

Master Thesis

im Rahmen des
Universitätslehrganges „Geographical Information Science & Systems“
(UNIGIS MSc) am Zentrum für GeoInformatik (Z_GIS)
der Paris Lodron-Universität Salzburg

zum Thema

**„Modellierung der Auswirkungen des Klimawandels auf
die landlebenden europäischen Säugetiere“**

vorgelegt von

Dipl.-Biol. Dirk Herrmann

Teilnehmerkennzahl U1313, UNIGIS MSc Jahrgang 2007

Zur Erlangung des Grades
„Master of Science (Geographical Information Science & Systems) – MSc(GIS)“

Gutachter:

Ao. Univ. Prof. Dr. Josef Strobl

PD Dr. habil. Carsten Dormann

Neustadt am Rübenerberge, 28.06.2009

Danksagung

Die vorliegende UNIGIS-Abschlussarbeit konnte freundlicherweise extern am Helmholtz Zentrum für Umweltforschung (UFZ) im Department Landschaftsökologie angefertigt werden. Besonderer Dank gebührt in diesem Zusammenhang Herrn Dr. Carsten Dormann vom UFZ, der das Thema der Arbeit stellte und die Arbeit fachlich in hervorragender Weise und in sehr netter Atmosphäre betreute. Hervorheben möchte ich die intensiven fachlichen Diskussionen, die mir auch über den eigentlichen Gegenstand der Arbeit hinaus neue Perspektiven eröffneten.

Auch Dr. Bernd Gruber (ebenfalls UFZ) unterstützte mich mit verschiedenen Anregungen und stellte Daten zur Verfügung.

Sehr herzlich möchte ich meinem Erstbetreuer, Herrn Prof. Dr. Josef Strobl danken, der die externe Anfertigung der Arbeit unterstützte und der mir ebenfalls mit vielen fachlichen Ratschlägen zur Seite stand. Ganz besonders wichtig war auch die Motivation und Betreuung im Vorfeld der Themenfindung.

Ein ganz persönlicher Dank gilt meiner Lebenspartnerin Jutta Heldt, die mich stets motivierte, die die vielen Abende und Wochenenden tolerierte, die ich am Computer zubrachte, und die auch für recht abgehobene Ideen immer ein offenes Ohr hatte.

Erklärung der eigenständigen Abfassung der Arbeit

Ich versichere, diese Master Thesis ohne fremde Hilfe und ohne Verwendung anderer als der angeführten Quellen angefertigt zu haben, und dass die Arbeit in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegen hat. Alle Ausführungen der Arbeit die wörtlich oder sinngemäß übernommen wurden, sind entsprechend gekennzeichnet.

Neustadt, den 28.06.2009

Dirk Herrmann

Zusammenfassung

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, die Auswirkungen des Klimawandels auf die europäischen, landlebenden Säugetiere und insbesondere auf die Wirksamkeit des europaweiten Schutzgebietssystems Natura 2000 abzuschätzen. Das Untersuchungsgebiet umfasste das geografische Europa ohne Island, Teile Russlands westlich des Urals sowie Teile der Ukraine, schloss aber die Westtürkei und den äußersten Norden der Maghrebstaaten ein. Alle Variablen wurden auf ein 50x50 km weites Raster (Koordinatensystem ETRS89 Lamberth Azimuthal Equal Area 52N10E) umgerechnet.

Mithilfe der Methode *boosted regression trees* (BRT) wurden die gegenwärtige und die für Mitte des Jahrhunderts zu erwartende Verbreitung von 172 der 184 insgesamt im Untersuchungsgebiet vorkommenden, landlebenden Säugetierarten modelliert. Die Verbreitung lag in Form von Präsenz/Absenzdaten aus dem *European Mammal Assessment* des IUCN vor. Es wurden vier verschiedene Klimaszenarien verwendet, die unterschiedliche gesellschaftliche Entwicklungen repräsentieren.

Von den 13 untersuchten erklärenden Variablen stellten sich Klimaparameter, an erster Stelle die *growing degree days* $> 5^{\circ}\text{C}$ als am wichtigsten heraus, während Landbedeckungs- und Topografievariablen geringeren Einfluss auf die Modellvorhersagen hatten.

Für den Zeitraum 2051-2060 droht unter der Annahme, dass kein „Mitwandern“ mit dem Klimawandel möglich ist, je nach Szenario für ca. 16 – 25% aller daraufhin untersuchten 172 Arten der Verlust der Hälfte oder mehr ihres Areals. Unter der Annahme einer Möglichkeit zur unbegrenzten Ausbreitung sind es rund 11 – 18%; auf der anderen Seite könnten im letztgenannten Fall 11 – 21% der untersuchten Arten ihr Verbreitungsgebiet um 50% oder mehr ausdehnen. Während es damit unter der Voraussetzung entsprechender Wandermöglichkeiten in erster Linie zu einer Verschiebung der Zonen mit hoher Biodiversität in Richtung Norden kommt, würde sich unter der Annahme „keine Wanderung“ die Artenzahl in großen Teilen Europas deutlich reduzieren.

Der mittlere Verlust an Vorkommen in Natura 2000 – Gebieten für alle modellierten Arten und den Zeitraum 2051-2060 liegt je nach Szenario zwischen rund 11 und 24%.

Werden nur die Arten des Anhangs II betrachtet, ergibt sich ein höherer Verlust von rund 24-28%.

Der Klimawandel dürfte insbesondere in Süd- und Südosteuropa, d.h. den Bereichen mit der aktuell höchsten Artenzahl, zu einem hohen Verlust an Säugetierarten führen. Aber auch nordeuropäisch verbreitete Säugetierarten sind stark vom Klimawandel bedroht.

Die Ergebnisse zeigen, dass selbst unter moderaten Klimaszenarien die Neuausweisung von Schutzgebieten sowie der Erhalt und die Neuschaffung von Biotopverbundstrukturen dringend notwendig sind, um den Verlust der Biodiversität möglichst gering zu halten.

Abstract

This investigation deals with the effects of climate change on European terrestrial mammals. Special interest lies on the efficiency of Natura 2000, a system of conservation areas within the European Union. Study area was the geographical Europe without Iceland and parts of Russia and Ukraine, but including western Turkey and the north of Maghreb states. All variables were converted to a 50x50km grid (coordinate system ETRS89 Lamberth Azimuthal Equal Area 52N10E).

The current and the expected distribution for the decade 2051-2060 were modelled for 172 of 184 mammal species occurring in the study area. Calculation was carried out with the machine learning method *boosted regression trees* (BRT). Distribution data were taken from the *European Mammal Assessment* of the IUCN. There were four climate scenarios used, representing different social tendencies. Climate parameters, especially *growing degree days over 5°*, were most important for the predicted distribution, whereas land cover and topographical variables had less influence on the results.

Assuming that there are no possibilities for species to migrate with changing climate conditions, 16-25% of the species will lose more than a half of their current distribution area until 2051-2060. If migration is possible, this percentage amounts to 11-18%, depending on the climate scenario. On the other hand there could be 11-21% of species which could be able to enlarge their distribution area for at least 50%. Unlimited

migration leads to a shift of zones with high biodiversity, while the number of species would strongly decrease in most parts of Europe if migration is impossible.

Between 11 and 24% of incidences of all modelled species in Natura 2000 sites could get lost until 2051-2060. The loss of species of annex II of the Habitats Directive would be even greater, with 24-28 of incidences disappearing until 2051-2060.

Especially in southern and south eastern parts of Europe climate change could result in a high loss of species. This region shows currently the highest biodiversity of terrestrial mammals in Europe. On the other side there are some North European species who are seriously threatened, too.

The results lead to the conclusion that even under moderate climate scenarios it will be necessary to designate new nature reserves to limit the loss of biodiversity. Moreover, great efforts have to be made to improve habitat connectivity.

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	i
Abstract.....	ii
1 Einführung	1
2 Theoretische Grundlagen.....	3
2.1 Säugetiere und Klima	3
2.2 Habitatmodellierung	4
2.3 Statistische Methoden.....	6
2.3.1 Boosted regression trees (BRT).....	6
2.3.2 Modellgüte.....	10
2.3.3 Random forest	11
2.3.4 Kollinearität	12
2.4 Natura 2000	13
3 Projektbeschreibung	15
3.1 Ablaufschema	15
3.2 Untersuchungsgebiet und Referenzraster	15
3.3 Datengrundlagen.....	17
3.3.1 Verbreitung der Säugetiere.....	17
3.3.2 Natura 2000	19
3.3.3 Klimadaten	20
3.3.4 Landbedeckung.....	24
3.3.5 Topografie	27
3.3.6 Kollinearität und Auswahl der Variablen.....	28
3.4 Klimaszenarien	31
3.4.1 Grundlagen	31
3.4.2 Prognostizierter Klimawandel	33
3.5 Modellierung mit BRT	35
3.5.1 Modellparameter.....	35
3.5.2 Berechnung der Habitatmodelle	37
3.5.3 Schwellenwert	38
3.5.4 Kreuzvalidierung	39
3.6 Analyse der Ergebnisse	39
3.6.1 Arealänderung	39
3.6.2 Repräsentierung der Arten in Natura 2000.....	40
3.7 Technische Umsetzung.....	43
4 Ergebnisse.....	45
4.1 Einfluss der verschiedenen Modellvariablen.....	45
4.2 Arealänderung	46
4.3 Auswirkungen auf Natura 2000.....	52
4.3.1 Artbezogene Betrachtung	52
4.3.2 Geografische Betrachtung	56
5 Diskussion	63
5.1 Methodenkritik	63
5.2 Modellierung und Modellgüte	66
5.2.1 Vergleich der Schwellenwerte.....	66
5.2.2 Modellanpassung unter aktuellen Bedingungen.....	68
5.2.3 Vorhersagequalität.....	69
5.3 Bedeutung der untersuchten Variablen.....	70
5.4 Arealänderungen.....	71
5.5 Auswirkungen auf Natura 2000.....	74

5.6	Ausblick.....	77
6	Literatur.....	79
A	Anhang.....	I
A.1	Ergebnistabellen.....	I
A.2	Kollinearität.....	VIII
A.3	Skripte.....	IX

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Biogeografische Regionen innerhalb der EU 27.....	14
Abbildung 2:	Ablaufschema der Habitatmodellierung.....	15
Abbildung 3:	Übersicht über das Untersuchungsgebiet.....	16
Abbildung 4:	Vorbereitung der Verbreitungsdaten für die statistische Analyse.....	18
Abbildung 5:	Berechnung der Rasterverbreitung aus den EMA- <i>shapefiles</i> am Beispiel der Bechsteinfledermaus (<i>Myotis bechsteinii</i>).....	19
Abbildung 6:	Vorbereitung der Daten der ALARM-Szenarien.....	23
Abbildung 7:	Vorbereitung der Landnutzungsdaten für die statistische Analyse.....	25
Abbildung 8:	Histogramme der Rangfolge der Bedeutung für die mittels <i>random forest</i> untersuchten Variablen.....	29
Abbildung 9:	Prognostizierte zukünftige Entwicklung ausgewählter Klimaparameter im untersuchten Gebiet.....	34
Abbildung 10:	Einfluss verschiedener Parameter auf das Ergebnis der Modellierung in BRT.....	36
Abbildung 11:	ER-Modell zur Beziehung zwischen Arten, N2K Gebieten und Vorhersagerastern.....	42
Abbildung 12:	UML-Diagramm der Datenbankbeziehungen.....	42
Abbildung 13:	Durchschnittlicher Beitrag der verwendeten Parameter zur Modellierung der untersuchten Arten.....	45
Abbildung 14:	Arealänderung unter der Vorgabe „keine Migration“.....	47
Abbildung 15:	Arealänderung unter der Vorgabe „unbegrenzte Migration“.....	48
Abbildung 16:	Mögliche Verschiebung der Arealmittelpunkte für den Zeitraum 2051-2060 unter der Vorgabe „unbegrenzte Migration“.....	48
Abbildung 17:	Artenzahl pro Rasterzelle für den Zeitraum 2051-2060 im Vergleich zu heute unter der Vorgabe „keine Migration“ bzw. „unbegrenzte Migration“.....	51
Abbildung 18:	Für den Zeitraum 2051-2060 jeweils pro Art vorhergesagte Präsenzen in Natura 2000 Gebieten in Relation zu aktuellen Meldungen unter verschiedenen Klimaszenarien.....	53
Abbildung 19:	Wahrscheinlichkeit des Vorkommens in Natura 2000 Gebieten: Zeitraum 2051-2060 minus aktuelle Vorkommenswahrscheinlichkeit.....	53
Abbildung 20:	Änderung der für 2051-2060 vorhergesagten Vorkommenswahrscheinlichkeiten in Natura 2000 Gebieten in Abhängigkeit von der Prävalenz der Arten.....	54
Abbildung 21:	Veränderung der Artenzahl (nur Anhang II – Arten) im Zeitraum 2051-2060 pro Rasterzelle gegenüber heute (Vorgabe „keine Migration“).....	57
Abbildung 22:	Veränderung der Artenzahl (nur Anhang II – Arten) im Zeitraum 2051-2060 pro Rasterzelle gegenüber heute (Vorgabe „unbegrenzte Migration“).....	58

Abbildung 23: Verlust an Artmeldungen in Natura 2000 Gebieten nach biogeografischen Regionen unter verschiedenen Klimaszenarien für den Zeitraum 2051-2060.....	60
Abbildung 24: Repräsentanz der Bechsteinfledermaus in Natura 2000.....	62
Abbildung 25: Vergleich der aktuell modellierten Vorkommen in Natura 2000 Gebieten mit den Gebieten, in denen die Art gemeldet ist.....	64
Abbildung 26: Vergleich der beiden getesteten Schwellenwerte Prävalenz und BRT-Schwellenwert anhand der erzielten Kappa- und accuracy-Werte.....	66
Abbildung 27: Vergleich der beiden verwendeten Methoden zur Berechnung des Schwellenwertes für den Iberischen Luchs.....	67
Abbildung 28: Vergleich zwischen dem für den aktuellen Zeitraum modellierten Areal und dem EMA-Areal.....	68
Abbildung 29: Boxplot der bei der Kreuzvalidierung erzielten AUC-Werte und Abhängigkeit der AUC-Werte von der Prävalenz.....	69
Abbildung 30: Biodiversität und Schutzgebiete: Artenzahl der landlebenden Säugetiere des Anhangs II und Flächenanteil der Natura 2000 Gebiete, in denen diese Arten gemeldet sind, pro Rasterzelle im Gebiet der EU27.	75

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Reklassifizierung der Landbedeckungsklassen aus dem Global Landcover Projekt der EEA	26
Tabelle 2: Landbeckungsklassen, Name der Variablen in der Datenbank sowie zur Transformation verwendete <i>c</i> -Werte.....	26
Tabelle 3: Gesamtübersicht über alle überprüften erklärenden Variablen.....	30
Tabelle 4: Korrelation der verwendeten Klimavariablen	31
Tabelle 5: Prognostizierte Auswirkungen des Klimawandels auf die Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie.....	49
Tabelle 6: Prozentualer Verlust an Natura 2000 Gebieten für die verschiedenen Ordnungen.....	55
Tabelle 7: Korrelation zwischen dem Verlust an Natura 2000 Gebieten und der Lage des Arealmittelpunktes	55
Tabelle 8: Gesamtzahl der Meldungen sowie der Vorhersagen für die modellierten Arten in Natura 2000 Gebieten nach biogeografischen Regionen.....	59
Tabelle 9: Geografische Abdeckung des Verbreitungsgebietes mit Natura 2000 – Gebieten für Arten des Anhangs II	61
Tabelle 10: Vergleich der beiden Vorgaben keine bzw. unbegrenzte Migration hinsichtlich der jeweils prognostizierten Arealänderungen	71
Tabelle 11: Zuordnung zu Gefährdungskategorien in Anlehnung an die Kriterien des IUCN für den Zeitraum 2051-2060 und verschiedene Szenarien.....	73
Tabelle 12: Übersicht über die modellierten Arten sowie prognostizierte Areale für den Zeitraum 2051-2060 unter verschiedenen Szenarien.....	I
Tabelle 13: Aktuelle Repräsentierung der untersuchten Arten in Natura 2000 und Ergebnisse der Modellierung für das aktuelle Klima sowie für die Klimaszenarien im Zeitraum 2051-2060.....	V
Tabelle 14: Kollinearität der verwendeten Variablen.....	VIII

Abkürzungen

AUC:	Area under receiver operating characteristic curve
BAMBU:	Business-As-Might-Be-Usual
BRT:	Boosted Regression Trees
CART:	Classification and regression trees
EEA:	European Environment Agency
EET:	Equilibrium evapotranspiration
EMA:	European Mammal Assessment
FFH:	Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie
GDD:	Growing degree days
GLM:	Generalised Linear Models
GRAS:	Growth Applied Strategy
GRAS-CUT:	Growth Applied Strategy - Cooling Under Thermohaline collapse
IPCC:	Intergovernmental Panel on Climate Change
IUCN:	International Union for Conservation of Nature
PET:	Potenzielle Evapotranspiration
SEDG:	Sustainable European Development Goal

1 Einführung

Im Zuge des Klimawandels ist mit schwerwiegenden Auswirkungen auf die Biodiversität zu rechnen. Für Mitteleuropa geben ungefähre Schätzungen einen Verlust von bis zu 30% des derzeitigen Artenbestandes an (ZEBISCH et al. 2005: 111). THOMAS et al. (2004) beziffern den Artenverlust für 2050 und für die von ihnen untersuchten Gebiete, die ca. ein Fünftel der weltweiten Landoberfläche einnehmen, je nach Region und Artengruppe auf ungefähr 15 – 37% der untersuchten Arten, wobei ein moderates Klimaszenario mit einem Anstieg der weltweiten Mitteltemperatur um 1,8-2°C unterstellt wird.

Die Gruppe der Säugetiere besitzt eine hohe Relevanz für den Naturschutz, was sich auch in ihrer starken Berücksichtigung in gesetzlichen Schutzbestimmungen ausdrückt. Dennoch sind aktuell 29 der 202 in Europa natürlich vorkommenden, landlebenden Säugetierarten als gefährdet anzusehen (TEMPLE & TERRY 2007). Weltweit sind sogar rund 25% (= 1.139 Arten) der Säugetiere, für die eine ausreichende Datengrundlage zur Beurteilung vorliegt, bedroht. Dazu kommen möglicherweise weitere Arten, zu denen aber aktuell die Datenlage für eine Beurteilung nicht ausreicht. Zudem nehmen über 50% aller Arten weltweit ab, einschließlich solcher Arten, die im Moment noch nicht als gefährdet eingestuft werden. Die aktuelle Hauptbedrohungsursache ist der Lebensraumverlust (SCHIPPER et al. 2008).

Vor dem Hintergrund ihres hohen Stellenwerts in der Naturschutzdiskussion ist die Bedrohung von Säugetieren durch den Klimawandel bisher relativ wenig analysiert worden, insbesondere was die Auswirkungen auf ihre Schutzgebiete angeht. Denn falls im Zuge des Klimawandels mit einer Verlagerung der potenziellen Verbreitungsgebiete der Arten zu rechnen ist, stellt sich die Frage, ob auch im neuen Verbreitungsareal geeignete und von den betreffenden Arten besiedelbare Schutzgebiete zur Verfügung stehen. Auf diese Problematik weisen u.a. ARAUJO et al. (2004) und HANNAH et al. (2007) hin.

In der Europäischen Union wurde zum Schutz der Artenvielfalt das Schutzgebietssystem Natura 2000 ins Leben gerufen, das auf europaweiter Ebene das mit Abstand wichtigste Instrument zum Schutz auch der Säugetiere ist (nähere Erläuterungen siehe Abschnitt 2.4).

Die vorliegende Arbeit geht davon aus, dass das Klima die Verbreitung der europäischen Landsäugetiere wesentlich mitbestimmt. Das bedeutet, dass sich im Zuge des prognostizierten Klimawandels erhebliche Auswirkungen auf die Verbreitung der Arten ergeben können. Um eine hohe Wirksamkeit von Natura 2000 zu erreichen, müssen die Gebiete dort liegen, wo die klimatischen Bedingungen für die Art günstig sind. Wenn sich potenzielle Verbreitungsgebiete im Zuge des Klimawandels verschieben würden, stellt sich die Frage, ob die Natura 2000 Schutzgebiete noch richtig positioniert sind, um die Biodiversität erhalten zu können. Die Kernfrage der vorliegenden Arbeit ist deshalb die nach möglichen Änderungen der Artvorkommen in Natura 2000 Gebieten unter dem Einfluss des Klimawandels.

Die Untersuchung baut auf den Ergebnissen des *European Mammal Assessment* (EMA) auf, in dessen Rahmen von mehr als 150 Experten aus 40 Ländern Verbreitungsdaten zu allen Säugetieren zusammengetragen wurden, die entweder natürlich in Europa vorkommen oder aber vor dem Jahr 1500 eingeführt wurden. Als Ergebnis liegen aktuelle Daten zu Status und Verbreitung aller europäischen Säugetierarten vor (TEMPLE & TERRY 2007).

Ein weiterer Ausgangspunkt ist das EU-Projekt „ALARM“ (Assessing large scale risks for biodiversity with tested methods)¹, in dessen Rahmen u.a. Klima- und Landnutzungsszenarien erarbeitet wurden, die mögliche zukünftige Entwicklungslinien in Europa beschreiben. In diesem Projekt wurden Methoden entwickelt, um großräumige Umweltrisiken abschätzen und negative Auswirkungen menschlicher Tätigkeit minimieren zu können. Im Fokus stehen insbesondere die Einschätzung und die Prognose der Veränderungen in der Biodiversität und in der Struktur, Funktionsweise und Dynamik von Ökosystemen (SETTELE et al.2005).

Einen ähnlichen Ansatz wie die vorliegende Arbeit, d.h. die Modellierung der zukünftigen Verbreitung einer größeren Anzahl von Arten von Säugetieren auf kontinentaler Ebene, verfolgten LEVINSKY et al. (2007) für Europa und THULLER et al. (2006) für Afrika, wobei letztere auch speziell die Auswirkungen auf ein Schutzgebietssystem, nämlich afrikanische Nationalparke untersuchen. Beide Untersuchungen ergaben ernste Auswirkungen des Klimawandels. Im Gegensatz dazu verfolgten einige andere Arbeiten einen historischen Ansatz, indem sie die

¹ ALARM-Website: <http://www.alarmproject.net/alarm/summary.php>

Auswirkungen von Klimaänderungen in der Vergangenheit untersuchten. So konnten MYERS et al. (in press) und HAWKINS & PORTER (2003) zeigen, dass Veränderungen bei nordafrikanischen Säugetiergemeinschaften in Übereinstimmung mit zurückliegenden Klimaänderungen stattfanden.

Atlaswerke, die die zukünftige Verbreitung unter dem Einfluss des Klimawandels für eine große Zahl von Arten in Europa beschreiben, existieren für die Gruppe der Vögel (HUNTLEY et al. 2007) und Schmetterlinge (SETTELE et al. 2008).

Vor dem Hintergrund der genannten Arbeiten sollen in der vorliegenden Untersuchung Erkenntnisse zu folgenden Themenkomplexen gewonnen werden:

- Welche Klima- und Landbedeckungsparameter beschreiben die aktuelle Verbreitung der europäischen Landsäugetiere?
- Welche Verbreitungsänderungen sind im Zuge des Klimawandels zu erwarten?
- Ist ein Schutz der Arten auch in Zukunft durch Natura 2000 gewährleistet, oder müssen neue Gebiete ausgewiesen werden? Bestehen hier Unterschiede zwischen den verschiedenen Regionen Europas?

2 Theoretische Grundlagen

2.1 Säugetiere und Klima

Grundsätzlich stellt sich die Frage, in welcher Weise Säugetiere vom Klima abhängen. Konzeptionell lässt sich die Abhängigkeit von Organismen von ihrer Umwelt in drei Aspekte gliedern (vgl. GUIBAN & ZIMMERMANN 2000):

- Direkte Einflussfaktoren bestimmen physiologische Prozesse, ohne dabei verbraucht zu werden (z.B. die Temperatur)
- Ressourcen beschreiben die Konsumtion von Organismen (u.a. das Angebot an Trinkwasser und Nahrung)
- Indirekte Faktoren haben keinen direkten physiologischen Einfluss, bestimmen aber die Verbreitung wesentlich mit (z.B. Topografie, Landnutzung, Habitatausstattung).

Eine wichtige Eigenschaft der Säugetiere, die sie von den meisten anderen Artengruppen unterscheidet, ist die Homoiothermie („Gleichwarmheit“). Die Homoiothermie ermöglicht es, die Aktivität in gewissen Grenzen unabhängig von der

Außentemperatur zu machen (wobei bestimmte Arten ihre Körpertemperatur auf einen niedrigen Wert herunter regeln können, z.B. während des Winterschlafs). Die Homoiothermie hat allerdings ihren Preis: sie kostet viel Energie, die mit der Nahrung zugeführt werden muss. Der Energiebedarf wird zudem umso größer, je weiter sich der Organismus von der „temperaturneutralen Zone“ entfernt (BEGON et al. 2006: 35). Ein Überleben ist dabei nur innerhalb eines bestimmten Temperaturbereichs möglich; eine erfolgreiche Fortpflanzung ist in der Regel an noch engere Grenzen geknüpft.

Als Konsequenz sind Säugetiere weniger direkt vom primären Prozess des Klimawandels – der Erhöhung der atmosphärischen Temperatur infolge der Zunahme von Treibhausgasen – abhängig als andere Taxa. Trotzdem ist zu erwarten, dass die Temperatur ganz wesentlich zur Verbreitung der Säugetiere beiträgt, indem sie u.a. das Angebot an Ressourcen und die Habitatausstattung in erheblichem Umfang bestimmt.

Dennoch liegt die Annahme einer Beeinflussung durch den Klimawandel für wechselwarme Tiere zunächst näher als bei Säugetieren. So zeigte sich in einer Modellierung des Einflusses des Klimawandels auf 179 südafrikanische Tierarten aus verschiedenen Taxa die größte Veränderung des Verbreitungsgebietes bei Reptilien und verschiedenen Wirbellosen, während u.a. Säugetiere mehr als 50% Übereinstimmung des vorhergesagten mit dem gegenwärtigen Areal zeigten (ERASMUS et al. 2002).

Eine Voraussetzung für die Vorhersagbarkeit zukünftiger Verbreitungsgebiete ist die Stabilität der klimatischen Nische der Arten. Die Ergebnisse von MARTÍNEZ-MEYER et al. (2004), die aus der eiszeitlichen Verbreitung von amerikanischen Säugetieren die heutige Verbreitung und umgekehrt modellieren konnten, unterstützen diese These. Auch PETERSON et al. (2005) schließen sich dieser Meinung an.

Die Bedeutung der Umweltvariablen hängt auch vom räumlichen Maßstab der Betrachtung ab. Das Klima spielt vor allem auf einer großräumigen Ebene die entscheidende Rolle, während mit zunehmend feinerem Maßstab anderen Faktoren wie z.B. Landbedeckung und Topografie eine zunehmende Bedeutung zukommt (PEARSON & DAWSON 2003).

2.2 Habitatmodellierung

Habitatmodelle sollen funktionale Zusammenhänge zwischen Arten und ihrem Lebensraum beschreiben und die Qualität des Lebensraums für diese Arten beurteilen.

Im Mittelpunkt des Interesses können dabei entweder die Identifizierung und Beschreibung von wichtigen Habitateigenschaften oder aber die Vorhersage der gegenwärtigen oder zukünftigen Verbreitung stehen. Die Modelle schätzen aus den zur Verfügung stehenden Verbreitungsdaten (Responsevariable) und ausgewählten Habitatparametern (Prädiktorvariablen) die Vorkommenswahrscheinlichkeit einer Art bzw. davon ausgehend die Inzidenz, also das Vorkommen (Präsenz) oder Nichtvorkommen (Absenz) einer Art (SCHRÖDER & REINEKING 2004: 5).

Habitatmodelle lassen sich untergliedern in solche mit mechanistischen und solche mit korrelativem Ansatz (PEARSON 2007: 5). Während erstere nach kausalen, physiologisch limitierenden Faktoren für die Verbreitung einer Art suchen, stützen sich letztere auf beobachtete Korrelationen zwischen dem Vorkommen einer Art und Umweltvariablen, die aber nicht notwendigerweise kausalen Charakter haben. Die Modellierung stützt sich dabei auf die beobachtete Verbreitung, die aufgrund von Nachweislücken jedoch häufig nicht mit der wirklichen Verbreitung zusammenfällt. Den Modellierungsprozess kann man sich so denken, dass aus dem beobachteten geografischen Raum auf einen gedachten, n-dimensionalen Umweltraum geschlossen wird, der von Prädiktorvariablen aufgespannt wird. Dieser Umweltraum kann dann wieder in einen geografischen Raum, d.h. die eigentliche Vorhersage, rückübersetzt werden (PEARSON 2007: 8ff.). Hier ist das Konzept der ökologischen Nische hilfreich, wie es von HUTCHINSON (1957) definiert wurde: HUTCHINSON fasste die fundamentale Nische als die Gesamtheit der Umweltbedingungen auf, unter denen eine Art vorkommen kann. Die realisierte Nische ist jener Bereich der fundamentalen Nische, in der die Art auch unter Berücksichtigung der zwischenartlichen Konkurrenz tatsächlich vorkommt.

Die ökologische Nische ist also nicht als geografischer Raum, sondern als gedankliches Konzept zu verstehen, das die Anforderungen und Toleranzen gegenüber der Umwelt umfasst (BEGON et al. 2006: 31). In Erweiterung dieses Begriffs kann die besetzte Nische als der Umweltraum verstanden werden, in dem eine Art unter Berücksichtigung aller Limitierungsfaktoren - insbesondere aller biotischer Interaktionen und geografischer Ausbreitungshindernisse - vorkommt (PEARSON 2007: 10). Die „Klimanische“ entspricht der klimatischen Komponente der ökologischen Nische (vgl. PEARSON & DAWSON 2003).

Das Ergebnis der Modellierung wird in der Regel weder die potenzielle noch die tatsächliche Verbreitung vollständig korrekt wiedergeben können, da einerseits ein

Fehlen von Beobachtungsdaten dazu führen kann, dass die ökologische Nische der Art nicht vollständig erfasst wird, und andererseits ein potenziell geeignetes Teilareal aufgrund von Faktoren wie einer fehlenden Besiedlungsmöglichkeit oder biotischen Interaktionen (z.B. Konkurrenz, Prädation) nicht unbedingt auch wirklich besiedelt sein muss.

Hinzu kommt eine Reihe von weiteren allgemeinen Problemen (DORMANN 2007a): Eine Population muss nicht zwangsläufig im Gleichgewicht mit der Umwelt stehen, so dass die aktuelle Verbreitung möglicherweise nicht das fundamentale Potenzial der Art wiedergibt. Außerdem können die limitierenden Faktoren in verschiedenen Teilen des Verbreitungsgebietes andere sein. Die Ergebnisse der Modellierung sind zudem skalenabhängig: auf kontinentaler Ebene wird beispielsweise das Klima eine größere Rolle spielen, auf regionaler Ebene die Landbedeckung. Auch die zeitliche oder räumliche Extrapolation der Modelle ist mit Problemen verbunden. So können beispielsweise genetische Anpassungen oder Veränderungen der biotischen Interaktionen kaum berücksichtigt werden. Als Faustregel gibt DORMANN (2007a) daher an, nicht über mehr als 1/10 eines Parameterwerts zu extrapolieren. Das für die Modellierung verwendete Gebiet sollte also so bemessen sein, dass der für das Vorhersagegebiet zeitlich zu erwartende Bereich der Klimaänderung räumlich abgedeckt wird (vgl. z.B. BERRY et al. 2002).²

2.3 Statistische Methoden

2.3.1 Boosted regression trees (BRT)

Es existiert eine ganze Reihe von verschiedenen Methoden zur Habitatmodellierung (für einen Überblick siehe z.B. SCHRÖDER & REINEKING 2004). Häufig verwendet werden einerseits Verfahren aus der Regressionsanalyse (z.B. *generalised linear models* - GLM), andererseits Klassifikationsverfahren wie z.B. Klassifikations- und Regressionsbäume (CART, s.u.). Dabei ist festzuhalten, dass es kein „bestes Modell“ gibt, sondern dass die Qualität des Modells wesentlich vom Ziel der Modellierung abhängt (GUSIAN & ZIMMERMANN 2000). Abzuwägen ist u.a. zwischen Erklärungsgehalt und Vorhersagegüte: während Verfahren, die auf mathematischen

² In der vorliegenden Arbeit geht das zur Modellierung verwendete Gebiet im Süden und im Osten über das hinsichtlich Natura 2000 relevante Vorhersagegebiet der Europäischen Union hinaus.

Verteilungen beruhen wie z.B. GLM oft eine bessere – da einfachere – Erklärung, aber eine schlechtere Vorhersage bieten, sind datengeleitete Verfahren (wie z.B. BRT, s.u.) häufig besser in der Vorhersage, dafür sind allerdings die Ergebnisse oft schlechter interpretierbar (SCHRÖDER & REINEKING 2004). JIMÉNEZ-VALVERDE et al. (2008) meinen, dass komplexe Modelle – zu denen auch BRT zu rechnen ist – eher die realisierte Verbreitung der Art abbilden können und einfache Modelle eher die potenzielle Verbreitung.

Für die vorliegende Arbeit wurde die Methode *boosted regression trees* (BRT) gewählt. BRT bietet zunächst einige technische Vorteile bei der Erstellung der Habitatmodelle, die angesichts der hohen Zahl der zu modellierenden Säugetierarten und der relativ hohen Zahl an Prädiktorvariablen automatisiert erzeugt werden mussten, ohne die einzelnen Terme für jede Art jeweils manuell festlegen zu müssen:

- Interaktionen zwischen den Variablen werden bei BRT automatisch berücksichtigt
- es werden auch komplexe nichtlineare Beziehungen gefittet
- irrelevante Prädiktoren werden ignoriert

Der wichtigste Grund ist jedoch die im Allgemeinen bessere Vorhersagequalität gegenüber anderen Methoden, insbesondere den häufig verwendeten – und auch hier zunächst vorgesehenen – GLM (ELITH et al. 2006, siehe z.B. auch NIEDERBERGER 2006). Dies gilt insbesondere, da es im Kontext der vorliegenden Arbeit vor allem auf die Berechnung der zukünftigen Verbreitung der modellierten Arten, erst in zweiter Linie auf eine Ableitung der Beziehungen zwischen Verbreitung und Prädiktorvariablen ankam.

Klassifikations- und Regressionsbäume (CART) bilden die Grundlage sowohl für BRT als auch die weiter unten beschriebene Methode *random forest*, weshalb sie hier kurz beschrieben werden sollen. Bei CART werden zur Erklärung der abhängigen Variable binäre Entscheidungsbäume gebildet, und zwar so, dass die verwendeten Prädiktorvariablen eine möglichst gute Klassifikation der Daten ermöglichen. Ein Entscheidungsbaum besteht aus Knoten, Ästen und Blättern. An jedem Knoten des binären Entscheidungsbaums setzen zwei Äste an, die unterschiedlichen Wertebereichen einer numerischen Variablen bzw. verschiedenen Ausprägungen einer kategorialen Variablen entsprechen. Dabei werden von oben ausgehend an jedem Knoten die Daten jeweils so unterteilt, dass der Vorhersagefehler minimiert wird

(HASTIE et al. 2001: 266ff). Dieses Vorgehen wird mehrfach wiederholt, wobei eine Variable mehrmals auf verschiedenen Ebenen des Baums verwendet werden kann. Je wichtiger die Variable, desto weiter oben taucht sie im Entscheidungsbaum auf. Die Blätter geben schließlich die Klassifizierung der Responsevariablen an. CARTs sind zwar oft geeignet, um ökologische Zusammenhänge abzubilden, sie neigen aber andererseits häufig zur Überparametrisierung und damit zu einer wenig robusten Modellierung (DORMANN & KÜHN 2008: 99f).

Boosted regression trees (BRT) kombiniert eine Vielzahl von Entscheidungsbäumen, um eine verbesserte Vorhersage zu ermöglichen. Das endgültige Modell kann als additive Regression aufgefasst werden, wobei die einzelnen Terme jeweils durch einen Entscheidungsbaum gebildet werden. BRT erstellt dabei als „*machine learning*“ Algorithmus automatisiert datengeleitete Modelle und erfordert nicht die Vorformulierung von bestimmten mathematischen Modellen, wie es z.B. bei GLMs notwendig ist (ELITH et al. 2008).

Es wird nicht ein einzelner Baum gesucht, der die Daten maximal beschreibt, sondern es werden eine Vielzahl von Bäumen (typischerweise einigen 100 bis mehreren 1.000) gebildet, die zusammen das Modell ergeben. BRT sucht dabei in einem wiederholten Prozess jeweils den Baum, der eine Verlustfunktion am besten minimiert. Diese Verlustfunktion beschreibt jeweils den Verlust an Vorhersagequalität infolge eines nicht optimalen Modells. Der nächstfolgende Baum minimiert jeweils den verbliebenen Vorhersagefehler des Modells, d.h. BRT rechnet mit den Residuen³ weiter (ELITH et al. 2008).

Die Modellierung benötigt ein Abbruchkriterium, das festlegt, wann das optimale Modell erreicht ist. Dies wird bei der von ELITH et al. (2008) geschriebenen und hier verwendeten Implementierung von BRT⁴ erreicht, indem im Zuge einer Kreuzvalidierung fortlaufend getestet wird, ob sich die Vorhersagequalität des Modells noch verbessert oder infolge von *overfitting*⁵ bereits wieder verschlechtert. Dazu wird der Gesamtdatensatz zunächst zufällig in zehn Teildatensätze unterteilt, von denen

³ Residuen sind im Zusammenhang der Regressionsanalyse die Abweichungen zwischen den beobachteten Daten und den vorhergesagten Werten

⁴ Funktion *gbm.step* aus dem Skript *brt_functions.R*, im Internet verfügbar unter <http://www.blackwell-synergy.com/doi/full/10.1111/j.1365-2656.2008.01390.x>

⁵ Overfitting bedeutet eine zu starke Anpassung an die Trainingsdaten, die die Vorhersagefähigkeit, d.h. die Modellierung anhand unabhängiger Daten beeinträchtigt

jeweils neun verschiedene Teildatensätze zu neuen Trainingsdatensätzen kombiniert werden (d.h. jeweils ein Zehntel der Daten bleibt als Testdatensatz über). Die Modellierung erfolgt nun zunächst für jeden der zehn Trainingsdatensätze unabhängig voneinander, wobei die Qualität der Modellierung durch den Test der Vorhersageleistung auf den jeweils vorhandenen Testdatensatz erfolgt. Typischerweise verringert sich der daraus errechnete mittlere Vorhersagefehler zunächst stark, um dann abzuflachen und ein Minimum zu erreichen, ab dem der Vorhersagefehler wieder zunimmt. An diesem Punkt bricht der Algorithmus ab. Das endgültige Modell wird anschließend wieder mit dem Gesamtdatensatz und der in der Iteration ermittelten Menge der besten Bäume berechnet (ELITH et al. 2008). Die Modellanpassung kann dabei auf verschiedene Datentypen geschehen. Da Präsenz/Absenzdaten vorlagen, wurde hier die Binomialverteilung verwendet. Zu ergänzen ist noch, dass es sich um einen stochastischen Modellierungsprozess handelt, d.h. jedes Ergebnis ist leicht unterschiedlich.

Als Parameter sind für die Berechnung der Modelle wichtig:

- die „*learning rate*“ (*lr*) bestimmt den Beitrag jedes Einzelbaums bei der Berechnung des Modells; niedrigere Werte resultieren in einer hohen Zahl von Bäumen und einer längeren Rechenzeit
- die „*tree complexity*“ (*tc*) legt die Anzahl der Verzweigungen der Bäume fest und bestimmt den maximalen Grad der modellierten Interaktionen; eine Berücksichtigung von Interaktionen erfordert mindestens zwei Verzweigungen
- die „*bag fraction*“ gibt den Anteil der Daten an, der zufällig aus dem Gesamtdatensatz gezogen und für jede Iteration verwendet wird (voreingestellt ist 0,5). Durch diesen Parameter wird also die Stochastizität der Modellierung gesteuert.

Der Parameter „*deviance*“ gibt den Fehler der Vorhersage gegenüber dem in der Kreuzvalidierung ausgeschlossenen Datensatz an. Dieser Fehler wird minimiert. Bei einer weiteren Addierung von Bäumen nimmt die *deviance* zu und zeigt ein *overfitting* an. Die verwendete Funktion *gbm.step* fügt in einem iterativen Modellierungsprozess laufend neue *trees* an (in der Voreinstellung 50 *trees*) und stoppt, wenn die *deviance* wieder zunimmt. Die an diesem Punkt erreichte Anzahl an Bäumen (Parameter „*ntrees*“) wird verwendet, um das optimale Modell zu berechnen. Als Faustregel geben ELITH et al. (2008) an, dass mindestens 1.000 Bäume verwendet werden sollten.

Die in der vorliegenden Arbeit verwendeten Einstellungen der Modellparameter sind Abschnitt 3.5.1 zu entnehmen.

Im Unterschied etwa zu GLM muss die Modellvorhersage (*predict*) anhand der optimalen Bäume in R erfolgen.⁶ Die Vorhersagewerte werden dann ins GIS exportiert, d.h. sie können nicht im GIS selbst berechnet werden.

2.3.2 Modellgüte

Die für die Modellierung verwendete BRT-Funktion *gbm.step* führt bereits eine interne, zehnfache Kreuzvalidierung aus, wie im vorigen Abschnitt beschrieben. Zusätzlich wurde eine externe Kreuzvalidierung durchgeführt, indem der Gesamtdatensatz zufällig im Verhältnis 70 zu 30 in einen Trainings- und einen Testdatensatz aufgeteilt wurde. Die Güte der Modellierung wurde überprüft, indem die aus den Trainingsdaten berechneten Habitatmodelle auf die Testdaten angewendet wurden und die so errechneten Verbreitungsgebiete mit den tatsächlichen Arealen im Testgebiet verglichen wurden.

Zur Bestimmung der Modellgüte wurde die *receiver operating characteristic* (kurz ROC) verwendet, die die Fähigkeit eines Modells zur binären Klassifizierung von Daten beschreibt. Dabei wird die Sensitivität⁷ gegen den Term 1- Spezifität⁸, d.h. den Anteil der falsch positiven Werte (hier also falsch vorhergesagte Präsenzen) aufgetragen, indem der Schwellenwert zwischen beiden Klassen kontinuierlich variiert wird (FIELDING & BELL 1997). Als Maß der Güte des Modells wurde die „*Area under ROC curve*“ (kurz AUC) berechnet. Die AUC kann als Wahrscheinlichkeit verstanden werden, mit der Absenzen und Präsenzen vom Modell richtig getrennt werden. Bei einer AUC von 0,5 ist die Güte des Modells nicht besser als zufälliges Raten, bei einer AUC von 1 ist das Modell perfekt. Modelle mit einem AUC unter 0,7 sollten mit Skepsis betrachtet werden (DORMANN & KÜHN 2008: 142). Der Vorteil der AUC liegt darin, dass mit einem einzigen Parameter die Vorhersagequalität eines Modells, unabhängig

⁶ Bei der Funktion von ELITH et al. (2008) geschieht dies mittels des Funktionsaufrufs *predict.gbm(<brt>, <data>, n.trees=brt\$gbm.call\$best.trees, type="response")*, wobei *<brt>* das bei der vorangegangenen Modellierung erzeugte BRT-Objekt bezeichnet; *<data>* bezeichnet die Daten, anhand derer der *predict* erfolgt

⁷ Die Sensitivität ist der Anteil der korrekt positiven Werte, in diesem Fall der Anteil der richtig vorhergesagten Präsenzen

⁸ Die Spezifität beschreibt den Anteil der korrekt negativen Werte, hier also richtig vorhergesagte Absenzen

von einem bestimmten Schwellenwert, beschrieben werden kann (FIELDING & BELL 1997).

