

Symposium „Raumökologie und Biogeographie“

• Einführungsvortrag

Hof C (Frankfurt):

Globaler Wandel und Biodiversität: Makroökologische Perspektiven

✉ Christian Hof, Biodiversität und Klima Forschungszentrum (BiK-F) & Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt am Main; E-Mail: christian.hof@senckenberg.de

Der Einfluss des globalen Wandels auf die biologische Vielfalt ist wohl der drängendste Gegenstand aktueller ökologischer Forschung. Zusätzlich zu den Folgen des Landnutzungswandels stellt der anthropogen verursachte Klimawandel eine besondere Bedrohung für Ökosysteme und Biodiversität dar. Während der letzten 100 Jahre hat sich die Erde im globalen Durchschnitt um etwa 1 °C erwärmt, und die Folgen in biotischen Systemen sind bereits deutlich sichtbar. Zahlreiche Arten reagieren etwa mit Änderungen ihrer Phänologie oder Verschiebungen ihrer Verbreitungsgebiete (Chen et al. 2011; Grewe et al. 2013); letzteres beeinflusst wiederum die räumlichen Muster des Artenreichtums. Prognosen der globalen Temperaturerwärmung belaufen sich auf etwa 2–6 °C bis zum Ende dieses Jahrhunderts, weitere gravierende Konsequenzen des Klimawandels für Arten und Ökosysteme sind also zu erwarten.

Die Makroökologie hat es sich zur Aufgabe gemacht, ökologische Muster und Prozesse sowohl über zahlreiche Arten hinweg als auch auf großer räumlicher Skala mithilfe statistischer Verfahren zu beschreiben und erklären (Smith et al. 2008). Insbesondere bei der Quantifizierung beobachteter und prognostizierter Auswirkungen des Klimawandels erfreut sich der makroökologische Ansatz in den letzten Jahren immer größerer Beliebtheit.

Eine der in diesem Kontext am häufigsten angewendeten Methoden ist die sogenannte Artverbreitungs- oder Nischenmodellierung (Elith & Leathwick 2009). Diese verwendet Daten zum Vorkommen einer Art, welche anhand eines statistischen Modells mit klimatischen oder anderen (zumeist abiotischen) Variablen gekoppelt werden, um die klimatische Präferenz der untersuchten Art zu bestimmen. Diese kann dann beispielsweise unter Zuhilfenahme zukünftiger Klimaprojektionen zurück in den geografischen Raum projiziert werden, um Vorkommenswahrscheinlichkeiten oder potenzielle Arealveränderungen unter verschiedenen Klimawandel-Szenarien zu berechnen. Im Zeitalter immer größerer öffentlich zugänglicher Quellen von Artverbreitungsdaten, frei verfügbarer Softwarepakete mit zahllosen zur Wahl stehenden Modellalgorithmen

und des schier unaufhaltsamen Anwachsens der nutzbaren Computer-Rechenleistung bietet die Artverbreitungsmodellierung die Möglichkeit, die potenziellen Auswirkungen des Klimawandels auf Verbreitungsgebiete für viele Arten, und damit die möglichen Bedrohungen der Biodiversität ganzer höherer Taxa zu quantifizieren (Hof et al. 2011a).

