



Die WSL wird reorganisiert

Verantwortlich für die Herausgabe des vorliegenden Informationsblattes war bislang, wie es der Name besagt, der Forschungsbereich Landschaft der WSL. Was viele Lesern kaum bemerkt haben dürften: Verschiedene der Artikel stammten schon seit längerer Zeit von Autoren des Forschungsbereiches Wald und Waldthemen wurden immer wieder aufgegriffen. Die Trennung von Wald und Landschaft (und den Naturgefahren, dem dritten Forschungsbereich der WSL) ist nicht mehr den heutigen Gegebenheiten entsprechend und soll im Rahmen der nun laufenden Reorganisation auf das Jahr 2006 aufgegeben werden. Natürlich gibt es noch weitere Gründe dafür, die WSL neu zu strukturieren. Gefordert wird eine Straffung der Forschung, eine verstärkte Zusammenarbeit mit Partnerinstituten und eine Überprüfung der Forschungsziele, die sich noch stärker an den gesellschaftlich relevanten Fragestellungen orientieren sollen. Zu diesem Zwecke muss ein grösserer Anteil der Projekte in Programmen abgewickelt werden, die der Komplexität heutiger Probleme besser Rechnung tragen können. Für die Leser des Informationsblattes dürften die vorgesehenen Massnahmen keine oder gar nur positive Auswirkungen haben. Ein wichtiger Abnehmerkreis für die Leistungen der WSL bleiben Fachpersonen und an unseren Themen interessierte Kreise. Diese sollen auch zukünftig mit den entsprechenden Informationen versehen werden. Die zu wählende Form und das zu benützende Medium sind noch offen und Gegenstand eingehender Abklärungen. Über allfällige Änderungen werden wir die Leser des Informationsblattes jedenfalls ständig auf dem Laufenden halten.

Dr. J. Roost, Direktor WSL a.i.

Die unerträgliche Leichtigkeit, eine reine Eiche zu sein

Blattmorphologie und genetischer Fingerabdruck als unterschiedlich einsetzbare Bestimmungshilfen

Intensiv und lange wird schon darüber geforscht: Hybridisieren Stiel- und Traubeneichen? Wie oft kommen Hybriden vor? Ist das Vorkommen von Hybriden aus forstlicher Sicht ein relevantes Problem? Und um welche Eichenart handelt es sich bei einem Einzelbaum überhaupt? Diesen gegenwärtig heftig debattierten Fragen hat sich ein Team der WSL-Abteilung Genetische Ökologie angenommen. In Zusammenarbeit mit europäischen Forschungspartnern wurde untersucht, wer von wem bestäubt wird und wie weit Pollen übertragen werden kann. Zusätzlich wurde ein neuer Ansatz getestet, dank dem einzelne Bäume aufgrund ihres genetischen Fingerabdrucks einer bestimmten Eichenart zugeordnet werden – die ersten Resultate sehen viel versprechend aus. Diese Methode würde es ermöglichen, die Artzugehörigkeit auch bei Saatgut oder sogar Holz zu bestimmen.

Felix Gugerli, Sabine Brodbeck, Rolf Holderegger

Wer schon einmal versucht hat, anhand der Blattmerkmale eine hiesige Eiche zu bestimmen, dem ist es wohl wie vielen anderen ergangen: Über die Artzugehörigkeit des Untersuchungsgegenstands sind Zweifel aufgekommen. Zwar weisen vielleicht die Blattöhrchen klar auf eine Stieleiche hin, doch der Blattstiel ist etwas gar lang. Und ist nicht noch etwas Behaarung auf der Blattunterseite erkennbar, was auf eine Traubeneiche schliessen liesse? Beim nächsten Blatt desselben Triebes siehts schon wieder etwas anders aus... Und wieso sind die Fruchtsiele nun doch länger als erwartet? Mit diesen Schwierigkeiten steht niemand alleine da. Verschiedene Ursachen lassen sich dafür finden, die sich grob in «genetisch» und «umweltbedingt» gruppieren lassen. Und damit die Sache nicht zu einfach wird, übt das Wechselspiel zwischen den genetischen Eigenschaften eines Individuums (Genotyp) und der Umwelt zusätzlichen Einfluss auf die äussere Erscheinung (Phänotyp) eines Individuums oder eines einzelnen Blattes aus. Dies ist schon daran zu erkennen,