Die AUC wird aus mehreren Gründen als Gütemaß kritisiert (LOBO et al. 2008). So muss eine hohe AUC nicht unbedingt mit einer guten Modellanpassung zusammenfallen. Falsch positive und falsch negative Fehler werden gleich gewichtet, obwohl letztere in der Regel eine höhere Wahrscheinlichkeit haben und eventuell beide Fehlermöglichkeiten für den Zweck der Untersuchung eine unterschiedliche Relevanz haben. Zudem sagt die AUC nichts über die räumliche Verteilung der Fehler aus und unterschlägt so möglicherweise nicht berücksichtigte, räumlich wirksame Faktoren. Als wichtigsten Grund gegen die Verwendung der AUC führen LOBO et al. (2008) die Abhängigkeit dieses Maßes von der geografischen Ausdehnung des Untersuchungsgebietes an: so kann die AUC allein durch eine Vergrößerung des untersuchten Raumes künstlich verbessert werden, indem von vornherein für eine Besiedlung ungeeignete Bereiche hinzugefügt werden, die vom Modell leicht klassifiziert werden können und damit eine schlechte Modellanpassung im eigentlichen wichtigen Bereich verschleiern. Das sei auch der Grund dafür, warum seltene Arten von Modellen oft besser vorhergesagt würden als weit verbreitete Arten.

Die AUC wurde in der vorliegenden Arbeit trotz dieser Gegenargumente im Rahmen der Kreuzvalidierung verwendet, da besser geeignete Methoden nicht zur Verfügung stehen, wie auch LOBO et al. (2008) betonen.

2.3.3 Random forest

Auch *random forest* baut auf den oben beschriebenen Klassifikations- und Regressionsbäumen (CART) auf. Eine Vielzahl von einzelnen Entscheidungsbäumen wird hier zu einem „Wald“ kombiniert. Für die Berechnung jedes Baums wird ein Teil der Daten und der Variablen zufällig ausgewählt. Danach wird die Klassifikationsgüte des Baums anhand der nicht verwendeten Daten evaluiert. Zur Vorhersage werden dann alle Bäume gemittelt, und zwar gewichtet nach ihrer Klassifikationsgüte (DORMANN & KÜHN 2008: 100).

Im vorliegenden Fall wurde *random forest* nicht zur Vorhersage selbst, sondern zur Vorauswahl der Variablen verwendet. Dies macht sich eine Funktion der R-

Implementierung von *random forest*⁹ zunutze, die die Bedeutung der jeweiligen Variablen anhand ihres Beitrags zur Klassifizierung berechnet.

2.3.4 Kollinearität

Im Zuge der Analyse ergab sich das Problem, dass vor allem die verwendeten Klimavariablen stark miteinander korreliert waren. Eine solche Kollinearität wirkt sich negativ für die Modellierung aus: eine korrekte Abschätzung der Bedeutung der einzelnen Variablen ist erschwert, weil sich deren Informationsgehalte überdecken. Zudem kann die Qualität der Modelle leiden (BÄRLOCHER 1999: 131f., HOSMER & LEMESHOW 2000: 140f.).

Als Möglichkeiten zum Umgang mit Kollinearität geben DORMANN et al. (2008a) u.a. das Ignorieren, die Durchführung einer Hauptkomponentenanalyse (*principal component analysis* = PCA) oder die Durchführung einer sequentiellen Regression an.

In dieser Arbeit wurde zunächst eine Hauptkomponentenanalyse durchgeführt. Allerdings war die Aufladung der Achsen nur schwer erklärbar, so dass die Ergebnisse der Modellierung kaum interpretierbar waren. Auch eine Kombination von mehreren partiellen PCAs mit jeweils zwei bis drei Klimavariablen löste das Problem der Kollinearität nicht. Zudem ist anzuführen, dass die Entfernung der Kollinearität mittels PCA nicht unbedingt zu besseren Ergebnissen führen muss (DORMANN et al. 2008a).

Deshalb wurde in der vorliegenden Arbeit ein anderer Weg beschritten, und zwar die Auswahl von möglichst gering miteinander korrelierten Variablen nach inhaltlichen Kriterien, d.h. einem möglichst hohen Erklärungsgehalt und einer hohen Bedeutung bei *random forest*. Ein ähnliche Vorgehensweise wählten SETTELE et al. (2008) bei der Auswahl der Variablen für den europäischen Klimaatlas der Schmetterlinge. Für zwei Variable, die die Topografie beschreiben, wurde außerdem eine sequentielle Regression durchgeführt (siehe Abschnitt 3.3.5).

Ein grundsätzliches Problem bei der Habitatmodellierung ist die räumliche Autokorrelation, d.h. die größere Ähnlichkeit von benachbarten Datenpunkten gegenüber entfernten (DORMANN 2007b). Hierfür kommen einerseits biologische Ursachen infrage, da Prozesse wie Ausbreitung, Artbildung und Aussterben sowie

⁹ Funktion „*importance*“ aus dem Package *randomForest*

biologische Interaktionen entfernungsabhängig sind (DORMANN et al. 2007). Während diesbezüglich eine echte Information in den Daten steckt, sind andererseits Fehler bei der Analyse für räumliche Autokorrelation verantwortlich. Häufige Ursachen sind das Ignorieren nichtlinearer Beziehungen zwischen Umwelt und Art sowie die Nichtberücksichtigung einer wichtigen Umweltvariablen, die ihrerseits räumlich strukturiert ist (DORMANN et al. 2007). Auch eine unsystematische Datensammlung kommt als Grund infrage. Aus statistischer Sicht ist räumliche Autokorrelation dann problematisch, wenn auch die Residuen nicht mehr voneinander unabhängig und gleich verteilt sind, weil dann eine Grundannahme der statistischen Analyse verletzt ist (DORMANN et al. 2007).

Bisher existiert keine Methode, um BRT in Bezug auf räumliche Autokorrelation korrigieren zu können. Um trotzdem den möglichen Einfluss abschätzen zu können, erstellten DORMANN et al. (Artikel in Vorbereitung) GLMs mit den wichtigsten Variablen der BRT-Modelle (einschließlich quadratischer Terme und Interaktionen) und korrigierten diese GLMs mittels der für GLM zur Verfügung stehenden Methode „*spatial eigenvector mapping*“ (SEVM, DORMANN et al. 2007). Allerdings zeigten diese korrigierten Modelle eine höhere räumliche Autokorrelation – ausgedrückt als Moran’s I - als die entsprechenden BRTs. Daraus kann der Schluss gezogen werden, dass die Methode BRT trotz Nichtberücksichtigung der räumlichen Autokorrelation vergleichsweise bessere Ergebnisse liefert.

2.4 Natura 2000

Ein zentrales europäisches Instrument zum Schutz der Biodiversität ist das Schutzgebietssystem Natura 2000, das als Gemeinschaftsprojekt der Europäischen Union rund 21.600 Schutzgebiete (Stand Juni 2008) in den 27 Mitgliedsstaaten umfasst. Natura 2000 enthält die Schutzgebiete gemäß FFH-Richtlinie¹⁰ und gemäß Vogelschutzrichtlinie¹¹ und soll den langfristigen Erhalt der europäischen Arten und Lebensraumtypen sichern. Eine besondere Rolle spielen in diesem Zusammenhang die Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie: hier sind die Arten genannt, für die besondere Schutzgebiete ausgewiesen werden soll, also diejenigen Arten, für die Natura 2000

¹⁰ Fauna-Flora-Habitatrichtlinie vom 21. Mai 1992, 92/43/EWG

¹¹ Richtlinie des Rates vom 2. April 1979 über die Erhaltung der wildlebenden Vogelarten, 79/409/EWG

primär gedacht ist. Im Fall der landlebenden Säugetiere handelt es sich um insgesamt 30 Arten bzw. Unterarten oder Populationen (siehe Tabelle 12 im Anhang). Darüber hinaus dienen die Natura 2000 Gebiete aber auch vielen anderen Arten als Lebensraum. Die Vorkommen der letztgenannten Arten werden von den Mitgliedsstaaten jedoch nur mehr oder weniger unvollständig gemeldet. Deshalb liegen gerade für häufige Arten wie z.B. Reh (*Capreolus capreolus*) oder Feldhase (*Lepus europaeus*) nur wenige Meldungen für Natura 2000 vor (vgl. Tabelle 13 im Anhang).

Innerhalb von Natura 2000 spielt der Begriff der biogeografischen Region eine wichtige Rolle, da u.a. der Erhaltungszustand der Arten und die Vollständigkeit der Ausweisung von Schutzgebieten auf dieser Ebene beurteilt werden. Eine biogeografische Region ist ein Gebiet, das durch eine ähnliche Fauna und Flora charakterisiert wird. Das Gebiet der Europäischen Union umfasst neun biogeografische Regionen, wobei Makkaronesien außerhalb des untersuchten Gebietes liegt (Abbildung 1).

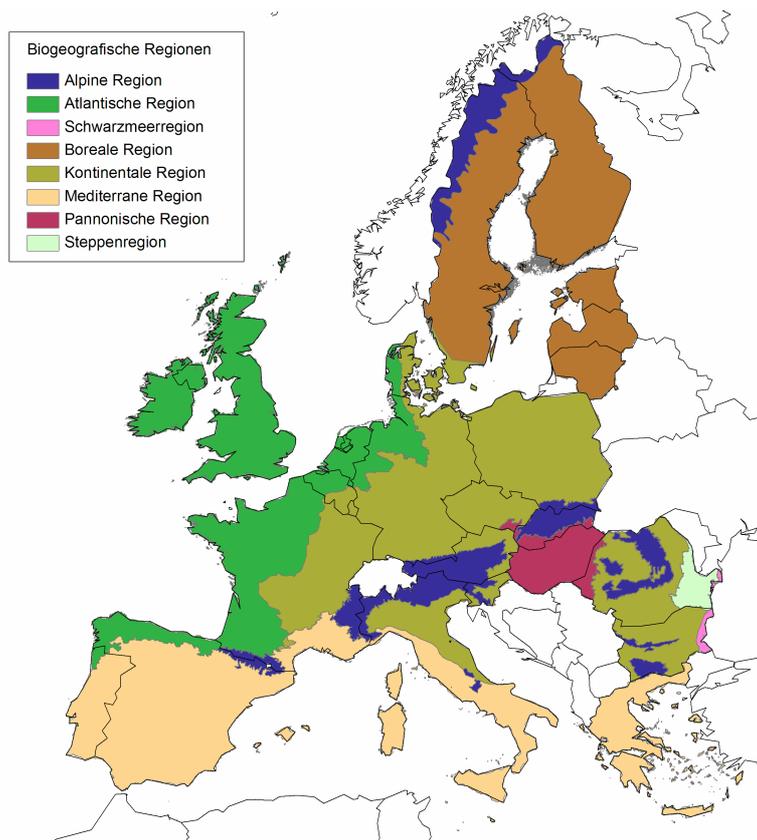


Abbildung 1: Biogeografische Regionen innerhalb der EU 27 (ohne Makkaronesien). Quelle: EEA¹²

¹² <http://dataservice.eea.europa.eu/dataservice/metadetails.asp?id=1054> (Download 03.10.2008)

3 Projektbeschreibung

3.1 Ablaufschema

Ein Ablaufschema der Projektbearbeitung ist Abbildung 2 zu entnehmen. In den folgenden Abschnitten werden die einzelnen Arbeitsschritte näher beschrieben.

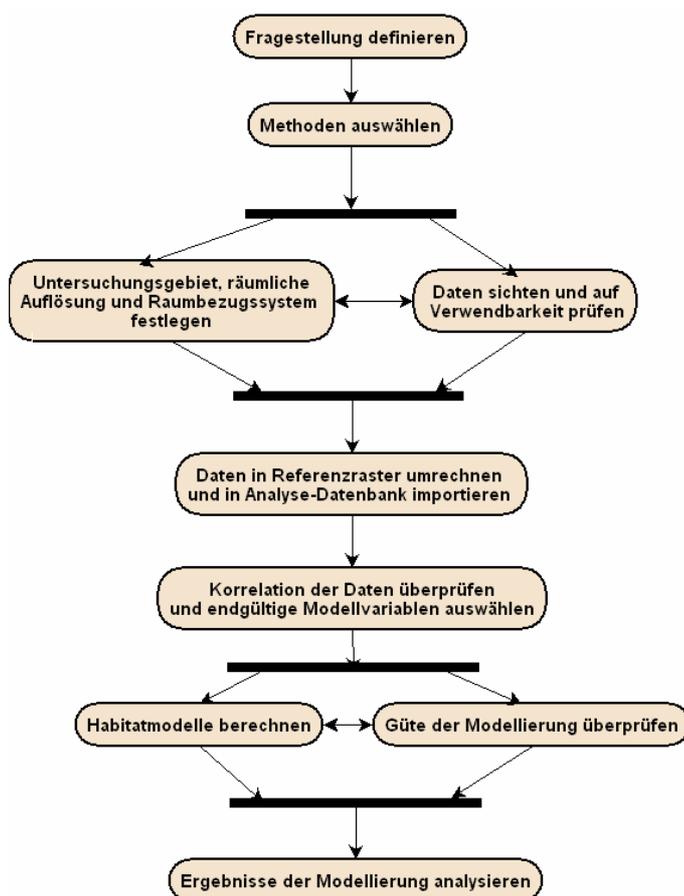


Abbildung 2: Ablaufschema der Projektbearbeitung

3.2 Untersuchungsgebiet und Referenzraster

Die vorliegende Arbeit stützt sich auf die im Rahmen von ALARM berechneten Klimaszenarien. Aus diesem Grund war das Untersuchungsgebiet vorgezeichnet: es orientiert sich an dem im Rahmen dieses Projekts definierten Gebiets, das sich von 11° westlicher bis 32° östlicher Länge sowie 34° bis 72° nördlicher Breite erstreckt (Abbildung 3). Das bedeutet, dass außerhalb Europas der nördliche Teil von Nordafrika berücksichtigt werden konnte. Der Osten des geografischen Europas, vor allem Russland westlich des Urals, musste jedoch mangels Szenariendaten von der Modellierung ausgeschlossen werden.

Verbreitungsdaten und erklärende Variablen wurden für die Modellierung in ein einheitliches Raster überführt. Angesichts der räumlichen Unschärfe der Verbreitungsdaten wurde eine Rasterweite von 50 km benutzt. Als einheitliches räumliches Bezugssystem für alle Analysen diente ETRS89 Lamberth Azimuthal Equal Area 52N10E (im Folgenden als ETRS89 LAEA bezeichnet). Dieses Bezugssystem wird von der Europäischen Umweltbehörde (EEA) als Referenzraster empfohlen. Der wesentliche Vorteil der verwendeten Projektion besteht in ihrer Flächentreue, die dazu führt, dass eine Rasterzelle immer die gleiche Fläche repräsentiert. Damit werden alle Rasterzellen bei der statistischen Analyse gleich gewichtet.

Ein *shapefile*¹³ mit dem Referenzraster musste nicht selber erstellt werden, sondern wird von der EEA im Internet zur Verfügung gestellt (Grid_ETRS89_LAEA5210_50K, Geometriotyp Polygon).¹⁴ Für einzelne Analyseschritte wurde auch ein *shapefile* mit den Zellmittelpunkten verwendet (Grid_LAEA5210_50K_cp). Insgesamt umfasste das untersuchte Gebiet 3.037 Rasterzellen mit jeweils 2.500 km².

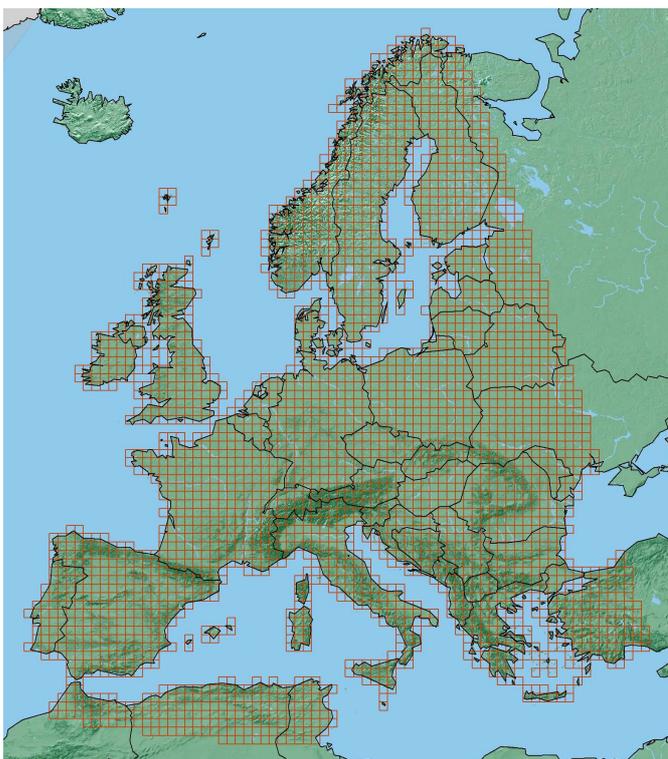


Abbildung 3: Übersicht über das Untersuchungsgebiet (n=3.037 Rasterzellen mit jeweils 50x50 km Größe)

¹³ *Shapefile*: von der Firma ESRI definiertes Geodatenformat

¹⁴ <http://dataservice.eea.europa.eu/dataservice/metadetails.asp?id=760> (Download 03.10.2008)

3.3 Datengrundlagen

3.3.1 Verbreitung der Säugetiere

Die Verbreitungsdaten des *European Mammal Assessment* (EMA) lagen in Form von flächenhaften ESRI-*shapefiles* im räumlichen Bezugssystem WGS1984 vor. Soweit nicht bereits vorhanden, wurde mithilfe des Skriptes *AssignProjection*¹⁵ für alle Verbreitungsshapefiles zunächst ein Projektionsfile (*.prj) mit dem Raumbezugssystem WGS84 erzeugt. Dies war notwendig, um die Verbreitungsdaten zusammen mit den anderen Daten korrekt darstellen zu können.

Die EMA-*shapefiles* mussten als Vorbereitung in ArcGIS zur weiteren, statistischen Analyse in ein Verbreitungsraaster überführt werden. Als Grundlage dazu diente das oben beschriebene 50km-Referenzraaster der EEA. Die einzelnen Arbeitsschritte sind in Abbildung 4 dargestellt. Zunächst wurden die *shapefiles* in Raster konvertiert, wobei als räumliche Auflösung 30'' gewählt wurde, was angesichts der recht geringen räumlichen Genauigkeit der EMA-*shapefiles* und der weiteren Analyseschritte ausreichend war. Dann wurden die Daten vom Raumbezugssystem WGS1984 in das hier einheitlich verwendete Raumbezugssystem ETRS1989 LAEA transformiert.

Da es sich bei den EMA-*shapefiles* um stark generalisierte Verbreitungsdaten handelt, stellte sich die Frage, wie Rasterzellen zu behandeln waren, die nur teilweise im dargestellten Verbreitungsareal liegen. Um die Verbreitung der Arten nicht zu überschätzen und Parameter aus dem Rand des Verbreitungsgebietes nicht überzugewichten, wurden nur Rasterzellen zum Verbreitungsgebiet gezählt, wenn sie zu mindestens 50% vom entsprechenden EMA-*shapefile* überdeckt wurden. Zur Fläche der Rasterzelle zählten dabei nur Landflächen. Die flächenmäßige Überlagerung wurde mithilfe von „*zonal statistics*“ berechnet, wobei pro Referenzraasterzelle alle Zellen der Verbreitungsraaster summiert wurden. Als nächster Schritt wurden dann zunächst die so ermittelten Werte den Mittelpunkten des Referenzrasters zugeordnet und in Datenbanktabellen geschrieben, wobei allen Rasterpunkten mit einer summierten Fläche von mindestens 50% der Landfläche der Wert 1 und alle anderen Zellen eine 0 zugeordnet wurde. Im Unterschied dazu wurde wegen ihrer hohen räumlichen Auflösung der *shapefiles* für die beiden Arten Alpen-Steinbock (*Capra ibex*) und *Lepus*

¹⁵ Autoren: V. Magnis, I. Mcollom, D. Cranford; im Internet verfügbar unter <http://arcscrip.esri.com/details.asp?dbid=13664>

castroviejo (für die Art existiert bislang kein deutscher Name) als Schwellenwert 10% der Fläche der Rasterzelle definiert.

Die so ermittelten Präsenz/Absenzdaten wurden schließlich in eine einzelne Tabelle zusammengefügt und – wie alle anderen Daten auch – zur weiteren Analyse in einer MS Access Datenbank gespeichert.

Analysiert wurden alle Säugetierarten, die innerhalb des Untersuchungsgebietes vorkommen. Es handelt sich um 184 der insgesamt 218 im Rahmen von EMA vorliegenden Arten.

Abbildung 5 veranschaulicht die Berechnung der Rasterverbreitung aus den EMA-*shapefiles*. Aufgrund der hohen Anzahl der zu bearbeitenden EMA-*shapefiles* wurden die einzelnen Arbeitsschritte mittels Python-Skripten automatisiert (siehe Abschnitt A.3 im Anhang).

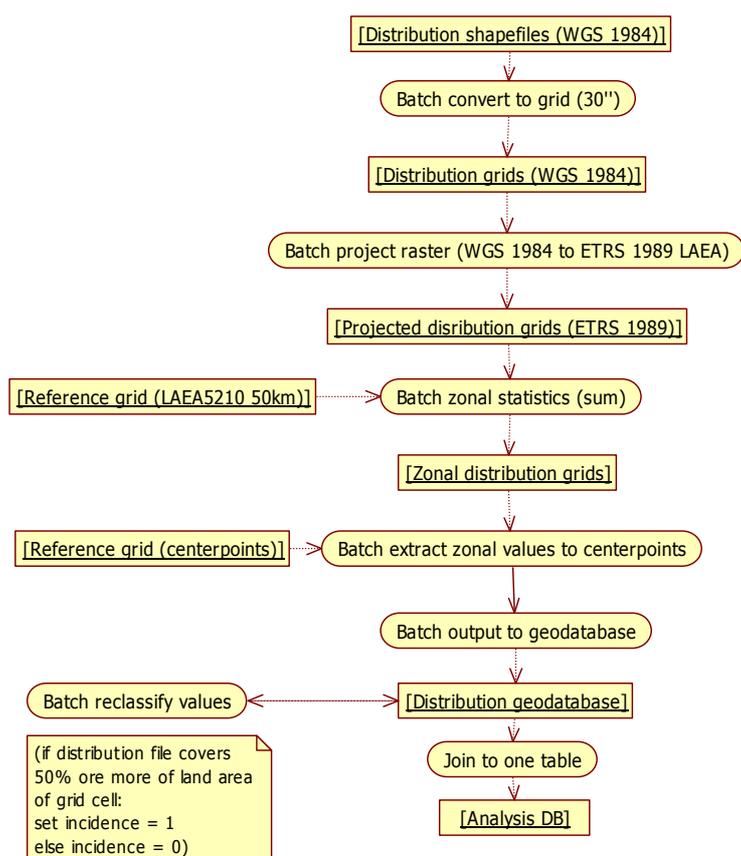


Abbildung 4: Vorbereitung der Verbreitungsdaten für die statistische Analyse

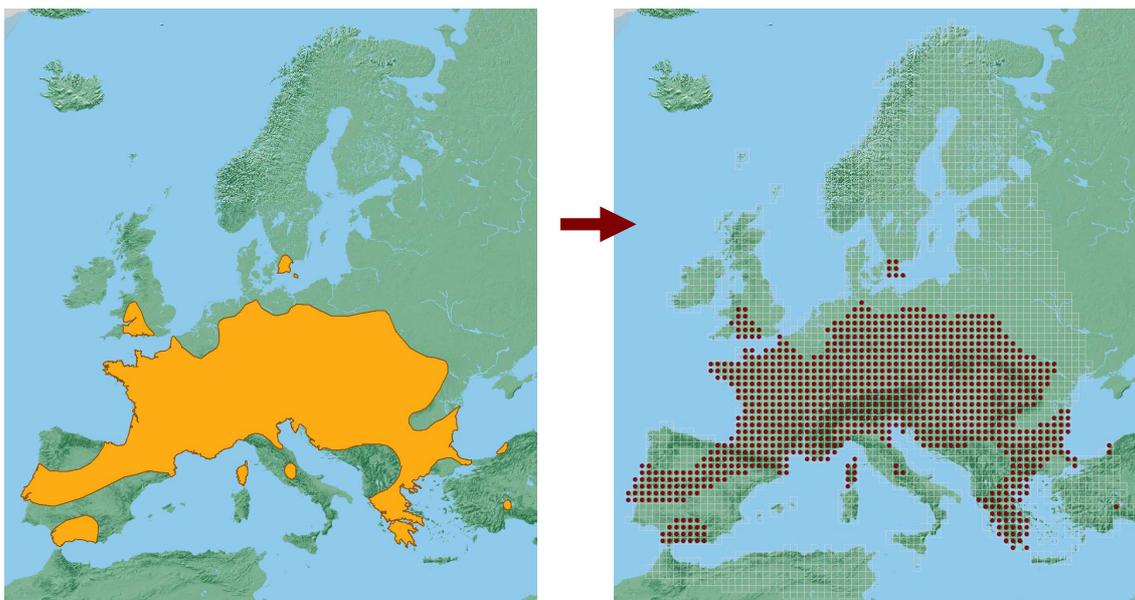


Abbildung 5: Berechnung der Rasterverbreitung aus den EMa-shapefiles am Beispiel der Bechsteinfledermaus (*Myotis bechsteinii*). Die Punkte in der rechten Abbildung geben die ermittelten Präsenzen an.

3.3.2 Natura 2000

Die gemeldeten Natura 2000 Gebiete sowie die jeweils gemeldeten Arten lagen in Form einer ESRI *file geodatabase*¹⁶ vor (Datenstand Juli 2007). Folgende *feature classes*¹⁷ wurden verwendet:

- Flächen der Natura 2000 Gebiete: benutzt wurde die *feature class* N2K100K_LAEA als räumlich am höchsten aufgelöster Datensatz; dieser lag bereits projiziert im Koordinatensystem ETRS89 LAEA vor.
- Gemeldete Arten pro Gebiet: die Daten lagen in Form der beiden Tabellen NATURASITE und SPECIES vor, die über die *relationship class*¹⁸ ContainsSpecies verknüpft waren. Um die so verknüpften Daten nutzen zu können, wurde die *relationship class* zunächst als Tabelle in eine Access-Datenbank exportiert.

Diese Tabelle (die u.a. Daten auch aller anderen Tiergruppen und Pflanzenarten enthielt) musste zunächst weiter bearbeitet werden, um sie für die weitere Analyse verwenden zu können. Zunächst wurden offensichtliche Rechtschreibfehler bei der

¹⁶ *File geodatabase*: Datenbankformat der Firma ESRI

¹⁷ *Feature class*: Geodatensatz in ArcGIS mit gleichem Geometrietyt und gleichen Attributinformationen

¹⁸ Eine *relationship class* gibt die Beziehung zwischen zwei Datenobjekten in einer *geodatabase* an

Benennung der Säugetierarten korrigiert, außerdem wurde die Schreibung der Namen derjenigen der verwendeten EMA-*shapefiles* angeglichen. Einträge von Unterarten in der Tabelle konnten dabei nicht berücksichtigt werden, da die EMA-*shapefiles* nicht entsprechend differenziert sind. Deshalb wurden Einträge von Unterarten in Einträge der Art umgewandelt. Nun war ein Join der Daten aus der Natura 2000 – Datenbank mit den EMA-Daten möglich. Zur besseren Handhabung und um das Datenvolumen zu begrenzen, wurden dann die Säugetierarten aus der Natura 2000 - Datenbank, für die gleichzeitig EMA-Daten vorlagen, in eine neue Tabelle exportiert. Zum Schluss wurden noch mittels Gruppierungsabfrage in Access doppelte Datensätze (die in der weiteren Analyse Fehler erzeugen könnten) entfernt.

In der Natura 2000 - Datenbank lag von 143 Säugetierarten mindestens eine Meldung für ein Natura 2000 Gebiet vor. Davon konnten 137 Arten modelliert werden, die genug Präsenzen und Absenzen (vgl. Abschnitt 3.5.2) für eine Berechnung mittels BRT hatten.

3.3.3 Klimadaten

3.3.3.1 Klimaparameter

Zunächst wurde eine Reihe von Datensätzen auf ihre Verwendbarkeit hin überprüft, u.a. Daten aus der WorldClim-Datenbank (HIJMANS et al. 2005) sowie Daten der FAO¹⁹. Schließlich wurden jedoch die im Rahmen von ALARM bereits erstellten Datensätze verwendet, weil sie nach einheitlichen Berechnungsmethoden sowohl den aktuellen Zeitraum als auch die zukünftigen Klimaszenarien abdecken.

Die beobachteten Klimadaten, die zur Erstellung der Modelle verwendet wurden, entstammen den Daten der *Climatic Research Unit (CRU)* des *Tyndall Centre for Climate Change Research* an der *University of East Anglia* und beziehen sich auf die klimatische Normalperiode 1961-1990. Die zukünftigen Klimadaten beruhen auf den in Abschnitt 3.4 dargestellten Klimamodellen. Sowohl beobachtete als auch vorhergesagte Klimadaten lagen im Rahmen von ALARM bereits vor. Dabei wurden für die Prognose nicht die in Form von monatlichen Werten vorliegenden Daten, sondern die auf die Periode 2051-2060 gemittelten Durchschnittswerte verwendet.

¹⁹ FAO: Food and Agriculture Organization of the United Nations. Daten im Internet erhältlich unter <http://www.fao.org/geonetwork/srv/en/main.home>

Die Beschreibung der verwendeten Klimaparameter ist Tabelle 3 (Seite 30) zu entnehmen. Auf die Berechnung dreier Parameter soll im Folgenden kurz näher eingegangen werden:

Evapotranspiration

Die Evapotranspiration gibt die Summe der Verdunstung von der Bodenoberfläche (Evaporation) und der Verdunstung von Pflanzen (Transpiration) an. Die tatsächliche Evapotranspiration hängt von vielen Faktoren (u.a. Sonneneinstrahlung, Wind, Bodenoberfläche und Vegetation, Wassernachlieferung) und ist schwierig zu ermitteln. Die potenzielle Evapotranspiration bezieht sich dagegen auf ideale Bedingungen, u.a. ein unbegrenztes Wasserangebot. Sie ist dem Wasserbedarf gleichzusetzen (STRAHLER & STRAHLER 2005: 204ff.).

Für die Berechnung der Evapotranspiration existieren verschiedene Formeln, die mit unterschiedlicher Genauigkeit für verschiedene Einsatzgebiete verwendet werden. Im Rahmen der ALARM-Szenarien wurde die *equilibrium evapotranspiration* (EET) berechnet. Diese ist im regionalen Maßstab (d.h. bei einem groben Raster wie dem hier verwendeten 50 km-Raster) vor allem von der Nettoeinstrahlung und der Temperatur abhängig (GERTEN et al. 2004):

$$E_q = [\Delta(\Delta + \gamma)] / R_n / L$$

Dabei ist E_q die EET pro Tag, Δ die Steigungsrate des Sättigungsdampfdrucks mit der Temperatur, γ die Psychrometerkonstante ($\sim 65 \text{ Pa / K}$), R_n die Nettoeinstrahlung und L die Verdampfungswärme von Wasser ($\sim 2,5 \times 10^6 \text{ J / kg}$). Die Nettoeinstrahlung R_n (Differenz der kurzwelligeren Einstrahlung minus der langwelligeren Abstrahlung) wird wiederum nach einem Standardansatz von PRENTICE et al. (1993) aus Breitengrad, Tag, Sonnenscheinstunden und Lufttemperatur abgeleitet.

Die EET gibt die Verdunstung in einem geschlossenen Kessel an und stellt deshalb die untere Grenze für die Evapotranspiration unter nassen Bedingungen dar (FRONZEK et al. 2008). Die potenzielle Evapotranspiration (PET) hängt jedoch u.a. auch von der Luftbewegung und ist deshalb höher. Dabei kann die PET durch Multiplikation mit dem so genannten Priestley-Taylor-Koeffizienten α aus der EET errechnet werden. Bei einer grobmaßstäblichen Betrachtung kann mit $\alpha = 1,32$ gerechnet werden (HOBBINS et al. 2001, GERTEN et al. 2004). Dieser Faktor wurde im vorliegenden Fall zur Berechnung der PET aus EET benutzt.

Growing degree days

Die *growing degree days* (GDD) sind ein Maß der Temperatursumme, die dem Ökosystem als Energieinput über einen bestimmten Zeitraum – hier ein Jahr - zur Verfügung steht. Die GDD wird z.B. als Parameter für die Entwicklungszeit von Pflanzen und von Wirbellosen verwendet. Für die endothermen Säugetiere hat der Parameter vor allem insoweit Bedeutung, als er das potenziell zur Verfügung stehende Nahrungsangebot quantifizieren kann (vgl. LEVINSKY et al. 2007). Der Parameter GDD errechnet sich nach folgender allgemeinen Formel:

$$GDD = \sum_{i=1}^n T_i$$

$$\text{wobei } T_i = \begin{cases} (T_{dmax} - T_{dmin})/2 - T_b & \text{wenn } (T_{dmax} - T_{dmin})/2 \geq T_b \\ 0 & \text{wenn } (T_{dmax} - T_{dmin})/2 < T_b \end{cases}$$

Dabei gibt T_{dmax} die Maximumtemperatur, T_{dmin} die Minimumtemperatur eines Tages an. T_b ist ein Basiswert, ab dem ein Wachstum möglich ist. In der Praxis werden verschiedene Basiswerte verwendet, abhängig vom Zweck. Im Rahmen von ALARM – wie auch von LEVINSKY et al. (2007) - wurde als Basiswert 5°C verwendet.

Absolute Minimumtemperatur

Die absolute Minimumtemperatur T_{min} kann nach PRENTICE et al. (1992) mittels folgender Regressionsgleichung aus der mittleren Temperatur des kältesten Monats T_c abgeschätzt werden:

$$T_{min} = 0,006 T_c^2 + 1,316 T_c - 21,9$$

3.3.3.2 Umrechnung in das Referenzraster

Die Klimadaten konnten nicht unmittelbar verwendet werden, sondern mussten vor der weiteren Analyse zunächst in mehreren Schritten umgeformt werden (Abbildung 6). Die ALARM-Daten lagen als ASCII-Tabellen in einer räumlichen Auflösung von 10' (Koordinatensystem WGS1984) vor, wobei für jede Zelle des 10'-Rasters jeweils 12 Klimawerte für jeden Monat vorhanden waren. Bei dem verwendeten Raster handelte es sich um lokale X,Y-Koordinaten, die in einem späteren Schritt mit den entsprechenden geografischen Koordinaten verknüpft werden mussten. Um diese Daten nutzen zu können, wurden zunächst in Excel die Berechnungen der jährlichen bzw. jahreszeitlichen Summen und Mittelwerte und der Parameter Wasserdefizit,

Wasserbilanz, Minimumtemperatur und Saisonalität der Temperatur (Beschreibung siehe Tabelle 3) durchgeführt. Dann wurden die im 10'-Raster vorliegenden Daten in das für die Untersuchung verwendete Referenzraster umgerechnet. Dazu wurden aus dem Excel-Format in eine Access-Datenbank importiert. Hier wurden die Daten mittels Tabellenerstellungsabfragen zusammengefasst und die lokalen Rasterzellen mit den entsprechenden geografischen Koordinaten verknüpft. Die erstellten Tabellen konnten dann mittels *tools / add xy data* in ArcMap geladen werden, wobei als Koordinatensystem jeweils WGS1984 spezifiziert wurde. Die Umrechnung in das 50km-Referenzraster erfolgte dann mittels *spatial join*, wobei jeder Zelle des Referenzrasters der Mittelwert der in die Zelle fallenden Klimadatenpunkte zugeordnet wurde. Die Attributtabelle der erzeugten *shapefiles* wurden dann schließlich zur weiteren Verwendung in die Access-Datenbank importiert.

Um zu überprüfen, ob die Klimavariablen in einer stark schiefen Verteilung vorlagen, wurden jeweils Histogramme erstellt und überprüft. Dabei zeigte sich, dass eine Transformierung der Daten nicht notwendig war.

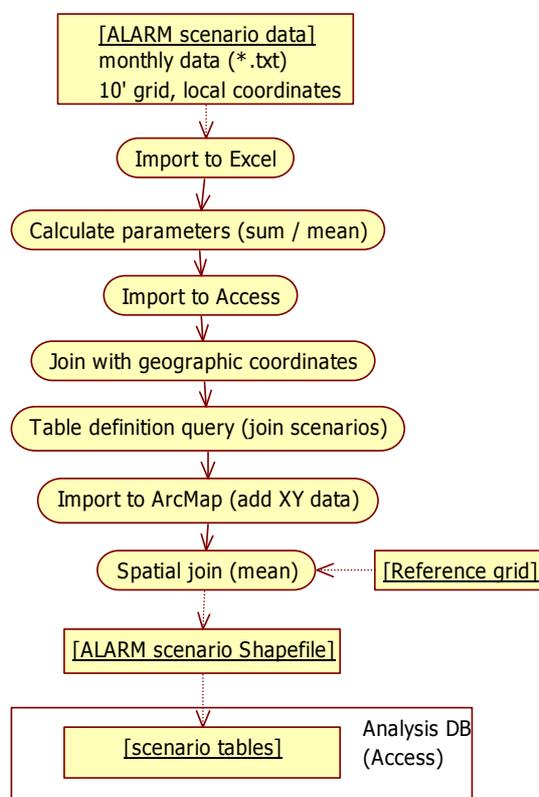


Abbildung 6: Vorbereitung der Daten der ALARM-Szenarien für die weitere Analyse

3.3.4 Landbedeckung

Verwendet wurde der europaweite Datensatz des *Global Landcover* Projekts, der von der EEA zur Verfügung gestellt wird (im Folgenden als GLC2000 bezeichnet)²⁰. Die EEA empfiehlt den Datensatz ausdrücklich als grundlegende Landbedeckungsinformation u.a. im Zusammenhang mit den internationalen Übereinkommen zum Klimawandel. Die ursprüngliche räumliche Auflösung des Datensatzes beträgt 1 km, wobei die Daten von der EEA auf das einheitliche europäische Raster von 250 m resampled wurden (Bezugssystem ETRS89 LAEA). Bezugsjahr ist das Jahr 2000. Die GLC2000 Daten bieten den Vorteil, für das gesamte Untersuchungsgebiet verfügbar zu sein, während z.B. die Corine-Daten nur Teile Europas abdecken. Die etwas geringere räumliche Auflösung – z.B. gegenüber 100 m bei den Corine Daten – spielt im vorliegenden Fall keine Rolle, da die Daten ohnehin auf einer sehr grobmaßstäblichen Ebene (50km-Raster) ausgewertet wurden.

Für die weitere Auswertung wurden die ursprünglichen 22 Landbedeckungsklassen zu neun neuen Klassen zusammengefasst (Tabelle 1). Verwendet wurden folgende Klassen (in Klammern jeweils der verwendete Variablenname): Wald (WOOD), Halboffene Landschaft (MOSAIC), Gebüsch (SHRUB), Grünland (GRASS), Acker bzw. landwirtschaftliche Anbaufläche (CROP), Binnengewässer (LAKE), Gletscher bzw. permanent schneebedeckt (ICE), vegetationsarme Flächen (BARE), Siedlungsflächen (URBAN). Für diese Landbedeckungsklassen wurde jeweils der Anteil pro Rasterzelle berechnet. Da die Auswertung jeweils nur auf die Landfläche bezogen wurde, wurden die Meeresflächen ausgeschlossen (s.u.).

Die Berechnung erfolgte, indem der Rasterdatensatz GLC2000 zunächst mittels der *ArcGIS conversion tools / raster to polygon* in einen Vektordatensatz umgewandelt wurde, der dann mittels *analysis tools / union* mit dem Referenzraster (*shapefile*) verschnitten wurde (Abbildung 7). Nach Neuberechnung der Flächen aller Polygone wurde die Attributtabelle in die MS Access – Datenbank importiert. Hier wurden nach dem *join* mit einer Klassifizierungstabelle die Flächen der einzelnen Bedeckungskategorien mit entsprechenden SQL-Abfragen berechnet, gruppiert jeweils nach den Rasterzellen-IDs. Dieser Ansatz bietet den Vorteil, dass eine geänderte Zuordnung der Landbedeckungsklassen mittels Anpassung der Klassifizierungstabelle

²⁰<http://dataservice.eea.europa.eu/dataservice/metadetails.asp?id=1019> (Download 25.10.2008)

und der Abfragen auch nachträglich einfach möglich ist. Die Konversion in ein *shapefile* ermöglichte auch eine einfache Abgrenzung der Meerflächen (siehe nächster Absatz).

Im GLC2000 Datensatz wird nicht zwischen Meer und Binnengewässern unterschieden. Da sich die Auswertung für die landlebenden Säugetiere jeweils nur auf die Landflächen beziehen sollte (vgl. auch Abschnitt 3.3.1), mussten Meer und Binnengewässer differenziert werden. Dies erfolgte manuell, indem bei dem in ein *shapefile* konvertierten Datensatz den Meerflächen (insgesamt nur fünf Features) jeweils die Klasse „SEA“ (CODE = 30) zugeordnet wurde.

