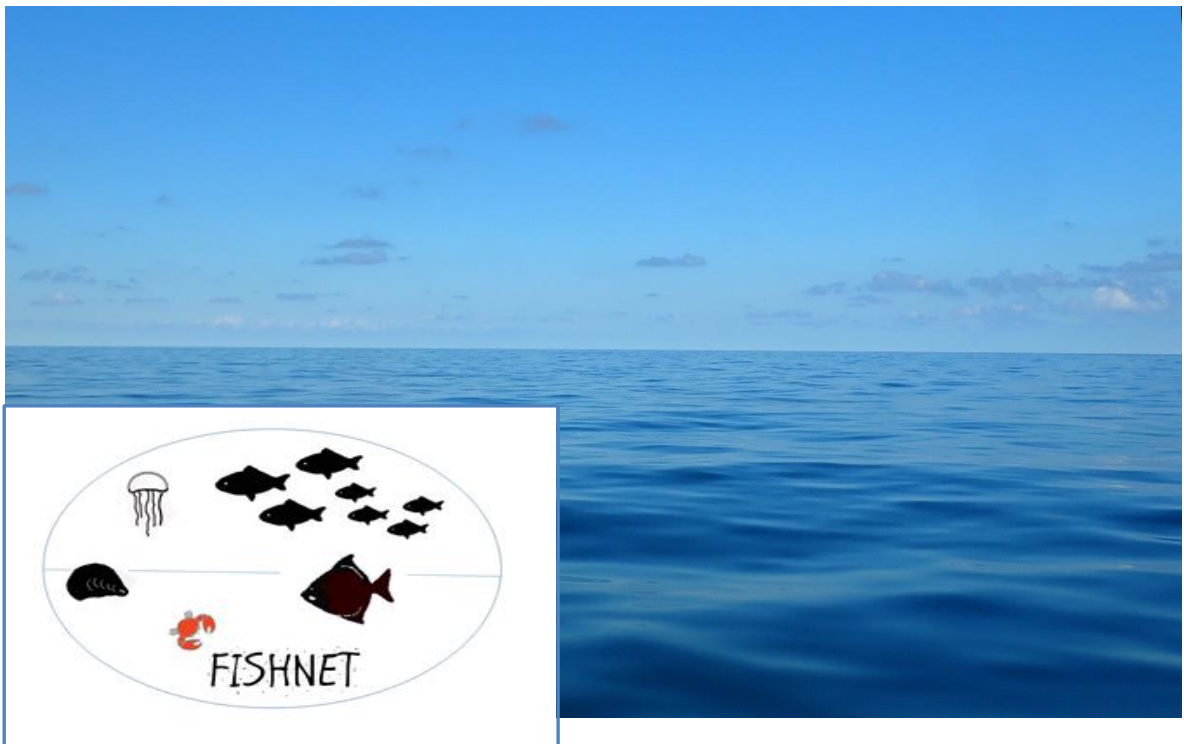


Nahrungsnetzprojekt in den Küstengewässern Schleswig Holsteins mit Fokus auf Fischen - FishNet

Untersuchung und Auswertung zum Mageninhalt und Analyse stabiler Isotope von Benthos- und Fischarten im Rahmen des FishNet Projektes (AP2)



Auftraggeber:

Landesbetrieb für Küstenschutz, Nationalpark und Meeresschutz
Schleswig-Holstein, Nationalparkverwaltung (LKN.SH)
Tönning

April 2023

Auftraggeber: Landesbetrieb für Küstenschutz, Nationalpark und Meeresschutz
Schleswig-Holstein, Nationalparkverwaltung (LKN.SH)

Titel: Untersuchung und Auswertung zum Mageninhalt und Analyse
stabiler Isotope von Benthos- und Fischarten im Rahmen des
FishNet Projektes (AP2)

Vergabenummer: ZB-U0-19-1479000-4121.5

Auftragnehmer: BIOCONSULT GmbH & Co.KG

Auf der Muggenburg 30
28217 Bremen
Telefon +49 421 6207108
Telefax +49 421 6207109

Lerchenstraße 22
24103 Kiel
Telefon +49 431 53036338

Internet www.bioconsult.de
eMail info@bioconsult.de

Bearbeiter: Bearbeitung BioConsult: Bearbeitung Leibniz-Institut für Zoo-
und Wildtierforschung (Isotope):

Dr. Sabine Schüchel
Dipl.-Ing. Frank Bachmann
M.Sc. Elisabeth Bruggaier

PD Dr. Christian Voigt
Dr. Stefania Milano

Datum: April 2023

Inhalt

1. Anlass und Aufgabenstellung	6
2. Untersuchungsgebiete.....	8
3. Untersuchungskonzept.....	9
3.1 Sammelkampagnen	10
4. Mageninhaltsanalysen pelagischer und benthischer Fischarten (AS 1)....	14
4.1 Probenbearbeitung an Bord	14
4.2 Laborarbeiten	15
4.3 Artenspektrum und Anzahl der untersuchten Mägen	18
5. Stabile Isotope von Fisch- und Benthosarten sowie deren Beute (AS 2) .	20
5.1 Vorbereitung der Proben	20
5.2 CN Messungen.....	21
6. Auswertung und Modellierung (AS 3)	24
6.1 Aufbau einer Fish-Stomach-Datenbank.....	24
6.2 Exemplarische Auswertung der Magendaten.....	24
6.3 Bestimmung des trophischen Levels (TL)	27
6.3.1 Berechnung des TL anhand von Mageninhaltsanalysen.....	28
6.3.2 Berechnung des TL anhand stabiler Isotope der Fische	30
6.3.3 Ergebnisse.....	31
6.4 Überprüfung der Anwendbarkeit der OSPAR Nahrungsnetz-Indikatoren FW4 und FW7	34
6.4.1 FW4 (Changes in average trophic level of marine predators)	34
6.4.1.1 Case Study: Anwendung des FW4 auf Fischdaten im schleswig-holsteinischen Küstenmeer der Nordsee im Zeitraum 1987 bis 2018	36
6.4.2 FW7 (Feeding guild).....	39
7. Schlussfolgerungen und Ausblick.....	41
8. Bachelor- und Masterarbeiten	43
Literatur.....	46
Anhang	50
9. QSR template for the Common Indicator Assessment	52
9.1 Submitting assessment sheet material	52
9.1.1 Assessment Metadata.....	68

Abbildungen und Tabellen

Abb. 1: Lage der Stationen. Für Informationen zu den Sammelkampagnen siehe Kap. 3.1.	9
Abb. 2: Eingesetzte Fanggeräte: A: GOV im Wasser, B: 2- m Baumkurre, C: 7-m Baumkurre, D: 1-m Baumkurre. Nicht abgebildet ist der Ankerhamen.	12
Abb. 3: Beispiel eines Hols (links) und Sortieren eines Fangs (rechts). Fotos: BioConsult.	14
Abb. 4: Einblicke in die Laborarbeiten: A) Wittling, B) Flunder, C) Kleingefleckter Katzenhai, D) Roter Knurrhahn, E) Steinpicker, F) Kleine Seenadel, G) Butterfisch, H) Glattbutt. Fotos: BioConsult.	17
Abb. 5: Vorbereitung der Proben: A) Fett Extraktion, B) Trocknung der Proben (bei 50 °C für min. 48 h), C) Einwiegung des getrockneten Materials (mg) und D) Überführung der Probe in Zinnkapseln.	21
Abb. 6: Oben) Autosampler eines Elemental Analyser Isotope Ratio Mass Spectrometer (EA-IRMS) und seine Funktionsweise nach Rodrigues et al. (2013). Unten) Spektrogramm der gemessenen $\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$ Werte. Fotos: IZW.	23
Abb. 7: Schematische Darstellung der verschiedenen trophischen Ebenen im marinen Ökosystem. Quelle: www.theory.labster.com .	27
Abb. 8: Trophic Level value selection according to source type (Santander Trophic Ecology Group).	29
Abb. 9: Schematische Darstellung des „fishing down the food web“. Im ursprünglichen Zustand stellen große Prädatoren der 4. Trophieebene den größten Anteil der Biomasse. Durch deren intensive Befischung nimmt der Fraßdruck auf kleinere Arten ab, so dass sich diese vorübergehend vermehren, bis sie selbst Opfer der Fischerei werden (verändert nach Pauly et al. 1989).	35
Abb. 10: Zeitlicher Verlauf des Mean Trophic Level Indikators (MTL) der Fischfauna zwischen 1987 und 2018.	37
Abb. 11: Zeitlicher Verlauf des Mean Trophic Level Indikators der Fischfauna zwischen 1987 und 2018, ohne pelagische Arten.	37
Tab. 1: Übersicht des Sammelumfangs im Zeitraum 2019 bis 2021.	10
Tab. 2: Index of stomach fullness basierend auf dem Protokoll der Santander IEO Trophic Ecology Group.	15
Tab. 3: Stadien der Verdauung basierend auf dem Protokoll der Santander IEO Trophic Ecology Group.	16
Tab. 4: Erfasstes Artenspektrum der Fischfauna, Anzahl der untersuchten Mägen und erfasstes Längenspektrum je Art.	18
Tab. 5: Durchgeführtes Programm zur Fettextraktion im Soxtherm.	20
Tab. 6: Trophische Level (TL) \pm Standardabweichung (SD) für die gesammelten Fischarten	32

Tab. 7: Mean Trophic Level \pm Standardabweichung für alle Fischarten zwischen 1987 und 2018.....	50
Tab. 8: Mean Trophic Level \pm Standardabweichung ohne pelagische Fischarten zwischen 1987 und 2018.	51

1. Anlass und Aufgabenstellung

Fische sind ein integraler Bestandteil des Ökosystems und übertragen Energie „top-down“ und „bottom-up“ durch das Nahrungsnetz. Ein grundlegendes Verständnis der essentiellen Prozesse und Funktionswege fehlt allerdings (noch), was einen effektiven und effizienten Fischartenschutz erschwert. Im Projekt „FishNet“ (Laufzeit 2019-2023, gefördert durch die Europäische Union, Europäischer Meeres- und Fischereifonds EMFF, den Bund und das Land Schleswig-Holstein) sollen Nahrungsnetzmodelle in der Nordsee unter Berücksichtigung der Fisch-Funktionsgruppe und deren trophischen Interaktionen mit verschiedenen benthischen Lebensräumen und im Pelagial verbessert, weiterentwickelt und bewertet werden. Dafür soll die Ökologische Netzwerkanalyse (ENA) genutzt und hinsichtlich ihrer Eignung für die Bewertung und Zustandsbeschreibung von Nahrungsnetzen im Rahmen der OSPAR- und MSRL-Bewertung geprüft werden. Darüber hinaus sollen Wissenslücken von Ökosystemkomponenten (Meiofauna und Plankton), wo es derzeit kein Monitoring gibt, geschlossen werden (Möller & Martinez Arbizu, 2023).

Das Nahrungsspektrum vieler Arten hängt von der Verfügbarkeit der Nahrungsquellen und regionalen bzw. habitatspezifischen Gegebenheiten ab. Mit der stabilen Isotopenanalyse können neben der trophischen Position einer Art auch gleichzeitig die Nahrungsquellen nachgewiesen werden. Dabei gibt die Zusammensetzung der Kohlenstoffisotope Aufschluss über die Nahrungsquelle, während die Stickstoffisotopenverhältnisse die Position im Nahrungsnetz anzeigen.

Um Informationen über den gegenwärtigen und längerfristigen Ressourcenkonsum der Fischfauna in den Küstengewässern Schleswig-Holsteins zu bekommen, soll im Rahmen des FishNet-Projektes eine Untersuchung und Auswertung zu Mageninhalten an Fischen und die Analyse stabiler Isotope von Benthos- und Fischarten erfolgen. Die Daten sollen zudem die maßgeblichen Eingangsdaten für die OSPAR Nahrungsnetzindikatoren „Mean Trophic Level (FW4)“ und „Biomass across feeding guilds“ (FW7) darstellen, deren Anwendbarkeit als Bewertungsinstrument auf das Küstenmeer Schleswig-Holstein im Rahmen des Projektes erstmalig geprüft werden sollen. Der FW4 Indikator basiert auf dem von Pauly et al. (1998) entwickelten Konzept „fishing down marine food webs“ und spiegelt die Auswirkungen des Fischereidrucks auf die Struktur von Nahrungsnetzen wieder (Tab. 1). Der Indikator basiert auf Biomassedaten und dem Trophielevel (TL) der Art und wird im Rahmen der OSPAR Bewertung aktuell nur für den Golf von Biskaya und die Iberische See (OSPAR Region VI) angewandt. Der FW7 Indikator zielt auf die Bewertung von Futtergilden bei Fischen (z.B. planktivor vs. piscivor) ab. Analysiert werden die Veränderung der Biomasse, der Häufigkeit und des Artenreichtums verschiedener Futtergilden, die wiederum funktionelle Veränderungen innerhalb des Nahrungsnetzes aufzeigen.

Beide Bewertungsverfahren sollen darüber hinaus genutzt werden, den Zustand der Nahrungsnetze und Ökosysteme (Deskriptor D4) in den deutschen Gewässern der Nordsee gemäß Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie (MSRL) quantitativ zu bewerten. Die Bewertungsergebnisse aus D4 spiegeln zudem Aspekte in der Beschreibung des guten Umweltzustands unter Deskriptors 1 Biodiversität wieder.

Tab. 1: Übersicht über die OSPAR Indikatoren FW4 und FW7 und ihre Relevanz zur Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie (MSFD).

Code	Indicator name	Lead country	Background	Relevance to MSFD D4 (COM DEC 2017/484)
FW4	Changes in mean trophic level of marine predators (MTL)	ES/FR	The Mean Trophic level of marine predators is an ecological indicator that reflects mainly the effects of fishing pressure on the structure of food webs. The indicator is based on biomass data and trophic level (TL) of the species.	D4C2 (Primary)
FW7	Biomass and abundance of trophic guilds (focus fish) Candidate indicator	UK/ES	This food web indicator can reveal how ecosystems are responding to environmental change and anthropogenic pressure in a way that cannot be inferred from studying habitat, species or assemblages alone. Systematic differences in response of typically smaller bodied organisms, feeding lower in the food web (planktivores) relative to those with bigger bodies that utilise different resources (benthivores, crustacean-feeders) and feed higher up the food web (piscivores), could profoundly alter the strength of energy pathways through the food web.	D4C1, D4C2, D4C4 (Primary)

Für die Bearbeitung hat der Landesbetrieb für Küstenschutz, Nationalpark und Meeresschutz Schleswig-Holstein (LKN.SH) die Fa. BioConsult GmbH & Co. KG beauftragt. Die Bearbeitung fand im Rahmen des FishNet-Projektes in enger Abstimmung mit der Nationalparkverwaltung als Projektleitung statt.

Der vorliegende Bericht umfasst die Auswertung aller im Zeitraum 2019-2021 erhobenen Daten und besteht aus drei Arbeitsschritten (AS), die während der 3,5jährigen Laufzeit bearbeitet wurden:

- (AS 1): Mageninhaltsanalysen pelagischer und benthischer Fischarten
- (AS 2): Stabile Isotope von Fisch- und Benthosarten sowie deren Beute
- (AS 3): Modellierung und Auswertung

2. Untersuchungsgebiete

Das Untersuchungsgebiet umfasst verschiedene Gebiete und Habitate der Küstengewässer Schleswig-Holsteins und der Nordsee. Entlang der Küste Schleswig-Holsteins erstreckt sich das Untersuchungsgebiet zwischen der Elbmündung im Süden und der Insel Sylt im Norden (Abb. 1). Weitere Untersuchungsgebiete umfassen die Amrumbank sowie Bereiche in der südlichen und südwestlichen Nordsee.

Durch die Lage der meisten Stationen wird insgesamt ein Bereich der deutschen Nordsee abgedeckt, der entsprechend der Karte der benthischen Lebensräume der deutschen Nordsee (BMU 2018) überwiegend den „Sandböden des Circalitorals“ zuzuordnen ist (Abb. 1). Weitere Stationen liegen in Bereichen, die entsprechend der Biotoptypenkarte den „Grobsedimenten des Circalitorals“, „Schlickböden des küstenfernen Circalitorals“ und „Mischsedimenten des Circalitorals“ zuzuordnen sind. Darüber hinaus sind Stationen innerhalb der Lebensraumtypen Sandbänke und Riffe lokalisiert sowie in Verdachtsflächen Artenreicher Kies-, Grobsand- und Schillgründe (KGS).

Die Wassertiefen variierten zwischen 4 m (Vortrapp Tief) und 57 m (Helgoländer Tiefen Rinne).

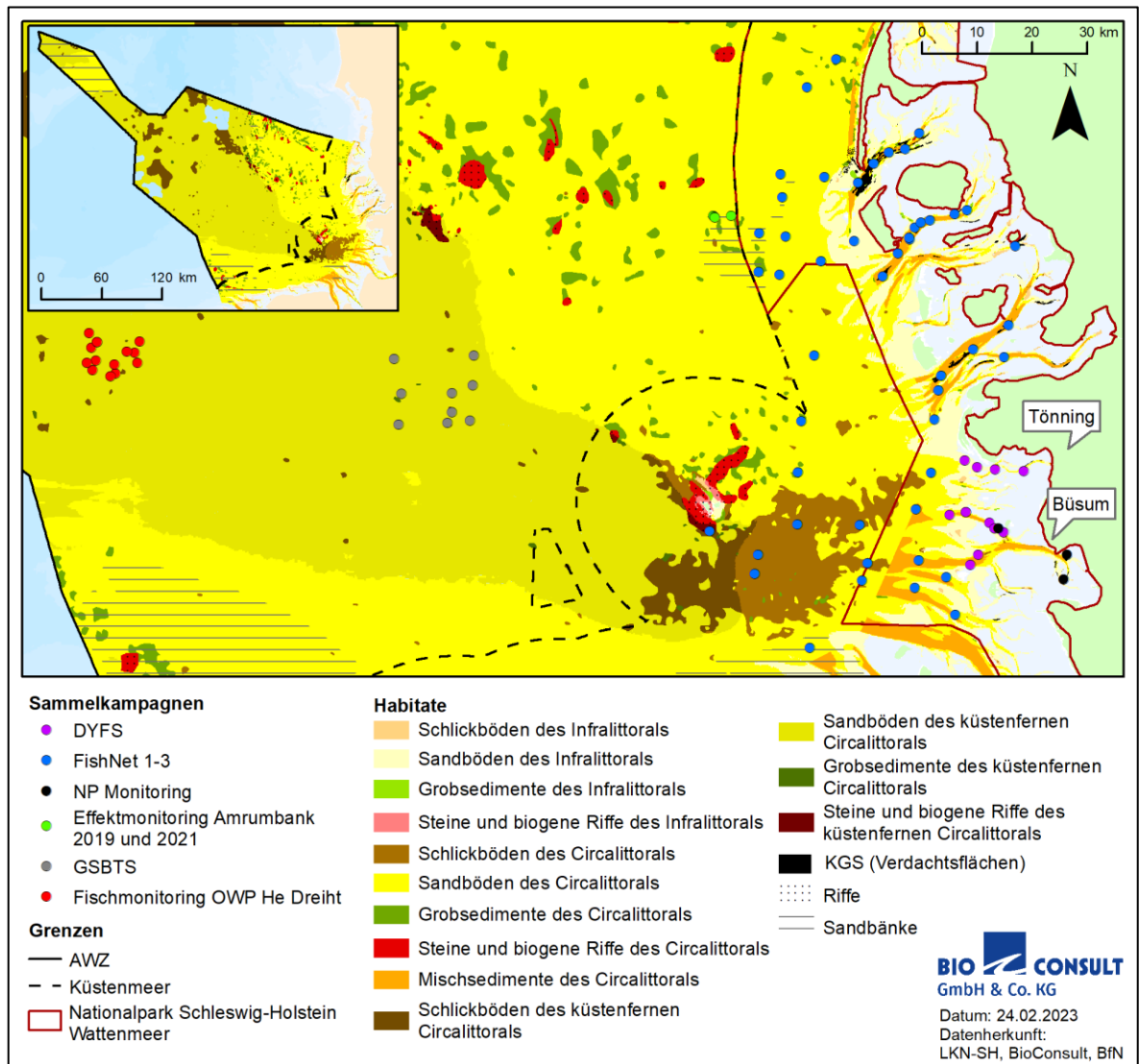


Abb. 1: Lage der Stationen. Für Informationen zu den Sammelkampagnen siehe Kap. 3.1.

3. Untersuchungskonzept

Die Probenahmen zur Sammlung von pelagischen und benthischen Fischarten für die durchzuführenden Mageninhaltsanalysen wurden vorrangig im Zuge der stattfindenden FishNet-Surveys der Nationalparkverwaltung (NPV) durchgeführt. Darüber hinaus wurden ergänzende Ausfahrten durch BioConsult selbst (z.B. in Rahmen von eigenen Probenahmen) oder durch Ausfahrten der kooperierenden Projektpartner durchgeführt.

Alle Sammelkampagnen erfolgten in enger Abstimmung zwischen NPV, BioConsult und den kooperierenden Projektpartnern, um so eine möglichst große Abdeckung des Artenspektrums und der Längverteilung der Fischfauna zu erfassen und eine Vergleichbarkeit der gesammelten Proben (gleiches methodisches Vorgehen an Bord) zu gewährleisten.

3.1 Sammelkampagnen

Alle Sammelkampagnen fanden im Zeitraum 2019 bis 2021 statt und verliefen entsprechend der gemeinsam abgestimmten Vorgehensweise (s. Kap. 4). Eine Übersicht über den durchgeführten Sammelumfang zeigt Tab. 2.

Tab. 2: Übersicht des Sammelumfangs im Zeitraum 2019 bis 2021.

Projekt	Zeitraum	Schiff	Gerät	Anzahl Hols	Holdauer/Schleppgeschwindigkeit	Ma-schenweite	Anzahl Fische für Magenanalysen	Institution
FishNet1	25.05. – 30.05.2020	Senckenberg	2 m-Baumkurre	36	5 min/ 1-2 Knoten	1 cm	368	NPV/ Senckenberg
FishNet2	12.10. – 17.10.2020	Senckenberg	2 m-Baumkurre	35	5 min/ 1-2 Knoten	1 cm	447	NPV/ Senckenberg
FishNet3	09.06. – 16.06.2021	Senckenberg	2 m-Baumkurre	50	5 min/ 1-2 Knoten	1 cm	1191	NPV/ Senckenberg
DYFS	01.09. – 04.09.2019	RV Clupea	3 m-Baumkurre	12	15 min/ 3 Knoten	2 cm	80	Thünen Institut, Institut für Seefischerei
NP Hamenmonitoring	01.08. – 09.08.2019	Luise	Ankerhamen	5	2,5 - 3 h*	1 cm	106	Marine Science Service
Monitoring Fische OWP He Dreih	17.04. - 19.04.2020	Damkerort	7 m-Baumkurre	14	15 min/ 3-4 Knoten	2 cm	68	BioConsult
Effekt-Monitoring Amrumbank	06.11.2019 und 09.09.2021	Ozean	1 m-Baumkurre	3	5 min/ 1-2 Knoten	1 cm	35	BioConsult
GSBTS	08.07. - 03.09.2019	Walther Herwig III	GOV	22	30 min/ k.A.	2 cm	92	Thünen Institut, Institut für Seefischerei

*bei der Hamenfischerei wird während der kompletten Tidephase gefischt, d.h. ein Hol über die Ebb- sowie ein Hol über die Flutphase.

Eine kurze Beschreibung der in Tabelle 1 genannten Surveys findet sich in den nächsten Absätzen. Darin wird in erster Linie auf die Methodik zur Erfassung der Fischfauna eingegangen, die im Rahmen des vorliegenden Auftrags den Fokus darstellte. Darüber hinaus gehende Details zu den Surveys sind den genannten Referenzen zu entnehmen.

FishNet (1-3)

Im Rahmen des FishNet-Projektes fanden im Frühjahr und Herbst 2020 sowie im Frühjahr 2021 Ausfahrten zur Beprobung des Benthos (In- und Epifauna), der Meiofauna, der Fischfauna und des

Zooplanktons mittels Standardmethoden entlang der schleswig-holsteinischen Küste statt (Abb. 1, blaue Stationspunkte).

Alle Probenahmen erfolgten mit dem Forschungsschiff „FK Senckenberg“. Je Kampagne wurden insgesamt zwischen 35 (Herbst 2020) und 50 Stationen (Frühjahr 2021) beprobt. Als Fanggerät von bodenlebenden Fischarten (und benthischer Epifauna) wurde eine 2-m Baumkurre verwendet, die seitlich des Schiffes angeschlagen war (Abb. 2). Die Holdauer lag bei 5 Minuten. Die Maschenöffnung betrug 10 mm. Im Rahmen der drei Kampagnen wurden insgesamt 2.006 Fische für Mageninhaltsanalysen gesammelt.

Demersal Young Fish Survey (DYFS)

Weitere 80 Fische wurden im Rahmen des Demersal Young Fish Surveys (DYFS) gesammelt (Abb. 1, lila Stationspunkte). Dabei handelt es sich um eine seit 1972 jährlich im deutschen Wattenmeer durchgeführte regelmäßige Baumkurren-Erhebung (s. Vorberg, 2016, Vorberg 2020, Tulp et al. 2022). Das Hauptziel dieser Erhebung ist die Ermittlung von Rekrutierungsindizes wichtiger kommerziell genutzter Fischarten, hauptsächlich für Scholle und Seezunge, und wird vom International Council for the Exploration of the Seas (ICES 2021) koordiniert. Darüber hinaus zielt diese Untersuchung auf die Häufigkeit und Verbreitung von Nordseegarnelen (*Crangon crangon*) im Wattenmeer ab.

Das DYFS umfasst Gebiete innerhalb der 12-Seemeilen-Zone entlang der gesamten deutschen Nordseeküste. Die Probenahme fand im September 2019 an Bord der RV Clupea statt. Als Fanggerät wurde eine 3-m Baumkurre und einer Maschenweite von 20 mm im Steert verwendet. Die Holdauer lag bei 15 Minuten bei einer Schleppgeschwindigkeit von 2–4 Knoten über Grund (Vorberg, 2020).

German Small-Scale Bottom Trawl Survey (GSBTS)

Der German Small-Scale Bottom Trawl Survey (GSBTS) wurde 1987 initiiert, um ergänzende Untersuchungen zum Internationalen Grundsleppnetz-Survey (IBTS) in der Nordsee durchzuführen. Im Vergleich zum IBTS zielt das GSBT allerdings auf die Erhebung von vielen, kleinräumigen Stichproben in ausgewählten Untersuchungsgebieten (sog. Boxen) in der gesamten Nordsee ab (s. Ehrich et al. 2007).

