

Berichte
aus dem
INSTITUT FÜR MEERESKUNDE
an der
Christian-Albrechts-Universität Kiel

DOI 10.3289/IFM-BER-230

Nr. 230

**Ein wahrscheinlichkeitstheoretischer Ansatz
zur Optimierung
der Survey- und Auswertungsstrategie
des "International Young Fish Survey"
in der Nordsee**

JOACHIM GRÖGER

Kopien dieser Arbeit können bezogen werden von:

**Institut für Meereskunde
Abt. Fischereibiologie
Düsternbrooker Weg 20
2300 Kiel 1**

Summary

In January/February each year since 1970 the "International Young Fish Survey" (IYFS) is carried out as bottom trawl survey by the nations surrounding the North Sea. The IYFS is an ICES project for monitoring the recruitment of diverse demersal fish species (ICES: "International Council for the exploration of the Sea"). From the statistical point of view the current sampling and analysis strategy of the IYFS implies some weak points. These are mainly an immediate consequence of ignoring the pre-requisites of the "central limit theorem" (the clt restrictions are: independent, identical distributions of non-degenerated random variables and asymptotic sample sizes) and the misinterpretation of underlying empirical frequency distributions of associated fish species. For these reasons the global aim of the current work was to derive a statistically optimal as well as biologically reasonable survey strategy under special consideration of the afore mentioned clt problems.

After pre-processing the data (missing value elimination etc) a re-stratification of the North Sea was carried out on the basis of 14 selected, non-accidental fish species (untransformed abundances) for the years 1983 to 1988. This was done by means of McQueen's clustering algorithm which is able to recombine catch positions on the same distance level as long as their final composition minimizes a multivariate variance criterion. Per construction of the algorithm this lead to variance-homogenous clusters of catch positions. Those clusters were also plausible from the biological point of view as they can be interpreted as species associations. The basic statistical idea was to fulfill the clt requirement of homogenous (non-degenerated) strata which was confirmed by the results of non-parametric discriminant analyses on the basis of density estimators (kernel functions with normal kernel). The outcome of an additionally performed stepwise discriminant analysis which gave a ranking list of significance for the 14 fish species under investigation was consistent with the results based on two more biologically oriented measures: the "dominance" and the "preference". The latter was created and introduced by the author of the current work to describe interactive species/clusters properties. Investigations on impacts of abiotic factors showed a possible direct or indirect influence of the depth as well as of the temperature on the cluster building process. From comparative investigations towards the quality of the sampling error it could be inferred that the process of variance-optimization which included all 14 fish species simultaneously lead also to a variance-minimization when considering only a particular fish species. The stability of the clusters could be supported by experiments which successively excluded particular dominant (significant) species from the clustering procedure. For all these reasons the detected clusters could be used as North Sea strata on which the further statistical analysis steps were based.

In order to meet the clt requirement of using the same probability distribution in all cases the very flexible β distribution (beta distribution) was fitted stratawise to the abundances of the

SUMMARY

species under investigation for each year separately. The β pdf (probability density function) is determined by the two shape parameters a and b . Due to reasons concerning the simplicity and interpretability of the approach the identification of frequency distributions was concentrated on the untransformed catch numbers of only the three demersal species *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* and *Merlangius merlangus*. The numerical effort could be further reduced by using moment estimators while computing the β distribution parameters. On the basis of graphical inspections and statistical goodness-of-fit tests as well as by means of bootstrapping experiments it could be shown that nearly each of the specific frequency distributions could be fitted by the β pdf. The simultaneously calculated β confidence limits were only 1/5 of the size of corresponding t distribution confidence intervals which were computed for comparative reasons. This indicates much smaller error sections around central tendencies which generally lead to more exact estimations. Finally, only from the size constellation of the two parameters a and b the probable type of geographical fish distributions could also be deduced.

In order to fulfill the asymptotic restriction of the clt (large sample sizes) simulation studies have been carried out on the basis of the specific β distribution models. Since no symmetric or normal distribution was found while fitting the β pdf to the various empirical catch frequency distributions the conventional methods of calculating ideal sample sizes did not work here. Therefore, within the simulation experiments the biases of the two β distribution parameters a and b were minimized by successively increasing the sample sizes. On the basis of the simulated catch data an inverse intrinsic linear function (sample size model) could be derived which describes the functional relationship between ideal sample sizes and given biases. In equivalence to the usual significance levels different levels of pre-determined biases were used here: 0.1%, 1%, 5% and 10%. It could be shown that a bias of 10% (unlike smaller biases) lead to reasonable results which may gain a higher acceptance within the IYFS: 10% bias lead to 50 catch positions per cluster which means 700 catch positions for the whole North Sea.

The last chapter of the current work summarizes the major results relevant for optimizing the IYFS and combines them with two alternative solutions of the main problem concerning the disjointness of the re-stratification. These two slightly differing approaches can be considered as two separate proposals of an optimized sampling and analysis strategy of the IYFS.

Zusammenfassung

Die Beprobungs- und Auswertungsstrategie des "International Young Fish Survey" (IYFS), der als "Bottom-Trawl"-Survey seit 1970 alljährlich im Januar/Februar durch die Anrainerstaaten der Nordsee im Rahmen des ICES-Monitoringprojektes (ICES: "International Council for the Exploration of the Sea") zur Rekrutierung verschiedener demersaler Fischarten durchgeführt wird, weist in statistischer Hinsicht gewisse Schwächen auf; diese liegen vor allem in der Nichtbeachtung der Voraussetzungen des Zentralen Grenzwertsatzes (ZGWS-Voraussetzungen: unabhängige, identisch verteilte Stichproben nicht-degenerierter Zufallsvariablen sowie asymptotische Stichprobenumfänge) und der Fehlinterpretation empirischer Häufigkeitsverteilungen von Fischarten. Aus diesem Grunde war das globale Ziel der vorliegenden Arbeit, eine statistisch optimale sowie biologisch sinnvolle Surveystrategie des IYFS unter Beachtung der genannten Schwachpunkte abzuleiten.

Nach gewissen Datenaufbereitungsmaßnahmen wurde dabei zunächst auf der Basis von 14 selektierten, nichtakzidentiellen Ziel-Fischarten (untransformierte Abundanzen) mit Hilfe des optimierenden Austausch-Clusterungsalgorithmus nach McQueen eine Re-Stratifizierung der Nordsee für die Jahre 1983 bis 1988 durchgeführt. Per Konstruktion des Austauschverfahrens führte diese Art der Clusterung zu Varianz-homogenen und zugleich biologisch plausiblen Strata, da sich diese als Artenassoziationen interpretieren ließen. Damit konnte die Forderung des ZGWS nach homogenen, d.h. nicht-degenerierten sowie unabhängigen Clustern bzw. Strata erfüllt werden. Das hat u.a. auch die Verifikation mit Hilfe von nicht-parametrischen Diskriminanz-Analysen auf der Basis von Kernfunktionen bzw. Dichteschätzern mit Normalkern ergeben. Die Ergebnisse einer ebenfalls durchgeführten schrittweisen Diskriminanz-Analyse zur Detektion einer Rangfolge der Signifikanz für die 14 Ziel-Arten deckten sich sehr gut mit den Resultaten der ebenfalls berechneten, eher biologisch orientierten Maßzahlen der "Dominanz" und der "Präferenz". Letztere Kenngröße ist vom Verfasser der vorliegenden Arbeit als Maß zur Messung von Cluster/Arten-Eigenschaften eingeführt worden. Untersuchungen zum Effekt abiotischer Größen zeigten einen möglichen direkten oder indirekten Einfluß der Tiefe sowie der Temperatur auf die Clusterbildung. Vergleichende Untersuchungen zur Qualität des Sampling Errors ließen erkennen, daß die Varianz-Optimierung bezüglich aller 14 Ziel-Arten gemeinsam auch zu einer Varianz-Minimierung für einzelne Arten führt. Die Stabilität der Clusterung konnte mit Hilfe von Experimenten aufgezeigt werden, in denen sukzessive einzelne dominante bzw. signifikante Ziel-Arten vom Clusterungsverfahren ausgeschlossen wurden. Aus den genannten Gründen ließen sich die so identifizierten Cluster als Stratifizierungs-Grundlage für die weiteren Schritte verwenden.

Um der Forderung des ZGWS nach Verwendung identischer Häufigkeitsverteilungen von Fischarten nachzukommen, ist die sehr flexible β -Verteilung (beta-Verteilung), die durch zwei

Formparameter (*a* und *b*) festgelegt wird, an die untransformierten Abundanzen strata-, arten- und jahresweise vorgenommen worden. Aufgrund vereinfachter Annahmen und wegen des rechentechnischen Aufwandes wurde sich hierbei auf die Fangzahlen der drei demersalen Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* sowie auf Schätzungen nach der Momentenmethode beschränkt. Auf der Basis von graphischen sowie statistischen Verifikationsmaßnahmen und unter Durchführung von Bootstrapping-Experimenten konnte gezeigt werden, daß die β -Verteilung in der Lage ist, nahezu jede empirische Häufigkeitsverteilung (inklusive der symmetrischen Normalverteilung) von Fischen darzustellen. Ferner sind die auf ihrer Grundlage berechneten (in der Regel asymmetrischen) Vertrauensintervalle ca. nur 1/5 so groß, wie die korrespondierender Vertrauensintervalle der *t*-Verteilung, die aus Vergleichsgründen ebenfalls berechnet worden sind. D.h., die Fehlerabschätzungen für zentrale Tendenzen sind auf ihrer Basis erheblich genauer. Schließlich hat sich gezeigt, daß alleine aus dem Größenverhältnis der beiden Formparameter zueinander auf die zugrundeliegenden geographischen Verteilungen der entsprechenden Ziel-Arten geschlossen werden konnte.

Um die asymptotischen Erfordernisse des ZGWS zu gewährleisten, ist eine im folgenden "Asymptotik-Konzept" genannte Vorgehensweise zum tragen gekommen. Denn es hat sich bei der Identifikation von empirischen Häufigkeitsverteilungen gezeigt, daß in keinem Fall eine symmetrische bzw. eine Normalverteilung angepaßt werden konnte. Die herkömmlichen Berechnungsverfahren eines idealen Stichprobenumfanges beruhen aber auf der Annahme einer Normal- bzw. zumindest einer symmetrischen Verteilung. Aus diesem Grunde, konnten hier die konventionellen Methoden zur Berechnung der Stichprobengröße nicht verwendet werden. Stattdessen wurden in der vorliegenden Arbeit Simulationsstudien durchgeführt, die auf den identifizierten β -Verteilungsmodellen der drei genannten Ziel-Arten beruhen. Dabei ist für jede der drei Ziel-Arten die Verzerrung (Bias) der beiden Formparameter der β -Verteilung durch sukzessive Erhöhung des Stichprobenumfanges minimiert worden. Auf der Basis dieser Studien konnte schließlich eine Funktion abgeleitet werden, die den idealen Stichprobenumfang in Abhängigkeit von der Verzerrung wiedergibt (Stichprobengrößenmodell). In Anlehnung an die üblichen Signifikanzniveaus im Bereich der Statistik ist dann jeweils ein zulässiger Bias von 0.1%, 1%, 5% sowie 10% zugrundegelegt und der korrespondierende Stichprobenumfang berechnet worden. Es hat sich dabei gezeigt, daß die Vorgabe von 10% Verzerrung zu einem Stichprobenumfang von 50 Stationen je Cluster führt. Dies bedeutet einen Gesamtstichprobenumfang von 700 Stationen für die Gesamtnordsee, der für den IYFS als durchaus realistisch einzustufen ist und unter den aktuellen finanziellen Gegebenheiten im ICES-Bereich umsetzbar erscheint.

Am Schluß der Arbeit sind die für die Optimierung des IYFS relevanten Ergebnisse zusammengefaßt worden. Unter Berücksichtigung der Hauptprobleme, die die Disjunktheit der Strata betreffen, wurden exemplarisch zwei alternative Ansätze abgeleitet und als optimierte Survey- und Auswertungstrategie des IYFS vorgeschlagen.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
1.1	Problemstellung und Kenntnisstand	1
1.2	Die Idee des Ansatzes	5
1.3	Ablauf und Organisation der Arbeit	8
2	Datenmaterial, Datenaufbereitung und Organisation der Design-Matrix	11
2.1	Wichtige Charakteristika des verwendeten Datensatzes	12
2.2	Die Auswahl relevanter Arten	16
2.3	Die Elimination von Missing Values	18
3	Die Ableitung eines Re-Stratifzierungs-Ansatzes der Nordsee als Grundlage für ein Verteilungsmodell	25
3.1	Theorie und Vorgehen im Rahmen der Re-Stratifizierung	25
3.1.1	Der eigentliche Vorgang der Re-Stratifizierung	26
3.1.1.1	Die Bestimmung der wahrscheinlichsten Clusterzahl	29
3.1.1.2	Die Bestimmung der Start-Cluster	30
3.1.1.3	Die Bereinigung der Start-Cluster von Ausreißern	32
3.1.1.4	Die Analyse der Effekte abiotischer Größen hinsichtlich der Clusterung	33
3.1.2	Clusterverifikation: Untersuchung der Eigenschaften der Cluster	35
3.1.2.1	Bestimmung des Trennungsgrades der Clusterung	35
3.1.2.2	Die Einflußstärke der einzelnen Ziel-Arten	37
3.1.2.3	Populationsdichte, Dominanz- und Präferenz-Struktur der Cluster	37

3.1.2.4	Größe, geographische Homogenität, Lage und Form der Cluster	39
3.1.3	Vergleich der Clusterung mit anderen Stratifizierungs-Ansätzen	40
3.1	Ergebnisse	42
3.1.1	Ergebnisse zur Clusterung der Stationen	42
3.1.1.1	Clusterzahlen	42
3.1.1.2	Einflußstärke der Arten auf die Clusterung	44
3.1.1.3	Individuendichte, Präferenz- und Dominanzstruktur der Cluster	45
3.1.1.4	Spezielle Beschreibung der Cluster am Beispiel des Jahres 1983	56
3.1.1.5	Mögliche Effekte abiotischer Größen auf die Clusterung	67
3.1.1.6	Trennungsgrad und Homogenität der Cluster	77
3.1.2	Vergleich verschiedener Re-Stratifizierungs-Ansätze	81
3.2	Diskussion	85
3.2.1	Methodik	85
3.2.2	Ergebnisse	90
4	Die Ableitung eines modularen Verteilungsmodells als Grundlage für Simulations-Experimente	97
4.1	Theorie und Vorgehen im Rahmen der Modellanpassung	97
4.1.1	Wichtige Charakteristika der β -Verteilung	98
4.1.2	Schätzung der Modellparameter und ihrer Varianzen, Berechnung von β -Konfidenzintervallen, Test auf Anpassungsgüte sowie auf Gleichheit der Modellparameter	101
4.2	Ergebnisse	106

4.3	Diskussion	115
5	Simulation von Fischerei-Forschungssurveys	119
5.1	Theorie und Vorgehen im Rahmen der Simulation	119
5.1.1	Zur Theorie der Simulation einer β -Verteilung	120
5.1.2	Zur Messung der Verzerrung	122
5.2	Ergebnisse	125
5.3	Diskussion	134
6	Allgemeine Schlußfolgerungen und die daraus abgeleitete Survey- und Analyse-Strategie für den IYFS	137
6.1	Vorschläge für die Strategie	138
6.2	Weitere Hinweise zur Verbesserung des Surveys	142
6.3	Exemplarischer Ablauf eines Surveys	143
7	Literatur	147
8	Stichwortverzeichnis	159
9	Danksagung	165
10	Externer Programmanhang	167

1 Einleitung

1.1 Problemstellung und Kenntnisstand

Eine wesentliche Aufgabe des Fischereimanagements in der Nordsee ist es, den gegenwärtigen Zustand (Größe, Struktur) von Fischbeständen zu beschreiben. Für eine quantitative Erfassung von dafür notwendigen Informationen werden in der Regel Forschungs-Surveys durchgeführt. Bei dem "International Young Fish Survey" (IYFS), der alljährlich vom "International Council for the Exploration of the Sea" (ICES) in der Nordsee durchgeführt wird und dessen Optimierung auf der Grundlage seiner Daten das Ziel der vorliegenden Arbeit ist, handelt es sich um einen solchen Forschungs-Survey. Ein prinzipielles Problem derartiger Beprobungen ist die Frage, wie repräsentativ die Fangdaten für das sind, was man an Information über Populationsparameter wie z.B. die Bestandsgröße einer oder mehrerer Zielarten eines bestimmten Gebietes zu einem gegebenen Zeitpunkt erhalten möchte. Damit sind nicht die systematischen Fehler gemeint, die durch unterschiedliche technische Rahmenbedingungen an Bord (Schiffstyp, Fanggeschirr, Fangaufbereitungsmethoden etc.) verursacht werden. Vielmehr ist damit das Problem gemeint, daß nur punktuell Stichproben (Fänge) genommen werden können, und man in den meisten Fällen davon ausgeht, daß die räumliche Verteilung einer Zielfischart in der näheren Umgebung der Fangstrecke (einem Wahrscheinlichkeitsgesetz folgend) entweder gleichmäßig oder aber zufällig ist [Sparre *et al.*, 1989]. Im Falle einer räumlich gleichmäßigen Verteilung wäre es unbedeutend, an welcher Stelle des untersuchten Areals man fischen würde, da man immer etwa gleiche (konstante) Fangzahlen und damit statistisch gleichverteilte (uniforme) Fanghäufigkeiten erhalten würde. Solche Fangzahlen ließen sich linear auf die Gesamtfläche des Untersuchungsgebietes hochrechnen. Wegen der Konstanz der Zahlen würde dafür theoretisch schon eine einzige Stichprobe ausreichen. Im Falle einer räumlich zufälligen Verteilung käme man nicht mehr mit einer einzigen Stichprobe aus, da die einzelnen Fänge mehr oder minder zufällig voneinander abwichen. Dies würde statistisch zu normalverteilten Fanghäufigkeiten führen. Der Mittelwert als repräsentatives Zentrum der Normalverteilung ließe sich dann zur Charakterisierung des Gesamtgebietes und zur linearen Hochrechnung über das Gesamtgebiet verwenden.

Nun ist aber bekannt, daß die Annahme einer gleichmäßigen oder zufälligen Verteilung von Fischen im Raum nicht realistisch ist; unter der Vielzahl an Publikationen, die sich mit den verschiedensten Aspekten dieses Problems auseinandersetzen, sei exemplarisch auf einige neuere Arbeiten verwiesen: Beek [1989], Freon *et al.* [1989], McConnaughy *et al.* [1989], Aglen *et al.* [1990], Daan *et al.* [1990], De Ben *et al.* [1990], Foote *et al.* [1990], Jacobsen [1990], Marchal [1990], Misund [1990] und Rankine [1990]; ebenso wird dieser Themenkomplex in den gängigen Lehrbüchern zumindest angesprochen (siehe u.a. Cushing [1980] und Pitcher *et al.* [1982]). Durch die fehlende gleichmäßige oder zufällige Verteilung geht für das Gesamtgebiet die Eigen-

schaft der linearen Berechenbarkeit (flächenbezogenen Hochrechnung) verloren. Es liegt hier also ein räumliches Verteilungsproblem vor, zu dessen wissenschaftlicher Lösung statistische Methoden erforderlich sind, dessen Ursachen aber in der Biologie liegen. Diese Ursachen sind im Verhalten einer Fischart begründet, das sich prinzipiell als die Gesamtheit aller Intraaktionen ihrer Individuen sowie aller Interaktionen zwischen ihnen und ihrer biotischen und abiotischen Umwelt auffassen läßt. Dieses Verhalten findet dabei teilweise seinen Ausdruck in einer räumlichen und zeitlichen Verbreitung, in der sich die Art in einem speziellen Aggregationszustand (Schwärme, Populationen, Bestände, etc.) befindet [Bliss, 1971; Hairston *et al.*, 1971; Iwao *et al.*, 1971; Stiteler & Patil, 1971; Taylor, 1971]. Zeitlich variierende Unterschiede in der Populationsdichte der betreffenden Art wie auch der anderer Arten beeinflussen ferner dieses Aggregationsmuster und erschweren in den meisten Fällen die räumlich-zeitliche Vorhersagbarkeit der Struktur dieses Verbreitungsmusters recht erheblich. Aus biologischer Sicht läßt sich das Phänomen der Aggregation vielleicht auch im Sinne einer populationsdynamischen Strategie zur Sicherung der Existenz einer Art deuten [May, 1976; May & Oster, 1976; Guckenheimer, 1982; Schaffer, 1984; Schaffer, 1985].

Um die Repräsentativität (Unverzerrtheit, Erwartungstreue) eines prospektiven Verteilungsmodells zu erhöhen, spielt die Größe des Stichprobenumfanges eine wichtige Rolle. Ein beliebig bzw. (theoretisch) unendlich großer Stichprobenumfang ("totale Stichprobe", Vollerhebung) ist aus verschiedenen Gründen nicht realisierbar. Es muß demnach eine geeignete Form der Datengewinnung (Sampling Design, Survey-Strategie) und der Ableitung möglichst unverzerrter Maßzahlen (erwartungstreue Informationsbündelung) gefunden werden. Dieses Problem ist eng mit einer aus statistischer Sicht vernünftigen Verteilung von Stichproben (Fangpositionen) über das Untersuchungsgebiet verknüpft. In Hinblick auf die Problemlösung darf dabei die Auswahl der zur Verfügung stehenden statistischen Analyse-Verfahren sowie die Anwendbarkeit wichtiger statistischer Sätze und Grundsätze nicht allzu stark eingeschränkt werden. Die Qualität des Sampling Designs kann statistisch mit Hilfe des Sampling Errors gemessen werden. Je kleiner dieser ist, desto kleiner werden auch um z.B. mittlere Fänge herum konstruierte Vertrauensintervalle sein (und damit, vereinfacht gesagt, auch Schätz- und Prognosefehler). Um derartige Fehler nun konkret berechnen zu können, ist es wichtig, eine Vorstellung von der zugrundeliegenden Fanghäufigkeitsverteilung zu haben.

Wenn man die Nordsee in Anknüpfung an die Zielsetzung der vorliegenden Arbeit (Optimierung des IYFS) als ein einheitliches System betrachtet und sich im Falle des IYFS die auf einzelne Arten bezogenen Histogramme aller Nordsee-Fangdaten (IYFS-Daten) eines Jahres ansieht, so wird man feststellen, daß diese sich wegen der hohen Anzahl an Nullfängen als ausgeprägt linksschiefe Fangverteilungen darstellen. Ähnliche Befunde hat schon 1953 Taylor für den Schellfisch im Gebiet der Georges Bank an der Ostküste der U.S.A. erhalten [Taylor, 1953]. Er beschränkt sich aus rein pragmatischen Gründen, wie auch viele andere [Bliss, 1956; Bliss, 1971; Hairston *et al.*, 1971; Matérn, 1971; Taylor, 1971; Stiteler & Patil, 1971] auf die Ableitung von

schaft der linearen Berechenbarkeit (flächenbezogenen Hochrechnung) verloren. Es liegt hier also ein räumliches Verteilungsproblem vor, zu dessen wissenschaftlicher Lösung statistische Methoden erforderlich sind, dessen Ursachen aber in der Biologie liegen. Diese Ursachen sind im Verhalten einer Fischart begründet, das sich prinzipiell als die Gesamtheit aller Intraaktionen ihrer Individuen sowie aller Interaktionen zwischen ihnen und ihrer biotischen und abiotischen Umwelt auffassen läßt. Dieses Verhalten findet dabei teilweise seinen Ausdruck in einer räumlichen und zeitlichen Verbreitung, in der sich die Art in einem speziellen Aggregationszustand (Schwärme, Populationen, Bestände, etc.) befindet [Bliss, 1971; Hairston *et al.*, 1971; Iwao *et al.*, 1971; Stiteler & Patil, 1971; Taylor, 1971]. Zeitlich variierende Unterschiede in der Populationsdichte der betreffenden Art wie auch der anderer Arten beeinflussen ferner dieses Aggregationsmuster und erschweren in den meisten Fällen die räumlich-zeitliche Vorhersagbarkeit der Struktur dieses Verbreitungsmusters recht erheblich. Aus biologischer Sicht läßt sich das Phänomen der Aggregation vielleicht auch im Sinne einer populationsdynamischen Strategie zur Sicherung der Existenz einer Art deuten [May, 1976; May & Oster, 1976; Guckenheimer, 1982; Schaffer, 1984; Schaffer, 1985].

Um die Repräsentativität (Unverzerrtheit, Erwartungstreue) eines prospektiven Verteilungsmodells zu erhöhen, spielt die Größe des Stichprobenumfanges eine wichtige Rolle. Ein beliebig bzw. (theoretisch) unendlich großer Stichprobenumfang ("totale Stichprobe", Vollerhebung) ist aus verschiedenen Gründen nicht realisierbar. Es muß demnach eine geeignete Form der Datengewinnung (Sampling Design, Survey-Strategie) und der Ableitung möglichst unverzerrter Maßzahlen (erwartungstreue Informationsbündelung) gefunden werden. Dieses Problem ist eng mit einer aus statistischer Sicht vernünftigen Verteilung von Stichproben (Fangpositionen) über das Untersuchungsgebiet verknüpft. In Hinblick auf die Problemlösung darf dabei die Auswahl der zur Verfügung stehenden statistischen Analyse-Verfahren sowie die Anwendbarkeit wichtiger statistischer Sätze und Grundsätze nicht allzu stark eingeschränkt werden. Die Qualität des Sampling Designs kann statistisch mit Hilfe des Sampling Errors gemessen werden. Je kleiner dieser ist, desto kleiner werden auch um z.B. mittlere Fänge herum konstruierte Vertrauensintervalle sein (und damit, vereinfacht gesagt, auch Schätz- und Prognosefehler). Um derartige Fehler nun konkret berechnen zu können, ist es wichtig, eine Vorstellung von der zugrundeliegenden Fanghäufigkeitsverteilung zu haben.

Wenn man die Nordsee in Anknüpfung an die Zielsetzung der vorliegenden Arbeit (Optimierung des IYFS) als ein einheitliches System betrachtet und sich im Falle des IYFS die auf einzelne Arten bezogenen Histogramme aller Nordsee-Fangdaten (IYFS-Daten) eines Jahres ansieht, so wird man feststellen, daß diese sich wegen der hohen Anzahl an Nullfängen als ausgeprägt linksschiefe Fangverteilungen darstellen. Ähnliche Befunde hat schon 1953 Taylor für den Schellfisch im Gebiet der Georges Bank an der Ostküste der U.S.A. erhalten [Taylor, 1953]. Er beschränkt sich aus rein pragmatischen Gründen, wie auch viele andere [Bliss, 1956; Bliss, 1971; Hairston *et al.*, 1971; Matern, 1971; Taylor, 1971; Stiteler & Patil, 1971] auf die Ableitung von

Verteilungsmodellen für das Gesamt-System, ohne dieses in ökologisch unterschiedliche Teilbereiche zu zerlegen. Diese ganzheitlich orientierten Verteilungsmodelle, die in der Regel als durch einen Poisson-Prozeß generiert angesehen werden, lassen sich in vielen Fällen von ihrer Form her durch eine Dichtefunktion aus der Familie der negativen Binomialverteilungen anpassen. Andere wiederum haben versucht, Verteilungen zu identifizieren, indem sie die Nullfänge entweder von den restlichen Werten einer Häufigkeitsverteilung abgekoppelt und separat behandelt haben, wie z.B. Pennington & Grosslein [1978] bzw. Almeida *et al.* [1986] durch Anpassen z.B. einer Delta-Verteilung oder durch generelles Ignorieren der Nullfänge und Anpassen einer Log-Normalverteilung (Log-NV) an die Nicht-Nullfänge. Andere haben einen mathematischen Trick vollzogen, indem sämtliche Fänge um einen konstanten Betrag erhöht werden, sodaß nach Addition von z.B. "1" oder "0.001" keine Nullfänge mehr vorkommen; nach anschließender Log-Transformation derartig behandelter Fangdaten hofft man, daß sich eine Log-NV als Histogramm ergibt. Dies ist allerdings nur sehr selten der Fall. Aus statistischer Sicht sind solche zwar monotonen, aber nicht-linearen Operationen, zu denen auch die Log-Transformation gehört, recht problematisch, da sie die tatsächliche Wahrscheinlichkeitsstruktur der Fangdaten in nicht mehr nachzuvollziehender Weise verändern, insbesondere wenn in einem späteren Analyseschritt eine Rücktransformation notwendig wird [Rohatgi, 1976; Mood *et al.*, 1988]. Diese Veränderungen an den Histogrammen werden in der Regel unternommen, um auf diese Weise die Konstruktion von Lagemaßen und Konfidenzbereichen auf die symmetrische Normalverteilung zurückführen zu können, da für diese ein sehr breites Spektrum an statistischen Testverfahren existiert. Da solche ganzheitlichen Ansätze jedoch prinzipiell die biologische Heterogenität eines größeren Gebietes mit unterschiedlichen Lebensbereichen bzw. artspezifischen Aggregationsstrukturen negieren oder zu stark vereinfachen, werden diese in der vorliegenden Arbeit für die Nordsee als zu "wenig ökologisch orientiert" angesehen.

Wegen der sehr hohen artabhängigen natürlichen Variation erscheint auch aus statistischer Sicht eine ganzheitliche Betrachtung der Nordsee nicht besonders vernünftig. Durch überhöhte Varianzen wird grundsätzlich die zentrale Tendenz der zugrundeliegenden Fanghäufigkeitsverteilung mit einer zu hohen Unsicherheit geschätzt und das korrespondierende Vertrauensintervall künstlich aufgebläht (zur prinzipiellen Bildung von Vertrauensintervallen siehe Kap. 4). Um nun die Variabilität von Fängen zu verringern, wird in der Regel eine Stratifizierung des Untersuchungsgebietes durchgeführt. Nach Cochran [1977], Ripley [1981], Steel & Torrie [1981], Scheaffer *et al.* [1986] sowie Upton & Fingleton [1990] reduziert dies im statistischen Sinne die Variation der betroffenen Fischart automatisch, sofern sich die geographischen Strata mit den tatsächlichen Aggregationsmustern der Ziel-Art(en) decken. Man spricht in diesem Zusammenhang auch von Homogenität der Strata, da neben der Verringerung auch eine Homogenisierung der stratabezogenen Varianzen und der korrespondierenden Konfidenzintervalle erzielt wird. Prinzipiell erhofft man sich, daß dann der Zentrale Grenzwertsatz (ZGWS) auf die mittleren Fänge einer Art, die auf der Basis solcher als homogen angenommenen Strata gebildet werden, angewendet werden kann, um auf diese Weise das volle Spektrum an statistischen Testverfahren,

die auf der Normalverteilung (NV) fußen, zur Verfügung zu haben.

Je nach dem, welches Kriterium die Varianz von Fängen einer Ziel-Fischart adäquat reduziert, wird in der Fischereibiologie häufig eine der nachstehenden Variablen als Stratifizierungs-Kriterium verwendet: die Tiefe [siehe u.a. Markle *et al.*, 1988; Montgomery *et al.*, 1989; Millner *et al.*, 1989; Blaber *et al.*, 1990; Frechet, 1990; Raetz, 1990; Raymore *et al.*, 1990], die Temperatur [siehe u.a. Sosa *et al.*, 1981; Davey *et al.*, 1989; Frechet, 1990] und/oder die Dichte [siehe u.a. Gerlotto *et al.*, 1983; Jolly *et al.*, 1990]. Die Motivation des ICES, die Nordsee gitterförmig in Beprobungs-Einheiten (Rechtecke, ICES-Rectangles) einzuteilen, um eine möglichst vollständige sowie gleichmäßige Abdeckung der Nordsee mit Beprobungsstationen zu gewährleisten, ist also kein Stratifizierungs-Kriterium im herkömmlichen Sinne. Legt man allerdings die Praxis der rectangle-weisen Schätzung von (mittleren) Häufigkeits-Indizes zugrunde (siehe z.B. Anon. [1989a] oder Anon. [1990b]), so ist die Verwendung dieser rechteckförmigen Einheiten zumindest im Rahmen einer statistischen Auswertung zu vergleichen mit der Nutzung von Strata, da sich die Analyse unmittelbar auf die ICES-Rectangles als Beprobungs-Einheiten bezieht, und damit indirekt auf die Theorie des ZGWS. Sieht man sich in diesem Zusammenhang die Histogramme von Fang-Mittelwerten je Rechteck, Ziel-Art und Jahr an, die auf der Grundlage von Bootstrapping-Experimenten konstruiert werden, so fällt auf, daß diese keineswegs einer NV bzw. einer Standard-NV folgen, wie dies eigentlich bei Anwendung des ZGWS durch Berechnung von solchen mittleren Häufigkeits-Indizes zu erwarten gewesen wäre. Dies liegt an der Tatsache, daß im Falle des IYFS offensichtlich u.a. die asymptotischen Bedingungen des ZGWS nicht erfüllt sind; in den einzelnen rechteckigen IYFS-Strata sind oft nicht ausreichend viele Fangpositionen enthalten (in etwa 33% der Fälle kommen weniger als 3 Beprobungen vor). Entsprechende Überlegungen zur Asymptotik von Häufigkeits-Indizes gelten auch für die Konsistenz-Theoreme der Statistik (Verzerrung). Aus diesem Grunde müssen bei derartig geringen Stichprobenumfängen die Schätzeigenschaften solcher Indizes sehr kritisch betrachtet werden [Hartung *et al.*, 1987]. Aufgrund der Regelmäßigkeit der ICES-Stratifizierung ist außerdem die sogenannte "iid"-Restriktion des ZGWS nicht erfüllt: die Stichproben müssen nämlich aus sogenannten nicht-degenerierten ("homogenen"), voneinander unabhängigen und identisch verteilten Grundgesamtheiten stammen [Rohatgi, 1976]. Durch die verwendeten regelmäßigen statistischen Rechtecke sind aber einerseits benachbarte Rectangles nicht mehr unbedingt unabhängig voneinander, und es ist äußerst fragwürdig, ob die Fangverteilung eines solchen ICES-Rectangle als nicht-degeneriert bezeichnet werden darf. Die Frage der identischen Verteilung in den Rectangles muß offen bleiben; aufgrund der geringen Anzahl Fänge pro Rectangle ist eine Konstruktion von rectanglebezogenen Histogrammen nicht möglich. Allerdings läßt sich aufgrund von Bootstrapping-Experimenten sowie vergleichenden Betrachtungen von Stationsgruppierungen (siehe hierzu Kap. 4) vermuten, daß auch dieser Sachverhalt nicht zutreffen wird, da zum Teil recht unterschiedliche Fangverteilungsmuster sichtbar werden.

Im Rahmen systematischer, experimentell ausgerichteter Freiland-Untersuchungen in ausgewählten Gebieten der Nordsee ("Nordsee-Boxen"), die vom Institut für Seefischerei der Bundesforschungsanstalt für Fischerei in Hamburg durchgeführt werden, zeigt sich ferner, daß sich bei Veränderung der Boxengröße, sprich Größe des befischten Areals offensichtlich nicht nur die Varianz, sondern gleichzeitig auch die korrespondierende Häufigkeitsverteilung der Fänge statistisch signifikant ändert [Ehrich, persönliche Mitteilung]. Prospektive Verteilungsmodelle sollten dieses Faktum berücksichtigen.

Als Fazit läßt sich konstatieren, daß die quantitative Analyse von Fängen (bzw. Stichproben) zur Ermittlung und Interpretation von Aggregationsmustern, die im günstigsten Fall zur Bildung eines Verteilungsmodells führt, biotische und abiotische Einflüsse berücksichtigen muß. Ein abgeleitetes Verteilungsmodell sollte dabei möglichst allgemeingültig sein. Gleichzeitig muß der Modellansatz aus pragmatischen Erwägungen heraus so simpel gehalten werden, daß die Kenngrößen des Modells auf möglichst einfache Weise berechenbar bleiben. Es stellt sich dabei die Frage, ob es sinnvoll ist, ein synthetisches Verfahren der Quantifizierung zu wählen, das die Variabilitätsursachen gemeinsam betrachtet und nicht in seine Bestandteile aufsplittet, oder eher ein dissoziatives Verfahren, das eine getrennte Analyse der Variabilitätsursachen vornimmt. In der Praxis wird man einen Kompromiß finden müssen, der irgendwo zwischen zeitlich und finanziell vertretbarem Aufwand und maximalem Informationsgehalt liegt. Beachtet werden muß dabei, daß der Aussagewert vor allem daran gemessen wird, ob Erwartungswerte für Populationsgrößen bzw. Fangzahlen der Ziel-Fischart definiert sind und wie gut diese im Durchschnitt die Realität wiedergeben, bezogen auf bestimmte Orte und zu festgelegten Zeiten. Zu diesen und weiteren Postulaten siehe u.a. die Arbeiten von Bliss [1971], Hairston *et al.* [1971], Stiteler & Patil [1971] und Taylor [1971]. Wie diese Überlegungen in der vorliegenden Arbeit realisiert werden sollen, wird im folgenden Abschnitt erläutert.

1.2 Die Idee des Ansatzes

Globale Zielsetzung

Die Verteilung und die Anzahl der Beprobungsstationen spielen eine nicht unerhebliche Rolle für die Repräsentativität (Unverzerrtheit) von Aussagen, die aus der Probennahme nach einem bestimmten Sampling Design abgeleitet werden. Eng damit verknüpft ist die Identifikation von Anzahl, Lage, Größe, Abdeckungsgrad und -weise von Strata als Basis-Einheiten der Datennahme und -analyse. Wie sich in dieser Hinsicht die Survey- und Auswertungsstrategie des IYFS optimieren läßt, ist die globale Zielsetzung der vorliegenden Arbeit; diese läßt sich in mehrere Teilschritte aufsplitten.

Erstes Teilziel

ist dabei die Entwicklung eines vernünftigen, d.h. ökologisch sowie statistisch sinnvollen Konzeptes zur Stratifizierung, das wegen der ZGWS-Anforderungen zu statistisch homogenen Strata führen muß: die Einhaltung dieser Restriktion ist notwendige Voraussetzung für eine statistisch vernünftige Anpassung eines Verteilungsmodell (siehe Kap. 4). Da die Re-Stratifizierung zunächst nur als Anpassungs-Grundlage für statistisch homogene Wahrscheinlichkeitsverteilungen gedacht ist, ist die zusätzliche Forderung der geographischen Disjunktheit der Strata in diesem Stadium der Arbeit noch nicht erforderlich; diese wird erst bei der engültigen Ableitung einer Surveystrategie (Kap. 6) notwendig.

Ein zentraler biologischer Gedanke des vorliegenden Re-Stratifizierungs-Konzeptes ist, die Einteilung der Nordsee in statistische Untereinheiten vorzunehmen, die durch Artenassoziationen beschrieben werden. Die unmittelbare Überlegung dabei ist, daß sich die multiplen Prozesse, die sich interspezifisch (Konkurrenz, Räuber-Beute-Beziehungen etc.) sowie relativ zu ihrer abiotischen Umwelt (Effekte durch z.B. Temperatur, Tiefe, Salzgehalt etc.) vollziehen, in der spezifischen Arten-Konstellation derartiger Vergesellschaftungen als globale Antwort ausdrücken. Murawski *et al.* [1983], Yoshikara *et al.* [1987] und Daan *et al.* [1990] vertreten prinzipiell die gleiche Auffassung, die sich nur im Detail (unterschiedliche Datensätze, andere statistische Verfahren und Annahmen) von dem vorliegenden Ansatz unterscheidet. Ein weiterer Aspekt, der für die simultane Einbeziehung mehrerer Arten in die Analyse spricht, ist die Überlegung, daß der IYFS nicht nur auf eine Ziel-Art ausgerichtet ist. Auch setzen sich die Forschungsfänge naturgemäß immer aus verschiedenen Arten zusammen. Die Survey-Strategie sollte deshalb zumindest die wichtigsten dieser Arten berücksichtigen.

Aus diesen Gründen wird das Gesamtgebiet der Nordsee (ICES-Bereich) auf der Basis der IYFS-Fangdaten (Abundanzen) von 14 selektierten Ziel-Arten (siehe Kap. 2) in statistische Unterbereiche (Subsysteme, Cluster, Strata) eingeteilt (siehe Kap. 3). Weil univariate statistische Stratifizierungs-Verfahren die multiplen Arten/Arten- sowie Arten/Umwelt-Interaktionen per Konstruktion nicht berücksichtigen können, wird hierfür ein multivariates Verfahren verwendet. Bei der Anwendung dieses Verfahrens wird davon ausgegangen, daß jede der als relevant identifizierten Ziel-Arten eine spezifische Rolle im ökologischen Arten-Gefüge spielt und in diesem Sinne einen partiellen Beitrag zur Abgrenzung von Lebensbereichen bzw. zur Bildung von Artenassoziationen liefert, da jede dieser Arten auf den entsprechenden Fang-Positionen gefangen werden konnte. Dabei ist es egal, ob die Art grundsätzlich eine demersale oder pelagische Lebensweise bevorzugt. Gleichzeitig soll überprüft werden, ob die Betrachtung von Artengesellschaften tatsächlich die Effekte korrespondierender abiotischer Größen (Tiefe, Salzgehalt, Temperatur) widerspiegelt. Eine weitere Hoffnung ist, daß dieser Weg der Stratifizierung auch für einzelne Arten, hier an drei ausgewählten Ziel-Arten untersucht, zu einer Reduzierung des Sampling Errors führt. Das ist genau dann der Fall, wenn die Stratifizierung sich mit den tatsächlichen ökologischen Lebensbereichen der ausgewählten Art(en) gut deckt,

d.h. wenn durch die Aufteilung der Nordsee in Strata die Variabilität der Fänge reduziert wird. Auf diese Weise sollen die ZGWS-Restriktionen Homogenität und Unabhängigkeit von Stichproben erfüllt werden. Die Nordsee wird beim vorliegenden Ansatz also weder als ein uniformes System betrachtet, noch als ein System, das durch ein regelmäßiges Gitter aus Beprobungseinheiten repräsentiert werden kann.

Im strengen Sinne kann es sich nur um eine Re- oder Post-Stratifizierung handeln, weil die Stichproben unter zuvor schon stratifizierten Bedingungen im Rahmen des IYFS gezogen worden sind. In diesem Zusammenhang kann man sich fragen, ob es überhaupt sinnvoll ist, einen so heterogenen Datensatz wie den des IYFS als datenmäßige Grundlage zur Optimierung des Sampling Designs und der Auswerte-Strategie heranzuziehen, da dieser etliche Strukturbrüche aufweist, bedingt durch

unterschiedliche Schiffe,
Veränderungen im Standard-Fanggeschirr,
unterschiedliche Mannschaften,
unterschiedliche Befischungsstrategien sowie
unterschiedliche Aufarbeitungsverfahren .

Allerdings ist dies vermutlich der zur Zeit vollständigste Datensatz auf diesem Gebiet, der vom ICES als eine wichtige Informations-Quelle für die Rekrutierung und damit auch für ein Bestands-Management in der Nordsee genutzt wird. In Hinblick auf eine prospektive Umsetzung des vorliegenden Ansatzes im Rahmen des IYFS erscheint es deshalb notwendig, sich auf die gleiche Informations-Basis wie der ICES zu beziehen.

Zweites Teilziel

Um auf der Grundlage der in Kap. 3 re-stratifizierten, homogenen Fangdaten des IYFS zu einem realistischen Eindruck zugrundeliegender Fanghäufigkeits-Verteilungen zu gelangen, wird für das Verteilungsmodell eine sehr flexible Wahrscheinlichkeitsfunktion verwendet, die einerseits die Prämisse der Allgemeingültigkeit, d.h. die Übertragbarkeit auf unterschiedliche Arten, Strata und Jahre zuläßt und zugleich so elastisch ist, daß sie nicht unter gewissen Randbedingungen, wie z.B. bei sehr geringen Stichprobenumfängen, verworfen werden muß (Kap. 4). Sie soll exemplarisch an die IYFS-Fangdaten von drei ausgewählten Ziel-Arten (siehe Kap. 2) angepaßt werden, für die im Zuge der Re-Stratifizierung der Sampling Error untersucht worden ist. Dieses Vorgehen soll für diese Arten zu einer möglichst realistischen und unverzerrten Einschätzung von Erwartungswerten, Fehlern und Vertrauensintervallen führen. Auf diese Weise soll die ZGWS-Restriktion identischer Verteilungen erfüllt werden. Ferner soll die Verteilung in der Lage sein, auf möglichst einfache Weise das räumliche Aggregationsverhalten dieser Arten zu beschreiben. Das Resultat wird ein aus Einzelmodulen zusammengesetztes Verteilungs- bzw.

Wahrscheinlichkeitsmodell sein, weil im Zuge der Modellanpassung die Parameter des Verteilungs- bzw. Wahrscheinlichkeitsmodells für jedes Post-Stratum isoliert aus den IYFS-Daten geschätzt werden, getrennt nach den drei Fischarten sowie separat für jedes der Jahre 1983 bis 1988.

Drittes Teilziel

Auf der Basis dieses modularen Verteilungsmodells sollen anschließend Simulations-Experimente durchgeführt werden (Kap. 5), im Zuge derer für jede der drei betrachteten Ziel-Arten hypothetische Fangzahlen generiert werden. Neu ist in diesem Zusammenhang das "Asymptotik-Konzept" der vorliegenden Arbeit, bei dem aus dem Konvergenz-Verhalten bestimmter Maßzahlen (mittlerer quadratischer Fehler, asymptotischer Bias, Konsistenz) auf die für einen Forschungs-Survey im Durchschnitt erforderliche Anzahl Stationen (Stichprobenumfang) je Stratum geschlossen werden soll: Dabei kommt es in erster Linie darauf an, eine möglichst allgemeingültige Funktion zu finden, mit deren Hilfe sich statistisch geeignete Stichprobenumfänge bei einer wohl definierten, kontrollierbaren Fehlergröße (Verzerrung) für die Gesamt-Nordsee berechnen lassen.

Die zentralen drei Ansätze der vorliegenden Arbeit sind also: Unter Zuhilfenahme multipler biologischer Information sollen zunächst Artenassoziationen auf statistische Weise identifiziert und anschließend als Stratifizierungs-Basis verwendet werden. Auf der Grundlage eines an die re-stratifizierten Fangdaten jahres- sowie artenweise angepaßten modularen Wahrscheinlichkeitsmodells und des aus ihm abgeleiteten "Asymptotik-Konzeptes" soll dann das Survey-Design des IYFS optimiert werden.

1.3 Ablauf und Organisation der Arbeit

Der Ablauf des methodischen Vorgehens läßt sich wie folgt zusammenfassen: nach der Datenaufbereitung (Kap. 2), d.h. der Bereinigung der IYFS-Daten von korregierbaren Fehlern ("Missing values", Ausreißer) und der Auswahl der für die Analyse geeigneten Daten (Jahre, Arten, abiotische Variablen), wird zunächst eine statistische Einteilung der Gesamt-Nordsee in Stationen-Cluster auf der Basis der Ähnlichkeit in der quantitativen Artenzusammensetzung vorgenommen (Kap. 3). Die Clusterungs-Eigenschaften dieser Post-Strata werden anschließend analysiert und zusätzlich mit anderen Stratifizierungs-Ansätzen verglichen. Danach wird eine jahres- und artenweise Anpassung eines modularen Verteilungs- bzw. Wahrscheinlichkeitsmodells vorgenommen (Kap. 4). Auf dieses Modell aufbauend werden dann Simulationsstudien durchgeführt (Kap. 5). Die Ergebnisse aus der Re-Stratifizierung (Clusterung von Stationen), aus der Anpassung des modularen Verteilungsmodells und den Simulationsstudien werden an-

schließlich zusammengefaßt und sollen dann als Grundlage für einen neuen Ansatz der Survey- und Analyse-Strategie dienen (Kap. 6). Die Niederschrift der Arbeit ist gemäß diesem Arbeitsablauf (Abb. 1) organisiert.

Um das Suchen von Stichworten/-punkten und damit die selektive Durchsicht etwas zu vereinfachen, ist der Arbeit ein Index mitgegeben.

Im Zuge der datenaufbereitenden Maßnahmen sowie der statistischen Analysen und Simulationen wurden PASCAL-, SAS- und GAUSS-Programme entwickelt, deren Quelltexte als externer Anhang in schriftlicher Form vorliegen. Dieser externe Programm-Anhang umfaßt etwa 160 Seiten und ist so aufgebaut, daß zunächst die PASCAL-Programme in alphabetischer Reihenfolge erscheinen, dann die ebenfalls alphabetisch geordneten SAS- bzw. GAUSS-Programme. Die PASCAL-Programme fußen dabei im wesentlichen auf den Dokumentationen der Digital Equipment Corporation [1987a,b], die SAS-Programme auf den Dokumentationen des SAS Institute Inc. [1987, 1988a, 1988b, 1990]. Da der enorme Umfang des Datenmaterials sowie des statistischen Outputs den Rahmen einer schriftlichen Niederlegung sprengen würde, werden diese Informationen in Form eines externen EDV-Anhanges auf magnetischen Datenträgern aufbewahrt. Dieser besteht aus 4 Magnetbändern mit je einer Schreibdichte von 1600 bpi, teilweise im "ICES exchange format", sowie aus ca. 35 HD-Disketten (3.5", 1.44 MB). Sowohl der externe Programm-Anhang als auch sämtliche Magnetträger sind beim Verfasser der vorliegenden Arbeit verfügbar.

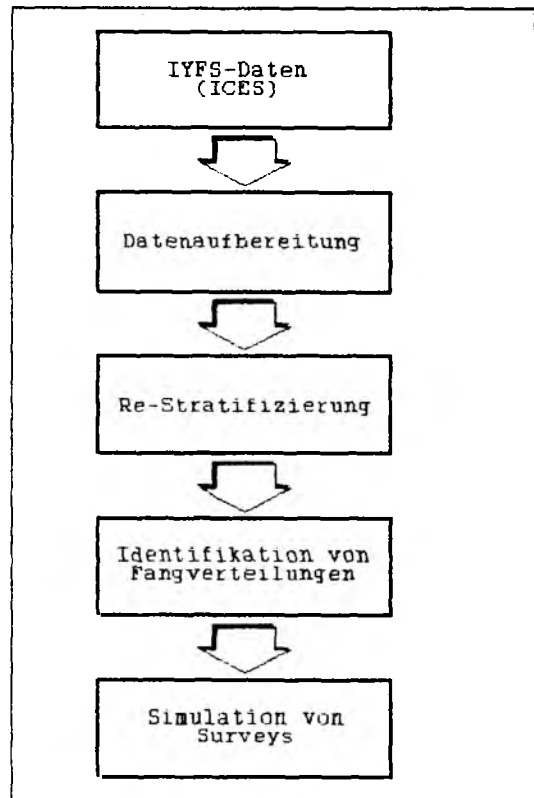


Abb. 1 Ablauf und Organisation der vorliegenden Arbeit

Sofern erforderlich wird dem jeweils folgenden Hauptteil eines Kapitels eine Einführung der speziellen wissenschaftlichen Problematik vorangestellt, deren optische Transparenz durch ein Ablaufschema unterstützt wird. Dann folgen jeweils eine Beschreibung des theoretischen Hintergrundes sowie ein empirischer Teil, der die Darstellung der Ergebnisse und, sofern notwendig, einen Vergleich mit alternativen Ansätzen und/oder Verfahrensweisen aufnimmt. Die Resultate werden am Schluß jedes Kapitels diskutiert und mit einer Ableitung von Schlussfolgerungen verknüpft.

Aufgrund des enormen Datenumfanges mit unaufbereitet ca. 300000 Datenrekords (aufbereitet etwa 60000 Einträgen der Datenmatrix), einem statistischen Output von nahezu 10000 DIN-A4-Seiten und ca. 1000 Grafiken besteht die dringende Notwendigkeit, sich in der Darstellung der Ergebnisse zu beschränken. Das wird themengebunden durch exemplarisches Beschränken insbesondere auf die Jahre 1983 (in Kap. 3, Kap. 5, Kap. 6) bzw. 1986 (in Kap. 4) und die Art *Gadus morhua* erreicht. Läßt sich das Datenmaterial problemlos kondensieren oder werden interspezifische bzw. zwischenjährliche Vergleiche notwendig, wird der Bezug zu anderen Jahren und Arten (*Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus*) hergestellt. Auf die Auswahl der Arten wird in Kap. 2 noch näher eingegangen.

Auf Formeln bzw. Gleichungen kann im Rahmen dieser sehr theoretisch ausgerichteten Arbeit nicht verzichtet werden. Diese bündeln wichtige, aber schwer beschreibbare Informationen in exakter Weise. Um diese Formeln und Gleichungen möglichst anschaulich zu gestalten, ist dort auf die übliche streng-mathematische Notation verzichtet worden: statt x wird z.B. der Ausdruck **Art** verwendet, der darauf hinweisen soll, daß man es hier mit den Fangzahlen einer bestimmten Art, beispielsweise von *Gadus morhua*, zu tun hat. Manchmal taucht auch der Term **[Art]** auf, der gleichzeitig mehrere Arten umfaßt und ein sogenannter Vektor von Arten ist. Damit ist also die Artenmatrix gemeint, in der die Arten als Spalten organisiert sind. Eine etwaige Indizierung der Artenmatrix der Form **[Art]_j** wird im Einzelfall durch die jeweilige Formel-Legende erklärt.

2 Datenmaterial, Datenaufbereitung und Organisation der Design-Matrix

Zur Datenaufbereitung, d.h. Dekodierung, Re-Organisation und Filterung des unaufbereiteten IYFS-Datensatzes war die zeitaufwendige Programmierung und Anwendung von PASCAL-Datenbankenmodulen und -Diagnoseprozeduren auf einer VAX 8550 unter dem Großrechner-Betriebssystem VMS notwendig. Die Diagnosen dienten hier wegen des erheblichen Datenumfanges als eine erste globale Möglichkeit der Datenverifikation: denn es galt festzustellen, welche Datensätze pro Jahr und Nation für einen Vergleich ausreichend vollständig sind, welche

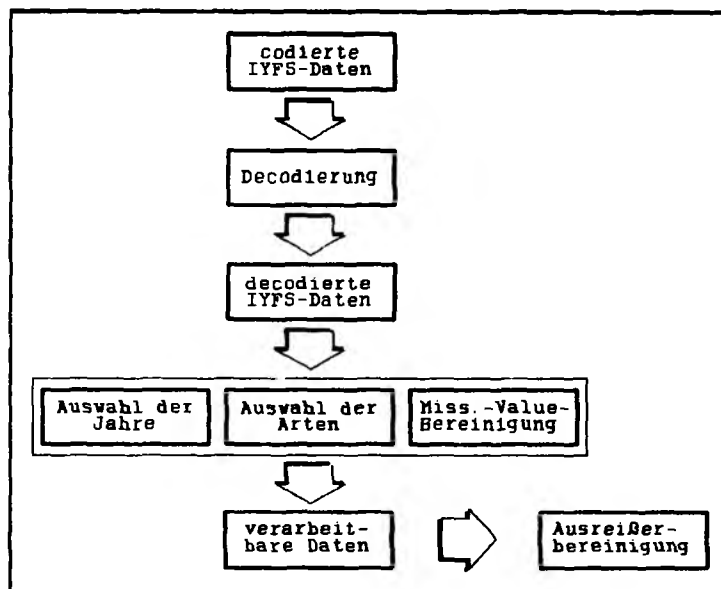


Abb. 2 Ablauf der Datenaufbereitung im Rahmen der vorliegenden Arbeit.

Stationen überhaupt im Datensatz enthalten sind, welche Arten mit welcher Häufigkeit und in welchem Umfang (Gewicht, Stückzahl) darin auftreten und schließlich welche Daten für eine statistische Analyse in Frage kommen bzw. dafür valide sind. Das Resultat dieses Verarbeitungsschrittes ist die Design-Matrix mit den verarbeitbaren Daten, die die datenmäßige Grundlage für sämtliche weiteren Analyseschritte und statistischen Operationen der vorliegenden Arbeit bildet. Abb. 2 faßt den Vorgang der Datenaufbereitung, wie er sich in der vorliegenden Arbeit gestaltet, noch einmal kurz zusammen. Aus der Abbildung wird ersichtlich, daß eigentlich auch die Ausreißer-Elimination in den Bereich der Datenaufbereitung fällt. Diese kann aber wegen der besonderen Konstellation der vorliegenden Fragestellung erst in Zusammenhang mit den Stratifizierungs-Verfahren behandelt werden.

Während im unmittelbar folgenden Abschnitt zunächst auf die prinzipiellen Charakteristika des IYFS-Rohdatensatzes eingegangen werden soll, befaßt sich der darauf folgende Abschnitt mit den statistischen Operationen (numerische Selektion von Arten), die die Anzahl der Spalten der dekodierten und reorganisierten Design-Matrix beeinflussen. Der letzte Abschnitt geht dann auf die statistischen Operationen ein (Rekonstruktion von stationsbezogenen Fangdaten), die die Zeilen der Design-Matrix betreffen.

Darin bedeuten

- DN = Dänemark,
- S = Schweden,
- F = Frankreich,
- UK1 = England & Wales,
- D = Deutschland,
- UK2 = Schottland,
- NL = Niederlande,
- N = Norwegen,

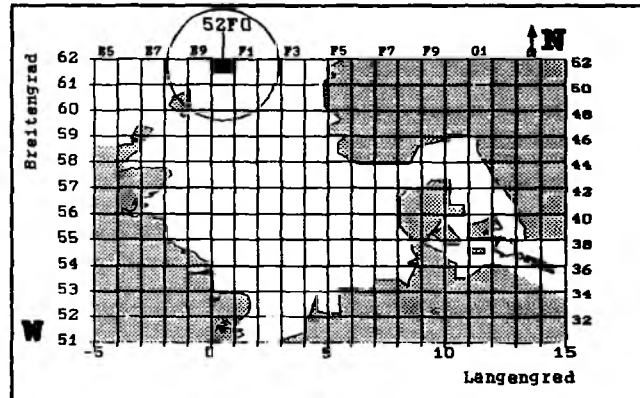


Abb. 4 Anordnung und Codierung der ICES-Rectangles beim IYFS

Der Datensatz erweist sich als recht lückenhaft. Erst ab 1983 sind sämtliche Nationen mit kompletten Datenlieferungen beteiligt. Aus Abb. 3 geht hervor, daß die Anzahl gesammelter Datenrekorde pro Jahr nach 1982 sprunghaft ansteigt. D.h. der Informationsgehalt verdoppelt sich gewissermaßen von 1982 auf 1983. Aus diesem Grunde beschränken sich sämtliche statistische Untersuchungen der vorliegenden Arbeit auf die IYFS-Daten der Jahre 1983 bis 1988.

Abb. 4 soll einen Eindruck von der Art der ICES-Stratifizierung vermitteln, unter der die Beprobung der Nordsee im Rahmen des IYFS stattfindet. Dabei fällt sofort die regelmäßige Anordnung der einzelnen Rechtecke ("ICES-Rectangles") auf. Als Beispiel eines solchen läßt sich in der Abbildung ein mit seinem Code "52F0" markiertes Rechteck erkennen. Dieser vierstellige Code ergibt sich graphisch aus den oberhalb und rechts vom Gitter ("Grid") stehenden Bezeichnungen. Da diese Angaben im eigentlichen Datensatz nicht enthalten sind, müssen diese erst gemäß dem Algorithmus, der in Abb. 5 dargestellten PASCAL-Prozedur zu Grunde liegt, auf der Basis von Längen- und Breitenangaben berechnet werden; die Notwendigkeit dafür ergibt sich aus der Tatsache, daß

- 1.) der ICES sich in seinen Ausführungen immer auf die ICES-Rectangles als kleinste Nordsee-Einheiten bezieht und
- 2.) in Kap. 3 ein Vergleich verschiedener Survey-Strategien angestellt wird, bei dem die ICES-Stratifizierung eine wesentliche Rolle spielt.

Um mit dem ICES kompatibel zu bleiben und die einzelnen Rectangles direkt adressieren zu können, ist ihre Identifizierung sowie die Zuordnung zugehöriger Stationen notwendig. Siehe hierzu die entsprechenden IYFS-Programme, -Manuals und -Reports [z.B. Anon., 1989a, 1990a, 1991].

Die in dem stratifizierten Untersuchungsgebiet durchgeführte Stichprobennahme ist durch den ICES recht grob definiert: sie ist weder als "Stratified Random Sampling" noch als einfaches "Random Sampling" oder als "Systematic Sampling" anzusehen (siehe hierzu Scheaffer *et al.*, [1986]). Als einzige Prämisse wird durch die für den IYFS verantwortliche ICES-Arbeitsgruppe vorgegeben, daß jedes Rectangle im 1. Quartal eines Jahres (möglichst im Februar/März) mindestens einmal befischt wird, um auf diese Weise zu gewährleisten, daß die Nordsee mit Befischungspositionen ganzheitlich sowie relativ gleichmäßig abgedeckt wird. Es wird dabei empfohlen (jedoch nicht gefordert), daß die Probennahme nicht zu sehr am Rande eines Rechtecks erfolgen sollte und daß man möglichst mit festen Fangpositionen ("fixed stations") arbeiten sollte [Anon., 1981, 1986a, 1990a, 1991]. Wie die Befischung schließlich aussieht, obliegt den am IYF-Survey beteiligten Nationen selbst. Die einen fischen jedes Jahr an unterschiedlichen Punkten, wobei nicht bekannt ist, ob dies mit Hilfe eines zufallsmäßigen Auswahlkriteriums, sprich Zufallszahlengenerators geschieht oder nicht. Das Befischungsmuster sieht in einem solchen Fall relativ zufällig aus. Andere Nationen fischen Jahr für Jahr an den gleichen Positionen, die manchmal, wie im Fall der Holländer, recht systematisch gesetzt erscheinen. Abb. 6 zeigt exemplarisch die Verteilung der holländischen Fangpositionen in der

```

procedure Find_ICES_Rectangle (LongDegrees,
                               LatDegrees,
                               LatMinutes : string_2;
                               East_West  : string_1;
                               var ICES_Rect : string_4);

var Wort_1, Wort_2 : string_255;
    Fehler          : boolean;
begin
    Fehler := fals;
    if East_West = 'W' then
        Wort_1 := Chr((699-ValInt(LonDegrees,Fehler)) div 10)
                + StrInt(9-ValInt(LonDegrees,2,1),
                        Fehler,1,Fehler);

    if East_West = 'E' then
        Wort_1 := Chr((700-ValInt(LonDegrees,Fehler)) div 10)
                + SubStr(LonDegrees,2,1);

    Wort_2 := StrInt((ValInt(LatDegree,Fehler)-35)*2
                    + round(ValInt(LatMinutes,Fehler)/60),
                    2,Fehler);

    ICES_Rect := SubStr(Wort_2 + Wort_1,1,4);
end;

```

Abb. 5 Prozedur zur Berechnung von ICES-Rectangles im Rahmen des IYFS (VAX PASCAL, Version 3.5, Digital Equipment Corporation, 1988).

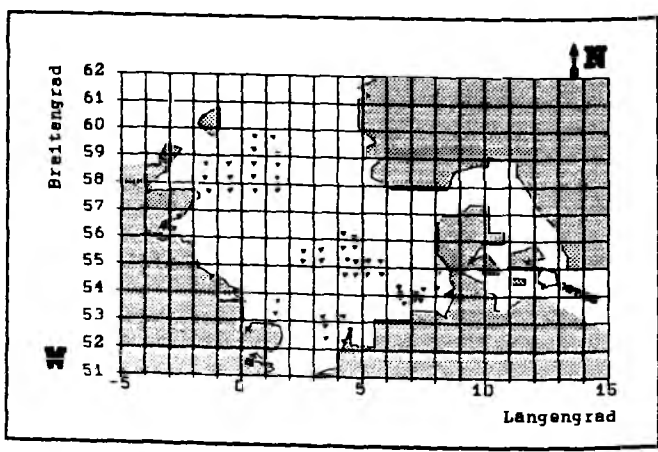


Abb. 6 Sampling Design der Holländer (1988, IYFS).

Nordsee für das Jahr 1988. In den anderen untersuchten Jahren 1983 bis 1987 sieht das Bild genauso aus.

Die im üblichen ASCII-Code vorliegenden Fangdaten, die sich prinzipiell auf Halbstunden-Hols beziehen, sind vom ICES im "ICES exchange format" auf drei herkömmlichen Magnetbändern (Schreibdichte: 1600 bpi) angeliefert worden. Aus einer mitgelieferten Dokumentation zur Beschreibung sämtlicher Datentypen, -formate und -codierungen [Anon., 1986b] gehen vor allem die drei wesentlichen Datenrekord-Spezifikationen für Stations- sowie Netzinformation, für Fischarten- sowie Lengenfrequenz-Daten und schließlich für Altersgruppen-Angaben hervor. Ferner umfaßt das Dokument die Alpha-Codes für Länder und Schiffe, den "Area code" der Fanggebiete, den alphanumerischen Code für das IYFS-Fanggeschirr und neben diversen Validitäts-Codes vor allem die NODC-codierte Artenliste der bisher im Rahmen des IYFS gefangenen Fischarten.

Für die vorliegende Arbeit substantielle Angaben sowohl über Fangzahlen und Fanggewichte, Längen- und Breitengrade der Fangstationen als auch über Temperatur, Salzgehalt und Fangtiefe können dem IYFS-Datensatz ohne weiteres entnommen werden.

Da die Koordinaten der Positionen, d.h. die Längen- und Breitenangaben, in einer anderen Form abgespeichert sind, müssen diese zuerst in das euklidische System überführt werden.

Die Stationsnummerierung im Datensatz ist nicht eindeutig, d.h. unterschiedliche Nationen verwenden für verschiedene Stationen die gleichen Stationsnummern. Um einem Adressierungsproblem im Rahmen der vorliegenden Arbeit vorzubeugen, ist deshalb eine jahresbezogen durchlaufende Nummerierung der Stationen eingeführt worden, unter der diese relativ einfach und vor allem eindeutig angesprochen werden können.

Nicht sämtliche im Datensatz enthaltenen Informationen sind für die Untersuchungen der vorliegenden Arbeit relevant, brauchbar oder direkt verfügbar. Aus Gründen der Vermeidung bzw. Reduzierung von statistischen Schätzfehlern wurde eine begrenzte Anzahl an Variablen ausgewählt. Diese Variablen entsprechen im wesentlichen den Ziel-Arten des vorliegenden Ansatzes und repräsentieren damit die Spalten der Design-Matrix. Fehlende Information wurde rekonstruiert. Dadurch wird sichergestellt, daß die Zeilen der Design-Matrix (Fangpositionen) für die Analyse erhalten bleiben und nicht ausgeschlossen werden müssen (Informationsverlust). Beide Problembereiche, die Auswahl relevanter Arten und die Rekonstruktion von Datenlücken (Missing Values, Fehlwerten), sollen in den beiden folgenden Abschnitten näher erläutert werden.

2.2 Die Auswahl relevanter Arten

Der nunmehr auf die Jahre 1983 bis 1988 eingegrenzte Datensatz enthält Angaben über ca. 120 verschiedene Nordsee-Fischarten. Allein aus numerischer Sicht ergibt dies eine Anzahl von Daten, die nicht praktikabel zu handhaben wäre.

Aber es gibt auch eine Reihe statistischer Einwände, derartig viele Variablen, sprich Arten datenmäßig simultan verarbeiten zu wollen. Der wichtigste ist, daß die Fangzahlenvektoren der verschiedenen Arten orthogonal (linear unabhängig) zueinander sein müssen. Dabei werden zwar positive Kovarianzen zwischen den Arten zugelassen (ansonsten könnte man univariate Analysen durchführen), allerdings dürfen diese nicht allzu groß sein; denn durch die Informations-Überlappung (Redundanz), die sich statistisch durch hohe interspezifische Kovarianzen (Multikollinearität) ausdrückt, wäre nicht zu klären, welche der Ziel-Arten welchen statistischen Clusteringbeitrag (Trennungsbeitrag) für die verschiedenen Post-Strata bzw. Artenassoziationen liefert, wodurch der Schätzfehler (Wahrscheinlichkeit von Fehlentscheidungen) ansteigen würde [Fahmeir *et al.*, 1984; Hand, 1989; Hansen, 1989a; Hartung *et al.*, 1989].

