„Du bist, was du isst:
Applikation konzentrationsbasierter Mischungsmodelle auf Stabilisotopen-Daten aus archäologischen Skelettfunden zur Rekonstruktion früher Wirtschaftsökonomie“

Dissertation an der Fakultät für Biologie

der Ludwig-Maximilians-Universität München

vorgelegt von

Sidney Viviane Sebald

München, 26. Mai 2021

Diese Dissertation wurde unter der Leitung von Frau Prof. Dr. Gisela Grupe an der Ludwig-Maximilians-Universität München an der Fakultät für Biologie am Department für Anthropologie und Humangenomik angefertigt.

Die vorliegende Arbeit wurde zwischen September 2018 und August 2021 von der Studienstiftung des deutschen Volkes gefördert.

Erstgutachterin: Prof. Dr. Gisela Grupe

Zweitgutachterin: Prof. Dr. Angelika Böttger

Tag der Abgabe: 26. Mai 2021

Tag der mündlichen Prüfung: 23. November 2021

Erklärung:

Hiermit versichere und erkläre ich an Eides statt, dass diese Dissertation selbstständig und ohne unerlaubte Hilfsmittel von mir verfasst wurde. Die Dissertation wurde weder in Teilen noch ganz anderen Prüfungskommissionen vorgelegt. Ich habe in keiner Form zu einem früheren Zeitpunkt eine Dissertation erfolglos eingereicht oder mich einer Doktorprüfung erfolglos unterzogen.

München, 26. Mai 2021
Sidney Viviane Sebald

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung 1

1 Einleitung 3

1.1 Ernährung des Menschen 4

1.2 Wandel der Ernährung 7

1.2.1 Domestikation von Pflanzen 8

1.2.2 Domestikation von Tieren 9

1.3 Die Anfänge des Neolithikums: der fruchtbare Halbmond 11

1.3.1 Die Ankunft des Neolithikums in Europa: Griechenland 12

1.3.2 Die holprige Entwicklung des Neolithikums am Eisernen Tor – Serbien 14

1.4 Zeitsprung ins Mittelalter – Deutschland 15

1.4.1 Von Bauern, Königen und Bischöfen: soziale Stratifizierung und ihre Folgen für die mittelalterliche Ernährung 16

1.4.2 Stadtluft macht frei? Lebensbedingungen im Mittelalter 20

1.5 Zeitzeugen Knochen: Stoffliche Zusammensetzung 25

1.6 Isotope: Hintergrund und Nutzen 27

1.6.1 Definition 27

1.6.2 Das leichte Element Kohlenstoff 29

1.6.3 Das leichte Element Stickstoff 34

1.7 Mischungsmodelle 37

1.7.1 Fraktionierung und An- bzw. Abreicherung im Konsumenten 37

1.7.2 Bivariate Auswertung vs. Konzentrationsabhängigkeit 39

1.8 Zielsetzung und Bedeutung dieser Arbeit 41

2 Material 43

2.1 Türkei 44

2.2 Griechenland 46

2.2.1 Alepotrypa 46

2.2.2 Franchthi 47

2.2.3 Mavropigi 48

2.2.4 Theopetra 48

2.2.5 Xirolimni 49

2.3 Serbien 50

2.3.1 Lepenski Vir 50

2.3.2 Vlasac 51

2.4 Deutschland: Spätantike und Frühmittelalter 52

2.4.1 Bruckmühl ... 52
2.4.2 Erding ... 53
2.4.3 Ingolstädter Raum ... 55
2.4.4 Kelheim ... 57
2.4.5 Straubing ... 58
2.4.6 Unterigling ... 60
2.5 Deutschland: Hoch-/Spätmittelalter ... 62
2.5.1 Regensburg ... 62
2.5.2 Zeholfing ... 64
3 Methoden ... 65
3.1 Erstellen von Mischungsmodellen ... 65
3.1.1 Konsumenten ... 65
3.1.2 Tiere ... 66
3.1.3 Pflanzen ... 67
3.1.4 Konzentrationswerte ... 68
3.2 Einzugsbereiche ... 69
3.3 Statistik ... 72
3.4 Mischungsmodelle: Programme ... 74
3.4.1 IsoConc ... 74
3.4.2 MixSIAR ... 75
3.4.3 SISUS ... 80
4 Ergebnisse ... 85
4.1 Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentration ... 85
4.2 Türkei ... 86
4.3 Griechenland ... 94
4.3.1 Alepotrypa ... 94
4.3.2 Franchthi ... 101
4.3.3 Mavropigi ... 108
4.3.4 Theopetra ... 115
4.3.5 Xirolimni ... 121
4.3.6 Kurzfazit: Griechenland ... 125
4.4 Serbien ... 126
4.4.1 Lepenski Vir ... 126
4.4.2 Vlasac ... 136
4.4.3 Kurzfazit: Eisernes Tor ... 146
4.5 Einzugsbereiche ... 147

4.6 Deutschland: Spätantike – Erding - Klettham 149
4.7 Deutschland: Frühmittelalter 156
4.7.1 Das frühmittelalterliche Nahrungsnetz (Bayern) 156
4.7.2 Bruckmühl 157
4.7.3 Erding – Altenerding 167
4.7.4 Ingolstadt-Etting und Großmehring 176
4.7.5 Kelheim 188
4.7.6 Straubing 193
4.7.7 Unterigling 204
4.8 Deutschland: Hoch-/Spätmittelalter 213
4.8.1 Regensburg 213
4.8.2 Zeholfing 223
5 Diskussion 233
5.1 Mischungsmodelle 233
5.1.1 Programmvergleich 233
5.1.2 Konzentrationsberechnung 237
5.2 Ausreißer und in der Isotopie auffällige Individuen 239
6 Diskussion: Auswertung der Fundorte 240
6.1 Die Ernährung und Ökonomie im Neolithikum 240
6.2 Auffällige Individuen und Gruppierungen der neolithischen Fundorte 248
6.2.1 Türkei 248
6.2.2 Griechenland 250
6.2.3 Serbien: das Eiserne Tor 251
6.3 Bayern im Mittelalter 253
6.3.1 Einzugsbereiche 253
6.3.2 Soziale Stratifizierung und Entwicklungen in mittelalterlichen Siedlungen 254
6.4 Auffällige und besondere Individuen der spätantiken und mittelalterlichen Fundorte 262
6.4.1 Spätantike und Frühes Mittelalter 262
6.4.2 Hoch- und Spätmittelalter 269
6.5 Vorteile und Grenzen des Isotopic Sourcing 270
7 Conclusio: Die Bedeutung von Ernährungsrekonstruktion und Mischungsmodellen 272
8 Quellenverzeichnis 276
8.1 Literatur 276
8.2 Programme 293
9 Appendix 294
9.1 Tabellen 294

9.1.1 Daten: Tiere und Pflanzen 294
9.1.2 Daten: Bodengüte und Einzugsbereiche 316
9.1.3 Statistik 318
9.1.4 Ergebnisse der Mischungsmodelle (Populationsmediane) 344
9.2 Abbildungen 362
9.2.1 Türkei 362
9.2.2 Griechenland 402
9.2.3 Serbien 508
9.2.4 Deutschland – Spätantike 572
9.2.5 Deutschland – Frühmittelalter 580
9.2.6 Deutschland – Hoch-/Spätmittelalter 737
10 Danksagung 800
Curriculum Vitae 801
Publikationen 802

Zusammenfassung

Die Bestimmung stabiler Isotope im Knochenkollagen archäologischer Skelettfunde zur Ernährungsrekonstruktion ist seit Jahrzehnten fester Bestandteil der prähistorischen Anthropologie.
In der Ökologie stehen mittlerweile verschiedene Programme zur Erstellung von Mischungsmodellen basierend auf stabilen C- und N-Isotopen ($\delta^{13}C$, $\delta^{15}N$) zur Verfügung, mit deren Hilfe wesentliche Komponenten der Grundnahrung des Konsumenten durch Simulation quantifiziert werden können, sogenanntes *Isotopic Sourcing*. In der Anthropologie wurden Mischungsmodelle ebenfalls erfolgreich eingesetzt. Dennoch setzt sich die Nutzung von Isotopen-Mischungsmodellen in der Bioarchäologie derzeit eher zögerlich durch. Zum Teil wird die Ernährungsrekonstruktion sogar als nicht durchführbar angesehen.
Zum gegenwärtigen Zeitpunkt existiert eine Fülle an bereits publizierten Isotopendaten zur Ernährungsrekonstruktion, welche jedoch bisher nur bivariat im linearen System ausgewertet wurden.
Das Dissertationsvorhaben besitzt daher zwei thematische Abschnitte:

1) Die Re-Evaluation vorhandener Isotopiedaten archäologischer Skelettfunde mit dem Ziel, über die Ernährungsrekonstruktion Aussagen über die vergangene Wirtschaftsökonomie und Lebensweise vorzunehmen
2) Die Verwendung von verschiedenen Mischungsmodellen und die anschließende Bewertung hinsichtlich archäologischer Fragestellungen

Für den ersten Abschnitt werden aus den vorhandenen und publizierten Isotopendaten zwei zeitliche Schwerpunkte gesetzt. Hierbei liegt einer der Schwerpunkte auf der Entwicklung des Neolithikums und dessen Verbreitung in Europa, abgedeckt durch Fundorte in der Türkei (Nevalı Çori), Griechenland (Alepotrypa, Franchthi, Mavropigi, Theopetra, Xirolimni) und Serbien (Lepenski Vir, Vlasac). Der zweite Schwerpunkt liegt auf der Spätantike und dem Mittelalter in Bayern. Sowohl Isotopendaten aus der Spätantike (Erding-Klettham), aus dem Frühmittelalter (Bruckmühl, Erding-Altenerding, Großmehring, Ingolstadt-Etting, Kelheim Straubing, Unterigling), wie auch aus dem Hoch-/Spätmittelalter (Regensburg, Zeholfing) stehen hierbei zur Auswertung zur Verfügung. Dieser Zeitabschnitt soll hinsichtlich sozialer Unterschiede näher untersucht werden.
Im Rahmen des zweiten Abschnitts wird untersucht, welche Software-Programme für bioarchäologische Fragestellungen geeignet sind. Stabile Isotope haben in der Bioarchäologie einen ausgeprägten Proxycharakter, weshalb die Rekonstruktionen mit verschiedenen Softwares (IsoConc, MixSIAR, SISUS) erstellt und die Vor- und Nachteile für deren Verwendung in der prähistorischen Anthropologie herausgearbeitet wurden.
Die Auswertung hat ergeben, dass konzentrationsbasierte Mischungsmodelle für die Auswertung von Isotopendaten von archäologischen Skelettfunden sinnvoll sind. Hierbei zeigen die neolithischen

Fundorte untereinander Parallelen aber auch Differenzen auf, die einen Blick auf die Kulturverbreitung erlauben. In der Türkei gab es einen primär vegetarischen Ernährungsstil, während Fleisch eine stark untergeordnete Rolle spielte. Die Individuen der griechischen Fundorte wiesen ebenfalls einen hohen Anteil von Pflanzen in der alltäglichen Ernährung auf, doch Fleisch wurde regelmäßig konsumiert. Hierbei dienten gleichermaßen domestizierte Tiere und Wild als Fleischquelle. Die Auswertung der türkischen und griechischen Fundorte, in denen das neolithische Paket vollends entwickelt war, zeigen, dass domestizierte Tiere nicht nur zur Fleischversorgung gehalten wurden und dass Jagd immer noch Teil des Lebensstils war. Die serbischen Fundorte hingegen, die den Übergang zwischen Mesolithikum und Neolithikum abbilden, beweisen, dass sich das neolithische Paket nicht abrupt durchsetzte, sondern sich nur sehr langsam an die lokalen Gegebenheiten anpasste, womöglich aufgrund ökologischer Unterschiede. Die Ernährung basierte primär auf aquatischen Ressourcen aus der an den Fundorten gelegenen Donau, doch auch Wild und Pflanzen konnten als Nahrungsquellen festgestellt werden. In der Spätantike und im Frühmittelalter ist Fleisch ein wichtiger Teil der Ernährung, bei der sich mittlerweile ein typisch omnivorer Ernährungsstil entwickelt hat, mit einem durchschnittlichen Verhältnis von pflanzlichen und tierischen Proteins von 50:50. Im Hoch- und Spätmittelalter entwickelte sich Fleisch zur dominanten Proteinquelle. Die Unterscheidung zwischen sozial schwachen und sozial höher gestellten Schichten war nicht differenziert ausgeprägt, sondern fließend. Hierbei stößt man bei den mittelalterlichen Daten an die Grenzen des Isotopic Sourcing, da Einflussfaktoren wie Qualität und Saisonalität nicht erkannt werden können.

Bezüglich der Programme gibt es einige klare Resultate. IsoConc ist nur für eine erste Einschätzung zu empfehlen, um einen groben Überblick über die geeigneten Endpunkte des Nahrungsnetzes zu gewinnen und den Kontext der Individuen im Netz einzuschätzen. Für die Individualanalyse ist IsoConc jedoch ungeeignet. MixSIAR und SISUS hingegen sind vollends für die Individualanalyse geeignet. Darüber hinaus sind beide Programme auch für die Quantifizierung der einzelnen Nahrungsquellen einsetzbar. Die manuelle Auswertung sollte allerdings nicht vollständig durch Mischungsmodelle ersetzt werden, da ansonsten einige Informationen verloren gehen. Es ist vielmehr eine notwendige Ergänzung, die neue Details und nähere Hinweise auf die Lebens- und Wirtschaftsweise vergangener Populationen liefern kann.

1 Einleitung

In der Anthropologie und Bioarchäologie ist die Ernährungsrekonstruktion eine etablierte Methode, die für Populationsstudien unumgänglich ist, denn Ernährungsrekonstruktion spiegelt mehr als nur die Ernährung einer Population oder eines Individuums wider. Sie erlaubt vielmehr einen Blick auf den Alltag der Menschen, denn die Ernährung reflektiert auch eine Reihe an menschlichen Verhaltensweisen und sogar Einflüssen wie Technologie, Kultur, Populationsdruck und Ressourcennutzung in einer Umgebung (Starkovich und Ntinou 2017). Dazu zählt auch die Wirtschaftsweise der Menschen, ebenso wie Anbau und Zucht bestimmter Pflanzen und Tiere, sowie deren Nutzung und Bedeutung. Allein deshalb ist die Isotopenanalyse eine bedeutende Methode.

Ernährungsrekonstruktion bietet außerdem die Möglichkeit, zeitliche Abschnitte genauer zu betrachten, und erlaubt einen Einblick in Populationen vergangener Epochen, beispielsweise die Veränderung der Ernährung im Neolithikum (Datierung: 8000 - 2200 v.Chr.; Grupe et al. 2012): die Menschheit wurde sesshaft und begann Tiere und Pflanzen zu domestizieren. Dieser Schritt bedeutete fundamentale kulturelle Änderungen für die Menschen, welche in der Forschung selbst heute noch einige Fragen aufwerfen. Wie wurde die neolithische Kultur in die Lebensweise der mesolithischen (Datierung: 8000 - 4000 v.Chr.; Grupe et al. 2012) Menschen adaptiert? Wie genau spiegelt sich dieser Schritt in der Ernährung wider? Gerade im Hinblick auf die Ernährung, in welcher domestizierte Tiere ab dem Neolithikum aufgrund der Haltung von ebendiesen Tieren eine geregelte Fleischressource darstellen, keimt der Gedanke auf, dass ab diesem Zeitpunkt die Jagd auf wilde Tiere abrupt aufhörte, der Fleischkonsum aber dennoch stieg. Hat sich die neolithische Bevölkerung also lieber auf die Domestikation von Tieren konzentriert und weniger auf den Pflanzenanbau?

Auch in späteren Epochen, in welchen sich soziale Strukturen aufgebaut und Gesellschaften etabliert haben, stellt sich die Frage nach der Ernährung und wie sie sich in diesen sozialen Strukturen widerspiegelt. Im Mittelalter beispielsweise herrschen verschiedenen soziale Ebenen, die sich in ihrer Ernährung unterscheiden. Gerade im Mittelalter, in welchem sich der Ackerbau weiter fortentwickelte und sich der globale Handel formte, ist ein Blick auf die alltägliche Nahrung und somit auch auf die Lebensmittelversorgung für die Anthropologie und Archäologie förderlich.

Zur Auswertung und Beantwortung solcher Forschungsfragen wurden in den letzten Jahren einige Ansätze zur Interpretation von Isotopendaten entwickelt, die von der Interpretation eines bivariaten Plots bis zu ausgearbeiteten Programmen reichten. Ohne die richtige Auswertungsmethode besteht die Möglichkeit, dass die Isotopendaten im schlimmsten Fall falsch interpretiert werden, was folglich zu falschen Ergebnissen führen kann. Ziel dieser Arbeit ist es daher, gängige Auswertungsmethoden zu vergleichen und bereits erhobene Daten vergangener Populationen im Hinblick auf deren Ernährung und ihre Wirtschaftsweise zu reevaluieren.

1.1 Ernährung des Menschen

Menschen und alle weiteren Säugetiere sind auf den ständigen Umsatz der Zellen angewiesen, um ihren Stoffwechsel oder auch - im Falle von homoiothermen Lebewesen - die Thermoregulation der Körperkerntemperatur aufrecht zu erhalten (Betz et al. 2007, Silbernagl et al. 2018). Diese müssen folglich mit Energie und nötigen Baustoffen, die in Stoffwechselvorgängen oder durch Ausscheidung aufgebraucht wurden, versorgt werden. Essen ist daher essentiell, da es zur Nährstoffaufnahme und folglich zur Energiegewinnung dient (Betz et al. 2007, Vaupel et al. 2015).

Der Mensch ist ein omnivores Lebewesen, d.h. er ernährt sich von tierischen Produkten wie Fleisch, Milch oder Ei, sowie von pflanzlichen Erzeugnissen. In einer ausgewogenen Kombination der Nahrungslieferanten kann der Mensch alle nötigen Nährstoffe aufnehmen, um den Körper mit ausreichend Stoff und Energie zu versorgen. Bei einer einseitigen Ernährung können Baustoffe fehlen und die Magen-Darm-Funktion sowie andere Körperfunktionen werden beeinträchtigt (Betz et al. 2007).

Der Energiebedarf eines Menschen ist von mehreren Faktoren abhängig. So wirken sich das Alter, das Geschlecht, das Gewicht und die Größe eines Individuums sowie die Intensität körperlicher Aktivität auf den Bedarf aus. Der Umsatz bei körperlicher Aktivität wird daher aufgeteilt in Grundumsatz und Arbeitsumsatz. Der Grundumsatz hängt von den oben genannten individuellen Faktoren sowie weiteren Parametern ab. Geistige Tätigkeit, Hyperthyreose (Überfunktion der Schilddrüse) und auch Fieber steigern den Grundumsatz, wohingegen Schlaf den Umsatz senkt. Im Durchschnitt erreicht man (ausgehend von einem Mann) bei einem Körpergewicht von 70 kg eine Verbrennung von 1700 kcal/Tag. Bei einer Frau mit gleichem Körpergewicht ist der Umsatzwert 10 bis 20 % geringer (Betz et al. 2007, Elmadfa und Leitzmann 2004, Schwegler und Lucius 2016). Der Grundumsatz nimmt ebenso wie der allgemeine Kalorienbedarf mit zunehmendem Alter ab (Mederer 1965). Um den Grundumsatz zu decken, wird eine bestimmte Menge an Energie aus der Nahrung benötigt. Diese Menge nennt man Erhaltungsumsatz (Schwegler und Lucius 2016). Von Arbeitsumsatz spricht man, wenn körperliche Arbeit stattfindet, wodurch der Energiebedarf und folglich der Kalorienbedarf ansteigen.

Die drei wichtigsten Stoff- und Energielieferanten, die man in der Nahrung findet, sind die Makronährstoffe Kohlenhydrate, Fette und Proteine. Zu einer ausgewogenen Ernährung gehören neben diesen Bestandteilen noch Mikronährstoffe wie Vitamine, Mineralstoffe und Spurenelemente. Kohlenhydrate, wie zum Beispiel Zucker oder Stärke, liefern ungefähr 4 kcal/g und sind ein gut zugänglicher und leicht verwertbarer Energielieferant. Man unterscheidet hierbei Monosaccharide, Disaccharide, Oligosaccharide und Polysaccharide (Betz et al. 2007, Elmadfa und Leitzmann 2004, Vaupel et al. 2015). Über den Darm können nur Monosaccharide aufgenommen werden, weshalb

Disaccharide, Oligosacchariden und Polysaccharide gespalten werden müssen, bevor der Darm sie aufnehmen kann (Betz et al. 2007, Binder und Mansbach 2016, Gekle 2014).

Proteine, auch Eiweiße genannt, besitzen circa 4 kcal/g Energie. Sie sind ein Aminosäurelieferant, versorgen also den Körper mit Aminosäuren, die zur Synthese körpereigener Proteine benötigt werden. Der menschliche Körper benötigt zur Proteinsynthese 20 Aminosäuren, von denen jedoch acht essentiell sind, d.h. nicht selbst produziert werden können. Proteine sind jedoch bioverfügbar und können daher mit der Nahrung aufgenommen werden (Betz et al. 2007, Elmadfa und Leitzmann 2004). Hierbei ist es wichtig, sich ausgewogen und vielseitig zu ernähren: Getreide hat meist wenig Lysin und Bohnen wenig Methionin. Kombiniert man diese Nahrungsmittel also, sind sie für den Menschen nahrhafter (Anderson 2005).

Neben den essentiellen Aminosäuren (Valin, Leucin, Isoleucin, Methionin, Phenylalanin, Tryptophan, Threonin, Lysin) gibt es auch noch bedingt essentielle und semiessentielle Aminosäuren. Die bedingt essentiellen Aminosäuren Histidin und Arginin sind nur unter bestimmten Bedingungen wie einer Schwangerschaft essentiell. Semiessentielle Aminosäuren (Tyrosin, Cystein) können zwar vom Körper selbst produziert werden, allerdings sind essentielle Aminosäuren zur Herstellung nötig (Horn et al. 2005).

Die energiereichsten Makronährstoffe sind Fette, die ungefähr 9 kcal/g liefern. Fette sind in der Nahrung in Form von Lipiden und Fettderivaten vertreten, die aus pflanzlichen und tierischen Quellen stammen können (Binder und Mansbach 2016, Faller et al. 2004, Schwegler und Lucius 2016). Sie sind hauptsächlich Energielieferanten bzw. Energiereserven. Weiterhin liefern sie dem Körper essentielle Fettsäuren, die Membranlipide der Zellen bilden und Cholesterin enthalten, welches für die Membran und Hormonvorläufer benötigt wird (Horn et al. 2005). Darüber hinaus spielen Fette in der Resorption von fettlöslichen Vitaminen eine wichtige Rolle. Mit Hilfe von Fetten können die fettlöslichen Vitamine vollständig vom Magen-Darm-Trakt aufgenommen werden. Vitamine sind organische Stoffe, die zwar per se keine Energie liefern, aber dennoch lebensnotwendig sind (Vaupel et al. 2015). Sie kommen in wasserlöslicher und fettlöslicher Form vor (Gekle et al. 2015). Im tierischen Körper sind Vitamine an katalytischen Reaktionen beteiligt und sind daher Wirkstoffe im Stoffwechsel. Zum Beispiel sind sie Teil des Metabolismus von Kohlenhydraten, Fetten und Proteinen (Binder und Mansbach 2016). Der allgemeine Vitaminbedarf eines Individuums ist abhängig von Geschlecht, Alter und auch physiologischen Faktoren wie körperliche Belastung oder Ernährung (Vaupel et al. 2015). Ein Vitaminmangel kann zu schweren Krankheitsbildern führen. Zum Beispiel führt ein Mangel von Vitamin C zu Skorbut oder erhöhter Anfälligkeit für Infektionen und bei unzureichender Aufnahme von Vitamin D kommt es bei Kindern zu Rachitis und bei Erwachsenen zu Osteomalazie (Haas 1979, Vaupel et al. 2015).

Weitere Nährstoffe, die keine Energie liefern, aber dennoch für den Organismus unabdingbar sind, sind die Gruppe der Mineralstoffe. Diese lassen sich anhand ihrer Konzentration in Mengenelemente (mehr als 50 mg/kg) und Spurenelemente (weniger als 50 mg/kg) unterteilen. Mengenelemente, wie Kalzium, Schwefel, Natrium und Chlor sind unter anderem Teil des Aufbaus und möglicher Remodellierung von Knochen und Zähnen, sie aktivieren Enzyme, regulieren den Wasserhaushalt und vieles mehr. Spurenelemente, zu denen Iod, Fluor und viele Metalle wie Eisen, Kupfer und Zink zählen, haben unterschiedliche Aufgaben. Zum Beispiel ist Eisen der Molekülkern des Hämo- und Myoglobins im Blut und somit ein wichtiger Bestandteil des Sauerstofftransportes. Bei unzureichender Zufuhr kann es zu Mangelerscheinungen kommen. Zink ist wichtig für das Zellwachstum und das Immunsystem, aber auch notwendig für eine effiziente Hormonfunktion (Betz et al. 2007, Elmadfa und Leitzmann 2004, Faller und Schünke 2004, Schwegler und Lucius 2016, Ullrey 2009).

Ein weiterer Bestandteil der Nahrung sind Ballaststoffe. Meist sind es unverdauliche pflanzliche Kohlenhydrate wie Zellulose. Zwar kann der menschliche Körper sie nicht weiterverarbeiten, doch dafür fördern sie die Darmtätigkeit und haben einen hohen Sättigungseffekt (Elmadfa und Leitzmann 2004, Schwegler und Lucius 2016).

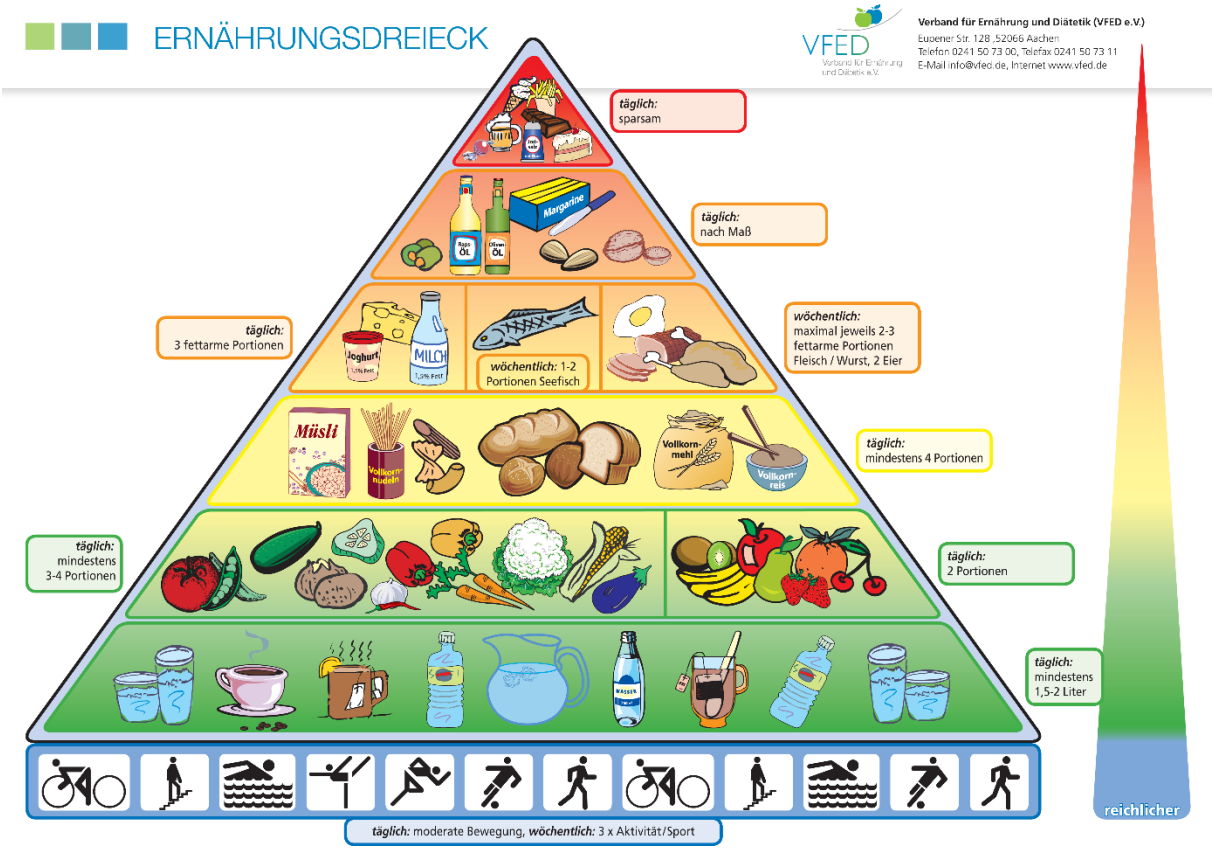


Abbildung 1: Nahrungsmittel und deren Mengenempfehlung in Form eines Ernährungsdreieck eines gesunden Erwachsenen (VFED 2020) (mit freundlicher Genehmigung des Verbands für Ernährung und Diätetik e.V.).

Laut der Deutschen Ernährungsgesellschaft (DGE) setzt sich eine ausgewogene und vollwertige Ernährung aus einer dem Energiebedarf angeglichenen Energiezufuhr und ausreichend Flüssigkeit

zusammen. Dabei sollen die Nährstoffe alle notwenigen Spurenelemente, Vitamine und Ballaststoffe liefern. Darüber hinaus wird für eine gesunde Ernährung empfohlen, dass die aufgenommenen Energielieferanten in einem ausgewogenen Verhältnis stehen und mit Bedacht gewählt und konsumiert werden. Bei einem gesunden erwachsenen Menschen besteht eine ausgewogene, gesunde Ernährung aus der Aufnahme von ungefähr 60 % Kohlenhydraten, 25 % Fetten und 15 % Protein (Horn et al. 2005).

Das Hauptaugenmerk der Ernährung liegt auf pflanzlichen Produkten wie Obst und Gemüse und in geringeren Maßen auf stärkehaltigen Nahrungsmitteln wie Getreide, Reis, Kartoffeln. Von tierischen Produkten wird aber keineswegs abgeraten, doch es sollte in Maßen verzehrt werden, ebenso wie Fette pflanzlichen oder tierischen Ursprungs. Ungesunde Produkte wie Alkohol, Süßigkeiten und Fast Food sollten nur selten und sparsam konsumiert werden (Abb. 1). Es wird, u.a. von der WHO (World Health Organisation) empfohlen, die Ernährung auf 50 bis 60 % Kohlenhydraten, auf mindestens 10 bis 15 % Eiweiß und maximal 30 bis 35 % Fett aufzubauen (Schwegler und Lucius 2016, Vaupel et al. 2015). Darüber hinaus wird dazu geraten, viel Gemüse, Früchte und Getreideprodukte zu essen und Zucker nur in Maßen zu verzehren (Tortora und Derrickson 2011). Zudem ist es wichtig, genug Flüssigkeit aufzunehmen, insbesondere kalorienarme Getränke wie Wasser oder Tee. Es wird empfohlen zwischen 1,5 und 2 Liter am Tag zu trinken (Abb. 1; VFED 2020).

Die omnivore Ernährungsweise des Menschen erlaubt es ihm, mehrere Ressourcen zu nutzen, gegebenenfalls auf Alternativen zurückzugreifen oder gar auf bestimmte Nahrungsmittel zu verzichten. Dementsprechend sind Nahrungsweisen wie Pescetarismus über Vegetarismus bis hin zum Veganismus möglich.

1.2 Wandel der Ernährung

Lässt man soziale Ungleichheit im Kontext der Nahrungsverteilung außen vor, sind Nahrungsmittel heutzutage sehr leicht zugänglich und lässt den in Industrienationen lebenden Menschen, was Ernährung betrifft, viel Spielraum. Der Zugang, den der Mensch mittlerweile zu Lebensmitteln hat, ist historisch betrachtet eine langwierige Entwicklung und ein Ereignis, das die Menschheit stark prägte: die Domestikation. Was genau aber macht die Domestikation von Pflanzen wie auch von Tieren zu einem so ausschlaggebenden Ereignis? Aktive Beeinflussung und Nutzung der Natur findet in unterschiedlichen Formen statt. Man unterscheidet begrifflich hierbei zwischen Domestikation, Kultivierung, Herdenhaltung und Agrikultur. *Domestikation* beschreibt den biologischen Prozess von Tier- und Pflanzenhaltung wie Veränderungen im Phänotyp (z.B. Fell, Fleisch, Größe). *Kultivierung* hingegen bezeichnet den kulturellen Zusammenhang und schließt aktive Planungen ein. Dazu zählen das Bestellen der Felder, Mähen, Ernten und die Lagerung der Ernte. *Herdenhaltung* ist ebenfalls ein kultureller Begriff und ist bezeichnend für die Interaktion zwischen Mensch und Tier. Die Bezeichnung

Agrikultur ist ein allgemeiner Begriff für sämtliche Interaktionen von Menschen, Tieren und Pflanzen. Darüber hinaus werden hiermit auch Umweltveränderungen und Technologien beschrieben, die hierfür nötig sind (Scarre 2013).

1.2.1 Domestikation von Pflanzen

Domestikation von Pflanzen bedeutet, Pflanzen zu reproduzieren. Die erfolgreiche Pflanzendomestikation und -haltung hängt von mehreren Faktoren ab. Pflanzen benötigen eine ihnen angenehme Temperatur bzw. allgemein günstige Klimabedingungen. Um Pflanzen erfolgreich zu reproduzieren, müssen ihnen ausreichend Wasser und Nährstoffe zur Verfügung stehen. Wenn diese nicht von Natur aus vorhanden sind, kann der Mensch nachhelfen. Durch Dünger können Pflanzen mit Nährstoffen versorgt oder bei trockenen Zeiten die Pflanze gewässert werden. Der positive Einfluss des Menschen reicht aber weit über diese aktive Hilfe hinaus. Durch die menschliche Einwirkung haben die domestizierten Pflanzen ein höherer Nährwert im Gegensatz zu ihren wilden Artgenossen. Zudem bekommen sie eine bessere Pflanzungsbasis und sie sind allgemein toleranter in ihrem Pflanzungsbereich, welcher hierdurch vergrößert wird (Zeder et al. 2006). Dafür muss allerdings gegeben sein, dass der Mensch nahe bei den bepflanzten Flächen bleibt, um eine stetige Versorgung der Pflanzen zu garantieren. Ob nun Sesshaftigkeit durch diese Kontrollfunktion des Menschen entstanden ist oder Sesshaftigkeit zur Pflanzenhaltung geführt hat, lässt sich nur schwer beantworten. Pflanzen ertragen durch den Menschen nicht nur schwierigere Umweltbedingungen, sondern gewinnen auch neue morphologische Eigenschaften. Im Laufe der Domestikation haben Samen sowohl ihre Ausbreitungsmechanismen wie auch ihre Keimungsinhibition und -ruhe verloren. Gerade der Verlust der Keimungsruhe unterstützte die Entwicklung, dass es in der Pflanze zu einer schnellen und simultanen Keimung kam. Darüber hinaus kam es zu Formveränderung in den Pflanzen. Die Samen wurden größer und bündelten sich in Einheiten, die man auch als „Pakete“ beschreiben könnte (Fuller 2007, Zeder et al. 2006). Allein bei der erhöhten Samengröße merkt man, dass es sich bei der Mensch-Pflanzen-Symbiose nicht um eine einseitige Beziehung handelt, da Menschen ebenso dadurch profitieren. Durch einen stabilen Pflanzenanbau wird die Nahrungsversorgung mit pflanzlichen Produkten gesichert, was wiederum Populationswachstum ermöglicht (Zeder et al. 2006).

Die Domestikation von Pflanzen lässt sich grob in vier Stufen untergliedern (Fuller 2007):

Stufe 1 - wilde Pflanzen: es handelt es sich um die Subsistenzstrategie, die man als Sammeln wilder Pflanzen beschreibt.

Stufe 2 - Ausbeutung von Wildpflanzen: in dieser Stufe finden sich die Anfänge der Kultivierung

Stufe 3 – Systematische Kultivierung: in diesem Schritt kommt es zu einer aktiven Kultivierung von Pflanzen

Stufe 4 – Agrikultur von domestizierten Pflanzen

Die ersten Anzeichen für die Domestikation von Pflanzen datieren auf ca. 9000 v. Chr. in Regionen des Nahen Ostens (Cunliffe 2008, Diamond 1997, Fuller 2007, Kislev und Bar-Yosef 1988). In Europa und Asien waren Weizensorten wie Emmer (*Triticum dicoccum*), Einkorn (*Triticum monococcum*) und Gerste (*Hordeum vulgare*) sowie verschiedene Arten von Hülsenfrüchten, darunter Ackerbohnen (*Vicia Faba*), Erbsen (*Pisum sativum*), Linsen (*Lens culinaris*) und auch Kichererbsen (*Cicer arietinum*) die ersten domestizierten Pflanzen (Kislev und Bar-Yosef 1988, Nesbitt 1995, Nitsch et al. 2017, Perlès 2001, Valamoti 2007, Zohary und Hopf 2000). Die frühe Pflanzendomestikation neigte zu Pflanzenarten mit hohem Stärkegehalt. Es wurden jedoch auch Öl- und Faserpflanzen wie Lein (*Linum usitatissimum*) angebaut (Zohary und Hopf 2000).

Zur Interpretation der Ernährung werden die archäobotanischen Funde ebenfalls benötigt. Hierbei muss man allerdings einige Faktoren beachten. Das, was in Lagern oder Kochstätten gefunden wird, muss nicht zwangsläufig gegessen worden sein. Es ergibt sich allein aus dem Fund, dass das was übrig ist, offensichtlich nicht verzehrt wurde. Pflanzen wurden obendrein nicht nur als Nahrungsmittel verwendet, sondern wurden auch als Faser- oder Baustoff für Kleidung oder Betten genutzt (Savard et al. 2006). Im pflanzlichen Fundgut kommt es außerdem zur Unterrepräsentanz von fragilen Pflanzen oder Pflanzenteilen, die Kochprozessen oder diagenetischen Prozessen unterlagen. Nichtsdestotrotz sind die Pflanzenüberreste am jeweiligen Fundort repräsentativ. Sind Pflanzen nur selten verzehrt oder verwendet worden, werden sich diese dementsprechend nur in geringer Zahl im Fundgut widerspiegeln (Savard et al. 2006).

1.2.2 Domestikation von Tieren

Die Domestikation von Tieren ist trotz ähnlicher Prozesse deutlich komplexer als die von Pflanzen. Es gelten andere Voraussetzungen, um Tiere erfolgreich zu domestizieren. Im Grundgedanken sind die beiden Fälle dennoch gleich: es soll eine gute und kontinuierliche Versorgung mit Ressourcen gewährleistet werden, die zugleich einfacher als das Jagen wilder Tiere ist. Auf der Jagd müssen Jäger für gewöhnlich nach Erbeutung eines entsprechend großen Tieres entscheiden, welche Teile des Tieres sie transportieren und welche Teile der Beute sie zurücklassen, was zu einem großen Verlust an Nahrung führen kann. Die Entscheidung hängt von mehreren Faktoren ab, unter anderem der Größe des Tieres, der Entfernung vom Tötungsort zur Heimatsiedlung, aber auch, wie dringend das Fleisch benötigt wird. Hat man also die ausführliche Zusammensetzung des archäozoologischen Fundguts, besonders die der Wildtiere, kann auf den priorisierten Transport von Fleisch zur Siedlung durch Jäger rückgeschlossen werden (Starkovich und Stiner 2009). Es ist also deutlich einfacher, Tiere vor Ort zu halten.

Eine bis heute ungeklärte Frage ist der genaue Ablauf der Domestikation. Die Dreistufentheorie aus der Antike, die davon ausgeht, dass der Mensch drei Entwicklungsstadien durchmachte, nämlich Jäger,

Hirte und Pflanzenbauer (Luke 1989) wurde 1896 von der Theorie von E. Hahn abgelöst. Sein Modell stellte die Theorie auf, dass der Mensch Tiere nicht wegen ihres wirtschaftlichen Nutzens hielt, sondern sich manche Tierarten dem Menschen anschlossen, auch wenn sich Wildtiere in Haltung teils schlechter fortpflanzen. Hahn (1896) konnte sich dies nur dadurch erklären, dass der Mensch bereits eine gute wirtschaftliche Grundlage in Form von Ackerbau entwickelt hatte und die Domestikation von Tieren stemmen konnte. Sein Modell basiert also darauf, dass Pflanzenanbau für die Domestikation von Tieren notwendig war (Hahn 1896 in Luke 1989). In den 1920er Jahren wurde ein Modell von V. G. Childe aufgestellt, bei welchem die Sesshaftigkeit auf bestimmte Umweltfaktoren zurückzuführen ist. Der hierbei entstandene Wirtschaftswechsel im Bereich des sogenannten Fruchtbaren Halbmonds wurde von Childe als „Neolithische Revolution“ bezeichnet (Luke 1989). Das Modell wurde in den 1960er Jahren aber verworfen (Luke 1989), weniger jedoch der Begriff der Neolithischen Revolution und die Zusammenhänge zum Fruchtbaren Halbmond. In den 1960er und 1970er Jahren wurden mehrere Modelle erstellt, die sich mit demographischen Zusammenhängen auseinandersetzen, darunter auch das Modell von M. N. Cohen von 1977. In seinem Modell gibt es in Form von Bevölkerungswachstum einen demographischen Faktor, der eine ständige Entwicklung und Anpassung an das Umfeld erzwingt, z.B. durch eine landwirtschaftliche Lebensweise (Cohen 1977).

Peters et al. stellten 2004 eine logische Reihenfolge vor: Zunächst wurde die Fleischversorgung allein durch Jagd gewährleistet. Domestikation hatte noch nicht stattgefunden. Eine mögliche Weiterentwicklung von diesem Punkt aus wäre, dass die Menschen begannen, wilde Tiere zu kontrollieren, indem sie sich mehrere oder auch nur ein Tier hielten, welches möglicherweise gezähmt war. Darauf folgte die eigentliche Domestikation, nämlich die aktive Kontrolle der Reproduktion der gehaltenen Tiere durch menschlichen Einfluss. In diesem Schritt findet auch eine durch den Menschen hervorgerufene Selektion statt. Im letzten Schritt schließlich liegt der Fokus auf der Haltung der Tiere durch gesteigerten Aufwand, den der Mensch für die Tiere betreibt (Grupe und Peters 2008, Grupe und Peters 2011, Peters et al. 2004). Die erste Idee der Domestikation ist vielleicht nicht auf dem Ziel der Selektion entstanden, hat sich allerdings so ergeben, um mehr Fleisch oder Sekundärprodukte zu erzielen. Die hat jedoch zur Folge, dass sich domestizierte Tiere genetisch von ihren wilden Artgenossen unterscheiden (Harris 1996). Tiere, die domestiziert und gehalten werden bestehen daher aus sich fortpflanzenden und hierdurch erhaltenden Tierpopulationen. Die Erhaltung einer Tierherde wird folglich zu einem Domestikationskriterium (Harris 1996).

Domestikation von Tieren bedeutet für den Menschen, eine ständige Nahrungsversorgung mit Fleisch, aber auch mit sekundären Produkten wie Milch oder Wolle, zu besitzen. Ausnahme bildet hierbei das Schwein, das lediglich für sein Fleisch gehalten wird. Allerdings ist der Preis für diese Versorgung die Pflege der Tiere. Dies kostet den Menschen Energie, Zeit und auch mögliche Nahrungsquellen, die er selbst benötigen würde. Man muss sich daher bewusst sein, dass diese Tiere ein kostbares Gut waren.

Es ist wahrscheinlicher, dass die neolithische Transition langsam stattfand, da Tiere zu Beginn vermutlich zu kostbar waren, um irgendwelche Haltungsversuche mit ihnen durchzuführen.

Zu den ersten domestizierten Tieren gehören Schafe und Ziegen, welche bereits vor knapp 10000 Jahren von Menschen gehalten wurden (Pearson et al. 2007, Peters et al. 2004). Relativ zeitnah wurden auch Rinder und Schweine domestiziert (Peters et al. 1999). Bis heute wurden noch weitere Tiere wie Hühner oder Pferde domestiziert, doch die „*ursprünglichen Vier*“ (Schafe, Ziegen, Rinder, Schweine) haben in den Jahrtausensenden nie an Bedeutung verloren.

Betrachtet man die Anfänge der Domestikation von Pflanzen und Tieren, zeigen sich klare Gemeinsamkeiten, die sich geographisch gesehen auf den sogenannten *Fruchtbaren Halbmond* konzentrieren und sich zeitlich um das Neolithikum bündeln.

1.3 Die Anfänge des Neolithikums: der fruchtbare Halbmond

Abbildung 2: Geographische Lage und Regionen des fruchtbaren Halbmondes (Süß 2007) (mit freundlicher Genehmigung des Erstellers J. Süß)

Natürlich stellen sich bezüglich der Domestikation und der damit einhergehenden Sesshaftigkeit einige Fragen, die sich mit dem „Warum?“ und „Wie?“ befassen, also sich meist mit dem Aufkommen und der Entwicklung auseinandersetzen. Es gibt einige Faktoren, die hierbei eine Rolle spielen. Dazu zählen neben dem Populationswachstum und auch dem sozialen Druck, der damit einhergeht, auch ein geeignetes Klima, die allgemeine Umgebung und deren Tragfähigkeit. Wahrscheinlicher ist eine

Kombination der verschiedenen Faktoren, welche die Entstehung von Domestikation und Sesshaftigkeit begünstigte. Der Prozess, der zum Wandel von Nomadentum zur Sesshaftigkeit führte, wird als *Neolithisierung* oder auch *neolithische Transition* bezeichnet. Sicher ist allerdings, wo und wann die neolithische Kultur entstand. Als Wiege der Sesshaftigkeit und der Startpunkt der neolithischen Transition wird der sogenannte *fruchtbare Halbmond* gesehen (Breasted 1926).

Der fruchtbare Halbmond erstreckt sich von der nördlichen Küstenregion Sinais aus über den Libanon und Syrien, entlang der südlichen Grenze der Türkei und folgt dem Tigris durch den Westen Irans bis in den Süden des Iraks (Thomas 2010). Das Gebiet folgt einer Sichelform, die einem Halbmond ähnelt (Abb. 2) und lässt sich knapp in zwei Zweige unterteilen: Mesopotamien im Osten und die Levante im Westen (Thomas 2010). Die Flüsse, wie der Euphrat im südlichen Tal des Taurusgebirges und der Tigris im östlichen Teil des Halbmondes, sorgen für eine gute Bewässerung und ein fruchtbares Land (Thomas 2010). Der fruchtbare Halbmond ist für die archäologische und anthropologische Forschung ein besonderes Gebiet, da hier durch eine Mischung aus Klimaänderungen und sozialen Strukturen die ersten agrikulturbasierten Siedlungen entstanden (Thomas 2010). Sesshaftigkeit und Landwirtschaft, welche die Haltung und Domestikation von Tieren und Ackerbau kombiniert, breiteten sich entlang des fruchtbaren Halbmondes aus. Im weitesten Sinne ist es das Domestikationsgebiet der heute wichtigsten bäuerlichen Wirtschaftstiere und Nutzpflanzen (Price 2000, von den Driesch 1987) und ist daher ein historisch äußerst wichtiges Gebiet, das durch seine geographische Fächerung eine Vielzahl an Orten einschließt. Darunter auch eine der ersten bekannten Siedlungen, Nevalı Çori, in der heutigen Türkei (Abb. 2).

Man muss sich jedoch vor Augen halten, dass der Übergang der Jäger/Sammler-Kultur zur Sesshaftigkeit/Agrarkultur nicht nach ein paar Jahrzehnten oder Jahrhunderten vollendet war, sondern allein im Nahen Osten 2500 Jahre gedauert hat (von 10000 – 7500 v. Chr.). Ausgehend von Anatolien breitete sich die neolithische Kultur nach Griechenland aus. Ein Blick auf Mittel-, Süd- und Osteuropa, zeigt schnell, dass die Verbreitung des Neolithikums mit knapp 3000 Jahren ebenso lange gedauert hat (Price 2000).

1.3.1 Die Ankunft des Neolithikums in Europa: Griechenland

Humangenetiker konnten den Gentransfer von Anatolien nach Europa, teilweise auch anders herum, nachverfolgen. Hierfür bestehen zwei mögliche Routen: der Wasserweg und der Landriegel am Marmara Meer, welcher heutzutage jedoch nicht mehr existiert. Man geht überwiegend davon aus, dass sich die Kultur über den Landweg verbreitet hat (Haarmann 2012), möchte den Wasserweg jedoch nicht ausschließen (Munro und Stiner 2015).

Die ersten Siedlungsreste mit agrarischem Hintergrund in Europa fanden sich in Griechenland und datieren auf um 7000 v. Chr. zurück, wobei sich die Spuren des präkeramischen Neolithikums in

Griechenland um etwa 6800 v. Chr. häufen (Price 2000, Tringham 2000). Durch die Humangenetik konnte der Grund für die Ankunft des Neolithikums in Griechenland erklärt werden. Durch Migration wurde die neolithische Kultur übertragen, welche sich wiederum an die lokalen Verhältnisse anpasste und nicht eigenständig entwickelte. Schafe waren beispielsweise vor dem Neolithikum in Griechenland nicht heimisch. Diese Tierart muss also im Neolithikum nach Griechenland gebracht worden sein (Munro und Stiner 2015). Der genaue Prozess der Adaptation ist allerdings noch heute nicht geklärt. Näher lässt sich Griechenland in zwei unterschiedliche, geographische Regionen mit unterschiedlichen Voraussetzungen unterteilen: das Festland im Norden und die Küsten-/Inselregion im Süden.

Mit heißen Sommern und milden Wintern, was sich im Allgemeinen als mediterranes Klima beschreiben lässt, weicht das Klima in Griechenland nur leicht von den Klimabedingungen in Anatolien ab. Die Bedingungen für den Anbau von Pflanzen und die Haltung von Tieren sind daher sehr ähnlich und benötigen im Zuge der Neolithisierung verhältnismäßig wenig Anpassung. Dementsprechend finden sich in den neolithischen Siedlungen Griechenlands die gleichen archäobotanischen und archäozoologischen Funde wie in den Regionen des fruchtbaren Halbmondes. So wurden Getreidesorten wie Einkorn, Emmer und weitere Weizensorten, aber auch Gerste angebaut. Daneben finden sich auch Hülsenfrüchte, z.B. Linsen, Kichererbsen und Ackerbohnen (Nitsch et al. 2017; Perlès 2001, Marinova und Ntinou 2017, Papathanasiou et al. 2000, Urem-Kotou und Kotsakis 2007, Valamoti 2007). Im archäobotanischen Fundgut konnten außerdem süße Früchte (Pflaumen, Feigen, Birnen, Äpfel) und Nussfrüchte bestimmt werden (Marinova und Ntinou 2017, Papathanasiou et al. 2000, Urem-Kotou und Kotsakis 2007). Unter den Tierfunden sind verschiedene Wildspezies vertreten, darunter Rothirsch, Rehwild, Wildschwein, Auerochsen und kleinere Spezies (Papathanasiou 2015, Triantaphyllou 2015), sowie domestizierte Tiere, wie z.B. Schaf, Ziege, Schwein und Rind (Halstead 2007, Triantaphyllou 2015, Urem-Kotou und Kotsakis 2007). Domestizierte Haustiere dominieren allerdings das archäozoologische Fundgut (Papathanasiou 2015). Aufgrund seiner langen Küstenregion, hauptsächlich im Süden des Landes, ist es in Griechenland zudem möglich, auf Meerestiere wie Fische und Muscheln zurückzugreifen. Diese sind infolgedessen ebenso im Fundgut vertreten (Mylona 2014, Papathanasiou 2015, Triantaphyllou 2015). Allerdings geht man davon aus, dass Fische nur einen kleinen Teil der Ernährung ausgemacht haben (Papathanasiou 2003). Die Problematik der Repräsentanz bei marinen Ressourcen besteht zum einen darin, dass Fischknochen durch ihre Grazilität meist schlecht überliefert werden. Zum anderen ist das Auffinden von Fischknochen abhängig von der Ausgrabungsmethode z.B. Schlämmen.

1.3.2 Die holprige Entwicklung des Neolithikums am Eisernen Tor – Serbien

Von Griechenland aus breitete sich das Neolithikum in Richtung Mittel- und Osteuropa aus (Abb. 3). Die neolithische Kultur lässt sich in verschiedene Unterkategorien einteilen, welche abhängig von der geographischen Lage sind. Die Karanovo-Kultur findet man in Bulgarien. Die Starčevo-Kultur erstreckt sich über Serbien. Criş schließt Rumänien ein und Köros die frühen neolithischen Fundorte Ungarns (Tringham 2000). Die letzten drei Kulturen werden heute als Starčevo-Criş-Köros-Komplex zusammengefasst und gelten als Vorläuferkultur für die in Westeuropa auftretende neolithische Linienbandkeramik.

Abbildung 3: Ausbreitung des Neolithikums ausgehend von Anatolien über Griechenland und der Balkanhalbinsel (nach Cunliffe 2008). Erstellt mit QGIS und Procreate.

Einer der wichtigsten Knotenpunkte im neolithischen Südosteuropa ist das sogenannte Eiserne Tor. Das Eiserne Tor ist ein Taldurchbruch der Donau an der Grenze zwischen Rumänien und Serbien. Im archäologischen Kontext hatte das Eiserne Tor zwischen dem späten Mesolithikum und dem frühen Neolithikum in Form von Freiluftsiedlungen eine umfassende Besiedlungsgeschichte (Bonsall et al. 2004). Zu den bekanntesten Fundorten dieser Region und des neolithischen Balkans allgemein, gehören Lepenski Vir und das davon nicht weit entfernte Vlasac. In beiden Siedlungen fehlen die Vorläuferformen von domestizierten Haustieren und Kulturpflanzen (Scharl 2004). Ausgehend von den archäologischen Funden wurde dementsprechend davon ausgegangen, dass das neolithische Paket ca. 6200/6300 v. Chr. im Balkan ankam (Borić et al. 2004, Cristiani et al. 2016) und mit ihm die Domestikation von Pflanzen und Tieren. Zahnsteinuntersuchungen, die Typen von

Stärkekörner im Zahnstein u.a. mikroskopisch untersuchen, wiederum zeigen, dass bereits 6600 v. Chr. potentiell domestizierte Süßgräser wie Emmer und Einkorn, Gerste, sowie Leguminosen (z.B. Linsen, Erbsen) konsumiert wurden (Cristiani et al. 2016, Kalicz 1990)

Neben zahlreichen Fischüberresten fand man auch die Knochen von Jagdwild wie Reh, Rothirsch, Wildschwein, Auerochse, Dachs und Biber (Dimitrijević und Vukovic 2012, Dimitrijević et al. 2016, Kalicz 1990, Srejović 1972). Domestizierte Tiere (z.B. Schafe, Ziegen, Rinder und Schwein) spielen erst im Neolithikum eine Rolle und tauchen auch erst dort auf (Kalicz 1990, Wallduck und Bello 2016). Eine Spezies, die jedoch schon im Mesolithikum domestiziert wurde, war der Hund (Dimitrijević und Vukovic 2012).

Aufgrund der günstigen Lage in Flussnähe dürften nicht Pflanzen und Wildsäuger zu den Hauptnahrungsquellen gezählt haben, sondern Fische (Bartosiewicz et al. 2008). In der Donau finden sich zahlreiche Fischarten wie Welse, Zander, Karpfen oder Barbe (Borić et al. 2014, Frayer 1988, Srejović 1972). Zwar ist die Donau ein Süßwasserfluss, doch ist sie mit dem Schwarzen Meer (einem Salzwassergewässer) verbunden. Hierdurch ist es möglich, dass auch marine Fische, wie der Stör, in der Donau gefangen werden können (Borić et al. 2014). Störe gehören nämlich zu den sogenannten anadromen Fischen (Frayer 1988), die aus dem Salzwasser in Süßwassergewässer wechseln, um zu laichen. Hierdurch erschließt sich neben dem Fleisch des großen und massigen Fisches eine weitere Ressource, die heute als Delikatesse gilt: Kaviar (Bartosiewicz et al. 2008, Srejović 1972). In der Entwicklung des Neolithikums zeigen sich am Eisernen Tor also klar definierte Unterschiede in der Entwicklung und Nutzung von Pflanzen und Tieren im Vergleich zum mediterranen Raum.

1.4 Zeitsprung ins Mittelalter – Deutschland

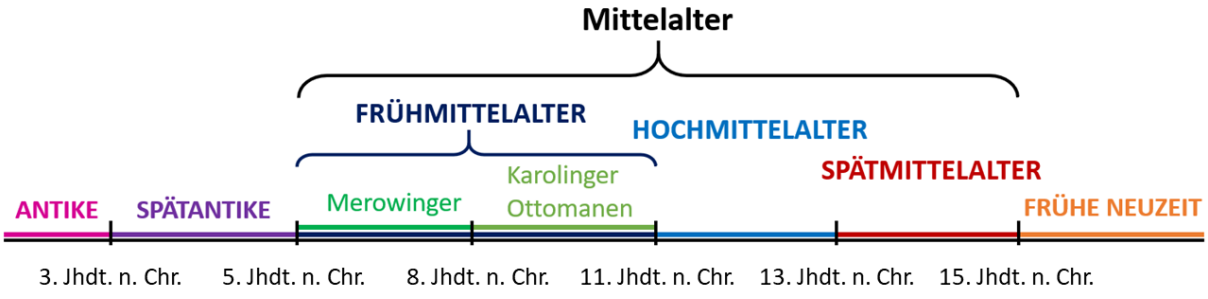


Abbildung 4: Zeitstrahl des Mittelalters (nach Rösch et al. 1992). Erstellt mit Photoshop Elements 12.

Der Zusammenbruch des Römischen Reichs zu Beginn des 4. Jahrhunderts n. Chr., der sich durch eine langwierige Krise des römischen Systems ankündigte, läutete das Ende der Antike ein (Anders et al. 2007). Der Übergang zum Mittelalter zwischen dem 4. und 6. Jahrhundert, geprägt durch eine Zeit der Völkerwanderung in Mittel- und Südeuropa, wird als Spätantike bezeichnet (Anders et al. 2007). In dieser Zeit wurden neue Dörfer und Städte gegründet, während bestehende Siedlungen sich

weiterentwickelten. Das Mittelalter (6. - 15. Jahrhundert n. Chr.) ist in drei zeitliche Abschnitte unterteilt, welche wiederum in Kultur- und Herrschaftsepochen gegliedert sind (Abb. 4)

Im Laufe des Mittelalters, welches in Europa in Früh-, Hoch- und Spätmittelalter untergliedert ist, formten und festigten sich unterschiedlichen Herrschaften und Herrschaftsreiche (Bonin 2017). Zeitgleich breitete sich das Christentum in den Teilen Europas aus, welche nicht bereits christianisiert waren, und wurde zur vorherrschenden Religion (Anders et al. 2007). Es kam zur Etablierung der abendländischen Gesellschaft. Die entstandenen Wirtschafts- und Gesellschaftsformen beeinflussten auf vielen Ebenen den Alltag der Bevölkerung und führte zu merklichen Unterschieden.

1.4.1 Von Bauern, Königen und Bischöfen: soziale Stratifizierung und ihre Folgen für die mittelalterliche Ernährung

Bauern bildeten die Unterschicht der Gesellschaft. Sofern sie nicht zu den seltenen freien Bauern gehörten, mussten sie Abgaben an den Adel leisten, der zusammen mit der geistlichen Oberschicht die Machtposition innehatte (Bonin 2017). Gesellschaftlich betrachtet standen Ritter und Mönche zwar unter dem Adelshaus, genossen aber einige Vorrechte im Vergleich zu Bauern (Bonin 2017). Diese gesellschaftliche Schichtung, in welcher Bevölkerungsgruppen aufgrund sozialer Kriterien in eine Schicht eingeteilt werden, wird auch als *soziale Stratifizierung* bzw. *soziale Stratifikation* bezeichnet.

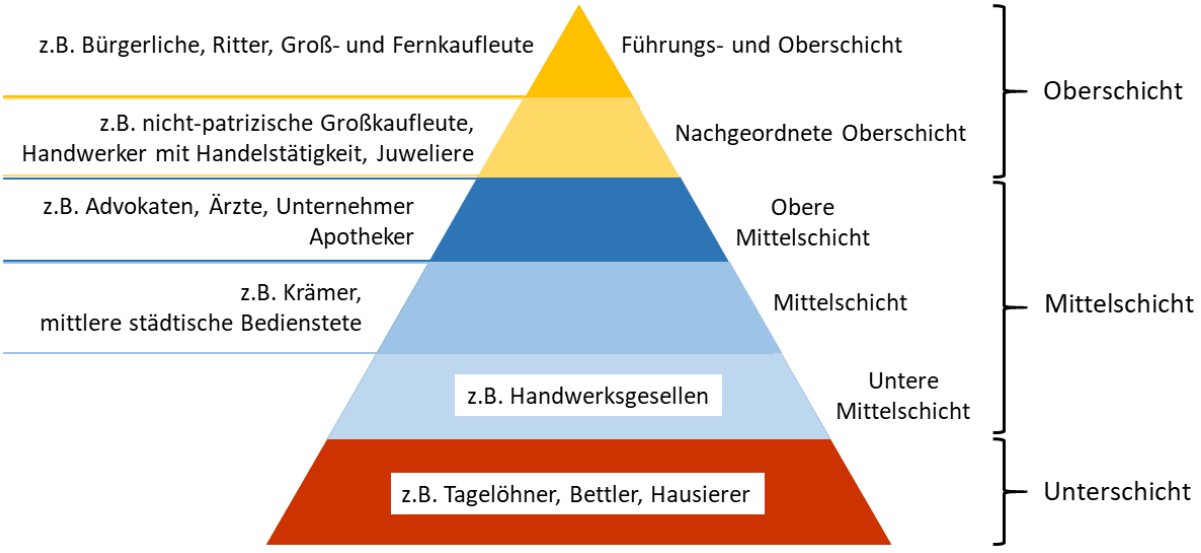


Abbildung 5: Untergliederung der sozialen Schichten (nach Isenmann 1988).

