



Natalie CRISPI und Bernhard HOIß

Warum eigentlich gebietsheimisches Saatgut?

Natürliche Populationen von Arten sind genetisch vielfältig und durch Selektion an die ökologischen Bedingungen an ihrem Standort angepasst. Deutschland nimmt europaweit mit dem § 40 Bundesnaturschutzgesetz eine Vorreiterrolle im Schutz der innerartlichen Vielfalt ein, durch den die Ausbringung von gebietsfremdem Saatgut in die freie Natur seit März 2020 genehmigungspflichtig ist. Wir beleuchten die fachlichen Hintergründe des Gesetzes und die ökologischen Zusammenhänge.

Seit dem 02.03.2020 darf nach § 40 BNatSchG (Bundesnaturschutzgesetz) in der freien Natur nur noch gebietseigenes Saatgut genehmigungsfrei ausgesät werden. Ausgenommen davon ist die Ausbringung von Saatgut für land- und forstwirtschaftliche Zwecke sowie der Einsatz innerhalb von Siedlungen und auf Privatgrundstücken. Ziel dieser Regelung ist, innerartliche genetische Vielfalt zu erhalten. Wie diese Vorschrift anzuwenden ist, insbesondere wie der Begriff der „freien Natur“ zu konkretisieren ist, wird in SCHUMACHER & WERK (2010) diskutiert. Weitergehende Regelungen finden sich in der Erhaltungsmischungsverordnung (ErMiV). Mit diesen Anforderungen geht ein erhöhter Arbeits- und Kostenaufwand für viele Projekte einher. Daher beleuchten wir, welche Hintergründe und Überlegungen dahinterstehen.

Biologische Vielfalt und Selektion

Warum ist innerartliche Vielfalt überhaupt wichtig? Verschiedene Populationen von Arten sind durch natürliche Selektion an ihre jeweilige Umgebung angepasst. Wichtige selektierende Faktoren bei Pflanzen sind Temperatur, Wasserverfügbarkeit, Boden, Schadstoffbelastung, Bestäuber, Konkurrenz, Herbivorie, Parasiten und viele mehr. Außerdem beeinflusst die Form der Land-Nutzung sowohl die genetische Differenzierung als auch die Phänologie von Arten (REISCH & POSCHLOD 2009). Selektion ist dabei ein laufender Prozess, der niemals abgeschlossen sein kann, da sich die Umwelt ständig verändert. Dies gilt umso mehr in Zeiten des Klimawandels und rasanter, menschengemachter Umweltveränderungen. Daher müssen Populationen sowohl an die aktuellen Bedingungen angepasst sein,

Abbildung 1

Eine Fläche im Landkreis Passau, die vor etwa 10 Jahren durch Mähgutübertragung aufgewertet wurde. Das lokale Saatgut soll eine bestmögliche Anpassung an den Standort gewährleisten und negative Effekte bei der Kreuzung mit natürlichen Populationen verhindern (Foto: Landschaftspflegeverband Passau).



Abbildung 2

Eine Ökokonto-
Fläche wurde durch
Ansaatstreifen mit
regionalem Saatgut
aufgewertet.
(Foto: Sebastian
Hopfenmüller).

als auch einen Pool an Genen haben, um auf eine sich schnell ändernde Umwelt reagieren zu können (LEIMU & FISCHER 2008).

Outbreeding versus Inbreeding

Dass gebietsfremde, invasive Arten heimische Ökosysteme gefährden können, indem sie lokale Arten verdrängen, ist den meisten geläufig. Beispiele dafür sind hierzulande die Kanadische Goldrute oder das Indische Springkraut. Es kann jedoch ebenfalls zu Problemen führen, wenn genetisch weit voneinander entfernte Individuen derselben Art aufeinandertreffen. Verpaaren sich diese, spricht man von „Outbreeding“ (im deutschen Sprachraum auch als „Auszucht“ bezeichnet). Führt diese Kreuzung zu negativen Effekten bei den Nachkommen, spricht man analog von „Outbreeding Depression“. Einerseits kann die Anpassungsfähigkeit der Population darunter leiden, andererseits können auch negative Effekte auf genetischer Ebene die Folge sein (genauer nachzulesen in PRICE & WASER 1979).

