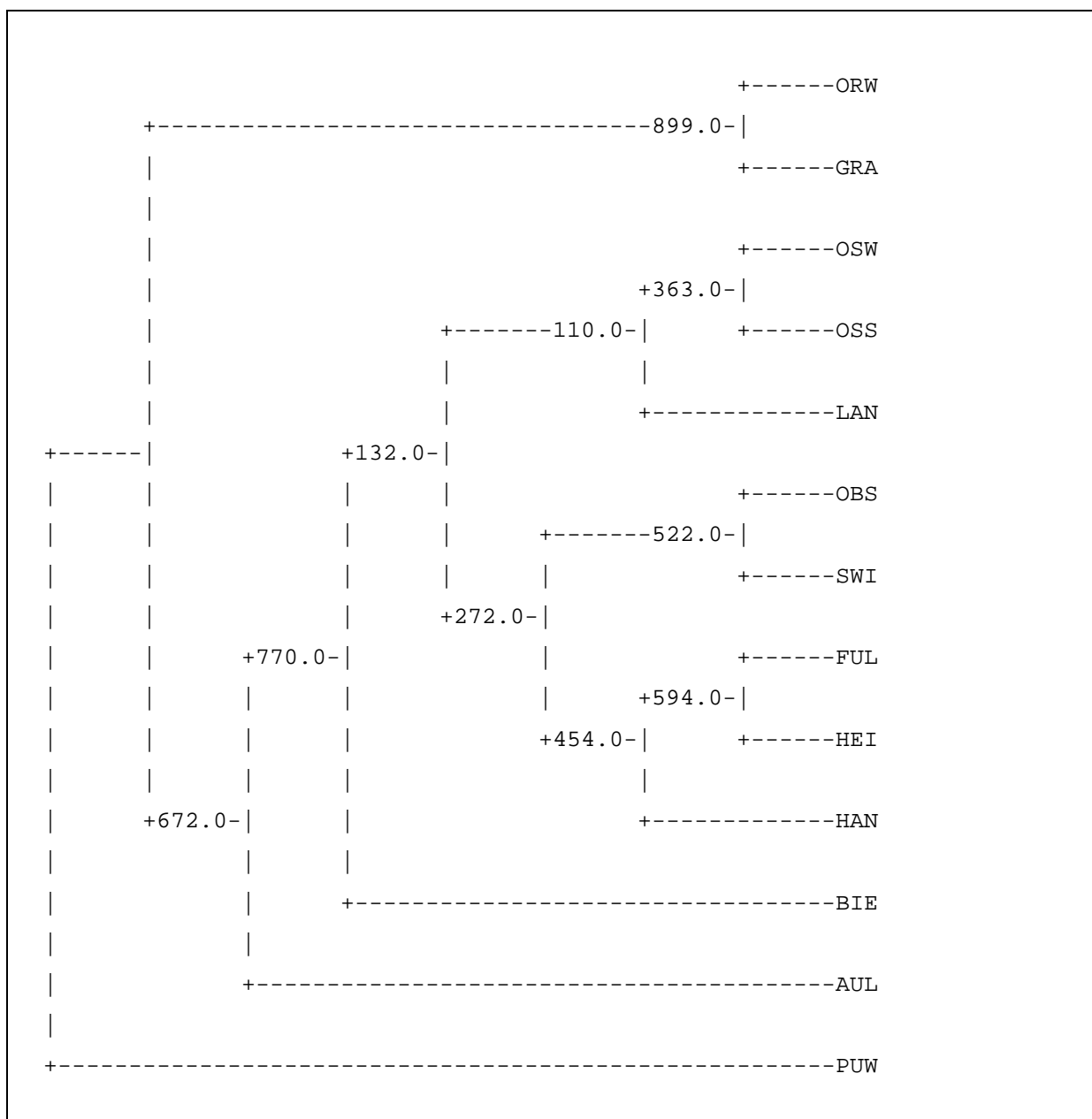


Abb. 4-32: Ergebnis der UPGMA Clustering von 13 Pulsatilla-Population

4.3.2.4 Korrelation zwischen genetischer Variabilität und Populationsgröße

Die Korrelation zwischen der Populationsgröße und dem Polymorphiegrad (P) sowie der erwarteten Heterozygotität ist in Abb. 4-33 und Abb. 4-34 dargestellt. Da P von der Anzahl der Proben abhängt und in sehr kleinen Populationen nur wenige Proben genommen werden konnten, besteht ein hochsignifikanter Zusammenhang zwischen Populationsgröße und Polymorphiegrad, welcher mit dem Spearman Rangkorrelationskoeffizient von 0,878 bestätigt ist. Für den rarified Wert wird 0,672 bei Signifikanzniveau von 0,003 ermittelt. Wird die erwartete Heterozygotität betrachtet zeigt sich ebenfalls ein hochsignifikanter, starker Zusammenhang (Spearman Rangkorrelationskoeffizient 0,746), bei dem rarified-Wert ein Rangkorrelationskoeffizient von 0,638 (Signifikanzniveau 0,006).

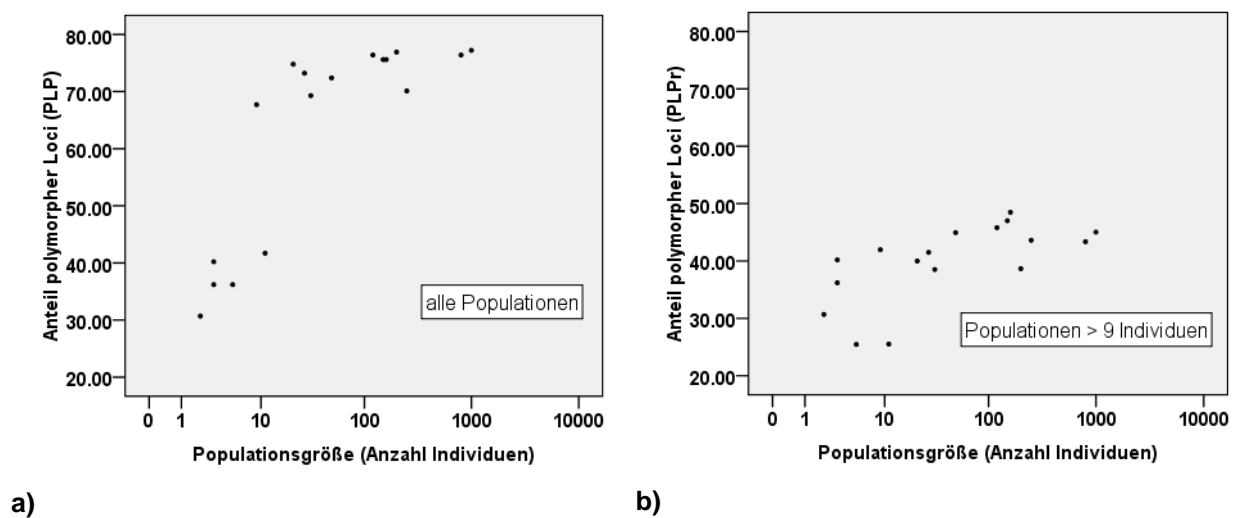


Abb. 4-33: Beziehung zwischen Populationsgröße und dem Anteil polymorpher Loci für alle Populationen (a) und für korrigierte Werte (b)

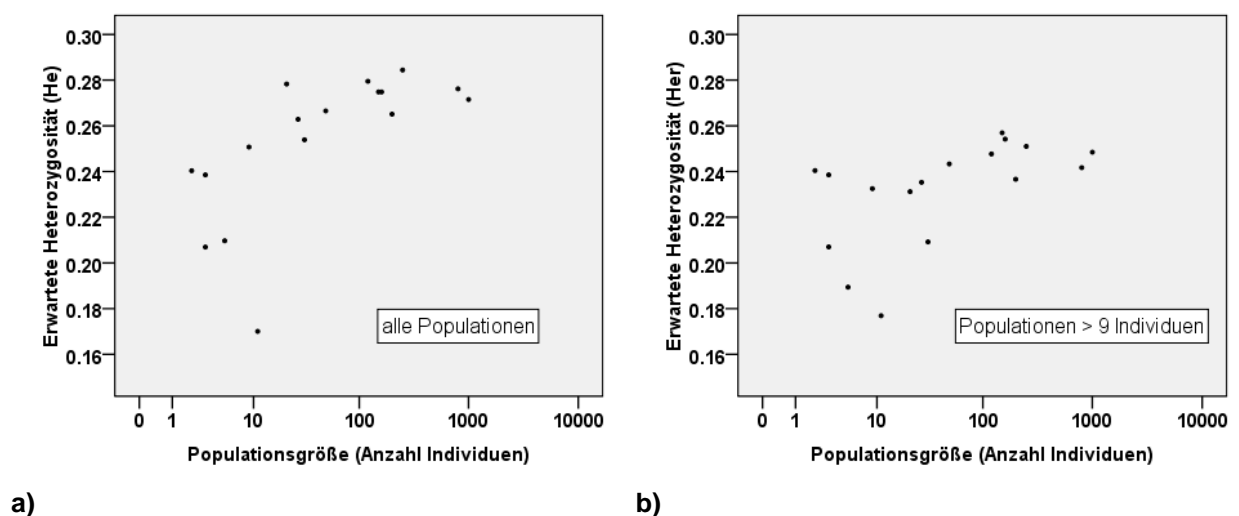


Abb. 4-34: Beziehung zwischen Populationsgröße und erwarteter Heterozygotität für alle Populationen (a) und für korrigierte Werte (b)

4.3.2.5 Korrelation zwischen genetischer Differenzierung und geographischer Distanz

Gemäß dem Probendesign sind die geographischen Entfernungen zwischen den Proben gleichmäßig verteilt, wobei die räumlichen Entfernungen zwischen 500 m und 47,6 km liegen. Der höchste Wert für die genetische Distanz ist zwischen den Populationen SUS und GRA zu finden, der niedrigste Wert zwischen OSS und LAN. Tendenziell liegt die genetische Distanz bei größeren räumlichen Entfernungen etwas höher, auch wenn in Einzelfällen, wie bei dem Höchstwert der genetischen Distanz, die räumlichen Entfernungen nur wenige Kilometer betragen. Der Zusammenhang zwischen geographischer und genetischer Distanz wird mit dem Korrelationskoeffizienten genauer untersucht.

In Abb. 4-35 ist der Zusammenhang zwischen der genetischen und der geographischen Distanz dargestellt. Es können grob zwei Punktwolken unterschieden werden: die eine Gruppe mit Distanzwerten von bis zu rund 15 km hat ihren Schwerpunkt bei einer genetischen Differenzierung von ca. 0,1, wobei diese Werte stark gestreut sind. Die zweite Gruppe mit Entfernungen von etwa 45 km hat eine etwas höhere genetische Differenzierung mit F_{ST} -Werten von ca. 0,2. Eine Korrelationsanalyse ergab für alle Populationen einen hochsignifikanten Pearsons Korrelationskoeffizient von 0,45. Betrachtet man nur die Populationen, welche weniger als 20 km voneinander entfernt liegen, besteht immer noch eine hochsignifikante Korrelation von 0,29 nach Pearson, während bei den mehr als 20 km voneinander entfernt liegenden Populationen kein Zusammenhang zwischen der genetischen und geographischen Distanz besteht.

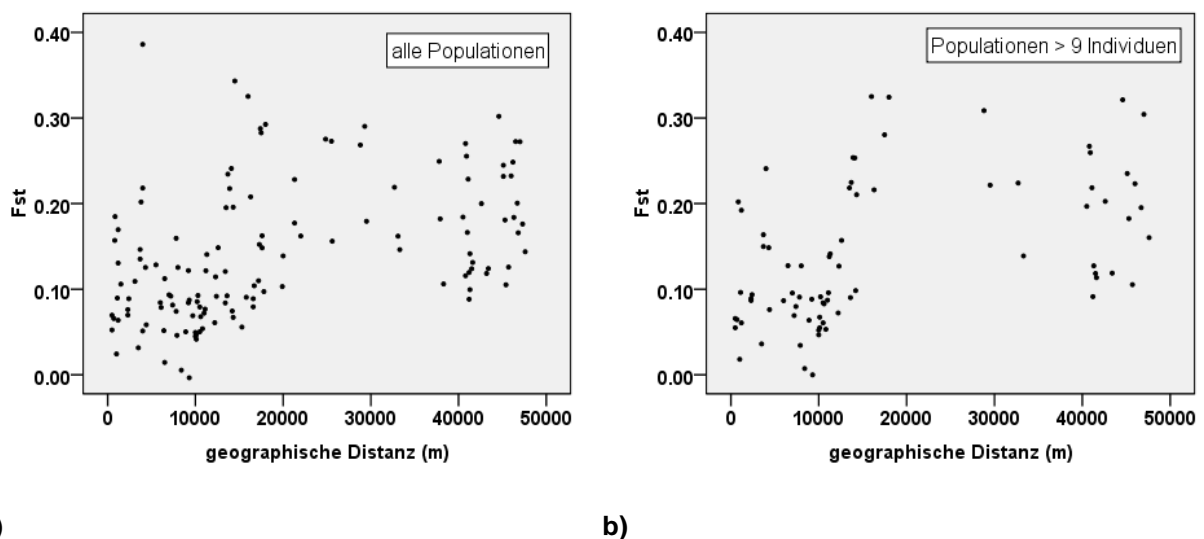


Abb. 4-35: Beziehung zwischen paarweiser geographischer und genetischer Distanz für alle Populationen (a) und für korrigierte Werte (b)

Nach dem Manteltest wurde für alle Populationen ein Korrelationskoeffizient zwischen der genetischen und geographischen Distanz von 0,45 berechnet. Der Manteltest ist hochsignifikant ($P < 0,05$; 1000 Permutationen). Die Ergebnisse zeigen, dass zwischen der genetischen und geographischen Distanz bei kleineren Entfernungen ein schwacher Zusammenhang besteht.

5 Diskussion

5.1 Die besiedlungsbestimmenden Faktoren und Modellierung der Vorkommenswahrscheinlichkeiten von *Zygaena carniolica*

In dem folgenden Kapitel werden die Bedeutung der Umweltfaktoren für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* und die Habitatmodellierung diskutiert. Die Einordnung in die übergeordneten Fragestellungen des Biotopverbundes erfolgt gemeinsam für *Zygaena carniolica* und *Pulsatilla vulgaris* in Kapitel 5.3.

Bedeutung der Umweltfaktoren für das Vorkommen von *Zygaena carniolica*

Die Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung belegen weitgehend die aus der Literatur bekannten Habitatansprüche von *Zygaena carniolica*, auch wenn einige Besonderheiten im Untersuchungsgebiet festgestellt wurden. Wie bei KOCH (1984), WAGNER (1999, 2002) und KUDRNA UND BLAB (1982) beschrieben, kommt *Zygaena carniolica* auch im Untersuchungsgebiet überwiegend in den xerothermophilen Lebensräumen der warmen Kalkgebiete vor. Dabei ist *Zygaena carniolica* nicht streng stenök, sondern besiedelt insbesondere in den wärmebegünstigten Naturräumen des Untersuchungsgebietes ein relativ weites Spektrum an Biotoptypen. Da das Untersuchungsgebiet im Verbreitungszentrum der Art liegt, sind die schon von HOFMANN (1994) beschriebenen euryöken Eigenschaften nicht außergewöhnlich. Die Auswertungen der von WAGNER (2002) auf der Schwäbischen Alb erhobenen Daten zeigten hohe Werte für die nestedness³⁵ bei *Zygaena carniolica*, welche ebenfalls auf ein relativ häufiges Vorkommen hindeuten und als eine relativ breite ökologische Nische der Art interpretiert werden können (JOß 2006b: 73, 193). Falls die Untersuchungsgebiete der Schwäbischen Alb jedoch relativ einheitlich sind, sollte der hohe nestedness-Wert von *Zygaena carniolica* als eine hohe Repräsentanz der Art für den Biotoptyp interpretiert werden. Die xerothermophile Natur der *Zygaena carniolica* zeigte sich in vorliegender Untersuchung dadurch bestätigt, dass Verbreitungsschwerpunkte der Art in den thermischen Gunsträumen des Klettgaus und der Hegau(alb) liegen.

³⁵ Der Begriff nestedness steht für die Schachtelung der Artengemeinschaften, welche durch die Auswertung der Artenzusammensetzungen in mehreren Untersuchungsgebieten ermittelt wird.

Einfluss der Konnektivität

Die Verbundsituation der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet hat einen entscheidenden Einfluss auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* und wurde im Modell nach dem Verfüllungsgrad und dem Kräuteranteil der Vegetation als drittwichtigste Variable ermittelt. In einem hierarchischen Ansatz wurden zunächst die Flächen ausgeschlossen, welche aufgrund der Habitatqualität als Habitat für *Zygaena carniolica* nicht geeignet sind. Bei dieser engeren Vorauswahl der Flächen, zeigen die Ergebnisse, dass die Verbundsituation einen stärkeren Einfluss auf die Vorkommenswahrscheinlichkeit hat als die Flächengröße. Um die Bedeutung der Konnektivität für das Vorkommen der Art zu analysieren, wurden Modelle mit und ohne Berücksichtigung der Konnektivität miteinander verglichen. Dabei zeigte sich, dass der Anteil der korrekten Prognosen bei den Modellen ohne Berücksichtigung der Konnektivität nur geringfügig geringer war als bei den Modellen mit Berücksichtigung der Konnektivität. Dieses Bild ändert sich jedoch, wenn man den Anteil der korrekt vorhergesagten Präsenzen betrachtet. Für die Vorhersage der Präsenzen lieferte das Modell mit Berücksichtigung der Konnektivität bessere Ergebnisse. Daraus kann gefolgert werden, dass die Konnektivität für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* eine entscheidende Rolle spielt. Eine gute Verbundsituation alleine reicht aber für das Vorkommen der Art nicht aus. Auch THOMAS et al. (2001) kommen bei ihren Untersuchungen zu der Schlussfolgerung, dass die Isolation und die Habitatqualität wichtige Faktoren sind für das Überleben von Tagfaltern, die in Metapopulationsstrukturen vorkommen. Die vor dem Hintergrund der Habitatfragmentierung durchgeführten Modellierungen für das Vorkommen einer im in Oregon endemischen Schmetterlingsart (*Icaricia icarioides fenderi*) zeigten ebenfalls, dass für die kurzfristige Kolonisation die kleinen, gut verbundenen Flächen wichtiger waren als große und isolierte Flächen (SCHULTZ und CRONE 2005: 887).

Im Hegau-Randen-Klettgau sind deutliche Verbreitungsschwerpunkte von *Zygaena carniolica* erkennbar, in deren Umgebung die Art häufiger anzutreffen ist als in isolierten Flächen. Die Konnektivitätsanalysen ergaben, dass eine Distanz von 700-800 m zwischen den potentiellen Habitaten für *Zygaena carniolica* überwindbar ist. Die Mobilität der einzelnen Individuen hängt von der Habitatqualität, den Eigenschaften der Population und weiteren Umweltparametern ab. Die Knappheit einer Ressource im Habitat oder eine hohe Populationsdichte kann zu höheren Flugweiten einzelner Individuen führen. Bei den Umweltfaktoren beeinflussen insbesondere die Temperatur und die Sonneneinstrahlung die Flugfreudigkeit der Individuen (SHREVE 1995: 42). Für die Kolonisierung neuer Habitats reichen einzelne reproduktive Individuen aus. Bei den überwindbaren Distanzen scheint die Entfernung der Flächen von geringerer Bedeutung zu sein, solange sie unterhalb von 700-800 m liegen. Der Wert entspricht den in Untersuchungen von KREUSEL (1999), WAGNER (2002), SMOLIS und GERKEN (1987) und HÜBNER (2002) ermittelten Flugdistanzen. Hierbei ist zu erwähnen, dass Angaben, welche mit der Wiederfangmethode ermittelt werden, keine kontinuierlichen Werte darstellen. Die Wiederfangversuche liefern Belege für das Potential der Arten, welche Entfernungen zwischen besetzten Habitats zurückgelegt werden können. Die Ergebnisse der 700-800 m-Distanz der vorliegenden Untersuchung berücksichtigen – im Gegensatz zu den

Wiederfangversuchen – auch die nicht besiedelten potentiellen Habitate. Für den planerischen Kontext bedeutet dies, dass auch die potentiellen Habitate, welche zum Erhebungszeitpunkt nicht besetzt sind, für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* wichtig und daher bei der Schutzgebietsplanung zu berücksichtigen sind. Weiterer Forschungsbedarf besteht, um die Frage zu klären, warum in Gebieten trotz hoher Konnektivität und Habitatqualität *Zygaena carniolica* nicht vorkommt. Verbundanalysen, welche die Landschaftsmatrix mit einbeziehen, könnten hier weitere Erkenntnisse liefern. Im lokalen Maßstab liegen hierzu Untersuchungen zum Einfluss der unterschiedlichen Nutzungen in der Landschaftsmatrix vor (RICKETS 2001).

Im Gegensatz zu der vorliegenden Untersuchung konnte der Einfluss der Konnektivität auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* von BINZEHÖFER et al. (2005) nicht bestätigt werden. Ein möglicher Grund hierfür liegt darin, dass das Untersuchungsgebiet bei BINZEHÖFER et al. mit rund 10 Quadratkilometer vergleichsweise klein ist und zudem eine hohe Habitatkonnektivität aufweist. FRANZEN und NILSSON (2007) ermittelten eine Mindestgröße der Untersuchungsgebiete von 50 Quadratkilometern, um Wanderungsbewegungen von Widderchen realistisch untersuchen zu können.

Einfluss der Flächengröße

Nach Gruppenvergleichstests war das Vorkommen von *Zygaena carniolica* in größeren Flächen häufiger als in den kleineren Flächen. Die multivariaten Analysen zeigten jedoch, dass nicht die Flächengröße per se, sondern von der Flächengröße abhängige Habitateigenschaften für das Vorkommen entscheidend sind. Die kleinen Flächen werden häufig nicht genutzt und verfügen daher über eine geringere Habitatqualität. Viele der als Magerrasen kartierten Flächen sind sehr kleinflächig und Gebüsch oder Säumen vorgelagert und weisen keine für das Larvalhabitat von *Zygaena carniolica* geeigneten Strukturen auf. Die untergeordnete Bedeutung der Habitatgröße für *Zygaena carniolica* wiesen auch BINZEHÖFER et al. (2005) nach, in deren logistischen Regressionsanalysen die Flächengröße keinen signifikanten Einfluss auf das Vorkommen hatte. Für andere Tagfalterarten belegten dies auch Untersuchungen von THOMAS et al. (2001), während KRAUSS et al. (2003) höhere Einwanderungsraten in größere Flächen feststellten. Für *Zygaena carniolica* dagegen zeigten auch die Verbundanalysen, dass innerhalb kleinerer Aktionsradien die Flächengröße nicht entscheidend war. JOOB (2006b) ermittelte in seiner Validierung des landesweiten Ansatzes der Habitatmodellierung für alle Rotwidderchenarten im Vergleich zu anderen Tagfalterarten relativ geringe Ansprüche an die Flächengröße. Für *Zygaena carniolica* gibt er nach Auswertung der Felddaten einen Anspruch an eine Flächengröße von 10 ha an. Diese Werte sind sehr hoch im Vergleich zum Hegau-Randen-Klettgau, in dem die durchschnittliche Flächengröße mit Vorkommen bei rund 1,6 ha liegt. Die von JOOB (2006b) ausgewerteten Geländedaten stammen zum überwiegenden Teil von der Schwäbischen Alb, wo Kalkmagerrasen landschaftsprägend sind und in großen Flächen vorkommen.

Einfluss der Nutzung, des Verfilzungsgrades und des Kräuteranteils

Abweichend von WAGNERS Untersuchungen sind nach den Regressionsanalysen der vorliegenden Arbeit nicht die Trockenheit und Lückigkeit der Vegetation die wichtigsten Faktoren für das Vorkommen von *Zygaena carniolica*, sondern der Verfilzungsgrad und Kräuteranteil der Vegetation. Eine mögliche Erklärung für die unterschiedliche Bedeutungszumessung der internen Habitatqualitätsparameter liegt in einer regional unterschiedlichen Einnischung von *Zygaena carniolica*. Eine weitere mögliche Erklärung liegt darin, dass unterschiedliche Umweltparameter erhoben wurden und damit die Ergebnisse nur bedingt vergleichbar sind. Der Kräuteranteil und der Verfilzungsgrad wurden von WAGNER nicht kartiert. Die Trockenheit des Standortes wurde in der vorliegenden Untersuchung über das Vorkommen von floristischen Zeigerarten nur grob erfasst, so dass bei über einem Drittel der Flächen die Arten der Mesobrometen kennzeichnend sind. Eine differenziertere Standortansprache ist mit Vegetationsaufnahmen möglich. Die Lückigkeit der Vegetation wurde über den Anteil an offenen Bodenstellen geschätzt, wobei über ein Drittel der Flächen über 25 Prozent offenen Boden aufwiesen. Weiterführende Sensitivitätsanalysen des Modells könnten testen, inwieweit sich eine Differenzierung dieser relativ stark besetzten Kategorien auf die Ergebnisse auswirken. Denkbar wäre, dass die Erklärungswerte der Variablen Trockenheit und Lückigkeit für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* erst innerhalb einer feineren Abstufung zunehmen. Die Bedeutung der Erfassungstiefe für die Auswertungen zeigt sich auch bei der Variablen Nutzungsart, welche im logistischen Regressionsmodell im Vergleich zu den anderen Variablen einen geringeren Erklärungswert hatte. Die univariaten Vergleichstests dagegen belegten, dass *Zygaena carniolica* in genutzten Flächen hochsignifikant häufiger vorkommt als in ungenutzten Flächen. In der multivariaten Auswertung weisen dann andere Faktoren höhere Korrelationen mit dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* auf. Die Wahrscheinlichkeit, dass die Art vorkommt, ist in beweideten Flächen genauso groß wie in den gemähten Flächen. Der frühe Ausschluss der Variablen Nutzungsart aus dem logistischen Regressionsmodell kann dadurch erklärt werden, dass die Unterscheidung in Mahd und Beweidung für *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet nicht relevant ist. Vergleichbare Ergebnisse liegen aus Nordbayern vor. BINZENHÖFER et al. (2005) stellen fest, dass sowohl die Schafbeweidung als auch die Heuernte positiv mit dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* korrelieren, während sich Rinderbeweidung und Mulchen nachteilig auf die Habitate auswirken. Für die Schwäbische Alb dagegen beschreibt WAGNER (1999) *Zygaena carniolica* als eine ausgesprochene Xerothermenart, welche im Vergleich zu den anderen Widderchenarten die flachgründigsten und lückigsten Standorte besiedelt. In stärker verfilzte Gebiete ohne offene Bodenstellen dringt dort *Zygaena carniolica* kaum vor und kommt schwerpunktmäßig in kurzrasigen, intensiv beweideten Kalkmagerrasen vor (WAGNER, 1999: 59; JOß 2006b). Im Untersuchungsgebiet des Randen-Hegau-Klettgau liegt der Schwerpunkt dagegen in den Wiesen, wobei insbesondere im Klettgau auch mesophile und nicht streng xerotherme Standorte besiedelt werden. Überraschend starke *Zygaena carniolica* Populationen in den mäßig bewirtschafteten Wiesen des Klettgaus beobachtete HOFMANN bereits Anfang der 1990er Jahre (HOFMANN 1994).

Die das Vorkommen von *Zygaena carniolica* am besten erklärenden Umweltfaktoren, welche die Habitatqualität beschreiben, sind der Kräuteranteil und der Verfilzungsgrad der Vegetation. In kräuterreichen, wenig verfilzten Beständen ist die Vorkommenswahrscheinlichkeit höher als in ungenutzten, grasreichen Flächen. Der Verfilzungsgrad der Flächen ist von der Nutzung abhängig. In ungenutzten Flächen sind krautige Pflanzen gegenüber Gräsern konkurrenzschwächer, da sie sich im Schatten der Gräser nicht entwickeln können. In ungenutzten, versaumenden Flächen wurde *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet vereinzelt nachgewiesen. Zu den Vorkommen von *Zygaena carniolica* in ruderalisierten Flächen bemerkte HOFMANN, dass diese Standorte zum Imaginalhabitatspektrum in Baden-Württemberg gehören, aber mit Sicherheit nicht zum eigentlichen Larvalhabitat (HOFMANN 1994: 252).

Einfluss der Futterpflanzen

Einen wesentlichen Einfluss auf das Vorkommen von *Zygaena carniolica* haben die Futterpflanzen, wobei im Untersuchungsgebiet die Raupennahrung eine wichtigere Rolle spielt als die Nahrung der Falter. Dies konnte durch die univariaten Auswertungen, der logistischen Regressionsanalyse und der Hauptkomponentenanalyse belegt werden. Die Nahrungspflanzen sind im Untersuchungsgebiet nicht auf die extremen Standorte beschränkt, sondern sind auch in großer Verdichtungsstärke in den mäßig bewirtschafteten Wiesen vorhanden. Die Larvalhabitate differenzieren Vorkommen und Nicht-Vorkommen besser als die Imaginalhabitate. THOMAS et al. (2001) stellen ebenfalls fest, dass die Ressourcen von Imagines selten begrenzende Faktoren darstellen. Bemerkenswert ist, dass bei BINZENTHÖFER et al. (2005) die Imaginalhabitate wichtiger sind als die Larvalhabitate. Nach BINZENTHÖFER et al. sind besonders bei Arten, welche eine enge Bindung an einen Habitattyp haben und in geeigneten Flächen häufig vorkommen und in weniger geeigneten kaum gefunden werden, die Larvenfutterpflanzen nicht entscheidend. Der Argumentation, dass die Raupenfutterpflanze *Lotus corniculatus* weit verbreitet ist und daher kein Einfluss nachweisbar ist, kann nicht gefolgt werden, da eine weite Verbreitung für *Centaurea jacea* und *Scabiosa columbaria* ebenfalls zutrifft. Die Tatsache, dass die Larvalhabitate häufig die besiedlungslimitierenden Faktoren darstellen, ist für zahlreiche andere Falterarten bekannt. Eine umfangreiche Zusammenschau der aktuellen Erkenntnisse zur Larvalökologie von Tagfaltern und Widderchen publizierten FARTMANN UND HERMANN (2006).

Vergleich mit Habitatmodellierungen anderer Untersuchungen

Mit der Auswertung der Präsenz-Absenz-Daten von *Zygaena carniolica* und den Umweltfaktoren, welche nach Angaben in der Literatur und dem Expertenwissen relevant sind, konnte mit dem Verfahren der logistischen Regression ein wissenschaftliches, statistisches Vorhersagemodell für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* erstellt werden. Der Anteil der korrekten Prognosen über das Vorkommen der Art lag bei dem besten Modell bei 84%

und einem AUC-Wert von 0,86. Die Vorhersagewerte sind als gut bis sehr gut einzustufen, da AUC-Werte von 0,8 als gute und AUC-Werte von 0,9 als sehr gute Modelle gelten (HOSMER und LOMESHOW 2000). Nach der logistischen Regressionsanalyse sind der Verfilzungsgrad und der Kräuteranteil der Vegetation sowie die Konnektivität der Habitats die Umweltfaktoren, welche das Vorkommen von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet am besten erklären.

BINZENTHÖFER et al. (2005) erstellten ebenfalls für *Zygaena carniolica* in Nordbayern ein Habitatmodell mit logistischer Regression mit der Zielsetzung Habitatpotentialflächen vorherzusagen. Mit 118 Untersuchungsflächen, von denen wie im Hegau-Randen-Klettgau auf rund einem Drittel *Zygaena carniolica* vorkam, und von der Anzahl der untersuchten Umweltparametern ist die Arbeit vom Umfang vergleichbar mit der vorliegenden Untersuchung. Das Probendesign unterscheidet sich jedoch darin, dass eine geschichtete Zufallsstichprobe nach dem Nutzungstyp genommen wurde und daher auch weniger geeignete Nutzungstypen untersucht wurden, während in der vorliegenden Untersuchung mit der alleinigen Untersuchung der Trockenrasen eine engere Vorauswahl der Flächen stattfand. Neben den weitgehend übereinstimmenden internen Habitatqualitätsparametern wie beispielsweise Raupen- und Falterfutterpflanzen, der Vegetationshöhe und Anteil offener Boden, wurde von BINZENTHÖFER et al. zusätzlich der Landschaftskontext berücksichtigt. Die Analyse der Konnektivität erfolgte über Habitateignungskarten und Auswertungen von Wiederfang-Versuchen. Mit internen und externen statistischen Validierungen konnten BINZENTHÖFER et al. die Robustheit und Übertragbarkeit des Modells bestätigen und erreichten in rückwärtsgerichteten Regressionsmodellen AUC-Werte von bis zu 0,9. Nach dem Modell hatten der Habitattyp, welcher durch einen Nutzungstyp definiert, ist den höchsten Erklärungswert, gefolgt von dem Vorkommen der Nektarpflanzen *Centaurea jacea* und *Scabiose columbaria* und der Nutzungsart. Da in den nordbayerischen Untersuchungsgebieten die Habitatkonnektivität hoch war, konnte kein Effekt von Isolation oder Habitatgröße nachgewiesen werden. Nach BINZENTHÖFER et al. ist das Vorkommen von *Zygaena carniolica* von dem Vorkommen der Falterfutterpflanzen und den Trockenrasen in direkter Umgebung abhängig, während für *Lotus corniculatus* kein Einfluss nachweisbar war. Diese Ergebnisse unterscheiden sich mit denen der vorliegenden Untersuchung, da hier die Raupenfutterpflanzen einen stärkeren Erklärungswert hatten. Die Aussage, dass die Habitatqualität entscheidend ist, kann jedoch auch für den Hegau-Randen-Klettgau bestätigt werden.