Insgesamt 92 Fische für Magenanalysen wurden im Rahmen des GSBTS im Sommer 2019 zwischen dem 08.07 und 03.09. mit dem Fischereiforschungsschiff „Walther Herwig III“ (WH 428) gesammelt (Abb. 1, graue Stationspunkte). Als Fanggerät wurde ein Grundsleppnetz des Typs Grande Overture Verticale (GOV) mit einer Öffnungsbreite von ca. 20 m, einer Öffnungshöhe von ca. 5 m und einer Maschenweite im Innensteert von 8 mm eingesetzt (Abb. 2). Je Station wurde das GOV mit einer mittleren Geschwindigkeit von 4 Knoten jeweils 30 Minuten geschleppt (Ehrich et al. 2007).

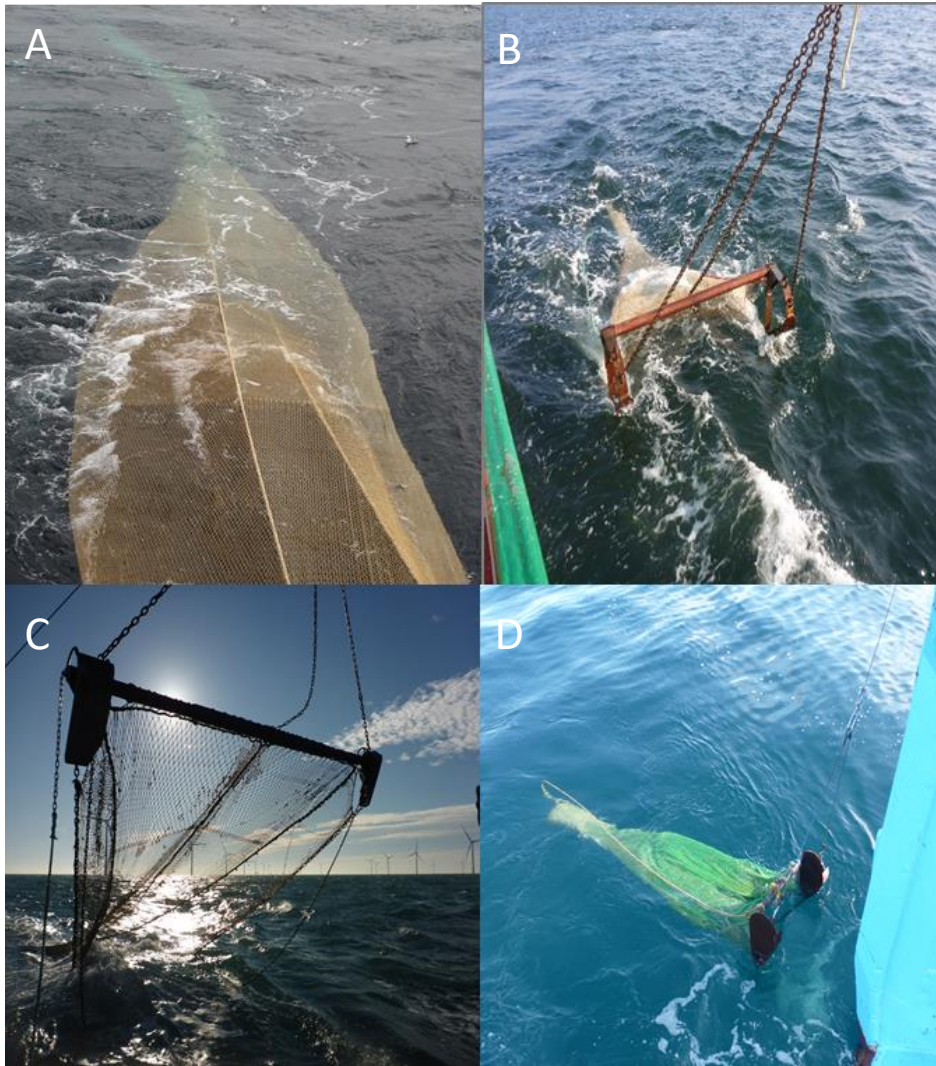


Abb. 2: Eingesetzte Fanggeräte: A: GOV im Wasser, B: 2- m Baumkurre, C: 7- m Baumkurre, D: 1- m Baumkurre. Nicht abgebildet ist der Ankerhamen.

Monitoring Fische im Offshore Windpark He Dreiht

Die Beprobung der Fischfauna erfolgte hier im Rahmen des Standardmonitorings zur Untersuchung der Auswirkungen von Offshore Windenergieanlagen auf die Meeresumwelt (StUK 4). Gemäß des Standarduntersuchungskonzepts StUK 4 (BSH 2013) sind dazu in der Offshore Windparkfläche (OWP-Vorhabengebiet) und im nahegelegenen Referenzgebiet je 15 Hols mit einer 7 m-Baumkurre durchzuführen.

Die Befischungen wurden im Frühjahr im Zeitraum 17.04. bis 19.04.2020 von Bord des Kutters „Damerort“ durchgeführt. Als Fanggeräte wurden 7 m-Baumkurren verwendet, die seitlich des Kutters angeschlagen waren (Abb. 2). Die Netze besaßen im Innensteert eine Maschenöffnung von 20 mm. Die Schleppzeit betrug jeweils rd. 15 min am Grund, die Schleppgeschwindigkeit lag zwischen 3 und 4 Knoten. Im Rahmen der Befischungen wurden insgesamt 68 Fische für Mageninhaltsanalysen gesammelt.

Effektmonitoring Fischereischließung Amrumbank

Zum Schutz der Amrumbank und des dort vorkommenden § 30-Biototyps „Artenreiche Kies-, Grobsand-, und Schillgründe“ vor allen durch Störungen durch grundberührenden Fischereiaktivitäten ist ein ganzjähriger Ausschluss aller Fischereiaktivitäten auf 55 % der zentralen und nördlichen Bereiche der Amrumbank (FFH-Lebensraumtyp 1110 „Sandbänke“) im NSG „Sylter Außenriff – Östliche Deutsche Bucht“ geplant (s. BioConsult 2022).

Die Auswirkungen der Schließung auf das Makrozoobenthos sollen durch ein Effektmonitoring langjährig dokumentiert werden. An insgesamt 29 Stationen wird pro Station neben Greifer und Schleppkamera ein Hol mit einer 1 m-Baumkurre (1 cm Maschenweite im Steert, Schleppzeit ca. 5 min, Schleppgeschwindigkeit ca. 2 Knoten) zur Erfassung der Epifauna durchgeführt (Abb. 2). Während der Probenahmen in den Jahren 2019 und 2021 wurden die in den Baumkurrenhols enthaltene Fische (35) für Mageninhaltsanalysen gesammelt (Abb. 1, grüne Stationspunkte).

Hamen-Monitoring der Fische im schleswig-holsteinischen Wattenmeer

Im schleswig-holsteinischen Wattenmeer werden seit 1991 jährlich im August Untersuchungen zu Vorkommen und Verteilung der Fische durchgeführt. Als Fanggerät dient ein 90 Quadratmeter großes Hamennetz (Ankerhamen) mit dem die gesamte Wassersäule von der Oberfläche bis zum Boden befischt wird. Im Vergleich zur mobilen Schleppnetzfischerei ist die Fischerei mit einem Ankerhamen eine passive Fangmethode, bei der das Schiff vor Anker liegt und allein die Tidenströmung genutzt wird, um das Netz fängig zu stellen. Gefischt wird im Normalfall während der kompletten Tidephase, gewöhnlich ein Hol über die gesamte Ebb- sowie ein Hol über die gesamte Flutphase. Hauptmerkmal liegt auf der Erfassung pelagischer Fische, die aufgrund ihrer enormen Biomasse von großer Bedeutung für die Ökologie des Wattenmeeres sind – insbesondere als wichtige Nahrungsquelle für marine Säuger und zahlreiche Vogelarten (s. Vorberg 2016, Vorberg 2020).

Während der Befischungen im Sommer 2019 wurden insgesamt 106 Tiere pelagischer und benthischer Fische für das Projekt gesammelt (Abb. 1, schwarze Stationspunkte). Diese Fische standen dem Auftragnehmer bei Projektbeginn zur sofortigen Bearbeitung zur Verfügung.

4. Mageninhaltsanalysen pelagischer und benthischer Fischarten (AS 1)

4.1 Probenbearbeitung an Bord

Probenahme und Mageninhaltsanalysen (Kap. 4.2) erfolgten nach bereits bestehenden Standardprotokollen der Santander IOE Trophic Ecology Group (Chair Preciado Izaskun) und des ICES (ICES 1991, ICES 2010).

Dazu wurde der Fang aus dem Steert in Fangkörbe oder einen Trichter entleert und anschließend vollständig nach Fischen und Beifang sortiert (Abb. 3). Alle Fische wurden auf Artniveau bestimmt, die Anzahl pro Art ermittelt und das Gesamtgewicht (in kg) pro Art dokumentiert.

Ausgewählte Fische für Mageninhaltsanalysen wurden unmittelbar, wenn möglich artspezifisch, in Gefriertüten verpackt, beschriftet und für die späteren Laboruntersuchungen direkt an Bord wegefroren. Dabei wurde gemäß ICES Protokoll zur möglichst schnellen Unterbrechung der Enzymaktivität in den Fischmägen vom Hieven des Fanges bis zum Wegfrieren der Fische ein Zeitlimit von 30-45 Minuten nicht überschritten (ICES 1991).



Abb. 3: Beispiel eines Hols (links) und Sortieren eines Fanges (rechts). Fotos: BioConsult.

Während der FishNet-Probenahmen wurden zudem die für stabile Isotopemessungen (Kap. 5) erforderlichen Benthostiere mittels 0,1 m² van Veen Greifer (Infauna) bzw. 2-m Baumkurre (Epifauna) gesammelt. Analog zu den Fischen wurden auch hier die benthischen Tiere aus dem Greifer bzw. der Baumkurre gesammelt, in Gefriertüten verpackt und direkt an Bord weggefroren.

Bei allen Sammelkampagnen wurde für jedes durchgeführte Hol die Uhrzeit, die Aussetz- und Hievposition, die Schleppdauer und die Wassertiefe dokumentiert.

4.2 Laborarbeiten

Im Labor wurden die Fische aufgetaut, einzeln mit einer Genauigkeit von 1 cm „below“ vermessen und gewogen (in g). Bei Grundeln und Plattfischen wurde außerdem das Geschlecht bestimmt.

Anschließend wurde für die stabilen Isotopenmessungen (Kap. 5) ein größeres Stück Gewebe (in der Regel ein Stück vom Schwanz) entfernt, beschriftet und in einem Plastikröhrchen (sog. Kryoröhrchen) weggefroren. Die gesammelten Kryoröhrchen wurden zur weiterer Bearbeitung und stabilen Isotopenmessung an das Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW) nach Berlin verschickt (s. Kap. 5).

Jeder Magen wurde einzeln analysiert. Dazu wurde der angetaute Magen mit einer spitzen Schere aufgeschnitten und der Mageninhalt vorsichtig auf eine Petrieschale überführt. Unter dem Binokular wurde der Inhalt zunächst in die Fraktionen Fisch und Invertebraten sortiert (Abb. 4). Anschließend wurden alle Taxa bestimmt, gezählt und gewogen. Die taxonomische Bestimmung erfolgte je nach Verdauungsgrad der Nahrungstaxa soweit wie möglich bis auf Artniveau. Unbeschädigte Beutetiere wurden einzeln in Kryoröhrchen überführt und für stabile Isotopenmessungen weggefroren.

Für jeden Magen wurde das Gewicht des ungeöffneten Magens (voll) und des entleerten Magens (leer) erfasst und dokumentiert. Magen ohne Inhalt wurden als leer eingestuft. Weitere Füllungsgrade des Magens wurde gemäß des Standardprotokolls für Mageninhaltsanalysen der Santander IEO Trophic Ecology Group kategorisiert (Tab. 3).

Tab. 3: Index of stomach fullness basierend auf dem Protokoll der Santander IEO Trophic Ecology Group.

Kürzel	Index of stomach fullness	Füllungsmerkmale des Magens
F	Full	Magen ist gefüllt, deutliche Ausdehnung der Magenwand erkennbar
P	Partially full	Magen ist nur teilweise gefüllt, keine bis schwache Dehnung der Magenwand erkennbar
E	Empty	Magen ist leer

Neben dem Füllungsgrad des Magens wurde auch der Verdauungsgrad des Mageninhalts gemäß des Standardprotokolls der Santander Trophic Ecology Group ermittelt. Eine Übersicht über die verschiedenen Verdauungsstadien zeigt Tab. 4.

Tab. 4: Stadien der Verdauung basierend auf dem Protokoll der Santander IEO Trophic Ecology Group.

Kürzel	Digestion Stage	Merkmale der Beutefraktionen
1	intact prey, fresh, pristine	Zustand der Beutefraktionen intakt und weitestgehend vollständig
2	partial digested	Zustand der Beutefraktionen teilweise verdaut aber noch identifizierbar
3	digested	Beutefraktionen verdaut
R	regurigated	Beute wurde während des Fangs erbrochen. Hier ist i.d.R. die Beute im Maul oder Rachen des Fisches zu finden
P	skeletal pieces	Beutefraktionen enthalten Skelettteile, bspw. Fischgräten
H _p	hard pieces	Beutefraktionen enthalten Hartteile, wie Muschelschalen oder Schneckengehäuse

Bei Beutetieren, die aufgrund ihrer fortgeschrittenen Verdauung nicht gewogen werden konnten, wurde die Biomasse über Standardgewichte ermittelt. Für benthische Beuteorganismen standen dafür die Biomassedaten aus Greifer (0,1 m²) und Baumkurre aus den FishNet-Surveys zur Verfügung. Die Beprobung des Benthos erfolgte dabei an den gleichen Stationen wie die Beprobung der Fische. Für die Meiofauna (v.a. harpacticoide Copepoda, Nematoda) und Plankton (calanoide Copepoda, Cladocera) wurden die Standardgewichte von Pitois & Fox (2006), Higgins & Thiel (1988) und Moriarty et al. (2013) übernommen.

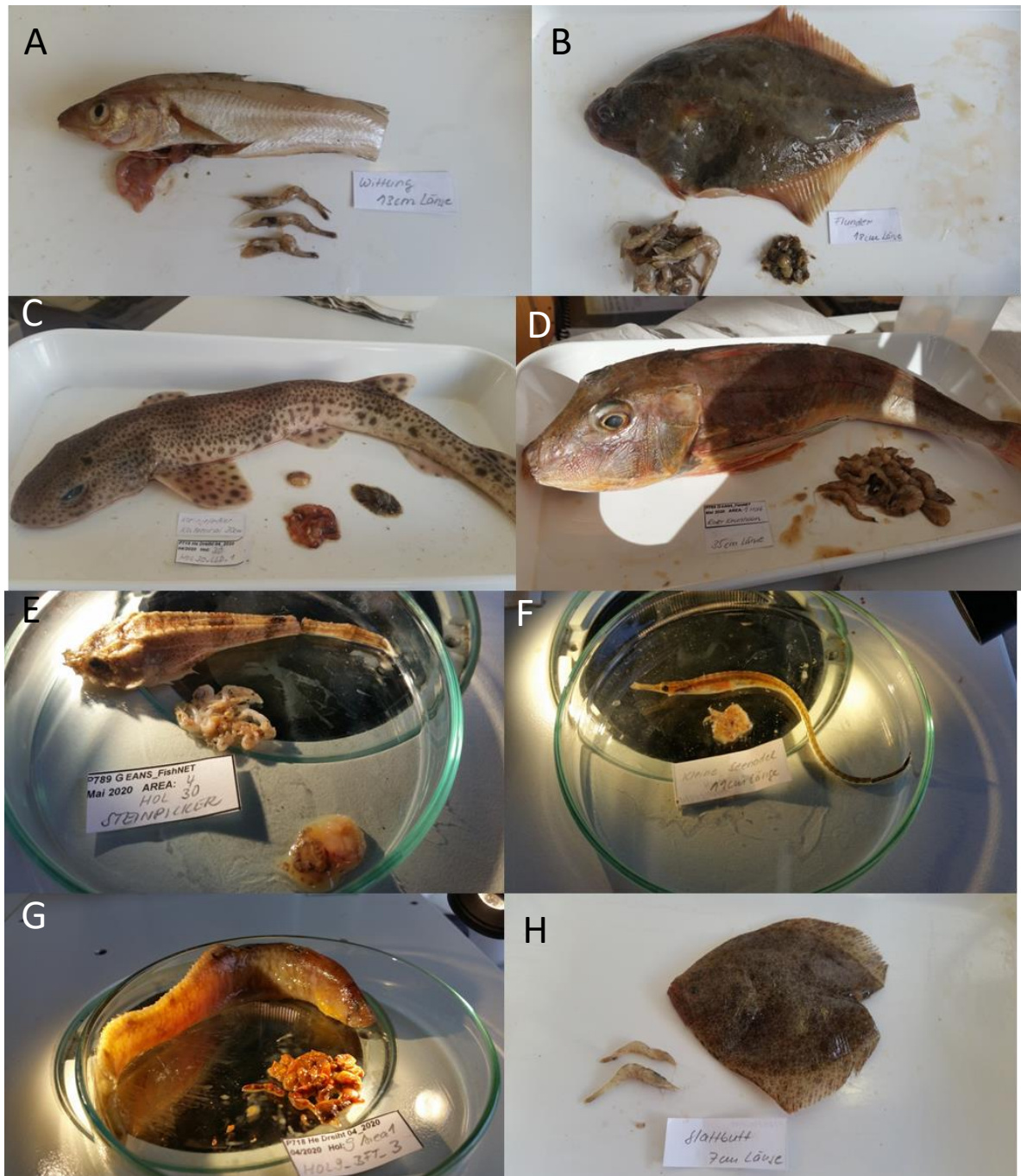


Abb. 4: Einblicke in die Laborarbeiten: A) Wittling, B) Flunder, C) Kleingefleckter Katzenhai, D) Roter Knurrhahn, E) Steinpicker, F) Kleine Seenadel, G) Butterfisch, H) Glattbutt. Fotos: BioConsult.

4.3 Artenspektrum und Anzahl der untersuchten Mägen

Im Rahmen des Projektes wurden insgesamt 2.426 Fischmägen von insgesamt 52 Fischarten analysiert (Tab. 5).

Das erfasste Fischartenspektrum war vor allem von bodennah lebenden (demersalen) Fischarten geprägt. Insbesondere Plattfische charakterisierten die Artenzusammensetzung; mit Scholle, Kliesche, Lammzunge, Zwergzunge, Glattbutt, Limande, Flunder, Hundszunge, Doggerscharbe und Seezunge wurden insgesamt 10 Plattfischarten erfasst. Unter den rein pelagischen Arten wurden mit Finte, Hering, Stint, Sardine, Makrele und Stöcker insgesamt sechs Arten erfasst. Benthopelagische Arten waren u.a. durch den Großen Gefleckten Sandaal und den Franzosendorsch vertreten.

Tab. 5: Erfasstes Artenspektrum der Fischfauna, Anzahl der untersuchten Mägen und erfasstes Längenspektrum je Art.

Wissenschaftlicher Name	Umgangssprachlicher Name	Anzahl der untersuchten Mägen	Erfasstes Längenspektrum (in cm)
<i>Agonus cataphractus</i>	Steinpicker	286	2 - 15
<i>Alosa fallax</i>	Finte	3	9 - 10
<i>Amblyraja radiata</i>	Sternrochen	4	9 - 11
<i>Ammodytes marinus</i>	Kleiner Sandaal	31	11 - 17
<i>Aphia minuta</i>	Glasgrundel	9	4 - 5
<i>Arnoglossus laterna</i>	Lammzunge	84	5 - 14
<i>Buglossidium luteum</i>	Zwergzunge	50	5 - 14
<i>Callionymus lyra</i>	Gestreifter Leierfisch	136	5 - 24
<i>Callionymus maculatus</i>	Gefleckter Leierfisch	2	9 und 12
<i>Callionymus reticulatus</i>	Ornamentleierfisch	16	6 - 11
<i>Chelidonichthys lucerna</i>	Roter Knurrhahn	12	4 – 35
<i>Ciliata mustela</i>	Fünfbärtelige Seequappe	1	7
<i>Clupea harengus</i>	Hering	42	5 - 13
<i>Echiichthys vipera</i>	Viperqueise	7	4 - 12
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	Vierbärtelige Seequappe	16	9 - 16
<i>Eutrigla gurnardus</i>	Grauer Knurrhahn	19	8 – 25
<i>Gadus morhua</i>	Kabeljau	33	4 - 23
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	Dreistachliger Stichling	2	5 und 13
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	Hundszunge	3	36, 39, 41
<i>Gobius niger</i>	Schwarzgrundel	2	7 und 8
<i>Helicolenus dactylopterus</i>	Blaumäulchen	1	15
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	Doggerscharbe	15	13 - 28
<i>Hyperoplus lanceolatus</i>	Gr. Gefleckter Sandaal	27	6 - 24
<i>Lampetra fluviatilis</i>	Flussneunauge	2	5 und 26
<i>Limanda limanda</i>	Kliesche	177	4 - 27

Wissenschaftlicher Name	Umgangssprachlicher Name	Anzahl der untersuchten Mägen	Erfasstes Längenspektrum (in cm)
<i>Liparis liparis</i>	Großer Scheibenbauch	70	2 – 7
<i>Liparis montagui</i>	Kleiner Scheibenbauch	2	5
<i>Lophius piscatorius</i>	Seeteufel	3	22, 24, 25
<i>Merlangius merlangus</i>	Wittling	471	3 - 24
<i>Microstomus kitt</i>	Limande	55	4 – 24
<i>Mullus surmuletus</i>	Streifenbarbe	4	12 und 20
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	Seeskorpion	25	3 - 21
<i>Osmerus eperlanus</i>	Stint	32	6 – 17
<i>Pholis gunellus</i>	Butterfisch	55	11 - 16
<i>Platichthys flesus</i>	Flunder	30	7 - 25
<i>Pleuronectes platessa</i>	Scholle	276	2 - 22
<i>Pomatoschistus lozanoi</i>	Lozano ´s Grundel	3	5 und 6
<i>Pomatoschistus minutus</i>	Sandgrundel	239	4 – 9
<i>Pomatoschistus norwegicus</i>	Norwegergrundel	3	4 und 6
<i>Pomatoschistus pictus</i>	Fleckgrundel	16	4 – 7
<i>Raja clavata</i>	Nagelrochen	1	37
<i>Sardina pilchardus</i>	Sardine	9	21- 23
<i>Scomber scombrus</i>	Makrele	18	20 - 24
<i>Scophthalmus rhombus</i>	Glattbutt	4	7 - 9
<i>Scyliorhinus canicula</i>	Kleingefleckter Katzenhai	1	34
<i>Solea solea</i>	Seezunge	15	11 - 28
<i>Sprattus sprattus</i>	Sprotte	37	5 - 10
<i>Syngnathus rostellatus</i>	Kleine Seenadel	25	4 - 14
<i>Trachurus trachurus</i>	Stöcker	5	22, 34, 35
<i>Trisopterus esmarkii</i>	Stintdorsch	16	9 - 16
<i>Trisopterus luscus</i>	Franzosendorsch	13	14 - 17
<i>Zoarces viviparus</i>	Aalmutter	21	7 - 22
Gesamt	52	2.426	

Alle der erfassten Platt- und Rundfischarten sind für das Küstenmeer und/oder die südliche Nordsee nachgewiesen (vgl. Walker et al. 2022, Heessen et al. 2015, Froese & Pauly 2023). Das Gros der erfassten Arten (u.a. Aalmutter, Steinpicker, Seeskorpion, Scheibenbauch, Grundeln) weist einen räumlich eingeschränkten Aktionsradius und eine mehr oder weniger starke Assoziation mit benthischen Habitaten auf.

5. Stabile Isotope von Fisch- und Benthosarten sowie deren Beute (AS 2)

Stabile Isotope, vor allem von Stickstoff und Kohlenstoff, sind ein wichtiges Hilfsmittel, um die Struktur von Nahrungsnetzen in aquatischen Ökosystemen zu erforschen (Post 2002, Renaud et al. 2011, Kopp et al. 2015). Die Analyse stabiler Isotope ermöglicht die Aussage über Ernährungsmuster, Herkunft der Nahrung und Stellung im Nahrungsnetz (Trophiestufe). Das Nahrungsspektrum vieler Arten hängt von der Verfügbarkeit der Nahrungsquellen und regionalen bzw. habitatspezifischen Gegebenheiten ab. Mit der stabilen Isotopenanalyse kann neben der trophischen Position einer Art auch gleichzeitig die Nahrungsquelle nachgewiesen werden. Die Zusammensetzung von Kohlenstoffisotopen wird dabei als Indikator für die Nahrungsquelle verwendet, die Stickstoffisotopenverhältnisse zeigen die Position im Nahrungsnetz an.

5.1 Vorbereitung der Proben

Die Messungen der stabilen Isotopenverhältnisse von Kohlenstoff und Stickstoff wurden am Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (IZW) in Berlin durchgeführt. Die bei -20 °C tiefgefrorenen Proben wurden zunächst aufgetaut. Fetthaltige Proben, wie zum Beispiel solche von Fischen, wurden zunächst einer Fettextraktion unterzogen. Hierfür wurde ein Soxtherm (Typ SE406, C.Gerhardt GmbH) verwendet (Abb. 5A). Die einzelne Probe wurde in einen Glasfaserfilter (VWR®, 70mm, Typ 698) gelegt, der in einer Extraktionshülse (Extraktionshülse, Glasfaser MN649: 33x80mm) in einen Extraktionsbecher (Glas, Makro, ØxL: 54x130 mm) mit Metalleinsatz überführt wurde. Der Glasbehälter wurde dann mit 110 ml einer Methanol-Chloroform-Lösung (1:2 Verhältnis) und 2-3 Siedesteinen langsam aufgefüllt. Die Probe durchlief im Soxtherm anschließend folgendes Programm:

Tab. 6: Durchgeführtes Programm zur Fettextraktion im Soxtherm.

