



**Universität
Zürich** ^{UZH}

Institut für Evolutionsbiologie und
Umweltwissenschaften

Populationsökologie

Impressum

Auftraggeber

Fachstelle Naturschutz
Stampfenbachstrasse 12
8090 Zürich
043 259 30 32
naturschutz@bd.zh.ch

Auftragnehmer

Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften
Universität Zürich
Winterthurerstrasse 190
8057 Zürich

AutorInnen

Paquita Hoeck, UZH
Ursina Tobler, UZH
Rolf Holderegger, WSL
Kurt Bollmann, WSL
Lukas Keller, UZH

Mitwirkende

Benedikt Schmidt, karch
Jürg Stöcklin, Uni Basel
Jodok Guntern, Forum Biodiversität

Zitiervorschlag

Hoeck P.E.A., Tobler U., Holderegger R., Bollmann K., Keller L.F. (2016): Populationsökologie. Fachbericht als Grundlage für die Ergänzung des Naturschutzgesamtkonzeptes des Kantons Zürich im Auftrag der Fachstelle Naturschutz, Amt für Landschaft und Natur.

Anlass

Dieser Fachbericht wurde im Auftrag der Fachstelle Naturschutz des Kantons Zürich erarbeitet. Er dient als Grundlage für die Ergänzung des Naturschutzgesamtkonzeptes des Kantons Zürich (NSGK). Der Inhalt fasst den aktuellen Kenntnisstand zur Populationsökologie basierend auf der wissenschaftlichen Literatur und dem Wissen der Universität Zürich und der WSL zusammen. Der Bericht gibt die Einschätzung der Autoren wieder und stimmt nicht zwingend mit den Ansichten der Fachstelle Naturschutz überein.

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	5
Einleitung	7
1. Populationsgrösse	8
1.1. Management der Populationsgrösse in der Naturschutzpraxis	8
1.2. Wissenschaftliche Grundlagen	8
1.2.1 Zusammenhang zwischen Habitatgrösse und Populationsgrösse	8
1.2.2 Zusammenhang zwischen Habitatqualität und Populationsgrösse	13
1.2.3 Kleinste überlebensfähige Population (minimum viable population size, MVP)	14
1.2.4 Schwankungen in der Populationsgrösse	18
1.2.5 Bedeutung kleiner Populationen	18
1.2.6 SLOSS: single large or several small	18
1.2.7 Genetische Vielfalt	19
1.2.7.1 Genetische Vielfalt messen	20
1.2.7.2 Genetische Drift und Inzucht	20
1.2.8 Extinction debt	23
1.3 Faustregeln	26
1.4 Forschungsbedarf	27
1.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich	27
1.5.1 TWW	27
1.5.2 Feuchtgebiete/Moore	28
1.5.3 Lichte Wälder	30
1.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich	31
1.6.1 Küchenschelle (<i>Pulsatilla vulgaris</i>)	31
1.6.2 Blauflügelige Ödlandschrecke (<i>Oedipoda caerulescens</i>)	32
1.6.3 Kreuzkröte (<i>Epidalea calamita</i>)	32
2. Vernetzung	36
2.1. Vernetzungsmassnahmen in der Naturschutzpraxis	36
2.2. Wissenschaftliche Grundlagen	36
2.2.1 Effekte der Fragmentierung auf Habitatgrösse und -qualität	37
2.2.2 Effekt der Fragmentierung auf Bewegung und Genfluss	38
2.2.3 Metapopulationen	39
2.2.4 Vernetzung messen	41
2.3 Faustregeln	45
2.4 Forschungsbedarf	47
2.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich	47

2.5.1 TWW	47
2.5.2 Feuchtgebiete/Moore	50
2.5.3 Lichte Wälder	52
2.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich	53
2.6.1 Borstige Glockenblume (<i>Campanula cervicaria</i>)	53
2.6.2 Kleiner Moorbläuling (<i>Phenagris alcon</i>)	54
2.6.3 Kreuzkröte (<i>Epidalea calamita</i>)	56
3. Translokationen	57
3.1. Translokationen in der Naturschutzpraxis	57
3.2. Wissenschaftliche Grundlagen	58
3.2.1 Wann sind Translokationen sinnvoll?	59
3.2.2 Voraussetzungen für Ansiedlungen	59
3.2.3 Vorgehen	59
3.2.4 Monitoring	63
3.3 Faustregeln	65
3.4 Forschungsbedarf	66
3.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich	67
3.5.1 TWW	67
3.5.2 Feuchtgebiete/Moore	67
3.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich	69
3.6.1 Hohes Veilchen (<i>Viola elatior</i>)	69
3.6.2 Flaumiger Seidelbast (<i>Daphne cneorum</i>)	70
3.6.3 Kreuzkröte (<i>Epidalea calamita</i>)	71
4. Literatur	73
5. Appendix	
Tabelle A1 Mindestflächengrößen und Ausbreitungsdistanzen	
Tabelle A2 Liste MVP Schätzungen	

Zusammenfassung

Die **Populationsgrösse** ist ein wichtiges Mass im Naturschutz. Demographische Schwankungen, genetische Veränderungen und zufällige Umweltereignisse beeinflussen die Überlebenschancen von Populationen. Mit zunehmender Grösse der Populationen verlieren diese Einflussfaktoren an Bedeutung, was grosse Populationen generell stabiler macht.

Je grösser ein Gebiet und je besser seine Qualität, desto höher ist die dort vorhandene Artenvielfalt, die Populationsgrösse der einzelnen Arten und die genetische Vielfalt der Populationen. Die **Mindestflächengrösse** ist die minimale Lebensraumgrösse, die für das langfristige Überleben einer Population nötig ist. Die Mindestflächengrösse für eine Population einer Art kann empirisch oder mittels Modellierungen zur Überlebenswahrscheinlichkeit („population viability analyses“, PVA) geschätzt werden.

Um die **Qualität eines Habitats** für eine Art zu beurteilen, sind gute Kenntnisse über die limitierenden Ressourcen, deren Verfügbarkeit und räumliche bzw. zeitliche Erreichbarkeit notwendig. Habitatmodelle helfen potentielle Lebensräume zu identifizieren und können unter Berücksichtigung von demographischen Daten zur Bewertung der Habitatqualität verwendet werden.

Theoretische und empirische Berechnungen führen zum Schluss, dass die **kleinste überlebensfähige Populationsgrösse** („minimum viable population size“, MVP) für die meisten Arten wahrscheinlich im Bereich von ca. 5'000-10'000 Individuen liegt. Trotzdem spielen auch kleine Populationen eine wichtige Rolle. Sie können z.B. am Rande des Verbreitungsgebiets die Überlebenschancen einer Art unter unsicheren klimatischen Bedingungen verbessern.

Die Grösse von Populationen und der Genfluss zwischen Populationen beeinflussen die **genetische Vielfalt**. Die genetische Vielfalt ist die Grundlage für evolutionäre Anpassungen und damit für das langfristige Überleben von Arten. Nur die adaptive genetische Vielfalt unterliegt den Einflüssen der Selektion. Sie ist trotz grosser technischer Fortschritte generell immer noch schwieriger zu untersuchen als die neutrale genetische Vielfalt. Neutrale genetische Marker können aber auf eine Vielzahl von Naturschutz-relevanten Fragen wichtige Antworten geben.

Das Verschwinden von Populationen und das Aussterben von Arten aufgrund von Lebensraumverschlechterung und -verlust können mit einer beträchtlichen Zeitverzögerung erfolgen. Dieses Phänomen nennt man **Aussterbeschuld**. Selbst ohne weitere qualitative oder quantitative Verluste des Lebensraums ist daher davon auszugehen, dass viele Populationen oder Arten aussterben werden, wenn der Aussterbeschuld nicht mit entsprechenden Massnahmen (z.B. Habitataufwertung) entgegengewirkt wird.

Fragmentierung führt zu kleineren Habitatflächen und damit zu mehr Randlinien. Negative **Randeffekte** nehmen zu. Der Randeffekt ist umso stärker, je kleiner das Habitatfragment ist. Fragmentierung reduziert oder verunmöglicht zudem den Austausch von Individuen und Genen zwischen Populationen.

Vernetzung dient dem Zugang zu Teillebensräumen, dem Austausch von Individuen und Genen zwischen noch bestehenden Lebensräumen und der Neu- oder Wiederbesiedlung noch unbesetzter Lebensräume durch Ausbreitung. Sie ist somit für das langfristige Überleben von Arten in einer fragmentierten Landschaft essentiell. Vernetzungsmassnahmen sind erst dann erfolgreich, wenn sie Habitate nicht nur strukturell, sondern auch funktional verbinden, d.h. tatsächlich zu Bewegungen von Organismen zwischen den Habitatfragmenten führen.

Die Förderung von **Genfluss** zwischen Populationen, die durch Fragmentierung isoliert sind, ist ein wichtiges Ziel im Naturschutz. Genfluss lässt sich mit genetischen Studien nachweisen. Bereits ein geringer Genfluss ist für den Erhalt der genetischen Vielfalt genügend.

Mit Genfluss verbundene Populationsgruppen, die aus mehreren Teilpopulationen bestehen, bezeichnet man als **Metapopulationen**. Auch kleine Populationen sind wichtig, weil ihre Individuen zur totalen Grösse der Metapopulation beitragen. Daher sind auch kleine Schutzgebiete unter dem Aspekt der Vernetzung wichtig für den Naturschutz.

Mehrere Habitatflächen, die über einen grösseren Raum verteilt sind, können einer Art einen heterogeneren Lebensraum bieten als eine einzelne Fläche und somit Umweltschwankungen

besser abpuffern (Risikostreuung). Der Aufbau eines Populationsverbundes mit mehreren, relativ grossen Teilpopulationen ist dem Schutz einer einzelnen grossen Population deshalb vorzuziehen.

Die **Maximaldistanzen**, welche von Organismen überwunden werden können, hängen vom artspezifischen Ausbreitungs- oder Wandervermögen ab. Sie müssen bei Vernetzungsmassnahmen berücksichtigt werden.

Translokationen umfassen Bestandsstärkung, Umsiedlung, Wiederansiedlung und Neuansiedlung von Organismen. Ansiedlungen können für Arten und Artengemeinschaften dann sinnvoll sein, wenn die Wahrscheinlichkeit einer natürlichen Besiedlung neuer oder ehemaliger Habitats gering ist und die Art als Ganzes gefährdet oder regional bereits ausgestorben oder stark gefährdet ist. Vorrang sollten aber nach wie vor die Förderung und der Schutz von Populationen und Arten vor Ort haben.

Die meisten Ansiedlungsversuche schlagen fehl. Sorgfältige Planung, Modellierungsanalysen, vorsichtige Auswahl von Ansiedlungsmaterial/-individuen, vorbereitende Massnahmen in den Empfängerflächen (Habitataufwertung) und detailliertes Monitoring nach Ansiedlungen können die Erfolgchancen verbessern. Ansiedlungen sollten gemäss den **Empfehlungen für Wiederansiedlungen der Weltnaturschutzunion (IUCN)** und den offiziellen, national zuständigen Institutionen durchgeführt werden.

Gründerindividuen für Ansiedlungen kommen entweder aus der freien Wildbahn oder der ex situ Kultur bzw. Haltung. Sie sollten dem Genpool, dem Ökotyp und den genetischen Anpassungen der ursprünglichen oder bestehenden Population möglichst gut entsprechen. Die ex situ Haltung oder Vermehrung sollte generell so kurz als möglich sein und möglichst naturnah erfolgen.

Für Ansiedlungen sollten möglichst viele Individuen (Organismen) verwendet werden. Je nach Art und Bedingung sollten mindestens 60, besser über 100 Individuen für eine Gründerpopulation verwendet werden, wobei die Freisetzungen über Jahre oder Jahrzehnte (je nach Generationszeit) verteilt werden können. Das langfristige Ziel ist eine eigenständige, sich selbst erhaltende Population oder Metapopulation von 5'000-10'000 Individuen.

Monitoring ist ein zentraler Bestandteil von Translokationen und anderen Naturschutzmassnahmen und muss über mehrere Generationen der jeweiligen Art hinweg sichergestellt sein. Nur mit einem angemessenen Monitoring kann der Erfolg von Ansiedlungen beurteilt werden, d.h., ob sich eine selbsterhaltende (Meta-)Population bildet.

Diese populationsökologischen Sachverhalte werden im Bericht anhand von Faustregeln, soweit als fachlich möglich, verallgemeinert. Für die Umsetzung in der Naturschutzpraxis werden die populationsökologischen Grundlagen für ausgewählte Aktionsplanlebensräume- und arten des Kantons Zürichs erläutert.

Einleitung

Aus praktischen Gründen wurde dieser Bericht in die Kapitel Populationsgrösse, Vernetzung und Translokation gegliedert, weil diese Themen drei Aktivitätsfeldern der Naturschutzpraxis entsprechen. Fachlich gesehen ist diese Unterteilung teilweise künstlich, da beispielsweise kleine Populationen meist auch isoliert sind und sich somit die Effekte von Populationsgrösse und Vernetzung gegenseitig überlagern und bedingen. Natürlich spielen auch bei Translokationen die Effekte von Populationsgrösse und Vernetzung in der Landschaft eine entscheidende Rolle. Entsprechend sollte bei der Naturschutzarbeit die Bedeutung der einzelnen Themen stets miteinander betrachtet werden.

Die biologische Vielfalt ist in der Schweiz durch das naturräumliche Potenzial und die überlagerte menschliche Siedlungsgeschichte und Landnutzung geprägt. Naturschutz findet also in einer Kulturlandschaft statt, in der ein Grossteil der schützenswerten Flächen und ihre Artengemeinschaften auf eine extensive Nutzung angewiesen sind, die sich an traditionellen Nutzungsformen orientiert. Da diese heute weitgehend verschwunden sind, sind Pflegemassnahmen vielerorts unumgänglich geworden und ein wichtiger Bestandteil der Naturschutzarbeit.

Die Naturschutzarbeit konzentriert sich traditionell auf Gebiete mit hohem Naturwert (Vorranggebiete) und auf gefährdete Arten. Entsprechend sind die Populationen der Zielarten meist klein, voneinander isoliert und auf gute Habitatqualität angewiesen. Deshalb schenken wir der Beziehung zwischen Habitatangebot, -qualität und -vernetzung und der Populationsgrösse, sowie der Bedeutung von genetischer Vielfalt in diesem Fachbericht besondere Aufmerksamkeit.

Der Fokus dieses Berichts liegt ganz beim Thema Populationsökologie, weshalb politische, soziale oder ökonomische Aspekte einzelner Themenbereiche nicht oder nur ganz am Rande erwähnt werden.

1. Populationsgrösse

Die Populationsgrösse, also die Anzahl Individuen einer Art an einem Ort bzw. in einem Lebensraum, ist ein wichtiges Mass im Naturschutz. Sie beeinflusst wesentlich, wie wahrscheinlich es ist, dass eine Population langfristig überlebt oder ausstirbt.

1.1 Management der Populationsgrösse in der Naturschutzpraxis

Die Naturschutzpraxis kann die Populationsgrösse einer Art auf unterschiedliche Weise beeinflussen. Zum einen können limitierende und gefährdende Ursachen wie Jagd/Sammeln, Konkurrenten, Räuber oder schädliche Hilfsmittel der Land- und Forstwirtschaft eingeschränkt werden. Durch eine Translokation (Kapitel 3) können Individuen vor der direkten Gefährdung geschützt oder gefährdete Populationen durch Bestandsstützungen gestärkt werden. Zum anderen können Populationen mittels Lebensraummassnahmen gefördert werden. Zu solchen Lebensraummassnahmen gehören die Sicherung und Verbesserung der Grösse, Qualität und/oder Vernetzung (Kapitel 2) der Flächen. Der Kanton Zürich legt bei solchen Massnahmen den Fokus auf prioritäre Lebensräume und Arten (Aktionsplanarten).

Entsprechende Massnahmen im Habitatmanagement sind:

- **Erhalten.** Die für eine Art wichtigen Gebiete werden in ihrer Ausdehnung und Qualität gesichert (via Schutzverordnungen, Aufnahme in nationale Inventare oder Verträge). Dabei werden die Schutzziele und Pflege so festgelegt, dass die Lebensräume quantitativ und qualitativ zumindest erhalten bleiben.
- **Aufwerten.** Die Lebensraumqualität kann auf unterschiedliche Weise für eine Art verbessert werden. Meistens wird ein anzustrebender qualitativer Zielzustand definiert. Parallel dazu kann eine quantitative Verbesserung, z.B. durch die Vergrösserung des Lebensraums, angestrebt werden. Entsprechende Massnahmen sind etwa das Auflichten von dunklen Hangföhrenwäldern, das Schaffen von Nisthilfen, Brutflößen oder Brutwänden für Vögel, Pufferzonen zur Verminderung von Nährstoffeinträgen, Nährstoffentzug durch Mahd, die Besucherlenkung, um Störungen zu vermeiden, oder die Unterschutzstellung angrenzender Flächen.
- **Wiederherstellen.** Die Wiederherstellung von Lebensräumen an Ort und Stelle dient einerseits der Neuschaffung (siehe unten), sowie dem Verbund und der Vernetzung noch bestehender Lebensräume und Populationen. Beispiele für Wiederherstellungen sind die Renaturierung von Fliessgewässern und Auen, die Wiederaufnahme der Nutzung von Waldweiden, die Wiedervernässung in drainierten Mooren, oder auch Aussaaten und Anpflanzungen von artenreichen Wiesen auf vorher intensiv genutztem Grünland (Kapitel 3).
- **Neues schaffen.** In urbanen Gebieten entstehen neue Lebensräume bei Dachbegrünungen, Grünflächen an Strassen und Gleisen oder in extensiv genutzten Parkanlagen. Andere Beispiele von Neuschaffungen (oft Ersatzmassnahmen; Kägi et al. 2002) sind Kiesgruben, Oberbodenabtrag zum Schaffen von Magerstandorten oder der Bau von Laichgewässern. Bei der Neuschaffung von Lebensräumen muss jedoch beachtet werden, ob Zielarten diese überhaupt besiedeln können (Kapitel 2).

1.2. Wissenschaftliche Grundlagen

1.2.1 Zusammenhang zwischen Habitatgrösse und Populationsgrösse

Die Populationsgrösse, die genetische Vielfalt und auch die Artenvielfalt hängen stark von der Grösse und der Qualität (Kapitel 1.2.2) der vorhandenen Lebensräume ab. Generell gilt, je grösser ein Gebiet und je besser dessen Qualität, desto grösser ist die dort vorhandene Artenvielfalt, die Grösse der Populationen der einzelnen Arten und die genetische Vielfalt der Populationen (Connor and McCoy 1979). Der Verlust der Lebensräume und die Verminderung von deren Qualität sind die Hauptursachen für das Aussterben von Populationen.

Viele naturnahe Flächen sind heute klein und liegen mehr oder weniger isoliert in einer intensiv genutzten Landschaft (Kapitel 2). Sie können also als Inseln in einem wenig lebensfreundlichen Landschaftsmeer betrachtet werden (Box 1.1).

Box 1.1: Inselbiogeographie

Die Inselbiogeographie erklärt die Artenvielfalt auf Inseln. Sie beschreibt das Verhältnis zwischen der Fläche und der geographischen Isolation einer Insel mit der Anzahl Arten auf einer Insel (MacArthur and Wilson 1967). Die Theorie besagt, dass die Artenzahl von der Besiedlungs- und Aussterberate abhängt. Nahe am Festland gelegene Inseln können einfacher besiedelt werden und erhalten somit mehr Einwanderung als weit entfernt gelegene Inseln. Grosse Inseln mit ausgedehnten, vielfältigen Lebensräumen können viele verschiedene Pflanzen und Tiere beherbergen. Auf grossen, wenig isolierten Inseln findet man daher generell eine grössere Artenvielfalt als auf kleinen, isolierten Inseln. Das positive Verhältnis von Lebensraumgrösse und Artenvielfalt gilt auch für die Populationsgrösse und die genetische Vielfalt. Dies hat ebenso für die allermeisten Lebensräume auf dem Festland Gültigkeit, die zu Lebensrauminselfn in einem ‚Meer‘ aus Siedlungen und Landwirtschaft geworden sind.

Unterschreiten Lebensrauminselfn eine gewisse Grösse, vermögen sie nicht längerfristig lebensfähige Populationen zu beherbergen (Dobson 1996). Ihre Populationen sind anfällig auf demographische (z.B. Fortpflanzungsrate, Altersstruktur) und umweltbedingte Schwankungen (z.B. Hitzesommer, Trockenheit, harte Winter) und haben ein erhöhtes Risiko auszusterben. Mit der Zeit werden Arten aus solchen kleinen Lebensrauminselfn verschwinden, selbst dann, wenn sie optimal gepflegt werden (Kapitel 1.2.7). Gemäss der Inselbiogeographie kann dem durch eine Erhöhung der Lebensraumgrösse und/oder Qualität bzw. durch Vernetzung (Kapitel 2) abgeholfen werden. Da im Kanton Zürich die naturnahen Lebensräume häufig klein und fragmentiert sind und nur noch Restpopulationen aufweisen, ist die Vergrösserung der Lebensraumflächen ein zentrales, aufgrund knapper Landressourcen jedoch schwieriges Unterfangen. Dennoch ist im Naturschutz zurzeit die gültige Sichtweise, dass es sinnvoller ist in die Flächengrösse, -anzahl und -qualität von Lebensräumen zu investieren als in deren Vernetzung (Lindenmayer and Fischer 2007). Dieses Vorgehen wird auch unter dem Aspekt des Klimawandels empfohlen (Hodgson et al. 2009). Der Kanton Zürich hat die Prioritätensetzung vorläufig folgendermassen festgelegt: 1) Flächenqualität, 2) Flächenausdehnung (gemäss Flächenzielen NSGK), 3) Vernetzung (gemäss der ökologischen Infrastruktur).

Wie gross ist gross genug? Um zu zeigen, wie gross die Lebensraumgrösse sein muss, werden hier zwei Typen von Mindestflächengrössen betrachtet: a) Mindestflächen für eine lebensfähige Population einer Art und b) Mindestflächen für lebensfähige Populationen aller Arten eines Lebensraums.

Mindestflächengrösse für eine Population. Die Mindestflächengrösse für eine Population, also die minimale Lebensraumgrösse, die für das langfristige Überleben einer Population nötig ist, hängt stark von den Eigenschaften und Bedürfnissen der jeweiligen Art ab. So variiert etwa die Mindestflächengrösse von Schilfflächen als Lebensraum für ein Individuum oder ein Brutpaar (nicht Population!) zwischen Vogelarten stark (Tabelle 1.1; Wiedemeier 1990). Der Skabiosen-Schneckenfalter benötigt für sein Überleben etwa 100 ha Lebensraum, die in einem Lebensraumverbund zusammenhängen (Abbildung 1.1). Die minimal benötigte Lebensraumgrösse hat bei der Kreuzkröte (*Epidalea calamita*) nicht nur eine räumliche, sondern auch eine zeitliche Komponente: Während die Kreuzkröte für wenige Wochen flache, vegetationsfreie Kleingewässer fürs Laichen benötigt, verbringt sie den Rest des Jahres im Landlebensraum. Geht einer dieser Lebensräume verloren oder schrumpft dieser, kann die ganze Kreuzkrötenpopulation aussterben. Stirbt eine Art regional aus, kann dies das Verschwinden weiterer, abhängiger Arten auslösen (Kaskadeneffekt; Koh et al. 2004). Viele wenig mobile Tierarten sind direkt auf Populationen von Futter- oder Wirtspflanzen angewiesen, z.B. das Esparsetten-Widderchen (*Zygaena carniolica*), dessen Raupen nur auf der Esparsette (*Onobrychis vicifolia*) vorkommt.

Solche Mindestflächengrössen für Individuen oder Brutpaare können mit Hilfe von Schätzungen über die kleinste, überlebensfähige Populationsgrösse (MVP, Kapitel 1.2.3) auf die für eine Population benötigte Flächengrösse hochgerechnet werden.

Fachbericht Populationsökologie

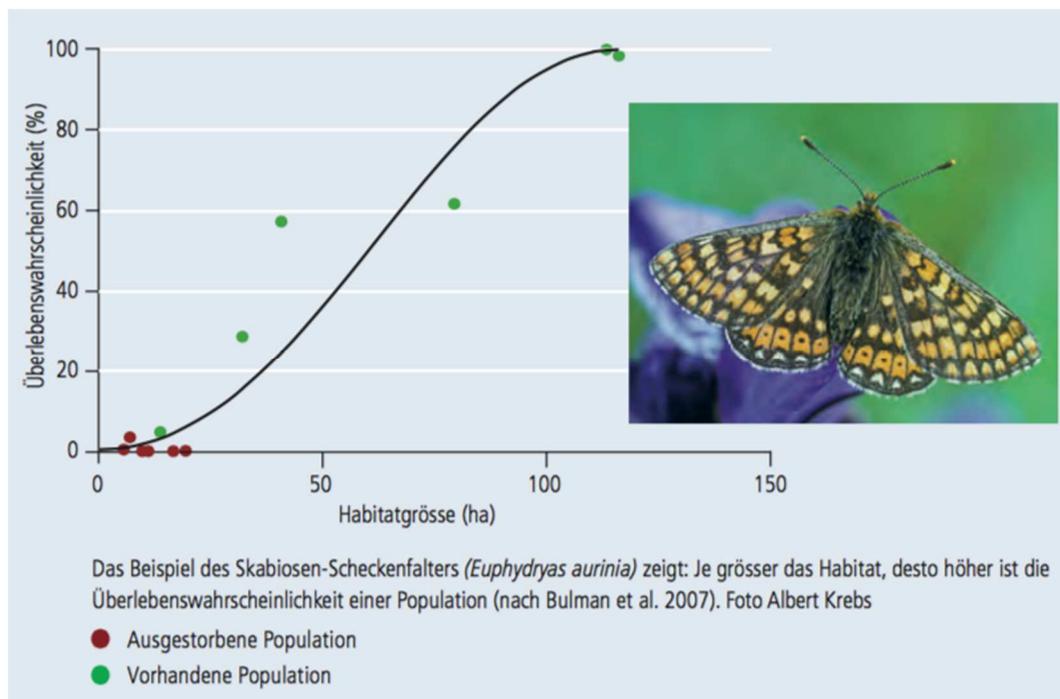
Tabelle 1.1: Geschätzte Mindestflächengrösse von Schilfbeständen am Zürichsee für einige Vogelarten (aus Wiedemeier 1990 mit Daten von Schiess 1989).

Art	Lateinischer Name	Geschätzte Mindestflächengrösse für ein Individuum oder Brutpaar (in m ²)
Zwergtaucher	<i>Podiceps ruficollis</i>	2690
Haubentaucher	<i>Podiceps cristatus</i>	40
Teichhuhn	<i>Gallinula chloropus</i>	650
Rohrammer	<i>Emberiza schoeniclus</i>	50
Drosselrohrsänger	<i>Acrocephalus arundinaceus</i>	170
Sumpfrohrsänger	<i>Acrocephalus palustris</i>	200

Da Pflanzen nicht mobil sind, sind Pflanzenpopulationen oft klarer räumlich abgegrenzt als Tierpopulationen. Es gelten aber grundsätzlich die gleichen Überlegungen für deren Mindestflächengrössen (Galanes and Thomlinson 2008; Piessens et al. 2004). Pflanzenarten sind stark und direkt von der Qualität ihres Lebensraums beeinflusst. Randeffekte, wie etwa der Eintrag von Nährstoffen (Fachbericht Eutrophierung) aus angrenzenden Lebensräumen, mindern die Populationsgrössen von spezialisierten Pflanzen, indem sie die Lebensraumqualität verschlechtern. Gerade die heute oft kleinen Naturschutzgebiete und Naturförderflächen weisen oft ein ungünstiges Flächen-Randlinienverhältnis auf. Deshalb werden etwa Pufferzonen bei Mooren eingerichtet (Klaus 2007).

Für den Naturschutz können aber auch Flächen, die kleiner als die Mindestflächengrösse für eine Population sind, von Bedeutung sein, da sie z.B. als Trittsteine in einem Lebensraumverbund (Kapitel 2.1) oder als Lebensraum für eine Teilpopulation in einer Metapopulation (Kapitel 2.2.3) dienen können.

Abbildung 1.1: Zusammenhang zwischen Lebensraumgrösse und Überlebenswahrscheinlichkeit am Beispiel des Skabiosen-Scheckenfalters (Graphik aus Forum Biodiversität Schweiz 2012, S. 23).



Schätzung der Mindestflächengröße für eine Population. Die für das Überleben einer Population nötige Lebensraumgröße kann empirisch geschätzt werden, indem bei klar umrissenen Lebensräumen, z.B. Trockenwiesen oder Mooren, untersucht wird, ab welcher Lebensraumgröße Populationen einer Art überhaupt vorkommen (Pe'er et al. 2013). Der Silberscheckenfalter (*Melitaea diamina*) wurde z.B. am Albis auf Riedwiesen von 1.6 ha Größe beobachtet, war aber auf kleinen Riedwiesen von 0.2-1.4 ha nicht vorhanden (Wiedemeier 1990). Bei solch einer Bestimmung der Mindestflächengröße sollte man sich jedoch vergewissern, ob es sich bei diesen Vorkommen um eigenständige Populationen oder um Teilpopulationen einer Metapopulation (Kapitel 2.2.3) handelt. Ansonsten besteht die Gefahr, dass man die benötigte Mindestflächengröße für eine Population unterschätzt. Schwieriger ist die Bestimmung der Mindestflächengröße bei Arten mit grossem Raumbedarf, etwa Säugetieren oder Vögeln. Hier werden Siedlungsdichten oder Territorien verwendet. Kennt man den Raumbedarf einer Fortpflanzungseinheit, so kann man diesen verwenden, um den Flächenbedarf der minimal grossen, überlebensfähigen Population (Kapitel 1.2.3) zu berechnen (Pe'er et al. 2013). Schätzungen für die Mindestflächengrößen von Populationen für einige Tierarten sind in Tabelle 1.2 und in grösserem Umfang in Tabelle A1 im Appendix aufgelistet. Zudem bietet das Europäische SCALES Projekt auf seiner Webseite (<http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=6&submenu=1>) über 200 Beispiele von Mindestflächengrößen für terrestrische Tierarten. Diese Werte beruhen auf ganz unterschiedlichen Datengrundlagen und Analysemethoden. Daher handelt es sich nur um Richtwerte. Für Pflanzen sind keine vergleichbaren Zusammenstellungen bekannt, jedoch gibt es Daten zum Verhältnis Habitat-/Populationsgröße (z.B. Sto'cklin et al. 1999) und man kann Angaben aus Art-Areal-Kurven von Vegetationserhebungen für einzelne Arten verwenden (Tabelle A1). Die Mindestflächengröße kann auch mittels Modellierungen zum Schätzen der Überlebenswahrscheinlichkeit ('population viability analyses', PVA; Kapitel 1.2.3) bestimmt werden (Pe'er et al. 2014). Daten zur Biologie einer Art (z.B. Mortalität, Geschlechterverhältnis, Ab- und Zuwanderung, Dichteabhängigkeit) werden eingegeben und die Populationsentwicklung in einer Reihe verschiedener Lebensraumgrößen in Simulationsmodellen verglichen. Die Resultate können eine Schätzung dafür sein, welche Flächengröße minimal notwendig ist, damit eine Population über einen gewissen Zeitraum überleben kann. Viele der Mindestflächengrößen-Schätzungen auf der oben erwähnten SCALES Webseite wurden so berechnet.

Tabelle 1.2: Beispiele von Schätzungen von Mindestflächengrößen pro Population. Für weitere Beispiele und Quellenangaben siehe Tabelle A1 im Appendix.

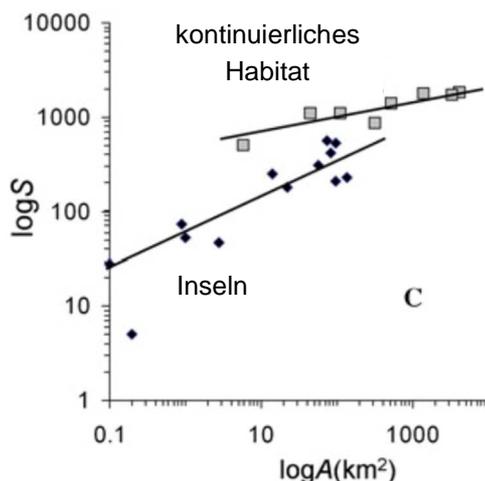
Artname	Lateinischer Name	Mindestflächengröße
Baummarter	<i>Martes martes</i>	350-700 km ²
Haselmaus	<i>Muscardinus avellanarius</i>	2-58 km ²
Bechsteinfledermaus	<i>Myotis bechsteinii</i>	ca. 18 km ²
Zwergmaus	<i>Micromys minutus</i>	Min. 1.8 ha
Mauswiesel	<i>Mustela nivalis</i>	68-7'000 km ²
Auerhuhn	<i>Tetrao urogallus</i>	50-100 km ²
Eisvogel	<i>Alcedo atthis</i>	210-425 km Gewässer
Rotmilan	<i>Milvus milvus</i>	360-21.000 km ²
Schlingnatter	<i>Coronella austriaca</i>	170-340 ha
Kreuzotter	<i>Vipera berus</i>	10-20 km ² , 85-340 ha
Kreuzkröte	<i>Bufo calamita</i>	10-16 ha
Barbe	<i>Barbus barbus</i>	10-15 km Gewässer
Blauflügelige Ödlandschrecke	<i>Oedipoda caerulea</i>	0.3-5.2 ha
Grosser Heufalter	<i>Coenonympha tullia</i>	1-2 ha
Blauauge	<i>Minois dryas</i>	2.6-18 ha
Eichenbock	<i>Cerambyx cardo</i>	ca. 20 ha
Röhrenspinne	<i>Eresus cinnaberinus</i>	ca. 100 ha

Mindestflächengröße für das Artensortiment ganzer Lebensräume. Wie gross muss die Fläche für eine Lebensgemeinschaft mindestens sein, damit alle darin vorkommenden Arten langfristig überleben können? Da unterschiedliche Arten unterschiedliche Bedürfnisse und Mindestpopulationsgrößen haben, ist es schwierig, generelle Aussagen zu machen. Andren (1994) fasste verschiedene empirische Studien zu Vögeln und Säugetieren von Waldstücken in Landwirtschaftszonen zusammen, um zu bestimmen, wie viel Waldfläche für das Überleben von Waldarten mindestens notwendig ist. Die meisten Studien wiesen darauf hin, dass ein negativer Effekt auf die Artenvielfalt und/oder Populationsgröße auftrat, wenn der Anteil an Wald in einer Landschaft unter 30% fiel. Nahezu alle Studien zeigten einen solchen negativen Effekt, wenn die Waldfläche auf unter 10% sank. Da in Waldgesellschaften meist ein räumlich-zeitliches Muster von unterschiedlichen Entwicklungsphasen charakteristisch ist, definierte Koop (1982) das Minimum-Strukturareal als die kleinste Fläche, auf der alle Waldentwicklungsphasen nebeneinander existieren können. So werden für Minimalflächen für die Lebensgemeinschaften von Buchen- und Fichten-Tannen-Buchenwälder 30-50 ha angegeben, für Eichen- und Eichen-Hainbuchenwälder 20-30 ha, für Nadelmischwälder 20-50 ha und für homogenen Fichtenwald 60 ha (Ellmauer 2005).

In einer Umfrage des ‚Forum Biodiversität‘ schätzten ExpertInnen, dass ca. ein Drittel der Schweizer Landesfläche notwendig ist, um die Biodiversität und die Ökosystemleistungen in der Schweiz zu erhalten (Guntern et al. 2013). Die Größenordnung dieser Schätzungen wird von einer Review-Studie von Svancara et al. (2005) bekräftigt.

Arten-Areal Beziehungen („species-area relationships“) zeigen das Verhältnis zwischen der Flächengröße und der Anzahl Arten auf. Generell findet man umso mehr Arten, je grösser ein Gebiet ist. Für Inseln wird von einer Steigung von 0.25-0.35 für die Arten-Areal Beziehung ausgegangen, während für Lebensräume auf dem Festland mit einer Steigung von weniger als 0.15 gerechnet wird (Abbildung 1.2; Halley et al. 2013). Häufig werden Arten-Areal Beziehungen verwendet, um den Einfluss von Störungen, Habitatverlust, Fragmentierung oder Klimawandel auf Lebensgemeinschaften und Artenzahlen zu schätzen (Halley et al. 2013; He and Hubbell 2013). Man kann Arten-Areal-Kurven auch quasi rückwärts verwenden, indem man aus der Kurve der Arten-Areal Beziehung schätzt, wie viele Arten verloren gehen, wenn man die Lebensraumfläche um ein bestimmtes Mass reduziert. Dieser Ansatz führt aber meist zu einer Überschätzung des Artenverlustes und ist umstritten (He and Hubbell 2011).

Abbildung 1.2: Das Verhältnis zwischen Flächengröße und Artenanzahl anhand des Beispiels von Kalifornischen Pflanzenarten in Habitatinseln oder kontinuierlichem Habitat (modifizierte Graphik aus; Halley et al. 2013). $\log A$: Logarithmus der Flächengröße (A), $\log S$: Logarithmus der Artenvielfalt (S).



1.2.2 Zusammenhang zwischen Habitatqualität und Populationsgrösse

Die Populationsgrösse von Tieren und Pflanzen wird von den Ressourcen und Umweltbedingungen in ihrem Habitat beeinflusst (Pulliam 2000). In Habitaten guter Qualität stehen mehr Ressourcen zur Verfügung, wodurch mehr Individuen auf derselben Fläche leben können; das Habitat hat eine höhere Tragfähigkeit („carrying capacity“). Gute Habitate führen so zu einer grösseren Überlebenswahrscheinlichkeit der darin lebenden Organismen und ihrer Populationen. Aufgrund zahlreicher Erkenntnisse aus Modellierungsanalysen, sogenannten ‚habitat suitability models‘, wird der Habitatqualität heute eine viel grössere Bedeutung als früher eingeräumt, sowohl für seltene wie auch weiter verbreitete Arten.

In der Schweiz sind die zu schützenden Habitate und Artengemeinschaften Teil einer Kulturlandschaft, welche eine extensive Bewirtschaftung oder Pflegemassnahmen zu ihrem Schutz erfordern. Solche Massnahmen sollten in Form einer vielfältigen, zeitlich variablen Nutzung oder Pflege stattfinden (z.B. Mahd und Weide, variable Schnitt- und Beweidezeiten) und nicht nur für eine bestimmte Organismengruppe optimiert werden.

Wie kann Habitatqualität gemessen werden? Um die Qualität eines Habitats zu beurteilen, können direkt Eigenschaften des Habitats gemessen werden wie z.B. Mikroklima, Standorteigenschaften, aber auch Ressourcen wie Nahrungsangebot, Brutplatzangebot etc. (Johnson 2007). Es genügt daher nicht, einfach den Vegetationstyp eines Habitats zu bestimmen und dadurch darauf zu schliessen, ob dieses beispielsweise für eine gewisse Vogelart geeignet ist. Will man die Habitatqualität direkt messen, sind exakte Kenntnisse über die limitierenden Ressourcen, deren Verfügbarkeit und räumliche bzw. zeitliche Erreichbarkeit notwendig. Anhand von Habitat-Abhängigkeitsanalysen („habitat-dependence analysis“; Kenward 2001) kann man testen, ob Individuen die Grösse ihres Territoriums so anpassen, dass es eine gewisse Menge einer bestimmten Ressource enthält. So können z.B. Territorien („home ranges“) in einem Habitatfragment hoher Qualität kleiner sein als Territorien in einem Habitat geringerer Qualität. Indermaur & Schmidt (2011) fanden, dass Kröten kleinere Territorien in Gebieten hatten, wo die Menge an Holzhaufen grösser war und dass Individuen die Territoriengrösse so anpassten, dass eine bestimmte Mindestmenge an Holzhaufen vorhanden war. Kennt man die Territoriengrösse von Individuen, kann man unter Berücksichtigung der kleinsten überlebensfähigen Populationsgrösse (Kapitel 1.2.3) die Flächenbedürfnisse für eine Population hochrechnen (Kapitel 1.2.1).

Weil direkte Erhebungen aufwändig sind, kann es sinnvoll sein, Habitatqualität indirekt zu bestimmen, indem man z.B. Dichte, Fortpflanzungserfolg oder Überleben einer oder mehrerer Arten in verschiedenen Gebieten studiert. Vergleicht man diese zwischen den verschiedenen Gebieten, erhält man eine Schätzung für deren relative Habitatqualität (Johnson 2007). Für den Naturschutz gehören Dichte, Fortpflanzung und Überleben auf Populationsniveau zu den besten Massen für Habitatqualität (Johnson, 2007). Leider ist die Erhebung solcher demographischer Daten meist mit einem erheblichen Aufwand verbunden. Aus diesem Grund wird manchmal auch nur die Dichte von Populationen verglichen. Das ist allerdings problematisch, denn eine hohe Dichte bedeutet nicht zwingend eine hohe Habitatsqualität (Van Horne 1983). Eine weitere Alternative sind Habitatmodelle („habitat suitability models“ oder Nischenmodelle; Hirzel and Le Lay 2008), welche Daten zum Vorkommen von Arten mit Umweltvariablen kombinieren, um ökologische Ansprüche von Arten und deren Verbreitung durch Modellierungen zu schätzen. Dabei werden die Lebensraumvariablen direkt im Feld oder mittels Fernerkundungsmethoden (Luftbilder, Satellitenbild, ALS-Daten) erhoben. Ein solches Nischenmodell wurde von Lippuner (2013) für die Kreuzkröte entwickelt. Dabei traten die Faktoren jährliche Austrocknung des Laichgewässers, Vorhandensein von Rohböden, Besonnung und Flachufer als besonders positiv für das Vorkommen der Kreuzkröte hervor. Vernetzung und Deckungsgrad der Vegetation spielten hingegen keine Rolle.

Habitatmodelle können zwar die Habitateignung relativ berechnen, es besteht aber nicht unbedingt ein Zusammenhang mit dem Vorkommen und der Demographie (z.B. Fortpflanzungserfolg, Überleben) einer Art. So fanden Unglaub et al. (2015), dass Habitatmodelle zwar die Fortpflanzungswahrscheinlichkeit von Kammolchen (*Triturus cristatus*) richtig vorhersagten (Molchlarven kamen vermehrt in Teichen mit einem hohen Habitatqualitätsindex vor), die geschätzte Habitatqualität stand aber nicht in Beziehung zur Teichbesetzungs- oder Überlebenswahrscheinlichkeit. In diesem Fall vermochten die Habitatmodelle also Habitate zu identifizieren, die von Naturschutz-Interesse sind, weil sie nicht einfach nur vom Kammolch besiedelt sind sondern sich die Molche darin auch fortpflanzen. Anhand von Habitatmodellen identifizierte Habitate stellen also nur das landschaftsökologische Lebensraumpotential dar,

machen aber keine Aussagen zu den Überlebenswahrscheinlichkeiten. Habitatmodelle müssen daher in der Naturschutzpraxis mit Vorsicht angewandt werden (Guillera-Arroita et al. 2015). Eine Gesamteinschätzung erfordert die zusätzliche Berücksichtigung demographischer Daten.

1.2.3. Kleinste überlebensfähige Population („minimum viable population size“, MVP)

Das Konzept der kleinsten überlebensfähigen Population („minimum viable population size“, MVP) hat in den letzten Jahrzehnten in der Naturschutzbiologie an Bedeutung gewonnen (Beissinger and McCullough 2002; Brook et al. 2006). Es beruht auf theoretischen und empirischen Erkenntnissen, die nahelegen, dass kleine Populationen ein erhöhtes Aussterberisiko haben. Dafür gibt es verschiedene Gründe. Kleine Populationen sind anfällig auf:

- Fluktuationen in der Individuenzahl aufgrund von zufälligen Schwankungen oder gerichteten Rückgängen (Allee-Effekte) in der Geburten- und Sterberate sowie im Geschlechterverhältnis;
- umweltbedingte Schwankungen wie Ressourcenverfügbarkeit, Prädation oder extreme Umweltereignisse;
- verminderte Fitness von Nachkommen von nah verwandten Individuen (Inzuchtdepression);
- Verlust genetischer Vielfalt, welcher die Fähigkeit, sich an Umweltveränderungen anzupassen, vermindert.