Diesen Vorteilen stehen allerdings verschiedene, rein korrelative Methoden zwangsläufig inhärente Nachteile gegenüber, so z. B. die fehlende Berücksichtigung (1) der Ausbreitungsfähigkeit von betrachteten Arten, (2) biotischer Interaktionen und (3) experimentell quantifizierter physiologischer Informationen hinsichtlich der Fähigkeit von Arten, geänderte klimatische Bedingungen tolerieren zu können. In Bezug auf letztgenanntes Problem zeigen unsere neuesten Studien, welche wir anhand aus der Literatur zusammengetragener, experimenteller Daten zur Temperaturtoleranz durchführten, dass eine große Zahl der untersuchten mehr als 450 Vogel- und Säugetierarten aller Voraussicht nach mit erheblichen Temperatursteigerungen fertig werden könnte (Khaliq et al. 2014). Arten tropischer Regionen jedoch werden aller Voraussicht nach selbst geringe Anstiege der Außentemperatur nur schwer tolerieren können, da bereits jetzt die Differenz zwischen erfahrener Außentemperatur und oberem kritischem Temperaturlimit zumeist nur gering ist (Khaliq et al. 2014). Zur Verbesserung von Modellen zukünftiger Verbreitungsgebiete und Diversitätsmuster liegt, neben der Integration physiologischer und biogeografischer Daten, erhebliches Potenzial in der Verknüpfung von Daten zu beobachteten Populationstrends und Informationen zu beobachteten klimatischen Veränderungen in verschiedenen Teilen der Verbreitungsgebiete (bei Zugvögeln insbesondere auch im Überwinterungsgebiet, vgl. z. B. Ockendon et al. 2014).

Beim Versuch, zukünftige Szenarien der Auswirkungen des Klimawandels auf Arten und Ökosysteme abzuschätzen, scheint es schließlich in jedem Falle essentiell, auch andere Gefährdungsfaktoren, insbesondere den Einfluss der mit dem globalen und regionalen Landnutzungswandel einhergehenden Habitatzerstörung, -degradierung und -fragmentierung zu berücksichtigen (Jetzt et

al. 2007; Hof et al. 2011b). Gerade auch die Interaktion verschiedener Gefährdungsfaktoren ist hier von besonderer Bedeutung, wobei synergistische Effekte ebendieser Faktoren, also solche Effekte, die über rein additive Auswirkungen hinausgehen, noch nicht hinreichend verstanden sind (Hof et al. 2011a). Hier Fortschritte zu erzielen sollte ein dringliches Ziel (makro-) ökologischer Forschung sein - die Integration verschiedener Daten, methodischer Ansätze und Herangehensweisen bietet dazu ein vielversprechendes Potenzial.

Literatur

- Chen IC, Hill JK, Ohlemüller R, Roy DB & Thomas CD 2011: Rapid range shifts of species associated with high levels of climate warming. *Science* 333: 1024–1026.
- Elith J & Leathwick JR 2009: Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annu. Rev. Ecol. Evol. S.* 40: 677–697.
- Grewe Y, Hof C, Dehling DM, Brandl R, & Brändle M 2013: Recent range shifts of European dragonflies provide support

- for an inverse relationship between habitat predictability and dispersal. *Global Ecol. Biogeogr.* 22: 403–409.
- Hof C, Araújo MB, Jetz W, & Rahbek C 2011a: Additive threats from pathogens, climate and land-use change for global amphibian diversity. *Nature* 480: 516–519.
- Hof C, Levinsky I, Araújo MB, & Rahbek C 2011b: Rethinking species' ability to cope with rapid climate change. *Glob. Change Biol.* 17: 2987–2990.
- Jetz W, Wilcove DS, & Dobson AP 2007: Projected impacts of climate and land-use change on the global diversity of birds. *PLoS Biol.* 5: e157.
- Khaliq I, Hof C, Prinzing R, Böhning-Gaese K & Pfenninger M 2014: Global variation in thermal tolerances and vulnerability of endotherms to climate change. *P. Roy. Soc. B - Biol. Sci.* 281: 20141097.
- Ockendon N, Johnston A, & Baillie SR 2014: Rainfall on wintering grounds affects population change in many species of Afro-Palaeartic migrants. *J. Ornithol.* 155: 905–917.
- Smith FA, Lyons SK, Ernest SKM, & Brown JH 2008: Macroecology: more than the division of food and space among species on continents. *Prog. Phys. Geog.* 32: 115–138.

