

Kroiher, Franz et al.

Working Paper

3. Fachworkshop "Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)". Januar 2024, online

Thünen Working Paper, No. 242

Provided in Cooperation with:

Johann Heinrich von Thünen Institute, Federal Research Institute for Rural Areas, Forestry and Fisheries

Suggested Citation: Kroher, Franz et al. (2024) : 3. Fachworkshop "Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)". Januar 2024, online, Thünen Working Paper, No. 242, Johann Heinrich von Thünen-Institut, Braunschweig,
<https://doi.org/10.3220/WP1717056148000>

This Version is available at:

<https://hdl.handle.net/10419/300644>

Standard-Nutzungsbedingungen:

Die Dokumente auf EconStor dürfen zu eigenen wissenschaftlichen Zwecken und zum Privatgebrauch gespeichert und kopiert werden.

Sie dürfen die Dokumente nicht für öffentliche oder kommerzielle Zwecke vervielfältigen, öffentlich ausstellen, öffentlich zugänglich machen, vertreiben oder anderweitig nutzen.

Sofern die Verfasser die Dokumente unter Open-Content-Lizenzen (insbesondere CC-Lizenzen) zur Verfügung gestellt haben sollten, gelten abweichend von diesen Nutzungsbedingungen die in der dort genannten Lizenz gewährten Nutzungsrechte.

Terms of use:

Documents in EconStor may be saved and copied for your personal and scholarly purposes.

You are not to copy documents for public or commercial purposes, to exhibit the documents publicly, to make them publicly available on the internet, or to distribute or otherwise use the documents in public.

If the documents have been made available under an Open Content Licence (especially Creative Commons Licences), you may exercise further usage rights as specified in the indicated licence.

3. Fachworkshop „Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)“

Januar 2024, online



Franz Kroher, Berit Michler, Christian Ammer, Markus Blaschke,
Naomi Daur, Bernd Degen, Petra Dieker, Michael Elmer, Stefanie Gärtner,
Martin M. Goßner, Ralf Kätzel, Jörg Kleinschmit, Inken Krüger, Peter Meyer,
Alexa Michel, Tanja Sanders, Christian Wirth, Wiebke Züghart, Andreas Bolte

Thünen Working Paper 242

Franz Kroher
Prof. Dr. Andreas Bolte
Dr. Berit Michler
Dr. Inken Krüger
Alexa Michel
Tanja Sanders
Thünen-Institut für Waldökosysteme
Alfred-Möller-Straße 1, Haus 41/42
16225 Eberswalde
E-Mail: franz.kroher@thuenen.de

Dr. habil. Bernd Degen
Thünen-Institut für Forstgenetik

Prof. Dr. Christian Ammer
Georg-August-Universität Göttingen

Naomi Daur
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)

Dr. Stefanie Gärtner
Nationalpark Schwarzwald

Prof. Dr. Martin M. Goßner
Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL, Schweiz)

Dr. Jörg Kleinschmit
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg (FVA BW)

Dr. Peter Meyer
Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA)

Dr. Petra Dieker
Nationales Monitoringzentrum zur Biodiversität (NMZB)

Markus Blaschke
Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF)

Prof. Dr. Ralf Kätsel
Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde (LFE)

Prof. Dr. Christian Wirth
Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv)

Michael Elmer
Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen

Dr. Wiebke Züghart
Bundesamt für Naturschutz

Thünen Working Paper 242

3. Fachworkshop

Zusammenfassung

Am 09 Januar 2024 fand der dritte Fachworkshop zur Entwicklung eines nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald (NaBioWald) statt. Der Fokus lag auf dem Sammeln von Informationen für die Konzepterstellung. Basierend auf Impulsvorträgen aus anderen Monitoringbereichen wurden in Kleingruppen für jede Artengruppe Steckbriefe erstellt, die Auskunft über mögliche Erhebungsansätze und Kosten beinhalteten. Das Thema der Flächenauswahl wird Bestandteil des vierten Fachworkshops sein. Die Ergebnisse der Fachdiskussionen wurden im Anschluss an den Workshop an die Teilnehmenden zur Kommentierung und Ergänzung versandt.

Der Workshop war als zweitägige Präsenzveranstaltung in Braunschweig am Thünen-Institut geplant. Aufgrund einer akuten Verkehrsstreiksituations musste jedoch kurzfristig auf ein eintägiges online-Format gewechselt werden.

Schlüsselwörter: Dritter Fachworkshop, nationales Monitoring, Artengruppen, Erhebungen

Summary

The third expert workshop on the development of a national forest biodiversity monitoring system (NaBioWald) took place on January 09, 2024. The focus was on collecting information for the concept development. Based on keynote speeches from other monitoring areas, small groups drew up fact sheets for each species group, which contained information on possible survey approaches and costs. The topic of site selection will be part of the fourth specialist workshop. The results of the expert discussions were sent to the participants after the workshop for comments and additions.

The workshop was planned as a two-day face-to-face event in Braunschweig at the Thünen Institute. However, due to an acute traffic strike situation, it had to be changed to a one-day online format at short notice.

Keywords: third workshop, national monitoring, species groups, surveys

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	3
Summary	3
1 Hintergrund und Ziele	5
2 Zusammenfassungen der Kurzvorträge	6
2.1 Statusbericht der Steuerungsgruppe (Andreas Bolte, Thünen-Institut)	6
2.2 Konzept für ein genetisches Monitoring als Teil des Biodiversitätsmonitorings im Wald	6
2.2.1 Hintergrund	6
2.2.2 Ziel	7
2.2.3 Arbeitsplan	7
2.2.4 Abschätzung der Kosten	9
2.2.5 Zitierte Publikationen	10
2.3 Vogelmonitoringprogramme in Deutschland (Caren Pertl & Dr. Jakob Katzenberger, DDA)	11
2.4 Bundesweites Insektenmonitoring: Erfassungsbausteine mit Bezug zu Wäldern (Hella Ludwig, Sandro Pütz, Wiebke Züghart, BfN - Fachgebiet Terrestrisches Monitoring)	12
3 Fachdiskussionen	13
4 Ausblick	21
5 Danksagung	21
6 Anhang	22
6.1 Flyer	22
6.2 Vortragsfolien	24
6.2.1 Statusbericht der Steuerungsgruppe (Andreas Bolte, Thünen-Institut)	24
6.2.2 Vorstellung Genetisches Monitoringkonzept (Bernd Degen, Thünen-Institut)	31
6.2.3 Vogelmonitoringprogramme in Deutschland (Caren Pertl & Dr. Jakob Katzenberger, DDA)	35
6.2.4 Bundesweites Insektenmonitoring (Sandro Pütz, BfN)	40
6.3 Impressionen	47

1 Hintergrund und Ziele

Eine Arbeitsgruppe der forstlichen Ressortforschungseinrichtungen der Länder und des Bundes arbeitet derzeit an einem Konzeptentwurf für ein Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald). Das Konzept soll bestehende, deutschlandweite Walderhebungen zur Biodiversität und weitere Erfassungen integrieren, Schnittstellen zum Offenland- und Landschaftsmonitoring liefern und in die Aktivitäten des Nationalen Monitoringzentrums zur Biodiversität (NMZB) eingebunden sein. Eine Übersicht des Prozesses gibt Abbildung 1.

Nachdem beim ersten Fachworkshop im November 2021 (Braunschweig) die Anforderungen und Ziele eines nationale Biodiversitätsmonitorings im Wald festgesetzt wurden, konnte beim zweiten Workshop im April 2023 (Leipzig) die Auswahl von Arten(gruppen) erfolgen, die im Zuge des Monitorings erhoben werden sollen, um die Einflussgrößen der vier festgelegten Haupttreiber auf die Biodiversität zu beziffern (Waldmanagement, Klimawandel, Schadstoffeinträge und Luftverunreinigung).

Der dritte Fachworkshop baut inhaltlich direkt auf dem Vorläuferworkshop auf und beschäftigte sich mit den ausgewählten Artengruppen und deren Erfassung. Der Fokus sollte hierbei auf bereits existierenden Erhebungen liegen. Sofern diese nicht vorhanden sind, sollen Erfordernisse und Möglichkeiten für zusätzliche Aufnahmen diskutiert werden. Aufgrund von nationalen Verkehrsstreiks konnte der Workshop nicht wie geplant in Präsenz stattfinden. Stattdessen wurde spontan auf ein eintägiges online Format gewechselt.



Abbildung 1: Grober Ablauf des NaBioWald Konsultationsprozesses - wir befinden uns mittlerweile beim 3. Fachworkshop, dessen Ergebnisse direkt in das wissenschaftliche Konzept einfließen werden.

2 Zusammenfassungen der Kurzvorträge

2.1 Statusbericht der Steuerungsgruppe (Andreas Bolte, Thünen-Institut)

Siehe Kapitel 5.2.1 (Vortragsfolien im Anhang)

2.2 Konzept für ein genetisches Monitoring als Teil des Biodiversitätsmonitorings im Wald

Bernd Degen¹, Pascal Eusemann¹, Ralf Kätzel² und Jörg Kleinschmit³

- 1) Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf, bernd.degen@thuenen.de
- 2) Landeskoppenzzentrum Forst Eberswalde, Fachbereichsleiter Waldökologie und Monitoring A.-Möller -Str. 1, 16225 Eberswalde
- 3) Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg, Abteilung Waldnaturschutz, Wonnhaldestraße 4, 79100 Freiburg

2.2.1 Hintergrund

Neben der Artenvielfalt und der Vielfalt der Ökosysteme ist die innerartliche genetische Vielfalt eine wichtige Ebene der Biodiversität. Die genetische Vielfalt ist Voraussetzung für die genetische Anpassung an sich ändernde abiotische und biotische Umwelteinflüsse (Frankham et al. 2014). Im Laufe der Zeit haben sich die Populationen einer Art an die unterschiedlichen Umweltbedingungen in ihrem Verbreitungsgebiet angepasst. Diese unterschiedliche genetische Anpassung ist ein Grund für Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung von Populationen (Savolainen et al. 2007).

Ebenso wie die Artenvielfalt kann die innerartliche genetische Vielfalt durch Aktivitäten des Menschen negativ beeinflusst werden. Maßnahmen, die die Populationsgrößen stark reduzieren und die Möglichkeiten des genetischen Austausches (Genfluss) reduzieren, führen zu einer genetischen Einengung durch genetische Drift und erhöhter Verwandtschaft (Inzucht) zwischen den Individuen. So hat die Industrialisierung die genetische Vielfalt vieler Arten negativ beeinflusst (Leigh et al. 2019). Veränderungen in der innerartlichen genetischen Variation können Hinweise auf Gefährdungen einer Art geben, auch wenn die Populationsgröße sich nicht stark ändert (Gurgel et al. 2020).

Für Waldbäume wurden in Deutschland (Konnert et al. 2011) und Europa (Aravanopoulos 2016) bereits seit einigen Jahren Verfahren des genetischen Monitorings entwickelt, um kritische Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung rechtzeitig zu erkennen. Diese Erfahrungen bieten einen guten Rahmen für ein weiter gefasstes genetisches Monitoring im Wald, das neben Bäumen auch andere Artengruppen umfassen sollte. Inzwischen gibt es auf nationaler Ebene im Ausland einige Ansätze für ein genetisches Monitoring mit mehreren Arten: so z.B. in Schweden bzw. bei Fischen (Posledovich et al. 2021, Andersson et al. 2022) oder in der Schweiz mit fünf Arten aus verschiedenen taxonomischen Reichen (Parli et al. 2021). Einen Überblick über Indikatoren eines genetischen Monitorings und bestehende Kapazitäten für ein genetisches Monitoring geben O'Brien et al. (2022), (Pearman et al. 2023).

2.2.2 Ziel

Wir möchten für mehrere Arten, die hauptsächlich im Wald vorkommen, ein genetisches Monitoring als Teil des Biodiversitätsmonitorings im Wald aufbauen. Mit Hilfe von wiederkehrenden genetischen Inventuren soll die genetische Diversität innerhalb der Arten in einem deutschlandweiten Monitoring-Netz erfasst, die genetische Unterschiedlichkeit zwischen Populationen gemessen und treibende Kräfte für die Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung abgeleitet werden. Die Ergebnisse des genetischen Monitorings liefern wichtige Informationen für Strategien und Maßnahmen zum Erhalt der genetischen Vielfalt. Das genetische Monitoring ergänzt einen ansonsten auf Arten- und Artengruppen fokussierenden Ansatz eines Nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald um diese für die Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen so wichtige Ebene der biologischen Vielfalt.

2.2.3 Arbeitsplan

Besonderheiten des genetischen Monitorings

Das wesentliche Merkmal eines genetischen Monitorings ist eine in festen Zeiträumen wiederkehrende genetische Inventur auf der Ebene von Populationen (Hvilsom et al. 2022, O'Brien et al. 2022). Anhand von verschiedenen **Indikatoren** wird dann ermittelt, in welchem Umfang sich die genetische Zusammensetzung zwischen den Erfassungszeitpunkten verändert hat und welche treibenden Prozesse hierfür verantwortlich waren. Auf internationaler Ebene haben sich hierfür inzwischen die Indikatoren: **effektive Populationsgröße, genetische Diversität, genetische Differenzierung und Inzucht** etabliert (Hoban et al. 2022). Bei der genetischen Diversität ist es wichtig, neben der neutralen genetischen Diversität auch die **adaptive genetische Diversität** zu erfassen. Hierzu sind verschiedene Ansätze entwickelt worden: etwa die Suche nach Ausreißern der genetischen Differenzierung (Narum and Hess 2011, Dillon et al. 2013, Degen et al. 2022) oder die Berechnung von Genotyp-Umwelt-Assoziationen (Sang et al. 2022, Mueller et al. 2023).

Das genetische Monitoring lässt sich dann noch intensivieren, indem in den Populationen einzelne Prozesse z.B. Genfluss über Pollen und Samen in einem Baumbestand untersucht werden (Konnert et al. 2011). Zusätzlich zu einem festen Netz von intensiver untersuchten Monitoringpopulationen ist es sinnvoll, für die jeweilige Art auf großer räumlicher Skala genetische Inventuren durchzuführen, um das Muster der räumlichen genetischen Struktur zu erkennen und Referenzgrößen für die genetische Vielfalt in den Regionen zu ermitteln (Degen et al. 2021). Die Auswirkung bestimmter Prozesse z.B. der genetische Fußabdruck der nacheiszeitlichen Rückwanderung aus Refugialgebieten auf die aktuelle genetische Struktur lässt sich auch nur auf dieser Ebene erkennen.

Veränderungen in der genetischen Zusammensetzung einer Population lassen sich nur durch zeitlich wiederholte genetische Inventuren feststellen. Je nach Lebensdauer der Individuen einer Art kann es einige Jahre bis Jahrzehnte dauern, bevor Änderungen in der genetischen Zusammensetzung messbar sind. Um trotzdem zeitnah Aussagen zu anthropogen verursachten Veränderungen der genetischen Vielfalt einer Art zu erhalten, haben sich retrospektivische genetische Inventuren an Material aus historischen Sammlungen bewährt. Solche Arbeiten sind z.B. für verschiedene Insektenarten, Reptilien, Pflanzen und Säugetiere erfolgreich durchgeführt worden (Fountain et al. 2016, Bi et al. 2019, van der Valk et al. 2019).