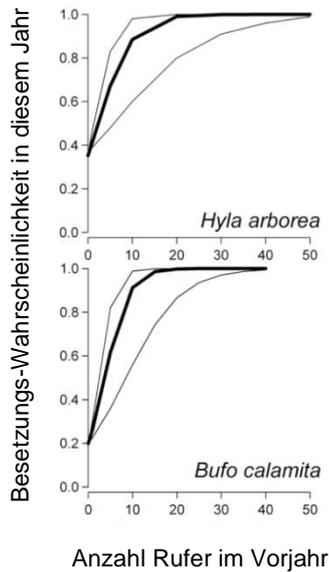
Die zentrale Frage ist, wann eine Population so klein wird, dass sich ihre Aussterbewahrscheinlichkeit dramatisch erhöht. Die MVP wird als die kleinste Anzahl Individuen angesehen, die nötig ist, damit eine Population in ihrer natürlichen Umwelt für eine definierte Zeitdauer, z.B. 100 Jahre, überlebt (Shaffer 1981). Die Schätzung der MVP hängt also von den getroffenen Annahmen ab (Zeitraum, Überlebenswahrscheinlichkeit). Alternativ kann die MVP auch evolutionär definiert werden als jene Populationsgrösse, die nötig ist, um den Verlust an genetischer Vielfalt mit dem Gewinn durch Mutation auszugleichen (Franklin and Frankham 1998).

Schätzung der Überlebenswahrscheinlichkeit („population viability analysis“).

Populationsgrößen können bei einigen Tierarten und bei vielen Pflanzen mittels Zählungen im Feld geschätzt werden. Bei Amphibien kann die Anzahl Rufer pro Weiher regelmässig über die Jahre hinweg bestimmt werden (Abbildung 1.3; Schmidt and Pellet 2005), um festzustellen, welche minimale Anzahl Rufer gerade noch ein Überleben der Population ermöglicht. Matthies et al. (2004) zeigten, dass bei einigen seltenen Magerwiesenpflanzen (z.B. kleiner Klappertopf, Fransenenzian) Populationsgrößen zwischen 71 und 1'276 Individuen nötig waren, damit diese mit 90% Sicherheit zehn Jahre überlebten. Durchsucht man die Literatur, so ist es erstaunlich, wie wenig empirische Studien direktes Aussterben nachweisen. Für Orchideen würden in der Schweiz entsprechende Daten der AGEO bestehen, die aber noch nie entsprechend ausgewertet wurden.

Die MVP kann aber auch in Modellen berechnet werden. Zuerst wird eine Analyse der Überlebenswahrscheinlichkeit durchgeführt („population viability analyses“, PVA). PVAs können mit Programmen wie z.B. VORTEX (www.vortex10.org) oder RAMAS (www.ramas.com) durchgeführt werden. Sie errechnen die Wahrscheinlichkeit, dass eine Population in einer definierten Zeitspanne überlebt. Dabei werden Änderungen in der Populationsgrösse über die Zeit unter Einbezug von demographischen und umweltbedingten Schwankungen modelliert. Die meisten PVAs schätzen das Überleben einer Population im kurz- bis mittelfristigem Zeitraum, also ein paar Jahren bis zu wenigen Hundert Jahren. Statt in Jahren kann auch in Generationen modelliert werden (Reed and McCoy 2014). Dies ist sinnvoll, wenn mit unterschiedlichen Artengruppen gearbeitet wird (O'Grady et al. 2008). Durch die Änderung der Eingabedaten erlauben es PVAs, unterschiedliche Managementstrategien miteinander zu vergleichen.

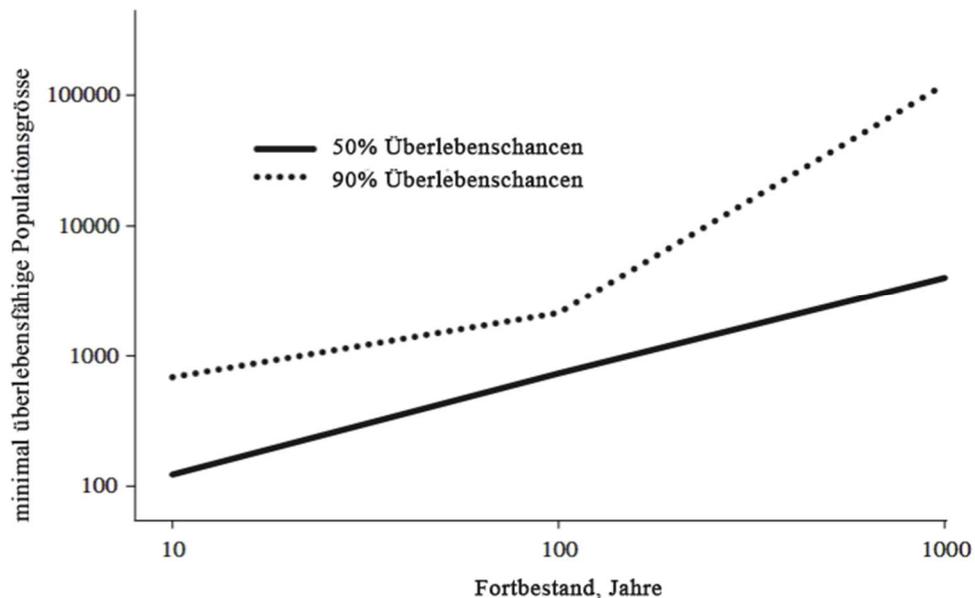
Abbildung 1.3: Wahrscheinlichkeit, dass ein Lebensraum in einem Jahr besetzt ist, in Abhängigkeit von der Anzahl rufender Männchen im Jahr davor für Kreuzkröten und Laubfrösche (Schmidt and Pellet 2005).



Bei MVP Schätzungen muss a priori definiert werden, mit welcher Wahrscheinlichkeit eine Population über welchen Zeitraum hinweg überleben soll, also etwa 10 oder 100 Jahre mit Überlebenswahrscheinlichkeit >50% oder >90%. Das Resultat hängt stark von diesen anfangs definierten Bedingungen ab, wie Traill et al. (2010) anhand von Modellierungsdaten von fast 1'200 Arten illustriert haben (Abbildung 1.4). MVP-Schätzungen machen nur Aussagen zu den vorher definierten Rahmenbedingungen: Welche Aussterbewahrscheinlichkeit über welche Zeitperiode als tolerierbar erachtet und somit in einer PVA verwendet wird, ist eine normative (gesellschaftliche oder politische) Entscheidung und kann nicht über objektive, wissenschaftliche Kriterien hergeleitet werden (Wilhere 2008). Es wird aber häufig eine >90%-Wahrscheinlichkeit für >100 Jahre benutzt (z.B. Brook et al. 2006). Reed et al. (2003) schlugen hingegen einen Standard von 99% Überlebenswahrscheinlichkeit für 40 Generationen vor, um MVPs über verschiedene Artengruppen mit jeweils verschiedener Biologie vergleichbar zu machen. Für Vergleichszwecke können MVPs für verschiedene Aussterbewahrscheinlichkeiten und Zeitperioden berechnet werden (Wilhere 2008). Der Zeitraum für eine langfristige Planung im Naturschutz sollte im Bereich von >100 Jahren oder >40 Generationen liegen.

Mehrere Metaanalysen (zusammenfassende, statistische Analysen von Einzelstudien zu einer Forschungsfrage) zeigen, dass zwar Unterschiede zwischen MVP-Schätzungen für verschiedene Arten gefunden wurden, dass diese Werte aber erstaunlich oft ähnlich gross sind (Jamieson and Allendorf 2012; Reed et al. 2003; Traill et al. 2007). Bei einem Vergleich von 212 Tier- und Pflanzenarten errechneten Traill et al. (2007) MVP-Werte von 3'577–5'129 Individuen (Zeitraum ≥ 20 Jahre, Überleben $\geq 80\%$), wobei die Werte und deren Streuung je nach Artgruppe stark variieren (z.B. Säugetiere 2'261–5'095, Insekten 1'650–103'625, Pflanzen 2'512–15'992). Andere Schätzungen von MVPs reichen von ca. 1'400 Individuen in einer Metaanalyse für Invertebraten, Vertebraten und Pflanzen (Brook et al. 2006; Zeitraum ≥ 100 Jahre, Überleben $\geq 90\%$) zu 5'800 Individuen für Vertebraten (Reed et al. 2003; Zeitraum ≥ 40 Generationen, Überleben $\geq 99\%$). Für Pflanzen gibt es generell wenige empirische Daten zu MVP-Grössen.

Abbildung 1.4: MVP-Schätzungen hängen vom Überlebenszeitraum ab. Die Graphik zeigt den Median von MVP-Schätzungen für 1'198 Arten über eine Zeitperiode von 10-1'000 Jahren für eine Überlebenswahrscheinlichkeit von 50% (durchgehende Linie) oder mehr als 90% (gestrichelte Linie; modifizierte Graphik nach Traill et al. (2010)).



Eine Tabelle aus Traill et al. (2007) kann benutzt werden (Tabelle A2, Appendix), um eine erste Einschätzung davon zu bekommen, in welchem Rahmen sich die MVP für eine Art bewegen könnte. Ein Vergleich mit einer möglichst nah verwandten Art kann dann gebraucht werden, wenn die gesuchte Art in der Tabelle nicht vorhanden ist. Zur Sicherheit und aus Gründen des Vorsorgeprinzips sollte jeweils das obere 95% Konfidenzintervall des angegebenen MVP-Werts verwendet werden.

Eine evolutionäre Schätzung der MVP berücksichtigt zudem den Einfluss der Genetik auf die Überlebensfähigkeit einer Population. Genetisch überlebensfähig sind solche Populationen, die gross genug sind, um die Anhäufung von schädlichen Mutationen zu vermeiden und die genetische Vielfalt zu bewahren, damit sie sich künftigen Umweltveränderungen anpassen können. Welche Populationsgrößen sind nötig, um die genetische Lebensfähigkeit zu garantieren und wie ähnlich sind sie den oben erwähnten, empirisch bestimmten MVPs? Um das evolutionäre Potential für sehr lange Zeiträume zu erhalten, ist eine Populationsgrösse notwendig, die den zufälligen Verlust von genetischer Vielfalt wegen kleiner Populationsgrösse (genetische Drift) durch neue genetische Vielfalt (Mutation oder Genfluss) ausgleichen kann. Franklin (1980) schätzte, dass für die Erhaltung des Anpassungspotentials eine effektive Populationsgrösse (N_e ; Box 1.2) von rund ~ 500 Individuen benötigt wird (~ 50 um nur Aussterben durch Inzucht zu verhindern), was zur bekannten 50/500 Regel führte. Viele Studien zeigen aber, dass die Fitness stark abnimmt, wenn die effektive Populationsgrösse nur 50 Individuen über fünf Generationen umfasst (Frankham et al. 2014). Frankham et al. (2014) empfehlen daher, die minimale effektive Populationsgrösse auf mindestens 100/1'000 festzusetzen. Eine Population mit weniger als 1'000 Individuen ist zwar genetisch nicht zum kurz- oder mittelfristigen Aussterben verurteilt, aber ihre Fähigkeit, sich an verändernden Umweltbedingungen (Fachbericht Klimawandel) anzupassen, nimmt ab, was ihre längerfristigen Überlebenschancen verringert. Da die genetische effektive Populationsgrösse normalerweise sehr viel tiefer als die tatsächlich im Feld ermittelte Populationsgrösse ist (Verhältnis z.B. ca. 0.1-0.23; Palstra and Fraser 2012), sollte eine Population längerfristig aus 5'000 (50/500 Regel) oder 10'000 (100/1'000 Regel) Individuen bestehen. Diese aufgrund genetischer Theorie errechneten Werte stimmen gut mit den oben erwähnten empirisch bestimmten MVP-Werten überein. Eine im Feld ermittelte Populationsgrösse (oder Metapopulationsgrösse; siehe Kapitel 2) von 10'000 Individuen (effektive genetische

Populationsgrösse $\approx 1'000$) bietet daher nach heutigem Wissen eine hohe Wahrscheinlichkeit für langfristiges Überleben.

Das oben Genannte berücksichtigt nur stochastische Effekte (demographische Zufallsschwankungen, zufällige Umweltvariation, genetische Drift). Gegen systematische Effekte (wie z.B. Habitatverlust oder Übernutzung) hilft Populationsgrösse unter Umständen aber wenig. Wenn sich eine Population in schneller Abnahme befindet, ist ihre Grösse wenig informativ für das Aussterberisiko. Ein trauriges Beispiel dafür ist die Wandertaube (*Ectopistes migratorius*) in Nordamerika, die trotz einer Populationsgrösse von mehreren Milliarden Individuen innert kürzester Zeit durch Jagd ausgerottet wurde (Schorger 1955). Markant ist auch der Zusammenbruch einst verbreiteter Vogelarten in der Schweiz. Zum Beispiel hat der Kiebitz in den letzten 20 Jahren so stark abgenommen, dass er nun in der Schweiz als vom Aussterben bedroht (CR) klassifiziert ist.

Achtung: Ist eine Population kleiner als die geschätzte MVP, bedeutet dies nicht, dass sie nicht schützenswert ist! Selbst sehr kleine Populationen können für den Fortbestand einer Art wichtig sein (Kapitel 1.2.5) und kleine Schutzgebiete können Teilpopulationen beherbergen oder als Vernetzungsstrukturen dienen (Kapitel 2.2.3). Ist eine Population Teil einer Metapopulation, so bezieht sich die MVP auf die Metapopulation. Nebst den Populationsgrössen der einzelnen Teilpopulationen spielt bei Metapopulationen aber auch das Ausbreitungspotential einer Art eine wichtige Rolle, denn es bestimmt, wie vernetzt die einzelnen Teilpopulationen sind (Kapitel 2.2.4)

Box 1.2: Effektive Populationsgrösse

Die genetisch effektive Populationsgrösse (N_e) ist die Grösse einer idealisierten Population, welche die gleiche Inzucht und den gleichen Verlust an genetischer Vielfalt erfährt, wie die untersuchte tatsächliche Population. Die Annahmen für die idealisierte Population sind vielfältig: Isolation, Zufallspaarung, konstante Anzahl sich fortpflanzender Individuen, keine Mutation und keine Selektion (Wright 1931). Natürlich wird kaum eine natürliche Population all diesen Annahmen gerecht. Deshalb ist N_e in natürlichen Populationen meist kleiner als die im Feld ermittelte Populationsgrösse (N_c). Wie stark sich N_e von N_c in einer Population unterscheidet, hängt davon ab, wie stark die Biologie einer Art von den Eigenschaften einer idealisierten Population abweicht. Arten, die in sozialen Gruppen leben, zeigen häufig grosse Unterschiede im Fortpflanzungserfolg einzelner Individuen (z.B. keine Fortpflanzung von untergeordneten Individuen), was zu einem geringen N_e/N_c Verhältnis führt. Zum Beispiel wurde ein N_e/N_c von weniger als 0.1 in Populationen von in sozialen Gruppen lebenden afrikanischen Wildhunden gefunden (Marsden et al. 2012), aber ein N_e/N_c von 0.65 bei nicht sozial lebenden Singammern in Kanada (D O'Connor et al. 2006). Viele genetische Prozesse in einer Population hängen von der effektiven Populationsgrösse (N_e) und nicht von N_c ab. N_e kann mit demographischen oder molekular-genetischen Methoden geschätzt werden, wie dies z.B. für Schweizer Steinbockpopulationen gemacht wurde (Biebach and Keller 2010).

1.2.4 Schwankungen in der Populationsgrösse

Arten treten in ganz unterschiedlichen Verbreitungsmustern auf. Gewisse Arten sind weit verbreitet, treten in grossen Populationen auf und kommen mit sehr unterschiedlichen Umweltbedingungen zurecht. Andere Arten sind spezialisiert, kommen nur in einem Lebensraumtyp und nur in kleinen, isolierten Populationen vor. Diese unterschiedlichen Eigenschaften machen Arten mehr oder weniger anfällig auf Schwankungen in der Populationsgrösse.

Demographische, genetische und umweltbedingte zufällige Schwankungen beeinflussen die Überlebenschancen von Populationen. Mit zunehmender Grösse der Population verlieren Schwankungen an Bedeutung, was grosse Populationen generell stabiler macht.

Zufällige Umweltschwankungen wirken sich je nach Ausprägung des Lebensraums unterschiedlich auf Populationen aus. Topographische und strukturelle Heterogenität in Lebensräumen kann umweltbedingte Schwankungen der Gesamtpopulationsgrösse reduzieren. Eine Art hat daher bessere Überlebenschancen, wenn sie in mehreren Teilpopulationen auf unterschiedlich ausgeprägten Lebensraumflächen vorkommt. Dagegen können selbst grosse Populationen aussterben, wenn sie nur an einem Ort leben, der von Umweltschwankungen (z.B. Überschwemmung) einheitlich getroffen wird. Die besten Überlebenschancen bestehen also, wenn eine Art regional in mehreren Populationen und Lebensräumen vorkommt, zwischen denen Austausch möglich ist (Kapitel 2).

1.2.5 Bedeutung kleiner Populationen

Nach der 500/5'000 oder 1'000/10'000 Individuen-Regel besitzen viele Populationen (und Arten) in der Schweiz eine Grösse, die ihr kurzfristiges wie auch langfristiges Überleben in Frage stellt und kaum zulässt, dass sie sich an verändernde Umweltbedingungen anpassen. Trotzdem spielen kleine Populationen in der Planung von Schutzmassnahmen eine wichtige Rolle, auch wenn sie unterhalb der MVP-Faustregeln liegen (Mayer et al. 2009; Shoemaker et al. 2014). Sind Populationen Teil eines Lebensraumverbunds und bilden in der Gesamtheit eine Metapopulation, so ist das Total der Individuen aller Populationen in diesem Populationsverbund für die MVP entscheidend (Kapitel 2.2.3). In der Schweiz ist z.B. der grösste Teil der Populationen von Pflanzenarten der Roten Liste unterhalb der oben genannten MVP-Regelgrössen. Auf Magerwiesen im Jura bestehen ca. 70% der Populationen gefährdeter Magerwiesenarten aus weniger als 100 Individuen und im Verlauf von 10 Jahren sind rund 20% von diesen mutmasslich ausgestorben (Jürg Stöcklin, mündl. Komm.). Natürlich bedeutet das nicht, dass Anstrengungen zum Schutz dieser Populationen verfehlt wären. Vielmehr zeigen die MVP-Regelgrössen auf, wie wichtig Schutzmassnahmen in Form von Habitatvergrösserung oder -qualitätsverbesserung und Vernetzung (Kapitel 2) sind, um Populationen und Arten langfristig zu bewahren. Vernetzung und Genfluss spielen somit eine entscheidende Rolle bei der Beurteilung, wie gefährdet eine Population tatsächlich ist. Kleine Populationen können als Bestandteil eines Populationsverbunds zum regionalen Überleben von Metapopulationen (und Arten) beitragen (Shoemaker et al. 2014). Sie können aber auch Sink-Populationen darstellen (Kapitel 2.2.3).

Kleine Populationen, die am Rande des Verbreitungsgebiets einer Art vorkommen, können die Überlebenschancen einer Art unter unsicheren klimatischen Bedingungen (z.B. Klimawandel) verbessern, da sie möglicherweise unterschiedliche genetische Ausprägungen aufweisen. Aus diesen Gründen nehmen kleine und insbesondere Randpopulationen eine bedeutende Rolle im Naturschutz ein. Der Kanton Zürich beherbergt einige solcher Arten, insbesondere unter den Pflanzen (z.B. Nordzürcher Hügelfora; Nägeli 1899), wie das Weisse und Siebenblättrige Fingerkraut (*Potentilla alba*, *P. heptaphylla*) oder den Schwarzwerdenden Geissklee (*Cytisus nigricans*).

1.2.6 SLOSS: single large or several small

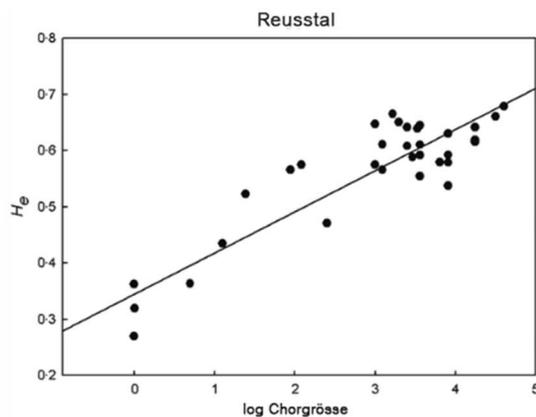
Wie soll die Gestalt und Lage von Habitaten aussehen, um Populationen möglichst effizient langfristig zu schützen? Sowohl die Grösse wie auch die Gestalt und das Ausmass der Isolation (Kapitel 2) von Habitatflächen wirken sich auf die Populationsgrösse aus. Die SLOSS-Debatte der 1980er-Jahre („single large or several small“) behandelt die Frage, ob eine einzelne grosse oder

mehrere kleine Flächen die Schutzwirkung maximieren. Auf dem Populationsniveau bedeutet die SLOSS-Frage, ob eine einzelne grosse oder eine entsprechende Anzahl kleiner Populationen eine höhere Überlebenswahrscheinlichkeit für eine Metapopulation aufweist bzw. aufweisen (Kapitel 2.2.3), also ob ein Verbund mehrerer kleiner Populationen eine bessere Überlebenschance hat als eine einzelne grosse Population mit der gleichen Gesamtzahl an Individuen. Zwar beherbergt eine grössere Fläche theoretisch eine grössere Anzahl Individuen, mehrere kleinere Fragmente, die über einen grösseren Raum verteilt sind, können aber einer Art ein heterogeneres Gebiet bieten und somit Umweltschwankungen abpuffern (Risikostreuung). Generell kann man davon ausgehen, dass bei schwachen Umweltschwankungen eine einzelne grosse Population bessere Überlebenschancen hat als mehrere, isolierte kleine Populationen. Bei starken Umweltschwankungen ist das aber umgekehrt (Amler et al. 1999). Der Aufbau eines Populationsverbundes mit einer begrenzten Anzahl relativ grosser Teilpopulationen ist dem Schutz einer einzelnen grossen Population deshalb vorzuziehen. Die Teilpopulationen sollten dabei so dicht wie möglich, aber so weit wie nötig voneinander entfernt sein, damit einerseits Individuen- und Genaustausch möglich ist und andererseits nicht alle Flächen von den gleichen negativen Einflussfaktoren gleichzeitig betroffen werden (Amler et al. 1999). Der optimale Umgang mit der SLOSS-Debatte wird heute allgemein als Mittelweg beschrieben.

1.2.7 Genetische Vielfalt

Die Grösse von Populationen und der Genfluss zwischen Populationen (Kapitel 2) beeinflussen die genetische Vielfalt. Generell gilt, je grösser eine Population ist (je mehr Individuen), desto grösser ist ihre genetische Vielfalt (Abbildung 1.5; Frankham et al. 2014). Umgekehrt leiden kleine, isolierte Populationen vermehrt an den negativen Konsequenzen von Inzucht und genetischer Drift und besitzen deshalb eine geringere genetische Vielfalt. Die genetische Vielfalt hängt aber auch von der Heterogenität der Lebensräume und den damit einhergehenden unterschiedlichen Selektionsdrücken ab (Arenas et al. 2014).

Abbildung 1.5: Die genetische Vielfalt nimmt in der Regel mit zunehmender Populationsgrösse zu. Angelone und Holderegger (2009) untersuchten Laubfroschpopulationen (*Hyla arborea*) im Reusstal. Die erwartete Heterozygotie (H_e), ein Mass für die genetische Vielfalt, nimmt mit der Anzahl rufender Männchen, einem Schätzer für die Populationsgrösse, zu.



Adaptive und neutrale genetische Vielfalt. Die genetische Vielfalt ist die Grundlage für evolutionäre Anpassungen. Eine evolutionäre Anpassung (Adaptation) ist ein Merkmal eines Individuums oder einer Population, das für sein/ihr Überleben bzw. den Fortpflanzungserfolg vorteilhaft ist und durch natürliche Selektion ausgelesen wird. Adaptation erlaubt es, sich an verändernde Umweltbedingungen anzupassen und ist somit für das langfristige Bestehen einer Population oder Art entscheidend. Nur die adaptive genetische Vielfalt unterliegt den Einflüssen der Selektion. Die neutrale genetische Vielfalt ist hingegen nicht direkt relevant für die Überlebensfähigkeit und Anpassungsfähigkeit von Populationen oder Arten, da auf sie keine Selektion durch die Umwelt besteht. Adaptive und neutrale genetische Vielfalt können positiv, negativ, oder gar nicht miteinander korreliert sein (Hedrick 2001). Eigentlich wäre die

Naturschutzpraxis vor allem an der adaptiven genetischen Vielfalt interessiert, diese ist aber im Gegensatz zur neutralen Vielfalt schwieriger und aufwändiger zu untersuchen (Steiner et al. 2013).

1.2.7.1 Genetische Vielfalt messen

Technisch hat die Genetik allgemein und damit auch die Naturschutzgenetik in den letzten zehn Jahren riesige Fortschritte gemacht: Die Kosten für naturschutzgenetische Laboruntersuchungen liegen heute im ähnlichen Bereich wie jene für ökologische Untersuchungen. Im Gegensatz zu ökologischen Untersuchungen erlauben genetische Methoden grossräumige Untersuchungen (Fernández et al. 2006).

Neutrale genetische Vielfalt messen. Meist werden in molekular-genetischen Populationsstudien neutrale DNA-Abschnitte untersucht. Neutrale genetische Vielfalt ist im Labor einfach quantifizierbar, z.B. mit genetischen Markern wie Mikrosatelliten oder SNPs (,single nucleotide polymorphisms'). Zwar sagt neutrale genetische Vielfalt per se nichts über das adaptive Potenzial einer Population aus (siehe oben), aber es können mit neutraler genetischer Vielfalt viele Prozesse wie Ausbreitung und Genfluss (Kapitel 2), Inzucht und effektive Populationsgrösse (Box 1.2), Verwandtschaft und weiteres untersucht werden (Box 1.3). Insbesondere im Vergleich können für den Naturschutz wichtige Rückschlüsse gezogen werden: zum Beispiel grosse gegen kleine, isolierte gegen vernetzte, oder Randpopulationen gegen Populationen im Zentrum eines Verbreitungsgebiets.

Adaptive genetische Vielfalt messen. Adaptive Vielfalt wird gemessen, indem spezifische Gene identifiziert werden, deren Allele unter bestimmten Umweltbedingungen vorteilhaft sind (selektive Marker). So können lokale Anpassungen und deren Einfluss auf die Fitness bestimmt werden. Solche Daten können unter Umständen auch Aufschluss darüber geben, wie eine Population auf klimatische Veränderungen reagiert (Hoffman and Sgro 2011; Jay et al. 2012). Das Aufdecken solcher von der Selektion beeinflussten Gene ist aber aufgrund der massiven Grösse von Genomen ein schwieriges Unterfangen. Neue Technologien wie das ,next generation sequencing', welche den Schritt weg von der Untersuchung einzelner Gene (Genetik) zur Analyse des ganzen Erbguts (Genomik) erlauben (Steiner et al. 2013), eröffnen heute neue Möglichkeiten, nicht nur für Modellorganismen der Forschung, sondern auch für Arten, die für den Naturschutz relevant sind. Genomische Daten können zwar immer einfacher und schneller produziert werden, die Datenanalyse hinkt der Datenproduktion aber hinterher (Steiner et al. 2013) und genomische Analysen sind für Nicht-Modellorganismen noch immer sehr teuer. Genomische Analysen der adaptiven genetischen Vielfalt sind darum noch nicht routinemässig im Naturschutz einsetzbar und nur in Einzelfällen durchführbar. Zum Beispiel konnten für Regenbogenforellen SNP Marker identifiziert werden, die mit unterschiedlichen Wachstumsraten der Tiere korreliert sind (Salem et al. 2012).

Zeitabhängigkeit genetischer Prozesse. Studiert man die genetischen Prozesse einer Population, muss man berücksichtigen, dass es sich dabei um zeitabhängige Prozesse handelt, die sich (meist) über viele Generationen abspielen (also auch von der Generationszeit einer Art abhängig sind). Das gilt sowohl für neutrale als auch adaptive genetische Vielfalt. Das heisst, die Genetik widerspiegelt nicht nur heutige, sondern auch historische Prozesse wie z.B. Einwanderung oder Veränderungen in der Populationsgrösse. Es braucht Zeit, bis die genetische Vielfalt einer Population eine Umweltänderung oder einen Lebensraumverlust widerspiegelt. Da viele kleine Populationen erst in jüngster Zeit stark abgenommen haben und vorher gross waren, beinhalten sie oft noch immer relativ viel genetische Vielfalt (die aber schnell abnimmt; Jamieson and Allendorf 2012). Daher ist die genetische Vielfalt per se meist kein guter Schätzer für den Gefährdungsstatus einer Population. Die Tatsache, dass genetische Vielfalt auch die Vergangenheit widerspiegelt, bedeutet umgekehrt auch, dass der heutige genetische Zustand einer Population einen grossen Einfluss auf die zukünftige Entwicklung einer Population haben kann.

1.2.7.2 Genetische Drift und Inzucht

Eine geringe effektive Populationsgrösse (Box 1.3) wirkt sich negativ auf die genetische Vielfalt aus. Dies kommt daher, dass in kleinen Populationen der Effekt der genetischen Drift (zufällige Veränderungen in den Häufigkeiten von Allelen) vermehrt zum Tragen kommt, was zu einer Reduktion der genetischen Vielfalt führt und damit auch die Fitness und das Evolutionspotential von Individuen und Populationen beeinträchtigt.

Nebst genetischer Drift kann auch Inzucht vor allem für kleine, isolierte Populationen zu einem Problem werden. In einer kleinen Population müssen sich Individuen aufgrund der kleinen Zahl an

Paarungspartnern mit nahen Verwandten paaren. Durch die Inzucht kommen schädliche Erbanlagen, die zuvor durch andere, dominante Anlagen überdeckt wurden, verstärkt zur Ausprägung (Homozygotie schädlicher Allele). Das reduziert die Fitness der Individuen, sie sind weniger überlebensfähig und erzeugen weniger Nachkommen. Diesen Fitnessverlust in den Nachkommen von Paarungen zwischen verwandten Individuen nennt man Inzuchtdepression (inbreeding depression; Keller and Waller 2002). Inzuchtdepression kann sehr stark sein und z.B. die Krankheitsresistenz, das Wachstum oder die Fruchtbarkeit von Individuen beeinträchtigen. In kleinen Populationen kann dieser Fitnessverlust das Aussterberisiko der Population erhöhen. Wie stark Inzucht die Fitness von Individuen vermindert, kann von den Umweltbedingungen abhängig sein. Zum Beispiel litten Darwin-Finken in Jahren mit geringem Nahrungsvorkommen und grosser Populationsgrösse (viele Konkurrenten) besonders stark unter Inzuchtdepression (Keller et al. 2002). Inzucht und Inzuchtdepression sind aber trotz unter Umständen starken Effekten nicht immer leicht zu entdecken. Sind schädliche Allele z.B. in einer frühen Entwicklungsphase letal, so überleben vermehrt heterozygote Individuen, welche dann bei einer genetischen Studie den Anschein geringer Inzucht erwecken können (Keller and Waller 2002).

Nebst Inzuchtdepression gibt es auch das Phänomen der Auszuchtdepression. Dabei handelt es sich auch um eine verringerte Fitness in der Nachkommenschaft, die aufgrund der Verpaarung von genetisch weit entfernten Individuen zustande kommt. Dies kann dann vorkommen, wenn die sich paarenden Individuen an ganz verschiedene Umweltbedingungen angepasst sind, unterschiedlichen Arten angehören oder von Populationen stammen, die in den letzten 500 Jahren keine Gene mehr ausgetauscht haben (Frankham et al. 2011). Auszuchtdepression kann bei Translokationen von Bedeutung sein (Kapitel 3). Die Risiken der Auszuchtdepression werden in der Regel allerdings als gering eingestuft (Frankham et al. 2011).

Erhaltung genetischer Vielfalt. Da die genetische Vielfalt und damit die Anpassungs- und Überlebensfähigkeit von Populationen und Arten mit der Populationsgrösse zusammenhängen, gelten für die Erhaltung der genetischen Vielfalt grundsätzlich die gleichen Regeln wie für die Erhaltung von Populationen (Kapitel 1.2.1 und 1.2.2): Populationen sollten möglichst gross und vernetzt sein (Kapitel 2) und die Lebensräume sollten vielfältig sein, um die adaptive genetische Vielfalt zu erhalten. Sind diese Bedingungen gegeben, braucht es grundsätzlich kein spezifisches genetisches Management.

Box 1.3: Gebrauch molekulargenetischer Methoden zu Monitoringzwecken

Meist werden für Monitoringzwecke neutrale genetische Marker verwendet, vor allem Mikrosatelliten, weil diese einfach und relativ billig entwickelt werden können. Man kann grob zwischen zwei Kategorien von molekular-genetischen Untersuchungen im Monitoring unterscheiden (Schwartz et al. 2007): 1) Gebrauch von molekular-genetischen Markern zur Identifizierung von Individuen, Populationen oder Arten, und 2) Gebrauch von genetischen Markern für das Monitoring von populationsgenetischen Kennwerten im Verlauf der Zeit.

Die erste Kategorie umfasst Untersuchungen, bei denen molekular-genetische Marker benutzt werden, um das Vorkommen einer Art und deren Populationsgrösse in einem Gebiet zu erfassen (Tabelle 1.3). Nicht-invasives genetisches Monitoring kann z.B. anhand von Haaren, Federn, Kot und anderen Körperproben, aber auch durch Umwelt-DNA (eDNA), z.B. Wasserproben aus einem Teich, durchgeführt werden: Individuen müssen also nicht gefangen und gestört werden. Dies erlaubt es Fang-Wiederfang Studien durchzuführen, ohne die Individuen zu sehen, denn molekular-genetische Marker liefern für jedes Individuum ein eigenes Muster (genetischer Fingerabdruck; Lukacs and Burnham 2005). So können auch Überleben und Fortpflanzungserfolg indirekt über Nachkommenschaftsanalysen untersucht werden. Arten können mittels genetischem Barcoding (Wilson 2003) bestimmt werden. Beispielsweise wird Barcoding von Umwelt-DNA bereits beim Monitoring der Amphibienlaichgebiete von nationaler Bedeutung (Wirkungskontrolle Biotopschutz) für den Kammmolch und Teichmolch eingesetzt. Genetische Methoden sind speziell für Arten geeignet, die selten, schwierig oder teuer zu beobachten, zu zählen oder zu fangen sind. Herkömmliche Erhebungen zum Vorkommen und der Populationsdichte des Auerhuhns beispielsweise basieren auf Zählungen an Balzplätzen oder aufgrund von Spuren. Jacob et al. (2009) verglichen die Schätzungen der Populationsgrössen basierend auf der Zählung von Spuren (Kot, Federn, Schlafbäumen etc.) entlang von Transekten mit der genetischen Analyse der gesammelten Federn und des Kots. Anhand neutraler genetischer Marker konnten bis zu

Fachbericht Populationsökologie

siebenmal mehr Individuen nachgewiesen werden als durch das Suchen nach Spuren. Werden die Proben für die genetische Analyse von mindestens zwei Begehungen gesammelt, können zusätzlich Fang-Wiederfang-Modelle angewendet werden, denn die genetische Methode kann die einzelnen Individuen klar identifizieren. Aus der Anzahl der zweimal bzw. nur einmalig nachgewiesenen Individuen kann die Populationsgrösse noch genauer abgeschätzt werden (Mollet et al. 2015). Molekulargenetische Methoden sind auch hilfreich bei Wiederansiedlungsprogrammen (Kapitel 3), um deren Erfolg zu messen: Es kann nicht nur das Überleben von Individuen verfolgt werden, sondern auch bestimmt werden, ob die sich wiederangesiedelten Individuen erfolgreich fortpflanzen (Flagstad et al. 2004). Zudem können Hybriden nachgewiesen werden, z.B. zwischen Wildkatze und Hauskatze (Nussberger et al. 2014). Molekular-genetische Marker erlauben auch den Nachweis von Schadorganismen (Kilpatrick et al. 2006) wie dem Chytridpilz der Amphibien (*Batrachochytrium dendrobatidis*), dem Asiatischen Laubholzbockkäfer (*Anoplophora glabripennis*) oder der Eschenwelke (*Chalara fraxinea*).

Zweitens geben populationsgenetische Kennwerte im genetischen Monitoring Einblick in die demographischen und evolutionären Prozesse von Populationen (Tabelle 1.3). Molekulargenetische Marker erlauben die Erfassung von Veränderungen in der genetischen Vielfalt von Populationen, der effektiven Grösse einer Population (Box 1.2) etc. (siehe oben). Eine Studie mit neutralen genetischen Markern konnte beispielsweise belegen, dass Auerhuhn-Populationen in den Alpen, insbesondere in den Randgebieten des Verbreitungsgebiets, in jüngster Zeit Bestandsrückgänge verzeichneten (Segelbacher and Storch 2002).

Einen Überblick über die Verwendung genetischer Methoden im Naturschutz geben Holderegger und Segelbacher (2016).

Tabelle 1.3: Beispiele für den Gebrauch von molekulargenetischen Methoden im Naturschutz.

Merkmal	Beispiel
Fortpflanzung und Verwandtschaft	Hat ein wiederangesiedeltes Individuum sich fortgepflanzt? Wie viele Männchen kommen zur Fortpflanzung?
Vorkommen von Individuen, Populationen und Arten	Wie häufig kommt eine schwer beobachtbare Art in einem Gebiet vor (Barcoding)?
Raumnutzung	Welchen Raum nutzen Individuen?
Vorkommen von Schadorganismen	Wie breiten sich unterschiedliche Schadorganismen aus?
Hybridisierung	Haben sich Individuen von zwei Arten gepaart? Nimmt die Häufigkeit von Hybriden zu?
Genetische Vielfalt von Populationen/Arten	Wie gross ist die neutrale oder adaptive genetische Vielfalt von Population A im Vergleich zur Population B?
Evolutives Potential	Kommen Populationen mit speziellen, adaptiven genetischen Varianten vor?
Populationsgrösse (N_e)	Wie viele Individuen umfasst eine Population? Was ist die effektive Populationsgrösse einer Population?
Inzucht	Wie stark ist eine Population ingezüchtet, verglichen mit einem früheren Zeitpunkt oder anderen Populationen?
Populationsvernetzung (Kapitel 2)	Besteht ein genetischer oder Individuen-Austausch zwischen Population A und Population B?

1.2.8 Extinction debt

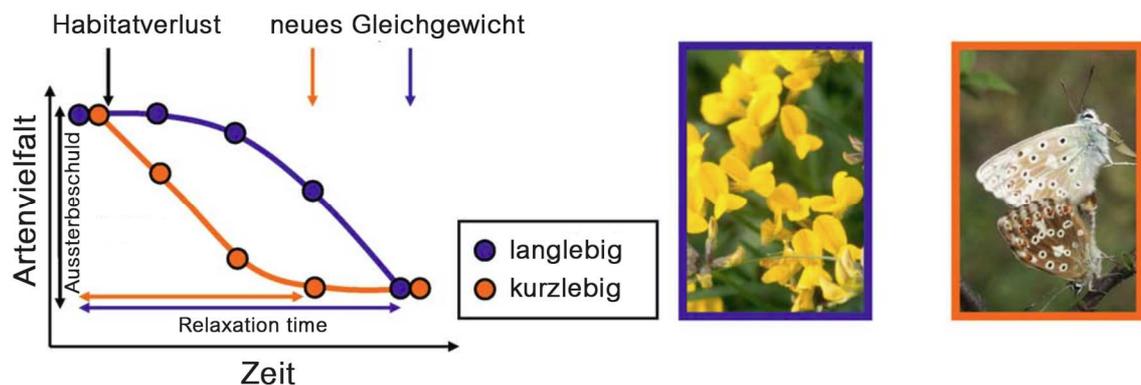
Während die qualitative Verschlechterung eines Lebensraumes schnell geschehen kann, kann das Aussterben von Arten als dessen Folge mit einer beträchtlichen Zeitverzögerung erfolgen. Zwar verschwinden manche Populationen oder Arten mit oder unmittelbar nach einer Störung, die Mehrzahl solcher Ereignisse tritt jedoch erst lange Zeit später auf, auch ohne dass weitere Habitatveränderungen stattfinden. Dieses Phänomen wird als ‚extinction debt‘, als Aussterbeschuld, bezeichnet (Tilman et al. 1994) und beschreibt die Anzahl oder den Anteil der Arten oder Populationen, für welche ein Aussterben noch nicht eingetreten ist, aber erwartet wird. Durch die Verzögerung und die Aussterbeschuld können die Kosten einer Lebensraumbeeinträchtigung zunächst geringfügig erscheinen, aber langfristig hoch sein. Die Aussterbeschuld ist ein Grund dafür, wieso Aussterben nach Lebensraumveränderungen wider Erwarten zuerst nicht beobachtet wird (Halley et al. 2014; Stork 2010).

Je stärker die Störung, desto mehr Arten oder Populationen sterben aus (Ovaskainen and Hanski 2002). Je weiter die Störung zurückliegt, desto wahrscheinlicher ist die Aussterbeschuld bereits bezahlt. Aussterbeschulden sind also vor allem in Gebieten vorhanden, in denen grossräumige Störungen erst kürzlich erfolgt sind (Hanski and Ovaskainen 2002), wie das auch für den Kanton Zürich zutrifft. In Belgien zeigten Waldpflanzenarten eine Aussterbeschuld aufgrund von Habitatfragmentierung während der letzten 200 Jahre, während die Aussterbeschuld in ähnlichen Lebensräumen in England, wo die Fragmentierung früher erfolgte, bereits bezahlt war (Vellend et al. 2006). Das Ausmass der Aussterbeschuld hängt von der Biologie (Generationszeit, vegetative Vermehrung, Langlebigkeit) einer Art ab (Brook et al. 2003; Kuussaari et al. 2009; Vellend et al. 2006) (Abbildung 1.6). Lebensraumspezialisten reagieren erwartungsgemäss schneller auf Lebensraumveränderungen. Für hochspezialisierte Mikro-Flechtenarten in Schottland wurde eine Aussterbeschuld bestimmt, während dies für weniger spezialisierte Makro-Flechten nicht der Fall war (Ellis and Coppins 2007), da sie mit Lebensraumveränderungen besser zurecht kommen. In kleinen, isolierten Lebensraumfragmenten ist die Aussterbeschuld unmittelbar nach der Störung zwar vergleichsweise höher, sie nimmt aber schneller ab, da das Aussterben in kleinen Fragmenten schneller erfolgt. Daher kann die verbleibende Aussterbeschuld nach einer gewissen Zeit in grossen Fragmenten höher als in kleinen sein.

Zusammengefasst zeigen bisherige Studien, dass Aussterbeschuld aufgrund von Habitatverlust und -beeinträchtigung sowie Zerschneidung weit verbreitet ist (Kitzes and Harte 2015; Kuussaari et al. 2009). Weil ein Grossteil der Lebensraumbeeinträchtigungen erst in den letzten Jahrzehnten erfolgt ist, ist eine Aussterbeschuld vermutlich in vielen Lebensräumen vorhanden (Hanski 2000). Selbst ohne weitere Lebensraumverluste ist daher davon auszugehen, dass viele Populationen oder Arten aussterben werden, wenn der Aussterbeschuld nicht mit entsprechenden Massnahmen (wie z.B. Habitataufwertung) entgegengewirkt wird, um Populationen noch rechtzeitig zu retten. Für den Naturschutz kann die Zeitverzögerung des Aussterbens also (noch) eine Chance darstellen, rechtzeitig etwas dagegen zu unternehmen.

Nicht nur das Aussterben kann zeitverzögert stattfinden, sondern auch das Besiedeln von neuen Habitaten. Die Besiedlung eines Gebietes durch eine neue Art erfordert nicht nur eine erfolgreiche Einwanderung, sondern auch Überleben und Fortpflanzung am neuen Ort. Diese Zeitverzögerung in der Besiedlung und im Erreichen eines neuen Arten-Gleichgewichts nennt man ‚immigration lag‘ (Jackson and Sax 2010).