Prinzipiell gibt es drei Schichten, Oberschicht, Mittelschicht und Unterschicht, die teils noch näher untergliedert sind (Abb. 5); (Isenmann 1988).

Diese soziale Schichtung äußert sich in den meisten Fällen, insbesondere auch im Mittelalter, in gegebenen Rechten und dem finanziellen Einkommen. Im Grunde lassen sich diese Unterschiede auf die Herrschaftsbildung und Eigentumsverhältnisse zurückführen, wie man anhand der Jagdrechte deutlich erkennen kann. In Bayern zeichneten sich solche Regelungen bereits zu Beginn des 6. Jahrhunderts ab. Nach dem Ende des römischen Reiches nutzten die Menschen auch die waldreichen

Abschnitte und bezogen sie mehr in die Siedlung ein, z.B. zur Schweinemast oder der Bau- und Brennholznutzung. Zu dieser Zeit stand der Wald und dessen Nutzung noch jedem frei zur Verfügung genauso wie das Recht auf freien Tierfang (Ergert 1984). Als sich dann im Laufe des Mittelalters Herrschaftverhältnisse entwickelten, folgten zeitgleich Eigentumsverhältnisse, die zu zweifachen Besitzverhältnissen führten, als die sogenannte *Mark* oder auch *Markung* entstand. Es gab zum einen Markgenossen, die Privateigentum besaßen und zum anderen gab es das Gesamteigentum, an welchem man nur Nutzungsrechte hatte (Ergert 1984). Während dieser Zeit war die Jagd nur auf Privatgrund eingeschränkt, auf den gemeinen Flächen stand es den Markgenossen frei zu jagen. Im 8. Jahrhundert folgten Gesetze zur Jagd und ebenso zur Bestrafung von Wildfrevel (Ergert 1984). Zwar gab es noch Abschnitte, die man als „frei" bezeichnen konnte und die daher der Allgemeinheit zur Jagd offenstanden, doch es zeigten sich langsam die ersten Einschränkungen: die Herren untersagten den Unfreien die Jagd und Knechte waren zum Teil lediglich Assistenz bei der Jagd (Ergert 1984). Tatsächlich deutet sich diese durch den Adel einschränkende Tendenz auch in bäuerlichen Siedlungen wie z.B. Kelheim in Bayern (Kap. 2.4.4) ab, welche zwar in sehr wildreichen Gebieten lagen, wohingegen aber kaum archäozoologische Funde von Wildtieren gefunden wurden (Ergert 1984). Im 12. und 13. Jahrhundert, als das gesamte bayerische Land in Besitztümer aufgeteilt war, folgt die Phase der *Inforestation*. Im Rahmen dessen entstanden sogenannte Bannforste, in denen nur der Adel jagen durfte. Die Regeln verschärften sich noch weiter. Es entwickelten sich die Begriffe der *hohen* bzw. *niederen Jagd*. Tiere, die in die hohe Jagd eingeteilt wurden (z.B. Hirsche, Bären), konnten nur vom hohen Adel erlegt werden, während der Niederadel sich auf die niedere Jagd (z.B. Feldhasen) beschränkte. Weiterhin bildete sich der Stand der Jäger, welche dem Adel unterstanden. Zu den in Bayern häufig gejagten Wildtieren zählen allen voran das Schwarz- und Rotwild, aber auch kleine Tiere wie Hasen, Dachse und Wassertiere (z.B. Biber und Otter) (Ergert 1984).

In der Ernährung gab es im Mittelalter ebenfalls auffällige Entwicklungen und Unterschiede, die von der Sozialschicht abhingen. Hierzu zählen z.B. die Ernährungsregeln, die die christliche Kirche vorgab. Hierbei zu nennen ist die auch heute noch in manchen Regionen praktizierte vierzigtägige Fastenzeit (Daxelmüller 1995), welche am Aschermittwoch beginnt und am Karfreitag zur Osterzeit endet (Vogt-Lüerssen 2006). Beim Fasten verzichteten die Menschen auf tierische Produkte wie Fleisch, Eier, Milch und Milchprodukte (Vogt-Lüerssen 2006). Lediglich Fisch war als tierisches Protein gestattet (Bonin 2017, Vogt-Lüerssen 2006). Diese Ernährungsregeln waren teilweise jedoch saisonal abhängig. Die alltägliche Nahrungsgrundlage im Mittelalter bildete Getreide, wie Gerste, Weizen, Hirse, Dinkel und Roggen (Behre 1986, Bonin 2017, Rösch et al. 1992). Der ungefähre Pro-Kopf-Verbrauch von Getreide pro Jahr lag zwischen 170 und 255 kg (Schubert 2006). Man machte daraus Brot und Brei, wichtige Nahrungsmittel für die mittelalterliche Bevölkerung (Bonin 2017, Rösener 1991). Welche Art von Getreideprodukt gekauft und gegessen wurde, hing jedoch von der Bevölkerungsschicht ab. Je weißer

das Brot, desto kostbarer war es: Weizenbrot war für reiche Bürger und Herren, da Weizen deutlich anspruchsvoller und empfindlicher in der Pflanzung wie auch der Mahlung ist (Schubert 2003). Bauern und arme Volksleute standen hingegen Brotsorten aus Roggen und Hafer zur Verfügung (Laurioux 1999, Vogt-Lüerssen 2006). Diese Schichtunterschiede drücken sich auch im Fleischkonsum aus. Allein an den verschiedenen Tierarten macht sich die soziale Differenzierung bemerkbar. Während die Bürger und Bauern das Fleisch von Rindern, Schweinen, Ziegen, Schafen und auch Geflügel wie Gänsen und Hühnern aßen (Behre 1986, Vogt-Lüerssen 2006), hatten die Mitglieder des Adelsstandes, die das Jagdrecht innehatten, mehr Variabilität und den Zugriff auf Wild und Wildvögel wie Fasan, Rebhuhn, Wachtel, Auerhahn und Entenvögel (Vogt-Lüerssen 2006). Darüber hinaus konnten sich die Reichen edlere Fleischteile leisten, wodurch ihnen eine andere, bessere Qualität an Fleisch zur Verfügung stand (Laurioux 1999).

Im Allgemeinen waren im Mittelalter Schweine bedeutender als Rinder. Schweine konnten sehr gut zu Wurst verarbeitet werden und alles an ihnen konnte verwendet werden: das Fett, die Schwarte und ihr Blut (Rösener 1991). Zudem haben Schweine mit einer Wurfgröße von durchschnittlich zehn Ferkeln (Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft 2021) eine höhere Wurfgröße als zum Beispiel Rinder, die meist nur ein Kalb gebären oder Schafe und Ziegen, die eine Wurfgröße von 1 bis 2 Lämmern haben (Valencak 2012). An dieser Stelle muss angemerkt werden, dass es sich hier thematisch um das Mittelalter in Deutschland handelt, einem von Christentum geprägten Land, das nicht auf die Speiseverbote anderer Religionen zurückgreift.

Generell wurden im Mittelalter alle Teile eines Tieres verwendet. Bei Rindern nutzte man auch das Fett und die Tierhaut (Schubert 2006). Rinder sind kräftige Tiere, die im Mittelalter als aktives Arbeitstier bei der Feldarbeit genutzt wurden (Schubert 2006). Schafe auf der anderen Seite waren für die Agrarwirtschaft nützlich, da sie auf den Feldern Saatgut hineintrampeln konnten, Unkraut fraßen und Dung verteilten (Schubert 2006). Daneben wurden Schafe gerne als Nutztier gehalten, da ihr Fleisch fettreicher war und aus ihrer Wolle wurden Kleidung und weitere Stoffprodukte hergestellt (Schubert 2006). Hühner waren ebenso vielseitig, ob in Suppen oder als Brathuhn, ihre Eier konnten in Eierspeisen oder anderen Rezepten verwendet werden (Schubert 2006).

Fisch war ein wichtiges Nahrungsmittel, gerade in Hinblick auf die Fastenzeit. Jedoch war es auch ein sehr teures Gut, was sich nicht jeder leisten konnte (Behre 1986, Schubert 2006).

Neben Getreide und Fleisch standen auch Obst und Gemüse auf dem mittelalterlichen Speiseplan. Gemüse war jedoch sehr saisonal. Zu den genutzten Gemüsesorten zählten u.a. Zwiebeln, Schalotten, Sellerie, Spinat und Hackfrüchte, wie Rüben und diverse Kohlarten (Rösener 1991, Vogt-Lüerssen 2006). Auch Hülsenfrüchte, wie Bohnen, Linsen und Erbsen, wurden in der mittelalterlichen Küche zubereitet (Rösener 1991, Weiß-Adamson 2006). Obst ist ebenfalls ein saisonales Produkt und, wie die meisten Feldfrüchte, stark vom Wetter abhängig. Die mittelalterlichen Obstsorten weichen nur

unmerklich von den heute in Mitteleuropa vorkommenden Obstsorten ab: Äpfel, Birnen, Zwetschgen, Himbeeren, Brombeeren, Holunderbeeren, Mispeln, Quitten und Kirschen. Mit wachsenden Handelsstrukturen kamen auch globale Waren wie Mandeln, Feigen und Aprikosen auf den Markt (Bonin 2017, Rösener 1991, Vogt-Lüerssen 2006, Weiß-Adamson 2006).

Die Grundlage des Kochens ist prinzipiell die Zubereitung von Speisen und kann für Abwechslung und Vielseitigkeit sorgen. So können Fleischspeisen z.B. unterschiedlich zubereitet und serviert werden, sie können gekocht oder gebraten werden, kalt, warm und sogar mit Soße serviert werden (Vogt-Lüerssen 2006). Hierbei spielen besonders Gewürze eine Rolle, welche anfänglich im Klostergarten strukturiert angebaut wurden und dann auch in Hausgärten angepflanzt wurden (Schubert 2006). Gerade durch ihre vielseitige Nutzungsart und teils intensiven Geschmack, wurden sie gerne verwendet, um Gerichte zu verbessern wie z.B. konserviertes Fleisch (Schubert 2006). Das wichtigste Gewürz, sofern es als Gewürz definiert werden kann, ist das Salz. Salz besitzt als lebensnotwendiges Nahrungsmittel einen besonderen Stellenwert und war deshalb bereits vor dem Mittelalter sehr kostbar und weltweit geschätzt. Darüber hinaus war Pökeln mit Salz lange Zeit die einzige Möglichkeit, um Fleisch länger haltbar zu machen. Daher war Salz ein überaus wichtiges und begehrtes Handelsprodukt (Schubert 2006).

Zu weiteren Gewürzen, die gerne verwendet wurden, zählen lokal vorkommende Pflanzen wie u.a. Dill, Kümmel, Bohnenkraut, Petersilie, Fenchel, Minze, Salbei oder auch Liebstöckel (Behre 1986, Bonin 2017, Schubert 2006, Vogt-Lüerssen 2006, Weiß-Adamson 2006). Daneben finden sich außerdem importierte Gewürze wie Pfeffer, Zimt, Muskatnuss, Gewürznelken und Kardamom in der mittelalterlichen Küche (Behre 1986, Vogt-Lüerssen 2006). Jedoch konnten diese nur zu einem hohen Preis und nur in Handelsstädten erstanden werden. Ebenfalls sehr hoch im Preis standen Süßungsmittel wie Honig und Rohrzucker (Vogt-Lüerssen 2006).

Zu einer ausgewogenen Ernährung gehört jedoch nicht nur eine ausreichende Zufuhr von Nährstoffen, sondern auch eine angemessen Flüssigkeitsaufnahme, die im Mittelalter, wie heutzutage auch, zwischen 1 und 2,5 Liter am Tag lag (Schubert 2006). Während im antiken Römischen Reich Brunnen und Aquädukte eine hervorragende Wasserversorgung gewährleisteten, griff man in der Spätantike und im Mittelalter auf einfachere Techniken wie Schachtbrunnen, Zisternen und Wasser aus Flüssen und Bächen zurück (Meurer 2013). Unglücklicherweise lagen im Mittelalter das Grundwasser und die Kloake oft auf demselben Level (Schubert 2006). Zusätzlich wurden Brunnen manchmal nahe Dung- und Abortgruben gebaut, weshalb es zu einer Vermischung von Trinkwasser, dem allgemeinen Gebrauchswasser und den flüssigen Resten des Abfalls kam, was zu hygienisch unsauberen Verhältnissen führte (Meurer 2013). Die im Mittelalter gängigsten Getränke waren daher Wein, Most und Bier, welches bis zum Reinheitsgebot im Jahr 1516 sogar gewürzt wurde (Schubert 2006, Vogt-Lüerssen 2006). Der Glaube, dass die mittelalterliche Bevölkerung stets an- und betrunken war, hält

sich zwar hartnäckig, ist aber schlichtweg übertrieben. Wein und Bier galten in erster Linie als Grundnahrungsmittel und nicht als Genussmittel. Man darf von dem Alkoholgehalt moderner, alkoholischer Getränke nicht auf die mittelalterlichen Getränke schließen. Zum Alltag gehörten schwache Biere und dünne Weine (Schubert 2006)

1.4.2 Stadtluft macht frei? Lebensbedingungen im Mittelalter

1.4.2.1 Dorf versus Stadt

Die Ernährungsweise im Mittelalter ist zwar in ihrer Vielfalt nicht so reich wie heute, ist aber vielseitiger, als dem Mittelalter nachgesagt wird. Trotzdem muss man feststellen, dass die Vielseitigkeit mit dem Berufsstand zusammenhängt und mit der sozialen Schicht einer Person steigt. Ein weiterer Faktor, der die Ernährung beeinflusst, ist der Wohnort einer Person. Generell kann man den Wohnraum des Mittelalters in zwei verschiedene Siedlungsstrukturen unterteilen: die Städte und die Dörfer im Umland.

Das mittelalterliche, ländliche Umfeld ist stark mit der Agrarproduktion und -versorgung der Bevölkerung gekoppelt. Hauptsächlich Bauern besiedelten den ländlichen Raum, weshalb Agrarwirtschaft und Agrarverfassung eine große Rolle spielten und das bäuerliche Leben bestimmten. Agrarwirtschaft umfasst die landwirtschaftliche Produktion, sowie die technischen Werkzeuge, die benötigt werden (Müller 2015). Gerade die Werkzeuge, wie der Einsatz des Räderpfluges ab dem 11. Jahrhundert, führten zu effektiverem Ackerbau und erleichterten das Leben der Bauern (Müller 2015). Die Agrarverfassung regelt die rechtlichen Verhältnisse wie Pacht, Freiheit und Unfreiheit, sowie die Abgabenhöhe (Müller 2015). Im Vergleich zu Städten sind Siedlungen im ländlichen Raum sehr klein. In der Karolingerzeit (Mitte 8. Jhdt. – Mitte 9. Jhdt. n. Chr.) lebten im Schnitt 3,5 Personen auf einem Bauernhof (Brather 1995, Lexikon des Mittelalters Band 2 1983, Steuer 2010). Allerdings gab es in dieser Zeit auch schon sogenannte Altsiedelgebiete mit Dörfern, die aus 20 bis 30 Hofstätten bestanden und von knapp 200 bis 300 Einwohner bewohnt wurden. Durchschnittlich setzen sich Dörfer aus gerade mal 10 bis 12 Häusern und ca. 70 Einwohnern zusammen (Vogt-Lüerssen 2006).

Städte sind an sich schwer zu definieren. Die Definition wird von wirtschaftlichen und rechtlichen Aspekten beeinflusst. So gibt es nur in Städten Märkte, Handel und Gewerbe (Müller 2015). Darüber hinaus müssen auch die sozialen Faktoren beachtet werden, die Stadt und Land differenzieren. Stadtbürger sind im Vergleich zu Bauern rechtlich wie auch sozial bevorrechtigt, wodurch es zu für Städte spezifischen Gesellschaftsstrukturen kommt. Hierdurch wird die Stadt zu einem Zentrum mit Einrichtungen, Händlern, Kaufleuten und Gewerbetreibenden, die für das Umland ebenso wichtig sind (Müller 2015). Aufgrund der wirtschaftlichen Perspektiven, spielen meist auch herrschaftliche Aspekte eine wichtige Rolle, besonders bei der Entstehung einer Stadt. Um sich zu einer Stadt entwickeln zu können, müssen Siedlungen an strategisch günstigen Standorten liegen, die mindestens eine

Handelsroute, egal ob Land- oder Seeweg, sicher haben (Klein 1969, Müller 2015). Dementsprechend gibt es in Städten mehr Vielfalt, Angebote und Möglichkeiten im Vergleich zu Dörfern (Behre 1986). Darüber hinaus ist die Einwohnerzahl in Städten höher als auf dem Land. Städte können zudem näher in Residenzstädte, Gewerbestädte oder Fernhandelsstädte unterteilt werden (Hirschmann 2009). Daneben kann der Typus einer Stadt auch abhängig von der Einwohnerzahl sein (Isenmann 1988, Hirschmann 2009):

Tabelle 1: Stadtklassen im Spätmittelalter nach Isenmann (1988) und Hirschmann (2009).

Stadtklasse	**Einwohnerzahl**	**Anzahl/Prozentsatz der Städte entsprechender Stadtklasse**
Zwergstadt	< 200	insgesamt ca. 94,5 %
Kleine Kleinstadt	200-500	
Mittlere Kleinstadt	500-1000	
Ansehnliche Kleinstadt	1000-2000	
Kleinere Mittelstadt	2000-5000	mehr als 200 Städte ca. 5 %
Größere Mittelstadt	5000-10000	
Großstädte	> 10000	ca. 16 Städte
	> 20000	ca. 9 Städte
	> 40000	Köln
Weltstadt	> 50000	Paris, Gent, Brügge, Mailand, Venedig, Florenz

Die Zahlen in Tabelle 1 beziehen sich auf Städte im Spätmittelalter. Im Frühmittelalter und Hochmittelalter kamen Städte zum einen nicht so zahlreich vor und hatten zum anderen noch nicht so eine hohe Einwohnerzahl. Der große Städteboom kam erst gegen Ende des 12. Jahrhundert, sodass es im 12. und 13. Jahrhundert ungefähr 4000 deutsche Städte gab, von denen allerdings über 90 % unter 2000 Einwohner besaßen (Tab. 1; Klein 1969, Vogt-Lüerssen 2006). In Deutschland gab es in diesem Zeitraum nur sehr wenige Städte, die über 10000 Einwohner besaßen (Tab. 1); (Vogt-Lüerssen 2006).
Die Stadtbevölkerung lässt sich grob in zwei Gruppen unterteilen: die Bürger und die Nichtbürger. Beide Bevölkerungsgruppen mussten Steuern zahlen, teilten die Schulden der Stadt und waren der Heerpflicht unterworfen, was bedeutet, dass sie die Stadt im Kampf verteidigen mussten und im Frieden bei der Stadtbefestigung aushalfen. Um ein Bürger zu werden, musste man nicht nur den Bürgereid ablegen und Aufnahmegebühren bezahlen, sondern auch bestimmte Voraussetzungen erfüllen, wie z.B. Grundbesitz und Vermögen, haben (Vogt-Lüerssen 2006). Nichtbürger hatten nicht genug Vermögen sich in die Stadt zu kaufen und somit Stadtrechte zu besitzen.

Eine Siedlung lässt sich prinzipiell in verschiedene Teilbereiche auftrennen, die dazu dienen, diese Siedlung zu versorgen. Hierzu wurde bereits im Jahr 1826 von Johann Heinrich von Thünen ein regionalökonomisches Modell zur Wirtschaftsgeographie in Form von Ringen erstellt (von Thünen 1826). Irsigler adaptierte 1991 das Ringmodell und passte es an die spätmittelalterliche Stadt an (Abb. 6); (Irsigler 1991).

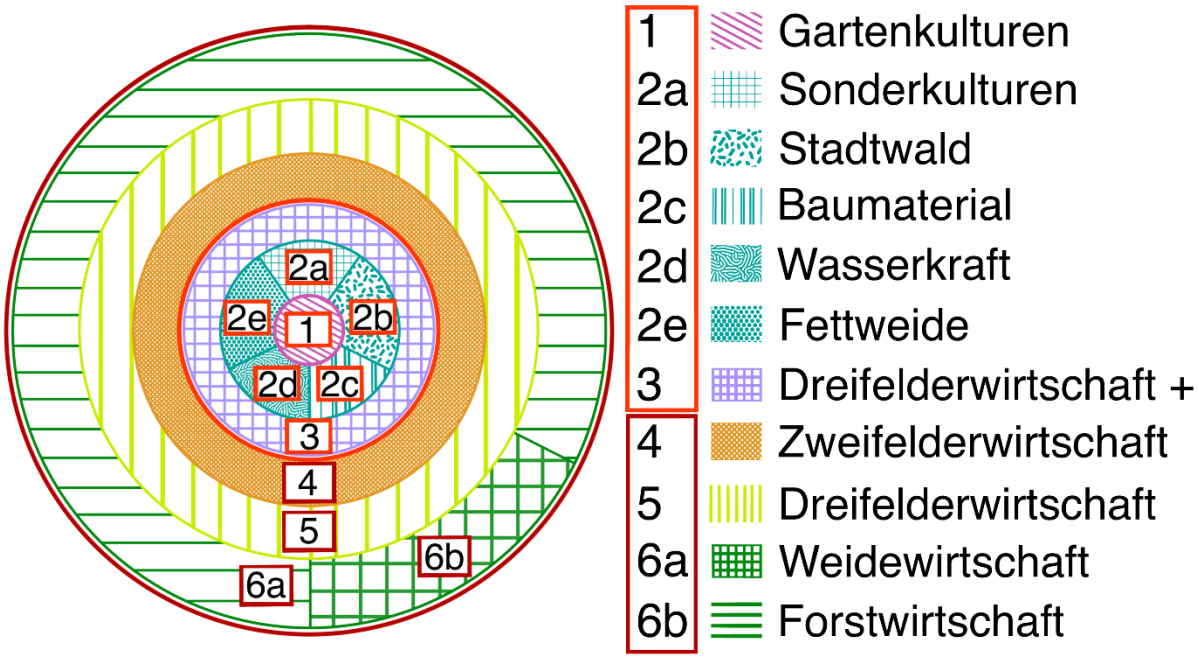


Abbildung 6: Thünen'sche Kreise einer spätmittelalterlichen Siedlung nach Irsigler (1991). **Hellrote Umrandung** (Bezirke 1-3): näheres Umfeld, **dunkelrote Umrandung** (Bezirke 4 – 6 a/b): Hinterland. Erstellt mit Procreate nach Irsigler (1991).

Das nahe Umfeld einer Siedlung sind die Zonen, die mit intensivem Arbeitseinsatz zusammenhängen. Darunter fallen Gartenkulturen, Sonderkulturen für Nahrungsmittel und für gewerbliche Zwecke, sowie Zonen für die Energieversorgung (Abb. 6: Zone 2b, 2d) und Baumaterial. Weiterhin zählen zum nahen Umfeld die Fettweide, auf der manche Handelstiere gehalten wurden. Ein fränkischer Bauernhof zu Beginn des 6. Jahrhunderts hatte sieben bis zwölf Pferde, zwölf bis 25 Rinder und 25 bis 50 Schafe und einige Ziegen (Klein 1969). Aber nicht alle Tiere wurde nahe der Siedlung gehalten. Schweine wurden meist in den Wald getrieben, da es dort genug Nahrung, wie z.B. Eicheln, für sie gab (Klein 1969, Müller 2015). Rinder wurden auf Heiden und im Bergland gehalten (Klein 1969). Schafe, die sehr anspruchslos in ihrer Haltung sind, wurden auf Flächen gehalten, die nicht für die Landwirtschaft geeignet waren (Klein 1969). Zu den Pflanzen, die nahe der Siedlung angebaut wurden, zählen Roggen, Dinkel, Gerste und Hafer, aber auch Gemüsepflanzen wie Rüben, Bohnen und Erbsen (Müller 2015). Am Rande des nahen Umfelds befinden sich die Felder der verbesserten Dreifelderwirtschaft „Dreifelderwirtschaft +" (Abb. 6: Zone 3). Die Zonen 4 bis 6 (Abb. 6) gehören zum sogenannten Hinterland. Im Gegensatz zum nahen Umfeld sind diese Zonen weniger arbeits- und energieintensiv und dienen hauptsächlich der Getreideversorgung. Dazu zählen auch Felder, die nach dem System der Dreifelderwirtschaft angebaut wurden. Die Dreifelderwirtschaft setzte sich gegen

Mitte des 8. Jahrhunderts gegenüber der Zweifelderwirtschaft durch (Klein 1969) und sorgte im 12. und 13. Jahrhundert für einen landwirtschaftlichen Aufschwung (Luke 1989). Die Dreifelderwirtschaft läuft, wie der Name beschreibt, in einem dreiteiligen System ab: es gibt ein Brachfeld, ein Winterfeld und ein Sommerfeld, die jeweils im Jahreszyklus in bestimmter Reihenfolge durchwechseln (Luke 1989). Auch wenn das agrarische Hinterland nicht direkt an die Siedlung angrenzt, so dürfen diese Agrarbereiche nicht allzu abgelegen liegen. Zone 4 sollte z.B. laut Irsigler nicht mehr als ein bis zwei Tagesreisen, d.h. zwischen 35 und 40 km, entfernt sein (Irsigler 1991). Städte haben nicht die Möglichkeit zur Selbstversorgung. Selbst kleinere Städte mit knapp 1000 Einwohnern benötigten ca. drei Dörfer um eine Versorgung der Bevölkerung aufrecht zu erhalten (Klein 1969).

1.4.2.2 Ernährungskrisen im Mittelalter

Für gewöhnlich denken die Leute an das „finstere Mittelalter“. Schlechte Hygiene, Krieg, Gewalt, Krankheiten und Hunger sollen dieses als finster beschriebene Zeitalter dominiert haben. Diese Charakterisierung des Mittelalters ist freilich stark überspitzt. Das meiste sind Vorurteile, die man sich über das Mittelalter erzählt und spiegeln nicht den Alltag der Menschen aus dem Mittelalter wider.
Das Klima im Frühmittelalter (Abb. 4) war geprägt von niedrigen Temperaturen und hohem Niederschlag. Im Hochmittelalter (Abb. 4) änderte sich das zu einem Klimaoptimum mit höheren Temperaturen und relativer Trockenheit. Durch diese Klimaverbesserungen konnte in Hamburg Hopfen und in England sogar Wein angebaut werden. Gegen Ende des 13. Jahrhunderts verschlechterte sich das Klima bis zu einem Klimapessimum im 14. Jahrhundert; eine kleine Eiszeit trat ein. Ab 1340 gab es keine warmen Sommer mehr. Besonders kalt wurden die Sommer zwischen 1345 und 1347 beschrieben. Es folgten starke Kältephasen um 1490 und zwischen 1510 und 1520 (Degroot 2018, Mann 2002, Meier 2003). Umweltkatastrophen beschränkten sich in Europa hauptsächlich auf Hochwasser durch starke Regenfälle wie z.B. 1342, als es zu einer Hochwasserkatastrophe kam, auch an den Donauufern. Starke und andauernde Hochwasser haben auf individueller Ebene den Verlust von Menschen, Tieren und Häusern zur Folge. Doch auch Felder werden durch Hochwasserkatstrophen verwüstet, was die Aussaat und Ernte beschädigt (Jankrift 2003). Bedenkt man, dass zwischen 1200 und 1249 der Getreideertrag (Ernteertrag je Saatkorn) in Europa zwischen lediglich bei 3,0 – 3,7 zu 1 lag (Braudel 1985), führten solche Klimaänderungen oder auch kurzzeitige Wetteränderungen schnell zu Missernten mit geringen Rücklagen. Erst nach 1500 wurde der Ertrag dahingehend besser, dass es Menschen stabile Ernterücklagen zur Verfügung standen (Braudel 1985). Allgemein ist Getreidemangel ein erhebliches Problem im Mittelalter. Meist zeigen sich seine Folgen im Preisanstieg, was wiederum wirtschaftliche Konsequenzen mit sich führt und in Hungersnöten enden kann (Meier 2003). Besonders das 9., 11. und 12. Jahrhundert war durchzogen von längeren Hungersnöten (Schubert 2006). Doch auch das 13. Jahrhundert war geprägt von Versorgungskrisen und Mangeljahren (Jankrift 2003).

Doch auch Krankheiten beeinflusste die Wirtschaftsweise der mittelalterlichen Bevölkerung. In den Jahren 1347 bis 1350/51, erschütterte die Pest, auch als „schwarzer Tod“ bekannt, ganz Europa (Meier 2003, Schipperges 1993). Dieser Pestausbruch erwies sich als einer der stärksten, den die Menschen je erlebten. Knapp 1/3 der Bevölkerung Europas verstarb, mit regionalen Schwankungen zwischen 12 bis 60 % Sterblichkeit (Jankrift 2003, Pasda 2004, Schipperges 1993). Bereits zehn Jahre nach dem Ende der Pestphase in Europa (1361/62) trat eine weitere stark einschneidende Pestwelle auf (Pasda 2004). Die Pest führte durch die vielen Todesopfer auch zu einer wirtschaftlichen Krise, da Arbeiter in vielen Bereichen fehlten und Handel sowie andere Gewerbe einen Bedarfsschwund erlitten. Besonders schwer traf es Müller und alle Berufe, die Getreide produzierten oder verarbeiteten, da der Rattenfloh, also der potentielle Pestüberträger, in frisch gedroschenem Getreide, welches in Scheunen aufbewahrt wird, einnistete (Meier 2003).

Angeblich war das Mittelalter geprägt von Krieg und Gewalt. Diese Aussage ist grundsätzlich nicht falsch, da es zahlreiche Kriege und Konflikte gab. Viele der Konflikte hatten das Ziel, das Umland des Feindes zu zerstören, weshalb die Verluste durch Tötung nicht überschätzt werden sollten (Isenmann 1988). Allerdings gab es im Mittelalter auch einige große Kriege, die einen starken Eindruck hinterließen wie z.B. die Kreuzzüge oder der Hundertjährige Krieg, welcher knapp 40 % der ländlichen und 33 % der städtischen Bevölkerung Deutschlands das Leben kostete, aber auch der Bauernkrieg 1524 bei dem insgesamt 100.000 Menschen ihr Leben ließen (Klein 1969). Nach solchen Kriegen erholte sich die Wirtschaft und die Bevölkerung nur langsam. Während des Dreißigjährigen Krieges erfolgte 1624/1625 eine Preissteigerung des Roggens um das Fünf- bis Achtfache, was zu einer schweren Hungersnot führte. Erst gegen Ende des 17. Jahrhundert und Anfang des 18. Jahrhunderts stieg die Bevölkerungsanzahl und die Wirtschaft beruhigte und verbesserte sich wieder (Klein 1969).

Gewalttätige Auseinandersetzungen, Hungernöte oder Krankheiten, aber auch positive Entwicklungen wie effektivere Agrarsysteme, weitläufiger Handel und Städtebildung spiegeln sich immer in der Bevölkerung wider, weshalb sich bei archäologischen und anthropologischen Untersuchungen historische Ereignisse abbilden können und deshalb in der Interpretation beachtet werden müssen.

1.5 Zeitzeugen Knochen: Stoffliche Zusammensetzung

In anthropologischen Untersuchungen spielen Knochen und auch Zähne eine übergeordnete Rolle. Auf der morphologischen Ebene werden Skelettfunde individuell und schließlich in Zusammenhang zur Population bezüglich Alter, Geschlecht, Osteometrie und pathologische Besonderheiten untersucht (z.B. Graw et al. 2005, Herrmann et al. 1990, Ortner und Putschar 1981, Scheuer et al. 2010, Ubelaker 1978). Darüber hinaus erlaubt die histologische Analyse der Mikrostruktur des Hartgewebes genauere Angaben zu individuellem Alter und krankhaften Veränderungen (u.a. Adler 2005, Ericksen 1991, Sebald et al. 2018).

Knochen hat im tierischen Körper die Aufgabe, Stabilität zu geben und dennoch flexibel zu bleiben. Er muss also aus Komponenten bestehen, die Elastizität erlauben und gewährleisten. Betrachtet man die Knochenstruktur, so besteht sie zu 20-25 % aus einer organischen Matrix und der restliche Anteil aus einer anorganischen Mineralkomponente (Hare 1988), die dem Knochen Festigkeit verleiht (Grupe et al. 2012). Früher ging man davon aus, dass es sich bei der mineralischen Fraktion um ein Analogon zum Calciumphosphat, Hydroxylapatit ($Ca_{10}(PO_4)_6(OH)_2$) handelt, aufgrund der zahlreichen Substitutionen auch Bioapatit genannt.

Die Flexibilität des Knochens entsteht durch die organische Komponente, dem Kollagen, hauptsächlich Typ-I-Kollagen (Bocherens et al. 1994, Hare 1988, Lowenstam und Weiner 1989, Mörike et al. 2007). Neben dem organischen Teil des Knochens besteht dieser aus nicht-kollagenen Proteinen, sowie Wasser, Fett und Knochenzellen (Boskey 2013, Carter und Beaupré 2001, Grupe et al. 2012).

Das häufigste Protein in Tieren, wie eben auch dem Menschen, ist Kollagen, welches durch verschiedene Typen gekennzeichnet ist (Armelagos et al. 1989, Miller 1984). So zum Beispiel Typ-III-Kollagen, welches in der Haut und Muskeln vorkommt, oder auch Typ II-Kollagen, welches man im Knorpel vorfindet. Der Kollagentyp, der im Knochen mit knapp 90 % den größten Teil ausmacht, ist Kollagen Typ-I. Neben diesem Kollagentyp kommt im Knochen auch Typ-V-Kollagen vor (Delmas und Malaval 1993, Kuhn 1987, Miller 1984). Kollagen ist im allgemeinen Temperatur-instabil. Wird es hohen Temperaturen oder saurem bzw. alkalischem Milieu ausgesetzt, so wird Kollagen zu Gelatine (Armelagos et al. 1989).

Betrachtet man ein Kollagenmolekül, so besteht es aus drei Ketten, die sich in einer Helixstruktur zu einer Tripel-Helix anordnen. Für manche Kollagen-Typen gibt es außerdem unterschiedliche Ketten-Typen. Kollagen I besteht aus zwei Ketten des Typs α_1(I) und einer Kette des Typs α_2(I) (Miller 1984). Die Ketten dieses Kollagentyps bestehen aus 338 Tripeptiden, wobei jede dritte Position durch die Aminosäure Glycin (Gly) besetzt ist. Daher kann man dem Aufbau von Kollagen als sich widerholende Triplets der Form Gly-X-Y beschreiben. Knapp 1/3 der X-Positionen nimmt die Aminosäure Prolin (Pro) ein und ein Drittel der Y-Positionen Hydroxyprolin (OHpro). Eine weitere Aminosäure, die sich

überwiegend an der Y-Position vorfindet ist Lysin (Lys). Wie die restlichen X und Y ersetzt sind, ist spezifisch für die verschiedenen Kollagentypen (Delmas und Malaval 1993, Miller 1984).

Die Synthese von Kollagen-Typ-I findet im Knochen im Osteoblasten statt. An dessen membrangebundenen Ribosomen fängt die Synthese von Polypeptidketten an. Von dort werden die entstandenen pro-α-Ketten in das endoplasmatische Retikulum befördert, wo Prolin und Lysin durch die Enzyme Prolyl-4-Hydroxylase und Lysylhydroxylase hydroxyliert werden (Alberts et al. 1989, Kuhn 1987). Dieser Schritt ist bedeutend für die Stabilität des entstehenden Kollagens. Typisch für das Kollagen im Knochen ist die Bildung von Pyridinolin-Verbindungen zwischen den einzelnen Kollagenmolekülen, die sich in der Drei-Ketten-Formation zu Kollagenfasern verknüpfen (Manolagas 2000). Jeweils drei der α-Ketten verbinden sich über Wasserstoffbrückenbindungen. Es entsteht eine Tripel-Helix, die eine Windungslänge von 293 nm aufweist und als Prokollagenmolekül bezeichnet wird. In diesem Stadium wird es in den Extrazellularraum transportiert. Dort werden die C- und N-terminalen Telopeptide abgespalten, wodurch das Kollagenmolekül (Tropokollagen) entsteht, welches sich in Fibrillen anordnet (Alberts et al. 1989).

Kollagen wird kontinuierlich synthetisiert und im Gewebe eingebaut, wie im Fall von Typ I Kollagen in Knochengewebe (Richards 2015). Knochen remodelliert sich ebenfalls kontinuierlich. Die Rate, mit der sich der Knochen umbaut, ist abhängig von Knochentyp (Spongiosa vs. Kompaktknochen), Belastung des Knochens und Alter des Individuums (Richards 2015). Die Umbaurate in Rippen ist zum Beispiel höher, da das Verhältnis von Trabekelknochen zu kortikalen Knochen höher ist. Schädelknochen haben dagegen die langsamste Umbaurate (Hakenbeck 2013). So kommt es, dass es zwischen 20 und 30 Jahre dauern kann, bis Kollagen im Gewebe komplett ausgetauscht wird (Richards 2015).

In den meisten Analysen wird Gelatine verwendet, also einem Kollagengemisch aus mehreren Kollagenmolekülen. Das bedeutet, selbst wenn ein Kollagenmolekül in einer Struktur oder Form abweicht, zum Beispiel durch diagenetische Veränderungen, wird der untersuchte Wert durch die anderen Moleküle ausgeglichen. In der Anthropologie wird Gelatine als denaturiertes Kollagen gerne als analytische Basis beispielsweise für die Isotopenanalyse herangezogen, welche sich im Laufe der letzten Jahrzehnte in den anthropologischen Labortechniken etabliert hat.

1.6 Isotope: Hintergrund und Nutzen

1.6.1 Definition

Grundsätzlich bauen sich Elemente aus Atomen auf. Diese Atome wiederum bestehen aus einem Atomkern und einer ihn umgebenden Hülle. Alle Atomarten setzen sich aus Protonen, Neutronen und Elektronen zusammen (Römpp 1963).

Elemente sind durch die Anzahl ihrer Protonen im Kern, die ihre Ordnungszahl darstellt, definiert (Ambrose 1993, Römpp 1963, Schmeiser 1957). So hat zum Beispiel Kohlenstoff sechs, Stickstoff sieben und Strontium 38 Protonen. Der Kern eines Elements besteht neben Protonen aus Neutronen. Die Elemente mit einer geringen Ordnungszahl haben für gewöhnlich die gleiche Anzahl an Protonen und Neutronen. Addiert man die beiden subatomaren Teilchenarten eines Atomkerns, so erhält man die Nukleonenzahl, die annähernd die Atommasse abbildet (Ambrose 1993). Ändert sich die Anzahl an Neutronen, ändert sich die Nukleonenzahl und man spricht von einem Isotop (Römpp 1963). Man unterscheidet hierbei zwischen stabilen und instabilen (radioaktiven) Isotopen. Radioaktive Isotope zerfallen unter Abgabe von Alpha-, Beta- oder Gammastrahlung in andere Atomkerne (Schmeiser 1957), welche andere physikalische und chemische Eigenschaften aufweisen. Stabile Isotope zerfallen hingegen nicht (Römpp 1963). Das Element bleibt dasselbe, doch die Masse des Moleküls ändert sich. Dies wiederum beeinflusst die Beweglichkeit und das Reaktionsverhalten, besonders im Zusammenhang mit Evaporation und Kondensation (Ambrose 1993). Im Vergleich zu schweren Isotopen (z.B. ^{13}C) gehen leichte Isotope (z.B. ^{12}C) schneller eine Reaktion ein. Hierdurch kann es zu einer An- oder Abreicherung eines bestimmten Isotops kommen, was als Fraktionierung bezeichnet wird. Bei Fraktionierung kommt es durch Diskriminierung oder Bevorzugung eines Isotops zu einem veränderten Isotopenverhältnisses (Ben-David und Flaherty 2012).

Isotope werden heutzutage in vielen Fachrichtungen genutzt. So werden sie unter anderem in der Medizin, der Landwirtschaft, wie auch der Technik und der Biologie verwendet (Römpp 1963). Da es natürliche Isotope gibt, die in der Natur vorkommen, können sie von Tieren und Pflanzen aufgenommen werden und geraten so in den Nahrungskreislauf. Hierdurch werden die Isotope aus der Nahrung in das Körpergewebe des Konsumenten eingebaut.

In dieser Arbeit wird der Nutzen, die Methode und die Auswertung der Isotopenanalyse zur Ernährungsrekonstruktion anhand zwei der meist genutzten Isotopensysteme behandelt: Kohlenstoff und Stickstoff. Für die Ernährungsrekonstruktion früher Bevölkerungen ist Kollagen im Knochen das wichtigste Material, denn im Knochenkollagen spiegeln Kohlenstoff- und Stickstoffisotope die Herkunft pflanzlichen und tierischen Proteins in der Ernährung wider (DeNiro und Epstein 1978, DeNiro und Epstein 1981).

Im anthropologischen Kontext werden in der Isotopenuntersuchung von Kohlenstoff, einem leichten Element, das leichte Isotop ^{12}C und das schwerere ^{13}C ins Verhältnis gesetzt. Hierzu wird die Häufigkeit des leichten und schweren Isotops mit der Häufigkeit des jeweiligen Isotops in einem entsprechenden Standard verglichen (Craig 1953, O'Leary 1988), dessen Isotopenverhältnis konstant ist. Für die Messung von Kohlenstoff wird in den meisten Fällen der synthetisch hergestellte Vienna-Pee Dee Belemnite (V-PDB) genutzt (Craig 1953).

Formel 1: $$\delta^{13}C = \left[\frac{\left(\frac{^{13}C}{^{12}C}\right)_{Probe} - \left(\frac{^{13}C}{^{12}C}\right)_{Standard}}{\left(\frac{^{13}C}{^{12}C}\right)_{Standard}} \right] * 1000\ [‰] \quad \text{oder auch} \quad \delta^{13}C = \left[\frac{\left(\frac{^{13}C}{^{12}C}\right)_{Probe}}{\left(\frac{^{13}C}{^{12}C}\right)_{Standard}} - 1 \right] [‰]$$

Der entstehende Wert wird mittels δ-Notation angezeigt und in Promille angegeben. Dieser δ-Wert kann quasi als Häufigkeitssignal des schweren Isotops aufgefasst werden. Je negativer also der $\delta^{13}C$-Wert, desto leichter ist die Molekülmasse und desto weniger des schweren Isotops ist vorhanden. Ein positiverer $\delta^{13}C$-Wert bedeutet hingegen, dass das schwerere ^{13}C vermehrt vorhanden ist und daher die Probe isotopisch schwerer ist (Craig 1953, O'Leary 1988).

Bei der Isotopenanalyse von Stickstoff werden das leichte Isotope ^{14}N und das schwere Isotope ^{15}N in Relation gesetzt. Wie auch bei Kohlenstoff wird dieses Isotopenverhältnis mit einem im Isotopenwert stabilen Referenzstandard verglichen. Bei der Stickstoffisotopie zieht man das Isotopenverhältnis des atmosphärischen Stickstoffs (N_2) zum Vergleich heran. Der atmosphärische Stickstoff besteht zu 99.6337 % aus ^{14}N und zu 0.366 % aus ^{15}N (Ben-David und Flaherty 2012, Delwiche und Steyn 1970), sodass diese in einem Verhältnis von 0,0036765 stehen, was als Referenzwert verwendet wird (Peterson und Fry 1987).

Formel 2: $$\delta^{15}N = \left[\frac{\left(\frac{^{15}N}{^{14}N}\right)_{Probe} - \left(\frac{^{15}N}{^{14}N}\right)_{Standard}}{\left(\frac{^{15}N}{^{14}N}\right)_{Standard}} \right] * 1000\ [‰] \quad \text{oder auch} \quad \delta^{15}N = \left[\frac{\left(\frac{^{15}N}{^{14}N}\right)_{Probe}}{\left(\frac{^{15}N}{^{14}N}\right)_{Standard}} - 1 \right] [‰]$$

Isotopenwerte aus Kollagen spiegeln einen Zeitraum zwischen 20 und 30 Jahren vor dem Tod des Individuums wider, wenn man die Umbaurate von Kollagen bedenkt (Richards 2015). Allerdings muss man beachten, dass das gemessene Isotopenverhältnis ein Mischsignal der Isotopenwerte und somit der konsumierten Ernährung angibt. Selbst in archäologischem Material ist Kollagen häufig noch erhalten, wodurch das Protein noch zur weiteren Isotopenmessung aufgereinigt und verwendet werden kann (Bocherens und Drucker 2003). Allerdings müssen bei archäologischen Knochenfunden bestimmte Qualitätskriterien erfüllt sein, da sie diagenetischen Prozessen unterliegen können. Als ausschlaggebendes Qualitätskriterium gilt das molare Verhältnis des Kohlenstoffs und Stickstoffs. Die hierbei für archäologische Proben akzeptierte Spanne liegt zwischen 2,9 und 3,6 (DeNiro 1985).

1.6.2 Das leichte Element Kohlenstoff

Die Messung der Kohlenstoffisotopie im Knochen ist an zwei verschiedenen Komponenten möglich: Knochenkarbonat und -kollagen (u.a. Howland et al. 2003, Jim et al. 2004, Lee-Thorp et al. 1989). Kohlenstoff, welches in Kollagen verbaut ist, wird aus dem Nahrungsprotein bezogen und spiegelt daher den Proteinanteil der Ernährung wider (Ambrose und Norr 1993). Bei einer proteinarmen Ernährung allerdings wird Kohlenstoff auch aus den anderen Nahrungskomponenten, wie Fett und Kohlenhydraten, verwertet (Ambrose und Norr 1993, Crowley et al. 2010).

Doch wie genau kann man nun von dem $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Wert auf die Ernährung eines Lebewesens schließen? Das Grundprinzip, welches Ernährungsrekonstruktion möglich macht, ist die Fraktionierung (Kap. 1.6.1). Aufgrund der Fraktionierung in Stoffwechselwegen kann man auf unterschiedliche Nahrungsquellen zurückschließen. Zu diesen Stoffwechselreaktionen zählen unter anderem die unterschiedlichen Photosynthesewege in Pflanzen, die zu Änderungen im $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Wert des Konsumenten führen, wie es in Kapitel 1.7 näher erläutert wird.

1.6.2.1 Die Photosynthesewege: C_3, C_4 und CAM

Die Verwendung von Kohlenstoffisotopen in der Ernährungsrekonstruktion beruht auf der Diskriminierung gegen das ^{13}C-Isotop bei den Photosynthesewegen der C_3-, C_4-, sowie CAM-Pflanzen. Die CO_2-Fixierung ist einer der wichtigsten Prozesse, die in Pflanzen stattfinden. Sie dient dazu, Produkte und Energie zu erzeugen, die für die Bildung von Kohlenhydraten notwendig ist.

Im ersten Schritt, der carboxylierenden Phase, kommt es zur Aufnahme von CO_2 und hierdurch zur Carboxylierung von Ribulose-1,5-biphosphat (RuBP), d.h. das Kohlendioxid wird an das RuBP fixiert (Abb. 7). Eine ausschlaggebende Funktion bildet die Ribulosebiphosphat-Carboxylase (RuBisCo), ein Enzym, das diese Reaktion katalysiert. Es entsteht ein instabiles Molekül aus sechs Kohlenstoffatomen, welches in 3-Phosphoglycerat zerfällt, einem Molekül, das drei Kohlenstoffatome besitzt und diesem den Pflanzen, die diesen Photosyntheseweg nutze, den Namen „C_3-Pflanzen“ gibt. In der zweiten Phase, auch reduzierende Phase genannt, wird das Produkt Glycerinsäure-3-Phosphat reduziert wodurch zuerst 1,3-Bisphosphoglycerat und dann, unter Energieverbrauch, Glycerinaldehyd-3-Phosphat entsteht. In einem einzelnen Durchlauf werden zwölf Moleküle Glycerinaldehyd-3-Phosphat gebildet (Abb. 7). Zwei der entstandenen Aldehyde werden zur Bildung von Glucose weiterverarbeitet. Die zehn restlichen Moleküle werden in der letzten Phase (Regenerationsphase) zu sechs Molekülen Ribulose-1,5-bisphosphat regeneriert, welche nun wieder der Carboxylierung zur Verfügung stehen (Jäger et al. 2009, Kadereit et al. 2014, Nabors 2007, Raven und Eichhorn 2013, Weiler und Nover 2008).

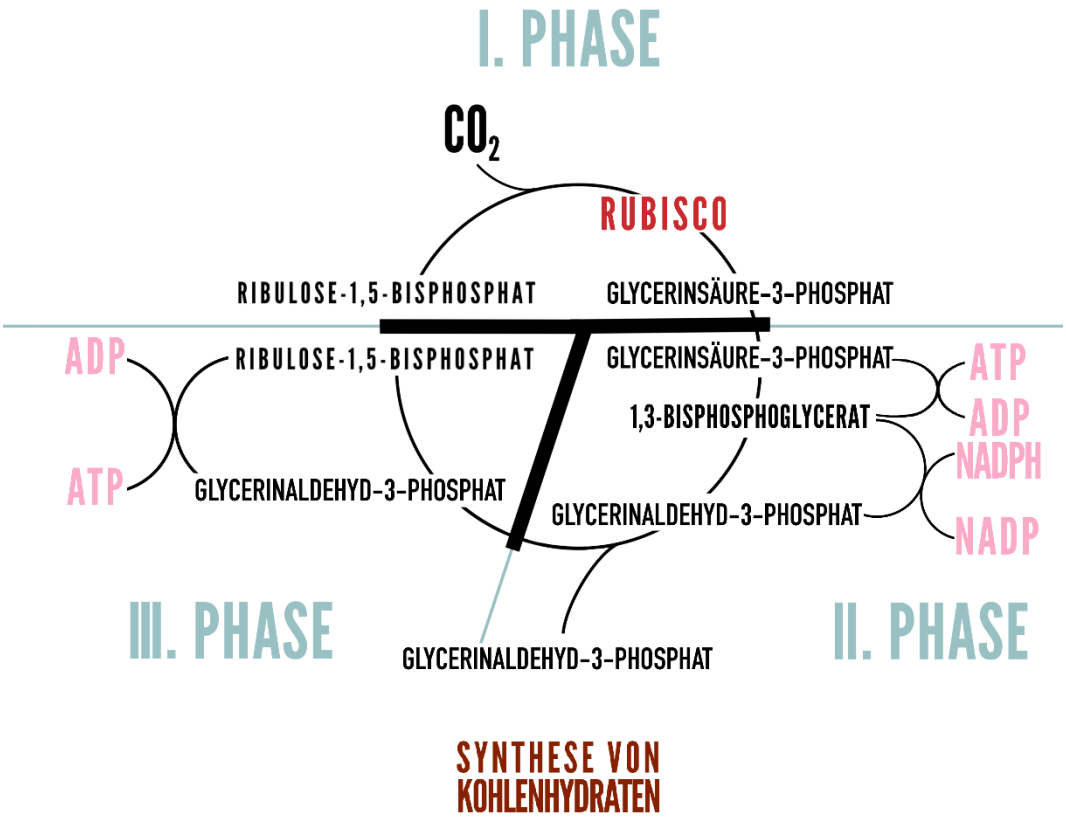


Abbildung 7: Vereinfachter Calvin-Zyklus (nach Jäger et al. 2009, Nabors 2007 und Raven und Eichhorn 2013). PEP: Phosphoenolpyruvat; rot: beteiligte Enzyme, pink: Energieträger. Erstellt mit Procreate.

Zu den C_3-Pflanzen gehören die meisten Dikotylen wie Getreide, Hülsenfrüchte und Reis, aber auch Gemüse und Wurzelfrüchte (Ambrose und Norr 1993, Bocherens et al. 1996).

Die Pflanzen, die diesen Kreislauf verwenden, sind abgereicherter in ^{13}C, da der C_3-Weg gegen ^{13}C diskriminiert (Grupe et al. 2009, Lee-Thorp et al. 1989, Richards 2015). Im Durchschnitt haben C_3-Pflanzen einen $\delta^{13}C$-Wert von -26,5 ‰. Sie können jedoch abhängig vom Standort eine Wertespanne von -20 und -35 ‰ einschließen, da sie sehr sensibel auf Änderungen in ihrem Umfeld reagieren z.B. Bewaldung (Ambrose und Norr 1993, Hare et al. 1991, O'Leary 1988).

Nicht alle Pflanzen nutzen ausschließlich den C_3-Kreislauf zur CO_2-Assimilation. Es gibt Pflanzen, die das Kohlenstoffdioxid vorfixieren, wie die sogenannten C_4-Pflanzen. Zu den bekanntesten C_4-Pflanzen gehören Hirse, Mais und Zuckerrohr, sowie tropische Gräser und Amaranth (Ambrose und Norr 1993, Chisholm 1989). Besonders Pflanzen aus lichtintensiven oder trockenen Regionen wie den Tropen oder Subtropen verwenden diesen Photosyntheseweg, der nach seinen Entdeckern auch Hatch-Slack-Zyklus genannt wird (Jäger et al. 2009, Chisholm 1989, Weiler und Nover 2008).

C_4-Pflanzen fixieren das aufgenommene CO_2 mittels des Enzyms Phosphoenolpyruvat-Carboxylase (Chisholm et al. 1982). Bei diesem Schritt wird Phosphoenolpyruvat carboxyliert, wodurch Oxalacetat entsteht, das aus vier C-Molekülen aufgebaut ist und hierdurch namensgebend für den Kreislauf ist (Raven und Eichhorn 2013). Dieses Molekül wird wiederum zu Malat umgesetzt und wird nun aus der Mesophyllzelle in die angrenzende Bündelscheidenzelle transportiert. Hier wird das Malat decarboxyliert, wodurch Pyruvat und CO_2 entstehen. Das CO_2 wird weiter in den Calvin-Zyklus überführt (Abb. 8; Jäger et al. 2009, Raven und Eichhorn 2013). C_4-Pflanzen diskriminieren weniger gegen ^{13}C und haben daher ein positiveres $\delta^{13}C$-Verhältnis von circa -12 ‰, wobei sie einen Wertebereich von -9 und -16 ‰ abdecken können (Ambrose and Norr 1993, Bender 1968, Hare et al. 1991, Richards 2015, O'Leary 1988).

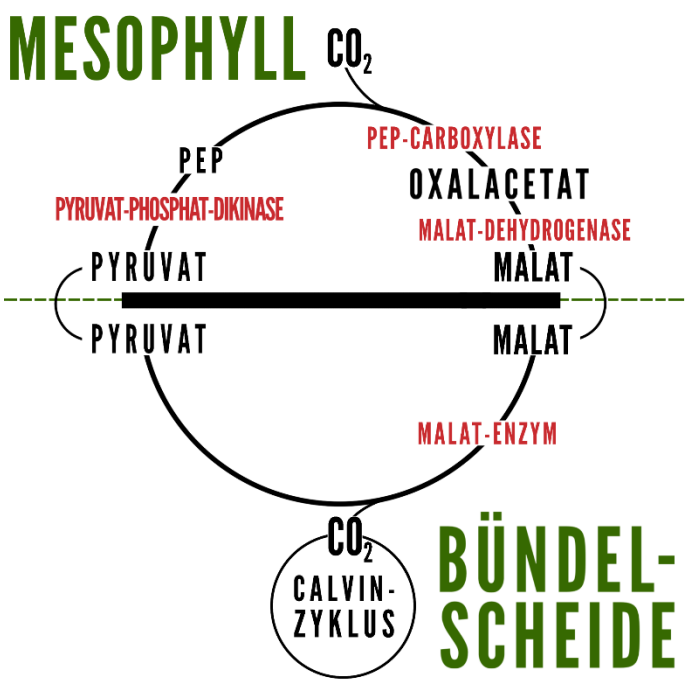


Abbildung 8: Schematischer C_4-Kreislauf (nach Jäger et al. 2009). PEP: Phosphoenolpyruvat; rot: beteiligte Enzyme. Erstellt mit Procreate.

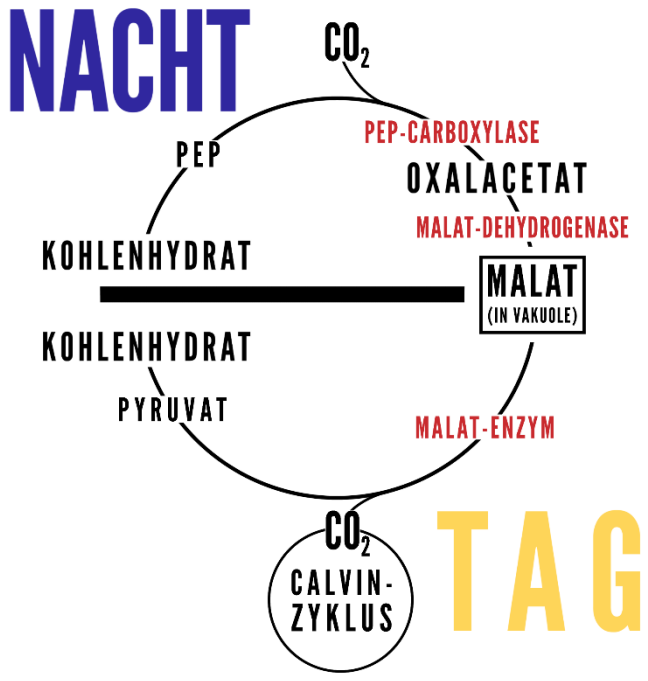


Abbildung 9: Schematischer CAM-Kreislauf (nach Jäger et al. 2009). PEP: Phosphoenolpyruvat; rot: beteiligte Enzyme. Erstellt mit Procreate.

Eine Mischung beider Fixierungsarten findet sich bei den sogenannten CAM-Pflanzen, die sich an wasserarme Standorte anpassen müssen. CAM (**C**rassulacean **A**cid **M**etabolism) ist der Säurestoffwechsel, den Crassulaceen verwenden, zu denen viele Sukkulenten zählen, darunter Kakteengewächse, Agaven und auch Wolfmilchgewächse (Ambrose and Norr 1993, Jäger et al. 2009).

Diese Pflanzen folgen einem diurnalen Rhythmus, das heißt die Stoffwechselvorgänge sind nicht wie bei den C_4-Pflanzen räumlich getrennt, sondern abhängig von der Tageszeit

(Jäger et al. 2009, Raven und Eichhorn 2013). Bei Nacht, in der Transpiration nicht zu Wasserverlust führen kann, öffnen diese Pflanzen ihre Stomata und nehmen atmosphärisches CO_2 auf. Das aufgenommene Kohlendioxid wird durch Phosphoenolpyruvat-Carboxylase in Oxalacetat fixiert. Dieses wird wiederum in Malat umgewandelt und als Apfelsäure ($C_4H_6O_5$) in der Vakuole der Pflanze gespeichert. Tagsüber schließen sich die Stomata, um Wasserverlust vorzubeugen. In dieser Lichtphase wird die Apfelsäure freigegeben, ebenso wie das gespeicherte CO_2. Mittels RuBisCO gelangt das Kohlendioxid in den Calvin-Zyklus, bei dem die photosynthetische Assimilation wie bei C_3-Pflanzen stattfindet (Jäger et al. 2009, Raven und Eichhorn 2013). Der Unterschied zum C_4-Photosyntheseweg besteht darin, dass die Vorfixierung und die Assimilation bei den CAM-Pflanzen in einer Zelle stattfinden und nicht räumlich getrennt sind (Abb. 9; Jäger et al. 2009, Raven und Eichhorn 2013).
CAM-Pflanzen weisen Werte auf, die zwischen den Wertespannen der C_3- und C_4-Pflanzen liegen (O'Leary 1988, Richards 2015). Bei Nacht haben sie Werte von -11 ‰ und tagsüber ungefähr -28 ‰ (O'Leary 1988). Die CAM-Pflanzen spielen für die Ernährung europäischer Bevölkerungen allerdings keine Rolle.