Grundsätze eines Ansatzes für ein genetisches Monitoring

Ein Monitoring der innerartlichen genetischen Vielfalt kann grundsätzlich bei allen Arten durchgeführt werden, von welchen systematische Proben im Rahmen eines Biodiversitätsmonitorings gesammelt werden und die auf Artebene getrennt bestimmt und sortiert werden, so dass eine individuelle Probenaufbereitung möglich ist. Da dies aus heutiger Sicht aber nicht für alle erfassten Arten/Artengruppen mit vertretbarem Aufwand machbar erscheint, bedarf es einer Fokussierung auf Arten mit Charakteristika, welche bestimmte genetische Anpassungsstrategien repräsentieren.

Auswahl der Arten

Bei der Auswahl der Arten ist es wichtig, sich zunächst auf Kriterien zu verstndigen. Wir schlagen in Anlehnung an die Machbarkeitsstudie zum genetischen Monitoring in der Schweiz (Fischer et al. 2020) die folgenden Kriterien vor:

- Die groen taxonomischen Reiche: Tiere, Pflanzen, Pilze sollten vertreten sein.
- Es sollten Arten mit niedriger und hoher Abundanz untersucht werden
- Gefrdete Arten (Rote Liste)
- Arten welche in ihrer Populationsstruktur (Populationsgrenvernderung, aber auch Genfluss von Kultursorten zu Wildformen) stark durch menschliche Nutzung beeinflusst werden.
- Gegenber anthropogenen Vernderungen (Waldmanagement, Klimawandel und Pflanzenschutzmittel) empfndliche Arten sollten dabei sein.
- Arten, die bereits Gegenstand anderer Monitoring-Verfahren sind und bei denen eine Probennahme fr genetische Analysen mglich ist, sollten bercksichtigt werden.
- Die Genomgre und die Verfgbarkeit von Referenzgenomen sind wichtig.
- Arten mit ausreichend Material aus Sammlungen (z.B. Museen, Herbarien) fr den genetischen Vergleich rezenter und historischer genetischer Vielfalt sollten dabei sein.

Wir schlagen vor, dass mindestens fnf verschiedene Arten in das genetische Monitoring einbezogen werden. Hierunter sollte eine Baumart sein. Wegen des Vorlaufs beim genetischen Monitoring von Waldbumen, der relativ geringen Genomgre, und der kologischen Bedeutung schlagen wir hierfr die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) vor. Die Auswahl der Arten muss in einer Fachgruppe weiter beraten werden.

Stichprobendesign

Bei einer Gesamtgenom-Sequenzierung oder zumindest einer Genotypisierung mit mehreren Tausend ber das Genom verteilten Einzelnukleotid-Genmarkern (SNPs) lassen sich die meisten der oben genannten Indikatoren bereits mit zehn Individuen je Einsammlungsplatz/ Population messen (Nazareno et al. 2017). Die Abgrenzung von Populationen hat sich in der Praxis als schwierig erwiesen. Die Analyse der genetischen Daten wird aber spter Rckschlsse dazu erlauben, welche beprobten Individuen zur selben Population gehren. Sinnvoll wre es, deutschlandweit je Art 50 Einsammlungsorte mit je 10 Individuen zu veranschlagen. Die Auswahl der Orte richtet sich nach dem geographischen Vorkommen der Arten und sollte dabei die verschiedenen Regionen (Umweltzonen) bercksichtigen. Falls Material aus historischen Sammlungen vorhanden ist, sollte hiervon zustzlich 100 Individuen je Art in die Analysen einbezogen werden.

Genetische Inventuren

Damit eine Vergleichbarkeit mit spteren genetischen Inventuren mglich ist und damit alle der oben genannten genetischen Indikatoren zuverlssig gemessen werden knnen, kommt aus heutiger Sicht nur die Gesamtgenomsequenzierung in Frage (Fischer et al. 2020). Fr Arten mit einer Genomgre zwischen 0,5 und 2 GB liegen die Kosten fr die Sequenzierung zurzeit bei 50-200 Euro je Individuum. Fr die meisten Artengruppen liegt die Genomgre unter 2 GB. Es gibt jedoch einige Arten mit deutlich greren Genomen, so z.B. die Koniferen mit ber 10 GB und viele Reptilien und Amphibien mit Genomen > 20 GB.

Die Methodik, insbesondere auch die dauerhafte Probenlagerung (Repositorium) muss so gestaltet werden, dass technischer Fortschritt bei Markern genutzt werden kann (adaptives Design) und Proben ggf. mit neuen Techniken re-analysiert werden, um Datenreihen zu sichern.

2.2.4 Abschätzung der Kosten

Hier eine grobe Abschätzung der Kosten für die Erstaufnahme zum genetischen Monitoring von **fünf Arten**; für zwei dieser Arten mit Vergleich zu historischen Proben aus Sammlungen. Die Arbeiten würden sich über drei Jahre verteilen. Insofern ist bei den getroffenen Annahmen mit Kosten von rd. 1.500.000,- € (für drei Jahre) zu rechnen. Diese Kosten würden bei einem Wiederholungszyklus der Aufnahmen von 10 Jahren je Jahrzehnt anfallen.

Nr.	Gegenstand	Einheit	Kosten je Einheit (Euro)	Anzahl	Summe (Euro)
1	Probennahme Gelände	10 Individuen an einem Ort	1000	250 (5 Arten x 50 Orte)	250.000
2	Probenaufbereitung und Versand Museen	Individuum	20	200 (2 Arten x 100 Individuen)	4.000
3	DNA-Extraktion	Individuum	10	2.700 (5 Arten x 500 Individuen + 200 historische Proben)	27.000
4	Genomsequenzierung (Genomgröße 0,5 – 3 GB)	Individuum	150	2.700	405.000
5	Rechenkapazitäten, Speicherplatz	Genom eines Individuums	50	2.700	135.000
6	Langfristige Probeneinlagerung	Individuum	20	2.700	54.000
7	Probenaufbereitung, DNA-Extraktion, Registrierung, Einlagerung	Personenmonat TA, E7	6.000	24	144.000
8	Zentrale Datenauswertung	Personenmonat Wissenschaftler/in E13	8.000	24	192.000
9	Koordination	Personenmonat Wissenschaftler/in E13	8.000	36	288.000
10	Reisemittel für Projektreffen	Eintägige Inlandsdienstreise pro Person	250	100	25.000
Summe					1.524.000

2.2.5 Zitierte Publikationen

- Andersson, A., S. Karlsson, N. Ryman, and L. Laikre. 2022. Monitoring genetic diversity with new indicators applied to an alpine freshwater top predator. *Molecular Ecology* **31**:6422-6439.
- Aravanopoulos, F. A. 2016. Conservation and monitoring of tree genetic resources in temperate forests. *Current Forestry Reports* **2**:119-129.
- Bi, K., T. Linderöth, S. Singhal, D. Vanderpool, J. L. Patton, R. Nielsen, C. Moritz, and J. M. Good. 2019. Temporal genomic contrasts reveal rapid evolutionary responses in an alpine mammal during recent climate change. *Plos Genetics* **15**:22.
- Degen, B., Y. Yanbaev, R. Ianbaev, C. Blanc-Jolivet, M. Mader, and S. Bakhtina. 2022. Large-scale genetic structure of *Quercus robur* in its eastern distribution range enables assignment of unknown seed sources. *Forestry* **95**:131-147.
- Degen, B., Y. Yanbaev, M. Mader, R. Ianbaev, S. Bakhtina, H. Schroeder, and C. Blanc-Jolivet. 2021. Impact of gene flow and introgression on the range wide genetic structure of *Quercus robur* (L.) in Europe. *Forests* **12**:17.
- Dillon, S. K., M. F. Nolan, P. Matter, W. J. Gapare, J. G. Bragg, and S. G. Southerton. 2013. Signatures of adaptation and genetic structure among the mainland populations of *Pinus radiata* (D. Don) inferred from SNP loci. *Tree Genetics & Genomes* **9**:1447-1463.
- Fischer, M. C., R. Pärli, F. Gugerli, R. Holderegger, E. Lieberherr, and A. Widmer. 2020. Machbarkeitsstudie zur Untersuchung des Zustands und der Veränderung der genetischen Vielfalt: Vernetzung, Inzucht und Anpassungsfähigkeit. ETH Zurich.
- Fountain, T., M. Nieminen, J. Siren, S. C. Wong, and I. Hanski. 2016. Predictable allele frequency changes due to habitat fragmentation in the Glanville fritillary butterfly. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **113**:2678-2683.
- Frankham, R., C. J. A. Bradshaw, and B. W. Brook. 2014. Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation* **170**:56-63.
- Gurgel, C. F. D., O. Camacho, A. J. P. Minne, T. Wernberg, and M. A. Coleman. 2020. Marine Heatwave Drives Cryptic Loss of Genetic Diversity in Underwater Forests. *Current Biology* **30**:1199-+.
- Hoban, S., F. I. Archer, L. D. Bertola, J. G. Bragg, M. F. Breed, M. W. Bruford, M. A. Coleman, R. Ekblom, W. C. Funk, C. E. Grueber, B. K. Hand, R. Jaffe, E. Jensen, J. S. Johnson, F. Kershaw, L. Liggins, A. J. MacDonald, J. Mergeay, J. M. Miller, F. Muller-Karger, D. O'Brien, I. Paz-Vinas, K. M. Potter, O. Razgour, C. Vernesi, and M. E. Hunter. 2022. Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition. *Biological Reviews* **97**:1511-1538.
- Hvilsom, C., G. Segelbacher, R. Ekblom, M. C. Fischer, L. Laikre, K. Leus, D. O'Brien, R. Shaw, and V. Sork. 2022. Selecting species and populations for monitoring of genetic diversity. IUCN Publication.
- Konnert, M., W. Maurer, B. Degen, and R. Katzel. 2011. Genetic monitoring in forests - early warning and controlling system for ecosystemic changes. *Iforest-Biogeosciences and Forestry* **4**:77-81.
- Leigh, D. M., A. P. Hendry, E. Vazquez-Dominguez, and V. L. Friesen. 2019. Estimated six per cent loss of genetic variation in wild populations since the industrial revolution. *Evolutionary Applications* **12**:1505-1512.
- Mueller, N. A., C. Gessner, M. Mader, C. Blanc-Jolivet, M. Fladung, and B. Degen. 2023. Genomic variation of a keystone forest tree species reveals patterns of local adaptation and future maladaptation. [bioRxiv:doi.org/10.1101/2023.1105.1111.540382](https://doi.org/10.1101/2023.1105.1111.540382)
- Narum, S. R., and J. E. Hess. 2011. Comparison of F-ST outlier tests for SNP loci under selection. *Molecular Ecology Resources* **11**:184-194.
- Nazareno, A. G., J. B. Bemmels, C. W. Dick, and L. G. Lohmann. 2017. Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species. *Molecular Ecology Resources* **17**:1136-1147.
- O'Brien, D., L. Laikre, S. Hoban, M. W. Bruford, R. Ekblom, M. C. Fischer, J. Hall, C. Hvilsom, P. M. Hollingsworth, F. Kershaw, C. S. Mittan, T. A. Mukassabi, R. Ogden, G. Segelbacher, R. E. Shaw, C. Vernesi, and A. J. McDonald. 2022. Bringing together approaches to reporting on within species genetic diversity. *Journal of Applied Ecology* **59**:2227-2233.
- Parli, R., E. Lieberherr, R. Holderegger, F. Gugerli, A. Widmer, and M. C. Fischer. 2021. Developing a monitoring program of genetic diversity: what do stakeholders say? *Conservation Genetics* **22**:673-684.
- Pearman, P. B., O. Broennimann, T. Albayrak, P. C. Alves, L. D. Bertola, A. Biedrzycka, E. Buzan, V. Cubric-Curik, A. Fedorca, C. Neophytou, and J. Godoy. 2023. Conserving genetic diversity during climate change: Niche marginality and discrepant monitoring capacity in Europe. [bioRxiv:2023.03.20.533448](https://doi.org/10.1101/2023.03.20.533448).
- Posledovich, D., R. Ekblom, and L. Laikre. 2021. Mapping and monitoring genetic diversity in Sweden. The Swedish Environmental Protection Agency, Stockholm.
- Sang, Y. P., Z. Q. Long, X. M. Dan, J. J. Feng, T. T. Shi, C. F. Jia, X. X. Zhang, Q. Lai, G. L. Yang, H. Y. Zhang, X. T. Xu, H. H. Liu, Y. Z. Jiang, P. K. Ingvarsson, J. Q. Liu, K. S. Mao, and J. Wang. 2022. Genomic insights into local adaptation and future climate-induced vulnerability of a keystone forest tree in East Asia. *Nature Communications* **13**:14.
- Savolainen, O., T. Pyhajarvi, and T. Knurr. 2007. Gene flow and local adaptation in trees. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* **38**:595-619.
- van der Valk, T., D. Diez-del-Molino, T. Marques-Bonet, K. Guschanski, and L. Dalen. 2019. Historical genomes reveal the genomic consequences of recent population decline in Eastern gorillas. *Current Biology* **29**:165-+.

2.3 Vogelmonitoringprogramme in Deutschland (Caren Pertl & Dr. Jakob Katzenberger, DDA)

Der DDA (Dachverband Deutscher Avifaunisten e.V.) ist der Dachverband der vogelkundlichen Verbände in Deutschland. Zu den Mitgliedsverbänden gehören 16 Landesverbände sowie 36 weitere Organisationen, welche ca. 12.000 vogelkundlich interessierte Basismitglieder vertreten. Darüber hinaus beteiligen sich ca. 7.000 Ehrenamtliche an den systematischen Vogelerfassungen des DDA und ca. 43.000 Ehrenamtliche tragen mit Gelegenheitsbeobachtungen und standardisierten Beobachtungslisten zur flächendeckenden Datensammlung über das Beobachtungsportal ornitho.de bei.

Die Zusammenarbeit zwischen dem DDA und den Fachverbänden und Fachbehörden der Länder und des Bundes ist über die Verwaltungsvereinbarung Vogelmonitoring geregelt. Die erhobenen Daten dienen u.a. den nationalen und internationalen Berichtspflichten (EU VSRL, NATURA2000, AEWA, CMS), der Erstellung der Roten Listen für Brut- und Gastvögel, sowie der Berechnung von europäischen, nationalen und landesweiten Indikatoren.

Basisprogramme des Vogelmonitorings in Deutschland:

Die bestehenden Monitoringprogramme, die sog. Basisprogramme des Vogelmonitorings in Deutschland, sind das Monitoring häufiger Brutvögel (MhB), das Monitoring seltener Brutvögel (MsB) und das Monitoring rastender Wasservögel (MrW). Die deutschlandweite Koordination dieser Programme übernimmt der DDA, die Umsetzung auf Bundesland-Ebene erfolgt durch Landeskoordinator*innen aus Fachbehörden und Fachverbänden. Das Vogelmonitoring in Schutzgebieten (VM-S) besteht aus einer an die Gegebenheiten in Schutzgebieten angepasste Variante des MhB, das MhB-S (Monitoring häufiger Brutvögel in Schutzgebieten) sowie dem MsB und dem MrW, die innerhalb und außerhalb von Schutzgebieten methodengleich umgesetzt werden.