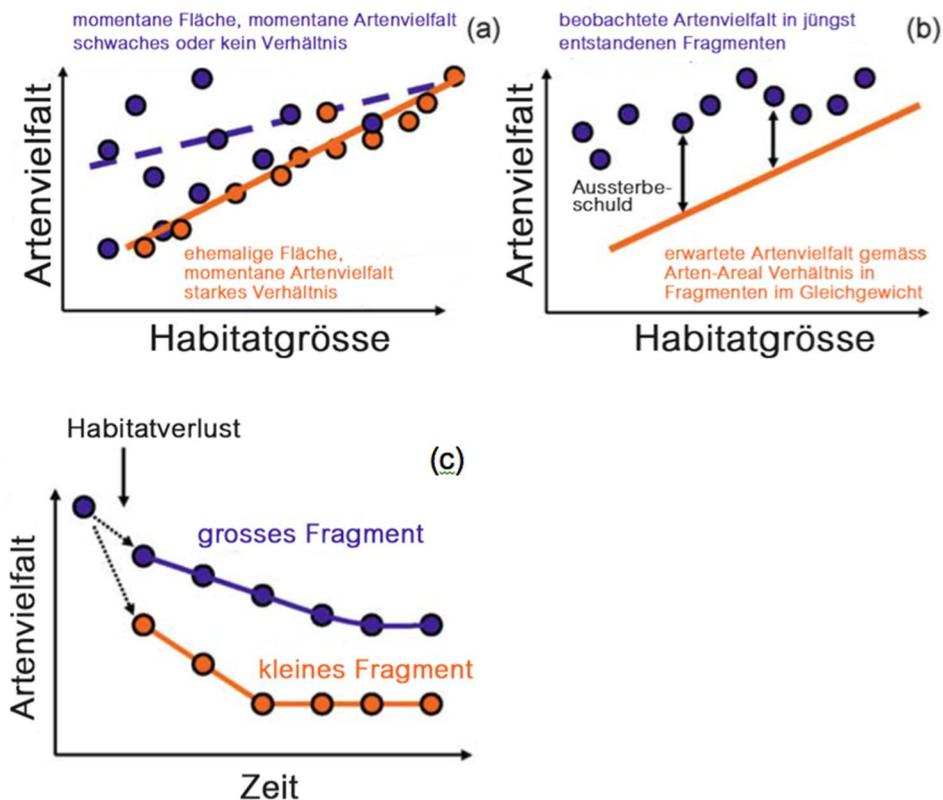
Abbildung 1.6: Die Aussterbeschuld ist die Anzahl Arten, welche nach einer Habitatbeeinträchtigung weiterbestehen, nach und nach aber aussterben, bis ein neues Gleichgewicht hergestellt ist. Die ‚relaxation time‘ ist die Zeitspanne zwischen Habitatbeeinträchtigung und dem neuen Gleichgewicht. Kurzlebige Arten wie der Silbergrüne Bläuling (*Polyommatus coridon*; orange) zeigen eine kürzere ‚relaxation time‘ als langlebige Arten wie der Gewöhnliche Hufeisenklee (*Hippocrepis comosa*; blau). Abbildung verändert nach Kuussaari et al. (2009).



Aussterbeschuld messen oder vorhersagen. Um die Aussterbeschuld zu messen, müssen Langzeitdaten zu Artvorkommen und Lebensraumvorkommen vorhanden sein. Kuussaari et al. (2009) unterscheiden verschiedene Methoden, anhand welcher die Aussterbeschuld empirisch gemessen werden kann. Drei dieser Methoden sind:

- Kann die heutige Artenvielfalt besser mit vergangenen als mit gegenwärtigen Lebensraumvariablen beschrieben werden, so kann man von einer Aussterbeschuld ausgehen (Abbildung 1.7 a). Die Grösse der Aussterbeschuld kann mit dieser Methode allerdings nicht bestimmt werden. Lindborg und Eriksson (2004) beobachteten, dass die heutige Pflanzenvielfalt in schwedischen Wiesen signifikant mit der vergangenen und nicht mit der heutigen Lebensraumvernetzung zusammenhängt. Findlay et al.'s (2000) Studie weist darauf hin, dass die negativen Auswirkungen von Strassen auf die Biodiversität in Feuchtgebieten vermutlich für viele Taxa erst nach Jahrzehnten nachweisbar wird.
- Die Artenzahl in Habitaten konstanter Grösse und Vernetzung kann dazu verwendet werden, um die erwartete Anzahl Arten in Habitaten zu schätzen, deren Grösse oder Vernetzung in der Vergangenheit abgenommen haben. Die Aussterbeschuld ist die Differenz zwischen der vorhergesagten und der beobachteten Artenzahl (Abbildung 1.7 b). Diese Methode hat bisher die meisten Hinweise auf Aussterbeschuld geliefert (Berglund and Jonsson 2005; Helm et al. 2006; Vellend et al. 2006).
- Gibt es zwei oder mehr zeitliche Datenpunkte zu Artvorkommen am selben Ort und zur Veränderung der Habitatgrösse in der Zeit, kann die Aussterbeschuld direkt berechnet werden (Abbildung 1.7 c). Zum Beispiel erlaubte ein langzeitiges Monitoring von zerschnittenen Urwaldflächen in Brasilien eine direkte Berechnung von Aussterbeschuldskurven in Bezug zur Lebensraumfragmentierung (Ferraz et al. 2003; Stouffer et al. 2009). Leider sind solche Daten aber sehr selten.

Abbildung 1.7: Messung der Aussterbeschuld mittels verschiedener Methoden. a) Mittels vergangener und gegenwärtiger Habitateigenschaften, b) mittels Arten-Areal Beziehungen in Fragmenten mit Gleichgewicht und c) mittels Zeitreihen-Daten (nach Kuussaari et al., 2009).



Limitierungen von empirischen Aussterbeschuld-Studien. Verschiedene Faktoren limitieren die Aussagekraft von Untersuchungen zur Aussterbeschuld:

- Die richtigen Arten müssen untersucht werden: Aussterbeschuld wird nur für Arten erwartet, die auf den untersuchten Lebensraumtyp spezialisiert sind (keine Generalisten, keine nicht einheimischen Arten).
- Die Resultate hängen von den beobachteten Lebensraumeigenschaften ab. Es kann sein, dass die Lebensraumfläche keine Beziehung mit der Artenvielfalt zeigt, während Vernetzung oder Lebensraumqualität eine solche zeigen würden. Deshalb sollten mehrere Lebensraumeigenschaften untersucht werden.
- Die meisten Aussterbeschuld-Studien nehmen ein früheres Gleichgewicht in der Lebensgemeinschaft an. War dies nicht der Fall, kann dies zu falschen Aussterbeschuld-Schätzungen führen. Gerade in der Kulturlandschaft Mitteleuropas dürfte seit längerem kein Gleichgewicht mehr bestanden haben.

1.3 Faustregeln

- **Priorisierung:** Der Kanton Zürich soll diejenigen Lebensräume und Arten besonders fördern, für die er eine besondere Verantwortung hat, und jene Arten, die für den betreffenden Landschaftsraum charakteristisch sind. Das heisst aber nicht, dass Arten mit tiefer Priorität bei der Naturschutzarbeit nicht berücksichtigt werden sollen.
- **Redundanz:** Um den Einfluss stochastischer Ereignisse zu mindern, soll der Kanton Redundanz bei Lebensraumtypen schaffen, d.h. jeder Lebensraumtyp bzw. jede Population soll an mehreren Orten vorkommen.
- **Minimale Populationsgrösse:** Je grösser ein Lebensraum ist, desto grösser die Population, die darin überleben kann. Nur grosse Populationen oder gut verbundene Metapopulationen von 5'000 – 10'000 Individuen sind langfristig (für mindestens 100 Jahre oder länger) überlebensfähig. Der Kanton muss darum genügend grosse Lebensraumflächen für den Erhalt genügend grosser Populationen bereitstellen. Die minimale Populationsgrösse sollte für jede Zielart bestimmt und in die Aktionspläne integriert werden.
- **Mindestflächengrösse:** Die Mindestflächengrösse sollte für jede Zielart bestimmt werden und in Aktionsplänen vorhanden sein. Sind keine Daten vorhanden, so können mit Vorsicht Tabelle A1 und die SCALES Webseite (<http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=6&submenu=1>) benutzt werden, um Beispiele für Richtwerte von Mindestflächengrössen für Tierarten zu erhalten. Um ganze Lebensgemeinschaften aller wichtigen Lebensraumtypen zu schützen, sollte die naturnahe Mindestfläche gesamthaft ca. 30% der Fläche einer biogeographischen Region ausmachen. Auf diesen Flächen sollte die Erhaltung und Förderung der Biodiversität Vorrang haben. Weitere Nutzungen sind möglich, solange sie sich mit diesem Ziel vereinbaren lassen.
- **SLOSS:** Bei genügender Vernetzung sind auch kleine Lebensraumflächen und kleine Populationen wertvoll, insbesondere im Lebensraumverbund in Schwerpunktregionen. Der Kanton soll daher auch kleinere Flächen erhalten.
- **Habitatqualität:** Der Habitatqualität kommt eine entscheidende Bedeutung zu. Für die Schätzung der Habitatqualität sind gute Daten zur Demographie (Fortpflanzungserfolg, Überlebenswahrscheinlichkeit) und/oder zu den limitierenden abiotischen (z.B. Nährstoffe, Klima) und biotischen (z.B. Konkurrenz, Nutzung) Faktoren nötig.
- **Nischenmodelle:** Überlagerungen von Nischenmodellierungen auf der Lebensraumebene erlauben es dem Kanton, qualitativ hochwertige Flächen zu bestimmen und zu erhalten.
- **Aussterbeschuld:** Nicht in jedem Fall, wo eine Art in einem Gebiet vorkommt, kann davon ausgegangen werden, dass der Lebensraum für das Überleben der Art geeignet ist. Die Möglichkeit einer Aussterbeschuld muss berücksichtigt werden.
- **PVA:** ‚population viability analyses‘ schätzen die Überlebenschancen von Pflanzen- und Tierpopulationen. Sie erfordern eine Vielzahl an Daten. Sind diese nicht vorhanden, können (mit viel Vorsicht) Richtwerte anderer Studien beigezogen werden wie sie z.B. in der ‚species traits database‘ des SCALES Projektes (<http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=6>) aufgelistet sind.
- **Genetische Vielfalt:** In der Naturschutzpraxis muss zwischen neutraler und anpassungsrelevanter (adaptiver) genetischer Vielfalt unterschieden werden. Der Naturschutz wäre vor allem an anpassungsrelevanter genetischer Vielfalt interessiert, diese ist aber immer noch schwierig messbar. Für die Erhaltung der genetischen Vielfalt sind grundsätzlich die gleichen Instrumente zu nutzen, wie für die Erhaltung von Populationen (also Lebensraumerhaltung, Habitatqualität, grosse Populationen und Vernetzung).
- **Adaptives Potenzial:** Eine grosse genetische Vielfalt erhält das Anpassungs- und Evolutionspotential von Arten. Redundanz und Vielfalt bei den Lebensräumen sind hierfür besonders wichtig.
- **Inzucht:** Um Inzucht zu vermeiden und die adaptive wie auch die neutrale genetische Vielfalt zu bewahren, müssen Populationen 500-1'000 (effektive Populationsgrösse, Ne) bzw. 5'000 – 10'000 Individuen (tatsächliche Populationsgrösse, Nc) umfassen.
- **Randpopulationen:** Randpopulationen können die Überlebenschancen einer Art unter unsicheren Umweltbedingungen (z.B. Klimawandel) verbessern, weshalb sie eine bedeutende Rolle im Naturschutz einnehmen. Besondere Randpopulationen sollen darum in der Berechnung der Artwerte oder der Auswahl der AP-Arten einfließen

1.4 Forschungsbedarf

Nachfolgend werden Vorschläge für Untersuchungen gegeben, die Daten liefern, welche in der Literatur zurzeit fehlen, die den Kanton Zürich in seiner täglichen Naturschutzarbeit aber massgeblich unterstützen würden. Der Kanton Zürich könnte diese selbst ausführen, in Auftrag geben oder in Zusammenarbeit mit Hochschulen, Fachhochschulen oder Forschungsinstituten ausarbeiten.

- **Mindestflächengrößen:** Eine Zusammenstellung über sehr viele Arten hinweg (v.a. prioritäre und AP-Arten) wäre für den Kanton Zürich sehr hilfreich. Der Kanton Zürich verfügt aus Monitorings und Ökobüroaufträgen für zahlreiche Arten über Angaben, wo diese Arten vorkommen oder nicht vorkommen und wie gross die jeweiligen Lebensraumflächen sind. Für manche Arten dürfte bekannt sein, wo sie verschwunden sind, obwohl die Habitatfläche noch vorhanden ist. Der Kanton könnte somit die Mindestflächengrösse für viele Arten, insbesondere auch Zielarten, auf dem eigenen Kantonsgebiet nach der Methode von Pe'er et al. (2013) schätzen. Die grosse Arbeit besteht hier im Zusammenstellen der Daten, die eigentlichen Auswertungen sind einfach und klar definiert (Beispiel Skabiosen-Schreckenfalter in Kapitel 1.2.1). Eine solche Zusammenstellung von Mindestflächengrößen wäre nicht nur für den Kanton Zürich von Nutzen, sondern könnte in Absprache und Zusammenarbeit auch in anderen Kantonen gemacht werden, z.B. für national prioritäre Arten (oder eine Auswahl davon).
- **Nischenmodelle:** Für die prioritären Arten, die mittels Aktionsplan gefördert werden sollen, aber auch für die Arten ganzer Lebensräume könnte der Kanton Nischenmodelle anfertigen.

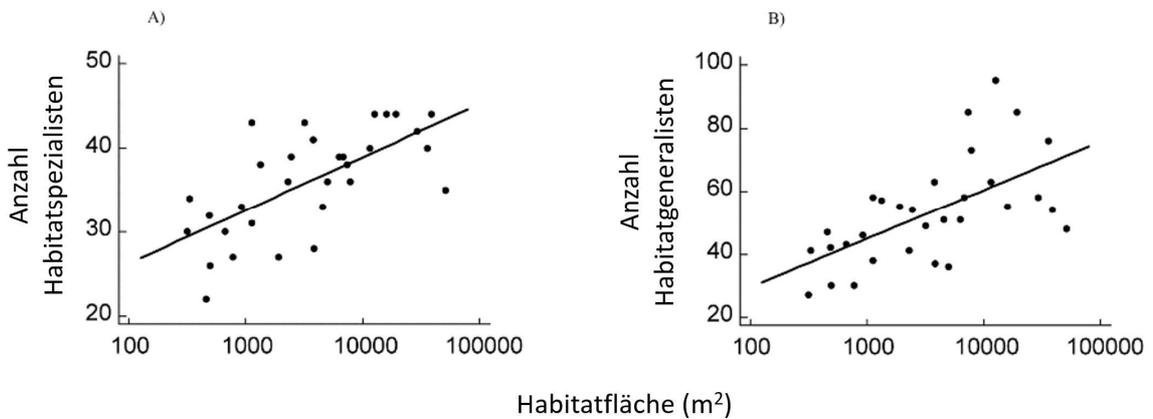
1.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich

1.5.1 TWW

Trockenwiesen- und weiden (TWW) gehören zu den artenreichsten Lebensräumen (van Swaay 2002). Sie sind durch die Intensivierung der Landwirtschaft stark zurückgegangen (z.B. Wesche et al. 2012). Ein Bericht der SCNAT (Guntern et al. 2013) schätzt, dass gesamtschweizerisch seit 1900 ca. 95% der TWW Flächen verloren gingen und eine Verdoppelung der aktuellen TWW-Flächen nötig wäre, um die Biodiversität in den TWW zu erhalten. In der Datenbank der Naturschutzfachstelle sind aktuell (Januar 2016) 264 TWW-Objekte mit einer Gesamtfläche von 240 ha erfasst. Vergleicht man die Flächenanteile der TWW-Inventarobjekte des gesamten Schweizer Mittellandes (0.06% der Fläche) mit dem Kanton Zürich (0.09%), wird klar, dass der Kanton Zürich überdurchschnittlich viele TWW-Flächen aufweist und dass er im Schweizer Mittelland für diese eine hohe Verantwortung hat.

Die Flächen pro TWW-Objekt (national und kantonal) unterscheiden sich stark: Das kleinste Objekt im Kanton Zürich ist 0.04 ha gross, das grösste 15.4 ha. Der Mittelwert der TWW-Flächen im Kanton Zürich liegt bei 0.92 ha, der Median bei 0.46 ha. Dies zeigt, dass kleine Flächen deutlich überwiegen. Gemäss Krauss et al. (2004; Abb. 1.8) nimmt die Artenzahl unterhalb 1 ha stark ab. Im Kanton Zürich erreichen immerhin 55 TWW-Objekte (20%) eine Fläche von 1 ha oder grösser, weitere 16 sind immerhin über 0.8 ha gross. Knapp drei Viertel der Objekte sind jedoch deutlich kleiner als 1 ha.

Abbildung 1.8: Zusammenhang zwischen Flächengrösse und Artenzahl der Pflanzen in TWW-Objekten. Grafik aus Krauss et al. (2004).



Fischer und Stöcklin (1997) beobachteten, dass TWW-Pflanzen mit kleiner Populationsgrösse eher lokal ausstarben als Pflanzen mit grösseren Populationen. Zudem sterben Arten mit einer kurzen Lebensdauer, Fehlen von vegetativer Vermehrung und geringer Samenproduktion häufiger aus als langlebige Arten mit grosser Samenproduktion oder vegetativer Vermehrung (Fischer and Stocklin 1997; Saar et al. 2012). Beides deutet darauf hin, dass in TWW-Objekten vermutlich eine Aussterbeschuld vorhanden ist (Krauss et al. 2004): Der Flächenverlust liegt noch nicht so lange zurück, dass langlebige bzw. Arten mit vegetativer Vermehrung sich den neuen Gleichgewichtszustand mit weniger Fläche und damit geringerer Artenvielfalt angepasst hätten.

Dasselbe lässt sich für Wildbienen beobachten. In einer Studie von Blaauw und Isaacs (2014) nahm die Anzahl Wildbienenbesuche mit der Flächengrösse zu. Da Wildbienen unter anderem wichtige und teilweise spezialisierte Bestäuber sind, interagiert der Rückgang an Wildbienen-Arten mit dem Rückgang der von ihnen abhängigen Pflanzenarten. Da bei den Pflanzen eine Aussterbeschuld vorliegt, ist diese auch bei den von ihnen abhängigen Bestäubern zu erwarten.

Eine mosaikartige Bewirtschaftung bzw. Beweidung trägt dazu bei, dass der Artenreichtum in TWW-Flächen erhöht wird (Diacon-Bolli et al. 2012). Andererseits zeigt die Studie von Bruun zur Artenvielfalt auf dänischen TWW-Flächen aber, dass die Flächengrösse die Artenzahl auf TWW-Flächen stärker beeinflusst als der Strukturreichtum (Bruun 2000). Zudem ist bei heterogener Bewirtschaftung darauf zu achten, dass nicht zu viele Randeffekte entstehen und die eigentlichen Kernzonen der TWW nicht zu klein werden.

Viele TWW-Objekte im Kanton Zürich sind klein. Da die Mindestflächengrösse für TWW gemäss Literatur bei ca. 1 ha liegt (Krauss et al. 2004), sollte der Kanton Zürich diese kleinen Objekte arrondieren und durch naheliegende Flächen vergrössern (Dalang and Hersperger 2012), da viele Arten in den kleinen Flächen langfristig kaum überleben werden. Besonders sollte dies bei isolierten Objekten geschehen; in Schwerpunktgebieten sind auch kleinere Flächen durchaus wertvoll (vgl. Kapitel 2). Aufgrund von Randeffekten, durch die bereits moderate Stickstoffeinträge starke und langfristige Reduktionen der Artenzahl zur Folge haben (Hegg et al. 1992), und des starken Zusammenhangs zwischen Flächengrösse und Artenzahl sollten aber primär grosse Flächen angestrebt werden. Interessant ist die Frage, wieso in der Schweiz Halbtrockenrasen vor allem gemäht werden, während sie in Deutschland eher beweidet sind. Klar ist, dass eine leichte Beweidung mit leichten Bodenstörungen zu Keimstellen für Pflanzen führt (Diacon-Bolli et al. 2012). Auch diverse Invertebraten profitieren von der kleinräumigen Heterogenität, die durch extensive Beweidung entsteht (z.B. Maes and Bonte 2006).

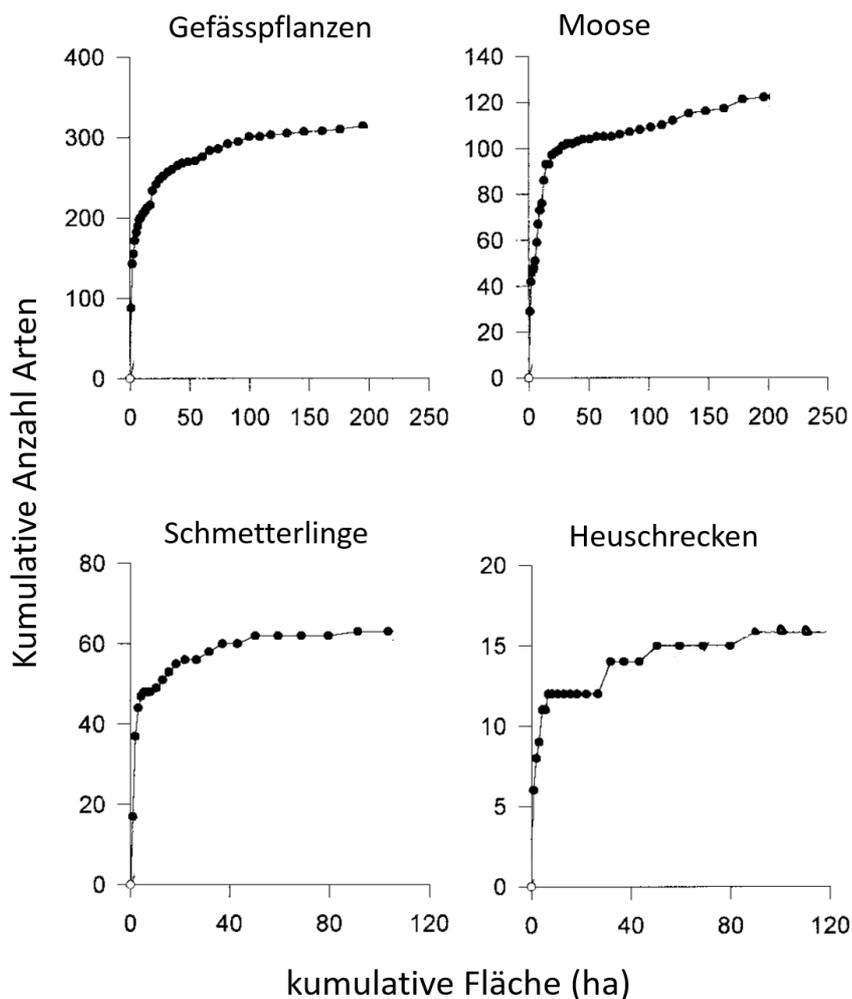
1.5.2 Feuchtgebiete/Moore

Im Kanton Zürich sind aktuell (Stand Januar 2016) 1'191 nationale, kantonale und regionale Feuchtgebiete (Hochmoore, Flachmoore, kleine Stillgewässer, Feuchtwiesen) mit einer

Gesamtfläche von 3'044 ha in der GIS-Datenbank erfasst. Die Flächengröße pro Objekt variiert von 0.01 bis 242.17 ha, der Mittelwert liegt bei 2.55 ha und der Median bei 0.70 ha. Es existieren demnach vor allem kleinflächige Objekte. Gimmi et al. (2011) schätzen, dass im Kanton Zürich ursprünglich etwas über 10'000 ha an Feuchtgebietsflächen vorkamen. Rund 90% gingen verloren, vor allem grossflächige Feuchtgebiete. Moore gingen gemäss Gimmi et al. (2011) ab 1900 durch Drainage, Abbau, Intensivierung der Landwirtschaft und später die Zersiedelung durch das Bevölkerungswachstum verloren. Je nach Moortyp schätzt die SCNAT, dass eine Vergrößerung der aktuellen Flächen um das Zwei- bis Dreifache nötig wäre. Dies entspräche einer Hochmoorfläche von ca. 4'400 ha (aktuell 1'500 ha) und einer Fläche von Flachmooren und Feuchtwiesen von ca. 82'000 ha (aktuell 32'200 ha) für die ganze Schweiz (Guntern et al. 2013). Aufgrund der grossen ehemaligen Feuchtgebietsfläche hat der Kanton Zürich eine grosse Verantwortung für Feuchtgebiete, insbesondere für Flachmoore. Seine ursprüngliche Feuchtgebietsfläche entspräche grob einem Achtel der benötigten Fläche für die ganze Schweiz.

Arten-Arealbeziehungen für die spezialisierte Moor-Flora im Kanton Zürich legen nahe, dass eine Aussterbeschuld vorliegt (Bergamini et al., unpubl. Daten): Moore, die seit 1850 mehr als 50% der Fläche eingebüsst hatten, zeigten eine stärkere Abnahme in der Artenzahl als Moore, die weniger als 50% der Fläche eingebüsst hatten. Eine positive Korrelation für Artenzahl und Flächengröße besteht für eine Vielzahl an Moorspezialisten (vgl. Abbildung 1.9; Peintinger et al. 2003). Für die meisten Artengruppen erhöht sich die jeweilige Artenvielfalt ab ca. 25 bis 100 ha nur mehr unwesentlich.

Abbildung 1.9: Zusammenhang zwischen Flächengröße und Artenzahl für vier taxonomische Gruppen (Gefässpflanzen, Moose, Schmetterlinge und Heuschrecken). Quelle: Peintinger et al. (2003).



Die mittlere Flächengrösse für Feuchtgebiete liegt mit 2.55 ha massiv unterhalb der gemäss der Studie von Peitinger et al. (2003) anzustrebenden 25 bis 100 ha für Moore. Die im Mittelwert und Median sehr gering ausfallende Flächengrösse der Feuchtgebiete im Kanton Zürich kommt teilweise dadurch zustande, dass auch viele kleine Stillgewässer (mit geringer Flächengrösse) in den Feuchtgebieten enthalten sind. Trotzdem sind grossflächige Moore selten: nur gerade 11 Feuchtgebieten-Objekte im Kanton Zürich sind grösser als 40 ha und nur zwei Objekte grösser als 100 ha. Eine Vergrösserung der Flächen durch Moorregeneration und das Sichern von genügend breiten Pufferstreifen gegen Austrocknung (hydrologische Pufferzonen) und Nährstoffeintrag (Guntern et al. 2013) sind also prioritär, wenn weitere Artverluste verhindert werden sollen.

1.5.3 Lichte Wälder

Aufgrund der besonders hohen Artenvielfalt von seltenen Pflanzen und Tieren wurden Lichte Wälder als prioritärer Lebensraum im Kanton Zürich definiert und werden gezielt gefördert (vgl. AP LiWa). Je nach Typ von lichtem Wald können unterschiedliche Arten vorkommen (Bertiller and Keel 2006).

Gemäss Geodaten des Kantons Zürich zum lichten Wald sind im Kanton Zürich 239 LiWa-Objekte erfasst mit einer Gesamtfläche von 716.75 ha (Stand Februar 2016). Die kleinste Fläche beträgt 0.07 ha, die grösste 44.98 ha. Der Mittelwert liegt bei 3.01 ha, der Median bei 1.75 ha. Auch hier wird klar, dass kleine Flächen von unter 1 ha übervertreten sind. In der Literatur liegen keine Daten zu Arten-Arealbeziehungen für lichte Wälder vor. Der Kanton Zürich sollte daher für Zielarten die Minimalareale bestimmen (siehe Forschungsbedarf Kapitel 1.4).

Die Auswahl der Flächen, die als Lichte Wald bewirtschaftet werden, erfolgt bisher opportunistisch. Die Flächen können beim Kanton angemeldet werden und erhalten entsprechende Unterstützung, wenn sie eine genügende Punktzahl erreichen. Nur die wertvolleren Flächen mit der höchsten Punktzahl werden prioritär gefördert. Eine hohe Punktzahl kann auf zwei Wegen zustande kommen:

- Die Fläche hat eine Vielzahl an LiWa-typischen Arten, die allesamt aber eher wenige Punkte geben.
- Die Fläche hat einige wenige LiWa-Arten mit sehr hohem Artwert.

Offensichtlich erfolgt die Auswahl der LiWa-Objekte aufgrund von Artvorkommen, berücksichtigt aber die oben erwähnten Faustregeln für die Populationsgrösse kaum. Aufgrund der Faustregeln können die folgenden Überlegungen zur Priorisierung gemacht werden:

- **Priorisierung:** Arten, für die der Kanton Zürich besondere Verantwortung hat, sollten besonders gefördert werden. Als Beispiel erhält das häufigere Purpurknabenkraut dieselbe Punktzahl wie das seltenere Blasse Knabenkraut, obwohl das Purpurknabenkraut sein Hauptverbreitungsgebiet in den Kantonen Zürich und Thurgau hat, während das Blasse Knabenkraut historisch kaum im Kanton Zürich belegt ist.
- **Redundanz:** Es sollten Redundanzen geschaffen werden. LiWa-Objekte auf sauren, trockenen Böden oder nassen Standorten kommen bisher nur sehr selten vor und weisen andere Lebensgemeinschaften auf als LiWa Objekte auf kalkreichen wechsellackenen Böden. Sie sollten nunmehr prioritär gegenüber den bereits zahlreicher vertretenen anderen Typen berücksichtigt werden.
- **Redundanz und adaptives Potenzial:** Das Schaffen von Redundanzen beinhaltet auch, dass nebst dem Artwert mitberücksichtigt wird, von wie vielen Förderflächen im LiWa-Programm eine Art bereits profitiert. Arten, die im LiWa kaum gefördert werden, sollten priorisiert werden, sowohl bezüglich Redundanz wie auch bezüglich Erhalt eines möglichst grossen adaptiven Potenzials der Art durch Förderung an ökologisch unterschiedlichen Standorten.
- **Minimale Populationsgrösse:** Grosse Flächen sollten gegenüber kleinen ebenfalls bevorzugt werden, denn damit besteht die Möglichkeit, dass Arten mit grossem Platzbedarf wie etwa der Berglaubsänger den Lebensraum nutzen können. Die Priorisierung von grossen Flächen ist aber häufig bereits dadurch gegeben, dass grössere Flächen tendenziell mehr Arten aufweisen und daher höhere Punktzahlen erreichen.
- **Aussterbeschuld:** Viele typische LiWa-Arten sind eher langlebig (Bäume, Sträucher) und die Bewirtschaftung der ehemals lichten Wälder änderte sich erst im 19./20. Jahrhundert. Das Gleichgewicht in der Arten-Arealbeziehung dürfte sich erst langfristig noch einstellen.

In Anbetracht dieser Möglichkeit einer Aussterbeschuld in diversen kleinen LiWa-Objekten sollte bei der Vergabe der Punktzahlen nicht nur das Vorhandensein von Arten mit hohen Artwerten berücksichtigt werden, sondern es könnten Extrapunkte vergeben werden, wenn sich Fortpflanzung seltener Arten nachweisen lässt. Denn ohne Fortpflanzung besteht die Möglichkeit, dass eine seltene Art einer Aussterbeschuld unterliegt und langfristig verloren geht, auch wenn der Lebensraum qualitativ ausreichend scheint.

- Habitatqualität: Die Habitatqualität kann oberflächlich ausreichend erscheinen, da bestimmte Arten in einem bestimmten Objekt vorkommen. Wenn jedoch keine Fortpflanzung stattfindet, ist das ein Hinweis auf Qualitätsmängel. Daher sollten Extrapunkte für den Nachweis von Fortpflanzung bei seltenen Arten vergeben werden (analog Aussterbeschuld).

1.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich

1.6.1 Küchenschelle (*Pulsatilla vulgaris*)

Der Aktionsplan des Kantons Zürich für die Küchenschelle (*Pulsatilla vulgaris*) zeigt eine gemischte Bilanz: Zwar konnten neue Populationen durch Auspflanzung gegründet werden. Allerdings ist die Pflege der vorhandenen Flächen (Pflegeverträge zur Offenhaltung der Flächen und zum Mahdregime, Verhinderung von Randeffekten durch Nährstoffeintrag durch Pufferzonen) aufwändig. Selbständige Vermehrung oder Ausbreitung findet kaum statt. Die Art ist also im Kanton noch direkt abhängig von Naturschutzmassnahmen. Zudem stellt sich die Frage, ob die Art mittel- bis langfristig selbständig überleben kann:

- Für eine langlebige Art wie die Küchenschelle ist zur Beurteilung der Habitatqualität die erfolgreiche Fortpflanzung ein besserer Indikator als das Vorkommen und Überleben bereits etablierter Individuen, die auch unter suboptimalen Bedingungen noch jahrelang überdauern können (Krauss et al. 2010).
- Die aktuellen Vorkommen der Küchenschelle im Kanton Zürich sind meist sehr klein mit weniger als 10-50 Individuen (Pfeifer et al. 2002). Dies trifft auch auf die neu ausgepflanzten Populationen zu (Regula Langenauer, unpub. Daten). Das langfristige Überleben dieser Kleinpopulationen ist gemäss Faustregeln nicht gesichert. Zudem ist von *Pulsatilla vulgaris* bekannt, dass kleine Populationen (unter 10 Individuen) geringeren Fortpflanzungserfolg aufweisen als grosse (Hensen et al. 2005).
- Um den Verlust einer einzigen Population durch einen katastrophalen Umwelteinfluss oder stochastische demographische Effekte abzuf puffern, müssen mehrere grosse Populationen geschaffen werden (Redundanz).
- Für kleine Populationen von unter 500 Individuen ist es besonders wichtig, dass sie mit anderen Populationen in genetischem Austausch stehen, also vernetzt sind. Aktuell sind die meisten Populationen mehr als 2-5 km voneinander entfernt (Regula Langenauer, unpub. Daten), was gemäss genetischen Daten aus Deutschland für eine gute Vernetzung nicht ausreicht (Hensen et al. 2005).
- Eine Ansiedlung von Individuen zur Gründung neuer Populationen oder Stärkung bestehender Vorkommen macht nur dann Sinn, wenn diese sich erfolgreich in der Population etablieren: Sie müssen nicht nur überleben, sondern sich auch erfolgreich reproduzieren und ihre Gene an die nächste Generation weitergeben. Ob sich die ausgepflanzten Individuen tatsächlich vermehren und durchmischen, kann nur durch genetische Methoden bestimmt werden. Dies ist unseres Wissens für den Kanton Zürich nicht bekannt.
- Für Ansiedlungen sollen nur lokale Genotypen verwendet werden (Kapitel 3), aber nur wenn es einen genügend grossen lokalen Genpool gibt. Wenn der lokale Genpool schon sehr klein ist und es viel Inzucht gibt, dann ist es nicht ideal, nur lokale Genotypen auszusetzen.
- Forschungsarbeiten könnten helfen zu klären, wieso die Populationen sich nicht natürlich verjüngen und ausbreiten.

1.6.2. Blauflügelige Ödlandschrecke (*Oedipoda caerulescens*)

Oedipoda caerulescens ist ein Pionier magerer Trockenstandorte mit einem Deckungsgrad der Vegetation zwischen 30 und 70%. Sie gilt als sehr standorttreu mit einer Ausbreitungsdistanz von ca. 100 m, wobei selten auch längere Distanzen im Flug zurückgelegt werden (Maes et al. 2006). Die Art ist im Kanton Zürich (und im Mittelland) akut vom Aussterben bedroht (Rote-Liste-Status CR, Aktionsplan Blauflügelige Ödlandschrecke der Naturschutzfachstelle Kanton Zürich). Ziel des Aktionsplans ist es, langfristig einen Bestand von 10 Populationen mit mindestens 50 Adulten auf mindestens 5 Aren Lebensraum zu schaffen, zusätzlich drei Populationen mit ca. 200 Individuen (AP Blauflügelige Ödlandschrecke).

In einer Studie von Maes und Bonte (2006) kam die Art auf Flächengrößen von knapp 2 ha in beiden Studienjahren vor, auf einer Fläche von knapp 0.7 ha in nur einem der zwei Studienjahre und auf Flächen um 0.2 ha konnte sie in keinem der Studienjahre nachgewiesen werden. Entsprechend sind die angestrebten Flächengrößen des Aktionsplans von 0.05 ha für 50 Individuen zu klein, um die Art langfristig in den Flächen zu erhalten. Sie müssten um das 40fache vergrößert werden. Auch wenn *O. caerulescens* morphologische Anpassungen als Antwort auf kleine, isolierte Habitate zeigt (Heidinger et al. 2010), so sind für eine Art, für die man zurzeit von tiefen Migrationsraten zwischen Population ausgeht (und welche darum kaum Metapopulationen bilden wird, Kapitel 2), die angestrebten Populationsgrößen von 50 bzw. 200 Individuen zu tief. Bei 50 Individuen spielen demographische Effekte selbst kurzfristig eine Rolle, und selbst bei 200 Individuen führt genetische Drift zum stetigen Verlust von genetischer Vielfalt und zu Inzucht.

Aufgrund der Literaturangaben für eine Mindestflächengröße von rund 2 ha ist es vorrangig, die vorhandenen besiedelten Lebensräume z.B. durch geeignete Massnahmen wie Beweidung oder Oberbodenabtrag zu vergrößern. Erst sekundär sollen dann Redundanzen geschaffen werden. Idealerweise liegen die neuen Standorte sehr nahe bei bestehenden Lebensräumen, da sich bei dieser Art die natürliche Besiedlung und Populationsaustausch innerhalb eines engen Radius abzuspielen scheint (Maes and Bonte 2006).

1.6.3. Kreuzkröte (*Epidalea calamita*)

Für die Kreuzkröte *Epidalea (Bufo) calamita* sind relativ gute Daten zur ‚life history‘ bekannt. Für diese Art kann folglich eine verlässliche ‚population viability analysis‘ (PVA, Kapitel 1.2.3) durchgeführt werden (Tabelle 1.4; Boyce 1992).

Tabelle 1.4. Die Parameter, welche für die Vortexanalysen eingegeben wurden und deren Quellen. Die in der Modellierung veränderten Werte sind fett hervorgehoben.

Effekt	Literaturwert	Modelleingabe
Genetische Effekte:		
Gibt es Inzuchtdepression?	ja (Rowe and Beebee 2005)	Lethal equivalents: 6.29; % due to recessive alleles: 50 (default settings)
Ab wann ist sie schädlich	unbekannt	Standardwerte
Ausbreitung:		
Breiten sich beide Geschlechter aus?	Ja	Standardwerte
Welche Altersklasse breitet sich aus?	Juvenile	1 & 2 Jahre
Welcher Prozentsatz breitet sich aus?	unbekannt	20% (Annahme)
Ist Ausbreitung dichteabhängig?	unbekannt	Standardwerte
Überlebensrate während der Ausbreitung?	unbekannt	5% (Annahme)

Fachbericht Populationsökologie

Effekt	Literaturwert	Modelleingabe
Fortpflanzungssystem:		
1. Fortpflanzung der Männchen?	2. Lebensjahr	2
1. Fortpflanzung der Weibchen?	2. Lebensjahr	2
Maximale Lebenserwartung Männchen?	20 Jahre	20
Maximale Lebenserwartung Weibchen?	20 Jahre	20
Wie oft pflanzen sich Weibchen fort?	1x/Jahr	1
Wie viele Jungtiere werden pro Fortpflanzungsevent pro Weibchen produziert?	1000-3000	Mittelwert = 2000, SD = 500
Welcher Prozentsatz der Weibchen pflanzt sich jeweils fort?	100%	100
Welcher Prozentsatz der Männchen pflanzt sich jeweils fort?	ca. 50%	50
Gibt es Dichteabhängigkeit	Ja für Larven und Juvenile	Standardwerte
Gibt es Allee-Effekte	Ja, ab < 15 Rufern (Schmidt and Pellet 2005)	Standard: A=1
Mortalitätsraten:		
Mortalitätsrate Altersklasse 1	Ei bis Metamorphose: 12-100% (Rowe and Beebee 2005)	Mittelwert = 50, SD = 10; mit Prädation Mittelwert = 80, SD = 10
Mortalitätsrate Altersklasse 2	Metamorphose bis 1. Fortpflanzung: 80-90%	Mittelwert = 85, SD = 10
Mortalitätsrate Altersklasse 3	Jährl. Mortalität Adulte 50-60%	Mittelwert = 55, SD = 10
Umweltstochastizität: (zu definieren pro Typ)		
Welche Stochastizität gibt es?	Trockenheit/Vorzeitiges Austrocknen Laichgewässer	
Trifft eine Katastrophe alle Populationen gleichermaßen?	Gewässerabhängig; Annahme: zu 80% Ja	80%
Wie oft tritt sie ein?	In 2 von 3 Jahren bei natürl. Gewässern	66% vs. 0%
Wie stark beeinflusst sie die Überlebensrate von Altersklasse 1?	100% Mortalität	100%
Wie stark beeinflusst sie die Überlebensrate von Altersklasse 2?	unbekannt	0%
Wie stark beeinflusst sie die Überlebensrate von Altersklasse 3?	0% Mortalität	0%

Fachbericht Populationsökologie

Effekt	Literaturwert	Modelleingabe
Populationsgrösse:		
Anfangspopulationsgrösse A	populationsspezifisch	1000 (inkl. Kaulquappen, ergibt 56 adulte Tiere gemäss Mortalität)
Anfangspopulationsgrösse B	populationsspezifisch	250 (inkl. Kaulquappen, ergibt 14 adulte Tiere gemäss Mortalität)
Tragekapazität Pop A	populationsspezifisch	8000
Tragekapazität Pop B	populationsspezifisch	2000
Manipulation der Population:		
Werden Individuen entnommen? Wenn ja, wie viele von welchem Stadium?	Aktuell nein (Vergangenheit: x Laichschnüre für Ansiedlung)	-
Werden Individuen zugefügt? Wenn ja, wie viele von welchem Stadium?	Aktuell nein (Vergangenheit: x Metamorphlinge aus Aufzucht)	-

Die wichtigsten Grundlagen sind: Kreuzkröten benötigen für die Fortpflanzung seichte, grossflächige Tümpel, die ein hohes Austrocknungsrisiko haben. Die Adulten können durchaus im Landwirtschaftsland überleben, eine Limitierung des Landlebensraums ist für die Adulten nicht zu erwarten. Zur Förderung der Art hat der Kanton Zürich einerseits Folienweiher mit Ablass erstellt, sodass ein vorzeitiges Austrocknen des Gewässers verhindert und trotzdem die Hydroperiode eines temporären Gewässers vorhanden ist, und ausserdem durch Aufzucht von Kaulquappen in Gefangenschaft und Ansiedlung an neuen Folienweiher den Fortpflanzungserfolg sowie die Ausbreitungsrate künstlich erhöht. In der obigen PVA wurden drei Variablen variiert:

- Populationsgrösse: A ist eine eher grosse Population mit rund 25 Rufern. B ist eine kleine Population mit 7 Rufern, die gemäss Literatur Allee-Effekte zeigen sollte.
- Permanentes Gewässer: Das Prädationszenario geht von einem permanenten Gewässer aus, in dem kein Austrocknungsrisiko besteht, aber 80% der Larven durch Prädation sterben, gegenüber 20% Sterblichkeit ohne Prädation.
- Katastrophen: Im Modell wurde ein vorzeitiges Austrocknen in 2 von 3 Jahren gesetzt, das zu einem Totalausfall der Fortpflanzung in 2 von 3 Jahren führt. Dies ist realistisch auf drainierten Flächen oder in sehr kleinen temporären Gewässern, die sehr rasch austrocknen. Die Katastrophe variiert im Prinzip die Mortalität vom Ei bis zur Metamorphose.

