

Biodiversitäts-Exploratorien

Wissenschaftliche Veröffentlichungen

in internationalen Fachzeitschriften 2017–2019





Coverfoto
Schönlebe T.

Foto oben
Franke A.

Vorwort



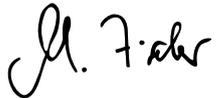
Die große Bedeutung der biologischen Vielfalt für den Menschen und der gleichzeitige starke Rückgang der biologischen Vielfalt rücken immer stärker ins Bewusstsein von Gesellschaft und Politik. Die wichtigste direkte Ursache des Rückgangs ist nach wie vor die oft zu intensive Landnutzung. In Mitteleuropa werden die meisten Wald- und Grünlandflächen heute intensiv genutzt, während naturbelassene Flächen oder naturnahe Nutzungsformen viel seltener sind. Während die Auswirkungen der Landnutzung für viele Pflanzen und auch einige Tiergruppen relativ gut bekannt sind, ist dies für viele andere Tiere, Pilze, Bakterien und weitere Einzeller und für die vielfältigen Wechselwirkungen zwischen all diesen Lebewesen kaum verstanden. Noch viel weniger bekannt ist das gesamte Ausmaß der Folgen des Rückgangs der biologischen Vielfalt für den Menschen. Deshalb widmen sich die Biodiversitäts-Exploratorien der umfassenden Erforschung der Zusammenhänge zwischen Landnutzung, biologischer Vielfalt und dem Nutzen der Natur für den Menschen.

Die Biodiversitäts-Exploratorien werden von der Deutschen Forschungsgemeinschaft DFG langfristig gefördert. Sie sind ein Forschungsprogramm, in dem Forschende aus 50 Forschungseinrichtungen in 45 Teilprojekten zusammenarbeiten. Jedes dieser Projekte untersucht verschiedene Facetten der Beziehung zwischen Landnutzung,

der Vielfalt verschiedener Organismen und verschiedenster Ökosystemfunktionen. Sie alle konzentrieren ihre Forschung auf 300 gemeinsame Untersuchungsflächen in Wäldern, Wiesen und Weiden in drei Landschaften im Südwesten, der Mitte und im Nordosten Deutschlands. Diese gemeinsame und koordinierte Forschung ermöglicht einen weltweit einmaligen Reichtum an Informationen und Einsichten.

In diesem Band werden die Ergebnisse von 134 Studien der Biodiversitäts-Exploratorien allgemeinverständlich präsentiert. Er vermittelt die Faszination, den Rückgang und den Wert der biologischen Vielfalt an vielen konkreten Beispielen.

Ich danke allen Landbesitzern, Behörden und der DFG, die diese Forschung ermöglichen, sehr herzlich für ihre Unterstützung und allen am Projekt Beteiligten sehr herzlich für ihren großen Einsatz und wünsche Ihnen eine spannende Lektüre.

A handwritten signature in black ink, reading 'M. Fischer'. The signature is written in a cursive, flowing style.

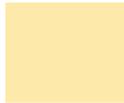
Markus Fischer, Sprecher der Biodiversitäts-Exploratorien

Index



**Infrastruktur, Instrumen-
tierung & Modellierung**

Seite 006 - 023



Boden- & Stoffkreisläufe

Seite 024 - 057



Pflanzen

Seite 058 - 117



Tiere

Seite 118 - 185



**Mikroorganismen
& Pilze**

Seite 186 - 247



Wald & Totholz

Seite 248 - 287



Anhang

Seite 288 - 309

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Artikel

Informationen über 11 Jahre Grünland-
bewirtschaftung [S.008](#)

in der Krautschicht gemäßigter Wälder aus
langfristigen Landsat-Zeitreihen

Vergleich der Blatttemperatur dreier mittel-
europäischer Baumarten aus hoch auflösenden
Wärmebildern [S.010](#)

Kartierung der Strukturvielfalt von Wäldern
mittels flugzeuggestütztem Laserscanning [S.018](#)

Vereinfachte Vegetationsmodellierung mit
einer Softwareerweiterung für LPJ-GUESS [S.012](#)

Modellierung der Waldhöhe mittels X-Band
SAR in Wäldern der gemäßigten Breiten [S.020](#)

Reaktion von Buchen (*Fagus sylvatica* L.)
auf Konkurrenz – neue Einsichten durch die
Anwendung der fraktalen Analyse [S.014](#)

Radargestützte Abbildung von Waldstrukturen
und Waldlebensräumen aus dem Weltraum [S.022](#)

Analyse der Beziehung zwischen historischer
Kronendynamik und aktueller Pflanzenvielfalt [S.016](#)

S.006 – 023

Informationen über 11 Jahre Grünlandbewirtschaftung

Die Untersuchung der Beziehung zwischen menschlicher Landnutzung und biologischer Vielfalt ist wichtig. Sie hilft uns zu verstehen, ob und wie der Mensch diese durch die Art und Weise der Bewirtschaftung beeinflusst, und nachhaltige Landnutzungsstrategien zu entwickeln.

Für die Grünlandparzellen der Biodiversitäts-Exploratorien findet jährlich eine Landnutzungsumfrage unter den Bewirtschaftern statt. In dieser Arbeit werden die Daten von 2006 bis 2016 anonymisiert zusammengefasst und ermöglichen den Wissenschaftlern Auswertungen zum Einfluss der Bewirtschaftung auf Pflanzen, Tiere und Ökosystemfunktionen.

Insgesamt wird das jährliche Grünlandmanagement durch 116 Variablen beschrieben. Zu den allgemeinen Daten gehören Informationen zur Entwässerung und zur Landnutzung in den Jahren vor den jährlichen Befragungen. Weitere Bestandteile sind Informationen zur Mahd (z. B. Mahdhäufigkeit), Beweidung (Tierart, Besatz) und Düngung (inklusive der Menge des ausgebrachten Stickstoffs). Zusätzlich werden sonstige Bewirtschaftungspraktiken beziehungsweise Pflegemaßnahmen erfasst.

Die Arbeit gibt erste Einblicke in die Zusammenhänge zwischen verschiedenen Bewirtschaftungsmaßnahmen. So war die Beweidungsintensität in Schorfheide-Chorin am höchsten und auf der Schwäbischen Alb, wo meist Schafbeweidung stattfand, am niedrigsten. Die Düngung war im Hainich-Dün am stärksten. Je öfter ein Grünland gemäht wurde, desto geringer war die Beweidungsintensität, da Flächen entweder vorwiegend als Wiese oder vorwiegend als Weide genutzt wurden. Je höher die Anzahl der Schnitte, desto höher war auch die Düngergabe. Dagegen war der Zusammen-

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

hang zwischen der Beweidungsintensität und der Düngergabe nur schwach ausgeprägt.

Die Informationen zur Mahd, Beweidung und Düngung werden zur Berechnung eines kombinierten Landnutzungsintensitätsindex (LUI) genutzt. Die zusammengestellten Rohdaten sind weltweit einzigartig und wurden bereits für mehr als 100 wissenschaftliche Arbeiten über die Wirkung der Grünlandbewirtschaftung auf die Biodiversität verwendet.



Autor*innen

Vogt J., Klaus V.H., Both S., Fürstenau C., Gockel S., Gossner M.M., Heinze J., Hemp A., Hölzel N., Jung K., Kleinebecker T., Lauterbach R., Lorenzen K., Ostrowski A., Otto N., Prati D., Renner S., Schumacher U., Seibold S., Simons N. K., Steitz I., Teuscher M., Thiele J., Weithmann S., Wells K., Wiesner K., Ayasse M., Blüthgen N., Fischer M., **Weisser W. W.**

Erschienen als

Eleven years' data of grassland management in Germany.

Biodiversity Data Journal 7: e36387 (2019)

doi: 10.3897/BDJ.7.e36387

Foto

Müller J.

Vergleich der Blatttemperatur dreier mitteleuropäischer Baumarten aus hoch auflösenden Wärmebildern

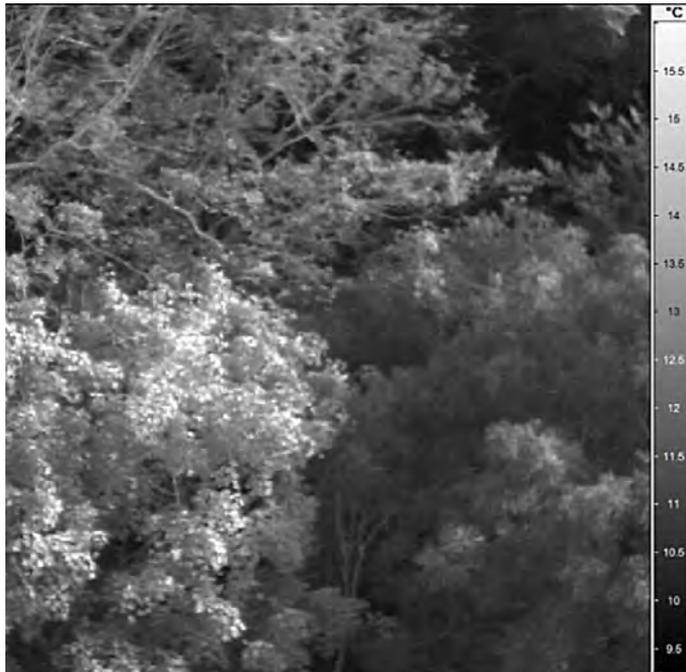
Temperatur ist ein wesentlicher Faktor, der die biologische Vielfalt sowie die Ökosysteme und ihr Funktionieren bestimmt. Allerdings ist die Forschung in diesem Bereich noch relativ begrenzt; dies ist u. a. der Vielzahl der Interaktionen mit anderen Einflussfaktoren und der Komplexität der erforderlichen statistischen Modellierung geschuldet.

Wir erwarten, dass ein besseres Verständnis der Oberflächentemperatur von Baumkronen dazu beitragen kann, die potenzielle Rolle kleinräumiger Klimamuster für die Biodiversität zu klären. Unsere Studie analysiert die Unterschiede in der Kronenoberflächentemperatur dreier mitteleuropäischer Laubbaumarten. Wir betrachten eine Zeitreihe von hoch auflösenden Wärmebildern, die von einem Klimaturm aus aufgenommen wurden, der über das Kronendach hinausragt. Wir haben die mittleren Kronenblatttemperaturen für Buche, Esche und Ahorn (*Fagus silvatica*, *Fraxinus excelsior* und *Acer pseudoplatanus*) bestimmt und konnten den Temperaturverlauf im Tagesgang und über eine Vegetationsperiode beschreiben.

Für die entsprechende Analyse wurden zunächst vergleichbare Bildbereiche unter Vermeidung von Schattenbereichen, Ästen usw. aus den Wärmebildausschnitten der Kronen der einzelnen Baumarten extrahiert. Dafür verwendeten wir eine automatische Segmentierungstechnik, das OTSU-Schwellenwertverfahren. Nach der Verarbeitung der extrahierten Temperaturwerte der Kronenblätter erhielten wir mithilfe von Schätzungen nach der sogenannten P-Spline-Methode nach O'Sullivan Temperaturprofile. Um die Temperaturunterschiede der Blätter im Kronendach der 3 Baumarten über die Zeit zu vergleichen, schlagen wir die Verwendung von simultanen Konfidenzbändern vor.

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Unsere Analysen zeigen, dass es zwischen den 3 Baumarten signifikante – wenn auch kleine – Unterschiede in der Oberflächentemperatur des Kronendaches gibt. Es wird weiteren Studien vorbehalten sein zu überprüfen, ob diese Unterschiede als erklärender Faktor für Unterschiede in der Biodiversität von Baumkronen dienen können.



Autor*innen

Vonrüti M., Spasojevic A., **Nölke N.**, Kneib T., Kleinn C.

Erschienen als

Comparing canopy leaf temperature of three Central European tree species based on simultaneous confidence bands for penalized splines.

Environmental and Ecological Statistics 24: 385–39 (2017)

doi: 10.1007/s10651-017-0375-1

Foto

Nölke N.

Vereinfachte Vegetationsmodellierung mit einer Softwareerweiterung für LPJ-GUESS

Die wissenschaftliche Gemeinschaft hat in den vergangenen Jahrzehnten mathematische Modelle entwickelt, um Prozesse zu verstehen, die die Reaktion der Vegetation auf Klima und Klimawandel steuern. Mit diesen Modellen simulieren sie sowohl kleine räumliche Skalen vom einzelnen Waldstück bis hin zum gesamten Planeten. Sie können sowohl die Vergangenheit simulieren als auch Simulationen der Zukunft erstellen.

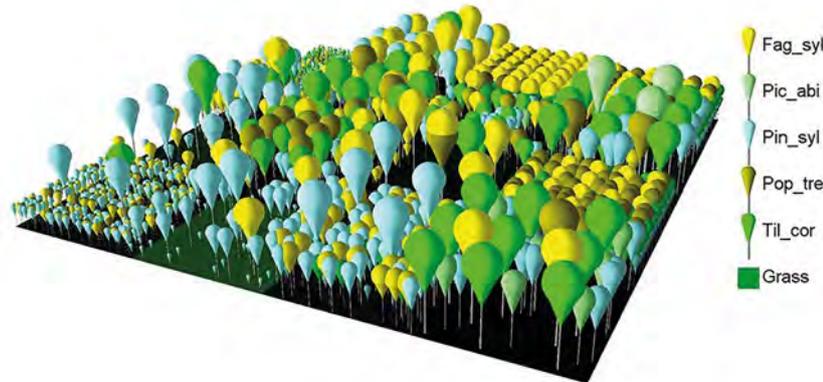
Bei diesen Modellen handelt es sich um sehr komplexe Computerprogramme, geschrieben in einer Vielzahl von Programmiersprachen, was technische Herausforderungen mit sich bringt, wenn es darum geht, Ergebnisse zu analysieren oder sie mit tatsächlichen Daten aus dem Feld zu vergleichen. Eine Lösung für dieses Problem besteht darin, diese Modelle für statistische Analysen mit weit verbreiteten und bekannten Computerprogrammen zu verbinden, sodass immer mehr Wissenschaftler*innen sie einfach anwenden können.

Eine der bekanntesten statistischen Software ist die „*R environment for statistical computing*“ die in den vergangenen Jahren vielfältig erweitert wurde und immer mehr Werkzeuge für statistische Analysen umfasst.

In diesem Artikel stellen wir ein neu entwickeltes Softwarepaket vor, das das weit verbreitete Vegetationsmodell LPJ-GUESS mit der R-Software für statistische Berechnungen koppelt. Mit diesem Paket kann LPJ-GUESS von Forschenden leicht und einfach mit der R-Software verwendet werden, wodurch vorhandene Werkzeuge und Methoden in R leicht verfügbar sind, um komplexe Analysen mit diesem Modell durchzuführen.

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Um dies zu demonstrieren, führten wir eine Reihe von Analysen durch, die normalerweise mühsam und sehr zeitaufwendig wären (von einer einzigen Simulation bis hin zu komplexen Parametervariationen und Zukunftsvorhersagen mit mehreren Klimaszenarien), und bewiesen so, wie diese Kopplung neue Erkenntnisse über die Vegetationsdynamik sowie eine dringend benötigte bessere Integration zwischen Vegetationsmodellen und verschiedenen Datenquellen ermöglichen wird.



Autor*innen

Bagnara M., Gonzalez R. S., Reifenberg S., Steinkamp J., Hickler T., Werner C., Dormann C. F., Hartig F.

Erschienen als

An R package facilitating sensitivity analysis, calibration and forward simulations with the LPJ-GUESS dynamic vegetation model. Environmental Modelling & Software 111: 55–60 (2019)

doi: 10.1016/j.envsoft.2018.09.004

Abbildung

Bagnara M.

3D Simulation der Modelle stellt die simulierte Vegetation in einem allgemeinen Wald-Plot im Hainich dar.

Reaktion von Buchen (*Fagus sylvatica* L.) auf Konkurrenz – neue Einsichten durch die Anwendung der fraktalen Analyse

Die individuelle Baumarchitektur und die Zusammensetzung der Baumarten spielen eine entscheidende Rolle für viele Ökosystemfunktionen und -dienstleistungen des Waldes, etwa den ökonomischen Wert des Holzes, die Habitatvielfalt und die Widerstandsfähigkeit des Ökosystems. Unser Wissen zur Veränderung der Baumarchitektur als Reaktion auf Konkurrenz ist jedoch noch sehr begrenzt.

Mit 3D-Laserscannerdaten untersuchten wir detailliert die dreidimensionale Architektur von 24 Buchen (*Fagus sylvatica* L.), die unter unterschiedlichem Konkurrenzdruck wuchsen. Wir erstellten detaillierte Strukturmodelle, um die Verzweigungsarchitektur zu beschreiben. Darüber hinaus wurden die strukturelle Komplexität und die architektonische Selbstähnlichkeit mithilfe der fraktalen Geometrie beschrieben.

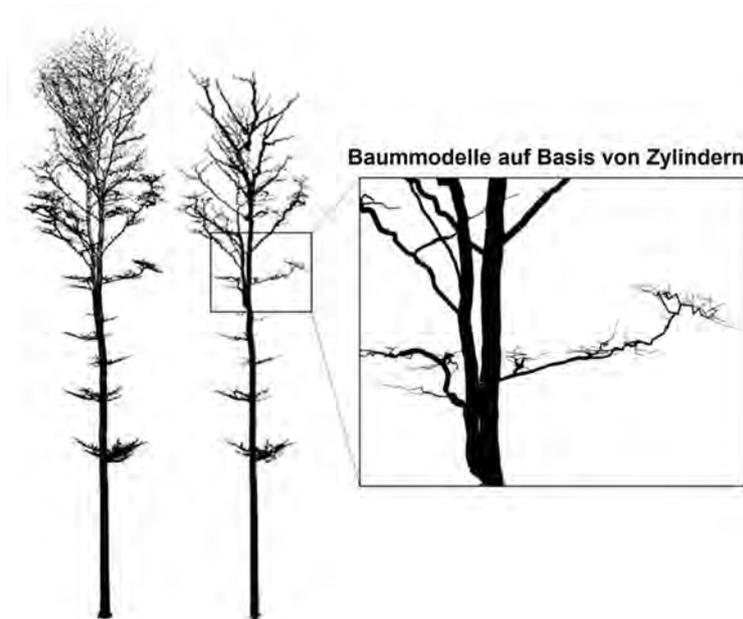
So kann z. B. das Verzweigungsmuster eines Baumes vom Zweig zum Ast zur Gesamtkrone sehr ähnlich oder sehr variabel sein. Die fraktale Geometrie erlaubt es, diese Eigenschaften von Objekten zu analysieren. Natürliche Objekte sind häufig mit klassischer Geometrie nur unzulänglich zu beschreiben, da sie keine soliden Körper sind, sondern eher „zerbrochene“ (fraktale) Objekte wie etwa ein Wurzelnetzwerk oder eine Baumkrone.

Setzt man die aus der fraktalen Analyse gewonnenen Maße mit der Stärke des Konkurrenzdrucks in Beziehung, zeigen die Bäume starke Reaktionen für eine breite Palette baumarchitektonischer Maße, was darauf hindeutet, dass der Wettbewerb zwischen den Bäumen die verzweigte Architektur der Bäume stark verändert. Die stärkste Reaktion auf Konkurrenz wurde für ein neues, hier eingeführtes Maß beobachtet.

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Dieses Maß aus der fraktalen Geometrie erwies sich als sehr empfindlich gegenüber der herrschenden Konkurrenz, die ein Baum erfährt. Konkurrenzbedingte Veränderungen in der Baumgeometrie konnten so bereits gemessen werden, wo herkömmliche Maße (wie z. B. das Kronenvolumen) noch keine Konkurrenzeffekte erkennen lassen.

Zukünftige Studien können daher die fraktale Analyse verwenden, um die Reaktion von Baumindividuen auf Konkurrenz zu untersuchen und detailliert zu quantifizieren.



Autor*innen

Dorji Y., Annighöfer P., Ammer C., **Seidel D.**

Erschienen als

Response of Beech (*Fagus sylvatica* L.) Trees to Competition—New Insights from Using Fractal Analysis.

Remote sensing 11: 2.656 (2019)

doi: org/10.3390/rs11222656

Foto

Seidel D.

Analyse der Beziehung zwischen historischer Kronendynamik und aktueller Pflanzenvielfalt in der Krautschicht gemäßiger Wälder aus langfristigen Landsat-Zeitreihen

Zahlreiche Faktoren beeinflussen die Pflanzenvielfalt der Krautschicht in Wäldern, wie z. B. die Standortbedingungen, die Verbreitung von Samen, das Bestandesalter, aber auch die Geschichte der Entwicklung des Kronendachs, wie sie etwa durch natürliche und anthropogene Störungen bestimmt werden.

Das Archiv der Landsat-Satellitenbilder (30 m Pixelgröße) erlaubt die Analyse der Dynamiken im Kronendach über mehrere Jahrzehnte – soweit sie aus einer räumlichen Auflösung von 30 m erkennbar sind. Solche historischen Dynamiken wurden bisher noch nicht in Beziehung zur aktuellen Pflanzenvielfalt in der Krautschicht von Wäldern gesetzt.

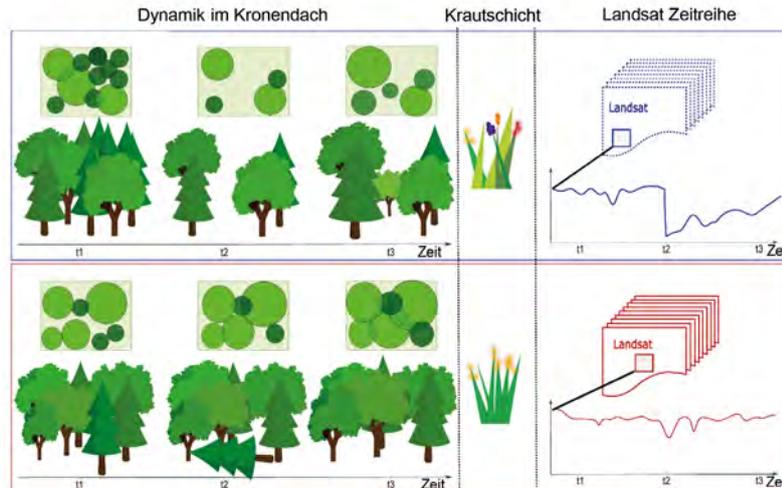
Wir haben dies an insgesamt 132 Waldplots von je 1 ha Größe mit Zeitreihen von 1985 bis 2015 getestet. Wir haben dabei die Entwicklung des Kronendachs in Beziehung gesetzt zur im Jahr 2015 beobachteten Pflanzenartenvielfalt in der Krautschicht.

Zunächst mussten wir die Dynamik im Kronendach über diesen Zeitraum quantitativ charakterisieren. Wir haben dies über Vegetationsindizes (VI) gemacht, die wir aus den Satellitenbildern ableiteten. Sie sind ein Maß für die Dichte des grünen Kronendachs. Aus den Zeitreihen pro Plot dieser Indizes leiteten wir statistische Maße für die Ähnlichkeit von Zeitreihenmustern ab, die wir dann mit der Pflanzendiversität in der Krautschicht im Jahre 2015 in Beziehung setzten.

Wir kommen zu dem Schluss, dass in den meisten der untersuchten temperaten Waldtypen 1) Störungen, 2) ein geschlossenes Kronendach sowie 3) das Bestandesalter in einer statistischen Beziehung zur Diversität in der Krautschicht stehen. Insofern kann die Analyse der

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Kronendachentwicklung aus Landsat-Zeitreihen zu einem besseren Verständnis der heutigen Diversität in der Krautschicht beitragen. Unsere Studie gibt erste Hinweise auf das Potenzial für die Biodiversitätsforschung von zeitlichen Metriken, wie sie sich aus satellitenbildbasierten Zeitreihen herleiten lassen.



Autor*innen

Graf W., Kleinn C., Schall P., Nauss T., Detsch F., Magdon P.

Erschienen als

Analyzing the relationship between historic canopy dynamics and current plant species diversity in the herb layer of temperate forests using long-term Landsat time series.

Remote Sensing of Environment 232: 111.305 (2019)

doi: 10.1016/j.rse.2019.111305

Grafik

Graf W.

Kartierung der Strukturvielfalt von Wäldern mittels flugzeuggestütztem Laserscanning

Die Waldstruktur hat große Bedeutung für die Waldbiodiversität, ist aber schwer zu beschreiben. Üblicherweise dienen Waldstrukturindizes ihrer quantitativen Erfassung, die auf der Beobachtung von Baumattributen auf Beobachtungsflächen definierter Größe basieren. Es ist dabei ungeklärt, wie sich die Größe dieser Beobachtungsflächen auf die ermittelten Waldstrukturindizes auswirkt, d. h., ob solche Indizes vergleichbar sind, wenn sie zwar auf denselben Baumattributen beruhen, aber von Beobachtungsflächen unterschiedlicher Größe stammen. In unserer Studie prüften wir daher, 1) wie die Indizes von der Größe der Beobachtungsfläche abhängen und 2) wie flugzeuggestützte Laserscanner die großräumige Kartierung der Waldstruktur unterstützen können.

Unsere Studie zeigte, dass die Größe der jeweiligen Beobachtungsflächen alle Indizes beeinflusst; man bezeichnet dies auch als Skalenabhängigkeit. Besonders groß war der Effekt in Wäldern mit hoher Strukturvielfalt. Für die untersuchten Gebiete stabilisierten sich die Werte der Waldstrukturindizes erst ab einer Flächengröße von 900 bis 2.500 m². Je kleiner die Beobachtungsflächen waren, desto weniger aussagekräftig waren die aus dem Laserscanning abgeleiteten Karten.

Unsere Ergebnisse weisen nach, 1) dass ein direkter Vergleich von Waldstrukturindizes nur möglich ist, wenn diese von gleich großen Beobachtungsflächen stammen, und 2) dass eine Kartierung mit flugzeuggetragenen Laserscanning nur für ausreichend große Beobachtungsflächen aussagekräftig ist. Dann aber leisten aus Laserscanning-Daten abgeleitete Waldstrukturkarten einen wichtigen Beitrag zur ökologischen Forschung.

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung



Autor*innen

Kukunda C.B., Beckschäfer P., **Magdon P.**,
Schall P., Wirth C., Kleinn C.

Erschienen als

Scale-guided mapping of forest stand structural
heterogeneity from airborne LiDAR.
Ecological Indicators 102: 410–425 (2019)

doi: 10.1016/j.ecolind.2019.02.056

Foto

Kukunda C.

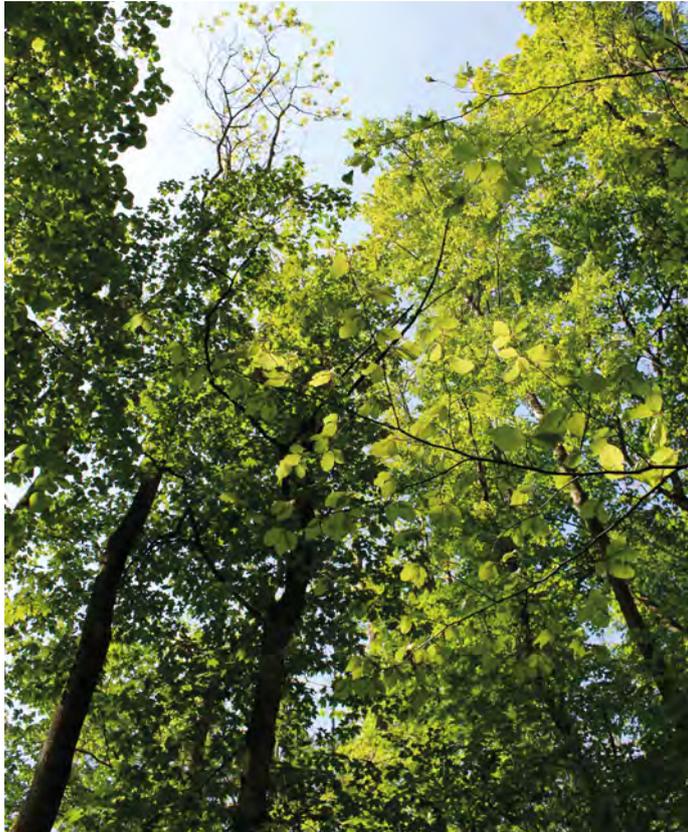
Modellierung der Waldhöhe mittels X-Band SAR in Wäldern der gemäßigten Breiten

Mit X-Band-SAR (Synthetische-Apertur-Radar)-Daten ist es möglich, topographische Höhen flächendeckend zu ermitteln. Diese topographischen Höhen können zur Bestimmung von Oberflächenparametern (z. B. Hangneigung), hydrologischen Parametern (z. B. Abfluss) und vielem mehr genutzt werden. Weiterhin wurde die Bedeutung dieser Daten für die Schätzung der Waldbedeckungshöhe bereits in vielen Studien gezeigt. Dabei wird häufig angenommen, dass die mit X-Band-SAR-Daten ermittelte topographische Höhe auch der Waldhöhe entspricht. Allerdings kommt es bei X-Band-SAR-Daten zu einer systematischen Unterschätzung der Bedeckungshöhe. Die Eindringtiefe hängt u. a. vom Waldtyp und von Aufnahmegeometrie und -zeitpunkt ab.

Ziel der Studie war es, die Eindringtiefe des X-Band-Signals systematisch zu untersuchen. Weiterhin haben wir in dieser Studie ein Modell entwickelt und angewendet, um die Eindringtiefe zu schätzen. Dieses Modell basiert auf dem Vergleich von zwei X-Band-SAR-Aufnahmen zur gleichen Zeit. Der Unterschied der Aufnahmen ist vor allem von Eigenschaften des Waldes und der Aufnahmegeometrie abhängig. Da die Eigenschaften des Waldes für beide Aufnahmen gleich sind und die Aufnahmegeometrie bekannt ist, konnten wir die Unterschiede auf die Eindringung zurückführen. Dies erlaubte uns, die Eindringung flächendeckend zu modellieren und zu schätzen.

Diese Schätzung haben wir genutzt, um die systematische Unterschätzung der Bedeckungshöhe zu korrigieren, indem wir die modellierte Eindringung zur topographischen Höhe addiert haben. Diese korrigierte Höhe entspricht nun der tatsächlichen Waldbedeckungshöhe. Dies ist von größter Bedeutung, wenn beispielsweise X-Band-SAR-Daten zur flächendeckenden Bestimmung von Wald-

bedeckungshöhen oder in Analysen der zeitlichen Veränderung zur Beobachtung von Waldwachstum, Degradierung und Entwaldung genutzt werden.



Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

Autor*innen

Schlund M., Baron D., Magdon P., Erasmi S.

Erschienen als

Canopy penetration depth estimation with TanDEM-X and its compensation in temperate forests.

ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing 147: 232–241 (2019)

doi: 10.1016/j.isprsjprs.2018.11.021

Foto

Baron D.

Radargestützte Abbildung von Waldstrukturen und Waldlebensräumen aus dem Weltraum

Jüngste Fortschritte in der Fernerkundung liefern dringend benötigte Informationen über die Strukturen von Lebensräumen sowohl über den Raum als auch über die Zeit hinweg. Solche Informationen könnten für die Erhaltung der biologischen Vielfalt eine wichtige Rolle spielen.

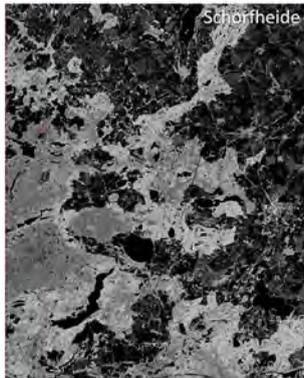
In dieser Studie untersuchten wir, ob das neu gestartete, satellitengestützte Radarsystem „Sentinel-1“ die Biodiversität verschiedener Artengruppen in fünf gemäßigten Waldregionen Mitteleuropas (neben den Biodiversitäts-Exploratorien Schwäbische Alb, Hainich-Dün und Schorfheide-Chorin noch weitere Untersuchungsflächen im Nationalpark Bayerischer Wald sowie dem Steigerwald) abbilden kann.

Wir zeigen, dass Sentinel-1 die Lebensraumstruktur ähnlich gut abbilden kann wie luftgestützte Laserabtastung (*Airborne Laser Scanning, ALS*), also die Fernerkundung mit Laserscannern per Flugzeug oder Helikopter, dem derzeitigen Goldstandard bei der Messung von Waldstrukturen. Dabei wird die Gelände- und Vegetationsoberfläche mit Scannern abgetastet. Zudem kann Radar ebenso gut wie ALS verschiedene Facetten der Biodiversität wiedergeben; Variationen in der Zusammensetzung der Artgemeinschaften wird von ALS zu 51 %, von Radar zu 57 % beschrieben. Mit einer Validierung anhand von externen Daten zu Vögeln und Totholzkäfern demonstrierten wir zudem das Potenzial von Sentinel-1, Unterschiede in der Artenzusammensetzung vorherzusagen.

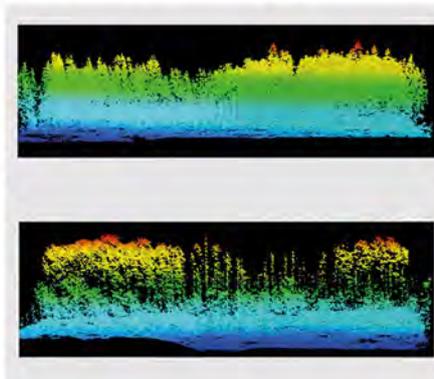
Um ein flächendeckendes Biodiversitätsmonitoring durch Fernerkundung zu etablieren, müssen in Zukunft Radardaten mit standardisiert erfassten lokalen Artendaten verbunden werden.

Infrastruktur, Instrumentierung & Modellierung

 **Radar backscatter (Sentinel-1)**



 **Airborne laser scanning (ALS)**



Autor*innen

Bae S., Levick S. R., **Heidrich L.**, Magdon P., Leutner B. F., Wöllauer S., Serebryanyk A., Nauss T., Krzystek P., Gossner M. M., Schall P., Ammer C., Heibl C., Bässler C., Dörfler I., Schulze E.-D., Krah F.-S., Culmsee H., Jung K., Heurich M., Winter M.-B., Fischer M., Seibold S., Thorn S., Gerlach T., Hothorn T., Weisser W., **Müller J.**

Erschienen als

Radar vision in the mapping of forest biodiversity from space.

Nature communications 10: 1–10 (2019)

doi: 10.1038/s41467-019-12737-x

Abbildung

Bae S.

Boden- & Stoffkreisläufe

Artikel

Die Rolle biologischer Bodenkrusten in Wäldern gemäßiger Breiten im Phosphorkreislauf [S.026](#)

deutlich stärker als die Pflanzenartenvielfalt

Helfen Lipidprofile dabei, Nahrungsnetze im Boden zu beschreiben? [S.036](#)

Untersuchungen zur Toleranzbreite der Bodenalge *Klebsormidium* gegenüber Trockenheit und Temperatur [S.028](#)

Beeinflusst Pflanzendiversität die Wasserbilanz von etablierten Grünlandssystemen? [S.038](#)

Räumliche und zeitliche Dynamik Stickstoff umwandelnder Mikroorganismen in ungedüngten Grünlandböden [S.030](#)

Regionale Umweltbedingungen haben einen stärkeren Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft als die lokale Waldnutzungsintensität [S.040](#)

Artenvielfalt von Mikroalgen in Biokrusten in Wäldern mit unterschiedlicher Bewirtschaftungsintensität [S.032](#)

Über das echte Alter von Feinwurzeln [S.042](#)

Die Landnutzungsintensität im Grünland beeinflusst das Auswaschungsrisiko von Nitrat [S.034](#)

Die Rolle von Bodeneigenschaften, Landnutzung und Pflanzenartenvielfalt für den mikrobiellen Phosphor im Boden [S.044](#)

Die verborgene Vielfalt von begeißelten Pro-
tisten im Boden [S.046](#)

Die Zusammensetzung der Nahrungsketten
beeinflussen die Bodenatmung in Grünland-
böden unterschiedlicher Bewirtschaftungs-
intensität [S.048](#)

Biologische Bodenkrusten als zentrales
Element im biogeochemischen Phosphor-
kreislauf während der Bodenbildung auf san-
digem Substrat [S.050](#)

Mikrobielle Besiedlungsstrategien und Res-
sourcenutzung in Grünlandböden mit un-
terschiedlicher Landnutzungsintensität [S.052](#)

Eigenschaften von gelöster organischer Subs-
tanz in Laub- und Nadelwäldern unter unter-
schiedlichem Management: unterschiedlich
an der Quelle, ähnlich im Boden [S.054](#)

Die Landnutzungsintensität im Grünland be-
einflusst die Aktivität und Effizienz von En-
zymen im Wurzelraum verschiedener Pflan-
zenarten [S.056](#)

Die Rolle biologischer Bodenkrusten in Wäldern gemäßigter Breiten im Phosphorkreislauf

Biologische Bodenkrusten spielen eine wichtige Rolle in Ökosystemen, u. a. im Kohlenstoff-, Stickstoff- und Phosphorkreislauf. In dieser Studie untersuchten wir die ökologische Rolle von Bodenkrusten im Phosphorkreislauf. Wir untersuchten, welchen Einfluss dabei die Vegetation (Kiefer versus Buche), der Bodenhorizont (A-versus C-Horizont) und die Landnutzungsintensität haben.

Wir sammelten Proben im Biodiversitäts-Exploratorium Schorfheide-Chorin und unterteilten die Proben in Krusten, krustenanhängenden Boden und krustenfremen Boden. Wir analysierten die Gesamtgehalte an Kohlenstoff (C), Stickstoff (N) und Phosphor (P) in den jeweils drei Unterproben. Zusätzlich bestimmten wir anorganisches und organisches P in einer labilen (bioverfügbaren), moderat labilen, stabilen und nicht extrahierbaren Fraktion. Schließlich bestimmten wir morphologisch die Biodiversität von Algen in den Krusten.

Wir konnten zeigen, dass der Gesamtphosphor und dabei insbesondere der organische P in den Krusten im Vergleich zu krustenanhängendem oder krustenfremem Boden erhöht war. Unter Buchen verwitterten Krusten hauptsächlich eisengebundenes P, unter Kiefern hingegen aluminiumgebundenes P. Außerdem war unter Buchen das C-N-Verhältnis und der Anteil an bioverfügbarem anorganischem P in Krusten höher als unter Kiefern. In Krusten von einem A-Horizont wurden mehr fadenförmige Algen verzeichnet als in Krusten, die auf einem C-Horizont wuchsen. Unter Kiefern führte eine steigende Landnutzungsintensität zu einem geringeren Anteil an gesamt moderat bioverfügbarem P und gesamt organischem P in den Krusten. Eine steigende Landnutzungsintensität veränderte die mikrobielle Diversität der Krusten unter Kiefern, während sie unter Buchen zu unterschiedlicher Artenvielfalt von Algen führte.

Diese Ergebnisse zeigen, dass Krusten in zentraleuropäischen Wäldern besonders bei der Umwandlung von mineralischem zu organischem P eine Rolle spielen. Auf Landnutzungsintensität reagieren Krusten in Abhängigkeit der dominierenden Baumart.



Autor*innen

Baumann K., Glaser K., Mutz J.-E., Karsten U., MacLennan A., Hu Y., Michalik D., Kruse J., Eckhardt K.-U., Schall P.

Erschienen als

Biological soil crusts of temperate forests: their role in P cycling.

Soil Biology and Biochemistry 109: 156–166 (2017)

doi: 10.1016/j.soilbio.2017.02.011

Foto

Hotter V.

Untersuchungen zur Toleranzbreite der Bodenalge *Klebsormidium* gegenüber Trockenheit und Temperatur

Fädige Mikroalgen sind auf dem Boden weit verbreitet. Sie spielen eine besonders wichtige Rolle bei der Entstehung von biologischen Bodenkrusten. Diese bedecken die obersten Millimeter des Bodens und erfüllen wichtige ökologische Funktionen, etwa indem sie freien Boden stabilisieren und Nährstoffe anreichern. Die fädigen Algen „durchweben“ den Boden, verkleben ihn dabei und sind somit wesentlich für die Stabilisierung. *Klebsormidium* (2018 zur „Alge des Jahres“ gekürt) ist eine häufige fädige Bodenalge und kommt auch in den drei Biodiversitäts-Exploratorien und sowohl im Wald als auch im Grünland vor.

In dieser Studie wollten wir herausfinden, warum die Gattung *Klebsormidium* so erfolgreich ist und ob es Unterschiede in der Toleranzbreite zu wichtigen Umweltfaktoren bei den vier weitverbreiteten Arten dieser Gattung gibt.

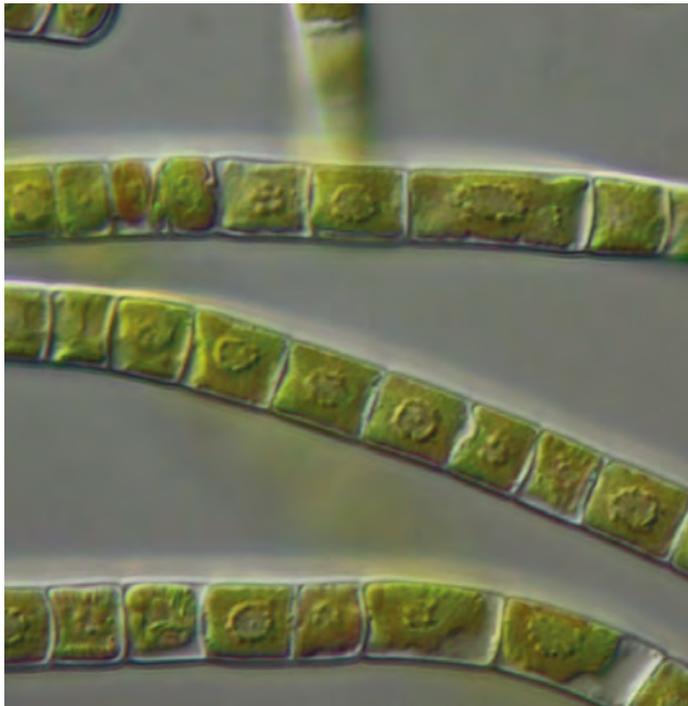
Dazu haben wir die 21 *Klebsormidium*-Stämme der Arten *K. dissectum*, *K. flaccidum*, *K. nitens* und *K. subtile* im Labor kultiviert und untersucht. Wir haben die fotosynthetische Leistung unter Trockenstress gemessen und das Wachstum bei verschiedenen Temperaturen dokumentiert.

Alle Arten erholten sich schnell nach einer raschen Austrocknung mit darauffolgender Wiederbefeuchtung: Nach etwa 90 Minuten lag die Fotosyntheseleistung wieder bei den meisten Stämmen bei mehr als 70 % des Ausgangswertes. Alle *Klebsormidium*-Stämme zeigten eine breite Temperaturtoleranz mit einem Optimum von 17° Celsius.

Die Unterschiede der einzelnen Stämme in Bezug auf die Reaktion auf Umweltstressoren erklärten sich nicht durch die Zugehörigkeit

Boden- & Stoffkreisläufe

zu den jeweiligen Arten. Vielmehr zeigen unsere Ergebnisse, dass alle 4 Arten der Gattung *Klebsormidium* eine hohe infraspezifische und interspezifische physiologische Plastizität besitzen und damit die ökophysiologische Fähigkeit, mit starken Umweltgradienten umzugehen. Dies könnte der Grund sein, warum fädige Algen der Gattung *Klebsormidium* weltweit erfolgreich terrestrische Lebensräume besiedeln.



Autor*innen

Donner A., **Glaser K.**, Borchhardt N., Karsten U.

Erschienen als

Ecophysiological response on dehydration and temperature in terrestrial *Klebsormidium* (Streptophyta) isolated from biological soil crusts in central European grasslands and forests.

Microbial Ecology 73: 850–864 (2017)

doi: 10.1007/s00248-016-0917-3

Foto

Glaser K.

Räumliche und zeitliche Dynamik Stickstoff umwan- delnder Mikroorganismen in ungedüngten Grünlandböden

Die mikrobiellen Gruppen der Stickstofffixierer, Ammoniakoxidierer und Denitrifizierer treiben den anorganischen Stickstoffkreislauf in gemäßigten terrestrischen Ökosystemen an. Ihre räumliche und zeitliche Dynamik variiert jedoch je nach untersuchtem Maßstab. Die vorliegende Studie zielte darauf ab, eine Wissenslücke zu schließen, indem sie ein detailliertes Bild der räumlichen und zeitlichen Dynamik dieser Bodenmikroorganismen auf der Plotskala liefert.

Wir wählten einen ungedüngten, mehrjährigen Grünlandstandort aus, da dort ein effizienter und eng an das Pflanzenwachstum gekoppelter Stickstoffkreislauf angenommen wird. Während einer Vegetationsperiode wurden zu sechs Zeitpunkten je 60 Bodenproben von einer Fläche von 10 m × 10 m entnommen und die Abundanzen von Markergenen für die Gesamtzahl an Archaeen (einzellige Mikroorganismen) und Bakterien, stickstofffixierenden Bakterien, ammoniakoxidierenden Archaeen und Bakterien sowie denitrifizierenden Bakterien bestimmt. Die potenzielle Nitrifikations- (PNA) und Denitrifikationsaktivität (DEA) wurden bestimmt.

Dabei wurden saisonale Veränderungen in den Abundanzmustern der Markergene festgestellt, die mit Veränderungen in der Substratverfügbarkeit in Verbindung mit Pflanzenwachstumsstadien assoziiert waren. Die potenziellen Nitrifikations- und Denitrifikations-Enzymaktivitäten waren auf der untersuchten Skala stark räumlich strukturiert, entsprechend der Perioden schnellen Pflanzenwachstums im Juni und weniger schnellen Wachstums im Oktober. Ihre räumliche Verteilung war ähnlich, was einen visuellen Beweis für eine starke räumliche und zeitliche Abhängigkeit auf dieser Skala lieferte. Die zeitliche Variabilität der am Stickstoffkreislauf beteiligten Gemeinschaften im Vergleich zur Stabilität ihrer jeweiligen potenziellen Aktivitäten lieferte sowohl Hinweise auf eine kurzzei-

Boden- & Stoffkreisläufe

tige Nischenaufteilung als auch auf eine gewisse mikrobielle funktionelle Redundanz.

Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass in einem ungedüngten Grünland auf der Meterskala die Abundanzen mikrobieller, am Stickstoffkreislauf beteiligter Organismen vorübergehende Veränderungen aufweisen können, während die Stickstoffkreislaufprozesse selbst stabil bleiben.



Autor*innen

Regan K. M., **Stempfhuber B.**, Marhan S.

Erschienen als

Spatial and temporal dynamics of nitrogen fixing, nitrifying and denitrifying microbes in an unfertilized grassland soil.

Soil Biology and Biochemistry 109: 214–226 (2017)

doi: 10.1016/j.soilbio.2016.11.011

Foto

Regan K. M.

Artenvielfalt von Mikroalgen in Biokrusten in Wäldern mit unterschiedlicher Bewirtschaftungsintensität

Biologische Bodenkrusten (Biokrusten) haben wichtige ökologische Funktionen wie die Stabilisierung freien Bodens und Anreicherung von Nährstoffen. Biokrusten bedecken die obersten Millimeter des Bodens und bestehen aus Mikroalgen, Pilzen, Bakterien, Flechten und Moosen. Biokrusten entwickeln sich rasch auf freiem Boden, wie er auch regelmäßig in Wäldern aufgrund verschiedener Störungen vorkommt. Solche Störungen können natürlich sein, wie Wühlstellen von Wildschweinen oder Windbruch, oder menschengemacht, wie Kahlschlag oder Rückegassen.

Änderungen in der Landnutzungsintensität haben einen starken Einfluss auf das Ausmaß solcher Störungen und allgemein auf die Artenvielfalt. Wie allerdings die Biokrusten beeinflusst werden, ist bislang unbekannt. Um diese Wissenslücke zu schließen, wurden Biokrusten im Biodiversitäts-Exploratorium Schorfheide-Chorin in unterschiedlich stark bewirtschafteten Wäldern gesammelt und die Vielfalt der Mikroalgen untersucht.

Mikroalgen nehmen in den Biokrusten eine Schlüsselposition ein, da sie als Primärproduzenten energiereiche Kohlenstoffverbindungen akkumulieren und damit die Rolle der Pflanzen einnehmen. In den Biokrusten der deutschen Wälder zeigte sich eine große Vielfalt von Algen, deren Gesamtheit durch stärkere Landnutzung leicht positiv beeinflusst wurde.

Es ist herauszustellen, dass der Anteil an fädigen Algen (im Gegensatz zu den einzelligen Algen) dagegen mit zunehmender Landnutzung abnahm. Diese Tendenz ist insofern negativ für die Entstehung der Biokruste als dass die fädigen Algen die Bodenpartikel „durchweben“, diese dabei verkleben und damit wesentlich für die Stabilisierung des Bodens sind. Außerdem zeigte die Anzahl

Boden- & Stoffkreisläufe

der Mikroalgen einen positiven Zusammenhang mit dem Anteil an anorganischem Phosphat. Es ist daher möglich, dass die Landnutzung über die Beeinflussung der Artenvielfalt der Mikroalgen auch die Nährstoffkreisläufe in den obersten Bodenschichten beeinflusst.



Autor*innen

Glaser K., Baumann K., Leinweber P., Mikhailyuk T., Karsten U.

Erschienen als

Algal richness in BSCs in forests under different management intensity with some implications for P cycling.

Biogeoscience 15: 4.181–4.192 (2018)

doi: 10.5194/bg-15-4181-2018

Foto

Glaser K.

Die Landnutzungsintensität im Grünland beeinflusst das Auswaschungsrisiko von Nitrat deutlich stärker als die Pflanzenartenvielfalt

Die Intensivierung der Landnutzung trägt wesentlich zu klimatischen und ökosystemaren Veränderungen bei und beeinflusst so auch zahlreiche Nährstoffflüsse im Boden. Unter anderem sind die Eutrophierung von Oberflächengewässern und die Kontamination von Grundwasser, beispielsweise durch Nitrat, die Folge. Somit sind Veränderungen der Nährstoffkonzentrationen im Boden ein hilfreicher Indikator, um Umweltrisiken im Zusammenhang mit intensiver Landnutzung aufzudecken.

Wir haben die Konzentrationen von Nitrat ($\text{NO}_3\text{-N}$), Ammonium ($\text{NH}_4\text{-N}$), Phosphor, Kalium, Magnesium und Calcium mit 1.326 sogenannten Ionenaustauschbeuteln gemessen. Diese mit einem künstlichen Austauschharz gefüllten Beutel wurden für fünf Monate in 150 Grünlandbeständen in 20 cm Tiefe vergraben. Sie befanden sich damit später der Hauptwurzelzone der Pflanzen. Die später im Labor extrahierten Nährstoffkonzentrationen wurden mit der Landnutzungsintensität, d. h. der Düngung, Mahd und Beweidung, sowie der Pflanzenartenvielfalt in Beziehung gesetzt. Darüber hinaus evaluierten wir die Veränderung der Bodennährstoffkonzentrationen in 73 Grünlandflächen nach einer mechanischen Störung der jeweiligen Grasnarbe, die in der gängigen Praxis etwa bei der Grünlanderneuerung häufig Anwendung findet.

Die Intensität der Landnutzung, insbesondere die Düngung, erhöhte die Konzentrationen von Nitrat, Ammonium, Kalium, Phosphor und auch Magnesium deutlich. Neben der Düngung erhöhte auch die Intensität der Beweidung die Nitrat- und Kaliumkonzentrationen signifikant. Der Pflanzenartenreichtum der Flächen war nur leicht negativ mit den Phosphor- und Nitratkonzentrationen im Boden korreliert. Das Aufbrechen der Grasnarbe erhöhte trotz gleichzeitiger Ansaat die Nitratkonzentrationen drastisch, wodurch das Risiko

Boden- & Stoffkreisläufe

einer Nitratauswaschung stieg. Daraus resultiert die Empfehlung, dass die Störung der Grasnarbe zur Erneuerung von Dauergrünland nach Möglichkeit vermieden und die Düngung auf ein notwendiges Maß reduziert werden sollte, um das Grundwasser zukünftig vor Eintrag zu schützen.



Autor*innen

Klaus V. H., Kleinebecker T., Busch V., Fischer M., Hölzel N., Nowak S., Prati D., Schäfer D., Schöning I., Schrupf M., Hamer U.

Erschienen als

Land use intensity, rather than plant species richness, affects the leaching risk of multiple nutrients from permanent grasslands.

Global Change Biology 27: 2.828–2.840 (2018)

doi: 10.1111/gcb.14123

Foto

Klaus V. H.

Helpen Lipidprofile dabei, Nahrungsnetze im Boden zu beschreiben?

Das Wissen über Struktur und Funktion des Nahrungsnetzes liefert wichtige Informationen über Energieflüsse und die Reaktion des Ökosystems auf Umweltveränderungen. Biomarkerfettsäuren zur Zuordnung von Räuber-Beute-Beziehungen sind in der Nahrungsnetzforschung gut etabliert. Eine Anwendung unter Einbeziehen ganzer Tiergruppen in einem Habitat ist bisher in Bodenökosystemen jedoch nicht erfolgt.

Hier zeigen wir, dass die Analyse der Lipide ganzer Gemeinschaften von Konsumenten als Bestimmungswerkzeug in Nahrungsnetzen genutzt werden kann. Freilebende Bodennematoden (Fadenwürmer), die sich durch eine hohe trophische Diversität auszeichnen, wurden als Modell verwendet. Für jede Nematodengemeinschaft wurden charakteristische Lipidprofile erstellt. Als Voraussetzung dafür diente eine Lipidbibliothek, in der trophische Markerfettsäuren ihrem hauptsächlichsten organismischen Ursprung zugeordnet wurden. Dies diente dazu, Unterschiede im Ernährungstyp und Unterschiede durch den Lipidstoffwechsel der Konsumenten herauszuarbeiten.

Die Eignung der Lipidprofile wurde an 150 Waldstandorten mit unterschiedlicher Bewirtschaftungsart und -intensität in den drei Biodiversitäts-Exploratorien getestet. Die Nematodenprofile spiegelten die ökosystemaren Bedingungen gut wider und trennten sowohl die Regionen als auch Waldlebensräume, d. h. Nadel- und Laubstandorte, voneinander ab. Über die Lipidprofile konnten wir darüber hinaus untersuchen, ob Umwelteigenschaften die Zusammensetzung der Konsumenten oder deren Ernährungsweise oder beides verändern. Die Nutzungsintensität der Waldbewirtschaftung wurde mittels der Lipidprofile nur schlecht zugeordnet. Die artspezifischen Unterschiede hatten einen wesentlich größeren Ein-

Boden- & Stoffkreisläufe

fluss auf die Ausprägung der Lipidprofile als die Bewirtschaftungsintensität.

Wir schlagen Lipidprofiling als eine schnelle und robuste biochemische Methode zur Analyse von Nahrungsnetzen im Boden vor. Unter der Voraussetzung, dass sich die untersuchten organismischen Gemeinschaften im Lipidstoffwechsel wesentlich unterscheiden, geben Lipidmuster Einblick in Veränderungen in deren Struktur sowie Nachweise der Hauptnahrung im Freiland.



Autor*innen

Kühn J., Richter A., Kahl T., Bauhus J.,
Schöning I., **Ruess L.**

Erschienen als

Community level lipid profiling of consumers
as a tool for soil food web diagnostics.
Methods in Ecology and Evolution 9: 1.265–
1.275 (2018)

doi: 10.1111/2041-210X.12966

Foto

Seiml-Buchinger R.

Beeinflusst Pflanzendiversität die Wasserbilanz von etablierten Grünlandssystemen?

In Experimenten wurde gezeigt, dass die pflanzliche Biodiversität den Wasserkreislauf verändert. Unklar ist jedoch, ob dies auch auf etablierte, seit Längerem bewirtschaftete Landnutzungssysteme zutrifft. Deshalb untersuchten wir, wie ausgewählte Wasserhaushaltsparameter im Boden mit der Landnutzung und der Pflanzenvielfalt im landwirtschaftlich bewirtschafteten Grünland zusammenhängen. Dazu gehören die aktuelle Evapotranspiration (Summe aus Transpiration und Verdunstung), das Sickerwasser und der kapillare Wasseraufstieg (Aufsteigen von Grund- und Stauwasser).

In den drei Biodiversitäts-Exploratorien untersuchten wir insgesamt 29 Grünlandparzellen, die in jeder Region mindestens 3 Parzellen pro Landnutzungsklasse Weide, gemähtes Weideland und Weise umfassten. Von 2010 bis 2015 haben wir auf jeder Fläche die Bodenfeuchte, die meteorologischen Bedingungen, den Pflanzenartenreichtum, die Pflanzendeckung der Oberfläche, die Artenzahlen funktioneller Gruppen (Gräser, Kräuter und Leguminosen), die oberirdische Biomasse und die Wurzelbiomasse gemessen. Jährliche Wasserhaushaltsparameter wurden für zwei Bodenschichten – den mineralischen Ober- und Unterboden – mit einem Bodenwasserhaushaltsmodell berechnet und statistisch auf Landnutzungs- und Biodiversitätseffekte analysiert.

Die Wasserflüsse wurden durch die Landnutzungsklasse nicht signifikant beeinflusst. Der kapillare Wasseraufstieg variierte nicht zwischen Parzellen mit unterschiedlichem Artenreichtum und der Zusammensetzung der funktionellen Pflanzengruppen. Das Sickerwasser aus dem Oberboden nahm mit zunehmender Anzahl von Grasarten zu. Die Evapotranspiration aus dem Oberboden nahm mit zunehmender Artenvielfalt und mit der Anzahl der Kräuter- oder Leguminosenarten ab, während die Evapotranspiration aus dem

Boden- & Stoffkreisläufe

Unterboden zunahm. Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Pflanzendiversität beeinflusst, aus welcher Bodentiefe Wasser in die Pflanzen aufgenommen wird. Allerdings konnten die dem zugrunde liegenden Prozesse für etabliertes Grünland nicht vollständig geklärt werden, sodass weitere Untersuchungen zur Beantwortung dieser Fragestellung nötig sind.



Autor*innen

Leimer S., Bischoff S., Boch S., Busch V., Escher P., Fischer M., Hänsel F., Hölzel N., Kerber K., Klaus V. H., Kleinebecker T., Michalzik B., Nauss T., Schäfer D., Schöning I., Schwarz M.T., Siemens J., Thieme L., Wöllauer S., **Wilcke W.**

Erschienen als

Does plant diversity affect the water balance of established grassland systems?
Ecohydrology 11: 1-13 (2018)

doi: 10.1002/eco.1945

Foto

Schwarz M.

Regionale Umweltbedingungen haben einen stärkeren Einfluss auf die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft als die lokale Waldnutzungsintensität

Mikroorganismen in Waldböden erbringen wesentliche Ökosystemleistungen, wie den Abbau organischer Substanz und die Mineralisierung von Nährstoffen. Die Struktur und Funktion der mikrobiellen Gemeinschaft kann jedoch durch Umweltbedingungen wie regionales Klima und Bodeneigenschaften und darüber hinaus durch menschliche Aktivitäten wie die Waldbewirtschaftung beeinflusst werden.

Wir untersuchten die Biomasse und Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaften an 150 Waldstandorten in der organischen Auflage und im oberen Mineralboden (0 bis 10 cm) in drei Regionen Deutschlands (Schwäbische Alb, Hainich-Dün, Schorfheide-Chorin) mittels Phospholipidfettsäuren (PLFA). Dabei erhoben wir verschiedene Umweltvariablen, daneben haben wir die Intensität der Landnutzung über den *Forest-Management-Intensity-Index* (ForMI) charakterisiert.

Die Gesamtmenge der PLFAs, als Maß für die mikrobielle Biomasse, nahm in der organischen Auflage von der Schwäbischen Alb über Hainich-Dün bis Schorfheide-Chorin, also von Süden über die Mitte Deutschlands nach Nordosten hin, ab. Im Gegensatz dazu wiesen die Wälder im Hainich-Dün im Mineralboden die höchste Biomasse auf. In der organischen Auflage waren grampositive Bakterien und Pilze und im Mineralboden zudem gramnegative und Aktinobakterien für diese regionalen Unterschiede verantwortlich. Die Bodenmikroorganismen wurden vor allem von Standort und Umweltvariablen beeinflusst, insbesondere durch den Wassergehalt in der organischen Schicht und die Bodentextur im Mineralboden.

