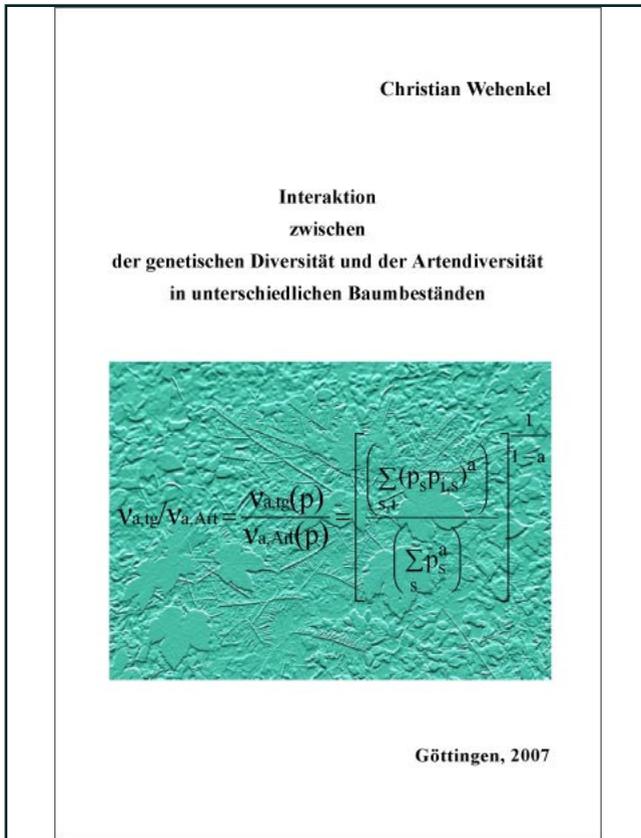




Christian Wehenkel (Autor)

Interaktion zwischen der genetischen Diversität und der Artendiversität in unterschiedlichen Baumbeständen



<https://cuvillier.de/de/shop/publications/1776>

Copyright:

Cuvillier Verlag, Inhaberin Annette Jentsch-Cuvillier, Nonnenstieg 8, 37075 Göttingen, Germany

Telefon: +49 (0)551 54724-0, E-Mail: info@cuvillier.de, Website: <https://cuvillier.de>

1 Problemstellung

Mit der fortschreitenden Zerstörung der Biosphäre wuchs auch das Interesse am Thema Biodiversität. Es entstanden verschiedenste Definitionen, um den Begriff der Biodiversität¹ zu charakterisieren. Modernere Erklärungen des Begriffes wurden neben den Komponenten Komposition und Struktur (Komplexe) insbesondere um das Element Funktion erweitert. Diese Ergänzung unterstreicht die Bedeutung sowohl der quantitativen als auch der qualitativen Bestandteile der Biodiversität (FRANK 1998). Heute ist sie zweifellos für die Menschheit die wertvollste, doch zugleich die am wenigsten anerkannte Ressource (WILSON 1996: S.343). Neben ihrem Nutzen für den Menschen (WILSON 1996: S.343ff.) finden sich ebenso ästhetische, ethische (MYERS 1979: S.45f.) und religiöse (COBB 1988) Gründe, sie zu erhalten. Die Biodiversität kann auf vier hierarchischen Ebenen der biologischen Organisation betrachtet werden (NOSS 1990):

1. der genetischen Ebene,
2. der Ebene der Arten,
3. der Ebene der Gesellschaften und Ökosysteme und
4. der Ebene der Landschaften und Regionen.

Die Basis der Biodiversität bildet die genetische Diversität mit dem originären Prozess der Mutation. Eine verloren gegangene genetische Diversität ist, zumindest mittelfristig, mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht erneuerbar (BLAB et al. 1995).