Die Resultate der PVA (Programm VORTEX) zeigen rasch, dass weder die grosse noch die kleine Population langfristig überleben können, wenn das Gewässer in 2 von 3 Jahren frühzeitig austrocknet. Auch unter Prädation in einem permanenten Gewässer ist das Überleben beider Populationen über 100 Jahre nicht gesichert. Erst beim Szenario ohne vorzeitiges Austrocknen und ohne Prädation erhöht sich die Überlebensrate, wobei die kleine Population ein massiv höheres Aussterberisiko aufweist als die grosse Population (Tabelle 1.5).

Tabelle 1.5: Aussterberisiko gemäss VORTEX-Analyse unter verschiedenen Szenarien.

	Kleine Population	Grosse Population
Austrocknungsrisiko	100%	100%
Prädation	91%	61%
kein Austrocknungsrisiko, keine Prädation (Folienweiher)	52%	6%

Eine kleine Population hat langfristig auch unter optimalen Bedingungen (keine Gewässeraustrocknung) keine guten Überlebenschancen. Vor allem aber ist die Mortalität während der Larvalphase entscheidend, denn selbst grosse Populationen haben langfristig keine Überlebenschance, wenn das Gewässer vorzeitig austrocknet bzw. durch Prädation (permanente Weiher) jährlich 2/3 der Larven verloren gingen. Wenn die Anzahl der Larven, die bis zur Metamorphose überleben, verdreifacht wird (Verhinderung des Totalverlusts in 2 von 3 Jahren), wie das im Modell gerechnet wurde, wirkt sich das sehr positiv auf die Überlebenschance aus: in der kleinen Population steigt sie von 0% auf 52%, in der grossen Population von 0% auf 94%! Die Ergebnisse aus dieser Modellierung decken sich mit Resultaten anderer Arbeiten (Di Minin and Griffiths 2011; Stephan et al. 2001). Durch den Bau von Ablassweihern ergriff der Kanton Zürich genau die richtige Massnahme: Es wurden räuberfreie temporäre Tümpel geschaffen, die aber wegen der Folienabdichtung nicht vorzeitig austrocknen können. Zudem hat der Kanton die Jahre geringer Dichte, die bei der natürlichen Besiedlung neuer Gewässer anfangs ein hohes Aussterberisiko darstellen, durch künstlichen Besatz mit grossen Mengen von Kaulquappen abgemindert. Sämtliche Populationen pflanzen sich aktuell auch ohne weitere Aussetzungen fort.

2. Vernetzung

Je nach Auslegung und Schutzstatus umfasst der Flächenanteil an geschützten, naturnahen Gebieten in der Schweiz 7.9 bis 11.9 % der Landesfläche (Forum Biodiversität Schweiz 2011). Die Ziele von Vernetzung sind 1) Tieren und Pflanzen den Zugang zu allen Teillebensräumen zu ermöglichen (z.B. Laichgewässer und Sommerlebensräume von Amphibien, Nahrungs- und Nistlebensräume von Wildbienen), 2) den Austausch von Individuen und Genen zwischen noch bestehenden Lebensräumen zu fördern und 3) Ausbreitung und Neu- oder Wiederbesiedlung noch unbesetzter Lebensräume zuzulassen. Kleine, isolierte Lebensräume sind nicht geeignet, um Populationen langfristig zu erhalten (Kapitel 1.2), aber wichtig als Trittsteine im Lebensraumverbund. Gemäss Inseltheorie (Box 1.1) ist nicht nur die Habitatgrösse, sondern auch deren Vernetzung wichtig, um Arten zu erhalten, da Vernetzung kleine Lebensräume zu einem grossen Lebensraumverbund zusammenfasst und damit Wanderung von Individuen und Genfluss ermöglicht. Vernetzung und die Verbesserung der grossräumigen Durchlässigkeit der Landschaft (Matrix) sind daher nebst der Flächenvergrößerung und -qualität (Kapitel 1) wichtige Naturschutzmassnahmen. Bei der Planung von Vernetzungsmassnahmen ist zu berücksichtigen, dass der Verbreitung von invasiven Arten oder Krankheiten nicht unnötig Vorschub geleistet wird.

2.1. Vernetzungsmassnahmen in der Naturschutzpraxis

Räumlich getrennte Lebensräume werden in der Praxis auf verschiedene Weise miteinander vernetzt, um Lebensraumnetzwerke zu schaffen.

- **Korridore** können z.B. durch die Aufwertung von Bahnarealen, Fließgewässern und ihren Ufern, Alleen, Hecken, unbefestigte Flurwege oder Ackerrandstreifen geschaffen werden. Sie fördern nicht nur die Bewegung zwischen einzelnen Habitaten (Tewksbury et al. 2002), sondern können auch die Wiederbesiedlung von unbewohnten Habitatfragmenten erlauben und bieten selbst auch Lebensraum für viele Arten. In einer Flusslandschaft dient z.B. der Fluss selber mit seinen Haupt-, Neben- und Altarmen als Lebensraum und Korridor für aquatische Organismen, für terrestrische Arten hingegen wirken die Alluvialzone sowie die Auenbereiche als Vernetzungskorridor.
- **Trittsteine** sind etwa Böschungen, Ruderalflächen, Kiesgruben, Laichgewässer, kleine extensiv genutzte Wiesenstücke oder kleine Waldinseln. Es sind meist kleine, naturnahe Flächen, die selbst keine langfristig stabilen Populationen beherbergen. Trittsteine können aber zur Ausbreitung benutzt werden, indem sie die räumliche Isolation zwischen Populationen überwindbar machen.
- **Brücken und Durchlässe** wie Grünbrücken, Unterführungen für Tiere, Bachdurchlässe oder Amphibiendurchlässe dienen Tieren als Hilfsmittel, um stark befahrene Verkehrswege wie Autobahnen oder Bahnstrecken zu überqueren. Oft werden solche Elemente mittels eigentlichen Korridorsystemen ergänzt, welche als Zuleitstrukturen (z.B. Hecken als Deckung etc.) dienen.
- Die **Matrix** ist jener Teil der Landschaft, in welche Habitatflächen und Vernetzungselemente eingelagert sind. Erhöht man die Durchlässigkeit der Matrix, z.B. durch Schaffung von Kleinstrukturen, Baumgärten, Feldrandstreifen, Lesesteinhaufen oder die diversen Elemente des ökologischen Ausgleichs in der Landwirtschaft, so kann die Bewegung, Wanderung und Ausbreitung von Tieren und Pflanzen gefördert werden. Dabei spielt auch die Konfiguration der Elemente in der Matrix eine Rolle: wenn z.B. Habitate von einer Matrix mit geringer Durchlässigkeit umgeben sind, wird das Vernetzungspotential stark reduziert, während durchlässige Matricelemente Vernetzung fördern.

2.2. Wissenschaftliche Grundlagen

Der Begriff Vernetzung (wie die Naturschutzpraxis diesen verwendet) beschreibt den Austausch von Individuen und Genen durch Bewegung, Wanderung und Ausbreitung zwischen Habitaten von Tieren und Pflanzen. Es ist wichtig zwischen struktureller und funktionaler Vernetzung zu unterscheiden (Kindlmann and Burel 2008). Habitate können rein strukturell durch

Landschaftselemente (z.B. Korridore, durchlässige Matrix) miteinander vernetzt sein, die theoretisch und aus Menschensicht die Bewegung von Organismen von einem Habitat zum nächsten ermöglichen. Dies ist, was der Naturschutz in der Realität plant und umsetzt. Habitate sind aber erst dann auch funktional vernetzt, wenn diese Korridore tatsächlich von Organismen als Wanderrouten genutzt werden und es zum Austausch zwischen Populationen kommt. Ob eine strukturelle Vernetzung auch funktional ist, kann mit verschiedenen Methoden gemessen werden (Kapitel 2.3.5.1).

2.2.1 Effekte der Fragmentierung auf Habitatgrösse und -qualität

Fragmentierung bringt zum einen den Verlust der Gesamtfläche des für Tiere und Pflanzen zur Verfügung stehenden Habitats mit sich, zum anderen eine Zerstückelung der einstmals zusammenhängenden Fläche (Abbildung 2.1). Mit zunehmender Fragmentierung werden die Distanzen zwischen den Habitatfragmenten grösser; der Vernetzungsgrad wird reduziert, da grössere Distanzen schwieriger zu überwinden und kleinere Habitatfragmente schwieriger zu finden sind (Kindlmann and Burel 2008). Ausserdem werden in den kleinen verbleibenden Habitatfragmenten Randeffekte wichtiger, die sich oft negativ auf die Habitatqualität auswirken.

Fragmentierung wirkt sich auf verschiedene Organismen unterschiedlich aus, je nach deren Raumansprüchen und Mobilität. Einige Arten sind gut daran angepasst, mit kleinen weit auseinanderliegenden Habitatflächen zurechtzukommen. Manche Habitattypen (v.a. Speziallebensräume) wie Moore, Felsen, Kleingewässer oder trockene Hangwälder sind von Natur aus fragmentiert und in eine Matrix aus anderen Lebensräumen eingebettet (Dobson 1996). Eine fragmentierte Landschaft ist also nicht per se ein Problem für Populationen, wenn sie die Ausbreitung von Organismen und damit von Genen zulässt und genügend grosse Habitatfragmente zum Überleben von Teilpopulationen bietet (Kapitel 2.2.3). Die Habitatfragmente können aber so klein werden, dass sie die Mindestgrösse stabiler Populationen unterschreiten (wie in Kapitel 1.2.3 gezeigt) und langfristig zum lokalen oder regionalen Aussterben führen.

Eine Vielzahl von Studien, darunter auch Fragmentierungsexperimente haben die generellen Folgen von Fragmentierung klar belegt (z.B. Bierregaard Jr et al. 1992; Haddad et al. 2015):

- Eine verminderte Flächengrösse reduziert die Anzahl Individuen/Arten (Kapitel 1).
- Verstärkte Isolation reduziert Wanderbewegungen zwischen Fragmenten und die Wiederbesiedlung von Fragmenten.
- Verminderte Fläche und verstärkte Isolation reduzieren die Vorkommen von Vögeln, Säugetieren, Insekten und Pflanzen.
- Randeffekte führen zu einer Verminderung der Habitatqualität der noch vorhandenen Flächen.
- Alle Aspekte der Fragmentierung wie Grösse, Isolation und Randeffekte haben negative Effekte auf Ökosystemfunktionen, wie Kohlenstoff- und Stickstoffspeicherung, Produktivität oder Bestäubung.

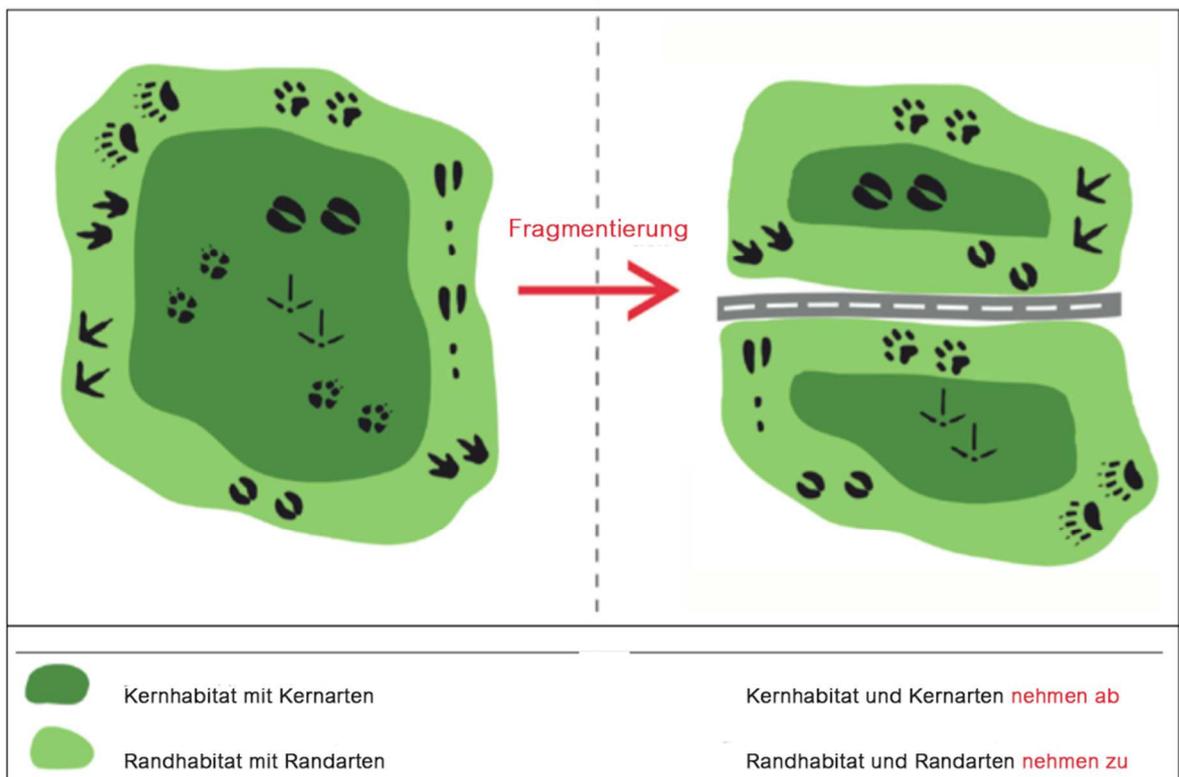
Haddad et al. (2015) zeigen also, dass Fragmentierung die Zusammensetzung ganzer Lebensgemeinschaften veränderte. Besonders sensibel gegenüber Fragmentierung sind seltene Arten, spezialisierte Arten, Arten mit geringer Ausbreitungsfähigkeit, Arten in einer höheren trophischen Position, sowie Arten mit grossen Populationsschwankungen oder niedrigen Individuendichten.

Haddad et al.'s (2015) Resultate zeigen auch ganz klare Effekte der Aussterbeschuld ('extinction debt'; Kapitel 1.2.8), 'immigration lag' (kleine oder isolierte Fragmente werden von Arten langsamer besiedelt) und 'ecosystem function debt' (verzögerte Veränderungen z.B. im Nährstoffhaushalt und in der Biomasse) auf. Oft sind die tatsächlichen Auswirkungen von Fragmentierung wegen dieser Verzögerungseffekte also erst nach einigen Jahrzehnten erkennbar. Die Erkenntnisse, die wir bisher aus Fragmentierungsstudien gewonnen haben, könnten deshalb die negative Effekte von Fragmentierung unterschätzen. Sie berücksichtigen nämlich die Einflüsse anderer Umweltveränderungen (z.B. Klimawandel, Störungen) und evolutionärer Konsequenzen (genetische Flaschenhalse, Inzucht, genetische Drift, veränderter Selektionsdruck) nicht.

Randeffekt. Fragmentierung führt zu kleineren Habitatflächengrössen und damit zu proportional längeren Randlinien. Negative Randeffekte nehmen deshalb zu. Der Randeffekt kann ein starker Nebeneffekt der Fragmentierung sein, der sich negativ auf die Überlebensfähigkeit von Arten auswirkt. Die tatsächliche Grösse der verbliebenen Habitatfragmente wird oft dadurch bestimmt,

wie weit der Randeffekt in sie hineinreicht (Abbildung 2.1). Er ist umso stärker, je kleiner die Habitatfragmente sind. Randeffekte beeinflussen aber nicht nur Habitatinseln sondern auch Vernetzungselemente wie Korridore. Die Einrichtung von Pufferzonen entlang von Habitaträndern kann den Randeffekt verringern (Fachbericht Eutrophierung; Marti et al. 1997).

Abbildung 2.1: Effekt der Fragmentierung: Der Kernbereich des Habitats (dunkelgrün) wird durch eine Strasse zerschnitten und durch den Randeffekt (hellgrün) verkleinert. Damit verschiebt sich auch das Verhältnis der im Innern und am Rande lebenden Arten: Arten des Kernbereichs nehmen ab oder verschwinden ganz, während Arten des Randbereichs profitieren. Zu beachten ist, dass der Verlust des Kernhabitats viel grösser ist als die Fläche, die von der Strasse eingenommen wird (Graphik: European Environment Agency 2011).



2.2.2 Effekt der Fragmentierung auf Bewegung und Genfluss

Ein Austausch von Individuen und Genen zwischen Populationen ist nur möglich, wenn die dazwischenliegenden Gebiete für die Organismen durchlässig sind, d.h. Bewegungen, Ausbreitung und Wanderung möglich sind bzw. Fortpflanzung an einem anderen Ort erlauben. Je grösser die Distanzen zwischen den einzelnen Individuen oder Populationen, desto geringer ist generell der Genfluss. Werden die Distanzen zwischen Habitatinseln zu gross oder sind Barrieren wie Strassen (oder das Verkehrsaufkommen auf diesen), Ortschaften oder undurchlässige Landschaftsmatrix dazwischen, reduzieren oder verunmöglichen diese Ausbreitung von Pflanzen und Tieren und damit Genfluss. Dies verringert auch die Möglichkeit, dass unbesiedelte Habitate oder ‚sink‘ Lebensräume (Kapitel 2.2.3) durch Zuwanderung von Individuen wiederbesiedelt bzw. gestärkt werden.

Genfluss. Genfluss zwischen Populationen trägt dazu bei, dass die genetische Vielfalt erhalten bleibt und reduziert das Risiko von genetischer Drift und Inzucht. Die Aufrechterhaltung der genetischen Vielfalt hängt daher stark vom Genfluss ab (Barton and Whitlock 1997), welcher wiederum von der Mobilität einer Art abhängt. Die zunehmende Fragmentierung der Landschaft stellt eine genetische Gefahr für das Überleben von Populationen dar, indem sie Genfluss reduziert oder verunmöglicht.

Bereits wenig Genfluss ist für den Erhalt der genetischen Vielfalt genügend. Für idealisierte Populationen kann bereits ein Migrant pro Generation genügen, um eine starke genetische Differenzierung zwischen Populationen zu verhindern (Frankham et al. 2010; Wright 1969). In natürlichen Populationen liegt der Wert wohl eher bei ca. 10 Migranten pro Generation (Wang 2004). Eine isolierte Wolfpopulation in Skandinavien lieferte ein schönes Beispiel, wie stark die Effekte selbst von sehr wenig Genfluss sein können (Vila et al. 2003). Diese Population wurde von nur einem Paar gegründet und blieb isoliert, sodass hohe Inzucht entstand und die Population über Jahre aus weniger als zehn Individuen bestand. Ein einziger Immigrant führte innerhalb weniger Jahre zu einem starken Anstieg der genetischen Vielfalt und einer fünffachen Populationszunahme. Nach der Ankunft des neuen Männchens zeigte das genetische Muster der Population auch, dass die Tiere es vermieden, sich mit sehr nah Verwandten zu paaren (Vila et al. 2003). Die Wiederherstellung von Genfluss zwischen Populationen ist also ein wichtiges Ziel im Naturschutz. So erhöht sich auch das Verhältnis der effektiven Populationsgrösse (N_e ; Box 1.2) zur eigentlichen Populationsgrösse („census size“, N_c).

Genfluss messen. Mit genetischen Studien lässt sich Genfluss einfach nachweisen, weil sich ein Verlust von Genfluss in der genetischen Differenzierung zwischen getrennten Populationen äussert. Mit Hilfe molekular-genetischer Marker kann die genetische Differenzierung quantifiziert werden (Kapitel 1.2.7; Box 1.3). So haben z.B. eine Vielzahl von Studien die negativen Effekte von Strassen auf Genfluss nachgewiesen (zusammengefasst in Balkenhol and Waits 2009). Kuehn et al. (2007) untersuchten die genetische Unterschiedlichkeit mehrerer Rehpopulationen beidseits einer Autobahn im Surseegebiet. Rehpopulationen auf der gleichen Seite der Autobahn zeigten generell weniger genetische Differenzierung untereinander als mit Populationen auf der anderen Seite, die Autobahn wirkt also als Barriere für Genfluss. Das genetische Muster deutete aber auch darauf hin, dass eine Autobahnüberführung von den Rehen zur Querung der Autobahn verwendet wurde.

Genetische Differenzierung braucht Zeit um sich auszubilden: genetische Struktur tritt also erst zeitverzögert zum Fragmentierungsereignis auf. Aktueller Genfluss lässt sich mit Hilfe von genetischen Zuordnungsanalysen (assignment tests; Paetkau et al. 2004) oder Nachkommenschaftsanalysen untersuchen. So können Individuen bestimmten Populationen oder Elternindividuen zugeordnet und die wahrscheinlichste Herkunftspopulation von Migranten entdeckt werden. Mit Hilfe solcher genetischen Zuordnungsanalysen konnten Kamm et al. (2009) zeigen, dass beim Speierling (*Sorbus domestica*) Pollen und Samen über 10 km verbreitet wurden und Genfluss auch in einer fragmentierten Landschaft stattfand. Genetische Clustering Methoden (z.B. die Software STRUCTURE; Pritchard et al. 2000) identifizieren Gruppen von Individuen, die auf verschiedenste Karten oder GIS-Layer überlagert werden können, wodurch Barrieren für die Bewegung, Ausbreitung und Wanderung identifiziert werden können.

2.2.3 Metapopulationen

Mit Genfluss verbundene Populationsgruppen, die aus mehreren Populationen bestehen, bezeichnet man gemeinhin als Metapopulationen. In Metapopulationen gleichen sich Aussterben und Wiederansiedlung durch benachbarte Populationen aus, so dass insgesamt eine mehr oder weniger stabile, überlebensfähige Gesamtpopulation besteht (Hanski and Gilpin 1991). Eine gut über Ausbreitung, Wanderung und Genfluss verbundene Metapopulation kleiner Populationen verhält sich somit im Wesentlichen wie eine grosse Population. Eine Metapopulation wird durch die Anzahl, Grösse, Qualität und funktionale Isolation der Habitate bestimmt (Hanski 1998).

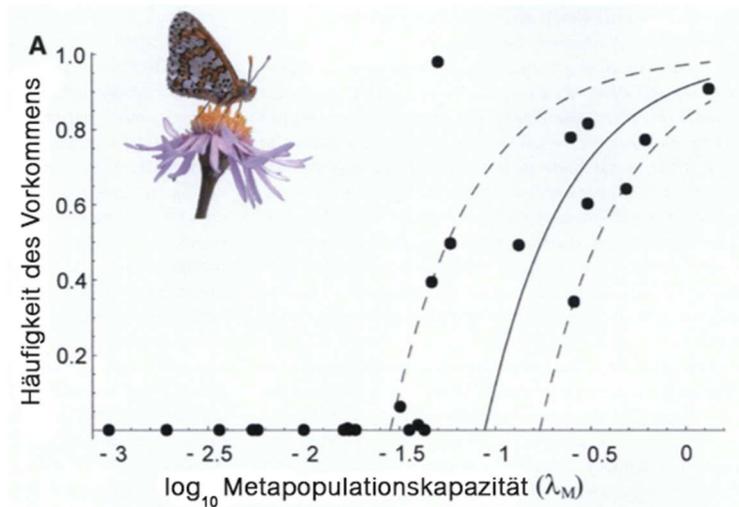
Zahlreiche Insekten-, Vögel-, Säugetier- und Pflanzenarten leben in Metapopulationen. Der Wachtelweizen-Scheckenfalter (*Melitaea athalia*) zum Beispiel braucht Nahrungspflanzen, die an warmen, geschützten Standorten wachsen, wie in den ersten 2-5 Jahren nach der Rodung einer Waldfläche. Danach wird das Waldgebiet für die Scheckenfalter ungeeignet und sie müssen einen neuen Lebensraum besiedeln (Warren 1991). Bei solchen Pionierarten sind alle Populationen nur von kurzer Dauer und ihre Verteilung ändert sich rasch (Primack 1993). In einer Studie von 25 Gebieten unterschiedlicher Grösse und Fragmentierung wurde das Vorkommen des Wegerich-Scheckenfalter (*Melitaea cinxia*) in Finnland untersucht. Das Resultat der Studie zeigt einen klaren Schwellenwert für das Überleben oder Aussterben der Art in einer Teilpopulation der Metapopulation (Abbildung 2.2; Hanski and Ovaskainen 2000). Bei *M. cinxia* liegt die kleinste überlebensfähige Metapopulationsgrösse bei ca. 200 Adulten (I. Hanski, pers. Komm.).

Die Erkenntnisse für die kleinste überlebensfähige Population (MVP, Kapitel 1.2.3) gelten auch für

Fachbericht Populationsökologie

Metapopulationen, wenn die Teilpopulationen miteinander verbunden sind und somit eine grosse Population bilden. Dies veranschaulicht, dass auch kleine Populationen wichtig sind, weil ihre Individuen zur totalen Grösse der Metapopulation beitragen und ihre Flächen wesentlich zum Populationsverbund beitragen. Daher können auch kleine Schutzgebiete, die zwar flächenmässig nicht viel beitragen, unter dem Aspekt der Vernetzung sehr wichtig für den Naturschutz sein, solange sie in genügend grosser Anzahl vorhanden sind.

Abbildung 2.2: Metapopulationsgrösse des Wegerich-Scheckenfalters in 25 Habitatfragmenten in Finnland. Die Metapopulationskapazität widerspiegelt die Lebensraumgrösse und das Ausmass der Fragmentierung (mehr Habitat und weniger Fragmentierung rechts). Die Abbildung zeigt den Schwellenwert, unterhalb dessen die Metapopulation nicht überleben kann (Hanski 2011; Hanski and Ovaskainen 2000).



Source-sink Dynamik: Das Vorkommen einer Population in einem Habitat bedeutet nicht unbedingt, dass es sich dabei um eine überlebensfähige Population handelt! In einer Metapopulation können Teilpopulationen stabil erscheinen, überleben aber in Wirklichkeit nur durch den kontinuierlichen Zustrom von Individuen aus benachbarten, grösseren Teilpopulationen (,source populations'), die in grösseren Habitaten besserer Qualität leben. Die Rohrammer (*Emberiza schoeniclus*) beispielsweise kommt in Flächen mit Altschilf von mindestens 50 m² vor. Es liegt jedoch auf der Hand, dass ein Brutpaar auf einer solchen Fläche nicht als Population funktionieren kann. Die grösseren Populationen produzieren den Nachwuchs, der danach wieder die kleinen Schilfgebiete besiedelt. Sie dienen also als ,source' für kleine Senken-Populationen (,sink populations'). Möglicherweise ist jedoch der gesamte Rohrammerbestand des Kantons Zürich in manchen Jahren eine Senke, so dass hier Rekrutierung von Vögeln von anderen Quellen wie dem Neuenburgersee notwendig ist (Pasinelli and Schiegg 2012).

Abwanderung kann für eine ,source' Population negativ sein, wenn die Wachstumsrate durch die Emigration negativ wird und somit die Aussterbewahrscheinlichkeit einer ,source' Population erhöht wird. Deshalb ist die Förderung oder Aufwertung von ,sink' Habitaten dann sinnvoll, wenn darin selbständig erhaltende Populationen entstehen können oder wenn diese massgeblich zur funktionellen Vernetzung der gesamten Metapopulation beitragen (Trittsteine; Amarasekare 2004). Wie aber unterscheidet man ,source' von ,sink' Habitaten? Dies ist ein schwieriges Unterfangen. Entweder müssen Wachstumsraten oder Abwanderungsraten bestimmt werden (was sehr aufwendig ist) oder es werden die Genflüsse zwischen Populationen und die Bedeutung einzelner Populationen im genetischen Netzwerk bestimmt (was einfacher ist; Runge et al. 2006). In der Praxis wird darum oft der pragmatische Ansatz eines Netzwerks von Lebensräumen, das aus unterschiedlichen Habitaten besteht und es Populationen erlauben sollte sich auszutauschen, die sicherste Schutzstrategie sein.

2.2.4 Vernetzung messen

Vernetzungsmassnahmen sollten den Bedürfnissen und dem Verhalten der Organismen angepasst sein, für welche sie ergriffen werden. So sieht eine Vernetzungsmassnahme für eine Amphibienart unter Umständen ganz anders aus als für einen Kleinsäuger. In der Praxis sollen aber Vernetzungsmassnahmen oft möglichst vielen Organismengruppen helfen. Generell gilt, dass Arten mit gutem Ausbreitungsvermögen besser mit ungünstigerer Landschaftsvernetzung umgehen können als schlechte Wanderer (Kareiva and Wennergren 1995).

Strukturelle Vernetzungsindices. Generell nimmt der Vernetzungsgrad mit der Distanz zwischen Habitatfragmenten ab (Goodwin and Fahrig 2002). Strukturelle Vernetzung kann anhand der Lage von Habitaten, Korridoren, Trittsteinen, deren Distanzen und Konfiguration (Villemey et al. 2015) quantifiziert werden. Hierzu gibt es verschiedenste strukturelle Kennwerte, die sich im GIS berechnen lassen. So kann der Vernetzungsgrad einer Landschaft einfach durch die geographische Distanz zwischen geeigneten Lebensraumsinseln oder den Anteil an geeignetem Habitat in der Umgebung bestimmt werden. Komplexere Masse kombinieren die Fläche der Habitatfragmente und die Distanz zu anderen geeigneten Fragmenten, wie z.B. Hanski's 'connectivity index' (Hanski 1994). Der Hanski Index ist der wohl am meisten verwendete Vernetzungsindex. Die Distanz zum nächstgelegenen Fragment ist vor allem für Festland-Insel oder 'source-sink' Systeme geeignet (Soga and Koike 2013; Winfree et al. 2005), während der Anteil an Habitat ein gutes Vernetzungsmass ist, wenn viel geeignetes Habitat vorkommt (Cozzi et al. 2008; Winfree et al. 2005). Sind kleine Habitatfragmente in der Landschaft verstreut, ist es vorteilhafter, Vernetzungsmasse zu verwenden, welche die Distanzen zwischen den Fragmenten und deren Flächen kombinieren (Brückmann et al. 2010). Eine detailliertere Übersicht über verschiedene Vernetzungsmasse geben Kindlmann und Burel (2008). Alle diese Analysen sind in einem GIS einfach durchzuführen. Sie sind aber nicht funktional und lassen meist die Landschaft zwischen den Habitaten unberücksichtigt, obwohl gerade diese den Individuen- und Genaustausch massgeblich betrifft. In der Schweiz wird heute die Fragmentierung (bzw. die Nicht-Vernetzung) mit dem strukturellen Mass der effektiven Maschenweite grossräumig erfasst (Box. 2.1). Dieses Mass berücksichtigt aber die tatsächlichen Vorkommen von Arten nicht, sondern bezeichnet eine allgemeine Landschaftszerschneidung vor allem aufgrund von Strassen.

Daher sollten funktionale Vernetzungsmasse gebraucht werden, die sowohl artenspezifisches Wanderverhalten wie auch die Struktur der Landschaftsmatrix berücksichtigen.

Funktionale Vernetzungsindices. In jüngster Zeit wurden auch funktionale Masszahlen wie 'cost distances' zur Bestimmung der Vernetzung einer Landschaft vor allem für Tierarten vorgeschlagen. Diese Masszahlen berücksichtigen die Verhaltensmuster der untersuchten Organismen gegenüber bestimmten Landschaftselementen zwischen den eigentlichen Habitaten (Kindlmann and Burel 2008). Sie weisen den verschiedenen Landnutzungen oder Landschaftselementen artspezifische Kosten gegenüber der Ausbreitung, Bewegung oder Wanderung zu. Es wird also eine Art Widerstandsmodell der Landschaft gebildet. Meist beruhen diese Kosten pro Landschaftselement auf Expertenmeinung, sie können aber auch auf empirischen Daten beruhen. 'Least cost' Distanzen oder 'circuit' Distanzen können wiederum im GIS oder in R einfach berechnet werden. Genetische Daten können zur empirischen Überprüfung solcher funktionaler Vernetzungsindices gebraucht werden (Box 2.2). Anhand von GPS Daten von 40 Individuen, GIS Karten und Widerstandsmodellierungen der Landschaft (Circuitscape; McRae et al. 2008) untersuchten Braaker et al. (2014) die Vernetzung von Igel (*Erinaceus europaeus*) in der Stadt Zürich. Die erhaltenen Vernetzungskarten zeigen auf, wo Habitatfragmente und Korridore in der Stadt bestehen, und können daher für die Planung von Schutzmassnahmen verwendet werden.

Mühlner et al. (2010) untersuchten, ob strukturelle oder funktionale Masszahlen besser funktionieren. Sie digitalisierten dazu die Landschaften um 30 traditionell genutzte Hochstamm-Obstgärten (als zentrales Habitat) in einem Radius von 500 Metern. Die Vernetzungsmasszahlen wurden entweder basierend auf Längenmass-Distanzen (strukturell) oder auf Kosten-Distanzen (funktional) ermittelt und zwar ausgehend vom zentralen Obstgarten zu anderen, für die untersuchten Arten geeigneten Habitaten innerhalb des Untersuchungsradius. Als Biodiversitätsindikatoren wurden Vogelarten verwendet, die Gehölzhabitate bevorzugen. Deren Artenvielfalt sowie deren Bestandsdichte wurden dann analysiert. Die Resultate dieser Studie zeigen, dass die strukturellen Masszahlen mehr Varianz der Vogelvielfalt auf der Skala der

Lebensrauminself erklären, die funktionalen Masszahlen aber mehr Varianz auf der Landschaftsskala. Die Eignung der Masszahlen ist also skalenabhängig. Der Vernetzungsgrad auf der Landschaftsskala sollte eher mit funktionalen als mit strukturellen Masszahlen beschrieben werden.

Nützliche Informationen zum Messen der strukturellen und funktionalen Vernetzung gibt es auf der SCALES Projekt Website: <http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=4&submenu=1>

Ausbreitungsdistanzen. Wenn sich Organismen nur über kurze Distanzen durch die Matrix bewegen können, ist es besonders wichtig, dass ihre Habitate häufig vorkommen und nahe beieinander liegen. Cozzi et al. (2008) untersuchten die Verteilung von drei bedrohten Schmetterlingsarten an 36 Orten auf der Nordseite der Schweizer Alpen. Die drei Schmetterlingsarten reagierten auf die umgebende Landschaft (Anteil Wald gegenüber Feuchtgebiete) auf verschiedenen räumlichen Skalen, welche mit dem Ausbreitungsvermögen der Arten zusammenhängen. Landschaftselemente beeinflussen also verschiedene Arten auf unterschiedlichen räumlichen Skalen (Martin and Fahrig 2012).

Was ist nun aber eine sinnvolle räumliche Skala für eine lokale Landschaft? Die Ausbreitungsfähigkeit von Organismen spielt für den Individuenaustausch und Genfluss zwischen Habitatfragmenten und Populationen eine entscheidende Rolle. Die Maximaldistanzen, welche von Organismen (Individuen, Sporen, Samen, Pollen) überwunden werden können, hängen vom artspezifischen Ausbreitungs- oder Wandervermögen ab. Es gibt für viele Arten Daten zum Ausbreitungsvermögen (Tabelle A1, Appendix). Tabelle 2.1 zeigt einige Beispiele aus Tabelle A1. Das SCALES Projekt (<http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=6>) hat die Eigenschaften von 576 Pflanzenarten und deren Ausbreitungsvermögen untersucht, um durchschnittlich maximale Distanzen für unterschiedliche Pflanzentypen oder Ausbreitungsmechanismen zu schätzen (Tabelle 2.1). Auch für terrestrische Tiere liefert das 'online tool' von SCALES Informationen zu den Ausbreitungsdistanzen. Smith und Green (2005a) haben die publizierten Ausbreitungsdistanzen von Amphibienarten zusammengestellt. Dabei fiel ihnen auf, dass Studien, welche ein grösseres Gebiet untersuchten, auch grössere maximale Ausbreitungsdistanzen fanden.

Die angegebenen maximalen Ausbreitungsdistanzen basieren auf empirischen Daten, die meist auf begrenzter räumlicher und zeitlicher Skala erhoben wurden. Oft wird dabei nicht die eigentliche Ausbreitung bestimmt, sondern wie weit besiedelte Habitate auseinanderliegen. Auf diese Art lassen sich Ausbreitungsdistanzen für viele Organismen relativ einfach bestimmen. Es handelt sich dabei aber eher um Unterschätzungen der tatsächlich möglichen Ausbreitungsdistanzen. Schätzt man Ausbreitungsdistanzen mit genetischen Methoden (Box 1.3), so erhält man unter Umständen viel grössere Werte und Häufigkeiten als mit ökologischen Messungen (direkte Beobachtungen, Besenderung etc.). Besonders drastisch ist dieser Effekt bei Pflanzen, wo herkömmliche Untersuchungen oft Ausbreitungsdistanzen von wenigen bis hundert Metern anzeigen, während genetische solche von bis zu mehreren Kilometern nachweisen, wie dies z.B. beim oben erwähnten Speierling (*Sorbus domestica*) mittels genetischer Daten entdeckt wurde (Kamm et al. 2009). Dies macht die in der Tabelle 2.1 gegebenen Werte vor allem für Pflanzen fragwürdig.

Die Kombination von Netzwerkanalysen ('graph theory') mit Ausbreitungsdistanzen ist für den praktischen Naturschutz von einiger Bedeutung. Ein Populationsgraph besteht aus Knoten, also den Vorkommen einer Art und deren genauer Lage, unterschiedlicher Grösse gemäss z.B. Habitatgrösse oder Populationsgrösse. Die Knoten sind durch Kanten verbunden, welche die Vernetzungswege widerspiegeln. Ein Populationsgraph ist also eine graphisch exakte Darstellung eines Lebensraumverbunds für eine Art oder einer Metapopulation. Indem die Kantenlänge auf die Ausbreitungsdistanzen beschnitten werden, lässt sich feststellen, welche Knoten überhaupt verbunden sein können und welche Knoten im Verbund die grösste Bedeutung haben. Idealerweise kann eine solche Netzwerkanalyse für besonders wichtige Arten mit genetischen Daten empirisch validiert werden (Box 2.2).

Tabelle 2.1: Schätzungen für maximale Ausbreitungsdistanzen (maximale Entfernung zwischen besiedelten Gebieten) für einige Beispielarten (siehe Tabelle A1 im Appendix). Quelle Tiere (ausser Bienen): Planungsbüro für angewandten Naturschutz GmbH, <http://www.pan-gmbh.com>; Quelle Bienen: Gathmann and Tschardt (2002); Quelle Pflanzen: SCALES Projekt: <http://scales.ckff.si/scaletool/?menu=6>. Für Amphibien siehe auch Tabelle in Smith und Green (2005) und in Jehle and Sinsch (2007). Für Pflanzen siehe auch Vittoz and Engler (2008).

Tiere	Art	Überwindbare Distanz
Insekten	Speer-Azurjungfer, <i>Coenagrion hastulatum</i>	125 m
	Helm-Azurjungfer, <i>Coenagrion mercuriale</i>	1-3 km
	Blaflügel. Ödlandschrecke, <i>Oedipoda caerulescens</i>	300-800 m
	Mädesüss-Scheckenfalter, <i>Brenthis ino</i>	5 km
	Sonnenröschen-Bläuling, <i>Polyommatus agestis</i>	320 m
	Hochmoor-Glanzflachläufer, <i>Agonum ericeti</i>	200 m
	Solitäre Bienen (mehrere Europäische Arten)	150-1200 m
Spinnen	Flussuferwolfspinne, <i>Arctosa cinerea</i>	2 km
Säugetiere	Waldmaus, <i>Apodemus sylvaticus</i>	500 m
	Scherm Maus, <i>Arvicola terrestris</i>	2.6 km
	Dachs, <i>Meles meles</i>	5 km
	Reh, <i>Capreolus capreolus</i>	30 km
	Fuchs, <i>Vulpes vulpes</i>	40 km
	Luchs, <i>Lynx lynx</i>	100 km
Vögel	Mittelspecht, <i>Dendrocopos medius</i>	3 km
	Uhu, <i>Bubo bubo</i>	40 km
	Flussregenpfeifer, <i>Charadrius dubius</i>	250 km
Reptilien	Mauereidechse, <i>Podarcis muralis</i>	100-500 m
	Kreuzotter, <i>Vipera berus</i>	1500 m
Amphibien	Kreuzkröte, <i>Bufo calamita</i>	1-3 km
	Grasfrosch, <i>Rana temporaria</i>	1-2 km
	Feuersalamander, <i>Salamandra salamandra</i>	1 km

Pflanzen	Verbreitungsmechanismus	Maximale Distanz
	Kein Mechanismus	1.1 m
	Ballistisch	3.6 m
	Ameisen	6.5 m
	Wind	47.6 m
	Tiere	196 m
	Nach Pflanzentyp	
	Kräuter	5.2 m
	Sträucher	24.4 m
	Bäume	295 m

Box 2.1 Effektive Maschenweite

Die Messgrösse ‚effektive Maschenweite‘ misst den Grad der Landschaftszerschneidung (Jaeger 2000). Sie drückt die Wahrscheinlichkeit aus, dass zwei zufällig ausgewählte Punkte in einem Gebiet verbunden sind, d.h. nicht durch Barrieren (Verkehrswege, Siedlungen etc.) getrennt sind. Je mehr Trennelemente die Landschaft zerschneiden, desto geringer wird die Verbindungswahrscheinlichkeit und damit die effektive Maschenweite. Entsprechend nimmt auch die Möglichkeit ab, dass Organismen sich frei in der Landschaft bewegen können und dass zwei Individuen einer Art einander in einer Landschaft finden und sich fortpflanzen können. Zu beachten gilt, dass es sich bei der effektiven Maschenweite um ein rein strukturelles und nicht funktionales Mass handelt, da sie nichts über die tatsächlichen Bewegungen der Organismen aussagt.

Tatsächliche funktionale Vernetzung. Praktisch kann der Grad der tatsächlichen funktionalen Vernetzung mit verschiedenen Methoden quantifiziert werden: Es werden direkt Wanderung, Bewegung, Ausbreitung und Genfluss zwischen Habitatflächen bestimmt. Hierzu kann man Fang und Wiederfang markierter Individuen, Feldbeobachtungen von Organismenbewegungen, ‚camera trapping‘ (mit Einschränkungen), Radiotelemetrie oder GPS-Besenderung bei Tieren und genetische Methoden verwenden (Kapitel 2.2.2 und Box 1.3). Zum Beispiel kann die Durchgängigkeit von potenziellen Wanderbarrieren für verschiedene Fischarten und Individuengrössen bestimmt werden, indem oberhalb des Hindernisses lebende, markierte Fische unter das Hindernis versetzt werden, um anschliessend ihr Aufstiegsverhalten zu beobachten (Werth et al. 2011). In der Realität sind aber die meisten dieser Methoden (ausser die genetischen; Box 2.2) für die Praxis zu zeit- und kostenaufwendig. Zurzeit liegen wenige Messungen funktionaler Vernetzung auf grösseren räumlichen Ebenen vor.

Der Erfolg (oder Misserfolg) von Vernetzungsmassnahmen sollte mit Daten belegt werden um nachzuweisen, ob es auch wirklich zum erwünschten Austausch von Individuen der Zielart(en) kommt, d.h. ob eine funktionale Vernetzung vorliegt. Dafür sollten Daten vor und nach der Vernetzungsmassnahme gesammelt werden, um später zu zeigen, ob die Vernetzung den gewünschten Effekt auf dem Populationsniveau hat. Dies wird leider trotz der meist beträchtlichen Kosten von Vernetzungsmassnahmen selten gemacht (Corlatti et al. 2009; van der Ree et al. 2007).

Box 2.2 Landschaftsgenetik

Das Forschungsgebiet der Landschaftsgenetik versucht, den Einfluss von Landschaftselementen (Barrieren, Korridore etc.) auf den Genfluss und damit die Bewegung, Wanderung und Ausbreitung von Arten aufzudecken (Manel and Holderegger 2013). Landschaftsgenetische Analysen werden daher auch vermehrt gebraucht, um arten- und naturschutzrelevante Fragen zu beantworten (Epps et al. 2007).

Landschaftsgenetische Analysen beinhalten typischerweise zwei Schritte: zuerst werden die Strukturen der genetischen Vielfalt beschrieben und davon der Genfluss abgeleitet. In einem zweiten Schritt werden diese statistisch mit Landschaftsdaten korreliert (Balkenhol et al. 2009). Es gibt mittlerweile eine Vielzahl statistischer Methoden für diesen zweiten Schritt der Analysen. Ein wichtiges Resultat vieler landschaftsgenetischer Studien ist bislang, dass Ausbreitung und Genfluss über viel grössere Distanzen erfolgen als ökologische Untersuchungen nahelegen und dass Landschaften, die aus Menschensicht zerschnitten sind, dies aus Organismensicht viel weniger sind.