1.6.2.2 Fraktionierung und Anreicherung in der Umwelt

Untersucht man das Ernährungsverhalten eines Menschen oder eines Tieres, erlaubt es die Kohlenstofffraktionierung, Pflanzen je nach Photosyntheseart zu unterscheiden und somit Pflanzentypen als Nahrungsquelle ein- oder auszuschließen. Doch Fraktionierung findet nicht nur in Pflanzen statt, sondern auch in der restlichen Umwelt (Abb. 109). Die Kohlenstoffisotopie ermöglicht nämlich zusätzlich Nahrungsquellen in terrestrische und aquatische Ressourcen zu untergliedern (Bogaard et al. 2007, Chisholm et a. 1982).
Die meisten aquatischen Pflanzen verwenden zwar ebenfalls den C_3-Zyklus. Sie gewinnen ihren Kohlenstoff, abhängig von der Art, aus gelöstem Bicarbonat oder aus Kohlendioxid aus dem Wasser (Chisholm et al. 1989, Keaveney und Reimer 2012). Dementsprechend ist die Isotopie der Pflanzen in den Gewässern abhängig von der C-Verfügbarkeit, welche wiederum abhängig von Parametern wie Saisonalität ist (Keaveney und Reimer 2012). Hierbei spielt auch die Löslichkeit eine Rolle, da sich z.B. CO_2 in aquatischen Systemen weniger gut löst, weshalb sanfte, bewegungsruhige Seen, die durch geringere Turbulenzen das atmosphärische CO_2 langsamer aufnehmen, weniger negativ in ihren $\delta^{13}C$-Werten sind als Gewässer mit hoher Bewegung (Keaveney und Reimer 2012, Osmond et al. 1981). Zusätzlich hat sich gezeigt, dass Fische aus pelagischen Gewässern (= offene Gewässer) einen sehr negativen $\delta^{13}C$-Wert und aus litoralen Gewässern (= küstennahe Gewässer) einen positiveren Wert aufweisen (Keaveney und Reimer 2012). Der $\delta^{13}C$-Wert in ästuarinen und Süßwassergewässern kann daher sehr stark schwanken, selbst innerhalb eines Gewässers. Er ist dabei sogar meist niedriger als bei marinen Quellen (Clementz und Koch 2001). Süßwassertiere der gleichen Spezies mit gleicher Ernährung können unterschiedliche Werte aufweisen (Dufour et al. 1999). Folglich sind

Süßwasserfische, im Vergleich zu marinen Tieren, in ihren Werten sehr variabel (Dufour et al. 1999, Katzenberg und Weber 1999). Marine Ökosysteme haben hingegen eine hohe Konzentration an gelöstem Bikarbonat, was zu positiveren $\delta^{13}C$-Werten führt (Sealy 2001). Hierdurch kann man zwischen terrestrischen und marinen Standorten unterscheiden. Hier ist der Zusammenhang zum Stickstoffwert notwendig (Kap. 1.6.3), da man den Einfluss von marinen Gewässern mit C_4-Pflanzen verwechseln kann. Marine und Süßwassersysteme führen außerdem zum sogenannten *Reservoir-Effekt*, der die Radiokarbon-Datierung insofern beeinflusst, dass der ^{14}C-Wert von Knochen bei der Radiocarbondatierung älter geschätzt wird (Jull et al 2013, Lanting und Van Der Plicht 1998, Olsen 2010).

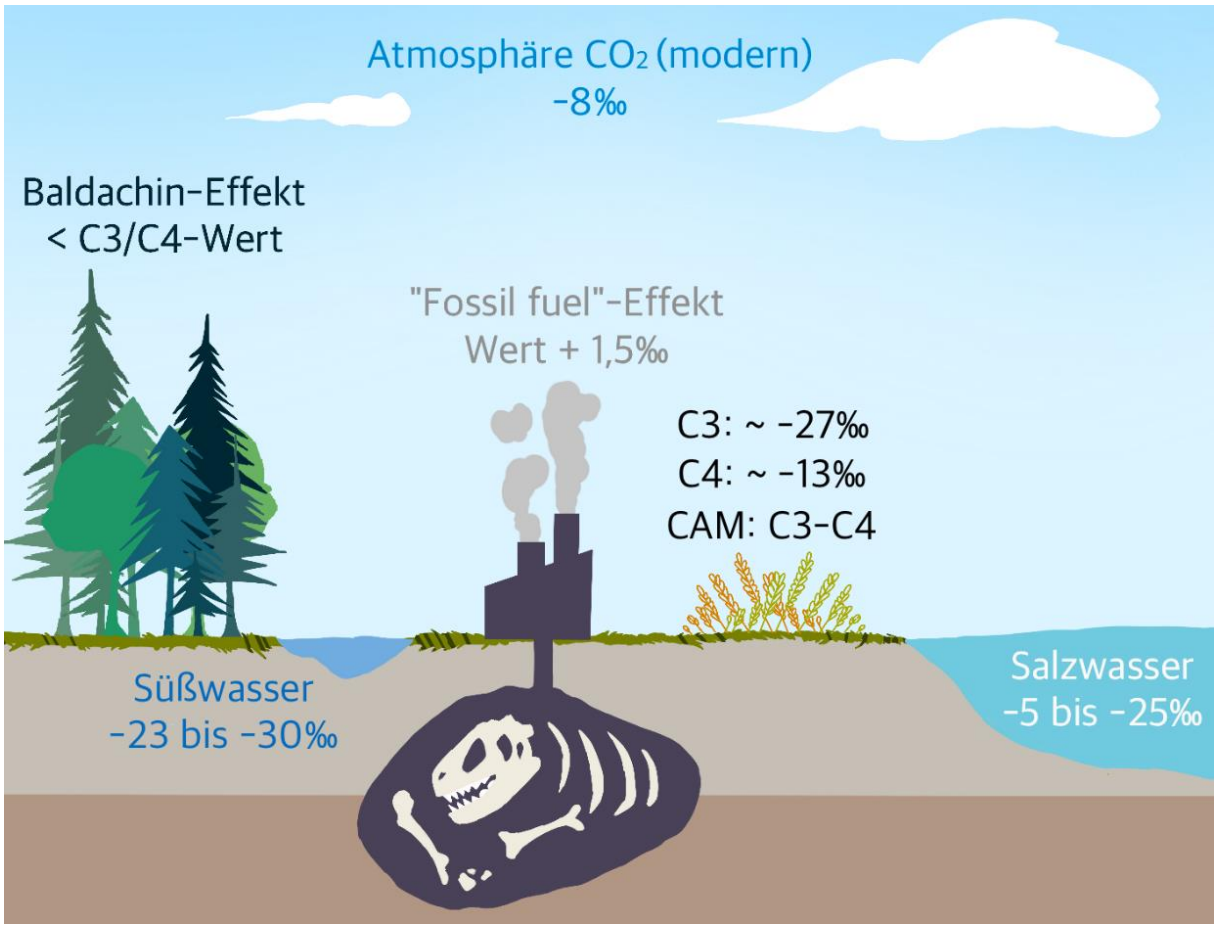


Abbildung 10: Variabilität und Effekte der $\delta^{13}C$-Werte in der Umwelt (nach Peterson und Fry 1987). Werte entnommen aus: Ambrose (1993), Grupe (2000), Schäuble (2007), van Klinken et al. (2000). Erstellt mit Procreate.

Ebenso kann man durch Fraktionierungsvorgänge zwischen offenem Gelände und dichter Pflanzenbewachsung, wie z.B. dem Ökosystem Wald, unterscheiden (Abb. 10). Durch den sogenannten *Baldachin-Effekt* ist es möglich, auf die Pflanzenbedeckung eines Standortes zu schließen (Asam et al. 2006). Unter den dichten Laubkronen der Bäume kommt es durch Recycling von CO_2 zu einem negativeren Isotopenwert als in offenem Grasgelände (Ambrose 1993).

Neben natürlich vorkommenden Fraktionierungsmechanismen, gibt es zusätzlich eine menschgemachte Anreicherung von Kohlenstoff in der Atmosphäre. Man spricht hierbei vom

fossil fuel effect, da durch das Verbrennen von fossilen Rohstoffen, Kohlenstoff in die Atmosphäre zugeführt wird (Friedli et al. 1986). Hierdurch sind die Werte moderner Proben leichter, was sich folglich im Kohlenstoff-Isotopenverhältnis niederschlägt. Messungen zeigen wie sich allein von 1956 bis 1989 der $\delta^{13}C$-Wert des atmosphärischen CO_2 (1956: -6,69 ‰, 1989: -7,8 ‰) erniedrigt hat (Marino und McElroy 1991). Wenn also moderne Proben als Vergleichsmaterial zu prähistorischem Material hinzugezogen werden, müssen die heutigen Proben an diesen Effekt durch einen Faktor von 1,5 ‰ angepasst werden (Chisholm 1989, van Klinken et al. 2002).

1.6.3 Das leichte Element Stickstoff

1.6.3.1 Stickstoffisotopie

Der Stickstoff, welcher nur im Knochenkollagen gemessen wird (u.a. Ambrose 1990, Schoeninger und DeNiro 1983, Stevens et al. 2010), stammt ausschließlich aus dem Eiweiß der Nahrungsquelle. Daher wird der Wert hauptsächlich dazu verwendet, die Trophiestufe eines bestimmten Konsumenten festzustellen und damit die der Nahrung zu identifizieren (u.a. Adams und Sterner 2000, Ambrose 1993, Minagawa und Wada 1984).

1.6.3.2 Trophieebenen

Bei tierischen Konsumenten kann zwischen herbivor, karnivor und omnivor unterschieden werden.
Das Prinzip hinter der Stickstoffisotopie ist, dass mit jeder Trophieebene der Stickstoffisotopenwert angereichert wird. Je höher also das Stickstoffisotopenverhältnis, desto höher war der Proteinanteil in der Nahrung des Konsumenten und umso höher steht dieser in der Nahrungskette. Dieser sogenannte *Trophiestufeneffekt* beträgt in Bezug auf Stickstoffisotopie zwischen zwei und sechs Promille pro Trophieebene (Minagawa und Wada 1984). In der Anthropologie geht man im Durchschnitt von drei Promille aus (Ben-David und Flaherty 2012, Grupe 2014) und wird dieser Arbeit entsprechend angewendet.

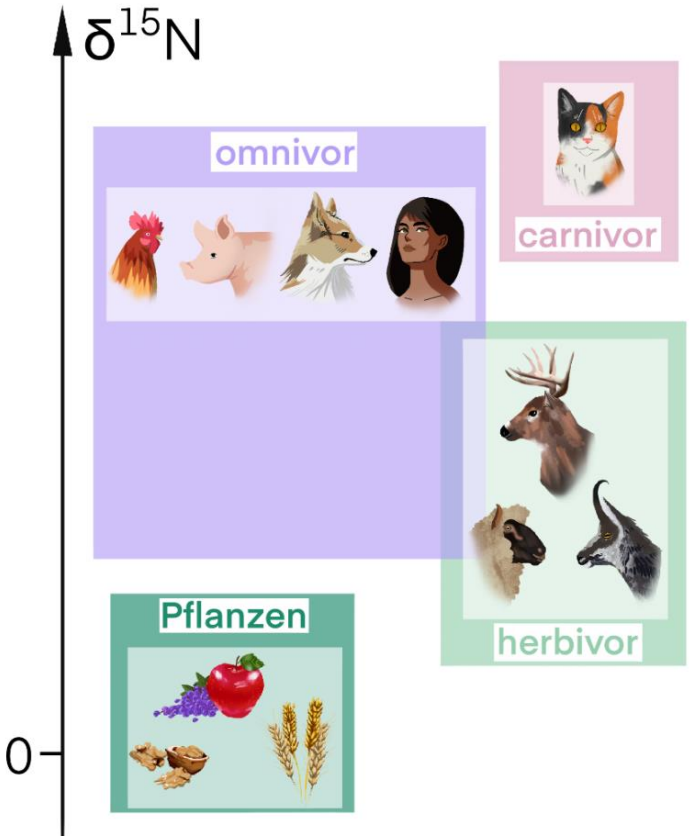


Abbildung 11: Schematische Darstellung der terrestrischen Nahrungskette in Zusammenhang mit dem Stickstoffisotopenverhältnis des entsprechenden Nahrungsverhaltens. Erstellt mit Procreate.

Die Anreicherung mit ^{15}N ist also abhängig von der Länge der Trophiekette. Mit steigender Trophiestufe, nimmt auch der $\delta^{15}N$-Wert zu (Abb. 11). Ein omnivores Lebewesen wie z.B. der Mensch, konsumiert ein herbivores Tier, welches sich von Pflanzen ernährt. Der Mensch steht somit auf der zweiten Trophiestufe mit einer Anreicherung von je drei Promille je Stufe; insgesamt also eine Anreicherung von sechs Promille gegenüber den Primärproduzenten.

Milchproteine sind ebenfalls im Stickstoffisotopenwert angereichert (Fuller et al. 2006, Kornexl et al. 1997, Steele und Daniel 1978). Ein säugendes Tier produziert das Milchprotein auf Kosten der eigenen Proteine, was zu einem internen Trophieleveleffekt führt (Fogel et al. 1997, Jenkins et al. 2001, Pearson et al. 2010). Aus diesem Grund kann man anhand des $\delta^{15}N$-Werts in Kollagen von Kinderknochen beurteilen, ob das Individuum noch gestillt wurde oder bereits entwöhnt war, weshalb dieser Effekt auch Still-Effekt genannt wird.

Der Metabolismus eines Tieres kann ebenso Auswirkung auf den Stickstoffisotopenwert haben. Tiere, die sich an aride Klimabedingungen angepasst haben und dürretolerant sind, wie Schafe, Ziegen oder Gazellen, weisen höhere Stickstoffisotopenwerte auf als Tiere, die obligatorisch trinken müssen (z.B. Rinder). Dürretolerante Tiere scheiden mit ihrem Urin mehr Harnstoff aus, der isotopisch leichter ist. Dieser Schritt hält mehr Wasser im Körper zurück, welches dann dem Tier wieder zur Verfügung steht. (Ambrose 1991).

Manche Pflanzenarten wie zum Beispiel Leguminosen können mittels Bakterien Stickstoff fixieren. Diese Stickstofffixierer haben niedrige Stickstoffisotopenwerte (DeNiro und Epstein 1981). Dementsprechend sind die Stickstoffisotopenwerte der Pflanze und folglich auch die des Konsumenten, niedriger und schwanken um die 0 ‰ (van Klinken et al. 2002). Stickstofffixierer und Nicht-Fixierer unterschieden sich um 2 bis 3 ‰ und können hierdurch in der Ernährung differenziert werden (Heaton et al. 1986).

Stickstoff wird allerdings nicht nur mit steigender Trophiestufe oder metabolischen Prozessen angereichert, sondern steht auch unter dem Einfluss der Umgebung. So steigt der Stickstoffisotopenwert in Pflanzen und im Boden an, wenn die Aridität zunimmt (Ambrose 1991, Bocherens et al. 1994, Heaton et al. 1986) oder die Salinität der Umgebung steigt (Heaton 1987, van Klinken et al. 2002). Es wird vermutet, dass die Salinität auf den Metabolismus von Bakterien wirkt, was zu einer Veränderung oder Destruktion von Nitrat und Ammonium führt oder den Elektrolythaushalt verändert, welcher wiederum Einfluss auf die Ammoniumaufnahme des Bodens nimmt (Heaton 1987). Pflanzendünger hat denselben Effekt auf den $\delta^{15}N$-Wert von Pflanzen: gedüngte Pflanzen haben im Vergleich zu ungedüngten Pflanzen einen höheren Wert (Bogaard et al. 2007, Bogaard et al. 2013, Fraser et al. 2011).

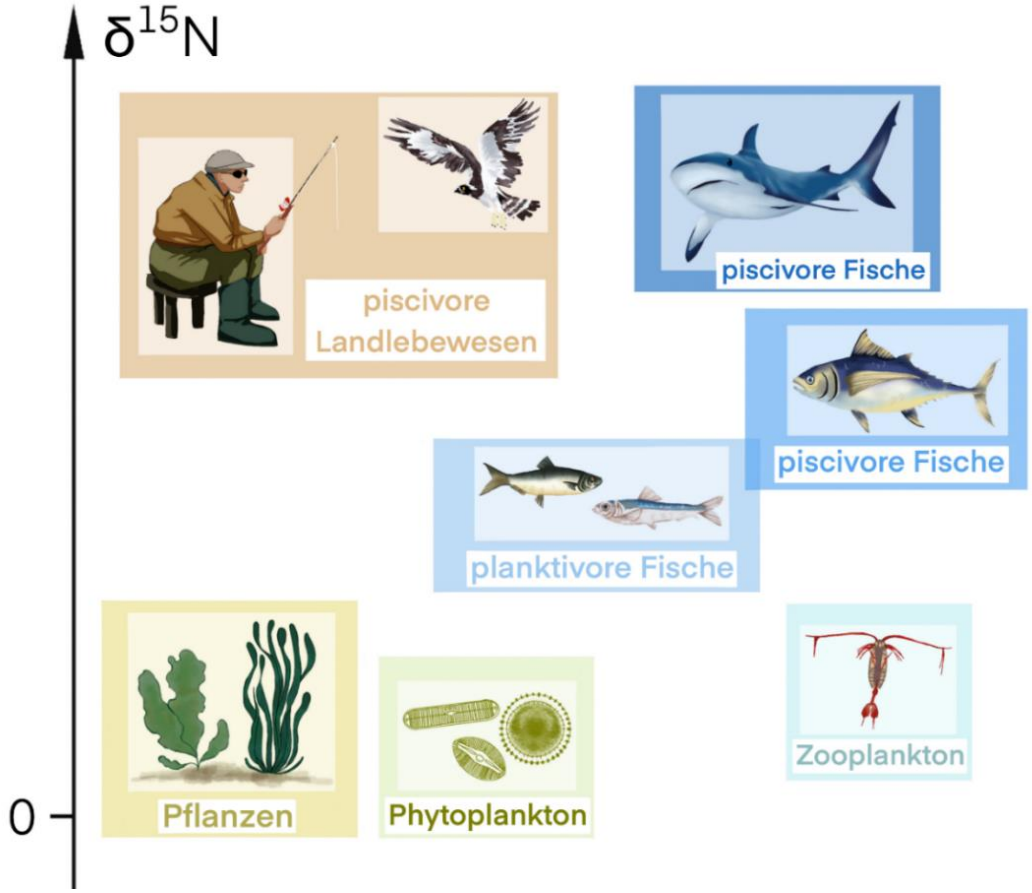


Abbildung 12: Schematische Darstellung der aquatischen Nahrungskette in Zusammenhang mit dem Stickstoffisotopenverhältnis des entsprechenden Konsumenten. Erstellt mit Procreate.

Aquatische Organismen haben im Vergleich zu landlebenden Konsumenten eine längere Nahrungskette und haben deshalb eine höhere Stickstoffanreicherung und daher einen höheren $\delta^{15}N$-Wert (Grupe et al. 2010). Stickstoff- und Kohlenstoffisotopie können beide verwendet werden, um zwischen terrestrischen und marinen Quellen zu unterscheiden (Abb. 12) (Heaton et al. 1986, Hedges und Reynard 2007, Schoeninger et al. 1983). Die Stickstoffisotopie kann allerdings nicht hinzugezogen werden, um terrestrische Ressourcen und Süßwasserquellen zu trennen, weil sie sich in den Werten überschneiden können (Schoeninger et al. 1983).

1.7 Mischungsmodelle

1.7.1 Fraktionierung und An- bzw. Abreicherung im Konsumenten

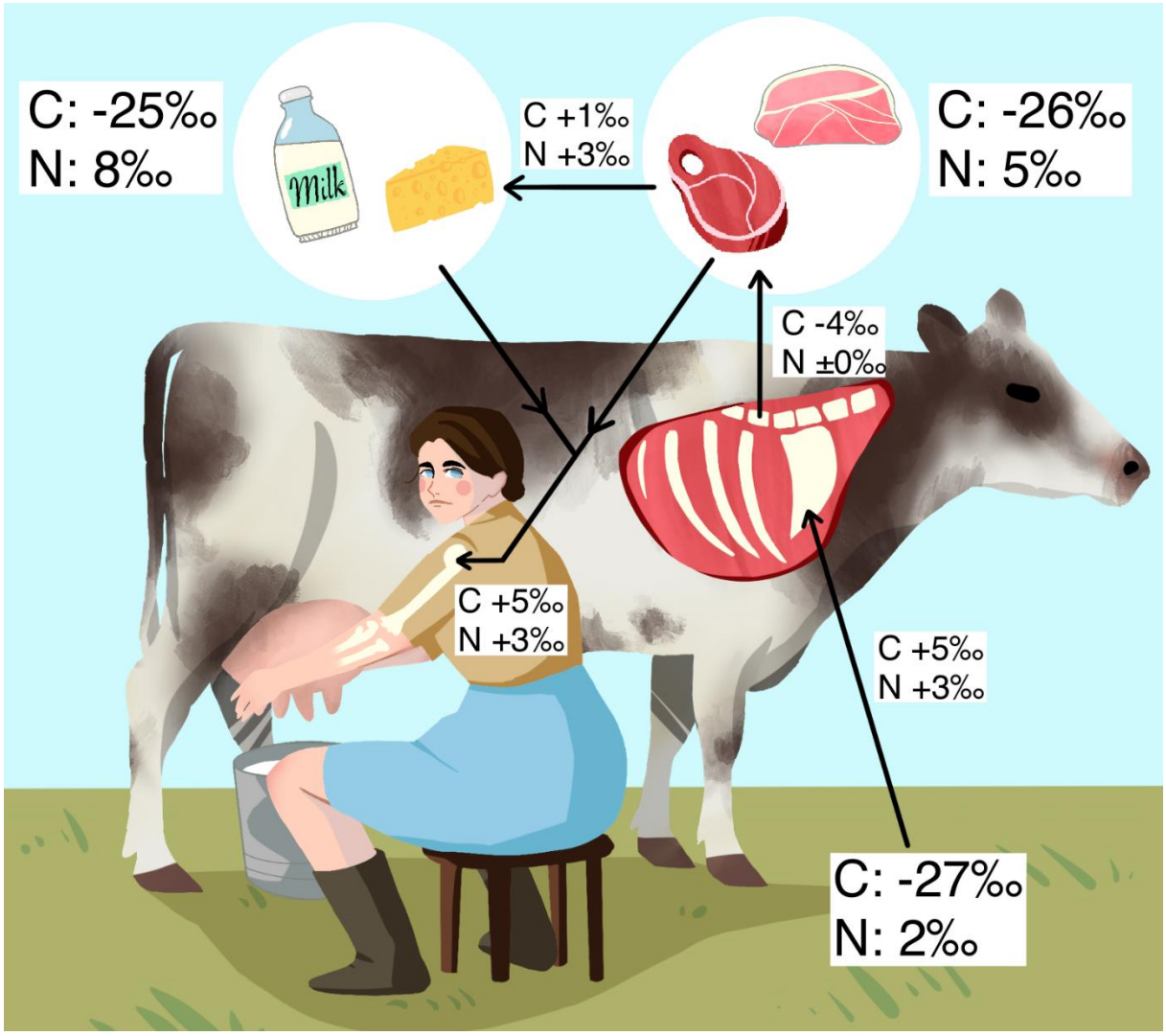


Abbildung 13: Pflanzenwert mit einem $\delta^{13}C$-Wert von -27 ‰ und einem $\delta^{15}N$-Wert von 2 ‰ wird zu -22 ‰ ($\delta^{13}C$) und 5 ‰ ($\delta^{15}N$) im Knochenkollagen des herbivoren Konsumenten. Dies führt beim herbivoren Konsumenten (z.B. beim Rind) zu einem Fleischwert von -26 ‰ ($\delta^{13}C$) und 5 ‰ ($\delta^{15}N$). Der Konsument dieses Fleisches, z.B. der Mensch, erreicht im Knochenkollagen Isotopenwerte von -21 ‰ ($\delta^{13}C$) und 8 ‰ ($\delta^{15}N$). Erstellt mit Procreate.

Die Kombination aus der Untersuchung von $\delta^{13}C$ und $\delta^{15}N$, gemessen im Knochenkollagen, reflektiert das Isotopenverhältnis im Nahrungsprotein (Al-Bahaireh et al. 2010) und erlaubt einen Einblick in das Ernährungsverhalten eines Individuums und, kollektiv betrachtet, einer Population. Nun ernährt sich der Mensch allerdings nicht von Knochen, sondern von Pflanzenprodukten, Fleisch und prozessierten Lebensmittel wie Käse, Brot, Brei, Wurst und Getränken. Dementsprechend müssen die Kollagenwerte an die potentiell konsumierten Lebensmittel, wie eben Fleisch oder Milchprodukte, angepasst werden, entweder durch Messung oder durch Kalkulation. Bei archäologischen Funden fällt die erste Möglichkeit aus, sodass nur die Möglichkeit besteht, den Wert mancher Lebensmittel, ausgehend vom Isotopenwert im Knochenkollagen, rechnerisch zu schätzen (Abb. 13). Die erfolgt mittels

Fraktionierungsfaktoren. Fraktionierung erfolgt dann, wenn das Verhältnis von leichten und schweren Isotopen (Kap. 1.6.1) sich im Gewebe verändert, weil in Reaktionen die schweren Isotope stärkere Bindungen bilden, sodass es zur Diskriminierung von Isotopen kommt (Ben-David und Flaherty 2012). $\delta^{13}C$ aus der Pflanzennahrung wird im Knochenkollagen mit ca. +5 ‰ angereichert, sodass bei lokaler Ernährung von Herbivoren, basierend auf C_3-Pflanzen, und strikt vegetarisch lebenden Tieren $\delta^{13}C$-Kollagenwerte von -21 ‰ bis -19 ‰ erwartet werden. Der $\delta^{15}N$-Wert wird erwartungsgemäß um eine Trophiestufe angehoben, also um +3 ‰. Die Fraktionierung von Tier zu Tier, also von einer Trophieebene zur nächsten, wie z.B. herbivor zu omnivor, beträgt bei der Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen ungefähr +1 ‰ (Bocherens et al. 1994, Bocherens und Drucker 2003, Chisholm 1989). Der Fleischwert, ausgehend vom Knochenkollagenwert des herbivoren Konsumenten, ist um 4 ‰ im Kohlenstoffisotopenwert reduziert, der Stickstoffisotopenwert bleibt näherungsweise gleich. Dieser Fleischwert ist es, der wiederum von karnivoren und omnivoren Konsumenten über die Nahrung aufgenommen wird. Auf der Ernährung aufbauend kommt es in einem menschlichen Konsumenten im Stickstoff zu einer Anreicherung um +3 ‰ und im Kohlenstoff um +5 ‰ (Ambrose und Norr 1993, Grupe et al. 2015). Ebenso kommt es auch in anderen Organgeweben zu unterschiedlichen Werten. In einer Studie von Hübner (1985) wurden verschiede tierische Gewebe auf ihre $\delta^{13}C$-Isotopie hin untersucht. Es zeigte sich, dass z.B. Fett wesentlich negativere $\delta^{13}C$-Werte aufwies als der Kollagenwert. In verschiedenen Pflanzenorganen kommt es ebenfalls zu unterschiedlichen $\delta^{13}C$-Werten. Samen bzw. Körner sind um 1 bis 2 ‰ positiver im Vergleich zum Pflanzenstängel oder Blatt (Merah et al. 2002). Die photosynthethisch inaktiven Teile von C_3-Pflanzen können sogar um bis zu 3 ‰ angereichert sein (Cernusak et al. 2009). Dennoch muss man beachten, dass man hier keine klaren Grenzen ziehen kann, sondern Bereiche (Abb. 14). Getreideprodukte wie Bier oder Brot unterscheiden sich nicht vom Isotopenwert des Getreides. Gleichermaßen ähneln sich Fleisch und Innereien oder Fleischprodukte.

Der Isotopenwert eines Menschen - ausgehend von einem normal ernährten Menschen, der am Skelett keine Fehlernährung aufweist - besitzt jedoch immer einen Proxy-Charakter, da die Anpassung an die Fraktionierungsfaktoren durch durchschnittliche Faktoren berechnet wird. Zudem ist der Mensch mit seiner omnivoren Ernährungsweise ein flexibler Esser und kann daher seine Ernährung ändern und an spontan auftretende Umstände anpassen. Wenn sich seine Nahrung ändert, mischt sich im Kollagen der Wert der alten und der neuen Nahrung, abhängig von der Umbaurate des Knochens (Chisholm 1989). Auch wenn es sich bei dem Isotopenwert eines Konsumenten, also eines Individuums oder einer Population, um ein Mischsignal handelt, kann man zwischen Jäger und Sammlern oder Ackerbauern und Viehhaltern unterscheiden. Die Ernährungsrekonstruktion mittels Isotopenanalyse eignet sich daher hervorragend für die Rekonstruktion der Subsistenzökonomie von Bevölkerungsgruppen.

1.7.2 Bivariate Auswertung vs. Konzentrationsabhängigkeit

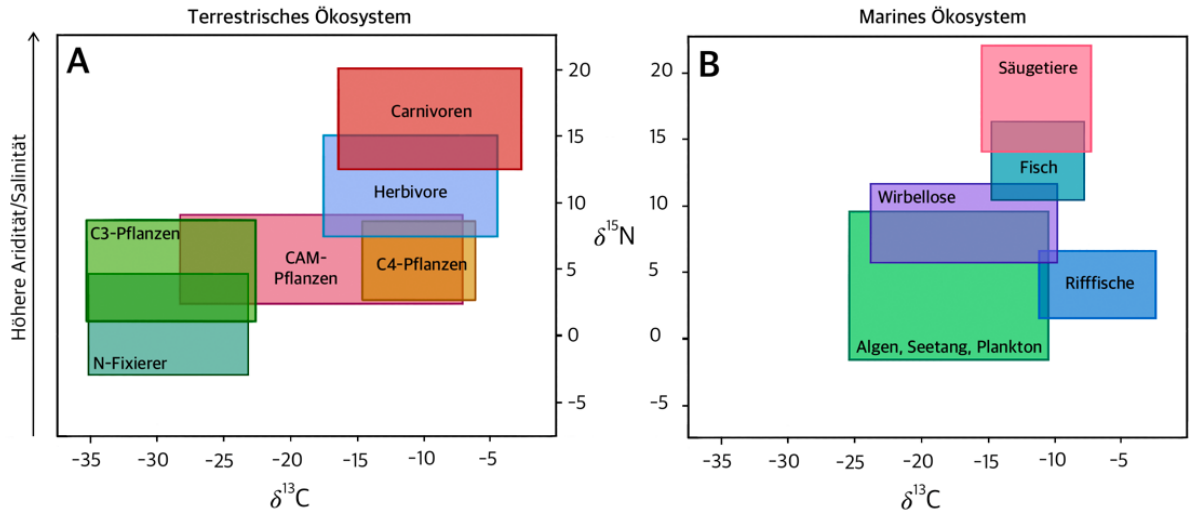


Abbildung 14: Ungefähre Verteilung von $\delta^{13}C$ und $\delta^{15}N$ im bivariaten System (nach Ambrose 1993). A im terrestrischen Ökosystem, B im marinen Ökosystem. Werte in [‰]. Erstellt mit Procreate.

Werden die Ergebnisse aus Kohlenstoff- und Stickstoffisotopenanalyse kombiniert, erhält man ein grobes Schema, in welches Konsumenten eingeordnet werden können (Abb. 14). Durch die verschiedenen Fraktionierungsprozesse und Umgebungseigenschaften, eignet sich die Kombination der beiden Isotopensysteme, um zwischen marinen und terrestrischen Quellen zu unterscheiden (Heaton et al. 1986). Die konventionelle, bivariate Auswertung basiert auf diesem Prinzip. Das Nahrungsnetz eines Konsumenten wird auf seinem $\delta^{13}C$- und $\delta^{15}N$-Wert aufgebaut und mit den Werten von tierischen und pflanzlichen Werten verglichen.

Mittlerweile stehen auch verschiedene Programme zur Verfügung, welche ursprünglich in der Ökologie entwickelt wurden, mit deren Hilfe wesentliche Komponenten der Grundnahrung des Konsumenten durch Simulation quantifiziert werden können, *isotopic sourcing* genannt, wodurch sich die Auswertung vereinfacht. Es ermöglicht die Quantifizierung der einzelnen Nahrungsmittel und erlaubt somit einen Blick auf die Subsistenzstrategie einer Bevölkerung sowie einzelner Konsumenten. Der Vorteil solcher Simulationen besteht darin, dass sogenannte *missing endmember*, also Grundnahrungsmittel, welche sich nicht im archäologischen Fundgut finden (z.B. Getränke), ebenfalls in geschätzter Form verwendet werden können. Die Applikation dieser Isotopen-Mischungsmodellen setzt sich dennoch sehr zögerlich in der Bioarchäologie durch. Meist werden die Kollagen-Rohdaten, ohne Anpassung an Fraktionierungsfaktoren, verwendet. Die Ernährung wird trotz der existierenden Modelle größtenteils nur basierend auf der bivariaten Isotopenverteilung ausgewertet, wie in Abbildung 14 dargestellt.

Tendenziell wird Fleisch bei der konzentrationsunabhängigen Auswertung überrepräsentiert und Pflanzen unterrepräsentiert, was folglich zu einer falschen Interpretation der Subsistenzgrundlage einer Population führt. Grund dafür ist, dass die konventionelle Auswertung (wie in Abb. 15A) die

Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentration der Quellen ignoriert. Konzentration im biologischen und chemischen Sinne beschreibt den Mengenanteil einer Komponente oder Stoffes. In Bezug auf die Ernährungsrekonstruktion gibt die Konzentration den Mengenanteil eines Elements in einer Probe oder Nahrungsmittel an. Die konventionelle Interpretation von Kollagenisotopien in bivariater Darstellung und Mischungsmodelle, die die Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentration der Nahrungsquellen nicht beachtet, sind daher unzureichend und im schlimmsten Fall sogar falsch, wie Abbildung 15 präsentiert (Becker und Grupe 2012, Grupe et al. 2013, Grupe 2014).

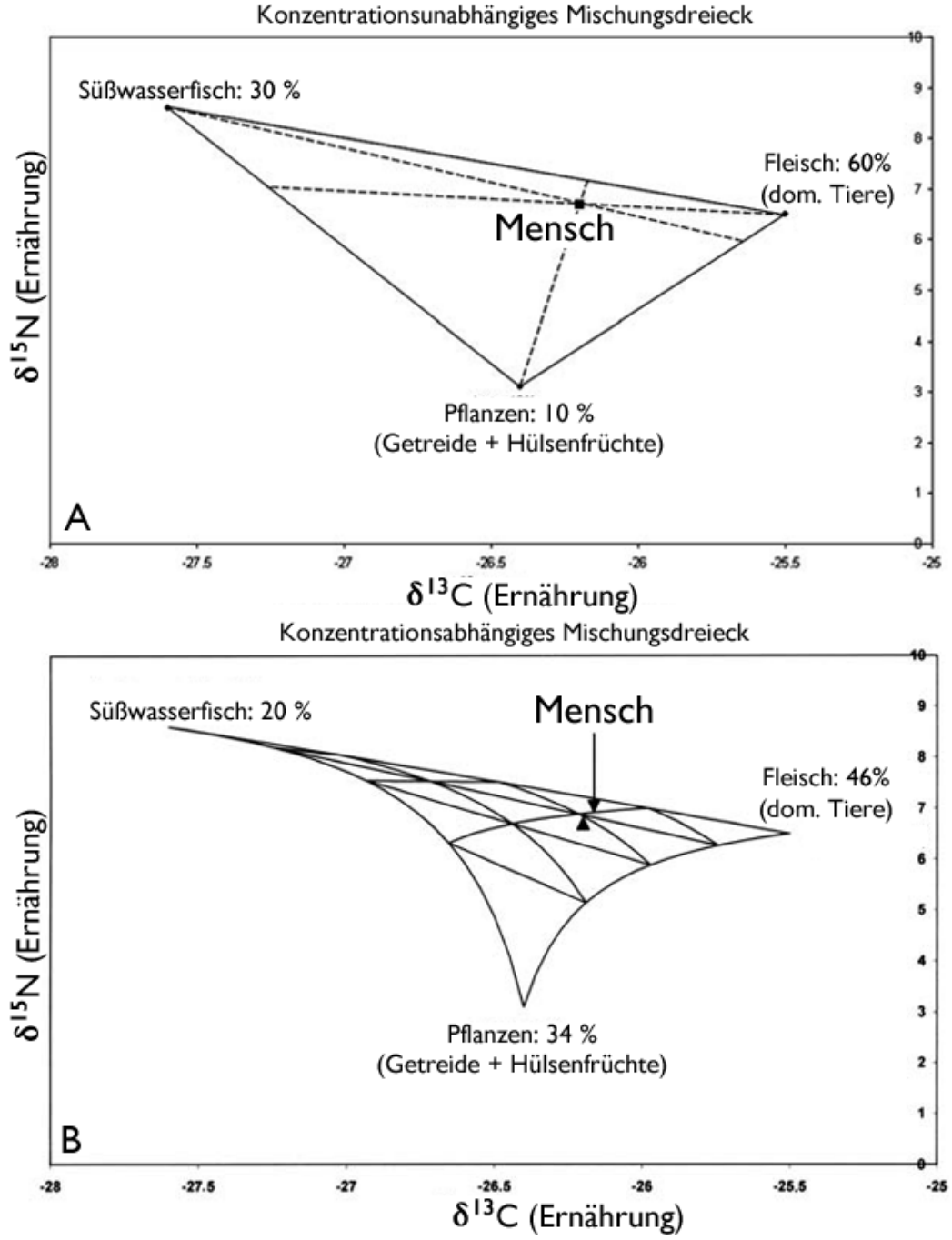


Abbildung 15: ***A***: Fiktives, bivariates, konzentrationsunabhängiges Mischungsmodell; ***B***: konzentrationsabhängiges Mischungsmodell (übersetzt aus Grupe 2014).

Die Elemente, die für die Ernährungsrekonstruktion von Bedeutung sind (Kohlenstoff, Stickstoff), unterscheiden sich nicht nur in ihrer Konzentration, sondern auch in ihrem Vorkommen. In Nahrungsmitteln kommt Stickstoff nur in Protein vor. Kohlenstoff hingegen findet man in allen drei Komponenten (Fett, Protein, Kohlenhydrat), die alle einen bestimmten $\delta^{13}C$-Wert aufweisen (Schoeller et al. 1984). Das Fett und die Proteine aus der Nahrung werden im Konsumenten für die Synthese körpereigener Fette und Proteine als Bausteine bevorzugt (Ambrose and Norr 1993, Krueger und Sullivan 1984, Tieszen und Fagre 1993). Beispielsweise im Knochenprotein: hier sind die Proteine im Vergleich zu den restlichen aufgenommen Komponenten stärker vertreten. Im Isotopenwert im Konsumentenprotein, u.a. Knochenkollagen, kommt es zu einer Überrepräsentanz der proteinreichen Lebensmittel, wie Fleisch oder Milch, da Ernährungsproteine auch wieder im Konsumenten zum Aufbau von Proteinen verwendet wird (Erhardt 2014). Aus diesem Grund ist es notwendig, bei der Ernährungsrekonstruktion mittels Isotopenanalyse auf die Element-Konzentration (Kohlenstoff, Stickstoff) der Nahrungsquellen zu achten, andernfalls kommt es zu möglichen Fehleinschätzungen.
Für die Ernährungsrekonstruktion von anthropologischen Proben sollte man also auf drei Punkte achten:

1. die Berechnung der Mischisotopie des Proteinanteils der Grundnahrung eines Konsumenten (Individuum oder Population) (Kap. 1.7.1)
2. die Berechnung der tatsächlichen Nahrungsmittel wie Fleisch (Kap. 1.7.1, Abb. 13)
3. die C- und N-Konzentrationen der Nahrungsmittel

1.8 Zielsetzung und Bedeutung dieser Arbeit

Die Interpretation stabiler Isotope im Knochenkollagen für archäologischen Fragestellungen beschränkt sich bis heute noch überwiegend auf generelle Ernährungsmuster mittels bivariater Auswertung, obwohl sich mehrere Aspekte für die Interpretation als wichtig erwiesen haben, wie eben die Konzentrationsabhängigkeit.
Auch in der Arbeitsgruppe *Anthropologie und Umweltgeschichte* von Prof. Dr. Grupe an der Ludwig-Maximilians-Universität München wurde in den vergangenen 25 Jahren eine hohe Anzahl von Isotopendaten generiert, sowohl im Rahmen von Abschlussarbeiten, als auch als Teil diverser Forschungsprojekte, welche erst zum Teil mit Mischungsmodellen neu ausgewertet wurden. Dies hat bereits zur Revision früherer, konventioneller Interpretation geführt (Becker and Grupe 2012, Grupe 2014, Grupe et al. 2013).
Die aus der Arbeitsgruppe stammenden Daten, welche bisher mit der konventionellen Methode ausgewertet wurden, werden durch weitere gegenwärtige Forschungskooperationen zur Untersuchung des Frühneolithikums in Griechenland (in Kooperation mit dem *Greek Ministry of Culture at the Ephory of Speleology as Paleoanthropology of Southern Greece*) ergänzt.

Diese Dissertation besitzt daher zwei Schwerpunkte:

1) Die Neuberechnung vorhandener Isotopiedaten archäologischer Skelettfunde mit dem Ziel, über die Ernährungsrekonstruktion eine Interpretation der damals vorherrschenden Wirtschaftsökonomie vorzunehmen und gegebenenfalls zu aktualisieren.

2) Die Verwendung von Mischungsmodellen unter Verwendung verschiedener Programme und anschließende Bewertung ebendieser hinsichtlich archäologischer Fragestellungen.

Für den ersten Schwerpunkt wurden aus der Fülle vorhandener und publizierter Isotopendaten zwei zeitliche Schwerpunkte gesetzt: die neolithische Transition sowie das Mittelalter in Altbayern.

Auch wenn archäologische Funde die einzelnen Nahrungsquellen vorgeben, zeigt es nicht den mehrjährigen Durchschnitt der Proteinquellen oder eine individuelle Quantifizierung. *Isotopic sourcing* dient daher zur genaueren Quantifizierung und kann soziale Unterschiede belegen. Für jede Population und jedes Individuum aus den verwendeten Datensätzen werden daher anhand der Mischungsmodelle die Nahrungsquellen in der Grundnahrung quantifiziert und, sofern möglich, das Ergebnis mit dem Individualbefund abgeglichen. Anschließend wird die Quantifizierung der Nahrungsanteile in der Mischisotopie der Konsumenten und der resultierenden Wirtschaftsökonomie auf Populationsebene mit den früheren Ergebnissen der konventionellen Auswertung verglichen und mögliche Unterschiede herausgearbeitet.

Ein weiteres Ziel ist es, durch die große Datenmenge, die zeitliche Tiefe und die geographische Breite neue Erkenntnisse zu gewinnen. Dazu gehört explizit auch die ergebnisbasierte Empfehlung bezüglich Art und Anzahl archäologischer Begleitfunde zur Auswahl für die Isotopenanalyse künftiger Fragestellungen.

Im Rahmen des zweiten Schwerpunkts wurden Programme ausgewählt, welche für das Vorhaben sinnvoll sind, da diese auf unterschiedlichen Modellannahmen basieren. Es ist daher zu klären, welche Vorgehensweise für bioarchäologische Daten adäquat ist. Da die Modelle für die Ökologie entwickelt wurden, stabile Isotope in der Bioarchäologie aber einen deutlich stärkeren Proxycharakter haben, soll die Rekonstruktion der Daten daher mit verschiedenen Programmen erstellt werden. Hieraus sollen die Vor- und Nachteile für die Verwendung im Kontext der prähistorischen Anthropologie herausgearbeitet werden. Ein weiteres Ziel ist es also, diese Methoden für bioarchäologische Fragestellungen herauszuarbeiten.

2 Material

Insgesamt konnten 18 Fundorte in ganz Europa untersucht werden (Abb. 16). Darunter ein Fundort aus der Türkei, zwei aus Serbien, fünf aus Griechenland und insgesamt zehn aus Deutschland:

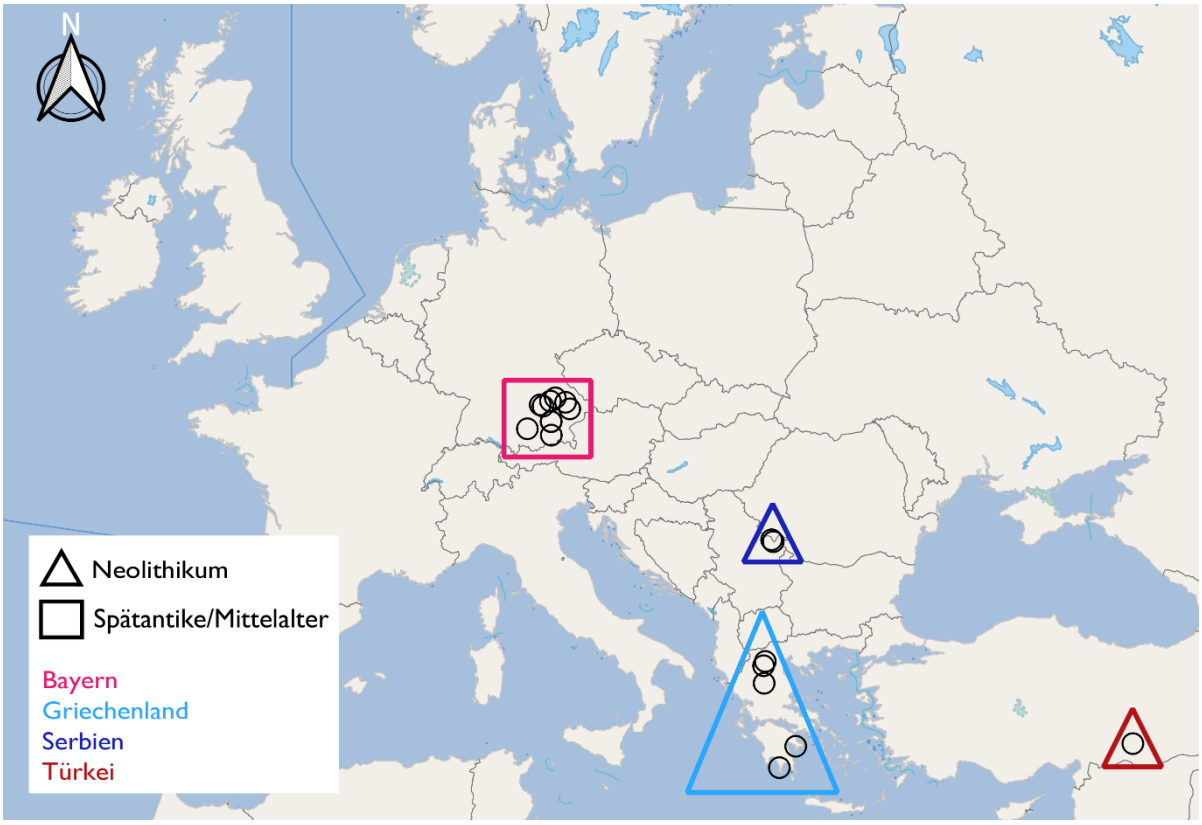


Abbildung 16: Weltkarte mit den Fundorten aus Deutschland - Bayern (B), Griechenland (GL), Serbien (S) und Türkei (T). Erstellt mit QGIS.

Zeitstellung	Region	Fundort/e
	T	Nevalı Çori
Neolithikum	GL	Alepotrypa, Franchthi, Mavropigi, Theopetra, Xirolimni
	S	Lepenski Vir, Vlasac
Spätantike		Erding – Klettham
Frühmittelalter	B	Bruckmühl, Erding – Altenerding, Großmehring, Ingolstadt-Etting, Kelheim, Straubing, Unterigling
Hoch-/Spätmittelalter		Regensburg, Zeholfing

In dieser Arbeit werden neolithische Fundorte aus der Türkei, aus Griechenland und aus Serbien evaluiert. Die Funde aus dem Mittelalter konzentrieren sich auf Populationen aus Bayern.

Die Isotopenwerte der Menschen aus den verschiedenen Regionen (inklusive der Primärliteratur) sind in den Ergebniskapiteln der jeweiligen Fundorte aufgeführt. Sämtliche Daten wurden bereits publiziert und im Folgenden soll auf die verschiedenen Fundorte von denen die untersuchten Isotopiedaten, im Appendix zitiert, stammen, eingegangen werden.

2.1 Türkei

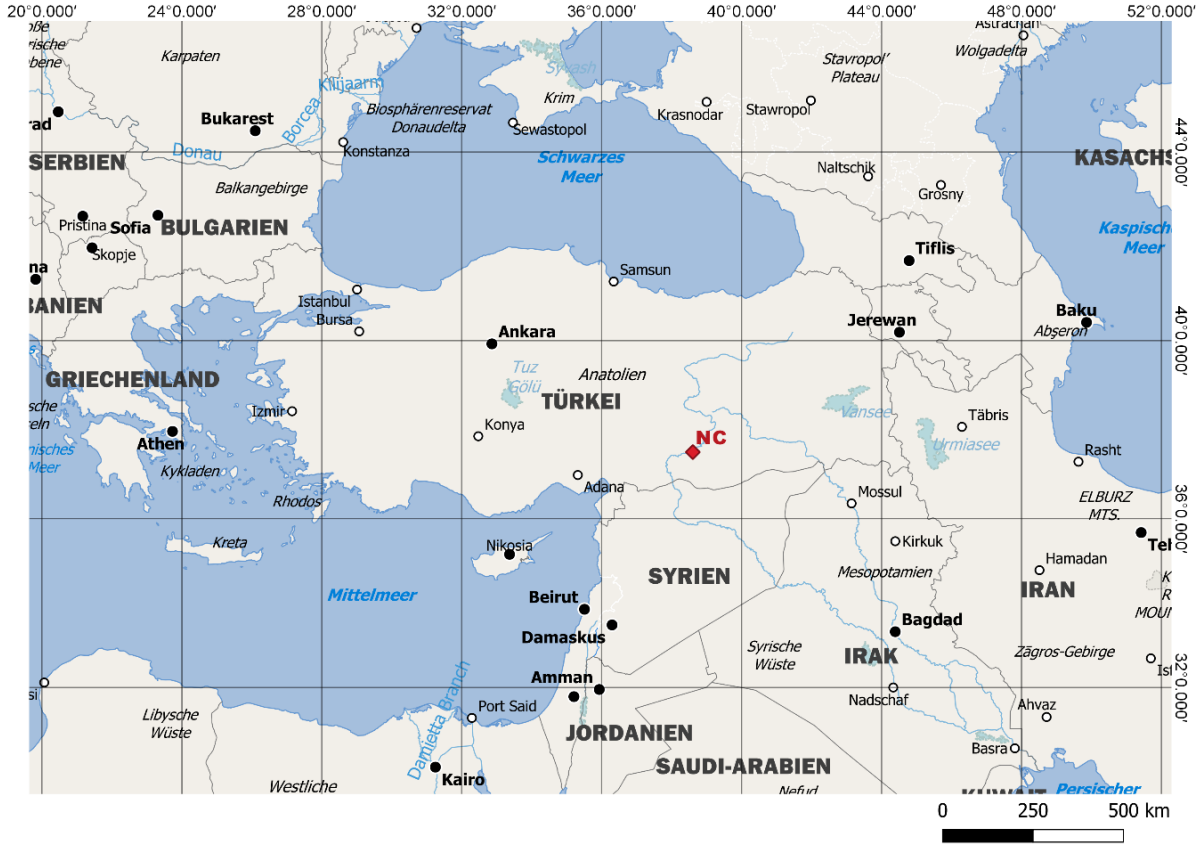


Abbildung 17: Lokalisierung von Nevalı Çori (rote Raute) im geographischen Kontext. **NC**: Nevalı Çori. Erstellt mit QGIS.

Nevalı Çori liegt in der heutigen Provinz Şanlıurfa (Abb. 17), einer Landschaft des Anti-Taurus, die durch Hügel geprägt ist. Der Fundort liegt drei Kilometer südlich des Flusses Euphrat, welcher dem Taurus entspringt, an einem der Nebenflüsse: Kantara Cay. Die Şanlıurfa Region ist mit trockenen, heißen Sommern und milden, nassen Wintern durch semi-arides Klima geprägt (Hauptmann 1989, Hauptmann 2011).

Die Ausgrabungen der Siedlung wurden durch die türkische Regierung ins Leben gerufen und begannen im Rahmen des *Archaeological Rescue Project of the Lower Euphrates* 1983 und endeten 1992, als der Bau des Atatürk-Dammes begann (Grupe und Peters 2008, Pasternak 1995). Seitdem ist die Region überschwemmt und nicht mehr zugänglich.

Nevalı Çori war zwischen 8500 v. Chr. bis 7500 v. Chr. besiedelt und ist zeitlich gesehen Teil des akeramischen Neolithikums B (8700 – 6500 v. Chr.) (Peters et al. 2004). Die Besiedlung Nevalı Çoris begann also im Übergang zum akeramischen Neolithikum B und lässt sich zeitlich in insgesamt fünf verschiedene Abschnitte (Level I – V) untergliedern (Grupe und Peters 2008, Peters et al. 2004):

Level I/II: Frühes Präkeramisches Neolithikum B (8700- 8200 v.Chr.)

Level III: frühes zu mittleres Präkeramisches Neolithikum B ((8700- 8200 v.Chr. - 8200 – 7500 v.Chr.)

Level IV: mittleres Präkeramisches Neolithikum B (8200 – 7500 v.Chr.)

Level V Mittleres und Spätes Präkeramisches Neolithikum B (sehr selten, aufgrund nach der Bestattung stattgefundener Erosion)

Den Großteil der Flora in der Region des Fruchtbaren Halbmondes machen Gräser aus (Riehl et al. 2012). Unter dem archäologischen Fundgut in Nevalı Çori befanden sich wilde Gerste, Einkorn, Zweireihenweizen, und wilder Emmer (Nesbitt 1995, Hauptmann 1989, Hauptmann 2011). Daneben findet man auch Hülsenfrüchte wie zum Beispiel Linsen, Erbsen und Kichererbsen (Nesbitt 1995, Pearson et al. 2013, Hauptmann 1989, Hauptmann 2011). Zusätzlich sammelten die Siedlungsbewohner Pistazien, Steinobst (z.B. Pflaumen und Kornelkirschen) sowie Wein (Pasternak 1995).

Die Tierfunde in Nevalı Çori setzen sich aus Steppentieren und Waldtieren zusammen. So finden sich im Fundgut Gazellen, Schafe, Ziegen, wilde Rinder und Auerochsen, die in der trockenen Steppe leben können. Schafe und Ziegen kommen sowohl in wilder als auch domestizierter Form vor. Unter den Waldtieren befinden sich Spezies wie das Wildschwein, der Rothirsch und das Reh. Doch auch Überreste von kleinen Säugetieren und Vögeln wurden in der Siedlung gefunden (Hauptmann 1989, Hauptmann 2011, von den Driesch und Peters 2001).

Da Nevalı Çori eine der frühesten und auch eine lang bewohnte Siedlung war, sowie die ersten Zeichen der Domestikation aufweist (Lösch et al. 2006), lässt sich der Werdegang der Domestikation in seiner Besonderheit nachvollziehen. Vom akeramischen Neolithikum A bis ins späte mittlere Neolithikum B war die Hauptquelle tierischen Proteins das Jagen von Herbivoren. Ab dem 9. Jahrtausend v. Chr. begann man domestizierte Tiere in die Ernährung einzuschließen, was sich im Fundgut widerspiegelt (Peters et al. 2004, Vigne 2008). Während die Anzahl an Schafen und Ziegen in dieser Zeit wächst, sinkt der Anteil an Gazellen von 60 % (Level I/II) auf 40 % (Level IV/V) (Hauptmann 2011, Peters et al. 2004). Die archäologischen Funde deuten auf eine Ernährung hin, die auf C_3-Pflanzen beruht. Ergänzt wird diese durch den Verzehr von Fleisch, wobei der Ursprung dieses Fleisches anfangs hauptsächlich von wilden Tierarten stammte und im Laufe der Zeit von domestizierten Tieren verdrängt wurde.

Für die Ernährungsrekonstruktion standen die Isotopendaten insgesamt 37 Menschen zur Verfügung (Tab. 4), sowie zwei Rindern, zwei Rothirschen, vier Gazelle, sechs Schafen/Ziegen, vier Schweinen, einem Esel, zwei Dachsen, zwei Füchsen und drei Katzen (Tab. A 1; Lösch 2003, Lösch et al. 2006,)

2.2 Griechenland

Abbildung 18: Lokalisierung der Fundorte in Griechenland (blaue Rauten). In der südlichen Küstenregion: **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi; In der nördlichen Festlandregion: **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni. Erstellt mit QGIS.

2.2.1 Alepotrypa

Alepotrypa ist eine von drei Höhlen nahe der Diros Bucht, welche an der westlichen Küste der Tainaron Halbinsel liegt (Abb. 18; Ntinou und Tsarsidou 2017). Die Höhle wurde 1958 entdeckt, doch erst 1970 begannen umfangreiche Ausgrabungen unter der Leitung von Dr. Papathanassopoulos, die 2013 endeten (Hadjukoumis 2018, Ntinou und Tsarsidou 2017, Parkinson et al. 2017). Die Besiedlungsphase dauerte zwischen 6000 v. Chr. bis 3200 v. Chr. an und datiert somit in das Früh-, Spät- und Endneolithikum (Hadjikoumis 2018, Ntinou und Tsarsidou 2017, Papathanasiou 2018, Theodoropoulou 2018). Die Höhle, welche im Inneren in mehrere Kammern unterteilt ist (Parkinson et al. 2017), ist durch intensive Nutzung und Ritualaktivität gekennzeichnet (Papathanasiou 2018).

Mit Hinblick auf die archäobotanischen und archäozoologischen Funde ist eine Ernährung zu erwarten, die auf C_3-Pflanzen beruht, darunter Weizen, Gerste, Linsen und Erbsen, sowie Früchte (z.B. Feigen, Mandeln, Trauben). Diese Nahrungsmittel wurden, basierend auf den archäozoologischen Funden, mit Tierprodukten von domestizierten Tieren wie Schaf, Ziege und Rind, deren Anzahl im Laufe des Neolithikums zunahmen (Hadjikoumis 2018), sowie auch Wildtieren (z.B. Reh und Wildschwein) aufgewertet (Papathanasiou et al. 2000). Durch die Nähe zum Küstenbereich und der reichen Vielfalt

an Fisch und Muscheln, die in der Höhle gefunden wurden, könnte man annehmen, dass die in Alepotrypa lebenden Menschen auf marine Ressourcen zurückgegriffen haben (Theodoropoulou 2018). Ursprüngliche Ernährungsanalysen zweifelten allerdings daran, sondern gingen von einer landwirtschaftlich basierten Ernährung aus (Papathanasiou et al. 2000).

2.2.2 Franchthi

Ein besonderes Augenmerk liegt auf der Höhle Franchthi. Diese liegt am südwestlichen Ende der Argolis Halbinsel im Südosten von Peloponnesos nahe dem Argolischem Golf (Abb. 18; Farrand 2003, Hansen und Renfrew 1978). Die Ausgrabungen der Höhle fanden zwischen 1967 und 1979 unter der Leitung von T.W. Jacobsen und der *American School of classical studies at Athens* statt und waren Teil des *Argolid Exploration Projects* (Hansen 1978, Hansen und Renfrew 1978, Jameson 1976, Munro und Stiner 2015).

Das Besondere an Franchthi ist seine Besiedlungsdauer von ungefähr 18000 bis 3000 v. Chr.. Ob die Höhle das ganze Jahr über besiedelt war ist unklar. Sicher ist jedoch die zumindest saisonale Besiedlung (Demand 2006). Während man zu Beginn annahm, dass sich die neolithische Kultur um 6000 v. Chr. durch Änderung in den Ressourcen sichtbar machte, konnte man in den letzten Jahren mittels Datierung von Pflanzensamen feststellen, dass Franchthi bereits 6500 v. Chr. von Farmern besiedelt war. Diese Phase wird daher als *Initial Neolithic* (Anfängliches Neolithikum) bezeichnet (Munro und Stiner 2015, Perlès et al. 2013). Die zuvor dominierende wilde Gerste, der wilde Hafer, die Mandeln, Pistazien und wilden Hülsenfrüchte wurden von kultivierten Sorten ersetzt, nämlich Emmer, Einkorn, Zwei-Reihen-Gerste und Hülsenfrüchte, diese vermutlich auch in kultvierter Form (Demand 2006, Hansen und Renfrew 1978, Perlès 2003). Zur selben Zeit treten auch domestizierte Tierarten wie Schaf und Ziege auf und die Jagd von wilden Tieren, wie Wildschwein und Reh, lässt nach (Farrand 2003, Perlès 2003). Neben Landlebewesen wurden marine Quellen, wie Thunfisch, Seebrasse, Aal und verschiedene Schalentiere, verwertet, was nicht nur durch die Fischüberreste belegt wird, sondern auch von den notwendigen Werkzeugen wie Angelhaken bewiesen wird (Farrand 2003, Moundrea-Agrafioti 2003, Papathanasiou et al. 2015, Perlès 2003).

Zur Rekonstruktion der Ernährung und Subsistenzstrategien der Küstenbevölkerung aus Griechenland, wurden 22 Individuen aus Alepotrypa (Tab. 8) und acht Individuen aus Franchthi (Tab. 10) untersucht (Papathanasiou 2003). Als Nahrungsquellen standen für die Küstenregion die Isotopendaten von sieben Rindern, drei Hunden, acht Schafen/Ziegen, fünf Hirschen, einer Katze, zwei Thunfischen, einem Barsch, fünf Schweinen und ein Fuchs zur Verfügung (Tab. A 1; Papathanasiou 2015).

2.2.3 Mavropigi

Mavropigi ist eine neolithische Stätte in Westmakedonien in der Region Ptolemaida zwischen den Bergen Vermio und Askion (Abb. 18; Bonga 2017, Papathanasiou und Richards 2011). Die Ausgrabungen fanden zwischen 2005 und 2006 unter der Leitung von Georgia Karamitrou-Mentessidi und dem *30. Ephorate of Prehistoric and Classical Antiquities* statt (Bonga 2017). Die Besiedlung der Fundstätte begann ungefähr 6600 v. Chr. und dauerte, ohne kenntliche Unterbrechungen, bis knapp 5900 v. Chr. an (Bonga 2017, Karamitrou-Mentessidi et al. 2013).