• Vorträge

Tietze DT (Heidelberg):

Die jüngere Geschichte der historischen Biogeografie

✉ Dieter Thomas Tietze, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie, Universität Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 364, D-69120 Heidelberg; E-Mail: mail@dieterthomastietze.de

In der historischen Biogeografie erlauben Stammbäume Rückschlüsse auf die Verbreitungsgebiete der Vorfahren heutiger Arten. Anfangs verbreitete Methoden folgten dem Prinzip der Maximum Parsimony, versuchen also, mit möglichst wenigen Ausbreitungsereignissen die heutigen Verbreitungsmuster zu erklären, indem sie die allopatrische Verbreitung von Schwesterarten begünstigen (Dispersal-Vikarianz-Analyse, DIVA). Datierete Stammbäume ermöglichen über ihre Astlängen die Einordnung von Ausbreitungsereignissen in die geografischen Verhältnisse des entsprechenden geologischen Zeitraums. Die probabilistische Modellierung der Evolution von Verbreitung stellte einen erheblichen Fortschritt in der historischen Biogeografie dar. Biogeografische Probleme wurden so Modellen zugänglich, die auf Maximum Likelihood und Bayesschen Verfahren basieren. Am verbreitetsten ist das Modell von Dispersal (Arealerweiterung), Aussterben (Areal schrumpfung) und Kladogenese (DEC). Durch die Festlegung von Übergangswahrscheinlichkeiten zwischen Arealen

kann willkürlich auf die Rekonstruktion der ancestralen Verbreitungsgebiete Einfluss genommen werden. Im neuesten methodischen Ansatz (Matzke 2014) werden auch Gründerereignisse im Zuge der Arttaufspaltung zugelassen. Auch die Diversifizierung einer Abstammungsgemeinschaft kann selbst Teil des Modells werden, indem der geografische Zustand (= Vorkommen in Gebiet A oder B) Arttaufspaltung, Aussterben und Dispersal verschieden wahrscheinlich macht.

Tietze & Borthakur (2012) verglichen die gängigen historisch-biogeografischen Methoden am Beispiel der Familie der Meisen (Paridae), Tietze et al. (2013) am Beispiel der Gattung der echten Karmingimpel (*Carpodacus*). Neben der Anwendung der Arealrekonstruktion auf einzelne Vogelgruppen erlaubt die Methodik auch die Beantwortung übergeordneter biogeografischer Fragen durch eine vergleichende Herangehensweise und die „Verortung“ von Merkmalsänderungen im Laufe der Evolution: Päckert et al. (2012) arbeiteten ein dreiphasiges Szenario für die Entstehung der Artengemein-

schaft von Waldvögeln des Himalaya heraus. Alternative Datierungen geologischer Ereignisse wie der Schließung des Isthmus von Panama können überprüft werden, indem erst mittels historischer Biogeografie Übergänge zwischen Nord- und Südamerika bei mehreren Gruppen identifiziert, dann dank der zugrundeliegenden datierten Phylogenien je Jahrmillion und Gruppe ausgezählt werden und dadurch das Jahrmillion erkennbar wird, ab dem der Faunenaustausch begann oder deutlich intensiver wurde. Die historische Biogeografie kann auch helfen, die alte Streitfrage zu beantworten, ob der Langstreckenflug in tropischen oder gemäßigten Breiten evolvierte, indem für jeden Vorfahren nicht nur die Verbreitung, sondern auch die Ausprägung des Merkmals Langstreckenflug rekonstruiert wird.

Literatur

- Matzke NJ 2014: Model selection in historical biogeography reveals that founder-event speciation is a crucial process in island clades. *Syst Biol* 63: 951–970.
- Päckert M, Martens J, Sun Y-H, Severinghaus LL, Nazarenko AA, Ji T, Töpfer T & Tietze DT 2012: Horizontal and elevational phylogeographic patterns of Himalayan and Southeast Asian forest passerines (Aves: Passeriformes). *J Biogeogr* 39: 556–573.
- Tietze DT & Borthakur U 2012: Historical biogeography of tits (Aves: Paridae, Remizidae). *Organisms, Div Evol* 12: 433–444.
- Tietze DT, Päckert M, Martens J, Lehmann H & Sun Y-H 2013: Complete phylogeny and historical biogeography of true rosefinches (Aves: *Carpodacus*). *Zool J Linnean Soc* 169: 215–234.

