

Entwicklung eines bundesweiten Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete für Wildsellerie (GE-Sell)

Development of a network of genetic reserves for wild celery in Germany (GE-Sell)

Maria Bönisch^{1,*}, Tobias Herden², Matthias Zander³, Marion Nachtigall¹, Nikolai Friesen², Nadine Bernhardt¹, Lothar Frese¹

¹Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

²Botanischer Garten der Universität Osnabrück, Albrechtstr. 29, 49076 Osnabrück

³Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Invalidenstraße 42, 10099 Berlin

*Korrespondierende Autorin, maria.boenisch@julius-kuehn.de

DOI 10.5073/jka.2020.466.002

Zusammenfassung

Die Technik des genetischen Erhaltungsgebiets ist ein anwendungsbereites Verfahren zur In-situ-Erhaltung von wildlebenden Verwandten unserer Kulturpflanzen. Bei dem Verfahren wird die dynamische Erhaltung von Populationen, die in ihren natürlichen Lebensräumen Evolutionsprozessen ausgesetzt sind, mit der statischen Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in Genbanken kombiniert und somit die nachhaltige Nutzung dieser Arten ermöglicht. Im Modell- und Demonstrationsvorhaben "Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland" (GE-Sell) wurden wissenschaftliche und organisatorische Fragestellungen zur Umsetzung dieser Technik bearbeitet. Ziel des Projekts war die modellhafte Einrichtung von 45 genetischen Erhaltungsgebieten (GenEG) für Wildselleriearten und der Aufbau eines bundesweiten Netzwerks aus lokalen Akteuren. Zur Identifizierung der GenEG wurde das monografische Verfahren angewendet.

Für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten wurden zum Projektstart im Jahr 2015 aus 2400 Fundortdaten 322 Standorte für Präsenzkontrollen ausgewählt. Im Anschluss wurden für rund 100 möglichst vitale und ungefährdete Vorkommen, die sich über verschiedene Naturräume und Habitate verteilen, genetische Diversitätsanalysen durchgeführt. Anhand der Kartierungs- und Analyseergebnisse wählte das Projektteam zwischen 11 und 15 Vorkommen pro Art aus, die insgesamt die innerartliche Vielfalt der jeweiligen Arten bestmöglich repräsentieren. Für diese Vorkommen wurden die Einrichtung und ein langfristiges Management der GenEG in Zusammenarbeit mit lokalen Akteuren angestrebt. Bis zum April 2020 wurden bereits 15 GenEG eingerichtet.

Stichwörter: *Apium*, *Helosciadium*, Sellerie, In-situ-Erhaltung, pflanzengenetische Ressource, genetisches Erhaltungsgebiet

Abstract

The genetic reserve conservation technique is a ready-to-use procedure for *in situ* conservation of crop wild relatives. The approach combines the dynamic conservation of populations exposed to evolutionary processes in their natural habitats with the static conservation of plant genetic resources in gene banks, thus enabling the sustainable use of these species. In the model and demonstration project "Genetic reserves for wild celery species (*Apium* and *Helosciadium*) as part of a network of genetic reserves in Germany" (GE-Sell) scientific and organisational aspects of the implementation of genetic reserves were investigated. The aim of the project was the establishment of 45 genetic reserves for wild celery species and the establishment of a nationwide network of local stakeholders. The monographic approach was used to identify the genetic reserves.

For the four wild celery species occurring in Germany, around 350 occurrences were selected from 2400 known sites for the verification of these occurrences at the project start in 2015. Thereafter, genetic diversity analyses were carried out for approximately 100 occurrences that are as vital as possible, non-endangered and distributed over various ecogeographic regions and habitat types. Based on the survey and analysis results, the project team selected between 11 and 15 occurrences per species, which together represent the intra-species diversity of the respective species best. For these occurrences, the project team aimed at the establishment and long-term management of the genetic reserves in cooperation with local stakeholders. By April 2020, 15 genetic reserves had already been established.

Keywords: *Apium*, *Helosciadium*, celery, *in situ* conservation, plant genetic resources, genetic reserve

Einleitung

In Wildpflanzenarten für Ernährung und Landwirtschaft (WEL) enthaltene Gene und Genvarianten sind für die züchterische Anpassung von Kulturarten an sich stetig ändernde Produktionsbedingungen unverzichtbar (siehe THORMANN, dieser Tagungsband). Der wirtschaftliche Beitrag von WEL bei der landwirtschaftlichen Produktion ist immens. Trotzdem ist die langfristige Erhaltung von WEL keineswegs gesichert. Nach BILZ et al. (2011) sind von den untersuchten 572 und in Europa vorkommenden wildlebenden Verwandten der Kulturarten (WVK) 11,5 % unterschiedlich stark gefährdet und weitere 4,5 % auf der Vorwarnliste. In mehreren globalen Übereinkommen und Aktionsplänen ist die Notwendigkeit der WEL-Erhaltung bereits festgeschrieben und auch national in der Biodiversitäts- und Agrobiodiversitätsstrategie verankert (siehe THORMANN, dieser Tagungsband).

MAXTED et al. (1997) entwickelten ein Erhaltungsverfahren, das sie als "genetic reserve conservation technique" bezeichnen. Diese Erhaltungstechnik ist definiert als „die Verortung, das Management und das Monitoring genetischer Diversität in natürlichen Wildpopulationen innerhalb definierter Flächen, die für die aktive und langfristige Erhaltung vorgesehen sind“. Diese Flächen werden als genetic reserve bzw. im Deutschen als genetisches Erhaltungsgebiet (GenEG) bezeichnet. GenEG bzw. ein daraus aufgebautes Netzwerk kann sich auf eine bestimmte WEL-Art (individueller Lösungsansatz), einen bestimmten WEL-Genpool (Genpool- oder monographischer Lösungsansatz (KELL et al., 2012; zum Genpool-Konzept siehe THORMANN, dieser Tagungsband), nach ökonomischen und artenschutzrechtlichen Kriterien ausgewählten WEL (floristischen Lösungsansatz; MAXTED, KELL, 2009) oder z. B. WEL-Schirmarten (IRIONDO et al., 2012) beziehen. Die In-situ-Erhaltung ist durch die dazu komplementäre Ex-situ-Erhaltung zu ergänzen um eine Sicherheitskopie der innerartlichen Vielfalt vorzuhalten (MAXTED et al., 1997). Durch die Kombination dieser beiden Erhaltungsverfahren werden deren Vorteile miteinander kombiniert: Durch die In-situ-Erhaltung wird der Wildart die evolutive Weiterentwicklung durch genetische Anpassungen an zeitlich und räumlich wechselnde Umweltbedingungen ermöglicht. Durch die Ex-situ-Erhaltung, z. B. als Saatgutprobe in einer Genbank, wird diese genetische Ressource als Rückstellmuster statisch erhalten und der Zugang für die Forschung und Pflanzenzüchtung erleichtert.