Um das zu verhindern, müssen die verwendeten Fischarten sorgfältig ausgewählt werden. Weit verbreitet ist, die Information möglichst zu bündeln, um keine Information zu verlieren. Dafür ausgelegte Verfahren sind beispielsweise die Kanonische Korrelations-, die Hauptkomponenten- bzw. die Faktoren-Analyse, die alle drei miteinander verwandt sind, da sie auf derselben Grundidee aufbauen. Nach Anwendung beispielsweise der Faktorenanalyse ist allerdings wegen der aus statistischer Sicht notwendigen orthogonalen Rotation eine vernünftige sowie eindeutige Zuordnung der Faktoren zu den originären Fischarten in der Regel nicht mehr möglich. Hinzu kommt, daß die statistisch wirksamsten Verfahren der Faktoren-Analyse nicht verteilungsfrei sind. Außerdem müssen die Daten vor Anwendung des faktoranalytischen Verfahrens standardisiert werden, damit sie dimensionslos sind. Dazu ist es notwendig, die Post-Strata schon zu kennen, auf deren Grundlage eine solche Standardisierung durchgeführt werden kann. Da diese in diesem Stadium der Untersuchungen noch nicht bekannt sein können, lassen sich die Fangdaten also nicht standardisieren. Ausführlich wird der gesamte Themenkomplex der Informationsauswahl und -bündelung u.a. in Fahmeir *et al.* [1984] bzw. Hartung *et al.* [1989] besprochen.

Aus den genannten Gründen wird hier ein simples verteilungsfreies Verfahren der Selektion von

$$C = \left[\frac{(\text{Anzahl Stationen})}{(\text{Gesamtzahl Stationen})} * 100 \right] \quad (1)$$

Fischarten vorgeschlagen, das relativ geringe Anforderungen an die Daten stellt, und dabei interpretierbar bleibt, da es die Variablen (Arten) im untransformierten Originalzustand beläßt: das Maß der sogenannten Konstanz. Formel (1) verdeutlicht, daß hiermit ein einfaches Prozentmaß gemeint ist, das den Anteil der Stationen an der Gesamtzahl der Stationen eines Jahres

angibt, bei denen die zu analysierende Nordsee-Fischart aufgetreten ist [Balogh, 1958]. Vergleicht man die obige Definition der Konstanz *C* mit Tischler's Definition der *Präsenz* [Tischler, 1949], so stellt sich heraus, daß *C - Präsenz * 100* ist. Balogh und Tischler unterscheiden dabei vier Stufen der Konstanz :

- 0 - 25% - Akzidentielle Arten,
- 25 - 50% - Akzessorische Arten,
- 50 - 75% - Konstante Arten und schließlich
- 75 - 100% - Eukonstante Arten.

Besitzt die Art einen Wert von *C* = 100%, wird sie als absolut konstant bezeichnet. Um im Rahmen der Arbeit die eher zufälligen (akzidentiellen) Arten auszuschließen und in diesem Sinne die oben erläuterte Redundanz zu verringern, bietet sich ein Schwellenwert von *C* = 25% an. Als relevante Arten werden dann ausschließlich die akzessorischen, konstanten und eukonstanten Fischarten betrachtet. Die Zahl der so extrahierten

ART	NODC-CODE	ARTNAME	DT. ARTNAME
1	8747010201	CLUPEA HARENGUS	Hering
2	8826020601	EUTRIGLA GURNADUS	Grauer Knurrhahn
* 3	8791030402	GADUS MORHUA	Kabeljau
4	8857040603	HIPPOGLOSSOIDES PLATESSOIDES	Doggerscharbe
5	8857040904	LIMANDA LIMANDA	Kliesche
* 6	8791031301	MELANOGRAMMUS AEGLEPINUS	Schellfisch
* 7	8791031801	MERLANGIUS MERLANGUS	Wittling
8	8857041202	MICROSTOMUS KITT	Limande
9	8857041402	PLATICHTHYS PLESUS	Flunder
10	8857041502	PLEURONECTES PLATESSA	Scholle
11	8713040134	RAJA RADIATA	Sternrochen
12	8747011701	SPRATTUS SPRATTUS	Sprotte
13	8791031703	TRISOPTERUS ESMARKI	Stintdorsch
14	8791031701	TRISOPTERUS MINUTUS	Zwergdorsch

Abb. 7 Liste der aufgrund der 25%-Konstanz ausgewählten 14 relevantesten Nordsee-Fischarten (IYFS, 1983 - 1988).

Ziel-Arten schwankt von Jahr zu Jahr zwischen 10 und 14. Aus Gründen der Vergleichbarkeit der verschiedenen Jahre untereinander ist die Anzahl der in die Analyse einzubeziehenden Variablen auf den maximalen Wert von 14 Arten festgelegt worden, um nicht partiell relevante Information zu verlieren. Die ausgewählten Ziel-Arten sind in Abb. 7 und dem beigefügten "Extra-Blatt" aufgeführt. Daan *et al.* haben in ihrer jüngsten Arbeit zur Ökologie von Nordseefischen eine ähnliche auf 11 Arten beschränkte Liste im Rahmen von Cluster-Analysen verwendet, die allerdings aufgrund anderer Auswahl-Kriterien zustande gekommen ist, die die kommerzielle Wichtigkeit dieser Arten stärker in den Vordergrund stellen [Daan *et al.*, 1990]: diese stimmt mit 7, also der Hälfte der hier aufgeführten Arten überein, und zwar mit den Ziel-Arten 1, 3, 6, 7, 10, 12 und 13.

Neben dem lateinischen Artnamen ist der Vollständigkeit halber in der Artenliste sowohl die deutsche Bezeichnung als auch der beim ICES verwendete NODC-Code angegeben. Ob in Tabellen und SAS-Outputs (Abbildungen) die laufende Nummer der Art (die Bezeichnungen "Art 1" bis "Art 14"), der abgekürzte oder der vollständige Fischname verwendet wird, hängt von dem jeweils zur Verfügung stehenden Platz ab.

Die Auswahl der 14 Arten ist ausschließlich auf die Durchführung der Re-Stratifizierung in Kap. 3 ausgerichtet: Für die Bestimmung von homogenen Lebensbereichen soll in der vorliegenden Arbeit jede Art mit einer entsprechend hohen Relevanz eine Rolle spielen, unabhängig von demersaler oder pelagischer Lebensweise. Die Struktur der numerisch und statistisch zu verarbeitenden Artenmatrix gestaltet sich dann gemäß Tab. 2. Die Zeilen sind die Stationen, die von Jahr zu Jahr in ihrer Zahl etwas variieren, und die Spalten die Arten, die über die Jahre aufgrund des o.g. Selektionsverfahren konstant auf 14 gesetzt sind.

Tab. 2 Datenmatrix mit den Fangzahlen der 14 selektierten Arten (IYFS, 1983, skizzierter Ausschnitt).

		Art 1	Art 2	...	Art 14
Station	1	186	0	...	0
Station	2	90	0	...	0

Station	449	8220	3	...	3

Zur Beschreibung der räumlichen Verteilung mit Hilfe von statistischen Häufigkeitsverteilungen kann im Rahmen dieser Arbeit nur die horizontale Variation von Fischarten berücksichtigt werden: Am Beispiel der drei demersal orientierten Gadiden-Arten "Art 3" (*Gadus morhua*), "Art 6" (*Melanogrammus aeglefinus*) und "Art 7" (*Merlangius merlangus*), die in Abb. 7 mit einem Sternchen gekennzeichnet sind, werden die Identifikation von Fangverteilungen (Kap. 4) und die anschließenden Simulationsstudien (Kap. 5) durchgeführt und dargestellt. Ferner soll auf ihrer Basis die Berechnung des Sampling Errors in Kap. 3 vorgenommen werden.

2.3 Die Elimination von Missing Values

In Tab. 3 sind die Stationen aufgeführt, bei denen überhaupt keine Fangtätigkeit stattgefunden hat (komplette Fehlstationen). Die Anzahlen schwanken zwischen 6 und 17 pro Jahr. Diese Stationen wurden vor weiteren statistischen Untersuchungen aus dem Datensatz entfernt.

Das Fanggewicht pro Jahr und Art weist im Durchschnitt wesentlich mehr als 5% Fehlwerte ("Missing Values") auf. Nach Steinhausen & Langer [1977] bzw. Hand [1989] ist eine Fehlzahl von mehr als 5-10% Werten aus statistischer Sicht nicht mehr in vernünftiger Weise rekonstruierbar. Aus diesem Grunde wird bei sämtlichen Analysen ausschließlich auf die Information

aus den Fangzahlen (Abundanzen, Individuenzahlen) zurückgegriffen; um dabei Probleme der Interpretierbarkeit von Ergebnissen bzw. Probleme mit Rücktransformationen zu vermeiden, werden in dieser Arbeit ausschließlich die untransformierten (original belassenen) Abundanzen verarbeitet. Allerdings weisen auch die Individuenzahlen einige Fehlwerte auf. Man ersieht aus Tab. 4 jedoch, daß ihr Anteil weit unter 5% bleibt. Sie sind damit rekonstruierbar.

Ähnliche Missing-Value-Probleme gelten auch für die beiden Variablen "Temperatur" und "Salzgehalt", die mit weit mehr als 30% entweder überhaupt nicht gemessen worden sind (Statuscode = "9999") oder nicht im vorliegenden Datensatz erscheinen (Statuscode = "8888"). Aus diesem Grunde stehen beide Größen für eine unmittelbare Einbeziehung in statistische Analysen im Zuge der Re-Stratifizierung nicht zur Verfügung. Allerdings lassen sie sich nach geeigneter Informations-Bündelung für statistische Untersuchungen auf der Basis von ANOVAs verwenden (Kap. 3).

Da der Verlust an Information erheblich sein kann (pro Fehlwert entweder mindestens 14 als relevant identifizierte Fangzahlen im Falle einer Stationselimination oder aber z.B. für das Jahr 1988 mindestens 425 Werte im Falle einer Artenelimination), ist es notwendig, eine Daten-Restauration vorzunehmen.

Das Fanggewicht als Anhaltspunkt für die Anzahlhöhe in die Datenrekonstruktion einzubeziehen, ist

(2) deshalb nicht möglich, weil auf den Stationen mit fehlenden Abundanzen auch gleichzeitig die Fanggewichte der betreffenden Art fehlen. Aus diesem Grunde folgt das hier verwendete Rekonstruktionsverfahren der Prozedur nach Hand [1989] bzw. nach Steinhausen & Langer [1977]. Dabei wird für die betroffene Fischart zunächst eine relativ hohe Korrelation (größer als 0.5 absolut) zu einer anderen der 14 selektierten Arten oder der Variablen "Fangtiefe" (im folgenden immer als Tiefe bezeichnet) gesucht. Dann wird das arithmetische Mittel aller Fangzahlen der betroffenen Fischart für das entsprechende Jahr in die "Missing value"-Station(en)

Tab. 3 Anzahl befischter und nichtbefischter Stationen.

Jahr	nicht befischt	befischt
1983	8	441
1984	6	466
1985	8	528
1986	17	533
1987	14	545
1988	17	408

$$u_{imp.} = \hat{u}_i = (\hat{Art}_i^{vor} - \hat{Art}_i^{nach})$$

= Modellabweichung für die i-te Station

warin

i = laufende Nummer der Station mit Missing Value der betroffenen Art

\hat{Art}_i^{vor} = berechnete Fangzahl der betroffenen Art
ein Iterationsschritt vor der Schätzung von \hat{Art}_i^{nach}

\hat{Art}_i^{nach} = berechnete Fangzahl der betroffenen Art
ein Iterationsschritt nach der Schätzung von \hat{Art}_i^{vor}

Tab. 4 %-Anteil (Absolut-Anteil) Missing Values im Bereich der Stückzahlen. Die %-Anteile sind auf die jeweiligen Gesamtzahlen der Fang-Stationen pro Jahr bezogen, die in () unter den korrespondierenden Jahreszahlen stehen.

Art	1983 (449)	1984 (472)	1985 (536)	1986 (550)	1987 (559)	1988 (425)
1	-	0.21% (1)	0.19% (1)	-	0.54% (3)	-
2	0.22% (1)	-	-	-	-	-
3	0.45% (1)	0.21% (1)	0.19% (1)	0.36% (2)	0.54% (1)	0.24% (1)
4	0.22% (1)	-	-	-	-	-
5	0.22% (1)	-	-	-	-	-
6	-	0.42% (2)	0.19% (1)	-	0.36% (2)	0.24% (1)
7	0.45% (2)	0.42% (2)	0.19% (1)	0.36% (2)	0.18% (1)	0.24% (1)
8	-	-	-	-	-	-
9	-	-	-	-	0.18% (1)	-
10	-	-	-	-	-	-
11	-	-	-	-	-	-
12	0.22% (1)	-	-	-	0.18% (1)	-
13	-	-	-	-	0.18% (1)	-
14	-	-	-	-	0.36% (2)	-

eingesetzt, und anschließend eine Regressionsschätzung mit der hochkorrelierten anderen Variablen, Art oder Tiefe, gemacht. Danach wird (werden) für die "Missing value"-Station(en) eine Prognose-Schätzung (Ex-Post-Prognose) durchgeführt, deren Werte nun wiederum in die betroffene(n) Station(en) der entsprechenden Fischart eingesetzt werden. Diese Iteration wird solange wiederholt, bis die Prognose-Schätzung einen vernachlässigbar kleinen Fehler aufweist. In der Regel wird dieser Fall schon nach drei Iterationsdurchgängen erreicht: die Modellabweichung in Formel (2) liegt dann an den entsprechenden Stellen, sprich Stationen der betroffenen Art, schon recht nahe bei Null. Tab. 5 zeigt die auf diese Weise ersetzten Missing Values. Alle dort angegebenen Werte für R^2 sind signifikant, da sämtliche Nullhypothesen ($R^2 = 0$) bei sehr hohen Freiheitsgraden ($N \approx 500$) sowohl auf dem 5%- als auch auf dem 1%-Signifikanzniveau abgelehnt werden.

Tab. 5 Tabelle der auf der Basis von nichtparametrischen Korrelations- und Regressions-schätzungen rekonstruierten Missing Values (IYFS, 1983 - 1988). Artennamen siehe "Extrablatt".

Jahr	Art	Miss. Val. Station	korrelierte Variable	R^2 (Spearman)	geschätzte Fangzahl	u_{emp}
1983	5	54	Art 10	0.75352	194	0.00000
	12	56	Art 1	0.68542	839	0.00001
1984	1	48	Art 12	0.59676	1546	0.00000
	6	48	Art 13	0.76701	720	0.00001
	6	79	- " -	- " -	720	0.00001
1985	1	53	Art 12	0.56203	2817	0.00000
	6	53	Tiefe	0.80897	605	0.00000
1986	7	42	Art 4	0.57180	690	0.00003
	7	90	- " -	- " -	690	0.00003
1987	6	62	Tiefe	0.83352	869	0.00010
	6	285	- " -	- " -	1638	-0.00020
	9	128	Art 10	0.60015	13	0.00000
	12	109	Tiefe	-0.59684	3001	0.00002
	13	168	Tiefe	0.79275	2482	-0.00008
1988	6	22	Tiefe	0.78923	500	0.00000

Für die Berechnung der Korrelation dient das nicht-parametrische Rang-Korrelations-Verfahren nach Spearman [Büning & Trenkler, 1978], da dieses keinerlei Verteilungs-Restriktionen impliziert. Grundsätzlich besteht in der vorliegenden Arbeit das Bestreben, möglichst solche statistischen Analysemethoden zu verwenden, die nur wenige Voraussetzungen bezüglich Fangverteilungen implizieren, da man diese erstens nicht kennt und zweitens erst nach Abschluß der Re-Stratifizierung bzw. Clusterung dazu übergehen darf, solche Fangverteilungen für homogene Bereiche zu bestimmen. Das läßt sich jedoch nicht immer bis zur letzten Konsequenz realisieren und wird dann an den entsprechenden Stellen angemerkt.

In diesem Zusammenhang sei auch darauf hingewiesen, daß in dem oben geschilderten iterativen Regressions-Verfahren die sonst üblichen Restriktionen des linearen Modells nicht überprüft werden müssen, da hier keinerlei statistische Signifikanztests gemacht werden. Das hängt damit zusammen, daß immer nur jeweils eine höher-korrelierte Art oder die Tiefe als unabhängige Variable in die Regression einbezogen wird, sodaß keine Variablen-selektion wie im multiplen Fall mit all ihren statistischen Tests durchgeführt werden muß [Neter *et al.*, 1985; Dhrymes, 1985; Hansen, 1989a].

Varianz-Reduktions-

$$\text{Faktor} = \left[\frac{N}{N + M} \right]$$

= Grad der Verzerrung

(3)

worin

N = Anzahl sämtlicher Stationen

M = Anzahl Missing-Value-Stationen

Konnten jedoch keine hohen Korrelationen, d.h. Werte des Spearman'schen Korrelationskoeffizienten mit mehr als absolut 0.5, festgestellt werden, so ist einfach nur das arithmetische Mittel der jeweiligen Art als Wert für die fehlende Fangzahl an den entsprechenden Fehlstationen eingesetzt worden. Das Verfahren ist aus statistischer Sicht zwar nicht so günstig wie die iterative Regression, verändert aber wenigstens nicht das arithmetische Gesamt-Mittel der betroffenen Fischart pro Jahr. Es hat allerdings eine künstliche Reduktion der Stichprobenvarianz um den Faktor zur Folge, wie er sich in Gleichung (3) darstellt.

Tab. 6 Tabelle der auf der Basis von Mittelwerten rekonstruierten Missing Values (IYFS, 1983 - 1988).

Jahr	Art	Mittelwert (gerundet)
1983	2	41
	3	46
	4	49
	7	454
	14	21
1984	3	73
	7	784
1985	3	39
	7	765
1986	3	52
1987	1	5336
	3	75
	7	1372
	14	42
1988	3	32
	7	1733

Da die Stichprobenfänge in der Regel aber recht groß sind, die Anzahl der Missing Values hingegen sehr klein, wird der Verzerrungsfaktor in Formel (3) nahe bei 1 liegen und die Verzerrung deshalb nur eine untergeordnete Rolle spielen. Tab. 6 zeigt die auf der Mittelwert-Substitution beruhende Rekonstruktion von Missing Values.

3 Die Ableitung eines Re-Stratifizierungs-Ansatzes der Nordsee als Grundlage für ein Verteilungsmodell

3.1 Theorie und Vorgehen im Rahmen der Re-Stratifizierung

Um als erstes Teil-Ziel der vorliegenden Arbeit zu homogenen Bereichen der Nordsee zu gelangen, bietet sich als Kriterium für eine Re-Stratifizierung derselben die Detektion statistischer Ähnlichkeiten oder Unähnlichkeiten (Distanzen, Abstände) zwischen den Fangstationen auf der Grundlage von Informationen über ihre quantitativen Artenzusammensetzungen an. Ausgangs-Datenmatrix ist die im Zuge der Aufbereitung der IYFS-Fangdaten (Abundanzen) entstandene Design-Matrix *[Art]*, in der die Arten spaltenweise und die Fangpositionen zeilenweise organisiert sind (siehe Kap. 2). Bezogen auf ein einzelnes auf diese Weise identifiziertes Stratum bedeutet "sehr ähnlich", daß ein sehr geringer geometrischer Abstand zwischen allen Stationen dieses Stratum besteht; wenn dies für sämtliche identifizierten Strata zutreffen würde, ergäbe sich als Summe aller minimalen, auf die jeweiligen Cluster bezogenen Einzelabstände ein minimaler Gesamtabstand. Infolgedessen läßt sich die Minimierung dieses Gesamt-Abstandes statistisch sinnvoll als Ziel-Kriterium für die Zusammenlegung von Stationen zu Strata verwenden; eine derartige Verwendung der Begriffe "Ähnlichkeit" bzw. "Unähnlichkeit" hat gleichzeitig den Vorteil, die definitorischen Voraus-

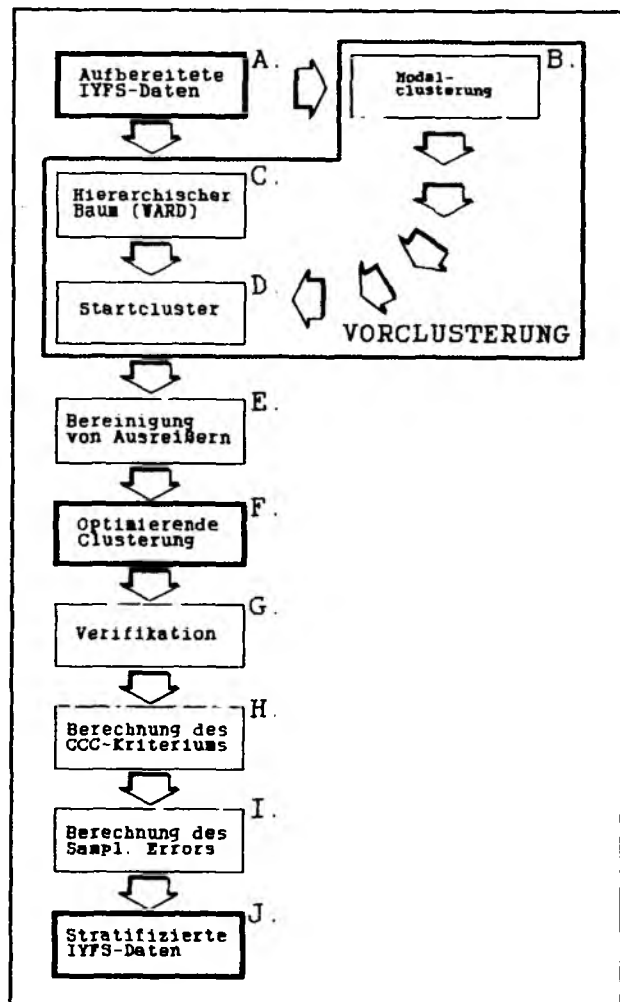


Abb. 8 Ablauf der Re-Stratifizierung bzw. Clusterung

setzungen der statistischen Begriffe "Stratum" bzw. "Stratifizierung" zu erfüllen [siehe Scheaffer *et al.* 1986]. In diesem Sinne ist auch der Ausdruck "Homogenität" zu verstehen, da Minimalität nur dann zustande kommen kann, wenn die Übereinstimmung der statistischen Strata bzw. Cluster mit den tatsächlichen ökologischen Lebensbereichen (tatsächlichen Artengesellschaften) recht hoch ist, was einer Homogenisierung der strata- sowie artbezogenen Varianzen gleichkommen würde [Scheaffer *et al.*, 1986]. Da die Minimierung eines solchen Kriteriums simultan auf sämtliche 14 Ziel-Arten gemeinsam wirkt und damit in gewisser Weise zwischen diesen ausbalanciert wird, kann es bezüglich einzelner Arten nicht minimal, sondern nur optimal sein. Aus diesem Grunde soll für ausgewählte Ziel-Arten untersucht werden, ob und inwieweit für diese trotzdem eine Tendenz zur Minimalität erkennbar ist. Damit wäre für diese Arten als wichtigstes Ziel dieses Arbeitsabschnittes die notwendige ZGWS-Voraussetzung für die Anpassung von Wahrscheinlichkeitsmodellen bzw. Verteilungen in Kap. 4 geschaffen (Homogenität sowie Nicht-Degeneriertheit von Verteilungen).

Im folgenden soll zunächst auf das Verfahren der Re-Stratifizierung, dann auf das der Cluster-Verifikation und schließlich auf einen Vergleich der Re-Stratifizierung mit anderen Stratifizierungs-Ansätzen näher eingegangen werden. Abb. 8 faßt den Gesamt-Ablauf zusammen.

3.1.1 Der eigentliche Vorgang der Re-Stratifizierung

Als Re-Stratifizierungs-Methode wird in dieser Arbeit ein nicht-hierarchisches Verfahren der automatischen Klassifikation (Clustering) gewählt, daß numerisch relativ simpel, dabei aber sehr effektiv ist. In Abb. 8 entspricht dieser Schritt dem Punkt (F.). Es handelt sich hierbei um ein Klassifikations-Verfahren aus der Familie der varianz-optimierenden Clusterungs-Methoden, das die Stationen auf der Basis von Arteninformation entsprechend dem Algorithmus in Abb. 9 solange austauscht, bis das Ziel-Kriterium minimal wird. Wegen ihrer Vorgehensweise werden diese Verfahren auch Austauschverfahren genannt. Der hier verwendete sogenannte "k-means"-Algorithmus wurde von MacQueen [1967] entwickelt. Die Zusammenfügung von Fang-Stationen zu homogenen Gruppen erfolgt dabei über die Minimierung eines multivariaten Va-

- (1) Es werden zunächst k Start-Cluster mit den zugehörigen Stationen vorgegeben.
- (2) Danach werden die Schwerpunkte dieser Stationen-Cluster (Clustercentroide) berechnet.
- (3) Dann wird jede Station in das Cluster mit dem im Sinne der euklidischen Distanz am nächsten liegenden Schwerpunkt verschoben. Nach jedem Clusterwechsel werden die Schwerpunkte Neuberechnet.
- (4) Man fährt bei Schritt (3) fort oder beendet das Verfahren, wenn n mal hintereinander keine Station ihr Cluster gewechselt hat.

Abb. 9 Mc Queen's "k-means"-Optimierungs-Algorithmus zum Austausch von Stationen (abgewandelt nach Steinhausen & Langer [1977]).

werden diese Verfahren auch Austauschverfahren genannt. Der hier verwendete sogenannte "k-means"-Algorithmus wurde von MacQueen [1967] entwickelt. Die Zusammenfügung von Fang-Stationen zu homogenen Gruppen erfolgt dabei über die Minimierung eines multivariaten Va-

rianz-Kriteriums, wie es sich in Formel (4) darstellt.

$$\text{Var.-Krit.} = \left\{ \sum_{i=\text{Cluster } 1}^k \sum_{i=\text{Station } 1}^{n_i} (| [Art]_i - [Art]^{**}_{s_i} |)^2 \right\}$$

= Summe der quadrierten euklidischen Distanzen vom jeweiligen Gruppencentroid über alle Stationen hinweg

worin

k = Anzahl der Stationen-Cluster

g_i = i -tes Stationen-Cluster

(4)

n_i = Anzahl der Stationen des Stationen-Clusters g_i

$[Art]^{**}_{s_i}$ = Gruppencentroid des Stationen-Clusters g_i

= Zeilenvektor mit den mittl. Fängen der 14 Arten aus Cluster g_i

$$= \frac{1}{n_i} \left\{ \sum_{i=\text{Station } 1}^{n_i} [Art]_i \right\}$$

$[Art]_i$ = i -te Zeile der Artenmatrix mit m Arten

(Artenzusammensetzung auf der i -ten Station)

Zentraler Kern des Varianz-Kriteriums ist die euklidische Distanz (im folgenden als D_{ij} bezeichnet), die hier als Unähnlichkeits- bzw. Distanzfunktion fungiert: da jede der N Fangstationen eines Jahres durch ihre quantitative Fangzusammensetzung charakterisiert ist, mißt D_{ij} die Unähnlichkeit zweier Stationen i und j als direkten geometrischen Abstand ("Luftlinie") mit Hilfe der Abundanzen der 14 Ziel-Arten; beispielsweise sind die 1. sowie die 2. Station des Jahres 1983 durch folgende Artenzusammensetzung charakterisiert :

Station 1 : [186 0 94 0 0 528 288 0 0 0 0 0 0 0]₁

Station 2 : [90 0 32 0 0 1104 28 0 0 0 0 0 0 0]₂ .

Station 1 entspricht dabei der 1. Zeile $[Art]_1$ der 1983er Artenmatrix und Station 2 der 2. Zeile $[Art]_2$. Die 14 Zahlen in den eckigen Klammern sind die Abundanzen der 14 selektierten Arten auf den beiden Stationen. Die Unähnlichkeit zwischen diesen beiden Stationen berechnet sich dann, indem aus der Summe der quadrierten Differenzen der direkt übereinanderstehenden Zahlen die Wurzel gezogen wird, sodaß sich die euklidische Distanz D_{ij} zu

$$D_{ij} = D_{12} = \sqrt{\text{Quadratsumme}} = \sqrt{412436} = 642.21$$

ergibt; d.h., in dem hier vorliegenden 14-dimensionalen euklidischen Raum, in dem die 14 hypothetischen Koordinaten den 14 Ziel-Arten entsprechen, beträgt der direkte geometrische Abstand dieser beiden Stationen **642.21** Einheiten (Theorie siehe [Hartung *et al.*, 1989]). Gleichung (5) verallgemeinert diesen Berechnungsvorgang auf formale Weise.

$$\begin{aligned}
 D_{ij} &= | [Art]_i - [Art]_j | \\
 &= \left\{ \sum_{h=1}^{14} (Art_{ih} - Art_{jh})^2 \right\}^{\frac{1}{2}} \\
 &= \text{Wurzel aus der Summe der quadrierten Artenabstände} \\
 &\quad \text{zwischen zwei Stationen } i \text{ und } j \text{ (über alle 14 Arten} \\
 &\quad \text{hinweg)} \\
 &= \text{Euklidische Distanz zwischen zwei Stationen } i \text{ und } j
 \end{aligned} \tag{5}$$

wozu

i, j = i-te bzw. j-te Station, die miteinander verglichen werden sollen

Art_{ih}, Art_{jh} = i-te Art auf der i-ten bzw. j-ten Station

*[Art]_i, [Art]_j = i-te bzw. j-te Zeile der Artenmatrix
mit den Abundanzen der 14 Arten*

*= Artenzusammensetzung auf der i-ten
bzw. j-ten Station*

Als eine mathematisch etwas andersgeartete sowie anspruchsvollere Variante von Mustererkennungs-Verfahren kämen aus theoretischer Sicht noch die sogenannten "spatial autoregressive models" in Betracht, die die Methoden der Zeitreihen-Analyse auf räumliche Gegebenheiten zu übertragen suchen. Allerdings sind die Anforderungen an die Fangdaten so restriktiv, daß sich diese Verfahren nicht unter den vorliegenden Gegebenheiten des IYFS für eine Re-Stratifizierung der Fangdaten eignen. Hinzu kommt noch, daß sie sich auf dem derzeitigen Stand der Entwicklung nicht auf multivariate Probleme anwenden lassen. Für eine tiefergehende Betrachtung dieser Verfahren siehe u.a. Ord [1979] und Upton & Fingleton [1985, 1990].

Unter den nicht-hierarchischen, optimierenden Clusterungsverfahren gibt es neben dem "k-means"-Algorithmus von McQueen noch weitere verwandte Techniken, die sich in einen solchen Stratifizierungsansatz einbinden ließen. Jedoch haben diese in den Simulationsstudien weder besser, noch schlechter abgeschnitten, sodaß sich dadurch nicht unbedingt ein Verfahrensvorteil ergibt [Milligan, 1980; Milligan & Cooper, 1985]. Bezüglich des Spektrums weiterer anwendbarer Methoden zeigt sich, daß die Auswahl der für eine Stratifizierung in Frage kommenden Verfahren relativ eingeschränkt ist. Das hängt vor allem damit zusammen, daß das

varianz-minimierende Kriterium nicht nur intuitiv plausibel, sondern zugleich das aus statistischer Sicht einzig sinnvolle Kriterium für (Re-)Stratifizierungs-Vorgänge ist, da es unmittelbar auf den vorgegebenen Definitionen entsprechender Begriffe fußt (siehe hierzu u.a. Scheaffer *et al.* [1986]).

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit ergeben sich bei der Anwendung varianz-optimierender Verfahren, also auch für den hier verwendeten Austausch-Algorithmus nach McQueen, vier Probleme:

- (1) Für den Algorithmus muß die Anzahl der wahrscheinlichen Cluster bekannt sein.
- (2) Es müssen Start-Cluster ("Seeds") vorgegeben werden.
- (3) Es müssen die Start-Cluster von Ausreißern bereinigt werden.
- (4) Abiotische Variablen können nicht direkt miteinbezogen werden.

3.1.1.1 Die Bestimmung der wahrscheinlichsten Clusterzahl

Das Problem der zu identifizierenden Clusterzahl wird in dieser Arbeit zweistufig gelöst. Die

erste Stufe

fußt auf einer Prozedur von Wong & Schaak [1982] bzw. Wong [1982], die im folgenden mit dem Begriff "Modal-Clusterung" bezeichnet wird. Dieser Schritt entspricht dem Punkt (B.) in Abb. 8. Gemäß einer Empfehlung von Steinhausen & Langer [1977] und SAS Institute Inc. [1987] hinsichtlich der Modal-Clusterung wird im Rahmen der Arbeit die einfache euklidische Distanz als Abstandsmaß verwendet. Die Modal-Clusterung selbst beruht auf nicht-parametrischen Annahmen und ist im wesentlichen eine Kombination aus einem "k-nearest-neighbour-" und einem "single-linkage"-Algorithmus [Wong & Lane, 1981; Wong & Schaak, 1982]. Über einen Iterations-Prozeß innerhalb der "k-nearest-neighbour"-Komponente führt die Modal-Clusterung für jedes Jahr zu einer Schätzung mehrerer Dichte-Maxima (Dichte-Modi), d.h. zu mehreren wahrscheinlichen (vermuteten) Anzahlen an Clustern. Die

zweite Stufe

entspricht dem Punkt (H.) in Abb. 8 und basiert auf der Auswertung des sogenannten "Cubic Clustering Criterion" (CCC) von Sarle [1983]. Dieses Verfahren berechnet sich zu jeder der im Rahmen der Modal-Clusterung erzeugten wahrscheinlichen Cluster-Zahlen den korrespondierenden CCC-Wert gemäß Gleichung (6). Danach wird unter den möglichen mehreren wahrscheinlichen Cluster-Zahlen, die aus der ersten Stufe dieses Verfahrens, d.h. der Modalclusterung stammen, diejenige Cluster-Zahl ausgewählt, die im Sinne des CCC-Kriteriums den maximalen Erklärungsgehalt auf sich vereinigt; graphisch bedeutet dies: im Rahmen von Diagnose-Plots werden die berechneten CCC-Werte über die wahrscheinlichen Clusterzahlen aus der Modalclusterung aufgetragen. Die Cluster-Zahl, oberhalb derer sich im Diagnoseplot

das lokale Maximum mit dem höchsten Sprung befindet, wird schließlich als die wahrscheinlichste aufgefaßt und für alle nachfolgenden Analysen verwendet.

Das CCC-Kriterium läßt sich ausschließlich bei Algorithmen anwenden, die wie die von Ward sowie von McQueen ein Varianz-Kriterium minimieren. Es ist damit recht gut für die vorliegende Fragestellung geeignet. Das hängt

$$CCC = \ln \left[\frac{1 - E(R^2)}{1 - R^2} \right] \frac{\sqrt{\frac{np}{2}}}{(0.001 + E(R^2))^{1.2}}$$

worin

p = Anzahl Fischarten (hier 14)

n = Anzahl Stationen

R^2 = beobachtetes Bestimmtheitsmaß für die Fischpopulation

$E(R^2)$ = theoretisch erwartetes Bestimmtheitsmaß für die Fischpopulation

(6)

damit zusammen, daß per Konstruktion des CCC-Kriteriums die Variabilität der verschiedenen einbezogenen Fischarten integraler Bestandteil ist. Denn in der empirisch abgeleiteten Formel (6) erhält man das CCC-Kriterium im Prinzip durch einen Vergleich des beobachteten Bestimmtheitsmaßes der Fischpopulation R^2 mit dem theoretisch zu erwartenden Wert dieses Bestimmtheitsmaßes $E[R^2]$: das CCC-Kriterium ist danach im wesentlichen eine Funktion der beiden Koeffizienten R^2 und $E[R^2]$. Der Rest der Formel dient nur der Varianz-Stabilisierung und normiert gewissermaßen die natürliche Variation der 14 Fischarten über die vermuteten (angenommenen) Cluster hinweg. Bei der Berechnung von R^2 wird davon ausgegangen, daß die Fänge unter der Hypothese einer p -dimensionalen Gleichverteilung gemacht wurden (mit p = Anzahl Ziel-Arten = 14). Diese Approximation ist nach Sarle [1983] angemessen und äußerst hilfreich, um die beste Anzahl Cluster herauszufinden (sogar bei einer Stichprobengröße bis hinab zu 20). Eine entsprechende Annahme gilt auch für den erwarteten Wert des Bestimmtheitsmaßes $E[R^2]$. Positive CCC-Werte (genauer CCC-Werte > 2) bedeuten, daß das beobachtete Bestimmtheitsmaß größer ist, als es eigentlich erwartet wird und zeigen dadurch eine höhere Wahrscheinlichkeit von Clustern an.

3.1.1.2 Die Bestimmung der Start-Cluster

Das zweite komplexe Problem, die Bereitstellung von Start-Clustern, wird durch Vorschalten eines hierarchischen Algorithmus gelöst, der ebenso wie der optimierende Austausch-Algorithmus nach McQueen die Summe der quadrierten euklidischen Distanzen minimiert: Das Verfahren nach Ward [1963]. Der Vorgang der Bereitstellung der Startcluster, wird hier als Vor-Clusterung bezeichnet. In Abb. 8 sind dies die Punkte (C.) und (D.).

Der prinzipielle agglomerative Ablauf des Ward-Verfahrens wird durch Abb. 10 schematisch erfaßt. Dabei wird der auf der Grundlage des Ward'schen Algorithmus erzeugte hierarchische Baum in Abb. 11 auf der Distanzebene mit der wahrscheinlichsten Cluster-Zahl (gemäß CCC-Kriterium) aufgeschnitten. Exemplarisch zeigt Abb. 11 die Distanzebene "d6", die genau 6 Cluster enthält (daher

die "6" in der Bezeichnung "d6"). Unter realen Gegebenheiten wären damit 6 Fangstations-Gruppierungen gemeint (in der Grafik mit "a" bis "f" gekennzeichnet).

In manchen Fällen wird der Ward-Algorithmus als alleiniges Verfahren zur Clusterung verwendet. Zwar ist er unter allen hierarchischen Methoden die im statistischen Sinne "beste". Er liefert jedoch trotzdem keine optimalen Resultate, weil er nicht in der Lage ist, Stationen zu rekombinieren, wenn diese auf irgendeiner Stufe (im statistischen Sinne Distanzebene) erst einmal einem Cluster zugewiesen worden sind (zu dieser Problematik siehe

- (1) Es wird mit sämtlichen Einzel-Stationen begonnen (Bauch des Baumes).
- (2) Danach werden diejenigen Stationen-Cluster bzw. unmittelbar nach dem 1. Schritt diejenigen Stationen gesucht, die unter allen übrigen Stationen-Clustern das Varianz-Kriterium am wenigsten vergrößern, d.h. den geringsten Zuwachs an Heterogenität liefern.
- (3) Dann werden diese beiden Minimal-Zuwachs-Stationen-Cluster (bzw. Minimal-Zuwachs-Einzelstationen) zu einem neuen Stationen-Cluster fusioniert.
- (4) Anschließend werden die statistischen Zuwächse an Heterogenität (= Zuwächse des Varianz-Kriteriums) des eben fusionierten Clusters Neuberechnet.
- (5) Das Verfahren wird nach (n-1) Schritten beendet, wenn sämtliche Stationen zu einem einzigen Stationen-Cluster zusammengefaßt sind (Spitze des Baumes); sonst wird bei Schritt (2) mit den Neuberechneten Zuwächsen des Varianz-Kriteriums fortgefahren.

Abb. 10 Agglomeratives Verfahren nach Ward (abgewandelt nach Steinhausen & Langer [1977]).

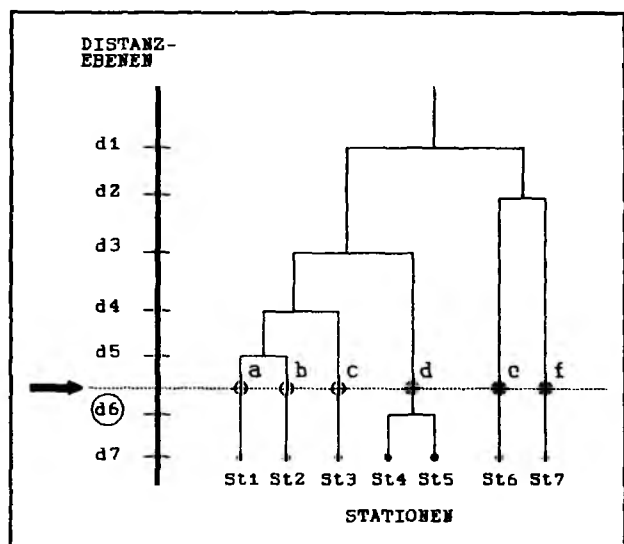


Abb. 11 Hierarchiebaum der Modalclusterung mit Schnittebene für die Startcluster.

u.a. Steinhausen & Langer [1977]). Aus diesem Grunde ist immer die Kombination mit einem optimierenden Verfahren notwendig, wobei sich die Kombination "Ward/McQueen" im Rahmen von Simulationsexperimenten außerordentlich gut bewährt hat [Milligan, 1980]; aus Gründen der Konsistenz wird diese Kombination auch von Steinhausen & Langer [1977] befürwortet, da beide Algorithmen das gleiche Varianz-Kriterium zu minimieren suchen.

3.1.1.3 Die Bereinigung der Start-Cluster von Ausreißern

In Abb. 8 ist hiermit der Schritt (E.) gemeint. Da die Clusterungs-Algorithmen auf der Anwendung eines multivariaten Varianz-Kriteriums beruhen, werden statistische Maßzahlen verwendet, die in recht hohem Maße von extremen Werten beeinflusst werden. Zu diesen Maßzahlen zählen empirische Varianzen und arithmetische Mittelwerte [Bleymüller *et al.*, 1979; Hartung *et al.*, 1987]. Da eine durchschnittliche Re-Stratifizierung gefunden werden soll, die gewissermaßen im Mittel gilt, muß gewährleistet sein, daß die Ergebnisse nicht durch Ausreißer (Extremwerte) verzerrt werden, auch wenn die Ausreißer-Stationen einen bestimmten biologischen Gehalt besitzen; aus diesem Grunde müssen diese identifiziert und eliminiert werden [Fahmeir *et al.*, 1984; Backhaus *et al.*, 1987].

Unter Ausreißer sollen in der vorliegenden Arbeit Cluster (Stationen-Gruppierungen) verstanden werden, die niederfrequent sind, d.h. weniger als 5 Stationen enthalten; derartige Cluster sind in der Regel sehr heterogen, da sie aus Stationen bestehen, die im Sinne der quadrierten euklidischen Distanz relativ weit voneinander entfernt liegen und sich auch nicht mit Stationen anderer Cluster zu einem gemeinsamen Cluster vereinigen lassen; solche Cluster besitzen einen relativ großen Radius. Die Elimination heterogener Cluster führt einerseits zu einer Reduzierung der endgültigen Clusterzahl. Andererseits ist damit eine gleichzeitige Homogenisierung des Datenmaterials verbunden, die sich u.a. durch eine erhöhte Trennungsfähigkeit der in der Analyse verbleibenden Cluster ausdrückt [SAS Institute Inc., 1987]. Der Wert 5 ist aufgrund empirischer Erfahrungen mit der vorliegenden Konstellation der Daten gerade so gewählt, daß im Zuge des sich anschließenden Austauschverfahrens keine Stationencluster mit weniger als 5 Stationen mehr entstehen. Das ist nicht unbedingt selbstverständlich. Denn es hat sich im Rahmen von Vorversuchen gezeigt, daß, wenn man den Wert geringer wählt, z.B. mit 3, so kann es trotz größerer Anzahl als 3 an Start-Stationen je Cluster vorkommen, daß durch die induzierte Re-Organisation der Cluster im nachhinein trotzdem noch solche Stationen-Gruppen entstehen, die weniger als 3 Stationen enthalten, d.h. beispielsweise nur noch eine. Nach SAS Institute Inc. [1987] ist in einer solchen Situation, die durch die Ausreißerbehandlung induzierte Homogenisierung des Datenmaterials nicht ausreichend. Erst ab der "magischen Zahl 5" stabilisiert sich das System offenbar so, daß derartige Fälle nicht mehr auftreten.

3.1.1.4 Die Analyse der Effekte abiotischer Größen hinsichtlich der Clusterung

Nach Fahmeir *et al.* ist es wichtig und "besonders interessant", Clusterungen hinsichtlich ihrer Interpretierbarkeit mit Hilfe von Größen zu untersuchen, die zwar nicht mit in die Clusteranalyse einbezogen worden sind, aber inhaltlich assoziiert sind [Fahmeir *et al.*, 1984]. Dabei empfiehlt Hansen, zunächst sämtliche exogenen Variablen für den Einschluß in die Untersuchung zu berücksichtigen, die numerisch verfügbar sind, und erst anschließend zu überprüfen, inwieweit diese Größen statistisch signifikant sind [Hansen, 1989a]. Exogene Größen, die im Rahmen des IYFS simultan mitgemessen werden, aber nicht unmittelbar mit in die Clusteranalyse einbezogen werden können, sind die drei abiotischen Größen Bodentiefe, Temperatur und Salzgehalt. Diese drei Größen sind u.a. deswegen in den IYFS-Datensatz aufgenommen worden, um den entsprechenden Arbeitsgruppen des ICES die Möglichkeit zu bieten, mit ihrer Hilfe eine eventuelle Variabilität der Fänge a-posteriori erklären bzw. reduzieren zu können. Da in anderen fischereibiologischen Problemstellungen häufig sowohl die Tiefe [siehe u.a. Markle *et al.*, 1988, Montgomery *et al.*, 1989, Millner *et al.*, 1989, Blaber *et al.*, 1990, Frechet, 1990, Raetz, 1990, Raymore *et al.*, 1990] als auch die Temperatur [siehe u.a. Sosa *et al.*, 1981, Davey *et al.*, 1989, Frechet, 1990] als Stratifizierungskriterien herangezogen werden und teilweise der Salzgehalt als ein das Aggregations-Verhalten beeinflussender Faktor gesehen wird [siehe u.a. Mahon *et al.*, 1984, Takeuchi *et al.*, 1985, Birtwell *et al.*, 1987, Quinn *et al.*, 1987], erscheint es im Rahmen der vorliegenden Arbeit für die Interpretation von Clustern sinnvoll, die Effekte dieser Größen bezüglich der Cluster-Bildung empirisch zu untersuchen.

Diese drei Variablen können aus verschiedenen Gründen nicht direkt mit in den Clusterungs-Vorgang einbezogen werden: einerseits enthalten sie zu viele Missing Values (Kap. 2), andererseits sind sie in einer anderen Einheit (Dimension) gemessen worden, als die Arten selbst. Aus diesem Grunde hätten sämtliche Variablen (auch die Ziel-Arten) im Falle eines Einschlusses in den Clusterungs-Prozeß vorher standardisiert werden müssen. Dies ist ein Problem, da die Cluster, über die die Standardisierung zu vollziehen wäre, in diesem Stadium der Auswertung noch nicht bekannt sein können. Alternativ eine Ordinalskalierung, d.h. eine Reduzierung des Skalierungsniveaus sämtlicher Variablen durchzuführen, ist unter den Bedingungen der vorliegenden Arbeit ebenfalls nicht sinnvoll bzw. nicht möglich,

1. da die Daten dann die metrischen Eigenschaften einer Intervallskalierung verlieren, sodaß eine Berechnung des Varianz-Kriteriums nicht mehr zulässig ist,
2. da damit ein nicht unerheblicher Informationsverlust verbunden ist und
3. da durch die Umcodierung der Daten (Reparametrisierung) die Schätzung einer erhöhten Anzahl an Parametern notwendig wird und damit eine drastische Reduzierung der Freiheitsgrade einhergeht

(meß- bzw. skalierungstheoretische Grundlagen siehe u.a. bei Steinhausen & Langer [1977], Bley Müller *et al.* [1979], Fahmeir *et al.* [1984]).

Das Problem läßt sich aber durch Formulieren einer Fragestellung umgehen, bei der überprüft wird, ob sich die Mittelwerte des jeweils untersuchten abiotischen Faktors in den einzelnen Clustern statistisch signifikant voneinander unterscheiden. Eine solche Hypothese kann durch eine univariate einfaktorielle Varianz-Analyse (ANOVA) getestet werden. Die sich hinter einem solchen Signifikanz-Test verbergende F-Statistik ist verhältnismäßig robust gegen grobe Abweichungen von der NV des Faktors, wenn die clusterbezogenen Varianzen annähernd gleich groß sind (zur Homoskedastizität = Homogenität der Varianzen siehe u.a. Lindquist [1953] sowie Schuchard-Ficher *et al.* [1983]). Sollten diese jedoch stärker voneinander abweichen, besteht entweder die Notwendigkeit einer clusterweisen Standardisierung der korrespondierenden Daten unter Verwendung einer mittleren Standardabweichung der jeweils untersuchten abiotischen Variablen oder die Möglichkeit der Erhöhung des Signifikanzniveaus. Alternativ könnte man das/die betroffene/n Cluster von der Analyse ausschließen, was aber im Falle mehrerer ausgeschlossener Cluster einen erheblichen Informationsverlust bedeuten würde. Tests, die zur Feststellung der Varianz-Homogenität dienen, sind u.a. ein Bartlett-Test und die C-Statistik von Cochran [Schuchard-Ficher *et al.*, 1983]; Schuchard-Ficher *et al.* weisen in diesem Zusammenhang darauf hin, daß die Tabelle der C-Statistik für hohe Freiheitsgrade (wie im vorliegenden Fall mit $N \approx 500$) nur sehr ungenaue Werte liefert [Schuchard-Ficher *et al.*, 1983]. Ferner ist insbesondere die C-Teststatistik im Rahmen von experimentellen Untersuchungen als nicht besonders robust aufgefallen [Gröger, 1986]. Aus diesen Gründen wird hier ein von Schuchard-Ficher *et al.* empfohlenes, deskriptives Maß bevorzugt, das weniger empfindlich und zugleich leichter interpretierbar ist, als die beiden anderen Tests; die dazugehörige Regel drückt den anschaulichen Sachverhalt aus, um wieviel die größte clusterinterne Varianz von der kleinsten abweichen darf: Der Quotient aus maximaler zu minimaler Cluster-Varianz der betrachteten abiotischen Variable sollte dabei kleiner gleich 10 sein, damit Varianzhomogenität gilt (Regel siehe Schuchard-Ficher *et al.* [1983]). Weitergehende Erläuterungen zur ANOVA siehe u.a. Fahmeir *et al.* [1984] oder Neter *et al.* [1985].

Mit Hilfe der ANOVA wird die Hypothese eines grundsätzlichen Einflusses getestet, nicht jedoch die Hypothese, welche der Stationen-Cluster sich bezüglich des jeweiligen abiotischen Faktors in der Analyse im Detail unterscheiden. Auf mathematisch elegante Weise ließe sich das mit Hilfe eines Likelihood-Quotienten-Tests (LR-Tests) im Rahmen eines verallgemeinerten linearen Ansatzes untersuchen; die Bedingungen dieses Verfahrens sind für den vorliegenden Fall jedoch zu restriktiv. Bei der Auswahl eines geeigneten Tests auf lineare Kontraste als Alternative zum LR-Test mußte in dieser Arbeit beachtet werden, daß die Stationen-Cluster unterschiedlich viele Stationen enthalten. Aus diesem Grunde konnte nicht der allgemein anerkannte Tukey-Test für balanzierte Designs verwendet werden. Zwar existieren prinzipiell Verfahren, die eine unterschiedliche Besetzungszahl der Cluster akzeptieren; unbalanzierte Designs

haben aber per Konstruktion immer eine Einbuße der Operations-Charakteristika dieser Tests zur Folge [SAS Institute Inc., 1987; Hartung *et al.*, 1987]: die Tests werden unscharf, da ihre Power-Funktion an Güte verliert (zur Theorie von Güte- oder Power-Funktionen siehe u.a. Mood *et al.* [1988]). Fahmeir *et al.* sowie Neter *et al.* empfehlen im Falle ungleicher Besetzungszahlen (in diesem Fall ungleicher Besetzungszahlen von Clustern) die Tests von Bonferroni und von Scheffé [Fahmeir *et al.*, 1984; Neter *et al.*, 1985]. Da beide Verfahren sich in ihren Eigenschaften sehr ähneln (sie konstruieren beide Konfidenzintervalle um Mittelwertdifferenzen und kontrollieren den Fehler 1. Art) schlagen Neter *et al.* folgende Vorgehensweise vor: Man sollte für die Untersuchungs-Daten zunächst beide Arten Vertrauensintervalle berechnen und dann die Ergebnisse des Verfahrens wählen, dessen Intervalle enger sind, da dadurch die Aussagen schärfer werden [Neter *et al.*, 1985].

Um feststellen zu können, ob z.B. die Bodentiefe nur mittelbar über den Salzgehalt oder die Temperatur auf die Clusterung wirkt, sind außerdem statistische Abhängigkeiten (Korrelationen) zwischen den abiotischen Variablen betrachtet worden. Damit der Informationsverlust durch die hohe Anzahl an Missing Values und gleichzeitig die Verzerrung durch auftretende Extremwerte verhältnismäßig gering bleibt, sind nur die Cluster-Mittelwerte dieser Größen in die Korrelations-Analysen einbezogen worden.

3.1.2 Clusterverifikation: Untersuchung der Eigenschaften der Cluster

3.1.2.1 Bestimmung des Trennungsgrades der Clusterung

In Abb. 8 ist dieser Schritt der Punkt (G.). Steinhausen & Langer [1977] weisen explizit darauf hin, daß zur statistischen, mehr oder weniger objektiven Beurteilung des Trennungsgrades einer Clusterung und der Trennungseigenschaften der einbezogenen Variablen die Diskriminanz-Analyse als Werkzeug herangezogen werden sollte. Die statistische Theorie begründet dies mit den Anforderungen der Diskriminanz-Analyse an das Skalierungsniveau, da die Kausalität sowohl bei der Cluster- als auch bei der Diskriminanz-Analyse immer von den metrisch skalierten x-Variablen (in diesem Fall den 14 Ziel-Arten) in Richtung zur kategorial skalierten y-Variablen (in diesem Fall der Variablen "Cluster") geht. Diese Kausalstruktur entspricht genau der eingangs formulierten Arbeitshypothese, daß die 14 Ziel-Arten die Artengesellschaften bilden und nicht umgekehrt die Artengesellschaften die 14 Arten (siehe Einleitung). Die Verwendung einer MANOVA (multivariate Varianz-Analyse), die hin und wieder zur Beurteilung von Clusterungen eingesetzt wird, kommt deswegen nicht in Frage, weil sie genau die umgekehrte Kausalstruktur bzw. Skalierung erfordert (kategoriale x- und metrische y-Variablen). Zu dem Problemkreis der Kausalität, des erforderlichen Skalierungsniveaus und einer geeigneten Verifikation von Clusterungen siehe u.a. Steinhausen & Langer [1977], Fahmeir *et al.* [1984], Schuchard-Ficher *et al.* [1985] und SAS Institute Inc. [1987].

Um in diesem Zusammenhang keine Annahmen über eine theoretisch zugrundeliegende Verteilungsform machen zu müssen, wird für die Beurteilung des Trennungsgrades der Cluster ein nicht-parametrisches Verfahren der Diskriminanz-Analyse gewählt. Dieses Verfahren fußt auf Kernfunktionen (Dichteschätzern), die in der vorliegenden Arbeit einen Normalkern enthalten. Für eine ausführliche Beschreibung der Theorie von Kernfunktionen siehe z.B. Fahmeir *et al.* [1984],

Tab. 7 Idealfall einer hypothetischen Fehlklassifikations-Tabelle.

		prognostizierte Clusterzugehörigkeit			
		1	2	3	...
tatsächliche Clusterzugehörigkeit	1	100%	0%	0%	...
	2	0%	100%	0%	...
	3	0%	0%	100%	...

Hartung *et al.* [1987], SAS Institute Inc. [1987] und Hand [1989]. Genau wie bei anderen Diskriminanz-Analyse-Verfahren werden aus sogenannten Lernstichproben Entscheidungskriterien (Diskriminanz- oder Entscheidungsfunktionen) ermittelt, aufgrund derer jede Station mit einer gewissen a-posteriori-Wahrscheinlichkeit nachträglich den Clustern zugeordnet werden können (Prognosen der Clusterzugehörigkeit); dieser Vorgang wird auch Kreuzvalidierung genannt. Man hofft dabei, daß die meisten Stationen in die richtigen Cluster einsortiert werden. Es wird dann immer der prozentuale Anteil der richtig bzw. falsch zugeordneten Stationen an den Gesamtstationen gemessen, die tatsächlich zu den jeweiligen Clustern gehören. Wie auch sonst werden hierbei die prozentualen Anteile fehlklassifizierter Stationen in eine sogenannte Fehlklassifikations-Tabelle eingetragen. Diese enthält auf der Ordinate die tatsächliche Clusterzugehörigkeit und auf der Abszisse die prognostizierte Clusterzugehörigkeit in Form von Clusterbezeichnungen (Nummern o.ä.). In diese Tabelle werden die als falsch klassifizierten Stationen auf den Nebendiagonalen eingetragen, während die prozentualen Anteile der richtig klassifizierten Stationen auf der Hauptdiagonale erscheinen. Man hofft, daß auf der Hauptdiagonalen möglichst "100%" auftaucht und auf den Nebendiagonalen immer "0%". Aus den einzelnen Fehlklassifikationen (Nebendiagonale) läßt sich, gegebenenfalls unter Berücksichtigung der Clustergrößen (a-priori-Wahrscheinlichkeiten), eine Gesamt-Fehlklassifikationsrate errechnen, die möglichst nahe bei 0% liegen sollte. Der Idealfall einer Fehl-Klassifikations-Tabelle sieht wie in Tab. 7 aus. Lernstichproben sind im vorliegenden Fall die geclusterten, jahresbezogenen Fangdaten in Form einer nach Clustern geordneten Artenmatrix.

Da es verschiedene Arten der Kreuzvalidierung mit qualitativen Unterschieden gibt, ist sie in diesem Fall so gewählt, daß eine Tautologie des Diskriminierungs-Verfahrens ausgeschlossen werden kann. Denn die Schätzung der Zuordnungs-Regeln ist unabhängig von der der Fehleraten, da beide Berechnungen auf voneinander unabhängigen Stichproben beruhen. Das Verfahren wird Jackknife- oder auch One-Leaving-Out-Methode genannt: Bei dieser Vor-

gehensweise wird immer genau eine Station mit ihrer Artenzusammensetzung (d.h. den korrespondierenden Abundanzen der 14 Ziel-Arten) von der Lernstichprobe für die Berechnung der Diskriminanz-Funktionen (Zuordnungs-, Klassifikationsregeln) ausgeschlossen. Aus dieser um eine Station reduzierten Lernstichprobe werden anschließend die Zuordnungsregeln geschätzt. Danach wird die ausgeschlossene Station gemäß den zuvor berechneten Zuordnungsregeln klassifiziert. Dabei wird festgestellt, ob die Zuordnung der von der Lernstichprobe unabhängigen Station korrekt war oder nicht. Diese Methode wird auf alle Stationen der Gesamtstichprobe angewendet; sie ist dem herkömmlichen Prinzip des Abtestens von Koeffizienten auf Signifikanz z.B. bei der Regressions-Analyse insofern überlegen, da dort sowohl die Schätzung der Parameter als auch die Signifikanztests auf derselben Berechnungsgrundlage beruhen. Aus diesem Grunde führt die One-Leaving-Out-Methode nach Einschätzung von Fahmeir *et al.* [1984] zu verhältnismäßig realistischen Ergebnissen.

3.1.2.2 Die Einflußstärke der einzelnen Ziel-Arten

Zur Bestimmung der Einflußstärke der einzelnen Arten auf die Clusterung wird hier die schrittweise Diskriminanz-Analyse durchgeführt. Prinzipiell ist dieses Verfahren nicht verteilungsfrei. Allerdings setzt die schrittweise Diskriminanz-Analyse die clusterweise multivariate NV nur dann voraus, wenn für eine Artenselektion im Rahmen des Diskriminierungsverfahrens F-Tests zum Ein- und/oder Ausschluß von Arten durchgeführt werden. Im vorliegenden Fall sollen aber weder irgendwelche Arten ein- bzw. ausgeschlossen, noch statistische Tests in dieser Richtung durchgeführt werden. Vielmehr soll eine absteigende Rangliste erzeugt werden, die die Reihenfolge der Arten entsprechend ihres Trennungsbeitrages wiedergibt. Dies geschieht hier auf der Basis von Eigenwertberechnungen, oder vereinfacht gesagt, aufgrund der Berechnung von partiellen Bestimmtheitsmaßen. Diese Bestimmtheitsmaße geben gewissermaßen den partiellen, d.h. artenweisen Anteil an der erklärten Streuung der betreffenden Art wieder, der in seiner Größe durch die jeweilige Clusterung der Stationen bestimmt wird. Anders ausgedrückt, da die Clusterung die gesamte Nordsee in viele kleine Untereinheiten (damit auch die Gesamtstreuung einer Art) zerlegt, mißt das partielle R^2 , wie gut sich diese Zerlegung der Nordsee in der aufgesplitteten Streuung dieser Art wiedererkennen läßt. Auf diese Weise erhält man einen Eindruck von der Relevanz der einzelnen Ziel-Arten für den jeweiligen Clusterungszustand der Nordsee. Die Art mit gewissermaßen der höchsten Relevanz erhält dabei den größten Eigenwert bzw. das größte Bestimmtheitsmaß und erscheint ganz oben in der absteigend sortierten Rangfolgen-Liste [Fahmeir & Hamerle, 1984; Hartung & Elpelt, 1989].

3.1.2.3 Populationsdichte, Dominanz- und Präferenz-Struktur der Cluster

Während es sich bei der diskriminanzanalytischen Einordnung der betrachteten Ziel-Arten in eine Rangfolge der Einflußstärke um ein globales Kriterium der Cluster-(bzw. Arten-)Charak-

terisierung handelt, wird mit der Berechnung der Dominanz ein eher spezielleres Prozent-Maß zur Verfügung gestellt, das sich zur cluster- sowie artenbezogenen Charakterisierung eignet. Per Konstruktion handelt es sich dabei um eine relative Kenngröße, die durch Normierung über die Clustergröße einen direkten Vergleich verschiedener Cluster ermöglicht. Nach Balogh [1958] gibt die Dominanz (genauer Individuendominanz) den "Prozentsatz der Individuen einer Art an, wenn die Zahl aller Individuen eines bestimmten Bestandes mit 100% angesetzt wird". Im vorliegenden Fall bezieht sich der Begriff "Bestand" auf eine bestimmte Artenassoziation bzw. ein bestimmtes Cluster. Gleichung (7) formalisiert diesen Sachverhalt für eine beliebige Art i bezogen auf sämtliche Arten desselben Clusters [nach Balogh, 1958].

$$Dom_{Art_i} = 100 \times \frac{Art_i}{\sum_{i=1}^{14} Art_i} \quad (7)$$

Dom_{Art_i} : Dominanz von Art i in Cluster j (gemessen in %)

Art_i : Anz. Individuen von Art i in Cluster j

Bei Tischler [1949] wird die Dominanz relative Abundanz genannt und als prozentualer Anteil der Individuen einer Art zu dem der übrigen Arten pro Flächeneinheit ausgedrückt. Dabei grenzt Tischler die Berechenbarkeit der Dominanz auf ausschließlich die Arten einer vergleichbaren Tierklasse (z.B. Vögel, Insekten, etc.) ein; im vorliegenden Fall ist diese Vergleichbarkeit durch die Beschränkung auf ausschließlich Fischarten gewährleistet. Außerdem definiert er vier Dominanzklassen, in die die Arten je nach ihrem prozentualen Dominanzgrad eingeteilt werden können. Diese vier Dominanzklassen sind im einzelnen:

1. Subrezedenten : Dominanz < 1%,
2. Rezedenten : Dominanz zwischen 1 bis 2%,
3. Subdominanten : Dominanz zwischen 2 bis 5%,
4. Dominanten : Dominanz > 5%.

Die vorliegende Arbeit konzentriert sich insbesondere auf die Identifikation von Arten der vierten Klasse, also auf die im eigentlichen Sinne dominanten Arten.

Ferner wird vom Verfasser der vorliegenden Arbeit ein relatives Maß definiert, das für jede der 14 Ziel-Arten den Grad ihres bevorzugten Vorkommens ausdrückt. Dieser relative Index wird im folgenden Präferenz genannt und mißt den über die Clustergröße normierten prozentualen Anteil der Individuen einer Art, der in einem bestimmten Cluster relativ zu allen anderen Clustern des jeweiligen Jahres vorkommt. Die Normierung über die Clustergröße ist deswegen notwendig, da ein nicht normierter Präferenz-Index für Cluster mit vielen Stationen automatisch höher ausfallen würde, d.h. bezüglich der Clustergröße verzerrt wäre. Die Präferenz einer Art

i für das Cluster j läßt sich formal durch Gleichung (8) ausdrücken.

$$Pr\ddot{a}f'_{Art_i} = 100 \times \frac{\left(\frac{1}{Stationenzahl_j} Art_i \right)}{\sum_{j=1}^{Clusterzahl} \left(\frac{1}{Stationenzahl_j} Art_i \right)} \quad (8)$$

$Pr\ddot{a}f'_{Art_i}$: Präferenz von Art i in Cluster j (gemessen in %)

Art_i : Anz. Individuen der Art i in Cluster j

$Stationenzahl_j$: Anz. Stationen in Cluster j

Tischler [1949] gibt ein weiteres Merkmal zur Charakterisierung von Clustern an: die Individuen- bzw. Populationsdichte eines Clusters. Wegen der Normierung der Abundanzen über die Anzahl Stationen eines Clusters ist diese Kenngröße identisch mit dem mittleren Gesamtfang in einem Cluster, der sich aus allen Arten zusammensetzt. Gleichung (9) formalisiert diesen Sachverhalt [nach Tischler, 1949].

$$Dichte_{Cluster_j} = \frac{1}{Stationenzahl_j} \sum_{i=1}^{14} Art_i \quad (9)$$

$Dichte_{Cluster_j}$: Individuendichte von Cluster j (gemessen in Stück / Station)

$Stationenzahl_j$: Anz. Stationen in Cluster j

3.1.2.4 Größe, geographische Homogenität, Lage und Form der Cluster

Die Ausdehnung der Cluster ist ein weiteres Merkmal, durch die die einzelnen Cluster charakterisiert sind. Die Größe eines Clusters kann über seine Fläche aber auch durch die Anzahl der in ihm enthaltenen Stationen ausgedrückt werden. Optisch läßt sich ein Eindruck von der Ausdehnung eines Clusters anhand von Ordinationsplots gewinnen. Da die Anzahl der Stationen in der vorliegenden Arbeit weniger kompliziert zu bestimmen ist und diese zudem direkt proportional zur Fläche ist, beziehen sich sämtliche Angaben dieser Arbeit nicht auf eine Flächeneinheit, sondern immer auf eine Station; die Normierung erfolgt dann bei den entsprechenden Kenngrößen über die Anzahl der Stationen eines Clusters und nicht über seine Fläche. Ein solches Vorgehen hat insbesondere bei "zerrissenen" (geographisch heterogenen) Clustern, die aus mehreren verstreuten Stationengruppen bestehen, den Vorteil, verhältnismäßig einfach die Fläche angeben zu können; denn wenn man jeder Station eine bestimmte Einheitsfläche zuweist, für die diese Station repräsentativ sein soll, läßt sich die Fläche des Clusters ohnehin durch Multiplikation der Stationen-Zahl mit dieser Einheitsfläche näherungsweise bestimmen.