Schübel L, Fischer C, Teucher M & Habel JC (Weihenstephan, Freising, Trier):

Populationsökologie des Hines Babbler *Turdoides hindei* in ostkenianischen Galeriewäldern

✉ Technische Universität München, Terrestrial Ecology Research Group, Department of Ecology and Ecosystem Management, Center for Food and Life Sciences Weihenstephan, Hans-Carl-von-Carlowitz-Platz 2, D-85354 Freising

Die Galeriewälder Ostafrikas wurden durch den demografischen Druck über die letzten Jahrzehnte weitgehend zerstört und treten heute als kleine Relikthabitate entlang von Flussläufen auf. Diese Galeriewaldfragmente bieten für Menschen wie auch zahlreiche bedrohten Pflanzen- und Tierarten letzte Rückzugsräume. Der Hindedrossling *Turdoides hindei* ist eine für Ostkenia endemische Vogelart, und kommt meist räumlich beschränkt in solchen Galleriewaldinseln vor, ist aber

auch häufig in der invasiven Buschart *Lantana camara* zu beobachten. Bioakustische Analysen und populationsökologische Studien wurden an dieser Vogelart durchgeführt. Die Ergebnisse zeigen, dass lokale Vorkommen stark voneinander differenziert sind. Auf einer Landschaftsebene wird zeigt sich die große Relevanz von Habitatqualität für das Langzeitüberleben dieser sehr bedrohten und rückläufigen Vogelart.

Edelhoff H & Ludwig T (Göttingen, Freiburg):

Modellierung von Auerhuhn-Habitaten *Tetrao urogallus* mit unterschiedlichen Ansätzen: Wie einheitlich sind die Ergebnisse?

✉ Hendrik Edelhoff, Georg-August Universität Göttingen, Abteilung Wildtierwissenschaften, Büsungenweg 3, D-37077 Göttingen; E-Mail: hendrik.edelhoff@gmail.com

Einleitung. Habitatmodelle stellen formal die Beziehungen zwischen dem Vorkommen einer Spezies und verschiedenen Umweltvariablen dar (Guisan & Zimmermann 2000). Sie haben sich zu einem wichtigen Werkzeug im Natur- und Artenschutz entwickelt, das die Habitatansprüche einer Ziel-Art zu analysieren sowie mögliche Vorkommen (und darauf basierend potenzielle Schutzgebiete) vorherzusagen hilft.

Für die statistische Verknüpfung von Artnachweisen und Habitatvariablen sind im Laufe der Zeit eine Vielzahl an Methoden entwickelt worden, die sich unter anderem in Bezug auf die benötigten Daten sowie die

zugrunde liegenden Algorithmen unterscheiden (Elith & Leathwick 2009). Bei der praktischen Anwendung solcher Habitatmodelle sind auch bestimmte Annahmen zu berücksichtigen. Oftmals fallen die Ergebnisse je nach angewandter Methode unterschiedlich aus und sollten dann entsprechend dieser Annahmen interpretiert werden, da sie einen Einfluss auf abgeleitete Managementmaßnahmen haben können (Elith & Graham 2009).

Anhand verschiedener Habitatmodelle für eine Auerhuhn *Tetrao urogallus*-Population im Natura 2000-Gebiet „Niedere Tauern“ (österreichische Zent-

ralalpen) behandeln wir die Frage des Einflusses unterschiedlicher Methoden auf die Modellvorhersagen. Wir vergleichen die Modellierungsmethode MAXENT (Phillips et al. 2006), die mit Präsenz- und Hintergrunddaten arbeitet, mit logistischer Regression (Hosmer & Lemeshow 2004), die auf Präsenz- und (Pseudo-) Absenzdaten basiert.