Auf der Grundlage des ForMI wurden die verschiedenen Waldstandorte in 4 Bewirtschaftungsgruppen (Nadelbäume sowie Laubbäume mit niedriger, mittlerer und hoher Nutzungsintensität) klassifiziert. Im Mineralboden nahm innerhalb der Regionen die Pilzbiomasse in

Boden- & Stoffkreisläufe

der organischen Auflage mit der Bewirtschaftungsintensität auf der Schwäbischen Alb ab und in den Mineralböden der Region Hainich-Dün zu. Die mikrobielle Gemeinschaftsstruktur war zwischen Nadel- und Laubwäldern in allen drei Regionen sehr unterschiedlich und zeigte zudem in Schorfheide-Chorin eine Trennung nach der Nutzungsintensität.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Biomasse und die Struktur mikrobieller Gemeinschaften mehr durch regionale Bedingungen, einschließlich Umweltfaktoren wie Feuchtigkeit, Bodentextur, Kohlenstoff-Stickstoff-Verhältnis und pH-Wert, als durch die Intensität der Waldbewirtschaftung beeinflusst wurden. Auf lokaler Ebene werden Bodenmikroorganismen jedoch auch durch die Waldnutzung verändert, insbesondere wirkt hier die Zusammensetzung der Baumarten.



Autor*innen

Richter A., Schöning I., Kahl T., Bauhus J.,
Ruess L.

Erschienen als

Regional environmental conditions shape microbial community structure stronger than local forest management intensity. *Forest Ecology and Management* 409: 250–259 (2018)

doi: 10.1016/j.foreco.2017.11.027.

Foto

Richter A.

Bodenprobenahme entlang eines Transekts

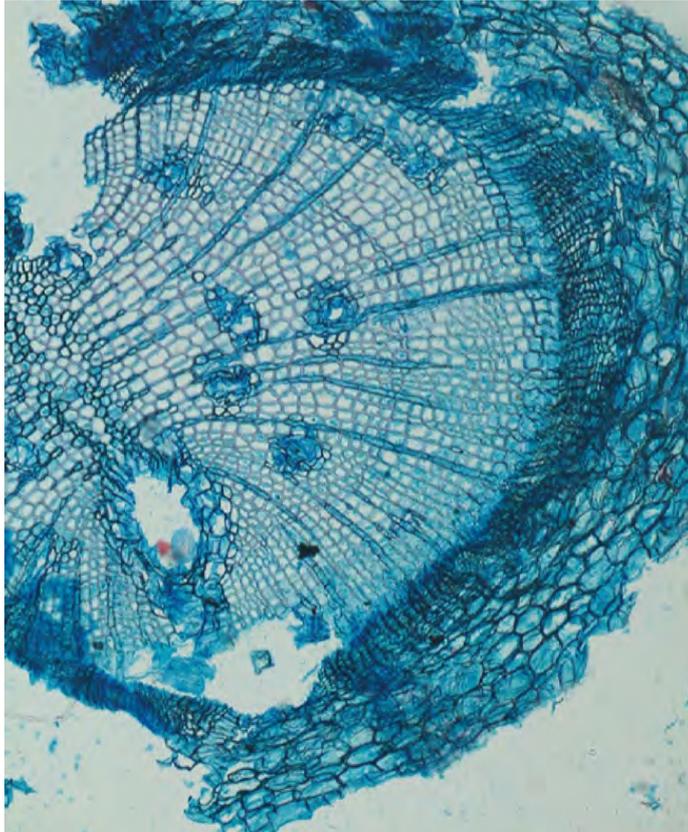
Über das echte Alter von Feinwurzeln

Zum Wachsen und Leben sind Bäume auf Wasser und Nährstoffe angewiesen, die sie über ihre Feinwurzeln aus dem Boden aufnehmen.

Wir untersuchten das Alter der Feinwurzeln von einigen Hundert Bäumen, die in Wäldern der gemäßigten Zone, der borealen Zone und der subarktischen Region wachsen. Dazu schätzten wir zum einen das Alter des Kohlenstoffs (C), aus dem die Wurzeln aufgebaut wurden, anhand der vorhandenen ^{14}C -Kohlenstoffisotope. Bei den Feinwurzeln wurde so, je nach Art und Herkunft der Bäume, ein mittleres Alter von zehn bis zwanzig Jahren gemessen. An denselben Feinwurzeln zählten wir auch die Jahresringe, die sehr viel jüngere Durchschnittsalter der Feinwurzeln lieferten. Sie lagen zwischen ein und drei Jahren bei Bäumen der gemäßigten und borealen Zone und waren nur bei Bäumen an der subarktischen Baumgrenze mit vier bis zwölf Jahren deutlich älter. Damit ergab die Jahresringmethode durchschnittlich zehn Jahre jüngere Wurzeln im Vergleich zur Radiokarbonmethode. Diese Altersunterschiede zeigen, dass neue Feinwurzeln aus älteren Kohlenstoffreserven der Pflanzen gebildet werden.

Dass Kohlenstoffreserven maßgeblich zum Aufbau der Feinwurzeln beitragen, war bisher nicht bekannt. Diese Art der Kohlenstoffnutzung fungiert aber als wichtige Überlebensstrategie der Pflanzen, die eine Anpassung an variable Umweltbedingungen erlaubt: Kohlenstoff, unter günstigen Klimabedingungen durch Photosynthese aufgenommen, kann später in trockenen Jahren zur Ausbildung der Feinwurzeln eingesetzt werden, die für die Wasser- und Nährstoffaufnahme so wichtig sind. Bisher wurde die Menge der organischen Substanz, die durch absterbende Wurzeln beständig in den Boden eingetragen wird, unterschätzt.

Die neuen Erkenntnisse werden unser Verständnis der Kohlenstoffversorgung in den Pflanzen und damit auch unsere Modelle des Kohlenstoffkreislaufs wesentlich verbessern.



Autor*innen

Solly E., Brunner I., Helmisaari H.-S., Herzog C., Leppälampi-Kujansuu J., **Schöning I.**, Schrupf M., Schweingruber F., Trumbore S., Hagedorn F.

Erschienen als

Unravelling the age of fine roots of temperate and boreal forests.

Nature Communications 9: 3.006 (2018)

doi: 10.1038/S41467-018-05460-6

Foto

Solly E., Schweingruber F.

Die Rolle von Bodeneigenschaften, Landnutzung und Pflanzenartenvielfalt für den mikrobiellen Phosphor im Boden

Die Intensität der landwirtschaftlichen Bewirtschaftung beeinflusst die Bodeneigenschaften wie zum Beispiel die Gehalte an organischem Kohlenstoff und den pH-Wert des Bodens, die sich wiederum auch auf die Artenvielfalt der Pflanzen auswirken können. Solche Änderungen können auch den mikrobiellen Phosphorpool beeinflussen, der eine wichtige Komponente des Phosphorkreislaufes darstellt.

Unser Ziel war es, die Steuergrößen für den mikrobiellen Phosphorpool im Grünland und im Wald zu identifizieren und herauszufinden, ob diese sich zwischen Region und unterschiedlichen Bewirtschaftungsmaßnahmen unterscheiden. Dafür untersuchten wir Bodenproben aus den drei Biodiversitäts-Exploratorien Schwäbische Alb, Hainich-Dün und Schorfheide-Chorin.

Im Gegensatz zu den bekannten Steuergrößen für die mikrobielle Biomasse war der mikrobielle Phosphorpool abhängig vom pH-Wert des Bodens. Außerdem übte die Artenvielfalt der Pflanzen durch die Beeinflussung des organischen Kohlenstoffgehaltes einen Einfluss auf den mikrobiellen Phosphorpool im Boden aus. Diese Steuergrößen unterschieden sich in ihrer Ausprägung teilweise zwischen den Regionen und riefen damit regionsspezifische Gehalte an mikrobiellem Phosphor im Boden hervor. So waren die Gehalte an mikrobiellem Phosphor am höchsten in Böden auf der Schwäbischen Alb. Das traf für Wald- und Grünlandstandorte gleichermaßen zu und kann mit den höheren jährlichen Niederschlagssummen und dem höheren pH-Wert im Boden auf der Schwäbischen Alb im Vergleich mit den Regionen Hainich-Dün und Schorfheide-Chorin erklärt werden. Allerdings hatten Bewirtschaftungsmaßnahmen keinen Einfluss auf die mikrobiellen Phosphorpools – weder im Grünland noch im Wald. Somit sind die land- und forstwirtschaftliche Bewirtschaftung von untergeordneter Bedeutung im Vergleich mit den regionalen Unterschieden in den Bodeneigenschaften.

Boden- & Stoffkreisläufe



Autor*innen

Sorkau E., Boch S., Boeddinghaus R., Bonkowski M., Fischer M., Kandeler E., Klaus V., Kleinebecker T., Marhan S., Müller J., Prati D., Schöning I., Schrupf M., Weinert J., Oelmann Y.

Erschienen als

The role of soil chemical properties, land use and plant diversity for microbial phosphorus in forest and grassland soils.

Journal of Plant Nutrition and Soil Science
181: 185–197 (2018)

doi: 10.1002/jpln.2017000

Foto

Müller J.

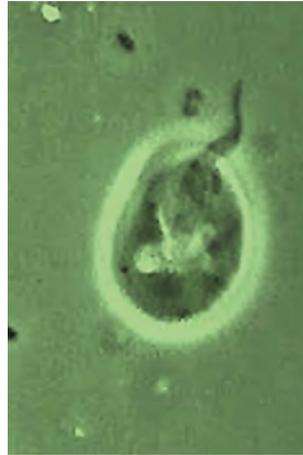
Die verborgene Vielfalt von begeißelten Protisten im Boden

Protisten gehören zu den vielfältigsten und am häufigsten vorkommenden Eukaryonten im Boden. Die Lücken zwischen beschriebenen und sequenzierten Protisten-Morphospezies stellen jedoch immer noch ein offenes Problem dar, wenn Umweltproben mit molekularen Methoden untersucht werden.

Die Anzahl der Sequenzen in molekularen Datenbanken (ca. 130.000) ist im Vergleich zu dem erwarteten Artenreichtum (>>1 Million Protistenarten) begrenzt – was die Wiederfundrate stark einschränkt. Dies aber ist wichtig, da Hochdurchsatz-Sequenzierungsmethoden verwendet werden, um assoziative Muster zwischen funktionellen Merkmalen, Taxa und Umweltparametern zu finden.

Wir führten Hochdurchsatzsequenzierungen durch, um Bodenflagellaten in 150 Grünlandflächen Mitteleuropas zu untersuchen, und testeten die Wiederfundrate für zehn zuvor isolierte und kultivierte Flagellatenarten. Bei den Bodenuntersuchungen haben wir Sequenzen für erwartete Flagellatenmorphoarten, aber auch eine große Anzahl ihrer genetischen Varianten – möglicherweise verschiedene Arten – unter seltenen und dominanten Taxa mit vermutlich eigener Biogeografie. Wir haben dominante (verschiedene Amöboflagellaten), seltene (Rüsselflagellaten oder Apusozoen) und eine große bisher unbekannte Vielfalt von überwiegend aus dem aquatischen Bereich bekannten Protisten (z. B. Kragengeißelflagellaten) in Bodenproben registriert. Diese gehören häufig zu bisher unbekanntem taxonomischen Gruppen, die mit nicht kultivierten Umweltsequenzen assoziiert sind. Bei der Bewertung der einzelnen Sequenzen anstelle der OTUs (*operating taxonomic units*), in die normalerweise einzelne Sequenzen eingeordnet werden, haben wir festgestellt, dass ein Großteil dieser versteckten Vielfalt aufgrund von Clusterbildung verloren gehen kann.

Boden- & Stoffkreisläufe



Autor*innen

Venter P. C., Nitsche F., Arndt H.

Erschienen als

The hidden diversity of flagellated protists in soil.

Protist 169: 432–449 (2018)

doi: 10.1016/j.protis.2018.04.007

Fotos

A und B: Arndt H.,

C: Brabender M.

Typische Bodenflagellaten: ein Rüsselflagellat (*Apusomonas*, (A)) und zwei neue im Hainich-Dün gefundene Amöboflagellatenarten, *Cercomonas jendrali* sp. nov. (B), rechts davon der nach den Exploratorien benannte *Eocercomonas exploratorii* (C); alle Einzeller sind nur zwischen 5 und 7 µm lang

Die Zusammensetzung der Nahrungsketten beeinflussen die Bodenatmung in Grünlandböden unterschiedlicher Bewirtschaftungsintensität

Bodenorganismen beeinflussen wesentliche ökologische Funktionen wie Kohlenstoffspeicherung, Nährstoffumsatz und Produktivität. Unklar ist jedoch bisher, inwiefern sich der Beitrag der Bodenorganismen in unterschiedlichen Landnutzungstypen verändert.

In einem Mikrokosmosexperiment wurde die Wirkung verschiedener Nahrungsketten auf die Bodenatmung in Grünlandböden untersucht. Die Nahrungsketten beinhalteten in den Experimenten verschiedene Kombinationen von Bodenmikroorganismen, Fadenwürmern und räuberischen Milben. Der Boden wurde aus drei unterschiedlich bewirtschafteten Grünlandsystemen (Wiese, Weide und gemähtes Weideland) der drei Biodiversitäts-Exploratorien gesammelt.

Die Anwesenheit von Fadenwürmern erhöhte die Bodenatmung in den meisten Experimenten signifikant, wobei dieser Effekt je nach Grünlandsystem variierte. Die Anwesenheit von Fadenwürmern stimulierte die Stoffwechselaktivität der Bodenmikroorganismen in einer Vielzahl von Grünlandböden. Die Anwesenheit von räuberischen Milben verstärkte wiederum die Wirkung von Fadenwürmern auf die mikrobielle Stoffwechselaktivität leicht, allerdings nur auf Weiden. Dieses Ergebnis ist höchstwahrscheinlich auf die unterschiedliche Häufigkeit von Fadenwürmern in den Grünlandsystemen zurückzuführen. Die Anwesenheit von räuberischen Milben verstärkt somit den Einfluss der Umweltbedingungen auf Fadenwürmer und damit die Varianz der Bodenatmung.

Die Mikrofauna hat damit einen nicht unerheblichen Effekt auf den Beitrag zur Klimaregulierung des Bodens und steht in Abhängigkeit zur angewandten Landnutzung. Dies zeigt die Notwendigkeit, bei der Bewertung des Beitrags der Bodenfauna zu Bodenprozessen

Boden- & Stoffkreisläufe

die Unterschiede in der Landnutzung zu berücksichtigen. Negative Effekte einer intensivierten Landwirtschaft, wie die erhöhte Freisetzung atmosphärischen Kohlenstoffs, können durch den Einsatz von Bewirtschaftungsverfahren reduziert werden, solange wesentliche Merkmale des unterirdischen Nahrungsnetzes intakt bleiben.



Autor*innen

Zaitsev A.S., **Birkhofer K.**, Ekschmitt K.,
Wolters V.

Erschienen als

Belowground Tritrophic Food Chain Modulates Soil Respiration in Grasslands.
Pedosphere 28: 114–123 (2018)

doi: 10.1016/S1002-0160(18)60008-6

Foto

Birkhofer K.

Biologische Bodenkrusten als zentrales Element im biogeochemischen Phos- phorkreislauf während der Bodenbildung auf sandigem Substrat

Biologische Bodenkrusten sind eine komplexe Gemeinschaft aus photosynthetisch aktiven Grünalgen, Cyanobakterien, Moosen und Flechten, heterotrophen Pilzen, Protozoen (einzellige Organismen) und Bakterien, die die obersten Millimeter des Bodens bedecken. Die Organismengemeinschaft bildet ein Mikroökosystem, dessen ökologische Funktion vor allem bei Pionierbesiedlung von offenen Böden von Bedeutung ist. Über die Rolle von Phosphor (P) in biologischen Bodenkrusten sowie die Rolle dieser Krusten im biogeochemischen P-Kreislauf ist wenig bekannt.

Für diese Studie wurden daher Krusten und krustenfreier Boden entlang eines Sediment-Verwitterungsgradienten gesammelt. Dieser reichte von nicht verwittertem Dünensand an der Ostseeküste bis hin zu stark verwitterten Weichseleiszeit-beeinflussten Sanden bei Berlin. Mithilfe unterschiedlichster Verfahren wurde der Phosphorgehalt, das Vorkommen anorganischen und organischen Phosphors, seine Bindung zu anderen Elementen, auch auf mikroskaliger Ebene, sowie sein Vorkommen in verschiedensten krustenbildenden Mikroorganismen in den Proben ermittelt.

Die Gesamtphosphorkonzentration war nicht mit dem Feldspatverwitterungs-Index korreliert. Allerdings nahm die Konzentration von stabilem Phosphor (v. a. Calcium-gebundenes P) stark ab, während labiles (und damit bioverfügbares) Phosphor in den Krusten mit zunehmender Sedimentverwitterung anstieg. Die Heterogenität innerhalb von Krusten konnte exemplarisch auf der Mikrometerskala durch Elementkartierung gezeigt werden. Die Anteile von Lipid-Phosphor wiesen auf einen konstanten Anteil an lebender Biomasse in Krusten entlang des Gradienten hin; Gram-positive Bakterien nahmen mit zunehmender Sedimentverwitterung ab.

Wir schlussfolgerten, dass biologische Bodenkrustengemeinschaften eine Schlüsselrolle im biogeochemischen P-Kreislauf spielen, indem sie insbesondere stabiles Phosphor in leicht verfügbares Phosphor umwandeln.



Autor*innen

Baumann K., Siebers M., Kruse J., Eckhardt K. U., Hu Y., Michalik D., Siebers N., Kar G., Karsten U., Leinweber P.

Erschienen als

Biological soil crusts as key player in biogeochemical P cycling during pedogenesis of sandy substrate.

Geoderma 338: 145–158 (2019)

doi: 10.1016/j.geoderma.2018.11.034

Foto

Baumann K.

Mikrobielle Besiedlungsstrategien und Ressourcennutzung in Grünlandböden mit unterschiedlicher Landnutzungsintensität

Die Mineralosphäre ist ein Lebensraum, in dem es zu intensiven Austauschprozessen zwischen Bodenmikroorganismen, der organischen Bodensubstanz und unterschiedlichen Mineralen kommt. Im Gegensatz zu der Rhizosphäre (Grenzschicht zwischen Wurzeln und Bodenmikroorganismen) und der Detritusosphäre (Grenzschicht zwischen Streu und Boden) ist dieses Mikrohabitat bisher nur wenig untersucht.

Wir haben folgende Mechanismen näher untersucht, die zu einem Anstieg der räumlichen Heterogenität in Grünlandböden führen: Kolonisierung von neuen Oberflächen (Minerale, organo-mineralische Komplexe, Wurzelstreu) und Aufteilung der Ressourcen zwischen Bakterien und Pilzen.

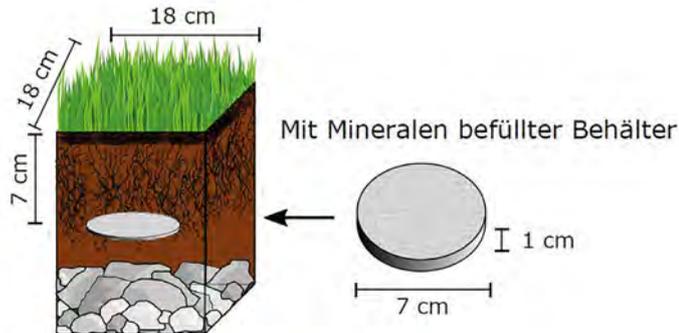
Zu diesem Zweck haben wir reaktive Minerale (Illit und Goethit) gemeinsam mit markierten Wurzeln des Gewöhnlichen Knäuelgrases (*Dactylis glomerata*) in mit Netz bespannten Behältern in Grünlandböden unterschiedlicher Landnutzungsintensität in der Schwäbischen Alb für bis zu 31 Monate vergraben. Dabei ging es um die Frage, wie schnell verschiedene Bodenmikroorganismen die neue Ressource nutzen.

Ein Hauptergebnis dieser Studie ist der Nachweis der raschen Besiedlung neuer Oberflächen durch Pilze. Dieses Ergebnis konnten wir durch die Wuchsform von Pilzen erklären, die Nahrungsquellen durch ihr Hyphenwachstum rascher als Bakterien erschließen können. Bakterien und Pilze bauten den aus der Wurzelstreu stammenden Kohlenstoff in ihre Körpersubstanz ein. Für die Nahrungswahl von Bakterien und Pilzen in Grünlandböden spielte auch das veränderte Nahrungsangebot bei unterschiedlicher Landnutzungsintensität eine wichtige Rolle. Während bei hoher Landnutzungsinten-

Boden- & Stoffkreisläufe

sität Mikroorganismen eine größere Auswahl an Nahrungsquellen hatten, nutzten vor allem Bakterien bei niedriger Landnutzungsintensität hauptsächlich die zugegebene Wurzelstreu.

Dieses Experiment hat unser Wissen über den Einfluss von Landnutzungsintensität auf Mikrohabitate, die durch Mikroorganismen aufgrund physikalischer und chemischer Eigenschaften über die Zeit besiedelt werden, vertieft.



Autor*innen

Kandeler E., Gebala A., Boeddinghaus R. S., Müller K., Rennert T., Soares M., Rousk J., Marhan S.

Erschienen als

The mineralosphere – Succession and physiology of bacteria and fungi colonising pristine minerals in grassland soils under different land-use intensities.

Soil Biology and Biochemistry 136: 107.534 (2019)

doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107534

Abbildung und Fotos

Gebala A.

Die reaktiven Minerale Illit und Goethit werden gemeinsam mit markierten Wurzeln des Gewöhnlichen Knäuelgrases (*Dactylis glomerata*) in mit Netz bespannten Behältern in Grünlandböden unterschiedlicher Landnutzungsintensität vergraben

Eigenschaften von gelöster organischer Substanz in Laub- und Nadelwäldern unter unterschiedlichem Management: unterschiedlich an der Quelle, ähnlich im Boden

Die gelöste organische Substanz (DOM) ist Teil des biogeochemischen Kohlenstoff- und Nährstoffkreislaufs, sie kann Schadstoffe transportieren und treibt die Bodenbildung an. Um unser Verständnis der Auswirkungen der Waldbewirtschaftung, insbesondere der Baumartenauswahl und der Bewirtschaftungsintensität auf DOM zu verbessern, haben wir an 26 Waldstandorten in den drei Regionen der Biodiversitäts-Exploratorien Bestandsniederschläge, Stammabflüsse, Streusickerwässer und mineralische Bodenlösungen chemisch untersucht. Diese Untersuchungen umfassten Waldbestände dreier Bewirtschaftungskategorien (Nadel-, Laubwald-Altersklassen und unbewirtschaftete Buchenwälder). In Wasserproben aus diesen Wäldern überwachten wir über einen Zeitraum von vier Jahren die Konzentrationen des gelösten organisch gebundenen Kohlenstoffs (DOC) und charakterisierten die chemische Zusammensetzung des DOM mit verschiedenen analytischen Methoden. Zusätzlich führten wir mikrobiologische Abbautests durch.

Die Hauptbaumarten beeinflussten Konzentrationen und Qualität der DOM. Nadelwälder unterschieden sich von Laubwäldern durch größere Konzentrationen von gelöstem organischem Kohlenstoff. Im Bestandsniederschlag, Stammabfluss und Streusickerwasser waren Moleküle mit lignin- und proteinähnlichen Strukturen häufiger vertreten als Moleküle mit tanninähnlichen Strukturen. Diese Unterschiede verringerten sich mit zunehmender Bodentiefe, sodass sich die DOM-Zusammensetzungen, die in oberirdischen Proben je nach Baumart stark variierten, im Mineralboden angleichen. Diese sukzessive Angleichung der DOM-Zusammensetzung entlang des Wasserweges durch den Wald in den Mineralboden wird wahrscheinlich (i) durch freigesetzte mikrobielle Stoffwechselprodukte und (ii) durch die Mineralisierung und Sorption von DOM verursacht, wodurch ein charakteristisches Muster organischer

Boden- & Stoffkreisläufe

Verbindungen in tieferen Horizonten von Waldböden entsteht. Wir fanden analoge Auswirkungen des Probenotyps auf die biologische Abbaubarkeit von DOM, aber überraschenderweise keine Unterschiede zwischen Laub- und Nadelwäldern. Die Intensität der Waldbewirtschaftung, die hauptsächlich durch die Biomasseentnahme, den Beitrag nicht standortangepasster Arten und die Totholzmasse bestimmt wird, beeinflusste die DOC-Konzentrationen, die DOM-Zusammensetzung und die Eigenschaften kaum.



Autor*innen

Thieme L., Graeber D., Hofmann D., Bischoff S., Schwarz M.T., Steffen B., Meyer U.-N., Kaupenjohann M., Wilcke W., Michalzik B., Siemens J.

Erschienen als

Dissolved organic matter characteristics of deciduous and coniferous forests with variable management: different at the source, aligned in the soil.

Biogeosciences 16: 1.411–1.432 (2019)

doi: 10.5194/bg-16-1411-2019

Foto

Thieme L.

Die Landnutzungsintensität im Grünland beeinflusst die Aktivität und Effizienz von Enzymen im Wurzelraum verschiedener Pflanzenarten

Die Rhizosphäre von Pflanzen, also der Boden in direkter Umgebung der Pflanzenwurzeln, ist ein Hotspot mikrobieller Aktivität und somit von Nährstoffumsatzprozessen. Hier wird die Verfügbarkeit von z. B. Kohlenstoff (C), Stickstoff (N) und Phosphor (P) kontrolliert. Bisher ist unklar, wie stark verschiedene Pflanzenarten und unterschiedliche Intensitäten der Grünlandnutzung (Düngung, Häufigkeit der Mahd, Beweidungsintensität) diese Nährstoffumsatzprozesse beeinflussen.

Um dies zu untersuchen, wurden auf sechs Dauergrünlandflächen unterschiedlicher Landnutzungsintensität (Region Hainich-Dün) insgesamt 37 Bodenproben aus der Rhizosphäre folgender Pflanzenarten entnommen: *Agrimonia eupatoria* (co, Lo), *Dactylis glomerata* (ex, Wi), *Lotus corniculatus* (co, Lo), *Taraxacum sect. ruderalia* (ex, Wi) und *Trifolium repens* (ex, Wi). Diese Pflanzenarten zählen entweder zu den Gewinnern (Wi) oder Verlierern (Lo) steigender Landnutzungsintensität, d. h., ihre Häufigkeit nimmt mit der Landnutzungsintensivierung entweder zu oder ab. Außerdem unterscheiden sich diese Pflanzenarten hinsichtlich ihrer Strategie, um Nährstoffe zu konkurrieren (entweder ausbeuterisch (ex) oder konservativ (co)).

Ziel dieser Studie war es, zu identifizieren, wie die Landnutzungsintensität die Aktivität und Effizienz von Enzymen in der Rhizosphäre beeinflusst. Untersucht wurden Enzyme, die am Kohlenstoffkreislauf, am Stickstoffkreislauf und am Phosphorkreislauf beteiligt sind.

Es zeigt sich, dass Aktivität und Effizienz der meisten Enzyme vor allem durch die Landnutzungsintensität beeinflusst werden und weniger von der betrachteten Pflanzenart abhängen. Dabei sind Veränderungen der Bodeneigenschaften (insbesondere des organischen Kohlenstoffs, des pH-Werts und des C-N-Verhältnisses) und

Boden- & Stoffkreisläufe

der Zusammensetzung der Pflanzengemeinschaft (Deckungsgrad von Kräutern und Pflanzenvielfalt) besonders wichtig. Nur einige Enzyme, die am Kohlenstoff- und Phosphorkreislauf beteiligt sind, weisen deutliche Unterschiede in Aktivität und Effizienz zwischen Gewinner- und Verliererarten intensiver Landnutzung auf. Rhizosphären häufiger Grünlandarten sind Hotspots des Abbaus von Hemizellulose, Chitin und organischem Phosphor, nicht aber des Abbaus von Zellulose.



Autor*innen

Tischer A., Sehl L., Meyer U.-N., Kleinebecker T., Klaus V., **Hamer U.**

Erschienen als

Land-use intensity shapes kinetics of extracellular enzymes in rhizosphere soil of agricultural grassland plant species.

Plant Soil 437: 215–239 (2019)

doi: 10.1007/s11104-019-03970-w

Foto

Sehl L.

Pflanzen

Artikel

Wurzelmerkmale variieren nicht immer analog zu Blattmerkmalen [S.062](#)

Klimawandalexperiment findet keinen allgemeinen Einfluss von Pflanzenartenzahl auf Kohlenstoff- und Stickstoffumsatz [S.064](#)

Kein Hinweis auf eine größere Plastizität bei Generalisten im Vergleich zu Spezialisten [S.066](#)

Grünland in Deutschland: Effekte der Nutzung auf die Diversität der Pflanzen [S.068](#)

Treiber intraspezifischer Merkmalsvariationen von Gräsern und Kräutern auf deutschen Wiesen und Weiden [S.070](#)

Abhängigkeit des Pflanzenwachstums im Grünland von verschiedenen ökologischen Parametern [S.072](#)

Erhöhung der Artenvielfalt im Grünland durch die Verwendung von regionalem Saatgut in Kombination mit einer mechanischen Oberbodenstörung [S.074](#)

Landnutzungsänderungen bewirken evolutionäre Veränderungen bei Grünlandpflanzen [S.076](#)

Der Verzicht auf Dünger fördert die Moosartenvielfalt auf Wiesen und Weiden [S.078](#)

Extensive Landnutzung fördert die Moosartenvielfalt im Grünland [S.080](#)

Lässt sich die Wachstumsleistung einer neuen Art in einer Gemeinschaft besser durch funktionelle Merkmale oder durch Informationen über deren Ko-Existenz mit anderen Pflanzenarten vorhersagen? [S.082](#)

Die Vielfalt funktioneller Pflanzenmerkmale wird vor allem von Nährstoffverfügbarkeit und Landnutzung beeinflusst [S.084](#)

Schneiden verringert die Unterschiede in der Biomassebildung in Futterpflanzen und erlaubt schwach wachsenden Pflanzen aufzuholen: eine Fallstudie des *Trifolium pratense* L. (Rotklee) [S.086](#)

Der Zusammenhang zwischen Wurzelexsudaten und funktionellen Merkmalen von Pflanzen [S.088](#)

Die Nutzung der Bodensamenbank für die Wiederherstellung der Artenvielfalt im Grünland [S.090](#)

Die Effekte der Grünlandbewirtschaftung auf die Bodensamenbank im Grünland [S.092](#)

Ein Test einfacher Indikatoren für die Pflanzenartenvielfalt im Wirtschaftsgrünland [S.094](#)

In einem Verpflanzungsexperiment unterscheiden sich Buchensämlinge verschiedener Samenherkünfte, wobei die Anpassung an Bodenbedingungen eine kleine Rolle spielt [S.096](#)

Biochemisches Profil basierend auf Infrarot-Spektraldaten von Grünlandpflanzenarten bei unterschiedlicher Landnutzungsintensität [S.098](#)

Zusammenhänge zwischen Merkmalen und Wachstumsleistungen von Pflanzenarten unter Feldbedingungen im Grünland und unter experimentellen günstigen Bedingungen im Garten [S.100](#)

Bleiben oder verschwinden? Artspezifische Reaktionen und Toleranz von Pflanzen auf hohe Landnutzungsintensität [S.102](#)

Graslandmodelle zeigen eine erhöhte Artenvielfalt aufgrund innerartlicher Variation [S.104](#)

Untersuchung der Wurzelausscheidungen von Pflanzen in natürlichen Grünlandgemeinschaften [S.106](#)

Struktur, Stabilität und ökologische Bedeutung der natürlichen epigenetischen Variation: eine groß angelegte Studie zum Spitzwegerich (*Plantago lanceolata*) [S.108](#)

Pflanzen

Die Bedeutung von Pflanzen-Boden-Feedbacks für das Pflanzenwachstum sinkt mit steigendem Fraßdruck durch pflanzenfressende Insekten [S.110](#)

Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Bodenmikroorganismen spielen eine untergeordnete Rolle für die lokale Anpassung von Spitzwegerich [S.112](#)

Entwicklung allgemeiner Regeln zur Beschreibung von Heterogenitäts-Multifunktionalitäts-Beziehungen in der Landschaft [S.114](#)

Das geografische Herkunftsgebiet (Arealtyp) von Pflanzen beeinflusst deren Reaktion auf biotische Interaktionen und unterschiedliche Bewirtschaftungsformen [S.116](#)

S.058 – 117

Wurzelmerkmale variieren nicht immer analog zu Blattmerkmalen

Verschiedene Pflanzenarten bilden sehr unterschiedliche Wurzelmerkmale aus. Im Vergleich zu oberirdischen Merkmalen gibt es allerdings noch wenige Untersuchungen zu unterirdischen Merkmalen. Daher werden häufig oberirdische Merkmale – besonders Blattmerkmale – genutzt, um unterirdische Merkmale vorherzusagen. Es wird angenommen, dass Wurzelmerkmale analog den Blattmerkmalen dem pflanzenökonomischen Spektrum folgen: Das heißt, eine Pflanze bildet entweder kostengünstige, aber kurzlebige Blätter und Wurzeln oder aber kostenintensive und langlebige Blätter und Wurzeln. Unter bestimmten Bedingungen können die Wurzelmerkmale allerdings von den Blattmerkmalen unabhängig sein. Ziel dieser Studie war es daher, herauszufinden, welche Wurzelmerkmale tatsächlich durch oberirdische Merkmale vorhergesagt werden können.

Dazu haben wir in einem Gewächshausversuch Wurzelmerkmale von 141 mitteleuropäischen Grünlandarten gemessen. Mithilfe von *machine learning* (einem Teilgebiet der künstlichen Intelligenz) testeten wir dann die Vorhersagbarkeit von 6 Wurzelmerkmalen durch insgesamt 97 oberirdische Pflanzenmerkmale.

Wir konnten zeigen, dass einige Wurzelmerkmale durch oberirdische Merkmale vorhersagbar sind, ein Großteil der Variabilität aber unerklärt blieb. Die Gewebedichte der Wurzeln konnte wie erwartet durch den Trockensubstanzgehalt der Blätter vorhergesagt werden. Die Wurzelfeinheit wurde überraschenderweise am besten durch das Diasporengewicht vorhergesagt: je schwerer die Diasporen, desto dünner die Feinwurzeln. Die viel verwendete spezifische Blattfläche konnte allen Erwartungen entgegen kein Wurzelmerkmal erklären.

Diese Studie bestätigt die Hypothese, dass Wurzelmerkmale nicht immer analog den Blattmerkmalen variieren. Zudem konnten wir ein bislang nicht bemerktes ökologisches Muster finden: Die Wurzelfeinheit scheint nicht entlang des bekannten pflanzenökonomischen Spektrums zu variieren, sondern könnte eher von der Interaktion mit Bodenpilzen bestimmt werden. Diese Studie unterstreicht damit die Wichtigkeit, Wurzelmerkmale direkt zu messen und sie nicht nur durch oberirdische Merkmale vorherzusagen.



Autor*innen

Bergmann J., Ryo M., Prati D., Hempel S., Rillig M.C.

Erschienen als

Root traits are more than analogues of leaf traits: the case for diaspore mass.

New Phytologist 216: 1.130–1.139 (2017)

doi: 10.1111/nph.14748

Foto

Bergmann J.

Klimawandelexperiment findet keinen allgemeinen Einfluss von Pflanzenarten- zahl auf Kohlenstoff- und Stickstoffumsatz

Artenreichtum beeinflusst die Funktion vieler Ökosysteme. Da die Bewirtschaftung von Grünländern direkt den Artenreichtum und die -zusammensetzung beeinflusst, kann sie indirekt bestimmen, wie Systeme auf Schwankungen der Umweltbedingungen reagieren. Unser Ziel in dieser Studie war es, zu untersuchen, ob der Artenreichtum in bewirtschafteten Grünländern die Auswirkungen von Dürre und Erwärmung abfedern und damit die Widerstandsfähigkeit gegen den Klimawandel erhöhen kann.

Wir errichteten 45 Untersuchungsflächen in Grünländern der drei Biodiversitäts-Exploratorien mit jeweils drei verschiedenen Bewirtschaftungsregimen (Weide, Wiese und Mähweide). Wir manipulierten die Frühlingserwärmung mit Freilandkammern und die Sommerdürre mit einem Regenschutz.

Messungen des Artenreichtums, der ober- und unterirdischen Biomasse sowie der Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentrationen im Boden zeigten signifikante, aber inkonsistente Unterschiede zwischen den Regionen, dem Management und den Manipulationen. Je nach Region und Beweidungsart hatte die Pflanzenzahl mal einen positiven, mal einen negativen, mal gar keinen puffernden Effekt. Unser Studiendesign war empfindlich genug, um auch komplizierte Zusammenhänge zu erkennen, aber die Effekte waren schlicht nicht konsistent.

Wir konnten keinen allgemeinen Effekt des Artenreichtums auf die Biomassenunterschiede zwischen Behandlungen und Kontrollen feststellen. Dies zeigt, dass in unserem Experiment der Effekt von Dürre und Erwärmung auf Grünlandssysteme nicht konsequent durch den Artenreichtum abgemildert wurde. Wir führen dies auf die durchgängig relativ hohe Artenzahl auf den Untersuchungsflä-

chen zurück, die alle Flächen relativ widerstandsfähig macht.

Außerdem haben auch andere Studien gezeigt, dass Klimamanipulationen im Freiland häufig keine Pufferung durch Artenvielfalt zeigen, während Messungen natürlicher Extremereignisse doch auf ebensolch einen Effekt hinweisen. Dies führen wir darauf zurück, dass Manipulationen im Freiland, so wie unsere, milder sind als die harsche Wirklichkeit.



Autor*innen

Dormann C.F., von Riedmatten L., Scherer-Lorenzen, M.

Erschienen als

No consistent effect of plant species richness on resistance to simulated climate change for above- or below-ground processes in managed grasslands.

BMC Ecology 17: 23 (2017).

doi: 10.1186/s12898-017-0133-0

Foto

Riedmatten L.

Kein Hinweis auf eine größere Plastizität bei Generalisten im Vergleich zu Spezialisten

Für einzelne Arten konnte gezeigt werden, dass eine hohe phänotypische Plastizität den Arten hilft, unter einem breiteren Spektrum von Bedingungen wachsen zu können. Unbekannt ist allerdings, ob eine größere Plastizität in funktionellen Merkmalen generell mit ökologischen Eigenschaften von Arten wie ihrer Nischenbreite oder Nischenposition verbunden ist. Hier testeten wir, ob es eine solche Beziehung für die Plastizität in funktionellen Merkmalen der Blätter gibt.

Wir untersuchten 110 bis 132 Grünlandpflanzenarten auf Plastizität in fünf Blattmerkmalen (Blattdicke, Blattgrün, spezifische Blattfläche, Blatt-Trockensubstanzgehalt und Pflanzenhöhe) und auf Veränderungen der Biomasse als Reaktion auf experimentelle Düngung, Beschattung und Staunässe. Dann verglichen wir die Plastizität der Merkmale und die Veränderungen der Biomasse mit den Nischenbreiten und -positionen der Arten entlang dreier Umweltachsen (Licht, Nährstoffe und Bodenfeuchte).

Wir konnten zeigen, dass die Reaktion verschiedener Merkmale auf experimentelle Behandlungen mit der Nischenposition und -breite korrelierte (Veränderung der Blattdicke, des Blattgrüns und der Biomasse als Reaktion auf die Düngung; Veränderung des Blatt-Trockensubstanzgehalts aufgrund von Beschattung; Veränderung der Pflanzenhöhe und Biomasse aufgrund von Staunässe). Trotzdem fanden wir keine Hinweise darauf, dass Arten mit breiteren Nischen plastischer sind. Im Gegenteil: Ökologische Generalisten erwiesen sich sogar in einigen Merkmalen als weniger plastisch und zeigten auch eine geringere plastische Reaktion, gemittelt über alle fünf Merkmale.

Diese gemittelte Plastizität war bei allen experimentellen Behandlungen positiv mit der absoluten Veränderung der Biomasse verbunden.

Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass eine größere Plastizität von Arten bei den Blattmerkmalen nicht unbedingt mit der Fähigkeit verbunden ist, ein breiteres Spektrum von Umgebungen zu besetzen. Sie kann vielmehr auf die Empfindlichkeit der Arten gegenüber Umweltveränderungen hinweisen.



Autor*innen

Dostál P., Fischer M., Chytrý M., Prati D.

Erschienen als

No evidence for larger leaf trait plasticity in ecological generalists compared to specialists. *Journal of Biogeography* 44: 511–521 (2017)

doi: 10.1111/jbi.12881

Foto

Schlehahn R.

Grünland in Deutschland: Effekte der Nutzung auf die Diversität der Pflanzen

Die überwiegende Mehrheit des europäischen Grünlands hängt von einer regelmäßigen Nutzung ab. Die Eigenschaften der Bewirtschaftung haben dabei einen starken Einfluss auf die Pflanzengemeinschaften. Wie die Pflanzengemeinschaften auf die jeweilige Art der Nutzung reagieren und ob eine Mahd verträglicher ist als eine Beweidung, war Gegenstand dieser Untersuchung.

In dieser Studie haben wir einen einzigartigen Datensatz von 169 unterschiedlich bewirtschafteten Grünlandflächen zusammengestellt. Diese Flächen liegen in fünf Regionen im Norden (Friesland-Hamburg), im Westen (Niederrhein-Westfalen), im Osten (Schorfheide-Chorin), im Südwesten (Schwäbische Alb) und in der Mitte Deutschlands (Hainich-Dün). Für jede Parzelle dokumentierten wir Details der Bewirtschaftung und des Bodens und erhoben Eigenschaften der Vegetation wie etwa die Pflanzendiversität und die Anzahl der gefährdeten Pflanzenarten (nach Roten Listen).

Unsere Studie zeigt, dass sich die Grünlandflächen je nach Bewirtschaftung in ihrer Vielfalt, Struktur und funktionellen Zusammensetzung unterscheiden. Es wurde jedoch auch deutlich, dass die jeweilige Vegetationszusammensetzung nicht strikt nach aktueller Bewirtschaftung (Mahd versus Beweidung) unterschieden werden konnte. Lokale und regionale Merkmale wie die Bodenbeschaffenheit, die Größe des lokalen Artenpools und die Geschichte der Landnutzung spielten oft eine wichtigere Rolle als die aktuelle Bewirtschaftung. Dennoch wurde deutlich, dass der Artenreichtum aller (Gefäß-)Pflanzen auf ganzjährigen Weiden am geringsten, auf Wiesen mäßig und auf Saisonweiden am höchsten ist.

Im Gegensatz dazu wiesen die Ganzjahresweiden allerdings die im Mittel höchste Anzahl gefährdeter Arten auf. Die Studie zeigt, dass weder Mahd noch Beweidung pauschal als optimale naturschutzorientierte Grünlandnutzung empfohlen werden können, da sich dies an den jeweiligen Umweltfaktoren wie dem Boden und der vorherigen Landnutzung orientieren muss.



Autor*innen

Gilhaus K., Boch S., Fischer M., Hölzel N., Kleinebecker T., Prati D., Rupprecht D., Schmitt B., **Klaus V. H.**

Erschienen als

Grassland management in Germany: effects on plant diversity and vegetation composition. *Tuexenia* 37: 379–397 (2017)

doi: 10.14471/2017.37.010

Foto

Klaus V.

Extensive saisonale Weiden, wie diese Fläche in der Region Hainich-Dün, zeigten in der Analyse die höchsten Artenzahlen bei den Gefäßpflanzen

Treiber intraspezifischer Merkmalsvariationen von Gräsern und Kräutern auf deutschen Wiesen und Weiden

Inwieweit wird die Merkmalsvariation bei Gräsern und Kräutern durch die Intensität der Landnutzung, das Klima, die Bodenbedingungen und die Pflanzenvielfalt der lokalen Nachbarschaft bestimmt? Unterscheiden sich Gräser und Kräuter im Grad der intraspezifischen Merkmalsvariation?

Diese Fragestellungen untersuchten wir an Grünländern in drei Regionen Deutschlands. Mithilfe eines Phytometer-Ansatzes, bei dem mit Pflanzen Umweltbedingungen gemessen werden, zogen wir 20 typische europäische Grünlandarten an (10 Kräuter und 10 Gräser) und pflanzten sie auf 54 Parzellen verschiedener Landnutzungstypen (Weide, Wiese, gemähtes Weideland) aus.

Nach einem Jahr im Gelände haben wir die funktionellen Merkmale ober- und unterirdischer Pflanzenorgane gemessen, etwa den Trockenmasseanteil der Blätter oder das Wurzelvolumen. Mittels statistischer Ansätze bestimmten wir diejenigen Faktoren, die den größten Einfluss auf jedes der Merkmale hatten. Ferner ermittelten wir die jeweiligen Anteile der inter- und intraspezifischen Merkmalsvariation bei Gräsern und Kräutern, die durch die abiotischen Umweltbedingungen (Landnutzungsintensität, Klima und Bodenbedingungen) und die biotische Umwelt (Pflanzenartenvielfalt der lokalen Nachbarschaft) bestimmt werden. Für 12 der 14 untersuchten Merkmale waren entweder die Landnutzungsintensität oder die lokale Nachbarschaftsvielfalt die besten Vorhersagevariablen. Dabei hatte die Landnutzungsintensität einen wesentlich stärkeren Einfluss als die Vielfalt der lokalen Nachbarschaft. Insgesamt war die Variation innerhalb der Arten ähnlich groß wie zwischen den Arten. Bei fast allen Merkmalen war die Variation intraspezifischer Merkmale bei Gräsern viel höher als bei Kräutern, während die Merkmale von Kräutern zwischen den Arten stärker vari-

ierten. Insbesondere wurden der Trockensubstanzgehalt und die Phosphorkonzentration der Wurzeln durch die Landnutzungsintensität bei den Kräutern stärker beeinflusst. Das ähnliche Ausmaß der intra- und interspezifischen Variation an funktionellen Merkmalen legt nahe, dass beide im Grünland eine Rolle für Ökosystemfunktionen spielen. und in zukünftigen Studien berücksichtigt werden sollten. Das hohe Maß an intraspezifischer Merkmalsvariation zeigt deutlich das hohe Potenzial der Arten, sich an lokale Bedingungen anzupassen.



Autor*innen

Herz K., Dietz S., Haider S., Jandt U., Scheel D., **Bruehlheide H.**

Erschienen als

Drivers of intraspecific trait variation of grass and forb species in German meadows and pastures.

Journal of Vegetation Science 28: 705–716 (2017)

doi: <https://doi.org/10.1111/jvs.12534>

Foto

Dietz S.

Erfassen der Pflanzengemeinschaften in der Nachbarschaft der ausgebrachten Pflanzen

Abhängigkeit des Pflanzenwachstums im Grünland von verschiedenen ökologischen Parametern

Pflanzenfunktionsmerkmale beschreiben messbare Eigenschaften einer Pflanze, wie beispielsweise die Blattfläche, Wurzelmasse oder den Stickstoffgehalt der Blätter. Sie werden weithin zur Vorhersage der Produktivität von Pflanzengemeinschaften, selten jedoch für das Wachstum von einzelnen Pflanzenindividuen verwendet. Wir wollten herausfinden, welche Bedeutung funktionelle Merkmale im Vergleich zur Umwelt auf das Wachstum der einzelnen Pflanze haben. Zu den Umweltbedingungen zählen sowohl Klima, Boden oder die Landnutzungsintensität als auch die umliegende Pflanzengemeinschaft.

Dafür pflanzten wir Sämlinge von 20 verbreiteten Grünlandarten in bestehende Grünlandgesellschaften unterschiedlicher Landnutzungsintensität. Nach einem Jahr wurden die Pflanzen ausgegraben und die Biomasse von Wurzeln, Blättern und oberirdischen Pflanzenteilen gemessen. Wir bestimmten die Pflanzenfunktionsmerkmale der ausgegrabenen Pflanzen sowie aller Pflanzenarten, die in der lokalen Nachbarschaft wuchsen. Durch statistische Modellvergleiche identifizierten wir die wichtigsten Vorhersagevariablen für die Produktion der einzelnen Pflanzen.

Wir fanden heraus, dass die meiste Variation in der Biomasseproduktion einer einzelnen Pflanze durch die Pflanzenfunktionsmerkmale der Pflanze selbst erklärt werden kann. Die Pflanzenfunktionsmerkmale erklärten 19,30 % der Varianz der Blatttrockenmasse und 44,73 % der Varianz der oberirdischen Trockenmasse. Auch wurde das Pflanzenwachstum am besten durch die Pflanzenfunktionsmerkmale der Pflanze vorhergesagt.

Von allen getesteten Umweltparametern verbesserte nur das Einbeziehen der Landnutzungsintensität die Modellqualität. Eigenschaf-

ten des Bodens und Klimas spielten eine untergeordnete Rolle. Auch Eigenschaften der umliegenden Pflanzengemeinschaften hatten nur einen geringen Einfluss auf das Wachstum. Dazu zählten u. a. die Wurzelmasse sowie verschiedene Nährstoffgehalte und Trockenmassen der Blätter und Wurzeln. Dies zeigt, dass die Leistung einer einzelnen Pflanze anhand ihrer Pflanzenfunktionsmerkmale unter realistischen Feldbedingungen zufriedenstellend vorhergesagt werden kann, vermutlich weil die Merkmale auch die meisten Umwelt- und Nachbarschaftsbedingungen miteinfassen.



Autor*innen

Herz K., Dietz S., Haier S., Jandt U., Scheel D.,
Bruehlheide H.

Erschienen als

Predicting individual plant performance in
grasslands.
Ecology and Evolution 7: 8.958–8.965 (2017)

doi: 10.1002/ece3.3393

Foto

Dietz S.

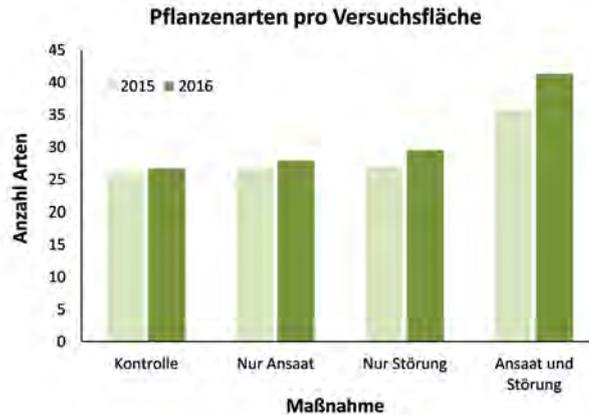
Vermessung der Versuchspflanzen und die
Analyse ihrer Nachbarschaften im Gelände

Erhöhung der Artenvielfalt im Grünland durch die Verwendung von regionalem Saatgut in Kombination mit einer mechanischen Oberbodenstörung

Die Erhöhung der Artenvielfalt degradierter Ökosysteme ist das Hauptziel der Renaturierungsökologie. Darüber hinaus ist das Studium von Beziehungen zwischen Artenvielfalt und Ökosystemfunktionen einer der aktivsten Bereiche der angewandten ökologischen Forschung. Im Grünland können viele Pflanzenarten aufgrund einer Limitierung ihrer Ausbreitung lokal selten sein (oder gänzlich in einem Bestand fehlen), obwohl sie regional häufig vorkommen. Deshalb haben wir ein Experiment zur Verwendung von regionalem Saatgut in Kombination mit einer mechanischen Oberbodenstörung durchgeführt. So konnte getestet werden, ob die Pflanzenartenvielfalt durch diese Methode(n) erfolgreich erhöht werden kann.

Hierzu wurde in 73 unterschiedlich intensiv genutzten Grünlandbeständen ein Experiment angelegt, das die Effekte der Ansaat und der Störung jeweils einzeln und in Kombination testet. Die Störung bestand darin, dass die oberen 10 cm der Grasnarbe mit einer Fräse aufgebrochen wurden. Zur Ansaat wurde eine Saatgutmischung mit ausgesprochen hoher Diversität und mit ausschließlich zertifiziertem regionalem Saatgut verwendet.

Die Störung der Grasnarbe war sehr erfolgreich, um die bestehende Vegetation zu öffnen und Platz für die Keimung und Etablierung der Arten aus der Saatmischung zu schaffen. Sieben Monate nach Störung und Ansaat hatte sich der Artenreichtum aller Flächen deutlich erhöht. Allerdings war nur die Kombination von Störung und Ansaat erfolgreich, um kurzfristig zahlreiche typische Grünlandarten in die Bestände einzubringen. Die weitere Entwicklung der Flächen und ihrer (erhöhten) Artenzahl über das erste Jahr des Experiments hinaus wird nun weiter erforscht. Unser neu eingerichtetes Experiment bietet in Zukunft eine einzigartige Plattform, über die die Effekte der Pflanzenartenvielfalt auf die Funktionsweise von Grünlandökosystemen erforscht werden können.



Autor*innen

Klaus V.H., Schäfer D., Kleinebecker T., Fischer M., Prati D., Hölzel N.

Erschienen als

Enriching plant diversity in grasslands by large-scale experimental sward disturbance and seed addition along gradients of land-use intensity.

Journal of Plant Ecology 10: 581–591 (2017)

doi: 10.1093/jpe/rtw062

Foto

Klaus V.

Landnutzungsänderungen bewirken evolutionäre Veränderungen bei Grünlandpflanzen

Landnutzungsänderungen sind eine wichtige Komponente der globalen Umweltveränderungen und eine Hauptursache für den Rückgang der biologischen Vielfalt. Es gibt inzwischen immer mehr Hinweise darauf, dass Pflanzen und Tiere auf Umweltveränderungen auch mit rascher Evolution reagieren können. Dennoch gibt es bisher nur wenige Studien über die evolutionären Folgen der Landnutzung, vor allem nicht solche, die diese Frage wirklich fundiert untersucht haben, d. h. für mehrere Arten oder unter Berücksichtigung vieler unterschiedlicher Standorte und Aspekte der Landnutzung.

In unserer Studie haben wir an 8 häufigen Grünlandpflanzenarten die genetischen Veränderungen von wichtigen Merkmalen als Reaktion auf Landnutzung untersucht. Dabei berücksichtigten wir ein breites Spektrum von Landnutzung (Mahd, Beweidung, Düngung) mit unterschiedlichen Intensitäten. Wir haben uns hierzu insgesamt 137 Wiesen und Weiden in drei Regionen Deutschlands angeschaut. Mithilfe eines großen Experiments im Versuchsgarten haben wir bei allen 8 untersuchten Arten deutliche genetische Veränderungen in ihren Merkmalen gefunden, die mit der Intensivierung der Landnutzung zusammenhängen.

Insgesamt hatte das Mähen die stärkste Wirkung auf die phänotypische Differenzierung der Pflanzen. Von den gemessenen Pflanzenmerkmalen war es die Blühphänologie, die am stärksten auf die Landnutzungsintensivierung reagierte. Das Ausmaß und manchmal auch die Richtung der beobachteten Merkmalsänderungen war bei den untersuchten Pflanzenarten allerdings sehr verschieden.

Unsere Studie zeigt, dass evolutionäre Reaktionen auf Landnutzungsänderungen bei vielen verschiedenen Grünlandpflanzen vorkommen und somit die Regel zu sein scheinen. Die beobachteten

evolutionären Veränderungen haben wahrscheinlich Auswirkungen auf die ökologischen Wechselwirkungen der Pflanzen mit anderen Organismen und somit auf die Struktur ökologischer Lebensgemeinschaften und das Funktionieren von Ökosystemen.



Autor*innen

Völler E., **Bossdorf O.**, Prati D., Auge H.

Erschienen als

Evolutionary responses to land use in eight common grassland plants.

Journal of Ecology 105: 1.290–1.297 (2017)

doi: 10.1111/1365-2745.12746

Foto

Völler E.

Der Verzicht auf Dünger fördert die Moosartenvielfalt auf Wiesen und Weiden

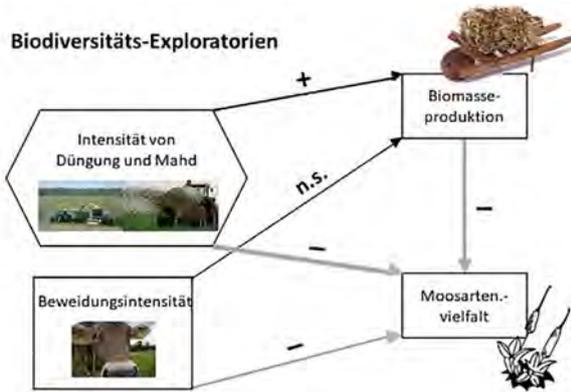
Wiesen und Weiden sind Biodiversitäts-Hotspots Mitteleuropas. Moose sind ein wichtiger Bestandteil dieser Biodiversität. In den vergangenen Jahrzehnten wurde jedoch ein drastischer Rückgang der Moosartenvielfalt auf landwirtschaftlich genutzten Wiesen und Weiden festgestellt. Zahlreiche noch vor einhundertundfünfzig Jahren als typische Vertreter auf Wiesen erwähnte Arten sind heutzutage praktisch nicht mehr zu finden. Da viele Moosarten empfindlich auf Umweltveränderungen reagieren, wird deren Rückgang häufig mit intensiver Landnutzung in Verbindung gebracht. Eine verbreitete Erklärung ist, dass das durch Düngung geförderte Wachstum von Gräsern und Kräutern den Moosen am Boden das Licht nimmt. Wie sich weitere Faktoren der Landnutzungsintensivierung, wie Beweidung, Mahd oder Bewässerung, auf die Artenvielfalt von Moosen auswirken, ist noch relativ wenig erforscht.

Wir untersuchten deshalb den Einfluss der Landnutzungsintensität auf die Moosartenvielfalt auf 144 Wiesen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien und etablierten ein Düngungs- und Bewässerungsexperiment auf 11 verschiedenen Wiesen im Kanton Wallis in der Schweiz.

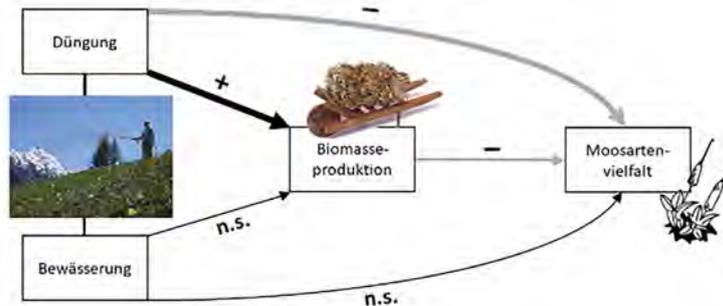
Wir stellten fest, dass die Moosartenvielfalt mit der Intensität der Landnutzung stark abnahm. Der Rückgang der Moosartenvielfalt war aber nicht nur, wie allgemein angenommen, indirekt auf das stärkere Wachstum von Gräsern und Kräutern zurückzuführen, sondern vielmehr auf einen direkten toxischen Effekt der Düngung. Auch eine intensivere Beweidung und häufigere Mahd wirkten sich negativ auf die Moosartenvielfalt aus.

Die Ergebnisse legen nahe, dass extensive Bewirtschaftungsmethoden, wie der weitgehende Verzicht auf Dünger und eine Beweidung

mit geringen Bestockungsdichten, wichtig für den Erhalt der Moosartenvielfalt sind.



Experiment in der Schweiz



Autor*innen

Boch S., Allan E., Humbert J. Y., Kurtogullari Y., Lessard-Therrien M., Müller J., Prati D., Rieder N. S., Arlettaz R., Fischer M.

Erschienen als

Direct and indirect effects of land use on bryophytes in grasslands.
 Science of the Total Environment 644: 60–67 (2018).

doi: 10.1016/j.scitotenv.2018.06.323

Foto

Boch S.

Extensive Landnutzung fördert die Moosartenvielfalt im Grünland

Moose sind ein wichtiger Bestandteil der Vielfalt auf Wiesen und Weiden Europas. Viele Moosarten gelten als wichtige Zeigerorganismen, da sie empfindlich auf Umweltveränderungen reagieren. Eine der bedeutendsten Umweltveränderungen im Grünland ist die Intensivierung der Landwirtschaft auf vorher extensiv genutzten Flächen. Der drastische Rückgang der Moosartenvielfalt in den vergangenen Jahrzehnten wird deshalb häufig mit der intensiven Landnutzung in Verbindung gebracht.

Die meisten Studien konzentrierten sich bislang aber auf Lebensräume mit hoher Moosartenvielfalt, wie Moore oder Trockenrasen. Der am weitesten verbreitete Grünlandtyp in Europa, das sogenannte mesophile Grünland, also alle Wiesen und Weiden auf nicht zu trockenen oder zu nassen Böden, fand hingegen in Studien zur Moosartenvielfalt nur wenig Beachtung.

Wir untersuchten in dieser Studie den Einfluss unterschiedlicher Landnutzungsformen und -intensitäten auf die Moosartenvielfalt auf 707 Wiesen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien.

Es zeigte sich, dass auf Weiden die Moosartenvielfalt sowie die von Moosen bedeckte Fläche mehr als doppelt so groß war wie auf Wiesen und Mähweiden. Besonders artenreich waren extensive Schafweiden, die etwa dreimal so viele Moosarten wie Rinder- oder Pferdeweiden aufwiesen. Schafweiden zeichneten sich zudem durch eine große Vielfalt von kleinräumigen Strukturen wie vereinzelt Gehölzen, Steinhaufen und offenen Bodenstellen aus, was sich ebenfalls positiv auf die Moosartenvielfalt auswirkte. Je stärker aber Wiesen und Weiden gedüngt wurden, desto weniger Moosarten kamen vor.

