

Auswertung v1

01 Oktober 2015

Contents

1	Datensätze	1
2	Welche Arten haben ihre Sommerquartiere im Untersuchungsgebiet?	2
3	Wo sind die Verbreitungsschwerpunkte?	3
4	Wie steht es um Quantität und Qualität der künstlichen Quartiere?	10

```
library(pander)
library(plyr)
```

1 Datensätze

Die Auswertungen erfolgen für den gesamten Datensatz (**df**) sowie für jedes Kontrolljahr einzeln (**df10 bis df15**). Dabei ist zu beachten, dass 2010 das gesamte Untersuchungsgebiet kontrolliert wurde, da es sich um eine bezahlte Studie handelte; in den Folgejahren wurde das Projekt als rein ehrenamtliches Monitoring weitergeführt, daher konnten aus Zeitgründen nur Teilgebiete untersucht werden.

```
source("Auswertung/read.R")
```

Einen Überblick über den Umfang der Kontrollen in den einzelnen Jahren geben die Kontrollierten Schläge.

```
tab.schlag <- with(df, table(schlag, koa))
m.schlag <- as.data.frame.matrix(tab.schlag)
m.schlag <- rbind(m.schlag, Summe=colSums(m.schlag))
m.schlag <- cbind(m.schlag, gesamt=rowSums(m.schlag))
```

```
Table1 <- pander(
  m.schlag,
  caption="Datensätze pro Schlag",
  digits=0
)
```

Table1

Table 1: Datensätze pro Schlag

	10	11	12	13	14	15	gesamt
bb	15	17	0	0	9	0	41
bk	1	4	0	0	19	0	24
e	0	0	0	1	5	0	6

	10	11	12	13	14	15	gesamt
g	8	0	0	6	0	4	18
hb	6	0	0	0	0	0	6
hk	21	0	0	16	0	27	64
ho	9	1	0	8	11	0	29
hz	14	3	18	0	2	29	66
ki	8	0	1	5	0	7	21
kle	4	3	0	0	7	0	14
klo	20	19	0	0	20	0	59
m	31	0	0	35	0	33	99
rk	24	0	0	21	0	0	45
sg	6	0	5	0	0	6	17
ss	2	0	0	13	0	0	15
Summe	169	47	24	105	73	106	524

2 Welche Arten haben ihre Sommerquartiere im Untersuchungsgebiet?

```
levels(df$flart)
```

```
## [1] "0"                "M.daubentonii"
## [3] "M.myotis"         "M.mystacinus/brandtii"
## [5] "M.nattereri"      "Nyc.noctula"
## [7] "Pip"              "Pip.nathusii"
## [9] "Pip.pygmaeus"     "Plec.auritus"
```

Von 2010 bis 2015 wurden acht Arten sowie nicht weiter bestimmte *Pipistrellus*-Arten gefunden:

- Wasserfledermaus (*Myotis daubentonii*)
- Großes Mausohr (*Myotis myotis*)
- Bartfledermäuse (*Myotis mystacinus* oder *Myotis brandtii*)
- Fransenfledermaus (*Myotis nattereri*)
- Großer Abendsegler (*Nyctalus noctula*)
- Rauhautfledermaus (*Pipistrellus nathusii*)
- Mückenfledermaus (*Pipistrellus pygmaeus*)
- Braunes Langohr (*Plecotus auritus*)

```
tab.art <- with(df, table(flart, koa))
m.art <- as.data.frame.matrix(tab.art)
m.art <- m.art[-1,]
m.art <- rbind(m.art, Summe=colSums(m.art))
m.art <- cbind(m.art, gesamt=rowSums(m.art))
```

```
Table2 <- pander(
  m.art,
  caption="Quartiere pro Art",
  digits=0,
  split.table=Inf
)
```

Table2

Table 2: Quartiere pro Art

	10	11	12	13	14	15	gesamt
M.daubentonii	1	6	0	2	1	6	16
M.myotis	2	0	0	2	1	0	5
M.mystacinus/brandtii	1	0	0	0	0	0	1
M.nattereri	15	10	2	10	21	16	74
Nyc.noctula	1	0	0	0	0	0	1
Pip	0	0	0	1	0	0	1
Pip.nathusii	2	0	0	0	0	0	2
Pip.pygmaeus	0	1	0	1	0	0	2
Plec.auritus	8	0	0	4	0	1	13
Summe	30	17	2	20	23	23	115

```
df.ind.art <- ddpoly(df, .(koa, flart), summarise, Individuen = sum(flges))
```

```
par(mfrow=c(7,1))
for(i in 10:15){
  with(
    subset(df.ind.art, koa == i),
    plot(Individuen ~ flart,
         main=paste0("20", i),
         ylim=c(0,140))
  )
}
with(df.ind.art,
     plot(Individuen ~ flart,
          main="gesamt",
          ylim=c(0,140))
     )
)
```