Ces questions font depuis longtemps l'objet de recherches intensives: les chênes pédonculés et les chênes rouvres s'hybrident-ils? Quelle est la fréquence des hybrides? L'apparition d'hybrides est-elle un problème pertinent du point de vue de la foresterie? Mais aussi, de quelle espèce de chêne relève tel arbre individuel? Une équipe de la Section du WSL «Ecologie génétique» a décidé de se saisir de ces questions actuellement au cœur de vifs débats. Qui est pollinisé par qui? Sur quelle distance le pollen est-il transporté? Tels sont les thèmes qui ont été examinés en collaboration avec des partenaires de recherche européens. Un nouveau procédé a de plus été testé. Il permet de rattacher des arbres individuels à une espèce de chêne précise, grâce à leur empreinte digitale génétique – les premiers résultats sont plus qu'encourageants. Cette méthode permettrait aussi de déterminer à quelle espèce appartient telle semence, voire tel bois.

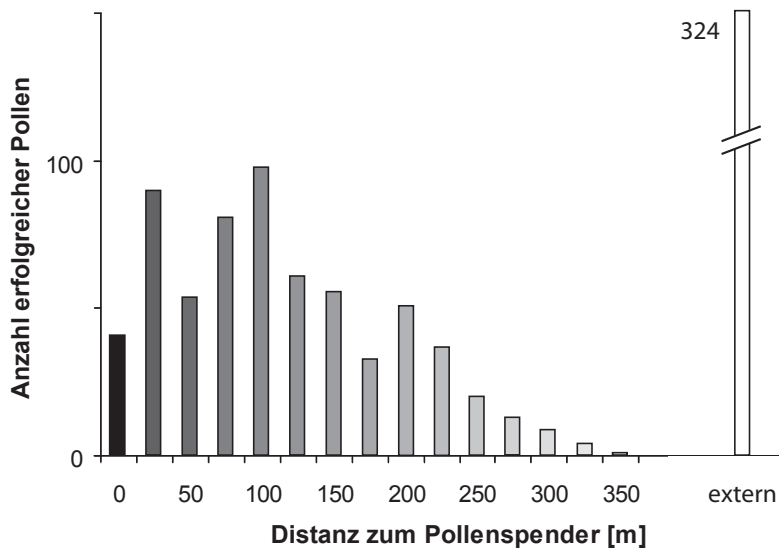


Abb. 1: Distanzverteilung der eindeutig identifizierten, erfolgreichen Pollenspender in einem gemischten Stiel- und Traubeneichen-Bestand (*Quercus robur*, *Q. petraea*) in Büren a.A. Distanzklasse «0» steht für Selbst-befruchtung, die übrigen Distanzen sind in 25m-Klassen eingeteilt. Externe Pollenspender, d.h. nicht identifizierte Väter ausserhalb des untersuchten Bestands, machen ein Drittel aller Vaterschaften aus, die Distanz zum jeweiligen Mutterbaum ist jedoch nicht bekannt.

Fig. 1: Répartition par distance des pollinisateurs efficaces et identifiés avec certitude, au sein d'un peuplement mélangé de chênes pédonculés et de chênes rouvres (*Quercus robur*, *Q. petraea*), à Büren sur l'Aare. La classe de distance «0» équivaut à une autofécondation, les autres distances étant réparties en multiples de 25 mètres. Les pollinisateurs externes, c'est-à-dire les pères non identifiés, extérieurs au peuplement étudié, comptent pour un tiers de l'ensemble des paternités. La distance qui les sépare de l'arbre-mère respectif est toutefois inconnue.

dass sich sonnenexponierte Blätter markant von Schattenblättern unterscheiden, und junge Seitentriebe tragen deutlich andere Blattformen als diejenigen an älteren Haupttrieben.

Zwischen Evolutionsforschung und Forstpraxis

Seit langem dienen Eichen als Modellorganismen der Evolutionsforschung. Dabei lag und liegt das Hauptaugenmerk von Darwin und seinen NachfolgerInnen hauptsächlich auf Prozessen und daraus resultierenden Mustern, welche im Zusammenhang mit der möglichen Hybridisierung zwischen verschiedenen Eichenarten auftreten. Weil Eichen ökonomisch wichtig sind, zeigt auch die Forstpraxis grosses Interesse an der Charakterisierung dieser Baumarten. Es wird in erster Linie befürchtet, dass Eichen, welche aus zwischenartigen Kreuzungen hervorgehen, weniger fit sind als reinartige Individuen, d.h. geringeres Wachstum, schlechtere Holzqualität und/oder verminderten Fortpflanzungserfolg aufweisen. Deshalb wird bei der Auswahl von Samenernte-Beständen nicht nur auf qualitative Kriterien, z.B. die Wuchsform der Bäume, geachtet, son-

dern auch versucht, Hybridisierung möglichst ausschliessen zu können. Entsprechend werden vielerorts möglichst artreine Bestände für die Samenernte ausgeschieden.