Sowohl für die Anpassung des Verteilungsmodells (Kap. 4) als auch für die Simulations-Experimente (Kap. 5) sind wegen der entsprechenden ZGWS-Restriktion die statistische Homogenität der Cluster sowie ihre statistische Eindeutigkeit (statistische Disjunktheit) gefordert. Trotzdem die geographische Homogenität der Cluster sowie deren geographische Disjunktheit erst im Zuge der Ableitung der Survey-Strategie (Kap. 6) in Zusammenhang mit der Definition von Strata als Beprobungseinheiten relevant wird, sollen beide Eigenschaften schon in diesem Stadium der Untersuchung u.a. anhand von Ordinationsplots überprüft werden, da sich ihre Analyse thematisch im Kontext mit der Untersuchung von Cluster-Eigenschaften betrachten läßt.

3.1.3 Vergleich der Clusterung mit anderen Stratifizierungs-Ansätzen

Als ein Qualitäts-Maß zum Vergleich verschiedener Re-Stratifizierungs-Ansätze miteinander wird häufig der Sampling Error verwendet, wie er sich in Gleichung (10) darstellt [Steel & Torrie, 1981; Fahmeir & Hamerle, 1984]. Dieser Schritt wird in Abb. 8 durch den letzten Punkt (I.) wiedergegeben. Die Idee, dieses Maß in der vorliegenden Arbeit zu verwenden, ist, den hier propagierten Stratifizierungs-Ansatz relativ zu anderen Ansätzen vergleichend auf Homogenität beurteilen zu können. Es soll dabei insbesondere die Frage ge-

Samp. Err. = Streuung innerhalb der Strata

$$= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{N_i} (Art_{ij} - \overline{Art}_{i.})^2$$

$$= SS_w$$

mit

$$\overline{Art}_{i.} = \text{mittl. Fang einer Art im } i\text{-ten Stratum} = \frac{1}{N_i} \sum_{j=1}^{N_i} Art_{ij}$$

wozu

$$i = i\text{-tes Stratum} = \{1, \dots, k\}$$

$$j = j\text{-te Station im Stratum} = \{1, \dots, N_i\}$$

$$k = \text{Anzahl Strata}$$

$$N_i = \text{Anzahl Stationen im } i\text{-ten Stratum}$$

(10)

klärt werden, ob es sich aus biologischer Sicht für einzelne Ziel-Arten überhaupt "lohnt", eine Re-Stratifizierung auf der Grundlage von Artenassoziationen durchzuführen; "lohnenswert" wäre in diesem Zusammenhang, wenn das multivariate Varianz-Kriterium zu einem vergleichsweise geringen Sampling Error für einzelne Arten führen würde.

Wenn im folgenden von "Error" (Sampling Error, Experimental Error, Total Error) die Rede ist, so wird damit der Terminologie des Survey Sampling entsprochen, innerhalb derer Varianzen bzw. Streuungen als durch das Sampling bzw. Experimental Design induzierte Fehler betrachtet werden.

Der Sampling Error mißt die Variation der Abundanzen einer einzelnen Fischart innerhalb der Strata als quadratischen Abstand zu ihrem jeweiligen Stratum-Mittelwert. Er ist ein univariates

Varianzmaß, das für jede einzelne Ziel-Art isoliert (unter Vernachlässigung interaktiver Prozesse) berechnet werden muß. Um verallgemeinerbare Aussagen treffen zu können, soll die Re-Stratifizierung hinsichtlich des Sampling Error anhand nicht nur einer einzigen Art getestet werden, sondern auf der Basis verschiedener Arten. Die Festlegung auf drei Ziel-Fischarten an dieser Stelle ist schon in Hinblick auf die spätere Anpassung eines modularen Verteilungsmodells gedacht: Die Berechnungen hierzu beziehen sich auf die in der Artenliste (Kap. 2) bzw. die in dem beigefügten Extra-Blatt mit einem Sternchen gekennzeichneten drei Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangius*. Allgemeingültigere Aussagen werden dadurch u.U. etwas komplizierter, da sie dann im Rahmen eines stärker zu differenzierenden Vergleichs mehrerer, möglicherweise divergenter Lösungen für die einzelnen Ziel-Arten zu treffen sind.

Um ein auf das Intervall [0,1] normiertes, direkt vergleichbares Qualitätsmaß der Stratifizierungseigenschaften zu erhalten, läßt sich auf der Basis des Sampling Errors für die Fischpopulation ein Bestimmtheitsmaß (Gleichung (11)) für die Re-Stratifizierung entwickeln. Darauf aufbauend können verschiedene Nordsee-Einteilungen miteinander verglichen werden. Die Idee der Streuungserlegung in Formel (11) ist, daß sich die Gesamtstreuung zu einem Teil aus der Streuung zusammensetzt, die durch die Gruppierung der Stationen (induziert durch den jeweiligen Re-Stratifizierungs-Ansatz) erklärt werden kann; diese ergibt sich gewissermaßen aus der Summe der Variabilitäten der

entsprechenden Ziel-Fischart zwischen den Post-Strata. Decken sich die Strata sehr gut mit den wirklichen Lebensbereichen dieser Fischart, steht zu vermuten, daß die Strata biologisch so verschieden sind, daß die Streuung zwischen ihnen sehr groß wird (Experimental Error). Der zweite Teil an der Gesamtstreuung, ergibt sich aus der Summe der nicht-erklärbaren individuellen Variationen einer Fischart, d.h. aus der mehr oder minder zufälligen Streuung innerhalb sämtlicher Strata (Sampling Error). Eine sehr kleine Variation bedeutet dabei eine recht gute Überdeckung der künstlichen Strata mit den natürlichen Lebensbereichen der betroffenen Fischart und in diesem Sinne einen sehr guten Erklärungsgehalt des Re-Stratifizierungsmodells. Die Stratifizierungs-Ansätze, die miteinander verglichen werden sollen, sind im einzelnen :

$$R^2 = 1 - \frac{(FG_1 + \text{Samp.Err.})}{\text{Tot.Err.}}$$

$$= \frac{(FG_2 + \text{Exp.Err.})}{\text{Tot.Err.}}$$

= Bestimmtheitsmaß für die Fischpopulation

worin

(11)

$$FG_1 = \text{Freiheitsgrade 1}$$

$$= (\text{Anzahl Strata}) - 1$$

$$FG_2 = \text{Freiheitsgrade 2}$$

$$= N - (\text{Anzahl Strata}) + 1$$

$$N = \text{Gesamtzahl Stationen}$$

$$\text{Tot.Err.} = (FG_1 + \text{Samp.Err.}) + (FG_2 + \text{Exp.Err.})$$

$$= \text{Streuungserlegungsansatz}$$

- (1) die als ein einziges uniformes Stratum gesehene Gesamt-Nordsee,
- (2) die in ICES-Rectangles aufgeteilte Nordsee sowie
- (3) die hier propagierte Clustering der Nordsee.

Sollte sich im Verlauf der Analysen der Effekte korrespondierender abiotischer Variablen herausstellen, daß der Einfluß der Bodentiefe signifikant ist, wird in diesen Vergleich zusätzlich eine Tiefen-Stratifizierung aufgenommen. Dabei soll festgestellt werden, ob der Erklärungsgehalt der Variablen Tiefe alleine ausreicht, um als Stratifizierungskriterium die artimmanente Variabilität ausreichend zu senken. Diese Überlegung ist eng mit der Tatsache verknüpft, daß im Rahmen von fischereibiologischen Fragestellungen relativ häufig eine Stratifizierung nach der Tiefe vorgenommen wird (siehe Einleitung). Dabei werden die Tiefenstrata nach Einteilung der Variablen "Bodentiefe" in Häufigkeitsklassen sowie nach anschließender Transformation dieser Klassen in geographische Koordinaten als Ordinationsplots in die Nordsee projiziert.

2.1 Ergebnisse

2.1.1 Ergebnisse zur Clustering der Stationen

2.1.1.1 Clusterzahlen

Der exemplarische Diagnose-Plot des Jahres 1983 in Abb. 12 bündelt die Ergebnisse aus beiden Stufen der Detektion der wahrscheinlichsten Cluster-Zahl (Modalclustering und CCC-Kriterium). Abb. 12(a.) zeigt darin die etwas niedrigere Auflösung mit nur den Modal-Cluster-Anzahlen auf der Abszisse; es läßt sich erkennen, daß der Graph des CCC-Kriteriums sein absolutes Maximum bei 36

Tab. 8 Tabelle, die die Ergebnisse aus der Bestimmung der Clusterzahlen (Modalclustering, CCC-Kriterium) für die Jahre 1983 bis 1988 zusammenfaßt.

	Ausgangs-Clusterzahl	reduzierte Clusterzahl	Wert des CCC-Kriteriums
1983	36	14	39.872
1984	34	16	40.194
1985	15	10	22.921
1986	48	17	35.948
1987	49	15	30.746
1988	40	13	27.835

Stationen-Clustern hat. Um zu sehen, ob es sich um ein wirkliches Maximum handelt, oder nur um ein zufälliges Ergebnis, weil bei der sehr niedrigen Auflösung von 5 diskreten Werten für die Modal-Cluster-Anzahlen die Zwischenwerte auf der Abszisse fehlen, ist das gesamte Verfahren mit Zwischenschritten (zusätzlichen Clusterzahlen) durchgeführt worden; die Zwischenwerte auf

der Abszisse in Abb. 12(b.) dienen dazu eine höhere Auflösung der CCC-Funktion zu erzeugen, stehen dabei aber nicht für eine nähere Auswahl zur Verfügung. Man erkennt, daß die ausgewählte Clusterzahl in Abb. 12(a.) zwar kein absolutes Maximum ist; allerdings handelt es sich um ein lokales Maximum und gehört gleichzeitig zu den Punkten, die durch die Modalclustering in die nähere Auswahl gelangt sind (gestrichelte vertikale Linie), so daß es für die nachfolgenden Analysen als wahrscheinlichste (endgültige) Clusterzahl verwendet werden kann.

Wie im methodischen Teil dieses Kapitels dargelegt worden ist, kommt es im Zuge des Gesamt-Prozesses automatisch zu einer Reduzierung der durch die Modalclustering bestimmten Cluster-Anzahlen; der Grund ist die durch die Ausreißerbereinigung induzierte Homogenisierung und Umschichtung von Stationen bzw. Stationenclustern. Das hat im vorliegenden Fall eine Reduktion von 36 Stationen-Clustern auf nur 14 Stationen-Cluster zur Folge.

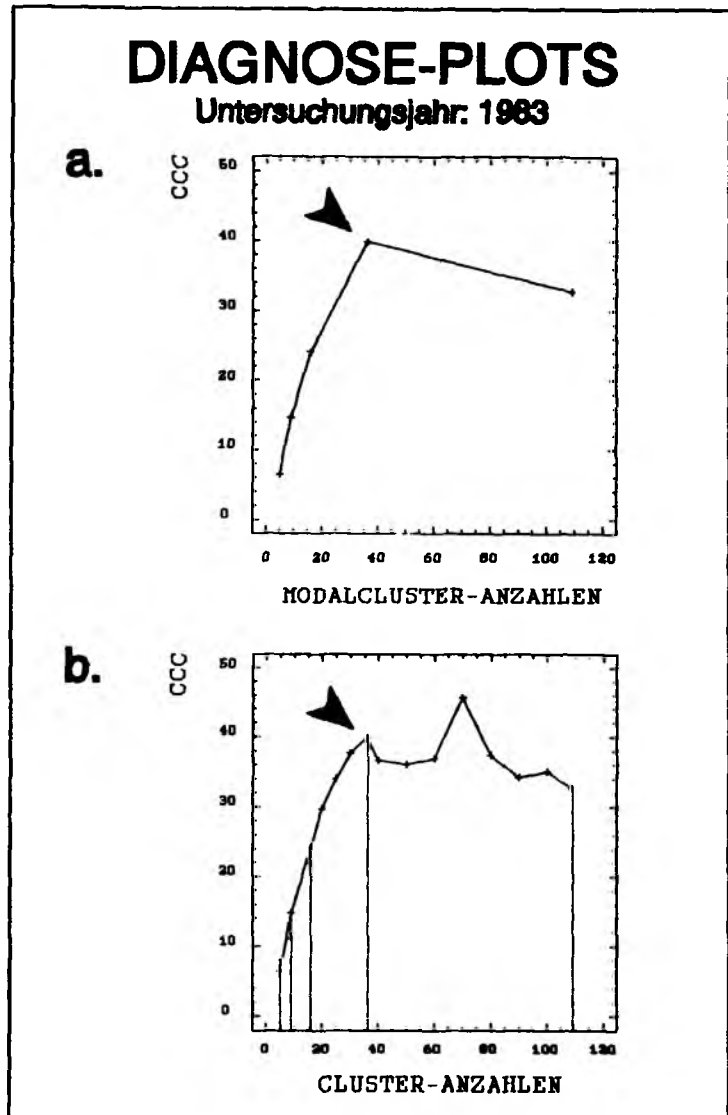


Abb. 12 Plot wahrscheinlicher Clusterzahlen als Ergebnis der Kombination von Modalclustering und CCC-Verfahren (a.: geringe Auflösung, b.: hohe Auflösung).

In gleicher Weise ist mit den anderen Jahren 1984 bis 1988 verfahren worden. Die endgültigen Resultate faßt Tab. 8 zusammen. Mit den in der dritten Spalte befindlichen Clusterzahlen sind die weiteren Schritte der Analyse durchgeführt worden. Man sieht, daß die Clusterzahlen für die Jahre 1983 bis 1988 zwischen 10 und 17 schwanken.

2.1.1.2 Einflußstärke der Arten auf die Clusterung

Wenn man sich in diesem Zusammenhang zunächst die globalen Clustereffekte einzelner Arten betrachtet, so soll an dieser Stelle noch einmal darauf hingewiesen werden, daß man sich dabei der schrittweisen Diskriminanz-Analyse bedienen kann. Mit ihrer Hilfe wird eine Rangfolge erzeugt, in der die Arten entsprechend ihres Trennungsbeitrages absteigend sortiert sind.

Abb. 13 zeigt diese Rangliste für das Jahr 1983. Danach liefern die ersten sieben Arten Art 13 (*Trisopterus esmarki*), Art 12 (*Sprattus sprattus*), Art 1 (*Clupea harengus*), Art 6 (*Melanogrammus aeglefinus*), Art 7 (*Merlangius merlangus*), Art 5 (*Limanda limanda*) sowie Art 10 (*Pleuronectes platessa*) mit marginalen Irrtumswahrscheinlichkeiten von $p = 0.0001$ auf dem 5%-Niveau signifikante Trennungsbeiträge. Bei den ersten sechs Arten wird dies gleichzeitig durch recht hohe partielle Bestimmtheitsma-

Be von $R^2 > 0.55$ angezeigt. In diesem Zusammenhang läßt sich erkennen, daß *Melanogrammus aeglefinus* mit Rang 4 und *Merlangius merlangus* mit Rang 5 unter den ersten 5 Arten vorkommen. Sie liefern mit Erklärungsgehalten von $R^2 = 0.70$ sowie $R^2 = 0.62$ einen erheblichen Trennungsbeitrag, während *Gadus morhua* mit Rang 11 einen sehr geringen, nicht-signifikanten Beitrag leistet, also weniger gut durch diese Stationen-Clusterung repräsentiert wird. Die drei zuletzt genannten Arten sind in Abb. 13 mit einem "*" gekennzeichnet, da ihnen im Rahmen weiterführender Analysen (Kap. 4, Kap. 5) als Ziel-Arten eine besondere Rolle zgedacht ist.

Sieht man sich die Reihenfolge der ersten 6 Arten, die durch die jeweilige Clusterung verhältnismäßig gut ausgedrückt werden, auch für die Jahre 1984 bis 1988 an, so erweist sich deren Zusammensetzung als relativ stabil: immer dieselben sechs Arten *Trisopterus esmarki* (Art 13), *Sprattus sprattus* (Art 12), *Clupea harengus* (Art 1), *Melanogrammus aeglefinus* (Art 6),

STEPWISE DISCRIMINANT ANALYSIS				
402 Observations		14 Variable(s) in the Analysis		
14 Class Levels				
Stepwise Selection: Summary				
Step	Variable	Partial R ²	F Statistic	Prob > F
1	ART13	0.9559	647.066	0.0001 s
2	ART12	0.9477	539.804	0.0001 s
3	ART1	0.8955	254.545	0.0001 s
* 4	ART6	0.7002	69.185	0.0001 s
* 5	ART7	0.6222	48.641	0.0001 s
6	ART5	0.5680	38.729	0.0001 s
7	ART10	0.1252	4.206	0.0001 s

8	ART4	0.0648	2.032	0.0175 ns
9	ART9	0.0420	1.282	0.2208 ns
10	ART11	0.0307	0.923	0.5294 ns
* 11	ART3	0.0250	0.746	0.7171 ns
12	ART8	0.0217	0.643	0.8175 ns
13	ART2	0.0180	0.530	0.9057 ns
14	ART14	0.0051	0.149	0.9998 ns

Abb. 13 1983: Ausdruck der Ergebnisse zur schrittweisen Diskriminanz-Analyse (s = signifikant, ns = nicht-signifikant). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

Tab. 9 Ergebnisse aus den schrittweisen Diskriminanzanalysen für die ersten 6 Rangplätze (Untersuchungszeitraum: 1983 - 1988). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

	Position in der Rangliste					
	1	2	3	4	5	6
1983	Art 13	Art 12	Art 1	Art 6	Art 7	Art 5
1984	Art 13	Art 1	Art 12	Art 6	Art 7	Art 5
1985	Art 13	Art 1	Art 12	Art 7	Art 6	Art 5
1986	Art 1	Art 13	Art 7	Art 6	Art 5	Art 12
1987	Art 1	Art 13	Art 5	Art 7	Art 6	Art 12
1988	Art 1	Art 12	Art 7	Art 13	Art 6	Art 5

Merlangius merlangus (Art 7) sowie *Limanda limanda* (Art 5) dominieren untereinander abwechselnd das Clusterungsgeschehen. Dabei ist in Hinblick auf die bevorstehende Verteilungsmodellierung (Kap. 4) vor allem interessant, daß in allen Jahren *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* darunter zu finden sind. Insbesondere sticht hier *Clupea harengus* hervor, der in 3 von 6 Fällen an erster Stelle, in 2 Jahren an zweiter Stelle und 1983 an dritter Stelle auftaucht. Tab. 9 faßt die Rang-Ergebnisse für die ersten 6 Arten und die Jahre 1983 bis 1988 zusammen. Die restlichen 9 Arten, darunter auch *Gadus morhua* (Art 3), können offensichtlich über die Jahre 1983 bis 1988 hinweg weniger gut bestimmten homogenen Bereichen der Nordsee zugeordnet werden. *Gadus morhua* befindet sich dabei konstant unter den letzten vier Plätzen, d.h. auf den Rängen 11 (1983 und 1984), 12 (1985 und 1987), 13 (1988) und 14 (1986).

2.1.1.3 Individuendichte, Präferenz- und Dominanzstruktur der Cluster

Da im folgenden verschiedene Jahre miteinander verglichen werden sollen, sei zunächst prinzipiell angemerkt, daß man die einzelnen Stationen-Cluster, deren Nummern miteinander über die Jahre hinweg korrespondieren, nicht direkt miteinander vergleichen kann, da deren jahresspezifische Lage und Form relativ unterschiedlich ist; z.B. ist das Stationen-Cluster 2 des Jahres 1983 nicht identisch mit Cluster 2 der anderen Jahre. Das läßt sich schon deswegen denken, da jedes Jahr eine unterschiedliche Stationenzahl verwendet sowie eine andere Anzahl von Clustern erzeugt wird; damit einher geht eine jahresbezogen verhältnismäßig unterschiedliche Einteilung der Nordsee in Areale. In diesem Zusammenhang bildet allerdings das Stationen-Cluster Nr. 1 eine Ausnahme, da es in jedem Jahr das Gebiet mit den meisten Fangstationen kennzeichnet.

Tab. 10 Auf jeweils eine Station bezogene Individuendichten der einzelnen Cluster in den verschiedenen Jahren (Zeitraum: 1983 - 1988). Maxima sind hervorgehoben.

	1983	1984	1985	1986	1987	1988
1	86.83	110.37	150.37	64.67	108.74	112.13
2	272.61	186.95	649.35	257.76	370.17	473.02
3	176.07	351.26	604.89	223.53	419.14	818.91
4	280.51	330.27	647.81	213.36	811.84	405.13
5	201.60	476.84	1565.62	432.22	382.27	357.91
6	487.10	452.62	1437.16	247.35	433.02	516.94
7	590.29	453.56	2642.11	569.31	722.66	<u>1313.86</u>
8	424.19	586.21	<u>3097.52</u>	432.76	1440.58	418.13
9	475.51	912.73	1535.33	1261.03	495.07	1124.94
10	424.29	555.63	1411.14	980.99	949.90	1112.78
11	881.20	894.26	/////	600.81	907.42	1198.81
12	861.27	<u>2621.68</u>	/////	<u>1615.38</u>	1248.38	1017.66
13	494.74	1147.97	/////	900.50	1021.39	<u>1275.24</u>
14	<u>1267.83</u>	1102.19	/////	850.37	<u>1873.96</u>	/////
15	/////	906.60	/////	539.71	1618.85	/////
16	/////	1029.26	/////	1277.61	/////	/////
17	/////	/////	/////	714.13	/////	/////

Dabei ist es in seiner Ausdehnung allesüberlagernd, sodaß Jahr für Jahr flächenmäßig die gesamte Nordsee abgedeckt wird. Aus diesem Grunde sind sämtliche Cluster Nr. 1 aufeinanderfolgender Jahre nicht mehr voneinander zu unterscheiden.

Um dennoch die Information aus den verschiedenen Jahren im Rahmen global orientierter Analysen miteinander vergleichen zu können, sind in diesem Zusammenhang die Kenngrößen global definierter Analyse-Verfahren normiert, d.h. jahresweise unter Berücksichtigung der Clustergröße über die unterschiedlichen Cluster gemittelt worden.

Tab. 10 gibt die clusterbezogenen Individuendichten je Station für die Jahre 1983 bis 1988 wieder, Tab. 11 enthält die korrespondierenden prozentualen Anteile der einzelnen Cluster an der Gesamt-Individuendichte des betreffenden Jahres. Dabei fällt auf, daß im gesamten Untersuchungszeitraum das Stationen-Cluster Nr. 1 mit Anteilswerten um etwa 1% konstant die geringste Individuendichte aufweist. Dies deutet darauf hin, daß Cluster 1 nur durchschnittliche bis geringe Fänge (u.a. viele Nullfänge) enthält. Die maximalen Individuendichten werden in anderen Clustern erreicht, nämlich 1983 mit 1267.83 Individuen je Station (12.95%) in Cluster 14, 1984 mit 2621.68 Individuen je Station (25.75%) in Cluster 12, 1985 mit 3097.52 Individuen je Station (22.54%) in Cluster 8, 1986 mit 1615.38 Individuen je Station (18.68%) in Cluster 12, 1987 mit 1873.96 Individuen je Station (16.76%) in Cluster 14 und schließlich 1988 mit 1313.86 Individuen je Station (12.95%) in Cluster 7.

Tab. 11 Jahresweise berechnete prozentuale Anteile an Individuendichten der einzelnen Cluster (Zeitraum: 1983 - 1988). Maxima sind hervorgehoben.

	1983	1984	1985	1986	1987	1988
1	1.25	1.08	1.09	0.75	0.97	1.11
2	3.94	1.84	4.73	2.98	3.31	4.66
3	2.54	3.45	4.4	2.58	3.75	8.07
4	4.05	3.24	4.71	2.47	7.26	3.99
5	2.91	4.68	11.39	5	3.42	3.53
6	7.03	4.45	10.46	2.86	3.87	5.1
7	8.53	4.45	19.23	6.58	6.46	<u>12.95</u>
8	6.13	5.76	<u>22.54</u>	5	12.88	4.12
9	6.87	8.96	11.17	14.58	4.43	11.09
10	6.13	5.46	10.27	11.34	8.49	10.97
11	12.73	8.78	////	6.95	8.11	11.82
12	12.44	<u>25.75</u>	////	<u>18.68</u>	11.16	10.03
13	7.15	11.27	////	10.41	9.13	12.57
14	<u>18.31</u>	10.82	////	9.83	<u>16.76</u>	////
15	////	8.9	////	6.24	14.47	////
16	////	10.11	////	14.77	////	////
17	////	////	////	8.26	////	////

Für das Jahr 1983 sollen im folgenden die Präferenzen der Ziel-Arten untersucht werden. Anknüpfend an den methodischen Abschnitt dieses Kapitels soll dabei der Frage nachgegangen werden, welche Ziel-Art in welchem Cluster mit einem besonders hohen intraspezifischen Anteil an Individuen vorkommt. Dazu werden für jede der 14 Ziel-Arten ihre mittleren Fänge je Cluster berechnet und in Beziehung zur Summe aller mittleren Fänge aus den 14 Clustern gesetzt. Graphisch gesehen trägt man die Präferenzen für jede der 14 Ziel-Arten auf der Ordinate auf und die Clusternummer auf der Abszisse; auf diese Weise ergeben sich Diagnose-

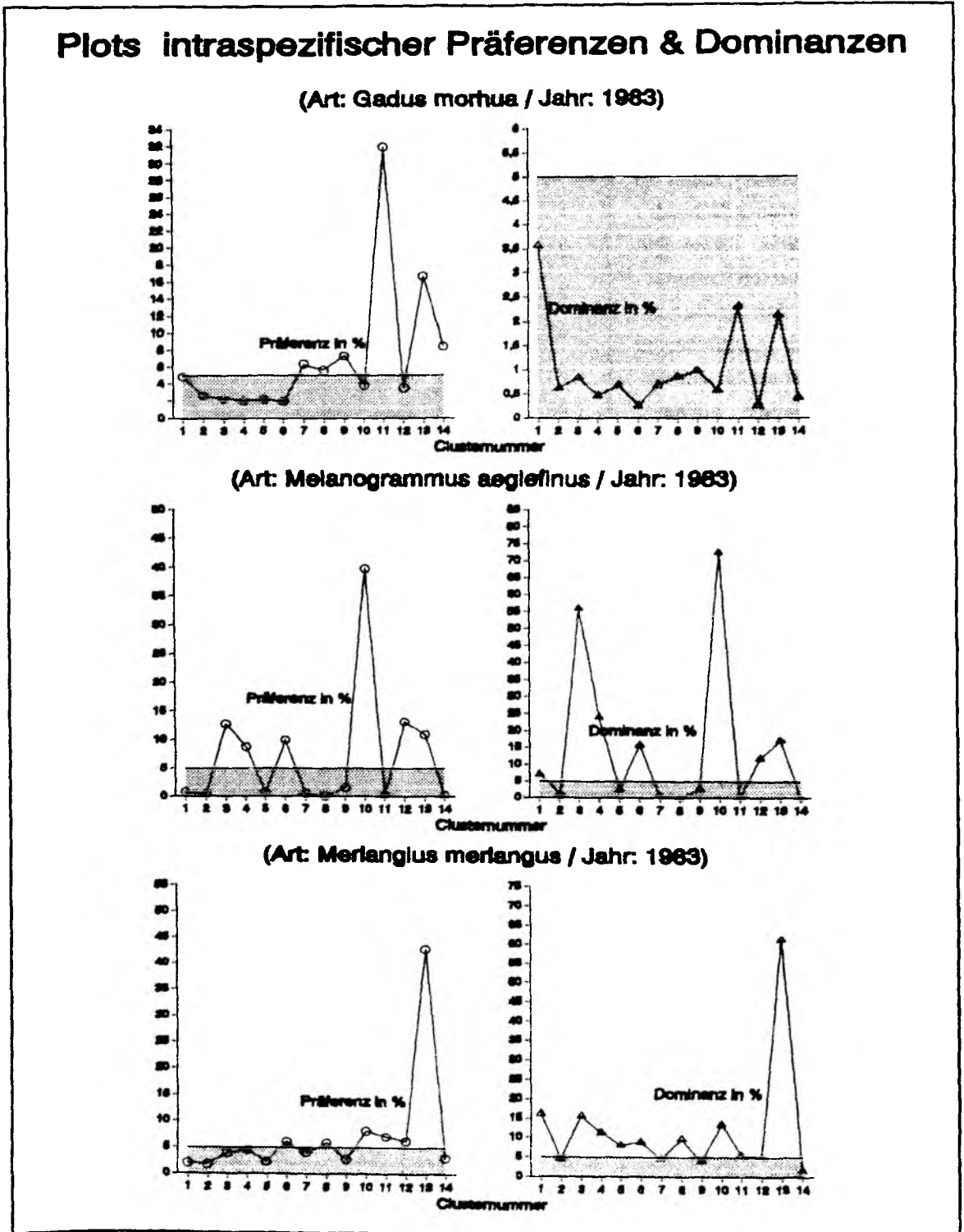


Abb. 14 1983: Präferenzen und Dominanzen der drei Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Mit 5%-Grenzbereich.

Tab. 12 Tabelle mit den höchsten und zweithöchsten (in Klammern) Präferenzen; das Symbol "(--)" bedeutet, daß keine ausgeprägte zweithöchste Präferenz existiert (Zeitraum: 1983 - 1988).

Art	1983 {14 Cl.}	1984 {16 Cl.}	1985 {10 Cl.}	1986 {17 Cl.}	1987 {15 Cl.}	1988 {13 Cl.}
<i>Clupea harengus</i>	11 (9)	14 (11)	7 (6)	12 (9)	14 (8)	7 (3)
<i>Eutriglia gurnadus</i>	9 (3)	6 (2)	10 (3)	15 (17)	3 (11)	6 (10)
<i>Gadus morhua</i>	11 (13)	16 (4)	5 (7)	12 (10)	11 (6)	13 (6)
<i>Hippogl. platessoides</i>	13 (3)	16 (--)	10 (--)	15 (8)	10 (9)	6 (7)
<i>Limanda limanda</i>	8 (14)	7 (16)	10 (5)	3 (9)	12 (6)	2 (11)
<i>Melanogr. aeglefinus</i>	10 (12)	15 (6)	3 (--)	17 (8)	13 (15)	10 (8)
<i>Merlangius merlangus</i>	13 (--)	16 (4)	10 (--)	14 (15)	11 (13)	13 (--)
<i>Microstomus kitt</i>	13 (10)	15 (8)	10 (--)	8 (11)	13 (--)	10 (--)
<i>Platichthys flesus</i>	11 (8)	11 (10)	5 (7)	10 (--)	12 (9)	2 (9)
<i>Pleuronectes platessa</i>	8 (--)	3 (14)	6 (7)	3 (7)	9 (6)	2 (11)
<i>Raja radiata</i>	13 (3)	6 (12)	10 (3)	8 (17)	13 (6)	3 (6)
<i>Sprattus sprattus</i>	14 (7)	13 (10)	5 (7)	9 (12)	12 (10)	9 (11)
<i>Trisopterus esmarki</i>	12 (6)	12 (9)	8 (9)	16 (13)	15 (4)	12 (--)
<i>Trisopterus minutus</i>	1 (4)	4 (--)	9 (10)	8 (15)	3 (--)	11 (13)

Plots, mit deren Hilfe sich relativ leicht ablesen läßt, welches der Cluster von der jeweiligen Art am meisten (mit höchster Präferenz) bzw. in zweithöchstem Maße (mit zweithöchster Präferenz) besetzt ist. Abb. 14 zeigt dies exemplarisch für *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Für 1983 läßt sich dabei feststellen, daß die höchste Präferenz für *Gadus morhua* in Stationen-Cluster 11 vorkommt und die zweithöchste in Stationen-Cluster 13. Für *Melanogrammus aeglefinus* liegt das Maximum in Stationen-Cluster 10 und das Submaximum in Stationen-Cluster 12. Für *Merlangius merlangus* findet man den höchsten Präferenz-Index in Stationen-Cluster Nr. 13 und den zweithöchsten in Stationen-Cluster 10. Die Angaben für die restlichen Jahre und Arten faßt Tab. 12 zusammen. Die Einträge in der Tabelle sind diejenigen Clusternummern, bei denen die in der 1. Spalte stehende Art ihre maximale bzw. ihre zweithöchste Präferenz (in Klammern) aufweist. Der Tabelle läßt sich entnehmen, daß das Stationen-Cluster Nr. 1 über sämtliche sechs Jahre hinweg (mit Ausnahme von 1983 durch *Trisopterus esmarki*) weder mit höchster noch mit zweithöchster Präferenz besetzt ist. Aus intraspezifischer Sicht sämtlicher 14 Ziel-Arten handelt es sich also um kein besonders bevorzugtes Cluster.

Tab. 13 Gibt die Zusammensetzung der dominanten Arten je Cluster an. Die Art mit der jeweils höchsten Dominanz ist fettgedruckt und unterstrichen. Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt (Zeitraum: 1983 - 1988).

Cluster	1983	1984	1985	1986	1987	1988
1	<u>1,5,6,7,12,</u> 13	1,5,6,7, <u>12</u> 13	<u>1,5,6,7,12,</u> 13	1, <u>5</u> 6,7,12, 13	1, <u>5</u> 6,7,12, 13	1,5,6, <u>7</u> ,13
2	1,5,6, <u>12</u>	<u>6</u> 7,13	1,6,7, <u>13</u>	<u>1</u> 5,12	<u>1</u> 5,7,12	1, <u>5</u> 7,12
3	5, <u>6</u> 7,13	<u>1</u> 7,12	1, <u>6</u> 7	1, <u>5</u> 10,	<u>6</u> 7,13,14	<u>1</u> 7
4	6,7, <u>13</u>	1,3, <u>7</u> ,12	<u>1</u> 5,7,12	<u>6</u> 7,13	6,7, <u>13</u>	<u>1</u> 5,6,7
5	<u>1</u> 5,6,7,12	6,7, <u>13</u>	1, <u>12</u>	6,7, <u>13</u>	6,7, <u>13</u>	1,5,7, <u>12</u>
6	6,7, <u>13</u>	1,2, <u>6</u> 7,13	<u>1</u> 6,12	6,7	1, <u>5</u> 7	1,5,7,12
7	<u>1</u> 5,12	1, <u>5</u> 7,12	<u>1</u> 12	<u>1</u> 5,7	<u>1</u> 6,7,12	<u>1</u> 7,12
8	1, <u>5</u> 7,10, 12	<u>1</u> 12	<u>13</u>	1, <u>6</u> 7	<u>1</u> 7	1, <u>6</u> 7,13
9	<u>1</u> 5,12	6, <u>13</u>	1, <u>13</u>	<u>1</u> 12	1,5, <u>7</u>	1,5,7, <u>12</u>
10	<u>6</u> 7,13	1,7, <u>12</u>	1,7	<u>1</u> 12	<u>1</u> 7,12	<u>1</u> 6,7
11	<u>1</u> 7,12	<u>1</u> 7,12	////////	1, <u>6</u> 13	6,7	<u>1</u> 5,12
12	6,7, <u>13</u>	<u>13</u>	////////	<u>1</u> 7	<u>1</u> 5,12	1,6,7, <u>13</u>
13	1,6,7	1, <u>12</u>	////////	6, <u>13</u>	1, <u>6</u> 7,13	<u>1</u> 6,7
14	1,5,6, <u>12</u>	<u>1</u> 7,12	////////	5,7	<u>1</u> 5	////////
15	////////	1, <u>6</u> 7,13	////////	1,6,7	1,6,7, <u>13</u>	////////
16	////////	3,5,7	////////	6, <u>13</u>	////////	////////
17	////////	////////	////////	1,6,7	////////	////////

Tab. 13 betrifft die Dominanzen der 14 Ziel-Arten, genauer die Dominanzen dieser Arten mit Werten größer als 5%. Im Gegensatz zu Tab. 12 enthält diese Tabelle die Nummern der in dem jeweiligen Cluster dominierenden Arten, (entspricht der Artenzusammensetzung mit den "wichtigsten" Arten zum korrespondierenden Stationen-Cluster). Darin sind die Arten mit der jeweils höchsten Dominanz je Cluster besonders hervorgehoben. Es fällt auf, dass die Artenzusammensetzung in Stationen-Cluster Nr. 1 auf der Grundlage des Dominanz-Maßes in jedem Jahr nahezu die gleiche ist. Aus Abb. 15 geht ferner hervor, daß sämtliche dominanten Arten dieses Clusters im gesamten Untersuchungszeitraum unterhalb der 25%-Marke bleiben. D.h., es gibt in diesem Cluster keine extremen Werte wie in anderen Clustern, die zum Teil weit über die

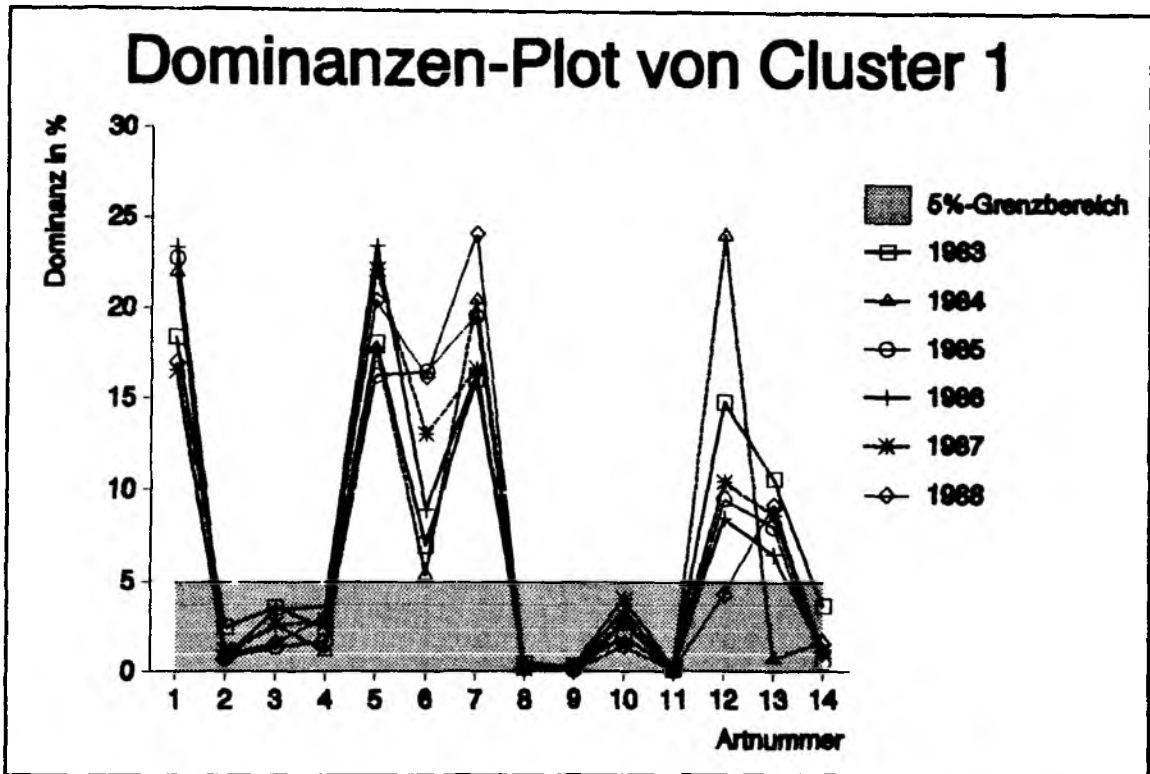


Abb. 15 Vergleichender Plot der Dominanzen von Cluster 1 der Jahre 1983 bis 1988.

50%-Marke (bis nahezu an die 100%-Obergrenze) reichen: Cluster 1 enthält ausschließlich unterdurchschnittliche bis durchschnittliche Dominanzen. Die Dominanzstruktur der anderen Cluster ist dagegen erheblich disperser (siehe die exemplarischen Plots für das Jahr 1983 weiter unten im Abschnitt der speziellen Clusterbeschreibung).

Tab. 14 gibt für den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 die jahresbezogen gemittelten Dominanzen der 14 Ziel-Arten in % an. Für jede der Arten ist dabei die Mittelung über jeweils die Cluster eines Jahres erfolgt. Wenn man auf der Basis dieser Werte für jede der 14 Ziel-Arten Trenduntersuchungen im Zeitverlauf durchführt, ergibt sich sowohl für *Clupea harengus* und als auch für *Merlangius merlangus* ein hoher Korrelationskoeffizient von jeweils $R = 0.85$, der einen Erklärungsgehalt der zeitlich induzierten Streuung von 72% bedeutet. Graphisch wird dieser Prozeß der Trendanpassung durch Abb. 16 veranschaulicht. Beide Arten sind danach in dem Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 relativ zu den anderen Arten dominanter geworden. Der Trend ist signifikant, da sich in beiden Fällen jeweils ein zum geschätzten Regressionskoeffizienten b (Steigung des Trends) korrespondierender F-Wert von 10.2 mit einem marginalen Signifikanz-Niveau von $p = 0.033$ ergibt. Danach wird die Nullhypothese, daß die Trend-Steigung 0 ist, auf dem 5%-Niveau abgelehnt. Die Betrachtung des Regressionskoeffizienten a (Ordinatenabschnitt) ist in diesem Zusammenhang nicht relevant, da es sich bei ihm um eine Projektion

Tab. 14 Jahresbezogen über die Cluster gemittelte %-Dominanzen der 14 Ziel-Arten (Zeitraum: 1983 bis 1988).

Art	1983 {14 Cl.}	1984 {16 Cl.}	1985 {10 Cl.}	1986 {17 Cl.}	1987 {15 Cl.}	1988 {13 Cl.}
<i>Clupea harengus</i>	24.15	21.6	32.17	29.05	33.07	34.15
<i>Eutriglia gurnadus</i>	0.63	0.85	0.31	0.43	0.61	0.3
<i>Gadus morhua</i>	1.05	1.47	0.44	0.78	1.14	0.38
<i>Hippogl. platessoides</i>	1.38	0.93	0.51	1.19	1.57	0.77
<i>Limanda limanda</i>	8.7	7.67	3.05	7.8	11.08	10.63
<i>Melanogr. aeglefinus</i>	15.13	13.66	10.86	18.92	12.93	9.29
<i>Merlangisu merlangus</i>	12.17	16.27	13.93	18.74	16.89	20.65
<i>Microstomus kitt</i>	0.19	0.12	0.07	0.16	0.08	0.09
<i>Platichthys flesus</i>	0.09	0.07	0.05	0.07	0.14	0.03
<i>Pleuronectes Platessa</i>	0.89	0.56	0.44	0.84	1.09	1.06
<i>Raja radiata</i>	0.05	0.05	0.02	0.07	0.12	0.04
<i>Sprattus sprattus</i>	17.03	15.78	11.03	2.79	3.74	14.56
<i>Trisopterus esmarki</i>	18.17	20.61	26.89	18.96	16.79	7.89
<i>Trisopterus minutus</i>	0.39	0.38	0.25	0.21	0.74	0.15

auf die Ordinate im Nullpunkt der Abszisse handelt, also um eine ex-ante-Prognose, die durch den Abstand des Punktwolken-Schwerpunkts zur y-Achse und damit von der Skalierung der x-Variablen beeinflusst wird. D.h., es ist nicht egal, ob man auf der x-Achse die Jahresangaben 1983 bis 1988 oder einen Index verwendet. Für die restlichen Arten konnte kein linearer Trend nachgewiesen werden. Jedoch ließen sich deskriptive MA-Prozesse 1. Ordnung (zeitverzögerte Modelle) graphisch anpassen, die darauf hinweisen, daß die Dominanzen sukzessiver Jahre nicht unabhängig voneinander sind.

Ferner besteht die Möglichkeit, auf der Grundlage der gemittelten Dominanz-Werte mögliche wechselseitige Beziehungen zwischen den Ziel-Arten festzustellen und in diesem Zusammenhang der Frage nachzugehen, inwieweit einzelne Arten hinsichtlich ihrer Dominanzen unabhängig voneinander oder gemeinsam variieren. In der Tat zeigt sich bei 8 paarweisen Arten-Kombinationen eine hohe gemeinsame Variation ihrer Dominanzen: Danach existieren in diesen Fällen deutliche wechselseitige Beziehungen. Wie die Kausalität dabei gerichtet ist, muß offen bleiben, da im IYFS-Datensatz weder in ausreichendem Maße Angaben zur Alterstruktur noch Magenanalysen der Ziel-Arten enthalten sind und derartige Untersuchungen den Inhalt der

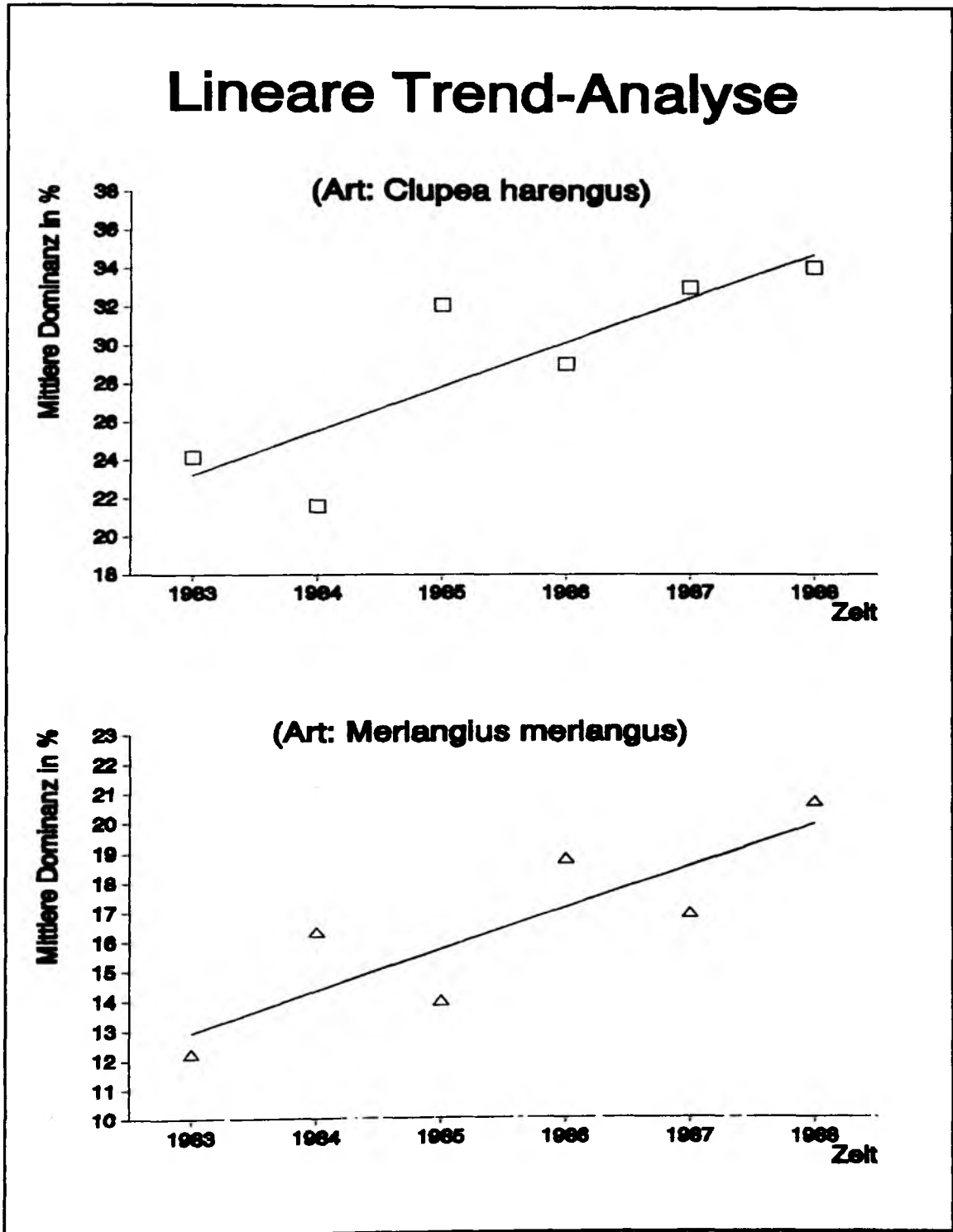


Abb. 16 Lineare Trends der beiden Arten *Clupea harengus* und *Merlangius merlangus* im Zeitverlauf (Zeitraum: 1983 - 1988).

Tab. 15 Auf dem 5%-Niveau signifikante lineare Wechselbeziehungen zwischen jeweils zwei Ziel-Arten auf der Basis mittlerer Dominanzen (Zeitraum: 1983 - 1988).

<i>x</i> -Achse	<i>y</i> -Achse	<i>b</i>	<i>R</i> ²	<i>R</i>	<i>F</i>	<i>p</i>
<i>Gadus morhua</i>	<i>Eutriglia gurnadus</i>	0.499	<u>0.97</u>	0.99	149.569	0.000
<i>Platichthys flesus</i>	<i>Hippoglossoides Platessoides</i>	9.056	0.75	0.87	11.936	0.026
<i>Raja radiata</i>	<i>Hippoglossoides Platessoides</i>	9.822	0.73	0.85	10.541	0.031
<i>Pleuronectes Platessa</i>	<i>Limanda limanda</i>	10.016	<u>0.84</u>	0.92	21.330	0.010
<i>Trisopterus esmarki</i>	<i>Limanda limanda</i>	-0.397	0.72	-0.85	10.449	0.032
<i>Raja radiata</i>	<i>Platichthys flesus</i>	0.960	0.76	0.87	12.589	0.024
<i>Trisopterus minutus</i>	<i>Raja radiata</i>	0.170	<u>0.90</u>	0.95	36.429	0.004
<i>Trisopterus esmarki</i>	<i>Pleuronectes platessa</i>	-0.036	0.69	-0.83	9.048	0.040

vorliegenden Arbeit übersteigen würden. Die notwendigen statistischen Angaben zu den Wechselbeziehungen sind in Tab. 15 festgehalten. Da die Berechnung des Ordinatenabschnitts a nicht unabhängig von der Kausalrichtung ist, mußte hier auf seine Darstellung verzichtet werden. Aus der Tabelle ist ersichtlich, daß nur bei zwei Arten-Kombinationen ein negativer Steigungskoeffizient auftritt: Eine Erhöhung der Dominanz bei *Trisopterus esmarki* ist danach gekoppelt mit einem Dominanz-Rückgang bei den beiden Plattfisch-Arten *Limanda limanda* und *Pleuronectes platessa*. Abb. 17 veranschaulicht die Wechselbeziehungen exemplarisch anhand der drei in der Tabelle mit den höchsten Korrelationskoeffizienten ausgewiesenen Arten-Kombinationen, die in Tab. 15 besonders hervorgehoben sind.

Abb. 18 zeigt ein aus denselben Daten entwickeltes Diagramm, bei dem die jährlichen Dominanzen noch stärker gebündelt worden sind. Für jede der 14 Ziel-Arten sind dabei die Jahresmittelwerte der %-Dominanzen zu einem für die Art charakteristischen Gesamtmittelwert der Dominanz kondensiert worden. Danach sind *Clupea harengus* (Art 1) und *Trisopterus esmarki* (Art 13) im Mittel die dominantesten beiden Arten, gefolgt von *Merlangius merlangus* (Art 7), *Melanogrammus aeglefinus* (Art 6), *Sprattus sprattus* (Art 12) und *Limanda limanda* (Art 5) auf

Korrelations-Analyse

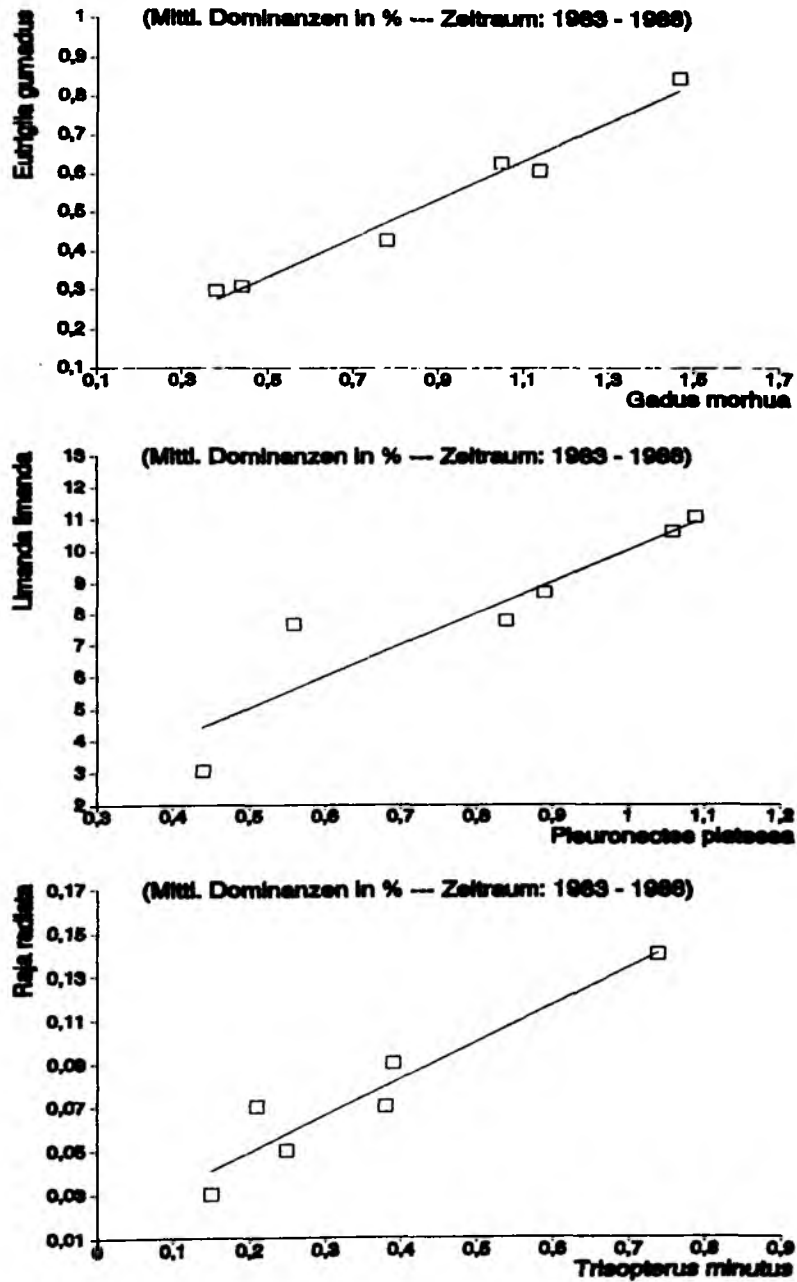


Abb. 17 Graphische Darstellung linearer Wechselbeziehungen anhand dreier Beispiele mit hoher Korrelation.

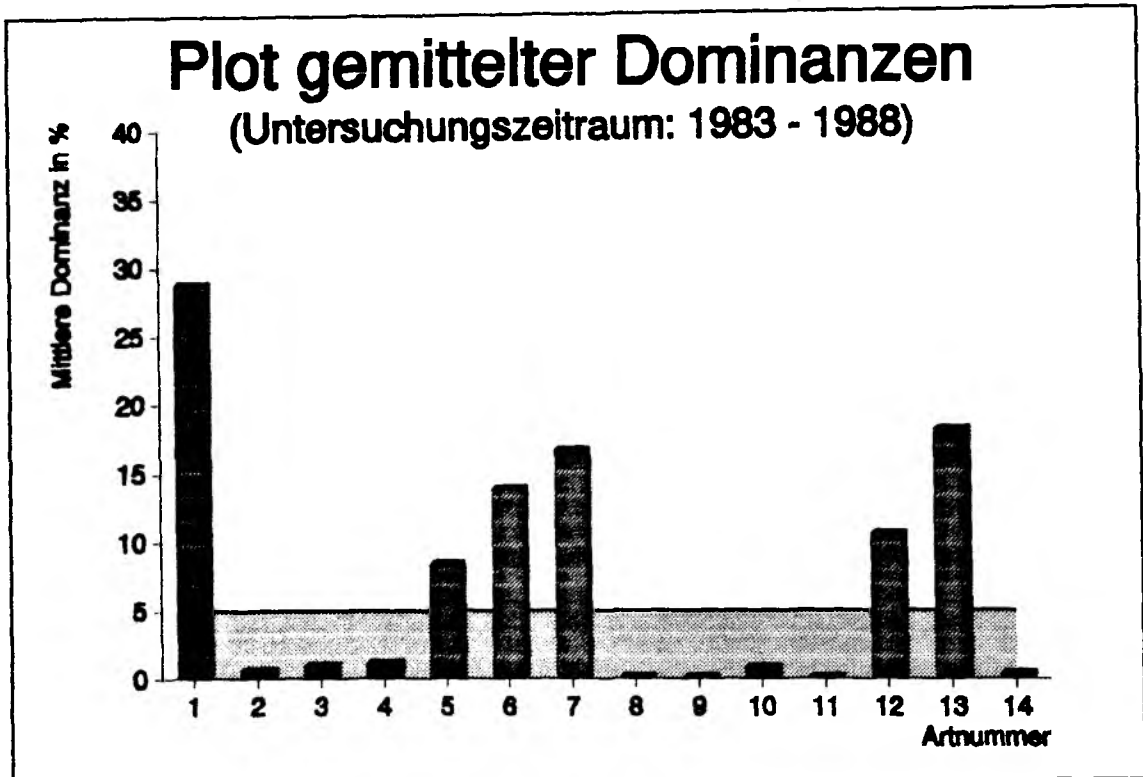


Abb. 18 Durchschnittliche prozentuale Dominanzen der 14 Ziel-Arten, die über die Jahre 1983 bis 1988 gemittelt wurden (mit 5%-Grenzbereich). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

den Plätzen 3, 4, 5 und 6. *Gadus morhua* (Art 3) bleibt weit unter der 5%-Grenze. Dieses Ergebnis deckt sich weitgehend mit den Resultaten aus der schrittweisen Diskriminanz-Analyse zur Feststellung der Einflußstärke der 14 Ziel-Arten.

2.1.1.4 Spezielle Beschreibung der Cluster am Beispiel des Jahres 1983

Bevor mit der Analyse der Effekte abiotischer Faktoren, der statistischen Verifikation der Clusterung sowie einem Vergleich mit anderen Stratifizierungs-Ansätzen fortgefahren wird, erscheint es sinnvoll, sich ein Bild von der Lage und Form der Stationen-Cluster zu machen. Dies soll mit Hilfe von Ordinationsplots geschehen. Wegen der Vielzahl der Stationen-Cluster (85 Stück) wird sich exemplarisch auf die 14 Plots des Jahres 1983 beschränkt.

Abb. 19 zeigt allgemein, daß sämtliche Stationen-Cluster, mit Ausnahme des alles überlagernden Stationen-Clusters Nr. 1, eine gewisse geographische Kompaktheit aufweisen. D.h., die einzelnen Stationen-Cluster sind geographisch gesehen gegeneinander verschoben und zugleich in ihrer Ausdehnung stärker begrenzt (sie streuen nicht über die gesamte Nordsee).

Abb. 19 1983: Plot der 14 Stationen-Cluster auf der Basis des Ward/McQueen-Algorithmus.

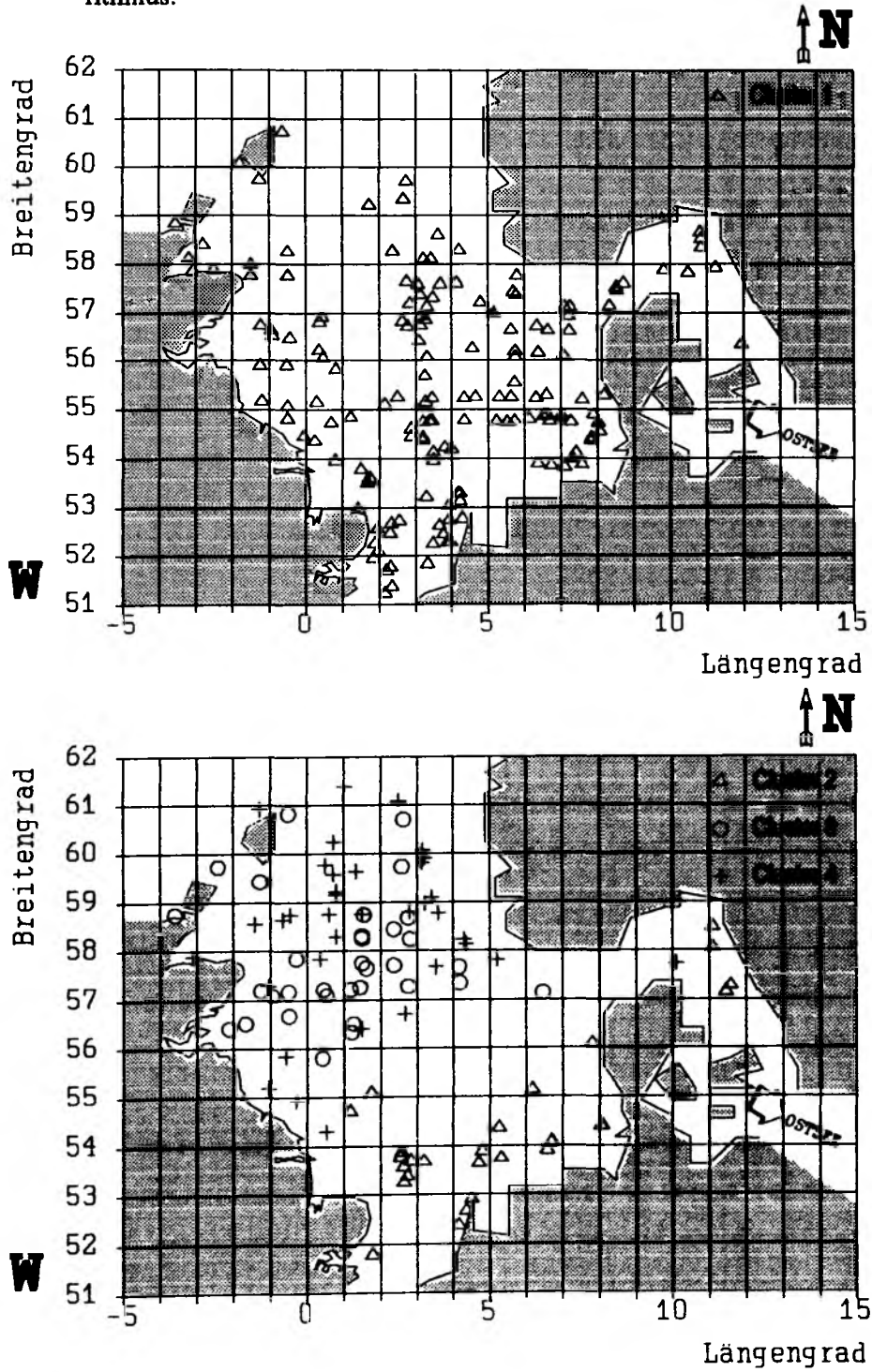


Abb. 19 (Fortsetzung).

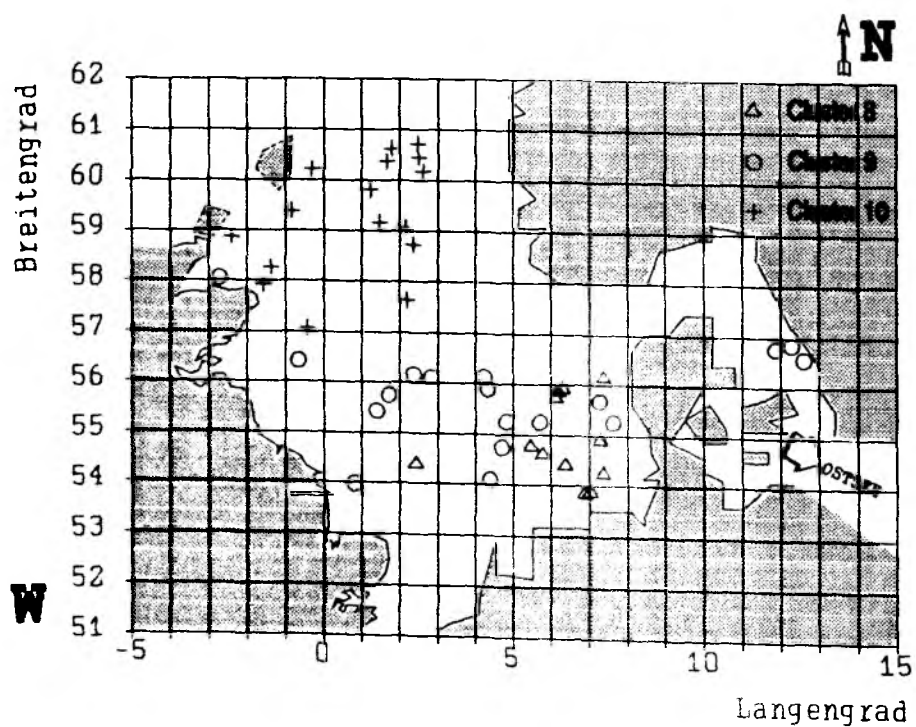
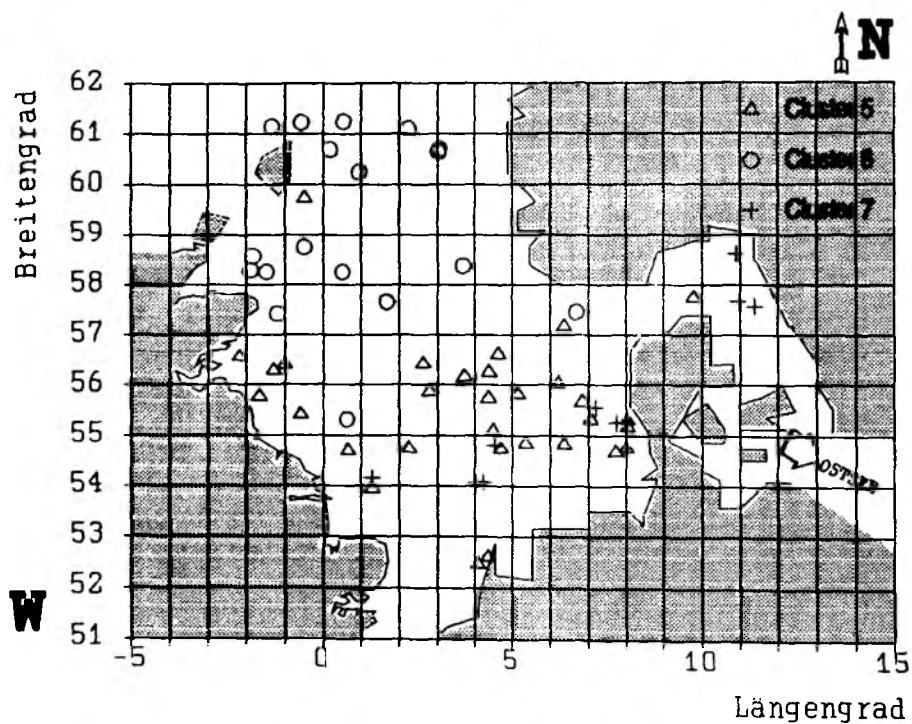
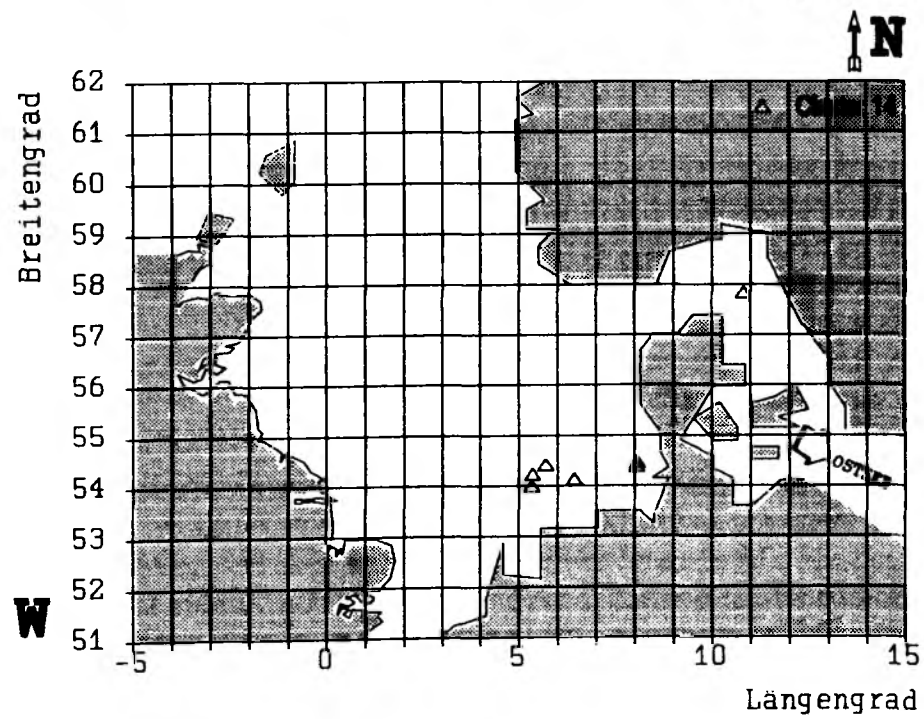
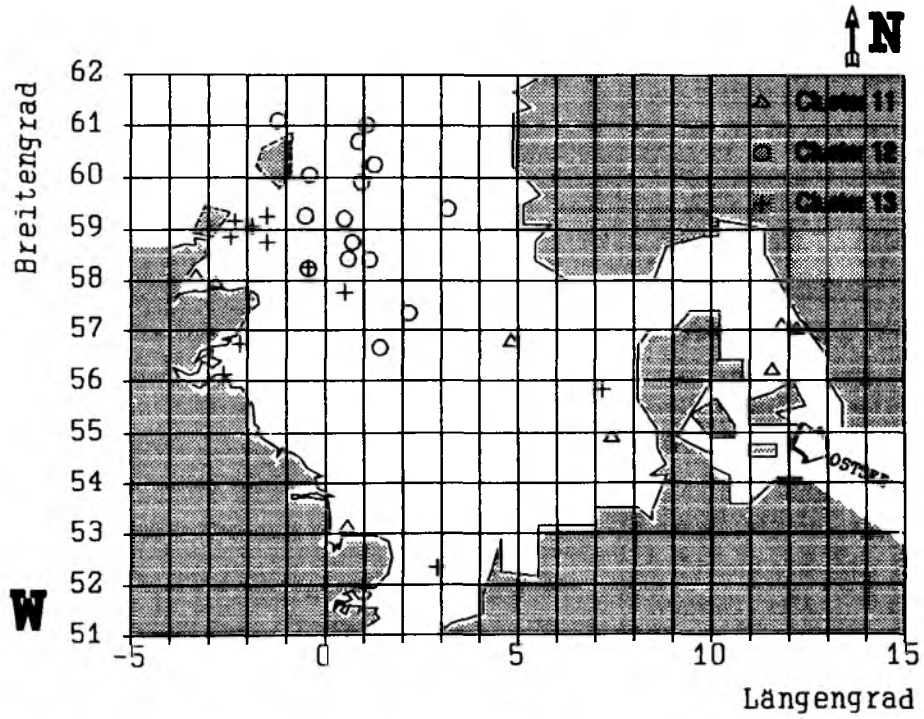


Abb. 19 (Fortsetzung).