Bei dem Modell- und Demonstrationsvorhaben „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildselleriearten (*Apium* und *Helosciadium*) als Bestandteil eines Netzwerks genetischer Erhaltungsgebiete in Deutschland“ (GE-Sell) wurde der Genpool- bzw. monographische Lösungsansatz beispielhaft umgesetzt. In diesem Rahmen war in der Projektlaufzeit von März 2015 bis November 2019 modellhaft ein bundesweites Netzwerk von GenEG für die vier in Deutschland vorkommenden Wildselleriearten aufzubauen. Das heißt, es wurden nur Arten für die systematische In-situ-Erhaltung berücksichtigt, die in Deutschland vorkommen und zum Genpool des Kulturselleries gezählt werden und damit mit dieser Art mehr oder weniger gut kreuzbar sind.

Im GE-Sell-Projekt sollten außerdem wissenschaftliche und organisatorische Fragestellungen zur Verbesserung des Schutzes von WEL in ihren natürlichen Lebensräumen als wesentliche Voraussetzung für ihre nachhaltige Nutzung bearbeitet und beantwortet werden. Für die bestmögliche und effiziente Erhaltung der innerartlichen Vielfalt der Wildselleriearten sollten GenEG (bis zu 15 pro Art) für 45 Vorkommen eingerichtet werden. Der Aufbau des Netzwerk Wildsellerie beinhaltet neben der Einrichtung der GenEG auch die Vernetzung der am Aufbau und Management beteiligten Akteure.

Modellarten

In Deutschland kommen vier Wildselleriearten vor. Sie sind in unterschiedlichem Maße gefährdet und mit dem Kultursellerie (Knollen-, Blatt- oder Stangensellerie) verwandt. *Apium graveolens* L. subsp. *graveolens* (Echter Sellerie) ist die Urform des Kulturselleries und wird dem primären Genpool der Kulturart zugeordnet. Diese Art kann aufgrund ihrer uneingeschränkten Kreuzbarkeit mit dem Kultursellerie insbesondere zur Verbreiterung der genetischen Basis des Kulturselleries genutzt werden. Die anderen drei Wildselleriearten werden der Gattung *Helosciadium* und dem tertiären

Genpool zugeordnet (DOWNIE et al., 2000; FRESE et al., 2018a; QUIROS, 1993; RONSE et al., 2010). Alle Arten sind an feuchten bis nassen Standorten zu finden.

Apium graveolens L. subsp. *graveolens* (Echter Sellerie) ist ein obligater Halophyt und kommt zum einen im Brackwasser-beeinflussten Röhricht und im Salzgrünland an der Ostsee sowie vereinzelt an der Nordsee vor. Zum anderen ist die Art an natürlichen als auch sekundären Binnensalzstellen zu finden. Die konkurrenzschwache Art profitiert von der natürlichen Dynamik (z. B. Eisgang, Hochwasser), Störungen (z. B. Trampelpfade durch Wild und Angler, Gänsefraß) und extensiven Bewirtschaftung in Kombination mit für andere Arten ungeeigneten Standortbedingungen, insbesondere verursacht durch den Salzgehalt (pers. Mitteilungen von D. HANSPACH, November 2016, von K. HEMM, September 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016, von A. KRUMBIEGEL, September 2016; RINGEL, 2017; KRUMBIEGEL et al., 2015). Ohne hinreichende Störungen am Standort ist der Echte Sellerie häufig durch die Konkurrenz mit anderen Arten gefährdet. Aber auch eine zu intensive Störung oder das Aussüßen eines Standortes beeinträchtigt die Populationen. Sofern die natürlichen Störungen zum Zurückdrängen von Konkurrenzarten nicht ausreichen, ist eine zusätzliche extensive Beweidung oder Mahd für die Erhaltung des Echten Selleries erforderlich. Entsprechend der Roten Liste (METZING et al., 2018) ist die Art deutschlandweit selten und die Bestände sind in den vergangenen ca. 100 Jahren stark zurückgegangen. Sie wird als gefährdet eingestuft.

Helosciadium repens (JACQ.) W. D. J. KOCH (Kriechender Sellerie) kommt in Europa zerstreut und selten vor. Die Schwerpunktorkommen in Deutschland befinden sich in der Moränenlandschaft Nordostdeutschlands sowie im Donau- und Voralpenraum. Die Art ist auf Weide- oder Mähweideflächen sowie an Seeufern (z. B. Badestellen und Bootsanlegestellen) zu finden und ist eher niederwüchsig. In Bayern kommt sie auch flutend in Bächen vor. Die Art ist sehr konkurrenzschwach aber störungsresistent. Neben ungeeigneten hydrologischen Bedingungen des Standorts wirken sich insbesondere eine zu niedrige Störungsintensität, Eutrophierung sowie die Überlagerung mit Mahdgut durch Mulchen negativ auf die Bestände aus. In der Regel sind zur dauerhaften Erhaltung der Vorkommen die Vegetation kurz zu halten und kleinräumig offene Bodenstellen zu schaffen (pers. Mitteilungen von A. WAGNER und I. WAGNER, März 2016 und April 2017, von D. HANSPACH, November 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016; RINGEL, 2017). Dieses Ziel kann insbesondere durch Beweidung erreicht werden. Auch eine häufige Mahd mit Abräumen des Mahdguts ist grundsätzlich geeignet. Bei dieser Bewirtschaftungsform fehlen jedoch häufig die zur Etablierung von Jungpflanzen erforderlichen offenen Bodenstellen. Eine generative Fortpflanzung und damit eine evolutive Anpassung finden dadurch nur im geringen Maß statt. Des Weiteren sind die Nährstoffeinträge an den Standorten gering zu halten. Dies ist insbesondere in Fließgewässern in der Agrarlandschaft problematisch. Die Art ist deutschlandweit selten und weist einen starken Rückgang im langfristigen Bestandstrend auf (METZING et al., 2018).

Als nach Bundesartenschutzverordnung (BArtSchVO) streng geschützte Art sowie durch die Listung im Anhang II und IV der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie der EU steht die Art bereits im Fokus des Artenschutzes. Die Art hat einen Petersilie-ähnlichen Geschmack und kann mitunter als winterharter Petersilie-Ersatz dienen.