Unsere Ergebnisse legen nahe, dass extensive Bewirtschaftungsmethoden, wie der weitgehende Verzicht auf Dünger und eine Beweidung mit geringen Bestockungsdichten, sowie die Förderung von Strukturen in der Landschaft wichtig für den Erhalt der Moosartenvielfalt sind.



Autor*innen

Boch S., Müller J., Prati D., Fischer M.

Erschienen als

Low-intensity management promotes bryophyte diversity in grasslands.
Tuexenia 38: 311–328 (2018)

doi: 10.14471/2018.38.014

Foto

Boch S.

Lässt sich die Wachstumsleistung einer neuen Art in einer Gemeinschaft besser durch funktionelle Merkmale oder durch Informationen über deren Ko-Existenz mit anderen Pflanzenarten vorhersagen?

Abhängig von der Stärke der Umweltfilter und des Konkurrenzdrucks zeigen Neuankömmlinge in Pflanzengemeinschaften unterschiedlich starke Ähnlichkeiten in ihren funktionellen Merkmalen zu den bereits vorhandenen Arten. In der vorliegenden Studie untersuchten wir, welche Faktoren die Wachstumsleistung neuer Arten beeinflussen.

In einem zweijährigen Feldexperiment untersuchten wir die relativen Wachstumsraten von 130 Pflanzenarten, die wir in Grünlandbestände mit unterschiedlicher Landnutzungsintensität gepflanzt hatten. Für das Experiment wählten wir Arten aus vier Kategorien aus: 1) Arten mit sehr ähnlichen Merkmalen zu den vorhandenen Pflanzenarten, 2) Arten mit sehr unähnlichen Merkmalen, 3) Arten, die häufig mit den vorhandenen Arten zusammen auftreten und 4) eine Auswahl zufälliger Arten.

Wir konnten zeigen, dass die Wachstumsleistung der neu eingebrachten Pflanzenindividuen von verschiedenen Faktoren abhing: Arten der Kategorie 3 wuchsen besser als Arten der Kategorien 1, 2 und 4. Die Diversität der Merkmale in der Pflanzengemeinschaft war ein weiterer Faktor – hier zeigten sich unterschiedliche Effekte auf die neu eingebrachten Arten. Zusätzlich war auch die lokale Landnutzungsintensität ein Faktor – abhängig von der Jahreszeit führte eine höhere Intensität zu einer stärkeren Wachstumsleistung (im Frühjahr durch die Düngung) oder zu einer reduzierten Wachstumsleistung (im Sommer durch Mahd und Beweidung). Allerdings konnten die 3 Faktoren insgesamt nur wenig der Varianz in der Wachstumsleistung der neuen Arten erklären.

Diese Ergebnisse legen nahe, dass neue Arten für eine erfolgreiche Ansiedlung zunächst Umweltfilter überwinden müssen und dann

erst auf die bereits vorhandene Pflanzengemeinschaft reagieren. Außerdem konnten wir zeigen, dass die Landnutzungsintensität zu unterschiedlichen Jahreszeiten unterschiedliche Auswirkungen auf die Wachstumsleistung hat.

Untersuchungen von Effekten der Landnutzungsintensität auf Pflanzen sollten diese temporären Effekte berücksichtigen. Insgesamt war das Wissen, wie häufig eine Art mit anderen Arten der jeweiligen Gemeinschaft in Deutschland vorkommt, ein wichtigerer Faktor für die Vorhersage ihrer Wachstumsleistung als die Information über die funktionellen Merkmale.



Autor*innen

Breitschwerdt E., Jandt U., Bruelheide H.

Erschienen als

Using co-occurrence information and trait composition to understand individual plant performance in grassland communities. Scientific Reports 8: 1–15 (2018)

doi: 10.1038/s41598-018-27017-9

Foto

Reichelt I.

Auspflanzen der zuvor angezogenen Arten in die Exploratoriums-Flächen

Die Vielfalt funktioneller Pflanzenmerkmale wird vor allem von Nährstoffverfügbarkeit und Landnutzung beeinflusst

Funktionelle Merkmale spiegeln ökologische Strategien von Arten und Artgemeinschaften wider und sind, neben der Artenvielfalt, ein zusätzliches Instrument zur Beurteilung von Biodiversität. Durch ihre Analyse lassen sich Änderungen in Artgemeinschaften und Ökosystemfunktionen erkennen.

In dieser Studie untersuchten wir die Auswirkungen von Landnutzung (Düngung, Mahd, Beweidung), Nährstoffverfügbarkeit (Kohlenstoff (C), Stickstoff (N), Phosphor (P), Kalium (K)) und Vegetationszusammensetzung auf die gewichteten Mittelwerte und die funktionelle Variabilität von sieben funktionellen Pflanzenmerkmalen. Die Untersuchungen fanden in den 150 Grünländern der drei Biodiversitäts-Exploratorien statt.

Bewirtschaftung und Nährstoffverfügbarkeit hatten einen großen Einfluss auf die gewichteten Mittel der funktionellen Merkmale und die funktionelle Variabilität. Einen geringeren Einfluss hatten Artenreichtum und Produktivität der Flächen. Beweidung wirkte sich auf alle analysierten Merkmalsgruppen aus, während Düngung und Mahd nur die generativen Merkmale beeinflussten. Beweidung war eindeutig mit Investitionen in dauerhafte Pflanzengewebe und der Produktion von weniger variablen, geringeren Saatgutmengen assoziiert.

Die blührelevanten Merkmale variierten hingegen stärker. Düngung und Mahd verringerten die Variabilität der Saatgutmenge und -masse. Eine verminderte allgemeine Nährstoffverfügbarkeit förderte ebenfalls Arten, die in dauerhafte Pflanzenstrukturen anstelle von schnellem Wachstum und in weniger Saatgut investierten und später blühten. Bei Phosphormangel war speziell die Variabilität von Blattmerkmalen, nicht jedoch der Samenmasse, reduziert.

Die Pflanzendiversität war weniger stark, aber positiv mit der Variabilität der generativen Merkmale assoziiert.

Unsere Ergebnisse zeigten, dass besonders die Landnutzungsintensität und die Nährstoffverfügbarkeit die Zusammensetzung der funktionellen Merkmale beeinflussen. Das Zusammenspiel von Landnutzung, Nährstoffverfügbarkeit, Artenreichtum und Pflanzenfunktionsmerkmalen ist allerdings komplex. Für ein besseres Verständnis der genauen Mechanismen, die die Zusammensetzung ganzer Artgemeinschaften sowie deren Reaktion auf anthropogene Nutzung beeinflussen, müssen daher alle genannten Parameter und deren Interaktion berücksichtigt werden.



Autor*innen

Busch V., Klaus V.H., Penone C., Schäfer D., Boch S., Prati D., Müller J., Socher S.A., Niinemets Ü., Peñuelas J., Hölzel N., Fischer M., Kleinebecker T.

Erschienen als

Nutrient stoichiometry and land use rather than species richness determine plant functional diversity.

Ecology and Evolution 8: 601–616 (2018)

doi: 10.1002/ece3.3609

Foto

Busch V.

Schneiden verringert die Unterschiede in der Biomassebildung in Futterpflanzen und erlaubt schwach wachsenden Pflanzen aufzuholen: eine Fallstudie des *Trifolium pratense* L. (Rotklee)

Wiesen und Weiden basieren darauf, dass Futterpflanzen nach der Mahd beziehungsweise der Beweidung nachwachsen. Daher ist das Nachwachsen ein wichtiger Ansatzpunkt in der Pflanzenzüchtung und Landtechnik. Allerdings ist bei einigen Futterpflanzen noch sehr wenig darüber bekannt, wie sie auf Beweidung oder Mahd genau reagieren.

Wir untersuchten die Nachwuchsreaktion von *Trifolium pratense* L. (Wiesenklee oder Rotklee), da diese eine hochwertige Quelle pflanzlicher Eiweiße für die Viehhaltung sind und gleichzeitig den Boden verbessern. Insbesondere die Veränderungen der Wuchsform, der Blattform und der Wachstumsleistung waren von Interesse, da sie den wirtschaftlichen Nutzen bestimmen. Dazu zogen wir 150 Rotklee-Pflanzen in Töpfen in einem Beet auf.

Die Hälfte der Pflanzen wurde drei Monate nach Aussaat auf 5 cm geschnitten. Anschließend beobachteten wir beide Pflanzengruppen für weitere fünf Monate und vermaßen sie wöchentlich. Abgeschnittene und anschließend nachgewachsene Pflanzen wiesen weniger Hauptzweige (-20 %) und kleinere Blätter (-32 %) auf als nicht geschnittene Kontrollpflanzen. Allerdings produzierten die geschnittenen Pflanzen 17 % mehr Gesamtblattfläche (Blattfläche vor dem Schnitt + nachgewachsene Blattfläche) als Kontrollpflanzen. Dadurch verringerte sich der Anteil an verholzten und wenig nahrhaften Zweigen, während der Anteil an Blättern stieg. Dieser Unterschied kam durch die verschiedenen Wachstumsstrategien der Pflanzen zustande. Die geschnittenen Pflanzen zeigten immer eine zweite Wachstumsphase, während fast die Hälfte der ungeschnittenen Pflanzen dies nicht tat.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass der Schnitt als künstlicher Auslöser einer zweiten Wachstumsphase diene und dadurch zur Ertragssteigerung beitrug. Die Nutzung dieser Reaktion kann neue Ziele für die Züchtung neuer Kleesorten setzen sowie eine Optimierung des Mähregimes ermöglichen.



Autor*innen

Herbert D., Ekschmitt K., Wissemann V.,
Becker A.

Erschienen als

Cutting reduces variation in biomass production of forage crops and allows low-performers to catch up: A case study of *Trifolium pratense* L. (red clover).

Plant Biology 20: 465–473 (2018)

doi: 10.1111/plb.12695

Foto

Groß T.

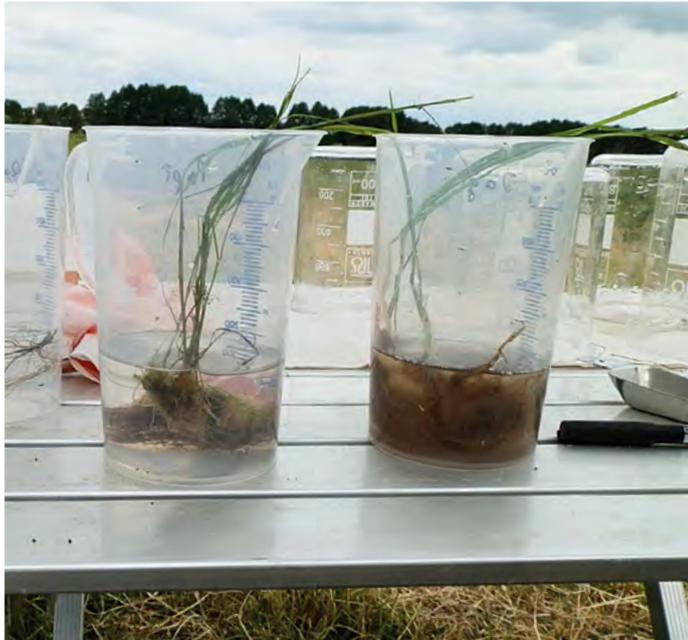
Der Zusammenhang zwischen Wurzelexsudaten und funktionellen Merkmalen von Pflanzen

Die Stoffwechselprodukte der Pflanze lassen sich in primäre und sekundäre Metabolite einteilen. Während Erstere von allen Pflanzenarten unmittelbar für den Aufbau von Zellsubstanz und Wachstum benötigt werden, sind Letztere häufig artspezifisch und werden nur unter bestimmten Bedingungen gebildet. Beide Arten von Metaboliten werden von Pflanzenwurzeln ausgeschieden, was als Wurzelexsudate bezeichnet wird.

Bislang wurden Wurzelexsudate hauptsächlich unter Laborbedingungen untersucht, während das Wissen über die Wurzelexsudate von Pflanzen, die in natürlichen Gemeinschaften wachsen, sehr begrenzt ist. Anhand von 10 verbreiteten europäischen Grünlandpflanzenarten untersuchten wir, inwieweit die Zusammensetzung der ausgeschiedenen Metabolite spezifisch für Arten oder Wachstumsformen (Kräuter und Gräser) ist, von der Umgebung und der lokalen Nachbarschaft abhängt und die üblicherweise verwendeten funktionellen Merkmale der Pflanzen widerspiegelt. Die Wurzelexsudate wurden unter Feldbedingungen gesammelt und mit einem Gaschromatographie-gekoppelten Massenspektrometrie-Ansatz (GC-MS) analysiert, mit dem nicht nur die Menge einzelner bestimmter Metabolite, sondern aller ausgeschiedener Metabolite erfasst werden konnte.

Insgesamt haben wir 153 Verbindungen annotiert, von denen wir 36 nach Struktur und Name als Metabolite identifizieren konnten, die hauptsächlich aus dem Primärstoffwechsel stammen. Die Zusammensetzung der exsudierten polaren Metaboliten wurde hauptsächlich durch die Lokalität beeinflusst, in der die Versuchspflanzen untersucht wurden, gefolgt von der Art der Pflanzen, während die Zusammensetzung der Pflanzengemeinschaft in der unmittelbaren Umgebung keine Rolle spielte.

Die Biomasse der gesamten Pflanze und der Wurzeln erklärte den größten Anteil der Exsudat-Zusammensetzung, wobei ein weiterer Anteil durch funktionelle Pflanzenmerkmale bestimmt wurde. Obwohl die Exsudat-Zusammensetzung zwischen Gräsern und Kräutern recht ähnlich war, fanden wir einige Metaboliten, die nur in einer der beiden Wuchsformen auftraten. Unsere Studie zeigt die Machbarkeit der Messung polarer Exsudate unter unsterilen Feldbedingungen mittels Massenspektrometrie, was neue Forschungswege für die funktionelle Pflanzenökologie eröffnet.



Autor*innen

Herz K., Dietz S., Gorzolka K., Haider S., Jandt U., Scheel D., **Bruehlheide H.**

Erschienen als

Linking root exudates to functional plant traits.

PLoS ONE 13(10): e0204128 (2018)

doi: 10.1371/journal.pone.0204128

Foto

Herz K.

Die Nutzung der Bodensamenbank für die Wiederherstellung der Artenvielfalt im Grünland

Die Renaturierung von artenreichen Grünlandgesellschaften und ihrem typischen Arteninventar ist eines der Hauptziele des Naturschutzes. Ein einfaches Mittel, um die Keimung von im „Dunkeln“ verborgenen Pflanzenarten anzuregen, ist die Aktivierung der Bodensamenbank. In dieser Bodensamenbank können potenziell noch die Samen von seltenen und gefährdeten Arten vorhanden sein, obwohl diese Arten oberirdisch schon nicht mehr wachsen. Gelangen diese Samen an die Oberfläche, können sie keimen und sich die Arten eventuell wieder etablieren. Der potenzielle Beitrag der Bodensamenbanken zu einer Wiederherstellung von artenreichen Grünlandbeständen ist jedoch immer noch unklar.

Um das Potenzial der Bodensaatgutbank für die Grünlandrenaturierung zu evaluieren, haben wir ein Experiment auf 73 unterschiedlich bewirtschafteten Grünlandflächen durchgeführt, bei dem die Samenbank durch eine mechanische Störung der Grasnarbe aktiviert wurde. Hierzu wurden die oberen 10 cm des Bodens mit einer Fräse aufgebrochen. Zusätzlich haben wir von allen Flächen Bodenproben entnommen und diese im Gewächshaus auskeimen lassen, um die Anzahl von Samen und die Vielfalt der Arten in der Bodensamenbank zu erfassen.

Wir verfolgten die Regeneration der zuvor gestörten Vegetation über zwei Sommer. Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Störung der Grasnarbe zwar zu einer Aktivierung der Bodensamenbanken führte, diese jedoch nur wenig zur Wiederbegrünung der Flächen beitrug.

Darüber hinaus deutete die mittels der Bodenproben beobachtete starke Verarmung der Samenbank auf ein stark eingeschränktes Potenzial für die Wiederherstellung von artenreichem Grünland hin.

Dennoch erhöhte die Aktivierung der Bodensamenbank in mindestens einer Region den Reichtum an typischen Grünlandarten leicht. Aus diesen Gründen schlussfolgern wir, dass nur in extrem artenarmen Grünlandbeständen die Störung der Grasnarbe eine Erhöhung des Pflanzenartenreichtums bewirken kann.



Autor*innen

Klaus V. H., Hoever C. J., Fischer M., Hamer U., Kleinebecker T., Mertens D., Schäfer D., Prati D., Hölzel N.

Erschienen als

Contribution of the soil seed bank to the restoration of temperate grasslands by mechanical sward disturbance.

Restoration Ecology 26: 114–122 (2018).

doi: [org/10.1111/rec.12626](https://doi.org/10.1111/rec.12626)

Foto

Klaus V.

Aktivierung der Bodensamenbank durch Fräsen des Oberbodens im landwirtschaftlichen Grünland (Hainich-Dün)

Die Effekte der Grünlandbewirtschaftung auf die Bodensamenbank im Grünland

Bodensamenbanken stellen einen Teil der Artenvielfalt im Grünland dar und helfen bei der Erholung der Grasnarbe nach einer Oberbodenstörung. Vor dem Hintergrund zunehmender Störungsereignisse durch die gegenwärtigen Veränderungen des Klimas und die Intensivierung der Landnutzung steigt womöglich die Bedeutung von Samenbanken in Zukunft an. Dies macht die Ökologie von Samenbanken und die Faktoren, die diese steuern, zu einem wichtigen Thema für Studien über die Funktionsweise von Grünlandökosystemen. Einer der Hauptfaktoren, die auf die Zusammensetzung und Dichte von Samenbanken in Grünlandbeständen wirkt, ist die Bewirtschaftung der Flächen.

Obwohl bekannt ist, dass eine sehr intensive Grünlandbewirtschaftung die Bodensamenbanken negativ beeinflussen kann, ist noch unklar, welche Komponente der Bewirtschaftung (Düngung, Mahd oder Beweidung) den größten Einfluss auf die Samenbank hat. Deshalb haben wir die Samenbanken im Boden von 73 landwirtschaftlich genutzten Grünlandflächen untersucht. Diese Flächen waren entlang eines Gradienten der Landnutzungsintensität angeordnet, um nicht nur die Art der Nutzung, sondern auch deren Intensität in der Studie berücksichtigen zu können.

Die Ergebnisse der Studie zeigen, dass die Flächen generell eine im Vergleich zu anderen Studien relativ verarmte Samenbank aufwiesen, mit einer geringen Anzahl von Arten und keimfähigen Samen. Es stellte sich weiter heraus, dass die Grünlandbewirtschaftung die Bodensamenbank auf komplexe Weise, über direkte und indirekte Wege, beeinflusst.

Während intensive Mahd und die damit korrelierte intensive Düngung den Artenreichtum und die Keimlingsdichte verringerten,

erhöhte die Beweidungsintensität den Artenreichtum der Samenbank. Wir kommen demnach zu dem Schluss, dass der positive Effekt der Beweidung auf die Bodensamenbank Weiden im Vergleich zu einzig gemähten Wiesen eventuell widerstandsfähiger gegen mechanische Störungen macht.



Autor*innen

Klaus V. H., Schäfer D., Prati D., Busch V., Hamer U., Hoever C.J., Kleinebecker T., Mertens D., Fischer M., Hölzel N.

Erschienen als

Effects of mowing, grazing and fertilization on soil seed banks in temperate grasslands in Central Europe.

Agriculture, Ecosystems & Environment 256: 211–217 (2018)

doi: 10.1016/j.agee.2017.11.008

Foto

Klaus V.

Ein Test einfacher Indikatoren für die Pflanzenartenvielfalt im Wirtschaftsgrünland

Die Intensivierung der Landnutzung und die damit verbundene Anreicherung von Nährstoffen zur Ertragssteigerung ist mitunter die Hauptursache für den gegenwärtigen Verlust der biologischen Vielfalt im Wirtschaftsgrünland. Obwohl Landnutzung, Bodenfruchtbarkeit und Ertrag stark kausal miteinander verbunden sind, kann ihre Eignung, Veränderungen in der Pflanzenartenvielfalt zu erklären, zeitlich stark variieren. In dieser Studie untersuchten wir die Indikatoreignung verschiedener abiotischer Faktoren und des Ellenberg-Zeigerwertes für Nährstoffverfügbarkeit zur Vorhersage des Pflanzenartenreichtums auf 150 Grünlandflächen über sieben Jahre.

Unsere Ergebnisse zeigten, dass der Ellenberg-Zeigerwert für Nährstoffverfügbarkeit der beste und zeitlich konsistenteste Vorhersageparameter für den Pflanzenartenreichtum ist. Direkte Messungen von Nährstoffen im Boden und im Grünlandschnitt, der Heuertrag und die Intensität der Landnutzung sagten den Pflanzenartenreichtum weniger gut voraus und zeigten eine beträchtliche zeitliche Variabilität. Im Falle der Stickstoff- und Phosphorkonzentrationen im Heu ist die Stärke des Zusammenhangs zur pflanzlichen Artenvielfalt auf die Wetterbedingungen des entsprechenden Untersuchungsjahres zurückzuführen.

Die Kombination von Nährstoffkonzentrationen im Heu mit der Ertragsmenge, d. h. der Nährstoffvorrat in der oberirdischen Biomasse, erwies sich als besser geeignet, die Pflanzenartenvielfalt zu erklären, und die Schwankungen zwischen einzelnen Untersuchungsjahren waren hier deutlich geringer. Insbesondere für den Ertrag und die Intensität der Landnutzung verbesserten langfristige Mittelwerte die Aussagekraft im Vergleich zu einjährigen Messungen.

Wir kommen zu dem Schluss, dass Studien, die Ursachen für Veränderungen der Biodiversität im Wirtschaftsgrünland identifizieren wollen, sorgfältig die zeitliche Variabilität der untersuchten Einflussfaktoren berücksichtigen sollten, bevor die Stärke einer bestimmten mechanistischen Beziehung beurteilt wird.



Autor*innen

Kleinebecker T., Busch V., Hölzel N., Hamer U., Schäfer D., Prati D., Fischer M., Hemp A., Lauterbach R., Klaus V. H.

Erschienen als

And the winner is ...! A test of simple predictors of plant species richness in agricultural grasslands.

Ecological Indicators 87: 296–301 (2018)

doi: 10.1016/j.ecolind.2017.12.031

Foto

Kloss L.

In einem Verpflanzungs- experiment unterscheiden sich Buchensämlinge ver- schiedener Samenherkünfte, wobei die Anpassung an Bodenbedingungen eine kleine Rolle spielt

Um die Reaktion von Baumpopulationen auf den Klimawandel vorherzusagen zu können, muss man ihre Anpassung an Umweltbedingungen verstehen. Klimatische Bedingungen werden oft als entscheidend für lokale Anpassungsmuster angesehen. Ebenso wichtig können aber auch biotische Umweltfaktoren sein, wie etwa für Bäume vorteilhafte oder schädliche Bodenlebewesen. Insbesondere Mykorrhizapilze, die mit Wurzeln assoziiert sind, dürften eine Schlüsselrolle bei der Dürresistenz von Bäumen spielen.

Um diese Fragen zu klären, führten wir einen Transplantationsversuch mit Rotbuchensämlingen und Böden aus den drei Exploratorien-Regionen durch. Die Hälfte der Pflanzen wurde mit natürlicher Erde aus den drei Regionen verpflanzt, während die andere Hälfte in sterilisierte Erde gesetzt wurde. So konnte der Einfluss der Sämlingsherkunft vom Einfluss der Bodenlebewesen unterschieden werden. Die eine Hälfte der Sämlinge wurde unter normalen und die andere Hälfte unter trockenen Bedingungen aufgezogen. Nach einem Jahr wurden die oberirdische Biomasse der Sämlinge sowie die Besiedlung ihrer Wurzeln mit Mykorrhizapilzen gemessen.

Wir fanden heraus, dass die Pflanzenherkunft die stärkste Auswirkung auf die Biomasse der Pflanzen hatte. Zudem zeigten die Sämlinge auf Boden vom gleichen Herkunftsort tendenziell weniger oberirdische Biomasse als auf Boden anderer Herkunft. Auch die Besiedlungsrate der Wurzeln mit Mykorrhizapilzen war im Boden gleicher Herkunft geringer.

Dies deutet darauf hin, dass Bodenorganismen eine Fehlanpassung der Bäume an ihre lokalen Böden verursachen können. Über alle Böden hinweg produzierten Sämlinge aus niedrigen Höhenlagen außerdem mehr jährliche Biomasse als Sämlinge aus mittleren und

hohen Höhenlagen. Interessanterweise nahm die Mykorrhizakolonisierung in trockenen Böden dann zu, wenn die Sämlinge aufgrund ihrer Herkunft bereits eine höhere Trockentoleranz aufwiesen. Dies deutet darauf hin, dass Mykorrhizapilze tatsächlich die Dürreerresistenz erhöhen können.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass Bodenlebewesen die frühe Entwicklung von Bäumen beeinflussen, auch wenn diese Rolle geringer ist als die der Samenherkunft.



Autor*innen

Manzanedo R. D., Schanz F. R., **Fischer M.**, Allan E.

Erschienen als

Fagus sylvatica seedlings show provenance differentiation rather than adaptation to soil in a transplant experiment.

BMC Ecology 18: 1–12 (2018)

doi: 10.1186/s12898-018-0197-5

Foto

Mai I.

Biochemisches Profil basierend auf Infrarot-Spektraldaten von Grünlandpflanzenarten bei unterschiedlicher Landnutzungsintensität

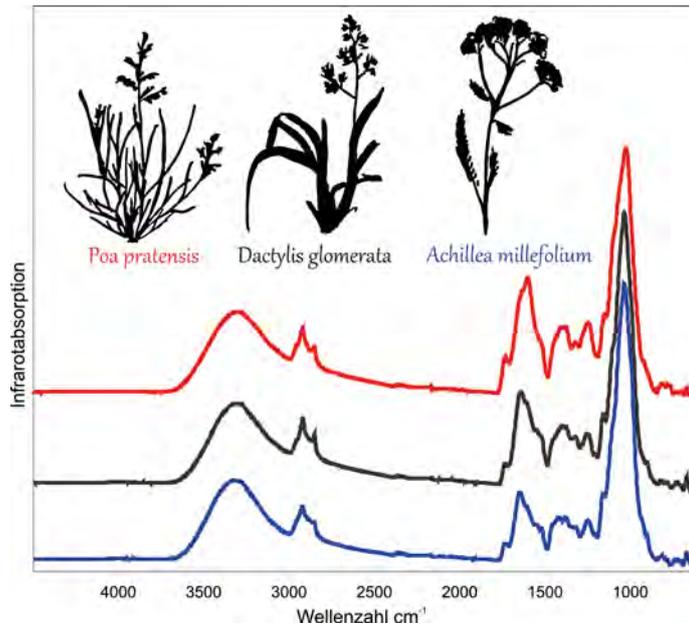
Bei der Entwicklung nachhaltiger Strategien zur Landnutzung steigt das Interesse an Ansätzen, die auf den funktionellen Eigenschaften von Pflanzen basieren. In diesem Zusammenhang besteht eine entscheidende Aufgabe darin, Pflanzeigenschaften zu identifizieren und zu messen, die auf die Landnutzungsintensität reagieren (Reaktionsmerkmale) und gleichzeitig Auswirkungen auf wichtige Ökosystemfunktionen haben (Effektmerkmale). Wir stellten die Hypothese auf, dass die artspezifische chemische Zusammensetzung der Blätter, die sowohl als Reaktions- als auch als Effektmerkmal fungieren kann, aus *Attenuated-Total-Reflection-Fourier-Transform-Mid-Infrared*-(ATR-FTIR-)Spektren abgeleitet werden kann.

Wir untersuchten ATR-FTIR-Spektren von Blättern von Wiesenrispe (*Poa pratensis* L.) und Knautgras (*Dactylis glomerata* L.) (Gräser) sowie Schafgarbe (*Achillea millefolium* L.) (Kraut), die im Gewächshaus angezogen und dann in Grünlandflächen entlang eines Landnutzungsintensitätsgradienten der Biodiversitäts-Exploratorien verpflanzt wurden. An gemahlenem Pulver der Blätter dieser Arten wurden ATR-FTIR-Spektren erhoben, die als biochemische Fingerabdrücke verstanden werden können. Diese sind für jede Art einzigartig, können aber auch mit dem Standort variieren. Die spektrale Reaktion auf die Landnutzungsintensität war bei den Arten nicht einheitlich und bei den beiden Grasarten weniger offensichtlich als bei der untersuchten Krautart.

Während die Intensivierung der Landnutzung den Eiweiß- und Cellulosegehalt in *A. millefolium* erhöhte und zu Änderungen in sechs Spektralbändern im Frequenzbereich von 1.088 bis 1.699 cm^{-1} führte, stieg in *D. glomerata* nur der Cellulosegehalt an, was sich auf die Banden von 1.385 bis 1.394 cm^{-1} auswirkte. Die Spektren von *P. pratensis* zeigten unter dem Einfluss der Landnutzung nur

minimale Veränderungen, lediglich in den Spektralbändern von 1.373 bis 1.375 cm^{-1} , die mit suberinähnlichen aliphatischen Verbindungen assoziiert sind.

Unsere Ergebnisse legen nahe, dass die chemische Zusammensetzung der Blätter einiger Arten auf die Landnutzungsintensität reagiert und daher die Möglichkeit bietet, anhand dieser Arten bestimmte Ökosystemleistungen, wie z. B. die Qualität des Ertrags, von Grünland bei unterschiedlicher Landnutzung vorherzusagen.



Autor*innen

Rana R., Herz K., **Bruelheide H.**, Dietz S., Haider S., Jandt U., **Pena R.**

Erschienen als

Fourier Transform Infrared (ATR-FTIR) biochemical profile of grassland plant species related to land-use intensity. Ecological Indicators 84: 803–810 (2018)

doi: 10.1016/j.ecolind.2017.09.047

Abbildung

Pena R.

Infrarotspektren der drei untersuchten Grünlandarten

Zusammenhänge zwischen Merkmalen und Wachstumsleistungen von Pflanzenarten unter Feldbedingungen im Grünland und unter experimentellen günstigen Bedingungen im Garten

Funktionelle Pflanzenmerkmale können auf verschiedenste Weise mit der Landnutzung und der Konkurrenz zusammenhängen. Wir untersuchten, welche Kombinationen von Merkmalen in bewirtschafteten Wiesen und Weiden vorteilhaft sind im Vergleich zu Bedingungen ohne Konkurrenz und Landnutzung.

In einem zweijährigen Experiment erfassten wir die Wachstumsleistung von 93 Arten, die einerseits in deutschen Grünlandgesellschaften mit unterschiedlichen Nutzungsintensitäten und andererseits in einem Garten unter günstigen Bedingungen hinsichtlich Boden, Wasser, Platz und ohne Landnutzung und Konkurrenz wuchsen.

Die Wachstumsleistungen der Pflanzen wurden zum einen von relativen Wachstumsraten der Höhe und Blattlänge und zum anderen von der gebildeten oberirdischen Biomasse und dem Überleben der Individuen während der Dauer des Experiments charakterisiert. Die Beziehung zwischen den Wachstumsleistungen und den folgenden 8 Pflanzenmerkmalen wurde untersucht: Blatt-Trockenmasse-Gehalt, spezifische Blattfläche, Wuchshöhe der Pflanzen, Blattanatomie, Blattlebensdauer, Blattverteilung, Fähigkeit zur vegetativen Vermehrung und der Besitz von physischen Abwehrstrukturen (wie z. B. Stacheln).

Wir fanden heraus, dass die Wachstumsraten sowohl unter Feld- als auch unter Garten(labor)bedingungen artspezifisch waren, sich also das Wachstum einer Art in Relation zu anderen Arten nicht änderte, unabhängig davon, wo die Pflanzen wuchsen. Es waren allerdings unterschiedliche Pflanzenmerkmale, die mit der Wachstumsleistung im Freiland und im Gartenexperiment zusammenhingen; z. B. erklärten blattanatomische Merkmale die Leistung der Arten nur im Freiland, während die Pflanzenhöhe nur im Gartenexperiment von

Bedeutung war. Die Fähigkeit, sich vegetativ zu vermehren, sommerbeständige Blätter und einen hohen Blatt-Trockenmasse-Gehalt zu haben, waren Merkmale, die unter beiden Bedingungen wichtig waren, wenn auch unterschiedlich stark. Die Unterschiede zwischen dem Feld- und Gartenexperiment zeigen deutlich, dass Berechnungen von Beziehungen zwischen Merkmalen und Wachstumsleistungen sehr kontextabhängig sind, günstige Merkmalskombinationen können also nicht auf andere Umweltbedingungen übertragen werden.



Autor*innen

Breitschwerdt E., Jandt U., Bruelheide H.

Erschienen als

Trait-performance relationships of grassland plant species differ between common garden and field conditions. *Ecology and Evolution* 9: 1.691–1.701 (2019)

doi: 10.1002/ece3.4818

Foto

Breitschwerdt E.

Anzucht der 93 Arten, die dann in die Exploratorien-Flächen oder in Gartenbeete im Botanischen Garten Halle verpflanzt wurden

Bleiben oder verschwinden? Artspezifische Reaktionen und Toleranz von Pflanzen auf hohe Landnutzungsintensität

Die Landnutzungsintensivierung verursacht starke Verschiebungen in der Zusammensetzung von Pflanzengemeinschaften. Zugrunde liegende Mechanismen des landnutzungsbedingten Biodiversitätsverlusts sind für gemäßigte Grünländer gut beschrieben, aber eine quantitative Bewertung für ein Optimum artspezifischer Vorkommen und deren maximaler Toleranz (Nischenbreite) gegenüber der Landnutzungsintensität (LUI) steht noch aus.

Basierend auf ihrem Vorkommen und der Anzahl der Individuen einer Art (Abundanz) auf 150 Grünlandstandorten in Deutschland, die sich in der Nutzung (d. h. in Düngung, Mäh-/Beweidungsintensität und einem daraus zusammengesetzten Index) unterscheiden, definierten wir für jede Pflanzenart eine „Habitat-Nische“ und bewerteten deren realisierte Nischenbreite (Toleranz).

Von insgesamt 151 Pflanzenarten reagierten 34 % negativ und 10 % positiv auf eine intensive Landnutzung. Dieses Bild wurde hauptsächlich durch die Reaktion der Arten auf die Düngung und die Häufigkeit der Mahd bestimmt; die Reaktion auf die Weideintensität war weniger stark ausgeprägt. Positiv reagierende Arten, die zudem breitere Nischen aufwiesen, konnten mit wettbewerbsrelevanten funktionalen Merkmalen, hoher Präferenz für Nährstoffverfügbarkeit und Feuchtigkeit sowie hoher Toleranz gegenüber der Mahd in Verbindung gebracht werden. Negativ reagierende Arten, die relativ enge Nischen aufwiesen und die auf homogene Standorte mit niedriger Nutzungsintensität beschränkt waren, wurden mit nährstoffrückhaltenden Strategien unter nährstoffarmen, basenreichen Bodenbedingungen assoziiert.

Die artspezifische Reaktionsanalyse zeigt deutlich, dass Arten, die negativ auf eine hohe LUI reagieren, eine geringe Toleranz gegen-

über intensiver Düngung und Mahd aufweisen, was zu einem Verlust der Pflanzenvielfalt führt. Eine Beweidung konterkariert diese Effekte teilweise, indem sie neue Lebensraumnischen schafft und Ruderalarten fördert. Unser Ansatz kann in beliebigen Lebensraumtypen und biogeografischen Regionen angewandt und genutzt werden, um das vorhandene Wissen über lokale Vegetationsdynamiken zu ergänzen.



Autor*innen

Busch V., Klaus V. H., Schäfer D., Prati D., Boch S., Müller J., Chisté M., Mody K., Blüthgen N., Fischer M., Hölzel N., Kleinebecker T.

Erschienen als

Will I stay or will I go? Plant species-specific response and tolerance to high land-use intensity in temperate grassland ecosystems. *Journal of vegetation science* 30: 674–686 (2019)

doi: 10.1111/jvs.12749

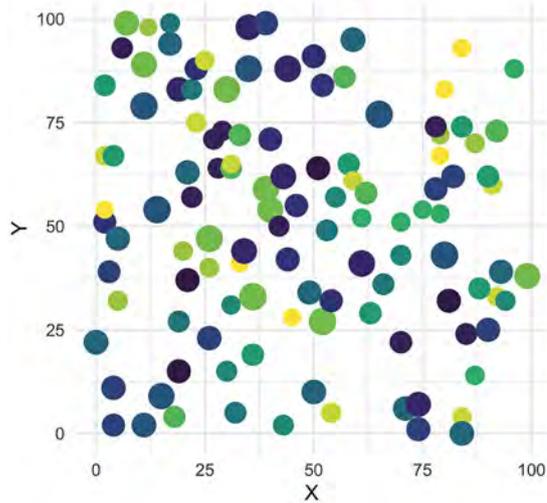
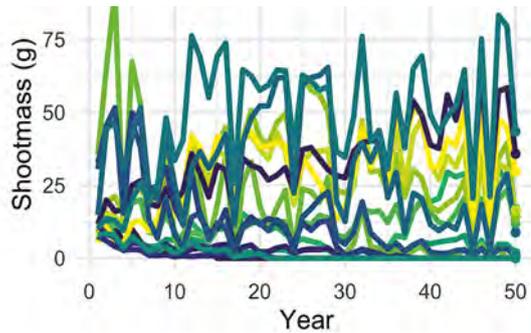
Foto

Busch V.

Graslandmodelle zeigen eine erhöhte Artenvielfalt aufgrund innerartlicher Variation

Man geht davon aus, dass die Variation von Merkmalen innerhalb einer Art (ITV) eine bedeutende Rolle bei der Zusammensetzung von Artengemeinschaften spielt. Ausmaß und Richtung des Einflusses der Merkmalsvariationen sind jedoch bisher nicht gut verstanden. Um ITV selbst und die Effekte von ITV auf Biodiversität besser untersuchen zu können, haben wir ITV in ein Graslandgemeinschaft-Computer-Modell integriert. Das Modell basiert auf den verschiedenen Merkmalsausbildungen innerhalb der gleichen und auch zwischen verschiedenen Graslandarten. Dazu haben wir funktionelle Merkmale der Pflanzen variiert. Die manipulierten Merkmale führten dann zu Kompromissen jeder einzelnen simulierten Pflanze in ihrem Wachstum und ihrer Fortpflanzung. Indem wir die Menge an ITV in der Simulation variierten, untersuchten wir den Einfluss von ITV zuerst auf die paarweise Koexistenz von 2 Arten und dann auf die Artenvielfalt in Gemeinschaften. Wir stellten fest, dass ITV die Überlebensfähigkeit der schwächsten Arten erhöhen kann, dieser Effekt war jedoch nur in den Simulationen zur paarweisen Koexistenz zu finden und nicht auf der Ebene von Artgemeinschaften.

In Artgemeinschaften besteht der primäre Effekt von ITV darin, die Persistenz und die Abundanz der Arten zu erhöhen, die eine durchschnittliche Konkurrenzfähigkeit besitzen. Die Diversität der Ausgangsgemeinschaft ist ebenfalls von entscheidender Bedeutung für die Wirksamkeit von ITV, d. h., dass ITV die Diversität der Arten oberhalb einer bestimmten Artenvielfalt nicht weiterhin erhöhen kann. Bei Gemeinschaften unterhalb des Schwellenwertes trägt ITV hauptsächlich dazu bei, die Diversität in den Gemeinschaften zu erhöhen. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass ITV die Artenvielfalt aktiv erhält, indem ITV den konkurrenzschwachen Arten hilft, dies gilt aber hauptsächlich in Lebensräumen mit relativer Diversität.



Autor*innen

Crawford M., Jeltsch F., May F., Grimm V.,
Schlägel U.

Erschienen als

Intraspecific trait variation increases species
diversity in a trait-based grassland model.
Oikos 128: 441–455 (2019)

doi: 10.1111/oik.05567

Abbildung

Crawford M.

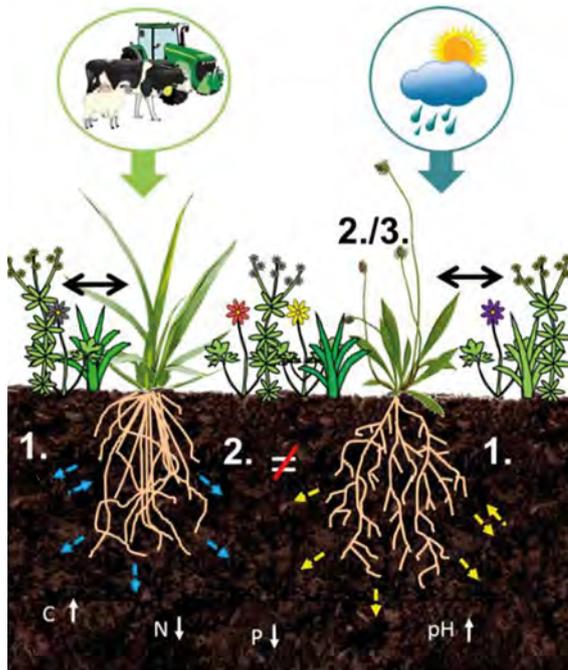
Untersuchung der Wurzel- ausscheidungen von Pflanzen in natürlichen Grünland- gemeinschaften

Die Rhizosphäre beschreibt den Bereich des Bodens, der durch Pflanzenwurzeln unmittelbar beeinflusst wird und der unmittelbar auf die Pflanzen wirkt. In der Rhizosphäre sind Pflanzen einer Vielzahl verschiedener biotischer und abiotischer Faktoren ausgesetzt, auf die sie mit der Ausscheidung einer Vielzahl von sekundären Wurzelmetaboliten reagieren.

Als sekundäre Wurzelmetabolite werden Stoffwechselprodukte bezeichnet, die für die Pflanze nicht lebensnotwendig erscheinen. Bislang war nicht bekannt, inwieweit die Zusammensetzung der Wurzelexsudate artspezifisch ist und von der Landnutzung und den lokalen Auswirkungen der lokalen Pflanzennachbarschaft unter Feldbedingungen beeinflusst wird. In dieser Studie wurden die Wurzelexsudate von 10 verbreiteten Grünlandarten, jeweils 5 Kräutern und Gräsern, in den deutschen Biodiversitäts-Exploratorien mit einem kombinierten Phytometer- und ungezielten Flüssigchromatografie-Massenspektrometrie-(LC-MS-)Ansatz analysiert.

Statistische Modelle wie die Redundanzanalyse und die hierarchische Clusterbildung ergaben neben artspezifischen Metaboliten eine große Menge semipolarer Metaboliten, die allen Arten gemeinsam sind. Der Reichtum an chemischen Verbindungen und die Zusammensetzung der Exsudate zeigten, dass krautige Pflanzen wie Spitzwegerich (*Plantago lanceolata*) und Labkrautarten (*Galium spp.*) mehr artspezifische Metaboliten ausscheiden als Gräser. Gräser wurden stattdessen hauptsächlich durch Umweltbedingungen beeinflusst. Sowohl bei Kräutern als auch bei Gräsern hatten die funktionellen Merkmale der Pflanzen nur einen geringen Einfluss auf die Exsudationsmuster der Pflanzenwurzeln.

Insgesamt zeigen unsere Ergebnisse, dass es machbar ist, semipolare Metaboliten unter Feldbedingungen zu gewinnen und ungezielt zu profilieren, und sie ermöglichen einen tieferen Einblick in die Exsudation von Pflanzen in einer natürlichen Grünlandgemeinschaft.



Autor*innen

Dietz S., Herz K., Döll S., Haider S., Jandt U.,
Bruehlheide H., Scheel D.

Erschienen als

Semi-polar root exudates in natural grassland communities. *Ecology and Evolution* 9: 5.526–5.541 (2019)

doi: 10.1002/ece3.5043

Abbildung

Dietz S.

Struktur, Stabilität und ökologische Bedeutung der natürlichen epigenetischen Variation: eine groß angelegte Studie zum Spitzwegerich (*Plantago lanceolata*)

Die genetische Vielfalt innerhalb von Arten ist wichtig für viele ökologische und evolutionäre Prozesse. Neue Forschungen zeigen, dass Pflanzen der gleichen Art neben der genetischen (DNA-Sequenz) auch eine epigenetische Vielfalt (z. B. unterschiedliche Methylierung der DNA) aufweisen. Ausmaß, Stabilität und ökologische Bedeutung solcher epigenetischer Variation in natürlichen Pflanzenpopulationen sind aber bisher weitgehend unerforscht.

In unserer Studie haben wir uns die genetische, epigenetische und phänotypische Variation des Spitzwegerichs (*Plantago lanceolata*) angeschaut. Wir haben dazu eine große Zahl von Grünlandpopulationen untersucht, die ein breites geografisches und ökologisches Spektrum abdeckten. Mittels molekularer Marker, d. h. kurzen DNA-Abschnitten, haben wir uns die genetische und epigenetische Diversität innerhalb der Populationen und die Differenzierung zwischen den Populationen angeschaut. Außerdem haben wir zahlreiche Pflanzenmerkmale gemessen, sowohl im Freiland als auch an Nachkommen der Pflanzen, die wir unter standardisierten Bedingungen in einem Gewächshaus angezogen haben.

Wir fanden eine schwache epigenetische Populationsstruktur, d. h., Pflanzen verschiedener Standorte waren tatsächlich auch epigenetisch verschieden. Ein Großteil der epigenetischen Unterschiede blieb im Gewächshaus erhalten, d. h., die epigenetische Variation war überwiegend stabil und wurde weitervererbt. Die epigenetischen Unterschiede hingen durchweg mit der genetischen Variation und mit den Umweltbedingungen der Herkunftspopulationen zusammen. Es gab auch schwächere Zusammenhänge mit der phänotypischen Variation und Landnutzung, wobei stärker beweidete Populationen generell eine größere epigenetische Vielfalt aufwiesen.

Unsere Studie zeigt, dass es in Populationen einer häufigen Grünlandart tatsächlich auch eine natürliche epigenetische Vielfalt gibt und dass diese epigenetische Vielfalt zumindest teilweise stabil und nicht zufällig ist und von Umweltbedingungen beeinflusst wird. Um die biologischen Mechanismen hinter diesen Ergebnissen zu verstehen, sind tieferegehende experimentelle und vor allem molekulare Untersuchungen notwendig.



Autor*innen

Gáspár B., **Bossdorf O.**, Durka W.

Erschienen als

Structure, stability and ecological significance of natural epigenetic variation: a large-scale survey in *Plantago lanceolata*. *New Phytologist* 221: 1.585–1.596 (2019)

doi: /2072-4292/11/24/2966

Foto

Gáspár B.

Die Bedeutung von Pflanzen-Boden-Feedbacks für das Pflanzenwachstum sinkt mit steigendem Fraßdruck durch pflanzenfressende Insekten

Positive Bodeneffekte haben einen fördernden Effekt auf die Pflanzenqualität und das Pflanzenwachstum und können sich positiv auf die Konkurrenzkraft von Pflanzen auswirken. Neuere Forschungen haben gezeigt, dass Herbivorie, und damit Fraßdruck durch pflanzenfressende Insekten, die Rückkopplungen zwischen Pflanzen und ihrem Boden im Allgemeinen beeinflussen kann.

Nicht untersucht ist jedoch bisher, welchen Einfluss die Intensität des Fraßdrucks auf diese Pflanze-Boden-Feedbacks hat. Diese Information ist jedoch wichtig, um den Beitrag von Bodeneffekten auf das Pflanzenwachstum unter natürlichen Bedingungen im Feld abzuschätzen.

Um dies zu testen, führten wir ein Experiment mit 4 verbreiteten Grasarten – sowohl mit als auch ohne oberirdische Herbivorie – auf 9 Grünlandstandorten durch. Die Grünlandstandorte bildeten einen Gradienten von niedrigem Fraßdruck bis hin zu einem hohen Fraßdruck durch oberirdische Insekten ab.

Ohne herbivore Insekten waren die Bodeneffekte für alle Grasarten an allen 9 Grünlandstandorten ähnlich – sowohl in der Richtung als auch in der Größe. In Anwesenheit von pflanzenfressenden Insekten unterschieden sich die Bodeneffekte jedoch und hingen von der Intensität des Fraßdruckes ab. Bei geringem Fraßdruck waren die Bodeneffekte vergleichbar mit jenen ohne Fraßdruck. Mit steigendem Fraßdruck neutralisierten sich die Bodeneffekte hingegen.

Ein hoher Fraßdruck hatte in unseren Ergebnissen einen wesentlich größeren Einfluss auf das Pflanzenwachstum als die Pflanze-Boden-Feedbacks. In Ökosystemen mit hohem Fraßdruck werden diese bodenvermittelnden Vorteile abgeschwächt, da die Insekten

Pflanzen mit besserer Futterqualität bevorzugen. Dadurch werden Konkurrenzeffekte abgemildert und Koexistenz ermöglicht. In Ökosystemen mit geringem Fraßdruck werden im Gegenzug Bodeneffekte besonders wichtig für das Wachstum von Pflanzen und die Konkurrenz zwischen Pflanzen sein.



Autor*innen

Heinze J., Simons N. K., Seibold S., Wacker A., Weithoff G., Gossner M. M., Prati D., Bezemer T. M., Joshi J.

Erschienen als

The relative importance of plant-soil feedbacks for plant-species performance increases with decreasing intensity of herbivory. *Oecologia* 190: 651–664 (2019)

doi: 10.1007/s00442-019-04442-9

Foto

Heinze J.

Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Bodenmikroorganismen spielen eine untergeordnete Rolle für die lokale Anpassung von Spitzwegerich

Im Boden lebende Mikroorganismen haben das Potenzial, Wachstum und Fortpflanzung von Pflanzen zu beeinflussen. Gleichzeitig sind Pflanzen aber auch in der Lage, die Eigenschaften des Bodens, auf dem sie wachsen, zu verändern. Die evolutionäre Interaktion zwischen diesen Prozessen wird als Pflanze-Boden-Feedback (*Plant-Soil Feedback, PSF*) bezeichnet. Landnutzung kann die Evolution von Pflanzen und die Struktur und Zusammensetzung der Bodenmikroorganismen beeinflussen und somit potenziell auch PSFs.

Um herauszufinden, ob Pflanzen an ihre eigenen Bodenmikroorganismen angepasst sind, haben wir ein Topfexperiment unter Feldbedingungen durchgeführt. Dabei haben wir die innerartliche Variation der Pflanzenreaktionen auf eigene und fremde Bodenmikroorganismen untersucht. Wir verwendeten Samen des Spitzwegerichs (*Plantago lanceolata L.*) zusammen mit durch Spitzwegerich konditionierte Böden aus 3 ungedüngten Weiden und 3 gedüngten Mähweiden.

Um zu testen, ob die Pflanzen eine positive oder negative Reaktion auf ihre eigenen Bodenmikroorganismen zeigen, verpflanzten wir Spitzwegerich-Setzlinge und ihre Bodenmikroorganismen wechselseitig zwischen den beiden Habitattypen. Zusätzlich testeten wir, ob Insektenfraß PSFs beeinflussen kann, indem wir oberirdische pflanzenfressende Insekten von jeweils der Hälfte der Pflanzen ausschlossen.

Ohne Insektenfraß hatte die Herkunft der Bodenmikroorganismen keinen Einfluss auf das Pflanzenwachstum. Wenn pflanzenfressende Insekten anwesend waren, dann wuchsen Pflanzen aus ungedüngten Weiden in beiden Habitaten besser zusammen mit fremden Bodenmikroorganismen.

Pflanzen aus gedüngten Mähweiden zeigten gar keine Reaktion auf die Bodenmikroorganismen. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass Bodenmikroorganismen allein nur eine untergeordnete Rolle bei der lokalen Anpassung des Spitzwegerichs spielen. Sie zeigen aber auch, dass die Auswirkungen von Bodenmikroorganismen durch Insektenfraß beeinflusst werden könnten.



Autor*innen

Kirchhoff L., **Kirschbaum A.**, Joshi J.,
Bossdorf O., Scheepens J. F., Heinze J.

Erschienen als

Plant-Soil Feedbacks of *Plantago lanceolata*
in the Field Depend on Plant Origin and
Herbivory. *Frontiers in Ecology and Evolution*
7: 1–10 (2019)

doi 10.3389/fevo.2019.00422

Foto

Kirchhoff L.

Entwicklung allgemeiner Regeln zur Beschreibung von Heterogenitäts-Multifunktionalitäts-Beziehungen in der Landschaft

Das rasche Wachstum der Weltbevölkerung hat den Druck auf die Landschaften erhöht, ein hohes Maß an vielfältigen Ökosystemleistungen zu erbringen, darunter die Produktion von Nahrungsmitteln und Fasern, Kohlenstoff zu speichern, die biologische Vielfalt zu erhalten und die Erholung. Derzeit fehlen jedoch allgemeine Grundsätze, die beschreiben, wie diese Multifunktionalität der Landschaft erreicht werden kann.

Wir kombinierten theoretische Simulationen und Daten zu 14 Ökosystemdienstleistungen (einschließlich Futterproduktion und -qualität, Kohlenstoffspeicherung im Boden, Anzahl der Bestäuber und Blumendecke), die auf 150 Grünlandflächen in der Schwäbischen Alb, Hainich-Dün und Schorfheide-Chorin gemessen wurden. Dabei untersuchen wir, unter welchen Umständen räumliche Heterogenität der Landnutzungsintensität die Multifunktionalität von Ökosystemen auf Landschaftsebene erhöht.

Auf theoretischen Daten basierende Simulationen zeigten, dass die Beziehungen zwischen Heterogenität der Landnutzungsintensität und Multifunktionalität der Landschaft sehr variabel sind und von unbedeutend bis stark positiv reichen können. Trotz dieser Variabilität konnten wir Kriterien identifizieren, unter denen Beziehungen zwischen Heterogenität der Landnutzungsintensität und Multifunktionalität der Landschaft am stärksten positiv waren: Dies geschah, wenn mehrere Ökosystemleistungen kontrastierend (sowohl positiv als auch negativ) auf Landnutzungsintensität wirkten.

Diese Befunde wurden durch empirische Daten bestätigt, die zeigten, dass Heterogenität in der Landnutzungsintensität (LUI) die Multifunktionalität der Landschaft in den Fällen förderte, in denen Funktionen mit sowohl positiven (z. B. pflanzliche Biomasse) als auch

negativen (z. B. Blumendecke) Reaktionen auf die Intensivierung der Landnutzung einbezogen wurden. So war z. B. die gleichzeitige Bereitstellung von Ökosystemfunktionen im Zusammenhang mit der Futterproduktion (die im Allgemeinen von der Intensivierung der Landnutzung profitierte), der Erhaltung der biologischen Vielfalt und der Erholung (die im Allgemeinen mit der Intensivierung der Landnutzung abnahm) am höchsten in Landschaften, die aus in der Landnutzungsintensität variierenden Standorten bestanden.



Autor*innen

Van der Plas F., Allan E., Fischer M., Alt F., Arndt H., Binkenstein J., Blaser S., Blüthgen N., Böhm S., Hölzel N., Klaus V. H., Kleinbecker T., Morris K., Oelmann Y., Prati D., Renner S. C., Rillig M. C., Schäfer M., Schloter M., Schmitt B., Schöning I., Schrumpf M., Solly E., Sorkau E., Steckel J., Steffen-Dewenter I., Stempfhuber B., Tschapka M., Weiner C. N., Weisser W. W., Werner M., Westphal C., Wilcke W., Manning P.

Erschienen als

Towards the development of general rules describing landscape heterogeneity–multifunctionality relationships. *Journal of Applied Ecology* 56: 168–179 (2019)

doi: 10.1111/1365-2664.13260

Foto

Manning P.

Das geografische Herkunftsgebiet (Arealtyp) von Pflanzen beeinflusst deren Reaktion auf biotische Interaktionen und unterschiedliche Bewirtschaftungsformen

In der Ökologie wurde lange Zeit davon ausgegangen, dass die geografische Verbreitung von Pflanzen durch klimatische Toleranzen der Arten bestimmt wird. Inzwischen ist jedoch bekannt, dass das Klima hauptsächlich eine indirekte Rolle spielt und dabei besonders die Erfolgchancen bei der Ansiedlung, die Konkurrenzverhältnisse zwischen Arten oder Habitat-Eigenschaften beeinflusst. Diese Faktoren werden häufig zusätzlich durch die menschliche Landnutzung verändert. Innerhalb dieses komplexen Systems spielen auch biotische Interaktionen eine Rolle. Dabei überwiegen unter günstigen klimatischen Bedingungen, wo beispielsweise harte Fröste und starke Dürre kaum auftreten, negative biotische Wechselwirkungen, wie Konkurrenz, Fressfeinde oder Krankheitserreger.

Diese Hypothese wurde experimentell getestet, indem wir Pflanzenarten aus unterschiedlichen Herkunftsgebieten (Arealtypen) jeweils günstigen und ungünstigen Klimabedingungen, biotischen Interaktionen und verschiedenen Bewirtschaftungsformen ausgesetzt haben. Das Verpflanzungsexperiment wurde mit 2.250 Versuchspflanzen über zwei Jahre in insgesamt 45 Parzellen in den drei Exploratorien-Regionen durchgeführt, die ein kontinentales Klimagefälle von Südwest nach Nordost aufweisen. Wir konnten feststellen, dass unter Konkurrenz und Schneckenfraß jeweils die Wachstumsleistung der Arten kontinentaler Herkunft stärker beeinträchtigt war als die der ozeanisch verbreiteten Arten. Die Arealtypen unterschieden sich außerdem in ihren Reaktionen auf die Grünlandbewirtschaftung. Weiterhin zeigte sich, dass die Unterschiede in den Überlebensraten zwischen den verwandten Arten regionspezifisch und weitgehend unbeeinflusst von den biotischen Wechselwirkungen und den Bewirtschaftungsformen waren.

Somit deuten unsere Ergebnisse darauf hin, dass sich ansonsten sehr ähnliche Pflanzenarten in ihren Reaktionen auf biotische Fak-

toren und Bewirtschaftungsformen je nach ihrem geografischen Arealtyp stark unterscheiden können. Je nach Landschaft können sich dabei die verschiedenen Bewirtschaftungsformen wiederum unterschiedlich auswirken. Das heißt auch, dass Landschaftspflege-maßnahmen gezielt eingesetzt werden könnten, um Auswirkungen des Klimawandels auf lokale Pflanzenpopulationen zu beeinflussen.



Autor*innen

Welk A., **Welk E.**, Baudis M., Böckelmann J., Bruelheide H.

Erschienen als

Plant species' range type determines local responses to biotic interactions and land use. *Ecology* 100: e02890 (2019)

doi: 10.1002/ecy.2890

Fotos

Foto oben: Schumacher U.

Foto unten: Welk A.