Das MhB wird auf Probeflächen umgesetzt, die auf einer doppelt geschichteten Stichprobenziehung basieren. Insgesamt gibt es 2.637 Probeflächen in Deutschland, ca. 900 dieser Flächen haben einen Waldanteil größer 30%. Im vergangenen Jahr war der überwiegende Teil der Flächen (>2000) vergeben oder reserviert. Das MhB wird als Linienkartierung mit vier Kartiergängen im Jahr umgesetzt und dient in erster Linie dem Trendmonitoring häufiger Arten.

Die auf die Voraussetzungen in Schutzgebieten angepasste Variante des MhB, das MhB-S, wird ebenfalls anhand von Linienkartierungen mit vier Begehungen umgesetzt. Das MhB-S unterscheidet sich vom MhB nur insofern, als dass die Erfassungsrouten frei wählbar und kürzer sind.

Das MsB ist modular aufgebaut und besteht aktuell aus 13 Modulen, die sich jeweils auf kleinere Artengruppen oder einzelne Arten konzentrieren. Für Erfassungen im Wald eignen sich insbesondere das Modul Spechte und das Modul Eulen. Auch beim MsB sind Erfassungseinheiten frei wählbar, sodass die Kulisse in Wäldern folglich bedarfsweise ausgestaltet werden kann. Da die Module auf die Erfassung ausgewählter Arten zugeschnitten sind, unterscheiden sich die verwendeten Erfassungseinheiten (z. Bsp. Linienkartierung, Zählroute und Zählgebiete).

Mögliche Anwendung der etablierten Vogelmonitoringprogramme in NaBioWald:

Um sowohl häufige als auch seltene Brutvögel in einem bestimmten Gebiet langfristig in ein Monitoringprogramm im Wald zu integrieren, bietet sich die Kombination von MhB bzw. MhB-S und MsB an. Für eine systematische Datenerhebung zu Vogelbeständen im Rahmen eines bundesweiten Biodiversitätsmonitorings im Wald könnten daher sowohl bestehende Probeflächen und Datenbestände aus dem Vogelmonitoring einfließen als auch im Abgleich mit anderen Probeflächennetzen im Wald gezielt neue Kulissen entwickelt werden.

Die Informationen zur Bestandsentwicklung der Vogelarten aus dem Monitoring des DDA fließen bereits als zentrale Datenquelle auf verschiedenen administrativen Ebenen in etablierte Indikatorssysteme ein. Wie beim Indikator „Artenvielfalt und Landschaftsqualität“ auf Bundesebene, oder EU-weit im „common bird index“, werden so bereits speziell für den Lebensraum Wald Aussagen zur Veränderung der Vogelfauna abgeleitet und berichtet. Im Kontext von NaBioWald entsteht durch die Einbindung des bestehenden Vogelmonitorings jedoch ein großes Potenzial die Verknüpfung der Vogelerfassungen mit verschiedenen strukturellen Einflussgrößen und anthropogenen Treibern im Wald herzustellen. Durch eine solche Verknüpfung werden die Voraussetzungen für

eine weitergehende Ursachenanalyse erheblich verbessert und es entstehen neue Möglichkeiten z.B. um umfassend auf die Effekte von Maßnahmen einzugehen oder um datenbasiert Szenarien und Prognosen zu berichten.

2.4 Bundesweites Insektenmonitoring: Erfassungsbausteine mit Bezug zu Wäldern (Hella Ludwig, Sandro Pütz, Wiebke Züghart, BfN - Fachgebiet Terrestrisches Monitoring)

Nach dem Auftrag der 89. UMK an die Bundesregierung, ein nationales Monitoringprogramm für die Erfassung der Insektenfauna in Deutschland zu installieren, koordiniert und konzipiert BfN zusammen mit den Bundesländern ein bundesweites Insektenmonitoring, welches modular aufgebaut wird. In diesem Vortrag werden der allgemeine Aufbau sowie die Bausteine mit Bezug zu Wäldern vorgestellt, inklusive eines Überblickes über die Aufnahme von Umweltdaten. Dies soll dazu dienen, Synergien zwischen NaBioWald und dem bundesweiten Insektenmonitoring besser erschließen zu können.

Das Bundesweite Insektenmonitoring ist in zwei Säulen aufgebaut, dem „Monitoring häufiger Insekten“ (Säule 1) sowie dem „Monitoring seltener Insekten“ (Säule 2). Letztere Säule ist aufgeteilt in das „Monitoring von Insekten seltener Lebensräume“ (2a) sowie das „Monitoring aus Naturschutzsicht wertvoller Insekten“ (2b). Die verschiedenen Säulen wurden und werden mit konkreten Erfassungsbausteinen gefüllt. Bausteine mit Waldbezug, für die bereits eine detaillierte Erfassungsmethodik erarbeitet wurde, sind „Tagfalter & Widderchen auf der Landschaftsebene“, „Laufkäfer & bodenlebende Spinnen im Grünland, Acker & Wald“, „Xylobionte Käfer im Wald“ (alle Säule 1, die beiden erstgenannten bereits im Methodenleitfaden veröffentlicht), sowie „Xylobionte Käfer in naturnahen Wäldern“ (Säule 2a).

Auch Bausteine zu anderen Artengruppen wie Nachtfaltern und Schwebfliegen in Wald-Lebensräumen sind geplant. Hierbei soll sich möglichst an der noch in Entwicklung befindlichen Methodik des European Pollinator Monitoring Scheme (EUPoMS) orientiert werden, für das sich eine europäische Berichtspflicht aus dem Wiederherstellungsgesetz abzeichnet. Grundsätzlich wird eine Integration des EUPoMS in das bundesweite Insektenmonitoring angestrebt.

3 Fachdiskussionen

Für die Fachdiskussionen in Kleingruppen konnten sich die Teilnehmerinnen und Teilnehmer für eine der insgesamt sieben Artengruppen (siehe Tabelle 1 und Abbildung 2) entscheiden. Die Artengruppen „Großäuger“ und „Amphibien“ entfielen aufgrund fehlender Expertise. In den jeweiligen Gruppen wurden in vorgefertigten Vorlagen Konzeptinhalte für die einzelnen Module (Artengruppen) gesammelt. Dabei wurde sich auf folgende konkrete Fragen zu den bestehenden und zukünftig möglichen Erhebungsverfahren der einzelnen ausgewählten Artengruppen fokussiert:

- 1) Welche funktionelle Gruppe repräsentiert die Artengruppe?
- 2) Warum ist die Artengruppe priorisiert zu behandeln?
- 3) Gibt es für die Artengruppe bereits Monitoringprogramme und Flächen im Wald?
- 4) Welche bestehenden Methoden und Erhebungsdesigns existieren für die Artengruppe?
- 5) Was sind mögliche Erfassungsgrößen?
- 6) Auf welcher räumlichen Skala soll die Artengruppe erfasst werden?
- 7) Worin besteht die Indikatorfunktion der Artengruppe?
- 8) Welche Einflussgrößen sind zu messen?
- 9) Durch welche Proxies können diese gegebenenfalls (bei Bedarf) ersetzt werden?
- 10) Was sind die voraussichtlichen Kosten pro Erhebung bzw. des Monitoringmoduls?
- 11) Welche zu berücksichtigende genetische Komponenten gibt es bei den einzelnen Artengruppen?
- 12) Welche potenziellen Partner sollten in der Entwicklung des Konzepts miteingebunden werden?

Die ausgefüllten Vorlagen wurden im Nachgang des Workshops zur inhaltlichen Prüfung an die Gruppenmitglieder versandt und abgestimmt. Die Ergebnisse finden sich in den Abbildungen 3 bis 9.

Tabelle 1. Übersicht der Kleingruppen für die Fachdiskussionen

	Vögel	Fledermäuse	Gefäßpflanzen	Flechten & Moose
Moderation	Franz Kroher Thünen-Institut für Waldökosysteme	Dr. Peter Meyer Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt	Prof. Dr. Ralf Kätsel Landeskoppetenzzentrum Forst Eberswalde Prof. Dr. Christian Ammer Universität Göttingen	Dr. Stefanie Gärtner Nationalpark Schwarzwald
Technische Unterstützung	-	Zoë Hester TI-WO	Alexa Michel TI-WO	Helge Rölleke TI-WO
	Bodenorganismen	Käfer, Wanzen & Spinnen	Wildbienen & Falter	
Moderation	Prof. Dr. Andreas Bolte Thünen-Institut für Waldökosysteme Markus Blaschke Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft	Prof. Dr. Martin Goßner Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft	Dr. Jörg Kleinschmit Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg	
Technische Unterstützung	Dr. Inken Krüger TI-WO	Dr. Berit Michler TI-WO	Dr. Tanja Sanders TI-WO	



Abbildung 2: Übersicht der Artengruppen, die beim nationalen Biodiversitätsmonitoring im Wald behandelt werden sollen.

Modul: Vögel



Funktionelle Gruppe:

Konsumenten / Herbivore – Prädatoren
Insektivore – Topprädatoren: empfindlich bei Veränderungen im Nahrungsangebot

Priorisierungsgrund:

Etablierte Aufnahmeverfahren, bestehende Zeitreihen, ausreichende Expertise, Bezug zu Landschaftsqualität und Waldmanagement, V/N Mobilität – reagieren schnell auf Einschritte im Wald, Zeigerfunktion; reichhaltiges Wissen über Ökologie, womit Interpretation bei Schwankungen erklärbar werden; gesetzliche Vorgaben und Verpflichtungen vorhanden

Bestehende Monitoring-Programme und -Flächen im Wald:

DDA-Monitoring (SPF MhB; frei MsB, MhB-S) NNE: MhB-S, MsB); in Vogelschutzgebieten (NatParke – kein einheitliches Programm, Ausblick vereinheitlichen); Gesamtbestandserfassung (EU-Vogelschutzrichtlinie (Verwaltungseinheit/Abkommen mit DDA) Durchführung Bundesländer (Vergabel, unterschiedlich strukturiert: Forstbehörden, Fachbehörden) Ausblick: zusätzlich jährliche Trendmonitoring;
Verschneidung mit BWI bzw. abgeleiteten Waldstrukturkarten; Ergänzung durch akustisches Monitoring auf Level II

Bestehende Methoden/Erhebungsdesign:

Trendmonitoring (Transektsbegehung u. weitere) (Gesamt-) Bestanderfassung
Machbarkeitsstudie: Akustisches Waldmonitoring (Rekordern)
Potenzialabschätzung: Methodenentwicklung Fernerkundung (Waldstrukturen – Vögel (Waldschneepfe, Auerhuhn) auf Länderebene)
(NABU citizen science Programm: Stunde der Gartenvögel)

Mögliche Erfassungsgrößen:

Vorkommen von Arten (Artenanzahl)
Bestandestrends (Indices) Abundance, keine klassische Dichte)
Reproduktion (interessant, aufwendig, nicht Standard)
Bruterfolgsmonitoring (von kleinen Arbeitsgruppen und Lokal, aufwendig: mögliche Brücke über Rekordern ?! - prüfen)
Rastende Wasservögelmonitoring

Räumliche Skala:

2 Skalen: MhB-Flächen und MsD-Flächen
Standard: 1 km²-Flächen, darüber hinaus abhängig von Reviergrößenbedarf der Vogelart
Vorschlag Pertl; Fernerkundung !

Indikatorischer Wert:

Klimawandel, Waldmanagement, (indirekt: Pestizide, Luftverunreinigung – andere Artengruppen sind hier besser geeignet (z.B. Flechten)

Zu messende Einflussgrößen:

Strukturdatenverschneidung (Baumarten) Nutzung (ForMi)
Fernerkundung (Komplexität der Landschaft, Landschaftsstruktur, Größe von Landschaftseinheiten, Verknüpfung zu Strukturen, Störung, Straßen (Kamp-Prof. Seidl))
Klimadaten
Verschneidung Insektenmonitoring
Fruchtifikation - Vielfalt an Gefäßpflanzen (Früchte))

Proxy-Erfassungsoptionen:

Waldstruktur (Gefäßpflanzen)

Voraussichtliche Kosten:

Genetische Diversität:

Prof. Winkel (Heidelberg)

Potenzielle Partner:

DDA, Länder, schutzgebietsbetreuende Einrichtungen, potenzielle Erheber (definieren!)

Abbildung 3: Potentielle Konzeptinhalte des Moduls Vögel als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald Workshops.

Modul: Fledermäuse



Priorisierungsgrund:

Indikation Waldmanagement, Qualität des Habitats/Landschaftsraums (Nahrungsverfügbarkeit, Quartiere)
Naturschutzrechtliche Berichtspflichten (Anhang II, IV FFH RL)

Beispiele für Indikatoren

- für naturnahe altholzreiche Wälder: u.a. Bechsteinfledermaus, Nymphenfledermaus (alte Eichenbestände mit geschlossenem Kronendach)
- Für totholzreiche Wälder: Mopsfledermaus
- für Hallenwälder: Großes-Mausohr-Fledermaus
- Klimawandel: Beispiel Bechsteinfledermaus - bei höheren Temperaturen größere Tiere mit kürzerer Lebenszeit

Bestehende Monitoring-Programme und -Flächen im Wald:

Bundesebene:

FFH-Stichprobenmonitoring (EU/Bundeslandebene) – Stichprobenanzahl zu klein für statistisch robuste Überwachung der Bestandestrends

Landesebene/Regionaler Ebene

- Baden-Württemberg:
 - Konzept zur Erweiterung des FFH-Stichprobenmonitorings mit Fokus Populationsentwicklung (LUBW)
 - Landesweites repräsentatives Monitoring mit Fokus auf Aktivitätsdichte in Verbindung mit Waldmanagement auf BfN Stichprobenflächen + Erweiterungsflächen erste Umsetzung 2024, (FVA-BW)
- Hessen, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt
 - Biodiversitätsmonitoring in Wäldern mit natürlicher Entwicklung (NW-FVA)
 - Bayern, Schleswig-Holstein (Faunistisch-Ökologische Arbeitsgemeinschaft)

Weitere Monitoring-(Vor)Projekte:

- Bundesweites Mopsfledermaus-Projekt (NABU, Naturstiftung David, Stiftung Fledermaus)
- Kleinabendsegler (BfN; Projekt erst kürzlich gestartet)

Bestehende Methoden/ Erhebungsdesign:

Akustikmonitoring (kostengünstig, aber nicht alle Arten sind akustisch unterscheidbar, Arten werden teilweise über oder unterrepräsentiert)

- Statisch
- Transektenbegänge - Bsp: Balzkontrollen (Paarungsquartiere/-Reviere erfassen)
- Netzfang (ggf. in Verbindung mit Telemetrie)
- Wochenstuben- und Winterquartierkontrollen (automatisiert/manuell)
- Kastenkontrollen
- Scheinwerferfotografie (auf Gewässern; v.a. Wasserfledermaus)
- Schwärmtypenkontrolle (akustisch, optisch)
- DNA-Tracing, Populationsgenetik, (ggf. DNA-Spuren im Wald)
- Artenpürhunde (in der Entwicklung)

„Artspezifische Kombination der Methoden erforderlich“
!Zusatzercherche zur Methodik ist wünschenswert!

