

DYNAMICS OF LATE QUATERNARY MAMMAL POPULATION INFERRED FROM GEOSTATISTICAL
STUDY OF THE FAUNMAP DATABASE AND ITS IMPLICATIONS FOR CONSERVATION

CHUANLING LI
(ZUSAMMENFASSUNG)

Die vorliegende Dissertation entwickelt ein Prinzip, in wie weit Daten von Fossilien zur Lösung biogeographischer und ökologischer Fragestellungen Verwendung finden können. Es wird bestätigt, dass eine große Anzahl fossiler Daten hoher Qualität zur Dokumentation evolutiver Prozesse (dem Ursprung, der Entwicklung der Formation und Dynamik) von Arealssystemen dienen können. Die evolutiven Prozesse können in Nordamerika in sechs Abschnitte gegliedert werden: die Refugialphase (vor 15000 Jahren: >15 ka), die Verbreitungsphase (vor 8000 bis 15000 Jahren: 8-15 ka), die Entwicklungsphase (vor 3000 bis 8000 Jahren: 3-8 ka), die Übergangsphase (vor 1000 bis 3000 Jahren: 1-3 ka), die Primitive Phase (vor 500 bis 1000 Jahren: 0,5-1 ka) und die anthropogene Störungsphase (die letzten 500 Jahren: <0.5 ka). Diese zeitliche Gliederung ergibt sich aus geostatistischen Analysen von FAUNMAP Daten. FAUNMAP ist eine Datenbank, in der 43,851 fossile Datensätze eingetragen sind, die zwischen 1860 bis 1994 in Nordamerika gesammelt wurden.

Zur Überprüfung eiszeitlicher Refugialgebiete eignen sich Daten fossiler Funde sehr gut. Eiszeitliche Refugien repräsentieren Gebiete, in die sich die Flora und Fauna während der letzten Eiszeit zurückgezogen hatten und die sich heute durch ihren Artenreichtum und ihre Anzahl endemischer Arten auszeichnen. Das bedeutet, dass diese (endemischen) Arten während der Eiszeit ausschließlich oder hauptsächlich in diesen Gebieten ihre Vorkommen hatten. Diese Gebiete können also durch ihre fossilen Dokumente aus dieser Zeit identifiziert werden. Die Entwicklung der Artenvielfalt in solchen Gebieten würde ansonsten nicht durch Eiszeitliche Refugien verursacht. Während der Refugialphase (>15 ka) besiedelten die verschiedenen Säuger vorzugsweise sieben Refugialgebiete in Nordamerika: das Kalifornia Refugium, das Mexikanische Refugium, das Florida Refugium, das Appalachia Refugium, das Great Basin Refugium, das Rocky Mountain Refugium und das Great Lake Refugium. Die ersten fünf stimmen gut mit den Verbreitungszentren überein, die von De Lattin definiert wurden. Er nahm die biogeographische Methode der Chronologie zu Hilfe.

Die Verbreitung von Individuen einer Art ist nicht gleichmäßig über ihr Arealssystem verteilt. Das Hot Spot Modell von Brown zeigt, dass es große Schwankungen der Bestandsdichten innerhalb des Verbreitungsgebietes einer Art gibt. Bei einer Untersuchung beobachtet man in den meisten Standorten keine oder nur einige Individuen, während man an einigen anderen Stellen über 10 –100 findet. Gebiete mit geringer Individuenzahl werden als „cool spots“

bezeichnet, solche mit einer großen Zahl an Individuen als „hot spots“. Einige Gebiete, die innerhalb des Areal einer Art nicht besiedelt sind, werden „holes“ genannt. Dieses Modell wirkt sich unmittelbar auf die Analyse fossiler Daten aus. Im Vergleich zu „cool spots“ weisen „hot spots“ eine wesentlich höhere lokale Populationsdichte auf. Deshalb ist die Wahrscheinlichkeit, Individuen im Sediment sogenannter „hot spots“ zu finden, deutlich höher, als im Sediment von „cool spots“. Die Minimale Anzahl von Individuen (MNI) einer Arten sollte in fossilen Funden von hot spot-Gebieten also deutlich höher sein als von cool spot- Gebieten. Es gibt jedoch nur wenige hot spots, dafür aber viele cool spots innerhalb eines Arealsystems einer einzigen hypothetischen Art. In den meisten Fossilorten werden daher meist geringe MNIs und nur selten hohe MNIs festgestellt. Diese Vorhersage wurde anhand von 70 Arten aus FAUNMAP mit mehr als 100 fossilen Nachweisen überprüft und analysiert. Damit wurde die Verbreitung von Arten in Abhängigkeit von zeitlicher und räumlicher Variation mit Hilfe der räumlichen Verbreitung der MNIs dieser Arten innerhalb deren Arealsysteme rekonstruiert. Gebiete ohne fossile Funde der letzten Jahrtausende wurden als „holes“ interpretiert. Gebiete mit hohen MNIs werden als hot spots, Gebiete mit nur geringen MNIs als cool spots definiert.

Obwohl das Vorkommen vieler Arten in hot spots über Tausende von Jahren konstant sein kann, zeigt die vorliegende Untersuchung, dass innerhalb des Zeitraums 1.5-1 ka große Verlagerungen stattfanden. Die Verlagerungen erfolgten in drei Richtungen: vom Westen zum Osten der Rocky Mountains, vom Osten der USA zum Osten der Rocky Mountains und vom Westen der Rocky Mountains zum Südwesten der USA. Die ersten beiden werden Lewis und Clarks Muster genannt. Lewis und Clark konnten diese Verlagerung durch Beobachtungen während ihrer Expedition 1805-1806 belegen. Das 200 Jahre alte, von modernen Ökologen und Biogeographen beschriebenes Rätsel „warum waren Säuger auf der Ostseite häufig, während sie auf der Westseite der Rocky Mountains selten waren“ wird durch den historischen Prozess erklärt. Die dritte Verlagerung wird Bayhams Muster genannt. Dieses Muster kann mit Hilfe eines Modells der Intensivierung spätholocener Ressourcen überprüft werden, das Frank E Bayham als erster beschrieb. Der historische Prozess von dem Bayham Muster wird die klassische Erklärung der Intensivierung spätholozäner Ressourcen herausfordern.

Zuletzt wird versucht, unter Berücksichtigung von Umweltveränderungen die Verlagerungen von hot spots zu erklären. In diesem Zusammenhang werden die Auswirkungen der eiszeitlichen Refugien und der hot spot-Gebiete für einen wirksamen Schutz und ein wildlife management diskutiert. Es werden Vorschläge für Paläontologen und Zooarchäologen unterbreitet, um in Zukunft die wertvollen Informationen für weitere Grabungen und die weitere Forschung auch in anderen Disziplinen zu nutzen.