Um die Wettbewerbsintensität zu manipulieren, haben wir an allen Pflanzpositionen einen zylindrischen Bodenkern entnommen, die oberirdische Biomasse entfernt und ihn umgekehrt wieder eingesetzt; anschließend wurde an der jeweiligen Pflanzposition eine Phytometerpflanze gepflanzt

Tiere

Artikel

Die Blütenfarbe gibt den Bestäubern nur wenig Information über die Tiefe der Nektarröhre [S.122](#)

Landnutzungstyp und -intensität beeinflussen funktionelle Merkmale von Arthropodengemeinschaften [S.124](#)

Erhöht die phylogenetische Diversität der Pflanzen den Blattfraß durch wirbellose Tiere im bewirtschafteten Grünland? [S.126](#)

Nährstoffqualität von Wirbeltierdung als Nahrungsquelle für Dungkäfer [S.128](#)

Einfluss von Landwirtschaft auf die Artengemeinschaft und die ökologische Funktion von Dungkäfern im Wald und Grünland [S.130](#)

Habitatverfügbarkeit bestimmt die Verbreitungs-Abundanz-Beziehung der Pflanzensaft-saugenden Wanzen im bewirtschafteten Grünland [S.132](#)

Direkte und indirekte Auswirkungen der landwirtschaftlichen Intensivierung auf ein Wirt-Parasitoid-System auf dem Spitzwegerich (*Plantago lanceolata L.*) im Landschaftskontext [S.134](#)

Chemische Fußabdrücke – eine neue Methode zur Erfassung von Blütenbesuchen von Hummeln entlang von Landnutzungsgradienten [S.136](#)

Blütenspezialisierung und Stickstoff-Homöostase – was trägt zur Anfälligkeit von Hummeln bei? [S.138](#)

Zusammenhang zwischen Wasserverlust und Körperoberfläche und -volumen bestäubender Insekten mithilfe von 3D-Oberflächenmodellen [S.140](#)

Zusammenhang zwischen der Artenvielfalt von Nachtfaltern und der Landnutzungsinintensität im Grünland: Generalisten ersetzen Spezialisten [S.142](#)

Die Artengemeinschaft von Springschwänzen (*Collembola*) wird vor allem von regionalen, abiotischen Faktoren beeinflusst und kann zwischen den Jahren stark schwanken [S.144](#)

Unterschiedliche Landnutzung im Grünland beeinflusst die Häufigkeitsverteilung von ober- und unterirdischen Artengemeinschaften [S.146](#)

Wie Grünlandbewirtschaftung ohne Artenschwund funktionieren kann [S.148](#)

Trophische Stufe, Sukzessionsstadium und Merkmalsabgleich bestimmen die Spezialisierung von Totholz basierenden Interaktionsnetzwerken von Totholzkäfern [S.150](#)

Intensive Landnutzung treibt die kleinräumige Homogenisierung von Pflanzen- und Zwergzikaden-Gemeinschaften voran und fördert Generalisten [S.152](#)

Überprüfung von statistischen Modellen zu Räuber-Beute-Interaktionen in Bodenökosystemen [S.154](#)

Auf Spurensuche: die Rolle flüchtiger Duftstoffe für das Anlocken von Dungkäfern [S.156](#)

Globale Netzwerke: hoher Generalismus der Dungkäfer entlang des Breitengrad-Artenvielfalt-Gradienten [S.158](#)

Charakterisierung des Darmmikrobioms von Hornmilben [S.160](#)

Auswirkungen der Waldbewirtschaftung auf Ameisengemeinschaften in temperaten Wäldern [S.162](#)

Divergierende Reaktion zweier mobiler Wirbeltiergruppen auf die Waldstruktur [S.164](#)

Auswirkungen abiotischer Umweltfaktoren und der Landnutzung auf die Vielfalt aasbesuchender Käfer (Coleoptera: Silphidae): eine groß angelegte Aasstudie [S.166](#)

Die Auswirkungen von Management auf Ambrosiakäfer und ihre Gegenspieler in europäischen Buchenwäldern [S.168](#)

Tiere

Direkte und indirekte Auswirkungen von Landnutzungsintensivierung auf Ameisengemeinschaften in temperatem Grünland [S.170](#)

Effekte der Waldbewirtschaftung und Baumartenzusammensetzung auf das Vorkommen pflanzenfressender Insekten im Waldbestand [S.172](#)

Art der Landnutzung, Häufigkeit räuberischer Arthropoden und Vegetationshöhe beeinflussen die Prädationsrate in temperatem Grünland [S.174](#)

Landnutzung auf lokaler Ebene und Landschaftsebene beeinflusst die funktionale Zusammensetzung pflanzenfressender Insektengemeinschaften [S.176](#)

Standardisierung von ökologischen Merkmalsdaten [S.178](#)

Ursachen für das Insektensterben in Grünland und Wald sind auf Landschaftsebene zu finden [S.180](#)

Management von Ökosystemen verändert Vektordynamik und Hämospordien-Infektionen [S.182](#)

Die veränderte Landnutzung in Europa hat direkten und indirekten Einfluss auf Schneckengemeinschaften [S.184](#)

S.118 – 185

Die Blütenfarbe gibt den Bestäubern nur wenig Information über die Tiefe der Nektarröhre

Bienen und andere Bestäuber haben eine große ökologische und landwirtschaftliche Bedeutung. Sie sind für die Vermehrung und den Ertrag von bis zu 90 % aller blühenden Pflanzenarten wichtig. Im Gegenzug bekommen die Bestäuber von den Pflanzen Nektar als Belohnung angeboten.

Je nach Pflanzenart wird der Nektar offen oder in unterschiedlich langen Nektarröhren angeboten. Der Bestäubungserfolg ist besonders hoch, wenn die Tiefe der Nektarröhre und die Länge des Insektenrüssels gut zusammenpassen. Die Pflanzen könnten daher davon profitieren, Bestäubern die Tiefe ihrer Nektarröhre zu signalisieren und dadurch besonders Bestäuber mit einer passenden Rüssellänge anzuziehen. Ein wichtiges Signal in der Kommunikation zwischen Pflanzen und Bestäubern ist die Blütenfarbe. In dieser Studie untersuchten wir daher, ob unterschiedliche Aspekte der Blütenfarbe den Bestäubern die Tiefe der Nektarröhre anzeigen.

Um diese Frage zu beantworten, haben wir die Blütenfarben und die Tiefe der Nektarröhren von 135 Grünlandarten untersucht.

Wir konnten zeigen, dass die Blütenfarbe die Nektarröhrentiefe nur begrenzt vorhersagen konnte. Lediglich blaue und violette Blüten hatten tiefere Nektarröhren als grüne, blaugüne und UV-grüne Blüten. Andere Faktoren der Blütenfarbe wie die spektrale Reinheit korrelierten nicht mit der Nektarröhrentiefe.

Diese Ergebnisse zeigen, dass Blütenfarben aus Bienensicht ein gewisses Potenzial haben können, die Röhrentiefe, d. h. die Zugänglichkeit des Nektars, anzuzeigen. So könnten Bestäuber z. B. anhand der blauen Farbe die Röhrentiefe vorhersagen und so könnten blaue Blüten besonders oft von langrüsseligen Bienen und Hum-

meln besucht werden. Da die Blütenfarbe aber nur begrenzt mit der Nektarröhrentiefe korreliert, ist es jedoch wahrscheinlich, dass noch andere Blütenmerkmale wie der Duft eine Rolle spielen.



Autor*innen

Binkenstein J., Stang M., Renoult J. P.,
Schaefer H. M.

Erschienen als

Weak correlation of flower color and nectar-
tube depth in temperate grasslands.

Journal of Plant Ecology 10: 397–405 (2017)

doi: 10.1093/jpe/rtw029

Foto

Teuscher M.

Landnutzungstyp und -intensität beeinflussen funktionelle Merkmale von Arthropodengemeinschaften

Der weltweite Rückgang der Artenvielfalt führt auch zu einem Verlust von funktionellen Merkmalen und einer Verringerung der Merkmalsvarianz, z.B. in Körpergröße und Mobilität, in Tiergemeinschaften. Dies führt zu einem Verlust von Ökosystemdienstleistungen. Es wird angenommen, dass unterirdische Arthropoden weniger von der Bewirtschaftungsintensität betroffen sind als oberirdische Arthropoden.

In dieser Studie haben wir untersucht, wie sich die Bewirtschaftungsintensität im Grünland und im Wald auf die Merkmalsvielfalt der Arthropoden auswirkt. Dazu haben wir Daten von 722 oberirdisch (Zikaden und Wanzen), unterirdisch (Hundertfüßer und Hornmilben) und an der Schnittstelle (Spinnen und Laufkäfer) lebenden Arthropodenarten analysiert.

Wir konnten zeigen, dass die Merkmalsvielfalt von Arthropodengemeinschaften besonders zwischen den Landnutzungstypen (Wald und Grünland) variiert. Zikaden und Hundertfüßer haben im Grünland im Vergleich zu Wäldern eine geringere Merkmalsvielfalt, Laufkäfer zeigten das umgekehrte Muster. Die Körpergröße der beobachteten Arten nahm mit der Intensität der Landnutzung in allen Taxa im Grünland ab. Der Anteil der Spinnen und Zikaden mit geringer Mobilität nahm mit der Landnutzungsintensität ebenfalls ab. Der Anteil räuberischer Individuen nahm mit der Landnutzungsintensität bei Wanzen in Wäldern und bei Hornmilben und Laufkäfern im Grünland zu.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass eine Intensivierung der Landnutzung die Merkmalsvielfalt nicht in allen Taxa generell verringert, sondern einzelne Taxa unterschiedlich reagieren. Die Reaktionen sind unabhängig davon, ob es sich um ober- oder unterirdische

Taxa handelt. Diese bisher unbeschriebenen Muster können helfen, Bewirtschaftungsstrategien für die Erhaltung der Merkmalsvielfalt im Grünland und im Wald zu entwickeln.



Autor*innen

Birkhofer K., Gossner M. M., Diekötter T., Drees C., Ferlian O., Maraun M., Scheu S., Weisser W.W., Wolters V., Wurst S., Zaitsev A. S., Smith H.

Erschienen als

Land-use type and intensity differentially filter traits in above- and below-ground arthropod communities.

Journal of Animal Ecology 86: 511–520 (2017)

doi: 10.1111/1365-2656.12641

Foto

Birkhofer K.

Erhöht die phylogenetische Diversität der Pflanzen den Blattfraß durch wirbellose Tiere im bewirtschafteten Grünland?

Es hat sich gezeigt, dass die Pflanzenvielfalt und die Intensität der Landnutzung den Blattfraß (Herbivorie) durch wirbellose Tiere beeinflussen. Mehrere Hypothesen sagen entweder positive oder negative Beziehungen der Herbivorie mit dem Pflanzenartenreichtum voraus. Auch die Stärke und Richtung der berichteten Beziehungen variieren stark zwischen den Studien, was zu der Schlussfolgerung führt, dass die Beziehungen entweder von dem untersuchten spezifischen System abhängen oder dass andere, nicht berücksichtigte Faktoren wichtiger sind.

Hier stellten wir die Hypothese auf, dass die phylogenetische Vielfalt von Pflanzen ein stärkerer Prädiktor für die Herbivorie durch wirbellose Tiere ist als der Pflanzenartenreichtum, weil sie zusätzliche Informationen über die phänotypische und funktionelle Zusammensetzung von Gemeinschaften integriert. Wir untersuchten die pflanzengemeinschaftsbezogene Herbivorie, den Pflanzenartenreichtum und die phylogenetische Vielfalt entlang eines Landnutzungsintensitätsgradienten auf insgesamt 145 bewirtschafteten Grünlandflächen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien.

Wir konnten zeigen, dass der Pflanzenartenreichtum und die phylogenetische Vielfalt mit zunehmender Landnutzungsintensität abnahmen. Der Pflanzenartenreichtum konnte die Herbivorie wirbelloser Tiere nicht voraussagen. Im Gegensatz dazu nahm die Herbivorie mit zunehmender phylogenetischer Vielfalt der Pflanzen mäßig zu, selbst nach Berücksichtigung der Auswirkungen von Region und Landnutzung. Die Stärke der direkten Auswirkungen der Landnutzungsintensität und der indirekten Effekte über eine veränderte phylogenetische Vielfalt auf die Herbivorie variierte jedoch von Region zu Region.

Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass eine zunehmende phylogenetische Vielfalt der Pflanzengemeinschaften die Herbivorie der Wirbellosen wahrscheinlich durch eine höhere Ressourcendiversität erhöht. Die Unterschiede zwischen den Regionen unterstreichen die Notwendigkeit, regionale Besonderheiten zu berücksichtigen, wenn man versucht, die Auswirkungen der Landnutzung auf die Herbivorie wirbelloser Tiere zu verallgemeinern.



Autor*innen

Egorov E., **Gossner M. M.**, Meyer S. T.,
Weisser W. W., Brändle M.

Erschienen als

Does plant phylogenetic diversity increase
invertebrate herbivory in managed grass-
lands?

Basic and Applied Ecology 20: 40–50 (2017)

doi: 10.1016/j.baae.2017.03.004

Foto

Gossner M. M.

Nährstoffqualität von Wirbeltierdung als Nahrungsquelle für Dungkäfer

Tiere nutzen Nährstoffe verschiedenster lebender oder toter organischer Nahrungsquellen. Dungkäfer (*Scarabaeoidea*) ernähren sich beispielsweise vorwiegend durch den Kot von Wirbeltieren. Die Aufnahme und Verwertung von Kot kann dabei sowohl Vorteile (einfacher Aufschluss von Nährstoffen und einfache Handhabung) als auch Nachteile haben (bereits verarbeitete und verwertete Nahrung, bakterielle Infektionen).

Es stellt sich daher die Frage, ob es Kriterien gibt, nach denen Dungkäfer zwischen verschiedenen Nährstoffquellen (Dungsorten) wählen. Bislang gab es nur wenige Studien zum Nährstoffgehalt verschiedener Dungsorten, z. B. zum Kohlenstoff-Stickstoff-Verhältnis und Gehalt an organischer Substanz, und es fehlte ein umfassender Vergleich der Qualität des Kots verschiedener Tiere unterschiedlicher Ernährungsformen (Fleisch-, Pflanzen-, Allesfresser). Qualitätsvergleiche könnten helfen, Präferenzen für bestimmte Dungsorten bei Dungkäfern zu erklären.

Wir haben den Kot von 23 Wirbeltieren anhand folgender Qualitätsmerkmale untersucht: Wassergehalt, Kohlenstoff-Stickstoff-Verhältnis, Konzentration und Zusammensetzung von Aminosäuren, neutralen Fettsäuren, freien Fettsäuren und Sterolen. Die Ergebnisse zeigen deutliche Unterschiede aller Nährstoffe zwischen den drei Ernährungstypen (Fleisch-, Pflanzen-, Allesfresser). Alle untersuchten Dungsorten konnten jedoch als relativ nährstoffreiche, vollwertige Nahrung charakterisiert werden.

Anschließend testeten wir, ob die Nährstoffzusammensetzung des Dungs die Präferenz der Dungkäfer in Wäldern und Grasländern der Biodiversitäts-Exploratorien erklären kann. Dazu wurden 12 repräsentative Dungsorten gleichzeitig als Köder in 27 Wäldern und

27 Grasflächen ausgelegt. Die Ergebnisse aus den Feldversuchen zeigten insgesamt starke Präferenzen der Käferarten für bestimmte Dungsorten. Die Nährstoffzusammensetzung konnte aber die unterschiedliche Attraktivität der Köder nicht vorhersagen. Wir schließen daraus, dass – unabhängig von der Nährstoffqualität des Dungs – die unterschiedlichen Duftstoffe beim Auffinden und der Bewertung des Dungs durch die Dungkäfer eine entscheidende Rolle spielen.



Autor*innen

Frank K., Brückner A., Hilpert A., Heethoff M., Blüthgen N.

Erschienen als

Nutrient quality of vertebrate dung as a diet for dung beetles.

Scientific Reports 7: 12.141 (2017)

doi: 10.1038/s41598-017-12265-y

Foto

Frank K.

Einfluss von Landwirtschaft auf die Artengemeinschaft und die ökologische Funktion von Mistkäfern im Wald und Grünland

Mistkäfer (*Scarabaeidae*) sind häufig vorkommende Zersetzer und insbesondere die Tunnel grabenden Arten *Geotrupes*, *Anoplotrupes* und *Onthophagus* verbessern die Bodenqualität und unterstützen den Nährstoffkreislauf durch schnelles Vergraben von Säugertiermist. Diese funktionell wichtigen Käfer sind mit einer Vielzahl von Menschen verursachten Störungen und Veränderungen der Umweltbedingungen aufgrund der Landnutzung konfrontiert.

Wir führten daher eine Bestimmung der Anzahl (umgerechnet auf die Gesamtbiomasse) der Mistkäfer und ihrer Abbaurate, d. h. wie viel Dung sie vergraben (g pro zwei Tage), an 150 Wald- und 150 Grünlandstandorten mit unterschiedlicher Landnutzungsintensität in Nordost-, Mittel- und Südwestdeutschland durch. Wir verwendeten Dung von Nutztieren (Kuh, Schaf, Pferd) und Wildtieren (Wildschwein, Rotwild und Fuchs), um ein charakteristisches Spektrum der Dungressourcen an jedem Standort zu erhalten.

Die meisten Mistkäferarten zeigten starke Präferenzen für Gebiete: *Anoplotrupes*, *Typhaeus* und mehrere *Aphodius*-Arten kamen fast ausschließlich in Wäldern vor, während die meisten *Onthophagus*-Individuen in Grasland zu finden waren. Insgesamt sammelten wir 18.780 Individuen von 33 Arten. Die durchschnittliche Mistkäferbiomasse war in Wäldern 36-mal höher als im Grünland und ihre Abbaurate war 3-mal höher. Mit Blick auf die Störungen durch menschliche Bewirtschaftung konnten wir feststellen, dass in Wäldern die Holzernte und auf Wiesen die Mahd und die Düngung die biologische Funktion der Tiere (also das Abbauen von Dung) massiv beeinflussen. Eine stärkere Beweidung allerdings sowie ein gewisser Anteil von Nadelbäumen hatten einen positiven Einfluss auf die Tiere.

Insgesamt zeigt unsere Studie negative Auswirkungen der Lebensraumumwandlung von Wald in Grünland und negative Auswirkungen der Landnutzungsintensität innerhalb von Wäldern und Grünland auf die Mistkäferaktivitäten.



Autor*innen

Frank K., Hülsmann M., Assmann T., Schmitt T., Blüthgen N.

Erschienen als

Land use affects dung beetle communities and their ecosystem services in forests and grasslands.

Agriculture, Ecosystems & Environment 243: 114–122 (2017)

doi: 10.1016/j.agee.2017.04.010

Foto

Frank K.

Habitatverfügbarkeit bestimmt die Verbreitungs- Abundanz-Beziehung der Pflanzensaft saugenden Wanzen im bewirtschafteten Grünland

Der positive Zusammenhang zwischen der lokalen Häufigkeit von Arten und deren Verbreitung ist eines der klassischen Muster der Makroökologie. Die Mechanismen, die dieser positiven Beziehung zugrunde liegen, werden kontrovers diskutiert und durch mehrere konkurrierende Hypothesen erklärt.

In dieser Untersuchung haben wir Daten von einhundertundfünf Pflanzensaft saugenden (phytophagen) Wanzenarten (*Heteroptera*) von 150 Graslandstandorten über sechs Jahre hinweg verwendet, um zu untersuchen, wie unterschiedliche Faktoren die Verteilung und Abundanz beeinflussen.

Untersucht wurden dabei 1) die Entfernung zum Zentrum des Verbreitungsgebiets, 2) die Wirtspflanzenspezialisierung, 3) die Ressourcenverfügbarkeit, 4) die dichteabhängige Habitatauswahl, 5) die Metapopulationsdynamik und 6) die Interaktion Habitatverfügbarkeit – Ausbreitungsfähigkeit. Diese hypothetischen kausalen Beziehungen wurden zunächst getrennt und dann in einer kombinierten Analyse getestet. Hierfür wurden Pfadanalysen verwendet.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Verbreitungs-Abundanz-Beziehung bei phytophagen Wanzen von der Habitatverfügbarkeit bestimmt wird. Eine zunehmende lokale Dichte der Wirtspflanzen erhöht die Verbreitung der Arten in der Landschaft, was wiederum ihre lokale Abundanz erhöht. Dadurch erleichtert die Habitatverfügbarkeit den Ausbreitungserfolg.

Wir kommen zu dem Schluss, dass durch die Zerstörung ihres Lebensraums die lokale Abundanz von Pflanzenfressern aufgrund einer Abnahme der Populationsdynamik zwischen Standorten auf Landschaftsebene abnehmen könnte. Zudem unterstreichen unsere

Ergebnisse, dass Pfadanalysen geeignet sind, um konkurrierende Hypothesen zu testen.



Autor*innen

Friess N., **Gossner M. M.**, Weisser W.W., Brandl R., Brändle M.

Erschienen als

Habitat availability drives the distribution-abundance relationship in phytophagous true bugs in managed grasslands.

Ecological Society of Amerika 98: 2.561–2.573 (2017)

doi: <https://doi.org/10.1002/ecy.1947>

Foto

Gossner M. M.

Die Weichwanze *Stenotus binotatus* saugt gerne an Gräsern

Direkte und indirekte Auswirkungen der landwirtschaftlichen Intensivierung auf ein Wirt-Parasitoid-System auf dem Spitzwegerich (*Plantago lanceolata* L.) im Landschaftskontext

Die Intensivierung der Landnutzung ist eine der Hauptursachen für den weltweiten Rückgang der biologischen Vielfalt. Wechselwirkungen von Organismen aus unterschiedlichen Ebenen der Nahrungskette könnten durch eine sich verändernde Landschaftsstruktur infolge der landwirtschaftlichen Intensivierung besonders betroffen sein.

In dieser Studie untersuchten wir die Auswirkungen einer zunehmenden Landnutzungsintensität auf ein System mit drei Vertretern (tritroph) auf verschiedenen räumlichen Skalen im Landschaftskontext.

An 76 Standorten in drei geografischen Regionen Deutschlands untersuchten wir zwei Rüsselkäferarten, *Mecinus labilis* und *Mecinus* (*M.*) *pascuorum*, sowie ihren gemeinsamen Parasitoiden, *Mesopolobus incultus*, die auf dem heimischen Spitzwegerich (*Plantago lanceolata* L.) leben. Der Einfluss der Landnutzungsintensität auf die Artenhäufigkeit wurde auf einer Reihe von räumlichen Skalen (100–2.000 m) um die Untersuchungsgebiete herum analysiert.

In allen drei Regionen und auf allen räumlichen Skalen hatte ein zunehmender Anteil intensiv bewirtschafteter Grünlandflächen in der umgebenden Landschaft die Herbivorenhäufigkeit negativ beeinflusst. Ein zunehmender Anteil an naturnahen Lebensräumen hatte einen direkten positiven Einfluss auf die Häufigkeit der Herbivoren. Die Abundanz von *M. labilis* wurde am besten auf Radien von $r = 1.500\text{--}2.000$ m erklärt, die von *M. pascuorum* bei $r = 100\text{--}500$ m. Der Parasitoid, *Mesopolobus incultus*, wurde indirekt durch die Landnutzungsintensität über die Dichte seiner beiden Wirte beeinflusst.

Die landwirtschaftliche Intensivierung von Grünland kann die Fülle ihrer pflanzenfressenden und entomophagen Fauna auch auf dem Landschaftsmaßstab tiefgreifend beeinflussen. Dies kann wichtige Auswirkungen auf den Erhalt von Organismen höherer Ebenen der Nahrungskette in Agrarlandschaften haben.



Autor*innen

Herbst C., Arnold-Schwandner S., Meiners T., Peters M.K., Rothenwöhrer C., Steckel J., Wäschke N., **Westphal C.**, Obermaier E.

Erschienen als

Direct and indirect effects of agricultural intensification on a host-parasitoid system on the ribwort plantain (*Plantago lanceolata* L.) in a landscape context.

Landscape Ecology 32: 2.015–2.028 (2017)

doi: 10.1007/s10980-017-0562-3

Foto

Herbst C.

Intensiv genutztes Grünland (unten), extensiv genutztes Grünland (oben)

Chemische Fußabdrücke – eine neue Methode zur Erfassung von Blütenbesuchen von Hummeln entlang von Landnutzungsgradienten

Zuverlässige Messungen der Ressourcennutzung von Hummeln sind aufwendig und zeitintensiv. In dieser Studie wurde daher eine neue analytisch-chemisch basierte Methode angewendet, um die Nachteile von Beobachtungsdaten zu Blütenbesuchen zu überwinden.

Dafür wurden die Menge und artspezifische Zusammensetzung bestimmter Kohlenwasserstoffe zugrunde gelegt, die Hummeln während ihrer Blütenbesuche zurücklassen – die sogenannten „Fußabdrücke“. Diese Fußabdrücke wurden genutzt, um die Blütenbesuche von Hummeln auf Hornklee (*Lotus corniculatus*) in einer groß angelegten Feldstudie zu ermitteln.

Es wurde untersucht, ob die Hummelbesuche auf *L. corniculatus* von der Landnutzungsintensität der Grünlandfläche und der lokalen Diversität an Blütenpflanzen beeinflusst werden. Des Weiteren wurde getestet, ob die kleinräumige Dichte, die lokale Abundanz und der Anteil von *L. corniculatus* am Gesamtblütenangebot die Hummelbesuche auf den Blüten beeinflussen.

Die Fußabdrücke zeigten, dass die Besuchszahl mit der Landnutzungsintensität und der Beweidungsintensität stieg, während die begrenzten Beobachtungsdaten auf den gleichen Grünlandflächen dies nicht bestätigen konnten. Ferner nahmen Hummelbesuche mit abnehmender lokaler Diversität an Blütenpflanzen und abnehmendem Anteil von *L. corniculatus* am Gesamtblütenangebot zu, während die kleinräumige Häufung und lokale Abundanz von *L. corniculatus* keinen Effekt hatten.

Sowohl die Diversität von Blütenpflanzen als auch der Anteil von Hornklee gingen mit steigender Landnutzungsintensität in den Wiesen und Weiden zurück. Beide Trends – der kleinere Anteil von

Hornklee und geringere Blütenvielfalt – können zu einer Stabilisierung der Besuchsrate von Hummeln pro einzelner Blüte entlang des Landnutzungsgradienten beitragen.



Autor*innen

Kämper W., Blüthgen N., Eltz T.

Erschienen als

Bumblebee footprints on bird's-foot trefoil uncover increasing flower visitation with land-use intensity.

Agriculture, Ecosystems & Environment 240: 77–83 (2017)

doi: 10.1016/j.agee.2017.02.013

Foto

Bause C.

Blütenspezialisierung und Stickstoff-Homöostase – was trägt zur Anfälligkeit von Hummeln bei?

Während manche Hummelarten häufig sind und weit verbreitet, haben andere starke Rückgänge erlitten oder sind sogar (lokal) ausgestorben. Unterschiede in der Ressourcennutzung können dafür verantwortlich sein.

Die Nahrungsspezialisierung von 13 Bienenarten (12 Hummeln der Gattung *Bombus* und die Honigbiene *Apis mellifera*) wurde auf mehreren Grünlandflächen der Schwäbischen Alb ermittelt. Es wurde untersucht, ob Unterschiede in der Ressourcennutzung einen Einfluss auf die Häufigkeit dieser Arten und deren Reaktion auf die Landnutzung haben.

Die Häufigkeit bei drei (23 %) der Bienenarten nahm mit ansteigender Landnutzungsintensität ab und bei keiner der Arten zu. Während vorherige Studien gezeigt haben, dass Insekten mit spezialisierter Ressourcennutzung stärker unter Landnutzungseinflüssen zurückgehen, zeigte sich bei den ausgewählten Hummelarten kein eindeutiger Zusammenhang zwischen Ressourcennutzung und Rückgang der Arten. Tatsächlich nahmen die generalistisch sammelnden Steinhummeln (*Bombus (B.) lapidarius*), die etwas stärker spezialisierten Erdhummeln (Artkomplex *B. terrestris/lucorum*) und die spezialisierten Bergwaldhummeln (*B. wurflenii*) am stärksten mit der Landnutzung ab.

Honigbienen und zwei Hummelarten hatten höhere elementare Stickstoffkonzentrationen in der Körpermasse als andere Arten und zeigten trotz variabler Konzentrationen in Blütenressourcen ein hohes Regulationsvermögen (Stickstoff-Homöostase), d. h. konstant hohe Werte. Die Ergebnisse legen nahe, dass häufig vorkommende soziale Bienen Stickstoff-Homöostase betreiben.

Insgesamt zeigt die Studie, dass sogar häufige generalistische Arten wie die Steinhummel durch Landnutzung lokal negativ beeinflusst werden können, z. B. durch Mahd, Düngung und damit zusammenhängenden Rückgängen von Pflanzenvielfalt.



Autor*innen

Kämper W., Weiner C., Kühnel S., Storm C., Eltz T., Blüthgen N.

Erschienen als

Evaluating the effects of floral resource specialisation and of nitrogen regulation on the vulnerability of social bees in agricultural landscapes.

Apidologie 48: 371–383 (2017).

doi: 10.1007/s13592-016-0480-4

Foto

Blüthgen N.

Nektar sammelnde Arbeiterin einer Ackerschwarzbiene (*Bombus pascuorum*) auf Skabiosenblüte

Zusammenhang zwischen Wasserverlust und Körperoberfläche und -volumen bestäubender Insekten mithilfe von 3D-Oberflächenmodellen

Sind kleine, länglich geformte Insekten anfälliger gegen Austrocknung und andere Umwelteinflüsse als größere Arten oder solche, die eher eine Kugelform haben?

Dreidimensionale Körperformen spielen für viele Aspekte der Physiologie und Leistungsfähigkeit von Organismen eine wichtige Rolle. Größenverhältnisse zwischen Organen, Stoffwechselraten und das Oberflächen-Volumen-Verhältnis sind bei kleinen und großen Organismen systematisch verschieden (isometrische Skalierung). Solche isometrischen Modelle – oft skaliert an der leicht zu messenden Körpermasse – gehen aber von der Annahme geometrischer Ähnlichkeit der Form zwischen den Organismen aus. Formen und Oberflächen von Tieren wurden allerdings in diesem Zusammenhang bislang kaum empirisch gemessen.

Wir quantifizierten erstmals das Verhältnis von Oberfläche zu Volumen (O:V) für 126 Arten bestäubender Insekten aus vier Ordnungen (Dipteren, Hautflügler, Schmetterlinge und Käfer) mithilfe von 3D-Oberflächenmodellen. Diese basieren auf einem Verfahren mit strukturiertem Linien-Laserlicht. Anhand der 3D-Oberflächenmessungen wurde überprüft, ob die Variabilität von O:V-Verhältnissen zwischen diesen unterschiedlich geformten Insekten zu deren Wasserverlust beiträgt. An 67 der Insektenarten wurde der Wasserverlust gravimetrisch bei sehr trockenen Bedingungen für 2 Stunden bei 15 und 30 °C gemessen.

Wir konnten zeigen, dass das Verhältnis von Oberfläche zu Volumen signifikant die Variation des Wasserverlustes zwischen den Arten erklären konnte – sowohl direkt als auch nach Berücksichtigung der isometrischen Skalierung bei gleicher Körperform. Kleine Insekten (mit einer proportional größeren Oberfläche) wiesen die höchsten

Wasserverlustraten auf. Dreidimensionale Oberflächenmodelle von Insekten stellen somit eine vielversprechende Methode zur Vorhersage physiologischer Reaktionen dar. Diese Erkenntnisse können dazu beitragen, die Reaktion von Insektenarten auf veränderte Umwelteinflüsse, z. B. durch Trockenheit, besser zu verstehen.



Autor*innen

Kühnel S., Brückner A., Schmelzle S., Heethoff M., **Blüthgen N.**

Erschienen als

Surface area-volume ratios in insects.
Insect Science 24: 829–841 (2017)

doi: 10.1111/1744-7917.12362

Foto

Blüthgen N.

Zusammenhang zwischen der Artenvielfalt von Nachtfaltern und der Landnutzungsintensität im Grünland: Generalisten ersetzen Spezialisten

Grünlandflächen (Wiesen und Weiden) werden landwirtschaftlich genutzt und zählen zu den ökologisch wichtigsten Lebensräumen in Kulturlandschaften. Die Intensivierung der Landnutzung im Grünland wirkt sich jedoch negativ auf die Pflanzenvielfalt sowie auf Tiergemeinschaften aus. Insekten sind auf Pflanzen als Nahrungsquelle und Lebensraum angewiesen. Rückgänge bei Pflanzen und Insekten ziehen auch negative Folgen für die Bereitstellung und die Widerstandsfähigkeit der Ökosystemfunktionen nach sich. In dieser Studie haben wir artenreiche Nachtfaltergemeinschaften (Motten) untersucht und zeigen können, dass die Artenzusammensetzung, die Vielfalt und die Merkmalsverteilung auf die Art und Intensität der Landnutzung reagieren.

Hierfür haben wir 26 Plots in drei verschiedenen Regionen Deutschlands verglichen. Insgesamt konnten wir mit einer Fangnacht pro Plot 461 Nachtfalterarten an Leuchttürmen nachweisen. Die Auswertungen fokussierten sich auf 178 Grünlandarten, für die typische Wiesen- oder Weidenpflanzen als Nahrungsquelle für die Raupen dienen. Konsistent über die drei Regionen hinweg hatten von Rindern, Pferden oder Schafen genutzte Weiden grundsätzlich andere Mottengemeinschaften als Wiesen (gemähtes und meist gedüngtes Grünland). Eine steigende Landnutzungsintensität, ausgebrachte Düngemenge und Mahd-Häufigkeit verringerten die Abundanz und Artenvielfalt von Motten erheblich. Etwa 27,6 % der Arten zeigten eine signifikante Abnahme ihrer Häufigkeit in intensiv genutzten Grünlandflächen.

Zudem zeigte sich eine Verschiebung der Artenzusammensetzung: In häufig gemähten und gedüngten Wiesen wurden seltene, spezialisierte Arten durch häufige Lebensraum- und Nahrungs-generalisten ersetzt. Die Ergebnisse belegen die Empfindlichkeit

vieler Nachfalterarten und somit einer wichtigen Insektengruppe im Ökosystem in der Rolle als Herbivore und Blütenbestäuber. Die funktionelle Homogenisierung der Merkmale von Pflanzengemeinschaften entlang von Landnutzungsgradienten spiegelt sich damit in den von Pflanzen abhängigen Insekten wider. Intensiv genutzte Ökosysteme sind weniger vielfältig und möglicherweise weniger widerstandsfähig gegenüber Umweltstörungen.



Autor*innen

Mangels J., Fiedler K., Schneider F.D.,
Blüthgen N.

Erschienen als

Diversity and trait composition of moths
respond to land-use intensification in grass-
lands: generalists replace specialists.

Biodiversity and Conservation 26: 3.385–
3.405 (2017)

doi: 10.1007/s10531-017-1411-z

Foto

May H./NABU

Die Artengemeinschaft von Springschwänzen (*Collembola*) wird vor allem von regionalen, abiotischen Faktoren beeinflusst und kann zwischen den Jahren stark schwanken

Springschwänze (*Collembola*) gehören zu den wichtigsten tierischen Zersettern im Waldboden. Trotz ihrer Bedeutung für Zersetzungsprozesse und damit für den Nährstoffkreislauf sind die Faktoren, die die Gemeinschaftszusammensetzung dieser Mikroarthropoden beeinflussen, nicht gut untersucht.

Um diesen Faktoren auf den Grund zu gehen, ermittelten wir die Artenzusammensetzung, die Lebensformen und die Fortpflanzungsweise von Springschwanzgemeinschaften aus vier verschiedenen Waldtypen mit unterschiedlicher Bewirtschaftungsintensität (Nadelwälder, junge bewirtschaftete Buchenwälder, alte bewirtschaftete Buchenwälder und unbewirtschaftete Buchenwälder).

Diese vier Waldtypen wurden jeweils in den drei Biodiversitäts-Exploratorien untersucht, die sich in Geologie, Höhenlage und Klima unterscheiden. Um zeitliche Schwankungen zu berücksichtigen, wurden die untersuchten Flächen an zwei Terminen mit einem Abstand von drei Jahren beprobt. Die relative Bedeutung biotischer und abiotischer Faktoren, wie Waldbewirtschaftungsintensität, pH-Wert, Kohlenstoff-Stickstoff(C-N)-Verhältnis der Blattstreu, mikrobielle Biomasse und Pilz-zu-Bakterien-Verhältnis in der Blattstreu, ermittelten wir mithilfe von Strukturgleichungsmodellen.

Die Gemeinschaftsstruktur der Springschwänze unterschied sich stark zwischen den Jahren, wobei die Unterschiede in Schorfheide-Chorin, der Region mit den härtesten klimatischen Bedingungen, am deutlichsten waren. Die Abundanz parthenogenetischer Arten (Fortpflanzung ohne Männchen; Jungfernzeugung) unterlag dort den größten Schwankungen. Sie explodierten förmlich in dem Jahr mit den günstigeren Bedingungen, wobei ihr Vorkommen hauptsächlich von abiotischen Faktoren abhing. Im Gegensatz dazu

wurden sexuelle Arten im selben Jahr hauptsächlich von der Qualität der Ressourcen, wie dem Pilz-zu-Bakterien-Verhältnis und dem C-N-Verhältnis der Blattstreu beeinflusst.

Die Intensität der Waldbewirtschaftung hatte nur einen geringen Einfluss auf die Abundanz der Springschwänze, was darauf hindeutet, dass Springschwänze relativ resistent gegen Störungen durch die Waldbewirtschaftung sind. Dementsprechend waren die Unterschiede in der Zusammensetzung der Gemeinschaften zwischen den Regionen ausgeprägter als zwischen den verschiedenen Waldtypen, was auf die Bedeutung regionaler Faktoren hinweist.



Autor*innen

Pollierer M., Scheu S.

Erschienen als

Driving factors and temporal fluctuation of Collembola communities and reproductive mode across forest types and regions.

Ecology and Evolution 7: 4.390–4.403 (2017)

doi: 10.1002/ece3.3035

Foto

Bluhm S.

Unterschiedliche Landnutzung im Grünland beeinflusst die Häufigkeitsverteilung von ober- und unterirdischen Artengemeinschaften

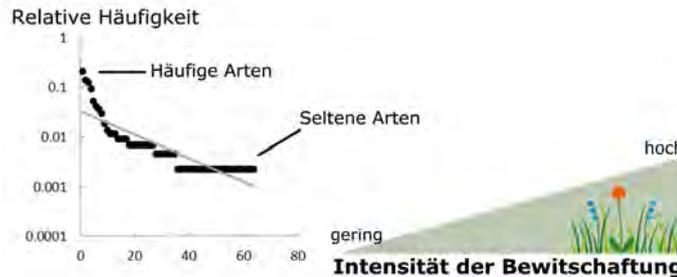
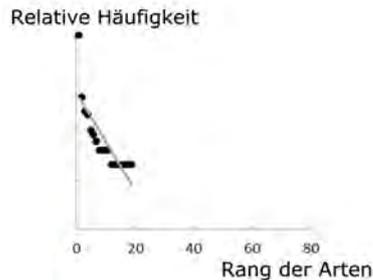
Der Einfluss unterschiedlicher Nutzungsarten im Grünland (Mahd, Beweidung und Düngung) auf die Biodiversität von Tieren und Pflanzen konnte in vielen Studien gezeigt werden. Der Großteil der Studien betrachtet jedoch lediglich Änderungen in der Gesamtartenzahl oder vereinfachender Biodiversitätsmaße. In dieser Studie betrachten wir neben Veränderungen in der Gesamtartenzahl auch Veränderungen in der Häufigkeit (Abundanz) der einzelnen Arten. Durch die Betrachtung von Abundanzverteilungen können wir erkennen, ob Änderungen in den Artengemeinschaften durch häufige oder seltene Arten hervorgerufen werden.

Wir untersuchten die Abundanzverteilung bei drei unterirdisch lebenden Gemeinschaften (arbuskuläre Mykorrhiza, Prokarioten und Insektenlarven) sowie sieben oberirdisch lebenden Gemeinschaften (Pflanzen, Moose, Flechten, pflanzenfressende Insekten, Bestäuber, Vögel und Fledermäuse). Neben der Gesamtartenzahl betrachteten wir die generelle Form der Abundanzverteilung sowie den Anteil der seltenen sowie der häufigsten Arten.

Die Gesamtartenzahl verringerte sich für alle 10 Gemeinschaften unter intensiverer Mahd und die generelle Form der Abundanzverteilung wurde steiler unter intensiverer Grünlandnutzung. Unterschiedliche Mechanismen spielten für die Veränderung der Abundanzverteilung eine Rolle. So sank der Anteil seltener Pflanzenarten mit intensiverer Landnutzung, der Anteil seltener Vogel- und Fledermausarten stieg hingegen mit zunehmender Beweidung und sank mit zunehmender Düngung. Bei den herbivoren Insekten stieg der Anteil dominanter Arten mit zunehmender Beweidung.

Da die verschiedenen Gemeinschaften unterschiedlich auf Landnutzung reagieren, warnen wir davor, einzelne Artengruppen als

Indikatoren für die Veränderungen bei anderen Artengruppen zu verwenden. Unsere Ergebnisse zeigen außerdem deutlich, dass seltene und häufige Arten unterschiedlich auf Veränderungen in der Landnutzung reagieren und eine Betrachtung von Gesamtartenzahlen diese Unterschiede nicht widerspiegeln.



Autor*innen

Simons N. K., Lewinsohn T., Blüthgen N., Buscot F., Boch S., Daniel R., Gossner M. M., Jung K., Kaiser K., Müller J., Prati D., Renner S. C., Socher S. A., Sonnemann I., Weiner C. N., Werner M., Wubet T., Wurst S., Weisser W. W.

Erschienen als

Contrasting effects of grassland management modes on species-abundance distributions of multiple groups.

Agriculture, Ecosystems & Environment 237: 143–153 (2017)

doi: 10.1016/j.agee.2016.12.022

Abbildung

Simons N. K.

Wie Grünlandbewirtschaftung ohne Artenschwund funktionieren kann

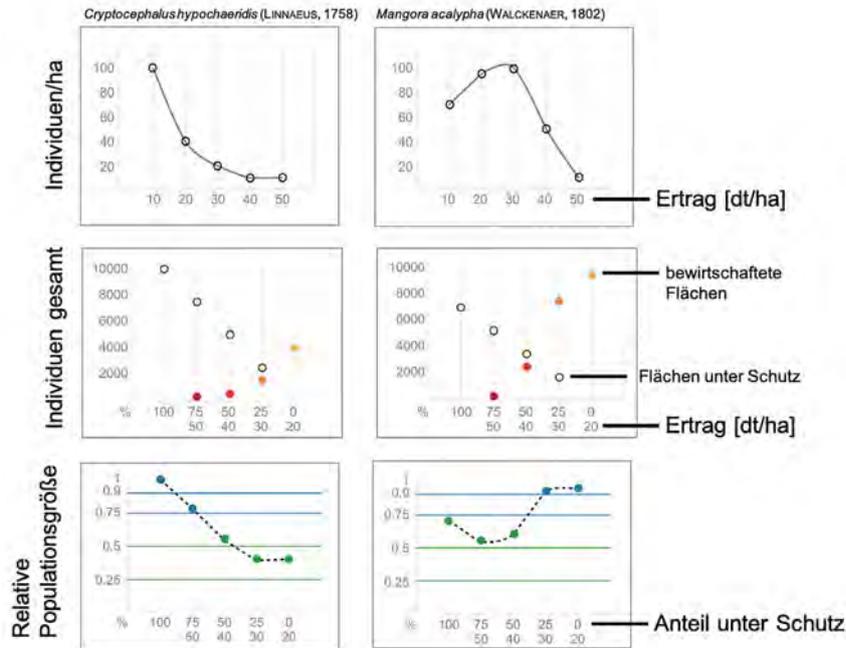
Neben dem Klimawandel gilt die Intensivierung der Landwirtschaft als Hauptfaktor für den Rückgang der Insekten. Im Grünland führt eine intensive Bewirtschaftung zu höheren Erträgen, aber gleichzeitig zu einem geringeren Anteil krautiger Pflanzen und dadurch zum Verlust spezialisierter Insektenarten.

Der Konflikt zwischen Schutz und Nutzung (beziehungsweise Ertrag) lässt sich folglich nicht auf einzelnen Grünlandflächen lösen. Werden jedoch alle Grünlandflächen einer Region gemeinsam betrachtet, so lässt sich möglicherweise durch eine optimale Verteilung von Bewirtschaftungsarten und -intensitäten sowohl ein gewisser Ertrag als auch bestimmte Artenschutzziele erreichen.

Wir betrachten eine Reihe von Landnutzungsstrategien und deren Effekt auf den Gesamtertrag in der Region (getrocknete Pflanzenbiomasse pro ha) sowie die Populationsgröße von mehr als 100 Insekten- und Spinnenarten. Die unterschiedlichen Landnutzungsstrategien werden definiert, indem der Anteil an der Gesamtfläche, der unter Schutz steht, variiert wird. Je nachdem, wie groß dieser Anteil ist, muss der restliche Teil der Gesamtfläche entsprechend intensiv bewirtschaftet werden, um den Gesamtertrag in der Region zu erreichen: Je größer der Anteil unter Schutz, desto intensiver die Bewirtschaftung auf den übrigen Grünlandflächen. Über die Beziehung zwischen Häufigkeit und Ertrag pro ha wird die Gesamtzahl der Individuen jeder Insekten- oder Spinnenart in Flächen unter Schutz oder Nutzung und damit deren geschätzte Gesamtpopulation in der Region berechnet.

Die Simulation unterschiedlicher Landnutzungsstrategien in den drei Regionen der Biodiversitäts-Exploratorien zeigt, dass es theoretisch möglich ist, Biodiversitätsschutz und Nutzung zu vereinen.

Sowohl eine Verbesserung des Biodiversitätsschutzes als auch eine Verbesserung des Ertrags auf Landschaftsebene sind ohne Verluste beim jeweils anderen Ziel möglich. Biodiversitätsschutz und Ertrag können jedoch nicht gleichzeitig maximiert werden, eine klare Definition des Nutzungsziels ist deshalb nötig.



Autor*innen

Simons N. K., Weisser W. W.

Erschienen als

Agricultural intensification without biodiversity loss is possible in grassland landscapes. *Nature Ecology & Evolution* 1: 1.136–1.145 (2017)

doi: 10.1038/s41559-017-0227-2

Abbildung

Simons N. K.

Trophische Stufe, Sukzessionsstadium und Merkmalsabgleich bestimmen die Spezialisierung von Totholz basierenden Interaktionsnetzwerken von Totholzkäfern

Die Spezialisierung ökologischer Netzwerke liefert wichtige Erkenntnisse über mögliche Folgen des Biodiversitätsverlusts für das Funktionieren von Ökosystemen. Meist wurden jedoch mutualistische und antagonistische Interaktionen von Lebewesen untersucht, während die Netzwerke von Zersettern und ihre sukzessiven Veränderungen weitgehend unerforscht sind.

Wir untersuchten die Interaktionen von totholzabhängigen Käfern mit ihren toten Wirtsbäumen. In einem großskaligen Experiment wurden 764 Stämme von 13 Baumarten exponiert, um die Netzwerkstruktur von 3 trophischen Gruppen von Totholzkäfern über drei Sukzessionsjahre zu analysieren. Wir fanden eine bemerkenswert hohe Spezialisierung von totholzfressenden, jedoch eine geringere Spezialisierung von pilzfressenden und räuberischen Arten. Während der Totholzsukzession änderten sich die Zusammensetzung der Gemeinschaft, die Spezialisierung und die Robustheit der Netzwerke abhängig von der funktionellen Gruppe. Um potenzielle Triebkräfte der Netzwerkspezialisierung aufzudecken, verknüpften wir die funktionellen Merkmale der Arten mit ihrer Rolle in den Netzwerken und testeten die Übereinstimmung zwischen Pflanzenmerkmalen (d.h. chemischen Verbindungen) und Käfermerkmalen (d.h. Körpergröße).

Wir stellten fest, dass sowohl pflanzliche als auch tierische Merkmale wichtige Triebkräfte für die Spezialisierung von Arten sind und dass die Übereinstimmung von Merkmalen bei der Erklärung von Interaktionen wichtiger sein kann als neutrale Prozesse, die Artenhäufigkeitsverteilungen widerspiegeln.

Eine hohe Netzwerkspezialisierung im frühen Sukzessionsstadium und eine abnehmende Robustheit des Netzwerks während der Suk-

zession weisen auf eine Anfälligkeit der Netzwerke der Zersetzer gegenüber einer verringerten Baumartenvielfalt und damit dem Aussterben von Käfern hin, mit unbekanntem Folgen für die Holzzerersetzung und die Nährstoffkreisläufe.



Autor*innen

Wende B., **Gossner M. M.**, Grass I., Arnstadt T., Hofrichter M., Floren A., Linsenmair K. E., Weisser W. W., Steffan-Dewenter I.

Erschienen als

Trophic level, successional age and trait matching determine specialization of deadwood-based interaction networks of saproxylic beetles.

Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences 284: 20170198 (2017)

doi: 10.1098/rspb.2017.0198

Foto

Gossner M. M.

Platyrhinus resinosis

Intensive Landnutzung treibt die kleinräumige Homogenisierung von Pflanzen- und Zwergzikaden-Gemeinschaften voran und fördert Generalisten

Der gegenwärtige Rückgang der biologischen Vielfalt durch menschliche Landnutzung geht nicht nur mit lokalen Artenverlusten einher, sondern auch mit einer Vereinheitlichung (Homogenisierung) der Gemeinschaften, wobei einige wenige generalistische Arten am meisten von den menschlichen Einflüssen profitieren. Die meisten Studien bewerteten die Heterogenität der Gemeinschaften auf größeren räumlichen Skalen durch den Vergleich verschiedener Standorte. Über die Auswirkungen auf die Diversität innerhalb der einzelnen Standorte – innerhalb einer einzigen Wiese oder Weide – ist aber wenig bekannt. Dies ist jedoch für das Verständnis der Unterschiede im Niveau der Artenvielfalt eines Lebensraums, der kleinräumigen Verteilung der Arten und der damit verbundenen Lebensraumunterschiedlichkeit (Heterogenität) von Bedeutung.

Unser Datensatz umfasst insgesamt 36.899 Individuen aus 117 verschiedenen Blatt- und Zwergzikaden-Arten (*Auchenorrhyncha*). Hierzu beprobten wir Gemeinschaften von 140 bewirtschafteten Grünlandstandorten durch vollständiges Absaugen von jeweils 5 kleinen Parzellen (je 1 qm) auf jeder Grünlandfläche. Die Wiesen und Weiden unterschieden sich in der Intensität der Landnutzung (Düngung, Mahd, Beweidung).

Unsere Ergebnisse zeigen eine signifikante lokale Homogenisierung der Zikaden-Gemeinschaften mit zunehmender Landnutzungsintensität: die 5 Ausschnitte der Wiese waren sich im Durchschnitt deutlich ähnlicher in der Artenzusammensetzung, wenn die Nutzung stärker ausgeprägt war. Außerdem nahmen bei Intensivierung von Düngung und Mahd die Individuendichte (–78 %) und Diversität (Artenvielfalt pro Grünland) (–35 %) deutlich ab. Mehr als 34 % der Spitzkopf- und Kleinzikaden-Arten waren Verlierer der Landnutzung, d.h. sie waren in intensiv genutztem Grünland nur in

geringerer Häufigkeit vertreten als in extensiv genutzten Flächen. Nur 6 % waren Gewinner einer hohen Landnutzungsintensität. Die zunehmende Landnutzungsintensität wirkte sich nachteilig auf Ernährungsspezialisten aus und förderte generalistische, häufige und weitverbreitete Arten.

Unsere Studie belegt weitreichende Auswirkungen der Intensivierung der Landnutzung und einen Trend zu gleichförmigeren Artengemeinschaften. Durch den erstmaligen Nachweis der Homogenisierung von Tiergemeinschaften innerhalb von Wiesen und Weiden macht unsere Studie deutlich, dass anthropogene Einflüsse auf die biologische Vielfalt sogar in sehr kleinem räumlichen Maßstab wirken und verschiedene Aspekte der biologischen Vielfalt umfassen.



Autor*innen

Chisté M. N., Mody K., Kunz G., Gunczy J.,
Blüthgen N.

Erschienen als

Intensive land use drives small-scale homogenization of plant- and leafhopper communities and promotes generalists.
Oecologia 186: 529–540 (2018)

doi: 10.1007/s00442-017-4031-0

Foto

Kunz G.

Überprüfung von statistischen Modellen zu Räuber-Beute-Interaktionen in Boden-ökosystemen

Die Analyse von Interaktionen zwischen Räufern und ihrer Beute ist ein Kernkonzept der Tierökologie, die die Struktur und Dynamik von Nahrungsnetzen erklärt.

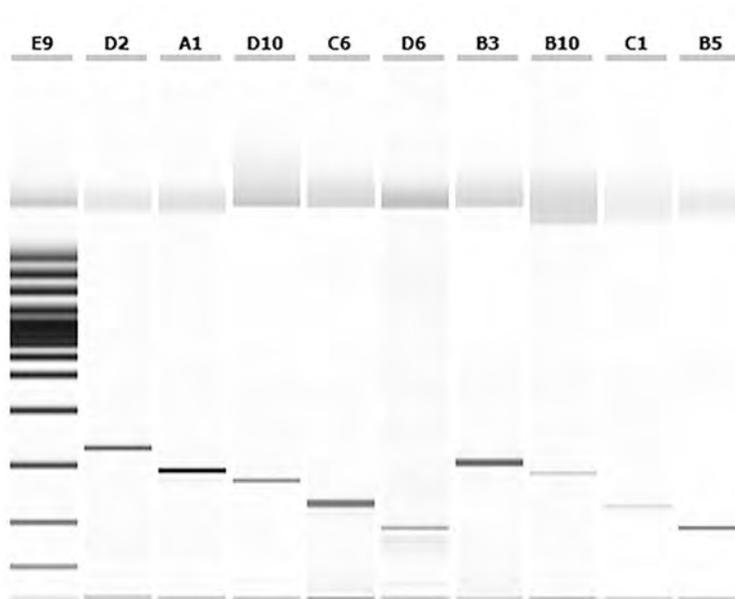
Eine Methode zur Messung der Stärke dieser Interaktion ist die sogenannte *functional response*, die die Fraßrate in Abhängigkeit der Beutetierhäufigkeit misst. Diese Methode ist besonders gut geeignet, um Vorhersagen in den Fraßbeziehungen von Gliederfüßern (Arthropoden) zu messen. Diese Beziehungen wurden bisher jedoch zumeist in Laborversuchen berechnet, was bedeutet, dass die Resultate nicht ohne Weiteres auf die Bedingungen im Freiland übertragbar sind.

In dieser Studie haben wir es uns deshalb zur Aufgabe gemacht, die Fraßrate in Abhängigkeit der Beutetierhäufigkeit einer wichtigen Räubergruppe im Waldboden – den Hundertfüßern – einem Wirklichkeitscheck zu unterziehen. In einem ersten Schritt berechneten wir anhand eines statistischen Modells die Fraßraten von Hundertfüßern für acht häufige Beutetiergruppen wie Asseln, Fliegenlarven, Regenwürmer und Springschwänze. Das Modell berücksichtigt dabei nicht nur die Häufigkeit der jeweiligen Beutetiergruppe im Boden, sondern auch Unterschiede hinsichtlich ihrer Körpergröße. Anschließend verglichen wir diese Werte mit Daten aus der Analyse des Darminhalts von im Wald gefangenen Hundertfüßern. So konnten wir die Häufigkeit von tatsächlich gefressenen Beutetieren mittels eines DNA-Nachweises im Räuber berechnen.

Tatsächlich zeigte ein Vergleich beider Methoden ähnliche Ergebnisse für fünf der acht untersuchten Beutetiergruppen bei sogenannten Steinläufern (Hundertfüßern, die unter Steinen oder Borke leben), während bei Hundertfüßern aus Bodenschichten (sogenann-

ten Erdläufern) dies nur in einem Fall zutraf. Der Vergleich zeigte überdies, dass das verwendete Modell zu Berechnung der Fraßrate zu stark auf Körpergrößenunterschiede zwischen Räuber und Beutetier achtet.

Um die tatsächlichen Fraßraten im Freiland zu berechnen, bedarf es künftig eines verbesserten Modells, das auch Abwehrmechanismen von Beutetieren wie Panzerung berücksichtigt.



Autor*innen

Eitzinger B., Rall B. C., Traugott M., Scheu S.

Erschienen als

Testing the validity of functional response models using molecular gut content analysis for prey choice in soil predators.

Oikos 127: 915–926 (2018)

doi: 10.1111/oik.04885

Abbildung

Eitzinger B.

Auf Spurensuche: die Rolle flüchtiger Duftstoffe für das Anlocken von Dungkäfern

Flüchtige organische Duftstoff-Verbindungen (*volatile organic compounds, VOCs*) geben den Tieren vielfältige Hinweise auf Ort, Art und Zustand von wertvollen Ressourcen wie beispielsweise Nahrung. Insbesondere Geruchssignale sind oft wesentlich für die Lokalisierung und Unterscheidung von Ressourcen, die unregelmäßig und zufällig in der Landschaft verteilt sind.

Dungkäfer (*Scarabaeoidea*) sind auf solche Düfte angewiesen, um Nahrung für ihre eigene Ernährung zu lokalisieren und ihre Nachkommen zu versorgen. Obwohl die Käfer als Nahrungsquelle die verschiedensten Dungarten nutzen, zeigten mehrere Studien, dass die Käfer bestimmte Dungarten bevorzugen. Warum, ist zurzeit noch völlig unklar.

In dieser Studie verwendeten wir als Lockmittel Duftstoffe von sechs einzelnen chemischen Dung-Komponenten (Indol, Skatol, Phenol, Buttersäure, 2-Butanon und p-Kresol), zwei verschiedene Mischungen dieser Komponenten sowie sechs verschiedene Dungarten für eine detaillierte Verhaltensanalyse der Dungkäfer.

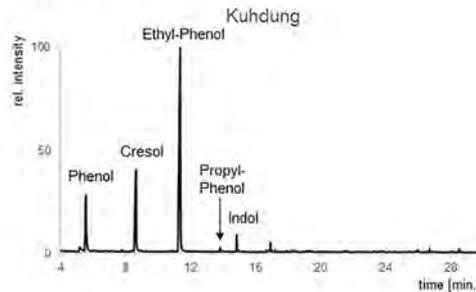
Dabei fanden wir eine nur sehr geringe Spezialisierung der Käferarten auf bestimmte Duftköder. Die verschiedenen einzelnen Duftstoffe waren zwar in der Lage, ähnliche Gemeinschaften von Dungkäfern anzulocken, allerdings in einer geringen Vielfalt und Anzahl. Dagegen ergab die Analyse der Dungenchungsprofile von sechs Dungarten sowohl einzigartige Muster in der Zusammensetzung der Duftstoffe als auch regelmäßig wiederkehrende Bestandteile wie p-Kresol.

Unsere Ergebnisse unterstreichen zum einen die Bedeutung von bestimmten Duftstoffen (p-Kresol), zum anderen aber darüber hinaus, dass Dungkäfer vor allem eine Mischung aus spezifischen Duftkomponenten zur Ressourcenlokalisierung verwenden.

Dungkäfer – Duftsignale und Dungqualität



GC/MS Duftstoffanalyse



Autor*innen

Frank K., Brückner A., Blüthgen N., Schmitt T.

Erschienen als

In search of cues: dung beetle attraction and the significance of volatile composition of dung.

Chemoecology 28: 145–152 (2018)

doi: 10.1007/s00049-018-0266-4

Abbildung

Frank K.

Globale Netzwerke: hoher Generalismus der Dungkäfer entlang des Breitengrad-Artenvielfalt-Gradienten

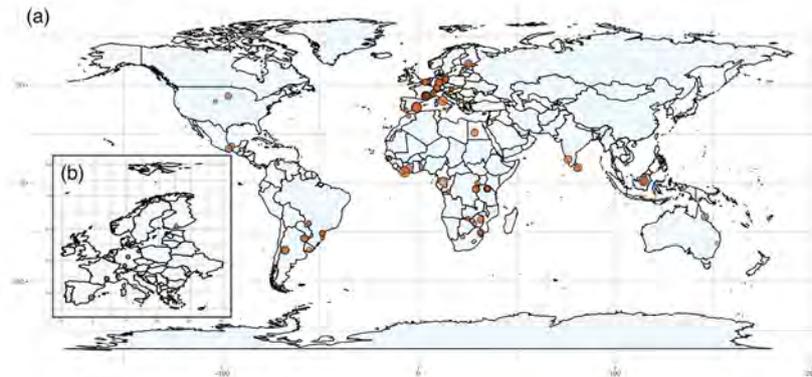
Die Artenvielfalt nimmt für die meisten Tier- und Pflanzengruppen von den Polen zum Äquator hin sehr stark zu – die höchste Biodiversität gibt es in den feuchtwarmen Tropen. Eine mögliche Erklärung hierfür könnte eine engere ökologische Nische der Arten sein, also beispielsweise eine höhere Spezialisierung von Tierarten als Konsumenten für bestimmte Ressourcen. Spezialisten haben eine geringere Überlappung ihrer Ansprüche mit anderen Spezialisten – eine Entlastung der Konkurrenz zwischen den Arten, die die Koexistenz einer höheren Anzahl von Arten ermöglicht. Diese Theorie – eine höhere Spezialisierung mit abnehmendem Breitengrad – wurde bislang in den meisten Studien jedoch nicht unterstützt. Bislang gab es für die unterste Ebene der Nahrungskette – die Zersetzer organischer Abfälle – jedoch keine eingehende Untersuchung. Daher haben wir eine Analyse zum Grad der Nahrungsspezialisierung der Dungkäfer durchgeführt.

Dungkäfer konsumieren vor allem den Kot von Säugetieren. Viele Dungkäferarten graben diesen „Dung“ in unterirdischen Kammern ein, in denen sich dann Käferlarven entwickeln können. Von einer solchen Nährstoffverteilung im Boden profitieren Pflanzen, beispielsweise auf Viehweiden. Dungkäfer kommen global in beinahe allen Lebensräumen vor, in denen es Säugetiere gibt. Die Aufteilung verschiedener Dungkäferarten auf den Kot verschiedener Tierarten kann dann als „trophisches Netzwerk“ charakterisiert werden.

Wir werteten Daten von 45 Studien aus, die die Aufteilung von insgesamt fast 1 Million Käferindividuen auf verschiedene Dungtypen umfassen. Unsere Erhebungen aus den drei Biodiversitäts-Exploratorien stellten einen wichtigen Teil dieses Datensatzes dar. In allen Wald- und Grünlandplots untersuchten wir die Verteilung der Dungkäferarten auf den Kot von bis zu 13 Säugetierarten – von Wei-

detieren wie Kuh, Schaf und Pferd bis zu Wildtieren wie Reh, Fuchs, Wildschwein und sogar Luchs, Bär und Wolf. Der Tierkot wurde in Bauernhöfen und Tierparks gesammelt und als Köder in Wald und Grünland ausgebracht. In einer einzigen Dungfalle konnten dann bis zu hundert Käfer angelockt werden, oft von mehreren Arten.