Methoden. Im Zeitraum Juli-August 2010 sowie im Juli 2011 wurden mittels der Punkt-Stopp-Methode entlang von Transekten mit je 15 Kartierpunkten Habitatparameter im Umkreis von 20 m aufgenommen. Zusätzlich wurde im Umkreis von 5 m für maximal 15 min nach direkten oder indirekten Nachweisen des Auerhuhns gesucht. Mittels eines geografischen Informationssystems zogen wir weitere grobskalige Habitatvariablen wie den Anteil an Waldbeständen mit Stangenholz bzw. mindestens 20 bzw. 50 cm Brusthöhen-Durchmesser sowie die Distanz zu Waldrändern und Bächen hinzu. Die Anteile an verschiedenen Waldbestandstypen ermittelten wir in drei Umkreis-Radien: 130, 300 und 600 m. Zusätzlich berücksichtigten wir topografische und klimatische Variablen wie Seehöhe, Hangneigung und den jährlichen Temperatur- bzw. Niederschlagsdurchschnitt.

Da die MAXENT-Modellierung nicht begangene Zufallspunkte generiert, verwendeten wir hier nur grobskalige Variablen, für die flächendeckend Informationen im GIS vorlagen. Mittels logistischer Regression kalibrierten wir sowohl grobskalige als auch feinskalige (Habitatparameter aus der Kartierung) Modelle. Wir validierten die Modelle durch fünffache Kreuzvalidierung (Fielding & Bell 1997).

Ergebnisse. Die Validierung zeigte mit AUC-Werten von jeweils 0,71 mäßige aber akzeptable Modellgüten

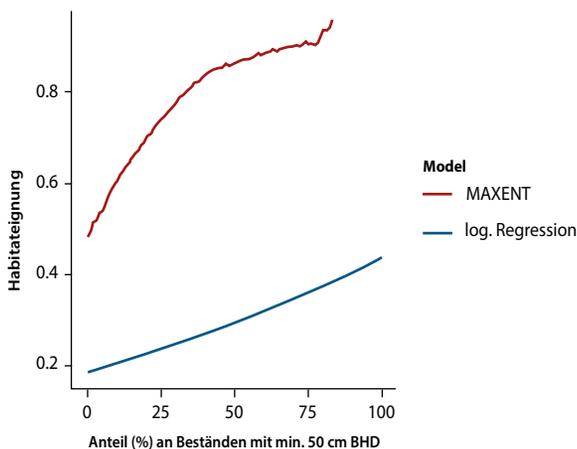


Abb. 1: Responsekurven der Anteile an Beständen mit mindestens 50 cm BHD basierend auf den beiden grobskaligen Modellen. Der prozentuale Anteil war jeweils in unterschiedlichen Radien signifikant (MAXENT: 600 m Umkreis; Regression: 130 m).

für beide grobskalige Modellierungsansätze. Das auf feinskaligen Habitatvariablen basierende Regressionsmodell schnitt hingegen am besten ab (AUC = 0,88). Dieses Modell verdeutlicht, dass lokale Bestandesparameter wie Kronenschluss, Zwergstrauchdeckung und Sukzessionsstadium die Habitatqualität für das Auerhuhn signifikant beeinflussen. Sowohl für die Zwergstrauch-Deckung, als auch den Kronenschluss-Grad, konnten Optimalwerte im mittleren Bereich von ca. 45 bzw. 55 % ermittelt werden.

Beim Vergleich der Modellierungsmethoden erbrachten beide grobskaligen Ansätze eine ähnliche Zusammenstellung an Vorhersage-Variablen. Distanz zur Waldgrenze sowie der Anteil an Stangenholz und älteren Waldbeständen (min. 50 cm BHD) spielten eine wichtige Rolle. Des Weiteren beeinflusste die Topografie (Seehöhe und Hangneigung) die Habitatqualität indirekt. Unterschiede bestanden zwischen den Ansätzen jedoch im Detail. Die Variablen zur Bestandesstruktur gingen zum Beispiel in der logistischen Regression aus den kleineren Umkreis-Skalen ein. Entsprechend unterschieden sich die Responsekurven zu den Anteilen verschiedener Bestandesstrukturen (Abb. 1). Die räumlichen Vorhersagen der Habitatqualität aus beiden Methoden fallen in ihrer Abstufung daher unterschiedlich aus, Schwerpunktgebiete wurden aber ähnlich verortet.