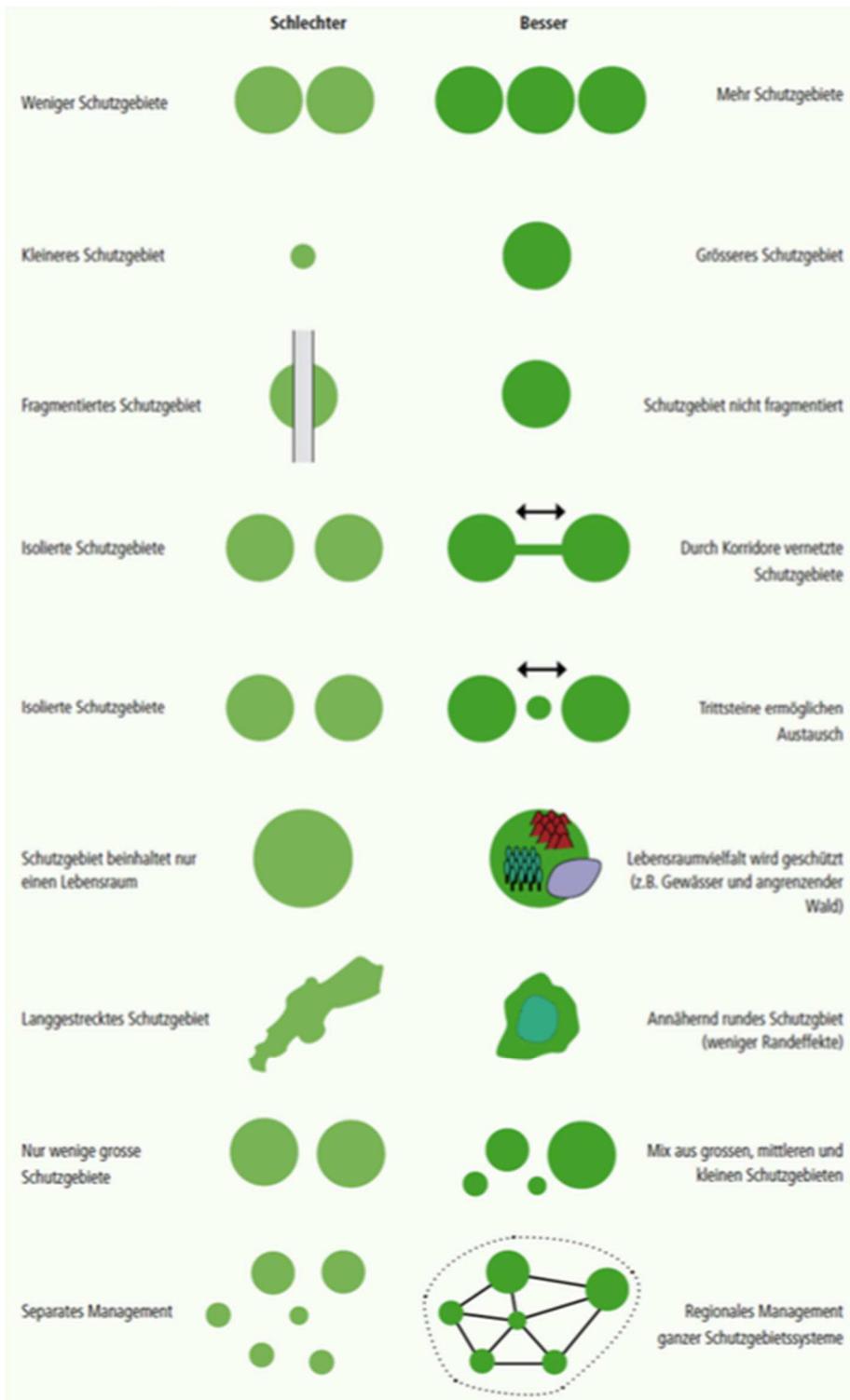
Mehrere Schweizer Kantone erarbeiten zurzeit gemeinsam Routinen zum einfachen Einsatz von landschaftsgenetischen Methoden in der Praxis.

2.3 Faustregeln

Betreffend Habitat und Vernetzung lassen sich die folgenden Faustregeln aufstellen, welche auch in Abbildung 2.3 dargestellt sind.

- **Heterogene Flächen:** Vernetzte Gebiete bestehend aus einem Habitatmosaik bieten Populationen von Arten mit verschiedenen Ansprüchen Platz (Habitatqualität). Ein Habitatmosaik enthält sowohl Lebensräume für Generalisten wie auch für Spezialisten.
- **Rundere statt länglichere Flächen:** Sie weisen einen niedrigeren Anteil an Randflächen und daher weniger Randeffekte auf (Abbildung 2.1)
- **Grosse Flächen:** Je mehr Habitatfläche desto besser (Kapitel 1). Sie bieten grösseren Populationen Platz und zeigen weniger Randeffekte.
- **Vernetzte Flächen:** In der Naturschutzpraxis sind Habitatflächen meist kleiner als nötig (siehe 1.5 und 1.6). Deshalb sind Vernetzung und die Verbesserung der grossräumigen Durchlässigkeit der Landschaft oft wichtige Naturschutzmassnahmen. Lebensraumverbundsysteme erhöhen den Individuen- und Genaustausch, wobei die artspezifische Ausbreitungsdistanz eine zentrale Rolle spielt (siehe Tabelle A1). Vernetzung bietet auch die Möglichkeit durch Ausbreitung, Kolonisierung oder Wiederbesiedlung auf Klima- und Landnutzungsänderungen zu reagieren. Vernetzung kann dann problematisch sein, wenn sie das Einwandern von invasiven Arten oder von Krankheiten mit sich bringt (z.B. Chytridpilz der Amphibien).
- **Funktionale Vernetzung ist entscheidend:** Strukturelle und funktionale Vernetzung sind nicht dasselbe. Mit populationsgenetischen Methoden ist es möglich, Aussagen über die Bewegung und Ausbreitung von Individuen und somit die Vernetzung zwischen Populationen zu machen.
- **Erfolgskontrolle:** Der Erfolg (oder Misserfolg) von Vernetzungsmassnahmen sollte mit Daten belegt werden, denn nur so kann sichergestellt werden, dass wirklich eine funktionale Vernetzung vorliegt. Dafür sollten Daten vor und nach der Vernetzungsmassnahme gesammelt werden.
- **Metapopulationen:** Sie erhöhen die Resilienz und die effektive Populationsgrösse und schliessen auch kleine Populationen in einen funktionierenden Lebensraumverbund ein. Dies gilt auch für Quellen- und Senken-Populationen. Metapopulationen können nur überleben, wenn die Subpopulationen untereinander genügend vernetzt sind. Die Vernetzung ist für Arten mit einer Metapopulationsstruktur daher von besonderer Bedeutung.
- **Populationsgenetische Studien:** Sie können im Unterschied zu anderen Methoden den Erfolg von Vernetzungsmassnahmen grossräumig auf dem Landschaftsniveau überprüfen.

Abbildung 2.3. Prinzipien für die Planung eines Schutzgebietssystems (Graphik aus Forum Biodiversität Schweiz 2011).



2.4 Forschungsbedarf

- **Ausbreitungsdistanzen:** Für die prioritären und AP-Arten im Kanton Zürich sollten die ökologischen Ausbreitungsdistanzen bestimmt werden. Für die gefährdeten Arten werden Angaben benötigt, welcher Anteil der sich ausbreitenden Individuen eine bestimmte Distanz zurücklegt bzw. welcher Anteil der Samen wie stark verbreitet wird. Wo keine Daten aus der Literatur vorhanden sind, kann der Kanton wie in Kapitel 1.4 beschrieben aus den besiedelten bzw. unbesiedelten Flächen einen groben Schätzwert für die mögliche Ausbreitungsdistanz einer Art ableiten. Bachelor- oder Masterarbeiten können ebenfalls solche Zahlen liefern.
- **Funktionale Vernetzung:** Für ausgewählte Zielarten sollte die tatsächliche funktionale und nicht nur die strukturelle Vernetzung bestimmt werden (z.B. mittels ‚least cost‘ oder ‚circuit‘ Distanzen, genetischer Studien etc. (Kapitel 2.2.4)).
- **Ausbreitungsstrukturen:** Für ausgewählte Zielarten sollten mittels Studien bestimmt werden, ob und welche Strukturen (z.B. Hecken oder Gräben für Wiesel) bzw. Massnahmen (z.B. Beweidung und Verbreitung durch Schaftrieb) die Ausbreitung erhöhen bzw. lenken können.
- **Metapopulationskapazität:** Die Metapopulationskapazität (gemäss Hanski and Ovaskainen 2000) kann berechnet werden, um unterschiedliche Landschaften auf ihre Kapazität, überlebensfähige Metapopulationen zu erhalten, zu bewerten. So können verschiedene Gebiete verglichen werden oder es liesse sich ableiten, in welchem Verhältnis sich zusätzliche Fragmentierung mit Flächenausdehnung kompensieren lässt. Solche Berechnungen könnten auch als Grundlage für ökologischen Ersatz/Ausgleich dienen.
- **Fragmentierungseffekte auf Lebensräume:** Für empfindliche Lebensgemeinschaften wie z.B. Molinions sollte bestimmt werden, ab welcher Fragmentierung die Lebensraumqualität abnimmt. Wie verhalten sich die floristischen und faunistischen Kennarten bei Zerstückelung oder Vernetzung? Die Kantone sollten aus Monitorings von Flora und Fauna für wichtige Lebensräume über solche Daten verfügen.

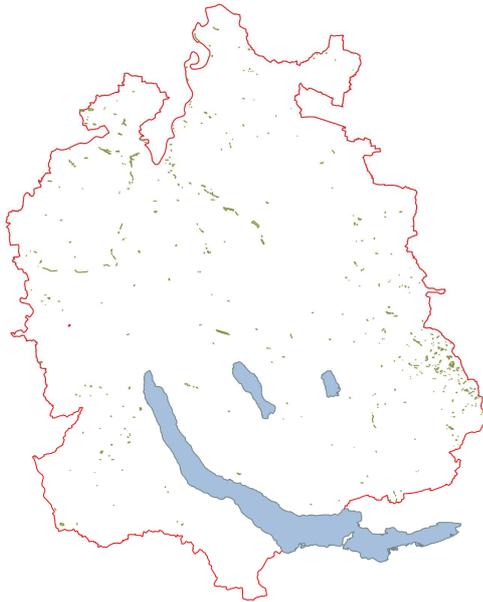
2.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich

Leider gibt es kaum wissenschaftliche Grundlagen zur Beurteilung der Ausbreitungsdistanz ganzer Lebensraumgesellschaften. Obwohl solche Kenntnisse äusserst wichtig für den Naturschutz sind, liegen solche Angaben in der Regel nur zu einzelnen Arten und auch dann nur in Form einer Maximaldistanz vor. Jegliche Aussagen zur Vernetzung von Lebensraumgesellschaften bleiben daher vage. Fallstudien zur Besiedlung von Flächen durch Lebensraumgesellschaften könnten jedoch im Rahmen von Bachelor- oder Masterarbeiten in Zusammenarbeit mit Hochschulen für die Zielarten im Kanton Zürich generiert werden.

2.5.1 TWW

Die TWW-Flächen im Kanton Zürich sind im Schnitt 880 m von der nächsten TWW-Fläche entfernt (Median 484 m). Die kleinste Distanz beträgt 35 m, die grösste 5'418 m. Die mittlere Distanz zu den 10 nächstliegenden TWW-Flächen beträgt über 2.5 km (Median 2.2 km). Schwerpunktgebiete für TWW-Flächen befinden sich im Raum Bauma, um Glattfelden, zwischen Winterthur und Irchel, zwischen Bassersdorf und Embrach, sowie zwischen Rümlang und Wettingen. Einzelne völlig isolierte TWW-Flächen befinden sich beispielsweise bei Ellikon, Maur oder Uster (Abb. 2.4).

Abb. 2.4: TWW-Flächen im Kanton Zürich (hellgrüne Flächen; Massstab 1:715'000).



Krewenka et al. (2011) konnten nachweisen, dass die Abundanz von Wildbienen und Wespen auf Wiesenflächen im Umkreis von weniger als 1 km um ein TWW-Objekt rasant abnahm; nur Hummeln scheinen für die Futtersuche auch grössere Distanzen zurückzulegen. Ein vernetzender Grasstreifen zum nächsten Objekt verbesserte die Vernetzung in dieser Studie nicht (Abbildung 2.5). Weitere Studien belegen, dass die Flächengrösse die Artenvielfalt auf TWW-Flächen stärker beeinflusst als die Vernetzung (Jauker et al. 2013; Roesch et al. 2015).

In den Schwerpunktgebieten mit kurzen ‚nearest neighbour‘ Distanzen von unter 400 m dürften auch kleine Flächen einigermaßen genügend vernetzt sein, um die Samenverbreitung und den Genfluss durch Bestäuber zu erlauben. Ob sämtliche Arten in einem solchen Lebensraumverbund einer Schwerpunktregion aber als ‚Metapopulation‘ überleben können, hängt von den individuellen Ausbreitungsdistanzen der Arten ab und ob die Flächen funktional vernetzt sind. Diese Aussagen gelten aber nur für die häufigeren Arten von TWW. Würde man nur die von seltenen Arten besiedelten TWW-Flächen im Kanton Zürich betrachten, würden sich viel grössere Distanzen zum nächsten Objekt ergeben. Tabelle 2.2 gibt eine Übersicht zu den Primärausbreitungsdistanzen von Hochstauden (Diacon-Bolli et al. 2013), die aber das tatsächliche Ausbreitungspotenzial unterschätzen dürften. Genetische Studien zeigen, dass sowohl für Pollen, wie auch für Samen vermutlich ganz andere Dimensionen stimmen; leider existieren keine solchen Studien zu TWW-Pflanzen. Beweidung beispielsweise kann die Ausbreitungsdistanz von Samen massiv erhöhen, wenn Schafe von einer Weide zur nächsten getrieben werden (Rico et al. 2012; Rico et al. 2014). Es bestehen also teilweise grosse Unterschiede zwischen den Distanzen, die aktiv zurückgelegt werden können (z.B. durch anemochore oder autochore Samen) bzw. der passiven Verfrachtung durch Tiere (Zoochorie). Besonders letztere ist für den Naturschutz in fragmentierten Flächen relevant, dazu existieren aber wiederum nur geringe Kenntnisse insbesondere zu naturschutzrelevanten Arten.

Aufgrund der geringen Flächengrössen der meisten TWW-Objekte im Kanton Zürich (knapp 1 ha im Schnitt, Median weniger als 0.5 ha; vgl. Kapitel 1.5.1) können viele TWW-Spezialisten langfristig nicht auf einer einzigen TWW-Fläche überleben. In den Schwerpunktregionen muss daher die Vernetzung erhöht werden, sodass nicht nur der genetische Austausch, sondern auch die Neubesiedlung nach lokalem Aussterben einer Art ermöglicht wird. Ausserhalb der Schwerpunktgebiete sind die isolierten Flächen so zu vergrössern, dass sie den Mindestarealen (vgl. Kapitel 1.2.1) der dort vorkommenden TWW-Spezialisten genügen.

Abbildung 2.5: Abundanzen futtersuchender Bestäuber auf Wiesenstreifen in unterschiedlicher Distanz zu einer TWW-Fläche. Eine Wiesenfläche in 100 m Distanz war zusätzlich durch einen Grasstreifen vernetzt mit der TWW-Fläche (Verb. Str. 100), die restlichen Streifen waren nicht mit dem Wiesland vernetzt. Quelle: Krewenka et al. (2011).

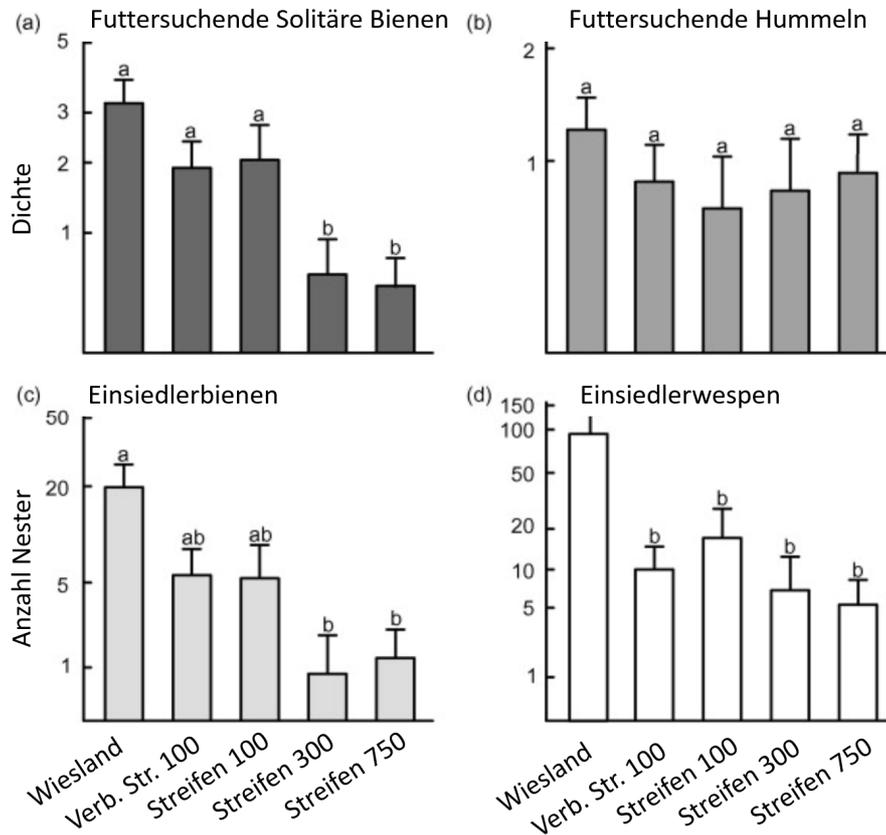


Tabelle 2.2: Ausbreitungsdistanzen diverser Gräser und Hochstauden innerhalb und ausserhalb von TWW Objekten.

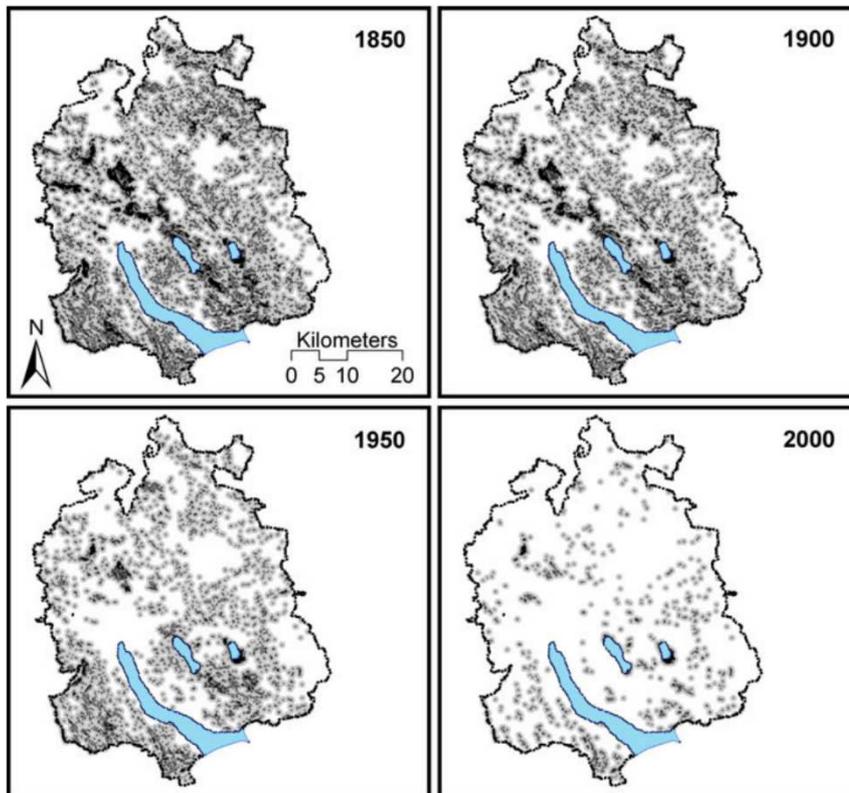
Art	Erfasste Diasporen innerhalb 1 SE von der Wiesenfläche	Mittler Diasporendruck pro m ²	Erfasste Diasporen in der umliegenden Landschaft						Total	Erfasste Diasporen rel. zum Diasporendruck
			1 m	2 m	5 m	10 m	20 m	40 m		
Gräser										
<i>Anthoxanthum odoratum</i> L.	1	6.43								
<i>Arrhenatherum elatius</i> L.	396	488.30	137	11	1			1	150	0.31
<i>Briza media</i> L.	562	790.76	1		3				4	0.01
<i>Bromus erectus</i> Huds.	3953	3895.06	59	9	6				74	0.02
<i>Dactylis glomerata</i> L.	814	1118.04	112	2		1			115	0.10
<i>Festuca ovina</i> L.	61	74.10								
<i>Festuca pratensis</i> Huds.	531	340.60	28			1			29	0.09
<i>Helictotrichon pubescens</i> Huds.	26	19.13								
<i>Poa pratensis</i> L.	52	180.61	2	1	1				4	0.02
<i>Trisetum flavescens</i> Beauv.	1437	1376.40	141	29	13	1			184	0.13
Stauden										
<i>Cerastium fontanum</i> Baumg.	6	32.65	2						2	0.06
<i>Hieracium pilosella</i> L.	5	15.55						1	1	0.06
<i>Knautia arvensis</i> Coult.	18	62.96								
<i>Leontodon hispidus</i> L.	0	1.17								
<i>Leucanthemum vulgare</i> Lam.	50	81.05								
<i>Linum catharticum</i> L.	2	35.97								
<i>Lotus corniculatus</i> L.	2	58.25								
<i>Medicago lupulina</i> L.	2	8.88								
<i>Myosotis arvensis</i> Hill.	17	17.95								
<i>Picris hieracioides</i> L.	18	78.40			1				1	0.01
<i>Plantago lanceolata</i> L.	16	253.44								
<i>Plantago media</i> L.	1	200.57								
<i>Ranunculus bulbosus</i> L.	33	32.41								
<i>Rhinanthus minor</i> L.	0	37.00								
<i>Salvia pratensis</i> L.	60	280.37	5						5	0.02
<i>Tragopogon orientalis</i> Celak.	2	4.22								
<i>Trifolium campestre</i> Schreb.	1	8.25	1						1	0.12

2.5.2 Feuchtgebiete/Moore

Die Feuchtgebiete im Kanton Zürich wurden in den letzten 100 Jahren massiv fragmentiert (Gimmi et al. 2011). Aktuell beträgt die geringste Distanz zwischen zwei Feuchtgebieten im Kanton Zürich 22 m, die grösste 3.5 km. Der Mittelwert liegt bei 417 m, der Median bei 266 m. Die Vernetzung der Feuchtgebiete scheint auf den ersten Blick also weitaus besser als bei den TWW.

Aus Abbildung 2.6 geht hervor, dass bis 1900 noch ein zusammenhängendes Netzwerk aus Feuchtgebieten bestand, das in den folgenden 100 Jahren jedoch stark fragmentiert wurde und 2000 nur noch aus wenigen Lebensraumverbänden besteht (Tabelle 2.3). Obwohl die Ausbreitungsdistanz für Amphibien in Tabelle 2.1 mit 1-2 km angegeben wird, so ist hierbei zu beachten, dass dies nur dort zutrifft, wo keine Barrieren wie grosse Flüsse, Strassen oder Siedlungen vorliegen. Die funktionale Vernetzung von 150-500 m, wie Gimmi et al. (2011) sie in Abbildung 2.5 verwenden, dürfte also ein realistischeres Bild über das Ausbreitungspotenzial der Amphibien in der Kulturlandschaft geben. Generell gilt zu bedenken, dass Feuchtgebiete, abgesehen von den Flussauen, natürlicherweise schon immer als Lebensraumflecken in einer Landschaftsmatrix aus nicht-Feuchtgebiet vorkamen. Typische Bewohner von Feuchtgebieten müssen also über gewisse Ausbreitungsfähigkeiten verfügen. Quesnelle et al. (2015) untersuchten den Effekt der Landschaftsmatrix auf die Abundanz von verschiedenen Feuchtgebietspezialisten aus vier taxonomischen Gruppen (Säugetiere, Vögel, Reptilien, Amphibien) und kamen zum Schluss, dass für Amphibien der Waldanteil in der Landschaft entscheidender war als die Feuchtgebietsfläche. Dies dürfte so zu interpretieren sein, dass Wald für die meisten Amphibienarten Lebensraum darstellt und somit durchlässig ist und keine oder kaum Barrierewirkung entfaltet, im Gegensatz zu Siedlungen, Strassen oder intensivem Kulturland.

Abbildung 2.6: Flächenverlust und Fragmentierung der Feuchtgebiete im Kanton Zürich. Feuchtgebiete sind als schwarze Flächen dargestellt. Typische Ausbreitungsdistanzen von Amphibien von 300 m bzw. 1 km sind als Buffer von 150 m (dunkelgrau) und 500 m (hellgrau) dargestellt. Quelle: Gimmi et al. (2011).



Soons et al. (2008) konnten aufzeigen, dass sogar Wasser- und Sumpfpflanzen grosse Ausbreitungsdistanzen über mehrere 100 km bewältigen können, wenn Samen beispielsweise von Stockenten gefressen werden. Genfluss ist bei Pflanzen von den Bestäubern und Samenverbreitern abhängig und kann daher ebenfalls über grosse Distanzen erfolgen (Aavik et al. 2014). Allerdings findet Genfluss primär zwischen nah beieinanderliegenden Populationen statt (Aavik et al. 2013). Eine Erhöhung der Feuchtgebiets-Dichte bzw. -Vernetzung wirkt sich also auch auf die Erhaltung der genetischen Diversität positiv aus.

Die Mehlprimel (*Primula farinosa*) beispielsweise reagiert sehr sensibel auf Fragmentierung: Isoliertere Flächen weisen eine geringere Dichte an Pflanzen auf als gut vernetzte Flächen. In gut vernetzten Flächen sind die Dichten am Rand der Fläche ausserdem geringer als im Zentrum, wobei dies vor allem auf jüngere Pflanzen zutrifft (Lienert and Fischer 2003). Wenn diese Art als Beispiel für stärker gefährdete Arten fungieren kann, müssten entsprechend grosse und gut vernetzte Flächen mit einem grossen Verhältnis von Fläche zu Rand gefördert werden.

Tabelle 2.3: Abnahme der Anzahl Lebensraumverbundnetze und der Anzahl Feuchtgebiete pro Lebensraumverbund seit 1850 im Kanton Zürich. Quelle: Gimmi et al. (2011).

	Anzahl Netzwerke		Anzahl Patches in einem Netzwerk	
	150 m Puffer	500 m Puffer	150 m Puffer	500 m Puffer
1850	754	28	6	155
1900	802	30	5	128
1950	854	67	3	38
2000	355	139	2	5

Für ein langfristiges Überleben der Arten mit schlechteren Ausbreitungsfähigkeiten als Ornithochorie ist die Vernetzung in der aktuellen Situation im Kanton jedoch zu gering. Selten beobachtete extreme Ausbreitungsdistanzen dürfen nicht als Mass für die Ausbreitungsfähigkeit hinzugezogen werden und können keine genügende Rekolonisierungsrate bzw. Genflussrate sicherstellen. Ein dichteres Netzwerk an Feuchtgebieten, organisiert in Schwerpunktregionen, ist daher anzustreben.

2.5.3 Lichte Wälder

Die lichten Wälder im Kanton Zürich sind im Schnitt 578 m (Median 294 m) vom nächsten lichten Wald entfernt, wobei nicht zwischen verschiedenen Typen lichter Wälder unterschieden wird. Die kleinste Distanz beträgt 20 m, das isolierteste Objekt liegt 4.8 km entfernt vom nächsten lichten Wald-Objekt. Die mittlere Distanz zu den 10 nächstliegenden LiWa-Flächen beträgt 1.9 km (Median 1.3 km). Schwerpunktgebiete befinden sich an den südexponierten Hängen entlang der Reppisch, der Töss, sowie an Südhängen von Wettingen über Eglisau entlang des Rheins nach Andelfingen und Feuerthalen.

Zum Einfluss der Vernetzung auf die Artenvielfalt in lichten Wäldern liegen leider keine Angaben aus der Literatur vor. Jegliche Aussagen müssen sich daher auf einzelne Zielarten des Aktionsplans Lichte Wälder abstützen, soweit solche Daten vorliegen. Die Elsbeere (*Sorbus torminalis*) beispielsweise weist kaum genetische Struktur über grosse Distanzen (ca. 100 km) auf, obwohl sie meist in kleinen und isolierten Vorkommen auftritt (Hoebee et al. 2006). Da Elsbeeren aber bis zu 100 Jahre oder noch älter werden können, kann diese Resultat auch die historische Vernetzung widerspiegeln. Kamm et al. (2009) wiesen allerdings aktuellen Genfluss in *S. torminalis* nach; in dieser durch Insekten bestäubten Art mit Samenverbreitung durch Vögel und Säugetiere sind Populationen auch über weite Distanzen durch Genfluss verbunden. Allerdings weisen auch hier kleinere und isoliertere Populationen geringere Fortpflanzungsraten und höhere genetische Isolation auf (Hoebee et al. 2007). Auch für den Alpenbock (*Rosalia alpina*) ergeben genetische Studien kaum Differenzierungen zwischen Populationen über Distanzen von mehreren 100 km (Drag et al. 2015). Diese genetischen Daten belegen, dass diese Art ein sehr hohes Ausbreitungspotenzial zu besitzen scheint, so dass die kleinräumige Vernetzung für *R. alpina* kaum limitierend ist. Das Purpurrote Knabenkraut (*Orchis purpurea*) zeigt im Gegensatz dazu starke genetische Differenzierung zwischen einzelnen Populationen, was auf geringe Ausbreitungsdistanzen hinweist (Jacquemyn et al. 2007). Zudem scheinen auch hier kleine Populationen geringere Fortpflanzungsraten aufzuweisen (vgl. Kapitel 1.6.1), so dass die Vernetzung umso wichtiger wird. Eine durchlässige Matrix (z.B. Hecken, Reben) ist für die Ausbreitung von Tieren zwischen den LiWa-Objekten Voraussetzung. Für Pflanzen ist es wichtig, dass die Matrix für ihre Samenverbreiter (z.B. Säugetiere oder Vögel) durchlässig ist.

Für die Priorisierung von LiWa-Objekten gemäss Aktionsplan sollte beachtet werden, dass es für wenig mobile Zielarten oder für Arten mit geringem Ausbreitungspotenzial wenig Sinn macht, einen kleinen, isolierten Standort zu fördern, da sie dort nur geringe langfristige Überlebenschancen haben. Für Generalisten wie die Schlingnatter können jedoch auch kleine

Fragmente nützlich sein: Schlingnattern in Süddeutschland benötigen für eine Subpopulation von 50 adulten Tieren beispielsweise 350-400 ha Fläche (Völkl and Käsewieder 2003). Lichte Wälder sind ein bevorzugter Lebensraum der Art. Trockenstandorte wie Rebberge mit Trockenmauern oder Magerwiesen können jedoch zur Gesamtfläche addiert werden, da sie ebenfalls zum Habitat der Art zählen.

2.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich

2.6.1 Borstige Glockenblume (*Campanula cervicaria*)

Die Borstige Glockenblume ist eine Bewohnerin wechselfeuchter, toniger Böden an halbschattigen bis sonnigen Lagen. Sie kommt vereinzelt im Mittelland vor und wird von InfoFlora für die ganze Schweiz wie auch fürs Mittelland als stark gefährdet angegeben. In anderen Regionen ist sie teilweise sogar vom Aussterben bedroht oder lokal ausgestorben. Die Art wird sowohl im Kanton Zürich wie auch im Kanton Aargau mit einem Aktionsplan gefördert, wobei die Fördermassnahmen teilweise unterschiedlich sind. Während der Kanton Zürich recht offensiv neue Populationen durch Aussaat gründet, ist der Kanton Aargau beim Neugründen von Populationen eher zurückhaltend und beschränkt sich weitgehend auf die Förderung der bestehenden Vorkommen.

Die Pflege des Lebensraums ist anspruchsvoll, da die Art ein ausgesprochener Lichtkeimer ist und für die Keimung auf offene Flächen angewiesen ist, gleichzeitig aber eine zu frühe Mahd die Blüten- bzw. Samenstände vor der Samenausbreitung entfernen würde. Die Samen werden zu einem grossen Teil am Stängel zurück behalten und nach und nach bei Erschütterung während Monaten aus der Samenkapsel gestreut. Das Stehenlassen der Fruchtstände mit den reifen Samen über den Winter ist also wichtig. Gleichzeitig ist Verbuschung und Sukzession eine Gefahr, da die Samen dann nicht mehr auf offene, sonnige Kleinstandorte für die Keimung treffen. Bei der Mahd müssen Blüten- und Fruchtstände also geschont werden.

In Polen fällt der Rückgang der Art mit der Aufgabe der Beweidung zusammen (Thiel, mündliche Mitteilung am Workshop ‚Best Practice Artenförderung *Campanula cervicaria* (Borstige Glockenblume)‘ vom 25.11.2014). Extensive Beweidung kann zu Heterogenität im Lebensraum führen, die stellenweise krautige Vegetation inkl. Blüten- und Samenstände stehen lässt, andernorts aber durch Trittschäden offene Flächen schafft. Voraussetzung ist jedoch eine genügende Populationsgrösse, sonst besteht das Risiko, dass sämtliche Blüten- und Samenstände gefressen bzw. zerstört werden. Zudem lieben zumindest Rehe die Blütenstände (Adrienne Frei, mündl. Mitteilung). Die Vorkommen in der Schweiz sind insgesamt eher klein und das Risiko durch Beweidung dürfte eher hoch sein. Der Aktionsplan des Kantons Zürich gibt als Zielgrösse für jede Teilpopulation 100 blühende Individuen vor. Gemäss Eisto et al. (2000) ist jedoch die Variation in der Populationsgrösse in Skandinavien immens und etwa 50% der untersuchten Populationen bestanden aus fünf Individuen oder weniger. Die 100 blühenden Individuen dürften also eine ambitionierte Zielgrösse sein, auch wenn die starken Bestandsschwankungen und die damit verringerte effektive Populationsgrösse diese Zielgrösse sicher rechtfertigen und sie auch den oben genannten Faustregeln entspricht.

Die starken Populationsschwankungen und die Habitatpräferenz (Lichtkeimer) deuten darauf hin, dass die Art ein Pionier ist und möglicherweise nur dort langfristig am selben Standort vorkommt, wo Prozesse immer wieder natürlicherweise offene Böden schaffen (z.B. Rutschhänge). Ansonsten ist sie möglicherweise eher in Metapopulationen organisiert, deren Teilpopulationen meist nur kurzfristig überleben. Voraussetzung für eine solche Strategie wäre eine starke Ausbreitungsfähigkeit zur Besiedlung neuer geeigneter Orte. In der Tat produziert ein Blütenstand 20'000-30'000 Samen und nach dem Sturm Lothar tauchten im Norden des Kantons Zürich neue Populationen auf. Diese könnten einerseits durch Keimung von Samen aus der Samenbank in neu freigelegten Rohbodenflächen aufgekommen sein (Bertiller, mündliche Mitteilung am Workshop ‚Best Practice Artenförderung *Campanula cervicaria* (Borstige Glockenblume)‘ vom 25.11.2014), oder aber vom Sturm verdriftet worden sein (Conny Thiel, Mitteilung am Best Practice Workshop). Wenn die Art aber tatsächlich eine so gute Besiedlerin über teilweise grosse Distanzen ist, stellt sich die Frage, wieso sonst keine neuen Spontanbesiedlungen bekannt sind. Genetische Studien zu Ausbreitungsdistanzen und Genfluss zwischen Populationen könnten dazu wichtige Grundlagen

liefern. Zudem könnten Studien zu einer Reihe weiterer Fragestellungen dazu beitragen, die Fördermassnahmen zu optimieren:

- Gemäss dem Best Practice Workshop wurden v.a. Mesobrometon-Standorte bei der Förderung berücksichtigt. Sofern genug Saatgut zur Verfügung steht, könnte es sich lohnen, andere geeignete Standorte und Gesellschaften anzusaen und den Etablierungs- und Fortpflanzungserfolg auszuwerten (vgl. Kapitel 1.3, Habitatqualität und Nischenmodell). Das autochthone Vorkommen im Niederholz gedeiht beispielsweise in einem Eichen-Hainbuchenmischwald (*Carpinion betuli*).
- Eine Analyse der erfolgreichen/erfolglosen Aussaaten könnte helfen, wichtige Parameter zu identifizieren, die über Erfolg oder Misserfolg entscheiden. Aussaaten könnten so auf erfolgsversprechende Standorte konzentriert werden.
- Gibt es Beweidungsregimes, die für die Art geeignet sind? Wie wird in Polen beweidet, wann soll wie stark bestockt werden (z.B. spät im Jahr, wenn die Blütenstände reif und vertrocknet, also unattraktiv für Verbiss sind, oder früh, sodass sie nach der Beweidung nochmals austreiben können)?
- Findet Ausbreitung aufgrund von Beweidung statt? Was geschieht mit den Samen, wenn sie von Säugetieren wie Schafen oder Rehen gefressen und ausgeschieden werden? Bleiben Samen im Fell von Schafen hängen, wenn diese an den alten Blütenständen entlangstreifen, und werden so ausgebreitet?
- An geeigneten Standorten in der Nähe existierender Vorkommen könnten experimentell offene Flächen geschaffen werden, die windverdrifteten Samen optimale Keimbedingungen bieten. So könnte getestet werden, ob die natürliche Ausbreitung über Windverdriftung der Samen als Alternative zur Aussaat tatsächlich stattfindet und über welche Distanzen dieser Mechanismus wirksam ist.

2.6.2 Kleiner Moorbläuling (*Phenagris alcon*)

Der Kleine Moorbläuling ist aktuell als stark gefährdet (EN) auf der Roten Liste der Tagfalter und Widderchen eingestuft (Wermeille et al. 2014). Sein Hautverbreitungsgebiet in der Schweiz liegt in der Nordostschweiz, dem Kanton Zürich kommt also eine grosse Verantwortung für die Art zu. Zudem besitzt der Kanton Zürich noch einige der wenigen grossen Vorkommen dieser Art in der Schweiz (Dusej et al. 2008).

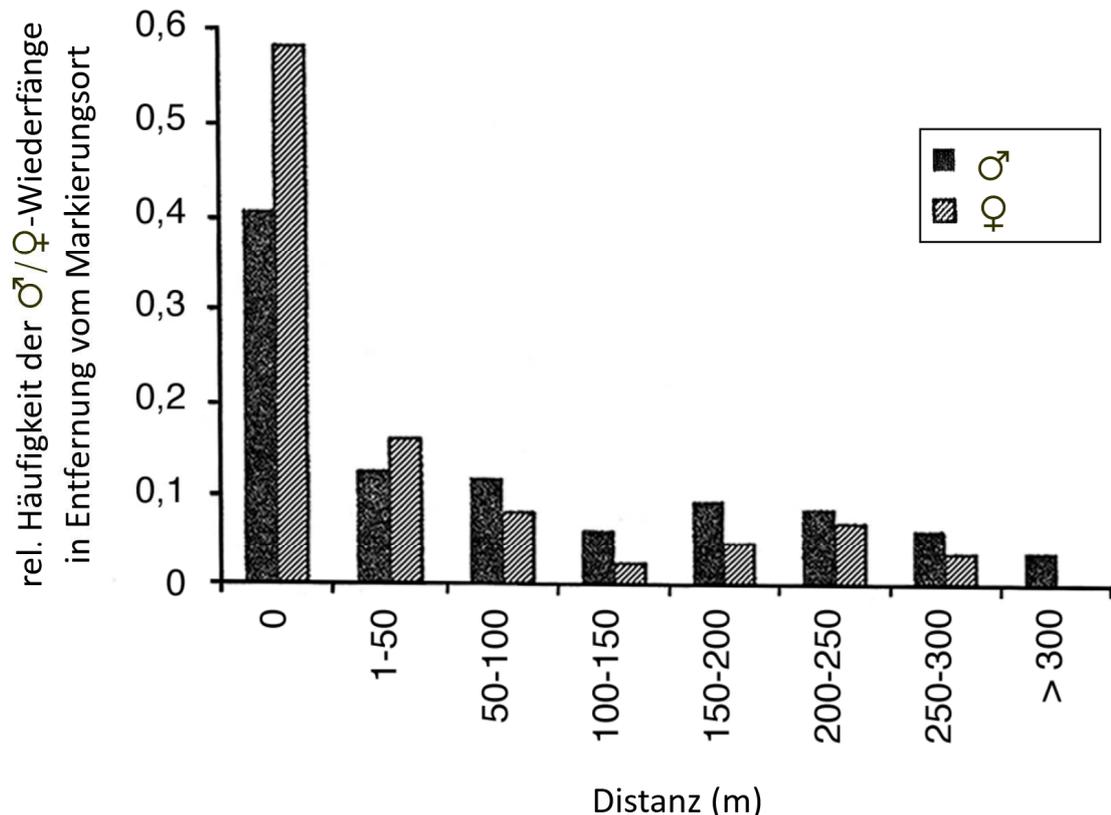
Die starke Gefährdung der Art resultiert aus mehreren Faktoren:

- Geringe Mobilität und hohe Standorttreue.
- Stenökologie:
 - Myrmekophilie; die Art ist für die Fortpflanzung auf Wirts-Ameisen der Gattung *Myrmica* angewiesen.
 - Die Art ist für die Eiablage und während der Larvalphase auf den Lungen- oder Schwalbenwurz-Enzian (*Gentiana pneumonanthe* bzw. *G. asclepiadea*), in der Schweiz seltener auch den Deutschen Enzian (*G. germanica*) angewiesen, der seinerseits nur in Pfeifengraswiesen, Flach- oder Übergangsmooren sowie wenigen verwandten Pflanzengesellschaften vorkommt.
- Fleckenhafte Verbreitung der möglichen Lebensräume (Molinium, Flachmoore) – zunehmende Verschilfung und Eutrophierung.
- Bewirtschaftung der Lebensräume (häufig eher frühe Mahd, bevor ein Grossteil der Raupen das Entwicklungsstadium für die Aufnahme in den Ameisenbau aufweisen bzw. bevor Enziane versamen konnten).

Die geringe Mobilität kombiniert mit einer sehr ausgeprägten Spezialisierung auf wenige Lebensräume, die nur fleckig und isoliert vorkommen und ausserdem sowohl den Ameisen- wie auch den Pflanzenwirt aufweisen müssen, kann die starke Gefährdung der Art ohne Weiteres erklären. Nun kommt noch die Pflege der Feuchtwiesen hinzu, die zur Verhinderung der Vergandung bzw. Verschilfung häufig eher früh und leider oft relativ flächenendeckend (Wirtschaftlichkeit) gemäht werden. Ein hoher Anteil an Altgrasstreifen dürfte für diese Art entscheidend sein.

Da die Lebensräume der Art an sich eher selten und isoliert sind (vgl. Kapitel 2.5.2) und die Ausbreitungsdistanz häufig nur wenige hundert Meter beträgt (Wynhoff et al. 1996; Abb. 2.7), müssen vorgängig die noch vorhandenen Populationen gestärkt werden, so dass ihr Aussterberisiko verringert wird.

Abb. 2.7: Relative Häufigkeit der Wiederfänge von markierten *P. alcon* Individuen (schwarz: Männchen, grau: Weibchen) in einer bestimmten Distanz vom Markierungsort. Die maximale Distanz bei den Männchen betrug 430 m, bei den Weibchen 300 m. Quelle: Wynhoff et al. (1996).



