

ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN WÄDENSWIL
DEPARTEMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT
INSTITUT FÜR UMWELT UND NATÜRLICHE RESSOURCEN

DAS NAHRUNGSSPEKTRUM VON STEINKÄUZEN (*ATHENE NOCTUA*) IM LANDKREIS LUDWIGSBURG (D)



Bachelorarbeit

von

Martina Müller

Bachelorstudiengang 2009
Abgabedatum 6. September 2012
Studienrichtung Umweltingenieurwesen

Fachkorrektoren:

Dr. Roland Graf
Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW
Institut Umwelt und Natürliche Ressourcen IUNR
Grüntal, 8820 Wädenswil

Dr. Martin Gruebler
Schweizerische Vogelwarte
Seerose 1, 6204 Sempach

Impressum

Schlüsselwörter:

- *Athene noctua*
- Steinkauz
- Nahrungsspektrum
- Nahrungsökologie

Zitiervorschlag:

M. Müller (2012): Das Nahrungsspektrum von Steinkäuzen (*Athene noctua*) im Landkreis Ludwigsburg (D), Bachelorarbeit, ZHAW Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften / Schweizerische Vogelwarte, Wädenswil / Sempach.

Adresse der Institute:

Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW
Institut Umwelt und Natürliche Ressourcen IUNR
Grüental
8820 Wädenswil

Schweizerische Vogelwarte Sempach
Luzernerstrasse 6
6204 Sempach

Bemerkung:

Die Bilder auf der Titelseite sind Fotofallenbilder (Vogelwarte Sempach) aus der vorliegenden Untersuchung.

ZUSAMMENFASSUNG

Der Steinkauz kommt in Nordafrika sowie in weiten Teilen Europas und Asiens vor. Sein Bestand in Europa hat seit 1950 stark abgenommen und in der Schweiz gilt er heute gemäss Roter Liste als „stark gefährdet (EN)“. Als Gründe für den Rückgang dieser Art werden unter anderem die Abnahme an geeigneten Nisthöhlen und Tageseinständen sowie Habitaten u.a. durch die Intensivierung der Landwirtschaft und Ausdehnung des Siedlungsgebietes genannt. Diese Einflüsse können auch Auswirkungen auf das Nahrungsangebot und das Beutespektrum des Steinkauzes haben. Zudem unterscheidet sich das Nahrungsangebot zwischen Grün- und Ackerland stark, d.h. im Grünland kommen mehr Mäuse und Heuschrecken vor, im Ackerland hingegen mehr Käfer und Regenwürmer. Vor allem die Feldmaus spielt im Nahrungsspektrum des Steinkauzes eine wichtige Rolle, da deren Energiegehalt deutlich besser als jener von Insekten oder Regenwürmern ist. Trotzdem wird während der Brutzeit ein hoher Anteil an Insekten und Regenwürmern an die Jungtiere gefüttert, obwohl diese Beutetiere einen geringen Energiegehalt aufweisen.

Die Schweizerische Vogelwarte Sempach untersucht im Landkreis Ludwigsburg, Deutschland, die Brutbiologie und Nahrungsökologie von Steinkauzpopulationen. Eine Frage, der sie nachgeht, ist, wie sich das Nahrungsangebot auf das Überleben von Jung- und Altvögeln und auf die Ausbreitung auswirkt, indem sie u.a. Fütterungsexperimente macht (Zufütterung eines Teils der Bruten mit Mäusen). Die vorliegende Arbeit zeigt im Rahmen dieser Untersuchung auf, was für ein Nahrungsspektrum der Steinkauz während der Brutzeit verfüttert und was adulte Vögel ausserhalb der Brutsaison fressen. Mit Hilfe von Fotofallenbildern habe ich das Nahrungsspektrum des Steinkauzes während der Brutzeit analysiert. Die Analyse der Inhalte von Mägen und Gewöllen lieferte Erkenntnisse über die von adulten Vögeln gefressene Nahrung.

Die Steinkäuze fütterten ihren Jungtieren bevorzugt Mäuse und Regenwürmer. Der Anteil der Biomasse an Mäusen war bei allen drei Erhebungsmethoden am höchsten. In Bezug auf die unterschiedlichen Habitate wurden im Grünland mehr Mäuse sowie Heuschrecken und im Ackerland mehr Regenwürmer und Insekten gefüttert. Bei den Varianten der Zufütterung konnte ein höherer Anteil an Mäusen bei den zugefütterten und mehr Heuschrecken bei den nicht zugefütterten Bruten festgestellt werden. Weibchen brachten ihren Jungtieren zudem mehr Mäuse als Männchen, letztere wiederum fütterten mehr Regenwürmer.

Aufgrund der vorliegenden Arbeit ist anzunehmen, dass Bruten, welche hauptsächlich von Ackerland umgeben sind, einen kleineren Bruterfolg aufweisen, als Bruten im Grünland. Durch intensiv bewirtschaftetes Landwirtschaftsland werden Käfer- und Insektenvorkommen geschmälert. Zusätzlich ist die Nahrung für den Steinkauz im Grünland besser erreichbar, weil in hohen Ackerkulturen schwierige Jagdbedingungen herrschen. Der Bruterfolg oder die Überlebenschancen allgemein könnten durch ein höheres und besser erreichbares Mäuseangebot verbessert werden.

ABSTRACT

The Little Owl lives in North Africa and in most parts of Europe and Asia. In Europe its population decreased since 1950 and today in Switzerland the Red List-status is “endangered (EN)”. The reasons for the Little Owl’s population decline are the reduction of suitable nesting cavities, roosting sites, habitats, etc. The underlying mechanism of this loss of resources is the agricultural intensification and the expansion of urban settlement. These changes in the agricultural habitats may have an impact on the Little Owl’s food availability and its prey composition. In addition, the food availability differs significantly between the two main agricultural habitats, grassland and arable fields. Grasslands show more mice and grasshoppers, whereas arable fields show more beetles and earthworms. For Little Owls, the field mouse plays an important role, because its energy content is better than that of insects or earthworms. During the breeding season, Little Owls feed a high proportion of insects and earthworms, although they provide only little energy.

In the district of Ludwigsburg, Germany, the Swiss Ornithological Institute studied the breeding biology, feeding ecology and dispersal of Little Owl populations. The Institute investigates how food availability affects the survival of juvenile and adult birds and their dispersion by conducting feeding experiments (such as feeding one part of the broods with mice). Based on this study, the present work evaluates – by analysing pictures of camera traps and the contents of stomachs and pellets – the food of adult and nestling Little Owls during the breeding and the non-breeding season.

Little Owls preferred to feed on mice and earthworms. In all three survey methods the essential part of biomass was provided by mice. In grasslands, Little Owls fed higher proportions and more biomass of mice and grasshoppers to their young than in arable fields. In contrast in arable fields high proportions of earthworms and insects were fed. In food-supplemented broods proportion and biomass of fed mice increased significantly compared to non-supplemented broods where the proportion of grasshoppers was high. Females brought more mice to the nest than males whereas male brought more earthworms than females.

Based on the present work I expect that broods surrounded by arable fields should have a lower breeding success than broods surrounded by grassland. The populations of beetles and insects are diminished by intensively managed farmland. In addition, the accessibility of food is better in grassland than in high crops because of difficult hunting conditions in these fields. Furthermore I guess that breeding success or adult survival could be improved by a higher availability and better accessibility of mice. I suggest that this might increase the proportion of mice as well as the amount of biomass fed to nestling Little Owls, thereby increasing their survival.

DANK

Ein herzliches Dankeschön geht an meine beiden Korrektoren, Dr. Martin Grüebler, Vogelwarte Sempach und Dr. Roland Graf, Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften, Wädenswil, für die Unterstützung und Hilfestellung während dem Erstellen der Arbeit.

Ein weiterer grosser Dank gilt Herbert Keil, für seinen unermüdlichen Einsatz für die Steinkäuze und die Unterstützung des gesamten Projektes in Deutschland.

Ich danke auch Vanja Michel und Marco Perrig, Doktoranden an der Vogelwarte Sempach, für ihre Unterstützung und die wertvollen Hinweise sowie Dr. Peter Kauf, Dozent für Mathematik und Statistik an der ZHAW, für seine Unterstützung bei der statistischen Auswertung mit R.

INHALTSVERZEICHNIS

1. Einleitung.....	7
1.1. Aktueller Stand der Forschung und Forschungslücken	7
1.2. Ziele und Hypothesen der Arbeit	10
2. Material und Methode.....	11
2.1. Untersuchungsgebiet.....	11
2.2. Analyse Nahrungsspektrum.....	11
2.2.1. Fotofallen-Bilder	11
2.2.2. Gewölle.....	12
2.2.3. Mageninhalte	13
2.2.4. Unverdauliche Materialien	13
2.2.5. Berechnung der Biomasse	14
2.3. Statistische Auswertung.....	14
3. Resultate	16
3.1. Analyse der Fotofallenbilder	16
3.1.1. Beutespektrum und Fütterungsraten generell	16
3.1.2. Unterschiede in Bezug auf das Habitat	18
3.1.3. Unterschiede in Bezug auf die Zufütterung	20
3.1.4. Unterschiede in Bezug auf das Geschlecht.....	23
3.2. Analyse der Mägen und Gewölle	26
3.3. Vergleich der Analyse der Fotofallenbilder, Mageninhalte und Gewölle	27
3.4. Unverdauliche Materialien	27
4. Diskussion	28
4.1. Unterschiede zwischen Grünland und Ackerland	28
4.2. Unterschiede zwischen gefütterten und ungefütterten Bruten	29
4.3. Unterschiede zwischen Männchen und Weibchen	30
4.4. Unterschiede zwischen den Methoden	30
4.4.1. Analyse der Fotofallenbilder	31
4.4.2. Analyse der Gewölle und Mägen.....	32
4.4.3. Kritische Betrachtung der angewendeten Methoden.....	33
4.4.4. Korrektur der Entdeckungswahrscheinlichkeit.....	34
4.5. Schlussfolgerungen	34
Literaturverzeichnis	36
Verzeichnis der Anhänge	38

1. Einleitung

1.1. Aktueller Stand der Forschung und Forschungslücken

Alle Lebewesen sind Teil eines komplexen Netzes aus Interaktionen mit Räubern, Parasiten, Nahrungsquellen und Konkurrenten in ihrer Lebensgemeinschaft (Townsend et al., 2008). Um zu verstehen, welche Rolle ein Tier im Ökosystem spielt, braucht man u.a. Kenntnisse über seine Ernährungsweise. Dadurch erhält man Informationen über die Menge und Verbreitung der Beutetiere sowie deren Auswirkungen auf die Jagd und die einheimischen Tiere (Bakaloudis et al., 2011).

Nahrungsaufnahme ist generell dann erfolgreich, wenn durch sie mehr Energie gewonnen werden konnte, als für die Jagd und den Verzehr verbraucht wurde und wenn der spezifische Nährstoffbedarf abgedeckt werden konnte (Townsend et al., 2008). Neben dem Spezialisierungsgrad wird das Nahrungsspektrum durch verschiedene Faktoren beeinflusst, wie z.B. durch das Nahrungsangebot und die Nahrungsverfügbarkeit im Jagdgebiet sowie die Gefahr durch intra- und interspezifische Nahrungskonkurrenz. Für ein optimales Habitat müssen Quantität und Qualität des Beuteangebotes berücksichtigt werden. Die Erreichbarkeit der Beute (Versteckmöglichkeiten durch hohe und dichte Vegetation, Fluchtgeschwindigkeit, etc.) stellt ein wichtiges, zusätzliches Kriterium bei der Habitatwahl dar, denn ein Lebensraum muss nebst Fressfeinden auch mit Beutekonkurrenten geteilt werden (Mebs & Scherzinger, 2000). Das Verständnis des Nahrungsspektrums und jener Faktoren, welche das Nahrungsspektrum beeinflussen, führen somit zur besseren Kenntnis über bevorzugte Nahrungsressourcen und damit zur besseren Beurteilung der Habitatqualität in Bezug auf die Nahrung (Bakaloudis et al., 2011).

Eulen kommen in den verschiedensten Habitaten vor. Dank den unterschiedlichen Grössenklassen werden unterschiedliche Beutetypen und Beutegrössen genutzt. Kleine Eulen sind agil und wendig. Sie können selbst in dichter Vegetation und in den Baumkronen jagen. Im Vergleich zu grösseren Artgenossen wirkt sich die kleine Grösse nicht zuletzt auch auf einen geringeren Beutebedarf aus. Ein Nachteil ist jedoch das erhöhte Prädationsrisiko durch andere Eulen- und Greifvogelarten. Grosse Eulen verfügen über ein breites Beutespektrum, wobei die bevorzugte Beutegrösse in direktem Verhältnis zu Jagdaufwand, Verletzungsgefahr, Transportproblemen und Nährwert steht (Mebs & Scherzinger, 2000).

Mittelgrosse Eulen bevorzugen hauptsächlich Wühlmäuse (*Arvicolinae*), wobei hier eine grosse Konkurrenz zwischen den Eulenarten besteht. In guten Mäusejahren wird auf eine Nischenaufteilung verzichtet und Nahrungskonkurrenz in Kauf genommen. Da aber die Mäusepopulation natürlicherweise grossen Schwankungen unterliegt, spiegeln sich diese Fluktuationen im Bruterfolg der Eulen wieder. Die grossen Unterschiede im Vorkommen von Wald- und Wühlmäusen stehen in engem Zusammenhang mit der periodischen Samenproduktion der Waldbäume (Mebs & Scherzinger, 2000). Eine höhere Vielfalt an Baumarten stellt ein breiter gestreutes Nahrungsangebot für Mäuse dar, was wiederum die Schwankungen der Mäusepopulationen verkürzt und somit die Bestandesschwankungen der Eulen aufängt. Der natürliche Zusammenbruch hoher Mäusepopulationen bringt die dank guten Mäusejahren aufgestockten Eulenbestände in Bedrängnis, denn alle Mäusefresser konkurrieren

sich nun direkt um die verbliebene Beute. In solch einer Situation werden alternative Beutetiere wichtig für den Bruterfolg der Art (Mebs & Scherzinger, 2000; Aebischer, 2008). Je nachdem, in welchem Habitat ein Brutpaar lebt, gibt es mehr oder weniger Nahrungsquellen. Dementsprechend müssen sie ihre Jagdstrategien und das Beutespektrum anpassen (Van Nieuwenhuyse et al., 2008).

Eulen haben im Laufe der Evolution unterschiedliche Strategien entwickelt, mit dem schwankenden Angebot an Beutetieren umzugehen. Die ortstreuen Arten bleiben das ganze Jahr über im gleichen Gebiet und eignen sich detaillierte Ortskenntnisse für die Jagd an. Das ermöglicht ihnen auch bei schlechtem Wetter und in Mangeljahren gute Beutefänge. Dennoch wirkt sich ein Mangel an Mäusen trotz Kompensation durch den Fang von Vögeln, Regenwürmern und Insekten negativ auf die Gelegegrösse und Aufzuchttrate aus (Mebs & Scherzinger, 2000; Aebischer, 2008). Denn Mäuse sind eine energetisch wichtige Beute, da sie mit wenig Jagd- und Transportaufwand verbunden sind. Um die gleiche Energie zu erhalten, wie durch den Fang einer Maus, braucht es viel mehr Alternativbeute, was wiederum mehr Jagd- und Transportaufwand bedeutet. Die Brutphänologie ist auf die Vermehrungsphänologie der Mäuse abgestimmt, d.h. das höchste Beuteangebot fällt mit dem Zeitpunkt der ersten Beutefangversuche und Selbständigwerden der Jungtiere zusammen. In dieser Zeit ist auch die Erreichbarkeit der Beutetiere dank niedriger Vegetation sehr gut (Exo, 1988).

Der Steinkauz kommt in Nordafrika sowie in weiten Teilen Europas und Asiens vor (Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Seit 1950 hat der Bestand in Europa stark abgenommen. In der Schweiz wurden 1980 noch 185, 1996 nur noch 60-70 Brutpaare gezählt (Schmid, 2003 und Knaus et al., 2011). Als Ursache für diesen Rückgang werden die Zerstörung von für den Steinkauz günstigen Habitaten, die schlechten Bruterfolge sowie die Beeinträchtigung der Vögel durch menschliche Aktivitäten genannt (Juillard, 1989; Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Insbesondere die Intensivierung und zunehmende Rationalisierung der Landwirtschaft sowie die Ausdehnung des Siedlungsgebietes werden als Hauptursachen für den Rückgang dieses Vogels gesehen. Der durchschnittliche Aktionsraum (home-range) eines Steinkauzes beträgt 14-120 ha, abhängig von Geschlecht, Alter, Populationsdichte, Jahreszeit und Habitat (Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Wenn innerhalb dieser Fläche nicht genügend Nahrung und Schutzmöglichkeiten vorhanden sind, erweitert der Steinkauz seinen Aktionsraum. Das Verschwinden von Hochstamm-Obstgärten und alten Baumbeständen führte zum Verlust von Lebensräumen resp. von geeigneten Brutplätzen. Durch Pestizideinsatz wurde das Nahrungsangebot an Grossinsekten stark geschmälert und dichter, hoher Graswuchs erschwert die Erreichbarkeit von Beutetieren (Knaus et al., 2011; Mebs & Scherzinger, 2000). Die Situation in der Schweiz hat sich seit dem Jahr 2001 etwas verbessert und die Einstufung des Steinkauzes auf der Roten Liste wurde im Jahr 2010 von „vom Aussterben bedroht (CR)“ zu „stark gefährdet (EN)“ herabgesetzt, wobei die Bestände aber immer noch tief sind (Keller et al., 2010). Dem Verschwinden von geeigneten Bruthöhlen kann mit Nistkästen entgegengewirkt werden. Die Intensivierung der Landwirtschaft kann jedoch auch Auswirkungen auf das Nahrungsangebot in landwirtschaftlichen Gebieten haben, was sich wiederum im Beutespektrum und im Bruterfolg niederschlagen kann. Was für Auswirkungen dies auf den Steinkauz hat, ist bisher nur wenig untersucht.