Zum archäobotanischen Fundgut zählen Einkorn, Emmer, Gerste und verschiedene Hülsenfrüchte (Karamitrou-Mentessidi et al. 2013, Karamitrou-Mentessidi et al. 2015). Die Mehrzahl der Tierknochen stammte von domestizierten Spezies, darunter hauptsächlich Schaf, aber auch Ziege, Schwein und Rind. Hingegen fanden sich Wildtiere, wie Rothirsch, Reh, Wildschein, Hase und kleinere Vögel, nur in geringer Zahl im archäozoologischen Fundgut (Karamitrou-Mentessidi et al. 2013, Karamitrou-Mentessidi et al. 2015).

2.2.4 Theopetra

Theopetra ist eine Höhle am nord-westlichen Ende der thessalischen Ebene und liegt nahe des Pindos, einem Gebirge in Westmakedonien (Abb. 18; Newton 2003). Die Höhle an sich befindet sich auf der Nord-Ost-Seite eines kalksteinlastigen Hügels wenige Kilometer südlich der Stadt Kalambaka (Facorellis et al. 2001, Kyparissi-Apostolika 2000). Das Innere der Höhle ist knapp 500 m^2 groß (Facorellis et al. 2001). Am Ende des Hügels liegt der kleine Fluss Lithaios und nur ein paar Kilometer von der Höhle entfernt, fließt der weitläufige Fluss Peneios (Newton 2003). Die Ausgrabungen in Theopetra begannen 1987 (Facorellis et al. 2001). Die Datierung der dabei gewonnenen Funde ergibt eine Besiedlung, die bis in das Paläolithikum zurückreicht (Andreou et al. 1996). Allerdings hebt sich Theopetra durch seine Besiedlung zwischen dem Mesolithikum und Neolithikum zwischen 6500 bis 4000 v. Chr. hervor (Facorellis et al. 2001, Kyparissi-Apostolika 2000). West-Thessalien ist im Allgemeinen für seine frühneolithischen Funde bekannt, doch Theopetra ist durch die Funde im Zeitraum des mittleren und späten Neolithikums gekennzeichnet (Facorellis et al. 2001).

Unter den archäobotanischen Funden befinden sich die Getreidesorten (Weizen, Einkorn, Gerste) und Hülsenfrüchte, wie Linsen (Kyparissi-Apostolika 2000). Basierend auf den archäozoologischen Funden suggeriert Hamilakis (2000a) eine Ernährung, die auf 10 % Jagdwild (z.B. Reh und Rothirsch) aufgebaut ist und durch domestizierte Tiere (Schaf, Ziege, Rind, Schwein) ergänzt wurde (Hamilakis 2000a in Newton 2003, Kyparissi-Apostolika 2000). Besonders unter den möglichen domestizierten Tieren Schafe und Ziege, welche nicht zwischen wilder und domestizierter Form unterschieden werden konnten, zeigt sich ein zeitlicher Wandel. Während die mesolithischen Schichten um die 40 % Schaf und Ziegen aufweisen, kann in den neolithischen Schichten 70 % dieser Tierarten nachgewiesen

werden, wohingegen Wildtierknochen in diesem Zeitabschnitt nur 11 % ausmachen (Kyparissi-Apostolika 2000).

2.2.5 Xirolimni

Die Siedlung Xirolimni datiert um das Jahr 6100 v. Chr. und liegt im westlichen Teil Makedoniens (Abb. 18; Papathanasiou und Richards 2011). Es datiert damit jünger als Mavropigi und Theopetra, von welchen Xirolimni nicht weit entfernt liegt. Während Mavropigi und Theopetra in die frühere Phase des Frühneolithikums datieren, liegt Xirolimni im finalen Abschnitt des Frühneolithikums.

Die Siedlung, in der 14 Gräber geborgen wurden, ist durch eine große Menge an Keramikfunden gekennzeichnet. Die oberste Schicht jedoch ist ein durch Feuer zerstörtes Level. Die Isotopenanalyse deutet an, dass die Ernährung auf C_3-Pflanzen basiert, aber hingegen der jüngeren, neolithischen Siedlungen mehr tierische Proteine mit der Ernährung aufgenommen wurden. Ob die tierischen Proteinquellen von domestizierten Tieren oder Wildtieren stammen, ist allerdings unklar (Papathanasiou 2010).

Für die Festlandregion Griechenlands wurden elf Individuen aus Mavropigi (Tab. 12; Papathanasiou und Richards 2011), 13 Individuen aus Theopetra (Tab. 14; Papathanasiou 2003) und 14 Individuen aus Xirolimni untersucht (Tab. 16; Papathanasiou und Richards 2011). Dabei standen für die Festlandregion insgesamt die Isotopenwerten von fünf Rindern, einem Hund, zwölf Schafen/Ziegen, einem Reh, drei Rothirschen, zwei Dachsen, sieben Schweinen und einem Fuchs zur Ernährungsrekonstruktion zur Verfügung (Tab. A 1; Papathanasiou 2015).

2.3 Serbien

Abbildung 19: Lokalisierung der Fundorte in Serbien (dunkelblaue Rauten). **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac. Erstellt mit QGIS.

2.3.1 Lepenski Vir

Bei der Ausgrabung von Lepenski Vir (Abb. 19) gab es sowohl mesolithische als auch neolithische Besiedlungsspuren (Dimitrijević 2008). Ebendies macht Lepenski Vir, als Übergangszeuge zwischen Mesolithikum und Neolithikum am Eisernen Tor, zu einem wichtigen Forschungsgebiet. Die Ausgrabungen Lepenski Virs erfolgte unter Leitung von Dragoslav Srejović in neun Kampagnen, die 1965 begannen und 1971 endeten (Borić 2016, Cristiani et al. 2016, Dimitrijević 2008). Insgesamt wurde eine 2500 m^2 große Fläche bearbeitet. 1700 m^2 waren damals bereits durch die Donau erodiert und mittlerweile sind nochmals 3000 m^2 überflutet (Cristiani et al. 2016, Dimitrijević 2008, Wallduck und Bello 2016).

Bei der Grabung wurde Lepenski Vir in fünf verschiedene Phasen unterteilt, wobei Inhalt, Struktur und Erdschichten als Unterscheidungsmerkmale galten. Schon 1972 vermutete Srejović, dass die letzten zwei Phasen einer späteren Kultur angehört haben könnten: der Starčevo-Kultur (Srejović 1972). Mittlerweile wurden die verschiedenen Schichten je einer Zeitstellung zugeordnet. Die Besiedlung begann mit dem Proto-Lepenski Vir, welches in das frühe Mesolithikum entspricht. Danach folgen Lepenski Vir I, unterteilt in a bis c, und Lepenski Vir II, die in das späte Mesolithikum eingeordnet werden. Die darauffolgende Phase (Lepenski Vir III) wird in die Unterphasen a und b unterteilt. Diese

beiden Phasen sind dem frühen Neolithikum zugeordnet (Bonsall et al. 2004, Borić 2016, Cook et al. 2002, Kalicz 1990).

Die genaue Datierung der Siedlung ist wiederum sehr umstritten und wird unterschiedlich angegeben (Bonsall et al. 2004, Borić 2016, Price 2000). Alle Daten beachtet, kann man Lepenski Virs Besiedlung auf 7500-5500 v. Chr. (Price 2000) einschätzen, wobei die Häuser zwischen 6200 bis 5500 v. Chr. datieren (Dimitrijević 2008). Der Grund für die schwierige Datierung ist der hohe Konsum von Süßwasserfisch, wie es ihn in Lepenski Vir und weiteren Fundorten am Eisernen Tor gab, wodurch es zum Süßwasser-Reservoir-Effekt kommt (Kap. 1.6.2.2; Cook et al. 2001, Cook et al. 2002). Allerdings ist man sich sicher, dass in der letzten Phase wichtige Veränderungen stattfanden, wie eine Änderung in der Grabposition oder die Überreste domestizierter Tiere belegen (Borić 2016, Nehlich et al. 2010). Domestizierte Tiere (Rind, Schaf und Schwein) tauchen erst in der dritten Phase (LV III) auf. In den früheren mesolithischen Phasen überwiegen die Wildspezies wie Auerochse, Rothirsch, Reh, Wildschwein, sowie weitere waldlebende Säuger, Vögel und auch Fische (z.B. Karpfen und Welse). Die einzigen möglicherweise domestizierten Tiere in Phase I und II waren Hunde (Bökönyi 1970, Nehlich et al. 2010). In dieser Arbeit wird man sich daher nach dem groben Zeiteinschnitt orientieren, nämlich 6300 v. Chr., welcher den Ankunftspunkt der neolithischen Transition markieren soll und den Startpunkt der Übergangsphase einläutet. Zu diesem Zeitpunkt kam es zu einer Veränderung in der Ernährung der Population und die ersten domestizierten Tiere tauchten auf (Bonsall et al. 2008, Borić 2007, Scharl 2004). Zu derselben Zeit kam es, laut Strontiumisotopenanalyse, zu starker Mobilität und Merkmale wie spezielle Gebäudeformen entstehen, was die Frage aufwirft, ob dieser Kulturumschwung mit einer Zuwanderung aus anderen Kulturkreisen zusammenhängt (Borić 2007, Borić 2016).

2.3.2 Vlasac

Drei Kilometer flussabwärts von Lepenski Vir befindet sich die Siedlung Vlasac (Abb. 19; Nehlich et al. 2010). Die Ausgrabungen von Vlasac fand in zwei Grabungsetappen statt. 1970 und 1971 erfolgte die erste Grabung, bei welcher eine Fläche von 640 m^2 ergraben wurde (Dimitrijević et al. 2016, Nehlich et al. 2010). Bei der zweiten Grabungsphase (2006 bis 2009) wurde eine Fläche von weiteren 326 m^2 erschlossen (Dimitrijević et al. 2016).

Wie Lepenski Vir befindet sich auch Vlasac direkt an der Donau. Der Fischkonsum ist dementsprechend erwartungsgemäß hoch. Knapp 60 % der Tierfunde sind Fischknochen (Nehlich et al. 2010). Neben Überresten aquatisch lebender Tiere befanden sich Knochen von Jagdwild wie Reh, Rothirsch und Wildschwein in den Siedlungsüberresten (Dimitrijević et al. 2016).

Durch den hohen Konsum an Fisch ergibt sich dieselbe Problematik bei der Datierung wie in Lepenski Vir. Der Süßwasser-Reservoir-Effekt sorgt für eine Fehldatierung. Doch während in Lepenski Vir der

zeitliche Wandel um die 6300 v. Chr. liegt (Kap. 2.3.1), wird in Vlasac in eine *frühe* (9000 - 7600 v. Chr.) und *späte* (7600 - 6500 v. Chr.) Besiedlungsphase unterteilt (Borić et al. 2014).
Für das Eiserne Tor lagen für Lepenski Vir insgesamt die Daten von 39 Individuen vor und für Vlasac 40 Individuen (Borić et al. 2004). Als Nahrungsquellen konnte auf die Daten von drei Stören, drei Wölfen, sieben Hunden, einem Reh, drei Rothirschen, vier Karpfen, einem Luchs, vier Mardern, zwei Wildschweinen und einem Bären zurückgegriffen werden (Borić et al. 2004)

Die unterschiedlichen Skelettfunde aus der Türkei und Griechenland repräsentieren damit perfekt die neolithische Transition von ihrem Ursprung (Nevalı Çori) an und ihrer Ausbreitung in Europa auf das griechische Festland (Alepotrypa, Franchthi, Mavropigi, Theopetra, Xirolimni), sowie die Verbreitung über Serbien (Lepenski Vir, Vlasac) in den Westen Europas.

2.4 Deutschland: Spätantike und Frühmittelalter

2.4.1 Bruckmühl

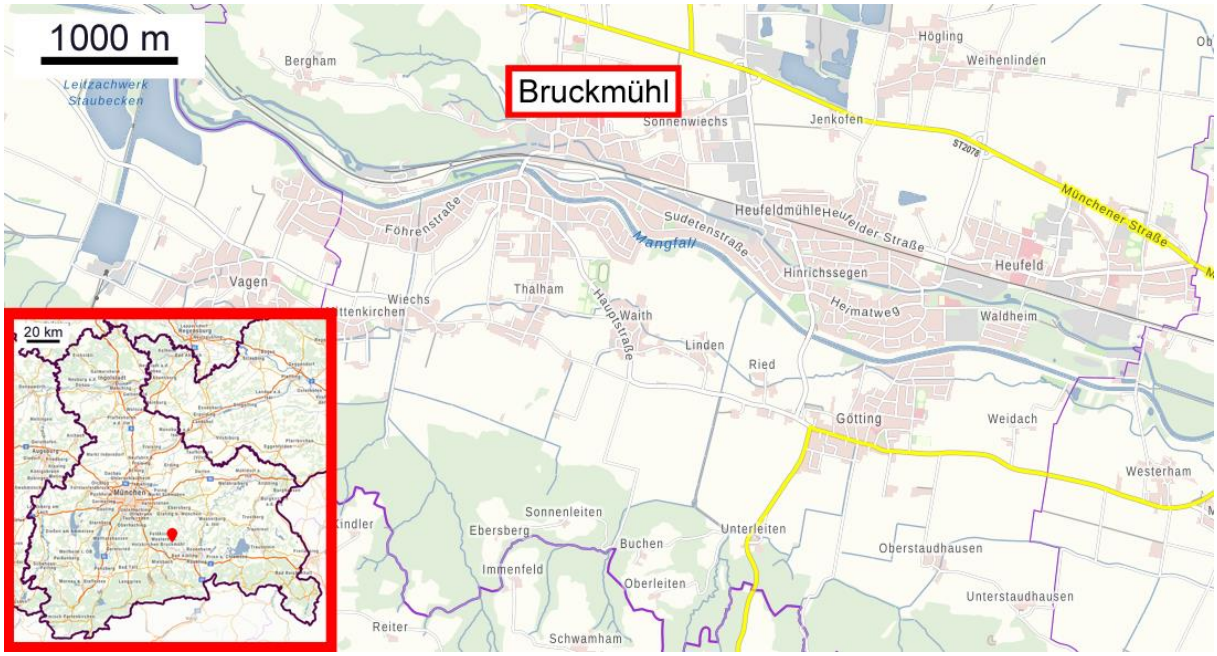


Abbildung 20: Geographische Karte von **Bruckmühl** und Lokalisation im Bundesland Oberbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Markt Bruckmühl, das Siedlungsspuren seit dem Jungneolithikum aufweist, gehört zum oberbayerischen Landkreis Rosenheim im Alpenvorland (Abb. 20). Durch die Marktgemeinde fließt die Mangfall, ein Nebenfluss des Inns, welcher dem Tegernsee entspringt.
Bei Bauarbeiten im Jahr 2003 entdeckte man frühmittelalterliche Gräber, die man in die späte Merowingerzeit zwischen 650 und 750 n. Chr., datieren konnte. Zusammen mit dem Bayerischen Landesamt für Denkmalpflege wurden 25 Grabgruben ausgehoben, in welchen sich insgesamt 46 Gräber befanden.

Tatsächlich war der Friedhofskomplex zweigeteilt: der westliche Teil, bei welchem die Individuen ohne Beigaben oder nur karg mit solchen bestattet wurden, und der östliche Teil, bei dem die Toten reich mit Beigaben beerdigt wurden. Man geht davon aus, dass es sich bei den beiden Gruppen um die Bestattungsplätze von jeweils einer Familie bzw. Hofgemeinschaft handelte. Zu den reich bestatteten Gräber zählen die Frauengräber 31, 32, 33, und 35 und das Männergrab 34, wobei aufgrund der Qualitätskriterien für Kollagen nur die Individuen 31 und 33 in die Ernährungsanalyse aufgenommen werden konnten. Das Besondere an diesen beiden Individuen sind aber nicht nur die hochwertigen Beigaben, sondern auch die ortsfremden Beifunde z.B. Ohrringe und weitere Schmuckstücke, wie man sie bei Grab 32 und 35 fand. Ursprünglich war auch Grab 43 mit wertvollen Fundstücken ausgestattet, wurde jedoch schon im frühen Mittelalter fast komplett geplündert (Czermak 2011, Suhr und Fehr 2007). Insgesamt wurden für die Isotopenanalyse 33 Individuen ausgewählt (Czermak 2011).

2.4.2 Erding

Abbildung 21: Geographische Karte von Erding mit den Stadteilen **Altenerding** und **Klettham** und Lokalisation im Bundesland Oberbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Erding ist eine große Kreisstadt in Oberbayern zwischen München und Landshut (Abb. 21). Die Stadt ist in drei Stadtteile eingeteilt: Erding, Altenerding und Langengeisling. Obwohl Altenerding und Langengeisling wesentlich älter sind als Erding und bis 1978 eigenständige Gemeinden waren, gilt

Erding als Kernstadt. Erstmals wurden Altenerding im Jahr 788 n. Chr. und Geisling im Jahr 883 n. Chr. urkundlich erwähnt. Doch die Besiedlung der Erdinger Region reicht viel weiter, bis in die Spätantike, zurück, als sich Bajuwaren in dem heutigen Stadtteil Klettham ansiedelten (Stadt Erding – Hiermer 2020)

2.4.2.1 Altenerding

Unter der Leitung von Walter Sage wurde das Gräberfeld in Altenerding (Abb. 21) zwischen 1966 und 1973 ausgegraben (Sage 1984, Losert and Pleterski 2003). Die Belegungsphase der Nekropole datiert vom 5. bis ins späte 7. Jahrhundert. Knapp 1400 Bestattungen wurden in Altenerding geborgen und machen Altenerding somit zu einem der größten frühmittelalterlichen Bestattungsplätze Mitteleuropas (Hakenbeck et al. 2010). In manchen Gräbern fand man Beigaben, wie sie für die Zeit üblich waren: Waffen für Männer, Fibeln und Schmuck für Frauen, sowie Gebrauchsgegenstände, die bei beiden Geschlechtern gefunden wurden, u.a. Kämme und Pinzetten. Die Fibeln, die man fand, wiesen kulturelle Verbindungen von Skandinavien bis nach Italien und in verschiedene Regionen Deutschlands auf (Losert and Pleterski 2003). Weil man in diesem Zeitraum von starker Mobilität ausgeht, wurden für die Isotopenanalyse 73 Individuen aus dem 5. und 6. Jahrhundert ausgewählt (Hakenbeck et al. 2012).

2.4.2.2 Klettham

Das Gräberfeld Klettham, welches knapp 1,5 km nordwestlich von Altenerding liegt (Abb. 21), wurde 2006 unter der Leitung von Stefan Biermeier und Axel Kowalski ausgegraben (Sofeso et al. 2012). Bei den Ausgrabungen fand man zwölf Bestattungen, wobei nur elf für die Isotopenuntersuchung ausgewählt wurden (Hakenbeck 2011), welche in die 2. Hälfte des 4. Jahrhundert n. Chr. bis in die 1. Hälfte des 5. Jahrhunderts n. Chr. datieren (Sofeso et al. 2012). Sie gehen damit aber nicht nur zurück in die Spätantike, sondern bilden den Übergang zwischen der römischen Herrschaft und der Völkerwanderungszeit (Sofeso et al. 2012). Zusammen mit Altenerding zeigt sich in Erding ein Komplex, der die Kultur der späten Römerzeit und des frühen Mittelalters in einer kontinuierlichen Belegung abdeckt.

Es haben sich drei Hypothesen gebildet, wie Klettham entstanden ist:

1. es wurde von Pionieren erbaut
2. die Siedlung wurde von einer oder mehreren Familien erbaut
3. eine oder mehrere Militäreinheiten haben sich dort niedergelassen

Anhand von Strontium- und DNA-Analysen konnte lediglich die erste Hypothese widerlegt werden. Als logischste Antwort auf die Frage, wer Klettham erbaut hat, einigte man sich auf eine Mischung aus der zweiten und dritten Hypothese: Militäreinheiten, die mit ihren Familien in die Erdinger Region übersiedelt sind (Sofeso et al. 2012).

Manche der Bestattungen aus dem Kletthamer Gräberfeld lassen sich aufgrund der Beifunde der gehobenen Schicht zuordnen. Zum Beispiel fand man bei drei erwachsenen Frauen besonderen Goldschmuck und Glasgefäße, die auf einen reichen Hintergrund schließen lassen (Hakenbeck 2011).

2.4.3 Ingolstädter Raum

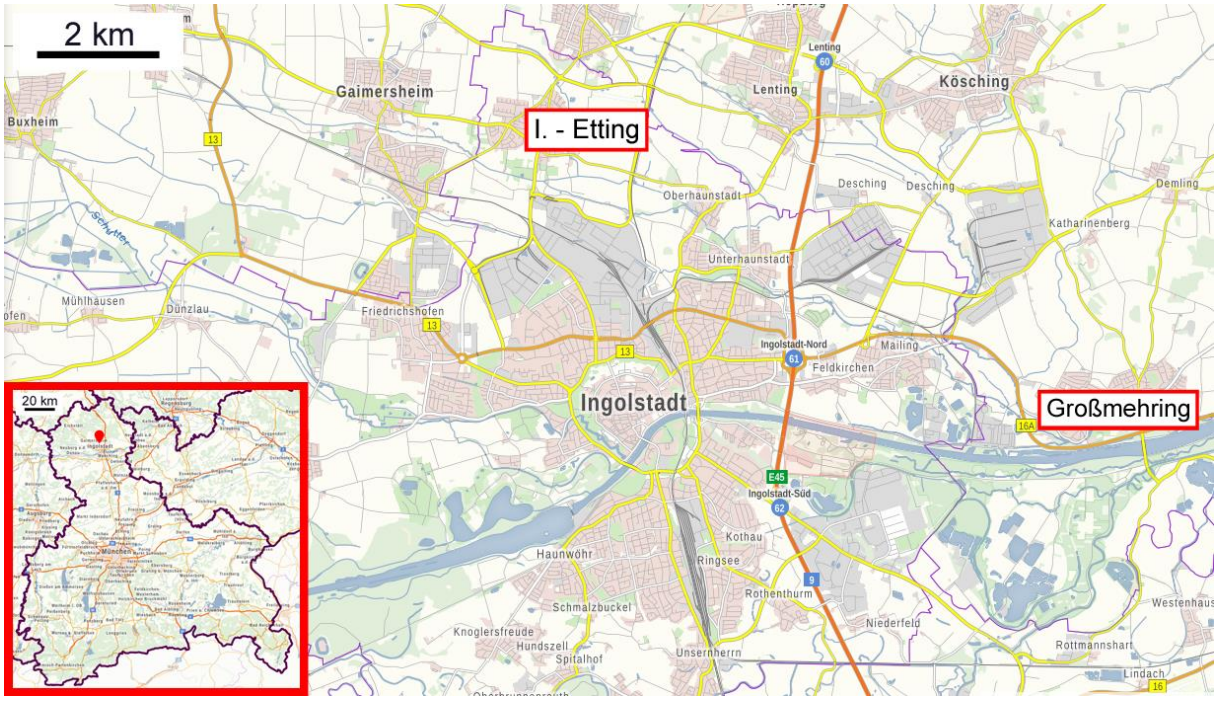


Abbildung 22: Geographische Karte von Ingolstadt mit dem Stadtteil **Etting** und der Nachbargemeinde **Großmehring**, sowie deren Lokalisation im Bundesland Oberbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Ingolstadt, eine kreisfreie Stadt in Oberbayern, wurde 806 n. Chr. erstmals urkundlich erwähnt. In welchem Jahr die Stadt tatsächlich zur Stadt erhoben wurde, kann nicht exakt belegt werden, doch man ist sich sicher, dass die Stadterhebung zwischen 1242 und 1254 stattgefunden hat, vermutlich um das Jahr 1250 herum (Bechstädt 1997).

2.4.3.1 Ingolstadt-Etting

Ingolstadt ist in 12 Stadtbezirke unterteilt, eine davon ist Etting, der nördlichste Stadtteil (Abb. 22). Das Gebiet weist Besiedlungspuren auf, die bis ca. 3500 v. Chr. zurückreichen. Gräberfunde zeigen eine dauerhafte Besiedlung ab 2000 v. Chr. um die heutige Kirche St. Andreas (Bechstädt 1997).

Im Jahr 1996 wurde das untersuchte Gräberfeld im Osten Ettings auf der Flur Sandfeld im Rahmen von Bauarbeiten der ICE-Trasse (Nürnberg-Ingolstadt) vollständig erschlossen. Der Bestattungsplatz war zwischen 700 n. Chr. und der ersten Hälfte des 8. Jahrhunderts belegt. Bei der Grabung wurden 32 Grabgruben mit insgesamt 37 Individuen geborgen, darunter vier Doppelgräber (3A/B, 10, 18, 24) und auch die Bestattung eines Hundes (Czermak und Ledderose 2004). 24 dieser Gräber waren mit Beigaben ausgestattet und zum größten Teil unberaubt. Ins Auge fielen die Gräber dreier Männer in dem Doppelgrab 3A/B und dem Grab 3C, welche im Zentrum eines im Westen liegenden Kreisgrabens bestattet wurden. Die Individuen aus dem Doppelgrab (3A/B) wurden jeweils mit einer Langsax

bestattet und trugen zusätzlich Kleidung, die am Hals- und Brustbereich aufwendig mit Goldfäden verziert war. In beiden Gräbern fand man außerdem je ein Sporenpaar, wodurch die beiden Männer als Reiter identifiziert wurden. Das Grab 3C war zwar stark beraubt, jedoch blieb ein Sporn zurück, der auch diesen Mann dem Reiterstand zuordnete. Der Isotopenwert dieses Individuums stand zur Ernährungsrekonstruktion zur Verfügung. Das Grab 3B enthielt zusätzlich ein spezielles, seltenes Trinkhorn, welches mit silbernen und silbervergoldeten Teilen verziert und am Mundbeschlag ebenfalls silbervergoldet war. Die Tierornamentik auf dem Trinkhorn lässt darauf schließen, dass es aus dem großbritannisch-irischen Raum stammte. Auch das Doppelgrab 18, Grab 19 und Grab 27, in welchem ebenfalls Männer bestattet wurden, zeigten einen vergleichbaren sozialen Kontext wie Gräbergruppe 3: In allen Gräbern fand man Sporenpaare oder einzelne Sporen, teils sogar fein verziert (Czermak 2011, Lederrose 2003, Czermak und Ledderose 2004). Eine weitere bedeutende Beigabe befand sich in Grab 10/2: eine mit womöglich christlichen Motiven dekorierte Fibel. So ein ähnliches Fundstück fand man bisher nur noch in München-Giesing und Garmisch-Partenkirchen (Gairhos 2010).

2.4.3.2 Großmehring

Großmehring zählt nicht direkt zur Stadt Ingolstadt, sondern ist die östlich anschließende Gemeinde, die dem Landkreis Eichstätt angehört (Abb. 22). Es liegt flussabwärts der Donau, nicht mal 10km von Ingolstadt entfernt.

Der Raum war bereits in der Jungsteinzeit besiedelt, dann von Kelten, Römern und Germanen. Die Siedlung Großmehring entstand vermutlich um das Jahr 550 n. Chr., wird jedoch erst im Jahr 1115 zum ersten Mal urkundlich erwähnt (Gemeinde Großmehring - grossmehring.de 2020).

Die Fundstelle bei Großmehring-Strassgwender ist in vier Abschnitte unterteilt. Im nordöstlichen und östlichen Teil (Platz 1) fand man mehrere Einzelgräber und kleinere Grabgruppen, welche als Hofgrablegen identifiziert werden konnten. Die dort Begrabenen waren teils mit hochwertigen Beigaben des 7. Jahrhunderts ausgestattet. Im nördlichen Teil der Fundstelle (Platz 3), welche Mitte des 7. Jahrhunderts bis in das frühe 8. Jahrhundert genutzt wurde, sind knapp 40 Gräber ergraben worden. Auch hier waren einige der Toten mit reichen Beigaben bestattet worden. Möglicherweise handelt es sich bei dem Nordplatz um einen separaten Bestattungsplatz, der von einer vermögenden Bevölkerungsschicht genutzt wurde. In der Mitte des Fundplatzes (Platz 2) befindet sich ein Reihengräberfeld, welches fast zeitgleich mit Bestattungsplatz 3 belegt wurde. Die meisten Individuen, die man in diesem Friedhofsabschnitt fand, waren beigabenlos bestattet worden. Im Westen des Bestattungsplatzes gibt es zudem eine Hofgrablege, welche in einem etwas späteren Zeitraum datiert (Czermak 2011, Gairhos 2010, Ledderose 2003). Für die Ernährungsrekonstruktion und Rekonstruktion der Wirtschafsweise der Bevölkerung des Ingolstädter Raums standen für Ingolstadt-Etting die Isotopendaten von elf Individuen zur Verfügung, darunter ein Individuum aus dem Kreisgraben (3c) und für Großmehring 38 Individuen (Czermak 2011).

2.4.4 Kelheim

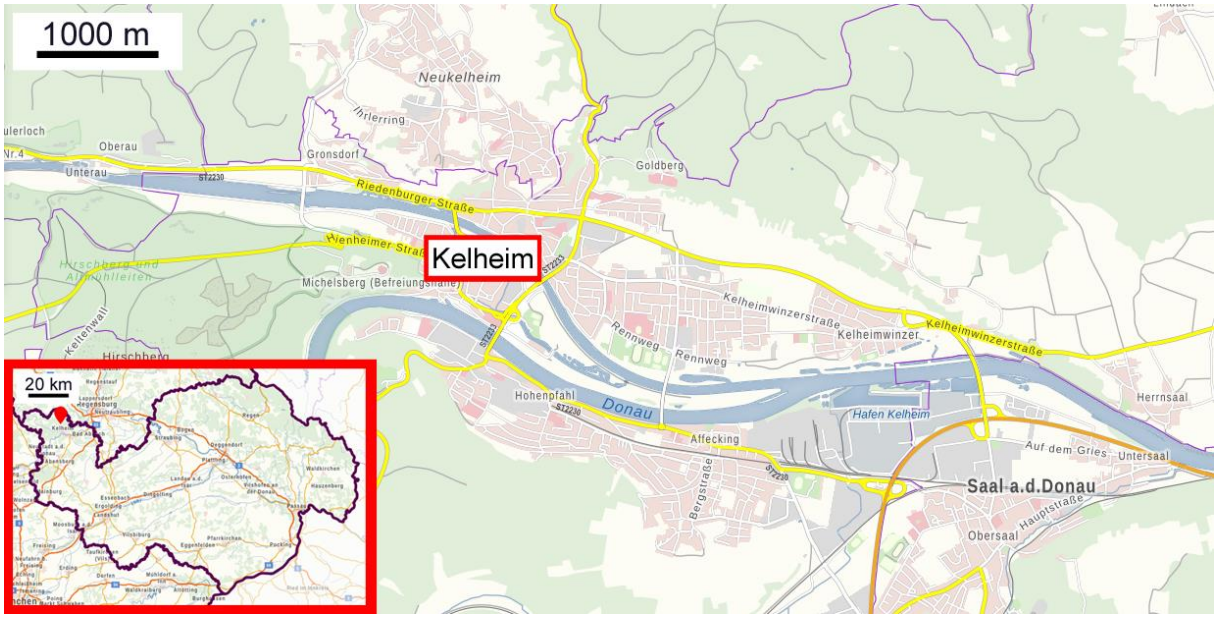


Abbildung 23: Geographische Karte von **Kelheim** und Lokalisation im Bundesland Niederbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Kelheim ist eine niederbayerische Kreisstadt an den Flüssen Donau und Altmühl (Abb. 23). Der Ort weist Siedlungsspuren auf, die bis in die Stichbandkeramik, also in die Jungsteinzeit, zurückreichen (Engelhardt 1978, Engelhardt 1987). Durch die besonders günstige Lage am Donauhochufer erreichte Kelheim im Mittelalter seine Blütezeit als ein wichtiger Verkehrs- und Schifffahrtspunkt, was Handel ermöglichte. Aus ebendiesem Grund wurde das mittelalterliche Kelheim auch als *protostädtisch* klassifiziert (Meier 2004). Die meisten Stadtbewohner lebten von der Landwirtschaft und dem Fischfang, doch es gab durchaus auch Handwerker, Gastgewerbe, den Handel und die Schifffahrt, was durchaus auch der guten Lage der Stadt zu verdanken war (Stadt Kelheim: kelheim.de 2020). Tatsächlich zeigten Untersuchungen von Schlacken, dass am Rand des Ortes Eisen verhüttet wurde und das Material im Ort geschmiedet wurde (Engelhardt 1987).

Ursprünglich war Kelheim, durch die zwei Flüsse geteilt, in zwei Siedlungskerne unterteilt: Gmünd, einer Siedlung an der Altmühl, und eine weitere Siedlung an der Donau. Die zwei Siedlungen waren über eine Straße verbunden, die über die zwei Flüsse ging (Stadt Kelheim - kelheim.de 2020).

Als zwischen 1976 und 1982 der letzte Bauabschnitt des Rhein-Main-Donau-Kanals an der Schleuse Kelheim gebaut wurde, erfolgte 1976 und 1980 eine vom Bayerischen Landesamt für Denkmalpflege durchgeführte Ausgrabung (Engelhardt 1987). Das Gräberfeld ist in vier Bestattungsplätze unterteilt, wobei drei davon mit Hilfe der ^{14}C-Methode datiert wurden. Der Bestattungsplatz im Nordostareal wurde im Zeitraum zwischen 772 und 987 n. Chr. genutzt. Parallel dazu (917 – 965 n. Chr.) wurde auch der Bestattungsabschnitt Kreisgraben verwendet, an den auch eine Gräbergruppe anschließt. Im Bereich der Siedlung finden sich zwischen 682 und 974 n.Chr. Bestattungen. Der westliche Teil des

Gräberfeldes datiert ins 6. bis 8. Jahrhundert n. Chr., was durch Scherbenfunde belegt wird (Strott 2007).

Auf den vier Besiedlungsplätzen zusammen wurden insgesamt 119 Skelette geborgen (Strott 2007).

Eine Besonderheit des Kelheimer Grabungsplatzes war ein Kreisgraben. Im Mittelpunkt dieses Grabens wurde ein knapp 18 Jahre alter Jugendlicher bestattet. Man vermutet, dass er aufgrund seines jungen Alters Teil des Blutadels war, da man so jung noch keine besonderen Verdienste erworben haben konnte (Engelhardt 1980). Um ihn herum wurden acht weitere Personen beerdigt, die vermutlich zum Gefolge des jungen Herren gehörten, was vermuten lässt, dass der junge Mann sogar Mitglied des Hochadels war (Engelhardt 1987, Engelhardt 1980). Eine Zuordnung der Grabnummern zu diesen speziellen Individuen konnte nicht nachvollzogen werden.

Für die Isotopenanalyse und Ernährungsrekonstruktion wurden 26 Individuen ausgewählt (Czermak 2011, Strott 2007).

2.4.5 Straubing

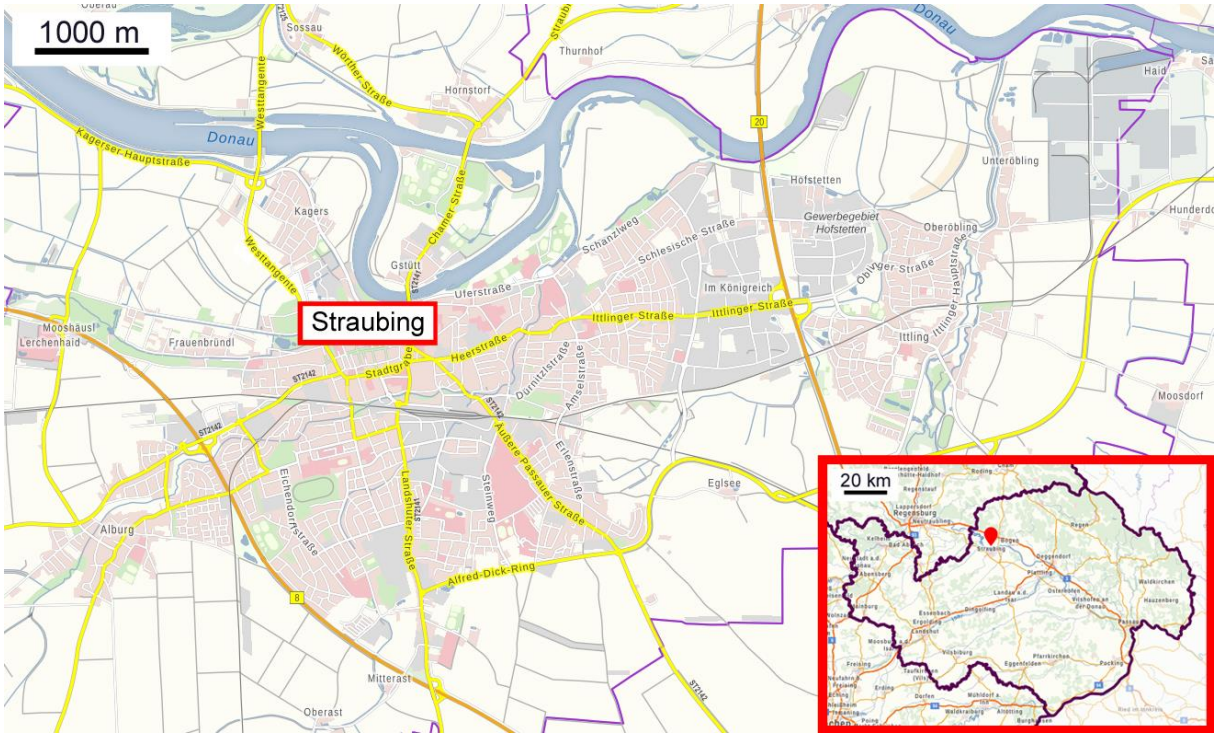


Abbildung 24: Geographische Karte von **Straubing** und Lokalisation im Bundesland Niederbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Straubing liegt in Niederbayern (Abb. 24) und ist eine kreisfreie Mittelstadt. Im tatsächlichen Stadtgebiet gab es schon seit etwa 5600 v. Chr. jungsteinzeitliche Siedlungen, die um 2200 v. Chr. von bäuerlichen Siedlungen und der sogenannten Straubinger Kultur abgelöst wurden. Die Straubinger Kultur, auch Straubinger Gruppe genannt, ist eine frühbronzezeitliche Regionalgruppe, die in Süddeutschland und teilweise in der Schweiz vorkam. Ab circa 100 v. Chr. wurde von den Kelten eine Großsiedlung mit dem Namen *Sorviodurum* gebaut, welche im heutigen Osten Straubings lag. Ab 70 n. Chr. nutzten die Römer die Siedlung, erbauten Kartelle und einen Hafen und machten Straubing

zu einem Lagerdorf. In der Spätantike, ab 450 n. Chr., bildeten sich bajuwarische Siedlungen im jetzigen Stadtgebiet. Dann im Jahr 897 wurde Straubing zum ersten Mal urkundlich erwähnt, auch wenn es dort noch *Strupinga* genannt wurde (Stadtarchiv Straubing – Krenn 2020).

Das frühmittelalterliche Gräberfeld in der Bajuwarenstraße, bei welchem 800 Gräber erschlossen wurden, wurde zwischen 1980 und 1983 unter der Leitung von Rainer Christlein ausgegraben. Das Gräberfeld wurde ab Mitte des 5. Jahrhunderts als Bestattungsplatz mehrerer Gräbergruppen genutzt. Im 6. Jahrhundert wurde es zu einem Reihengräberfeld ausgebaut. Die Belegungsphase endete Mitte des 7. Jahrhundert. Einige der Gräber waren reich bestattet mit z.B. Schmuck und Waffen, jedoch waren ungefähr Zweidrittel der Gräber beraubt (Hakenbeck et al. 2010, Hakenbeck et al. 2012).

Das Gräberfeld lässt sich in fünf verschiedene Phasen einteilen. Die 1. Phase umfasst die Mitte des 5. Jahrhunderts und das frühe 6. Jahrhundert. Die 2. Phase (erste Hälfte des 6. Jahrhunderts) deckt zusammen mit der 3. Phase (zweite Hälfte des 6. Jahrhunderts) das 6. Jahrhundert ab. Die vierte Phase datiert zwischen dem späten 6. Jahrhundert und der Mitte des 7. Jahrhunderts. Ein einzelnes Individuum wird der 5. Phase zugeordnet, welche aber nicht näher beschrieben wird. Darüber hinaus gibt es mehrere Individuen, die nicht datiert sind (Hakenbeck et al. 2010, Hakenbeck et al. 2012).

Der Datensatz aus Straubing besteht aus insgesamt 95 Individuen, wobei Phase 1 von 12 Individuen repräsentiert wird, Phase 2 von 27 Individuen, Phase 3 von 21 Individuen, Phase 4 von 7 Individuen und Phase 5 von einem Individuum. Zusätzlich gibt es 27 Individuen, die nicht datiert sind (Hakenbeck et al. 2010, Hakenbeck et al. 2012).

2.4.6 Unterigling

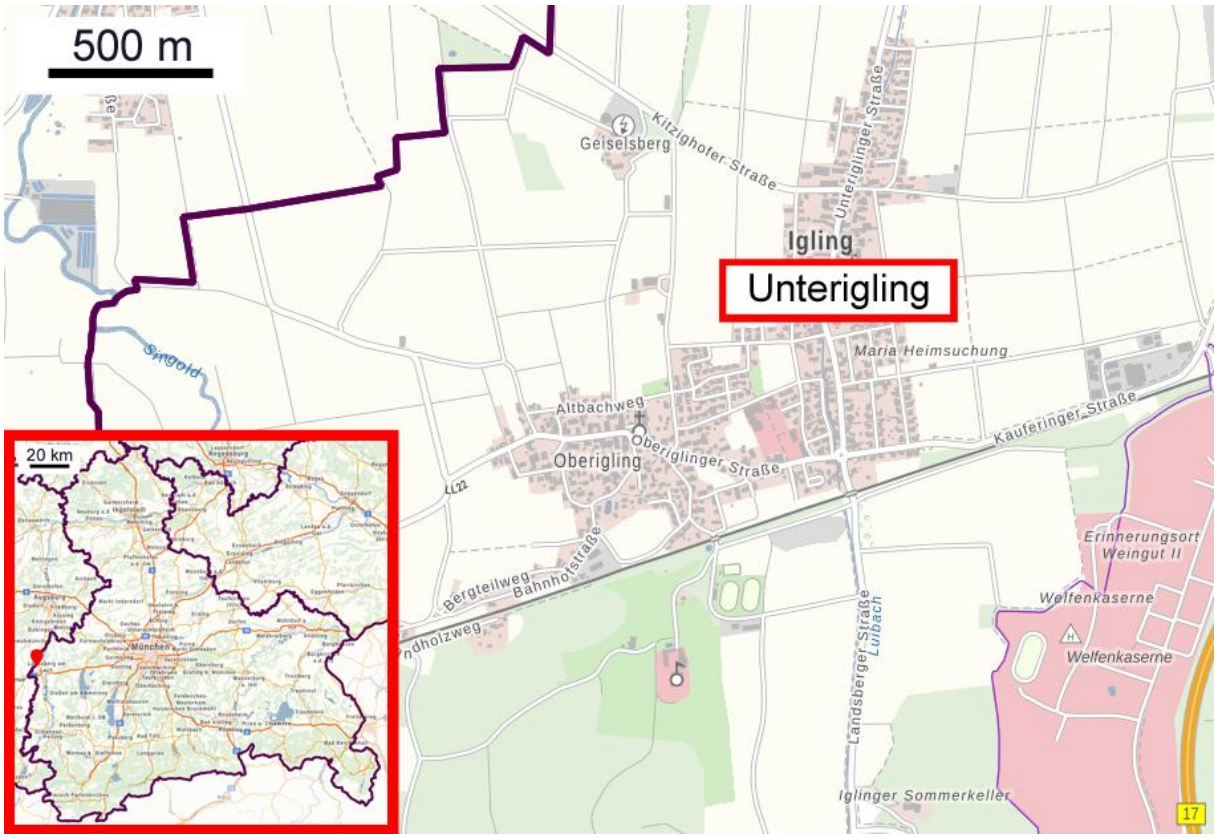


Abbildung 25: Geographische Karte von **Unterigling** und Lokalisation im Bundesland Oberbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Igling ist eine am Lechfeld liegende, eigenständige Verwaltungsgemeinschaft im oberbayerischen Landkreis Landsberg am Lech westlich des Lechs (Abb. 25). Bis 1971 war Igling allerdings in zwei separate Gemeinden unterteilt: Oberigling und Unterigling, welche sich in ebendiesem Jahr zusammengelegt haben (Fees-Buchecker und Lang 2009). Iglings Geschichte reicht von der Bronzezeit (3000 - 1000 v. Chr.; Allentoft et al. 2015) über die Latènezeit (400–15 v. Chr; Grupe et al. 2012) bis hin zur Römerzeit und dann im Mittelalter zur karolingisch-ottonischen Zeit zwischen dem 6. und 10. Jahrhundert n. Chr. (Meier 2004). Das mittelalterliche Gräberfeld in Unterigling befindet sich am Loibachanger, bei welchem man 1972 die ersten Gräber in einem Kapellenfeld fand (Fees-Buchecker und Lang 2009). Ursprünglich handelte es sich bei Unterigling um eine Dorfwüstung mit Wohngebäuden und Kirche, die einen Bestattungsplatz beinhaltete. Es war eine rein agrarische Siedlung ohne herrschaftliche Aufgaben (Meier 2004).

Die Belegungsphase des Hauptbestattungsplatz konnte mittels ^{14}C-Datierung auf 688 bis 960 n. Chr. bestimmt werden. Zusätzlich befindet sich im Nordosten des Friedhofs ein Separatgrablege, welche von 777 bis 886 n. Chr. genutzt wurde. Bei den im Separatgrablege bestatteten Individuen fand man Beigaben wie Schnallen, Messer, Sporen und auch Schilder. Eventuell handelte es sich hierbei um gut situierte Individuen von sozial gehobener Stellung.

Das Hauptgräberfeld zeigte keine Anzeichen von Adel. Die dortigen Gräber waren komplett ohne Beigaben, also geht man davon aus, dass die Anlage erst nach dem Separatgrablege entstand (Strott 2007). Für die Isotopenanalyse konnten insgesamt 36 Menschen aus Unterigling untersucht werden, wobei davon fünf Individuen aus dem Separatgrablege stammen (Strott 2007).

Die Fundorte aus Bayern, die in die Spätantike und das Frühmittelalter datieren, eignen sich hervorragend, um den zeitlichen Übergang zwischen ebendiesen Epochen zu reflektieren und mögliche Wandlungen in der Wirtschaftsökonomie durch Quantifizierung festzustellen. Es gibt einzelne sozial hochstehende Individuen, deren Sozialrang durch Beigaben belegt ist, wodurch mögliche soziale Differenzen herausgearbeitet werden können und somit überprüft werden, ob *isotopic sourcing* soziale Stratifizierung abbilden kann.

Für Klettham, welches die Spätantike repräsentiert, standen fundortspezifische Nahrungsquellen zur Verfügung, darunter zwei Rinder, fünf Hunde, ein Rothirsch, acht Pferde, vier Schafe/Ziegen und sechs Schweine (Hakenbeck et al. 2010, Hakenbeck et al. 2012). Für die frühmittelalterlichen Fundorte gab es nur wenige fundortspezifische Tierdaten, weshalb ein Datenpool mit den Tierdaten erstellt wurde, der näher in Kapitel 4.7.1 besprochen wird.

2.5 Deutschland: Hoch-/Spätmittelalter

2.5.1 Regensburg

Abbildung 26: Geographische Karte von **Regensburg** und Lokalisation im Bundesland Oberpfalz (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Die Stadt Regensburg liegt im heutigen bayerischen Regierungsbezirk Oberpfalz (Abb. 26). Die Geschichte Regensburgs geht bis zur Römerzeit ins Jahr 179 n. Chr. zurück, als das Legionslager *Castra Regina* der III. italischen Legion erbaut wurde. Im 6. Jahrhundert wird die *Castra Regina* in *Reganespurc* zur Herzogsresidenz, bis sie diese 1007 an Bamberg abgibt, und zur ersten bayerischen Hauptstadt wird. 739 n. Chr. wird die Stadt zum Bistum Regensburg. Im 11. bis 13. Jahrhundert erlebt Regensburg einen wirtschaftlichen Aufschwung und wird zu einem der Brennpunkte des europäischen Handels und Fernhandels. Der Großteil der großen Straßen stammt noch aus der Römerzeit, weshalb sich Regensburg als Verkehrs- und Handelsknotenpunkt hervorhebt. Darüber hinaus verdankte Regensburg diese Entwicklung seiner überaus günstigen Lage an der Donau (Fischer 1995). Die Donau war stets ein wichtiger Schlüsselweg in den Osten Europas hinaus, da die Donau der einzige von Ost nach West fließende Strom ist (Wagner-Braun 1995). So schaffte es die Donaustadt, sich zu einem großen Handelszentrum zu entwickeln. Im Spätmittelalter zerfiel diese besondere Stellung, wobei schon im Hochmittelalter erste Probleme auftraten (Fischer 1995). Bereits 1204 wurde der Orienthandel abgebrochen, da Venedig nach dem Sieg über Byzanz den Handel dorthin übernahm. Dann kam es 1221 zu problematischen Entwicklungen, als Wien das Stapelrecht bekam und der Handel nach Ungarn eingedämmt wurde. Zwischen 1419 und 1436 kam es zu Hussitenunruhen und letztendlich zu

Handelsblockaden in Böhmen, welche Regensburg dahingehend betroffen haben, dass diese Handelsroute nicht mehr zur Verfügung stand (Fischer 1995, Wagner-Braun 1995). Von da an konzentrierte sich der Handel nach Italien, besonders Venedig. Doch auch dies erwies sich aufgrund konkurrierender Städte, vorneweg Nürnberg, als kompliziert, da Regensburg unter anderem mehrere Kammern an Nürnberg abgab (Fischer 1995, Wagner-Braun 1995). Letzten Endes verlor Regensburg ab dem 15. Jahrhundert seine wirtschaftliche Bedeutung, wobei es durch seine Größe und vorherige Machtstellung weiterhin bestehen blieb.

Im Jahr 2005 sollten Bauarbeiten an einem zuvor als Parkplatz genutztem Gelände am Minoritenweg durchgeführt werden. Da diese Fläche Teil der historischen Altstadt war, wurden durch das Amt für Archiv und Denkmalpflege Regensburg und dem Bayerischen Landesamt für Denkmalpflege (Außenstelle Regensburg) Suchschnitte angelegt. Darauf folgte eine Flächengrabung, bei welcher neben latènezeitlichen Bestattungen Gräber hochmittelalterlichen und neuzeitlichen Ursprungs, welche wiederum Teil dieser Dissertation sind, gefunden wurden.

Die untersuchte Nekropole, welche zwischen dem 12. und 16. Jahrhundert n. Chr., also 1100 und ca. 1600 n. Chr. datiert, umfasste 462 Tote (von Heyking 2012), wobei nicht alle Individuen zur Ernährungsrekonstruktion hinzugezogen werden, sondern 111 Individuen. Im Mittelalter, gerade im Hoch- und Spätmittelalter, war es üblich, dass Friedhöfe an Kirchen angebunden waren (von Heyking 2012). Der hier untersuchte Bestattungsplatz war jedoch von Kirchen losgelöst. Historische Quellen jedoch lassen darauf schließen, dass der Friedhof zu einer Fürsorgeeinrichtung für den armen Teil der Regensburger Gesellschaft gehörte (von Heyking 2012).

Das Gräberfeld aus Regensburg eignet sich hervorragend, um die Ernährungsrekonstruktion einer spezifischen, mittelalterlichen Teilpopulation zu Zeiten wirtschaftlichen Umbruchs zu durchzuführen und auch, wie weit *isotopic sourcing* diese Entwicklung ergreift.

Als Nahrungsquellen standen zwei Gänse, vier Rinder, eine Katze, zwei Hühner, ein Hase, drei Schafe/Ziegen, ein Rebhuhn und zwei Schweine zur Verfügung (von Heyking 2012)

2.5.2 Zeholfing

Abbildung 27: Geographische Karte von **Zeholfing** und Lokalisation im Bundesland Niederbayern (roter Punkt). Erstellt mit geopartal.bayern.de und Photoshop Elements 12.

Das Dorf Zeholfing liegt in Niederbayern und ist ein Ortsteil der Stadt Landau an der Isar (Abb. 27). Zeholfing liegt am Steilufer der Isar. Die Ortschaft wurde im Jahr 1148 zum ersten Mal urkundlich erwähnt. Tatsächlich reichen die Anfänge Zeholfings aber bis in die erste Hälfte des 6. Jahrhunderts zurück. Die erste Kirche entstand 900 n. Chr. und bildete das Zentrum des Ortes, um welches sich Kleinanwesen siedelten. 1261 wurde Zeholfing zu einer selbstständigen Pfarrei ernannt und gehörte damit nicht mehr zur Pfarrei Ettling (Strott 2007).

Als 1993 Renovierungarbeiten an der Pfarrkirche Zeholfings St. Laurentius durchgeführt wurden fand man mittelalterliche und frühneuzeitliche Bestattungen. 1999 folgte eine Notgrabung, bei der weitere Skelette geborgen wurden. Die Funde wurden durch die Gräberstratigraphie wie auch der Bauabfolge der Kirche datiert. So lassen sich Horizont 1 a-c dem 10. bis 13. Jahrhundert zuordnen, Horizont 2 dem 13. bis 15. Jahrhundert und der abschließende Horizont 3 dem 16. bis 18. Jahrhundert, wobei in folgender Arbeit Horizont 1 und 2 untersucht werden. Horizont 2 sticht hierbei hervor, da hauptsächlich Neugeborene und Kinder dort bestattet wurden. Das Besondere an den Zeholfinger Bestattungen ist, dass einige Individuen zum Familienkreis der lokalen Oberschicht gehörten und daher einen Einblick in die privilegierte Bevölkerungsschicht erlauben (Strott 2007).

Zeholfing wird durch die Isotopendaten von 17 Individuen repräsentiert. Hierbei stammen 12 Individuen aus Horizont 1 und fünf Individuen aus Horizont 2 (Strott 2007). Es gab keine fundortspezifischen Isotopendaten von Tieren, weshalb auf die Tierdaten von Regensburg (Kap. 2.5.1) zurückgegriffen wurden, da sie sich zeitlich überscheiden.

3 Methoden

3.1 Erstellen von Mischungsmodellen

Alle verwendeten Isotopendaten (Kap. 2.1 bis 2.5) sind publiziert und auf Qualität des Kollagens überprüft. Das wichtigste Qualitätskriterium ist das molare C/N-Verhältnis und wurde erneut überprüft. Man prüft in der Isotopenanalyse das atomare Verhältnis der elementaren Konzentrationen von Kohlenstoff und Sitckstoff. DeNiro bestätigte bereits 1985 das archäologische Knochenproben, deren C/N-Verhältnis nicht zwischen 2,9 und 3,6 liegt, diagenetisch verändertes Kollagen beinhalten und dementsprechend in ihrem Isotopensignal wahrscheinlich nicht dem wahren Wert entsprechen. DeNiro (1985) merkte allerdings auch an, dass auch Proben, die in diesem Bereich liegen, möglicherweise von diagenetischen Veränderungen betroffen sind (DeNiro 1985). Ein Jahrzehnt später wurde die Wertespanne auf 3,02 bis 3,56 eingeengt (van Klinken 1999). Mittlerweile hat sich gezeigt, dass man das obere Limit des C/N-Verhältnisses auf 4,0 setzen kann, allerdings nur, wenn man noch weitere Qualitätskriterien nutzt (Harbeck und Grupe 2009). Darunter auch die Aminosäureprofile, bei der die Menge der verschiedenen Aminosäuren im Knochen kontrolliert wird (Harbeck und Grupe 2009). Diese Möglichkeit steht allerdings in dieser Arbeit nicht zur Verfügung und kann daher nicht als Qualitätsmerkmal angewendet werden. In dieser Arbeit wird mit dem Bereich von 2,9 und 3,6 gearbeitet.

3.1.1 Konsumenten

Die Globalwerte von $\delta^{13}C$ und $\delta^{15}N$ wurden individuell auf $\delta^{13}C_{Ernährung}$ sowie $\delta^{15}N_{Ernährung}$ umgerechnet (Ambrose und Norr 1993, Grupe et al. 2015):

Formel 3.1: $\delta^{13}C_{Ernährung} = \delta^{13}C_{Kollagen} - 5$ ‰ **Formel 3.2**: $\delta^{15}N_{Ernährung} = \delta^{15}N_{Kollagen} - 3$ ‰

Dadurch erhält man die Globalwerte für die mehrjährige Proteinquellen der Konsumenten vor dem Tod.

Für alle Programme wurden sowohl die einzelnen Individuen der verschiedenen Fundorte untersucht und jeweils der Populationsmedian. Es wurde der Median für die Populationsuntersuchung ausgewählt, da dieser, im Gegensatz zum Mittelwert, weniger empfindlich auf Ausreißer im Datensatz reagiert. Hierdurch ist es möglich auch Ausreißer in die Populationsauswertung einzubeziehen, die trotz auffälliger Isotopenwerte Teil der Population waren und deshalb bei der Ernährungsrekonstruktion der Population beachtet werden müssen. Es ist jedoch anzumerken, dass die auffälligen Individuen dennoch gesondert betrachtet werden müssen. Falls nicht anders in der Besprechung der Ergebnisse besprochen, werden Ausreißer explizit in die Population aufgenommen, da sie Teil der Population waren.

Hat man die Isotopendaten auf ihre Qualität hin überprüft, müssen aus der Vielzahl der konsumierten Nahrungsmittel jene bestimmt werden, mit denen die Mischisotopie der Konsumenten in einem Nahrungsnetz aufgelöst werden können. Somit können die Grundnahrungsmittel ermittelt werden, die für die Ernährung und gleichfalls die Wirtschaftsökonomie ausschlaggebend sind.

Wichtig für die Ernährungsrekonstruktion eines Konsumenten ist die Bestimmung geeigneter Eckpunkte für das Nahrungsnetz, die *Endmember* (Bond und Diamond 2011, Caut et al. 2008, del Rio und Wolf 2005, DeNiro und Epstein 1981). Es ist empfehlenswert, Nahrungsmittel aus dem archäologischen Fundgut zu wählen, deren Isotopie gemessen wurde. Löst sich ein Nahrungsnetz nicht auf und Mischungsmodelle können nicht erstellt werden, so spricht man von einem, manchmal auch mehreren, *missing endmember*. Die Isotopie der fehlenden Eckpunkte zu schätzen, ist sehr komplex und kann schnell zu falschen Ergebnissen führen. Daher ist es sehr wichtig, diese mit Vorsicht zu behandeln und immer zuerst auf gemessene Daten aus dem regionalen Fundgut zurückzugreifen.

Werden also Isotopendaten gemessen und ausgewertet, gilt es natürlich, sie gemäß der Fraktionierungsfaktoren (Kap. 1.7.1) anzupassen.

3.1.2 Tiere

Welche Tiere als potentielle Nahrungsquelle genutzt sind, ergibt sich meist aus der Begleitanalyse von archäozoologischen Material aus dem Fundkontext. Für tierische Nahrungsquellen werden nur Tiere ausgewählt, die regional vorkommen. Darüber hinaus müssen die Tiere im zeitlichen Kontext von Bedeutung sein. Hier spielt das archäoozoologische Fundgut eine wichtige Rolle, da sich hierin die möglichen Spezies wiederfinden, die gejagt und geschlachtet wurden. Des Weiteren kann man im archäologischen Material oft den Anteil der unterschiedlichen Spezies am Gesamtkollektiv ablesen. Ausgenommen ist hierbei Fisch, der im Fundgut aufgrund der grazilen und feinen Knochen häufig nicht im Fundgut überliefert wird.

Sollten die Isotopendaten der Tiere nicht ausreichen, um ein Nahrungsnetz zu erstellen, und daher tierische *missing endmember* auftreten, ist es nicht ratsam, Tierwerte zu schätzen. Es ist überaus schwierig nachzuvollziehen, wie Tiere in prähistorischen Zeiten gehalten wurden und wie genau deren Nahrungsverhalten aussah. In solchen Fällen ist es möglich auf entsprechende Literaturwerte zurückzugreifen. Diese Literaturwerte sollten allerdings hinsichtlich der Umgebung, der Epoche und dem Klima weitestgehend dem untersuchten Fundort entsprechen.

Zusätzlich fehlen Sekundärprodukte wie Milch und Milchprodukte wie z.B. Käse, aber auch Eier. Diese sind nicht im Fundgut überliefert. Die gilt auch für Fleisch, da Knochen keine Nahrungsquelle per se darstellt, aber die Kollagenwerte den Knochen repräsentieren. Basierend auf den Fraktionierungsfaktoren, von einem Tier oder einer Nahrungsquelle ausgehend, können allerdings

verschiedene Trophieebenen berechnet und somit die möglichen Nahrungsquellen erweitert werden (Hagl et al. 2013, Jenkins et al 2001, Newsome et al. 2004):

Formel 4.1: $\delta^{13}C_{Fleisch} = \delta^{13}C_{Kollagen} - 4$ ‰ **Formel 4.2**: $\delta^{15}N_{Fleisch} = \delta^{15}N_{Kollagen}$

Formel 5.1: $\delta^{13}C_{Milch/Eier} = \delta^{13}C_{Fleisch} + 1$ ‰ **Formel 5.2**: $\delta^{15}N_{Milch/Eier} = \delta^{15}N_{Fleisch} + 3$ ‰

Fehlen Tierdaten ist es eine Option, mehrere Individuen einer Spezies, die von mehreren Fundorten stammen, zusammenzulegen. Im Falle der frühmittelalterlichen Daten, bei denen nicht zu jedem Fundort die Isotopie der lokale Tierfunde gemessen wurde, wurde ein archäozoologischer Datenpool erstellt, der in Kapitel 4.7.1 erläutert wird.