Heizplattentemperatur 140°C	Absenintervall 4,5 min	Absenkimpuls 2s
Kochphase 30 min	Abdestillieren A: 4 x Intervall	Extraktionszeit 60 min
Abdestillieren B: 2,5 x Intervall	Programmdauer 1:59 h	

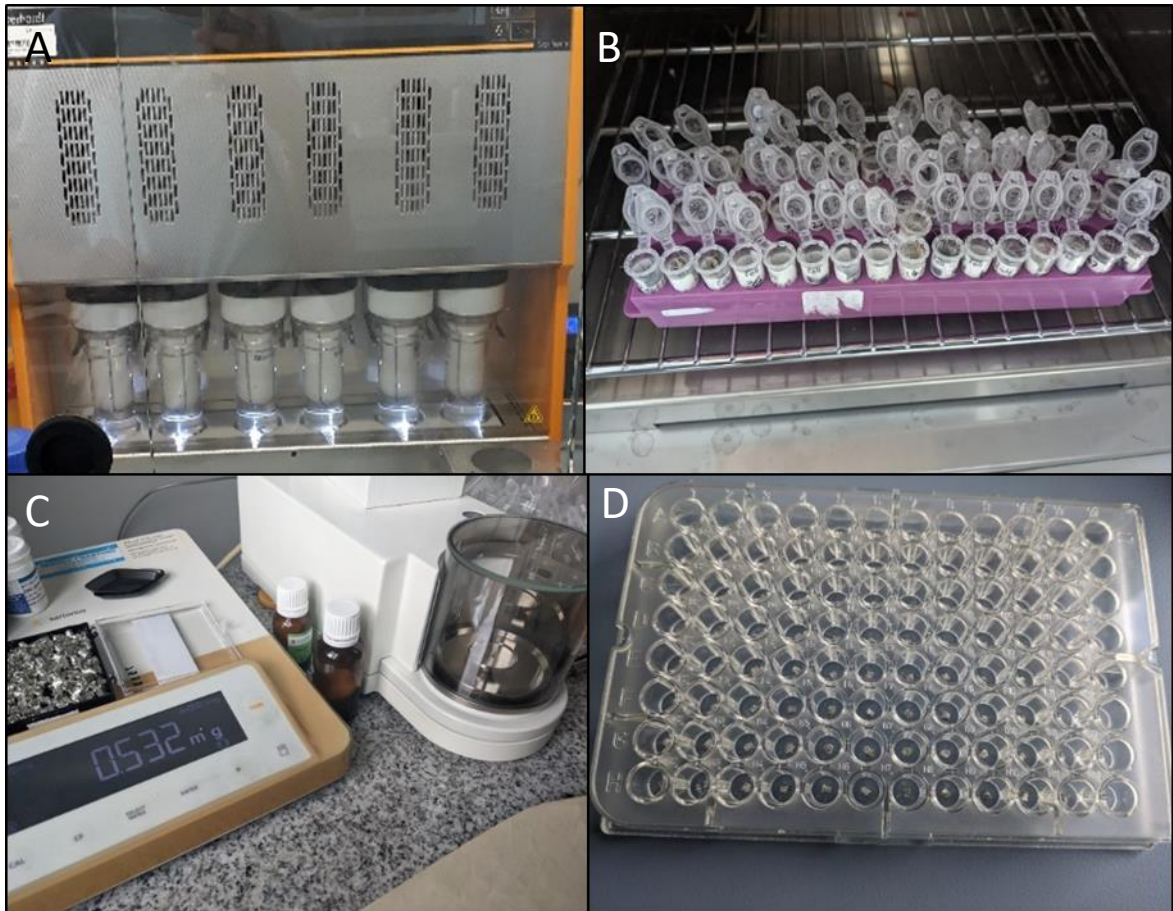


Abb. 5: Vorbereitung der Proben: A) Fett Extraktion, B) Trocknung der Proben (bei 50 °C für min. 48 h), C) Einwiegung des getrockneten Materials (mg) und D) Überführung der Probe in Zinnkapseln.

Nach Ablauf der ca. zwei Stunden langen Extraktion wurde die Probe aus dem Filter entfernt und zum Abdampfen zuerst unter dem Abzug und anschließend für das weitere Trocknen in den Trockenofen überführt, wo die Proben bei 50°C bis zum Erreichen eines konstanten Gewichts getrocknet wurden (Abb. 5B).

Für die stabile Isotopenanalyse von Kohlenstoff und Stickstoff wurden die Proben in Zinnkapseln eingewogen (Typ IVA, 4*6mm) (Abb. 5C und 5D). Die mittlere Einwaagemasse lag bei $0,5 \pm 0,1$ mg. Ebenso wurden Proteinstandards vom Typ Tyrb1 mit einem mittleren $\delta^{13}\text{C}$ -Wert von $-24,0$ ‰ (kalibriert gegen NBS22 $-30,0$ ‰ VPDB) und einem mittleren $\delta^{15}\text{N}$ -Wert von $4,4$ ‰ (kalibriert gegen IAEA-N1 $0,43$ ‰) sowie Leub1 mit einem mittleren $\delta^{13}\text{C}$ -Wert von $-30,3$ ‰ (kalibriert gegen NBS 22 $-30,03$ ‰) und einem mittleren $\delta^{15}\text{N}$ -Wert von $11,0$ ‰ (kalibriert gegen IAEA-N1 $0,43$ ‰) in Zinnkapseln eingewogen.

5.2 CN Messungen

Zur Messung der $\delta^{13}\text{C}$ und $\delta^{15}\text{N}$ Werte wurde ein sog. Elemental Analyser Isotope Ratio Mass Spectrometer EA-IRMS mit Autosampler-Funktion verwendet (Abb. 6) Der Autosampler wurde mit den Pro-

ben so bestückt, dass beginnend mit den Standards auf ca. jede siebte Probe zwei bis drei Standardproben folgten. Die regelmäßige Bestückung des Autosamplers mit Probenstandards ermöglichte es, Drift- und Offsetkorrekturen der Messwerte durchzuführen. Die mit Standards- und Probenmaterial befüllten Zinnkapseln werden automatisch durch den Autosampler mit einem kontinuierlichen Zufluss von hochreinem Helium (Linde, Reinheit 5.0) und Sauerstoff einzeln in den Elementar Analysator (FlashEA 1112, Thermo Fisher Scientific, Bremen) überführt. Dort wurden die Probe oder der Standard mit Helium als Trägergas bei einer Flussrate von 90-110 ml bei 1020°C in einem Oxidationsrohr (IVA, Cr₂O₃/Co₃O₄ versilbert) verbrannt. Dabei werden die Kohlen- und Stickstoffanteile zu N₂/NO_x und CO₂ oxidiert (Abb. 6). Im anschließenden Reduktionsprozess liefen die Gase über ein Reduktionsrohr bei 650°C (IVA, Kupfer), eine Wasserfalle (Hekatech, Magensiumperchlorat) und eine GC-Säule bei 90°C (Hekatech). Die entstandenen Gase wurden danach über einen ConFlo III (Thermo Fisher Scientific, Bremen), bei dem die Referenzgase CO₂ und N₂ hinzugeschaltet wurde, in das Stabilisotopen-Massenspektrometer (Delta V Advantage, Thermo Fisher Scientific, Bremen) überführt. Hierbei wurden die Gaspartikel an einem heißen Filament in der Ionenquelle ionisiert und beschleunigt, über einem Magnetfeld separiert und anschließend entsprechenden der Masse-Ladungsverhältnisse in dem passenden Faradayschen Becher gesammelt (Rodrigues et al. 2013).

Die Isotopenzusammensetzung wurde mit dem Isodat Programm erfasst und als Spektrogramm dargestellt (Abb. 6). Das Stabilisotopenverhältnis von Kohlenstoff und Stickstoff wurde mit Hilfe der folgenden Formel in die Delta (δ)-Notation überführt. $\delta X = [(R_{\text{sample}}/R_{\text{standard}})-1] \times 1000$; wobei X für ¹³C oder ¹⁵N und R für das entsprechende Verhältnis ¹³C/¹²C oder ¹⁵N/¹⁴N steht. Die Formel drückt das Stabilisotopenverhältnis der Proben als ‰-Abweichungen vom Stabilisotopenverhältnis eines internationalen Standards aus. Als internationaler Standard diente für N der Luftstickstoff und für C der international Standard V-PDB. Die analytische Präzision betrug <0,15 ‰ (eine Standardabweichung) für das stabile Kohlenstoffisotopenverhältnis und <0,15‰ für das Stickstoffisotopenverhältnis.

Insgesamt wurden am IZW von 1.557 Fisch- und Benthosproben stabile Isotopenmessungen durchgeführt. Alle Isotopendaten wurden sowohl in einer Excel-Tabelle abgelegt als auch in einer eigens für das Projekt erstellten Fish-Stomach-Datenbank integriert und können mit den Ergebnissen aus den Magenanalysen (s. Kap. 6.1) verknüpft werden. Die Datenbank liegt als separate Datei diesem Bericht bei.

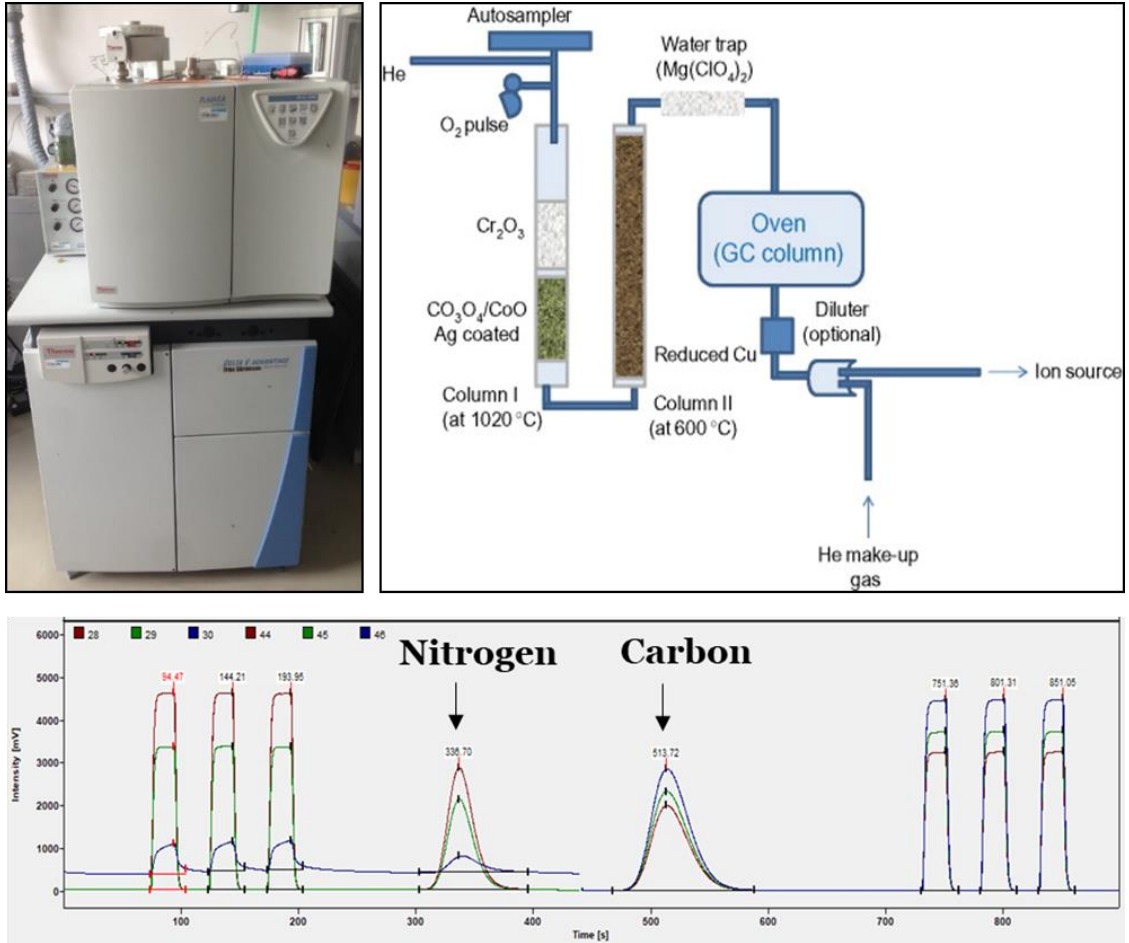


Abb. 6: Oben) Autosampler eines Elemental Analyser Isotope Ratio Mass Spectrometer (EA-IRMS) und seine Funktionsweise nach Rodrigues et al. (2013). Unten) Spektrogramm der gemessenen $\delta^{13}\text{C}$ und $\delta^{15}\text{N}$ Werte. Fotos: IZW.

6. Auswertung und Modellierung (AS 3)

6.1 Aufbau einer Fish-Stomach-Datenbank

Alle im Rahmen der Projektlaufzeit erfassten Daten wurden in einer eigens für das Projekt entwickelten Access Fish-Stomach-Datenbank abgelegt. Die Datenbank wird dem Auftraggeber mit diesem Bericht mitgeliefert und beinhaltet folgende Daten:

1. alle Magendaten der während der Projektlaufzeit untersuchten Fische
2. eine MASTER-Stationstabelle mit allen aufgenommenen Stations-Rahmenparametern
3. eine Fischartenliste mit Informationen zur Ökologie der erfassten Fischarten
4. alle Ergebnisse der stabilen Isotopenmessungen (Benthos und Fische)
5. eine Beutetiertabelle

Alle Datenblätter haben eine identische HAUL-ID und können so mittels Abfragen verknüpft werden.

Die Datenbankstrukturen sind zudem identisch zur DAPSTOM Database for Fish Stomach Records des CEFAS gehalten, so dass bei Bedarf die Magendaten später in die DAPSTOM Magendatenbank überführt werden können:

Pinnegar, J.K. (2019). DAPSTOM - An Integrated Database & Portal for Fish Stomach Records. Version 5.5. Centre for Environment, Fisheries & Aquaculture Science, Lowestoft, UK. July 2019, 33pp.

Die DAPSTOM-Datenbank umfasst aktuell rd. 256.000 Datensätze von rd. 361.000 Fischmägen, die im Rahmen von 9.445 Surveys gesammelt und analysiert wurden. Magendaten liegen derzeit von 204 verschiedenen Fischarten vor und decken v.a. die Nordsee, Keltische See, Irische See und Bereiche rund um Spitzbergen ab. Der Untersuchungszeitraum umfasst den Zeitraum von 1836 bis 2016. Magendaten zu Fischen aus den Küstengewässern sind derzeit noch nicht oder nur in geringem Umfang in der DAPSTOM-Datenbank enthalten, die FishNet-Daten wären somit eine sinnvolle Ergänzung.

6.2 Exemplarische Auswertung der Magendaten

Mittels Mageninhaltsanalysen ist es möglich die gegenwärtige Nahrungszusammensetzung von Fischen zu untersuchen.

Exemplarisch für zwei (Steinpicker und Gestreifter Leierfisch) der insgesamt 52 erfassten Fischarten wurden die prozentualen Anteile der Beutetiere ermittelt und graphisch dargestellt. Die Ergebnisse sind in Abb. 7 und Abb. 8 dargestellt.

Für den Steinpicker (*Agonus cataphractus*) wurden insgesamt 286 Mägen analysiert. 36 der insgesamt 286 Mägen waren leer und wurden für die Untersuchung des Nahrungsspektrums nicht berücksichtigt. Die Nahrungszusammensetzung wurde mit einem prozentualen Anteil von rd. 27 % vor allem von der Cumacee *Pseudocuma longicorne* charakterisiert. Die Nordseegarnele *Crangon crangon* und der Amphipode *Microtopus maculatus* waren mit einem Anteil von 18 % bzw. 12 % an der Nahrungszusammensetzung beteiligt. Mit Anteilen zwischen 7 und 2 % folgten u.a. *Caprella linearis*, *Diastylis bradyi*, *Tryphosa nana* und *Pisidia longicornis*. Alle weiteren Beutearten wiesen einen noch geringeren Anteil auf und sind unter „Sonstige“ zusammengefasst.

Für den Gestreiften Leierfisch (*Callionymus lyra*) wurden insgesamt 136 Mägen analysiert. 17 der insgesamt 136 Mägen waren leer und wurden für die Untersuchungen des Nahrungsspektrums nicht berücksichtigt. Die Nahrungszusammensetzung wurde mit einem prozentualen Anteil von rd. 26 % vor allem von der Cumacee *Pseudocuma longicorne* charakterisiert. Der Bäumchenröhrenwurm *Lanice conchilega* und die Cumacee *Diastylis bradyi* waren mit einem Anteil von 13 % bzw. 9 % an der Nahrungszusammensetzung beteiligt. Mit Anteilen zwischen 7 und 4 % folgten u.a. *Pisidia longicornis*, *Ostracoda*, *Kurtiella bidentata* und der Schlagenstern *Ophiura albida*. Alle weiteren Beutearten wiesen einen noch geringeren Anteil auf und sind unter „Sonstige“ zusammengefasst.

Analog zu den beiden o.g. Arten sind entsprechende Analysen zur Nahrungszusammensetzung auch für die übrigen 50 Fischarten möglich. Darüber hinaus können in Kombination mit der parallel erfassten Beuteverfügbarkeit im Feld Beuteselektivitäten, räumliche bzw. habitatspezifische aber auch zeitliche Unterschiede untersucht werden. Mit der Bearbeitung einigen solcher Fragestellungen wurde durch die Vergabe von Bachelor- und Masterarbeiten (s. Kap. 8) bereits begonnen.

Die Ergebnisse werden später die Grundlage der Nahrungsmatrix für die Nahrungsnetzmodellierung mittels ENA darstellen.

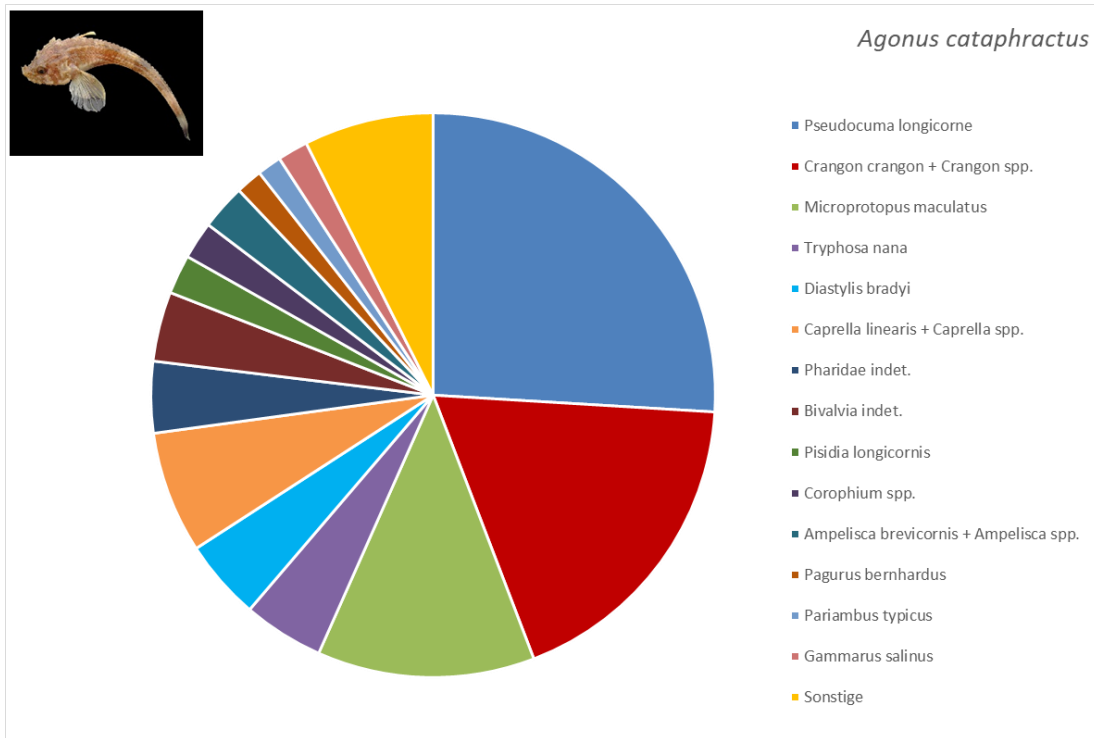


Abb. 7: Nahrungszusammensetzung des Steinpickers (*Agonus cataphractus*), n= 250. Foto: www.wikipedia.org.

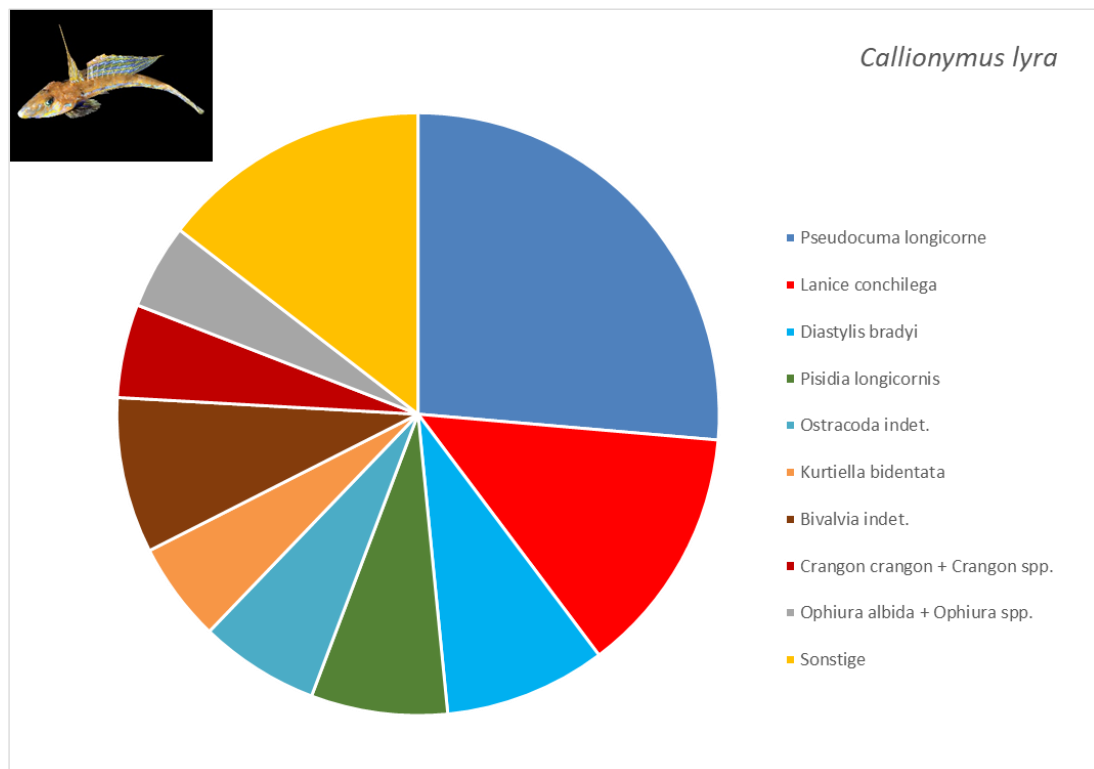


Abb. 8: Nahrungszusammensetzung des Gestreiften Leierfisches (*Callionymus lyra*), n= 119. Foto: www.wikipedia.org.

6.3 Bestimmung des trophischen Levels (TL)

Das Funktionieren des marinen Ökosystems hängt stark von seiner Struktur, Vielfalt und Integrität ab und ist vielen Umwelt- und anthropogenen Belastungen ausgesetzt, die Veränderungen an Ökosystemkomponenten auf hohen, mittleren und niedrigen trophischen Ebenen hervorrufen (Cury et al. 2005, Bundy et al. 2010, Link et al. 2010, Coll et al. 2016). Nahrungsnetze beschreiben das Ökosystem auf funktionaler Ebene und beinhalten die trophischen Beziehungen innerhalb und zwischen den Arten- und Lebensgemeinschaften. Ihr Wissen über die Funktionsweise dieser Netzwerke ist der Schlüssel zum Verständnis der Funktionsweise mariner Ökosysteme.

Das trophische Level (TL), bestimmt durch Räuber-Beute-Wechselwirkungen, drückt die Position eines Organismus innerhalb eines Nahrungsnetzes aus (Abb. 9). Den Primärproduzenten an der Basis des Nahrungsnetzes wird ein niedriger trophischer Wert (z. B. TL = 1) zugewiesen, während den Prädatoren an der Spitze ein hoher Wert (z. B. TL ≥ 4) zugewiesen wird. Energie wird von den niedrigeren TLs zu den höheren übertragen, dabei geht auf jeder Trophiestufe Energie auch in Form von Wärme verloren.

Fische sind mit einer Trophieebene TL ≥ 3 ein integraler Bestandteil des marinen Ökosystems und übertragen Energie „top-down“ und „bottom-up“ durch das Nahrungsnetz.

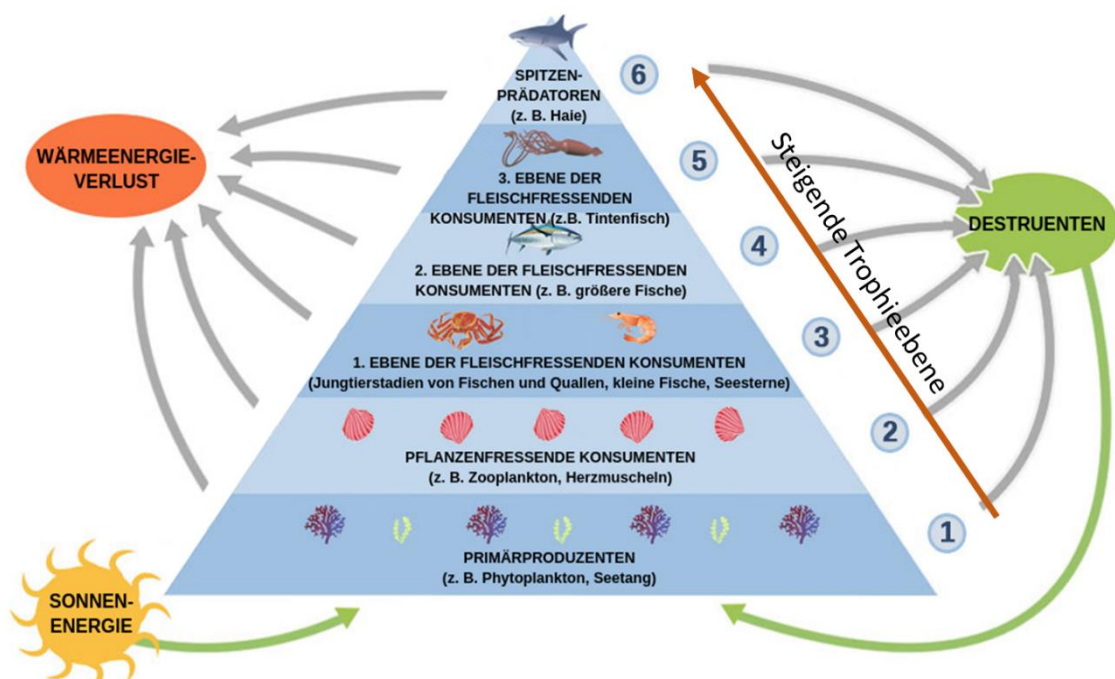


Abb. 9: Schematische Darstellung der verschiedenen trophischen Ebenen im marinen Ökosystem. Quelle: www.theory.labster.com.