Der bekanntere und besser untersuchte Gegenspieler der Outbreeding Depression ist die Inbreeding Depression (auch als Inzucht bezeichnet). Hier besteht das genau umgekehrte Problem, dass die sich kreuzenden Individuen zu nah verwandt sind. Die genetische Vielfalt kann dadurch abnehmen und potenziell nachteilige Gen-Ausprägungen (Allele) können sich in der Population anhäufen. Eine verringerte Fitness kann die Folge sein, Individuen können ausfallen oder sich nicht erfolgreich fortpflanzen (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH 1987).

Wenn wir Outbreeding diskutieren, muss daher stets Inbreeding auch eine Rolle spielen, da mit zunehmender geografischer und genetischer Nähe der Kreuzungspartner auch die Inbreeding Depression zunimmt (SCHIERUP 1996). Wenn durch die Verwendung von regionalem Saatgut Outbreeding vermieden werden soll, muss also gleichzeitig darauf geachtet werden, dass nicht das andere negative Extrem, Inbreeding, auftritt.

Optimale Auskreuzungs-Distanz – die Suche nach dem „goldenen Schnitt“

Ein Wunsch der Praktiker wäre es, sowohl Probleme durch Inzucht als auch durch Auszucht zu vermeiden. Schon WASER & PRICE (1989) kommen zu dem Schluss, dass eine optimale Kreuzungs-Distanz existieren muss, an der sowohl die negativen Effekte von Outbreeding als auch von Inbreeding minimiert sind, und der Genaustausch am größtmöglichen ist. Sie nennen diese Grenze „Optimal Outcrossing Distance“ (optimale Kreuzungs-Distanz). Für verschiedene Arten, wie *Ipomopsis aggregata*, *Gentianella germanica*, *Digitalis purpurea* und *Delphinium nilsonii*, wurde diese Distanz, basierend auf Kreuzungsexperimenten, auf rund 10 m geschätzt (FISCHER & MATTHIES 1997; GRINDELAND 2008; PRICE & WASER 1979, WASER & PRICE 1989). Als Indikatoren für die Fitness der Nachkommen wurden in den Studien Maße, wie die Menge an produzierten Samen pro Tochterpflanze, das Samengewicht, der Durchmesser der Blattrosetten und die Länge der Blätter der Nachkommen, herangezogen.

KELLER (1999) hingegen kommen zu dem Ergebnis, dass Outbreeding Depression für häufige, geografisch weit verbreitete Arten wie *Agrostemma githago*, *Papaver rhoeas* und *Silene alba* erst ab Distanzen über 100 km zu einem Problem wird. Erst bei diesen Distanzen beobachteten sie eine signifikant gesenkte Überlebensrate sowie ein verringertes Samengewicht der Hybride in der F2-Generation (die Enkelgeneration).

DURKA et al. (2019) analysierten das Erbgut von sieben in Deutschland häufigen Pflanzenarten der Glatthaferwiesen. Die Populationen der sehr weit verbreiteten Wilden Möhre (*Daucus carota*) sowie des windbestäubten und meist angesäten Glatthafer (*Arrhenaterum elatius*) sind genetisch über ganz Deutschland sehr ähnlich. Für andere, weniger auskreuzende, insektenbestäubte Arten, wie *Lychnis flos-cuculi* und *Centaurea jacea*, identifizierte die Arbeitsgruppe in Deutschland bis zu acht unterschiedliche Genpools. Andere Arten zeigten zwei große Genpools, einen nördlichen und einen südlichen. Die optimalen Kreuzungs-

Distanzen dürften dementsprechend recht groß – im Bereich von mehreren Hundert Kilometern –, aber auch artabhängig sein.

Die Schätzungen der optimalen Kreuzungs-Distanzen gehen also weit auseinander. Relativ einig ist man sich darüber, dass die optimale Auskreuzungs-Distanz artspezifisch ist, und dabei die Art der Fortpflanzung, Bestäubung und Samenverbreitung, historische Ausbreitungsvektoren, die Ploidiestufe (Anzahl der Gensätze) sowie die Größe und Isoliertheit der Population(en), die genetische Struktur und damit die optimale Kreuzungs-Distanz für eine Art bestimmen (DURKA et al. 2019; REISCH & BERNHARDT-RÖMERMANN 2014; LEIMU & FISCHER 2008; FISCHER & MATTHIES 1997; HUFFORD & MAZER 2003; KELLER 1999; OOSTERMEIJER et al. 1995). So sind windbestäubte Arten zum Beispiel weniger genetisch differenziert und somit potenziell unempfindlicher gegen Outbreeding Depression als insektenbestäubte oder selbstbestäubende Arten (DURKA et al. 2019; FISCHER & MATTHIES 1997; LEIMU & FISCHER 2008).