Zu messende Einflussgrößen:

- Quartiere (nachgewiesene Quartiere in Habitat- und Höhlenbäumen, Höhlen/Stollen, Dachböden, etc.)
- Quartiermöglichkeiten (potenzielle Quartiere in Bäumen etc.)
- Qualität des Jagdhabitats (zur Nahrungsaufnahme):
- Verticalstruktur und Horizontalstruktur, Flächengröße
- Randlinien: Wald(innen)ränder
- Habitatkontinuität
- Klimatische Variablen
- Topografie
- Nahrungsverfügbarkeit (Nahrungsanalysen, Insektenmonitoring)
- [Beeinträchtigungen durch Windkraftanlagen im Wald]

Genetische Diversität:

Derzeit nicht relevant
(ggf. eine Verantwortungsart von Deutschland mit starkem Waldbezug auswählen: Bechstein, Mops, Fransen, Großes Mausohr)

Indikatorischer Wert:

Waldmanagement
Pestizideinsatz (via Nahrungsverfügbarkeit)

Voraussichtliche Kosten:

Methodenabhängig
Umfang des Monitorings

Funktionelle Gruppe:

Konsumenten / Prädatoren

Proxy-Erfassungsoptionen:

siehe zu erfassende Einflussfaktoren
Habitatmodelle

- Potenzielle Verbreitung – auch Szenarien-Entwicklung (Projektionen)
- Ableitung von aussagekräftigen Proxys
- Habitatmodelle → Prognosen → Validierung durch geeignetes Monitoring
- [für Modelle sind geeignete Datengrundlagen erforderlich: Daten zu Fledermausvorkommen sowie Umweltvariablen; Bsp. stagnierendes Höhenwachstum (Fernerkundung) + geeignete Baumart → Altholzbestand]

Räumliche Skala:

Waldbestand
Lebensraumkomplex (nicht „nur“ ein Waldbestand; Jagdlebensräume in anderen Waldbeständen und in der offenen Kulturlandschaft, Quartiere im Siedlungsraum, Winterquartiere in anderen Naturräumen)
Überregional (international) bei ziehenden Arten

Mögliche Erfassungsgrößen:

Präsenz / Absenz
Aktivitätsdichten
Reproduktionsstati
Populationsgrößen nach:

- Wochenstuben
- Überwinterungsgesellschaften
- Paarungsgesellschaften

Potenzielle Partner:

Landes-/Bundesnaturschutzbehörden
Einrichtungen der Ressortforschung (Forstl. Versuchsanstalten, Naturschutzfachbehörden)
Sachverständigenbüros/Universitäre Forschungseinrichtungen/NGOs
Ehrenamt - auch citizen science

Abbildung 4: Potentielle Konzeptinhale des Moduls Fledermäuse als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.

Modul: Gefäßpflanzen



Funktionelle Gruppe: Produzenten	Priorisierungsgrund: Etablierte Aufnahmeverfahren, bestehende Zeitreihen, ausreichende Expertise, Bedeutung als Lebensraum, zentrales Element im Ökosystem Wald, Habitat und Nahrungsressource für andere Gruppen, hoher Indikatorwert, Zeigerarten, Zeitreihen über Habitatveränderungen	
Bestehende Monitoring-Programme und -Flächen im Wald: BWI (nur Bäume), BZE (Stichprobennetz), Level II (repräsentative Auswahlflächen), Naturwälder, FFH-Kartierung (Lebensraumtypen und Anhang-Arten), Verbiss- und Wildeinflussmonitoring (in einzelnen Bundesländern), Nationales Naturerbe, Nationalparke, Biotoptypenkartierungen, (Flora Incognita), F+E Unterstichprobe BWI, ökologische Flächenstichprobe (NW)	Bestehende Methoden/Erhebungsdesign: Vegetationsaufnahmen (Schicht, Artenzusammensetzung, Deckungsgrad), Waldstruktur (vertikal, horizontal) durch terrestrisches Laserscanning, Fernerkundung, Transekte, Probekreise, Zeithhythmus, Flächengröße, Aufnahmebögen der Waldbiotopkartierung und FFH-Lebensraumkartierung (Lebensraumtypen und Anhang-Arten), genetisches Monitoring (Vielfalt, Artunterscheidung), alte Sammlungen in Naturkundemuseen, Fotodokumentation von fix vermarkten Fotostandpunkten	
Mögliche Erfassungsgrößen: Waldentwicklungsphase, Abundanz, Arten, Häufigkeit, Populationsgröße, Phänologie, Bestandesalter, genetische Diversität (effektive Populationsgröße, Diversitätsmaße, Differenzierung), Pflanzenmorphologie (Blattgröße, Stammumfang, ...), Schicht, Artenzusammensetzung, Deckungsgrad, konkurrierende Arten, Neophyten, positive Indikatorarten	Räumliche Skala: Abhängig von Waldlebensraum, Raster + Flächenerhebungen für seltene Arten, Plot (Raster, Fläche, subjektive Stichprobenauswahl), Bestand, Landschaftsebene, Isolation des Vorkommens	Indikatorischer Wert: Luftschadstoffe (v.a. Stickstoff), Kalkung, Klima, Pestizide (Wald-Feld-Grenzen), Bewirtschaftung (Artenzusammensetzung, Indikatorarten), Standort
Zu messende/erhebende Einflussgrößen: Licht, terr. Laserscanning: z.B. canopy closure, Kronenrauigkeit, Komplexitätsmaße; Überschirmungsgrad, Bodenfeuchte, Torf, Dynamik auf Sonderstandorten (Geomorphologie), Form, Klima, Lebensraumtypen, Biotoptyp, Humusform, Bodentyp, Exposition, Inklination, Wasserversorgung, Nutzungsform, Waldgeschichte, Vernetzung, Umgebende Vegetation, Beeinträchtigungen (ggf. erkennbare Ursachen)		
Proxy-Erfassungsoptionen: Biotoptypen	Voraussichtliche Kosten: Mind. ca. 70-120 EUR/h netto für Vegetationsaufnahmen (+ Fahrtkosten, Fahrzeit, ...), abh. von Flächengröße und Methodik; weitere Erfassungsgrößen kommen noch dazu.	Genetische Diversität: <i>Fagus sylvatica</i> , wenn möglich auch: <i>Prunus avium</i> , <i>Quercus robur</i> , <i>Qu. petraea</i> ; Für die Festlegung von Krautpflanzen fehlt den Teilnehmenden die Expertise.
Potentielle Partner: Landesumweltämter, Forstliche Versuchsanstalten, Naturkundemuseen, Verwaltungen von Großschutzgebieten		

Abbildung 5: Potentielle Konzeptinhalte des Moduls Gefäßpflanzen als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.

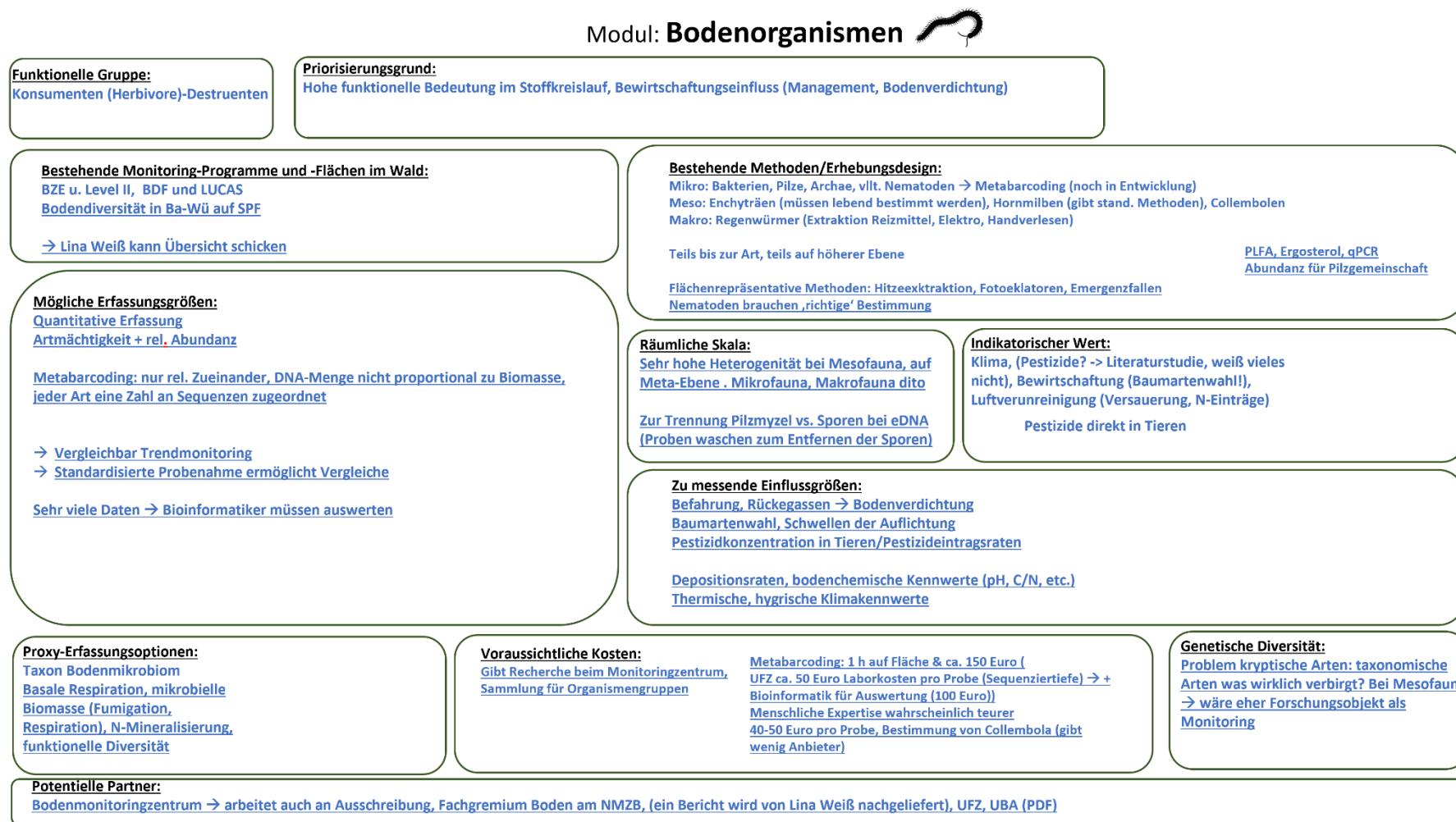


Abbildung 6: Potentielle Konzeptinhale des Moduls Bodenorganismen als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.



Modul: Insekten - Wanzen, xylobionte Käfer, Spinnen

Funktionelle Gruppe:

Konsumenten/Herbivore-Prädatoren (Antagonisten)
Destruenten, ökologische Gilden (z. B. Substrat)
Urwaldreliktsarten (Kat I+II)
Bestäuber, Forstschutzrelevante Arten

Grund Priorisierung:

Allg. Artenvielfalt-/spektrum, etablierte Aufnahmeverfahren, bestehende Zeitreihen, ausreichende Expertise, Indikation Waldmanagement
Arthropoden in der Arterfassung bisher stark unterrepräsentiert → Wissensdefizit
Erkenntnis zum deutlichen Rückgang von Abundanz, Biomasse, Artenvielfalt von Arthropoden → Ursachen und mögliche Maßnahmen
Im Fokus der gesellschaftlichen Wahrnehmung/Interessen (Schlagwörter: „Insektensterben“, „Rettet die Bienen“) → Gesellschaftlicher Auftrag

Bestehende Monitoring-Programme und -Flächen im Wald:

Käfer, Spinnen: IM-Monitoring (SPF)
Wanzen: Bisher keine systematische Erfassung (Bund)
NWE-Monitoring (Wanzen, Käfer, Spinnen – Niedersachsen, Hessen, Sachsen-Anhalt)
Waldmonitoring BW (Käfer; Laufkäfer, Spinnen)
Monitoring Naturwaldreservate (Spinnen, xylobionte Käfer – Hessen)
Biodiversitätsexploratorien
ÖFS-Flächen (Ökologische Flächenstichprobe) seit 2017 Malaise-Fallen zur Bestimmung der Biomasse von flugfähigen Insekten (z.T. auch im Wald)

Bestehende Methoden/Erhebungsdesign:

Kreuzfensterfallen, Bodenfallen

- Detailabstimmung wichtig (Turnus, Fallentyp, Anzahl Fallen/Fläche, Fangflüssigkeit)
- Zeitliche Skala relevant

Mögliche Erfassungsgrößen:

Biomasse
Abundanz und Diversität funktioneller Gruppen (+ innerhalb)
Entwicklung (Abundanz) Artenspektren/Zönosen
Entwicklung (Abundanz) von einzelnen Arten

Räumliche Skala:

Kronenraum
Stammraum
Boden/Substrat
Übergang Offenland (Xylobionte)
→ Waldbindungskategorie nach Dorow et al.

Indikatorischer Wert:

Klimawandel (Insekten – Ektothermie, Herbivore und Pflanzenstress, Störungsanzeiger), **Waldmanagement** (Strukturveränderung, Baumartenzusammensetzung), **Pestizide**
→ *Luftverschmutzung nicht ausgeschlossen (Forschungsbedarf)*

Zu messende Einflussgrößen:

Fragmentierung
Phänologische Veränderung Vegetation
Erfassung der Treiber (Waldstruktur)

Proxy-Erfassungsoptionen:

Waldstruktur (Gefäßpflanzen), Käfer insb. Totholzqualität und -quantität, Mikrohabitatem

→ beste Proxys sind Arten selber

Voraussichtliche Kosten:

Genetische Komponente:

Potentielle Partner:

BfN, NMZB, Naturschutzbehörden/FVA, Bundesländer – Praxiserfahrung: Exploratorien, Schutzgebiete, Gutachterbüros

Abbildung 7: Potentielle Konzeptinhalte des Moduls Insekten (Wanzen, Käfer, Spinnen) als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.