Besiedlungen über grössere Distanzen von rund 5 km, wie sie ausnahmsweise aus dem Kanton Aargau bzw. aus Frankreich berichtet wurden (Lhonoré 1998), könnten auf Verdriftung durch Wind zurückzuführen sein. Die Wahrscheinlichkeit, dass in solch einem Fall ein verdrifteter Schmetterling auf ein geeignetes Habitat trifft, ist sehr gering, und es dürfte sich tatsächlich um sehr seltene Ausnahmen handeln. Normalerweise dürfte die Ausbreitung über eher kurze Distanzen von wenigen 100 Metern (Abb. 2.7) stattfinden und Vorkommen innerhalb dieses Radius können als Metapopulation betrachtet werden. Populationen, die weiter entfernt liegen, sollten vernetzt werden und ebenfalls Bestandteil einer Metapopulation werden.

Eine Studie am Pfannenstil stellte fest, dass das Vorkommen des kleinen Moorbläulings dort, unabhängig von der Ausbreitung, durch das Vorkommen der Wirtspflanzen limitiert war; diese kamen nur auf 19 von 24 möglichen Flächen vor. Wirtsameisen kamen auf allen untersuchten Flächen vor (Bolt et al. 2010). Um die Vernetzung zu erhöhen, müssen also vorwiegend Feuchtwiesen mit *Gentiana pneumonanthe*, *G. asclepiadea* und *G. germanica* gefördert werden.

Es wäre zu testen, z.B. im Rahmen von Master- oder Bachelorarbeiten, ob Beweidung die Vergandung bzw. Verschilfung der Feuchtwiesen effizient verhindern könnte, ohne die Versamung der Enziane bzw. die Raupen von *P. alcon* zu gefährden. Ausserdem könnten verschiedene Mahd-Regimes (Zeitpunkt, Häufigkeit, abschnittsweise Mahd) getestet werden.

Weitere Forschungsbedarf besteht in den Strukturen, die die Ausbreitung von *P. alcon* fördern bzw. leiten: Lässt sich die Ausbreitungsdistanz durch Blumenwiesenstreifen (z.B. entlang von Gewässern) erhöhen? Wie lässt sich die Ausbreitung räumlich steuern, so dass ausbreitende Tiere nicht in ungeeignetem Habitat enden?

2.6.3 Kreuzkröte (*Epidalea calamita*)

Im Kapitel 1.6.2. wurde die Überlebenswahrscheinlichkeit von zwei verschiedenen grossen Kreuzkröten-Populationen unter verschiedenen Szenarien simuliert. Selbst unter dem besten Szenario von Folienweihern mit Ablass (keine vorzeitige Austrocknung, keine Prädation) hatte die kleine Population mit 14 Adulttieren (ca. 5 Rufern während Monitoring) ein Aussterberisiko von über 50% über einen Zeitraum von 30 Jahren. Gemäss der Masterarbeit von Ramon Müller an der UZH (in Arbeit) liegen die geschätzten Populationsgrössen (Anzahl sich fortpflanzender Tiere, genetisch geschätzt, vgl. Ne, Box 1.2) im Kanton Zürich zwischen 6 und 36 Tieren. Keine Population erreicht demnach die Grösse von 56 Tieren, die als ‚grosse Population‘ ebenfalls in 1.6.2. simuliert wurde. Das Aussterberisiko jeder einzelnen Population liegt daher selbst bei einem gut bewirtschafteten Folienweiher zwischen 52% und bestenfalls ca. 10%.

Die meisten Amphibien sind vermutlich als Metapopulationen organisiert, auch wenn diese Annahme selten explizit getestet wird (Smith and Green 2005b). Wiederholt man nun die Vortex-Analyse aus Kapitel 1.6.2. unter Annahme einer Metapopulation von 10 Subpopulationen, jede mit einer Populationsgrösse von 14 Adulttieren (was deutlich weniger ist als die Populationsgrössen im Kanton Zürich) mit Migrationsraten von 20%, wovon 50% tatsächlich überleben, ergibt sich ein erfreuliches Bild: Das Aussterberisiko der Metapopulation liegt nun bei 0%. Jede einzelne Population hat noch ein Aussterberisiko zwischen 4 und 8%, je nachdem, wie sie vernetzt ist (die Migrationsraten zwischen den einzelnen Subpopulationen wurden leicht asymmetrisch eingegeben), es findet jedoch genug Rekolonisierung statt, dass die Metapopulation als Ganzes problemlos über 100 Jahre oder länger überleben kann.

Die Arbeiten von Manuel Frei und Esther Schweizer (Frei 2014; Schweizer 2014) untersuchten die Raumnutzung und Migrationsraten männlicher Kreuzkröten im Suhrental (Kantone AG und LU) sowohl anhand von Telemetrie wie auch genetisch. Insgesamt wurden von 266 genetisch beprobten und 50 besenderten Tieren 13 Wanderungen von einem Gewässer an ein anderes festgestellt (4% Migranten). Dies liegt wesentlich unter der in der Vortex Analyse gemachten Annahme von 20% Migranten, berücksichtigt aber nicht die Juvenilen, die bei den meisten Amphibien den grössten Teil der Migranten ausmachen. Die meisten Kreuzkröten wanderten in eine benachbarte Population (mittlere Distanz zur nächsten Population 1'085 m). Zwei Tiere legten jedoch eine Distanz von über 4 km zurück; weder Strassen noch die Suhre stellten Migrationsbarrieren dar. Anhand von Telemetrie konnten in etwas über 80 Nächten und weit mehr als 200 Arbeitsstunden 2 Migranten identifiziert werden zwischen zwei benachbarten Populationen (Distanz 1'095 m). Die 11 weiteren Migrationereignisse wie auch sämtliche längere Strecken konnten anhand genetischer Daten in 7 Nächten nachgewiesen werden. Der Anteil Tiere, der wandert, war also in etwa gleich für telemetrische wie für genetische Daten, wobei für die telemetrischen Daten ein massiv höherer Aufwand betrieben werden musste. Möglicherweise wären mit mehr Sammelnächten genetisch ein höherer Anteil Individuen, die ein anderes Fortpflanzungsgewässer aufgesucht hatten, nachgewiesen worden. Dies belegt, dass die Schätzungen von Ausbreitungsdistanzen anhand ökologischer Daten häufig unter den genetisch geschätzten Ausbreitungsdistanzen liegen (vgl. Kapitel 2.2.4.1.). In diesem Fall wurde nicht nur die Distanz, sondern auch die Ausbreitungsrate mit der telemetrischen Methode unterschätzt.

Aus den Daten zur Raumnutzung und Wanderdistanzen geht deutlich hervor, dass die Kreuzkröte ein sehr mobiler Froschlurch ist und grosse Distanzen innerhalb von Kulturland zurücklegen kann. Für die Art sind die Fortpflanzungsgewässer vermutlich stärker limitierend als deren Vernetzung und die Artförderung sollte sich auf die Anlage geeigneter Gewässer innerhalb der Ausbreitungsdistanz konzentrieren. Je näher an einem bestehenden Gewässer ein neues Gewässer erstellt wird, umso grösser ist natürlich die Chance, dass es rasch besiedelt wird, aber auch über eine Distanz von 2 km dürfte durchaus selbständige Kolonisierung stattfinden können.

3. Translokationen

Translokationen umfassen a) die Verstärkung kleiner Populationen mit zusätzlichen Individuen aus anderen, grösseren Populationen oder aus Zwischenkulturen und –zuchten zur Erhöhung der lokalen Populationsgrösse (Kapitel 1), b) Umsiedlungen von akut gefährdeten Individuen oder Populationen an einen anderen Ort, c) Wiederansiedlungen von Arten an Orten, wo sie früher vorgekommen sind, und d) Neuansiedlungen von einheimischen Arten an Orten, wo sie früher nicht vorgekommen sind. In der Schweiz werden Wieder- oder Neuansiedlungen von Tieren nur in wenigen Fällen angewandt und als ergänzende Massnahme angesehen. Bei Pflanzen wurden und werden sie aber recht zahlreich durchgeführt. Oberste Priorität hat aber die in situ Erhaltung in noch vorhandenen Habitaten.

3.1. Translokationsmethoden in der Naturschutzpraxis

a) Verstärkung (Bestandsstärkung): Das Ziel von Bestandsstärkung ist, geschwächte Populationen durch Aussaaten oder Auspflanzungen bei Pflanzen oder Ansiedeln von Individuen bei Tieren zu stärken, um die lokale Populationsgrösse zu erhöhen. Dabei werden Individuen oder Samen aus ex situ Kulturen und Zuchten oder aus anderen, grösseren Populationen verwendet. Verstärkung kann aber auch der Behebung von demographischen und genetischen Problemen dienen, weil sie zu Genfluss führt, falls das Material von einer anderen Herkunft stammt. Ein Beispiel ist die Verstärkung der Population der Küchenschellen (*Pulsatilla vulgaris*) auf der Wollau in den Thurauen.

b) Umsiedlung: Umsiedlungen von Individuen oder Populationen von Pflanzen und Tieren dienen deren Rettung, wenn diese aufgrund vorhersehbarer starker Habitatsingriffe (z.B. Baumassnahmen) akut gefährdet sind. Die Richtlinien für Wiederansiedlungen (IUCN/SSC 2013) sollten dabei eingehalten werden. Solche Umsiedlungen wurden früher bei Bauvorhaben in der Schweiz häufig vorgenommen. Heute werden sie ab und zu bei Bauvorhaben mit geschützten Arten gemacht, z.B. bei der Zauneidechse. Solche Vorhaben sind aber sinnlos, wenn die Tiere einfach in eine bestehende Population umgesiedelt werden, wo die Tragkapazität bereits erreicht ist (Blanke 2010).

c) Wiederansiedlung: Bei Wiederansiedlungen werden Individuen oder Populationen einer Art an Orten innerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets, wo sie nachweislich früher vorkamen (IUCN/SSC 2013), angesiedelt, z.B. nach erfolgreichen Habitatverbesserungsmassnahmen (künstliche Wiederbesiedlung). Ziel ist es, wieder eine selbsterhaltende, überlebensfähige Population zu schaffen. Aufgrund von Habitatfragmentierung ist eine natürliche Wiederbesiedlung von geeigneten Standorten, wie z.B. renaturierten Flächen, durch Zielarten häufig unwahrscheinlich oder würde sehr lange dauern. Zum Beispiel werden in der Landwirtschaft Biodiversitätsförderflächen häufig mit (kommerziellen) Samenmischungen angesät, weil eine natürliche Wiederansiedlung typischer Arten aus der Umgebung nicht mehr gegeben ist. Die wiederangesiedelten Individuen stammen entweder aus ex situ Kulturen bzw. Zuchten oder aus noch verbliebenen grossen Populationen. Ein typisches Beispiel ist das Wiederansiedeln von Küchenschellen (*Pulsatilla vulgaris*) aus ex situ Kultur an früher bekannten Fundorten in Nordzürich.

d) Neuansiedlungen: Die Definition von Neuansiedlungen hängt davon ab, wie gut und in welcher räumlichen Auflösung man das frühere Verbreitungsgebiet kennt. Sie umfasst Neuansiedlungen einer Art an Orten innerhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets, wo sie früher nicht vorgekommen ist, aber auch Ansiedlungen ausserhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebiets. Innerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets dienen Neuansiedlungen (wie auch Wiederansiedlungen) dazu, das Aussterberisiko auf möglichst viele Populationen zu verteilen oder um vernetzte Populationen herzustellen. Beispiele sind etwa die neuangesiedelten Küchenschellen-Populationen in Kiesgruben in Nordzürich in unmittelbarer Nähe zu Orten, wo die Art früher vorgekommen ist. Es kann aber auch das Ansähen der Steinbrech-Felsennelke (*Petrorhagia saxifraga*) auf Flachdächern im Kanton Zürich umfassen. Letzteres geschieht zwar innerhalb des Verbreitungsgebiets der Art in der Schweiz, die Art ist aber im Mittelland historisch kaum vorgekommen. Als eine Neuansiedlung ausserhalb des Verbreitungsgebiets kann etwa die Rispen-Flockenblume (*Centaurea stoebe* s.l.) gelten, welche in Nordzürich natürlicherweise vorkommt, in

der Stadt Zürich etwa entlang der Limmat angesät wird, obwohl keine historischen Belege für die Art im südlichen Kantonsteil bestehen. In seltenen Fällen werden auch Neuansiedlungen ausserhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets durchgeführt (z.B. Gewöhnliche Pechnelke (*Silene viscaria*) oder Feld-Mannstreu (*Eryngium campestre*) in Nordzürich).

Im Zusammenhang mit dem Klimawandel wird in der wissenschaftlichen Literatur oft auch ‚assisted migration‘ erwähnt (siehe Fachbericht Klimawandel Kapitel 4.2), wobei dem Aussterben einer Art in Folge klimatischer Veränderung in einem Gebiet dadurch begegnet wird, dass sie künstlich in ein anderes Gebiet mit zukünftig passenden Standortbedingungen versetzt wird (Box 3.1). ‚Assisted migration‘ findet in der Schweiz noch nicht statt, wird aber etwa innerhalb der Waldwirtschaft breit diskutiert.

Box 3.1 Translokation von Arten in neue Gebiete

Im Zuge des Klima- und Landnutzungswandels stellt sich vermehrt die Frage, ob gefährdete Arten in Gebiete verpflanzt werden sollen, die nicht Teil ihres historischen Verbreitungsgebietes sind. Man könnte so dem Aussterben von Arten durch Ansiedlungen zuvorzukommen, anstatt nur auf Bedrohungen zu reagieren (Aitken and Whitlock 2013; Koch and Kollmann 2012). Die Meinungen zu diesem Thema gehen weit auseinander (z.B. Hoegh-Guldberg et al. 2008; Loss et al. 2011; Ricciardi and Simberloff 2009; Weeks et al. 2011). Die Ansiedlung von Arten weit ausserhalb ihres natürlichen Verbreitungsgebietes kann starke negative ökologische Effekte haben, die schwer vorhersagbar sind und teilweise erst lange Zeit nach der Neuansiedlungen auftreten (IUCN/SSC 2013). In Deutschland steht die Mehrheit von Naturschutzpraktikern Neuansiedlungen ausserhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets negativ gegenüber (Koch and Kollmann 2012).

Sind Translokationen hinsichtlich dem Klimawandel erfolgreich? Eine Abweichung vom gewohnten Klima kann die Fitness und das Überleben von angesiedelten Organismen verringern. Dies zeigte Kempel (Forum Biodiversität Schweiz 2015) anhand von 34 Pflanzenarten unterschiedlichen Gefährdungsgrads in der Schweiz, die auf verschiedene Höhenstufen verpflanzt wurden. Vor allem seltene Arten kamen schlechter mit einer Veränderung des Klimas zurecht. Die Gründe hierfür sind unklar. Häufige Arten haben oft eine breitere ökologische Nische als seltenere Arten. Ob ‚assisted migration‘ bei seltenen Arten wirklich funktioniert, ist daher schwierig abzuschätzen, da die abiotischen Faktoren unter dem Klimawandel nicht parallel und linear ändern werden.

3.2. Wissenschaftliche Grundlagen

Wiederansiedlungen haben dem Naturschutz wichtige Erfolgserlebnisse beschert: Luchs, Steinbock, Biber und Bartgeier leben nur dank Wiederansiedlungsprojekten in der Schweiz. Diese Vorzeigebeispiele dürfen aber nicht darüber hinwegtäuschen, dass die meisten Wiederansiedlungen fehlschlagen. Misserfolge werden viel weniger dokumentiert und sind daher auch weniger bekannt (Seddon et al. 2007). Ein prominentes Beispiel eines Misserfolgs ist der Wiederansiedlungsversuch des Rebhuhns in der Schweiz (M. Jenny; Forum Biodiversität Schweiz 2015). Das fehlende Habitat (Quantität und/oder Qualität) ist beim Rebhuhn wie bei vielen anderen Arten Hauptursache für das Scheitern der Wiederansiedlung. Allerdings war das Rebhuhn-Wiederansiedlungsprojekt insofern ein Erfolg, als dass begleitende Massnahmen für die Förderung anderer Arten erfolgreich waren (Meichtry-Stier et al. 2014). Bei Arten, die durch übermässige Bejagung ausgerottet wurden (wie z.B. Luchs, Steinbock oder Bartgeier), sind Wiederansiedlungen viel eher erfolgreich, da das Habitat an sich noch vorhanden ist. Bei spezialisierten Arten, die durch Habitatverschlechterung verschwunden sind, ist dies hingegen nicht der Fall. Unkenntnis über die genauen Ursachen des Aussterbens einer Population ist eines der häufigsten Probleme bei Wiederansiedlungsprojekten (Godefroid et al. 2011).

In Anbetracht der Misserfolge vieler Ansiedlungsversuche hat die Weltnaturschutzunion (IUCN) Empfehlungen für Wiederansiedlungen zusammengestellt (IUCN/SSC 2013). Neue Erkenntnisse aus der Forschung, bessere Planung, die vorsichtige Auswahl von Ansiedlungsmaterial/-individuen, vorbereitende Massnahmen in den Empfängerflächen und detailliertes Monitoring nach Ansiedlungen haben in den letzten Jahren zu besseren Erfolgsquoten bei Wiederansiedlungen geführt.

Weltweit werden 61 Prozent aller Ansiedlungen bei Wirbeltieren durchgeführt (Seddon et al. 2005). Bei der Naturschutzarbeit im Kanton Zürich hat die Ansiedlungen von Pflanzen bisher eine grössere Bedeutung gehabt, weshalb wir dieses Thema hier stärker gewichten.

3.2.1 Wann sind Translokationen sinnvoll?

Ansiedlungen können für Arten und Artengemeinschaften dann sinnvoll sein, wenn die Wahrscheinlichkeit einer natürlichen Besiedlung neuer oder ehemaliger Habitate gering ist und die Art als Ganzes in einem Gebiet gefährdet oder lokal/regional bereits ausgestorben ist. Dies ist bei Pflanzen häufig der Fall. Zum Beispiel ist ein selbstständiges Wiedererscheinen von gefährdeten Ackerbegleitpflanzen im Ackerland unwahrscheinlich, weil der Samenvorrat im Boden aufgrund der intensiven Bewirtschaftung zumindest im Schweizer Mittelland nur noch für wenige und eher häufige Arten existiert. Ähnliches ist der Fall für die Bildung von artenreichen Wiesen (Eggenschwiler and Jacot 2001; Forum Biodiversität Schweiz 2015). Deshalb werden artenreiche Wiesen und die Begleitvegetation von Äckern durch Ansiedlungen oder Ansaaten/Mahdgutübertragungen wieder neu geschaffen (Forum Biodiversität Schweiz 2015).

Ansiedlungen sind v.a. dann sinnvoll, wenn (modifiziert nach Info Flora ‚Empfehlungen zur ex situ-Erhaltung und Ansiedlung gefährdeter Pflanzen‘, www.infoflora.ch/de/flora/ansiedlung):

- Es nur noch wenige Populationen einer Art gibt und die Populationen (oder die Individuenzahl innerhalb der Populationen) sich im Rückgang befinden und darum ein hohes Aussterberisiko haben.
- Populationen klein sind und aufgrund dessen ein hohes Aussterberisiko haben.
- In situ Massnahmen zur Erhaltung von Populationen unternommen, aber als nicht ausreichend für die langfristige Erhaltung der Art beurteilt wurden.
- Die Gefahren und Gründe des Rückgangs im Empfängerhabitat bekannt sind und ganz oder zumindest teilweise eliminiert wurden.
- Die Art an einem Ort oder im Gebiet ausgestorben ist, eine natürliche Wiederbesiedlung unwahrscheinlich ist und eine Wieder- oder Neuansiedlung aus Gründen der Risikominimierung (Kapitel 1) oder der Vernetzung (Kapitel 2) wichtig erscheint.
- Die ursprünglich vorkommenden Individuen gut von anderen nahverwandten Arten, Unterarten und allenfalls Ökotypen unterschieden sind und damit die Wahrscheinlichkeit einer Hybridisierung durch Einbringung genetisch ‚falscher‘ und genetisch nicht angepasster Individuen sehr gering ist.
- Wenn die Quellpopulation durch die Entnahme von Individuen nicht geschädigt wird.

3.2.2 Voraussetzungen für Ansiedlungen

Bevor man eine Art an einem Ort ansiedelt, sollte man möglichst genau verstehen, wieso sie dort verschwunden bzw. im Rückgang ist. Die Gefährdungsursachen müssen behoben oder auf ein für die Zielart erträgliches Mass reduziert sein. Grundlegende Informationen zur Biologie der Art müssen somit bekannt sein (Godefroid et al. 2011), insbesondere die Habitatansprüche (z.B. mikroklimatische Faktoren, Bodenparameter, Vegetationstyp, etc.), das Fortpflanzungssystem (Selbstbestäubung, Auskreuzung), die Generationsdauer (einjährig, mehrjährig), das Ausbreitungspotential (Kapitel 2), Konkurrenzfähigkeit und Abhängigkeit oder Wechselwirkungen mit anderen Organismen. Diese beeinflussen die Vorgehensweise und die Wahl des Ansiedlungsmaterials oder der anzusiedelnden Tiere. Translokationen von gefährdeten Arten sind besonders anspruchsvoll, da die ökologischen Ansprüche seltener Arten häufig viel spezifischer sind als die von weit verbreiteten Arten (Perrow and Davy 2002, p. 223-41).

3.2.3 Vorgehen

Vor jeder Translokation sollte das Ziel klar definiert werden: Was sind die naturschützerischen (und auch gesellschaftlichen und ökonomischen) Vorteile und der Nutzen einer Ansiedlung? Welche Anzahl angesiedelter Individuen oder Populationen braucht es, um die definierten Ziele zu erreichen? Woher stammen die angesiedelten Individuen? In welchem Zeitrahmen können sich selbst erhaltende Populationen erwartet werden? Detaillierte Informationen dazu sind in den Empfehlungen der Weltnaturschutzunion zu Wiederansiedlungen und Translokationen zu finden

(IUCN/SSC 2013) und werden im Folgenden kurz zusammengefasst.

Modellieren unterschiedlicher Szenarien. Alternative Translokationsszenarien und -erfolge können heute mit artspezifischen, demographischen Parametern modelliert werden und so bei der Identifizierung der besten Vorgehensweisen und Orte oder des am besten geeigneten Ansiedlungsmaterials (z.B. Samen vs. Stecklinge, Jungtiere vs. Adulttiere, etc.) behilflich sein. PVA-Programme (Kapitel 1.2.3) wie Vortex (Miller and Lacy 2005) oder Ramas (www.ramas.com) lassen die Modellierung der minimal benötigten Individuen, der Überlebenswahrscheinlichkeit (auch je nach Stadium) und anderer Eigenschaften von angesiedelten Populationen zu. Voraussetzung für die Anwendung solcher Modelle ist natürlich, dass die entsprechenden demografischen Parameter im Feld gemessen wurden. Kramer-Schadt et al. (2005) modellierten z.B. das Überleben und den Kolonisierungserfolg von Luchsen (*Lynx lynx*) in Deutschland. Ihre Modelle schätzten, dass für eine Gründerpopulation aus demographischer Sicht mindestens 10 Weibchen und 5 Männchen benötigt werden. Aus genetischer Sicht sollten natürlich langfristig mehr Individuen zu einer Population beitragen (Kapitel 1.2.3). Halsey et al. (2015) zeigten anhand von Modellierungen, dass zusätzliche, wiederangesiedelte Populationen und Bestandsstützungen die Überlebenswahrscheinlichkeit einer Metapopulation von *Cirsium pitcheri* Populationen verbesserte.

Habitatwahl. Wo soll eine Art angesiedelt werden? Die Auswahl eines geeigneten Habitats ist ein besonders wichtiger Aspekt bei Ansiedlungsprojekten. Flächen, wo die Art einmal vorkam, sind nur dann noch geeignet, wenn sie eine genügende Habitatgrösse und -qualität (Kapitel 1.2.1 und 1.2.3) aufweisen oder diese vorher wiederhergestellt wurden (Forum Biodiversität Schweiz 2011). Genügt der neue Ort den Ansprüchen der angesiedelten Pflanzen oder Tiere nicht, so überleben diese nicht oder wandern wieder ab. Auch die Etablierung von Teilpopulationen in einem funktionalen Lebensraumverbund kann ein Ziel von Ansiedlungen sein (Metapopulationen; Kapitel 2.2.3).

Um die Eignung eines Habitats sicher zu beurteilen, müssen die Biologie und Ökologie der betreffenden Art, sowie die ökologischen Bedingungen der Spenderpopulation oder der Herkünfte von ex situ Kulturen und Zuchten für die Ansiedlung bekannt sein. Der Lebensraum sollte mit seinen Habitaten den biotischen und abiotischen Anforderungen einer Art in all ihren Lebensphasen langfristig genügen. Bei gewissen Translokationen ist es nötig, zusätzlich kurzfristige Massnahmen im Empfängerhabitat (wie Einzäunung und Schutz vor Prädatoren) zu treffen.

Gründermaterial oder -individuen. Gründerindividuen für Ansiedlungen und Bestandsstärkungen kommen entweder aus der freien Wildbahn (noch bestehende grosse Populationen) oder der ex situ Kultur/Haltung (siehe unten) und sollten dem Genpool, dem Ökotyp und den genetischen Anpassungen der ursprünglich vorkommenden oder noch vorkommenden (bei Verstärkungen) wilden Population möglichst gut entsprechen. Je genetisch diverser das Ausgangsmaterial für Ansiedlungen ist, desto grösser ist die Wahrscheinlichkeit, dass einige Individuen gut an das neue Habitat angepasst sind und sich auch verändernden Umweltbedingungen anpassen können. In der Regel werden Samen oder Individuen aus ökologisch ähnlichen Habitaten aus der Region verwendet. Dann ist auch das Risiko von Auszuchtdepression (Kapitel 1.2.7.2) generell gering. Bei Arten mit Reliktvorkommen, disjunkten Arealen, Unterarten oder einzigartigen oder extremen Anpassungen ('evolutionary significant units') sollte allerdings die Mischung von Material bzw. die Kreuzung von Individuen von verschiedenen Ursprungspopulationen nur dann vorgenommen werden, wenn Inzuchtprobleme den Fortbestand der Art gefährden. Da dies häufig nicht bekannt ist, sollte gemäss dem Vorsorgeprinzip gehandelt werden.

Mögliche negative Auswirkungen auf die Spenderpopulation (ausser bei Umsiedlungen) und Risiken wie die Verschleppung von Krankheiten und Parasiten müssen vermieden werden. Um Krankheitsrisiken einzudämmen, ist evtl. eine Quarantäne oder präventive Behandlung vor der Freisetzung empfehlenswert (IUCN/SSC 2013).

Für die Ansiedlung von Pflanzen können Samen, Stecklinge oder adulte Pflanzen verwendet werden. Unter Umständen werden sie vor einer Translokation ex situ kultiviert (siehe unten). Info Flora (www.infoflora.ch) hat dazu detaillierte Empfehlungen publiziert. Bei Pflanzen werden häufig nicht nur Einzelarten verstärkt, wieder oder neu angesiedelt, sondern ganze Pflanzengesellschaften via Saatgutmischung oder Direktbegrünung verpflanzt (Box 3.2; Kapitel 3.5).

Bei der Ansiedlung von Tieren sind das Einfangen, Transportieren, die eventuelle Haltung und das Aussetzen an einem fremden Ort für die Tiere mit Stress verbunden. Deshalb hängt die

Vorgehensweise stark von der Biologie und Ökologie der Zielart ab (Parker et al. 2012) und muss jeweils speziell entwickelt werden. Die Ansiedlung verschiedener Sturmvogelarten (*Procellariidae*) ist ein gutes Beispiel dafür, wie wichtig Kenntnisse über die Biologie einer Art sind. Jungvögel wurden aus den natürlichen Nisthöhlen entnommen, bevor sie an den Geburtsort geprägt waren, und dann an einem neuen Ort in künstlichen Höhlen aufgezogen (Miskelly et al. 2009). Einmal flügge, waren sie auf den neuen Ort geprägt und kehrten im Fortpflanzungsalter dorthin zurück, was das Entstehen einer neuen Brutkolonie ermöglichte.

Box 3.2 Begrünung

Begrünungen dienen nicht nur der Artenförderung (z.B. bei Ersatzmassnahmen), sondern haben auch eine Förderung von Ökosystemleistungen wie Erosionsschutz, Verhinderung der Etablierung von invasiven Neophyten oder die ästhetische Aufwertung der Landschaft (z.B. nach Baumassnahmen) zum Ziel (Bosshard et al. 2013). Begrünungen können einen hohen Wert für Mensch und Natur haben:

- Die Anlage von begrüneten Flächen in der Schweiz ist mit mehreren 1'000 Hektaren jährlich beträchtlich. Mit der Neuansaat von artenreichen Biodiversitäts-Förderflächen kommen auf der landwirtschaftlichen Nutzfläche noch einmal Flächen in dieser Grössenordnung dazu (Bosshard et al. 2013). Begrünungen dürften also flächenmässig eine der grössten Naturschutzmassnahmen sein. Es sind aber bei weitem nicht alle Begrünungen auch naturschützerisch wertvoll, z.B. wenn fremde Herkünfte und Ökotypen eingebracht werden und sich mit den lokal vorhandenen autochthonen Populationen vermischen oder wenn belanglose Allerweltarten angesät werden.
- Ein grosser Teil der Begrünungen findet auf relativ kleinen, oft linienförmigen Flächen statt, die potenziell ökologische Trittstein- und Vernetzungswirkung haben (Kapitel 2).
- Im Siedlungsraum sind viele Begrünungsstandorte nährstoffarm und nicht unter Nutzungsdruck (z.B. Bahn- oder Strassenböschungen). Solche Standorte bieten seltenen oder gefährdeten Arten potenziellen Lebensraum.

Ein Grossteil der Begrünungen wird heute in der Schweiz mit kommerziellem Saatgut durchgeführt. Im Handel sind verschiedene Saatgutmischungen erhältlich, diese sind jedoch häufig nicht ausschliesslich aus einheimischen Arten aufgebaut bzw. enthalten nicht-autochthone Ökotypen und dürfen deshalb strenggenommen gar nicht angewendet werden (Freisetzungsverordnung FrSV, 814.911). Sogenannt autochthone Mischungen (z.B. CH-Original-Mischungen, *Salvia*, *Broma*, *Humida* oder *Montagna*) enthalten zwar nur einheimisches Saatgut, dieses ist aber nicht zwingend standortgerecht und kann aus einheitlichen genetischen Mischungen bestehen, deren Auswirkungen auf die genetische Vielfalt und lokale Anpassungen unbekannt sind. Begrünungsverfahren mit hohem Naturschutzwert sind demgegenüber Direktbegrünung mit Schnittgut aus nahe liegenden Spenderflächen oder mit maschinell oder von Hand gesammeltem Saatgut. Beim Ausbringen von Schnittgut wird nur diejenige Flora angesiedelt, deren Samen zum Schnittzeitpunkt reif waren (Frühblüher versus Spätblüher). Saatgut bringt den Vorteil, dass zu unterschiedlichen Zeitpunkten reife Samen ausgebracht werden können. Dagegen haben Direktbegrünungen den Vorzug, dass in den meisten Fällen nicht nur Pflanzen, sondern auch Kleinlebewesen und Pilze (sowohl Mutualisten wie Pathogene) übertragen werden. Direktbegrünungen und speziell gesammelte Samen können kombiniert werden und gewährleisten, dass regionale Ökotypen und Spenderflächen mit ähnlichen Standortbedingungen wie die Begrünungsfläche verwendet werden (max. Distanz von 15 km zwischen Begrünungsfläche und Spenderfläche; Bosshard and Reinhard 2006). Das Projekt Regioflora www.regioflora.ch führt eine Datenbank mit Spenderflächen in verschiedenen Regionen für die Direktbegrünung von Wiesen und Weiden. Zudem bietet die Internetseite viele Hinweise zu Direktbegrünungen und zur räumlich genauen Identifikation passender Spenderflächen. Bei der Auswahl der Spenderfläche sollte darauf geachtet werden, dass keine invasiven Pflanzen mit dem Schnittgut oder dem Saatgut verbreitet werden.

Wird kommerzielles Saatgut für Ansiedlungen oder Begründungen verwendet, gelten die gleichen Risiken für die ex situ Vermehrung wie sie im Text genannt werden (Bischoff et al. 2006; Schoen and Brown 2001; Vander Mijnsbrugge et al. 2010). Kenntnisse zur genetischen Zusammensetzung von Samenmischungen sind deshalb wichtig. Aavik et al. (2012) fanden dreimal höhere Inzuchtskoeffizienten in angesäten als in natürlichen Populationen von *Silene flos-cuculi* und deutliche Unterschiede in der genetischen Zusammensetzung zwischen gesäten und natürlichen Populationen. Das Sammeln von Saatgut sollte also auf naturräumlich-klimatisch ähnliche Gebiete beschränkt bleiben.

Ex situ Kultur von Pflanzen. Unter ex situ Kultur versteht man die Kultur von Arten ausserhalb ihres natürlichen Habitats. Sie ist häufig Bestandteil von Verstärkungs- und Ansiedlungsprogrammen von Pflanzen. Samen oder adulte Pflanzen werden dabei in botanischen Gärten, Treibhäusern oder im Falle des Kantons Zürich in Privatgärten vermehrt. Dabei müssen Anpassung an künstliche Bedingungen, Inzucht (Kapitel 1.2.7.2) oder Hybridisierung mit anderen Arten, aber auch zwischen verschiedenen Herkünften derselben Art möglichst vermieden werden, was gute Kenntnisse zum Fortpflanzungssystem der kultivierten Art verlangt. Die ex situ Zwischenvermehrung sollte so kurz als möglich gehalten werden (‚Rein-Raus-Prinzip‘) und möglichst naturnah geschehen (z.B. naturnahe Beeten, Bodentyp, Wasser und Nährstoffversorgung so ähnlich dem natürlichen Habitat wie möglich). Info Flora (www.infoflora.ch) gibt auch zur ex situ Kultur detaillierte Empfehlungen ab.

Haltung von Tieren in Gefangenschaft. Für viele stark bedrohte Tierarten ist die Haltung und Aufzucht in Gefangenschaft ein Teil von Schutz- und Ansiedlungsprojekten. So dienen Zoos als Reservoirs für Zuchtprogramme bedrohter Arten und als Geburtsort für Individuen, die für Bestandsstützungen oder Wieder- oder Neuansiedlungen verwendet werden. Der Erfolg des wiederangesiedelten Bartgeiers geht auf die europaweite Züchtung in Zoos und Tierparks zurück. Auch viele Fische (in der Schweiz mehrere 100 Millionen Tiere pro Jahr, darunter auch naturschutzrelevante Arten wie der Lachs im Hochrhein) werden seit Jahrzehnten gestärkt, indem wilden Elterntieren Gameten entnommen werden, die Eier in Gefangenschaft befruchtet und aufgezogen und die Larven oder Juvenilen dann in natürliche Gewässer ausgesetzt werden (C. Wedekind; Forum Biodiversität Schweiz 2015). Dabei fallen natürlich sehr hohe Mortalitätsraten der Jugendstadien in der Wildnis an. Bei Invertebraten, Amphibien und Reptilien werden häufig Eier oder frisch geschlüpfte Tiere in Gefangenschaft aufgezogen, um den Fortpflanzungserfolg zu erhöhen. Wenn möglich wird aber auf eine Aufzucht in Gefangenschaft verzichtet, nicht nur wegen des beträchtlichen Aufwands, sondern um Anpassungen an die Gefangenschaft zu vermeiden (Verhalten, Morphologie, Physiologie und Genetik - möglichst naturnahe Bedingungen sind also auch hier wünschenswert) und weil die Überlebenschancen von in Gefangenschaft aufgezogenen Individuen bei einer Aussetzung generell geringer sind (Fischer and Lindenmayer 2000; Parker et al. 2012). Es gilt also auch bei Tieren generell das ‚Rein-Raus-Prinzip‘, auch wenn es Ausnahmen gibt (z.B. grosser Erfolg der Larvenentwicklung unter kontrollierten Bedingungen bei der Kreuzkröte).

Individuenzahl für Ansiedlungen. Da kleine Populationen stärker unter umweltbedingten und demographischen Schwankungen leiden (Kapitel 1.2.4 und 1.2.7.2), sollten Ansiedlungen so durchgeführt werden, dass die angesiedelten Populationen möglichst schnell eine Grösse erreichen, bei der umweltbedingte und demographische Schwankungen die Population nicht mehr gefährden können. Dies vergrössert auch die Chance, dass nicht angepasste Genotypen ausselektiert werden und sich angepasste Genotypen etablieren können. Diese Ziele werden am besten erreicht, wenn möglichst viele Individuen über einen längeren Zeitraum hinweg am gleichen Ort und/oder an unterschiedlichen Orten angesiedelt werden (IUCN/SSC 2013). Während für die Empfängerpopulation ‚je mehr, desto besser‘ gilt (Fischer and Lindenmayer 2000), kann das Entnehmen negative Effekte auf die Spenderpopulation haben. Die optimale Anzahl Individuen ist also häufig eine Gratwanderung zwischen Nutzen für die Empfänger- und Kosten für die Spenderpopulationen.

In der Literatur werden selten genaue Vorgaben für die Individuenzahl bei Ansiedlungen gemacht, weil dies stark von den spezifischen Umständen abhängt. Gewisse Faustregeln können aber trotzdem abgeleitet werden. Dabei muss zwischen dem langfristigen Ziel einer eigenständigen, sich selbst erhaltenden Population oder Metapopulation von 5'000-10'000 Individuen (siehe Kapitel 1.2.3) und der relativ kurzfristigen Aussetzungsperiode unterschieden werden. Es werden nie 5'000-10'000 Individuen ausgesetzt, sondern wesentlich weniger, die den Grundstock einer (Meta-) Population bilden, die dann zur Zielgrösse von 5'000-10'000 Individuen anwächst. Ein gutes Beispiel dafür ist die Wiederansiedlung des Steinbocks in den Alpen (Biebach and Keller 2009). Zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurden 88 Tiere aus Italien in Zuchtprogramme in der Schweiz überführt. Mit diesen knapp hundert Tieren kam ein grosser Teil der in Italien noch vorhandenen genetischen Variation in die Schweiz. Aus diesen Zuchtprogrammen sowie aus den erfolgreich wiederangesiedelten Populationen wurden in den folgenden Jahrzehnten über 1'400 Tiere frei gesetzt und heute leben über 15'000 Individuen in der Schweiz. Das langfristige Ziel wurde also mit knapp hundert Gründertieren und 1'400 ausgesetzten Individuen über einen Zeitraum von fast 100 Jahren erreicht.

Generell lassen sich die folgenden Handlungsanweisungen geben (Biebach et al. 2016; für Pflanzen siehe auch www.infoflora.ch):

- Population sollten mindestens mit 60, besser mit über 100 Individuen gegründet werden, wobei die Freisetzungen über Jahre oder Jahrzehnte (je nach Generationszeit) verteilt werden können. Diese Individuen sollten nicht nahe miteinander verwandt sein, also möglichst von unterschiedlichen Eltern abstammen.
- Die neu angesiedelten Populationen müssen sorgfältig überwacht werden und weitere Individuen freigelassen werden, falls die Populationen sich nicht wie erhofft entwickeln (siehe Kapitel 3.2.4).

Wie viele Individuen notwendig sind, damit sie kurzfristig überhaupt in den angesiedelten Kleinstpopulation überleben können, hängt von der Biologie der Zielart ab. Bei kurzlebigen Arten müssen viel mehr Individuen ausgesetzt werden als bei langlebigen Arten. Dieser Unterschied hat sicherlich zum Wiederansiedlungserfolg von langlebigen Tierarten wie Steinbock oder Bartgeier beigetragen, während eine neue Population von Rebhühnern mit einer durchschnittlichen Lebenserwartung von 2-3 Jahren nicht einmal mit der Freilassung von mehreren Tausend Individuen geschaffen werden konnte (M. Jenny; Forum Biodiversität Schweiz 2015). Bei Pflanzen spielt auch der Fortpflanzungsmodus eine Rolle: Selbstbestäuber kommen in der Regel mit weniger Individuen in Ansiedlungen zurecht als fremdbestäubte Arten (Godefroid et al. 2011). Einige Arten zeigen bei kritischer Populationsgrösse sogenannte ‚Allee effects‘, d.h. sie haben reduzierte Überlebenschancen, z.B. wegen einer reduzierten Anzahl Paarungspartner (Berec et al. 2007). Wie oben beschrieben, können PVA Modellierungen dabei helfen, eine Schätzung für die minimal nötige Anzahl angesiedelter Individuen zu erhalten.

Ansiedlung von Pflanzen. Je nach Biologie der Art und dem verwendeten Ansiedlungsmaterial können die Erfolgsraten von Ansiedlungen bei Pflanzen stark variieren. Anhand einer Metaanalysestudie von Pflanzen-Wiederansiedlungen fanden Dalrymple et al. (2012), dass, obwohl Samen viel geringere Überlebenschancen haben als junge oder adulte Pflanzen, proportional mehr Ansiedlungsversuche mit Samen zu sich erfolgreich fortpflanzenden Populationen führten als Projekte, die etablierte Pflanzen als Ansiedlungsmaterial verwendeten. Zu beachten gilt allerdings, dass viele Ansiedlungen, die Samen verwendeten, mit einjährigen Pflanzenarten arbeiteten. Aufgrund fehlender Daten wird aus der Metaanalyse nicht klar, ob die Erfolgsaussichten mit Samenansiedlungen auch für mehrjährige Pflanzen gut wären.

In der Metaanalyse von Dalrymple et al. (2012) wurde kein Unterschied gefunden in der Überlebenswahrscheinlichkeit von Pflanzenmaterial, das aus natürlichen Populationen oder aus ex situ Kulturen entnommen wurde. Die Daten zeigen aber einen Trend, dass Ansiedlungen mit ex situ Material einen geringeren Fortpflanzungserfolg aufweisen.

Benötigt eine Art spezielle Mutualisten, so ist unter Umständen eine Inokulierung mit Bodenorganismen bei der Ansiedlung notwendig (dies gilt insbesondere bei spezialisierten Semi-Parasiten, z.B. Orobanche-Arten). Angesiedelte Populationen von *Abronia macrocarpa* wuchsen und entwickelten sich signifikant besser in Böden, die mit Mykorrhiza-Pilzen inokuliert waren, als Pflanzen auf unbehandelten Kontrollböden (Ferrazzano and Williamson 2013).

Ansiedlung von Tieren. Je nach Zielart sind Individuen eines bestimmten Alters, Geschlechts oder einer bestimmten Lebensphase für Ansiedlungen besser geeignet (z.B. Jungtiere oder Adulte, Eier, Larven oder geschlüpfte Tiere, mehr Männchen oder Weibchen). Teilweise ist es erfolgreicher, Tiere nicht einzeln, sondern in Gruppen auszusetzen, oder einen bestimmten Zeitpunkt (beste klimatische Bedingungen, grösstes Futtersvorkommen, Tageszeit, etc.) zu wählen. Zweijährige Murmeltiere auf Vancouver Island überlebten eine Translokation besser als einjährige Tiere (Aaltonen et al. 2009), bei Gänsegeiern war es aber genau umgekehrt (Sarrazin et al. 1996). Bei sozialen Arten können die Erfolgschancen grösser sein, wenn ganze Gruppen oder Familien von Tieren miteinander um-/angesiedelt werden. Beim Malleeschwatzvogel (*Manorina melanotis*) wurden gesamte wildgefangene Kolonien (10-30 Individuen) erfolgreich transloziert (Clarke et al. 2002).

3.2.4 Monitoring

Monitoring muss ein zentraler Bestandteil von Translokationen und der anschliessenden Entwicklung der angesiedelten Populationen sein (IUCN/SSC 2013). Dieses beginnt vor der

eigentlichen Ansiedlung mit dem Sammeln von Daten zu den Spenderpopulationen. Monitoring während jeder Phase einer Ansiedlung erlaubt nicht nur adaptives, zielorientiertes Management, sondern auch einen rechtzeitigen Abbruch („exit strategy“), wenn eine Translokation unrealistisch, schädlich oder nicht mehr zu rechtfertigen ist (z.B. zu grosser Stress bei Tieren).