Helosciadium nodiflorum (L.) W. D. J. KOCH (Knotenblütiger Sellerie) hat sein Hauptverbreitungsgebiet in Südwesteuropa. Sein Areal reicht im Nordosten bis nach Rheinland-Pfalz, Hessen, Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen. Dort kommt die Art in kleinen Fließgewässern oder deren Böschungsbereichen an lichten Stellen vor. Neben Beschattung wirken sich die Konkurrenz durch wüchsigeren Pflanzenarten, Hochwasserereignisse oder eine zu intensive Gewässerunterhaltung negativ auf die Bestände aus. In der Regel profitiert die Art jedoch von der Gewässerpflege und Mahd des Uferbereichs (pers. Mitteilungen von U. MEYER-SPETHMANN, November 2016, von P. THOMAS und C. WEINGART, September 2016). Die Art ist deutschlandweit selten und weist einen mäßigen Rückgang im langfristigen Bestandstrend auf (METZING et al., 2018). In der Roten Liste wird sie als gefährdet eingestuft (METZING et al., 2018). Der Knotenblütige Sellerie wird in südeuropäischen Ländern als aromatisches Blattgemüse genutzt, verfügt über eine Blattminierfliegenresistenz

(TRUMBLE et al., 2000, 1990) und kann Schwermetalle aus Gewässern filtern (KARA, 2014; siehe auch MEWIS et al., dieser Tagungsband).

Helosciadium inundatum (L.) KOCH (Flutender/Untergetauchter Sellerie) kommt überwiegend in den atlantischen bis subatlantischen Regionen Westeuropas vor. In Deutschland befinden sich Vorkommen insbesondere in Niedersachsen, weniger häufig in Nordrhein-Westfalen und vereinzelt auch in Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern. Die konkurrenzschwache Art wächst vor allem in und an kleinen, zeitweise trockenfallenden, nährstoffarmen Tümpeln. Die Bestände können durch Beschattung sowie durch Verlandung und Eutrophierung der Gewässer beeinträchtigt werden. Zur Erhaltung günstiger Habitatbedingungen sind aus diesem Grund häufig Beweidung oder alternativ Mahd mit Abräumen des Mahdguts im Uferbereich und eine Entkrautung und Entschlammung von Tümpeln erforderlich (pers. Mitteilungen von U. MEYER-SPETHMANN, November 2016, von C. MARTIN und H. GRELL, November 2016; KRUMBIEGEL et al., 2015; RINGEL, 2017). Nährstoffeinträge sollten vermieden und ein Wechsel der Wasserstandhöhe (bis hin zum temporären Trockenfallen) ermöglicht werden. Deutschlandweit ist die Art selten und langfristig sind die Bestände stark zurückgegangen. In der Roten Liste wird sie als stark gefährdet eingestuft (METZING et al., 2018). Ein Nutzungspotential ist für die Art noch nicht bekannt.

Identifikation und Auswahl von als GenEG geeigneter Wildsellerie-Vorkommen

Zur Identifikation von Wildsellerievorkommen, mit denen die innerartliche Vielfalt bestmöglich repräsentativ erhalten werden kann, wurden zunächst Funddaten der vier Wildselleriearten bei Umweltbehörden, insbesondere Landesumweltämtern, abgefragt. Auch weitere Artenkenner stellten Daten bereit. Auf Basis der überlieferten Informationen lagen 2400 Datensätze zu Wildsellerie-Beobachtungen vor. Die Übermittlung der Daten erfolgte in unterschiedlichen Dateiformaten (z. B. Excel, PDF, Word, Shape) und mit unterschiedlicher Aktualität und Strukturierung der Daten. Sämtliche Daten wurden zur Angleichung der Formatierungen in eine Excel-Tabelle übertragen. Hierbei wurden u. a. taxonomische Bezeichnungen angepasst. Nach der Homogenisierung der Datensätze wurde aus den Fundortangaben eine Inventarliste für Deutschland erstellt. Mittels dieser Liste sollten möglichst große und ungefährdete Vorkommen unter der Annahme identifiziert werden, dass bei diesen Vorkommen von einem geringen Extinktionsrisiko und hohem Potential zur evolutiven Anpassung auszugehen ist. Um die innerartliche Vielfalt bestmöglich zu repräsentieren, sollten solche Vorkommen ausgewählt werden, die zusammen unterschiedliche Naturräume Deutschlands und Habitattypen abdecken und somit genetische Adaptionen an verschiedene Standortbedingungen aufweisen. Entsprechend dieser Kriterien wurden für die Arten insgesamt 322 Fundorte ausgewählt, die über einen möglichst aktuellen und lagescharfen Artnachweis verfügen. Für einige Regionen Deutschlands wurde die Auswahl aufgrund von Empfehlungen regionaler Artenkenner vorgenommen.

Für die ausgewählten Fundorte wurden in der Vegetationsperiode des Jahres 2015 Präsenzkontrollen durchgeführt. Die Begutachtung der Standorte und Vorkommen erfolgte im Rahmen von Werkverträgen durch regionale Botaniker und mithilfe eines standardisierten Datenerfassungsbogens. Für die Organisation und Speicherung der neu erhobenen Daten wurde eine Zugang-geschützte GE-Sell-spezifische Anwendung im webbasierten Botanischen Kartierungsportal (<http://vm323.rz.uos.de/mapportal>) erstellt. Die Anwendung ermöglicht es zu jedem Vorkommen Steckbrief- und Lagedaten darzustellen. Die Datenbank beinhaltet Informationen zu 399 im Rahmen der Präsenzkontrollen begutachteten Standorten mit bestätigten als auch nicht bestätigten Artvorkommen.

Bei 217 der 312 tatsächlich aufgesuchten Fundorte (Tab. 1) konnte eine der vier Wildselleriearten bestätigt werden. Abweichende Angaben wie in NACHTIGALL et al. und HERDEN et al. (dieser Tagungsband) ergeben sich durch die getrennte oder gemeinsame Betrachtung von Vorkommen, die aus mehreren Teilflächen bestehen. Auf Basis der Steckbriefdaten, georeferenzierten Lageangaben und

der Empfehlung der Botaniker wurden rund 25 Vorkommen je Art für die weitere Bearbeitung ausgewählt. Die Vorkommen sollten möglichst groß, vital und ungefährdet sein und in ihrer Gesamtheit je Art die Naturräume Deutschlands und Habitattypen bestmöglich abbilden. Zu diesen Vorkommen wurden in der Vegetationsperiode des Jahres 2016 zusätzliche Informationen erfasst, Blattmaterial für genetische Analysen von ca. 30 Pflanzen sowie ein Exemplar als Herbarbeleg gesammelt.