Die Wasserfledermaus (**Myotis daubentonii**), die 2010 nur mit einem Individuum beobachtet wurde, scheint weitaus häufiger zu sein. Da die Schwankungen in den Zählergebnissen nicht mit denen in den Gebieten Rotes Kreuz / Mitterbachl, die offenes Wasser bieten, übereinstimmen, ist von einer methodischen Zählungenauigkeit auszugehen. Die Fransenfledermaus (**Myotis nattereri**) ist nach wie vor die dominierende Art im Feilenforst. Leider lässt sich beim Braunen Langohr (**Plecotus auritus**) ein deutlicher Rückgang in der Quartierzahl verzeichnen. Es kann sein, dass 2010 ein Ausreißer nach oben war, es kann immer noch Zählungenauigkeit sein, aber es ist ein deutlicher Rückgang zu befürchten.

3 Wo sind die Verbreitungsschwerpunkte?

Als geographische Anhaltspunkte dienen uns hier die von oben bereits bekannten Forst-Schläge.

```
tab.q.schlag <- with(
  subset(
    df,
    qtyp != 0
  ),
```

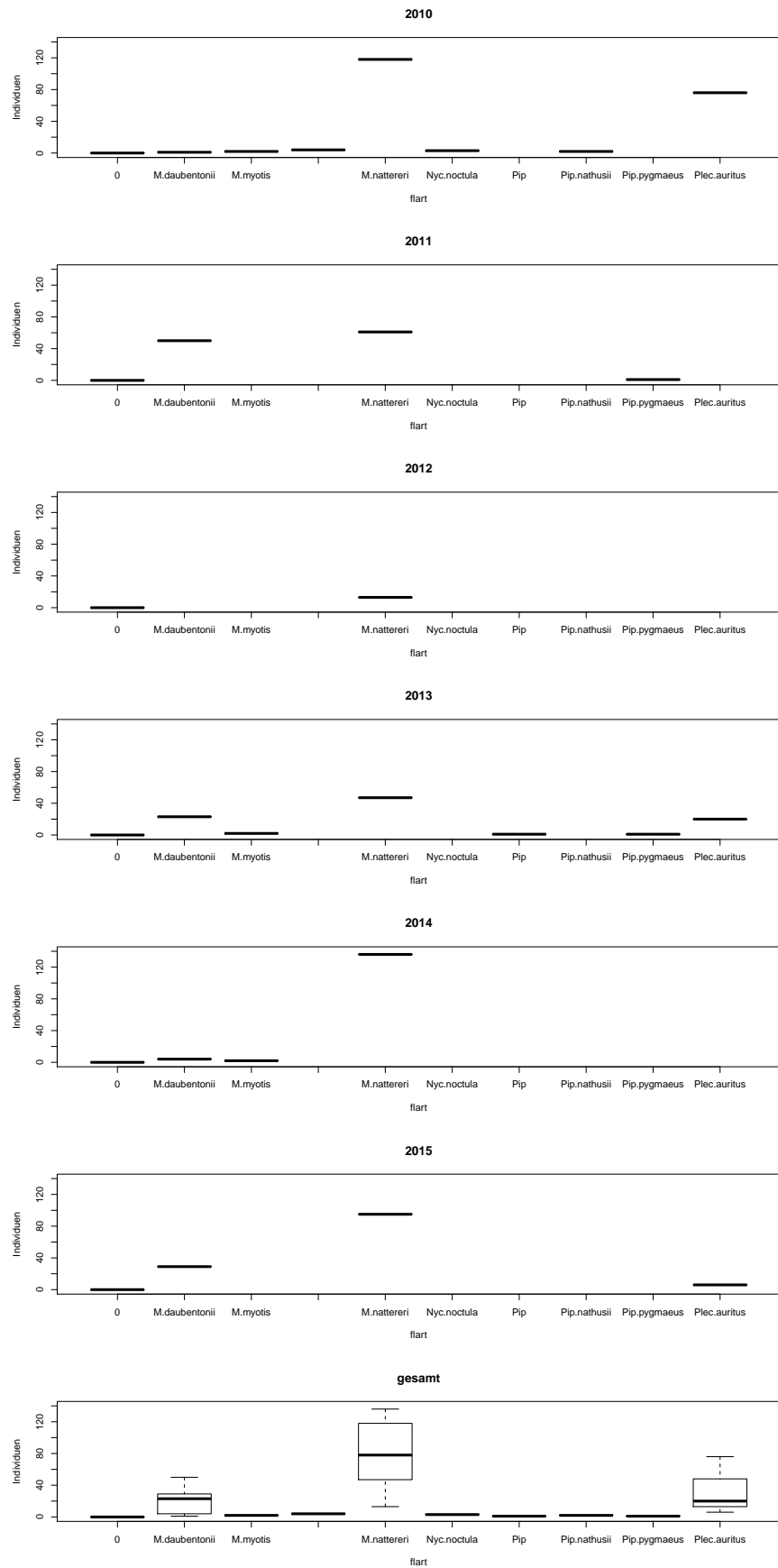


Figure 1: Individuen pro Art

```

table(schlag, koa))