Solche Einschränkungen werden lokal, d.h. auf Bestandsebene, angewendet. Der durch Wind ausgebreitete Pollen von Eichen kümmert sich jedoch nicht um derlei Grenzziehungen. Sollte also der Hybridisierung eine relevante Bedeutung in der Fortpflanzung von Eichen zukommen, so müssten Samenernte-Bestände vor weit fliegenden «fremden» Pollen geschützt werden. Oder anders formuliert: Nicht lokale, sondern regionale Kriterien müssten in die Auswahl solcher Bestände mit einbezogen werden.

Bisherige Untersuchungen erlaubten noch keine abschliessende Beurteilung, ob Hybridisierung bei Eichen eine derart grosse Bedeutung hat und allfällig auftretende Hybriden tatsächlich eine reduzierte Fitness aufweisen. Diesen Fragen ging ein Team der WSL-Abteilung Genetische Ökologie am Beispiel von zwei in der Schweiz heimischen Eichenarten nach. Mit Hilfe molekular-genetischer Methoden wurde einerseits untersucht, über welche Distanzen Pollen von Stieleichen

(*Quercus robur*) und Traubeneichen (*Q. petraea*) erfolgreich ausgebreitet wird, d.h. zur Befruchtung und Samenbildung führt. Weiter interessierte uns, wie hoch der Anteil Pollen ist, der von ausserhalb eines Bestands eingebracht wird, und wie gross der Prozentsatz von Befruchtungen zwischen den beiden Arten ist.

Ein zweiter, eng verknüpfter Fragenkomplex betrifft die morphologische und genetische Artunterscheidung. Bisher wurden keine artspezifischen Blattmerkmale gefunden, die alleine eine eindeutige Bestimmung erlauben. Erst die Kombination mehrerer morphologischer Merkmale, unter Berücksichtigung der oben angesprochenen individuellen Variation, gilt als verlässlich. Da das Namen gebende Merkmal – die Länge des Fruchtsiels (lang bei Stieleiche, kurz bei Traubeneiche) – nur bei fertilen Bäumen angewendet werden kann, eignet es sich nur beschränkt für die Bestimmung. Deshalb suchten wir nach Möglichkeiten, auf lokaler und regionaler Skala Individuen aufgrund ihres genetischen Fingerabdrucks einer bestimmten Art zuzuordnen zu können. Die Anwendung dieser genetischen Marker könnte es ermöglichen, z.B. Saatgut oder Holz auf die jeweilige Artzugehörigkeit zu überprüfen.

Vaterschaftsanalyse im Eichenwald

Pollenausbreitung und Hybridisierung untersuchten wir in einem Mischbestand in Büren a.A. (Kanton BE). Wir sammelten Eicheln von einzelnen Bäumen, so dass die Mütter dieser Nachkommen bekannt waren. Gleich wie bei einem Vaterschaftstest bei Menschen erfassten wir den genetischen Fingerabdruck dieser Eicheln, der jeweiligen Mutter und aller andern Eichen im Bestand, welche aus nahe liegenden Gründen (im wörtlichen Sinn) als Väter in Frage kommen. Auf einer Fläche von ca. 9 ha waren dies über 400 Bäume. Mit einem statistischen Ausschlussverfahren, das auf einfacher Kombinatorik beruht, liessen sich im Idealfall alle ausser einem Baum als Väter ausschliessen – und schon wussten wir, von wem der Pollen stammt, der zur Bildung einer bestimmten Eichel geführt hat. Dass dies nicht immer so einfach geht, ist bereits angedeutet. Es kam vor, dass wir in gewissen Fällen zu wenige genetische Merkmale untersucht hatten und deshalb mehr als nur gerade ein Baum der Vater sein konnte. Umgekehrt fanden

wir in ca. 30% der Fälle keinen Baum im Bestand, der als Vater in Frage kam (Abb. 1). Dies bedeutet, dass der entsprechende Pollen von ausserhalb des untersuchten Bestands eingetragen wurde.