Die Bestimmung des trophischen Levels (TL) der gesammelten Fischarten erfolgte auf zweierlei methodischer Vorgehensweisen:

- a) Berechnung des TL anhand ihrer Mageninhaltsanalysen
- b) Berechnung des TL anhand ihrer stabilen Isotope nach Post (2002).

Die Methoden für die Kalkulation der trophischen Level nach a) erfolgen in Anlehnung an die Entwicklung des OSPAR Indikators „Mean Trophic Level (FW4)“ (s. Kap. 6.4.1) aus dem EU EcApHRA Projekt (Arroyo et al. 2017) und der Santander Trophic Ecology Group.

Es wird geprüft, in wie weit sich die Ergebnisse zwischen Mageninhaltsanalysen (a) und stabiler Isotope (b) unterscheiden. Diese Ergebnisse liefern wichtige Erkenntnisse für ein zukünftiges Nahrungsnetz-Monitoring.

6.3.1 Berechnung des TL anhand von Mageninhaltsanalysen

Auf Grundlage der vorliegenden Magendaten wurde artspezifisch für alle Fische der prozentuale Anteil jedes Beutetiers im Magen berechnet. Leere Mägen wurden nicht berücksichtigt.

Die Berechnung des trophischen Levels je Fischart (TL_i) erfolgte unter Anwendung folgender Formel:

$$TL_i = 1 + \sum_{j=1} TL_j \cdot DC_{ij}$$

wobei

TL_j das Trophische Level der Beute j ist und

DC_{ij} den %-Anteil der Beute j in der Nahrung von Fisch i darstellt (Christensen & Pauly, 1992).

Das trophische Level der Beutearten kann unter Verwendung von stabiler Isotopenanalysen, Literaturrecherchen und/oder Modellierung hergeleitet werden (Abb. 10).

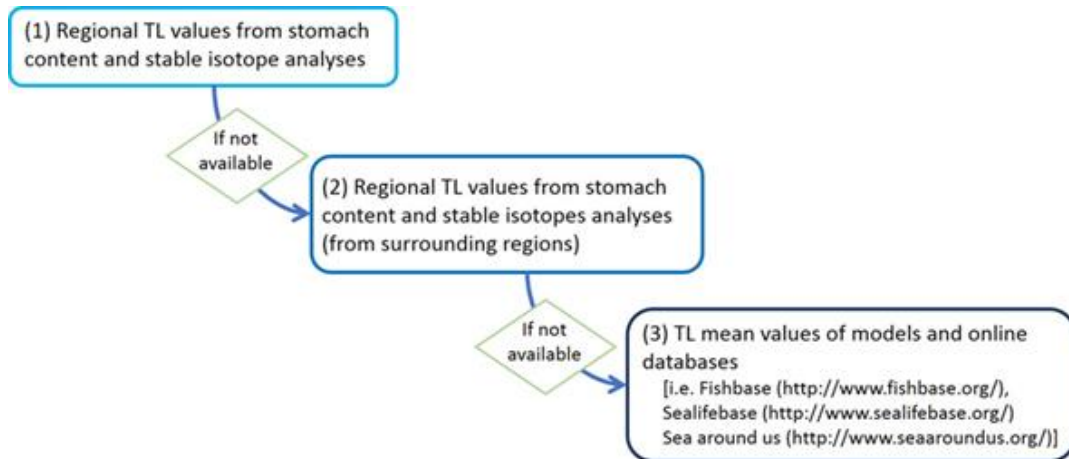


Abb. 10: Trophic Level value selection according to source type (Santander Trophic Ecology Group).

Im Rahmen dieses Projektes standen für einen Großteil der Beutetiere die trophischen Level aus den stabilen Isotopenmessungen zur Verfügung. Die Beutetiere wurden im Rahmen der Untersuchungen entweder direkt aus den Fischmägen (als Gewebeproben) oder durch räumlich und zeitlich parallel stattfindende Probenahmen im Feld gesammelt und für stabile Isotopenmessungen weggefroren (vgl. Kap. 4.1 und Kap. 5).

Lagen Trophiewerte nicht zu einzelnen Beutearten aber zu Artverwandten (Gattung, Familie) vor, wurden bei vergleichbarem Ernährungstypus diese Trophiewerte übernommen.

Waren für Beutearten keine Trophiewerte im Rahmen der eigenen Probenahmen aber aus Surveys angrenzender Gebiete in der Nordsee vorhanden (z.B. Steger 2016, Steger et al. 2019, Silberberger et al. 2018, Poiesz et al, 2020) wurden diese Trophiewerte übernommen.

Trophische Level einzelner Beutetiere wurden zudem mittels Ökologischer Netzwerkanalyse (ENA) modelliert (Bartholomai 2023, Kap. 8) oder aus öffentlich zugänglichen Datenbanken (www.fishbase.org, www.sealifebase.org) abgeleitet.

6.3.2 Berechnung des TL anhand stabiler Isotope der Fische

Hier erfolgt die Berechnung des trophischen Levels nur anhand des Stickstoff-Isotopenwertes ($\delta^{15}\text{N}$) des Fisches. Das Verhältnis stabiler Stickstoffisotope kann zur Abschätzung des trophischen Levels genutzt werden, da sich Stickstoffisotope, wenn sie sich in der Nahrungskette nach oben bewegen (vgl. Abb. 9), in ihren Konsumenten anreichern (i.d.R. 3 - 4‰). Folglich haben Organismen auf höheren trophischen Ebenen höhere $\delta^{15}\text{N}$ -Werte als die auf niedrigeren trophischen Ebenen (Post 2002). Im Gegensatz dazu ändern sich die Verhältnisse der Kohlenstoffisotope ($\delta^{13}\text{C}$) kaum ($\leq 1‰$), wenn sie sich durch das Nahrungsnetz bewegen (France & Peters 1997, Post 2002).

Die Berechnung des trophischen Levels erfolgt nach folgender Formel:

$$TL = ((\delta^{15}N_{organism} - \delta^{15}N_{baseline}) / \Delta^{15}N) + 1 \quad (\text{Post, 2002})$$

TL = trophisches Level

$\delta^{15}N_{organism}$ = der gemessene $\delta^{15}\text{N}$ Wert des Organismus (hier Fische)

$\delta^{15}N_{baseline}$ = $\delta^{15}\text{N}$ Wert eines gewählten Baseline Organismus

$\Delta^{15}\text{N}$ = trophic fractionation factor. Für marine Ökosysteme wird standardmäßig ein fractionation factor von 3.4‰ gewählt (Minagawa & Wada 1984).

Der Faktor +1 in der o.g. Formel stellt einen Basisorganismus mit bekannter trophischer Ebene und stabilen Isotopenwert dar. Für marine Ökosysteme wird als Basis eine Gruppe von Primärproduzenten (z.B. Algen) mit einer Trophiestufe 1 verwendet.

Für Baseline Organismen der $\delta^{15}\text{N}_{baseline}$ zeigten Studien von Post (2002) und Poiesz et al. (2023), dass langlebige und verhältnismäßig standorttreue Primärkonsumenten, wie beispielsweise filtrierende Muscheln und langlebige Schnecken eine grundsätzliche Baseline in benthivoren Nahrungsnetzen darstellen. Für pelagische Nahrungsnetze schlagen Post (2002) planktische Organismen (z.B. Copepoden) zur Quantifizierung der trophischen Position der sekundären Konsumenten vor.

In der vorliegenden Studie wurden filtrierende Muscheln und langlebige Schnecken stellvertretend für die benthivore und Zooplanktonarten stellvertretend für die pelagische Baseline verwendet. Auf Basis der entsprechenden Isotopendaten betrug die $\delta^{15}\text{N}_{Baseline}$ für pelagische Nahrungsnetze 10.07‰ und für benthivore 12.22‰.

Alle erfassten Fische wurden in pelagische/benthopelagische und demersale Fische unterteilt.

Die Berechnungen erfolgten mittels der Statistiksoftware R unter Verwendung des R-package `Siber`. Das entsprechende R-Skript liegt als separate Datei (txt. Datei) diesem Bericht bei.

6.3.3 Ergebnisse

Tabelle 7 zeigt die trophischen Level der erfassten Fischarten vergleichend nach beiden angewandten Methoden.

Entsprechend der Methodik nach Arroyo et al. (2017) variierte das Trophische Level der erfassten Fischarten zwischen 2,9 (Dreistachliger Stichling) und 4,6 (Viperqueise, Seeteufel). Der überwiegende Teil der erfassten Fischarten wies Trophiestufen zwischen 3 und 4 auf. Ein trophisches Level >4 erreichten u.a. Finte, Glattbutt, Nagelrochen, Viperqueise und Seeteufel.

Kein trophisches Level konnte für das Flussneunauge berechnet werden. Flussneunaugen leben als Ektoparasiten an Fischen und raspeln mit ihren scharfen Hornzähnen Gewebeteile und Blut ab (Muus & Nielsen 1999). In den analysierten Mägen war ausschließlich Blut vorhanden, so dass keine Beutetiere identifiziert werden konnten. Eine Berechnung des TL war hier nur über die stabile Isotopenmessungen des Fisches möglich (Tab. 7).

Die errechneten Trophiewerte nach Arroyo et al. (2017) ordnen sich gut in die Angaben aktueller Trophiestudien an Fischen aus den niederländischen Küstengewässern ein (Poiesz et al. 2020, 2023). Unterschiede sind vor allem in lokalen und habitatspezifischen Unterschieden in den Räuber-Beute Beziehungen als auch im erfassten Längenspektrum begründet.

Die Trophiewerte nach Post (2002) variierten zwischen 0,6 (Stöcker) und 4,2 (z.B. Seeskorpion, Aalmutter) und waren für die demersalen Fischarten mit den Ergebnissen aus den Mageninhaltsanalysen vergleichbar. Bei den pelagischen und benthopelagischen Arten waren die Trophiewerte nach Post (2002) deutlich niedriger als im Vergleich zu den Werten nach Arroyo et al. (2017) und den entsprechenden Angaben aus der Literatur (Tab. 7). Damit blieb die eigentliche trophische Position dieser Fischarten unterbewertet. Die Ursache lässt sich derzeit noch nicht abschließend benennen. Mögliche Gründe könnten einerseits ein (noch) zu geringes n sein. Andererseits könnte bei pelagischen und benthopelagischen Fischarten das extrahierte Schwanzgewebe für eine eindeutige $\delta^{15}\text{N}$ Messung u.U. ungeeignet sein. Nach Bowes & Thorp (2015) kann das $\delta^{15}\text{N}$ Signal zwischen verschiedenen Geweben innerhalb desselben Organismus stark variieren und unter Umständen einen unterbewerteten Ressourcenkonsum wiedergeben.

Im Rahmen des FishNet Monitorings sind durch die NPV weitere Sammlungen von pelagischen und benthopelagischen Fischarten für $\delta^{15}\text{N}$ Messungen geplant. Dabei vorgesehen sind auch Messungen in verschiedenen Gewebetypen (Schwanz-, Bauch-, Brustgewebe).

Tab. 7: Trophische Level (TL) \pm Standardabweichung (SD) für die gesammelten Fischarten berechnet anhand ihrer Mageninhaltsanalysen nach Arroyo et al. (2017) und anhand ihrer stabilen Isotope nach Post (2002). Zusätzlich angegeben ist das TL aus Poiesz et al. (2020) aus einer Studie aus den niederländischen Küstengewässern und aus Fishbase (Froese & Pauly, 2023). Gilde: p=pelagisch, d=demersal, bp=benthopelagisch.

Umgangssprachlicher Name	Gilde	Anzahl untersuchter Mägen	Anzahl gefüllter Mägen	Anzahl Fische für stabile Isotopenmessungen	TL \pm SD (nach Arroyo et al. 2019)	TL \pm SD (nach Post (2002))	TL (Fishbase 2023)	TL (Poiesz et al. 2020)
Aalmutter	d	21	17	17	3,4 \pm 0,37	4,2 \pm 0,26	3,5 \pm 0,49	3,4
Blaumäulchen	d	1	1	1	4,1	2,9	3,5 \pm 0,10	NA
Butterfisch	d	55	50	33	3,3 \pm 0,28	4,0 \pm 0,32	3,5 \pm 0,46	3,1
Doggerscharbe	d	15	15	11	4,1 \pm 0,24	2,7 \pm 0,50	4,1 \pm 0,10	NA
Dreistachliger Stichling	bp	2	2	1	2,9 \pm 0,20	2,1	3,3 \pm 0,20	3,1
Finte	p	3	3	3	4,3 \pm 0,14	1,5 \pm 0,28	4,0 \pm 0,40	3,9
Fleckgrundel	d	16	12	10	3,6 \pm 0,43	4,0 \pm 0,08	3,1 \pm 0,33	NA
Flunder	d	30	21	29	3,7 \pm 0,53	4,0 \pm 0,33	3,7 \pm 0,20	3,5
Flussneunauge	d	2	2	2	N.A.	3,7 \pm 0,17	4,5 \pm 0,80	NA
Franzosendorsch	bp	13	11	7	3,8 \pm 0,46	2,4 \pm 0,45	3,7 \pm 0,10	3,7
5-bärtelige Seequappe	d	1	1	1	3,3	3,6	3,5 \pm 0,30	3,7
Gefleckter Leierfisch	d	2	2	2	3,5 \pm 0,16	2,4 \pm 0,18	3,3 \pm 0,45	NA
Gestreifter Leierfisch	d	136	119	87	3,5 \pm 0,35	3,7 \pm 0,41	3,3 \pm 0,38	NA
Glasgrundel	d	9	7	6	3,8 \pm 0,39	1,8 \pm 0,21	3,1 \pm 0,28	NA
Glattbutt	d	4	4	4	4,0 \pm 0,23	4,0 \pm 0,15	4,4 \pm 0,10	NA
Gr. Gefleckter Sandaal	bp	27	17	16	4,2 \pm 0,38	1,7 \pm 0,32	4,0 \pm 0,10	4,5
Grauer Knurrhahn	d	19	15	18	4,3 \pm 0,10	3,9 \pm 0,44	3,9 \pm 0,10	3,4
Großer Scheibenbauch	d	70	69	27	3,7 \pm 0,46	3,6 \pm 0,26	3,6 \pm 0,58	3,6
Hering	p	42	36	41	3,2 \pm 0,26	1,3 \pm 0,70	3,4 \pm 0,10	3,4
Hundszunge	d	3	3	3	3,6 \pm 0,40	3,2 \pm 0,28	3,2 \pm 0,20	NA
Kabeljau	bp	33	31	16	3,8 \pm 0,35	3,7 \pm 0,40	4,1 \pm 0,20	3,8
Kleine Seenadel	d	25	19	17	3,7 \pm 0,37	3,7 \pm 0,33	3,7 \pm 0,40	NA
Kleiner Sandaal	bp	31	24	15	3,4 \pm 0,24	1,9 \pm 0,37	3,3 \pm 0,40	3,2
Kleiner Scheibenbauch	d	2	2	2	3,5 \pm 0,16	3,6 \pm 0,03	3,5 \pm 0,57	NA
Kleingefl. Katzenhai	d	1	1	1	3,8	3,4	3,8 \pm 0,30	NA
Kliesche	d	177	129	146	3,5 \pm 0,41	3,7 \pm 0,34	3,4 \pm 0,10	3,3
Lammzunge	d	84	67	60	3,9 \pm 0,39	3,7 \pm 0,31	3,6 \pm 0,30	3,5
Limande	d	55	42	21	3,2 \pm 0,28	3,5 \pm 0,29	3,2 \pm 0,33	3,9
Lozano´s Grundel	d	3	2	2	3,1 \pm 0,05	4,2 \pm 0,05	3,1 \pm 0,34	NA
Makrele	p	18	17	18	3,4 \pm 0,44	1,8 \pm 0,28	3,6 \pm 0,20	4,3
Nagelrochen	d	1	1	1	4,2	3,5	3,8 \pm 0,20	NA
Norwegergrundel	d	3	3	1	3,4 \pm 0,42	4,1	3,3 \pm 0,40	NA
Ornamentleierfisch	d	16	15	11	3,5 \pm 0,35	3,6 \pm 0,22	3,3 \pm 0,39	3,1
Roter Knurrhahn	d	12	11	11	3,9 \pm 0,32	4,0 \pm 0,24	4,0 \pm 0,10	3,6
Sandgrundel	d	239	218	79	3,5 \pm 0,38	4,1 \pm 0,27	3,1 \pm 0,10	3,9
Sardine	p	9	9	5	3,0 \pm 0,02	1,3 \pm 0,25	3,0 \pm 0,10	3,3
Scholle	d	276	211	168	3,4 \pm 0,47	3,6 \pm 0,40	3,2 \pm 0,30	3,2

Umgangssprachlicher Name	Gilde	Anzahl untersuchter Mägen	Anzahl gefüllter Mägen	Anzahl Fische für stabile Isotopenmessungen	TL ± SD (nach Arroyo et al. 2019)	TL ± SD (nach Post (2002))	TL (Fishbase 2023)	TL (Poiesz et al. 2020)
Schwarzgrundel	d	2	2	2	3,6 ± 0,26	3,9 ± 0,25	3,3 ± 0,20	NA
Seeskorpion	d	25	23	12	3,9 ± 0,42	4,2 ± 0,43	3,9 ± 0,10	3,7
Seeteufel	d	3	3	3	4,6 ± 0,12	3,3 ± 0,29	4,5 ± 0,10	NA
Seezunge	d	15	15	15	3,6 ± 0,33	3,9 ± 0,21	3,2 ± 0,10	3,2
Sprotte	p	37	30	27	3,1 ± 0,22	1,5 ± 0,40	3,0 ± 0,07	3,3
Steinpicker	d	286	250	108	3,6 ± 0,41	4,0 ± 0,38	3,4 ± 0,30	3,6
Sternrochen	d	4	4	4	3,9 ± 0,08	3,2 ± 0,31	4,2 ± 0,30	NA
Stint	p	32	24	30	3,6 ± 0,48	2,1 ± 0,33	3,5 ± 0,42	3,9
Stintdorsch	bp	16	15	14	3,6 ± 0,27	0,8 ± 0,32	3,2 ± 0,10	NA
Stöcker	bp	5	5	5	3,7 ± 0,39	0,6 ± 0,99	3,7 ± 0,10	NA
Streifenbarbe	d	4	3	4	4,3 ± 0,10	3,9 ± 0,56	3,5 ± 0,30	NA
Vierbärtelige Seequappe	d	16	15	15	3,5 ± 0,40	4,0 ± 0,13	3,5 ± 0,10	NA
Viperqueise	d	7	6	4	4,6 ± 0,31	3,9 ± 0,22	4,4 ± 0,70	3,4
Wittling	d	471/333*	333	145	3,9 ± 0,56	3,9 ± 0,45	4,4 ± 0,20	3,7
Zwergzunge	d	50	45	49	3,6 ± 0,34	3,7 ± 0,30	3,3 ± 0,42	NA
Gesamt: 52		2.426	1.982	1.330				

*die Berechnung der TL erfolgte auf Grundlage von 333 Fischmägen.

FAZIT

Die Ergebnisse der trophischen Level anhand a) Mageninhaltsanalysen und b) stabiler Isotope ergaben bei den demersalen Fischarten vergleichbare Ergebnisse, wiesen bei den pelagischen und benthopelagischen Arten allerdings deutliche Unterschiede auf. Insgesamt sind die trophischen Level der pelagischen und benthopelagischen Arten (v.a. Hering, Stöcker, Makrele, Finte, Sardine und Gr. Gefleckter Sandaal) auf Basis ihrer $\delta^{15}\text{N}$ Isotope als zu gering zu bewerten und unterschätzen die eigentliche trophische Position dieser Arten. Im Gegensatz dazu ergaben die Trophiewerte bei selbigen Arten anhand ihrer Mageninhaltsanalysen und Trophiewerte der Beute genauere Ergebnisse.

Insgesamt zeigt sich, dass um eine möglichst hohe Genauigkeit der TL der Fische und damit auch über die komplexen Wechselwirkungen zwischen Räuber- und Beute zu erreichen, sollten stabile Isotopenmessungen auch immer in Verbindung mit Ernährungsanalysen erfolgen. Für ein zukünftiges Nahrungsnetzmonitoring in den Küstengewässern Schleswig-Holsteins empfiehlt sich für die Fischfauna daher eine regelmäßige Kombination aus stabilen Isotopen und stichprobenartigen Mageninhaltsanalysen. Nahrungspräferenzen von Fischen (und damit die Räuber-Beute-Beziehungen) variieren sowohl zeitlich als auch von Region zu Region. Insbesondere im Küstenmeer, geprägt durch verschiedene Biotope und Tidebecken spielen kleinräumige Kenntnisse über trophische Interaktionen eine noch viel größere Rolle als in der offenen Nordsee. Durch die Kombination aus Mageninhaltsanalysen (aktueller Ernährungsstatus) und stabilen Isotopen (langfristiger Nahrungskonsum) lassen sich die trophischen Level der Fischfauna genauer und vor allem unabhängig durch zwei eigenständige Methoden bestimmen.

6.4 Überprüfung der Anwendbarkeit der OSPAR Nahrungsnetz-Indikatoren FW4 und FW7

6.4.1 FW4 (Changes in average trophic level of marine predators)

Beeinträchtigungen einzelner Bestandteile der Meeresumwelt können Kettenreaktionen auf ökosystemarer Ebene hervorrufen, diese sind aber durch die Komplexität der Zusammenhänge und Wechselwirkungen mit anderen Wirkfaktoren häufig nur schwer zu identifizieren und zu quantifizieren.

Der Indikator "Changes in average trophic level of marine predators" [kurz Mean Trophic Level Indicator (MTL)] soll die Auswirkungen des Fischereidrucks auf die Struktur von Nahrungsnetzen widerspiegeln. Der Indikator basiert auf 1) Biomassedaten pro Art für Fische aus Anlandungen und Fischereisurveys und 2) Daten zur jeweiligen Trophiestufe (TL) der Art (s. Kap. 6.3).

Seinen Ursprung hat der Indikator in dem von Pauly et al. (1998) entwickelten Konzept 'Fishing down marine food webs' (Abb. 11). Danach spiegelt ein Rückgang des Mean Trophic Levels aufgrund des Rückgangs der Biomasse von Arten mit hoher trophischer Ebene die sukzessive Verschiebung eines ursprünglich intensiven Fischereidrucks auf den höchsten trophischen Ebenen zu einem zunehmenden Fischereidruck auf niedrigeren trophischen Ebenen wieder.

Die Berechnung des MTL erfolgt nach folgender Formel:

$$MTL_k = \frac{\sum_i (TL_i) \cdot (Y_{ik})}{\sum_i Y_{ik}}$$

MTL_k = Mean Trophic Level in Jahr k

TL_i = TL der Art (Gruppe) i

Y_{ik} = Biomasse (Y) der Art (Gruppe) i im Jahr k basierend auf Anlandungs- bzw. Fischereisurveydaten

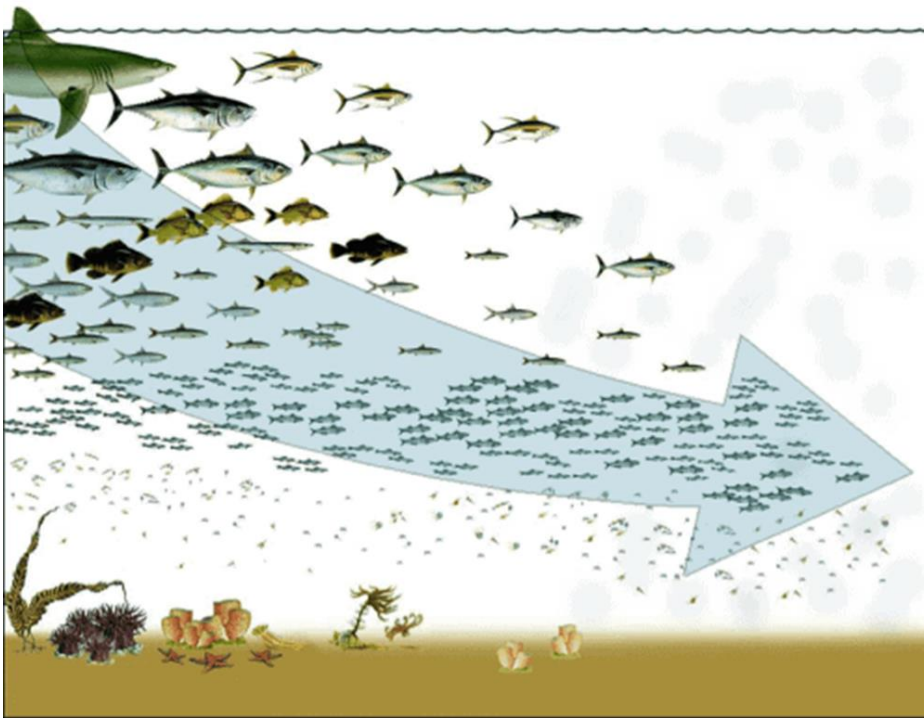


Abb. 11: Schematische Darstellung des „fishing down the food web“. Im ursprünglichen Zustand stellen große Prädatoren der 4. Trophieebene den größten Anteil der Biomasse. Durch deren intensive Befischung nimmt der Fraßdruck auf kleinere Arten ab, so dass sich diese vorübergehend vermehren, bis sie selbst Opfer der Fischerei werden (verändert nach Pauly et al. 1989).

Im Rahmen des OSPAR Intermediate Assessment 2017 wurde die Bewertung dieses Indikators für die OSPAR-Region IV (französischer und nordiberischer Festlandsockel) auf der Grundlage wissenschaftlicher Erhebungen und Anlandungen und unter Einbeziehung verschiedener Szenarien durchgeführt (Arroyo et al. 2019, Preciado et al. 2019). Die Hauptergebnisse zeigten auf großräumiger Ebene keine offensichtlichen Bestandsveränderungen auf niedrigen Trophiestufen (MTL 2.0), wohingegen einige Anzeichen von Bestandserholung, insbesondere für einige große demersalen Fischarten (MTL 3.25 und MTL 4.0) festgestellt wurden (Arroyo et al., 2017, 2019). Bei der Analyse desselben Indikators im selben Gebiet auf kleineren räumlichen Skalen zeigte sich jedoch, dass diese Bestandserholung nur in bestimmten Gebieten erfolgt war, verursacht durch eine Verschiebung der grundberührenden Fischerei in andere Gewässer.