m.q.schlag <- as.data.frame.matrix(tab.q.schlag)
m.q.schlag <- rbind(m.q.schlag, Summe=colSums(m.q.schlag))
m.q.schlag <- cbind(m.q.schlag, gesamt=rowSums(m.q.schlag))

```

```

Table3 <- pander(
  m.q.schlag,
  caption="Quartiere pro Schlag",
  digits=0
)

```

Table3

Table 3: Quartiere pro Schlag

	10	11	12	13	14	15	gesamt
bb	2	6	0	0	3	0	11
bk	0	1	0	0	8	0	9
e	0	0	0	0	0	0	0
g	1	0	0	1	0	1	3
hb	2	0	0	0	0	0	2
hk	2	0	0	3	0	4	9
ho	1	1	0	0	7	0	9
hz	1	1	1	0	1	6	10
ki	3	0	0	1	0	2	6
kle	0	1	0	0	3	0	4
klo	4	7	0	0	1	0	12
m	3	0	0	8	0	11	22
rk	7	0	0	7	0	0	14
sg	2	0	1	0	0	0	3
ss	0	0	0	0	0	0	0
Summe	28	17	2	20	23	24	114

```

df.art.schlag <- ddply(df, .(koa, schlag), summarise, Individuen = sum(flges))

```

```

par(mfrow=c(7,1))
for(i in 10:15){
  with(
    subset(df.art.schlag, koa == i),
    plot(Individuen ~ schlag,
         main=paste0("20", i),
         ylim=c(0,100))
  )
}
with(df.art.schlag,
     plot(Individuen ~ schlag,
          main="gesamt",
          ylim=c(0,100))
     )
)