Für diese Studie wurde, falls möglich, der Median zur Berechnung der tierischen Nahrungsquelle verwendet, da er weniger anfällig für Ausreißer ist als der Mittelwert. Wenn es die Einstellungen der genutzten Programme nicht erlauben, den Median zu verwenden, wie im Falle des Programms MixSIAR (Kap. 3.4.2), wurde der Mittelwert genutzt.

Die Werte der verwendeten tierischen Nahrungsquellen sind in Tabelle A 4 (IsoConc), Tabelle A 5 (MixSIAR) und Tabelle A 6 (SISUS) einzusehen.

3.1.3 Pflanzen

Eine Gruppe von Nahrungsmitteln, deren Daten in den meisten Fällen geschätzt werden müssen, stellen Pflanzen dar. Paläobotanische Funde sind zwar meist vertreten, können aber häufig aufgrund der diagenetischen Einflüsse und der geringen Menge nicht gemessen werden, weshalb die Isotopie der pflanzlichen Grundnahrungsmittel geschätzt werden muss. Die für die Modelle der vorliegenden Arbeit verwendeten Pflanzenwerte sind daher durchweg hypothetisch, da keine lokalen Werte zur Verfügung standen. Es besteht zwar die Möglichkeit, die Isotopie der Pflanzen basierend auf den Trophiestufeneffekten über die Isotopie herbivorer Tiere näherungsweise zu berechnen. Allerdings sind nicht alle Pflanzenfresser dafür geeignet. Waldtiere zum Beispiel spiegeln nicht die von Menschen verzehrten Pflanzenprodukte wider, sondern hauptsächlich Waldpflanzen, die dem Baldachin-Effekt unterliegen. Zusätzlich müssen die klimatischen Bedingungen eingeschlossen werden. Semiarides Klima, wie es in der Türkei und auch teilweise in mediterranen europäischen Regionen vorkommt, wirkt sich auf den Stickstoffisotopenwert von Tieren aus. Schätzt man die Isotopie von Pflanzen, ist es also äußerst wichtig, die äußere Umgebung zu beachten und im besten Fall mit zeitlich und klimatisch ähnlichen Werten zu vergleichen. Allerdings ist das ebenfalls nicht immer möglich, weil prähistorische Pflanzen eben nur teilweise gemessen werden. Moderne Pflanzen als Vergleichswert hinzuzuziehen ist möglich, aber nicht empfehlenswert. Moderne Pflanzen wachsen unter anderen Bedingungen hinsichtlich Nährstoffmenge oder Einfluss von Dünger und unter veränderten Klimabedingungen. Aus diesem Grund werden die Pflanzenwerte für die Mischungsmodelle in dieser Studie geschätzt und mit annähernd vergleichbaren Werten abgeglichen, um zu überprüfen, ob die verwendeten Werte

realistisch sind. Für die neolithischen Orte werden Werte aus Slowenien (Ogrinc und Budja 2005), Bayern (Hagl et al. 2013) und Daten aus Griechenland zur frühen Bronzezeit (Nitsch et al. 2017) zum Abgleich herangezogen. Da man anhand der Isotopendaten der Herbivoren die Werte der Pflanzen, die sie konsumiert haben, durch Umrechnung schätzen kann (Kap. 1.7), ist es möglich zu überprüfen ob die hypothetischen Werte kompatibel sind.

Für manche Programme ist es notwendig allerdings nicht für die Berechnung relevant, die Anzahl der Stichproben einer Nahrungsquelle anzugeben, was bei hypothetischen Werten jedoch nicht möglich ist. Daher wird für das Programm MixSIAR (Kap. 3.4.2), bei dem eine genaue Stichprobenanzahl für die Nahrungsquellen angegeben werden muss, die Anzahl der Pflanzen mit der Anzahl der Herbivoren gleichgesetzt, ausgeschlossen waldlebender Tiere.

Die verwendeten Pflanzenwerte für die jeweiligen Fundorte sind in Tabelle A 4 (IsoConc), Tabelle A 5 (MixSIAR), Tabelle A 6 (SISUS) aufgeschlüsselt.

3.1.4 Konzentrationswerte

Da die Mischungsmodelle auf einer Konzentrationsabhängigkeit basieren, wurden die Konzentrationen der Nahrungsquellen nach Robbins (1993) berechnet, wie es schon Phillips und Koch (2002) durchführten. Hierbei wird der Anteil des prozentualen Trockengewichts (TG %) der verschiedenen Komponenten miteinander verrechnet (Philips und Koch 2002):

Formel 6: $\mathbf{C\ \%} = 52 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}} + 75 \times \text{Fett}_{\text{TG \%}} + 45 \times (\text{Kohlenhydrate}_{\text{TG \%}} + \text{Ballaststoffe}_{\text{TG \%}})$

Formel 7: $\mathbf{N\ \%} = 16 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}}$

Allerdings gilt es zu beachten, dass der Körper nicht alle Nahrungsmittel zu 100 % verdauen und aufnehmen kann. Bei tierischen Produkten kann der Mensch zwar 100 % des aufgenommenen Proteins und Fetts verdauen. Koch und Phillips (2002) gehen aber davon aus, dass bei pflanzlichen Nahrungsmitteln jedoch nur 90 % des Proteins verdaut werden können. Ballaststoffe, bei Pflanzen meist Cellulose, werden unverdaut wieder ausgeschieden. Diese Verdauungsparameter werden daher übernommen (Koch und Phillips 2002):

<u>Tierische Produkte</u>

Formel 8.1: $\mathbf{C\ \%} = 52 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}} + 75 \times \text{Fett}_{\text{TG \%}} + 45 \times (\text{Kohlenhydrate}_{\text{TG \%}} + \text{Ballaststoffe}_{\text{TG \%}})$

Formel 8.2: $\mathbf{N\ \%} = 16 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}}$

<u>Pflanzliche Produkte</u>

Formel 9.1: $\mathbf{C\ \%} = 52 \times 0.9 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}} + 75 \times \text{Fett}_{\text{TG \%}} + 45 \times \text{Kohlenhydrate}_{\text{TG \%}}$

Formel 9.2: $\mathbf{N\ \%} = 16 \times 0.9 \times \text{Protein}_{\text{TG \%}}$

Bei tierischen Erzeugnissen wie Fleisch gibt es in den meisten Fällen keine Kohlenhydrate und Ballaststoffe, wodurch diese Parameter wegfallen. Da Stickstoff nur in den Bausteinen von Proteinen befindet, können Kohlenhydrate, Fett und Ballaststoffe vernachlässigt werden.
Die Daten der einzelnen Bestandteile wurden der USDA Datenbank (U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. FoodData Central) entnommen (Tab. A 2). Aus diesen Daten wurde zuerst das prozentuale Trockengewicht der Makronährstoffe und daraufhin die Konzentration von Kohlenstoff und Stickstoff der verschiedenen Nahrungsquellen berechnet (Tab. A 2).

3.2 Einzugsbereiche

Für eine detaillierte Interpretation und Nachvollziehbarkeit der spätantiken und mittelalterlichen Lebensweise und Versorgung, wird der Einzugsbereich für die mittelalterlichen Städte und Siedlungen berechnet. Die Einzugsbereiche spiegeln die Mindestfläche wider, die benötigt wird, um die Bevölkerung einer Siedlung zu versorgen. Es zeigt mögliche Unterschiede bei geographischen Überschneidungen von Siedlungen.
Irsigler stellte 1991 dafür die Formel zur Kalkulation der städtischen Versorgungsbereiche auf:

Formel 10: $$\text{Anbaufläche AF [ha/Jahr]} = \frac{\text{Einwohner x Pro-Kopf-Verbrauch [kg/Jahr]}}{\text{Getreideüberschuss (nach Bodengüte) [kg/ha]}}$$

Dabei ist der Pro-Kopf-Verbrauch (kg/Jahr) bei Irsigler (1991) auf 220 kg festgelegt. Laut Schubert (2006) sind aber auch bis zu 255 kg möglich, wobei 200 kg als Schnitt angesehen werden. Für die folgende Arbeit werden die von Irsigler veranschlagten 220 kg verwendet. Wie bereits in Kapitel 1.4.2.1 erwähnt, kann sich die Einwohnerzahl einer Siedlung oder Stadt stark unterscheiden. Je nach Größe der Siedlung ist die Bevölkerungszahl und -entwicklung einfacher zu bestimmen. Je größer die Stadt, umso einfacher kann die Bevölkerungszahl und -entwicklung bestimmt werden, da dann meist mehr zeitgenössische Literatur und Beschreibungen vorliegen. Bei kleineren Siedlungen oder Dörfern ist es deutlich schwieriger, sodass die Einwohnerzahl anhand von Gebäudeanzahl oder vergleichbaren Siedlungen geschätzt werden muss.
Der Getreideüberschuss ist abhängig von der Bodengüteklasse, die von Irsigler (1991) in vier Kategorien aufgeteilt wird (Tab. 2).

Tabelle 2: Kategorisierung und Mengenangaben von Brutto- und Nettoertrag, sowie der Überschuss, unterteilt nach Bodengüteklasse (Irsigler 1991), geltend für das Hoch-/Spätmittelalter. *Hier befindet sich ein Berechnungsfehler in der Literatur. Der Überschuss wird berechnet aus der Marktquote und dem Nettoertrag, woraus sich an dieser Stelle ein Überschuss von 8 (kg/ha) bilden müsste

Bodengüteklasse	**I sehr fruchtbar**	**II fruchtbar**	**III mittel**	**IV schwach**
Bruttoertrag [kg/ha]	1750	1050	700	300
Nettoertrag [kg/ha]	583	350	233	177
Marktquote [%]	50	35	20	5
Überschuss [kg/ha]	291	122	47	6*
Anteil nicht landwirtschaftlich genutzter Fläche	25 %	45 %	55 %	-

Um die Bodengüteklasse der mittelalterlichen Fundorte aus dieser Arbeit zu bestimmen, wird die heutige Bodenschätzung der jeweiligen Regionen hinzugezogen. Die Bodenschätzung klassifiziert und beschreibt die Böden und Kulturarten in Deutschland. Tatsächlich wird die Bodenschätzung von den Landesämter für Steuern verwaltet, da sich die Bodenschätzung ebenfalls mit den Ertragsfaktoren, Ertragswertzahlen und auch den natürlichen Ertragsbedingungen auseinandersetzt (Bayerisches Landesamt für Steuern 2020). Die Bodenschätzung wird in dieser Arbeit hinzugezogen, um die Bodengüteklasse der jeweiligen Regionen zu bestimmten.

Die Bodenschätzung unterteilt die verschiedene Kulturflächen in drei Kategorien: Ackerland, Gartenland und Grünland (Bayerisches Landesamt für Steuern 2020), wobei sich diese Arbeit aufgrund des agrarkulturellen Hintergrunds auf die Kulturfläche *Ackerfläche* konzentriert. Äcker werden, wie alle Kulturflächen, mit sogenannten *Klassenzeichen* beschrieben z.B. **LT 6 V 40/36** (Bodenschätzung Bergstetten, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft 2020). Ackerflächen bestehen also aus einer Buchstaben- und Zahlenkombination, die eine Abkürzung mehrerer Eigenschaften darstellt (Bayerisches Landesamt für Steuern 2020):

Bodenart: geologische Beschreibung des Bodens, die u.a. in Sand **S**, lehmiger Sand **lS**, sandiger Lehm **sL** und schwerer/toniger Lehm **LT** eingeteilt ist

Zustandsstufe: bei Äckern gibt es die Stufen **1** bis **7**, wobei Stufe 1 die beste Qualität und Stufe 7 die geringste Ertragsfähigkeit beschreibt

Entstehung der Böden: geologische Entstehung des Bodes, eingeteilt in Diluvium **D**, Löss **Lö**, Alluvium **Al**, Verwitterungsböden **V**, Verwitterungsböden gesteinshaltig **Vg**

Bodenzahl/**Ackerzahl**: Schätzungswerte, die in Bayern vom Bayerischen Landesamt für Steuern nach Ackerschätzungsrahmen bestimmt werden. Die Kulturfläche mit dem ertragreichsten Boden erreicht eine Zahl von 100. Bei Äckern sorgen Klima, Nassstellen oder Geländegestaltung je nachdem für Ab- und Zuschläge in der Zahl. Beide Zahlen im Verhältnis geben das prozentuale Ertragsverhältnis an.

Beispielsweise steht die Bodenschätzung LT 6 V 40/36 für einen tonigen Lehmboden aus Verwitterungsboden mit schlechter Ertragsfähigkeit und einem mittelmäßigen Ertragsverhältnis. Er ist daher, auch von der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft als mäßiger Ackerbaustandort eingestuft und hätte daher die Bodengüteklasse IV.

Zur Berechnung der Nutzfläche wird laut Irsigler (1991) die Anbaufläche AF allerdings je nach Ackerbepflanzungssystem mit weiteren Faktoren verrechnet: Irsigler (1991) multipliziert die Anbaufläche mit drei, da im Spätmittelalter das Dreifeldersystem als Landwirtschaftsmethode vorherrschte. Die daraus kalkulierte Fläche entspricht lediglich der Ertragsfläche, die mit dem Dreifeldersystem erreicht wird, nicht der tatsächlichen Anbaufläche und dem damit verbundenem Einzugsbereich. Um den Einzugsbereich zu berechnen und gleichzeitig die Anbaufläche für weitere Wirtschaftssysteme vergleichbar zu machen, wird in der vorliegenden Arbeit auf die Multiplikation der Anbaufläche mit dem Faktor 3 verzichtet. Stattdessen wird der Parameter „Überschuss“ angepasst, da der Bruttoertrag, den Irsigler (1991) veranschlagt hatte (Tab. 2), für das Dreifeldersystem gilt, nicht jedoch für das Zweifeldersystem, das antike und frühmittelalterliche Anbausystem, welches bekanntlich weniger Ertrag lieferte als das Dreifelderwirtschaftssystem. In dieser Arbeit wird angenommen, dass das Zweifeldersystem 2/3 des Ertrages eines Dreifeldersystems einbrachte, da im Feldfruchtwechsel ein Feld weniger zur Verfügung stand. So lag der Ertrag von Weizen vor 700 n. Chr. zwischen 0,6 und 0,7 [t/ha] und stieg danach auf bis zu 1 [t/ha] (Nentwig 2005). Wie hoch die Ertragssteigerung bei der Umstellung auf das Dreifeldersystem tatsächlich war, ist nicht näher bekannt.

Somit erhält man für die spätantiken und frühmittelalterlichen Siedlungen eine angepasste Angabe für den Brutto- und Nettoertrag sowie dem Überschuss (Tab. 3):

Tabelle 3: Kategorisierung und Mengenangabe nach Bodengüteklasse (angepasst nach Irsigler 1991). Geltend für die Spätantike und das Frühmittelalter.

Bodengüteklasse	**I sehr fruchtbar**	**II fruchtbar**	**III mittel**	**IV schwach**
Bruttoertrag [kg/ha]	1167	700	467	200
Nettoertrag [kg/ha]	389	233	156	118
Überschuss [kg/ha]	195	82	31	6
Anteil nicht landwirtschaftlich genutzter Fläche	25 %	45 %	55 %	-

Hieraus kann mit Hilfe der Formel 9 nun die Anbaufläche AF berechnet werden, die die Agrarfläche darstellt, die benötigt wird, um die Einwohner einer Siedlung zu versorgen. Allerdings muss noch der Anteil der nicht landwirtschaftlich genutzten Fläche, wie z.B. Wald oder Heide, dazugerechnet werden. Dieser ist, wie auch der Getreideüberschuss, abhängig von der Bodengüte.

Formel 11: Fläche F [ha/Jahr] = AF + Anteil nicht landwirtschaftlich genutzte Fläche [ha/Jahr]

Mit der Fläche F hat man nun die Fläche, die eine Siedlung für ihre Agrarproduktion benötigt. Was allerdings von Irsigler (1991) nicht beachtet wird, ist die Fläche, die von Tieren eingenommen wird. Tiere, die zur Milch- oder Fleischproduktion gehalten werden, müssen in spätantiken und mittelalterlichen Siedlungen allerdings unbedingt beachtet werden:

Formel 12: Gesamtfläche GF [ha/Jahr] = F + Tierzahl [Anzahl/Jahr] x Fläche pro Tier [ha]

Schweine wurden in früheren Zeiten meist in den Wald getrieben (Klein 1969) und sind daher platztechnisch bereits in der Waldfläche eingeschlossen. Schafe und Ziegen gelten als eher anspruchslos und wurden daher auf Flächen gehalten, die für die Landwirtschaft ungeeignet waren (Klein 1969). Die für diese Tiere benötigte Fläche wird dementsprechend im Anteil der nicht landwirtschaftlich genutzten Fläche bereits berücksichtigt (Formel 10). Hühner, Gänse oder andere Kleintiere benötigen kaum Platz und können daher vernachlässigt werden. Die Anzahl der Tiere bezieht sich also primär auf Rinder, die eine eigene Fläche benötigen. Die Rinderanzahl ist jedoch abhängig von der Größe der Siedlung und wird daher für jede Siedlung einzeln betrachtet. Ebersbach und Schade (2002) setzen für die Flächennutzung ein Rind pro Person voraus. Diese Zahl wird für die Berechnung übernommen. Nentwig (2005) veranschlagt 1 ha pro Rind. Nach fünf Jahren Weidewirtschaft werden 2 ha pro Rind benötigt (Nentwig 2005). Da in dieser Arbeit mittelalterliche Orte betrachtet werden, mit teils mittelmäßiger Bodengüte, werden 1,5 ha pro Rind verrechnet.
Geht man nun davon aus, dass die Flächen AF und GF jeweils kreisförmig um eine Siedlung liegen, lässt sich jeweils der Radius dieser Flächen berechnen:

Formel 13.1: $r_{1.1}=\sqrt{\frac{AF}{\pi}}$ **Formel 13.2**: $r_{1.2}=\sqrt{\frac{GF}{\pi}}$

3.3 Statistik

Insgesamt liegen 633 auswertbare Isotopendaten von Menschen vor. Doch die Datensätze der einzelnen Fundorte sind teils sehr klein. Dieses Problem muss bei der Auswahl der statistischen Verfahren an dieser Problematik berücksichtigt werden.

Ausreißer wurden mittels des Interquartilabstandes (IQR) mathematisch bestimmt. Hierfür werden fünf Datenpunkte aus dem zu untersuchenden Datensatz benötigt:

1. das Minimum: der niedrigste Wert des Datensatzes
2. das erste Quartil (Q1): Wert, unter dem 25 % der Werte des Datensatzes liegen
3. der Median: der Wert des Datensatzes, über und unter dem 50 % der Werte fallen
4. das dritte Quartil (Q3): Wert, unter dem 75 % der Werte des Datensatzes liegen
5. das Maximum: der höchste Wert des Datensatzes

Der Interquartilabstand ist die Spannweite zwischen Q1 und Q3 und gibt die Streuung der Werte um den Median wieder. Er wird über die Subtraktion des dritten und ersten Quartilwertes berechnet:

Formel 14: $IQR = Q3 - Q1$

Um Ausreißer in einem Datensatz zu berechnen, wird eine Toleranzgrenze nach oben und unten gesetzt. Als Grenze wird hierbei standardmäßig das 1,5-fache oder 3-fache des IQR festgelegt, was für die Unterscheidung *milder* und *extremer* Ausreißer verwendet wird. Als Ausreißer gilt die Zahl dann, wenn die Zahl < Q1 – 1,5 bzw. 3*IQR ist oder > Q3 + 1,5 bzw. 3*IQR. Milde Ausreißer liegen außerhalb der 1,5-fachen Grenze, extreme Ausreißer überschreiten sogar die 3-fache Grenze.

Prinzipiell wird dieses mathematische Verfahren zum Erstellen von Boxplots verwendet. Durch die geringe Probenanzahl, die im vorliegenden Datensatz gegeben ist, ist dieses Verfahren ausreichend und wird nicht durch statistische Ausreißer-Tests unterstützt.

Die signifikante Abweichung zur **Normalverteilung** der einzelnen Datensätze wird mittels des *Shapiro-Wilk-Tests* überprüft. Allgemein geht man bei Normalverteilungstest von der Nullhypothese aus, dass die gegebenen Daten normalverteilt sind. Sobald der p-Wert das α-Level unterschreitet, gilt wie bei allen statistischen Tests, dass die Nullhypothese verworfen werden kann. Im Falle des Shapiro-Wilk-Tests zur Normalverteilung bedeutet das, dass die Daten signifikant von der Normalverteilung abweichen. Der Shapiro-Wilk-Test wird aufgrund seiner Teststärke gewählt, denn während viele Tests bei geringer Stichprobengröße an Stärke verlieren, weist dieser noch eine recht hohe Stärke auf. Daher werden die Daten dieser Arbeit anhand des Shapiro-Wilk-Tests mittels PAST (Hammer et al. 2001), eines für Archäologen konzipierten Programmes, auf ihre Normalverteilung hin untersucht.

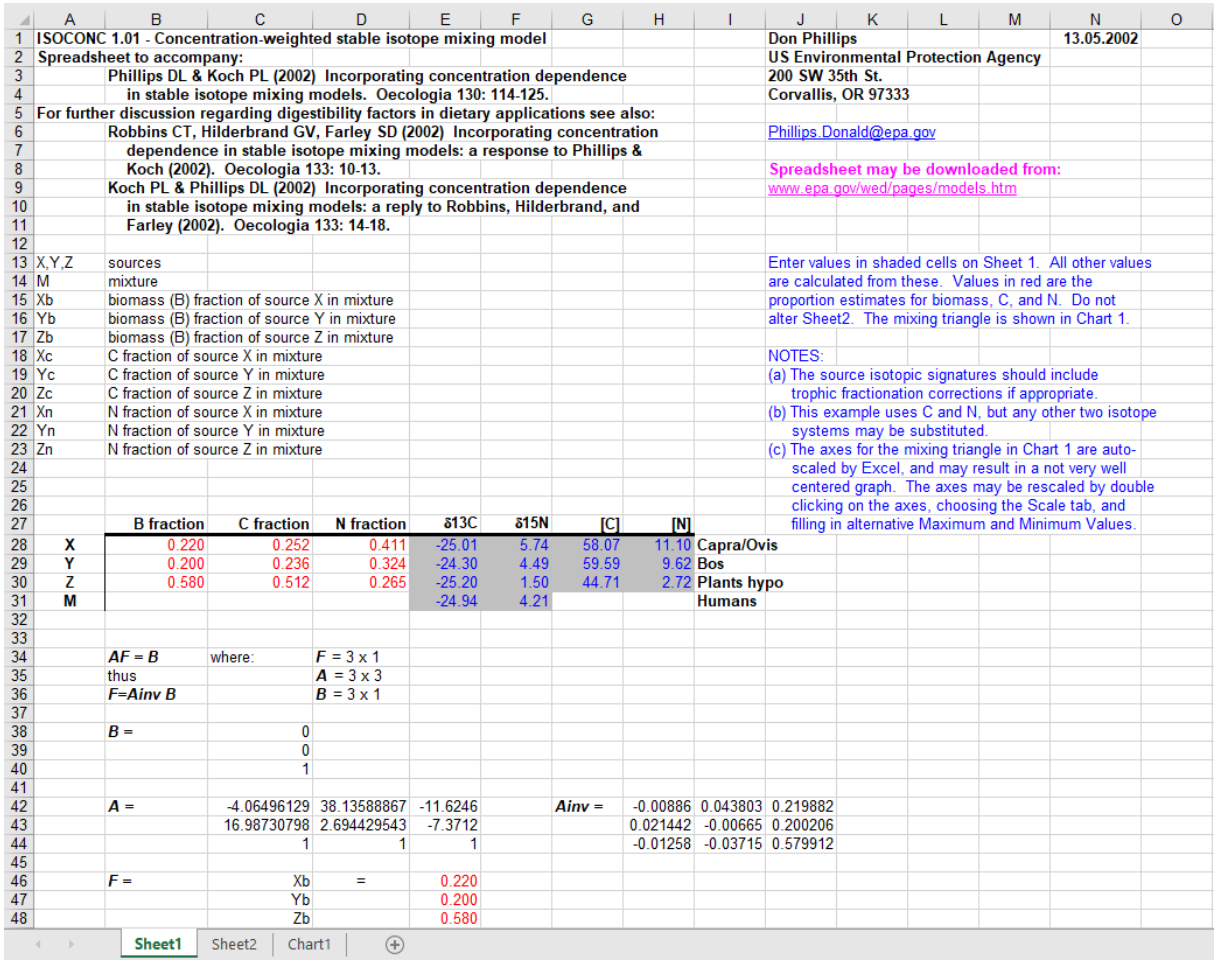
Die Verteilung der Daten zu kontrollieren, ist für die weitere statistische Auswertung von Bedeutung, da normalverteilte und nicht-normalverteilte Daten unterschiedliche statistische Tests erfordern.

Für die **statistische Auswertung** wurde der nichtparametrische *Mann-Whitney-Test* verwendet. Nichtparametrisch bedeutet, dass keine Voraussetzungen wie die Verteilung der Daten für den Test gegeben sein müssen. Daher wird der Mann-Whitney-Test genutzt, wenn die Voraussetzungen für den parametrischen t-Test, nämlich die Normalverteilung der Daten, nicht gegeben sind, um zwei unabhängige Stichproben miteinander zu vergleichen. Der Mann-Whitney-Test ist ein Rangsummentest, der den einzelnen Daten zweier Gruppen je einen Wert zuschreibt. Der niedrigste Datenpunkt in jeder Gruppe erhält die Zahl 1, der höchste Datenwert den Wert n, wobei n für die Anzahl der Werte in den zwei untersuchten Gruppen steht. Dann werden die zugeordneten Werte der zwei Gruppen getrennt und gemittelt. Je nachdem wie weit die Mittelwerte der zwei Gruppen abweichen, ist der p-Wert hoch oder niedrig. Man muss jedoch beachten, dass die Stärke des Tests mit abnehmendem Stichprobenumfang ebenfalls sinkt.

3.4 Mischungsmodelle: Programme

Alle Programme geben als Lösung die Anteile der Biomasse der einzelnen Quellen an, welche die Mischisotopie im Konsumenten erklären kann.

3.4.1 IsoConc



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	ISOCONC 1.01 - Concentration-weighted stable isotope mixing model									Don Phillips				13.05.2002	
2	Spreadsheet to accompany:									US Environmental Protection Agency					
3		Phillips DL & Koch PL (2002) Incorporating concentration dependence								200 SW 35th St.					
4		in stable isotope mixing models. Oecologia 130: 114-125.								Corvallis, OR 97333					
5	For further discussion regarding digestibility factors in dietary applications see also:														
6		Robbins CT, Hilderbrand GV, Farley SD (2002) Incorporating concentration								Phillips.Donald@epa.gov					
7		dependence in stable isotope mixing models: a response to Phillips &													
8		Koch (2002). Oecologia 133: 10-13.								Spreadsheet may be downloaded from:					
9		Koch PL & Phillips DL (2002) Incorporating concentration dependence								www.epa.gov/wed/pages/models.htm					
10		in stable isotope mixing models: a reply to Robbins, Hilderbrand, and													
11		Farley (2002). Oecologia 133: 14-18.													
12															
13	X,Y,Z	sources								Enter values in shaded cells on Sheet 1. All other values					
14	M	mixture								are calculated from these. Values in red are the					
15	Xb	biomass (B) fraction of source X in mixture								proportion estimates for biomass, C, and N. Do not					
16	Yb	biomass (B) fraction of source Y in mixture								alter Sheet2. The mixing triangle is shown in Chart 1.					
17	Zb	biomass (B) fraction of source Z in mixture													
18	Xc	C fraction of source X in mixture								NOTES:					
19	Yc	C fraction of source Y in mixture								(a) The source isotopic signatures should include					
20	Zc	C fraction of source Z in mixture								trophic fractionation corrections if appropriate.					
21	Xn	N fraction of source X in mixture								(b) This example uses C and N, but any other two isotope					
22	Yn	N fraction of source Y in mixture								systems may be substituted.					
23	Zn	N fraction of source Z in mixture								(c) The axes for the mixing triangle in Chart 1 are auto-					
24										scaled by Excel, and may result in a not very well					
25										centered graph. The axes may be rescaled by double					
26										clicking on the axes, choosing the Scale tab, and					
27		B fraction	C fraction	N fraction	δ13C	δ15N	[C]	[N]		filling in alternative Maximum and Minimum Values.					
28	X	0.220	0.252	0.411	-25.01	5.74	58.07	11.10	Capra/Ovis						
29	Y	0.200	0.236	0.324	-24.30	4.49	59.59	9.62	Bos						
30	Z	0.580	0.512	0.265	-25.20	1.50	44.71	2.72	Plants hypo						
31	M				-24.94	4.21			Humans						
32															
33															
34		AF = B	where:	F = 3 x 1											
35		thus		A = 3 x 3											
36		F=Ainv B		B = 3 x 1											
37															
38		B =	0												
39			0												
40			1												
41															
42		A =	-4.06496129	38.13588867	-11.6246		Ainv =	-0.00886	0.043803	0.219882					
43			16.98730798	2.694429543	-7.3712			0.021442	-0.00665	0.200206					
44			1	1	1			-0.01258	-0.03715	0.579912					
45															
46		F =	Xb	=	0.220										
47			Yb		0.200										
48			Zb		0.580										

Sheet1 | Sheet2 | Chart1

Abbildung 28: Layout des IsoConc Eingabeblattes (Sheet1). Grau hinterlegte Zellen: Eingabefelder. Rote Werte: Kalkulations- und Ausgabewerte.

IsoConc (Phillips und Koch 2002) ist eine auf Excel-basierte Methode, die auf Matrizenrechnungen aufgebaut ist und konzentrationsbasierte Mischungsmodelle erstellt. IsoConc kann auf der Website *https://www.epa.gov/eco-research/stable-isotope-mixing-models-estimating-source-proportions* heruntergeladen werden. IsoConc ist in drei verschiedene Excel-Blätter aufgeteilt: Sheet1, Sheet2 und Chart1 genannt. Diese werden im Folgenden kurz beschrieben.

In **Blatt 1** (Abb. 28) können die Isotopendaten ($\delta^{13}C$, $\delta^{15}N$) eines Konsumenten (M) und dreier Nahrungsquellen (X, Y, Z) mitsamt Konzentrationswerten ([C], [N]) eingegeben werden. In dieser Registerkarte wird außerdem der Anteil der Nahrungsquellen ausgegeben. **Blatt 2** beinhaltet die Kalkulationen, mit denen die Grenzen des Mischungsmodell in **Blatt 3** kalkuliert werden (Abb. 29). Die Abbildung des Modells kann entsprechend den Einstellungen von Excel verändert und angepasst

werden, wie z.B. Textfelder einfügen, zusätzliche Punkte aus einer externen Datei hinzufügen und deren Farbe und Form modifizieren.

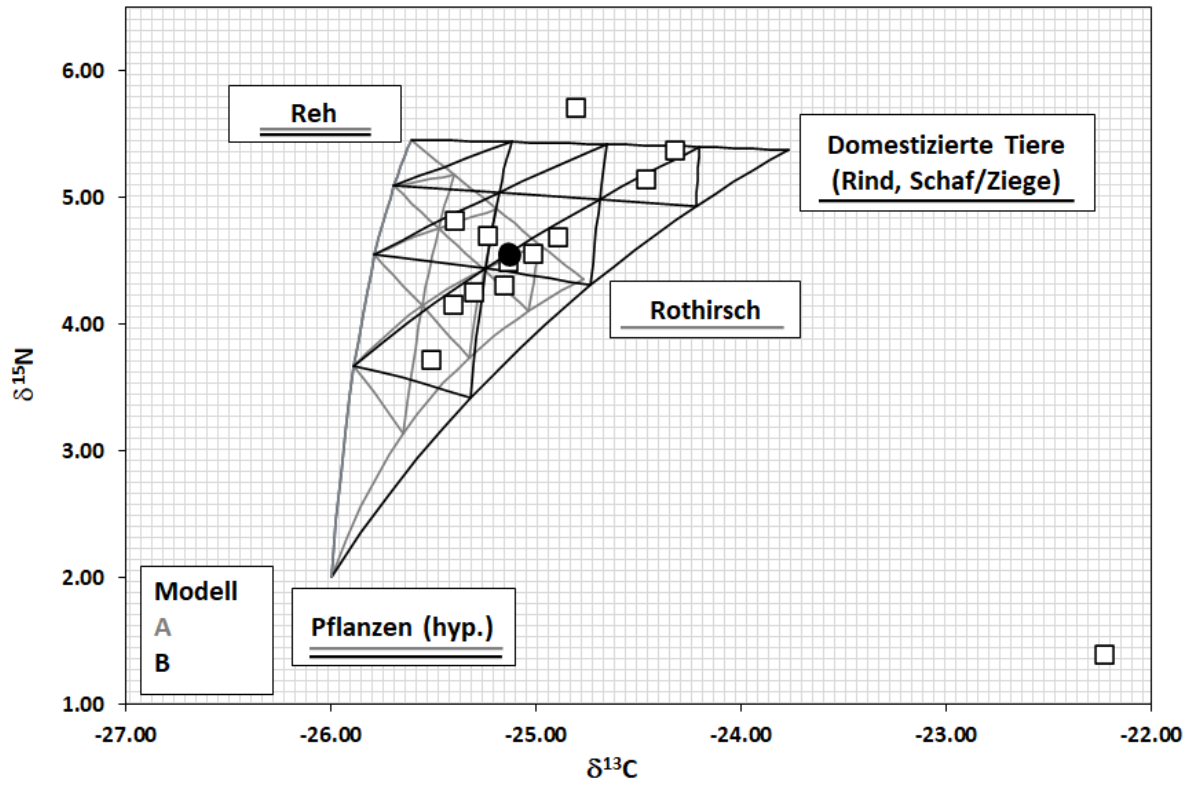


Abbildung 29: Modifiziertes IsoConc-Mischungsmodell bestehend aus zwei Modellen (Modell A, Modell B) mit unterschiedlichen Nahrungsquellen, die in Excel optisch zusammengefasst wurden. Eingefügt sind hierbei: Nahrungsquellen, Individualpunkte, Raster und Legende.

3.4.2 MixSIAR

MixSIAR ist ein R-Paket, welches sich aus den Programmen/R-Paket MixSir (Moore und Semmens 2008) und SIAR (Parnell et al. 2010) zusammensetzt und wurde 2016 als MixSIAR Version 3.1 veröffentlicht (Stock et al. 2018). Eine ausführliche Gebrauchsanweisung findet an unter https://github.com/brianstock/MixSIAR (Stock und Semmens 2016a).

MixSIAR ist prinzipiell in zwei Abschnitte unterteilt.

1. Eingabe der Daten in mehrere Exceltabellen
2. Ablauf in R

    Möglichkeit 2.A: GUI

    Möglichkeit 2.B: R-Skript erstellen

Insgesamt benötigt man drei Tabellen: eine für die Konsumenten, eine weitere für die Nahrungsquellen und die dritte für die Fraktionierungsfaktoren.

Die Konsumententabelle enthält drei Spalten: die Gruppen- oder Individuenbeschriftung, den Stickstoff- und den Kohlenstoffisotopenwert. In der Tabelle für die Nahrungsquellen müssen acht Spalten ausgefüllt werden: die Endmemberbeschriftung, der Mittelwert der Stickstoffisotopien sowie

deren Standardabweichung, der Mittelwert der Kohlenstoffisotopien und deren Standardabweichung, die Stickstoff- und Kohlenstoffkonzentration und die Probenanzahl, mit der der Mittelwert berechnet wurde. In der Tabelle für die Fraktionierungsfaktoren werden ebendiese für die C- und N-Isotopenwerte der Nahrungsquellen eingegeben. Da für diese Studie alle Konsumenten und Endmember bereits vorab manuell an mögliche Fraktionierungsfaktoren angepasst wurden, wurden alle Faktoren in dieser Tabelle auf null gesetzt.

Das Interface, welches in Abbildung 30 dargestellt ist, macht es Usern, die sich nicht mit der in R verwendeten Sprache auskennen, möglich, MixSIAR ungehindert zu nutzen.

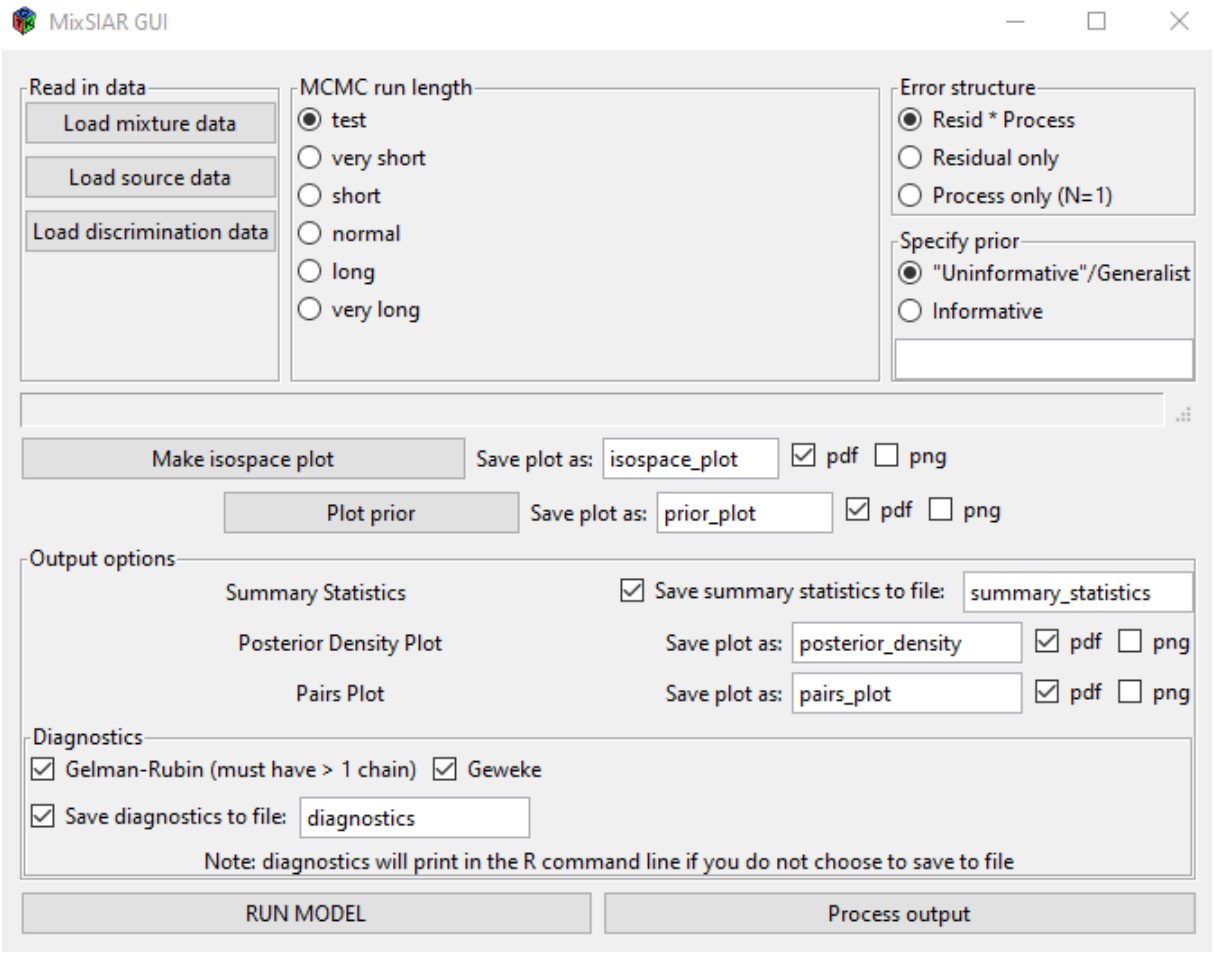


Abbildung 30: Layout und Einstellungsoptionen des MixSIAR-Interface.

In dieser Arbeit wird allerdings Möglichkeit 2.B benutzt, bei welcher kein Interface verwendet wird, sondern ein R-Skript. Das R-Skript verfügt über dieselben Einstellungen wie das GUI, nur werden diese in R-Sprache eingegeben und aktiviert. Hierfür lädt man dieselben Exceltabellen (Konsumenten, Nahrungsquellen, Diskriminierung) in R hoch und stellt die gewünschten Einstellungen ein. Möchte man die Konzentrationsabhängigkeit aktivieren, wie es für diese Studie vorausgesetzt wird, so muss man diese Konzentration in der Tabelle für Nahrungsquellen angeben und in R einlesen. Im selben Schritt muss man auswählen, ob es sich bei den Daten der Nahrungsquellen um die unbearbeiteten Daten handelt oder um die Mittelwerte mit Standardabweichung. Für die in dieser Arbeit verwendeten

Datensätze wurden die Mittelwerte genutzt. Weiterhin handelt es sich bei unseren Daten um Populationen, also Gruppendaten, weshalb man keine zufälligen (Einstellung: *fac_random*) oder geschachtelten (Einstellung: *fac_nested*) Datensätze hat. In unserem Fall handelt es sich außerdem um eine generelle a-priori Betrachtung (GENERALIST), dementsprechend wird für den prior-Plot von MixSIAR alpha gleich 1 gesetzt, was bedeutet, dass man davon ausgeht, dass die Wahrscheinlichkeit eine Nahrungsquelle zu beproben als gleich gilt. Um ein Modell zu erstellen, müssen außerdem zwei verschiedene Fehler ausgewählt werden: der *Residuenfehler* und der *Prozessfehler*. Der Residuenfehler nimmt an, dass alle Konsumenten dieselben Nahrungsquellen verwenden und die Unterschiede in den Gruppen durch Umstände wie Assimilation oder Verdaubarkeit entstehen. Der Prozessfehler gibt an, dass Konsumenten an verschiedenen Orten dieselben Nahrungsmittel konsumieren und Unterschiede durch Fehler bei der Stichprobenauswahl entstehen, wodurch die Differenzen eines Mittels einer finiten Probenanzahl durch Zufall entstehen oder durch individuelle Unterschiede der Individuen. Für die Populationsgruppen wird die natürlichste Einstellung verwendet, bei welcher der Residuenfehler ausgewählt und der Prozessfehler abgestellt wird. Für die Analyse der einzelnen Individuen ist diese Einstellung nicht möglich, sondern es wird das *„process only error model“* empfohlen, bei welchem nur der Prozessfehler ausgewählt wird.

Es entstehen insgesamt vier Arten von Abbildungen:

1. ein Isospace Plot - eine bivariate Abbildung der Daten
2. ein Prior-Plot, der den Anteil der Nahrungsquellen schätzt
3. ein Pairs-Plot, der in drei Diagrammtypen unterteilt ist: Konturdiagramm, Histogramm und die Korrelation (Abb. 31)
4. ein Dichte-Plot je Gruppe bzw. Individuum (Abb. 32)

Für diese Arbeit steht der Dichte-Plot der Gruppe im Vordergrund, da er den Anteil der Nahrungsquellen der Population oder eines Individuums widerspiegelt und darstellt.

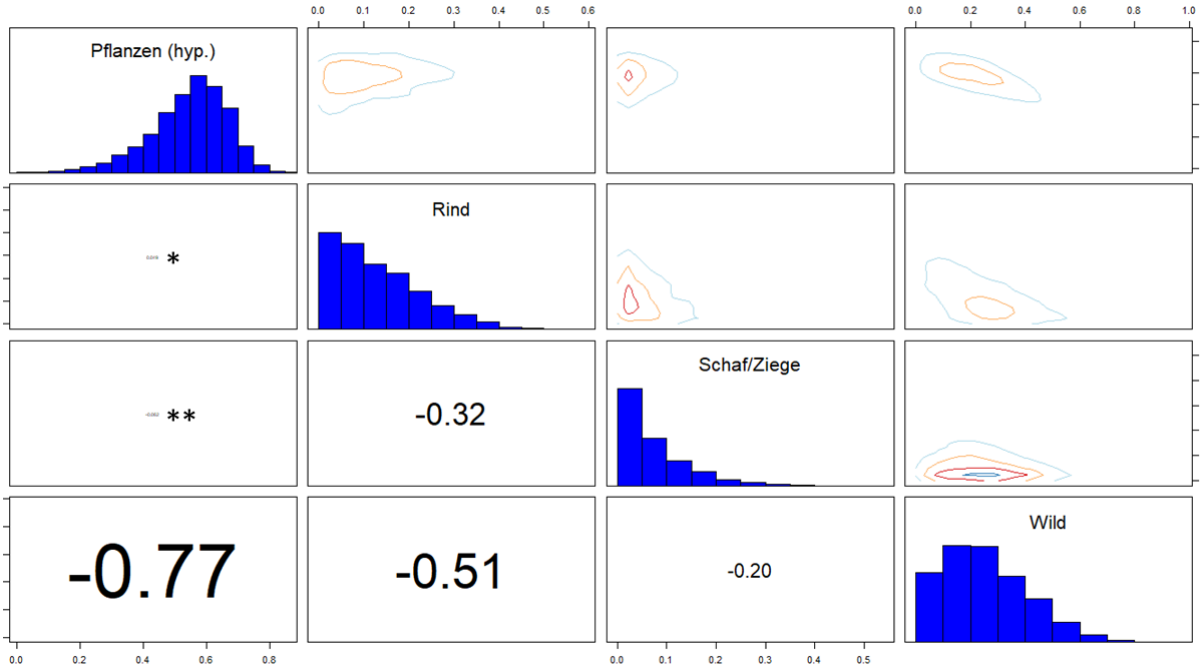


Abbildung 31: Pairs Plot der Ergebnisse am Beispiel der Individualergebnisse aus Mavropigi. oberhalb Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,049 , **: -0,062

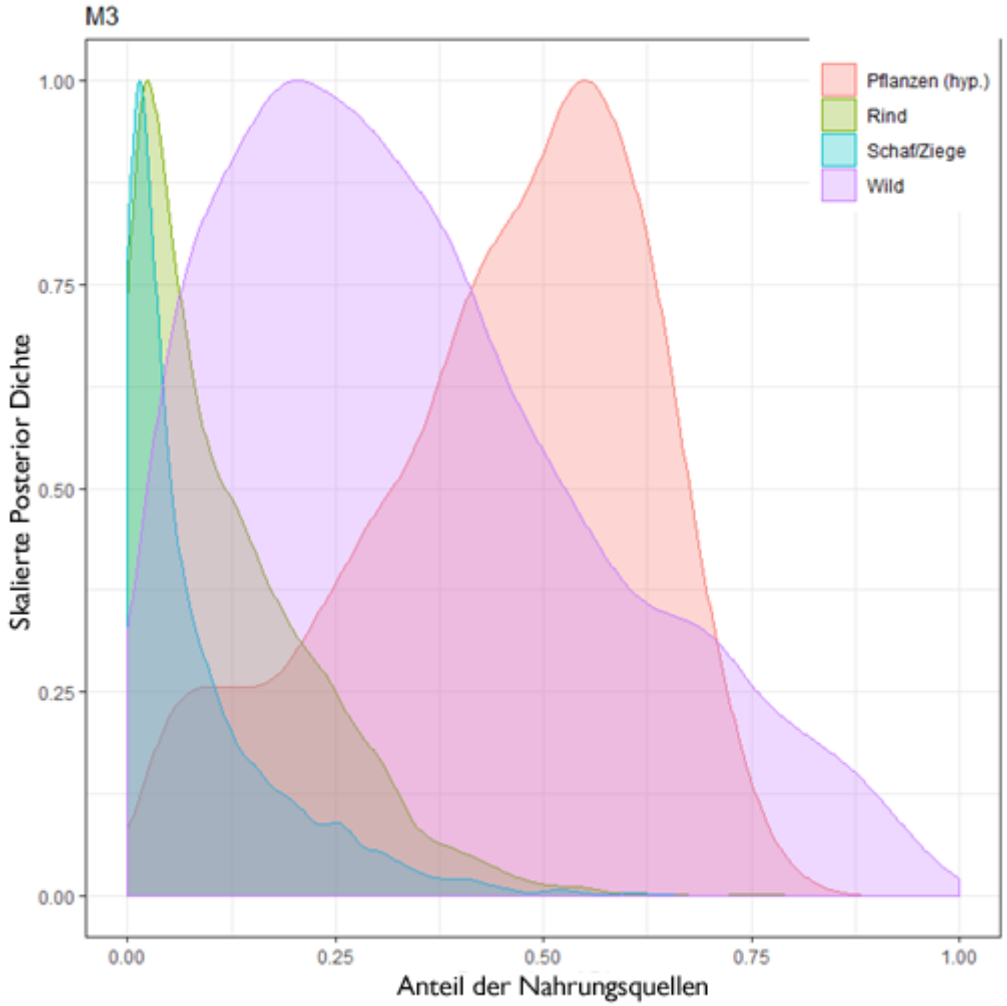


Abbildung 32: Dichte-Plot am Beispiel des Individuum M3 (Mavropigi).

Für alle Modelle wurde ein langes JAGS-Modell (run = „long“) kalkuliert. JAGS (**J**ust **A**nother **G**ibbs **S**ampler) ist ein Programm für die Analyse von bayesischen Modellen und Marcov Chain Monte Carlo Simulation. Je länger das Modell, umso genauer das Ergebnis. Nachdem das Modell berechnet wurde, können die Ergebnisse des Modells ausgegeben werden. Hierbei wird die Datei *diagnostics* erzeugt, welche die Qualität des Modells angibt, eine Modell-Datei (*MixSIAR_model.txt*), welche den Verlauf des Modells in txt-Format zusammenfasst und die txt.Datei *summary statistics*. Diese Datei gibt die Verteilung jeder einzelnen Nahrungsquelle für jeden eingegebenen Konsumenten, wie im Beispiel in Abbildung 33. Neben dem Mittelwert (*mean*) und der Standardabweichung (*sd*) werden die verschiedenen Quartile, darunter auch der Median (50%-Quartil) in prozentualen Anteilen angegeben.

	Mean	SD	2.5%	5%	25%	50%	75%	95%	97.5%
p.M10.Pflanzen (hyp.)	0.431	0.122	0.163	0.214	0.356	0.443	0.517	0.612	0.640
p.M11.Pflanzen (hyp.)	0.393	0.172	0.049	0.081	0.270	0.412	0.523	0.649	0.681
p.M14.Pflanzen (hyp.)	0.268	0.151	0.032	0.049	0.147	0.254	0.374	0.532	0.583
p.M16.Pflanzen (hyp.)	0.430	0.180	0.047	0.086	0.308	0.461	0.567	0.685	0.712
p.M17.Pflanzen (hyp.)	0.156	0.093	0.021	0.032	0.085	0.142	0.215	0.330	0.368
p.M18.Pflanzen (hyp.)	0.413	0.266	0.024	0.036	0.157	0.404	0.670	0.800	0.828
p.M3.Pflanzen (hyp.)	0.445	0.176	0.057	0.095	0.330	0.474	0.578	0.686	0.715
p.M5.Pflanzen (hyp.)	0.663	0.169	0.103	0.228	0.628	0.707	0.765	0.831	0.851
p.M7.Pflanzen (hyp.)	0.760	0.144	0.193	0.540	0.737	0.791	0.836	0.885	0.902
p.M8.Pflanzen (hyp.)	0.235	0.139	0.029	0.042	0.121	0.218	0.330	0.492	0.538
p.M9.Pflanzen (hyp.)	0.411	0.167	0.064	0.100	0.294	0.433	0.535	0.658	0.685
p.M10.Rind	0.130	0.103	0.004	0.008	0.047	0.109	0.190	0.329	0.372
p.M11.Rind	0.130	0.127	0.002	0.004	0.030	0.089	0.195	0.377	0.448
p.M14.Rind	0.169	0.185	0.002	0.004	0.025	0.091	0.265	0.560	0.650
p.M16.Rind	0.117	0.120	0.002	0.004	0.026	0.076	0.169	0.355	0.418
p.M17.Rind	0.323	0.274	0.002	0.004	0.042	0.293	0.566	0.772	0.824
p.M18.Rind	0.082	0.126	0.001	0.003	0.014	0.036	0.092	0.329	0.475
p.M3.Rind	0.122	0.113	0.002	0.004	0.031	0.089	0.186	0.333	0.400
p.M5.Rind	0.072	0.069	0.002	0.003	0.019	0.051	0.106	0.203	0.233
p.M7.Rind	0.056	0.056	0.001	0.003	0.017	0.041	0.080	0.154	0.182
p.M8.Rind	0.194	0.205	0.001	0.003	0.028	0.111	0.322	0.612	0.700
p.M9.Rind	0.136	0.128	0.003	0.005	0.033	0.098	0.209	0.379	0.449
p.M10.Schaf/Ziege	0.072	0.067	0.002	0.004	0.022	0.051	0.105	0.209	0.247
p.M11.Schaf/Ziege	0.080	0.095	0.001	0.002	0.013	0.044	0.115	0.284	0.348
p.M14.Schaf/Ziege	0.070	0.093	0.001	0.002	0.011	0.036	0.091	0.268	0.346
p.M16.Schaf/Ziege	0.068	0.083	0.001	0.002	0.012	0.035	0.095	0.251	0.305
p.M17.Schaf/Ziege	0.155	0.214	0.001	0.001	0.012	0.050	0.209	0.656	0.715
p.M18.Schaf/Ziege	0.034	0.044	0.001	0.001	0.008	0.020	0.044	0.109	0.145
p.M3.Schaf/Ziege	0.087	0.104	0.001	0.002	0.014	0.046	0.122	0.300	0.371
p.M5.Schaf/Ziege	0.045	0.051	0.001	0.001	0.009	0.027	0.063	0.155	0.188
p.M7.Schaf/Ziege	0.037	0.041	0.000	0.001	0.008	0.022	0.052	0.121	0.143
p.M8.Schaf/Ziege	0.081	0.112	0.001	0.001	0.011	0.037	0.102	0.327	0.430
p.M9.Schaf/Ziege	0.095	0.111	0.001	0.002	0.014	0.052	0.139	0.334	0.398
p.M10.Wild	0.366	0.165	0.057	0.103	0.250	0.360	0.473	0.648	0.710
p.M11.Wild	0.397	0.227	0.031	0.058	0.219	0.382	0.558	0.811	0.873
p.M14.Wild	0.492	0.249	0.026	0.063	0.302	0.511	0.691	0.870	0.910
p.M16.Wild	0.385	0.227	0.024	0.049	0.210	0.363	0.534	0.807	0.869
p.M17.Wild	0.365	0.285	0.021	0.033	0.124	0.273	0.606	0.888	0.929
p.M18.Wild	0.471	0.296	0.020	0.035	0.202	0.463	0.735	0.920	0.947
p.M3.Wild	0.346	0.224	0.026	0.046	0.171	0.308	0.487	0.786	0.851
p.M5.Wild	0.220	0.183	0.017	0.032	0.100	0.174	0.272	0.655	0.797
p.M7.Wild	0.148	0.147	0.014	0.022	0.065	0.113	0.177	0.375	0.703
p.M8.Wild	0.491	0.261	0.024	0.047	0.280	0.517	0.706	0.878	0.914
p.M9.Wild	0.357	0.221	0.027	0.044	0.180	0.325	0.506	0.757	0.848

Abbildung 33: Darstellung der *summary statistics* am Beispiel der Individuen aus Mavropigi. Mean: Mittelwert; sd: Standardabweichung, 50 %: Median.

3.4.3 SISUS

SISUS muss über das Programm R installiert werden und ist als R-Paket implementiert (Erhardt et al. 2014). Die Daten werden in eine Exceltabelle eingegeben und dann in R eingelesen. Im folgenden Abschnitt werden die Optionen und die Ausgabe kurz beschrieben. Eine genaue Gebrauchsanweisung mitsamt Beschreibung findet sich unter *https://statacumen.com/sisus/.*

Die Exceltabelle ist in mehrere Blätter aufgeteilt. Im ersten Blatt (**Blatt 1**) müssen die einzelnen Optionen für die Modelle eingestellt werden. So muss die Anzahl der Konsumenten, der Isotopensysteme und der Nahrungsquellen angegeben werden. In diesem Blatt besteht auch die Möglichkeit, Konzentrationsabhängigkeit ein- oder abzustellen. Weiterhin kann man einstellen, welche der Darstellungsmöglichkeiten (Convex Hull, Histogramm, Scatterplot) man ausgeben lassen möchte und unter welchem Format (u.a. png, pdf, tiff, jpeg) diese gespeichert werden. In **Blatt 2** werden die Konsumenten und deren Isotopenwerte eingegeben. Die Namen, die man hier für die einzelnen Konsumenten verwendet, werden auch in den Dateinamen und Abbildungen verwendet. Die Anzahl an Konsumenten, die in diesem Blatt eingefügt werden, müssen mit der Anzahl, die man in Blatt 1 angegeben hat, übereinstimmen. Andernfalls entsteht bei einem SISUS-Durchlauf eine Fehlermeldung. In die Spalten trägt man die Isotopenwerte ein, wobei die Isotopennamen in die Kopfzeile der Spalten geschrieben werden. Auch hier muss sich die Anzahl der Isotopensysteme mit der aus Blatt 1 decken. Die Isotopennamen werden automatisch in die weiteren Blätter übertragen. In **Blatt 3** trägt man die Nahrungsquellen mit deren jeweiligen Isotopenwerten ein. Wie schon in Blatt 2 stehen die Isotopenwerte in den Spalten und die einzelnen Nahrungsquellen in den Zeilen. Diesmal kann nur die Kopfzeile der Zeilen abgeändert werden. Die Spaltenkopfzeile ist unveränderbar, da die Isotopenbeschriftung aus Blatt 2 hier voreingetragen ist. Wie auch bei den Isotopen und den Konsumenten, ist es wichtig, dass die Anzahl der Nahrungsquellen in Blatt 3 mit der Anzahl in Blatt 1 übereinstimmt. **Blatt 4** ist für die Fraktionierungsfaktoren. In dieser Arbeit wurden hier keine Werte eingetragen bzw. auf Null gesetzt, da die Fraktionierungsfaktoren bereits vorab für die Konsumenten und die Nahrungsquellen angewandt und verrechnet wurden. **Blatt 5** ist dann wichtig, wenn das Modell konzentrationsabhängig sein soll, da in diesem Excelblatt die Konzentration der Nahrungsquellen eingetragen wird. **Blatt 6** definiert die Assimilationseffizienz der Nahrungsquellen. Die Assimilationseffizienz gibt an, wie gut ein Element in die Mischung eingebaut wird. Dieses Blatt wird nur aktiviert, wenn man in Blatt 1 die entsprechende Option auswählt. In dieser Arbeit wurde diese Option nicht ausgewählt, weil keine nähere Assimilation der Nahrungsquellen bekannt ist. In **Blatt 7** kann man weitere lineare Beschränkungen (z.B. Nahrungsquelle 1 mindestens 50 % Anteil, Nahrungsquelle 2 < Nahrungsquelle 3) einstellen, was allerdings nicht verwendet wurde.

Blatt 8 ist für den Fall, dass man a priori Informationen einfügen möchte, worauf für die erstellten Mischungsmodelle verzichtet wurde, weil keine Bevorzugung stattfinden soll, sondern die

Wahrscheinlichkeit, die einzelne Nahrungsquelle zu beproben, wird für jede Ressource als gleich angesehen (α = 1). In **Blatt 9** und **Blatt 10** definiert man die Standardabweichung der Konsumenten (Blatt 9) und der Nahrungsquellen (Blatt 10). Die Abweichung hat keine Auswirkung auf die Berechnung, sondern fügt lediglich Fehlerbalken in den Convex Hull Plot ein. Mit **Blatt 11** kann man die vorhandene und somit zur Verfügung stehende Biomasse und die Anzahl der konsumierten Individuen pro Nahrungsquelle näher definieren. Diese Funktion wurde für die Mischungsmodelle nicht verwendet, weil die totale Biomasse der einzelnen Nahrungsquellen in prähistorischen Nahrungsquellen nicht näher bekannt ist, sondern durch die Modelle berechnet wird.