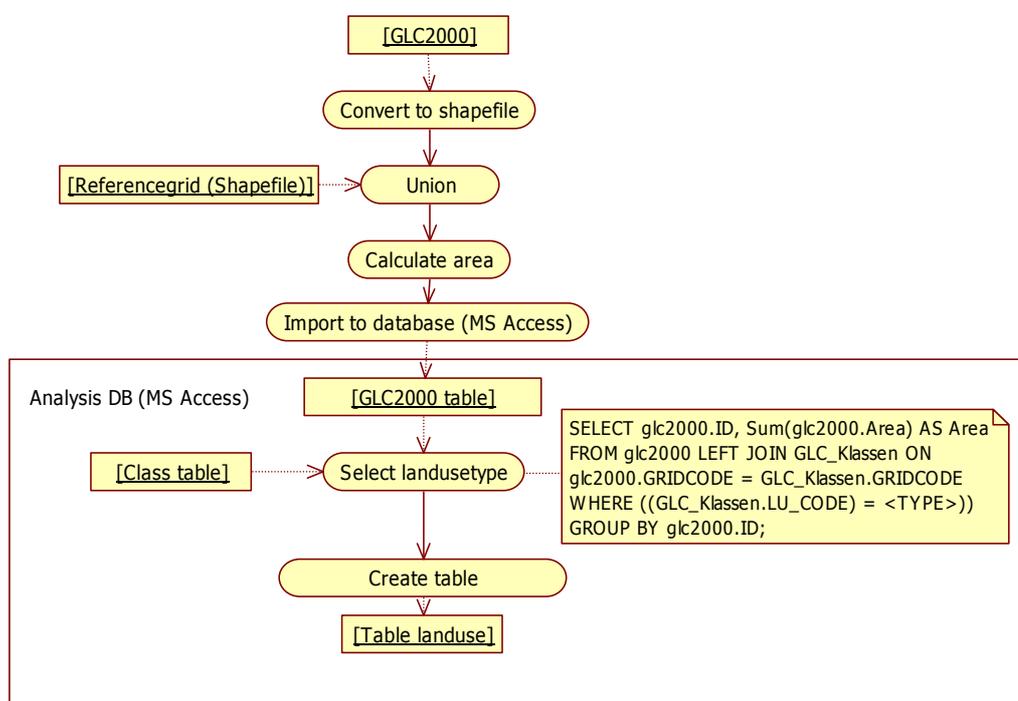


Abbildung 7: Vorbereitung der Landnutzungsdaten für die statistische Analyse

Da die Verteilung der Landbedeckungsparameter sehr stark rechtsschief war, wurden sie vor der weiteren Analyse log-transformiert. Da die Datensätze Nullwerte enthalten, bei denen der Logarithmus nicht definiert ist, wurde die Formel

$$x' = \ln(x + c)$$

verwendet, wobei c gleich dem kleinsten Datenwert von x oberhalb Null gesetzt wurde (DORMANN & KÜHN 2008: 36). Die c -Werte sind Tabelle 2 zu entnehmen.

Tabelle 1: Reklassifizierung der Landbedeckungsklassen aus dem Global Landcover Projekt der EEA (GLC2000)

CODE	GLC Global Class	Landbedeckung reklassifiziert
1	Tree Cover, broadleaved, evergreen	Wald
2	Tree Cover, broadleaved, deciduous, closed	Wald
3	Tree Cover, broadleaved, deciduous, open	Wald
4	Tree Cover, needle-leaved, evergreen	Wald
5	Tree Cover, needle-leaved, deciduous	Wald
6	Tree Cover, mixed leaf type	Wald
7	Tree Cover, regularly flooded, fresh and brackish water	Wald
8	Tree Cover, regularly flooded, saline water	Wald
9	Mosaic: Tree cover / Other natural vegetation	Halboffene Landschaft
10	Tree Cover, burnt	Wald
11	Shrub Cover, closed-open, evergreen	Gebüsch
12	Shrub Cover, closed-open, deciduous	Gebüsch
13	Herbaceous Cover, closed-open	Grünland
14	Sparse Herbaceous or sparse Shrub Cover	Grünland
15	Regularly flooded Shrub and/or Herbaceous Cover	Gebüsch
16	Cultivated and managed areas	Acker / Anbaufläche
17	Mosaic: Cropland / Tree Cover / Other natural vegetation	Halboffene Landschaft
18	Mosaic: Cropland / Shrub or Grass Cover	Halboffene Landschaft
19	Bare Areas	Vegetationsarm
20	Water Bodies (natural & artificial)	Wasserflächen
21	Snow and Ice (natural & artificial)	Gletscher
22	Artificial surfaces and associated areas	Siedlung

Tabelle 2: Landbeckungsklassen, Name der Variablen in der Datenbank sowie zur Transformation verwendete *c*-Werte.

Landbeckungsklasse	Name in Datenbank	<i>c</i> -Wert
Acker / Anbaufläche	CROP	2.50E-05
Binnengewässer	LAKE	2.50E-05
Gebüsch	SHRUB	2.80E-06
Gletscher	ICE	3.75E-05
Grünland	GRASS	2.50E-05
Halboffene Landschaft	MOSAIC	2.50E-05
Meer	SEA	2.50E-05
Siedlung	URBAN	1.40E-05
Vegetationsarme Fläche	BARE	1.25E-04
Wald	WOOD	5.00E-05

3.3.5 Topografie

Die Daten zur Höhe und zur Neigung stammen aus den weltweit frei verfügbaren Daten der *Shuttle Radar Topography Mission* (SRTM) der NASA, bei der im Februar 2000 vom Weltraum aus ein digitales Höhenmodell der Erdoberfläche erstellt wurde. Verwendet wurde der Datensatz mit einer Auflösung von 30 Bogensekunden (SRTM30). Die Daten wurden vom *US Geological Survey* (USGS) heruntergeladen.²¹

Vor der weiteren Berechnung mussten zunächst Geländeoberflächen, die unterhalb des Meeresspiegels liegen, neu berechnet werden. Dies ist erforderlich, weil negative Geländehöhen im ursprünglichen Datensatz gemäß der Formel $65535 - [\text{Pixelwert}]$ kodiert sind. Zur Rücktransformation wurde zunächst mittels Rasterkalkulator in ArcGIS / *spatial analyst* ein Raster erstellt, das die negativen Höhen korrekt wiedergibt ($[\text{Pixelwert}] - 65535$). Schließlich wurde mithilfe des *conditional*-Tools aus dem *spatial analyst* ein neues Raster aus positiven und negativen Geländehöhen zusammengesetzt, indem alle Pixelwerte über 60.000 des ursprünglichen Datensatzes durch die Pixelwerte des „Negativrasters“ ersetzt wurden.

Auch bei dieser Berechnung ging nur die Landoberfläche mit ein. Dazu wurde der oben beschriebene Vektordatensatz der Meeroberfläche aus den GLC2000 Daten in einen Rasterdatensatz umgewandelt, danach reklassifiziert und einheitlich als NoData gesetzt. Durch Rastermultiplikation mit dem SRTM30 Datensatz wurde die Meeroberfläche bei der weiteren Berechnung ausgeschlossen.

Die mittlere Höhe, bezogen auf das 50x50 km Referenzraster, wurde in ArcGIS / *spatial analyst* mittels *zonal statistics (mean)* berechnet und dann mittels *extract values to points* dem Referenzraster (hier jeweils den Mittelpunkten) zugeordnet. Schließlich wurden auch diese Daten in die Analyse-Datenbank exportiert.

Da die Höhe stark mit der Temperatur korreliert ist, hier aber nur der Effekt der Höhe betrachtet werden sollte, wurde in einem weiteren Schritt mittels eines linearen Modells im Statistikprogramm R (siehe Abschnitt 3.7 auf Seite 43) der Einfluss der Temperatur abgezogen, so dass nur die Residuen übrig blieben, die den Höheneffekt ohne Temperatur beschreiben (sequentielle Regression, vgl. DORMANN et al. 2008):

```
TOPO_RES <- resid(lm(ALTITUDE ~ T_ANN))
```

²¹ <http://seamless.usgs.gov/> (Download 09.11.2008)

In gleicher Weise wurde mittels des Werkzeugs *spatial analyst / slope* die mittlere Geländeneigung berechnet und den einzelnen Rasterzellen zugeordnet. Auch hier wurden schließlich die Residuen nach Abzug von Jahresmitteltemperatur und Residuen der Höhe in die Modellierung übernommen:

```
SLOPE_RES <- resid(lm(SLOPE ~ T_ANN + TOPO_RES))
```

3.3.6 Kollinearität und Auswahl der Variablen

Vor der Habitatmodellierung wurden alle in Tabelle 3 genannten Variablen auf ihren Erklärungsgehalt und auf Kollinearität hin untersucht, um in die Modelle nur möglichst aussagekräftige und gering miteinander korrelierte Variable zu übernehmen.

Um den Erklärungsgehalt der Variablen zu überprüfen, wurde die Methode *random forest*²² benutzt. Für jede Art (n=184) wurde der Rang der Bedeutung (Parameter %IncMSE) der jeweiligen Variablen ermittelt und dann über alle Arten aufsummiert. Das Ergebnis ist Abbildung 8 zu entnehmen. Wegen der geringen Bedeutung der Parameter BARE, ICE, LAKE und SEA wurden diese nicht in die Modellierung übernommen.

Die Kollinearität der Variablen wurde in R mithilfe des Spearman-Rangkorrelationskoeffizienten bestimmt²³. Dabei zeigte sich, dass vor allem die Klimavariablen stark miteinander korreliert sind (Tabelle 14, Seite VIII). Die EET ist mit den meisten anderen Klimavariablen, u.a. Temperatur und GDD stark korreliert. Da letztere einen höheren inhaltlichen Erklärungsgehalt hatte, wurde die EET nicht weiter verwendet (das Gleiche gilt für den aus EET errechneten Parameter PET). Wasserbilanz und Wasserdefizit mussten beide weggelassen werden: aufgrund der Berechnung aus EET, die wiederum stark von der Temperatur abhängig ist, sind beide deutlich mit GDD und Temperatur korreliert. Die Jahresmitteltemperatur und die Minimaltemperatur sind ebenfalls hoch korreliert. Da die Minimaltemperatur biologisch besser interpretierbar ist, wurde diese weiter verwendet. Allerdings verblieb eine deutliche Korrelation mit der Saisonalität der Temperatur und mit GDD. Deshalb wurde eine lineare Regression der Minimaltemperatur auf GDD und Temperatursaisonalität durchgeführt; nur die Residuen wurden in die weitere Analyse übernommen:

²² Verwendet wurde das Paket randomForest in R

²³ `Rs <- cor(variablen, y=NULL, use="all.obs", method=c("spearman"))`

$$T_MIN_RES <- resid(lm(T_MIN \sim GDD + T_SEASON))$$

Schließlich bleiben GDD, Jahresniederschlag, Sommerniederschlag, Saisonalität der Temperatur und Residuen der Minimaltemperatur als Klimavariablen übrig; die maximale Korrelation beträgt hier -0,68 (Tabelle 4).

Hinsichtlich der Topografie sind Geländehöhe und Geländeneigung stark korreliert. Durch die Verwendung von TOPO_RES und SLOPE_RES wird diese Korrelation umgangen. Die Landbedeckungsvariablen sind dagegen nur gering korreliert.

Insgesamt wurden damit 13 erklärende Variablen für die Modellierung verwendet, fünf Klima-, zwei Topografie- und acht Landbedeckungsvariable (Tabelle 3).

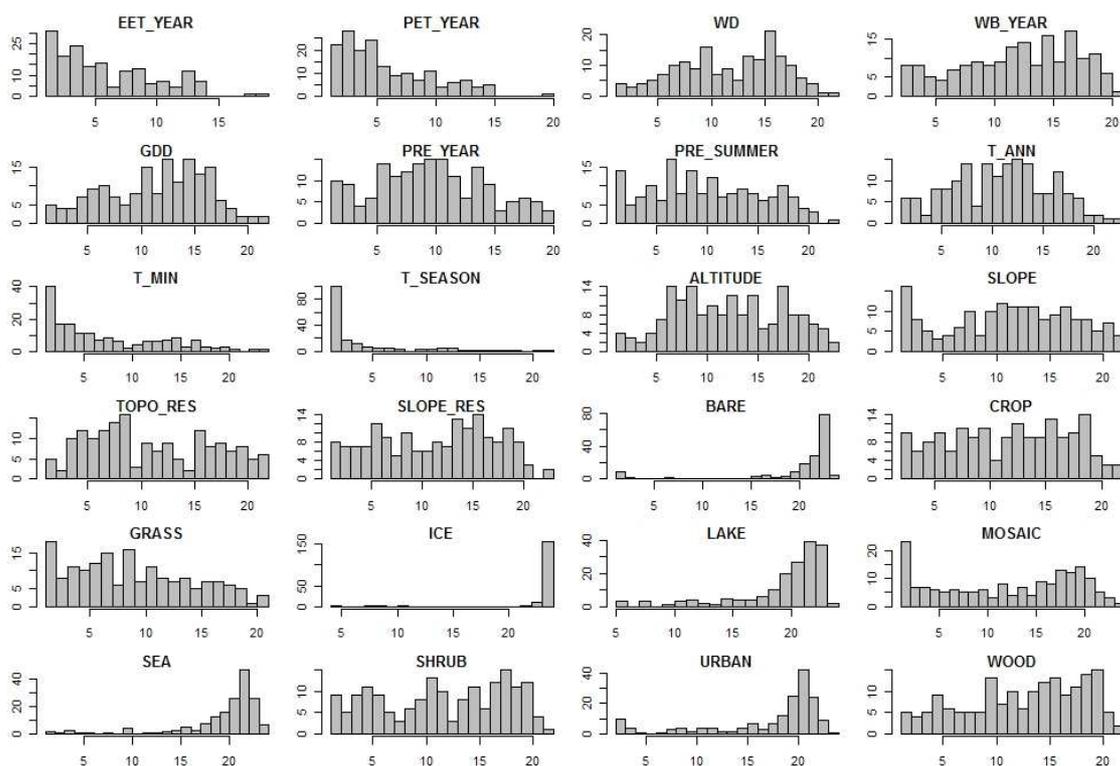


Abbildung 8: Histogramme der Rangfolge der Bedeutung für die mittels RandomForest untersuchten Variablen. Die x-Achse gibt jeweils den Rang (1 = höchste Bedeutung, 24 = niedrigste Bedeutung), die y-Achse die Zahl der Arten.

Tabelle 3: Gesamtübersicht über alle überprüften erklärenden Variablen. Grau hinterlegt sind die Variablen, die in die endgültige Modellierung übernommen wurden.

Parameter	Name in Datenbank	Beschreibung
Höhe über NN	ALTITUDE	Höhe über NN, berechnet aus SRTM30
Höhe über NN	TOPO_RES	Residuen der Höhe nach Abzug des Temperatureinflusses
Neigung	SLOPE	Geländeneigung, berechnet aus SRTM30
Neigung	SLOPE_RES	Residuen Neigung nach Abzug von Temperatur und TOPO_RES
Mitteltemperatur	T_ANN	Jahresmitteltemperatur (Durchschnitt der Monatsmittelwerte)
Saisonalität der Temperatur	T_SEASON	Differenz von Sommer- und Wintermitteltemperatur (Durchschnitt Juni, Juli, August minus Durchschnitt Dezember, Januar, Februar)
Minimaltemperatur	T_MIN	absolute Minimumtemperatur (berechnet aus der Durchschnittstemperatur des kältesten Monats nach PRENTICE et al. [1992])
Minimaltemperatur	T_MIN_RES	Residuen der Minimumtemperatur nach Abzug von GDD und T_SEASON
Jahresniederschlags-summe	PRE_YEAR	Summe des Jahresniederschlags aus monatlichen Daten
Sommerniederschlag	PRE_SUMMER	Summe des Niederschlags der Monate Juni-August
Equilibrium Evapotranspiration	EET_YEAR	Jährliche Verdunstung im Gleichgewicht im geschlossenen Gefäß (Berechnung siehe Text)
Potenzielle Evapotranspiration	PET_YEAR	Potenzielle jährliche Verdunstung unter Berücksichtigung von Luftströmung (Berechnung siehe Text)
Wasserdefizit	WD	Monatlicher Niederschlag minus monatliche potenzielle Evapotranspiration, Summe aller Monate mit negativen Werten
Wasserbilanz	WB_YEAR	Jahresniederschlag minus jährlicher potenzieller Evapotranspiration
Growing Degree Days	GDD	Jahrestemperatursumme der Tage über 5°C (Berechnung siehe Text)
Vegetationsarme Flächen	BARE	Anteil vegetationsarmer Flächen, berechnet auf 50x50 km Raster
Anbauflächen	CROP	Anteil von Acker- und anderen Kulturflächen, berechnet auf 50x50 km Raster
Grünland	GRASS	Grünlandanteil berechnet auf 50x50 km Raster
Gletscher / Schnee	ICE	Anteil permanent eis- bzw. schneebedeckter Flächen, berechnet auf 50x50 km Raster
Binnengewässer	LAKE	Anteil von Seen, Flüssen und künstlichen Binnengewässern, berechnet auf 50x50 km Raster (zur Berechnung vgl. auch Text)
Halboffene Landschaft	MOSAIC	Anteil von Mosaiklandschaften (Wechsel von Wäldern und Gebüsch mit offenen Bereichen), berechnet auf 50x50 km Raster
Meer	SEA	Anteil Meeresfläche (nur für die Küstenrasterzellen), berechnet auf 50x50 km Raster (zur Berechnung vgl. auch Text)
Gebüsch	SHRUB	Anteil von gebüschbedeckten Flächen, berechnet auf 50x50 km Raster
Siedlungs- und Verkehrsflächen	URBAN	Anteil von Siedlungs- und Verkehrsflächen, berechnet auf 50x50 km Raster
Wald	WOOD	Anteil Waldflächen, berechnet auf 50x50 km Raster

Tabelle 4: Korrelation der verwendeten Klimavariablen (Rangkorrelationskoeffizient nach Spearman)

Variable	GDD	PRE_YEAR	PRE_SUMMER	T_SEASON
PRE_YEAR	-0,19086			
PRE_SUMMER	-0,67626	0,48201		
T_SEASON	-0,35030	-0,48655	0,25893	
T_MIN_RES	0,05769	0,00981	-0,09060	-0,08582

3.4 Klimaszenarien

3.4.1 Grundlagen

Die Szenarien zur zukünftigen Verbreitung der Arten hängen stark von den zugrunde gelegten Klimamodellen ab (vgl. z.B. BEAUMONT et al. 2008). Die Ergebnisse dieser Klimamodelle sind dabei nicht als Vorhersagen, sondern ebenfalls als Szenarien zu verstehen, die auf Grundlage bestimmter Grundannahmen zur Entwicklung der Treibhausgasemissionen Aussagen für die Zukunft treffen (RAHMSTORF & SCHELLNHUBER 2007: 46ff.). Die Emission von Treibhausgasen hängt wiederum von verschiedenen wirtschaftlichen Entwicklungsszenarien ab.

Um die gesellschaftlichen und wirtschaftlichen Rahmenbedingungen des zukünftigen Klima- und Landbedeckungswandels zu modellieren, wurden im Rahmen des ALARM-Projekts vier verschiedene Szenarien definiert, die eine weite Bandbreite der möglichen Gesellschaftsentwicklung in der Europäischen Union mit unterschiedlichen Auswirkungen u.a. auf die Emission von Treibhausgasen abdecken (SETTELE et al. 2005):

- GRAS (*GRowth Applied Strategy*): Hier sind Deregulation, freier Handel und Globalisierung sowie Wachstum die Leitmotive der Politik. Umweltpolitik erschöpft sich in der Reparatur von Schäden sowie begrenzter Vorsorge, die allein auf Kosten-Nutzen-Rechnungen beruht. Der Erhalt der Biodiversität stellt kein ausdrückliches Ziel dar.
- GRAS-CUT (*GRowth Applied Strategy - Cooling Under Thermohaline collapse*): Dieses Szenario geht zunächst von den gleichen ökonomischen Rahmenbedingungen aus wie GRAS, allerdings gefolgt von einem Abreißen der Thermohalinen Zirkulation (die u.a. den Golfstrom umfasst).

- BAMBU (*Business-As-Might-Be-Usual*): Dieses Szenario beschreibt im Wesentlichen eine Fortschreibung und Weiterentwicklung der gegenwärtigen Politik. Bereits gefällte politische Entscheidungen werden implementiert und verstärkt. Auf nationaler Ebene gehen Deregulierung und Privatisierung weiter, international herrscht freier Handel. Umweltpolitik wird als technologische Herausforderung begriffen.
- SEDG (*Sustainable European Development Goal*): Hier steht die Nachhaltigkeit der gesellschaftlichen Entwicklung im Vordergrund, die durch eine integrierte Sozial-, Umwelt- und Wirtschaftspolitik angestrebt wird. Ziele sind einerseits eine konkurrenzfähige Wirtschaft, andererseits eine intakte Umwelt, Gleichberechtigung der Geschlechter und internationale Kooperation. Die Emission von Treibhausgasen wird stabilisiert.

Diese Szenarien sind nicht völlig deckungsgleich mit denen im SRES-Report des IPCC (IPCC 2000). Dennoch können GRAS und GRAS-CUT mit A1F1, BAMBU mit A2 und SEDG mit B1 verglichen werden (FRONZEK et al. 2008).

Die im Rahmen von ALARM verwendeten Klimadaten werden in MITCHELL et al. (2004) sowie FRONZEK et al. (2008) näher beschrieben. Die für die Zukunft prognostizierten Klimabedingungen wurden im Wesentlichen mittels des Klimamodells HadCM3 berechnet. Dabei handelt sich um ein gekoppeltes Atmosphäre-Ozean-Modell (*atmosphere-ocean general circulation model* = AOGCM) des britischen *Hadley Centre*. Das Modell besteht einerseits aus einem Atmosphärenmodell mit einer räumlichen Auflösung von 2,5° mal 3,75° (Breite mal Länge) sowie vertikal aus 19 Höhenschichten; gekoppelt ist es mit einem Ozeanmodell mit einer Auflösung von 1,25° mal 1,25° (GORDON et al. 2000).

Im Rahmen dieser Arbeit wurden die für den Zeitraum 2051-2060 gemittelten Durchschnittswerte der vier verschiedenen Klimaszenarien verwendet. Als Basisszenario für die Untersuchung der infolge des Klimawandels zu erwartenden Veränderungen wurde außerdem eine Habitatmodellierung auf Grundlage der Daten aus der klimatischen Normalperiode 1961-1990 durchgeführt (im Folgenden als Szenario CURRENT bezeichnet).

3.4.2 Prognostizierter Klimawandel

Da die Ergebnisse der Modellierung vor dem Hintergrund des für das Untersuchungsgebiet vorhergesagten Klimawandels zu interpretieren sind, sollen an dieser Stelle kurz die wichtigsten Entwicklungen zusammengefasst werden.

Im Zuge des Klimawandels ist mit einem starken Anstieg der Jahresmitteltemperatur zu rechnen (Abbildung 9). So könnte sich die Jahresmitteltemperatur im betrachteten Gebiet gegenüber dem Wert für die Normalperiode 1961-1990 (ca. 8,9°C) um fast 5°C auf dann rund 14,8°C zum Ende des Jahrhunderts erhöhen (Szenario GRAS). Auch bei dem Szenario GRAS-CUT, das von einem Abreißen der Thermohalinen Zirkulation ausgeht und deshalb für Teile Nordwesteuropas eine Abkühlung prognostiziert, ergibt sich insgesamt für das Betrachtungsgebiet eine Erhöhung der mittleren Jahrestemperatur für den Zeitraum 2051-2060 auf rund 10,7°C.

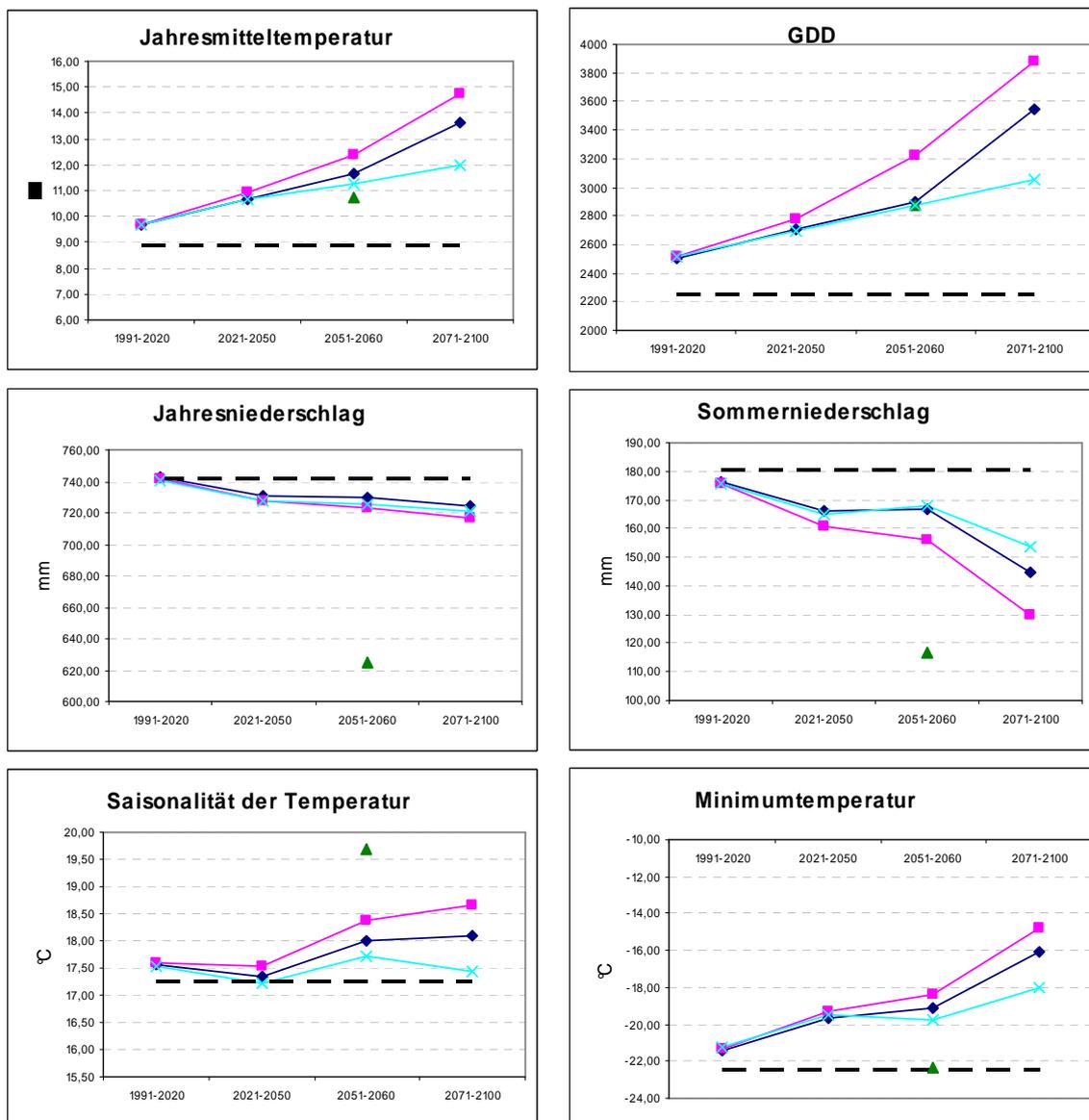
Da die Growing Degree Days auf der Temperatur basieren (vgl. Abschnitt 3.3.3) und nahezu vollständig mit der Jahresmitteltemperatur korreliert sind, ist der starke Anstieg der Temperatursumme GDD für das betrachtete Gebiet nicht verwunderlich. So ist selbst für das moderate Szenario SEDG mit einem Ansteigen von rund 35% gegenüber der Normalperiode 1961-1990 zu rechnen, für das Szenario GRAS sogar um rund 50% (Abbildung 9).

Die Minimumtemperatur wird sich nach den Szenarien in ähnlicher Weise ändern wie die Jahresmitteltemperatur. Besonders zum Ende des Jahrhunderts ist mit einem starken Ansteigen der mittleren Minimumtemperatur von derzeit ca. -22,4°C auf rund -18°C bis -15°C zu rechnen.

Die prognostizierte Entwicklung der Saisonalität der Temperatur unterscheidet sich deutlich zwischen den verschiedenen Szenarien. Während sich für das moderate Szenario SEDG im Mittel keine große Änderung ergibt, könnte insbesondere GRAS-CUT zu einem deutlichen Ansteigen der Saisonalität führen; das Klima würde in großen Teilen Europas kontinentaler.

Die beiden untersuchten Niederschlagsparameter (Jahresniederschlagssumme und Sommerniederschlag) werden sich nach den ALARM-Szenarien im Mittel weniger deutlich ändern. Zwar wird für den Jahresniederschlag eine tendenzielle Abnahme prognostiziert, die jedoch im Durchschnitt – abgesehen von GRAS-CUT - moderat bleibt. Deutlicher ist die Abnahme des Sommerniederschlags, insbesondere für das

Szenario GRAS und noch stärker für GRAS-CUT. Es sei jedoch betont, dass es sich hier um gemittelte Werte für das gesamte Betrachtungsgebiet handelt. Regional fallen die prognostizierten Veränderungen sehr viel stärker aus. GRAS-CUT würde in weiten Teilen Europas zu sehr viel trockeneren Bedingungen als heute führen.



Legende:

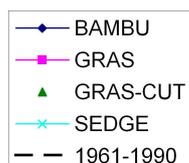


Abbildung 9: Prognostizierte zukünftige Entwicklung ausgewählter Klimaparameter im untersuchten Gebiet im Vergleich zur klimatischen Normalperiode 1961-1990.

3.5 Modellierung mit BRT

3.5.1 Modellparameter

Die Parameter *learning rate* (lr) und *tree complexity* (tc) (vgl. Abschnitt 2.3.1) müssen für jeden Datensatz neu angepasst werden (ELITH et al. 2008). Zu diesem Zweck wurde ein Testlauf mit verschiedenen Werten für lr und tc durchgeführt. Weil ein Einfluss der Prävalenz²⁴ erwartet wurde, wurden drei unterschiedlich weit verbreitete Arten untersucht: der seltene Iberische Luchs (*Lynx pardinus*, 30 Präsenzen), die mittelhäufige Bechsteinfledermaus (*Myotis bechsteinii*, 1.052 Präsenzen) und der praktisch über ganz Europa verbreitete Fischotter (*Lutra lutra*, 2.709 Präsenzen).

Die Abbildungen 10a bis d veranschaulichen beispielhaft den Zusammenhang zwischen lr und dem Modellfehler (Parameter *deviance*) bei unterschiedlichen Werten für tc . Es zeigte sich, dass eine lr von 0.01 und eine tc von 5 in den meisten Fällen für eine gute Modellanpassung (*model fit*) ausreichten. Bei Bechsteinfledermaus und Fischotter brachten eine Verkleinerung von lr und eine Erhöhung von tc keine besseren Ergebnisse (Abbildung 10a, b). Bei einer lr von 0,0001 läuft die Iteration bis 10.000 *trees* und bricht dann ab (dies ist der voreingestellte Maximalwert für die Anzahl Bäume). Die errechneten Modelle waren aber offenbar noch nicht optimal gefittet, erkennbar an dem erhöhten Modellfehler. Beim Iberischen Luchs ergab eine Verkleinerung der lr - bei gleichen Werten für tc - dagegen eine Verbesserung der Modellierung (Abbildung 10c). Eine Erhöhung der tc wirkte sich uneinheitlich aus; eine Erhöhung liefert nicht unbedingt ein besseres Ergebnis. Eine Veränderung der *bag fraction* (im Beispiel 0,75) erbrachte keine Verbesserung des Ergebnisses (Abbildung 10d).

Abbildung 10e veranschaulicht den Zusammenhang zwischen lr und der Anzahl *trees*, die berechnet werden: je kleiner die lr , desto mehr Bäume müssen für eine optimale Modellgüte berechnet werden. Gleichzeitig sind bei einer kleineren tc mehr Bäume notwendig.

²⁴ Die Prävalenz entspricht dem Verhältnis der Datenpunkte mit Präsenzen (also der Zellen, in denen die Art vorkommt) zur Gesamtzahl der Datenpunkte (PEARSON 2007).

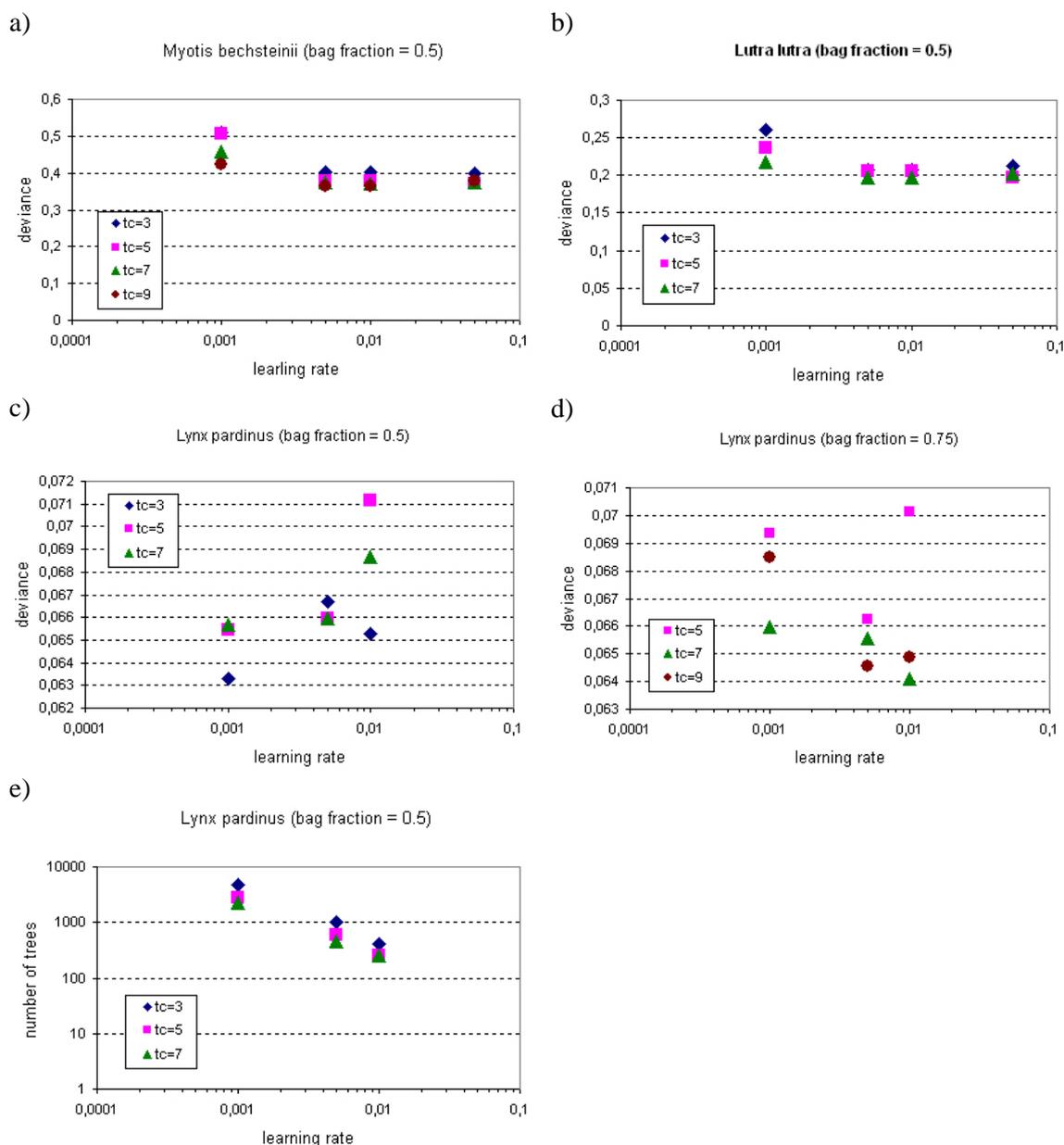


Abbildung 10: Einfluss verschiedener Parameter auf das Ergebnis der Modellierung in BRT (Erläuterungen im Text).

Entscheidend für die Modellgüte ist, dass die Anzahl der *trees* angemessen ist. Als Faustregel gilt hier, dass mindestens 1.000 *trees* berechnet werden (ELITH et al. 2008). Wenn *lr* zu klein bzw. *tc* zu hoch ist, besteht die Gefahr, dass auch mit der maximalen Anzahl *trees* noch kein gute Modellanpassung erreicht wird. Deshalb wurde der Parameter *max trees*, der die Anzahl der maximal zu berechnenden Bäume bestimmt (Vorgabewert: 10.000) auf 20.000 erhöht. Um den Zeitaufwand für die rechenintensive Berechnung der Modelle zu begrenzen, wurde eine Programmschleife geschrieben, die

mit hoher *lr* beginnt, um dann nur bei Bedarf – wenn weniger als 1.000 *trees* berechnet wurden - eine kleinere *lr* zu nehmen (siehe Abschnitt 3.5.2).

Die verwendete BRT-Funktion rechnet nicht, wenn zu wenig Präsenzen oder Absenzen vorhanden sind (d.h. weniger als rund 5 Präsenzen oder Absenzen), wie z.B. im Fall des Wisents (*Bison bonasus*; zwei Präsenzen). Auch eine Veränderung weiterer Parameter (Verkleinerung der *step size* oder Erhöhung der *bag fraction*) löst dieses Problem nicht.

3.5.2 Berechnung der Habitatmodelle

Wegen der hohen Anzahl der Arten und Szenarien musste die Habitatmodellierung automatisiert werden. Zu diesem Zweck wurde ein R-Skript geschrieben, das diese Aufgabe übernimmt²⁵. Im Grundsatz führt das Skript folgende Schritte aus:

- Einladen der Daten aus der Access-Datenbank
- Modellierung mittels des BRT-Skriptes von ELITH et al. (2008) unter Verwendung der in Abschnitt 3.5.1 beschriebenen Parameter anhand der beobachteten Klimadaten aus dem Zeitraum 1961-1990
- Vorhersage der zukünftigen Verbreitungsgebiete auf Grundlage der ALARM-Klimaszenarien für den Zeitraum 2051-2060, wobei die Landbedeckungs- und Topografievariablen konstant bleiben
- Ausgabe der modellierten Verbreitungsdaten sowie verschiedener Teststatistiken

Da für die Berechnung mittels BRT in der Regel mindestens 5 Präsenzen und mindestens 5 Absenzen notwendig waren, konnten 12 der 184 Landsäugetiere, die im ALARM-Gebiet vorkommen, nicht modelliert werden²⁶. Deshalb liegen als Resultat die vorhergesagten Verbreitungsgebiete für 172 Arten vor (siehe Tabelle 12 im Anhang).

Die verwendete BRT-Funktion *gbm.step* bietet die Möglichkeit, den Beitrag der einzelnen erklärenden Variablen zum Habitatmodell zu quantifizieren. Der entsprechende Parameter „*contributions*“ des BRT-Objekts aus *gbm.step* gibt die

²⁵ Skript Habitatmodellierung_BRT.r (siehe Abschnitt A.3 im Anhang)

²⁶ Nicht modelliert wurden (die Zahlen geben jeweils die Anzahl Präsenzen an): Wisent (*Bison bonasus*; 2); Wildziege (*Capra hircus*; 2), Bayerische Kurzzohrmaus (*Microtus bavaricus*; 2), *Microtus socialis* (1), Tatra-Kleinwühlmaus (*Microtus tatricus*; 4), Hausmaus (*Mus musculus*; 3035), *Myomimus roachi* (9), Pyrenäen-Gämse (*Rupicapra pyrenaica*; 3), *Sorex arunchi* (5), *Spalax arenarius* (1), *Spermophilus pygmaeus* (1), Eisbär (*Ursus maritimus*; 4).

relative Bedeutung der Variablen in Prozent an (ELITH & LEATHWICK 2008). Dieser Parameter wurde Art für Art berechnet und schließlich gemittelt über alle modellierten Arten ausgewertet.

Als Ergebnis der Berechnung lagen die vorhergesagten Vorkommenswahrscheinlichkeiten pro Rasterzelle vor. Zusätzlich wurden mittels zweier unterschiedlicher Schwellenwerte (siehe folgender Abschnitt) jeweils pro Art zwei Präsenz/Absenzdatensätze erzeugt.

3.5.3 Schwellenwert

Um die bei der Modellierung errechneten Vorkommenswahrscheinlichkeiten wieder in Präsenz/Absenzdaten umzuwandeln, wie es u.a. für die Analyse der Arealänderung notwendig war, muss ein Schwellenwert gesetzt werden, ab dem die betreffende Art als vorkommend gewertet wird. Hierfür existieren verschiedene Methoden. LIU et al. (2005) untersuchten zwölf verschiedene Ansätze und verglichen die Güte der Vorhersage, insbesondere wenn die Prävalenz der zur Modellierung verwendeten Daten von 50% abweicht. Sie fanden, dass die aus den Modelldaten errechnete Prävalenz einerseits gute Ergebnisse liefert und andererseits einfach zu handhaben ist. In der vorliegenden Arbeit wurde die Prävalenz mit dem von *gbm.step* aus der internen Kreuzvalidierung berechneten BRT-Schwellenwert (*cv.threshold*) verglichen²⁷.

Zum Vergleich der beiden verwendeten Schwellenwerte wurde jeweils eine *confusion matrix* (FIELDING & BELL 1997) angelegt, die jeweils richtig vorhergesagten Präsenzen (*a*) und Absenzen (*d*) sowie falsch vorhergesagte Präsenzen (*b*) und Absenzen (*c*) enthält.

Als Parameter für die Güte der Vorhersagequalität der Schwellenwerte kann einerseits die *accuracy* dienen, andererseits der kappa-Wert (PEARSON 2007: 32). Die *accuracy* α gibt den Anteil der richtigen Vorhersagen an:

$$\alpha = \frac{(a + d)}{(a + b + c + d)}$$

²⁷ Hierzu wurde das Skript *confusion_matrix.r* verwendet, siehe Abschnitt A.3 im Anhang

Die *accuracy* hat den Nachteil, bei einer sehr niedrigen oder sehr hohen Prävalenz keine zuverlässigen Werte zu liefern (PEARSON 2007: 32). Daher wurde zusätzlich der kappa-Wert κ als vergleichsweise gut geeignetes Gütemaß (FIELDING & BELL 1997) berechnet:

$$\kappa = \frac{(a + d) - (((a + c)(a + b) + (b + d)(c + d)) / n)}{n - (((a + c)(a + b) + (b + d)(c + d)) / n)}$$

3.5.4 Kreuzvalidierung

Die Daten wurden zufällig²⁸ in einen Trainingsdatensatz (70% der Daten, $n = 2126$) und einen Testdatensatz (30% der Daten, $n = 911$) aufgeteilt. Die Modellierung mittels BRT erfolgte mit den Trainingsdaten. Hierbei konnten nur die 134 Arten berücksichtigt werden, die auch nach Unterteilung in Trainings- und Testdaten genügend Präsenzen bzw. Absenzen für eine Berechnung mittels BRT hatten.

Die Güte der Modellierung wurde mittels der AUC-Werte (vgl. Abschnitt 2.3.2) überprüft, indem die vorhergesagte Vorkommenswahrscheinlichkeit mit dem bekannten Vorkommen/Nichtvorkommen der Art verglichen wurde.²⁹

3.6 Analyse der Ergebnisse

3.6.1 Arealänderung

Die für die einzelnen Klimaszenarien vorhergesagte Größe des Verbreitungsgebietes wurde unter zwei verschiedenen Grundannahmen ausgewertet:

- keine Migration: die Arten können – u.a. infolge von Landschaftszerschneidung oder natürlichen Barrieren – keine neuen Gebiete besiedeln, auch wenn diese potenziell geeignet wären
- unbegrenzte Migration: die Arten können ihr für die Zukunft vorhergesagtes, potenzielles Areal uneingeschränkt besiedeln

Beide Annahmen sind als an für sich wenig wahrscheinliche Extremwerte anzusehen, die aber eine Spannbreite angeben, zwischen denen die tatsächliche Entwicklung liegen dürfte.