Diese Ergebnisse zeigen, dass es nicht möglich ist, dem Wunsch, der Praxis entsprechend eine einheitliche optimale Kreuzungs-Distanz festzulegen, die für alle oder die meisten Arten gilt. Alle dahingehenden Regelungen müssen daher als Kompromisse verstanden werden.

Optimale ökologische Distanz als Gegenentwurf?

Einige Forscher vertreten die Auffassung, dass die geografische Distanz für die genetische Kompatibilität von Populationen eher sekundär ist, während vor allem die Standortähnlichkeit der zu kreuzenden Individuen wichtig ist. Hinweise auf die Validität dieser Annahme fanden zum Beispiel BISCHOFF et al. (2006) in ihren Anzuchtexperimenten. REISCH & POSCHLOD (2009) zeigen am Beispiel von *Scabiosa columbaria*, dass ökologische Unterschiede großen Einfluss auf die genetische Differenzierung haben können – teilweise größer als die geografische Distanz. Auch BUCCHAROVA et al. (2016) fanden Hinweise auf eine ökologisch begründete genetische Differenzierung, wobei sie jedoch nur den Faktor Temperatur für die Analysen betrachteten. MONTALVO & ELLSTRAND (2001) empfehlen aufgrund ihrer Untersuchungen an *Lotus scoparis* bei der Versetzung von Pflanzen oder Samen sowohl die genetische als auch die ökologische Distanz zwischen den eingebrachten und den lokalen Individuen möglichst gering zu halten.



Abbildung 3

Die Populationen des Deutschen Enzians (*Gentianella germanica*) sind genetisch sehr kleinräumig strukturiert. Die optimale Ausbreitungsdistanz der Art liegt wahrscheinlich nur bei wenigen Metern (Foto: Hans-Joachim Fünfstück/Piclease).

Welche lokalen Anpassungen sind bekannt?

Welche lokalen ökologischen Anpassungen (Ökotypen) von Populationen gibt es konkret? Oder anders gesagt: Welche regionalen Anpassungen sind durch Auszucht potenziell gefährdet?

Bei vielen Pflanzenarten ist zum Beispiel der Zeitpunkt der Blüte an das regionale Klima angepasst (BENEDEK et al. 2015; ELZINGA et al. 2007; KELLER 1999; PRENDEVILLE et al. 2013; QUILOT-TURION et al. 2013). Werden die Samen in anderen Regionen ausgesät, so behalten sie ihre Phänologie bei. Viele Tierarten (Bestäuber, Pflanzenfresser) sind auf bestimmte phänologische Stadien angewiesen und haben sich zeitlich an diese angepasst. Andersherum sind auch die Pflanzen oft auf wenige Bestäubergilden oder sogar nur eine einzige hauptbestäubende Art angewiesen, um sich geschlechtlich fortzupflanzen zu können. Kann dieses empfindliche ökologische Geflecht durch nicht standortangepasstes Saatgut gestört werden? Die Klimafolgenforschung zeigt, dass Pflanzen aufgrund phänologischer Mismatches mit ihren Bestäubern weniger Samen produzieren (FORREST 2015; KUDO & IDA 2013). Werden an einem Standort also Pflanzen mit anderer Phänologie eingebracht, ist eine verminderte Fitness der Population ein durchaus realistisches Szenario. BUCCHAROVA et al. (2016) diskutieren mögliche Folgen für Blütenbesucher: Verpassen spezialisierte Bestäuberguppen die Blüte ihrer bevorzugten Pflanzenart, dann finden sie nicht genug Nahrung und treten im Folgejahr womöglich in geringerer Zahl wieder auf. Dies hätte zur Folge, dass insektenfressende Räuber wie Vögel weniger Nahrung finden würden.



Abbildung 4

Die Weiße Lichtnelke (*Silene alba*) ist eine Art, die weit verbreitet ist und bei der die Kreuzung von Populationen erst bei sehr großen Distanzen zu Fitness-Nachteilen der Nachkommen führt (Foto: Manfred Nieveler/Piclease).