Beginnt man mit dem Stationen-Cluster Nr. 1, so fällt sofort seine starke geographische Ausdehnung auf: bei einer Stationenzahl von 159 überdeckt es mit Ausnahme der nördlichsten Gebiete die gesamte Nordsee. Es weist bei einer Tiefen-Spanne von 149m (Min.: 15m, Max.: 164m) eine mittlere Tiefe von 56m auf. Sein mittlerer Salzgehalt liegt bei 34.37‰ (Min.: 30.63‰, Max.: 35.93‰), die mittlere Boden-Temperatur bei 5.57°C (min.: 2.09°C, Max.: 7.74°C). Mit 86.83 Individuen je Station besitzt es die geringste Individuendichte aller 1983er Cluster. Wie Abb. 20 zeigt, bewegen sich sämtliche Dominanz-Werte unterhalb der 20%-Grenze. Die in ihm dominanten Arten sind *Clupea harengus*, *Limanda limanda*, *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus*, *Sprattus sprattus* sowie *Trisopterus esmarki*, wobei erstere Art mit 18.39% die dominanteste ist. Obgleich *Trisopterus minutus* unterhalb der Dominanz-Grenze bleibt, weist diese Art hier mit knapp über 30% die gegenüber allen anderen Arten höchste Präferenz auf; die restlichen Präferenzen liegen unterhalb von 10%.

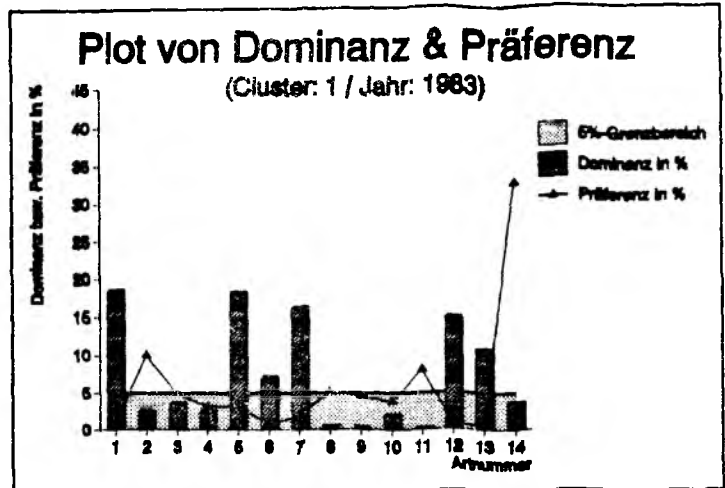


Abb. 20 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 1 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

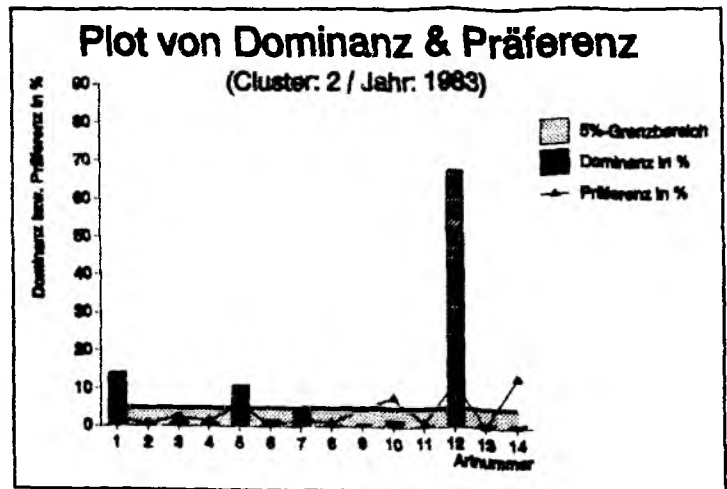


Abb. 21 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 2 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

Stationen-Cluster Nr. 2 hat seine beiden Schwerpunkte in der südlichen Nordsee (d.h. in der Deutschen Bucht sowie im Ausgang des Ärmelkanals) und im Skagerak/Kattegat. Mit 28 Stationen gehört es zu den mittelgroßen Clustern. Da die Individuendichte bei 272.61 Individuen pro Station liegt, handelt es sich um ein spärlicher besiedeltes Cluster. Sein mit Hilfe des Dominanz-Maßes abgeleitetes Arten-Spektrum ist aus Abb. 21 ersichtlich. Die mit 66.95% bei weitem dominanteste Art ist darin *Sprattus sprattus*, gefolgt von *Clupea harengus* (13.55%) und *Liman-*

da limanda (10.42%). Es handelt sich nicht um ein von den Ziel-Arten besonders bevorzugtes Cluster, da die Präferenzen insgesamt sehr niedrig sind. Bei einer mittleren Tiefe von 85m (Min.: 35m, Max.: 140m) und einem durchschnittlichen Salzgehalt von 33.64‰ (Min.: 29.89‰, Max.: 34.90‰) besitzt es ein Temperatur-Mittel von 4.57°C (Min.: 3.42°C, Max.: 6.30°C).

Bei Betrachtung des Stationen-Clusters Nr. 3 fällt zunächst auf, daß es im Bereich der mittleren bis nördlichen Nordsee lokalisiert ist und in etwa von der Küste Schottlands im Westen bis zur südlichen Spitze Norwegens im Osten reicht. Vereinzelt Stationen liegen sehr nahe im Bereich der Shetland-Inseln. Seine Individuendichte ist mit 176.07 sehr niedrig und macht etwa nur 2.54% der sämtlicher 14 Cluster des Jahres aus. Auf der Basis des Dominanz-Maßes (siehe Abb. 22) ist dieses Cluster

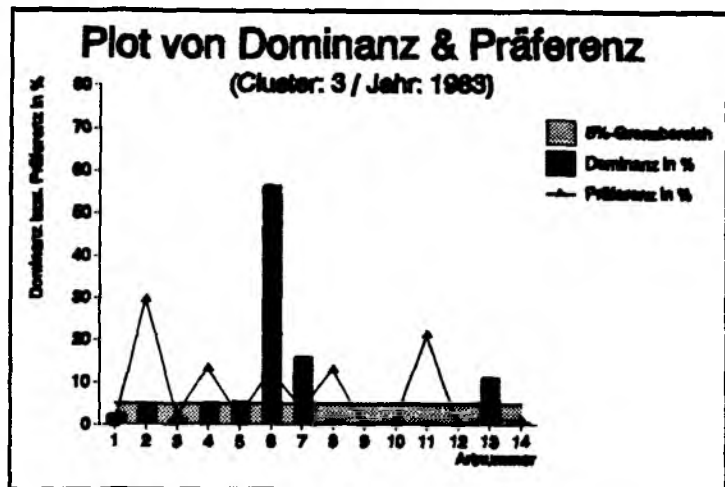


Abb. 22 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 3 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

insbesondere durch die drei Arten 6, 7 und 13 gekennzeichnet, also durch *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus* sowie *Trisopterus esmarki*, und läßt sich somit als ausgesprochenes Gadiden-Cluster auffassen. *Melanogrammus aeglefinus* ist darin die mit Abstand dominanteste Art (56.01%). Obgleich *Eutriglia gurnadus* unter der 5%-Dominanzgrenze liegt, handelt es sich für diese Art mit etwa 30% Präferenz um ein besonders bevorzugtes Cluster. Es enthält 33 Fangstationen und weist eine mittlere Tiefe, genauer Fangtiefe, von gerundet 137m auf, mit einem Minimum bei 84m und einem Maximum bei 140m. Die mittlere Boden-Temperatur des Clusters liegt bei 6.43°C (Min.: 5.48°C, Max.: 7.80°C), sein mittlerer Salzgehalt bei 34.98‰ (Min.: 34.58‰, Max.: 35.32‰).

Bei Cluster Nr. 4 handelt es sich mit 36 Stationen um ein weiteres mittelgroßes Cluster, dessen Durchschnitts-Temperatur bei 6.83°C (Min.: 5.36°C, Max.: 7.70°C) liegt. Sein Salzgehalts-Mittel befindet sich bei 35.09‰ (Min.: 34.45‰, Max.: 35.30‰) und seine mittlere Tiefe bei 137m (Min.: 84m, Max.: 200m). Sein Schwerpunkt ist im nordwestlichen Teil der Nordsee angesiedelt. Die Individuendichte befindet sich mit 280.51 (4.05%) im unteren Drittel. Aus Abb. 23 geht hervor, daß es sich bei einer maximalen Dominanz von 56.29% für *Trisopterus esmarki* als ein ausgesprochenes Gadiden-Cluster ausweist. Denn die weiteren dominanten Arten sind auf den Plätzen 2 und 3 *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Trotz der hohen Dominanz von *Trisopterus esmarki* ist seine Präferenz für dieses Cluster mit 15% relativ niedrig. Das

Beginnt man mit dem Stationen-Cluster Nr. 1, so fällt sofort seine starke geographische Ausdehnung auf: bei einer Stationenzahl von 159 überdeckt es mit Ausnahme der nördlichsten Gebiete die gesamte Nordsee. Es weist bei einer Tiefen-Spanne von 149m (Min.: 15m, Max.: 164m) eine mittlere Tiefe von 56m auf. Sein mittlerer Salzgehalt liegt bei 34.37‰ (Min.: 30.63‰, Max.: 35.93‰), die mittlere Boden-Temperatur bei 5.57°C (min.: 2.09°C, Max.: 7.74°C). Mit 86.83 Individuen je Station besitzt es die geringste Individuendichte aller 1983er Cluster. Wie Abb. 20 zeigt, bewegen sich sämtliche Dominanz-Werte unterhalb der 20%-Grenze. Die in ihm dominanten Arten sind *Clupea harengus*, *Limanda limanda*, *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus*, *Sprattus sprattus* sowie *Trisopterus esmarki*, wobei erstere Art mit 18.39% die dominanteste ist. Obgleich *Trisopterus minutus* unterhalb der Dominanz-Grenze bleibt, weist diese Art hier mit knapp über 30% die gegenüber allen anderen Arten höchste Präferenz auf; die restlichen Präferenzen liegen unterhalb von 10%.

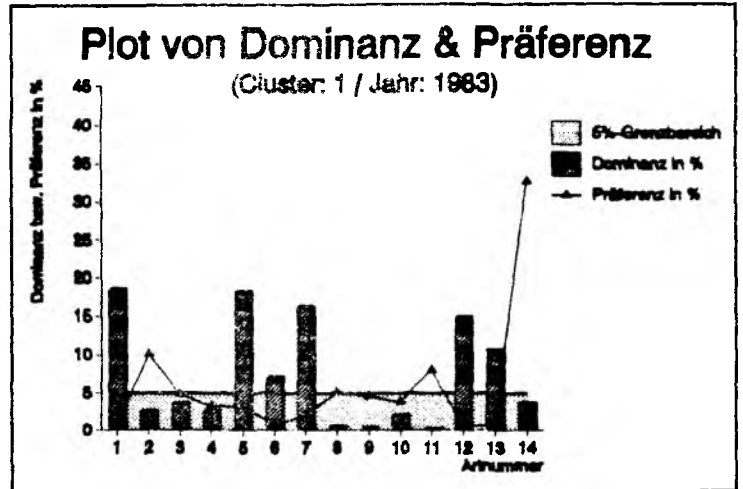


Abb. 20 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 1 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

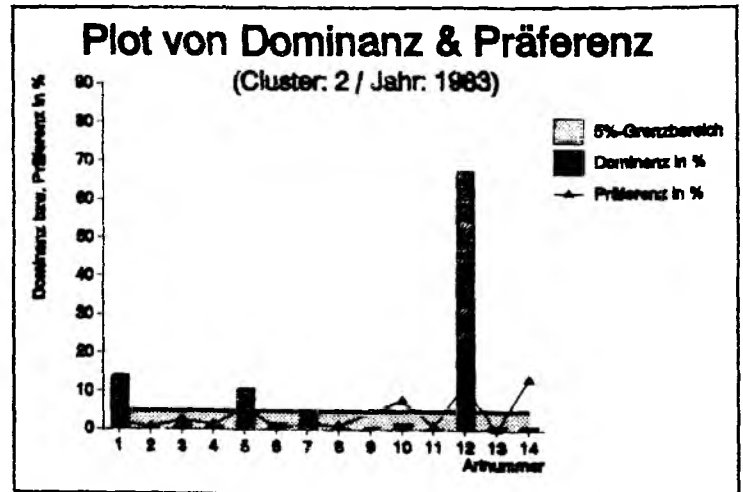


Abb. 21 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 2 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

Stationen-Cluster Nr. 2 hat seine beiden Schwerpunkte in der südlichen Nordsee (d.h. in der Deutschen Bucht sowie im Ausgang des Ärmelkanals) und im Skagerrak/Kattegat. Mit 28 Stationen gehört es zu den mittelgroßen Clustern. Da die Individuendichte bei 272.61 Individuen pro Station liegt, handelt es sich um ein spärlicher besiedeltes Cluster. Sein mit Hilfe des Dominanz-Maßes abgeleitetes Arten-Spektrum ist aus Abb. 21 ersichtlich. Die mit 66.95% bei weitem dominanteste Art ist darin *Sprattus sprattus*, gefolgt von *Clupea harengus* (13.55%) und *Limanda*

da limanda (10.42%). Es handelt sich nicht um ein von den Ziel-Arten besonders bevorzugtes Cluster, da die Präferenzen insgesamt sehr niedrig sind. Bei einer mittleren Tiefe von 85m (Min.: 35m, Max.: 140m) und einem durchschnittlichen Salzgehalt von 33.64% (Min.: 29.89%, Max.: 34.90%) besitzt es ein Temperatur-Mittel von 4.57°C (Min.: 3.42°C, Max.: 6.30°C).

Bei Betrachtung des Stationen-Clusters Nr. 3 fällt zunächst auf, daß es im Bereich der mittleren bis nördlichen Nordsee lokalisiert ist und in etwa von der Küste Schottlands im Westen bis zur südlichen Spitze Norwegens im Osten reicht. Vereinzelt Stationen liegen sehr nahe im Bereich der Shetland-Inseln. Seine Individuendichte ist mit 176.07 sehr niedrig und macht etwa nur 2.54% der sämtlicher 14 Cluster des Jahres aus. Auf der Basis des Dominanz-Maßes (siehe Abb. 22) ist dieses Cluster

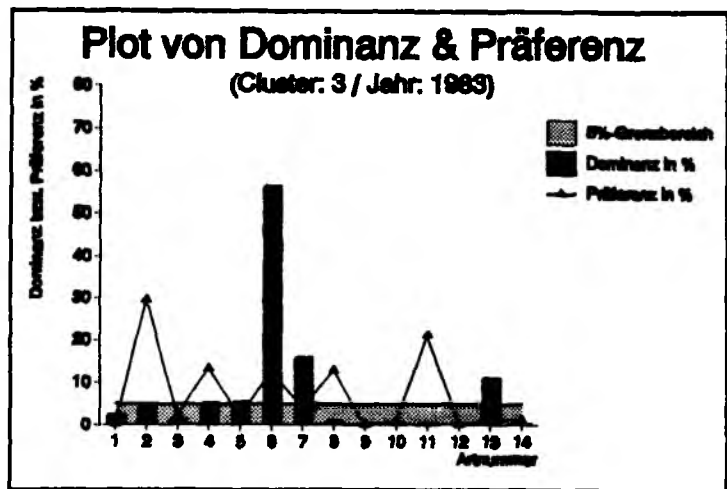


Abb. 22 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 3 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

insbesondere durch die drei Arten 6, 7 und 13 gekennzeichnet, also durch *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus* sowie *Trisopterus esmarki*, und läßt sich somit als ausgesprochenes Gadiden-Cluster auffassen. *Melanogrammus aeglefinus* ist darin die mit Abstand dominanteste Art (56.01%). Obgleich *Eutriglia gurnadus* unter der 5%-Dominanzgrenze liegt, handelt es sich für diese Art mit etwa 30% Präferenz um ein besonders bevorzugtes Cluster. Es enthält 33 Fangstationen und weist eine mittlere Tiefe, genauer Fangtiefe, von gerundet 137m auf, mit einem Minimum bei 84m und einem Maximum bei 140m. Die mittlere Boden-Temperatur des Clusters liegt bei 6.43°C (Min.: 5.48°C, Max.: 7.80°C), sein mittlerer Salzgehalt bei 34.98% (Min.: 34.58%, Max.: 35.32%).

Bei Cluster Nr. 4 handelt es sich mit 36 Stationen um ein weiteres mittelgroßes Cluster, dessen Durchschnitts-Temperatur bei 6.83°C (Min.: 5.36°C, Max.: 7.70°C) liegt. Sein Salzgehalts-Mittel befindet sich bei 35.09% (Min.: 34.45%, Max.: 35.30%) und seine mittlere Tiefe bei 137m (Min.: 84m, Max.: 200m). Sein Schwerpunkt ist im nordwestlichen Teil der Nordsee angesiedelt. Die Individuendichte befindet sich mit 280.51 (4.05%) im unteren Drittel. Aus Abb. 23 geht hervor, daß es sich bei einer maximalen Dominanz von 56.29% für *Trisopterus esmarki* als ein ausgesprochenes Gadiden-Cluster ausweist. Denn die weiteren dominanten Arten sind auf den Plätzen 2 und 3 *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Trotz der hohen Dominanz von *Trisopterus esmarki* ist seine Präferenz für dieses Cluster mit 15% relativ niedrig. Das

Beginnt man mit dem Stationen-Cluster Nr. 1, so fällt sofort seine starke geographische Ausdehnung auf: bei einer Stationenzahl von 159 überdeckt es mit Ausnahme der nördlichsten Gebiete die gesamte Nordsee. Es weist bei einer Tiefen-Spanne von 149m (Min.: 15m, Max.: 164m) eine mittlere Tiefe von 56m auf. Sein mittlerer Salzgehalt liegt bei 34.37‰ (Min.: 30.-63‰, Max.: 35.93‰), die mittlere Boden-Temperatur bei 5.57°C (min.: 2.09°C, Max.: 7.74°C). Mit 86.83 Individuen je Station besitzt es die geringste Individuendichte aller 1983er Cluster. Wie Abb. 20 zeigt, bewegen sich sämtliche Dominanz-Werte unterhalb der 20%-Grenze. Die in ihm dominanten Arten sind *Clupea harengus*, *Limanda limanda*, *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus*, *Sprattus sprattus* sowie *Trisopterus esmarki*, wobei erstere Art mit 18.39% die dominanteste ist. Obgleich *Trisopterus minutus* unterhalb der Dominanz-Grenze bleibt, weist diese Art hier mit knapp über 30% die gegenüber allen anderen Arten höchste Präferenz auf; die restlichen Präferenzen liegen unterhalb von 10%.

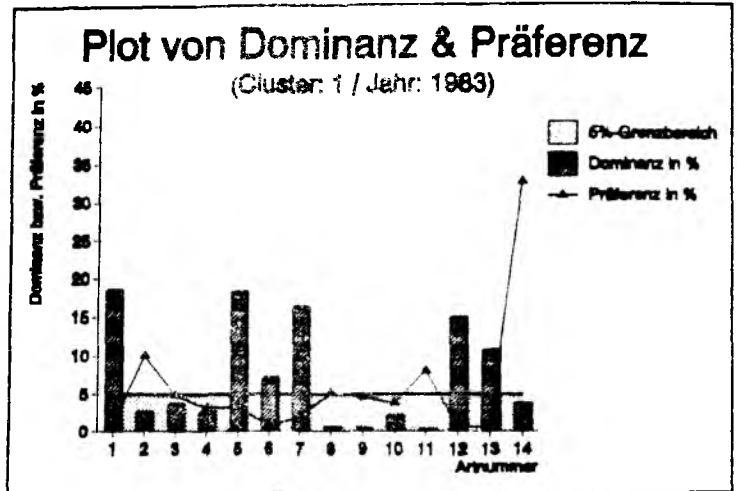


Abb. 20 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 1 (1983). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

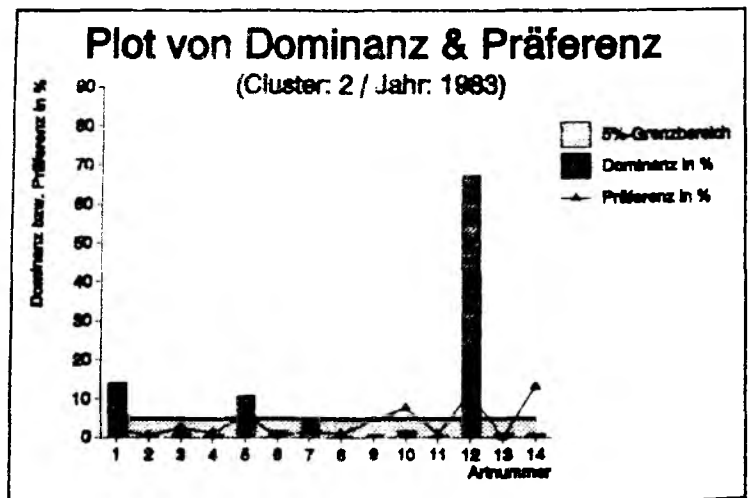


Abb. 21 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 2 (1983). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

Stationen-Cluster Nr. 2 hat seine beiden Schwerpunkte in der südlichen Nordsee (d.h. in der Deutschen Bucht sowie im Ausgang des Ärmelkanals) und im Skagerak/Kattegat. Mit 28 Stationen gehört es zu den mittelgroßen Clustern. Da die Individuendichte bei 272.61 Individuen pro Station liegt, handelt es sich um ein spärlicher besiedeltes Cluster. Sein mit Hilfe des Dominanz-Maßes abgeleitetes Arten-Spektrum ist aus Abb. 21 ersichtlich. Die mit 66.95% bei weitem dominanteste Art ist darin *Sprattus sprattus*, gefolgt von *Clupea harengus* (13.55%) und *Limanda*

da limanda (10.42%). Es handelt sich nicht um ein von den Ziel-Arten besonders bevorzugtes Cluster, da die Präferenzen insgesamt sehr niedrig sind. Bei einer mittleren Tiefe von 85m (Min.: 35m, Max.: 140m) und einem durchschnittlichen Salzgehalt von 33.64% (Min.: 29.89%, Max.: 34.90%) besitzt es ein Temperatur-Mittel von 4.57°C (Min.: 3.42°C, Max.: 6.30°C).

Bei Betrachtung des Stationen-Clusters Nr. 3 fällt zunächst auf, daß es im Bereich der mittleren bis nördlichen Nordsee lokalisiert ist und in etwa von der Küste Schottlands im Westen bis zur südlichen Spitze Norwegens im Osten reicht. Vereinzelt Stationen liegen sehr nahe im Bereich der Shetland-Inseln. Seine Individuendichte ist mit 176.07 sehr niedrig und macht etwa nur 2.54% der sämtlicher 14 Cluster des Jahres aus. Auf der Basis des Dominanz-Maßes (siehe Abb. 22) ist dieses Cluster

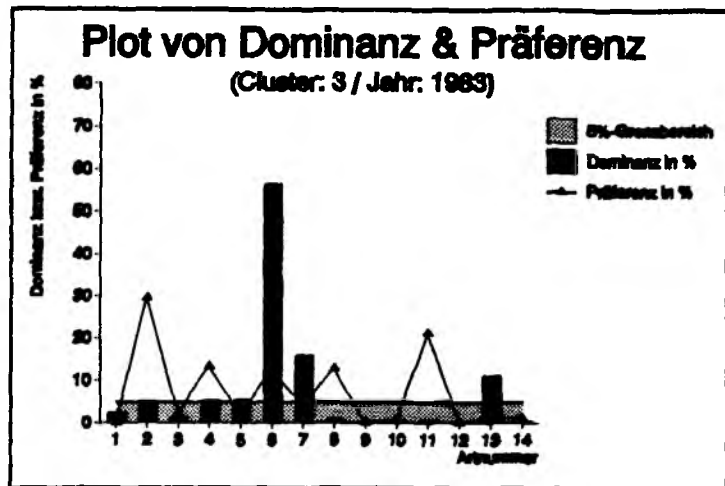


Abb. 22 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 3 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

insbesondere durch die drei Arten 6, 7 und 13 gekennzeichnet, also durch *Melanogrammus aeglefinus*, *Merlangius merlangus* sowie *Trisopterus esmarki*, und läßt sich somit als ausgesprochenes Gadiden-Cluster auffassen. *Melanogrammus aeglefinus* ist darin die mit Abstand dominanteste Art (56.01%). Obgleich *Eutriglia gurnadus* unter der 5%-Dominanzgrenze liegt, handelt es sich für diese Art mit etwa 30% Präferenz um ein besonders bevorzugtes Cluster. Es enthält 33 Fangstationen und weist eine mittlere Tiefe, genauer Fangtiefe, von gerundet 137m auf, mit einem Minimum bei 84m und einem Maximum bei 140m. Die mittlere Boden-Temperatur des Clusters liegt bei 6.43°C (Min.: 5.48°C, Max.: 7.80°C), sein mittlerer Salzgehalt bei 34.98% (Min.: 34.58%, Max.: 35.32%).

Bei Cluster Nr. 4 handelt es sich mit 36 Stationen um ein weiteres mittelgroßes Cluster, dessen Durchschnitts-Temperatur bei 6.83°C (Min.: 5.36°C, Max.: 7.70°C) liegt. Sein Salzgehalts-Mittel befindet sich bei 35.09% (Min.: 34.45%, Max.: 35.30%) und seine mittlere Tiefe bei 137m (Min.: 84m, Max.: 200m). Sein Schwerpunkt ist im nordwestlichen Teil der Nordsee angesiedelt. Die Individuendichte befindet sich mit 280.51 (4.05%) im unteren Drittel. Aus Abb. 23 geht hervor, daß es sich bei einer maximalen Dominanz von 56.29% für *Trisopterus esmarki* als ein ausgesprochenes Gadiden-Cluster ausweist. Denn die weiteren dominanten Arten sind auf den Plätzen 2 und 3 *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Trotz der hohen Dominanz von *Trisopterus esmarki* ist seine Präferenz für dieses Cluster mit 15% relativ niedrig. Das

sich prinzipiell für sämtliche Arten dieses Clusters konstatieren.

Cluster 5 ist mit seinen 31 Stationen ein über den mittleren Ost-West-Bereich der Nordsee streuendes Cluster mit einer durchschnittlichen Tiefe von 55m (Min.: 15m, Max.: 146m), einem Temperatur-Mittelwert von 5.12°C (Min.: 2.30°C, Max.: 5.12°C) sowie einem Salzgehalts-Durchschnitt von 34.2‰ (Min.: 30.4‰, Max.: 35.30‰). Es besitzt ebenfalls eine verhältnismäßig geringe Individuendichte von nur 201.60 Individuen je Station (2.91%). Abb. 24 gibt die Dominanz- und Präferenz-Struktur dieses Clusters graphisch wieder. Ihr läßt sich entnehmen, daß es ein ausgeprägtes Herings-Cluster ist bei einer maximalen Dominanz von 57.89% für *Clupea harengus*. Weitere dominante Arten sind *Sprattus sprattus*, *Limanda limanda* und *Merlangius merlangus*. Die Präferenz-Indizes sind auch hier sehr niedrig und liegen überwiegend unterhalb der 5%-Marke.

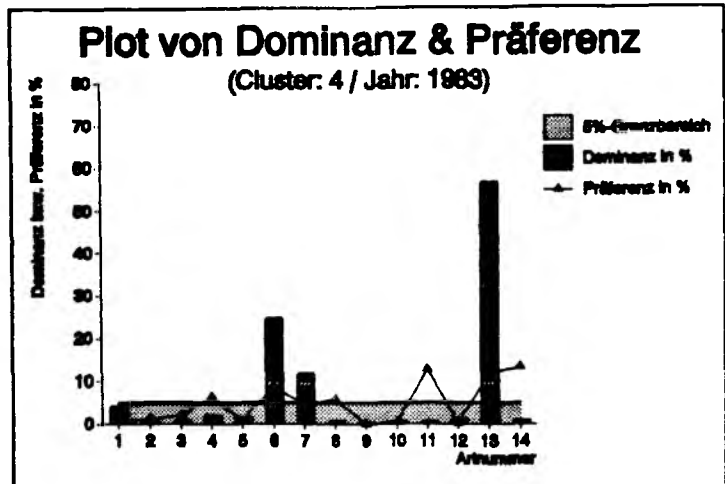


Abb. 23 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 4 (1983). Artnamen siehe beigelegtes Extra-Blatt.

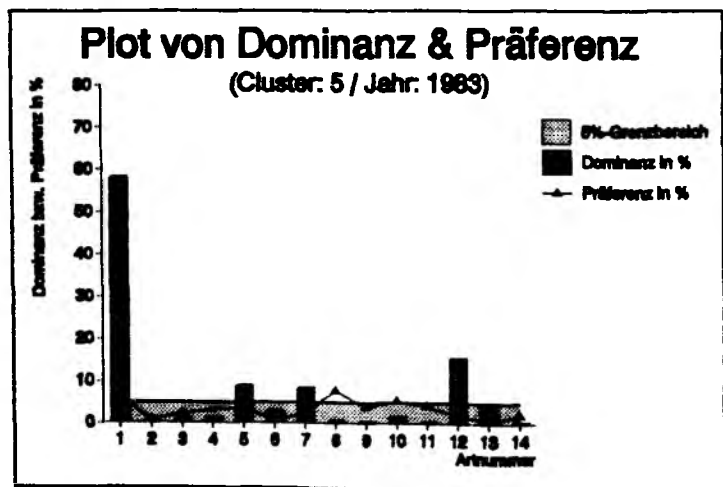


Abb. 24 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 5 (1983). Artnamen siehe beigelegtes Extra-Blatt.

Im eher nordwestlichen Bereich der Nordsee anzusiedeln ist das Zentrum des Stationen-Clusters Nr. 6 (18 Stationen). Es weist eine mittlere Tiefe von 28m (Min.: 18m, Max.: 43m), eine mittlere Temperatur von 7.20°C (Min.: 4.26, Max.: 5.16°C) sowie einen mittleren Salzgehalt von 35.2‰ (Min.: 34.8‰, Max.: 5.16‰) auf. Seine Individuendichte liegt mit 487.1 (7.03%) im mittleren Bereich. Abb. 25 zeigt, daß es sich um ein Gadiden-Cluster handelt mit sowohl einer sehr hohen Dominanz von 70.44% als auch einer recht hohen Präferenz von ca. 30% für *Trisopterus esmarki*. Die anderen beiden dominanten Gadiden-Arten dieses Clusters sind *Melanogrammus*

aeglefinus und *Merlangius merlangus*.

Bei dem Cluster Nr. 7 handelt es sich um ein stationsmäßig gering besetztes und zugleich disperses Cluster, dessen 9 Stationen vor allem im Bereich der mittleren Nordsee verstreut liegen. Seine durchschnittliche Tiefe beträgt 39m (Min.: 20m, Max.: 146m), seine mittlere Temperatur liegt bei 4.73°C (Min.: 4.26°C, Max.: 5.16°C) und sein Salzgehalts-Mittel bei 34.00‰ (Min.: 33.82‰, Max.: 34.99‰). Die Individuendichte ist mit 590.29 (8.53%) im mittleren Bereich angesiedelt. Betrachtet man Abb. 26, erkennt man eine deutliche Dominanz von *Clupea harengus* (48.23%), gefolgt von *Sprattus sprattus* (36.71%). In diesem Cluster ebenfalls dominant ist *Limanda limanda*, wenn auch mit weniger als 10%.

Cluster 8 liegt mit seinen 13 Stationen schwerpunktmäßig im Bereich der deutschen Bucht bzw. dänischen Süd-West-Küste und ist, wie Abb. 27 zeigt, im

wesentlichen durch die Arten 1, 5, 7, 10 und 14 gekennzeichnet, d.h. durch *Clupea harengus*, *Limanda limanda*, *Merlangius merlangus*, *Pleuronectes platessa* und *Sprattus sprattus*. Die dominanteste Art ist dabei mit Abstand *Limanda limanda* (53.36%). Letztere besitzt in diesem Cluster zugleich mit ca. 45% ihre höchste Präferenz. Obgleich sie die 5%-Dominanzgrenze nur knapp überschritten hat, wird dieses Cluster insbesondere auch von *Pleuronectes platessa* bevorzugt (ca. 60% Präferenz). Danach läßt es sich mit Einschränkung als Plattfischareal bezeichnen. Bei einer mittleren Tiefe von etwa 121m, einem Minimum von 71m und einem Maximum von 175m liegt seine mittlere Boden-Temperatur mit 4.91°C (Min.: 4.31°C, Max.: 5.30°C) etwas

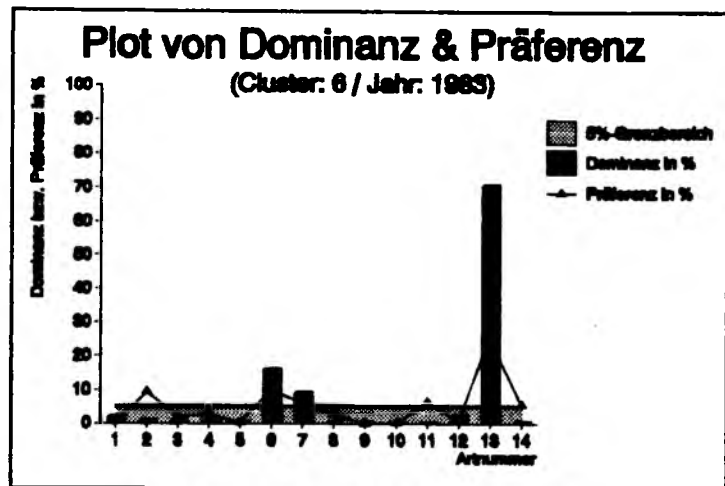


Abb. 25 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 6 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

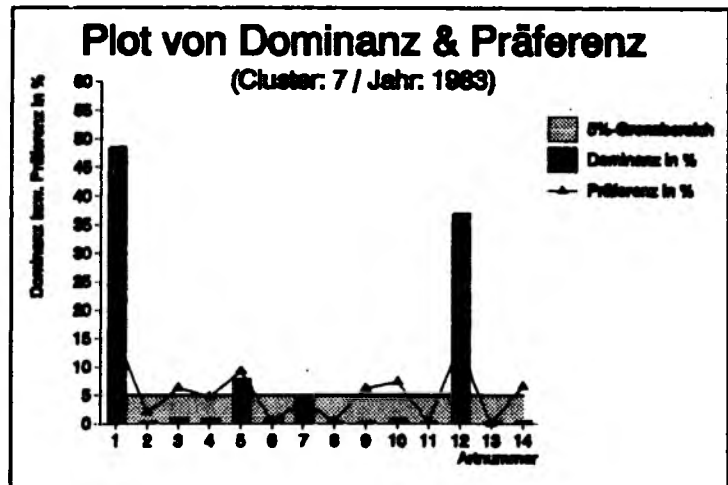


Abb. 26 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 7 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

niedriger als in Cluster 3. Der Salzgehalt liegt im Mittel bei 34.0‰ (Min.: 32.85‰, Max.: 34.9‰). Auch dieses Cluster gehört mit einer Individuendichte von 424.19 (6.13%) zu den spärlicher besiedelten.

Cluster 9 dehnt sich als schmales Band mit seinen 18 Fangstationen im Bereich der mittleren Nordsee von der Ostküste Englands bis hin zur Westküste Dänemarks aus. Drei einzelne Stationen liegen im Kattegat an der schwedischen Süd-Westküste. Bei einer mittelmäßigen Individuendichte von 475.51 (6.87%) kann es vielleicht als Heringsartigen-Cluster beschrieben werden (siehe Abb. 28), da hier vor allem die beiden Arten 1 (*Clupea harengus* mit 72.87%) und 12 (*Sprattus sprattus* mit 36.71%) dominant vorkommen. Daneben ist hier noch *Limanda limanda* dominant (5.74% Dominanz). Die Ziel-Art *Eutriglia gurnadus* bleibt zwar unterhalb der 5%-Dominanzmarke, hat in diesem Cluster aber mit knapp über 30% ihre höchste Präferenz. Mit einer

durchschnittlichen Tiefe von 63m, einem Minimum von 26m und einem Maximum von 135m zählt es zu den flacher gelegenen Arealen. Im Mittel liegt seine Boden-Temperatur bei 5.17°C (Min.: 3.75°C, Max.: 6.35°C). Der durchschnittliche Salzgehalt ist 34.6‰ mit einer Spanne von 33.4‰ bis 35.1‰.

Das Stationen-Cluster Nr. 10 mit seinen 16 Stationen hat sein Zentrum in der nördlichen Nordsee – und zwar halbwegs zwischen der Ostküste der Schetland-Inseln und der norwegischen Süd-West-Küste. Vereinzelt Stationen liegen in der Nähe der Shetlands selbst, im

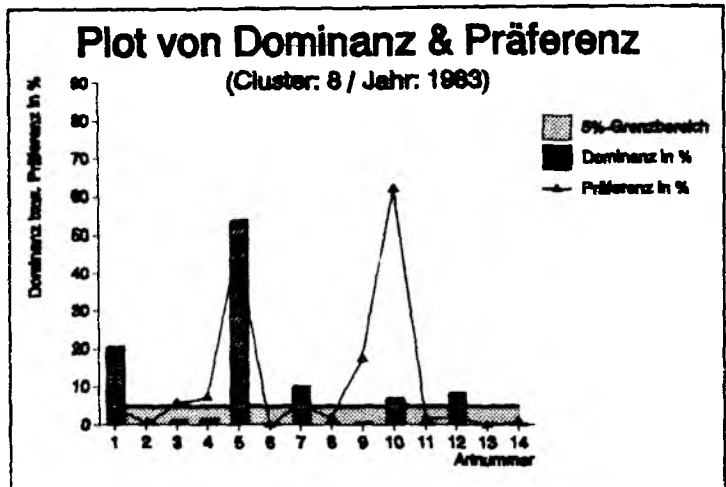


Abb. 27 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 8 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

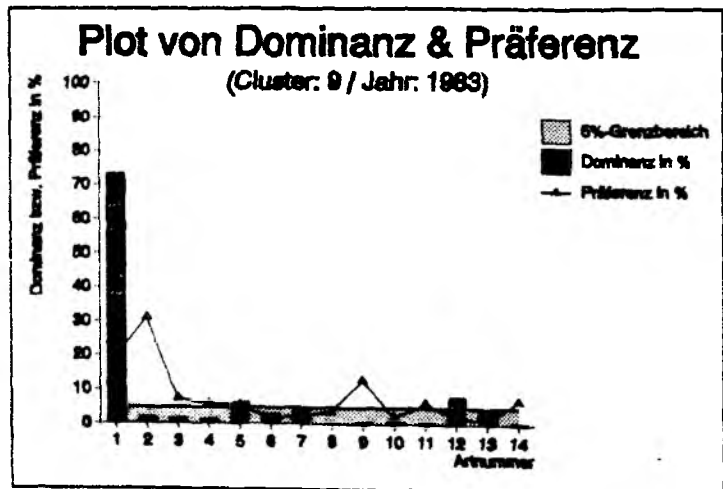


Abb. 28 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 9 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

Bereich der Orkneys und an der schottischen Nord-Ostküste. Es ist bei einer mittleren Tiefe von etwa 100m (Min.: 50m, Max.: 150 m) vor allem durch die drei Arten 6, 7 und 13, d.h. *Melanogrammus aeglefinus* (72.44% Dominanz), *Merlangius merlangus* (13.48% Dominanz) und *Trisopterus esmarki* (9.55% Dominanz) charakterisiert (siehe Abb. 29). Von daher läßt es sich als Gadiden-Cluster auffassen.

Melanogrammus aeglefinus hat hier zugleich mit ca. 40% seine höchste Präferenz. Auch von

Microstomus kitt wird dieses Cluster stärker bevorzugt (ca. 18% Präferenz), obgleich diese Art hier nicht dominant ist. Die Individuendichte macht mit 424.29 Individuen je Station 6.13% der sämtlicher Cluster aus. Das Temperatur-Mittel am Boden liegt bei 6.79°C (Min.: 6.11°C, Max.: 7.60°C), während der Salzgehalt seinen durchschnittlichen Wert bei 35.14‰ erreicht (Min.: 34.80‰, Max.: 35.30‰).

Mit seinen 8 Fangstationen ist Stationen-Cluster 11 eher zu den kleineren Clustern zu zählen. Es weist eine Durchschnitts-Tiefe von 107m (gerundet) auf, hat sein Minimum bei 72m und sein Maximum bei 153m. Es ist sehr weit über die Nordsee verstreut und läßt sich vielleicht als "Küstencluster" bezeichnen, da sämtliche Fangstationen relativ nah an der Küste Englands, Dänemarks und Schwedens liegen. Bei einer relativ hohen Individuendichte von 881.20 Individuen je Station (12.73%) wird

es insbesondere durch die drei Arten 1 (*Clupea harengus*), 7 (*Merlangius merlangus*) und 12 (*Sprattus sprattus*) charakterisiert (siehe Abb. 30). Art 3 (*Gadus morhua*) und 9 (*Platichthys fle-*

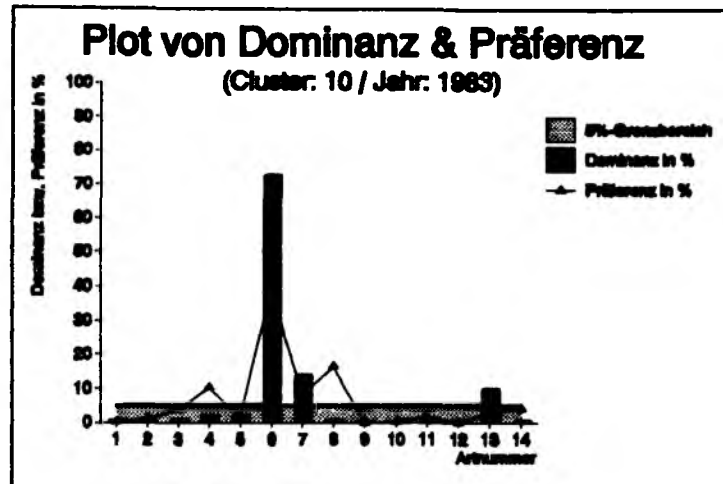


Abb. 29 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 10 (1983). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

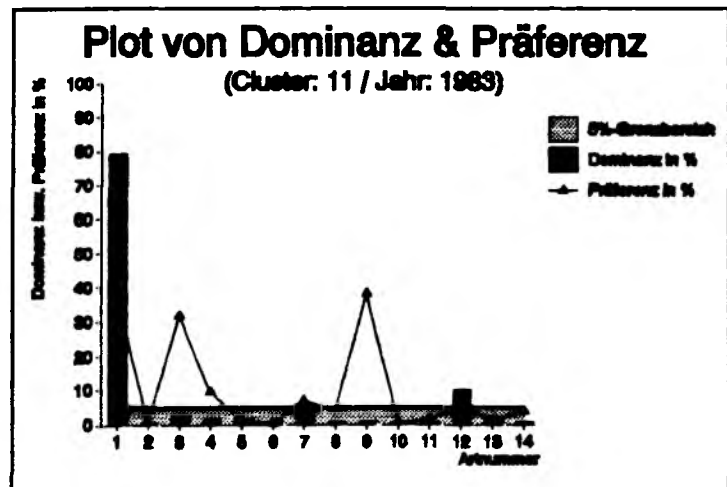


Abb. 30 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 11 (1983). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

sus) haben hier mit Werten zwischen 30% - 40% ihr Präferenz-Maximum. Das Boden-Temperatur-Regime liegt durchschnittlich bei 5.39°C mit einem Minimum von 3.48°C und einem Maximum von 6.25°C. Der Salzgehalt hat sein Mittel bei 34.20‰ und erreicht seinen minimalen Wert bei 32.97‰, während das Salzgehalts-Maximum bei 34.87‰ liegt.

Stationen-Cluster Nr. 12 mit seinen 15 Stationen ist offensichtlich ein ausgesprochenes "Dorschartigen-Cluster". Denn bei einer mittleren Tiefe von nur 40m, einem Minimum von 20m und einem Maximum von 75m wird es auf der Basis des Dominanz-Maßes (siehe Abb. 31) hauptsächlich durch die drei Arten 6 (*Melanogrammus aeglefinus*), 7 (*Merlangius merlangus*) und 13 (*Trisopterus esmarki*) gekennzeichnet. Die dominante unter diesen drei Arten ist mit einer Dominanz von über 80% *Trisopterus esmarki*, die hier zugleich ihr Präferenz-Maximum (ca. 55%) erreicht. Das Zentrum dieses Gebietes liegt ebenso wie das des Clusters 10 in der nördlichen Nordsee, allerdings etwas weiter westlich davon, also etwas mehr in Richtung Shetland-Inseln. Ansonsten weist es in etwa die gleiche Ausdehnung auf. Bei einer verhältnismäßig hohen Individuendichte von 861.27 (12.44%) ist es ferner durch eine mittlere Bodentemperatur von 6.99°C (Min.: 6.30, Max.: 7.80) und durch einen durchschnittlichen Salzgehalt von 35.22‰ (Min.: 35.07, Max.: 35.41) charakterisiert.

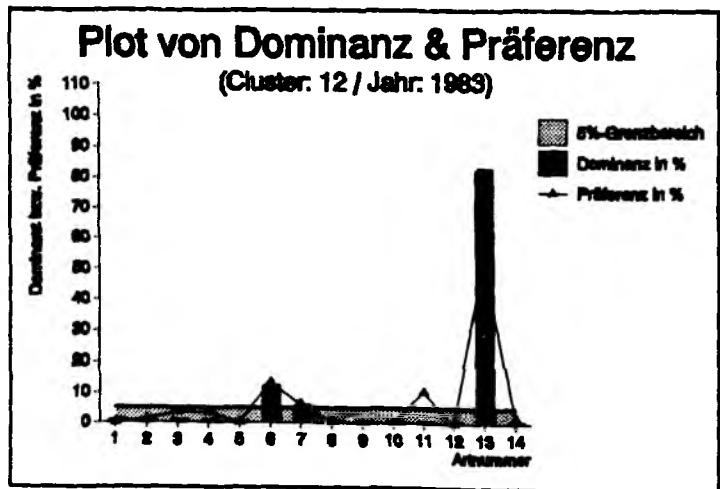


Abb. 31 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 12 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

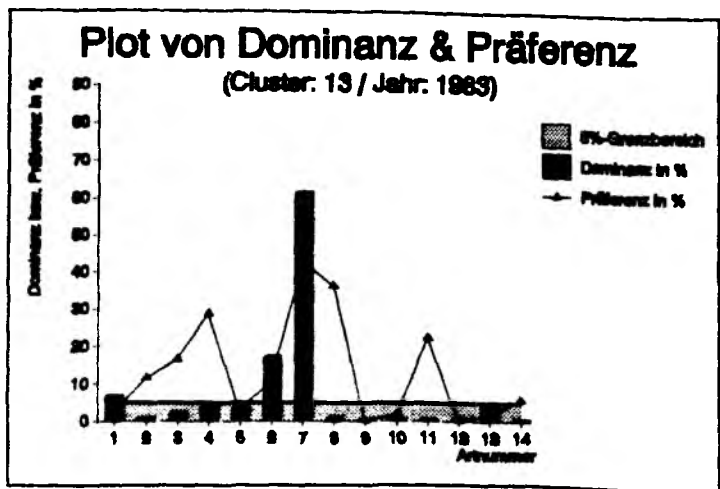


Abb. 32 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 13 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

Das mit drei dominanten Leitarten ausgestattete Stationen-Cluster Nr. 13 (siehe Abb. 32) hat seine zentrale Lage irgendwo zwischen den Shetlands und den Orkney-Inseln. Von den 11 Stationen insgesamt liegt eine einzelne an der mitteldänischen Westküste. Eine weitere befindet sich im englischen Kanal. Bei einem Tiefenbereich von 38 bis 100m besitzt es eine Durchschnittstiefe von gerundet 69m. Die Individuendichte ist mit 494.74 Individuen pro Station (7.15%) eher durchschnittlich. Die dominanten Arten dieses Clusters sind im einzelnen *Clupea harengus*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus*. Letztere ist hier mit ca. 61.37% die dominanteste. Für sie ist dieses Cluster zugleich das bevorzugteste (ca. 43% Präferenz). Temperaturmäßig liegt der Durchschnittswert dieses Clusters bei 6.27°C mit einem Minimum von 4.10°C und einem maximalen Wert von 7.13°C. Die Obergrenze des Salzgehaltes wird mit 35.47‰ erreicht, während die Untergrenze bei 33.45‰ liegt. Es ergibt sich dabei ein mittlerer Salzgehalt von 34.80‰.

Mit 7 Stationen versehen ist Cluster Nr. 14 im Jahre 1983 das vom Stichprobenumfang her kleinste. Es liegt schwerpunktmäßig in der südöstlichen Nordsee, genauer vor der nordholländischen bzw. ostfriesischen Küste und wird von den drei Arten *Sprattus sprattus* (76.98%), *Clupea harengus* (13.88%) und *Limanda limanda* (ca. 6.48%) dominiert. Eine weitere etwas isolierte Station befindet sich im Übergang von Kattegat/Skagerrak. Es ist das im Jahr 1983 mit großem Abstand am dichtesten besiedelte Cluster: 1267.80 Individuen je Station machen 18.31% aus. Bei einer mittleren Tiefe von 85m liegt das Minimum bei 30m und das Maximum bei 135m. Die Temperaturspanne am Boden geht von 3.03°C bis 5.13°C und erzielt ihr Mittel bei 4.00°C. Der durchschnittliche Salzgehalt liegt bei 32.58‰ (Min.: 30.24‰, Max.: 34.31‰).

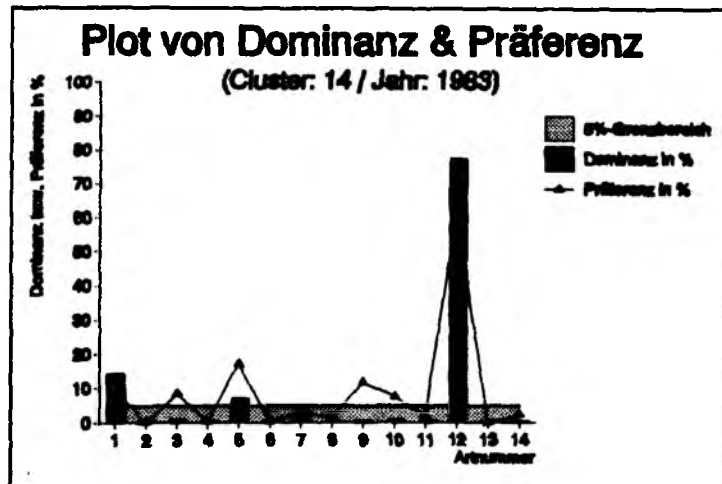


Abb. 33 Dominanz- und Präferenzstruktur von Cluster 14 (1983). Artnamen siehe beigefügtes Extra-Blatt.

2.1.1.5 Mögliche Effekte abiotischer Größen auf die Clusterung

Anknüpfend an den theoretischen Teil dieses Kapitels wird im folgenden untersucht, ob die assoziierten Größen Bodentiefe, Temperatur und Salzgehalt einen Einfluß auf die Clusterbildung haben. Zunächst zur Bodentiefe. Da es sich um "bottom trawls" handelt ist die Fangtiefe bis auf geringe Abweichungen (leichte vertikale Schwankungen des Fangnetzes) nahezu identisch mit

der mittleren Tiefe unterhalb des mit dem Netz überstrichenen Gebietes. Die bloße Angabe von clusterbezogenen mittleren Fangtiefen bzw. von Minima und Maxima je Cluster verschafft zwar einen gewissen Eindruck von der Tiefenverteilung, ermöglicht allerdings nicht die Aussage, ob eine Beziehung zwischen der Stationen-Clusterung und dieser Tiefenverteilung vorliegt. Wie im methodischen Teil dieses Kapitels prinzipiell erläutert, läßt sich in diesem Zusammenhang überprüfen, ob die mittleren Cluster-Tiefen statistisch signifikant voneinander verschieden sind oder ob sie nur zufällig variieren. Eine solche Fragestellung soll im folgenden mit Hilfe einfacher Varianz-Analysen (ANOVAs, F-Tests) getestet werden.

Für das Jahr 1983 ergibt sich in diesem Zusammenhang ein kritischer Wert der Prüfgröße von $F_{\text{crit}} = 27.91$. Das korrespondierende marginale Signifikanzniveau ist $p = 0.0001$. Damit wird die Nullhypothese der Gleichheit der clusterweisen Tiefen-Mittelwerte auf dem 5%-Niveau abgelehnt: die Tiefen der einzelnen Stationen-Cluster unterscheiden sich also signifikant voneinander, d.h. es gibt offenbar eine statistische Beziehung zwischen der Clusterung und der Tiefe.

Im Rahmen der Homoskedastizitätsüberprüfung zeigt Abb. 34 für das Jahr 1983 ein Diagramm clusterbezogener Tiefen-Varianzen. Darin fällt auf, daß diese (mit einer Ausnahme) relativ gering streuen: Der Heterogenitätsfaktor für diese Werte liegt zwischen 5 und 6. Das breite, graue Horizontalband in Abb. 34 weist allerdings darauf hin, daß sich die kleinste Varianz mit 47.75m^2 (Stationen-Cluster 6) um mehr als das 10-fache (genauer um das 34.2-fache) von der maximalen mit 1632.97m^2 (Stationen-Cluster 7) unterscheidet. Weil damit kein Informationsverlust verbunden ist, ist eine Standardisierung auf der Grundlage einer mittleren Standardabweichung von 28.01m^2 vorgenommen worden. Man erhält dann gegenüber dem "nicht-standardisierten" Verfahren mit $F_{\text{crit}} = 32.05$ einen leicht erhöhten kritischen Wert. Das korrespondierende marginale Signifikanzniveau bleibt mit $p = 0.0001$ unverändert. Das endgültige Resultat ist also gleich geblieben. Auch für die restlichen Jahre 1984 bis 1988 läßt sich auf diese Weise eine zumindest statistische Beziehung von Stationen-Clusterung und Tiefe erkennen. Diese Ergebnisse faßt Tab. 16 zusammen.

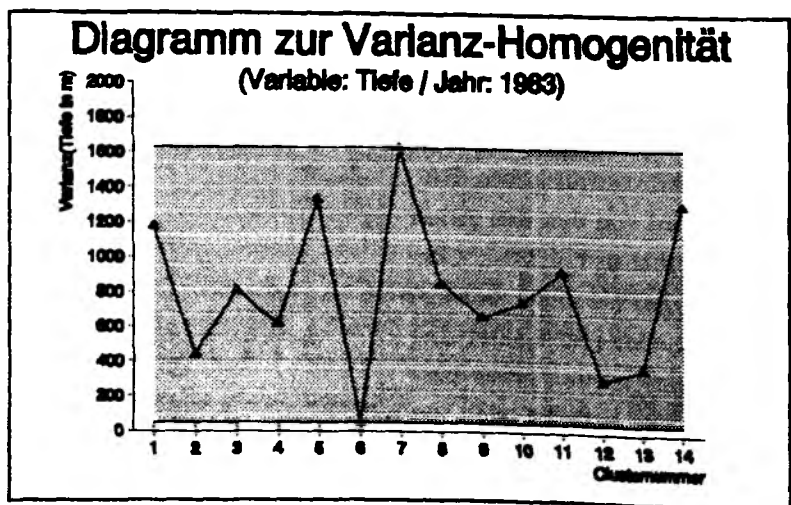


Abb. 34 Plot von Cluster-Varianzen der Variablen "Tiefe" (1983, IYFS). Artnamen siehe beigegefügtes Extra-Blatt.

Welche der Stationencluster sich bezüglich der Tiefe im Detail unterscheiden, läßt sich mit Hilfe des Bonferroni- oder des Scheffé-Testes auf der Basis linearer Kontraste überprüfen. Da die Vertrauensintervalle des Bonferroni-Testes um den Faktor 1.4 kleiner sind als die des Testes von Scheffé, werden entsprechend der im methodischen Teil dieses Kapitels dargelegten Vorgehensweise die Bonferroni-Ergebnisse gewählt. Auf der Basis der 5%-Vertrauensintervalle in Abb. 35 werden bei 369 Freiheitsgraden folgende 8 übergeordnete Gruppierungen an Clustern konstruiert, die hier mit den Großbuchstaben A bis H bezeichnet werden:

Tab. 16 F-Tests auf Gleichheit der clusterbezogenen Tiefen-Mittelwerte (1983 - 1988, IYFS).

	Vor Standardisierung		Nach Standardisierung	
	F_{kl}	P	F_{kl}	P
1983	27.91	0.0001	32.05	0.0001
1984	391.35	0.0001	199.16	0.0001
1985	20.07	0.0001	34.99	0.0001
1986	1040.97	0.0000	461.98	0.0001
1987	12.88	0.0001	28.83	0.0001
1988	7.30	0.0001	12.77	0.0001

- A 3, 8, 11
- B 8, 11, 10, 4
- C 11, 10, 4, 14, 2
- D 10, 4, 14, 2, 13
- E 4, 14, 2, 13, 9
- F 14, 2, 13, 9, 1, 5
- G 13, 9, 1, 5, 12, 7
- H 9, 1, 5, 12, 7, 6.

Danach unterscheidet sich also die Gruppe A von D, E, F, G und H, die Gruppe B von F, G und H, die Gruppe C von G und H sowie die Gruppe D von H paarweise signifikant voneinander, da bei diesen keine gleichen Elemente (Cluster) enthalten sind.

Aus biologischer Sicht läßt sich denken, daß die Fangtiefe nur eine mittelbare Rolle spielt. Möglicherweise wird die Bildung von Artenassoziationen durch die ebenfalls im IYFS-Datensatz enthaltene Größe Temperatur gesteuert, da mit einer Tiefenveränderung oft eine Veränderung der Temperatur gekoppelt ist. Um diesen Sachverhalt zu überprüfen, d.h. zu sehen, ob die Tiefe direkt bzw. isoliert wirkt oder ob sie selbst nur eine abhängige Größe ist, die den Effekt indirekt weitergibt, werden im folgenden Korrelationsuntersuchungen zu den beiden anderen assoziierten Variablen "Bodentemperatur" und "Salzgehalt" durchgeführt. Wenn man die arithmetischen

TIEFE * CLUSTER - BEZIEHUNG

Datenfile : 'E:\DATA\CLU83.DAT'
 Statistikdatei : 'E:\SASOUT\83T20.KOR'

Verwendete Tiefenstufe : 20 m
 Jahr : 1983

(auf STD=28.009551225 NORMIERTE Daten !)

General Linear Models Procedure

Bonferroni (Dunn) T tests for variable: TIEFE

NOTE: This test controls the type I experimentwise error rate but generally has a higher type II error rate than Tukey's for all pairwise comparisons.

Alpha= 0.05 Confidence= 0.95 df= 369 MSE= 784.535
 Critical Value of T= 3.48595

Comparisons significant at the 0.05 level are indicated by '***'.

CLUSTER Comparison	Simultaneous		Difference Between Means	Simultaneous	
	Lower Confidence Limit	Upper Confidence Limit		Upper Confidence Limit	***
3 - 10	7.778	67.267	37.523	67.267	***
3 - 4	18.853	65.915	42.384	65.915	***
3 - 14	11.214	92.475	51.844	92.475	***
3 - 2	27.007	77.182	52.094	77.182	***
3 - 13	34.461	102.448	68.455	102.448	***
3 - 9	45.274	102.494	73.884	102.494	***
3 - 1	62.614	100.403	81.508	100.403	***
3 - 5	58.012	106.856	82.434	106.856	***
3 - 12	67.334	128.144	97.739	128.144	***
3 - 7	61.111	134.546	97.828	134.546	***
3 - 6	80.663	137.883	109.273	137.883	***

Abb. 35 Multiple paarweise Vergleiche für die Tiefe nach Bonferroni.

8	- 2	3.360	36.129	68.898	***
8	- 13	12.489	52.490	92.490	***
8	- 9	22.380	57.919	93.457	***
8	- 1	37.234	65.543	93.853	***
8	- 5	34.206	66.469	98.732	***
8	- 12	44.775	81.774	118.773	***
8	- 7	39.524	81.863	124.203	***
8	- 6	57.769	93.308	128.846	***
11	- 9	2.122	43.611	85.100	***
11	- 1	15.742	51.236	86.729	***
11	- 5	13.441	52.161	90.881	***
11	- 12	24.720	67.467	110.213	***
11	- 7	20.111	67.556	115.000	***
11	- 6	37.511	79.000	120.489	***
10	- 3	-67.267	-37.523	-7.778	***
10	- 9	2.813	36.361	69.909	***
10	- 1	18.219	43.986	69.753	***
10	- 5	14.855	44.911	74.968	***
10	- 12	25.125	60.217	95.308	***
10	- 7	19.622	60.306	100.989	***
10	- 6	38.202	71.750	105.298	***
4	- 3	-65.915	-42.384	-18.853	***
4	- 9	3.314	31.500	59.686	***
4	- 1	20.879	39.125	57.371	***
4	- 5	16.126	40.050	63.974	***
4	- 12	25.349	55.356	85.362	***
4	- 7	19.056	55.444	91.833	***
4	- 6	38.703	66.889	95.075	***
14	- 3	-92.475	-51.844	-11.214	***
14	- 12	1.202	45.895	90.589	***
14	- 6	13.936	57.429	100.921	***
2	- 3	-77.182	-52.094	-27.007	***
2	- 8	-68.898	-36.129	-3.360	***
2	- 1	9.201	29.414	49.628	***
2	- 5	4.884	30.340	55.796	***
2	- 12	14.403	45.645	76.887	***
2	- 7	8.321	45.734	83.148	***
2	- 6	27.681	57.179	86.676	***
13	- 3	-102.448	-68.455	-34.461	***
13	- 8	-92.490	-52.490	-12.489	***
13	- 6	3.451	40.818	78.186	***

Abb. 35 (Fortsetzung).

9	- 3	-102.494	-73.884	-45.274	***
9	- 8	-93.457	-57.919	-22.380	***
9	- 11	-85.100	-43.611	-2.122	***
9	- 10	-69.909	-36.361	-2.813	***
9	- 4	-59.686	-31.500	-3.314	***
9	- 6	2.842	35.389	67.935	***
1	- 3	-100.403	-81.508	-62.614	***
1	- 8	-93.853	-65.543	-37.234	***
1	- 11	-86.729	-51.236	-15.742	***
1	- 10	-69.753	-43.986	-18.219	***
1	- 4	-57.371	-39.125	-20.879	***
1	- 2	-49.628	-29.414	-9.201	***
1	- 6	3.316	27.764	52.213	***
5	- 3	-106.856	-82.434	-58.012	***
5	- 8	-98.732	-66.469	-34.206	***
5	- 11	-90.881	-52.161	-13.441	***
5	- 10	-74.968	-44.911	-14.855	***
5	- 4	-63.974	-40.050	-16.126	***
5	- 2	-55.796	-30.340	-4.884	***
12	- 3	-128.144	-97.739	-67.334	***
12	- 8	-118.773	-81.774	-44.775	***
12	- 11	-110.213	-67.467	-24.720	***
12	- 10	-95.308	-60.217	-25.125	***
12	- 4	-85.362	-55.356	-25.349	***
12	- 14	-90.589	-45.895	-1.202	***
12	- 2	-76.887	-45.645	-14.403	***
7	- 3	-134.546	-97.828	-61.111	***
7	- 8	-124.203	-81.863	-39.524	***
7	- 11	-115.000	-67.556	-20.111	***
7	- 10	-100.989	-60.306	-19.622	***
7	- 4	-91.833	-55.444	-19.056	***
7	- 2	-83.148	-45.734	-8.321	***
6	- 3	-137.883	-109.273	-80.663	***
6	- 8	-128.846	-93.308	-57.769	***
6	- 11	-120.489	-79.000	-37.511	***
6	- 10	-105.298	-71.750	-38.202	***
6	- 4	-95.075	-66.889	-38.703	***
6	- 14	-100.921	-57.429	-13.936	***
6	- 2	-86.676	-57.179	-27.681	***
6	- 13	-78.186	-40.818	-3.451	***
6	- 9	-67.935	-35.389	-2.842	***
6	- 1	-52.213	-27.764	-3.316	***

Abb. 35 (Fortsetzung).

Mittel hinsichtlich dieser drei Variablen für die einzelnen Cluster bildet und die Korrelation auf der Basis dieser Mittelwerte durchführt, ergeben sich bei Anwendung des Pearson'schen Korrelationskoeffizienten folgende Resultate und Schlußfolgerungen: aufgrund der sehr niedrigen Korrelationskoeffizienten von $R = -0.11$ für die lineare Beziehung zur Temperatur bzw. $R = -0.12$ für den linearen Zusammenhang zum Salzgehalt darf man davon ausgehen, daß die Tiefe auf die Clusterbildung direkt bzw. isoliert wirkt.