Übersicht über geläufige Hypothesen zum Zusammenhang zwischen Arten- und genetischer Diversität

Die Artendiversität und die genetische Diversität einzelner Arten wurden bisher üblicherweise separat betrachtet (HOSIUS et al. 2001). Die theoretische und experimentelle Erforschung konkreter Zusammenhänge zwischen diesen beiden wichtigen Untergruppen der Biodiversität (NOSS 1990, BOOTH & GRIME 2003) konnte bislang keine weitgehend übereinstimmenden Ergebnisse erzielen (VELLEND & GEBER 2005). Dies wird am Beispiel **der Nischen-Varia-**

¹ „*Biological Diversity means the variability among living organisms from all sources including, inter alia, terrestrial, marine and other aquatic ecosystems and the ecological complexes of which they are part; this includes diversity within species, between species and of ecosystems.*“
(Article 2 of the Convention on Biological Diversity, Rio de Janeiro 1992)

Die Biodiversität ist die „*Variabilität lebender Organismen, einschließlich der terrestrischen, marinen und anderen aquatischen Ökosysteme, denen sie zugeordnet sind; Biodiversität beinhaltet auch die Diversität innerhalb von Arten, zwischen Arten sowie von Ökosystemen. Biologische Diversität umfasst nicht nur die Arten, sondern auch ökologische Strukturen, Funktionen und Prozesse.*“ (INNES & KRÄUCHI 1995)

„*Biological diversity is the variety and variability among living organisms and the ecological complexes in which they occur.*“ (NOSS 1990)

tions-Hypothese oder Nischenbreite-Variations-Hypothese verdeutlicht: Nach VAN VALEN (1965) und SOULÉ & STEWART (1970) besagt diese Hypothese, dass generalistisch, mit hoher Nischenbreite, lebende Arten phänologisch und morphologisch variabler sind als spezialisierte, mit schmaler Nischenbreite, lebende Arten. Eine Studie von KARLIN et. al (1984) über vergesellschaftete Salamander-Arten (*Desmognathus sp.*) stützt die Nischen-Variations-Hypothese auf der Grundlage genetischer Merkmale. In dieser Studie wurde festgestellt, dass die Salamanderart mit der größten Verbreitung auch die meisten Isoenzymvarianten aufwies. WILSON (1969) zeigte dagegen für Schnabelmerkmale von Vögeln, dass als spezialisiert geltende tropische Vogelarten nicht weniger Variation der Schnäbel besitzen als Arten, die in nördlich temperierten Breiten eher generalistisch leben.

Da eine zeitliche irreguläre Nischenschwankung mit der Unvorhersagbarkeit der zeitlichen Dynamik von Umweltbedingungen gleichgesetzt werden kann, existieren weitere sehr ähnliche Hypothesen. So vertreten SLOBODKIN & SANDERS (1969) und LEVINS (1968: S.60) die Auffassung, dass Regionen mit hoher Umweltvorhersagbarkeit zu einer hohen Artendiversität tendieren. Dies wird durch eine stärkere Spezialisierung der einzelnen Arten begründet. BEARDMORE & LEVINE (1963) und LEVINS (1968: S.22) legen dar, dass Regionen mit hoher Umweltvorhersagbarkeit eine geringere genetische Variation innerhalb von Arten aufgrund von Spezialisierung aufweisen. JOHNSON (1973) wiederum fasst beide Hypothesen zusammen und erklärt, dass beide zuvor genannten Hypothesen nur kompatibel sind, wenn sich die genetische Variation umgekehrt proportional zur Artendiversität verhält. Er konnte diese Relation durch eine Studie an natürlich vergesellschafteten *Drosophila*- Arten auf vier Hawaii - Inseln belegen. Die mittlere innerartliche genetische Variation der untersuchten Arten sank mit steigender Artenvielfalt. VELLEND (2003) führt dieses Ergebnis allerdings auf einen methodischen Fehler zurück. Aber auch die bereits genannte Salamander-Studie von KARLIN et. al. (1984) bestätigt diese These. Sowohl die genetische Diversität innerhalb einer Art als auch die genetische Diversität aller untersuchten Salamander-Arten sanken mit zunehmender Zahl vergesellschafteter Salamander-Arten.

Die Hypothese von JOHNSON (1973) lässt sich unter Betonung der zugehörigen evolutionären Prozesse folgendermaßen begründen:

- (1) Adaptive Spezialisierung mit nachfolgender Speziation erfordert lange Zeiträume, während derer keine starken irregulären Umweltschwankungen auftreten dürfen. Die Umwelt sollte also vorhersagbar sein.
- (2) Irreguläre Umweltschwankungen erschweren eine Anpassung durch dauerhafte Spezialisierung und damit die Speziation. Eine Überwindung dieser Schwierigkeiten erfordert

kurzfristigere Reaktionsmöglichkeiten. Daher ist eine Anpassung an irreguläre Umweltschwankungen eher auf der innerartlichen Ebene durch Nutzung und Erhaltung ausreichender genetischer Variation möglich.