Diskussion. Die Ergebnisse ergänzen sich mit denen aus anderen Auerhuhnlebensräumen in Europa (Storch 1993; Graf et al. 2005; Braunisch & Suchant 2007) und zeigen, dass eine Betrachtung der Habitatparameter mit unterschiedlicher Skalierung wichtig ist. Die Anwendung mehrerer Methoden mit unterschiedlichen Annahmen kann helfen, diese Skalenabhängigkeit einer Art besser sichtbar zu machen. Die gewählte Modellierungsmethode wirkt sich jedoch auch auf die Spannweite der vorhergesagten Habitateignung aus (Abb. 1). Dieser Einfluss sollte nicht unterschätzt werden und muss bei der praktischen Anwendung von Habitatmodellen Berücksichtigung finden.

Literatur

- Braunisch V & Suchant R 2007: A model for evaluating the 'habitat potential' of a landscape for Capercaillie *Tetrao urogallus*: A tool for conservation planning. *Wildlife Biology* 13: 21–33.
- Elith J & Graham CH 2009: Do they? How do they? WHY do they differ? On finding reasons for differing performances of species distribution models. *Ecography* 32: 66–77.
- Elith J & Leathwick JR 2009: Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 40: 677–697.
- Fielding AH & Bell JF 1997: A Review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental Conservation* 24: 38–49.
- Graf RF, Bollmann K, Suter W, & Bugmann H 2005: The importance of spatial scale in habitat models: Capercaillie in the Swiss Alps. *Landscape Ecology* 20: 703–717.

Guisan A & Zimmermann NE 2000: Predictive habitat distribution models in Ecology. *Ecol. Modelling* 135: 147–186.
 Hosmer DW & Lemeshow S 2004: Applied Logistic Regression. John Wiley & Sons.

Phillips SJ, Anderson RP & Schapire RE 2006: Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* 190: 231–259.

Storch I 1993: Habitat selection by Capercaillie in summer and autumn: is bilberry important? *Oecologia* 95: 257–265.

Zurell D, Zimmermann N, Zbinden N, Sattler T, Nobis M & Schröder B (Birmensdorf/Schweiz, Sempach/Schweiz, Braunschweig):

Über- und Unterschätzung des Artenreichtums Schweizer Brutvögel durch statistische Verbreitungsmodelle

✉ Damaris Zurell, Dept. Landschaftsdynamik, Eidg. Forschungsanstalt WSL, Zürcherstraße 111, CH-8903 Birmensdorf/Schweiz; E-Mail: damaris.zurell@wsl.ch

Für die Vorhersage von Klima- und Landnutzungseinflüssen auf die Biodiversität sind Modelle zur Abschätzung von Artenreichtum und Artenzusammensetzung von großer Bedeutung. Zurzeit herrschen zwei verschiedene statistische Ansätze vor zur Modellierung von Artenreichtum. (i) Makroökologische Ansätze setzen Artenreichtum direkt in Beziehung zur Umwelt (Englisch ‚macroecological models‘, MEM). (ii) Artverbreitungsmodelle können zur Modellierung von Einzelarten verwendet und resultierende Vorhersagen der Einzelartvorkommen können dann überlagert werden (Englisch ‚stacked species distribution models‘, S-SDM). Dabei kann auch diese Überlagerung auf unterschiedliche Weisen erfolgen. Die vorhergesagten Vorkommenswahrscheinlichkeiten der Einzelarten können entweder direkt aufsummiert werden (wahrscheinlichkeitsbasierte S-SDM), oder mithilfe artspezifischer Schwellenwerte zuerst in Präsenz-Absenz-Vorhersagen überführt und erst dann aufsummiert werden (schwellewertbasierte S-SDM). Letzterer Ansatz erlaubt auch die direkte Ableitung von potenziellen Artenzusammensetzungen.