Monitoring nach einer Freisetzung („post release monitoring“) beinhaltet folgende Aspekte, um den Verlauf und Erfolg einer Translokation zu beurteilen (IUCN/SSC 2013):

- Das Verhalten und die Habitatnutzung von Tieren nach einer Translokation oder im Vergleich zu natürlichen Populationen; Mortalität oder Abwanderung der angesiedelten Individuen.
- Überleben, erfolgreiche Fortpflanzung (!) und Populationswachstum, evtl. auch Ausbreitung und Genfluss.
- Ökologische Folgen angesiedelter Arten (nützlich, gutartig oder schädlich)?
- Wo genetische Aspekte Ziel der Translokationen sind, die Untersuchung der genetischen Vielfalt.

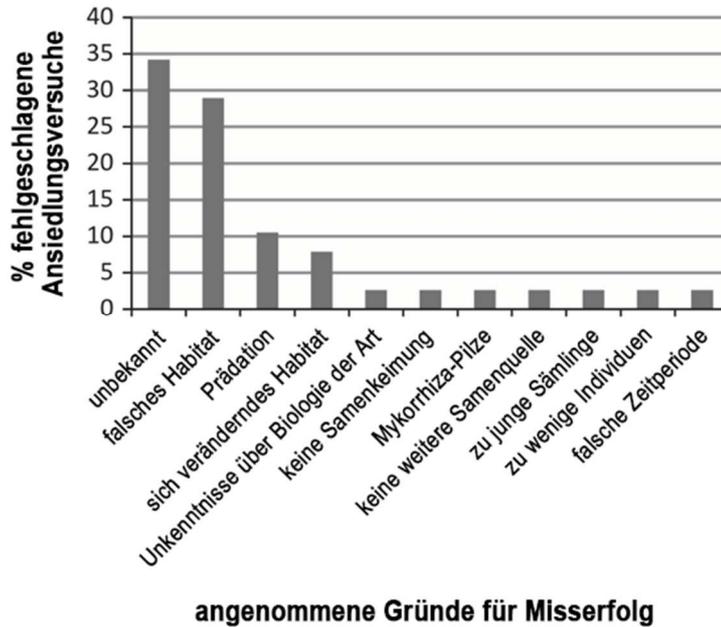
Ungenügendes oder zu kurzfristiges Monitoring ist ein häufiges Problem bei Translokationen. Es führt entweder dazu, dass man schlicht nicht weiss, ob eine Translokation erfolgreich war (d.h. ob sich eine selbsterhaltende Population bildet, siehe nächster Abschnitt), oder es kann zu einer Überschätzung des Erfolgs von Ansiedlungen führen. Langzeit-Monitoring, also über mehr als 10 Jahre (oder sogar Jahrzehnte bei sehr langlebigen Arten), ist notwendig, um den Translokationserfolg wirklich zu messen (Godefroid et al. 2011). Idealerweise sollte das Monitoring über mehrere Generationen hinweg sichergestellt werden (F2 Generation oder mehr). Manche Translokationen erfordern aktives Management über Jahre hinweg (z.B. Prädatorenkontrolle, Nisthilfen). Bei diesen ist kontinuierliches Monitoring notwendig, um die Managementstrategien anzupassen. Leider werden Ansiedlungsversuche oft viel zu kurz überwacht, wodurch die Gründe für ein Fehlschlagen unbekannt bleiben. Die häufigsten Gründe für Misserfolge sind falsche Habitatwahl oder Umweltfaktoren wie Prädation oder Austrocknung (Abbildung 3.1; Godefroid et al. 2011).

Wann ist eine Ansiedlung erfolgreich? Eine Ansiedlung ist dann erfolgreich, wenn sich eine selbsterhaltende Population (oder Metapopulation) bildet. Das Überleben der translozierten Individuen an sich ist nur ein Teilerfolg (Godefroid et al. 2011).

Godfroid et al. (2011) analysierten die Methoden und Resultate von Wiederansiedlungsprojekten von 249 Pflanzenarten weltweit. Sie definierten Wiederansiedlungsversuche als erfolgreich, wenn diese eine überlebens- und reproduktionsfähige Population zur Folge hatten. Überlebens- (52%), Blüte- (19%) und Fruchtraten (16%) von wiederangesiedelten Pflanzen waren relativ gering. Nach vier Jahren war der Anteil an blühenden Pflanzen in der angesiedelten Population durchschnittlich nur 6%. Diese Daten zeigen, dass die meisten Wiederansiedlungen von Pflanzen langfristig fehlschlagen. Nebst der Anzahl Individuen identifizierten Godfroid et al. (2011) weitere Faktoren, welche den Erfolg von Pflanzen-Wiederansiedlungen positiv beeinflussen:

- Ansiedlung in geschützten Gebieten
- Gebrauch von Ansiedlungsmaterial von stabilen und genetisch vielfältigen Populationen
- Renaturierung, Vorbereitung oder Management des Ansiedlungsortes (z.B. Einzäunung, Bewässerung während der ersten Zeit, Bodenauflockerung, Bodenabtrag)

Abbildung 3.1: Gründe für den Misserfolg von Wiederansiedlungen aufgrund einer Umfrage, die 135 Wiederansiedlungsversuche und 82 verschiedene Pflanzenarten in 11 Ländern umfasste (Graphik modifiziert aus Godfroid et al., 2011).



3.3 Faustregeln

- **In situ vor ex situ:** Translokationen/Ansiedlungen sollen auf keinen Fall als Ersatz für in situ Schutzmassnahmen gesehen werden. Oberste Priorität hat die Arterhaltung an bereits besetzten Orten durch geeignete Massnahmen (Kapitel 1 und 2). Natürliche Einwanderung ist (wo realistisch) Translokationen vorzuziehen.
- **Ursachen kennen und beheben:** Die Gründe des Rückgangs oder Aussterbens einer Art an einem früheren Fundort müssen bekannt und die Ursachen ganz oder zumindest mehrheitlich eliminiert sein, bevor eine Translokation vorgenommen wird. Dazu muss die Biologie einer Art gut bekannt sein. Ausgenommen von dieser Regel sind Fälle, wo das Aussterben einer Art imminant ist und die Translokation eine letzte Notlösung ist.
- **Wenn schon, dann gezielt:** In der Literatur wie auch in Umfragen bei Naturschutzpraktikern zeigt sich, dass Populationsverstärkung, Umsiedlung, Wiederansiedlung und Neuansiedlung innerhalb des natürlichen Verbreitungsgebiets nur in gut begründeten Fällen ausgeführt werden sollen. Sinnvoll sind gezielte Ansiedlungen gefährdeter Arten (wie z.B. auch prioritärer Arten, Aktionsplanarten), die ohne solche Massnahmen mit hoher Wahrscheinlichkeit lokal aussterben würden. Dabei sind klare Ziele nötig (Risikominimierung, Aufbau eines lokalen Habitatverbunds in Schwerpunktregionen). Einen Spezialfall bilden Begrünungen bzw. die Wiederherstellung artenreicher Wiesen, wo ganze Lebensgemeinschaften angesiedelt werden. Wiesen können sich auch etablieren, wenn der Lebensraum für einzelne Pflanzenarten nicht geeignet ist oder die Etablierung einzelner Arten aus anderen Gründen scheitert. Zudem stellen artenreiche Wiesen ihrerseits einen Lebensraum für gefährdete Tierarten dar.
- **Ansiedlungen sind wenig erfolgreich:** Die grosse Mehrheit von Ansiedlungen sind nicht erfolgreich und führen nicht zu sich selbständig erhaltenden Populationen oder Metapopulationen, die einzig im Rahmen der allgemeinen Habitatpflegemassnahmen bewirtschaftet werden können. Einzelne Erfolgsgeschichten können über die mehrheitlich negative Einschätzung in der Literatur und Fachwelt nicht hinwegtäuschen. Die Erhaltung vor Ort ist deshalb prioritär.
- **Was, wie viel und wie lange:** Je nach Art eignen sich Samen, Stecklinge, Setzlinge, etablierte Pflanzen bzw. Eier, Laich, Larvenstadien, Jungtiere oder adulte Tiere, Individuen

oder Gruppen von Individuen besser für Ansiedlungen. Wie viele Individuen von Tieren (bzw. Populationen) angesiedelt werden müssen und über welchen Zeitraum, ist art- bzw. situationsbedingt. Populationen sollten aber mindestens mit 60, besser mit über 100 Individuen gegründet werden, wobei diese Individuen nicht nahe miteinander verwandt sein sollten. Ansiedlungen sollten über längere Zeiträume durchgeführt werden.

- **Ex situ Anpassung vermeiden:** Die ex situ Haltung und/oder Zwischenvermehrung sollte so kurz als möglich sein und unter möglichst naturnahen Bedingungen erfolgen. So lassen sich ex situ Anpassungen vermindern.
- **So vielfältig wie möglich, so ähnlich wie nötig:** Die Vielfalt, auch genetisch, soll maximiert werden, d.h. so viele Tiere oder Pflanzen wie möglich ansiedeln, welche die Vielfalt der Ursprungspopulationen gut repräsentieren und der ehemals ansässigen Population so ähnlich wie möglich sind.
- **Monitoring:** Ein langfristiges Monitoring von über 10 Jahren (bei langlebigen Arten wesentlich mehr) ist unerlässlich, wobei insbesondere erfolgreiche Fortpflanzung und/oder Populationswachstum als Massstab für Erfolg gezählt werden. Nur durch Monitoring kann aus Fehlern gelernt und adaptives Management durchgeführt werden.
- **Risiken minimieren:** Ökologische Risiken von Translokationen sind Krankheitsübertragung, Abwanderung, Hybridisierung, in seltenen Fällen Auszuchtdepression (v.a. bei unterschiedlichen Unterarten oder Umweltanpassungen) und Gefährdung der Spenderpopulation durch Individuenentnahme.
- **Direktbegrünungen:** Sie sind bzw. könnten flächenmässig eine der grössten Naturschutzmassnahmen sein und sollten daher in qualitativer Weise gefördert werden. Dabei sollte auf lokale Herkunft des Schnitt-/Saatgutes geachtet werden (www.regioflora.ch). Bei Direktbegrünung mit Mahdgut werden nicht nur Pflanzen sondern auch Kleinlebewesen und Pilze übertragen.

3.4 Forschungsbedarf

- **Aktionsplanarten:** Translokationen von Aktionsplanarten sollten im Hinblick auf oben genannte beste Vorgehensweisen überprüft werden.
- **Habitat kennen:** Nischenmodellierung und Daten der ehemaligen Artverbreitung können mithelfen, geeignete Lebensräume für Ansiedlungen zu identifizieren. Achtung: Nischenmodelle sagen nur etwas über die relative Habitateignung aus.
- **Zielart kennen:** Vor einer Translokation oder Ansiedlung müssen die wichtigsten ökologischen Eigenschaften einer Art bekannt sein. Gegebenenfalls können Hinweise zur Anzahl anzusiedelnder Individuen, dem Alter/Stadium etc. aus der Literatur (auch von nah verwandten Arten) entnommen werden. Sind solche Angaben nicht vorhanden, müssen sie beschafft werden.
- **Risiken kennen:** Gerade bei Arten, die nicht sehr nah mit Nutzpflanzen oder -tieren verwandt sind, ist kaum etwas über ihre Parasiten und Pathogene bekannt. Vor einer Auspflanzung/Aussetzung sollte in diesem Fall durch Quarantäne und nach Möglichkeit Tests auf Krankheitserreger ausgeschlossen werden, dass neue Pathogene in den neuen Lebensraum eingeführt werden. Literaturstudien können Aufschluss zu bekannten Krankheitserregern einer Art oder Organismengruppe geben. Gerade bei wirtschaftlich wenig relevanten Organismengruppen sind die Pathogene aber meist kaum bekannt.
- **Evaluation:** Eine Evaluation der bisherigen im Kanton Zürich getätigten Ansiedlungen und der entsprechenden Monitorings (falls vorhanden) wäre sinnvoll. Sofern keine Monitoringdaten vorhanden sind, sollten diese erhoben und ausgewertet werden.
- **Synthese für Direktbegrünungen:** Die Fachstelle könnte den Erfolg von Direktbegrünungen anhand von vorhandenen Berichten systematisch analysieren und so herausfinden, welche Arten für das Erreichen der Zielvegetation speziell gefördert werden müssen.
- **Inokulation:** Bei vielen Pflanzen können mutualistische Symbionten wie Mykorrhiza-Pilze über den Erfolg einer Auspflanzung oder Aussaat mitentscheiden. Bei Pflanzen, die einen schlechten Etablierungserfolg bei Neuansiedlungen aufweisen, wäre zu prüfen, ob eine Inokulation mit Mykorrhizen den Erfolg erhöhen könnte.

3.5 Anwendung für wichtige Lebensräume im Kanton Zürich

3.5.1 Trockenwiesen- und Weiden

Im Fischenthal wurde durch das Büro Ö+L GmbH eine Fläche nach Oberbodenabtrag mit TWW-Vegetation neu begrünt. Die Spenderfläche wies ähnliche Standortbedingungen auf wie die Empfängerfläche und wurde gemäht, als der Anteil an reifen Samen am höchsten war. Alternativ hätte man auch etappenweise zu unterschiedlichen Zeitpunkten mähen können. Da viele reife Samen bei TWW-Vegetation aber lange an der Mutterpflanze verbleiben, ist auch eine späte Mahd geeignet. Das frische Mähgut wurde direkt nach der Mahd ausgebracht. Dabei wurde das Schnittgut nicht zu dicht ausgebracht, da die Samen sonst nur schlecht keimen (Faustregel: Spenderfläche auf doppelte Empfängerfläche). Mit dem zusätzlichen Ausbringen von Mulchmaterial konnten zudem vermutlich Mikroorganismen und Invertebraten gleichzeitig mit der Pflanzengesellschaft übertragen werden.

Leider beinhaltete das Mandat für die Direktbegrünung keine Erfolgskontrolle. Es wurde auch keine Zielvegetation im Sinne von Arten, die nach der Begrünung vorkommen müssen, definiert. Trotzdem hat das Büro ein Monitoring durchgeführt und die Arten, die sich etablieren konnten, im Juni 2005 erfasst. Die Liste von zwei direktbegrünter Flächen ist umfangreich (unpublizierter Bericht von Andreas Bosshard, Ö+L GmbH):

Achillea millefolium, *Ajuga reptans*, *Alchemilla vulgaris*, ***Anthyllis vulneraria***, *Arrhenatherum elatius*, *Brachypodium pinnatum*, ***Brizsa media***, ***Bromus erectus***, ***Campanula rotundifolium***, ***Campanula trachelium***, ***Carex flacca***, ***Carex montana***, *Carum carvi*, ***Centaurea iacea***, ***Chrysanthemum leucanthemum***, *Cirsium arvensis*, ***Cirsium oleraceum***, *Cirsium palustris*, ***Clinopodium vulgare***, ***Colchicum autumnale***, *Dactylis glomerata*, ***Euphorbia cyparissias***, *Festuca rubra*, *Fragaria vesca*, *Galium mollugo*, ***Hieracium murorum***, ***Hieracium piloselloides***, ***Hippocrepis comosa***, *Hypericum mac. f.*, ***Hypochoeris radicata***, ***Knautia arenensis***, ***Knautia sylvatica***, ***Lathyrus pratensis***, ***Leontodon hispidus***, *Linum catharticum*, ***Medicago lupulina***, ***Onobrychis viciifolia***, ***Orchis maculata***, ***Origanum vulgare***, ***Phyteuma orbiculare***, *Phyteuma spicata*, ***Picris hieracioides***, *Plantago lanceolata*, ***Plantago media***, *Poa pratensis*, *Polygala amarella*, *Prunella vulgaris*, *Ranunculus frieseanus*, *Ranunculus repens*, ***Rhinanthus alectorolophus***, ***Salvia pratensis***, ***Sanguisorba minor***, ***Tragopogon orientalis***, *Trifolium dubium*, *Trifolium montanum*, *Trifolium repens*, *Trisetum flavescens*.

Die fett markierten Arten sind QII-Indikatorarten. Dies belegt, dass die Direktbegrünung mit Mähgut zur Etablierung einer TWW-Vegetation funktioniert. Da auf diese Weise lokale Pflanzengesellschaften und gegebenenfalls lokal angepasste Ökotypen übertragen werden, ist diese Methode dem Ausbringen von kommerziellem Saatgut in jedem Fall vorzuziehen, wenn geeignete Spenderflächen in der Region zur Verfügung stehen.

Dieses eher anekdotische Beispiel zeigt, dass Direktbegrünungen und Oberbodenabtrag funktionieren. Es gibt aber unseres Wissens keine Übersicht aus der Schweiz zum generellen Erfolg solcher Massnahmen weder in TWW noch in anderen Vegetationstypen. Da die Kantone vermutlich über grosse Grunddaten und Monitoringdaten dazu verfügen, aber keine Synthese erfolgt ist, ist dies als Forschungsfrage oben aufgeführt.

3.5.2 Feuchtgebiete/Moore

Im Stillgewässer-Vernetzungsprojekt im Kanton Luzern wurden an verschiedenen geeigneten Stellen Nassmulden durch Abtiefung und Oberbodenabtrag als Laichgewässer für die Kreuzkröte erstellt. Alle nachfolgenden Angaben stammen vom Projektleiter Roger Hodel. Um zu vermeiden, dass sich Neophyten auf den Brachflächen etablierten und um eine Naturschutzwirkung über die Amphibien hinaus zu erhalten, wurden die Flächen nach Abschluss der Bauarbeiten direktbegrünt. Ziel war, nicht einen bestimmten Vegetationstyp, sondern eine artenreiche, neophytenfreie und standortgerechte Pflanzengesellschaft zu etablieren. Die Wiederbesiedlung von Feuchtwiesen erfolgt um ein Vielfaches langsamer als bei TWW. Zudem müssen die Samen vieler Arten eine Dormanz durchlaufen.

Pilotprojekt Richensee am Baldeggersee

Eine Torf-Fläche von ca. 0.5 ha, die auf Seekreide aufliegt, wurde 2008 anschliessend an das Ausheben der Nassmulden begrünt, indem sowohl frisches Schnittgut aus einem benachbarten Feuchtgebiet ausgebracht wurde, andererseits auch Saatgut, das aus Mahd und Dresche bzw. handgesammelt worden war.

Mit der Saatgutentnahme wurde Anfang Juni 2008 begonnen, die letzte erfolgte Anfang Oktober 2008. Auch das Schnittgut bzw. die Samen wurden etappen- und abschnittsweise ausgebracht, wobei die erste Begrünung am 24. Juni erfolgte, die zweite am 29. August und die dritte am 15. Oktober.

Im Monitoring liessen sich folgende Muster erkennen:

- Die verschiedenen Pflanzen keimten unterschiedlich rasch. Zu den schnell keimenden Arten gehören Binsen (*Juncus* spp.) und *Carex flava*, *Lychnis flos cuculi*, *Succisa pratensis*, *Scabiosa columbaria* und diverse Hochstauden.
- Vorübergehend können Dominanzen von Weissklee, Wasser-Sumpfkresse oder verschiedenen Gräsern entstehen.
- Die Flächen entwickeln sich auch acht Jahre nach der Begrünung noch weiter. Die Entwicklung wird weiterverfolgt, bis sich ein Gleichgewicht etabliert, das abschliessend beurteilt werden kann.

Begrünung Moosmatte Gunzwil, Gemeinde Beromünster

Eine Fläche von 1 ha auf Torf und Lehm wurde 2015 ausschliesslich mit gesammeltem Saatgut begrünt. Mit dem Sammeln des Saatguts für diese Fläche wurde bereits 2013 begonnen, wobei jeweils im Juni, Juli, August und September 2013 und 2014 mehrmals gesammelt wurde. In 2014 wurden die Saatgutentnahmeflächen am 19. Mai begangen. Die erste Sammlung für *Caltha palustris* fand am 29. Mai statt, danach wurde fünf Mal im Juni und je einmal im Juli und August, zweimal im September gesammelt, mit anschliessender Mahd für den Übertrag im September.

Das Saatgut wurde stratifiziert (in Sand eingebaut und über den Winter im Freien dem Frost ausgesetzt) und im Frühling 2015 ausgebracht.

Bis zum Herbst 2015 konnten folgende Arten auf der begrünten Fläche nachgewiesen werden:

Diverse Binsen (*Juncus* spp.), *Silaum silaus*, *Phalaris arundinacea*, *Carex flacca*, *Carex flava*, *Carex acutiformis*, *Veronica beccabunga*, *Epilobium hirsutum*, *Lytrum salicaria*, *Galium verum*, *Lychnis flos cuculi*, *Leucanthemum vulgare*, *Daucus carota*, *Leontodon* sp., *Origanum vulgare*, *Sanguisorba minor*, *Tussilago farfara*, *Mentha aquatica*, *Lotus pedunculatus*, *Hypericum perforatum*, *Scabiosa columbaria*, *Succisa pratensis*, *Molinia arundinacea*

Der Aufwand für das Sammeln und Begrünen dieser Fläche betrug ohne die Stratifizierung und das Monitoring rund 40 Stunden.

Beide Projekte werden als erfolgreich beurteilt, obwohl die Entwicklung der Pflanzengesellschaften noch nicht abgeschlossen ist. Das Aufkommen von Neophyten konnte erfolgreich verhindert werden und es entwickelt sich eine Vegetation wechselfeuchter Standorte. Da Feuchtwiesenpflanzen stark auf den Wasserstand, die Bodenbeschaffenheit und Witterung reagieren, war es wichtig, eine breite Samenpalette einzubringen. Diese reichte von Sumpfdotterblumenwiesen (*Calthion*) über Pfeifengraswiesen (*Molinium*), Hochstauden bis zum Kleinseggenried. Je nach Boden und Wasserstand gedeihen auf der angesäten Fläche unterschiedliche Gemeinschaften in einem Mosaik.

Anders würde man vorgehen, wenn die Zielvegetation ein bestimmtes Artenspektrum beinhalten soll. Die Samenpalette würde sich dann natürlicherweise auf das Spektrum der Zielarten bzw. Zielgesellschaft beschränken (z.B. *Calthion* oder *Molinium*).

3.6 Anwendung auf Fallbeispiele von Zielarten im Kanton Zürich

3.6.1 Hohes Veilchen (*Viola elatior*)

Das Hohe Veilchen (*Viola elatior*) ist ein Bewohner von Feuchtgebieten, unter denen es v.a. lichte Auenwälder und Pfeifengraswiesen besiedelt. In der Schweiz ist die Art um 90% zurückgegangen. Auf der nationalen Roten Liste wird die Art als stark gefährdet (EN) geführt, im östlichen Mittelland ist sie sogar als vom Aussterben bedroht (CR) eingestuft (Moser et al. 2002). Die Art war im Kanton Zürich vermutlich lokal ausgestorben, bevor ab 1997 im Rahmen des Aktionsplans Flora des Kantons für die Art an 23 Orten neue Vorkommen durch Auspflanzung gegründet wurden (Dickenmann and Keel 2004, R. Dickenmann, mdl.).

Eine Schwierigkeit beim Sammeln von Samen für Auspflanzungen bzw. Ansaaten stellt die Verfügbarkeit reifer Samen von *V. elatior* dar: Sobald diese reif sind, werden sie ausgebreitet. Daher finden sich kaum reife Samen in der Blüte. Die Samen bilden dann zwar eine Samenbank im Boden, sind aber natürlich für Aussaaten und ex situ Kulturen nicht zugänglich. Über kurze Distanzen wird die Art von Ameisen verbreitet (Holzel 2003). Allenfalls können Ameisennester der Art *Lasius niger*, die die Viola-Samen einsammeln, eine Quelle für Saatgut darstellen (O'Grady et al. 2013). Möglicherweise spielt für die Ausbreitung auch eine Verdriftung der Samen bei Hochwasser eine Rolle (Eckstein et al. 2006). Für die Neugründung von Populationen im Kanton Zürich können beide Mechanismen nicht dienen. Daher wurde eine Zwischenvermehrung ex situ vorgenommen. Die Samen für die Nachzucht der Pflanzen, die ex situ für die Auspflanzung zwischenvermehrt wurden, stammten mehrheitlich aus Radolfzell (D). Die Radolfzeller Samen stammten von ca. 30 Individuen derselben Population ab. 2013 wurden auch zwei Populationen mit 120 ex situ gezogenen Pflanzen aus Grenchen (SO) ausgebracht. 30 Individuen der ex situ gezogenen Grenchner Herkunft sind für die weitere ex situ Vermehrung bestimmt.

V. elatior ist ein eindrückliches Beispiel dafür, wie ausgedehnt das Wissen um eine Pflanzen- oder Tierart sein muss, um eine erfolgreiche Neuansiedlung durchzuführen:

- Genfluss durch bestäubende Insekten kann auch über grössere Distanzen von 1-3 km stattfinden; Buldrini et al. (2013) fanden keine starke genetische Strukturierung der Vorkommen von *V. pumila Chaix* an der südlichen Verbreitungsgrenze in Norditalien. Über 30 km fand allerdings kaum mehr Genfluss statt.
- Genfluss durch bestäubende Insekten führte bei der Zwischenvermehrung im Kanton Zürich in einem Garten, in dem auch die nah verwandten Arten *V. persicifolia* und *V. pumila* vermehrt wurden, zur Hybridisierung zwischen den Arten. Diese konnten natürlich nicht ausgepflanzt werden. Hätte man Hybridisierung erwartet, wären die Arten nicht im selben Garten zwischenvermehrt worden.
- In einem Ansaatexperiment konnte sich die Art auf sämtlichen Ansaatflächen in feuchten Magerwiesen etablieren (Moor et al. 2003). Der Erfolg der Auspflanzungen im Kanton Zürich war zunächst wegen meist zu langem Wasser-Überstau aber gering. Erst die Entdeckung eines Vorkommens an einer trockenen Strassenböschung, das mit einer Auspflanzung anderer Arten zufällig gegründet wurde, führte mit Erfolg dazu, dass die Auspflanzungen an etwas trockenere Standorte verlegt wurden. Dies demonstriert die Notwendigkeit genauer Kenntnisse der Standortansprüche einer Art.

Seit Hybridisierung eliminiert und die Wahl der Auspflanzungsorte optimiert werden konnten, ist der Erfolg der Auspflanzungen besser: An 14 Standorten konnte die Art erfolgreich etabliert werden. Sämtliche neue Vorkommen befinden sich in kantonalen Naturschutzobjekten, meist Riedwiesen, und sind demnach zukünftig nicht akut durch Habitatzerstörung bedroht. Vier Populationen weisen aktuell die Zielgrösse von 200 Pflanzen/Population auf, sieben Populationen weisen die Zielgrösse von 100 Pflanzen auf. Für den Erhalt der genetischen Vielfalt wäre eigentlich die Zielgrösse von min. 500 Pflanzen/Population anzustreben. Bei kleineren Grössen müssen sie gut vernetzt sein. Da *V. elatior* jedoch Selbstbestäubung zulässt, sollte das Überleben von Populationen mit 100 Pflanzen nicht durch genetische Einflüsse gefährdet sein. Die Populationen der Art werden jedoch durch Effekte, wie sie am Verbreitungsrand auftreten, beeinflusst: Eckstein

et al. (2006) konnten nicht nur zeigen, dass Populationen am äusseren Rand der Verbreitung kleiner und geografisch isolierter sind, sondern auch weniger Genfluss zu benachbarten Populationen stattfindet. Für die Auspflanzungen sollten daher Standorte innerhalb einer Region bevorzugt werden.

Vor zukünftigen Auspflanzungen weiterer Arten sollten daher zusätzliche Abklärungen vorgenommen werden, bevor mit der Umsetzung begonnen wird:

- a. Für Gattungen, die bekannterweise hybridisieren (wie *Viola*), sollten getrennte Standorte für die Zwischenvermehrung gewählt werden.
- b. Für eine erfolgreiche Aussaat muss vorgängig bekannt sein, wie effizient Saatgut gesammelt werden kann; ggf. wären kleine Studienprojekte zu initiieren.
- c. Sind die Ansprüche der Art an den Standort ausreichend bekannt? Wenn nein, wo bestehen Wissenslücken und wie können diese im Rahmen von Forschungsprojekten geschlossen werden?
- d. Was ist ein sinnvoller Umfang und Zeithorizont der Erfolgskontrolle/des Monitorings?

3.6.2 Flaumiger Seidelbast (*Daphne cneorum*)

Der flaumige Seidelbast ist eine Pflanze der lichten Wälder und kalkhaltigen Trockenrasen. In der Schweiz ist seine Verbreitung auf das südliche Tessin, den Jura (ohne Aargau) und ein Vorkommen bei Eglisau (letztes natürliches Vorkommen im Kanton Zürich) limitiert. Schweizweit wie auch im Jura wird er in der Roten Liste als stark gefährdet (EN) eingestuft, im östlichen Mittelland gilt er sogar als vom Aussterben bedroht (CR).

Der Aktionsplan des Kantons Zürich für diese Art sieht vor, dieses einzige natürliche Vorkommen zu erhalten und zu fördern. Dank regelmässigem Auslichten, Entfernen von Laub und Konkurrenzpflanzen konnte die Population vergrössert werden. Zudem sollen 14 weitere Vorkommen mit 100-300 Trieben begründet werden (Langenauer and Keel 2004). Als Quellpopulation dient dabei vor allem die letzte natürlich vorkommende Population. Zusätzlich wurden an einem Ort im angrenzenden Baden-Württemberg Stecklinge gesammelt und nach erfolgreicher Nachzucht Pflanzen ausgebracht (Regula Langenauer, pers. Mitteilung).

Die Keimungsrate ist bei *Daphne cneorum* mit ca. 3% sehr gering (Langenauer and Keel 2004). Ausserdem können im Kanton Zürich kaum Samen aus dem Freiland gewonnen werden, da die Ursprungspopulation klein und der Samenansatz äusserst gering ist (Regula Langenauer, pers. Mitteilung). Die Neugründung von Populationen mit sexuell produzierten Individuen ist daher kaum möglich.

Die asexuelle Vermehrung über Stecklinge ist mit einer Bewurzelungsrate von 30-70% erfolgreicher, wenn sie von einem erfahrenen Gärtner vorgenommen wird (Regula Langenauer, pers. Mitteilung). Sämtliche ausgepflanzten Individuen stammen daher aus asexueller Zwischenvermehrung durch Stecklinge. Im Prinzip müsste eine Ne von >50 angestrebt werden. Im vorliegenden Fall ist dies aber unmöglich, da nur etwa 10 Ursprungspflanzen für die vegetative Zwischenvermehrung vorhanden waren. Inzwischen wurden im Norden des Kantons Zürich, v.a. im um Eglisau und im Rafzerfeld, kleine neue Populationen von *Daphne cneorum* durch Ausbringen von Pflanzen aus dieser Zwischenvermehrung gegründet. Nebst Auspflanzungsorten in unmittelbarer Nähe zueinander, liegen die Orte zwischen einem und 6 km Luftlinie auseinander. Es wird angenommen, ist aber letztlich unbekannt, das über diese Distanz Genfluss durch bestäubende Insekten erfolgen kann.

Nachdem anfangs eher zu kleine Pflanzen ausgepflanzt wurden, ist das Programm nun erfolgreicher, da grössere Pflanzen mit stärkeren Wurzelballen ausgebracht werden. Da die Vermehrung über Stecklinge erfolgt, muss besonders darauf geachtet werden, dass die neuen Populationen möglichst viel der genetischen Variation der an sich schon kleinen und möglicherweise wenig variablen Ursprungspopulationen enthalten und dass diese nicht aus wenigen Klonen bestehen. Eine nah verwandte Art, *Daphne laureola*, lässt zwar Selbstbestäubung zu, bildet dann aber weniger Samen aus als bei Fremdbestäubung (Alonso and Herrera 2001). Verantwortlich für die Unterscheidung von Fremdpollen vs. eigenem Pollen bei der Befruchtung sind die sogenannte Self-Incompatibility (SI) Gene (Takayama and Isogai 2005). In durch Klonung gebildeten Individuen sind diese Gene gleich. Sie werden als eigener Pollen interpretiert und entsprechend werden wenig Samen gebildet. Falls dieser Effekt auch in *D. cneorum* auftritt, könnte das die geringe Samenbildung und Fortpflanzung in der Ursprungspopulation erklären,

sofern diese genetisch verarmt ist. Ob die neu gegründeten Populationen Samen bilden, ist bisher jedoch nicht untersucht. Jungpflanzen wurden noch keine festgestellt, was aber am langsamen Wachstum der Art liegen dürfte.

Eine Studie sollte klären, ob die genetische Variabilität der ursprünglichen Zürcher Population in die neu gegründeten Populationen, in die ja auch Pflanzen aus Deutschland eingebracht wurden, übertragen werden konnte. Untersucht werden sollte auch die genetische Nähe und Variabilität der benachbarten Vorkommen in Deutschland und allenfalls im Jura. Es wäre zu prüfen, ob die genetische Variabilität von Neuansiedlungen und die Samenbildung im Kanton Zürich vergrößert werden kann, wenn vermehrt auch von diesen Standorten im Kanton Pflanzen nachgezogen und ausgebracht werden. Sollte dies der Fall sein, müssten weitere Mutterpflanzen für die Stecklingsvermehrung aus der Ursprungspopulation bzw. benachbarten natürlichen Populationen gewonnen werden. Diese kommen allerdings auf Böden über Kalkgestein vor, während das ursprüngliche Zürcher Vorkommen auf nicht-kalkhaltigem Deckenschotter wächst. Bevor Kalkboden-Pflanzen auf Deckenschotter transferiert werden, sollte untersucht werden, ob diese mit dem neuen Untergrund zurechtkommen. Sonst besteht die Gefahr, dass allenfalls lokale Adaptation durch Auszucht („outbreeding“) zunichte gemacht wird (Kapitel 1.2.7.2). Immerhin handelt es sich bei der Zürcher Population um eine Randpopulation mit möglicherweise lokalen Anpassungen. Kleine Studien könnten sowohl die genetische Vielfalt, die Samenbildung unter Auszucht, wie auch die Eignung der verschiedenen Substrate prüfen.

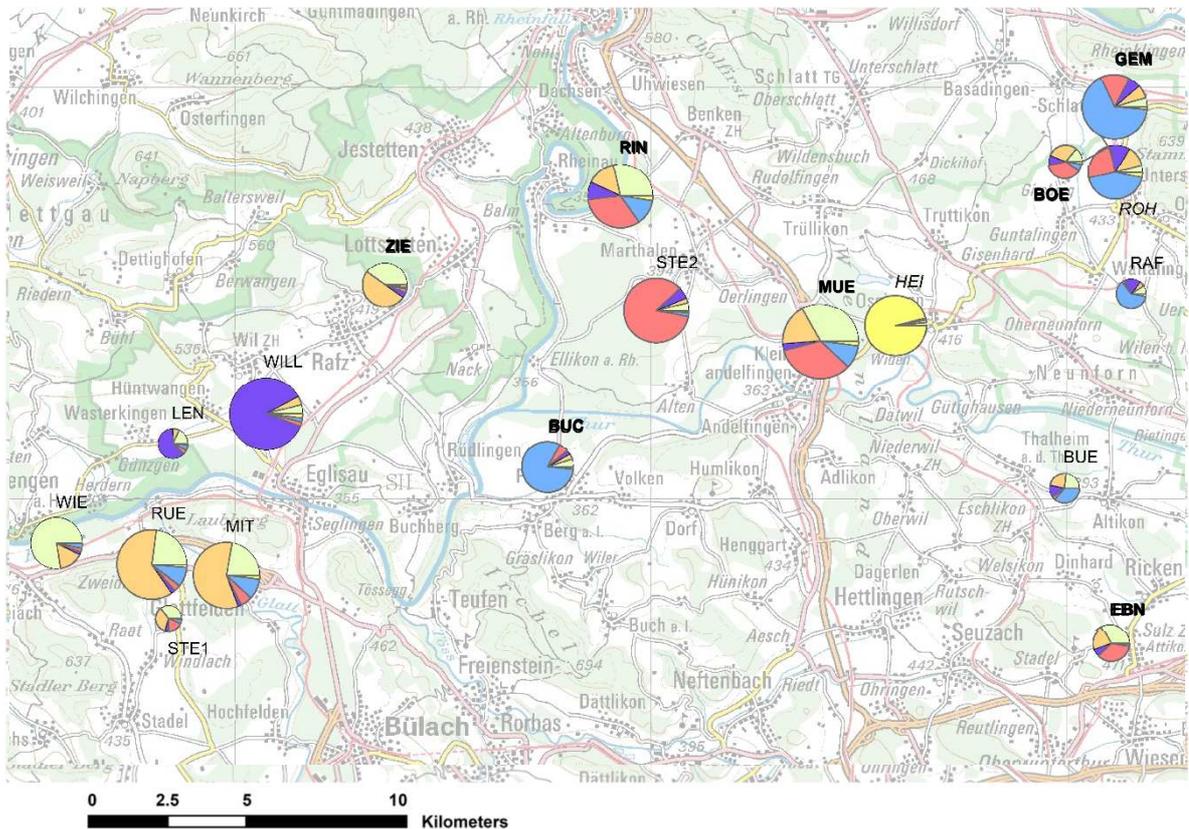
3.6.3 Kreuzkröte (*Epidalea calamita*)

Wie in Kapitel 1.6.2 erwähnt, wurden im Kanton Zürich zwischen 2005 und 2011 an sechs Orten neue Kreuzkrötenpopulationen durch Ansiedlung gegründet. Acht weitere neu geschaffene Weiher wurden selbständig von Kreuzkröten besiedelt. Das zur Aussetzung verwendeten Material stammte aus benachbarten Populationen und wurden der Ursprungspopulation als Laich vor dem Schlupf entnommen. Auf diese Weise sollte eine Verschleppung des Amphibienchytridpilzes *Batrachochytrium dendrobatidis*, der nur Keratinstrukturen besiedelt und auf Laichschnüren daher nicht wachsen kann, vermieden werden. Diese Gelege wurden in Mesokosmen aufgezogen, künstlichen Becken mit 1'000 L Fassungsvermögen, die im Frühjahr gefüllt und mit getrocknetem Schilf und wenig Teichwasser beimpft werden. Pro Mesokosmos wurden 200 Kaulquappen aufgezogen, also eine tiefe Dichte, die gute Wachstums- und Überlebensbedingungen bietet. Kurz vor der Metamorphose wurden die Kaulquappen in die Freiheit entlassen. Rund 70% der Tiere wurden dabei an den neuen Standorten eingesetzt, während 30% zurück in ihre Ursprungspopulation gebracht wurden (Lippuner 2013). Auf diese Weise wollte man vermeiden, dass die Entnahmepopulationen geschwächt werden. Während zwei Jahren wurden so pro Standort jeweils 1'600 Larven ausgesetzt, wobei die Individuen, mit denen ein bestimmter Weiher bestückt wurde, aus einer Mischung der Quellpopulationen (vgl. Abb. 3.2) bestand.

Sämtliche angesiedelten Populationen konnten sich etablieren und weisen aktuell sich selbständig fortpflanzende Vorkommen auf. Die Entnahmepopulationen wurden durch die Rückführung von 30% der entnommenen Kaulquappen nicht geschwächt, sondern nahmen ebenfalls leicht zu (Lippuner 2013).

Eine Masterarbeit, welche die genetische Struktur der natürlichen und angesiedelten Kreuzkröten-Populationen im Kanton Zürich untersucht, zeigt, dass dieses Vorgehen erfolgreich die genetische Diversität der Quellpopulationen in die Empfängerpopulationen zu übertragen vermochte (Ramon Müller, Masterarbeit UZH, in Arbeit): Fast sämtliche Allele der Quellpopulationen konnten in den Empfängerpopulationen nachgewiesen werden, und die Anzahl fixierter Allele in den Empfängerpopulationen ist nicht höher als in den Quellpopulationen. Eine Cluster-Analyse belegt, dass die ausgesetzten Populationen eine Mischung der Quellpopulationen sind (Abbildung 3.2).

Abbildung 3.2: Karte der untersuchten Kreuzkrötenpopulationen im Norden des Kantons Zürich. Die Grösse der Kreise stellt die Stichprobengrösse dar, die verschiedenen Farben entsprechen der genetischen Zuordnung gemäss der STRUCTURE-Analyse mit sechs Clustern. Angesiedelte Populationen sind mit fett gedruckten Buchstaben dargestellt, die durch adulte Tiere natürlich besiedelten in kursiv und Quellpopulationen in normaler Schrift. Einige fett markierte Gewässer wurden natürlich besiedelt, erhielten zusätzlich aber Kaulquappen. Quelle: Masterarbeit von Ramon Müller, UZH, in Arbeit.



Der Erfolg dieses Ansiedlungsprogramms ist darin begründet, dass verschiedene entscheidende Faktoren gegeben waren:

- Die spezifischen Lebensraumsansprüche der Art bezüglich Fortpflanzungsgewässer und Landlebensraum waren bekannt.
- Das kritische Stadium des Lebenszyklus mit der höchsten Mortalität (frisch metamorphosierte Jungtiere) war bekannt. Die Aufzucht in Gefangenschaft generierte eine Vielzahl an fitten Jungtieren, nachdem die Kaulquappen in geringer Dichte aufgezogen worden waren.
- Die Bedingungen zur erfolgreichen Aufzucht der Gelege in Gefangenschaft waren ebenfalls bekannt.
- Prägung auf den Menschen, Sozialstrukturen etc. sind für die Art nicht relevant.
- Aufgrund der hohen Anzahl an Nachkommen pro Gelege konnte eine grosse Anzahl an Individuen angesiedelt werden, ohne die Quellpopulationen zu schwächen.
- Die Verschleppung von Krankheitserregern (Chytridpilz) konnte durch die Entnahme von Laichschnüren vermieden werden.

Trotz dieser erfolgreichen Bestandsstützung durch die künstliche Neugründung von Populationen bleibt die Frage, ob der betriebene Aufwand verhältnismässig war: Im Untersuchungsgebiet wurden acht von 14 neu angelegten Fortpflanzungsgewässern zusätzlich zur Bestockung mit Kaulquappen auch natürlicherweise durch adulte Tiere besiedelt. Zudem zeigen die genetischen Analysen von Ramon Müller, dass Migration stattfindet. Es scheint also, als ob die neuen Weiher in

ein bereits funktionierendes Metapopulationssystem eingebunden waren. Rein aufgrund der Ausbreitungsdistanzen waren Ansiedlungen darum kaum nötig. Möglicherweise hatte auch die grosse Zahl an Nachkommen, die aus der Aufzucht freigelassen wurden, einen Effekt auf diese natürliche Ausbreitung, da sie den Abwanderungsdruck erhöhte und somit die erfolgreiche Etablierung von Populationen erst ermöglichte. Es bleibt somit die Frage, ob das Projekt ebenso erfolgreich verlaufen wäre, wenn statt in die Aufzucht in zusätzliche Gewässer investiert worden wäre. Ob der zusätzliche Aufwand der Aufzucht gerechtfertigt war, hätte sich testen lassen, wenn in der einen Hälfte des Projektgebietes (Abb. 3.2) Ansiedlungen durchgeführt worden wären, während man in der anderen Hälfte natürlicher Besiedlung 10 Jahre Zeit gegeben hätte. Für zukünftige Projekte wüsste man so, ob die Mittel für die Aufzucht wirklich investiert werden müssen.