²⁸ in R mittels der Funktion `sample(all_data, 2126, replace=FALSE)`

²⁹ Die entsprechende Funktion in R (library verification) lautet: `roc.area(observed, predicted)`

Außerdem wurde die zu erwartende Verschiebung des potenziellen Areals abgeschätzt. Dazu wurden die vorhergesagten Vorkommenswahrscheinlichkeiten Pv_i pro Rasterzelle mit den jeweiligen x,y – Koordinaten der Zellmittelpunkte multipliziert und durch die Summe der Vorkommenswahrscheinlichkeiten geteilt:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i Pv_i}{\sum_{i=1}^n Pv_i}$$

$$\bar{y} = \frac{\sum_{i=1}^n y_i Pv_i}{\sum_{i=1}^n Pv_i}$$

Die Verschiebung der Verbreitungsgebiete aufgrund des Klimawandels ergibt sich dann aus der Differenz der für die Zukunft vorhergesagten Arealmittelpunkte (Szenarien BAMBU, GRAS, GRAS-CUT und SEDG) minus des für die Art aktuell modellierten Arealmittelpunktes (Szenario CURRENT).

3.6.2 Repräsentierung der Arten in Natura 2000

In der Natura 2000 – Datenbank (Stand Juli 2007) sind 137 der 172 Arten enthalten, deren zukünftige Verbreitung modelliert werden konnte. Davon sind 28 Arten in Anhang II der FFH-Richtlinie aufgeführt.

Um die Repräsentierung der Arten in Natura 2000 zu untersuchen, wurden zunächst die pro Rasterzelle vorhergesagten Präsenz/Absenzwerte der einzelnen Arten mit den dort vorhandenen Natura 2000 Gebieten verschnitten³⁰. Dabei wurde von der Annahme ausgegangen, dass man nur bei den Natura 2000 Gebieten, in denen eine Art auch gemeldet wurde, davon ausgehen kann, dass die Habitatausstattung für die betreffende Art geeignet ist. Deshalb wurden bei der Verschneidung jeweils nur die Natura 2000 Gebiete berücksichtigt, in denen die Art auch aktuell gemeldet ist. Der Ansatz ist demnach konservativ; in der Realität wird es in bestimmten Maß sicherlich auch Neuzugänge in Natura 2000 Gebieten geben.

Als Ergebnis entstand Art für Art eine Tabelle mit Präsenz/Absenz-Werten für die betreffenden Natura 2000 Gebiete und für die verschiedenen Szenarien. Die in den einzelnen Natura 2000 Gebieten unter dem jeweiligen Klimaszenario zu erwartenden

³⁰ mithilfe des R-Skripts N2K_Analyse_PA.r (siehe Abschnitt A.3 im Anhang)

Präsenzen - im Folgenden kurz auch als „Natura 2000 Präsenzen“ bezeichnet - wurden schließlich Art für Art summiert.

Neben der Verschneidung der Präsenz/Absenzdaten wurde zusätzlich eine Auswertung der modellierten Vorkommenswahrscheinlichkeiten in den Schutzgebieten durchgeführt. Die Verschneidung der Natura 2000 Gebiete mit den vorhergesagten Wahrscheinlichkeiten der Arten wurde durchgeführt, indem jedem Natura 2000 Gebiet ein gewichteter Flächenmittelwert P_{fg} der Vorkommenswahrscheinlichkeiten einer Art in den betreffenden Rasterzellen zugeordnet wurde:

$$P_{fg} = \left(\sum_{i=1}^n P_i F_i \right) / F$$

Dabei ist P_i die Vorkommenswahrscheinlichkeit in der Rasterzelle i , F_i die Fläche des Natura 2000 Gebiets in der Rasterzelle i und F die Gesamtfläche des Natura 2000 Gebiets.

Die Verschneidung wurde mittels SQL-Abfrage auf Ebene der Datenbank in R gelöst. Das ER-Modell³¹ in Abbildung 11 zeigt die grundsätzliche Beziehung zwischen den zu verschneidenden Informationen. Die Entität Natura 2000 Gebiete enthält alle für ein bestimmtes Gebiet gemeldeten Säugetierarten. Die Entität Vorhersageraster enthält jeweils für alle Arten und alle Rasterzellen eine Vorkommenswahrscheinlichkeit der zukünftigen Verbreitung. Zwischen diesen beiden Entitäten besteht eine $n : m$ – Beziehung: jedes Natura 2000-Gebiet kann sich auf mehrere Rasterzellen erstrecken, jede Rasterzelle kann mehrere Natura 2000 Gebiete enthalten. Um diese Beziehung datenbanktechnisch abbilden zu können, musste deshalb eine Verknüpfungstabelle (tbl_gridsite, siehe Abbildung 12) erstellt werden, die jeweils eine $1 : n$ - Beziehung zu beiden Entitäten hat. Diese Verknüpfungstabelle entstand durch die räumliche Verschneidung des Referenzrasters mit den Natura 2000 Gebieten in ArcGIS mittels *union*.

Die eigentliche Berechnung wurde dann in R durchgeführt, das mittels des Packets sqldf auch SQL-Abfragen verarbeiten kann³².

³¹ Ein Entity-Relationship-Modell beschreibt Datenobjekte und deren Beziehungen untereinander

³² Skript N2K_Analyse_PB.r (siehe Abschnitt A.3 im Anhang)

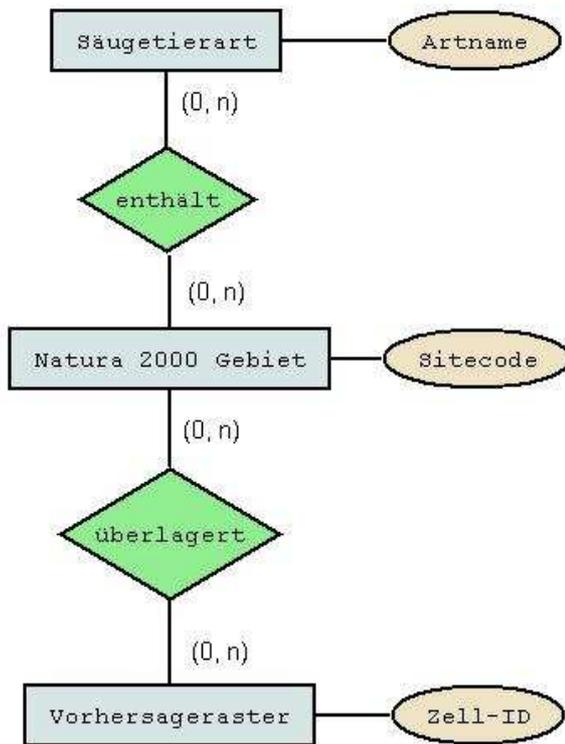


Abbildung 11: ER-Modell zur Beziehung zwischen Arten, N2K Gebieten und Vorhersagerastern



Abbildung 12: UML-Diagramm der Datenbankbeziehungen

Die oben beschriebenen Auswertungen sagen noch nichts über die geografische Abdeckung des Areals aus. Es ist jedoch anzunehmen, dass eine Art umso besser geschützt ist, desto größere Anteile des Areals Präsenzen in Natura 2000 aufweisen.

Um die Abdeckung des Verbreitungsareals der Anhang II – Arten mit Natura 2000 – Gebieten zu überprüfen, wurde zunächst für jede Präsenz einer Art (d.h. einer Rasterzelle mit einem Vorkommen der Art) berechnet, ob dort ein entsprechendes Schutzgebiet vorhanden ist. Diese Werte wurden sowohl für den aktuellen Zustand als auch für jedes Szenario summiert. Weil der Fokus auf einer Auswertung über alle Arten

lag, wurden weder Anzahl noch Fläche der Schutzgebiete pro Art und Rasterzelle betrachtet, da der Arbeitsaufwand sonst zu hoch gewesen wäre. Es wurde vereinfachend davon ausgegangen, dass ein Schutzgebiet pro Rasterzelle zum Schutz der Art ausreicht. Ideal wäre eine vollständige Abdeckung des Areals mit Schutzgebieten. Umgekehrt ist es als kritisch zu betrachten, wenn bei einer Verschiebung der Verbreitungsgebiete infolge des Klimawandels größere Bereiche des Verbreitungsareals nicht mit Natura 2000 Gebieten abgedeckt sind.

Schließlich wurde überprüft, wie sich der Klimawandel auf die verschiedenen biogeografischen Regionen auswirken könnte. Dazu wurden die Natura 2000 – Präsenzen ausgewertet. Zunächst wurde die Summe der aktuellen Meldungen über alle modellierten Arten in den Natura 2000 Gebieten der betreffenden Region gebildet. Dann wurde untersucht, wie viele dieser aktuellen Präsenzen in Natura 2000 im Zuge des Klimawandels verloren gehen könnten. Berechnet wurde die Differenz zwischen zukünftigen Präsenzen in Natura 2000 und aktuellen Meldungen im Verhältnis zu den aktuellen Meldungen, d.h. also der zu erwartende prozentuale Verlust an Vorkommen in Natura 2000 Gebieten.

Bei der Zuordnung der Natura 2000 Gebiete zu biogeografischen Regionen wurde die maximale Schnittfläche der einzelnen Gebiete aus der *feature class* N2K100K_LAEA mit den biogeografischen Regionen (*shapefile* der EEA³³) verwendet (berechnet über *union* in ArcGIS). Nur in den Fällen, in denen dies nicht möglich war, weil das *shapefile* der biogeografischen Regionen das untersuchte Gebiet nicht vollständig abdeckte, erfolgte eine Klassifizierung über die Zuordnung der Mittelpunkte der Natura 2000 Gebiete zur nächstgelegenen Region.

3.7 Technische Umsetzung

Die Vorbereitung und die Visualisierung der Daten wurde mithilfe von ArcGIS 9.2 einschließlich der Erweiterung *spatial analyst* durchgeführt. Die angesichts der hohen Zahl der zu bearbeitenden Arten notwendige Automatisierung der einzelnen Arbeitsschritte erfolgte mittels Python-Skripten (Versionen 2.4 und 2.5), die auf Grundlage der von ESRI bereit gestellten Hilfen und Beispiele vom Verfasser geschrieben wurden. Die Erstellung der Habitatmodelle, die Generierung der

³³ <http://dataservice.eea.europa.eu/dataservice/metadetails.asp?id=1054> (Download 03.10.2008)

vorhergesagten Verbreitungsgebiete sowie die statistische Analyse wurden mit dem freien Statistikprogramm R (R DEVELOPMENT CORE TEAM 2008) durchgeführt. Zusätzlich zum Kernpaket des Programms wurden mehrere zusätzliche Module (so genannte „packages“) verwendet, die ebenfalls frei aus dem Internet nachzuladen sind und deren Einsatz jeweils in den betreffenden Abschnitten beschrieben ist. R bietet auch die Möglichkeit, mittels Skripting Aufgaben zu automatisieren. Die für die Bearbeitung der Master Thesis notwendigen Skripte wurden auf Grundlage von Desktop- und Online-Manual zum Programm R sowie unter Verwendung des Online-Tutorials von ELITH & LEATHWICK (2008) vom Autor geschrieben.

Ein Teil der verwendeten Skripte ist im Anhang dokumentiert (aus Platzgründen konnten allerdings nicht alle Skripte dokumentiert werden).

Die Datenhaltung erfolgte größtenteils im Desktop-Datenbankprogramm Microsoft Access (Version 2002). Tabellen in MS Access können einerseits sowohl von ArcGIS als auch von R aus einfach eingelesen bzw. abgefragt werden, andererseits können in MS Access selbst komfortabel Abfragen zur Analyse der Daten erstellt werden.

4 Ergebnisse

4.1 Einfluss der verschiedenen Modellvariablen

Die relative Bedeutung der erklärenden Variablen wurde wie in Abschnitt 3.5.2 beschrieben berechnet. Abbildung 13 zeigt die über alle modellierten Arten (n=172) gemittelten Werte. Als wichtigster Parameter erweisen sich die *growing degree days* über 5°C (GDD), die im Schnitt knapp 18% der berechneten Habitatmodelle erklären. Auch die Saisonalität der Temperatur (T_SEASON) und der Niederschlag in den Sommermonaten (PRE_SUMMER) tragen mit jeweils rund 14% relativ viel zu den Modellen bei, gefolgt von der Höhe über NN nach Abzug des Temperatureinflusses (TOPO_RES). Landbedeckungsparameter stellen sich auf der betrachteten Maßstabsebene insgesamt als weniger bedeutsam heraus: sie tragen insgesamt rund 31% zu den Habitatmodellen bei, während die Klimaparameter zusammen genommen ca. 51% der erklärbaren Varianz ausmachen.

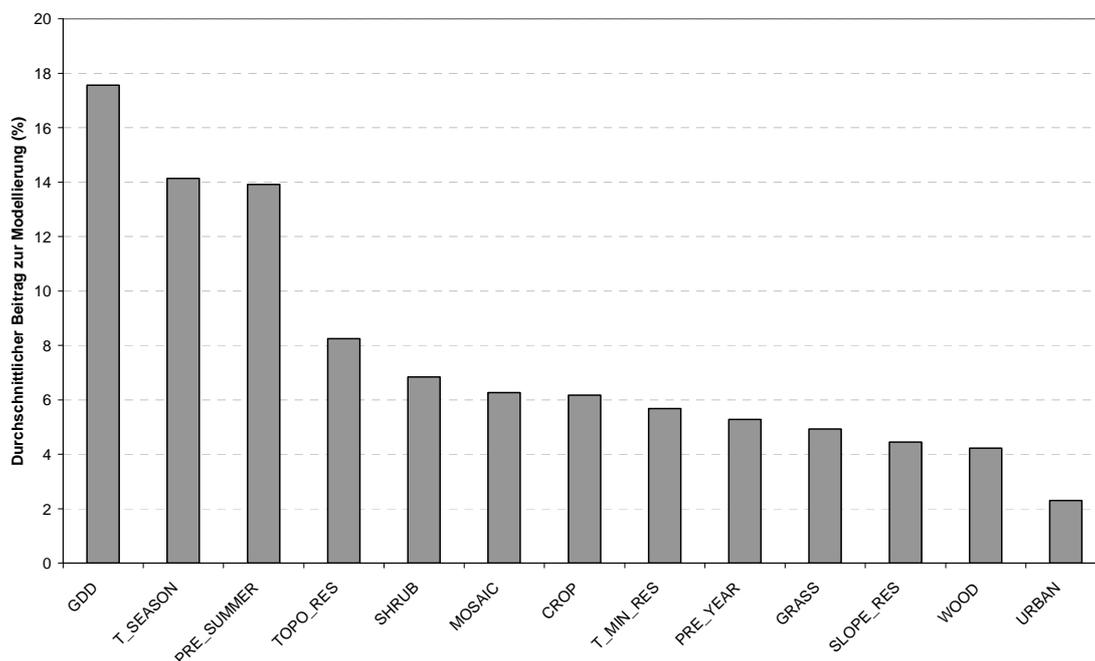


Abbildung 13: Durchschnittlicher Beitrag der verwendeten Parameter zur Modellierung der untersuchten Arten (n=172)

4.2 Arealänderung

Zur Mitte des Jahrhunderts (Zeitraum 2051-2060) droht unter der Annahme „keine Migration“ je nach Szenario für ca. 16 – 25% aller daraufhin untersuchten 172 Arten der Verlust der Hälfte oder mehr ihres Areals (SEDG 28, BAMBU 29, GRAS-CUT 38 und GRAS 43 Arten, siehe Abbildung 14). Unter der Annahme unbegrenzter Wanderung sind es rund 11 – 18% (SEDG 19, BAMBU 20, GRAS-CUT 20 und GRAS 31 Arten). Bei unbegrenzter Wanderung könnte dagegen auf der anderen Seite eine Reihe von Arten ihr Areal deutlich ausdehnen: je nach Szenario würden 11 – 21% der untersuchten Arten ihr Verbreitungsgebiet um 50% oder mehr ausdehnen (SEDG 19, BAMBU 23, GRAS 35 und GRAS-CUT 36 Arten, siehe Abbildung 15). Die vollständigen Ergebnisse sind Tabelle 12 im Anhang zu entnehmen.

Für die Arten des Anhangs II ist das Bild ähnlich (keine Migration: 18-25% [BAMBU 5, GRAS 6, GRAS-CUT 7, SEDG 5 Arten]; unbegrenzte Migration: 4-11 % [BAMBU 1, GRAS 3, GRAS-CUT 3, SEDG 1 Arten]). Eine Kurzbeschreibung der Auswirkungen auf die einzelnen Arten des Anhangs II ist Tabelle 5 zu entnehmen.

Für die überwiegende Zahl der Arten ist im Zuge des Klimawandels mit einer Verschiebung des Areals nach Norden zu rechnen, falls eine entsprechende Migration möglich ist. Unter der entsprechenden Vorgabe („unbegrenzte Migration“) verschiebt sich der Median der Arealmittelpunkte je nach Szenario um rund 140 bis 180 km nach Norden (SEDG 141 km, BAMBU 122 km, GRAS 183 km, GRAS-CUT 137 km). Einige Arten könnten den Arealmittelpunkt jedoch auch nach Süden verlagern (Abbildung 16).

Während es unter der Vorgabe „unbegrenzte Wanderung“ vor allem zu einer Verschiebung der Zonen mit hoher Biodiversität in Richtung Norden kommt, würde sich unter der Annahme „keine Wanderung“ die Artenzahl in großen Teilen Europas deutlich reduzieren (Abbildung 17). Dies gilt für alle Szenarien, wobei das Szenario GRAS-CUT jeweils die negativsten Auswirkungen auf die Artenzahl beinhaltet.

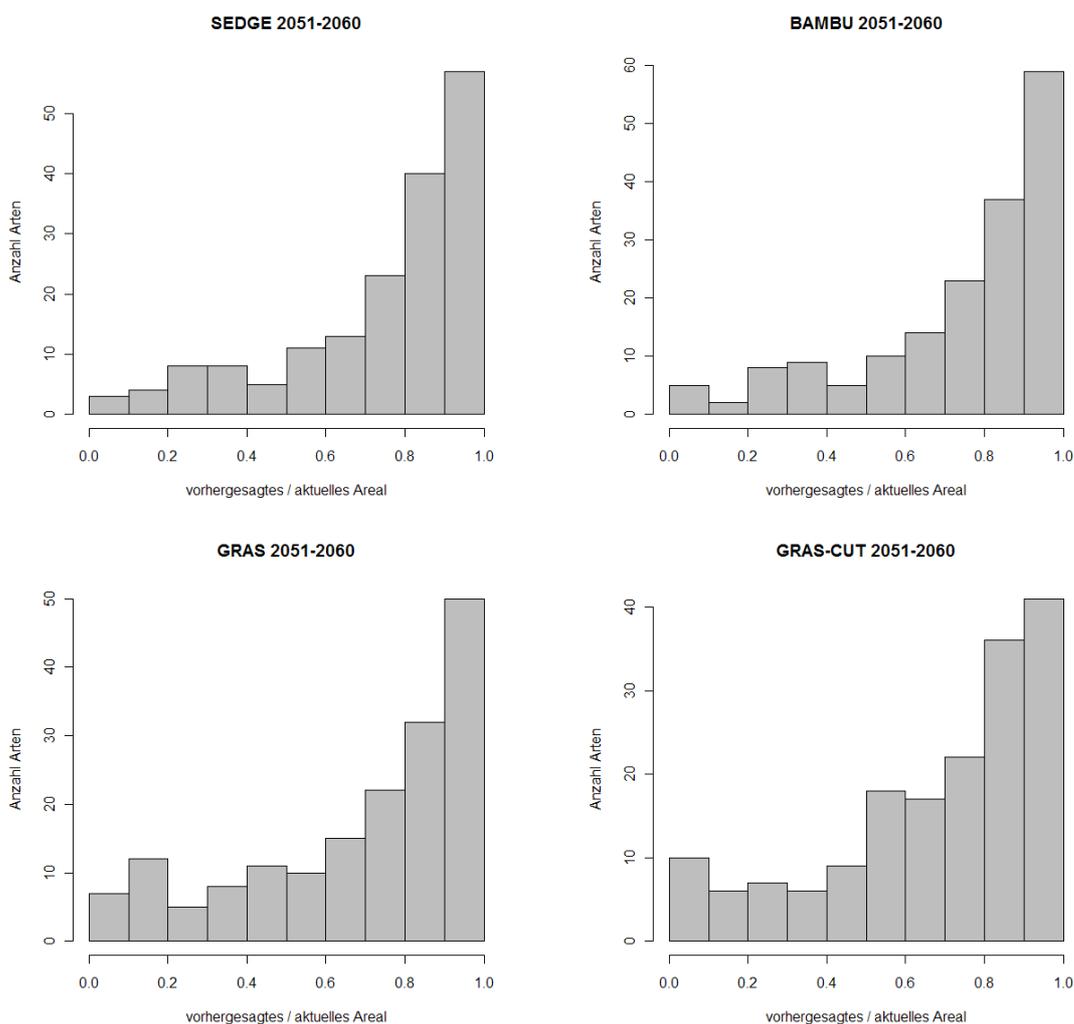


Abbildung 14: Arealänderung unter der Vorgabe „keine Migration“. Die x-Achse gibt das Verhältnis von zukünftig prognostizierter zu aktueller Arealgröße unter dem jeweiligen Klimaszenario an, die y-Achse die Anzahl der Arten pro Klasse (n = 172 Arten).

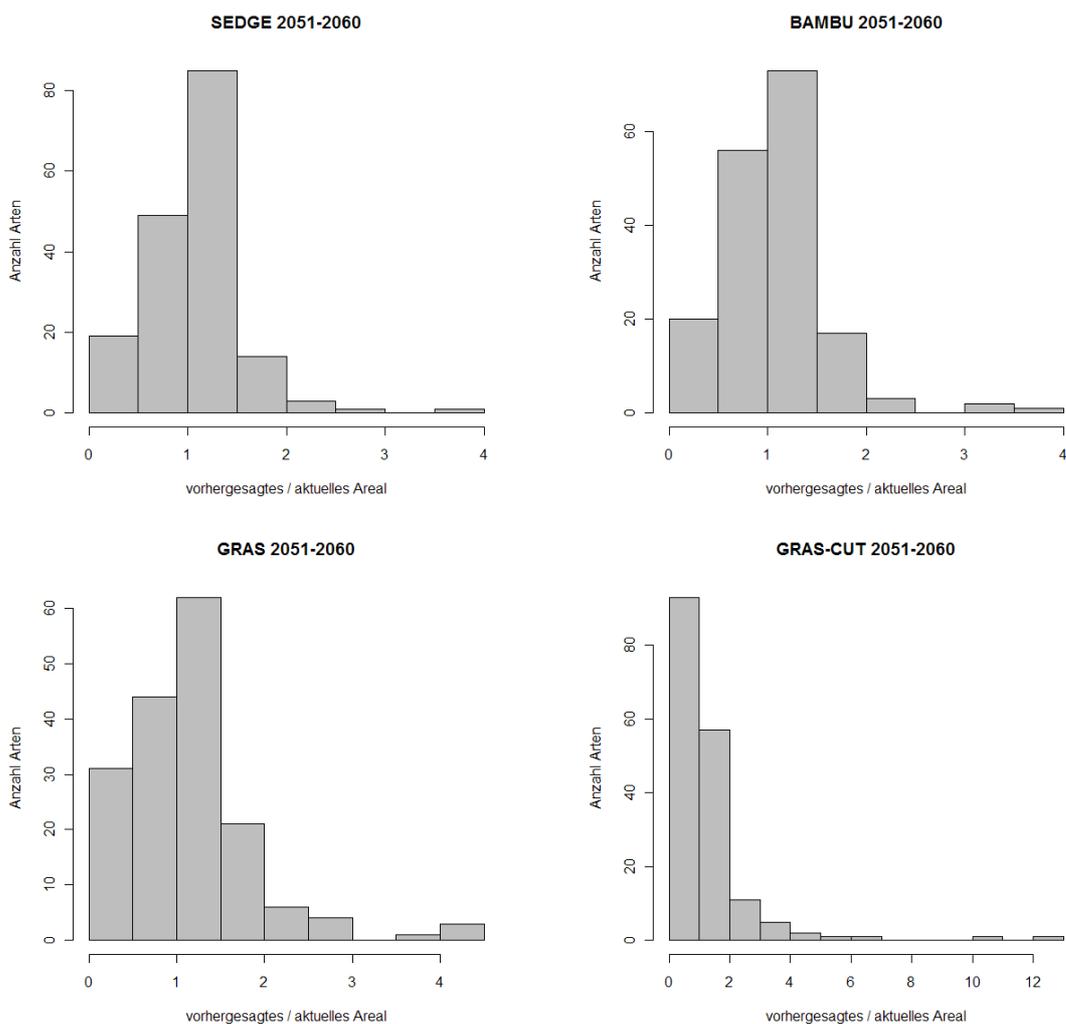


Abbildung 15: Arealänderung unter der Vorgabe „unbegrenzte Migration“. Die x-Achse gibt das Verhältnis von zukünftig prognostizierter zu aktueller Arealgröße unter dem jeweiligen Klimaszenario an, die y-Achse die Anzahl der Arten pro Klasse.

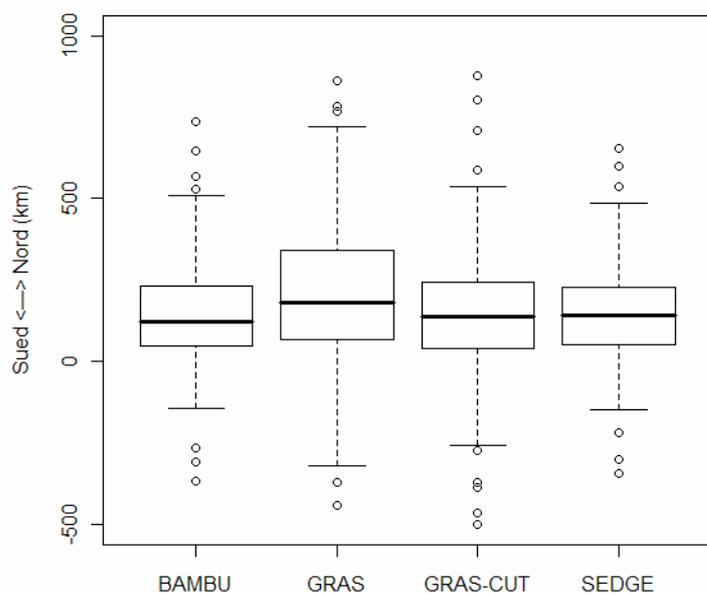


Abbildung 16: Mögliche Verschiebung der Arealmittelpunkte für den Zeitraum 2051-2060 unter der Vorgabe „unbegrenzte Migration“ (n = 172 Arten)

Tabelle 5: Prognostizierte Auswirkungen des Klimawandels auf die Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie

Ordnung	Art wissenschaftlich	Art deutsch	Bemerkungen
Artiodactyla	<i>Capra hircus</i>	Wildziege	Nicht modelliert
	<i>Capra pyrenaica</i>	Spanischer Steinbock	Verliert möglicherweise fast das gesamte zentral- und südostspanische Areal, in dem alle Natura 2000 Gebiete liegen; mögliche Refugien liegen in Nordspanien / Nordportugal; dort gibt es jedoch keine gemeldeten Natura 2000 – Gebiete.
	<i>Cervus elaphus</i>	Rothirsch	In Anhang II aufgeführt ist nur die Unterart <i>C. elaphus corsicanus</i> , die auf Sardinien und Korsika vorkommt. Hier könnte die Art deutliche Arealverluste erleiden. Im europäischen Gesamtareal sind Verluste vor allem in Osteuropa, insbesondere unter dem Szenario GRAS-CUT möglich.
	<i>Ovis aries</i>	Wildschaf	In Anhang II der FFH-Richtlinie aufgeführt sind natürliche Populationen des Europäischen Mufflons (<i>Ovis ammon musimon</i>) auf Korsika und Sardinien, wobei dessen taxonomische Stellung als Art umstritten ist. Diese Populationen sind – anders als die eingeführten Vorkommen im übrigen Europa – stark vom Klimawandel bedroht.
	<i>Rupicapra pyrenaica</i>	Pyrenäen-Gämse	Nicht modelliert
	<i>Rupicapra rupicapra</i>	Gämse	Die Population im Alpenraum ist relativ wenig betroffen; dagegen könnte das Areal in den Karpaten nahezu vollständig verloren gehen.
Carnivora	<i>Canis lupus</i>	Wolf	Vor allem das Areal im Nordwesten der Iberischen Halbinsel dürfte deutlich schrumpfen
	<i>Lutra lutra</i>	Fischotter	Es sind nur geringe Arealverluste, vor allem in Süditalien, zu befürchten.
	<i>Lynx lynx</i>	Luchs	Der Luchs könnte deutliche Arealverluste in Mitteleuropa und Südkandinavien erleiden.
	<i>Lynx pardinus</i>	Pardelluchs	Die Art scheint als Ergebnis der Modellierung zunächst wenig betroffen; das potenzielle Areal der Art auf der Iberischen Halbinsel könnte sich sogar vergrößern. Es ist jedoch anzumerken, dass das Wildkaninchen (die Hauptbeutetierart) hier deutliche Arealverluste erleiden könnte.
	<i>Mustela lutreola</i>	Europäischer Nerz	Das kleine westeuropäische Areal in Nordspanien und Südwestfrankreich ist stark bedroht; insbesondere GRAS-CUT könnte zum Erlöschen dieser Population führen.
	<i>Ursus arctos</i>	Braunbär	Größere Arealverluste sind insbesondere im Baltikum zu befürchten; die Population in den Pyrenäen könnte erlöschen.
Chiroptera	<i>Barbastella barbastellus</i>	Mopsfledermaus	Gefährdet sind insbesondere die süd- und osteuropäischen Verbreitungsgebiete; vor allem unter Szenario GRAS-CUT.
	<i>Miniopterus schreibersii</i>	Langflügel-fledermaus	Die Art ist in Europa relativ wenig durch den Klimawandel gefährdet.

Ergebnisse

Ordnung	Art wissenschaftlich	Art deutsch	Bemerkungen
	<i>Myotis bechsteinii</i>	Bechsteinfledermaus	Arealverluste sind vor allem auf der Iberischen Halbinsel und dem Balkan zu befürchten, insbesondere unter GRAS-CUT.
	<i>Myotis blythii</i>	Kleines Mausohr	In Europa ist die Art relativ wenig gefährdet.
	<i>Myotis capaccinii</i>	Langfußfledermaus	Die Art könnte sich im Zuge des Klimawandels weit nach Norden ausbreiten, dafür aber größere Teile des mediterranen Areals verlieren.
	<i>Myotis dasycneme</i>	Teichfledermaus	Die Art könnte im Zuge des Klimawandels starke Arealverluste erleiden, insbesondere unter GRAS; gefährdet sind vor allem das pannonische Areal sowie der Bereich der westlichen Arealgrenze im nördlichen Mitteleuropa.
	<i>Myotis emarginatus</i>	Wimpernfledermaus	Die Art könnte sich in Europa deutlich nach Norden ausbreiten und dabei Teile des mediterranen Areals verlieren, ist aber insgesamt relativ wenig bedroht.
	<i>Myotis myotis</i>	Großes Mausohr	Gefährdet sind besonders die Teilareale auf der Iberischen Halbinsel sowie auf dem Balkan und in der westlichen Türkei.
	<i>Rhinolophus blasii</i>	Blasius-Hufeisennase	Die Art ist in Europa insgesamt relativ wenig bedroht und könnte ihr Areal eventuell nach Norden ausdehnen.
	<i>Rhinolophus euryale</i>	Mittelmeer-Hufeisennase	Die Art ist in Europa relativ wenig bedroht und könnte ihr Areal deutlich nach Norden ausdehnen.
	<i>Rhinolophus ferrumequinum</i>	Große Hufeisennase	Gefährdet sind vor allem die Teilareale auf der Iberischen Halbinsel und dem Balkan; dagegen könnte sich die Art in Mittel- und Nordwesteuropa deutlich ausbreiten.
	<i>Rhinolophus hipposideros</i>	Kleine Hufeisennase	Die Art könnte in Europa zu den „Gewinnern“ des Klimawandels zählen und sich deutlich nach Norden ausbreiten.
	<i>Rhinolophus mehelyi</i>	Mehely-Hufeisennase	Die Art ist vor allem im Schwarzmeergebiet bedroht, könnte sich aber andererseits auch nach Norden ausbreiten.
Insectivora	<i>Galemys pyrenaicus</i>	Pyrenäen-Desman	Die Art ist durch den Klimawandel stark bedroht und könnte sich auf den äußersten Nordwesten der Iberischen Halbinsel zurückziehen.
Rodentia	<i>Castor fiber</i>	Biber	Bedroht sind vor allem baltische Populationen unter Szenario GRAS sowie mittel- und westeuropäische Populationen unter GRAS-CUT; allerdings fehlt die mitteleuropäische Population („Elbebiber“) in den EMA-Daten.
	<i>Microtus cabreræ</i>	Cabreramaus	Die ausschließlich auf der Iberischen Halbinsel vorkommende Art ist durch den Klimawandel stark bedroht.
	<i>Microtus oeconomus</i>	Nordische Wühlmaus	Bedroht ist vor allem das isolierte pannonische Teilareal der Art.
	<i>Spermophilus citellus</i>	Europäischer Ziesel	Die ausschließlich im südöstlichen Europa vorkommende Art könnte durch den Klimawandel große Teile ihres Areals verlieren.

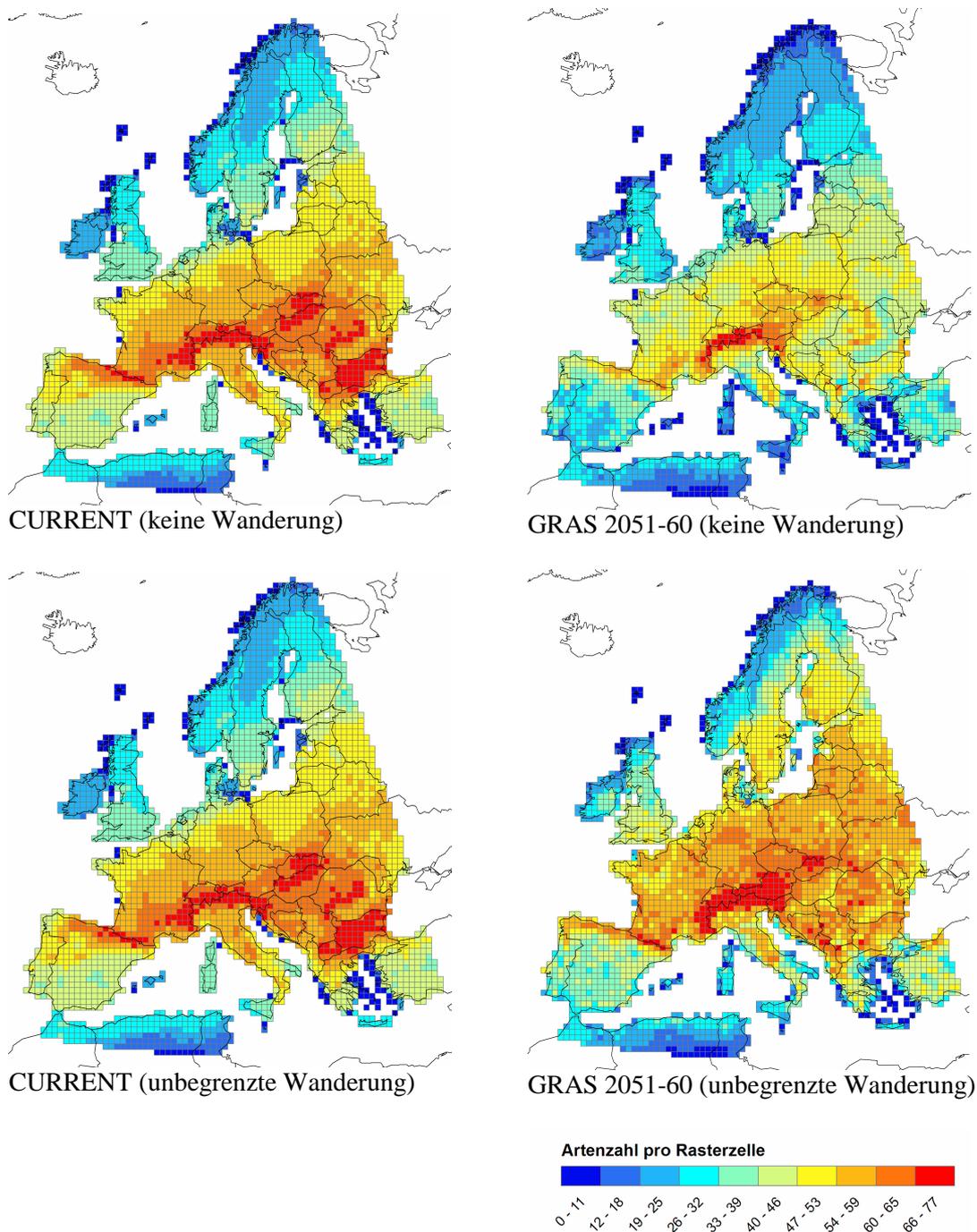


Abbildung 17: Artenzahl pro Rasterzelle für den Zeitraum 2051-2060 (rechts) im Vergleich zu heute (links) unter der Vorgabe „keine Migration“ (oben) bzw. „unbegrenzte Migration“ (unten). Berücksichtigt sind alle modellierten Arten (n=172). Aus Platzgründen ist nur das Szenario GRAS dargestellt.

4.3 Auswirkungen auf Natura 2000

4.3.1 Artbezogene Betrachtung

Die Änderung des Areals einer Art ist nicht unbedingt identisch mit der Änderung der Repräsentierung der Art in Natura 2000 Gebieten, u.a. weil die für die einzelnen Arten ausgewiesenen Schutzgebiete häufig ungleich über das Areal verteilt sind (vgl. hierzu auch Abbildung 24 auf Seite 62).

Deshalb wurde für die 137 modellierten, in der Natura 2000 – Datenbank vorhandenen Arten berechnet, wie viele Natura 2000 Gebiete jeweils pro Art im Zuge des Klimawandels bis Mitte des Jahrhunderts verloren gehen könnten. Die Unterschiede zwischen den Arten sind dabei beträchtlich: während manche Arten kaum betroffen sind, könnten einzelne Arten (z.B. Rentier *Rangifer tarandus*) ihre gesamten gemeldeten Vorkommen in Natura 2000 Gebieten verlieren. Eine Zusammenstellung der Ergebnisse für die einzelnen Arten ist Tabelle 13 im Anhang zu entnehmen.

Der mittlere Verlust an Natura 2000 – Gebieten für alle modellierten Arten (ausgedrückt als Median) für den Zeitraum 2051-2060 liegt je nach Szenario zwischen rund 11 und 24% (BAMBU 11%, GRAS 17%, GRAS-CUT 24%, SEDG 12%, Abbildung 18a). Werden nur die Arten des Anhangs II betrachtet, ergibt sich ein höherer Verlust von rund 24-28% (BAMBU 24%, GRAS 28%, GRAS-CUT 28%, SEDG 24%, Abbildung 18b).

Werden statt der Präsenzen die Differenzen der Vorkommenswahrscheinlichkeiten in Natura 2000 – Gebieten zwischen heute und der prognostizierten Situation im Zeitraum 2051-2060 verglichen, so zeigen sich auch hier ein geringerer Artenschwund für die Szenarien SEDG und BAMBU und deutlich schwerwiegendere Auswirkungen für die Szenarien GRAS und GRAS-CUT (Abbildung 19).

Tendenziell sind seltene Arten stärker vom Klimawandel bedroht als häufige Arten. So nimmt die vorhergesagte Vorkommenswahrscheinlichkeit in den Natura 2000 Gebieten gegenüber heute besonders bei den Arten mit geringer Prävalenz ab (Abbildung 20). Dies gilt für alle vier Szenarien, der Zusammenhang ist aber nicht sehr stark ausgeprägt (Spearman-Rangkorrelation für BAMBU: $r_s = 0,182$ / $p = 0,34$; GRAS: $r_s = 0,195$ / $p = 0,02$; GRAS-CUT: $r_s = 0,226$ / $p = 0,008$; SEDG: $r_s = 0,247$ / $p = 0,004$)

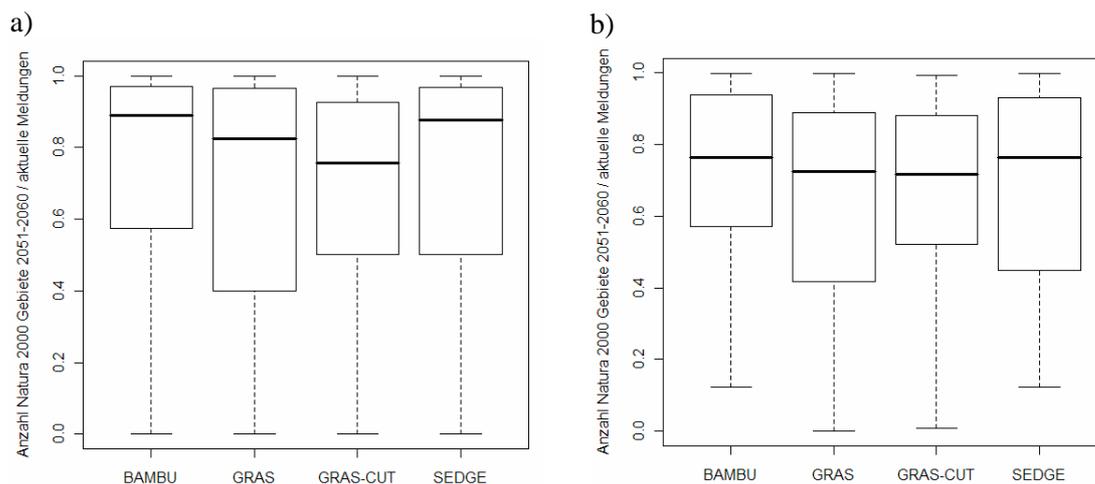


Abbildung 18: Für den Zeitraum 2051-2060 jeweils pro Art vorhergesagte Präsenzen in Natura 2000 Gebieten in Relation zu aktuellen Meldungen unter verschiedenen Klimaszenarien. a) alle modellierten Arten mit Meldungen (n=137); b) nur Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie (n=27).