Innerhalb des Bestands beobachteten wir mit zunehmender Distanz zum Mutterbaum eine charakteristische Abnahme der Häufigkeit eindeutig identifizierter, erfolgreicher Pollen (Abb. 1). Die erste Distanzklasse («0» in Abb. 1) repräsentiert Selbstbefruchtungen, welche immerhin 4% ausmachten. Auf der anderen Seite der Skala sticht der lokale Rekordhalter hervor: Dieses Pollenkorn überwand 345 m. Von wo und wie weit her die externen Pollen mit dem Wind eingeflogen sind, lässt sich nicht feststellen, da wir nur die möglichen Väter innerhalb des Untersuchungsbestands von ca. 9 ha bestimmt hatten. Dass sich unter diesen «Eindringlingen» auch weit Gereiste befinden, ist anzunehmen. So können also Eichenbestände dank des vom Winde verwehten Pollens genetisch im Austausch miteinander stehen, obwohl sie scheinbar weit entfernt stehen.

Blattmorphologie und genetischer Fingerabdruck harmonieren gut

Damit wir beurteilen konnten, zu welcher Art die Eichen im Bürener Bestand gehören und wie gross der Anteil an Hybriden bzw. gekreuzten Eicheln einzuschätzen sei, erfassten wir ausser dem genetischen Fingerabdruck auch die Blattmorphologie jedes Baumes. So konnten wir aufgrund von zwei unabhängigen Datensätzen eine Artzuordnung vornehmen. Eher unerwartet fanden wir eine sehr grosse Übereinstimmung zwischen genetischer (Abb. 2) und morphologischer Artbestimmung. Diejenigen Bäume, welche aufgrund ihrer Blattmorphologie als nicht eindeutig bestimmt erschienen («unklassiert» in Abb. 2) und somit möglicherweise Hybriden waren, konnten wir dank der genetischen Merkmale entweder als zur Stiel- bzw. zur Traubeneiche gehörig identifizieren. Zu unserer Überraschung zeigte sich, dass diese morphologisch «unklassierten» Bäume mit ganz wenigen Ausnahmen ihrer genetischen Einordnung entsprechend als Pollenspender aufgetreten sind. Anders gesagt: Ein «unklassierter» Baum, der genetisch der Traubeneiche nahe stand, bestäubte Traubeneichen-Mütter, und umgekehrt waren die der Stieleiche zugehörigen

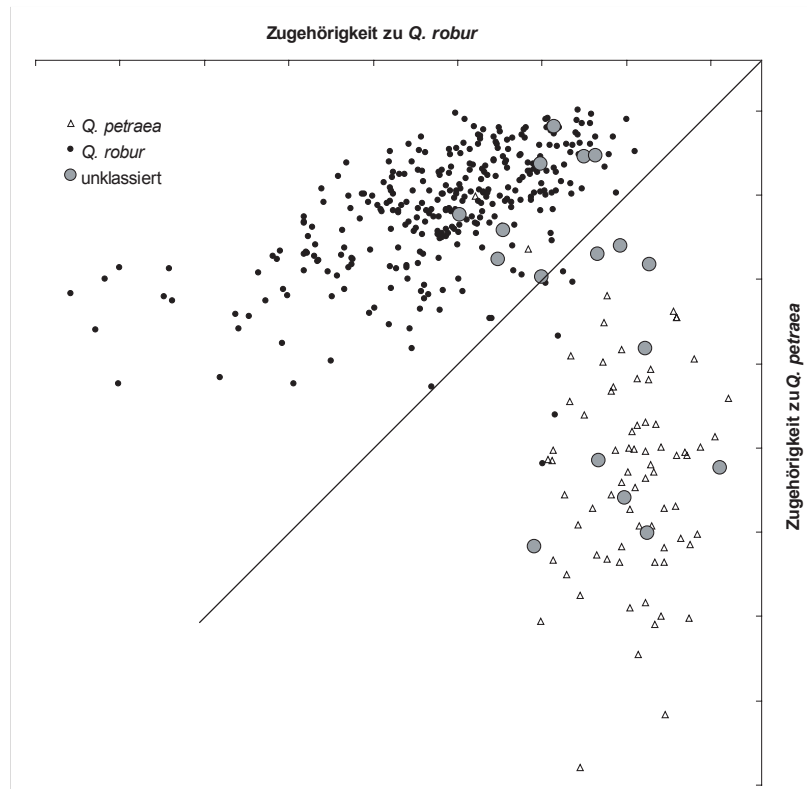


Abb. 2: Genetische Zuordnung von 414 Bäumen aus einem gemischten Stiel- und Traubeneichen-Bestand (*Quercus robur*, *Q. petraea*) in Büren a.A. (BE). Die beiden Arten sind je auf einer Seite der Diagonalen angeordnet. Die morphologisch nicht eindeutig bestimmbar Bäume («unklassiert») lassen sich aufgrund ihres genetischen Fingerabdrucks in den meisten Fällen gut zuordnen.