In bisherigen Studien zeigen jedoch alle diese Ansätze deutliche Schwächen. (1) MEMs und wahrscheinlichkeitsbasierte S-SDMs weisen oft deutliche Überschätzung geringer Artenzahlen und deutliche Unterschätzung hoher Artenzahlen auf, während (2) schwellewertbasierte S-SDM oft insgesamt eine deutliche Überschätzung zeigen (Abb. 1a). Verschiedene Gründe werden dafür in der Literatur angeführt. Ersteres könnte auf das Phänomen der sog. Regressionsabschwächung zurückzuführen sein, bei der die Umweltansprüche von Arten oder Artgemeinschaften durch die grobe Auflösung der (oft nur klimatischen) Prädiktoren nur im Mittel erfasst werden (Calabrese et al. 2014). Bei Hinzunahme genauerer Variablen (z. B. Landbedeckung) sollte sich diese Verzerrung also verringern lassen (Abb. 1b). Zusätzlich könnte diese Verzerrung von der Prävalenz abhängen, da sehr seltene und sehr häufige Arten schwerer durch Einzelartmo-

delle abgebildet werden können und auch Artenlisten durch sehr häufige Arten derart dominiert sein können, dass der Einfluss der Umwelt auf den Artenreichtum verzerrt wird (Calabrese et al. 2014). Auch weitere biotische Effekte und Artmerkmale könnten eine Rolle spielen. Als Grund für die deutliche Überschätzung durch schwellewertbasierte S-SDM werden von einigen Autoren biotische Interaktionen angenommen, welche das gleichzeitige Vorkommen von Arten begrenzen können (Guisan & Rahbek 2011). Prinzipiell müssten also die verschiedenen Modellansätze für Artengruppen mit geringen interspezifischen Interaktionen konvergieren (Abb. 1c).

Hier vergleichen wir die genannten Ansätze hinsichtlich Muster der Über- und Unterschätzung des Artenreichtums Schweizer Brutvögel und setzen die Modellgüten sowie die relative Diskrepanz zwischen den Modellansätzen in Beziehung zu Arteigenschaften. Die zugrundeliegenden Daten entstammen dem Schweizer Brutvogelatlas 1993–1996 (Schmid et al. 1998). Von den darin beschriebenen 173 Brutvögeln der Schweiz wählten wir die 104 Arten, die eine Prävalenz von mindestens 5% im Untersuchungsgebiet zeigten. Die räumliche Auflösung ist 1 km² und die Stichprobe beträgt (nach Verschneidung mit GIS-basierten Umweltvariablen) 2709 Zellen. Verwendete Prädiktorenansätze sind klimatische und topografische Variablen sowie proportionale Landbedeckungsklassen. Artmerkmale beschreiben die bevorzugte Nahrung, das Nahrungs- und Bruthabitat, den Migrationsstatus sowie die Körpergröße als Näherung für die benötigten Ressourcenmengen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die relative Über- und Unterschätzung in MEMs und wahrscheinlichkeitsbasierten S-SDMs durch Hinzunahme von habitatbeschreibenden Variablen verringert werden kann. Dieser Effekt ist jedoch vergleichsweise gering, wahrscheinlich durch die grobe räumliche Auflösung der Prädiktoren. Analysen der Residuen zeigen, dass ein Großteil der verbleibenden Varianz durch die Ansprüche an Brut-