Damit entscheidet das Ausmaß der Vorhersagbarkeit der Umweltbedingungen über die Verteilung biologischer Variation zwischen und innerhalb von Arten.

Auf irreguläre Umweltbedingungen übertragen impliziert diese Hypothese zum Zusammenhang zwischen den beiden Ebenen biologischer Variation, dass mit zunehmender Irregularität die Artendiversität sinkt und die genetische Diversität innerhalb der Arten steigt. Sollte also das Verhältnis zwischen Artendiversität und intraspezifischer genetischer Diversität vor allem durch die Regularität bzw. Irregularität der jeweiligen Umweltbedingungen geprägt sein, so ist zu erwarten, dass mit steigender Artendiversität die genetische Diversität pro Art fällt.

Natürlich sind auch noch andere Gründe für eine solche Beziehung denkbar, wie etwa eine Begrenzung der Gesamtindividuenzahl durch beschränkt verfügbaren Raum (OTTO 1994: S.110). Ansteigende Artenzahlen könnten hierbei mit weniger Individuen pro Art und damit geringerer genetischer Variation pro Art einhergehen. In der Folge soll dieser formale Sachverhalt als die *inverse Beziehung zwischen Arten- und intraspezifischer genetischer Diversität* bezeichnet werden.

Die erwähnten Untersuchungen von JOHNSON (1973) und KARLIN et. al. (1984) beschränkten sich auf das Niveau einer Gattung, auf welchem eine größere Ähnlichkeit der adaptiven Strategien von Arten angenommen werden kann. Inwiefern bei einer Erweiterung des Artenspektrums über die Gattungsgrenze hinaus noch inverse Beziehungen zwischen Arten- und genetischer Diversität pro Art gelten, bleibt offen. Spezifischere Argumente gegen eine inverse Beziehung könnten sein:

1. der positive Einfluss der Artendiversität auf die Diversität biotischer Umweltfaktoren bzw. die Diversität der Subnischen einer Art (OTTO 1994: S.92); hieraus könnte ein positiver Zusammenhang zwischen Artendiversität und intraspezifischer genetischer Diversität entstehen (KARLIN et al 1984)
2. der Schutz von Individuen mit seltener genetischer Variation vor intraspezifischer Konkurrenz durch Toleranz oder Unterlegenheit anderer benachbarter Arten (CLARKE 1979) kann genetische Variation trotz Zunahme der Artenvielfalt erhalten.

Verschiedene Autoren, wie z.B. MÜLLER et al. (1992), GREGORIUS (2001) und PRETZSCH (2002 und 2005) (vgl. Kap. 4), hoben sowohl die große Bedeutung der Artendiversität als auch der intraspezifisch genetischen Diversität für die Ökosystemstabilität und –dynamik hervor. Diese Bedeutung war ein weiteres Argument für neuere Studien, die sich mit potentiellen Zusammenhängen zwischen den Diversitätskomponenten intraspezifisch genetischer Diversität und Artendiversität auseinandersetzen (HOSIUS et al. 2001, BERGMANN & WEHENKEL 2002, GREGORIUS et al. 2003, VELLEND 2004, VELLEND & GEBER 2005). Untersuchungsobjekte waren hierbei häufig Waldgesellschaften, da sie in Mitteleuropa Teile eines relativ naturnahen (vgl. Kap. 2.4) terrestrischen Ökosystems darstellen. Mit der Naturnähe dieser Wälder verband sich die Erwartung, dass Wechselwirkungen zwischen der Arten- und der genetischen Diversität auftraten, die möglichst wenig durch Menschen gestört waren. Ob aber die Charakteristika von Waldgesellschaften, wie beispielsweise die Artenzusammensetzung, die Stellung in der Waldentwicklung sowie die Naturnähe, tatsächlich einen Einfluss auf die biologischen Diversitäten und deren Kopplungen besitzen, wurde bisher nicht geprüft.