In Zusammenhang mit der komplexen Interaktion zwischen Pflanzen und ihren Bestäubern spielen neben dem Blütezeitpunkt viele weitere Faktoren eine Rolle. So sind bei der Orchidee *Gymnadenia odoratissima* der Blütenduft und die Blütenmorphologie entlang eines Höhengradienten an die jeweiligen Haupt-Bestäuber-Gruppen angepasst (SUN et al. 2014). In höheren Lagen sind die Blüten größer und heller, sie sprechen damit Nachtfalter an, der Blütenduft ist vor allem für Tanzfliegen attraktiv. In niedrigen Lagen sprechen die Blüten vor allem Tagfalter an: Sie sind kleiner und auffälliger gefärbt und auch der Blütenduft ist entsprechend angepasst. Die Gebirgsorchideen wurden in Versuchen im Flachland weniger gut von Bestäubern besucht (SUN et al. 2014). Generell haben Höhengradienten einen starken Einfluss auf die genetische Struktur und damit in viele Fällen auch auf die Eigenschaften von Pflanzen (REISCH & ROSBAKH 2021). Outbreeding Depression durch Fitnessverlust bei einer Vermischung der Populationen ist zu erwarten. Regional unterschiedliche Duftzusammensetzungen und divergierende

Bestäuberspektren gibt es darüber hinaus etwa auch beim heimischen Aronstab (*Arum maculatum*; MAROTZ-CLAUSEN et al. 2018).

Ein weiteres Beispiel für phänologische Mismatches durch regionale Anpassung untersuchten DURKA et al. (2019). Sie zeigen, dass regionsfremde Pflanzen weniger von Bohrfliegen befallen werden als einheimische, da die Parasiten den Zeitpunkt ihrer Eiablage genau auf die Phänologie ihrer Wirtspflanzen abstimmen.

KELLER (1999) beobachtete eine unterschiedliche Resistenzfähigkeit von Pflanzen verschiedener Herkünfte gegen Schnecken. Pflanzen aus Regionen mit einem eher mild-feuchten Klima, wie den nördlichen Alpen und den britischen Inseln, wurden in derselben Zeit weniger befallen als Artgenossen aus den trockeneren Gebieten Deutschland und Ungarn. Dies könnte auf bessere Resistenzmechanismen gegen bestimmte Herbivoren hindeuten.

Auch die Anpassung an (periodische) Wasserknappheit kann nachweislich zur Herausbildung von Ökotypen führen. SUNI et al. (2019) setzten *Phlox drummondii* (eine von Schmetterlingen bestäubte Art aus Texas) künstlich erzeugter Trockenheit aus. Pflanzen aus Populationen, die an saisonale Trockenheit gewöhnt waren, reagierten schneller und plastischer auf den Umweltstress als andere Populationen: sie produzierten als Reaktion weniger Blüten, konnten dafür aber die Menge an Nektar und die Zucker-Konzentration konstant halten. Pflanzen aus Herkunftsregionen mit einem stark schwankenden oder saisonalen Klima können demnach schneller auf veränderte Umweltbedingungen reagieren.

Weitere Beispiele für lokale, innerartliche Anpassungen und die Faktoren, die diese Anpassungen hervorrufen, diskutieren LINHART & GRANT (1996).

Kann Outbreeding Depression experimentell nachgewiesen werden?

Viele Möglichkeiten sind also denkbar, wie Auszucht die Fitness von Pflanzen-Populationen negativ beeinflussen und natürliche biotische Interaktionen stören kann. Gibt es aber handfeste Beispiele, in denen Nachteile durch eine Auskreuzung nachgewiesen werden konnten? Ja, die gibt es. Seit den 1970er-Jahren sind Studien bekannt, in denen die Kreuzung von genetisch weit voneinander entfernten Elternpflanzen zu messbaren Fitnessnachteilen in der Tochtergeneration führen. Einige Beispiele: Verringeretes Wachstum, höhere Sterblichkeit, geringere Anzahl

oder Größe an Infloreszenzen und Samen sowie geringere Zahl an lebensfähigen Nachkommen (FENSTER & GALLOWAY 2000; FISCHER & MATTHIES 1997; GRINDELAND 2008; JOSHI et al. 2001; KELLER 1999; MONTALVO & ELLSTRAND 2001; PRICE & WASER 1979, WASER & PRICE 1989.

Etwas neuer ist die Erkenntnis, dass Auszucht auch weitreichende Folgen auf der Ebene des gesamten Ökosystems mit sich bringen kann. Da Studien, die diese Thematik untersuchen, sehr aufwendig sind, ist die Datenlage in diesem Bereich noch verhältnismäßig dünn. LEIMU & FISCHER (2008) stellten Untersuchungen über durch von Schnecken verursachte Herbivorie an. Sie kreuzten Kuckucks-Lichtnelken (*Lychnis flos-cuculi*) innerhalb und zwischen Populationen. Die Nachkommen wurden an Schnecken verfüttert und deren Fitness beobachtet. Schnecken, die Nachkommen von Individuen aus verschiedenen Populationen fraßen, wurden größer als Schnecken, die Individuen fraßen, deren Eltern aus derselben Population stammten. Ein Hinweis, dass die Verteidigungsmechanismen der ausgekreuzten Pflanzen weniger gut funktionierten und die Schnecken davon profitierten.