SCHRÖDER (2000b) erstellte ebenfalls mit einer logistischen Regressionsanalyse ein Habitatmodell für Heuschrecken im Drömling. Wie *Zygaena carniolica* sind die ausgewählten Heuschrecken (*Conocephalus dorsalis* und *Stethophyma grossum*) besonders gut für Habitatmodellierungen geeignet, da sie spezifische Habitatansprüche haben, eine geringe Mobilität aufweisen und eine hohe Findungsrate im Gelände garantieren. Neben dem Vergleich unterschiedlich komplexer Modelle verfolgt SCHRÖDER einen weitergehenden Ansatz, da die logistische Regression mit populationsdynamischen Daten erweitert wurde. Damit konnten Simulationsmodelle erstellt und Nutzungsszenarien aufgezeigt werden. Ein Schwerpunkt der Arbeit liegt in der Validierung der Modelle, in deren Rahmen die gute Eignung der AUC-

Werte, welche auch in der vorliegenden Arbeit verwendet wurden, zur Gütebewertung herausgestellt wird. Der Vergleich unterschiedlich komplexer Modelle ist aufschlussreich. Im Drömling konnte mit über 1500 untersuchten Transekten pro Art auf umfangreiche Geländedaten zurückgegriffen werden. Damit liegt die Anzahl der ausgewerteten Datensätze wesentlich höher als in der vorliegenden Untersuchung. Mit dem einfachsten Modell, welches nur die Biotoptypen nach den Nutzungskartierungen berücksichtigt, konnten AUC-Werte von 0,69/0,73 erreicht werden. Wurden zusätzlich Habitatfaktoren, wie z.B. die Deckung von einzelnen Arten, die Vegetationshöhe oder dominante Pflanzenarten hinzugezogen, erhöhte sich der AUC-Wert auf 0,78/0,81. Mit der Information der komplexen Vegetationsstrukturen, welche unter großem Aufwand nur für kleine Flächen erhoben werden können, war es möglich, die Modellgüte auf AUC-Werte von 0,91/0,94 zu verbessern. Diese Ergebnisse passen gut zu den Modellierungsergebnissen für *Zygaena carniolica* der vorliegenden Arbeit. Die Einbeziehung der Habitatqualität verbessert die Vorhersagewahrscheinlichkeit gegenüber einem lediglich auf den Biotoptypen basierenden Modell deutlich. Inwieweit eine noch detailliertere Erhebung der Vegetation das Vorhersagemodell für *Zygaena carniolica* im Hegau-Randen-Klettgau verbessert, könnte in weiteren Erhebungen und Auswertungen untersucht werden.

Die Vergleiche der vorliegenden Arbeit mit den Untersuchungen von BINZENHÖFER (2005), SCHRÖDER (2000), KUHN (1998), SACHTELEBEN (1999) und MATTHEW (2000) zeigen, dass es bei vorhandenen Informationen zur Habitatqualität möglich ist, mit der logistischen Regressionsanalyse die Vorkommenswahrscheinlichkeiten einzelner Arten gut bis sehr gut vorherzusagen. Habitatmodellierung mit logistischer Regression beruhen auf der Prämisse, dass die Präsenz einer Art mit geeigneten Habitaten und die Absenz mit ungeeigneten Habitaten übereinstimmen. Diese Voraussetzung war im Untersuchungsgebiet nicht ausnahmslos erfüllt, da in einzelnen Flächen Imagines von *Zygaena carniolica* außerhalb ihrer Larvalhabitate nachgewiesen wurden. Die Vorteile der Habitatmodelle liegen in der Objektivität und Offenlegung der Kriterien, welche für die Bewertung herangezogen werden. Nachteile bestehen darin, dass sie aufgrund der Auswahl der Schlüsselfaktoren nur eine Annäherung an die Realität abbilden, deren Komplexität von Experten mit langjähriger Geländeerfahrung besser erfasst werden kann. Das hier angewendete Modell der logistischen Regression ist statischer Natur, d.h. es können keine Aussagen über die Überlebensfähigkeiten der Populationen von *Zygaena carniolica* gemacht werden.

SACHTELEBEN (1999) verwendet in seiner Untersuchung über die Relevanz der Raumfunktion bei der Erfüllung von ökologischen Funktionen in Kalkmagerrasen zwei etablierte Habitatmodelle: zum einem das logistische Regressionsmodell, zum anderen ein von HANSKI entwickeltes, einfaches Metapopulationsmodell. Das Inzidenzfunktionsmodell beruht auf theoretischen Überlegungen zur Extinktion und Kolonisierung, gibt also eine biologische Erklärung für die Beziehung zwischen dem Vorkommen einer Art und den Raumgrößen an. Das Inzidenzfunktionsmodell lieferte bessere Ergebnisse als die logistische Regression, allerdings besteht ein wesentlicher Nachteil darin, dass für zuverlässige Aussagen eine relativ große Anzahl von Stichproben notwendig ist. KRAUSS et al. (2003) untersuchten ebenfalls die

Dynamik von über 50 Tagfalterarten mit Daten zur Einwanderungs- und Sterberate. Mit den für das Untersuchungsgebiet vorliegenden Daten sind jedoch Aussagen über die Wanderungsbewegung der Individuen oder über die Dynamik der Populationen nicht möglich.

Im Vergleich zu anderen Untersuchungen wurde in der vorliegenden Arbeit räumlich ein relativ großes Gebiet bearbeitet. Die Auswahl der Untersuchungsflächen stellte einen Kompromiss zwischen dem Wunsch nach flächendeckenden Informationen und dem leistbaren Erhebungsaufwand dar (vgl. ALTMOOS 2003: 251). Mit der zufälligen Stichprobenauswahl aus verschiedenen Größen- und Konnektivitätskategorien konnte sichergestellt werden, dass verschiedene Flächentypen gleichermaßen berücksichtigt werden. Da die Art relativ selten vorkommt, wurden bei der Erhebung der Habitatqualität zusätzlich die Flächen mit bekannten Vorkommen berücksichtigt. Dadurch ist es gleichermaßen möglich, Aussagen zu treffen, wo die Art nicht vorkommt und wo sie vorkommt. Die Präsenz-Absenz-Daten sind nur als Momentaufnahme zu interpretieren, da gerade für *Zygaena carniolica* starke Populationschwankungen bekannt sind (HOFMANN 1994: 245). Die Problematik, dass mit nach vegetationskundlich orientierten Kartierungen faunistisch wertvolle Lebensräume nur unvollständig berücksichtigt werden (SCHLUMPRECHT und VÖLKL 1992), ist aufgrund der starken Habitatbindung von *Zygaena carniolica* an Trockenrasen und dem nicht flächendeckenden Ansatz der Untersuchung vernachlässigbar. Mit den Stichproben, welche rund 10 Prozent der Flächen umfassten, wurde versucht, eine repräsentative Auswahl aus dem Gesamtvorkommen der Trockenrasen zu analysieren. Die Tendenz der Ergebnisse hätte sich bei einer größeren Anzahl der Untersuchungsflächen vermutlich nicht geändert. Zur Überprüfung dieser Vorgehensweise könnte als eine weitere Aufgabe eine statistische Validierung des Modells durchgeführt werden.

Der Diskussion der verschiedenen Untersuchungen zeigt, dass die Auswahl der Umweltparameter und die regionalen Gegebenheiten die Ergebnisse entscheidend mitbestimmen. Die verwendeten Verfahren beruhen auf der Analyse der Zusammenhänge zwischen den Faktoren und dem Vorkommen von *Zygaena carniolica* und sind nur bedingt kausal zu interpretieren. Daher sind eine Validierung der Ergebnisse und die Interpretation der Zusammenhänge wichtig

5.2 Genetische Diversität von *Pulsatilla vulgaris*

In dem folgenden Kapitel wird die genetische Diversität von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet diskutiert, wobei der Vergleich mit Ergebnissen aus genetischen Untersuchungen zu anderen Pflanzenarten im Vordergrund steht. Die Diskussion der übergeordneten Fragestellung des Biotopverbundes erfolgt für *Pulsatilla vulgaris* und *Zygaena carniolica* gemeinsam in Kap. 5.3.

Die AFLP-Methode ermöglichte es, die Genotypen von *Pulsatilla vulgaris* abzubilden, welche die Grundlage für die Bestimmung der Diversität innerhalb und zwischen den Populationen lieferten. Die AFLP ist aufgrund ihrer guten Reproduzierbarkeit, welche mit Doppelproben getestet wurde, gut geeignet, um die Analysen durchzuführen. Weitere Vorteile der Methode liegen darin, dass nur eine geringe Menge an DNA benötigt wird und keine Kenntnis der Gensequenzen notwendig ist (VOS et al. 1995: 4407, AFLP PLANT MAPPING PROTOCOL 1995). Ein Nachteil der AFLP-Methode ist, dass nur dominante Marker zum Einsatz kommen, mit denen eine höhere Homozygotie nicht nachgewiesen werden kann. Idealerweise sollten daher AFLP und RADP-Methoden durch z.B. Mikrosatelliten oder Allozymanalysen ergänzt werden, welche zwischen homozygoten und heterozygoten Individuen unterscheiden können (VEITH et al. 1999: 125).

Die natürlich fragmentierten Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet sind in den letzten Jahrzehnten durch das Wegfallen einzelner Populationen und durch die Veränderung der Standortbedingungen stärker isoliert und kleiner geworden. Bei größeren Distanzen zwischen den Habitaten ist der Genfluss zwischen den Populationen eingeschränkt. Der Verlust der genetischen Variabilität durch genetischen Drift kann nicht durch die Einwanderung von Samen oder Pollen aus anderen Populationen ausgeglichen werden. Dies führt theoretisch zu einer erhöhten Differenzierung zwischen den Populationen (OOSTERMEIJER et al. 2003: 390). Mit den genetischen Analysen von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet wird auf regionaler Ebene die Bedeutung der räumlichen Distanzen zwischen den Habitaten und der Einfluss der Populationsgröße auf die genetische Diversität untersucht. Dabei spielen sowohl die Prozesse, die innerhalb der Populationen stattfinden, als auch diejenigen, welche zwischen den Populationen stattfinden, eine Rolle. Der erwartete Verlust der genetischen Diversität konnte im Untersuchungsgebiet nachgewiesen werden. Kurzfristig kann der Verlust der Heterozygotie die Fitness der Individuen reduzieren und damit die Überlebensfähigkeit der Population vermindern. Längerfristig kann der Verlust von genetischer Vielfalt innerhalb einer Population bewirken, dass die Anpassungsfähigkeit auf sich verändernde Umweltbedingungen verloren geht (YOUNG et al. 1996: 413). Wenn der Erhalt einzelner Populationen angestrebt wird, ist die genetische Variabilität innerhalb der Populationen die entscheidende Größe. Wenn es um den Erhalt einer Art in einer Region geht, sollte versucht werden, den genetischen Austausch zwischen den lokalen Populationen einzuschätzen (OOSTERMEIJER 2000: 24).

Die Ergebnisse der genetischen Analyse von *Pulsatilla vulgaris* zeigen, dass im Untersuchungsgebiet 85% der gesamten genetischen Diversität innerhalb der Populationen liegt. Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen ist signifikant, aber nur schwach ausgeprägt. Die Auswirkungen der räumlichen Isolation konnten mit einer schwachen, aber signifikanten, positiven Korrelation zwischen der genetischen und geographischen Distanz nachgewiesen werden. Ein deutlicher, positiver Zusammenhang zeigte sich zwischen der Populationsgröße und Diversität. Die untersuchten Populationen bestehen schon seit Jahrzehnten und waren früher größer. Daher wird die positive Korrelation zwischen Populationsgröße und genetischer Variabilität als das Ergebnis des Verlustes der Variabilität in kleinen Populationen durch genetischen Drift interpretiert.

Die Clusteranalysen und die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) ließen keine Gruppierungen der Populationen nach Regionen erkennen, d.h. die genetische Struktur von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet ist sehr einheitlich. *Pulsatilla vulgaris* erreicht im Untersuchungsgebiet ihre südliche Verbreitungsgrenze in Mitteleuropa. Theoretisch sind aufgrund der geringen Vorkommen die Populationen am Arealrand im Vergleich zu den zentralen Populationen genetisch verarmt. Vergleicht man die Ergebnisse der peripheren Populationen von *Pulsatilla vulgaris* in der vorliegenden Untersuchung mit denen von HENSEN et al. (2005) untersuchten, im Arealzentrum liegenden Populationen, kann keine Abnahme der genetischen Vielfalt festgestellt werden. Auch DANNEMANN (2000) konnte für die Reliktart *Biscutella leavigata* eine Abnahme der genetischen Vielfalt vom Zentrum zu den Außengrenzen hin nicht bestätigen. Die Hypothese, dass sich mediterrane und panonische nacheiszeitliche Einwanderungsströme in der genetischen Struktur der rezenten Populationen im Untersuchungsgebiet widerspiegeln, konnte für *Pulsatilla vulgaris* nicht bestätigt werden (vgl. OBERDORFER 1936, ZOLLER 1954: 154). Die einheitliche genetische Struktur kann dadurch erklärt werden, dass aufgrund der ehemals weiteren Verbreitung der Reliktarten historisch ein stärkerer Genfluss zwischen den Populationen vorhanden war. Möglicherweise ist das Untersuchungsgebiet zu klein, um eine genetische Differenzierung in Gruppen zu erkennen. Ein genetischer Vergleich mit einigen hundert km entfernt liegenden *Pulsatilla vulgaris* Populationen wäre aufschlussreich, um die Frage zu klären, ob die einheitliche genetische Struktur von *Pulsatilla vulgaris* ein überregionales Phänomen ist.

Vergleich mit populationsgenetischen Untersuchungen langlebiger Pflanzenarten

Eine vom Maßstab und Probenumfang vergleichbare genetische Untersuchung an *Pulsatilla vulgaris* führten HENSEN et al. (2005) in Thüringen durch. Die Populationsgrößen waren mit 50 bis 7300 Individuen im Durchschnitt größer als die Populationen im Hegau-Randen-Klettgau, die Entfernungen zwischen den Populationen lagen zwischen 200 m und 76 km und sind damit vergleichbar mit denen im Untersuchungsgebiet. Obwohl HENSEN et al. mit der RADP eine etwas andere Methode anwendeten, sind die Ergebnisse auffallend ähnlich. Die AMOVA zeigte, dass 84% (beim Hegau-Randen-Klettgau 85%) der genetischen Diversität innerhalb der Populationen liegt und 6% der Diversität den unterschiedlichen Regionen

zugeordnet werden können (Hegau-Randen-Klettgau 4%). Die Ergebnisse zu den Zusammenhängen mit der Populationsgröße und zwischen der genetischen und geographischen Distanz sind ebenfalls sehr ähnlich. Der in der vorliegenden Untersuchung ermittelte F_{ST} -Wert von 0,17 ist identisch mit dem Wert bei HENSEN et al. Er kann so interpretiert werden, dass sich die Populationen zu einem gewissen Grad individuell entwickelt haben und eine deutliche Differenzierung vorliegt. Der Vergleich unterschiedlicher F_{ST} -Werte ist aus methodischen Gründen nicht unproblematisch, da in die Berechnungen unterschiedliche Größen einfließen. Dennoch ist ein F_{ST} -Wert von 0,17, verglichen mit anderen Untersuchungen, als nicht besonders hoch einzustufen. So geben beispielsweise NYBOM et al. (2000) basierend auf einer umfassenden Metaanalyse für langlebige, ausdauernde Arten einen F_{ST} -Wert von 0,25 an und für auskreuzende Arten eine F_{ST} -Wert von 0,28. Bei diesen deutlich höheren Werten ist jedoch zu berücksichtigen, dass viele der von NYBOM et al. analysierten Studien stark fragmentierte Arten untersuchten, welche tendenziell eine stärkere Differenzierung aufweisen. Die Differenzierung zwischen den Populationen wird in dem unten folgenden Abschnitt weiter diskutiert. HENSEN et al. untersuchten mittels eines Ordnationsverfahrens die Ähnlichkeit der Populationen. Im Gegensatz zu den Ergebnissen der vorliegenden Untersuchung konnte eine schwache Gruppierung festgestellt werden, wobei starke Überschneidungen der Gruppen auftraten.

Aus methodischer Sicht spricht der Vergleich mit den Ergebnissen von HENSEN et al. (2005) dafür, dass AFLP und RADP für die genetischen Untersuchungen gleichermaßen geeignet sind und methodische Fehler bei der Laboranalyse und der anschließenden statistischen Auswertungen ausgeschlossen werden können.

In Polen wurde die mit *Pulsatilla vulgaris* nahe verwandte, stark gefährdete Art *Pulsatilla vernalis* ebenfalls mit der AFLP-Methode untersucht (RONIKIER 2002). Die sieben untersuchten Populationen waren sehr klein, d.h. nur eine bestand aus mehr als 50 Individuen. Die Diversität innerhalb der Populationen lag etwas niedriger als bei der vorliegenden Untersuchung. Die AMOVA zeigte, dass 72% der Diversität innerhalb der Populationen liegt, die mit UGMPA durchgeführte Clusteranalyse ließ ebenfalls keine klaren geographischen Muster erkennen. Ähnlich wie die bei *Pulsatilla vulgaris* hatten auch kleine Populationen teilweise eine relativ hohe Variabilität. RONIKIER erklärt dies dadurch, dass *Pulsatilla vernalis* erst in den letzten Jahrzehnten drastisch zurückgegangen ist und somit die genetische Vielfalt in den einzelnen Individuen der Populationen noch erhalten ist.

Der Vergleich der Untersuchungen bestätigt, dass für die *Pulsatilla*-Arten als langlebige, überwiegend fremdbestäubte Art mit einem relativ geringen Ausbreitungsvermögen eine hohe Variabilität typisch ist. In allen drei Gebieten waren die *Pulsatilla*-Arten früher weiter verbreitet. Die Abnahme der Variabilität bei geringerer Populationsgröße ist darauf zurückzuführen, dass bei weniger Individuen die Wahrscheinlichkeit steigt, dass Allele beim Wechsel in die nächste Generation verloren gehen.

Eine deutlich von *Pulsatilla vulgaris* abweichende genetische Struktur stellten HONNAY et al. (2006) bei der stark gefährdeten Art *Globularia bisnagarica* in Südbelgien fest. Wie *Pulsatilla vulgaris* ist *Globularia bisnagarica* eine ausdauernde Art und hat ebenfalls die Möglichkeiten sowohl zur Insekten- als auch zur Selbstbestäubung. *Globularia bisnagarica*, eine Kennart des Xerobromions hat ihre Hauptverbreitung ebenfalls in Trocken- und Halbtrockenrasen und besiedelt dort häufig offene, felsige Bodenstellen. HONNAY et al. untersuchten mit AFLP die genetische Diversität der Art und stellten die Ergebnisse in Zusammenhang mit der historischen Verbreitung der Kalkmagerrasen in der Region. *Globularia bisnagarica* zeichnete sich durch eine starke genetische Differenzierung zwischen den Populationen und eine geringe genetische Variabilität innerhalb der Populationen aus. Die geringe Variabilität ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass bei der Art die Selbstbestäubung überwiegt. Dabei zeigten isolierte Populationen eine geringere Variabilität, während zwischen der Variabilität und der Populationsgröße kein Zusammenhang festgestellt wurde. Den fehlenden Zusammenhang zwischen Populationsgröße und genetischer Variabilität führen die Autoren auf mögliche starke Populationsschwankungen der Art zurück. Die am stärksten isolierten Flächen lagen mehr als zwei km von möglichen Pollenquellen entfernt, so dass nach Ansicht von HONNAY et al. ein Genfluss in diese Populationen unwahrscheinlich ist. Die historisch verbundenen Kalkmagerrasen zeigten sich in klaren geographischen Clustern. Das bedeutet, dass im Gegensatz zu *Pulsatilla vulgaris* im Randen-Hegau-Klettgau bei *Globularia bisnagarica* die historischen Zusammenhänge heute noch erkennbar sind, auch wenn eine starke genetische Differenzierung der Populationen stattgefunden hat.

Die von VAN ROSSUM et al. (2004) untersuchten *Primula*-Arten in fragmentierten Agrarlandschaften Südbelgiens hatten wiederum eine ähnliche genetische Struktur wie *Pulsatilla vulgaris*. Die Studie ist methodisch nur bedingt mit der vorliegenden Untersuchung vergleichbar, da eine Allozymelektrophorese durchgeführt und andere statistische Größen berechnet wurden. Die Untersuchungen zeigten, dass mit rund 81% der Großteil der genetischen Diversität innerhalb der Populationen lag. Dieser Wert entspricht ziemlich genau dem von REISCH et al. ermittelten Werten für eine weitere *Primula*-Art in den Nordalpen (REISCH et al. 2005). Kleine Populationen zeigten einen Verlust an genetischer Variabilität, hatten aber immer noch eine hohe Heterozygotität. Dies kann wie bei *Pulsatilla vulgaris* dadurch erklärt werden, dass bei den ausdauernden und auskreuzenden Arten ein hoher Grad der genetischen Diversität erhalten werden kann. Eine weitere Erklärung ist, dass einzelne Individuen der Arten mehrere Dekaden leben können. Daher kann die beobachtete Diversität immer noch die historische Situation anzeigen, obwohl der Prozess der genetischen Verarmung bereits begonnen hat. Dies ist auch für *Pulsatilla vulgaris* in der Region Hegau-Randen-Klettgau denkbar. VAN ROSSUM et al. führten auch quantitative Untersuchungen zum Genfluss bei *Primula*-Arten durch, wobei die Untersuchungsgebiete jedoch mit wenigen km Ausdehnung der lokalen Maßstabsebene zuzuordnen sind (VAN ROSSUM et al. 2008).

Vergleich mit populationsgenetischen Untersuchungen kurzlebiger Pflanzenarten

In der Region des Schweizer und Deutschen Juras untersuchten FISCHER und MATTHIES (1998, 2000) die zweijährige *Gentiana germanica*. Die Art ist insekten- und selbstbestäubt, wobei eine Selbstbestäubungsrate von 70 Prozent angegeben wird. Es wurde festgestellt, dass mit rund 40% ein Großteil der genetischen Diversität bei *Gentiana germanica* zwischen den Populationen vorkommt. Die starke, für kurzlebige Arten typische genetische Differenzierung zwischen den Populationen lässt vermuten, dass kaum ein genetischer Austausch zwischen den Populationen stattfindet. Dies ist nach Meinung der Autoren nicht überraschend, da der Median der Entfernung zwischen den Populationen drei km beträgt. Die genetische Variabilität korrelierte positiv mit der Populationsgröße und mit der Anzahl der Samen pro Pflanze. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass der Genfluss zwischen den Populationen stark eingeschränkt ist und dass die verringerte Fitness der Pflanzen in den kleinen Populationen wahrscheinlich genetisch begründet ist. Um den Genfluss zwischen den Populationen von *Gentiana germanica* zu erhöhen und damit den negativen Effekten in den kleinen Populationen entgegenzuwirken, wurde als Maßnahme vorgeschlagen, einzelne Individuen zwischen den Populationen auszutauschen. Kreuzungsversuche mit *Gentiana germanica* haben jedoch gezeigt, dass die Gefahr einer Auszuchtdepression besteht, d.h. nach der Hybridisierung innerhalb der Art kam es zu einer Reduzierung der Fitness.

Bezüglich der genetischen Differenzierung fanden SCHMITT und JENSEN (2000) bei *Pedicularis palustris* ähnliche Ergebnisse wie FISCHER und MATTHIES (1998) und MATTHIES (2000) für *Gentiana germanica*. *Pedicularis palustris* ist ebenfalls zweijährig und insekten- sowie fakultativ selbstbestäubend. Die starke Differenzierung der Populationen ist durch die geographischen Entfernungen zwischen den Populationen erklärbar. Anders als bei FISCHER und MATTHIES bestand kein signifikanter Zusammenhang zwischen der Populationsgröße und der genetischen Variabilität. Die Zusammenhänge mit der Reproduktionsfähigkeit sind komplexer. Während die Anzahl der Samen pro Kapsel nicht mit der Populationsgröße und der genetischen Variabilität korrelierten, war die Anzahl der Kapseln pro Pflanze positiv korreliert mit der Populationsgröße. Für *Pulsatilla vulgaris* in der Nordschweiz fanden PFEIFER et al. (2002) heraus, dass der Anteil fertiler Nüsschen nicht mit der Populationsgröße korrelierte, aber ein positiver Zusammenhang zwischen dem Gewicht der Nüsschen und der Populationsgröße bestand. HENSEN et al. (2005) dagegen stellten für *Pulsatilla vulgaris* positive Korrelationen zwischen Populationsgröße und Auskeimungsrate, Samenanzahl und dem Gewicht der Samen fest, wobei nur das Gewicht der Samen auch mit der genetischen Variabilität positiv zusammenhing. Somit ist auch für die hier untersuchten *Pulsatilla*-Populationen zu erwarten, dass kleine Populationen, für welche eine verringerte genetische Diversität festgestellt wurde, auch verringerte Fitness der Samen, sei es in Bezug auf Zahl, Gewicht oder Keimfähigkeit, zeigen.

Bedeutung der biologisch-ökologischen Merkmale von *Pulsatilla vulgaris* für die genetische Diversität im Untersuchungsgebiet

Der Vergleich mit Untersuchungen an anderen Pflanzenarten macht deutlich, dass die biologisch-ökologischen Merkmale von *Pulsatilla vulgaris* einen entscheidenden Einfluss auf die genetische Diversität der Art haben. Für alle Pflanzenarten ist typisch, dass sie entweder eine hohe Variabilität, d.h. eine hohe Vielfalt innerhalb der Populationen oder eine starke Differenzierung zwischen den Populationen aufweisen (NYBOM 2000: 106). *Pulsatilla vulgaris* zeigt eine hohe genetische Variabilität innerhalb der Populationen und eine relativ schwache Differenzierung zwischen den Populationen. Dies kann auf die geringe Selbstbestäubungsrate und starke Auskreuzung der Art zurückgeführt werden. Die Selbstbestäubung erhöht die Wahrscheinlichkeit des genetischen Drifts, also dem zufälligen Aussterben von Allelen, während die Auskreuzung durch Pollentransport den Genfluss fördert. Als eine Art der Reliktstandorte kann *Pulsatilla vulgaris* einem späten Sukzessionsstadium zugeordnet werden. Diese „late successional species“ haben im Vergleich zu Pionierarten eine höhere genetische Variabilität und eine geringere Differenzierung (NYBOM 2000: 99). Die Samenbank ist für *Pulsatilla vulgaris* vermutlich von geringer Bedeutung. Für die nahe verwandte *Pulsatilla oenipontana* konnten keine Diasporen im Boden an ihren Standorten nachgewiesen werden (ERSCHBARMER und SCHERER 1999).

Die Ergebnisse der schwachen Differenzierung zwischen den Populationen stehen in einem gewissen Widerspruch dazu, dass *Pulsatilla vulgaris* als eine Art, welche Samen mit einer geringen Ausbreitungskapazität erzeugen, theoretisch eine stärkere Differenzierung zeigen müsste als Arten mit mobilen Samen (NYBOM 2000). Eine schwache Differenzierung zwischen den Populationen könnte auf einen starken Genfluss zwischen den Populationen hinweisen. Dies ist im Untersuchungsgebiet für *Pulsatilla vulgaris* jedoch unwahrscheinlich. TACKENBERG (2001) modellierte die Samenausbreitung und kommt zu dem Ergebnis, dass im Vergleich mit anderen Arten *Pulsatilla vulgaris* über eine mäßig gute Ausbreitungsfähigkeit von 10 bis maximal 100 m verfügt (POSCHLOD 1999: 88). Hinzu kommt, dass Keimlinge in natürlichen Habitaten extrem selten sind (WELLS und BARLING 1958: 287, HENSEN et al. 2005, PFEIFER 1998, eigene Beobachtungen). Es kann daher ausgeschlossen werden, dass ein bedeutender genetischer Austausch zwischen den Populationen über die Samen stattfindet.

SORK et al. (1999) weisen darauf hin, dass bislang durchgeführte Untersuchungen zeigen, dass der Genaustausch über Pollen bei fragmentierten Populationen noch sehr hoch sein kann, auch wenn aufgrund der physischen Isolation der Populationen ein stark eingeschränkter Genfluss zu erwarten ist. Für stabile Populationsstrukturen und unter Annahme des Inselmodells stellen YOUNG et al. (1996) Berechnungen an, dass der Austausch von einem Individuum pro Generation theoretisch ausreicht, um den Allelverlust durch genetischen Drift auszugleichen (YOUNG et al. 1996: 416). Um zu klären, inwieweit dieser Richtwert auch für *Pulsatilla vulgaris* zutrifft, sind weitere theoretische und praktische Forschungsarbeiten zur Quantifizierung des Genflusses notwendig. Die Bestäubung von *Pulsatilla vulgaris* wurde von KRATCHOWILL (1998) im Kaiserstuhl genauer untersucht. Zur Hauptblühzeit von *Pulsatilla vulgaris*

sind die Temperaturen für die Honigbiene i.d.R. noch zu niedrig. Im Kaiserstuhl ist die Wildbienenart *Lassioglossum lineare* der Hauptbestäuber. *Lassioglossum lineare* hat seinen Verbreitungsschwerpunkt in Trockenrasen und seine Habitatpräferenzen decken sich gut mit den Standorten von *Pulsatilla vulgaris* (KRATCHOWIL 1998: 295). Nach Untersuchungen ist der Flugradius von *Lassioglossum lineare* nicht allzu groß und schätzungsweise wird kaum über 50 m weit um die Nistplätze weggeflogen. Eine weiträumige Übertragung von Pollen zwischen Populationen ist daher durch die geringen Flugweiten eingeschränkt (KRATCHOWIL 1998: 312). Der vermutlich überwiegend innerhalb der Populationen stattfindende Austausch von Pollen erklärt wiederum die hohe Variabilität der Populationen. Untersuchungen bei den ebenfalls insektenbestäubten *Primula*-Arten zeigen, dass der Großteil der Bestäubungen innerhalb von 50 m stattfindet und selten Entfernungen bis zu 300 m zurückgelegt werden (VAN ROSSUM 2008). In der Literatur (z.B. SEBALD et al. 1993) werden als Bestäuber für *Pulsatilla vulgaris* allgemein Hummeln und Bienen genannt. HENSEN et al. (2005) vermuten, dass bei *Pulsatilla vulgaris* ein Genfluss zwischen isolierten Populationen stattfindet und verweisen auf Flugweiten bei Hummeln von einigen km.

Es bleibt zu klären, warum trotz der geringen Fähigkeit, sich durch Samen oder Pollen auszubreiten, bei *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet nur eine relativ geringe genetische Differenzierung zwischen den Populationen festgestellt wurde. Eine mögliche Erklärung können die Besonderheiten von Reliktarten liefern. Reliktarten wie *Pulsatilla vulgaris* und *Biscutella laevigata* zeichnen sich dadurch aus, dass die Populationen an den heutigen Reliktstandorten nicht auf die Gründung durch wenige Individuen zurückgeht, sondern dass die Arten an den Sonderstandorten überdauert haben (vgl. DANNEMANN 2000). Daher ist eine hohe Variabilität innerhalb der Populationen für Reliktarten typisch. Die Diversität kann durch Langlebigkeit und Auskreuzung aufrechterhalten werden. Wenn die Populationen groß genug sind, d.h. aus mehreren hundert Individuen bestehen, wird gleichzeitig die Differenzierung verhindert. Zu der geringen Differenzierung kann durch einen historischen Genfluss beigetragen werden. Diese genetischen Strukturen blieben aufgrund der Langlebigkeit der Individuen und des Überdauerns der Populationen erhalten. Das Alter der Populationen und der Individuen ist vermutlich der Schlüsselfaktor für die Erklärungen der genetischen Diversität von *Pulsatilla vulgaris*.

Die Frage, welche naturschutzfachliche Bedeutung die genetische Diversität von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet hat, wird in dem folgenden Kapitel diskutiert.

5.3 Auswirkungen der Fragmentierung der Trockenrasen auf die Zielarten und Diskussion um das Metapopulationskonzept, den Zielartenansatz und den Biotopverbund in der Region Hegau-Randen-Klettgau

Ausgangspunkt der Arbeit war die Aufgabenstellung, den grenzüberschreitenden, potentiellen Lebensraumkorridor der Trockenstandorte in dem Gebiet Hegau-Randen-Klettgau auf regionaler Ebene zu konkretisieren. Eine besondere Herausforderung der Arbeit liegt darin, dass Aussagen auf einer regionalen Maßstabsebene, in welcher die Beziehungen von Arten mit bestimmten Habitatmerkmalen im Vordergrund stehen, getroffen werden sollten. Über die Quantifizierung der Art-Umwelt-Beziehung können Forderungen im Naturschutz begründet werden. Im Folgenden werden für beide Zielarten die Auswirkungen der Fragmentierung der Trockenrasen, das Metapopulationskonzept, der Zielartenansatz sowie die Biotopverbundplanung diskutiert.

Auswirkungen der Fragmentierung auf die Zielarten

Bei der Abschätzung der Auswirkungen der Fragmentierung auf die einzelnen Arten ist zwischen der relativen Bedeutung der Auswirkungen innerhalb der Fragmente und den Auswirkungen zwischen den Fragmenten zu unterscheiden (KENDI et al. 2001). Damit ist es möglich, Aussagen zu treffen, welche Bedeutung der Abnahme der Flächengröße inklusive der negativen Folgen aufgrund der erhöhten Randeinflüsse aus der umgebenden Landschaft im Vergleich zu der erhöhten Isolation durch das Wegfallen von Habitaten zukommt. Die Ergebnisse für die beiden Zielarten unterscheiden sich. Bei *Zygaena carniolica* konnte nachgewiesen werden, dass die Isolation ab einer Entfernung von rund 750 m wirksam wird, d.h. Flächen, welche weiter entfernt von dem nächsten potentiellen Habitat lagen, hatten in der Regel eine geringere Vorkommenswahrscheinlichkeit als Flächen innerhalb dieser Distanz. Diese Werte stimmen mit den Angaben in der Literatur zur Ausbreitungsdistanz der Art gut überein (KREUSEL 1999; WAGNER 1999, 2002; HÜBNER 2002; SMOLIS und GERKEN 1987). Bei den Konnektivitätsanalysen blieb die Landschaftsmatrix unberücksichtigt, da für die Zielarten keine verlässlichen Aussagen vorliegen, wie die Bewegung im Raum erfolgt, d.h. welche Flächen oder Nutzungen Barrieren darstellen, bzw. welche leichter überwunden werden können. Das Fehlen von *Zygaena carniolica* in weiten Bereichen des waldreichen Randens trotz hoher Habitatqualität deutet darauf hin, dass generell offene Landschaften leichter überwunden werden können. Für verlässliche Aussagen sind jedoch weitere Untersuchungen notwendig.