Für jedes lokale Netzwerk – verteilt über alle Kontinente – haben wir die Diversität der Käfer und die Spezialisierung (Dungspezifität) berechnet. Unsere Ergebnisse zeigten eine 4,3-fache Zunahme der Artenvielfalt der Käfer von gemäßigten Breiten zum Äquator. Die Spezialisierung der Käfer war jedoch durchweg relativ gering, unabhängig von der Artenvielfalt und Klimazonen. Dungkäfer hatten ähnliche Vorlieben und zeigten eine hohe Überlappung in ihrer Ressourcenwahl. Welche Faktoren zur höheren Artenvielfalt von Dungkäfern in vielen Regionen beitragen, bleibt daher noch weitgehend unklar.



Autor*innen

Frank K., Krell F.-T., Slade E. M., Raine E. H., Chiew L. Y., Schmitt T., Vairappan C. S., Walter P., Blüthgen N.

Erschienen als

Global dung webs: high trophic generalism of dung beetles along the latitudinal diversity gradient.

Ecology Letters 21: 1.229–1.236 (2018)

doi: 10.1111/ele.13095

Abbildung

Frank K.

Viele Tiergruppen zeigten eine ähnliche oder sogar geringere Spezialisierung in den Tropen als in hohen geografischen Breiten

Charakterisierung des Darmmikrobioms von Hornmilben

Der Darm von Tieren wird von Bakterien und Pilzen besiedelt, die wir als Darmmikrobiom bezeichnen. Diese Mikroorganismen spielen eine wichtige Rolle bei der Verdauung von Nahrungsbestandteilen. Sie lassen sich einteilen in Mikroorganismen, die mit der Nahrung aufgenommen werden oder Teil der Nahrung sind und solchen, die angepasst im Darm als Symbionten leben. Im Boden leben viele Tiere, die als Zersetzer oder Räuber leben. Bei ihnen wurde bisher noch nie das Mikrobiom des Darmes untersucht. In dieser Studie haben wir uns auf *Oribatiden* (Hornmilben) konzentriert, eine äußerst vielfältige Gruppe von Bodentieren, die sich sehr unterschiedlich ernähren.

Die Menge und Zusammensetzung von Bakterien und Pilzen wurde durch qPCR- und Illumina-Sequenzierung charakterisiert. Eine qPCR (quantitative Echtzeit-PCR) vervielfältigt die DNA in einer Probe, sodass man durch den Zugewinn der DNA-Menge eine Sequenzierung vornehmen kann. Bei der Sequenzierung erhält man Information darüber, wie die DNA-Sequenzen aus der Probe (OTUs genannt) aufgebaut sind. Anschließend werden diese OTUs mit Datenbanken abgeglichen und man erhält Information darüber, welche Bakterien und Pilze in der Probe vorkamen.

Durch diesen Abgleich der DNA-Sequenzen konnten wir die Zusammensetzung des Darmbioms der untersuchten *Oribatiden* aufklären. Die Bakteriengemeinschaft in genetisch nah verwandten *Oribatiden*-Arten ähnelt sich dabei. Das deutet darauf hin, dass Bakterien bei der Verdauung mitwirken und sich im Laufe der Evolution an den Darm von Hornmilben angepasst haben. Die Zusammensetzung der Pilzgemeinschaft hingegen hing vor allem vom Nahrungsspektrum der *Oribatiden*-Arten ab. Dies deutet darauf hin, dass Pilze mit der Nahrung aufgenommen und als Teil der Nahrung ebenfalls verdaut werden.

Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass das Darmmikrobiom an die Nahrung angepasst ist und die Position der *Oribatiden* im Nahrungsnetz einen Einfluss auf die Zusammensetzung der Pilze und Bakterien des Darmes hat.



Autor*innen

Gong X., Chen, T. W., **Zieger S. L.**, Bluhm C., Heidemann K., Schaefer I., Maraun M., Liu M., Scheu S.

Erschienen als

Phylogenetic and trophic determinants of gut microbiota in soil oribatid mites.

Soil Biology & Biochemistry 123: 155–164 (2018)

doi: 10.1016/j.soilbio.2018.05.011

Foto

Bluhm S.

Hornmilbe (*Oribatida*): *Nothrus palustris* auf Borke

Auswirkungen der Waldbewirtschaftung auf Ameisengemeinschaften in temperaten Wäldern

Die Bewirtschaftung von Ökosystemen durch den Menschen kann direkte oder indirekte Auswirkungen auf Artengemeinschaften haben. Wie sich das Management auf die Artengemeinschaften auswirkt, ist eine Schlüsselfrage der Ökologie und des Naturschutzes. Ameisen nehmen eine Schlüsselfunktion in Ökosystemen ein. Veränderungen in ihrer Artengemeinschaft können somit nachhaltige Folgen für ganze Ökosysteme haben. Eine Bewirtschaftung in tropischen Wäldern hat insgesamt einen negativen Einfluss auf Ameisengemeinschaften. In borealen Wäldern zeigt die Bewirtschaftung hingegen einen positiven Effekt. In Wäldern der gemäßigten Breiten ist jedoch unklar, welche Komponenten der Waldbewirtschaftung die Ameisengemeinschaften beeinflussen und wie die Beeinflussung stattfindet.

Diese Studie untersuchte die direkten und indirekten Auswirkungen der Waldbewirtschaftung auf die taxonomische und funktionelle Vielfalt von Ameisengemeinschaften in 150 Waldbeständen in drei Regionen Deutschlands. Mithilfe von statistischen Modellen analysierten wir die Auswirkungen von 18 Variablen, darunter Variablen der Waldbewirtschaftung, der Waldstruktur, der Arthropodendiversität und der Biomasse. Außerdem untersuchten wir die Auswirkungen von abiotischen Faktoren auf verschiedene Eigenschaften der Ameisengemeinschaften.

Insgesamt fanden wir 28 Ameisenarten, die in 120 Waldbeständen vorkamen. Die wichtigsten direkten Auswirkungen der Waldbewirtschaftung auf die Ameisenhäufigkeit und den Artenreichtum waren eine Folge der Baumartenwahl, gemessen an der dominanten Baumart. Der wichtigste positive indirekte Effekt entstand durch eine verringerte Kronendachbedeckung mit einem zunehmenden Anteil von Eiche und Kiefer, was zu einer höheren Temperaturamplitude führte.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Waldbewirtschaftungspraktiken in gemäßigten Wäldern die Struktur der Ameisengemeinschaften stark beeinflussen. Dies kann für Ameisen vorteilhaft sein, wenn die Bewirtschaftung die Kronenbedeckung reduziert, entweder durch Baumernte oder durch Veränderung der Baumartenzusammensetzung hin zu schattenunverträglichen Baumarten.

Um die Ameisendiversität als Schlüsseltaxon für die Aufrechterhaltung von Ökosystemfunktionen in Waldökosystemen zu fördern, schlagen wir vor, Waldbestände mit offeneren und wärmeren Bedingungen in zukünftige Bewirtschaftungsstrategien zu integrieren.



Autor*innen

Grevé M. E., Hager J., Weisser W. W., Schall P.,
Gossner M. M., Feldhaar H.

Erschienen als

Effect of forest management on temperate ant
communities.

Ecosphere 9: e02303 (2018)

doi: 10.1002/ecs2.2303

Foto

Gossner M. M.

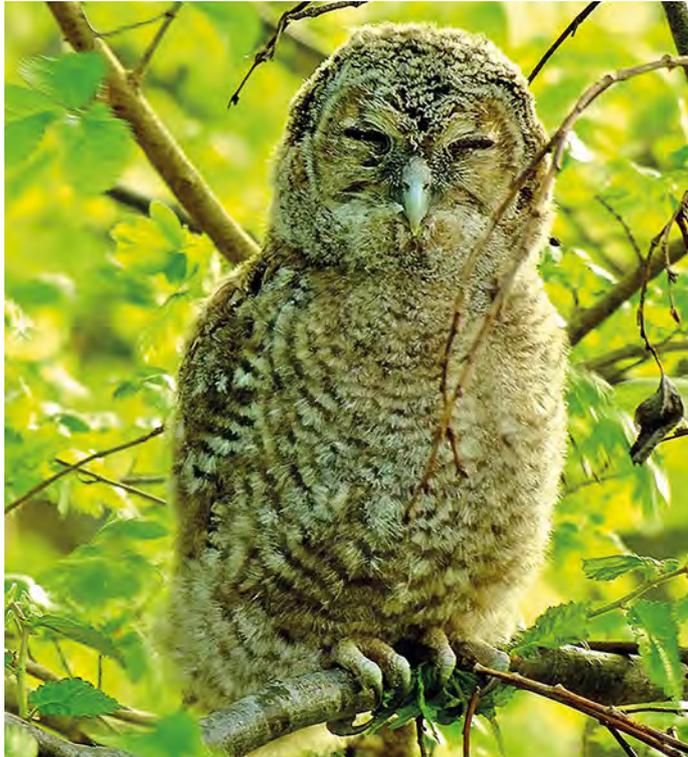
Divergierende Reaktion zweier mobiler Wirbeltiergruppen auf die Waldstruktur

Die taxonomische und funktionelle Vielfalt der Tiere reagiert auf die Heterogenität der Lebensräume – die Vielfalt von Strukturen. Wie eine solche strukturelle Heterogenität auf der Bestandesebene von unterschiedlich bewirtschafteten Wäldern den Artenreichtum über verschiedene Taxa hinweg antreibt, bleibt jedoch oft unklar. Hier analysierten wir, wie Vögel und Fledermäuse auf die strukturelle Zusammensetzung der Vegetationsschichten in unterschiedlich bewirtschafteten Wäldern reagieren. Wir erwarteten, dass der Reichtum an mobilen Wirbeltierarten – Vögel und Fledermäuse auf ähnliche Merkmale der Waldbestände reagieren sollte. Beide Taxa zeichnen sich durch gemeinsame ökologische Merkmale aus – hier vor allem die Fähigkeit, zu fliegen.

Wir kombinierten die Datensätze von Vögeln und Fledermäusen auf den Waldflächen der drei Biodiversitäts-Exploratorien und verglichen die Reaktion des Artenreichtums und ihrer funktionellen Vielfalt mit Parametern der Waldstruktur. Insgesamt zeigten unsere Ergebnisse, dass die Vielfalt an Vogel- und Fledermausarten positiv korreliert war. Beide Taxa hatten ihre artenreichsten Gemeinschaften in denselben Waldbeständen. Im Gegensatz zu unserer Vorhersage gab es für die wichtigen strukturellen Parameter jedoch fast keine Übereinstimmung zwischen Vögeln und Fledermäusen. Die detaillierten statistischen Analysen zeigten, dass der Artenreichtum an Vögeln und Fledermäusen sowie die funktionelle Vielfalt (basierend auf Hauptnahrung und Futtermodus) auf die Waldstruktur auf sehr unterschiedliche Weise reagierten.

Während der taxonomische Reichtum an Vögeln hauptsächlich mit den Strukturparametern Kontrast und Waldhöhe assoziiert war, die für hohe Bäume und ein relativ geschlossenes Kronendach stehen, nahm der Reichtum an Fledermausarten mit der vertikalen und horizontalen Heterogenität innerhalb der Waldbestände zu.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Erhebung der funktionellen Vielfalt besonders hilfreich ist, um die Reaktionen der Vogel- und Fledermausgemeinschaften auf Landnutzung, Waldstruktur und Waldbewirtschaftung zu verstehen. Erst durch den Vergleich unterschiedlicher Taxa wird die Relevanz unterschiedlicher Strukturen in Wäldern deutlich.



Autor*innen

Renner S.C., Suarez-Rubio M., Kaiser S., Nieschulze J., Kalko E.K.V., Tschapka M., Jung K.

Erschienen als

Divergent response to forest structure of two mobile vertebrate groups.
Forest Ecology and Management 415–416:
129–138 (2018)

doi: 10.1016/j.foreco.2018.02.028

Foto

Fellendorf M.

Auswirkungen abiotischer Umweltfaktoren und der Landnutzung auf die Vielfalt aasbesuchender Käfer (*Coleoptera: Silphidae*): eine groß angelegte Aasstudie

Die Nutzung der Landschaft durch den Menschen verursacht weltweit einen Rückgang der biologischen Vielfalt. Inwieweit die Intensität dieser Landnutzung die Vielfalt der aasbesuchenden Insektenfauna beeinflusst, ist bisher auf Landschaftsebene wenig untersucht. Tierisches Aas ist die nährstoffreichste Form toter organischer Substanz. Durch die Verwertung dieses Aases fungieren Aaskäfer (Silphiden) als wichtige Dienstleister innerhalb des Ökosystems.

Das Ziel unseres Projektes war es, die Auswirkungen der Landnutzungsintensität sowie abiotischer und biotischer Umweltfaktoren auf die Häufigkeit, den Artenreichtum und die Vielfalt der Aaskäfer zu untersuchen.

Auf 61 Untersuchungsflächen, verteilt auf drei geografisch unterschiedliche Regionen in Deutschland, sammelten wir im Spätsommer an ausgelegten Ferkelkadavern fressende Aaskäfer der Gruppe der Silphiden.

Es zeigte sich, dass in allen drei Regionen vor allem eine höhere Umgebungstemperatur sowie höhere Feinsandgehalte im Boden einen Einfluss auf die Häufigkeit von aasbesuchenden Käfern hatte. Die Artenvielfalt der Käfer nahm bei einem Anstieg der mittleren Umgebungstemperatur in allen drei Regionen ab. Die Bewirtschaftungsintensität in den Wäldern hatte zwar keinen Einfluss auf die Gesamtanzahl aller Aaskäfer, wohl aber auf die Häufigkeit des Totengräbers *Nicrophorus humator*, dessen Auftreten mit höherer Bewirtschaftungsintensität in allen drei Regionen deutlich abnahm. Nicht bewirtschaftete Wälder und Altersklassenwälder wiesen dabei im Vergleich zu extensiv bewirtschafteten Waldbeständen eine höhere Anzahl dieser Art auf.

Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass *Nicrophorus humator* ein Potenzial als Indikatorart für menschliche Störungen in Wäldern hat. Insgesamt unterstreichen die direkten Reaktionen der Aaskäfer-Gemeinschaft auf verschiedene Bodenmerkmale den Boden als wichtigen Faktor, der die Häufigkeit und Vielfalt der aasbesuchenden Käfer in Mitteleuropa bestimmt. Um diese wertvollen Ökosystemdienstleister zu schützen, muss den durch die Waldbewirtschaftung verursachten Bodenveränderungen besondere Aufmerksamkeit geschenkt werden.



Autor*innen

von Hoermann C., Jauch D., Kubotsch C., Reichel-Jung K., Steiger S., Ayasse M.

Erschienen als

Effects of abiotic environmental factors and land use on the diversity of carrion-visiting silphid beetles (*Coleoptera: Silphidae*): A large scale carrion study.

PloS one 13: e0196839 (2018)

doi: 10.1371/journal.pone.0196839

Foto

Weithmann S.

Die Auswirkungen von Management auf Ambrosiakäfer und ihre Gegenspieler in europäischen Buchenwäldern

Die Intensivierung der Landnutzung wirkt sich nachweislich negativ auf die biologische Vielfalt und das Funktionieren der Ökosysteme aus. Da man davon ausgeht, dass höhere trophische Ebenen stärker von der Intensivierung betroffen sind, sind negative Folgen für die Ökosystemleistungen, wie z. B. die biologische Schädlingsbekämpfung durch natürliche Feinde, wahrscheinlich. In europäischen Buchenwäldern sind Ambrosiakäfer häufige sekundäre Schädlinge, die auch lebende Bäume befallen können.

Wir untersuchten in drei Regionen Deutschlands, ob die Intensität der Waldbewirtschaftung die Häufigkeit, die Befallsrate und den Bruterfolg der Ambrosiakäfer beeinflusst. Die Waldbewirtschaftungsintensität reichte dabei von unbewirtschafteten Buchenwäldern bis zu nicht natürlichen Nadelholzplantagen. Wir verwendeten Pheromonfallen, um die relative Abundanz der Ambrosiakäfer abzuschätzen, und experimentell exponierte Buchenstämme, um Befallsraten und Bruterfolg zu messen.

Generell stellten wir eine abnehmende Befallswahrscheinlichkeit durch Ambrosiakäfer mit zunehmender Bewirtschaftungsintensität fest, was höchstwahrscheinlich mit der Verfügbarkeit von geeignetem Brutsubstrat zusammenhängt. Die Abundanz des Schwarzen Nutzholzborkenkäfers (*Xylosandrus germanus*), einer gebietsfremden Art der Ambrosiakäfer, nahm jedoch mit zunehmender Bewirtschaftungsintensität in den Kiefernwäldern einer Region zu. Die höhere Populationsdichte ist höchstwahrscheinlich auf die trockeneren und wärmeren Bedingungen in diesem Waldtyp zurückzuführen. Der Bruterfolg des Laubnutzholzborkenkäfers (*Trypodendron domesticum*) nahm mit zunehmender Bewirtschaftungsintensität zu. Daraus lässt sich auf eine weniger wirksame Schädlingsbekämpfung durch natürliche Gegenspieler, insbesondere durch speziali-

sierte Parasitoide, bei hoher Bewirtschaftungsintensität schließen. Wir kommen zu dem Schluss, dass die Verfügbarkeit von Brutsubstrat in Kombination mit dem Mikroklima und der Wirksamkeit der natürlichen Gegenspieler die Ambrosiakäferpopulationen in mitteleuropäischen Wäldern prägen.

Waldbewirtschaftungsstrategien sollten daher die Verfügbarkeit von Brutsubstrat in Produktionswäldern verringern, insbesondere dort, wo die mikroklimatischen Bedingungen für die Käferfortpflanzung günstig sind (d.h. warm, feucht). Darüber hinaus sollten unbewirtschaftete Waldflächen erhalten bleiben, um das Vorkommen von Parasitoiden zu fördern und damit negative Auswirkungen des Klimawandels, etwa zunehmenden Trockenstress der Bäume, abzuschwächen.



Autor*innen

Gossner M. M., Falck K., Weisser W. W.

Erschienen als

Effects of management on ambrosia beetles and their antagonists in European beech forests.

Forest Ecology and Management 437: 126–133 (2019)

doi: [org/10.1016/j.foreco.2019.01.034](https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.01.034)

Foto

Gossner M. M.

Ameisenbuntkäfer (*Thanasimus formicarius*)
– Räuber von Borkenkäfer

Direkte und indirekte Auswirkungen von Land- nutzungsintensivierung auf Ameisengemeinschaften in temperatem Grünland

Die Intensivierung der Landnutzung ist eine wichtige Triebkraft für das lokale Aussterben und die Homogenisierung von Arten. Temperates Grünland, das über Jahrhunderte mit geringer Intensität bewirtschaftet wurde, beherbergt zahlreiche Arten. Diese Vielfalt – u.a. Taxa wie Ameisen – ist durch die Bewirtschaftungsintensivierung in den vergangenen Jahrzehnten zunehmend bedroht. Die zugrunde liegenden Mechanismen, die zu einer Abnahme der Ameisenhäufigkeit und des Artenreichtums sowie Veränderungen der funktionellen Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften führen, sind bisher jedoch kaum verstanden.

Wir beprobten Ameisen auf 110 Grünlandparzellen in drei Regionen in Deutschland. Die Grünlandflächen werden als Wiesen oder Weiden genutzt, die in unterschiedlicher Intensität gemäht, beweidet oder gedüngt werden. Wir analysierten die Auswirkungen der Landnutzung auf den Ameisenartenreichtum und die funktionelle Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften, indem wir einen Multimodell-Inferenzansatz und Strukturgleichungsmodelle verwendeten. Insgesamt fanden wir 31 Ameisenarten aus 8 Gattungen, meist Spezialisten für offene Lebensräume.

Der Ameisenartenreichtum, die funktionelle Vielfalt der Gemeinschaften und die Nesthäufigkeit nahmen mit zunehmender Landnutzungsintensität ab. Die für Ameisen schädlichste Landnutzungspraxis war das Mähen, gefolgt von starker Beweidung. Düngung hatte keinen großen Einfluss auf den Ameisenartenreichtum. Die Beweidung durch Schafe erhöhte den Ameisenartenreichtum. Der Effekt des Mähens unterschied sich zwischen den Arten und war für *Formica*-Arten stark negativ, während *Myrmica*- und häufige *Lasius*-Arten weniger betroffen waren. Seltene Arten traten hauptsächlich in Parzellen auf, die mit geringer Intensität bewirtschaftet wurden.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass durch selteneres oder späteres Mähen in der Saison ein höherer Ameisenartenreichtum erhalten bliebe – ähnlich wie bei den meisten anderen Grünlandtaxa. Die Umwandlung von (Schaf-)Weiden in intensiv bewirtschaftete Wiesen und insbesondere die Mahd wirken sich direkt auf die Zerstörung von Nestern und indirekt auf den Verlust der Grünlandheterogenität (verminderter Pflanzenartenreichtum) sowie die erhöhte Bodenfeuchtigkeit durch Beschattung schnell wachsender Pflanzenarten auf die Ameisen aus.



Autor*innen

Heuss L., Grevé M.E., Schäfer D., Busch V.,
Feldhaar H.

Erschienen als

Direct and indirect effects of land-use intensification on ant communities in temperate grasslands.

Ecology and Evolution 9: 4.013–4.024 (2019)

doi: 10.1002/ece3.5030

Fotos

Heuss L.

Lasius-niger-Arbeiterinnen am Köder

Effekte der Waldbewirtschaftung und Baumartenzusammensetzung auf das Vorkommen pflanzenfressender Insekten im Waldbestand

Pflanzenfressende Insekten sind ein wesentlicher Bestandteil von Nährstoffzyklen im Wald. Ihre Gemeinschaften werden durch verschiedene Umweltfaktoren beeinflusst, die auch im Zusammenhang mit der menschlichen Bewirtschaftung stehen. Wir haben untersucht, wie sich Aspekte der Waldbewirtschaftung, darunter Bewirtschaftungsintensität, Baumartenzusammensetzung und Bestandsalter, auf pflanzenfressende Insekten in Wäldern auswirken. Weil die Effekte je nach bevorzugter Nahrungsgruppe variieren können, wurde zwischen pflanzenkauenden, pflanzensaugenden und holzfressenden Insekten unterschieden.

In den Ergebnissen zeigte sich, dass die Waldbewirtschaftung insgesamt einen wichtigen Einfluss auf die Zusammensetzung von Artengemeinschaften pflanzenfressender Insekten hat. Je nach betrachteter Artengruppe und Waldschicht hatte die Bewirtschaftung allerdings unterschiedliche Effekte: Die Bewirtschaftungsintensität hatte auf Artenzahlen in der Kronenschicht tendenziell einen negativen Einfluss, wohingegen die Artenzahlen im Unterholz positiv von steigender Bewirtschaftungsintensität beeinflusst wurden. Das Bestandsalter wirkte sich in Buchenwäldern hauptsächlich auf pflanzensaugende Insekten aus, deren Anzahl mit voranschreitendem Bestandsalter zunahm. Es kann jedoch ein allgemein positiver Effekt des Bestandsalters auf Pflanzenfresser vermutet werden, da das Vorkommen aller untersuchten Artengruppen positiv auf Pflanzenbiomasse reagierte. Verglichen mit anderen Beständen waren in eichendominierten Wäldern pflanzensaugende Insekten besonders zahlreich und pflanzenkauende Insekten besonders artenreich vertreten. Kiefernwälder wiesen hingegen in der Kronenschicht besonders wenige pflanzenkauende Insekten auf, zeigten im Vergleich mit Buchenwäldern aber eine höhere Anzahl pflanzensaugender Insekten.

Die Artengemeinschaften pflanzenfressender Insekten werden damit signifikant von der Waldbewirtschaftung beeinflusst, auch wenn die Auswirkungen je nach Waldschicht unterschiedlich ausfallen können. Es wird deutlich, dass auch die Kronenschicht berücksichtigt werden muss, wenn Bewirtschaftungsfolgen auf das Ökosystem Wald abzuschätzen sind. Auch Entscheidungen zur Baumartenzusammensetzung sollten mit Sorgfalt getroffen werden. Sie können erhebliche Auswirkungen auf die Abundanz und den Artenreichtum einiger Artengruppen und folglich auch auf die von ihnen geprägten Ökosystemfunktionen haben.



Autor*innen

Leidinger J., Seibold S., Weisser W.W., Lange M., Schall P., Türke M., Gossner M. M.

Erschienen als

Effects of forest management on herbivorous insects in temperate Europe.

Forest Ecology and Management 437: 232–245 (2019)

doi: 10.1016/j.foreco.2019.01.013

Foto

Gossner M. M.

Art der Landnutzung, Häufigkeit räuberischer Arthropoden und Vegetationshöhe beeinflussen die Prädationsrate in temperatem Grünland

Die Landnutzung ist bei vielen Taxa, einschließlich der megadiversen Arthropoden, eine Hauptursache für den Verlust an biologischer Vielfalt. Die Folgen für Arthropoden-vermittelte Prozesse wie beispielsweise die Häufigkeit, mit der sie andere Arthropoden erbeuten (Prädationsrate) und damit potenziell zur Schädlingsbekämpfung beitragen, sind noch wenig verstanden.

Wir haben Prädationsraten mithilfe von künstlichen Raupen aus Knetmasse erfasst. In zwei Regionen Deutschlands wurden künstliche Raupen auf der Bodenoberfläche von 83 bewirtschafteten Grünländern der gemäßigten Breiten über ein breites Spektrum von Landnutzungsintensitäten (Beweidungsintensität, Mähhäufigkeit und die Menge des ausgebrachten Düngers) platziert. Zusätzlich haben wir die Vegetationshöhe vermessen und die Häufigkeit bodenbewohnender Arthropoden mithilfe von Bodenfallen bewertet. Wir dokumentierten Bissspuren, die von Arthropoden, Nagetieren und Vögeln hinterlassen wurden.

Der Anteil der künstlichen Bissspuren von Raupen (d. h. Prädationsraten) unterschied sich von Region zu Region. Die Vegetationshöhe war in unserer Studie der stärkste Prädiktor für Prädation, korrelierte aber nur schwach mit der Landnutzung. Die Prädationsraten stiegen mit zunehmender Vegetationshöhe, für Nagetiere und für alle Prädatoren zusammen.

Alle 3 Landnutzungsbestandteile beeinflussten die Prädationsraten. Die Prädation durch Arthropoden nahm mit zunehmender Beweidungsintensität zu und nahm mit höherer Mähhäufigkeit und höherer Düngungsintensität ab. Auch die Häufigkeit der bodenbewohnenden Arthropoden wirkte sich auf die Prädation aus. Während die Prädationsraten im Allgemeinen mit einem höheren

Laufkäfervorkommen zunehmen und mit einem höheren Ameisen-vorkommen abnehmen, waren die Auswirkungen des Spinnenvor-kommens regional unterschiedlich.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass verschiedene Komponenten der Landnutzung gegenläufige Auswirkungen auf die Prädationsraten haben können, die zusammen mit Veränderungen in der Häufigkeit verschiedener Prädatorengruppen und der Vegetationshöhe wirken. Dies deutet darauf hin, dass Landnutzungspraktiken, die eine höhere Vegetation und eine hohe Abundanz von bodenbewohnenden Raubtieren aufrechterhalten, die Prädationsraten im Grünland und folglich das Potenzial der Schädlingsbekämpfung durch Arthropoden erhöhen.



Autor*innen

Meyer S.T., Heuss L., **Feldhaar H.**, Weisser W.W., Gossner M.M.

Erschienen als

Land-use components, abundance of predatory arthropods, and vegetation height affect predation rates in grasslands.

Agriculture, Ecosystems and Environment 270–271: 84–92 (2019)

doi: 10.1016/j.agee.2018.10.015

Abbildung

Meyer S., Feldhaar H.

Typische Bisspuren verschiedener Prädatoren an künstlichen Knetraupen

Landnutzung auf lokaler Ebene und Landschaftsebene beeinflusst die funktionale Zusammensetzung pflanzenfressender Insektengemeinschaften

Pflanzenfressende Insekten sind ein wichtiger Bestandteil der Wirbellosenfauna von Wiesen und Weiden in unseren Breiten. Sie sind treibende Kraft hinter verschiedenen Ökosystemfunktionen (z.B. Nährstoffkreisläufen). Dass Landnutzung diese Insektengemeinschaften beeinflusst und etwa den Artenreichtum verändert, ist bekannt. Weniger erforscht ist, wie das Zusammenspiel von Landnutzung auf lokaler Ebene (auf der untersuchten Fläche) und Landschaftsebene (in der näheren Umgebung) diese Gemeinschaften beeinflusst.

Hier untersuchten wir diese räumlich aufgelösten Effekte der Landnutzung auf 3 pflanzenfressende Insektengruppen (Zikaden, Wanzen, Heuschrecken) auf den 150 Grünland-Experimentierflächen. Wir beprobten die Insektengemeinschaften mittels standardisierter Methoden und beschrieben sie über funktionale Merkmale, wie z.B. die durchschnittliche Körpergröße, was Schlüsse darüber zulässt, wieso nur gewisse Insektenarten auf Landnutzung reagieren. Außerdem untersuchten wir die Vielfalt von funktionalen Merkmalen in einer Gemeinschaft, die ein Indiz dafür ist, wie gut Ökosystemfunktionen unterstützt werden.

Unsere Ergebnisse zeigten, dass sich die Landnutzung auf verschiedenen räumlichen Ebenen auf die funktionelle Zusammensetzung von Insektengemeinschaften auswirkte. Zikaden- und Wanzengemeinschaften auf intensiv bewirtschafteten Flächen etwa waren geprägt durch störungstolerante Arten mit langen Flügeln und kleinen Körpern. Auf Landschaftsebene hatte insbesondere das Angebot von geeigneten Lebensräumen einen starken Einfluss auf die Zusammensetzung der Zikadengemeinschaften. Gleichzeitig wurde die funktionale Diversität durch die Landnutzung auf beiden räumlichen Ebenen nicht beeinträchtigt. Mit zunehmender lokaler Bewirt-

schaftungsintensität verringerte sich jedoch die funktionale Beta-Diversität, d.h., die Gemeinschaften intensiv genutzter Flächen glichen sich sehr stark in ihrer funktionalen Zusammensetzung.

Unsere Ergebnisse zeigen, wie wichtig es ist, Landnutzung auf mehreren räumlichen Ebenen zu berücksichtigen, wenn die funktionale Integrität von Gemeinschaften pflanzenfressender Insekten und damit funktionierende Ökosysteme erhalten werden sollen.



Autor*innen

Neff F., Blüthgen N., Chisté M.N., Simons N.K., Steckel J., Weisser W.W., Westphal C., Pellissier L., Gossner M.M.

Erschienen als

Cross-scale effects of land use on the functional composition of herbivorous insect communities.

Landscape Ecology 34: 2.001–2.015 (2019)

doi: 10.1007/s10980-019-00872-1

Foto

Neff F.

Standardisierung von ökologischen Merkmalsdaten

Die Erfassung von Merkmalsdaten (*trait data*), d. h. Angaben zu Körperbau beziehungsweise Wuchsform, Ernährungsweise und Stoffwechsel, Reproduktion und Verhalten von Tier- und Pflanzenarten, gewinnt in der ökologischen Forschung zunehmend an Bedeutung. Die Betrachtung von Merkmalsdaten in einer Artgemeinschaft erlaubt Rückschlüsse auf die Prozesse und Wechselwirkungen, die in einem Ökosystem vorstattengehen.

Merkmalsbasierte Forschungsansätze konnten so bereits zu einem besseren Verständnis vieler ökologischer und evolutionärer Mechanismen beitragen. Dementsprechend haben in den vergangenen Jahren Forschende in aller Welt eine Fülle von Merkmalsdaten für zahlreiche Organismengruppen erfasst. Die Wiederverwendung solcher Daten in einer weiterführenden Synthese ist aber aufgrund mangelnder Standardisierung und Heterogenität der Datenformate und Definitionen oft nicht möglich.

Wir schlagen ein neues, leicht verwendbares und für jeden Forschungskontext nutzbares Standardvokabular vor, das künftig für die Speicherung und gemeinsame Nutzung ökologischer Merkmalsdaten verwendet werden kann. Damit vereinfachen wir es für Forschende, ihre Daten zu veröffentlichen und für die weiterführende Forschung zur Verfügung zu stellen. Die Verwendung eines Standardvokabulars ermöglicht es, Merkmalsdatensätze aus verschiedenen Quellen zusammenzuführen, und erleichtert es, Schnittstellen zwischen Softwareanwendungen für die Handhabung und Analyse von Merkmalsdaten zu schaffen.

Mit dem vorgeschlagenen Vokabular schließen wir eine wichtige Lücke für ein übergreifendes Management von Forschungsdaten. Die so verfügbar gemachten Merkmalsdaten können auch mit Blick auf ein Monitoring von Biodiversität in der Agrar- und Forstwirtschaft Anwendung finden, etwa um die funktionale Vielfalt von Artgemeinschaften infolge verschiedener Management- und Pflegepraktiken zu ermitteln.



Autor*innen

Schneider F. D., Fichtmüller D., Gossner M. M., Güntsch A., Jochum M., König-Ries B., Le Provost G., Manning P., Ostrowski A., Pennone C., Simons N.

Erschienen als

Towards an Ecological Trait-data Standard. *Methods in Ecology and Evolution* 10: 2.006–2.019 (2019)

doi: 10.1111/2041-210X.13288

Abbildung

Kühnel S.

Messung von verschiedenen Längen zur Beschreibung der Körpermerkmale einer Schwebfliege

Ursachen für das Insektensterben in Grünland und Wald sind auf Landschaftsebene zu finden

Bisherige Zeitreihen zum Insektensterben haben meist nur die Biomasse der Insekten bestimmt und nicht die Arten- und Individuenzahl oder sie sind auf wenige Standorte beschränkt. Auch die Rolle der Landnutzung wurde bisher kaum untersucht.

In dieser Studie nutzten wir die im Rahmen der jährlichen Insektenaufnahme auf den Exploratorienflächen entstandene Zeitreihe von 2008 bis 2017. Mit insgesamt mehr als 1 Million einzelner Tiere von etwa 2.700 Arten, die an 150 Grünland- und 140 Waldstandorten erfasst wurden, ist diese Zeitreihe weltweit einzigartig.

Wurden alle drei Exploratorienregionen gemeinsam betrachtet, nahm die Gesamtartenzahl der Insekten in Grünland und Wäldern im Laufe der Zeit deutlich ab. Dies zeigt, dass das Insektensterben nicht nur auf einige wenige Orte beschränkt ist.

Im Grünland nahmen die Biomasse, die Anzahl der Individuen und die Anzahl der Arten um 67 %, 78 % beziehungsweise 34 % ab. Der Rückgang betraf sowohl pflanzenfressende als auch räuberische Insektenarten. Gerade die seltenen Arten wurden noch seltener oder waren nicht mehr zu finden. Interessanterweise war das Ausmaß des Rückgangs unabhängig von der Bewirtschaftung eines Grünlandes, sondern hing von der umgebenden Landschaft ab. Auf Flächen, die in Landschaften mit mehr Ackerflächen eingebettet waren, zeigte sich ein stärkerer zeitlicher Rückgang.

Im Wald nahmen die Biomasse und die Artenzahl um 41 % beziehungsweise 36 % ab, während die Anzahl der Individuen nicht abnahm. Der Rückgang betraf sowohl seltene als auch häufig vorkommende Arten. Bei den Pflanzenfressern war der Rückgang nicht signifikant, weil einige Arten stark zunahmen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass der Rückgang der Insekten flächendeckend stattfindet und dass die Landschaftsstruktur eine größere Rolle spielt als bis dahin angenommen. Die Politik sollte sich daher auch mit Maßnahmen auf Landschaftsebene befassen, damit der Strukturreichtum in der Landschaft erhalten bleibt oder neu geschaffen wird.



Autor*innen

Seibold S., Gossner M.M., Simons N., Blüthgen N., Müller J., Ambarli D., Ammer C., Bauhus J., Fischer M., Habel J.C., Linsenmair K.-E., Nauss T., Penone C., Prati D., Schall P., Schulze E.-D., Vogt, J., Wöllauer S., Weisser W.

Erschienen als

Arthropod decline in grasslands and forests is associated with landscape-level drivers. Nature 574: 671–674 (2019)

doi: 10.1038/s41586-019-1684-3

Foto

Fellendorf M.

Bestimmung

Köhler G.

Kleine Goldschrecke (*Euthystira brachyptera*),
adultes Weibchen;

Management von Ökosystemen verändert Vektordynamik und Hämosporidien-Infektionen

Das Vorhandensein von Insektenvektoren ist eine Grundvoraussetzung für die Übertragung von Infektionskrankheiten, wie z. B. aviäre Malaria aus der Gruppe der Hämosporidien. Im Allgemeinen sind die Auswirkungen von Landnutzungsänderungen auf Diptera-Vektoren nicht gut erforscht. Die Reaktion der Vektoren auf die Waldbewirtschaftung hängt von den Vektorarten ab, wie bereits auch für Vögel gezeigt wurde.

Wir untersuchten, ob die Häufigkeit von Insekten aus verschiedenen Diptera-Familien und die Infektion mit Hämosporidien durch die Veränderung von Habitat-Strukturvariablen (gemessen mit LiDAR) und die Intensität der Waldbewirtschaftung beeinflusst werden. Wir stellten eine höhere großräumige Variation der weiblichen Insektenhäufigkeit im Nordosten Deutschlands als im Südwesten fest.

Nicht bewirtschaftete Waldbestände wiesen mehr Diptera auf. Wir stellten fest, dass die Häufigkeit weiblicher Diptera mit der Anzahl der Waldlücken zunahm, aber in Waldparzellen mit südlicherer Ausrichtung, mehr struktureller Heterogenität der Lebensräume, höherer Temperatur und Feuchtigkeit abnahm. Wir fanden heraus, dass Hämosporidien-Infektionen bei Diptera mit der Intensivierung der Bewirtschaftung und größerer struktureller Diversität des Kronendachs zunahm, aber mit einer dichteren Strauchschicht, tieferer Blattstreu und höherer Feuchtigkeit abnahmen (Merkmale für nicht bewirtschaftete Waldbestände). Obwohl die intensivere Waldbewirtschaftung die Vektorhäufigkeit verringerte, nahmen die Hämosporidien-Infektionen in den Vektoren zu, was auf einen signifikanten Einfluss der Waldbewirtschaftung auf die Krankheitsdynamik hinweist.



Autor*innen

Van Hoesel W., Marzal A., Magallanes S., Santiago-Alarcon D., Ibáñez-Bernal S., Renner S. C.

Erschienen als

Management of ecosystems alters vector dynamics and haemosporidian infections. Scientific Reports 9: 8779 (2019)

doi: 10.1038/s41598-019-45068-4

Foto

Van Hoesel W.

Die veränderte Landnutzung in Europa hat direkten und indirekten Einfluss auf Schneckengemeinschaften

Artengemeinschaften werden durch die Art und die Intensität von Landnutzung sowohl in Wäldern als auch im Grasland immer weiter beeinflusst. Intensive Landnutzung führt dabei meistens zu einem Verlust an Artenreichtum und bedingt unweigerlich eine Änderung in der Artenzusammensetzung. Wenn dabei Arten aussterben, die an wichtigen ökologischen Prozessen beteiligt sind, kommt es zu negativen Konsequenzen für das gesamte Ökosystem.

In unserer Studie untersuchten wir Landschneckengemeinschaften in Wäldern und Grasland. Schnecken sind als Bodenbewohner maßgeblich am Abbau von totem organischen Material beteiligt und führen damit Nährstoffe zurück in den Stoffkreislauf. Ziel unserer Untersuchung war es, zu quantifizieren, inwieweit die Schneekendichte, die Diversität und die Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften in Wäldern und Grasland durch 1) die Intensität der Landnutzung, 2) abiotische Faktoren (pH, Bodenfeuchte und Niederschlag) und 3) biotische Substrate (Pflanzenbewuchs des Habitats) bestimmt werden.

Insgesamt sammelten wir 15.607 Schneckenindividuen, die zu 71 Arten gehörten. Die Schneekendichte, ihre lokale Diversität und die Artenzusammensetzung variierten von Region zu Region und zwischen Wald- und Graslandlebensräumen. Die direkten Auswirkungen der Landnutzung waren im Durchschnitt 9-mal (Wälder) beziehungsweise 7-mal (Grasland) geringer als der Einfluss der abiotischen Faktoren und biotischen Substrate. Landnutzungsfaktoren hatten jedoch indirekte Auswirkungen durch die Veränderung von abiotischen Variablen wie Bodenfeuchte und pH-Wert des Bodens. Zusätzlich veränderte die Landnutzung auch biotische Substrate, wie z. B. die Pflanzendecke im Grasland und die Totholzdecke in Wäldern.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass Landschnecken stark auf Umweltgradienten reagieren, und verdeutlichen die Komplexität von direkten und indirekten Auswirkungen über biotische und abiotische Faktoren in der Landwirtschaft.



Autor*innen

Wehner K., Renker C., Brückner A., Simons N. K., Weisser W., Blüthgen N.

Erschienen als

Land-use in Europe affects land snail assemblages directly and indirectly by modulating abiotic and biotic drivers.

Ecosphere 10: e02726 (2019)

doi: 10.1002/ecs2.2726

Foto

Wehner K.

Mikroorganismen & Pilze

Artikel

Die Verwendung von Pilzgenomen in der ökologischen Forschung [S.190](#)

Der Einfluss der Landnutzungsintensität auf das pflanzenassoziierte Mikrobiom von *Dactylis glomerata* L. [S.194](#)

Welche Rolle spielen Mykorrhizapilze für Wachstum und Stickstoffversorgung von Buchen aus unterschiedlichen Regionen der Biodiversitäts-Exploratorien? [S.196](#)

Wie verändern sich bakterielle Gemeinschaften auf verwesenden Tierkadavern und welche mögliche Auswirkung auf das Ökosystem hat dies? [S.198](#)

Artenreichtum und funktionelle Merkmale von Mykorrhizagesellschaften in verschiedenen Regionen und Waldarten [S.200](#)

Wie können die Wechselwirkungen zwischen den vielen Arten von Bodenmikroorganismen ermittelt werden? [S.202](#)

Boden-pH und Baumbestand bestimmen das gleichzeitige Auftreten von Ammoniak- und Nitritoxidierern in Waldböden [S.204](#)

Das Mikrobiom der Protisten in Grünlandböden: Diversität in der Mesoskala [S.206](#)

Luteitalea pratensis gen. nov., sp. nov.: ein neues Mitglied der Unterabteilung 6 Acidobakterien, isoliert aus gemäßigtem Grünlandboden [S.208](#)

Die Gefriertrocknung ist eine geeignete Methode zur Konservierung von Bodenproben, um die darin enthaltenen mikrobiellen Ge- [S.210](#)

meinschaften mit molekularen Techniken untersuchen zu können		Erbgutuntersuchungen aus einem groß angelegten Totholzerersetzungsexperiment	
Untersuchung der aktiven Pilze in einjährigem Buchenstreu	S.212	Die mikrobielle Gemeinschaft des Wurzelraums wird stärker durch die Landnutzungsintensität beeinflusst als durch die funktionellen Merkmale der Pflanze	S.224
Pilzinfektionsraten und Alkaloidkonzentrationen beim Deutschen Weidelgras (<i>Lolium perenne</i>) entlang eines Landnutzungsgradienten	S.214	Biomasse von Ektomykorrhiza- und saprotrophen Pilzen werden von unterschiedlichen Faktoren bestimmt und variieren zwischen Laub- und Nadelwäldern	S.226
Einfluss von <i>Epichloë</i> -Pilzen auf Blattpilzgemeinschaften des Deutschen Weidelgrases (<i>Lolium perenne</i>) in Abhängigkeit von Jahreszeit und Landnutzung	S.216	Der Entzug von Ressourcen, die aus Wurzeln stammen, beeinträchtigt die Biomasse, nicht aber die Zusammensetzung von Mikroorganismen in Streu und Boden	S.228
Erhöhte Stickstoffeinträge beeinflussen weder die Diversität noch die Funktion Totholz bewohnender Pilzgemeinschaften, aber Anpassung und funktionelle Redundanz in der Gemeinschaft garantieren den Erhalt essenzieller Ökosystemfunktionen	S.218	Protura sind einzigartig: erster Nachweis einer spezialisierten Ernährung von <i>Ektomykorrhiza</i> -Pilzen bei wirbellosen Bodentieren	S.230
Molekulare Untersuchungsmethoden zeigen, dass Totholz bewohnende Pilze in Wäldern gemäßigter Breiten überraschend stark auf bestimmte Baumarten spezialisiert sind	S.220	Änderungen der funktionellen Pflanzeneigenschaften erklären Veränderungen in den Strukturen und Funktionen der Mikroorganismengemeinschaften in Grünlandböden	S.232
Bestimmende Faktoren für die Gemeinschaftszusammensetzung Totholz bewohnender Pilze in Wäldern der gemäßigten Breiten:	S.222	Unterschiede im Holzzabbau zwischen Splint- und Kernholz bei 13 europäischen Baumarten	S.234

Mikroorganismen & Pilze

Holzabbau profitiert vom Heimvorteil durch die bessere Spezialisierung der Pilzgemeinschaft „zu Hause“ im Vergleich zu „auswärts“ [S.236](#)

Next-Generation-Sequenzierung als Methode zum Schutz von Totholz bewohnenden Pilzen [S.238](#)

Zusammensetzung trophischer Strukturen von Pilzen an Baumwurzeln in temperaten Wäldern [S.240](#)

Welche Grasarten sind in Deutschland mit endophytischen *Epichloë*-Pilzen infiziert und welche Giftstoffe werden produziert? [S.242](#)

Einzeller (Protisten) sind dominante Konsumenten in der Laubstreu von Buchenwäldern [S.244](#)

Entdeckung neuer Antibiotikaresistenzgene in Wald- und Grünlandböden [S.246](#)

S.186 – 247

Die Verwendung von Pilzgenomen in der ökologischen Forschung

Mit aktueller Technik ist es möglich, in kurzer Zeit vollständige Genome von Mikroorganismen zu entschlüsseln und zu analysieren. Die genetischen Informationen geben Rückschlüsse auf ökologische Anpassungen und Lebensweisen. So benutzen holzzersetzende Pilze spezielle Verdauungsenzyme („Eiweißwerkzeuge“ der Pilze), um den Lignozellulose-Komplex – den Hauptbestandteil aller Hölzer – abzubauen. Anhand der in einem Pilz vorhandenen Gene, die diese Enzyme kodieren, kann man u. a. eindeutig zwischen Braunfäulepilzen, die vorzugsweise Zellulose zersetzen, Weißfäulepilzen, die das Lignin angreifen und Weichfäulepilzen, die beides bewerkstelligen, unterscheiden.

Im Rahmen der Tothholzforschung in den Biodiversitäts-Exploratorien haben wir holzabbauende Pilze isoliert und Laborkulturen angelegt, um mit ihnen Abbauxperimente unter kontrollierten Bedingungen durchzuführen. Vor allem Weichfäulepilze, die zu den Schlauchpilzen (Ascomycota) gehören, wie der „Ölflaschenpilz“ (*Coniochaeta hoffmannii*), der „Brand-Krustenpilz“ (*Kretzschmaria deusta*), das „Holzstäbchen“ (*Scytalidium lignicola*), die „Geweihförmige Holzkeule“ (*Xylaria hypoxylon*) oder die „Langstielige Ahorn-Holzkeule“ (*Xylaria longipes*), aber auch Krankheitserreger an Bäumen wie der Ständerpilz (Basidiomycota), etwa der „Violette Knorpelschichtpilz“ (*Chondrostereum purpureum*), wurden auf dem Tothholz gefunden und isoliert. Nach der Sequenzierung ihrer genetischen Information wurden die Genome nach vorhandenen Genen durchmustert. Die analysierten Pilzgenome wiesen häufig Größen zwischen 30 und 50 Millionen Basenpaare auf (d. h., sie sind 60- bis 100-mal kleiner als das menschliche Genom); dabei enthalten sie etwa 10.000 bis 15.000 Gene, was der Hälfte der Zahl menschlicher Gene entspricht.

Mikroorganismen & Pilze

Die Pilzgenome werden aktuell genutzt, um die Aktivitäten der Pilze im Holz zu verfolgen. Dazu werden Enzymproteine aus dem Holz isoliert und identifiziert. Der Aufbau dieser Eiweiße, der in den Genen festgelegt ist, wird mit den entsprechenden Informationen aus den Genomen abgeglichen. Dies wird es uns zukünftig erlauben, Pilze zu identifizieren, die eine Schlüsselrolle beim Totholzabbau spielen, und zu zeigen, mit welchen Enzymen der Abbau bewerkstelligt wird.



Autor*innen

Büttner E., Gebauer A. M., Hofrichter M., Liers C., **Kellner H.**

Erschienen als

Draft genome sequence of the wood-degrading ascomycete *Kretzschmaria deusta* DSM 104547. *Genome Announcements* 5: e01076-17 (2017)

doi: 10.1128/genomeA.01076-17

Autor*innen

Büttner E., Gebauer A. M., Hofrichter M., Liers C., **Kellner H.**

Erschienen als

Draft genome sequence of *Scytalidium lignicola* DSM 105466, a ubiquitous saprotrophic fungus.

Microbiology Resource Announcements 7: e01208-18 (2018)

doi: 10.1128/MRA.01208-18

>> Fortsetzung S. 190-191

Autor*innen

Büttner E., Gebauer A. M., Hofrichter M.,
Liers C., **Kellner H.**

Erschienen als

Draft genome sequence of *Xylaria longipes*
DSM 107183, a saprotrophic ascomycete col-
onizing hardwood.

Microbiology Resource Announcements 8:
e00157-19 (2019)

doi: 10.1128/MRA.00157-19

Autor*innen

Büttner E., Liers C., Gebauer A. M., Collemare
J., Navarro-Muñoz J. C., Hofrichter M., **Kellner
H.**

Erschienen als

Draft genome sequence of the wood-staining
ascomycete *Chlorociboria aeruginascens*
DSM 107184.

Microbiology Resource Announcements 8:
e00249-19 (2019)

doi: 10.1128/MRA.00249-19

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Büttner E., Liers C., Hofrichter M., Gebauer A. M., **Kellner, H.**

Erschienen als

Draft genome sequence of *Xylaria hypoxylon* DSM 108379, a ubiquitous fungus on hardwood.

Microbiology Resource Announcements 8: e00845-19 (2019)

doi: 10.1128/MRA.00845-19

Fotos

S. 191

Mai I.

S. 192

Oben: Kellner H.

Mitte: Karich A.

Unten: Büttner E.

Der Einfluss der Landnutzungsintensität auf das pflanzenassoziierte Mikrobiom von *Dactylis glomerata* L.

In dieser Studie untersuchten wir den Einfluss unterschiedlicher Landnutzungsintensitäten (LUI) auf das wurzellosoziierte Mikrobiom von *Dactylis glomerata* (Gewöhnliches Knäuelgras). Zu diesem Zweck wurden acht Probeentnahmestellen in der Schwäbischen Alb mit unterschiedlichen Landnutzungsintensitäten, aber vergleichbaren Bodeneigenschaften ausgewählt. Die Versuchsflächen erstreckten sich vom natürlichen Grünland bis hin zu intensiv bewirtschafteten Wiesen. Um die pflanzenassoziierte bakterielle Gemeinschaftsstruktur sowohl innerhalb der Pflanze (Endosphäre) als auch in Rhizosphäre und nicht durchwurzeltem Boden analysieren zu können, wurde die 16S-rRNA-Gensequenz der Bakterien identifiziert. Die Proben wurden in der Fortpflanzungsphase der Pflanze im Frühsommer entnommen.

Unsere Daten wiesen darauf hin, dass die Wurzeln eine charakteristische Bakteriengemeinschaft beherbergen, die sich deutlich vom Mikrobiom der Rhizosphäre und des Bodens unterscheidet. Unsere Ergebnisse zeigten, dass die Familien *Pseudomonadaceae*, *Enterobacteriaceae* und *Comamonadaceae* die häufigsten vertretenen Bakterien innerhalb der Pflanze sind, unabhängig von der Landnutzungsintensität. Die in der Rhizosphäre und im Boden dominierenden Familien unterschieden sich von denen, die aus Wurzelproben gewonnen wurden. Im Boden war der Effekt der Landnutzungsintensität im Vergleich zu den Wurzelendophyten stärker ausgeprägt, was zu einem klar unterscheidbaren Muster von Bakteriengemeinschaften unter verschiedenen LUI aus Rhizosphäre und Bulkboden gegenüber den Bakterien führte, die innerhalb der Pflanze gefunden wurden. Insgesamt konnte eine Veränderung der Gemeinschaftsstruktur an der Grenzfläche von Pflanze zu Boden beobachtet werden, da die Anzahl der eng verwandten Bakteriengruppen zwischen Endosphäre, Rhizosphäre und nicht durchwurzeltem Bo-

Mikroorganismen & Pilze

den mit abnehmender Landnutzungsintensität zunahm. Unsere Ergebnisse deuten auf eine stärkere Interaktion der Pflanze mit dem umgebenden Boden bei geringer Landnutzungsintensität hin, indem Bakterien selektiv aus dem umgebenden Boden angezogen werden. Darüber hinaus wurde die Menge und Qualität des verfügbaren Stickstoffs des Bodens als ein Hauptfaktor für Veränderungen in der Mikrobiomstruktur in allen drei Kompartimenten identifiziert.



Autor*innen

Estendorfer J., **Stempfhuber B.**, Haury P., Vestergaard G., Rillig M. C., Joshi J., Schröder P., Schloter M.

Erschienen als

The influence of land use intensity on the plant-associated microbiome of *Dactylis glomerata* L.

Frontiers in Plant Sciences 8: 930 (2017)

doi: 10.3389/fpls.2017.00930

Foto

Quelle: <https://pixabay.com/de/photos/kn%C3%A4elgr%C3%A4ser-gras-wiese-grashalm-1051003/>

Welche Rolle spielen Mykorrhizapilze für Wachstum und Stickstoffversorgung von Buchen aus unterschiedlichen Regionen der Biodiversitäts-Exploratorien?

In Deutschland wird die Aufforstung von Wäldern in der Regel mit der natürlichen Verjüngung betrieben. Daher können Populationen der Buche aus verschiedenen Regionen („Ökotypen“) durch Differenzierung bestimmter Merkmale unterschieden werden. Eine wichtige Frage ist, ob diese Differenzierung auch für die assoziierten Mykorrhizapilze zutrifft und somit für eine standörtlich „optimierte“ Nährstoffversorgung erforderlich ist.

Dieser Frage sind wir in einem Gewächshausexperiment nachgegangen. Buchen („Ökotyp“ Hainich-Dün (HAI), Schwäbische Alb (ALB) und Schorfheide-Chorin (SCH)) wurden im Boden aus Hainich-Dün kultiviert und Photosynthese, Wachstum, Stickstoffaufnahme (mittels des stabilen Isotops ^{15}N) und die Besiedlung durch Mykorrhiza-Pilze analysiert.

Die kurzfristige Stickstoffaufnahme zeigte keine Unterschiede zwischen den Ökotypen. Dennoch wuchs Ökotyp HAI im Hainich-Dün-Boden am besten, während SCH und ALB zurückblieben. Um den Einfluss von Mykorrhizapilzen zu testen, wurde der Versuch gleichzeitig in sterilisiertem Hainich-Dün-Boden durchgeführt, der mit Bakterienkulturen aus Hainich-Dün versetzt war. Unter diesen Bedingungen verschwanden die positiven Wachstumseffekte des Hainich-Dün-Bodens auf den Ökotyp HAI.

Dieses Ergebnis zeigt eine Interaktion zwischen Hainich-Dün-Boden und Buchenherkunft, die durch Standortanpassung von Mykorrhizapilzen vermittelt zu sein scheint. Um dieses Ergebnis zu verallgemeinern, sind Untersuchungen in größerem Rahmen erforderlich. Trotz dieser Einschränkung weisen unsere Ergebnisse stark darauf hin, dass, neben der genetischen Anpasstheit der Buche, die Besiedlung der Wurzeln mit standörtlich angepassten Mykorrhizen für

das Wachstum und damit die Etablierung von Jungpflanzen sehr wichtig ist.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Nguyen D. Q., Pena R., **Polle A.**

Erschienen als

Impact of ectomycorrhizal community composition and soil treatment on inorganic nitrogen nutrition and performance of beech (*Fagus sylvatica* L.) provenances.

Trees 31: 1.891–1.904 (2017)

doi: 10.1007/s00468-017-1594-7

Foto

Nguyen D. Q.

Wie verändern sich bakterielle Gemeinschaften auf verwesenden Tierkadavern und welche mögliche Auswirkung auf das Ökosystem hat dies?

Die Verwesung von Kadavern ist wesentlich für das ökologische Gleichgewicht und wesentlicher Teil des Nährstoffkreislaufes. Verwesung erfolgt sowohl durch Bakterien, aber auch durch Insekten. Als Folge des bakteriellen biochemischen Abbaus von Aas entstehen spezifische chemische Geruchskomponenten, die als Botenstoffe sogenannte nekrophage Insekten anlocken, denen der Kadaver als Fraß oder zur Eiablage und Vermehrung dient.

Das Ziel dieses als Vorstudie gedachten Projektes war es, die zeitliche Dynamik der bakteriellen Zusammensetzung und der molekularen Zusammensetzung des Verwesungsgeruchs zu bestimmen, um (i) abzuleiten, welche Bakterien vermutlich welche Geruchskomponenten bilden und (ii) Geruchskomponenten zu identifizieren, die als mögliche Lockstoffe für nekrophage Insekten dienen.

Dazu wurden in 9 VIPs (*very intensive plots*) der Schorfheide-Chorin tot geborene Schweine ausgelegt und an den ersten vier Tagen sowohl die bakterielle Gemeinschaft im Mundbereich sowie die chemische Zusammensetzung des Geruchs bestimmt.

Es zeigte sich, dass mit zunehmender Zeit (i) die Vielfalt der Bakterien abnahm und (ii) die Bakterien zwischen den Schweinen immer ähnlicher wurden. Dies deutet auf eine klare Selektion von bestimmten Bakterienarten hin. Durch statistische Verfahren wurde ermittelt, welche Bakteriengruppen sehr wahrscheinlich für die Bildung bestimmter Gerüche zuständig sind.

Da diese Vorstudie erfolgreich war, ist der nächste Schritt nun, die Veränderung der Bakterien auf jeweils 25 tot geborenen Schweinen in Schorfheide-Chorin, in Hainich-Dün und auf der Schwäbischen Alb zu quantifizieren und sowohl mit der Veränderung des Geruchs

Mikroorganismen & Pilze

als auch mit der Veränderung der Artenzusammensetzung von nekrophagen Insekten abzugleichen. Dies wird es ermöglichen, die Ursachen unterschiedlicher Verwesungsgeschwindigkeiten in den Exploratorien zu erkennen.



Autor*innen

Pascual J., von Hoermann C., Rottler-Hoermann A.-M., Nevo O., Geppert A., **Sikorski J.**, Huber K. J., Steiger S., Aysse M., Overmann J.

Erschienen als

Function of bacterial community dynamics in the formation of cadaveric semiochemicals during in situ carcass decomposition.

Environmental Microbiology 19 : 3.310–3.322 (2017)

doi: 10.1111/1462-2920.13828

Foto

von Hoermann C.

Artenreichtum und funktionelle Merkmale von Mykorrhizagesellschaften in verschiedenen Regionen und Waldarten

Die taxonomische, phylogenetische und funktionelle Vielfalt von Ektomykorrhizapilzen (EM) wurde in Buchen- und Nadelwäldern entlang eines Nord-Süd-Gradienten in drei biogeografischen Regionen in Deutschland analysiert.

Der Artenreichtum der EM-Pilze wurde durch Bestandsdichte und Waldtyp, durch biogeografische Umweltfaktoren (bodenphysikalische Eigenschaften, Temperatur und Niederschlag) und durch das Stickstoffangebot im Boden (Aminosäuren, Ammonium und Nitrat) beeinflusst. Die Diversität variiert zwischen Buchen- und Nadelwäldern nicht.

Da die unterschiedlichen Waldtypen jeweils ein unterschiedliches EM-Artenspektrum beherbergten, nahm die Diversität auf der Landschaftsebene zu, wenn beide Waldtypen vorhanden waren. Die höchste EM-Diversität wurde in Wäldern in kühlem, feuchtem Klima auf lehmigen und schluffigen Böden gefunden und die niedrigste in den Wäldern in warmem, trockenem Klima auf sandigen Böden. Der höhere Artenreichtum in der kühleren Region war auf eine höhere Anzahl näher verwandter Arten zurückzuführen, also auf phylogenetische Ähnlichkeit. Dennoch trugen die Arten zu einer hohen Variation an funktionellen Merkmalen wie der Dichte und Länge von Hyphen, die für die Erschließung des Bodens wichtig sind, bei. Im Gegensatz dazu kam es in der warmen Region trotz neutraler phylogenetischer Effekte zu einer Anhäufung ähnlicher Merkmale und damit vermutlich ähnlicher Funktionen der EM-Pilze.

Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass verschiedene Waldtypen und günstige Umweltbedingungen in den Wäldern einen hohen EM-Artenreichtum im Oberboden fördern, vermutlich sowohl mit hoher funktioneller Diversität als auch mit phylogenetischer Redun-

Mikroorganismen & Pilze

danz, während stressige Umweltbedingungen zu einem geringeren Artenreichtum und funktioneller Redundanz führen.



Autor*innen

Pena R., Lang C., Lohaus G., Boch S., Schall P.,
Schöning I., Ammer C., Fischer M., **Polle A.**

Erschienen als

Phylogenetic and functional traits of ectomy-
corrhizal assemblages in top soil from diffe-
rent biogeographic regions and forest types.
Mycorrhiza 27: 233–245 (2017)

doi: 10.1007/s00572-016-0742-z

Foto

Lang C.

Wie können die Wechselwirkungen zwischen den vielen Arten von Bodenmikroorganismen ermittelt werden?

Organismen beeinflussen einander gegenseitig (Interaktion). Für viele große und sichtbare Organismen wie Pflanzen und Tiere lassen sich Interaktionen, wie z. B. Räuber-Beute-Beziehungen, über die Zeit direkt beobachten. Bodenmikroorganismen wie Bakterien, Pilze und Protisten dagegen sind enorm vielfältig (Zehntausende Arten pro g Boden), in hohen Zahlen vorhanden (Milliarden pro g Boden) und meist nicht als lebende Kultur untersuchbar. Dies erschwert die Untersuchung von Interaktionen zwischen diesen Gruppen ökologisch wichtiger Bodenmikroorganismen erheblich. Zudem sind klassische Räuber-Beute-Beziehungen, die Messungen am gleichen Standort in geeigneten zeitlichen Abständen erfordern, in den Exploratorien kaum untersuchbar. Hier werden Daten zeitgleich an 300 Standorten gemessen, was die Erhebung geeigneter Zeitserien kaum ermöglicht.

Um diesen methodischen Zwängen Rechnung zu tragen, haben wir ein mathematisches Verfahren entwickelt, das aus molekular erhobenen organismischen Häufigkeitsdaten (Sequenzierung von Erbsubstanz) und aus Veränderungen von Umweltbedingungen, z. B. Landnutzung, die Richtung und Stärke von Interaktionen abzuleiten vermag.

Dadurch konnten wir erstmals einen Einblick bekommen, welche bisher nicht zugänglichen und bisher auch nicht im Verbund betrachteten Bodenmikroorganismen miteinander interagieren. Dieses Wissen wird uns helfen, die ökologische Bedeutung von Bodenmikroorganismen besser erfassen zu können.

Boden-pH und Baumbestand bestimmen das gleichzeitige Auftreten von Ammoniak- und Nitritoxidierern in Waldböden

In dieser Studie untersuchten wir, wie die Baumart und der Boden-pH verschiedener Waldböden das gleichzeitige Auftreten von Ammoniak- und Nitritoxidierern beeinflusst. Diese Mikroorganismen führen den Prozess der autotrophen Nitrifikation durch. Wir erwarteten, dass ein Rückgang der Ammoniakoxidation in Nadelwäldern infolge ausgeschiedener Nitrifikationsinhibitoren und an sauren Standorten mit geringer Ammoniakverfügbarkeit die Häufigkeit nitritoxidierender Bakterien (NOB) verringern würde.

Um Verschiebungen im gemeinsamen Vorkommen der Hauptgruppen zu erkennen, wurde deren Häufigkeit an 50 Waldstandorten mit Nadel- beziehungsweise Laubwaldvegetation und unterschiedlichen pH-Werten des Bodens in der Region Schwäbische Alb gemessen.

Wir fanden heraus, dass ammoniakoxidierende Archaeen (AOA) und *Nitrospira* der NOB (NS) in allen Waldtypen zahlenmäßig dominierten. Während AOA hauptsächlich zusammen mit NS auftraten, waren bakterielle Ammoniakoxidierer (AOB) mit NOB der Gattung *Nitrobacter* (NB) korreliert. Das gemeinsame Vorkommen änderte sich von einer engen signifikanten Beziehung aller Ammoniak- und Nitritoxidierer in Laubwäldern zu einer signifikanten Beziehung zwischen ausschließlich AOB und NB in Nadelwäldern, wo die Häufigkeit von AOA reduziert war.

Überraschenderweise konnte an sauren Standorten kein gemeinsames Vorkommen von Ammoniakoxidierern und Nitritoxidierern festgestellt werden, obwohl deren Abundanzen mit den jeweiligen Stickstoffpools korreliert waren. Dies wirft die Frage auf, ob Wechselwirkungen mit heterotrophen Nitrifizierern auftreten können, die in zukünftigen Studien untersucht werden sollten.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Stempfhuber B., Richter-Heitmann T., Bie-
nek L., Schöning I., Schrupf M., Friedrich
M., Schulz S., Schloter M.

Erschienen als

Soil pH and plant diversity drive co-occur-
ence patterns of ammonia and nitrite oxidi-
zer in soils from forest ecosystems.

Biology and Fertility of Soils 53: 691–700
(2017)

doi: 10.1007/s00374-017-1215-z

Foto

Müller J.

Das Mikrobiom der Protisten in Grünlandboden: Diversität in der Mesoskala

Genomische Daten für weniger als ein Viertel von rund 1,8 Millionen genannten Arten auf der Erde existieren momentan in öffentlichen Datenbanken wie „GenBank“. Noch weniger Informationen existierten für die geschätzten eine Million heterotrophen Nanoflagellaten und Ciliaten (Wimpertierchen) der kleineren Größen (1–100 μm) und ihre Taxa-Areal-Beziehungen.

Wir analysierten Umwelt-DNA von 150 Grünlandbereichen, die die typische Landnutzung und Geografie Mitteleuropas abbilden. Hochdurchsatz-Barcode-Sequenzierungen (NGS) ermöglichen zum einen die Identifizierung von Operationalen Taxonomischen Einheiten (OTUs) auf Artniveau. Dabei weisen die Sequenzen eine hohe Ähnlichkeit ($\geq 99,7\%$ Sequenzähnlichkeit) zu Referenzsequenzen auf. Zum anderen erlauben sie aber auch die Identifizierung von Sequenzen mit weniger Übereinstimmung (Sequenzähnlichkeit von $\geq 97\%$ und $\geq 80\%$ für die Klassifizierung auf Gattungs- und Klassenebene).

Bodenproben zeigten einen Reichtum von durchschnittlich 100 OTUs bis auf Gattungsebene aus 332 Eigensequenzen (*unique individual reads*, UIR) und 56 Klassenstufen pro Gramm Boden in der Mesoskala (Proben bis zu 1.000 km entfernt). Diese OTUs umfassten meistens seltene Arten aus unsicheren taxonomischen Abstammungslinien, sprich niedrigere Auflösung (80 % Sequenzähnlichkeit), die wiederum auf Datenbankdefizite hinwiesen.

Keine einzelne OTU oder UIR konnte über alle Standorte hinweg nachgewiesen werden. Die Taxa-Areal-Beziehung betreffend ist das lokale Protisten-Taxa-Konsortium in sich ähnlicher als im Vergleich zur Mesoskalenebene. Nur rund 0,5% der Sequenzen waren streng referenzbibliotheksequenznah, was ein Hinweis auf eine

Mikroorganismen & Pilze

Menge unbekannter Protisten, „dunkler Materie“, als Lebewesen im Boden sind. Dies bedarf weiterer Forschung.



Autor*innen

Venter P. C., Nitsche F., Domonell A., Heger P., Arndt H.

Erschienen als

The protistan microbiome of grassland soil: diversity in the mesoscale.

Protist 168: 546–564 (2017)

doi: 10.1016/j.protis.2017.03.005

Foto

Klaus V.

***Luteitalea pratensis*
gen. nov., sp. nov.:
ein neues Mitglied
der Unterabteilung 6
Acidobakterien, isoliert
aus gemäßigtem
Grünlandboden**

Im Gegensatz zu Tier- und Pflanzenarten (z. B. knapp 1 Million Insektenarten und knapp 400.000 Arten von Gefäßpflanzen) sind weltweit bisher gerade einmal 17.000 Bakterienarten valide beschrieben. Dagegen wird die Gesamtzahl an Bakterienarten auf 10 Millionen bis 1 Milliarde geschätzt. Woher rührt diese enorme Diskrepanz?

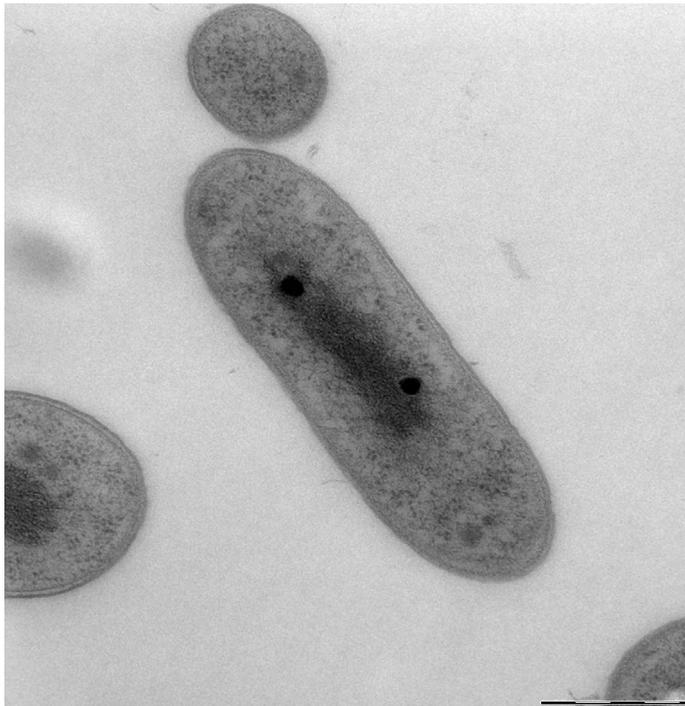
Um eine Bakterienart zu beschreiben, müssen deren Vertreter in Kultur gebracht werden. Nur so lassen sie sich untersuchen und zuverlässige Informationen zu ihren (ökologischen) Eigenschaften gewinnen. Bei vielen Bakterienarten ist es immer noch eine große Herausforderung, die geeigneten Kulturbedingungen zu treffen und die Bakterienzellen im Labor zum Wachstum zu bringen. Gerade in der Gruppe der Acidobakterien (einem der sogenannten Phyla der Bakterien) sind nur 48 Arten bekannt. Die Ebene, die ein Phylum der Bakterien darstellt, ist grob vergleichbar mit der gesamten Gruppe der Wirbeltiere – man stelle sich also vor, statt der ca. 70.000 Wirbeltierarten würden wir nur 48 kennen.

Die hier gelungene Kultivierung eines neuen Acidobakteriums ist daher als ein großer wissenschaftlicher Erfolg zu werten, insbesondere da es das erst zweite bekannte Bakterium einer der im Boden wichtigsten Untergruppe von Acidobakterien ist (grob vergleichbar mit der Entdeckung einer zweiten Säugetierart überhaupt).

Wir wissen aus molekularen Daten, dass Acidobakterien mit ca. 10–15 % Häufigkeit eine wesentliche ökologische Rolle in den Böden der Exploratorien haben müssen – ihre tatsächlichen Funktionen können anhand von ausschließlich molekularen Daten kaum abgeleitet werden. Es werden unbedingt kultivierte Vertreter mit gut untersuchten Eigenschaften für ein besseres Verständnis von

Mikroorganismen & Pilze

Bodenprozessen wie z.B. die Bodenfruchtbarkeit benötigt. Unsere Artbeschreibung liefert viele, vor allem für die Mikrobiologie, interessante Erkenntnisse zu diesen wichtigen Bodenbakterien. Eine erwähnenswerte Eigenschaft ist z.B. die Kältetoleranz: Das neu isolierte Bakterium kann noch bei 0°C wachsen und stoffwechselphysiologisch aktiv sein, wird also auch in den Wintermonaten eine wichtige Rolle in den Böden der Exploratorien spielen.



Autor*innen

Vieira S., Luckner M., Wanner G., Overmann J.

Erschienen als

Lutitalea pratensis gen. nov., sp. nov. a new member of subdivision 6 Acidobacteria isolated from temperate grassland soil.

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 67: 1.408–1.414 (2017)

doi: 10.1099/ijsem.0.001827

Foto

Luckner M., Wanner G.

Die Gefriertrocknung ist eine geeignete Methode zur Konservierung von Bodenproben, um die darin enthaltenen mikrobiellen Gemeinschaften mit molekularen Techniken untersuchen zu können

Mikrobielle Gemeinschaften in Böden leisten einen enormen Beitrag zu Bodenbildung, Bodenstoffumsatz, Bodengesundheit und Pflanzenentwicklung. Die Artenvielfalt der Mikroorganismen in Böden kann bis zu Tausende Arten in einem Gramm Boden betragen. Mittels molekularer Studien können diese Artenvielfalt und ebenso potenzielle Aktivität sehr sensitiv erfasst werden. Die Qualität der Bodenproben für diese Analysen ist hierbei von zentraler Bedeutung. Wachstums- und Abbauprozesse der Mikroorganismen müssen bis zur Analyse der Bodenproben gestoppt werden. Dies geschieht zumeist über ein sofortiges Schockfrieren von Bodenproben in flüssigem Stickstoff und einer anschließenden Lagerung bei -80°C bis zur Analyse. Globale Studien erfordern oft den Probentransport über Kontinente hinweg. Der Erhalt einer zuverlässigen Kühlkette für eine Vielzahl von Bodenproben ist sehr kostspielig, wenn überhaupt möglich.

In dieser Studie haben wir daher die Eignung der Konservierung von Bodenproben durch Gefriertrocknung mit anschließender kurzfristiger Lagerung bei 4°C oder Umgebungstemperatur untersucht.

Zwei Grünlandbodenproben wurden in Mitteldeutschland im Biodiversitäts-Exploratorium Hainich-Dün entnommen. Nach der Gefriertrocknung und experimentellen Lagerung der Bodenproben wurden die Gesamt-DNA und -RNA extrahiert und mittels Amplikon-454-Pyrosequenzierung von ribosomalen RNA-Markergenen analysiert und mit den Ergebnissen der Kontrollproben verglichen, die durchweg gefroren waren.

Insgesamt waren die Gemeinschaften der Bakterien und der arbuskulären Mykorrhizapilze in den gefriergetrockneten und gelagerten Bodenproben auf der rDNA- und rRNA-Ebene ausreichend gut er-

Mikroorganismen & Pilze

halten. Nach sieben Tagen ungekühlter Lagerung der gefriergetrockneten Proben zeigten sich nur leichte Effekte auf die ermittelte Artenvielfalt der Bakteriengemeinschaften.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Gefriertrocknung von Bodenproben einen kurzfristigen Transport derer ohne Kühlung bei gleichbleibender Qualität für molekulare Studien ermöglicht und damit eine wichtige methodische Basis für die Studie von bodenmikrobiellen Gemeinschaften in internationalen Projekten darstellt.



Autor*innen

Weißbecker C., Buscot F., Wubet T.

Erschienen als

Preservation of nucleic acids by freeze-drying for next generation sequencing analyses of soil microbial communities.

Journal of Plant Ecology 10: 81–90 (2017)

doi: 10.1093/jpe/rtw042

Foto

Weißbecker C.

Untersuchung der aktiven Pilze in einjährigem Buchenstreu

Die ökologische Bedeutung von Pilzen, die asymptomatisch in lebenden Pflanzenblättern vorkommen, ist kaum verstanden. Angesichts des breiten Potenzials vieler dieser blattbewohnenden Pilze, sich auch von abgestorbenem Pflanzenmaterial zu ernähren, haben wir die Hypothese aufgestellt, dass sie nach dem Abfallen der Blätter über einen längeren Zeitraum in der zersetzenden Streuschicht verbleiben.

Die Pilzgemeinschaften wurden mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung im Herbstlaub der Buche (*Fagus sylvatica*) und in der entsprechenden Blattstreu in 388 Proben von 22 Buchenwaldparzellen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien untersucht. Dabei wurden alle vorhandenen Pilze anhand eines Teils ihrer DNA-Sequenz mit einer Datenbank verglichen und auf diese Weise als die jeweiligen Arten identifiziert, ohne sie aufwendig auf Basis ihrer Fruchtkörper bestimmen zu müssen.

Ein erheblicher Anteil der symptomlosen, blattbewohnenden Pilze wurde auch in einjähriger Streu gefunden. Netzwerke, die das gemeinsame Vorkommen einzelner Arten untersuchen, zeigten, dass die Pilze innerhalb der lebenden Blätter eher unstrukturierte Ansammlungen als gut strukturierte Gemeinschaften bildeten. Dabei stellten jene Pilze, die zuvor asymptomatisch in den lebenden Blättern waren, einen integralen Bestandteil der Pilzgemeinschaft in der Streuschicht dar und waren bei Weitem die aktivsten Pilze in einjähriger Streu.

Daher betrachten wir dieses Stadium in den lebenden Blättern als vorübergehende Phase, die damit eher als Reservoir für die schnelle Besiedlung der Streu als eine eigenständige ökologische Phase darstellt. Die Zusammensetzung der oberirdischen mikrobiellen Ge-

Mikroorganismen & Pilze

meinschaft der Blätter scheint daher eng mit dem Zersetzungsprozess der Streu verbunden zu sein. Die Berücksichtigung des jeweils verbundenen Pilzhabitats erleichtert die Vorhersage von Nährstoff- und Kohlenstoffkreisläufen ebenso wie die des Speicherns dieser Nähr- und Kohlenstoffe in Waldökosystemen sowie die Aufklärung der Ökologie von blattbewohnenden Mikroben.



Autor*innen

Guerreiro M. A., Brachmann A., **Begerow D.**, Peršoh D.

Erschienen als

Transient leaf endophytes are the most active fungi in 1-year-old beech leaf litter. *Fungal Diversity* 89: 237–251 (2018)

doi: 10.1007/s13225-017-0390-4

Foto

Begerow D.

Pilzinfektionsraten und Alkaloidkonzentrationen beim Deutschen Weidelgras (*Lolium perenne*) entlang eines Landnutzungsgradienten

Das Deutsche Weidelgras (*Lolium perenne*) hat häufig einen endophytischen Pilz namens *Epichloë festucae* var. *lolii*, den man von außen nicht sieht. Der Pilz hilft dem Gras, sich mit giftigen Alkaloiden gegen Pflanzenfresser zu schützen. Einige der Alkaloide sind auch für Weidetiere giftig.

In dieser Feldstudie untersuchten wir, ob sich die Pilz-Gras-Symbiose entlang eines Landnutzungsgradienten auf 87 bewirtschafteten Grünlandflächen in den drei deutschen Biodiversitäts-Exploratorien verändert.

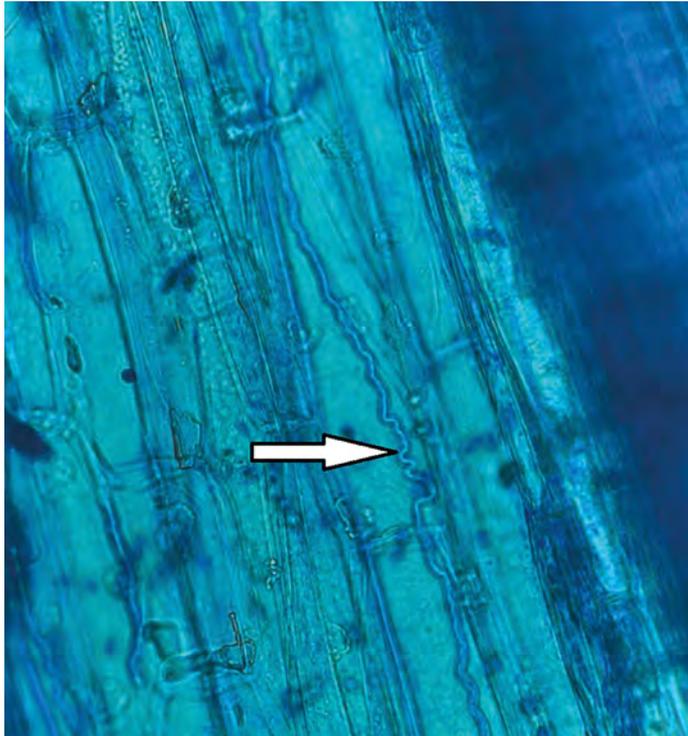
Pilzinfektionen wurden bei 66 % der untersuchten Standorte festgestellt und die Infektionsraten innerhalb der einzelnen Standorte mit Infektionen lagen zwischen 1 und 95 %. Das weidetiergiftige Alkaloid Lolitrem B überschreitet die Toxizitätsschwellenwerte bei 50 (14 %) von 351 getesteten und infizierten Pflanzen. Das Insekten abschreckende Alkaloid Peramin überschreitet bei 12 (3 %) von 351 Pflanzen diese Schwelle. Infektionsraten und Alkaloidkonzentrationen wurden durch die Landnutzung und die Region nicht beeinflusst, aber die Alkaloidkonzentrationen waren im Sommer höher als im Frühjahr.

Wir kommen zu dem Schluss, dass die Risiken für eine Vergiftung von Nutztieren derzeit gering sind, da (i) die durchschnittlichen Alkaloidkonzentrationen pro Grünland immer unter den Toxizitätsschwellenwerten liegen, und (ii) keines der Grünländer vom Deutschen Weidelgras dominiert wird.

Wir schlagen vor, Grasmonokulturen in Europa zu vermeiden, um das Vergiftungsrisiko für Nutztiere gering zu halten. Wir empfehlen auch die regelmäßige Untersuchung von Saat-

Mikroorganismen & Pilze

gut und Grünland, da Saatgutproduzenten infiziertes Saatgut versehentlich verteilen könnten. Außerdem besteht die Gefahr, dass die Klimaerwärmung die Verbreitung des endophytischen Pilzes in europäischen Grünländern weiter fördern könnte.



Autor*innen

König J., Fuchs B., Krischke M., Mueller M. J., **Krauss J.**

Erschienen als

Hide and seek – Infection rates and alkaloid concentrations of *Epichloë festucae* var. *lolii* in *Lolium perenne* along a land-use gradient in Germany.

Grass and Forage Science 73: 510–516 (2017)

doi: 10.1111/gfs.12330

Foto

Krauss J.

Endophytischer Pilz *Epichloë festucae* var. *lolii* angefärbt in einem Blattschnitt.

Das ist der lange unverzweigte etwas mäandrierende Strang zwischen den Pflanzenzellen.

Einfluss von *Epichloë*-Pilzen auf Blattpilzgemeinschaften des Deutschen Weidelgrases (*Lolium perenne*) in Abhängigkeit von Jahreszeit und Landnutzung

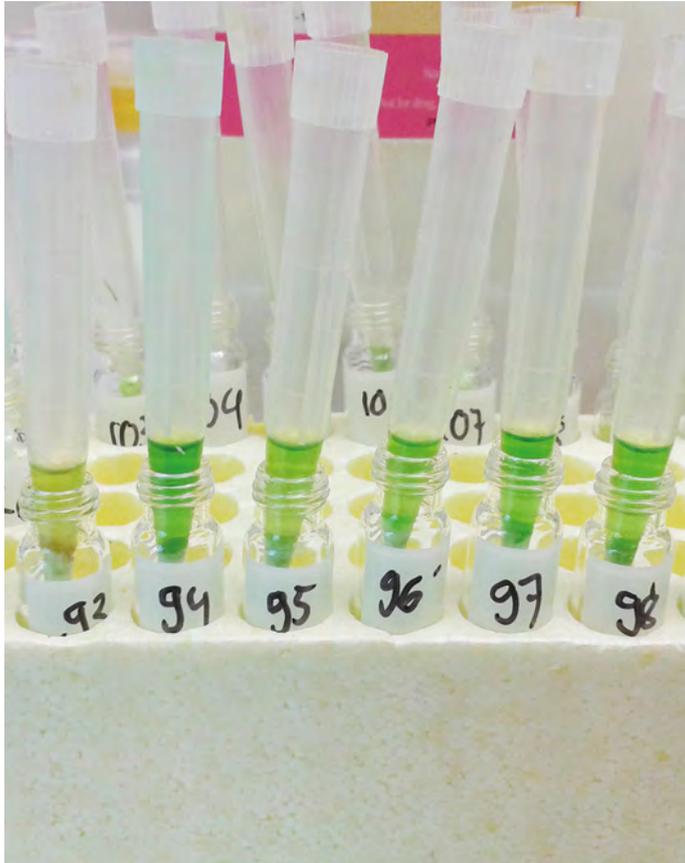
Endophytische Pilze der Gattung *Epichloë* sind mit vielen Grasarten unserer Breiten in Symbiose. Die Pilze können ihre Wirte vor Fraßfeinden schützen und auch eine Besiedlung durch Mykorrhizapilze unterdrücken. Es ist jedoch wenig darüber bekannt, ob eine Infektion mit diesen Pilzen auch die Pilzflora auf der Blattoberfläche beeinflussen kann.

Wir testeten 52 Grünlandstandorte entlang eines Landnutzungsgradienten in den drei Studienregionen der Exploratorien über zwei Jahreszeiten (Frühling versus Sommer). Wir untersuchten, ob die Infektion des Deutschen Weidelgrases (*Lolium perenne*) mit einem *Epichloë*-Pilz die Pilzgemeinschaft in den Blättern verändert. Die Pilzgemeinschaften der Blätter wurden mit modernen molekularbiologischen Methoden anhand ihrer DNA-Sequenz identifiziert.

Insgesamt wurden 247 Pilzarten auf und in den Blättern von 128 Grashalmen nachgewiesen. Die Pilzgemeinschaften wurden in unserer Studie von der Untersuchungsregion und der Jahreszeit beeinflusst. In der Schorfheide-Chorin und im Hainich-Dün wurden höhere Artenzahlen gefunden als in der Region Schwäbische Alb. Auch konnten im Sommer mehr Arten nachgewiesen werden als im Frühjahr. Die Landnutzung und die Infektion mit einem *Epichloë*-Pilz hatten keinen signifikanten Einfluss auf die Pilzarten.

Wir nehmen an, dass die in anderen Studien berichteten Auswirkungen von Landnutzung und *Epichloë*-Pilzen auf die Pilzflora bei uns nicht sichtbar sind, da die lokale und saisonale Variabilität auf den Studienflächen diese Effekte überdecken.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

König J., Guerreiro M. A., Peršoh D., Begerow D., **Krauss J.**

Erschienen als

Knowing your neighbourhood – the effects of *Epichloë* endophytes on foliar fungal assemblages in perennial ryegrass in dependence of season and land-use intensity.

PeerJ6: e4660 (2018)

doi: 10.7717/peerj.4660

Foto

König J.

**Erhöhte Stickstoff-
einträge beeinflussen
weder die Diversität
noch die Funktion
Totholz bewohnender
Pilzgemeinschaften,
aber Anpassung und
funktionelle Redundanz
in der Gemeinschaft
garantieren den Erhalt
essenzieller Öko-
systemfunktionen**

Ein erhöhter Stickstoffeintrag kann die biologische Vielfalt in einem Ökosystem stark beeinträchtigen. Die spezifischen Auswirkungen von erhöhten Stickstoffeinträgen auf die Gemeinschaft Boden- und Totholz bewohnender Mikroorganismen und deren Rolle für Ökosystemfunktionen sind jedoch noch weitgehend unklar. Besonders Totholz ist ein Habitat mit sehr stark begrenzten Stickstoffressourcen.

Wir untersuchten daher die Auswirkungen, die Stickstoffeinträge auf Holz bewohnende Pilze und die von ihnen geleisteten ökologischen Funktionen im Totholz haben. Basierend auf Hochdurchsatz-Sequenzierung, enzymatischer Aktivitätsbestimmung und Messungen der Holzabbauraten zeigten wir, dass die experimentelle Zugabe von Stickstoff keinen signifikanten Einfluss auf die Gesamtzusammensetzung der Holz bewohnenden Pilzgemeinschaft oder auf ihre Hauptökosystemfunktion, den Holzabbau, hat.

Allerdings entdeckten wir, dass einige Pilzarten von der Stickstoffzugabe profitierten, während andere negativ beeinflusst wurden. Das Spektrum der dominierenden beziehungsweise seltenen Arten verschiebt sich. Diese Reaktion der Gemeinschaft Holz bewohnender Pilze unterscheidet sich deutlich von der Reaktion, die die Pilzgemeinschaft aus Boden- und Blattstreu zeigt. Dies kann daran liegen, dass, verglichen mit Totholz, in der Boden- und Blattstreu deutlich mehr Stickstoff für Mikroorganismen verfügbar ist.

Unsere Ergebnisse aus dem Totholz deuten darauf hin, dass eine sogenannte „funktionelle Redundanz“ innerhalb der Gemeinschaft Holz bewohnender Pilze vorliegt. Eine Stickstoffzufuhr in diesem extrem stickstoffarmen Milieu führt dazu, dass andere Pilzarten die Funktion des Holzabbaus übernehmen.

Mikroorganismen & Pilze

Holzabbau ist von essenzieller Bedeutung für den Stoffkreislauf in Waldökosystemen. Der langwierige Prozess verlangt eine besondere Enzymausrüstung, die vorwiegend spezialisierte Pilze besitzen. Es ist daher sehr positiv, dass diese Schlüsselfunktion und Ökosystemdienstleistung auch bei veränderten Umweltbedingungen durch die „funktionelle Redundanz“ aufrechterhalten wird.



Autor*innen

Purahong W., Wubet T., Kahl T., Arnstadt T., Hoppe B., Lentendu G., Baber K., Rose T., Kellner H., Hofrichter M., Bauhus J., Krüger D., **Buscot F.**

Erschienen als

Increasing N deposition impacts neither diversity nor functions of deadwood-inhabiting fungal communities, but adaptation and functional redundancy ensure ecosystem function.

Environmental Microbiology 20: 1.693–1.710 (2018)

doi: 10.1111/1462-2920.14081.

Foto

Purahong W.

Molekulare Untersuchungsmethoden zeigen, dass Totholz bewohnende Pilze in Wäldern gemäßigter Breiten überraschend stark auf bestimmte Baumarten spezialisiert sind

Holz bewohnende Pilze spielen eine wesentliche Rolle bei der Regulierung der Kohlenstoffvorräte und des Nährstoffkreislaufs in Wald-Ökosystemen. Sie gehören zu den wenigen Organismen, die dank einer speziellen Enzymausrüstung dazu fähig sind, Cellulose- und Lignin-Fasern, die Hauptkomponenten von Holz, abzubauen. Das Wissen über Holz bewohnende Pilze ist jedoch nur bruchstückhaft.

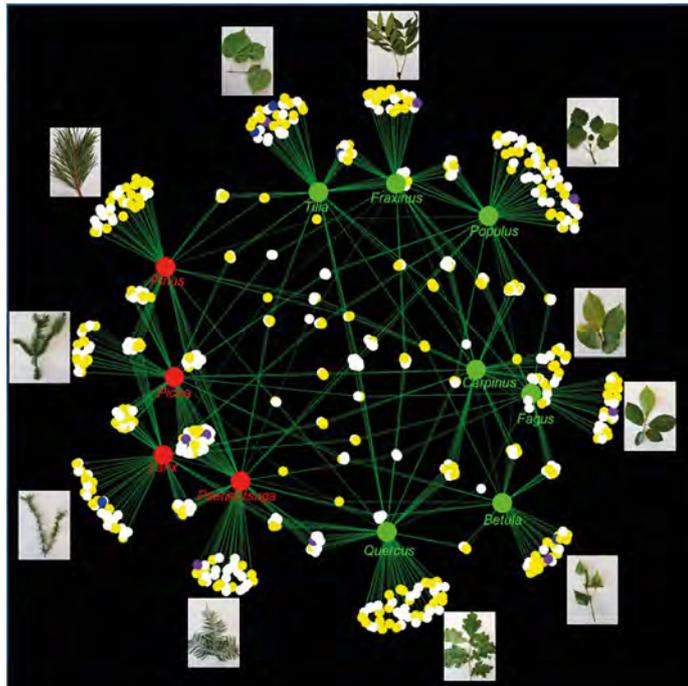
Wir haben daher ein groß angelegtes Totholzexperiment mit 11 Baumarten etabliert, um die Diversität und Baumartenpräferenzen Holz bewohnender Pilze mithilfe der sogenannten *Next-Generation-Sequencing*-(NGS-)Methode zu untersuchen. Bei diesem molekularen Verfahren wird die Erbsubstanz der Totholzbewohner extrahiert und analysiert, um ihre Vielfalt und Identität zu bestimmen. Mit dieser Methode erfasst man die gesamte Pilzgemeinschaft des Totholzes und nicht, wie bei anderen Methoden, nur die wenigen Arten, die zum Zeitpunkt der Probenahme gerade Fruchtkörper produzieren, was oft nur im Abstand mehrerer Jahre erfolgt.

Unsere Ergebnisse widersprechen dem vorhandenen Wissen auf der Grundlage von solchen Fruchtkörpererfassungen und stellen die gegenwärtigen Ansichten über die Verbreitung und Vielfalt von Holz bewohnenden Pilzen in Wäldern der gemäßigten Breiten infrage. Einerseits zeigen wir, dass die Vielfalt von Holz bewohnenden Pilzen und ihre Variation auf Habitat- und regionalen Ebenen je nach Baumtyp variiert. Insbesondere weisen Nadelholzarten, verglichen mit der Mehrheit der analysierten Laubbaumarten, eine höhere Vielfalt und regionale Variabilität auf. Allerdings zeigten Stämme von 2 Laubbaumarten die höchste Variabilität in der Zusammensetzung ihrer Totholz bewohnenden Pilzgemeinschaften. Überraschenderweise fanden wir, dass die Pilzgemeinschaften im Totholz nicht zufällig auftreten, sondern insbesondere bei Laub-

Mikroorganismen & Pilze

bäumen eine starke Präferenz für bestimmte Baumarten aufweisen.

Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Pilzgemeinschaft, die am Holzabbau aktiv beteiligt ist, viel spezifischer für Baumarten ist als bisher angenommen.



Autor*innen

Purahong W., Wubet T., Krüger D., **Buscot F.**

Erschienen als

Molecular evidence strongly supports dead-wood-inhabiting fungi exhibiting unexpected tree species preferences in temperate forests. The ISME Journal 12: 289–295 (2018)

doi: 10.1038/ismej.2017.177.

Foto

Purahong W.

Diese Netzwerkanalyse zeigt, dass viele Pilze (weiße und gelbe Punkte) ausschließlich im Totholz spezifischer Nadel- und Laubbaumarten (rote respektive grüne Punkte) vorkommen

Bestimmende Faktoren für die Gemeinschaftszusammensetzung Totholz bewohnender Pilze in Wäldern der gemäßigten Breiten: Erbgutuntersuchungen aus einem groß angelegten Totholzzersetzungs-experiment

Trotz der wichtigen Rolle, die Holz bewohnende Pilze bei der Zersetzung von Totholz spielen, ist unser Wissen über die Faktoren, die die Dynamik ihres Artenreichtums und der Zusammensetzung ihrer Gemeinschaften beeinflussen, gering. Dies liegt daran, dass die klassische Methode, mit der Holz bewohnende Pilze charakterisiert werden und die auf der Aufzählung der Pilzfruchtkörper basiert, nur eingeschränkt erfasst wird. Denn solche Fruchtkörper bilden sich erst viele Jahre nach der Besiedlung und in sehr unregelmäßigen Zeitabständen. Außerdem fehlt es neben Langzeitbeobachtungen auch an gut wiederholten Langzeitexperimenten mit einer ausreichenden Anzahl von Baumarten.

Hier verwendeten wir ein groß angelegtes Experiment mit Stämmen von 11 Baumarten in einem frühen Stadium der Zersetzung, verteilt über drei Regionen Deutschlands, um die Faktoren zu identifizieren, die die Artenvielfalt und die Zusammensetzung der Gemeinschaften von Holz bewohnenden Pilzen beeinflussen. Zur Bestimmung der Pilze wurde anstelle von Fruchtkörpererfassungen ihr Erbgut aus dem befallenen Holzsubstrat extrahiert und mithilfe der *Next-Generation-Sequencing*-Methode analysiert.

Wir fanden heraus, dass die Identität der Baumarten der einflussreichste Faktor war, der die Gesamtzusammensetzung der Gemeinschaft von Totholz bewohnenden Pilzen bestimmt. Die nächste wichtige Gruppe von bestimmenden Faktoren waren die holzphysikalisch-chemischen Eigenschaften, von denen der pH-Wert des Holzes der einzige Faktor war, der einen konstanten Einfluss auf die Gemeinschaft hatte. Der Stickstoffgehalt des Holzes, der Standort, die Identität der Baumarten und die Holzdichte erklären etwa 20 % der Gesamtvarianz des Artenreichtums.

Mikroorganismen & Pilze

Es ist bemerkenswert, dass bei einem inerten Substrat wie Totholz die Gemeinschaftszusammensetzung und der Artenreichtum der Pilze so stark von der Baumartengruppe (Laub- versus Nadelholz) abhängt und dass die 2 Hauptpilzgruppen der Blätter- und Schlauchpilze (*Basidiomycota* und *Ascomycota*) so unterschiedliche Spezialisierungsmuster aufweisen. Offensichtlich ist für Holz abbauende Pilze Totholz nicht gleich Totholz. Ähnlich wie Pilzparasiten an lebenden Pflanzen sind sie wider Erwarten sehr wählerisch und bevorzugen ganz bestimmte Arten.



Autor*innen

Purahong W., Wubet T., Lentendu G., Hoppe B., Jariyavidyanont K., Arnstadt T., Baber K., Otto P., Kellner H., Hofrichter M., Bauhus J., Weisser W. W., Krüger D., Schulze E.-D., Kahl T., **Buscot F.**

Erschienen als

Determinants of deadwood-inhabiting fungal communities in temperate forest: molecular evidence from a large-scale deadwood decomposition experiment.

Frontiers in Microbiology 9: 2.120 (2018)

doi: 10.3389/fmicb.2018.02120

Foto

Purahong W.

Die mikrobielle Gemeinschaft des Wurzelraums wird stärker durch die Landnutzungsintensität beeinflusst als durch die funktionellen Merkmale der Pflanze

Pflanzenwurzeln und Bodenmikroorganismen interagieren hauptsächlich in der wurzelnahen Rhizosphäre miteinander. Änderungen der mikrobiellen Gemeinschaften in der Rhizosphäre werden von mehreren Faktoren beeinflusst. Bisher ist es jedoch weitgehend unbekannt, wie sich die wurzellosoziierten Mikroben in vom Menschen geprägtem Grünland zusammensetzen.

Wir vermuteten, dass unterschiedliche Grünlandpflanzen und ihre Wurzelmerkmale die bakterielle und pilzliche Artengemeinschaft im wurzelfreien Boden und der Rhizosphäre beeinflussen. Des Weiteren nahmen wir an, dass die Landnutzungsintensität und andere chemisch-physikalische Bodenfaktoren entscheidend für die mikrobielle Gemeinschaftszusammensetzung sind. In unserer Studie wurde ein Phytometer-Versuch unternommen. Als Phytometer werden Pflanzen bezeichnet, die genetisch homogen und gleichaltrig sind, also z.B. aus den Samen einer gleichen Mutterpflanze stammen, und die als Messinstrumente für Umweltbedingungen gelten können. Phytometer unterschiedlicher Pflanzenarten wurden in die Grünlandbestände der Biodiversitäts-Exploratorien unterschiedlicher Nutzungsintensität ausgebracht. Boden der Rhizosphäre und des wurzelfreien Bereichs um die Pflanzen wurde beprobt. Die bakterielle und pilzliche Vielfalt in den beiden Bodenkompartmenten wurde mithilfe von modernen molekularbiologischen Methoden bestimmt.

Wenngleich weniger deutlich als erwartet, zeigten sich Unterschiede zwischen beiden Bodenkompartmenten in Bezug auf die mikrobielle Vielfalt und Gemeinschaftszusammensetzung. Obwohl angenommen wird, dass die Mikroben der Rhizosphären eine Teilmenge derer des wurzelfreien Bodens darstellen, zeigte unsere Studie interessanterweise eine größere mikrobielle Artenvielfalt in der Rhizo-

Mikroorganismen & Pilze

sphäre im Vergleich zum wurzelfreien Boden. Die Pflanzenarten hatten allerdings nur einen geringen Effekt auf die Mikroorganismen, sodass sich die mikrobiellen Gemeinschaften aller untersuchten Pflanzenarten ähnelten. Trotzdem erklärten die Wurzelmerkmale einen bedeutenden Teil der mikrobiellen Variation. Außerdem wurden die Bakterien und Pilze in der Rhizosphäre und im wurzelfreien Boden stark durch unterschiedliche abiotische Faktoren bestimmt, wobei die Landnutzungsintensität den größten Einfluss hatte.

Unsere Studie zeigt neue wesentliche Erkenntnisse über die Zusammensetzung der mikrobiellen Rhizosphärengemeinschaft und deren Reaktion auf die Landnutzungsintensität sowie auf unterschiedliche Pflanzen unter Feldbedingungen.



Autor*innen

Schöps R., Goldmann K., Herz K., Lentendu G., Schöning I., Bruelheide H., Wubet T., Buscot F.

Erschienen als

Land-use intensity rather than plant functional identity shapes bacterial and fungal rhizosphere communities.

Frontiers in Microbiology 9:2711 (2018)

doi: 10.3389/fmicb.2018.02711

Foto

Schöps R.

Ausgegrabene Phytometer-Pflanzen, die zuvor in den Grünlandflächen wuchsen

Biomasse von Ektomykorrhiza- und saprotrophen Pilzen werden von unterschiedlichen Faktoren bestimmt und variieren zwischen Laub- und Nadelwäldern

Ektomykorrhizapilze (ECM) und saprotrophe Pilze (SAP) gehören verschiedenen Gilden an und spielen im Kohlenstoff-Kreislauf des Waldökosystems unterschiedliche Rollen. SAP-Pilze gewinnen im Zuge des Abbaus von organischem Material Kohlenstoff, was zu einer Freisetzung von Kohlendioxid führt, während ECM-Pilze Kohlenstoff direkt von den Pflanzen erhalten, mit denen sie in Symbiose leben. Unklar war bislang, welche Faktoren die Höhe der Biomasse von Ektomykorrhiza- beziehungsweise saprotrophen Pilzen beeinflussen und in welcher Weise sich unterschiedliche Waldtypen darin unterscheiden.

Wir konnten zeigen, dass die Biomasse der saprotrophen Pilze in Beständen, die von Nadelbaumarten dominiert waren, wesentlich höher war als in Laubbaumbeständen. Bei den Ektomykorrhizapilzen waren keine statistisch signifikanten Unterschiede hinsichtlich der Biomasse zwischen den Waldtypen auszumachen, tendenziell fand sich die geringste Biomasse aber unter Buchen und die höchste in Mischbeständen aus Buche und anderen Laubbaumarten. Bodenbezogene Größen, wie das Kohlenstoff-Stickstoff-Verhältnis im Mineralboden, beeinflussten die Biomassen beider Gruppen. Die Biomasse saprotropher Pilze wurde darüber hinaus von Faktoren beeinflusst, die mit der Waldstruktur und der Vegetation zusammenhängen, während die ECM-Biomasse hauptsächlich von Einflussgrößen bestimmt wurde, die mit Bodeneigenschaften verbunden sind, wie der Bodentemperatur, -feuchtigkeit und dem pH-Wert.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass sich die Biomasse der beiden untersuchten Gruppen der Bodenpilze nur als Funktion verschiedener Faktoren erklären lässt. Zudem wird deutlich, dass die Waldbewirtschaftung, über die Kontrolle des Kohlenstoffpools im Boden, eine

wichtige Rolle in der Regulation der Biomasse von Bodenpilzen spielt.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Awad A., Majcherczyk A., Schall P., Schröter K., Schöning I., Schrupf M., Ehbrecht M., Boch S., Kahl T., Bauhus J., Seidel D., **Ammer C.**, Fischer M., Kües U., **Pena R.**

Erschienen als

Ectomycorrhizal and saprotrophic soil fungal biomass are driven by different factors and vary among broadleaf and coniferous temperate forests.

Soil Biology and Biochemistry 131: 9–18 (2019)

doi: 10.1016/j.soilbio.2018.12.014

Foto

Pena R.

Der Entzug von Ressourcen, die aus Wurzeln stammen, beeinträchtigt die Biomasse, nicht aber die Zusammensetzung von Mikroorganismen in Streu und Boden

Die im Herbst fallende Laubstreu wird als wichtigste Ressource für Bodenorganismen von Waldökosystemen angesehen. Es gibt jedoch immer mehr Hinweise, dass auch Ressourcen, die über Wurzeln von den Bäumen in den Boden gelangen, eine wichtige Rolle spielen. Dazu zählen nicht nur die Wurzeln selbst, sondern auch Stoffe, die von den Wurzeln ausgeschieden werden (Exsudate).

Wir haben den Einfluss von Ressourcen aus Wurzeln experimentell über das Durchtrennen von Wurzeln reduziert und die anschließende Reaktion der Mikroorganismen untersucht.

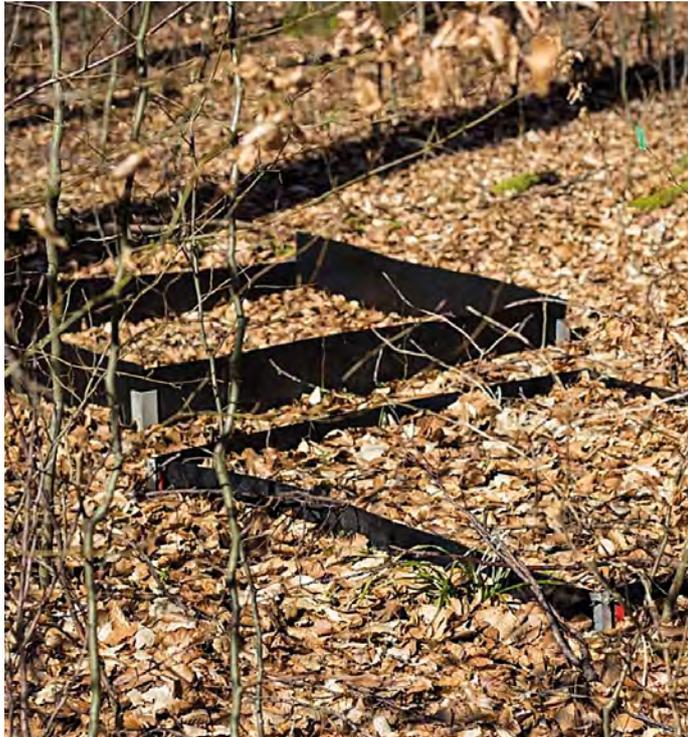
Das Durchtrennen der Wurzeln verringerte die Biomasse der Mikroorganismen nach ein und drei Jahren um etwa 20 %. Die Zusammensetzung der Mikroorganismen war dabei allerdings wenig beeinträchtigt und unterschied sich in Laub- und Nadelwäldern kaum. Der Rückgang der mikrobiellen Biomasse war in Wäldern auf Kalksteinböden (Hainich-Dün) stärker ausgeprägt als auf Sandböden (Schorfheide-Chorin). Das Durchtrennen der Wurzeln reduzierte dabei auch die mikrobielle Biomasse in der Streuschicht.

Die ausgeprägten Unterschiede zwischen den Wäldern deuten darauf hin, dass wurzelbürtige Ressourcen für Bodenmikroorganismen in Wäldern mit geringen Humusaufgaben und hohem pH-Wert wichtiger sind als in Wäldern auf Böden mit mächtigen Humusschichten und geringem pH-Wert. Die Reduzierung der mikrobiellen Biomasse in der Streuschicht legt nahe, dass die Mikroorganismen dort nicht nur auf Ressourcen aus der Zersetzung von Streu, sondern auch auf wurzelbürtige Ressourcen angewiesen sind.

Insgesamt deuten unsere Ergebnisse darauf hin, dass sowohl Bakterien als auch Pilze von wurzelbürtigen Ressourcen abhängen, wobei

Mikroorganismen & Pilze

beide in ähnlichem Maße leiden, wenn diese reduziert werden. Darüber hinaus deuten die Ergebnisse darauf hin, dass die Zusammensetzung der Mikroorganismen bemerkenswert resistent gegenüber Veränderungen in der Ressourcenversorgung ist und sich unabhängig von der Zusammensetzung der Baumarten und forstlicher Bewirtschaftung an neue Bedingungen anpasst.



Autor*innen

Bluhm S. L., Eitzinger B., Ferlian O., Bluhm C., Schröter K., Pena R., Maraun M., Scheu S.

Erschienen als

Deprivation of root-derived resources affects microbial biomass but not community structure in litter and soil.

PloS one 14: e0214233 (2019)

doi: 10.1371/journal.pone.0214233

Foto

Bluhm C.

Protura sind einzigartig: erster Nachweis einer spezialisierten Ernährung von Ektomykorrhiza- Pilzen bei wirbellosen Bodentieren

Ektomykorrhizen (ECM) spielen eine zentrale Rolle im Nährstoffkreislauf von borealen und gemäßigten Wäldern, ihre Rolle im Nahrungsnetz des Bodens ist jedoch wenig bekannt. Eine Tiergruppe, von der angenommen wird, dass sie besonders an Mykorrhiza-Pilzen frisst, sind Beintaster (Protura), eine Gruppe sehr ursprünglicher Insekten. Experimentelle Befunde hierzu fehlten jedoch bisher.

Unter Verwendung moderner Methoden haben wir untersucht, ob Proturen tatsächlich spezialisierte Fresser von ECM-Pilzen sind. Durch Verabreichung von stabilen Isotopen von Kohlenstoff (^{13}C) und Stickstoff (^{15}N) auf die Blätter junger Buchen- und Eschensämlinge haben wir den Stofffluss von Kohlenstoff und Stickstoff bis in die Wurzeln und den Boden verfolgt und konnten zeigen, dass die Proturenart *Acerentomon gallicum* Kohlenstoff aus der Wurzel als Nahrung aufnimmt, jedoch keinen Stickstoff.

Mit der natürlichen Zusammensetzung der stabilen Isotope ^{13}C und ^{15}N konnten wir die Position von Tieren im Nahrungsnetz ermitteln. Die Position von Proturen aus Wäldern der gemäßigten Breiten unterschied sich stark von der Mehrheit anderer Bodentiere, war aber den Werten von Fruchtkörpern von ECM-Pilzen sehr ähnlich. Die Analyse von Fettsäuremustern von Proturen aus einem Buchenwald wies jedoch darauf hin, dass Proturen keine Fette aus der Membran von Pilzen aufnehmen.

Insgesamt weisen die Ergebnisse daraufhin, dass Proturen sich überwiegend von Hyphen von Mykorrhiza-Pilzen ernähren, indem sie den Zellsaft (Zytoplasma) der Hyphen aussaugen. Die spezialisierte Nutzung von Hyphen von ECM-Pilzen durch Proturen weist auf die Sonderstellung dieser Bodenarthropoden im Nahrungsnetz des Bodens und ihre besondere Evolutionsgeschichte hin.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Bluhm S. L., Potapov A. M., Shrubovych J., Ammerschubert S., Polle A., Scheu S.

Erschienen als

Protura are unique: First evidence of specialized feeding on ectomycorrhizal fungi in soil invertebrates.

BMC ecology 19: 10 (2019)

doi: 10.1186/s12898-019-0227-y68

Foto

Bluhm S.

Proturen der Art *Acerentomon gallicum* unter dem Stereomikroskop

Änderungen der funktionellen Pflanzeigenschaften erklären Veränderungen in den Strukturen und Funktionen der Mikroorganismengemeinschaften in Grünlandböden

Änderungen der Landnutzung verursachen Veränderungen in den mikrobiellen Gemeinschaften der Böden und den Funktionen, die diese regulieren. Die Mechanismen, die diesen Veränderungen zugrunde liegen, sind bisher allerdings kaum geklärt. Die Landnutzung kann sich sowohl direkt (z. B. über Änderungen der Bodenfruchtbarkeit) als auch indirekt (z. B. über Änderungen der Pflanzeneinträge) auf die Gemeinschaften der Bodenmikroorganismen auswirken. Gleichzeitig ist die Geschwindigkeit, mit der Bodenmikroorganismen auf Umweltveränderungen reagieren, kaum erforscht. Sind also Veränderungen in den bodenmikrobiellen Eigenschaften stärker von Auswirkungen länger zurückliegender Ereignisse oder von kurzfristigen Veränderungen der Bewirtschaftung bestimmt?

Um die beschriebenen Wissenslücken zu schließen, haben wir auf Grünlandflächen in den drei Regionen der Biodiversitäts-Exploratorien eine Reihe von mikrobiellen Funktionen, die bakterielle und pilzliche Biomasse, den pH-Wert, die Temperatur und den Wassergehalt des Bodens zu zwei Zeitpunkten im Abstand von drei Jahren untersucht.

Wir konnten zeigen, dass die beobachteten Veränderungen der mikrobiellen Bodeneigenschaften sowohl mit länger zurückliegenden Gegebenheiten auf den Grünlandflächen als auch mit kurzfristigen Veränderungen des Boden-pH-Wertes, der Landnutzungsintensität, den funktionellen Pflanzeigenschaften und der Pflanzenbiomasse sowie mit ihren Nährstoffgehalten zusammenhängen. Funktionelle Pflanzeigenschaften, im Speziellen der Phosphorgehalt der Blätter, und der pH-Wert des Bodens stellten sich als die Umwelteigenschaften heraus, die Veränderungen in den bodenmikrobiellen Funktionen sowie der pilzlichen und bakteriellen Biomasse am besten erklärten, während die Landnutzungsintensität

Unterschiede im Holzabbau zwischen Splint- und Kernholz bei 13 europäischen Baumarten

Totholz ist eine wichtige strukturelle Komponente in Waldökosystemen und spielt eine bedeutende Rolle im globalen Kohlenstoff- und Nährstoffkreislauf. Wir haben uns die Pilzgesellschaften und deren Aktivität im Splint- und Kernholz im Totholz von 13 verschiedenen Baumarten angesehen, die im Hainich-Dün vor ca. sechs Jahren ausgelegt wurden.

Die molekularbiologisch analysierte Pilzgesellschaft unterschied sich stark zwischen den einzelnen Baumarten, aber nicht zwischen Splint- und Kernholz innerhalb einer Baumart. Jedoch waren pilzliche Biomasse und extrazelluläre Abbauenzyme („Verdauungswerkzeuge“ der Pilze) im Splintholz um ein Vielfaches höher als im Kernholz. Ein Schlüsselenzym der Pilze, vor allem der Ständerpilze (*Basidiomycota*), ist die Mangan-Peroxidase. Diese ist dazu in der Lage, das sehr widerstandsfähige Lignin, ein elementarer Holzbestandteil, abzubauen. Vor allem Weißfäulepilze besitzen dieses Enzym, die das Holz durch den Abbau von Lignin und das Belassen von Cellulose im abgebauten Holz weiß erscheinen lassen. In diesem Experiment identifizierten wir vornehmlich Weißfäulepilze. Eine sehr häufige Pilzart diesbezüglich ist der Angebrannte Rauchporling (*Bjerkandera adusta*), dessen Vorkommen mit der Aktivität der Mangan-Peroxidase positiv korrelierte.

Neben bekannten Ständerpilzen, wie beispielsweise dem Graublättrigen Schwefelkopf (*Hypholoma capnoides*), der Schmetterlings-Tramete (*Trametes versicolor*), dem Rotrandigen Baumschwamm (*Fomitopsis pinicola*) und dem Zunderschwamm (*Fomes fomentarius*) wurden auch viele Schlauchpilze (*Ascomycota*) im Holz nachgewiesen. Als Beispiele seien der Fleischrote Gallertbecher (*Ascocoryne sarcoides*) und die Ziegelrote Kohlenkruste (*Hypoxylon rubiginosum*) genannt.

Mikroorganismen & Pilze

Diese Arbeit zur Vergesellschaftung und Aktivität der Organismen wird an allen Stämmen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien fortgesetzt und nicht nur auf Pilze bezogen, sondern auch auf Prokaryoten (Bakterien und Archaeen) und Tiere (vor allem Fadenwürmer und Insekten).



Autor*innen

Leonhardt S., Hoppe B., Stengel E., Noll L., Moll J., Bässler C., Dahl A., Buscot F., Hofrichter M., **Kellner H.**

Erschienen als

Molecular fungal community and its decomposition activity in sapwood and heartwood of 13 temperate European tree species.

PlosOne 14: 1–21 (2019)

doi: 10.1371/journal.pone.0212120

Foto

Kellner H.

Holzabbau profitiert vom Heimvorteil durch die bessere Spezialisierung der Pilzgemeinschaft „zu Hause“ im Vergleich zu „auswärts“

Die *Home-Field-Advantage-Hypothese* (HFA-Hypothese) beschreibt den Heimvorteil (ähnlich wie im Sport), dem Ökosystemleistungen unter natürlichen Bedingungen unterliegen. Ein beliebtes Untersuchungsobjekt ist hier beispielsweise die Blattstreu in Waldökosystemen. Dabei interessiert die Frage, ob Streu in eigenen Ökosystemen schneller abgebaut wird als in fremden Ökosystemen. Kurz: Werden Buchenblätter in einem Buchenbestand schneller abgebaut (Heimvorteil) oder geschieht dies möglicherweise schneller in einem Fichten-Altersklassenwald?

Diese HFA-Hypothese wurde bis dato in holzigen Substraten noch nicht überprüft. Daher haben wir hier bestehende Datensätze zu verschiedenen Gruppen von Mikroorganismen aus verrottendem Totholz zweier heimischer Baumarten, Buche (*Fagus sylvatica*) und Fichte (*Picea abies*), neu analysiert und zusammengeführt. Die Datensätze wurden in Waldbeständen gesammelt, in denen beide Arten vorkamen, aber eine von beiden deutlich dominierte. Unser Ziel war es, die HFA-Hypothese über die Holzabbauraten dieser beiden gemäßigten Baumarten zu testen und zu untersuchen, ob die HFA-Hypothese durch die Diversität und die Zusammensetzung der Artengemeinschaft von Bakterien und im Detail durch Stickstoff-(N-)fixierende Bakterien und Pilze erklärt werden kann.

Unsere Ergebnisse zeigten, dass die Zersetzungsraten von Holz „zu Hause“ im Vergleich zu „auswärts“ um $38,19\% \pm 20,04\%$ (Mittelwert \pm Standardfehler) beschleunigt wurden. Wir beobachteten zudem starke Veränderungen im Pilzartenreichtum (Zunahme 36 bis 50%) und in der Zusammensetzung der Gemeinschaft gemäß der HFA-Hypothese. Die Veränderungen bei den Pilzen waren sowohl auf Diversitätsebene als auch auf der Ebene der Artengemeinschaftszusammensetzung viel stärker als bei den Bakterien.

Mikroorganismen & Pilze

Zusammenfassend bestätigen unsere Ergebnisse die HFA-Hypothese im Totholz: Die Zersetzungsrates wird „zu Hause“ durch die Spezialisierung der heimischen Pilzgemeinschaften beschleunigt. Darüber hinaus kann der größere Reichtum an Fruchtkörpern und stickstofffixierenden Bakterien die Zersetzungsrates des Holzes „zu Hause“ im Vergleich zu „auswärts“ stimulieren oder zumindest stabilisieren.



Autor*innen

Purahong W., Kahl T., Krüger D., Buscot F.,
Hoppe B.

Erschienen als

Home-Field Advantage in Wood Decomposition Is Mainly Mediated by Fungal Community Shifts at “Home” Versus “Away”.
Microbial Ecology 78: 725–736 (2019)

doi: 10.1007/s00248-019-01334-6

Foto

Schwarz M.

Next-Generation-Sequenzierung als Methode zum Schutz von Totholz bewohnenden Pilzen

Die Sequenzierung von bestimmten DNA-Regionen von Mikroorganismen mithilfe des *next generation sequencing* (NGS) hat das Wissen über mikrobielle Vielfalt und Zusammensetzung von mikrobiellen Gemeinschaften in komplexen Umweltproben erheblich erweitert. Es ist jedoch (noch) nicht üblich, die NGS-Technologie zum Schutz von Mikroorganismen anzuwenden.

Wir haben versucht, NGS zur Bewertung von Schutzstrategien für Holz bewohnende Pilze einzusetzen. Totholz stellt ein wichtiges Habitat für bedrohte Arten unter den Insekten und Vögeln dar, aber über eine ähnliche Schutzfunktion für Mikroorganismen ist bis jetzt nichts bekannt. Bei einem 3-jährigen Totholzexperiment untersuchten wir, welche Kombinationen von Totholzarten den höchsten Reichtum an Holz bewohnenden Pilzen begünstigen.