Goto et al. (2011) kreuzten Sachalin-Tannen (*Abies sachalinensis*) unterschiedlicher Höhenlagen auf der japanischen Insel Hokkaido und beobachteten das Wachstum der F1-Hybride im Flachland. Dabei zeigte sich, dass Hybride langsamer wuchsen als Individuen, deren Eltern beide aus niedrigen Höhenlagen stammten. Dafür machen die Autoren die unterschiedliche Nadeldicke der Bäume verantwortlich. Im Flachland bieten die dicken, kurzen Nadeln der Pflanzen aus den Hochlagen keinen Vorteil, sondern verbrauchen unnötig Ressourcen. Die Bäume wuchsen langsamer und sind konkurrenzschwächer.

Konzept der Herkunftsregionen als praktische Implementierung

Um der standörtlichen Angepasstheit von Populationen Rechnung zu tragen, haben PRASSE & KUNZMANN (2010) ein Konzept entwickelt, das Deutschland in 22 Saatgut-Herkunftsregionen einteilt. Innerhalb dieser Herkunftsregionen darf Saatgut von Wildpflanzen vermehrt und angepflanzt werden, eine Verbreitung über die Regionsgrenzen hinaus ist genehmigungspflichtig. Dabei wurden primär biogeografisch-naturräumliche Kriterien berücksichtigt. Mittlerweile gibt es Studien, die befürchten lassen, dass in einigen Fällen die genetische Distanz zwischen Regionssaatgut und natürlichen Populationen größer ist, als erhofft (AAVIK et al. 2012; KAULFUß & REISCH 2019).



Abbildung 5

Ökologische Unterschiede zwischen verschiedenen Standorten wirken sich stark auf die genetische Differenzierung der Tauben-Skabiose (*Scabiosa columbaria*) aus. Teilweise sogar stärker als die rein geografische Distanz (Foto: Bernhard Hoiß).

Einige Wissenschaftler fordern daher, den Zuschnitt dieser Herkunftsregionen aus genetischer Sicht zu optimieren. Um die natürlichen Populationen möglichst wenig durch Outbreeding zu gefährden, wird im praktischen Naturschutz darüber hinaus zunehmend das Ziel verfolgt, Flächen möglichst durch lokal geerntetes Saatgut oder Mahdgut aufzuwerten.

Fazit

Die gesetzlichen Regelungen für Wildpflanzen-saatgut leisten einen wichtigen Beitrag, um die vielfältige Pflanzen- und Insektenwelt zu erhalten. Sie setzen ambitionierte, qualitative Standards für die Sammlung und Vermehrung von Wildpflanzen-saatgut und sorgen für einen sinnvollen Einsatz, basierend auf biogeografischen Kriterien. So erhöhen sie auch den Anpflanzungserfolg, da standortangepasstes Saatgut verwendet

Abbildung 6

Ein Gewässerrandstreifen im Unterallgäu, der mit einer Regiosaatgutmischung angelegt wurde (Foto: Sebastian Hopfenmüller).



Mechanismen von Outbreeding Depression

Es werden zwei Mechanismen von Outbreeding Depression unterschieden (HUFFORD & MAZER 2003; KELLER 1999; SCHIERUP & CHRISTIANSEN 1996; WASER & PRICE 1989):

- Eine ökologische Komponente: Eigenschaften der lokal angepassten Populationen werden durch die Einkreuzung fremden Genmaterials „verwässert“ („Dilution“). Die Populationen sind somit weniger gut an ihre Umwelt angepasst.
- Eine genetische Komponente: Bestimmte Gene haben sich in den natürlichen Populationen über lange Zeit aneinandergelockt und koadaptierte Genkomplexe gebildet. Durch die Rekombination bei der Fortpflanzung mit einem weit entfernt verwandten Individuum, werden diese Komplexe aufgebrochen, was die Genregulation erschwert (auch als „Hybrid Breakdown“ bezeichnet).