Tab. 1: Anzahl an Fundorten je Art in Deutschland, die im Jahr 2015 aufgesucht und bestätigt werden konnten, zu denen genetische Analysen stattfanden, die zur Einrichtung eines genetischen Erhaltungsgebiets (GenEG) grundsätzlich geeignet sind und für die bis zum April 2020 GenEG eingerichtet wurden.

Tab. 1: Number of sites per species visited and confirmed in Germany in 2015, for which genetic analyses were performed, which are in principle suitable for establishing a genetic reserve (GenEG) and number of GenEG established by April 2020.

Art	aufgesuchte Fundorte	bestätigte Fundorte	genet. analysierte Vorkommen	GenEG-Kandidaten	eingerichtete GenEG
<i>A. graveolens</i>	78	64	27	15	5
<i>H. repens</i>	82	64	27	14	5
<i>H. nodiflorum</i>	58	43	22	15	0
<i>H. inundatum</i>	94	46	21	11	5

Die beprobten Vorkommen wurden mittels Mikrosatelliten genetisch charakterisiert (Tab. 2). Für *A. graveolens* wurden dafür bereits publizierte Marker (ACQUADRO et al., 2006; FU et al., 2014, 2013) ausgewählt und getestet, sodass polymorphe und informative Marker identifiziert werden konnten. Für die *Helosciadium*-Arten mussten zunächst Marker entwickelt und getestet werden (HERDEN et al., 2020).

Tab. 2: Übersicht zu genetischen Analysen: Anzahl der verwendeten SSR-Marker und analysierten Vorkommen, Werte des Distanzmaß Δ_{SD} (Mittelwert aller analysierten Vorkommen je Art sowie bei den Vorkommen geringster und höchster festgestellter Wert).

Tab. 2: Overview of genetic analyses: number of SSR markers used and occurrences analysed, values of the distance measure Δ_{SD} (mean value of all occurrences analysed for each species as well as the lowest and highest obtained values for the occurrences).

Art	Anzahl SSR-Marker	genet. analysierte Vorkommen	Mittelwert (Δ_{SD})	$\Delta_{SD(j)}$ - Minimum	$\Delta_{SD(j)}$ - Maximum
<i>A. graveolens</i>	16	27	0,369	0,251	0,478
<i>H. repens</i>	6	27	0,36	0,25	0,49
<i>H. nodiflorum</i>	17	22	0,488	0,29	0,676
<i>H. inundatum</i>	15	21	0,388	0,278	0,542

Für die Auswertung wurde eine Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC; JOMBART et al., 2010) durchgeführt und der Index F_{IS} nach WRIGHT (1978) berechnet. Zur Identifikation von Vorkommen, mit denen die innerartliche genetische Diversität bestmöglich repräsentiert werden kann, wurde die Diversitätsanalyse mit dem Distanzmaß Δ (GREGORIUS et al., 2003) unter Nutzung der Software DifferInt (GILLET, 2013) durchgeführt. Mit dem Distanzmaß kann bestimmt werden, in welchem Ausmaß sich Vorkommen einer Art in ihrer genetischen Zusammensetzung unterscheiden. Für die graphische Darstellung eignet sich ein Schneckendiagramm, das in Abb. 1 für *H. repens* dargestellt ist. Der Mittelwert (Δ_{SD}) ist ein Maß für die durchschnittliche Differenzierung im gesamten Material. Δ_{SD} betrug bei allen vier Wildselleriearten weniger als 0,5 (Tab. 2). Das bedeutet, dass die Vorkommen einer Art untereinander im Durchschnitt keine starke Differenzierung aufweisen. Mit dem Maß $\Delta_{SD(j)}$ wird für ein Vorkommen j die genetische Distanz zu der gepoolten Gesamtheit der anderen untersuchten Vorkommen der Art, d. h. dem Komplement,

bestimmt. Es kann dazu genutzt werden, um für jede Art das Vorkommen zu identifizieren, welches das Komplement und damit die genetische Ausstattung der anderen untersuchten Vorkommen am besten repräsentiert (Vorkommen mit dem kleinsten $\Delta_{SD(j)}$). Außerdem kann damit jenes Vorkommen bestimmt werden, welches am stärksten in seiner genetischen Zusammensetzung vom Komplement abweicht (Vorkommen mit größtem $\Delta_{SD(j)}$). Die größere Differenz dieses Vorkommen zu den anderen wird hierbei als genetische Anpassung an spezifische Einflüsse vor Ort interpretiert. Mittels der genetischen Analyse wurden zwei Vorkommen pro Art als GenEG-Kandidat ausgewählt. Für *H. repens* waren dies das Vorkommen bei Regensburg (18R in Abb. 1, Vorkommen mit dem kleinsten $\Delta_{SD(j)}$) und das Vorkommen beim Tegernsee (22R in Abb. 1, Vorkommen mit dem größten $\Delta_{SD(j)}$; HERDEN et al., 2020). Weitere Informationen zu genetischen Analysen sind den Beiträgen von FRESE und BÖNISCH, NACHTIGALL et al., HERDEN et al. und MEWIS et al. (dieser Tagungsband) zu entnehmen.

Die Ergebnisse der genetischen Analyse für *A. graveolens* und *H. repens* sind bereits publiziert (FRESE et al., 2018b; HERDEN et al., 2020). Veröffentlichungen zu *H. nodiflorum* und *H. inundatum* sind in Vorbereitung.

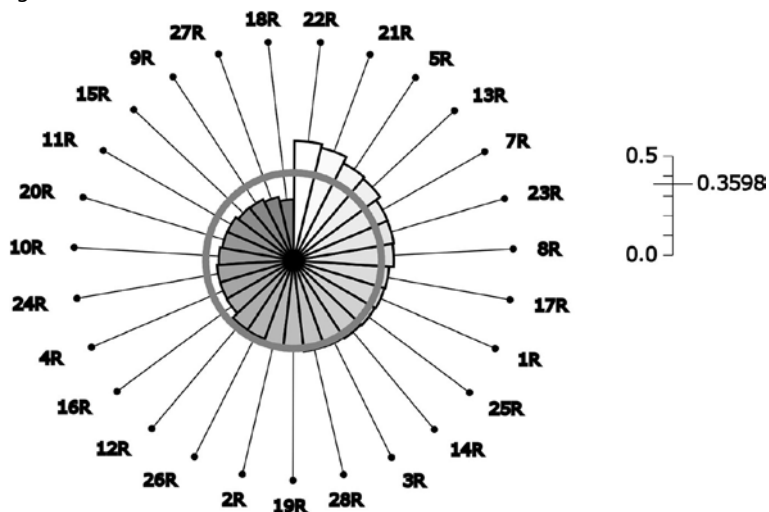


Abb. 1: Das Schneckendiagramm zeigt die Differenzierung zwischen 27 Vorkommen von *Helosciadium repens*. Jedes Segment stellt ein Vorkommen dar. Die Schenkellänge eines Segments entspricht dem Distanzmaß $\Delta_{SD(j)}$ des Vorkommens *j* als Maß für die genetische Distanz des Vorkommens zu der gepoolten Gesamtheit der anderen Vorkommen der Art. Der Radius des grauen Kreises bzw. der Wert in der Skala rechts stellt den Wert der durchschnittlichen Differenzierung zwischen den Vorkommen (Δ_{SD}) dar (HERDEN et al., 2020).