Der Steinkauz passt seine Jagdmethode der jeweiligen Vegetation und dem Beutetier an. Sie besteht aus der Ansitzjagd oder dem Hüpfen und Rennen auf dem Boden. Normalerweise wird in der Dämmerung gejagt. Besonders während der Brutzeit geht der Steinkauz aber auch am Tag auf Nahrungssuche (Tomé et al., 2011). Die vom Steinkauz bevorzugten Habitate zeichnen sich durch strukturreiches, offenes Gras- und Kulturland aus (Šálek et al., 2010). Diese Flächen weisen ein unterschiedliches Nahrungsangebot und unterschiedliche Nahrungsverfügbarkeit auf und können zu unterschiedlichen Zeiten und an unterschiedlichen Orten verschieden genutzt werden (abhängig von Saison, Vegetationshöhe, Verfügbarkeit usw.). Zudem nutzt er gerne offene Jagdflächen sowie Ansitzplätze, Tageseinstände und Nesthöhlen (Van Nieuwenhuyse et al., 2008 und Schmid, 2003). In dichtem, hohem Grünland kommen kleine Säugetiere und Insekten zwar häufig vor, sind aber für den Steinkauz nur schlecht erreichbar. Umgekehrt ist der Jagderfolg in kurzer Vegetation besser, dafür halten sich hier weniger Beutetiere auf (Šálek et al., 2010 und Tomé et al., 2011). Deshalb ist es wichtig, dass die Habitatstruktur vielfältig und abwechslungsreich ist und die Bewirtschaftung benachbarter Felder zeitlich versetzt erfolgt (Wicke, 2006). Das Nahrungsangebot zwischen Grünland und Ackerland unterscheidet sich stark. Im Grünland gibt es mehr Mäuse und Heuschrecken, wohingegen im Ackerland mehr Käfer und Regenwürmer vorkommen (persönliche Mitteilung Nadine Apolloni, Vogelwarte Sempach, 2012). Welche Auswirkungen die Zusammensetzung des Aktionsraumes auf die Nahrungszusammensetzung und die Fütterungsrate hat, ist unbekannt. Es ist auch noch wenig bekannt, ob solch kleinräumige Unterschiede eine Auswirkung auf die Nahrungszusammensetzung oder die Fütterungsrate haben.

Untersuchungen der Nahrungszusammensetzung des Steinkauzes haben ergeben, dass er bevorzugt Insekten und kleine Säugetiere frisst (Šálek et al., 2010). In Zentraleuropa spielt die Feldmaus (*Microtus arvalis*) eine wichtige Rolle, denn deren Energiegehalt ist besser als jener von Insekten oder Regenwürmern (Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Weltweit variiert die Nahrungszusammensetzung des Steinkauzes in Abhängigkeit von Habitat und Jahreszeit (Alivizatos et al., 2006). Es konnte eine Zunahme der Anteile an Insekten resp. Abnahme von kleinen Säugetieren von Zentraleuropa nach Südeuropa festgestellt werden, was mit der Verfügbarkeit von Wühlmäusen resp. den saisonalen Schwankungen der Insektenpopulationen erklärt werden kann (Šálek et al., 2010 und Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Steinkäuze verfügen zudem über die Möglichkeit, sich für den Winter Fettdepots anzufressen, um den Mangel an Beutetieren wegen undurchdringbaren Schneedecken zu überbrücken (Mebis & Scherzinger, 2000; Exo K.-M., 1988). Im Vergleich zu anderen Eulen in Zentraleuropa ist besonders während der Brutzeit der Anteil an Insekten beim Steinkauz sehr hoch (bis zu 82%). Auch Regenwürmer spielen während der Brutzeit eine wichtige Rolle. Diese werden hauptsächlich nach Regenfällen erbeutet und führen deshalb beim Verfüttern an die Jungtiere zu einem nassen Nest. Zudem haben Regenwürmer im Vergleich zu Nagetieren einen schlechteren Energiegehalt, weshalb sie als ungeeignete Beute für die Jungtierfütterung gilt. Das Vorkommen von Feldmäusen wird sogar als Schlüsselfaktor beim Bruterfolg angesehen (Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Ausserdem gilt es zu berücksichtigen, dass Jungtiere in den ersten vier Lebenswochen Kalk für den Skelettaufbau benötigen. Dieses Bedürfnis kann nur durch Füttern von Beutetieren mit Skelettanteilen gestillt werden (Roth, 1956). Obwohl zeitliche und räumliche Unterschiede in der Nutzung von verschiedenen Habitaten bekannt

sind, bleibt das genutzte Nahrungsspektrum in verschiedenen Habitaten und bei verschiedenem Nahrungsangebot unbekannt.

Die Schweizerische Vogelwarte Sempach untersucht im Landkreis Ludwigsburg, Deutschland, die Brutbiologie und Nahrungsökologie von Steinkauzpopulationen. Unter anderem geht sie der Frage nach, wie sich das Nahrungsangebot auf das Überleben von Jung- und Altvögeln und auf die Ausbreitung auswirkt. Dazu werden Fütterungsexperimente durchgeführt, welche durch Zufütterung von Mäusen ein Nahrungsangebot hoher Qualität simulieren sollen. Die Resultate daraus zeigen, dass Nestlinge in zugefütterten Bruten ein besseres Wachstum aufweisen und deutlich höhere Überlebenschancen haben. Welchen Effekt die Fütterung, also eine bessere Versorgung der Nestlinge, auf das Nahrungsspektrum und die Fütterungsraten der Altvögel hat, ist hingegen nicht bekannt.

1.2. Ziele und Hypothesen der Arbeit

Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, aufzuzeigen,

- welches Beutespektrum in der untersuchten Population selber gefressen resp. den Jungtieren gefüttert wird;
- ob es Unterschiede im Beutespektrum in Bezug auf das Habitat gibt;
- ob sich das Beutespektrum bei Zufütterung verändert
- ob es Unterschiede im Beutespektrum zwischen den Geschlechtern gibt;
- ob sich die Fütterungsraten in Bezug auf das Habitat, die Zufütterung und die Geschlechter verändern.

Dazu werden die Hypothesen aufgestellt, dass

- in Habitaten mit kleiner Maudichte weniger Mäuse und mehr Alternativnahrung gefüttert wird und deshalb die Fütterungsraten höher sind als in Habitaten mit grosser Maudichte;
- bei zugefütterten Bruten das Nahrungsspektrum gleich bleibt, aber die Fütterungsraten niedriger sind als bei ungefütterten Bruten.

2. Material und Methode

2.1. Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet ist ca. 250 km² gross und befindet sich im Südwesten Deutschlands in Sachsenheim im Landkreis Ludwigsburg, Baden-Württemberg. Baden-Württemberg ist rund 35'750 km² gross, wovon ca. 14'170 km² – also annähernd die Hälfte der Fläche – landwirtschaftlich genutzt wird. Das landwirtschaftlich genutzte Gebiet lässt sich wiederum in 58.6% Ackerland, 1.6% Obstbau, 37.8% Grünland und 1.7% Rebbaue unterteilen (Statistisches Landesamt Baden-Württemberg, 2011a und 2011b). In diesem Gebiet leben Steinkäuze, welche seit 20 Jahren von Herbert Keil mit Hilfe von Nestboxen gefördert werden. Herbert Keil ist Ornithologe und konnte durch seinen freiwilligen Einsatz die Population von 8 auf rund 220 Brutpaare steigern (persönliche Mitteilung Herbert Keil). Die Nestboxen wurden häufig in Obstgärten oder Baumgruppen angebracht, welche von Landwirtschaftsgebiet umgeben sind.

2.2. Analyse Nahrungsspektrum

2.2.1. Fotofallen-Bilder

Die Bilder wurden mit Kameras der Marke Reconyx PC900 HyperFire™ Professional High Output Covert Infrared und Reconyx HC500 HyperFire™ Semi-Covert IR aufgenommen. Die Auswahl der Bäume, in welchen die Fotofallen aufgehängt wurden, erfolgte nach dem Kriterium der Machbarkeit, d.h. wie gut die Kameras im Baum platziert und ausgerichtet sowie die Speicherkarten problemlos regelmässig ausgewechselt werden konnten. Die untersuchten Fotos stammen aus dem Zeitraum zwischen 27.05.2011 und 01.07.2011. Auswahl der Bilder für die Auswertung habe ich darauf geachtet, dass die Jungtiere der einzelnen Nestboxen etwa gleich alt (durchschnittlich 19 Tage) waren, damit der Nahrungsbedarf etwa gleich gross und somit vergleichbar war. Nicht beeinflussbar war die Gelegegrösse, wobei sich die Mittelwerte der Brutgrössen folgendermassen darstellen:

- im Ackerland: 2.7 Jungtiere (n = 10 Familien, SD = 0.9, SE = 0.30, 95% CI = 2.11-3.29)
- im Grünland: 3.3 Jungtiere (n = 10 Familien, SD = 0.5, SE = 0.15, 95% CI = 3.00-3.60)
- bei zugefütterten Nestboxen: 3.1 Jungtiere (n = 10 Familien, SD = 0.7, SE = 0.23, 95% CI = 2.64-3.56)
- bei nicht zugefütterten Nestboxen: 2.9 Jungtiere (n = 10 Familien, SD = 0.9, SE = 0.28, 95% CI = 2.36-3.44)

Zudem wurden die Nestboxen in folgende Gruppen unterteilt: 10 Fotofallen wurden bei Nestboxen aufgehängt, die grösstenteils von Grünland umgeben und weitere 10 Fotofallen wurden bei Nestboxen aufgehängt, die grösstenteils von Ackerland umgeben waren. Beide Gruppen wurden nochmals in zwei Untergruppen eingeteilt: jeweils 5 Nestboxen wurden zusätzlich mit Mäusen zugefüttert, die anderen 5 erhielten keine zusätzliche Nahrung, wobei immer eine gefütterte und ungefütterte Nestbox Nestlinge in einem ähnlichen Alter enthielten. Die Auswahl, welche Nestbox gefüttert wird und welche nicht, wurde per Los entschieden. Es

wurden jeweils schwarze oder weisse Futtermäuse im Eingang der Nestboxen nach folgendem Schema deponiert: Die Jungvögel bekamen ab dem 12. Nestlingstag an jedem zweiten Tag Mäuse, die ersten sechs mal 20g pro Nestling, danach 12 mal 30g pro Nestling. Die Fütterung war am 46. Nestlingstag zu Ende und jeder Nestling bekam insgesamt eine Futtermenge von 480g (persönliche Mitteilung Vanja Michel, Vogelwarte Sempach, 2012).

Bei den mir zur Verfügung gestellten Fotofallenbilder habe ich jeden Anflug eines adulten Tieres zur Nestbox gezählt, auch wenn nicht erkennbar war, ob es sich um ein weibliches oder männliches Tier handelt oder was für eine Art von Beute gebracht wurde. Insgesamt wurden 1170 Anflüge à 10 Bildern analysiert, wobei folgende Kriterien angewendet wurden:

- 3 x 24 Stunden, d.h. 72 Stunden, pro Nestbox, um immer gleich viele Fotos pro Fotofalle auszuwerten und damit die Fütterungsrate zu berechnen.
- Art der Beute, sofern erkennbar. Wenn der Schnabel des Vogels erkennbar war, aber sich keine Beute darin befand, wurde dies als „Ohne Futter“ bezeichnet. Wenn nicht sichtbar war, ob eine Beute gebracht wurde oder nicht (Schnabel nicht sichtbar), wurde dies als „Futter unbekannt“ bezeichnet. Die einzelnen Beutetiere wurden für die Auswertung in Gruppen zusammengefasst (vgl. Tab. 1).
- Die schwarzen und weissen Mäuse wurden nicht in die statistische Auswertung miteinbezogen, da es sich hierbei um zugefütterte Mäuse handelt. Insgesamt wurden 11 weisse und 5 schwarze Mäuse auf den Fotofallenbildern gezählt.

Tab. 1: Einteilung der Beutetiere der Fotofallenauswertung in Gruppen

Gruppe	Beutetier
Maus	Maus
Andere Wirbeltiere	Vogel, Eidechse, Schlange, Blindschleiche
Heuschrecken	Heupferd
Andere Insekten Imagines	Insekt, Falter, Käfer
Insektenlarven	Raupe/Larve
Regenwurm	Regenwurm
Ohne Futter	Nichts erkennbar
Futter unbekannt	NA (not available)

2.2.2. Gewölle

Aus 73 mir zur Verfügung gestellten Gewöllen habe ich insgesamt 11 analysiert. Diese wurden im Untersuchungsgebiet während den Wintermonaten gesammelt und tiefgefroren. Vor dem Analysieren wurden die Gewölle aufgetaut, in Alkohol eingelegt und mit Pinzetten unter dem Binokular zerlegt. Die einzelnen darin enthaltenen Bestandteile von Beutetieren wurden in Alkohol bis zur eingehenden Bestimmung konserviert.

Die darin enthaltenen Nahrungsreste wurden von mir sortiert und unter dem Binokular identifiziert. Das Nahrungsspektrum wurde mit Hilfe einschlägiger Bestimmungsliteratur analysiert (Harde & Severa, 2006; Bellmann, 2009; Jenrich et al., 2012; Marchesi et al., 2008). Die Laufkäfer wurden bis auf das Niveau der Familie bestimmt. Dazu habe ich deren Köpfe oder Halsschilder gezählt und das häufiger vorkommende Körperteil ausgewertet. Die Mäuse

wurden aufgeteilt in Feldmäuse (bis auf Artniveau) sowie restliche Wühlmäuse und Waldmäuse (bis auf Gattungsniveau) sowie restliche Mausarten. Die Insekten wurden wo möglich bis zur Ordnung bestimmt (z.B. *Dermaptera*, Ohrwürmer). Gewisse Einzelfunde wurden bis zur Ordnung (Weberknecht) oder Familie (Eidechse) bestimmt. Für die Auswertung wurden die gefundenen Beutetiere ebenfalls in Gruppen eingeteilt (vgl. Tab. 2).

Tab. 2: Einteilung der Beutetiere der Gewöllauswertung in Gruppen.

Gruppe	Beutetier
Maus	<i>Microtus arvalis</i> , <i>Apodemus sp.</i> , <i>Clethrionomys glareolus</i>
Andere Wirbeltiere	Eidechse, Vogel
Andere Insekten Imagines	Käfer, Laufkäfer, Ohrwurm, Mücke, Weberknecht
Insektenlarven	Insektenlarve
Regenwurm	Regenwurm

2.2.3. Mageninhalte

Insgesamt habe ich 10 Mägen von tot aufgefundenen Steinkäuzen analysiert. Die Mägen stammen alle aus dem Untersuchungsgebiet in Deutschland (Herbst- und Wintermonate) und wurden nach der Entnahme aus den Vögeln tiefgefroren. Es ist jedoch nichts über den Zeitpunkt der Nahrungsaufnahme vor dem Tod bekannt und es können auch keine Angaben über die Umgebungstemperaturen nach dem Tod sowie die Zeitspanne zwischen dem Tod und der Konservierung der Mägen gemacht werden, was den Zustand der Mägen aber auch die Verdauung des Inhaltes wesentlich beeinflusst (Soler & Alcala, 2009; Custer & Pitelka, 1975). Vor der Untersuchung habe ich die Mägen aufgetaut, aufgeschnitten und den Inhalt in Alkohol konserviert. Die Bestimmung der darin enthaltenen Nahrungsreste sowie deren Einteilung in Gruppen erfolgte nach dem gleichen Schema wie bei den Gewöllen (vgl. 2.2.2.).

Der in Alkohol konservierte Mageninhalt wurde gut geschüttelt und einen Teil davon dekantiert. Anschliessend wurden einige Körnchen Pikrinsäure (CAS 88-89-1) zugegeben, um allfällig vorhandene Regenwurmborsten anzufärben. Die so entstandene Lösung wurde von mir mit einer Stereolupe mit 50-facher Vergrösserung auf das Vorhandensein von Regenwurm-borsten untersucht (Studer-Thiersch, 1984). Ich konnte jedoch keine angefärbten Regenwurm-borsten finden, weshalb ich bei einem ganzen Regenwurm, welcher in einem der Mägen gefunden wurde, die Pikrinsäure anwendete, um zu testen, wie sich die Borsten verfärben. Ich habe festgestellt, dass die Borsten durch diese Säure gelb verfärbt und gut sichtbar werden. Somit konnte ich aufzeigen, dass sich in den Mägen keine Borsten von Regenwürmern befanden.

2.2.4. Unverdauliche Materialien

Sämtliche unverdaulichen Nahrungsreste werden in Form von Gewöllen ein- bis zweimal am Tag wieder ausgeschieden, wobei eine blassgraue Färbung auf Nagetiere und eine ziegelrote Färbung auf Insekten hinweist. Die durchsichtigen Teile von Insekten sind zudem gut erkennbar. Die Gewölle setzen sich hauptsächlich aus Fell- und Knochenstücken von Nagetieren, Knochen von Vögeln, Fröschen oder Schlangen, Teilen von Schneckenhäusern und die

chitinhaltigen Teile von Insekten zusammen. Auch Regenwürmer können in Gewöllen dank deren Borsten auffindig gemacht werden. Weiter können Gewölle Pflanzenfasern und -samen, Erde, Steine, Kirschsteine und Eierschalen enthalten. Die pflanzlichen Teile werden nicht als Nahrung aufgenommen, sondern als Hilfsstoff, um die Gewölle zu bilden. Der Anteil an Sand stammt aus den Regenwürmern (Van Nieuwenhuyse et al., 2008).

2.2.5. Berechnung der Biomasse

Da nicht die Menge der Beutetiere sondern ihre Biomasse für die aufgenommene Energie entscheidend ist, habe ich die Biomasse der gefütterten Beute berechnet. Dazu wurde die Anzahl der gefütterten Beutetiere mit deren jeweiligen Gewicht multipliziert. Das Gewicht der einzelnen Tiere wurde mit Hilfe entsprechender Literatur festgelegt (Steenhof, 1983; persönliche Mitteilung Prof. Dr. Wolfgang Nentwig, Universität Bern, 2012) oder – wo sich keine Angaben finden liessen – geschätzt (vgl. Tab. 3).

Tab. 3: Feuchtgewichte der einzelnen Beutetiere.

Tier	Feuchtgewicht in Gramm	Quelle
Ohrwurm	0.5	Schätzung
Insekt	0.5	Schätzung
Regenwurm	10	Schätzung
Wurm	5	Schätzung
Falter	0.006	Nentwig, persönl. Mitteilung
Käfer	0.002	Nentwig, persönl. Mitteilung
Heupferd	0.005	Nentwig, persönl. Mitteilung
Raupe / Insektenlarve	1	Schätzung
Weberknecht / Spinne	0.003	Nentwig, persönl. Mitteilung
Mücke	0.0002	Nentwig, persönl. Mitteilung
Eidechse	15	Steenhof, 1983
Schlange	15	Steenhof, 1983
Vogel	20	Steenhof, 1983
Maus	20	Steenhof, 1983

2.3. Statistische Auswertung

Die gesammelten Daten wurden mit Hilfe des Programms R 2.14.0 für Mac ausgewertet (R Development Core Team, 2011; Crawley, 2011). Die R-Codes befinden sich in ANHANG A bis ANHANG E.