Insgesamt gibt es fünf Ausgabe-Typen, die je nach Anzahl der Konsumenten und Nahrungsquellen variieren können:

1. die Excel-Datei, die eingelesen wird
2. eine process-info.txt-Datei, eine Kopie des Prozess Logs
3. eine inputs.txt-Datei, die quasi eine Textversion der Excel-Datei darstellt. Hiermit lassen sich die eingestellten Optionen des SISUS-Durchlaufs nochmal prüfen.
4. verschiedene Convex Hull Plots u.a. einen Übersichtsplot, in dem alle Konsumenten dargestellt sind (Abb. 34 A) und ein Matrixversion davon (Abb. 34 B), sowie die Convex Hull Plots der einzelnen Konsumenten.
5. Für jeden Konsumenten, bei dem eine Lösung berechnet wurde, gibt es (je nach Auswahl in Blatt 1):
    a) Histogramme mit den Anteilen der verschiedenen Nahrungsquellen (Abb. 35 A)
    b) Scatterplot-Matrizen-Plots für alle Nahrungsquellen paare (Abb. 35 B)
    c) eine txt-Datei mit der statistischen Zusammenfassung (Abb. 36)

SISUS gibt in den Convex Hull Plots die Ergebnisse für jedes einzelne Individuum mitsamt der entsprechenden Datenbeschriftung aus. Der Convex Hull Plot des Beispiels in Abb. 34 (A und B) gibt lediglich einen Punkt (Alepotrypa) aus, da hier der Populationsmedian genutzt wurde. Doch dieser Plot verliert schnell an Übersicht, sobald mehrere Konsumenten untersucht werden, da alle Individuen mitsamt der Datenbeschriftung in der Abbildung dargestellt werden. Zur besseren Übersicht, wurden deshalb jeweils ein SISUS-Durchlauf durchgeführt, bei dem die Beschriftung in Blatt 2 nicht eingefügt wurde und deshalb im Convex Hull Plot nur die Punkte abgebildet werden. Dieser Schritt wurde ausschließlich für die Erstellung der Übersichtsgrafik verwendet.

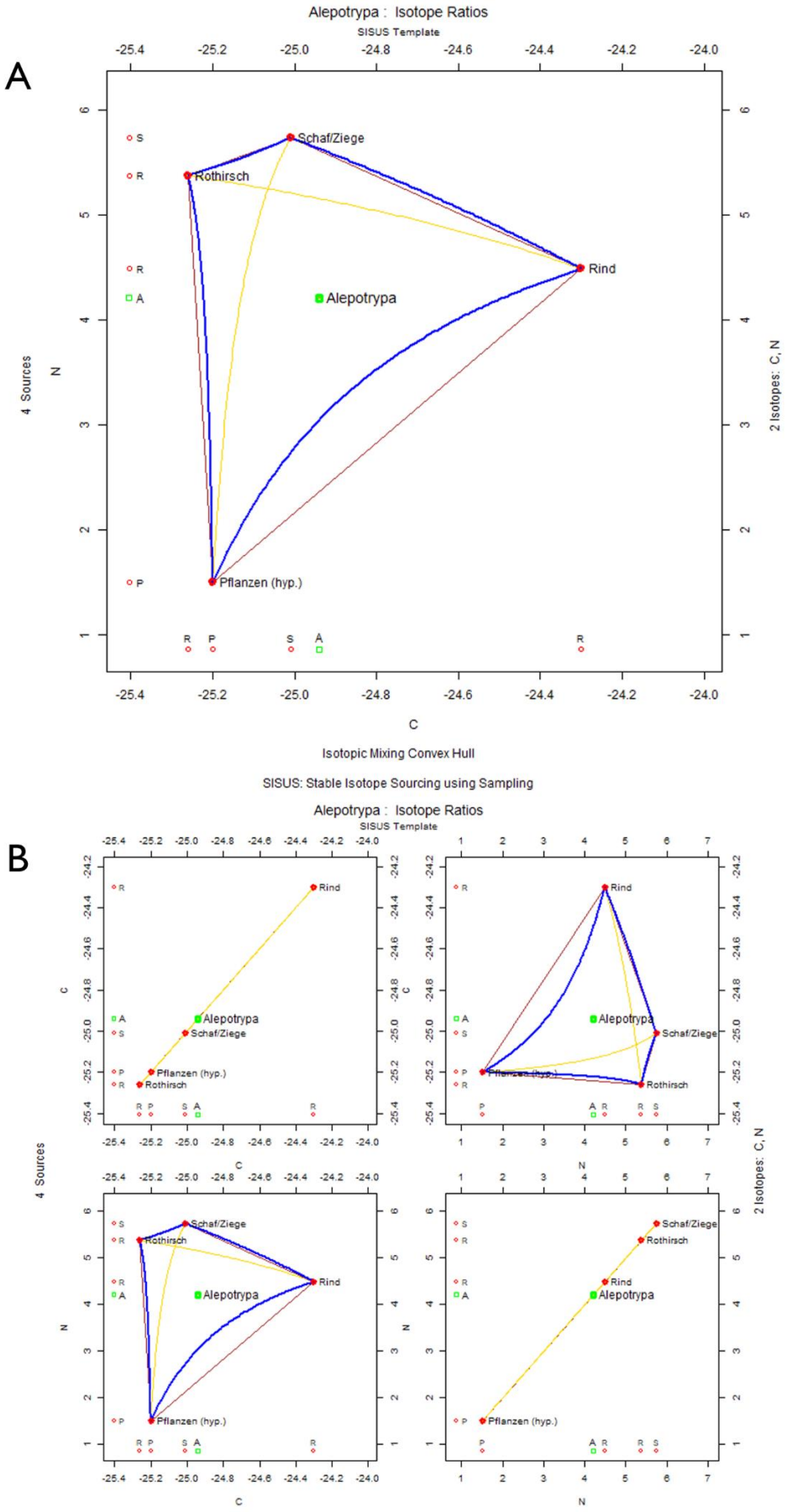


Abbildung 34: Convex Hull Plots erstellt mit SISUS am Beispiel des Populationsmedians von Alepotrypa. **A** Übersichtsplot; **B** Matrizenplot mit Verteilung des Konsumenten zum Isotopensystem 1 (hier: $\delta^{13}C$ = C) und zum Isotopensystem 2 (hier: $\delta^{15}N$ = N)

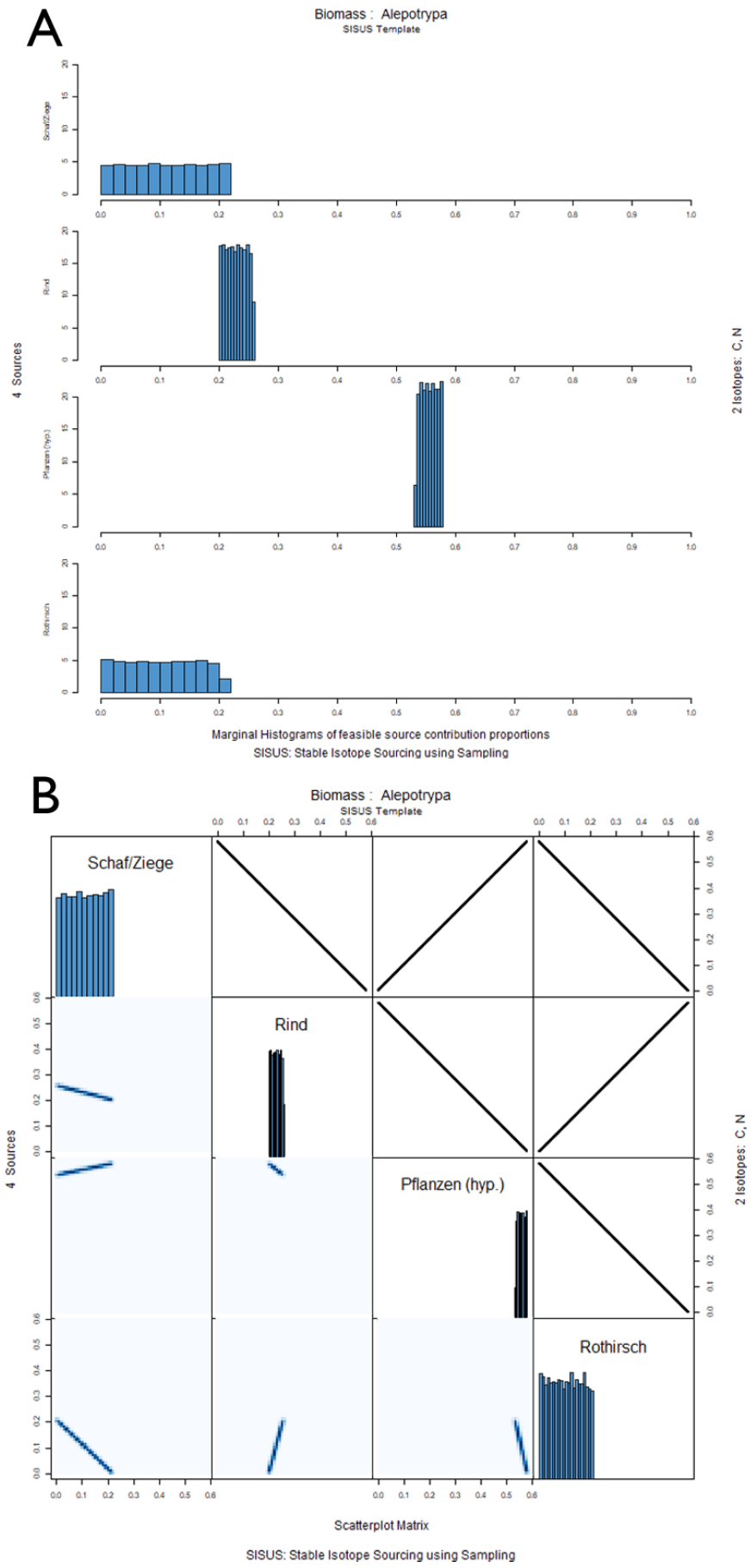


Abbildung 35: **A** Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Nahrungsquellen in der gesamten Biomasse am Beispiel des Populationsmedians von Alepotrypa. **B** Scatterplot-Matrix der verschiedenen Nahrungsquellen in der gesamten Biomasse.

```
SISUS: Feasible Source Contributions of  Biomass to Alepotrypa
       SISUS Template
       Uniform Sample from Solution Polytope for Alepotrypa

STATS       Schaf/Zi       Rind   Pflanzen   Rothirsc
Mean         0.11084    0.22866    0.55687    0.10363
Sd           0.06371    0.01663    0.01343    0.06052
Var          0.00406    0.00028    0.00018    0.00366
Skewness    -0.00646    0.00646   -0.00646    0.00646
Kurtosis     1.79585    1.79585    1.79585    1.79585

Min          0.00000    0.20019    0.53350    0.00000
Q1           0.05576    0.21418    0.54526    0.05091
Median       0.11050    0.22875    0.55680    0.10394
Q3           0.16634    0.24304    0.56857    0.15595
Max          0.21993    0.25759    0.57987    0.20891
Range        0.21993    0.05740    0.04638    0.20891
IQR          0.11058    0.02886    0.02332    0.10504

CIL80        0.02283    0.20557    0.53831    0.01959
CIU80        0.19931    0.25163    0.57553    0.18723
CIL90        0.01134    0.20281    0.53589    0.00953
CIU90        0.20990    0.25463    0.57776    0.19814
CIL95        0.00543    0.20154    0.53464    0.00491
CIU95        0.21476    0.25617    0.57878    0.20376
CIL98        0.00229    0.20080    0.53398    0.00221
CIU98        0.21760    0.25699    0.57938    0.20674
CIL99        0.00093    0.20048    0.53370    0.00103
CIU99        0.21888    0.25735    0.57965    0.20803

Samples      10000
```

Abbildung 36: Statistische Zusammenfassung eines SISUS-Durchlaufs am Beispiel des Populationsmedians für Alepotrypa. Wichtigste Werte: *Mean*: Anteilsmittelwert; sd: Anteilsstandardabweichung, *Median*: Anteilsmedian, *Min*: Minimaler Anteil, *Max*: Maximaler Anteil, *Range*: Wertespanne des Anteils der Nahrungsquellen.

Neben den Abbildungen gibt SISUS eine statistische Zusammenfassung mitsamt Randwertzusammenfassung in Form einer txt-Datei aus (Abb.36). Der Titel der Datei gibt an, ob es sich um den Biomasseanteil (Abb. 36: *Feasible Source Contributions of Biomass*) oder den Anteil eines Elementes wie z.B. Stickstoff oder Kohlenstoff handelt. Der Name der Probe wird in der Datei jeweils genannt (in Abb. 36: *Alepotrypa*). Unter dem Titel befindet sich der Untertitel, der die Verteilung der Probe (uniform oder Dirichlet) beschreibt. Darunter wird die Statistik in drei Gruppen ausgegeben, die Nahrungsquellen jeweils in Spalten, die Statistik in Zeilen. Die erste Gruppe beschreibt die allgemeine Verteilung der Daten (Mittelwert, Standardabweichung, Varianz, Schiefe, Wölbung), in der zweiten Gruppe werden die Quartile angegeben (Quartil 1, Quartil 3, Wertespanne, IQR), sowie das Minimum, der Median und das Maximum, und die dritte Gruppe sind Wertepaare für Intervalle. Die Anzahl der Stichproben (Abb. 36: *1000*) können im Excel-Blatt 1 festgelegt werden.

Für diese Arbeit sind besonders der Mittelwert, die Standardabweichung, der Median, das Minimum und das Maximum der einzelnen Nahrungsquellen von Bedeutung.

4 Ergebnisse

Für die Ergebnisse der im Isotopenwert auffälligen Individuen gilt, dass diejenigen Individuen, die knapp aus den Nahrungsnetzen fallen, nicht zwangsläufig von der lokalen Wirtschafts- und Ernährungsweise abweichen, da es auch bei den Nahrungsquellen um Proxy-Daten handelt und daher Menschen nicht nur die Tiere gegessen haben, deren Knochen überliefert sind. Nur Individuen, die deutlich von der lokalen Subsistenzstrategie abweichen, werden als besondere Individuen betrachtet.

4.1 Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentration

Zur Berechnung der Konzentrationswerte wurden für die einzelnen Nahrungsquellen für Kohlenstoff und Stickstoff (Kap. 3.1.4) anhand der entsprechenden Einträge in der USDA-Datenbank die notwendigen Parameter entnommen und daraus die Trockengewichte berechnet (Tab. A 2). Auf der Basis dieser Trockengewichte konnten die Konzentrationswerte, angegeben in Tabelle A 2, für die verwendeten Nahrungsquellen nach Formel 8 und Formel 9 kalkuliert werden. Die genutzten Nahrungsquellen für die einzelnen Programme sind im Appendix in Kapitel 9.1.1.3 in Tabelle A 4 (IsoConc), Tabelle A 5 (MixSIAR) und Tabelle A 6 (SISUS) aufgeführt.

Es gab zwei Ausnahmen bei der Berechnung:

1. In der USDA-Datenbank gab es keine Angaben zu Gazellenfleisch. Diese Werte konnten nicht berechnet werden, weshalb hier auf die Konzentration von Kohlenstoff und Stickstoff gemessen im Knochenkollagen zurückgegriffen werden musste.
2. Hirsch und Reh konnten in der Datenbank nicht näher differenziert werden. Aufgrund ihrer systematischen Ähnlichkeit wurden jeweils dieselben Werte verwendet.

Vergleicht man die berechneten Konzentrationen (Tab. A 2) mit den Konzentrationen, die im Knochenkollagen der Tiere gemessen wurden (Tab. A 3), ergeben sich für die Stickstoffkonzentration kaum merkliche Unterschiede. Im Mittel weichen der im Kollagen gemessene und der berechnete Wert um ca. 5 % ab (Tab. A 3). Ein sehr geringer Unterschied, da sich die Stickstoffkonzentration einzig aus dem Proteinwert berechnet und Kollagen als Protein ebenfalls den Proteinwert repräsentiert. Bei der C-Konzentration hingegen weichen die beiden Konzentrationen im Schnitt um 21 % voneinander ab (Tab. A 3), da bei der Kalkulation mehr Parameter, nämlich Fett und Kohlenhydrate, Einfluss nehmen als der im Kollagenwert nachzuweisen ist, der im Kohlenstoff ebenfalls nur den Proteinanteil reflektiert. Die berechnete Kohlenstoffkonzentration ist daher spezifischer und realistischer, somit ist sie für die Ernährungsmodellierung zu präferieren. Die geringe Differenz in der Stickstoffkonzentration beweist, dass die Berechnung der Konzentration durchaus für prähistorische Proben verwendbar ist. Daher muss man ebenso die berechneten Kohlenstoffkonzentration als anwendbar ansehen, weshalb

die berechneten Konzentrationen, mit Ausnahme der Gazelle, zur Ernährungsrekonstruktion verwendet wurde. Gleichzeitig bestätigen die geringen Differenzen einen guten Kollagenwert.

4.2 Türkei

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Datenauswertung besprochen. Die verwendeten Individualdaten aus der Originalliteratur befinden sich in Tabelle 4.

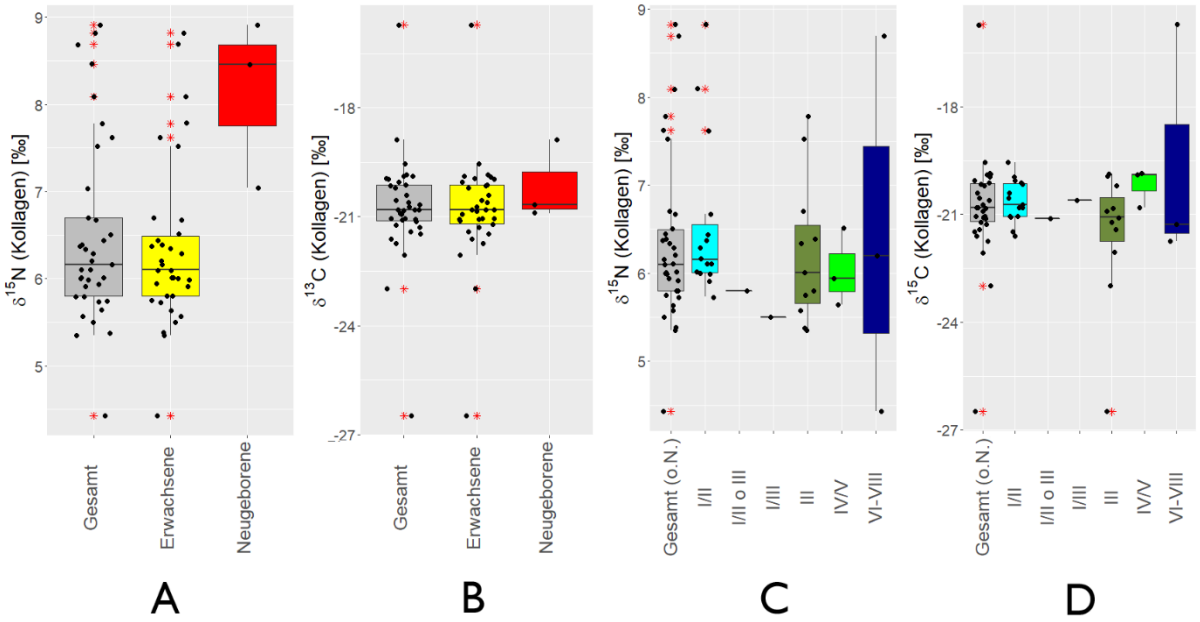


Abbildung 37: Boxplots der Daten aus Nevalı Çori. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen. Auswertung inkl. NC 90 K10 B36

Die im Kollagen gemessenen Stickstoffisotopenwerte in der Population Nevalı Çoris sind weit gefächert und reichen von 4,43 ‰ bis 8,91 ‰, was zu umgerechneten Nahrungsisotopen zwischen 1,43 ‰ und 5,91 ‰ führt (Abb. 37, Tab. 4). Die Ernährungswerte der Erwachsenen sind sehr variabel (1,43 ‰ – 5,82 ‰) im Vergleich zu den Säuglingen (4,04 ‰ – 5,91 ‰). Die Kohlenstoffisotopie scheint mit einer Spanne von -26,49 ‰ bis -15,71 ‰ (Ernährungswerte: -31,49 ‰ bis -20,71 ‰) zwar genauso variabel, doch die Werte sind deutlich homogener, da sich 35 von 37 Werte im Bereich von -22,99 ‰ bis -19,54 ‰ befinden. Selbst wenn die drei Säuglinge (NC90 G5 Hs6, NC90 G7 18.29, NC90 G7 8.30) aus dem Gesamtkollektiv ausgeschlossen werden, liegen immer noch 32 von 34 Erwachsenen in ebendieser Wertespanne.

Der Ernährungsmedian der Erwachsenen aus Nevalı Çori ist mit einem $\delta^{15}N$-Wert von 3,10 ‰ deutlich niedriger als der Wert der Säuglinge (5,46 ‰), was auf einen Stilleffekt hindeutet. Aufgrund dessen werden die Säuglinge nicht in die Mischungsmodellanalyse aufgenommen. Die statistischen Parameter zur Ausreißerbestimmung sind in Tabelle A 9 aufgeführt.

Tabelle 4: Datentabelle der Population aus Nevalı Çori (NC); (Lösch 2003, Lösch et al. 2006). **ad**: erwachsen, **neo**: neonat. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung, Schicht I/II: Frühes Präkeramisches Neolithikum B, Schicht III/IV: Mittleres Präkeramisches Neolithikum B; Schicht V: Mittleres und Spätes Präkeramisches Neolithikum B, Schicht VI: nach neolithisch. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$	Schicht
NC89 H11 BXS	ad	3,39	14,48	6,10	3,10	42,08	-20,80	-25,80	I/II
NC91 F5 51.50	ad	2,96	12,65	8,82	5,82	32,14	-20,73	-25,73	I/II
NC91 F5 H21 R16	ad	3,23	12,37	5,91	2,91	34,28	-21,61	-26,61	I/II
NC91 G5 49.40	ad	3,42	12,51	6,16	3,16	36,66	-20,05	-25,05	I/II
NC91 G5 H21 Gr.2	ad	3,18	15,13	5,99	2,99	41,20	-21,06	-26,06	I/II
NC91 G5 Hs 21 R5 Ab2	ad	3,58	14,18	6,29	3,29	43,48	-19,96	-24,96	I/II
NC91 G5 Hs21 F3 S B3	ad	3,07	15,01	6,01	3,01	39,53	-21,08	-26,08	I/II
NC91 G6 92.22	ad	3,61	13,97	7,62	4,62	43,18	-19,54	-24,54	I/II
NC91 G7 7181.35	ad	3,22	15,21	6,37	3,37	42,00	-20,55	-25,55	I/II
NC91 G9 95.3	ad	3,28	13,53	8,09	5,09	38,02	-20,15	-25,15	I/II
N?H11 Hs 13	ad	3,55	8,66	6,67	3,67	26,35	-20,40	-25,40	wsl I/II
NC91 G5 Hs21 R4 1FB	ad	3,16	13,55	6,00	3,00	36,73	-21,48	-26,48	wsl I/II
NC91 G6 99.58	ad	3,25	15,17	6,44	3,44	42,20	-21,05	-26,05	wsl I/II
NC91 G8 0.35	ad	3,14	10,95	6,10	3,10	29,43	-20,81	-25,81	wsl I/II
NC91 H8 Hs6 K? 5 9	ad	3,22	13,95	5,73	2,73	38,48	-20,12	-25,12	wsl I/II
NC91 F5	ad	3,32	13,46	5,80	2,80	38,36	-21,12	-26,12	I/II o III
NC91 G5 49.39	ad	3,34	15,88	5,50	2,50	45,51	-20,60	-25,60	I/III
NC89 Hs2 B3 24	ad	3,60	6,79	5,35	2,35	20,97	-22,06	-27,06	III
NC90 G10 49.18	ad	3,36	10,25	6,34	3,34	29,50	-21,22	-26,22	III
NC90 G10 79.25	ad	2,95	2,03	5,75	2,75	5,14	-26,49	-31,49	III
NC90 G7 17.28	ad	3,56	9,84	5,38	2,38	30,07	-20,20	-25,20	III
NC90 G7 46.25	ad	3,56	9,23	5,80	2,80	28,17	-21,41	-26,41	III
NC90 G7 84.24	ad	3,34	8,86	7,52	4,52	25,36	-21,08	-26,08	III
NC90 G7 9.23	ad	3,32	13,47	6,01	3,01	38,30	-20,84	-25,84	III
NC90 G7 P23	*ad*	*3,61*	*1,78*	*7,78*	*4,78*	*5,51*	*-22,99*	*-27,99*	*III*
NC90 H7 R2	ad	3,38	13,33	6,70	3,70	38,62	-20,92	-25,92	III
NC91 G8 Gr.172	ad	3,48	12,37	6,39	3,39	36,95	-19,88	-24,88	III
NC91 G9 u R2 Hs15	ad	3,55	13,66	5,57	2,57	41,49	-19,94	-24,94	III
NC91 H5S G277.25	ad	3,43	13,01	5,64	2,64	38,25	-19,85	-24,85	IV/V
NC91 H5S G277.27	ad	3,14	13,14	5,94	2,94	35,39	-19,89	-24,89	IV/V
NC91 H5S G277.38	ad	3,23	14,72	6,51	3,51	40,71	-20,80	-25,80	wsl IV/V
NC89 H11 SB3	ad	3,37	12,92	6,20	3,20	37,31	-21,28	-26,28	VI-VIII
NC90 K10 B36	*ad*	*3,16*	*14,13*	*4,43*	*1,43*	*38,28*	*-15,71*	*-20,71*	*VI-VIII*
NC89 H11 SB1	ad	3,17	5,72	8,69	5,69	15,52	-21,74	-26,74	wsl VI-VIII
NC90 G5 Hs6	neo	3,28	12,89	7,04	4,04	36,20	-20,66	-25,66	III
NC90 G7 18.29	neo	3,26	15,28	8,91	5,91	42,74	-18,87	-23,87	III
NC90 G7 8.30	neo	3,26	11,36	8,46	5,46	31,79	-20,90	-25,90	I/II

Konzentriert man sich also auf die Werte der Erwachsenen, so lassen sich Stickstoffisotopenwert sechs statistische Ausreißer feststellen (NC90 K10 B36, NC91 G9 95.3, NC89 H11 SB1, NC91 F5 51.50, NC91 G6 92.22, NC90 G7 P23), von denen fünf Individuen (NC91 G9 95.3, NC89 H11 SB1, NC91 F5 51.50,

NC91 G6 92.22, NC90 G7 P23) stark erhöhte Stickstoffisotopenwerte aufweisen. Hierbei sind allerdings nur die erwachsenen Individuen NC89 H11 SB1 (8,69 ‰) und NC91 F5 51.50 (8,82 ‰) als extreme Ausreißer klassifiziert. Im Kohlenstoffisotopenwert der Erwachsenen treten drei statistische Ausreißer auf (NC90 G10 79.25, NC90 G7 P23, NC90 K10 B36). Tatsächlich werden auch hier NC90 K10 B36 und N90 G10 79.25 als extreme Ausreißer eingestuft. Zwei Individuen stechen also bei der Ausreißeranalyse hervor, nämlich NC90 K10 B36 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -15,71 ‰; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 4,43 ‰) und NC 90 G7 P23 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -22,99 ‰; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,78 ‰), die sowohl in ihrer Stickstoff- wie auch in ihrer Kohlenstoffisotopie auffallen. Das Individuum NC90 K10 B36 muss hierbei besonders beachtet werden, da es nach in die Schicht VI-VIII eingeordnet wird und sogar als post-neolithisch datiert ist (Lösch 2003, Lösch et al. 2006). Dementsprechend wird dieses Individuum zwar zur Einordnung dargestellt aber nicht in die allgemeine Ernährungsrekonstruktion der Population einbezogen, sondern wird nur bei der Auswertung in Schicht VI-VIII beachtet und als Individuum gesondert diskutiert.

Ausgehend von den archäologischen Ebenen, können die Funde aus Nevalı Çori in unterschiedliche neolithische Abschnitte näher unterteilt werden (Kap. 2.1). Die meisten Individuen, die in der Altersverteilung bezüglich ihrer Werte herausstechen, fallen ebenfalls in den einzelnen archäologischen Schichten auf. Bei den Stickstoffisotopenwerten sind es in Schicht I/II die Individuen NC91 G6 92.22, NC91 G9 95.3 und NC91 F5 51.50. Der Kohlenstoffisotopenwert des Individuums NC90 G10 79.25 fällt in Schicht III als Ausreißer auf. Statistisch gesehen, gibt es allerdings keine signifikanten Unterschiede zwischen den archäologischen Strata (Tab. 5). An dieser Stelle muss man anmerken, dass die Auswertung der Schicht IV/V und VI/VIII aufgrund der geringen Stichprobengröße nicht aussagekräftig ist.

Tabelle 5: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Nevalı Çori (NC)** unterteilt nach archäologischen Schichten. n = Probenzahl; * ohne Säuglinge; ad: adult; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; *kursiv*: schwache Aussagekraft; ** Auswertung inkl. NC 90 K10 B36, † Auswertung exkl. NC 90 K10 B36.

	n	NC – ad* **	NC – ad* †	I/II*	III*	*IV/V*	*VI/VIII***
NC – ad* **	34	-	0,84	0,57	0,25	*0,13*	*0,74*
NC – ad* †	33	0,84	-	0,46	0,30	*0,10*	*0,77*
I/II*	15	0,35	0,42	-	0,15	*0,17*	*0,55*
III*	11	0,69	0,58	0,31	-	*0,06*	*0,88*
IV/V	*3*	*0,66*	*0,59*	*0,29*	*1,00*	-	*0,66*
*VI/VIII***	*3*	*0,96*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	-

Die Ergebnisse der des Shapiro-Wilk-Tests (Tab. A 15) und des Mann-Whitney-Tests (Tab. A 21, Tab. A 22) des türkischen Fundorts sind im Anhang näher aufgeführt.

Der 2D-Kerndichte-Plot der Population aus Nevalı Çori zeigt eine klare Anhäufung der Daten um den $\delta^{13}C$ von -26 ‰ und $\delta^{15}N$ von 3 ‰, die im Kohlenstoffisotopenwert stark ausfächert (Abb. 38). Das Stickstoffsignal ist hingegen stabiler, wie auch der eindimensionale Dichteplot des Stickstoffisotopenwerts zeigt. In beiden Isotopensystemen kommt es zu vereinzelten, schwachen Dichtewolken (Abb. 38), welche durch die Ausreißer im Datensatz verursacht werden. Es gibt eine klare Hauptgruppe im Datensatz um die Hauptdichtewolke, wobei sich eine zweite Gruppierung mit höheren Stickstoffisotopenwerten (> 3 ‰) durch die Kerndichte-Verteilung andeutet.

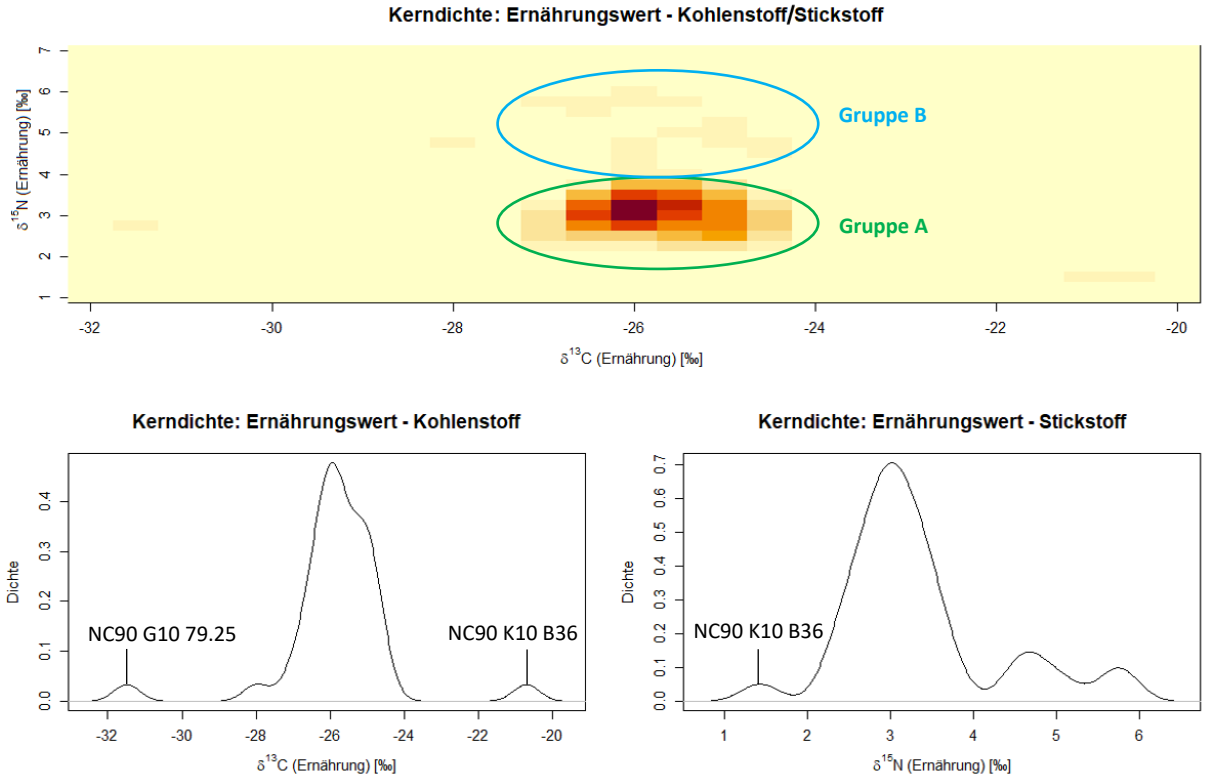


Abbildung 38: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Nevalı Çori inkl. NC 90 K10 B36 ohne Säuglinge. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswertes; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswertes).

Es werden zwei vage Gruppierungen deutlich. Zum einen Gruppe A (Abb. 38 grün), die alle Individuen einschließt, die einen $\delta^{15}N_{Ernährung}$ zwischen 2 und 4 ‰ aufweisen. Zum anderen Gruppe B, die sich aus den Individuen zusammensetzt, die diesen Stickstoffisotopenwert übersteigen. Die Individuen aus Gruppe B bestehen aus den Individuen, die schon in der Ausreißeranalyse als Ausreißer im Stickstoffisotopenwert auffallen (Abb. 38 hellblau).

Die Ergebnisse der Ernährungsrekonstruktion von Nevalı Çori sind in Tabelle A 40 (MixSIAR) und Tabelle A 41 (SISUS) zusammengefasst (Kap. 9.1.4.1). Die Nahrungsnetze und die bivariate Verteilung der Populationsauswertung befinden sich unter Kapitel 9.2.1. Die Individualabbildungen und -ergebnisse sind im Begleitband zu dieser Dissertation abgebildet (Begleitband Kap. 1).

Die Auswertung mit **IsoConc** ist aufgrund der limitierten Anzahl an tierischen Nahrungsquellen bei den Daten aus Nevalı Çori nicht möglich, da keine der Nahrungsquellen ausreichend war, um ein auf drei Endmember basiertes Mischungsmodell zu erstellen. Würde man ein Modell erzwingen wollen, müsste man für sämtliche Endpunkte auf hypothetische Werte zurückgreifen.

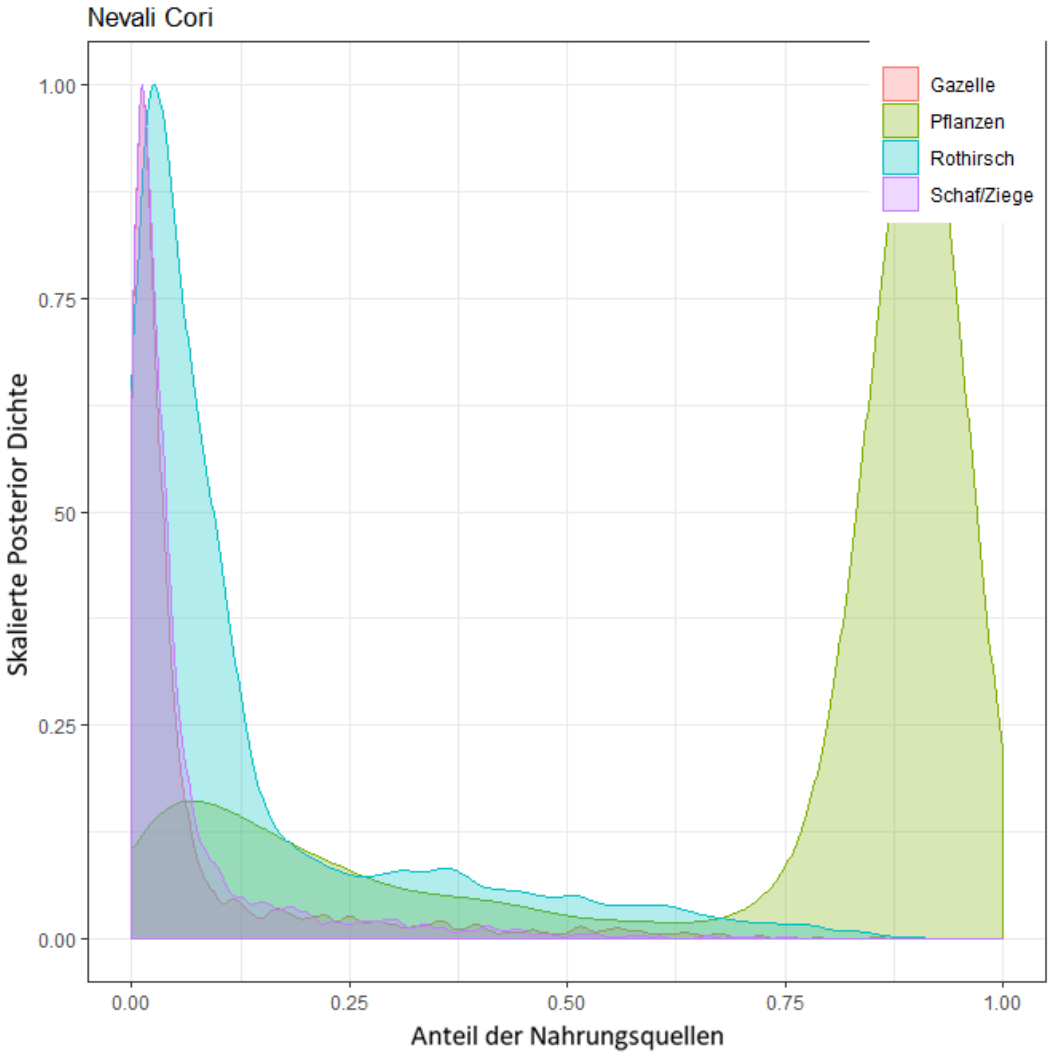


Abbildung 39: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Nevalı Çori (ohne Neugeborene und NC 90 K10 B36). Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Rothirsch (µ: 14,1 %), Gazelle (µ: 7,9 %), Schaf/Ziege (µ: 6,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 71,4 %).

Es waren vier Endmember nötig (Gazelle, Rothirsch, Schaf/Ziege, Pflanzen), um ein Nahrungsnetz zu erstellen (Abb. 39). Den Hauptanteil in der Ernährung im **MixSIAR** Modell (Abb. 39) machen Pflanzen aus (µ: 71,4 %; sd: 32,0 %) aus. Die drei Fleischquellen können in zwei Unterkategorien aufgeteilt werden: zum einen die Wildtiere (Gazelle und Rothirsch) und zum anderen die domestizierten Tiere, Schafe und Ziegen, wobei die letzten beiden Tierarten zu einer Nahrungsquelle (Schaf/Ziege) zusammengefasst werden. Im Modell für den Populationsmedian machen Wildtiere im Mittel 22,0 % aus, wobei Gazellen 7,9 % Anteil (sd: 13,9 %) und Rothirsch 14,1 % (sd: 17,8 %) einnehmen. Schafe und Ziegen sind hierbei mit 6,7 % (sd: 10,8 %) im Einzelanteil nur geringfügig niedriger. Im Vergleich zu den Wildtieren sind domestizierte Tiere in der Ernährung jedoch untergeordnet (Abb. 39, Tab. A 41).

Die Modellergebnisse der einzelnen Schichten unterscheiden sich kaum und weichen in ihren Ergebnissen sowohl in Bezug zum Populationsmedian als auch zueinander, nur minimal ab (Tab. A 41). Das Ergebnis mit **SISUS** zeigt, dass die Ernährung der Menschen hauptsächlich aus C_3-Pflanzen besteht (µ: 87,6 %; sd: 0,2 %). Aufgrund der niedrigen Stickstoffisotopenwerte der Menschen kann man davon ausgehen, dass die Pflanzen aus einer Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide bestanden. Diese Quelle wird ergänzt durch das Fleisch wilder Tiere Gazelle (µ: 4,6 %; sd: 2,6 %) und Rothirsch (µ: 2,6 %; sd: 0,4 %), sowie den domestizierten Tieren Schaf/Ziege (µ: 5,3 %; sd: 3,1 %). Im Schnitt unterscheidet sich der Anteil von Wild und domestizierten Tieren in der Ernährung nur minimal.

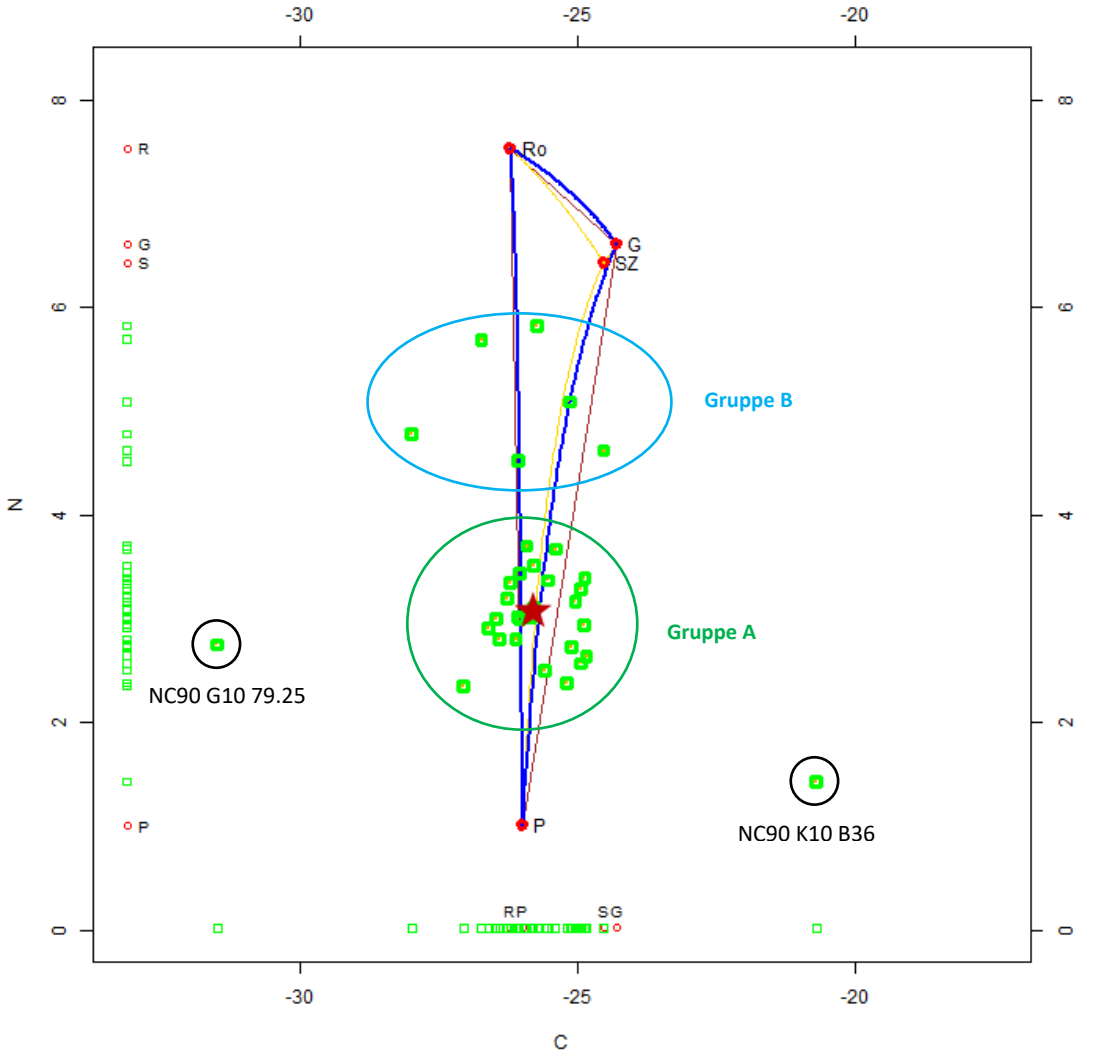


Abbildung 40: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell (Modell A) der gesamten Population aus Nevalı Çori (ohne Neugeborene und NC 90 K10 B36). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **Ro**: Rothirsch (µ: 2,8 %), **G**: Gazelle (µ: 4,6 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 5,3 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 87,6 %). Darstellung inkl. NC 90 K10 B36 (schwarzer Kreis).

Das Modell von SISUS (Abb. 40) funktioniert auf der Basis des Populationsmedians. Auf individueller Ebene weist das Nahrungsnetz deutliche Schwächen auf, da die meisten Individuen nicht aufgenommen werden (n = 25; exklusive NC 90 K10 B36). Für die Mediane der einzelnen Schichten ergeben sich keine Ergebnisse (Tab. A 42), da alle außerhalb des Nahrungsnetzes liegen. Lediglich der Median von Schicht I/II wird vom Modell aufgefangen. Es zeigen sich im Pflanzenanteil und im Anteil

von Schaf/Ziege keine Unterschiede zur Gesamtpopulation, doch der Anteil von Gazelle steigt auf 8,6 %. Rothirsch ist mit 0,7 % vernachlässigbar.

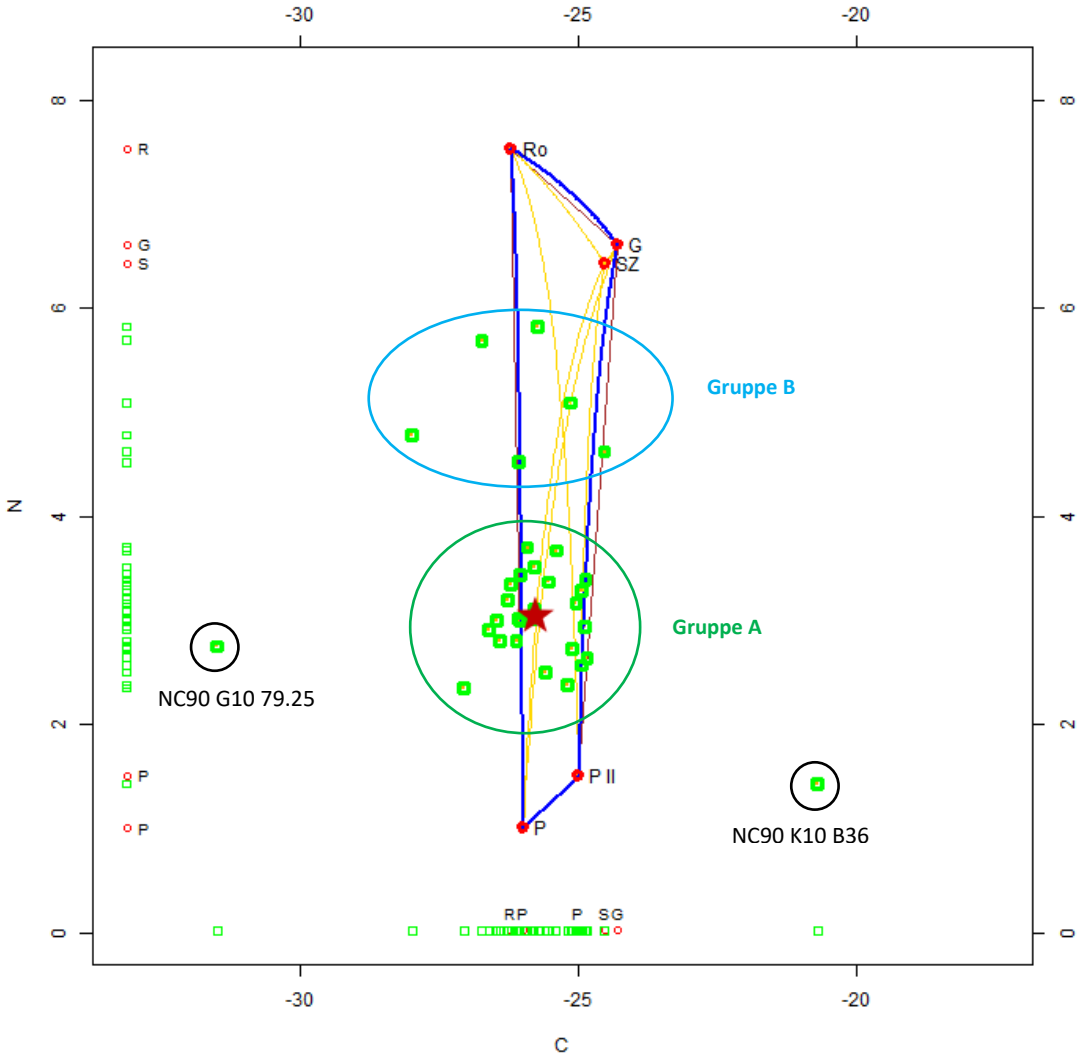


Abbildung 41: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell (Modell B) der gesamten Population aus Nevalı Çori (ohne Neugeborene und NC 90 K10 B36; ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **Ro**: Rothirsch (µ: 4,5 %), **G**: Gazelle (µ: 3,0 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 3,5 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (81,7 %), **P II**: zweiter Pflanzenendmember (hypothetisch) (µ: 7,2 %). Darstellung inkl. NC 90 K10 B36 (schwarzer Kreis).

Beachtet man jedoch die Fraktionierung in Pflanzenorganen (Kap. 1.7.1) und die weite Werte-Spanne, die C_3-Pflanzen hierdurch einnehmen können, kann ein weiteres Modell mit fünf Eckpunkten erstellt werden, indem der pflanzliche Endmember in zwei differenzierte Pflanzenwerte unterteilt wird (Abb. 41). Es handelt sich hierbei jedoch nun um zwei hypothetische Pflanzenwerte, die darauf basieren, dass unterschiedliche Teile der Pflanzen verzehrt werde, da Samen und Körner in ihren $\delta^{13}C$-Werten um 1 bis 2 ‰ positiver im Vergleich zum Pflanzenstängel oder Blättern sein können (Merah et al. 2002), daher sind auch deren Produkte (z.B. Brot, Brei) positiver in ihren $\delta^{13}C$-Werten.

Auch in diesem Modell machen Pflanzen mit einem Mittel von knapp 89 % den Großteil der Biomasse aus, gefolgt von Rothirschen (µ: 4,5 %; sd: 1,4 %), domestizierten Schafen/Ziegen (µ: 3,5 %; sd: 2,5 %) und zuletzt von Gazelle (µ: 3,3 %; sd: 2,2 %). Die beiden SISUS-Modelle unterscheiden sich in ihrer primären Aussage nicht. In beiden Modellen überwiegen Pflanzen in der Biomasse enorm, wodurch

Fleisch mit seinem niedrigen Anteil zu einer nebensächlichen Proteinquelle der Ernährung wird. Die beiden Modelle unterscheiden sich jedoch im Anteil der wichtigsten Fleischquelle. Während in Modell A die Fleischquellen, Wild und domestizierte Tiere, gleichermaßen vertreten sind, tendiert Modell B zu einem leicht erhöhten Wildkonsum verglichen mit Modell A und ähnelt in dieser Hinsicht dem Mischungsmodell, welches mit MixSIAR kalkuliert wurde (Abb. 39).

In beiden SISUS-Modellen stechen die beiden Ausreißer NC90 G10 79.25 und NC90 K10 B36 sichtlich hervor (Abb. 40, Abb. 41). Sie weichen deutlich von der Ernährungsweise der Population ab. Darüber hinaus erkennt man, dass die Individuen der Gruppe B mehr tierisches Protein in ihrer Ernährung hatten und sich hierdurch von den Individuen der Gruppe A abheben, was auf eine nicht egalitäre Sozialstrutktur hinweist.

Tabelle 6: Zusammenfassender Vergleich der Ergebnisse von **Nevalı Çori**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentrationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden unabhängig vom Programm.

AUSWERTUNG	
Original **Literatur:** Lösch 2003, Lösch et al. 2006	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
C_3-Pflanzen-basierte Ernährung: Hülsenfrüchte, Getreide	C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide
Fleischverzehr: gering, mögliche Saisonalität von Wild	Fleischverzehr gering: Fleischquellen Mischung aus Wild und domestizierten Tieren

Im Vorher-Nachher-Vergleich der Interpretation der Population aus Nevalı Çori zeigen sich prinzipiell kaum abweichende Unterschiede. Die Ernährung ist in beiden Fällen eine auf C_3-Pflanzen-basierte Ernährung, die auf einer Mischung aus Hülsenfrüchten und diversen Getreidesorten aufgebaut ist. Der Fleischverzehr war sehr gering und wenn Fleisch gegessen wurde, dann stammte es sowohl von Wild als auch von domestizierten Tieren. Im Vergleich zur konventionellen, bivariaten Auswertung ist es im Mischungsmodell möglich, eine genauere Quantifizierung der Nahrungsquellen durchzuführen, welche zeigt, dass Wild im Anteil tendenziell höher ist als von domestizierten Tieren. Darüber hinaus wird in den Mischungsmodellen die Bedeutung von Pflanzen in der Ernährung ausgedrückt, die tendenziell dem Vegetarismus ähnelt. Die Mischungsmodelle unterscheiden sich von der ursprünglichen Interpretation auch dahingehend, dass sie Diskrepanzen zum Fundgut aufweist. Gazellen sind maßgeblich im Fundgut vertreten, was im Mischungsmodell jedoch nicht bestätigt wird. Die bivariate Auswertung (Lösch 2003, Lösch et al. 2006) stützt sich bei der Interpretation des Fleischkonsums ausschließlich auf die Fundsituation, bei der Wildtiere, allen voran Gazellen, in ihrer

Wichtigkeit abnahmen und domestizierte Tiere in ihrer Menge im archäozoologischen Fundgut zunahmen. Dementsprechend ändert sich in der ursprünglichen Auswertung der Anteil von Wild und domestizierten Tieren in der Ernährung. In den Mischungsmodellen spiegelt sich diese Entwicklung nicht wider.

4.3 Griechenland

4.3.1 Alepotrypa

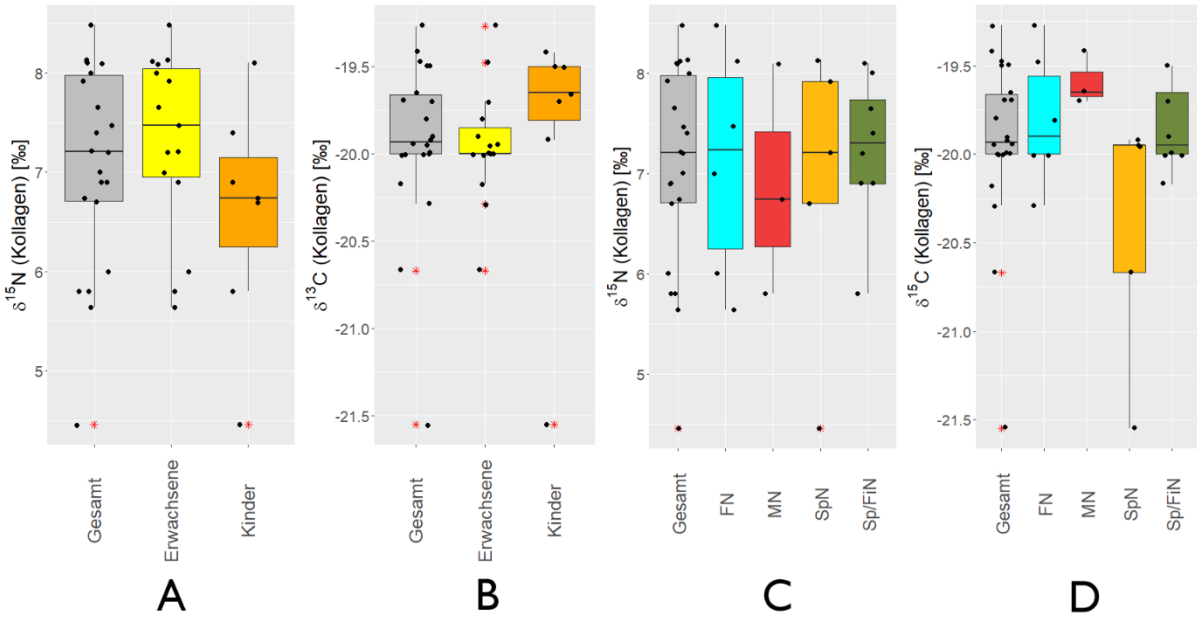


Abbildung 42: Boxplots der Daten aus Alepotrypa (n = 22). **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen. **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung. *FN*: Frühes Neolithikum, *MN*: Mittleres Neolithikum, *SpN*: Spätes Neolithikum, *Sp/FiN*: Spätes/Finales Neolithikum.

Alepotrypas Gesamtpopulation (n = 22), die Individualdaten der Menschen sind in Tabelle 7 aufgelistet, weist Medianwerte auf (Tab. A 10), die im Ernährungswert ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,21 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,94 ‰) auf eine C_3-Pflanzen basierte Ernährungsweise hindeuten. Die statistische Zusammenfassung der Werte findet sich in Tabelle A 10. Für die statistische Auswertung wurde die Normalität des Datensatzes berechnet (Tab. A 16) und der Mann-Whitney-Test-durchgeführt (Tab. A 23 – Tab. A 24). Trennt man die Individuen nach Alter, so unterscheiden sich die Mediane der Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,47 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,00 ‰) und die der Kinder ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 3,74 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,65 ‰) nur leicht und nicht signifikant (p_N = 0,12; p_C = 0,11), weshalb bei der Auswertung der Gesamtpopulation die Kinder in die Wertemenge aufgenommen wurden. Das Geschlecht der Individuen ist nicht bekannt und kann daher nicht in die Auswertung mit einbezogen werden.

Die Individuen datieren jedoch in verschiedene Abschnitte des Neolithikums. Es gibt keine signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Datierungen, mit Ausnahme des Kohlenstoffisotopensignals der Individuen aus dem mittleren Neolithikum und dem Spätneolithikum

(Tab. 7). Die Stichprobengröße der einzelnen Datierungsphasen ist sehr gering (Abb. 42, Tab. 7), sodass die statistische Auswertung nur eine Tendenz angibt.

Tabelle 7: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Alepotrypa (A)** unterteilt nach der Datierung. *FN*: Frühes Neolithikum, *MN*: Mittleres Neolithikum, *SpN*: Spätes Neolithium, *Sp/FiN*: Spätes/Finales Neolithikum; n = Probenzahl; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	A FN	A MN	A SpN	A Sp/FiN
A FN	6	-	0,36	0,31	0,84
A MN	3	0,70	-	**0,04**	0,15
A SpN	5	0,93	1	-	0,27
A Sp/FiN	8	0,95	0,54	0,94	-

Es gibt in der Population insgesamt einen Ausreißer im Stickstoffisotopenwert (A1113: $\delta^{15}N_{Koll}$: 4,46 ‰), welcher auch bei der subadulten Gruppe als Ausreißer auffällt. Es gibt in der Gesamtpopulation auch im Kohlenstoffisotopenwert zwei extreme Ausreißer: das adulte Individuum A1100 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -20,67 ‰) und erneut das Kind A1113 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -21,55 ‰). Beide fallen auch in ihrer entsprechenden Altersgruppe als extreme Ausreißer auf. In der Altersgruppe der Erwachsenen gibt es im Kohlenstoffisotopenwert noch drei weitere Individuen, die statistisch aus der Datenmenge fallen: A1106 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -20,29 ‰), A1107 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -19,27 ‰) und A1108 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -19,48 ‰), wobei nur A1107 ein extremer Ausreißer ist.