Für die Küstengewässer Schleswig-Holsteins wurde auf Grundlage von Fischdaten aus dem Demersal Young Fish Survey (DYFS) die Anwendbarkeit des Indikators auch auf die Nordsee und das Küstenmeer geprüft.

6.4.1.1 Case Study: Anwendung des FW4 auf Fischdaten im schleswig-holsteinischen Küstenmeer der Nordsee im Zeitraum 1987 bis 2018

Das Thünen-Institut für Seefischerei führt seit Anfang der 1970iger Jahre den Demersal Young Fish Survey (DYFS) im deutschen Watten- und Küstenmeer durch (u.a. Vorberg 2016, 2020). Ursprünglich diente dieser Survey für die Abschätzung von 0-Gruppen Schollen und Seezungen, um fischereiunabhängige Rekrutierungs-Indizes für diese beiden wichtigen kommerziellen Arten zu erhalten. Aber auch alle anderen Fischarten sowie Nordseegarnelen und ausgewählte Epibenthos-Organismen, die durch die eingesetzte Baumkurre (3 m Baumkurre) quantifiziert werden können, wurden über die gesamte Zeitserie hinweg aufgenommen.

Im Rahmen eines Kooperationsvertrages zwischen der NPV und dem Thünen-Institut für Seefischerei erfolgte eine Zusammenstellung von standardisierten und räumlich hochaufgelösten Abundanz- und Biomassewerten für Fische, Nordseegarnelen und Epibenthos-Organismen aus dem Demersal Young Fish Survey im Gebiet der Elbe und der Schleswig-Holsteinischen Küste für den Zeitraum 1987 – 2018. Die gesammelten Fischdaten dienten als Input-Parameter für die allererste Überprüfung der Anwendbarkeit des OSPAR Nahrungsnetz-Indikators FW4 (Mean Trophic Level) auf das Küstenmeer.

Die Berechnung des Mean Trophic Levels (MTL) erfolgte nach der in Kap. 6.4 genannten Formel. Für die Fische standen standardisierte Biomassewerte (kg / 1000 m²) für den Zeitraum 1987 bis 2018 zur Verfügung. Für die Trophiewerte der Fische wurden die in Tab. 7 errechneten TL Werte nach Arroyo et al. (2017) verwendet. Bei neuen Arten wurde auf Trophiewerte aus Veröffentlichungen oder aus Fishbase (Froese & Pauly 2023) zurückgegriffen.

Die Analysen wurden sowohl mit allen Fischarten als auch ohne pelagische Fischarten durchgeführt. Der Fang von pelagischen Arten mit einem Fanggerät wie der 3 m Baumkurre ist als eher zufällig einzustufen, die Fänge und damit auch die Biomassewerte sind somit nicht immer repräsentativ für das Vorkommen dieser Arten im Gebiet.

Die Auswertung erfolgte in enger Abstimmung mit Ulrike Schückel (Projektleitung und lead OSPAR food web expert group) und Izaskun Preciado (co-lead OSPAR food web expert group, lead FW4 Indikator).

Ergebnisse

Hinweis: Ziel der Case Study war es die Methodik des Indikators anzuwenden und keine umfassenden statistischen Analysen der Daten vorzunehmen.

Das mittlere trophische Level (MTL) aller erfassten Fischarten blieb über den untersuchten Zeitraum konstant auf einem mittleren Niveau und variierte zwischen 3,5 und 3,7 (Abb. 12). Selbiges Bild zeigte sich auch für das mittlere trophische Level der Fischfauna ohne pelagische Arten (Abb. 13).

Insgesamt war in beiden Fällen kein spezifischer zeitlicher Trend im MTL der Fischfauna festzustellen, was bedeuten kann, dass der Indikator eine über die Jahre stabile trophische Struktur der Fischfauna auf mittlerem Niveau anzeigt. Das Fehlen von Trends bei diesen Indikator weist nicht unbedingt auf

keine fischereilichen Beeinträchtigungen hin, da (stark) betroffene Ökosysteme so widerstandsfähig werden können, dass kein Trend „Resilienz“ bedeutet (QSR 2023, noch nicht veröffentlicht).

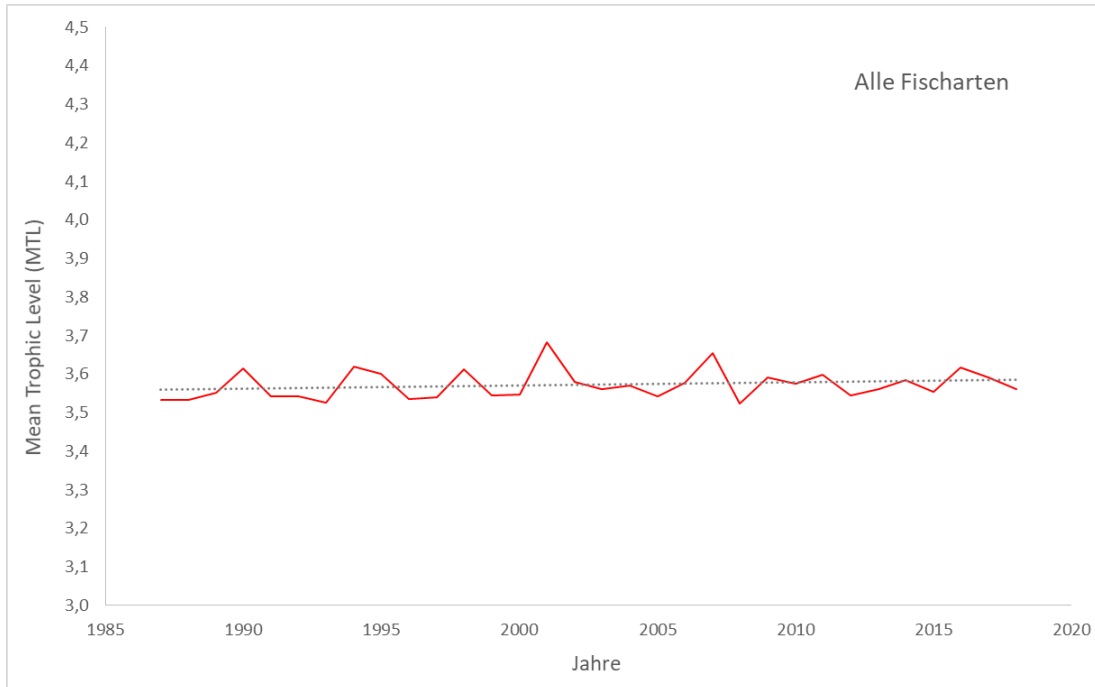


Abb. 12: Zeitlicher Verlauf des Mean Trophic Level Indikators (MTL) der Fischfauna zwischen 1987 und 2018.

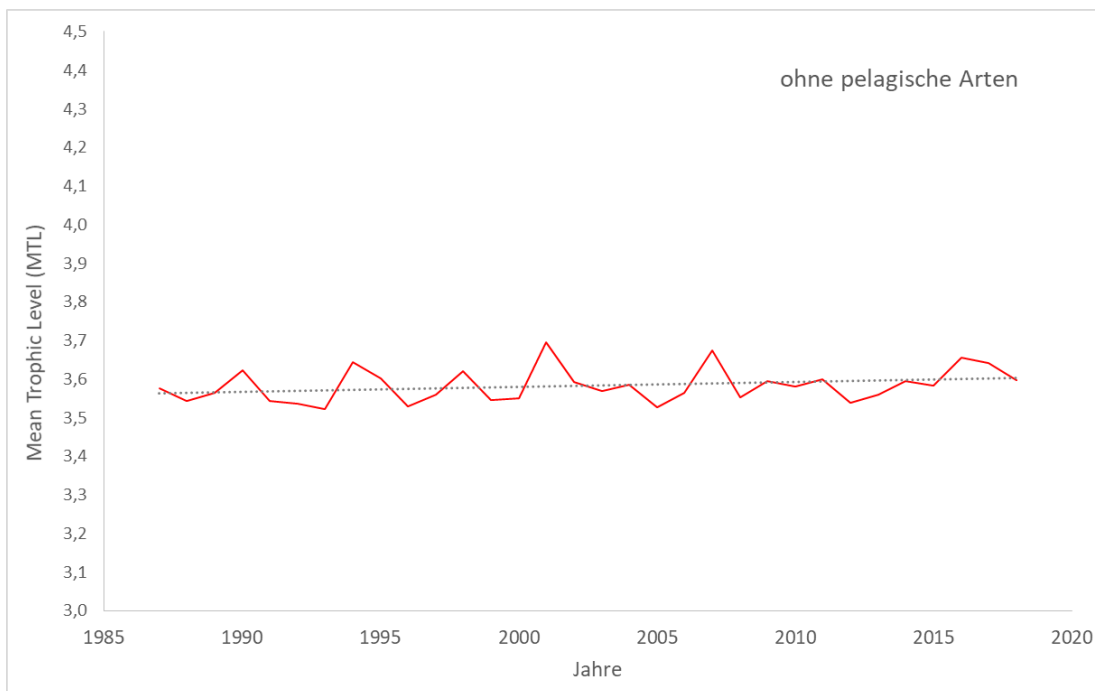


Abb. 13: Zeitlicher Verlauf des Mean Trophic Level Indikators der Fischfauna zwischen 1987 und 2018, ohne pelagische Arten.

Erste Einschätzung zur Anwendbarkeit des Indikators

Grundsätzlich ist der MTL-Indikator zur Anwendung auf die Fischfauna im Küstenmeer geeignet, sofern belastbare Daten zu Biomasse und TL der Arten verfügbar sind.

Das Vorhandensein von Biomassedaten zu Fischen (und Benthos) auf regionaler bzw. subregionaler Ebene sowie die Berechnung der trophischen Level aus stabilen Isotopen und/oder Mageninhaltsanalysen auf regionaler bzw. subregionaler Ebene sind für die Berechnung dieses Indikators entscheidend. In vielen Fällen spiegeln globale durchschnittliche Trophiewerte nicht die trophischen Wechselwirkungen zwischen Arten innerhalb einer spezifischen Region wider. Umweltbedingte oder vom Menschen verursachte Bedingungen können zu Schwankungen in der Beuteverfügbarkeit und -selektivität führen, was wiederum Schwankungen in den TL-Werten für eine bestimmte Art in Raum und Zeit und sogar in Abhängigkeit von der Größe verursacht (Pinnegar et al. 2002). Für die Fisch- und Benthosarten der schleswig-holsteinischen Küstengewässer bildet die im Rahmen dieses Projektes aufgebaute Magen- und stabile Isotopendatenbank (Kap. 6.1) den Grundstock zur Berechnung verlässlicher und regionalspezifischer Trophiewerte.

Zu berücksichtigen gilt, dass der FW4 in dem vorliegenden Projekt zum allerersten Mal für die deutsche Nordsee und das Küstenmeer angewandt wurde und Hauptziel der Studie die Generierung der Input-Daten und die Prüfung der Anwendbarkeit des Indikators auf Grundlage dieser Daten war.

Um die Bewertung dieses Zustandsindikators für das schleswig-holsteinische Küstenmeer zu verbessern sind weitere Arbeiten nötig, die im Folgenden kurz skizziert sind:

- Aufnahme zusätzlicher Datensätze zu biologischen Kompartimenten, die derzeit nicht enthalten sind (z. B. Cephalopoden, Benthos, hier v.a. *Crangon*-Daten)
- Integration weiterer Fischdaten (Biomasse), z.B. aus den FishNet Surveys
- Anlandungsdaten (Biomasse) von kommerziellen Arten
- Einteilung der Fische nach Längensklassen und Berechnung der TL-Werte längenspezifisch
- Einbeziehung verschiedener Szenarien, z.B. Fokus des MTL nur auf die Meso- und Top Prädatoren (MTL ab 3.25) (vgl. Arroyo et al. 2019, Preciado et al. 2019)
- Berechnung des MTL Indikators nach dem Haul-approach entsprechend des aktuellen OSPAR Quality Status Assessment (Preciado et al. 2023).

Darüber hinaus sollten für Fische mit derzeit unzureichend erfassten oder fehlenden Länge stabile Isotope und Magendaten im Rahmen der FishNet-Ausfahrten bzw. des Nahrungsnetzmonitorings erhoben werden. Generell sind regelmäßige stichprobenartige Magenanalysen für die gesamte Fischfauna weiter zu empfehlen. Dabei sollte auch der Aspekt einer biotop- und tidebeckenspezifischen Beprobung berücksichtigt werden.

6.4.2 FW7 (Feeding guild)

Nahrungsnetze stellen umfassend die trophischen Wechselwirkungen und den Energietransfer zwischen den trophischen Ebenen in einem Ökosystem dar. Sie beschreiben die Funktionsweise von Ökosystemen und verbinden das pelagische und benthische Ökosystem bis hin zu den Spitzenprädatoren. Räuber sind dabei i.d.R. größer als ihre Beute.

Umweltbelastungen und anthropogene Einflüsse beeinträchtigen einzelne Bestandteile im Nahrungsnetz und können Kettenreaktionen auf ökosystemarer Ebene hervorrufen. Durch die Einordnung von Räufern in funktionelle Nahrungsgruppen (sog. Gilden) lassen sich die Struktur und Dynamik von Nahrungsnetzen vorhersagen. Gleichzeitig lassen sich durch Veränderungen in den funktionellen Nahrungsgruppen (und damit auch in der Artenverteilung und Körpergröße) Auswirkungen menschlicher Aktivitäten (z.B. Fischerei oder Klimawandel) auf das Nahrungsnetz aufzeigen.

Aufgrund der großen Anzahl von Daten, die zum Verständnis von Veränderungen in der Ernährung vieler Arten erforderlich sind, ist die Entwicklung mariner Ökosystemindikatoren komplex und vielschichtig.

Der FW7 Indikator (candidate indicator) stellt einen ersten datenbasierten, reproduzierbaren Ansatz zur Bewertung funktioneller Nahrungsgruppen unter Berücksichtigung der Räuber- und Beutegröße sowie der Nahrungsstrategie des Räubers (z. B. Planktivor vs. Piscivor) dar. Bei diesem Indikator werden Arten unter Berücksichtigung ihrer Größe und Nahrungsstrategie in gemeinsame trophische Gilden gruppiert und die Veränderung der Biomasse, der Häufigkeit und des Artenreichtums dieser verschiedenen trophischen Gilden über die Zeit analysiert.

Details zur Methodik sind in

Thompson, M.S.A., Lynam, C.P. and Preciado, I. (2022). Pilot Assessment of Feeding Guilds. In: OSPAR, 2023: The 2023 Quality Status Report for the Northeast Atlantic. OSPAR Commission, London. Available at: <https://oap.ospar.org/en/ospar-assessments/quality-status-reports/qsr-2023/indicator-assessments/feeding-guild-pilot-assessment>

zu finden.

In Absprache mit der Projektleitung (U. Schückel) erfolgte die Anwendung des FW7 Indikators nicht wie ursprünglich geplant nur auf das Küstenmeer, sondern in Zusammenarbeit mit der EUROMARINE Expert Group und der OSPAR Nahrungsnetz Arbeitsgruppe im Rahmen der OSPAR Bewertung 2023 (s. Anlage 9) und einer wissenschaftlichen Veröffentlichung (Abstract s.u.) nun auch auf den Nordatlantik und den Arktischen Ozean:

Dazu wurden sowohl die generierten Magendaten aus dem FishNet Projekt als auch weitere umfangreiche Magendaten aus der EUROMARINE Expert Group (u.a. von IFREMER, IEO, CEFAS, NOAA, IMR, SIME) nach dem Thomsen et al. (2022) Ansatz zur Klassifizierung von „feeding guilds“ durch das CEFAS analysiert und ausgewertet. Die ermittelten feeding guilds wurden zudem auf Fischereidaten aus den Schelfmeeren des Nordostatlantiks angewendet, um räumliche und zeitliche Veränderungen in der Ökosystemstruktur und -funktion aufzudecken.

Kernergebnisse: In den Ergebnissen der Größenklassenverteilung der demersalen Fischgemeinschaften der erweiterten Nordsee (OSPAR Region II) wurde in der zentralen und Südlichen Nordsee ein Rückgang bis hin zu Mindestwerten festgestellt (Lynam et al. 2022). Außerdem wurde ein Rückgang für den Anteil großer Fische an der demersalen Fischgemeinschaft gefunden (Thompson et al. 2022).

Keine eindeutigen Ergebnisse zeigten sich bei der Verteilung der Biomasse in verschiedene trophische Fisch-Gilden in der erweiterten Nordsee (OSPAR Region II). Die Biomasse der benthivoren Fischarten nahm in der Südlichen Nordsee zu, während die Biomasse planktivorer Fischarten in der nordwestlichen Nordsee einen Rückgang verzeichnete. Die Biomasse der Fischfresser (piscivor) wies in der westlichen Nordsee gegensätzliche Trends auf (Thompson et al. 2022).

Das Manuskript zur geplanten Veröffentlichung befindet sich derzeit im finalen Korrekturprozess und wird in Kürze vsl. im Journal *Earth System Science Data* oder *Ecological Applications* eingereicht. Darüber hinaus wurden die Ergebnisse auf der ICES Annual Science Conference 2023 (ASC 2023) am 11.-14. September 2023 in Bilbao (Spanien) präsentiert.

EUROMARINE MANUSKRIFT

Title: Fish functional groups of the North Atlantic and Arctic Oceans

Authors: Murray S.A. Thompson, Izaskun Preciado, Valerio Bartolino, Andrea Belgrano, Michele Casini, Pierre Cresson, Elena Eriksen, Gema Hernandez-Milian, Ingibjörg G. Jónsdóttir, Federico Maioli, John Pinnegar, Stefán Ragnarsson, Sabine Schückel, Ulrike Schückel, Brian Smith, Marian Torres, and Christopher P. Lynam

Abstract

International efforts to assess the statuses of marine ecosystems have been hampered by insufficient observations of food web interactions across many species, their various life stages, and environmental conditions. Hence, we collated multiple fish stomach contents databases from across the North Atlantic and Arctic Oceans containing >2m observations from larvae to adults, with 14,049 unique interactions between 216 predator species and 2157 prey taxa. We use these data to develop a data-driven, reproducible approach to classifying feeding guilds and then apply these to fish survey data from the Northeast Atlantic shelf seas to reveal spatial and temporal changes in ecosystem structure and functioning. In doing so, we construct predator-prey body size scaling models to predict the biomass of prey functional groups, e.g. zooplankton, benthos, and fish, for different predator species. These predictions provide empirical estimates of species- and size-specific fish feeding traits, such as predator-prey mass ratios, individual prey mass, and the biomass contribution of different prey to predator diets, that are widely applicable in marine ecosystem science.

Keywords: feeding guild; species traits; ecosystem structure and function; food web; biodiversity; trophic interactions; marine.

7. Schlussfolgerungen und Ausblick

Das schleswig-holsteinische Küstenmeer ist ein dynamisches Gebiet und beinhaltet verschiedene Habitate und Tidenbecken mit fluktuierenden abiotischen Bedingungen. Insgesamt werden rund 120 Fischarten für das Küstenmeer beschrieben (Witte und Zijlstra, 1983, Bolle et al. 2009, Tulp et al. 2022), davon regelmäßig erfasst werden zwischen 30 und 50 Arten. In der vorliegenden Studie wurde mit insgesamt 52 Fischarten ein repräsentatives Artenspektrum zur Untersuchung des Nahrungsnetzes der Küstengewässer erfasst. Nur als Einzelnachweise oder nicht erfasst wurden Haie und Rochen (z.B. Kleingefleckter Katzenhai, Nagelrochen, Stachelrochen) - wenngleich einige von ihnen das Küstenmeer als Kinderstube oder als regelmäßigen Lebensraum nutzen (Heessen et al. 2010, Tulp et al. 2022, Poiesz et al. 2021) - und einige kommerzielle Arten, wie Seelachs, Europäischer Aal und Steinbutt. Insgesamt ist die Datenlage aber als gut zu bezeichnen.

Die Berechnungen der trophischen Level (TL) ergaben bei den demersalen Fischarten sowohl auf Grundlage der Mageninhaltsanalysen als auch anhand der stabilen Isotope vergleichbare Ergebnisse, wiesen aber bei den pelagischen und benthopelagischen Arten deutliche Unterschiede auf. Die errechneten TL-Werte der pelagischen und benthopelagischen Arten waren deutlich niedriger gegenüber den TL-Werten auf Basis der Mageninhaltsanalysen und entsprechenden Literaturwerten und unterschätzten damit die eigentliche trophische Position der Arten.

Insgesamt hat sich im Methodikvergleich gezeigt, dass um eine möglichst hohe Genauigkeit der Trophiewerte der Fische und damit auch über die komplexen Wechselwirkungen zwischen Räuber- und Beute zu erreichen, sollten stabile Isotopenmessungen auch immer in Verbindung mit Ernährungsanalysen erfolgen. Für ein zukünftiges Nahrungsnetzmonitoring in den Küstengewässern Schleswig-Holsteins empfiehlt sich für die Fischfauna daher eine Kombination aus stabilen Isotopen (langfristiger Ressourcenkonsum) und stichprobenartigen Mageninhaltsanalysen (Snapshot des aktuellen Ernährungszustands). Aufgrund der verhältnismäßig aufwendigen und zeitintensiven Methodik sehen wir stichprobenartige Mageninhaltsanalysen als ausreichend an. Darüber hinaus liegt mit der im Rahmen dieses Projektes entstandenen Magendatenbank ein bereits umfassender Grundstock zu Beutetieren für die im schleswig-holsteinischen Küstenmeer vorkommenden Fischarten vor.

Der methodische Ansatz zum Mean Trophic Level Indikator (FW 4), welcher aktuell nur für die OSPAR-Region IV (Golf von Biskaya und Iberische See) angewandt wird, kann grundsätzlich auch auf die Nordsee und das Küstenmeer übertragen werden, sofern (lokale) Biomasse Daten und trophische Level zu den jeweiligen Arten (Fische und Benthos) verfügbar sind. Bisher wurde der Zustandsindikator vor allem auf großräumigen Skalen berechnet. Die aktuelle Studie hat jedoch gezeigt, dass es möglich ist, den Indikator auch auf (sub)regionaler Ebene anzuwenden, um Veränderung der trophischen Ebenen und folglich befischte Gebiete aufzuzeigen.

Um Veränderungen im trophischen Level noch genauer zu bestimmen, empfiehlt sich die Durchführung eines räumlich-zeitlichen Ansatzes, bei dem das MTL für jedes Haul pro Jahr errechnet und der Trend auf lokaler Ebene analysiert wird.

Darüber hinaus umfassen weitere Arbeiten am MTL-Indikator:

- i) die Einbeziehung der zwischenjährlichen Variabilität des trophischen Niveaus von Arten,

- ii) die Einbeziehung von Variationen des trophischen Niveaus von Arten mit der Größe,
- iii) den Einfluss verschiedener anthropogener Belastungen auf den Indikator zu untersuchen. Für das Schleswig-Holsteinische Küstenmeer ist hier vor allem die Krabbenfischerei zu nennen.
- iv) die Einbindung historischer Daten (QSR 2023, SHIRE Report)

Das Schleswig-Holsteinische Wattenmeer übernimmt für die Fischfauna vor allem eine bedeutende Funktion als „Kinderstube“ und „Aufwuchsgebiet“. Weiteres Ziel könnte es sein den Mean Trophic Level Indikator hinsichtlich seiner Eignung auch auf die deutsche AWZ bzw. die offene Nordsee (OSPAR Region II) anzuwenden, um so die Auswirkungen des Fischereidrucks auf die Struktur von Nahrungsnetzen zu identifizieren. Die dafür erforderliche Datenbasis könnten bei einheitlicher Methodik sowohl Fischereisurveys (IBTS, GSBTS) als auch Anlandungsdaten liefern. Zur Generierung der Trophische Level könnte auf die DAPSTOM Magendatenbank zurückgegriffen werden (Pinnegar 2019).

Im Arbeitspaket I des FishNet Projektes wurden im Nationalpark Schleswig-Holsteinisches Wattenmeer auf verschiedenen Bodenbiotoptypen die Meiofauna-Gemeinschaften beprobt und verglichen. Bisher wurde die Sandlückenfauna im Nationalpark nicht untersucht. Die Ergebnisse ergaben eine Dominanz der Großgruppe der Fadenwürmer gefolgt von harpacticoiden Ruderfußkrebse. Mittels der erhobenen Daten wurden zudem erste Modellierungen der Meiofaunagemeinschaften für die Fläche des Küstenmeeres Schleswig-Holstein vorgenommen und eine Grundlage für die Integration der Meiofauna in Nahrungsnetzanalysen geschaffen. Meiofauna, darunter insbesondere Ruderfußkrebse stellen eine wichtige Nahrungsquelle für verschiedene demersale Kleinfischarten und Jungfische dar (Schückel et al. 2013, Ergebnisse dieser Studie). Mit Hilfe der erhobenen Meiofaunadaten im Feld lassen sich Beutepräferenzen bzw. -vermeidungen bei demersalen Kleinfischen und Jungfischen nun besser quantifizieren.

8. Bachelor- und Masterarbeiten

Im Rahmen des FishNet-Projektes wurden (und werden) umfangreiche Fisch- und Benthosdaten gesammelt. Daher wurden gemeinsam mit der Projektleitung (U. Schüchel) verschiedene fischökologische Fragestellungen ausgearbeitet und diese im Rahmen von Projekt-, Master- und Bachelorarbeiten vergeben und mitbetreut.

Alle abgeschlossenen Bachelor- und Masterarbeiten stehen der Projektleitung bereits zur Verfügung, die noch in Bearbeitung befindlichen Arbeiten werden auch nach Projektende gemeinsam mit der Projektleitung weiter betreut.

Bachelor- und Masterarbeiten

Meyer C. (2021). Bachelorarbeit „Saisonale Variation von nahrungsökologischen Beziehungen bei Sandgrundeln und ihre Stellung im Nahrungsnetz“ Bachelorarbeit, Carl von Ossietzky Universität Oldenburg.