Die Daten wurden in drei Schritten analysiert:

- Um die Unterschiede in der Zusammensetzung der Anzahl sowie der Biomassen der Beutetiere zwischen den Habitaten, den Varianten der Zufütterung und dem Geschlecht des adulten Tieres sowie der einzelnen Auswertungsmethoden (Analyse der Fotofallenbilder, Gewöll- und Magenanalyse) zu untersuchen, wurden χ^2 -Tests angewendet.
- Um die Unterschiede der Fütterungsraten der einzelnen Nestboxen zu prüfen, wurden die gefütterten Tiere gezählt. Da pro Nestbox 3 mal 24 Stunden Fotomaterial ausge-

- wertet wurde, erhielt ich dadurch die Fütterungsrate für 72 Stunden. Diese Zahlen wurden mit Hilfe des Shapiro-Wilkinson-Tests und des Kolmogorov-Smirnov-Tests auf ihre Normalverteilung geprüft und mit einer einfaktoriellen Varianzanalyse jeweils für die Faktoren Habitat und Zufütterung getestet. Die zum Teil nicht normalverteilten Daten wurden mit Hilfe der Wurzeltransformation transformiert und anschliessend nochmals geprüft, woraufhin die Normalverteilung bestätigt werden konnte (Sachs, 1992).
- Bei den insgesamt 1170 analysierten Anflügen war bei 748 nicht erkennbar, ob es sich um ein Männchen oder Weibchen handelt. Der Datensatz zur Auswertung der Unterschiede zwischen den Geschlechtern reduziert sich somit um diese Anzahl. Von total 20 Nestboxen war bei 11 das Geschlecht erkennbar, 9 Datensätze fielen somit weg.

3. Resultate

3.1. Analyse der Fotofallenbilder

3.1.1. Beutespektrum und Fütterungsraten generell

Insgesamt wurden bei den 20 Brutten in 3 Tagen 1170 Anflüge auf 26'330 Bildern registriert. Die Anzahl Anflüge war zwischen den einzelnen Brutten sehr unterschiedlich, obwohl die Brutten eine ähnliche Jungenzahl und das gleiche Alter der Nestlinge aufwiesen (Mittelwert pro Brut: 59; SD = 55; min. pro Brut = 6; max. pro Brut = 222).

Bei 38.6% der Anflüge (total: $n = 1170$) konnte die Art der Beute nicht erkannt werden. Bei weiteren 33.7% der Anflüge ($n = 394$) war zwar der Schnabel des Tieres erkennbar, jedoch befand sich darin kein Beutetier oder dieses war so klein, dass es nicht erkennbar war (vgl. Abb. 1). Somit ergaben nur 27.8% der registrierten Anflüge eine identifizierte Beute. Betrachtet man nur die erkannten Beutetiere, so sieht man, dass am meisten Mäuse (33.5%, $n = 109$) gefüttert wurden. Anschliessend folgen 26.5% Regenwürmer ($n = 86$), 22.8% Heuschrecken ($n = 74$), 9.5% Andere Insekten Imagines ($n = 31$), 6.8% Insektenlarven ($n = 22$) und 0.9% Andere Wirbeltiere ($n = 3$) (vgl. Abb. 2).

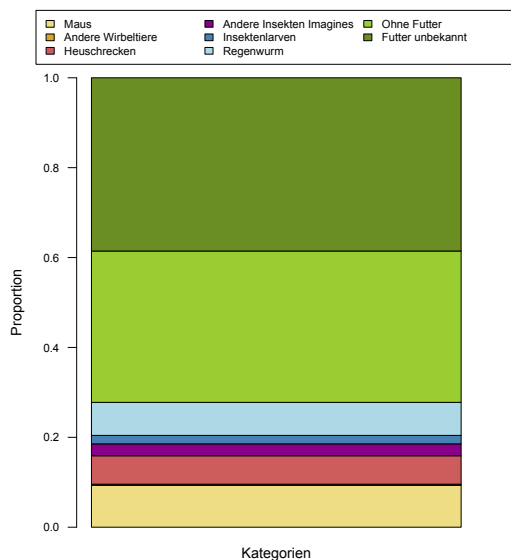


Abb. 1: Proportionale Verteilung der Beutetiere der Fotofallenbilder total.

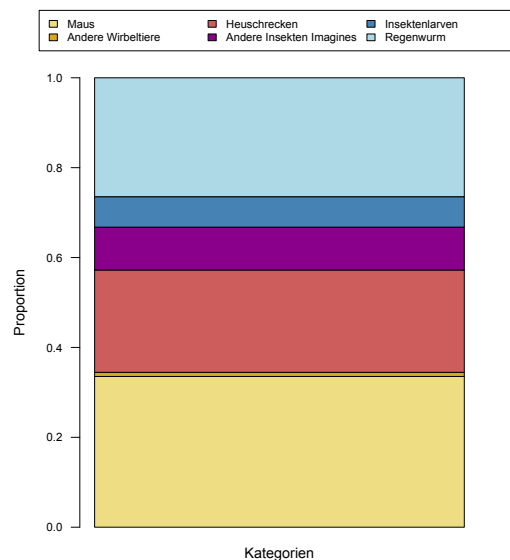


Abb. 2: Proportionale Verteilung der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder.

Betrachtet man die einzelnen Beutetiere innerhalb der Beutekategorien, so wurden 33.5% Mäuse gefüttert ($n = 109$). Anschliessend folgen 26.5% Regenwürmer ($n = 86$) und 22.8% Heupferde ($n = 74$), 6.5% Insekten ($n = 21$), 1.9% Käfer ($n = 6$), sowie 1.2% Falter ($n = 6$). Jeweils nur 0.3% ($n = 1$) machen Vögel, Eidechsen sowie Schlangen resp. Blindschleichen aus.

In Bezug auf die Biomasse der gefütterten Beutekategorien machen Mäuse einen Anteil von 70.8% aus, gefolgt von den Regenwürmern mit 25.4%. Im Vergleich zur effektiven Anzahl gefütterter Tiere verlieren Andere Insekten Imagines (0.3%) und Heuschrecken (0.01%) an Bedeutung (total: 3530.9g Biomasse) (vgl. Abb. 3).

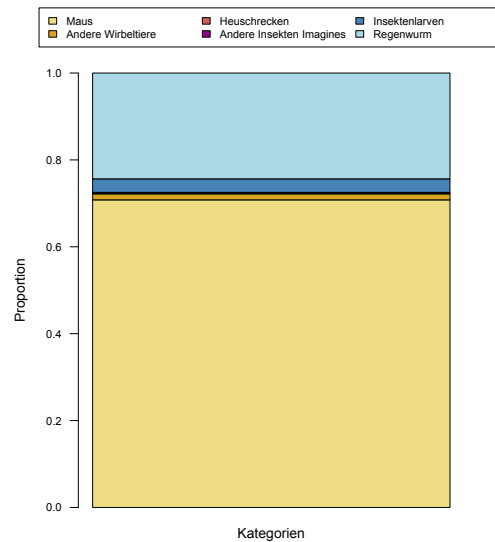


Abb. 3: Proportionale Verteilung der Biomasse der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder.

Von insgesamt 1170 Anflügen war der Anteil der Anflüge ohne Futter sowie mit unbekanntem Futter am höchsten (Mittelwerte: ohne Futter = 19.7, $\pm$ 17.6 SD; Futter unbekannt = 22.6, $\pm$ 15.2 SD). Am häufigsten wurden Mäuse und Heuschrecken gebracht (Mittelwerte: Mäuse = 5.45, $\pm$ 5.3 SD; Heuschrecken = 3.7, $\pm$ 4.3 SD) (vgl. Abb. 4).

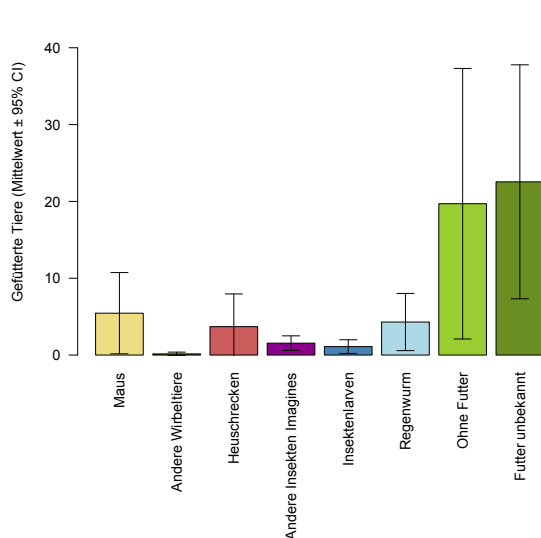


Abb. 4: Vergleich der Beutekategorien der Fotofallenbilder.

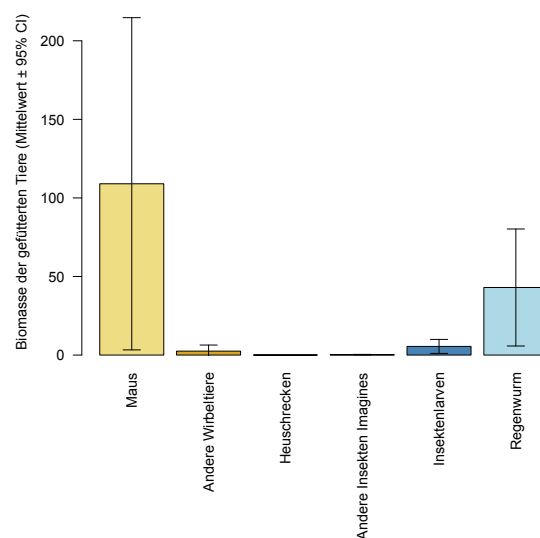


Abb. 5: Vergleich der Biomasse der identifizierten Beutekategorien der Fotofallenbilder.

Insgesamt wurden Beutetiere mit einer Biomasse von 3530.9g gefüttert. Vergleicht man die Biomassen miteinander, so wird ersichtlich, dass insgesamt am meisten Biomasse an Mäusen gefüttert wurde (Mittelwert: Mäuse = 109.0g, $\pm$ 105.7g SD). An zweiter Stelle standen die Regenwürmer (Mittelwert: Regenwurm = 43.0g, $\pm$ 37.2g SD). Die übrigen Kategorien machten nur noch einen verschwindend kleinen Anteil aus (vgl. Abb. 5).

3.1.2. Unterschiede in Bezug auf das Habitat

Die Zusammensetzung des Beutespektrums unterschied sich nicht signifikant zwischen den beiden Habitaten (total: $\chi^2 = 9.49$, $p = 0.22$; nur bekannte Beutetiere: $\chi^2 = 5.43$, $p = 0.37$). Allerdings tendierten Bruten im Grünland zu einem höheren Anteil an Mäusen (35.1%, $n = 80$) und Heuschrecken (24.6%, $n = 56$) als Bruten im Ackerland, während Bruten im Ackerland eher einen höheren Anteil an Regenwürmern (33.0%, $n = 32$) und Insekten-Imagines (12.4%, $n = 12$) aufwiesen (vgl. Abb. 6 und Abb. 7).

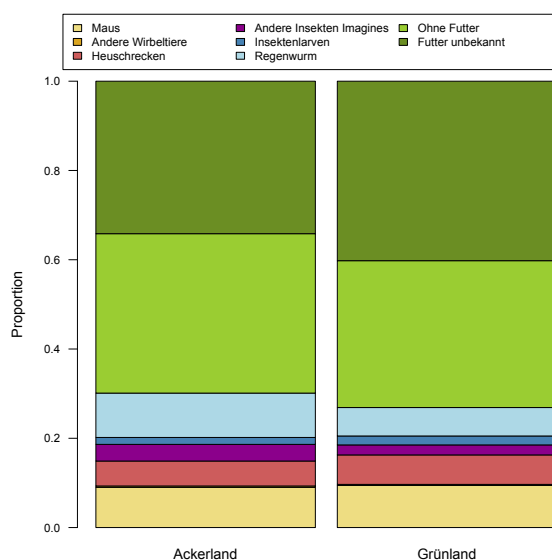


Abb. 6: Proportionale Verteilung der Beutetiere der Fotofallenbilder total aufgeteilt auf das Habitat (Ackerland und Grünland).

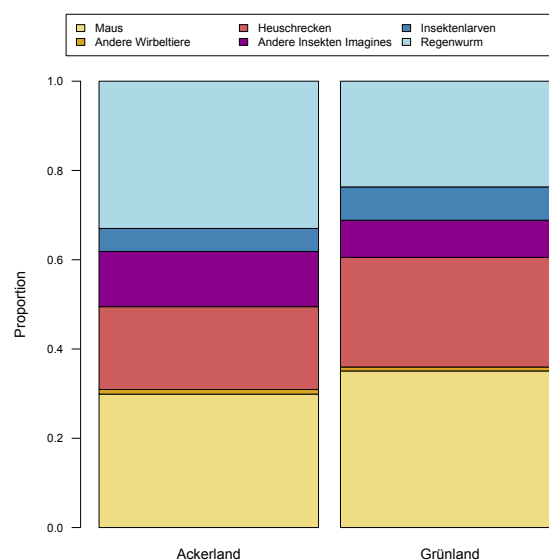


Abb. 7: Proportionale Verteilung der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder aufgeteilt auf das Habitat (Ackerland und Grünland).

Betrachtet man die Biomasse aufgeteilt auf das Habitat, so machen im Ackerland die Regenwürmer einen Anteil von 33.7% und im Grünland einen Anteil von 23.1% aus. Umgekehrt wurde im Grünland mehr Biomasse an Mäusen gefüttert (70.8%) als bei Bruten im Ackerland (61.0%) (Biomasse: Ackerland = 950.6g; Grünland = 2260.3g) (vgl. Abb. 8).

Dadurch, dass Mäuse die grösste Biomasse liefern, konnte im Gegensatz zu den effektiven Anzahlen bei der Biomasse ein signifikanter Unterschied in der Nahrungszusammensetzung zwischen den beiden Habitaten festgestellt werden ($\chi^2 = 40.95$, $p < 0.001$).

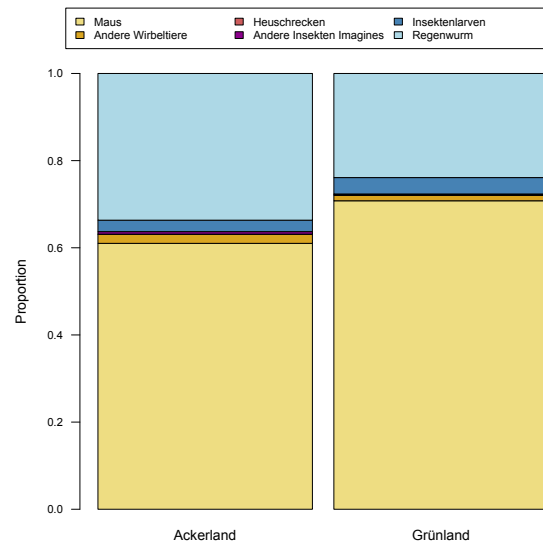


Abb. 8: Proportionale Verteilung der Biomasse der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder aufgeteilt auf das Habitat (Ackerland und Grünland).

Die Fütterungsrate von Steinkauzpaaren war im Grünland signifikant höher als im Ackerland (total: $F_{1,18} = 5.72$, $p = 0.03$; nur bekannte Beutetiere: $F_{1,18} = 4.98$, $p = 0.04$). Dabei machte es keinen Unterschied, ob die Kategorien „Ohne Futter“ und „Futter unbekannt“ in die Analyse miteinbezogen wurden (vgl. Abb. 9) oder nicht (vgl. Abb. 10).

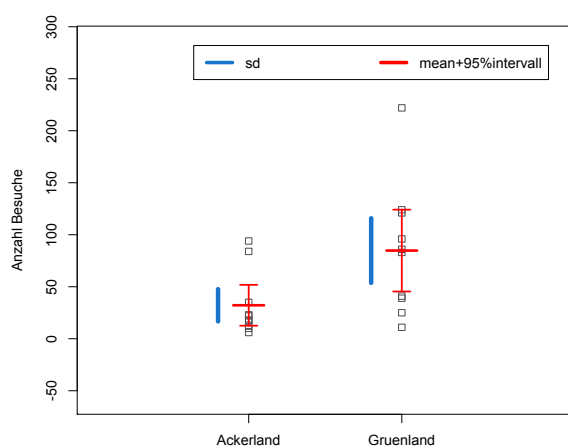


Abb. 9: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit Beutetieren total) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Habitattypen Ackerland und Grünland.

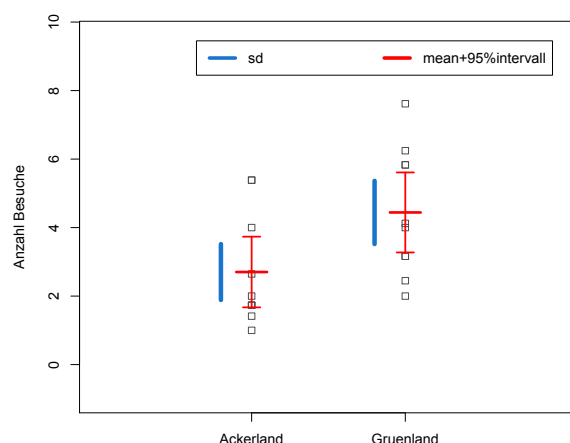


Abb. 10: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit identifizierten Beutetieren) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Habitattypen Ackerland und Grünland.

Sämtliche Mittelwerte der Beutekategorien der Fütterungsraten für das Grünland sind signifikant höher als diejenige für das Ackerland, d.h. dass im Grünland (total 859 Anflüge) mehr als doppelt so oft ein Anflug stattgefunden hat, wie im Ackerland (total 327 Anflüge). Im

Grünland war zudem auch der Anteil der Anflüge ohne Futter (Mittelwerte: Ackerland = 11.7, ± 8.4 SD; Grünland = 27.9, ± 23.0 SD) sowie der Anflüge mit unbekanntem Futter mehr als doppelt so hoch (Mittelwerte: Ackerland = 11.0, ± 6.5 SD; Grünland = 34.1, ± 18.1 SD). In beiden Habitaten wurden am häufigsten Mäuse gefüttert (Mittelwerte: Ackerland = 3.9, ± 3.1 SD; Grünland = 9.1, ± 6.9 SD) (vgl. Abb. 11).

Vergleicht man die Fütterungsraten der Biomassen in Bezug auf das Habitat miteinander, so wird ersichtlich, dass im Grünland mehr Biomasse an Mäusen gefüttert wurden als im Ackerland (Mittelwerte: Ackerland = 58g, ± 62.9 g SD; Grünland = 160.0g, ± 131.6 g SD). Auch die Regenwürmer fielen im Grünland mehr ins Gewicht (Mittelwerte: Ackerland = 32.0g, ± 46.6 g SD; Grünland = 54.0g, ± 25.3 g SD). Die übrigen Kategorien machten nur noch einen verschwindend kleinen Anteil aus. Insgesamt wurde im Grünland 2.4 mal mehr Biomasse gefüttert als im Ackerland (total Biomasse: Ackerland = 94.4g; Grünland = 226.2g) (vgl. Abb. 12).