Aufgrund dieser Resultate wird untersucht, ob sich bei einem Vergleich der einzelnen Cluster auch ein signifikanter Unterschied hinsichtlich einer der beiden Faktoren Temperatur oder Salzgehalt ergibt. Da beide Größen untereinander hochkorreliert sind ($R = 0.9$), ist es aus Redundanz-Gründen notwendig, sich im Rahmen einer Varianz-Analyse zum Vergleich von Mittelwerten auf eine der beiden Variablen zu beschränken. Da-

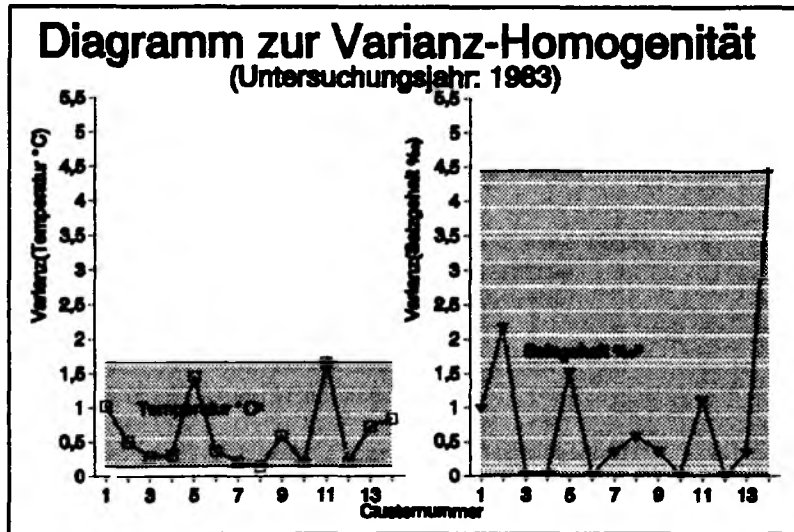


Abb. 36 Clusterbezogene Varianzen von Bodentemperatur (links) und Salzgehalt (rechts) in $^{\circ}\text{C}^2$ bzw. $\% ^2$ (1983, IYFS).

bei ist es aus statistischer Sicht sinnvoll, diejenige Variable auszuwählen, die die Hauptbedingung der ein-faktoriellen Varianzanalyse am besten erfüllt. Wenn man als wesentlichste Restriktion der ANOVA die Homoskedastizität überprüft, so fällt auf, daß die clusterbezogenen Varianzen der Bodentemperatur gegenüber denen des Salzgehaltes wesentlich geringer streuen, sprich erheblich homogener sind (vgl. die grauen Horizontalbänder in Abb. 36): Die kleinste Varianz der Bodentemperatur (0.14°C^2 in Stationen-Cluster 8) weicht mit dem 11.86-fachen nur wenig mehr als um das 10-fache (Daumenregel siehe Schuchard-Ficher *et al.*, [1983]) von der maximalen Varianz (1.66°C^2 in Stationen-Cluster 11) ab, wohingegen die Salzgehaltsdaten einen sehr hohen Heterogenitäts-Quotienten von 455 besitzen (maximale Varianz ist $4.45\% ^2$ in Stationen-Cluster 14, minimale Varianz ist $0.01\% ^2$ in Stationen-Cluster 12). Aus diesem Grunde bietet sich eine ANOVA mit den clusterbezogenen Temperaturdaten an. Nach Standardisierung der Temperaturdaten mit einer mittleren Standardabweichung von $0.75\% ^2$ ergibt sich als Resultat ein kritischer F-Wert von $F_{\text{crit}} = 25.53$ bzw. ein marginales Signifikanzniveau von $p = 0.0001$: Damit wird die Nullhypothese der Gleichheit der clusterbezogenen Temperatur-Mittelwerte auf dem 5%-Signifikanzniveau abgelehnt; aus statistischer Sicht sind die Temperaturen im Mittel in den einzelnen Stationen-Clustern signifikant verschieden. Danach darf man davon ausgehen,

TEMPERATUR* CLUSTER - BEZIEHUNG

Datenfile : 'E:\DATA\CLU83.DAT'
 Statistikdatei : 'E:\SASOUT\83TEMP.KOR'
 Jahr : 1983

(auf STD=0.7515412365 NORMIERTE Daten !)

General Linear Models Procedure

Bonferroni (Dunn) T tests for variable: TEMP

NOTE: This test controls the type I experimentwise error rate but generally has a higher type II error rate than Tukey's for all pairwise comparisons.

Alpha= 0.05 Confidence= 0.95 df= 307 MSE= 0.564814
 Critical Value of T= 3.49217

Comparisons significant at the 0.05 level are indicated by '***'.

CLUSTER Comparison	Simultaneous		Difference Between Means	Simultaneous	
	Lower Confidence Limit	Upper Confidence Limit		Upper Confidence Limit	***
6 - 1	0.9552	2.3102	1.6327	2.3102	***
6 - 11	0.3465	3.2635	1.8050	3.2635	***
6 - 9	1.0181	3.0492	2.0336	3.0492	***
6 - 5	1.2518	2.9018	2.0768	2.9018	***
6 - 8	1.2988	3.2779	2.2883	3.2779	***
6 - 7	0.8265	4.1135	2.4700	4.1135	***
6 - 2	1.6661	3.6000	2.6331	3.6000	***
6 - 14	1.8648	4.5352	3.2000	4.5352	***
12 - 1	0.6832	2.1608	1.4220	2.1608	***
12 - 11	0.1063	3.0822	1.5943	3.0822	***
12 - 9	0.7655	2.8804	1.8229	2.8804	***
12 - 5	0.9900	2.7422	1.8661	2.7422	***
12 - 8	1.0451	3.1101	2.0776	3.1101	***
12 - 7	0.5895	3.9290	2.2593	3.9290	***
12 - 2	1.4115	3.4332	2.4224	3.4332	***
12 - 14	1.6219	4.3566	2.9893	4.3566	***

Abb. 37 Multiple paarweise Vergleiche für die Temperatur nach Bonferroni.

4	- 1	0.7348	1.2602	1.7855	***
4	- 11	0.0381	1.4324	2.8268	***
4	- 9	0.7400	1.6611	2.5821	***
4	- 5	0.9987	1.7042	2.4097	***
4	- 8	1.0235	1.9158	2.8081	***
4	- 7	0.5105	2.0974	3.6843	***
4	- 2	1.3933	2.2605	3.1277	***
4	- 14	1.5626	2.8274	4.0923	***
10	- 1	0.5268	1.2227	1.9187	***
10	- 9	0.5957	1.6236	2.6516	***
10	- 5	0.8265	1.6668	2.5071	***
10	- 8	0.8761	1.8783	2.8806	***
10	- 7	0.4088	2.0600	3.7112	***
10	- 2	1.2431	2.2231	3.2031	***
10	- 14	1.4453	2.7900	4.1347	***
3	- 1	0.3374	0.8627	1.3881	***
3	- 9	0.3426	1.2636	2.1847	***
3	- 5	0.6013	1.3068	2.0123	***
3	- 8	0.6260	1.5183	2.4106	***
3	- 7	0.1131	1.7000	3.2869	***
3	- 2	0.9959	1.8631	2.7303	***
3	- 14	1.1652	2.4300	3.6948	***
13	- 5	0.1936	1.1432	2.0927	***
13	- 8	0.2592	1.3547	2.4502	***
13	- 2	0.6242	1.6994	2.7746	***
13	- 14	0.8508	2.2664	3.6819	***
1	- 6	-2.3102	-1.6327	-0.9552	***
1	- 12	-2.1608	-1.4220	-0.6832	***
1	- 4	-1.7855	-1.2602	-0.7348	***
1	- 10	-1.9187	-1.2227	-0.5268	***
1	- 3	-1.3881	-0.8627	-0.3374	***
1	- 2	0.2364	1.0003	1.7643	***
1	- 14	0.3708	1.5673	2.7637	***
11	- 6	-3.2635	-1.8050	-0.3465	***
11	- 12	-3.0822	-1.5943	-0.1063	***
11	- 4	-2.8268	-1.4324	-0.0381	***
9	- 6	-3.0492	-2.0336	-1.0181	***
9	- 12	-2.8804	-1.8229	-0.7655	***
9	- 4	-2.5821	-1.6611	-0.7400	***
9	- 10	-2.6516	-1.6236	-0.5957	***
9	- 3	-2.1847	-1.2636	-0.3426	***

Abb. 37 (Fortsetzung).

5	- 6	-2.9018	-2.0768	-1.2518	***
5	- 12	-2.7422	-1.8661	-0.9900	***
5	- 4	-2.4097	-1.7042	-0.9987	***
5	- 10	-2.5071	-1.6668	-0.8265	***
5	- 3	-2.0123	-1.3068	-0.6013	***
5	- 13	-2.0927	-1.1432	-0.1936	***
8	- 6	-3.2779	-2.2883	-1.2988	***
8	- 12	-3.1101	-2.0776	-1.0451	***
8	- 4	-2.8081	-1.9158	-1.0235	***
8	- 10	-2.8806	-1.8783	-0.8761	***
8	- 3	-2.4106	-1.5183	-0.6260	***
8	- 13	-2.4502	-1.3547	-0.2592	***
7	- 6	-4.1135	-2.4700	-0.8265	***
7	- 12	-3.9290	-2.2593	-0.5895	***
7	- 4	-3.6843	-2.0974	-0.5105	***
7	- 10	-3.7112	-2.0600	-0.4088	***
7	- 3	-3.2869	-1.7000	-0.1131	***
2	- 6	-3.6000	-2.6331	-1.6661	***
2	- 12	-3.4332	-2.4224	-1.4115	***
2	- 4	-3.1277	-2.2605	-1.3933	***
2	- 10	-3.2031	-2.2231	-1.2431	***
2	- 3	-2.7303	-1.8631	-0.9959	***
2	- 13	-2.7746	-1.6994	-0.6242	***
2	- 1	-1.7643	-1.0003	-0.2364	***
14	- 6	-4.5352	-3.2000	-1.8648	***
14	- 12	-4.3566	-2.9893	-1.6219	***
14	- 4	-4.0923	-2.8274	-1.5626	***
14	- 10	-4.1347	-2.7900	-1.4453	***
14	- 3	-3.6948	-2.4300	-1.1652	***
14	- 13	-3.6819	-2.2664	-0.8508	***
14	- 1	-2.7637	-1.5673	-0.3708	***

Abb. 37 (Fortsetzung).

daß auch die Temperatur einen gewissen steuernden Einfluß auf die Artenassoziationen hat.

Um zu sehen, welche Stationen-Cluster sich im einzelnen bezüglich des Temperatur-Regimes unterscheiden, sind zur Kontrastierung der Stationen-Cluster hier wieder der Test von Bonferroni sowie der von Scheffé durchgeführt worden. Es zeigt sich an dieser Stelle erneut, daß die Vertrauensbereiche des Scheffé-Testes um den Faktor 1.4 größer sind als die des Bonferroni-Testes. Aus diesem Grunde sind die Ergebnisse auf der Basis der multiplen Paarvergleiche von Bonferroni gewählt worden. Die entsprechenden Mittelwertdifferenzen mit den dazugehörigen Vertrauensbereichen der signifikant voneinander verschiedenen Cluster gehen aus dem SAS-

Output in Abb. 37 hervor: Bei einem Signifikanzniveau von 5% und 307 Freiheitsgraden wird deutlich, daß die überwiegende Anzahl der clusterbezogenen paarweisen Temperaturdifferenzen signifikant ist. Auf der Grundlage dieser Vertrauensbereiche konstruiert der Bonferroni-Test die folgenden 5 übergeordneten Cluster-Gruppen:

- A 6, 12, 4, 10, 3, 13
- B 3, 13, 1, 11
- C 13, 1, 11, 9, 5
- D 1, 11, 9, 5, 8, 7, 2
- E 9, 5, 8, 7, 2, 14.

Dabei ist die Gruppe A von den Gruppen D und E sowie die Gruppe B von E eindeutig getrennt, da sie keine gemeinsamen Elemente (Cluster) enthalten. Alle anderen Kombinationen weisen mehr oder minder starke Überlappungen auf.

2.1.1.6 Trennungsgrad und Homogenität der Cluster

Die nicht-parametrische Diskriminanzanalyse mit Normalkern, die hier zur Überprüfung des Trennungsgrades angewendet wurde (siehe Methodikteil dieses Kapitels), erzielt auf der Grundlage des One-Leaving-Out-Verfahrens (Jack-Knife-Verfahrens) folgende Resultate: es treten in den Untersuchungsjahren 1983 bis 1988 nur sehr wenige Fehlklassifikationen auf, sodaß die Gesamt-Fehlerrate zwischen 0.0541 und 0.1308 schwankt. Dabei liegt der prozentuale Anteil der Fehlklassifikationen aus allen Clustern im Jahr 1983 bei 10.70%, 1984 bei 13.08%, 1985 bei 5.41%, 1986 bei 11.34%, 1987 bei 10.92% sowie 1988 bei 12.57%. Auf dieser Grundlage ist die statistische Abgrenzung der einzelnen Cluster gegeneinander, d.h. der statistische Trennungsgrad der Cluster im Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 mit durchschnittlich mehr als 86% so gut, daß die statistische Homogenität der Post-Strata (Cluster) gewährleistet ist. Exemplarisch für sämtliche Ergebnisse des Untersuchungszeitraumes zeigt Abb. 38 die Resultate für das Jahr 1983. Als a-priori-Wahrscheinlichkeiten (Priors), mit der die individuellen (clusterbezogenen) Fehlerraten zur Berechnung der Gesamtfehlerrate gemäß der Bayes-Regel multipliziert werden [siehe Fahmeir *et al.*, 1984], sind hier die inversen Stations-Anzahlen je Cluster gewählt worden, um so die unterschiedliche Größe der Cluster (Aufretenswahrscheinlichkeit, Proportionalität) zu berücksichtigen. Die Abbildung zeigt, daß sich die individuellen Fehler-Raten zwischen minimal 0 für das Stationen-Cluster 14 und maximal 0.3077 für das Stationen-Cluster 8 bewegen; danach läßt sich das Stationen-Cluster 14 am besten von allen anderen Clustern trennen, während sich das Stationen-Cluster 8 am schlechtesten von den restlichen Clustern abgrenzt.

Um einen weiteren Anhaltspunkt für die Homogenität der Stationen-Cluster zu erhalten, ist es sinnvoll, zusätzlich ein Streuungsmaß zu konsultieren, mit dessen Hilfe sich die clusterinternen

NON-PARAM. DISCRIMINANT ANALYSIS : ART1-ART14
 > Normal kernels / Pool=yes -> Equal bandwidth <
 von: 'E:\DATA\CL183.DAT' / nach: 'E:\SASOUT\DIS83.STA'

402 Observations 401 DF Total
 14 Variables 388 DF Within Classes
 14 Classes 13 DF Between Classes

1. Classification Results for Calibration Data: WORK.DATEN

Squared Distance Function:

$$D(X,Y) = (X-Y)' \text{COV}^{-1} (X-Y)$$

Posterior Probability of Membership in each CLUSTER:

$$F(X|j) = n_j^{-1} \sum_i \exp(-.5 D(X,Y_{ji})^2 / R_{ji}^2)$$

$$\text{Pr}(j|X) = \frac{\text{PRIOR}_j F(X|j)}{\sum_k \text{PRIOR}_k F(X|k)}$$

2. Error Count Estimates for CLUSTER:

Cluster	1	2	3	4	5
Error Rate	0.0440	0.1071	0.2121	0.0556	0.2258
Priors	0.3955	0.0697	0.0821	0.0896	0.0771
Cluster	6	7	8	9	10
Error Rate	0.2222	0.2222	0.3077	0.1111	0.0625
Priors	0.0448	0.0224	0.0323	0.0448	0.0398
Cluster	11	12	13	14	Total
Error Rate	0.1250	0.1333	0.0909	0.0000	0.1070
Priors	0.0199	0.0373	0.0274	0.0174	

Abb. 38 Ausdruck der Ergebnisse zur nicht-parametrischen Diskriminanzanalyse mit Normal-kern für das Jahr 1983.

Schwankungen der auf bestimmte Ziel-Arten bezogenen Fänge vergleichend einschätzen lassen. Da der Variationskoeffizient durch seine Normierung über die mittleren Fänge je Art einen Vergleich der Streuungen verschiedener Ziel-Arten mit unterschiedlich hohen mittleren Fängen gewährleistet, wird dieser hier in seiner prozentualen Form als ein weiterer Index für die clusterinterne Homogenität der Fänge verwendet. In Hinblick auf die Analysen zum Sampling Error und die nachfolgenden Kapitel der Modellanpassung (Kap. 4) sowie der Simulation (Kap. 5) ist dieser für die drei Ziel-Arten *Gadus morhua* (Art 3), *Melanogrammus aeglefinus* (Art 6) und *Merlangius merlangus* (Art 7) und die Jahre 1983 bis 1988 clusterweise berechnet worden.

Abb. 39 zeigt exemplarisch die prozentualen Variationskoeffizienten dieser 3 Arten für das Jahr 1983 als Balken-Diagramme. Die gestrichelten horizontalen Linien darin geben die über

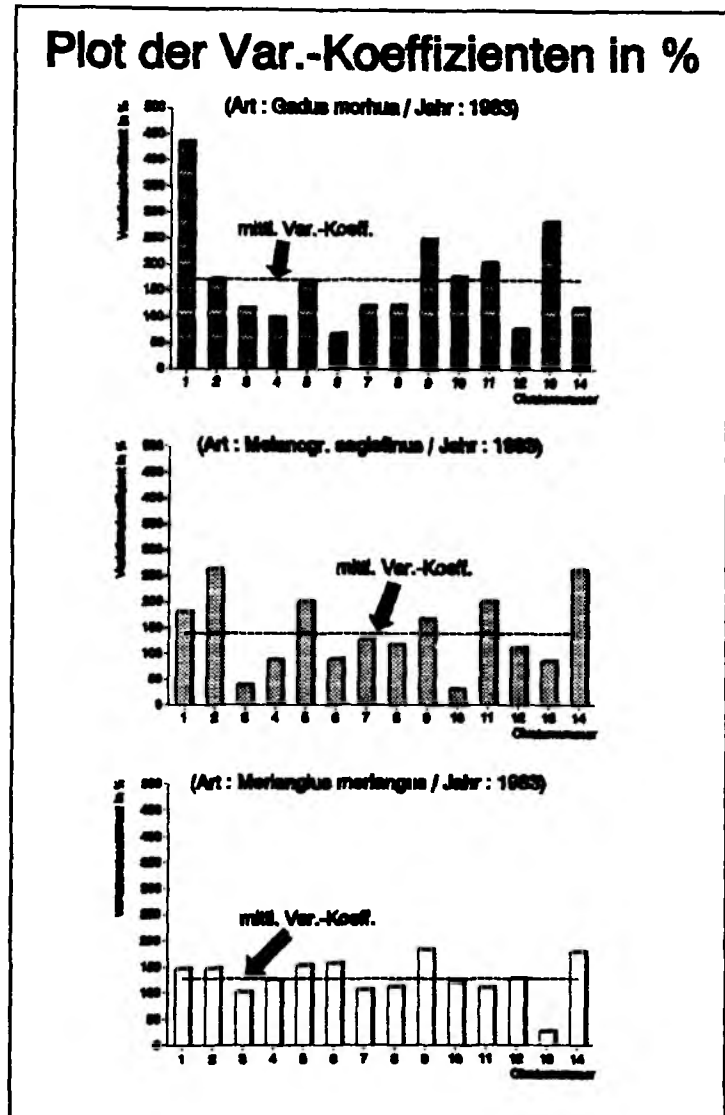


Abb. 39 Plots der clusterinternen Variationskoeffizienten (in %) der 3 Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* (1983).

sämtliche 14 Cluster des Jahres gemittelten %-Variationskoeffizienten an. An ihrer artenbezogen unterschiedlichen vertikalen Lage erkennt man, daß die Schwankungen für *Merlangius merlangus* gegenüber den beiden anderen Arten im Mittel deutlich geringer sind. Ferner geht aus der Abbildung hervor, daß die korrespondierende Spannweite der Werte für den prozentualen Variationskoeffizienten bei *Merlangius merlangus* vergleichsweise klein ist. Dies indiziert eine gegenüber den beiden anderen Ziel-Arten höhere clusterinterne Homogenität der Fänge.

M A S S Z A H L E N für den prozentualen Variationskoeffizienten						
		Untersuchungsjahr(e)	: 1983-1988			
		Variablen in der Analyse	: ART3 ART6 ART7			
(Sämtliche Angaben sind in %)						
Jahr	N	Variable	Minimum	Maximum	Spanne	Mittel
1983	14	ART3	67.35	435.20	367.85	171.86
		ART6	30.27	262.66	232.38	139.55
		ART7	26.80	181.87	<u>155.08</u>	<u>126.99</u>
1984	16	ART3	101.79	230.59	<u>128.79</u>	160.11
		ART6	20.06	356.58	336.52	170.83
		ART7	20.46	177.32	156.85	<u>105.33</u>
1985	10	ART3	38.91	480.46	441.55	164.45
		ART6	46.96	252.89	205.94	<u>138.79</u>
		ART7	48.51	197.36	<u>148.85</u>	139.20
1986	17	ART3	46.43	363.98	317.54	135.76
		ART6	15.83	300.45	284.62	140.98
		ART7	19.73	199.42	<u>179.69</u>	<u>102.52</u>
1987	15	ART3	77.10	451.36	374.26	180.90
		ART6	27.08	456.02	428.94	174.06
		ART7	31.22	157.71	<u>126.49</u>	<u>89.63</u>
1988	13	ART3	65.27	199.71	134.44	137.95
		ART6	44.66	425.26	380.60	175.02
		ART7	32.44	118.18	<u>85.73</u>	<u>80.67</u>

Abb. 40 Ausdruck clusterinterner Kenngrößen für die Variationskoeffizienten von *Gadus morhua* (Art3), *Melanogr. aeglefinus* (Art 6) und *Merl. merlangus* (Art 7) (Zeitraum: 1983 - 1988).

Das Bild erhärtet sich, wenn man den für den gesamten Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 gültigen SAS-Output in Abb. 40 betrachtet. In den beiden letzten Spalten für die Spannweiten bzw. die Mittelwerte der prozentualen Variationskoeffizienten sind die jeweils niedrigsten Werte besonders hervorgehoben dargestellt. Auch in dieser Abbildung weist *Merlangius merlangus* die geringsten clusterinternen mittleren Variationskoeffizienten mit den vergleichsweise geringsten Spannweiten auf. Eine Ausnahme bilden die Jahre 1984 und 1985: 1985 erweist sich der mittlere prozentuale Wert des Variationskoeffizienten von *Melanogrammus aeglefinus* mit 138.79% (gegenüber 139.20% für *Merlangius merlangus*) leicht geringer, obgleich die Spannweite seiner Variationskoeffizienten größer ist; für das Jahr 1984 streuen die Werte des prozentualen

Variationskoeffizienten von *Gadus morhua* mit 128.79% (gegenüber 156.85% für *Merlangius merlangus*) ausnahmsweise etwas weniger, wobei allerdings sein Mittelwert erheblich höher liegt.

2.1.2 Vergleich verschiedener Re-Stratifizierungs-Ansätze

Da sich ein deutlicher statistischer Effekt der Bodentiefe auf die Bildung von Artenassoziationen feststellen ließ und die Tiefe gleichzeitig eine zeitlich gesehen verhältnismäßig stabile Größe ist, die aus diesem Grunde in anderen fischereibiologischen Problemstellungen häufig als Stratifizierungs-Kriterium verwendet wird (siehe Einleitung), sollen im folgenden Ordinationsplots einer im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführten Tiefenstratifizierung präsentiert werden. Die Variable "Bodentiefe" ist dazu in Häufigkeitsklassen (20m-Tiefenstufen) eingeteilt worden, deren Stations-Koordinaten anschließend in ein zweidimensionales Länge-Breite-Diagramm projiziert worden sind. Aus Abb. 42, die diese Projektion der Häufigkeitsklassen für das Jahr 1983 zeigt, ist ersichtlich, daß sich die Tiefenstrata ausgehend von den relativ flachen Zonen im Bereich des Skagerak/Kattegat bzw. der süd-östlichen Nordsee (Deutsche Bucht) kontinuierlich entlang eines Tiefengradienten in die tiefergelegenen nördlichen Bereiche der Nordsee verlagern. Da die Tiefe naturgegebenmaßen eine über die Zeit relativ konstante Größe ist, ergibt sich für den gesamten Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 das gleiche Bild verhältnismäßig kompakter und geographisch zugleich relativ disjunkter Tiefenstrata, deren Positionen über die Jahre stabil ist.

Im folgenden wird untersucht, welche Güte die hier propagierte Clusterung, die hier präsentierte Tiefenstratifizierung, die Gesamt-Nordsee-Sichtweise sowie die ICES-Stratifizierung im Sinne des Sampling Errors aufweisen. Bei diesem Vergleich wird sich exemplarisch wieder auf das Jahr 1983 beschränkt. Um dabei einen etwas allgemeingültigeren Eindruck zu bekommen, wird die Darstellung anhand der drei im beigefügten Extra-Blatt mit einem Sternchen versehenen Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* vorgenommen.

Tab. 17 mit den für die Gesamt-Nordsee, für die ICES-Rectangles, für die Tiefenstrata und schließlich für die Stationen-Cluster berechneten Sampling Errors zeigt, daß diese über alle Untersuchungsjahre und sämtliche drei Arten hinweg in 77.78% für die Stationen-Clusterung zu den besten, d.h. niedrigsten Werten führt. Die besten Resultate zeigt in diesem Sinne die Stratifizierung dabei für die Art *Merlangius merlangus*. Dann kommt *Melanogrammus aeglefinus* und schließlich *Gadus morhua*.

Abb. 41 gibt ein zusammengesetztes Balken-Diagramm der aus den Sampling und Experimental Errors berechneten Bestimmtheitsmaße wieder, das einen optischen Vergleich der drei Stratifizierungs-Arten "ICES-Rectangles", "Tiefen-Strata" und "Stationen-Cluster" für die Jahre 1983 bis 1988 sowie die drei Ziel-Arten zuläßt. Die assoziierten R^2 -Werte sind in Tab. 18 angegeben.

Tab. 17 Sampling Error (gerundet) für *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Im statistischen Sinne beste Werte (= Minima) pro Jahr und Art sind hervorgehoben.

		<i>Gadus morhua</i>	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	<i>Merlangius merlangus</i>
1983	Nordsee	27886	1149902	690710
	Rectangles	42165	609578	446301
	Tiefe	28419	1150615	716770
	Cluster	27053	322719	256893
1984	Nordsee	66183	1591426	1751479
	Rectangles	68234	793383	1060478
	Tiefe	91190	1514940	1749842
	Cluster	57111	420122	487138
1985	Nordsee	15593	2123296	3273560
	Rectangles	19721	800784	2075790
	Tiefe	15793	1651632	3142160
	Cluster	15606	919650	1353132
1986	Nordsee	6694	1665815	2086892
	Rectangles	7753	783561	472935
	Tiefe	7331	1938024	1642199
	Cluster	6712	295444	373685
1987	Nordsee	105212	1795582	2714117
	Rectangles	140488	684671	1425502
	Tiefe	107468	1173470	2582850
	Cluster	103506	587096	657251
1988	Nordsee	2074	1309399	4391129
	Rectangles	919	709384	1092995
	Tiefe	2059	1024018	4240175
	Cluster	1943	381218	873306

Die in Tab. 18 auftretenden Nullwerte für die Gesamt-Nordsee resultieren daher, daß diese hier als ein "Einstratum"-System betrachtet wird. In einem solchen System sind keine weiteren Strata vorhanden, zwischen denen sich externe Streuungen messen ließen; dadurch ergibt sich gemäß Gl. (11) der Experimental Error zu Null, sodaß der Sampling Error in derselben Formel identisch mit dem Gesamtfehler wird.

Tab. 19 enthält die über die Jahre gemittelten artspezifischen Bestimmtheitsmaße. Auf der Basis dieser gemittelten Koeffizienten ergeben sich mit weitem Abstand zu allen anderen Stratifizierungsansätzen für die Arten *Merlangius merlangus* und *Melanogrammus aeglefinus* mit $R^2 = 0.73$ bzw. $R^2 = 0.71$ relativ hohe Erklärungsgehalte des Cluster-Modells, während für *Gadus morhua* mit $R^2 = 0.07$ nur eine äußerst schlechte Anpassung zu verzeichnen ist. Im letzteren Fall ist die Anpassung durch die Einteilung in ICES-Rectangles mit $R^2 = 0.32$ zwar erheblich besser, als bei den anderen Ansätzen, aber insgesamt immer noch recht schlecht. Offenbar läßt sich der Aggregationstyp von *Gadus morhua* nicht besonders gut durch die hier präsentierten Stratifizierungs-Modelle beschreiben bzw. anpassen.

Tab. 18 R^2 für *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*. Im statistischen Sinne beste Werte (= Maxima) sind hervorgehoben.

		<i>Gadus morhua</i>	<i>Melan. aeglef.</i>	<i>Merl. merl.</i>
1983	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.21</u>	0.55	0.58
	Tiefe	0.03	0.05	0.03
	Cluster	0.06	0.73	0.64
1984	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.48</u>	0.64	0.46
	Tiefe	0.05	0.08	0.12
	Cluster	0.17	<u>0.75</u>	0.73
1985	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.16</u>	0.57	0.49
	Tiefe	0.01	0.24	0.06
	Cluster	0.02	0.57	0.59
1986	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.35</u>	0.60	0.60
	Tiefe	0.03	0.07	0.06
	Cluster	0.03	0.83	0.83
1987	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.22</u>	0.69	0.50
	Tiefe	0.01	0.37	0.07
	Cluster	0.05	0.68	0.77
1988	Nordsee	0.00	0.00	0.00
	Rectangles	<u>0.53</u>	0.67	0.50
	Tiefe	0.03	0.24	0.06
	Cluster	0.10	<u>0.72</u>	0.81

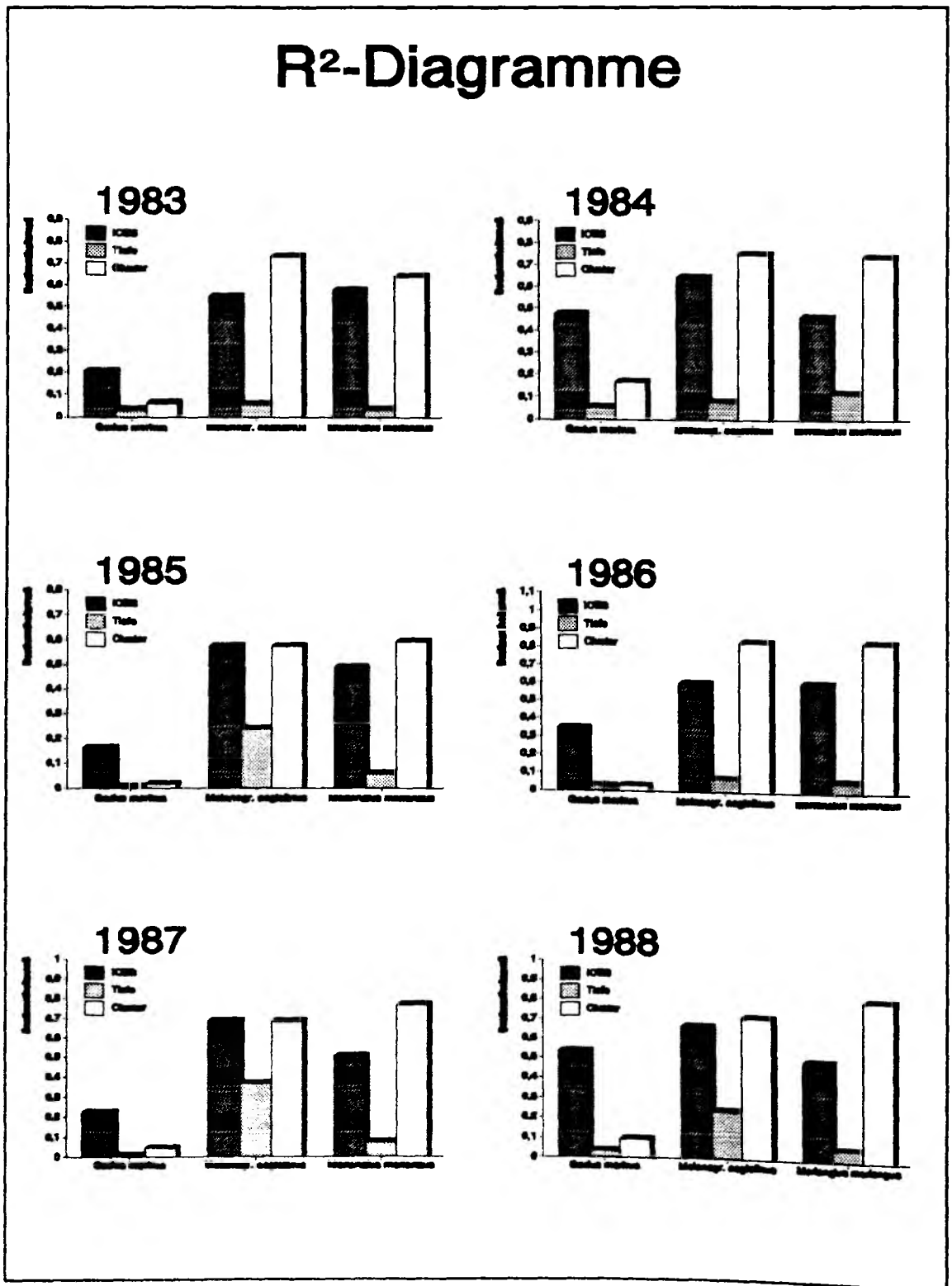


Abb. 41 Vergleichendes R²-Diagramm für "ICES-Rectangles", "Tiefen-Strata" und "Stationen-Cluster" (Untersuchungszeitraum: 1983 - 1988).

Ein Vergleich von Tab. 17 mit Tab. 18 zeigt, daß mit einem niedrigen Sampling Error nicht in jedem Fall ein hohes Bestimmtheitsmaß einhergehen muß, da in Formel (11) der Sampling Error immer über den Gesamtfehler normiert wird, der sich aus der Summe von Sampling und Experimental Error zusammensetzt (siehe Methodikteil dieses Kapitels).

Tab. 19 Über den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 gemittelte Bestimmtheitsmaße. Im statistischen Sinne beste Werte (= Maxima) pro Fischart sind hervorgehoben.

	<i>Gadus morhua</i>	<i>Melan. aeglef.</i>	<i>Merl. merl.</i>
Nordsee	0.00	0.00	0.00
Rectangles	<u>0.32</u>	0.62	0.52
Tiefe	0.03	0.17	0.07
Cluster	0.07	<u>0.71</u>	<u>0.73</u>

2.2 Diskussion

2.2.1 Methodik

Cluster-Analysen werden in der Fischereibiologie im Rahmen klassifikatorischer Fragestellungen u.a. zur

1. Gruppierung von Beständen, Populationen etc. auf der Basis von Altersstruktur- und/oder Alters-Längen-Daten [Ralston *et al.*, 1982; Sedberry *et al.*, 1984; Schweigert, 1985; Christensen, 1986],
2. Gruppierung von Arten [Arancibia, 1988],
3. Identifikation von trophischen Beziehungen auf der Basis von Nahrungsuntersuchungen [Bortone *et al.*, 1981; Macpherson *et al.*, 1987; Rice, 1988],
4. Identifikation von Gebieten u.a. auf der Basis von Artenzusammensetzungs-Daten [Murawski *et al.*, 1983; Brunenmeister *et al.*, 1988; Nemeč *et al.*, 1988] und schließlich
5. Identifikation von Gebieten u.a. auf der Basis von Daten abiotischer Information [Mahon *et al.*, 1984]

durchgeführt. Obleich dabei in den genannten Arbeitsgebieten fischereibiologische Aspekte mit Hilfe verwandter Prinzipien analysiert werden, gibt es trotzdem fundamentale Unterschiede zwischen den einzelnen Verfahren. Diese Unterschiede auf empirischer Ebene im Rahmen von Ergebnis-Vergleichen statistisch haltbar aufzuzeigen, ist aufgrund der unterschiedlichen experimentellen Rahmenbedingungen sowie formalen Voraussetzungen äußerst fragwürdig. Ein solcher Nachweis ist allgemeingültig nur auf formal-mathematischer Ebene zu führen, was jedoch nicht Gegenstand der vorliegenden Arbeit sein kann. In diesem Kontext seien insbesondere die

Abb. 42 1983: Plots der 11 Tiefenstrata. Die Tiefenstufen beruhen auf einer Einteilung der Bodentiefe in 20m-Klassen.

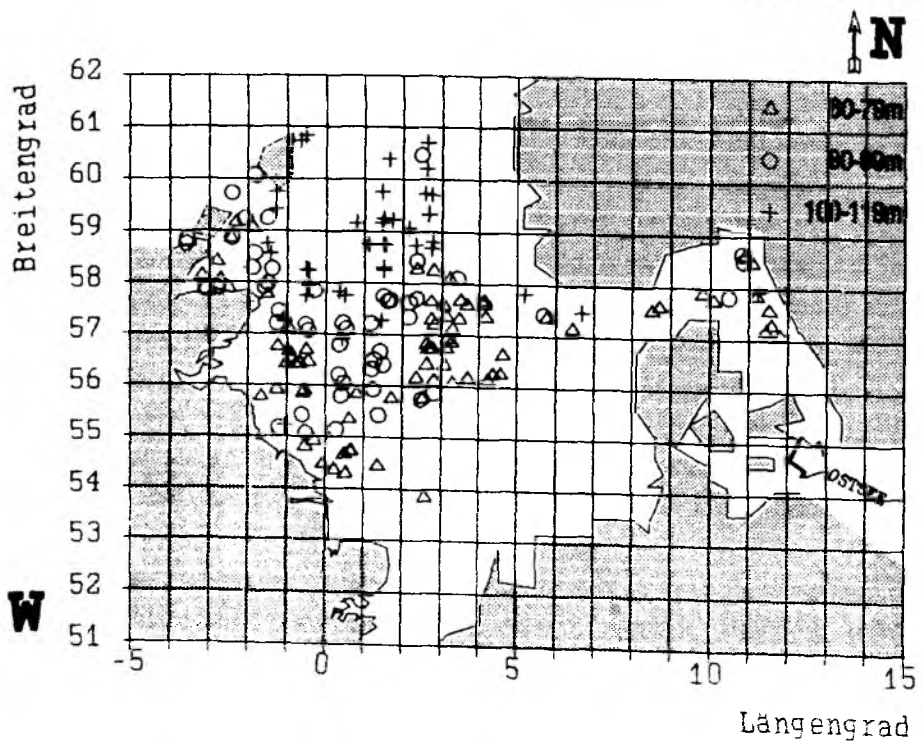
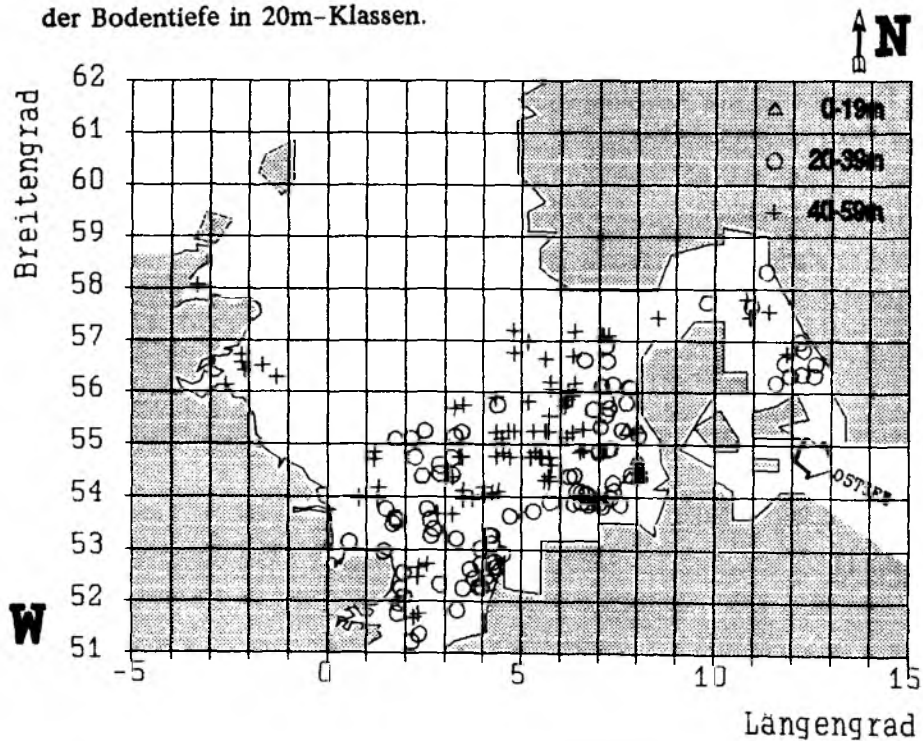
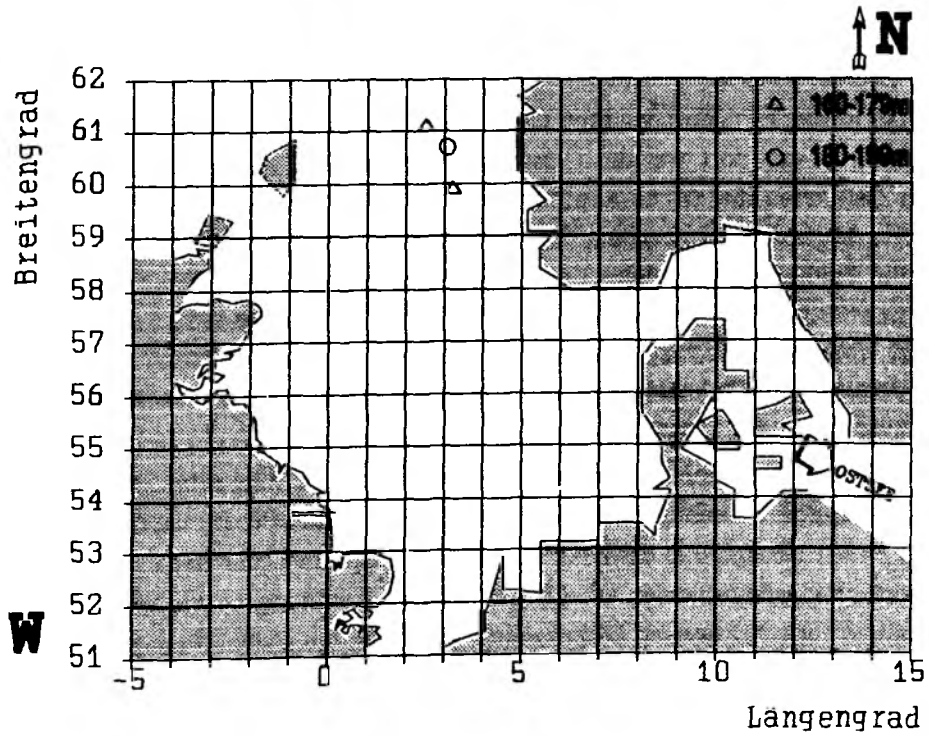
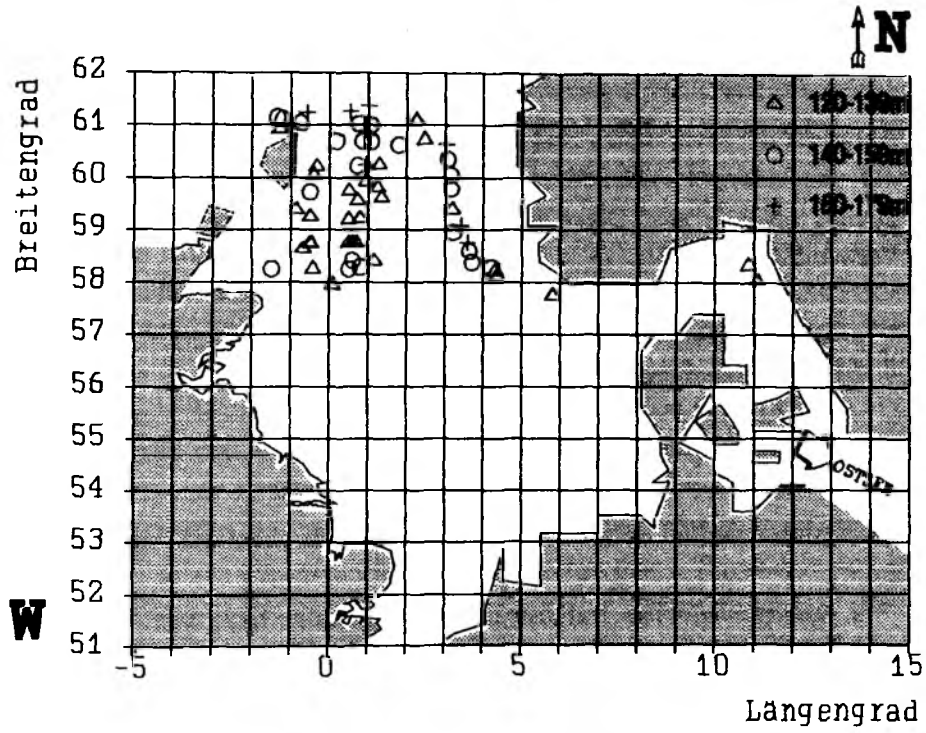


Abb. 42 (Fortsetzung).



Arbeiten von Daan *et al.* [1990] sowie von Kerstan [1991] erwähnt, da sich ihre Untersuchungen ebenso wie die der vorliegenden Arbeit auf die Nordsee beziehen und allen drei Arbeiten zugleich ähnliche statistische Prinzipien zugrundeliegen. Trotzdem existieren zwischen diesen drei Untersuchungen entscheidende Unterschiede in den Voraussetzungen:

1. Aufgrund der spezifischen Fragestellung dieser Arbeit fußt der hier verfolgte Ansatz auf den strengen statistischen Vorgaben aus der Theorie des Survey Sampling. Daraus ergeben sich Divergenzen zu den beiden anderen Arbeiten, die in der Verwendung
 - a. unterschiedlicher Distanz- bzw. Ähnlichkeitsmaße und
 - b. unterschiedlicher Clusterungs-Algorithmenliegen.
2. Die verwendete biologische Information basiert in allen drei Arbeiten auf
 - a. unterschiedlichen Datensätzen (geographische Lage und Anzahl der verwendeten Stationen, Untersuchungszeitraum, etc.),
 - b. einer unterschiedlichen Anzahl von Variablen und
 - c. unterschiedlichen bzw. unterschiedlich skalierten Variablen.

Aus diesem Grunde ist es auch nicht verwunderlich, daß Daan *et al.* [1990] für die Nordsee mit der Identifikation von 3 Clustern zu einer völlig anderen Clusterung gelangen als die vorliegende Arbeit, obgleich 7 der dort für die Clusterung verwendeten Arten identisch mit den hier verwendeten Ziel-Arten sind (siehe Kap. 2). Selbst bei sehr ähnlichen Rahmenbedingungen (wie im Fall der vorliegenden Arbeit), d.h. bei Verwendung gleicher Variablen, bei relativ hoher geographischer Stationarität der Fangpositionen sowie bei Anwendung desselben Clusterungs-Kriteriums und -Algorithmus kann es zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen kommen: die Resultate der vorliegenden Arbeit variieren für den Zeitraum 1983 bis 1988 zwischen 10 bis 17 Clustern pro Jahr.

Ähnlich differenziert muß man sich mit der Stabilität von Ergebnissen bei Fortlassen einzelner Arten als Clusterungs-Grundlage auseinandersetzen. So haben Vorversuche im Rahmen der vorliegenden Arbeit gezeigt, daß trotz Fortlassen der pelagischen Ziel-Art *Clupea harengus*, die in allen Untersuchungsjahren einen erheblichen Teil des Trennungsbeitrages der Cluster erklärt (siehe Ergebnisse zur schrittweisen Diskriminanz-Analyse), die gleiche Anzahl sowie nahezu die gleiche Lage und Form der Cluster identifiziert bzw. konstruiert worden sind. Erst bei zusätzlicher Elimination einer weiteren Art mit sehr hohem Erklärungsgehalt (*Sprattus sprattus*) änderte sich die Clusterung drastisch. Diese Beobachtung steht im krassen Gegensatz zu den Ergebnis-

sen von Kerstan [1991]. Denn anders als seine Ergebnisse andeuten, weist die hier verwendete Kombination der Verfahren von Ward und McQueen auf der Basis der vorliegenden Information offenbar ein gewisses konstruktionsimmanentes Kompensationsverhalten auf. In Zusammenhang mit stark variierenden Arten steht dabei vor allem zu vermuten, daß das multivariate Varianz-Kriterium durch seine Mittelungseigenschaften bei der Distanzberechnung zu einer gewissen Ausbalanzierung der Stationsinformation führt. Ein weiterer, diesen Prozeß überlagernder Effekt läßt sich für geographisch weniger stark schwankende Arten denken: Wenn eine Art von der Analyse ausgeschlossen wird, die geographisch überall mit der gleichen bzw. einer sehr ähnlichen Häufigkeit vorkommt, wird sich nichts bzw. sehr wenig an der relativen Artenzusammensetzung aller Stationen zueinander ändern; das führt in einem solchen Fall praktisch nur zu einer linearen Transformation der euklidischen Distanzen zwischen den einzelnen Stationen bzw. Stationen-Clustern. Da sich in einem solchen Fall die Lage des Minimums des Varianz-Kriteriums nicht verschieben würde, käme es nicht zu einer Umlagerung von Stationen. Möglicherweise aufgrund der Kombination beider Nivellierungs-Vorgänge hält sich die Abhängigkeit der Clusterung von einer einzelnen Art in Grenzen. Trotzdem ist das Clusterungsgeschehen überwiegend von einer aus 6 Arten bestehenden Gruppe, deren Erklärungsgehalte mit $R^2 > 0.56$ relativ hoch sind, geprägt (siehe Ergebnisse zur schrittweisen Diskriminanz-Analyse und zur Dominanz). Generell ist dabei zu bedenken, daß die in den Clusterungsprozeß integrierten Ziel-Arten im Sinne des Balogh'schen Konstanzmaßes (siehe Kap. 2) als wichtige Variablen identifiziert worden sind, die deshalb nicht so ohne weiteres von der Clusterung ausgeschlossen werden dürfen. Denn, da diese über den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 konstant als nicht-akzidentielle Arten relativ häufig mit mehr als 25% Wahrscheinlichkeit ($C > 25\%$) in den Fängen bzw. auf den entsprechenden Fang-Positionen vorkommen, ist anzunehmen, daß jede von ihnen einen partiellen Beitrag zur Bildung von Arten-Assoziationen beiträgt.

Ebenso spielt die Art der Behandlung (Transformation) der Roh-Fangdaten eine nicht unerhebliche Rolle für die endgültige Clusterungs-Lösung. Aus Gründen der leichteren Interpretierbarkeit ist in der vorliegenden Arbeit mit den untransformierten Fangdaten (Abundanzen) gearbeitet worden. Vorversuche, prophylaktisch eine jahres- sowie artenbezogene Standardisierung der Ausgangsdaten unter Verwendung des Nordsee-Gesamtmittels sowie der Nordsee-Gesamtvarianz je Art vor Anwendung des Clusterungsverfahrens durchzuführen, haben zu Clustern geführt, die sich statistisch nur sehr schlecht trennen ließen. Dies konnte im Zuge der Verifikation mit Hilfe einer nicht-parametrischen Diskriminanz-Analyse durch sehr hohe Fehlklassifikationsraten festgestellt werden (der Anteil an fehlklassifizierten Stationen lag in diesen Fällen bei ca. 60%).

Auch die Wahl des Verifikationsverfahren bzw. das Testen der Güte einer gewonnenen Cluster-Lösung ist nicht ganz unproblematisch und kann je nach Art der Bedingungen, die die einzelnen Methoden implizieren, zu recht unterschiedlichen Ergebnissen führen. Im vorliegenden Fall ist

ein nicht-parametrisches Verfahren der Diskriminanz-Analyse gewählt worden, das keine weiteren Annahmen über die zugrundeliegende Verteilungsform der geclusterten Fangdaten macht. Das Verfahren kommt hinsichtlich des Trennungsgrades der Cluster auf der Basis der untransformierten Fangdaten zu sehr guten Resultaten. Im Rahmen von Vorversuchen zur vorliegenden Arbeit ist die Annahme einer unbekanntem Verteilung der Ausgangsdaten gelockert worden: Unterstellt man dabei fälschlicherweise (siehe hierzu die Verteilungsformen in Kap. 4) eine multivariate NV der Fangdaten und führt dann eine auf dieser Annahme basierende Diskriminanz-Analyse mit quadratischen Diskriminanzfunktionen auf der Grundlage einer gepoolten Varianz-Kovarianz-Matrix (Mahalanobis-Distanzen) durch, so erhält man sehr hohe Fehlklassifikationsraten (über 60% fehlklassifizierte Stationen insgesamt); die versuchsweise Durchführung einer ebenfalls auf der multivariaten NV-Annahme fußenden kanonischen Diskriminanz-Analyse hat in diesem Zusammenhang beim Plotten der beiden mit den größten Eigenwerten ausgestatteten kanonischen Variablen gegeneinander graphisch zu relativ starken Überlappungen der zu diskriminierenden Bereiche geführt. Unter der falschen Voraussetzung einer multivariaten NV würde also sowohl die hohe Anzahl an Zuordnungsfehlern als auch der schlechte optische Trennungsgrad zu einem Verwerfen des vorliegenden Clusterungs-Ansatzes führen. Wendet man hingegen zur Verifikation (wie ebenfalls im Rahmen von Vorversuchen geschehen) eine lineare (Fisher'sche) Diskriminanz-Analyse an, die ebenso keine Annahmen über die zugrundeliegende Verteilungsform der Ausgangsdaten macht, so werden ähnlich gute Ergebnisse wie mit der nicht-parametrischen Diskriminanz-Analyse auf der Basis der Kernfunktionen erzielt (die Gesamtfehler-Raten lagen hier für den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 im Durchschnitt bei etwa 0.11).

2.2.2 Ergebnisse

Ein besonderer Gesichtspunkt bei der Bewertung der Clusterungs-Ergebnisse ist die räumliche Kompaktheit der Stationen-Cluster, die mit Ausnahme von Einzelfällen vergleichsweise gut ist: Dies deutet prinzipiell darauf hin, daß sich in gewisser Weise die Varianz-Optimierung bezüglich der 14 relevanten Fischarten in eine Territorialität von Artengesellschaften oder Artenassoziationen umsetzen läßt. Die Einzelfälle beziehen sich auf Cluster, die nicht als eine einzige Einheit organisiert sind, sondern mehrere Stationshaufen erkennen lassen. In einem solchen Fall erscheinen jedoch die Stationshaufen selbst verhältnismäßig kompakt; die Beobachtung derart zergliederter Stationen-Cluster widerspricht dabei durchaus nicht biologischen Vorstellungen, da weiter entfernt liegende Gebiete ähnlich strukturiert sein können, sodaß homologe oder konvergente Lebensbedingungen entstehen, die wiederum vergleichbare Artenkonstellationen hervorrufen. Auch aus statistischer Perspektive lassen sich derartige, in mehrere Untereinheiten aufgeteilte Systeme zusammenfassen, da sie durch den Clusterungs-Algorithmus zu im Sinne der Varianzminimierung homogenen sowie zu statistisch eindeutigen Stationen-Clustern geführt haben. Der Aspekt der Homogenität ist dabei ein unmittelbares Teil-Ziel der vorliegenden Arbeit, da durch Einhaltung dieser Restriktion die korrespondierende Bedingung des ZGWS

erfüllt wird, sodaß die Anpassung von Wahrscheinlichkeitsmodellen an empirische Häufigkeitsverteilungen statistisch unbedenklich ist (Kap. 4). Die Stratifizierung nach der Tiefe führt aufgrund natürlicher Gegebenheiten ebenfalls zu relativ komprimierten Strata, während die Kompaktheit der ICES-Rectangles aufgrund einer künstlichen Einteilung zustande kommt. Da die Ein-System-Sichtweise die gesamte Nordsee als eine einzige uniforme Einheit betrachtet, muß diese Art der Stratifizierung (bzw. Nicht-Stratifizierung) wegen der geographischen Ausdehnung der Nordsee als zu dispers angesehen werden; letzteres spiegelt sich auch in den durch dieses ganzheitliche Design induzierten Fehlern (Sampling Error) wieder, auf die weiter unten noch näher eingegangen wird.

Ein weiterer wichtiger Aspekt bei der Beurteilung der Clusterlösung in Hinblick auf die Ableitung einer Survey-Strategie ist die geographische Disjunktheit von Strata. Aus thematischen Gründen wird dieser Punkt schon an dieser Stelle angesprochen, obgleich er eigentlich erst in Kap. 6 relevant wird. Dort wird dieses Problem erneut aufgegriffen und versucht, ein Lösungsschema zu entwickeln. Die ICES-Rectangles haben in diesem Zusammenhang auf sehr artifizielle sowie die Tiefen-Strata auf naturgegebene Weise gegenüber allen anderen Ansätzen den Vorteil, sich geographisch nicht bzw. kaum zu überlagern und dabei zugleich zeitlich stabil zu sein. Betrachtet man auch die vorliegenden Cluster als flächiges Kontinuum, so sind diese wegen des relativ zu den Tiefen-Strata höheren Grades an Überlappungen als Beprobungseinheiten etwas im Nachteil. Dieser Nachteil hängt in erster Linie damit zusammen, daß man, wenn in den sich überlappenden Gebieten (Schnittmengen) Forschungsfänge durchgeführt würden, nicht genau sagen könnte, ob der Fang nun dem einen oder dem anderen Stationen-Cluster zugeordnet werden muß. Biologisch ist eine solche Nicht-Disjunktheit von Gebieten durchaus nicht untypisch, da homogene Lebensbereiche durch intra- sowie interspezifische Austauschvorgänge zwischen ihnen nie ganz eindeutig voneinander abgegrenzt werden können. Eine Ausnahmestellung kommt im Falle der vorliegenden Clusterung dabei offenbar dem Cluster 1 zu: es scheint sich um ein Cluster zu handeln, das im Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 eine Art "statistisches Rauschen" repräsentiert, da es ein sehr disperses, die Gesamt-Nordsee überlagerndes Cluster ist; es läßt sich in keinem der Jahre eine Art identifizieren, die für dieses Cluster eine für ihre Verhältnisse besonders hohe Präferenz entwickelt; auch die Dominanzen bewegen sich im durchschnittlichen Bereich; die Individuendichten sind konstant die gegenüber den anderen Clustern niedrigsten; danach scheint Cluster 1 sich für jedes Jahr um ein Sammel-surium an Stationen zu handeln, das mit "Durchschnittsfängen" besetzt ist.

Ein wesentliches Bewertungskriterium ist die Betrachtung der Fehler, die bezogen auf einzelne Ziel-Arten durch die jeweilige Strategie induziert werden. Betrachtet man sich in diesem Zusammenhang die Ergebnisse zum Sampling Error und des aus ihm abgeleiteten Bestimmtheitsmaßes, so repräsentieren die Ein-System-Sichtweise der Nordsee, die Tiefen-Strata sowie die ICES-Rectangles im Durchschnitt den Aggregationszustand der drei untersuchten Arten nicht ausreichend. Die Nordsee-Sichtweise hat dabei als "Ein-Stratum-Ansatz" am schlechtesten

abgeschnitten. Gegenüber der Tiefenstratifizierung hat die Stationen-Clusterung auf der Grundlage der drei untersuchten Arten die weitaus besseren Resultate geliefert. Ebenso liegen ihre Ergebnisse bezüglich des Sampling Errors in fast allen Fällen deutlich über denen der ICES-Rectangles, für zwei der drei Arten auch bezüglich des Bestimmtheitsmaßes. Da diese beiden Arten zu der Gruppe der sieben Ziel-Arten zählen, die im Zuge der schrittweisen Diskriminanz-Analyse einen signifikanten Trennungsbeitrag geliefert haben, kann man davon ausgehen, daß die Einteilung der Cluster ebenso repräsentativ ist für die restlichen fünf Arten mit einem signifikanten Trennungsbeitrag.

Wenn man die Auswirkungen der vier Strategien auf den Sampling Error und des aus ihm berechneten Bestimmtheitsmaßes nach Arten differenziert, zeigt sich für die drei untersuchten Ziel-Arten eine recht unterschiedliche Anpassungs-Qualität an die einzelnen Stratifizierungsmuster. So wird *Gadus morhua* im Mittel am besten durch die Einteilung in ICES-Rectangles beschrieben, wobei allerdings die Güte dieser Anpassung durch ein sehr niedriges Bestimmtheitsmaß ausgewiesen wird. Zu vermuten ist, daß *Gadus morhua* in kleinerskaligen, in sich homogenen Gruppierungen vorkommt, die relativ gleichmäßig über die Gesamt-Nordsee verstreut sind und durch eine hohe Anzahl an Strata besser erfaßt werden können: Offenbar wächst durch die experimentelle Zusammenfassung mehrerer solcher kleinerskaligen, homogenen Gruppierungen zu größeren Einheiten (Clustern) die Gesamt-Heterogenität. Dieser Heterogenitätszuwachs führt dann im Falle der vorliegenden Clusterung hinsichtlich der Fangzahlen zu Variationskoeffizienten, die in den einzelnen Jahren sowie Clustern mit 38% bis 481% vergleichsweise stark schwanken. In diesem Sinne läßt sich auch der schlechte partielle Trennungseffekt bei der schrittweisen Diskriminanz-Analyse für die vorliegende Clusterung deuten. Hingegen werden offenbar die Aggregationsmuster von *Melanogrammus aeglefinus* und insbesondere von *Merlangius merlangus* recht gut durch die hier vorgeschlagene Stationen-Clusterung wiedergegeben. Das deutet auf einen Aggregationstyp dieser zwei Arten hin, der durch größere, aber in sich homogene Klumpen (in diesem Fall Stationen-Cluster) besser erfaßt werden kann. Bei beiden Arten wirkt sich diese Homogenität der Cluster im Zuge einer Berechnung des Sampling Error durch ein sehr hohes R^2 aus. Untermauert wird dies durch ihre außerdem recht hohen artenbezogenen (partiellen) Bestimmtheitsmaße aus der schrittweisen Diskriminanz-Analyse. Bei *Merlangius merlangus* wird diese Beobachtung durch seine vergleichsweise nahe beieinander liegenden Variationskoeffizienten in den einzelnen Clustern noch zusätzlich unterstützt (die Spannweite beträgt 19% bis 199%). Weitere Anhaltspunkte zur Qualität, mit der sich die Verteilungsmuster dieser drei Ziel-Arten durch die Clusterung repräsentieren lassen, werden durch das Anpassen von Häufigkeitsverteilungen an die geclusterten Fangdaten sichtbar (siehe Kap. 4).

Unterstrichen werden die artenbezogenen Resultate zum Sampling Error sowie zur schrittweisen Diskriminanz-Analyse durch die global orientierten Ergebnisse aus der nicht-parametrischen Diskriminanz-Analyse. Diese zeigen im Durchschnitt der Untersuchungsjahre 1983 bis 1988 mit

86% Richtigklassifikationen einen sehr guten Trennungsgrad der vorliegenden Cluster bei simultaner Einbeziehung aller 14 Ziel-Arten an. Eine im Rahmen von Vorversuchen durchgeführte Analyse des Trennungsgrades der Tiefen-Strata, ebenfalls auf der Basis einer nicht-parametrischen Diskriminanz-Analyse, hat dort unter simultaner Einbeziehung ebenfalls aller 14 Ziel-Arten zu einer weitaus geringeren Gesamtrate an Richtigklassifikationen geführt (etwa nur 40%): Danach stellt die Tiefenstratifizierung aus statistischer Sicht nicht nur für ausgewählte einzelne Arten, sondern auch für alle 14 Ziel-Arten gemeinsam keine optimale Lösung dar.

Bei der Interpretation der Stationen-Cluster in ökologischer Hinsicht ist festzuhalten, daß zumindest statistisch signifikante Effekte der Tiefe sowie der Boden-Temperatur nachgewiesen werden konnten; dieses Ergebnis erscheint plausibel, da es sich bei beiden um umweltgestaltende abiotische Variablen handelt, die durchaus einen Einfluß auf die Bildung von Artenassoziationen haben könnten; die Temperatur ist dabei zusätzlich mit dem Salzgehalt hoch korreliert, sodaß auch diese Größe mittelbar eine Rolle spielen könnte; da die beiden Größen "Bodentemperatur" und "Fangtiefe" zumindest nicht linear miteinander in Beziehung stehen (siehe Ergebnisse aus der Korrelationsanalyse), steht zu vermuten, daß diese eher direkt bzw. isoliert wirken. Die Ergebnisse zum Sampling Error indizieren jedoch, daß die Tiefe als ein mögliches Kriterium für eine Stratifizierung der Nordsee alleine nicht ausreicht, um die Variation einzelner Arten erklären bzw. reduzieren zu können, obwohl auf ihrer Basis geographisch relativ kompakte sowie disjunkte Strata erzeugt werden konnten.

Betrachtet man sich die Clusterung unter dem Gesichtspunkt interspezifischer Wechselbeziehungen, so lassen sich die Untersuchungen zur Dominanz-Struktur der Arten als Indiz hinzuziehen. Es zeigt sich dabei, daß *Gadus morhua* mit *Eutriglia gurnadus*, *Hippoglossoides platessoides* mit *Raja radiata*, *Limanda limanda* mit *Pleuronectes platessa*, *Platichthys flesus* mit *Hippoglossoides platessoides* sowie *Raja radiata*, und schließlich *Trisopterus minutus* mit *Raja radiata* positiv-linear gekoppelt sind, während *Trisopterus esmarki* eine negativ-lineare Kopplung zu *Pleuronectes platessa* sowie zu *Platichthys flesus* aufweist. Ob sich die beiden negativ gekoppelten Prozesse als temporäre Räuber/Beute-Effekte oder als Verdrängungsprozesse (Konkurrenz, Kopplung zu abiotischen Variablen) erklären lassen, läßt sich im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht feststellen. Die proportionale Kovariation von *Gadus morhua* und *Eutriglia gurnadus* kann vielleicht damit erklärt werden, daß beide an ein ähnliches Spektrum von Nährtieren gebunden sind und daß dieses in dem Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 möglicherweise spezifisch variierte. Die Kopplung der Plattfischarten untereinander und zu *Raja radiata* läßt sich vermutlich auf die ähnliche demersal-stationäre Lebensweise zurückführen. Prinzipiell müssen dabei die Faktoren, die hier als Steuermechanismen wirksam werden, global wirken, da die Aussagen auf über die Cluster gemittelten Dominanz-Angaben beruhen, die damit für die Gesamt-Nordsee gültig sind, und nicht nur für spezielle geographische Unterbereiche derselben.

Wenn man die Stationen-Cluster unter dem Aspekt von Nahrungsbeziehungen interpretieren will, ergibt sich das grundsätzliche Problem, daß die Clusterungs-Ergebnisse in statistischer Hinsicht nicht absicherungsfähig sind: Es ließe sich allenfalls rein spekulativ festlegen, wie die inter- sowie intraspezifischen Beziehungsstrukturen (Konkurrenz, Räuber-Beute-Relationen, Kannibalismus) zwischen den bzw. innerhalb der Arten in den einzelnen Stationen-Clustern aussehen, da im

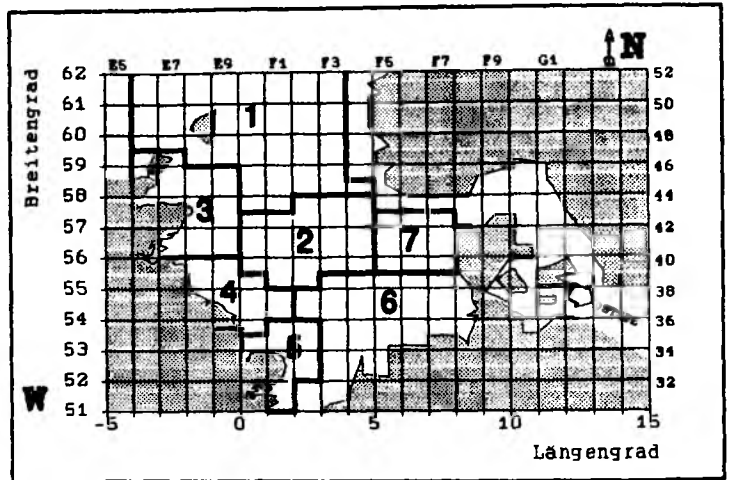


Abb. 43 Definition der sogenannten "Roundfish Areas" bei der Auswertung des "Stomach Sampling Projects" [Anon., 1989b].