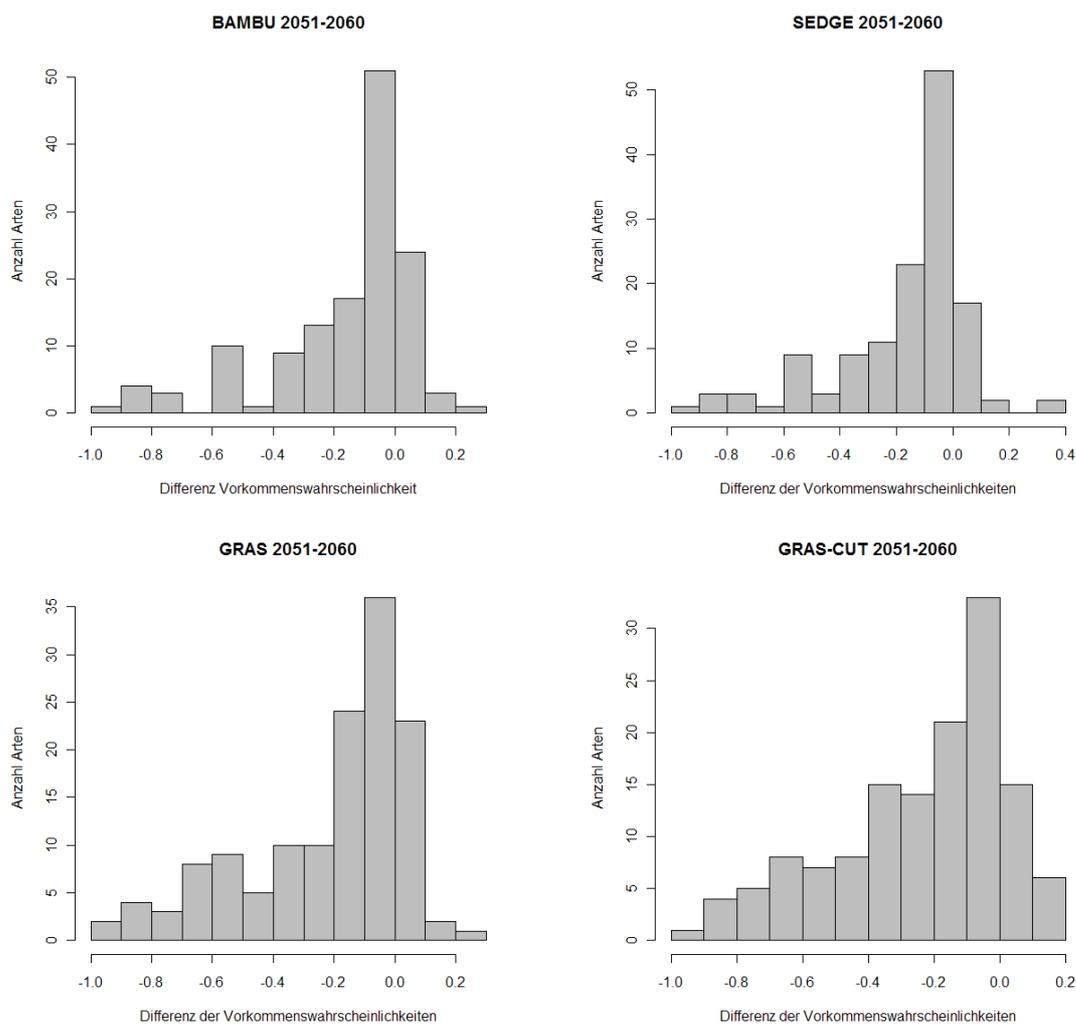


Abbildung 19: Wahrscheinlichkeit des Vorkommens in Natura 2000 Gebieten im Zeitraum 2051-2060 minus der aktuellen Vorkommenswahrscheinlichkeit

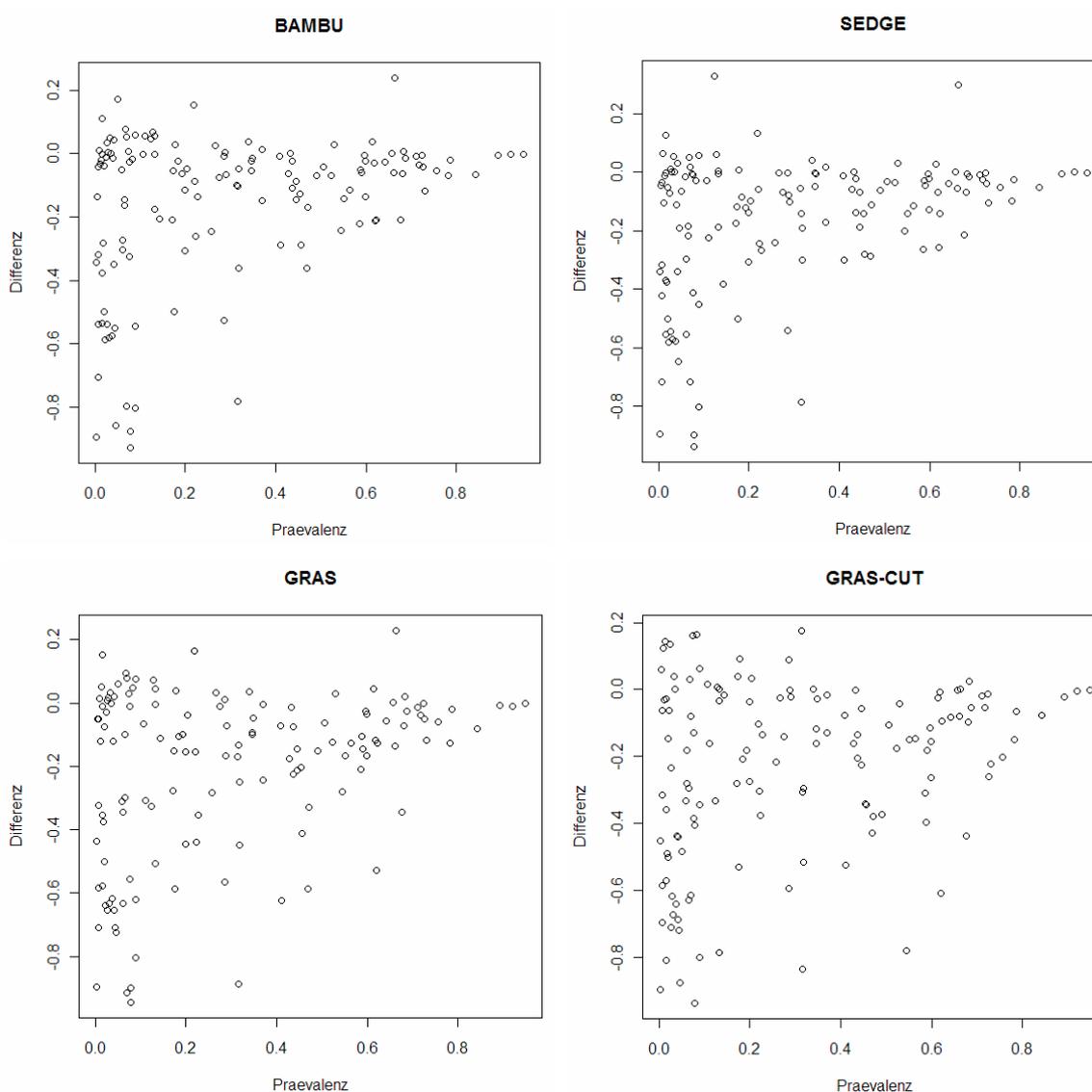


Abbildung 20: Differenz der für 2051-2060 vorhergesagten Vorkommenswahrscheinlichkeiten minus der aktuellen Vorkommenswahrscheinlichkeit in Natura 2000 Gebieten in Abhängigkeit von der Prävalenz der Arten (n=134).

Um zu überprüfen, ob die verschiedenen Säugetierordnungen unterschiedlich stark vom Klimawandel betroffen sind, wurde pro Art der prozentuale Verlust an Natura 2000 – Gebieten berechnet, in denen die Art gemeldet ist. Dann wurden für die verschiedenen Ordnungen die Mittelwerte der prozentualen Verluste berechnet (Tabelle 6). Bei der Interpretation ist zunächst zu beachten, dass die Hasenartigen (*Lagomorpha*) nur mit sieben und die Paarhufer (*Artiodactyla*) mit neun Arten vertreten sind. Deshalb sind die Zahlen für diese Gruppen weniger aussagekräftig. Von den größeren Gruppen sind die Nagetiere (*Rodentia*) tendenziell am meisten betroffen, die Fledertiere (*Chiroptera*) am

wenigsten. Dennoch bestehen hier innerhalb der einzelnen Gruppen große Unterschiede, so sind auch bei den Fledermäusen einzelne Arten stark betroffen.

Bei der Analyse des Verlustes an Natura 2000 Gebieten in Abhängigkeit von der Lage des Arealmittelpunktes ergab sich, dass nördlicher verbreitete Arten zwar tendenziell etwas stärker gefährdet sind als südlicher verbreitete Arten (Tabelle 7). Der Zusammenhang ist allerdings nicht sehr stark ausgeprägt und nur für BAMBU und GRAS auf dem Niveau $p < 0,05$ signifikant. Das Szenario GRAS-CUT unterscheidet sich deutlich von den anderen Szenarien. Eine mögliche Ursache hierfür ist – neben der relativ geringsten Erhöhung der mittleren Temperatur in Europa – der deutlich niedrigere Niederschlag in vielen Teilen Europas unter diesem Szenario (vgl. Abschnitt 3.4.2). Eine signifikante Abhängigkeit von der Länge ergab sich nicht.

Beispiele für nordeuropäische Arten mit starken Verlusten an Natura 2000 Gebieten sind Elch (*Alces alces*), Rentier (*Rangifer tarandus*), Polarfuchs (*Alopex lagopus*), Luchs (*Lynx lynx*), Vielfraß (*Gulo gulo*) und Nordfledermaus (*Eptesicus nilssonii*).

Tabelle 6: Prozentualer Verlust an Natura 2000 Gebieten für die verschiedenen Ordnungen (n=137 Arten; Erläuterungen siehe Text)

Ordnung	Artenzahl	CURRENT	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
Artiodactyla	9	17 %	40 %	44 %	46 %	40 %
Carnivora	21	8 %	24 %	29 %	24 %	24 %
Chiroptera	34	10 %	13 %	19 %	23 %	15 %
Insectivora	22	15 %	22 %	28 %	37 %	24 %
Lagomorpha	7	17 %	42 %	58 %	57 %	44 %
Rodentia	44	11 %	37 %	45 %	41 %	37 %

Tabelle 7: Korrelation zwischen dem Verlust an Natura 2000 Gebieten und der Lage des Arealmittelpunktes (r_s -Werte für Spearman-Rangkorrelationstest) für den Zeitraum 2051-2060. Signifikanz: * = $p < 0,05$, n.s. = $p > 0,05$.

Szenario	Korrelation mit Breitengrad	Korrelation mit Längengrad
BAMBU	0,175 *	0,164 n.s.
GRAS	0,199 *	0,152 n.s.
GRAS-CUT	0,080 n.s.	-0,004 n.s.
SEDG	0,159 n.s.	0,134 n.s.

4.3.2 Geografische Betrachtung

Der Klimawandel dürfte insbesondere in Südosteuropa zu einem hohen Verlust an Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie führen. Die Auswertung erfolgte getrennt unter der Vorgabe „keine Migration“ (Abbildung 21) und „unbegrenzte Migration“ (Abbildung 22). Die für das Szenario CURRENT, d.h. die für die aktuellen Klimabedingungen modellierte Artendifferenz gegenüber der aktuell bekannten Verbreitung, kann dabei zunächst als Kontrolle dienen. Hier ergeben sich in beiden Fällen nur geringe Abweichungen, was auf eine gute Vorhersagegenauigkeit für den aktuellen Zustand hinweist.

Unter der Vorgabe „keine Migration“ ist für große Teile des nordwestlichen Europa nur von einem relativ geringen Verlust von 0-3 Arten pro Rasterzelle auszugehen. Demgegenüber ist ein erheblich höherer Verlust im östlichen und im südlichen Europa zu erwarten. In Südosteuropa ist für den Zeitraum 2051-2060 unter allen vier betrachteten Szenarien mit einem hohen Artenverlust zu rechnen. Für das moderate Szenario SEDG und eingeschränkt auch für das Szenario BAMBU ist vor allem für das rumänische und bulgarische Tiefland von einem hohen Artenverlust auszugehen. Unter den „härteren“ Szenarien GRAS sowie GRAS-CUT ist dagegen das gesamte östliche und südöstliche Europa einschließlich Teilen der Bergregionen (u.a. Karpaten, Balkengebirge) stark betroffen, d.h. das Gebiet mit der höchsten Zahl an Landsäugetieren des Anhangs II in der EU (vgl. auch Abbildung 30 auf Seite 75). Außerdem ist dann auch für das Innere der Iberischen Halbinsel sowie für das nördliche Italien (vor allem die Poebene) mit einem hohen Artenverlust zu rechnen.

Wenn keine Migration vorausgesetzt wird, ist von vornherein bestenfalls ein Erhalt aller Arten, aber keine Zunahme der Artenzahl möglich. Wird dagegen eine unbegrenzte Zuwanderungsmöglichkeit unterstellt, so ist vor allem in Nordwesteuropa, etwas weniger ausgeprägt u.a. auch in Skandinavien mit einem Zuwachs an Arten zu rechnen. Der vergleichsweise feuchte und gemäßigte Nordwesten der Iberischen Halbinsel (Galicien) könnte sich zu einem Refugium für viele Arten des Anhangs II der Iberischen Halbinsel entwickeln. Das gleiche gilt für den nördlichen Alpenraum, vor allem unter dem Szenario GRAS-CUT. Dennoch werden auch unter der Voraussetzung einer unbegrenzten Wanderungsmöglichkeit deutliche Artenverluste in Süd- und vor allem Südosteuropa zu verzeichnen sein.

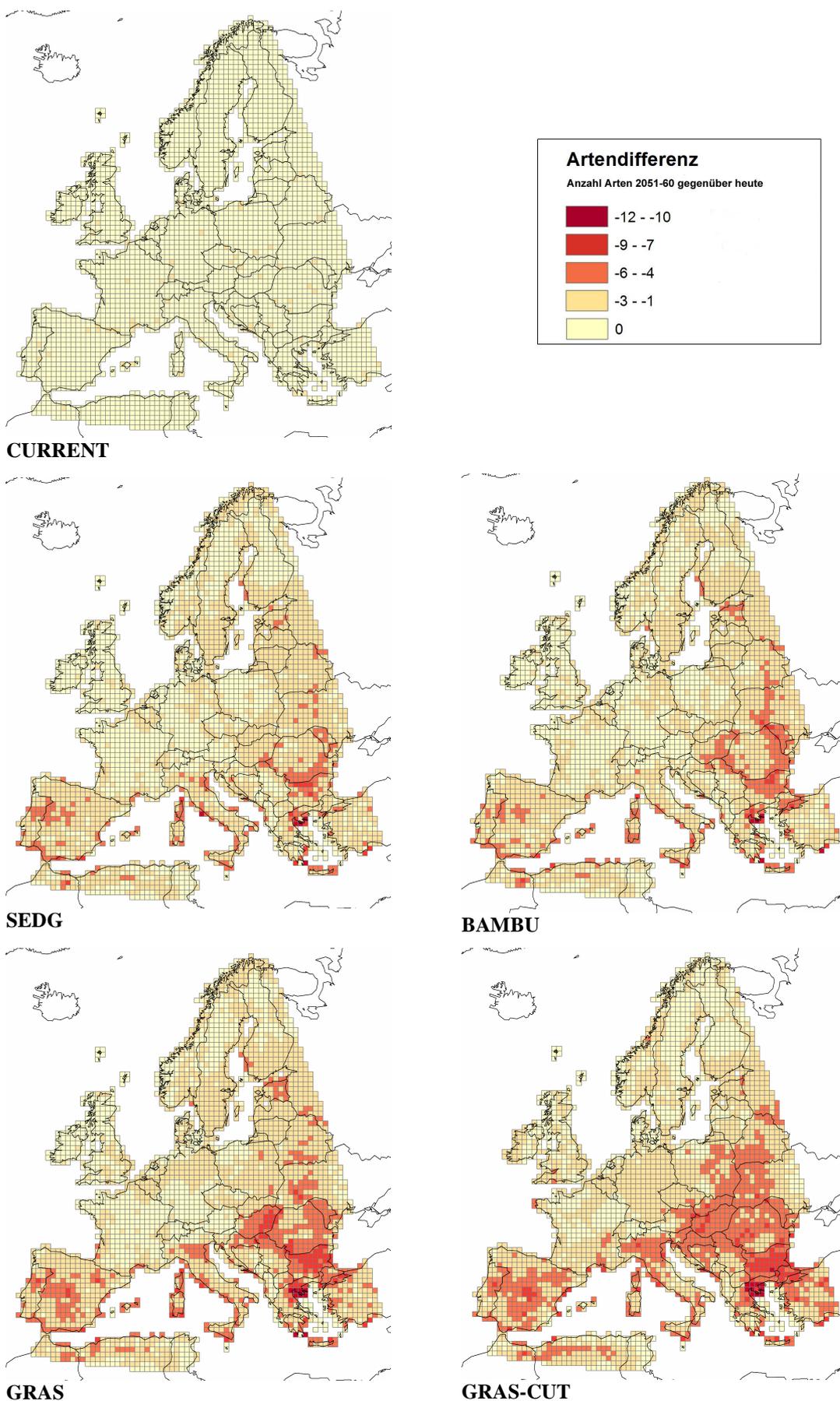


Abbildung 21: Veränderung der Artenzahl (nur Anhang II – Arten) im Zeitraum 2051-2060 pro Rasterzelle gegenüber heute (Vorgabe „keine Migration“).

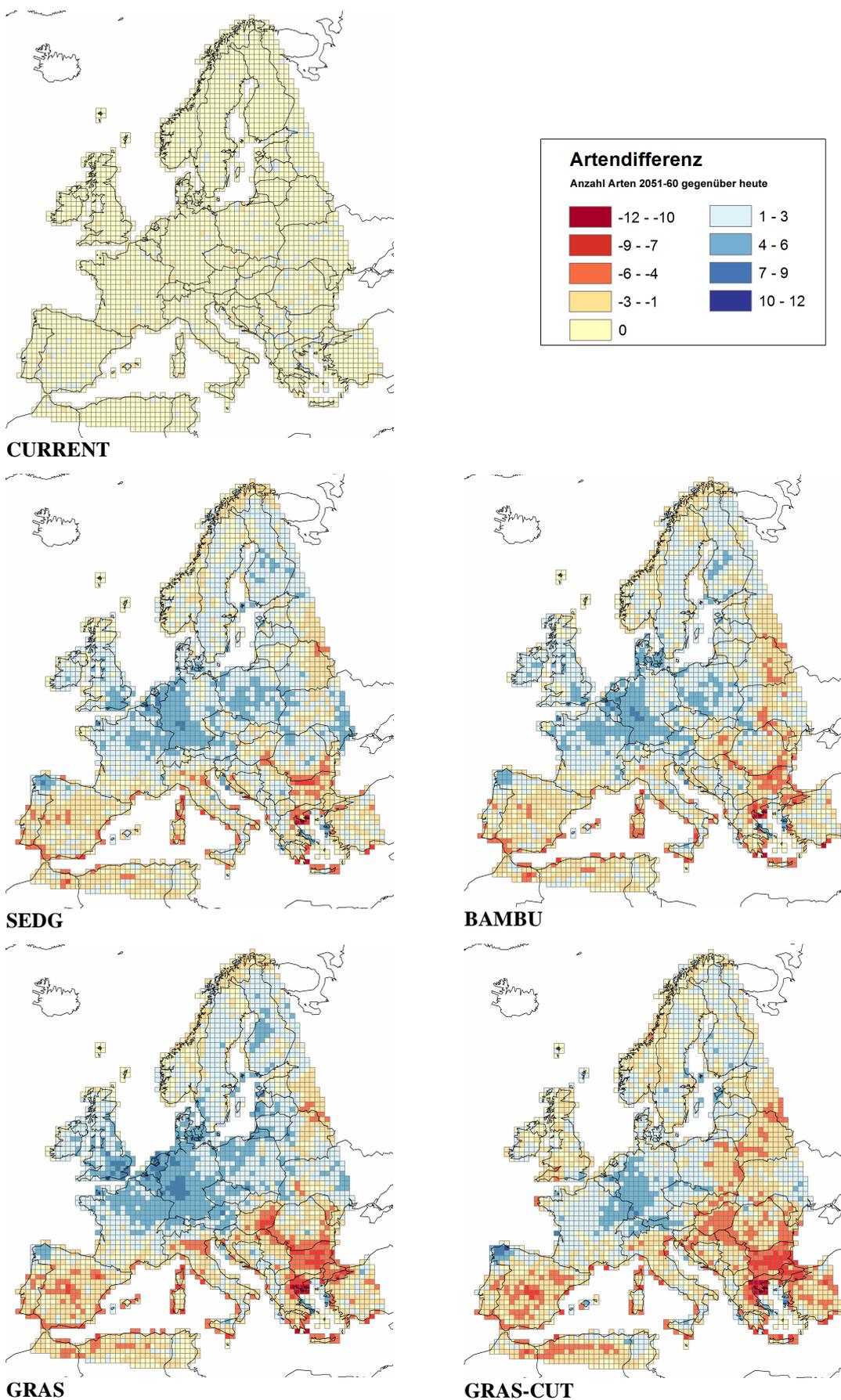


Abbildung 22: Veränderung der Artenzahl (nur Anhang II – Arten) im Zeitraum 2051-2060 gegenüber heute (Vorgabe „unbegrenzte Migration“). Rot = Verlust, blau = Zuwachs.

Die verschiedenen biogeografischen Regionen sind unterschiedlich stark vom Klimawandel betroffen (Tabelle 8, Abbildung 23). So sind die Auswirkungen auf die atlantische Region vergleichsweise am geringsten: hier könnten je nach Klimaszenario im Zeitraum 2051-2060 rund 7-12% aller Natura 2000 – Präsenzen verloren gehen. Deutlich stärker betroffen unter den großen biogeografischen Regionen sind die mediterrane und vor allem die boreale Region, mit Verlusten von 21-25% (mediterrane Region) bzw. 20-36% (boreale Region). Auffallend ist für die letztgenannte Region der große Unterschied zwischen den Szenarien GRAS und GRAS-CUT: während GRAS zu einer starken Erwärmung in Nordeuropa und damit zu einer Gefahr für die boreal verbreiteten Arten führen würde, wären im Fall des Szenarios GRAS-CUT der Temperaturunterschied zu heute und die Auswirkungen auf die Säugetierfauna erheblich geringer.

Prozentual am höchsten würde der Verlust an Natura 2000 Präsenzen für die Steppenregion ausfallen, wobei es sich in absoluten Zahlen nur um wenige Vorkommen handelt.

Tabelle 8: Gesamtzahl der Meldungen sowie der für 2051-2060 vorhergesagten Präsenzen in Natura 2000 Gebieten (summiert über alle modellierten Arten [n=137]) nach biogeografischen Regionen (makkaronesische Region nicht berücksichtigt).

REGION	Aktuell gemeldet	Aktuell modelliert	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
Alpin	7288	6842	6486	6250	5917	6422
Atlantisch	4512	4380	4185	4039	3965	4206
Schwarzmeerregion	98	86	75	73	63	81
Boreal	2087	2009	1479	1336	1669	1539
Kontinental	13016	12041	11678	11248	10782	11633
Mediterran	8161	7383	6488	6094	6084	6433
Pannonisch	1812	1682	1574	1364	1314	1550
Steppenregion	99	87	60	64	61	67

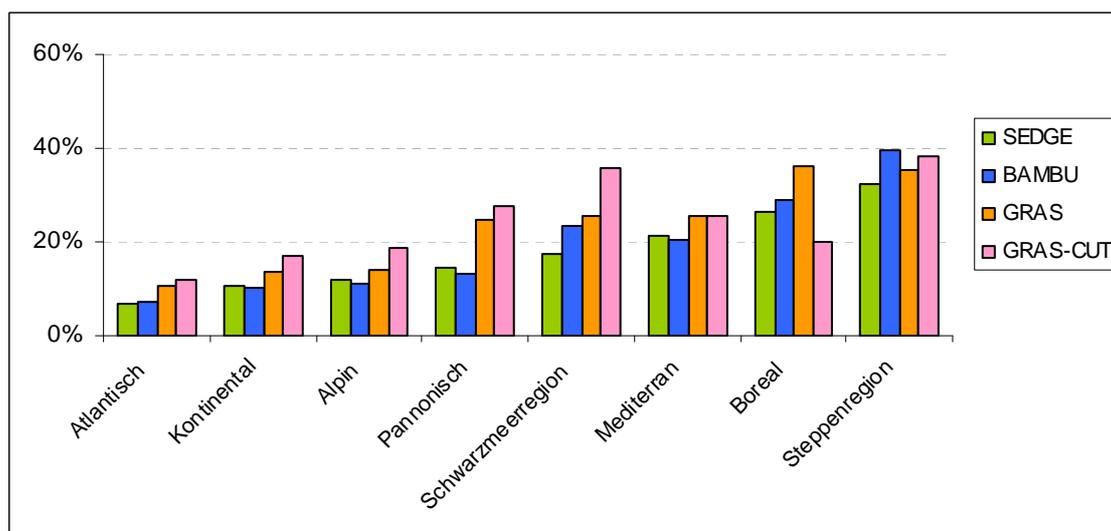


Abbildung 23: Prozentualer Verlust an Artmeldungen in Natura 2000 Gebieten nach biogeografischen Regionen unter verschiedenen Klimaszenarien für den Zeitraum 2051-2060. Berechnet wurde die Differenz zwischen vorhergesagten und aktuellen Präsenzen in Natura 2000 im Verhältnis zu aktuellen Meldungen, summiert über alle modellierten Arten (n=137).

Die infolge des Klimawandels zu erwartenden Verschiebungen des Areals führen dazu, dass neue Schutzgebiete ausgewiesen werden müssen, um die Arten in Natura 2000 ausreichend zu repräsentieren. Abbildung 24 zeigt diesen Aspekt beispielhaft für die Bechsteinfledermaus (*Myotis bechsteinii*). Aktuell sind für diese Art vor allem in Deutschland und Frankreich viele Schutzgebiete ausgewiesen, so dass hier ein praktisch flächendeckender Schutz besteht. Defizite sind vor allem in Südosteuropa zu erkennen. So hat beispielsweise Griechenland kaum Schutzgebiete mit Vorkommen der Bechsteinfledermaus gemeldet. Infolge des Klimawandels könnte die Art große Teile ihres Areals in Südeuropa verlieren, so dass hier viele Schutzgebiete von der Art nicht mehr besiedelt werden können. Auf der anderen Seite ist zu erkennen, dass unter den Szenarien GRAS, BAMBU und SEDG neue Areale in Südschweden, Polen und dem Baltikum besiedelt werden könnten, was eine Ausweisung neuer Schutzgebiete in diesem Bereich sinnvoll machen würde.

Besonders ungünstig ist die Situation für die Arten, die im veränderten Areal im Zeitraum 2051-2060 kaum noch Überschneidungen mit gemeldeten Natura 2000 Gebieten besitzen. Für die daraufhin untersuchten Arten des Anhangs II gilt dies in besonderem Maße für den Biber (*Castor fiber*), den Europäischen Nerz (*Mustela lutreola*), die Langfußfledermaus (*Miniopterus schreibersii*) sowie für Blasius- und Mehely-Hufeisennase (*Rhinolophus blasii*, *R. mehelyi*) mit jeweils weniger als 20%

Überschneidung (Tabelle 9). Beim Iberischen Luchs (*Lynx pardinus*) ist eine besonders starke Abnahme des abgedeckten Areals zu erkennen. Die Unterschiede zwischen den vier Klimaszenarien sind dabei bei den meisten Arten nicht sehr groß. Für die Interpretation der Ergebnisse sei noch angemerkt, dass die Ergebnisse stark von der verwendeten Rasterzellgröße (hier 50x50 km) abhängen.

Tabelle 9: Geografische Abdeckung des Verbreitungsgebietes mit Natura 2000 – Gebieten für Arten des Anhangs II (Zahl der besetzten Rasterzellen mit Meldung in Natura 2000 geteilt durch die Summe aller Präsenzen, d.h. besetzter Rasterzellen in der EU27)

Artnamen deutsch	Artnamen wissenschaftlich	aktuell gemeldet	Szenario				
			CURRENT	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
Mopsfledermaus	<i>Barbastella barbastellus</i>	0,42	0,42	0,39	0,39	0,41	0,39
Wolf	<i>Canis lupus</i>	0,35	0,34	0,30	0,29	0,26	0,30
Biber	<i>Castor fiber</i>	0,24	0,24	0,18	0,17	0,16	0,17
Pyrenäen-Desman	<i>Galemys pyrenaicus</i>	0,95	0,95	1,00	1,00	1,00	1,00
Fischotter	<i>Lutra lutra</i>	0,50	0,50	0,49	0,49	0,49	0,49
Luchs	<i>Lynx lynx</i>	0,35	0,35	0,34	0,33	0,33	0,34
Iberischer Luchs	<i>Lynx pardinus</i>	0,83	0,86	0,32	0,27	0,28	0,29
Cabreramaus	<i>Microtus cabrerai</i>	0,74	0,67	0,44	0,57	0,44	0,39
Langflügel-Fledermaus	<i>Miniopterus schreibersii</i>	0,43	0,43	0,32	0,27	0,33	0,31
Europäischer Nerz	<i>Mustela lutreola</i>	0,32	0,31	0,13	0,08	0,11	0,13
Bechsteinfledermaus	<i>Myotis bechsteinii</i>	0,48	0,48	0,44	0,41	0,51	0,42
Kleines Mausohr	<i>Myotis blythii</i>	0,38	0,38	0,29	0,23	0,27	0,27
Langfußfledermaus	<i>Myotis capaccinii</i>	0,29	0,28	0,21	0,18	0,19	0,21
Teichfledermaus	<i>Myotis dasycneme</i>	0,33	0,33	0,28	0,25	0,32	0,27
Wimperfledermaus	<i>Myotis emarginatus</i>	0,45	0,45	0,45	0,42	0,47	0,42
Großes Mausohr	<i>Myotis myotis</i>	0,59	0,59	0,51	0,50	0,61	0,50
Blasius-Hufeisennase	<i>Rhinolophus blasii</i>	0,15	0,14	0,10	0,09	0,08	0,10
Mittelmeer-Hufeisennase	<i>Rhinolophus euryale</i>	0,38	0,38	0,30	0,26	0,33	0,30
Große Hufeisennase	<i>Rhinolophus ferrumequinum</i>	0,55	0,55	0,49	0,44	0,58	0,48
Kleine Hufeisennase	<i>Rhinolophus hipposideros</i>	0,48	0,48	0,39	0,38	0,46	0,40
Mehely-Hufeisennase	<i>Rhinolophus mehelyi</i>	0,19	0,20	0,16	0,14	0,09	0,13
Europäischer Ziesel	<i>Spermophilus citellus</i>	0,65	0,65	0,66	0,33	0,35	0,34
Braunbär	<i>Ursus arctos</i>	0,39	0,39	0,46	0,46	0,38	0,46

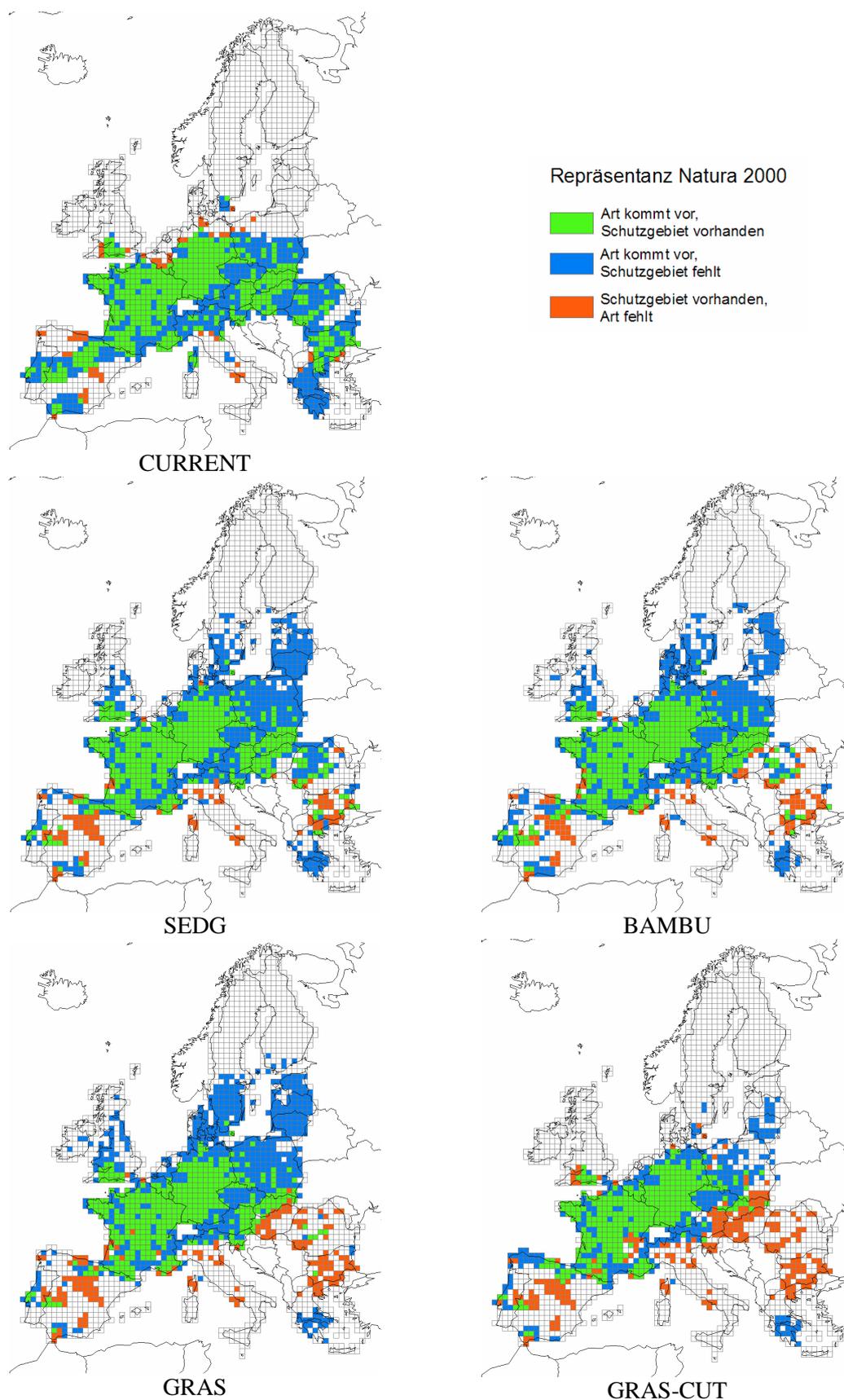


Abbildung 24: Repräsentanz der Bechsteinfledermaus in Natura 2000

5 Diskussion

5.1 Methodenkritik

Die für die Modellierung verwendeten Verbreitungsdaten stellen eine entscheidende Ausgangsbasis dar. Obwohl die in der vorliegenden Arbeit benutzten EMA-Daten die zurzeit beste zusammenfassende Darstellung der Verbreitung der europäischen Säugetiere bieten, bestehen auch hier Einschränkungen.

Trotzdem die landlebenden europäischen Säugetiere eine vergleichsweise gut untersuchte Artengruppe sind, existieren doch Wissenslücken zur Verbreitung der Arten. Die verschiedenen Bereiche Europas sind zudem unterschiedlich gut untersucht; insbesondere für Südosteuropa ist die Verbreitung vieler Arten recht wenig bekannt. Für Albanien existieren überhaupt keine Daten (TEMPLE & TERRY 2007). Allgemein dürfte die Datenqualität bei Arten, die im Fokus des Naturschutzes stehen wie z.B. Braunbär (*Ursus arctos*) oder Luchs (*Lynx lynx*) besser sein als bei anderen, kaum beachteten Arten wie z.B. vielen Nagetieren. Zudem konnten keine Unterarten – die sich möglicherweise durch unterschiedliche Lebensraumansprüche oder auch einen unterschiedlichen Schutzstatus auszeichnen – unterschieden werden.

Die Artmeldungen in den Natura 2000 Gebieten geben eine Möglichkeit des Vergleichs mit den EMA-Daten. Wird das modellierte Vorkommen von Arten für den aktuellen Zeitraum mit den Natura 2000 Gebieten verglichen, in denen die Art gleichzeitig auch gemeldet ist, ergibt sich für die überwiegende Zahl der in der Natura 2000 Datenbank gemeldeten, 137 Arten eine gute Übereinstimmung. Dennoch ist bei einer Reihe von Arten eine deutliche Diskrepanz festzustellen, indem Arten in Natura 2000 Gebieten gemeldet sind, in denen sie als Ergebnis der Modellierung nicht vorkommen dürften (Abbildung 25). Für acht Arten ergibt sich sogar eine Differenz von über 50% der Natura 2000 Gebiete. Als Ursache dieser Diskrepanz kommen zunächst Fehler in den verwendeten Verbreitungsdaten bzw. eventuell auch in der Datenbank infrage. Allerdings wäre es auch möglich, dass die Klimanische von Arten bereits aktuell nicht mehr mit den Bedingungen in den Natura 2000 Gebiete übereinstimmt, in denen die Art gemeldet wurde.

Im Fall des Bibers (*Castor fiber*) – hier ist die Diskrepanz besonders groß – liegen alle ostdeutschen und die meisten polnischen Natura 2000 Gebiete, in denen der Biber gemeldet ist, außerhalb des EMA-Areals. Ein Grund liegt in der fehlenden

Berücksichtigung der Mittelbelegung in den EMA-Daten. Obwohl der Vergleich der beiden Datenquellen auf diese Differenzen hinweist, war eine Korrektur im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich. Ein Grund hierfür liegt im verwendeten Algorithmus zur Umrechnung auf das Referenzraster: eine Präsenz wurde angenommen, wenn die Überschneidung des EMA-*shapefiles* mit der Rasterzelle mindestens 50% der Fläche der Rasterzelle beträgt. Da die Meldungen in den Natura 2000 Gebieten sich praktisch immer auf ein flächenmäßig kleines Gebiet beschränken, führt eine automatisierte Verschneidung der betreffenden Natura 2000 Flächen in aller Regel nicht zu einer angenommenen Präsenz. Die zweite Möglichkeit, nämlich die manuelle Nachbearbeitung der Verbreitungsdaten, scheidet angesichts der hohen Zahl der modellierten Arten wegen des zu großen Arbeitsaufwands aus.

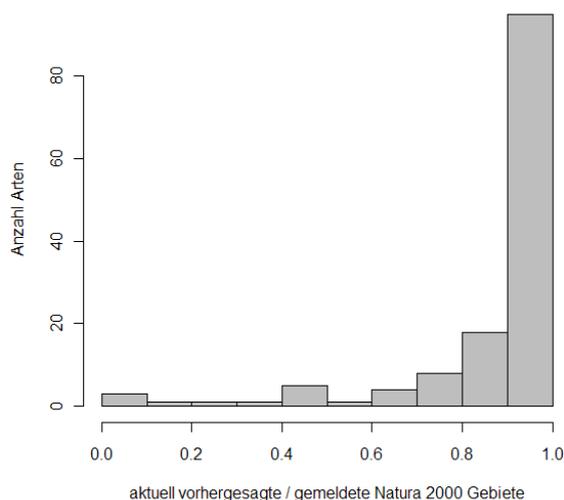


Abbildung 25: Vergleich der aktuell modellierten Vorkommen in Natura 2000 Gebieten mit den Gebieten, in denen die Art gemeldet ist (n=137 Arten)

Eine potenzielle Schwäche von großmaßstäblichen Verbreitungsdaten wie den verwendeten EMA-Daten stellt auch der Umstand dar, dass innerhalb des Verbreitungsareals gelegene, aber als Lebensraum wenig geeignete und wahrscheinlich unbesiedelte Gebiete mit zum Verbreitungsgebiet gezählt werden. Ein Beispiel stellt die Bechsteinfledermaus (*Myotis bechsteinii*) dar, deren Verbreitungsgebiet sich nach den EMA-Daten über ganz Mitteleuropa einschließlich der Alpen erstreckt, während die höheren Lagen der Alpen über 1.000 m in Wirklichkeit kaum besiedelt sein dürften (BAAGØE 2001). Auf diese Schwierigkeit weisen auch THULLER et al. (2006) für ihre Untersuchung an afrikanischen Säugetieren hin.

Angesichts der geringen räumlichen Auflösung der verwendeten Verbreitungsdaten ergäbe ein fein aufgelöstes Analyseraster keinen Sinn. Vor diesem Hintergrund ist die gewählte Rasterzellgröße (50 x 50 km) zu sehen. Vergleichbare Rasterweiten benutzen z.B. THULLER et al. (2004), LEVINSKY et al. (2007) und SETTELE et al. (2008). Kleinräumige Aussagen zur Verbreitung sind somit zwar nicht möglich, allerdings lag der Betrachtungsmaßstab der vorliegenden Arbeit auf einer europaweiten Ebene.

Bei der Modellierung einer Art wird es in der Regel günstig sein, das Modellgebiet am Verbreitungsgebiet zu orientieren (GUISAN & THULLER 2005). Dies war bei dem hier verfolgten, auf Europa fokussierten Ansatz jedoch nicht möglich, da viele der modellierten Arten eine weit über Europa hinaus gehende Verbreitung haben.

Außerdem ist das Informationsniveau der verwendeten Verbreitungsdaten relativ gering. So existieren z.B. keine Angaben darüber, wie häufig die Arten in verschiedenen Bereichen des Areals sind. Die verwendeten Verbreitungsdaten geben zudem gerade bei mobilen Arten keine definitive Auskunft darüber, ob die Umweltbedingungen vor Ort geeignet sind, eine ausreichende Reproduktion der Populationen zu gewährleisten („source population“) oder ob es sich um Bestände mit fehlender oder zu geringer Reproduktion handelt („sink population“).

In der vorliegenden Arbeit konnte zudem der zu erwartende Landnutzungswandel nicht berücksichtigt werden, da hierzu keine Daten vorlagen. Zwar existieren im Rahmen von ALARM auch Szenarien zu einer veränderten Landnutzung in der „Normallandschaft“; allerdings gibt es keine Vorhersagen zum Wandel innerhalb der Natura 2000 Gebiete. Hier ist aufgrund von Naturschutzmaßnahmen mit einem deutlich anderen Verlauf als außerhalb der Gebiete zu rechnen. Dennoch wurden für die Modellbildung die vorliegenden Daten zur aktuellen Landbedeckung verwendet, denn DORMANN et al. (2008b) zeigten, dass die alleinige Verwendung von Klimavariablen für die Modellierung dazu führen kann, dass deren Einfluss überschätzt wird, während andere wichtige Einflussfaktoren übersehen werden. Auch PEARSON et al. (2004) fanden eine Verbesserung der Modellvorhersage bei Einbezug von Landbedeckungsdaten.

Bei der Berechnung der zukünftigen Verbreitung der Daten wurde dann eine konstante Landbedeckung vorausgesetzt. Die gleiche Vorgehensweise verfolgten THULLER et al. (2006), während LEVINSKY et al. (2007) und SETTELE et al. (2008) von vornherein nur Klimaparameter verwendeten.