Wir fanden heraus, dass die Anwesenheit von Baumstämmen 6 unterschiedlicher Arten genügt, um eine hohe Pilzdiversität von mehr als 1.000 operativen taxonomischen Einheiten (in der englischen Abkürzung OTUs) zu gewähren. OTUs werden durch die NGS-Analysen differenziert und entsprechen in etwa auch unterschiedlichen Arten. Dabei ist die Palette der anwesenden taxonomischen Pilzgruppen sehr breit. Die genaue Zusammensetzung der 6 Baumarten, die als Totholz vorhanden sein müssen, ist für die Bewahrung der mikrobiellen Diversität relativ unbedeutend. Hauptsache ist, dass mindestens 6 verschiedene Arten von Totholzbaumstämmen vorhanden sind. Eine Zählung von Pilzfruchtkörpern an den Baumstämmen erfasste im Vergleich zu der NGS-Analyse insgesamt nur 591 OTUs (Arten).

Dieses Ergebnis verdeutlicht die Notwendigkeit, NGS-Ansätze als Grundlage für mikrobielle Bewahrungsstrategien zu verwenden.

Mikroorganismen & Pilze

Wir stellten zudem fest, dass 5 Baumarten mit der höchsten Diversität an Holz abbauenden Käfer gleichzeitig auch zahlreiche Holz bewohnende Pilze enthielten.

Wir schlagen vor, neben dem Totholzvolumen auch Daten über Totholzqualität und -arten zu erfassen, insbesondere für die Analyse der Holz bewohnenden Pilzdiversität. Diese Daten sollten zudem rasch in die Waldbewertungs- und Überwachungssysteme des Artenschutzes in Mitteleuropa integriert werden.



Autor*innen

Purahong W., Wubet T., Krüger D., **Buscot F.**

Erschienen als

Application of next-generation sequencing technologies to conservation of wood-inhabiting fungi.

Conservation Biology 33: 716–724 (2019)

doi: 10.1111/cobi.13240

Foto

Purahong W.

Zusammensetzung trophischer Strukturen von Pilzen an Baumwurzeln in temperaten Wäldern

Baumwurzeln sind ein wichtiger Lebensraum für symbiotische, saprotrophe, pathotrophe sowie endophytische Pilze. Die unterschiedlichen Pilzgilden werden als Wurzel-assoziiertes Mykobiom (WAM) bezeichnet. WAMs verbinden pflanzen- und bodenökologische Prozesse und unterstützen dadurch die Ökosystemfunktionen.

Wir haben mithilfe von metagenomischen Analysen WAMs charakterisiert, in die entsprechenden Gilden eingeteilt und mittels phylogenetischer und multivariater Analysen untersucht, welche Faktoren für die Zusammensetzung der WAMs in den Biodiversitäts-Exploratorien bedeutsam sind.

Auf biogeografischen, großen Skalen (>1.000 km) waren die WAMs in Wäldern der gemäßigten Breiten (>100 Flächen) taxonomisch sehr unterschiedlich, bestanden jedoch aus einer stabilen trophischen Struktur, die ektomykorrhizale (55%), saprotrophe (7%), endophytische (3%) und pathotrophe Pilze (<1%) umfasste. Die taxonomische Zusammensetzung der WAMs wird durch abiotische Faktoren, die Intensität der Waldbewirtschaftung, die dominante Baumfamilie (*Fagaceae*, *Pinaceae*) auf den Flächen und die Wurzelressourcen beeinflusst. Auf lokaler Ebene wird die Struktur der ektomykorrhizalen Pilzgemeinschaft durch die Intensität der Waldbewirtschaftung bestimmt. In größerem Maßstab spielen Wurzelressourcen (Kohlenhydrate und mineralische Nährstoffe) sowie der pH-Wert des Bodens als Treiber für die taxonomische Zusammensetzung der Pilzgesellschaften eine wesentliche Rolle.

Die Stabilität der trophischen Zusammensetzung der WAMs ist bemerkenswert und steht im Gegensatz zur ihrer starken taxonomischen Variabilität. Dies lässt vermuten, dass die unterschiedlichen Pilzgemeinschaften an Wurzeln in gemäßigten Wäldern eine An-

passung an die klimatischen und chemisch-physikalischen Bodenbedingungen darstellen, die gleichzeitig Funktionsstabilität ermöglichen.

Mikroorganismen & Pilze



Autor*innen

Schröter K., Wemheuer B., Pena R., Schöning I., Ehbrecht M., Schall P., Ammer C., Daniel R., **Polle A.**

Erschienen als

Assembly processes of trophic guilds in the root mycobiome of temperate forests.
Molecular Ecology 28: 348–364 (2018)

doi: [org/10.1111/mec.14887](https://doi.org/10.1111/mec.14887)

Foto

Polle A.

Welche Grasarten sind in Deutschland mit endophytischen *Epichloë*-Pilzen infiziert und welche Giftstoffe werden produziert?

Grasarten können mit endophytischen *Epichloë*-Pilzen infiziert sein. Diese Pilze leben in der Pflanze und können für Wirbeltiere und Insekten giftige Alkaloide produzieren. Massenvergiftungen von Weidetieren sind aus Neuseeland, Australien und den USA bekannt. In Europa beziehungsweise Deutschland sind bisher keine größeren Vergiftungsereignisse bekannt. Es ist jedoch wichtig zu überwachen, welche Gräser in Deutschland mit dem Pilz infiziert sind und ob dieser Giftstoffe produziert.

Wir untersuchten 13 verschiedene Grasarten auf 150 Graslandflächen in Deutschland. An diesen Gräsern bestimmten wir die Infektionsraten und identifizierten molekularbiologisch die *Epichloë*-Arten. Anschließend wiesen wir mittels analytischer Methoden nach, welche Alkaloide produziert werden.

Wir konnten *Epichloë*-Infektionen in folgenden 5 Grasarten nachweisen: Wiesen-Schwingel (*Festuca pratensis*) (81 %), Schaf-Schwingel (*Festuca ovina*) (73 %), Deutsches Weidelgras (*Lolium perenne*) (15 %), Rot-Schwingel (*Festuca rubra*) (15 %) und Wiesen-Knäuelgras (*Dactylis glomerata*) (8 %). Weitere 8 Grasarten waren nicht infiziert. In den meisten Proben des Deutschen Weidelgrases wiesen wir wirbeltiergiftiges Lolitrem B und insektengiftiges Peramin nach, aber nicht das ebenfalls wirbeltiergiftige Ergovalin. Der *Epichloë*-Pilz im Deutschen Weidelgras produzierte kein Ergovalin, weil ein Gen, das zur Herstellung des Alkaloids notwendig ist, fehlte. Im Wiesen-schwingel bildete der Pilz insektengiftige Substanzen.

Die Bestimmung von *Epichloë*-Infektionsraten reicht nicht aus, um das Vergiftungsrisiko für Nutztiere abzuschätzen. Die Fähigkeit der Pilze, Alkaloide zu produzieren, muss ebenfalls berücksichtigt werden. Wir konnten außerdem zeigen, dass sich die Infektionsraten

Mikroorganismen & Pilze

und die produzierten Alkaloide zwischen den Grasarten unterscheiden und dass einige der Alkaloide giftig für Weidetiere sein können.

Um das Vergiftungsrisiko in Deutschland gering zu halten, sollten Grasarten regelmäßig auf Infektionen und Alkaloide untersucht und Weideflächen divers gehalten werden.



Autor*innen

Vikuk V., Young C. A., Lee S. T., Nagabhyru P., Krischke M., Müller M. J., Krauss J.

Erschienen als

Infection Rates and Alkaloid Patterns of Different Grass Species with Systemic *Epichloë* Endophytes.

Applied and Environmental Microbiology 85: e00465-19 (2019)

doi: 10.1128/AEM.00465-19

Foto

Vikuk V.

Einzeller (Protisten) sind dominante Konsumenten in der Laubstreu von Buchenwäldern

In einem Buchenwald fallen ca. 4 t Laubstreu/ha jeden Herbst auf den Boden und werden binnen eines Jahres mineralisiert. Verantwortlich für den Streuabbau sind komplexe mikrobielle Nahrungsnetze mit einer Vielzahl von Bakterien und Pilzen sowie Einzellern (Protisten) und die Bodenfauna mit Nematoden, kleinen Arthropoden wie z. B. Milben und Regenwürmern.

Wir haben eine neue Sequenziermethode genutzt, mit der wir zum ersten Mal die Diversität aller Eukaryonten in der Laubstreu ermitteln konnten. Das waren zunächst die Pilze (42% aller Sequenzen, a.S.) mit ihrer wichtigen Rolle als Zersetzer der Laubstreu, Bodenalgae (24% a.S.) und die Konsumenten von Bakterien, Pilzen und Bodenalgae, nämlich einzellige Protisten (24% a.S.) und Bodentiere (9% a.S.). Insgesamt entdeckten wir weit mehr als 2.000 Taxa im Laub. Erstaunt hat die Diversität von Protisten, die ein Viertel aller sequenzierten Taxa ausmachten. Diese Einzeller bilden die Basis des Stammbaums der Eukaryonten. Aus diesem Stammbaum sind alle vielzelligen Eukaryonten (mehrfach unabhängig voneinander) entstanden. Nur wenige Protisten konnte man bisher kultivieren und ihre Mannigfaltigkeit wurde erst mit modernen Sequenziermethoden erfassbar.

Die Amöbozoen sind eine sehr alte und diverse Gruppe; manche dieser Einzeller können handtellergrößer werden und in einer Nacht ganze Pilze konsumieren. Ihre Gensequenzen unterscheiden sich so stark von anderen Eukaryonten, dass sie mit gängigen molekularen Methoden gänzlich übersehen wurden. Erst durch diese Studie erkennen wir ihre Bedeutung, denn mit 9% a.S. haben sie den gleichen Anteil wie alle Bodentiere zusammengenommen und sie dominieren die Protisten. Protisten haben Vermehrungsraten von wenigen Stunden, wogegen Bodentiere Tage und Wochen zur Ver-

Mikroorganismen & Pilze

mehring brauchen. Entsprechend konsumieren Protisten viel mehr Energie und Nährstoffe als die gleiche Masse an Bodentieren.

Wir lernen aus dieser Studie, dass wir das Nahrungsnetz im Boden noch unzureichend verstehen, vor allem die Rolle der Protisten und besonders die der Amöbozoen liegt noch weitgehend im Dunkeln.



Autor*innen

Voss C., Fiore-Donno A. M., Guerreuro M. A., Peršoh D., **Bonkowski M.**

Erschienen als

Metatranscriptomics reveal unsuspected protistan diversity in leaf litter across temperate beech forests, with Amoebozoa the dominating lineage.

FEMS Microbiology Ecology 95: fiz142 (2019)

doi: 10.1093/femsec/fiz142

Foto

Bonkowski M.

Entdeckung neuer Antibiotikaresistenzgene in Wald- und Grünlandböden

Antibiotikaresistenzgene können Bakterien dazu befähigen, in Gegenwart von einem Antibiotikum oder mehreren Antibiotika zu überleben. Es wird angenommen, dass die Synthese von Antibiotika im Boden evolvierte und zur Entwicklung einer enormen Vielfalt von Antibiotikaresistenzgenen führte. Antibiotikaresistenzgene des Bodens können sich potenziell in der Umwelt verbreiten und von menschlichen oder tierischen Krankheitserregern aufgenommen werden. Um Risiken, die von diesen Genen ausgehen, abzuschätzen zu können und neue Strategien im Kampf gegen Antibiotikaresistenz zu entwickeln, werden dringend bessere Kenntnisse über die Diversität von Antibiotikaresistenzgenen benötigt.

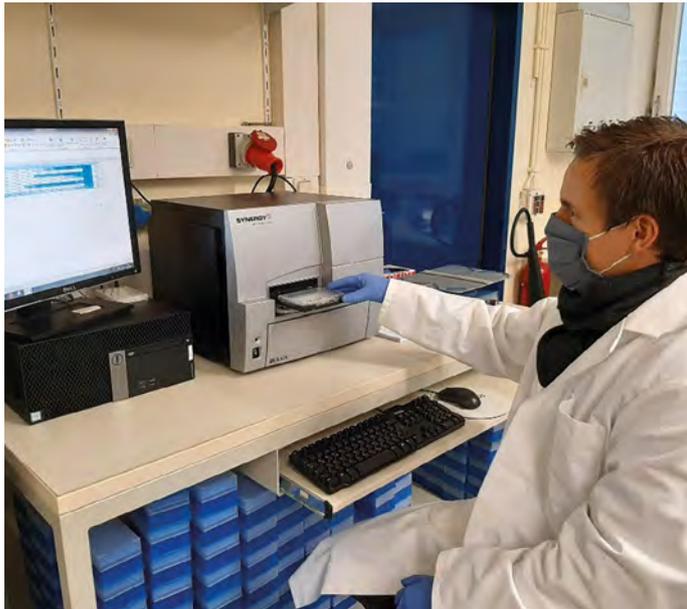
In dieser Studie sollten neuartige Gene, die Resistenzen gegen Sulfonamide und Tetracyclin (Antibiotika, die häufig zur Behandlung von Infektionen eingesetzt werden) vermitteln, in Wald- und Grünlandböden identifiziert werden.

Die entdeckten Resistenzgene stammen aus unterschiedlichen bakteriellen Gruppen und weisen teilweise eine geringe Ähnlichkeit gegenüber bereits bekannten Genen auf. Alle identifizierten Sulfonamidresistenzgene vermitteln reduzierte Anfälligkeit gegenüber Sulfamethazin, ein Sulfonamid, das häufig in der Tierhaltung eingesetzt wird. In Bezug auf Resistenzen gegen Tetracyclin wurden Gene identifiziert, die für Transporter kodieren, die dieses Antibiotikum aus der bakteriellen Zelle herausschleusen.

Es konnte gezeigt werden, dass viele der entdeckten Gene Antibiotikaresistenz auf den Modellorganismus *Escherichia coli* übertragen und es ist möglich, dass dies auch für andere klinisch relevante Bakterien gilt.

Mikroorganismen & Pilze

Um weitere bisher unbekannte Antibiotikaresistenzgene in der Umwelt aufzuspüren, sollte die Suche bezüglich dieser Gene im Boden, aber auch in anderen Habitaten, wie z. B. Flüssen, in Zukunft intensiviert werden.



Autor*innen

Willms I. M., Kamran A., Aßmann N. F., Krone D., Bolz S. H., Fiedler F., Nacke N.

Erschienen als

Discovery of novel antibiotic resistance determinants in forest and grassland soil metagenomes.

Frontiers in Microbiology 10: 460 (2019)

doi: 10.3389/fmicb.2019.00460

Foto

Nacke H.

Wald & Totholz

Artikel

Die Betrachtung der dreidimensionalen Befüllung des Raumes mit Pflanzenmaterial hilft, Produktivitätsunterschiede in Buchenwäldern zu verstehen [S.250](#)

Wie Bewirtschaftungsintensität und Nachbarschaft die Kronenarchitektur von Buchen beeinflussen [S.252](#)

Einfluss von Holzeigenschaften, Enzymaktivitäten und Zersetzerdiversität auf die Zerfallsrate von Totholz am Beispiel von 13 mitteleuropäischen Baumarten [S.254](#)

Vergleich zwischen genetischen Markern (SNPs) und dem Austriebverhalten von Rotbuchenpopulationen in Deutschland [S.256](#)

Entwicklung neuer Mikrosatellitenmarker bei der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) für zukünftige populationsgenetische Untersuchungen [S.258](#)

Zusammenhang von Waldstrukturen und Bewirtschaftung für die Bereitstellung vielfältiger Ökosystemleistungen [S.260](#)

Wie reagieren Pflanzengemeinschaften im Unterwuchs des Waldes auf eine herabgesetzte Niederschlagsmenge in den drei Exploratorien? [S.262](#)

Die Gemeinschaften Totholz bewohnender Bakterien unterscheiden sich nicht nur zwischen Baumarten, sondern auch innerhalb des Stammes zwischen Splint- und Kernholz [S.264](#)

Genetische Variation von Rotbuchenpopulationen und ihren Nachkommen von Nordostdeutschland bis zur Südwestschweiz	S.266	Effekte der Bewirtschaftungsform auf die Moosartenvielfalt in gemäßigten mitteleuropäischen Wäldern	S.282
Auswirkungen von Altersklassenwäldern und Plenterwäldern auf die regionale Biodiversität in europäischen Buchenwäldern	S.268	Der Spezialisierungsgrad und die Vielfalt der Arten verschiedener Organismengruppen werden durch unterschiedliche Waldmerkmale gefördert	S.284
Beziehungen zwischen Waldbewirtschaftung, Waldstruktur und Produktivität verschiedener mitteleuropäischer Waldtypen	S.270	In 147 Waldflächen in drei Regionen Deutschlands beeinflusst der Ausschluss von großen Pflanzenfressern die Strauchvegetation stärker als die Krautvegetation	S.286
Bedeutung natürlicher Waldentwicklung für die Biodiversität	S.272		
Ein neuer ganzheitlicher Ansatz zur Beschreibung der strukturellen Komplexität von Bäumen	S.274		
Wie wirken sich heterogene Waldstrukturen auf das Mikroklima im Bestand aus?	S.276		
Welchen Einfluss haben Unterschiede in der vertikalen Bestandsstruktur des Waldes auf das Radarsignal der TanDEM-X-Satellitenmission?	S.278		
Mischungen unterschiedlicher Reinbestände auf der Landschaftsebene sind effektiver für die Biodiversität von Gefäßpflanzen, Moosen und Flechten als Mischbestände	S.280		

Die Betrachtung der dreidimensionalen Befüllung des Raumes mit Pflanzenmaterial hilft, Produktivitätsunterschiede in Buchenwäldern zu verstehen

Wird für einen Waldbestand eine maximale Produktivität angestrebt, so hängt der Erfolg u. a. stark von der Beziehung zwischen der Bestandsdichte und der daraus resultierenden Wachstumsreaktion eines Bestandes ab. Nach wie vor wird jedoch kontrovers diskutiert, ob die Holzproduktion durch Durchforstungen, also Baumentnahmen, gesteigert werden kann oder ob die Produktion in unbewirtschafteten Waldbeständen ihr Maximum erreicht. Zudem gibt es keine allgemeingültige Antwort darauf, ob strukturelle Vielfalt die Produktivität fördert oder reduziert.

In der vorliegenden Studie haben wir mittels terrestrischen Laserscannings (TLS) den Zusammenhang zwischen dreidimensionaler Raumbefüllung (Dichte von Pflanzenmaterial im 3D-Raum), Intensität der Waldbewirtschaftung, Produktivität und konventionellen Messungen der Strukturvielfalt untersucht. 35 buchendominierte Waldparzellen wurden entlang eines Bewirtschaftungsgradienten mithilfe des dreidimensionalen Laserscannings vollständig erfasst und als 3D-Modell am Computer visualisiert und analysiert.

Wir stellten fest, dass die Raumbefüllung im belaubten Zustand mit der Bewirtschaftungsintensität zunahm, insbesondere im beschatteten Kronenteil. Die erhöhte Raumbefüllung ging mit einer höheren Bestandsproduktivität einher. Durch Durchforstungsaktivitäten entstandene Produktionsverluste im oberen Kronendach in Buchenbeständen konnten offenbar durch die erhöhte Raumbefüllung im beschatteten Kronenbereich ausgeglichen werden. Zumindest temporär wirkten sich die waldbaulichen Eingriffe daher positiv auf die Produktivität der Bestände aus.

Zu beachten ist hierbei, dass bewirtschaftete Bestände nicht zwangsläufig produktiver sind als Urwälder. Die betrachteten un-

bewirtschafteten Waldbestände weisen vorwiegend Hallenwaldstrukturen auf und haben den Struktureichtum von Urwäldern noch nicht wieder erreicht. So erwiesen sich unbewirtschaftete Bestände zumeist sogar als strukturärmer, da sie in der Optimalphase (also etwa zum Zeitpunkt der Hiebsreife) aus der Nutzung genommen wurden und noch nicht in die strukturschaffende Zerfallsphase eingetreten sind.

Konventionelle Messverfahren konnten die unterschiedlichen Reaktionen der Bestände auf waldbauliche Aktivitäten nicht erfassen, was den Mehrwert der Laserscanning-Methode für solche Analysen hervorhebt.



Autor*innen

Juchheim J., Ammer C., Schall P., **Seidel D.**

Erschienen als

Canopy space filling rather than conventional measures of structural diversity explains productivity of beech stands. *Forest Ecology and Management*: 19–26 (2017)

doi: 10.1016/j.foreco.2017.03.036

Abbildung

Seidel D.

Wie Bewirtschaftungsintensität und Nachbarschaft die Kronenarchitektur von Buchen beeinflussen

Die Intensität waldbaulicher Eingriffe und die Zusammensetzung der Baumarten sind wichtige Faktoren bei der Waldbewirtschaftung. Beides wirkt sich auf die Form eines Baumes aus und beeinflusst damit dessen Wert, sei es in ökonomischer (Stammform, Verzweigung) oder ökologischer Hinsicht (Mikrohabitate). Noch wissen wir wenig über die Veränderungen der Baumarchitektur in Abhängigkeit der Bewirtschaftungsintensität von Wäldern oder von unterschiedlichen Nachbarschaftsstrukturen in einem Waldbestand, insbesondere dann, wenn der Schwerpunkt auf einzelnen Baumattributen liegt, etwa auf Verzweigungsmustern oder Kronenform.

Mit terrestrischen Laserscannerdaten haben wir 25 Strukturparameter für 55 Rotbuchen (*Fagus sylvatica* L.) berechnet. Diese untersuchten Buchen wuchsen entweder in Reinbeständen entlang eines Gradienten der Bewirtschaftungsintensität oder in nicht bewirtschafteten Beständen in Nachbarschaft zu Artgenossen oder Laubbäumen anderer Arten.

Mit zunehmender Bewirtschaftungsintensität fanden wir geringere Höhen der maximalen horizontalen Kronenausdehnung, größere Kronenflächen und geradere Stämme. Die Höhe der maximalen horizontalen Kronenausdehnung beschreibt, in welcher Höhe sich der breiteste Abschnitt der Baumkrone befindet. Diese Höhe verlagerte sich mit steigender Bewirtschaftungsintensität nach unten, was in größeren Kronen der betrachteten Bäume resultierte. Darüber hinaus ergab unsere Studie, dass Buchen, die von anderen langlebigen Laubbaumarten umgeben sind, eine geringere Höhe der maximalen horizontalen Kronenausdehnung aufweisen als Buchen, die von Artgenossen umgeben sind. Ebenso weisen Buchen mit zwischenartlicher Nachbarschaft längere Äste mit flacheren Astwinkeln und ein geringeres Höhen-Durchmesser-Verhältnis auf.

Die betreffenden Buchen waren zudem dicker als die Buchen in der Umgebung von Artgenossen.

Unsere Ergebnisse belegen die strukturelle Plastizität der europäischen Buche unter verschiedenen Umweltbedingungen. Die unterschiedlichen Baumstrukturen weisen auf eine zunehmende Kronenkonzurrenz bei abnehmender Bewirtschaftungsintensität hin sowie auf einen stärkeren Konkurrenzdruck der Buche in der Umgebung von Artgenossen. Es zeigte sich, dass Buchen in zwischenartlicher Nachbarschaft größere Kronen ausbilden und unter einem geringeren Konkurrenzdruck stehen als Bäume im Reinbestand.



Autor*innen

Juchheim J., Annighöfer P., Ammer C., Calers K., Raunonen P., **Seidel D.**

Erschienen als

How management intensity and neighborhood composition affect the structure of beech (*Fagus sylvatica* L.) trees.

Trees 31: 1.723–1.735 (2017)

doi: 10.1007/s00468-017-1581-z

Abbildung

Seidel D.

Einfluss von Holzeigenschaften, Enzymaktivitäten und Zersetzerdiversität auf die Zerfallsrate von Totholz am Beispiel von 13 mitteleuropäischen Baumarten

Die Zersetzung von Totholz ist eine wichtige Ökosystemfunktion in Waldökosystemen. Unklar ist bisher, welchen relativen Beitrag die spezifischen Holzeigenschaften von Baumarten, die Aktivitäten Holz abbauender Enzyme und Unterschiede der Zersetzergemeinschaften, wie Pilze und Insekten, hierbei leisten.

Dieser Frage sind wir in einem Feldexperiment in den drei Biodiversitäts-Exploratorien in Deutschland nachgegangen. Auf insgesamt 30 Plots haben wir Totholzstämme von jeweils 13 Baumarten, darunter 4 Nadelholzarten und neun Laubholzarten, in Waldbeständen unterschiedlicher Bewirtschaftungsart ausgelegt.

Nach einer Zersetzungszeit von sechseinhalb Jahren wiesen Hainbuche und Rotbuche die höchsten, Douglasie und Lärche die geringsten Abbauraten auf. Die Abbauraten waren positiv von hohen Enzymaktivitäten, hohen Schwefel- und Kaliumkonzentrationen und einer hohen Vielfalt von Holz besiedelnden Pilzen und Käfern beeinflusst. Negativ wirkten sich hingegen der Kernholzcharakter, der Ligningehalt, die Konzentration organischer Extrakte und der Phenolgehalt aus. Durch Anwendung einer statistischen Modellierung fanden wir heraus, dass die Aktivität der Holz abbauenden Enzyme Laccase und Endocellulase, die Käferdiversität, die Anwesenheit von Kernholz, die Höhe der Holzstrahlen und die Pilzdiversität die wichtigsten Vorhersagevariablen für den Holzabbau waren.

Auch wenn wir mit unserem Ansatz nicht in der Lage waren, direkte Ursache-Wirkungs-Beziehungen zu identifizieren, kommen wir zu dem Schluss, dass die Enzymaktivität und die organismische Vielfalt die Hauptfaktoren für die Unterschiede in den Abbauraten zwischen Baumarten sind. Die Aufrechterhaltung einer hohen Baumartenvielfalt führt daher zu einer hohen strukturellen Totholzdiversität

in Bezug auf Abbaurate und Zersetzungstadium.



Autor*innen

Kahl T., Arnstadt T., Baber K., Bässler C., Bauhus J., Borken W., Buscot F., Floren A., Heibl C., Hessenmöller D., Hofrichter M., Hoppe B., Kellner H., Krüger D., Linsenmair K. E., Matzner E., Otto P., Purahong W., **Gossner M. M.**

Erschienen als

Wood decay rates of 13 temperate tree species in relation to wood properties, enzyme activities and organismic diversities.

Forest Ecology and Management 391: 86–95 (2017)

doi: 10.1016/j.foreco.2017.02.012

Foto

Peršoh D.

Vergleich zwischen genetischen Markern (SNPs) und dem Austriebverhalten von Rotbuchenpopulationen in Deutschland

Die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) ist eine der wichtigsten Waldbaumarten Mitteleuropas. Klimawandelmodelle sagen einen Anstieg der Jahresmitteltemperaturen voraus, der zu einem früheren Austrieb der Knospen im Frühjahr und damit zu einer erhöhten Spätfrostgefahr führen kann. Trotz der ökologischen und wirtschaftlichen Bedeutung der Buche ist das Wissen über die molekularen Grundlagen des Blattaustriebs bei dieser Art noch immer gering.

Ziel dieser Arbeit war es, genetische Marker zu identifizieren, die einen Einfluss auf den Zeitpunkt des Blattaustriebs der Buche haben. Ein Translokationsexperiment wurde mit Nachkommen von sechs verschiedenen Buchenpopulationen aus den drei Biodiversitäts-Exploratorien durchgeführt. Dafür wurden Buchensämlinge der Populationen in die drei Exploratorien ausgepflanzt. Somit wachsen beispielsweise Buchen aus der Schwäbischen Alb im Exploratorium Hainich-Dün. Der Blattaustrieb der Sämlinge wurde in drei verschiedenen Jahren aufgenommen.

Dabei zeigte sich, dass sich die Sämlinge hinsichtlich des Austriebzeitpunktes unterschieden. Insgesamt wurden 600 Individuen aus dem Translokationsexperiment im Hainich ausgewählt und mit einem Satz von 46 Markern genotypisiert. Die Marker befinden sich in Genen, die wahrscheinlich etwas mit dem Blattaustrieb zu tun haben. Anschließend wurde mithilfe verschiedener Tests („Assoziationsanalysen“) versucht, die beobachteten Marker der Individuen mit dem Zeitpunkt des Blattaustriebs in Verbindung zu bringen.

Die Analyse ergab, dass 7 Marker signifikant mit dem Austriebverhalten assoziiert waren, wobei jeder Marker nur wenige Prozent zur beobachteten Variation im Blattaustrieb beitrug. Da der gleiche Markersatz in einer früheren Assoziationsanalyse verwendet wur-

de, konnten wir signifikante Assoziationen zwischen Markern und Blattaustrieb in verschiedenen Buchenpopulationen verschiedener Standorte vergleichen und bestätigen.

Diese Studie trägt dazu bei, die Grundlagen des Austriebverhaltens als wichtiges Merkmal für die Anpassung der Buche an den Klimawandel zu verstehen.



Autor*innen

Müller M., Seifert S., Finkeldey R.

Erschienen als

Comparison and confirmation of SNP-bud burst associations in European beech populations in Germany.

Tree Genetics & Genomes 13: 1–12 (2017)

doi: 10.1007/s11295-017-1145-9

Foto

Seifert S.

Entwicklung neuer Mikrosatellitenmarker bei der Rotbuche (*Fagus sylvatica*) für zukünftige populationsgenetische Untersuchungen

Die Buche gilt als eine der sowohl ökonomisch als auch ökologisch wichtigsten sommergrünen Baumarten in Mitteleuropa. Eine Voraussetzung dafür, dass sie auch in Zeiten des Klimawandels eine führende Baumart in Deutschland bleiben kann, ist ihre Fähigkeit, sich durch genetische Variation einer veränderten Umwelt anzupassen. Die genetische Variation ist somit entscheidend für den langfristigen Erhalt, die Stabilität und die Leistungsfähigkeit der Wälder. Um diese genetische Variation in Bäumen feststellen zu können, benötigt man molekulare Marker.

Für die Baumart Buche ist die Zahl der verfügbaren molekularen Marker immer noch begrenzt. Das Ziel dieser Arbeit war es daher, genbasierte EST-SSR-Marker für die Buche zu entwickeln und den Baum damit anschließend auf seine genetische Variation und Differenzierung hin zu testen. Außerdem testeten wir zusätzlich die Übertragbarkeit funktionierender Marker auf die drei verwandten Arten Orientalische Buche, Amerikanische Kastanie und Roteiche. An insgesamt 72 Buchen-DNA-Proben aus den drei Biodiversitäts-Exploratorien testeten wir 41 Primer auf Variation und Polymorphismen, wovon 35 ursprünglich für die Amerikanische Buche und 6 für die Roteiche entwickelt worden waren.

Dabei waren 15 Primer polymorph (Marker werden nicht in allen untersuchten Pflanzenproben amplifiziert), 13 monomorph (Marker werden in allen untersuchten Pflanzenproben amplifiziert) und 13 amplifizierten nicht. Die 15 polymorphen Marker zeigten eine hohe genetische Variation innerhalb der einzelnen Buchenpopulationen, jedoch eine geringe Differenzierung zwischen den Populationen. Darüber hinaus konnten die entwickelten EST-SSR-Marker erfolgreich auf die drei verwandten Arten übertragen werden.

Das neu aufgestellte Mikrosatellitenmarker-Set stellt ein leistungsfähiges Werkzeug zur Charakterisierung der genetischen Variation bei der Buche und verwandten Arten dar. Die Marker können so helfen, die Anpassungsfähigkeit der Arten an den Klimawandel zu untersuchen.



Autor*innen

Burger K., Müller M., **Gailing O.**

Erschienen als

Characterization of EST-SSRs for European beech (*Fagus sylvatica* L.) and their transferability to *Fagus orientalis* Lipsky, *Castanea dentata* Bork., and *Quercus rubra* L. *Silvae Genetica* 67: 127–132 (2018)

doi: 10.2478/sg-2018-0019

Foto

Hersacher N.

Zusammenhang von Waldstrukturen und Bewirtschaftung für die Bereitstellung vielfältiger Ökosystemleistungen

In der forstlichen Praxis besteht Einigkeit darüber, dass nicht alle Waldökosystemleistungen (beispielsweise Boden- und Trinkwasserschutz, Schutz vor Überschwemmungen, Klimaregulation oder Kohlenstoffspeicherung) in gleichem Maße von allen Waldtypen bereitgestellt werden können, auch wenn Synergien möglich sind. Es war bislang allerdings nicht klar, welche Ökosystemleistungen von welchen Strukturmerkmalen eines Waldes in erster Linie abhängen. Die Kenntnis dieser Zusammenhänge ist aber die Voraussetzung dafür, Waldstrukturen durch die Bewirtschaftung so zu steuern, dass mehrere Dienstleistungen gleichzeitig möglich sind.

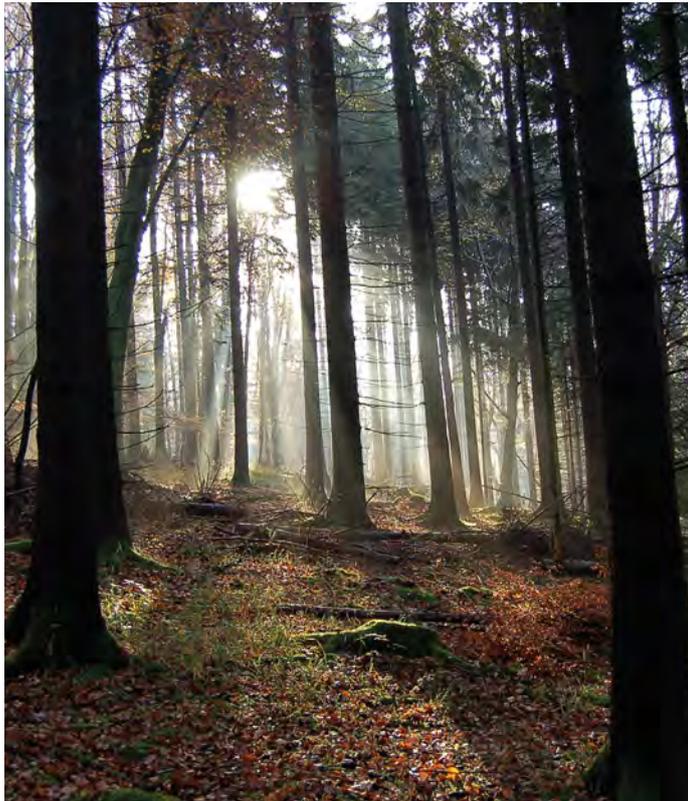
Dazu untersuchten wir die Beziehungen zwischen 12 Merkmalen von 150 Wäldern auf Bestandesebene. Diese Merkmale beziehen sich auf die räumliche Waldstruktur, die Zusammensetzung, Heterogenität und Pflanzenvielfalt, auf vier Umweltfaktoren sowie Kennwerte für vierzehn Ökosystemleistungen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass waldbezogene Merkmale sehr gut dazu geeignet sind, Ökosystemleistungen und ihre Kombinierbarkeit beziehungsweise Unvereinbarkeit abzuschätzen. Umweltfaktoren können dazu in gewissem Umfang ebenfalls genutzt werden, zumeist in Kombination mit den waldbezogenen Merkmalen.

Unsere Studie legt nahe, dass die Bewirtschaftung von Wäldern mit dem Ziel, die strukturelle Heterogenität zu erhöhen, große Bäume zu erhalten und Bestände mit einem geschlossenen Kronendach ebenso vorzuhalten wie solche mit Kronenlücken, das Angebot an vielfältigen Ökosystemleistungen fördert.

Die Ergebnisse unterstreichen das Potenzial der Waldbewirtschaftung, multifunktionale Wälder zu erhalten beziehungsweise zu

schaffen, und legen nahe, dass durch entsprechende Planungen des Waldaufbaus auf Landschaftsebene die Bereitstellung vielfältiger Ökosystemleistungen möglich ist.



Autor*innen

Felipe-Lucia M. R., Soliveres S., Penone C., Manning P., Van der Plas F., Boch S., Prati D., **Ammer C.**, Schall P., Gossner M. M., Bauhus J., Buscot F., Blaser S., Blüthgen N., de Frutos A., Ehbrecht M., Frank K., Goldmann K., Hänsel F., Jung K., Kahl T., Nauss T., Oelmann Y., Pena R., Polle A., Renner S., Schloter M., Schöning I., Schrupf M., Schulze E.-D., Solly E., Sorkau E., Stempfhuber B., Tschapka M., Weisser W., Wubet T., Fischer M., Allan E.

Erschienen als

Multiple forest attributes underpin the supply of multiple ecosystem services.

Nature communications 9: 1–11 (2018)

doi: 10.1038/s41467-018-07082-4

Foto

Hailer J.

Wie reagieren Pflanzengemeinschaften im Unterwuchs des Waldes auf eine herabgesetzte Niederschlagsmenge in den drei Exploratorien?

Die Pflanzengemeinschaften im Unterwuchs des Waldes sind für die Verjüngung der Bäume, aus denen der zukünftige Wald besteht, von entscheidender Bedeutung. Es ist bisher nur wenig darüber bekannt, wie sich der Klimawandel auf den Unterwuchs in Buchen- und Nadelwäldern auswirken wird und welche Rolle eine unterschiedliche Waldbewirtschaftung dabei spielt.

Wir stellten die Hypothese auf, dass Dürre einen wesentlichen Einfluss auf die Transpiration und den Kohlenstoffaustausch des Unterwuchses hat. Wir gingen davon aus, dass der Effekt von Dürre auf den Artenreichtum und die Artenvielfalt des Unterwuchses zu vernachlässigen ist. Darüber hinaus nahmen wir an, dass die Intensität der Waldbewirtschaftung die Reaktionen der Pflanzengemeinschaften des Unterwuchses auf Dürre verändern wird.

Zu diesem Zweck simulierten wir in zwei aufeinanderfolgenden Jahren ein Dürreereignis vergleichbar mit dem Trockensommer 2003. Wir errichteten Dächer in Wäldern unterschiedlicher Bewirtschaftungsintensität in den drei Biodiversitäts-Exploratorien, um den Unterwuchs vor Niederschlag abzusichern. Die Bewirtschaftungsintensitäten reichten von nicht bewirtschafteten und bewirtschafteten Buchenwäldern zu intensiv bewirtschafteten Nadelwäldern.

Nach zwei Jahren lag die realisierte Niederschlagsreduktion zwischen 27 und 34 %. Der durchschnittliche Wassergehalt in den oberen 20 cm des Bodens unter dem Dach wurde im Vergleich zur Kontrollfläche ohne Dach um 2 bis 8 % reduziert. Im ersten Jahr wurde die Transpiration auf Blattebene und auf Ebene des Unterwuchses bei den verschiedenen Pflanzengruppen reduziert. Zusätzlich wurde die Transpiration durch eine verringerte Blattfläche infolge der Dürre reduziert. Im zweiten Jahr wurden Akklimatisierungseffekte,

also Anpassungsreaktionen für die überwiegende Zahl funktioneller Pflanzengruppen beobachtet.

Der Unterwuchs der Wälder zeigt damit eine hohe Plastizität auf der Ebene des Blattes und der Pflanzengemeinschaft sowie eine hohe strukturelle Stabilität gegenüber wechselnden Klimabedingungen mit Dürreereignissen.



Autor*innen

Felsmann K., **Baudis M.**, Kayler Z. E., Puhlmann H., Ulrich A., Gessler A.

Erschienen als

Responses of the structure and function of the understory plant communities to precipitation reduction across forest ecosystems in Germany.

Annals of Forest Science 75: 1–18 (2017)

doi: 10.1007/s13595-017-0681-7

Foto

Scherer-Lorenzen M.

Die Gemeinschaften Totholz bewohnender Bakterien unterscheiden sich nicht nur zwischen Baumarten, sondern auch innerhalb des Stammes zwischen Splint- und Kernholz

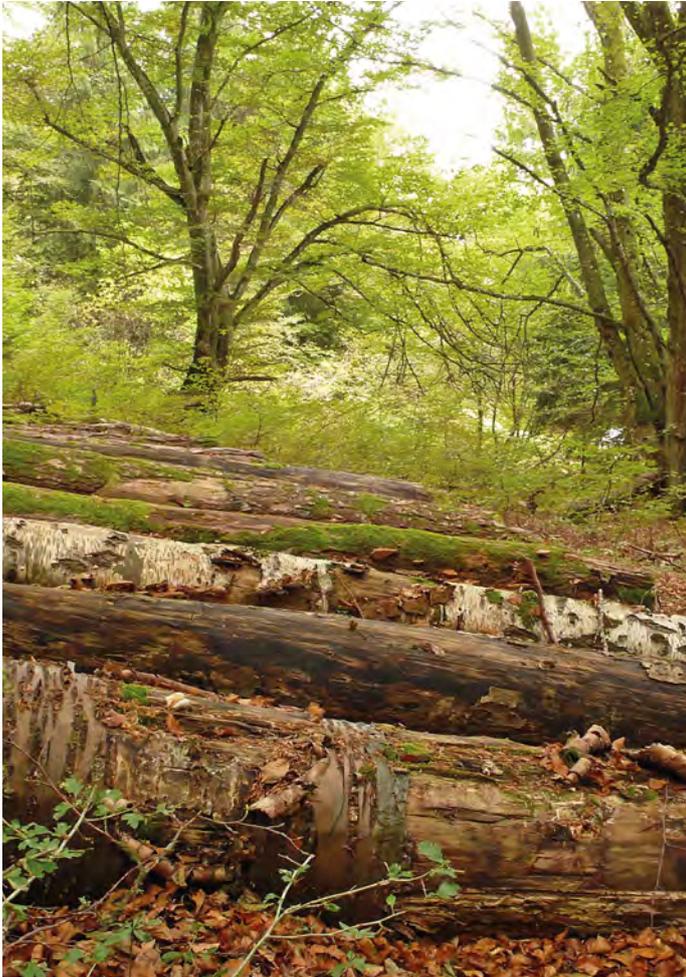
Totholz stellt eine wichtige strukturelle Komponente von Waldökosystemen dar, wo es vielfältige Nischen für Holz bewohnende Lebewesen bietet. Obwohl Bakterien am Totholzabbau beteiligt sind, ist wenig darüber bekannt, welche Faktoren ihre Vielfalt und Verteilung steuern.

Um den Einfluss der Totholzbaumart auf die Bakteriengemeinschaften zu untersuchen, nutzten wir 13 verschiedene Baumarten. Diese wurden im Jahr 2008 im Rahmen des BELongDead-Experiments in den Wäldern der Biodiversitäts-Exploratorien ausgelegt, um den Totholzabbau verfolgen und bewerten zu können. Dafür haben wir, nach Entfernung der Rinde, Holzspäne aus dem äußeren Bereich (Splintholz) und aus dem inneren Bereich (Kernholz) entnommen und im Labor mittels molekularbiologischer Methoden untersucht. Dabei identifizierten wir die Holzbewohner mittels ihres Erbgutes (sogenannte DNA-basierte Amplikon-Sequenzierung) im Splint- und im Kernholz von Nadel- und Laubbaumarten.

Sowohl die Anzahl der verschiedenen Bakterienarten als auch die Gemeinschaftszusammensetzung, d.h., wer wo vorkommt, unterschieden sich deutlich zwischen den Baumarten und auch zwischen Splint- und Kernholz. Die Eigenschaften des Totholzes (z.B. Säure-, Wasser- und Ligningehalt) spielten dabei eine bedeutende Rolle.

Insgesamt konnten wir mit dieser Studie einen umfassenden Überblick über die mikrobielle Vielfalt im Totholz geben und zeigen, dass Bakterien nicht zufällig verteilt sind. Zukünftige Studien sollen nun zeigen, ob auch äußere Einflüsse, wie die Waldbewirtschaftung, einen Einfluss haben und ob diese so stark sind wie die Beschaffenheit des Totholzes selbst.

Wald & Totholz



Autor*innen

Moll J., Kellner H., Leonhardt S., Stengel E., Dahl A., Bässler C., Buscot F., Hofrichter M., Hoppe B.

Erschienen als

Bacteria inhabiting deadwood of 13 tree species are heterogeneously distributed between sapwood and heartwood.

Environmental Microbiology 20: 3.744–3.756 (2018)

doi: 10.1111/1462-2920.14376

Foto

Fellendorf M.

Genetische Variation von Rotbuchenpopulationen und ihren Nachkommen von Nordostdeutschland bis zur Südwestschweiz

Der Klimawandel kann das Wachstum der Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.) über ihr gesamtes Verbreitungsgebiet negativ beeinflussen. Daher ist es von größter Bedeutung zu untersuchen, wie hoch das Potenzial dieser Art ist, sich an veränderte klimatische Bedingungen anzupassen. Grundlage für die Anpassung an Umweltstress ist die genetische Vielfalt innerhalb einer Art. Besonders die Regenerationsphase der Wälder ist eine Schlüsselphase, die die genetische Vielfalt einer Art stark beeinflusst. Je mehr Bäume an der Reproduktion beteiligt sind, desto höher sollte die genetische Variation der Nachkommen in einem Bestand sein. Somit könnte die fehlende Reproduktion von Elternbäumen zu geringerer genetischer Vielfalt in Wäldern führen. Bisher ist wenig über die Auswirkungen des Klimawandels auf den Reproduktionserfolg adulter Bäume und damit die genetische Vielfalt adulter Bäume im Vergleich zu ihren Nachkommen bekannt.

Für diese Studie haben wir die genetische Vielfalt von 24 Buchenpopulationen, die vom Nordosten Deutschlands bis in die südwestliche Schweiz reichten und auch Populationen der drei Biodiversitäts-Exploratorien umfassten, analysiert. Für die Analyse haben wir unterschiedliche DNA-Marker verwendet.

Alle Populationen wiesen eine hohe genetische Vielfalt auf und wir haben keine Unterschiede in der genetischen Vielfalt zwischen adulten Bäumen und ihren Nachkommen gefunden. Die genetischen Unterschiede zwischen adulten Bäumen und Sämlingen innerhalb derselben Bestände waren ebenfalls sehr gering.

Daraus lässt sich vorläufig schließen, dass die Übertragung der genetischen Information zwischen den Baumgenerationen derzeit (Publikation vom Sommer 2018) zumindest in den untersuchten

Buchenpopulationen nicht stark vom Klimawandel beeinflusst wird. Vor allem seit dem Herbst 2018 zeigte sich jedoch eine Abnahme der Buchenvitalität in Teilen Deutschlands. Daher ist ein weiteres Monitoring der genetischen Vielfalt von adulten Bäumen und Sämlingen empfehlenswert.



Autor*innen

Müller M., Cuervo-Alarcon L., Gailing O., Rajendra K. C., Suyal Chhetri M., Seifert S., Arend M., Krutovsky K. V., Finkeldey R.

Erschienen als

Genetic Variation of European Beech Populations and Their Progeny from Northeast Germany to Southwest Switzerland.

MDPI Forests 9, 469 (2018)

doi: 10.3390/f9080469

Foto

Seifert S.

Auswirkungen von Altersklassenwäldern und Plenterwäldern auf die regionale Biodiversität in europäischen Buchenwäldern

Forstwirtschaft und Naturschutz befürworten zumeist eine kleinflächig selektive Waldbewirtschaftung, die dem natürlichen Störungsaufkommen in Buchenwäldern eher entspricht als bestandesweise Verfahren in Altersklassenwäldern. Durch eine höhere kleinflächige Strukturvielfalt wird auch ein positiver Effekt auf den Artenreichtum der Flora und Fauna angenommen. Das Biodiversitäts-Exploratorium Hainich-Dün bot eine einmalige Gelegenheit, den Einfluss einer einzelbaumweisen und bestandesweisen Buchwaldbewirtschaftung (Plenterwälder versus Altersklassenwälder) mit langer Bewirtschaftungstradition auf die Biodiversität zu quantifizieren.

In 13 Plenterwäldern und 17 Altersklassenwäldern untersuchten wir die Diversität von 15 Artengruppen, wobei wir für 6 Gruppen zusätzlich Waldspezialisten unterschieden. Die Altersklassenwälder, bewirtschaftet im Schirmschlagverfahren, umfassten dabei unterschiedliche Altersstadien (Dickungen, Stangenhölzer, schwache und starke Baumhölzer sowie Dickungen mit Überhältern). Wir verglichen den Artenreichtum innerhalb der Waldbestände (Alpha-Diversität), den Artenwechsel zwischen den Waldbeständen (Beta-Diversität) und den regionalen Artenreichtum über alle Waldbestände (Gamma-Diversität) der beiden Bewirtschaftungssysteme.

Die Gamma-Diversität war im Schnitt über alle Artengruppen im Altersklassenwald ca. 12 % höher als im Plenterwald. Für Waldspezialisten lag der Unterschied bei 16 %. Eine höhere Gamma-Diversität im Altersklassenwald wiesen Gefäßpflanzen, Käfer, Spinnen und Flechten auf. Bakterien waren im Plenterwald artenreicher. Im Gegensatz dazu zeigte die Alpha-Diversität keine deutlichen Unterschiede.

Wahrscheinlich sind die unterschiedlichen Umweltbedingungen

zwischen den verschiedenen Altersstadien die Ursache für die höhere Gamma-Diversität im Altersklassenwald, da sie jeweils unterschiedlichen Arten Habitats bieten (Beta-Diversität).

Wir konnten feststellen, dass ein Mosaik unterschiedlicher Altersstadien die regionale Biodiversität in Buchenwirtschaftswäldern stärker fördert als eine große kleinflächige Strukturvielfalt. Eine Waldbewirtschaftung, die Aspekte der Biodiversität gezielt berücksichtigt, sollte daher nicht auf großflächig strukturell homogene Wälder abzielen, sondern eine hohe räumliche und zeitliche Heterogenität auf der Landschaftsebene erzeugen, ergänzt durch ein Netz unbewirtschafteter Wälder.



Autor*innen

Schall P., Gossner M. M., Heinrichs S., Fischer M., Boch S., Prati D., Jung K., Baumgartner V., Blaser S., Böhm S., Buscot F., Daniel R., Goldmann K., Kaiser K., Kahl T., Lange M., Müller J., Overmann J., Renner S. C., Schulze E.-D., Sikorski J. Tschapka M., Türke M., Weisser W.W., Wemheuer B., Wubet T., Ammer C.

Erschienen als

The impact of even-aged and uneven-aged forest management on regional biodiversity of multiple taxa in European beech forests. *Journal of Applied Ecology* 55: 267–278 (2018)

doi: 10.1111/1365-2664.12950

Foto

Boch S.

Beziehungen zwischen Waldbewirtschaftung, Waldstruktur und Produktivität verschiedener mitteleuropäischer Waldtypen

Die Wälder der Biodiversitäts-Exploratorien sind hinsichtlich Baumartenzusammensetzung, Alter, Bestandsstruktur und Bewirtschaftung sehr vielfältig. Ziel der Studie war es, diese Vielfalt mit Blick auf Waldstruktur, Wachstum und Mortalität quantitativ zu beschreiben und dazu zu nutzen, erstmals Abhängigkeiten und Wechselwirkungen einzelner Merkmale darzustellen.

Zum Start der Biodiversitäts-Exploratorien im Jahr 2006 haben wir deren Waldbestände inventarisiert. Auf den jeweils 1 ha großen Flächen wurden insgesamt mehr als 65.000 Bäume (Stammdurchmesser größer 7 cm) eingemessen und Baumart, Dimension und Vitalität erfasst. Durch eine sechs Jahre spätere Wiederholungsinventur dokumentierten wir den Zuwachs oder die Todesursache jedes Baumes. Zusätzlich zu Wachstum, Ernte und dem Totholzaufkommen wurden die Waldbestände anhand von 20 Waldstrukturmerkmalen charakterisiert und die Veränderung der Waldstruktur mit der Zeit analysiert.

Wie sich zeigte, lag der Holzzuwachs bewirtschafteter Wälder bei durchschnittlich $10 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$, wozu insbesondere die mit Fichten und Kiefern bestockten Flächen beitrugen. Mit $7 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$ zeigten aber auch die unbewirtschafteten Buchenwälder ein beeindruckendes Wachstum, was sich vermutlich dadurch erklärt, dass sie noch kein hohes Alter erreicht haben. In bewirtschafteten Wäldern wurden $7,7 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$ geerntet; $0,6 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$ abgestorbene Bäume verblieben im Bestand gegenüber $1,3 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$, die in den unbewirtschafteten Wäldern als Totholz anfielen. Die Dynamik der Waldstruktur war in älteren Beständen vergleichsweise gering, während sich Jungbestände durch Mortalität und Einwuchs in ihrer Struktur stärker veränderten. Unterschiedliche Waldtypen sowie der Holzzuwachs ließen sich nur mit einem Satz an Merkmalen, der

unterschiedliche Aspekte der Waldstruktur (Entwicklungsphase, Vertikalstruktur, Dichte, Diversität) abdeckt, nicht aber mit einzelnen Merkmalen erklären.

Wir empfehlen daher, den Beziehungen zwischen der Waldstruktur und anderen Messgrößen (wie dem Wachstum oder Biodiversitätsdaten) nicht mit einzelnen, sondern mit einer Kombination sich ergänzender Strukturmerkmale nachzugehen.



Autor*innen

Schall P., Schulze E.-D., Fischer M., Ayasse M., Ammer C.

Erschienen als

Relations between forest management, stand structure and productivity across different types of Central European forests.

Basic and Applied Ecology 3: 39–52 (2018)

doi: 10.1016/j.baae.2018.02.007

Foto

Schall P.

Bedeutung natürlicher Waldentwicklung für die Biodiversität

Die Verfügbarkeit von Licht, Totholz und baumbezogenen Mikrohabitaten (z. B. Höhlen, Totästen, Rindentaschen) spielt eine zentrale Rolle für die Artenvielfalt in Wäldern. Jedoch haben sich mitteleuropäische Wälder im Zuge der forstlichen Nutzung gerade in diesen Eigenschaften stark verändert. Die Auswirkungen dieser Veränderungen auf die Biodiversität spiegeln sich heute deutlich in den Roten Listen wider, die besonders häufig Licht liebende Arten und außerdem Arten mit Bindung an starkes Totholz als gefährdet auflisten. Ursache hierfür ist das Fehlen alter Bäume und natürlicher Zerfallsphasen mit Lichtinseln, großen Totholzmassen und großer Totholzvielfalt.

Natürliche Prozesse schaffen Totholz und Lichtinseln und können somit die Lebensraumqualität auch in bewirtschafteten Wäldern erhöhen. In Buchenwäldern ist der Baumpilz *Fomes fomentarius* (Zunderschwamm) eine Schlüsselart für die Biodiversität. Er trägt zur Entstehung von Totholz bei, schafft Lücken im Kronendach und ist selbst Lebensraum für bis zu 600 Insekten- und Spinnentierarten, die seine Fruchtkörper besiedeln.

Natürliche Störungen wie Windwurf – auch im Buchenwald – und Borkenkäferausbrüche in Nadelwäldern sind weitere wichtige Impulsgeber. Ohne menschliche Eingriffe initiieren sie eine natürliche Waldentwicklung mit strukturreichen frühen Sukzessionsphasen, auf die viele gefährdete Arten angewiesen sind.

Trotz ihrer meist negativen wirtschaftlichen Folgen sollten natürliche Störungen daher nicht als Katastrophe betrachtet werden, sondern vielmehr als Werkzeuge des Naturschutzes für eine Entwicklung hin zu naturnäheren und artenreicheren Wäldern.

Erkenntnisse aus der Naturwaldforschung und aus Experimenten mit Totholz tragen dazu bei, die Bedeutung verschiedener Eigenschaften von Wäldern für die Biodiversität zu verstehen. Daraus können Naturschutzkonzepte für bewirtschaftete Wälder abgeleitet werden.



Autor*innen

Seibold S.

Erschienen als

Bedeutung natürlicher Waldentwicklung für die Biodiversität.

AFZ-Der Wald 20: 12–13 (2018)

Foto

Seibold S.

Ein Buchenbestand im Naturwaldreservat Brunnstube im Steigerwald (Bayern) mit teilweiser Öffnung durch Windwurf, wodurch eine große Vielfalt an Totholzlebensräumen und ein Nebeneinander an Licht und Schatten entstanden ist

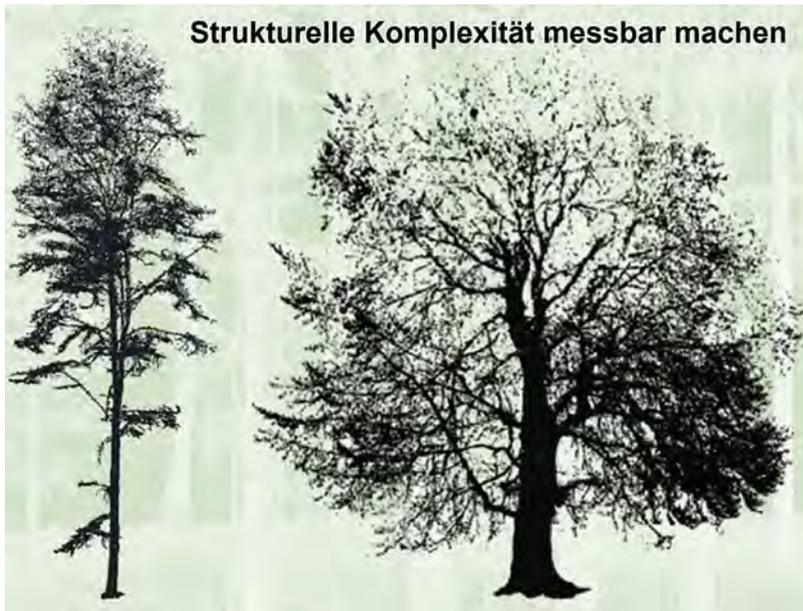
Ein neuer ganzheitlicher Ansatz zur Beschreibung der strukturellen Komplexität von Bäumen

Die dreidimensionale Waldstruktur wirkt sich auf viele Ökosystemfunktionen und Dienstleistungen des Waldes aus. Da Wälder aus Bäumen bestehen, erscheint es sinnvoll, sich ihrer Struktur durch die Untersuchung der individuellen Baumstruktur anzunähern.

Basierend auf dreidimensionalen Punktwolken aus dem 3D-Laserscanning haben wir einen neu entwickelten ganzheitlichen Ansatz vorgestellt, der es ermöglicht, die sogenannte Boxdimension, ein Maß für die strukturelle Komplexität einzelner Bäume, mittels fraktaler Analyse zu berechnen.

Wir stellten fest, dass sich die Boxdimension von Bäumen zwischen den getesteten Arten signifikant unterschied. Gleichsam waren Unterschiede messbar für Bäume, die derselben Art angehören, aber unterschiedlichen Wachstumsbedingungen (in der Lücke im Gegensatz zu inneren des Bestandes) oder verschiedenen Arten von Konkurrenz (intraspezifisch versus interspezifisch) ausgesetzt sind. Darüber zeigten wir, dass die Boxdimension positiv mit der Wachstumsrate der Bäume zusammenhängt.

Die Boxdimension haben wir als ein einfach zu berechnendes Maß identifiziert, das den Effekt mehrerer äußerer Einflussfaktoren auf die Baumstruktur, wie Konkurrenzstärke und -typ, integriert. Gleichzeitig liefert das Maß Informationen über strukturbezogene Eigenschaften, wie das Baumwachstum.



Autor*innen

Seidel D.

Erschienen als

A holistic approach to determine tree structural complexity based on laser scanning data and fractal analysis.

Ecology and Evolution 8: 128–134 (2018)

doi: 10.1002/ece3.3661

Abbildung

Seidel D.

Wie wirken sich heterogene Waldstrukturen auf das Mikroklima im Bestand aus?

Das Mikroklima innerhalb eines Bestandes ist für verschiedene Ökosystemfunktionen von Bedeutung und wird durch die Bestandsstruktur maßgeblich beeinflusst. Vor allem in Mitteleuropa ist eine Erhöhung struktureller Vielfalt durch geeignete Bewirtschaftungsmaßnahmen ein angestrebtes Ziel öffentlicher Forstverwaltungen. Daraus ergibt sich die Frage, inwieweit die Schaffung heterogener Waldstrukturen die mikroklimatischen Verhältnisse in Wäldern auf unterschiedlichen Standorten verändert.

Hierzu wurde auf die Daten von 150 vollinventarisierten Untersuchungsflächen von je 1 ha Größe in drei makroklimatisch verschiedenen Regionen Mitteleuropas (je 50 in Hainich-Dün, Schwäbischer Alb und Schorfheide-Chorin) zurückgegriffen, die jeweils mit einer meteorologischen Messstation ausgestattet waren. Zusätzlich zu baumbasierten Maßen der Waldstruktur wurden auch Metriken zur Beschreibung der vertikalen Bestandsstruktur auf Grundlage terrestrischer Laserscandaten verwendet.

Es zeigte sich, dass mehrschichtige Bestände mit einer hohen Variabilität und einer hohen Durchmischung an Baumgrößen eine geringere, tägliche Amplitude der Lufttemperatur sowie niedrigere Maximaltemperaturen aufwiesen als strukturärmere Bestände. Ein Effekt der Waldstruktur auf die mittlere Lufttemperatur sowie das Wasserdampfdruckdefizit und dessen tägliche Amplitude konnte nicht gefunden werden.