Ziel der Arbeit war es, die trophische Rolle der Sandgrundel (*Pomatoschistus minutus*) zu identifizieren, die saisonale Variation in der Nahrungsökologie zu untersuchen und nach potentiellen Nahrungsunterschieden zwischen Weibchen und Männchen zu schauen. Insgesamt 33 *P. minutus*, darunter 21 Weibchen und 12 Männchen, wurden im Bereich der Amrum Bank im November 2019 und Mai 2020 gefangen. Alle gefangenen Tiere wurden seziiert, Messungen durchgeführt und verschiedene Proben entnommen. Der Mageninhalt wurde visuell und mit Hilfe von Literatur bestimmt und wenn möglich gemessen und gewogen, um die Beute der Sandgrundeln zu quantifizieren. Auf Grundlage der Daten wurde der Fulton's Konditionsfaktor, hepatosomatischer Index, gonadosomatischer Index und trophische Ebenen bestimmt. Die Ergebnisse ergaben, dass Geschlecht und Jahreszeit das Fressverhalten von *P. minutus* beeinflussen und sie als Zweitkonsument eine wichtige Rolle im küstennahen marinen Nahrungsnetz spielen. Unterschiede in der Nahrungsökologie der Art können durch die unterschiedlichen Verhaltensweisen von weiblichen und männlichen Sandgrundeln während der Fortpflanzung und der Aufzucht erklärt werden. Die Männchen bleiben nach der Eiablage bis zum Schlupf der Jungfische in der Nähe der Nester und bewachen die Eigelege. Bestimmt durch den eingeschränkten Bewegungsradius weisen die Männchen während der Eiaufzucht eine andere Nahrungszusammensetzung auf als die Weibchen.

Mit dieser Arbeit wurde ein erster Schritt getan, um die Wissenslücken über die saisonalen und geschlechtsspezifischen Variationen in der Nahrungsökologie von Sandgrundeln und deren Bedeutung im Nahrungsnetz zu schließen.

Bartholomai, V. (2023). Assessing food web structure and robustness concerning species loss in biotopes of the northern German Wadden Sea. Masterarbeit, Ruhr-Universität Bonn.

In dieser Studie wurden die Nahrungsnetze von zwei Biotopen im nördlichen Teil des deutschen Wattenmeeres untersucht, mit dem Ziel einen Einblick in die strukturellen Merkmale unterschiedlicher

Biotope sowie ihre Reaktion auf Artverlust zu erhalten. Ein komplementärer Ansatz aus Ecological Network Analysis (ENA) und Community Viability Analysis (CVA) wurde verwendet, um die Robustheit der Nahrungsnetze zu bewerten, potenzielle Schlüsselarten zu identifizieren und Wissenslücken über die trophische Dynamik der Nahrungsnetze zu schließen.

Die Analyse der Netzwerkstruktur und des Energieflusses ergab für das Schlickbiotop nahe der Elbmündung eine höhere Konnektivität und eine höhere Anzahl an Verbindungen, wohingegen das Riffbiotop im Hörnum-Tief südlich von Sylt einen stabileren Energiefluss und eine größere Menge an freier Energie aufwies. Die Reaktion auf Aussterbeereignisse machte ebenfalls Unterschiede in der Stabilität der trophischen Netzwerke deutlich. Das Nahrungsnetz des Schlickbiotops zeigte eine höhere strukturelle Robustheit in Szenarien mit zufälligem Artenverlust, während das Riffbiotop bei Verlust von Schlüsselarten robuster erschien. Beide Nahrungsnetze reagierten am empfindlichsten auf den Verlust stark vernetzter Arten, was darauf hindeutet, dass die Konnektivität eine wesentliche Komponente für die Stabilität des Nahrungsnetzes ist.

ENA und CVA haben sich als effektive Methoden zur Bestimmung der Robustheit von Nahrungsnetzen sowie zur Identifizierung von Schlüsselarten erwiesen und liefern konzeptionelle Informationen über die Stabilität von Ökosystemen und die Auswirkungen von Aussterbeereignissen. Die Ergebnisse zeigen, dass die Robustheit der Nahrungsnetze in verschiedenen Biotopen unterschiedlich ist, was die Heterogenität des Lebensraums Wattenmeer verdeutlicht und Anhaltspunkte für den Naturschutz auf Ökosystemebene liefert.

Hagemann, N. (in prep). Diet composition of four different small-sized fish species with habitat preferences to stony areas" (*Myoxocephalus scorpius*, *Zoarces viviparus*, *Liparis liparis*, *Pholis gunnellus*). Masterarbeit Universität Koblenz.

The four fish species bullrout (*Myoxocephalus scorpius*), eelpout (*Zoarces viviparus*), Sea-snail (*Liparis liparis*) and butterfish (*Pholis gunnellus*) have preferences for stony habitats. The research interest of the thesis is if these species show different consumption patterns between different habitats (i.e. stony and sandy). The following questions shall be answered to shed light in the consumption patterns of the four species:

1. *What do the species consume in other habitats compared to what they would consume in stony habitats? What are the differences between the species? How can these be explained?*

The hypothesis (H1) is that the diet composition of the small-sized fish species differs between habitat types (their natural habitat and other habitats, i.e sandy habitats).

Hypothesis 1 (H2) is that diet composition of five small-sized fish species differs within the same habitat.

2. *Does the diversity of prey between habitats correlate with what different species consume?*

Hypothesis 3 (H3) is that in species-rich habitats, the variability of stomach contents is higher compared with less species-rich habitats

The methods for the analysis are still to be discussed.

Van Bernem, L. (in prep.). Vergleich der Artenzusammensetzung der Fischfauna in unterschiedlichen Biotoptypen der Küstengewässer Schleswig-Holsteins. Bachelorarbeit, Universität Hamburg.

Die Nordsee beherbergt eine Vielzahl unterschiedlicher Biotoptypen, wie beispielsweise Sandbänke, Riffe oder Artenreiche Kies-, Grobsand und Schillgründe. Die individuellen Habitatbedingungen führen zur Besiedlung daran angepasster Organismen und der Entstehung habitatspezifischer Artengemeinschaften. Im Zuge dieser Arbeit werden noch unbestimmte Fische aus Baumkurrenfängen der FishNet 6 Ausfahrt (Oktober 2022) im Labor nachbestimmt und an einigen Fischen Mageninhaltsanalysen durchgeführt. Die Fischdaten der FishNet 6 Ausfahrt werden mit entsprechenden Daten aus vorangegangenen FishNet Ausfahrten (Frühjahr und Herbst 2020, und Frühjahr 2021) mittels univariater (Artenspektrum, Artenzahl, Abundanz, Biomasse) und multivariater statistischer Methoden (Clusteranalysen, ANOSIM) auf Unterschiede in der Fischfauna zwischen den verschiedenen Biotoptypen analysiert. Die durchgeführten Mageninhaltsanalysen werden gegebenenfalls zur weiteren ökologischen Einordnung in die Betrachtung der Ergebnisse mit einbezogen.

Rothmeyer, J. (2022). Diet composition of the hooknose (*Agonus cataphractus*, L.) in different habitats of coastal waters in the German Wadden Sea (North Sea). Projektarbeit, TU Dresden.

The Wadden Sea is an important area for many fish species. Apart from juveniles and temporary visitors, the Wadden Sea is also inhabited by resident species that spend (almost) their entire life in this area. The hooknose (*Agonus cataphractus*) is a resident fish species and feeds primarily on meiofauna and crustaceans. More details in the feeding strategy of hooknose are limited since this species is not of commercial interest.

Aim of this study is to assess the diet composition of hooknose in general and compare it between different habitats. By using different statistical methods, stomach contents of 286 hooknose from nine different habitats in coastal areas of the Wadden Sea were examined for diet similarities and diet differences. Results revealed a strong relation between diet composition and prey availability, also visible in the condition of the assessed species. Investigating the diet composition of non-commercial fish species is essential to understand the complete food web in the Wadden Sea and also to practice meaningful nature conservation.

Literatur

- ARROYO, N.L., PRECIADO, I., LÓPEZ-LÓPEZ, L., MUÑOZ, I., PUNZÓN, A. (2017). Trophic mechanisms underlying benthic-demersal community recovery in the north-east Atlantic. - *J. Appl. Ecol.* 10.1111/1365-2664.12879.
- ARROYO, N.-L., SAFI, G., VOURIOT, P., LÓPEZ-LÓPEZ, L., NIQUIL, N., LE LOCH, F., HATTAB, T., AND PRECIADO, I. (2019). Towards coherent GES assessments at subregional level: signs of fisheries expansion processes in the Bay of Biscay using an OSPAR food web indicator the mean 15 trophic level. - *ICES Journal of Marine Science*, doi:10.1093/icesjms/fsz023.doi:10.1093/icesjms/fsz023.
- BIOCONSULT (2022). Etablierung des Effekt-Monitorings Fischereischließung in den Schutzgebieten Sylter Außenriff und Doggerbank. Schließung einer Teilfläche der Amrumbank für die Fischerei. – Im Auftrag des Bundesamtes für Naturschutz, Vilm 91 S.
- BMU (2018). Zustand der deutschen Nordseegewässer 2018. Aktualisierung der Anfangsbewertung nach § 45c, der Beschreibung des guten Zustands der Meeresgewässer nach § 45d und der Festlegung von Zielen nach § 45e des Wasserhaushaltsgesetzes zur Umsetzung der Meeresstrategie-Rahmenrichtlinie, 191 S.
- BOLLE, L. J., T. NEUDECKER, R. VORBERG, U. DAMM, B. DIEDERICHS, J. SCHOLLE, Z. JAGER, A. DÄNHARDT, G. LÜERBEN AND H. MARENCIC (2009). Trends in Wadden Sea fish fauna. C108/08, Wageningen IMARES Report.
- BSH (2013). Standard Untersuchung der Auswirkungen von Offshore-Windenergieanlagen auf die Meeresumwelt /StUK4). Bundesamt für Seeschifffahrt und Hydrographie, Hamburg. 86 S.
- BUNDY, A., SHANNON, L.J., ROCHET, M.-J., NEIRA, S., SHIN, Y.-J., HILL, L., AYDIN, K. (2010). The good (ish), the bad and the ugly: a tripartite classification of ecosystem trends. - *ICES J.Mar. Sci.* 67: 745–768.
- CHRISTENSEN, V. & PAULY, D. (1992). ECOPATH II – a software for balancing steady-stage Models and calculating network characteristics. - *Ecol. Modelling* 61, 169–185.
- COLL, ET AL. (2016). Ecological indicators to capture the effects of fishing on biodiversity and conservation status of marine ecosystems. - *Ecol. Ind:* 60, 947–962.
- CURY, P.M., SHANNON, L.J., ROUX, J.P., DASKALOV, G.M., JARRE, A., MOLONEY, C.L., PAULY, D., (2005). Trophodynamic indicators for an ecosystem approach to fisheries. - *ICES J. Mar. Sci.* 62: 430–442.
- EHRICH, S., ADLERSTEIN, S., BROCKMANN, U., FLOETER, J., GARTHE, S., HINZ, H., KRÖNCKE, I., NEUMANN, H., REISS, H., SELL, A. F., STEIN, M., STELZENMÜLLER, V., STRANSKY, C., TEMMING, A., WEGNER, G. & ZAUKE, G.-P. (2007). 20 years of the German small-scale bottom trawl survey (GSBTS): a review. - *Senckenbergiana maritima* 37 (1): 13-82.
- FINCK, P., HEINZE, S., RATHS, U., RIECKEN, U. & SSYMANK, A. (2017). Rote Liste der gefährdeten Biotoptypen Deutschlands - Dritte fortgeschriebene Fassung (2017). - *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 156, 637 S.
- FRANCE, R. L. & R. H. PETERS (1997). Ecosystem differences in the trophic enrichment of ¹³C in aquatic food webs. - *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 54:1255-1258.

- FROESE, R. & PAULY, D. (2023). FishBase. World Wide Web electronic publication. Version (02/2023). www.fishbase.org.
- HEESSEN, H.J.L., DAAN, N., ELLIS, J.R. (2015). Fish atlas of the Celtic Sea, North Sea, and Baltic Sea based on international research vessel-surveys. – Wageningen Academic Publishers, 578 S.
- HIGGENS, R.P. & THIEL, H. (1988). Introduction to the Study of Meiofauna. - Smithsonian Institution Press, Washington DC.
- ICES (1991). Manual for the ICES North Sea Stomach Sampling Project in 1991. - ICES Document CM 1991/G: 3
- ICES (2010). Manual for ICES Stomach sampling projects in the North Sea and Baltic Sea. - ICES Document.
- KOPP, D., LEFEBVRE, S., CACHERA, M., VILLANUEVA, M.C. & ERNANDE, B. (2015). Reorganization of a marine trophic network along an inshore–offshore gradient due to stronger pelagic–benthic coupling in coastal areas. - Progress in Oceanography 130: 157-171.
- LINK, J.S., YEMANE, D., SHANNON, L.J., COLL, M., SHIN, Y.-J., HILL, L., BORGES, M.F. (2010). Relating marine ecosystem indicators to fishing and environmental drivers: an elucidation of contrasting responses. - ICES J. Mar. Sci. 67, 787–795.
- MICHAELIS, R., HASSA, H. C., MIELCKA, F., PAPENMEIER, S., SANDERA, L., EBBE, B., GUTOW, L. & WILTSHIRE, K. H. (2019). Hard-substrate habitats in the German Bight (South-Eastern North Sea) observed using drift videos. - Journal of Sea Research 144: 78–84.
- MINAGAWA, M. & WADA, E. (1984). Stepwise enrichment of ^{15}N along food chains: further evidence and the relation between $\delta^{15}\text{N}$ and animal age. - Geochim Cosmochim Acta 48: 1135–1140.
- MORIARTY, R., BUITENHUIS, E.T., LE QUÉRÉ, C. AND GOSELIN, M.-P. (2013). Distribution of known macrozooplankton abundance and biomass in the global ocean. Earth System Science Data, 5:241–257.
- MÖLLER, A. & MARTINEZ ARBIZU, P. (2013). Meiofauna-Projekt in den Küstengewässern Schleswig-Holsteins und der Nordsee. Vergabenummer: ZB-U0-20-0188000-4121.5. Landesbetrieb für Küstenschutz, Nationalpark und Meeresschutz Schleswig-Holstein Nationalparkverwaltung, 62 S.
- MUUS, B. J. & NIELSEN, J. G. (1999). Sea fish. - Scandinavian Fishing Year Book, Hedeusene, Denmark. 340p.
- PAULY, D., CHRISTENSEN, V., DALSGAARD, J., FROESE, R. & F. C. TORRES, JR. (1998). Fishing down marine food webs. - Science 279: 860–863.
- PINNEGAR, J.K., JENNINGS, S., O'BRIEN, M., POLUNIN, N.V.C. (2002). Long-term changes in the trophic level of the Celtic Sea fish community and fish market price distribution. - J. Appl. Ecol. 39, 377–390.
- PINNEGAR, J.K. (2019). DAPSTOM - An Integrated Database & Portal for Fish Stomach Records. Version 5.5. Centre for Environment, Fisheries & Aquaculture Science, Lowestoft, UK. July 2019, 33pp.

- PITOIS, S.G. AND FOX, C.J. (2006). Long-term changes in zooplankton biomass concentration and mean size over the Northwest European shelf inferred from Continuous Plankton Recorder data. - *ICES Journal of Marine Science*, 63: 785-798.
- POIESZ S.S.H., WITTE J.I.J, VAN DER VEER H.W. (2020). Only a few key prey species fuel a temperate coastal fish food web. - *Marine Ecology Progress Series* 653:153-166. <https://doi.org/10.3354/meps13472>.
- POIESZ S.S.H, WITTE J.I.J, VAN DER MEER M.T.J, JAGER Z, SOETAERT KER, VAN DER HEIDE T, VAN DER VEER HW (2023). Stomach content and stable isotopes illustrate large spatial similarity in the Wadden Sea fish food-web structure. - *Marine Ecology Progress Series* 707:57-76. <https://doi.org/10.3354/meps14267>
- POST, D.M. (2002). Using stable isotopes to estimate trophic position: models, methods, and Assumptions. - *Ecology* 83: 703-718.
- PRECIADO, I., AROYO, N.L., GONZÁLEZ-IRUSTA, J.M., LÓPEZ-LÓPEZ, L., PUNZÓN, A., MUNOZ, I., SERRANO, A. (2019). Small-scale spatial variations of trawling impact on food web structure. - *Ecological Indicators* 98:442-452.
- PRECIADO, I., LÓPEZ-LÓPEZ, L., RABANAL, I., ORTIZ, J.J., TORRES, M. Á., MUÑOZ, I., IGLESIAS, D., GARCÍA REBOLLO, J. M., MENDES, H., LE LOC'H, F., GARRIDO, S., METAIREAU, H. AND SERRE, S. (2023). Changes in Average Trophic Level of Marine Consumers. In: OSPAR, 2023: The 2023 Quality Status Report for the North-East Atlantic. OSPAR Commission, London. Available at: <https://oap.ospar.org/en/ospar-assessments/quality-status-reports/qsr-2023/indicator-assessments/changes-avg-trophic-level-consumers-fw4>
- RENAUD, P.E., TESSMANN, M., EVENSET, A. & CHRISTENSEN, G.N. (2011). Benthic food-web Structure of an Arctic fjord (Kongsfjorden, Svalbard). - *Marine Biology Research* 7(1): 13-26.
- RODRIGUES, C., MAYA, R., MÁGUAS, C. (2013). The application of isotope ratio mass spectrometry to the study of the ecophysiology of plant seeds. - *Spectroscopy Europe/World* Vol. 25 Issue 1.
- SCHÜCKEL, S., SELL, A.F., KIHARA, T.C., KOEPPEN, A., KRÖNCKE, I., REISS, H. (2013). Meiofauna as food for small-sized demersal fish in the southern North Sea. - *Helgoland Marine Research* 67: 203-218.
- SILBERBERGER, M.J., RENAUD, P.E., KRÖNCKE, I., REISS, H. (2018). Food-Web Structure in Four Locations Along the European Shelf Indicates Spatial Differences in Ecosystem Functioning. *Front. Mar. Sci.* 5, 119. doi:10.3389/fmars.2018.00119
- STEGER J., PEHLKE H., LEBRETON B., BREY T, DANNHEIM J. (2019). Benthic trophic networks of the southern North Sea: contrasting soft-sediment communities share high food web similarity. - *Mar Ecol Prog Ser* 628:17-36. <https://doi.org/10.3354/meps13069>.
- STEGER, J. (2016). Comparison of the Trophic Structure of two Benthic Communities in the German Bight. - Master Thesis in Marine Biology, University of Bremen, 75 S.
- TULP I., L.J. BOLLE, C. CHEN, A. DÄNHARDT, H. HASLOB, N. JEPSEN, A. VAN LEEUWEN, S.S.H. POIESZ, J. SCHOLLE, J. VROOMAN, R. VORBERG, P. WALKER. (2022). *Fish*. In: Wadden Sea Quality Status Report. Eds.: Kloepper S. et al., Common Wadden Sea Secretariat, Wilhelmshaven. Germany.

- VORBERG, R. (2016). Monitoring der Fische im schleswig-holsteinischen Wattenmeer. Untersuchungen zum Vorkommen und zur Verteilung der Fische in der Meldorfer Bucht und im Hörnum Tief. Jahresbericht 2016. Im Auftrag der Nationalparkverwaltung - LKN Schleswig-Holstein. 73 S.
- VORBERG, R. (2020). Monitoring der Fische. Untersuchungen zum Vorkommen und zur Verteilung der Fische im Schleswig-holsteinischen Wattenmeer. Bericht 2020. Im Auftrag der Nationalparkverwaltung - LKN Schleswig-Holstein. 33 S.
- WALKER, P. W., DÄNHARDT, A., BROWN, E. J., HEUBEL, K., HORN, E., JANSEN, N., POHL, L., & VERSI, Y. (2022). Historical reconstruction of the Wadden Sea fish assemblage – Swimway historical reference (SHIRE). Final project report, Common Wadden Sea Secretariat Wilhelmshaven, Germany. 51 S.
- WITTE, J. Y., AND J. J. ZIJLSTRA (1978). The species of fish occurring in the Wadden Sea.in N. Dankers, W. J. Wolff and J. J. Zijlstra, editors. Fishes and fisheries of the Wadden Sea. Stichting Veth tot Steun aan Waddenonderzoek, Leiden.

Anhang

Tab. 8: Mean Trophic Level \pm Standardabweichung für alle Fischarten zwischen 1987 und 2018.

Jahre	Mean Trophic Level (TL _k)	Standardabweichung
1987	3,53	0,181
1988	3,53	0,149
1989	3,55	0,117
1990	3,61	0,118
1991	3,54	0,102
1992	3,54	0,067
1993	3,53	0,096
1994	3,62	0,120
1995	3,60	0,106
1996	3,53	0,111
1997	3,54	0,106
1998	3,61	0,095
1999	3,54	0,108
2000	3,55	0,091
2001	3,68	0,109
2002	3,58	0,110
2003	3,56	0,106
2004	3,57	0,125
2005	3,54	0,112
2006	3,58	0,149
2007	3,65	0,136
2008	3,52	0,106
2009	3,59	0,109
2010	3,58	0,112
2011	3,60	0,112
2012	3,54	0,078
2013	3,56	0,125
2014	3,58	0,092
2015	3,55	0,114
2016	3,62	0,143
2017	3,59	0,163
2018	3,56	0,149

Tab. 9: Mean Trophic Level \pm Standardabweichung ohne pelagische Fischarten zwischen 1987 und 2018.

Jahre	Mean Trophic Level (TL _k)	Standardabweichung
1987	3,58	0,176
1988	3,54	0,138
1989	3,56	0,102
1990	3,62	0,120
1991	3,54	0,103
1992	3,54	0,078
1993	3,52	0,096
1994	3,64	0,107
1995	3,60	0,109
1996	3,53	0,111
1997	3,56	0,090
1998	3,62	0,099
1999	3,55	0,102
2000	3,55	0,101
2001	3,69	0,106
2002	3,59	0,126
2003	3,57	0,112
2004	3,59	0,114
2005	3,53	0,103
2006	3,56	0,158
2007	3,67	0,134
2008	3,55	0,105
2009	3,59	0,110
2010	3,58	0,116
2011	3,60	0,115
2012	3,54	0,080
2013	3,56	0,106
2014	3,59	0,099
2015	3,58	0,101
2016	3,66	0,140
2017	3,64	0,145
2018	3,60	0,128


9. QSR template for the Common Indicator Assessment

9.1 Submitting assessment sheet material

In order to assist the Secretariat in producing the online layout of the assessment sheet, information should be submitted in the following **MS Word** document template.

The common indicator template includes an **excel** Addendum for summary results of particular relevance to those Contracting Parties that are also EU Member States. The addendum is to be completed by the indicator experts and provided to the Secretariat.

Greyed cells are to be completed by the Secretariat

Field Name		
Sheet Reference	ID	
Title	Text	Feeding guild indicator (FW7)
Contracting Parties	List	UK, ES <i>[note the indicator will be extended to OSPAR Regions II, III and the whole of IV should BDC accept the indicator for QSR]</i>
Key Message 50 words	Text	Spatially extensive decreases in the biomass, abundance and species richness of consumers lower in the food web (planktivores, benthivores, crustacean-feeders) contrasted with increases higher up (piscivores) have been detected. These contrasting patterns of change in feeding guild responses over time indicate that changes have occurred in marine ecosystem structure and functioning across the OSPAR Maritime Area.
Background (brief) 250 words	Text	<p>Food web indicators can reveal how ecosystems are responding to environmental change and anthropogenic pressure in a way that cannot be inferred from studying habitat, species or assemblages alone. Systematic differences in response of typically smaller bodied organisms, feeding lower in the food web (planktivores) relative to those with bigger bodies that utilise different resources (benthivores, crustacean-feeders) and feed higher up the food web (piscivores), could profoundly alter the uptake of nutrients and the efficiency of communities in converting resources into biomass (i.e. ecosystem functioning which supports the provision of ecosystem services).</p> <p>Inventories of trophic interactions have been collated worldwide and across biomes, and can be applied to infer food web structure and energy flow. Work presented here aimed to further develop a feeding guild indicator, as proposed by Garrison & Link (2000) and Thompson et al. (2020), which uses stomach contents information to group predators into common functional roles within the food web.</p> <p>Stomach contents data were collated with support from EuroMarine. The newly collated dataset contains >23,000 unique predator-prey interactions from >1,250,000 fish stomachs from across the North Atlantic and Arctic Oceans. The data are used to demonstrate how feeding guilds (i.e. predator groupings based on taxonomy, diet and body size) can be defined systematically and in a way that is conducive to their application internationally across ecosystems. These guilds are then applied to survey data collected from across the OSPAR Maritime Area to demonstrate observed changes in the</p>

		relative dominance of key energy pathways that are critical to maintaining ecosystem structure and function.
Back-ground (extended)	Text	<p>Natural food webs are made up of many complex interactions which are largely determined by the size of the interacting organisms because predators are systematically larger than their prey (Woodward et al., 2005; Petchey et al., 2008; Brose et al., 2019). The behaviour of organisms relating to their evolutionary history, including adaptations for specific habitats, also determines whether organisms interact. These properties can be used to predict food web structure and dynamics and categorise predators into functional feeding groups useful for ecosystem status assessment (Garrison & Link, 2000a, 2000b; Thompson et al., 2020). Yet size-, taxon- and diet information have not been synthesised in a marine ecosystem indicator to date because of the large number of observations needed to understand change in many species' diets through maturity. This issue is particularly pertinent for understanding and managing the impact of human activities on marine ecosystems where species distributions, body size, and thus interactions, are changing in response to fishing and climate change, for example (Perry et al., 2005; Hiddink & ter Hofstede, 2008; Simpson et al., 2011; Kortsch et al., 2015; Magurran et al., 2015), with changes projected to continue worldwide (Cheung et al., 2009, 2013; Jones & Cheung, 2015; Queirós et al., 2018; Fernandes et al., 2020).</p> <p>This candidate indicator shows a data-driven, reproducible approach to feeding guild assessment that incorporates predator and prey size and predator foraging (e.g. planktivory vs piscivory) that can be used to understand change in ecosystem structure and function across OSPAR Regions. This feeding guild indicator monitors change in the biomass, abundance and species richness of differing feeding guilds (currently comprised of fish and elasmobranch only) once individuals have been grouped by a common functional role within the food web. Change in the balance of guild biomasses, for instance, demonstrates that there is change in the dominant functions within the food web.</p>
Back-ground (figures & tables)	Text	
Assessment Method	Text	<p>Methods</p> <p><i>Guild classification</i></p> <p><i>Stomach contents data</i></p> <p>The candidate indicator draws together stomach contents data primarily collected from the North Atlantic shelf seas, with important contributions from the Norwegian and Barents Seas in the Arctic Ocean (Fig. 1). These data come from a combination of previously published and unpublished sources, including DAPSTOM (Pinnegar, 2019), ICES Year of the Stomach (ICES, 1997; www.ices.dk/marine-data/data-portals/Pages/Fish-stomach.aspx), and contributions from NOAA and URI (USA), IEO, CSIC-ICM and CSIC-IIM (Spain), SIME and SLU (Sweden), MFRI (Iceland), IMR (Norway), Ifremer (France), BSS and LKN.SH (Germany; FishNet, https://www.nationalpark-wattenmeer.de/wissensbeitrag/fishnet/). The data contain >2m observations from >1.2m stomach samples, representing 23,206 unique interactions between 337 predator species and 3438 prey taxa.</p>

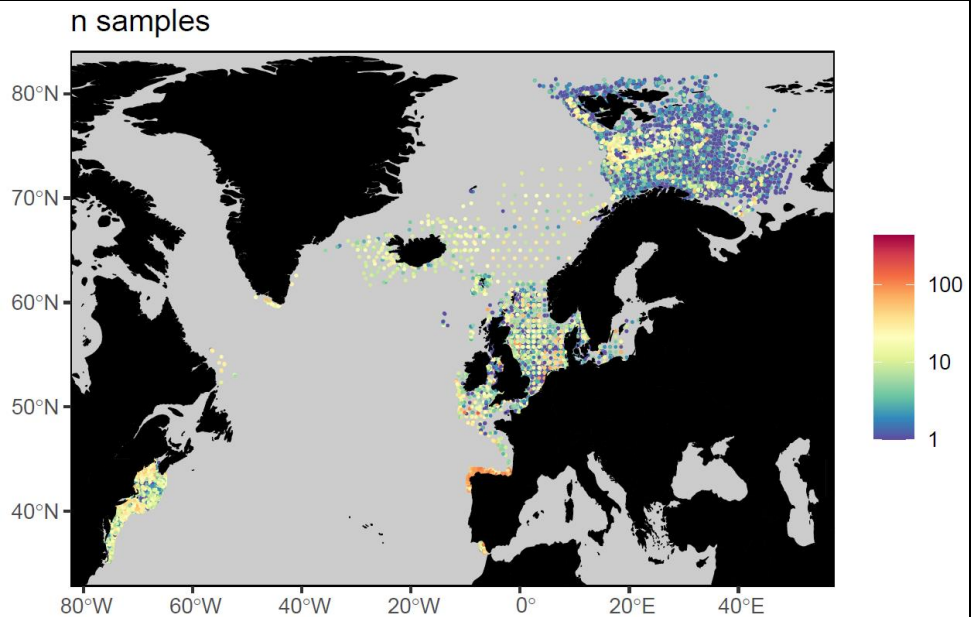


Fig. 1. Number of stomach samples per haul and haul locations.