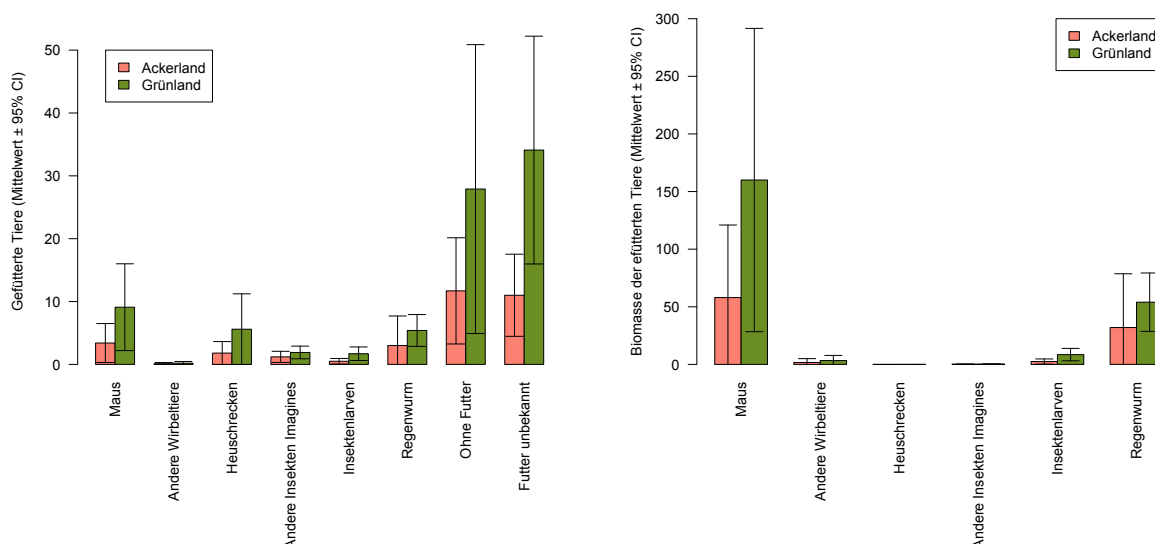


Abb. 11: Vergleich der Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf das Habitat (Ackerland und Grünland).

Abb. 12: Vergleich der Biomasse der identifizierten Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf das Habitat (Ackerland und Grünland).

3.1.3. Unterschiede in Bezug auf die Zufütterung

Die Zusammensetzung des Beutespektrums unterschied sich signifikant zwischen den Varianten der Zufütterung (total: $\chi^2 = 53.43$, $p < 0.001$; nur bekannte Beutetiere: $\chi^2 = 41.23$, $p < 0.001$). Die zugefütterten Bruten fütterten einen höheren Anteil an Mäusen (41.2%, $n = 68$) und Regenwürmern (32.1%, $n = 53$) als die nicht zugefütterten Bruten, während nicht zugefütterten Bruten einen höheren Anteil an Heuschrecken (35.6%, $n = 57$) aufwiesen (vgl. Abb. 13 und Abb. 14).

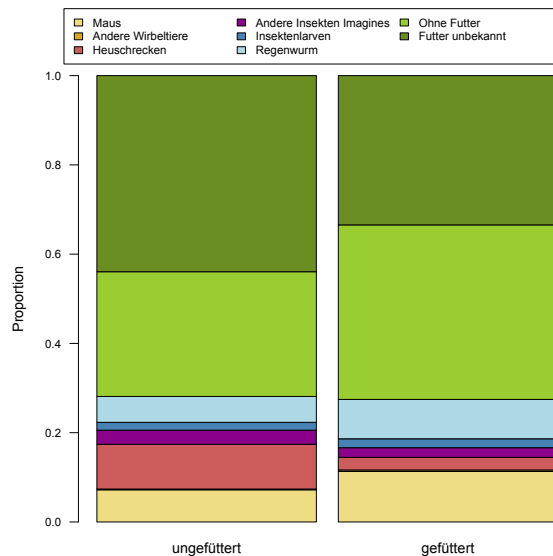


Abb. 13: Proportionale Verteilung der Beutetiere der Fotofallenbilder total aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (ungefüttert und gefüttert).

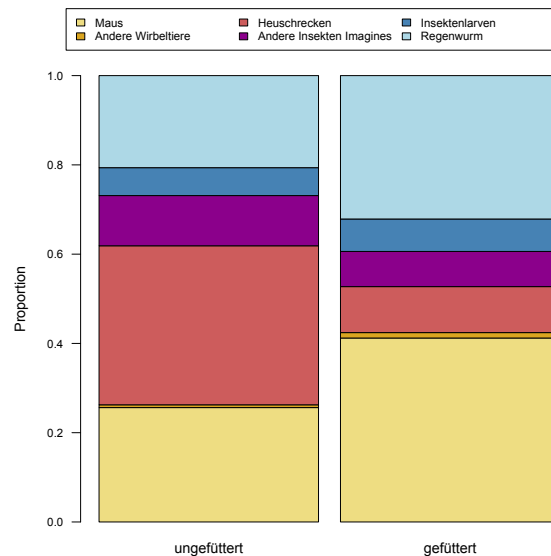


Abb. 14: Proportionale Verteilung der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (ungefüttert und gefüttert).

Die Zusammensetzung des Beutespektrums der Biomasse unterschied sich in Bezug auf die Variante der Zufütterung signifikant ($\chi^2 = 72.39$, $p < 0.001$). Bei den zugefütterten Bruten waren die Mäuse etwas wichtiger als bei nicht zugefütterten Bruten (gefüttert: 85.1%; ungefüttert: 78.2%). Bei nicht zugefütterten Bruten wurde mehr Biomasse an Heupferden gefüttert (gefüttert: 1.6%; ungefüttert: 8.2%). Bei beiden Varianten war der Anteil der Biomasse an Regenwürmern etwa gleich gross (gefüttert: 9.9%; ungefüttert: 9.4%) (Biomasse: ungefüttert = 1048.3g; gefüttert = 1597.7g) (vgl. Abb. 15). Dadurch, dass die Mäuse den Hauptanteil an der Biomasse ausmachten, schwächten sich die signifikanten Unterschiede im Anteil der Beutetierzahlen etwas ab.

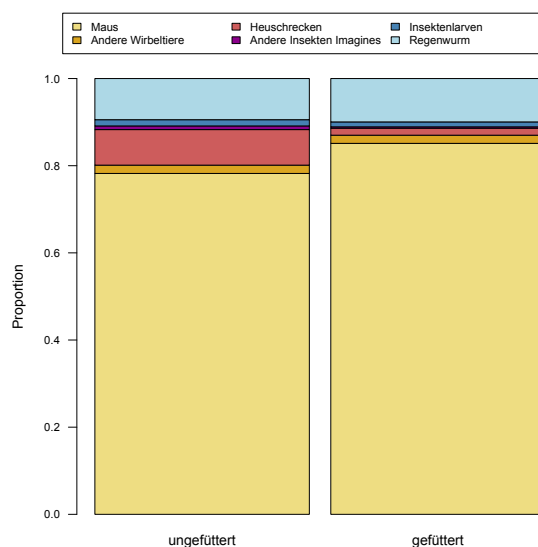


Abb. 15: Proportionale Verteilung der Biomasse der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (ungefüttert und gefüttert).

Die Fütterungsrate unterschied sich nicht signifikant zwischen den gefütterten und ungefütterten Bruten (total: $F_{1,18} = 0.33$, $p = 0.6$; nur bekannte Beutetiere: $F_{1,18} = 0.02$, $p = 0.9$). Dabei machte es keinen Unterschied, ob die Kategorien „Ohne Futter“ und „Futter unbekannt“ in die Analyse miteinbezogen wurden (vgl. Abb. 16) oder nicht (vgl. Abb. 17).

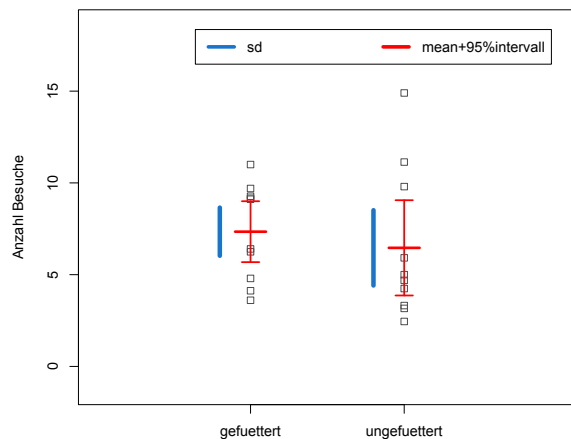


Abb. 16: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit Beutetieren total) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (gefüttert und ungefüttert).

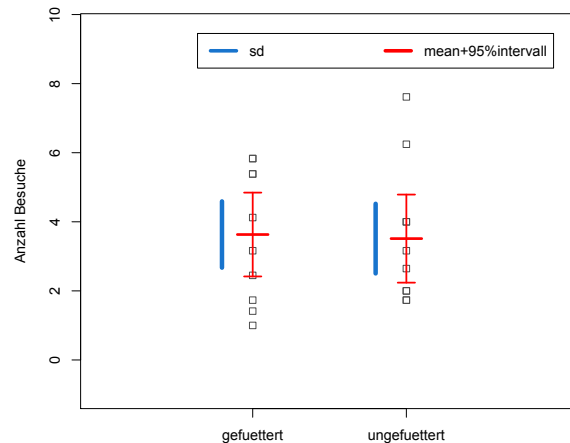


Abb. 17: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit identifizierten Beutetieren) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (gefüttert und ungefüttert).

Zugefütterte Bruten (total 617 Anflüge) wurden etwas häufiger angefliegen, als nicht zugefütterte Bruten (total 569 Anflüge). Zugefütterte Bruten erhielten zudem etwa doppelt so häufig Mäuse (Mittelwerte: zugefüttert = 8.4, $\pm$ 6.2 SD; nicht zugefüttert = 4.1, $\pm$ 4.7 SD) und Regenwürmer (Mittelwerte: zugefüttert = 5.3, $\pm$ 4.7 SD; nicht zugefüttert = 3.3, $\pm$ 2.4 SD) als Bruten ohne Zufütterung, während Bruten ohne Zufütterung häufiger Heuschrecken (Mittelwerte: zugefüttert = 1.7, $\pm$ 1.7 SD; nicht zugefüttert = 5.7, $\pm$ 2.3 SD) und Andere Insekten Imagines (Mittelwerte: zugefüttert = 1.3, $\pm$ 1.0 SD; nicht zugefüttert = 1.8, $\pm$ 0.9 SD) erhielten (vgl. Abb. 18). Trotz der fehlenden signifikanten Unterschiede bei den Fütterungsraten (vgl. Abb. 16 und Abb. 17) wurden bei Bruten ohne Zufütterung nicht nur relativ sondern auch absolut mehr Heuschrecken und weniger Mäuse gefüttert.

Vergleicht man die Fütterungsraten der Biomassen in Bezug auf die Variante der Zufütterung miteinander, so wird ersichtlich, dass bei den zugefütterten Bruten mehr Biomasse an Mäusen gefüttert wurde als bei der nicht zugefütterten Variante (Mittelwerte: zugefüttert = 136.0g, $\pm$ 117.3g SD; nicht zugefüttert = 82.0g, $\pm$ 95.9g SD). Auch die Regenwürmer fielen bei der zugefütterten Variante mehr ins Gewicht (Mittelwerte: zugefüttert = 53.0g, $\pm$ 47.6g SD; nicht zugefüttert = 33.0g, $\pm$ 23.9g SD). Die übrigen Kategorien werden verschwindend klein. Bei den zugefütterten Nestboxen wurde insgesamt 1.6 mal mehr Biomasse gefüttert, als bei den nicht zugefütterten Nestboxen (total Biomasse: zugefüttert = 198.6g; nicht zugefüttert = 120.3g) (vgl. Abb. 19).

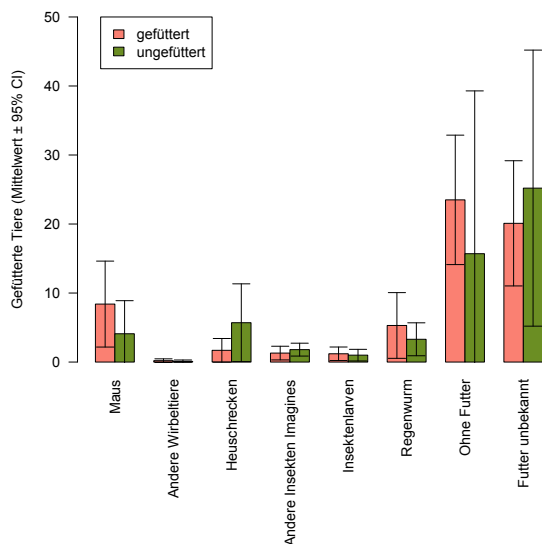


Abb. 18: Vergleich der Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (ungefüttert und gefüttert).

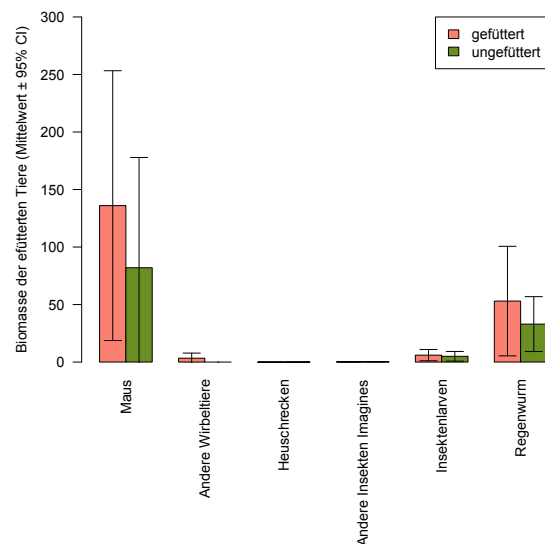


Abb. 19: Vergleich der Biomasse der identifizierten Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf die Zufütterung der Nestboxen (ungefüttert und gefüttert).

3.1.4. Unterschiede in Bezug auf das Geschlecht

Weibchen brachten mehr Mäuse (48.9%, $n = 46$) und kamen häufiger ohne Beute ans Nest (44.5%, $n = 117$) als Männchen. Männchen fütterten dagegen mehr Regenwürmer (31.1%, $n = 23$) (vgl. Abb. 20 und Abb. 21).

Die Zusammensetzung des Beutespektrums in Bezug auf das Geschlecht unterschied sich signifikant (total: $\chi^2 = 19.40$, $p = 0.01$; nur bekannte Beutetiere: $\chi^2 = 11.05$, $p = 0.05$).

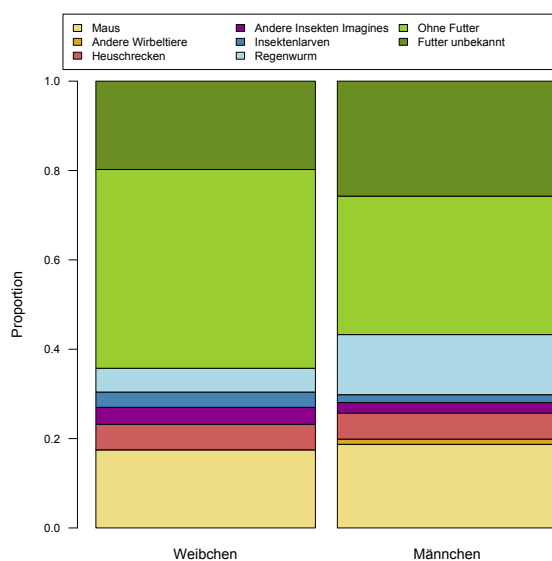


Abb. 20: Proportionale Verteilung der Beutetiere der Fotofallenbilder total aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

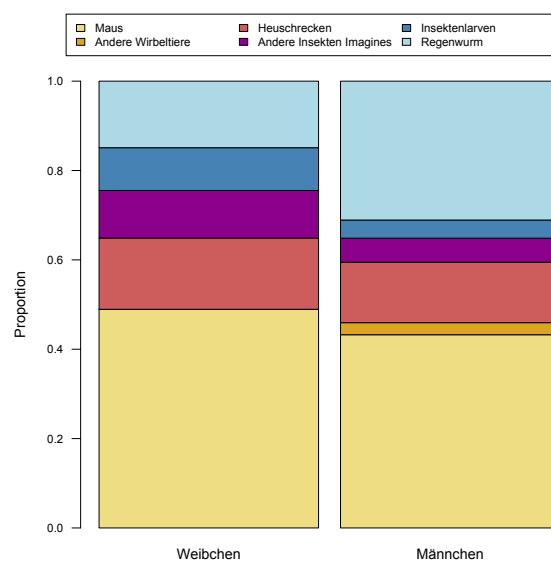


Abb. 21: Proportionale Verteilung der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

Die Zusammensetzung des Beutespektrums der Biomasse unterschied sich in Bezug auf die Variante der Zufütterung signifikant ($\chi^2 = 91.80$, $p < 0.001$). Bei der Biomasse in Bezug auf das Geschlecht ist ersichtlich, dass sowohl beim Männchen als auch beim Weibchen der Anteil an Mäusen (Männchen: 66.7%; Weibchen: 80.7%) und Regenwürmern (Männchen: 27.4%; Weibchen: 14.9%) überwog (Biomasse: Weibchen = 941.8g; Männchen = 839.1g) (vgl. Abb. 22).

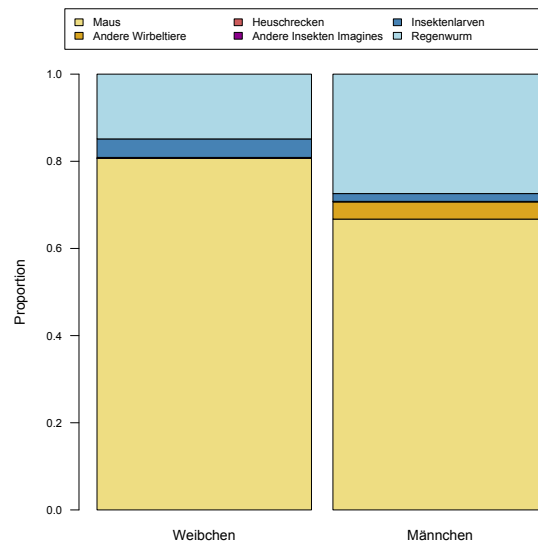


Abb. 22: Proportionale Verteilung der Biomasse der identifizierten Beutetiere der Fotofallenbilder auf das Geschlecht des adulten Tieres.