Tabelle 8: Datentabelle der Populationen aus Griechenland (Papathanasiou 2015). **A**: Alepotrypa, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **nv**: nicht vorhanden, *FN*: Frühes Neolithikum, *MN*: Mittleres Neolithikum, *SpN*: Spätes Neolithium, *SpN/FiN*: Spätes/Finales Neolithikum, **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
A1	ad	nv	FN	3,22	13,58	6,00	3,00	37,47	-20,00	-25,00
A2	ad	nv	FN	3,16	15,79	7,00	4,00	42,78	-20,00	-25,00
A3	ad	nv	FN	3,14	13,65	8,12	5,12	36,75	-19,80	-24,80
A4	ad	nv	Sp/FiN	3,19	13,40	7,65	4,65	36,67	-20,17	-25,17
A5	ad	nv	Sp/FiN	3,18	15,29	8,00	5,00	41,65	-20,00	-25,00
A6	sad	nv	Sp/FiN	3,18	15,75	6,90	3,90	42,85	-19,70	-24,70
A7	ad	nv	Sp/FiN	3,21	15,16	5,80	2,80	41,73	-19,90	-24,90
A8	sad	nv	Sp/FiN	3,19	15,09	7,40	4,40	41,27	-19,50	-24,50
A9	sad	nv	Sp/FiN	3,14	15,23	8,10	5,10	41,01	-19,50	-24,50
A10	ad	nv	Sp/FiN	3,17	15,38	6,90	3,90	41,80	-20,00	-25,00
A11	ad	nv	Sp/FiN	3,19	12,81	7,20	4,20	38,00	-20,00	-25,00
A1100	ad	nv	SpN	2,96	8,66	8,13	5,13	25,60	-20,67	-25,67
A1101	sad	nv	MN	2,92	7,70	6,74	3,74	22,47	-19,65	-24,65
A1102	sad	nv	MN	2,91	7,09	5,80	2,80	20,63	-19,42	-24,42
A1103	ad	nv	MN	3,06	5,33	8,09	5,09	16,30	-19,70	-24,70
A1104	ad	nv	SpN	3,04	7,94	7,92	4,92	24,10	-19,95	-24,95
A1105	sad	nv	SpN	3,07	7,56	6,70	3,70	23,23	-19,92	-24,92
A1106	ad	nv	FN	3,02	11,97	5,64	2,64	36,20	-20,29	-25,29
A1107	ad	nv	FN	3,03	7,99	7,47	4,47	24,21	-19,27	-24,27
A1108	ad	nv	FN	2,98	5,09	8,48	5,48	15,15	-19,48	-24,48
A1109	ad	nv	SpN	3,06	10,39	7,21	4,21	31,80	-19,95	-24,95
A1113	*sad*	*nv*	*SpN*	*3,19*	*7,39*	*4,46*	*1,46*	*23,58*	*-21,55*	*-26,55*

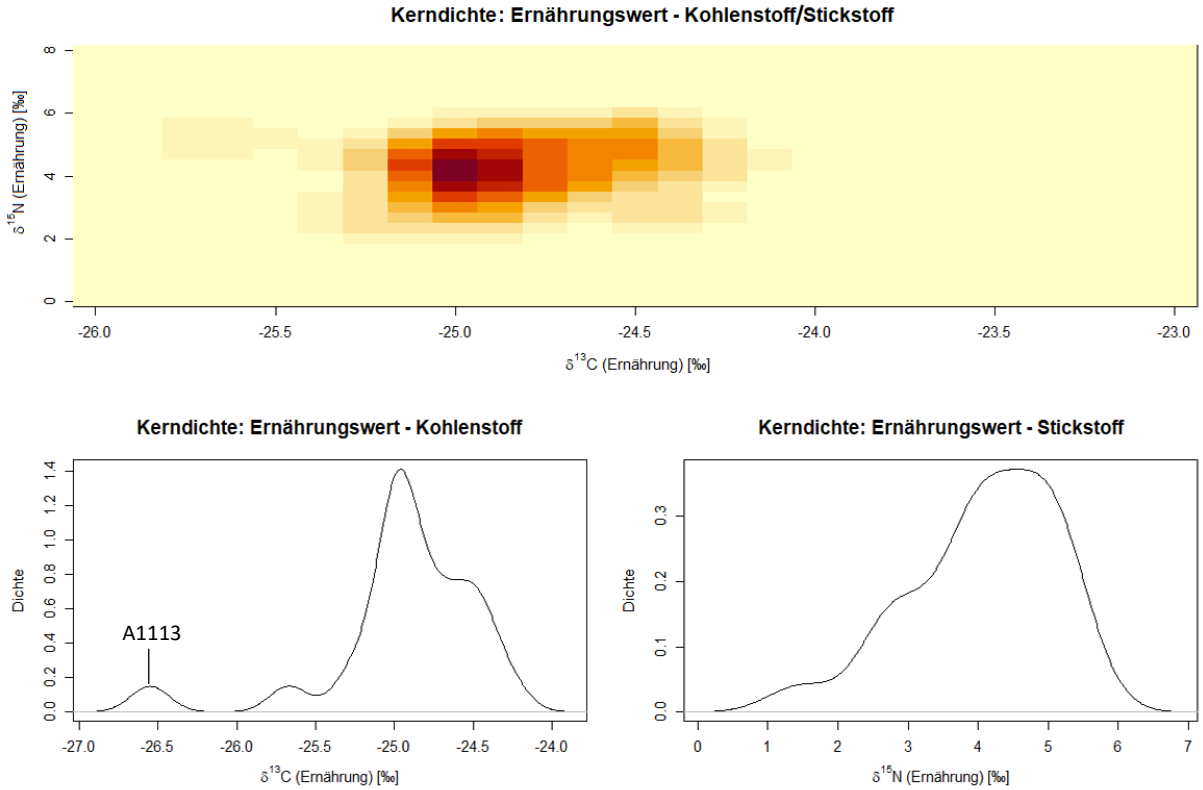


Abbildung 43: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Alepotrypa. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

Die Kerndichte-Verteilung für die Daten der Bevölkerung aus Alepotrypa (Abb. 43) stellt eine einzige Dichtewolke dar, deren Kern sich um den Kohlenstoffisotopenwert -25,0 ‰ und den Stickstoffisotopenwert 4,0 ‰ sammelt. Im 2D-Dichte-Plot sieht man jedoch deutlich, wie weit die Wolke fächert, sowohl im Kohlenstoffisotopenwert als auch im Stickstoffisotopenwert. In den eindimensionalen Abbildungen wird besonders bei der breiten Stauchung die weite Verteilung der Stickstoffisotopenwerte ersichtlich. Die Kohlenstoffisotopenwerte sind sowohl weniger variabel, als auch deutlich stabiler, da sie sich um einen Wert fokussieren. Um das Kohlenstoffisotopensignal -26,5 ‰ gibt es einen weiteren Dichteausschlag, der auch in der 2D-Abbildung zu sehen ist. Hierbei handelt es sich um einen einzelnen Ausreißer. Ein weiterer Ausreißer deutet sich in der eindimensionalen Abbildung auch zwischen -25,5 ‰ und -26,0 ‰. Dieser wird im 2D-Plot jedoch nicht eindeutig reflektiert. Die Dichte-Analyse zeigt eine einzelne, jedoch weit verteilte Gruppierung.

Die Ergebnisse der Ernährungsrekonstruktion der griechischen Fundorte sind im Anhang aufgeführt.

Die Anteile der Endmember, die von den verschiedenen Mischungsmodellen berechnet wurden, sind in Tabelle A 42 (IsoConc), Tabelle A 43 (MixSIAR) und Tabelle A 44 (SISUS) zusammengefasst. Die Ergebnisse und Abbildungen der einzelnen Individuen sind im Zweitband zu dieser Dissertation zusammengetragen (Begleitband: Kap. 2).

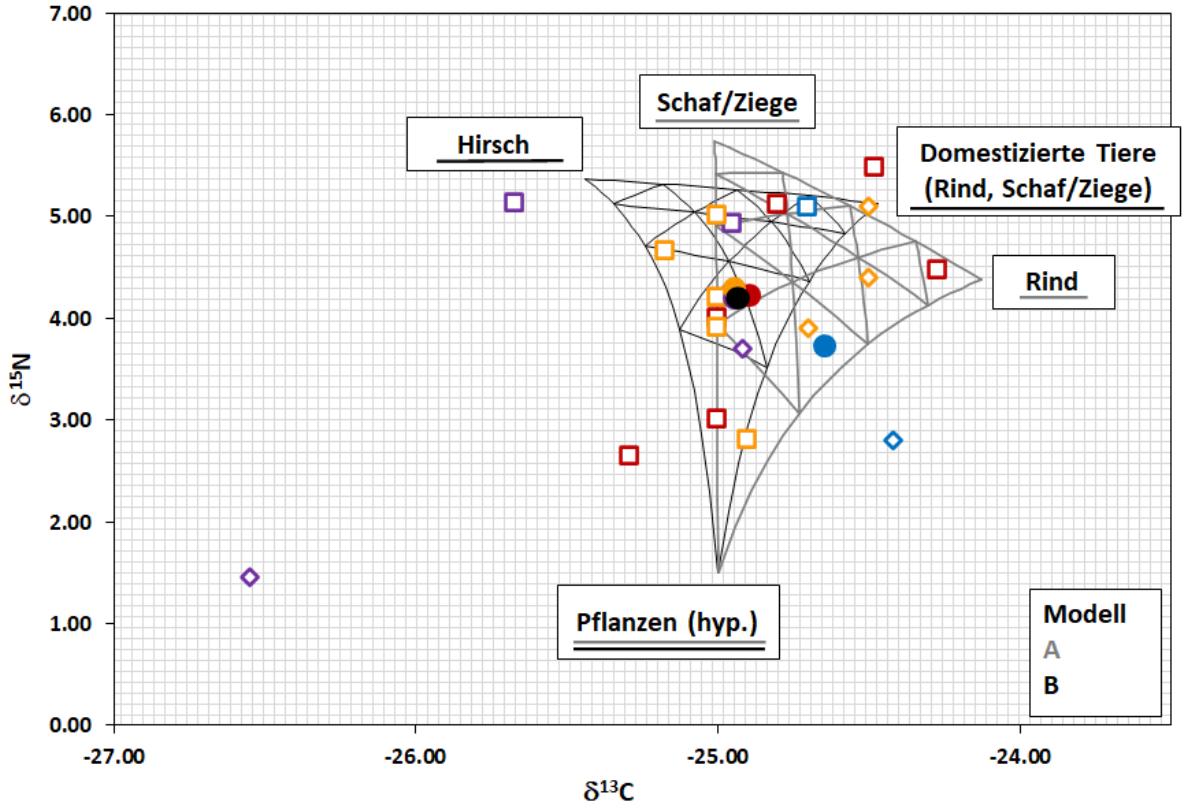


Abbildung 44: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Alepotrypa. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Punkt**: Median; **Schwarz**: Gesamtpopulation, **Rot**: Frühneolithikum, **Blau**: Mittleres Neolithikum, **Violett**: Spätneolithikum, **Gelb**: Spätes/Finales Neolithikum. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gesamtpopulation: Rind (6,0 %), Schaf/Ziege (28,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (65,9 %), Hirsch (16,3 %), Domestizierte Tiere (21,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (61,8 %); Frühneolithikum: Rind (9,9 %), Schaf/Ziege (27,3 %), Pflanzen (hypothetisch) (62,8 %), Hirsch (13,8 %), Domestizierte Tiere (26,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,8 %); Mittleres Neolithikum: Rind (34,3 %), Schaf/Ziege (6,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,0 %), Hirsch (kein Ergebnis), Domestizierte Tiere (kein Ergebnis), Pflanzen (hypothetisch) (kein Ergebnis); Spätneolithikum: Rind (5,1 %), Schaf/Ziege (28,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (66,5 %), Hirsch (17,0 %), Domestizierte Tiere (20,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (62,1 %); Spätes/Finales Neolithikum: Rind (5,1 %), Schaf/Ziege (30,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (64,4 %), Hirsch (18,6 %), Domestizierte Tiere (22,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,3 %).

Das IsoConc-Modell A (Abb. 44) kann aus hypothetischen C_3-Pflanzen und aus den domestizierten Tieren (Schaf/Ziege, Rinder) aufgebaut werden. Pflanzen sind mit 65,9 % die Hauptproteinquelle, gefolgt von den domestizierten Tieren (Schaf/Ziege: 28,0 %; Rind: 6,0 %). Eine weitere Nahrungsquelle, die man in das Modell einbauen könnte, wäre noch Wild, wobei man hierzu die domestizierten Tiere zusammenfügen muss (Abb. 44 Modell B), da nur drei Quellen für IsoConc verwendet werden können (Kap. 3.4.1). Pflanzen weichen mit einem Anteil von 61,8 % in diesem Modell geringfügig von Modell A ab. Domestizierte Tiere und Wild haben mit 21,9 % und 16,3 % einen vergleichbaren hohen Anteil, was die Bedeutung von Wild als Endmember unterstreicht. Es gibt keine klare Gruppierung bezüglich der Datierung, wobei sich der Median der Individuen, die in das Mittlere Neolithikum datieren, sich von den übrigen Zeitstellungen unterscheidet. Die Ergebnisse der IsoConc-Modelle der unterschiedlichen Mediane unterscheiden sich nicht vom Ergebnis der Gesamtpopulation. Lediglich der Median der Individuen aus dem Mittleren Neolithikum weicht ab. Bei den Datierungsmedianen ändern sich die Anteile der verschiedenen Endmember in beiden Modellen kaum merklich (Tab. A 42). Pflanzen

überwiegen mit mindestens 60 % in beiden Modellen. Der Anteil an Schaf/Ziege ist in Modell A immer größer als der Anteil an Rind. In Modell B ähneln sich außerdem domestizierte und Wildtiere in ihrem Biomasseanteil. Für den Median der Individuen, die in das Mittleren Neolithikums datieren, variiert dieses Muster. Der Median dieser Individuen ist im Kohlenisotopensignal positiver und gleichzeitig im Stickstoffisotopenwert niedriger. Nur Modell A kann für diesen Median kalkuliert werden. Modell B fängt den Median nicht auf. Der Anteil von Pflanzen sinkt auf 59,0 %. Dafür steigt der Anteil von Rind in der Ernährung auf fast 34,3 % wohingegen der Anteil an Schaf/Ziege auf ca. 7 % sinkt.

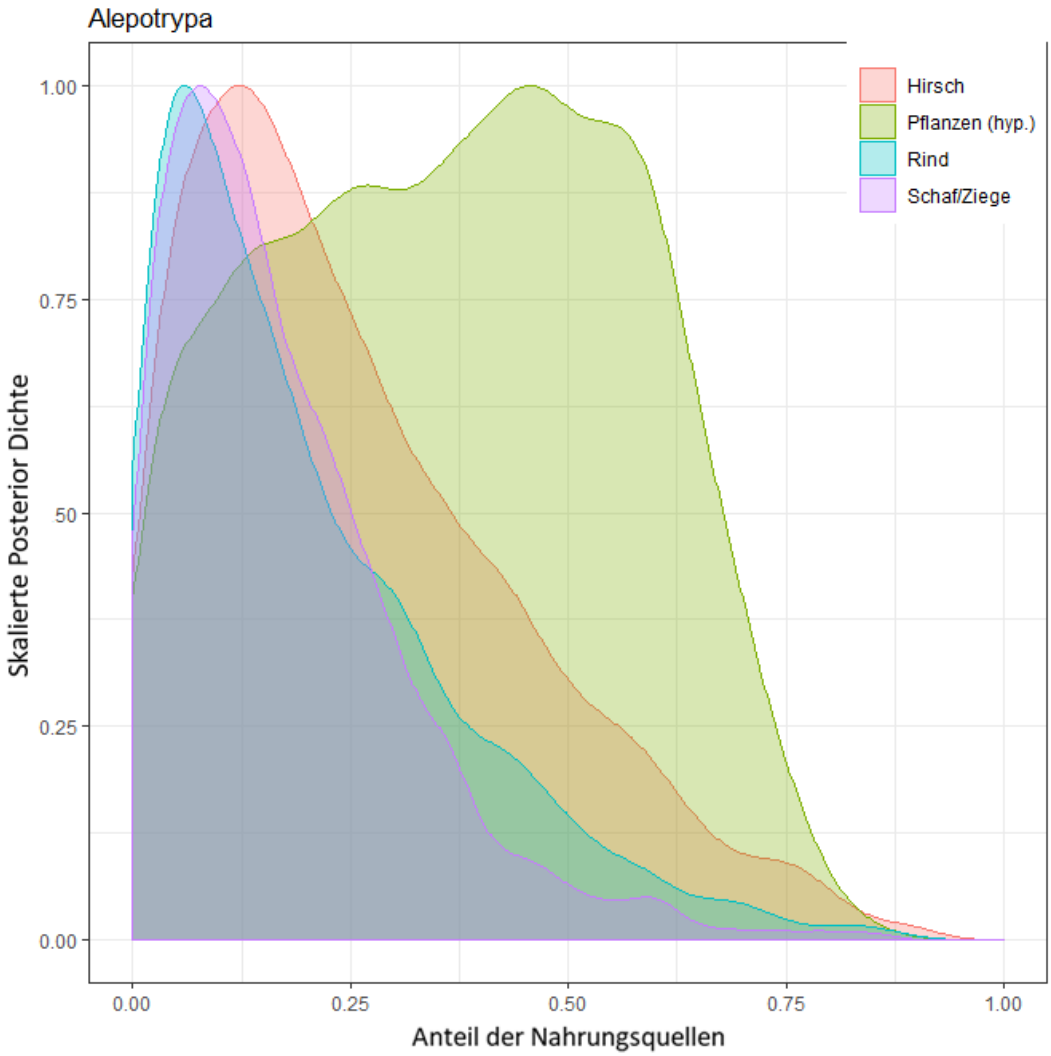


Abbildung 45: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Alepotrypa. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Hirsch (μ: 26,0 %), Rind (μ: 20,0 %), Schaf/Ziege (μ: 17,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (μ: 36,5 %).

Mit **MixSIAR** können alle vier Endmember einzeln als Nahrungsquelle eingegeben werden (Abb. 45). Den alleinstehenden Hauptanteil in der Biomasse machen in diesem Modell ebenfalls mit 36,5 % die Pflanzen aus (Abb. 45). Ergänzt wird die Ernährung von Hirsch (μ: 26,0 %; sd: 19,0 %), Schaf/Ziege (μ: 17,5 %; sd: 14,0 %) und Rind (μ: 20,0 %; sd: 19,0). Die verschiedenen Mediane der verschiedenen Datierungsphasen divergieren in ihren Anteilen nur gering und haben einen Anteil von Pflanzen zwischen 35,2 % und 37,2 %. Ausgeschlossen ist hierbei erneut der Median der Individuen aus dem

Mittleren Neolithikum. Hier beträgt der Anteil von Pflanzen in der Ernährung 44,9 % (sd: 22,6 %). Die Anteile der domestizierten Tiere und des Wilds bleiben in allen Datierungsphasen und Modellen ähnlich (Tab. A 43).

Bezieht man die Lage des Fundortes mit ein (Abb. 18), scheint der Verzehr von marinen Nahrungsquellen durchaus plausibel. Dennoch wurden sie nicht ausreichend oder regelmäßig genug konsumiert, da sich ihr Isotopensignal kaum im Mischungsmodell reflektiert. Fügt man marine Quellen in das Modell ein, machen sie nur 5,0 % aus. Im Kontext der beiden anderen Modelle, stellen marine Ressourcen keinen essentiellen Endmember dar, weshalb ein 4-Quellen-Modell realistischer und auf mathematischer Basis sicherer ist.

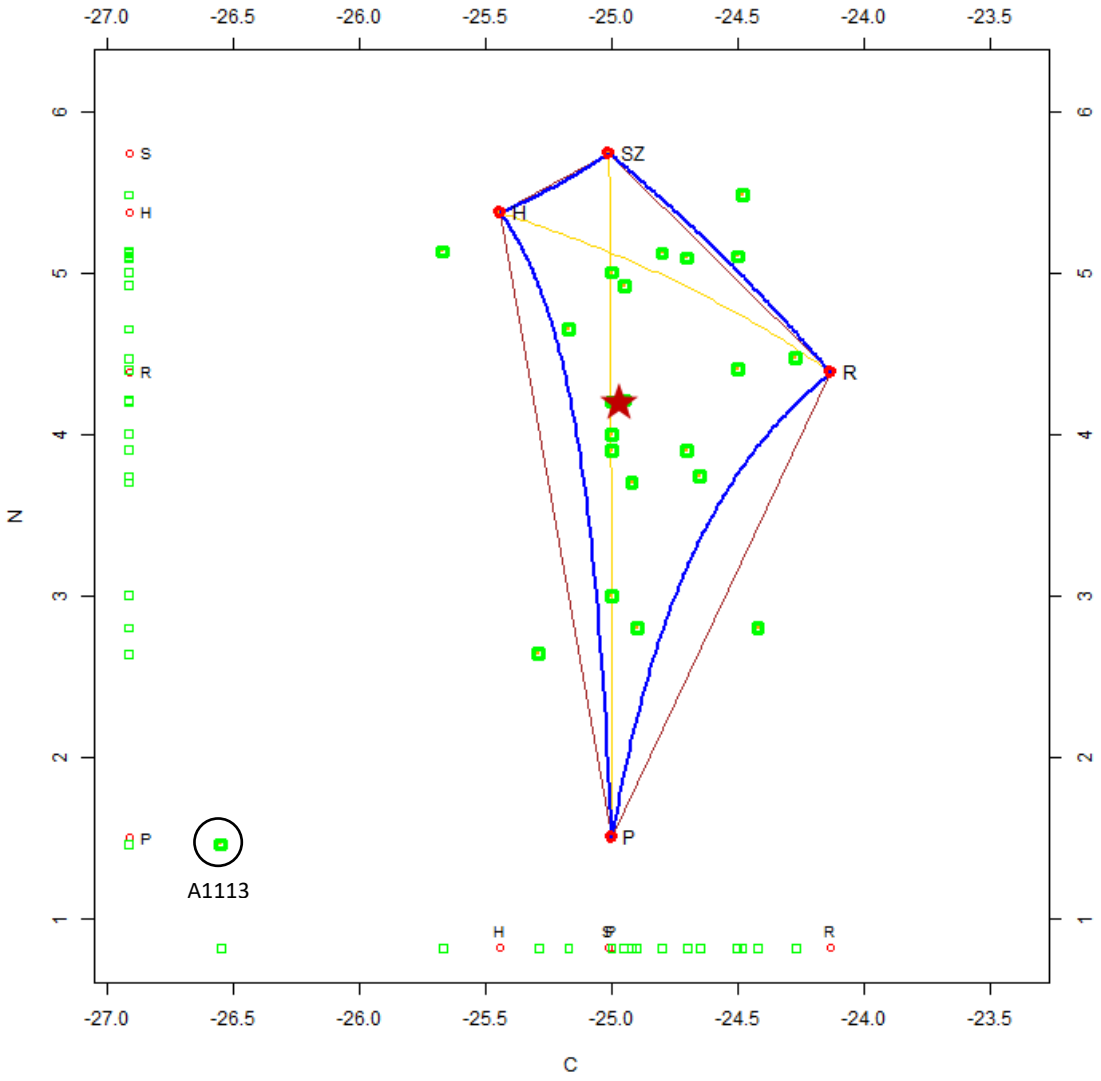


Abbildung 46: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Alepotrypa. Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **H**: Hirsch (µ: 12,7 %), **R**: Rind (µ: 11,7 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 12,7 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 61,5 %).

Mit **SISUS** kann ebenfalls ein Modell mit Pflanzen, Rind, Schaf/Ziege und Wild erstellt werden. Auch hier dominiert der Biomasseanteil der Pflanzen (µ: 61,5 %; sd: 2,6 %), welcher durch das Fleisch der domestizierten Tiere Schaf/Ziege (µ: 14,1 %; sd: 8,1 %) und Rind (µ: 11,7 %; sd: 3,3 %) sowie Wild in Form von Hirsch (µ: 12,7 %; sd: 7,4 %) ergänzt wird. Schließt man marine Fische als Endmember in das

Mischungsmodell ein, ist deren Anteil mit 1,0 % (sd: 0,6 %) verschwindend gering und für das Modell offensichtlich nicht notwendig.

Das subadulte Individuum A1113 weicht mit seiner Ernährung ersichtlich vom Nahrungsnetz ab (Abb. 46). Es weicht somit deutlich von der Ernährungs- und Wirtschaftsweise der Population aus Alepotrypa ab.

Die einzelnen Zeitphasen bleiben dem Ernährungsstil der Gesamtpopulation treu, doch sie unterscheiden sich in den Anteilen der Nahrungsquellen (Tab. A 44). Den größten Anteil haben in jedem Modell Pflanzen mit mindestens 58 %. Dieser Anteil steigt bei den Individuen aus dem Späten Neolithikum sogar auf 62,1 % an. Rind hat unter den tierischen Proteinquellen bei den meisten Datierungsphase den größten Anteil, wobei dieser zwischen 10,8 % und 15,5 % schwanken kann. Schafe/Ziegen sind deutlich stabiler und nehmen Werte von etwa 14 % ein. Ähnliche Anteile haben auch Hirsche (12,4 % - 14,0 %). Ausgenommen von diesen Spannen sind die Ergebnisse für den Median des Mittleren Neolithikums: Schafe/Ziegen und Hirsch nehmen zusammen nur ca. 6 % der Biomasse (Schaf/Ziege: 3,4; Hirsch: 2,8 %) ein. Rinder hingegen haben einen Anteil von 35,6 %.

Tabelle 9: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Alepotrypa**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Papathanasiou 2003; Papathanasiou et al. 2000	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
C_3Pflanzen-basierte Ernährung: Hülsenfrüchte, Getreide	C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide
Terrestrisches Signal	Fleischverzehr mittelmäßig: Fleischquellen Mischung aus Wild und domestizierten Tieren, hauptsächlich domestizierte Tiere, Wild immer noch verzehrt
Marine Ressourcen: sehr wenig Einfluss	mariner Fisch: minimaler Einfluss

Die Auswertung mittels bivariater Darstellung und konzentrationsabhängigem Mischungsmodell unterscheidet sich nur leicht. Die größte Differenz findet sich in der Auswertung der tierischen Quellen. In den ursprünglichen Interpretationen erkennt man ein terrestrisches Signal, das sich primär aus C_3-Pflanzen zusammensetzt und diese in den Vordergrund gestellt werden (Papathanasiou 2003; Papathanasiou et al. 2000). In diesem Punkt überschneiden sich die beiden Auswertungsmöglichkeiten, denn auch im konzentrationsabhängigen Modell spielen C_3-Pflanzen die größte Rolle in der Ernährung. Das konzentrationsabhängige Modell spezifiziert das terrestrische Signal

näher und fügt tierische Quellen hinzu. Diese Quellen können noch weiter in Wild und domestizierte Tiere differenziert werden. Domestizierte Tiere überwiegen in der Ernährung, doch Wild war immer noch Teil der Ernährung und somit der Wirtschaftsweise, was im bivariaten Plot nicht erkennbar ist. Beide Auswertungsmethoden sind sich außerdem einig, dass marine Ressourcen keinen großen Einfluss auf die Ernährung hatten.

4.3.2 Franchthi

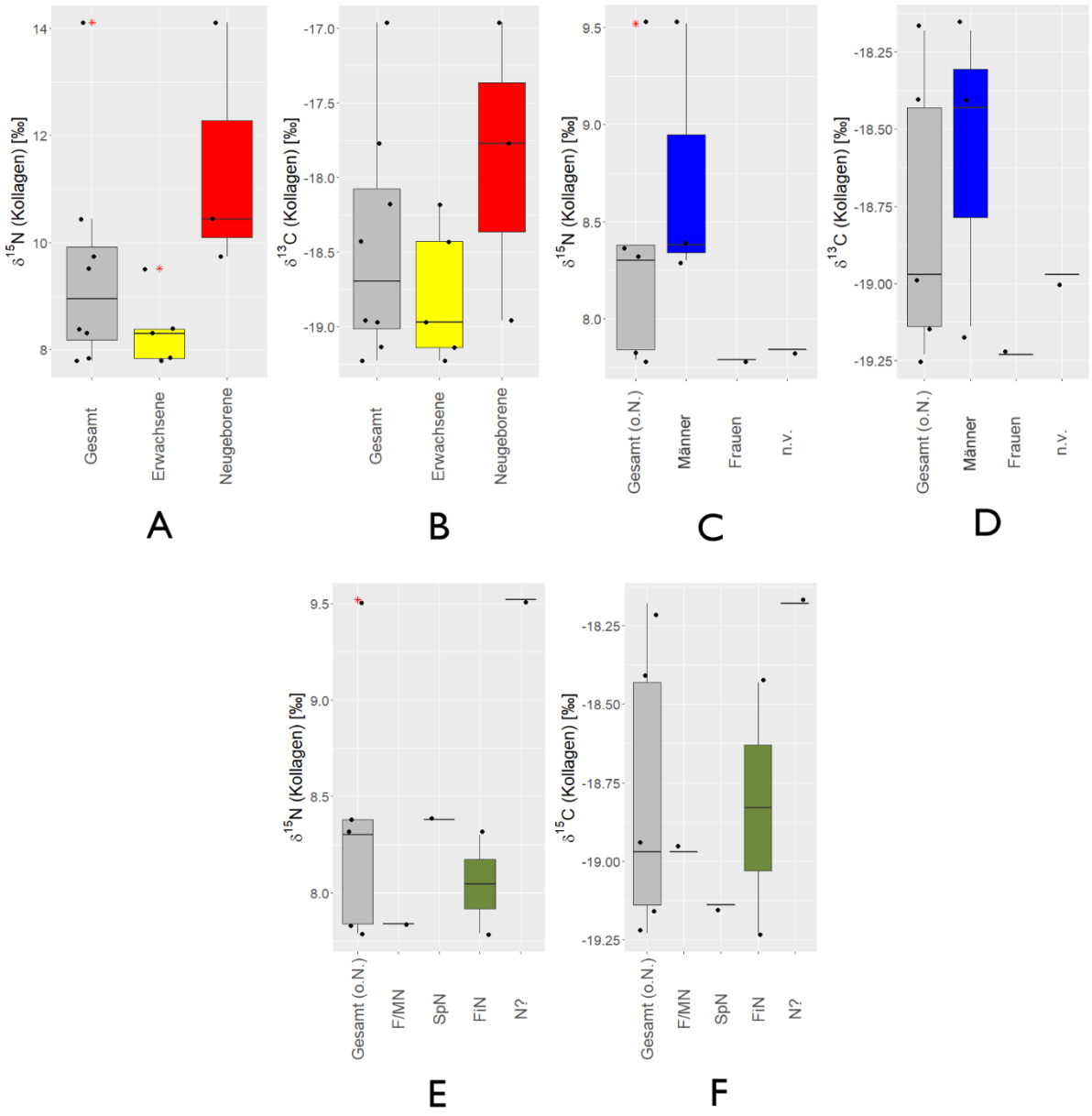


Abbildung 47: Boxplots der Daten aus Franchthi. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. **E**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **F**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung, *o.N.*: ohne Neugeborene, *n.v.:* nicht vorhanden, *F/MN*: Frühes/Mittleres Neolithikum *SpN*: Spätes Neolithikum, *FiN*: Finales Neolithikum, *N?*: Neolithisch?.

Die adulten Individuen aus Franchthis Population (n= 5) haben einen Stickstoffmedian von 8,30 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,30 ‰), die Säuglinge (n = 3) sind in ihrem Stickstoffisotopenwert deutlich erhöht und

haben einen Median von 10,44 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,44 ‰). Auch der Median des Kohlenstoffisotopenwerts ist bei den Säuglingen ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,77 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -22,77 ‰) ein wenig positiver als bei den Erwachsenen ($\delta^{13}C_{Koll}$: -18,97 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,97 ‰). Da diese Unterschiede auf einen Stilleffekt hindeuten, wurden die adulten Individuen ohne die Säuglinge ausgewertet.

Tabelle 10: Datentabelle der Populationen aus Griechenland (Papathanasiou 2015). **F**: Franchthi, **ad**: erwachsen, **neo**: neonat, **nv**: nicht vorhanden, **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. *F/MN*: Frühes/Mittleres Neolithikum, *SpN*: Spätes Neolithium, *FiN*: Finales Neolithikum, *N?*: Neolithisch?, **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
F1123	neo	nv	F/MN	3,34	5,73	9,52	6,52	16,40	-18,18	-23,18
F1127	3 mon.	nv	F/MN	3,28	7,24	7,79	4,79	20,37	-19,23	-24,23
F1128	ad	m	N?	3,34	5,73	9,52	6,52	16,40	-18,18	-23,18
F1130	40	w?	FiN	3,28	7,24	7,79	4,79	20,37	-19,23	-24,23
F1132	< 25	m	SpN	3,33	11,63	8,38	5,38	33,23	-19,14	-24,14
F1133	ad	nv	F/MN	3,32	10,64	7,84	4,84	30,26	-18,97	-23,97
F1135	ad	m?	FiN	3,37	8,52	8,30	5,30	24,59	-18,43	-23,43
F1138	< 1	nv	F/MN	3,33	11,63	8,38	5,38	33,23	-19,14	-24,14

Im Stickstoffisotopenwert fallen zwei Individuen als milde Ausreißer auf: der Säugling F1138 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,11 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,11 %), der mit einem sehr hohen Stickstoffisotopenwert in der Gesamtpopulation herausticht, und das Individuum F1128 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,52 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,52 %), welches in der Gruppe der adulten Individuen statistisch auffällt (Abb. 47). Bei den Kohlenstoffisotopenwerten gibt es keine Ausreißer.

Die ungleiche Verteilung der geschlechtsbestimmten Individuen (Männer: 3, Frauen:1) macht eine geschlechtsbezogene Auswertung unmöglich. Die geringe Datenmenge erlaubt außerdem keine aussagkräftige Statistik hinsichtlich der Datierung.

Franchthis Population hat von allen griechischen Fundorten den höchsten Stickstoffisotopenwert und ist im Vergleich zu den restlichen, griechischen Populationen im Kohlenstoffisotopenwert ebenfalls leicht erhöht (Tab. A 10). Im statistischen Vergleich weichen die erwachsenen Individuen aus Franchthi im $\delta^{15}N$-Signal signifikant von Alepotrypa ($p = 0,02$), Mavropigi ($p = 3,82*10^{-03}$) und Theopetra ab ($p = 2,65*10^{-03}$), aber nicht von Xirolimni ($p = 0,78$). Im Kohlenstoffisotopenwert weicht es von allen Fundorten signifikant ab (Tab. A 23). Allerdings spiegelt dies nur eine Tendenz wider, da es sich bei der Stichprobengröße in Franchthi lediglich um fünf Individuen handelt.

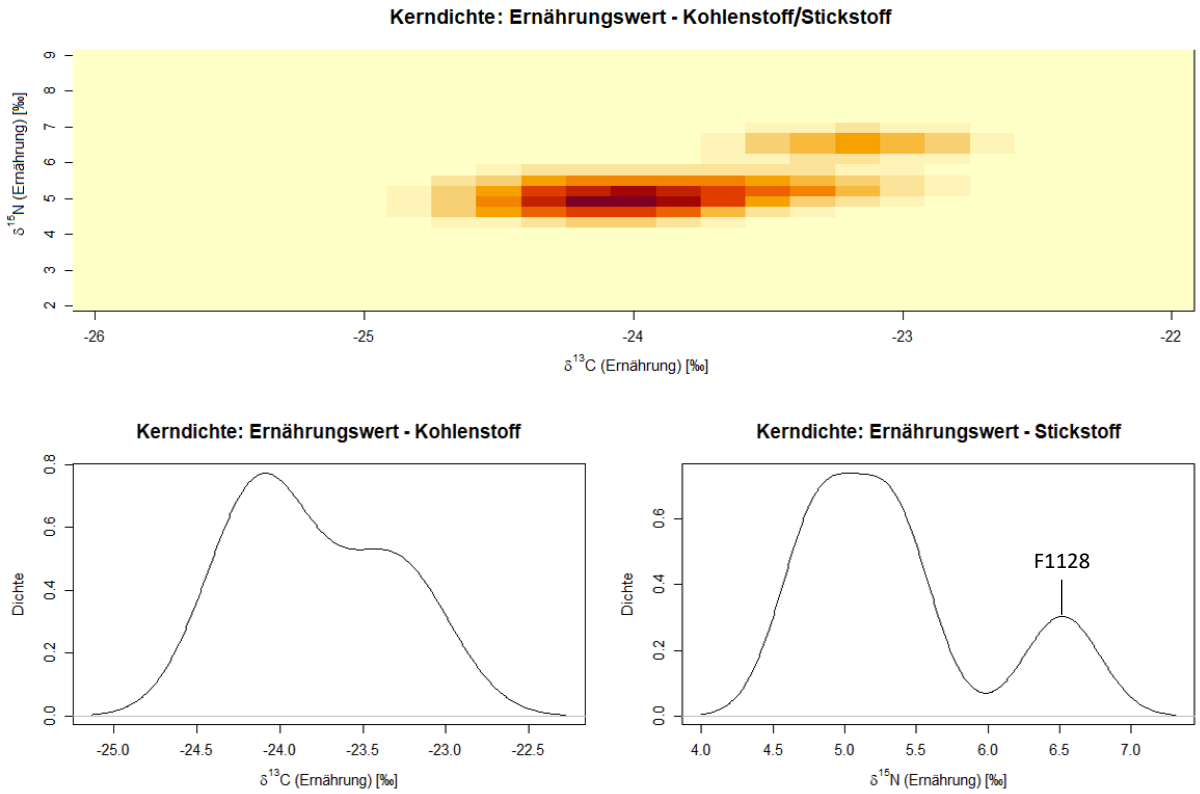


Abbildung 48: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Franchthi (ohne Neugeborene/Säuglinge). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

Die Datenverteilung für die wenigen Individuen aus Franchthi weist auf zwei Gruppen in den Isotopendaten hin (Abb. 48). Die größte Datenanhäufung findet sich bei einem Stickstoffisotopenwert von 5,0 ‰ und einem Kohlenstoffisotopenwert von -24,0 ‰ (Abb. 52). Diese Datenwolke breitet sich besonders weit im Kohlenstoffisotopenwert aus. Die zweite Gruppierung befindet sich bei einem Kohlestoffwert von knapp -23,0 ‰ und einem Stickstoffisotopenwert von 6,5 ‰ (Abb. 48), was durch das Individuum F1128 entsteht. In den eindimensionalen Plots finden sich diese beiden Peaks ebenfalls. Besonders im Stickstoff werden die beiden Gruppierungen sichtbar. Von einer eindeutigen Gruppierung sollte man jedoch nicht sprechen, da die zweite, kleinere Gruppierung aus lediglich einem Individuum (F1128) und die große Datenanhäufung aus vier Individuen besteht.

Die Tiernahrungsquellen und deren Isotopenwerte sind dieselben wie für Alepotrypa auch, da aufgrund der geringen Tierdaten die Tierwerte für die Küstenorte Griechenlands zusammengefügt wurden.

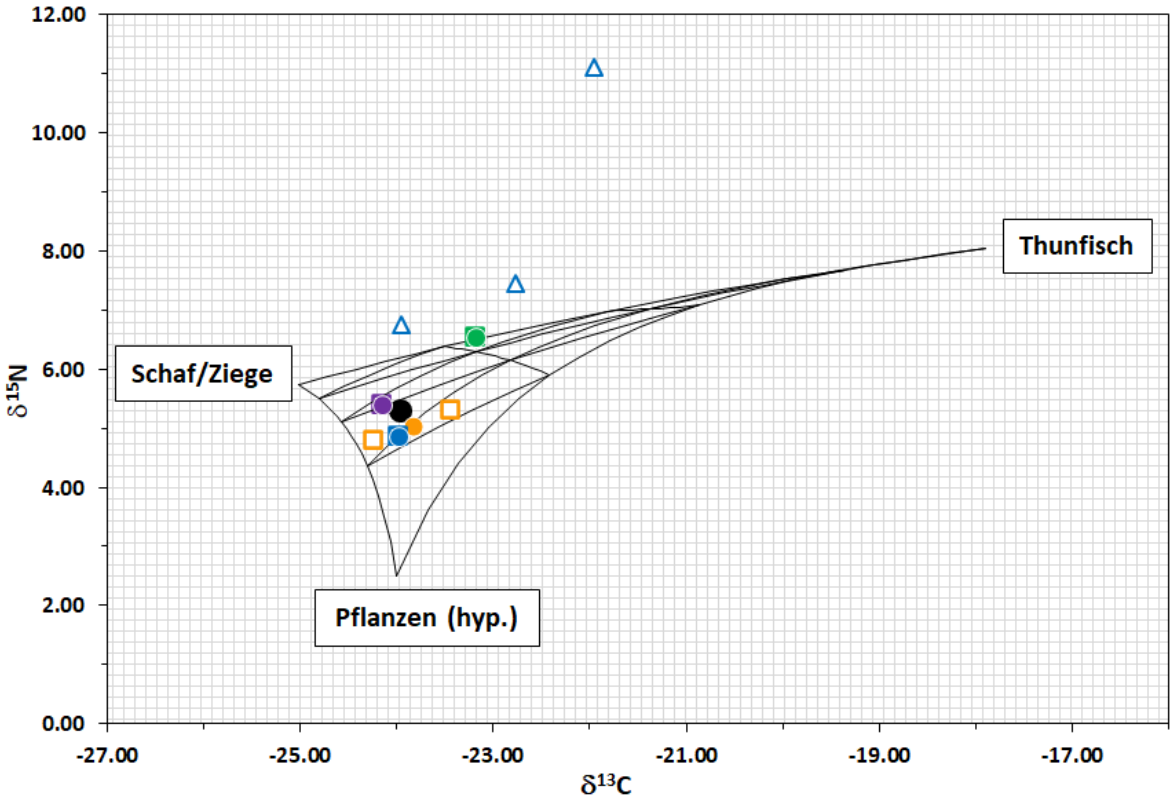


Abbildung 49: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Franchthi. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Dreieck**: Neugeborene; **Punkt**: Median; **Schwarz**: Gesamtpopulation (ohne Neugeborene/Säuglinge), **Blau**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **Violett**: Spätneolithikum, **Gelb**: Finales Neolithikum, **Grün**: Neolithikum(?). Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gesamtpopulation: Schaf/Ziege (34,8 %), Thunfisch (7,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (57,6 %); Frühes/Mittleres Neolithikum: Schaf/Ziege (23,5 %), Thunfisch (5,3 %), Pflanzen (hypothetisch) (71,2 %); Spätneolithikum: Schaf/Ziege (43,4 %), Thunfisch (6,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (50,2 %); Finales Neolithikum: Schaf/Ziege (23,6 %), Thunfisch (7,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (68,7 %); Neolithikum (?): Schaf/Ziege (kein Ergebnis), Thunfisch (kein Ergebnis), Pflanzen (hypothetisch) (kein Ergebnis).

Das Nahrungsnetz kann in **IsoConc** mittels Pflanzen, Thunfisch und einer domestizierten Nahrungsquelle, nämlich Schaf/Ziege, aufgebaut werden (Abb. 49). Den Großteil der Ernährung machen hierbei Pflanzen aus (57,6 %), welche hauptsächlich von domestizierten Tieren (34,8 %) sowie marinen Fischen (7,6 %) ergänzt wird. Fast alle adulten Individuen (n = 4) werden von dem Nahrungsnetz erfasst. Ohne den marinen Endmember kann mit den vorhandenen Ressourcen kein Nahrungsnetz in IsoConc aufgebaut werden. Die Datierung beeinflusst das Modell nicht. Die Mediane der Datierungsgruppen weichen im Modellergebnis kaum voneinander ab (Abb. 49). Nur das Individuum 1128, welches nur allgemein in das Neolithikum datiert, sticht aus der Gruppe klar hervor, wie schon in Abbildung 48, und wird vom Modell nicht eingefangen. Für die anderen Datierungsphasen treten einander ähnliche Ernährungsmuster auf. Pflanzen sind in den Datierungsphasen die wichtigste Quelle, wobei der Anteil zwischen 50,2 % und 71,2 % variiert. Thunfisch ist in der Biomasse mit einem Anteil zwischen 5,3 % und 7,7 % vertreten und wird von Schafen/Ziegen als Nahrungsquelle

überschattet. Der Anteil dieser domestizierten Tiergruppe liegt im Spätneolithikum bei ca. 43 % und im Frühen/Mittleren Neolithikum sowie im Finalen Neolithikum bei ca. 23 %.

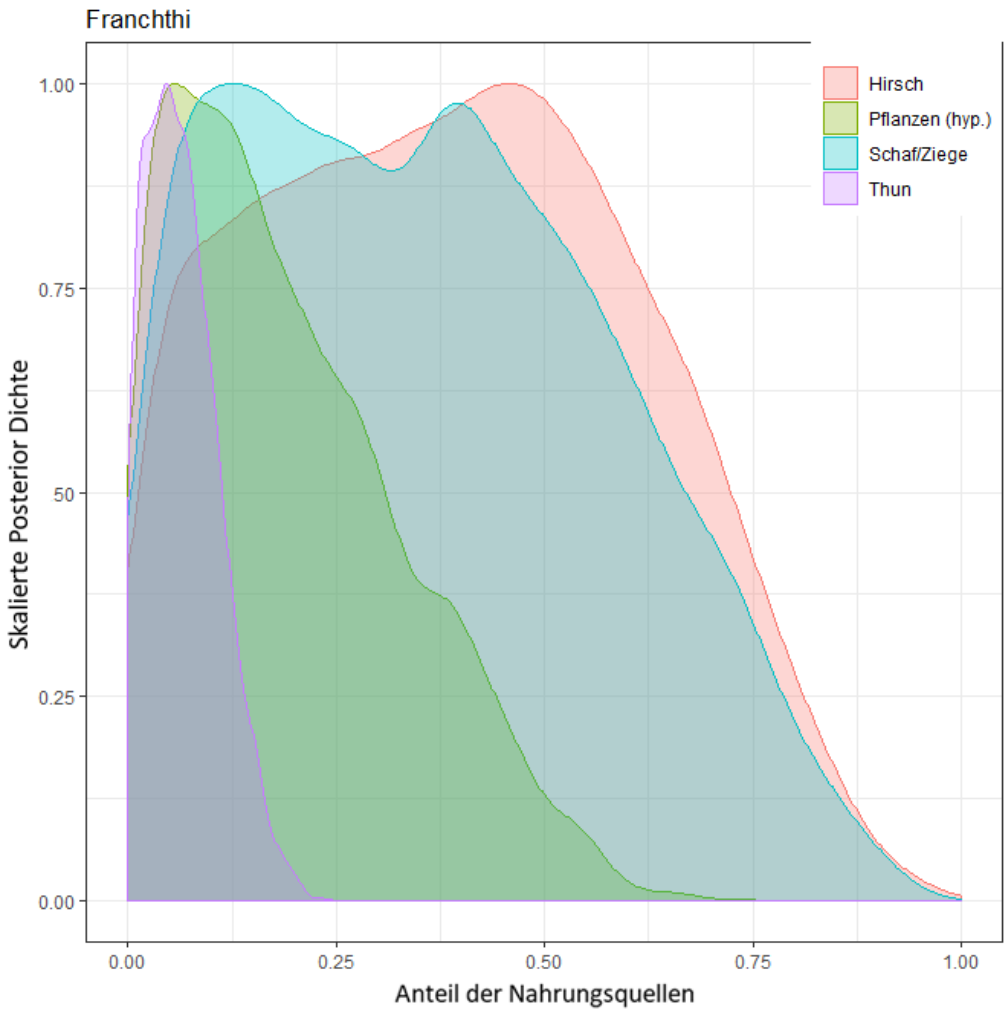


Abbildung 50: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Franchthi (ohne Neugeborene/Säuglinge). Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Thun (Thunfisch) (µ: 6,6 %), Schaf/Ziege (µ: 35,5 %), Hirsch (µ: 38,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 19,3 %).

Mit **MixSIAR** lässt sich ein ähnliches Modell für Franchthi erstellen (Abb. 50) wie für Alepotrypa (Abb. 45). Hierbei wird das IsoConc-Modell (Abb. 49) um Wild als Endmember ergänzt. In Alepotrypa war Rind als domestiziertes Tier als Nahrungsquelle notwendig, um ein Nahrungsnetz bilden zu können. In Franchthi kann kein Mischungsmodell aus terrestrischen Nahrungsquellen allein berechnet werden. Da Rind zum Erstellen eines Nahrungsnetzes nicht hilfreich ist, sondern eine nicht-essentielle Nahrungsquelle darstellt, wird es nicht ins Modell aufgenommen.

Den größten Anteil in der Ernährung hat das Fleisch von Hirsch (µ: 38,6 %) und auch Schaf/Ziege (µ: 35,5 %). Neben diesen Nahrungsquellen machen Pflanzen mit 19,3 % einen deutlich geringeren Anteil aus. Im MixSIAR-Modell ist Thunfisch der Endmember mit dem geringsten Biomasseteil (µ: 6,6 %). In diesem Punkt ähnelt es allerdings dem Modell, welches mit IsoConc berechnet wird. Wie auch für das MixSIAR-Modell der Bevölkerung aus Alepotrypa ist der Einfluss von marinen Ressourcen

gering. Es besteht jedoch der Unterschied, dass Thunfisch zur Auflösung des Modells unabkömmlich ist.

Das Mischungsmodell, welches mit MixSIAR simuliert wird (Abb. 50) ergibt im bei Hirsch und Schaf/Ziege eine weite Spanne an möglichen Anteilen der beiden Nahrungsquellen. Diese Anteile sind für die Simulation die besten Ergebnisse.

Unterteilt man die Population aus Franchthi in ihre Datierungsphasen, ändern sich die Anteile nur minimal. Ausgenommen hiervon ist das Individuum F1128, welches nicht näher als „Neolithikum“ datiert ist. Der Pflanzenanteil sinkt hier auf 10,7 % ab, wohingegen die Anteile von Thunfisch (µ: 8,1 %) und Rothirsch (µ: 33,9 %) in etwa denen der Gesamtpopulation entsprechen, dafür steigt der Biomasseanteil von Schaf/Ziege auf 47,3 %. In den definierten Datierungsphasen zeigt sich ein Pflanzenanteil zwischen 19,6 % und 23,9 %. Dieser ist damit überaus ähnlich zur Gesamtpopulation. Den größten Anteil haben jedoch Wild (37,3 % –39,4 %) und Schaf/Ziege (31,6 % - 35,0 %). Thunfisch hat einen sehr geringfügigen Anteil zwischen 6,0 % und 7,4 %.

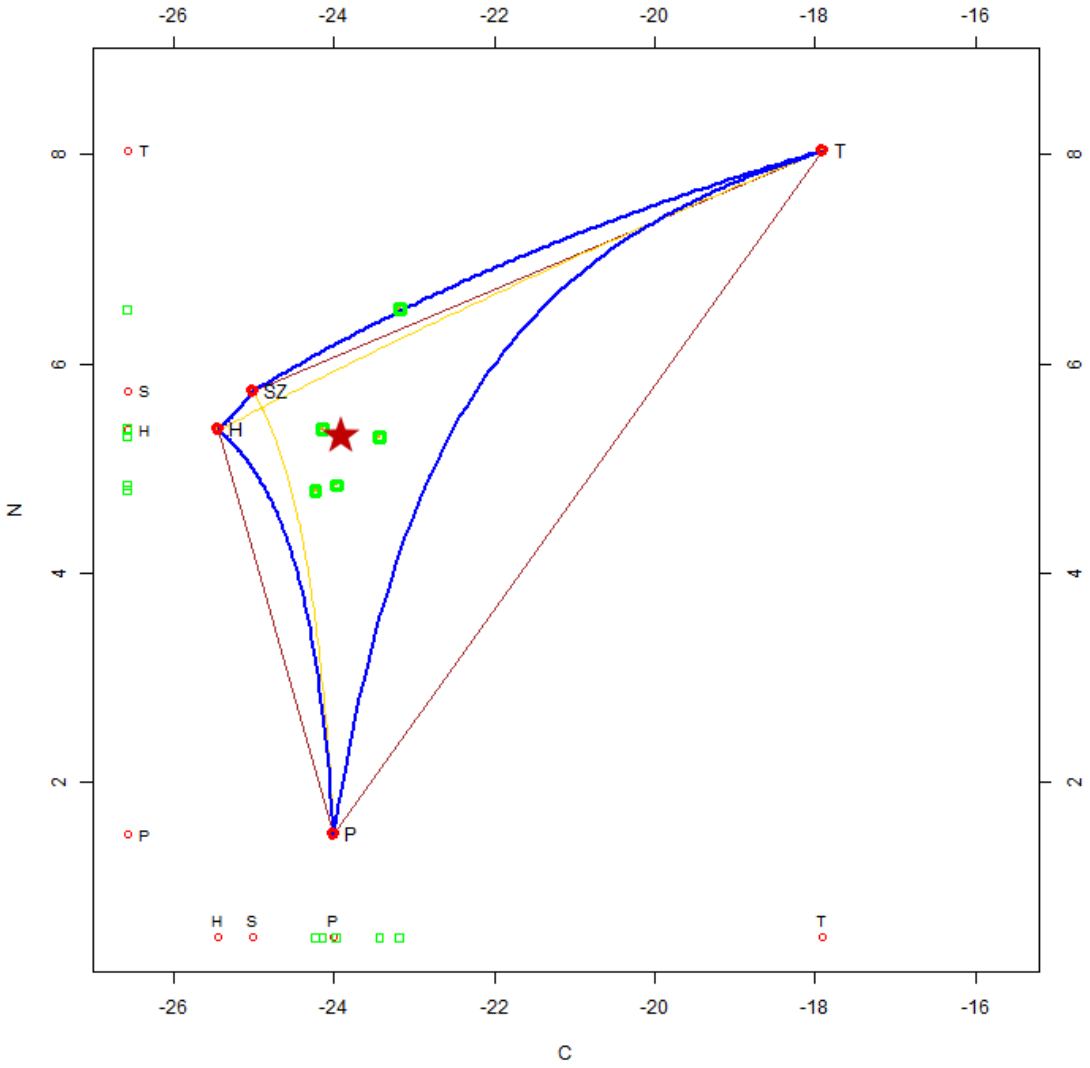


Abbildung 51: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Franchthi (ohne Neugeborene/Säuglinge). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **T**: Thunfisch (µ:10,5 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 20,8 %), **H**: Hirsch (µ:21,1 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 47,6 %).

Das sparsamste **SISUS**-Modell löst sich am besten mit Pflanzen, Thunfisch und domestizierten Tieren (Schaf/Ziege) (Abb. A 109). Der Biomasseanteil weicht kaum vom IsoConc-Modell ab (Abb. 51), aber ist komplett unterschiedlich zu dem Nahrungsnetz erstellt mit MixSIAR (Abb. 50). Der Hauptanteil des Biomassen-Inputs stammt aus Pflanzen (μ: 57,6 %). Domestizierte Tiere haben einen deutlichen höheren Anteil (μ Schaf/Ziege: 34,8 %) als marine Quellen (μ Thunfisch: 7,6 %), welche nur eine untergeordnete Rolle spielen. Allerdings sind marine Quellen zum Aufbau des Mischungsmodells notwendig.

Deutlich realistischer ist jedoch das Modell in Abbildung 51, welches das IsoConc-Modell, wie bei MixSIAR, um Rothirsch erweitert. Für den gesamten Populationsmedian ergibt sich eine auf Pflanzen (μ: 47,6 %; sd: 1,4 %) aufbauende Ernährung, die in gleichen Teilen von domestizierten Tieren (Schaf/Ziege: μ: 20,8 %; sd: 11,9 %) und Wild (Hirsch: μ: 21,1 %; sd: 12,4 %) ergänzt wird, während in geringerem Ausmaß Thunfisch (μ: 10,5 %; sd:0,9 %) konsumiert wurde.

Für das Individuum, welches in das allgemeine Neolithikum datiert, kann kein Modell berechnet werden, da es knapp außerhalb des Nahrungsnetzes liegt (Abb. 51). Die Biomasse der Mediane, die das Frühe/Mittlere Neolithikum und das Finale Neolithikum (FiN) repräsentieren, sind von einer primär pflanzlichen Ernährung geprägt (F/MN: 70,6 %, FiN: 67,7 %). Wild und domestizierte Tiere in Form von Schaf/Ziege ist in gleichen Teilen in der Biomasse vertreten (Tab. A 44). Marine Ressourcen sind weniger bedeutend für die Ernährung (F/MN: 6,0 %, FiN: 8,5 %). Das Späte Neolithikum ist dagegen weniger von Pflanzen (μ: 46,9 %) geprägt, sondern von domestizierten Tieren (μ Schaf/Ziege: 21,9 %) und Wild (μ: 22,9 %). Fisch bleibt in seinem Anteil jedoch stabil bei knapp 8 %.

Tabelle 11: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Franchthi**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden. * möglicher Tippfehler, da widersprünchlich

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Papathanasiou 2003*; Papathanasiou 2015	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie C_4-Pflanzen basierte Ernährung* C_3-Pflanzen basierte Ernährung** Marine Ressourcen: mehr Einfluss als in Alepotrypa Mehr marine Quellen, Fleisch und Milch** (als z.B. Alepotrypa)	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide mariner Fisch: minimaler Einfluss → notwendiger Endmember Fleischverzehr mittelmäßig: Fleischquellen Mischung aus Wild und domestizierten Tieren

Die Auswertungsmethoden für die Isotopendaten aus Franchthi unterscheiden sich. In der ursprünglichen Interpretation wird beschrieben, dass es sich um eine C_4-Pflanzen-basierte Ernährung handelt. In Papathanasiou (2015) werden für Franchthi jedoch C_3-Pflanzen als pflanzliche Nahrungsquelle beschrieben. C_4-Pflanzen spielen im Mischungsmodell keine Rolle und werden zum Lösen des Nahrungsnetzes nicht benötigt. Marine Quellen haben sowohl in der ursprünglichen Auswertung wie auch im Mischungsmodell einen höheren Einfluss in der Ernährung als für den anderen Küstenort Alepotrypa (Kap. 4.3.1). Milch ist für die Mischungsmodelle als Endmember nicht notwendig und würde das Modell nicht sinnvoll erweitern.

Wie in Alepotrypa auch bestehen die Fleischquellen aus domestizierten Tieren (Schaf/Ziege) wie auch Wild (Rothirsch), wobei in Alepotrypa Rind als domestiziertes Tier als Quelle notwendig war um ein Nahrungsnetz bilden zu können und in Franchthi nicht. Die Ernährung in Franchthi stützt sich allerdings weniger auf Pflanzen.

4.3.3 Mavropigi

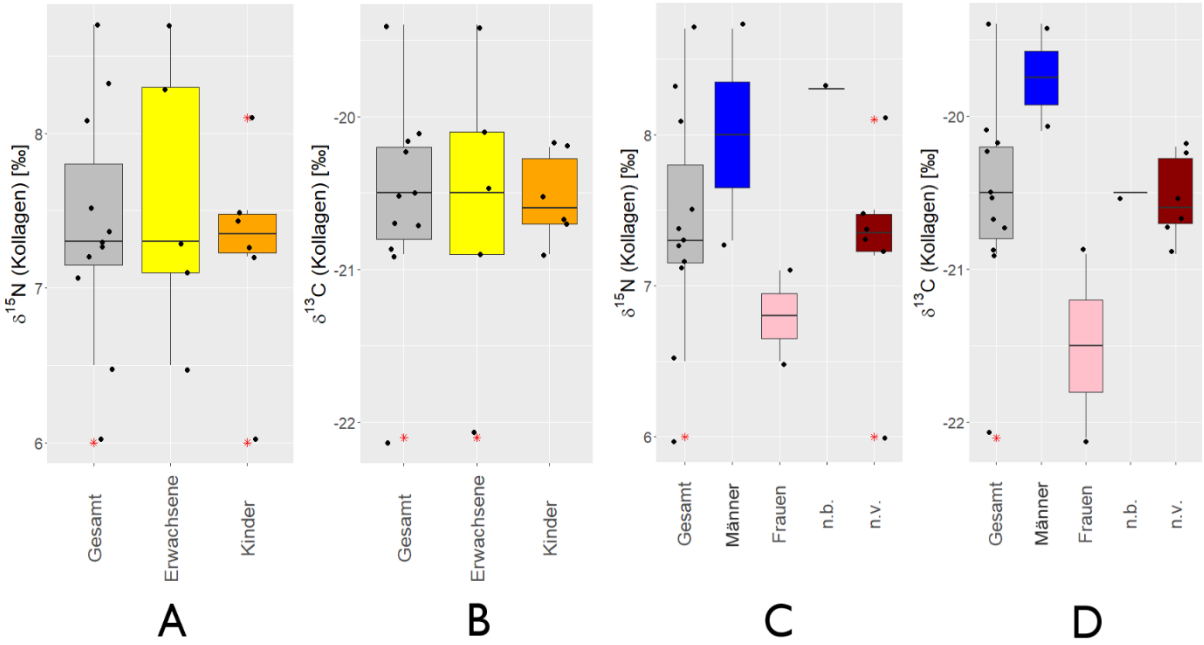


Abbildung 52: Boxplots der Daten aus Mavropigi. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *n.b.*: nicht bestimmbar, *n.v.*: nicht vorhanden.

Der Median der Kohlenstoffisotopenwerte der Menschen aus Mavropigi (n = 11) befinden sich im Bereich, den man für eine C_3-basierte Ernährung erwartet ($\delta^{13}C_{Koll}$: -20,50 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,50 ‰), wobei die Spanne für Kollagen von -19,40 ‰ bis -22,10 ‰ reicht (Abb. 58). Die Unterschiede zwischen Erwachsenen (n = 5; $\delta^{13}C_{Koll}$: -20,50 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,50 ‰) und Kindern (n = 6; $\delta^{13}C_{Koll}$: -20,60 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -26,50 ‰) sind hierbei nicht signifikant (p = 0,93; α = 0,05). Die Mediane dieser beiden Gruppen weichen nur kaum merklich vom Populationsmedian ab (Abb. 58). Im Stickstoffisotopenwert

bilden sich ähnliche Muster ab. Der Populationsmedian ($\delta^{15}N_{Koll}$: 7,30 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,30 ‰) deutet auf eine Mischernährung aus Pflanzen und tierischen Produkten, wie z.B. Fleisch, hin. Die Stickstoffisotopenwerte, die im Knochenkollagen gemessen wurden, spannen zwischen 6,00 ‰ und 8,30 ‰ (Abb. 52). Wie auch im Kohlenstoffisotopenwert, unterscheiden sich die Stickstoffisotopenwerte der erwachsenen Bevölkerung ($\delta^{15}N_{Koll}$: 7,30 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,30 ‰) und der subadulten Individuen ($\delta^{15}N_{Koll}$: 7,35 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,35 ‰) nicht signifikant voneinander (p = 0,85). Da die Kinder zwischen ein Alter von 4 bis 15 Jahren haben (Tab. 12) und es keine Hinweise auf den Stilleffekt gibt, wurden sie für die Ernährungsauswertung zur Gesamtpopulation gezählt. Eine gezielte, geschlechtsabhängige Ernährungsanalyse war aufgrund der wenigen Individuen, deren Geschlecht bestimmt werden konnte (Männer: 2, Frauen: 2), nicht möglich.