Rahmen des IYFS simultan keine korrespondierenden Nahrungsuntersuchungen durchgeführt werden. Externe Informationsquellen können nicht genutzt werden, da sich im Fall der vorliegenden Arbeit über den Zeitraum 1983 bis 1988 hinweg keine geographisch stabilen, d.h. stationären Bereiche (Cluster) identifizieren ließen, denen man externe Untersuchungsergebnisse eindeutig zuordnen kann. Als einzige die Nordsee ganzheitlich abdeckende Untersuchungen zur Nahrungs-Problematik kämen in diesem Kontext das "Stomach Sampling Project" [Anon., 1989b] sowie die Arbeit von Daan *et al.* [1990] in Betracht, deren Auswertungen sich auf dieses Projekt stützen. Allerdings ist die Untersuchung 1981, also vor dem hier betrachteten Untersuchungszeitraum durchgeführt worden, sodaß eine temporäre Zuordnung zu den hier vorliegenden Daten nicht gegeben ist. Daan *et al.* [1990] betonen in diesem Zusammenhang, daß die räumliche und zeitliche Variabilität bezüglich Nahrungsressourcen der in ihrer Arbeit betrachteten Arten selbst im kleinerskaligen Bereich der Nordsee durch eine außerordentlich hohe Dynamik gekennzeichnet ist. Bestätigt wird die Vermutung, daß die Nordsee ein temporär ziemlich instabiles System ist, durch die im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführten Trendanalysen auf der Grundlage jahresweise gemittelter Dominanzen. Auch die jahresbezogene Variation der Clusterzahlen weist auf eine hohe Dynamik dieses Systems hin. Ein weiteres Problem ist nach Erkenntnis von Daan *et al.* [1990] die Detektion der Beutegröße als Schlüsselfaktor. Trotzdem dieser Aspekt in ihrer Arbeit teilweise kompensiert werden konnte, da sich ihre Analysen auf Altersgruppen-Angaben stützen ließen, sind aus ihrer Sicht eine Menge Fragen offengeblieben. Sinnvolle Aussagen zu Nahrungsbeziehungen (Räuber-Beute-Schemata, Konkurrenz) können danach überhaupt nur dann getroffen werden, wenn man Informationen über die Alterstruktur betroffener Ziel-Arten besitzt. Im vorliegenden Fall jedoch beziehen sich die Clusterungen wegen der Unzulänglichkeit des IYFS-Datenmaterials auf Abundanzen von Arten und nicht auf Abundanzen von Altersgruppen. Da sowohl der Report zum "Stomach

Sampling Project 1981" [Anon., 1989b] als auch die Arbeit von Daan *et al.* [1990] die Kenntnis der Altersklassenstruktur voraussetzt, lassen sich beide Untersuchungen als externe Quellen für einen Vergleich mit der vorliegenden Arbeit also nicht hinzuziehen. In dem Report sind außerdem die Magenuntersuchungs-Ergebnisse von insgesamt nur 5 Arten ausgewiesen, von denen sogar nur 3 mit den hier interessierenden 14 Arten übereinstimmen, nämlich *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus*. Zudem bezieht sich der Bericht auf eine völlig andere Einteilung der Nordsee in Beprobungs- bzw. Auswertungseinheiten: Abb. 43 zeigt die sogenannten "Roundfish-Areas" 1 bis 7, auf die sich die Ergebnisse des Reports und der Arbeit von Daan *et al.* [1990] beziehen. Neben den Untersuchungen zur Altersstruktur fehlen im IYFS-Datensatz ferner entsprechende Angaben und Analysen zur Plankton- und Benthosverteilung als Nahrungsressourcen bestimmter Arten bzw. Altersgruppen, die den korrespondierenden Gebieten und Untersuchungszeiträumen (Jan./Febr.) zugeordnet werden können. Betrachtet man die Cluster als kontinuierliche Flächen, hat auch das Überlappungs-Problem der Cluster in dieser Hinsicht negative Auswirkungen auf die wissenschaftliche Interpretierbarkeit der vorliegenden Resultate, da dadurch eine eindeutige Zuordnung biologischer Fakten (bezüglich komplexerer multivariater Nahrungsbeziehungen) zu den sich überschneidenden Bezirken der Artenassoziationen praktisch unmöglich ist. Fazitär scheint es für Daan *et al.* [1990] unumgänglich, die Datensammlung zukünftig in Hinblick auf eine bessere Koordination von Informationen zu reorganisieren. Nach ihrer Ansicht ist es in diesem Zusammenhang unbedingt notwendig, auf die hohe Variabilität des Systems durch Einbeziehung eher dynamischer als statischer Variablen in einen prospektiven Modellierungs-Ansatz zu reagieren, die in der Lage sind, temporäre Änderungen z.B. in der Artenzusammensetzung anzuzeigen bzw. aufzufangen.

Als Fazit dieser Arbeit läßt sich resümieren, daß der vorliegende Clusterungs-Ansatz einen recht hohen Erklärungsgehalt der artenbezogenen Variationen besitzt (Sampling Error, schrittweise sowie nicht-parametrische Diskriminanz-Analyse). Auf diese Weise erfüllt er die in der Einleitung formulierten Bedingungen des ZGWS (Homogenität, Nicht-Degeneriertheit), und zwar erheblich besser als irgendein anderer, der hier präsentierten Stratifizierungs-Ansätze. Ferner lassen sich die Cluster aus ökologischer Sicht verhältnismäßig plausibel interpretieren (geographische Kompaktheit sowie Überlappung, Dominanz- und Präferenzstruktur, Wechselbeziehungen, Trends, Effekte durch abiotische Faktoren), sodaß diese insgesamt eine recht hohe Repräsentativität für die Artenassoziationen erhalten, die auf der Grundlage der im Sinne des Balogh'schen Konstanzmaßes 14 wichtigsten Nordsee-Arten gebildet werden. Schließlich berücksichtigt das hier verwendete Clusterungs-Verfahren den Aspekt der hohen Dynamik in der Nordsee, indem es die jährlichen Unterschiede in den Artenassoziationen erfaßt. Insgesamt sind damit vor allem die statistischen Grundlagen für die in Kap. 4 durchzuführende Anpassung eines Verteilungsmodells an die geclusterten Daten geschaffen.

4 Die Ableitung eines modularen Verteilungsmodells als Grundlage für Simulations-Experimente

4.1 Theorie und Vorgehen im Rahmen der Modellanpassung

Um als zweites Teil-Ziel der vorliegenden Arbeit bei drei exemplarisch ausgewählten Ziel-Arten, für die im Zuge der Re-Stratifizierung schon der Sampling Error berechnet worden ist (Kap. 3) und die in der Artenliste (Kap. 2) bzw. dem Extra-Blatt mit "*" gekennzeichnet sind, zu einer möglichst realistischen Beschreibung zugrundeliegender Fanghäufigkeits-Verteilungen zu gelangen, wird im Zuge der Konstruktion eines Verteilungsmodells die Anpassung der sehr flexiblen Beta-Verteilung (β -Verteilung) an die stationsweise geclusterten Fangdaten aus Kap. 3 vorgenommen.

Das Resultat der Anpassung soll ein modulares Verteilungs- bzw. Wahrscheinlichkeitsmodell sein. Modular deshalb, weil bei der Modellanpassung die Parameter des β -Verteilungs- bzw. Wahrscheinlichkeitsmodells für die drei Ziel-Fischarten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangius* separat für jedes Jahr des Untersuchungszeitraumes 1983 bis 1988 und für jedes Stationen-Cluster getrennt aus den IYFS-Daten geschätzt werden.

Hauptaufgabe dieses Wahrscheinlichkeitsmodells ist es, in einem späteren Stadium der Arbeit als Grundlage für Simulations-Experimente zu dienen (Kap. 6). Außerdem soll es ermöglichen, unverzerrte (erwartungstreue) Aussagen über mittlere Fangzahlen mit einer kalkulierbaren Sicherheit treffen zu können. In der Regel wird diese Sicherheit unter Einbeziehung geschätzter mittlerer Fänge durch Vertrauensintervalle um Erwartungswerte herum ausgedrückt. Konfidenzintervalle, die auf der Annahme normalverteilter Daten basieren, sind per Konstruktion immer symmetrisch und berücksichtigen damit oft nicht, daß der Schwerpunkt eines realen, aus Fangdaten gebildeten Histogramms nicht zentral, sondern stark nach links verschoben liegt. Ferner können sie die Unsicherheit eines Mittelwertes erheblich überschätzen, wenn die Fangdaten tatsächlich nicht normalverteilt sind.

Die Überlegungen, die in der Einleitung zu dieser Arbeit in Zusammenhang mit der ICES-Stratifizierung sowie zur NV- und ZGWS-Theorie angestellt worden sind, gelten prinzipiell auch für die im Zuge der Clusterung re-stratifizierten Fangdaten. Dabei wird in diesem Kapitel davon ausgegangen, daß die Anwendung des Stratifizierungsverfahrens aus Kap. 3 zu homogenen

Post-Strata geführt hat, sodaß sich "nicht-degenerierte" empirische sowie theoretische Verteilungen für ausgewählte Zielarten konstruieren bzw. anpassen lassen. Das prinzipielle Vorgehen im Rahmen von Anpassung und Verifikation wird durch Abb. 44 in Form eines Ablaufdiagramms schematisch dargestellt.

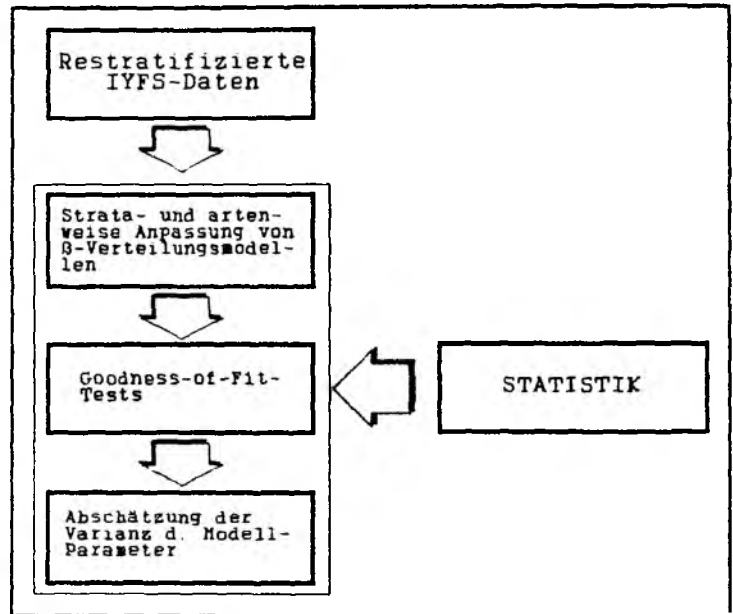


Abb. 44 Vorgehen bei der Anpassung einer β -Verteilung an die Fangdaten.

Zur Einführung der β -Verteilung in die fischereibiologische Literatur, sollen zunächst ihre Charakteristika vorgestellt und anschließend die Prinzipien der Anpassung an die geclusterten Fangdaten sowie der statistischen

Verifikation des resultierenden modularen Verteilungsmodells näher erläutert werden. In einem späteren Abschnitt dieses Kapitels werden die Ergebnisse aus der konkreten Modellanpassung dargestellt. Das Kapitel wird mit einer Diskussion der Resultate abgeschlossen. Hinsichtlich der Präsentation von Häufigkeitsdarstellungen (Histogrammen) in der vorliegenden Arbeit sei schon an dieser Stelle angemerkt, daß sich die Ordinaten-Angaben in den Häufigkeits-Diagrammen immer auf absolute und nicht auf relative oder kumulative Klassenhäufigkeiten beziehen werden.

4.1.1 Wichtige Charakteristika der β -Verteilung

Die β -Verteilung ("unvollständige Betafunktion")

$$f_{Art_{\text{norm}}} = \begin{cases} \frac{1}{B(a,b)} (Art_{\text{norm}})^{a-1} (1 - Art_{\text{norm}})^{b-1} & 0 < Art_{\text{norm}} < 1; \quad a, b > 0 \\ 0 & \text{andererseits} \end{cases}$$

wohin

$B(a,b)$: Beta-Funktion

Art_{norm} : in das Intervall [0,1] transformierte, artenbezogene Fangzahlen

(12)

ist genau wie die Normalverteilung eine stetige (kontinuierliche) Verteilung. Ihre Dichtefunktion ergibt sich aus Gleichung (12) mit dem korrespondierenden Erwartungswert (Gleichung (13))

$$E[Art_{\text{norm}}] = \frac{a}{a+b} \quad (13)$$

und der theoretischen Varianz (Gleichung (14))

$$VAR[Art_{\text{norm}}] = \frac{a b}{(a+b+1)(a+b)^2} \quad (14)$$

[Rohatgi, 1976]. Die Dichtefunktion entspricht im empirischen Bereich der relativen Häufigkeitsverteilung. Während der Erwartungswert (1. Moment der Verteilung) das Zentrum der β -Verteilung angibt, beschreibt die theoretische Varianz ihre Streuung. Insbesondere für die Modellanpassung im Rahmen der Momenten-Schätztechnik wird außerdem das sogenannte 2. Moment der Verteilung benötigt, das man gemäß Formel (15) erhält [Burkhart & Strub, 1974].

$$E[(Art_{\text{norm}})^2] = \frac{(a+1)a}{(a+b+1)(a+b)} \quad (15)$$

Die β -Verteilung wird eindeutig durch die beiden Formparameter a und b bestimmt, wobei beide Parameter größer als 0 sein müssen. Formparameter deshalb, weil diese verantwortlich für die Variabilität ihrer Form sind. Durch die Eigenschaft, ihre prinzipielle Gestalt durch Wahl der Parameter verändern zu können, unterscheidet sich die β -Verteilung sowohl von der NV als auch von den meisten anderen Verteilungen: Sie kann sich sehr unterschiedlichen Verteilungsformen realer Fangdaten in besonders flexibler Weise anpassen [Boswell *et al.*, 1979].

Der Ausdruck $B(a,b)$ gibt der β -Verteilung ihren Namen: Es ist die sogenannte Beta-Funktion. Wie aus Gleichung (16) hervorgeht, ist dieser Term dafür verantwortlich, daß sowohl die Dichte- als auch die Verteilungsfunktion (siehe Kap. 5) keine geschlossene Form besitzen [Rohatgi, 1976]. Aus

$$\begin{aligned} B(a,b) &= \int_0^1 (Art_{\text{norm}})^{a-1} (1-Art_{\text{norm}})^{b-1} dArt_{\text{norm}} \\ &= \frac{\Gamma(a) \Gamma(b)}{\Gamma(a+b)} \end{aligned} \quad (16)$$

worin

$\Gamma(\cdot)$: Gamma-Funktion

Formel (16) wird außerdem ersichtlich, daß die β -Verteilung über den Term $\Gamma(\cdot)$, die sogenannte Gammafunktion oder "verallgemeinerte Fakultät", mit der Gammaverteilung verknüpft ist, aus der sich z.B. auch die Exponentialverteilung herleiten läßt.

Die Flexibilität der β -Verteilung läßt sich also schon aufgrund mathematischer Beziehungen zu anderen Verteilungen erklären. Weitere Verknüpfungen ergeben sich auf diesem Wege beispiels-

weise zur F-Verteilung sowie zum Binomial- und Negativ-Binomial-Prozeß [Boswell et al., 1979]. Boswell et al. [1979] behaupten sogar, daß sich durch die β -Verteilung praktisch jede unimodale Verteilung erzeugen läßt und unter bestimmten Bedingungen sogar eine bimodale, wenn nämlich die beiden Modi an den Enden der Verteilung auftreten. Die Grafik in Abb. 45 verdeutlicht die außergewöhnliche Variabilität der Formen, die durch die β -Verteilung darstellbar sind: Wenn a und b beide größer als 1 sind und $a = b$ (Abb. 45 (D.)) ist, handelt es sich um eine symmetrische Verteilung, ähnlich der Form einer NV (stetig) oder einer Binomialverteilung (diskret). Sind hingegen a und b beide kleiner als 1 und ist $a = b$ (Abb. 45(A.)), so ergibt sich eine bimodale Verteilung, ähnlich der Form eines Badewannenquerschnitts. Sind $a = b = 1$ (Abb. 45(C.)) dann ergibt sich die Rechteck- oder Gleichverteilung (stetig oder diskret). Ist $a > b$ (Abb. 45(E.)) dann tendiert die Verteilung zur Rechtsschiefe, ist hingegen $b > a$ (Abb. 45(B.)) wird die Verteilung linksschief und tendiert eher in Richtung einer Exponentialverteilung (stetig), einer Poisson- oder vielleicht eher einer negativen Binomialverteilung (beide diskret). Alleine aus der Stellung der beiden Parameter zueinander läßt sich also die Form der Verteilung ablesen.

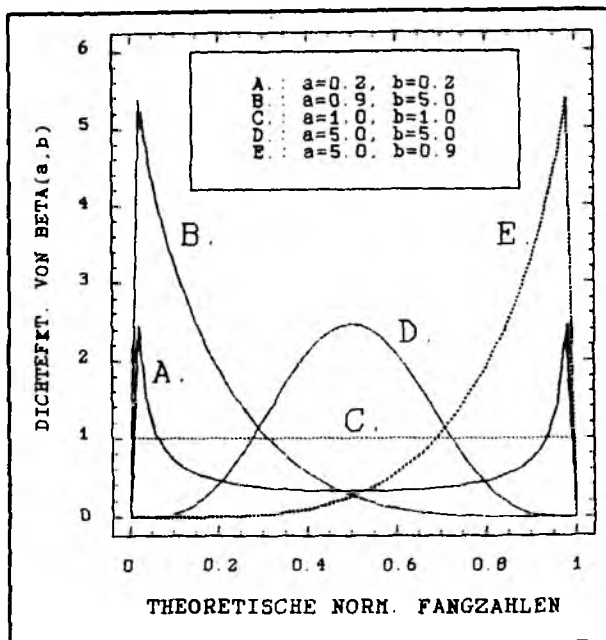


Abb. 45 Verschiedene durch die β -Verteilung dargestellte Verteilungs-Formen.

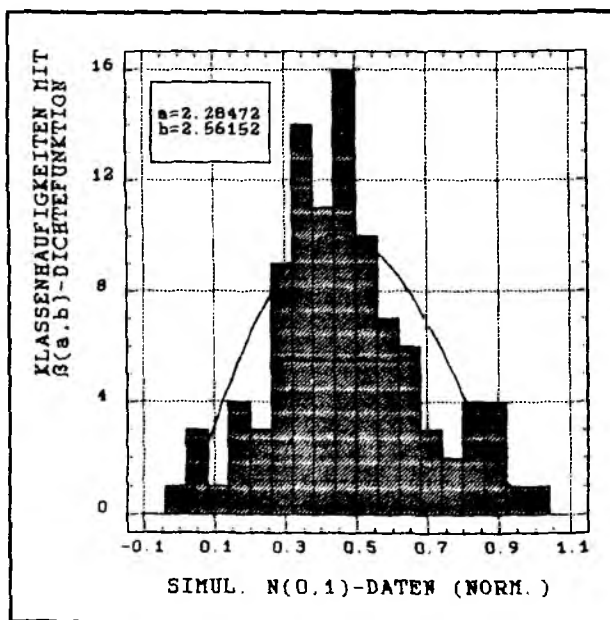


Abb. 46 An eine NV(0,1) angepaßte β -Verteilung ($FG = 9$, $\chi^2 = 15.7771$, $p = 0.0717$). Histogramm wurde auf Simulations-Basis erzeugt ($N = 100$).

Abb. 46 illustriert, daß, sollten die Fangdaten tatsächlich einer NV folgen, sich selbst normalverteilte Daten ohne weiteres durch die β -Verteilung darstellen lassen. Die Grafik ist auf der Basis von 100 aus einer NV(0,1) simulierten Fangdaten entstanden, an die eine β -Verteilung angepaßt worden ist.

Der korrespondierende Chi-Quadrat-Anpassungstest bestätigt auf dem 5%-Niveau, daß die Hypothese einer den simulierten Daten zugrundeliegenden β -Verteilung nicht verworfen werden kann, obgleich die tatsächlich zugrundeliegende Verteilung eine Standard-NV ist ($FG = 9$, $\chi^2 = 15.7771$, $p = 0.0717$). Anders ausgedrückt, die NV ist als Form gewissermaßen in der β -Verteilung enthalten und man begeht nur einen vernachlässigbar kleinen Fehler, wenn sich anschließende Tests bzw. Aussagen auf eine β -Verteilungsannahme beziehen.

Auf die modulare Anpassung der β -Verteilung an reale, re-stratifizierte Fangdaten, die Überprüfung der Anpassung mit Hilfe des Chi-Quadrat-Anpassungstestes, die Erzeugung von Konfidenzintervallen und die Abschätzung von Parameter-Varianzen auf der Grundlage von Bootstrapping-Experimenten soll im kommenden Abschnitt näher eingehen werden.

4.1.2 Schätzung der Modellparameter und ihrer Varianzen, Berechnung von β -Konfidenzintervallen, Test auf Anpassungsgüte sowie auf Gleichheit der Modellparameter

Wie bei jeder Modellanpassung gibt es auch hier verschiedene Schätz-Techniken. Für den vorliegenden Fall re-stratifizierter Fangdaten erscheint per Konstruktion die Momenten-Schätztechnik am geeignetsten, da sie numerisch einfach ist. Für den Zeitraum 1983 bis 1988 und die 3 Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* müssen etwa 270 Parameterschätzungen bzw. Histogramm-Anpassungen im Rahmen des Modellanpassungs-Prozesses sowie 2700 Modell-Rechnungen im Rahmen von Varianzschätzungen auf der Basis von Bootstrapping-Stichproben durchgeführt werden. Hinzu kommen noch unzählige "Goodness-of-Fit"-Tests. Ungeachtet eines höheren Rechenaufwandes käme u.U. noch die iterative Minimum-Chi-Quadrat-Methode in Betracht, da diese auf einem ähnlichen Prinzip wie der Chi-Quadrat-Anpassungstest aufbaut, der in der vorliegenden Arbeit als Mittel der Verifikation eingesetzt wird. Beide Verfahren minimieren dieselbe Teststatistik, was mit einer größeren Wahrscheinlichkeit zu eher übereinstimmenden Ergebnissen von Modell-Anpassung und -Verifikation führt. Wegen des erhöhten Rechenaufwandes soll die Minimum-Chi-Quadrat-Methode allerdings nur dann Anwendung finden, wenn sämtliche Versuche einer statistisch signifikanten Modellanpassung auf der Grundlage der Momenten-Methode fehlschlagen würden.

Bevor die Modellparameter a und b cluster- sowie artenweise geschätzt werden können, muß eine Normierung gemäß Formel (17) vorgenommen werden, damit die Ausgangsdaten in das von der β -Verteilung geforderte Intervall $[0,1]$ passen.

$$Art_{norm} = \left[\frac{Art - Art_{min}}{Art_{max} - Art_{min}} \right] \quad (17)$$

= in das Intervall $[0,1]$ projizierte Fangdaten

Abb. 47 illustriert, daß diese Normierung linear ist, sodaß sich nichts an der grundsätzlichen Form der β -Verteilung noch an der Häufigkeitsverteilung der Fangdaten ändert. Anderenfalls hätte man kompliziertere Transformationstechniken anwenden müssen, weil sich aufgrund eines prospektiven "Wechsels in der Variablen" die zugrundeliegende Verteilung der Fangdaten geändert hätte [Mood *et al.*, 1988].

Im Rahmen des Momentenschätzverfahrens wird zunächst der durch Gleichung (13) ausgedrückte Erwartungswert mit dem arithmetischen Mittel der Ziel-Art je Cluster gleichgesetzt, was zur Bildung des 1. empirischen Momentes führt, also

$$E[Art_{norm}] = \overline{Art_{norm}} = \frac{a}{a + b} \quad (18)$$

Da zwei Parameter aus den Fangdaten geschätzt werden müssen (a und b) ist es notwendig, auch das 2. empirische Moment zu bestimmen [Burkhardt & Strub, 1974]. Dieses erhält man, indem zuerst die normierten Fangzahlen quadriert und dann über diese quadrierten Werte das arithmetische Mittel gebildet wird. Dieses 2. empirische Moment wird mit dem 2. theoretischen Moment aus Formel (15) gleichgesetzt, sodaß sich die Gleichung (19) ergibt.

$$E[(Art_{norm})^2] = \overline{Art_{norm}^2} = \frac{(a + 1) a}{(a + b + 1) (a + b)} \quad (19)$$

Durch Rekombination der beiden Gleichungen (18) und (19) ergeben sich schließlich die beiden Momenten-Schätzer für die Parameter a und b , sodaß also nur die beiden verhältnismäßig einfach zu berechnenden Formeln (20) und (21) aus den normierten Fangzahlen clusterweise für die Jahre 1983 bis 1988 und die Arten *Gadus morhua* bzw. *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus* geschätzt werden müssen.

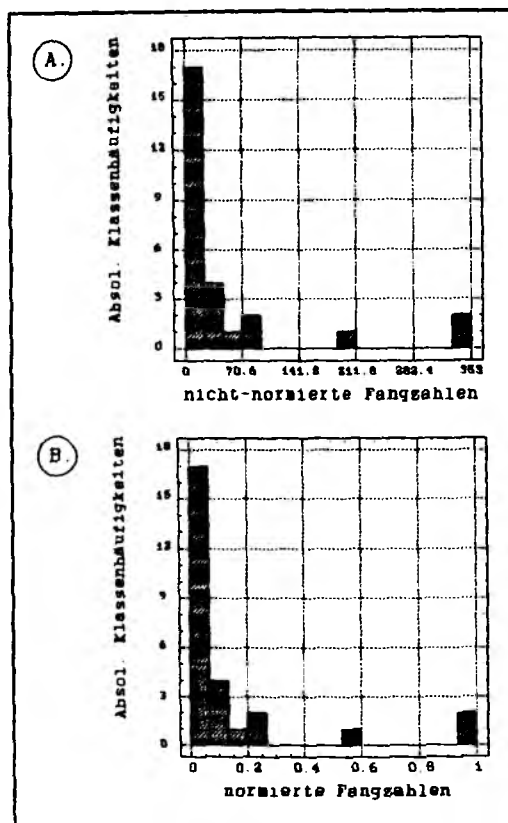


Abb. 47 Vergleich der Histogramme von normierten und nicht-normierten Fangzahlen (1986, Stationencluster 3, *Gadus morhua*).

$$a = \left[\frac{(\overline{Art}_{\text{Fang}})^2 - \overline{Art}_{\text{Fang}} \overline{Art}_{\text{Fang}}^2}{\overline{Art}_{\text{Fang}}^2 - (\overline{Art}_{\text{Fang}})^2} \right] \quad (20)$$

$$b = \left[\frac{\overline{Art}_{\text{Fang}} - \overline{Art}_{\text{Fang}}^2 - (\overline{Art}_{\text{Fang}})^2 + \overline{Art}_{\text{Fang}} \overline{Art}_{\text{Fang}}^2}{\overline{Art}_{\text{Fang}}^2 - (\overline{Art}_{\text{Fang}})^2} \right] \quad (21)$$

Das Symbol " " (Dach) auf den verschiedenen Größen bedeutet dabei, daß es sich um die aus den Fangdaten geschätzten Versionen von *a* und *b* handelt und nicht um die theoretischen Parameter der β -Verteilung.

Dem allgemeinen Konzept der Vertrauensintervall-Bildung von Hartung *et al.* [1987] folgend (siehe auch Mood *et al.* [1988]) werden in der vorliegenden Arbeit mit Hilfe der β -Verteilung und von mittleren Fängen Konfidenzintervalle berechnet, die sich in Anlehnung an die nichtsymmetrischen

$$\left[\overline{Art}_n - \frac{\sigma}{\sqrt{n}} u_{\frac{\alpha}{2}} ; \overline{Art}_n + \frac{\sigma}{\sqrt{n}} u_{1-\frac{\alpha}{2}} \right] \quad (22)$$

worin

$u_{\frac{\alpha}{2}}$ = untere Quantile von $F_{\beta}^{-1}(a,b)$ bei gegebenem α
 $u_{1-\frac{\alpha}{2}}$ = obere Quantile von $F_{\beta}^{-1}(a,b)$ bei gegebenen α

Intervalle der χ^2 - sowie der F -Verteilung gemäß Gleichung (22) konstruieren lassen. Der kritische Wert bzw. die Quantile *u* entstammt darin als 2.5%-Perzentile (Untergrenze) bzw. 97.5%-Perzentile (Obergrenze) der empirisch ermittelten β -Verteilung. Im Gegensatz zur NV oder t -Verteilung müssen hier beide Quantilen berechnet werden, da in der Regel nicht davon ausgegangen werden kann, daß die zugrundeliegende Verteilung (bzw. das korrespondierende Histogramm) symmetrisch um einen Mittelwert (genauer Erwartungswert) ist, sodaß der Abstand der Grenzen von diesem Mittelwert nach oben und unten hin unterschiedlich groß ist.

Sobald die Anpassung des modularen Verteilungsmodells vorgenommen worden ist, muß die Güte der Anpassung überprüft werden. Dabei muß der Frage nachgegangen werden, ob die empirische Verteilung der Fangdaten (das Histogramm) mit der angepaßten, theoretischen β -Verteilung ausreichend gut übereinstimmt. Prinzipiell gibt es dafür vier verschiedene Möglichkeiten. Die erste in der vorliegenden Arbeit verwendete Möglichkeit ist eine graphische, d.h. das Plotten des aus den Fangdaten entwickel-

$$\chi^2_{\text{horr.}} = \sum_{i-\text{Klasse } 1}^k \left(\frac{(|Kg^*_i - Kg^*_i| - 0.5)^2}{Kg^*_i} \right) \quad (23)$$

worin

Kg^*_i = aus den Fangdaten ermittelte obere Klassengrenze der *i*-ten Häufigkeitsklasse

Kg^*_i = zu Kg^*_i korrespondierender Wert der β -Verteilung

Das Plotten des aus den Fangdaten entwickelten Histogramms mit der angepaßten, theoretischen β -Verteilung ist in der vorliegenden Arbeit ebenfalls durchgeführt worden. Die Ergebnisse sind in den Abbildungen 1 bis 4 dargestellt. In den Abbildungen 1 bis 3 sind die Ergebnisse für die drei verschiedenen Möglichkeiten dargestellt, die in der vorliegenden Arbeit verwendet wurden. In der Abbildung 4 sind die Ergebnisse für die vierte Möglichkeit dargestellt, die in der vorliegenden Arbeit nicht verwendet wurde.

ten Histogramms und Hineinzeichnen des auf der Grundlage der Parameterschätzung festgelegten Funktionsgraphen der β -Verteilung in diese Häufigkeitsverteilung. Diese Vorgehensweise wird u.a. von D'Agostino & Stephens [1986] empfohlen. Da aufgrund fehlender Teststatistiken und Tabellen für die β -Verteilung keine anderen "Goodness-of-Fit"-Tests zur Verfügung stehen (die β -Verteilung wird offenbar nur sehr selten verwendet), ist in der vorliegenden Arbeit ferner der Chi-Quadrat-Anpassungstest als Kriterium der Signifikanz-Überprüfung verwendet worden. Um ihn gegenüber kleinen Stichprobengrößen etwas robuster zu machen, ist zusätzlich noch eine Yates-Korrektur durchgeführt worden, die durch Formel (23) repräsentiert wird [Bleymüller *et al.*, 1979]. Sollte nun entweder der empirische Wert der Prüfgröße des unkorrigierten Chi-Quadrat-Anpassungstestes oder der berechnete Wert der Yates-Korrektur einen signifikanten Unterschied der empirischen Häufigkeitsverteilung zur theoretischen β -Verteilung anzeigen, so wird die Anpassung auf jeden Fall verworfen.

Für die Einschätzung der Variationsbreite der Modellparameter (Modellfehler) ist es notwendig zu wissen, wie stark die Parameter schwanken können. Demnach ist es sinnvoll, Parameter-Varianzen abschätzen und mittlere Parameter (stabilisierte Erwartungswerte der Parameter) berechnen zu können. Da für jedes Jahr, jede Art und jedes Cluster nur eine einzige Stichprobe mit begrenzter Information zur Verfügung steht, kann man sich mit dem sogenannten "Bootstrapping"-Verfahren behelfen, das im Grunde eine Art "Münchhausen-Trick" darstellt (daher der Name "Bootstrapping"). Denn die Idee dabei ist, sich aus einer einzigen Stichprobe etliche Unterstichproben beliebiger Größe zu erzeugen, um auf diese Weise zu allgemeingültigeren Aussagen zu gelangen. Aus diesem Grunde wird aus der Original-Stichprobe per Zufallszahlen-Generator, der auf der Gleichverteilung beruht und damit jeden Wert der Originalstichprobe als gleichwahrscheinlich betrachtet, eine vorgegebene Anzahl an Unterstichproben von Fangstationen (mit den entsprechenden Fangzusammensetzungen) wie aus einer Urne zufällig gezogen [Diaconis & Efron, 1983].

Da das Verfahren auf dem Prinzip des "Ziehens von Stichproben mit Zurücklegen" beruht, hat es gegenüber anderen Prozeduren den Vorteil, daß einerseits die Anzahl an Unterstichproben beliebig groß sein kann, und daß andererseits auch der Umfang der Unterstichproben (Anzahl ausgewählter Fangstationen) beliebig ist. Aus diesem Grunde sind beide Größen durch den Anwender frei bestimmbar. Das Prinzip des Zurücklegens gewährt ferner, daß die Bootstrap-Stichproben wirklich unabhängig voneinander sind, sodaß nicht mit komplizier-

$$VAR_{boot}(d) = \frac{1}{N_{boot}} \sum_{i=1}^{N_{boot}} (d_{boot,i} - \overline{d_{boot}})^2$$

worin

$$d_{boot,i} = \text{geschätzter Parameter } d, \text{ aus der } i\text{-ten Bootstrap-Stichprobe} \quad (24)$$

$$\overline{d_{boot}} = \frac{1}{N_{boot}} \sum_{i=1}^{N_{boot}} d_{boot,i} = \text{Mittelwert aller } d_{boot,i}$$

$$N_{boot} = \text{Anzahl Bootstrap-Stichproben}$$

den durch den Anwender frei bestimmbar. Das Prinzip des Zurücklegens gewährt ferner, daß die Bootstrap-Stichproben wirklich unabhängig voneinander sind, sodaß nicht mit komplizier-

teren bedingten Wahrscheinlichkeiten gerechnet werden muß. Auf diese Weise kann das Ziehen jeder Fangstation der Stichprobe als gleichwahrscheinlich betrachtet werden [zu diesem Thema siehe u.a. Beran, 1982; Efron, 1983; Diaconis & Efron, 1983; Boos & Monahan, 1986; Hinkley & Schechtman, 1987].

Für jede dieser so gezogenen Stichproben wird die Anpassung der β -Verteilung durchgeführt, sodaß man eine Reihe von Parameterschätzungen für a und b erhält. Aus diesen Werten lassen sich dann gemäß Gleichung (24) die Varianz sowie gemäß

$$\begin{aligned}
 STD_{boot}(d) &= \sqrt{VAR_{boot}(d)} \\
 &= \text{Standardabweichung von } d \\
 CV_{boot}(d) &= \frac{STD_{boot}(d)}{d_{boot}} \times 100 \\
 &= \text{Variationskoeffizient von } d
 \end{aligned}
 \tag{25}$$

Gleichung (25) die Standardabweichung und der Variationskoeffizient von a bestimmen [Hartung *et al.*, 1987]. Entsprechendes gilt für b , wobei in den Gleichungen nur a durch b ersetzt werden muß. Der Variationskoeffizient hat dabei den Vorteil, daß die Standardabweichung durch die Normierung über den Mittelwert unabhängig vom Betrag des Mittels und damit zu einer vergleichbaren, dimensionslosen Größe wird.

Ferner sollen auf der Basis dieser Bootstrap-Stichproben t-Tests auf Mittelwertdifferenzen von a und b durchgeführt werden, um je Cluster das Größenverhältnis der beiden Parameter zueinander zu überprüfen, d.h. statistisch zu entscheiden, ob sich der Mittelwert von a von dem von b signifikant unterscheidet. Dabei ist zu beachten, daß a und b bei ihrer Berechnung trotz Verwendung identischer Bootstrap-Stichproben durch die unterschiedliche, nicht-lineare Transformation (siehe die Gleichungen (20) und (21)) in zwei unterschiedliche Stichprobenräume projiziert werden, was formal einem "Wechsel in der Zufallsvariablen" entspricht und zu statistisch unabhängigen Vektoren für a und b führt [vgl. Mood *et al.*, 1988]. Auf diese Weise ist die Unabhängigkeitsprämisse für t-Tests erfüllt. Wegen des außerordentlich hohen Rechenaufwandes

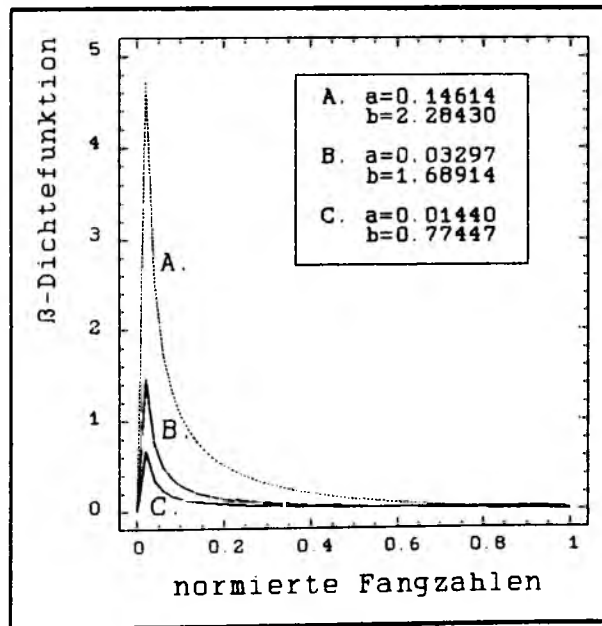


Abb. 48 Bootstrapping mit (A.) maximalen Parametern, (B.) Original-Parametern und (C.) minimalen Parametern (1983, Stationencluster 1, *Gadus morhua*).

(ca. 2700 Modellrechnungen) ist die Anzahl an Bootstrap-Stichproben je Cluster auf 10 sowie 100 Stationen je Stichprobe begrenzt worden.

Abb. 48 illustriert die graphische Idee hinter dem Bootstrapping anhand des Jahres 1983, des Stationen-Clusters 1 und der Art *Gadus morhua*: Die obere Kurve (A.) zeigt dabei die Obergrenze des Modells mit den aus den Bootstrap-Stichproben berechneten maximalen Parametern *a* und *b*, die mittlere Kurve (B.) zeigt das an die Originalstichprobe angepaßte Modell, während der unterste Graph (C.) die Untergrenze des Modells mit den aus den Bootstrap-Stichproben stammenden minimalen Parametern markiert. Auf diese Weise läßt sich gewissermaßen ein optischer Eindruck von der

Variabilität der Lage des Funktionsgraphen erhalten, der das β -Verteilungsmodell repräsentiert.

Tab. 20 Anzahl durchgeführter Modellanpassungen und Anzahl an Ablehnungen für *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*.

Art	Jahr	Anzahl der Anpassungen	Anzahl abgelehnter Nullhypothesen
<i>Gadus morhua</i>	1983	14	3
	1984	16	4
	1985	10	3
	1986	17	2
	1987	15	4
	1988	13	2
<i>Melanogr. aeglef.</i>	1983	14	4
	1984	16	4
	1985	10	1
	1986	16	2
	1987	14	2
	1988	11	3
<i>Merl. merlangus</i>	1983	14	1
	1984	16	1
	1985	10	1
	1986	17	0
	1987	15	1
	1988	13	1

4.2 Ergebnisse

Auf der Basis der Chi-Quadrat-Anpassungstests zeigt sich, daß in den meisten Fällen die Nullhypothese einer β -Verteilung auf dem 5%-Signifikanzniveau nicht abgelehnt werden kann. Tab. 20 faßt die Testergebnisse zusammen. Diese schwanken von Art zu Art sowie jährlich. Es zeigt sich dabei, daß die Güte der Anpassung der β -Verteilung für *Gadus morhua* gegenüber

der von *Melanogrammus aeglefinus* sowie der von *Merlangius merlangus* etwas schlechter ist: So weisen *Gadus morhua* sowie *Melanogrammus aeglefinus* nur etwa 22% bzw. 20% (entspricht 18 von 85 bzw. 16 von 81) an Fällen auf, bei der die Hypothese einer zugrundeliegenden β -Verteilung der Fischpopulation auf dem 5%-Niveau abgelehnt wird. Mit Abstand an der Spitze der Rangfolge steht *Merlangius merlangus* mit einem Anteil von etwa nur 6% an auf dem 5%-Niveau nicht abgelehnten β -Verteilungs-Hypothesen. Offensichtlich läßt sich die Verteilung der Fischpopulation (die Grundgesamtheit) von *Merlangius merlangus* unter den gegebenen Umständen vergleichsweise am besten durch eine β -Verteilung beschreiben. Für alle drei Arten gemeinsam und den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 resultiert ein mittlerer Anteil von etwa 15% an Ablehnungen der Nullhypothese einer β -Verteilung (entspricht 39 von 251).

Im folgenden sollen die Ergebnisse des Jahres 1986 exemplarisch näher betrachtet werden: Da in diesem Jahr für *Gadus morhua* und die Cluster 1 bis 17 mit einem Ausschubanteil von etwa 12% eine verhältnismäßige gute Anpassungslage erreicht wird, soll es sowohl in tabellarischer Hinsicht als auch zur Demonstration von Histogrammen als Beispiel dienen. Die für die Modellanpassung aus den Fangdaten clusterweise berechneten Verteilungsparameter \hat{a}_{cp} und \hat{b}_{cp} und das aus dem Chi-Quadrat-Anpassungstest stammende korrespondierende marginale Signifikanz-Niveau ("p-Wert") läßt sich der Tab. 21 entnehmen.

Um einen optischen Eindruck von der Variabilität in der Form der Häufigkeitsverteilungen sowie von der Elastizität der β -Verteilung zu vermitteln, seien exemplarisch die besonders stark voneinander abweichenden Verteilungsbilder der Cluster 3, 5, 6,

Tab. 21 An Fangzahlen angepaßte β -Verteilungsparameter mit Angabe des marginalen Signifikanz-Niveaus (1986, *Gadus morhua*).

Cluster	β -Parameter		p-Wert
	\hat{a}	\hat{b}	
1	0.16901	3.72483	0.00000
2	0.39000	1.76459	0.00618
3	0.10659	0.67957	0.58366
4	0.02974	0.68468	0.75071
5	0.40639	1.24798	0.38333
6	0.37995	0.9786	0.19631
7	0.38793	1.36765	0.34331
8	0.22039	0.74679	0.64730
9	0.37102	0.67752	0.05832
10	0.23177	0.67400	0.16937
11	0.04342	0.23038	0.80213
12	0.43552	0.87368	0.13749
13	0.25514	0.20142	0.58152
14	0.29308	0.48567	0.73197
15	0.16405	0.41033	0.20715
16	0.29066	0.53980	0.72416
17	0.36791	0.42923	0.65672

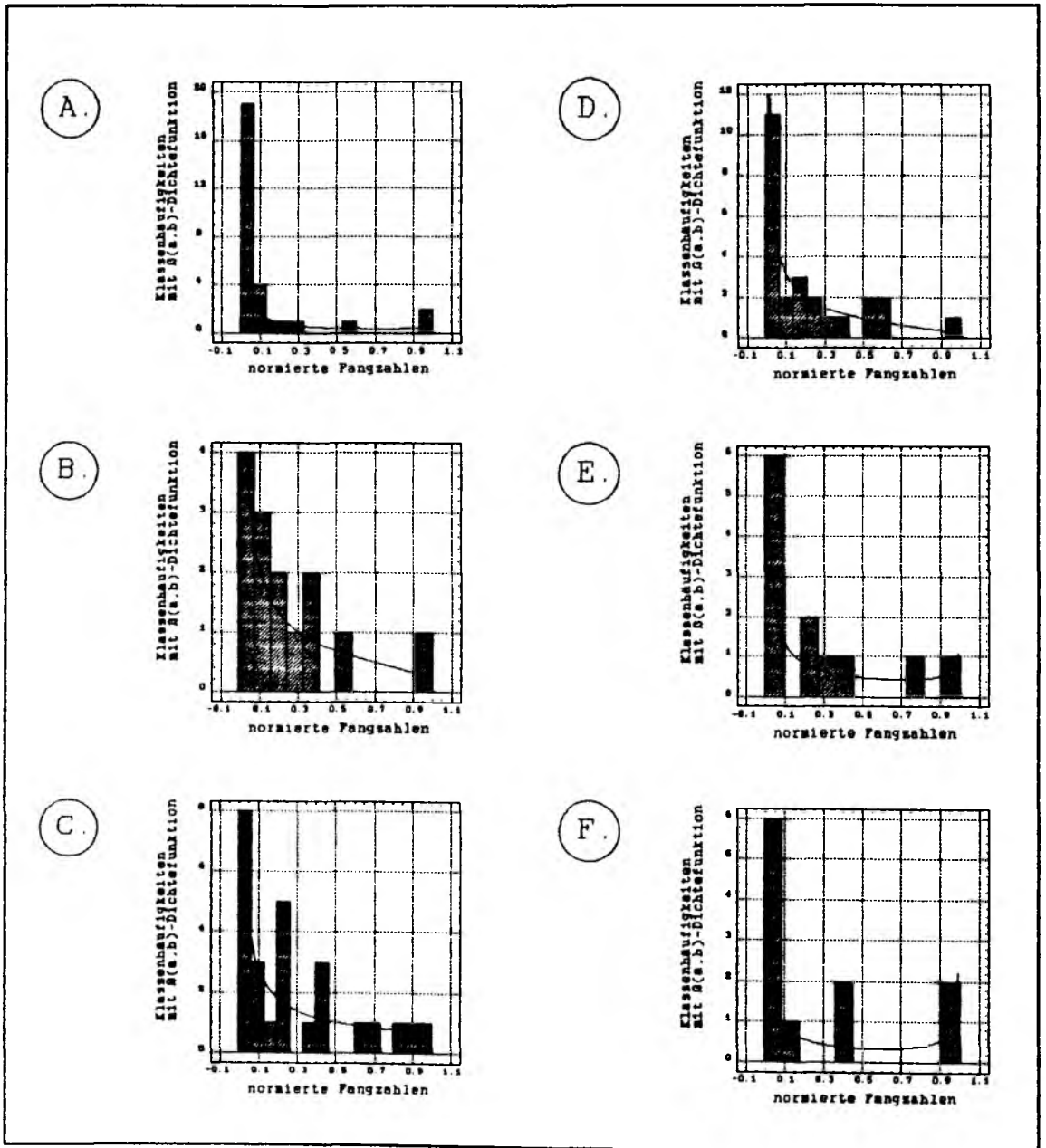


Abb. 49 Histogramme für (A.) Stationencluster 3, (B.) Stationencluster 5, (C.) Stationencluster 6, (D.) Stationencluster 7 (E.) Stationencluster 10 und (F.) Stationencluster 15 (1986, *Gadus morhua*).

7, 9, 10 und 15 in Abb. 49 gezeigt. Was insbesondere auffällt ist, daß es sich überwiegend um einen Verteilungstyp handelt, der eine linksschiefe Tendenz aufweist, bei dem also $a_{\text{emp}} < b_{\text{emp}}$ ist. Solche links liegenden Schwerpunkte sind durch eine hohe Anzahl von Nullfängen charakterisiert. Bezieht man auch die anderen Jahre des Untersuchungszeitraumes mit in diese

Betrachtung ein, so zeigt sich prinzipiell, daß der linksschiefe Verteilungstyp auch hier dominiert und daß davon abweichende Fälle mit anderen Formen, d.h. auch mit weniger Nullfängen, nur gelegentlich auftreten. Zu diesen Einzelfällen gehört u.a. die tendenziell rechteckige Form einer Gleichverteilung ($a_{\text{exp}} \approx b_{\text{exp}} \approx 1$) sowie endständig bimodale Formen ($a_{\text{exp}} \approx b_{\text{exp}} < 1$). Extrem selten treten rechtsschiefe Verteilungen auf, bei denen $a_{\text{exp}} > b_{\text{exp}}$ ist.

Diese statistischen Häufigkeitsverteilungen können eine grobe Vorstellung darüber vermitteln, ob die drei Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus* entweder bevorzugt geklumpt oder aber eher gleichmäßiger verteilt auftreten. Bei einer geklumpten Verteilung weist die Häufigkeitsklasse der Nullfänge im Histogramm eine starke Klassenbesetzung auf, weil der Anteil an räumlichen "Löchern" zwischen den "Patches" relativ groß ist. Die Wahrscheinlichkeit zwischen diesen "Patches" zu fischen, ist in einem solchen Fall verhältnismäßig hoch. Mit "gleichmäßiger" ist gemeint, daß auch andere Häufigkeitsklassen neben der der Nullfänge stärker besetzt sind, sodaß sich die Wahrscheinlichkeitsmasse uniformer über das Histogramm verteilt. Die angepaßten β -Verteilungen, deren Parameter nahezu gleich sind (darunter fallen praktisch auch fast alle Fälle, in denen $a_{\text{exp}} > b_{\text{exp}}$ sind) weisen auf eine eher gleichmäßige Verbreitung der Fische im Raum hin, während $a_{\text{exp}} < b_{\text{exp}}$ eine räumlich eher geklumpfte Verteilung anzeigt. Wenn in diesem Zusammenhang von "Raum" die Rede ist, so ist damit ausschließlich die horizontale Ausbreitung der Arten gemeint, da es sich prinzipiell um die Auswertung von Bodenfängen handelt und die drei in diesem Kapitel untersuchten Ziel-Arten bewußt als demersale Vertreter ausgewählt worden sind (siehe Kap. 2).

Es soll nun betrachtet werden, wieviele der angepaßten β -Verteilungen pro Jahr und Art in die

$$\% \text{-Tendenz} = \left[\frac{\text{Anzahl Modellanpassungen mit } (a = b)}{\text{Gesamtzahl Modellanpassungen}} \times 100 \right] \quad (26)$$

eine oder andere Kategorie fallen. Unter Zuhilfenahme der t-Test-Ergebnisse aus den Bootstrapping-Experimenten ist dabei die Anzahl der Fälle festgestellt worden, bei denen $a_{\text{exp}} \approx b_{\text{exp}}$ ist, sich also die Mittelwerte der beiden Parameter auf dem 5%-Niveau in ihren Beträgen nicht signifikant voneinander unterscheiden. In den Fällen, in denen die Nullhypothese der Gleichheit abgelehnt wird, kann anhand ihres Größenverhältnisses zueinander entschieden werden, ob $a_{\text{exp}} > b_{\text{exp}}$ oder $a_{\text{exp}} < b_{\text{exp}}$ vorliegt. Die auf diese Weise identifizierten Anzahlen in den beiden Kategorien $a_{\text{exp}} \approx b_{\text{exp}}$ und $a_{\text{exp}} > b_{\text{exp}}$ werden zunächst zusammengefaßt, dann artenweise in Bezug zur Gesamtzahl der 85 Modellanpassungen gesetzt und schließlich mit 100 multipliziert, sodaß sich der prozentuale Anteil gemäß Gleichung (26) ergibt. Dieser wird als ein Maß für die Tendenz der entsprechenden Ziel-Art genommen, sich eher gleichmäßig oder geklumpt im Raum zu verteilen. Tab. 22 enthält die auf diese Weise berechneten Tendenzen, aufgeschlüsselt nach Jahr und Art. Aus der Tabelle läßt sich entnehmen, daß vor allem *Merlangius merlangus* eine gegenüber den anderen beiden Arten *Gadus morhua* und *Melanogrammus aeglefinus* größere Tendenz zur räumlich gleichmäßigeren Verteilung aufweist: Über sämtliche Jahre hinweg

Tab. 22 Größenvergleich der β -Verteilungsparameter a_{emp} und b_{emp} für *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus*.

Jahr	<i>Gadus morhua</i>			<i>Melanogrammus aeglefinus</i>			<i>Merlangius merlangus</i>		
	$a \approx b$	$a > b$	$a < b$	$a \approx b$	$a > b$	$a < b$	$a \approx b$	$a > b$	$a < b$
1983	-	-	14	-	-	14	-	1	13
1984	-	-	16	-	-	16	2	-	14
1985	-	1	9	-	-	10	2	-	8
1986	1	1	15	2	-	15	1	-	16
1987	-	-	15	-	1	14	3	-	12
1988	-	-	13	-	1	12	2	-	11
Σ	1	2	82	2	2	81	10	1	74

resultiert für *Merlangius merlangus* ein prozentualer Anteil von 13% an weniger linksschiefen Verteilungen, während die beiden anderen Arten je nur einen Anteil von 4% aufweisen, also einen um mehr als zwei Drittel (9 Prozentpunkte) geringeren Anteil.

Im folgenden soll näher auf die Konfidenzbereiche als die einfachsten statistischen Werkzeuge einer angemessenen Fehlerdarstellung eingegangen werden. Dabei soll zunächst demonstriert werden, daß die natürliche Variabilität der Fänge durch eine fälschliche NV-Annahme zu stark überschätzt wird. Alternativ dazu läßt sich zeigen, daß in Ergänzung zu den Varianz-Reduzierungen von Kap. 3, die dort aufgrund des Optimierungs-Algorithmus zustande gekommen sind und die auf diese Weise ihren Beitrag zu einer Verringerung von Vertrauensintervallen leisten, durch die Berechnung von Quantilen aus der β -Verteilung eine zusätzliche Reduzierung der Konfidenzbereiche erreicht wird. Dazu ein Beispiel: für das Jahr 1986 wird in einem begrenzteren Gebiet der Nordsee, hier als Stationencluster 3 bezeichnet, für *Gadus morhua* ein Vertrauensintervall unter Zuhilfenahme des arithmetischen Mittels dieses Clusters um den Erwartungswert desselben gebildet. Es ergibt sich dabei aus der t-Verteilung ein 95%-Konfidenzintervall von [12.86, 82.87]. Der Ausdruck in eckigen Klammern meint dabei

[Untergrenze des Intervalls , Obergrenze des Intervalls].

Da die zugrundeliegende empirische Häufigkeitsverteilung aber unsymmetrisch ist, wie Abb. 50 zeigt, ist es geeigneter, eine β -Verteilung an diese Fangdaten anzupassen. Die Güte der Anpassung der β -Verteilung mit $a_{\text{emp}} = 0.10659$ und $b_{\text{emp}} = 0.67957$ an das aus den realen Fangdaten konstruierte Histogramm wird durch den Chi-Quadrat-Anpassungstest auf dem 5%-Signifikanz-

niveau bestätigt ($FG = 10$, $\chi^2_{\text{emp}} = 5.629$, $p = 0.58366$). Es ergibt sich dann ein 95%- β -Konfidenzbereich von [47.86, 63.73]. Wenn man sich das Histogramm unter diesem Gesichtspunkt betrachtet, wird deutlich das der Schwerpunkt der Verteilung (einschließlich des transformierten Mittelwertes von 0.14) relativ nahe am linken Bereich des Diagramms angesiedelt ist. Da die β -Verteilung dort aufgrund der dadurch induzierten Linksschiefe sehr stark ansteigt, liegt die untere 0.025-Quantile der β -Verteilung sehr nahe bei Null, sodaß bei der Berechnung der Untergrenze des Intervalls gemäß Gleichung (22) praktisch nichts vom Mittelwert subtrahiert wird: Aus diesem Grunde fallen nach Re-Normierung die Intervall-Untergrenze und der untransformierte Mittelwert von 47.86 zusammen.

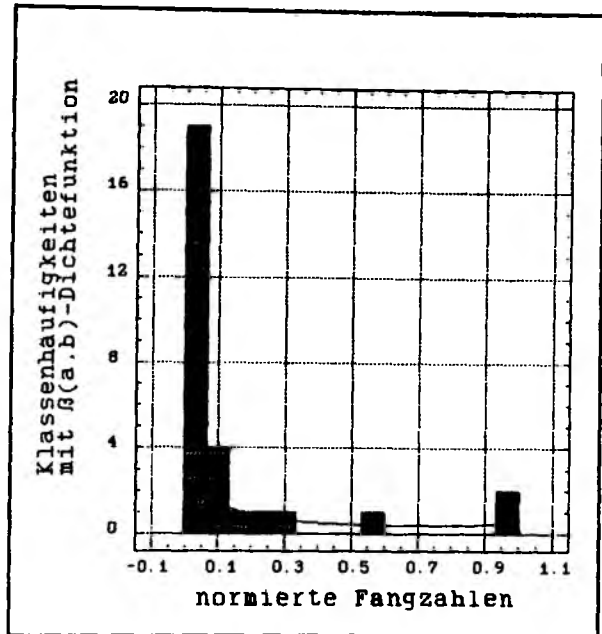


Abb. 50 An die Häufigkeitsverteilung von *Gadus morhua* angepaßte β -Verteilung (1986, IYFS, Stationencluster 3).

Im rechten Bereich ist die Kurve hingegen relativ langgestreckt und flach, sodaß die obere 0.975-Quantile im Verhältnis zur unteren Quantile wesentlich weiter zur Mitte des Diagramms verschoben ist. Dadurch wird ein größerer Betrag gemäß Gleichung (22) auf den Mittelwert addiert, sodaß sich schließlich ein ausgeprägt asymmetrisches Intervall ergibt. Vergleicht man dieses β -Verteilungsintervall mit dem 95%- t -Vertrauensintervall, so ist letzteres erheblich größer als das der realitätsnah angepaßten β -Verteilung, d.h. es beträgt großenteils etwa das 4.5-fache (441%) des Intervalls der β -Verteilung.

Die Konfidenzintervalle dieses und der anderen Cluster des Jahres 1986 sind für die Art *Gadus morhua* in Tab. 23 zusammengefaßt. Darin sind neben den Clustermittelwerten und Cluster-

$$GV = \left[\frac{\text{Intervallbreite der } t\text{-Verteilung}}{\text{Intervallbreite der } \beta\text{-Verteilung}} \times 100 \right] \quad (27)$$

worin

GV : Größenvergleich in %

varianzen die 95%-Konfidenzintervalle sowohl der β -Verteilung (4. u. 5. Spalte) als auch der t -Verteilung (6. u. 7. Spalte) angegeben. Um einen Größenvergleich der Intervalle beider Verteilungen zu ermöglichen, gibt die 8. Spalte an, welchen prozentualen Anteil die auf der NV-Annahme beruhenden t -Intervalle an den β -Konfidenzbereichen ausmachen. Es zeigt sich, daß erstere im Schnitt etwa 5- bis 6-mal größer sind, als die der β -Verteilung. Gleichung (27) faßt diesen Vergleich auf formale Weise zusammen. "GV" ist darin die Abkürzung für "Größenver-

Tab. 23 Vertrauensbereiche ($\alpha = 0.05$) mit Mittelwert- und Varianz-Angaben (1986, Stationencluster, *Gadus morhua*).

CLUSTER	MEAN	STD	B(0.025)-UG.	B(0.975)-OG.	t(0.025)-UG.	t(0.975)-OG.	GV (ln %)
1	31.08	66.11	30.88	32.43	22.00	40.16	1171.88
2	26.07	31.56	25.22	28.78	16.69	35.44	526.78
3	47.86	92.02	45.55	61.42	12.86	82.87	441.12
4	53.00	193.91	51.75	71.06	-8.21	114.21	633.68
5	22.14	24.48	20.67	26.00	8.01	36.28	530.60
6	39.15	41.73	36.87	44.56	22.30	56.01	438.29
7	54.80	63.26	52.01	62.82	28.69	80.91	483.09
8	27.80	37.77	25.58	34.93	6.89	48.71	447.27
9	27.60	27.47	24.53	33.09	7.95	47.25	458.89
10	87.00	112.25	78.71	110.31	15.68	158.32	451.39
11	21.25	46.36	18.65	35.04	-17.51	60.01	473.07
12	92.50	92.20	82.84	110.88	15.42	169.58	549.89
13	33.00	29.32	29.50	35.76	2.23	63.77	983.85
14	48.67	51.34	41.09	61.17	-5.21	102.55	536.44
15	34.27	45.31	30.37	44.00	3.83	64.71	446.60
16	24.00	25.23	21.99	27.10	0.67	47.34	815.21
17	40.00	35.77	34.02	46.98	2.46	77.54	579.37

MEAN	-	mittlere Fänge je Cluster
STD	-	Standardabweichung der Fänge je Cluster
B(.)-UG.	-	Untergrenze des β -Vertrauensintervalls
B(.)-OG.	-	Obergrenze des β -Vertrauensintervalls
t(.)-UG.	-	Untergrenze des t-Vertrauensintervalls
t(.)-OG.	-	Obergrenze des t-Vertrauensintervalls
GV	-	siehe Formel (27)

gleich der beiden Intervalle als prozentualer Anteil". Die manchmal in Tab. 23 auftretenden negativen Zahlen bei den Untergrenzen der t-Verteilung sind aus biologischer Sicht natürlich Unsinn, weil es keine negativen Fänge geben kann, sondern allenfalls Nullfänge. Aus statistischer Sicht ist dies auf ein konstruktionsbedingtes Artefakt von Konfidenzbereichen zurückzu-

führen, wenn nämlich der linksseitige Term $u * \sigma / n^{-1/2}$ größer als der Mittelwert der Fänge wird [Hartung *et al.*, 1987].

Sind bisher die Ergebnisse aus der Modellanpassung, aus der Beurteilung der Anpassungsgüte und zum Schluß aus der Gegenüberstellung von Vertrauensbereichen erläutert worden, soll nun die Variabilität bzw. die Unsicherheit der beiden Parameter *a* und *b* untersucht werden. Tab. 24 gibt die Varianzabschätzungen auf der Basis der Bootstrapping-Experimente für die beiden β -Verteilungskoeffizienten *a* und *b* wieder, die sich auf das Jahr 1986 und die Zielart *Gadus morhua* beziehen. Der Variationskoeffizient in der letzten Spalte dieser Tabelle ist hier gemäß Gl. (25) als Prozentmaß ausgedrückt. Mit seiner Hilfe können die Schwankungen dieser beiden Parameter direkt miteinander verglichen werden, sodaß sich ablesen läßt, welcher von beiden stärker schwankt, d.h. stärker durch die Unsicherheit der Bootstrap-Stichprobe beeinflusst wird. Die Tabelle zeigt, daß nur in 4 von 17 Fällen (das entspricht etwa 24%) die Unsicherheit von *a* größer ist als die von *b*. Da der Variationskoeffizient von *a* in der überwiegenden Anzahl der Fälle größer ist als der von *b*, wird

Tab. 24 Mittelwerte, Varianzen und Variationskoeffizienten der β -Verteilungsparameter (1986, *Gadus morhua*, IYFS).

Cluster	Parameter	Mittelwert	Varianz	Var.-Koeff. (in %)
1	<i>a</i>	0.19230	0.07541	45.00
	<i>b</i>	2.45362	0.13769	15.12
2	<i>a</i>	0.41572	0.01386	28.61
	<i>b</i>	0.18453	0.47940	37.52
3	<i>a</i>	0.12136	0.00035	15.33
	<i>b</i>	0.93560	0.09884	33.60
4	<i>a</i>	0.06851	0.01489	178.10
	<i>b</i>	0.71704	0.24596	69.17
5	<i>a</i>	0.42220	0.00539	17.40
	<i>b</i>	1.26851	0.04428	16.59
6	<i>a</i>	0.41494	0.00607	18.77
	<i>b</i>	1.05222	0.05758	22.81
7	<i>a</i>	0.38520	0.00458	17.57
	<i>b</i>	1.44794	0.11998	23.92
8	<i>a</i>	0.22972	0.00096	13.50
	<i>b</i>	0.78502	0.02868	21.57
9	<i>a</i>	0.37372	0.00299	14.64
	<i>b</i>	0.64576	0.02939	22.77
10	<i>a</i>	0.22844	0.00326	24.98
	<i>b</i>	0.65566	0.50199	34.17
11	<i>a</i>	0.02997	0.00004	20.96
	<i>b</i>	0.14438	0.00198	30.80
12	<i>a</i>	0.34107	0.00276	15.39
	<i>b</i>	0.72431	0.01535	17.11

letzterer offenbar graduell stärker durch die den Fangdaten immanente Variation beeinflusst als a_{exp} . Es läßt sich dabei jedoch kein offenkundiges Prinzip wahrnehmen: Beide variieren zwar unterschiedlich stark, aber trotzdem gemeinsam. Denn eine Korrelationsanalyse hat in diesem Zusammenhang erbracht, daß, wenn die Unsicherheit von a_{exp} ansteigt, gleichzeitig auch die von b_{exp} ansteigt und umgekehrt: Für das Jahr 1986 und *Gadus morhua* ergibt sich in dieser Hinsicht eine auf dem 5%-Niveau signifikante Korrelation von $R = 0.84$ bei einem korrespondierenden F-Wert von $F = 36.08$ und dem marginalen Signifikanzniveau $p = 0.0000$.

Tab. 24 (Forts.).

Cluster	Parameter	Mittelwert	Varianz	Var.-Koeff. (in %)
13	a	0.18331	0.00301	9.46
	b	0.16363	0.00472	13.28
14	a	0.29896	0.00107	10.96
	b	0.75247	0.01710	17.37
15	a	0.19065	0.00070	13.41
	b	0.44335	0.00341	13.18
16	a	0.37314	0.00153	10.49
	b	0.53449	0.00800	16.73
17	a	0.27321	0.00119	12.62
	b	0.30078	0.00153	12.99

Tab. 25 Gibt den gerundeten, prozentualen Anteil an, für den der Variationskoeffizient von a_{exp} größer als der von b_{exp} ist.

Art	1983	1984	1985	1986	1987	1988
<i>Gadus morhua</i>	14% (2/14)	25% (4/16)	30% (3/10)	24% (4/17)	13% (2/15)	8% (1/13)
<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	36% (5/14)	6% (1/16)	-	29% (5/17)	14% (2/14)	-
<i>Merlangius merlangus</i>	36% (5/14)	25% (4/16)	10% (1/10)	26% (4/17)	27% (4/16)	39% (5/13)

Tab. 25 zeigt die jahresweise komprimierten Variationskoeffizienten aufgeschlüsselt nach den drei Ziel-Arten. Wird diese Information bezüglich der Arten noch weiter kondensiert, indem man die jahresbezogenen Angaben zusammenfaßt, so ergibt sich für *Gadus morhua* ein prozentualer Anteil von etwa 19% an Fällen, in denen der Variationskoeffizient für a_{exp} eine gegenüber b_{exp} größere Variabilität anzeigt. *Melanogrammus aeglefinus* erhält dagegen einen Anteilswert von nur ca. 14%, während *Merlangius merlangus* durch einen Anteil von etwa 27%

gekennzeichnet ist.