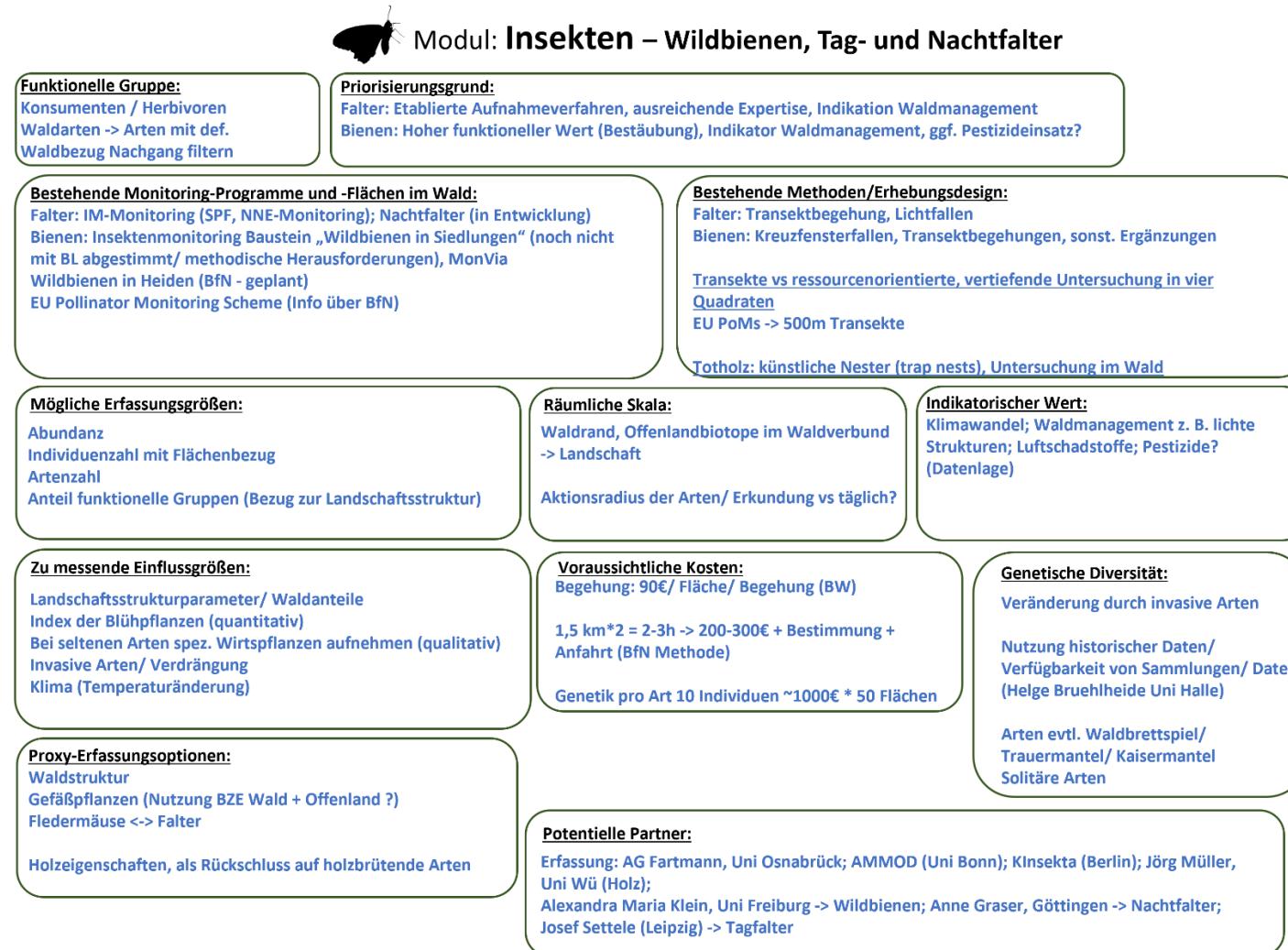


Abbildung 8: Potentielle Konzeptinhale des Moduls Insekten (Wildbienen, Falter) als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.

Modul: Flechten & Moose



Funktionelle Gruppe:

Produzenten (Moose & Flechten)

Ergänzungen:

- Moose- und Flechtenbesiedlung von Ausgangsgesteinen und Rohböden (v.a. Extremstandorte)

Priorisierungsgrund:

Moose: Etablierte Aufnahmeverfahren, bestehende Zeitreihen, ausreichende Expertise?
Flechten: Selektiver Indikator Luftverunreinigung, Waldmanagement

Ergänzungen:

- Fungizide & Herbizide können sich auf Flechten auswirken
- Können unabhängig von der Vegetationsperiode erfasst werden (Phänologie spielt eine untergeordnete Rolle)
- Die meisten Moose und Flechten sind gut lagerbar (Ausnahme: Torfmoose)
- Bei Flechten und Moosen gibt es gut ausgearbeitete Listen mit zusätzlichen Variablen (Ellenberg -Werte)
- Viele Arten tauchen nur in Nischen oder Mikrohabitaten auf oder besiedeln spezifische Habitate

Mögliche Erfassungsgrößen:

- Terrestrisch: Anteil der Gesamtfläche, Kleinfläche innerhalb einer größeren Vegetationsaufnahme (genestet)
- Epiphyten: Standardisierte Fläche unabhängig vom Durchmesser
- Aquatisch: Schätzung der Häufigkeit auf einem spezifischen Abschnitt vom Gewässer
- Tatsächliche Erfassung: Arten, Häufigkeit über eine Skala (z.B. BB, Londo), Flechten (Vitalität)
- Erfassung von einzelnen wertgebenden Arten (Indikatorarten z.B. Buxbaumia viridis, Bartflechten)

Proxy-Erfassungsoptionen:

- Alter der Bäume (Bestand)
- Menge an Totholz
- Mikrostandorte an Bäumen
- Immissionen
- Bewirtschaftungsform (Waldbewirtschaftungssystem)
- Habitatkontinuität (je nach Änderung der Landnutzung)
- Höhenlage
- Baumartenzusammensetzung
- Arten und Vorkommen von Sonderstandorten
- Geologisches Substrat
- Räumliche Nähe zu Industriegebieten, Großstädten, Ballungsräumen
- Fragmentierung der Gesamtfläche

Bestehende Monitoring-Programme und -Flächen im Wald:

Moose: BZE (Stichprobennetz), Level II (repräsentative Auswahlflächen)
Flechten: Bisher keine systematische Erfassung (Bund) (z.T. Schutzgebiete; z.T. Nationalparke, NWZ)

Ergänzungen:

- Es werden v.a. die FFH-Arten (Anhang 2 Arten) erfasst
- Es werden eher die Laubmose und weniger die Lebermoose erfasst (Erfassungsaufwand beachten, ggf. auf Arten beschränken, die man gut erfassen kann)

Bestehende Methoden/Erhebungsdesign

Moose: Vegetationsaufnahmen (Artenzusammensetzung, Deckungsgrad)
Flechten: Arterfassung

Ergänzungen:

- Terrestrische Ergebung: Große Erscheinungsformen, Moose (diagnostische Arten z.B. *Bartramia trilobaria* Peitschenmoos) und Flechten (bodenbürgig z.B. *Cladonia*)
- Epiphyten (von der Stammbasis bis 2 Meter Bodenhöhe, abhängig von der Baumart und Totholz oder lebender Baum, zusätzliche Charakteristika zum Baum), zufällige Auswahl der Baumindividuen der jeweiligen Art
- Ggf. Epityptisch (Artenliste zu Steinen und Felsen)
- Ggf. Entwicklung der einzelnen Flechenthalii (Folienmethode)
- Ggf. aquatische Artenerfassung (Moose & Flechten)

Zu messende Einflussgrößen:

- Baumartenzusammensetzung, dominierende Baumarten
- Licht (Hemisphärenfoto)
- Totholz (Stärke des Totholzes, liegend oder stehend, Zersetzunggrad)
- Exposition und Neigung der Aufnahmefläche (Boden oder Baum, Hangneigung)
- Flächenhistorie (Alter des Bestandes)
- Mikrostandorte
- Temperatur, Luftfeuchtigkeit und Niederschlag
- Deckung der verschiedenen Vegetationschichten (Überschirmungsgrad)
- Luftverunreinigung / Emissionen (Schwefeldioxid, Stickstoffdioxid)
- Geologie (Nährstoffverfügbarkeit, pH-Wert etc.)
- Sonderstandort (siehe oben): fließend oder stehendes Gewässer, Wassertiefe
- Art und Weise eingesetzten Maschinen und deren Einwirkungen (Verdichtung, Bodenstörung)

Indikatorischer Wert:

Luftverunreinigung, Klima, Pestizide (Fungizide & Herbizide), Bewirtschaftung (Häufigkeit, Abundanz) (Artenzusammensetzung, Indikatorarten)

Ergänzungen:

- Indikatoren für historische Waldstandorte

Genetische Diversität:

Keine Komponente

Ergänzung:

- „environmental DNA“
- Popgenetik bei ausgewählten Arten (ggf. Diversitätsverlust bei einzelnen Standorten, lokale Anpassungen)

Potentielle Partner:

- BLAM (Bryologisch -lichenologische Arbeitsgemeinschaft für Mitteleuropa)
- Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung - Frankfurt
- Naturkundemuseen (z.B. Stuttgarter Museum)

TeilnehmerInnen der Fachgruppe:

- Stefanie M Gärtner (Nationalpark Schwarzwald), Moderation
- Flavius Popa (Nationalpark Schwarzwald)
- Helge Rölleke (Thünen -Institut für Waldökosysteme), technische Betreuung

Voraussichtliche Kosten:

- NLP Schwarzwald übermittelt Erfahrungswerte (grobe Kalkulation, z.B. Kosten für eine Fläche, ggf. genetische Nachbestimmungen, chemische Analysen der Inhaltsstoffe)

Räumliche Skala:

- Aufnahmefläche (objektbezogen): Terrestrisch, epiphytisch
- Sonderstandorte: Aquatisch, epityptisch

Abbildung 9: Potentielle Konzeptinhale des Moduls Moose und Flechten als Ergebnis der Kleingruppenarbeit während des 3. NaBioWald-Workshops.

Zusammenfassung der Diskussion in Kleingruppen:

Vögel: Eine optimale Ausgangslage durch bereits bestehende Monitoringprogramme des DDA ist gegeben. Zur Diskussion steht die genaue Umsetzung der Monitoringaktivitäten auf der Fläche und wie neue Methoden (Fernerkundung, künstliche Intelligenz) eingebunden werden können.

Fledermäuse: Ein systematisches Monitoring ist noch nicht so weit fortgeschritten, aber es sind sehr gute Gründe für die Erfassung der Artengruppe vorhanden.

Gefäßpflanzen: Nicht einzelne Arten, sondern die Gesamtheit aller Arten sollen auf einem Aufnahmeplot erfasst werden. Harmonisierung mit bestehenden Aufnahmen soll sofern möglich stattfinden (aber nicht um jeden Preis, wichtiger ist die Verschränkung mit anderen im Zuge des Biodiversitätsmonitorings erhobenen Daten). Neue Methoden zur Erfassung der dreidimensionalen Bestandesstruktur (z. B. durch Laserscanning) sollten berücksichtigt werden. Die aufzunehmenden Parameter sind von der geplanten Auswertung abhängig, sollten aber, schon aus Gründen der Vergleichbarkeit mit anderen Inventuren, klassische Größen wie die Artmächtigkeit beinhalten und Auswertungen auf unterschiedlichen räumlichen Skalen (z. B. Bestand, Landschaft) erlauben.

Flechten/Moose: mit drei Personen kleinste Gruppe des Workshops. Es kam die Anregung, ob Pilze auch anhand ihrer Sporen anstelle des Fruchtkörpers in NaBioWald mitberücksichtigt werden könnten, sind sie doch eine sehr wichtige Artengruppe.

Bodenorganismen: alle Bereiche sind potentiell erfassbar (Mikro/Makrobiom, Flora/Fauna). Es bestehen parallele Initiativen (u.a. NMZB) zur Erfassung von Bodenorganismen. Ein intensiver Austausch zur Harmonisierung der Initiativen ist wichtig.

Insekten (Falter/Wildbienen): in jedem Fall ist eine getrennte Behandlung der Artengruppen nötig (Erfassungsdesign). Generelle eignen sich Insekten für ein genetisches Monitoring. Es bestehen Unsicherheiten hinsichtlich kommender EU-Vorgaben (z. B. Pollinator Scheme).

Insekten (Käfer/Wanzen/Spinnen): Die ökologische Breite der Artengruppe als Potential ist noch stärker zu nutzen. Die Details der Erfassungsmethode müssen noch eingehend diskutiert werden

4 Ausblick

Die beim Workshop ausgefüllten Informationen zu den verschiedenen Artengruppen dienen als Grundlage für die Erarbeitung des Monitorings der einzelnen Module. Aufgrund des verkürzten Workshops wird die Thematik des zweiten Tages die Flächenkulisse im Nachgang behandelt. Der nächste NaBioWald Workshop wird im 14. und 15. Oktober 2024 in Braunschweig stattfinden und soll einen ersten Aufschlag des wissenschaftlichen Konzepts beinhalten.

5 Danksagung

Unser Dank geht an die Workshopteilnehmerinnen und -teilnehmer und an die Steuerungsgruppenmitglieder, die sich abermals sehr für den Prozess engagiert und ihr Wissen eingebracht haben. Danke, dass Sie alle so flexibel waren und auch kurzfristig online an der Veranstaltung teilgenommen haben. So konnte wieder ein guter Grundstein für den nächsten Präsenzworkshop geschaffen werden. Herzlichen Dank auch an die Mitarbeiterinnen der Thünen Veranstaltungsorganisation, die bereits alles vor Ort vorbereitet und in die Wege geleitet hatte, als die kurzfristige Entscheidung der Verlegung fiel

6 Anhang

6.1 Flyer

Veranstaltungsort

Die Veranstaltung findet im Forum des Thünen-Instituts, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig statt.



ANREISE

www.bsvg.net/fahrplan/fahrplanauskunft
(Buslinie 411 oder 461)

Ausstieg an der Haltestelle »Bundesallee« (direkt am Haupteingang zum Thünen-BVL-Campus). Der Fußweg zum Forum beträgt ca. 15 Minuten. Es wird ein Shuttleservice vom Haupteingang zum Forum angeboten. Parkplätze sind direkt beim Forum vorhanden.



Anmeldung

ORGANISATION

Thünen-Institut für Waldökosysteme, Eberswalde

Dr. Berit Michler

Tel.: +49 3334 3820 388
berit.michler@thuenen.de

Marianna Holzhausen

Tel.: +49 3334 3820 329
marieanna.holzhausen@thuenen.de

ANMELDUNG

Bitte melden Sie sich bis zum 30. November 2023 unter folgendem Link an:

<https://www.thuenen.de/de/fachinstitute/waldoekosysteme/nabiowald>

Der Teilnahmebeitrag für den Workshop beträgt 15,00 €. Die Zahlungsmodalitäten sowie weitere Informationen zur Veranstaltung entnehmen Sie bitte dem Formular hinter dem Anmeldelink.

ÜBERNACHTUNG

Ein Kontingent von 40 Zimmern kann im Hotel »Deutsches Haus« (Ruhfautchenplatz 1, 38100 Braunschweig) bis zum 29.11.23 abgerufen werden. Die Buchung erfolgt über ein separates Formular in der Anmeldung. Der Zimmerpreis beträgt 85,50 € für ein Einzelzimmer inkl. Frühstück.