Die nachfolgende Untersuchung an Baum- und Straucharten in Beständen einiger Waldgesellschaften in Thüringen greift diese Fragestellungen auf. Insbesondere dient die Untersuchung der Prüfung folgenden oben teilweise begründeten Hypothesen:

1. Zwischen der Arten- und der intraspezifisch genetischen Diversität besteht ein negativer Zusammenhang.
2. Die über die Arten gemittelte genetische Diversität eines Baumbestandes fällt mit dem Anteil von Begleitbaumarten, da letztere im allgemeinen in geringen Populationsgrößen auftreten und damit stärkerer genetischer Drift unterworfen sind. Mit zunehmender Sukzession nimmt folglich die mittlere genetische Diversität pro Art zu, da der Anteil dominanter Baumarten zunimmt.
3. Die über die Arten gemittelte genetische Diversität eines Baumbestandes steigt mit seiner Naturnähe, da Naturnähe stabilitätsfördernd insbesondere durch eine höhere Anpassbarkeit und Anpassungsfähigkeit der Population sowie die dafür erforderliche genetische Vielfalt ist.

Der Schlüssel zur Prüfung der drei Hypothesen findet sich in einer von GREGORIUS et al. (2003) entwickelten Merkmalskonzeption. Durch diese Konzeption wird es möglich, dass genetische Eigenschaften artübergreifend bzw. transspezifisch als ein Merkmal betrachtet werden können (vgl. Kap. 4.6.2). Damit ergibt sich auch die Gelegenheit, transspezifisch genetische Diversitäten innerhalb von biologischen Kollektiven und transspezifisch genetische Differenzierungen zwischen biologischen Kollektiven (vgl. Kap. 4.6.3) zu ermitteln.

Die erste Hypothese soll getestet werden, indem am Beispiel von ausgewählten Beständen verschiedener Waldgesellschaften (vgl. Kap. 4.3) zunächst sowohl die Artendiversitäten als auch intraspezifische und artübergreifende genetische Diversitäten (vgl. Kap. 4.6.3) bestimmt werden. Anschließend werden ihre Abhängigkeiten zueinander mittels Korrelations- und Regressionsanalyse und weiterentwickelter Permutationstests statistisch geprüft (vgl. Kap. 4.6.4 und 6.4). Dabei kommen auch neue Methoden im Versuchsaufbau (vgl. Kap. 4.4), der Ermittlung der genetischen Merkmale (vgl. Kap. 4.6.2) und Bestimmung der genetischen Diversitäten zum Einsatz (vgl. Kap. 4.6.3).

Die zweite Hypothese soll geprüft werden, indem für jede Baumart innerhalb beispielhaft ausgewählter, verschiedene Waldgesellschaften repräsentierender Bestände (vgl. Kap. 4.3) deren Dominanz in Form relativer Arthäufigkeit errechnet (vgl. Kap. 4.6), deren Verbreitungs- und Etablierungsstrategie (vgl. Kap. 2.3 und 4.2) berücksichtigt sowie deren intraspezifisch genetische Diversität (vgl. Kap. 4.6.3) bestimmt wird. Aus den intraspezifisch genetischen Diversitäten der beteiligten Baumarten des jeweiligen Bestandes wird, nach ihren relativen Häufigkeiten gewichtet, eine mittlere intraspezifisch genetische Diversität pro Bestand errechnet. Die mittlere intraspezifisch genetische Diversität pro Bestand entspricht der über die Arten gemittelten genetischen Diversität eines Baumbestandes. Für jede Baumart werden anschließend ihre Dominanz sowie Verbreitungs- und Etablierungsstrategien der mittleren intraspezifisch genetischen Diversität des Bestandes gegenübergestellt (vgl. Kap. 5.6 und 5.7). Die Stärke der Abhängigkeit der mittleren intraspezifisch genetischen Diversität pro Bestand von bestimmten Baumarten bzw. von deren relativen Häufigkeiten soll mittels Korrelationsanalyse und F-Test auf statistische Signifikanzen getestet werden (vgl. Kap. 4.6.4). Die Abhängigkeit der mittleren intraspezifisch genetischen Diversität vom Sukzessionsstadium wird mit Hilfe von Permutationstests geprüft (vgl. Kap. 4.6.4).