4.3 Diskussion

Neben der Anwendung der β -Verteilung zur Konstruktion eines Wahrscheinlichkeitsmodells gibt es noch weitere Möglichkeiten, die tatsächlich zugrundeliegende Verteilung abzuschätzen. Zu derartigen Verfahren zählen beispielsweise die Kernschätzer (zur Theorie derselben siehe u.a. Fahmeir *et al.* [1984], Hartung *et al.* [1987], SAS Institute Inc. [1987] und Hand [1989]). Ferner gibt es die sogenannten "Re-Sampling"-Techniken. Zu den letzteren zählen sowohl das sogenannte "Jack-Knife"-Verfahren ("One-Leaving-Out") als auch die "Bootstrapping"-Methoden. Auf das Prinzip des "Bootstrapping" ist in diesem Kapitel in einem anderen Zusammenhang schon eingegangen worden (Schätzung der Bootstrapping-Varianzen der β -Verteilungsparameter). Generell hat die Anpassung der β -Verteilung an Fangdaten gegenüber den eben genannten alternativen Möglichkeiten den Vorteil, daß sich mit ihrer Hilfe neben der Konstruktion von Konfidenzintervallen auch weitere statistische Analyse-/Modellierungs-Methoden (z.B. die der linearen Modellierung, der ANOVA etc.) über Maximum-Likelihood-Techniken auf die empirischen Häufigkeitsverteilungen einstellen lassen. Daß sich die β -Verteilung in den biologisch orientierten Gebieten trotz ihrer sehr guten Eigenschaften bisher nicht so stark durchgesetzt hat, hängt vielleicht damit zusammen, daß sie nur für Werte definiert ist, die zwischen 0 und 1 liegen, sodaß eine vorgeschaltete lineare Transformation der tatsächlichen Ausgangsdaten in den $[0,1]$ -Bereich notwendig wird (Normierung). Oder aber weil die Schätzung der Parameter a und b in manchen Fällen etwas komplizierter ist. Denn aufgrund der Struktur der Beta-Funktion bietet sich zur Schätzung der Parameter a und b nicht in erster Linie die ansonsten mit guten statistischen Eigenschaften ausgestattete ML-Schätzmethode an, da keine analytische Lösung des Maximierungsproblems existiert, sondern nur eine numerische. Diese ist allerdings rechentechnisch ziemlich aufwendig, da die Lösung des Anpassungs-Problems nur iterativ unter "Ausprobieren" aller möglichen Kombinationen der Parameter a und b erfolgen kann. Auch ist der Vorteil gegenüber anderen Verfahren nicht hinreichend groß genug, da allenfalls die Varianz der Modell-Parameter etwas geringer ist [Strub, 1972; Burkhart & Strub, 1974]. Ähnliche Überlegungen gelten prinzipiell auch für die Minimum-Chi-Quadrat-Methode. Aus diesem Grunde ist in der vorliegenden Arbeit überwiegend auf die numerisch einfachere Momenten-Schätzmethode zurückgegriffen worden.

Das grundsätzliche Problem im Rahmen des "model fitting" (Modellanpassung) ist vor allem, daß die Parameter im Rahmen des Modellanpassungs-Prozesses aus der gesamten Stichprobe geschätzt werden, während die meisten Goodness-of-Fit-Tests sowie die graphischen Verfahren der Verifikation in der Regel auf der Basis gruppierter Fangdaten arbeiten. Dies führt nach Gurland & Hinz [1971] aufgrund der unterschiedlichen Ansätze von Anpassung und Verifikation generell zu Signifikanz-Problemen. Um diesem Problem schon bei der Schätzung der Parameter teilweise gerecht zu werden, ist in solchen Problemfällen die numerisch eigentlich kompliziertere

Minimum-Chi-Quadrat-Methode verwendet worden, da diese das gleiche Kriterium minimiert wie der korrespondierende Chi-Quadrat-Anpassungs-Test.

Der Chi-Quadrat-Anpassungs-Test ist nicht der einzige und vor allem nur unter bestimmten Bedingungen der beste (schärfste) Goodness-of-Fit-Test. Es gibt u.a. noch den Kolmogorow-Smirnow-Test und den Test von Shapiro und Wilks. Das Manko dieser beiden Verfahren besteht allerdings in der Tatsache, daß ihre Teststatistiken von der Verteilung, auf die sie testen, abhängig sind. Da es keine Tabellen bzw. Prüfgrößen für die β -Verteilung gibt oder diese dem Verfasser der vorliegenden Arbeit zumindest nicht bekannt sind, können diese beiden Tests hier nicht verwendet werden. Auch D'Agostino & Stephens [1986] geben in ihrem Werk nur die Tabellen und Prüfgrößen für die Verteilungen an, auf die üblicherweise getestet wird (NV, Exponentialverteilung). Dies könnte ein weiterer Grund für die nur gelegentliche Verwendung der β -Verteilung in den angewandten Wissenschaften sein. Während insbesondere der Test von Shapiro und Wilks für geringe Stichprobenumfänge konzipiert ist, besteht für den Chi-Quadrat-Anpassungstest das Dilemma besonders auf große Stichproben ausgerichtet zu sein, da er eine sogenannte asymptotische Prüfgröße besitzt, also unter gewissen Randbedingungen eigentlich nicht verwendbar ist. Aus diesem Grunde sind zusätzlich Yates-Korrekturen und graphische Inspektionen der betroffenen Histogramme durchgeführt worden. Letztere zählen nach D'Agostino & Stephens [1986] zu den transparentesten Möglichkeiten der Anpassungs-Überprüfung.

Bei wie im vorliegenden Fall unbekannter Verteilung der Modellparameter a und b ist die Anwendung des "Bootstrapping"-Verfahrens zur Berechnung von Varianzen bzw. Variationskoeffizienten der Verteilungsparameter ein statistisch sinnvolles Mittel. Das "Bootstrapping" hat gegenüber dem "Jackknife"-Verfahren den Vorteil, nicht nur auf $(n - 1)$ viele Stichproben mit einer maximalen Stichprobengröße von ebenfalls nur $(n - 1)$ begrenzt zu sein. Das ist im vorliegenden Fall insbesondere bei kleineren Clustern von Vorteil (n ist dabei der Stichprobenumfang, also die Anzahl Fangstationen je Cluster). Wegen des hohen Rechenaufwandes (etwa 2700 Modellrechnungen) sind in der vorliegenden Arbeit die Varianzen, Standardabweichungen sowie Variationskoeffizienten der Parameter aus einer geringeren Anzahl von 10 Bootstrap-Stichproben bei einer Stichprobengröße von 100 Fangzahlen berechnet worden. Da die Originalstichproben Maxima (hohe Fangzahlen) in der Regel nur in einer geringen Menge enthalten, werden diese in den Bootstrap-Stichproben mit großer Wahrscheinlichkeit unterrepräsentiert sein. Dadurch kann es insbesondere bei Verwendung von nur wenigen Bootstrap-Stichproben im Rahmen einer Varianzberechnung zu Varianz-Unterschätzungen der Modellparameter kommen. Es gibt allerdings keinen Grund anzunehmen, daß durch das Bootstrapping-Verfahren systematisch (fehlerhaft) die Varianz bzw. der Variationskoeffizient des einen Modellparameters stärker beeinflußt wird als die Varianz bzw. der Variationskoeffizient des anderen. Für die Minima besteht dieses Problem nicht, da in der Regel ausreichend viele Nullfänge in der Originalstichprobe enthalten sind.

Aufgrund ihrer mathematischen Eigenschaften hat die β -Verteilung den außergewöhnlichen Vorteil, daß sich alleine aus der Größen-Konstellation ihrer Parameter a und b die unterschiedlichsten Formen einer empirischen Verteilung direkt ablesen lassen, ohne dabei den Funktions-Graphen plotten zu müssen (siehe Methodikteil dieses Kapitels). Wie im Ergebnisteil der vorliegenden Arbeit dargelegt, kann aus der Stellung der beiden Parameter zueinander auf die Tendenz der jeweiligen Ziel-Art geschlossen werden, sich horizontal im Raum zu verteilen: In diesem Zusammenhang bedeuten eine linksschiefe Verteilung viele Nullfänge und damit eine geklumpte räumliche Verteilung. Die rechteckige Form kommt durch eine etwa gleichmäßige Besetzung sämtlicher Klassen eines Histogramms zustande und indiziert damit die Tendenz zu einer räumlich eher gleichmäßigen Verteilung. Die eher rechtschiefe Form weist auf zufällige Ergebnisse mit wenigen Nullfängen und zugleich sehr hohen Fängen hin, sodaß sich eine eher zufällige Verteilung im Raum ergibt. Mit Hilfe der β -Verteilung eine Art Aggregationskoeffizienten zu entwickeln, kann allerdings erst dann von besonderem Interesse sein, sollte sich die β -Verteilung zur Beschreibung von Histogrammen im fischereibiologischen Bereich durchsetzen. Denn in einem solchen Fall ließe sich die Berechnung der beiden Parameter gleichzeitig zur Bewältigung mehrerer Aufgaben und damit zur Reduzierung des rechentechnischen Aufwandes nutzen: Dann könnten nämlich gleichzeitig Häufigkeitsverteilungen beschrieben, Vertrauensintervalle berechnet, das Aggregationsverhalten von Ziel-Arten charakterisiert sowie gegebenenfalls Simulationen durchgeführt werden.

In Hinblick auf die Variabilität der Modellparameter läßt sich hypothetisieren, ob das Auftreten einer eher gleichmäßigen (bzw. rechtsschiefen) Verteilung mit einer erhöhten Unsicherheit über den Parameter a_{emp} in Zusammenhang steht. Als Anhaltspunkt dafür ließe sich die Tatsache hinzuziehen, daß *Merlangius merlangus* gegenüber den beiden anderen Ziel-Arten mit 13% durch einen mehr als dreifach so hohen Anteil an eher gleichmäßigen bzw. rechtsschiefen Verteilungen charakterisiert ist und bei dieser Art zugleich mit 27% auch der Anteil der Fälle höher liegt, in denen der Variationskoeffizient von a_{emp} eine gegenüber b_{emp} größere Variabilität anzeigt. Ob sich dabei ein offenkundiges Prinzip erkennen läßt, muß in dieser Arbeit jedoch pure Spekulation bleiben.

Festhalten läßt sich noch, daß auf der β -Verteilung beruhende Parameter-Schätzungen aufgrund etlicher Nullfänge zu asymmetrischen Konfidenzbereichen führen, die im Vergleich zu den symmetrischen, oft realitätsfernen NV- bzw. t-Vertrauensintervallen erheblich kleiner sind und deshalb schärfere Aussagen bezüglich eines clusterbezogenen mittleren Fanges zulassen.

Im Lichte sämtlicher methodischer Einschränkungen läßt sich zusammenfassend sagen, daß sich die Ausgangsüberlegung, nach der die β -Verteilung aufgrund ihrer mathematischen Eigenschaften (Flexibilität etc.) für die Anpassung an die nach Arten aufgeschlüsselten re-stratifizierten IYFS-Daten schon im Vorfeld als sehr geeignet erschien, in der Praxis bestätigt hat. Sie ließ sich vor allem sehr gut an die geclusterten Fangdaten von *Merlangius merlangus* anpassen, was

hier durch einen sehr geringen Anteil an abgelehnten β -Verteilungshypothesen angezeigt wird. Aber auch für *Gadus morhua* sowie für *Melanogrammus aeglefinus* hält sich die Anzahl an abgelehnten Nullhypothesen in Grenzen. Es liegt die Vermutung nahe, daß die β -Verteilung eine der geeignetsten (möglicherweise der wahrscheinlichsten) Verteilungen zur Beschreibung von Histogrammen für Fischpopulationen im allgemeinen ist - zumindest für den Zeitraum 1983 bis 1988 und die drei untersuchten Ziel-Arten. Denn selbst für den Fall, für den sich die grundsätzlichen Verteilungsmuster (im statistischen Sinne Grundgesamtheiten) dynamisch ändern sollte, wie Cochran [1977] es vermutet, scheint die β -Verteilung adäquat zu sein. Letzten Endes müssen solche Aussagen jedoch pure Spekulation bleiben.

5 Simulation von Fischerei- Forschungssurveys

5.1 Theorie und Vorgehen im Rahmen der Simulation

Das dritte Teil-Ziel der vorliegenden Arbeit ist die Bestimmung einer idealen Anzahl von Fangstationen (Stichprobenumfang) je Cluster für das zu optimierende Sampling Design, die im Durchschnitt für jedes Cluster gültig sein soll. In Kap. 4 ist gezeigt worden, daß die originalbehaltenen, re-stratifizierten IYFS-Fangdaten der drei Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* in keinem Fall einer NV oder einer symmetrischen Verteilung folgen. Unter diesen Gegebenheiten ist eine Bestimmung des Stichprobenumfanges auf analytischem Wege nicht mehr zu rechtfertigen, da derartige Berechnungen auf der Annahme einer den Survey-Daten zugrundeliegenden NV oder zumindest einer symmetrischen Verteilung dieser Daten beruhen [Cochran, 1977; Bleymüller *et al.*, 1979; Steel & Torrie, 1981; Scheaffer *et al.*, 1986; Hartung *et al.*, 1987]. Anstelle der NV konnte jedoch für jede der drei genannten Arten und jedes Cluster im Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 ein β -Verteilungsmodell angepaßt werden (siehe das modulare β -Verteilungsmodell in Kap. 4). Da die tatsächlichen Werte der β -Verteilungsparameter aus der Grundgesamtheit unbekannt sind, ist eine analytische Ableitung einer allgemeingültigen Funktion für den idealen Stichprobenumfang auf der Basis dieses modularen β -Verteilungsmodells nicht unproblematisch. Aus diesem Grunde soll sich dieser Problematik im Rahmen der vorliegenden Arbeit von der empirischen Seite her genähert werden. Ein wesentliches Instrument der empirischen Forschung ist dabei die Simulation. Die Idee von Simulations-Experimenten (Simulationsstudien, Monte-Carlo-Experimenten) ist im vorliegenden Fall, die Schätzer für die Parameter des β -Verteilungsmodells a_{sim} und b_{sim} , die aus etlichen simulierten Stichproben eines bestimmten Clusters geschätzt werden, mit den Original-Parametern a und b aus der korrespondierenden realen Stichprobe dieses Clusters zu vergleichen. Realisiert man dies für unterschiedlich große Stichproben, wird die zwangsläufig resultierende Abweichung (Verzerrung, Bias) aufgrund der asymptotischen Eigenschaften von Schätzern bei zunehmendem Stichprobenumfang mit einiger Sicherheit geringer werden, bis sie schließlich gegen Null konvergiert und damit der Zustand der Unverzerrtheit (genauer der Konsistenz) erreicht ist. In der Theorie wird dieser wünschenswerte Zustand erst bei einem unendlich großen Stichprobenumfang erreicht. Wird in der Praxis ein geringer Fehler zugelassen, kann auf der Grundlage der Asymptotik nach Operationalisierung des Kausalzusammenhanges zwischen Verzerrung und Stichprobengröße eine für Forschungs-Surveys realistisch hohe Anzahl Fangstationen je Cluster abgeleitet werden. Im folgenden wird zunächst das zugrundeliegende Konzept der in dieser Arbeit spezifisch auf die β -Verteilung ausgerichteten Simulation beschrieben. Anschließend wird näher auf die Messung der Verzerrung eingegangen.

5.1.1 Zur Theorie der Simulation einer β -Verteilung

Der Vorgang der Simulation von Fangzahlen auf der Basis des β -Verteilungsmodells läuft umgekehrt zu dem der Modellanpassung in Kap. 4 ab. Dort sind gewissermaßen die Fangzahlen (Werte auf der x-Achse) vorgegeben worden, denen die korrespondierenden Werte der y-Achse zugewiesen worden sind. Die berechneten Werte auf der y-Achse sind dabei die Wahrscheinlichkeiten gewesen, mit denen die entsprechenden Fänge auftraten. Sie entsprachen dem angepaßten β -Verteilungsmodell. Bei der Simulation wird dieser Prozeß invertiert: Es werden je Cluster und Ziel-Art die Wahrscheinlichkeiten vorgegeben, die durch das in Kap. 4 geschätzte β -Verteilungsmodell repräsentiert werden. Dabei wird durch zufälliges Auswählen eines Wahrscheinlichkeitswertes aus der β -Verteilung zwischen 0 und 1 die zugehörige Fangzahl generiert. Aus mathematischer Sicht bildet man die Umkehrfunktion zu dem β -Verteilungsmodell und kürzt diese mit F_{β}^{-1} ab (inverses β -Verteilungsmodell). Abb. 51 illustriert diesen Vorgang graphisch: Man sucht sich zufällig einen Wert auf der y-Achse aus, zeichnet ausgehend von diesem Wert einen horizontalen Strich zu der Kurve der zuvor angepaßten β -Verteilung und geht dann von diesem Schnittpunkt mit der Kurve senkrecht zur x-Achse. Der Wert, an dem der Bleistift die x-Achse schneidet, kennzeichnet die simulierte $[0,1]$ -normierte Fangzahl (Pfeil).

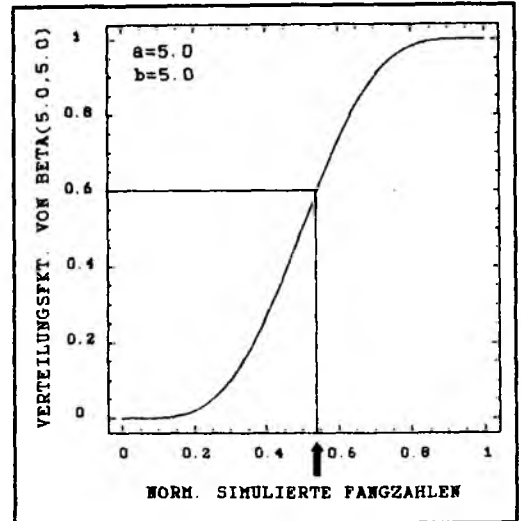


Abb. 51 Simulation im Falle der umkehrbar eindeutig (kumulativen) β -Verteilungsfunktion.

Wenn man aus der $[0,1]$ -normierten Fangzahl x eine simulierte real-dimensionierte Fangzahl erhalten will, muß die $[0,1]$ -Normierung von x (siehe Kap. 4) gemäß der Rücktransformation in Gl. (28) rückgängig gemacht werden.

$$Art_{sim} = x \cdot (Art_{max} - Art_{min}) + Art_{min} \tag{28}$$

worin

$$x = \beta\text{-verteilte } [0,1]\text{-normierte Fangzahl}$$

Im Gegensatz zu Kap. 4 läßt sich für die Simulation nicht die Dichtefunktion der β -Verteilung verwenden, da diese nicht invertierbar ist, sondern ausschließlich die dazugehörige Verteilungsfunktion, die durch Gl. (29) dargestellt wird [Rohatgi, 1976]. Dieser Funktionstyp ist durch seine Monotonie-Eigenschaft (Kumulativität) umkehrbar eindeutig, sodaß exakt nur eine einzige Fangzahl generiert (simuliert) wird [Hillier & Lieberman, 1986; Solomon, 1987; Mood *et al.*, 1988]. In Abb. 51 wird dieser Sachverhalt für die Verteilungsfunktion graphisch dadurch ausgedrückt, daß nur ein einziger Pfeil auf die x-Achse weist (d.h., die Simulation ist eindeutig).

$$F(\text{Art}_{\text{gesamt}}) = \begin{cases} 0, & \text{Art}_{\text{gesamt}} \leq 0 \\ \frac{1}{B(a,b)} \int_0^{\text{Art}_{\text{gesamt}}} u^{a-1} (1-u)^{b-1} du, & 0 < \text{Art}_{\text{gesamt}} < 1 \\ 1, & \text{Art}_{\text{gesamt}} \geq 1 \end{cases} \quad (29)$$

Abb. 52 demonstriert, daß dies für die dazugehörige Dichtefunktion nicht zutrifft: Hier markieren zwei Pfeile die simulierten Fangzahlen; in einem solchen Fall weiß man nicht, welche der beiden Werte die richtige Fangzahl darstellt (d.h., die Simulation ist nicht eindeutig).

$$x = F_{\text{beta}}^{-1}(a,b) = \frac{F_{\text{gamma}}^{-1}(a)}{F_{\text{gamma}}^{-1}(a) + F_{\text{gamma}}^{-1}(b)} \quad (30)$$

worin

F_{beta}^{-1} = inverse Beta-Verteilung

F_{gamma}^{-1} = inverse Gamma-Verteilung

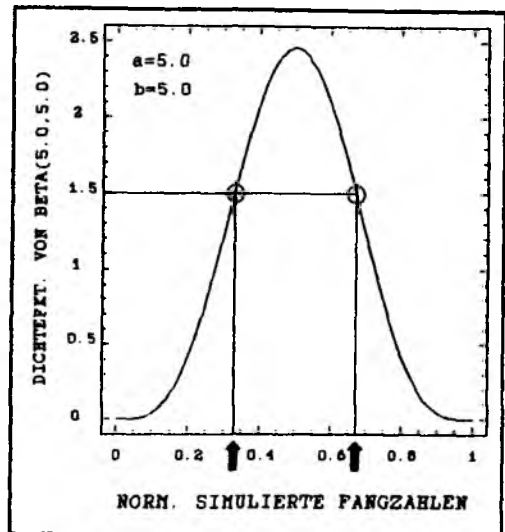


Abb. 52 Simulation im Falle der nicht umkehrbar eindeutigen β -Dichtefunktion.

Nun ist die Ableitung der Umkehrfunktion F_{beta}^{-1} auf analytischem Wege nicht möglich, da weder die β -Verteilungsfunktion noch ihre Dichtefunktion eine geschlossene Form besitzen; aufgrund der Gestalt der Beta-Funktion (Kap. 4) kann die β -Verteilungsfunktion nur numerisch angenähert werden [Press et al., 1989]. Um rechtechnisch trotzdem relativ einfach eine β -verteilte Größe F_{beta}^{-1} zu erzeugen, wird in der vorliegenden Arbeit ein numerischer Trick verwendet. Es läßt sich zeigen, daß der in Formel (30) dargestellte Quotient x aus drei inversen Gamma-Verteilungen ebenfalls eine β -verteilte Zahl (Größe) ergibt, die zwischen 0 und 1 liegt [Rohatgi, 1976; Fishman, 1978; Hogg et al., 1978]. Die in den inversen Gamma-Verteilungen vorkommenden Gamma-Funktionen werden in der vorliegenden Arbeit mit Hilfe der Lanczos-Approximation angenähert, einer speziellen Form der Stirling-Approximation mit besonderen Fehlerkorrektur-Termen. Die Schätzung der inversen Gammaverteilungen selbst geschieht hier nach der sogenannten "Acceptance-Rejection-Method" [Fishman, 1978, Press et al., 1989].

Abb. 53 faßt das Prinzip der Fangzahl-Simulation in Form von 6 Ablaufschritten zusammen. Bei der zufälligen Auswahl eines β -Verteilungswertes auf der y-Achse für eine Fangzahl-Simulation muß vor allem gewährleistet sein, daß jeder Wert zwischen 0 und 1 auf der y-Achse (Kolmogorow'sche Axiome der Wahrscheinlichkeit) mit einer immer gleichen Wahrscheinlichkeit selektiert wird. Das Selektionskriterium, das diese Bedingung erfüllt, basiert auf der Gleichverteilung ($U(0,1)$, "uniform distribution"). Um in der vorliegenden Arbeit den Prozeß der Simulation möglichst zufällig zu beginnen, wird als "Seed" (zufälliger Startwert) für den Zufallszahlengenerator eine bestimmte Fraktion der jeweiligen Systemzeit des Computers verwendet [siehe hierzu u.a. Fishman & Moore, 1982; Hillier & Lieberman, 1986; Solomon, 1987; SAS Institute Inc., 1988a; Press *et al.*, 1989]. Dadurch wird gewährleistet, daß bei sequentiellen

Durchläufen immer ein neuer "Strang" an Zufallszahlen initiiert wird, sodaß direkt nacheinander gestartete Zufallszahlen-Stränge immer unabhängig voneinander sind.

- (1) Zunächst wird die zu simulierende Verteilungsfunktion in Abhängigkeit von *Art* aufgeschrieben, also $Prob = F(Art)$, wobei $F(Art)$ die kumulative β -Verteilungsfunktion ist, *Art* eine beliebige Fangzahl und *Prob* ein beliebiger Wahrscheinlichkeitswert ("probability") der β -Verteilung zwischen 0 und 1.
- (2) Anschließend wird die Gleichung so transformiert, daß sie eindeutig nach *Art* hin aufgelöst werden kann, also $Art = F_{\beta}^{-1}(Prob)$. Dies ist die sogenannte inverse β -Verteilung (Umkehrfunktion der Verteilungsfunktion).
- (3) Dann wird mit Hilfe des Gleichverteilungszufallszahlen-Generators $U(0,1)$ eine zufällige gleichwahrscheinliche Zahl zwischen 0 und 1 für *Prob* erzeugt, sodaß sich $Prob = U(0,1)$ bzw. eingesetzt $Art = F_{\beta}^{-1}[U(0,1)]$ ergibt.
- (4) *Art* ist dann die simulierte, normierte Fangzahl zwischen 0 und 1.
- (5) Um aus dieser normierten, simulierten Fangzahl *Art* eine reale, simulierte Fangzahl zu machen, muß die Normierung entsprechend Formel (30) zurückgenommen werden.
- (6) Die Schritte (3) bis (5) werden sooft wiederholt, bis die vorgegebene Stichprobengröße *n* der zu simulierenden Stichprobe erreicht ist.

Abb. 53 Schematisiertes Prinzip der Fangzahl-Simulation auf der Basis der inversen β -Verteilung.

5.1.2 Zur Messung der Verzerrung

Ausgehend von der Theorie des mittleren quadratischen Fehlers (MSE, "mean squared error"), der identisch ist mit dem Erwartungswert aus dem quadratischen Abstand des Parameterschätzwertes zum "wahren" Parameter, sowie des analytischen (theoretischen) Bias (beide für den β -Verteilungskoeffizienten *a* durch Gl. (31) dargestellt), läßt sich das Prinzip des empirischen Bias ableiten, dessen Berechnung in der vorliegenden Arbeit auf der Schätzung aus

simulierten Fangzahl-Stichproben beruht [Hartung, 1987; Mood *et al.*, 1988]. In Kombination mit einer Analyse des Konvergenzverhaltens der betroffenen Parameter bzw. ihrer Schätzer ergibt sich das "Asymptotik-Konzept" des vorliegenden Arbeitsabschnittes (siehe weiter unten).

$$MSE(a) = Var(a) + Bias(a)^2$$

worin

$$Var(a) = \text{Varianz von } a$$

$$Bias(a) = \text{Verzerrung von } a = E[a] - a$$
(31)

Mit dem Begriff "Bias" in Gl. (31) ist dabei ein systematischer Fehler gemeint, d.h. ein Wert, um den man sich bei der Berechnung von Modellparametern (im vorliegenden Fall bei der Berechnung der beiden β -Verteilungskoeffizienten a und b)

$$BIAS(d_{n,i}) = [\bar{d}_n - a]$$

$$= \left[\left(\frac{1}{N_{SP}} \sum_{i=1}^{N_{SP}} d_{n,i} \right) - a \right]$$
(32)

$d_{n,i}$ = Schätzer für den Parameter a der i -ten Stichprobe (abhängig vom Stichprobenumfang n)

N_{SP} = Anzahl simulierter Stichproben je Cluster

nach oben (positive Verzerrung) oder nach unten (negative Verzerrung) verschätzen kann. Wenn es sich um einen guten Schätzer handelt, sollte die Schätzung unverzerrt (erwartungstreu) und damit die Verzerrung bzw. der Bias gleich 0 sein. In der Praxis eignet sich für die Berechnung der Verzerrung folgende Überlegung, die für den Parameter a formal durch Gl. (32) dargestellt wird (entsprechendes gilt für b): Man gibt die beiden "wahren" (realen) Parameter a und b aus der Originalstichprobe des jeweiligen Clusters vor, "füttert" den Zufallszahlengenerator auf der Basis des inversen β -Verteilungsmodells mit diesen Werten und erzeugt so eine Stichprobe von künstlichen Fangzahlen, aus der sich die beiden Parameter a_{neu} und b_{neu} neu berechnen lassen. Da in jeder Stichprobeninformation ein gewisser Fehler verborgen ist, geschieht dies pro Cluster für eine Reihe von Stichproben, sodaß sich für jeden der beiden Parameter a_{neu} bzw. b_{neu} als Erwartungswert ein mittlerer Wert angeben läßt. Diese Parameter-Mittelwerte werden mit einiger Sicherheit von den "wahren" Ausgangswerten, mit denen der Zufallszahlen-Generator zu Beginn der Simulation "gefüttert" wurde, abweichen, sodaß sich eine Differenz ergibt. Genau diese Differenz wird Verzerrung oder Bias genannt [Hartung, 1987; Mood *et al.*, 1988].

Um verschiedene Verzerrungen z.B. aus unterschiedlichen Clustern oder für unterschiedlich große Stichproben besser miteinander vergleichen zu können, ist es sinnvoll, die Abweichung auf den entsprechenden "wahren" Parameterwert zu normieren und mit 100 zu multiplizieren, sodaß sich, wie in Gl. (33) für den Parameter a dargestellt, eine relative Größe (Prozentmaß) ergibt. Entsprechendes gilt für b .

Zur Berechnung der für die Nordsee im Durchschnitt erforderlichen Anzahl Stationen je Cluster (idealer Stichprobenumfang je Cluster) läßt sich das Konvergenz-Verhalten von Parameterschät-

zungen nutzen (dem Konzept nicht-parametrischer Statistiken folgend ist hier mit dem Begriff "Durchschnitt" der mediane Durchschnitt gemeint, da durch Berechnung des Medians aus den clusterbezogenen Verzerrungen für die Gesamt-Nordsee eine allzu starke Abhängigkeit von möglicherweise erzeugten Extremwerten verhindert wird). Weil die Koeffizienten $a_{n,i}$ und $b_{n,i}$ aus Stichproben geschätzt werden, wird dieser Bias im Unterschied zum theoretischen Bias "empirischer Bias" genannt. Er ist somit von der Stichprobengröße abhängig, was in den Gleichungen dieses Kapitels durch den Index n ausgedrückt wird. Zu erwarten ist, daß die Verzerrung mit zunehmendem Stichprobenumfang n geringer wird. Eine solche Eigenschaft ist ein notwendiges Qualitätsmerkmal für Parameterschätzungen und ist identisch mit der Forderung nach Konsistenz. In dieser Arbeit soll die sogenannte "Konsistenz im quadratischen Mittel" bzw. die aus statistischer Sicht etwas schwächere Forderung der "asymptotischen Erwartungstreue" ("asymptotische Unverzerrtheit") untersucht werden [siehe Mood *et al.*, 1988], deren Konzepte sich beide mit Hilfe des MSE (Gl. (31)) herleiten lassen.

empirischer %-BIAS_{norm}(d_n)

$$= \frac{\bar{d}_n - a}{a} \times 100$$

$$= \frac{\left[\frac{1}{N_{SP}} \sum_{i=1}^{N_{SP}} d_{n,i} - a \right]}{a} \times 100$$

$$= \frac{1}{N_{SP}} \sum_{i=1}^{N_{SP}} \left[\frac{(d_{n,i} - a)}{a} \times 100 \right]$$

worin

$d_{n,i}$ = geschätzter Parameter für a aus der i -ten simulierten Stichprobe (ist abhängig vom Stichprobenumfang n)

a = im Rahmen der Modellidentifikation berechneter, "wahrer" Parameter a , der dem Zufallszahlen-Generator zugrunde liegt

N_{SP} = Anzahl der simulierten Stichproben

(33)

Im vorliegenden Fall läßt sich der Begriff der "Stichprobe" äquivalent zum Begriff "Seereise" ("Forschungsfahrt", "Ausfahrt", "Forschungs-Survey") auffassen. Viele Stichproben würden in diesem Zusammenhang in der Praxis viele Ausfahrten bedeuten, ein großer Stichprobenumfang etliche Fangstationen pro Reise; da solche Forschungsfahrten mit Aufwand verbunden sind und Geld kosten, muß die Anzahl an Fangstationen je Forschungsreise, d.h. der Stichprobenumfang begrenzt werden. Es gilt also einen Schwellenwert für den Stichprobenumfang zu finden, bei dem der Bias der Modellparameter a und b , d.h. der systematische Fehler möglichst gering ist und bei dem aus ökonomischer Sicht die Kosten eines Surveys nicht zu hoch werden. Da dieser Punkt aus statistischer Sicht in der Regel erst im Unendlichen, d.h. auf der Basis einer unendlich großen Stichprobe erreicht wird (daher der Begriff "Asymptotik"), was aus pragmatischen Gründen natürlich nicht zu akzeptieren ist, ist es erforderlich, einen Grenzwert zu wählen, der größer als Null ist: In Anlehnung an die üblicherweise verwendeten Irrtumswahrscheinlichkeiten von z.B. $\alpha = 0.05$ oder $\alpha = 0.10$ im Rahmen statistischer Tests, wird hier ein durch-

schnittlicher Stichprobenumfang pro Cluster als geeignet gewertet, der je nach Genauigkeitsanspruch beispielsweise entweder bei einer Verzerrung von 5% oder 10% liegt. Um solch einen Punkt explizit bestimmen zu können, ist es jedoch zunächst notwendig, eine Funktion

$$\text{Bias} = f(\text{Stichprobenumfang})$$

zu finden, die die kausale Abhängigkeit des asymptotischen Bias von diesem Stichprobenumfang operationalisiert. Diese muß gemäß

$$\text{Stichprobenumfang} = f^{-1}(\text{Bias})$$

zugleich umkehrbar sein, damit sich der geeignete Stichprobenumfang bei den entsprechenden, vorzugebenden (erlaubten) Prozentpunkten der Verzerrung berechnen läßt.

Bevor eine solche Funktion zur Bestimmung des Stichprobenumfangs gefunden werden

kann, muß allerdings zuerst ein anderer wichtiger Aspekt unter-

sucht werden: Da der empirisch ermittelte, asymptotische Bias von der Qualität der Parameterschätzung, die von der Stichprobeninformation abhängig ist, beeinflusst wird, muß zuvor überprüft werden, wieviele Stichproben überhaupt notwendig sind, um zu möglichst sicheren, d.h. nicht-zufälligen Ergebnissen und Schlußfolgerungen hinsichtlich der Verzerrung zu gelangen. Erst auf der Grundlage dieser Information können die eigentlichen Simulations-Experimente durchgeführt werden.

Die gesamte Vorgehensweise bei der Simulation wird als Ablaufdiagramm durch Abb. 54 wiedergegeben.

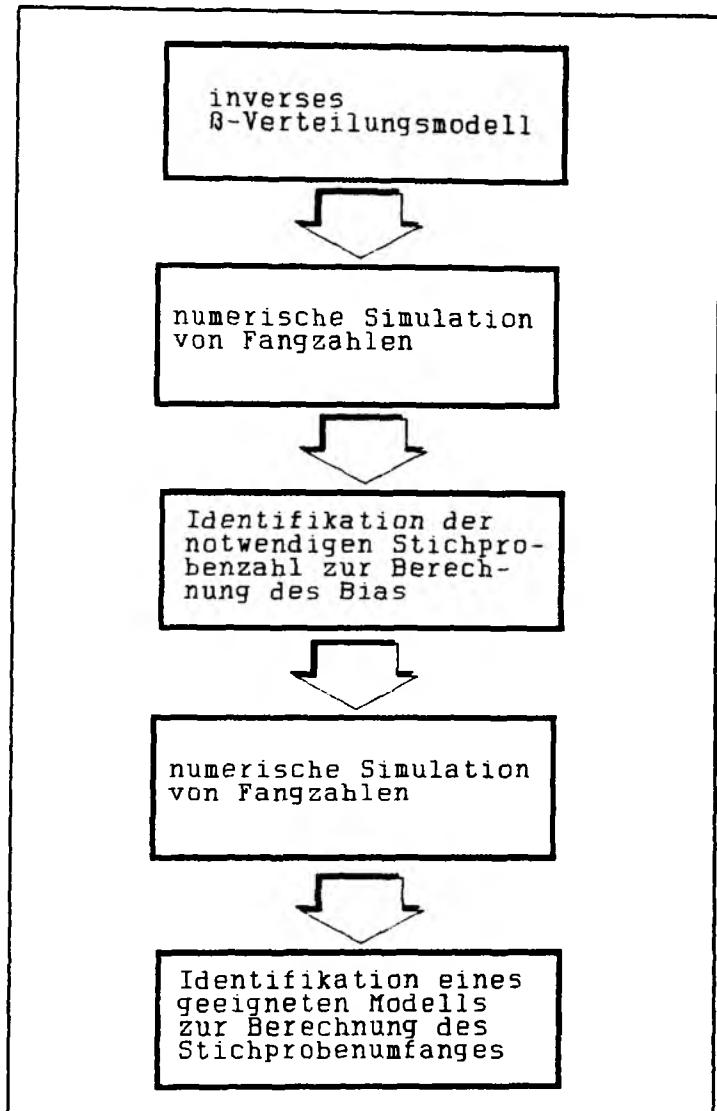


Abb. 54 Die Simulations-Experimente im Ablauf.

5.2 Ergebnisse

Die Auswertung der Ergebnisse bezieht sich exemplarisch auf das Jahr 1983 und die drei Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus*. Um feststellen zu können, welches eine angemessene Zahl an Stichproben für die eigentlichen Untersuchungen zur Asymptotik des Bias ist, sind Trend-Analysen mit veränderten Stichprobenzahlen bei einer konstanten Stichprobengröße durchgeführt worden. In diesem Zusammenhang ist die exakte Festlegung auf

eine bestimmte Stichprobengröße n unerheblich, da nur relative Größen miteinander verglichen werden. Die einzige Bedingung ist, daß n im Rahmen des Versuchs konstant bleibt. Da Vorversuche gezeigt haben, daß sich die Verzerrung bei einer Stichprobengröße von $n = 50$ mit Werten um etwa 10% stabilisiert, wird für diesen Versuch ein entsprechender Stichprobenumfang gewählt. Dabei sind für jedes Cluster des Jahres 1983 sowie für jede der drei genannten Ziel-Arten sukzessive die Anzahl der Stichproben von 10 bis 100 jeweils in 10er-Schritten erhöht worden. Dies entspricht

550 Reisen x (50 Stationen x 14 Cluster x 3 Arten) = 1.155 Millionen

simulierten Fangzahlen. Um im Rahmen der anstehenden Trend-Analysen die aus diesen Simulations-Experimenten resultierenden Ergebnisse auf die Gesamt-Nordsee übertragen zu können, ist je Ziel-Art der Median der einzelnen Verzerrungen aus den 14 Clustern des Jahres als ein Maß für die durchschnittliche Verzerrung in der Gesamt-Nordsee verwendet worden. Als Maß für die Zufälligkeit der Ergebnisse ist die Standardabweichung gewählt worden, die aus den Verzerrungs-Werten aller Cluster des Untersuchungsjahres ermittelt wurde. Um die Ergebnisse transparenter zu gestalten, sind im Rahmen von Diagnose-Plots die Mediane der Verzerrung artenweise über die unterschiedlichen Stichproben-Zahlen aufgetragen worden (siehe Abb. 55).

Für *Gadus morhua* und *Melanogrammus aeglefinus* zeigt sich dabei graphisch mit zunehmender Stichprobenzahl ein Abfall der medianen Verzerrung; allerdings erweist sich für diese beiden Arten nur der Trend des Parameters a von *Gadus morhua* auf dem 5%-Niveau als statistisch

Tab. 26 Ergebnisse zur Analyse notwendiger Stichprobenanzahlen. Auf dem 5%-Niveau signifikante p-Werte sind hervorgehoben.

Parameter	Ziel-Art	R^2	F	p
a	<i>Gadus morhua</i>	0.43	5.931	<u>0.026</u>
	<i>Melanogr. aegl.</i>	0.03	0.280	0.763
	<i>Merl. merl.</i>	0.08	0.713	0.519
b	<i>Gadus morhua</i>	0.09	0.756	0.500
	<i>Melanogr. aegl.</i>	0.21	2.084	0.187
	<i>Merl. merl.</i>	0.01	0.106	0.901

Median-Trend-Plots

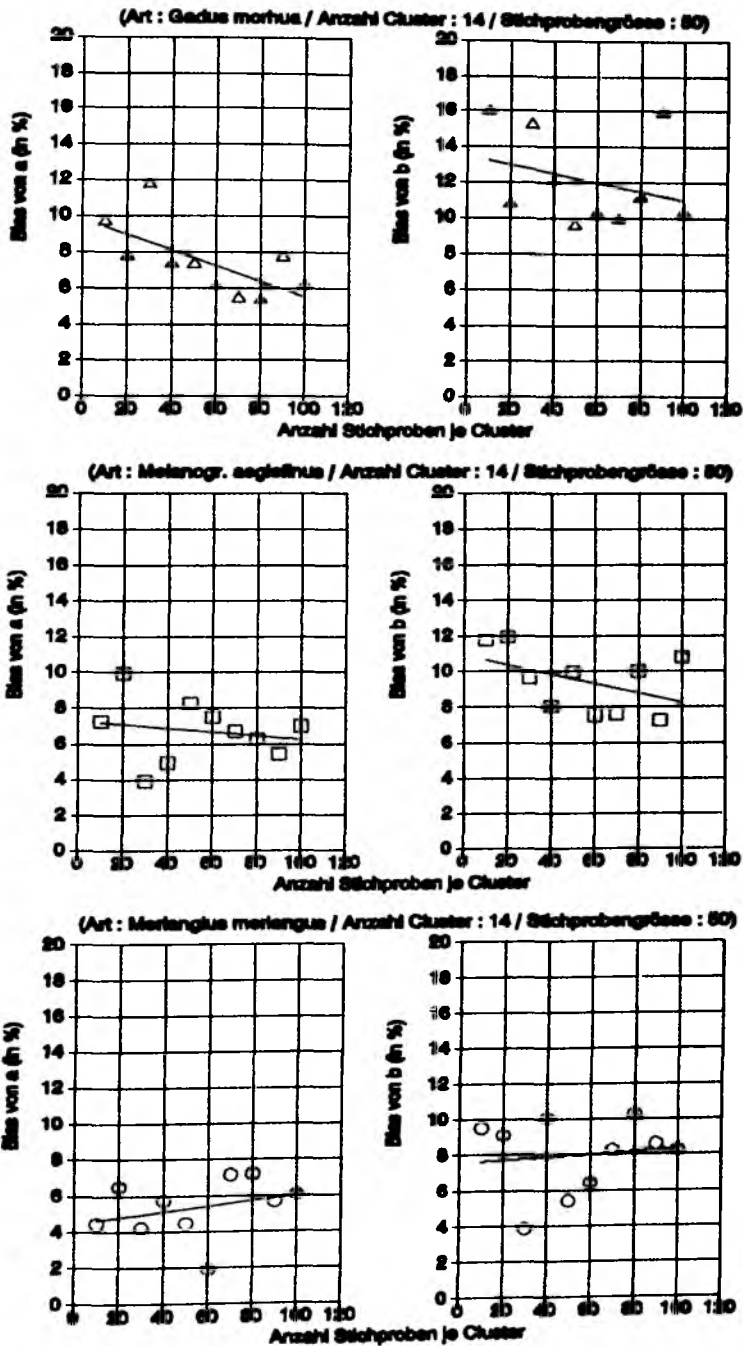


Abb. 55 Trend-Analyse zur Feststellung der geeigneten Anzahl Stichproben.

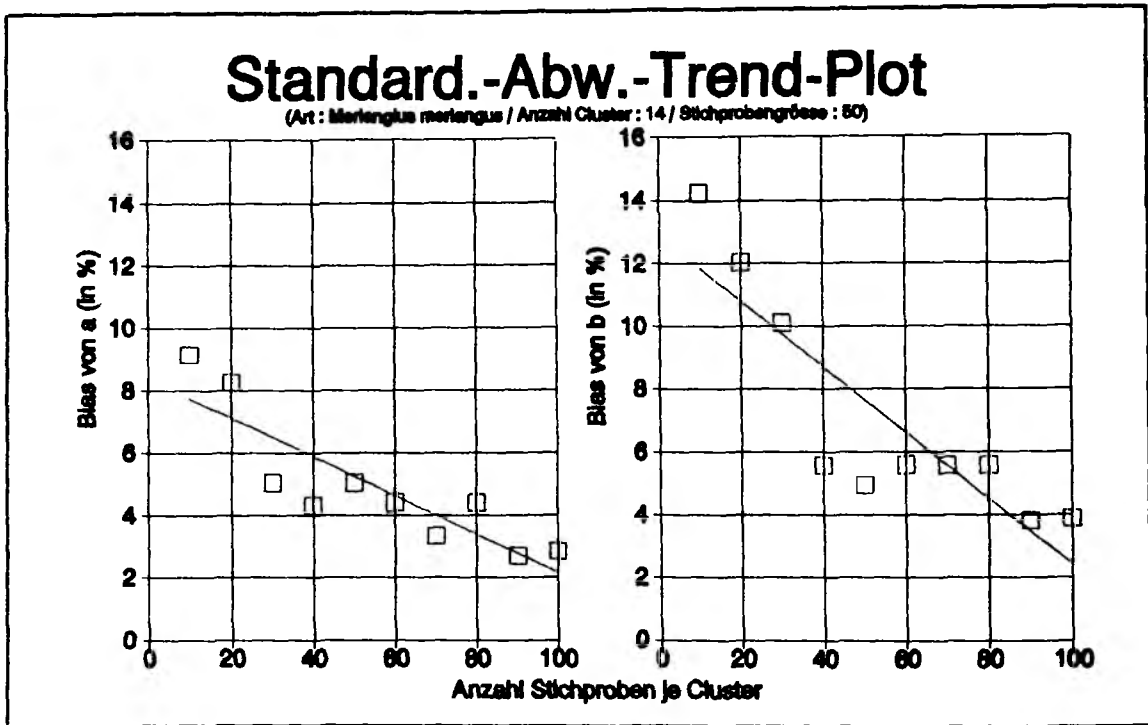


Abb. 56 1983: Plot der Standardabweichungen der Verzerrungen gegen die Stichprobenzahl (*Merlangius merlangus*).

signifikant (siehe Tab. 26). Gegenläufig zu diesem Resultat sind die Ergebnisse für *Merlangius merlangus*: die Daten für die Parameter *a* und *b* zeigen graphisch einen mit der Stichprobenzahl ansteigenden Trend, der allerdings in beiden Fällen auf dem 5%-Niveau auch hier nicht signifikant ist (siehe Tab. 26).

Der Diagnose-Plot der über die Stichprobenzahl aufgetragenen Standardabweichungen der Verzerrungen in Abb. 56 dient für *Merlangius merlangus* einer graphischen Analyse zur Unsicherheit über den Bias (Streuung der Verzerrungen) bei zunehmender Stichprobenzahl. Während die Trends der Bias-Standardabweichungen für die Modellparameter der beiden anderen Ziel-Arten weder graphisch offensichtlich noch statistisch signifikant sind, ist dieser für *Merlangius merlangus* auf dem 5%-Niveau hochsignifikant: Für den Parameter *a* mit $R^2 = 0.76$ sowie $F = 25.62$ ($p = 0.000$) und für den Parameter *b* mit $R^2 = 0.76$ sowie $F = 25.06$ ($p = 0.000$).

Da die Stichprobenzahl in insgesamt drei Fällen zumindest statistisch einen gewissen Effekt auf den Bias erkennen läßt, ist diese für alle nachfolgenden Analysen zum Bias auf den in der Trend-Untersuchung maximalen Wert von $N = 100$ festgesetzt worden (zu beachten ist in diesem Zusammenhang, daß ein erheblich höherer Wert als 100 in dieser Arbeit zu einem nicht mehr vertretbaren Rechenaufwand geführt hätte). D.h. für jedes Cluster werden nunmehr im Rahmen der Simulations-Experimente zur Asymptotik (Konvergenz, Konsistenz) des Bias 100

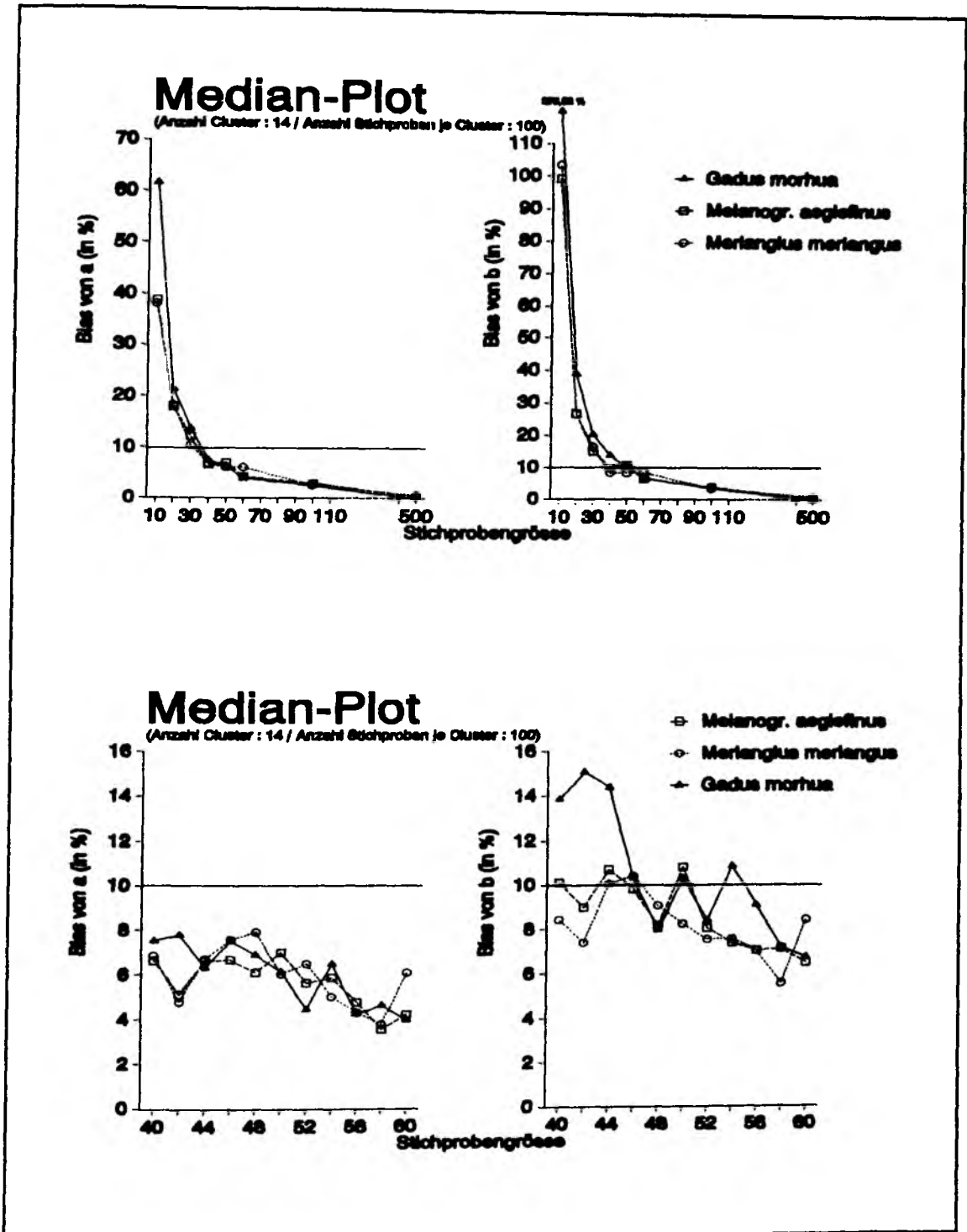


Abb. 57 1983: Plot medianer Verzerrungen gegen den Stichprobenumfang für die drei Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus*. Horizontale-Linie ist 10%-Grenze.

Stichproben verwendet, aus denen die für das jeweilige Cluster gültige Verzerrung empirisch ermittelt wird.

Um die Information aus den 14 Clustern des Jahres 1983 für eine einfachere Betrachtung zur Asymptotik des Bias zu bündeln, wird auch hier wieder je Ziel-Art der Median der Verzerrungen der 14 Cluster als ein Maß des Bias für die Gesamt-Nordsee verwendet. Auf diese Weise soll auch hier einer Beeinflussung der Ergebnisse durch eventuelle Ausreißer vorgebeugt werden. Bei der Betrachtung des Konvergenz-Verhaltens sind zunächst folgende Stufen an Stichprobengrößen verwendet worden: 10, 20, 30, 40, 50, 60, 100, 500. Das entspricht

100 Reisen x (14 Cluster x 810 Stationen x 3 Arten) = 3.402 Millionen

simulierten Fangzahlen. In der oberen Hälfte von Abb. 57 ist der Diagnose-Plot der medianen Verzerrungen über diese Stichprobengrößen graphisch dargestellt, links für den Parameter *a* und rechts für den Parameter *b*. Generell erweist sich darin die Verzerrung von *b* als erheblich größer als die von *a*. Dabei ist der mediane Bias der beiden β -Verteilungsparameter *a* und *b* von *Gadus morhua* im Falle niedrigerer Stichprobenumfänge prinzipiell größer als die der beiden anderen Ziel-Arten. Bei höheren Stichprobenumfängen hingegen dominiert die Verzerrung der Parameter von *Merlangius merlangus* gegenüber den Parametern der beiden anderen Ziel-Arten. Generell zeigt sich in den zwei Teilplots ein sukzessiver, exponentieller Abfall der Verzerrungen mit ansteigendem Stichprobenumfang, der sehr deutlich auf ein Potenzmodell hinweist.

Da aus Vorversuchen bekannt ist, daß ein Bias von etwa 10% im Intervall 40 bis 60 erreicht wird, ist dieser Bereich zur Erhöhung der Genauigkeit auf der Grundlage von sukzessiv aufeinanderfolgenden 2er-Schritten (42, 44, ..., 56, 58) kontinuierlicher abgedeckt worden. Dies entspricht

100 Reisen x (14 Clustern x 400 Stationen x 3 Arten) = 0.56 Millionen

simulierten Fangzahlen. In der unteren Hälfte von Abb. 57 sind deshalb die medianen Verzerrungen gegen diese kleinerskaligen Stichprobengrößen aufgetragen, links wieder für den Parameter *a* und rechts für den Parameter *b*. Der linke Teilplot zeigt, daß sämtliche Werte unterhalb der 10%-Grenze liegen, während die Werte des rechten Teilplots teilweise oberhalb dieser Grenze liegen. Zwar läßt sich bei dieser kleinerskaligeren Auflösung eine gewisse, mit zunehmendem Stichprobenumfang abfallende Tendenz erkennen, allerdings schwanken die Werte hier weitaus stärker als im oberen Teil der Abbildung, sodaß keine spezifische Funktionsform offenkundig wird. Am stärksten oszilliert dabei der Bias für *Gadus morhua* insbesondere für den Parameter *b*.

Tab. 27 1983: Kennzahlen aus der Anpassung eines Stichprobengrößen-Modells für die 3 Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* sowie *Merlangius merlangus*.

Param.	Ziel-Art	$\ln(\beta_0)$	β_1	R^2	R	F	p
a	<i>Gadus morhua</i>	7.652	-1.506	0.989	0.995	1286.157	0.0000
	<i>Melanogr. aeglef.</i>	6.553	-1.233	0.978	0.989	609.461	0.0000
	<i>Merl. merl.</i>	5.956	-1.065	0.955	0.977	294.961	0.0000
b	<i>Gadus morhua</i>	9.546	-1.855	0.984	0.992	840.782	0.0000
	<i>Melanogr. aeglef.</i>	8.037	-1.516	0.984	0.992	869.405	0.0000
	<i>Merl. merl.</i>	6.790	-1.183	0.940	0.970	219.473	0.0000

Faßt man nun (getrennt nach den Parametern *a* und *b*) die Daten aus den übereinanderstehenden Plots von Abb. 57 zusammen, läßt sich für jede der drei Ziel-Arten der Verlauf der Datenpunkte durch ein spezifisches Verzerrungs-Modell allgemein beschreiben. Wie im folgenden gezeigt wird, kann dieses Modell durch Gl. (34) dargestellt werden.

Denn nach Transformation des medianen Bias sowie der Stichprobenumfänge in absolute Zahlen und anschließender Logarithmierung dieser Absolutbeträge ergibt sich ein intrinsisch linearisiertes Modell gemäß Gl. (35), das sich sehr gut an die Verzerrungsdaten anpassen läßt. Die Transformation des Bias in Absolutbeträge ist dabei nur wegen der Logarithmierung erforderlich,

$$abs(\% - BIAS(d_n)) = \beta_0 \times n^{\beta_1} \times e^{\varepsilon} \tag{34}$$

β_0, β_1 : Koeffizienten des Modells
 n : Stichprobengröße
 ε : Fehlerterm

$$\ln(abs(\% - BIAS(d_n))) = \ln(\beta_0) + \beta_1 \times \ln(n) + \varepsilon \tag{35}$$

β_0, β_1 : Regressionsparameter
 n : Stichprobengröße
 ε : Fehlerterm

bedeutet per se jedoch keine Einschränkung des Modells, da es sowohl für die Aussage als auch für die Qualität des Modells keine Rolle spielt, ob die Verzerrung positiv oder negativ ist: Beide Fälle sind in gleichem Maße ungünstig. Auf der Grundlage dieses linearen Modells lassen sich die Regressions-Parameter empirisch berechnen: Die geschätzten, durch sehr hohe Erklärungsgehalte ausgewiesenen Koeffizienten ($R^2 > 0.94$) sind für sämtliche drei Ziel-Arten sowie beide β -Verteilungsparameter *a* und *b* auf dem 5%-Niveau hochsignifikant. Tab. 27 faßt die Ergebnisse der Modellanpassung zusammen. Stellvertretend für alle drei Ziel-Arten wird die sehr gute Anpassung im Falle von *Gadus morhua* graphisch durch Abb. 58 illustriert.

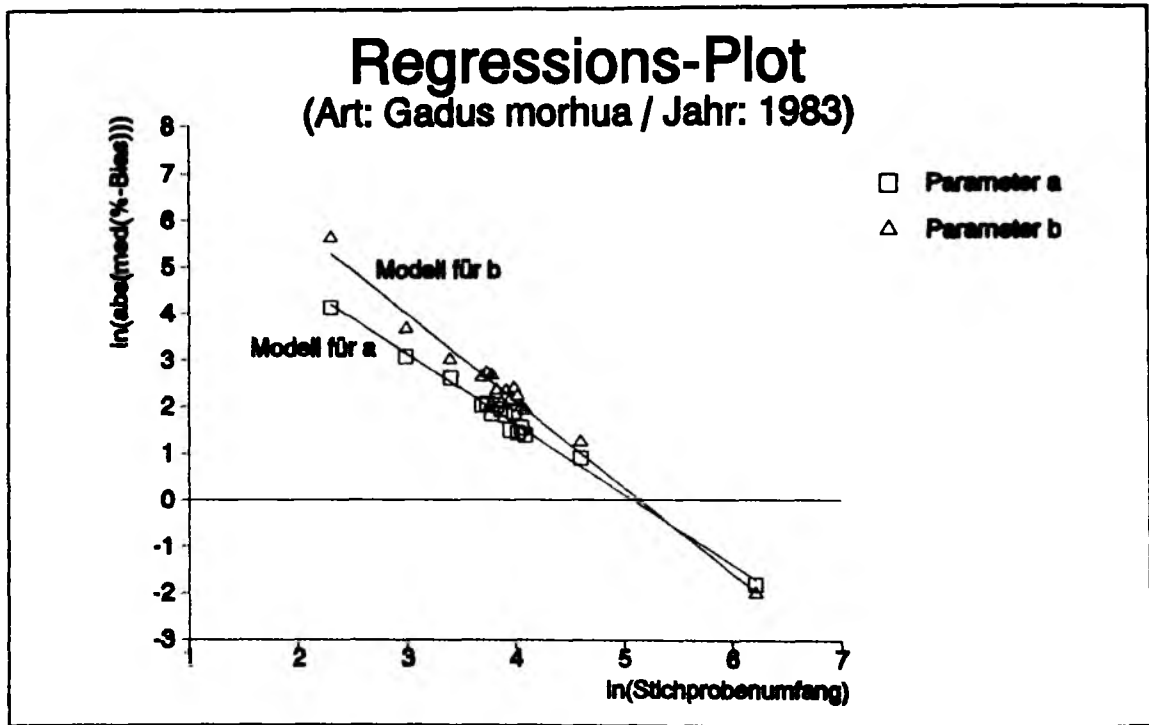


Abb. 58 1983: Plot der logarithmierten medianen Absolutwerte der Verzerrung gegen den logarithmierten Stichprobenumfang für die Parameter *a* und *b* von *Gadus morhua*.

Auf der Basis dieser Ergebnisse läßt sich für jeden der β -Verteilungsparameter *a* und *b* sowie für jede der drei Ziel-Arten durch Bildung der Umkehrfunktion von Gl. (35) eine allgemeine Formel zur Berechnung des Stichprobenumfanges entwickeln, die durch Gl. (36) dargestellt wird.

Durch Einsetzen der Werte für die geschätzten Regressionsparameter aus Tab. 27 in das Stichprobengrößen-Modell von Gl. (36) läßt sich der ideale, durchschnittliche Stichprobenumfang je Cluster ermitteln.

$$n = \exp \left(\frac{\ln(\text{abs}(\%-\text{BIAS})) - \ln(\beta_0)}{\beta_1} \right)$$

β_0, β_1 : aus dem Regressionsmodell geschätzte Regressionsparameter (36)

n : zu schätzender Stichprobenumfang

%-BIAS : z.B. 5% oder 10%
(äquivalent zu α in statistischen Tests)

Er ergibt sich gemäß Gl. (37) bei verschiedenen, zugrundegelegten Verzerrungs-Stufen (0.1%, 1%, 5%, 10%) jeweils als Maximum aus allen 6 Stichprobengrößen, die für die drei Arten und

Tab. 28 1983: Berechnete Stichprobengrößen je Cluster (gerundet) für die Verzerrungen 0.1, 1, 5 und 10% (siehe hierzu Gl. (36) sowie Tab. 27). Maxima je Verzerrungs-Stufe sind hervorgehoben.

Parameter	Ziel-Art	geschätzte Stichprobengrößen n je Cluster, Parameter und Art bei einem Bias von			
		0.1%	1%	5%	10%
a	<i>Gadus morhua</i>	742	162	55	35
	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	1316	203	55	31
	<i>Merlangius merlangus</i>	<u>2332</u>	268	59	31
b	<i>Gadus morhua</i>	594	172	72	<u>50</u>
	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	916	201	69	44
	<i>Merlangius merlangus</i>	2178	<u>311</u>	<u>80</u>	44

die beiden β -Verteilungsparameter a sowie b bei den entsprechenden Prozentpunkten der Verzerrung berechnet worden sind. Damit wird gewissermaßen auf das "schwächste Glied in der Kette" Rücksicht genommen.

$$\hat{n}_{\text{gesamt}} = \max_{\forall i} [\max [\hat{n}_a, \hat{n}_b]_i]$$

worin

$i = \text{Artenindex (hier: 3,6,7)}$

$\hat{n}_a, \hat{n}_b = \text{geschätztes } n \text{ bei gegebenem Bias von } a \text{ bzw. von } b$

(37)

Tab. 28 faßt die Ergebnisse zum berechneten Stichprobenumfang zusammen. Die Maxima bei den entsprechenden Prozentpunkten der Verzerrung sind darin besonders hervorgehoben. Danach ergeben sich für die Gesamt-Nordsee bei einer zugelassenen Verzerrung von

- 10% : 14 Cluster x 50 Fangstationen/Cluster = 700 Fangstationen
- 5% : 14 Cluster x 80 Fangstationen/Cluster = 1120 Fangstationen
- 1% : 14 Cluster x 311 Fangstationen/Cluster = 4354 Fangstationen
- 0.1% : 14 Cluster x 2332 Fangstationen/Cluster = 32648 Fangstationen

Generell zeigt sich in Tab. 28, daß bei kontinuierlich reduzierter Verzerrung der Bias von a immer mehr an Einfluß gewinnt. So liegen ab einer vorgegebenen, absoluten Verzerrung von unter 1% die berechneten, notwendigen Stichprobenumfänge für den Parameter a bei allen drei Arten höher als für den Parameter b (dies läßt sich prinzipiell durch Einsetzen von Verzerrungs-

Werten zwischen 0 und 1 in Gl. (36) nachvollziehen). Betrachtet man die Ergebnisse von Tab. 28 auf Arten-Ebene, so wird erkennbar, daß bei einer zugelassenen, absoluten Verzerrung sowohl von 5% als auch von 10% der erforderliche Stichprobenumfang je Cluster für *Melanogrammus aeglefinus* bei beiden Parametern am geringsten ist, während für Verzerrungen von 1% bzw. 0.1% *Gadus morhua* die geringsten Stichprobengrößen benötigt. Bei zugrundegelegten 10% Verzerrung ist für *Gadus morhua* jedoch der gegenüber den beiden anderen Arten maximale Stichprobenumfang erforderlich.

5.3 Diskussion

Eine Schwäche des empirischen mittleren Bias ist, daß sich die einzelnen Verzerrungen, die sowohl positiv (Überschätzung) als auch negativ (Unterschätzung) sein können, u.U. gegenseitig derart kompensieren, daß man selbst bei sehr großen Ausschlägen (Einzelverzerrungen) nur einen kleinen Gesamt-Bias erhält. In einem solchen Fall bewegen sich die Einzelverzerrungen mit in etwa gleichbleibendem Abstand um einen mittleren Bias herum, sodaß es dann notwendig wäre, die Einzelverzerrungen separat zu betrachten. Das hier entwickelte Stichprobengrößen-Modell konnte jedoch mit so hoher Qualität (hohes R^2 , auf dem 5%-Niveau hochsignifikant) an die simulierten Daten angepaßt werden, daß in diesem Fall nicht davon ausgegangen werden muß, daß es sich hierbei um ein Zufallsergebnis handelt, zumal die Zahl der für die Simulations-Experimente verwendeten Daten außerordentlich hoch ist. Für die hohe Qualität sowie die Allgemeingültigkeit des Stichprobengrößen-Modells spricht auch die Tatsache, daß es für alle drei Ziel-Arten gültig ist, wenngleich mit unterschiedlichen Schätzwerten für die Modell-Parameter. Diese Unterschiedlichkeit spiegelt die artspezifischen Effekte auf die Verzerrung wider.

Die Gründe für die Verzerrung der Modellparameter sind nicht so ohne weiteres identifizierbar, da der empirische Bias als ein Sammelsurium verschiedenster Einflüsse angesehen werden muß. Im Gegensatz zum rein theoretischen Bias mißt man beim empirischen Bias noch eine Reihe anderer Effekte mit, die sich neben dem prinzipiellen Stichprobenfehler im wesentlichen aus Approximationsfehlern ergeben, die durch den verwendeten Zufallszahlen-Generator induziert werden und sich recht schwer differenzieren lassen. Da diese Effekte absolut gesehen zwar gerichtet sind und die Einzelabweichungen vergrößern, sie aber gleichzeitig bei sämtlichen Simulations-Experimenten der vorliegenden Arbeit als Konstante eingehen, ist die relative Wirkung vernachlässigbar.

Die Varianz als ein statistisches Beurteilungskriterium zu verwenden, ist nicht angebracht, da sie auf empirischem Wege keine Regelmäßigkeit erkennen läßt: Wie Vorversuche gezeigt haben, verringert sie sich nicht notwendigerweise mit zunehmender Anzahl an Fängen. Das ist auch nicht weiter verwunderlich, da (wie im theoretischen Abschnitt dieses Kapitels angesprochen) über die herkömmliche Varianz-Formel zwar die pure Varianz gemessen werden soll, tatsächlich

aber der MSE gemessen wird. Dieser enthält zusätzlich die Verzerrung, die die Eigen-Schwankungen der Varianz (die natürliche artspezifische Variation) überlagert.

Prinzipiell kann man zur Verzerrung der Modellparameter für alle drei Arten gemeinsam konstatieren, daß die β -Verteilungs-Modelle bzw. die Schätzungen ihrer Parameter für das Jahr 1983 zumindest bei niedrigen Stichprobenumfängen nicht erwartungstreu sind. Die Schätzungen sind aber asymptotisch erwartungstreu, d.h. der Bias nimmt mit zunehmender Anzahl simulierter Fänge je Cluster stark ab. Genau dieser Prozeß wird durch das linearisierte Stichprobengrößen-Modell beschrieben und ist damit die operationalisierte Grundlage für das Asymptotik-Konzept der vorliegenden Arbeit.