Fig. 2: Répartition génétique de 414 arbres provenant d'un peuplement mélangé de chênes pédonculés et de chênes rouvres (*Quercus robur*, *Q. petraea*), à Büren sur l'Aare (BE). Les deux espèces sont réparties de chaque côté de la diagonale. Les arbres que l'on ne peut pas définir de façon indubitable morphologiquement (arbres «non classés») sont généralement faciles à classer à la lueur de leur empreinte génétique digitale.

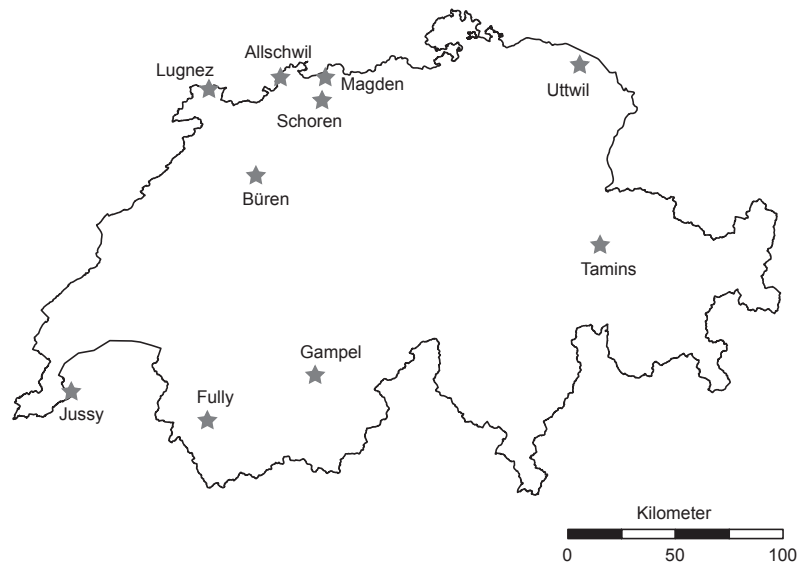


Abb. 3: In der regionalen Untersuchung beerntete Bestände mit Stieleiche (*Quercus robur*), Traubeneiche (*Q. petraea*) und Flaumeiche (*Q. pubescens*).

Fig. 3: Peuplements récoltés dans le cadre de l'étude régionale et comprenant le chêne pédonculé (*Quercus robur*), le chêne rouvre (*Q. petraea*) et le chêne pubescent (*Q. pubescens*).

«Unklassierten» bei Stieleichen-Müttern erfolgreiche Bestäuber. Dennoch gab es Kreuzungen zwischen Stiel- und Traubeneichen. Insgesamt erfassten wir rund 10% der genetisch untersuchten Eicheln als Kreuzungen, und zwar fast ausschliesslich in der Kombination Traubeneichen-Mutter mit Stieleichen-Vater. Den Anteil an ausgewachsenen Hybridbäumen im Bestand stufen wir hingegen als sehr gering ein – falls überhaupt Hybriden vorhanden sind. Eine abschliessende Beurteilung lässt unsere Untersuchung jedoch nicht zu.

Unsere Resultate legen den Schluss nahe, dass die aus Kreuzbestäubungen hervorgehenden Eicheln mit der Zeit durch natürliche Selektion eliminiert werden. Wir vermuten, dass Hybrid-Samen weniger gut keimen und als Jungbäume gegenüber ihren «reinen» Altersgenossen schlechtere Karten besitzen, d.h. sie wachsen weniger gut, weil sie weniger gut an die entsprechenden Standortverhältnisse angepasst sind. Ob dies tatsächlich so ist, müsste nun experimentell überprüft werden. In Zusammenarbeit mit europäischen Forschungsteams wurden bereits entsprechende Versuche angesetzt, um die Fitness von jungen Hybrid-Eichen mit derjenigen von jungen artreinen Eichen zu vergleichen. Resultate zu diesen Experimenten liegen jedoch noch nicht vor.