Für *Pulsatilla vulgaris* konnte kein Wert ermittelt werden, ab welchem sich die Isolation der Populationen auswirkt. Insgesamt war der nachgewiesene Verlust der genetischen Vielfalt, welcher auf einen reduzierten Genfluss aufgrund einer erhöhten Isolation zurückzuführen ist, gering. Aus den Ergebnissen der untersuchten genetischen Strukturen der Populationen lässt sich kein aktuell stattfindender Genfluss ableiten. Die Literaturobwertung zur Bestäubung von *Pulsatilla vulgaris* und anderen insektenbestäubten Pflanzenarten weist jedoch

darauf hin, dass der Genfluss zwischen den Populationen überwiegend auf der lokalen Ebene von Bedeutung ist (KRATCHOWIL 1988, VAN ROSSUM et al. 2008). Die maximale Entfernung zwischen den *Pulsatilla*-Populationen lag bei rund 4,5 km. Diese Weite kann theoretisch nach Angaben in der Literatur von einzelnen extrem weit fliegenden Individuen der Bestäuber überwunden werden (HENSEN et al. 2005). Falls die Angaben von YOUNG et al. (1995) für *Pulsatilla vulgaris* zutreffen, könnte ein Pollenaustausch pro Generation ausreichen, um den Verlust von Allelen durch genetischen Drift auszugleichen. Bei einer Lebensdauer von *Pulsatilla vulgaris* von vermutlich mehreren Jahrzehnten ist die Wahrscheinlichkeit groß, dass in diesem Zeitraum eine Pollenbestäubung oder Samenetablierung auch über mehrere km hinweg stattfindet. Dennoch sind nicht ausreichend Daten vorhanden, um quantitative Aussagen zum notwendigen und vorhandenen Austausch zwischen den Populationen von *Pulsatilla vulgaris* machen zu können.

In der Diskussion um die Bedeutung der genetischen Strukturen für das Aussterben von Arten zeigt eine Metaanalyse, dass bei Dreiviertel der ausgestorbenen Arten die Heterozygotität niedriger war als im Vergleich zu verwandten, ungefährdeten Arten. Demnach werden die meisten Arten erst dann aussterben, wenn neben demographischen auch schon genetische Effekte wie z.B. Inzuchtdepression gewirkt haben (SPIELMAN et al. 2004: 15261). Auf genetischer Ebene können besonders bei langlebigen, ausdauernden Arten die überlebenden Eltern in kleinen Restpopulationen für wichtige Fitness-Loci heterozygot sein. Daher sind auch kleine Populationen trotz ihrer reduzierten Vitalität erhaltenswert. (OOSTERMEIJER, 2000: 23). Auch FISCHER und MATTHIES (1998) folgern für den Naturschutz, dass so viel wie möglich der kleinen Populationen zu erhalten sind, da eine Konzentration auf die wenigen großen Populationen sehr wahrscheinlich zu einem substanziellen Verlust der genetischen Variabilität der Art führen würde. RONIQUIER (2002) kommt für *Pulsatilla vernalis* ebenfalls zu der Schlussfolgerung, dass die Erhaltung der Habitate hohe Priorität hat, insbesondere da größere Populationen als Quellen für die genetische Vielfalt erhalten werden sollten. Des Weiteren schlägt RONIQUIER vor, durch den Austausch von Genotypen zwischen den Populationen eine mögliche genetische Depression zu verhindern. Die Einbringung von Genotypen in eine Population ist kritisch zu betrachten und sollte auf jeden Fall mit wissenschaftlichen Untersuchungen begleitet werden, da bei einigen Arten der Verlust der heterozygoten Individuen durch Auszuchtdepression beobachtet wurde.

Auswirkungen der Fragmentierung, welche auf eine geringere Habitatfläche zurückzuführen sind, wurden bei beiden Zielarten festgestellt. Bei *Zygaena carniolica* ist nicht die Habitatgröße per se, sondern die Habitatqualität für das Vorkommen entscheidend. Die Größe der Fläche ist aber indirekt von Bedeutung, da kleine Flächen häufig aus der Nutzung genommen werden und dann aufgrund der sich verändernden Vegetationsstrukturen für *Zygaena carniolica* keine geeigneten Lebensräume mehr darstellen. Da überwiegend Präsenz-Absenz-Daten ausgewertet wurden und Abundanzen von *Zygaena carniolica* nur in groben Klassen erhoben wurden, sind keine Aussagen über die Populationsdynamik und die Überlebenswahrscheinlichkeiten möglich. Bei *Pulsatilla vulgaris* ist die Größe der aktuellen Populationen innerhalb der Fragmente entscheidend, da aufgrund der biologisch-ökologischen Merkmale eine Wie-

derbesiedlung neuer Standorte so gut wie ausgeschlossen werden kann. Die vorliegenden genetischen Untersuchungen und weitere Arbeiten zu *Pulsatilla vulgaris* (HENSEN et al. 2005, PFEIFER et al. 2002) zeigten, dass kleine Populationen eine geringere genetische Diversität und eine geringere Fitness bzw. Reproduktion haben als große Populationen. Damit geraten kleine Populationen in einen Teufelskreis aus geringerer genetischer Diversität, verringerter Fitness der Samen, geringerer Rekrutierung, welche eine Verringerung der Populationsgröße zur Folge hat, welche letztlich zum Aussterben lokaler Populationen führt.

Die stärkere Gefährdung der kleinen Populationen von *Pulsatilla vulgaris* liegt außerdem darin, dass die Populationen durch Zufallsereignisse, welche die einzelnen Individuen vernichten („demographic stochasticity“), erlöschen können. Simulationsmodelle haben gezeigt, dass demographische Zufallsprozesse nur für sehr kleine Populationen mit weniger als 50 Individuen relevant sind (MENGEN (1991,1992), LANDE (1993,1998) in OOSTERMEIJER et al. 2003: 390). Diese Gefährdung trifft auf über die Hälfte der *Pulsatilla vulgaris* Populationen im Untersuchungsgebiet zu. Für die vom Aussterben bedrohte *Pulsatilla oenipontana* im Innsbrucker Raum wurde auf Individuenebenen ein Simulationsmodell erstellt. Der tatsächliche Rückgang der Art übertraf noch die unter den ungünstigsten Annahmen durchgeführten Simulationen und konnte nur dadurch erklärt werden, dass katastrophale, d.h. plötzliche und überstarke Störungen für die Entwicklung verantwortlich waren (WINKLER et al. 1999).

Die theoretische Bedeutung der Fragmentierung für die Gefährdung der beiden untersuchten Arten konnte für die indirekten Auswirkungen in Form von geringerer Habitatqualität und geringerer Populationsgröße innerhalb der Fragmente bestätigt werden. Eine Gefährdung der Art durch erhöhte Isolation aufgrund zunehmender Fragmentierung der Lebensräume ist bei *Zygaena carniolica* auf der Metapopulationsebene möglich. Eine Zunahme der Isolation wird aber durch einen weiteren Verlust von potentiellen Habitaten von *Zygaena carniolica* herbeigeführt. Auch HARRISON und BRUNA (1999) und KENDI et al. (2001) weisen darauf hin, dass lokale Prozesse, wie die physikalischen Veränderungen der Habitate und deren indirekte Auswirkungen auf die ökologischen Wechselbeziehungen, die Hauptfaktoren der Gefährdung der Arten in fragmentierten Landschaften darstellen. Die Ergebnisse des FIFB-Projektes zeigten ebenfalls die Tendenz, dass die Trockenrasenarten sensibler auf die Qualität des Habitats als auf die Isolation oder Größe per se reagierten. Bei der Abschätzung der Auswirkungen der Fragmentierung ist auch die Isolationsdauer zu berücksichtigen. Für *Pulsatilla vulgaris* konnte durch den Vergleich mit den historischen Vorkommen für Teile des Untersuchungsgebietes ein starker Rückgang der Art auf den Zeitraum der letzten 60-80 Jahre datiert werden. Aufgrund der Langlebigkeit der Art sind die Auswirkungen der Fragmentierung auf der genetischen Ebene eventuell noch nicht bemerkbar, während eine direkte Gefährdung durch einen weiteren Habitatverlust besteht. Für *Zygaena carniolica* liegen als historische Informationen nur punktuelle Informationen zu einzelnen Beobachtungen im Randen vor (SCHIESS-BÜHLER 1993). In den 90er Jahren des letzten Jahrhunderts konnten im Vergleich zu den in den 20er Jahren aufgezeichneten Zygaenenstandorten des Schaffhausener Randens *Zygaena carniolica* nur relativ selten nachgewiesen werden. Aufgrund der starken Populati-

onsschwankungen von *Zygaena carniolica* wäre für eine Beurteilung der Bestandsentwicklung jedoch eine Datenbasis aus langjährigen Erhebungen notwendig.

Die Theorie der Inselbiogeographie ist nur bedingt auf die vorliegende Untersuchung anzuwenden, da die Theorie anhand von Beobachtungen zu Artenanzahlen erstellt wurde. Für den angewandten Naturschutz besteht ein Problem mit der Inselbiogeographie darin, dass es nicht möglich ist vorherzusagen, welche Art sich im Gleichgewicht befindet und welche aussterben wird. Die dynamischen Prozesse der Einwanderungen und Aussterberaten, welche der Theorie zugrunde liegen, sind nur begrenzt auf die komplexen, kleinräumigen Nutzungssysteme in Mitteleuropa anzuwenden (HENLE und MÜHLENBERG 1996: 113). Übertragen auf eine statische Betrachtungsebene einzelner Arten würde nach der Theorie erwartet werden, dass in größeren Flächen höhere Abundanzen festzustellen sind. Für *Zygaena carniolica* trifft dies tendenziell zu, da die Anzahl der Individuen in den kleinen Flächen i.d.R. gering war, es sei denn, sie lagen in Gebieten mit einem hohen Konnektivitätsgrad. Die Verbreitungsschwerpunkte von *Zygaena carniolica* lagen in Gebieten mit einem relativ hohen Trockenrasenanteil. Größere Flächen stellen theoretisch für die Populationen mehr Ressourcen zur Verfügung als kleinere Flächen. Die Heterogenität größerer Flächen stellen zudem bei der Änderung der Umweltbedingungen, z.B. extrem heiße Sommer, Ausweichmöglichkeiten dar. KRAUSS et al. (2003) konnten beispielsweise die Inseltheorie ebenfalls bestätigen, da sie höhere Einwanderungsraten und mehr Arten von Tagfaltern in größeren Flächen feststellten. Für *Pulsatilla vulgaris* dagegen besteht kein Zusammenhang zwischen der Flächengröße und der Anzahl der Individuen, d.h. es kamen z.B. an kleinflächigen Böschungen für das Untersuchungsgebiet große Populationen mit über 200 Individuen vor. Für die heutigen Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet sind der Reliktcharakter und die Standorteigenschaften entscheidend, welche unabhängig von der Größe oder dem Isolationsgrad der Flächen sind. In anderen Naturräumen, wie der Schwäbischen Alb, wo Kalkmagerrasen durch Schafbeweidung großflächig offen gehalten werden, kann das Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* von der Nutzung und damit wieder indirekt von der Flächengröße abhängig sein. An dieser Stelle sei darauf hingewiesen, dass die Arten der Trockenrasen im Untersuchungsgebiet stark gefährdet sind. STÖCKLIN und FISCHER (2000) stellen in ihren Untersuchungen im westlich angrenzenden Juragebiet allmähliche Veränderungen der floristischen Zusammensetzung selbst in den intakten Trockenrasen fest. Die meisten Restflächen der gefährdeten Arten sind kleiner als 1 ha, was nach Meinung der Autoren für ein langfristiges Überleben der Arten nicht ausreicht. Um langfristig die langsamen Veränderungen beobachten zu können, wurde ein Monitoringprogramm für die Kalkmagerrasen des Schweizerischen Juras begonnen.

Metapopulationstrukturen der Zielarten

Die Bedeutung des Metapopulationskonzeptes für den Naturschutz besteht darin, dass das Wissen um die Existenz von Metapopulationen dazu führt, sowohl lokale Maßnahmen als auch regionale Beziehungen zu berücksichtigen (THOMAS 1995: 58). Bei Arten, welche in Metapopulationsstrukturen vorkommen, haben räumlich stärker isolierte Populationen eine

geringere Überlebenswahrscheinlichkeit als geringer isolierte oder teilweise verbundene Populationen (FAHRIG und MERRIAM 1985, POSCHLOD 1996: 173).

Aufgrund der biologischen Eigenschaften von *Pulsatilla vulgaris* als eine ausdauernde Art mit geringem Ausbreitungsvermögen wird bei dieser Art keine typische Metapopulationsstruktur ausgebildet, welche durch ein Aussterben und Wiederbesiedlung lokaler Standorte gekennzeichnet ist. Im Untersuchungsgebiet können die Populationen von *Pulsatilla vulgaris* weitgehend als isoliert betrachtet werden. Auch wenn Metapopulationsstrukturen bei Pflanzenarten selten vorkommen, hat die Diskussion über das Konzept bislang vernachlässigte Aspekte der Ausbreitung und Etablierung als Ursachen für die Gefährdung verdeutlicht (POSCHLOD 1996: 178). Nach POSCHLOD besteht weiterhin Bedarf an Forschung zur Notwendigkeit einer bestimmten Populationsgröße und der Notwendigkeit und Aufrechterhaltung des Genflusses zwischen isolierten Populationen.

Bei der Artengruppe der Tagfalter und Widderchen sind Metapopulationsstrukturen verbreitet. THOMAS unterscheidet bei den Tagfaltern Arten mit offenen, geschlossenen und uneinheitlichen (patchy) Populationsstrukturen. Bei letzteren sind keine Strukturen erkennbar und können daher praktisch nicht untersucht werden (THOMAS 1995: 58). Arten mit offenen Populationen sind stark von Aus- und Einwanderungsprozessen beeinflusst, und die lokale Reproduktion spielt eine geringere Rolle als bei geschlossenen Populationsstrukturen. Bei Arten mit geschlossenen Populationen kommen Wanderungsbewegungen gelegentlich vor, jedoch sind lokale Geburten- und Sterbeprozesse die wichtigsten Größen für die lokalen Vorkommen. Nach THOMAS (1995) existieren dreiviertel der Schmetterlingsarten, die eine geschlossene Populationsstruktur aufweisen, als Metapopulationen. Zu dieser Gruppe gehört wahrscheinlich auch *Zygaena carniolica*. WAGNER (2002: 114) vermutet ebenfalls für die Zygaeninae der Schwäbischen Alb Metapopulationsstrukturen. Die für *Zygaena carniolica* bekannten starken Populationsschwankungen (HOFMANN, 1994: 245) sprechen ebenfalls für das Vorhandensein von Metapopulationsstrukturen. Eine Analyse der Metapopulationen im engeren Sinne ist im Rahmen der vorliegenden Untersuchung nicht durchgeführt worden, d.h. es wurden keine flächendeckenden Daten erhoben und es liegen keine Informationen über das Aussterben und die Wiederbesiedlung der Art vor. Jedoch sind die Vorkommen mit Einzelnachweisen von *Zygaena carniolica*, welche in überwindbarer Entfernung zu größeren Vorkommen liegen, mit dem Metapopulationsmodell plausibel erklärbar. Für lokale Aussterbeprozesse sprechen auch einige Beobachtungen von Absenzen auf den Flächen, in denen in der im Vorjahr durchgeführten Rasterkartierung noch Präsenzen von *Zygaena carniolica* festgestellt wurden.

Nach SETTELE et al (1996: 192) können alle Populationen, welche innerhalb einer „normalen“ Erreichbarkeit liegen, zu einer Metapopulation gehörig betrachtet werden. Diese „normale“ Erreichbarkeit liegt für *Zygaena carniolica* nach den Ergebnissen der vorliegenden Untersuchung bei 700-800 m. GRÜNEBERG (2003) stellte für den in Metapopulationen vorkommenden Hochmoor-Gelbling (*Colias palaeno*) im Bayerischen Alpenvorland fest, dass für das Vorkommen bei sinkenden Konnektivitätswerten die notwendige Habitatqualität und

Flächengröße zunimmt. Ähnliche Tendenzen zeigen sich auch bei *Zygaena carniolica* in der Hegau(alb) und im Klettgau, wo aufgrund der starken Verbreitung in dem Gebiet mit hohen Konnektivitätswerten auch weniger optimale Habitate besetzt werden. BRUNZEL und REICH (1996) untersuchte in einem rund 80 Quadratkilometer großen Gebiet 13 Teilpopulationen des Scheckenfalters (*Melitaea didyma*) und erklärte die Wanderungsbewegungen mit dem Metapopulationsmodell. Für Widderchen führten HÜBNER (2002) und KREUSEL (1999) Wiederfang-Versuche durch und stellten ebenfalls mit dem Metapopulationsmodell erklärbare Wanderungsbewegungen über größere Distanzen hinweg fest. Diese Untersuchungen beruhen aber alle auf Erhebungen aus einem Geländejahr und können daher die Metapopulationen mit lokalem Aussterben und Wiederbesiedlung nicht belegen.

Eine umfangreichere Untersuchung stellen THOMAS et al. (2001) vor, in welcher Angaben aus elf Kartierjahren zu mehreren Tausend Larvenfutterpflanzen sowie eine detaillierte Erhebung der Vegetationsstrukturen mit dem Verfahren der logistischen Regression ausgewertet wurden. Untersuchungsgegenstand waren drei Falterarten (*Melitea cinxia*, *Polyommatus bellargus*, *Thymnegicus acetoni*) in drei verschiedenen Landschaften in Großbritannien, wobei die Untersuchungsgebiete relativ groß waren und mittlere Entfernungen zwischen den Flächen von 500 bis 2000 m aufwiesen. Die Untersuchung sollte klären, ob die Abnahme der Habitatqualität oder die zunehmende Isolation und abnehmende Flächengröße für den Rückgang der Arten verantwortlich ist. Die Ergebnisse zeigten, dass in allen Fällen der Erklärungswert der Habitatqualität zwei- bis dreimal so hoch war wie der von der Isolation und dass die Flächengröße keinen Erklärungswert hat. Diese Ergebnisse passen gut zu den Ergebnissen von *Zygaena carniolica* in der vorliegenden Untersuchung. Aufschlussreich sind die Schlussfolgerungen, welche THOMAS et al. ziehen. In Flächen mit hoher Qualität ist im Vergleich zu Grenzstandorten die Anzahl der Individuen um den Faktor zehn bis hundert höher. Damit kommen zehn bis hundert Mal so viele Individuen vor, welche aus der Fläche auswandern können. Daher ist die Habitatqualität für die dynamischen Prozesse in den Metapopulationen ein entscheidender Faktor.

HANSKI und SIMBERLOFF (1997: 23) und THOMAS (1995: 62) weisen auf einen möglichen Missbrauch des Metapopulationskonzeptes hin. Mit dem Verweis auf die Metapopulationsstruktur einer Art kann möglicherweise der Schutz einer lokalen Population mit der Begründung vernachlässigt werden, dass keine der lokalen Populationen für das Überleben der Art unersetzlich ist. Das Vorhandensein von ähnlichen Habitaten in der Nähe wird häufig als Argument für die Zerstörung eines Habitates verwendet. Das Metapopulationskonzept belegt dagegen die Bedeutung mehrerer Flächen für die langfristige Erhaltung von Arten.

Biotopverbundplanung und Zielartenansatz für den regionalen Biotopverbund

Der Verbund der Trockenstandorte ist naturbedingt im Vergleich zu anderen Biotoptypen der Wälder und Feuchtgebiete am wenigsten kohärent (RECK et al. 2004: 31). Da „bis heute erhebliche Unklarheiten und Defizite bezüglich einer qualifizierten Umsetzung [des Biotopverbundes] bestehen“ (JEDICKE und MARSCHALL 2003: 101), wurde mit der vorliegenden Untersuchung die Region Hegau-Randen-Klettgau auf einen möglichen Biotopverbund der Trockenrasen hin analysiert. Die lokale Ebene, auf welcher häufig Biotopverbundmaßnahmen umgesetzt werden, ist dabei ohne Bedeutung (vgl. BURKHARDT et al. 2004: 20).

Zentrale Aufgabenstellung der Arbeit ist, die Bedeutung des räumlichen und funktionalen Verbundes der Trockenrasen einzuschätzen. Es geht nicht darum, die Biotope hinsichtlich ihres Naturschutzwertes zu bewerten, da die Kerngebiete, d.h. größere für den Naturschutz bedeutsame Flächen im Untersuchungsgebiet bekannt sind. Das Ziel war vielmehr, auch die kleineren Trockenrasen, welche als potentielle Verbindungselemente zwischen den Kerngebieten liegen, hinsichtlich ihrer Bedeutung für den Naturschutz zu untersuchen. Bei der Ableitung von relevanten Raumansprüchen für den Biotopverbund sind grundsätzlich Arten bzw. deren Ansprüche zu berücksichtigen. Die Frage nach dem Trockenrasenverbund in der Region Hegau-Randen-Klettgau wurde in der vorliegenden Arbeit als eine offene Frage bearbeitet, d.h. Gegenstand der Untersuchung war nicht, die Verbundachsen der nationalen Verbundkonzepte zu konkretisieren, sondern zu untersuchen, inwieweit ein Verbund überhaupt sinnvoll und notwendig ist.

Eine umfassende Biotopverbundplanung müsste sämtliche Tier- und Pflanzenarten berücksichtigen, was aber praktisch nicht möglich ist. Stattdessen wurden nach dem Zielartenansatz je eine biotoptypische Pflanzen- und Tierart ausgewählt. Dabei wird davon ausgegangen, dass aufgrund der hohen Ansprüche der Zielarten an die Lebensräume andere Arten, die im selben Lebensraum vorkommen, mit gesichert werden. Allgemein erfolgt die Auswahl der Arten, welche in der Naturschutzplanung berücksichtigt werden, hauptsächlich aufgrund von Gefährdung und Seltenheit sowie ihren Habitatansprüchen und der Repräsentativität. *Pulsatilla vulgaris* und *Zygaena carniolica* sind beide typische Arten für Trockenstandorte und aufgrund der Abnahme der Lebensräume als gefährdet einzustufen. *Pulsatilla vulgaris* war bis vor einigen Jahrzehnten im Untersuchungsgebiet auch in extensiv bewirtschafteten Wiesen weit verbreitet, während heute größere Populationen vor allem an Reliktstandorten vorkommen. Für *Zygaena carniolica* liegen keine Informationen über die Bestandsentwicklung im Untersuchungsgebiet vor, jedoch zeigen Beispiele aus anderen Naturräumen, dass Bestände aus bislang ungeklärten Gründen verschwinden können. Die Gefährdung zusammen mit der guten Kenntnis über die Ökologie der Arten, ihrer guten Erfassbarkeit und hoher Popularität und insbesondere bei *Pulsatilla vulgaris* die hohe Schutzverantwortung Deutschlands für die Art, sprechen dafür, dass es sinnvoll ist, sowohl *Pulsatilla vulgaris* als auch *Zygaena carniolica* als Zielarten im Naturschutz zu verwenden. Für die Eignung als Zielarten für einen überörtlichen Biotopverbund nennen RECK et al. (2007) zusätzliche Kriterien, nach denen

ausbreitungsschwache Arten und Arten, welche Metapopulationen ausbilden, besonders wichtig sind. (RECK et al. 2007: 8).

Für *Pulsatilla vulgaris* zeigen die Ergebnisse, dass die funktionalen Beziehungen in Form von genetischem Austausch zwischen den Habitaten auf der Landschaftsebene nicht nachweisbar waren. Das Überleben der *Pulsatilla*-Populationen im Untersuchungsgebiet hängt primär von den Standortverhältnissen und nicht von der räumlichen Verbundsituation der Habitate ab. Damit ist *Pulsatilla vulgaris* als Zielart für die überörtliche Biotopverbundplanung nicht geeignet. RECK et al. (2007) betonen ebenfalls, dass die Relevanz eines funktionierenden Biotopverbundes wesentlich für die Auswahl der Zielarten ist. Viele Arten, für die eine hohe Schutzverantwortung besteht, sind als „Zielarten für den überregionalen Biotopverbund kaum relevant, wenn sie nur noch auf wenigen sehr isolierten Standorten vorkommen, die durch wie auch immer geartete Maßnahmen zur Verbesserung der Funktionalität eines Biotopverbundes kaum profitieren werden.“ (RECK et al. 2007: 10).

Mit der vermutlich in Metapopulationsstrukturen vorkommenden *Zygaena carniolica* wurde eine für den überörtlichen Biotopverbund geeignete Zielart untersucht. Für *Zygaena carniolica* ist die Erfüllung des Anspruchs der Repräsentanz für andere Arten der Kalkmagerrasen durch Ordinationsverfahren belegt (JOß 2006b). Auch HEIN et al. (2007) stellen durch Vergleiche von Habitatmodellen fest, dass die Habitatpräferenzen von *Zygaena carniolica* sich besonders gut eignen, um potenzielle Habitats anderer Arten vorherzusagen. Da *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet ein etwas breiteres ökologisches Spektrum hat als häufig in der Literatur angegeben, ist auf dem Niveau der Trockenrasenkomplexe ein hoher Mitnahmeeffekt bezüglich der Zönose zu erwarten (vgl. BAUMANN et al. 1999: 45). Als Grundlage für die Biotopverbundplanung sollten jedoch weitere Arten berücksichtigt werden. Das Fehlen von *Zygaena carniolica* im Randen, welcher aus Sicht des Naturschutzes mit hochwertigen Trockenrasen ausgestattet ist, macht deutlich, dass es nicht ausreicht, nur eine Art zu berücksichtigen. BAUMANN et al. belegten mit ihren Untersuchungen ebenfalls, dass die Auswahl der Zinnoberroten Röhrenspinne (*Eresus cinnaberinus*) als alleinige Zielart nicht ausreicht, um ein etwas breiteres Habitatspektrum zu schützen. (BAUMANN et al. 1999: 40 f.). Bei den Trockenstandorten, welche typischerweise in Mosaikstrukturen ausgeprägt sind, ist die Berücksichtigung mehrerer Zielarten von besonderer Bedeutung, da eine Vielzahl von speziellen Habitats repräsentiert sein müssen. Weitere mögliche Zielarten für Trockenrasen sind aus der Artengruppe der Tagfalter und Widderchen beispielsweise *Lysandra bellargus* (Himmelblauer Bläuling), *Lysandra coridon* (Silbergrüner Bläuling), *Melitaea parthenoides* (Westlicher Scheckenfalter) oder *Zygaena fausta* (Bergkronwicken Widderchen). Die Bläulinge ernähren sich als Raupen von *Hippocrepis comosa* (Hufeisenklee) und kommen in niederwüchsigen Magerrasen, aber auch an Pionierstandorten vor, wobei *Lysandra bellargus* etwas weniger anspruchsvoll ist als *Lysandra coridon*. *Melitaea parthenoides* kommt in Kalkmagerrasen, aber auch in extensiv genutztem Feuchtgrünland vor und ist im Bestand stark zurückgehend. Aus ökologischer Sicht ist *Zygaena fausta* eine sehr gute Ergänzung, da sich ihre Raupen monophag von der kalksteten *Coronilla coronata* (Bergkronwicke) ernähren, welche von den Trockenrasen zu den trockenen Saumgesellschaften überleitet. *Zygaena*

fausta kommt aber nur sehr selten in der Region vor. Weitere mögliche Zielarten für den Verbund von Trockenstandorten sind Vögel, welche die Vegetationskomplexe der Trockenstandorte als Lebensraum nutzen. Beispielsweise ist für Raubwürger oder Braunkehlchen neben einzelnen Gebüsch, welche als Sitzwarten und Brutplätze genutzt werden, das Nahrungsangebot an Insekten in den Trockenrasen wichtig. Mit Vögeln als Zielarten wird dann aber eine andere Ebene bearbeitet, da nicht Metapopulationen, sondern Brutpaare betrachtet werden.

Biotopverbundplanung und Maßnahmen zur Erhaltung der Zielarten

Die für Tagfalter und Widderchen typischen Metapopulationsstrukturen belegen die Notwendigkeit, die Verbundsituation der potentiellen Habitate in der Planung zu berücksichtigen. Bei geschlossenen Populationen mit Metapopulationsstrukturen können lokale Managementmaßnahmen die lokale Reproduktion und damit das lokale Vorkommen der Art erheblich steigern (THOMAS 1995: 50). Die Bedeutung der Flächen beruht, wie die vorliegende Untersuchung gezeigt hat, nicht primär auf ihrer räumlichen Lage, sondern wird wesentlich durch die Habitatqualität bestimmt. Damit kann das Konzept des Biotopverbundes als eine Strategie zur Sicherung der Trockenrasen und ihrer Arten nur zusammen mit der Sicherung der Habitatqualität erfolgreich sein. Die mit der logistischen Regressionsanalyse für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* relevanten Faktoren können auf der Ebene des praktischen Naturschutzes wieder zusammengefasst werden, da einzelne Maßnahmen auf mehrere Umweltfaktoren wirken. Bei einer extensiven Bewirtschaftung kann davon ausgegangen werden, dass die Trockenrasen in ihren Strukturen als Habitate für *Zygaena carniolica* erhalten bleiben. In dem Untersuchungsgebiet waren beweidete und gemähte Flächen gleichermaßen als Habitat für *Zygaena carniolica* geeignet. Der Bewirtschaftungszeitpunkt ist von untergeordneter Bedeutung, da *Zygaena carniolica* sowohl in früh als auch in spät gemähten bzw. beweideten Flächen beobachtet wurde. Entscheidend ist jedoch, dass eine Nutzung stattfindet, um eine Verfilzung, Verbrachung und Verbuschung der Trockenrasen zu vermeiden. Empfehlenswert ist es, ein Nutzungsmosaik aus verschiedenen extensiven Bewirtschaftungsweisen zu Verfügung zu stellen (HAFNER, mündlich).

Für *Pulsatilla vulgaris* ist die Kontinuität der Standorte und damit der zeitliche Verbund der Habitate entscheidend. In den alten, isolierten Reliktwäldern ist eine Florenkonstanz erforderlich. Die hohe Bedeutung der zeitlichen Kontinuität der Habitate und die Restriktion einiger gefährdeter Arten auf diese „alten“ Standorte ist insbesondere für Waldarten belegt (ANNELI et al. (2008); WULF (1997). Da eine Besiedlung neuer Standorte selten stattfindet, sind die Erhaltung und das Management der verbliebenen Habitate besonders wichtig. POSCHLOD (1996) weist darauf hin, dass aus das Metapopulationskonzept und damit auch ein Biotopverbundkonzept, nur sinnvoll angewendet werden kann, wenn die Lebensgemeinschaften verinselt auftreten und wenn sich die Populationen regelmäßig nach der Störung bzw. Zerstörung des Standortes wieder ansiedeln. „Für das Biotopverbundkonzept, dessen theoretischer Hintergrund die Schaffung von Korridoren zum Austausch von Individuen

zwischen isolierten Lebensräumen ist, gibt es keinen wissenschaftlichen Nachweis, daß dies aus pflanzenökologischer Sicht notwendig ist (vgl. JEDICKE 1990)“ POSCHLOD (1996: 177). Dies kann für *Pulsatilla vulgaris* bei einer räumlichen Betrachtungsweise bestätigt werden, während die Kontinuität der Standorte und damit der zeitliche Verbund für das Überleben der Populationen unerlässlich ist. Als konservative Art mit einem geringen Ausbreitungspotential ist für *Pulsatilla vulgaris* der Schutz der aktuellen Vorkommen entscheidend. Vor dem Hintergrund, dass die Art in den letzten Jahrzehnten in der Nordschweiz dramatisch zurückgegangen ist und im Untersuchungsgebiet über die Hälfte der Populationen aus weniger als 50 Individuen besteht, ist die Dringlichkeit des Schutzes von *Pulsatilla vulgaris* sehr hoch. Größere Populationen von *Pulsatilla vulgaris* kommen im Untersuchungsgebiet, abgesehen von den Beständen im Hochrheintal, auf Reliktstandorten vor. Diese Standorte sind natürlich nur fragmentarisch vorhanden, und damit ist auch *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet natürlich fragmentarisch verbreitet. Da *Pulsatilla vulgaris* eine lichtbedürftige Art ist, sollten diese Standorte je nach Wüchsigkeit alle paar Jahre zurück geschnitten werden, um eine Verbuschung zu verhindern. In den sekundären Habitaten wie den Halbtrockenrasen verträgt *Pulsatilla vulgaris* nach der Fruchtungsphase ab Ende Juni eine einmalige Mahd und eine extensive Beweidung (SEBALD 1993: 263; UNTERASINGER und ERSCHBARMER 2002: 78). Maßnahmen der Auflichtung durch Rückschnitt der Gehölze haben gute Aussichten auf Erfolg, wenn der Boden nicht umgebrochen oder gedüngt wurde. Beispielsweise wurden an einem Waldstandort an der Küssaburg Auflichtungsmaßnahmen für die Österreichische Schwarzwurzel (*Scorzonera austriaca*) durchgeführt. Als eine Begleiterscheinung blühte im folgenden Jahr *Pulsatilla vulgaris*, deren Wurzelausläufer im Boden überdauert hatten (SAUERBIER, mündlich). Ein ähnliches Beispiel ist an der Nordostabdachung des Randens zu beobachten. Während auf der Schweizerischen Seite in dem regelmäßig bewirtschafteten Gebiet Hannisbüel relativ große Bestände von *Pulsatilla vulgaris* vorkommen, setzte auf Deutscher Seite ohne Nutzung eine Versaumung und Verbuschung der Standorte ein. Bei einer entsprechenden Bewirtschaftung ist es sehr wahrscheinlich, dass *Pulsatilla vulgaris* auch dort wieder vorkommt (BOLLIGER, mündlich).