Die dritte Hypothese soll getestet werden, indem zunächst fünf Naturnähestufen (vgl. Kap. 2.4 und 4.3) in eine „naturfernere“ und „naturnähere“ Klasse zusammengefasst und die ausgewählten Bestände (vgl. Kap. 4.3) den beiden Klassen zugeordnet werden. Anschließend sollen die Klassenmittelwerte der mittleren genetischen Diversitäten pro Bestand (vgl. Kap. 4.6.3 und 5.7) mittels Permutationstests auf statistisch signifikante Unterschiede geprüft werden (vgl. Kap. 4.6.4).

2 Relevante Faktoren der Entstehung, der Veränderung und des Verlustes von biologischer Diversität

In diesem Kapitel wird auf die Faktoren eingegangen, deren Einflüsse auf biologische Diversitäten laut der oben genannten Hypothesen möglich erscheinen oder zur Begründung der Prüfergebnisse der Hypothesen 1 bis 3 beitragen könnten.

2.1 Abiotische Umwelt

Die Biodiversität wird durch verschiedenste abiotische Umweltbedingungen beeinflusst.

Die Energy-Stability-Area Theory of Biodiversity (ESA-Theorie) besagt, dass die Biodiversität umso größer ist,

- je mehr Sonnenenergie zur Verfügung steht,
- je stabiler das Klima sowohl im Ablauf der Jahreszeiten als auch über die Jahre hin ist und
- schließlich je größer das betrachtete Gebiet ist (WILSON 1996: S.243).

Artenreichtum lässt sich ferner als eine Funktion der Evapotranspiration² und deshalb auch als eine Funktion der Sonnenstrahlung und des Wasserangebotes darstellen. Überregional wird vermutet, dass sich diejenige Artzusammensetzung einfindet, die das Energie- und Wasserangebot am effektivsten verwertet. Uneffektivere Gesellschaften werden verdrängt (HOBOHM 1998: S.35).

DUPRE et al. (2002) setzten sich mit dem Einfluss von Bodenfruchtbarkeit und -produktivität auf die Artenvielfalt auseinander und stellten folgende Beziehungen fest: Der Nährelementgehalt im Boden bestimmt die entsprechende Vegetation unmittelbar. Die Beziehung zwischen Artenreichtum und Nährstoffgehalt des Bodens ist meist normalverteilt. Gelegentlich werden auch linksschiefe Verteilungen beobachtet. Dieser Zusammenhang gilt auch für die Produktivität, die häufig an die Bodenfruchtbarkeit gekoppelt ist. Die Artenvielfalt ist daher bei moderater Produktivität am größten, da hier meist Standorte höherer Umweltheterogenität und mit einem größeren habitatspezifischen Artenpool vorliegen.

Die Artendiversität ist besonders groß, wenn eine Störung mittlerer Intensität regelmäßig stattfindet³. Die These des positiven Einflusses des Vicinismus⁴ auf die Artenvielfalt ist nicht grundsätzlich gültig (HOBOHM 1998: S.36).

² Transpiration+Evaporation

³ „intermediate disturbance hypothesis“

⁴ Unter Vicinismus versteht man die Variation in einer Population, die durch die Nähe anderer Organismen bedingt ist (Schäfer 2003)

Die Gesamtartenzahl wird auch durch die Größe des evolutionsbiologischen und wandergeschichtlichen Raumes bestimmt (HOBOM 1998: S.35f.).

In mitteleuropäischen Wäldern wird die Artenvielfalt durch die Baumartenmischung stärker als durch die Bestandesstruktur beeinflusst (HANSTEIN & STURM 1986).

2.2 Verbreitungsgeschichte

Die mitteleuropäischen Wälder sind das Ergebnis unterschiedlicher historischer, ökologisch-genetischer und anthropogener Prozesse (HATTEMER et al. 1993: S.294).