Genetischer Fingerabdruck hilft bei der Eichenbestimmung

Wie oben ausgeführt, lässt sich zumindest lokal eine gute Übereinstimmung zwischen morphologischen und genetischen Merkmalen finden. In einem nächsten Schritt untersuchten wir, ob dies auch regional so ist, d.h. eine genetische Bestimmung von Eichen dank genetischer Methoden auch über ein grösseres Gebiet und nicht nur für Einzelbestände möglich ist. Dazu bestimmten wir den genetischen Fingerabdruck von jeweils 32

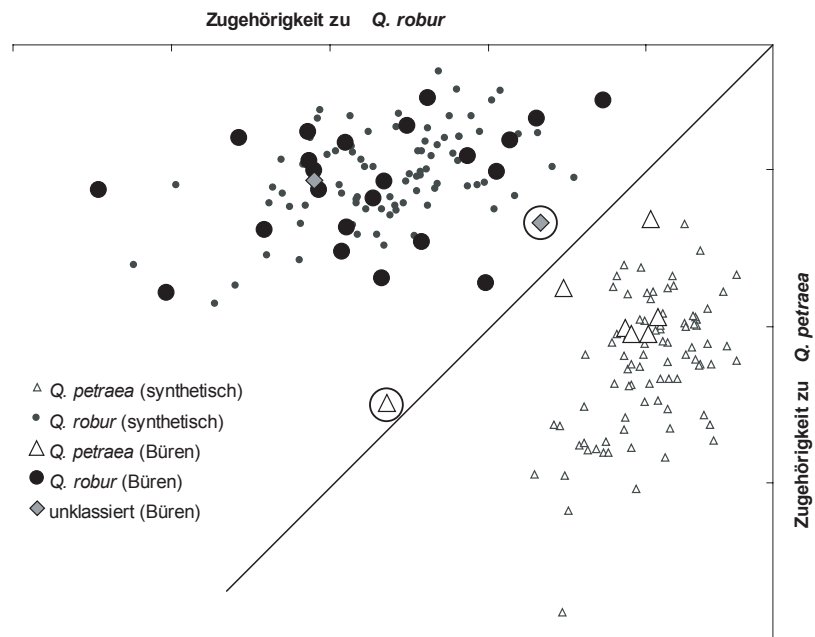


Abb. 4: Genetisch bestimmte Stiel- und Traubeneichen (*Quercus robur*, *Q. petraea*) aus neun Schweizer Beständen wurden zu künstlichen, synthetischen «Genpools» zusammengefasst (kleine Symbole oberhalb bzw. unterhalb der Diagonalen). Die genetische Zuordnung der morphologisch bestimmten Eichen aus Büren (grosse Symbole; vgl. Abb. 2) weicht nur in zwei von 32 Fällen (eingekreiste Symbole) von der ursprünglichen Bestimmung ab.

Fig. 4: Des chênes pédonculés et des chênes rouvres déterminés génétiquement (*Quercus robur*, *Q. petraea*) et provenant de neuf peuplements suisses, ont été rassemblés en «pools géniques» artificiels et synthétiques (petits symboles de part et d'autre de la diagonale). La répartition génétique des chênes de Büren définis morphologiquement (grands symboles; voir Fig. 2) ne s'écarte de la détermination originelle que dans deux cas sur 32 (symboles entourés d'un cercle).

Eichen aus zehn Schweizer Beständen (Abb. 3). Neben dem gemischten Stiel-/Traubeneichen-Bestand von Büren a.A. berücksichtigten wir weitere Bestände dieser beiden Arten sowie solche der Flaumeiche (*Q. pubescens*). Unabhängig von der vorhergehenden Artbestimmung (Blattmorphologie) und der Herkunft teilten wir die Bäume aufgrund ihrer Genotypen in drei Gruppen auf – Stiel-, Trauben-, und Flaumeichen. Um die Einteilung anhand der Bürener Eichen zu überprüfen, fassten wir sämtliche genetisch als Stiel- bzw. Traubeneichen identifizierten Individuen zu je einer «Gruppe» zusammen,

wobei wir die Bürener Bäume vorerst nicht berücksichtigten. Wir nahmen auf die geographische Herkunft der Individuen keine Rücksicht, sondern gruppieren ausschliesslich aufgrund der genetischen Zusammengehörigkeit, bildeten also zwei künstliche, synthetische Genpools. Nun konnten wir die Bürener Individuen diesen beiden Genpools zuordnen – und fanden eine fast hundertprozentige Übereinstimmung mit der vorherigen Arteinteilung (Abb. 4)! Es scheint also, dass dieser Ansatz für die Artbestimmung zumindest bei Stiel- und Traubeneichen auch regional möglich ist. Die Flaumeiche müsste in dieser Hinsicht noch überprüft werden, dazu fehlen uns aber zur Zeit die entsprechenden morphologischen Daten.