Die ökologische Komponente kann bereits in der F1-Generation (der ersten Tochtergeneration) zutage treten. Sie äußert sich umso stärker, je mehr fremdes Genmaterial in die Population über Zeit eingetragen wird und je kleiner die ursprüngliche Population ist. Eine gesunde, genetisch diverse Population ist durchaus in der Lage, eine gewisse Menge nachteiliger Gene durch natürliche Selektion wieder zu eliminieren (HUFFORD & MAZER 2003; KELLER 1999). Es fehlen allerdings bisher Langzeitstudien, die belegen, ab welcher Menge eingetragenem, ortsfremdem Saatgutes dieser Mechanismus an seine Grenzen stößt und ab wann es dann zu merklichen Verschlechterungen in der Fitness von Artbeständen kommt.

Die Problematik der aufgebrochenen Genkomplexe äußert sich erst ab der F2-Generation (die Enkelgeneration), ist dafür aber auch langfristiger und schwieriger wieder auszugleichen, da neue Genkomplexe erst wiedergefunden werden müssen (FISCHER & MATTHIES 1997; HUFFORD & MAZER 2003; KELLER 1999).

wird. Es lohnt sich sicher, diesen Weg weiter zu gehen. Gerade weil Deutschland in diesem Bereich eine Vorreiterrolle einnimmt, gibt es aber auch noch einige offene Fragen:

- Es ist fraglich, ob bis 2024 alle 22 eigenständigen Herkunftsregionen etabliert sind. Aktuell fehlen noch ausreichend Anbauflächen, um Deutschland flächendeckend mit regionalem Saatgut versorgen zu können. Eine Versorgung aller 22 Herkunftsregionen ist für Anbieter von regionalem Saatgut oftmals (noch) nicht wirtschaftlich.
- Nicht für alle Arten ist eine so kleinräumige Einteilung in Herkunftsgebiete notwendig. Bei Arten mit einem deutschlandweiten, geteilten Genpool, wie dem Glatthafer und der wilden Möhre, würde die Anwendung des Herkunftsregionen-Konzeptes den Genfluss womöglich sogar reduzieren.
- Eine weitere offene Frage ist der Umgang mit seltenen Arten, die sehr kleinräumig genetisch differenziert sind. Es gibt Diskussionen, ob es sinnvoller ist, sie aus den Regiosaatgutmischungen ganz herauszuhalten, um kein Outbreeding zu riskieren, oder sie – im Sinne einer möglichst großen Artenvielfalt – bewusst in die Saatgutmischungen einzubringen.
- Bisher ist auch noch nicht abschließend geklärt, ob die geografische Entfernung oder die ökologische Ähnlichkeit für die genetische Distanz eine größere Rolle spielt. Entsprechend könnte das Regionen-Konzept zukünftig noch optimiert werden.
- Zudem sind Langzeitstudien notwendig, die den Eintrag von gebietsfremdem Saatgut in Relation zu populationsgenetischen Vorgängen setzen: Ab welcher quantitativen Schwelle ist ein solcher Eintrag kritisch für das Ökosystem und die genetische Eigenständigkeit der Population zu bewerten?

Danksagung

Wir danken Prof. Dr. Hans Peter Comes, Ernst Rieger, Prof. Dr. Stefan Dötterl sowie Prof. Dr. Christoph Reisch für ihre Informationen, Tipps zu relevanten Studien und Kommentare zum Manuskript.