Für ein Verbundkonzept der Trockenstandorte in der Region Hegau-Randen-Klettgau lassen sich aus den Ergebnissen der vorliegenden Untersuchung folgende Hinweise für die Planung ableiten:

- Mit der Abbildung der Verbundräume der 750 – m- Distanz steht eine Planungsgrundlage für die Biotopverbundplanung zur Verfügung. Die mit der Verbundanalyse objektiv ermittelte Flächenkulisse trägt dazu bei, bislang weniger beachtete Gebiete zu überprüfen. Die Verbundräume der 750-m-Distanz, welche die Metapopulationsstrukturen von *Zygaena carniolica* abbilden, visualisieren die Gebiete, welche es bei der Planung vorrangig zu berücksichtigen gilt. Um das langfristige Überleben von flugfähigen, Metapopulationen ausbildenden Arten zu sichern, reicht der Schutz einzelner Flächen nicht aus, sondern es ist ein Verbund von Flächen mit ausreichender Vernetzung von Larval- und Imaginalhabitaten erforderlich.

- Die Analysen zeigten, dass die Habitatqualität für das Vorkommen der Zielarten ausschlaggebend ist. Für die Habitatqualität wiederum ist die Nutzung der Trockenrasen der entscheidende Faktor. Es gilt die Habitatqualität in den Trockenrasen durch eine extensive Nutzung zu erhalten bzw. zu erhöhen. Eine Gefährdung der Habitate besteht sowohl durch eine Intensivierung als auch durch das Wegfallen der Nutzung.
- *Zygaena carniolica* kommt auch in kleinen Flächen vor, wenn die Habitatqualität geeignet ist. Bei geeigneter Habitatqualität ist für das Vorkommen der Art die Konnektivität der Trockenrasen wichtiger als die Flächengröße. Daraus folgt, dass in das Verbundkonzept kleinere Flächen ebenso wie nicht besetzte, aber potentielle Habitate mit einzubeziehen sind.
- Die genetische Struktur von *Pulsatilla vulgaris* ist in der Region sehr einheitlich. Aufgrund der biologisch-ökologischen Eigenschaften der Art ist die zeitliche Kontinuität der Standorte der wichtigste Faktor für das Vorkommen der Art. Der Schutz der vorhandenen größeren Populationen und ihrer Lebensräume ist prioritär. Für die Erhaltung der genetischen Diversität ist auch ein Schutz der kleinen Populationen wünschenswert. Jedoch ist aufgrund der Extinktionsgefahr kleiner Populationen der Verlust der nur aus wenigen Individuen bestehenden Populationen mittel- bis langfristig sehr wahrscheinlich.
- Trotz der geringen Flächenansprüche der ausgewählten Zielarten sind für den Biotopverbund der Erhalt und die Entwicklung großer Lebensräume auf jeden Fall von besonderer Bedeutung, da sie eine Vielfalt von Mikrohabitaten beherbergen können (RIECKEN et al. 2004: 9). Auch KRAUSS et al. (2003) belegen die hohe Bedeutung großer Flächen für die auf Fragmentierung empfindlich reagierenden, stark gefährdeten und hoch spezialisierten Falterarten. Im Untersuchungsgebiet ist in den größeren Gebieten die Mosaikstruktur der Trockenstandorte noch ausgeprägt. Die Vielfältigkeit der Trockenstandorte sollte durch ein Mosaik verschiedener Bewirtschaftungsformen erhalten werden.
- Maßnahmen, welche den Austausch zwischen Metapopulationen verbessern oder ermöglichen sollen, sind nachrangig zu entwickeln (vgl. GEIBLER-STROBEL 1999:70 ff). Neben den Maßnahmen in den Trockenrasen, welche die Vorrangflächen darstellen, ist eine flächendeckende Extensivierung anzustreben, um die Isolationswirkung der intensiven Nutzökosysteme zu mindern.
- Für die regionale Biotopverbundplanung sind bei der Zielartenauswahl weitere Artengruppen zu berücksichtigen, wobei die Auswahl mit den Naturschutzverwaltungen sowie den Fauna- und Floraexperten der Region abgestimmt werden sollten.

Weiterer Untersuchungsbedarf

Für eine detaillierte Habitatverbundplanung für *Zygaena carniolica* ist eine längerfristige Beobachtung der Populationsentwicklung notwendig. Das Verschwinden von *Zygaena carniolica* am Oberrhein, trotz dem Vorhandensein von qualitativ hochwertigen Habitaten, zeigt, dass sich die Situation bei Arten mit einer hohen Populationsdynamik schnell ändern kann. Daher sollten die Populationen beobachtet werden - auch wenn die regionale Bestandsituation von *Zygaena carniolica* im Untersuchungsgebiet nach den Ergebnissen aus zwei Untersuchungsjahren als unkritisch einzustufen ist. Simulationsmodelle, welche für unterschiedliche Nutzungsszenarien die MVP und PVA berechnen, können für die Gefährdungsabschätzung eingesetzt werden. Im methodischen Bereich besteht weiterer Untersuchungsbedarf nach der Robustheit der Habitatmodelle. Die Diskussion hat gezeigt, dass die Ergebnisse der Modelle wesentlich durch die Auswahl der untersuchten Umweltparameter und deren Skalierungen abhängt. Ein systematischer Vergleich von Modellen, welche unterschiedlich erhobene Daten aus dem gleichen Untersuchungsgebiet gegenüberstellt, würde mehr Transparenz in die Stabilität der Erklärungswerte der Variablen bringen.

Für den Schutz von *Pulsatilla vulgaris* im Untersuchungsgebiet sind weitere Untersuchungen nach der Ursache für den Rückgang der Art notwendig. Im Rahmen der Untersuchung konnten diese nur durch stichprobenartig durchgeführte Begehungen der von KUMMER erwähnten Fundorte ausgemacht werden. Dabei zeigte sich, dass die Flächen in Ackerland umgewandelt oder als intensiv gedüngtes Grünland genutzt wurden. Daher scheint auf den ersten Blick die Intensivierung der Landwirtschaft die Hauptursache für den Rückgang von *Pulsatilla vulgaris* zu sein scheint. Untersuchungen zu der historischen Landnutzung könnten genauere Erklärungen für den Rückgang der Art liefern und Hinweise dafür, an welchen Orten Pflegemaßnahmen Erfolgs versprechend sind. Das Ergebnis der einheitlichen genetischen Struktur von *Pulsatilla vulgaris* führt zu der Frage, ob diese einheitliche Struktur ein regionales Phänomen ist und inwieweit sich die Populationen zwischen den Regionen unterscheiden. Bei einer Differenzierung zwischen den Regionen ergibt sich für die einzelnen Regionen dann eine Schutzverantwortung zur Erhaltung von regionalen Genotypen. Im methodischen Bereich wurde bei den genetischen Analysen die erwartete Heterozygotität unter bestimmten Annahmen berechnet. Um die wirkliche Heterozygotität zu messen sollten zusätzlich Methoden eingesetzt werden, welche zwischen homo- und heterozygoten Individuen unterscheiden können. Damit könnte getestet werden, inwieweit die getroffenen Annahmen auch zutreffen.

In der vorliegenden Arbeit wurde der Ansatz verfolgt über das Vorkommen von *Zygaena carniolica* und der genetischen Differenzierung von *Pulsatilla vulgaris* auf die funktionalen Beziehungen zwischen den Flächen zu schließen. Die Austauschprozesse, welche zwischen den Flächen stattfinden, sind praktisch kaum beobachtbar. Weitere Untersuchungen, welche die Bewegungsmuster der flugfähigen Arten, welche insbesondere die Bedeutung der Landschaftsmatrix berücksichtigen, wären sowohl für das Ausbreitungsverhalten dieser Artengruppe als auch für die Pollenverbreitung und damit für den genetischen Austausch zwischen

den Pflanzenpopulationen aufschlussreich. Nur mit Beobachtungen in verschiedenen Maßstabsbereichen können die komplexen, funktionalen Beziehungen zwischen den Habitaten verstanden werden.

6 Zusammenfassung

Vor dem Hintergrund der zunehmenden Fragmentierung der Landschaft und dem anhaltenden Verlust an wertvollen Lebensräumen ist im Naturschutz seit den 1990er Jahren die Bedeutung der Vernetzung der Biotope stärker ins Bewusstsein gerückt. Auf nationaler Ebene liegen Konzepte für die Vernetzung der Lebensräume vor. In einem Workshop zum länderübergreifenden Biotopverbund wurde für die Region Hegau-Randen-Klettgau der Untersuchungsbedarf für ein regionales Verbundkonzept der Trockenlebensräume ermittelt. Trockenrasen gehören mit ihrem hohen Anteil an stark gefährdeten Tier- und Pflanzenarten zu den am stärksten bedrohten Lebensräumen Mitteleuropas. Als Untersuchungsgebiet wurde ein ca. 900 km² großes Gebiet ausgewählt, welches Teile des Schweizer Juras umfasst und Richtung Nordwesten an die Ausläufer der Schwäbischen Alb anschließt; nach Süden wird es durch den Rhein begrenzt. Die Region ist noch mit überdurchschnittlich vielen Trockenrasen ausgestattet und eignet sich auf Grund der verfügbaren Geländekartierungen der Trockenstandorte sehr gut als Untersuchungsgebiet für die grenzüberschreitende Bearbeitung von Verbundfragen.

Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, auf regionaler Ebene die Notwendigkeit eines Verbundkonzeptes von Trockenrasen zu untersuchen. Beim Biotopverbund ist zwischen dem funktionalen und dem physischen Verbund der Flächen zu unterscheiden. Der funktionale Verbund umfasst den über Arten stattfindenden Austausch zwischen den Flächen. Hierfür wurden zwei Zielarten ausgewählt: zum einen das relativ flugfreudige, in Metapopulationen vorkommende Widderchen *Zygaena carniolica*. Zum anderen die nur über ein geringes Ausbreitungspotential verfügende und daher stark gefährdete Pflanzenart *Pulsatilla vulgaris*. Im Untersuchungsgebiet kommen nach den landesweiten Kartierungen 849 Trockenrasen vor, von welchen für die Bearbeitung von *Zygaena carniolica* 108 Flächen in einer geschichteten Stichprobe ausgewählt wurden. Für diese Flächen wurde mit einem logistischen Regressionsmodell die Bedeutung der Faktoren Habitatqualität, Flächengröße und Isolationsgrad für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* ermittelt. Für die genetischen Untersuchungen an *Pulsatilla vulgaris* wurden von 17 Populationen unterschiedlicher Populationsgröße und Isolationsgraden 143 Proben genommen und mit der AFLP-Methode analysiert. Mit den genetischen Analysen wurde der zwischen den *Pulsatilla vulgaris*-Populationen stattfindende Genfluss abgeschätzt. Zudem wurde der Zusammenhang zwischen den Populationsgrößen und der genetischen Diversität ermittelt.

Für die Quantifizierung des physischen Verbundes kamen in der vorliegenden Arbeit verschieden GIS-basierte Verfahren zum Einsatz. Bei dem Vergleich unterschiedlicher Konnektivitätswerte zeigte sich, dass die Verbundraumanalyse für die Vorhersage der Vorkommen von *Zygaena carniolica* besser geeignet ist als die Proximitywerte. Die Habitatmodelle, welche Wanderungsdistanzen von 750 m annehmen, lieferten für das Vorkommen von *Zygaena carniolica* die besten Erklärungen. Diese Distanz stimmt gut mit den aus der Literatur bekannten mittleren Flugdistanzen für die Art überein.

Mit der multivariaten Auswertung von 17 Umweltparametern konnte gezeigt werden, dass die Habitatqualität die wichtigste Einflussgröße auf das Vorkommen der Art ist, wobei die Larvalhabitate wichtiger sind als die Imaginalhabitate. Eine hohe Habitatqualität zeichnet sich durch einen hohen Kräuteranteil der Vegetation und einen geringen Verfilzungsgrad der Flächen aus. Die Konnektivität ist der dritt wichtigste Faktor für das Vorkommen der Art, während die Flächengröße einen weniger starken Einfluss hat. Das mit den erhobenen Umweltparametern erstellte Habitatmodell liefert 84% korrekte Prognosen über das Vorkommen von *Zygaena carniolica*, bei einem AUC-Wert von 0,86. Im Untersuchungsgebiet kommt *Zygaena carniolica* auch in mäßig bewirtschafteten Wiesen vor und ist nicht - wie es häufig in der Literatur erwähnt wird - auf die extremen Trockenstandorte beschränkt.

Die Recherchen und Kartierungen zum Vorkommen von *Pulsatilla vulgaris* belegen einen dramatischen Rückgang der Art in der Region. Beispielsweise sind in dem schweizerischen Randen von den 63 historisch belegten Vorkommen aktuell nur noch 17 Fundorte vorhanden. Während die Populationen an den Reliktstandorten relativ stabil sind, bestehen die Populationen in den Halbtrockenrasen häufig nur noch aus wenigen Individuen oder sind ganz verschwunden. Die genetischen Untersuchungen zeigen eine sehr einheitliche genetische Struktur von *Pulsatilla vulgaris*. Mit 85 % liegt der Großteil der genetischen Diversität innerhalb der Populationen. Die genetische Differenzierung zwischen den Populationen ist schwach, aber signifikant ausgeprägt ($r=0,45$, Manteltest $P<0,005$). Eine Clusteranalyse ließ keine Gruppierung der Populationen erkennen. Zwischen der Populationsgröße und der genetischen Diversität besteht ein mittlerer, hochsignifikanter Zusammenhang ($r=0,64$, $p=0,006$). Dies kann so interpretiert werden, dass die kleinen Populationen genetisch verarmt sind. Die Ergebnisse zeigen, dass zwischen den Populationen von *Pulsatilla vulgaris* aktuell - wenn überhaupt - nur ein geringer genetischer Austausch stattfindet und die Populationen weitgehend isoliert sind.

Die Ergebnisse der Untersuchung belegen, dass aufgrund der vermutlich ausgeprägten Metapopulationsstrukturen von *Zygaena carniolica* für das längerfristige Überleben der Art der Schutz einzelner Flächen nicht ausreicht, sondern dass ein Verbund von Larval- und Imaginalhabitaten bereitzustellen ist. Die mit der 750-m-Distanz ermittelten und räumlich dargestellten Verbundräume liefern eine Planungsgrundlage für einen regionalen Verbund der Trockenrasen. Für *Pulsatilla vulgaris* dagegen konnte anhand der Analyse der genetischen Strukturen gezeigt werden, dass die Populationen als weitgehend isoliert betrachtet werden müssen. Für den Schutz von *Pulsatilla vulgaris* bedeutet dies, dass die noch vorhandenen, größeren Populationen vorrangig zu schützen sind, da aufgrund der biologisch-ökologischen Merkmale der Art eine Besiedlung neuer Standorte kaum stattfindet. Die Bewahrung der Florenkonstanz an den Reliktstandorten ist prioritär. Die Ergebnisse zu den Zielarten verdeutlichen die Notwendigkeit sowohl den räumlichen, als auch den zeitlichen Aspekt bei der Planung zu berücksichtigen. Die wichtigste Aufgabe für den Naturschutz besteht darin, die Habitatqualität der Flächen zu erhalten bzw. herzustellen. Hierfür ist eine extensive Flächennutzung entscheidend.

7 Summary

Introduction

Middle Europe is a highly fragmented landscape with a long tradition of different human land use. For a long time there was a positive influence of human activities on the diversity at the landscape level. Due to the intensification of the land uses, the traditional cultural land reduced from formerly over 30 percent to less than 1 percent in the last century (MÜHLENBERG et al. 1996). As a result habitat fragmentation was promoted and the former possible dispersal of the species in the landscape was interrupted. Semi-natural dry grasslands are one of the species richest biocoenosis in Middle Europe. It is the habitat of 40% of the endangered vascular plant species in Germany (KORNECK et al. 1998) and 50% of the endangered butterflies and day flying moths are living in dry habitats (BINOT et al. 1998). Naturally dry grassland exists only in small patches and typically it founds vegetation complexes of dry grasslands, thermophile fringes, xeric shrubberies, dry forest and rock vegetation. The dry grasslands are largely declining habitats and they are listed in the Red Data Book for endangered habitats (RIECKEN et al. 2006). They are mainly threatened by direct habitat loss and the loss of habitat quality due to the abandonment or the intensification of the land use. Until the 90ies of the last century most efforts in nature conservation were made on the protection of single habitats. Newer strategies consider the protection of habitat networks in order to mitigate the negative impact of fragmentation and to ensure the survival of populations. The concept of habitat network is fixed in the European FFH directive and at national level in the German act on nature conservation. Basic ecological theories for the need for the habitat networks are the island biogeography, the metapopulation concept and the mosaic-cycle-theory. The habitat network includes the structural (connectedness) as well as the functional (connectivity) aspect.

Aim of the study

A workshop for trans-boundary habitat network which was taking place in March 2005 in Basel (CH) identified the need for more investigations on the dry habitat network in the region "Hegau-Randen-Klettgau". In this region there are above-average dry habitats left. On the national level in this region a link of dry habitats is proposed by the German habitat corridors (Lebensraumkorridore) (RECK et al. 2004) as well as by the Swiss national ecological network (réseau écologique nationale REN) (BERTHOUD et al. 2004). The study should precise on a regional level the proposed dry habitat network. As target species *Zygaena carniolica* and *Pulsatilla vulgaris* were chosen.

The main questions to be answered by the study are:

- How can the physical network of dry habitats be quantified and displayed?
- What influences have habitat connectivity, quality and size on the occurrence of *Zygaena carniolica*?
- Is the gene flow between closer populations of *Pulsatilla vulgaris* higher than between more distant populations? How important are small populations for the genetic diversity of *Pulsatilla vulgaris* in the region?
- What are the effects of habitat fragmentation on the target species? How can the metapopulation concept explain the population structures of the target species?
- What are the conclusions for the planning of a dry habitat network? How important are the small patches? What conservation measures can be proposed for the preservation of the target species and the dry habitats?

Objects of investigation

The study area covers around 900 square kilometres and is located in the southwestern part of Germany and the northwestern part of Switzerland. It extends from the Danube valley in the North to the Rhine valley in the South. The geological bedrock consists of Jurassic limestone which is partly covered by Triassic and Quaternary calcareous sediments. On a broad scale the study area links the French and Swiss Jura with the Swabian-Franconian Jura. The potential natural vegetation on the calcareous soils is beech forests, in higher elevations mixed with fir trees. In the flat areas most of the forests are cleared for agricultural use.

Due to the topic of the research – the dry habitat network – the “dry grassland” is defined rather broad. It includes parts of the dry habitat mosaic such as dry grassland, thermophile fringes, xeric shrubberies, light pine forests as well as mesophilic grassland. The target species *Zygaena carniolica* is described in the literature as a good indicator for dry grassland habitats. Larvae of *Zygaena carniolica* feed on *Lotus corniculatus* and *Onobrychis viciifolia*. The adults mainly feed on *Centaurea jacea*, *Knautia arvensis* and *Scabiosa columbaria*. In comparison to other burnet moths *Zygaena carniolica* colonizes the most extreme habitats with regard to the warmth and drought. The habitats comprises the Xerobrometen and Mesobrometen. In Switzerland and in Germany *Zygaena carniolica* is endangered and listed in the Red Data Books. The other target species *Pulsatilla vulgaris* has a low distribution capability and is therefore highly endangered. It flowers very early in spring and is insect pollinated. The seed production is finished in early summer. The habitats are warm and light dry grasslands, mainly in calcareous areas. It is associated with the Festuco-Brometalia-communities but also occurs in the dry pine forests (Erico-Pinion). The centre of distribution of *Pulsatilla vulgaris* lies in central and eastern Europe. In Switzerland *Pulsatilla vulgaris* is highly endangered while in Germany there are still some

areas with big populations though they are also endangered. Due to the worldwide distribution, Germany has a high responsibility for the protection of *Pulsatilla vulgaris*.

Material and Methods

The available database for the dry grasslands in Germany are the state biotope cadastre (§32) and in Switzerland the data from the dry meadows and pasture project (TWW-Trockenwiesen und -weiden). Due to the different mapping methods the database had to be reconciled. In the study area there are altogether 849 mapped dry grasslands which cover 298 ha. The average size of a dry grassland patch is 0.35 ha.

Field Mapping *Zygaena carniolica*

To get an overview of the distribution of the species in the region in the first year (2005) a raster mapping was conducted. In the second year 108 plots in a random stratified way were selected on which data for the habitat quality was collected. The sampling design makes it possible to compare areas of different habitat sizes and grades of isolation. In the field mapping the presence/absence of the adults was noted. For the habitat quality the number of larvae food plants (*Lotus corniculatus* and *Onobrychis viciifolia*) as well as the number of adult food plants (*Centaurea jacea*, *Knautia arvensis* and *Scabiosa columbaris*) were counted. The management type (pasture/meadow/cutting) was recorded as well as the vegetation characteristics (homogeneity, height of vegetation, dryness, cover of litter, cover of bare ground, cover of herb layer).

Statistical analysis for *Zygaena carniolica*

The relation between adult occurrences and habitat parameters was analyzed with logistic regression method. In a first explorative approach the correlations and a univariate regression analysis for all variables were calculated. The logistic regression models were evaluated by the percentage of the correct prognosis as well as by the specificity and sensitivity (AUC-values). For the multivariate analysis only the variables which were proved to be significant for the occurrence of *Zygaena carniolica* were taken into account. To exclude the problem of multicollinearity a test was performed and only those variables which has a correlation factor of less than 0.6 were included in the further analysis. In addition to the logistic regressions, for the habitat quality a principal component analysis (PCA) was performed.

Field Mapping *Pulsatilla vulgaris*

The Flora of KUMMER from 1941 lists the historical locations of *Pulsatilla vulgaris* in the region of Schaffhausen. These information were located in topographical maps 1:25 000 and displayed with the GIS. For the actual distribution the information of the nature conservation administrations and botanical experts were collected as a database for the field mapping. In 2005 altogether 53 populations of *Pulsatilla vulgaris* were mapped. All grassland habitats were investigated while the populations on rocks were excluded from the research. From 17 populations of different population sizes and from different landscape units and different grades of isolation 143 samples of *Pulsatilla vulgaris* were collected and genetically analysed.

Genetic analysis of *Pulsatilla vulgaris*

For the genetic analysis the Amplification Fragmentation Length Polymorphism (AFLP) (VOS et al.1995) was used. Because AFLP are dominant markers it is not possible to distinguish between homozygote and heterozygote individuals. The interpretation of the results is based on the assumption of a random pollination and a constant proportion of homo- and heterozygote individuals (Hardy-Weinberg-equilibrium). The DNA-extraction was made with the DNAeasy 96 plant kit (Fa. Qiagen). For the PCR the AFLP core mix (Fa. Applied biosystems) was used. Following primer combinations were used: *EcoRI*-AAG/*MseI*-CAG, *EcoRI*-ACG/*MseI*-CAG, *EcoRI*-ACT/*MseI*-CAG The electrophoreses was performed with the ABI-Prism 3100 (Fa. Applied Biosystems) and the data were analyzed with the software Gene Mapper (Fa. Applied Biosystems). The three primer combinations resulted in 127 polymorphic bands. The genetic variability was calculated with AFLPsurv (VEKEMANS et al. 2002), the AMOVA with the software Arlequin (SCHNEIDER et al. 2000) and the UPGMA cluster-analysis with Phylip program (FELSENSTEIN 1993). Because the sample size differed between populations due to very small population sizes of less than 10 individuals, the genetic variation was calculated for all samples and for 3 samples per population. For the latter case 10 random selections of individuals were drawn, the results of which were averaged. Finally the correlation between the genetic diversity and the population size and the geographic distance was computed with the statistical software SPSS.

Connectivity analysis

Based on the patch-corridor-matrix model of the landscape (FORMAN and GODREON, 1986), several GIS-based methods had been developed to calculate and display the isolation degrees of the patches. The proximity-index was developed to predict the relative connectivity of habitat islands. In this study a modified proximity index was calculated for the dry habitat patches (MC GARIGAL and MARKS 1994; SACHTELEBEN 2000). Additionally a distance based connectivity measure was applied (JOØB 2006a). A univariate logistic

regression with the presence/absence data of *Zygaena carniolica* and the different connectivity indices showed which index explained best the occurrence of *Zygaena carniolica*. This index was used in the further multivariate analysis.

Results

Zygaena carniolica

The distance of 750 m around the dry grassland patches distance explains best the occurrence of *Zygaena carniolica* and is consistent with the dispersal distances of the species which is mentioned in the literature (KREUSEL (1999); WAGNER (2002); SMOLIS and GERKEN (1987); HÜBNER (2002)). The occupied habitats varied from extreme dry meadows (Xerobrometum) to mesophilic meadows (Arrhenatheretum) with a focus on typical dry grassland (Mesobrometum). In around 25 % of the investigated dry grassland there were no food plants for *Zygaena carniolica*. *Centaurea jacea* and *Lotus corniculatus* are the most frequent food plants. According to the univariate analysis results the homogeneity of the vegetation, the slope as well as the exposition had no significant explanation value for the occurrence of *Zygaena carniolica*. The PCA identified three main components: PCA1 represents the larvae food plants, PCA2 indicates the adult food plant and PCA3 represents the dry and sparse vegetation. An overlay of the PCA with the occurrences of *Zygaena carniolica* showed that the larvae plants distinguish best between the presence and absence of *Zygaena carniolica*. In the multivariate logistic regression model the best explaining variables were the cover of herbal layer and the cover of litter followed by the connectivity variable. Lower explanation values were found for the management type, the vegetation height and the patch size. With the best model 84 % correct prognosis by 87 % specificity and 79 % sensitivity were reached. Models including the connectivity variable performed better than without the connectivity. Some wrong classifications can be explained by the high connectivity in some landscape units where not all potential habitats are occupied, even when the habitats are suitable. Other explanations for wrong classifications despite good habitat quality are that some areas are too distant to be reached by *Zygaena carniolica*.

Pulsatilla vulgaris

In the region *Pulsatilla vulgaris* decreased dramatically within the last 60 years. The populations in the ancient relict habitats are robust, while the populations in extensively used grasslands declined dramatically. Larger populations with more than 800 individuals are only found in two areas. More than half of the 53 populations within the study area consist of less than 50 individuals. The maximal distance between two populations was 2 km. All populations of *Pulsatilla vulgaris* are close to forests or shrubberies. This confirms the high affinity of the species to the vegetation complex of ancient forests.

The genetic variability within the populations is 23 % (mean $H_{er}=0.23$) whereas the values range from 18 to 26%. For the genetic differentiation between the populations an F_{ST} -value of 0.14 was calculated when only populations with more than 9 individuals were considered. The results of an AMOVA show that the largest part of the genetic variation was within the population (86%) and a relatively low differentiation between the populations. The cluster analysis indicated no clear grouping of the populations. The correlation between the genetic variation and the population size was strong ($r=0.64$) and highly significant ($P=0.006$). Between the genetic and geographical distance the correlation was weak (Manteltest $r=0.45$; $p=0.007$) but also highly significant.

Discussion

Habitat requirements of *Zygaena carniolica*

With the main occurrences of *Zygaena carniolica* in xerotherm dry grasslands the known relevant factors could be confirmed by the results of the study. However the occurrences in mesophilic grasslands also showed that *Zygaena carniolica* is less stenoecious as commonly discussed. The connectivity is the third important variable explaining the occurrences and has a stronger influence than the patch size. The comparison of different models showed that especially for the correct presence prognosis the connectivity is a key factor. THOMAS et al. (2001) found for other butterflies that only the combination of good habitat quality and connectivity can ensure the survival of species structured in metapopulations. For *Zygaena carniolica* the isolation effect from 750 m could be shown. Other researches which did not show the positive effects of connectivity (BINZENHÖFER et al. 2005) have probably a too small investigation area. FRANZEN and NILSON (2007) demonstrated that a minimum area of 50 square kilometres is necessary to investigate the dispersal movements of burnet moths. Consistently with the findings in this study BINZENHÖFER et al. found that the habitat size per se had no significant influence on the presence of *Zygaena carniolica*. Anyhow the patch size has an indirect influence on the habitat quality, because it is difficult to maintain the necessary extensive land use on small grassland patches. The comparison with other habitat models shows that the prediction model with an AUC of 0.84 are good to very good results (HOSMER and LOMESHOW 2000). Logistic regression models with a similar number of environmental factors are presented for example by SCHRÖDER (2000) and BINZENHÖFER (2005).

Genetic structure of *Pulsatilla vulgaris*

The genetic structure which was identified with this study – a high diversity (85%) within and a low differentiation between the populations - is typical for *Pulsatilla vulgaris*. Very similar results for *Pulsatilla*-species were found by HENSEN et al. (2005) and RONIQUIER (2002). A high variability within the populations is typical for long-living plants, for a mainly

out crossing breeding system and for a low dispersal capability (NYBOM et al. 2000). The genetic structure of *Pulsatilla vulgaris* is typical for a relict plant which endured for a long time in the same habitat. DANNEMANN (2000) found for another relict plant *Biscutella laevigata* also a high variability within the populations. It can be explained by the fact that the populations were not found by few individuals but they are remains of formerly more widespread species. The long lifetime and the out crossing maintain the genetic variability within the populations. It is difficult to estimate the gene flow between the populations. For *Pulsatilla vulgaris* a current gene flow between the populations could not be detected. The seed bank is probably less important for *Pulsatilla* species (ERSCHBARMER und SCHERER 1999). Seedlings are hardly found in natural habitats (WELLS and BARLING (1958), HENSEN et al. (2005), PFEIFER (1998), own observations). The seed dispersal by wind is up to 100 m (TACKENBERG 2001; POSCHLOD 1988). For the seed dispersal by sheep no data are available. Due to the early flowering of *Pulsatilla vulgaris* probably *Lassioglossum vulgare* is the main pollinator (KRATCHOWILL 1998). The observed flies of *Lassioglossum vulgare* were about 50 m around their nesting site. According to KRATCHOWILL, large scale dispersal by pollen is unlikely. On the contrary HENSEN et al. assume that there is a gene flow between isolated populations of *Pulsatilla vulgaris*, because some pollinators have the capability to fly several km.

Habitat network planning and target species for a regional habitat network

Pulsatilla vulgaris and *Zygaena carniolica* are typical species for dry grassland and both are endangered and therefore good target species for the conservation of dry habitats. Further criteria for a regional habitat network are low dispersal capacities or the existence of metapopulation structures. According to RECK et al. (2007) *Pulsatilla vulgaris* is not a suitable target species for the regional habitat network, because it occurs only in few isolated habitats which would not profit from conservation measures which improve the functionality of a habitat network. Due to its metapopulation structure *Zygaena carniolica* is a good target species for a regional habitat network. By ordination it is proved to be representative for other dry habitat species (JOOB 2006). Furthermore habitat models of *Zygaena carniolica* showed that the habitat preferences were highly suitable to predict potential habitats of other species (HEIN et al. 2007). However, because of the necessity to consider a wide range of dry habitats in the network planning, it is not enough to take only one target species into account. Other potential target species, such as *Lysandra bellargus*, *Lysandra coridon*, *Melitaea parthenoides*, *Zygaena fausta* and other taxons should be included in the concepts.

Conclusions

Based on the findings of the study, following aspects are relevant for the conservation management:

- The calculated potential dry habitat network with a 750 m distance provides a base map for the dry habitat network planning. Sufficient larval and imaginal habitats have to be provided within this network in order to ensure the survival of species structured in metapopulations.
- The habitat quality is the key factor for the dry grassland species. To maintain and develop the quality a management of the sites is necessary. The grasslands are endangered by intensification and abandonment of the land use.
- *Zygaena carniolica* populates also small patches, preconditioned the habitat quality is suitable. Therefore small as well as not occupied, but suitable dry grasslands are to be included in the network concept. The protection of larger areas is important, because only they can provide a heterogeneity of different microhabitats (cf. Riecken et al. 2004)
- *Pulsatilla vulgaris* has a high genetic diversity within in the study area, whereas the genetic differentiation between the populations is low. Due to the biological-ecological characteristics of *Pulsatilla vulgaris* recolonization does hardly occur. Therefore the continuity of the ancient habitats is the most important factor for the survival of the populations.
- Management measures which aim to improve the exchange between metapopulations, i.e. distances of more than around one kilometre, are subordinated. Beside the maintenance of the habitat quality within the priory habitat network, an area-wide extensification should be promoted in order to reduce the isolation effect of intensive land use systems.

Further researches on the population dynamics of *Zygaena carniolica* are necessary to evaluate the population viability in the region. For *Pulsatilla vulgaris* an investigation of the historical locations is essential to understand the causes for the decrease of the species and to identify habitats where management measures are promising. More research is required about the movement of species, especially those who are considering the landscape matrix. The knowledge would be helpful to estimate the dispersal behaviour of the species but also the gene exchange between plant populations by pollination. Only observations at different scales can help to understand the complex functional relationships between habitats.