5.2 Modellierung und Modellgüte

5.2.1 Vergleich der Schwellenwerte

Verglichen wurden der von der BRT-Funktion errechnete Schwellenwert und die Prävalenz. Bei Verwendung des BRT-Schwellenwertes ergaben sich dabei deutlich bessere Ergebnisse (Erläuterungen zu beiden Methoden siehe Abschnitt 3.5.3 auf Seite 38). Sowohl die errechneten κ -Werte als auch die α -Werte waren für praktisch alle modellierten Arten höher bei dem ersteren Schwellenwert (für die übrigen Arten war der Unterschied minimal). Für den BRT-Schwellenwert lag κ im Mittel - angegeben ist jeweils der Median - bei 0,995 und α im Mittel bei 0,999; für die Prävalenz ergaben sich entsprechende Werte von 0,947 (κ) bzw. 0,991 (α). Deutlicher als aus den Mittelwerten erkenntlich wich die Verteilung der Gütemaße bei beiden Schwellenwerten voneinander ab (Abbildung 26): während für viele Arten die Unterschiede nicht besonders groß sind, führt die Verwendung der Prävalenz bei einem Teil der Arten zu einem deutlich schlechteren Ergebnis. Ein Beispiel dafür ist die Modellierung des Iberischen Luchses (*Lynx pardinus*), bei dem die Verwendung der Prävalenz zu einer deutlichen Überschätzung der tatsächlichen Verbreitung, d.h. zu sehr vielen falsch positiven Präsenzen führt, während der BRT-Schwellenwert gute Ergebnisse liefert (Abbildung 27; falsch positive Vorhersagen rot). Auch allgemein war der Unterschied zwischen beiden Schwellenwerten vor allem bei den falsch positiven Vorhersagen größer, während die Differenz bei den falsch negativen Vorhersagen geringer war, wobei die Prävalenz in beiden Fällen schlechter abschnitt. Aus diesen Gründen wurde für die Auswertung der Modellvorhersagen jeweils der BRT-Schwellenwert verwendet.

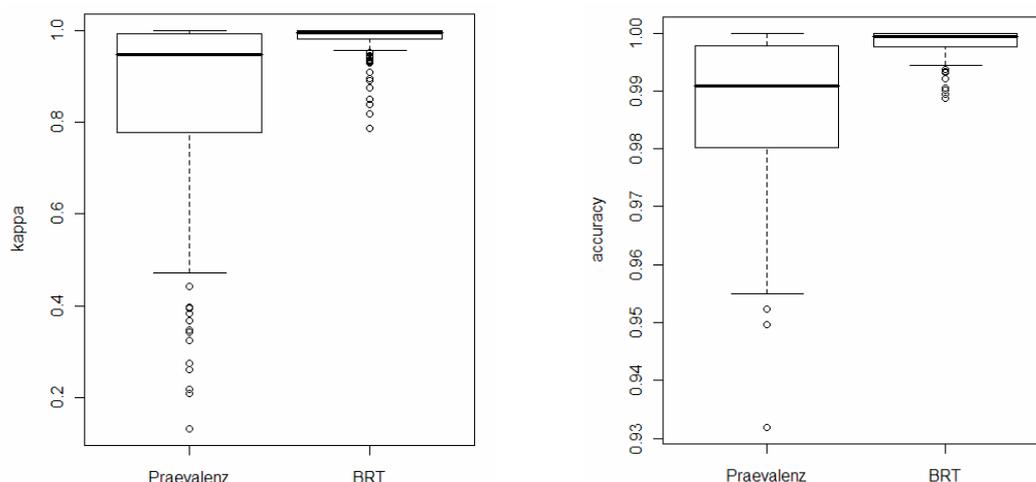


Abbildung 26: Vergleich der beiden getesteten Schwellenwerte Prävalenz und BRT-Schwellenwert (*cv.threshold*) anhand der erzielten Kappa- (κ , links) und accuracy-Werte (α , rechts; $n=172$ Arten; Erläuterungen siehe Text)

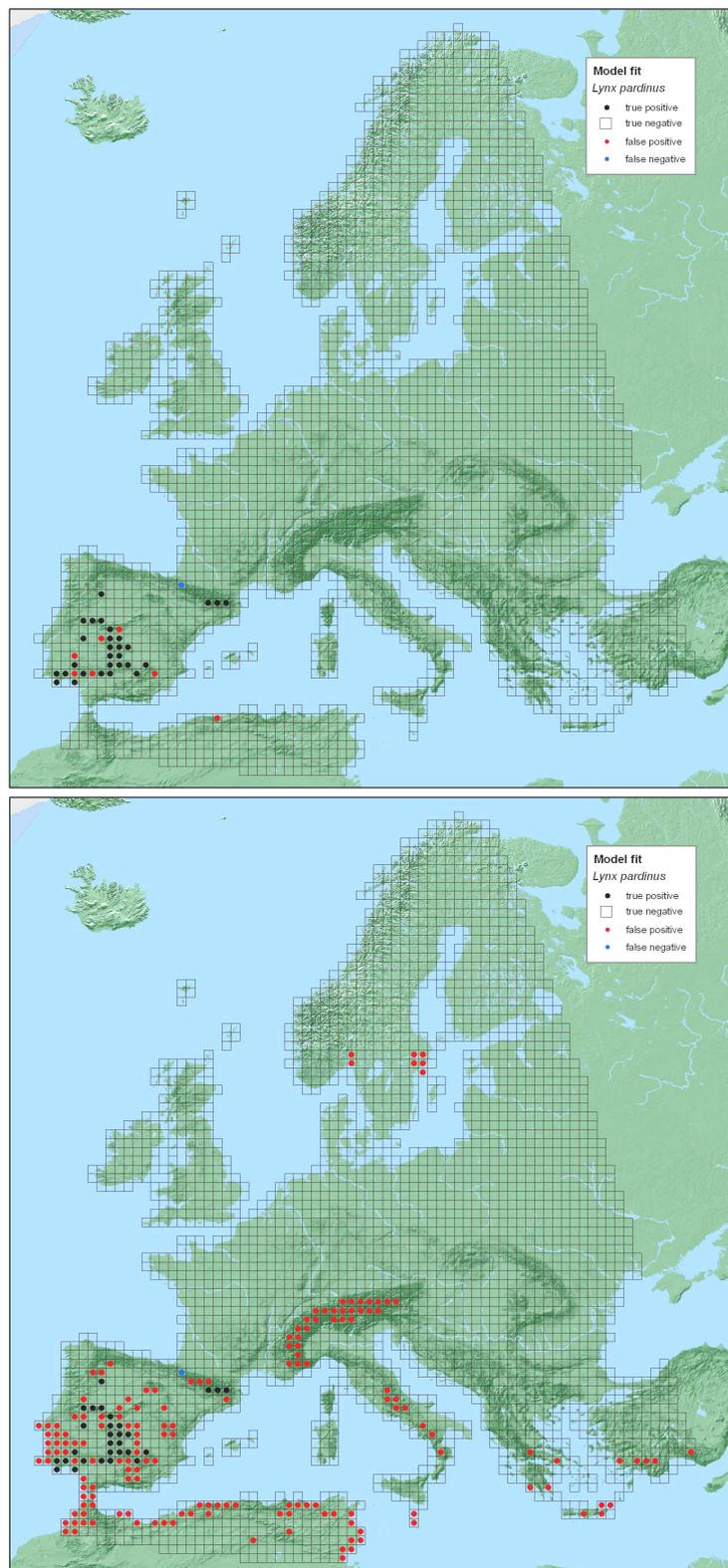


Abbildung 27: Vergleich der beiden verwendeten Methoden zur Berechnung des Schwellenwertes für den Iberischen Luchs (*Lynx pardinus*). Der BRT-interne Schwellenwert (oben; $\kappa = 0,891$; $\alpha = 0,998$) liefert hier deutlich bessere Ergebnisse als die Prävalenz (unten; $\kappa = 0,273$; $\alpha = 0,952$). Richtig positive Vorhersagen schwarz, falsch positive Vorhersagen rot, falsch negative Vorhersagen blau.

5.2.2 Modellanpassung unter aktuellen Bedingungen

Zunächst wurde die Güte der Modellierung untersucht, indem das EMA-Areal mit dem von der Modellierung vorhergesagten, aktuellen Verbreitungsgebiet (Szenario CURRENT) verglichen wurde. Für den überwiegenden Teil der Arten ergaben sich dabei nur geringe Abweichungen (Abbildung 28). Bei lediglich 10 Arten ist unter der Vorgabe „unbegrenzte Wanderung“ eine Abweichung von mehr als 10% des aktuellen Areals zu verzeichnen (Maximum 35%); unter der Vorgabe „keine Wanderung“ sind es drei Arten (Maximum 18%). Die verwendete Modellierungsmethode zeigt also eine überwiegend sehr gute Modellanpassung.

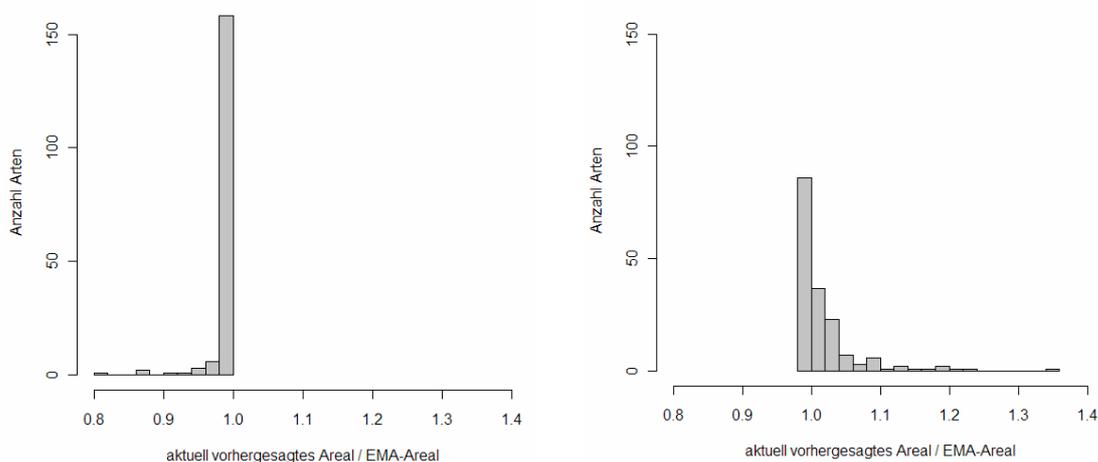


Abbildung 28: Vergleich zwischen dem für den aktuellen Zeitraum modellierten Areal (Szenario CURRENT) und dem EMA-Areal, links unter der Vorgabe „keine Migration“, rechts unter der Vorgabe „unbegrenzte Migration“.

Als zweites Gütemaß diente die AUC. Bei der Berechnung der AUC zeigten sich bei den 134 Arten, die über eine ausreichende Zahl von Präsenzen und Absenzen verfügten und die deshalb mittels Kreuzvalidierung überprüft werden konnten, hohe AUC-Werte zwischen 0,919 und 0,999 (Median 0,988; Abbildung 29). Auch dies weist auf eine gute Vorhersagequalität hin. DORMANN & KÜHN (2008: 142) geben als Faustregel an, dass Werte unter 0,7 mit Skepsis betrachtet werden sollten.

Eine negative Abhängigkeit der AUC von der Prävalenz – also der „Häufigkeit“ einer Art im Untersuchungsgebiet - lässt sich für die vorliegende Untersuchung im Gegensatz zu den Befunden von LOBO et al. (2008) nicht bestätigen. So existiert umgekehrt eine geringe positive Korrelation zwischen AUC und Prävalenz (Abbildung 29), die

allerdings statistisch nicht signifikant ist (Spearman Rangkorrelation: $r_s = 0,093$, $p = 0,2852$).

Als Fazit lässt sich festhalten, dass die Methode BRT insgesamt gut geeignet ist, um die gegenwärtige Verbreitung der untersuchten Arten abzubilden.

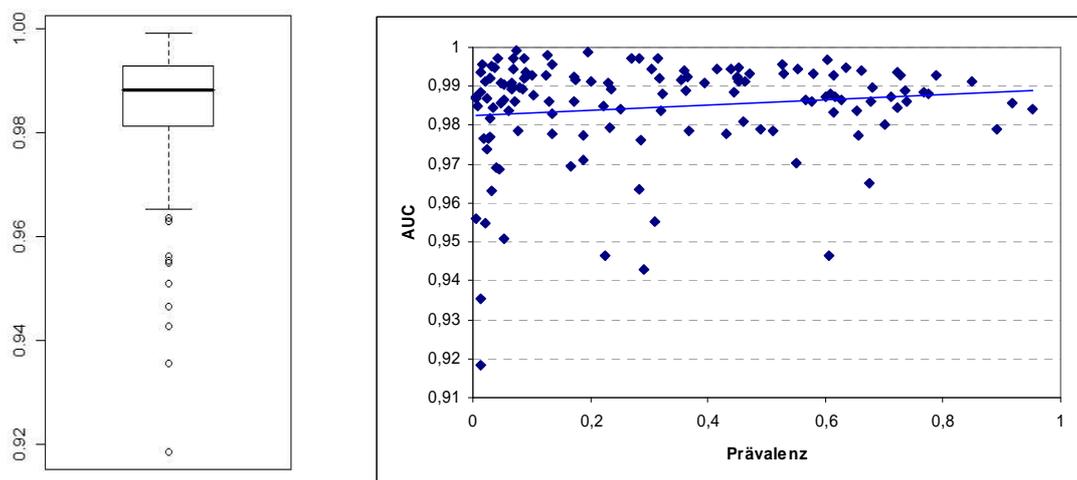


Abbildung 29: Boxplot der bei der Kreuzvalidierung ($n=134$ Arten) erzielten AUC-Werte (links) und Abhängigkeit der AUC-Werte von der Prävalenz (rechts)

5.2.3 Vorhersagequalität

Der Versuch, zukünftige Verbreitungsgebiete von Arten mittels Habitatmodellierung vorherzusagen, stößt auf eine Reihe von Schwierigkeiten (DORMANN 2007a). Im Kontext der vorliegenden Untersuchung sind insbesondere folgende Probleme relevant:

- Es konnten nicht alle Umweltvariablen getestet werden, die einen kausalen Einfluss auf das Vorkommen der Arten haben können; so könnten möglicherweise mikroklimatische Faktoren und Extremwerte wie z.B. tägliche Temperaturminima und –maxima (zu denen keinen Daten vorliegen) einen stärkeren Einfluss ausüben als die hier zwangsläufig verwendeten Mittelwerte.
- Das Verbreitungsgebiet vieler Arten geht über das hier betrachtete Gebiet hinaus, so dass die Klimatische dieser Arten möglicherweise nicht vollständig abgebildet werden konnte.

Auch biotische Interaktionen konnten nicht berücksichtigt werden. Deshalb kann in den Fällen, wo eine Art starke Abhängigkeiten von anderen Arten zeigt, das Ergebnis der

Modellierung verfälscht werden. Ein Beispiel hierfür ist der Iberische Luchs (*Lynx pardinus*): Die Art scheint zunächst wenig betroffen; das potenzielle Areal der Art auf der Iberischen Halbinsel könnte sich sogar vergrößern, solange nur Klima- und Landbedeckungsvariablen betrachtet werden. Der Iberische Luchs ist jedoch in hohem Maß abhängig von einer einzigen Beutetierart, dem Wildkaninchen (*Oryctolagus cuniculus*), für das deutliche Arealverluste auf der Iberischen Halbinsel zu erwarten sind. Deshalb könnte das modellierte Ergebnis die zukünftige Verbreitung des Iberischen Luchses überschätzen, falls sich dessen Beutespektrum nicht ebenfalls ändern würde. Als Abhilfe kann versucht werden, die interagierenden Arten in die Habitatmodelle einzubauen, soweit die Interaktionen bekannt sind, was häufig allerdings nicht der Fall ist. Einen solchen Ansatz wählten z.B. PRESTON et al. (2008), die bei der Modellierung des Schmetterlings *Euphydryas edithaquinio* und des Singvogels *Polioptila californica californica* eine Verbesserung der Vorhersagequalität durch Einschluss von biotischen Interaktionen erreichten. Bei der großen Anzahl der modellierten Arten war ein solches Vorgehen hier jedoch aus Zeitgründen nicht möglich.

5.3 Bedeutung der untersuchten Variablen

In der vorliegenden Arbeit stellten sich Klimavariablen, insbesondere die GDD, als wichtigste erklärende Modellparameter heraus, während die Landbedeckung weniger zu den Modellen beitrug. Auch THULLER et al. (2004) fanden, dass auf einer grobmaßstäblichen, europäischen Ebene das Klima einen bestimmenden Einfluss sowohl auf die Verbreitung von Arten als auch die Landbedeckung hat. Nur schwach mit dem Klima korrelierte Landbedeckungsklassen wie z.B. Binnengewässer könnten einen zusätzlichen Beitrag liefern. HAWKINS & PORTER (2003) identifizierten in ihrer Untersuchung über den Einfluss verschiedener aktueller und historischer Faktoren auf den Artenreichtum von Säugetieren und Vögeln in Nordamerika die potenzielle Evapotranspiration als den Faktor, der den größten Einfluss auf die Artenvielfalt hatte. Die GDD wurde dort nicht untersucht. Da sich aber auch die potenzielle Evapotranspiration als Maß für den Energieinput betrachten lässt, ergibt sich insofern eine Parallele zur vorliegenden Arbeit, in der vor allem die GDD diesen Faktor quantifiziert.

5.4 Arealänderungen

Der Vergleich der beiden untersuchten Vorgaben „keine Migration“ und „unbegrenzte Migration“ zeigt deutliche Unterschiede: im erstgenannten Fall sind sehr viel stärkere Arealverluste zu erwarten, im zweiten Fall würde sich bei der überwiegenden Zahl der Arten und Szenarien das Areal sogar etwas vergrößern (Tabelle 10), gleichzeitig jedoch mehr oder weniger stark verlagern. Eine Ausnahme bildet hier das Szenario GRAS-CUT, bei der unter beiden Vorgaben bei der überwiegenden Zahl der modellierten Arten Arealverluste zu erwarten sind.

Tabelle 10: Vergleich der beiden Vorgaben „keine Migration“ und „unbegrenzte Migration“ hinsichtlich der jeweils prognostizierten Arealänderungen unter verschiedenen Szenarien für den Zeitraum 2051-2060. Die Arealänderung ist ausgedrückt als Verhältnis der für das jeweilige Szenario vorhergesagten zu den aktuell modellierten Präsenzen. Angegeben ist jeweils der Median aller untersuchten Arten (n=172 Arten).

Szenario	keine Migration	unbegrenzte Migration
SEDG	0,826	1,062
BAMBU	0,839	1,063
GRAS	0,778	1,051
GRAS-CUT	0,762	0,965

Der weitaus überwiegende Teil der modellierten Arten zeigt dabei eine Verschiebung des für 2050 prognostizierten Areals nach Norden (vgl. Abbildung 16 auf Seite 48), so wie dies im Allgemeinen zu erwarten ist (siehe z.B. PARMESAN 2005). Allerdings ergab sich in der vorliegenden Arbeit je nach untersuchtem Szenario bei 10% (SEDG) bis 13% (GRAS-CUT) der Arten eine Verschiebung des Arealmittelpunktes nach Süden. Eine einfache Erklärung hierfür fand sich nicht. Denkbar ist, dass sich mehrere Verschiebungstendenzen des Areals überlagern. So wird sich z.B. unter dem Szenario GRAS-CUT die Verbreitung des Mufflons (*Ovis aries*) in höheren Lagen der Bergregionen konzentrieren, die vor allem im südlichen Teil Europas vorhanden sind (u.a. Pyrenäen und Kantabrisches Gebirge, Alpen, Balkan), während das tiefer gelegene Teilareal in Mitteleuropa zum großen Teil wegfällt. Damit handelt es sich im Grunde genommen also um eine Wanderung „hangaufwärts“.

Die prognostizierten Arealänderungen erwiesen sich von Art zu Art und je nach Vorgabe als sehr unterschiedlich. Während manche Arten - unter der entsprechenden Voraussetzung, dass eine unbegrenzte Wanderung möglich ist – ihr Areal deutlich

erweitern könnten, sind für andere Arten große Arealverluste zu befürchten. Von den Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie sind hier insbesondere Pyrenäen-Desman (*Galemys pyrenaicus*), Cabreramaus (*Microtus cabreræ*), Europäischer Nerz (*Mustela lutreola*), Europäischer Ziesel (*Spermophilus citellus*) und Spanischer Steinbock (*Capra pyrenaica*) betroffen.

Wie erwartet sind im Zuge des moderaten Szenarios SEDG die geringsten Auswirkungen zu erwarten, gefolgt von den „härteren“ Szenarien BAMBU und GRAS. Unter GRAS-CUT wären besonders drastische Auswirkungen zu befürchten. Wichtig ist, dass selbst unter moderaten Annahmen zur Entwicklung des Klimas wie dem Szenario SEDG ernsthafte Gefährdungen für die europäische Säugetierfauna zu erwarten sind, was die Dringlichkeit von Schutzmaßnahmen unterstreicht.

Zwei aktuelle Arbeiten verfolgen einen ähnlichen Ansatz wie die vorliegende Untersuchung und sollen deshalb an dieser Stelle etwas ausführlicher dargestellt werden:

THULLER et al. (2006) untersuchten die Gefährdung von 277 afrikanischen Säugetierarten infolge des Klimawandels (IPCC-Szenarien A2 und B2). Sie wandten auf die zu erwartenden Arealverluste die Gefährdungskategorien der IUCN³⁴ an (IUCN 2001; Erläuterung der Kategorien siehe Tabelle 11). Unter der Annahme von Nullmigration würden bis zum Jahr 2050 10-15% (2080: 25-40%) der Arten entweder aussterben oder wären vom Aussterben bedroht. Falls unbegrenzte Migration vorausgesetzt wird, wären bis zu diesem Zeitpunkt rund 2-6% (2080: 10-20%) der Arten vom Aussterben bedroht.

LEVINSKY et. al (2007) untersuchten den Einfluss des Klimawandels (IPCC-Szenarien A2 und B1) auf Verbreitung und Biodiversität von europäischen Säugetierarten. Dabei wurde der Einfluss von drei ausgewählten Klimafaktoren auf 120 landlebende Säugetierarten modelliert. Den Ergebnissen wurden ebenfalls die Gefährdungskriterien der IUCN zugeordnet. Während unter der Annahme einer unbegrenzt möglichen Migration bis zum Ende des 21. Jahrhunderts 1% der untersuchten Säugetiere

³⁴ International Union for Conservation of Nature

aussterben würden und 32-46% bedroht wären³⁵, sind es für die Annahme einer Nullmigration 5-9% (Aussterben) bzw. 70-78% (bedroht).

Im Vergleich zu LEVINSKY et. al (2007) wurde in der vorliegenden Arbeit eine geringere Bedrohung der europäischen Säugetiere ermittelt. So wären unter der Vorgabe „keine Migration“ und bei Vergleich der entsprechenden Klimaszenarien SEDG bzw. BAMBU hier 30% bedroht, 0-1% würden aussterben (Tabelle 11). Unter der Annahme „unbegrenzte Migration“ wären immer noch 18-19% bedroht, und ebenfalls 0-1% der Arten würden aussterben. Allerdings ist einschränkend anzumerken, dass LEVINSKY et al. (2007) nicht die gleiche Artenauswahl untersuchten und dass sich ihre Ergebnisse im Unterschied zur vorliegenden Arbeit auf den Zeitraum 2070-2099 beziehen.

Auch im Vergleich zur Modellierung der afrikanischen Säugetierfauna durch THULLER et al. (2006) ergaben sich in der vorliegenden Arbeit geringere Prozentanteile bedrohter Arten.

Tabelle 11: Zuordnung zu Gefährdungskategorien in Anlehnung an die Kriterien des IUCN (IUCN 2001) für den Zeitraum 2051-2060 und verschiedene Szenarien. EX = ausgestorben, CR = vom Aussterben bedroht (Arealverlust > 80%), EN = stark gefährdet (Arealverlust > 50%), VU = gefährdet (Arealverlust > 30%), NT = Vorwarnliste, LC = ungefährdet. Die Zahlen geben die absolute Artenzahl sowie in Klammern den Anteil an allen modellierten Arten (n=172) an.

Szenario	EX	CR	EN	VU	NT + LC
Vorgabe „keine Migration“					
SEDG	0 (0%)	7 (4%)	21 (12%)	24 (14%)	120 (70%)
BAMBU	1 (1%)	6 (3%)	22 (13%)	24 (14%)	119 (69%)
GRAS	4 (2%)	15 (9%)	24 (14%)	26 (15%)	103 (60%)
GRAS-CUT	3 (2%)	13 (8%)	22 (13%)	35 (20%)	99 (58%)
Vorgabe „unbegrenzte Migration“					
SEDG	0 (0%)	2 (1%)	15 (9%)	13 (8%)	142 (83%)
BAMBU	1 (1%)	3 (2%)	16 (9%)	14 (8%)	138 (80%)
GRAS	2 (1%)	9 (5%)	20 (12%)	8 (5%)	133 (77%)
GRAS-CUT	2 (1%)	6 (3%)	12 (7%)	17 (10%)	135 (78%)

³⁵ als „bedroht“ werden hier die Kategorien VU = gefährdet, EN = stark gefährdet und CR = vom Aussterben bedroht zusammengefasst

5.5 Auswirkungen auf Natura 2000

Bei der Betrachtung der Auswirkungen auf Natura 2000 sollte zunächst grundsätzlich die ungleiche Verteilung zwischen Biodiversität einerseits und Flächenanteil der Natura 2000 Gebiete pro Rasterzelle, die für diese Arten ausgewiesen wurden, andererseits in Rechnung gestellt werden (vgl. Abbildung 30). Die meisten landlebenden Säugetierarten des Anhangs II der FFH-Richtlinie kommen in Südosteuropa, daneben auf der Iberischen Halbinsel sowie Südfrankreich und im Alpenraum vor. Während auf der Iberischen Halbinsel dieser hohen Artenzahl große Schutzgebietsflächen gegenüber stehen, zeigen sich Defizite insbesondere in Frankreich sowie in Teilen der Balkanhalbinsel. In Nordeuropa ist dagegen die Zahl der Anhang II - Arten (sowie allgemein die Zahl aller Säugetiere) gering, und in Südkandinavien und großen Teilen von Großbritannien und Irland ist der entsprechende Flächenanteil von Natura 2000 ebenfalls niedrig. Die flächenmäßig größten Gebiete für landlebende Säugetiere des Anhangs II sind in Nordschweden und Nordfinnland ausgewiesen; dem stehen jedoch nur wenige dort vorkommende Arten gegenüber. Wenn auch der unterschiedliche Flächenanspruch der Arten berücksichtigt werden muss, so zeigt sich doch, dass der Schutz der Arten des Anhangs II nicht überall in der gleichen Intensität erfolgt. In diesem Sinne besteht bereits aktuell ein Ungleichgewicht zwischen dem Areal vieler Arten und ihrer Repräsentierung in Natura 2000.

Werden nun die prognostizierten Auswirkungen des Klimawandels betrachtet, so zeigen sich nicht nur beträchtliche Auswirkungen auf das Areal, sondern auch auf die Repräsentierung in Natura 2000 - Schutzgebieten. So könnten die Arten des Anhangs II rund 25% ihrer Vorkommen in Schutzgebieten verlieren, wobei sich hier die vier untersuchten Szenarien nur relativ wenig unterscheiden (vgl. Abbildung 18 auf Seite 53). Zu beachten ist, dass es einen Artenzuwachs in den Berechnungen gemäß der hier zugrunde gelegten Methode nicht geben kann. Das Szenario ist insofern als konservativ zu beurteilen. In der Realität wird es auch einen Zuwachs in Schutzgebieten geben können, wenn die Habitatausstattung der betreffenden Natura 2000 – Gebiete geeignet ist. Bei Vorliegen entsprechender Daten und bei einem auf wenige Arten konzentrierten Ansatz wäre hier eine genauere Betrachtung möglich.

Bisher liegt keine vergleichbare Untersuchung der Auswirkungen des Klimawandels auf das Schutzgebietssystem Natura 2000 vor. BURNS et al. (2003) untersuchten den Einfluss des Klimawandels auf die Artenvielfalt der Säugetiere in US-amerikanischen

Nationalparks. Sie prognostizieren einen Verlust von bis zu 20% der vorhandenen Arten, begleitet von einem starken Zustrom neuer Arten. In der Konsequenz dürfte weniger ein starker Artenverlust, sondern vielmehr ein grundlegender Wechsel der Artengemeinschaften resultieren. Für afrikanische Nationalparke zeichnet sich ein ähnliches Bild ab: während für manche Parks bedeutsame Artenverluste zu befürchten sind, werden andere wahrscheinlich keinen Netto-Artenverlust erleiden, sondern durch die Kombination von Verlusten einerseits und Einwanderung andererseits einen grundlegenden Wechsel der Artenzusammensetzung zeigen (THUILLER et al. 2006).

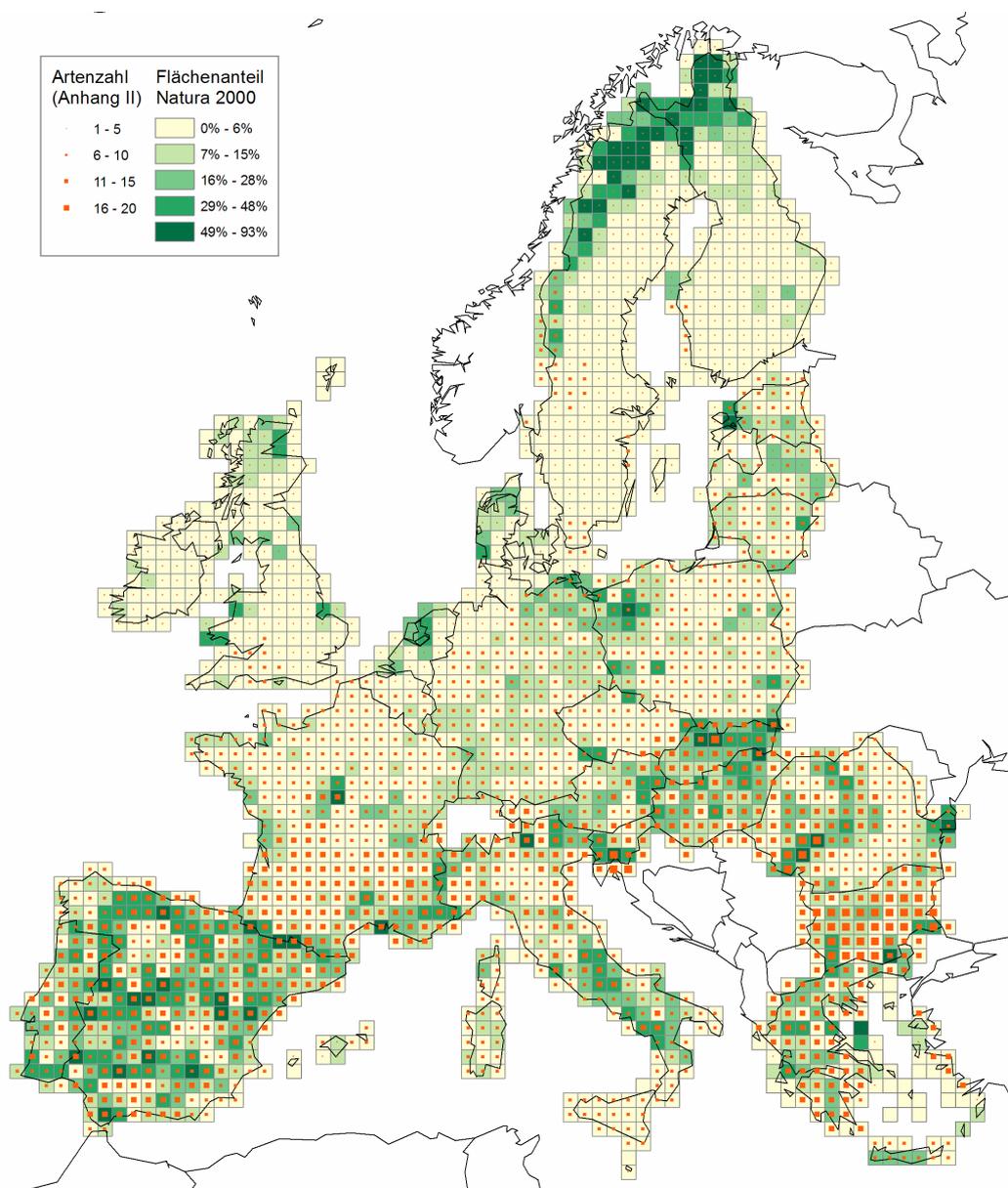


Abbildung 30: Biodiversität und Schutzgebiete: Artenzahl der landlebenden Säugetiere des Anhangs II (n=30) und Flächenanteil der Natura 2000 – Gebiete, in denen diese Arten gemeldet sind, pro Rasterzelle im Gebiet der EU27.

Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit weisen darauf hin, dass der stärkste Artenverlust in Süd- und Südosteuropa auftreten könnte, d.h. den Bereichen mit der aktuell höchsten Biodiversität. Auch LEVINSKY et al. (2007) fanden die stärkste Abnahme der Artenvielfalt in Südeuropa. Dabei bleibt allerdings offen, ob der Artenverlust in Südeuropa durch die Zuwanderung von südlicher verbreiteten, in der vorliegenden Arbeit nicht behandelten Arten „ausgeglichen“ werden könnte.

Da in Nordeuropa weniger Säugetierarten vorkommen, ergibt hier eine Betrachtung der Artenzahlen von vornherein geringere Auswirkungen. Dennoch sind gerade einige nordeuropäisch verbreitete Säugetierarten stark vom Klimawandel bedroht. Arten wie Polarfuchs (*Alopex lagopus*), Luchs (*Lynx lynx*), Vielfraß (*Gulo gulo*) und Nordfledermaus (*Eptesicus nilssonii*) könnten hier einen starken Rückgang erleiden. Hier führt insbesondere das Szenario GRAS, das mit einer stärkeren Erwärmung in Nordeuropa einhergeht, zu gravierenden Auswirkungen. Der vorhergesagte, prozentuale Verlust an Natura 2000 – Präsenzen ist unter diesem Szenario für die boreale biogeografische Region sogar am größten, verglichen mit den anderen Regionen. In diesem Zusammenhang sei auf BERRY et al. (2002) hingewiesen, die in Großbritannien und Irland ebenfalls bei einigen nördlich verbreiteten Arten starke Rückgänge prognostizieren.

Falls im Zuge des Klimawandels ein „Mitwandern“ der Arten möglich ist, zeigt die vorliegende Untersuchung einen Zuwachs an Arten vor allem in Nord- und Nordwesteuropa sowie im nördlichen Alpenraum. LEVINSKY et al. (2007) erwarten ein ähnliches Bild mit der stärksten Zuwanderung in Skandinavien sowie in den Alpen und Pyrenäen. Im Fall eines solchen Szenarios könnte sich ein grundlegender Wandel der Artengemeinschaften ergeben, weil zu erwarten ist, dass die Arten unabhängig voneinander, d.h. nicht als Gemeinschaft wandern werden (HANNAH et al. 2007).

5.6 Ausblick

Aufbauend auf den vorliegenden Ergebnissen ergibt sich eine Reihe von weiteren Fragen, die Gegenstand zukünftiger, vertiefender Untersuchungen sein könnten.

Im Rahmen dieser Arbeit war eine intensivere Beschäftigung mit einzelnen Arten nicht möglich. So wären für bestimmte Arten, für die genauere Datengrundlagen vorliegen, wahrscheinlich auch genauere Vorhersagen zu erzielen. Interessant könnte hier u.a. die Berücksichtigung von biotischen Interaktionen sein. Auch eine genauere und artspezifische Modellierung der Ausbreitungsfähigkeit wäre von großem Interesse, um vom Prinzip des „alles oder nichts“ (keine bzw. unbegrenzte Wanderung) wegzukommen. Einen solchen Ansatz beschreiben z.B. HANNAH et al. (2007) für einige der von ihnen untersuchten Teilräume, indem jeder Art ein artspezifisches Ausbreitungsvermögen (Radius pro Zeitschritt) zugeordnet wurde.

Auch eine vergleichende Modellierung mittels eines feineren Referenzrasters wäre für einige Arten mit genaueren Verbreitungsdaten möglich und könnte Aufschlüsse darüber geben, inwieweit die Modellvorhersagen vom Maßstab der Modellierung beeinflusst werden. Ein solcher Vergleich wurde hier zwar angedacht, war aber im Rahmen der vorliegenden Arbeit aus zeitlichen Gründen nicht möglich.

Methodisch ist die Frage der Behandlung der räumlichen Autokorrelation in BRT noch nicht gelöst. Zwar ergaben sich in dieser Hinsicht in der vorliegenden Arbeit kaum Probleme. Dennoch wäre die Entwicklung einer entsprechenden Methode wünschenswert.

Zum Schluss stellt sich auch die Frage nach der praktischen Relevanz der Ergebnisse: was ist zu tun, um die Folgen des Klimawandels für die europäischen Säugetiere abzumildern? Hier unterstreicht der Vergleich der beiden Szenarien „keine Wanderung“ und „unbegrenzte Wanderung“ – mit sehr viel größeren Verlusten unter der erstgenannten Voraussetzung - noch einmal, dass der Erhalt und die Neuschaffung von Biotopverbundstrukturen dringend notwendig sind, um den Verlust der Biodiversität möglichst gering zu halten. Die prognostizierten Arealänderungen zeigen auch, dass selbst unter moderaten Klimaszenarien Anstrengungen zur Neuausweisung von Schutzgebieten notwendig sind. Dabei sollte jedoch nicht die Illusion entstehen, Anpassungsstrategien des Naturschutzes könnten allein die Biodiversität sichern. Notwendig ist auf der anderen Seite auch ein entschiedenes Gegensteuern gegen die Emission von Treibhausgasen (vgl. u.a. HANNAH et al. 2007).

Zum Schluss sei noch einmal darauf hingewiesen, dass es sich bei den Ergebnissen der vorliegenden Arbeit nicht um Vorhersagen handelt, sondern um Prognosen, die dazu dienen können, alternative Entwicklungswege, die u.a. in verschiedenen Wirtschafts- und Emissionsszenarien bestehen, zu beurteilen. So zeigt sich zwar, dass auch bei dem moderaten Klimaszenario SEDG deutliche negative Auswirkungen zu erwarten sind, ungleich schwerer würde jedoch die Vernachlässigung von Gegenstrategien wiegen, wie es vor allem die Szenarien GRAS bzw. GRAS-CUT zeigen.

6 Literatur

- ARAUJO, M.B., M. CABEZAS, W. THUILLER, L. HANNAH & P.H. WILLIAMS (2004):
 Would climate change drive species out of reserves? An assessment of existing
 reserve-selection methods. In: *Global Change Biology* 10, 1618 -1626.
- BAAGØE, H.J. (2001): *Myotis bechsteinii* (Kuhl, 1818) – Bechsteinfledermaus. In:
 Krapp, F. (Hrsg.): *Handbuch der Säugetiere Europas, Band 4: Fledertiere, Teil I:*
Chiroptera I: 443-471. Wiebelsheim: Aula.
- BÄRLOCHER, F. (1999): *Biostatistik. Praktische Einführung in Konzepte und Methoden.*
 Stuttgart: Thieme.
- BEAUMONT, L.J., L. HUGHES & A.J. PITMAN (2008): Why is the choice of future climate
 scenarios for species distribution modelling important? In: *Ecology Letters* 11,
 1135 – 1146.
- BEGON, M., C.R. TOWNSEND & J.L. HARPER (2006⁴): *Ecology. From Individuals to*
Ecosystems. Malden: Blackwell Publishing.
- BERRY, P.M., T. P. DAWSON, P.A. HARRISON & R.G. PEARSON (2002): Modelling
 potential impacts of climate change on the bioclimatic envelope of species in
 Britain and Ireland. In: *Global Ecology & Biogeography* 11, 453-462.
- BURNS, C.E., K. M. JOHNSTON & O. J. SCHMITZ (2003): Global climate change and
 mammalian species diversity in U.S. national parks. In: *PNAS* 100, 11474-11477.
- DORMANN, C.F. (2007a): Promising the future? Global change projections of species
 distributions. In: *Basic and Applied Ecology* 8, 387-397.
- DORMANN, C.F. (2007b): Effects of incorporating spatial autocorrelation into the
 analysis of species distribution data. In: *Global Ecology and Biogeography* 16,
 129-138.
- DORMANN, C.F., J.M. MCPHERSON, M.B. ARAUJO, R. BIVAND, J. BOLLIGER, G. CARL,
 R.G. DAVIES, A. HIRZEL, W. JETZ, W. D. KISSLING, I. KÜHN, R. OHLEMÜLLER,
 P.R. PERES-NETO, B. REINEKING, B. SCHRÖDER, F. M. SCHURR & R. WILSON
 (2007): Methods to account for spatial autocorrelation in the analysis of species
 distributional data: a review. In: *Ecography* 30, 609-628.
- DORMANN, C.F. & I. KÜHN (2008²): *Angewandte Statistik für die biologischen*
Wissenschaften. <<http://www.ufz.de/index.php?en=4205>> (Stand: 2008-08-31)
 (Zugriff: 2008-10-01).

- DORMANN, C.F., O. PURSCHKE, J.R. GARCÍA-MÁRQUEZ, S. LAUTENBACH & B. SCHRÖDER (2008a): Components of uncertainty in species distribution analysis: a case study of the great grey shrike. In: *Ecology* 12, 3371-3386.
- DORMANN, C.F., O. SCHWEIGER, P. ARENS, I. AUGENSTEIN, ST. AVIRON, D. BAILEY, J. BAUDRY, R. BILLETER, R. BUGTER, R. BUKÁČEK, F. BUREL, M. CERNY, R. DE COCK, G. DE BLUST, R. DEFILIPPI, T. DIEKÖTTER, J. DIRKSEN, W. DURKA, P.J. EDWARDS, M. FRENZEL, R. HAMERSKY, F. HENDRICKX, F. HERZOG, S.KLOTZ, B. KOOLSTRA, A. LAUSCH, D. LE COEUR, J. LIIRA, J.P. MAELFAIT, P. OPDAM, M. ROUBALOVA, A. SCHERMANN-LEGIONNET, N. SCHERMANN, T. SCHMIDT, M. J. M. SMULDERS, M. SPEELMANS, P. SIMOVA, J. VERBOOM, W. VAN WINGERDEN & M. ZOBEL (2008b): Prediction uncertainty of environmental change effects on temperate European biodiversity. In: *Ecology Letters* 11, 235-244.
- DORMANN, C.F., B. GRUBER, D. HERRMANN, M. WINTER (in Vorbereitung): Evolution of climate niches in European mammals.
- ELITH, J., C.H. GRAHAM, R.P. ANDERSON, M. DUDIK, S. FERRIER, A. GUISAN, R. J. HIJMANS, F. HUETTMANN, J.R. LEATHWICK, A. LEHMANN, J. LI, L.G. LOHMANN, B.A. LOISELLE, G. MANION, C. MORITZ, M. NAKAMURA, Y. NAKAZAWA, J. MCC. OVERTON, A. T. PETERSON, S.J. PHILLIPS, K. RICHARDSON, R. SCACHETTI-PEREIRA, R.E. SCHAPIRE, J. SOBERÓN, S. WILLIAMS, M.S. WISZ & N. E. ZIMMERMANN (2006): Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. In: *Ecography* 29, 129 – 151.
- ELITH, J., J.R. LEATHWICK & T. HASTIE (2008): A working guide to boosted regression trees. In: *Journal of Animal Ecology* 77, 802-813.
- ELITH, J. & J.R. LEATHWICK (2008): Online tutorial for running boosted regression trees. Accompanies Elith, Leathwick & Hastie (2008) *Journal of Animal Ecology*. <<http://www.blackwell-synergy.com/doi/full/10.1111/j.1365-2656.2008.01390.x>> (Stand: Januar 2008) (Zugriff: 2009-01-24)
- ERASMUS, B.N., A.S. VAN JAARSVEELD, S.L. CHOWN, M. KSHATRIYA & K.J. WESSELS (2002): Vulnerability of South African animal taxa to climate change. In: *Global Change Biology* 8, 679-693.
- FIELDING, A.H. & J.F. BELL (1997): A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. In: *Environmental conservation* 24, 38-49.