Impressum

Franz ~~Karina~~, Thünen-Institut für Waldökosysteme
Dr. Berit Michler, Thünen-Institut für Waldökosysteme
Prof. Dr. Andreas Bolte, Thünen-Institut für Waldökosysteme

Herausgeber

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Institut für Waldökosysteme
In Kooperation mit der Thünen Pressestelle
Bundesallee 50, 38116 Braunschweig

Fotos und Grafiken

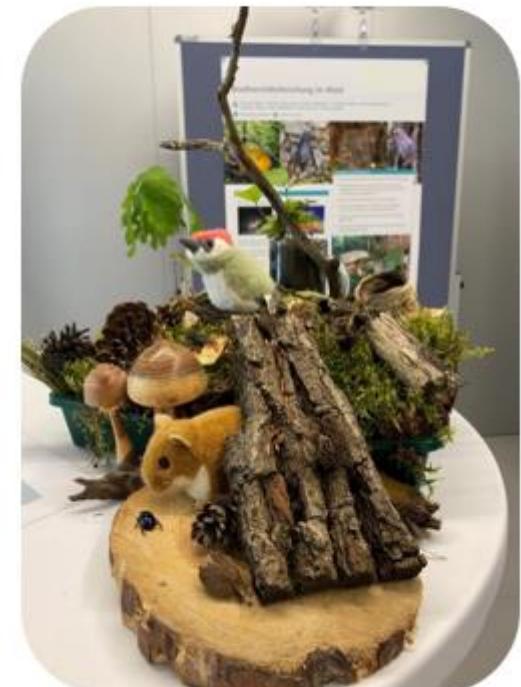
Thünen, Michael Welling, Berit Michler



3. Fachworkshop

»Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald« (NaBioWald)

9. und 10. Januar 2024



Hintergrund & Ziele

Eine Arbeitsgruppe der forstlichen Ressortforschungseinrichtungen der Länder und des Bundes arbeitet derzeit an einem Konzeptentwurf für ein Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald).

Das Konzept soll bestehende, deutschlandweite Walderhebungen und weitere Erfassungen integrieren, Schnittstellen zum Offenland- und Landschaftsmonitoring liefern und in die Aktivitäten des Nationalen Monitoringzentrums zur Biodiversität (NMZB) eingebunden sein.

Nachdem beim ersten Fachworkshop im November 2021 (Braunschweig) die Anforderungen und Ziele eines nationalen Biodiversitätsmonitorings im Wald festgesetzt wurden, konnte beim zweiten Workshop im April 2023 (Leipzig) die Auswahl von Arten(gruppen) erfolgen, die im Zuge des Monitorings erhoben werden sollen, um die Einflussgrößen der vier festgelegten Haupttreiber auf die Biodiversität zu beziffern (Waldmanagement, Klimawandel, Schadstoffeinträge und Luftverunreinigung).

Wir laden nun zum 3. Fachworkshop der NaBioWald-Reihe ein, um das wissenschaftliche Konzept weiter voranzubringen.



Hintergrund & Ziele

Über Methodik und Flächenauswahl zum Konzept

Der 3. Fachworkshop wird sich in erster Linie mit der Methodik der einzelnen Erhebungen und der Flächenauswahl für das Monitoring befassen. Hierbei wird der Fokus auf bereits existierenden Erhebungen und Nutzungsoptionen liegen. Basierend hierauf sollen Erfordernisse und Möglichkeiten für zusätzliche Aufnahmen diskutiert werden.



Grober Ablauf des NaBioWald-Konsultationsprozesses - wir befinden uns mittlerweile beim 3. Fachworkshop, dessen Ergebnisse zu Methodik und Flächenauswahl direkt in das wissenschaftliche Konzept einfließen werden.



Vorläufiges Programm

09. Januar 2024

- ab 12:00 Anmeldung
→ Möglichkeit des Mittagessens
(Kantine Thünen Gelände, Nr. 46 Lageplan)
- 13:00 Begrüßung & Einführung
- 13:30 Impulsreferate zur Vorstellung des bisherigen Konzeptentwurfs
- 14:15 Einführung in Fachdiskussionen
- 14:30 Pause
- 14:45 Fachdiskussion in Arbeitsgruppen (Teil I)
- 15:00 Pause
- 15:30 Fachdiskussion in Arbeitsgruppen (Teil II)
- 17:45 Präsentation der AG & Diskussion
- 18:30 Ende der Veranstaltung
- 20:00 optionales gemeinsames Abendessen entsprechend der Voranmeldung (www.olduoma.de)

10. Januar 2024

- 08:45 Rückblick Tag 1
- 09:00 Impulsreferate zur Methodik und Flächenauswahl
- 09:30 Fachdiskussion in Arbeitsgruppen (Teil III)
- 11:00 Pause
- 11:30 Präsentation der AG & Abschlussdiskussion
- 12:45 Ausblick
- 13:00 Ende der Veranstaltung



6.2 Vortragsfolien

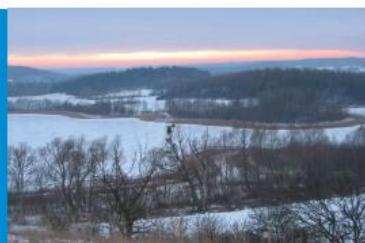
6.2.1 Statusbericht der Steuerungsgruppe (Andreas Bolte, Thünen-Institut)



Statusbericht – NaBioWald

A. Bolte

Thünen-Institut für Waldökosysteme



3. NaBioWald Workshop
Braunschweig, 09.01.2024



Willkommen zum 3. NaBioWald Workshop



Braunschweig

9./10. Januar 2024

Gliederung

- **Bisherige Aktivitäten und Ziele**
- **Einflussgrößen**
- **Ausgewählte Artengruppen**
- **Schlussfolgerungen**

Bisherige Aktivitäten



Rahmenbedingungen/Ziele – Thesenpapier Natur und Landschaft 08/2022

Grüne Reihe: Thesen • Green series: Theses

Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald

National forest biodiversity monitoring

Andreas Bolte, Christian Ammer, Jörg Kleinschmit, Franz Kroher, Inken Krüger, Peter Meyer, Berit Michler, Stefan Müller-Krohling, Tanja Sanders und Ulrich Sukopp

Quelle: Bolte et al., (2022),
Natur Landsch 97(8):398-401

- (1) Lieferung von Grundlagen für ein biodiversitätsorientiertes, adaptives Management, für die Politik und die Berichterstattung.
- (2) Repräsentative Erfassung verschiedener Ebenen der Biodiversität mit standardisierten Methoden, Nutzung von Synergien mit bestehenden Erhebungen.
- (3) Monitoring der Waldbiodiversität als auch der natürlichen und anthropogenen Einflüsse („Treiber“), Schnittstellen zu Monitoring anderer Landnutzungen.
- (4) Arbeitsteilung von Bund, Ländern und weiterer Akteure; langfristige Finanzierung und klare Zuständigkeitsbenennung.

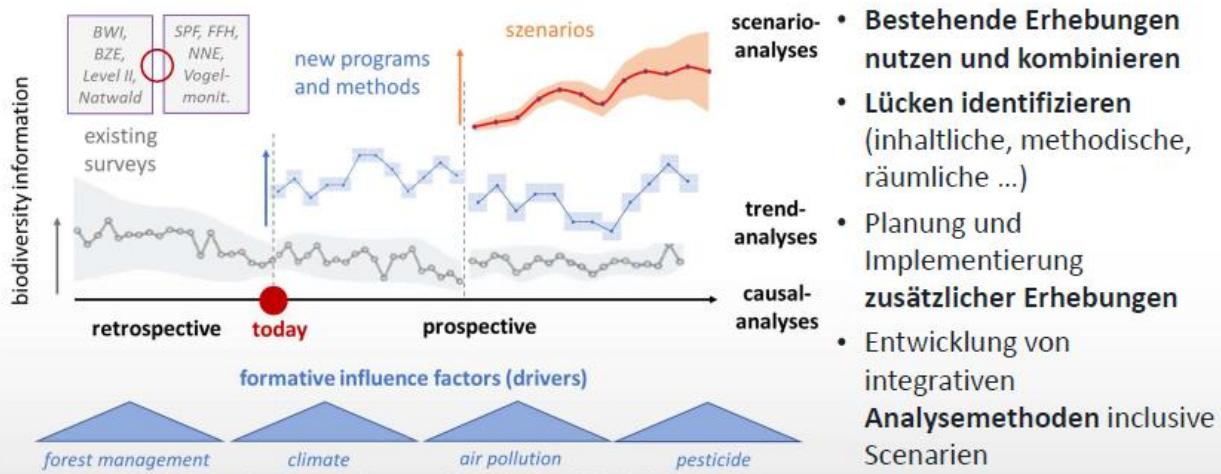
Seite 4
9. Jan. 2024

Andreas Bolte
Statusbericht NaBioWald



THÜNEN

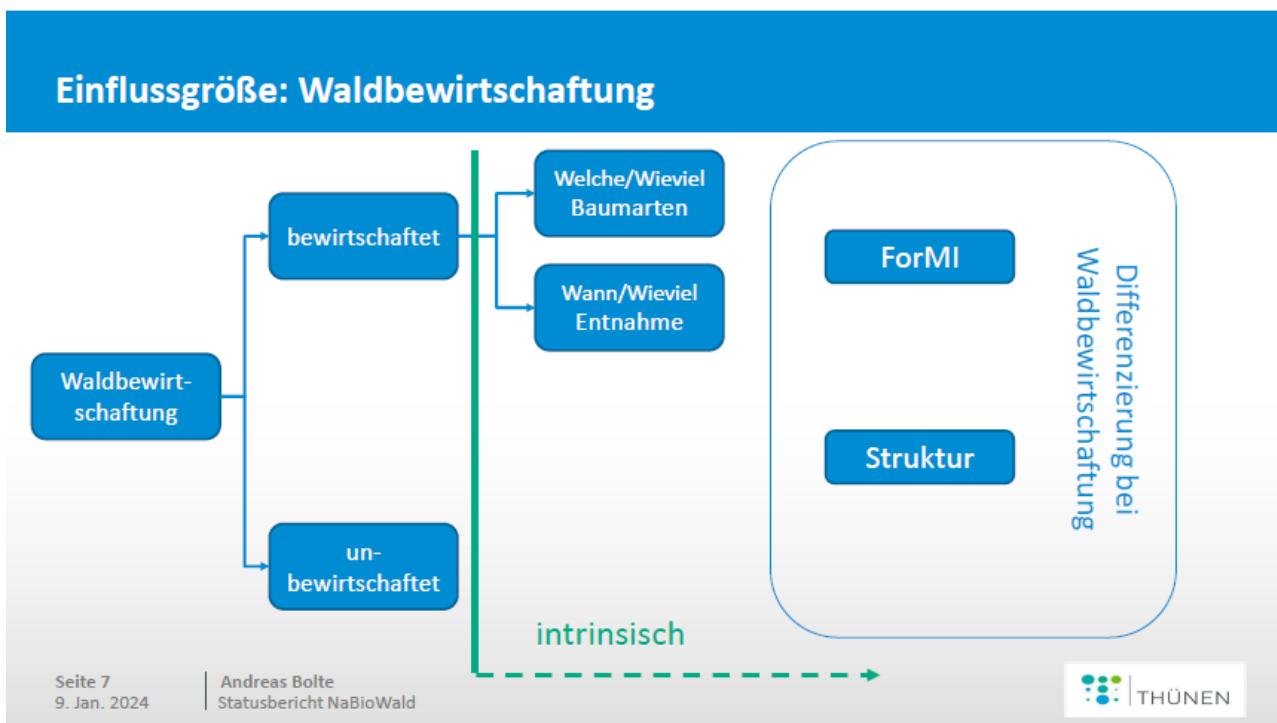
Verbesserung der Datenqualität



Seite 5
9. Jan. 2024

Andreas Bolte
Statusbericht NaBioWald

THÜNEN



Einflussgrößen: Pestizide, Klima, Luftverunreinigungen

Pestizide: Expertenrunde

- Review-Paper zu den Auswirkungen von PSM auf die Biodiversität in Wäldern
- Literaturstudium im Rahmen einer kumulativen Dissertation
- Danach Pilotstudie

Luftverunreinigung:

- Basis: intensive forstliche Monitoring – Level II
- Durchführung: ergänzende Artengruppenerhebungen durch bestehende SPF-Methoden

Klima

Taxonomische (+genetische) Diversität



Aktuell diskutierte Auswahl von Artengruppen (nationale Ebene)

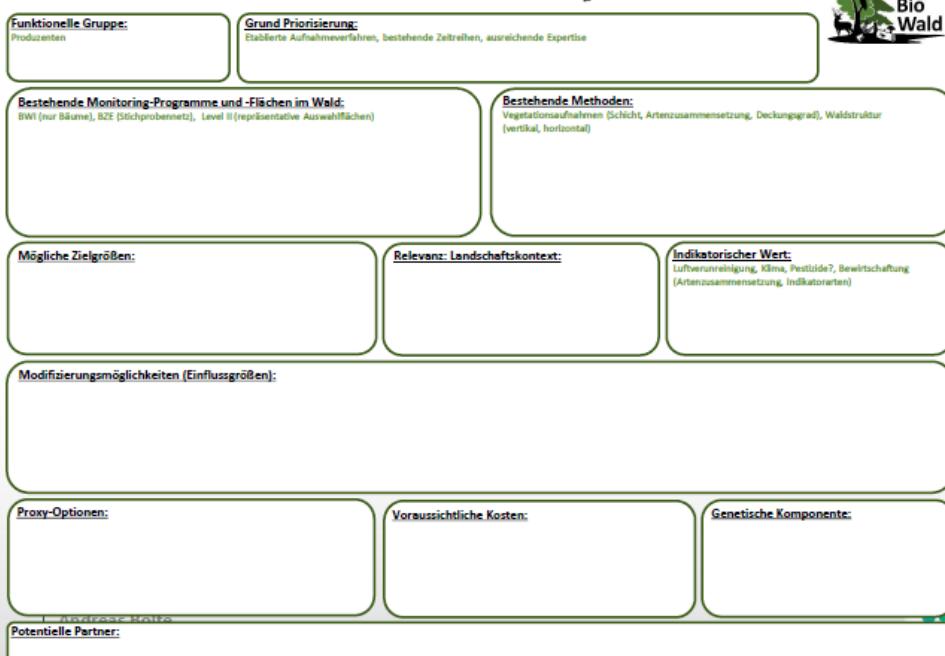


Konzept:

- Funktionelle Gruppe
- Grund Priorisierung
- Bestehende Monitoringprogramme im Wald
- Standardmethode
- Indikatorischer Wert
- Proxy-Optionen
- Kosten

*inkl. genetischer Untersuchungen, * DDA-Expertengruppe

Modul: Gefäßpflanzen



Zusammenfassung

- Es bestehen noch große zu schließende Lücken für eine nationale Erfassung und Bewertung der Waldbiodiversität in Deutschland.
- Eine Bund-Länder-Initiative konzipiert daher ein Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald) und plant, im Jahr 2024 ein finales Konzeptpapier vorzulegen.
- Ziel ist die Erfassung und Bewertung der Wechselwirkungen von Management, Klima, Luftverunreinigung und PSM-Einsatz auf die Waldbiodiversität auf nationaler Ebene.
- Basierend auf einer Nutzung bestehender Erhebungen und zielgerichteter Ergänzungen mit neuen Erhebungen sollen Informationen für Politik, Praxis und Berichterstattung erzielt werden mit Anschluss an ein übergreifendes System (NMZB).
- Relevante Akteure aus Wissenschaft und Politik werden in einem gestaffelten partizipativen Prozess eingebunden, um größtmögliche Akzeptanz zu erreichen.