```

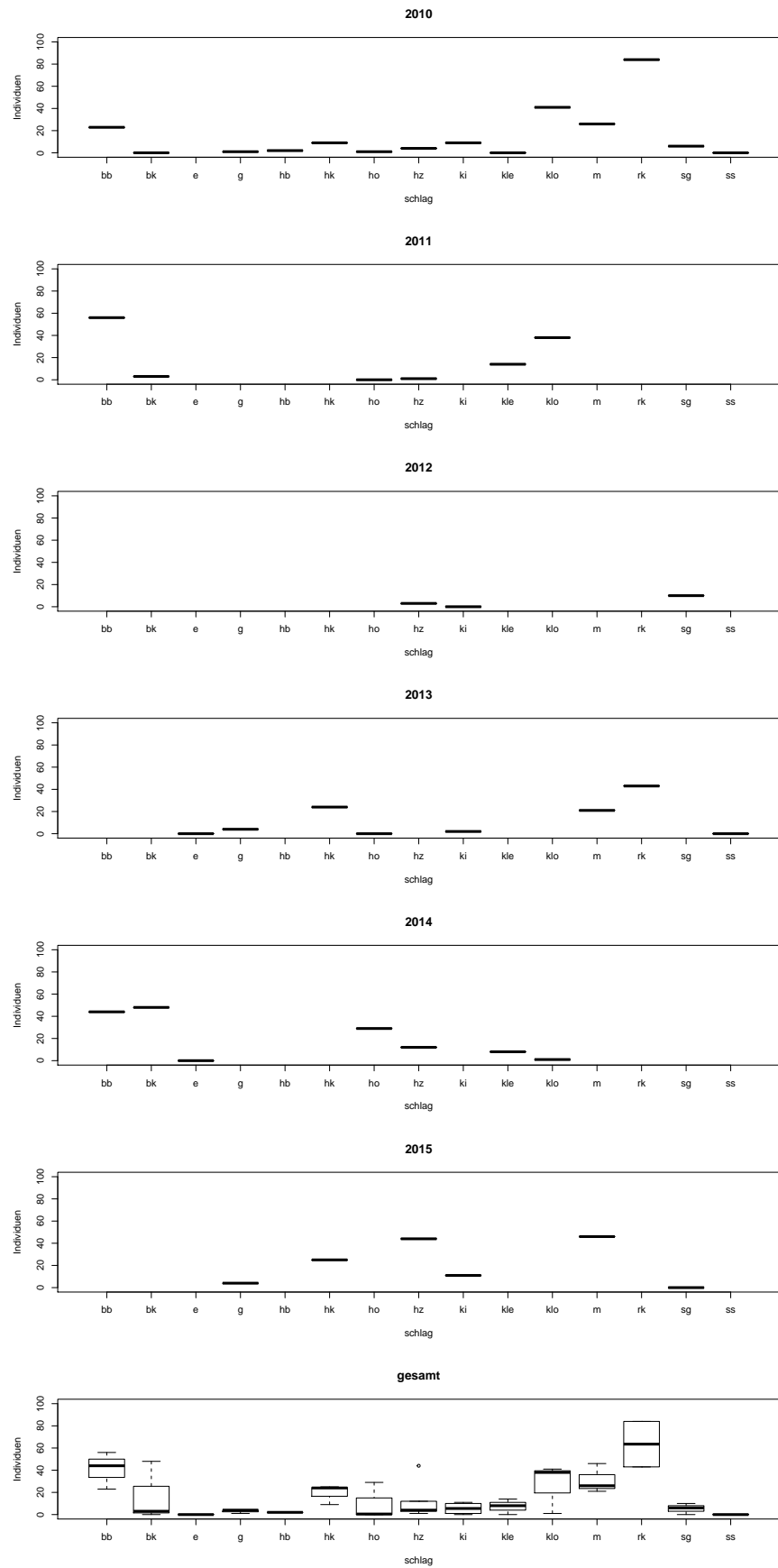


Figure 2: Individuen pro Schlag

```

v.kasten.schlag <- rep(0, length(df.art.schlag$Individuen))
for(
  i in seq_along(v.kasten.schlag)
){
  v.kasten.schlag[i] <- m.schlag[
    paste0(df.art.schlag$schlag[i]),
    paste0(df.art.schlag$koa[i])
  ]
}
df.kasten.art.schlag <- df.art.schlag
df.kasten.art.schlag$Kastenzahl <- v.kasten.schlag
df.kasten.art.schlag$IndProKasten <- with(df.kasten.art.schlag,
  Individuen / Kastenzahl
)

```

```

with(df.kasten.art.schlag,
  plot(Kastenzahl ~ schlag,
    main="gesamt"
  )
)