Fig. 1: The snail diagram shows the differentiation between 27 occurrences of *Helosciadium repens*. Each segment represents one occurrence. The length of a segment corresponds to the distance measure $\Delta_{SD(j)}$ of occurrence *j* as a measure of the genetic distance of the occurrence to the pooled data of all other occurrences of the species. The radius of the grey circle and the value in the scale on the right represents the value of the average differentiation between occurrences (Δ_{SD}) (HERDEN et al., 2020).

Im Anschluss an die Auswahl von zwei Vorkommen mittels der genetischen Analysen sollten für jede Art ca. zehn weitere Vorkommen als GenEG-Kandidaten gewählt werden, die die folgenden Kriterien in Anlehnung an die Mindestqualitätsstandards nach IRIONDO et al. (2012; siehe auch FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband) hinreichend erfüllten: 1) Durch die Gesamtheit der ausgewählten Vorkommen soll die genetische Diversität von jeder Wildsellerieart bestmöglich repräsentiert werden. Dazu wurden solche Vorkommen ausgewählt, die in ihrer Gesamtheit (unter Berücksichtigung der mittels $\Delta_{SD(j)}$ ausgewählten Vorkommen) unterschiedliche Naturräume abdecken unter der Annahme, dass damit genetische Anpassungen an die jeweiligen ökogeographischen

Eigenschaften des Naturraums in der Auswahl enthalten sind. 2) Die Vorkommen sollen einen guten und stabilen Erhaltungszustand aufweisen. Hierfür wurden insbesondere Vorkommen mit einem großen und vitalen Bestand ausgewählt, bei denen keine akuten Gefährdungen festgestellt werden konnten bzw. bei denen die aktuelle Bewirtschaftung oder die Unterhaltungsmaßnahmen die weitere Existenz des Vorkommens ermöglichen. Vorkommen in bestehenden Schutzgebieten wurden bevorzugt ausgewählt, da dort i. d. R. von langfristig günstigen Erhaltungskonditionen auszugehen ist. Um Erfahrungen zur GenEG-Einrichtung außerhalb der bestehenden Schutzgebietskulisse zu sammeln, wurden auch einige geeignete Vorkommen ohne bestehenden Flächenschutz ausgewählt. 3) Die in die GenEG-Einrichtung und das anschließende Management einzubindenden lokalen Akteure sind kooperationsbereit (soweit bekannt). Dies sind insbesondere die Flächeneigentümer und -nutzer sowie die zuständigen Naturschutzbehörden.

Im Jahr 2018 wurden 55 Vorkommen (je 15 für *A. graveolens* und *H. nodiflorum*, 14 für den *H. repens* und 11 für *H. inundatum*; Tab. 1; Abb. 2) als GenEG-Kandidaten ausgewählt. Die Summe übersteigt die geplanten 45 einzurichtenden GenEG für den Fall, dass die Einrichtung eines oder mehrerer GenEG nicht gelingt.

Kommunikation mit lokalen Akteuren

Spätestens nach der Nominierung der Vorkommen (vorzugsweise bereits in Vorbereitung der Geländearbeit in den Jahren 2015 und 2016) erfolgte die sukzessive Identifikation, Kontaktaufnahme und Information der lokalen Akteure. Ziel war die Zusicherung von Unterstützung bei der Etablierung des GenEG durch die Flächeneigentümer und -nutzer sowie durch mindestens eine dauerhafte Institution mit naturschutzfachlichem Hintergrund (z. B. Naturschutzbehörden, örtlich aktive Naturschutzorganisationen oder Unterhaltungsverbände). Dies gestaltete sich i. d. R. als sehr zeitaufwendig, da die Kommunikation überwiegend Vorkommen- und Akteur-spezifischen Direktkontakt erforderte. Dieser wurde durch eine Broschüre und eine Webseite mit kompakten sowie weiterführenden Informationen ergänzt (siehe auch FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband).

Das Betreten von Flurstücken und die Entnahme von Pflanzenmaterial erfordern ggf. privatrechtliche Einverständnisse sowie Befreiungen oder Genehmigungen entsprechend der Naturschutzgesetze und Schutzgebietsverordnungen. Aus diesem Grund wurden erforderliche Einverständnisse so früh wie möglich von den Flächeneigentümern und -nutzern sowie ggf. von zuständigen Naturschutzbehörden für alle (potentiell) zu betretenden Flächen eingeholt.

Vorbereitungen zur GenEG-Einrichtung

Im Jahr 2018 und 2019 fand parallel zur weiteren Identifikation und Information der lokalen Akteure die Planung der GenEG statt. Dazu waren insbesondere die Lage der GenEG zu verorten und standortspezifische Pflegepläne zu erstellen. Im Rahmen der dazu erforderlichen Geländearbeit sollten zudem Saatgutproben zur Einlagerung von Rückstellmustern in die Genbank für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft (Genbank WEL; siehe BORGMANN et al., dieser Tagungsband) gesammelt werden. Die Sammlung erfolgte entsprechend der ENSCONET-Sammelanleitung (http://ensconet.maich.gr/PDF/Collecting_protocol_German.pdf). Diese sieht vor, dass maximal 20 % der verfügbaren reifen Samen gesammelt werden, sodass der Bestand durch die Entnahme nicht gefährdet wird. Des Weiteren wurden vor Ort Monitoring-Quadranten eingerichtet und Informationen zur Demographie des Vorkommens erhoben. Sie stellen die Vergleichsgrundlage für kommende Monitoringaktivitäten dar. Die Arbeiten erfolgten durch örtliche Naturschutzgruppen und Biologen, welche die GenEG i. d. R. auch künftig unterstützen möchten.