Literaturverzeichnis

- Achtziger, R.; Gruttke H.; Nigmann U.; Günther A. (2005): Analyse der Gefährdungsursachen planungsrelevanter Tiergruppen in Deutschland. - Naturschutz und Biologische Vielfalt, H. 21. Bundesamt für Naturschutz, Bonn-Bad Godesberg. 605 S.
- Altmooß, M. (2003): Erkennen wir die richtigen Habitate von Tieren? - Naturschutz und Landschaftsplanung 35 (7): 212-219.
- Altmooß, M. (2003). Schützen wir die richtigen Flächen für Tiere? - Naturschutz und Landschaftsplanung 35 (8): 247-254.
- Amler, K.; Bahl A.; Henle K.; Kaule G.; Poschlod P.; Settele J. (Hrsg.) (1999): Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis. Isolation, Flächenbedarf und Biotopansprüche von Pflanzen und Tieren. Ulmer, Stuttgart. 336 S.
- Anneli, P.; Linder M.; Truu J.; Mander Ü. (2008): The influence of biophysical factors and former land use on forest floristic variability on Saaremaa and Muhu islands, Estonia. Journal for Nature Conservation. in press.
- Backhaus, K. Erichson B. Plinke W. Weiber R. (2003): Multivariate Analysemethoden: eine anwendungsorientierte Einführung. Springer, Berlin, Heidelberg. 818 S.
- Bartsch, J. (1924): Zur Flora des badischen Jura und Bodenseegebietes. - Mitteilungen des Badischen Landesvereins für Naturkunde und Naturschutz 12/13: 301-309.
- Baudry, J. Merriam H. G. (1988): Connectivity and Connectedness: Functional versus Structural Patterns in Landscapes. In: Schreiber, K.-F. (Hrsg.): Connectivity in Landscape Ecology: proceedings of the 2nd International Seminar of the "International Association for Landscape Ecology. Münstersche Geographische Arbeiten 29: 23-28.
- Baumann, T. Biedermann R. Hoffmann E. (1999). Mitnahmeeffekte wirbelloser Zielarten am Beispiel von Trockenstandorten. In: Amler, K.; Bahl A.; Henle K.; Kaule G.; Poschlod P. Settele J. (Hrsg.): Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis. Isolation, Flächenbedarf und Biotopansprüche von Pflanzen und Tieren. Ulmer, Stuttgart: 37-45.
- Beinlich, B.(1995): Die historische Entwicklung der Schäferei in Südwestdeutschland. Beiheft Veröffentlichungen Naturschutz und Landschaftspflege Baden-Württemberg 83.
- Beinlich, B.; Plachter H. (Hrsg.) (1995): Schutz und Entwicklung der Kalkmagerrasen der Schwäbischen Alb. Veröffentlichungen für Naturschutz und Landschaftspflege in Baden-Württemberg: Beiheft 83. Landesanstalt für Umweltschutz, Karlsruhe. 520 S.
- Bennett, M. D.; Smith, J. B. (1991): Nuclear DNA amounts in angiosperms. - Philosophical Transactions: Biological Sciences 334 (1271): 309-345.

- Benzing, A. G. (1964): Die naturräumlichen Einheiten auf Blatt 186 Konstanz. Geographische Landesaufnahme 1:200 000. Bundesanstalt für Landeskunde und Raumordnung, Bonn - Bad Godesberg. 44 S.
- Berthoud, G.; Righetti A.; Lebeau R. P. (2004): Nationales ökologisches Netzwerk REN. Schlussbericht. Schriftenreihe Umwelt Nr. 373. BUWAL, Bern. 131 S.
- Binot, M.; Gless R.; Boye P.; Gruttke H.; Pretscher P. (1998): Rote Liste gefährdeter Tiere Deutschlands. Bundesamt für Naturschutz, Bonn - Bad Godesberg. 434 S.
- Binzenhöfer, B. (2005): Habitatmodelle und Konnektivitätsanalysen bei tagaktiven Schmetterlingen . Dissertation Universität Halle-Wittenberg. 94 S.
- Binzenhöfer, B.; Schröder, B.; Strauss, B.; Biedermann, R.; Settele, J. (2005). Habitat models and habitat connectivity analysis for butterflies and burnet moths - The example of *Zygaena carniolica* and *Coenonympha arcania*. - *Biological Conservation* 126: 229-243.
- Blab, J. (2004): Bundesweiter Biotopverbund. Konzeptansatz und Strategien der Umsetzung. -*Natur und Landschaft* 12: 534-543.
- Blab, J.; Kudrna O. (1982): Hilfsprogramm für Schmetterlinge: Ökologie und Schutz von Tagfaltern und Widderchen. Kilda-Verlag, Greven. 135 S.
- Blaschke, T. (2000): Landscape Metrics: Konzepte eines jungen Ansatzes der Landschaftsökologie und Anwendung in Naturschutz und Landschaftsforschung. - *Archiv für Naturschutz und Landschaftsforschung* 39:267-299.
- Bonin, A.; Bellemann, E.; Eidesen, B.; Pompanon, F.; Brochmann, C.; Taberlet, P. (2004): How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. - *Molecular Ecology* 13: 3261-3273.
- Braun-Blanquet, J. (1931): Die Trockenrasengesellschaften des Hegaus und ihre Genese. - *Veröffentlichungen der Staatlichen Stelle für Naturschutz beim Württembergischen Landesamt für Denkmalpflege* 7: 59-65.
- Brunzel, S.; Reich, M. (1996): Zur Metapopulation des Roten Scheckenfalters (*Melitaea didyma* Esper 1779) auf der Schwäbischen Alb. - *Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz* 5: 243-253.
- Bühl, A.; Zöfel P. (2005): SPSS 12: Einführung in die moderne Datenanalyse unter Windows. Pearson Studium, München. 744 S.

- Burkhardt, R.; Baier, H.; Bendzko, U.; Bierhals, E.; Finck, P.; Liegl, A.; Mast, R.; Mirbach, E.; Nagler, A.; Pardey, A.; Riecken, U.; Sachteleben, J.; Schneider, A.; Szekely, S.; Ullrich, K.; van Hengel, U.; Zeltner, U.; Zimmermann, F. (2004): Empfehlungen zur Umsetzung des §3 BNatSchG "Biotopverbund". Ergebnisse des Arbeitskreises „Länderübergreifender Biotopverbund“ der Länderfachbehörden mit dem BfN. Bundesamt für Naturschutz, Bonn-Bad Godesberg. 84 S.
- Burkhardt, R.; Baier, H.; Bendzko, U.; Bierhals, E.; Finck, P.; Jennemann, K.; Liegl, A.; Mast, R.; Mirbach, E.; Nagler, A.; Pardey, A.; Riecken, U.; Sachteleben, J.; Schneider, A.; Szekely, S.; Ullrich, K.; van Hengel, U.; Zeltner, U.; Zimmermann, F. (2003). Naturschutzfachliche Kriterien zur Umsetzung des § 3 BNatSchG "Biotopverbund". - *Natur und Landschaft* 78 (9/10): 418-426.
- Caughley, G. (1994): Directions in conservation biology. - *Journal of Animal Ecology* 63: 215-244.
- Dannemann, A. (2000): Der Einfluß von Fragmentierung und Populationsgröße auf die genetische Variation und Fitness von seltenen Pflanzen am Beispiel von *Biscutella laevigata*. *Dissertationes botanicae* 330, Berlin/Stuttgart. 151 S.
- Dierschke, H. (1994): *Pflanzensoziologie: Grundlagen und Methoden*. Ulmer, Stuttgart. 683 S.
- Dormann, C. F. (Hrsg.) (2004): *Habitatmodelle: Methodik, Anwendung, Nutzen*. Tagungsband zum Workshop vom 8.-10. Oktober 2003 am UFZ Leipzig. UFZ-Bericht 9/2004. Umweltforschungszentrum Leipzig-Halle. 170 S.
- Duelli, P. (1992): Mosaikkonzept und Inseltheorie in der Kulturlandschaft. - *Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie* Band 21: 379-384.
- Ebert, G.; Rennwald E. (Hrsg.) (1994): *Die Schmetterlinge Baden-Württembergs, Band 3: Nachtfalter*. Ulmer, Stuttgart. 518 S.
- Eggenberg, S.; Dalang T.; Dipner, M.; Mayer, C. (2001): Kartierung und Bewertung der Trockenwiesen und -weiden von nationaler Bedeutung. Technischer Bericht. Hrsg.: Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft (BUWAL). Schriftenreihe Umwelt Nr. 325, Bern. 325 S.
- Ellenberg, H. (1996): *Vegetation Mitteleuropas mit den Alpen in ökologischer, dynamischer und historischer Sicht*. Ulmer, Stuttgart. 1095 S.
- Erschbamer, B.; Scherer H. (1999): Diasporenbank-Untersuchungen an Standorten der Innsbrucker Küchenschelle (*Pulsatilla oenipontana* D.T.&Sarnth.). *Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie*. Band 29: 417-423.
- Fachstelle Naturschutz Kanton Zürich (Hrsg.) (2004): *Aktionsplan Gewöhnliche Küchenschelle*. 23 S. (unveröff.).

- Fahrig, L. (2003): Effects of habitat fragmentation on biodiversity. - *Annual Review of Ecology and Systematics* 34: 487-515.
- Fahrig, L.; Merriam G. (1985): Habitat patch connectivity and population survival. - *Ecology* 66(6): 1762-1768.
- Fartmann, T. (2004): Die Schmetterlingsgemeinschaften der Halbtrockenrasen-Komplexe des Diemeltales: Biozönologie von Tagfaltern und Widderchen in einer alten Hudelandschaft. Dissertation Universität Münster. *Abhandlungen aus dem Westfälischen Museum für Naturkunde* 66 (1). 256 S.
- Fartmann, T.; Hermann G. (2006): Larvalökologie von Tagfaltern und Widderchen in Mitteleuropa. *Abhandlungen aus dem Westfälischen Museum für Naturkunde* 68 (3/4). 361 S.
- Fielding, A. H.; Bell J. F. (1997): A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. - *Environmental Conservation* 24 (1): 38-49.
- Fink, P.; Riecken, U.; Ullrich, K. (2005): Europäische Dimension des Biotopverbundes in Deutschland. - *Natur und Landschaft* 80 (8): 364-368.
- Fischer, M.; Matthies, D. (1998): RADP variation in relation to population size and plant fitness in the rare *Gentianella germanica* (Gentianaceae). - *American Journal of Botany* 85 (6): 811-819.
- Flade, M. (1995): Aufbereitung und Bewertung vogelkundlicher Daten für die Landschaftsplanung unter besonderer Berücksichtigung des Leitartenmodells. - *Schriftenreihe für Landschaftsplanung und Naturschutz* 43: 107-147.
- Forman, R.T.T.; Godreon, M. (1986): *Landscape ecology*. Wiley, New York, NY. 619 S.
- Franzen, M.; Nilsson, S.G. (2007): What is the required minimum landscape size for dispersal studies? - *Journal of Animal Ecology* 76: 1224-1230.
- Fuchs, D.; Hänel, K.; Jeßberger, J.; Lipski, A.; Reck, H.; Reich, M.; Sachteleben, J.; Finck, P.; Riecken, U. (2007): National bedeutsame Flächen für den Biotopverbund. - *Natur und Landschaft* 8: 345-352.
- Geißler-Strobel, S. (1999): Landschaftsplanungsorientierte Studien zu Ökologie, Verbreitung, Gefährdung und Schutz der Wiesenknopf-Ameisen-Bläulinge *Glaucopsyche (Maculinea) nausithous* und *Glaucopsyche (Maculinea) teleius*. Dissertation Universität Hohenheim. 105 S.
- Geißler-Strobel, S.; Kaule, G.; Settele, J. (2000): Gefährdet Biotopverbund Tierarten? - *Naturschutz und Landschaftsplanung* 32 (10): 293-299.
- Geyer, O.; Gwinner, M. (1991): *Geologie von Baden-Württemberg*. Schweizerbart, Stuttgart. 482 S.
- Gradmann, R. (1950): *Das Pflanzenleben der Schwäbischen Alb*. Band 1: Allgemeiner Teil. Verlag des Schwäbischen Albvereins, Tübingen. 401 S.

- Grüneberg, C. (2003): Einfluß von Flächengröße, Isolation und Habitatqualität auf die Verbreitung und Populationsdynamik des Hochmoor-Gelblings *Colia palaena* Linnaeus 1761 (Lepidoptera, Pieridae) im bayerischen Alpenvorland. Diplomarbeit Universität Münster. 59 S. (unveröff.).
- Guisan, A.; Zimmermann N. E. (2000): Predictive habitat distribution models in ecology. -Ecological modelling 135: 147-186.
- Gustafson, E. J. (1998): Quantifying Landscape Spatial Pattern: What is the State of the Art? - Ecosystems 1: 143-156.
- Hafernik, J. E. (1992): Threats to Invertebrate biodiversity: Implications for conservation strategies. In: Fiedler, P.L.; Jain, S. K. (Hrsg.): Conservation Biology: The Theory and Practice of Nature Conservation, Preservation and Management. Chapman & Hall, New York. 171-195.
- Hanski, I. (1999): Metapopulation ecology. Oxford University Press, Oxford. 313 S.
- Hanski, I.; Simberloff D. (1997): The Metapopulation Approach, Its History, Conceptual Domain, and Application to Conservation. In: Hanski, I.; Gilpin, M. E. (Hrsg.): Metapopulation Biology: Ecology, Genetics, and Evolution. Academic Press, San Diego (Calif) u.a.. 5-26.
- Hansson, L.; Fahrig L.; Merriam G. (Hrsg.) (1995): Landscape mosaics and ecological theory. Mosaic Landscapes and Ecological Processes. Chapman & Hall, London. 356 S.
- Harrison, S.; Bruna E. (1999): Habitat fragmentation and large-scale conservation: what do we know for sure? - Ecography 22: 225-232.
- Hattemer, H.; Bergmann F.; Ziehe M. (1993): Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwissenschaft. Sauerländer, Frankfurt am Main. 492 S.
- Hein, S.; Binzenhöfer B.; Poethke H. J.; Biedermann R.; Settele J.; Schröder B. (2007): The generality of habitat suitability models: A practical test with two insect groups. - Basic and Applied Ecology 8: 310-320.
- Henle, K. (1993): Bedeutung von Isolation, Flächengröße und Biotopqualität für das Überleben von Tier- und Pflanzenpopulationen in der Kulturlandschaft am Beispiel von Trockenstandorten. - Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz 2: 58-60.
- Henle, K.; Mühlenberg, M. (1996): Area Requirement and Isolation: Conservation Concepts and Application in Central Europe. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 111-122.
- Henle, K.; Poschlod, P.; Margules C.; Settele, J. (1996): Species Survival in relation to Habitat Quality, Size and Isolation: Summary Conclusions and future Directions. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 373-381.

- Hensen, I.; Oberprieler, C.; Wesche, K. (2005): Genetic structure, population size and seed production of *Pulsatilla vulvatis* Mill. (Ranunculaceae) in Central Germany. - *Flora* 200: 3-14.
- Hermann, G. (1992): Tagfalter und Widderchen. Methodisches Vorgehen bei Bestandsaufnahmen zu Naturschutz- und Eingriffsplanungen. In: Trautner, J. (Hrsg.): Arten- und Biotopschutz in der Planung: Methodische Standards zur Erfassung von Tierartengruppen. J. Margraf, Weikersheim: 219-238.
- Hofmann, A. (1994): Zygaeninae. In: Ebert, G.; Rennwald E. (Hrsg.): Die Schmetterlinge Baden-Württembergs, Band 3: Nachtfalter. Ulmer, Stuttgart: 196-355.
- Hofmann, F.; Hübscher H. (1977): Geologieführer der Region Schaffhausen. Verlag Meier, Schaffhausen. 139 S.
- Honnay, O.; Adriaens, D.; Coart, E.; Jacquemyn, H.; Roldan-Ruiz, I. (2006): Genetic diversity within and between remnant populations of the endangered calcareous grassland plant *Globularia bisnagarica* L. - *Conservation Genetics* 8 (2): 293-303.
- Hosmer, D. W.; Lemeshow S. (2000): Applied Logistic Regression. Wiley, New York. 375 S.
- Hovestadt, T.; Roeser J.; Mühlenberg M. (1991): Flächenbedarf von Tierpopulationen als Kriterium für Maßnahmen des Biotopschutzes und als Datenbasis zur Beurteilung von Eingriffen in Natur und Landschaft. Berichte aus der ökologischen Forschung Forschungszentrum Jülich 1. 277 S.
- Hutchison, D. W.; Templeton, A. R. (1999): Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability. - *Evolution* 53 (6): 1898-1914.
- Hänel, K. (2006): Habitatverbundsysteme auf überörtlicher Ebene. HABITAT-NET - ein vektorbasierter GIS-Algorithmus als Planungshilfe. - *Naturschutz und Landschaftsplanung* 38 (8): 237-244.
- Hübner, G. (2002): Widderchen im Trockenbiotopverbund. - *Naturschutz und Landschaftsplanung* 34 (6): 189-190.
- Ims, R. (1995): Movement patterns related to spatial structures. In: Hansson, L, Fahrig, L., Merriam, G. (Hrsg.): Mosaic Landscapes and Ecological Processes. Chapman & Hall, London: 85-107.
- Jackel, Anne-Kathrin (1999): Strategien der Pflanzenarten einer fragmentierten Trockenrasengesellschaft. *Dissertationes botanicae* 309. Berlin, Stuttgart. 253 S.
- Jedicke, E. (1994): Biotopverbund. Grundlagen und Maßnahmen einer neuen Naturschutzstrategie. Ulmer, Stuttgart. 287 S.
- Jedicke, E.; Marschall I. (2003): Einen zehnten für die Natur. Retrospektiven und Perspektiven zum Biotopverbund nach §3 BNatSchG. - *Naturschutz und Landschaftsplanung* 35 (4): 101-109.

- Jongman, R. H. G.; ter Braak C. J. F.; van Tongeren O. F. R. (1995): Data analysis in community and landscape ecology. Cambridge University Press, Cambridge. 299 S.
- Jooß, R. (2006a): Schutzverantwortung von Gemeinden für Zielarten in Baden-Württemberg. Empirische Analyse und naturschutzfachliche Diskussion einer Methode zur Auswahl von Vorranggebieten für den Artenschutz aus landesweiter Sicht. Dissertation Universität Stuttgart. 262 S.
- Jooß, R. (2006b): Suchräume für den Biotopverbund - ein planungsbezogenes Verfahren zur Verbundanalyse von Flächenkonfigurationen aus tierökologischer Sicht. In: Strobl, J.; Blaschke, T.; Griesebner, G. (Hrsg.): Angewandte Geoinformatik 2006 - Beiträge zum 18. AGIT-Symposium Salzburg: 257-263.
- Kapphan, M. (1957): Untersuchungen zur Gesellschaftsbindung und Ökologie von Pulsatilla in Südwestdeutschland. Dissertation Universität Tübingen. 95 S.
- Kaule, G.; Jürging P. (1977): Biotopkartierung für die Landschaftsplanung dargestellt am Beispiel der Donauebene, Region 10, Ingolstadt. Schriftenreihe Naturschutz und Landschaftspflege 8.: 7-22.
- Kaule, G. (1991): Arten- und Biotopschutz. Ulmer, Stuttgart. 519 S.
- Kaule, G.; Henle K. (1991): Überblick über Wissensstand und Forschungsdefizite. In: Henle, K. (Hrsg.): Arten- und Biotopschutzforschung für Deutschland. Berichte aus der Ökologischen Forschung 4. Forschungszentrum Jülich: 2-44.
- Keel, A. (1995): Vegetationskundlich-ökologische Untersuchungen und Bewirtschaftungsexperimente in Halbtrockenwiesen (Mesobromion) auf dem Schaffhauser Randen. Veröffentlichungen des geobotanischen Institutes der eidgenössischen technischen Hochschule, Stiftung Rübel 124. Heft, Zürich. 181 S.
- Kelhofer, E. (1915): Beiträge zur Pflanzengeographie des Kantons Schaffhausen. Dissertation Universität Zürich. Kuehn, Schaffhausen. 206 S.
- Kendi, F. D.; Gascon C.; Margules C. R. (2001): Habitat Fragmentation. Consequences, Management, and Future Research Priorities. In: Soulé, M.E.; Orians, G.H. (Hrsg.): Conservation Biology. Island Press, Washington D.C. u.a.: 81-97.
- Klecak, G. (1996): Räumliche und zeitliche Dynamik seltener Pflanzenarten rekonstruiert anhand alter Florenwerke. Diplomarbeit Universität Zürich. 110 S. (unveröff.).
- Klecak, G.; Wohlgemuth T.; Schneller J. J. (1997): Regionale Florenwerke und ihre Bedeutung für die Rekonstruktion räumlicher und zeitlicher Dynamik seltener Pflanzenarten. - Botanica Helvetica 107: 239-262.
- Kleyer, M.; Kaule G.; Settele J. (1996): Landscape Fragmentation and Landscape Planning, with a focus on Germany. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 138-151.

- Kleyer, M.; Kratz R.; Lutze G.; Schröder B. (2000): Habitatmodelle für Tierarten: Entwicklung, Methoden und Perspektiven für die Anwendung. - Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz 8: 177-194.
- Koch, M. (1984): Wir bestimmen Schmetterlinge. Neumann-Neudamm, Melsungen. 792 S.
- Korneck, D.; Schnittler, M.; Klingenstein, F.; Ludwig, G.; Takla, M.; Bohn, U.; May, R. (1998): Warum verarmt unsere Flora? Auswertung der Roten Liste der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands. - Schriftenreihe für Vegetationskunde 28: 299-444.
- Kratochwil, A. (1988): Zur Bestäubungsstrategie von *Pulsatilla vulgaris* MILL. - Flora 181: 261-324.
- Kratochwil, A.; Schwabe A. (2001): Ökologie der Lebensgemeinschaften. Ulmer, Stuttgart. 756S.
- Krauss, S. L. (2000): Accurate gene diversity estimates from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. - Molecular Ecology 9: 1241-1245.
- Krauß, J. (2003): Auswirkungen von Habitatfragmentierung und Landschaftsstruktur auf Tagfalter und Blütenpflanzen. Dissertation Universität Göttingen. 101 S.
- Krauß, J.; Staffan-Dewenter I.; Tschamtker T. (2003): Local species immigration, extinction, and turnover of butterflies in relation to habitat area and habitat isolation. - Oecologia 137: 591-602.
- Kreusel, B. (1999): Dispersionsdynamik von Widderchen zwischen verinselten Kalkmagerrasen in Süddeutschland unter besonderer Berücksichtigung von Naturschutzaspekten. - Natur und Landschaft 74 (6): 255-265.
- Kuhn, K. (1937): Die Pflanzengesellschaften im Neckargebiet der Schwäbischen Alb. Württembergische Landesstelle für Naturschutz und dem Verein für Vaterländische Naturkunde in Württemberg. Dissertation Universität Tübingen. 340 S.
- Kuhn, W. (1998): Flächendeckende Analyse ausgewählter ökologischer Parameter: Bewertung von Habitateignung und -isolation für zwei wirbellose Tierarten mit Hilfe eines geographischen Informationssystems. Dissertation Universität Stuttgart. - Europäische Hochschulschriften Reihe 42, Ökologie, Umwelt und Landespflanze 23. Lang, Frankfurt am Main. 270 S.
- Kuhn, W.; Kleyer M. (1996): Mapping and Assessing Habitat Models on the Landscape level. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): Species Survival in Fragmented Landscapes. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 356-362.
- Kummer, G. (1937-1947): Die Flora des Kantons Schaffhausen mit Berücksichtigung der Grenzgebiete. Lieferung 1-7. Kuehn, Schaffhausen. 936 S.
- Kwak, M. M.; Venter O.; Andel van J. (1998): Pollen and gene flow in fragmented habitats. - Applied Vegetation Science 1: 37-54.

- Landesanstalt für Umweltschutz Baden-Württemberg (Hrsg.) (1997): Arten, Biotope, Landschaft: Schlüssel zum Erfassen, Beschreiben, Bewerten. LfU, Karlsruhe. 236 S.
- Lang, S. (1999): Aspekte und Spezifika der nordamerikanischen landscape metrics innerhalb der Landschaftsökologie und experimentelle Untersuchungen zum Proximity Index. Diplomarbeit Universität Salzburg. 110 S. (unveröffentl.)
- Langenauer, R.; Köhler B.; Gigon A. (2000): Ergebnisse 20-jähriger Bewirtschaftungsversuche in Halbtrockenwiesen bei Merishausen. - Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft Schaffhausen 45: 37-47.
- Leimu, R.; Mutikainen, P.; Koricheva, J.; Fischer, M. (2006): How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? - Journal of Ecology 94: 942-952.
- Leopold, P.; Vischer-Leopold, M.; Glöckner, M. (2005): Anleitung für ein landesweites Monitoring tagfliegender Schmetterlinge. (unveröffentl.).
- Levins, R. (1970): Extinction. In: Gerstenhaber, M. (Hrsg.): Some Mathematical Problems in Biology. American Mathematical Society, Providence, USA: 75-110.
- Levins, R. (1969): Some Demographic and Genetic Consequences of Environmental Heterogeneity for Biological Control. - Bulletin of the Entomological Society of America 15: 237-240.
- Leyer, I.; Wesche K. (2007): Multivariate Statistik in der Ökologie. Springer, Berlin/Heidelberg. 221 S.
- MacArthur, R.H.; Wilson, E. O. Biogeographie der Inseln. 1971. München, Goldmann.
- Matthew, J. R.; Cowley, R.J. W.; Leon-Cortes, J.; Gutierrez, D.; Bulman, C.; Thomas, C.D. (2000): Habitat-based statistical models for predicting the spatial distribution of butterflies and day-flying moths in a fragmented landscape. - Journal of Applied Ecology 37 (Suppl. 1): 60-72.
- McGarigal, K.; Marks, B. (1994): Fragstats. Spatial Pattern Analysis Program for Quantifying Landscape Structure. Version 2.0. Technical Report. Corvallis. 134 S.
- Meusel, H.; Jäger, E. J. (1965): Vergleichende Chorologie der zentraleuropäischen Flora. Band 1, Teil 2. Fischer, Jena/Stuttgart. 258 S.
- Meyer-Cords, C.; Boye, P. (1999): Schlüssel-, Ziel-, Charakterarten. Zur Klärung einiger Begriffe im Naturschutz. - Natur und Landschaft 74(3): 99-101.
- Meynen, E.; Schmithüsen, J. (1962): Handbuch der naturräumlichen Gliederung Deutschlands. Band 1. Bundesanstalt für Landeskunde und Raumforschung, Selbstverlag, Bonn-Bad Godesberg. 608 S.
- Moilanen, A.; Hanski, I. (1998): Metapopulation dynamics: effects of habitat quality and landscape structure. - Ecology 79(7): 2503-2515.

- Moilanen, A., Nieminen, M. (2002): Simple connectivity measures in spatial ecology. – *Ecology* 83(4): 1131-1145.
- Morrison, M.; Marcot, B.G.; Mannan R.W. (1998): *Wildlife habitat relationships*. University of Wisconsin Press, Madison. 435 S.
- Moser, D.; Gygax, A.; Bäumler, B.; Wyler, N.; Palese, R. (2002): Rote Liste der gefährdeten Farn- und Blütenpflanzen der Schweiz. BUWAL-Reihe "Vollzug Umwelt". Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft (Hrsg.), Bern. 118 S.
- Mühlenberg, M. (1993): *Freilandökologie*. UTB, Heidelberg. 512 S.
- Müller, U.; Strein, M.; Suchant, R. (2003): Wildtierkorridore in Baden-Württemberg. - *Freiburger forstliche Forschung, Berichte* 48. Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Freiburg. 45 S.
- Mühlenberg, M.; Henle, K.; Settele, J.; Poschlod, P.; Seitz, A.; Kaule, G. (1996): Studying species survival in fragmented landscapes: The approach of the FIFB. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): *Species Survival in Fragmented Landscapes*. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 152-160.
- Mühlenberg, M.; Slowik, J. (1997): *Kulturlandschaft als Lebensraum*. Quelle und Meyer, Wiesbaden. 312 S.
- Naumann, C.; Feist, R.; Richter, G.; Weber, U. (1984): *Verbreitungsatlas der Gattung Zygaena Fabricius, 1775 (Lepidoptera, Zygaenidae)*. Theses zoologicae 5. Cramer, Braunschweig. 96 S.
- Naumann, C. M.; Tarmann, G. M.; Tremewan, W.G. (1999): *The Western palaeartic Zygaenidae*. Apollo Books, Stenstrup. 304 S.
- Nybohm, H.; Bartish, I. (2000): Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RADP markers in plants. - *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 2 (3): 93-114.
- Oates, M.R. (1995): Butterfly conservation within the management of grassland habitats. In: Pullin, A.S. (Hrsg.): *Ecology and Conservation of Butterflies*. Chapman & Hall, London etc.: 98-112.
- Oberdorfer, E. (1939): Gutachten über das Naturschutzgebiet Küssaburg. (unveröff.)
- Oberdorfer, E. (1990): *Pflanzensoziologische Exkursionsflora*. Ulmer, Stuttgart. 1050 S.
- Oberdorfer, E. Hrsg. (1993): *Süddeutsche Pflanzengesellschaften*. Band 2: Sand- und Trockenrasen, Heide- und Borstgrasgesellschaften, alpine Magerrasen, Saum-Gesellschaften, Schlag- und Hochstaudenfluren. Fischer, Stuttgart. 355 S.
- Oostermeijer, J.G.B. (2000): Is genetic variation important for the viability of wild plant populations? - *Schriftenreihe Vegetationskunde* 32: 23-30.

- Oostermeijer, J.G.B.; Luijten, S.H.; den Nijs, J.C.M. (2003): Integrating demographic and genetic approaches in plant conservation. - *Biological Conservation* 113: 389-398.
- Opdam, P. (1988): Populations in fragmented landscapes. In: Schreiber, K.-F. (Hrsg.): *Connectivity in Landscape Ecology: proceedings of the 2nd International Seminar of the "International Association for Landscape Ecology*. Münstersche Geographische Arbeiten 29: 75-77.
- Peringer, A. (2007): Analyse von Mechanismen der sekundären progressiven Sukzession von voralpinem Niedermoorgrünland zu Erlenbruchwald. Dissertation Universität Stuttgart. 217 S.
- Pfeifer, E. (1998): Populationsbiologische Untersuchungen an *Pulsatilla vulgaris* Mill. in der Nordostschweiz. Diplomarbeit Universität Zürich. 69 S. (unveröff.).
- Pfeifer, E.; Holderegger, R.; Matthies, D.; Rutishauser, R. (2002): Populationsbiologische Untersuchungen an einer Flaggschiff-Art der Magerrasen: *Pulsatilla vulgaris* Mill. in der Nordostschweiz. - *Botanica Helvetica* 112(2): 153-171.
- Plachter, H.; Bernodat D.; Müssner R.; Riecken U. (2003): Entwicklung und Festlegung von Methodenstandards im Naturschutz. Schriftenreihe für Landschaftspflege und Naturschutz Heft 70. Bundesamt für Naturschutz, Bonn-Bad Godesberg. 566 S.
- Poethke, H. J.; Seitz, A.; Wissel, C. (1996): Species survival and metapopulations: Conservation implications from ecological theory. In: Settele, J.; Margules, C.R.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.): *Species Survival in Fragmented Landscapes*. Kluwer Academic, Dordrecht/London: 81-92.
- Poschlod, P. (1996): Das Metapopulationskonzept - eine Betrachtung aus pflanzenökologischer Sicht. - *Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz* 5: 161-185.
- Poschlod, P.; Dannemann, A.; Kahmen, S.; Melzheimer, V.; Biedermann, H.; Mengel, C.; Neugebauer, K.R.; Pantle, I. (2000): Genes in landscape. Change in central European land use and its impact on genetic diversity of plants. - *Schriftenreihe Vegetationskunde*. Bundesamt für Naturschutz 32: 111-127.
- Poschlod, P., Kiefer, S.; Jackel, A.; Fischer, S. (1999): Populationsbiologische Untersuchungen an Pflanzen der Trockenrasen - ein zönosenbezogener Ansatz der Analyse der Gefährdung durch Fragmentierung und Isolation. In: Amler, K.; Bahl, A.; Henle, K.; Kaule, G.; Poschlod, P. Settele, J. (Hrsg.): *Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis. Isolation, Flächenbedarf und Biotopansprüche von Pflanzen und Tieren*. Ulmer, Stuttgart: 78-92.
- Poschlod, P.; Schumacher, W. (1998): Rückgang von Pflanzen und Pflanzengesellschaften des Grünlandes - Gefährdungsursachen und Handlungsbedarf. - *Schriftenreihe für Vegetationskunde* 29: 83-99.

- Pott, R. (1996): Die Entwicklungsgeschichte und Verbreitung xerothermer Vegetationseinheiten in Mitteleuropa unter dem Einfluß des Menschen. - *Tuexenia* 16: 337-369.
- Reck, H. (2004): Das Zielartenkonzept. Ein integrativer Ansatz zur Erhaltung der biologischen Vielfalt? In: Wiggering, H., Müller, F. (Hrsg.): *Umweltziele und Indikatoren*. Springer, Berlin/Heidelberg. 311-343.
- Reck, H.; Hänel, K.; Böttcher, M.; Tillmann, J.; Winter, A. (Bearb.) (2004): *Lebensraumkorridore für Mensch und Natur*. Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.), Bonn-Bad Godesberg. 313 S.
- Reck, H.; Hänel, K.; Hermann, M.; Sachteleben J. (2007): *Zielarten des überörtlichen Biotopverbundes. Zeigerarten für Zerschneidung und Verinselung*. Vorentwurf. 17 S. (unveröff.).
- Regierungspräsidium Freiburg (Hrsg.) (2004): *Die Naturschutzgebiete im Regierungsbezirk Freiburg*. Thorbecke, Sigmaringen. 679 S.
- Reisch, C.; Anke, A.; Röhl, M. (2005): Molecular variation within and between ten populations of *Primula farinosa* (Primulaceae) along longitudinal gradient in the northern Alps. - *Basic and Applied Ecology* 6: 35-45.
- Ricketts, T. (2001): The Matrix Matters: Effective Isolation in Fragmented Landscapes. - *The American Naturalist* 158(1): 87-99.
- Riecken U., Finck P.; Raths, U.; Schröder, E., Ssymank, A. (2006): *Rote Liste der gefährdeten Biotoptypen Deutschlands. Zweite fortgeschriebene Fassung 2006*. Bundesamt für Naturschutz, Bonn- Bad Godesberg. 318 S.
- Riecken, U., Ullrich, K.; Finck, P. (2004): *Biotopverbund*. - *Handbuch Naturschutz und Landschaftspflege* 13. Ergänzungslieferung 9. 20 S.
- Ronikier, M. (2002): The use of AFLP markers in conservation genetics - a case study on *Pulsatilla vernalis* on the Polish lowlands. - *Cellular and molecular biology letters* 7: 677-684.
- Rothmaler, W. (Begr.) (1991): *Exkursionsflora von Deutschland. Band 3: Atlas der Gefäßpflanzen*. Volk- und-Wissen-Verlag, Berlin. 752 S.
- Sachteleben, J. (2000): *Naturschutzfachliche Bedeutung von Modellen der Inselökologie für Invertebraten und Gefäßpflanzen auf Kalkmagerrasen in Süddeutschland*. Dissertation Universität Marburg. *Agrarökologie*; Bd. 36. Verlag Agrarökologie, Bern/Hannover. 174 S.
- Schiess-Bühler, C. (1993): *Tagfalter im Schaffhauser Randen*. - *Neujahrsblatt der Naturforschenden Gesellschaft Schaffhausen* Nr. 45. Naturforschende Gesellschaft Schaffhausen, Schaffhausen. 73 S.
- Schlumprecht, H.; Völkl, W. (1992): Der Erfassungsgrad zoologisch wertvoller Lebensräume bei vegetationskundlichen Kartierungen. - *Natur und Landschaft* 67(1): 3-7.