Die Fütterungsrate unterschied sich zwischen den beiden Geschlechtern nicht signifikant (total: $F_{1,18} = 0.01$, $p = 0.91$; nur bekannte Beutetiere: $F_{1,18} = 0.31$, $p = 0.56$). Dabei machte es keinen Unterschied, ob die Kategorien „Ohne Futter“ und „Futter unbekannt“ in die Analyse miteinbezogen wurden (vgl. Abb. 23) oder nicht (vgl. Abb. 24).

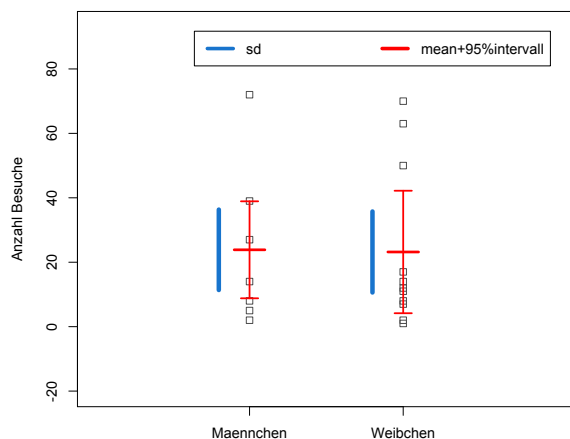


Abb. 23: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit Beutetieren total) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

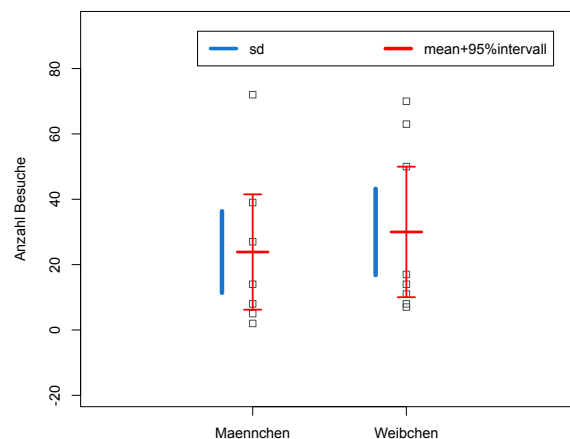


Abb. 24: Fütterungsrate (Anzahl Anflüge mit identifizierten Beutetieren) der Fotofallenbilder aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

Obwohl sich die Fütterungsraten zwischen den Geschlechtern nicht signifikant unterschieden (vgl. Abb. 23 und Abb. 24), flogen Männchen 1.5 mal weniger (total 167 Anflüge) als Weibchen (total 253 Anflüge) ans Nest. Weibchen besuchten das Nest häufiger ohne Beute (Mittelwerte: Männchen = 5.3, $\pm$ 5.4 SD; Weibchen = 11.6, $\pm$ 8.2 SD) resp. mit unbekannter Beute (Mittelwerte: Männchen = 4.4, $\pm$ 4.7 SD; Weibchen = 5.1, $\pm$ 3.1 SD) als Männchen. Männchen brachten häufiger Regenwürmer (Mittelwerte: Männchen = 2.3, $\pm$ 4.1 SD; Weibchen = 1.4, $\pm$ 1.0 SD) als Weibchen, während Weibchen häufiger Mäuse (Mittelwerte: Männchen = 2.8, $\pm$ 3.1 SD; Weibchen = 3.8, $\pm$ 3.4 SD) und Andere Insekten Imagines (Mittelwerte: Männchen = 0.4, $\pm$ 0.3 SD; Weibchen = 1.0, $\pm$ 0.7 SD) als Männchen brachten (vgl. Abb. 25).

Vergleicht man die Fütterungsraten der Biomassen in Bezug auf das Geschlecht der adulten Tiere miteinander, so wird ersichtlich, dass Weibchen mehr Biomasse an Mäusen fütterten als Männchen (Mittelwerte: Männchen = 56.0g, $\pm$ 61.3g SD; Weibchen = 76g, $\pm$ 69.0g SD). Männchen fütterten hingegen mehr Biomasse an Regenwürmern als Weibchen (Mittelwerte: Männchen = 23.0g, $\pm$ 41.6g SD; Weibchen = 14.0g, $\pm$ 10.0g SD). Die übrigen Kategorien werden verschwindend klein. Männchen brachten somit nur 89% der von Weibchen gefütterten Biomasse ans Nest (total Biomasse: Männchen = 83.9g; Weibchen = 94.2g) (vgl. Abb. 26).

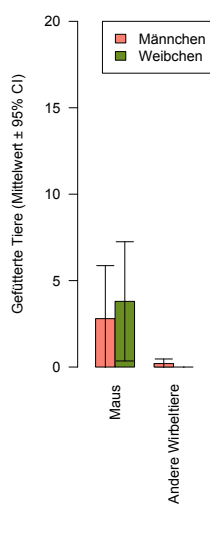


Abb. 25: Vergleich der Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

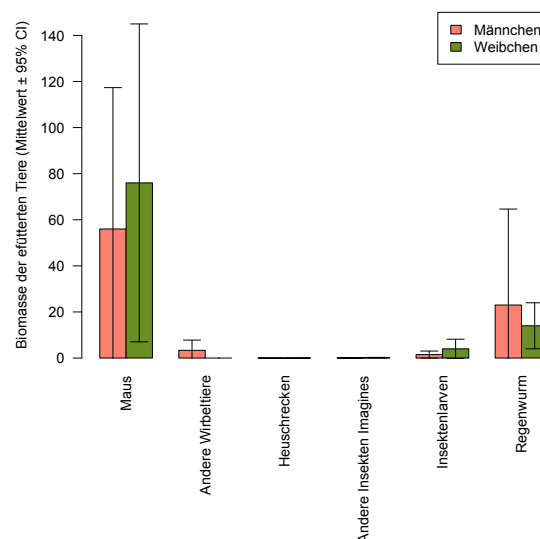


Abb. 26: Vergleich der Biomasse der identifizierten Beutekategorien der Fotofallenbilder in Bezug auf die Fütterungsrate aufgeteilt auf das Geschlecht des adulten Tieres.

3.2. Analyse der Mägen und Gewölle

In den Mägen wurden 85.7% Andere Insekten Imagines gefunden ($n = 48$). Die Mäuse machten lediglich 7.1% ($n = 4$), die Insektenlarven und Regenwürmer je 3.6% ($n = 2$) aus (vgl. Abb. 27).

Bei der Gewöllanalyse machten ebenfalls Andere Insekten Imagines den grössten Anteil aus (66.3%, $n = 63$). An zweiter Stelle stehen die Mäuse mit 25.26% ($n = 24$), gefolgt von den Insektenlarven (4.2%, $n = 4$) und den Regenwürmern (0.1%, $n = 1$) (vgl. Abb. 28).

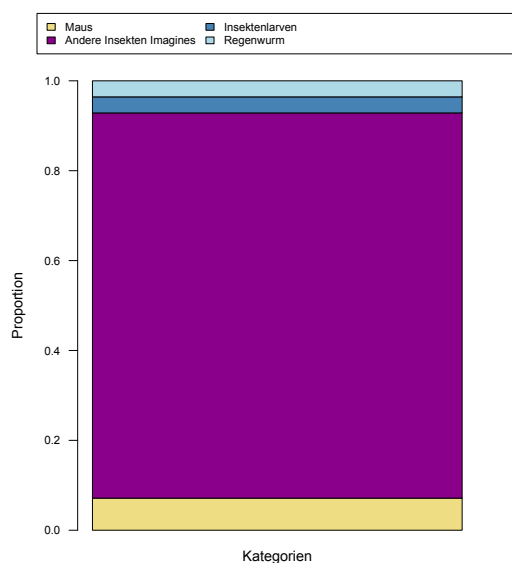


Abb. 27: Proportionale Zusammenstellung der Beutetiere der Magenanalyse.

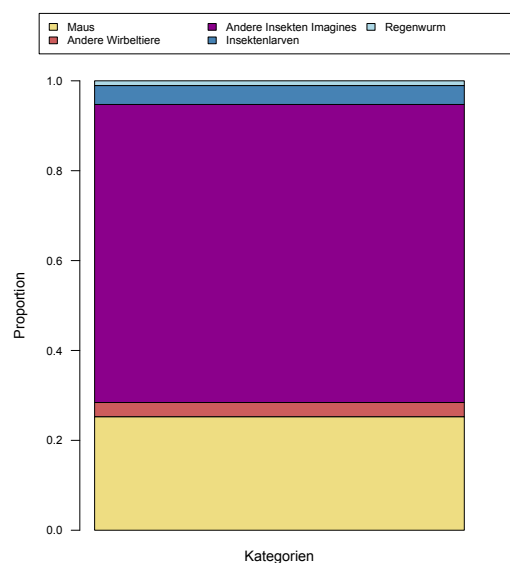


Abb. 28: Proportionale Zusammenstellung der Beutetiere der Gewöllanalyse.

Betrachtet man die einzelnen Beutetiere der Magenanalyse, so wird ersichtlich, dass 48.2% Laufkäfer ($n = 27$) sowie 28.6% Ohrwürmer ($n = 16$) gefressen wurden. Anschliessend folgen 7.1% Mäuse ($n = 4$), die nur einen kleinen Teil der Beute ausmachten. Bei der Gewöllanalyse wurden 40.4% Ohrwürmer ($n = 38$), gefolgt von 20.2% Feldmäusen (*Microtus arvalis*) ($n = 19$) und 14.9% Laufkäfern ($n = 14$) gefunden. Kategorisiert man die Beutetiere der Magenanalyse, so wurden am meisten Andere Insekten Imagines (85.7%, $n = 48$), gefolgt von 7.1% Mäusen ($n = 4$), 3.6% Insektenlarven ($n = 2$) und 3.6% Regenwürmer ($n = 2$) gefunden. Bei den Kategorien der Gewöllanalyse waren ebenfalls Andere Insekten Imagines mit 66.3% am meisten vertreten ($n = 63$). Anschliessend folgen 25.3% Mäuse ($n = 24$), 4.2% Insektenlarven ($n = 4$), 3.2% Andere Wirbeltiere ($n = 3$) und 1.1% Regenwürmer ($n = 1$).

Betrachtet man die Biomasse der Magenanalyse, so erkennt man die Wichtigkeit der Mäuse (67.7%). Die restlichen drei Kategorien waren weniger bedeutend (Regenwurm: 16.9%; Insektenlarven: 8.5%; Andere Insekten Imagines: 6.9%; total Biomasse Magenanalyse = 118.2g). Beim Vergleich der Biomasse mit den effektiven Anzahlen sieht man, dass die Mäuse viel wichtiger waren und Andere Insekten Imagines stark an Bedeutung verloren haben. Auch bei der Biomasse der Gewöllanalyse waren die Mäuse am wichtigsten (84.1%).

Die übrigen Beutekategorien waren nur mit einem sehr kleinen Anteil vertreten (Andere Wirbeltiere: 8.8%; Insektenlarven: 3.5%; Andere Insekten Imagines: 1.9%; Regenwurm: 1.8%) (total Biomasse Gewöllanalyse = 570.8g). Auch hier hat eine Verschiebung der Wichtigkeit von Andere Insekten Imagines hin zu den Mäusen stattgefunden.

3.3. Vergleich der Analyse der Fotofallenbilder, Mageninhalte und Gewölle

Auf den Fotofallenbildern wurden mehr Mäuse (33.5%, $n = 109$), Regenwürmer (26.5%, $n = 86$) und Heuschrecken (22.8%, $n = 74$) entdeckt, als bei den Magen- und Gewöllanalysen. Andere Insekten Imagines dominierten bei den Gewöllen (66.3%, $n = 63$) und bei den Mägen (85.7%, $n = 48$). Bei den Fotofallenbildern war der Anteil an Käfer im Vergleich zu den anderen Methoden sehr gross, wobei dieser Unterschied bei Betrachtung der Biomassen in den Hintergrund tritt. Mäuse scheinen bei allen Auswertungsmethoden, d.h. in Bezug auf Alter und Erhebungszeitpunkt, das wichtigste Beutetier zu sein, das zudem am meisten Energie liefert (vgl. Abb. 29 und Abb. 30). Die Zusammensetzung des Beutespektrums in Bezug auf die drei Auswertungsmethoden unterschied sich signifikant ($\chi^2 = 230.59$, $p = < 0.001$).

Betrachtet man die Biomasse der drei Untersuchungsmethoden, so bekommen die Mäuse bei allen Varianten ein viel stärkeres Gewicht (Foto: 61.7%; Gewöll: 84.1%; Magen: 67.7%) (total Biomasse Analyse Fotofallen = 3530.9g; Gewöllanalyse = 570.8g; Magenanalyse = 118.2g) (vgl. Abb. 30). Die Zusammensetzung der Biomasse in Bezug auf die drei Auswertungsmethoden unterschied sich signifikant ($\chi^2 = 363.01$, $p = < 0.001$).

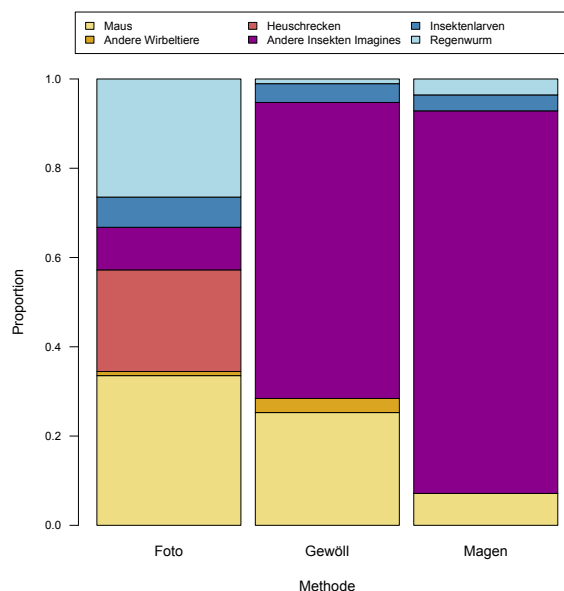


Abb. 29: Vergleich der gefütterten Tiere aufgeteilt auf die drei Untersuchungsmethoden.

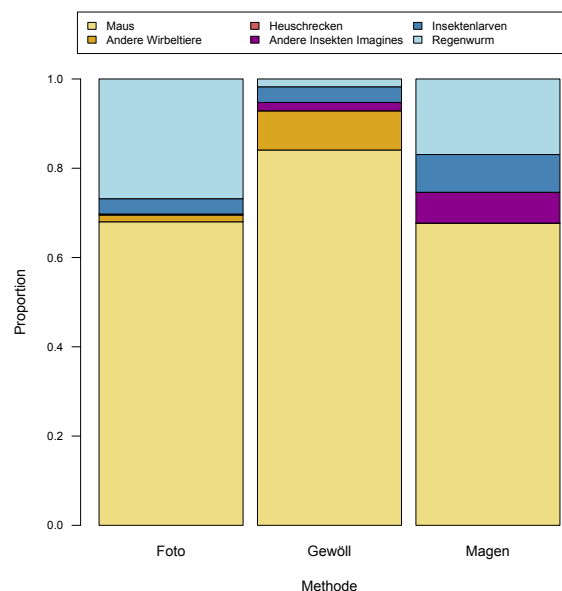


Abb. 30: Biomasse der gefütterten Tiere aufgeteilt auf die drei Untersuchungsmethoden.

3.4. Unverdauliche Materialien

Die einzigen unverdaulichen Materialien, welche bei der Magen- und Gewöllanalyse gefunden wurden, sind Steine mit einer Grösse von durchschnittlich 3mm.

4. Diskussion

4.1. Unterschiede zwischen Grünland und Ackerland

Die vorliegende Untersuchung hat gezeigt, dass der Unterschied des Beutespektrums zwischen Grünland und Ackerland nicht signifikant war. Bei Bruten, die mehrheitlich von Grünland umgeben sind, wurden jedoch mehr Mäuse und Heuschrecken gefüttert und bei Bruten, die mehrheitlich von Ackerland umgeben sind, überwog der Anteil an Regenwürmer und Insekten. Betrachtet man die Biomasse in Bezug auf das Habitat, so waren die Regenwürmer zwar im Ackerland wichtiger als im Grünland, jedoch überwog in beiden Habitaten der Anteil an Mäusen. Bei der Fütterungsrate konnte hingegen ein signifikanter Unterschied zwischen Bruten in den beiden Habitaten festgestellt werden. Bei Bruten im Grünland wurde durchschnittlich mehr gefüttert als bei Bruten im Ackerland. Bruten im Grünland wurden mit mehr Beutetieren wie auch mit mehr Biomasse versorgt als Bruten im Ackerland. Der massive Unterschied in der gefütterten Biomasse zwischen den Habitaten entstand durch die Kombination von erhöhten Fütterungsraten und erhöhtem Anteil von Mäusen bei Bruten im Grünland.

Dies könnte dadurch erklärt werden, dass Steinkäuze im Grünland erfolgreicher bei der Jagd sind als im Ackerland, was für die Jungtiere eine bessere Versorgung bedeuten würde. Vor allem die Mäuse stellen eine wichtige Nahrung dar, bieten sie doch viel Energie pro Jagdaufwand, was nicht nur für die Jungtiere von Vorteil, sondern auch für das Überleben der adulten Tiere wichtig ist. Die im Ackerland häufiger gefütterten Regenwürmer bestehen zu einem grossen Teil aus Wasser und liefern daher nur wenig Energie. Die häufigeren Anflüge bedeuten auch eine kontinuierlichere Versorgung mit Beute und die Jungtiere werden regelmässig gefüttert.

Vom gesamten Beutespektrum wurde im Grünland etwa doppelt so viel gebracht wie im Ackerland. Ein möglicher Grund dafür könnte sein, dass die adulten Tiere bei Grünlandbruten mehr Futter vorfinden und deshalb im Mittel mehr Jungvögel aufweisen, weshalb auch mehr gefüttert werden muss (vgl. 2.2.1). In der Literatur wird darauf hingewiesen, dass das Nahrungsspektrum des Steinkauzes in Zusammenhang mit der Bewirtschaftungsform des Habitats steht. In intensiv bewirtschaftetem Landwirtschaftsland wird viel Pflanzenschutzmittel ausgebracht, was das Beutespektrum insofern beeinträchtigt, als dass dadurch viele Käfer und Insekten nicht mehr vorhanden sind (Van Nieuwenhuyse et al., 2008 und persönliche Mitteilung Nadine Apolloni, Vogelwarte Sempach, 2012). Eine weitere mögliche Begründung für dieses Resultat könnte die bessere Erreichbarkeit von Nahrung im Grünland sein, denn in hohen Ackerkulturen ist die Nahrung schwieriger zu fangen (persönliche Mitteilung Nadine Apolloni, Vogelwarte Sempach, 2012). Gemäss Van Nieuwenhuyse et al. (2008) sind zudem Insekten im Vergleich zu grösseren Beutetieren einfacher zu fangen, da sie nicht über vergleichbar entwickelte Verteidigungs- resp. Fluchtmöglichkeiten verfügen wie z.B. Mäuse.