Für die langfristige Speicherung der Daten zu GenEG wird seit dem Jahr 2019 die GE-Sell-Anwendung beim Portal Deutschlandflora.de (<https://netzwerk-wildsellerie.deutschlandflora.de>) neu implementiert. Durch die Integration in der mit dem Bundesamt für Naturschutz assoziierten

Artendatenbank, stehen die im Rahmen des GE-Sell-Projektes und Netzwerk Wildsellerie erhobenen Daten auch dem Naturschutz und der interessierten Öffentlichkeit zur Verfügung.

Die GenEG-Einrichtung

Der erarbeitete Pflegeplan sowie die georeferenzierte Verortung des GenEG war die Grundlage für die Abstimmung mit lokalen Akteuren zur formalen Einrichtung der GenEG. Neben Informationen zum aktuellen Zustand des Vorkommens erhielten die Akteure einen Überblick über die zur Umsetzung des GenEG erforderlichen Maßnahmen, über die Ziele des Netzwerk Wildsellerie und die vorgesehene Zusammenarbeit der Netzwerkpartner. Für die Einrichtung und das Betreiben eines GenEG ist die Einigung mit allen die Fläche betreffenden Beteiligten erforderlich. Dies betrifft insbesondere die Erlaubnis die Fläche für die Datenerfassung, das Monitoring, die Materialentnahme und die Durchführung von Erhaltungsmaßnahmen zu betreten sowie gesammeltes Saatgut in die Genbank WEL einzulagern und von dieser zu SMTA-Bedingungen abzugeben (siehe auch THORMANN, dieser Tagungsband). Diese Erlaubnis kann nur der Flächeneigentümer und ggf. zusätzlich der Flächennutzer erteilen. Dafür eignet sich eine Einverständniserklärung. Liegen GenEG in bestimmten Schutzgebieten, ist darüber hinaus, auch in Vorbereitung des Flächenbesuchs, die Genehmigung der Naturschutzbehörde einzuholen. Als Weiteres sollte mindestens eine Institution als dauerhafter Partner (z. B. Naturschutzinstitution, Gemeinde) die Erhaltung des Vorkommens unterstützen. Auch hierfür eignet sich eine Erklärung. Der Entwurf der Einverständniserklärung des Eigentümers/ Nutzers und der Erklärung der unterstützenden Institution wurde im Projekt unter Mitarbeit des JKI-Justizariats erarbeitet (<https://netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de/index.php?menuid=28>).

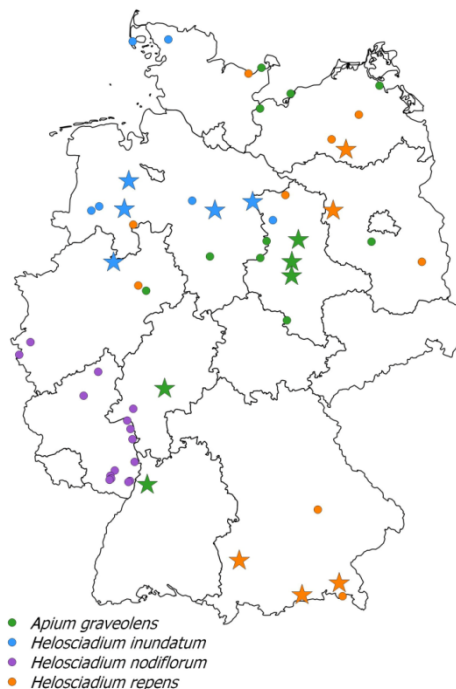


Abb. 2: Vorkommen der vier Wildselleriearten in Deutschland, für die bereits genetische Erhaltungsgebiete eingerichtet wurden (Symbol: Stern) bzw. für die wir die Einrichtung vorschlagen (Symbol: Punkt); Stand: April 2020; (Karte: M. BÖNISCH (JKI), © GeoBasis-DE / BKG (2016)).

Fig. 2: Occurrences of the four wild celery species in Germany for which genetic reserves have already been established (symbol: star) or for which we propose an establishment (symbol: dot); as of April 2020; (Map: M. BÖNISCH (JKI), © GeoBasis-DE / BKG (2016)).

Akteure, die erklären, dass sie die Erhaltung eines Wildsellerievorkommens unterstützen, erhalten in Anerkennung ihres Engagements eine Urkunde der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Alle Unterstützer eines GenEG bilden zusammen mit der zentralen Koordinationsstelle, d. h. der Fachstelle Wildsellerie, den Kooperationsverbund zur Erhaltung des GenEG. Die Fachstelle Wildsellerie ist seit Mai 2019 durch Erlass des Bundesministeriums für Landwirtschaft und Ernährung (BMEL) mit der dauerhaften Koordination und Erweiterung des Netzwerk Wildsellerie beauftragt und am Julius Kühn-Institut (JKI) angesiedelt. Die Fachstelle Wildsellerie

- ist der Ansprechpartner für die lokalen Akteure,
- unterstützt das Monitoring in GenEG sowie die Erstellung von Pflegeplänen,
- ist verantwortlich für die Aufrechterhaltung und den Ausbau des Netzwerk Wildsellerie,
- sammelt, sichert und pflegt Daten zu GenEG und weiteren Wildsellerievorkommen und bindet das Netzwerk Wildsellerie in das übergeordnete „Netzwerk Genetische Erhaltungsgebiete Deutschland“ ein.

Die ersten fünf GenEG wurden zum Juni 2019 eingerichtet. Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ fand dazu die feierliche Übergabe der Urkunden an Personen und Organisationen statt, welche die Erhaltung eines Vorkommens unterstützen (Abb. 3). Bis zum April 2020 wurden für zehn weitere Vorkommen GenEG eingerichtet (Abb. 2). Derzeit bestehen folgende GenEG:

für *A. graveolens*

- bei Ubstadt-Weiher in Baden-Württemberg
- bei Sülzetal in Sachsen-Anhalt
- bei Staßfurt in Sachsen-Anhalt
- bei Wolmirstedt in Sachsen-Anhalt
- bei Nidda in Hessen

für *H. repens*

- am Rathenow in Brandenburg
- beim Chiemsee in Bayern
- bei Mindelheim in Bayern
- beim Tegernsee in Bayern
- an der Müritz in Mecklenburg-Vorpommern

für *H. inundatum*

- bei Warendorf in Nordrhein-Westfalen (siehe HÖVELMANN et al., dieser Tagungsband)
- in der Aller-Talsandebene in Niedersachsen
- bei Wittingen in Niedersachsen
- bei Dinklage in Niedersachsen
- bei Oldenburg in Niedersachsen



Abb. 3: Auf der Fachtagung „Genetische Erhaltungsgebiete für Wildpflanzen für Ernährung und Landwirtschaft – ein neues Modul des Artenschutzes“ wurden die ersten Urkunden an Personen und Organisationen übergeben, welche die Erhaltung von Wildsellerie-Vorkommen unterstützen (Foto: S. HAHN (JKI)).