Predator categories

Predators were categorised by species and size. 20 equal size bins were used to categorise predator mass along a Log_{10} transformed gradient from 0.1 micrograms to 190 tonnes (i.e. capable of capturing organisms from plankton to blue whales). Data for each predator (i.e. species size class) was then estimated across all available samples, with means calculated for % (e.g. relative prey biomass) and continuous data (e.g. prey individual mass).

Prey counts, biomass and predator-prey mass ratio

Prey counts and biomass were available for 39% of the stomach contents data. Where prey weights were unavailable, typical prey length was used to estimate fish length and their individual wet weight based on length-mass relationships (Pinnegar, 2019). Typical prey length is estimated as:

$$\text{prey length} = (0.2057 \times \text{predator length}) + 1.618$$

For prey other than fish, mean size information from survey data for prey taxa were used where available (i.e. contained in DAPSTOM; Pinnegar, 2019 and references therein) or mean prey functional group individual wet weight (e.g. zooplankton, benthos, nekton) by predator size bin were used. Individual prey wet weights were then multiplied by their counts to give prey biomass estimates per stomach sample. Where prey counts were unavailable, we divided prey biomass by prey individual wet weights, as estimated above.

The scaling relationship between predator and prey mass, often measured using predator-prey mass ratios (henceforth PPMR), constrains energy flow through ecosystems (Barnes, Maxwell, Reuman, & Jennings, 2010; Brose et al., 2008; Brose, Williams, & Martinez, 2006; Schneider, Scheu, & Brose, 2012; Trebilco, Baum, Salomon, & Dulvy, 2013). High PPMRs, where predators have many weak interactions by feeding on relatively small prey, help to maintain stability in food webs (McCann et al., 1998; Brose et al., 2006; Rooney et al., 2006; Otto et al., 2007; Blanchard et al., 2011) and ecosystem functioning (Schneider et al., 2012, 2016; Wang & Brose, 2018) because they dampen strong oscillatory dynamics. As such, high PPMR interactions can help mitigate pertur-

bations from climate change, among other stressors (Binzer et al., 2016). PPMR estimates show significant inter-species variation due to differing foraging strategies (Scharf et al., 2000), such that change in species composition can be the biggest driver of change in community-wide PPMR (Reum et al., 2019). Systematic change in predators with relatively high PPMRs in response to anthropogenic pressure would therefore be useful to detect to better understand how changes in feeding guilds may affect ecosystem functioning. Biomass weighted PPMR was estimated (after Reum et al., 2019) for each species size class.

Cluster analysis

Guilds were assigned in R using the *stats* package (R Development Core Team, 2018) and based on cluster analysis using the 'ward D2' agglomeration method on Bray-Curtis dissimilarities between predator diets. Dissimilarities were based on \log_{10} transformed prey size (individual wet mass in g), \log_{10} transformed PPMR and the % biomass contribution of zooplankton, zooplankton-benthos (i.e. prey identified with planktonic larval and benthic adult life-stages), benthos, ichthyoplankton (fish eggs and larvae), nekton (other than fish) and fish. Prey functional groups were based on World Register of Marine Species classifications. The robustness of the guild classifications was tested by comparing those assigned randomly to those based on cluster analysis after re-sampling ($n = 100$) subsets of the data ($n = 30$ unique stomach samples per predator). Species turnover between successively reclassified guilds was used to determine the ability of the cluster-based method to consistently classify predators in the same guild relative to random classifications. Species turnover was measured as mean distance to centroid following analysis of multivariate homogeneity of groups dispersions (Anderson, 2006). The cluster-based method had little compositional change following re-sampling, and performed better than when predators were randomly assigned to guilds (Fig. 2). Multiple distinct feeding guilds can therefore be robustly categorised even where we consider small subsets of predator stomach contents ($n = 30$ stomach samples). Predators with fewer than 30 samples have not been classified into guilds.

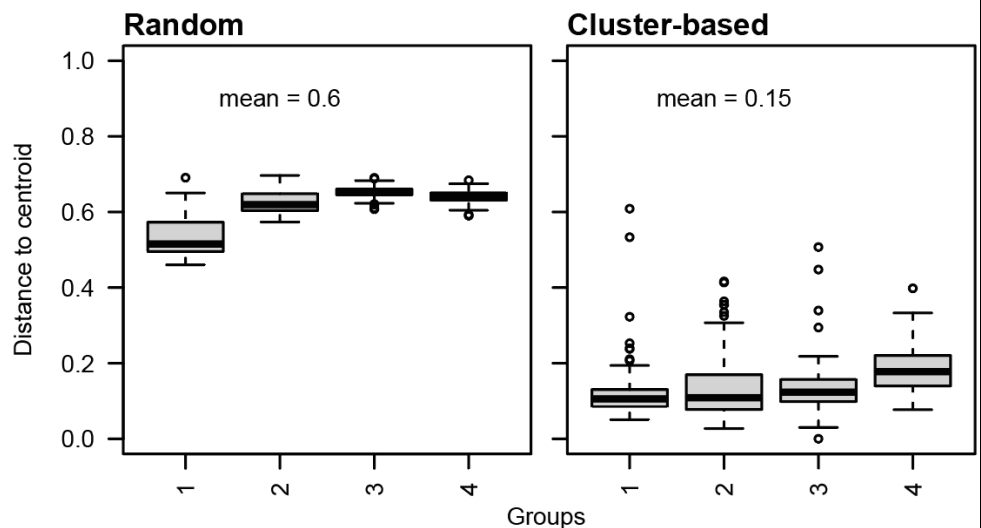


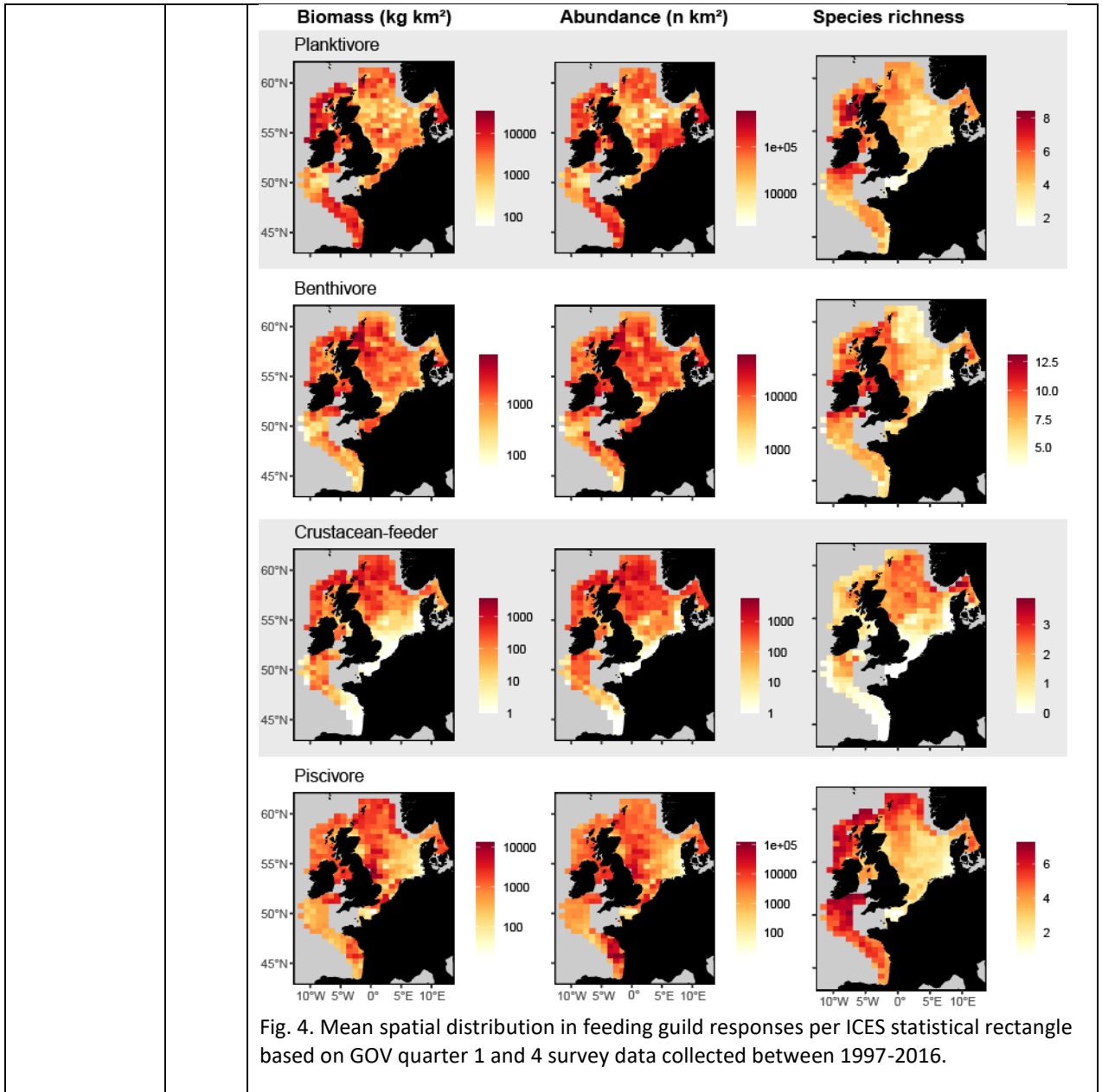
Fig. 2. Differences in cluster-based versus randomly assigned guilds measured using mean distance to centroid following re-sampling 30 stomach samples for each predator 100 times.

A relatively simple set of guilds was used ($n = 4$) in order to elegantly capture a broad set of ecosystem components while also explore multiple guild responses (biomass, abundance and species richness) in the survey data. Changing the number of guilds

		<p>could be justified, depending on the question, and would be straightforward to implement by taking a higher split in the classification tree. This is seen as a strength in the candidate indicator approach because feeding guilds are hierarchically structured much like how taxonomic or other trait information has been organised. A table which details the branches for up to nine feeding guilds will be provided so that future assessments could choose the level of complexity that suits the needs of the assessment, following Thompson et al. (2020). And, because it is a data-driven, reproducible approach, new information can be systematically integrated to 1) further resolve the number of feeding guilds that can be confidently characterised, 2) their composition and 3) test if seasonal to annual changes in feeding behaviour provides evidence for dynamical classifications.</p> <p><i>Spatial and temporal change in feeding guild responses</i></p> <p>The new guild classifications have been applied to processed GOV quarter 1 and 4 survey data for the Northeast Atlantic shelf seas collected between 1997–2016 (Moriarty et al., 2017) to reveal spatial and temporal change in their biomass, abundance and species richness distribution. The candidate indicator classified 95.64% of the surveyed biomass which included 87 species size classes. However, some species size classes observed in the survey data ($n = 254$, representing 4.36% of the surveyed biomass) remain unclassified due to limited diet information (Thompson <i>et al.</i>, 2020). Pearson’s correlation coefficients were used to identify areas of significant temporal change in feeding guild responses per ICES statistical rectangle.</p>
<p>Results (brief) 450 words</p>	Text	<p>Results</p> <p>These candidate indicator pilot assessment results are preliminary. The results cover the Greater North Sea (Region II), Celtic Seas (Region III) and the French coast of Bay of Biscay and Iberian Coast (Region IV) using data from the assessment period 1997-2016. [Work is ongoing to update the maps and time-series with new data and to include the wider Atlantic and Iberian coast surveys. Additional results for Region IV would be inserted here prior to BDC(2)2022]</p> <p><i>Guild descriptions</i></p> <p>Omnivory was ubiquitous, with all prey groups occurring in the diet of all guilds, albeit to quite different levels (Fig. 3). The four guilds have been named based on the % biomass of prey functional groups and prey families as follows, planktivores, benthivores, crustacean-feeders¹ and piscivores. Differences between guilds were related to predator size, which correlated positively with piscivory and negatively with planktivory. Small size classes of species often occur in the planktivore guild, moving to another guild as they increase in size, with multiple medium to larger size-classes of a species often in the same guild (Fig. 3; Table 1).</p> <p><i>Spatial and temporal change in feeding guild responses</i></p> <p>There was clear spatial structure and regions of contrasting temporal change across feeding guilds and the various responses (Figs. 4-5). Planktivore biomass, abundance and species richness were generally highest off the northwest coast of Scotland, around the coast of Ireland, in the Bay of Biscay, and in the southern North Sea. Benthivore biomass, abundance and species richness were highest in the northern and western North Sea, off the west coast of Scotland and south coast of Ireland. Crustacean-feeder biomass, abundance and species richness increased moving north across the study area.</p>

¹ Although all guilds had notable prey contributions of crustaceans, crustacean-feeders in particular had the highest % biomass of the crustaceans Gammaridae, Cancriidae, Pandalidae and Crangonidae classified as ‘other’ using World Register of Marine Species functional group classifications. We will further resolve these other prey before March 2022.

		<p>And piscivore biomass, abundance and species richness was high in the western North Sea, in the northern Celtic Seas and Bay of Biscay.</p> <p><i>Temporal change in guild biomasses</i></p> <p>Temporal trends in planktivore responses were patchy but broadly decreasing (Fig. 5). Benthivore biomass showed decreasing trends in the north of the study region, but increases in the south. Crustacean-feeder responses were decreasing in the North Sea but increasing in the northern Celtic Seas. And piscivore responses were broadly increasing across the study region but with small areas of decline in the western North Sea and off the north coast of Ireland.</p>
<p>Results (extended)</p>	<p>Text</p>	
<p>Results (figures & tables)</p>	<p>Text</p>	<div style="text-align: center;"> </div> <p>Fig. 3. Differences between guilds in predator length, individual prey mass, predator-prey mass ratio (PPMR), and % biomass contribution of different prey functional groups. Values are based on means taken across species size classes (Table 1), error bars represent standard error.</p>



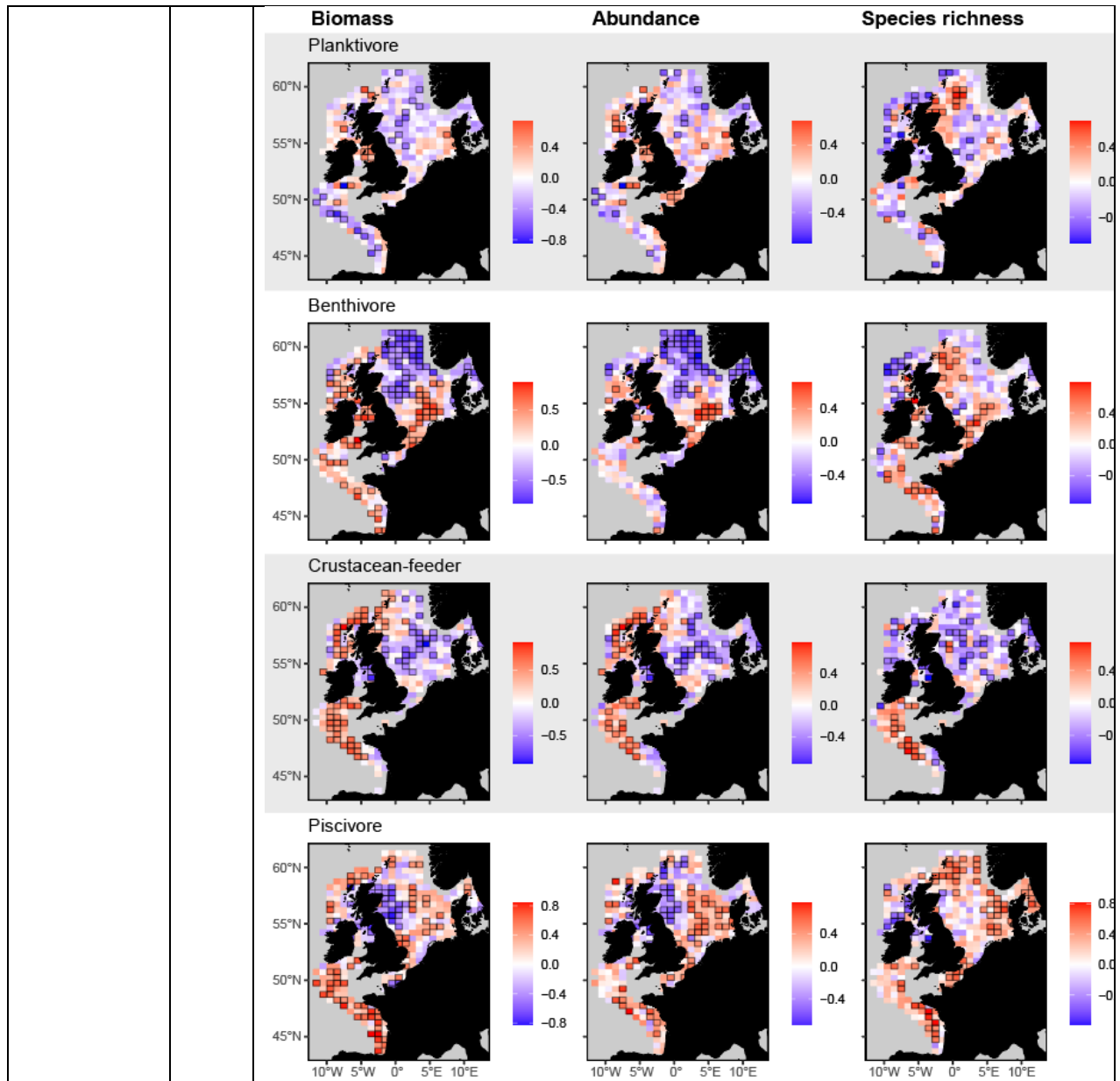


Fig. 5. Temporal change in feeding guild responses per ICES statistical rectangle between 1997–2016 based on GOV quarter 1 and 4 survey data, where increases in indicators are shown by red cells (Pearson’s correlation values between 0 and +1) and declines in blue cells (correlation values between 0 and -1). ICES statistical rectangles where the temporal change (correlation) is significant are highlighted with black borders.

Table 1. Species, size class (Size, i.e. log10 size-bin), guild (Plank = planktivore, Benth = benthivore, Crust = crustacean-feeder, Pisc = piscivore), predator-prey mass ratio (log10 transformed PPMR), mean observed predator size (cm), and the distribution of stomach samples by species size class (*n*) in the newly compiled dataset.

Species	Size	Guild	PPMR	cm	<i>n</i>
<i>Agonus cataphractus</i>	11	Benth	3.25	8.94	122
<i>Alosa aestivalis</i>	13	Crust	3.34	18.07	105

		<i>Alosa pseudoharengus</i>	13	Crust	4.41	23.22	95
		<i>Alosa sapidissima</i>	13	Crust	4.07	24.55	72
		<i>Amblyraja radiata</i>	12	Benth	3.86	17.34	57
		<i>Amblyraja radiata</i>	13	Benth	3.67	29.02	1108
		<i>Amblyraja radiata</i>	14	Crust	4.24	45.92	3138
		<i>Anarhichas lupus</i>	14	Crust	4.84	50.87	93
		<i>Argentina sphyraena</i>	12	Plank	3.11	18.99	60
		<i>Arnoglossus imperialis</i>	12	Benth	2.28	13.39	33
		<i>Arnoglossus laterna</i>	11	Benth	2.51	9.7	132
		<i>Arnoglossus laterna</i>	12	Benth	2.76	12.95	139
		<i>Callionymus lyra</i>	12	Benth	2.88	17.1	740
		<i>Callionymus lyra</i>	13	Benth	2.96	22.73	1330
		<i>Centropristis striata</i>	13	Crust	3.9	25.39	1007
		<i>Chelidonichthys cuculus</i>	11	Benth	2.26	9.8	75
		<i>Chelidonichthys cuculus</i>	12	Benth	2.67	13.16	963
		<i>Chelidonichthys cuculus</i>	13	Benth	3	22.93	4016
		<i>Chelidonichthys cuculus</i>	14	Benth	3.2	35.88	68
		<i>Chelidonichthys lucerna</i>	13	Benth	2.84	27.33	932
		<i>Chelidonichthys lucerna</i>	14	Benth	2.66	39.11	306
		<i>Chelidonichthys lucerna</i>	15	Benth	2.67	68.1	30
		<i>Chelidonichthys obscurus</i>	12	Benth	2.92	15.33	82
		<i>Chelidonichthys obscurus</i>	13	Benth	3.43	24.62	522
		<i>Ciliata mustela</i>	12	Benth	2.35	16.66	64
		<i>Citharichthys arctifrons</i>	12	Crust	3.32	11.31	575
		<i>Clupea harengus</i>	10	Plank	3.46	5.27	32
		<i>Clupea harengus</i>	11	Plank	4.45	10.67	268
		<i>Clupea harengus</i>	12	Plank	4.15	16.21	252
		<i>Clupea harengus</i>	13	Plank	5.6	27.25	2254
		<i>Clupea harengus</i>	14	Plank	6.03	36.21	171
		<i>Conger conger</i>	12	Benth	2.31	31.15	654
		<i>Conger conger</i>	13	Pisc	2.82	46.1	7585
		<i>Conger conger</i>	14	Pisc	2.6	70.79	299
		<i>Coris julis</i>	12	Benth	2.58	15.2	230
		<i>Coris julis</i>	13	Plank	2.89	34.61	441
		<i>Coris julis</i>	14	Benth	3.39	21.58	110
		<i>Cynoscion regalis</i>	13	Pisc	3.48	26.04	1755
		<i>Dicentrarchus labrax</i>	12	Benth	3.16	14.59	39
		<i>Dicentrarchus labrax</i>	13	Benth	2.45	21.97	144
		<i>Dicentrarchus labrax</i>	14	Benth	2.65	42.31	51
		<i>Dipturus laevis</i>	15	Crust	3.83	66.75	2313
		<i>Echiichthys vipera</i>	12	Pisc	2.38	12.84	383
		<i>Enchelyopus cimbrius</i>	12	Crust	3.6	20.33	187

		<i>Engraulis encrasicolus</i>	12	Pisc	1.89	18.19	72
		<i>Etmopterus spinax</i>	12	Plank	2.24	19.96	202
		<i>Etmopterus spinax</i>	13	Plank	2.51	31.16	251
		<i>Eutrigla gurnardus</i>	11	Benth	2.44	9.14	30
		<i>Eutrigla gurnardus</i>	12	Benth	3	15.9	6336
		<i>Eutrigla gurnardus</i>	13	Pisc	3.22	24.72	10677
		<i>Eutrigla gurnardus</i>	14	Pisc	2.93	38.21	464
		<i>Gadus morhua</i>	8	Plank	1.68	1.51	30
		<i>Gadus morhua</i>	9	Plank	2.74	2.63	147
		<i>Gadus morhua</i>	10	Plank	3.13	4.19	621
		<i>Gadus morhua</i>	11	Plank	2.77	8.39	2356
		<i>Gadus morhua</i>	12	Plank	2.96	15.53	7988
		<i>Gadus morhua</i>	13	Benth	3.34	27.75	23662
		<i>Gadus morhua</i>	14	Pisc	3.96	49.21	53863
		<i>Gadus morhua</i>	15	Pisc	4.09	79.12	23692
		<i>Gadus morhua</i>	16	Pisc	3.34	124.79	671
		<i>Gaidropsarus macrophthalmus</i>	11	Benth	1.87	10.31	205
		<i>Gaidropsarus macrophthalmus</i>	12	Benth	2.24	13.98	587
		<i>Galeus melastomus</i>	12	Plank	2.26	22.49	1116
		<i>Galeus melastomus</i>	13	Plank	2.81	38.91	1919
		<i>Galeus melastomus</i>	14	Plank	3.11	59.38	751
		<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	13	Crust	4.25	33.86	666
		<i>Gobius paganellus</i>	11	Benth	2.21	5.04	38
		<i>Helicolenus dactylopterus</i>	11	Plank	1.73	6.4	55
		<i>Helicolenus dactylopterus</i>	12	Benth	2.45	12.51	1310
		<i>Helicolenus dactylopterus</i>	13	Benth	2.81	18.7	1830
		<i>Helicolenus dactylopterus</i>	14	Benth	3.1	31.66	153
		<i>Hemitripterus americanus</i>	14	Pisc	3.06	30.94	2386
		<i>Hippoglossoides platessoides</i>	12	Benth	3.28	15.9	154
		<i>Hippoglossoides platessoides</i>	13	Crust	4.25	26.28	2215
		<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	15	Crust	3.5	57.94	222
		<i>Hoplostethus mediterraneus</i>	12	Plank	2.3	13.57	46
		<i>Hoplostethus mediterraneus</i>	13	Plank	2.78	22.62	49
		<i>Hyperoplus lanceolatus</i>	12	Pisc	3.28	23.14	297
		<i>Hyperoplus lanceolatus</i>	13	Pisc	2	29.45	133
		<i>Illex illecebrosus</i>	13	Benth	4.22	20.42	37
		<i>Leiostomus xanthurus</i>	13	Crust	4.51	17.1	109
		<i>Lepidopus caudatus</i>	13	Plank	2.63	58.59	140
		<i>Lepidorhombus boscii</i>	11	Benth	2.23	10.51	151
		<i>Lepidorhombus boscii</i>	12	Benth	2.6	15.99	13164
		<i>Lepidorhombus boscii</i>	13	Benth	2.65	24.08	14641
		<i>Lepidorhombus boscii</i>	14	Benth	2.99	36.74	51