Aus dem vorliegenden Resultat kann man schlussfolgern, dass wahrscheinlich das Ackerland dem Steinkauz weniger Nahrung bietet und er hier somit nicht gleich viele Beutetiere ans Nest bringen kann wie ein Vogel im Grünland. Es wäre deshalb zu erwarten, dass die zurückgelegten Distanzen oder die Ansitzzeit bei der Jagd im Ackerland grösser sind. Beides

könnte zu den kleineren Fütterungsraten führen, die im Ackerland beobachtet wurden. Dies wiederum würde bedeuten, dass der Steinkauz pro gejagte Beute mehr Energie verbraucht hat. Somit sollte die Jagd vermehrt auf Beutetiere erfolgen, welche einen hohen Energiegehalt aufweisen, um gleich erfolgreich bei der Aufzucht zu sein, wie ein Vogel im Grünland. Die Resultate deuten darauf hin, dass Habitate im Grünland ein besseres Nahrungsangebot aufweisen als Habitate im Ackerland, was durch die Bevorzugung von höheren Anteilen an Grünland im Aktionsraum (home-range) zum Ausdruck kommt (Van Nieuwenhuysen et al., 2008). Dies wiederum hat Auswirkungen auf den Bruterfolg in den verschiedenen Habitaten. Zudem müsste dies bei Massnahmen zum Schutz des Steinkauzes berücksichtigt werden (Wahl der Habitate beim Aufhängen von Nestboxen, Ausscheiden von Potentialgebieten, etc.). Ein Steinkauzhabitat sollte sich optimalerweise im Grünland befinden, wo für die Jungenaufzucht mehr Nahrung vorhanden ist. Da in der heutigen Zeit durch die Intensivierung und Entwicklung der Landwirtschaft die Habitate für den Steinkauz immer mehr fragmentiert resp. verkleinert werden oder teilweise ganz verschwinden, ist es wichtig, dass die noch intakten Habitate ihre Strukturvielfalt beibehalten.

4.2. Unterschiede zwischen gefütterten und ungefütterten Bruten

Den Resultaten kann entnommen werden, dass sich die Zusammensetzung des Beutespektrums zwischen den Nestboxen mit und ohne Zufütterung signifikant unterschied. Bei den zugefütterten Nestboxen wurden mehr Mäuse und Regenwürmer, bei den nicht zugefütterten Nestboxen mehr Heuschrecken gefüttert. Die Menge an restlichen Insekten und anderen Wirbeltieren unterschied sich kaum. Vergleicht man die Biomasse der beiden Varianten, so war der Anteil der Mäuse bei gefütterten Bruten etwas höher als bei ungefütterten Bruten und die Regenwürmer nahmen den gleichen Stellenwert ein. Bei der Fütterungsrate konnte kein signifikanter Unterschied zwischen den beiden Varianten festgestellt werden, d.h. es wurde überall etwa gleich oft gefüttert, jedoch unterschied sich die Zusammensetzung des Beutespektrums der beiden Varianten. Insgesamt wurde also etwa gleich häufig Beute gebracht, jedoch in unterschiedlichen Anteilen. Dies führt allerdings dazu, dass – zusätzlich zur experimentell erhöhten Beutemenge – die von den Eltern gefütterte Biomasse bei den zugefütterten Bruten grösser ist als bei den nicht zugefütterten Bruten.

Eine Zufütterung gibt den Jungtieren mehr Nahrung, wenn man davon ausgeht, dass die Futtermäuse den Jungen gefüttert und nicht von den Eltern selber gefressen werden. Dieses zusätzliche Futter kann bei den Eltern drei verschiedene Reaktionen auslösen. Diese Reaktionen können Aufschluss über die Nahrungssituation im Untersuchungsgebiet und die Nahrungsbiologie der Steinkäuze geben. Eine Möglichkeit ist, dass sie weniger oft füttern, weil sie neben der experimentellen Zufütterung nur noch das restliche Futter bringen müssen. Eine andere Möglichkeit ist, dass sie gleich oft füttern. Bei der letzten Möglichkeit füttern sie sogar öfter, als wenn keine Zufütterung stattgefunden hätte. Zu der Häufigkeit der Anflüge kann sich auch das gefütterte Beutespektrum verändern. Wenn weniger oft gefüttert wird, sich durch die zugefütterten Mäuse das Beutespektrum aber zu energetisch besseren Beutetieren verschiebt, würde den Jungtieren bei weniger Aufwand gleich viel Biomasse gebracht werden. Wenn hingegen gleich oft gefüttert wird und sich das Beutespektrum zu energetisch

besseren Beutetieren verschiebt, würde dies dazu führen, dass bei gleichem Aufwand mehr Biomasse eingetragen wird. Wenn öfters gefüttert wird, könnte es sein, dass sich das Nahrungsspektrum im Vergleich zu ungefütterten Bruten verändert, denn den Eltern könnte dadurch mehr Zeit zur Verfügung stehen, Alternativbeute zu jagen und mehr Insekten oder Regenwürmer zu bringen. Die Jagd auf Mäuse dürfte für Steinkäuze zwar energetisch und zeitlich aufwändiger sein, als auf Alternativbeute. Denn gemäss Van Nieuwenhuyse et al. (2008) sind Insekten im Vergleich zu grösseren Beutetieren einfacher zu fangen, da sie nicht über die gleichen Verteidigungs- resp. Fluchtmöglichkeiten verfügen wie z.B. Mäuse. Trotzdem wird das Vorkommen von Feldmäusen als Schlüsselfaktor beim Bruterfolg angesehen, da sie pro Jagdaufwand vergleichsweise viel Energie bringen (Van Nieuwenhuyse et al., 2008; Exo, 1988).

4.3. Unterschiede zwischen Männchen und Weibchen

Die Auswertung der Fotofallenbilder hat gezeigt, dass sich das Spektrum der gefütterten Beute zwischen den Geschlechtern unterscheidet. Weibchen brachten mehr Mäuse und Insekten, während Männchen mehr Regenwürmer zum Nest brachten. Zudem kamen Weibchen öfter als Männchen ohne Beute zurück. Die Fütterungsrate unterschied sich zwischen den beiden Geschlechtern nicht signifikant. Beide flogen etwa gleich oft an das Nest, brachten aber unterschiedliche Beute mit. Die unterschiedliche Zusammensetzung im Spektrum der gefütterten Beutetiere führte dazu, dass Weibchen etwas mehr Biomasse füttern als Männchen, obwohl Weibchen öfter ohne Nahrung zurückkamen.

Bei den Fotos, auf denen Weibchen ohne Beute oder mit unbekannter Beute zu sehen waren, kann es sein, dass die Beute zu klein war, um erkannt zu werden. Dies würde bedeuten, dass Weibchen mehr kleinere Beute an das Nest bringen, als die vorliegende Untersuchung aufzeigt. Somit wäre das Beutespektrum bei beiden Geschlechtern etwa gleich verteilt. Eine andere Erklärung wäre, dass das Weibchen häufiger ohne Beute zum Nest zurückkehrt und auf das Männchen wartet, der ihr dann die Beute zum Füttern übergibt. Für die Jungtiere ist es somit von Bedeutung, dass das Weibchen mit energiereicherer Nahrung ans Nest kommt als das Männchen. Weibchen weisen eine stärkere Bindung an das Nest auf, denn sie übernehmen bei kleinen Jungen auch die Zerteilung der Beute, während Männchen die Beute nur hineinwerfen. Zudem bringen Weibchen mehr von den aufwändig zu jagenden Mäusen als Männchen, was ein höherer elterlicher Einsatz bei der Fütterung bedeutet. Die Männchen könnten hingegen mehr Zeit in die Revierverteidigung einsetzen. Falls Weibchen mehr im Grünland jagen, wäre dies eine weitere Erklärung dafür, dass Weibchen mehr Mäuse füttern.

4.4. Unterschiede zwischen den Methoden

Bei den Fotofallen und Gewölle war der Anteil an Mäusen jeweils über 30%. Bei den Mägen wurde hingegen nur ein kleiner Anteil an Mäusen gefunden. Betrachtet man die Biomasse, verschoben sich diese Verhältnisse in Richtung Kleinsäuger. Bei allen Methoden bestand über 60% der Biomasse aus Mäusen. Diese Ergebnisse lassen darauf schliessen, dass Mäuse in allen Entwicklungsphasen der Jungtiere, in allen Jahreszeiten und in allen Habita-

ten des Untersuchungsgebietes Hauptlieferant von Energie und Nährstoffen waren. Die alternative Zusatznahrung scheint hingegen flexibel an die kurzfristigen und lokalen Verhältnisse angepasst zu werden.

4.4.1. Analyse der Fotofallenbilder

Das Nahrungsspektrum des Steinkauzes variiert je nach geographischer Verbreitung. Nachfolgende Tabelle vergleicht das Nahrungsspektrum des Steinkauzes von Gewöllanalysen (in Deutschland) aus der Literatur (Van Nieuwenhuyse et al., 2008) mit demjenigen der Analyse der Fotofallenbilder aus der vorliegenden Arbeit:

Tab. 4: Nahrungsspektrum der Fotofallenbilder der vorliegenden Untersuchung und Nahrungsspektrum aus der Literatur (Van Nieuwenhuyse et al., 2008). Untersuchungszeitraum bei den Angaben aus der Literatur: 1 Jahr, Untersuchungsmethode: Gewöllanalyse.

Tierarten	Aus Untersuchung (in %) (1170 Anflüge)	Aus Untersuchung (in %) (325 Anflüge, d.h. nur identifizierte Beute)	Aus Literatur (in %)
Säugetiere	9.32	33.54	16.85
Vögel	0.09	0.31	0.44
Reptilien	0.18	0.52	0
Käfer / <i>Coleoptera</i>	0.51	1.85	72.79
Heuschrecken / <i>Orthoptera</i>	6.32	22.77	0
Ohrwürmer / <i>Dermaptera</i>	0	0	9.91
Andere <i>Invertebrata</i>	11.36	40.92	0
Nichts erkennbar/unbekannt	72.23	--	--

Die Insekten machen in der Literatur einen grossen Anteil aus (82.7%), wohingegen in der vorliegenden Untersuchung ein geringerer Anteil an Insekten gefunden wurde (18.2% resp. 42.77%). Dies könnte daran liegen, dass die grösseren Tierarten auf den Bildern der Fotofallen besser zu erkennen sind, als die Insekten. Gemäss Van Nieuwenhuyse et al. (2008) sind Insekten im Vergleich zu grösseren Beutetieren einfacher zu fangen, da sie nicht über die gleichen Verteidigungs- resp. Fluchtmöglichkeiten verfügen wie z.B. Mäuse. Die festgestellten Unterschiede können verschiedene Ursachen haben, die nicht abschliessend geklärt werden können. Es ist möglich, dass sie entweder durch die verschiedenen Untersuchungsgebiete (keine genaueren Angaben dazu in der Literatur), durch die verschiedenen Erhebungszeiträume (in der Literatur wird ein ganzes Jahr beobachtet und ausgewertet) oder durch die verschiedenen Erhebungsmethoden (Analyse von Fotofallenbilder mit Gewöllanalyse) entstanden sind. Literatur aus anderen Ländern haben ebenfalls Mäuseanteile in ähnlicher Höhe oder sogar höher festgestellt. Die Nahrungszusammensetzung scheint stark von den lokalen Bedingungen abzuhängen, denn das Beutespektrum ändert sich je nach Habitat und Nahrungssituation (Van Nieuwenhuyse et al., 2008).

4.4.2. Analyse der Gewölle und Mägen

Ich habe meine Zahlen zur Gewöllanalyse mit jenen von Schmid (2003) verglichen, welcher seine Untersuchungen im Grossen Moos, Schweiz, durchgeführt hat. Bei den Zahlen aus der Literatur wurden nur die im Winter erhobenen Daten betrachtet, d.h. 207 Gewölle. Da ich nur 11 Gewölle ausgewertet habe, wurden die durchschnittlich gezählten Tiere miteinander verglichen (Anzahl Tiere geteilt durch Anzahl gezählte Gewölle). Die nachfolgend aufgeführte Tabelle stellt die Zahlen aus der Literatur mit den von mir erhobenen Daten einander gegenüber (vgl. Tab. 5).

Tab. 5: Vergleich der Gewöllanalyse mit Zahlen aus der Literatur (Schmid, 2003).

Tierarten	Aus Untersuchung (11 untersuchte Gewölle)		Aus Literatur (207 untersuchte Gewölle)	
	Total	Ø pro Gewöll	Total	Ø pro Gewöll
Mäuse:				
<i>Microtus arvalis</i>	19	1.73	202	0.98
<i>Apodemus sp.</i>	3	0.27	47	0.23
<i>Clethrionomys glareolus</i>	1	0.09	1	0.005
Eidechsen	1	0.09	0	0
Vögel	1	0.09	1	0.005
Laufkäfer	14	1.27	127	0.62
Ohrwürmer	38	3.45	2	0.01
Mücke	1	0.09	0	0
Weberknecht	1	0.09	0	0
Insektenlarve	4	0.36	531	2.57
Regenwurm	1	0.09	0	0
Total Tiere	84	7.63	911	4.4

Bei der vorliegenden Untersuchung wurden im Durchschnitt mehr Tiere pro Gewöll gefunden, als bei Schmid (2003). Eine Ausnahme bilden die Insektenlarven, wo Schmid (2003) mehr pro Gewöll gefunden hat als bei der vorliegenden Untersuchung. Eine mögliche Erklärung dazu ist, dass sich die durchschnittliche Anzahl der gefundenen Tiere mit der Anzahl der untersuchten Gewölle verringert, da mit jedem untersuchten Gewöll die Wahrscheinlichkeit steigt, dass ein Gewöll mit nur sehr wenig Beuteresten untersucht wird, d.h. dass die von mir untersuchten Gewölle durchschnittlich mehr Beuteresten enthielten als bei Schmid. Bei den Insektenlarven könnte es sein, dass im Untersuchungsgebiet von Schmid (2003) mehr solche Larven vorkamen, sei es aufgrund eines „guten“ Insektenjahres oder weil dieses Gebiet eine grosse Insektendichte aufweist.

Gemäss Van Nieuwenhuysen et al. (2008) erkennt man die Bedeutung der Regenwürmer erst mit Hilfe der Fotofallenanalyse, da sie in Gewölle und Mägen nur selten gefunden werden resp. nachgewiesen werden können. Ich habe versucht, Regenwurmborsten durch Anfärben mit Pikrinsäure in den Nahrungsresten der Gewölle und Mägen sichtbar zu machen. Die Methode wurde an einem Regenwurm getestet, der in einem Gewöll gefunden wurde. Er war ziemlich gut erhalten und war ca. 5 cm lang. Die Borsten färbten sich in diesem Fall gelb, bei den restlichen Gewöll- und Mageninhalten konnte jedoch auf diese Weise keine Borsten

nachgewiesen werden. Regenwürmer spielen bei der Aufzucht der Jungen als Alternativnahrung eine Rolle und sind bei der Ernährung ausserhalb der Brutzeit und der Adultvögel nicht wichtig. Sie werden vor allem bei nassem Wetter häufig gefressen und sind relativ leicht zu jagen. Sie sind relativ gross, weisen dabei aber einen geringen Energiewert auf.

4.4.3. Kritische Betrachtung der angewendeten Methoden

Um das Nahrungsspektrum von Vögeln, insbesondere des Steinkauzes, zu studieren, werden in der Literatur verschiedenste Methoden beschrieben. Dazu gehören die Analyse von Gewöllen und Mägen, Überreste von Beutetieren, direkte Beobachtung, Aufzeichnungen mit Hilfe von Video- resp. Fotokameras und das Beobachten von Tieren in Gefangenschaft. Jede dieser Methode birgt Fehlerquellen, weshalb eine Kombination verschiedener Beobachtungsmethoden diese Fehler relativieren kann (Bakaloudis et al., 2011).

Die Beobachtung mit Hilfe von Fotofallen bringt mehr oder weniger gute Resultate, sofern der Winkel der Kamera stimmt und das gebrachte Beutetier eindeutig identifiziert werden kann. Kleinere Beutetiere werden im Vergleich zu grösseren Tieren, wie z.B. einer Maus, weniger oft oder gar nicht entdeckt, weshalb bei dieser Methode allenfalls ein unvollständiges Nahrungsspektrum erfasst wird. Bei der Gewöllanalyse erzielt man mit relativ geringem Aufwand und wenig Störung der Tiere gute Resultate. Sie ist jedoch mit dem Nachteil verbunden, dass gewisse Tiere, wie z.B. Insektenlarven oder Tiere mit weichen, schnell verdaulichen Körperteilen) schneller resp. vollständiger verdaut werden als andere, wie z.B. das Fell von Mäusen, Knochenbestandteile, etc., weshalb nicht das ganze resp. nur ein einseitiges Nahrungsspektrum im Gewöll nachweisbar ist. Auch bei der Analyse von Mageninhalten ist zu bedenken, dass zwischen Eintritt des Todes und letzter Mahlzeit resp. Konservierung des Magens eine unbekannte Zeit verstrichen ist, in welcher gewisse Nahrungsbestandteile weiter verdaut wurden. Auch hier werden unterschiedliche Nahrungsbestandteile unterschiedlich schnell verdaut, was zu einem einseitigen Nahrungsspektrum führen kann (Bakaloudis et al., 2011).

Für die vorliegende Arbeit wurde bei den verschiedenen Methoden unterschiedlich viel Material ausgewertet, was ebenfalls zu einem Fehler beim Vergleich der Resultate führen kann. Es wurden insgesamt 1170 Fotos, 10 Mägen und 11 Gewölle analysiert und ausgewertet. Bei der Analyse der Fotofallenbilder wurde jeweils 72 Stunden, d.h. 3 x 24 Stunden, ausgewertet. Die miteinander verglichenen Resultate der Fotofallenbilder betreffen zwar den gleichen Zeitraum, jedoch variiert die dabei ausgewertete Anzahl Fotos, da bei jeder Nestbox die Anzahl Anflüge innerhalb von 72 Stunden unterschiedlich war. Die Resultate der Mägen und Gewölle können nicht direkt mit denen der Analyse der Fotofallenbilder verglichen werden, da sie einerseits in unterschiedlicher Menge und andererseits zu unterschiedlichen Zeitpunkten erhoben worden sind.