- Schmidt, K.; Jensen, K. (2000): Genetic structure and AFLP variation of remnant populations in the rare plant *Pedicularis palustris* (Scrophulariaceae) and its relation to population size and reproductive components. - *American Journal of Botany* 87(5): 678-689.
- Schröder, B. (2000a): Habitatmodelle für ein modernes Naturschutzmanagement. In: Gnauck, A. (Hrsg.): *Theorie und Modellierung von Ökosystemen: Workshop Kölpinsee 2000*. Shaker, Aachen. 201-224.
- Schröder, B. (2000b): *Zwischen Naturschutz und Theoretischer Ökologie: Modelle zur Habitateignung und räumlichen Populationsdynamik für Heuschrecken im Niedermoor*. Dissertation Universität Braunschweig. 256 S.
- Schultz, C.B.; Crone, E.E. (2005): Patch size and connectivity thresholds for butterfly habitat restoration. - *Conservation Biology* 19(3): 887-896.
- Schweizerischer Bund für Naturschutz, Lepidopterologen-Arbeitsgruppe SBN (Hrsg.) (1997): *Schmetterlinge und ihre Lebensräume. Arten, Gefährdung, Schutz. Band 2*. Fotorotar AG, Egg/ZH. 679 S.
- Sebald, O.; Seybold, S.; Philippi, G. (Hrsg.) (1993): *Die Farn- und Blütenpflanzen Baden-Württembergs. Band 1*. Ulmer, Stuttgart. 624 S.
- Settele, J.; Margules, C.; Poschlod, P.; Henle, K. (Hrsg.) (1996): *Species survival in fragmented landscapes*. 1996. Kluwer Academic, Dordrecht/London. 381 S.
- Settele, J.; Feldmann, R.; Reinhardt, R. (1999): *Die Tagfalter Deutschlands*. Ulmer, Stuttgart. 452 S.
- Settele, J.; Henle, K.; Bender, C. (1996): Metapopulation und Biotopverbund: Theorie und Praxis am Beispiel von Tagfaltern und Reptilien. - *Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz* 5: 187-206.
- Shreeve, T. G. (1995): Butterfly mobility. In: Pullin, A.S. (Hrsg.): *Ecology and Conservation of Butterflies*. Chapman & Hall, London etc.: 37-45.
- Simberloff, D.; Farr, J.A.; Cox, J.; Mehlman, D.W. (1992): Movement Corridors: Conservation Bargains or Poor Investments? - *Conservation Biology* 6(4): 493-504.
- Smolis, M.; Gerken, B. (1987): Zur Frage der Populationsgröße und der intrapopularen Mobilität von tagfliegenden Schmetterlingen, untersucht am Beispiel der Zydaenidenarten (Lepidoptera: Zygaenidae) eines Halbtrockenrasens. - *Decheniana* 140: 102-117.
- Sork, V.L.; Nason, J.; Campbell, D.R.; Fernandez, J.F. (1999): Landscape approaches to historical and contemporary gene flow in plants. - *Tree* 14 (6): 219-223.
- Stöcklin, J.; Ryf, M.; Fischer, M. (2000): Small size of remnants of nutrient-poor calcareous grassland (Mesobromion) in the Swiss Jura puts many plant species at the risk of local extinction. - *Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz* 9: 109-118.

- Sukopp, H. (1998): 25 Jahre Untersuchungen des Rückganges von Wildpflanzen und Maßnahmen zur Erhaltung der Artenvielfalt - Rückblick und Ausblick. - Schriftenreihe für Vegetationskunde. Bundesamt für Naturschutz, Bonn-Bad Godesberg 29: 287-295.
- Tackenberg, O. (2001): Methoden zur Bewertung gradueller Unterschiede des Ausbreitungspotentials von Pflanzenarten. *Dissertationes Botanicae* 347. Cramer, Berlin/Stuttgart. 138 S.
- Tero, N.; Aspi, J.; Siikamäki, P.; Jäkäläniemi, A.; Tuomi, J. (2003): Genetic structure and gene flow in a metapopulation of an endangered plant species, *Silene tatarica*. - *Molecular Ecology* 12: 2073-2085.
- Theis, M. (Bearb.) (1992): Potentielle natürliche Vegetation und naturräumliche Einheiten: als Orientierungsrahmen für ökologisch-planerische Aufgabenstellungen in Baden-Württemberg. Landesanstalt für Umweltschutz, Karlsruhe. 26 S.
- Thomas, C. D. (1995): Ecology and conservation of butterfly metapopulations in the fragmented British landscape. In: Pullin, A.S. (Hrsg.): *Ecology and Conservation of Butterflies*. Chapman & Hall, London etc.: 46-63.
- Thomas, J.A.; Bourn, N.A.; Clarke, R.T; Stewart, K.E.; Simcox, G.; Pearman, S.; Curtis, R.; Goodger, B.A. (2001): The quality and isolation of habitat patches both determine where butterflies persist in fragmented landscapes. - *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 268: 1791-1796.
- Ullrich, D. (2007): SPSS für Fortgeschrittene. Seminarskript. Technische Universität Darmstadt. Institut für Psychologie. 166 S. (unveröff.)
- Unterasinger, R.J.; Erschbamer, B. (2002): Populationsentwicklung der Innsbrucker Küchenschelle (*Pulsatilla oenipontana*) und Maßnahmen zu ihrer Erhaltung. - *Berichte des naturwissenschaftlich-medizinischen Vereins in Innsbruck* 89: 71-85.
- Van Dyck, H.; Baguette, M. (2005): Dispersal behaviour in fragmented landscapes: Routine or special movements? - *Basic and Applied Ecology* 6: 535-545.
- Van Rossum, F.; De Sousa, S.; Triest, L. (2004): Genetic consequences of habitat fragmentation in an agricultural landscape on the common *Primula veris*, and comparison with its rare congener, *P. vulgaris*. - *Conservation Genetics* 5: 231-245.
- Veith, M.; Bahl, A.; Seitz, A. (1999): Populationsgenetik im Naturschutz - Einsatzmöglichkeiten und Fallbeispiele. In: Amler, K.; Bahl, A.; Henle, K.; Kaule, G.; Poschlod, P. Settele, J. (Hrsg.): *Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis. Isolation, Flächenbedarf und Biotopansprüche von Pflanzen und Tieren*. Ulmer, Stuttgart: 112-126.
- Vogel, K. (1997): Sonne, Ziest und Flockenblumen: Was braucht eine überlebensfähige Population des Roten Scheckenfalters (*Melitaea didyma*)? *Dissertation Universität Würzburg*. 134 S.

- Vogelsanger, T. (1936/37): Aus dem entomologischen Tagebuch von Dr. med. F. Ris. -Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft Schaffhausen. Band 13: 159-201.
- Volg, F. (2004): Korridore zwischen gleichartigen Lebensräumen - Für und Wider. - Natur und Landschaft 79(6): 264-270
- Vos, P.; Hogers, R.; Bleeker, M.; Reijans, M.; van de Lee, T.; Hornes, M.; Frijters, A.; Pot, J.; Peleman, J.; Kuiper, M.; Zabeau, M. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. - Nucleic Acids Research 23(21): 4407-4416.
- Wagner, W. (2002): Einnischungsmechanismen bei Rotwidderchen (Lepidoptera: Zygaenidae) auf Kalkmagerrasen der Schwäbischen Alb (Baden-Württemberg). Dissertation Universität Ulm. 146 S.
- Wagner, W. (2006): Präimaginalökologie mitteleuropäischer Zygaena-Arten- schwerpunktmäßig untersucht auf Magerrasen der Schwäbischen Alb. In: Fartmann, T.; Hermann G.: Larvalökologie von Tagfaltern und Widderchen in Mitteleuropa. Abhandlungen aus dem Westfälischen Museum für Naturkunde 68 (3/4): 171-196.
- Wagner, W. (2003): Ressourcenverfügbarkeit als Ursache phänologischer Einnischung bei Rotwidderchen (Lepidoptera: Zygaenidae) auf Magerrasen der Schwäbischen Alb (Baden-Württemberg). - Entomologische Zeitschrift 113(8): 226-238.
- Walter, R.; Reck, H.; Kaule, G.; Lämmle, M.; Osinski, E.; Heint, T. (1998): Regionalisierte Qualitätsziele, Standards und Indikatoren für die Belange des Arten- und Biotopschutzes in Baden-Württemberg. - Natur und Landschaft 73(1): 9-25.
- Welk, E. (2001): Arealkundliche Analyse und Bewertung der Schutzrelevanz seltener und gefährdeter Gefäßpflanzen Deutschlands. Dissertation Universität Halle. 303 S.
- Wells, T.C.E.; Barling, D.M. (1971): *Pulsatilla vulgaris* Mill. - The Journal of Ecology 59(1): 275-292.
- Welten, M.; Sutter, R. (1982): Verbreitungsatlas der Farn- und Blütenpflanzen der Schweiz. Band 1. Birkhäuser, Basel.
- Wendelberger, G. (1954): Steppen, Trockenrasen und Wälder des pannonischen Raumes. - Angewandte Pflanzensoziologie: Veröffentlichungen der Forstlichen Bundesversuchsanstalt Wien. Heft 9: 573-634.
- Wiens, J. (1997): The emerging role of patchiness in Conservation Biology. In: Pickett, S.; Ostfeld, R.S.; Shachak, M.; Likens, G.E. (Hrsg.): The ecological basis of conservation. Chapman & Hall, New York u.a.: 93-107.

- Wiens, J. (2002): Predicting Species Occurrence: Progress, Problems, and Prospects. In: Scott, J.M., Heglund, P.J., Morrison, M.L. (Hrsg.): Predicting Species Occurrence: Issues of Accuracy and Scale. Island Press, Washington: 739-749.
- Wiens, J. A. (1995): Landscape mosaics and ecological theory. In: Hansson, L.; Fahrig, L.; Merriam, G. (Hrsg.): Mosaic Landscapes and Ecological Processes. Chapman & Hall, London: 1-26.
- Wilmanns, O. (1996): Ökologische Pflanzensoziologie. Quelle und Meyer, Wiesbaden. 405 S.
- Winkler, E.; Ganahl, D.; Erschbarmer, B. (1999): Größenklassendynamik und Aussterbewahrscheinlichkeit von *Pulsatilla oenipontana*-Populationen. - Berichte des naturwissenschaftlich-medizinischen Vereins in Innsbruck 86: 95-105.
- Wipking, W. (1985): Ökologische Untersuchungen über Habitatbindung der Zygaenidae (Insecta, Lepidoptera). - Mitteilungen Münchener Entomologische Gesellschaft 74: 37-59.
- Witschel, M. (1980): Xerothermvegetation und dealpine Vegetationskomplexe in Südbaden. Vegetationskundliche Untersuchungen und die Entwicklung eines Wertungsmodells für den Naturschutz. Landesanstalt für Umweltschutz Baden-Württemberg, Karlsruhe. 212 S.
- Wright, S. (1969): Evolution and the genetics of populations. Volume 2: The theory of gene frequencies. University Press, Chicago. 511 S.
- Wright, S. (1978): Evolution and the genetics of populations. Volume 4: Variability within and among natural populations. University Press, Chicago. 580 S.
- Wulf, M. (1997): Plant species as indicators of ancient woodland in northwestern Germany. Journal of Vegetation Science 8: 635-642.
- Young, A.; Boyle, T.; Brown, T. (1996): The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. - Trends in Ecology & Evolution 11: 413-418.
- Zimmermann, W. (1952): Unsere Küchenschelle (*Pulsatilla*). - Veröffentlichungen der Württembergischen Landesstellen für Naturschutz und Landschaftspflege Heft 21: 132-156.
- Zoller, H. (1954): Die Arten der *Bromus erectus*-Wiesen des Schweizer Juras ihre Herkunft und ihre Areale mit besonderer Berücksichtigung der Verbreitung in ursprünglicher Vegetation. - Veröffentlichungen des Geobotanischen Institutes Rübel in Zürich 28. 283 S.
- Zoller, H. (1958): Die Vegetation und Flora des Schaffhauser Randen mit Vorschlägen zu ihrem Schutze. - Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft 26: 181-216.

Anhang

- I. Vegetationstabelle
- II. Übersichtskarte Aufnahmepunkte
- III. Schätzskala
- IV. Kennzeichnende Pflanzenarten der berücksichtigten Kartiereinheiten (TWW und §32a)
- V. Erhebungsbogen Habitatqualität *Zygaena carniolica*
- VI. Liste *Pulsatilla vulgaris* Fundorte von Kummer
- VII. Erhebungsbogen Standorte *Pulsatilla vulgaris*
- VIII. Lageskizzen Genprobenflächen *Pulsatilla vulgaris*
- IX. Liste der Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica*
- X. Histogramme der erhobenen Variablen für Habitatqualität
- XI. Liste der kartierten *Pulsatilla vulgaris*-Populationen
- XII. DNA-Gehalt Stichproben von *Pulsatilla vulgaris*
- XIII. AMOVA-Tabellen Genanalyse *Pulsatilla vulgaris*

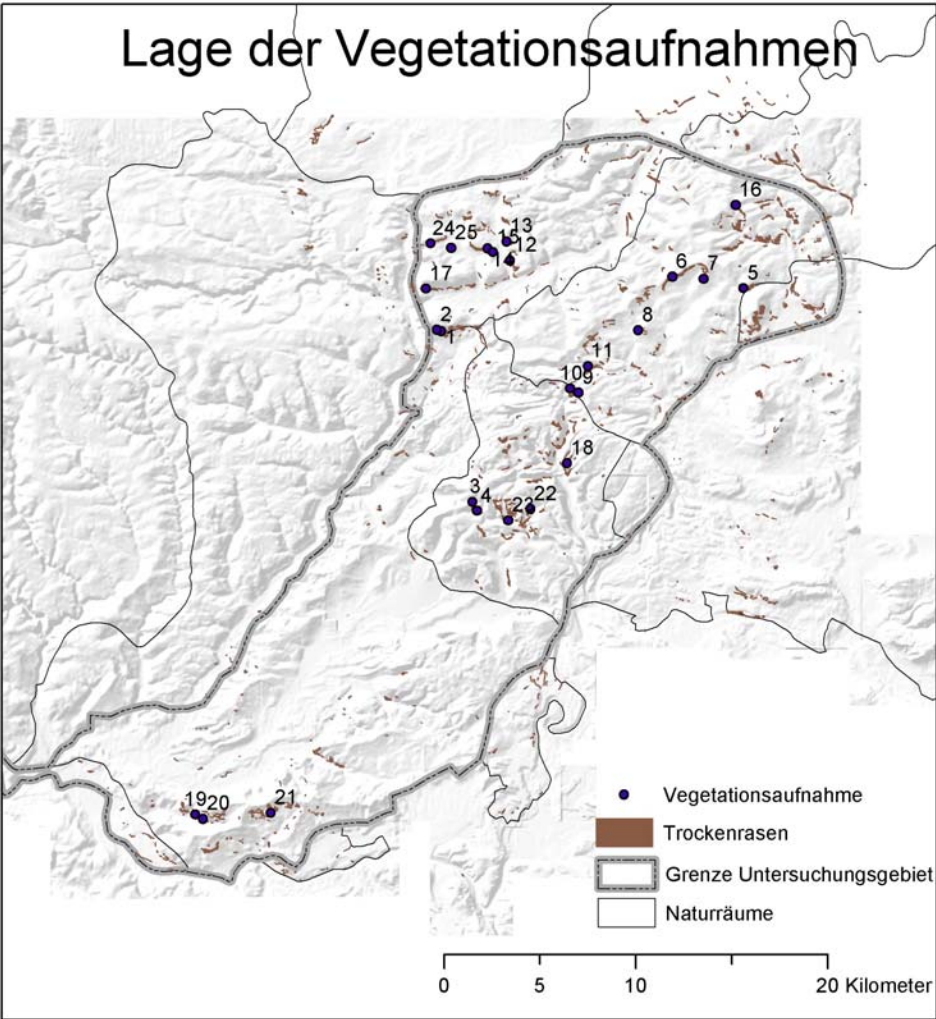
Vegetationstabelle

A. Kopfdaten

Auf.- Nr. (lfd.)	Ort	Datum	Deckung (Prozent)	Neigung (Grad)	Expo- sition	Höhe Kraut- schicht (cm)	Arten- zahl	Feuchte- zahl (arith. Mittel)	Nähr- stoff- zahl (arith. Mittel)
1	Buchberg	28.05.05	100	10	S	25	29	2,27	2,33
2	Buchberg	28.05.05	90	8	S	40	41	2,30	2,30
3	Mösli	29.05.05	100	5	S	40	33	2,50	2,71
4	Mösli	29.05.05	90	12	SSW	15	28	2,13	2,27
5	Aselfingen	3.06.05	100	20	S		34	2,31	2,46
6	Watterdingen	3.06.05	100	14	S		24	2,29	2,86
7	Bisberg	3.06.05	95	15	WSW		26	2,22	2,11
8	Wannenberg	3.06.05	100	12	S-SW	65	21	2,22	2,78
9	Schönebühl	7.06.05	100	8	S	30	32	2,14	2,50
10	Bargen	7.06.05	100	20	SO		24	2,60	3,10
11	Uttenhofen	7.06.05	100	35	S-SO		17	2,18	2,55
12	Hondingen	8.06.05	100	22	W		30	2,36	2,93
13	Zisiberg	8.06.05	100	27	W		27	1,79	2,14
14	Hondingen/Riedöhringen	8.06.05	100	22	S		24	2,10	2,60
15	Hondingen an Strasse	8.06.05	100	14	S		30	2,46	2,77
16	Hegaublick	24.06.05	75	30	W	40	28	2,23	2,62
17	Eichberg	24.06.05	60	28	S	35	31	2,29	2,64
18	Gräte	25.06.05	80	12	S	30	34	2,29	2,33
19	Eichhalde (w)	25.06.05	80	25	S	15	23	2,36	2,07
20	Eichhalde (o)	25.06.05	90	117	SSW	15	24	2,31	2,54
21	Bergöschingen	25.06.05	70	25	SSO	25	24	2,20	2,20
22	Hemmental Höhe	25.06.05	70	15	SSW	30	20	2,30	2,60
23	Süstallchäppli	25.06.05	90	14	S	20	28	2,33	2,20
24	Billibuck	26.06.05	80	12	S		32	2,06	2,17
25	Staffelnberg	26.06.05	65	22	WNW	30	18	2,40	3,20

Veronica teucrium			2m		+	
Viburnum lantana		r				
Vicia tenuifolia					+	1
Viola spec.			r			
Pimpinella saxifraga aggr.						+
Peucedanum cervaria	+					
Orchis pallens	r					

Übersichtskarte Vegetationsaufnahmeorte



Schätzskala der Vegetationsaufnahmen

Schätzskala der Arthäufigkeit:

r	ein Individuum
+	2-5 Individuen, Deckung <5%
1	6-50 Individuen, Deckung <5%
2m	>50 Individuen, <5%
2a	5-15% Deckung
2b	16-25% Deckung
3	26 – 50% Deckung
4	51-75% Deckung
5	76-100% Deckung

Kennzeichnende Pflanzenarten der berücksichtigten Kartiereinheiten (§32a und TWW)

§32-Kartierung	
Biotoptyp	Kennzeichnende Pflanzenarten
36.50 Magerrasen basenreicher Standorte	<i>Anacamptis pyramidalis</i> , <i>Anthyllis vulneraria</i> , <i>Asperula cynanchica</i> , <i>Brachypodium pinnatum</i> , <i>Bromus erectus</i> , <i>Buphthalmum salicifolium</i> , Carex caryophylla , <i>Centaurea scabiosa</i> , Dianthus carthusianorum , Euphorbia cyparissias , <i>Euphorbia seguieriana</i> , Filipendula vulgaris , <i>Galium verum</i> , <i>Gentiana ciliata</i> , <i>Gentiana germanica</i> , <i>Gentiana verna</i> , <i>Gymnadenia conopsea</i> , Helianthemum nummularium , Helianthemum ovatum , Hippocrepis comosa , <i>Koeleria pyramidata</i> , <i>Onobrychis viciifolia</i> , Ophrys species , Orchis militaris , Orchis simia , Orchis ustulata , Pimpinella saxifraga , Polygala amarella , Polygala comosa , Potentilla arenaria , Potentilla heptaphylla , Potentilla verna , Pulsatilla vulgaris , <i>Ranunculus bulbosus</i> , <i>Salvia pratensis</i> , <i>Scabiosa columbaria</i> , <i>Seseli annuum</i> , Sesleria albicans (= Sesleria varia) , Stachys recta , Teucrium chamaedrys , Trifolium montanum .
35.20 Saumvegetation trockenwarmer Standorte	<i>Centaurea nigra</i> subsp. <i>nemoralis</i> , <i>Anemone sylvestris</i> , <i>Anthericum liliago</i> , <i>Anthericum ramosum</i> , <i>Aster amellus</i> , <i>Bupleurum falcatum</i> , <i>Coronilla coronata</i> , <i>Dianthus carthusianorum</i> , <i>Dictamnus albus</i> , <i>Genista tinctoria</i> , <i>Geranium sanguineum</i> , <i>Hieracium laevigatum</i> , <i>Hieracium racemosum</i> , <i>Hieracium sabaudum</i> , <i>Inula hirta</i> , <i>Laserpitium latifolium</i> , <i>Lathyrus niger</i> , <i>Lychnis viscaria</i> , <i>Peucedanum cervaria</i> , <i>Peucedanum oreoselinum</i> , <i>Phleum phleoides</i> , <i>Potentilla alba</i> , <i>Pulsatilla vulgaris</i> , <i>Teucrium chamaedrys</i> , <i>Teucrium scorodonia</i> , <i>Thesium bavarum</i> , <i>Trifolium alpestre</i> , <i>Trifolium rubens</i> , <i>Vicia tenuifolia</i> ., <i>Vincetoxicum hirundinaria</i> .
36.70 Trockenrasen	<i>Allium sphaerocephalon</i> , <i>Alyssum alyssoides</i> , <i>Alyssum montanum</i> , <i>Aster linosyris</i> , <i>Carex humilis</i> , <i>Cerastium pumilum</i> , <i>Fumana procumbens</i> , <i>Galium glaucum</i> , <i>Globularia punctata</i> , <i>Linum tenuifolium</i> , <i>Melica ciliata</i> , <i>Minuartia hybrida</i> , <i>Phleum phleoides</i> , <i>Potentilla incana</i> , <i>Sedum acre</i> , <i>Stipa species</i> , <i>Teucrium montanum</i> , <i>Thesium linophyllon</i> .

Trockenwiesen und –weiden Kartierung	
Vegetationsgruppe	Kennzeichnende Pflanzenarten
Echter Halbtrockenrasen Artengruppe 1	<i>Anthyllis vulneraria, Brachypodium pinnatum, Bromus erectus, Campanula glomerata, Carex caryophyllea, Carex montana, Carlina acaulis, Cirsium acaule, Daucus carota, Dianthus carthusianorum s.l., Euphorbia verrucosa, Festuca ovina, Galium verum, Helianthemum num., Hieracium pilosella, Hippocrepis comosa, Koeleria pyramidata, Onobrychis viciifolia, Ononis repens, Ononis spinosa, Pimpinella saxifraga, Plantago media, Potentilla neumanniana, Primula veris, Ranunculus bulbosus, Salvia pratensis, Sanguisorba minor, Scabiosa columbaria, Thymus serpyllum aggr., Trifolium montanum</i>
Echter Halbtrockenrasen Artengruppe 2	(diese Arten werden nur zu,MB gezählt,wenn <i>Bromus erectus</i> mind.5% deckt.) <i>Briza media, Centaurea scabiosa, Euphorbia cyparissias, Helictotrichon pubescens, Leucanthemum vulgare, Silene nutans</i>
Subatlantischer Trockenrasen	<i>Allium sphaerocephalon, Anthericum liliago, Artemisia campestris, Asperula sp., Aster linosyris, Astragalus monspessulanus, Bothriochloa ischaemum, Bromus condensatus, Carex halleriana, Carex humilis, Cent.jacea ssp.gaudinii, Chamaecytisus sp., Chrysopogon gryllus, Dianthus seguieri, Dianthus sylvestris, Echium vulgare, Festuca pallens, Fumana procumbens, Galium lucidum, Globularia bisnagarica, Helianthemum canum, Hieracium piloselloides, Koeleria macrantha, Koeleria vallesiana, Lactuca perennis, Leontodon incanus, Leontodon tenuiflorus, Linum tenuifolium, Medicago minima, Melica ciliata, Petrorhagia spp., Poa bulbosa, Sempervivum tectorum s.l., Stachys recta, Taraxacum laevigatum, Teucrium botrys, Teucrium chamaedrys, Teucrium montanum, Trinia glauca, Veronica spicata, Viola rupestris</i>
Trockene Saumgesellschaft	<i>Anthericum ramosum, Aquilegia atrata, Aquilegia vulgaris, Astragalus glycyphyllos, Astragalus penduliflorus, Bupleurum falcatum, Campanula rapunculoides, Centaurea triumfettii, Cirsium erisithales, Crucjata glabra, Cytisus nigricans, Digitalis sp., Geranium sanguineum, Hypericum montanum, Hypericum perforatum, Laserpitium latifolium, Laserpitium siler, Lathyrus sylvestris, Lilium bulbiferum s.l., Lilium martagon, Medicago falcata, Melittis melissophyllum, Origanum vulgare, Peucedanum cervaria, Peucedanum oreoselinum, Peucedanum verticillare, Polygonatum odoratum, Potentilla rupestris, Rosa pimpinellifolia, Securigera varia, Seseli libanotis, Seseli montanum, Tanacetum corymbosum, Thalictrum foetidum, Thalictrum minus, Trifolium alpestre, Trifolium rubens, Veronica teucrium, Vincetoxicum hirundinaria, Viola hirta</i>
Mesophile Saumgesellschaft	<i>Aegopodium podagraria, Alliaria petiolata, Anemone nemorosa, Aposeris foetida, Chaerophyllum aureum, Clinopodium vulgare, Crucjata laevipes, Eupatorium cannabinum, Fragaria vesca, Galium aparine, Geranium pyrenaicum, Geranium robertianum, Geum urbanum, Glechoma hederacea, Impatiens noli-tangere, Impatiens parviflora, Lamium sp., Lapsana communis, Luzula silvaticaggr., Mycelis muralis, Potentilla reptans, Rubus fruticosus, aggr., Rubus idaeus, Sambucus ebulus, Solidago virgaurea, Trifolium medium, Vicia cracca, Vicia sepium</i>
Halbruderaler Trockenrasen	<i>Agropyron intermedium, Agropyron pungens, Anchusa officinalis, Artemisia absinthium, Asparagus officinalis, Ballota nigra, Bromus squarrosus, Bromus tectorum, Bunias orientalis, Camelina microcarpa, Chondrilla juncea, Convolvulus arvensis, Descurainia sophia, Diplotaxis tenuifolia, Isatis tinctoria, Melampyrum arvense, Melica transsilvanica, Muscari comosum, Nepeta sp., Ononis natrix, Onopordum acanthium, Poa angustifolia, Poa compressa, Reseda lutea, Scorzonera laciniata, Sisymbrium strictissimum, Tragopogon dubius, Turritis glabra, Verbascum lychnitis, Vicia onobrychioides</i>

Erhebungsbogen Habitatqualität *Zygaena carniolica*

Lfd Nummer:	TK-Quadrant:	Datum, Uhrzeit:
Biotopnummer:	Name:	

Exposition: S SW W NW N NO O SO eben

Vorkommen *Z. carniolica*: nein / ja Häufigkeit: _____ 1= vorkommen (1 in max. 30 Min.), 2=häufig (2-10 in 5 Min.), 3=sehr häufig (10-50 in 5 Min), 4= Massenvork. (> 50 in 5 Min.)

Verhältnis:
Scabiose/Knautia/Centaurea
_____/_____/_____ insg. pro 100 qm: _____

Onobrychis viciifolia: nein / ja punktuell / im gesamten Gebiet

Anz. Ind.: pro 100 qm: _____ Gesamtfläche: < 20 20-100 > 100

Lotus corniculatus: nein / ja punktuell / im gesamten Gebiet

Anz. Ind.: pro 100 qm: _____ Gesamtfläche: < 20 20-100 > 100

Nutzung: nein / ja Beweidung Mahd Rückschnitt

Vegetation: sehr homogen homogen heterogen sehr heterogen

	Durchschnittswert in Fläche				Optimalwert in Fläche und Häufigkeit (qm)			
	1	2	3	4	1	2	3	...
Vegetationshöhe	1	2	3	4	1	2	3	...
Hangneigung	1	2	3	4	1	2	3	...
trocken / mager	1	2	3	4	1	2	3	...
lückig	1	2	3	4	1	2	3	...
verfilzt	1	2	3	4	1	2	3	...
kräuterreich	1	2	3	4	1	2	3	...