4. Literatur

- Aaltonen K., Bryant A.A., Hostetler J.A., Oli M.K. (2009) Reintroducing endangered Vancouver Island marmots: survival and cause-specific mortality rates of captive-born versus wild-born individuals. *Biological Conservation* **142**, 2181-2190.
- Aavik T., Edwards P.J., Holderegger R., Graf R., Billeter R. (2012) Genetic consequences of using seed mixtures in restoration: a case study of a wetland plant *Lychnis flos-cuculi*. *Biological Conservation* **145**, 195-204.
- Aavik T., Holderegger R., Bolliger J. (2014) The structural and functional connectivity of the grassland plant *Lychnis flos-cuculi*. *Heredity* **112**, 471-478.
- Aavik T., Holderegger R., Edwards P.J., Billeter R. (2013) Patterns of contemporary gene flow suggest low functional connectivity of grasslands in a fragmented agricultural landscape. *Journal of Applied Ecology* **50**, 395-403.
- Aitken S.N., Whitlock M.C. (2013) Assisted Gene Flow to Facilitate Local Adaptation to Climate Change. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* **44**, 367-388.
- Alonso C., Herrera C.M. (2001) Neither vegetative nor reproductive advantages account for high frequency of male-steriles in southern Spanish gynodioecious *Daphne laureola* (Thymelaeaceae). *American Journal of Botany* **88**, 1016-1024.
- Amarasekare P. (2004) The role of density-dependent dispersal in source-sink dynamics. *Journal of Theoretical Biology* **226**, 159-168.
- Amler K., Bahl A., Henle K., Kaule G., Poschlod P. (1999) *Populationsbiologie in der Naturschutzpraxis. Isolation, Flächenbedarf und Biotopansprüche von Pflanzen und Tieren*. Ulmer.
- Andren H. (1994) Effects of habitat fragmentation on birds and mammals in landscapes with different proportions of suitable habitat: a review. *Oikos*, 355-366.
- Angelone S., Holderegger R. (2009) Population genetics suggests effectiveness of habitat connectivity measures for the European tree frog in Switzerland. *Journal of Applied Ecology* **46**, 879-887.
- Arenas M., Mona S., Trochet A., Hanulova A.S., Currat M., et. al. (2014) The scaling of genetic diversity in a changing and fragmented world. *Scaling in Ecology and Biodiversity Conservation Pensoft Publishers, Sofia*, 55-60.
- Balkenhol N., Waits L.P. (2009) Molecular road ecology: exploring the potential of genetics for investigating transportation impacts on wildlife. *Molecular Ecology* **18**, 4151-4164.
- Balkenhol N., Waits L.P., Dezzani R.J. (2009) Statistical approaches in landscape genetics: an evaluation of methods for linking landscape and genetic data. *Ecography* **32**, 818-830.
- Barton N., Whitlock M.C. (1997) The evolution of metapopulations. pp. 183-210 in I. Hanski, M. Gilpin editors. *Metapopulation biology: ecology, genetics, and evolution*. Academic Press.

- Beissinger S.R., McCullough D.R. (2002) *Population viability analysis*. University of Chicago Press.
- Berec L., Angulo E., Courchamp F. (2007) Multiple Allee effects and population management. *Trends in Ecology & Evolution* **22**, 185-191.
- Berglund H., Jonsson B.G. (2005) Verifying an extinction debt among lichens and fungi in northern Swedish boreal forests. *Conservation Biology* **19**, 338-348.
- Bertiller R., Keel A. (2006) 1000 ha lichte Wälder für den Kanton Zürich. *Zürcher Wald* **5**, 9-12.
- Biebach I., Keller L.F. (2009) A strong genetic footprint of the re-introduction history of Alpine ibex (*Capra ibex ibex*). *Molecular ecology* **18**, 5046-5058.
- Biebach I., Keller L.F. (2010) Inbreeding in reintroduced populations: the effects of early reintroduction history and contemporary processes. *Conservation Genetics* **11**, 527-538.
- Biebach I., Leigh D.M., Sluzek K., Keller L.F. (2016) *Genetic issues in reintroduction*. . University of California Press.
- Bierregaard Jr R.O., Lovejoy T.E., Kapos V., dos Santos A.A., Hutchings R.W. (1992) The biological dynamics of tropical rainforest fragments. *BioScience* **42**, 859-866.
- Bischoff A., Vonlanthen B., Steinger T., Müller-Schärer H. (2006) Seed provenance matters – effects on germination of four plant species used for ecological restoration. *Basic and Applied Ecology* **7**, 347-359.
- Blaauw B.R., Isaacs R. (2014) Larger patches of diverse floral resources increase insect pollinator density, diversity, and their pollination of native wild flowers. *Basic and Applied Ecology* **15**, 701-711.
- Blanke I. (2010) Die Zauneidechse - zwischen Licht und Schatten. Beiheft 7 der Zeitschrift für Feldherpetologie, 2. Auflage. Laurenti-Verlag (Bielefeld).
- Bolt D., Neumeyer R., Rey A., Sohni V. (2010) Alcon blue (Lepidoptera: Lycaenidae: Phengaris alcon) and red ants (Hymenoptera: Formicidae: Myrmica) on Pfannenstiel (Canton of Zurich, Switzerland). *Entomo Helvetica* **3**, 27-48.
- Bosshard A., Mayer P., Mosimann A. (2013) Leitfaden für naturgemässe Begrünungen in der Schweiz - Mit besonderer Berücksichtigung der Biodiversität. O⁺L O⁺ökologie und Landschaft GmbH.
- Bosshard A., Reinhard B. (2006) Methode zur Identifikation geeigneter Ressourcenwiesen für Heugrassaaten – Bericht im Rahmen des Nationalen Aktionsplanes zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung von pflanzengenetischen Ressourcen, Projekt-Nummer NAP 02-311. Im Auftrag des Bundesamtes für Landwirtschaft. www.wpc-skekch/pdf/NAP_02-311_SB06pdf.
- Boyce M.S. (1992) Population viability analysis. pp. 481-506. *Annual Review of Ecology and Systematics*.
- Braaker S., Moretti M., Boesch R., Ghazoul J., Obrist M., Bontadina F. (2014) Assessing habitat connectivity for ground-dwelling animals in an urban environment. *Ecological Applications* **24**, 1583-1595.
- Brook B.W., Sodhi N.S., Ng P.K. (2003) Catastrophic extinctions follow deforestation in Singapore. *Nature* **424**, 420-426.
- Brook B.W., Traill L.W., Bradshaw C.J. (2006) Minimum viable population sizes and global extinction risk are unrelated. *Ecology Letters* **9**, 375-382.
- Brückmann S.V., Krauss J., Steffan-Dewenter I. (2010) Butterfly and plant specialists suffer from reduced connectivity in fragmented landscapes. *Journal of Applied Ecology* **47**, 799-809.
- Bruun H.H. (2000) Patterns of species richness in dry grassland patches in an agricultural landscape. *Ecography* **23**, 641-650.

- Buldrini F., Conte L., Dallai D., Ferrari C. (2013) Genetic diversity of the rare and endangered meadow violet (*Viola pumila* Chaix) at the southern margin of its range. *Plant Biosystems* **147**, 563-572.
- Clarke R.H., Boulton R.L., Clarke M.F. (2002) Translocation of the socially complex black-eared Miner *Manorina melanotis*: A trial using hard and soft release techniques. *Pacific Conservation Biology* **8**, 223-234.
- Connor E.F., McCoy E.D. (1979) The statistics and biology of the species-area relationship. *The American Naturalist* **113**, 791-833.
- Corlatti L., Hacklaender K., Frey-Roos F. (2009) Ability of wildlife overpasses to provide connectivity and prevent genetic isolation. *Conservation Biology* **23**, 548-556.
- Cozzi G., Müller C.B., Krauss J. (2008) How do local habitat management and landscape structure at different spatial scales affect fritillary butterfly distribution on fragmented wetlands? *Landscape Ecology* **23**, 269-283.
- D O'Connor K., B Marr A., Arcese P., F Keller L., J Jeffery K., W Bruford M. (2006) Extra-pair fertilization and effective population size in the song sparrow *Melospiza melodia*. *Journal of Avian Biology* **37**, 572-578.
- Dalang T., Hersperger A.M. (2012) Trading connectivity improvement for area loss in patch-based biodiversity reserve networks. *Biological Conservation* **148**, 116-125.
- Dalrymple S.E., Banks E., Stewart G.B., Pullin A.S. (2012) A Meta-Analysis of Threatened Plant Reintroductions from across the Globe. pp. 31-50 in J. Maschinski, K.E. Haskins, P.H. Raven editors. *Plant Reintroduction in a Changing Climate: Promises and Perils*. Island Press, Washington, DC.
- Di Minin E., Griffiths R.A. (2011) Viability analysis of a threatened amphibian population: modelling the past, present and future. *Ecography* **34**, 162-169.
- Diacon-Bolli J., Dalang T., Holderegger R., Buergi M. (2012) Heterogeneity fosters biodiversity: Linking history and ecology of dry calcareous grasslands. *Basic and Applied Ecology* **13**, 641-653.
- Diacon-Bolli J.C., Edwards P.J., Bugmann H., Scheidegger C., Wagner H.H. (2013) Quantification of plant dispersal ability within and beyond a calcareous grassland. *Journal of Vegetation Science* **24**, 1010-1019.
- Dickenmann R., Keel A. (2004) Aktionsplan Hohes Veilchen (*Viola elatior* Fries). Fachstelle Naturschutz Kanton Zürich. Baudirektion Kanton Zürich, Amt für Landschaft und Natur. AP ZH 1-19. 16 S.
- Dobson A.P. (1996) *Conservation and biodiversity*. The Scientific American Library, New York.
- Drag L., Hauck D., Berces S. et al. (2015) Genetic differentiation of populations of the threatened saproxylic beetle *Rosalia longicorn*, *Rosalia alpina* (Coleoptera: Cerambycidae) in Central and South-east Europe. *Biological Journal of the Linnean Society* **116**, 911-925.
- Dusej G., Wermeille E., Carron G. (2008) Aktionsplan Nr. 9 - Kleiner Moorbläuling (*Maculina alcon*). in T.i.d. Schweiz editor. Arbeitsgemeinschaft Swiss Butterfly Conservation.
- Eckstein R.L., O'Neill R.A., Danihelka J., Otte A., Koehler W. (2006) Genetic structure among and within peripheral and central populations of three endangered floodplain violets. *Molecular Ecology* **15**, 2367-2379.
- Eggenschwiler L., Jacot K. (2001) Influence of mowing and seed mixture composition on the vegetation of wildflower strips and rotational fallows. *Agrarforschung (Switzerland)* **8**, 306-311.
- Eisto A.K., Kuitunen M., Lammi A. et al. (2000) Population persistence and offspring fitness in the rare bellflower *Campanula cervicaria* in relation to population size and habitat quality. *Conservation Biology* **14**, 1413-1421.

- Ellis C.J., Coppins B.J. (2007) 19th century woodland structure controls stand-scale epiphyte diversity in present-day Scotland. *Diversity and Distributions* **13**, 84-91.
- Ellmauer T. (2005) Entwicklung von Kriterien, Indikatoren und Schwellenwerten zur Beurteilung des Erhaltungszustandes der Natura 2000-Schutzgüter. *Band 3: Lebensraumtypen des Anhangs I der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie Im Auftrag der neun österreichischen Bundesländer, des Bundesministerium f Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und der Umweltbundesamt GmbH.*
- Epps C.W., Wehausen J.D., Bleich V.C., Torres S.G., Brashares J.S. (2007) Optimizing dispersal and corridor models using landscape genetics. *Journal of Applied Ecology* **44**, 714-724.
- European Environment Agency. (2011) Landscape fragmentation in Europe. BAFU.
- Fernández N., Delibes M., Palomares F. (2006) Landscape evaluation in conservation: molecular sampling and habitat modeling for the Iberian lynx. *Ecological Applications* **16**, 1037-1049.
- Ferraz G., Russell G.J., Stouffer P.C., Bierregaard R.O., Pimm S.L., Lovejoy T.E. (2003) Rates of species loss from Amazonian forest fragments. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **100**, 14069-14073.
- Ferrazzano S., Williamson P.S. (2013) Benefits of mycorrhizal inoculation in reintroduction of endangered plant species under drought conditions. *Journal of Arid Environments* **98**, 123-125.
- Findlay T., Scot C., Bourdages J. (2000) Response time of wetland biodiversity to road construction on adjacent lands. *Conservation Biology* **14**, 86-94.
- Fischer J., Lindenmayer D.B. (2000) An assessment of the published results of animal relocations. *Biological Conservation* **96**, 1-11.
- Fischer M., Stocklin J. (1997) Local extinctions of plants in remnants of extensively used calcareous grasslands 1950-1985. *Conservation Biology* **11**, 727-737.
- Flagstad O., Hedmark E., Landa A., Broseth H., Persson J., et. al. (2004) Colonization history and noninvasive monitoring of a reestablished wolverine population. *Conservation Biology* **18**, 676-688.
- Forum Biodiversität Schweiz. (2011) Das Schweizer Schutzgebietsnetz. *Hotspot* **24**.
- Forum Biodiversität Schweiz. (2012) Ökologische Infrastruktur. *Hotspot* **25**.
- Forum Biodiversität Schweiz. (2015) Chancen und Grenzen der Wiederansiedlung von Arten. *Hotspot* **31**.
- Frankham R., Ballou J.D., Briscoe D.A. (2010) *Introduction to Conservation Genetics*, 2nd edition ed. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Frankham R., Ballou J.D., Eldridge M.D.B. et al. (2011) Predicting the Probability of Outbreeding Depression. *Conservation Biology* **25**, 465-475.
- Frankham R., Bradshaw C.J.A., Brook B.W. (2014) Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation* **170**, 56-63.
- Franklin I.A. (1980) Evolutionary change in small populations. pp. 135-150 in M.E. Soulé, B.A. Wilcox editors. *Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*. Sinauer Associates.
- Franklin I.R., Frankham R. (1998) How large must populations be to retain evolutionary potential? *Anim Conserv* **1**, 69-70.
- Frei M. (2014) Landscape-genetic analysis of Natterjack toad (*Epidalea calamita*) populations in the Suhre valley (Switzerland). *Master Thesis ETH Zürich*.
- Galanes I.T., Thomlinson J.R. (2008) Relationships between spatial configuration of tropical forest patches and woody plant diversity in northeastern Puerto Rico. *Plant Ecology* **201**, 101-113.

- Gathmann A., Tscharrntke T. (2002) Foraging ranges of solitary bees. *Journal of animal ecology* **71**, 757-764.
- Gimmi U., Lachat T., Buergi M. (2011) Reconstructing the collapse of wetland networks in the Swiss lowlands 1850-2000. *Landscape Ecology* **26**, 1071-1083.
- Godefroid S., Piazza C., Rossi G., Buord S., Stevens A.-D., et. al. (2011) How successful are plant species reintroductions? *Biological Conservation* **144**, 672-682.
- Goodwin B.J., Fahrig L. (2002) How does landscape structure influence landscape connectivity? *Oikos* **99**, 552-570.
- Guillera-Arroita G., Lahoz-Monfort J.J., Elith J., Gordon A., Kujala H., et. al. (2015) Is my species distribution model fit for purpose? Matching data and models to applications. *Global Ecology and Biogeography* **24**, 276-292.
- Guntern J., Lachat T., Pauli D., Fischer M. (2013) Flächenbedarf für die Erhaltung der Biodiversität und der Ökosystemleistungen in der Schweiz. *Forum Biodiversität Schweiz der Akademie der Naturwissenschaften SCNAT, Bern*.
- Haddad N.M., Brudvig L.A., Clobert J., Davies K.F., Gonzalez A., et. al. (2015) Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. *Science Advances* **1**, e1500052.
- Halley J.M., Sgardeli V., Monokrousos N. (2013) Species-area relationships and extinction forecasts. *Annals of the New York Academy of Sciences* **1286**, 50-61.
- Halley J.M., Sgardeli V., Triantis K.A. (2014) Extinction debt and the species-area relationship: a neutral perspective. *Global Ecology and Biogeography* **23**, 113-123.
- Halsey S.J., Bell T.J., McEachern K., Pavlovic N.B. (2015) Comparison of reintroduction and enhancement effects on metapopulation viability. *Restoration Ecology* **23**, 375-384.
- Hanski I. (1994) A practical model of metapopulation dynamics. *Journal of animal ecology*, 151-162.
- Hanski I. (1998) Metapopulation dynamics. *Nature* **396**, 41-49.
- Hanski I. (2000) Extinction debt and species credit in boreal forests: modelling the consequences of different approaches to biodiversity conservation. pp. 271-280. *Annales Zoologici Fennici*. JSTOR.
- Hanski I. (2011) Habitat loss, the dynamics of biodiversity, and a perspective on conservation. *AMBIO: A Journal of the Human Environment* **40**, 248-255.
- Hanski I., Gilpin M. (1991) Metapopulation dynamics: brief history and conceptual domain. *Biological journal of the Linnean Society* **42**, 3-16.
- Hanski I., Ovaskainen O. (2000) The metapopulation capacity of a fragmented landscape. *Nature* **404**, 755-758.
- Hanski I., Ovaskainen O. (2002) Extinction debt at extinction threshold. *Conservation biology* **16**, 666-673.
- He F., Hubbell S. (2013) Estimating extinction from species-area relationships: why the numbers do not add up. *Ecology* **94**, 1905-1912.
- He F., Hubbell S.P. (2011) Species-area relationships always overestimate extinction rates from habitat loss. *Nature* **473**, 368-371.
- Hedrick P.W. (2001) Conservation genetics: where are we now? *Trends in Ecology & Evolution* **16**, 629-636.
- Hegg O., Feller U., Dahler W., Scherrer C. (1992) Long-Term Influence of Fertilization in a Nardetum - Phytosociology of the Pasture and Nutrient Contents in Leaves. *Vegetatio* **103**, 151-158.

- Heidinger I.M.M., Hein S., Bonte D. (2010) Patch connectivity and sand dynamics affect dispersal-related morphology of the blue-winged grasshopper *Oedipoda caerulescens* in coastal grey dunes. *Insect Conservation and Diversity* **3**, 205-212.
- Helm A., Hanski I., Pärtel M. (2006) Slow response of plant species richness to habitat loss and fragmentation. *Ecology Letters* **9**, 72-77.
- Hensen I., Oberprieler C., Wesche K. (2005) Genetic structure, population size, and seed production of *Pulsatilla vulgaris* Mill. (Ranunculaceae) in Central Germany. *Flora* **200**, 3-14.
- Hirzel A.H., Le Lay G. (2008) Habitat suitability modelling and niche theory. *Journal of Applied Ecology* **45**, 1372-1381.
- Hodgson J.A., Thomas C.D., Wintle B.A., Moilanen A. (2009) Climate change, connectivity and conservation decision making: back to basics. *Journal of Applied Ecology* **46**, 964-969.
- Hoebbe S.E., Arnold U., Dueggelin C. *et al.* (2007) Mating patterns and contemporary gene flow by pollen in a large continuous and a small isolated population of the scattered forest tree *Sorbus torminalis*. *Heredity* **99**, 47-55.
- Hoebbe S.E., Menn C., Rotach P., Finkeldey R., Holderegger R. (2006) Spatial genetic structure of *Sorbus torminalis*: The extent of clonal reproduction in natural stands of a rare tree species with a scattered distribution. *Forest Ecology and Management* **226**, 1-8.
- Hoegh-Guldberg O., Hughes L., McIntyre S. *et al.* (2008) Assisted colonization and rapid climate change. *Science (Washington)* **321**, 345-346.
- Hoffman A.A., Sgro C.M. (2011) Climate change and evolutionary adaptation. *Nature* **470**, 479-485.
- Holderegger R., Segelbacher G. (2016) *Naturschutzgenetik*. Haupt Verlag.
- Holzel N. (2003) Re-assessing the ecology of rare flood-meadow violets (*Viola elatior*, *V. pumila* and *V. persicifolia*) with large phytosociological data sets. *Folia Geobotanica* **38**, 281-298.
- Indermaur L., Schmidt B.R. (2011) Quantitative recommendations for amphibian terrestrial habitat conservation derived from habitat selection behavior. *Ecological Applications* **21**, 2548-2554.
- IUCN/SSC. (2013) Guidelines for Reintroductions and Other Conservation Translocations. Version 1.0. Gland.
- Jackson S.T., Sax D.F. (2010) Balancing biodiversity in a changing environment: extinction debt, immigration credit and species turnover. *Trends in Ecology & Evolution* **25**, 153-160.
- Jacob G., Debrunner R., Gugerli F., Schmid B., Bollmann K. (2009) Field surveys of capercaillie (*Tetrao urogallus*) in the Swiss Alps underestimated local abundance of the species as revealed by genetic analyses of non-invasive samples. *Conservation Genetics* **11**, 33-44.
- Jacquemyn H., Vandepitte K., Brys R., Honnay O., Roldan-Ruiz I. (2007) Fitness variation and genetic diversity in small, remnant populations of the food deceptive orchid *Orchis purpurea*. *Biological Conservation* **139**, 203-210.
- Jaeger J.A. (2000) Landscape division, splitting index, and effective mesh size: new measures of landscape fragmentation. *Landscape ecology* **15**, 115-130.
- Jamieson I.G., Allendorf F.W. (2012) How does the 50/500 rule apply to MVPs? *Trends in Ecology & Evolution* **27**, 578-584.
- Jauker B., Krauss J., Jauker F., Steffan-Dewenter I. (2013) Linking life history traits to pollinator loss in fragmented calcareous grasslands. *Landscape Ecology* **28**, 107-120.
- Jay F., Manel S., Alvarez N. *et al.* (2012) Forecasting changes in population genetic structure of alpine plants in response to global warming. *Molecular Ecology* **21**, 2354-2368.
- Jehle R., Sinsch U. (2007) Wanderleistung und Orientierung von Amphibien: eine Übersicht. *Zeitschrift für Feldherpetologie* **14**, 137-152.

- Johnson M.D. (2007) Measuring habitat quality: a review. *The Condor* **109**, 489-504.
- Kägi B., Stalder A., Thommen M. (2002) Wiederherstellung und Ersatz im Natur- und Landschaftsschutz. *BUWAL*.
- Kamm U., Rotach P., Gugerli F., Siroky M., Edwards P., Holderegger R. (2009) Frequent long-distance gene flow in a rare temperate forest tree (*Sorbus domestica*) at the landscape scale. *Heredity* **103**, 476-482.
- Kareiva P., Wennergren U. (1995) Connecting landscape patterns to ecosystem and population processes. *Nature* **373**, 299-302.
- Keller L.F., Grant P.R., Grant B.R., Petren K. (2002) Environmental conditions affect the magnitude of inbreeding depression in survival of Darwin's finches. *Evolution* **56**, 1229-1239.
- Keller L.F., Waller D.M. (2002) Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology & Evolution* **17**, 230-241.
- Kenward R.E. (2001) A manual for wildlife radio tagging. Academic Press, San Diego, California, USA.
- Kilpatrick A.M., Kramer L.D., Jones M.J., Marra P.P., Daszak P. (2006) West Nile virus epidemics in North America are driven by shifts in mosquito feeding behavior. *PLoS Biology* **4**, e82.
- Kindlmann P., Burel F. (2008) Connectivity measures: a review. *Landscape ecology* **23**, 879-890.
- Kitzes J., Harte J. (2015) Predicting extinction debt from community patterns. *Ecology* **96**, 2127-2136.
- Klaus G.e. (2007) *Zustand und Entwicklung der Moore in der Schweiz. Ergebnisse der Erfolgskontrolle Moorschutz. Umwelt-Zustand Nr. 0730. Bundesamt für Umwelt, Bern.*
- Koch C., Kollmann J. (2012) Wiederansiedlung und Translokation regional ausgestorbener Pflanzenarten. *Naturschutz und Landschaftsplanung* **44**, 77-82.
- Koh L.P., Dunn R.R., Sodhi N.S., Colwell R.K., Proctor H.C., Smith V.S. (2004) Species Coextinctions and the Biodiversity Crisis. *Science* **305**, 1632-1634.
- Koop H. (1982) *Waldverjüngung, Sukzessionsmosaik und kleinstandörtliche Differenzierung infolge spontaner Waldentwicklung.*, Vaduz.
- Kramer-Schadt S., Revilla E., Wiegand T. (2005) Lynx reintroductions in fragmented landscapes of Germany: Projects with a future or misunderstood wildlife conservation? *Biological Conservation* **125**, 169-182.
- Krauss J., Bommarco R., Guardiola M. et al. (2010) Habitat fragmentation causes immediate and time-delayed biodiversity loss at different trophic levels. *Ecology Letters* **13**, 597-605.
- Krauss J., Klein A.M., Steffan-Dewenter I., Tscharrntke T. (2004) Effects of habitat area, isolation, and landscape diversity on plant species richness of calcareous grasslands. *Biodiversity and Conservation* **13**, 1427-1439.
- Krewenka K.M., Holzschuh A., Tscharrntke T., Dormann C.F. (2011) Landscape elements as potential barriers and corridors for bees, wasps and parasitoids. *Biological Conservation* **144**, 1816-1825.
- Kuehn R., Hindenlang K.E., Holzgang O., Senn J., Stoeckle B., Sperisen C. (2007) Genetic effect of transportation infrastructure on roe deer populations (*Capreolus capreolus*). *Journal of Heredity* **98**, 13-22.
- Kuussaari M., Bommarco R., Heikkinen R.K., Helm A., Krauss J., et. al. (2009) Extinction debt: a challenge for biodiversity conservation. *Trends in ecology & evolution* **24**, 564-571.
- Langenauer R., Keel A. (2004) Aktionsplan Flaumiger Seidelbast (*Daphne cneorum* L.). p. 18 S. in F.N.K. Zürich editor. Baudirektion Kanton Zürich, Amt für Landschaft und Natur.

- Lhonoré J. (1998) Biologie, écologie et répartition de quatre espèces de Lépidoptères Rhopalocères protégés (Lycaenidae, Satyridae) dans l'ouest de la France. *Rapports d'études de l'OPIE* **2**, 108 S.
- Lienert J., Fischer M. (2003) Habitat fragmentation affects the common wetland specialist *Primula farinosa* in north-east Switzerland. *Journal of Ecology* **91**, 587-599.
- Lindborg R., Eriksson O. (2004) Historical landscape connectivity affects present plant species diversity. *Ecology* **85**, 1840-1845.
- Lindenmayer D.B., Fischer J. (2007) Tackling the habitat fragmentation pantheon. *Trends in Ecology & Evolution* **22**, 127-132.
- Lippuner M. (2013) New methods to promote the natterjack toad (*Bufo calamita*) and their application in Switzerland. *Zeitschrift fuer Feldherpetologie* **20**, 155-169.
- Loss S.R., Terwilliger L.A., Peterson A.C. (2011) Assisted colonization: integrating conservation strategies in the face of climate change. *Biological conservation* **144**, 92-100.
- Lukacs P.M., Burnham K.P. (2005) Review of capture-recapture methods applicable to noninvasive genetic sampling. *Molecular Ecology* **14**, 3909-3919.
- MacArthur R., Wilson E. (1967) *The Theory of Island Biogeography*. Princeton University Press, Princeton.
- Maes D., Bonte D. (2006) Using distribution patterns of five threatened invertebrates in a highly fragmented dune landscape to develop a multispecies conservation approach. *Biological Conservation* **133**, 490-499.
- Maes D., Ghesquiere A., Logie M., Bonte D. (2006) Habitat use and mobility of two threatened coastal dune insects: implications for conservation. *Journal of Insect Conservation* **10**, 105-115.
- Manel S., Holderegger R. (2013) Ten years of landscape genetics. *Trends in ecology & evolution* **28**, 614-621.
- Marsden C.D., Woodroffe R., Mills M.G.L. et al. (2012) Spatial and temporal patterns of neutral and adaptive genetic variation in the endangered African wild dog (*Lycaon pictus*). *Molecular Ecology* **21**, 1379-1393.
- Marti K., Krüsi B.O., Heeb J., Theis E. (1997) Pufferzonen-Schlüssel. Leitfaden zur Ermittlung von ökologische ausreichenden Pufferzonen für Moorbiotop. BUWAL-Reihe Vollzug Umwelt. Bern, BUWAL.
- Martin A.E., Fahrig L. (2012) Measuring and selecting scales of effect for landscape predictors in species-habitat models. *Ecological Applications* **22**, 2277-2292.
- Matthies D., Bräuer I., Maibom W., Tschardt T. (2004) Population size and the risk of local extinction: empirical evidence from rare plants. *Oikos* **105**, 481-488.
- Mayer C., Schiegg K., Pasinelli G. (2009) Patchy population structure in a short-distance migrant: evidence from genetic and demographic data. *Molecular Ecology* **18**, 2353-2364.
- McRae B.H., Dickson B.G., Keitt T.H., Shah V.B. (2008) Using circuit theory to model connectivity in ecology, evolution, and conservation. *Ecology* **89**, 2712-2724.
- Meichtry-Stier K.S., Jenny M., Zellweger-Fischer J., Birrer S. (2014) Impact of landscape improvement by agri-environment scheme options on densities of characteristic farmland bird species and brown hare (*Lepus europaeus*). *Agriculture, Ecosystems & Environment* **189**, 101-109.
- Miller P., Lacy R. (2005) VORTEX. A stochastic simulation of the simulation process. Version 9.50 user's manual. *Conservation Breeding Specialist Group (IUCN/SSC), Apple Valley, MN, USA*.
- Miskelly C.M., Taylor G.A., Gummer H., Williams R. (2009) Translocations of eight species of burrow-nesting seabirds (genera *Pterodroma*, *Pelecanoides*, *Pachyptila* and *Puffinus*: Family Procellariidae). *Biological conservation* **142**, 1965-1980.

- Mollet P., Kéry M., Gardner B., Pasinelli G., Royle J.A. (2015) Estimating Population Size for Capercaillie (*Tetrao urogallus* L.) with Spatial Capture-Recapture Models Based on Genotypes from One Field Sample. *PLoS ONE* **10**, e0129020.
- Moora M., Sober V., Zobel M. (2003) Responses of a rare (*Viola elatior*) and a common (*Viola mirabilis*) congeneric species to different management conditions in grassland - is different light competition ability responsible for different abundances? *Acta Oecologica-International Journal of Ecology* **24**, 169-174.
- Moser D., Gygay A., Bäumler B., Wyler N., Palese R. (2002) Rote Liste der gefährdeten Farn- und Blütenpflanzen der Schweiz. p. 118. Bundesamt für Umwelt, Wald und Landschaft, Bern, und Zentrum des Datenverbundnetzes der Schweizer Flora, Chambésy. .
- Mühlner S., Kormann U., Schmidt-Entling M., Herzog F., Bailey D. (2010) Structural versus functional habitat connectivity measures to explain bird diversity in fragmented orchards. *Journal of Landscape Ecology* **3**, 52-64.
- Nägeli O. (1899) Ueber die Flora von Nord-Zürich. *Berichte der Schweizerischen Botanischen Gesellschaft* **9**, 37-42.
- Nussberger B., Wandeler P., Weber D., Keller L. (2014) Monitoring introgression in European wildcats in the Swiss Jura. *Conservation Genetics* **15**, 1219-1230.
- O'Grady A., Breen J., Harrington T.J., Courtney R. (2013) The seed bank in soil from the nests of grassland ants in a unique limestone grassland community in Ireland. *Ecological Engineering* **61**, 58-64.
- O'Grady J.J., Reed D.H., Brook B.W., Frankham R. (2008) Extinction risk scales better to generations than to years. *Anim Conserv* **11**, 442-451.
- Ovaskainen O., Hanski I. (2002) Transient dynamics in metapopulation response to perturbation. *Theoretical population biology* **61**, 285-295.
- Paetkau D., Slade R., Burden M., Estoup A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular ecology* **13**, 55-65.
- Palstra F.P., Fraser D.J. (2012) Effective/census population size ratio estimation: a compendium and appraisal. *Ecology and Evolution* **2**, 2357-2365.
- Parker K.A., Dickens M.J., Clarke R.H., Lovegrove T.G. (2012) The theory and practice of catching, holding, moving and releasing animals. in J.G. Ewen, D.P. Armstrong, K.A. Parker, P.J. Seddon editors. *Reintroduction biology: integrating science and management*. Blackwell Publishing Ltd.
- Pasinelli G., Schiegg K. (2012) Die Bedeutung kleiner Feuchtgebiete für den Artenschutz: Synthese einer Populationsstudie an der Rohrammer *Emberiza schoeniclus*. *Der Ornithologische Beobachter* **109**, 201-220.
- Pe'er G., Matsinos Y.G., Johst K., Franz K.W., Turlure C., et. al. (2013) A protocol for better design, application, and communication of population viability analyses. *Conservation Biology* **27**, 644-656.
- Pe'er G., Radchuk V., Thompson K. et al. (2014) Population viability: On the move from small to large scales and from single to multiple species. *Scaling in Ecology and Biodiversity Conservation Pensoft Publishers, Sofia*, 61-65.
- Peintinger M., Bergamini A., Schmid B. (2003) Species-area relationships and nestedness of four taxonomic groups in fragmented wetlands. *Basic and Applied Ecology* **4**, 385-394.
- Perrow M.R., Davy A.J. (2002) *Handbook of ecological restoration*. Cambridge University Press.
- Pfeifer E., Holderegger R., Matthies D., Rutishauser R. (2002) Investigation on the population biology of a flagship species of dry meadows: *Pulsatilla vulgaris* Mill. in north-eastern Switzerland. *Botanica Helvetica* **112**, 153-171.

- Piessens K., Honnay O., Nackaerts K., Hermy M. (2004) Plant species richness and composition of heathland relics in north-western Belgium: evidence for a rescue-effect? *Journal of Biogeography* **31**, 1683-1692.
- Primack R.B. (1993) *Essentials of conservation biology*. Sinauer Associates Sunderland, Massachusetts.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
- Pulliam H.R. (2000) On the relationship between niche and distribution. *Ecology letters* **3**, 349-361.
- Quesnelle P.E., Lindsay K.E., Fahrig L. (2015) Relative effects of landscape-scale wetland amount and landscape matrix quality on wetland vertebrates: a meta-analysis. *Ecological Applications* **25**, 812-825.
- Reed D.H., O'Grady J.J., Brook B.W., Ballou J.D., Frankham R. (2003) Estimates of minimum viable population sizes for vertebrates and factors influencing those estimates. *Biological Conservation* **113**, 23-34.
- Reed J.M., McCoy E.D. (2014) Relation of minimum viable population size to biology, time frame, and objective. *Conservation Biology* **28**, 867-870.
- Ricciardi A., Simberloff D. (2009) Assisted colonization is not a viable conservation strategy. *Trends in ecology & evolution* **24**, 248-253.
- Rico Y., Boehmer H.J., Wagner H.H. (2012) Determinants of actual functional connectivity for calcareous grassland communities linked by rotational sheep grazing. *Landscape Ecology* **27**, 199-209.
- Rico Y., Holderegger R., Boehmer H.J., Wagner H.H. (2014) Directed dispersal by rotational shepherding supports landscape genetic connectivity in a calcareous grassland plant. *Molecular Ecology* **23**, 832-842.
- Roesch V., Tschardt T., Scherber C., Batary P. (2015) Biodiversity conservation across taxa and landscapes requires many small as well as single large habitat fragments. *Oecologia* **179**, 209-222.
- Rowe G., Beebee T.J.C. (2005) Intraspecific competition disadvantages inbred natterjack toad (*Bufo calamita*) genotypes over outbred ones in a shared pond environment. *Journal of Animal Ecology* **74**, 71-76.
- Runge J.P., Runge M., Nichols J.D. (2006) *The Role of Local Populations within a Landscape Context: Defining and Classifying Sources and Sinks*. University of Chicago Press, American Society of Naturalists.
- Saar L., Takkis K., Partel M., Helm A. (2012) Which plant traits predict species loss in calcareous grasslands with extinction debt? *Diversity and Distributions* **18**, 808-817.
- Salem M., Vallejo R.L., Leeds T.D., Palti Y., Liu S., et. al. (2012) RNA-Seq Identifies SNP Markers for Growth Traits in Rainbow Trout. *PLoS ONE* **7**, e36264.
- Sarrazin F., Bagnolini C., Pinna J.L., Danchin E. (1996) Breeding biology during establishment of a reintroduced Griffon Vulture *Gyps fulvus* population. *Ibis* **138**, 315-325.
- Schmidt B.R., Pellet J. (2005) Relative importance of population processes and habitat characteristics in determining site occupancy of two anurans. *Journal of Wildlife Management* **69**, 884-893.
- Schoen D.J., Brown A.H.D. (2001) The conservation of wild plant species in seed banks. *BioScience* **51**, 960-966.
- Schorger A.W. (1955) *The Passenger Pigeon: Its Natural History and Extinction*. University of Wisconsin Press.

- Schwartz M.K., Luikart G., Waples R.S. (2007) Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in ecology & evolution* **22**, 25-33.
- Schweizer E. (2014) Raumnutzung der Kreuzkröte (*Bufo calamita*) im Ackerbauggebiet. Bachelor Thesis, ZHAW.
- Seddon P.J., Armstrong D.P., Maloney R.F. (2007) Developing the science of reintroduction biology. *Conservation Biology* **21**, 303-312.
- Seddon P.J., Soorae P.S., Launay F. (2005) Taxonomic bias in reintroduction projects. *Anim Conserv* **8**, 51-58.
- Segelbacher G., Storch I. (2002) Capercaillie in the Alps: genetic evidence of metapopulation structure and population decline. *Molecular Ecology* **11**, 1669-1677.
- Shaffer M.L. (1981) Minimum Population Sizes for Species Conservation. *Bioscience* **31**, 131-134.
- Shoemaker K.T., Breisch A.R., Jaycox J.W., Gibbs J.P. (2014) Disambiguating the minimum viable population concept: Response to Reed and McCoy. *Conservation Biology* **28**, 871-873.
- Smith A., Green D. (2005a) Dispersal and the metapopulation paradigm in amphibian ecology and conservation: are all amphibian populations metapopulations? *Ecography* **28**, 110-128.
- Smith M.A., Green D.M. (2005b) Dispersal and the metapopulation paradigm in amphibian ecology and conservation: are all amphibian populations metapopulations? *Ecography* **28**, 110-128.
- Soga M., Koike S. (2013) Patch isolation only matters for specialist butterflies but patch area affects both specialist and generalist species. *Journal of forest research* **18**, 270-278.
- Soons M.B., van der Vlugt C., van Lith B., Heil G.W., Klaassen M. (2008) Small seed size increases the potential for dispersal of wetland plants by ducks. *Journal of Ecology* **96**, 619-627.
- Steiner C.C., Putnam A.S., Hoeck P.E., Ryder O.A. (2013) Conservation genomics of threatened animal species. *Annual Review of Animal Biosciences* **1**, 261-281.
- Stephan T., Ulbrich K., Grosse W.-R., Meyer F. (2001) Modelling the extinction risk of isolated populations of natterjack toad *Bufo calamita*. *Web Ecology* **2**, 47-56.
- Stöcklin J., Meier V.G., Ryf M. (1999) Populationsgrösse und Gefährdung von Magerwiesen-Pflanzen im Nordschweizer Jura. *Bauhinia* **13**, 61-68.
- Stork N.E. (2010) Re-assessing current extinction rates. *Biodivers Conserv* **19**, 357-371.
- Stouffer P.C., Strong C., Naka L.N. (2009) Twenty years of understorey bird extinctions from Amazonian rain forest fragments: consistent trends and landscape-mediated dynamics. *Diversity and Distributions* **15**, 88-97.
- Svancara L.K., Brannon J. R., Scott M., Groves C.R., Noss R.F., Pressey R.L. (2005) Policy-driven versus Evidence-based Conservation: A Review of Political Targets and Biological Needs. *BioScience* **55**, 989-995.
- Takayama S., Isogai A. (2005) Self-incompatibility in plants. pp. 467-489. *Annual Review of Plant Biology*.
- Tewksbury J.J., Levey D.J., Haddad N.M., Sargent S., Orrock J.L., et. al. (2002) Corridors affect plants, animals, and their interactions in fragmented landscapes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **99**, 12923-12926.
- Tilman D., May R.M., Lehman C.L., Nowak M.A. (1994) Habitat destruction and the extinction debt.
- Traill L.W., Bradshaw C.J., Brook B.W. (2007) Minimum viable population size: a meta-analysis of 30 years of published estimates. *Biological conservation* **139**, 159-166.
- Traill L.W., Brook B.W., Frankham R.R., Bradshaw C.J. (2010) Pragmatic population viability targets in a rapidly changing world. *Biological Conservation* **143**, 28-34.

- Unglaub B., Steinfartz S., Drechsler A., Schmidt B.R. (2015) Linking habitat suitability to demography in a pond-breeding amphibian. *Frontiers in zoology* **12**, 1.
- van der Ree R., van der Grift E., Gulle N., Holland K., Mata C., Suarez F. (2007) Overcoming the barrier effect of roads—how effective are mitigation strategies? An international review of the use and effectiveness of underpasses and overpasses designed to increase the permeability of roads for wildlife. pp. 423-431. *Proceedings of the International Conference on Ecology and Transportation 2007 Center for Transportation and the Environment, North Carolina State University*. Citeseer.
- Van Horne B. (1983) Density as a misleading indicator of habitat quality. *The Journal of Wildlife Management*, 893-901.
- van Swaay C.A.M. (2002) The importance of calcareous grasslands for butterflies in Europe. *Biological Conservation* **104**, 315-318.
- Vander Mijnsbrugge K., Bischoff A., Smith B. (2010) A question of origin: where and how to collect seed for ecological restoration. *Basic and Applied Ecology* **11**, 300-311.
- Vellend M., Verheyen K., Jacquemyn H. et al. (2006) Extinction debt of forest plants persists for more than a century following habitat fragmentation. *Ecology* **87**, 542-548.
- Vila C., Sundqvist A.K., Flagstad O., Seddon J., Bjornerfeldt S., et. al. (2003) Rescue of a severely bottlenecked wolf (*Canis lupus*) population by a single immigrant. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* **270**, 91-97.
- Villemey A., van Halder I., Ouin A., Barbaro L., Chenot J., et. al. (2015) Mosaic of grasslands and woodlands is more effective than habitat connectivity to conserve butterflies in French farmland. *Biological Conservation* **191**, 206-215.
- Vittoz P., Engler R. (2008) Seed dispersal distances: a typology based on dispersal modes and plant traits. *Botanica Helvetica* **117**, 109-124.
- Völkl W., Käsewiter D. (2003) *Die Schlingnatter - ein heimlicher Jäger*. Laurenti-Verlag, Bielefeld.
- Wang J. (2004) Application of the one-migrant-per-generation rule to conservation and management. *Conservation Biology* **18**, 332-343.
- Warren M. (1991) The successful conservation of an endangered species, the heath fritillary butterfly *Mellicta athalia*, in Britain. *Biological Conservation* **55**, 37-56.
- Weeks A.R., Sgro C.M., Young A.G., Frankham R., Mitchell N.J., et. al. (2011) Assessing the benefits and risks of translocations in changing environments: a genetic perspective. *Evolutionary Applications* **4**, 709-725.
- Wermeille E., Chittaro Y., Gonseth Y. (2014) Rote Liste der Tagfalter und Widderchen. Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2012. p. 97 S. Bundesamt für Umwelt, Bern, und Schweizer Zentrum für die Kartografie der Fauna, Neuenburg.
- Werth S., Weibel D., Alp M. et al. (2011) Lebensraumverbund Fließgewässer: Die Bedeutung der Vernetzung. *Wasser Energie Luft* **3**, 224-234.
- Wesche K., Krause B., Culmsee H., Leuschner C. (2012) Fifty years of change in Central European grassland vegetation: Large losses in species richness and animal-pollinated plants. *Biological Conservation* **150**, 76-85.
- Wiedemeier P. (1990) Raumbezüge von Ökosystemen: Grösse, Isolation, Vernetzung. Teil 1: Begriffsdefinitionen und empirische Daten. Fachgutachten zum Entwurf des Naturschutz-Gesamtkonzeptes für den Kanton Zürich 1992.
- Wilhere G.F. (2008) The How-Much-Is-Enough Myth. *Conservation Biology* **22**, 514-517.
- Wilson E.O. (2003) The encyclopedia of life. *Trends in Ecology & Evolution* **18**, 77-80.

Winfree R., Dushoff J., Crone E.E. *et al.* (2005) Testing simple indices of habitat proximity. *The American Naturalist* **165**, 707-717.

Wright S. (1931) Evolution in Mendelian populations. *Genetics* **16**, 0097-0159.

Wright S. (1969) *Evolution and the Genetics of Populations. The Theory of Gene Frequencies*. University of Chicago Press, Chicago.

Wynhoff I., Osstermeijer J.G.B., Schieper M., Van der Made J.G. (1996) Effects of habitat fragmentation on the butterfly *Maculinea alcon* in the Netherlands. pp. S. 15-23 in J. Settele, C. Amrgules, P. Poschlod, K. Henle editors. *Species Survival in Fragmented Landscapes*. The GeoJournal Library, Dordrecht: Kluwer.