Bei der vorliegenden Arbeit war bei 38.6% der analysierten Bilder nicht erkennbar, ob und was für eine Beute gebracht wurde (Futter unbekannt). Bei weiteren 33.7% war zwar der Schnabel des Tieres sichtbar, jedoch konnte man kein Beutetier erkennen (Ohne Futter). Bei diesen Bildern kann es durchaus sein, dass kleine Insekten gefüttert wurden, welche aufgrund der Bildauflösung und des Kontrastes nicht erkannt wurden. Es wäre deshalb zu prü-

fen, ob und wie die vorliegende Methode mit der Analyse von Fotofallenbildern angepasst werden könnte, um die Ausbeute an verwertbaren Bildern zu erhöhen. Eine Möglichkeit wäre, die Kamera anders zu platzieren, um die Wahrscheinlichkeit eines verwertbaren Fotos zu erhöhen. Die Kamera könnte z.B. auf der Nestbox so angebracht werden, dass der Vogel beim Aufsuchen der Nestbox von vorne fotografiert wird und man das Beutetier im Schnabel leichter erkennen kann. Zudem müsste mehr Material ausgewertet werden, um die vorliegenden Zahlen abzusichern resp. zu bestätigen.

4.4.4. Korrektur der Entdeckungswahrscheinlichkeit

Da grössere Beutetiere, wie z.B. Mäuse, auf den Fotofallenbildern häufiger entdeckt werden als kleinere, wie z.B. Heuschrecken oder Würmer, sollte in einem weiteren Auswertungsschritt die Entdeckungswahrscheinlichkeit der einzelnen Kategorien quantifiziert und damit die Häufigkeiten der Kategorien korrigiert werden. Die Kamera macht pro Auslösevorgang eine 10er-Serie Bilder. Pro Nestbox wird bei jeder 10er-Serie notiert, bei wie vielen Bildern die Beute sichtbar ist und bei wie vielen nicht. Mit diesen Daten kann die Entdeckungswahrscheinlichkeit und damit ein Korrekturfaktor für jedes dieser Beutetiere berechnet werden (O'Connell et al., 2011).

4.5. Schlussfolgerungen

Die vorliegenden Resultate deuten darauf hin, dass bevorzugt Kleinsäuger, d.h. Mäuse, gefüttert werden. Die Jagd darauf ist aber zeitlich oder energetisch so aufwändig, dass es sich nicht immer lohnt Mäuse zu jagen. Dies wird durch das Resultat unterstützt, dass der Anteil an Mäusen im Grünland, d.h. in Habitaten mit grosser Maudichte, erhöht war. Aber auch bei den zugefütterten Brutten sowie bei allen drei Erhebungsmethoden, d.h. während allen Entwicklungsphasen und während des ganzen Jahres, war der Anteil der Biomasse an Mäusen höher.

Die Qualität des Habitates in Bezug auf die Nahrungsressourcen wird deshalb hauptsächlich durch das Angebot und die Erreichbarkeit von Mäusen beeinflusst. Dabei spielt nicht nur die erreichbare Menge eine Rolle, sondern auch deren Veränderung während des Jahres. So können zeitliche Schwankungen im Angebot oder der Erreichbarkeit der Nahrung innerhalb kurzer Zeit aus einem guten Habitat ein schlechtes werden lassen. Es ist anzunehmen, dass das Angebot und die Konstanz der erreichbaren Mäuse den Bruterfolg und das Überleben eines Steinkauzpaars beeinflussen. Die Verteilung und Häufigkeit von Flächen mit vielen konstant erreichbaren Mäusen haben einen Einfluss auf die Produktivität und das Wachstum einer ganzen Steinkauzpopulation. Deshalb ist aufgrund der vorliegenden Arbeit anzunehmen, dass Brutten, welche hauptsächlich von Ackerland umgeben sind, einen kleineren Bruterfolg aufweisen, als Brutten im Grünland.

Für den Landkreis Ludwigsburg würde dies bedeuten, dass der Bruterfolg oder die Überlebenschancen allgemein durch ein höheres und besser erreichbares Mäuseangebot verbessert werden könnten. Eine Möglichkeit dazu wäre die Extensivierung von einzelnen Grünlandflächen, denn die Feldmaus (*Microtus arvalis*) bevorzugt offenes Gelände, Wiesen, Wei-

den, Gärten, Obstplantagen, Böschungen, Ödland, etc. (Wenk, 2007). Eine andere Möglichkeit ist ein weniger häufiger Schnitt sowie kein Eingriff in die Mäusepopulationen (keine gezielte Bekämpfung). Eine Verbesserung der Erreichbarkeit von Mäusen wird durch ein zeitlich versetzter Schnitt von benachbarten Flächen erreicht, wobei gemähte Flächen (gute Erreichbarkeit) und ungemähte Flächen (Rückzugsgebiet für Mäuse) nebeneinander liegen.

Literaturverzeichnis

- Aebischer, A. (2008). Eulen und Käuze. Auf den Spuren der nächtlichen Jäger. Bern, Stuttgart, Wien: Haupt Verlag.
- Alivizatos, H., Goutner, V., Athanasiadis, A., Poirazidis, K. (2006). Comparative temporal prey use by barn owl (*Tyto alba*) and little owl (*Athene noctua*) in the Evros Delta, northeastern Greece. *Journal of Biological Research*, 6: 177-186.
- Bakaloudis, D. E., Iezekiel, S., Vlachos, C. G., Bontzorlos, V. A., Papakosta, M., Birrer, S. (2011). Assessing bias in diet methods for the Long-legged Buzzard *Buteo rufinus*. *Journal of Arid Environments*, 2011.10.004: 1-7.
- Bellmann, H. (2009). Der neue Kosmos Insektenführer. Stuttgart: Franck-Kosmos Verlags-GmbH & Co. KG.
- Crawley, M. J. (2011). The R Book. Chichester, West Sussex: John Wiley & Sons Ltd.
- Custer, T., Pitelka, F. (1975). Correction factors for digestion rates for prey taken by snow buntings (*Plectrophenax nivalis*). *The Condor*, 77 (2): 210-212.
- Exo, K.-M. (1988). Jahreszeitlich ökologische Anpassungen des Steinkauzes (*Athene noctua*). *Journal für Ornithologie*, 129: 393-415.
- Harde, K. W., Severa, F. (2006). Der Kosmos Käferführer. Die Käfer Mitteleuropas (5. Auflage). Stuttgart: Franck-Kosmos Verlags-GmbH & Co. KG.
- Jenrich, J., Löhr, P.-W., Müller, F. (2012). Bildbestimmungsschlüssel für Kleinsäugerschädel aus Gewöllen. Wiebelsheim: Quelle & Meyer Verlag GmbH & Co..
- Juillard, M. (1989). The Decline of the Little Owl *Athene noctua* in Switzerland. S. 435-440, in: Meyburg, B.-U. & R. D. Chancellor (Eds.), *Raptors in the Modern World*. Berlin, London & Paris: WWGBP.
- Keller, V., Gerber, A., Schmid, H., Volet, B., Zbinden, N. (2010). Rote Liste Brutvögel. Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2010. Umwelt-Vollzug Nr. 1019. Bern: Bundesamt für Umwelt, Sempach: Schweizerische Vogelwarte.
- Knaus, P., Graf, R., Guélat, J., Keller, V., Schmid, H., Zbinden, N. (2011). Historischer Brutvogelatlas. Die Verbreitung der Schweizer Brutvögel seit 1950. Sempach: Schweizerische Vogelwarte.
- Marchesi, P., Blant, M., Capt, S. Hrsg. (2008). Säugetiere der Schweiz – Bestimmungsschlüssel. *Fauna-Helvetica* 22, Neuchâtel: CSCF & SGW.
- Mebs, T., Scherzinger, W. (2000). Die Eulen Europas. Biologie, Kennzeichen, Bestände. Stuttgart: Franck-Kosmos Verlags-GmbH & Co. KG.
- O'Connell, A.F., Nichols, J. D. & Karanth, K. U. Hrsg. (2011). *Camera Traps in Animal Ecology: Methods and Analyses*. Berlin: Springer Verlag.
- R Development Core Team (2011) *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: The R Foundation for Statistical Computing, abgerufen am 11.05.2012 von www.r-project.org.

- Roth, H. (1956). Knochenverdauung bei einem jungen Steinkauz. *Journal of Ornithology*, 97 (1): 90-91.
- Sachs, L. (1992). *Angewandte Statistik*. (7., völlig neubearbeitete Auflage). Berlin: Springer Verlag.
- Sage, R. D. (1982). Wet and dry-weight estimates of insects and spiders based on length. *American Midland Naturalist*, 108 (2): 407-411.
- Šálek, M., Riegert, J., Křivan, V. (2010). The impact of vegetation characteristics and prey availability on breeding habitat use and diet of Little Owl *Athene noctua* in Central European farmland. *Bird Study*, 57 (4): 95-503.
- Schmid, P. (2003). Gewöllanalyse bei einer Population des Steinkauzes *Athene noctua* im Grossen Moos, einer intensiv genutzten Agrarlandschaft des schweizerischen Mittellandes. *Der Ornithologische Beobachter*, 100: 117-126.
- Soler, M., Alcalá, N. (2009). Post-mortem digestion in Jackdaws *Corvus monedula*: implications for studies of bird feeding. *Bird Study*, 35 (1): 77-79.
- Statistisches Landesamt Baden-Württemberg (2011a). Bodenfläche in Baden-Württemberg nach Art der tatsächlichen Nutzung, abgerufen am 20.05.2012 von www.statistik.baden-wuerttemberg.de/BevoelkGebiet/Landesdaten/geb_Flaechenentwicklung.asp.
- Statistisches Landesamt Baden-Württemberg (2011b). Landwirtschaftlich genutzte Fläche in Baden-Württemberg seit 1979 nach Hauptnutzungs- und Kulturarten, abgerufen am 11.05.2012 von www.statistik-bw.de/Landwirtschaft/Landesdaten/LRt0702.asp.
- Steenhof, K. (1983). Prey weights for computing percent biomass in raptor. *Raptor Research*, 17 (1): 15-27.
- Studer-Thiersch, A. (1984). Zur Ernährung der Rabenkrähe *Corvus corone* in der Schweiz. *Der Ornithologische Beobachter* 81: 29-44.
- Tomé, R., Dias, M. P., Chumbinho, A. C., Bloise, C. (2011). Influence of perch height and vegetation structure on the foraging behaviour of Little Owls *Athene noctua*: how to achieve the same success in two distinct habitats. *Ardea*, 99: 17-26.
- Townsend, C. R., Begon, M., Harper, J. L. (2008). *Ökologie*. Berlin: Springer Verlag.
- Van Nieuwenhuyse, D., Génot, J.-C., Johnson D. H. (2008). *The Little Owl, Conservation, Ecology and Behaviour of Athene noctua*. New York: Cambridge University Press.
- Wenk, M. (2007). Mäuse (*Muridae*). In Ministerium für Ländliche Entwicklung, Umwelt und Verbraucherschutz des Landes Brandenburg (Hrsg.), *Waldschutzmerkblatt 53*. Eberswalde: Landesforstanstalt Eberswalde.
- Wicke, M. (2006). Populationsökologie von Kleinsäugetieren auf unterschiedlich genutzten Agrarflächen im Havelland, Brandenburg. In Diplomarbeit am Institut für Biologie der Freien Universität Berlin. Unveröffentlicht.

Verzeichnis der Anhänge

ANHANG A: R-Codes zu Kapitel 3.1.1. Beutespektrum und Fütterungsraten generell

ANHANG B: R-Codes zu Kapitel 3.1.2. Unterschiede in Bezug auf das Habitat

ANHANG C: R-Codes zu Kapitel 3.1.3. Unterschiede in Bezug auf die Zufütterung

ANHANG D: R-Codes zu Kapitel 3.1.4. Unterschiede in Bezug auf das Geschlecht

ANHANG E: R-Codes zu Kapitel 3.2. Analyse der Mägen und Gewölle

ANHANG F: Erklärung betreffend das selbständige Verfassen

ANHANG A: R-Codes zu Kapitel 3.1.1. Beutespektrum und Fütterungsraten generell

```
#####
# (1a) FUTTERKATEGORIEN proportional inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Kategorien<-table(data$Categories)
Kategorien
tabelle<-rbind(Kategorien)
tabelle

# Grafik erstellen proportional
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
par(mar=c(4,5,5,6.9))
bar-
plot((tabelle100),xlab=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","golden
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(0.1,
1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","da
rkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA,
ncol=3, cex=0.6)

#####
# (1b) FUTTERKATEGORIEN proportional ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBE-
KANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_no_na_nothing.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Kategorien<-table(data$Categories)
Kategorien
tabelle<-rbind(Kategorien)
tabelle
```

```

# Grafik erstellen proportional
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
par(mar=c(4,5,5,6.9))
bar-
plot((tabelle100),xlab=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","golden
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(0.1,
1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","da
rkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA,
ncol=3, cex=0.6)

#####
# (1c) Biomasse FUTTERKATEGORIEN proportional
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Biomasse_Futterkategorien.csv",sep=";",dec=".",heade
r=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbel-
tiere","Heuschrecken","Andere Insekten Imag-
ines","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Kategorien<-tapply(data$Biomasse,list(data$Categories),sum)
Kategorien
tabelle<-rbind(Kategorien)
tabelle

# Grafik erstellen proportional
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
par(mar=c(4,5,5,6.9))
barplot((tabelle100),xlab=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","gold
enrod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","ol
ivedrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(0.1,
1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","da
rkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA,
ncol=3, cex=0.6)

#####
# (1d) Tabelle und Grafik erstellen für Rate KATEGORIEN
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Rate.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

```

```

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Wert,list(data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Wert,list(data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Gefütterte Tiere (Mittelwert ± 95%
CI)",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","darkmagenta","steelbl
ue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,45))
error.bars(bp,means,sds)

#####
# (1e) Tabelle und Grafik erstellen für Biomasse KATEGORIEN
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Biomasse_Kat.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Biomasse,list(data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Biomasse,list(data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

```

```
#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Biomasse der gefütterten Tiere (Mittel-
wert ± 95%
CI)",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","darkmagenta","steelbl
ue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,220))
error.bars(bp,means,sds)
```

ANHANG B: R-Codes zu Kapitel 3.1.2. Unterschiede in Bezug auf das Habitat

```
#####
# (2a) ACKERLAND-GRÜNLAND inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Ackerland_Grasland<-table(data$Environment,data$Categories)
rownames(Ackerland_Grasland)=c("Ackerland","Grünland")
Ackerland_Grasland

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(Ackerland_Grasland), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","in-
dian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac-
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(Ackerland_Grasland),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","ind-
ianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(Ackerland_Grasland)

#####
# (2b) ACKERLAND-GRÜNLAND ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_no_na_nothing.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbel-
tiere","Heuschrecken","Andere Insekten Imag-
ines","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Ackerland_Grasland<-table(data$Environment,data$Categories)
rownames(Ackerland_Grasland)=c("Ackerland","Grünland")
Ackerland_Grasland
```

```

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(Ackerland_Grasland), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","in
dian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(Ackerland_Grasland),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","ind
ianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(Ackerland_Grasland)

#####
# (2c) Biomasse ACKERLAND-GRÜNLAND proportional
#####
# Daten einlesen
da-
ta=read.delim("Daten_Biomasse_Acker_Grün_Kat_Sum.csv",sep=";",dec=".",head
er=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

tabelle<-tapply(data$Biomasse,list(data$Environment,data$Categories),sum)
rownames(tabelle)=c("Ackerland","Grünland")
tabelle

# Tabelle proportional
tabelle100<-prop.table(t(tabelle), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),main=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","golden
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-
0.05,1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred
","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(tabelle)

```

```
#####
# (3a) Anova ACKERLAND-GRÜNLAND inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate~Environment,data=d)
summary(a)

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.02)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
        axes=FALSE,main="",lwd=2,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
        lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))
  box()

  qqnorm(x)
  qqline(x,col="red",lwd=2)

  KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
  p_KS = round(KS$p.value,3)
  SH = shapiro.test(x)
  p_SH = round(SH$p.value,3)

  mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS
),
        outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)
```

```

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)
  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }

  an = aov(samples~factor)
  a = summary(an)

  maximum = max(samples);
  minimum = min(samples);
  sp = maximum - minimum;
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

  par(oma=c(0,0,3,0))
  stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,main="Fütterungsrate mit Ohne
Futter und Futter unbekannt",xlim=c(0,n_classes+1),
            ylim=c(mi,ma),
            col=rep("grey30",n_classes),
            ylab="Anzahl Besuche")

  # sd:
  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
          col=colors()[131],lwd=5)
  }

  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
          col=colors()[552],lwd=3)
    arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
           i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
           col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
  }

  mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
  legend("topright",inset=0.05,horiz=TRUE,
        c("sd","mean+95%intervall"),
        col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

  tuk = TukeyHSD(an)
  library(multcompView)
  s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

```

```

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)
}

an = aov(d$Rate~d$Environment)
str(an)

tuk = TukeyHSD(an)
tuk

vis_ANOVA_clusters(d$Rate,d$Environment)

#####
# (3b) Anova ACKERLAND-GRÜNLAND ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate_no_na_nothing~Environment,data=d)
a=aov(Rate_no_na_nothing_Correction~Environment,data=d)
summary(a)

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.3)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
        axes=FALSE,main="",lwd=2,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
        lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))
  box()

```

```

qqnorm(x)
qqline(x,col="red",lwd=2)

KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
p_KS = round(KS$p.value,3)
SH = shapiro.test(x)
p_SH = round(SH$p.value,3)

mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS
),
      outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)
  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }

  an = aov(samples~factor)
  a = summary(an)

  maximum = max(samples);
  minimum = min(samples);
  sp = maximum - minimum;
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

  par(oma=c(0,0,3,0))
  stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,main="Fütterungsrate ohne Ohne
Futter und Futter unbekannt",xlim=c(0,n_classes+1),
            ylim=c(mi,ma),
            col=rep("grey30",n_classes),
            ylab="Anzahl Besuche")

  # sd:
  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
          col=colors()[131],lwd=5)
  }

  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
          col=colors()[552],lwd=3)
  }
}

```

```

arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
       i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
       col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)

}

mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
legend("topright",inset=0.05,hORIZ=TRUE,
      c("sd","mean+95%intervall"),
      col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

tuk = TukeyHSD(an)
library(multcompView)
s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)

}

an = aov(d$Rate_no_na_nothing_Correction~d$Environment)
str(an)

tuk = TukeyHSD(an)
tuk

vis_ANOVA_clusters(d$Rate_no_na_nothing_Correction,d$Environment)

#####
# (4a) Fütterungsrate ACKERLAND-GRÜNLAND inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBE-
# KANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Rate_Acker_Grün.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Wert,list(data$Environment,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Wert,list(data$Environment,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