Literatur

- AAVIK, T., EDWARDS, P. J., HOLDEREGGER, R., GRAF, R. & BILLETER, R. (2012): Genetic consequences of using seed mixtures in restoration: A case study of a wetland plant *Lychnis flos-cuculi*. – *Biological Conservation* 145(1): 195–204.
- BENEDEK, K., BÁLINT, J., SALAMON, R. V. et al. (2015): Chemotype of tansy (*Tanacetum vulgare* L.) determines aphid genotype and its associated predator system. – *Biological Journal of the Linnean Society* 114: 709–719; DOI: <https://doi.org/10.1111/bj.12445>.
- BISCHOFF, A., CRÉMIEUX, L., SMILAUEROVA, M. et al. (2006): Detecting local adaptation in widespread grassland species – the importance of scale and local plant community. – *Journal of Ecology* 94: 1130–1142; DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2006.01174.x>.
- BUCHAROVA, A., MICHALSKI, S., HERMANN J.-M. et al. (2016): Genetic differentiation and regional adaptation among seed origins used for grassland restoration: lessons from a multi-species transplant experiment. – *Journal of Applied Ecology* 54: 127–136; DOI: <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12645>.
- CHARLESWORTH, D. & CHARLESWORTH, B. (1987): Inbreeding Depression and its Evolutionary Consequences. – *Annual Review of Ecology and Systematics* Vol. 18: 237–268; JSTOR: <https://www.jstor.org/stable/2097132>.
- DURKA, W., BOSSDORF, O., BUCHAROVA, A. et al. (2019): Regionales Saatgut von Wiesenpflanzen: genetische Unterschiede, regionale Anpassung und Interaktion mit Insekten. – *Natur und Landschaft* 4: 146–153; DOI: [10.17433/4.2019.50153679.146-153](https://doi.org/10.17433/4.2019.50153679.146-153).
- ELZINGA, J. A., ATLAN, A., BIERE, A. et al. (2007): Time after time: flowering phenology and biotic interactions. – *Trends in Ecology & Evolution* 22: 432–439; DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tree.2007.05.006>.
- FENSTER, C. B. & GALLOWAY, L. F. (2000): Inbreeding and Outbreeding Depression in Natural Populations of *Chamaecrista fasciculata* (Fabaceae). – *Conservation Biology* 14(5): 1406–1412; DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2000.99234.x>.
- FISCHER, M. & MATTHIES, D. (1997): Mating structure and inbreeding and outbreeding depression in the rare plant *Gentianella germanica*. – *American Journal of Botany* 84(12): 1685–1692; DOI: <https://doi.org/10.2307/2446466>.
- FORREST, J. R. K. (2015): Plant-pollinator interactions and phenological change: what can we learn about climate impacts from experiments and observations? – *Oikos* 124(1): 4–13.
- GOTO, S., IJIMA, H., OGAWA H. et al. (2011): Outbreeding Depression Caused by Intraspecific Hybridization Between Local and Nonlocal Genotypes in *Abies sachalinensis*. – *Restoration Ecology* 19(2): 243–250; DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1526-100X.2009.00568.x>.
- GRINDELAND, J. M. (2008): Inbreeding depression and outbreeding depression in *Digitalis purpurea*: optimal outcrossing distance in a tetraploid. – *Journal of Evolutionary Biology* 21: 716–726; DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2008.01519.x>.
- HUFFORD, K. M. & MAZER, S. J. (2003): Plant ecotypes: genetic differentiation in the age of ecological restoration. – *Trends in Ecology and Evolution* 18(3): 147–155; DOI: [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00002-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00002-8).
- JOSHI, J., SCHMID, B., CALDEIRA, M. C. et al. (2001): Local adaptation enhances performance of common plant species. – *Ecology Letters* 4: 536–544; DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1461-0248.2001.00262.x>.
- KAULFUß, F. & REISCH, C. (2019): Restoration of grasslands using commercially produced seed mixtures: genetic variation within and among natural and restored populations of three common grassland species. – *Conservation Genetics* 20(2): 373–384.
- KELLER, M. (1999): The importance of seed source in programmes to increase species diversity in arable systems. – PhD thesis, ETH Zurich/Switzerland; DOI: <https://doi.org/10.3929/ethz-a-002093662>.
- KUDO, G. & IIDA, T. Y. (2013): Early onset of spring increases the phenological mismatch between plants and pollinators. – *Ecology* 94(10): 2311–2320.
- LEIMU, R. & FISCHER, M. (2008): A Meta-Analysis of Local Adaptation in Plants. – *PLoS ONE* 3(12): e4010; DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004010>.
- LINHART, Y. B. & GRANT, M. C. (1996): Evolutionary significance of local genetic differentiation in plants. – *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 27: 237–277; DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.27.1.237>.
- MAROTZ-CLAUSEN, G., JÜRSCHIK, S., FUCHS, R. et al. (2018): Incomplete synchrony of inflorescence scent and temperature patterns in *Arum maculatum* L. (Araceae). – *Phytochemistry* 154: 77–84; DOI: <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2018.07.001>.
- MONTALVO, A. M. & ELLSTRAND, N. C. (2001): Nonlocal transplantation and outbreeding depression in the subshrub *Lotus scoparius* (Fabaceae). – *American Journal of Botany* 88(2): 258–269; DOI: <https://doi.org/10.2307/2657017>.
- OOSTERMEIJER, J. G. B., ALTENBURG, R. G. M. & DEN NIJS, J. C. M. (1995): Effects of outcrossing distance and selfing on fitness components in the rare *Gentiana pneumonanthe* (Gentianaceae). – *Plant Biology* 44(3): 257–268; DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.1995.tb00784.x>.