Wesentliche Faktoren, welche die genetische Diversität der Baumarten in Europa beeinflussen, sind nach STETTLER (1987), MAYER (1992: S.54) und BERGMANN (1991):

1. Anzahl und Typen isolierter eiszeitlicher Refugien,
2. die nacheiszeitliche Wiederausbreitung aus den Rückzugsgebieten,
3. die Verbreitungsstrategie der Baumarten und
4. der menschliche Einfluss.

Der Einfluss des jeweiligen Faktors kann von Baumart zu Baumart stark schwanken (KÜSTER 1998). Die Wiederausbreitung einer Art ist grundsätzlich abhängig von der Länge der zurückgelegten Wanderwege aus ihren Refugien und ihrer spezifischen Wandergeschwindigkeit. Klima und Konkurrenz sind die wichtigsten Faktoren einer Arealveränderung. Dabei tritt ein Gleichgewicht zwischen der Verbreitung einer Baumart und ihrer Umwelt erst nach längerer Zeit ein (KRAL 1974).

Eine natürliche Ausbreitung mitteleuropäischer Baumarten fand bedingt durch den Menschen in den letzten 2000 Jahren nur noch eingeschränkt statt. Der menschliche Einfluss zeigt sich durch Entwaldung, Nutzung, Fragmentierung, Veränderungen der Altersstruktur, Veränderungen der Standort- und Umweltbedingungen und Verfrachtung von Populationen (KELLER 1992). Des Weiteren kann die ursprüngliche genetische Zusammensetzung durch Saat und Pflanzung, Wiederaufforstung aus nicht autochthonen Herkünften und Verringerung von effektiven Populationsgrößen verändert werden (HATTEMER et al. 1993). Die Artenzusammensetzung wird durch Förderung, aber auch Raubbau „nützlicher“ Arten und Bekämpfung „schädigender“ Arten manipuliert. All diese anthropogenen Einwirkungen können folglich auch den Anteil von Begleitbaumarten und den Grad der Naturnähe von Wäldern beeinflussen. VELLEND (2004) zeigte, dass eine frühere menschliche Landnutzung zu einem positiven Zusammenhang zwischen der Arten- und genetischen Diversität führen kann, was bereits die Allgemeingültigkeit der Hypothese 1 eines negativen Zusammenhanges zwischen der Arten- und genetischen Diversität in Frage stellt.

2.3 Sukzession

Der Begriff der Sukzession ist insbesondere für die Hypothese 2 relevant, die einen Einfluss des Sukzessionsstadiums sowie der Begleitbaumarten auf die genetische Diversität vorsieht.

Waldsukzessionen sind gerichtete langfristige determinierte Veränderungen definierter Waldgemeinschaften hin zu anderen Artzusammensetzungen bis ein Waldzustand relativer Gesellschaftsstabilität – die Klimaxgesellschaft – erreicht wird (WEST et al. 1981). Ausgelöst werden Waldsukzessionen oft durch Störungen und Zerfallsprozesse. Wichtige Beschränkungen der Waldsukzessionsdynamik sind nach OTTO (1994: S.301ff.):

- a) das Großklima,
- b) suboptimale Bedingungen im Verbreitungsgebiet jeder Baumart,
- c) ökologische Potenz der einzelnen Baumart,
- d) intra- und interspezifische Konkurrenz,
- e) Wechselwirkung der Funktionsebenen im Wald und
- f) Energie- und Stoffflüsse.