Bedeutung für die Forstpraxis

Unsere Untersuchungen deuten darauf hin, dass Pollen sehr weit in der Landschaft verteilt wird und erfolgreich weibliche Blüten bestäuben kann, auch über die Artgrenze hinweg. Wir nehmen jedoch an, dass Hybriden während des Aufwachsens herausse-

Genetischer Fingerabdruck

Jedes Individuum kann – ähnlich wie beim menschlichen Fingerabdruck – mit geeigneten genetischen Markern eindeutig identifiziert werden. Ein derartiger genetischer Fingerabdruck besteht aus mehreren, ganz bestimmten Ausschnitten des Erbguts DNA, z.B. so genannten Mikrosatelliten. Jeder dieser Mikrosatelliten kommt in vielen verschiedenen Varianten vor. Werden für jedes Individuum, sei es Mensch oder Baum, die jeweiligen Varianten solcher Mikrosatelliten genau bestimmt, so entsteht ein spezifisches, individuelles Muster. Diese Muster erlauben nicht nur die eindeutige Identifizierung von Individuen, sondern es können auch detaillierte Verwandtschaftsbeziehungen entschlüsselt werden.

lektioniert werden, so dass sich sogar bei Saatgut aus einem gemischten Bestand die standörtlich am besten angepassten Jungeichen langfristig durchsetzen, und dies dürften weitgehendst «artreine» Individuen sein. Demzufolge sind wir der Ansicht, dass bei der Saatgut-Ernte weniger die Artreinheit oder Isolation eines Bestands wichtig ist. Vielmehr sollte darauf geachtet werden, dass Eicheln von vielen Mutterbäumen gesammelt werden, um die in einem Bestand vorhandene genetische Vielfalt im Saatgut gut repräsentiert zu haben. Entsprechend sollten grosse Eichenbestände für die Ernte ausgewählt werden, wodurch zudem der Einfluss von externem Pollen gering bleibt. Erfolg versprechend könnte demnach die Strategie sein, Eicheln aus Beständen zu sammeln, die untereinander ein möglichst breites Spektrum an Standorteigenschaften abdecken. Falls keine Naturverjüngung möglich ist, könnte somit bei der Aufforstung eines bestimmten Standorts Saatgut aus demjenigen Samenerntebestand verwendet werden, der ökologisch möglichst ähnlich ist. So wird vermieden, dass Traubeneichen-Jungpflanzen auf zu feuchten Standorten angepflanzt werden bzw. Stieleichen auf Kuppenlagen unter Trockenheit zu leiden haben. Nach dem Aussäen oder Auspflanzen artreine Eichen aufwachsen zu sehen, sollte dann aber eine Leichtigkeit sein.



Abb.5: Traubeneiche (*Quercus petraea*) von Jussy (links) und Stieleiche (*Quercus robur*) von Lugnez (rechts).

Fig. 5: Chêne rouvre (*Quercus petraea*) de Jussy (à gauche) et chêne pédonculé (*Quercus robur*) de Lugnez (à droite).

Diese Untersuchungen wurden im Rahmen des EU-Projekts *Oakflow* sowie der Buwal-Studie *Erhaltung und Nutzung genetischer Ressourcen im Wald* durchgeführt. Das Staatssekretariat für Bildung und Forschung (SBF) und die Eidgenössische Forstdirektion stellten die finanziellen Mittel zur Verfügung.

Graf, R. F. 2005:

Analysis of capercaillie habitat at the landscape scale using aerial photographs and GIS.

Diss. ETH No. 15999: 142 S.