Vegetationshöhe (WAGNER)

- 1 = sehr niedrigwüchsig (nur wenige Vegetationsteile erreichen eine Höhe über 15 cm)
 2 = mäßig niedrigwüchsig (deutlich mehr Vegetationsteile über 15 cm)
 3 = mäßig hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über 30 cm)
 4 = hochwüchsig (Vegetationshöhe verbreitet über ca. 50 cm)

Hangneigung

- 1 = 1m auf > 6 m
 2 = 1m auf 4 - 6m
 3 = 1m auf 2 - 4m
 4 = 1m auf < 2m

trocken / mager

- 1 = Arten aus Gruppe 1 + Xerobr.
 2 = Arten aus Gruppe 1
 3 = Arten aus Gruppe 1+2 und/od.1+3
 4 = Arten aus Gruppe 3 überwiegen

lückig

- 1 = Anteil offener Boden > 25 %
 2 = Anteil offener Boden 16 - 25 %
 3 = Anteil offener Boden 6 - 15 %
 4 = Anteil offener Boden < 5 %

verfilzt

- 1 = Deckung Streuschicht < 5 %
 2 = Deckung Streuschicht 5 - 25%
 3 = Deckung Streuschicht 26 -50%
 4 = Deckung Streuschicht > 50 %

kräuterreich

- 1 = Deckung Kräuter > 50 %
 2 = Deckung Kräuter 26 -50%
 3 = Deckung Kräuter 5 - 25%
 4 = Deckung Kräuter < 5 %

Häufigkeiten Optimalwert

- 1 = häufig
 2 = einige
 3 = selten bis fehlend

Gruppe 1 Mesobrometum	Gruppe 2 Trockensaumarten	Gruppe 3 Arrhenatheretum	Sonstige:
<i>Anthyllis vulneraria</i>	<i>Geranium sanguineum</i>	<i>Arrhenatherum elatius</i>	
<i>Hippocrepis comosa</i>	<i>Peucedanum cervaria</i>	<i>Dactylis glomerata</i>	
<i>Helianthemum numm.</i>	<i>Vincetoxicum hirundinaria</i>	<i>Trifolium repens</i>	
<i>Scabiosa columbaria</i>	<i>Laserpitium latifolium</i>	<i>Anthriscus sylvestris</i>	
<i>Globularia punctata</i>			

Bemerkung:

***Pulsatilla vulgaris* Fundorte von KUMMER (1941)**

Originaltext Ort	Originaltext Lokalität	Nachweis	TK Ortsname	TK Lokalität	TK Nr.	Lage	Bemerkung
Altdorf	Hannisbühl	E. Stamm		Hanisbüel	8217	1 xxx	
Wilch.	Bühlweg	Kehl., Kummer, Friedr.	Wilchingen	Büelweg	8316	2 xxx	
Osterf.	Flühen Wilch.- Osterf	Kelh.	Osterfingen	Flüe	8316	2 xxx	
Thengen	Wannen-berg	Jak.Seiler, Kummer u. Hübscher	Tengen			1 xxx	
Zwischen Welschingen und Anselfingen	Im Langenbühl	Kummer 1929, Koch und Kummer (1930)		Langenbühl	8118	3 xxx	
Zwischen Welschingen und Anselfingen	Langenhaag im Sand	Kummer 1929, Koch und Kummer (1930)		Langenhag	8118	2 xxx	Moränenbücken nicht erkennbar; im Sand nicht gefunden
Zwischen Ehingen und Neuhausen	Moränen- bücken	Kummer 1929, Koch und Kummer (1930)			8118	3 xx	Moränenbücken nicht erkennbar
Anselfingen gegen Watterdingen	Auf'm Gländ			Gländ	8118	3 xxx	
Anselfingen gegen Watterdingen	Am Föhren- hang					4 xxx	Nicht gefunden, lt Text Nähe von Gländ
Herdern, Hohentengen, Lienheim, Rekingen, Rheinheim		Bech.				4 x	Rheinschotter Nur Ortsname, keine Angabe zu Lokalität
Dachsen						3	Rheinschotter; außerhalb UG
Altenburg						1 x	Rheinschotter; außerhalb UG
Balm						3	Rheinschotter; außerhalb UG
Schaffh.	Enge hinter dem Ölberg	Bahnm. 1879, Kummer 1922	Schaff- hausen			2 xxxx	
Neuh.	Hohfluh	Kummer	Neuhausen			2 xxxx	Iseler
	Waldrand nördlich Galgenbuck	Kummer Hübscher				2 xxxx	
	Galgenbuck	Merkel, Bh. Bahnm., Beck, Hüb-scher, Kummer				2 xxx	
	Am Hohfluhweg nördlich Zuba	Kummer (1932)				4 xxxx	
Ber.	Waldrand nördlich Engebrunn	Kummer, Koch, Hübscher	Beringen			4 xxxx-	
Stein			Stein am Rhein				außerhalb UG
Dörfli.			Dörflingen				außerhalb UG
Thay.			Thayingen				außerhalb UG

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Originaltext Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
Rüdl.			Rüdlingen				außerhalb UG
Herbl.			Herblingen				außerhalb UG
Buchberg							außerhalb UG
Schlattingen							außerhalb UG
Basadingen							außerhalb UG
Unterschlatt							außerhalb UG
Ossingen							außerhalb UG
Andelf.							außerhalb UG
Trüllikon							außerhalb UG
Uhlwiesen							außerhalb UG
Eglisau							außerhalb UG
Glattfelden							außerhalb UG
Büsingen							außerhalb UG
Biethingen							außerhalb UG
Gottmad.			Gottmadingen				außerhalb UG
Ebringen							außerhalb UG
Büßlingen							außerhalb UG
Weiterdingen	Waldrand bei See-halde östlich Binniger See			Seehalde	8118		Grenze zu UG
Ehingen	Gerhardsreute				8118		außerhalb UG
Lohn	Langloch	E. Stamm, Kummer			8218	2 xx	
	Stühli	Gasser, Ehrat, Kelh., E. Stamm				4	Nicht gefunden
	Setzi	Ehrat, E. Stamm			8218	2	
	Buck und Kerzenstübli	Gasser, Ehrat, E. Stamm, Kummer		Buck und Chärzenstübli	8218	2 xx	
	Löhrrüti	E. Stamm		Lörrüti	8218	2 xx	
	Loch	E. Stamm		Egghalde	8218	2 xxx	
	Schneggenwäldli	E. Stamm		Schneggen	8217	3 xxx	Wald
	Legellen	E. Stamm		Legelle	8117	3 xxx	
Ofertshofen	Hohfluh	E. Stamm				4	Nicht gefunden
	Vordere Halde	E. Stamm			8217	3 xx	Vermutl. Halde, weitläufig
	Grenze Opfertshofen-Wiechs bei 700m	E. Stamm			8217	3 xx	Nicht genau lokalisierbar, Höhe: 700m im Wald, Waldrand 630m
Büttenhardt	Westlich innere Zelg	Kummer, E. Stamm		Zelg	8217	3	
	Bücken	E. Stamm		Hinteres Freudental	8217	3 xx	Iseler
	Merzensteig	E. Stamm		Freudental	8217	3 xx	Iseler
Stetten	Lohnerweg	Beck, Gasser, Ehrat, Kelh.				4	Nicht gefunden

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Original-text Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
	Schönenbühl	Gasser		Schenenbüel	8218	3 xx	Weitläufig
	Felsköpfe nördlich und südlich Teufelsloch ob dem Freudental	Kummer		Vorderfreudental		4 xxx	Iseler
	Felskopf P. 512 Pantli	Kummer		Pantli	8217	2 xxxx	
Herblingen	Bücker südlich P. 502 westlich Schloß Herblingen	Kelh., Koch und Kummer		Mos	8217	3 xxxx	
	Brand östlich Pantli	Kummer		Brand	8217	3 xxx	
	Dachsen-bühl	Kummer		Dachsenbüel	8217	3 xxx	Wald
	Kaiserbühl	Kummer		Kaiserbuck	8217	3 xxx	Wald; bühl=buck?
Schaffh.	Östlicher Schweizesbildfelsen	Cramer, Merkl, Kelh., Kummer	Schaffhausen	Schweisersbild	8217	2 xxxx	
	Südhang Längeberg vom Buchbrunnen bis Ziegelhütte	Kelh., Kummer		Buchbrunnen	8217	3 Xxx	Langer Hang entlang Tal.
	Westhang Längeberg Felsköpfe oberer Rand	Kummer, Koch		Längenberg	8217	3 Xxx	
	Westhang Geißberg bei Teufelsküche	Gerb. Gymn. 1881, Kelh., Kummer		Geisberg	8217	3 Xxx	
	Im Loch Mühlental	Kelh.			8217	3 Xxxx	
	Westrand Wirbelberg	Kelh., Kummer		Wirbelberg	8217	Xx	
	P. 509 Platte	Kelh., Kummer				4 Xxxx	
	Sommerhalde Rändli	Habicht		Rändle	8217	xxx	
	Waldecke nördlich Lahnbuck	Koch, Hübscher		Lahnbuck	8217	Xxxx	
	Wolfsbuck	Kelh.		Wolfsbuck	8217		Wald
	Westrand Wolfsbuck längs Eschheimer-tal	Kelh., Kummer, Hübscher		Wolfsbuck, Eschheimer-tal	8217	3 Xxx	
Merish.	Felsen ob Abstsscheune	Kummer	Merishausen				nicht gefunden
	Auf Blasen nördlich Emmerberg P. 680	Kummer		Blasen	8217	2 Xxxx	
	Südhang Gräte bei Hörnli	Kelh., Kummer			8217	1 Xxxx	
	Gräte oben bei P. 722	Kelh., Kummer			8217	2 Xxxx	
	Stofflenhalde	Kelh.			8217	3 Xxx	

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Original-text Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
	Gallihalde	Seiler, Kelh.				4 xxx	
Bargen	Mühlehalde	Habicht	Bargen		8217	3 Xx	Wald
	Sommer-halde	Seiler			8217	3 Xx	Wald
	Roßbuck	Kelh.				4	
	Westlich P. 680 bei Oberbargen	Kelh., Kummer			8217	2 Xxxx	
Hemmenthal	Längs der Straße vom Gutbuck P. 812 bis gegen P.782 westlich Bräunlingsbuck	Kelh., Kummer (1930)	Hemmental		8217	3 Xxx	
	Riethalde	Walter			8217	3 Xx	Wald
	Sonnhalde-käpfli	Walter				4 Xxx	Iseler
	Oberberg bei P. 705	Walter, Kummer			8217	3 Xxxx	
	Kirchhalde	Hübscher			8217	3 Xxx	
	Saustallchäpfli P. 742 ringsum	Kummer, Hübscher		Süstallchäpfli	8217	2 xxxx	
Ber.	Nördlich P.707 Radhalde	Kummer	Beringen	Radhalde	8217	3 Xxxx	Wald
	Nordwestlich Hägliloh	Kelh., Kummer		Hägliloo	8217	2 Xxx	
	Ostrand vom breiten Bühl bei P. 577	Kummer				4 xxxx	
	Lieblosen-thal beim Forsthaus	Hübscher			8217	3 xxxx	
	Teufelsküche	Kummer			8217	2 Xxxx	
Löhnigen	Biberich	Joh. Schwyn 1875	Löhnigen		8217	3 xx	Wald
	Bei P. 666 auf dem Biberich	Koch und Kummer				4 xxxx	
Sibl.	Ob der Eisenhalde	Schelling	Siblingen	Isenhalde	8217	3 Xxx	
	Östlich und westlich Fohrenhof	Koch, Kummer		Forenhof	8217	2 Xxxx	
	Steinmürlikopf	Koch		Steinmürlichopf	8217	1 Xxxx	
	Reckholderbuck P.825 Langranden	Hübscher		Räckholteren buck	8217	3 Xxxx	Wald
	Schloßhalde am Schleitheimer Schloßranden	Neck				4	bei Klecak nicht als Fundort in Kummers Flora
Begg.	Westhang Lucken bei 740 m	Bächt., Kummer	Beggingen	Luckenhalde	8217	3 xxx	Klecak: Steinbruch
	Weinwarm	Koch, Habicht		Wiwarm	8217	3 Xx	Wald
	Berghof Wilch.	Friedrich (1932)				4	

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Original-text Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
	Kniebreche Neunkirch	Wäckerling, Friedr.				4	
Neuhausen	Südrand Heidenkeller	Kummer 1929	Neuhausen (BW)		8118	xx 2	Grenze UG
	Südrand Schoren	Kummer 1929			8118	xx 3	
Anselfingen	Östlich Anselfingen	Kummer, Koch	Anselfingen		8118	xx 3	
Engen	Martinskapelle südlich Kniebreche	Kummer u. Hübscher 1932			8118	xxxx 2	Lage halbwegs klar, wenn nahe Engen, lt. Text Ri Thalmühle?
	Auf der Eck nördlich P. 589 Zwischen Engen und Barga	Kummer 1929	Engen	Eck	8118	xxx 2	Genaue Lage am Hang unklar
Zimmerholz	Steinbruch südlich Biezenthal	Ege, Kummer 1931	Zimmerholz	Bitzentel	8118	xxxx 1	
	Steinbruch südlich Kirnerberg	Ege, Kummer 1931			8118	xxxx 1	
	Steinbruch südlich Butzenthal	Ege, Kummer 1931		Butzentel	8118	xxxx 1	
	Südhang Katzensteig	Ege, Kummer 1931			8118	xxx 2	
	Südhang Eichelberg	Ege, Kummer 1931		Eichenberg	8118	xxx 3	In TK Eichenberg Ortsname
Wiechs	Roßbuck beim Schlauch	Seiler	Wiechs			4	Nicht gefunden
Epfenhofen	Zwischen Dorf Randen und Epfenhofen oberhalb der Bahnunterführung	Kummer 1931			8117	xxx 2	
Riedern	Hornbuck	Bech.			8316	3 xx	
	Eichberg	Bech.			8316	3 xx	in TK Ortsname
Grießen	Ob Grießen	Bech.				4 xx	Nicht lokalisierbar
Reutehof		Bech.			8316	3 xxx	
Kalter Wangen		Bech.			8316	3 xx	
Küssaberg		Bech.			8316	3 xxx	
Engen	Villinger Bühl				8118	2 xxx	außerhalb UG
	Sausteig			Villinger Bühl	8118	3 xxx	außerhalb UG
	Rindersetzi			Rindersetze	8118	3 xxx	außerhalb UG
	Bruderthal zwischen Engen und Bittlebrunn			Brudertal	8118	3 xxx	außerhalb UG

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Original-text Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
Wasserburger-thalsystem							außerhalb UG
Eigelthingertal							außerhalb UG
Kriegerthal							außerhalb UG
Mauenheim							außerhalb UG
Hattingen							außerhalb UG
Hallau	Bei Wunderklingen	Friedrich 1940		Wunderklingen	8316	3 xx	
	Eichberg	Kummer 1930			8316	3 xx	In TK Wald
	Seitenrain und Seitentobel	Friedr. 1932		Sitentobel	8316	2 xx	Seitenrain nicht gefungen
	Rummelenbuck	Gasser, Heer		Uf Rumelen	8316	2 xx	
	Einsiedlerweg	Gasser, Heer				4	Nicht gefunden
	Schoren	Gasser Heer			8216	3 xxx	Weitläufig
	Unteres Merkenthal	Koch und Kummer 1922, Friedrich 1932				4	Merkenthal nicht gefunden, evt. Merkedel?
Schleith.	Wolfsbühl	Neck	Scheithelm	Wolfbüel	8216	2 xx	
	Hinter der Egg	Neck		Egg	8216	3 xx	
	Steinbruch südöstliche Bartenmühle	Wiederk.		Talmüli	8216	3 xxxx	Bartenmühle = Talmüli??
	Rankflüehli bis Baggenbrunnen	Kehlh.			8216	3 xx	Weitläufig
	Staufen-berg bei P. 509	Kehlh., Wiederk.			8216	1 xxxx	
Grimmelshofen	Südlich vom Dorf am Wege nach Reichenberg	Kummer, Wiederk. 1932		Grimmelshofen	8216	2 xxx	
	Stockhalde	Kummer			8217	2 xxx	
Fützen	Städe	Kummer	Fützen		8117	4	Nicht gefunden
Untereggingen							Westlich der Wutach; außerhalb UG
Rechte Talseite							außerhalb UG
Stühl.			Stühlingen				außerhalb UG
Watterdingen	Postweg südlich Haslehof bei P. 803	Meigen, Kummer u. Hübscher 1931		Haslerhof	8118	1 xxxx	
Rosenegg (Ehrat)							außerhalb UG
Plören							außerhalb UG
Hohentwiel (Ehrat)							außerhalb UG
Staufen							außerhalb UG
Krüzenbühl							außerhalb UG
Augstenbühl							außerhalb UG
Schüsselbühl					8118		außerhalb UG

Pulsatilla vulgaris Fundorte von KUMMER (1941) (Fortsetzung)

Originaltext Ort	Original-text Lokalität	Nachweis	Vollständiger Name	Lokalität	TK	Lage	Bemerkung
Offerenbühl					8118		außerhalb UG
Duchtlingen							außerhalb UG
Weiterdingen	Philippsberg				8118		außerhalb UG

Originaltext Ort: wie in KUMMER S. 205 ff. angegeben

Vollständiger Name: Angabe der Ortsnamen nach Topographischen Karten BW 1: 25 000, da KUMMER z.T. Abkürzungen verwendet hat und z.T. die Schreibweise der Namen unterschiedlich ist

Originaltext Lokalität: Fundort wie in Kummer S. 205 ff. angegeben

Nachweis: wie in Kummer S. 205 ff. angegeben, teilweise mit Jahresangabe

TK Lokalität: Namen nach TK BW

- Lage: 1 – relativ klar (bis auf ca. 50 m in TK 1: 25 000 lokalisierbar)
 2 – halbwegs klar (bis auf ca. 200 m lokalisierbar)
 3 - genaue Lage unklar (bis auf ca. 500 m lokalisierbar)
 4 – nicht gefunden, bzw. nur Angabe von Ort ohne Lokalität

nach Klecak (1996):

x – Randengebiet einer Gemeinde; Berg

xx – Berghang oder entspr. Halde, Bergrücken oder Hochfläche, grosses Tal (Länge > 2 km)

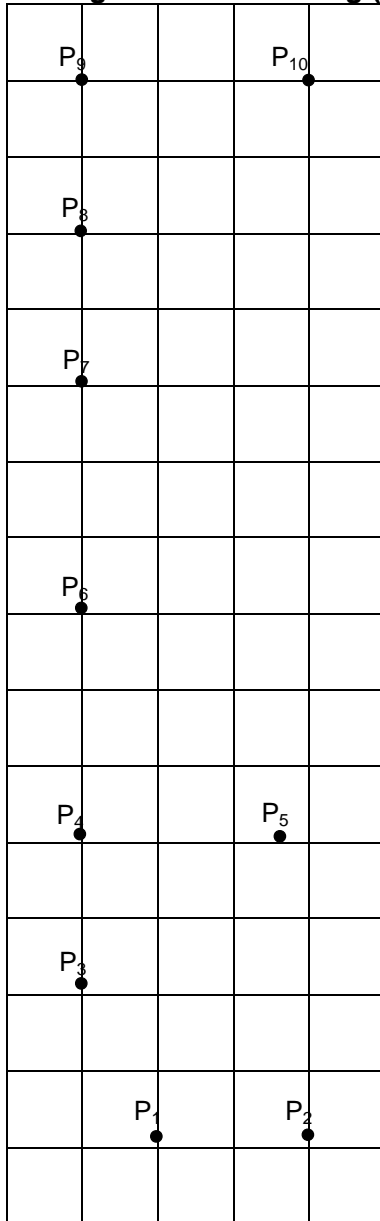
xxx – kleine Halde, kleines Tal (Länge < 2 km), Flur, Waldrand Strasse etc.

xxxx- Punkt-Angabe, Weg, Bruch etc.

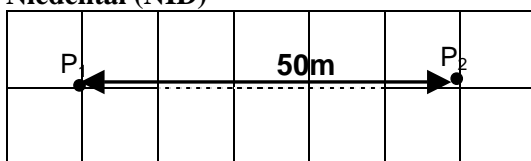
Lageskizzen Genprobenflächen *Pulsatilla vulgaris*

Probennahme Mai 2006

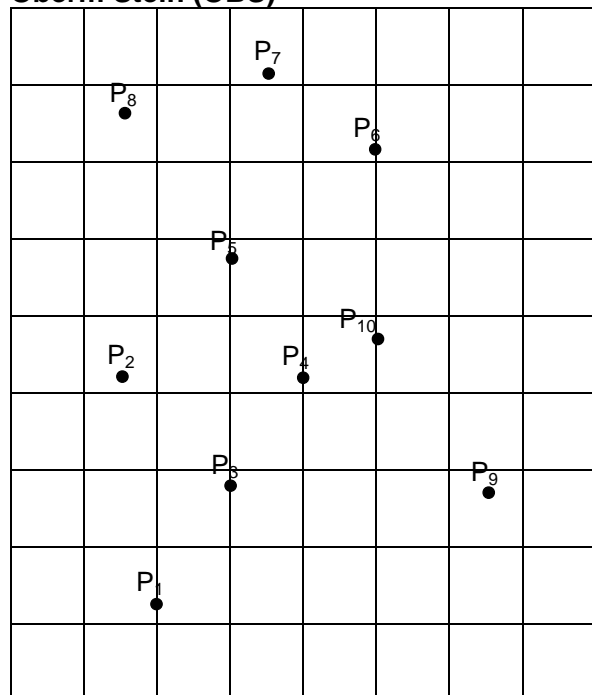
Aulfingen Bahnböschung (AUL)



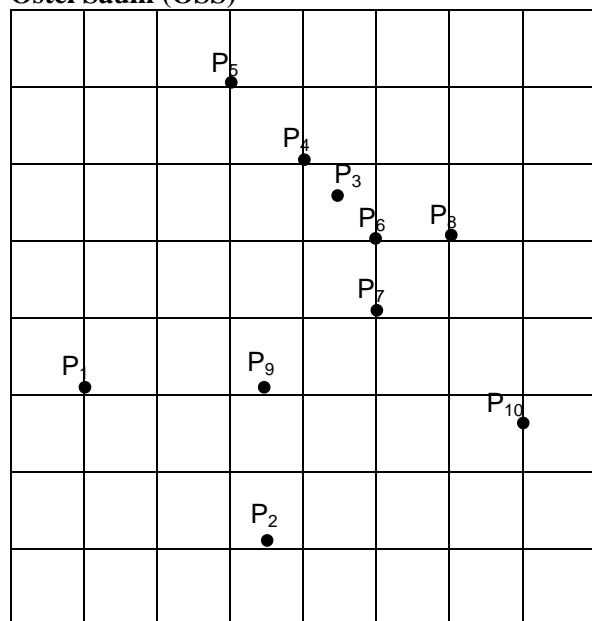
Niedental (NID)



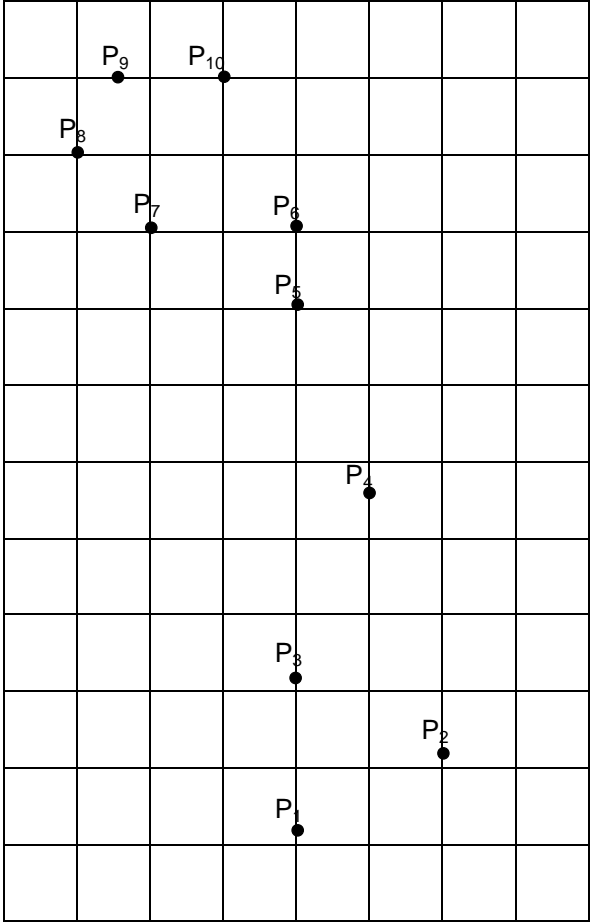
Oberm Stein (OBS)



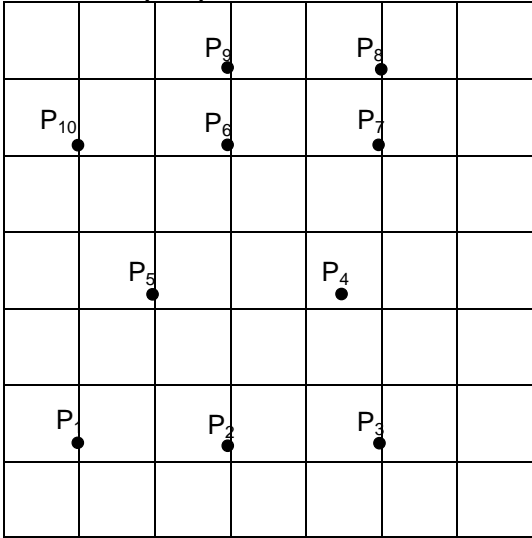
Ostel Saum (OSS)



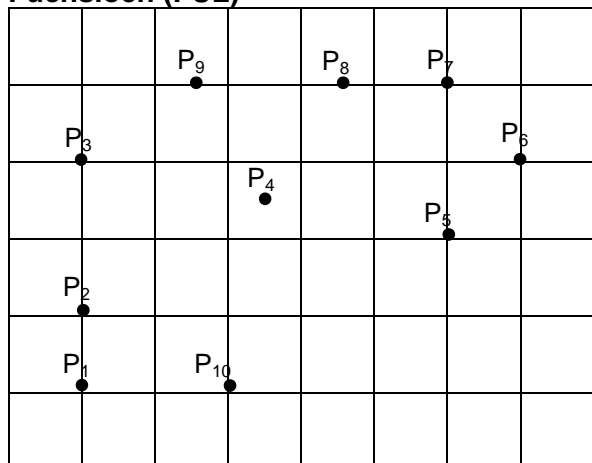
Ostel Wiese (OSW)



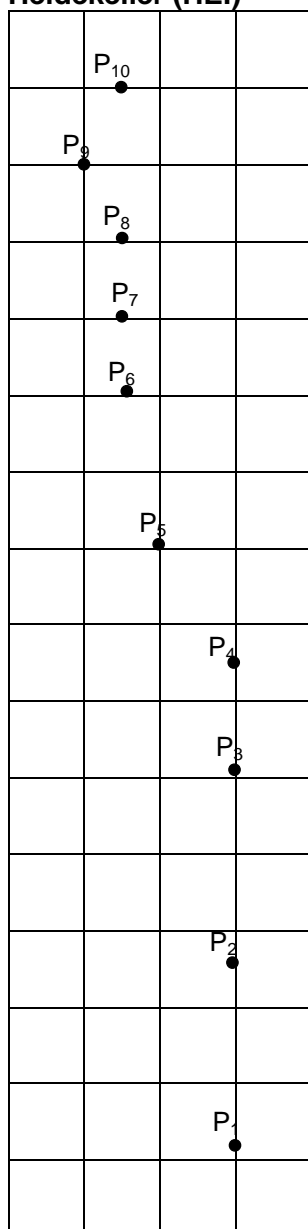
Biezental (BIE)



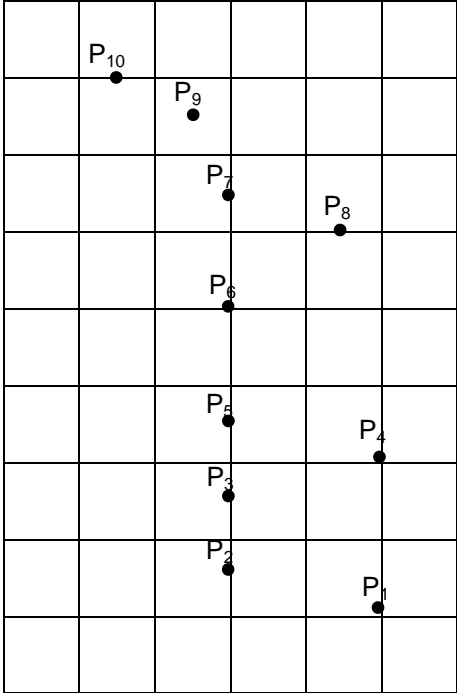
Fuchslotch (FUL)



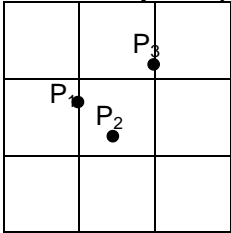
Heidekeller (HEI)



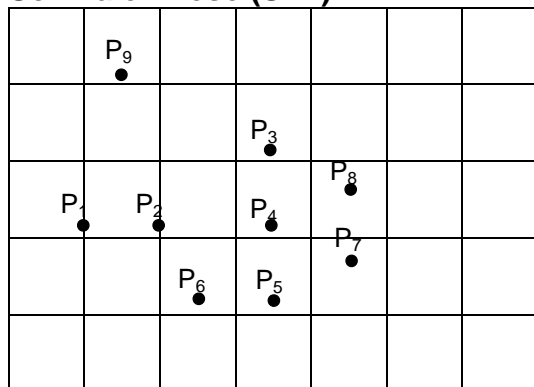
Langenhaag (LAN)



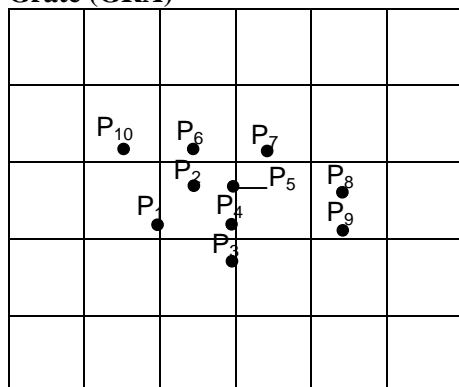
Martinskapelle (MAR)



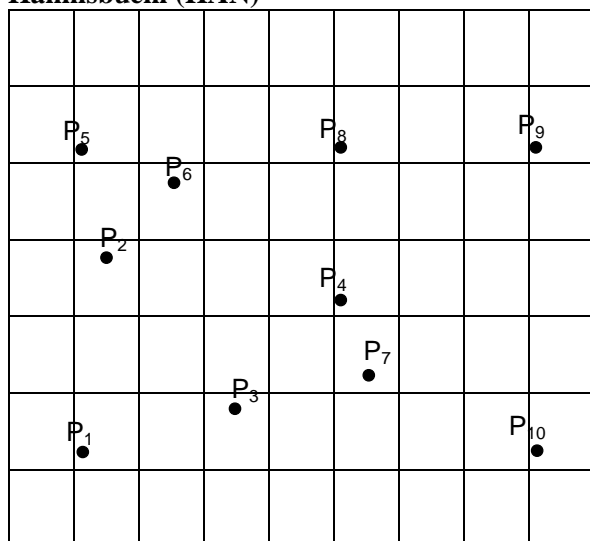
Schmale Wiese (SWI)



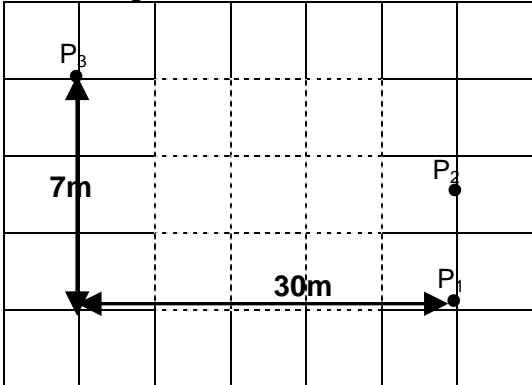
Gräte (GRA)



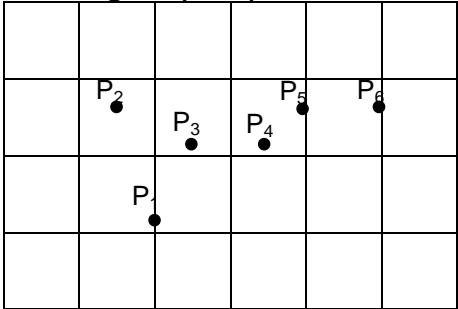
Hannisbüehl (HAN)

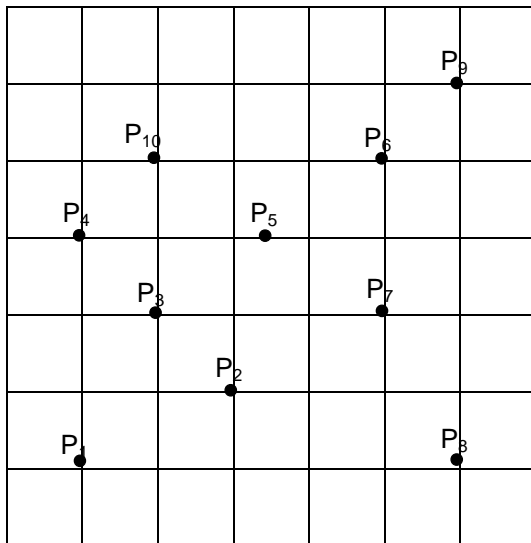
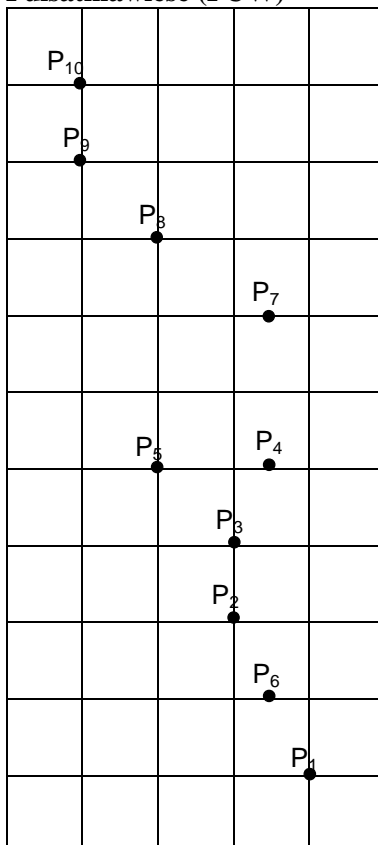


Süstallchäppli (SUS)



Hühnergrab (HUE)



Orchideenwiese (ORW)**Pulsatillawiese (PUW)**

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica*

A. Gebietsparameter

Biotopnummer	Name	Kategorie	Zcar	Fläche	Nutz	H_NN	Exp.
183163370197	Allmend I	V05	3	16434	m	505	sw
183163370210	Im Steinbuck	klein	0	2974	b	490	s
183163370211	In der Eichhalden	winzig	0	465	k	520	s
184163370029	Ob dem Seiler	V05	1	12895	m	490	s
184163370037	Im vordern Tal	klein	0	3213	k	420	s
184163370156	Südlich Gfällhof	winzig	0	227	m	525	s
184163370154	Vor dem Rohrhof	winzig	0	248	b	500	sw
184153370015	Im Eichenberg	klein	0	1616	m	400	s
184153370013	Im Sträßle	klein	0	1422	m	350	so
184163370187	Dechmatt	klein	0	3080	b	425	so
184163370243	Hinterhölzle-Ost	V05	2	1220	m	490	sw
1841633701811	Auf untern Mußern	winzig	2	399	b	530	so
184163370177	Untere Spießäcker	klein	2	1102	m	560	s
184163370179	Obere Lenk	V05	3	1102	m	510	s
1831633707561	Schrennenhof 1	groß	3	24282	m	570	so
1831633707562	Schrennenhof 2	V05	3	19055	m	600	so
183163370781	Untere Badig	V05	2	11847	m	550	sw
183163370117	Reutehof	isoliert	0	5144	m	600	s
183163370376	Östlich Degernau	isoliert	0	816	m	495	sw
183163370373	Am Vogelhof	isoliert	0	3880	k	500	s
332761090008	Haartelrüti	isoliert	0	13696	m	510	s
333183080018	Grüt	V05	2	20418	m	450	s
332021090009	Tauner	isoliert	0	1718	m	430	s
183173370218	Reuthof	isoliert	0	1370	k	505	sw
183163370518	nördlich Dintenacker	isoliert	0	1932	b	590	s
184163370158	Im Bühlen	groß	0	32658	bm	495	s
183173370025	Äußerer Heuberg	isoliert	0	1604	k	455	so
332452020006	Lohn Grüüt	isoliert	0	1861	m	560	s
332472020002	Mos	isoliert	0	3982	m	500	so
333183070009	In der Egg	isoliert	0	10995	m	495	w
333003080015	Ipsbruch	isoliert	1	7555	m	565	sw
332743070001	Staufenberg	isoliert	0	1894	m	580	so
332163070002	Müliweg	isoliert	3	928	m	520	s
181183350588	Unger	klein	0	2064	k	520	o
181183350527	Unterm Hasenbühl-Sandäcker	V05	0	5507	m	510	s
181183350575	Feilen	V05	0	599	m	510	s
181183350020	Bisberg	V05	1	10500	m	755	w
181183350009	Ob dem Hohen Rain	groß	2	31447	m	780	s
181183350010	Alter Postweg	V05	3	15259	m	755	so
181183350023	Schranden	winzig	1	119	k	790	s
181173350005	Gfäll	groß	3	24008	m	760	s
181173350021	Holder beim hohen Rain	winzig	0	727	m	745	so
182173370016	Gipsbuck	isoliert	0	1656	m	600	w