```

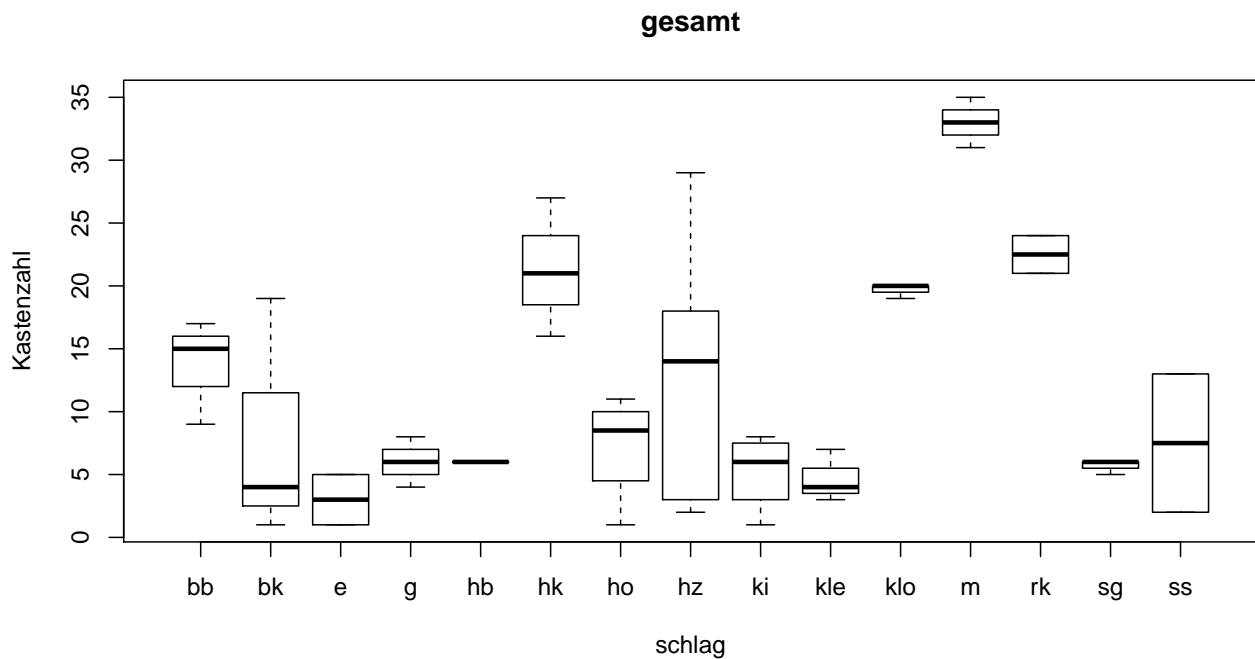


Figure 3: Kästen pro Schlag

```

with(df.kasten.art.schlag,
  plot(IndProKasten ~ schlag,
    main="gesamt"
  )
)

```

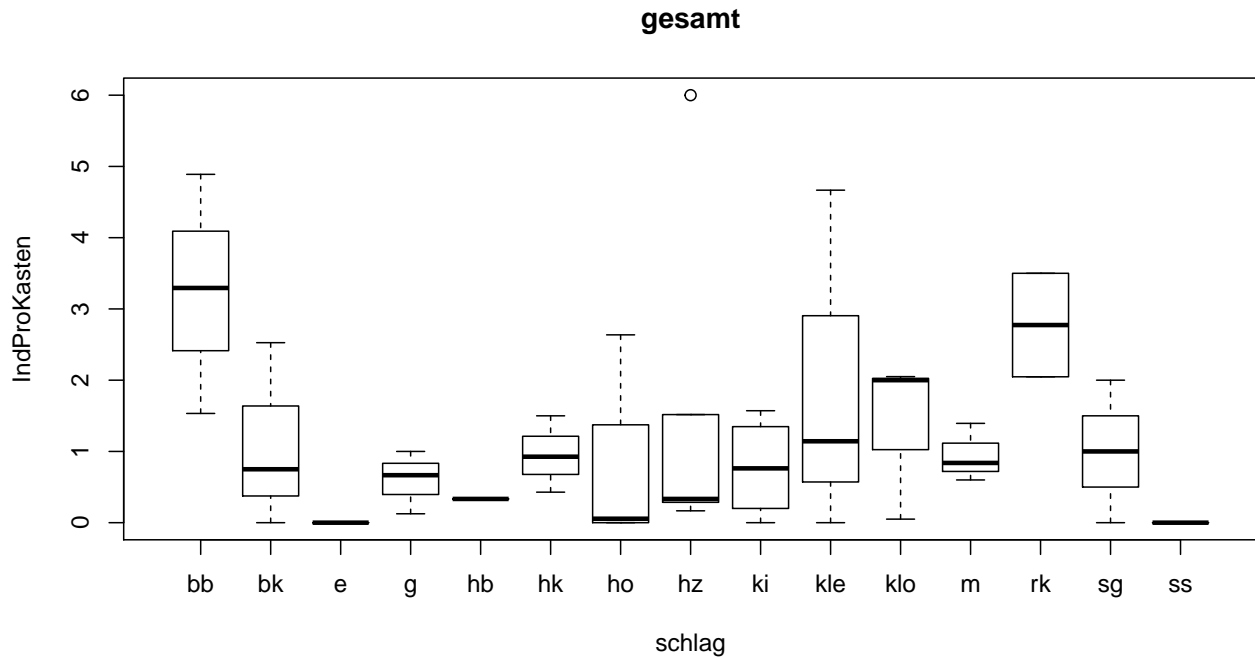


Figure 4: Individuen pro Kasten und Schlag

```
with(df.kasten.art.schlag,
{
  plot(Individuen ~ Kastenzahl,
       main="gesamt"
       )
  abline(lm(Individuen ~ Kastenzahl))
})
```