Danke für die Aufmerksamkeit und an die aktuelle NaBioWald-Steuerungsgruppe:

Prof. Christian Ammer, Uni Göttingen
Dr. Markus Blaschke, Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft
Naomi Daur, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
Dr. Petra Diecker, Nationales Monitoringzentrum zur Biodiversität
Dr. Michael Elmer Landesbetrieb Wald und Holz Nordrhein-Westfalen
Dr. Stefanie Gärtner, Nationalpark Schwarzwald
Prof. Martin Gossner, Eidg. Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft
Dr. Ralf Kätzel, Landesbetrieb Forst Brandenburg
Dr. Jörg Kleinschmit, Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg
Franz Kroher, Thünen-Institut für Waldökosysteme
Dr. Peter Meyer, Nordwestdeutsche forstliche Versuchsanstalt

Dr. Berit Michler, Thünen-Institut für Waldökosysteme
Prof. Christian Wirth, iDiv-Leipzig
Dr. Wiebke Züghart, Bundesamt für Naturschutz



6.2.2 Vorstellung Genetisches Monitoringkonzept (Bernd Degen, Thünen-Institut)



Konzept für ein genetisches Monitoring als Teil des Biodiversitätsmonitorings im Wald

Bernd Degen¹, Pascal Eusemann¹, Ralf Kätzel², Jörg Kleinschmit³

1 Thünen-Institut für Forstgenetik, Großhansdorf

2 Landeskompetenzzentrum Forst Eberswalde

3 Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt - Baden-Württemberg



Gliederung

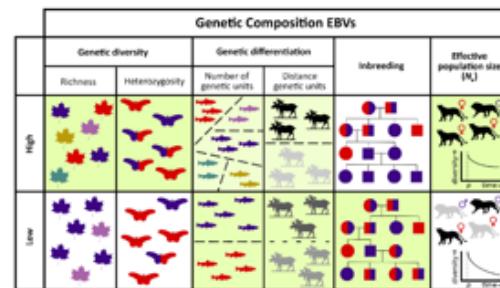
1. Hintergrund / Ziele

2. Vorschlag zum Genetischen Monitoring

1. Hintergrund / Ziele

Bedeutung genetischer Variation

- Innerartliche genetische Variation als wichtige Ebene der Biodiversität
 - Lokale genetische Anpassung => bestimmte genetische Zusammensetzung
 - Genetische Vielfalt => genetische Anpassungsfähigkeit
- Große Unterschiede der genetischen Vielfalt verschiedener Artengruppen
- Hohe genetische Vielfalt bei Bäumen und Sträuchern (langlebig, ortsgebunden)
 - Sicherung der Anpassungsfähigkeit
 - Faktoren, die Akkumulation von genetischer Vielfalt begünstigen



Biol. Rev.(2022), 97, pp. 1511–1538

Seite 2

Bernd Degen, Pascal Eusemann, Ralf Kätzel und Jörg Kleinschmit

09.01.2024



1. Hintergrund / Ziele

Genetischen Monitorings

- Beobachtung der zeitlichen Veränderung genetischer Variation in einem Netz von Dauerbeobachtungsflächen
- Analyse von treibenden populationsgenetischen Prozessen
- Erkennung kritischer Entwicklungen für die genetische Vielfalt
- Hilfestellung zur Erhaltung genetischer Ressourcen

Research Article - doi: 10.3832/ifor0571-004 iForest - Biogeosciences and Forestry

Collection: iFORB RG 7.01 (2018) - Antalya (Turkey)
Adaptation of Forest Ecosystems to Air Pollution and Climate Change
Guest Editors: Elena Paolatti, Yousif Seraghi

Genetic monitoring in forests - early warning and controlling system for ecosystemic changes

Konnerth M⁽¹⁾, Maurer W⁽¹⁾, Degen B⁽²⁾, Kätzel R⁽³⁾

(1) Bayerisches Amt für Forstliche Saat- und Pflanzanbau, Forstwissenschaftszentrum, D-8330 Tennenlohe (Germany); (2) Forschungsinstitut für Wildbiologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Schoden, D-6770 Trippstadt (Germany); (3) Institut für Forstgenetik des von Thünen-Institut für Sektor Landwirtschaft und Ländlicher Raum, Grubhauser Straße 20, D-3812 Großhadern (Germany); (4) Landesamt für Natur, Umwelt und Landschaftsbau Brandenburg, Eberswalde, Fachbereich Waldentwicklung und Monitoring, Alfred-Müller-Straße 1, D-16225 Eberswalde (Germany).

Monika Konnerth
monika.konnerth@ap.bayern.de



<https://gendifv.ethz.ch/>

Seite 3

Bernd Degen, Pascal Eusemann, Ralf Kätzel und Jörg Kleinschmit

09.01.2024



2. Vorschlag zum Genetischen Monitoring

Auswahlkriterien der Arten mit hauptsächlicher Verbreitung im Wald

- Verschiedene taxonomischen Reiche: Tiere, Pflanzen, Pilze
- Arten mit niedriger und hoher Abundanz
- Gefährdete Arten (Rote Liste)
- Gegenüber anthropogenen Veränderungen (Waldmanagement, Klimawandel und Pflanzenschutzmittel) empfindliche Arten
- Arten, die bereits Gegenstand anderer gen. Monitoring-Verfahren sind
- Genomgröße und die Verfügbarkeit von Referenzgenomen
- Vergleich mit historischer genetischer Vielfalt => Arten mit ausreichend Material aus Sammlungen (z.B. Museen, Herbarien)

2. Vorschlag zum Genetischen Monitoring

Methode

- Messung von Indikatoren
 - Effektive Populationsgröße
 - Genetische Diversität
 - Genetische Differenzierung
 - Inzucht /Verwandtschaft
- Gesamtgenomsequenzierung
- Stichprobendesign
 - 5 Arten
 - 50 Orte in Deutschland
 - 10 Individuen je Art und Ort
 - Zusätzlich für 2 Arten jeweils 100 Individuen aus historischen Sammlungen
 - Wiederholung alle 10 Jahre mit drei Jahren für Datenaufnahme und Analyse (500.000 Euro je Jahr)

Vielen Dank für die Aufmerksamkeit!



6.2.3 Vogelmonitoringprogramme in Deutschland (Caren Pertl & Dr. Jakob Katzenberger, DDA)



Vogelmonitoringprogramme in Deutschland

Caren Pertl & Dr. Jakob Katzenberger

NaBioWald, Braunschweig, 9.-10.01.2024



Zählen! Wissen! Schützen!

DDA - Dachverband der vogelkundlichen Verbände
16 Landesverbände sowie 36 weitere Organisationen
diese vertreten ca. 12.000 vogelkundlich interessierte Basismitglieder
ca. 7.000 Ehrenamtliche bei systematischen Vogelerfassungen
ca. 43.000 Ehrenamtliche Gelegenheitsbeobachtungen, standardisierte Beobachtungslisten



Verwaltungsvereinbarung Vogelmonitoring

Datengrundlagen für

Nationale und internationale Berichtspflichten (EU VSRL, NATURA2000, AEWA, CMS),

Rote Liste
Brut- und Gastvögel

Europäische, nationale und landesweite Indikatoren



NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024



Bestehende Monitoringprogramme: Basisprogramme des Vogelmonitorings in Deutschland

→ Bundesweite Koordination durch den DDA

→ Auf Ebene der Bundesländer umgesetzt durch Landeskoordinator:innen

bundesweit	Schutzgebiete
 Monitoring häufiger Brutvögel (MhB)	 Monitoring seltener Brutvögel (MsB)
 Monitoring rastender Wasservögel (MrW)	 → Routenwahl und -länge an Gegebenheiten in Schutzgebieten angepasst
Vogelmonitoring in Schutzgebieten (VM-S) 	 → inner- und außerhalb von Schutzgebieten identisch

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

4



Bestehende Monitoringprogramme: MhB



2.637 Probeflächen (1 km^2),
doppelt geschichtete
Stichprobenziehung
ca. 900 Flächen Waldanteil >30%



Monitoring
häufiger
Brutvögel
(MhB)

2023:
bundesweit > 2000 Flächen
vergeben/reserviert

Linienkartierung, 4 Kartiergänge pro
Jahr

> Trendmonitoring häufiger Arten
→ keine absoluten Bestände
→ keine Siedlungsdichten

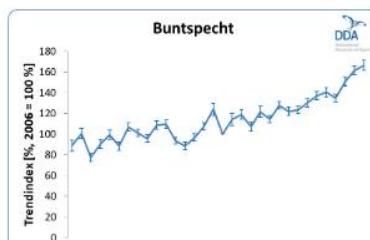
NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

5

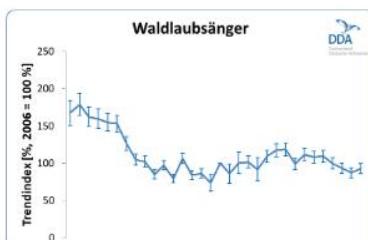


Bestehende Monitoringprogramme: MhB

Index der Populationsgröße (MhB)



Hans Glader



Mathias Schäf



Karsten Berlin

Populationsindex: Jährliches Maß für die Populationsgröße über alle Probeflächen, relativ zum Jahr 2006
Populationstrend: Maß für die Stärke der Veränderung der Populationsgröße über einen Zeitraum

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

6



Bestehende Monitoringprogramme: MhB-S

Methodik:

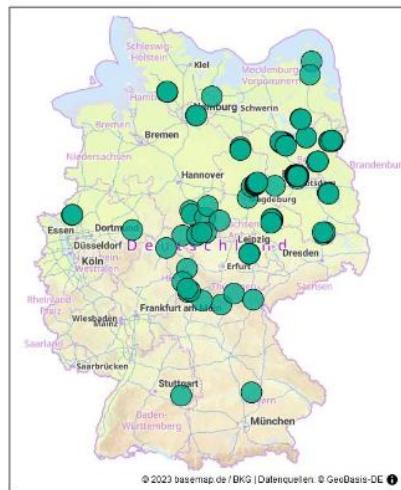
Im Prinzip wie das „normale“ MhB

- Erfasst werden alle Arten
- 4 Begehungen in bundesweit festgelegten Zeiträumen
- Erfassung digital direkt im Gelände möglich (NaturaList)

ABER:

- Routen kürzer (ca. 1 km)
- Routen frei wählbar → gezielter Einsatz möglich

Auswahl bereits beteiligter Institutionen:



Monitoring
häufiger
Brutvögel
(MhB)

Monitoring häufiger
Brutvögel in
Schutzgebieten (MhB-S)
→ Routenwahl und -länge
an Gegebenheiten in
Schutzgebieten angepasst

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

7



Bestehende Monitoringprogramme: MsB

Übersicht der 2023 zur
Mitarbeit
angebotenen
Monitoring-Module
des Monitoring
seltener Brutvögel
(MsB).

Wichtig:
**Erfassungseinheiten
frei wählbar, Kulisse in
Wäldern kann folglich
bedarfsweise
ausgestaltet werden.**

Spechte (6 Arten) → 2 Begehungen → definierte Stopps	Graureiher → 1 Begehung → Nesterzählung
Wendehals → 1 Begehung → definierte Stopps	Saatkrähe → 1 Begehung → Nesterzählung
Zaunammer → 1 Begehung → definierte Stopps	Uferschwalbe → 1 Begehung → Röhrenzählung
Kleineulen (2 Arten) → 2 Begehungen → definierte Stopps	Möwen & Seeschwalben (16 Arten) → 1 Begehung → Paarzählung
Binnengewässerarten (39 Arten) → 3 Begehungen → Zählgebiet	Reihuhn → 1 Begehung → Linientransekt
Wiesenlimikolen (5 Arten) → 3 Begehungen → Zählgebiet	Rohrrichtbrüter (19 Arten) → 3 Begehungen → Linientransekt
Wachtelkönig → 2 Begehungen → Zählgebiet	



Monitoring
seltener
Brutvögel
(MsB)

→ inner- und außerhalb
von Schutzgebieten
identisch

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

8



Bestehende Monitoringprogramme: MsB

Übersicht der für die mobile digitale Erfassung im Gelände umgesetzten MsB-Erfassungsansätze, sowie beispielhafter Module, die den jeweiligen Ansatz nutzen.

Wichtig:
Erfassungseinheiten frei wählbar, Kulisse in Wäldern kann folglich bedarfswise ausgestaltet werden.

Erfassungseinheit	Beschreibung (Erfassungsansatz)	Beispiel-Module
	Linienkartierung: Erfassung aller Ind. der Zielart(en) entlang einer festgelegten Route	Röhrichbrüter, Rebhuhn (+KA)
	Zähleroute: Route mit regelmäßigen verorteten Stopps zum Einsatz einer Klangattrappe (KA) → Punkte sind die EE, Linie ist „Hilfslinie“ für Reihenfolge	Spechte, Zauammer, Wendehals, Kleineulen
	Zählgelände: abgegrenzte Polygone, die flächig erfasst werden, insbesondere für Arten mit räumlich konzentrierten Brutvorkommen	Wiesenlimikolen, Wachtelkönig, Binnengewässer
	Koloniestandort: vollständige Erfassung i.d.R. als Kreis definierter Polygone (Zählgelände) → ungefähren Mittelpunkt der Kolonie gepuffert um eine Distanz, die großzügige Abdeckung des Vorkommens (Stamm- und Teilkolonien) sicherstellt	Graureiher, Saatkrähe, Uferschwalbe, Möwen & Seeschwalben
	Einzelbrüter: Erfassung/Überprüfung von Horsten innerhalb einer abgegrenzten Erfassungseinheit (Zählgelände oder Probefläche)	Greifvögel, Eulen, Störche

Monitoring seltener Brutvögel (MsB)

→ inner- und außerhalb von Schutzgebieten identisch

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024

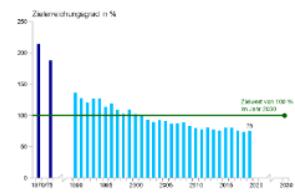
9



Monitoring als Grundlage für Indikatoren

Bundesamt für
Naturschutz

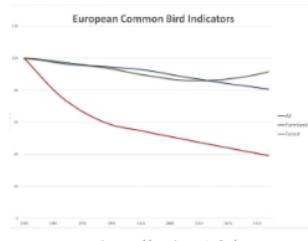
- Indikator Artenvielfalt und Landschaftsqualität
- Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt, Kontrolle d. Zielerreichung
- Entwicklung 2004, Überarbeitung 2019-2022 (Veröff. durch BfN in Vorb.)
- Bestandsentwicklung repräsentativer Vogelarten, Teilindikator Wald mit 10 Vogelarten



Indikatorenbericht NBS 2023 der Bundesregierung
https://www.bmuv.de/fileadmin/Daten_BMU/Download_PDF/NaturSchutz/nbs_indikatorenbericht_2023_bf.pdf