und Nahrungshabitaten erklärt werden können, gefolgt von Nahrungspräferenz und Prävalenz. Insgesamt kann die Unterschätzung (negative Residuen) viel besser durch Artmerkmale erklärt werden. Betrachtet man die Vorhersagen spezifischer Gruppen (klassifiziert anhand ihrer relativen Ähnlichkeit in Merkmalsausprägungen), so zeigt sich, dass sich Arten mit weniger spezifischen Habitatsansprüchen und Kulturfolger annähernd ohne Verzerrungen modellieren lassen. Die Diskrepanz zwischen MEMs/wahrscheinlichkeitsbasierten S-SDMs und schwellenwertbasierten S-SDMs ist größer bei Arten mit großen Aktionsräumen und/oder stark ausgeprägtem Territorialverhalten während die Modelltypen bei häufigen und geselligen Arten zunehmend konvergieren. Dies deutet auf einen starken Einfluss sowohl inter- als auch intraspezifischen Interaktionen hin, welches in zukünftigen Modellierungen Berücksichtigung finden sollte.

Herzlichen Dank an die engagierten, hochqualifizierten Freiwilligen, welche die Feldbeobachtungen für den Brutvogelatlas leisten.

Literatur

- Calabrese JM, Certain G, Kraan C & Dormann CF 2014: Stacking species distribution models and adjusting bias by linking them to macroecological models. *Global Ecology and Biogeography* 23: 99–112.
- Guisan A & Rahbek C 2011: SESAM - a new framework integrating macroecological and species distribution models for predicting spatio-temporal patterns of species assemblages. *Journal of Biogeography* 38: 1433–1444.
- Schmid H, Luder R, Naef-Daenzer B, Graf R & Zbinden N 1998: Schweizer Brutvogelatlas. Verbreitung der Brutvögel in der Schweiz und im Fürstentum Liechtenstein 1993–1996. Schweizerische Vogelwarte, Sempach, Switzerland.

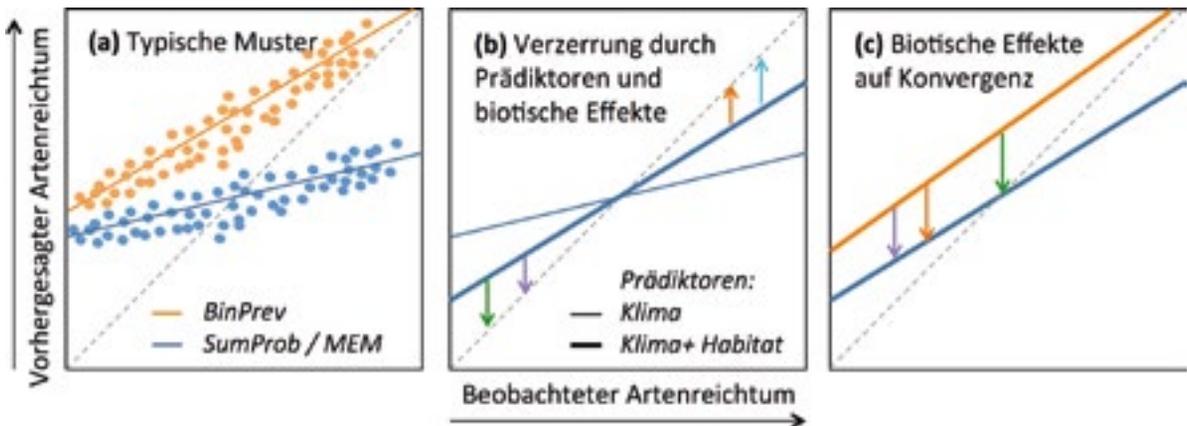


Abb. 1: Schematische Übersicht der Problemstellung. Die Abkürzung *SumProb* bezieht sich auf wahrscheinlichkeitsbasierte S-SDM, *BinPrev* auf schwellenwertbasierte S-SDM mit der artspezifischen Prävalenz als Schwellenwert.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Vogelwarte - Zeitschrift für Vogelkunde](#)

Jahr/Year: 2014

Band/Volume: [52_2014](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Symposium "Raumökologie und Biogeographie" 329-334](#)