```

```

#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Gefütterte Tiere (Mittelwert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,55),legend.text=c("Ackerla
nd","Grünland"),args.legend=c(x=7,y=50))
error.bars(bp,means,sds)

#####
# (4b) Biomasse und Fütterungsrate ACKERLAND-GRÜNLAND
#####
# Daten einlesen
da-
  ta=read.delim("Daten_Biomasse_Acker_Grün_Kat.csv",sep=";",dec=".",header=T
RUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Biomasse,list(data$Environment,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Biomasse,list(data$Environment,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

```

```
#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
  length(upper))
  stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Biomasse der efütterten Tiere (Mittel-
wert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,300),legend.text=c("Ackerl
and","Grünland"),args.legend=c(x=18,y=300))
error.bars(bp,means,sds)
```

ANHANG C: R-Codes zu Kapitel 3.1.3. Unterschiede in Bezug auf die Zufütterung

```
#####
# (5a) GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltiere",
"Heuschrecken","Andere Insekten Imagines",
"Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
gefüttert_ungefüttert<-table(data$Feeding,data$Categories)
rownames(gefüttert_ungefüttert)=c("ungefüttert","gefüttert")
gefüttert_ungefüttert

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(gefüttert_ungefüttert), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","indian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),space=0.1,
cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(gefüttert_ungefüttert),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(gefüttert_ungefüttert)

#####
# (5b) GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_no_na_nothing.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltiere",
"Heuschrecken","Andere Insekten Imagines",
"Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)
```

```

# Tabelle erstellen
gefüttert_ungefüttert<-table(data$Feeding,data$Categories)
rownames(gefüttert_ungefüttert)=c("ungefüttert","gefüttert")
gefüttert_ungefüttert

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(gefüttert_ungefüttert), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","in
dian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(gefüttert_ungefüttert),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","
indian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(gefüttert_ungefüttert)

#####
# (5c) Biomasse GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT proportional
#####
# Daten einlesen
da-
ta=read.delim("Daten_Biomasse_gef_ungef_Kat_Sum.csv",sep=";",dec=".",heade
r=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Feeding ändern
data$Feeding=factor(data$Feeding,levels=c("ungefuettert","gefuettert"))
str(data$Feeding)

tabelle<-tapply(data$Biomasse,list(data$Feeding,data$Categories),sum)
rownames(tabelle)=c("ungefüttert","gefüttert")
tabelle

```

```

# Tabelle proportional
tabelle100<-prop.table(t(tabelle), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),main=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","golden
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-
0.05,1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred
","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(tabelle)

#####
# (6a) Anova GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate~Feeding,data=d)
a=aov(Rate_Correction~Feeding,data=d)
summary(a)

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.15)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
        axes=FALSE,main="",lwd=2,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
        lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))
  box()

  qqnorm(x)
  qqline(x,col="red",lwd=2)

```

```

KS = ks.test(x, pnorm, mean(x), sd(x))
p_KS = round(KS$p.value, 3)
SH = shapiro.test(x)
p_SH = round(SH$p.value, 3)

mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ", p_SH, "\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ", p_KS
),
      outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples, factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples, factor, sd)
  m = tapply(samples, factor, mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }

  an = aov(samples~factor)
  a = summary(an)

  maximum = max(samples);
  minimum = min(samples);
  sp = maximum - minimum;
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

  par(oma=c(0,0,3,0))
  stripchart(samples~factor, vertical=TRUE, main="Fütterungsrate mit Ohne
Futter und Futter unbekannt", xlim=c(0, n_classes+1),
            ylim=c(mi, ma),
            col=rep("grey30", n_classes),
            ylab="Anzahl Besuche")

  # sd:
  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.2, i-0.2), y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]], m[[i]]+0.5*s[[i]]),
          col=colors()[131], lwd=5)
  }
}

```

```

for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
        col=colors()[552],lwd=3)
  arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
         i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
         col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
}

mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
legend("topright",inset=0.05,hORIZ=TRUE,
      c("sd","mean+95%intervall"),
      col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

tuk = TukeyHSD(an)
library(multcompView)
s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)
}

an = aov(d$Rate_Correction~d$Feeding)
str(an)

tuk = TukeyHSD(an)
tuk

vis_ANOVA_clusters(d$Rate_Correction,d$Feeding)

#####
# (6b) Anova GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate_no_na_nothing~Feeding,data=d)
a=aov(Rate_no_na_nothing_Correction~Feeding,data=d)
summary(a)

```

```

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.3)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
        axes=FALSE,main="",lwd=2,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
        lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))
  box()

  qqnorm(x)
  qqline(x,col="red",lwd=2)

  KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
  p_KS = round(KS$p.value,3)
  SH = shapiro.test(x)
  p_SH = round(SH$p.value,3)

  mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS
),
        outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)
  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }
}

```

```

an = aov(samples~factor)
a = summary(an)

maximum = max(samples);
minimum = min(samples);
sp = maximum - minimum;
mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

par(oma=c(0,0,3,0))
stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,main="Fütterungsrate ohne Ohne
Futter und Futter unbekannt",xlim=c(0,n_classes+1),
          ylim=c(mi,ma),
          col=rep("grey30",n_classes),
          ylab="Anzahl Besuche")

# sd:
for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
        col=colors()[131],lwd=5)
}

for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
        col=colors()[552],lwd=3)
  arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
         i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
         col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
}

mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
legend("topright",inset=0.05,horiz=TRUE,
      c("sd", "mean+95%intervall"),
      col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

tuk = TukeyHSD(an)
library(multcompView)
s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)
}

an = aov(d$Rate_no_na_nothing_Correction~d$Feeding)
str(an)

```

```
tuk = TukeyHSD(an)
tuk
```

```
vis_ANOVA_clusters(d$Rate_no_na_nothing_Correction,d$Feeding)
```

```
#####
# (7a) Fütterungsrate GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT inkl. OHNE FUTTER und FUTTER
# UNBEKANNT
#####
data=read.delim("Daten_Rate_gef_ungef.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)
```

```
# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)
```

```
means=tapply(data$Wert,list(data$Environment,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Wert,list(data$Environment,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds
```

```
#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){
```

```
#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter
```

```
if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Gefütterte Tiere (Mittelwert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,50),legend.text=c("gefütte
rt","ungefüttert"),args.legend=c(x=7,y=50))
error.bars(bp,means,sds)
```

```
#####
# (7b) Biomasse und Fütterungsrate GEFÜTTERT-UNGEFÜTTERT
#####
# Daten einlesen
da-
  ta=read.delim("Daten_Biomasse_gef_ungef_Kat.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltiere",
"Heuschrecken","Andere Insekten Imagines","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Biomasse,list(data$Feeding,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Biomasse,list(data$Feeding,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Biomasse der efütterten Tiere (Mittel-
wert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,300),legend.text=c("gefütt
ert","ungefüttert"),args.legend=c(x=18,y=300))
error.bars(bp,means,sds)
```

ANHANG D: R-Codes zu Kapitel 3.1.4. Unterschiede in Bezug auf das Geschlecht

```
#####
# (8a) GESCHLECHTERUNTERSCHIED inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Geschlechter.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
geschlechter<-table(data$Sex,data$Categories)
rownames(geschlechter)=c("Weibchen","Männchen")
geschlechter

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(geschlechter), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","in-
dian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac-
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(geschlechter),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred",
,"darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(geschlechter)

#####
# (8b) GESCHLECHTERUNTERSCHIED ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Geschlechter.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
geschlechter<-table(data$Sex,data$Categories)
rownames(geschlechter)=c("Weibchen","Männchen")
geschlechter
```

```

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(geschlechter), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","goldenrod","in
dian-
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(geschlechter),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred
","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(geschlechter)

#####
# (8c) Biomasse GESCHLECHTER proportional
#####
# Daten einlesen
da-
ta=read.delim("Daten_Biomasse_Geschlecht_Sum.csv",sep=";",dec=".",header=T
RUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Reihenfolge des Faktors Sex ändern
data$Sex=factor(data$Sex,levels=c("Weibchen","Maennchen"))
str(data$Sex)

tabelle<-tapply(data$Biomasse,list(data$Sex,data$Categories),sum)
rownames(tabelle)=c("Weibchen","Männchen")
tabelle

# Tabelle proportional
tabelle100<-prop.table(t(tabelle), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),main=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","golden
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-
0.05,1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred
","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)

# Chisquare-Test
chisq.test(tabelle)

```

```
#####
# (9a) Anova GESCHLECHTER inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova_sex.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate~Sex,data=d)
a=aov(Rate_Correction~Sex,data=d)
summary(a)

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.15)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
        axes=FALSE,main="",lwd=2,
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
        lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))
  box()

  qqnorm(x)
  qqline(x,col="red",lwd=2)

  KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
  p_KS = round(KS$p.value,3)
  SH = shapiro.test(x)
  p_SH = round(SH$p.value,3)

  mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS
),
        outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)
```

```

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)
  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }

  an = aov(samples~factor)
  a = summary(an)

  maximum = max(samples);
  minimum = min(samples);
  sp = maximum - minimum;
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

  par(oma=c(0,0,3,0))
  stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,main="Anzahl Anflüge mit NA und
Ohne Futter",xlim=c(0,n_classes+1),
            ylim=c(mi,ma),
            col=rep("grey30",n_classes),
            ylab="Anzahl Besuche")

  # sd:
  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
          col=colors()[131],lwd=5)
  }

  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
          col=colors()[552],lwd=3)
    arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
           i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
           col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
  }

  mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
  legend("topright",inset=0.05,horiz=TRUE,
        c("sd","mean+95%intervall"),
        col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

  tuk = TukeyHSD(an)
  library(multcompView)
  s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

```

```

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)
}

an = aov(d$Rate~d$Sex)
str(an)

tuk = TukeyHSD(an)
tuk

vis_ANOVA_clusters(d$Rate,d$Sex)

#####
# (9b) Anova GESCHLECHTER ohne OHNE FUTTER, ohne FUTTER UNBEKANNT
#####
#Datensatz einlesen
d=read.delim("Daten_Anova_sex_no_na_nothing.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
str(d)

#Anova testen
a=aov(Rate~Sex,data=d)
a=aov(Rate_Correction~Sex,data=d)
summary(a)

#Normalverteilung prüfen
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.15)){

  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))

  n=length(x)

  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks=n/10,
       xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}

  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)

  par(new=TRUE)
  plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
       axes=FALSE,main="",lwd=2,
       xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

  legend("topright", inset=0.05,c("fitted","estimated"),
       lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))

```

```
box()

qqnorm(x)
qqline(x,col="red",lwd=2)

KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
p_KS = round(KS$p.value,3)
SH = shapiro.test(x)
p_SH = round(SH$p.value,3)

mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS
),
      outer = TRUE)

}

test_norm_vis(a$residuals)

#Anova darstellen
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)
  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()
  for (i in 1:n_classes){
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
  }

  an = aov(samples~factor)
  a = summary(an)

  maximum = max(samples);
  minimum = min(samples);
  sp = maximum - minimum;
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

  par(oma=c(0,0,3,0))
  stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,main="Anzahl Anflüge ohne NA und
Ohne Futter",xlim=c(0,n_classes+1),
            ylim=c(mi,ma),
            col=rep("grey30",n_classes),
            ylab="Anzahl Besuche")

  # sd:
  for (i in 1:n_classes){
    lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
          col=colors()[131],lwd=5)
  }
}
```

```

for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
        col=colors()[552],lwd=3)
  arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
         i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
         col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
}

mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]), outer = TRUE)
legend("topright",inset=0.05,hORIZ=TRUE,
      c("sd","mean+95%intervall"),
      col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

tuk = TukeyHSD(an)
library(multcompView)
s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = unique(factor)
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)
}

an = aov(d$Rate~d$Sex)
str(an)

tuk = TukeyHSD(an)
tuk

vis_ANOVA_clusters(d$Rate,d$Sex)

#####
# (10a) Fütterungsrate GESCHLECHTER inkl. OHNE FUTTER und FUTTER UNBEKANNT
#####
data=read.delim("Daten_Rate_m_w.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm","Ohne Futter","Futter unbekannt"))
str(data$Categories)

```

```

means=tapply(data$Wert,list(data$Sex,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Wert,list(data$Sex,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Gefütterte Tiere (Mittelwert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,20),legend.text=c("Männche
n","Weibchen"),args.legend=c(x=7,y=20))
error.bars(bp,means,sds)

#####
# (10b) Biomasse und Fütterungsrate GESCHLECHTER
#####
# Daten einlesen
da-
ta=read.delim("Daten_Biomasse_Geschlecht_Kat.csv",sep=";",dec=".",header=T
RUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

means=tapply(data$Biomasse,list(data$Sex,data$Categories),mean)
means
sds=tapply(data$Biomasse,list(data$Sex,data$Categories),sd)
sds=2*sds/sqrt(10)
sds

```

```
#For error Bars:
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){

#input arguments:
#x: x values, is usually the plot handle
#y: values around which the intervals are built
#upper: length of upper interval
#lower: length of lower interval
#length: plotting parameter

if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) !=
length(upper))
stop("vectors must be same length")
arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
}
par(mar=c(12,5,3,2))
bp=barplot(means,beside=TRUE,ylab="Biomasse der efütterten Tiere (Mittel-
wert ± 95%
CI)",col=c("salmon","olivedrab"),las=2,ylim=c(0,150),legend.text=c("Männch
en","Weibchen"),args.legend=c(x=18,y=150))
error.bars(bp,means,sds)
```

ANHANG E: R-Codes zu Kapitel 3.2. Analyse der Mägen und Gewölle

```
#####
# (11a) MAGENANALYSE Futterkategorien
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Foto_Magen_Gewoell.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Insekten
  Images","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Kategorien<-table(data$Categories[data$Source=='Magen'])
tabelle<-rbind(Kategorien)
tabelle

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
par(mar=c(4,5,5,6.9))
barplot((tabelle100),xlab=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","dark
  magenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),space=0.1,cex.
  axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(0.1,
  1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","darkmagenta","steelblue","
  lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA, ncol=3, cex=0.6)

#####
# (11b) GEWÖLLANALYSE Futterkategorien
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Foto_Magen_Gewoell.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-
  re","Andere Insekten Images","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Kategorien<-table(data$Categories[data$Source=='Gewoell'])
tabelle<-rbind(Kategorien)
tabelle
```

```

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
par(mar=c(4,5,5,6.9))
bar-
plot((tabelle100),xlab=NA,ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod","indian
red","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),spac
e=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(0.1,
1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","indianred","darkmagenta","
steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA, ncol=3,
cex=0.6)

#####
# (12a) FOTO-MAGEN-GEWÖLLE proportional
#####
# Daten einlesen
data=read.delim("Daten_Foto_Magen_Gewoell.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE)
data
str(data)

# Reihenfolge des Faktors Categories ändern
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbel-
tiere","Heuschrecken","Andere Insekten Imag-
ines","Insektenlarven","Regenwurm"))
str(data$Categories)

# Tabelle erstellen
Foto<-table(data$Categories[data$Source=='Foto'])
Gewöll<-table(data$Categories[data$Source=='Gewoell'])
Magen<-table(data$Categories[data$Source=='Magen'])
tabelle<-rbind(Foto,Gewöll,Magen)
tabelle
Foto
Gewöll
Magen

# Grafik erstellen farbig
tabelle100 <- prop.table(t(tabelle), margin=2)
bar-
plot((tabelle100),xlab="Methode",ylab="Proportion",col=c("lightgoldenrod",
"golden-
rod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","oliv
edrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))
legend(-0.05,
1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred","da
rkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"), xpd=NA,
ncol=3, cex=0.8)

# Chiquadrat-Test
chisq.test(tabelle)

```

```
#####  
# (12b) Biomasse FOTO-MAGEN-GEWÖLL  
#####  
# Daten einlesen  
da-  
  ta=read.delim("Daten_Biomasse_Foto_Magen_Gewöll.csv",sep=";",dec=".",head  
r=TRUE)  
data  
str(data)  
  
# Reihenfolge des Faktors Categories ändern  
data$Categories=factor(data$Categories,levels=c("Maus","Andere Wirbeltie-  
re","Heuschrecken","Andere Insekten Imagi-  
nes","Insektenlarven","Regenwurm"))  
str(data$Categories)  
  
tabelle<-tapply(data$Biomasse,list(data$Source,data$Categories),sum)  
rownames(tabelle)=c("Foto","Gewöll","Magen")  
tabelle  
  
# Tabelle proportional  
tabelle100<-prop.table(t(tabelle), margin=2)  
bar-  
plot((tabelle100),main=NA,xlab="Methode",ylab="Proportion",col=c("lightgol  
den-  
rod","goldenrod","indianred","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellow  
green","olivedrab"),space=0.1,cex.axis=0.8,las=1,ylim=c(0,1))  
legend(-  
0.05,1.15,colnames(tabelle),fill=c("lightgoldenrod","goldenrod","indianred  
","darkmagenta","steelblue","lightblue","yellowgreen","olivedrab"),  
xpd=NA, ncol=3, cex=0.8)  
  
# Chiquadrat-Test  
chisq.test(tabelle)
```

ANHANG F: Erklärung betreffend das selbständige Verfassen**ERKLÄRUNG****betreffend das selbständige Verfassen einer Bachelorarbeit im Departement Life Sciences und Facility Management**

Mit der Abgabe dieser Bachelorarbeit versichert der/die Studierende, dass er/sie die Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst hat. Der/die unterzeichnende Studierende erklärt, dass alle verwendeten Quellen (auch Internetseiten) im Text oder Anhang korrekt ausgewiesen sind, d.h. dass die Bachelorarbeit keine Plagiate enthält, also keine Teile, die teilweise oder vollständig aus einem fremden Text oder einer fremden Arbeit unter Vorgabe der eigenen Urheberschaft bzw. ohne Quellenangabe übernommen worden sind.

Bei Verfehlungen aller Art treten der Paragraph 38*) (Unredlichkeit und Verfahren bei Unredlichkeit) der Studien- und Prüfungsordnung für die Bachelor-Studiengänge der Hochschule Wädenswil vom 1. September 2006 sowie die Bestimmungen der Disziplinar massnahmen der Hochschulordnung in Kraft.

Ort, Datum:

Unterschrift:

***) 38 Unredlichkeit**

Bei Unredlichkeit gilt die Prüfung, Arbeit oder jede andere zu erbringende Leistung als nicht bestanden, eine Note wird nicht erteilt. Unredlichkeiten können den Ausschluss von der Prüfung, die Ungültigerklärung eines Leistungsnachweises sowie die Verweigerung oder die Ungültigerklärung des Diploms zur Folge haben. In der Regel ist die ganze Prüfung, Arbeit oder andere zu erbringende Leistung anlässlich des nächsten ordentlichen Termins zu wiederholen. Über Ausnahmen entscheidet die Leitung der Fachabteilung und der Prorektor oder die Prorektorin Lehre.