		<i>Lepidorhombus whiffiagonis</i>	11	Pisc	1.83	11.02	47
		<i>Lepidorhombus whiffiagonis</i>	12	Pisc	2.44	17.19	2389
		<i>Lepidorhombus whiffiagonis</i>	13	Pisc	2.58	26.44	8826
		<i>Lepidorhombus whiffiagonis</i>	14	Pisc	2.69	41.14	465
		<i>Lepophidium profundorum</i>	12	Crust	3.54	22.02	316
		<i>Leucoraja erinacea</i>	14	Crust	4.06	38.26	20847
		<i>Leucoraja garmani</i>	13	Crust	3.61	34.29	614
		<i>Leucoraja naevus</i>	13	Benth	3.1	33.2	238
		<i>Leucoraja naevus</i>	14	Pisc	3.35	51.27	567
		<i>Leucoraja ocellata</i>	14	Crust	4.26	60.35	9144
		<i>Limanda ferruginea</i>	13	Crust	4.81	31.95	2249
		<i>Limanda limanda</i>	11	Benth	3.77	7.92	62
		<i>Limanda limanda</i>	12	Benth	3	15.89	1018
		<i>Limanda limanda</i>	13	Benth	3.39	21.9	3788
		<i>Limanda limanda</i>	14	Benth	2.34	34.54	98
		<i>Lipophrys pholis</i>	10	Benth	2.3	3.75	10
		<i>Lophius americanus</i>	14	Pisc	3	41.9	2789
		<i>Lophius budegassa</i>	12	Pisc	1.74	11.74	168
		<i>Lophius budegassa</i>	13	Pisc	2.17	19.32	217
		<i>Lophius budegassa</i>	14	Pisc	2.4	37.77	371
		<i>Lophius budegassa</i>	15	Pisc	2.62	63.99	62
		<i>Lophius piscatorius</i>	12	Pisc	1.97	13.19	145
		<i>Lophius piscatorius</i>	13	Pisc	2.08	19.21	1288
		<i>Lophius piscatorius</i>	14	Pisc	2.07	41.9	698
		<i>Lophius piscatorius</i>	15	Pisc	2.35	78.63	224
		<i>Macrozoarces americanus</i>	14	Crust	4.88	43	1207
		<i>Malacoraja senta</i>	13	Crust	3.85	38.3	1339
		<i>Mallotus villosus</i>	12	Plank	2.5	15.4	2186
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	9	Plank	2.88	2.58	31
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	10	Plank	3.14	4.18	138
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	11	Plank	3.55	8.61	365
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	12	Benth	3.58	14.77	10632
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	13	Benth	3.76	27.39	22840
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	14	Crust	4.71	40.7	13881
		<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	15	Benth	4.39	72.38	236
		<i>Menticirrhus saxatilis</i>	13	Crust	3.61	23.17	82
		<i>Merlangius merlangus</i>	9	Plank	3.04	2.84	257
		<i>Merlangius merlangus</i>	10	Plank	3.31	3.98	746
		<i>Merlangius merlangus</i>	11	Plank	3.51	7.21	1467
		<i>Merlangius merlangus</i>	12	Plank	3.8	15.44	30595
		<i>Merlangius merlangus</i>	13	Pisc	3.61	27.61	66919
		<i>Merlangius merlangus</i>	14	Pisc	3.22	39.63	4483

		<i>Merluccius albidus</i>	13	Crust	2.81	27.38	104
		<i>Merluccius bilinearis</i>	13	Crust	3.74	25.01	11793
		<i>Merluccius merluccius</i>	11	Plank	1.63	10.01	494
		<i>Merluccius merluccius</i>	12	Pisc	1.98	14.61	9151
		<i>Merluccius merluccius</i>	13	Pisc	2	27.41	7456
		<i>Merluccius merluccius</i>	14	Pisc	2.19	43.41	2058
		<i>Merluccius merluccius</i>	15	Pisc	2.73	86.49	58
		<i>Microchirus variegatus</i>	12	Benth	3.19	12.21	45
		<i>Micromesistius poutassou</i>	12	Plank	3.21	16.81	3072
		<i>Micromesistius poutassou</i>	13	Plank	3.68	24.39	4249
		<i>Micropogonias undulatus</i>	13	Crust	3.75	24.57	209
		<i>Microstomus kitt</i>	13	Benth	4.4	25.58	166
		<i>Microstomus kitt</i>	14	Benth	4.88	37.37	130
		<i>Molva macrophthalma</i>	12	Pisc	1.78	24.33	993
		<i>Molva macrophthalma</i>	13	Pisc	2.24	36.83	131
		<i>Molva macrophthalma</i>	14	Pisc	3.21	78.25	37
		<i>Morone saxatilis</i>	15	Pisc	3.6	64.78	633
		<i>Mullus surmuletus</i>	12	Benth	2.81	13.5	172
		<i>Mullus surmuletus</i>	13	Benth	3.3	22.95	942
		<i>Mullus surmuletus</i>	14	Benth	3.29	31.7	77
		<i>Mustelus asterias</i>	14	Benth	2.04	93.34	32
		<i>Mustelus canis</i>	14	Crust	3.83	83.49	3983
		<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	13	Crust	3.33	24.66	6531
		<i>Nezumia aequalis</i>	12	Benth	2.5	6.83	68
		<i>Pagellus acarne</i>	13	Benth	3.48	25.67	770
		<i>Pagellus acarne</i>	14	Benth	3.44	31.84	615
		<i>Pagellus erythrinus</i>	13	Benth	3.24	24.44	113
		<i>Pagellus erythrinus</i>	14	Benth	2.99	36.55	122
		<i>Paralichthys dentatus</i>	14	Pisc	3.15	39.98	2551
		<i>Paralichthys oblongus</i>	13	Crust	3.21	27.44	4730
		<i>Peprilus triacanthus</i>	12	Crust	4.16	12.89	540
		<i>Phycis blennoides</i>	12	Benth	2.57	17.2	1199
		<i>Phycis blennoides</i>	13	Benth	2.83	25.11	584
		<i>Phycis blennoides</i>	14	Benth	3.02	41.16	96
		<i>Platichthys flesus</i>	10	Benth	2.36	3.87	524
		<i>Platichthys flesus</i>	11	Benth	2.93	7.02	120
		<i>Platichthys flesus</i>	12	Benth	3.46	11.91	94
		<i>Platichthys flesus</i>	13	Benth	3.75	20.69	1071
		<i>Pleuronectes platessa</i>	11	Benth	3.21	6.76	398
		<i>Pleuronectes platessa</i>	12	Benth	3.22	13.25	1828
		<i>Pleuronectes platessa</i>	13	Benth	3.51	25.25	7117
		<i>Pleuronectes platessa</i>	14	Benth	3.41	38.95	1606

		<i>Pollachius pollachius</i>	13	Plank	3.67	28.43	110
		<i>Pollachius pollachius</i>	14	Pisc	3.28	51.39	42
		<i>Pollachius virens</i>	10	Plank	3.17	4.12	61
		<i>Pollachius virens</i>	13	Pisc	3.48	29.28	272
		<i>Pollachius virens</i>	14	Pisc	4.34	47.67	8201
		<i>Pollachius virens</i>	15	Pisc	3.85	81.62	1570
		<i>Pollachius virens</i>	16	Pisc	4.28	125	211
		<i>Pomatomus saltatrix</i>	14	Pisc	3.11	35.96	2006
		<i>Pomatoschistus minutus</i>	10	Benth	3.44	4.88	347
		<i>Pomatoschistus minutus</i>	11	Benth	3.5	5.89	64
		<i>Prionotus carolinus</i>	13	Crust	3.8	20.15	976
		<i>Prionotus evolans</i>	13	Crust	3.24	25.14	392
		<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	14	Crust	4.8	31.02	2436
		<i>Raja clavata</i>	12	Benth	2.86	18.51	154
		<i>Raja clavata</i>	13	Benth	3.2	30.64	1511
		<i>Raja clavata</i>	14	Benth	3.11	53.04	3115
		<i>Raja clavata</i>	15	Benth	3.16	77.93	662
		<i>Raja eglanteria</i>	14	Crust	3.48	58.11	1430
		<i>Raja montagui</i>	13	Benth	3.26	32.23	558
		<i>Raja montagui</i>	14	Benth	3.32	51.78	1512
		<i>Salmo trutta</i>	14	Pisc	4.89	40.6	36
		<i>Scomber scombrus</i>	12	Plank	3.24	17.6	421
		<i>Scomber scombrus</i>	13	Plank	5.65	29.69	12131
		<i>Scomber scombrus</i>	14	Plank	5.94	39.2	5589
		<i>Scophthalmus aquosus</i>	13	Crust	3.48	25.51	4573
		<i>Scophthalmus maximus</i>	11	Benth	2.08	6.91	185
		<i>Scophthalmus maximus</i>	12	Pisc	2.5	10.63	109
		<i>Scophthalmus maximus</i>	14	Pisc	2.47	35.77	2060
		<i>Scophthalmus maximus</i>	15	Pisc	2.47	52.49	563
		<i>Scophthalmus rhombus</i>	11	Benth	2.36	6.81	31
		<i>Scophthalmus rhombus</i>	12	Pisc	2.32	11.77	96
		<i>Scophthalmus rhombus</i>	13	Pisc	2.79	23.62	220
		<i>Scophthalmus rhombus</i>	14	Pisc	2.58	35.91	1111
		<i>Scorpaena notata</i>	12	Benth	2.28	12.46	56
		<i>Scorpaena notata</i>	13	Benth	2.36	16.26	36
		<i>Scyliorhinus canicula</i>	12	Plank	2.33	22.63	1234
		<i>Scyliorhinus canicula</i>	13	Benth	2.64	37.94	6735
		<i>Scyliorhinus canicula</i>	14	Benth	2.86	54.46	5915
		<i>Sebastes fasciatus</i>	13	Crust	4.06	26.39	496
		<i>Solea solea</i>	12	Benth	3.63	20.04	224
		<i>Solea solea</i>	13	Benth	3.65	26.22	452
		<i>Solea solea</i>	14	Benth	3.95	37.14	39

		<i>Spondyliosoma cantharus</i>	13	Benth	2.97	23.24	128
		<i>Spondyliosoma cantharus</i>	14	Benth	3	33.34	172
		<i>Sprattus sprattus</i>	11	Plank	4.19	8.96	652
		<i>Sprattus sprattus</i>	12	Plank	4.22	12.24	322
		<i>Squalus acanthias</i>	13	Benth	2.6	36.13	57
		<i>Squalus acanthias</i>	14	Pisc	3.74	68.5	9892
		<i>Squalus acanthias</i>	15	Pisc	2.56	92.9	40
		<i>Stenotomus chrysops</i>	13	Crust	4.56	15.79	704
		<i>Tautogolabrus adspersus</i>	13	Crust	4.66	24.44	84
		<i>Trachinus draco</i>	13	Pisc	2.61	24.74	187
		<i>Trachurus trachurus</i>	12	Plank	3.81	15.18	246
		<i>Trachurus trachurus</i>	13	Plank	4.62	28.62	2498
		<i>Trachurus trachurus</i>	14	Plank	4.84	37.33	205
		<i>Trigla lyra</i>	12	Benth	2.55	12.18	731
		<i>Trigla lyra</i>	13	Benth	2.99	24.84	572
		<i>Trisopterus esmarkii</i>	10	Plank	3.67	4.71	46
		<i>Trisopterus esmarkii</i>	11	Plank	2.93	9.92	831
		<i>Trisopterus esmarkii</i>	12	Plank	3.44	14.98	730
		<i>Trisopterus esmarkii</i>	13	Plank	3.27	20.87	118
		<i>Trisopterus luscus</i>	12	Benth	2.88	14.57	813
		<i>Trisopterus luscus</i>	13	Benth	3.02	23.63	3142
		<i>Trisopterus luscus</i>	14	Benth	2.99	33.5	207
		<i>Trisopterus minutus</i>	11	Plank	2	8.81	32
		<i>Trisopterus minutus</i>	12	Benth	2.84	14.69	1509
		<i>Trisopterus minutus</i>	13	Benth	2.91	19.95	884
		<i>Urophycis chuss</i>	13	Crust	3.83	29.02	6895
		<i>Urophycis regia</i>	13	Crust	3.56	23.57	4854
		<i>Urophycis tenuis</i>	14	Crust	3.54	42.9	4715
		<i>Zenopsis conchifer</i>	14	Pisc	2.45	27.95	130
		<i>Zeus faber</i>	11	Pisc	1.83	6.6	39
		<i>Zeus faber</i>	12	Pisc	1.99	11.52	510
		<i>Zeus faber</i>	13	Pisc	2.4	21.3	946
		<i>Zeus faber</i>	14	Pisc	2.41	38.04	626
Conclusion (brief) 200 words	Text	This pilot assessment shows that fish populations and their diversity are changing at different rates and even in different directions across the food web across OSPAR Regions. For instance, spatially extensive decreases in the biomass and species richness of consumers lower in the food web (planktivores, benthivores, crustacean-feeders) contrasted with increases in those higher up (piscivores). This demonstrates that the dominant energy pathways upon which species rely are already altering. Such changes could impact nutrient uptake and transfer efficiency across the food web, on feeding conditions for commercial fish species, higher predators (birds and mammals) and alter the extent of natural pressure on fish prey (e.g. plankton, benthos).					

Conclusion (extended)	Text	
Knowledge Gaps (brief) 100 words	Text	<ul style="list-style-type: none"> • Feeding guild responses to environmental and anthropogenic pressures were not considered here but will be in future (e.g. following Thompson et al., 2020, 2021) • The knock-on effects of change in feeding guilds across assemblages (plankton, benthos, top-predators) requires further research. • Assessing change in guilds in OSPAR areas with corresponding fish diet information (e.g. Spain, Iceland) will be attempted before October 2022. Where diet data are not yet available (e.g. Portugal), feeding guilds will be inferred based on data from adjacent areas. • Morphological analysis of stomach contents may under-sample certain prey, e.g. those comprised of only soft tissues. • Top-predators (e.g. seabirds, cetaceans) and organisms lower in the food web (e.g. benthos, plankton) have not yet been classified into guilds but diet databases for such taxa do exist and could be included in future. • Pelagic fish species and juvenile fish are under-sampled using trawls. Acoustic methods and catchability corrections can be applied to address some of these issues, but have not yet been applied at the scale of the OSPAR area.
Knowledge Gaps (extended)	Text	
References	Text	<p>Barnes, C., Maxwell, D., Reuman, D. C., & Jennings, S. (2010). Global patterns in predator-prey size relationships reveal size dependency of trophic transfer efficiency. <i>Ecology</i>, <i>91</i>(1), 222–232. https://doi.org/10.1890/08-2061.1</p> <p>Binzer, A., Guill, C., Rall, B. C., & Brose, U. (2016). Interactive effects of warming, eutrophication and size structure: Impacts on biodiversity and food-web structure. <i>Global Change Biology</i>, <i>22</i>(1), 220–227. https://doi.org/10.1111/gcb.13086</p> <p>Blanchard, J. L., Law, R., Castle, M. D., & Jennings, S. (2011). Coupled energy pathways and the resilience of size-structured food webs. <i>Theoretical Ecology</i>, <i>4</i>(3), 289–300. https://doi.org/10.1007/s12080-010-0078-9</p> <p>Brose, U., Archambault, P., Barnes, A. D., Bersier, L. F., Boy, T., Canning-Clode, J., Conti, E., Dias, M., Digel, C., Dissanayake, A., Flores, A. A. V., Fussmann, K., Gauzens, B., Gray, C., Häußler, J., Hirt, M. R., Jacob, U., Jochum, M., Kéfi, S., ... Iles, A. C. (2019). Predator traits determine food-web architecture across ecosystems. <i>Nature Ecology and Evolution</i>, <i>3</i>(6), 919–927. https://doi.org/10.1038/s41559-019-0899-x</p> <p>Brose, U., Ehnes, R. B., Rall, B. C., Vucic-Pestic, O., Berlow, E. L., & Scheu, S. (2008). Foraging theory predicts predator-prey energy fluxes. <i>Journal of Animal Ecology</i>, <i>77</i>(5), 1072–1078. https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2008.01408.x</p> <p>Brose, U., Williams, R. J., & Martinez, N. D. (2006). Allometric scaling enhances stability in complex food webs. <i>Ecology Letters</i>, <i>9</i>(11), 1228–1236. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00978.x</p> <p>Cheung, W. W. L., Lam, V. W. Y., Sarmiento, J. L., Kearney, K., Watson, R., & Pauly, D. (2009). Projecting global marine biodiversity impacts under climate change scenarios. <i>Fish and Fisheries</i>. https://doi.org/10.1111/j.1467-2979.2008.00315.x</p> <p>Cheung, W. W. L., Sarmiento, J. L., Dunne, J., Frölicher, T. L., Lam, V. W. Y.,</p>

	<p>Palomares, M. L. D., Watson, R., & Pauly, D. (2013). Shrinking of fishes exacerbates impacts of global ocean changes on marine ecosystems. <i>Nature Climate Change</i>, 3(3), 254–258. https://doi.org/10.1038/nclimate1691</p> <p>Fernandes, J. A., Rutterford, L., Simpson, S. D., Butenschön, M., Frölicher, T. L., Yool, A., Cheung, W. W. L., & Grant, A. (2020). Can we project changes in fish abundance and distribution in response to climate? <i>Global Change Biology</i>, 26(7), 3891–3905. https://doi.org/10.1111/gcb.15081</p> <p>Garrison, L. P., & Link, J. S. (2000a). Dietary guild structure of the fish community in the Northeast United States continental shelf ecosystem. <i>Marine Ecology Progress Series</i>, 202, 231–240. https://doi.org/10.3354/meps202231</p> <p>Garrison, L. P., & Link, J. S. (2000b). Fishing effects on spatial distribution and trophic guild structure of the fish community in the Georges Bank region. <i>ICES Journal of Marine Science</i>, 57(3), 723–730. https://doi.org/10.1006/jmsc.2000.0713</p> <p>Hiddink, J. G., & ter Hofstede, R. (2008). Climate induced increases in species richness of marine fishes. <i>Global Change Biology</i>, 14(3), 453–460. https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2007.01518.x</p> <p>Jones, M. C., & Cheung, W. W. L. (2015). Multi-model ensemble projections of climate change effects on global marine biodiversity. <i>ICES Journal of Marine Science</i>, 72(3), 741–752. https://doi.org/10.1093/icesjms/fsu172</p> <p>Kortsch, S., Primicerio, R., Fossheim, M., Dolgov, A. V., & Aschan, M. (2015). Climate change alters the structure of arctic marine food webs due to poleward shifts of boreal generalists. <i>Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences</i>, 282(1814). https://doi.org/10.1098/rspb.2015.1546</p> <p>Magurran, A. E., Dornelas, M., Moyes, F., Gotelli, N. J., & McGill, B. (2015). Rapid biotic homogenization of marine fish assemblages. <i>Nature Communications</i>, 6, 2–6. https://doi.org/10.1038/ncomms9405</p> <p>McCann, K., Hastings, A., & Huxel, G. R. (1998). Weak trophic interactions and the balance of nature. <i>Nature</i>, 395(6704), 794–798. https://doi.org/10.1038/27427</p> <p>Moriarty, M., Greenstreet, S. P. ., & Rasmussen, J. (2017). Derivation of Groundfish Survey Monitoring and Assessment Data Products for the Northeast Atlantic Area. Scottish Marine and Freshwater Science Report. <i>Scottish Marine and Freshwater Science</i>, 8(16). https://doi.org/10.7489/1984-1</p> <p>Otto, S. B., Rall, B. C., & Brose, U. (2007). Allometric degree distributions facilitate food-web stability. <i>Nature</i>, 450(7173), 1226–1229. https://doi.org/10.1038/nature06359</p> <p>Perry, A. L., Low, P. J., Ellis, J. R., & Reynolds, J. D. (2005). Climate change and distribution shifts in marine fishes. <i>Science</i>, 308(5730), 1912–1915. https://doi.org/10.1126/science.1111322</p> <p>Petchey, O. L., Beckerman, A. P., Riede, J. O., & Warren, P. H. (2008). Size, foraging, and food web structure. <i>Proceedings of the National Academy of Sciences</i>. https://doi.org/10.1073/pnas.0710672105</p> <p>Queirós, A. M., Fernandes, J., Genevier, L., & Lynam, C. P. (2018). Climate change alters fish community size-structure, requiring adaptive policy targets. <i>Fish and Fisheries</i>, 19(4), 613–621. https://doi.org/10.1111/faf.12278</p> <p>R Development Core Team. (2018). R: A language and environment for statistical computing. In <i>Vienna, Austria</i>. https://doi.org/R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL http://www.R-project.org.</p> <p>Reum, J. C. P., Holsman, K. K., Aydin, K. Y., Blanchard, J. L., & Jennings, S.</p>
--	---

		<p>(2019). Energetically relevant predator–prey body mass ratios and their relationship with predator body size. <i>Ecology and Evolution</i>, 9(1), 201–211. https://doi.org/10.1002/ece3.4715</p> <p>Rooney, N., McCann, K., Gellner, G., & Moore, J. C. (2006). Structural asymmetry and the stability of diverse food webs. <i>Nature</i>, 442(7100), 265–269. https://doi.org/10.1038/nature04887</p> <p>Scharf, F. S., Juanes, F., & Rountree, R. A. (2000). Predator size - Prey size relationships of marine fish predators: Interspecific variation and effects of ontogeny and body size on trophic-niche breadth. <i>Marine Ecology Progress Series</i>, 208, 229–248. https://doi.org/10.3354/meps208229</p> <p>Schneider, F. D., Brose, U., Rall, B. C., & Guill, C. (2016). Animal diversity and ecosystem functioning in dynamic food webs. <i>Nature Communications</i>, 7(1), 1–8. https://doi.org/10.1038/ncomms12718</p> <p>Schneider, F. D., Scheu, S., & Brose, U. (2012). Body mass constraints on feeding rates determine the consequences of predator loss. <i>Ecology Letters</i>, 15(5), 436–443. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01750.x</p> <p>Simpson, S. D., Jennings, S., Johnson, M. P., Blanchard, J. L., Schön, P. J., Sims, D. W., & Genner, M. J. (2011). Continental shelf-wide response of a fish assemblage to rapid warming of the sea. <i>Current Biology</i>, 21(18), 1565–1570. https://doi.org/10.1016/j.cub.2011.08.016</p> <p>Thompson, M. S. A., Couce, E., Webb, T. J., Grace, M., Cooper, K. M., & Schratzberger, M. (2021). What's hot and what's not: Making sense of biodiversity 'hotspots.' <i>Global Change Biology</i>, 27(3), 521–535. https://doi.org/10.1111/gcb.15443</p> <p>Thompson, M. S. A., Pontalier, H., Spence, M. A., Pinnegar, J. K., Greenstreet, S. P. R., Moriarty, M., Hélaouët, P., & Lynam, C. P. (2020). A feeding guild indicator to assess environmental change impacts on marine ecosystem structure and functioning. <i>Journal of Applied Ecology</i>. https://doi.org/10.1111/1365-2664.13662</p> <p>Trebilco, R., Baum, J. K., Salomon, A. K., & Dulvy, N. K. (2013). Ecosystem ecology: Size-based constraints on the pyramids of life. In <i>Trends in Ecology and Evolution</i> (Vol. 28, Issue 7, pp. 423–431). https://doi.org/10.1016/j.tree.2013.03.008</p> <p>Wang, S., & Brose, U. (2018). Biodiversity and ecosystem functioning in food webs: the vertical diversity hypothesis. <i>Ecology Letters</i>, 21(1), 9–20. https://doi.org/10.1111/ele.12865</p> <p>Woodward, G., Ebenman, B., Emmerson, M., Montoya, J. M., Olesen, J. M., Valido, A., & Warren, P. H. (2005). Body size in ecological networks. <i>Trends in Ecology and Evolution</i>, 20(7), 402–409. https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.04.005</p>
--	--	---

9.1.1 Assessment Metadata

Greyed cells in 'Explanation' are to be completed by the Secretariat.

Field	Data Type	
Assessment type	List	Candidate indicator pilot assessment Quality Status Report 2023

Field	Data Type	
Summary Results (template Addendum 1)	URL	NA
SDG Indicator	List	
Thematic Activity	List	Biological Diversity and Ecosystems - Targeted actions for the protection and conservation of species, habitats and ecosystem processes
Relevant OSPAR Documentation	Text	
Contributor	Text	Dr Murray SA Thompson, Cefas
Metadata date	Date	07/03/2022
Linkage	URL	<p>The feeding guild publication this candidate indicator pilot assessment developed from: A feeding guild indicator to assess environmental change impacts on marine ecosystem structure and functioning - Thompson - 2020 - Journal of Applied Ecology - Wiley Online Library</p> <p>Open access pre-print: Microsoft Word - Thompson et al Feeding guilds preprint (researchgate.net)</p> <p>Survey data were downloaded from: Derivation of Groundfish Survey Monitoring and Assessment Data Product for the Northeast Atlantic Area Marine Scotland Data Publications</p>
N Lat	Number	61.25 (to be adjusted when new survey data, e.g. Icelandic, are available)
E Lon	Number	12.5
S Lat	Number	43.75 (to be adjusted when new survey data, e.g. Icelandic, Portuguese, and Spanish, are available)
W Lon	Number	-11.5 (to be adjusted when new survey data, e.g. Icelandic, Portuguese, and Spanish, are available)
Date of publication	Date	
Conditions applying to access and use	URL	
Lineage	URL	
Data Snapshot	URL	Survey data were downloaded from: Derivation of Groundfish Survey Monitoring and Assessment Data Product for the Northeast Atlantic Area Marine Scotland Data Publications
Data Results	Zip File	
Data Source	URL	