Fig. 3: At the conference "Genetic reserves for crop wild relatives – a new module to strengthen species conservation" the first certificates were handed over to persons and organisations supporting the conservation of wild celery (photo: S. HAHN (JKI)).

Die Fachstelle Wildsellerie arbeitet derzeit an der Einrichtung von weiteren 30 GenEG, um das Ziel von 45 GenEG in den kommenden Monaten zu erreichen.

Diskussion

Mit dem Modell- und Demonstrationsvorhaben gelang es die ersten GenEG in Deutschland einzurichten und den Einrichtungsprozess zu etablieren bzw. Handlungserfordernisse aufzuzeigen (siehe FRESE und BÖNISCH, dieser Tagungsband). Das deutsche Netzwerk Wildsellerie wird alle in Deutschland vorkommenden Arten des Genpools einer Kulturpflanze abdecken. Das erarbeitete Verfahren kann für den Aufbau eines europäischen Netzwerks von GenEG für Wildselleriearten sowie von Netzwerken von GenEG für weitere WEL entsprechend des floristischen Lösungsansatzes (z. B. bei WEL-Hotspots) oder des Schirmartenansatzes (IRIONDO, 2012) genutzt werden, um unsere pflanzengenetischen Ressourcen zu sichern. Damit leistet es zusammen mit weiteren Projekten mit WEL-Bezug (siehe THORMANN, dieser Tagungsband) einen wichtigen Beitrag zu den Arbeiten des Europäischen Kooperationsprogramms für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) und weiterer internationaler Initiativen wie z. B. Farmers Pride (<http://www.farmerspride.eu>). Von entscheidender Bedeutung ist die Einrichtung einer zentralen Stelle, die das Netzwerk auch nach dessen Gründung aufrecht hält. In der Regel ist dafür eine dauerhafte Finanzierung erforderlich. Beim GE-Sell-Projekt gelang diese Verstetigung durch die Einrichtung der Fachstelle Wildsellerie am JKI durch das BMEL. Im GE-Sell-Projekt wurden Vorkommen für die Ausweisung von GenEG anhand von Basisdaten und den durch das Projektteam pragmatisch interpretierten Kriterien von IRIONDO et al. (2012) ausgewählt. Dies erleichterte die Initiierung des Netzwerks. Mögliche Veränderungen von Artvorkommen in der Zukunft durch sich ändernde Habitatbedingungen konnten hierbei jedoch

nur in geringem Maß berücksichtigt werden. Es ist unklar, wie mit der räumlichen Wanderung von Populationen, z. B. aufgrund klimawandelbedingter Verschiebungen von Wuchsarealen, umzugehen ist, da GenEG, wie andere Schutzgebiete auch, lagekonkret eingerichtet werden. Auch die Wildsellerie-Populationen könnten von dieser Problematik betroffen sein. Als Arten, die an mäßig-feuchten bis nassen Standorten vorkommen, sind sie besonders durch Austrocknen ihrer Wuchsorte bei längeren Dürrephasen gefährdet. Der Verlust von geeigneten Habitaten wird durch den fortdauernden Landnutzungswandel (z. B. Verlandung kleiner von *H. inundatum* besiedelter Tümpel) noch verschärft.

Durch die Einrichtung der ersten GenEG in Europa konnten Akteure aus dem Naturschutzsektor für die Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen sensibilisiert werden. Im Naturschutz wird die Intention des vom BMEL geförderten Ansatz zur Erhaltung von Arten zwar positiv bewertet, häufig gleichzeitig aber auch mit der Frage nach der Finanzierung von Maßnahmen verbunden, die bisher in der bestehenden Struktur noch nicht konkret vorgesehen ist. Grundsätzlich ist der Mehrwert bzw. Anreiz für die lokalen Akteure noch gering, da neben dem Erkenntnisgewinn zum Vorkommen durch ggf. finanzierte Studien lediglich eine Urkunde in Anerkennung des Engagements zur Erhaltung der Art übergeben wird. Für Akteure, die Öffentlichkeitsarbeit betreiben oder diese Urkunde als persönliche Wertschätzung anerkennen, kann dies genügen. Die meisten Akteure betonen jedoch, dass der eigentliche Anreiz eine direkte Finanzierung der Management-Maßnahmen wäre, die jedoch bisher nicht vorgesehen ist. Somit profitieren wir häufig von dem Engagement, dass die Akteure bereits zur Unterhaltung oder Pflege des Vorkommens aufbringen.

Zwiespältig sind auch die aktuellen GenEG-Rahmenbedingungen zu betrachten, da lokale Akteure keine rechtliche Verpflichtung zur Einrichtung der GenEG eingehen. Die Arbeiten bis zur Einrichtung eines GenEG sind aufwändig. Eine Einverständniserklärung zum Betreten einer Fläche und Besammeln der Population sowie die Erklärung, die Erhaltung der Art zu unterstützen, kann jedoch jederzeit ohne eine Frist widerrufen werden. Die Abhängigkeit von den lokalen Akteuren ist sicherlich eine Schwachstelle der aktuellen Konzeption. Dennoch hat diese organisatorische Vorgehensweise einen wesentlichen Vorteil: Durch die Unverbindlichkeit sind lokale Akteure i. d. R. dazu bereit die Einrichtung eines GenEG zu unterstützen und eine Erklärung zu unterzeichnen. Bei einigen Flächeneigentümern und -nutzern bestehen jedoch Befürchtungen, dass sich aus der Beteiligung am Netzwerk Wildsellerie zukünftig Verpflichtungen ergeben könnten, die sie in der Entscheidungsfreiheit über ihre Ressourcen einschränken. Es gelingt nicht immer diese Befürchtungen zu zerstreuen.

Die Fortführung des Netzwerk Wildsellerie wird zeigen, wie und ob die weitere Zusammenarbeit der Akteure und die Erhaltung der Vorkommen in dieser Weise gelingen oder ob das Konzept weiterentwickeln ist. Die bisherigen Erfahrungen lassen auf eine positive Entwicklung schließen.

Danksagung

Für die hervorragende Zusammenarbeit und die vielfältigen Hilfestellungen danken wir den Kartierern, den beteiligten Behörden, den beteiligten Naturschutzstationen und -vereinen sowie den engagierten Eigentümern, Bewirtschaftern und Unterstützern, deren Mithilfe maßgeblich zum Erfolg des GE-Sell-Vorhabens beitrug und die sich vielfach auch künftig für die Erhaltung der Wildsellerievorkommen einsetzen möchten. Das Vorhaben wurde gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Förderkennzeichen 2814BM110 bis 112.