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

Biotopnummer	Name	Kategorie	Zcar	Fläche	Nutz	H_NN	Exp.
181173260267	Giblen	V05	1	1852	m	605	w
181173260286	Gstüd	winzig	0	414	k	710	w
181173260252	Museumsbahn E Fützen	klein	0	1400	k	600	w
181173260222	Bahnlinie N Epfenhofen	V05	1	5328	k	685	sw
1811732600951	Buchberg-Südhang 1	groß	0	22487	m	680	s
1811732600952	Buchberg-Südhang 2	groß	2	56930	m	770	s
181732600851	Eichbergsüdhang 1	V05	3	25450	m	765	s
1811732600852	Eichbergsüdhang 2	groß	2	25450	m	760	s
181173350029	Spießenrain	V05	2	6981	m	760	s
181173350086	Steig	V05	0	2467	k	685	s
181173350067	Rohrwiesen	klein	0	1586	m	690	sw
181173350082	Tannenbuck	winzig	0	25	k	720	no
181173350102	Grundle	klein	0	1784	k	630	no
182173350042	Schönebühl	klein	0	3721	m	740	s
181173260087	Östlich Schwimmbad Blumberg	V05	3	7900	b	750	s
181173260088	Lehmgrubenfläche NO Blumberg	groß	1	24961	k.A.	740	s
181173260202	Bannholz	winzig	0	353	k	710	s
181173260197	Am Reutebuck	groß	0	30435	b	775	w
181173260189	Hondiger Zisiberg	V05	1	16937	bm	760	s
181173260176	Wallenberg	groß	2	42519	m	785	s
181173260083	Heilig Kreuzhof	isoliert	2	7378	b	790	s
281179990191	Billibuck	V05	0	20888	k.A.	825	s
181173260134	Huchnegg	groß	0	24101	b	800	s
181173266029	Am Fürstenberg III	klein	0	2432	k.A.	850	s
181173266022	Östlich des Sendeturms	winzig	0	16	k	915	999
181173266019	Sperbelhalde	groß	2	20922	b	820	s
181173260153	Schorhalde (Topfental)	groß	0	22195	k.A.	800	s
182173350023	Breiten	klein	0	3680	k	655	w
182173350021	Nördlich Zollhaus	V05	3	10474	k.A.	615	so
333241090032	Räckolteren	groß	1	27436	k.A.	580	so
332091090036	Underem Osterberg	klein	0	1195	k	605	s
332673070026	Tüelenbüggli	klein	0	1252	k	755	s
333163080048	Hörnli	V05	1	16596	m	560	sw
333103080037	Uf der Gräte	groß	1	27376	m	700	so
332313070015	Im Taal	isoliert	0	4621	m	590	so
181173370015	NW Leipferdingen	V05	0	4851	m	725	w
281179994344	Einöde	isoliert	0	2280	k	695	s
181173260352	Vordere Wultenwies	isoliert	0	1510	k	760	w
181183350441	Emmet	winzig	0	13	k	550	sw
181183350357	Im Tal	winzig	0	221	k	545	s
281189992104	Kiefernwald Häslen	klein	0	2696	k	650	w
181183350284	Fuchsloch-Spitzenweg	V05	1	10827	b	665	s
181183350393	Geisingersteig-West	winzig	0	141	k	575	s
181183350388	Schönergeten	winzig	0	138	k	580	sw
281189992061	Kirnerberg-Bitzental	V05	1	15523	k	600	s
181183350397	Satlen	winzig	0	366	k	570	s

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

Biotopnummer	Name	Kategorie	Zcar	Fläche	Nutz	H_NN	Exp.
181183350378	Auf dem Berg	klein	0	3756	bm	615	s
181183350375	Auf Wittern	winzig	0	10	m	640	no
181183350272	An der Steinmauer	V05	2	935	m	745	s
181183350264	Hochreute	winzig	0	26	k.A.	800	s
181183350309	Merzenloh	winzig	0	155	k	690	w
281189994361	Trockenhang am Langstel	groß	1	46804	bm	725	s
181183270022	Im vorderen Dörsteltal	klein	0	2304	m	695	s
181173270013	S Aufgingen	V05	2	18946	bm	725	sw
181183270028	O Leipferdingen (Gew. Homberg)	V05	2	16907	k.A.	780	sw
1811732600953	Buchberg Südhang 3	groß	0	22795	b	780	s
181183350577	Feilen 2	winzig	0	192	k.A.	515	s
181183350626	Rappensteig	winzig	0	146	k	545	s
333032020032	Underes Ätzisloo	klein	0	1177	m	835	s
333263080082	Mösli	groß	0	76441	m	820	sw
333203080063	Süüstallchäpfli	groß	0	34217	m	705	s
333253010017	Tierhag	groß	0	26219	m	705	s
332123080023	Sommerhalde	isoliert	0	3870	m	530	s
332912020012	Galliwsen	klein	0	4290	m	715	s

B. Nahrungspflanzen

Biotopnummer	Name	Falter Futter	Scol	Karv	Cjac	Raup Futter	Ovic	Lcorn
183163370197	Allmend I	32	0	8	24	23	12	11
183163370210	Im Steinbuck	12	0	0	12	24	13	11
183163370211	In der Eichhalden	16	4	4	8	9	0	9
184163370029	Ob dem Seiler	32	5	9	18	11	0	11
184163370037	Im vordern Tal	80	16	0	64	0	0	0
184163370156	Südlich Gfällhof	20	0	5	15	29	21	8
184163370154	Vor dem Rohrhof	12	0	4	8	5	0	5
184153370015	Im Eichenberg	120	0	30	90	34	2	32
184153370013	Im Sträßle	60	0	30	30	6	0	6
184163370187	Dechmatt	16	4	4	8	23	0	23
184163370243	Hinterhölzle-Ost	52	42	0	10	17	0	17
1841633701811	Auf untern Mußern	32	5	11	16	11	0	11
184163370177	Untere Spießäcker	36	14	8	14	46	28	18
184163370179	Obere Lenk	32	6	6	20	60	14	46
1831633707561	Schrennenhof 1	56	0	14	42	11	4	7
1831633707562	Schrennenhof 2	60	0	15	45	62	28	34
183163370781	Untere Badig	16	0	0	16	47	13	34
183163370117	Reutehof	36	5	10	21	5	0	5
183163370376	Östlich Degernau	8	0	0	8	21	6	15
183163370373	Am Vogelhof	40	8	0	32	2	0	2
332761090008	Haartelrüti	52	17	17	17	52	27	25
333183080018	Grüt	84	12	12	60	9	0	9

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

Biotopnummer	Name	Falter Futter	Scol	Karv	Cjac	Raup Futter	Ovic	Lcorn
332021090009	Tauner	68	34	17	17	27	0	27
183173370218	Reuthof	4	0	2	2	1	0	1
183163370518	nördlich Dintenacker	4	1	1	1	1	0	1
184163370158	Im Bühlen	28	7	7	14	28	9	19
183173370025	Äußerer Heuberg	4	0	2	2	2	0	2
332452020006	Lohn Grüüt	32	0	16	16	18	4	14
332472020002	Mos	0	0	0	0	7	0	7
333183070009	In der Egg	40	6	6	28	15	0	15
333003080015	Ipsbruch	16	0	4	12	33	17	16
332743070001	Staufenberg	4	0	1	3	27	0	27
332163070002	Müliweg	8	3	3	3	23	4	19
181183350588	Unger	24	0	12	12	2	0	2
181183350527	Unterm Hasenbühl-Sandäcker	8	0	4	4	18	14	4
181183350575	Feilen	0	0	0	0	999	0	999
181183350020	Bisberg	68	11	23	34	16	5	11
181183350009	Ob dem Hohen Rain	60	20	10	30	21	5	16
181183350010	Alter Postweg	128	21	21	85	5	2	3
181183350023	Schranden	84	0	42	42	1	0	1
181173350005	Gfäll	28	3	9	16	28	9	19
181173350021	Holder beim hohen Rain	20	0	10	10	3	0	3
182173370016	Gipsbuck	12	0	4	8	17	0	17
181173260267	Giblen	64	0	11	53	4	1	3
181173260286	Gstüd	0	0	0	0	0	0	0
181173260252	Museumsbahn E Fützen	12	0	12	0	3	0	3
181173260222	Bahnlinie N Epfenhofen	80	0	40	40	2	0	2
1811732600951	Buchberg-Südhang 1	52	7	13	33	50	26	24
1811732600952	Buchberg-Südhang 2	20	3	7	10	55	40	15
181732600851	Eichbergsüdhang 1	92	12	23	58	32	0	32
1811732600852	Eichbergsüdhang 2	44	7	15	22	28	1	27
181173350029	Spießerain	36	6	12	18	35	7	28
181173350086	Steig	64	9	9	46	16	3	13
181173350067	Rohrwiesen	12	0	6	6	20	0	20
181173350082	Tannenbuck	0	0	0	0	0	0	0
181173350102	Grundle	12	2	2	9	3	0	3
182173350042	Schönebühl	24	12	6	6	38	13	25
181173260087	Östlich Schwimmbad Blumberg	80	27	27	27	34	5	29
181173260088	Lehmgrubenfläche NO Blumberg	28	9	9	9	22	1	21
181173260202	Bannholz	24	4	8	12	0	0	0
181173260197	Am Reutebuck	64	13	13	38	25	11	14
181173260189	Hondiger Zisiberg	56	14	7	35	22	6	16
181173260176	Wallenberg	16	5	5	5	76	38	38
181173260083	Heilig Kreuzhof	24	6	6	6	33	0	33
281179990191	Billibuck	28	14	7	7	14	2	12
181173260134	Huchnegg	20	3	3	14	10	3	7
181173266029	Am Fürstenberg III	999	999	999	999	0	0	0
181173266022	Östlich des Sendeturms	36	18	9	9	8	0	8

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

Biotopnummer	Name	Falter Futter	Scol	Karv	Cjac	Raup Futter	Ovic	Lcorn
181173266019	Sperbelhalde	20	9	3	9	28	14	14
181173260153	Schorhalde (Topfental)	96	64	0	32	16	0	16
182173350023	Breiten	28	14	5	9	3	0	3
182173350021	Nördlich Zollhaus	32	13	6	13	37	0	37
333241090032	Räckolteren	16	5	5	5	11	0	11
332091090036	Underem Osterberg	56	22	11	22	9	0	9
332673070026	Tüelenbüggili	116	39	39	39	7	2	5
333163080048	Hörnli	16	4	4	8	30	9	21
333103080037	Uf der Gräte	8	2	2	4	44	24	20
332313070015	Im Taal	48	24	8	16	16	0	16
181173370015	NW Leipferdingen	0	0	0	0	999	0	999
281179994344	Einöde	8	4	4	0	1	0	1
181173260352	Vordere Wultenwies	36	12	12	12	3	0	3
181183350441	Emmet	12	4	4	4	13	3	10
181183350357	Im Tal	48	0	12	36	12	0	12
281189992104	Kiefernwald Häslen	56	14	7	35	1	0	1
181183350284	Fuchsloch-Spitzenweg	64	6	0	58	8	0	8
181183350393	Geisingersteig-West	0	0	0	0	0	0	0
181183350388	Schönergeten	8	0	0	8	1	0	1
281189992061	Kirnerberg-Bitzental	48	16	8	24	3	0	3
181183350397	Satlen	4	0	0	4	0	0	0
181183350378	Auf dem Berg	8	0	3	5	6	0	6
181183350375	Auf Wittern	4	0	4	0	1	0	1
181183350272	An der Steinmauer	24	6	6	12	26	14	12
181183350264	Hochreute	999	999	999	999	0	0	0
181183350309	Merzenloh	8	0	8	0	5	3	2
281189994361	Trockenhang am Langstel	44	15	5	24	16	0	16
181183270022	Im vorderen Dörsteltal	20	0	5	15	12	0	12
181173270013	S Aulfingen	48	16	5	27	19	5	14
181183270028	O Leipferdingen (Gew. Homberg)	48	6	12	30	26	12	14
1811732600953	Buchberg Südhang 3	36	5	9	23	12	1	11
181183350577	Feilen 2	999	999	999	999	0	0	0
181183350626	Rappensteig	4	2	0	2	1	0	1
333032020032	Underes Ätzisloo	8	4	2	2	14	0	14
333263080082	Mösli	8	3	3	3	22	10	12
333203080063	Süüstallchäpfli	12	2	2	9	70	39	31
333253010017	Tierhag	12	2	2	9	52	26	26
332123080023	Sommerhalde	8	0	4	4	12	4	8
332912020012	Galliwisen	20	10	0	10	12	0	12

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)**C. Interne Habitatqualität**

Biotopnummer	Name	Veg.- homo	Veg.- höhe	Hang	trocken	lückig	verfilzt	kräuter
183163370197	Allmend I	2	1	3	2	3	2	1
183163370210	Im Steinbuck	3	2	2	3	1	2	3
183163370211	In der Eichhalden	2	3	2	2	3	3	2
184163370029	Ob dem Seiler	1	3	1	2	3	2	1
184163370037	Im vordern Tal	3	3	1	1	1	2	1
184163370156	Südlich Gfällhof	1	1	2	2	3	3	3
184163370154	Vor dem Rohrhof	3	3	2	1	2	2	2
184153370015	Im Eichenberg	1	2	2	3	2	2	1
184153370013	Im Sträßle	3	1	3	2	1	2	1
184163370187	Dechmatt	4	1	2	3	2	1	1
184163370243	Hinterhölzle-Ost	3	1	1	1	1	2	1
1841633701811	Auf untern Mußern	4	1	1	1	1	2	1
184163370177	Untere Spießäcker	2	2	3	4	1	1	2
184163370179	Obere Lenk	1	1	2	1	3	2	1
1831633707561	Schrennenhof 1	3	3	2	3	3	2	2
1831633707562	Schrennenhof 2	2	2	4	4	2	2	1
183163370781	Untere Badig	2	1	2	2	1	2	2
183163370117	Reutehof	2	1	2	1	1	2	1
183163370376	Östlich Degernau	2	2	2	3	3	3	2
183163370373	Am Vogelhof	4	2	3	2	4	4	2
332761090008	Haartelrüti	1	1	2	1	1	2	1
333183080018	Grüt	2	2	2	1	2	2	1
332021090009	Tauner	4	2	2	2	1	3	1
183173370218	Reuthof	2	4	2	3	4	4	3
183163370518	nördlich Dintenacker	4	2	1	2	1	3	3
184163370158	Im Bühlen	4	2	4	2	3	2	2
183173370025	Äußerer Heuberg	3	4	2	4	4	2	4
332452020006	Lohn Grüt	2	2	3	2	2	2	2
332472020002	Mos	3	2	2	1	2	2	1
333183070009	In der Egg	2	1	2	1	2	2	1
333003080015	Ipsbruch	2	1	2	2	2	2	2
332743070001	Staufenberg	2	1	1	3	2	2	2
332163070002	Müliweg	2	2	2	1	2	2	1
181183350588	Unger	4	3	3	2	3	2	3
181183350527	Unterm Hasenbühl-Sandäcker	4	1	2	2	1	2	3
181183350575	Feilen	999	999	999	999	999	999	999
181183350020	Bisberg	3	2	2	2	3	1	1
181183350009	Ob dem Hohen Rain	2	2	2	1	3	2	1
181183350010	Alter Postweg	3	2	2	1	2	2	1
181183350023	Schranden	3	3	1	2	2	1	1
181173350005	Gfäll	3	2	2	2	2	2	2
181173350021	Holder beim hohen Rain	3	4	2	3	4	2	3
182173370016	Gipsbuck	3	2	2	2	3	3	2
181173260267	Giblen	3	1	2	1	1	1	1

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

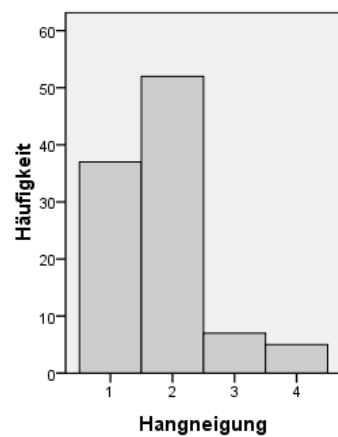
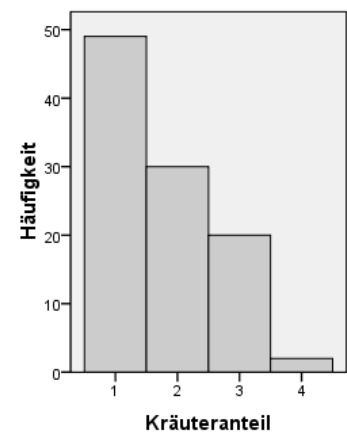
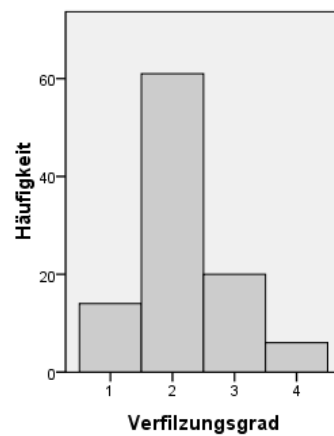
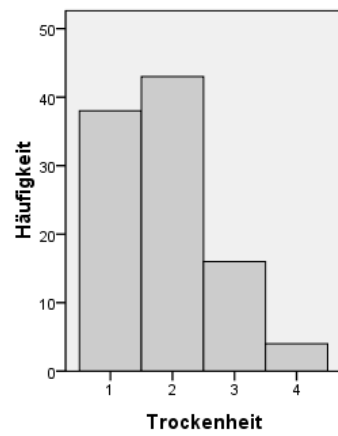
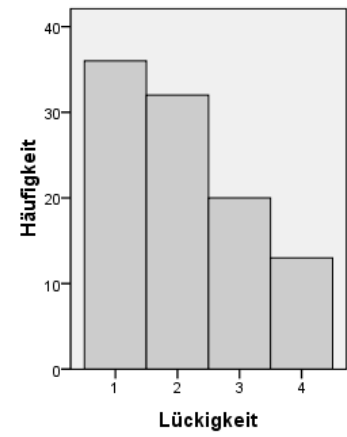
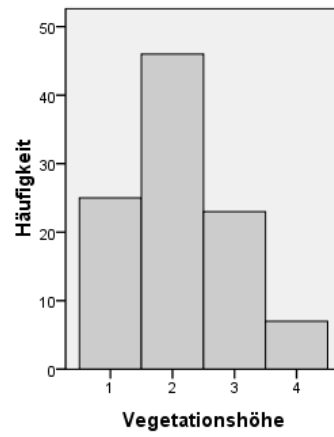
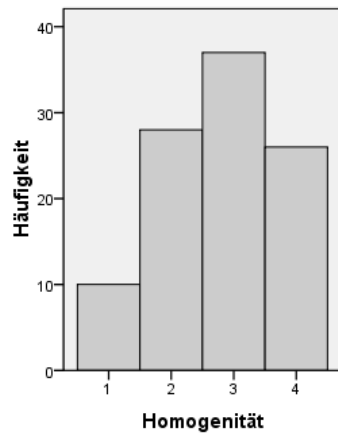
Biotopnummer	Name	Veg.- homo	Veg.- höhe	Hang	trocken	lückig	verfilzt	kräuter
181173260286	Gstüd	3	3	2	4	4	3	4
181173260252	Museumsbahn E Fützen	3	3	1	2	2	4	3
181173260222	Bahnlinie N Epfenhofen	3	2	1	2	1	2	3
1811732600951	Buchberg-Südhang 1	3	1	2	2	1	1	1
1811732600952	Buchberg-Südhang 2	4	2	2	2	2	2	1
181732600851	Eichbergsüdhang 1	3	2	2	3	3	2	1
1811732600852	Eichbergsüdhang 2	3	3	2	2	2	2	1
181173350029	Spießerain	1	2	2	1	1	2	1
181173350086	Steig	4	3	2	2	4	2	2
181173350067	Rohrwiesen	4	2	2	2	2	2	2
181173350082	Tannenbuck	999	999	999	999	999	999	999
181173350102	Grundle	2	3	2	3	4	2	3
182173350042	Schönebühl	1	2	2	2	3	2	2
181173260087	Östlich Schwimmbad Blumberg	1	1	2	1	1	2	1
181173260088	Lehmgrubenfläche NO Blumberg	4	2	2	2	4	2	1
181173260202	Bannholz	3	3	1	3	2	3	3
181173260197	Am Reutebuck	4	2	1	2	2	1	1
181173260189	Hondiger Zisiberg	2	1	1	1	2	1	1
181173260176	Wallenberg	2	2	1	1	2	2	1
181173260083	Heilig Kreuzhof	4	1	1	3	1	1	2
281179990191	Billibuck	4	3	2	1	2	2	2
181173260134	Huchnegg	1	2	3	2	3	3	2
181173266029	Am Fürstenberg III	999	999	999	999	999	999	999
181173266022	Östlich des Sendeturms	3	3	4	3	4	3	3
181173266019	Sperbelhalde	4	1	2	1	1	2	1
181173260153	Schorhalde (Topfental)	4	3	2	1	2	2	1
182173350023	Breiten	3	2	1	2	4	4	3
182173350021	Nördlich Zollhaus	4	2	1	1	1	2	2
333241090032	Räckolteren	4	2	1	1	1	1	1
332091090036	Uderem Osterberg	4	4	1	1	2	3	1
332673070026	Tüelenbüggili	3	3	4	1	3	3	2
333163080048	Hörnli	3	1	1	2	1	2	1
333103080037	Uf der Gräte	2	2	4	2	3	2	1
332313070015	Im Taal	2	3	1	1	1	2	1
181173370015	NW Leipferdingen	2	2	1	2	1	2	1
281179994344	Einöde	3	3	1	1	1	3	1
181173260352	Vordere Wuldenwies	2	4	2	2	4	4	3
181183350441	Emmet	3	2	1	2	4	2	3
181183350357	Im Tal	2	4	2	2	1	3	3
281189992104	Kiefernwald Häslen	3	2	1	1	1	3	3
181183350284	Fuchsloch-Spitzenweg	2	3	1	1	2	3	1
181183350393	Geisingersteig-West	1	999	999	999	999	999	999
181183350388	Schönergeten	2	4	1	1	2	3	1
281189992061	Kirnerberg-Bitzental	4	2	1	1	1	1	1
181183350397	Satlen	4	2	1	2	1	3	2
181183350378	Auf dem Berg	3	2	2	2	2	2	2

Untersuchungsgebiete von *Zygaena carniolica* (Fortsetzung)

Biotopnummer	Name	Veg.- homo	Veg.- höhe	Hang	trocken	lückig	verfilzt	kräuter
181183350375	Auf Wittern	2	2	1	3	1	2	3
181183350272	An der Steinmauer	3	2	2	3	3	1	2
181183350264	Hochreute	999	999	999	999	999	999	999
181183350309	Merzenloh	3	3	1	3	4	3	3
281189994361	Trockenhang am Langstel	4	2	2	1	1	1	1
181183270022	Im vorderen Dörsteltal	4	2	2	2	3	2	2
181173270013	S Aulfingen	3	1	1	1	1	1	1
181183270028	O Leipferdingen (Gew. Homberg)	3	2	1	1	2	2	2
1811732600953	Buchberg Südhang 3	4	2	1	2	2	2	2
181183350577	Feilen 2	4	999	999	999	999	999	999
181183350626	Rappensteig	2	3	2	2	2	4	3
333032020032	Underes Ätzisloo	2	3	2	2	3	2	2
333263080082	Mösli	3	2	1	1	1	2	1
333203080063	Süüstallchäpfli	1	1	2	2	2	2	2
333253010017	Tierhag	4	1	1	1	1	2	1
332123080023	Sommerhalde	3	2	1	1	1	3	2
332912020012	Galliwsen	3	1	1	1	1	2	1

999 bedeutet keine Angabe möglich

Histogramme der Variablen für Habitatqualität von *Zygaena carniolica*



Kartierte *Pulsatilla vulgaris*-Populationen

Name	Pop.- größe	Anz. proqm	Wald- nähe	Gehölz- nähe	Biotop- typ	Höhe NN	Exp.	Hang- neig.	Licht	Boden- Gründ.	Veg.- höhe	Boden	Kraut	Streu	Moos
NSG Zimmerholz	5	4	4	1	Wiese	569	SO	5	3	>15	7	2	2	3	2
Orchideenwiese	5	5	5	1	Wiese	355	SW	3	3	7	8	1	2	3	2
Pulsatillawiese	7	1	5	2	Wiese	350	SO	4	3	7	9	2	2	3	1
Haldenhof	6	10	3	3	Wiese	612	SO	4	3	>15	8	2	2	2	3
Hutzelsteig1	1	1	5	1	Wiese	605	SW	5	3	>15	9	2	2	3	2
Hutzelsteig2	2	1	5	1	Wiese	620	SO	4	3	>15	10	2	2	5	2
Süstallchäppli	1	1	1	3	Wiese	700	SO	2	3	10	4	1	2	2	2
Oberberg	1	1	1	2	Wiese	685	S	2	3	13	6	1	4	2	1
Mos	2	1	3	1	Wiese	500	SO	3	3	7	7	1	2	2	2
Hühnergrab	1	1	5	1	Wiese	346	NO	5	3	10	9	1	2	3	3
Epfenhofen 1	2	4	2	1	Saum	682	SW	5	2	6	8	1	1	4	2
Epfenhofen 2	2	3	2	2	Wiese	680	SW	5	3	5	7	1	2	4	1
Zisiberg	7	3	2	2	Wiese	750	S	3	3	10	7	1	3	2	2
Nidental	1	1	1	1	Wald	820	S	5	3	11	10	1	2	5	1
Langenhaag ?	5	7	1	1	Wiese	503	W	2	3	6	7	1	2	2	2
Heidekeller	3	3	1	1	Saum	495	W	2	3	9	7	1	1	5	1
Schoren östl. Teil	4	1	1	3	Wiese	510	SO	4	3	999	7	1	2	4	1
Schoren bei Diptom	2	1	1	5	Saum	511	S	3	3	14	8	2	2	4	1
Pfaffental	4	2	1	1	Wald	710	S	5	3	9	5	2	3	2	2
Längstel	5	2	3	1	Wiese	736	S	3	2	>15	4	1	2	3	2
Ostel Saum	3	2	1	5	Saum	714	S	3	3	11	4	1	2	4	1
Ostel Wiese	2	5	1	1	Wiese	690	S	3	3	9	5	1	1	4	2
Oberm Stein	5	6	1	1	Wiese	723	W	4	3	11	4	1	1	3	3
Bahnböschung Aulfingen	6	7	1	1	Wald	690	W	5	3	2	8	2	1	3	2
Waldweg Bahn Aulfingen	6	3	1	1	Wald	695	W	4	3	8	4	2	1	4	2
Biezentel Wiese	7	3	2	2	Wiese	560	S	3	3	13	8	2	2	3	2
Biezentel Wald	7	1	1	2	Wald	555	O	4	2	13	9	1	3	3	2

Liste der kartierten *Pulsatilla vulgaris*-Populationen (Fortsetzung)

Name	Pop.- größe	Anz. proqm	Wald- nähe	Gehölz- nähe	Biotop- typ	Höhe NN	Exp.	Hang- neig.	Licht	Boden- Gründ.	Veg.- höhe	Boden	Kraut	Streu	Moos
Biezentel Weg	7	10	2	1	Wiese	565	O	4	3	>15	6	2	2	3	2
Hühnerhof We	2	5	3	1	Wiese	586	SW	5	3	>15	9	2	2	4	2
Hölzle N Kreuzhalde	2	4	1	1	Saum	600	SW	3	2	13	6	1	2	5	1
Kreuzhalde Hang	6	3	2	3	Wiese	601	W	5	3	>15	9	1	2	2	3
Kreuzhalde Saum	6	1	1	3	Saum	610	W	4	2	>15	4	3	1	3	1
Bittelbrunn S	3	3	1	3	Saum	550	S	3	2	14	4	2	1	4	1
Fuchsloch	4	2	2	2	Wiese	670	S	3	2	14	6	1	2	4	2
Straße westl Fuchsloch	2	1	1	1	Saum	640	SW	3	3	14	10	1	1	4	3
hintere Kreuzhalde Ri Schopfloch	3	1	1	2	Wald	590	S	3	2	11	5	1	2	4	1
Straße öst. Hühnerhofböschung	2	3	1	1	Wald	590	W	2	2	14	9	1	2	3	2
schmale Wiese	2	3	1	5	Wiese	591	S	3	3	10	6	1	2	4	1
AB gegenüber Martinskapelle	1	1	1	5	Saum	541	W	4	3	9	7	1	2	4	1
Löwenstein südlich Anselfingen	3	4	1	1	Wiese	511	S	3	3	14	8	1	4	3	2
Tannbüel	2	4	1	4	Wiese	768	O	3	3	>15	4	1	2	3	3
nordwestl. Oberbargen	2	2	1	3	Saum	690	SW	5	2	>15	3	3	3	3	2
Gräte Hörnli	2	5	1	3	Saum	591	W	4	2	4	7	1	2	4	2
Gräte oben	1	1	1	5	Wiese	695	S	1	3	14	5	2	3	3	1
Hannisbüel	5	2	1	4	Wiese	591	S	3	2	>15	6	1	2	3	3
Wannenberg	2	2	1	3	Saum	758	W	3	2	>15	8	1	2	5	1
Haldenhof Wiese	3	1	4	2	Wiese	615	S	5	2	>15	3	2	2	4	2
Zimmerholz Steinbruch	3	1	2	2	Wiese	593	SW	5	3	14	6	1	2	3	3
Boschental Sportplatz Saum	4	4	3	1	Saum	627	S	4	2	8	10	1	2	5	2
Boschental Sportplatz Wiese	4	1	3	2	Wiese	621	S	4	3	10	6	2	2	2	2
hintere Boschental	3	1	1	1	Saum	650	SO	3	2	12	6	1	1	5	1
Tal westl Zimmerholz	4	1	1	3	Wald	630	W	4	2	14	9	2	1	3	3
FND Kirchen	6	6	2	1	Wiese	688	S	4	3	>15	3	2	2	2	2

DNA-Gehalt und –Qualität von *Pulsatilla vulgaris*-Stichproben

Die Bestimmung erfolgte mit Nanodrop 1000.

Probenname	HEI02	AUL08	OBS05	HAN06	ORW09	OSW03	SUS01	SWI06	OSS01	FUL02
DNA-Gehalt (ng/ul)	104,9	117,8	47,2	52,3	46,9	51,4	45,1	51,8	63,2	116,0
DNA-Reinheit (260/280)	1,74	1,65	1,74	1,53	1,82	1,58	1,72	1,75	1,56	1,82

Probenname	MAR03	LAN04	BIZ10	OSS06	PUW04	PUW06	BIZ07	PUW07	GRA02	ORW02
DNA-Gehalt (ng/ul)	56,2	83,8	108,0	88,4	100,1	33,3	63,9	69,3	33,5	71,2
DANN-Reinheit (260/280)	1,79	1,74	1,66	1,75	1,76	1,95	1,64	1,76	1,63	1,70

AMOVA-Tabellen Genetische Analyse *Pulsatilla vulgaris*

17 Populationen

4 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"}; {"SUS", "GRA", "HAN"};
{"NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW"}; {"BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	3	183.78	0.784 Va	3.97
Zw. Pop., inner Reg.	13	431.27	2.073 Vb	10.50
Innerhalb Populationen	121	2042.99	16.884 Vc	85.53
Insgesamt	137	2658.04	19.741	

13 Populationen

4 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"}; {"SUS", "GRA", "HAN"};
{"NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW"}; {"BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	3	140.31	0.531 Va	3.35
Zw. Pop., inner Reg.	9	279.88	1.830 Vb	11.53
Innerhalb Populationen	112	1512.89	13.508 Vc	85.12
Insgesamt	124	1933.08	15.870	

17 Populationen

3 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"}; {"SUS", "GRA", "HAN"};
{"NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	2	149.35	1.155 Va	5.75
Zw. Pop., inner Reg.	14	465.70	2.058 Vb	10.24
Innerhalb Populationen	121	2042.99	16.884 Vc	84.01
Insgesamt	137	2658.04	20.097	

13 Populationen

3 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"}; {"SUS", "GRA", "HAN"};
{"NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	2	109.79	0.816 Va	5.05
Zw. Pop., inner Reg.	10	310.40	1.822 Vb	11.29
Innerhalb Populationen	112	1512.89	13.508 Vc	83.66
Insgesamt	124	1933.08	16.147	

17 Populationen

2 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"};
{"SUS", "GRA", "HAN", "NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	1	107.45	1.74450 Va	8.41
Zw. Pop., inner Reg.	15	507.60	2.12167 Vb	10.22
Innerhalb Populationen	121	2042.99	16.88418 Vc	81.37
Insgesamt	137	2658.04	20.75035	

13 Populationen

2 Regionen: {"PUW", "HUE", "ORW"};
{"SUS", "GRA", "HAN", "NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	1	68.913	1.08016 Va	6.54
Zw. Pop., inner Reg.	11	351.275	1.92320 Vb	11.65
Innerhalb Populationen	112	1512.892	13.50796 Vc	81.81
Insgesamt	124	1933.080	16.51133	

17 Populationen

2 Regionen: {"SUS", "GRA", "HAN"};

{"PUW", "HUE", "ORW", "NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	1	37.300	-0.06134 Va	-0.31
Zw. Pop., inner Reg.	15	577.750	2.69272 Vb	13.80
Innerhalb Populationen	121	2042.986	16.88418 Vc	86.52
Insgesamt	137	2658.036	19.51556	

13 Populationen

2 Regionen: {"SUS", "GRA", "HAN"};

{"PUW", "HUE", "ORW", "NID", "AUL", "OBS", "OSS", "OSW", "BIE", "FUL", "LAN", "HEI", "SWI", "MAR"}

	d.f.	Sum of Squares	Variance components	Percentage of variation
Zwischen Regionen	1	37.753	0.12851 Va	0.81
Zw. Pop., inner Reg.	11	382.435	2.20356 Vb	13.91
Innerhalb Populationen	112	1512.892	13.50796 Vc	85.28
Insgesamt	124	1933.080	15.84003	

Erklärung

Hiermit erkläre ich, dass ich die vorliegende Arbeit ausschließlich unter Zuhilfenahme der angegebenen Quellen und der Aussagen der genannten Personen eigenständig verfasst habe.

Stuttgart, im Dezember 2009

Stephanie Kissling