Es zeigt sich ferner, daß der Bias von a gegenüber b grundsätzlich geringer ist. Offenbar drückt sich die durch die simulierte Fangzahlen-Stichprobe induzierte Unsicherheit der Schätzung von b in einer graduell stärkeren Verzerrung aus.

Die bei einer erlaubten Verzerrung von 10% berechneten 700 Fangstationen für die Gesamt-Nordsee bedeuten einen leicht über der aktuellen Praxis des IYFS liegenden Stichprobenumfang, die 1120 Stationen bei 5% Verzerrung sind schon etwa doppelt so viele wie derzeit festgesetzt werden. Die Stationenzahlen bei 1% sowie 0.1% Verzerrung (4354 sowie 32648 Stationen) erscheinen für die Praxis unrealistisch hoch und wären dementsprechend mit einem viel zu hohem Kostenaufwand verbunden. Daraus ergibt sich die Frage, ob 5% oder 10% Bias angemessen sind. Da aus finanziellen Gründen vermutlich nicht wesentlich mehr als die bisherigen etwa 650 Stationen im Rahmen des IYFS beprobt werden können, muß mit einem durch die Verzerrung induzierten Fehler von etwa 10% bei der Identifikation der Modellparameter a und b gerechnet werden. Da in der statistischen Theorie (für den vorliegenden Fall) das parametrisierte β -Verteilungsmodell als der zugrundeliegende stichprobenerzeugende Prozeß gesehen wird, hängen auch andere Größen, zu denen z.B. der aus den Fangdaten berechnete mittlere Fang je Stratum sowie die geschätzte Varianz der Fänge zählen, von diesen β -Verteilungsparametern ab [siehe u.a. Rohatgi, 1976; Mood *et al.*, 1988]. Aus diesem Grunde weisen die genannten Größen ebenfalls einen entsprechend hohen Fehler auf (vgl. hierzu auch die Ausführungen zur Momenten-Schätztechnik in Kap. 4).

Ein wesentlich höherer Stichprobenumfang würde in diesem Zusammenhang nicht nur mehr Kosten verursachen, sondern man müßte sich auch die prinzipielle Frage nach der Angemessenheit stellen. Denn wie die Analyse auf Arten-Ebene zeigt, ist es zwar sinnvoll, das "schwächste Glied der Kette" als Maßstab zu wählen. Da aber bei immer geringer werdendem Bias auch die für die einzelnen Arten erforderlichen Stichprobenumfänge absolut gesehen zunehmend auseinanderklaffen, ergibt sich z.B. bei einer zugrundegelegten Verzerrung von 0.1% die Frage, ob für die beiden Arten *Gadus morhua* sowie *Melanogrammus aeglefinus* eine Differenz von zusätzlichen 1590 bzw. 1016 Stationen je Cluster gegenüber *Merlangius merlangus* zu recht-

fertigen ist (214% bzw. 77% Redundanz). Das bedeutet auf die Gesamt-Nordsee bezogen zusätzliche 22260 bzw. 14224 Stationen, die für *Merlangius merlangus* unnötig wären. Bei 10% Verzerrung beträgt hingegen die maximale Differenz nur 6 Stationen je Cluster, sodaß sich hier für die Gesamt-Nordsee maximal 84 Stationen mehr ergeben und damit die Redundanz weitaus geringer ist (14% Redundanz).

6 Allgemeine Schlußfolgerungen und die daraus abgeleitete Survey- und Analyse-Strategie für den IYFS

Sämtliche Verfahren, die in der vorliegenden Arbeit verwendet worden sind, fußen auf den Fangzahlen der im Balogh'schen Sinne 14 relevantesten Arten. Bei Verwendung eines anderen Verfahrens der Artenselektion bzw. bei Verwendung nicht von Abundanzen, sondern von Gewichtsangaben, könnten die hier erzielten Ergebnisse u.U. völlig anders aussehen. Allerdings hat sich das Balogh'sche Konstanz-Maß im Rahmen der vorliegenden Fragestellung als eine für die Auswahl relevanter Arten geeignete Größe erwiesen, da sie statistisch sowie biologisch plausibel erscheint und sich verhältnismäßig einfach berechnen läßt. Mit seiner Hilfe konnten hinsichtlich der Arten-Auswahl für den untersuchten Zeitraum 1983 bis 1988 jahresbezogen relativ stabile Resultate erzielt werden. Auf diese Weise sind akzidentielle (eher zufällig vorkommende) Arten von sämtlichen Analysen ausgeschlossen worden.

Ein wesentlicher Gesichtspunkt der vorliegenden Arbeit ist die Erhaltung der biologischen Plausibilität bzw. Interpretierbarkeit der Resultate gewesen. Um aus diesem Grunde den direkten Zugang zu den Daten zu erhalten, basieren sämtliche Analysen auf den untransformierten (original belassenen) Fangangaben. Dieses Vorgehen kann durchaus einen Einfluß auf die Ergebnisse bzw. ihre statistische Qualität haben. So könnte es z.B. vorkommen, daß im Rahmen einer Faktoren-Analyse mit orthogonal rotierten, biologisch allerdings schwer interpretierbaren Variablenbündeln wegen einer geringeren interspezifischen Korrelation möglicherweise bessere Clusterungs-Resultate erzielt worden wären (kompaktere, disjunktere Cluster mit noch einem besseren Trennungsgrad etc.). Andererseits hat in diesem Zusammenhang eine versuchsweise, im Vorfeld der Clusterung durchgeführte Standardisierung der Fangdaten zu sehr schlechten Trennungseigenschaften der resultierenden Cluster geführt.

Einschränkend muß an dieser Stelle darauf hingewiesen werden, daß sich sowohl die Modell-anpassung als auch die Simulationen im Gegensatz zur optimierenden Clusterung in Kap. 3 nur auf drei der insgesamt 14 Ziel-Arten beziehen. Wie aber die Ergebnisse aus Kap. 3, 4 und 5 auch zeigen, sind diese drei Arten in ihren Eigenschaften hinsichtlich der Stratifizierung (Sampling Error, schrittweise Diskriminanz-Analyse, Dominanzstruktur), der Modellanpassung und der Simulations-Experimente (Stichprobengrößen-Modell) durchaus ein repräsentativer Querschnitt. Im Rahmen der Ableitung einer Survey-Strategie kommt es dabei vor allem darauf an, möglichst den ungünstigsten Fall (z.B. bei der Festlegung des Stichprobenumfanges) zu berücksichtigen. Ein möglicher Verlust an Allgemeingültigkeit wird teilweise auch dadurch ausgeglichen, daß sich sämtliche Ergebnisse auf einen Untersuchungszeitraum von immerhin 6

Jahren beziehen.

6.1 Vorschläge für die Strategie

Wie die vorliegende Arbeit gezeigt hat, liegen die größten Probleme bei der Ableitung einer Survey- und Analyse-Strategie für den IYFS im Bereich der Stratifizierung. Der hier verwendete Ansatz auf der Basis varianz-optimierender Algorithmen (Kap. 3) impliziert dabei zwei Kompliziertheiten. Als

erstes Problem

drückt sich u.a. durch die Identifikation stärker voneinander abweichender jährlicher Clusterzahlen (10 bis 17 je Jahr) für den Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988 eine hohe systemimmanente Dynamik aus. Cochran [1977] stellt in diesem Zusammenhang die Hypothese auf, daß Grundgesamtheiten prinzipiell nicht stabil sind, sondern räumt ihnen eine gewisse zeitliche Variabilität ein. Daan *et al.* [1990] gehen noch einen Schritt weiter und behaupten in ihrer Arbeit, daß die aktuellen Sampling Stra-

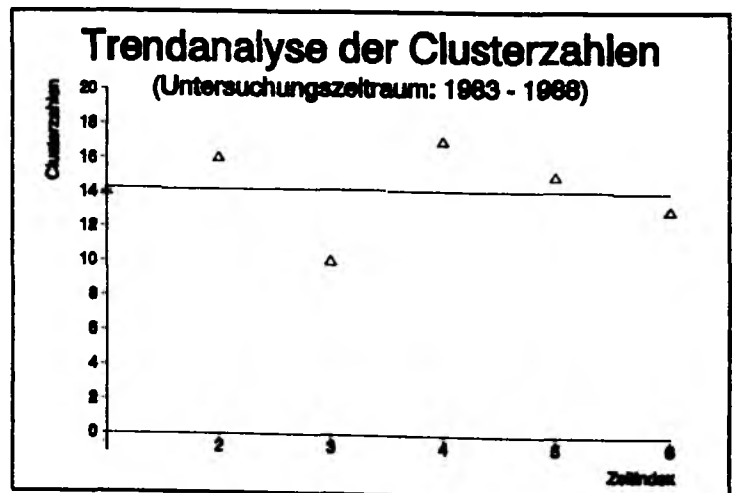


Abb. 52 Graphische Trendanalyse der Clusterzahlen im Untersuchungszeitraum 1983 bis 1988.

tegien generell zu statisch seien, um die Dynamik des Systems ausreichend gut erfassen zu können, und daß eine Strategie, die auf diese Variabilität reagiert, wesentlich geeigneter wäre. Damit meinen sie eine Strategie, die geeignete Variablen als Indikatoren für diese Dynamik nutzt. Aus diesem Grunde sollte der vorliegende Clusterungs-Ansatz auch nicht verworfen werden, da er durch die Einbeziehung von Variablen, die dieser Dynamik unterworfen sind (die 14 Ziel-Arten), in der Lage ist, die zeitliche Flexibilität des Systems zu erfassen. Außerdem werden durch ihn statistisch homogene Cluster erzeugt, die in diesem Sinne vor allem den Erfordernissen des ZGWS und damit einer statistisch absicherbaren Auswertung gerecht werden. Abb. 52 zeigt, daß, wenn man die in der vorliegenden Arbeit identifizierten jährlichen Clusterzahlen über einen Zeitindex plottet, keine offenkundige Systematik wahrzunehmen ist, da die Zahlen mehr oder weniger unsystematisch um eine aus den Clusterzahlen geschätzte horizontale Trendlinie schwanken. Weil der Trend durch einen extrem geringen Korrelationskoeffizienten ($R = -0.022$) ausgewiesen und die Trendsteigung auf dem 5%-Niveau nicht signifikant ist ($F = 0.02$,

$p = 0.998$), läßt sich darüber spekulieren, ob das hier verwendete Verfahren der Clusterzahl-Bestimmung (Modalclustering, CCC-Kriterium) als wesentliche Vorstufe der eigentlichen Clusterung aufgrund der diskreten (lückenhaften) Datennahme im Rahmen des IYFS und der selektierten Information (Variablenauswahl) überhaupt in der Lage sein kann, die richtigen Clusterzahlen zu treffen. Wenn man jedoch davon ausgehen kann, daß die richtige Anzahl erkannt worden ist, liefern die Optimierungsmethoden nach Milligan [1980] sowie Milligan & Cooper [1985] sehr gute Ergebnisse und formieren (bezogen auf diesen Fall) die richtigen Stationen-Cluster. Dies konnte dort mit Hilfe von Simulations-Experimenten bestätigt werden.

Die Erkenntnis einer hohen systemimmanenten Dynamik führt zwangsläufig zu dem Konflikt, wie eine vernünftige Zuordnung der Fangpositionen durchzuführen ist, wenn die Struktur (Anzahl, Lage, Form) prospektiver Strata aufgrund der Flexibilität des Systems nicht so ohne weiteres von Jahr zu Jahr vorhersagbar ist. Um einerseits die Dynamik zu berücksichtigen und andererseits die notwendige Konstanz zur Bestimmung geeigneter Strata zu erreichen, läßt sich folgende Vorgehensweise denken: Durch die ausgewiesene Trendsteigung von Null ist in Abb. 52 der Ordinatenabschnitt $B_0 = 14.27$ per Konstruktion identisch mit dem Mittelwert aus den 6 verschiedenen Clusterzahlen. Diese mittlere Clusterzahl (auf 14 abgerundet) berücksichtigt einerseits die Dynamik des Systems, weil ihr Betrag von dieser beeinflußt wird, reduziert diese andererseits aber auf genau einen einzigen, stabilisierten Wert. Mit der auf diese Weise konstant gehaltenen Clusterzahl ließe sich für jedes Jahr des Untersuchungszeitraumes eine erneute Clusterung vornehmen, um auf diese Weise und durch Übereinanderlagerung korrespondierender Cluster aus verschiedenen Jahren zu einer jahresbezogen durchschnittlichen Clusterung mit 14 Clustern für die Nordsee zu gelangen, die für nachfolgende Jahre als Stratifizierung sowohl für die Probennahme als auch für die Auswertung dienen könnte. Bei einer zugrundegelegten Verzerrung von 10% ergibt sich daraus für die Gesamt-Nordsee ein konstanter Stichprobenumfang von

14 Cluster x 50 Stationen = 700 Stationen .

Eine weitere Möglichkeit zur impliziten Festlegung einer durchschnittlich gültigen Clusterzahl wird unter dem nächsten Problempunkt besprochen. Betrachtet man die einzelnen Cluster als flächiges Kontinuum, so ergibt sich das

zweite Problem.

da die Cluster sich in einem solchen Fall geographisch überlagern würden, d.h. geographisch nicht disjunkt wären. Dadurch wird die Stationen/Cluster-Zuordnung in den Schnittmengen (sich überlagernden Zonen) der Cluster erschwert, da man nicht genau wüßte, welche dieser Stationen zu welchem Cluster gehört. Zur Lösung dieses Problems lassen sich zwei unterschiedliche Ansätze denken.

Der erste Ansatz betrachtet die Cluster nicht als ein Kontinuum, sondern auf Stationsbasis als "zerrissene" Einheiten, d.h. als "Mengen an Stationen" ("fuzzy sets"). Die Zuordnung der einzelnen Stationen zu den Clustern kann dann dadurch erfolgen, daß man die Zugehörigkeit der bisherigen "fixed stations" des Untersuchungszeitraumes für jedes nachfolgende Jahr als gegeben festschreibt. Das geht problemlos allerdings nur, wenn die sich überlappenden Cluster für jede Station exakt überlagern. Da damit nicht so ohne weiteres zu rechnen ist, besteht für die in unterschiedlichen Jahren des Untersuchungszeitraumes in verschiedenen Clustern auftretenden Stationen die Möglichkeit, die nicht eindeutigen Stationen im Vorfeld einer zukünftigen Probennahme per Zufallszahlengenerator als feste Stationen ("fixed stations") genau einem Cluster eindeutig zuzuordnen und dann für die Zukunft festzuschreiben. Die Stationen, die zusätzlich notwendig sind, um z.B. bei einem erlaubten Bias von 10% einen Stichprobenumfang von 50 Stationen je Cluster zu erreichen, können per "random sampling" ausgewählt und dann ebenfalls als "fixed stations" festgeschrieben werden. Im umgekehrten Fall mit mehr als 50 Stationen eines bestimmten Clusters ließen sich für die Strategie genau 50 Stationen ebenfalls per Zufallszahlen-Generator selektieren. Der Vorteil von "fixed stations" ist wegen der Lagekonstanz prinzipiell die geographische Vergleichbarkeit über die Jahre hinweg, insbesondere dann, wenn die Probennahme immer zur gleichen Zeit erfolgt. Ein jährlich erneut durchgeführtes "Stratified random sampling" wäre in diesem Fall nicht so geeignet, da es bei jahresbezogener Neudefinition von Stationen im Bereich der Schnittmengen zweier oder mehrerer Cluster von Jahr zu Jahr mit einiger Sicherheit zu unterschiedlichen Cluster/Stations-Zuordnungen kommen würde. Will man die Stations-Cluster gleichzeitig als Flächen ausdrücken, so ließe sich jeder einzelnen Station eine Einheitsfläche zuordnen, die gewissermaßen repräsentativ für ihre nähere Umgebung ist. Durch Multiplikation der Stationenzahl eines Clusters mit dieser Einheitsfläche ließe sich dann die flächenmäßige Abdeckung des Clusters angeben (siehe auch Kap. 3).

Der zweite Ansatz zur Lösung des Überlappungsproblems macht sich die weitgehende Disjunktheit der 11 Tiefenstrata zunutze und unterscheidet explizit zwischen Beprobungs- und Auswertungseinheiten. Die Beprobungs-Einheiten sind dabei die Strata, die als Einteilung der Nordsee für die eigentliche Beprobung (Befischung) dienen, während die Auswertungs-Einheiten erst durch einen Re-Stratifizierungs-Prozeß erzeugt werden und ausschließlich der statistischen Analyse des Datenmaterials dienen. Zwar hat Kap. 3 gezeigt, daß die Fangtiefe (Bodentiefe) wegen des hohen Sampling Errors als univariates Stratifizierungs-Kriterium keinen besonders hohen Erklärungsgehalt für die Aggregationsmuster der drei singular untersuchten Ziel-Arten *Gadus morhua*, *Melanogrammus aeglefinus* und *Merlangius merlangus* liefert und in diesem Sinne zu statistisch inhomogenen Strata führt; dieses Ergebnis wird prinzipiell auch unter simultaner Einbeziehung sämtlicher 14 Arten durch eine nicht-parametrische Diskriminanz-Analyse bestätigt. Gleichzeitig ist aber deutlich geworden, daß die Tiefe trotzdem einen gewissen Effekt auf die Bildung von Artenassoziationen bzw. Clustern ausübt. Der große Vorteil einer Tiefen-Stratifizierung liegt in ihrer zeitlichen Konstanz und in der relativ geringen geographischen Überlappung der Strata. Nach Steinhausen & Langer [1977] sowie Schneider

[persönliche Mitteilung] ist es denkbar, die Tiefenstratifizierung und den optimierenden Clusters-Algorithmus nach McQueen miteinander zu kombinieren. Man könnte dabei von "Seeds" (Startclustern) ausgehen, die durch eine Tiefen-Stratifizierung gebildet werden, um diese dann (gegebenenfalls nach flächenmäßiger Gewichtung der Fänge aufgrund unterschiedlicher Größen der Tiefen-Strata) mit Hilfe varianz-optimierender Austauschmethoden zu verbessern ("homogenisieren"). Per "random sampling" ließen sich dann je Tiefenstratum die bei einem Bias von 10% notwendigen 50 Stationen entweder für jedes Jahr neu oder als "fixed stations" für sämtliche nachfolgenden Jahre bestimmen, sodaß sich für die Nordsee ein konstanter Gesamtstichprobenumfang von

11 Strata x 50 Stationen = 550 Stationen

ergibt. Von der Gesamtzahl der Stationen her wäre dieser Ansatz etwas günstiger als der, der unter dem ersten Problempunkt formuliert worden ist. Auf diese Weise wäre zugleich der Tiefe als mögliche Einflußgröße Rechnung getragen, ferner wären die Anzahlen der Startcluster (und damit die Anzahl der Stationen-Cluster) über die Jahre konstant gehalten, sodaß sich nicht mehr das Problem der hohen Dynamik ergibt. Durch die Verwendung der 11 Tiefenstrata als Startcluster würden zudem die beiden kritischsten Punkte des Austausch-Verfahrens nach McQueen, nämlich die Detektion der wahrscheinlichen Clusterzahl mit Hilfe der Modalclustering sowie die komplexere Bildung der Start-Cluster nach Ward, entfallen. Denn beide Verfahren sind verhältnismäßig aufwendig bzw. per Konstruktion nicht immer ganz eindeutig in ihren Ergebnissen.

Die Normierung über die Fläche zwischen Tiefenstratifizierung und Clustering ist nur dann unumgänglich, wenn nicht auf der Basis von "Stationsmengen" argumentiert wird, sondern die Tiefenstrata als geschlossene Flächen (Kontinua) betrachtet werden. Denn bei unterschiedlicher räumlicher Ausdehnung enthalten die Tiefenstrata per Vorgabe einen konstanten Stichprobenumfang von z.B. $n = 50$ bei einem Bias von 10% (siehe Simulations-Ergebnisse aus Kap. 5). Die nach der Re-Stratifizierung entstehenden Cluster werden jedoch keine geschlossene Form mit festumrissenen (scharfen) Grenzen besitzen (siehe Kap. 3), sodaß die Berechnung der Fläche eines entsprechenden Clusters nicht so ohne weiteres möglich ist. Die Flächen-Normierung der Fänge könnte dabei so erfolgen, daß jeder Fangposition eines Tiefenstratums ein abhängiger Flächenindex (Einheitsfläche) als Gewichtungsfaktor zugeordnet wird, der von der Größe des jeweiligen Tiefenstratums abhängt und den Flächenanteil dieser Station an diesem Tiefenstratum repräsentiert, aus dem der Fang stammt. Dieser Flächenindex ließe sich z.B. als Quotient aus der Fläche des jeweiligen Tiefenstratums und der Anzahl der dort positionierten Fangstationen angeben, was der Berechnung eines Flächen-Durchschnittes entspricht. Nach der Re-Stratifizierung ließe sich die Arealgröße des entsprechenden Clusters dadurch angeben, daß die (mit einiger Sicherheit unterschiedlich großen) Einheitsflächen der in ihm enthaltenen Stationen aufsummiert werden.

Um die Unsicherheit einer (mittleren) Bestandsabschätzung in geeigneter Weise ausdrücken zu können, ließe sich für die einzelnen Cluster bzw. Auswertungs-Strata mit Hilfe der auf diese Einheiten bezogenen mittleren Fänge je Ziel-Art und der für diese Art aus den Daten geschätzten β -Verteilungs-Parameter a_{ij} und b_{ij} pro Einheit ein aufgrund von Nullfängen sehr wahrscheinlich asymmetrisches Vertrauensintervall konstruieren, das den hypothetisch zu erwartenden Fang als linkslegenden Schwerpunkt miteinschließt. Gegebenenfalls könnte mit Hilfe dieser beiden Parameter neben der Darstellung von Histogrammen (als Aggregationskoeffizient operationalisiert) auch der Aggregationstyp der betroffenen Art(en) bestimmt werden.

Alternativ oder ergänzend dazu ließe sich auf der Basis des ZGWS argumentieren, da die Einheiten aufgrund der Varianz-Optimierung als homogene, "nicht-degenerierte" Bereiche betrachtet werden können und zudem die mittleren Fänge je Einheit mit $n = 50$ aus statistisch gesehen relativ großen Stichproben stammten. Gemäß dem ZGWS wäre ein mittlerer Gesamtfang je Art für die Nordsee genau dann repräsentativ, wenn sich dieser als Mittelwert aus den mittleren Fängen je Cluster bzw. Auswertungseinheit berechnen würde. Auf dieser Grundlage ließe sich schließlich für die Nordsee ein NV- bzw. t-Vertrauensbereich konstruieren, der den hypothetisch zu erwartenden Gesamtfang für die Nordsee als Zentrum dieses Intervalls symmetrisch einschließt.

Die zeitliche Konstanz der Clusterzahlen und das Konzept der festen Stationen ermöglichen ferner die Anwendung z.B. von SUR-Verfahren ("seemingly unrelated regression") sowie die Anpassung von interdependenten Modellen [siehe u.a. Dhrymes, 1985; Hansen, 1989b], da dann je fest definiertes Cluster und Jahr ein repräsentativer mittlerer Fang für die entsprechende Ziel-Art zur Verfügung stünde. Mit Hilfe dieser erweiterten Methoden eines verallgemeinerten Modellansatzes ließen sich zum einen kovariante Inter- und Intraaktionen von Arten zwischen den einzelnen Strata (Clustern) feststellen, zum anderen simultane, bidirektionale Kausalstrukturen (Feedback-Systeme) zwischen Arten und Clustern untersuchen.

6.2 Weitere Hinweise zur Verbesserung des Surveys

Unter Umständen ließe sich der Erklärungsgehalt der Cluster zusätzlich dadurch erhöhen, daß die Fangzahlen der 14 Ziel-Arten durch möglicherweise informativere Altersklassenangaben substituiert werden. Dadurch könnte eventuell das Problem der geographischen Disjunktheit weiter reduziert, die Variabilität der Stationen-Cluster über die Jahre hinweg verringert und die Interpretation der Cluster auf der Basis von Jahrgängen vereinfacht werden.

Bootstrapping-Stichproben könnten zur Berechnung von stabilisierten Mittelwerten der β -Verteilungsparameter a und b genutzt werden. Auf der Basis derart stabilisierter Parameter-Mittelwerte ließen sich dann β -Vertrauensintervalle konstruieren und Aggregationstypen bestimmen. Außerdem ließen sich diese stabilisierten Parameter-Mittelwerte nutzen, um Simulationen durchführen. Die Simulationen würden dabei einer zusätzlichen Kontrolle dienen, mit Hilfe derer sich überprüfen ließe, ob die Verzerrung bei gegebenem Stichprobenumfang stabil und damit das Modell zur Berechnung der idealen Stichprobengröße gültig geblieben ist bzw. ob die Parameter des Modells aktualisiert werden müßten (Kalman-Filter-Theorie). Zumindest ließe sich dadurch der systematische Fehler in Form der Verzerrung angeben, auf dessen Basis die entsprechenden Kenngrößen (Mittelwerte, Vertrauensintervalle) berechnet werden.

Um den Informationsgehalt, die Qualität und zugleich die Interpretierbarkeit des Datenmaterials zusätzlich zu erhöhen, müßte unbedingt darauf geachtet werden, daß die Anzahl an Missing Values drastisch gesenkt wird. In diesem Zusammenhang wäre es auch sinnvoll, das Gewicht der Fänge kontinuierlicher mitzumessen und die Zahl der Unter-Stichproben von altersbezogenen Angaben zu erhöhen. Das Fanggewicht ließe sich dabei als Kontrolle bzw. als Ergänzung zu den Ergebnissen, die auf den Stückzahlen beruhen, verwenden. Ferner sollten zusätzliche Variablen, wie z.B. Sauerstoffgehalt, Trübungsgrad des Wassers, Planktongehalt sowie Nahrungs- und Magenuntersuchungen mit in die Datenaufnahme integriert werden, da diese Faktoren möglicherweise einen direkten oder indirekten Effekt auf die Bildung von Artenassoziationen haben könnten.

6.3 Exemplarischer Ablauf eines Surveys

Im Lichte dieser Modifikationen und Einschränkungen wird exemplarisch der Gesamt Ablauf eines Surveys, wie er sich aus Sicht des Autors gestalten könnte, zusammengefaßt. Dabei ist hier als Beispiel der Lösungsansatz gewählt worden, der explizit zwischen Beprobungs- und Auswertungseinheiten unterscheidet. Das Vorgehen wird durch Abb. 53 illustriert.

Als Beprobungseinheiten, sprich geographische Strata für die Befischung werden Tiefen-Strata verwendet. Diese Tiefen-Strata dienen sowohl der Festlegung von Clusterzahlen als auch der Festschreibung von Startclustern. Diese Einteilung der Nordsee entspricht damit der Vor-Clusterung für die anschließend erfolgende optimierende Stationen-Clusterung. Auf der Grundlage der Tiefen-Strata wird nun ein Stratified Random Sampling durchgeführt, und zwar bei einem Stichprobenumfang von 50 Stationen je Stratum. Die Fänge, die sowohl als Stückzahlen als auch als Gewichtsangaben vorliegen, müssen zunächst anteilig an der Fläche der Tiefenstrata gewichtet werden, da die Tiefen-Strata geographisch eine unterschiedliche Größe besitzen. Danach werden diese nach Längenfrequenzen je Art (besser noch nach Längenfrequenzen je Altersklasse) aufgeschlüsselt. Es werden ferner stichprobenweise Nahrungsunter-

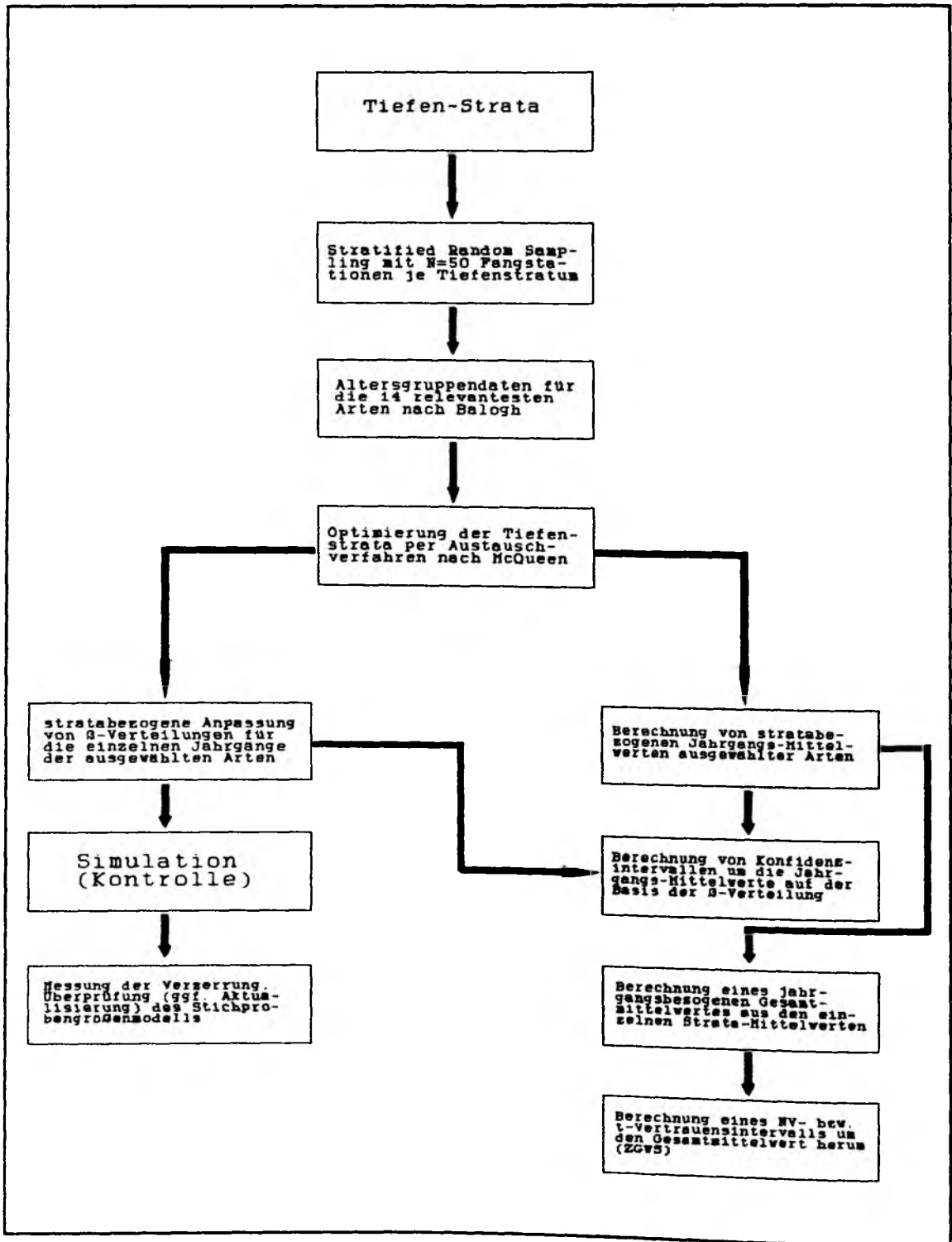


Abb. 53 Schematisierter Ablauf des IYFS und der korrespondierenden Auswertung, wie er sich als Fazit der vorliegenden Arbeit ergibt.

suchungen durchgeführt, als auch eine Reihe zusätzlicher Variablen gemessen, die einen Einfluß auf die Aggregationsmuster und ihren Erklärungsgehalt haben könnten. Dazu gehören beispielsweise der Sauerstoffgehalt und der Planktongehalt. Dabei sollte der Gehalt an Missing Values aller gemessenen Größen konkret weniger als 5% betragen.

Auf der Basis der Tiefen-Stratifizierung als Vor-Clusterung, der nach Altersgruppen-Angaben aufgeschlüsselten Fangdaten der 14 relevantesten Fischarten (Konstanz-Maß nach Balogh) wird dann die eigentliche Stationen-Clusterung mit Hilfe des "k-means"-Algorithmus nach McQueen durchgeführt, die zu varianzoptimierten Auswertungseinheiten, sprich Analyse-Strata führen soll. Auf ihrer Grundlage werden die Bootstrapping- sowie Simulationsexperimente vorgenommen. Ferner werden die altersgruppenspezifischen mittleren Fänge sowie die korrespondierenden β -Vertrauensintervalle ermittelt. Da die asymptotische Erwartungstreue (asymptotische Unverzerrtheit) erfüllt ist, kann aus diesen Cluster-Mittelwerten zusätzlich ein altersklassenbezogener Mittelwert für die Gesamt-Nordsee geschätzt werden, der gewissermaßen ein Maß für die jeweilige Jahrgangsstärke sein soll. Um für diesen Index einen Fehler anzugeben, läßt sich auf der Basis des ZGWS ein NV- bzw. t-Verteilungs-Konfidenzbereich berechnen.

7 Literatur

- Aglen, A., Misund, O. A. (1990): *Swimming behavior of fish schools in the North Sea during acoustic surveys and pelagic sampling trawling. ICES C.M. 1990/B:34.* 1
- Almeida, F. P., Fogerty, M. J., Clark, S. H., Idoine, J. S. (1986): *An evaluation of precision of abundance estimates derived from bottom trawl surveys off the northeastern United States. ICES C.M./G:91.* 3
- Anon. (1981): *Manual for the International Young Fish Survey in the North Sea, Skagerrak and Kattegat. ICES C.M. 1981/H:9.* 14
- Anon. (1986a): *Manual for the International Young Fish Survey in the North Sea, Skagerak and Kattegat. ICES C.M. 1986/H:2.* 14
- Anon. (1986b): *Exchange tape specifications for IYFS data. Addendum to Doc. ICES C.M. 1986/H:2.* 15
- Anon. (1989a): *Report on the international young fish survey in the North Sea, Skagerak and Kattegat in 1989. ICES C.M. 1989/H:54.* 4, 13
- Anon. (1989b): *Data Base Report of the Stomach Sampling Project 1981. Cooperative Research Report. Copenhagen, April 1989. ICES/164: 1-144.* 93, 94
- Anon. (1990a): *Manual for the international young fish surveys in the North Sea, Skagerrak and Kattegat. Revision of ICES C.M. 1986/H:2.* 13, 14
- Anon. (1990b): *Report of the international North Sea, Skagerrak, and Kattegat bottom trawl working group. ICES C.M. 1990/H:3.* 4
- Anon. (1991): *Programme of the international young fish survey 1991. Als nicht näher spezifizierte Ablichtung von Dr. Ehrlich erhalten, Bundesforschungsanstalt für Fischerei, Hamburg.* 13, 14
- Arancibia, H. (1988): *Cluster analysis: The use of a simple statistical method in the identification of groups. ICES Council Meeting 1988, Copenhagen, Denmark (Statistics Comm., Collected Papers). pp 18.* 84
- Backhaus, K., Erichson, B., Plinke, W., Schuchard-Fischer, Chr., Weiber, R. (1987): *Multivariate Analysemethoden. Springer, Berlin.* 32

- Balogh, J. (1958): Lebensgemeinschaften der Landtiere. Akademie Verlag, Berlin. . . . 17, 38*
- Beek, F. A., Rijnsdorp, A. D. van, Clerck, R. de (1989): Monitoring juvenile stocks in the Wadden Sea and the coastal areas of the southeastern North Sea. Helgoländer Meeresuntersuchungen, Vol. 43, No. 3-4: 461-477. 1*
- Beran, R. (1982): Estimated sampling distributions: the bootstrap and competitors. Annals of Statistics, 10: 212-225. 105*
- Birtwell, I.K., Kruzynski, G.M. (1987): Laboratory apparatus for studying the behaviour of organisms in vertically stratified waters. Can. J. Fish. Aquat. Sci., Vol. 44, no. 7: 1343-1350. 33*
- Blaber, S. J. M., Salini, J. P., Brewer, D. T. (1990): A checklist of the fishes of Albatross Bay and the Embley Estuary, north-eastern Gulf of Carpentaria. Rep. CSIRO Mar. Lab., No. 210: 24 pp. 4, 33*
- Bleymüller, J., Gehlert, G., Gülicher, H. (1979): Statistik für Wirtschaftswissenschaftler. Verlag Franz Vahlen, München. 32, 34, 104, 119*
- Bliss, C. I. (1956): The analysis of insect counts as negative binomial distributions. Proceedings Tenth International Congress of Entomology, 2: 1015-1032. 2*
- Bliss, C. I. (1971): The aggregation of species within spatial units. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial patterns and statistical distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 311-335. 2, 5*
- Boos, D. D., Monahan, J. F. (1986): Bootstrap methods using prior information. Biometrika, 73: 77-83. 105*
- Bortone, S. A., Seigel, D., Oglesby, J. L. (1981): The use of cluster analysis in comparing multi-source feeding studies. Northeast Gulf Sci., Vol. 5, No. 1: 81-86. 84*
- Boswell, M. T., Ord, J. K., Patil, G. P. (1979): Chance mechanisms underlying univariate distributions. Statistical Ecology, Vol. 4: Statistical Distributions in Ecological Work (Eds. J. K. Ord, G. P. Patil, C. Taillie). International Co-operative Publishing House, Maryland, U.S.A. 3-158. 99, 100*

- Brunenmeister, S., Palmer, J. (1988): *An analysis of spatio-temporal patterns of fishing effort on Georges Bank during 1977 to 1986 with particular reference to the fishery for Atlantic cod. ICES Council Meeting 1988, Copenhagen, Denmark (Statistics Comm., Collected Papers). pp 46. 84*
- Büning, H., Trenkler, G. (1978): *Nichtparametrische statistische Methoden. Walter de Gruyter, Berlin. 22*
- Burkhardt, H. E., Strub, M. R. (1974): *A model for simulation of planted loblolly pine stands. Vol. 30: Growth Models for Tree and Stand Simulation (Ed. J. Fries). Royal College of Forestry, Sweden. 128-135. 99, 102, 115*
- Christensen, V., Lassen, H. (1986): *Estimating average length composition from the International Herring Larvae Survey data. ICES Council Meeting 1986 ICES, Copenhagen, Denmark (Collected Papers). pp 19. 84*
- Cochran, W. G. (1977): *Sampling techniques. Wiley Series in Probability and Statistics, New York. 3, 117, 119, 138*
- Cushing, D. H. (1980): *Marine Ecology and Fisheries. Cambridge University Press. Cambridge. 1*
- D'Agostino, R. B., Stephens, M. A. (1986): *Goodness of fit techniques. Marcel Dekker Inc., New York. 104, 116*
- Daan, N., Bromley, P. J., Hislop, J. R. G., Nielson, N. A. (1990): *Ecology of North Sea fish. Netherlands Journal of Sea Research, Vol. 26, No. 2-4: 343-386. 1, 6, 87, 93, 94, 138*
- Davey, M. C., Heaney, S. I. (1989): *The control of sub-surface maxima of diatoms in a stratified lake by physical, chemical and biological factors. Journ. of Plankton Res., Vol. 11, No. 6: 1185-1199. 4, 33*
- De Ben, W. A., Clothier, W. D., Ditsworth, G. R., Baumgartner, D. J. (1990): *Spatio-temporal fluctuations in the distribution of demersal fish and epibenthic crustaceans in Yaquina Bay, Oregon. Estuaries, Vol. 13, No. 4: 469-478. 1*
- Dhrymes, P. J. (1985): *Introductory econometrics. Springer, New York. 22, 142*

- Diaconis, P., Efron, B. (1983): Statistik per Computer: der Münchhausen-Trick. Spektrum der Wissenschaft, Juli 1983: 56-71. 104, 105*
- Digital Equipment Corporation (1987a): VAX PASCAL User Manual. VAX PASCAL, Version 3.5. Maynard, Massachusetts. 9*
- Digital Equipment Corporation (1987b): VAX PASCAL Reference Manual. VAX PASCAL, Version 3.5. Maynard, Massachusetts. 9*
- Efron, B. (1983): Estimating the error rate of a prediction rule: improvement on cross-validation. Journal of the American Statistical Association, 78: 316-331. 105*
- Fahmeir, L., Hamerle, A. (1984): Multivariate statistische Verfahren. Walter de Gruyter, Berlin. 16, 33-37, 40, 78, 115*
- Fishman, G. S., Moore, L. R. (1982): A statistical evaluation of multiplicative congruential random number generators with Modulus $2^{31} - 1$. Journal of the American Statistical Association, 77: 129-136. 122*
- Fishman, G. S. (1978): Principles of discrete event simulation. Wiley, New York. 121*
- Foote, K. G., Stefansson, G. (1990): Definition of the problem of estimating fish abundance over an area from acoustic line-transect measurements of density. ICES C.M. 1990/D:25. 1*
- Frechet, A. (1990): Catchability variations of cod in the marginal ice zone. Canadian Journal of Aquatic Sciences. Vol. 47, No. 9: 1678-1683. 4, 33*
- Gerlotto, (1983): Method for simulation of fish distribution densities: application to two actual cases. FAO Fish. Rep., No. 300: 278-292. 4*
- Gröger (1986): Möglichkeiten zur Darstellung wachstumsgekoppelter Größen in der Aquakultur anhand der Modelltheorie. Diplom-Arbeit. 34*
- Guckenheimer, J. (1982): Noise in chaotic systems. Nature, 298: 358-361. 2*
- Gurland, J., Hinz, P. (1971): Estimating parameters, testing fit, and analyzing untransformed data pertaining to the negative binomial and other distributions. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial Patterns and Statistical Distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 143-194. 115*

- Hairston, N. G., Hill, W. H., Ritte, U. (1971): The interpretation of aggregation patterns. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial Patterns and Statistical Distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 337-356. 2, 5*
- Hand, D. J. (1989): Discrimination and classification. John Wiley, Chichester. 16, 18, 19, 36, 115*
- Hansen, G. (1989a): Ökonometrie 1. Unveröffentlichtes Skriptum, Institut für Statistik und Ökonometrie der Christian-Albrechts-Universität Kiel, Wintersemester 1989/90. 16, 22, 33*
- Hansen, G. (1989b): Ökonometrie 2. Unveröffentlichtes Skriptum, Institut für Statistik und Ökonometrie der Christian-Albrechts-Universität Kiel, Sommersemester, 1990. 142*
- Hartung, J., Elpelt, B., Klösener, K.-H. (1987): Statistik. R. Oldenbourg Verlag, München. 4, 32, 35, 36, 103, 105, 113, 115, 119, 122, 123*
- Hartung, J., Elpelt, B. (1989): Multivariate Statistik. R. Oldenbourg Verlag, München. 16, 28, 37*
- Hillier, F. S., Lieberman, G. J. (1986): Introduction to operations research. Holden-Day Inc., Oakland, California U.S.A. 120, 122*
- Hinkley, D., Schechtman, E. (1987): Conditional bootstrap methods in the mean-shift model. Biometrika, 74: 85-93. 105*
- Hogg, R. V., Craig, A. T. (1978): Introduction to mathematical statistics. Macmillan Publishing Co., Inc., New York. 121*
- Iwao, S., Kuno, E. (1971): An approach to the analysis of aggregation pattern in biological populations. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial patterns and statistical distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 461-513. 2*
- Jacobsen, J. A. (1990): A survey on herring south of the Faroes in June 1990. ICES C.M. 1990/H:34. 1*
- Jolly, G. M., Hampton, I. (1990): A stratified transect design for acoustic surveys of fish stocks. Canadian Journal of Aquatic Sciences. Vol. 47, No. 7: 1282-1291. 4*

- Kerstan (1991): Quantitative Bedeutung und Trennung der Populationen des Stöckers (Trachurus trachurus L.) in den Schelfgewässern des Nordost-Atlantiks. Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel. 84, 87, 88*
- Lindquist, E. F. (1953): Design and analysis of experiments. Cambridge, U.S.A. 34*
- Macpherson, E., Roel, B. A. (1987): Trophic relationships in the demersal fish community off Namibia. The Benguela and Comparable Frontal Systems. S. Afr. J. Mar. Sci./S.-Afr. Tydskr. Seewet. (Eds. A.I.L. Payne, J.A. Gulland, K.H. Brink). No. 5: 585-596. 84*
- MacQueen, J. B. (1967): Some methods for classification and analysis of multivariate observations. Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, 1: 281-297. 26*
- Mahon, R., Smith, R. W., Bernstein, B. B., Scott, J. S. (1984): Spatial and temporal patterns of groundfish distribution on the Scotian Shelf and in the Bay of Fundy, 1970-1981. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci., No. 1300: pp 175. 33, 84*
- Marchal, E. (1990): The use of acoustics for studying pelagic aggregative structures. Detection Acoustique des Organismes Pelagiques, 5 Octobre 1988, 1990. Vol. 16, No. 2: 91-99. 1*
- Markle, D. F., Dadswell, M. J., Halliday, R. G. (1988): Demersal fish and decapod crustacean of the upper continental slope off Nova Scotia from LaHave to St. Pierre Banks. Canadian Journal of Zoology. Vol. 6, No. 9: 1952-1960. 4, 33*
- Matérn, B. (1971): Doubly stochastic Poisson processes in the plane. Statistical Ecology, Vol. 1. Spatial Patterns and Statistical Distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 195-213. 2*
- May, R. M. (1976): Simple mathematical models with very complicated dynamics. Nature, 261: 459-647. 2*
- May, R. M., Oster, G. F. (1976): Bifurcations and dynamic complexity in simple ecological models. American Naturalist, 110: 573-599. 2*
- McConnaughey, R. A., Conquest, L. L., Armstrong, D. A. (1989): Estimating the abundance of aggregated populations. Journal of Shellfish Research. Vol. 8, No. 2. 1*

- Milligan, G. W. (1980): *An examination of the effect of six types of error perturbation on fifteen clustering algorithms. Psychometrika*, 45: 325-342. 28, 32, 139
- Milligan, G. W., Cooper, M. C. (1985): *An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. Psychometrika*, 50: 159-179. 28, 139
- Millner, R. S., Whiting, C. L. (1989): *Preliminary results of a beam trawl survey for sole and plaice in the eastern English Channel. ICES C.M. 1989/G:50*. 4, 33
- Misund, O. A. (1990): *Dynamics of moving masses: Variability in packing density and shape among pelagic schools. ICES C.M. 1990/B:40*. 1
- Montgomery, J. C., Foster, B. A., Cargill, J. M. (1989): *Stomach evacuation rate in the planctivorous Antarctic fish Pagothenia borchgrevinki. Polar Biology. Vol. 9, No. 6: 405-408*. 4, 33
- Mood, A. M., Graybill, F. A., Boes, D. C. (1988): *Introduction to the theory of statistics. McGraw-Hill, New York*. 3, 35, 102, 103, 105, 120, 122-124, 135
- Murawski, S. A., Lange, A. M., Sissenwine, M. P., Mayo, R. K. (1983): *Definition and analysis of multispecies otter-trawl fisheries off the Northeast coast of the United States. J. Cons. CIEM. Vol. 41, no. 1: 13-27*. 6, 84
- Nemec, A. F. L., Brinkhurst, R. O. (1988): *Using the bootstrap to assess statistical significance in the cluster analysis of species abundance data. Can. J. Fish. Aquat. Sci. Vol. 45, no. 6: 965-970*. 84
- Neter, J., Wasserman, W., Kutner, M. H. (1985): *Applied linear statistical models. Richard D. Irwin, Homewood - Illinois*. 22, 34, 35
- Ord, J. K. (1979): *Time-Series and spatial patterns in ecology. Statistical Ecology, Vol. 8: Spatial and Temporal Analysis in Ecology (Eds. R. M Cormack, J. K. Ord). The Pennsylvania State University Press. 1-94*. 28
- Pennington, M. R., Grosslein, M. D. (1978): *Accuracy of abundance indices based on stratified random trawl surveys. ICES C.M. 1978/D:13*. 3
- Pitcher, T. J., Hart, P. J. B. (1982): *Fisheries Ecology. Avi Publishing Company. Westport, Connecticut*. 1

- Raetz, H.-J. (1990): Reliability of abundance estimates derived from groundfish surveys conducted off East Greenland. ICES C.M. 1990/G:61. 4, 33*
- Press, W. H., Flannery, B. P., Teukolsky, S. A., Vetterling, W. T. (1989): Numerical recipes in PASCAL. Cambridge University Press, Cambridge, England. 121, 122*
- Quinn, T.P, terHart, B.A. (1987): Movements of adult sockeye salmon (*Oncorhynchus nerka*) in British Columbia coastal waters in relation to temperature and salinity stratification: Ultrasound telemetry results. Can. Spec. Publ. Fish. Aquat. Sci., 96: 61-77. 33*
- Ralston, S., Polovina, J. J. (1982): A multispecies analysis of the commercial deep-sea handline fishery in Hawaii. Fish. Bull., Vol. 80, No. 3: 435-448. 84*
- Rankine, P. W. (1990): A report on the ICES herring larval surveys in the North Sea and adjacent waters in 1988/1989. ICES C.M. 1989/H:5. 1*
- Raymore, P. A., Weinberg, K. L. (1990): Spring and autumn survey of Pacific west coast upper continental slope groundfish resource 1984. NOAA Tech. Memo. 4, 33*
- Rice, J. C. (1988): Repeated cluster analysis of stomach contents data: Method and application to diet of cod in NAFO division 3L. Environ. Biol. Fish. Vol. 21, no. 4: 263-277. 84*
- Ripley, B. D. (1981): Spatial statistics. Wiley Series Probability in Mathematical Statistics, New York. 3*
- Rohatgi, V. K. (1976): An introduction to probability theory and mathematical statistics. Wiley, New York. 3, 4, 99, 120, 121, 135*
- Sarle, W. S. (1983): Cubic clustering criterion. SAS Technical Report: A-108. Cary, North Carolina. 29, 30*
- SAS Institute Inc. (1987): SAS/STAT Guide, Version 6. Cary, North Carolina. 9, 29, 32, 35, 36, 115*
- SAS Institute Inc. (1988a): SAS Language Guide, Version 6. Cary, North Carolina. ... 9, 122*
- SAS Institute Inc. (1988b): SAS Procedures Guide, Version 6. Cary, North Carolina. 9*
- SAS Institute Inc. (1990): SAS Guide to Macro Processing, Version 6. Cary, North Carolina. 9*

- Schaffer, W. M. (1984): *Stretching and folding in lynx fur returns: evidence for a strange attractor in Nature? American Naturalist*, 124: 798-820. 2
- Schaffer, W. M. (1985): *Order and chaos in ecological systems. Ecology*, 66: 93-106. ... 2
- Scheaffer, R. L., Mendenhall, W., Ott, L. (1986): *Elementary survey sampling. Duxbury Press, Boston*. 3, 14, 26, 29, 119
- Schuchard-Fischer, Chr., Backhaus, K., Lohrberg, W., Plinke, W., Schreiner, W. (1983): *Multivariate Analysemethoden. Springer, Berlin*. 34, 35
- Schweigert, J. (1987): *A new multivariate approach to describe Pacific herring stocks from size at age and age structure information. Proceedings of the Stock Identification Workshop, November 5-7, 1985, Panama City Beach, FL (USA). NOAA Tech. Memo. (Ed. H. E. Kumpf). 1987: 188-190*. 84
- Sedberry, G. R., Van Dolah, R. F. (1984): *Demersal fish assemblages associated with hard bottom habitat in the South Atlantic Bight of the U.S.A. Environ. Biol. Fish. Vol. 11, no. 4: 241-258*. 84
- Solomon, F. (1987): *Probability and stochastic processes. Prentice-Hall Inc., Englewood Cliffs, New Jersey U.S.A.* 120, 122
- Sosa, M., Garcia, J. (1981): *Results of exploratory fishing in the southwest Cuban shelf. Rev. Cub. Invest. Pesq., Vol. 6, No. 2: 70-90*. 4, 33
- Sparre, P., Ursin, E., Venema, S. C. (1989): *Introduction to tropical fish stock assessment. Part 1. FAO Fisheries Technical Paper, No. 306/1*. 1
- Steel, R. G. D., Torrie, J. H. (1981): *Principles and procedures of statistics. McGraw-Hill Statistics Series, New York*. 3, 40, 119
- Steinhausen, D., Langer, K. (1977): *Clusteranalyse. Walter de Gruyter, Berlin*. 18, 19, 29, 32, 34, 35, 140
- Stiteler, W. M., Patil, G. P. (1971): *Variance-to-mean ratio and Morisita's index as measures of spatial patterns in ecological populations. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial Patterns and Statistical Distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 423-459*. 2, 5

- Strub, M. R. (1972): A beta distribution approach to diameter class frequencies in planted loblolly pine stands. M.S. thesis, Virginia Poly. Inst. and State Univ. Blacksburg, Virginia, U.S.A. 68 p. 115*
- Takeuchi, T., Noma, T., Yasunaga, Y., Higano, J. (1985): A study on the relations between gathering behaviour of fish and physico-chemical environment factors in the fish reef area. 1. A field measurement of flow around a natural fish reef. Tech. Rep. Natl. Res. Inst. Fish. Eng. (Aquacult. Fish. Port)/Suikoken Giho, Suisandoboku., 6: 31-54. 33*
- Taylor, L. R. (1971): Aggregation as a species characteristic. Statistical Ecology, Vol. 1: Spatial Patterns and Statistical Distributions (Eds. G. P. Patil, E. C. Pielou, W. E. Waters). The Pennsylvania State University Press. 357-377. 2, 5*
- Taylor, C. C. (1953): Nature of variability in trawl catches. U.S. Fish Wildlife Service, Fishery Bulletin, 54: 145-166. 2*
- Tischler, W. (1949): Grundzüge der terrestrischen Tierökologie. Friedr. Vieweg & Sohn, Braunschweig. 17, 38, 39*
- Upton, G. J. G., Fingleton, B. (1989): Spatial data analysis by example. Vol. 2: Categorical and Directional Data. Wiley, Chichester. 28*
- Upton, G. J. G., Fingleton, B. (1990): Spatial data analysis by example, Vol. 1: Point Pattern and Quantitative Data. Wiley, Chichester. 3, 28*
- Ward, J. H. (1963): Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association, 58: 236-244. 30*
- Wong, M. A. (1982): A hybrid clustering method for identify high-density clusters, Journal of the American Statistical Association, 77: 841-847. 29*
- Wong, M. A., Lane, T. (1981): A k-th nearest neighbor clustering procedure. Journal of the Royal Statistical Society, Series B, 45: 362-368. 29*
- Wong, M. A., Schaak, C. (1982): Using the k-th nearest neighbor clustering procedure to determine the number of subpopulations. Journal of the American Statistical Association 1982 Proceedings of the Statistical Computing Section, 40-48. 29*

Yoshikara, K., Soeda, H. (1987): On the classification of fishing areas by similarity index of fish composition in catches. Bull. Coll. Agric. Vet. Med. Nihon Univ./Nichidai Nojuho, no. 44: 180-190. 6

8 Stichwortverzeichnis

Abstandmaß	29
Aggregation	2
Aggregationsmuster	2, 92, 140, 145
Aggregationstyp	83, 92, 142
Aggregationszustand	2, 91
Akzessorische Arten	17
Akzidentielle Arten	17, 89
Algorithmus	13, 26, 28–31, 57, 88, 90, 110, 140, 145
Allgemeingültigkeit	7, 134, 137
Altersgruppen-Angaben	15, 94, 145
Analyse	2, 4–6, 8, 9, 11, 15–17, 28, 32, 34–37, 40, 43, 44, 46, 56, 73, 80, 88–90, 92, 93, 95 115, 123, 126–128, 135, 137, 138, 140, 145
Analyse-Strategie	9, 137, 138
Analyse-Verfahren	2, 36, 46
ANOVA	34, 73, 115
Anpassung	6, 8, 26, 39, 40, 83, 91, 92, 95, 97, 98, 101, 103–106, 110, 115, 117, 131, 142
Approximation	30, 121
Arten	2, 6–8, 10–12, 15–19, 25–28, 30, 33, 35–38, 40, 41, 44, 45, 47–54, 56, 60–67, 78, 79, 81, 83, 85, 88, 89, 91–95, 97, 98, 101, 102, 107, 109, 110, 114, 117–119, 126, 129–133, 135, 137–142, 145
Artenassoziation	38
Artenliste	15, 18, 41, 97, 130–135, 137, 138, 140, 142
Artenmatrix	10, 18, 27, 36
Artenselektion	37, 137
ASCII-Code	15
Ausreißer	8, 11, 32, 130
Ausreißerbereinigung	43
Ausreißer-Elimination	11
Austauschverfahren	26
Axiome	122
Balogh	17, 37, 38, 89, 95, 137, 145
Baum	31
Befischungsmuster	14, 98
Bestimmtheitsmaß	30, 37, 41, 85, 92
Bias	8, 119, 122–126, 128, 130, 131, 133–135, 140, 141

Bootstrap	104–106, 113, 116
Bootstrapping	4, 101, 104, 105, 109, 113, 115, 116, 143, 145
Bootstrapping-Verfahren	116
Boxen	5
Breitengrade	15
Bundesforschungsanstalt	5
CCC	29–31, 43, 42, 43, 138
Cluster	6, 8, 17, 25, 26, 29–40, 42, 43, 45–47, 49–51, 50–52, 51, 56, 57, 60–70, 73–79, 81–83, 85, 88–95, 97, 101, 102, 104, 105, 107, 111, 112, 114, 116, 119, 120, 123, 124, 126, 128,
Clusteranalyse	32, 33
Clustering	8, 22, 25, 26, 29–32, 35, 37, 40, 42, 44, 56, 67, 68, 81, 88, 89, 91–93, 97, 137, 139, 141, 143, 145
Clusterzahl	29, 32, 42, 43, 138, 139, 141
Clusterzugehörigkeit	35, 36
Cubic Clustering Criterion	29
Datenaufbereitung	8, 11
Datenmaterial	10, 11
Datenmatrix	10, 18, 25
Datenrekords	10, 12, 13
Datensatz	7, 11, 13, 15, 16, 18, 19, 33, 52, 69, 95
Datentypen,	15
Diagnoseplot	29
Dichtefunktion	3, 99, 120, 121
Diskriminanz	35–37, 44, 56, 88–90, 92, 93, 95, 137, 140
Distanzebene	31
Eigenwert	37
Erwartungswert	99, 102, 103, 110, 122, 123
euklidische Distanz	27, 29
Eukonstante Arten	17
Experimental Error	40, 41, 83, 85
Exponentialverteilung	99, 100, 116
F-Verteilung	100, 103
Faktoren-Analyse	16, 137
Fanggewichte	15
Fangtiefe	15, 19, 61, 67, 69, 93, 140

Fangverteilung	4
Fangzahlen	1, 5, 8, 10, 15, 18, 19, 92, 97, 102, 107, 116, 120, 121, 123, 126, 130, 135, 137, 142
Fischart	2-5, 17, 19, 21, 22, 40, 41, 82
Fischpopulation	30, 41, 106, 107
Formparameter	99
Gammaverteilung	99
Gleichverteilung	30, 100, 104, 108, 122
Goodness-of-Fit-Test	116
Grid	13
Grundgesamtheit	107
Halbstunden-Hols	15
Häufigkeitsverteilung	3, 5, 99, 102, 104, 111, 110
Histogramm	3, 100, 101, 103, 109-111
homogen	3
Homogenisierung	3, 26, 32, 43, 77, 79, 90, 92, 95
Homogenität	3, 7, 26, 34, 39, 40
ICES	1, 4, 6, 7, 9, 12-15, 18, 33, 42, 52, 68, 69, 73, 81, 82, 81, 83, 91, 92, 94, 95, 97
ICES-Rectangle	4
Informationsgehalt	5, 13, 143
Interaktionen	2, 6
Intraaktionen	2, 142
IYFS	1, 2, 4-8, 11-15, 17, 18, 21, 22, 25, 28, 33, 97, 111, 112, 116, 117, 119, 135, 137-139, 142, 144
Jackknife	36
k-nearest-neighbour	29
Kern	27
Kernschätzer	115, 116, 122
Klassifikation	26
Kolmogorow-Smirnow	116
Konfidenzbereich	111, 145
Konfidenzintervall	4, 8, 110, 119, 124, 128
Konsistenz	31
Konstanz	1, 16, 17, 137, 139, 140, 142, 145
Konstellation	6, 11, 32, 116

Korrelation	19, 22, 53, 73, 114, 137
Korrelationskoeffizient	51, 54, 61, 63-67, 73, 79, 80, 92
Lernstichprobe	36
MacQueen	26
Maximum-Likelihood	115, 126, 130
Minimum-Chi-Quadrat-Methode	101, 115
Missing Values	8, 15, 18-23, 33, 35, 101, 102, 116, 124, 143, 145
Mittel	32, 62, 81
Mittelwert	1, 22, 23, 40, 103, 105, 111, 112, 114, 135, 139, 142, 145
mittlerer Fang	115, 142
Modalclustering	8, 29, 31, 43, 42, 43, 101, 106, 115, 130-132, 134, 135, 137, 138, 141, 143
Modellierung	45, 70, 75, 74, 77, 78, 99, 102, 115
Momenten-Schätztechnik	99, 101, 122, 124, 134
Momenten-Methode	101
nicht-degeneriert	4
NODC-codierte	15
Normalkern	35
Normalverteilung	1, 3, 4, 99, 101, 102, 105, 111, 115, 120, 122, 141
Normierung	37-39, 79
Nullfänge	3, 4, 8-11, 13, 14, 47, 97, 99-105, 107, 109-117, 119, 122, 123, 126, 128, 130-135, 142, 143, 145
NV	34, 37, 77, 80, 90
Output	52
Parameter	37
Poisson-Prozeß	3
Populationsdichte	2, 37, 38
Prämisse	7, 14, 17, 21
proportional	39
Proportionalität	77
Qualität	2, 92, 119, 125, 131, 134, 137, 143
Random Sampling	14, 140, 141, 143
Re-Normierung	111

Re-Stratifizierung	6-8, 18, 19, 22, 25, 26, 28, 32, 40, 41, 97, 141
Realität	5, 22, 142
Rekrutierung	7, 12
repräsentativ	1, 39, 140, 142
Repräsentativität	2, 5, 60-62, 64-67, 69, 73, 93, 95
Salzgehalt	33, 35
Sampling	2, 5-7, 14, 18, 40, 41, 79, 82, 81, 83, 85, 88, 91-95, 97, 115, 119, 137, 138, 140, 141, 143
Sampling Design	2, 5, 14, 119
Sampling Error	7, 9, 18, 40, 41, 76, 79, 80, 82, 83, 85, 91-93, 95, 97, 115, 122, 137
SAS	29, 32, 35
Signifikanzniveau	21, 68, 73, 77, 106, 110, 114
Simulationsexperimente	145
β -Verteilung	6, 15, 19, 97-100, 99-107, 110, 111, 110, 111, 115-120, 122
Standardisierung	16, 33, 34, 68, 69, 73, 89
Startcluster	30, 31, 141
Stationen-Cluster	8, 26, 31, 34, 43, 45, 47, 49, 50, 56, 57, 56, 60, 64, 65, 67, 68, 73, 76, 77, 82, 81, 90-93, 97, 139, 141, 142
Stichprobengröße	30, 116, 122, 124, 126, 143
Stichprobennahme	14
Stichprobenumfang	2, 8, 67, 77, 82, 81, 83, 91-93, 116, 119, 123-126, 129, 130, 132-135, 139-141, 143
Stichprobenumfänge	3-8, 16, 98, 116, 130, 131, 133, 135, 139-143, 145
Strata	25, 26, 40, 41
Stratified Random Sampling	14, 140, 143
Stratifizierung	3, 4, 6-8, 13, 18, 19, 22, 25, 26, 28, 32, 40-42, 81, 91, 93, 97, 137-141, 143, 145
Stratum	25, 26, 40, 42, 91
Strukturbrüche	7
Stückzahlen	20, 143
Survey	1, 2, 5, 6, 8, 9, 13, 14, 39, 40, 88, 91, 119, 124, 137, 138
Survey-Strategie	2, 6, 39, 91, 137
System	32
System	2, 3, 7, 15, 32, 60-67, 69, 73, 75, 74, 76, 93
Systematic Sampling	14, 122

t-Verteilung	4, 6, 15, 19, 103, 110–112
Temperatur	33, 35
Tiefen-Strata	82, 81, 91, 93, 141, 143
Tiefen-Stratifizierung	42, 140, 141, 145
Trennungsbeitrag	16, 44, 92
Trennungsgrad	77, 90, 93, 137
Unsicherheit	3, 97, 113, 114, 117, 128, 135, 142
Variabilität	3–5, 7, 11, 14, 18, 30, 33, 42, 68, 73, 89, 90, 94, 95, 99, 100, 105–107, 110, 112–117, 134, 135, 138, 141, 142
Varianz	26, 27, 29–35, 40
Varianzanalyse	52, 73, 93, 94
Varianz-Kriterium	30, 31, 40, 89
Variation	30, 40, 41
Verbreitung	2, 109
Verifikation	26, 35, 56, 89, 90, 98, 101, 115
verteilungsfrei	16, 37
Verteilungsfunktion	99, 120–122
Verteilungsmodell	5–7, 25, 106, 119, 120, 135
Verteilungsmuster	57, 89, 92, 118
Vertrauensbereich	142
Vertrauensintervall	3, 4, 8, 11, 23, 103, 110, 111, 119, 122–126, 128, 130–135, 139, 142, 143
Verzerrung	35
Vorhersagbarkeit	2
Wahrscheinlichkeitsmodell	8, 97, 141
WARD	30, 31, 30, 31, 62, 64, 66
Yates-Korrektur	104
Zentrum	1, 3, 4, 6, 7, 97, 99, 138, 142, 145
ZGWS	26, 39, 90, 95
zufällig	1, 14, 68, 104, 120, 122, 137
Zufälligkeit	126

9 Danksagung

Mein erster Dank gilt Herrn Professor Dr. Dietrich Schnack für seine konstruktive Kritik und kontinuierliche Diskussionsbereitschaft und für die Tatsache, daß er mich als Doktorand in der fischereibiologischen Abteilung des Institutes für Meereskunde Kiel trotz des eher theoretisch sowie statistisch ausgerichteten Themas akzeptiert und betreut hat.

Mein besonderer Dank gilt Herrn Dr. Siegfried Ehrich, der die entscheidende Motivation für diese Arbeit geliefert und mich ständig extern sowohl aus fachlicher als auch aus freundschaftlicher Sicht betreut hat. Sein persönliches Engagement und seine stete Bereitschaft zur Diskussion haben wesentlichen Einfluß auf den Ablauf und die Gestalt der Arbeit gehabt.

Mein besonderer Dank gehört auch meinem besten Freund, Herrn Dipl.-Volksw. Burkhard Beil, der unter extremen Zeitdruck die Arbeit durchgesehen und wichtige Anregungen, das Layout der Arbeit betreffend, geliefert hat.

Außerdem danke ich vor allem auch Herrn Dr. Wolfgang Schneider †, Institut für Statistik und Ökonometrie der Kieler Universität, der im Sommer 1990 leider durch einen tragischen Unfall in Indien ums Leben gekommen ist. Er war ein guter Lehrer für mich, hat mich zudem im Rahmen meiner Arbeit mit persönlichem Einsatz statistisch betreut und mir wesentliche Anregungen für mein Statistik- und Ökonometrie-Studium gegeben.

Ferner möchte ich Herrn Prof. Dr. Lütkepohl und Herrn Prof. Dr. Gerd Hansen danken, die mir durch ihre anschaulichen Vorlesungen zur mathematischen sowie angewandten Statistik und zur Ökonometrie wesentliche Einblicke in diese eher theoretisch orientierte Welt gegeben und damit für die statistische Basis der Arbeit gesorgt haben.

Auch danke ich Herrn Dr. Kielmann und Frau Doris Mach vom Rechenzentrum des Instituts für Meereskunde, die mir, was das Handling der VAX angeht, stets sachkundig zur Seite gestanden sind.

Schließlich möchte ich noch Herrn Dr. Wim Panhorst und Herrn Leif Pederson vom International Council for the Exploration of the Sea (ICES) in Kopenhagen, Dänemark, danken, die mir freundlicherweise das Datenmaterial des International Young Fish Survey (IYFS) der Jahre 1970 bis 1988 zur Verfügung gestellt haben.