- FRONZEK, S., T.R. CARTER & K. JYLHA (2008): ALARM observed and scenario climate dataset. < <http://www.alarmproject.net/climate/climate/doc/readme.txt> > (Stand: 2008-02-28) (Zugriff: 2008-11-01).
- GERTEN, D., S. SCHAPHOFF, U. HABERLANDT, W. LUCHT & S. SITCH (2004): Terrestrial vegetation and water balance - hydrological evaluation of a dynamic global vegetation model. In: *Journal of Hydrology* 286, 249-270.
- GORDON, C., C. COOPER, C.A. SENIOR, H. BANKS, J.M. GREGORY, T.C. JOHNS, J.F.B. MITCHELL & R.A. WOOD (2000): The simulation of SST, sea ice extents and ocean heat transports in a version of the Hadley Centre coupled model without flux adjustments. In: *Climate Dynamics* 16, 147–168.
- GUISAN, A. & N.E. ZIMMERMANN (2000): Predictive habitat distribution models in ecology. In: *Ecological modelling* 135, 147-186.
- GUISAN, A. & W. THUILLER (2005): Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. In: *Ecology Letters* 8, 993-1009.
- HANNAH, L., G. MIDGLEY, S. ANDELMAN, M. ARAÚJO, G. HUGHES, E. MARTINEZ-MEYER, R. PEARSON & P. WILLIAMS (2007): Protected area needs in a changing climate. In: *Frontiers in Ecology and the Environment* 5, 131–138.
- HASTIE, T., TIBSHIRANI, R. & FRIEDMAN, J.H. (2001): *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*. New York: Springer.
- HAWKINS; B.A. & E.E. PORTER (2003): Relative influences of current and historical factors on mammal and bird diversity patterns in deglaciated North America. In: *Global Ecology & Biogeography* 12 , 475-481.
- HIJMANS, R.J., S.E. CAMERON, J.L. PARRA, P.G. JONES & A. JARVIS (2005): Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. In: *International Journal of Climatology* 25, 1965-1978.
- HOBBS, M.T. & J. A. RAMFFEZ (2001): The complementary relationship in estimation of regional evapotranspiration: An enhanced Advection-Aridity model. In: *Water Resources Research* 37, 1389-1403.
- HOSMER, D. W. & S. LEMESHOW (2000²): *Applied Logistic Regression*. New York: John Wiley & Sons.
- HUNTLEY, B., R. GREEN, Y. COLLINGHAM & S.G. WILLIS (2007): *A Climatic Atlas of European Breeding Birds*. Barcelona: Lynx edicions.
- HUTCHINSON, G.E. (1957): Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology* 22, 415-457.

- JIMÉNEZ-VALVERDE, A., J.M. LOBO & J. HORTAL (2008): Not as good as they seem: the importance of concepts in species distribution modelling. In: *Diversity and Distributions* 14, 885–890.
- IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE (ed.) (2000): Special Report Emission Scenarios – Summary for Policymakers. <<http://www.ipcc.ch/ipccreports/sres/emission/index.htm>> (Stand: 2000) (Zugriff: 2008-11-21).
- IUCN - INTERNATIONAL UNION FOR CONSERVATION OF NATURE (ed.) (2001): IUCN Red List Categories and Criteria, Version 3.1. IUCN Species Survival Commission, Gland and Cambridge. <http://www.iucnredlist.org/static/categories_criteria> (Stand: 2000-02-09) (Zugriff: 2009-04-20).
- LEVINSKY, I, F. SKOV, J.-C. SVENNING & C. RAHBK (2007): Potential impacts of climate change on the distributions and diversity patterns of European mammals. In: *Biodivers Conserv* 16, 3803–3816.
- LIU, C., P. M. BERRY, T.P. DAWSON & R.G. PEARSON (2005): Selecting thresholds of occurrence in the prediction of species distributions. *Ecography* 28, 385-393.
- LOBO, J.M., A. JIMÉNEZ-VALVERDE & R. REAL (2008): AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. In: *Global Ecology and Biogeography* 17, 145–151.
- MARTÍNEZ-MEYER, E., A.T. PETERSON & W. W. HARGROVE (2004): Ecological niches as stable distributional constraints on mammal species, with implications for Pleistocene extinctions and climate change projections for biodiversity. In: *Global Ecology and Biogeography* 13, 305–314.
- MITCHELL, T.D., T.R.CARTER, P.D. JONES, M. HULME & M. NEW (2004): A comprehensive set of high-resolution grids of monthly climate for Europe and the globe: the observed record (1901-2000) and 16 scenarios (2001-2100). Tyndall Centre Working Paper 55, Tyndall Centre for Climate Change Research, University of East Anglia, Norwich, UK. <http://www.tyndall.ac.uk/publications/working_papers/wp55.pdf> (Stand: Juli 2004) (Zugriff: 2008-12-25).
- MYERS, P., B. L. LUNDRIGAN, S. M. G. HOFFMAN, A. P. HARAMINAC & S. H. SETO (in press): Climate-induced Changes in the Small Mammal Communities of the

- Northern Great Lakes Region. In: Global Change Biology (accepted for publication November 2008).
- NIEDERBERGER, B. (2008): Habitatmodellierung der endemischen Landschneckenart *Trochulus biconicus*. Unveröffentlichte Master Thesis, Universität Salzburg.
- PARMESAN, C. (2005): Biotic response. Range and abundance changes. In: LOVEJOY, T.E., & L. HANNAH (eds.): Climate Change and Biodiversity. New Haven: Yale University Press. 41-55.
- PEARSON, R.G. 2007. Species' distribution modeling for conservation educators and practitioners. Synthesis. American Museum of Natural History. < <http://ncep.amnh.org> > (Stand: 2006) (Zugriff: 2008-01-28).
- PEARSON, R.G. & T.P. DAWSON (2003) Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? In: Global Ecology & Biogeography 12, 361-371.
- PEARSON, R.G., T.P. DAWSON & C. LIU (2004): Modelling species distributions in Britain: a hierarchical integration of climate and land-cover data. In: Ecography 27, 285-298.
- PETERSON, A.T., H. TIAN, E. MARTÍNEZ-MEYER, J. SOBERÓN, V. SÁNCHEZ-CORDERO & B. HUNTLEY (2005): Modeling distributional shifts of individual species and biomes. In: LOVEJOY, T.E., & L. HANNAH (eds.): Climate Change and Biodiversity. New Haven: Yale University Press. 211-228.
- PRENTICE, I.C., CRAMER W., HARRISON S., LEEMANS, R., MONSERUD, R.A. & A.M. SOLOMON (1992). A global biome model based on plant physiology and dominance, soil properties and climate. In: Journal of Biogeography 19, 117–134.
- PRENTICE, I.C., M. T. SYKES & W. CRAMER (1993): A simulation model for the transient effects of climate change on forest landscapes. In: Ecological Modelling 65, 51-70.
- PRESTON, K.L., J.T. ROTENBERRY, R.A. REDAK & M.F. ALLEN (2008): Habitat shifts of endangered species under altered climate conditions: importance of biotic interactions. In: Global Change Biology 14, 2501-2515.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM (2008): R: A Language and Environment for Statistical Computing (Version 2.8.0). R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. < <http://www.r-project.org/index.html> > (Stand: 2008-10-20) (Zugriff: 2008-11-01).

- RAHMSTORF, S. & H.J. SCHELLNHUBER (2007⁴): Der Klimawandel. München: C.H. Beck.
- SCHIPPER, J. J.S. CHANSON, F. CHIOZZA, N.A. COX, M. HOFFMANN, V. KATARIYA, J. LAMOREUX, A.S. L. RODRIGUES, S.N. STUART, H. J. TEMPLE, J. BAILLIE, L. BOITANI, T.E. LACHER JR., R.A. MITTERMEIER, A.T. SMITH, D. ABSOLON, J.M. AGUIAR, G. AMORI, N. BAKKOUR, R. BALDI, R.J. BERRIDGE, J. BIELBY, P.A. BLACK, J. BLANC, T.M. BROOKS, J.A. BURTON, T.M. BUTYNSKI, G. CATULLO, R. CHAPMAN, Z. COKELISS, B. COLLEN, J. CONROY, J.G. COOKE, G.A.B. DA FONSECA, A. E. DEROCHER, H.T. DUBLIN, J.W. DUCKWORTH, L. EMMONS, R.H. EMSLIE, M. FESTA-BIANCHET, M. FOSTER, S. FOSTER, D.L. GARSHELIS, C. GATES, M. GIMENEZ-DIXON, S. GONZALEZ, J.F. GONZALEZ-MAYA, T.C. GOOD, G. HAMMERSON, P.S. HAMMOND, D. HAPPOLD, M. HAPPOLD, J. HARE, R.B. HARRIS, C.E. HAWKINS, M. HAYWOOD, L.R. HEANEY, S. HEDGES, K.M. HELGEN, C. HILTON-TAYLOR, S.A. HUSSAIN, N. ISHII, T.A. JEFFERSON, R.K. B. JENKINS, C.H. JOHNSTON, M.KEITH, J. KINGDON, D.H. KNOX, K.M. KOVACS, P. LANGHAMMER, K. LEUS, R. LEWISON, G. LICHTENSTEIN, L.F. LOWRY, Z. MACAVOY, G.M. MACE, D.P. MALLON, M. MASI, M.W. MCKNIGHT, R.A. MEDELLÍN, P. MEDICI, G. MILLS, P.D. MOEHLMAN, S. MOLUR, A. MORA, K. NOWELL, J.F. OATES, W. OLECH, W.R.L. OLIVER, M. OPREA, B.D. PATTERSON, W.F. PERRIN, B.A. POLIDORO, C. POLLOCK, A. POWEL, Y. PROTAS, P. RACEY, J. RAGLE, P. RAMANI, G. RATHBUN, R.R. REEVES, S.B. REILLY, J.E. REYNOLDS, C. RONDININI, R.G. ROSELL-AMBAL, M. RULLI, A.B. RYLANDS, S. SAVINI, C.J. SCHANK, W. SECHREST, C. SELF-SULLIVAN, A. SHOEMAKER, C. SILLERO-ZUBIRI, N. DE SILVA, D.E. SMITH, C. SRINIVASULU, P.J. STEPHENSON, N. VAN STRIEN, B. KUMAR TALUKDAR, B.L. TAYLOR, R. TIMMINS, D. G. TIRIRA, M.F. TOGNELLI, K. TSYTSULINA, L.M. VEIGA, J.-C. VIÉ, E.A. WILLIAMSON, S.A. WYATT, Y. XIE & B.E. YOUNG (2008): The Status of the World's Land and Marine Mammals: Diversity, Threat, and Knowledge. *Science* 322, 225-230.
- SCHRÖDER, B. & B. REINEKING (2004): Modellierung der Art-Habitat-Beziehung – ein Überblick über die Verfahren der Habitatmodellierung. In: DORMANN, C.F., T. BLASCHKE, A. LAUSCH, B. SCHRÖDER & D. SÖNDGERATH (Hrsg.): *Habitatmodelle – Methodik, Anwendung, Nutzen*. Tagungsband zum Workshop vom 8.-10. Oktober 2003 am UFZ Leipzig. UFZ-Berichte 9/2004.

- SETTELE J., V. HAMMEN, P.E. HULME, U. KARLSON, S. KLOTZ, M. KOTARAC, M. M.G.KUNIN, M. O'CONNOR, T. PETANIDOU, K. PETERSEON, S. POTTS, H. PRITCHARD, P. PYŠEK, M. ROUNSEVELL, J. SPANGENBERG, I. STEFFAN-DEWENTER, M.T. SYKES, M. VIGHI, M. ZOBEL & I. KÜHN (2005): ALARM: Assessing Large scale environmental Risks for biodiversity with tested Methods. GAIA – Ecological Perspectives in Science, Humanities, and Economics 14, 96-72.
- SETTELE, J, O. KUDRNA, A. HARPKE, I. KUEHN, C. VAN SWAAY, R. VEROVNIK, M. WARREN, M. WIEMERS, J. HANSPACH, T. HICKLER, E. KUEHN, I. VAN HALDER, K. VELING, A. Vliegenthart, I. WYNHOFF & O. SCHWEIGER (2008): Climatic Risk Atlas of European Butterflies, Biorisk 1 (Special Issue). ISSN 1313-2652 (online). <<http://www.ufz.de/index.php?de=17472>> (Stand: 2008) (Zugriff: 2009-01-17).
- STRAHLER, A.H. & A. N. STRAHLER (2005³): Physische Geographie. Stuttgart: Ulmer.
- TEMPLE, H.J. & A. TERRY (Eds.) (2007): The Status and Distribution of European Mammals. Office for Official Publications of the European Communities, Luxemburg < <http://ec.europa.eu/environment/nature/conservation/species/ema/> > (Stand: 2007) (Zugriff: 2007-11-01).
- THOMAS, C.D., A. CAMERON, R.E. GREEN, M. BAKKENES ,L.J. BEAUMONT, Y.C. COLLINGHAM, B.F.N. ERASMUS, M.F. DE SIQUEIRA, A. GRAINGER, L. HANNAH, L. HUGHES, B. HUNTLEY, A.S. VAN JAARVELD, G.F. MIDGLEY, L. MILES, M.A. ORTEGA-HUERTA, A. T. PETERSON, O.L. PHILLIPS & S.E. WILLIAMS (2004): Extinction risk from climate change. In: Nature 427, 145-148.
- THUILLER, W., M.B. ARAUJO & S. LAVOREL (2004): Do we need land-cover data to model species distributions in Europe? In: Journal of Biogeography 31, 353-361.
- THUILLER, W., O. BROENNIMANN, G. HUGHES, J. ROBERT, M. ALKEMADE, G.F. MIDGLEY & F. CORSI (2006): Vulnerability of African mammals to anthropogenic climate change under conservative land transformation assumptions. In: Global Change Biology 12, 424 - 440.
- ZEBISCH, M., T. GROTHMANN, D. SCHRÖTER, C. HASSE, U. FRITSCH & W. CRAMER (2005): Klimawandel in Deutschland Vulnerabilität und Anpassungsstrategien klimasensitiver Systeme. Studie im Auftrag des Umweltbundesamtes (UBA-FBNr: 000844). < http://www.umweltbundesamt.de/uba-info-medien/mysql_medien.php?anfrage=Kennummer&Suchwort=2947> (Stand: August 2005) (Zugriff: 2008-03-21).

A Anhang

A.1 Ergebnistabellen

Tabelle 12: Übersicht über die modellierten Arten sowie prognostizierte Areale für den Zeitraum 2051-2060 unter verschiedenen Szenarien. Die Zahlen geben jeweils die Anzahl der Präsenzen in den 50x50 km Rasterzellen an, d.h. zur Berechnung der Arealfläche müssen die Werte jeweils mit 2.500 km² multipliziert werden. Annex II: ja = Art ist in Anhang II FFH-Richtlinie aufgelistet; P = gilt nur für bestimmte Populationen; Ssp = gilt nur für bestimmte Unterarten. Modelliert: x = Art wurde modelliert, - = Art nicht modelliert.

Artnamen	Annex II	Modelliert	Präsenzen	keine Wanderung					unbegrenzte Wanderung				
				CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT
<i>Acomys minous</i>		x	11	11	5	5	5	3	12	6	5	5	5
<i>Alces alces</i>		x	868	868	567	536	428	619	868	570	538	428	651
<i>Allactaga major</i>		x	29	29	27	29	28	29	30	65	110	123	326
<i>Alopex lagopus</i>		x	68	67	14	13	5	52	67	14	13	5	65
<i>Apodemus agrarius</i>		x	952	952	782	820	770	820	952	1022	1096	1097	1121
<i>Apodemus alpicola</i>		x	45	45	41	44	41	37	46	43	46	43	39
<i>Apodemus epimelas</i>		x	90	87	83	83	85	85	97	114	114	117	131
<i>Apodemus flavicollis</i>		x	1893	1893	1744	1735	1674	1608	1893	1942	1966	1950	1779
<i>Apodemus mystacinus</i>		x	117	117	102	104	102	94	117	118	117	121	129
<i>Apodemus sylvaticus</i>		x	2182	2180	2110	2107	2079	2006	2180	2301	2294	2294	2211
<i>Apodemus uralensis</i>		x	434	434	298	304	294	348	434	523	494	545	796
<i>Apodemus witherbyi</i>		x	108	108	106	106	106	106	109	138	132	150	246
<i>Arvicola amphibius</i>		x	2016	2011	1793	1797	1767	1715	2014	1884	1896	1904	1778
<i>Arvicola sapidus</i>		x	400	399	221	207	130	83	411	324	323	226	89
<i>Atelerix algirus</i>		x	214	214	210	213	213	204	214	524	515	893	697
<i>Barbastella barbastellus</i>	ja	x	1491	1489	1181	1154	967	700	1490	1440	1418	1252	886
<i>Bison bonasus</i>		-	2										
<i>Canis aureus</i>		x	538	538	530	530	530	535	542	943	917	1178	1438
<i>Canis lupus</i>	P	x	878	875	697	710	710	757	901	882	916	992	1209
<i>Capra hircus</i>	ja	-	2										
<i>Capra ibex</i>		x	22	18	18	18	18	18	22	22	22	22	23
<i>Capra pyrenaica</i>	Ssp	x	20	20	1	2	0	2	24	29	40	26	71
<i>Capreolus capreolus</i>		x	2377	2363	2203	2239	2171	2118	2364	2304	2331	2279	2188
<i>Castor fiber</i>	ja	x	586	585	350	403	311	373	596	660	709	712	603
<i>Cervus elaphus</i>	Ssp	x	1789	1785	1583	1501	1442	1083	1785	1890	1728	1724	1317
<i>Chionomys nivalis</i>		x	232	226	194	201	194	171	239	240	244	247	208
<i>Cricetulus migratorius</i>		x	183	183	139	149	137	150	183	289	331	396	709
<i>Cricetus cricetus</i>		x	529	529	446	466	420	504	529	601	633	622	911
<i>Crocidura ichnusae</i>		x	40	39	20	26	16	7	49	38	42	32	24
<i>Crocidura leucodon</i>		x	1125	1125	960	958	869	1003	1125	1358	1325	1436	1359
<i>Crocidura russula</i>		x	811	811	775	760	662	500	811	840	836	806	591
<i>Crocidura sicula</i>		x	20	20	9	7	4	6	22	9	7	4	6
<i>Crocidura suaveolens</i>		x	1355	1355	1193	1205	1184	1181	1356	1777	1816	1965	1636
<i>Crocidura zimmermanni</i>		x	11	11	5	5	5	3	12	6	5	5	5
<i>Dama dama</i>		x	1822	1822	1717	1718	1664	1538	1822	1963	1968	1969	1741
<i>Dinaromys bogdanovi</i>		x	36	34	23	23	22	9	37	29	30	29	14
<i>Dryomys nitedula</i>		x	689	689	496	510	395	570	699	960	832	948	1241
<i>Eliomys quercinus</i>		x	961	961	669	692	620	567	964	962	1027	1010	832

Artnamen	Annex II	Modelliert	Präsenzen	keine Wanderung					unbegrenzte Wanderung				
				CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT
<i>Eptesicus bottae</i>		x	19	19	16	16	16	16	20	28	32	37	30
<i>Eptesicus nilssonii</i>		x	1250	1250	820	843	598	741	1250	828	853	601	756
<i>Eptesicus serotinus</i>		x	1997	1990	1917	1920	1898	1863	1992	2246	2308	2338	2106
<i>Erinaceus concolor</i>		x	107	107	105	106	105	104	108	128	129	136	142
<i>Erinaceus europaeus</i>		x	1657	1657	1173	1092	976	815	1657	1302	1149	1086	868
<i>Erinaceus roumanicus</i>		x	963	963	931	922	890	884	964	1184	1200	1244	1318
<i>Felis chaus</i>		x	15	13	12	12	12	12	18	18	18	20	18
<i>Felis silvestris</i>		x	871	863	813	796	804	832	889	1153	1101	1245	1345
<i>Galemys pyrenaicus</i>	ja	x	80	79	23	23	12	6	80	23	23	12	6
<i>Genetta genetta</i>		x	559	559	522	526	516	475	559	671	671	906	741
<i>Glis glis</i>		x	1330	1330	1171	1156	1065	1099	1330	1524	1543	1548	1280
<i>Gulo gulo</i>		x	270	267	88	74	54	154	273	91	75	54	179
<i>Herpestes ichneumon</i>		x	271	271	265	262	265	259	271	408	405	476	460
<i>Hypsugo savii</i>		x	836	832	680	684	688	604	835	1063	1034	1291	902
<i>Hystrix cristata</i>		x	199	199	165	172	177	143	200	318	322	424	270
<i>Lemmus lemmus</i>		x	307	307	190	159	129	259	307	195	167	131	349
<i>Lepus capensis</i>		x	208	208	204	206	208	199	208	360	355	458	438
<i>Lepus castroviejoii</i>		x	7	7	2	2	1	0	8	2	2	1	0
<i>Lepus corsicanus</i>		x	48	48	13	12	5	5	51	15	16	5	10
<i>Lepus europaeus</i>		x	2068	2068	1972	1973	1933	1821	2068	2123	2152	2152	1894
<i>Lepus granatensis</i>		x	233	233	180	181	156	178	233	199	199	180	254
<i>Lepus timidus</i>		x	964	963	568	502	450	689	963	597	513	469	731
<i>Lutra lutra</i>	ja	x	2709	2705	2675	2676	2677	2644	2705	2735	2733	2748	2707
<i>Lynx lynx</i>	ja	x	780	776	519	506	479	518	788	582	562	542	602
<i>Lynx pardinus</i>	ja	x	30	29	24	23	22	27	35	129	119	138	149
<i>Macaca sylvanus</i>		x	8	7	7	7	7	5	9	12	17	15	12
<i>Marmota marmota</i>		x	79	75	72	71	68	45	81	87	87	80	46
<i>Martes foina</i>		x	1791	1791	1707	1668	1611	1580	1791	2024	2015	2001	1821
<i>Martes martes</i>		x	2222	2222	2011	2004	1953	1687	2222	2073	2049	2019	1710
<i>Meles meles</i>		x	2563	2560	2472	2470	2435	2381	2560	2578	2568	2546	2424
<i>Meriones tristrami</i>		x	45	45	44	44	44	43	46	53	55	57	58
<i>Mesocricetus newtoni</i>		x	16	16	15	15	15	16	17	46	40	45	116
<i>Micromys minutus</i>		x	1674	1674	1576	1542	1514	1386	1674	1800	1790	1784	1506
<i>Microtus agrestis</i>		x	1884	1883	1669	1663	1489	1259	1884	1683	1678	1501	1296
<i>Microtus arvalis</i>		x	1386	1383	1152	1044	974	939	1385	1382	1296	1259	976
<i>Microtus bavaricus</i>		-	1										
<i>Microtus brachycercus</i>		x	78	78	57	53	46	48	82	161	155	237	137
<i>Microtus cabrerai</i>	ja	x	47	43	15	14	16	17	49	28	25	23	36
<i>Microtus duodecimcostatus</i>		x	235	235	130	128	100	81	236	255	295	298	179
<i>Microtus felteni</i>		x	17	17	15	15	15	15	17	26	27	28	34
<i>Microtus gerbei</i>		x	84	84	13	14	9	0	84	36	41	40	0
<i>Microtus guentheri</i>		x	138	138	132	128	116	125	140	211	189	193	492
<i>Microtus levis</i>		x	534	534	369	395	368	501	535	682	721	803	1372
<i>Microtus liechtensteini</i>		x	51	51	17	19	16	9	57	59	57	81	32
<i>Microtus lusitanicus</i>		x	114	114	32	37	24	10	117	32	37	24	11
<i>Microtus multiplax</i>		x	55	55	40	44	41	19	55	93	107	113	43
<i>Microtus oeconomus</i>	Ssp	x	608	608	420	344	335	468	613	583	507	498	644
<i>Microtus savii</i>		x	130	130	96	99	88	76	135	144	154	158	113
<i>Microtus socialis</i>		-	1										
<i>Microtus subterraneus</i>		x	960	960	579	485	336	386	960	1004	903	806	509
<i>Microtus tatricus</i>		-	4										

Artnamen	Annex II	Modelliert	Präsenzen	keine Wanderung					unbegrenzte Wanderung				
				CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT
<i>Microtus thomasi</i>		x	60	60	51	52	54	46	61	77	69	82	66
<i>Miniopterus schreibersii</i>	ja	x	1126	1125	1065	1054	1011	978	1125	1612	1532	1785	1434
<i>Muscardinus avellanarius</i>		x	1378	1378	1191	1196	1064	809	1381	1550	1581	1473	948
<i>Mustela erminea</i>		x	2054	2051	1765	1785	1540	1499	2051	1782	1800	1559	1520
<i>Mustela eversmanii</i>		x	252	252	194	197	203	239	252	287	322	392	782
<i>Mustela lutreola</i>	ja	x	92	92	13	19	14	8	94	48	53	51	28
<i>Mustela nivalis</i>		x	2799	2789	2744	2740	2714	2685	2791	2780	2778	2751	2732
<i>Mustela putorius</i>		x	1953	1953	1869	1872	1852	1823	1954	2088	2106	2127	1926
<i>Mus macedonicus</i>		x	218	218	177	183	157	151	220	268	248	256	433
<i>Mus musculus</i>		-	3035										
<i>Mus spicilegus</i>		x	223	223	195	203	210	216	225	315	331	404	678
<i>Mus spretus</i>		x	387	387	358	355	359	341	387	553	559	723	645
<i>Myodes glareolus</i>		x	1948	1934	1660	1646	1484	890	1950	1769	1757	1596	905
<i>Myodes rufocanus</i>		x	291	291	108	102	58	206	291	108	102	58	221
<i>Myodes rutilus</i>		x	145	144	8	11	2	79	148	8	11	2	181
<i>Myomimus roachi</i>		-	9										
<i>Myopus schisticolor</i>		x	271	268	125	90	60	174	272	139	107	75	192
<i>Myotis alcathoe</i>		x	179	178	96	81	30	29	185	138	126	43	45
<i>Myotis aurascens</i>		x	335	335	298	299	270	288	335	434	404	496	795
<i>Myotis bechsteinii</i>	ja	x	1052	1048	808	745	641	530	1058	1092	1005	975	665
<i>Myotis blythii</i>	ja	x	1056	1056	970	962	914	912	1056	1460	1368	1639	1412
<i>Myotis brandtii</i>		x	1429	1427	1045	1023	852	741	1428	1173	1169	1013	808
<i>Myotis capaccinii</i>	ja	x	520	520	393	382	344	333	535	629	592	633	548
<i>Myotis dasycneme</i>	ja	x	678	677	443	414	246	310	690	612	591	425	440
<i>Myotis daubentonii</i>		x	2012	2000	1714	1711	1472	1521	2020	1921	1903	1707	1656
<i>Myotis emarginatus</i>	ja	x	1244	1236	1050	1021	937	989	1236	1260	1199	1192	1108
<i>Myotis myotis</i>	ja	x	1540	1537	1360	1330	1177	1054	1537	1727	1643	1591	1189
<i>Myotis mystacinus</i>		x	1589	1588	1251	1186	1002	806	1589	1531	1455	1296	934
<i>Myotis nattereri</i>		x	2160	2157	2043	2022	1968	1964	2157	2231	2215	2208	2106
<i>Myotis punicus</i>		x	200	200	193	194	199	182	200	369	392	512	430
<i>Neomys anomalus</i>		x	1312	1312	1220	1209	1186	1212	1312	1513	1549	1674	1521
<i>Neomys fodiens</i>		x	2205	2197	2087	2103	2054	1733	2198	2110	2125	2080	1748
<i>Nyctalus lasiopterus</i>		x	618	615	473	504	486	504	644	736	840	875	1057
<i>Nyctalus leisleri</i>		x	1712	1711	1513	1493	1476	1348	1712	1857	1882	1905	1519
<i>Nyctalus noctula</i>		x	1811	1807	1692	1686	1653	1566	1808	1893	1895	1902	1703
<i>Oryctolagus cuniculus</i>		x	1427	1427	1188	1151	958	760	1430	1303	1251	1044	820
<i>Ovis aries</i>	Ssp	x	676	676	556	583	519	159	676	805	830	764	268
<i>Pipistrellus kuhlii</i>		x	1054	1054	910	905	807	817	1054	1413	1456	1519	1217
<i>Pipistrellus nathusii</i>		x	1818	1815	1687	1701	1659	1515	1815	1900	1932	1945	1650
<i>Pipistrellus pipistrellus</i>		x	2198	2190	2130	2130	2090	2003	2191	2400	2461	2457	2129
<i>Pipistrellus pygmaeus</i>		x	874	874	616	612	473	432	875	845	820	640	749
<i>Plecotus auritus</i>		x	2085	2085	1912	1921	1879	1797	2086	2071	2053	2054	1854
<i>Plecotus austriacus</i>		x	1328	1328	1170	1143	968	924	1328	1502	1449	1398	1037
<i>Plecotus kolombatovici</i>		x	242	239	230	231	229	224	244	387	397	444	389
<i>Plecotus macrobullaris</i>		x	150	146	128	133	127	101	163	184	190	189	139
<i>Plecotus sardus</i>		x	16	16	1	0	0	0	18	2	0	0	2
<i>Pteromys volans</i>		x	210	210	53	43	10	74	210	99	88	54	110
<i>Rangifer tarandus</i>		x	61	61	25	23	20	27	63	25	23	20	59
<i>Rattus rattus</i>		x	1866	1864	1790	1809	1836	1769	1864	2143	2145	2342	2096
<i>Rhinolophus blasii</i>	ja	x	325	323	280	276	271	284	338	435	447	473	592
<i>Rhinolophus euryale</i>	ja	x	1030	1027	987	980	966	929	1030	1381	1368	1552	1221

Artnamen	Annex II	Modelliert	Präsenzen	keine Wanderung					unbegrenzte Wanderung				
				CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	CURRENT	SEDG	BAMBU	GRAS	GRAS-CUT
<i>Rhinolophus ferrumequinum</i>	ja	x	1351	1349	1099	1015	797	688	1350	1433	1328	1221	842
<i>Rhinolophus hipposideros</i>	ja	x	1606	1605	1583	1584	1559	1451	1608	1955	2006	2092	1630
<i>Rhinolophus mehelyi</i>	ja	x	401	393	298	305	290	263	409	467	454	532	690
<i>Rupicapra pyrenaica</i>	Ssp	-	3										
<i>Rupicapra rupicapra</i>	Ssp	x	62	59	50	52	49	45	62	53	55	52	46
<i>Sciurus anomalus</i>		x	99	99	98	97	97	96	100	118	116	126	120
<i>Sciurus vulgaris</i>		x	2300	2290	2137	2132	2107	1846	2290	2188	2179	2187	1879
<i>Sicista betulina</i>		x	534	533	202	190	103	68	548	357	348	266	85
<i>Sicista severtzovi</i>		x	33	33	25	26	28	28	33	41	60	57	97
<i>Sicista strandi</i>		x	12	12	10	9	10	9	13	14	21	22	38
<i>Sicista subtilis</i>		x	41	41	32	28	34	37	41	58	62	81	190
<i>Sorex alpinus</i>		x	196	196	108	112	85	48	197	112	116	85	48
<i>Sorex antinorii</i>		x	141	141	104	108	103	85	146	186	193	240	146
<i>Sorex araneus</i>		x	1879	1870	1601	1577	1460	1604	1873	1605	1582	1464	1631
<i>Sorex arunchi</i>		-	5										
<i>Sorex caecutiens</i>		x	404	404	136	140	96	234	405	141	148	101	310
<i>Sorex coronatus</i>		x	377	376	289	259	135	15	380	333	300	167	17
<i>Sorex granarius</i>		x	38	38	22	21	19	22	40	37	37	33	50
<i>Sorex isodon</i>		x	156	156	23	12	6	48	156	46	24	22	59
<i>Sorex minutissimus</i>		x	266	266	77	58	51	136	266	85	64	58	170
<i>Sorex minutus</i>		x	2387	2383	2235	2239	2225	2041	2384	2275	2275	2267	2065
<i>Sorex samniticus</i>		x	87	87	53	58	48	41	88	114	130	140	91
<i>Spalax arenarius</i>		-	1										
<i>Spalax graecus</i>		x	20	20	3	1	0	1	27	8	22	0	64
<i>Spalax leucodon</i>		x	236	236	186	178	164	194	241	274	236	258	337
<i>Spalax nehringi</i>		x	95	95	90	90	89	91	95	101	101	97	137
<i>Spalax zemni</i>		x	50	50	46	49	50	50	50	108	166	213	602
<i>Spermophilus citellus</i>	ja	x	188	188	71	78	38	112	194	140	101	75	236
<i>Spermophilus pygmaeus</i>		-	1										
<i>Spermophilus suslicus</i>		x	73	71	57	71	67	72	77	124	190	214	398
<i>Suncus etruscus</i>		x	666	659	599	569	555	447	662	952	875	1033	631
<i>Sus scrofa</i>		x	2075	2063	2045	2051	2060	2050	2065	2332	2387	2457	2283
<i>Tadarida teniotis</i>		x	673	666	529	494	410	386	669	849	786	911	553
<i>Talpa caeca</i>		x	117	115	69	79	72	46	128	145	161	170	95
<i>Talpa europaea</i>		x	1777	1777	1628	1615	1584	1377	1777	1800	1823	1826	1441
<i>Talpa levantis</i>		x	59	59	17	17	6	5	61	73	25	49	157
<i>Talpa occidentalis</i>		x	130	130	68	71	47	70	136	77	83	55	120
<i>Talpa romana</i>		x	57	57	32	33	27	23	59	90	89	134	67
<i>Talpa stankovici</i>		x	14	13	11	11	11	10	17	27	26	28	29
<i>Ursus arctos</i>	ja	x	605	601	382	377	342	410	617	419	425	384	527
<i>Ursus maritimus</i>		-	4										
<i>Vespertilio murinus</i>		x	1298	1298	1167	1116	1010	1035	1298	1349	1297	1230	1144
<i>Vormela peregusna</i>		x	134	134	43	55	23	21	134	110	77	74	154
<i>Vulpes vulpes</i>		x	2879	2870	2855	2858	2859	2836	2870	2891	2894	2893	2877

Tabelle 13: Aktuelle Repräsentierung der untersuchten Arten (n=137) in Natura 2000 und Ergebnisse der Modellierung für das aktuelle Klima (CURRENT) sowie für die Klimaszenarien im Zeitraum 2051-2060. Angegeben ist jeweils die Zahl der Natura 2000 Gebiete, in denen die Art gemeldet und im Fall der Szenarien noch präsent ist. Totalverluste sind **fett** hervorgehoben. Arten des Anhangs II sind mit * markiert (falls dies nur für eine Unterart gilt, mit (*)).

Artnamen wissenschaftlich	Artnamen deutsch	aktuelle Meldungen	CURRENT	Szenarien 2051-2060			
				BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
<i>Acomys minous</i>		1	1	0	0	0	0
<i>Alces alces</i>	Elch	33	27	5	4	5	7
<i>Alopex lagopus</i>	Polarfuchs	27	25	4	1	23	4
<i>Apodemus agrarius</i>	Brandmaus	12	10	10	7	12	10
<i>Apodemus alpicola</i>		3	3	3	3	3	3
<i>Apodemus flavicollis</i>	Gelbhalsmaus	18	18	14	16	17	16
<i>Apodemus sylvaticus</i>	Waldmaus	42	42	41	41	41	41
<i>Apodemus uralensis</i>	Ural-Waldmaus	1	1	1	1	1	1
<i>Arvicola amphibius</i>	Ostscherm Maus	4	0	0	0	0	0
<i>Arvicola sapidus</i>	Westscherm Maus	17	17	13	8	5	13
<i>Atelerix algirus</i>		17	16	17	17	17	16
<i>Barbastella barbastellus</i> *	Mopsfledermaus	1119	1108	1058	982	778	1055
<i>Canis aureus</i>	Goldschakal	65	60	63	63	65	64
<i>Canis lupus</i> *	Wolf	892	728	690	720	737	681
<i>Capra ibex</i>	Steinbock	55	42	42	42	43	42
<i>Capra pyrenaica</i> (*)	Spanischer Steinbock	41	27	5	0	11	5
<i>Capreolus capreolus</i>	Reh	350	347	333	303	300	319
<i>Castor fiber</i> *	Biber	855	383	364	289	194	277
<i>Cervus elaphus</i> (*)	Rothirsch	217	201	193	185	119	200
<i>Chionomys nivalis</i>	Schneemaus	53	53	53	53	47	53
<i>Cricetulus migratorius</i>	Grauer Zwerghamster	8	7	5	3	4	2
<i>Cricetus cricetus</i>	Feldhamster	56	51	50	43	54	46
<i>Crocidura leucodon</i>	Feldspitzmaus	111	110	99	87	102	98
<i>Crocidura russula</i>	Hausspitzmaus	14	11	12	12	11	12
<i>Crocidura sicula</i>		4	4	4	4	4	4
<i>Crocidura suaveolens</i>	Gartenspitzmaus	137	134	123	121	128	114
<i>Dama dama</i>	Damhirsch	13	13	11	11	9	11
<i>Dryomys nitedula</i>	Baumschläfer	131	128	114	81	115	111
<i>Eliomys quercinus</i>	Gartenschläfer	113	100	101	95	88	94
<i>Eptesicus nilssonii</i>	Nordfledermaus	235	229	160	79	98	180
<i>Eptesicus serotinus</i>	Breitflügelfledermaus	768	765	765	762	765	765
<i>Erinaceus concolor</i>	Ostigel	147	0	0	0	0	0
<i>Erinaceus europaeus</i>	Igel	255	240	180	172	30	189
<i>Erinaceus roumanicus</i>		1	1	1	1	1	1
<i>Felis silvestris</i>	Wildkatze	920	740	738	724	834	791
<i>Galemys pyrenaicus</i> *	Pyrenäen-Desman	286	259	96	64	15	96
<i>Genetta genetta</i>	Kleinfleck-Ginsterkatze	106	100	100	86	77	97
<i>Glis glis</i>	Siebenschläfer	178	176	161	140	147	158
<i>Gulo gulo</i>	Vielfraß	111	101	39	27	59	52
<i>Herpestes ichneumon</i>	Ichneumon	13	13	13	13	13	13
<i>Hypsugo savii</i>		134	132	128	133	114	130
<i>Hystrix cristata</i>		293	287	246	263	206	228
<i>Lepus capensis</i>	Kaphase	53	1	7	7	2	5
<i>Lepus castroviejoii</i>		15	14	10	5	0	10
<i>Lepus corsicanus</i>		48	47	10	4	5	5
<i>Lepus europaeus</i>	Feldhase	190	184	175	176	169	174
<i>Lepus granatensis</i>		8	8	7	4	6	5
<i>Lepus timidus</i>	Schneehase	162	152	93	78	110	103
<i>Lutra lutra</i> *	Fischotter	3006	2977	2952	2951	2927	2947
<i>Lynx lynx</i> *	Luchs	590	435	242	205	243	226
<i>Lynx pardinus</i> *	Pardelluchs	88	76	73	73	74	74
<i>Marmota marmota</i>	Alpenmurmeltier	114	99	103	102	82	99

Artnamen wissenschaftlich	Artnamen deutsch	aktuelle Meldungen	CURRENT	Szenarien 2051-2060			
				BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
<i>Martes foina</i>	Steinmarder	443	435	410	380	383	418
<i>Martes martes</i>	Baumwilder	591	584	523	514	481	520
<i>Meles meles</i>	Dachs	572	571	541	530	529	540
<i>Mesocricetus newtoni</i>		20	17	18	18	18	18
<i>Micromys minutus</i>	Eurasiatische Zwergmaus	121	121	118	116	112	117
<i>Microtus agrestis</i>	Erdmaus	10	9	9	4	4	9
<i>Microtus arvalis</i>	Feldmaus	22	20	12	11	13	13
<i>Microtus cabrerarum</i> *	Cabrera-Maus	61	51	22	28	33	22
<i>Microtus duodecimcostatus</i>	Mittelmeer-Kleinwühlmaus	2	2	0	0	0	0
<i>Microtus guentheri</i>	Levante-Wühlmaus	1	1	0	0	0	1
<i>Microtus liechtensteini</i>		1	1	1	1	0	1
<i>Microtus lusitanicus</i>	Lusitanische Kleinwühlmaus	7	7	1	1	1	1
<i>Microtus multiplex</i>	Fatio-Kleinwühlmaus	4	4	3	2	2	2
<i>Microtus oeconomus</i> (* ¹)	Nordische Wühlmaus	69	62	40	30	42	40
<i>Microtus savii</i>	Savi-Kleinwühlmaus	9	9	9	9	5	9
<i>Microtus subterraneus</i>	Kurzohrmaus	3	3	1	0	1	1
<i>Miniopterus schreibersii</i> *	Langflügel-Fledermaus	752	728	734	728	723	739
<i>Mus spicilegus</i>		7	7	7	7	7	7
<i>Mus spretus</i>		5	5	5	5	5	5
<i>Muscardinus avellanarius</i>	Haselmaus	613	611	558	506	430	537
<i>Mustela erminea</i>	Hermelin	316	313	243	215	174	245
<i>Mustela eversmanni</i>	Steppeniltis	55	49	51	53	55	50
<i>Mustela lutreola</i> *	Europäischer Nerz	128	111	33	14	1	33
<i>Mustela nivalis</i>	Mauswiesel	518	510	508	502	508	509
<i>Mustela putorius</i>	Iltis	471	468	468	451	440	460
<i>Myopus schisticolor</i>		5	4	0	0	0	0
<i>Myotis alcathoe</i>		5	2	2	0	0	2
<i>Myotis auraszens</i>		1	1	1	1	1	1
<i>Myotis bechsteinii</i> *	Bechsteinfledermaus	1056	977	965	917	833	985
<i>Myotis blythii</i> *	Kleines Mausohr	567	533	530	509	523	527
<i>Myotis brandtii</i>	Große Bartfledermaus	278	277	248	198	198	258
<i>Myotis capaccinii</i> *	Langfußfledermaus	208	194	159	148	149	170
<i>Myotis dasycneme</i> *	Teichfledermaus	409	356	264	163	205	257
<i>Myotis daubentonii</i>	Wasserfledermaus	1091	1057	1008	931	984	1010
<i>Myotis emarginatus</i> *	Wimpernfledermaus	820	781	770	744	750	762
<i>Myotis myotis</i> *	Großes Mausohr	2417	2392	2311	2254	2202	2330
<i>Myotis mystacinus</i>	Kleine Bartfledermaus	589	563	546	510	465	550
<i>Myotis nattereri</i>	Fransenfledermaus	709	709	704	703	703	705
<i>Neomys anomalus</i>	Sumpfspitzmaus	177	174	175	172	170	174
<i>Neomys fodiens</i>	Wasserspitzmaus	309	308	297	295	234	301
<i>Nyctalus lasiopterus</i>	Riesenabendsegler	37	25	21	21	23	18
<i>Nyctalus leisleri</i>	Kleiner Abendsegler	285	285	258	257	256	258
<i>Nyctalus noctula</i>	Großer Abendsegler	781	780	780	777	753	780
<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Wildkaninchen	16	15	11	8	9	14
<i>Pipistrellus kuhlii</i>	Weißbrandfledermaus	216	213	201	196	197	203
<i>Pipistrellus nathusii</i>	Rauhautfledermaus	419	419	412	408	386	412
<i>Pipistrellus pipistrellus</i>	Zwergfledermaus	926	920	921	921	916	919
<i>Pipistrellus pygmaeus</i>	Mückenfledermaus	34	10	11	4	16	9
<i>Plecotus auritus</i>	Braunes Langohr	912	901	895	890	872	891
<i>Plecotus austriacus</i>	Graues Langohr	484	477	469	453	422	467
<i>Plecotus macrotullaris</i>		2	1	2	2	0	1
<i>Pteromys volans</i>	Gewöhnliches Gleithörnchen	348	343	68	26	142	93
<i>Rangifer tarandus</i>	Rentier	35	22	0	0	0	0
<i>Rattus rattus</i>	Hausratte	17	16	16	16	16	16
<i>Rhinolophus blasii</i> *	Blasius-Hufeisennase	47	36	35	34	40	34
<i>Rhinolophus euryale</i> *	Mittelmeer-Hufeisennase	540	530	538	538	536	538
<i>Rhinolophus ferrumequinum</i> *	Große Hufeisennase	1537	1515	1371	1202	1162	1403
<i>Rhinolophus hipposideros</i> *	Kleine Hufeisennase	1669	1648	1667	1665	1616	1665
<i>Rhinolophus mehelyi</i> *	Mehely-Hufeisennase	126	65	71	74	63	62