Literatur

- ACQUADRO, A., F. MAGURNO, E. PORTIS, S. LANTERI, 2006: DbEST-derived microsatellite markers in celery (*Apium graveolens* L. var. *dulce*). *Molecular Ecology Notes* **6**: 1080–1082.
- BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED, R. V. LANSDOWN (Hrsg.), 2011: European red list of vascular plants. Publications Office of the European Union, Luxemburg.

- DOWNIE, S.R., M. F. WATSON, K. SPALIK, D. S. KATZ-DOWNIE, 2000: Molecular systematics of Old World Apioideae (Apiaceae): Relationships among some members of tribe Peucedaneae *sensu lato*, the placement of several island-endemic species, and resolution within the apioid superclade. *Canadian Journal of Botany* **78**, 506–528.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, T. HERDEN, M. ZANDER, N. FRIESE, 2018a: In-situ-Erhaltung von Wildselleriearten. *Natur und Landschaftsplanung* **50(5)**, 155–163.
- FRESE, L., M. BÖNISCH, M. NACHTIGALL, U. SCHIRMAK, 2018b: Patterns of genetic diversity and implications for *in situ* conservation of wild celery (*Apium graveolens* L. ssp. *graveolens*). *Agriculture* **8**, 129.
- FU, N., P.-Y. WANG, X.-D. LIU, H.-L. SHEN, 2014: Use of EST-SSR markers for evaluating genetic diversity and fingerprinting celery (*Apium graveolens* L.) cultivars. *Molecules* **19**, 1939–1955.
- FU, N., Q. WANG, H.-L. SHEN, 2013: *De novo* assembly, gene annotation and marker development using Illumina paired-end transcriptome sequences in celery (*Apium graveolens* L.). *PLOS ONE* **8**, e57686.
- GILLET, E.M., 2013: *DifferInt*: Compositional differentiation among populations at three levels of genetic integration. *Molecular Ecology Resources* **13**, 953–964.
- GREGORIUS, H.-R., F. BERGMANN, C. WEHENKEL, 2003: Analysis of biodiversity across levels of biological organization – A problem of defining traits. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* **5(4)**, 209–218.
- HERDEN, T., M. BÖNISCH, N. FRIESE, 2020: Genetic diversity of *Helosciadium repens* (Jacq.) W.D.J. Koch (Apiaceae) in Germany, a crop wild relative of celery. *Ecology and Evolution* **10**, 875–890.
- IRIONDO, J.M., 2012: CWR umbrella conservation approach. Working document prepared by AEGRO, Annex 9_2, <http://aegro.jki.bund.de/aegro/index.php?id=174> (aufgerufen am 23.05.2019).
- IRIONDO, J., N. MAXTED, S. KELL, B. FORD-LLOYD, C. LARA-ROMERO, J. LABOKAS, J. M. BREHM, 2012: Quality standards for genetic reserve conservation of crop wild relatives. In: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 72–77.
- JOMBART, T., S. DEVILLARD, F. BALLOUX, 2010: Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* **11**:94.
- KARA, Y., 2014: The uptake of nickel and copper from water by *Apium nodifolium* (L.) Lag. *Bioscience Research* **11**, 20–24.
- KELL, S., N. MAXTED, L. FRESE, J. M. IRIONDO, 2012: *In situ* conservation of crop wild relatives: A strategy for identifying priority genetic reserves sites. In: MAXTED, N., M. E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J. M. IRIONDO, M. A. A. PINHEIRO DE CARVALHO (Hrsg.) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, 7–19.
- KRUMBIEGEL, A., S. KLEIN, M. BÖNISCH, L. FRESE, 2015: Aktuelle Bestandssituation von *Apium graveolens*, *Helosciadium inundatum* und *H. repens* an ausgewählten Fundorten in Sachsen-Anhalt und Thüringen. *Mitteilungen zur floristischen Kartierung in Sachsen-Anhalt* **20**, 55–61.
- MAXTED, N., J. G. HAWKES, B. V. FORD-LLOYD, J. T. WILLIAMS, 1997b: Chapter 22 – A practical model for *in situ* genetic conservation. In: MAXTED, N., B. V. FORD-LLOYD, J. G. HAWKES (Hrsg.) *Plant genetic conservation: the in situ approach*. Kluwer Academic Publishers, London, UK, 339–364.
- MAXTED, N., S. KELL, 2009: Establishment of a global network for the *in situ* conservation of crop wild relatives: status and needs. *FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture*, Rom, Italien. 266 S.
- METZING, D., E. GARVE, G. MATZKE-HAJEK, J. ADLER, W. BLEEKER, T. BREUNIG, S. CASPARI, F. G. DUNKEL, R. FRITSCH, G. GOTTSCHLICH, T. GREGOR, R. HAND, M. HAUCK, H. KORSCH, L. MEIEROTT, N. MEYER, C. RENKER, K. ROMAHN, D. SCHULZ, T. TÄUBER, I. UHLEMANN, E. WELK, K. VAN DE WEYER, A. WÖRZ, W. ZAHLHEIMER, A. ZEHR, F. ZIMMERMANN, 2018: Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* **70 (7)**, 13–358.
- QUIROS, C.F., 1993: Celery: *Apium graveolens* L., In: KALLOO, G., B. O. BERGH (Hrsg.) *Genetic Improvement of Vegetable Crops*. Pergamon, Amsterdam, Niederlande, 523–534.
- RINGEL, H., 2017: Wilder Sellerie in Mecklenburg-Vorpommern. *Botanischer Rundbrief für Mecklenburg-Vorpommern* **54**, 16–25.
- RONSE, A. C., Z. A. POPPER, J. C. PRESTON, M. F. WATSON, 2010: Taxonomic revision of European *Apium* L. s.l.: *Helosciadium* W.D.J. Koch restored. *Plant Systematics and Evolution* **287**, 1–17.
- TRUMBLE, J. T., W. DERCKS, C. F. QUIROS, R. C. BEIER, 1990: Host plant resistance and linear furanocoumarin content of *Apium* accessions. *Journal of Economic Entomology* **83**, 519–525.
- TRUMBLE, J. T., M. M. DIAWARA, C. F. QUIROS, 2000: Breeding resistance in *Apium graveolens* to *Liriomyza trifolii*: Antibiosis and linear furanocoumarin content. *Acta Horticulturae* **513**, 29–37.
- WRIGHT, S., 1978: Evolution and the genetics of populations: A treatise in four volumes: Vol. 4: Variability within and among natural populations. University of Chicago Press.