- PRASSE, R. & KUNZMANN, D. (2010): Entwicklung und praktische Umsetzung naturschutzfachlicher Mindestanforderungen an einen Herkunftsnachweis für gebietseigenes Wildpflanzensaatgut krautiger Pflanzen. – Abschlussbericht, Institut für Umweltplanung der Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover.
- PREDEVILLE, H. R., BARNARD-KUBOW, K., DAI, C. et al. (2013): Clinal variation for only some phenological traits across a species range. – *Oecologia* 173: 421–430; DOI: <https://doi.org/10.1007/s00442-013-2630-y>.
- PRICE, M. V. & WASER, N. M. (1979): Pollen dispersal and optimal outcrossing in *Delphinium nelsoni*. – *Nature* 277: 294–297; DOI: <https://doi.org/10.1038/277294a0>.
- QUILLOT-TURION, B., LEPPÄLÄ, J., LEINONEN, P. H. et al. (2013): Genetic changes in flowering and morphology in response to adaptation to a highlatitude environment in *Arabidopsis lyrata*. – *Annals of Botany* 111: 957–968; DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mct055>.
- REISCH, C. & BERNHARDT-RÖRMERMANN, M. (2014): The impact of study design and life history traits on genetic variation of plants determined with AFLPs. – *Plant Ecology* 215(12): 1493–1511.
- REISCH, C. & POSCHLOD, P. (2009): Land use affects flowering time: seasonal and genetic differentiation in the grassland plant *Scabiosa columbaria*. – *Evolutionary Ecology* 23(5): 753–764.
- REISCH, C. & ROSBAKH, S. (2021): Patterns of genetic variation in European plant species depend on altitude. – *Diversity and Distributions* 27(1): 157–163.
- SCHIERUP, M. H. & CHRISTIANSEN, F. B. (1995): Inbreeding depression and outbreeding depression in plants. – *Heredity* 77: 461–468; DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.1996.172>.
- SCHUMACHER, A. & WERK, K. (2010): Die Ausbringung gebietsfremder Pflanzen nach § 40 Abs. 4 BNatSchG. – *Natur und Recht* 32(12): 848–853.
- SUN, M., GROSS, K. & SCHIESTL, F. P. (2014): Floral adaptation to local pollinator guilds in a terrestrial orchid. – *Annals of Botany* 113: 289–300; DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mct219>.
- SUNI, S. S., AINSWORTH, B. & HOPKINS, R. (2019): Local adaptation mediates floral responses to water limitation in an annual wildflower. – *American Journal of Botany* 107(2): 209–218; DOI: <https://doi.org/10.1002/ajb2.1434>.
- WASER, N. M. & PRICE, M. V. (1989): Optimal outcrossing in *Imopsis aggregata*: Seed set and offspring fitness. – *Evolution* 43(5): 1097–1109; DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1989.tb02554.x>.

Autoren



Natalie Crispi,

Jahrgang 1997.

Studium der Umweltbiowissenschaften in Trier und Studium der Biologie in Salzburg. Bachelorarbeit an der Universität Salzburg zum Thema magere Feuchtwiesen. Praktikum an der Bayerischen Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL) 2020. Seit Juni 2021 tätig für das Planungsbüro Milvus GmbH.

Universität Trier

natalie-crispi@outlook.de



Dr. Bernhard Hoiß,

Jahrgang 1981.

Studium der Biologie in Regensburg. Nach kurzer Zeit in einem Planungsbüro Promotion und wissenschaftlicher Mitarbeiter an den Universitäten Bayreuth und Würzburg zu Pflanzen-Bestäuber-Interaktionen. Anschließend Biodiversitätsbeauftragter an der Regierung von Schwaben. Seit 2016 an der ANL mit den Schwerpunkten Biodiversität und Öffentlichkeitsarbeit.

Bayerische Akademie für Naturschutz
und Landschaftspflege (ANL)

+49 8682 8963-53

bernhard.hoiss@anl.bayern.de

Zitervorschlag

CRISPI, N. & HOIß, B. (2021): Warum eigentlich gebietsheimisches Saatgut? – ANLien Natur 43(2): online preview, 39–46, Laufen; www.anl.bayern.de/publikationen.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Anliegen Natur](#)

Jahr/Year: 2021

Band/Volume: [43_2_2021](#)

Autor(en)/Author(s): Crispi Natalie, Hoiß Bernhard

Artikel/Article: [Warum eigentlich gebietsheimisches Saatgut? 39-46](#)