Waldsukzessionen können in Phasen bzw. Stadien eingeteilt werden (WECK 1947, REMMERT 1992). In welchem Stadium eine Baumart vorkommen oder gar dominieren kann, wird insbesondere durch ihre Arteigenschaften festgelegt. Die Kombination der Eigenschaften gibt der Art wiederum eine Überlebensstrategie vor (oder umgekehrt). Eine geläufige Einteilung von Vermehrungsstrategien von Arten ist die Unterteilung in r-Strategen und K-Strategen. r-Strategen werden durch Kurzlebigkeit und schwache Konkurrenzfähigkeit charakterisiert. Weiter sind die r-Strategen gekennzeichnet durch eine hohe Fertilität sowie hohe Mortalität. K-Strategen sind dagegen langlebig und konkurrenzstark. Sie weisen eine niedrige Fertilität sowie niedrige Mortalität auf. Die Abundanz von K-Strategen liegt daher nahe der Kapazitätsgrenze. Beide Strategien sind Extreme in einem r-K-Kontinuum (REMMERT 1992: S.137f.). So besitzen z. B. die Arten Traubeneiche, Bergahorn und Winterlinde Eigenschaften, die der r-Strategie zuzuordnen sind. Andere ihrer Eigenschaften erinnern an eine K-Strategie. Auch die Größe und das damit verbundene Verbreitungsvermögen von Samen lassen sich im Sinne der jeweiligen Strategie der Bäume deuten. Konkurrenzschwache und anspruchslose r-Strategen wie Birke und Kiefer kommen häufig in frühen Sukzessionsstadien und konkurrenzstarke K-Strategen, wie Rotbuche und Weißtanne, oft in späten Stadien vor (OTTO 1994: S.304). Während noch für CLEMENTS (1916) der Klimax als Endstadium der Sukzessionen gesetzmäßig und ohne Störung potentiell unsterblich war, stellt der Klimax nach SPURR & BARNES (1980) keine stabile, dauerhafte, sich selbst wiederbelebende und erhaltende Schlussgesellschaft dar.

Sie begründen dies mit externen Störungen, wie z. B. Wind und Feuer, die auf den Zustand von Waldgesellschaften obligat wirken. Der Zustand von Waldgesellschaften ist folglich immer im Fluss (Fließgleichgewicht).

2.4 Naturnähe

In Hypothese 3 wird der Naturnähe ein Einfluss auf die über die Arten gemittelte genetische Diversität eines Baumbestandes beigemessen.

„Natur ist die Gesamtheit aller nichtlebenden und lebenden Formen der Materie, die im Unterschied zur Gesellschaft ohne menschlichen Einfluss entstanden sind und existieren“ (ZWAHR & WECK 1987). Das heißt konsequenterweise, je mehr menschlicher Einfluss und im weiteren Sinne bewusstes oder unbewusstes menschliches Tun vorkommt, umso naturferner ist der resultierende Zustand. Da die Elemente der Natur in Wechselwirkung stehen, sind sie alle aufgrund der Einwirkungen des Menschen mindestens indirekt anthropogen beeinflusst.

Aufbauend auf den Begriff der „Natur“ gibt es mehrere Definitionen der „Naturnähe“, die z.B. lauten:

1. Naturnähe ist der Grad menschlicher Beeinflussung (s. Hemerobiekonzept nach BLUME & SUKOPP 1976, DIERSCHKE 1984) oder
2. Naturnähe ist der Grad der Fähigkeit zu selbstorganisierter Entwicklung (HOFMANN 1995, 1997).

Alle Naturnähe-Definitionen haben die Schwierigkeit, dass die maximale Natürlichkeit unbekannt ist. Bereits die Anwesenheit eines beobachtenden Menschen stellt eine Beeinflussung dar. Ein weiteres praktisches Problem ist die Benennung und Beschreibung aller biotischen und abiotischen Elemente eines Ist- und Soll- Systems, um diese (Öko-) Systeme miteinander vergleichen zu können. In der praktischen Umsetzung bedeutet dies, dass für den Vergleich nur Zeigerelemente oder Ordnungsparameter des Ökosystems berücksichtigt werden können, die unter gegebenen standörtlichen Rahmenbedingungen das System charakterisieren oder mindestens die Selbstorganisationskapazität kontrollieren (z.B. in einem Waldökosystem die Baumschicht). Das Hemerobiekonzept ist problematisch, da anthropogene Umweltveränderungen zu einer neuen Natürlichkeit führen können (HOFMANN 1995). Naturnähe kann beispielsweise durch direkte menschliche Eingriffe sogar erhöht werden. Die Naturnähe-Definition nach HOFMANN (1995, 1997) gilt nur, wenn jene Ökosystemeinheiten, deren Organisationsformen im Verlauf der ökosystemgeschichtlichen Entwicklung von der Natur ausgelesen wurden, unter gegebenen standörtlichen Rahmenbedingungen den höchsten Grad der Selbstorganisationsfähigkeit besitzen. Aber die Wahrscheinlichkeit ist gering, dass in Mitteleuropa