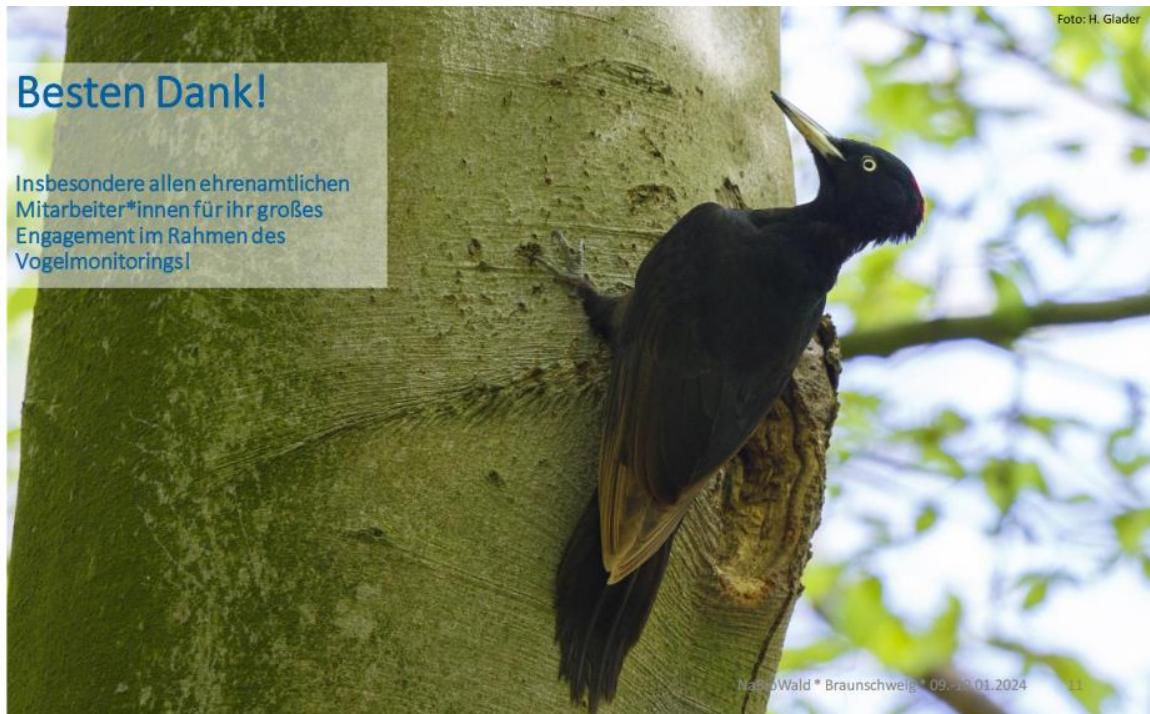


- EU Common bird index (Pan European Common Bird Monitoring Scheme PECBMS)
- Monitoringdaten von 25 europäischen Ländern



<https://pecbms.info/>

NaBioWald * Braunschweig * 09.-10.01.2024 10



6.2.4 Bundesweites Insektenmonitoring (Sandro Pütz, BfN)

Bundesweites Insektenmonitoring

Erfassungsbausteine mit Bezug zu Wäldern

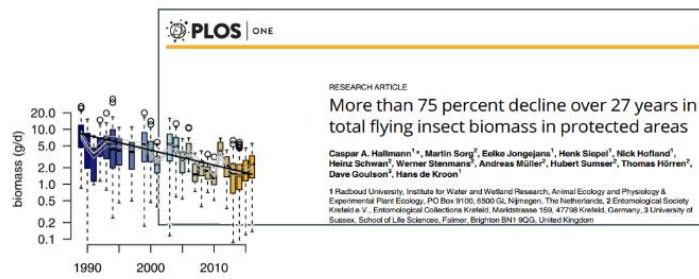
Hella Ludwig, Sandro Pütz, Wiebke Züghart, BfN – FG Terrestrisches Monitoring

3. NaBioWald-Workshop Online 09.01.2024



www.bfn.de

Bundesweites Insektenmonitoring Aufträge



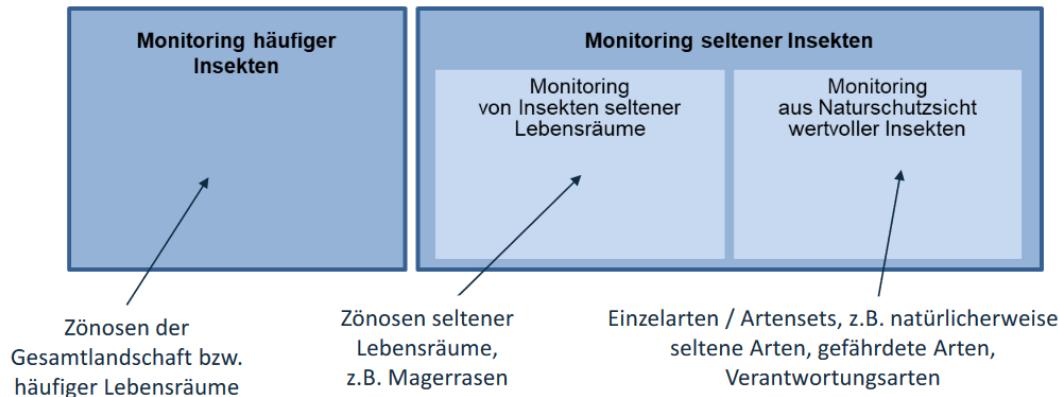
89. UMK, Beschluss zu TOP „Insektensterben“

- Bitte an die Bundesregierung, [...] ein nationales Monitoringprogramm für die Erfassung der Insektenfauna in Deutschland zu installieren [...]

„Aktionsprogramm Insektschutz“ der Bundesregierung

Bundesweites Insektenmonitoring

Allgemeiner Aufbau



Bundesweites Insektenmonitoring

Allgemeiner Aufbau



- Bundesweit repräsentative Stichprobenflächen (SPF): Gemeinsame Nutzung mit MhB, HNV-Farmland, ÖSM
- FFH-Monitoringflächen häufiger LRT
- sonstige



Verschiedene Ansprüche an Erfassungskulisse

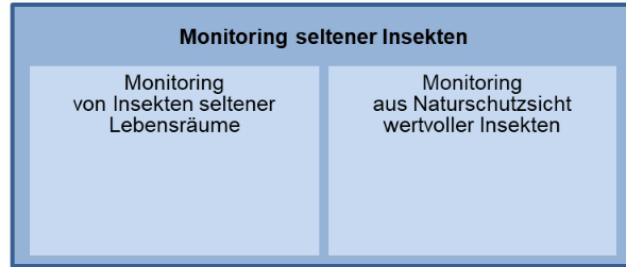
- Zielstellungen mit Bezug auf
 - Gesamtlandschaft/häufige Lebensräume
 - seltene oder geklumpt/regional vorkommende mittelhäufige Lebensräume/Arten

Bundesweites Insektenmonitoring

Allgemeiner Aufbau



- FFH-Monitoringflächen seltener LRT
- Ungenutzte Wälder: Naturwaldreservate u.a.
- sonstige



Verschiedene Ansprüche an Erfassungskulisse

- Zielstellungen mit Bezug auf
 - Gesamtlandschaft/häufige Lebensräume
 - seltene oder geklumpt/regional vorkommende mittelhäufige Lebensräume/Arten

Bundesweites Insektenmonitoring



Aktueller Stand

- Erfassungsmethodik Insekten-/Umweltvariablen für 9 Bausteine detailliert ausgearbeitet
 - 7 Bausteine „Monitoring häufiger Insekten“, 2 Bausteine „Monitoring von Insekten seltener Lebensräume“
 - Optimierungen auf Basis von Ländererfahrungen mit Umsetzung(splanung)
 - Diskussion und Abstimmung in Bund-Länder-Fachgesprächen und schriftlich
- Austausch mit NaBioWald, Synergien
- Folgevorhaben F+E gestartet (11/2023)
- Kofinanzierung „Tagfalter und Widderchen auf der Landschaftsebene“, „Heuschrecken im Grünland“ (VV) ab 2024 geplant



Bundesweites Insektenmonitoring – Bund-Länder-Erfahrungsaustausch am 9./10. November 2023 in Bonn

Bundesweites Insektenmonitoring

Einblicke in ausgearbeitete Bausteine mit Waldbezug



Tagfalter &
Widderchen auf der
Landschaftsebene

Erfassung Insekten

- 1000 SPF
- Punktgenaue Kartierung auf Transekten (1,5 km) entlang von Wegen (zufälliger Querschnitt)
- 5 Begehungen (1 x Mai, 1 x Juni, 2 x Juli, 1 x August)
- Methodik nach Tagfalter-Monitoring Deutschland
 - „Würfel“ mit 5 m Kantenlänge
 - Zwischen 10 und 17 Uhr
 - $\geq 13^{\circ}\text{C}$ (17°C bei Bewölkung)
 - Windstärken < 4 Beaufort
- Rückweg: Schritttempo, Artenliste erweitern (qualitativ)



Bundesweites Insektenmonitoring

Einblicke in ausgearbeitete Bausteine mit Waldbezug



Tagfalter &
Widderchen auf der
Landschaftsebene

Erfassung Umweltvariablen

- Biotoptypen → Daten Ökosystem-Monitoring, HNV-Farmland-Monitoring
 - 5 m breites Transekt (gelbe Linie)
 - Transektumgebung beidseitig 25 m (roter Bereich)
 - Landschaftsebene SPF (weißes Quadrat)
- großräumige Landschaftsstruktur, Klima, ... → Atkis, Fernerkundung, DWD, ...



Bundesweites Insektenmonitoring

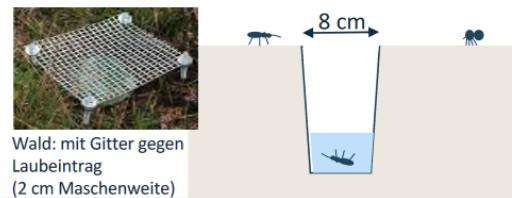
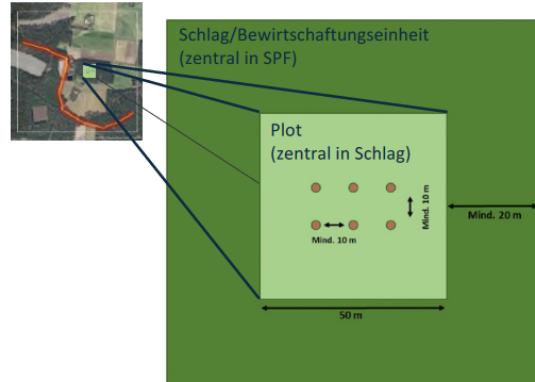
Einblicke in ausgearbeitete Bausteine mit Waldbezug



**Laufkäfer & bodenl.
Spinnen in Grünland,
Acker & Wald**

Erfassung Insekten

- 200 SPF (Schicht Wald)
- Zentrale Bewirtschaftungseinheit der SPF
- 6 Barberfallen mit Propylenglycol
 - Je 6 Wochen in Frühjahr & Spätsommer
 - Morphologische Bestimmung Arten & Biomasse:
Laufkäfer und Spinnen
 - Bestimmung Biomasse:
Kurzflügelkäfer und sonstige Arthropoden
 - Konservierung aller Arthropoden für spätere (DNA)Analysen
(Konservierung in Scheerpeltz-Lösung bzw. Ethanol)



Bundesweites Insektenmonitoring

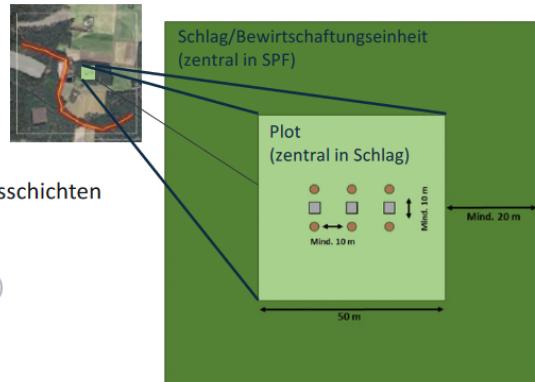
Einblicke in ausgearbeitete Bausteine mit Waldbezug



**Laufkäfer & bodenl.
Spinnen in Grünland,
Acker & Wald**

Erfassung Umweltvariablen im Wald

- Subplots (3 à 10 x 10 m) (Ende 2. und 5. Fangperiode)
 - Deckung Streuschicht, Offenboden, verschiedene Vegetationsschichten (Baum, Strauch, Feld, Gräser, Kräuter, Moose/Flechten)
 - Höhe Feldschicht, Mächtigkeit Streuschicht, Humusform (nach Bodenkundl. Kartieranleitung für grobe Einstufung Bodenazidität)
 - Zahl Totholzelemente (Mindestmaße/Kriterien nach ÖSM)
- Plot
 - Biotoptypen und Baumartenzusammensetzung → ÖSM
 - Exposition und Inklination
- SPF
 - Biotoptypen → ÖSM
- großräumige Landschaftsstruktur, Klima, ... → Atkis, Fernerkundung, DWD, ...



Bundesweites Insektenmonitoring

Einblicke in ausgearbeitete Bausteine mit Waldbezug



**Laufkäfer & bodenl.
Spinnen in Grünland,
Acker & Wald**

**Tab. 1: Kriterien zur
Klassifikation von
Totholz.**

Totholzfaktion	Holzart	Durchmesser	Länge bzw. Höhe	weitere Kriterien
Schwachtotholz liegend	alle	≥ 10 cm	≥ 3 m	zu mehr als $\frac{1}{4}$ seiner Länge direkt der Bodenoberfläche aufliegend oder höchstens 10 cm Abstand zu letzterer
Starktotholz liegend	Hartlaubholz ¹ , Nadelholz	≥ 50 cm	≥ 3 m	zu mehr als $\frac{1}{4}$ seiner Länge direkt der Bodenoberfläche aufliegend oder höchstens 10 cm Abstand zu letzterer
	Weichlaubholz ²	≥ 30 cm	≥ 3 m	zu mehr als $\frac{1}{4}$ seiner Länge direkt der Bodenoberfläche aufliegend oder höchstens 10 cm Abstand zu letzterer
	Zuordnung nicht mehr möglich	≥ 30 cm	≥ 3 m	zu mehr als $\frac{1}{4}$ seiner Länge direkt der Bodenoberfläche aufliegend oder höchstens 10 cm Abstand zu letzterer
Schwachtotholz stehend	alle	≥ 10 cm	≥ 3 m	–
Starktotholz stehend	Hartlaubholz ¹ , Nadelholz	≥ 50 cm	≥ 3 m	–



6.3 Impressionen



Bibliografische Information:
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikationen in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter www.dnb.de abrufbar.

Bibliographic information:
The Deutsche Nationalbibliothek (German National Library) lists this publication in the German National Bibliographie; detailed bibliographic data is available on the Internet at www.dnb.de

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter www.thuenen.de

Volumes already published in this series are available on the Internet at www.thuenen.de

Zitationsvorschlag – Suggested source citation:

Kroher F, Michler B, Ammer C, Blaschke M, Daur N, Degen B, Dieker P, Elmer M, Gärtnner S, Gossner MM, Kätzel R, Kleinschmit J, Krüger I, Meyer P, Michel AK, Sanders TGM, Wirth C, Züghart W, Bolte A (2024) 3. Fachworkshop "Nationales Biodiversitätsmonitoring im Wald (NaBioWald)". Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 48 p, Thünen Working Paper 242, DOI:10.3220/WP1717056148000

Die Verantwortung für die Inhalte liegt bei den jeweiligen Verfassern bzw. Verfasserinnen.

The respective authors are responsible for the content of their publications.



Thünen Working Paper 242

Herausgeber/Redaktionsanschrift – Editor/address

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

thuenen-working-paper@thuenen.de
www.thuenen.de

DOI:10.3220/WP1717056148000
urn:nbn:de:gbv:253-202405-dn068326-2