Bewirtschaftungsmaßnahmen, die strukturelle Vielfalt fördern, können somit zu einem stabileren Bestandsklima mit geringeren täglichen Amplituden der Lufttemperatur führen und damit indirekt Prozesse beeinflussen, die von der Lufttemperatur abhängig sind.



Autor*innen

Ehbrecht M., Schall P., Ammer C., Fischer M., Seidel D.

Erschienen als

Effects of structural heterogeneity on the diurnal temperature range in temperate forest ecosystems.

Forest Ecology and Management 432: 860–867 (2019)

doi: 10.1016/j.foreco.2018.10.008

Foto

Groß M.

Welchen Einfluss haben Unterschiede in der vertikalen Bestandsstruktur des Waldes auf das Radarsignal der TanDEM-X-Satellitenmission?

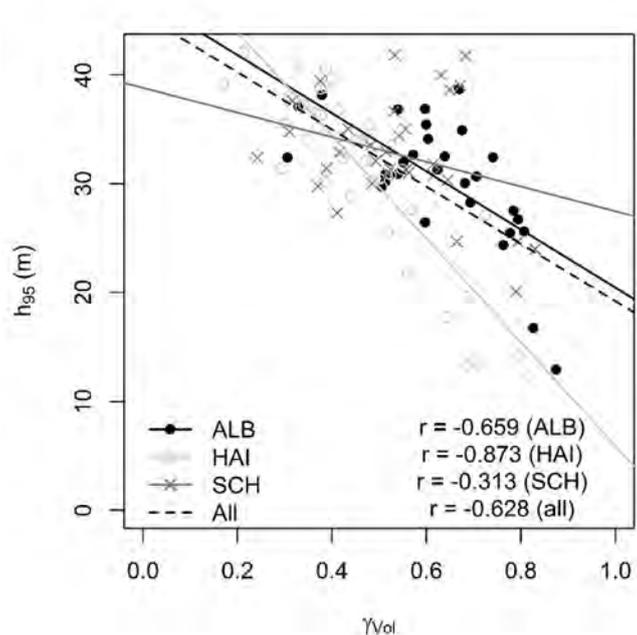
Radar-Erdbeobachtungssatelliten stellen ein wertvolles Mittel für das großräumige Erfassen von Strukturkomponenten in Waldbeständen dar. Der Vorteil gegenüber optischen Satelliten liegt in der Wetterunabhängigkeit, da das Radarsignal die Wolken durchdringt. Das TanDEM-X-Satellitensystem ist in der Lage, simultan zwei Radarsignale zu empfangen und kann hieraus u.a. Rückschlüsse auf die vertikale Zusammensetzung von Wäldern liefern (SAR-Interferometrie).

In dieser Studie untersuchten wir die Zusammenhänge zwischen der Rückstreuung des einzelnen Radarsignals sowie der Kohärenz der simultan empfangenen Radarsignale von TanDEM-X und Waldstrukturparametern, die die Waldhöhe beziehungsweise vertikale Struktur der Waldbestände charakterisieren. Die Kohärenz ist dabei ein Maß der Ähnlichkeit zweier Radarsignale. Die Untersuchung wurde für verschiedene Standorte (Biodiversitäts-Exploratorien Hainich-Dün, Schorfheide-Chorin, Schwäbische Alb), Waldtypen und Entwicklungsstadien durchgeführt.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Kohärenz der Radarwellen im X-Band von TanDEM-X empfindlich auf Unterschiede im Kronendach des Waldes reagiert. Die Volumenstreuung der Radarwellen, ein wichtiger Einflussfaktor auf die Kohärenz, ist abhängig von der vertikalen Heterogenität des Waldbestandes. Im Allgemeinen ist die TanDEM-X-Kohärenz im Vergleich zur Messung der einfachen Rückstreuung der Radarwellen besser geeignet, um die vertikale Struktur zu beschreiben. Die Beziehungen zwischen der TanDEM-X-Kohärenz und den forstlichen Struktureigenschaften waren sowohl auf der Ebene eines einzelnen Standorts als auch standortübergreifend für die drei Exploratorien signifikant. Der Waldtyp zeigte keinen Einfluss auf die Gesamtbeziehung zwischen Radarsignal und verti-

kaler Struktur des Waldes, die Beziehungen sind also unabhängig vom Waldtyp für die untersuchten Wälder übertragbar. Die Vorhersage von Waldstrukturparametern auf Grundlage der Ergebnisse lieferte die höchste Genauigkeit für die Lorey'sche Höhe, die größten Abweichungen für die Ableitung des Stammvolumens.

Insgesamt unterstreichen die Ergebnisse die Eignung der TanDEM-X-Daten für die Kartierung von Strukturparametern in Wäldern der gemäßigten Breiten.



Autor*innen

Erasmī S., Semmler M., Schall P., Schlund S.

Erschienen als

Sensitivity of bistatic TanDEM-X data to stand structural parameters in temperate forests.

Remote Sensing 11: 2.966 (2019)

doi: 10.3390/rs11242966

Abbildung

Erasmī S.

Mischungen unterschiedlicher Reinbestände auf der Landschaftsebene sind effektiver für die Biodiversität von Gefäßpflanzen, Moosen und Flechten als Mischbestände

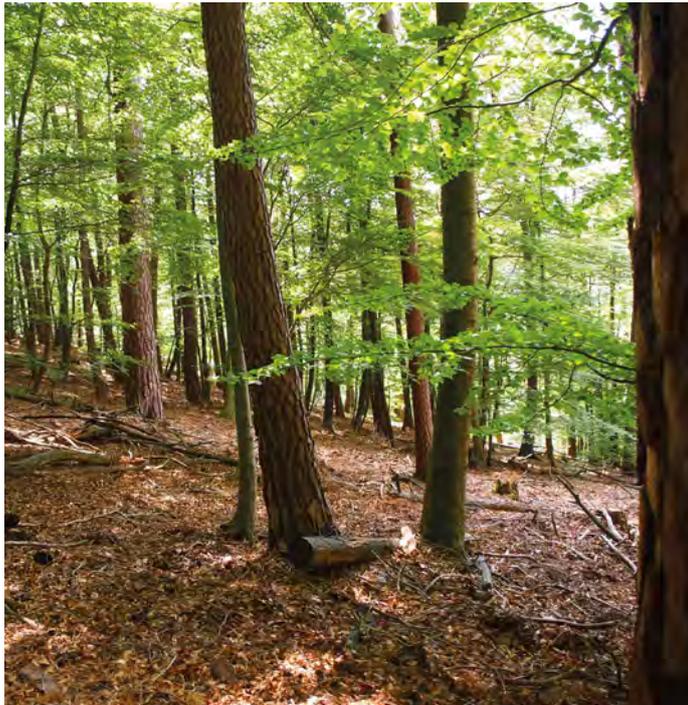
Die Etablierung von Mischbeständen ist ein wichtiges waldbauliches Ziel, um die Stabilität von Beständen zu erhöhen. So wird der Umbau von Nadelholzreinbeständen (insbesondere Waldkiefer und Gemeine Fichte) in Mischbestände vor allem mit Rotbuche seit Beginn der 1990er-Jahre vorangetrieben. Mögliche Auswirkungen dieses großflächigen Waldumbaus auf die Biodiversität von Waldlandschaften wurden dabei bisher wenig untersucht.

Wir nutzten Daten zum Vorkommen von Gefäßpflanzen-, Moos- und Flechtenarten in Rein- und Mischbeständen von Buche, Kiefer und Fichte in den Regionen Schorfheide-Chorin und Schwäbische Alb. Modellhaft erstellten wir in jeder Region hypothetische Waldlandschaften mit unterschiedlichen Anteilen der Rein- und Mischbestände, um dann nach der Landschaftszusammensetzung zu suchen, die die maximale Gesamtartenvielfalt über die 3 Artengruppen zeigt.

Die Gesamtartenvielfalt ist am höchsten, wenn eine Waldlandschaft aus unterschiedlichen Reinbeständen zusammengesetzt ist, die sich in ihren Umweltbedingungen unterscheiden. Eine hypothetische Waldlandschaft, die zu 100 % aus Mischbeständen besteht, reduziert die Biodiversität um 7 % (Buchen-Fichten-Mischbestände) bis 20 % (Buchen-Kiefern-Mischbestände) im Vergleich zu einer Mischung unterschiedlicher Reinbestände. Da sowohl Reinbestandsmischungen aus Buche und Fichte als auch Buche und Kiefer artenreicher waren, können die Ergebnisse wahrscheinlich auch auf weitere Nadelhölzer übertragen werden, sofern es sich um Mischungen mit der konkurrenzstarken und die Bestände ausdunkelnden Buche handelt.

Die Ergebnisse deuten damit auf mögliche Zielkonflikte hin, da Mischbestände oft eine höhere Produktivität und Stabilität im Ver-

gleich zu Reinbeständen aufweisen. Je nach Standortbedingungen beziehungsweise Vorkommen seltener und schutzbedürftiger Arten muss hier abgewogen werden. Aussagen zu einer Mindest- oder Maximalgröße von Reinbeständen lassen die Ergebnisse nicht zu, da unsere Untersuchungsflächen (400 m²) in der Regel in homogene Bestandsbereiche bis 4 ha eingebettet waren.



Autor*innen

Heinrichs S., Ammer C., Mund M., Boch S., Budde S., Fischer M., Müller J., Schöning I., Schulze E.-D., Schmidt W., Weckesser M., Schall P.

Erschienen als

Landscape-scale mixtures of tree species are more effective than stand-scale mixtures for biodiversity of vascular plants, bryophytes and lichens.

Forests 10: 1–34 (2019)

doi: 10.3390/f10010073

Foto

Heinrichs S.

Effekte der Bewirtschaftungsform auf die Moosartenvielfalt in gemäßigten mitteleuropäischen Wäldern

Wir stellten uns die Frage, welchen Einfluss Waldbewirtschaftung und Bestandscharakteristika auf den Artenreichtum von Moosen haben. Zu diesem Zweck untersuchten wir den Moosartenreichtum auf 1.050 Waldparzellen in den drei Biodiversitäts-Exploratorien.

Wir prüften den Einfluss von 3 Waldbewirtschaftungstypen (unbewirtschafteter Buchenwald, Plenterwald, Altersklassenwald) und von verschiedenen Bestandsvariablen auf den Moosartenreichtum. Dazu zählten Bewirtschaftungsintensität, pH-Wert des Bodens, Vorkommen von Nadelholz sowie die Bodenbedeckung durch Streu, Totholz und Gestein. Darüber hinaus analysierten wir den Artenreichtum von 4 ökologischen Moosgruppen nach ihren besiedelten Substraten (Totholz, Gestein, Boden, Rinde) und die Anzahl von Waldindikatorarten der Moose.

Plenterwälder erwiesen sich als die moosartenreichste Bewirtschaftungsform, wobei unbewirtschaftete Buchenwälder noch geringere Artenzahlen aufwiesen als Altersklassenwälder. Mit steigendem Nadelholzanteil erhöhte sich zwar der Moosartenreichtum, nicht aber die Anzahl der Waldindikatorarten. Die Artenvielfalt der 4 ökologischen Moosgruppen reagierte hauptsächlich auf das Vorkommen ihres jeweiligen Substrats. Deshalb können bewirtschaftete Altersklassen- und Plenterwälder aufgrund des höheren Substratangebots die Moosartenvielfalt in unbewirtschafteten Wäldern sogar übertreffen. Die Verfügbarkeit geeigneter Substrate ist für den Moosartenreichtum damit relevanter als der Bewirtschaftungstyp. Typische Waldindikatorarten wurden durch die Bewirtschaftungsintensität hingegen negativ beeinflusst und zeigten daher eine deutlichere Reaktion auf den Bewirtschaftungstyp als der Artenreichtum aller Moose.

Basierend auf den genannten Ergebnissen geben wir die folgenden Empfehlungen: Eine strukturelle Variabilität von Substraten im Wald fördert die Moosartenvielfalt und das Vorkommen von Waldindikatorarten. Förderlich können das Vorkommen von Totholz sein, der kleinräumige Wechsel von Baumartengruppen verschiedener Altersklassen sowie der selektive Einschlag statt Kahlschlag. Dadurch bleiben die klimatischen Bedingungen im Wald erhalten und bieten dennoch auf kleinräumiger Ebene mikroklimatische und strukturelle Habitate für eine große Moosartenvielfalt und das Vorkommen von Indikatorarten.



Autor*innen

Müller J., Boch S., Prati D., Socher S.A., Pommer U., Hessenmöller D., Schall P., Schulze E-D., Fischer M.

Erschienen als

Effects of forest management on bryophyte species richness in Central European forests. *Forest Ecology and Management* 432: 850–859 (2019)

doi: 10.1016/j.foreco.2018.10.019

Foto

Müller J.

Der Spezialisierungsgrad und die Vielfalt der Arten verschiedener Organismengruppen werden durch unterschiedliche Waldmerkmale gefördert

Die Waldbewirtschaftung hat einen starken Einfluss auf die Artenvielfalt in einem Waldökosystem. Es ist jedoch weitgehend unklar, wie sich die durch die Bewirtschaftung verursachten Veränderungen der Waldstruktur und der vorhandenen Baumarten auf verschiedene Merkmale der im Ökosystem vorkommenden Artengemeinschaft auswirken (z. B. Anzahl der vorkommenden Arten, Spezialisierung und Häufigkeit der Arten oder Vollständigkeit der Artengemeinschaften). Es ist auch wenig darüber bekannt, ob verschiedene trophische Gruppen unterschiedlich auf diese Änderungen reagieren.

Wir untersuchten daher die Auswirkungen von 9 Waldmerkmalen (die die Bestandsstruktur, Heterogenität und Baumartenzusammensetzung darstellen) auf 13 ober- und unterirdische Gruppen von Pflanzen, Tieren, Pilzen und Bakterien in 150 Waldgebieten in Deutschland, die sich in ihrer Art der Bewirtschaftung unterscheiden.

Unterschiede in der Kronendachbedeckung und der daraus resultierenden Lichteinstrahlung hatten einen starken Einfluss auf die Artengemeinschaft. Verringerter Lichteinfall führte zu einer erhöhten Spezialisierung der Gemeinschaft und reduzierte gleichzeitig die Vielfalt und -häufigkeit der Arten in den untersuchten Organismengruppen. Veränderungen der Waldstruktur, die zu einer größeren Anzahl unterschiedlicher Ressourcen und einem vermehrten Angebot von Kleinstlebensräumen führten (z. B. durch Vermischung von Eichen und Nadelbäumen), beeinflussten vor allem die Anzahl der vorkommenden Arten. Unterirdisch vorkommende Gruppen von Organismen reagierten im Allgemeinen weniger auf Änderungen in den meisten Waldmerkmalen und ihre Reaktionen unterschieden sich von denen der oberirdischen Gruppen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass es nicht ausreicht, nur allgemeine Bewirtschaftungstypen wie z.B. Laub-, Nadel- und Mischwald zu vergleichen, um die Auswirkung der Bewirtschaftung auf die Artengemeinschaft eines Ökosystems zu verstehen. Einzelne Waldmerkmale haben einen größeren Einfluss als bisher angenommen und müssen daher einzeln betrachtet werden.

Die Ergebnisse unterstreichen auch, wie wichtig es ist, unterschiedliche Gruppen von Organismen und unterschiedliche Merkmale der Spezialisierung und Vielfalt von Artengemeinschaften zu berücksichtigen, um zielgerichtete Naturschutzmaßnahmen ableiten zu können.



Autor*innen

Penone C., Allan E., Soliveres S., Felipe-Lucia M.R., Gossner M. M., Seibold S., Simons N.K., Schall P., van der Plas F., Manning P., Manzanedo R. D., Boch S., Prati D., Ammer C., Bausch J., Buscot F., Ehbrecht M., Goldmann K., Jung K., Müller J., Müller J.C., Pena R., Polle A., Renner S.C., Ruess L., Schöning I., Schrumpf M., Solly E.F., Tschapka M., Weisser W.W., Wubet T., **Fischer M.**

Erschienen als

Specialisation and diversity of multiple trophic groups are promoted by different forest features.

Ecology letters 22: 170–180 (2019)

doi: 10.1111/ele.13182

Foto

Pfeiffer S.

In 147 Waldflächen in drei Regionen Deutschlands beeinflusst der Ausschluss von großen Pflanzenfressern die Strauchvegetation stärker als die Krautvegetation

Während viele Studien die Auswirkungen des Verbisses durch große Pflanzenfresser auf Baumarten analysiert haben, ist wenig über die Auswirkungen auf Sträucher und Kräuter des Unterwuchses bekannt. Wir wissen, dass die Waldstruktur und die Bewirtschaftungsintensität den Deckungsgrad und die Zusammensetzung von Bodenvegetation und Strauchschicht stark beeinflussen, aber es ist unklar, ob unterschiedliche Bewirtschaftungsintensitäten den Effekt des Ausschlusses von großen Pflanzenfressern, namentlich Schalenwild, beeinflussen.

Wir untersuchten Veränderungen von Kräutern und Sträuchern des Unterwuchses (u. a. Artenreichtum, Shannon-Diversität und Vegetationsdeckung) nach siebenjährigem Ausschluss von großen Pflanzenfressern (durch Zäunung) auf 147 Waldflächen. Die Waldflächen unterscheiden sich hinsichtlich der Bewirtschaftungsintensität und Waldstruktur und befinden sich in drei Regionen Deutschlands (Schwäbische Alb, Hainich-Dün, Schorfheide-Chorin).

Trotz starker Variationen zeigte sich, dass der Ausschluss von großen Pflanzenfressern die Deckung und Shannon-Diversität der Strauchgemeinschaften signifikant erhöhte, während er die Kräutergemeinschaften nicht beeinflusste. Dabei wurde der Einfluss von großen Pflanzenfressern auf die Strauchschicht nicht durch die Stärke der Waldbewirtschaftung beeinflusst, während einzelne Waldstrukturmerkmale, vor allem der Nadelholzanteil, einen Einfluss zeigten. In Wäldern mit hohem Nadelholzanteil verringerte der Ausschluss von großen Pflanzenfressern den Artenreichtum und die Deckung von Kräutern und erhöhte die Shannon-Diversität von Kräutern und Sträuchern. Im Gegensatz dazu erhöhte der Ausschluss von großen Pflanzenfressern den Artenreichtum und die Deckung von Kräutern und verringerte die Shannon-Diversität von

Kräutern und Sträuchern in Wäldern mit einer niedrigen Nadelholzbedeckung.

In Übereinstimmung mit anderen Studien zeigte sich, dass der Einfluss von Schalenwild durch Verbiss nicht nur die Baumverjüngung, sondern auch die krautigen Arten und die Sträucher betrifft und bei Untersuchungen zur Wirkung großer Pflanzenfresser berücksichtigt werden sollte. Als zusätzliche die Artenzusammensetzung und Decke der Bodenvegetation ebenfalls bestimmende Größe sollte zudem die Waldstruktur erfasst und in die Analyse miteinbezogen werden.



Autor*innen

Schäfer D., Prati D., Schall P., Ammer C., Fischer M.

Erschienen als

Exclusion of large herbivores affects understorey shrub vegetation more than herb vegetation across 147 forest sites in three German regions. PLoS ONE 14: e0218741 (2019)

doi: 10.1371/journal.pone.0218741

Foto

Schäfer D.

Anhang

<u>Schlagwortverzeichnis</u>	<u>S.290</u>
<u>Glossar</u>	<u>S.296</u>
<u>Impressum</u>	<u>S.307</u>

S.288 – 307

Schlagwortverzeichnis

<u>Schlagwort</u>	<u>Seite</u>		
<u>A</u>		Beweidung	008, 068, 086, 130, 170
Aas	166	Bewirtschaftung(s)	068
Abundanz	146	- formen	116
Algen	032	- intensität	286
- Mikro-	028	Bienen	138
Alkaloide	214	Biomasse	130
Altersklassenwald	268	Bissspuren	174
Ameisen	162, 170	Blatt	066
Antibiotikum	246	Blütenfarbe	122
Art		Blütenmerkmale	122
- eigenschaft	098	Boden	036, 210
Arten		- bakterien	208
- gemeinschaften	104, 146, 184, 284	- eigenschaften	194
- schwund	148	- krusten	028, 032, 114, 142
- vielfalt	032, 044, 052, 064, 074, 158, 222, 272	- lebewesen	032, 206
Arthropoden	124, 154, 174	- mikroorganismen	030, 046, 048, 052, 112, 202, 224, 228
<u>B</u>		- organismen	048
Bakterien	052, 194, 198, 202, 204, 208, 264	- probe	090
Baum		- samenbank	090, 092
- architektur	014, 252	Buchen	096, 196, 212, 250, 252, 256, 258, 266
- artenzusammensetzung	284	- wald	168, 244, 268
- kronen	010, 252	<u>C</u>	
Bestandsstruktur	284		
Bestäubung	122		

Anhang

<u>D</u>			
Darm	160	Gene	190, 246, 256
Daten	178	Generalisten	066
Diversität	184, 268	genetische Variation	258
- Beta-	176	Gräser	070, 098, 214, 216
Duftstoffe	156	Grünland	008, 030, 046, 056, 072, 076, 084, 092, 094, 102, 136, 138, 142, 146, 148, 208, 232
Dung	128	- bewirtschaftung	116, 148
- sorten	128	- flächen	090, 114
- produzenten	128	- nutzung	068, 146
Düngung	008, 130		
<u>E</u>		<u>H</u>	
Einzeller	244	Häufigkeitsverteilung	146
Endophytische Pilze	242	Heimvorteil	236
Enzyme	056	Herbivorie	126
Epichloë-Pilze	242	Heuschrecken	176
Epigenetisch	108	Hummeln	136, 138
Evolution	076		
<u>F</u>		<u>I</u>	
Fadenwurm	036, 048	Insekten	140, 148, 166, 176, 182
Fernerkundung	022	- gemeinschaften	176
Fledermäuse	164	- pflanzenfressende	110, 172
Forstwirtschaft	268	- sterben	180
Futterpflanzen	086	Interaktion	202
<u>G</u>		- Räuber-Beute-	154, 202
Gegenspieler	168		

Schlagwortverzeichnis

- Tier-Pflanze-	122	078, 098, 102, 114,
Isotope, stabile	230	130, 134, 136, 138,
↓		194, 224
<u>K</u>		Landschaftsebene
Käfer	156	148
- Aas-	166	Laserscanner
- Ambrosia-	168	014, 018, 022, 138,
- Dung-/Mist-	128, 130, 156, 158	250, 252
- Rüssel-	134	<u>M</u>
- Totholz-	150	Mahd
Keimung	090	008, 068, 086, 130,
Klee	086	170
Klimawandel	064, 266	Management
Kohlenstoff	042, 226	178, 182
- kreislauf	234	Massenspektrometrie
- vorrat	220	088
Konkurrenz	100	Merkmale (Trait)
- druck	014	- funktionelle
Körperform	140	062, 070, 082, 084,
Kräuter	070, 098	124
<u>L</u>		- ökologische
Landnutzung(s)	044, 084, 098, 124,	178
	176, 180	Messstation
- änderung	076	276
- index	102	Metabolit
- intensität	008, 034, 040, 056,	088, 106
		Methodenvergleich
		210
		mikrobielle Gemeinschaft
		040, 210, 232
		Mikrobiom
		194
		Mikroklima
		040, 200, 228, 232,
		276
		Mikroorganismen
		040, 204, 218, 228,
		232, 236, 238
		Milben
		048
		- horn
		160
		Mischbestand
		280

Anhang

Modellierung	020, 174	- diversität	038, 068
Monitoring	022	- eigenschaften, funktionelle	098, 100, 232
Moose	078, 080, 282	- fitness	110
Mykorrhizapilze	096, 196, 200, 226	- fresser	286
- Ekto-	226, 230	- gesundheit	082, 102
<u>N</u>		- gemeinschaften	110, 112
Nachtfalter	142	- umgebung	072
Nährstoff	034	- vielfalt	094
Nährstoffkreislauf	032, 144, 198, 220	- wurzel	088, 224
Nahrung(s)	160	- züchtung	086
- kette	048	Phosphorkreislauf	032, 044, 050
- netz	036, 150, 154	Pilze	052, 190, 202, 216, 218, 220, 222, 226, 234, 238
- quelle	128	Plastizität - phänotypische	066
Nitrifikation	204	Plenterwald	268
<u>O</u>		Prädation	174
Ökosystem	182	Produktivität	250, 270
- dienstleistungen	080, 124	Protisten	202, 206
- funktionen	176, 218, 274, 276	<u>Q</u>	
- leistungen	040, 114	<u>R</u>	
- prozesse	218, 276	Reinbestand	280
organische Substanz	054	Resistenzgene	246
<u>P</u>		Ressourcen	158
Parasitoide	134	- nutzung	136
Pflanzen		Rotbuche	266
- blätter	212		

Schlagwortverzeichnis

S

Saatgut	074
Satelliten	278
Schnecken	184
Sequenzierung	202, 206
Spinnen	148
Spitzwegerich	108, 112, 134
Springschwänze	144
Statistik	012
Stickstoff	194, 200, 218
- eintrag	218
- kreislauf	030
Stoffkreisläufe	026
Streu	228
-laub	244
-schicht	212, 244
Struktur	278

T

Temperatur	010, 200, 276
Totholz	150, 190, 218, 220, 222, 236, 238, 264, 272
- zersetzung	096, 234, 236, 254, 262, 264
Trockenstress	262

U

Unterwuchs	286
------------	-----

V

Verbiss	286
Versuchspflanzen	088
Verwesung	198
Vielfalt	164
- biologische	124, 152
- genetische	266
- phylogenetische	126
Vögel	164

W

Wachstum(s)	274
- phase	086
Wald	054, 164, 260, 278
- bewirtschaftung	054, 162, 172, 226, 240, 268, 276, 282, 284, 286
- boden	040, 144
- dynamik	272
- höhe	020
- ökosystemdienstleistung	260
- struktur	018, 022, 226, 260, 262, 270, 274, 276, 280
Wanzen	132, 176

Wärmebild	010
Wasserbilanz	038
Weidetiere/Nutztiere	242
Wirt(s)	
- pflanze	132
Wurzel	010, 042, 106, 228, 240
-merkmale	062
<u>X</u>	
<u>Y</u>	
<u>Z</u>	
Zersetzer	144, 244
Zersetzungsprozesse (siehe auch Totholz- zersetzung)	222
Zikaden	176
- zwerg	152
Züchtung	086

Glossar

¹⁴C-Kohlenstoffisotope (Radiokohlenstoffdatierung) Ein Verfahren zur Altersbestimmung von kohlenstoffhaltigem und organischem Material durch radiometrische Datierung. In diesem Verfahren wird die Menge an gebundenen radioaktiven ¹⁴C-Atomen, die gemäß dem Zerfallsgesetz kontinuierlich abnimmt, bestimmt.

adult Erwachsener Organismus, nach Eintritt in die Geschlechtsreife.

abiotische Faktoren/abiotisch Physikalische und chemische Faktoren der unbelebten Umwelt, die auf Organismen einwirken. Dazu gehören u.a. Licht, Temperatur, Beschaffenheit des Bodens und Wasser. Gegenteil: biotische Faktoren.

Abundanz Die Zahl der Arten (Artenabundanz) oder der Individuen (Individuenabundanz) bezogen auf ihr Habitat.

Acidobakterien Eigenständiger Stamm innerhalb der Gruppe der Bakterien. Häufig

als DNA-Sequenz zu finden, aber nur wenige Laborkulturen gelungen.

aliphatisch Bezeichnung für einen Struktur- aufbau organischer Kohlenwasserstoffe.

Alkaloide Pflanzeninhaltsstoffe, die zu- meist giftig sind. Alkaloide spielen eine wichtige Rolle bei Speicherungs- und Entsorgungsprozessen von überschüssigem Stickstoff. Ein bekanntes Beispiel für ein Alkaloid ist Nicotin.

Altersklassenwälder Bezeichnung einer Betriebsform von Wäldern, bei der die Bäume in einem wiederkehrenden Zyklus wie folgt bewirtschaftet werden: Pflanzung, Pflege, Ernte (Kahlschlag) und erneutes Pflanzen.

Amplikon 454-Pyrosequenzierung Pyrosequenzierung bezeichnet eine Variante der DNA-Sequenzierung, die auf der Detektion von freigesetzten Pyrophosphaten beim Einbau von Nukleotiden basiert.

Amplitude Schwingungsweite, Scheitelwert, der Maximalwert einer sich periodisch ändernden physikalischen Größe (einer Schwingung) während einer Periode.

antagonistische Interaktion/Antagonist In der

Ökologie wird eine Art als Antagonist bezeichnet, die in Konkurrenz bzw. Feindbeziehung zu einer anderen Art steht. Beide Arten sind dann zueinander Antagonisten. Das Gegenstück zum Antagonisten ist der Synergist.

anthropogen Vom Menschen beeinflusst oder geschaffen, durch menschliche Einwirkung verursacht.

Archaea Eine Gruppe der zellulären Lebewesen, die den Bakterien ähneln, sich in ihrem Aufbau aber unterscheiden. Sie sind auch unter dem Begriff Urbakterien bekannt.

Arthropoden Gliederfüßer. Ein sehr umfangreicher Stamm des Tierreichs, zu dem die Tiergruppen Insekten, Tausendfüßer, Krebstiere und Spinnentiere gehören.

ATR-FTIR-Spektren Für die Infrarot-Spektrometrie (IR) wird in Abhängigkeit von der Wellenlänge die Absorption infraroten Lichtes durch das Probenmaterial gemessen. Daraus ergibt sich ein Spektrum, das einen charakteristischen „molekularen Fingerabdruck“ liefert, mit dem Proben auf verschiedene organische und anorganische Inhaltstoffe untersucht und geprüft werden können. Durch die Fourier-Transform-In-

frarot-Spektroskopie (FT-IR-Spektroskopie) ist es möglich, alle spektralen Informationen zeitgleich aufzunehmen anstatt einzeln nacheinander. Das Standardverfahren zur Messung von FT-IR-Spektren ist die abgeschwächte Totalreflexion (ATR). Dabei durchläuft das Infrarotlicht einen speziellen Kristall (aus Diamant, ZnSe oder Germanium) und tritt mit der auf dem Kristall liegenden Probe in eine Wechselwirkung. Daraus ergibt sich ein Spektrum, das alle substanzspezifischen Charakteristika zeigt.

aviäre Hämospodien Blutparasiten von Vögeln, die durch Arthropoden übertragen werden.

Barcoding Eine Methode zur Artenbestimmung anhand eines kurzen Genabschnitts, dem Markergen. Die Abfolge der Basenpaare dieses Genabschnitts ist für jede Art einzigartig und kann zuverlässig zur Artidentifikation genutzt werden.

biotische Faktoren Einflüsse, die von Organismen ausgehen und auf andere Organismen wirken. Hier steht also die Wechselwirkung zwischen Lebewesen im Vordergrund. Dazu gehören u.a. Konkurrenz, Räuber-Beute-Beziehung, Parasitismus und Symbiose. Gegenteil: abiotische Faktoren.

Bodenkrusten Komplexe Gemeinschaft aus photosynthetisch aktiven Grünalgen, Cyanobakterien, Moosen und Flechten, heterotrophen Pilzen, Protozoen und Bakterien, die die obersten Millimeter des Bodens bedecken.

Bodensamenbank Vorrat an keimfähigen Pflanzensamen im Boden, die bei günstigen Umweltbedingungen auch nach mehrjähriger Samenruhe keimen können.

Dickung Eine Dickung (forstwirtschaftlich) ist ein heranwachsender Bestand nach Eintritt des Bestandsschlusses. Die Zweige der Bäume berühren sich oder überlappen in dieser Phase, sie bilden ein geschlossenes Kronendach.

Diptera Die Zweiflügler (Diptera) bilden eine der artenreichsten Ordnung der Insekten. Zu den Zweiflüglern gehören knapp 140.000 Arten, wobei in Mitteleuropa ca. 9.450 Arten zu finden sind.

Diversität Beschreibt die Vielfalt unterschiedlichen Lebens in einem bestimmten Landschaftsraum. Man unterscheidet zwischen α -, β - und γ -Diversität. Die α -Diversität ist das Maß für die Artenvielfalt eines Lebensraums. Sie beschreibt die

Anzahl der in einem Habitat oder Biotop vorkommenden Arten. β -Diversität ist das Maß für den Unterschied in der Artenvielfalt zwischen verschiedenen räumlich in einer Landschaft verteilten Lebensgemeinschaften. Die γ -Diversität beschreibt die Artenvielfalt einer Landschaft, beginnend von ca. 1.000 ha bis hin zu ca. 1.000.000 ha. Demnach beinhaltet die γ -Diversität meist eine Vielzahl von α -Diversitäten, die sich jedoch nicht zwingend bedeutend durch ihre β -Diversitäten unterscheiden müssen.

Effektmerkmale Als Effektmerkmale werden Merkmale bezeichnet, deren Änderung einen Effekt auf das sie umgebende Ökosystem und andere darin vorkommende funktionelle Merkmale hat.

Ellenberg Zeigerwerte Ein von Heinz Ellenberg Mitte der 1970er-Jahre etabliertes Klassifikationsverfahren für mitteleuropäische Pflanzen, das sich auf ökologische und botanische Beobachtungen stützt. Beobachtet wird das tatsächliche Vorkommen

Glossar

der Art im Gelände in Abhängigkeit von der Ausprägung verschiedener Bioindikatoren: Licht, Temperatur, Grad der Kontinentalität, Feuchte, Boden-pH-Wert und Stickstoffgehalt.

Endophytische Pilze Pilze, die im Inneren einer Pflanze leben. Manche endophytische Pilze können Krankheitssymptome hervorrufen, andere hingegen fügen der Wirtspflanze keinen Schaden zu und können sogar in einer vorteilhaften Symbiose mit der Pflanze stehen, indem sie wachstumsfördernde Substanzen oder Alkaloide produzieren, die die Pflanze vor Fressfeinden schützt.

Endosphäre Zusammenfassender Begriff für alle Schalen und Bestandteile der Erde unterhalb der Gesteinssphäre.

Entomophagen Räuberische Organismen, die Insekten jedes Entwicklungsstadiums fressen oder parasitär aus ihnen Nahrung gewinnen. Sie werden auch zur biologi-

schen Schädlingsbekämpfung eingesetzt, da das Wirtstier dabei zugrunde geht.

Enzymkinetik Die Enzymkinetik beschreibt, wie schnell enzymkatalysierte chemische Reaktionen verlaufen.

Epichloë Eine Pilzgattung, die zur Familie der Mutterkornpilzverwandten (*Clavicipitaceae*) gehört. Sie lebt endophytisch und in Symbiose in verschiedenen Süßgräsern, da sie der Pflanze durch die Produktion von Alkaloiden einen Fraßschutz verleiht. Die Wirtspflanze versorgt im Gegenzug den Pilz mit Nährstoffen und kontrolliert sein Wachstum.

Epigenetik Ein Fachgebiet der Biologie, das Änderungen von Genfunktionen untersucht, die nicht mit einer Veränderung der Nukleotidsequenz der DNA, etwa durch Mutation oder Rekombination, zu tun hat. Die epigenetische Regulation greift in die Ebene „darüber“ ein, indem z.B. Enzyme bestimmte Abschnitte der DNA verändern und somit diese Abschnitte besser oder schlechter abgelesen werden können.

Ergovalin Ergovalin ist ein Alkaloid, d.h. eine natürlich vorkommende organische Verbindung, die auf den tierischen Orga-

nismus wirkt. Ergovalin wird von auf und in verschiedenen Süßgräsern lebenden Pilzen der Gattungen *Epichloë* und *Neotyphodium* produziert.

Eukaryonten Organismen, deren Zellen einen echten membranumgebenen Zellkern und eine reiche Kompartimentierung durch Membranen aufweisen.

Eutrophierung Anreicherung von Nährstoffen in einem Ökosystem, die meist mit nachteiligen Folgen für die Ökologie einhergeht. Ursächlich für eine Eutrophierung sind häufig menschliche Aktivitäten.

Evapotranspiration Summe aus Transpiration und Evaporation. Die Transpiration beschreibt die Verdunstung von Wasser aus tierischen und pflanzlichen Organismen, während die Evaporation die Verdunstung von Boden- und Wasseroberflächen quantifiziert.

Fernerkundung Begriff für die kontaktlose Beobachtung und Vermessung der Erde aus der Luft oder dem Weltraum mithilfe von Flugzeugen und Satelliten sowie für die Methoden der Verarbeitung der dabei gewonnenen Daten (digitale Bildverarbeitung, Bildanalyse)

Flagellaten Flagellaten (Geißeltierchen) sind eine Gruppe der Einzeller. Charakteristisch sind ihre peitschenähnlichen Zellfortsätze (Geißeln).

Flüssigchromatographie-Massenspektrometrie (LC-MS) Analytisches Verfahren, bei dem mittels einer chromatographischen Trennung komplexe Stoffgemische in einzelne chemische Verbindungen getrennt und durch die Massenspektrometrie verifiziert und quantifiziert werden.

Fraktale Analyse Insbesondere erweist sich die Fraktalgeometrie dann als geeignet, wenn es um die Beschreibung äußerst komplexer Strukturen lebender Organismen geht: z.B. baumähnlich verzweigende Strukturen in Pflanzen, Atmungsorganen und Blutgefäßen.

Fruchtkörper (Pilze) Fruchtkörper (Karpocoma) bezeichnet die Fortpflanzungsorgane mehrzelliger Pilze. Sie entsprechen dem, was oberirdisch als „Pilz“ sichtbar ist und als solcher bezeichnet wird.

funktionelle Merkmale (Traits) Funktionelle Merkmale sind Eigenschaften von Organismen, die wichtige Prozesse wie das Wachstum oder die Verbreitung beeinflussen. Sie

lassen sich unterteilen in morphologische, anatomische, physiologische, biochemische und phänologische Merkmale. Funktionelle Merkmale helfen dabei, die Funktion von Organismen in Ökosystemen zu untersuchen.

funktionelle Ökologie Die funktionelle Ökologie untersucht die Rolle und Funktion von Organismen oder Organismengemeinschaften in Ökosystemen. Hierfür werden die Organismen durch ihre funktionellen Merkmale charakterisiert.

Gefäßpflanzen Pflanzen, die im Inneren Leitbündel für den Wasser- und Nährstofftransport besitzen.

Generalisten/Generalismus Lebewesen, die in ihren Umweltansprüchen und in ihrem Verhalten wenig spezialisiert sind. Sie können beispielsweise unterschiedliche Ressourcen nutzen und sind empfindlicher oder weniger empfindlich gegenüber großen Schwankungsbereichen von Temperatur, Feuchte, Licht etc. Der Gegensatz hierzu sind Spezialisten.

Genotypisierung Methode zur Bestimmung von genetischen Unterschieden zwischen Lebewesen.

Gilde Bezeichnung für eine Gruppe von Arten, die identische Ressourcen (wie Nahrung, Mikrohabitate) in ähnlicher Weise nutzen.

gravimetrisch Bestimmung der Masse durch Auswaage.

Habitat Charakteristischer Lebensraum einer Art (evtl. mehrere Teilhabitate für Eiablage, Larvenstadium, Imaginallebensraum, Paarungsraum).

Herbivore Tiere, die sich von Pflanzen ernähren.

Hochdurchsatz-Sequenzierung/Next Generation Sequencing (NGS) Sammelbegriff für eine Gruppe neuer Sequenzierungsmethoden, mit denen mehrere DNA-Abschnitte in einem Durchgang parallel sequenziert werden können.

Holzstrahlen Auch Markstrahlen genannt, durchziehen den Holzkörper vom Inneren des Marks bis nach außen zur Borke. Sie

Glossar

dienen der Versorgung des Holzkörpers mit Wasser und Nährstoffen.

Hyphen Fädige Vegetationsorgane (Zellfäden) von Pilzen.

Indikatorart Auch Zeigerarten genannt, reagieren empfindlich auf Veränderungen der Umweltbedingungen und ermöglichen damit eine Erkennung spezifischer Umweltfaktoren.

inert Substanzen, die unter den herrschenden Bedingungen nicht oder nur in sehr geringem Maße mit ihren potenziellen Reaktionspartnern (z.B. Luft, Wasser) reagieren, werden als chemisch inert bezeichnet.

intra-/interspezifische Beziehungen Beziehungen von Individuen innerhalb einer Art werden als intraspezifisch bezeichnet. Beziehungen zwischen Individuen oder Populationen verschiedener Arten nennt man hingegen interspezifisch.

Isotope, -stabile Arten von Atomen, deren Atomkerne gleich viele Protonen (gleiche Ordnungszahl), aber verschieden viele Neutronen enthalten. Sie haben dann verschiedene Massenzahlen, stellen aber das gleiche Element dar. Die Isotope eines Elements verhalten sich chemisch fast identisch.

Kambium Für das Dickenwachstum verantwortliche Gewebeschicht einer Pflanze. In Bäumen liegt das Kambium zwischen der Splintholzzone und der Rinde.

kapillarer Aufstieg Aufsteigen von Grund- oder Stauwasser im Boden, wenn dem Boden Wasser durch Verdunstung oder durch den Verbrauch durch Pflanzen entzogen wurde.

Kernholz Die physiologisch nicht mehr aktive im Stammquerschnitt innere Zone vieler Baumarten. Meist dunkel gefärbt und im Inneren gelegen. Zeichnet sich deutlich vom äußeren, hellen Splintholz ab.

Klimatorium Messturm, meist eigens vor Ort errichtet, um Klimaparameter in verschiedenen Höhen zu messen.

Konfidenzband In der Statistik wird als

Konfidenzband ein Intervall bezeichnet, welches die Präzision der Lageschätzung eines Parameters (z. B. eines Mittelwerts) angibt. D.h. es beschreibt einen Bereich, in dem mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit (dem Konfidenzniveau) der Parameter einer Verteilung liegt.

Leguminosen Auch Hülsenfrüchtler genannt, stellen die drittgrößte Familie unter den höheren krautigen und holzigen Pflanzen dar. Leguminosen gehören zur Ordnung der Schmetterlingsblütenartigen und werden teils kultiviert. Dazu gehören unter anderen Linsen, Bohnen, Erbsen oder Erdnüsse.

LiDAR LiDAR ist eine dem Radar verwandte Methode zur optischen Abstands- und Geschwindigkeitsmessung. Anstatt Radiowellen wie beim Radar werden Laserstrahlen verwendet.

Lignin Ein in der pflanzlichen Zellwand eingelagertes Biopolymer, das die Verholzung der Zelle bewirkt (Lignifizierung).

Lolitrem B Bezeichnet eines von vielen Giften, das von dem Pilz *Epichloë festucae* produziert wird. Das Gift schädigt die Pflanze nicht, jedoch deren Fressfeinde wie beispielsweise Insekten.

Lorey'sche-Höhe Durchschnittliche Höhe eines Waldbestandes.

Markergen/-DNA-Marker/molekulare Marker Als Markergen bezeichnet man in der Molekularbiologie eindeutig identifizierbare, kurze DNA-Abschnitte, deren Ort im Genom bekannt ist. Sie spielen eine wichtige Rolle in der molekularbiologischen Forschung und Analytik und werden z.B. genutzt, um zu überprüfen, ob eine Transformation – also die Einführung eines Gens in eine neue Zelle – erfolgreich war.

Massenspektrometrie Methode zur Strukturaufklärung und Quantifizierung von Molekülen in einem Stoffgemisch. Häufig eingesetzt in der Spurenanalyse zur Ermittlung von organischen und anorganischen Substanzen.

Mesophilie Lebewesen, die mittlere und nicht extreme Umweltbedingungen (insbesondere bei Temperaturen) bevorzugen, nennt man mesophil. Das Wachstumsoptimum bei diesen Organismen liegt zwischen 20 und 45 °C.

Metagenom Als Metagenom wird die Gesamtheit der genomischen Information von Mikroorganismen in einer bestimmten Le-

bensgemeinschaft oder Lebensraum zum Zeitpunkt der Untersuchung bezeichnet. Durch neue metagenomische Methoden wird die Identifizierung von unkultivierbaren Mikroorganismen ermöglicht.

Metapopulation Eine Metapopulation beschreibt eine Gruppe von Teilpopulationen (Subpopulationen) innerhalb einer Art, die untereinander einen eingeschränkten Genaustausch haben. Dadurch kann es passieren, dass einzelne Populationen in einem Siedlungsgebiet aussterben, jedoch auch durch Immigration neue Populationen gegründet werden.

Methylierung Bei der DNA-Methylierung werden DNA-Basen chemisch modifiziert, indem Enzyme (Methyltransferasen) Methylgruppen auf die Nukleobasen an bestimmten Stellen der DNA übertragen. Es ist ein regulatorischer Prozess, der die Aktivität von Genen steuert. Es handelt sich um keine genetische Mutation, sondern eine Modifikation der Erbsubstanz.

Metriken Methode, um die Größe von Abständen zu ermitteln.

Mikrobiom Gesamtheit aller Mikroorganismen eines Lebensraumes.

Mikrohabitat Ein Lebensraum mit kleiner räumlicher Ausdehnung (auch Kleinlebensraum), z.B. Grashorst im Grasland, Flechtenrasen auf einer Rinde.

Mikroklima Klima, das in einem kleinen, klar umrissenen Bereich vorherrscht. Mikroklimata umfassen Gebiete von wenigen Metern bis hin zu einigen Kilometern und werden durch die örtlichen Begebenheiten wie die Beschaffenheit des Bodens, die Geländeform, die Art und Dichte der Pflanzen und Bauwerke beeinflusst.

Monitoring Regelmäßige oder kontinuierliche Beobachtung von biotischen und/oder abiotischen Komponenten der Umwelt, um schädliche Einflüsse oder Stoffe zu erkennen und zu quantifizieren.

morphologisch Auf Struktur und Form von Organismen und deren Teile bezogen.

multivariate Analysen Komplexe statistische Methoden, bei denen zwei oder mehr

Glossar

abhängige Variablen gleichzeitig untersucht werden. Bei einem univariaten Verfahren hingegen wird nur eine einzige abhängige Variable betrachtet.

mutualistische Interaktion In der Ökologie bezeichnet man hiermit eine Wechselbeziehung zwischen Lebewesen zweier Arten, aus der beide Partner Nutzen ziehen. Dies steht im Gegensatz zur Konkurrenz oder Räuber-Beute-Beziehung.

Mykobiom Analog zum Begriff Mikrobiom bezeichnet es die Gesamtheit aller kommensalen oder pathogenen Pilze, die einen bestimmten Lebensraum besiedeln.

Mykorrhiza Mykorrhiza ist eine Form der Symbiose, wobei ein Pilz mit dem Feinwurzelsystem einer Pflanze im Kontakt steht.

-Ektomykorrhizapilze Symbiose zwischen Pilzen und Pflanzen, bei der die Pilzhypen zwischen den Zellen der Wurzel wachsen. Kommt hauptsächlich bei Waldbäumen vor.

-arbuskuläre Mykorrhizapilze Sie sind die verbreitetsten und ältesten Mykorrhizapilze und leben im Erdreich. Viele Landpflanzen gehen mit ihnen eine symbiotische Beziehung ein.

Nahrungsnetz Ein System aus zahlreichen miteinander verbundenen Nahrungsketten. Nahrungsnetze sind i.d.R. sehr komplex, da ein Pflanzenfresser meist mehrere Pflanzenarten verzehrt und ein Räuber sich von verschiedenen Beutetieren ernährt.

Nanoflagellaten Der Begriff bezeichnet sehr kleine, weniger als ein hundertstel Millimeter große einzellige Organismen, die pauschal als „Nanoflagellaten“ bezeichnet werden und eine dominante Gruppe des Zooplanktons ausmachen.

Nekrophagen Wissenschaftlicher Ausdruck für Aasfresser.

Ökosystemleistungen Bezeichnet die „Nutzenstiftungen“ bzw. „Vorteile“, die Menschen von Ökosystemen beziehen. Beispiele für Ökosystemdienstleistungen sind das Bestäuben von Obstblüten durch Insekten, die Bereitstellung von nutzbarem Bewässerungs- und Trinkwasser durch natürliche Filtration von Niederschlag, die Reproduktion

von Fischpopulationen als Nahrungsmittel sowie die Bereitstellung von frischer Luft und einer ansprechenden Umwelt für Freizeit, Erholung und ästhetische Erbauung.

Ökosystemfunktionen Allgemeine Bezeichnung für Interaktionen und Prozesse in einem Ökosystem.

Organische Verbindungen Sammelbezeichnung für die von Kohlenstoff abgeleiteten chemischen Verbindungen (auch als organische Stoffe, organisches Material bezeichnet), deren Eigenschaften, Strukturen und Umsetzungen Gegenstand der organischen Chemie sind.

OTU Die OTU (operative taxonomische Einheit) wird verwendet, um Gruppen von eng verwandten Individuen zu klassifizieren. OTU ist die am häufigsten verwendete Einheit zur Messung der mikrobiellen Vielfalt.

ozeanisch Klima, das stark vom Meer bestimmt und deshalb über den Tages- und Jahresgang keine starken Schwankungen in Feuchtigkeit und Temperatur aufweist.

pathotrophe Pilze Pilze können nach ihrer Bodenfunktion kategorisiert werden. Da-

bei werden Pilze, die zu Pflanzen- oder Tierkrankheiten führen als pathotroph bezeichnet.

Peramin Alkaloid, das die Pflanze vor Insektenfraß schützt.

Persistenz Die Eigenschaft von Stoffen, die unverändert durch physikalische, chemische oder biologische Prozesse über lange Zeiträume in der Umwelt verbleiben.

Pfadanalyse Statistisches Datenanalyseverfahren, das auf multivariaten Verfahren beruht. Dabei werden Hypothesen zur Kausalbeziehung analysiert. Es werden Pfadmodelle, d.h. theoretisch hergeleitete Modelle kausaler Zusammenhänge zwischen Variablen, empirisch überprüft.

phänotypische Differenzierung Phänotypische Variation bezeichnet die Unterschiede von (bspw. morphologischen) Merkmalen zwischen Lebewesen einer Art oder verwandter Arten.

Phospholipidfettsäuren Phospholipide sind eine Gruppe von Lipiden mit Phosphatgruppe. Phospholipide gehören zu den polaren Lipiden. Phospholipide setzen sich aus einem hydrophilen (wasserliebenden)

Kopf und zwei hydrophoben (wasserabweisenden) Kohlenwasserstoffschwänzen zusammen.

Photosynthese Ein biochemischer Prozess, bei dem Kohlenstoffdioxid und Wasser durch Sonnenlicht in grünen Pflanzen zu Sauerstoff und Zucker umgewandelt wird.

Phylogenie Erfassung der Abstammung.

Phylogenetische Vielfalt Maß für die biologische Vielfalt, das den phylogenetischen Unterschied zwischen Arten berücksichtigt.

Phylum/-Phyla Deutsch auch Stamm. Bezeichnet eine hierarchische Rangstufe einer Gruppe innerhalb der biologischen Systematik der Taxonomie (Einzahl-/Mehrzahl).

Physiologie Lehre von den Lebensvorgängen und Lebensäußerungen in Zellen, Geweben und Organen von Bakterien, Pflanzen, Pilzen, Tieren und des Menschen.

Phytometerpflanzen/-versuch Als Phytometer werden Pflanzen bezeichnet, die genetisch homogen und gleichaltrig sind, also z.B. aus den Samen einer Mutterpflanze stammen, und die als Messinstrumente für Umweltbedingungen gelten können.

Plastizität Fähigkeit von Lebewesen, ihre Eigenschaften unterschiedlichen Umweltbedingungen anzupassen. Dies führt zu Unterschieden zwischen Arten (interspezifische Plastizität) sowie Unterschieden innerhalb einer Art (intraspezifische Plastizität).

Plenterwälder Sich stetig verjüngende Dauerwälder, in denen Bäume aller Dimensionen kleinstflächig vermischt sind. Im Plenterbetrieb werden einzelne Bäume gefällt und so ein permanenter Hochwald geschaffen.

Polymorphismen Auftreten von genannten Sequenzvariationen in Genen einer Population.

Populationsdynamik Beschreibt die Veränderung der Größe und der räumlichen Verbreitung biologischer Populationen im zeitlichen Verlauf.

Primer Ein Oligonukleotid, das für DNA-

Glossar

replizierende Enzyme (wie die DNA-Polymerase) als Startpunkt dient.

Prokaryoten Mikroorganismen, die keinen Zellkern besitzen.

Protisten Die Protisten sind eine Gruppe nicht näher verwandter mikroskopischer Lebewesen, die lange als Taxon (systematische Einheit) betrachtet wurden. Es handelt sich um einzellige Lebewesen oder Mikroorganismen, die einen echten Zellkern besitzen.

qPCR-undIllumina-Sequenzierung Methode zur Aufklärung der DNA-Struktur.

Reaktionsmerkmale Als Reaktionsmerkmale werden funktionelle Merkmale bezeichnet, die auf veränderte Umweltbedingungen reagieren/eine spezifische Reaktion zeigen.

Redundanz In Ökosystemen das Vorhandensein von Kapazität, die im betrachteten

Moment nicht für Funktionen oder Prozesse benötigt wird. Bei Veränderungen oder Störungen können redundante Arten aber auch Funktionen übernehmen.

Renaturierung Maßnahmen zur Wiederherstellung von vom Menschen veränderten oder zerstörten Lebensräumen in einen möglichst naturnahen Zustand.

Resilienz Fähigkeit eines Ökosystems nach einer Störung zum Ausgangszustand zurückzukehren. „Abfederungsvermögen“ von Systemen gegenüber äußeren Störungen.

Rhizosphäre Bereich des Bodens, der unmittelbar durch eine lebende Wurzel beeinflusst wird.

Ribosomale RNA Die ribosomale RNA (engl. ribonucleic acid, dt. Ribonukleinsäure, kurz RNA) ist eine RNA, die in Ribosomen (Teil einer Zelle) zu finden ist. Sie ist dem Aufbau von DNA (engl. deoxyribonucleic acid, dt. Desoxyribonukleinsäure) ähnlich, aber im Gegensatz dazu nur einsträngig.

Ruderalart Ruderalvegetation (von lateinisch rudus „Schutt“) wird die Pflanzenwelt

von menschlich tiefgreifend überprägten Standorten genannt, deren Zusammensetzung nicht vom Menschen beabsichtigt wurde, sondern die sich entweder auf ungenutzten bzw. brachgefallenen Flächen von ihm unbeachtet oder auf devastierten, übernutzten oder vegetationsfrei gehaltenen Böden vielfältig einstellt.

Rückegassen Unbefestigter forstwirtschaftlicher Weg im Wald, auf dem gefällte Bäume vom Hiebort abtransportiert werden.

saprotroph/Saprophyt/Saprobiont Bezeichnung für Organismen (Bakterien, Pilze, höhere Pflanzen, Tiere), die tote organische Substanzen als Nahrung nutzen.

SAR-Interferometrie Bildgebendes Radarverfahren, das als Vermessungsmethode dient.

Schirmschlagverfahren Eine Form des Holzeinschlags in der Forstwirtschaft, bei der der Altbestand des Waldes allmählich und gleichmäßig aufgelichtet wird. Unter dem aufgelockerten Schirm werden so die jeweiligen mikroklimatischen Bedingungen für die angestrebte Naturverjüngung geschaffen.

Schlüsseltaxon Ein Taxon, das eine wichtige und herausragende Rolle in einem Ökosystem einnimmt.

Sequenzierung/DNA-Sequenzierung Ein molekularbiologisches Analyseverfahren, bei dem die Reihenfolge der molekularen Bausteine der DNA (Nukleotide) bestimmt wird.

signifikant Ein statistisches Ergebnis wird als signifikant bezeichnet, wenn die Irrtumswahrscheinlichkeit, eine angenommene Hypothese treffe auch auf die Grundgesamtheit zu, nicht über einem festgelegten Niveau liegt.

Shannon-Diversität Der Shannon-Wiener-Index bildet die Diversität einer Lebensgemeinschaft ab. Er steigt mit zunehmender Artenzahl und zunehmender Gleichverteilung der relativen Abundanz der einzelnen Arten an und gibt den Informationsgehalt einer Artengemeinschaft an.

Spektralbänder Geben die Lage im elektromagnetischen Spektrum und die Bandbreite der Aufnahmekanäle der Multispektralsensoren an. Je schmaler die Bandbreite und je höher die Anzahl der Bänder ist, desto besser ist die spektrale Auflösung eines Sensors.

Splintholz Das Splintholz liegt unterhalb des Kambiums im Stamm eines Baumes. Es handelt sich dabei um das junge, physiologisch aktive Holz.

Standardfehler Der Standardfehler beschreibt die mittlere Abweichung des Mittelwertes einer Stichprobe vom tatsächlichen Mittelwert der Grundgesamtheit.

Stangenhölzer Natürliche Altersstufen in einem bewirtschafteten Wald mit überwiegend Bäumen mit 7 bis 20 cm Brusthöhen-durchmesser.

Sterole Chemische Verbindungen wie z.B. das Cholesterin. Sterole kommen sowohl in Pflanzen als auch in Tieren vor.

Suberin Suberin ist ein in den Zellwänden eingelagertes pflanzliches hydrophobes Biopolymer. Suberinisierte Zellen finden sich sowohl im Periderm als sekundäres Abschlussgewebe als auch in unterirdischen Pflanzenorganen.

Sukzession Unter Sukzession versteht man eine zeitliche Abfolge der natürlichen Rückkehr der für einen Standort typischen Lebensgemeinschaften (Pflanzen-, Tier- und Pilzgesellschaften) innerhalb eines Lebens-

raumes. Ausgang der Sukzession ist eine Störung, wie bspw. durch Sturmschäden, Lawinen, Rodungen. Es wird ein stabiles Endstadium erreicht, das durch vorherrschende Umweltfaktoren (hauptsächlich Klima und Boden) bestimmt wird.

Symbiose Beschreibt das enge Zusammenleben zweier verschiedener Organismen, das im Allgemeinen für beide Partner lebensnotwendig geworden ist.

Taxon Als Taxon wird in der Biologie eine Einheit bezeichnet. Dieser Einheit wird anhand bestimmter Kriterien eine Gruppe von Lebewesen zugeordnet.

taxonomische Vielfalt Anzahl verschiedener Taxa, die sich z.B. in einem Ökosystem befinden.

temperate Wälder Wälder, die sich in einer gemäßigten Klimazone befinden.

Terrestrisches Laserscanning Beim terres-

Glossar

trischen Laserscanning, kurz TLS, wird die Oberflächengeometrie von Gegenständen mittels Pulslaufzeit und Phasendifferenz digital erfasst.

trophisch Die Nahrung bzw. Ernährung eines Organismus betreffend.

trophischeEbene/-Gruppe Alle Organismen mit einer gleichen Position in der Nahrungskette.

Überhälter Forstliche Bezeichnung für einzelne ausgewachsene Bäume, deren Krone deutlich über die sie umgebenden Gehölze ragt.

Vektor Ein Vektor ist in der Biologie und der Medizin ein Überträger von Krankheitserregern, die Infektionskrankheiten auslösen. Der Vektor transportiert einen Erreger vom Wirt auf einen anderen Organismus, erkrankt dabei aber nicht selbst.

Wurzelexsudate Ausscheidungen von or-

ganischen Verbindungen wie z.B. Hormonen oder Aminosäuren aus Wurzeln.

X-Band Spezifischer Frequenzbereich im elektromagnetischen Spektrum.

X-Band SAR Ein Synthetic Aperture Radar (Abkürzung SAR, deutsch etwa „Radar mit synthetischer Apertur“) gehört zur Klasse der abbildenden Radare und wird als Sensor zur Fernerkundung genutzt. Es wird wie ein Side-Looking-Airborne-Radar aus Flugzeugen oder Satelliten eingesetzt und liefert wie diese eine zweidimensionale Darstellung eines Geländeausschnitts durch Abtastung der Erdoberfläche mit elektromagnetischen Wellen, allerdings mit einem sehr viel höheren Auflösungsvermögen.

Zeigerorganismen Tier- oder Pflanzenarten mit besonderen Ansprüchen an ihren Lebensraum. Durch ihr Vorkommen kann man auf bestimmte Umweltfaktoren rückschließen.

Impressum

Biodiversitäts-Exploratorien
BEO - Biodiversity Exploratories Office

Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung
Senckenberganlage 25
60325 Frankfurt

beo@senckenberg.de
www.biodiversity-exploratories.de



Gefördert durch die
Deutsche Forschungsgemeinschaft

Projektsprecher:
Prof. Dr. Markus Fischer

Texte:
Autor*innen der Publikationen

Textüberarbeitung:
Biodiversity Exploratory Office (BEO)
Local Management Teams (LMT)
Zentrales Datenmanagement

Korrektorat/Lektorat:
Martina Möller / Frankfurter Lektorat

Gestaltung:
Bureau Mitte, Frankfurt

Druck:
Print Simply GmbH, Frankfurt/M.

März 2021