Artnamen wissenschaftlich	Artnamen deutsch	aktuelle Meldungen	CURRENT	Szenarien 2051-2060			
				BAMBU	GRAS	GRAS-CUT	SEDG
<i>Rupicapra rupicapra</i> (*)	Gämse	162	116	109	104	100	104
<i>Sciurus anomalus</i>		4	4	4	4	4	4
<i>Sciurus vulgaris</i>	Eichhörnchen	413	394	376	376	312	375
<i>Sicista betulina</i>	Waldbirkenmaus	74	52	13	5	16	11
<i>Sicista subtilis</i>		14	6	7	9	10	9
<i>Sorex alpinus</i>	Alpenspitzmaus	90	90	79	67	39	80
<i>Sorex araneus</i>	Wasserspitzmaus	262	159	158	137	156	154
<i>Sorex caecutiens</i>	Maskenspitzmaus	2	1	1	1	1	1
<i>Sorex coronatus</i>	Schabrackenspitzmaus	2	1	1	0	0	1
<i>Sorex granarius</i>	Spanische Spitzmaus	4	4	4	4	3	4
<i>Sorex minutus</i>	Zwergspitzmaus	165	164	162	161	161	161
<i>Sorex samniticus</i>	Apenninspitzmaus	3	3	3	3	2	3
<i>Spalax graecus</i>		1	1	0	0	0	0
<i>Spalax leucodon</i>		2	2	0	0	2	0
<i>Spermophilus citellus</i> *	Europäischer Ziesel	302	271	177	61	204	122
<i>Spermophilus suslicus</i>		8	1	1	0	3	0
<i>Suncus etruscus</i>	Etruskerspitzmaus	59	48	56	57	38	53
<i>Sus scrofa</i>	Wildschwein	235	225	231	233	232	227
<i>Tadarida teniotis</i>	Bulldoggfledermaus	124	119	109	104	83	113
<i>Talpa caeca</i>	Blindmaulwurf	25	19	15	14	7	14
<i>Talpa europaea</i>	Maulwurf	83	82	61	65	64	58
<i>Talpa occidentalis</i>		3	3	2	1	2	2
<i>Ursus arctos</i> *	Braunbär	593	513	434	405	456	422
<i>Vespertilio murinus</i>	Zweifarbfladermaus	143	141	136	121	130	138
<i>Vormela peregusna</i>	Tigeriltis	35	33	10	6	4	9
<i>Vulpes vulpes</i>	Rotfuchs	107	107	107	107	107	107

A.3 Skripte

Python-Skripte

EMA-shapefiles in Raster konvertieren

```

# -----
# Batch Shapefile to Grid
# Created on: So Okt 26 2008
# Requires ArcView 9.2 + Extension Spatial Analyst
# Generated with Python 2.4 by Dirk Herrmann
# -----

# Das Skript wandelt Feature Classes im angegebenen Workspace (Areal_Shape) in Raster um
# Die Raster werden unter gleichen Namen wie die Input Feature Class im Ordner
# Areal_Grid gespeichert
# Die Input FC muss ein Feld Presence haben, das als Value für das Grid dient
# Die raumliche Auflösung betraegt hier 0.00833333, d.h. 30 Bogensekunden
# Achtung: alle Namen mit mehr als 13 Zeichen werden ohne Meldung abgeschnitten

# Import system modules
import sys, string, os

# Create the Geoprocessor object
import arcgisscripting
gp = arcgisscripting.create()

# Set license
gp.SetProduct("ArcView")

# Declare Extension Spatial Analyst
gp.CheckOutExtension("spatial")

# Loading of required toolboxes (system toolboxes dont have to be loaded)
# If there are spaces in path: begin with "r" before path and use single backslashes
gp.AddToolbox(r"C:\Programme\ArcGIS\ArcToolbox\Toolboxes\Conversion Tools.tbx")

# Permit Overwriting of Feature Classes with same name
gp.OverwriteOutput = 1

#Set the workspace
gp.Workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Shape"

#Output folder
out_workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid"

# Get a list of all feature classes in the workspace
fcs = gp.ListFeatureClasses()

# Loop through the list of feature classes
fcs.reset()
fc = fcs.next()

while fc:
    print "Bearbeite " + fc + " ..."
    # Set the outputname for each output to be the same as the input, cut ending .shp
    # Grid name must not exceed 13 characters
    fc_name = fc[:-4]
    fc_name = fc_name[0:13]
    print "Rasternamen: " + fc_name
    output = out_workspace + os.sep + fc_name

    # Process: Polygon to Raster...
    gp.PolygonToRaster_conversion(fc, "PRESENCE", output, "CELL_CENTER", "NONE",
    "0.00833333")
    fc = fcs.next()

print "Fertig!"

```

Raster von WGS1984 zu ETRS 1989 projizieren

```
# -----
# Batch Project Raster
# Created on: So Okt 26 2008
# Requires ArcView 9.2 + Extension Spatial Analyst
# Generated with Python 2.4 by Dirk Herrmann
# -----

# Projiziert alle Raster im angegebenen Workspace und speichert die neu erzeugten Raster
# im OutWorkspace
# Spatial reference systems referenzieren auf die entsprechenden prj-files im ArcGIS
# Installationsverzeichnis
# Hier wird von WGS 1984 zu ETRS 1989 LAEA projiziert

# Import system modules
import sys, string, os

# Create the Geoprocessor object
import arcgisscripting
gp = arcgisscripting.create()

# Set license
gp.SetProduct("ArcView")

# Declare Extension Spatial Analyst
gp.CheckOutExtension("spatial")

# Loading of required toolboxes (system toolboxes dont have to be loaded)
# If there are spaces in path: begin with "r" before path and use single backslashes
gp.AddToolbox(r"C:\Programme\ArcGIS\ArcToolbox\Toolboxes\Data Management Tools.tbx")

# Permit Overwriting of Feature Classes with same name
gp.OverwriteOutput = 1

#Set the workspace
gp.Workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid"

#Output folder
out_workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid_LAEA"

# Set spatial reference systems
cs_in = r"C:\Programme\ArcGIS\Coordinate Systems\Geographic Coordinate Systems\World\WGS
1984.prj"
cs_out = r"C:\Programme\ArcGIS\Coordinate Systems\Projected Coordinate
Systems\Continental\Europe\ETRS 1989 LAEA.prj"
RegistrationPoint = '400 400'

# Get a list of grids in the workspace
rasters = gp.ListRasters("", "GRID")

# Loop through the list of grids
rasters.reset()
raster = rasters.next()

while raster:
    print "Processing " + raster + " ..."

    # Set the outputname for each output to be the same as the input
    outraster = out_workspace + os.sep + raster

    # ProjectRaster_management(<in_raster> <out_raster> <out_coor_system> {NEAREST |
BILINEAR | CUBIC} {cell_size} <geographic_transform> {Registration_Point}
{in_coor_system})
    gp.ProjectRaster_management(raster, outraster, cs_out, "NEAREST", 1000,
"ETRS_1989_To_WGS_1984", RegistrationPoint, cs_in)

    raster = rasters.next()

print "Done!"
```

Zonal Statistics berechnen (Verbreitung pro Rasterzelle des Referenzrasters)

```
# -----
# Batch zonal statistics
# Created on: So Nov 01 2008
# Requires ArcView 9.2 + Extension Spatial Analyst
# Generated with Python 2.4 by Dirk Herrmann
# -----

# Das Skript berechnet zonal statistics (sum) fuer alle input grids aus dem Workspace
# und speichert die zonal grids im Output Workspace. Als Umgebungsvariablen werden Cell
# Size = 1000
# und ein Extent des 50k LAEA Referenzgrids der EEA definiert

# Import system modules
import sys, string, os

# Create the Geoprocessor object
import arcgisscripting
gp = arcgisscripting.create()

# Set license
gp.SetProduct("ArcView")

# Declare Extension Spatial Analyst
gp.CheckOutExtension("spatial")

# Loading of required toolboxes (system toolboxes dont have to be loaded)
# If there are spaces in path: begin with "r" before path and use single backslashes
# gp.AddToolbox(r"C:\Programme\ArcGIS\ArcToolbox\Toolboxes\Data Management Tools.tbx")

# Permit Overwriting of Feature Classes with same name
gp.OverwriteOutput = 1

# Set the workspace
gp.Workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid_LAEA"

# Output folder
out_workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid_Zonal"

# Set Zone Dataset
zone_data = "C:\\Nutzer\\Master_Thesis\\Referenzraster\\rgrid_laea_50"

# Set environment settings
gp.CellSize = 1000
gp.Extent = "0 700000 8400000 7450000"

# Get a list of grids in the workspace
rasters = gp.ListRasters("", "GRID")

# Loop through the list of grids
rasters.reset()
in_value_raster = rasters.next()

while in_value_raster:
    print "Processing " + in_value_raster + " ..."

    # Set the outputname for each output to be the same as the input
    out_raster = out_workspace + os.sep + in_value_raster

    gp.ZonalStatistics_sa(zone_data, "Value", in_value_raster, out_raster, "SUM",
"DATA")

    in_value_raster = rasters.next()

print "Fertig!"
```

Ergebnisse der zonal statistics den Zellmittelpunkten zuordnen und in Geodatabase schreiben

```

# -----
# Batch extract values
# Created on: So Nov 01 2008
# Requires ArcView 9.2 + Extension Spatial Analyst
# Generated with Python 2.4 by Dirk Herrmann
# -----

# Import system modules
import sys, string, os

# Create the Geoprocessor object
import arcgisscripting
gp = arcgisscripting.create()

# Set license
gp.SetProduct("ArcView")

# Declare Extension Spatial Analyst
gp.CheckOutExtension("spatial")

# Permit Overwriting of Feature Classes with same name
gp.OverwriteOutput = 1

# Set the workspace
gp.Workspace = "F:\\Daten_Master_Thesis\\Areal_Grid_Zonal"

# Output folder
out_workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid_Point\\Areal_Grid_Point.mdb"

# Set environment settings
gp.CellSize = 1000
gp.Extent = "0 700000 8400000 7450000"

# Set Input Point Shapefile
in_point = "C:\\Nutzer\\Master_Thesis\\Referenzraster\\Grid_LAEA5210_50K_cp.shp"

# Get a list of grids in the workspace
rasters = gp.ListRasters("", "GRID")

# Loop through the list of grids
rasters.reset()
in_value_raster = rasters.next()

while in_value_raster:
    print "Processing " + in_value_raster + " ..."

    # Set the outputname for each output to be the same as the input
    out_pointsFC = out_workspace + os.sep + in_value_raster

    gp.ExtractValuesToPoints_sa(in_point, in_value_raster, out_pointsFC)

    in_value_raster = rasters.next()

print "Fertig!"

```

Verbreitung pro Rasterzelle als 0/1 – Werte berechnen

```

# -----
# Batch_Calculate_Distribution.py
# Created on: Thu Nov 12 2008 11:32:31
# Requires Python 2.5 and ArcGIS 9.3
# Important: English Settings required because of decimal separator problem related to
# division!!!
# (created by Dirk Herrmann)
# -----
# -----
# Fuegt in input GDB in einer ersten Schleife zwei Felder hinzu und setzt sie gleich 0
# Erzeugt in einer zweiten Schleife aus allen FeatureClasses der Input GDB Feature Layer
# Selektiert alle Features <= 0 (um Division durch Null zu vermeiden)
# Setzt das Feld "AREAL10L = 1, wenn gilt: Verbreitungsflaeche >= 10% der Landflaeche
# der Rasterzelle
# Setzt das Feld "AREAL50L = 1, wenn gilt: Verbreitungsflaeche >= 50% der Landflaeche
# der Rasterzelle / hebt Selektion auf und schreibt alle Features des gerade
# bearbeiteten Layers in Output GDB

```

```
# -----  
  
# Import system modules  
import sys, string, os, arcgisscripting  
  
# Create the Geoprocessor object  
gp = arcgisscripting.create(9.3)  
  
# Load required toolboxes...  
gp.AddToolbox("C:/Programme/ArcGIS/ArcToolbox/Toolboxes/Data Management Tools.tbx")  
  
# Permit Overwriting of Feature Classes with same name  
gp.OverwriteOutput = 1  
  
# Set workspace (input geodatabase)  
gp.workspace = "C:\\Nutzer\\Areal_Grid_Point.mdb"  
  
# Out geodatabase  
out_gdb = "C:\\Nutzer\\Grid_Distribution.mdb"  
  
# Get List of all Features Classes  
fcs = gp.ListFeatureClasses()  
  
# Loop through all FeatureClasses and add fields  
for fc in fcs:  
    print fc  
    gp.addfield_management(fc, "AREAL_V", "double")  
    gp.CalculateField_management(fc, "AREAL_V", 0)  
  
# Loop through all FeatureClasses and process calculation  
for fc in fcs:  
    print fc  
  
    # Make Feature Layer  
    gp.MakeFeatureLayer_management(fc, "fc_Layer")  
  
    # Select Layer By Attribute  
    gp.SelectLayerByAttribute_management("fc_Layer", "NEW_SELECTION", "[LANDANT] > 0")  
  
    # Process: Calculate Fields based on codeblock expression  
    gp.CalculateField_management("fc_Layer", "AREAL_V",  
    "(float(!RASTERVALU!)/(float(!LANDANT!)*2500))", "PYTHON")  
    gp.CalculateField_management("fc_Layer", "AREAL10L", "getWert(!AREAL_V!)", "PYTHON",  
    "def getWert(Wert):\\n    if Wert >= 0.1:\\n        return 1\\n    else:\\n        return 0")  
    gp.CalculateField_management("fc_Layer", "AREAL50L", "getWert(!AREAL_V!)", "PYTHON",  
    "def getWert(Wert):\\n    if Wert >= 0.5:\\n        return 1\\n    else:\\n        return 0")  
  
    # Clear Selection  
    gp.SelectLayerByAttribute_management("fc_Layer", "CLEAR_SELECTION")  
  
    # Write data to geodatabase  
    gp.CopyFeatures("fc_Layer", out_gdb + os.sep + fc)
```

R-Skripte

Habitatmodelle berechnen (Skript Habitatmodellierung_BRT)

```

# Batch Modellierung und predict
# Bibliotheken laden
library(RODBC)
library(sqldf)
library(gbm)

# Zusatzfunktionen von Elith & Leathwick 2008 laden
source("C:/MT/brt.functions.R")

# Daten laden
channel <- odbcConnectAccess("C:/MT/Analysis_DB.mdb", uid="Admin")
model.data <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_variables_all")
constant_data <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_variables_constant")

# ----- Definitionen -----

# Parameter definieren
# Anzahl der modellierten Arten
art_n <- 184
cell_n <- 3037
art_start <- 1 # gibt an, mit welcher Art begonnen werden soll
# Anzahl der Szenarios
scenario_n <- 14
# Namen der Szenarios
scenario_names <- cbind("scn_current", "scn_BAMBU_1", "scn_BAMBU_2", "scn_BAMBU_3",
"scn_BAMBU_4",
"scn_GRAS_1", "scn_GRAS_2", "scn_GRAS_3", "scn_GRAS_4", "scn_GRAS_CUT_3",
"scn_SEDGE_1", "scn_SEDGE_2", "scn_SEDGE_3", "scn_SEDGE_4")
# steps der learning rate

lr <- c(0.01, 0.005, 0.001)
# Bildschirmausgabe
par(mfrow=c(4,4))

# fitted values werden in Tabelle results.fitted geschrieben (Spalten = Arten,
# Reihen = Zellen), Spalte 1 = ID
results.fitted <- array(dim=c(cell_n, art_n + 1))
colnames(results.fitted) <- c("ID", colnames(model.data[15:198]))
results.fitted[,1] <- model.data$ID

# Varianzen werden in Tabelle results.variance geschrieben (Spalten = Arten,
# Reihen = Zellen), Spalte 1 = ID
results.variance <- array(dim=c(cell_n, art_n + 1))
colnames(results.variance) <- c("ID", colnames(model.data[15:198]))
results.variance[,1] <- model.data$ID

# Residuen werden in Tabelle results.residuals geschrieben (Spalten = Arten,
# Reihen = Zellen), Spalte 1 = ID
results.residuals <- array(dim=c(cell_n, art_n + 1))
colnames(results.residuals) <- c("ID", colnames(model.data[15:198]))
results.residuals[,1] <- model.data$ID

# P/A mit Schwellwert prevalence Daten werden in Tabelle results.PA1 geschrieben
# (Spalten = Arten, Reihen = Zellen), Spalte 1 = ID
results.PA1 <- array(dim=c(cell_n, art_n + 1))
colnames(results.PA1) <- c("ID", colnames(model.data[15:198]))
results.PA1[,1] <- model.data$ID

# P/A mit Schwellwert cv.threshold Daten werden in Tabelle results.PA2 geschrieben
# (Spalten = Arten, Reihen = Zellen), Spalte 1 = ID
results.PA2 <- array(dim=c(cell_n, art_n + 1))
colnames(results.PA2) <- c("ID", colnames(model.data[15:198]))
results.PA2[,1] <- model.data$ID

# predicted scenarios: jeweils pro Art ein Array mit allen Szenarios
brt.pred <- array(dim=c(cell_n, 15))
colnames(brt.pred) <- c("ID", scenario_names)
brt.pred.PA1 <- array(dim=c(cell_n, 15))
colnames(brt.pred.PA1) <- c("ID", scenario_names)
brt.pred.PA2 <- array(dim=c(cell_n, 15))
colnames(brt.pred.PA2) <- c("ID", scenario_names)

# Array mit Teststatistik definieren
t_stat <- array(dim=c(art_n,8))
colnames(t_stat) <- c("deviance.mean", "correlation.mean",

```

```

    "discrimination.mean",    "threshold",    "mean.cv.roc",    "time(min)", "trees",
"prevalence")
  # den Zeilen die Namen der Arten aus den korrespondierenden Spaltennamen zuweisen
  row.names(t_stat) <- colnames(model.data[15:198])

# zukuenftiges Areal mit der Bedingung unbegrenzte Wanderung
areal_unlimited_migration_PA1 <- array(dim=c(art_n, scenario_n))
colnames(areal_unlimited_migration_PA1) <- scenario_names
row.names(areal_unlimited_migration_PA1) <- colnames(model.data[15:198])

# zukuenftiges Areal mit der Bedingung keine Wanderung
areal_no_migration_PA1 <- array(dim=c(art_n, scenario_n))
colnames(areal_no_migration_PA1) <- scenario_names
row.names(areal_no_migration_PA1) <- colnames(model.data[15:198])

# zukuenftiges Areal mit der Bedingung unbegrenzte Wanderung
areal_unlimited_migration_PA2 <- array(dim=c(art_n, scenario_n))
colnames(areal_unlimited_migration_PA2) <- scenario_names
row.names(areal_unlimited_migration_PA2) <- colnames(model.data[15:198])

# zukuenftiges Areal mit der Bedingung keine Wanderung
areal_no_migration_PA2 <- array(dim=c(art_n, scenario_n))
colnames(areal_no_migration_PA2) <- scenario_names
row.names(areal_no_migration_PA2) <- colnames(model.data[15:198])

# ----- Ende Definitionen -----

# Schleifen mit allen Arten
y <- 0
for (art in art_start:art_n) {
  y = art + 14          # ab Spalte 15 beginnen die Arten

  # -----
  # Die Funktion laeuft nur, wenn die Anzahl der Praesenzen und
  # Absenzen groesser 10 ist (andere Arten manuell fitten)
  if (sum(model.data[,y]) > 10 & sum(model.data[,y]) < length(model.data[,y])-10) {

    # Modellierung mit BRT
    # Bedingung: wenn n trees < 1000, dann kleinere lr
    ntrees <- 0
    k <- 0          # k ist Indexvariable fuer learning rate
lr
    while (ntrees < 1000 & k < 3) {          # Schleife durchlaufen, so lange Anzahl
trees
    k = k + 1          # unter 1000 oder kleinste lr erreicht

    brt <- gbm.step(data = model.data, gbm.x = 2:14, gbm.y = y,
      family="bernoulli",
      tree.complexity = 5,
      learning.rate = lr[k],
      bag.fraction = 0.5,
      max.trees = 20000,
      silent = TRUE)

    # BRT Objekt abspeichern
    filename <- paste("C:/MT/Modellierung/BRT/BRTmodel_", colnames(model.data)[y],
".RData", sep="")
    save(brt, file=filename)

    # ntrees die Anzahl der trees zuordnen, mit der Modell gefittet wurde
    ntrees <- brt$gbm.call$best.trees
  }          # Ende while - Scheife

  # Praevalenz = Summe der Praesenzen / Anzahl Datenpunkte
  prevalence <- sum(model.data[,y])/length(model.data[,y])

  # Berechnung Praesenz/Absenz Daten
  # PA1: presence = true wenn brt$fitted mindestens so gross wie Praevalenz
  results.PA1[,art + 1] <- brt$fitted >= prevalence

  # PA2: presence = true wenn brt$fitted mindestens so gross wie cv.threshold
  results.PA2[,art + 1] <- brt$fitted >= brt$cv.statistics$cv.threshold

  # ----- Beginn Ausgabe modellierte Daten -----

  # fitted functions am Bildschirm ausgeben
  gbm.plot(brt, n.plots=11)

  # Teststatistikdaten zuweisen und kumuliert abspeichern

```

```

t_stat[art,1] <- brt$cv.statistics$deviance.mean
t_stat[art,2] <- brt$cv.statistics$correlation.mean
t_stat[art,3] <- brt$cv.statistics$discrimination.mean
t_stat[art,4] <- brt$cv.statistics$cv.threshold
t_stat[art,5] <- mean(brt$cv.roc.matrix)
t_stat[art,6] <- brt$gbm.call$elapsed.time.minutes
t_stat[art,7] <- brt$gbm.call$best.trees
t_stat[art,8] <- prevalence

write.table(t_stat, file="C:/MT/Modellierung/test_statistik.txt", sep=";")

# fitted values zuweisen und kumuliert abspeichern
results.fitted[,art + 1] <- brt$fitted
write.table(results.fitted, file="C:/MT/Modellierung/results_fitted.txt", sep=";")

# Varianzen zuweisen und kumuliert abspeichern
results.variance[,art + 1] <- brt$fitted.vars

write.table(results.variance,          file="C:/MT/Modellierung/results_variance.txt",
sep=";")

# Residuen zuweisen und kumuliert abspeichern
results.residuals[,art + 1] <- brt$residuals
write.table(results.residuals,        file="C:/MT/Modellierung/results_residuals.txt",
sep=";")

# contributions ausgeben
filename <- paste("C:/MT/Modellierung/contributions/", colnames(model.data)[y],
"_contrib.txt", sep="")
write.table(brt$contributions, file=filename, sep=";")

# Praesenz / Absenzdaten ausgeben
write.table(results.PA1, file="C:/MT/Modellierung/results_PA1.txt", sep=";")
write.table(results.PA2, file="C:/MT/Modellierung/results_PA2.txt", sep=";")

# ----- Ende Ausgabe modellierte Daten -----

# ----- Schleife Szenarien -----

# Schleifen mit allen Szenarien
for (scenario in 1:scenario_n) {
  # Klimaszenarien einlesen
  statement <- paste("Select * from ", scenario_names[scenario], sep="")
  climate <- sqlQuery(channel, statement)

  # konstante Variablen mit variablen Szenarien joinen
  pred.data <- sqldf("select * from constant_data, climate where constant_data.ID =
climate.ID")

  # predict berechnen
  brt.pred[,scenario + 1] <- predict.gbm(brt, pred.data,
n.trees=brt$gbm.call$best.trees, type="response")
  brt.pred.PA1[,scenario + 1] <- brt.pred[,scenario + 1] >= prevalence
  brt.pred.PA2[,scenario + 1] <- brt.pred[,scenario + 1] >=
brt$cv.statistics$cv.threshold

  # zukuenftiges Areal mit der Bedingung unbegrenzte Wanderung:
  # Summe der Spalten der PA-Werte der jeweiligen Szenarien
  areal_unlimited_migration_PA1[art, scenario] <- sum(brt.pred.PA1[,scenario + 1])
  areal_unlimited_migration_PA2[art, scenario] <- sum(brt.pred.PA2[,scenario + 1])

  # zukuenftiges Areal mit der Bedingung keine Wanderung:
  # Summe der Spalten des Produktes heutigen Verbreitung mit den
  # PA-Werte der jeweiligen Szenarien
  areal_no_migration_PA1[art, scenario] <- sum((model.data[,y] *
brt.pred.PA1[,scenario + 1]))
  areal_no_migration_PA2[art, scenario] <- sum((model.data[,y] *
brt.pred.PA2[,scenario + 1]))
}

# ----- Ende Schleife Szenarien -----

# predict abspeichern
brt.pred[,1] <- constant_data$ID
brt.pred.PA1[,1] <- constant_data$ID
brt.pred.PA2[,1] <- constant_data$ID
filename <- paste("C:/MT/Modellierung/predicted/", colnames(model.data)[y],
"_pred.txt", sep="")

```

```

write.table(brt.pred, file=filename, sep=";")
filename <- paste("C:/MT/Modellierung/predicted/", colnames(model.data)[y],
"_PA1.txt", sep="")
write.table(brt.pred.PA1, file=filename, sep=";")
filename <- paste("C:/MT/Modellierung/predicted/", colnames(model.data)[y],
"_PA2.txt", sep="")
write.table(brt.pred.PA2, file=filename, sep=";")

# zukuenftiges Areal abspeichern
write.table(areal_unlimited_migration_PA1,
file="C:/MT/Modellierung/areal_unlimited_migration_PA1.txt", sep=";")
write.table(areal_no_migration_PA1,
file="C:/MT/Modellierung/areal_no_migration_PA1.txt", sep=";")

write.table(areal_unlimited_migration_PA2,
file="C:/MT/Modellierung/areal_unlimited_migration_PA2.txt", sep=";")
write.table(areal_no_migration_PA2,
file="C:/MT/Modellierung/areal_no_migration_PA2.txt", sep=";")

} # Ende If - Statement (Summe Preasenzen)
# -----
} # Ende Schleife Arten

```

Confusion matrix sowie kappa- und accuracy-Werte zum Vergleich der Schwellenwerte berechnen (Skript confusion_matrix)

```

# Das Skript berechnet die confusion matrix
# hier mit Schwellenwert PA2, fuer PA1 Zeilen 36 und 79 entsprechend aendern

# Bibliotheken laden
library(RODBC)
library(sqldf)
library(verification)

# tbl_species enthaelt die untersuchten Arten
# tbl_distribution enthaelt die beobachteten Vorkommensdaten
# nur die Daten einladen, die auch modelliert wurden (MODELLIERT=1)
channel <- odbcConnectAccess("C:/MT/Analysis_DB.mdb", uid="Admin")
tbl_species <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_species_all where
tbl_species_all.MODELLIERT=1")
tbl_distribution <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_distribution")

# Parameter setzen
in_path <- "C:/MT/fertig/Modellierung/predicted/"
out_path <- "C:/MT/Modellierung/CM_Analysis/"

# Anzahl der Arten setzen
spec_number <- length(tbl_species$Kuerzel)

# Array für Testergebnisse definieren
CM <- array(dim=c(spec_number, 6))
rownames(CM) <- tbl_species$Kuerzel
colnames(CM) <- cbind("TP", "FP", "FN", "TN", "KAPPA", "ACC")

# ----- Schleife mit allen Arten durchlaufen -----
for (spn in 1:spec_number) {
  species <- tbl_species$Kuerzel[spn]

  # predict P/A Daten aus der Modellierung einladen
  # die PA2 Daten sind mit dem BRT internen cv.threshold berechnet
  # setzt das Vorhandensein der entsprechenden Dateien im Verzeichnis in_path voraus
  file_name <- paste(in_path, tbl_species[spn,4], "_PA2.txt", sep="")
  tbl_predict <- read.table(file_name, header = TRUE, sep=";")

  # SQL Statement deklarieren, dabei wird die Spalte mit der aktuellen Art
  # aus tbl_distribution (Testdatensatz mit observed presence/absence) extrahiert
  sql_statement <- paste(
    "select d.", species, " as observed, p.scn_current as predicted ",
    "from tbl_distribution d, tbl_predict p where d.ID = p.ID",
    sep=" "
  )

  # SQL-Abfrage durchfuehren
  query <- sqldf(sql_statement)

  # obserevd data aus tbl_distribution,

```

```

# predicted data aus dem jeweiligen Textfile pro Art
obs <- query$observed
pred <- query$predicted

# confusion matrix berechnen und in Array CM schreiben
TP <- sum((obs == pred & pred == 1))
TN <- sum((obs == pred & pred == 0))
FP <- sum(obs < pred)
FN <- sum(obs > pred)

# Formeln fuer accuracy (ACC) und Kappa stammen aus Pearson (2007)
ACC <- (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN)
KAPPA <- {
  ((TP+TN)-(((TP+FN)*(TP+FP)+(FP+TN)*(FN+TN))/length(obs))) /
  (length(obs)-(((TP+FN)*(TP+FP)+(FP+TN)*(FN+TN))/length(obs)))
}

colnames(CM) <- cbind("TP", "FP", "FN", "TN", "KAPPA", "ACC")
CM[spn,1] <- TP
CM[spn,2] <- FP
CM[spn,3] <- FN
CM[spn,4] <- TN
CM[spn,5] <- KAPPA
CM[spn,6] <- ACC

} # Ende der Artschleife -----

# Ergebnis ausgeben
filename <- paste(out_path, "CV_confusion_matrix_PA2.txt", sep="")
write.table(CM, file=filename, sep=";")

Präsenzen in Natura 2000 Gebieten berechnen (Skript N2K_Analyse_PA)

# Das Skript berechnet aus PA2 predict Daten das zukuenftige Vorkommen/Nichtvorkommen
# der Arten in N2K sites sowie eine Summenstatistik (Summe der N2K sites mit
# vorhergesagtem Vorkommen), die in die Tabelle n2k_analysis.txt geschrieben wird

# Bibliotheken laden
library(RODBC)
library(sqldf)

# benoetigte Tabellen (Artvorkommen, N2K sites) aus Datenbank abfragen
# tbl_species enthaelt alle untersuchten Arten
# tbl_sitemammal enthaelt die gemeldeten Arten fuer alle sites
# tbl_gridsite verknuepft N2K sites mit gridcell IDs
channel <- odbcConnectAccess("C:/MT/Analysis_DB.mdb", uid="Admin")
tbl_species <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_species sp where sp.MODELLIERT=1")
tbl_gridsite <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_gridsite")
tbl_sitemammal <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_sitemammals")

# Parameter setzen
in_path <- "C:/MT/fertig/Modellierung/predicted/"
out_path <- "C:/MT/Modellierung/N2K_Analysis/"

scn_number <- 14
spec_number <- length(tbl_species$SPECIESNAME) # aktuell 143 Arten

# Namen der Szenarios
scenario_names <- cbind("scn_current", "scn_BAMBU_1", "scn_BAMBU_2", "scn_BAMBU_3",
"scn_BAMBU_4",
"scn_GRAS_1", "scn_GRAS_2", "scn_GRAS_3", "scn_GRAS_4", "scn_GRAS_CUT_3",
"scn_SEEDGE_1", "scn_SEEDGE_2", "scn_SEEDGE_3", "scn_SEEDGE_4")

# die Tabelle n2k_analysis enthaelt fuer alle Arten und alle Szenarios die Summe
# der gridcells eines n2k_sites, in denen die Art unter dem betreffenden Szenario noch
# vorkommt
# falls dieser Wert = 0, kommt die Art nicht mehr im betreffenden n2k site vor
n2k_analysis <- array(dim=c(spec_number,scn_number))
colnames(n2k_analysis) <- scenario_names
row.names(n2k_analysis) <- tbl_species$SPECIESNAME

# Schleife mit allen Arten durchlaufen
for (spn in 1:spec_number) {
  species <- tbl_species$SPECIESNAME[spn]

# predict Daten aus der Modellierung einladen (Art fuer Art)
# setzt das Vorhandensein der entsprechenden Dateien im Verzeichnis in_path voraus

```

```

file_name <- paste(in_path, tbl_species[spn,3], "_PA2.txt", sep="")
tbl_predict <- read.table(file_name, header = TRUE, sep=";")

# SQL Aggregatfunktion, setzt fuer jedes n2k site den Wert der Ergebnistabelle
# auf das Maximum der grid cells, die sich mit dem betreffenden site ueberschneiden
# da jeweils eine andere Art abgefragt wird, wird das SQL-Statement vorher
# zusammengeschnitten
sql_statement <- paste(
  "select gs.SITECODE, max(p.scn_current) as current, ",
  "max(p.scn_BAMBU_1) as BAMBU_1, max(p.scn_BAMBU_2) as BAMBU_2, ",
  "max(p.scn_BAMBU_3) as BAMBU_3, max(p.scn_BAMBU_4) as BAMBU_4, ",
  "max(p.scn_GRAS_1) as GRAS_1, max(p.scn_GRAS_2) as GRAS_2, ",
  "max(p.scn_GRAS_3) as GRAS_3, max(p.scn_GRAS_4) as GRAS_4, ",
  "max(p.scn_GRAS_CUT_3) as GRAS_CUT_3, ",
  "max(p.scn_SEDGE_1) as SEDGE_1, max(p.scn_SEDGE_2) as SEDGE_2, ",
  "max(p.scn_SEDGE_3) as SEDGE_3, max(p.scn_SEDGE_4) as SEDGE_4 ",
  "from tbl_gridsite gs, tbl_predict p, tbl_sitemammal sp ",
  "where p.ID = gs.ID and gs.SITECODE = sp.SITECODE ",
  "and sp.SPECIESNAME = '", species, "' group by gs.SITECODE",
  sep=""
)

# SQL-Abfrage durchfuehren
query <- sqldf(sql_statement)

# als detailliertes Ergebnis die erzeugte query-Tabelle mit sitecode und
# vorhergesagtem Vorkommen / Nichtvorkommen Art fuer Art in Ausgabetablelle schreiben
file_name <- paste(out_path, tbl_species[spn,3], "_n2k_PA2.txt", sep="")
write.table(query, file_name, sep=";")

# als zusammengefasstes Ergebnis die Anzahl aller n2k sites (= Summe der
# P/A Werte der jeweiligen Szenariospalte) in die Tabelle n2k_analysis schreiben
# Schleife mit allen Szenarien (sind in der Spalte scn + 1)
for (scn in 1:scn_number) {
  n2k_analysis[spn, scn] <- sum(query[,scn+1])
}

# n2k_analysis kumuliert (falls Programm abstuerzt) bei jeder
# Iteration als Tabelle ausgeben
file_name <- paste(out_path, "n2k_analysis.txt", sep="")
write.table(n2k_analysis, file_name, sep=";")
} # Ende der Artschleife

```

Zukünftige Vorkommenswahrscheinlichkeit in Natura 2000 Gebieten berechnen (Skript N2K_Analyse_PB)

```

# Das Skript berechnet aus probability predict Daten die zukuenftige
# Vorkommenswahrscheinlichkeit der Arten in N2K sites

# Bibliotheken laden
library(RODBC)
library(sqldf)

# benoetigte Tabellen (Artvorkommen, N2K sites) aus Datenbank abfragen
# tbl_species enthaelt alle untersuchten Arten
# tbl_sitemammal enthaelt die gemeldeten Arten fuer alle sites
# tbl_gridsite verknuepft N2K sites mit gridcell IDs
channel <- odbcConnectAccess("C:/MT/Analysis_DB.mdb", uid="Admin")
tbl_species <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_species sp where sp.MODELLIERT=1")
tbl_gridsite <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_gridsite")
tbl_sitemammal <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_sitemammals")
tbl_site_area <- sqlQuery(channel, "Select * from tbl_site_area")

# Parameter setzen
in_path <- "C:/MT/fertig/Modellierung/predicted/"
out_path <- "C:/MT/Modellierung/N2K_Analyse/"

scn_number <- 14
spec_number <- length(tbl_species$SPECIESNAME)

# Namen der Szenarios
scenario_names <- cbind("scn_current", "scn_BAMBU_1", "scn_BAMBU_2", "scn_BAMBU_3",
"scn_BAMBU_4",
"scn_GRAS_1", "scn_GRAS_2", "scn_GRAS_3", "scn_GRAS_4", "scn_GRAS_CUT_3",
"scn_SEDGE_1", "scn_SEDGE_2", "scn_SEDGE_3", "scn_SEDGE_4")

```

```

# Schleife mit allen Arten durchlaufen
for (spn in 1:spec_number) {
  species <- tbl_species$SPECIESNAME[spn]

  # predict Daten aus der Modellierung einladen (Art fuer Art)
  # setzt das Vorhandensein der entsprechenden Dateien im Verzeichnis in_path voraus
  file_name <- paste(in_path, tbl_species[spn,3], "_pred.txt", sep="")
  tbl_predict <- read.table(file_name, header = TRUE, sep=";")

  # -----
  # SQL Abfrage 1: maximale Vorkommenswahrscheinlichkeit im N2K site
  # setzt fuer jedes n2k site den Wert der Ergebnistabelle
  # auf das Maximum der grid cells, die sich mit dem betreffenden site ueberschneiden
  # da jeweils eine andere Art abgefragt wird, wird das SQL-Statement vorher
  # zusammengeschnitten
  sql_statement_1 <- paste(
    "select gs.SITECODE, max(p.scn_current) as current, ",
    "max(p.scn_BAMBU_1) as BAMBU_1, max(p.scn_BAMBU_2) as BAMBU_2, ",
    "max(p.scn_BAMBU_3) as BAMBU_3, max(p.scn_BAMBU_4) as BAMBU_4, ",
    "max(p.scn_GRAS_1) as GRAS_1, max(p.scn_GRAS_2) as GRAS_2, ",
    "max(p.scn_GRAS_3) as GRAS_3, max(p.scn_GRAS_4) as GRAS_4, ",
    "max(p.scn_GRAS_CUT_3) as GRAS_CUT_3, ",
    "max(p.scn_SEDGE_1) as SEDGE_1, max(p.scn_SEDGE_2) as SEDGE_2, ",
    "max(p.scn_SEDGE_3) as SEDGE_3, max(p.scn_SEDGE_4) as SEDGE_4 ",
    "from tbl_gridsite gs, tbl_predict p, tbl_sitemammal sp ",
    "where p.ID = gs.ID and gs.SITECODE = sp.SITECODE ",
    "and sp.SPECIESNAME = '", species, "' group by gs.SITECODE",
    sep=""
  )

  # SQL-Abfrage 1 durchfuehren
  query1 <- sqldf(sql_statement_1)

  # -----
  # SQL Abfrage 2: flaechengewichtete Vorkommenswahrscheinlichkeit im N2K site

  sql_statement_2 <- paste(
    "select gs.SITECODE, sum(p.scn_current*gs.AREA)/a.AREA as current, ",
    "sum(p.scn_BAMBU_1*gs.AREA)/a.AREA as BAMBU_1, sum(p.scn_BAMBU_2*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "BAMBU_2, ",
    "sum(p.scn_BAMBU_3*gs.AREA)/a.AREA as BAMBU_3, sum(p.scn_BAMBU_4*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "BAMBU_4, ",
    "sum(p.scn_GRAS_1*gs.AREA)/a.AREA as GRAS_1, sum(p.scn_GRAS_2*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "GRAS_2, ",
    "sum(p.scn_GRAS_3*gs.AREA)/a.AREA as GRAS_3, sum(p.scn_GRAS_4*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "GRAS_4, ",
    "sum(p.scn_GRAS_CUT_3*gs.AREA)/a.AREA as GRAS_CUT_3, ",
    "sum(p.scn_SEDGE_1*gs.AREA)/a.AREA as SEDGE_1, sum(p.scn_SEDGE_2*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "SEDGE_2, ",
    "sum(p.scn_SEDGE_3*gs.AREA)/a.AREA as SEDGE_3, sum(p.scn_SEDGE_4*gs.AREA)/a.AREA as ",
    "SEDGE_4 ",
    "from tbl_gridsite gs, tbl_predict p, tbl_sitemammal sp, tbl_site_area a ",
    "where p.ID = gs.ID and gs.SITECODE = sp.SITECODE and sp.SITECODE = a.SITECODE ",
    "and sp.SPECIESNAME = '", species, "' group by gs.SITECODE",
    sep=""
  )

  # SQL-Abfrage 2 durchfuehren
  query2 <- sqldf(sql_statement_2)

  # -----
  # die erzeugten query-Tabelle mit sitecode und vorhergesagter
  # Vorkommenswahrscheinlichkeit Art fuer Art in Ausgabetablelle schreiben
  file_name_1 <- paste(out_path, tbl_species[spn,3], "_n2k_max_prob.txt", sep="")
  write.table(query1, file_name_1, sep=";")

  file_name_2 <- paste(out_path, tbl_species[spn,3], "_n2k_aw_prob.txt", sep="")
  write.table(query2, file_name_2, sep=";")

} # Ende der Artschleife

```