Sowohl bei den Quartieren (Tabelle 3) als auch bei den Individuenzahlen (Abb. 2) zeigt sich eine Häufung in einer Reihe von Schlägen, die auf der Karte betrachtet weitgehend zusammenhängen. Bei näherer Betrachtung zeigt sich jedoch, dass dort auch die Kastendichte höher ist (Abb. 3). Die Abbildungen 4 und 5 legen nahe, dass sowohl die Schläge an sich relevant sind, da sich die durchschnittliche Individuenzahl pro Kasten unterscheidet, als auch die Kastendichte.

```
Modell1 <- aov(Individuen ~ Kastenzahl + schlag, data=df.kasten.art.schlag)
```

```
Table4 <- pander(
  Modell1,
  caption="ANOVA: Individuen ~ Kastenzahl + Schlag"
)
Table4
```

Table 4: ANOVA: Individuen ~ Kastenzahl + Schlag

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Kastenzahl	1	7038	7038	41.18	5.999e-07
schlag	14	5182	370.2	2.166	0.03976
Residuals	28	4785	170.9	NA	NA

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(Modell1)
```

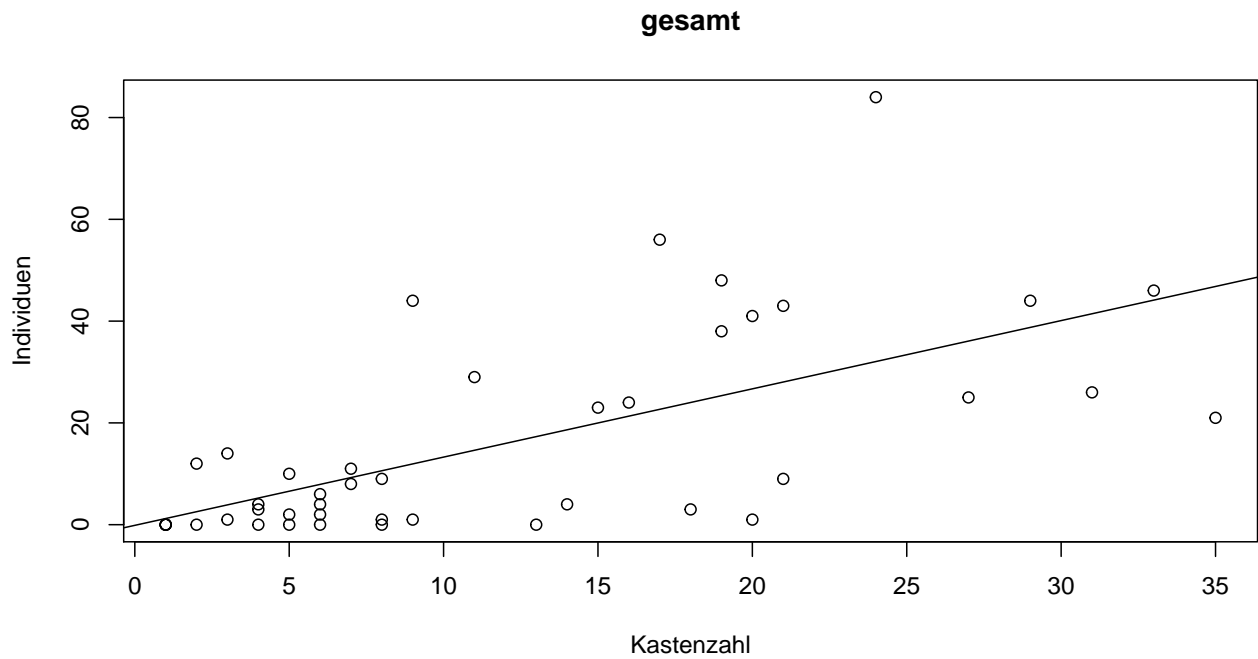
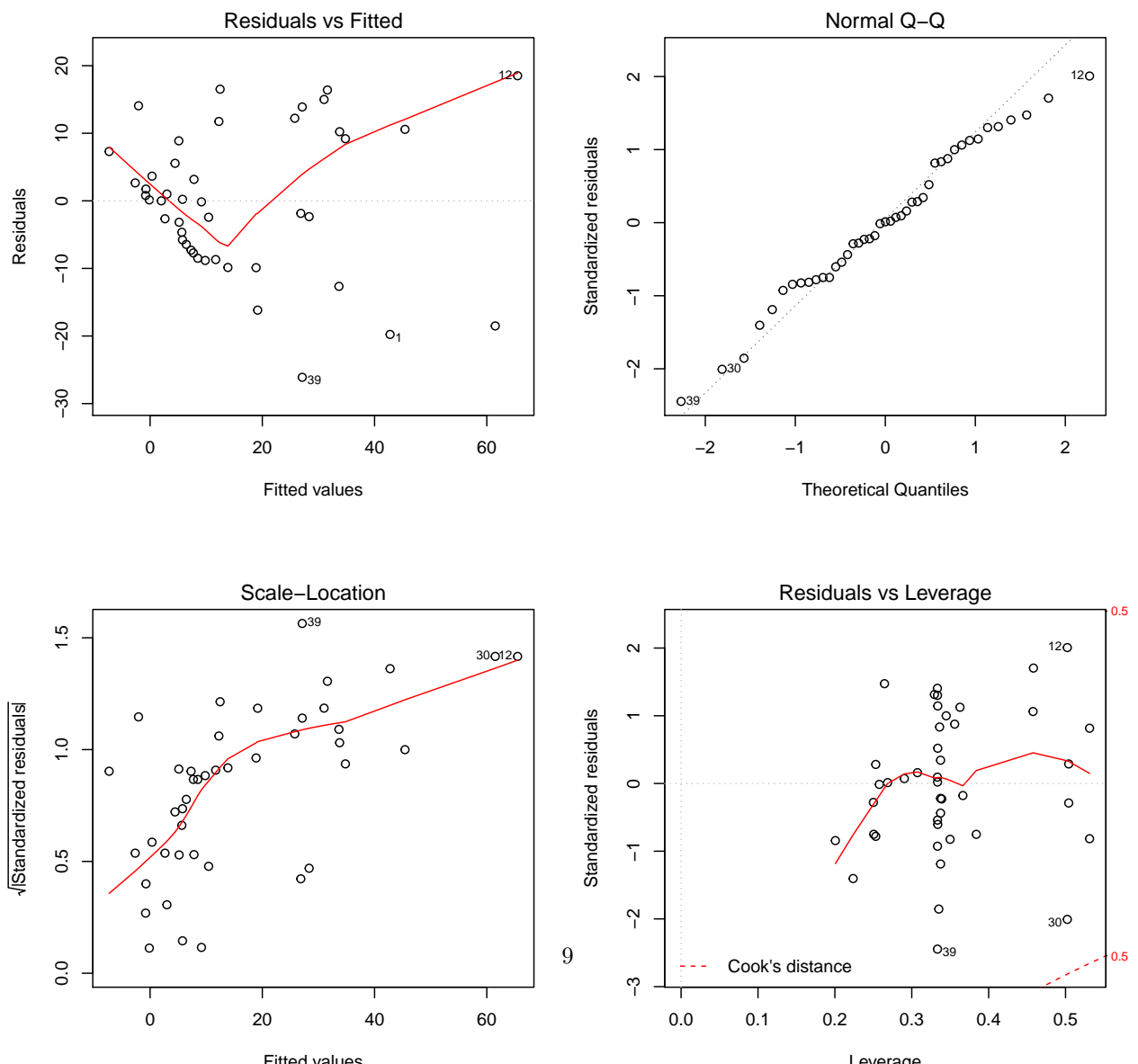



Figure 5: Individuen pro Kasten



Die ANOVA zeigt, dass eine positiv lineare Beziehung zwischen Kastendichte und Individuendichte ($p = 5.99 \cdot 10^{-1}$) besteht und darüber hinaus einer ebenfalls hochsignifikanter, aber weitaus schwächerer ($p = 0.04$) Unterschied zwischen den Schlägen.

Für den Bereich Rotes Kreuz / Mitterbachl dürften die Offenwasserflächen relevant sein, da diese ein gutes Nahrungsangebot generieren, für die Bereiche südlich der B300 dürfte die Nähe zu diesen relevant sein. Zudem bilden die bevorzugten Bereiche den Kern des Forstes mit seiner größten Ausdehnung.

4 Wie steht es um Quantität und Qualität der künstlichen Quartiere?