Die Lebensraumansprüche eines Organismus müssen auf verschiedenen räumlichen Ebenen erfüllt sein, damit er an einem bestimmten Ort vorkommen und überlebensfähige Populationen bilden kann. Dies gilt insbesondere für spezialisierte Arten mit grossen Streifgebieten und hohen Ansprüchen an ihre Lebensräume. Das Auerhuhn (*Tetrao urogallus*) ist ein solches Beispiel. Dieses Raufusshuhn besiedelt lückige Waldbestände in ausgedehnten Nadelwäldern. In ganz Mitteleuropa sind die Bestände des Auerhuhns zurückgegangen, das Verbreitungsgebiet ist geschrumpft, und die Art ist in der Roten Liste der gefährdeten Brutvogelarten der Schweiz als stark gefährdet eingestuft. Lebensraumveränderungen werden als eine der Hauptursachen für den Rückgang genannt, und es ist heute klar, dass auch die Grösse, Verteilung und Fragmentierung von günstigen Lebensräumen, sowie die Landschaftsstruktur einen starken Einfluss auf Auerhuhnpopulationen haben. Vor diesem Hintergrund waren die Hauptziele dieser Doktorarbeit (1) die entscheidenden Faktoren zu identifizieren, welche das Vorkommen des Auerhuhns auf verschiedenen räumlichen Ebenen beeinflussen, und (2) eine räumlich explizite Grundlage für populationsbiologische Analysen zu erarbeiten.

Mit einem multiskalaren Habitatmodell konnte das Vorkommen des Auerhuhns in den Alpen mit wenigen Landschaftsvariablen wie etwa mittlere Temperatur, Waldanteil und Topographie gut erklärt werden. Die durch einzelne Variablen erklärte Varianz war dabei stark abhängig von der gewählten räumlichen Auflösung. Bedeutende regionale Unterschiede ergaben sich, wenn für die Voralpen und die Zentralen Alpen separate Habitatmodelle gerechnet wurden. Da in diesen Modellen nur flächendeckend vorhandene geographische Daten verwendet wurden, war es möglich, die Modelle auf die gesamte Fläche der Schweiz anzuwenden. Dadurch resultierte eine Lebensraumpotentialkarte für das Auerhuhn, welche als Grundlage für Populationsstudien und für die Naturschutzpraxis verwendet werden kann.

Daten zur Waldstruktur sind nicht flächendeckend in einheitlicher Form verfügbar und konnten für die Entwicklung der grossräumigen Modelle nicht verwendet werden. Deshalb wurde der Einfluss der Waldstruktur und des Waldbestandsmosaiks auf das Vorkommen des Auerhuhns in 52 Untersuchungsflächen analysiert. Auf den kreisförmigen, über die Alpen verteilten Untersuchungsflächen à je 5 km² (entspricht einem mittleren Auerhuhn-Streifgebiet) wurden ausgewählte Waldstrukturvariablen aus Luftbildern der Jahre 1960 und 2000 erfasst. Untersuchungsflächen von Lokalpopulationen mit stabilem Auerhuhnbestand zeichneten sich gegenüber verwaisten Flächen durch einen hohen Anteil an lichtem, mehrschichtigem Wald sowie durch eine geringere Erschliessung mit Forststrassen aus. Die erfassten Lebensraumveränderungen waren aber zu wenig ausgeprägt, um den Rückgang des Auerhuhns in der betrachteten Periode zu erklären. Diese Doktorarbeit hat einen direkten Nutzen für die Naturschutzpraxis. Sie liefert eine Methode, wie grossräumige Habitatmodelle direkt in der Planung von Naturschutzmassnahmen verwendet werden können. Die Überlagerung des potentiell geeigneten Lebensraums des Auerhuhns mit den aktuellen Vorkommen liefert eine räumlich explizite Grundlage, um wichtige Flächen für die Förderung des Auerhuhns zu identifizieren und in Prioritätsstufen zu klassieren. Diese Methode wurde für die Erarbeitung der Regionaldossiers des Nationalen Aktionsplans Auerhuhn verwendet.

Rohde, S., 2004:

Flussrevitalisierungen. Potenzial und Grenzen der Wiederherstellung von Flusslandschaften. Bewertung und Planung.

River restoration: Potential and limitations to re-establish riparian landscapes. Assessment and planning. Diss. ETH No. 15496: 127 S.

Im Rahmen des Rhône-Thur Projektes wurde eine Erfolgskontrolle an verschiedenen Flussrevitalisierungsprojekten (Flussaufweitungen) in der Schweiz durchgeführt. Als Indikatoren dienten die Landschaftsstruktur (Habitatkomposition und -konfiguration) und Vegetationsaufnahmen. In der Arbeit wird eine neue Methode zur Bewertung der Landschaftsstruktur («stencil technique») und eine Liste mit autotypischen Pflanzenarten der