Tabelle 12: Datentabelle der Populationen aus Griechenland (Papathanasiou 2015). **M**: Mavropigi, **nv**: nicht vorhanden, **nb**: nicht bestimmbar, **m**: männlich, **m**?: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
M3	15	nv	3,30	16,20	7,20	4,20	45,50	-20,20	-25,20
M5	35	w	3,50	12,50	6,50	3,50	37,10	-20,90	-25,90
M7	8	nv	3,40	14,10	6,00	3,00	40,60	-20,90	-25,90
M8	18	nb	3,30	14,00	8,30	5,30	39,40	-20,50	-25,50
M9	25	m	3,30	13,70	7,30	4,30	39,10	-20,10	-25,10
M10	10	nv	3,20	15,00	7,30	4,30	41,00	-20,20	-25,20
M11	4	nv	3,30	14,30	7,50	4,50	40,50	-20,50	-25,50
M14	7 bis 9	nv	3,40	13,30	8,10	5,10	38,60	-20,70	-25,70
M16	7	nv	3,40	12,90	7,40	4,40	37,40	-20,70	-25,70
M17	30-35	m	3,30	13,60	8,70	5,70	38,90	-19,40	-24,40
M18	20-25	w?	3,60	11,40	7,10	4,10	35,20	-22,10	-27,10

Im Gesamtkollektiv fand sich nur einen Ausreißer im $\delta^{15}N$-Verhältnis: das subadulte Individuum M7 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 6,00 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 3,30 ‰), welches auch in der Gruppe der Kinder auffällt und dort sogar ein extremer Ausreißer ist (Abb. 52). In der subadulten Altersgruppe fiel zusätzlich das Individuum M14 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 8,10 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,10 ‰) als milder Ausreißer auf. Beide Individuen fallen mathematisch auch in der Gruppe auf, deren Geschlecht nicht vorhanden war, auf. Im Kohlenstoffisotopenwert war es lediglich das erwachsene Individuum M18 ($\delta^{13}C_{Koll}$: -22,10 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -27,10 ‰), welches mit seinem leicht negativeren $\delta^{13}C$-Wert in der Gesamtpopulation als milder Ausreißer auffiel (Abb. 52).

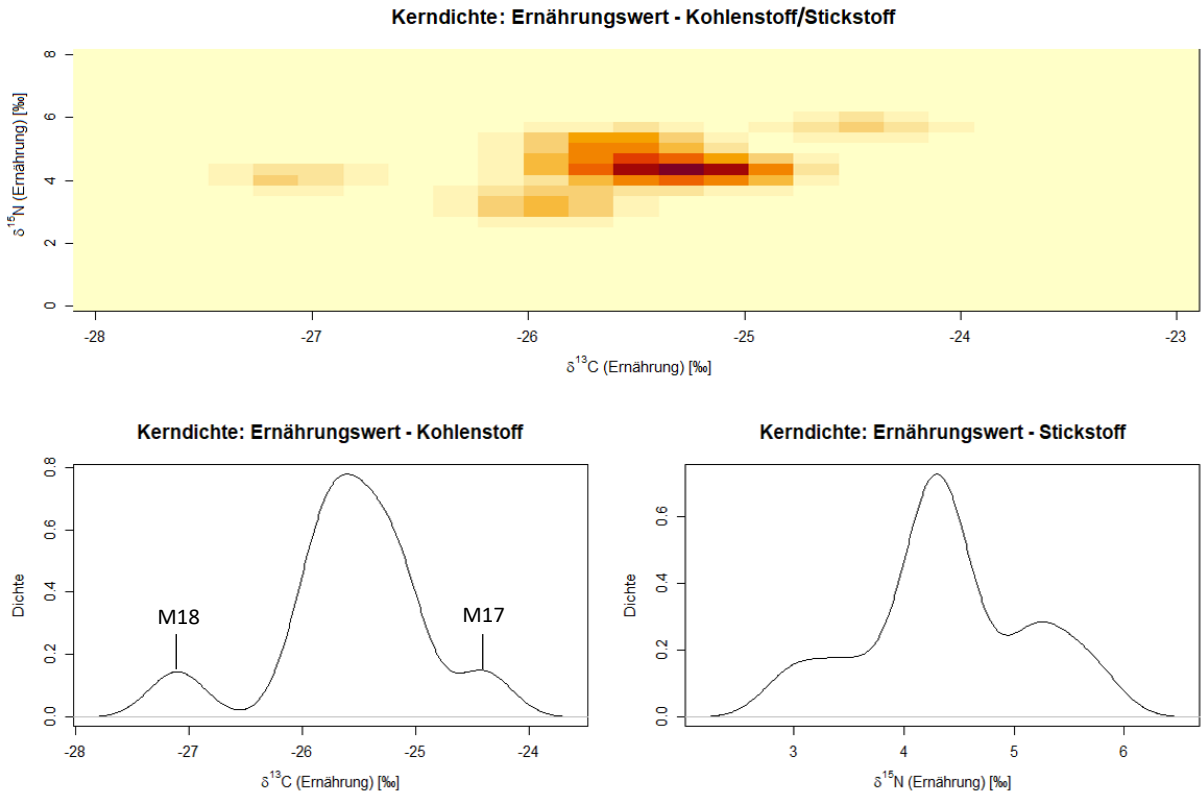


Abbildung 53: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Mavropigi. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

Die Datenverteilung für die Population aus Mavropigi gibt im 2D-Kerndichte-Plot vier verschiedene Wolken aus. Es gibt eine große Datenansammlung im Kohlenstoffbereich zwischen -25,0 ‰ und -26,0 ‰ und dem Stickstoffsignal bei ca. 4 ‰ (Abb. 53). Beide Bereiche bilden auch in den jeweiligen eindimensionalen Plots die wichtigsten Peaks (Abb. 53). Neben der Hauptgruppe gibt es in der 2D-Abbildung noch drei weitere Wölkchen, wobei sich jeweils nur zwei dieser Ansammlungen in den eindimensionalen Plots andeuten. Die Anhäufung, die bei einem Kohlenstoffisotopenwert von knapp -27,0 ‰ liegt (Abb. 53), entsteht durch einen Ausreißer und ist daher keine Gruppe. Bei der Dichtewolke, die bei einem Kohlenstoffisotopenwert von -24,5 ‰ und bei einem Stickstoffisotopenwert von 6,0 ‰ liegt (Abb. 53), handelt es sich ebenfalls um ein einziges Individuum, jedoch nicht um einen Ausreißer, den erwachsenen Mann M17. Die vierte Datengruppierung befindet sich sehr nahe am dichtesten Punkt des Datensatzes und ist in den eindimensionalen Abbildungen (Abb. 53) schwer zu erkennen. Im Kohlenstoffplot ist diese Gruppe nicht zu identifizieren, da sie sich mit den Werten der Hauptansammlung überschneiden. Im eindimensionalen Stickstoffplot wiederum deutet sich diese schwache Gruppe mit einem flachen Peak bei einem Wert von 3 ‰ an (Abb. 53). Es handelt sich hierbei um die erwachsene Frau M5 und das achtjährige Kind M7.

Schließt man die zwei Ausreißer aus, bildet sich eine Hauptgruppe, wobei tendenziell eine weitere Gruppierung durch die Individuen M5 und M7 angedeutet wird.

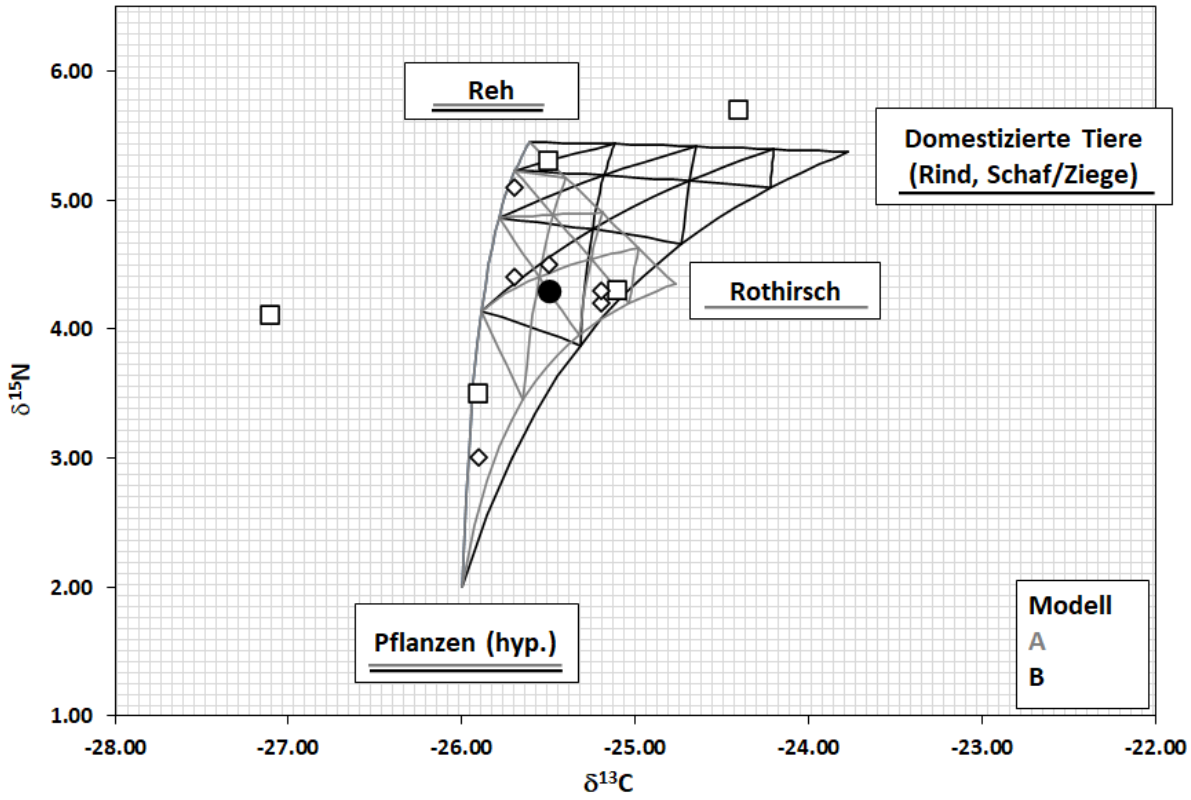


Abbildung 54: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Mavropigi. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Punkt**: Median. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Reh (19,1 %), Rothirsch (31,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (49,8 %), Reh (16,5 %), Domestizierte Tiere (15,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (67,7 %).

Das Nahrungsnetz für Mavropigi, welches mit **IsoConc** erstellt wurde, lässt sich in zwei Versionen unterteilen. Das erste Modell (Abb. 54 Modell A) baut auf den Endpunkten Pflanzen und den Wildtieren Rothirsch und Reh auf. Dies würde jedoch die domestizierten Tiere komplett ignorieren, die allerdings Teil des archäozoologischen Fundguts sind. Ersetzt man Rothirsch als Nahrungsquellen mit domestizierten Tieren, wobei Rinder und Schafe/Ziegen aufgrund der begrenzten Nahrungsquelleneingabe in IsoConc (n = 3) zusammengefasst werden müssen, erhält man ein zweites mögliches Modell (Abb. 54 Modell B). Das Nahrungsnetz ändert sich kaum. Zwei Individuen werden von keinem der beiden Netze eingeschlossen: der Ausreißer M18 und das Individuum M17, welches mathematisch gesehen kein Ausreißer ist. Hauptnahrungsmittel sind in beiden Nahrungsnetzen die Pflanzen (Modell A: 49,8 %, Modell B: 67,7 %). Reh hat in beiden Modellen einen vergleichbaren Wert (Modell A: 19,1 %, Modell B: 16,5 %). Domestizierte Tiere sind in Modell B mit ihrem Anteil von fast 16 % nahezu identisch zum Wild-Endmember. Rothirsch macht in Modell B mit 31,1 % knapp 1/3 der Biomasse aus. Modell B wird deutlich von Pflanzen in der Biomasse dominiert. In Modell A hingegen sind Fleisch und Pflanzen ausgeglichen.

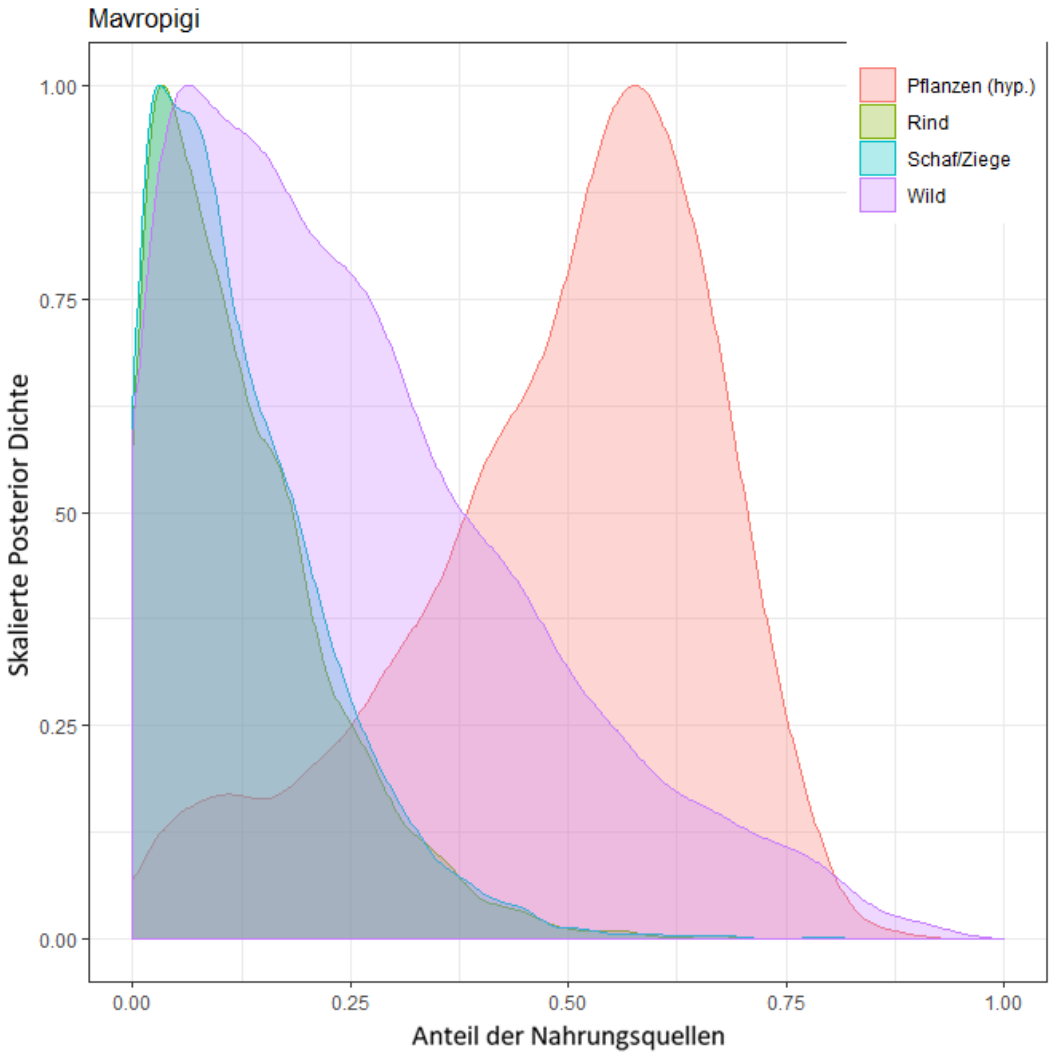


Abbildung 55: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Mavropigi. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Wild (µ: 25,9 %), Rind (µ: 12,6 %), Schaf/Ziege (µ: 12,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 48,8 %).

Mit **MixSIAR** kann ein Modell erstellt werden, in welchem Pflanzen, domestizierte Tiere und Wild in einem Modell als Endmember eingegeben werden können. Domestizierten Tiere (Rind, Schaf/Ziege) konnten in diesem Fall getrennt behandelt werden, jedoch mussten Reh und Rothirsch als „Wild“ zusammengefasst werden. MixSIAR erlaubt in der Eingabe nur eine Stichprobengröße >1 (Kap. 3.4.2). Sowohl Reh und Rothirsch erfüllen diese Voraussetzung nicht, weshalb sie als Endmember zusammengefasst wurden, da es sich bei Wild um eine essentielle Nahrungsquelle handelt.

Den Hauptanteil in der Biomasse machen laut dem MixSIAR-Modell mit 48,8 % (sd: 17,6 %) Pflanzen aus. Fleisch und Pflanzen sind gemäß diesem Modell daher gleichermaßen in der Ernährung vertreten. Während Wild knapp 26 % (sd: 19,8 %) in der Ernährung ausmacht, findet man 12,7 % Schaf/Ziege (sd: 10,6 %) und 12,6 % an Rind (sd: 10,5 %) in der Biomasse. Domestizierte Tiere sind also in gleichem Maße in der Ernährung vertreten wie auch Wild (Abb. 55).

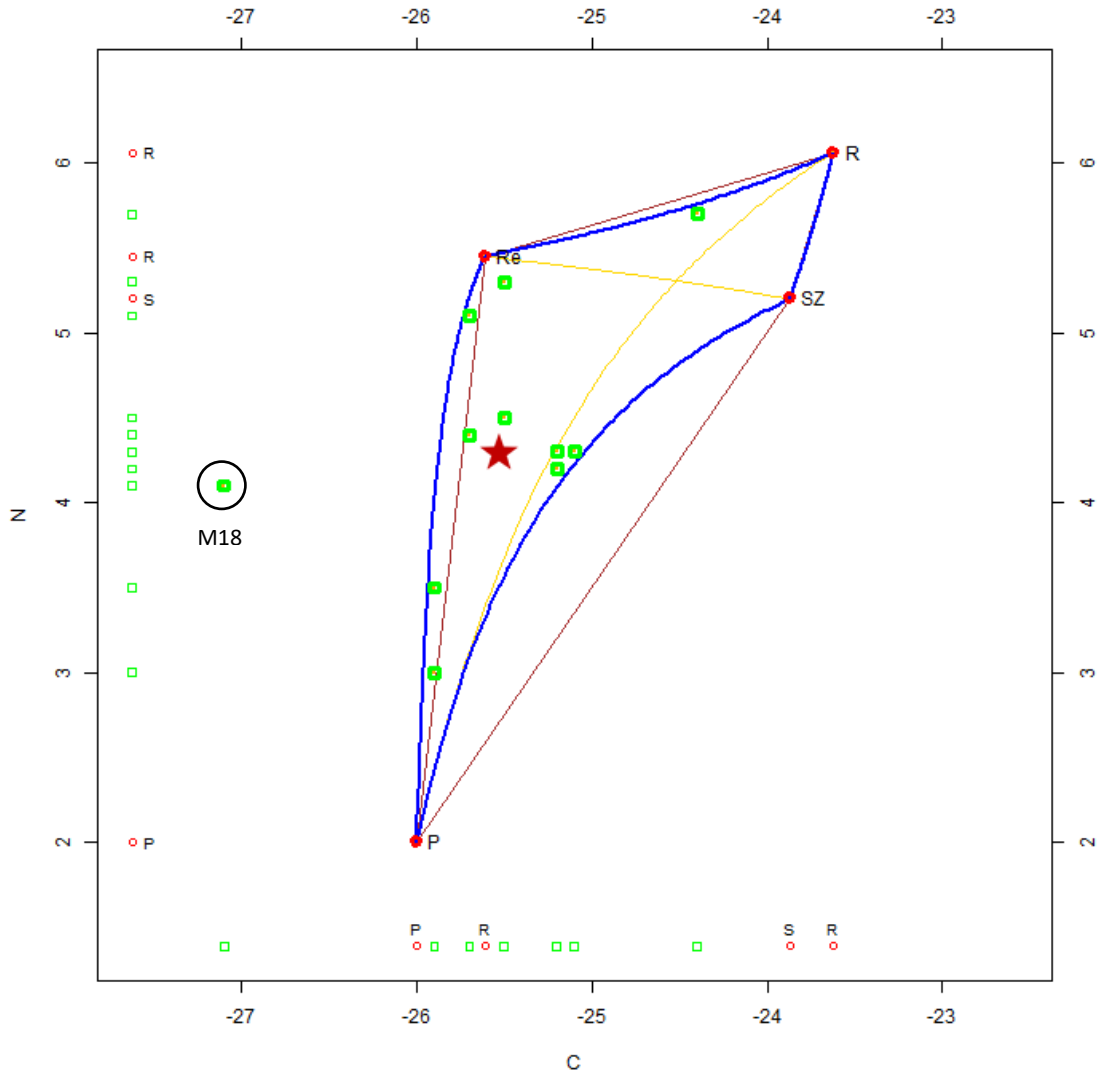


Abbildung 56: Konzentrationsbasiertes 4-Endmember-Mischungsmodell (4-Q-Modell) der Population aus Mavropigi (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **Re**: Reh (µ: 14,6 %), **R**: Rind (µ: 7,5 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 8,4 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 69,4 %).

Mit **SISUS** ist es möglich, sowohl Reh und Rothirsch, als auch Schaf/Ziege und Rind als eigenständige Endmember in ein Modell einzubauen. Mit einer Nahrungsquelle, die Rothirsch und Reh als Wild zusammenfasst, wie bei MixSIAR, kann in SISUS kein Modell für die Individuen berechnet werden. Hierdurch können zwei Modelle erstellt werden: ein 4-Endmember-Modell (Abb. 56) mit Pflanzen, Rind, Reh und Schaf/Ziege als Endpunkte, sowie ein 5-Endmember-Modell, welches Rothirsch als zusätzliche Nahrungsquelle einbezieht (Abb. A 136). Das 4-Endmember-Modell mit Reh als einziger Wildquelle und den domestizierten Tieren (Schaf/Ziege, Rind) umfasst bis auf M18 alle Individuen. Dasselbe Individuum wird auch vom Nahrungsnetz des 5-Endmember-Modells, bei welchem Rothirschals Endmember hinzufügt wird, ausgeschlossen. In beiden Modellen überwiegt eindeutig der Biomassenanteil an Pflanzen (µ 4-Q-Modell: 69,4 %, µ 5-Q-Modell: 62,9 %). Sie unterscheiden sich jedoch im Anteil der einzelnen Fleischquellen. Im 4-Endmember-Modell sind der Anteil von konsumiertem Fleisch von Wild (µ: 14,6 %; sd: 1,0 %) und domestizierten Tieren mit einem Gesamtanteil von ca. 16 % (µ Rind: 7,5 %; µ Schaf/Ziege: 8,4 %) annähernd gleich verteilt, wohingegen

im 5-Endmember-Modell der Anteil von Wild (µ Reh: 16,1 %; µ Rothirsch: 10,3 %) gegenüber dem von domestizierten Tieren höher ist (µ Rind: 5,0 %; µ Schaf/Ziege: 5,6 %). Der Biomasseanteil von domestizierten Tieren weicht in den beiden Modellen wenig voneinander ab und schwankt zwischen 15,9 % (4-Q-Modell) und 10,5 % (5-Q-Modell). Wild steigt von 14,6 % (4-Q-Modell) auf einen Anteil von 26,4 % (5-Q-Modell). Bei der Interpretation des 5-Endmember-Modells muss man bei der Auswertung beachten, dass Rothirsch als Quelle kritisch zu betrachten ist, da es als Nahrungsquelle zum Aufbau des Modells nicht notwendig ist, sondern das Modell nur ergänzt. Nichtsdestotrotz baut die Ernährung der Bevölkerung aus Mavropigi laut den SISUS-Modellen auf Pflanzen auf und wird durch Fleisch ergänzt.

Das Individuum M18, eine junge Frau, sticht aus beiden SISUS-Modellen hervor (Abb. 56, Abb. A 136). Sie wird nicht vom Nahrungsnetz eingeschlossen und weicht deutlich von der lokalen Ernährungsweise ab.

Tabelle 13: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Mavropigi**. Linke Spalte: ursprüngliche Originalinterpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Papathanasiou 2015	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
Primär C_3-basierte terrestrische Ernährung: Pflanzen und auch Fleisch	C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide
Fleisch: hauptsächlich von domestizierten Tieren	Fleischverzehr mittelmäßig: Mischung aus Wild und domestizierten Tieren
Anteil an Tierprotein nicht bestimmbar	Anteil an Tierprotein bestimmbar

Die Ernährungsrekonstruktion mittels bivariater Auswertung und Mischungsmodell unterscheidet sich nur minimal. Beide Ergebnisse zeigen eine auf C_3-Pflanzen basierte Ernährung, die durch Fleisch ergänzt wird. Hier beginnen die Differenzen. Laut ursprünglicher Interpretation (Papathanasiou 2015) basierte die neolithische Wirtschaft primär auf domestizierten Tieren. Das konzentrationsabhängige Modell widerspricht diesem insofern nicht, dass domestizierte Tiere einen wichtigen Teil der Ernährung einnehmen. Allerdings sind Wildtiere mindestens genauso in der Ernährung vertreten, wenn nicht sogar wichtiger. In der Originalauswertung wurde die Problematik angesprochen, dass der Anteil an Tierprotein in der Ernährung mittels der bivariaten Auswertung nicht bestimmbar war, welche mittels der konzentrationsabhängigen Mischungsmodelle nunmehr gelöst werden kann.

4.3.4 Theopetra

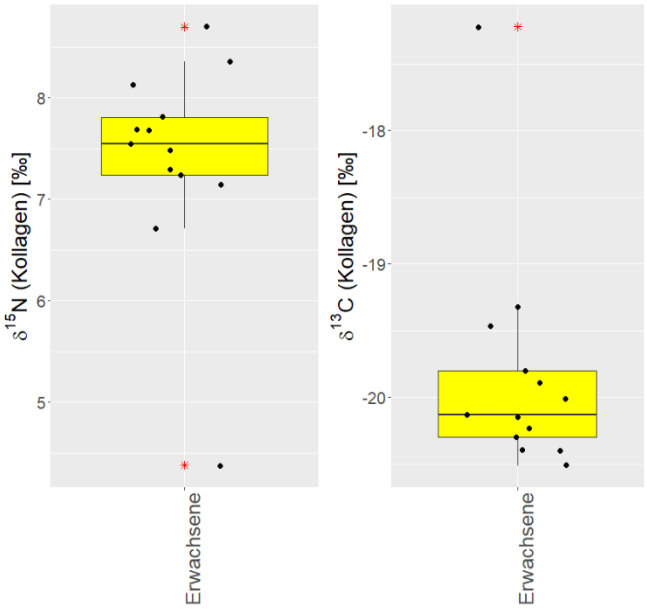


Abbildung 57: Boxplots der Daten aus Theopetra. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen.

Theopetras Daten (n = 13) weisen zwei Ausreißer im Stickstoffisotopenwert auf: der milde Ausreißer T1191 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,70 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,70 ‰) und der extreme Ausreißer T1196 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 4,38 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 1,38 ‰). Die Stickstoffisotopenwerte sind sehr homogen und liegen nahe am Populationsmedian ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,55 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,55 ‰). Individuum T1196 ist außerdem ein extremer Ausreißer im Kohlenstoffisotopenwert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,22 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -22,22 ‰) und stellt mit diesem Wert den positivsten Datenpunkt in der Population dar, wobei es sehr stark vom Populationsmedian ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,13 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,13 ‰) abweicht.

Tabelle 14: Datentabelle der Populationen aus Griechenland (Papathanasiou 2015). **T**: Theopetra, **ad**: erwachsen, **nv**: nicht vorhanden, **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
T1185	ad	nv	3,46	14,09	7,81	4,81	41,81	-20,39	-25,39
T1186	ad	nv	3,44	11,87	7,69	4,69	34,99	-20,23	-25,23
T1187	ad	nv	3,41	15,47	8,36	5,36	45,22	-19,32	-24,32
T1188	ad	nv	3,43	8,17	7,55	4,55	23,98	-20,01	-25,01
T1189	ad	nv	3,39	12,36	7,29	4,29	35,94	-20,15	-25,15
T1190	ad	nv	3,40	10,60	7,68	4,68	30,87	-19,89	-24,89
T1191	ad	nv	3,42	14,30	8,70	5,70	41,92	-19,80	-24,80
T1192	ad	nv	3,45	9,79	7,24	4,24	28,93	-20,30	-25,30
T1193	ad	nv	3,42	14,19	6,71	3,71	41,58	-20,51	-25,51
T1194	ad	nv	3,45	13,10	7,14	4,14	38,48	-20,40	-25,40
T1196	*ad*	*nv*	*3,39*	*12,93*	*4,38*	*1,38*	*37,54*	*-17,22*	*-22,22*
T1197	ad	nv	3,38	7,21	7,48	4,48	20,87	-20,13	-25,13
T1198	ad	nv	3,40	9,93	8,13	5,13	28,97	-19,46	-24,46

Da das Datenkollektiv nur aus adulten Individuen besteht, kann eine altersabhängige Analyse nicht durchgeführt werden. Darüber hinaus sind die Geschlechtsdaten nicht vorhanden, weshalb eine geschlechtsbezogene Interpretation ebenfalls nicht möglich ist.

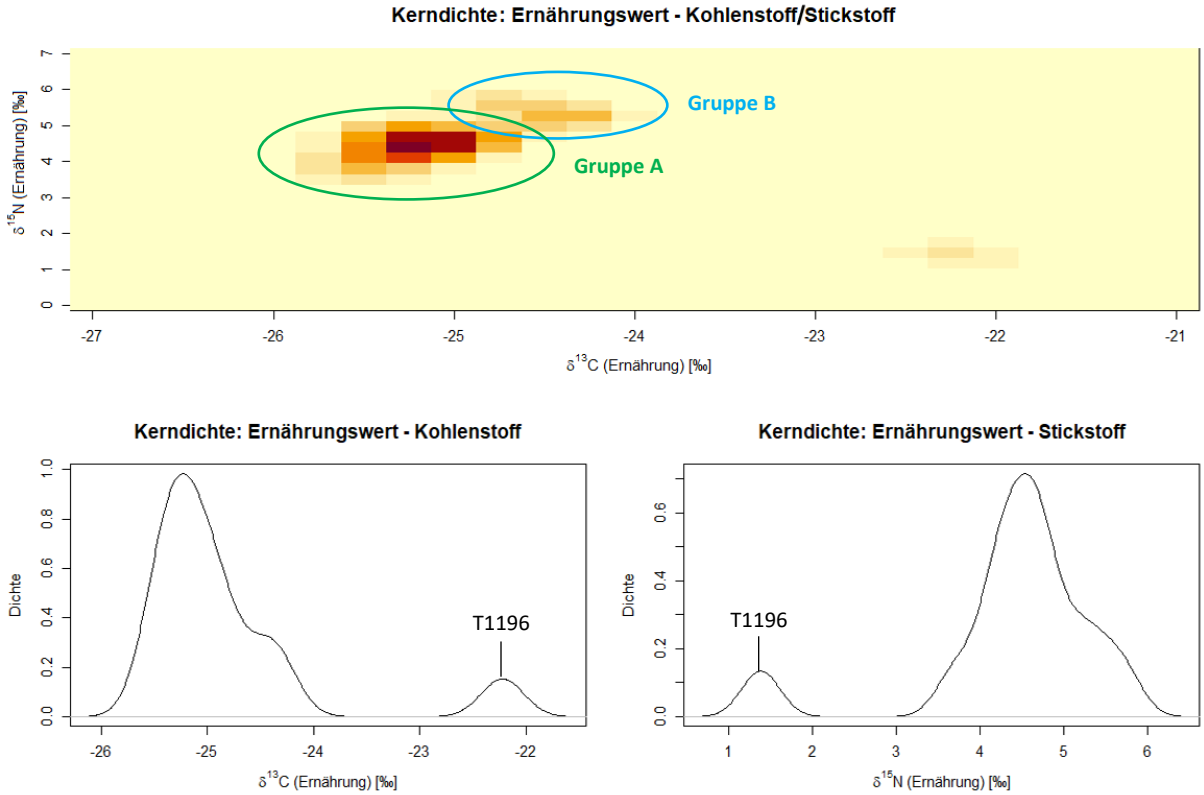


Abbildung 58: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Theopetra. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Kerndichte-Plots der Population aus Theopetra (Abb. 58) besteht aus einer starken Dichtewolke, die sich um den Kohlenstoffisotopenwert -25,0 ‰ und den Stickstoffisotopenwert 4,5 ‰ sammelt. Jedoch spaltet sich von der Hauptwolke, die als Gruppe A bezeichnet wird (Abb. 58 grün), eine kleinere Datensammlung (Gruppe B) ab (Abb. 58 hellblau), die einen leicht erhöhten Stickstoff- und Kohlenstoffisotopenwert aufweist (Abb. 58). In der eindimensionalen Stickstoffabbildung ist diese Anhäufung nicht zu erkennen, weil die Abweichung minimal ist, der Kohlenstoffplot hingegen spiegelt die Anhäufung in Form einer breiten Terrasse am Peak wider (Abb. 58). Mit einem niedrigen Stickstoff- und Kohlenstoffisotopenwert gibt es eine weitere Datenansammlung. Hierbei handelt es sich aber um einen einzelnen Ausreißer (T1196) und nicht um eine eigenständige Gruppe.

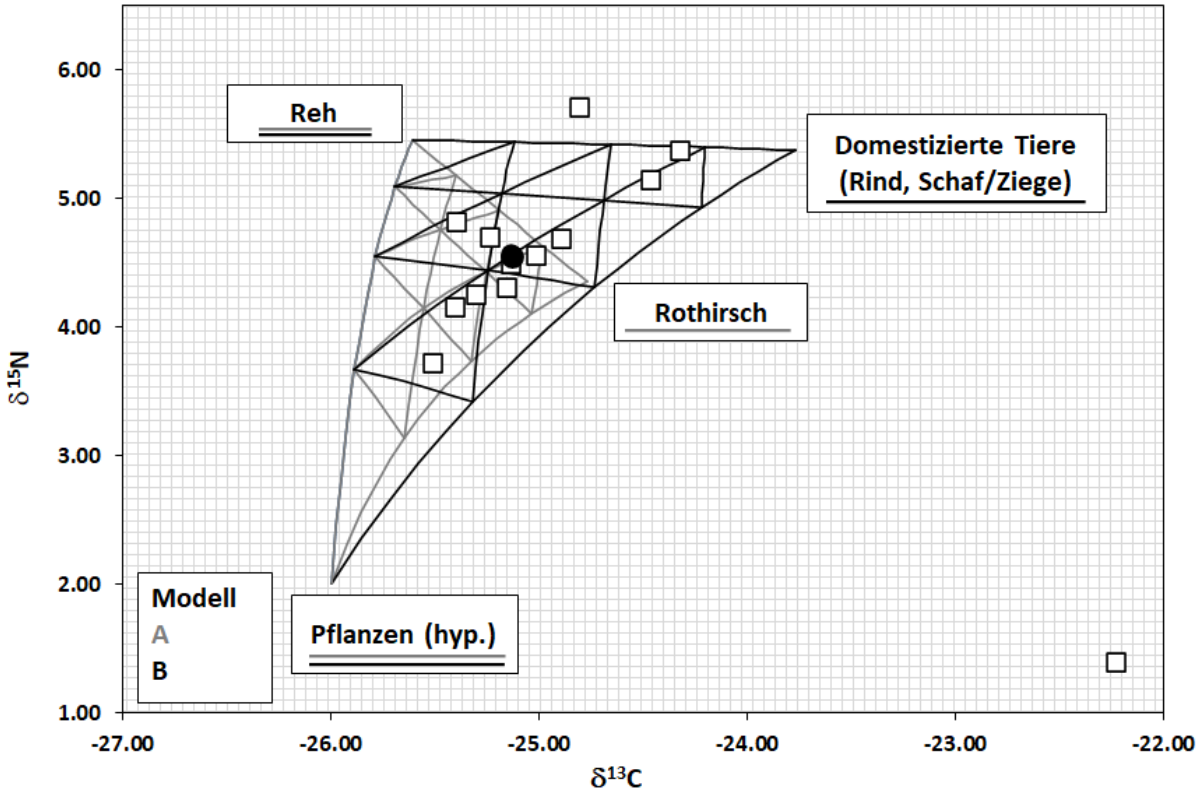


Abbildung 59: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Theopetra. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene; **Punkt**: Median. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Reh (26,4 %), Rothirsch (60,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (12,8 %), Reh (24,7 %), Domestizierte Tiere (30,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (45,3 %).

Für Theopetra können die gleichen IsoConc-Mischungsmodelle verwendet werden wie für Mavropigi auch (Abb. 59). Die Tiernahrungsquellen und deren Isotopenwerte sind dieselben, da aufgrund der geringen Tierdaten die Tierwerte für die Festlanddaten zusammengefügt wurden. Mit dem Modell aus C_3-Pflanzen und Wild (Modell A) gibt es fünf Individuen, die nicht von Netz erfasst werden, was bei dem Datensatz 39 % sind. Bei dem Modell aus Pflanzen, Wild und domestizierten Tieren werden zwei Individuen nicht in das Nahrungsnetz eingeschlossen, die beiden Ausreißer T1191 und T1196. Diese beiden Individuen liegen auch außerhalb des Nahrungsnetzes, wenn man Pflanzen, Reh und Rothirsch als Endpunkte wählt. Beide Modelle unterscheiden sich grundlegend. Während in Modell B Pflanzen mit 45,3 % die Hauptproteinquelle darstellen, nimmt in Modell A Rothirsch mit 60,8 % diese Stellung ein. Reh ist in den Modellen fast identisch (Modell A: 26,4 %, Modell B: 24,7 %). Domestizierte Tiere sind jedoch als Quelle nicht zu vernachlässigen, da sie mit 30,0 % 1/3 der Biomasse in Modell B bilden. IsoConc deutet an, dass der Fleischkonsum höher ist als in Mavropigi, wie es auch schon die Stickstoffisotopenwerte der Menschen aus Theopetra vermuten lassen (Abb. 59).

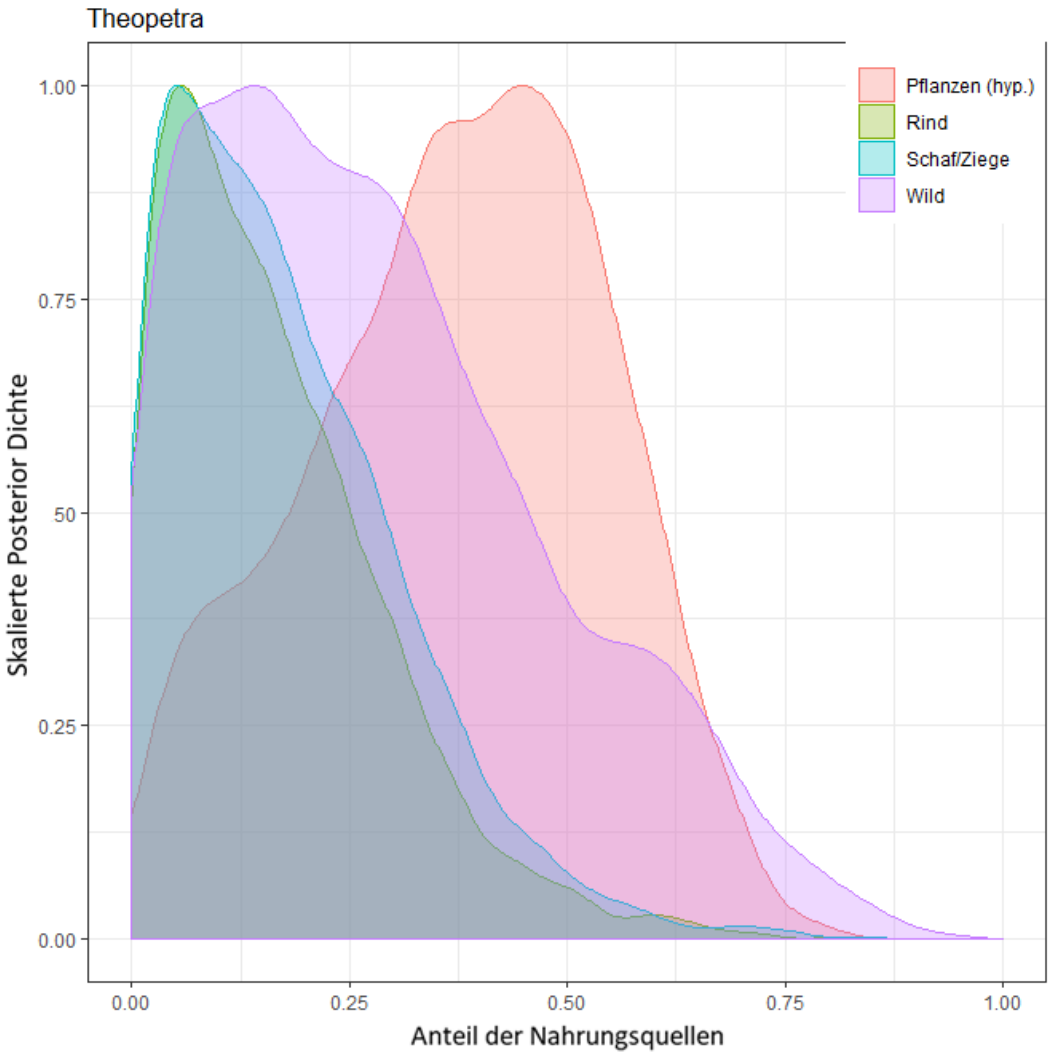


Abbildung 60: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Theopetra. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Wild (µ: 28,3 %), Rind (µ: 16,5 %), Schaf/Ziege (µ: 17,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 37,3 %).

Für die Bevölkerung aus Theopetra kann in **MixSIAR** dasselbe Basismodell wie schon für Mavropigi verwendet werden. Dieses besteht aus den Endmembern Pflanzen, Rind, Schaf/Ziege und Wild, welches erneut aus Reh und Rothirsch berechnet werden muss.

Pflanzen nehmen mit 37,3 % (sd: 16,8 %) den größten Teil der Mischung ein. Doch insgesamt überwiegt der Fleischanteil von Wild und domestizierten Tieren. Pflanzen, Wild und domestizierte Tiere machen jeweils knapp 1/3 der Ernährung aus, da Rind (µ: 16,5 %; sd: 12,8 %) und Schaf/Ziege (µ: 17,8 %; sd: 13,5 %) zusammen ca. 34 % der Biomasse einnehmen und Wild ebenfalls einen Anteil von 28,3 % (sd: 19,7 %) besitzt. Der Anteil von Fleisch in der Biomasse und folglich auch in der Ernährung der Bevölkerung aus Theopetra, wie er sich schon im IsoConc-Modell angedeutet hat (Abb. 59), wird vom MixSIAR-Modell unterstützt.

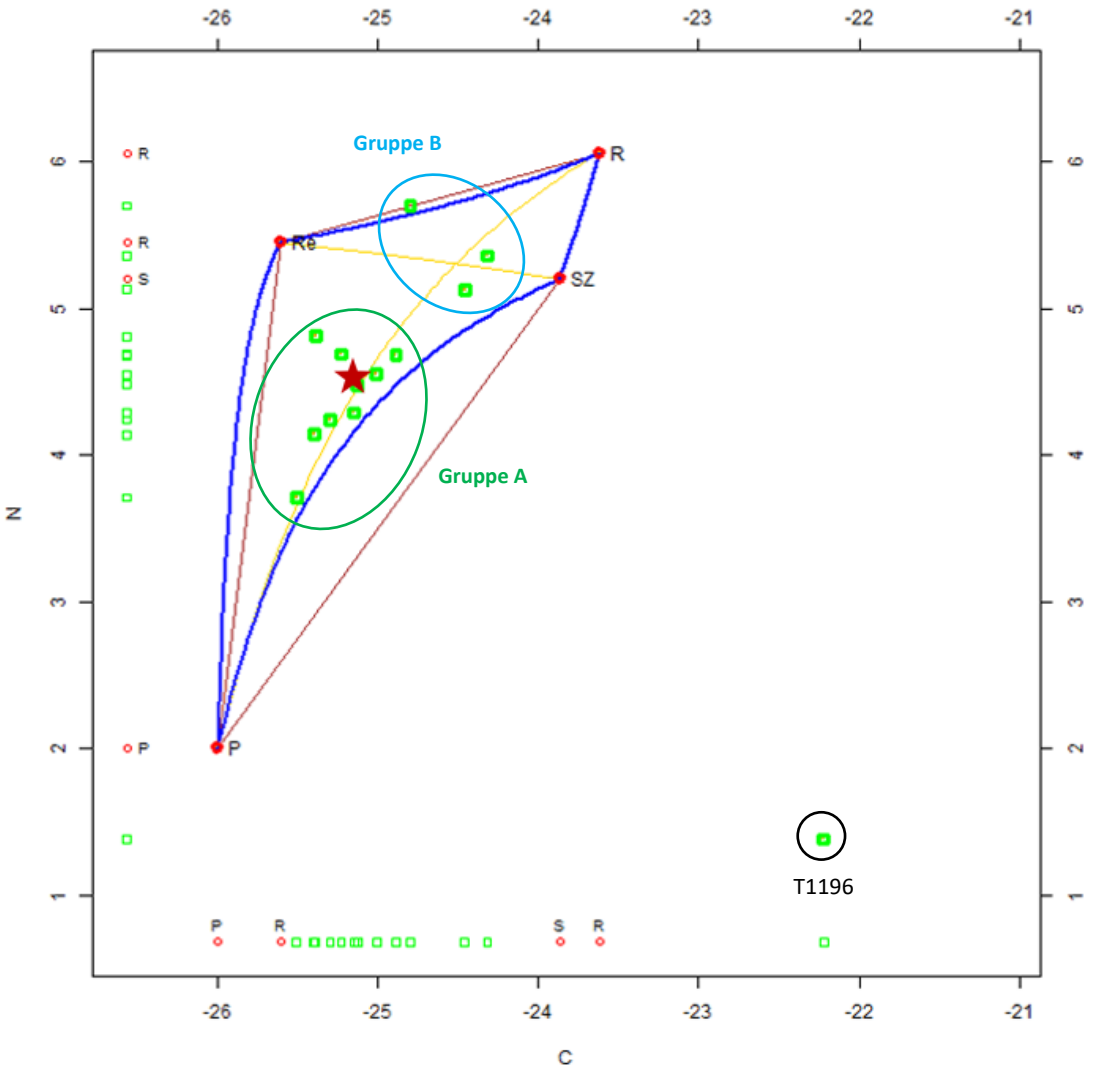


Abbildung 61: Konzentrationsbasiertes 4-Endmember-Mischungsmodell (4-Q-Modell) der Population aus Theopetra (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **Re**: Reh (µ: 7,3 %), **R**: Rind (µ: 14,8 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 16,8 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 61,1 %).

Tatsächlich können für Theopetra die identischen Nahrungsnetze in **SISUS** erfolgreich generiert werden wie für die Population aus Mavropigi (Abb. 56). Im 4-Endmember-Modell (Abb. 61) weisen Pflanzen einen Biomasseanteil von 61,1 % auf, wohingegen Fleisch insgesamt knapp 40 % in der Biomasse ausmacht (µ Schaf/Ziege: 16,8 %; µ Rind: 14,8 %, µ Reh: 7,3 %). Domestizierte Tiere sind in diesem Modell mit ihrem Anteil höher als Wild. Das 5-Quellen-Modell (Abb. A 145), mit den Nahrungsquellen Reh, Rothirsch, Schaf/Ziege, Rind und Pflanzen, hat ein abweichendes Ergebnis mit geringer Abweichung im Biomassenanteil der Nahrungsquellen. Der Anteil von Pflanzen sinkt auf 46,0 % ab, aber bildet damit immer noch den wichtigsten Endmember. Der Anteil von domestizierten Tieren sinkt ebenfalls etwas (µ Rind: 10,0 %, µ Schaf/Ziege: 11,1 %). Dafür steigt der Wildanteil enorm an: Reh steigt im Anteil auf 12,4 % und Rothirsch ist mit 20,5 % die wichtigste Fleischquelle in diesem Modell. Man muss hierbei jedoch die Problematik beachten, die die Aufnahme von Rothirsch in das Nahrungsnetz mit sich bringt, nämlich die potentielle Überrepräsentanz einer Nahrungsquelle. Der Populationsmedian von Theopetra liegt sehr nahe am Tierdatenpunkt (Abb. A 146), wodurch es zu

Überrepräsentanz des Anteils kommen kann, was mit dem Fundgut abgeglichen und diskutiert werden muss.

Der Ausreißer T1196 hebt sich deutlich vom Nahrungsnetz und den restlichen Individuen ab (Abb. 61). Das Individuum zeigt eine andere Ernährungsweise auf, als die restliche Population aus Theopetra. Zusätzlich deutet sich durch die Gruppenbildung, in welcher Individuen einen höheren Biomasseanteil an tierischem Protein in der Ernährung haben (Abb. 61 Gruppe B), ein nicht egalitäres Sozialgefüge an.

Tabelle 15: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Theopetra**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.*allgemein für das Nelithikum in Griechenland

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Papathanasiou 2015	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
Primär C_3-basierte terrestrische Ernährung: Pflanzen und auch Fleisch	C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide
Fleisch: hauptsächlich von domestizierten Tieren	Fleischverzehr mittelmäßig: Mischung aus Wild und domestizierten Tieren
Anteil an Tierprotein nicht bestimmbar	Anteil an Tierprotein bestimmbar

Die bivariate Interpretation und das konzentrationsabhängige Mischungsmodell sind sich sehr ähnlich (Tab. 15). Die Ernährung zeigte ein terrestrisches Signal, welches primär durch C_3-Pflanzen geprägt ist. Wie auch schon im Vergleich der Ergebnisse für Mavropigi unterscheiden sich die Auswertungsmethoden bei der Auslegung des Fleischkonsums. Das Mischungsmodell unterstreicht zwar das Ergebnis, dass domestizierte Tiere einen großen Teil des Fleischverzehrs ausmachten, doch der Wildanteil zeigt, dass Wild immer noch Teil der Ernährung war. Folglich war die Jagd, selbst mit der Anwendung der Domestikation noch Teil der Subsistenzökonomie. Die ursprüngliche Auswertung (Papathanasiou 2015) schließt Wild in der Ernährung nicht explizit aus oder verneint sie, doch hält die Jagd von Wild nicht mehr für relevant für die Wirtschaftsweise. Ein großer Punkt, welcher hierbei möglicherweise Einfluss nimmt und schon in der Literatur (Papathanasiou 2015) als Problem kritisiert wird, ist die fehlende Möglichkeit, nur mittels Kollagenisotopie auf den Tierproteinanteil zu schließen. Im konzentrationsbasierten Mischungsmodell, unabhängig vom ausgewählten Programm, ist dies kein Problem mehr.

4.3.5 Xirolimni

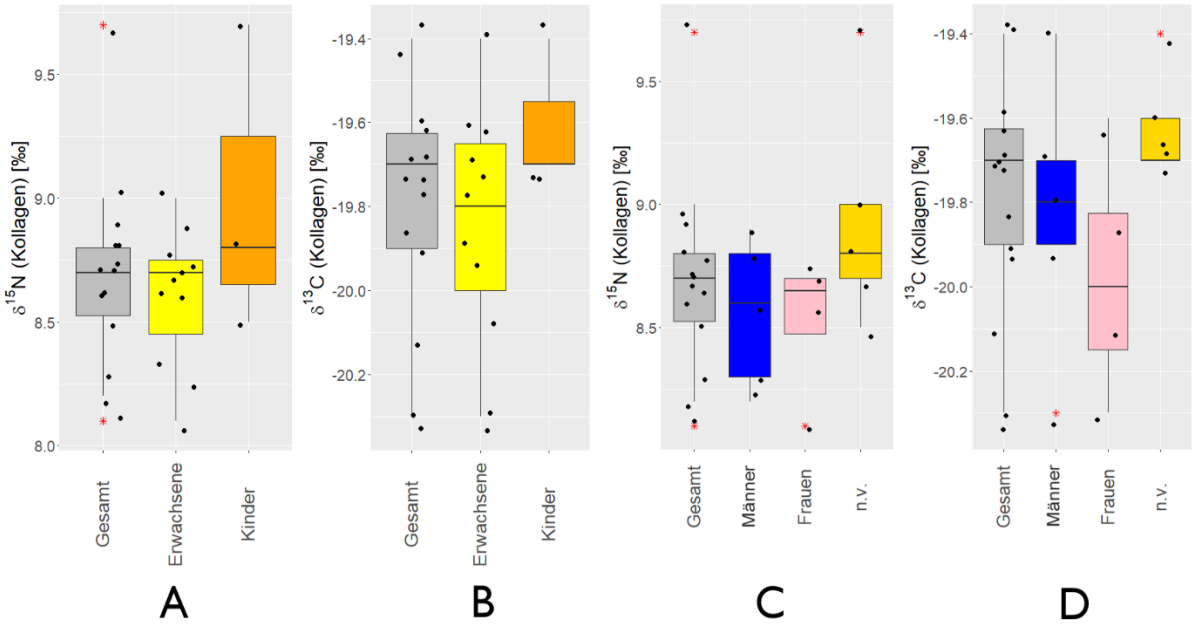


Abbildung 62: Boxplots der Daten aus Xirolimni. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *n.v.*: nicht vorhanden.

Die Daten aus Xirolimni (n = 14) zeigen in ihrer Gesamtverteilung nur einen Ausreißer: Individuum X12, ein dreijähriges Individuum, dass einen höheren Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,70 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,70 ‰) aufweist als die restliche Population mit einer recht kompakten $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Spanne von 8,20 ‰ bis 9,00 ‰. Im Vergleich zu den restlichen Kindern ist Individuum X12 mathematisch gesehen nicht auffällig (Abb. 62), fällt allerdings bei der Geschlechtsverteilung bei den nicht bestimmbaren Individuen statistisch als Ausreißer sowohl im Stickstoffisotopenwert, wie auch im Kohlenstoffisotopenwert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,40 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,40 ‰) auf (Abb. 62). Da es möglicherweise einen Stilleffekt in diesem Individuum gibt, wird es für den Populationsmedian jedoch ausgeschlossen.

Tabelle 16: Datentabelle der Populationen aus Griechenland (Papathanasiou 2015). **X**: Xirolimni, **ad**: erwachsen, **nv**: nicht vorhanden, **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
X1	35-40	m	3,20	16,20	8,80	5,80	43,80	-19,70	-24,70
X2	35	m	3,20	16,40	8,60	5,60	44,80	-19,90	-24,90
X3	30-40	w	3,20	15,60	8,70	5,70	42,50	-19,60	-24,60
X4	35	m	3,30	8,70	8,20	5,20	24,40	-19,80	-24,80
X5	25-30	w	3,50	5,10	8,70	5,70	15,50	-20,30	-25,30
X6	20	m?	3,10	16,30	8,30	5,30	44,00	-20,30	-25,30
X7	25-30	w	3,10	16,50	8,60	5,60	44,40	-19,90	-24,90
X8	3 bis 4	nv	3,10	16,50	8,50	5,50	44,30	-19,70	-24,70
X9	45-50	m	3,20	15,40	8,90	5,90	42,00	-19,40	-24,40
X10	25-30	w?	3,30	15,00	8,10	5,10	41,80	-20,10	-25,10
X11	30-50	nv	3,20	15,80	9,00	6,00	43,10	-19,60	-24,60

X11a	9	nv	3,20	15,70	8,80	5,80	43,00	-19,70	-24,70
X12	3	nv	3,20	16,80	9,70	6,70	45,20	-19,40	-24,40
X12a	ad	nv	3,20	15,80	8,70	5,70	43,50	-19,70	-24,70

In der Gruppe der Männer (n = 5) gibt es einen weiteren Ausreißer, der mit seinem negativen Kohlenstoffisotopenwert in der Gruppe hervorsticht: X6 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,30 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,30 ‰). Dieses Individuum ist bezüglich seines Stickstoffisotopenwertes unauffällig und weicht nur leicht von der Population ab. Der Wertebereich für den $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Wert der gesamten Population ist sehr niedrig und reicht von -20,30 ‰ bis -19,40 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,40 ‰ bis -25,30 ‰).

Die alters- und geschlechtsspezifischen Unterschiede sind nicht signifikant (Alter: p_N = 0,39; p_C = 0,24; Geschlecht ♂/♀: p_N = 0,80; p_C = 0,54), weshalb der Gesamtmedian für die populationsbezogene Ernährungsrekonstruktion verwendet wird.

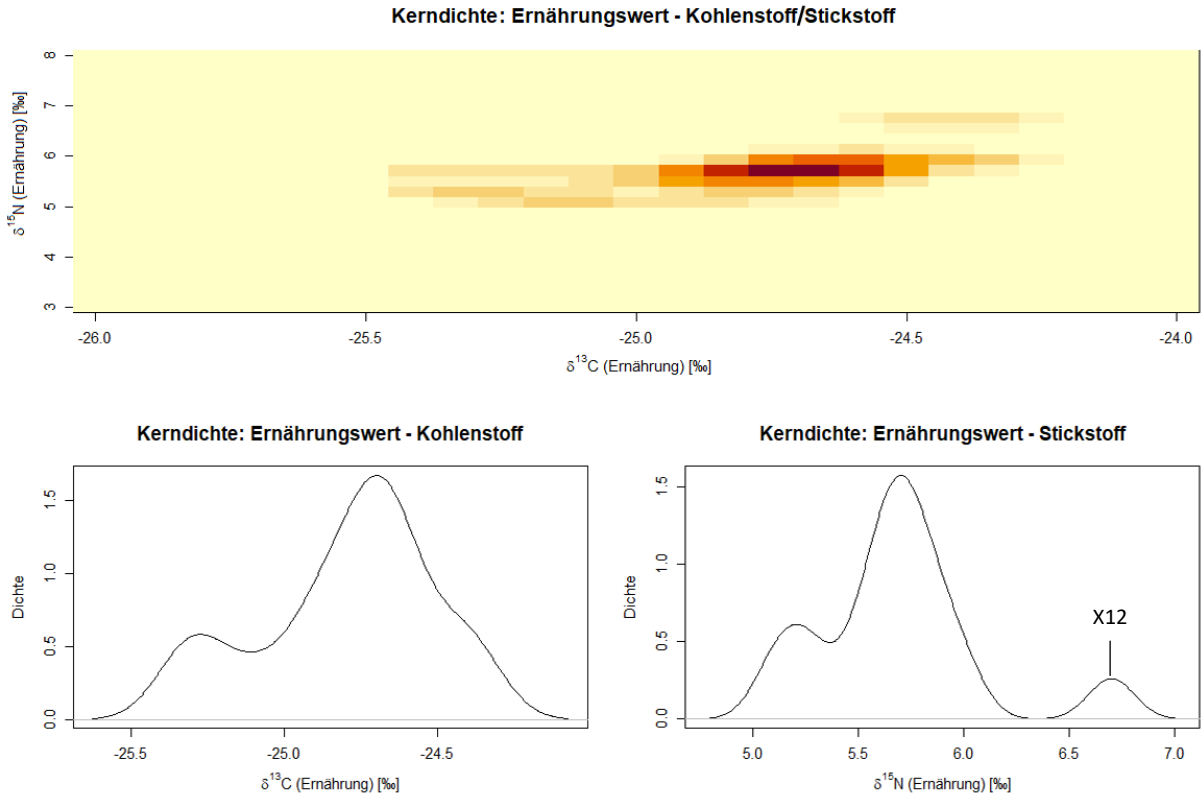


Abbildung 63: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Xirolimni. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Kerndichte des Datensatzes der Menschen aus Xirolimni ist sehr variabel. Es gibt einen Dichtekern, der jedoch stark im Kohlenstoffisotopenwert ausfächert (Abb. 63). Die eindimensionalen Abbildungen (Abb. 63) zeigen eine eindeutigere Verteilung der Daten. Im Kohlenstoff gibt es zwei Peaks: die größte Dichte liegt zwischen -24,5 ‰ und -25,0 ‰. Ein weiterer, schwächerer Peak erscheint bei einem negativeren Kohlenstoffisotopenwert. Im Stickstoff gibt es sogar drei Peaks. Die größte Dichte liegt zwischen 5,5 und 6,0 ‰. Ein schwächerer Peak (n = 3; X4, X6, X10) zeigt sich bei einem weniger positiven Stickstoffisotopenwert von fast 5,2 ‰. Der dritte Peak schließlich liegt zwischen 6,5 ‰ und

7,0 ‰, wobei dieser Peak durch einen Ausreißer entsteht, dem dreijährigen Kind X12. Aufgrund dieser Datenverteilung kristallisiert sich eine Hauptgruppe aus dem Datensatz heraus.

Sämtliche Versuche, Mischungsmodelle für Xirolimni mit **IsoConc** und **SISUS** zu erstellen waren erfolglos, da die Isotopensignale der vorhandenen Tierknochen als Nahrungsquellen ungeeignet waren (Abb. A 48). Die Kohlenstoffisotopenwerte der Menschen sind ähnlich wie denen aus Alepotrypa (n = 15; p_C = 0,36; α = 0,05) und Theopetra (n = 13; p_C = 0,14; α = 0,05), aber signifikant abgereichert im Vergleich zu Franchthi (n = 5; $p_C = 1{,}31*10^{-3}$; α = 0,05) und signifikant angereichert im Vergleich zu Mavropigis Daten (n = 11; $p = 1{,}73*10^{-3}$, α = 0,05). Die Stickstoffisotopenwerte sind merklich erhöht und weichen daher signifikant zu den Daten der anderen griechischen Fundorte ab (A/X: $p_N = 1{,}55*10^{-6}$; M/X: $p_N = 2{,}91*10^{-04}$; T/X: $p_N = 1{,}23*10^{-4}$; α = 0,05), abgesehen von Franchthi (p_N = 0,78; α = 0,05).

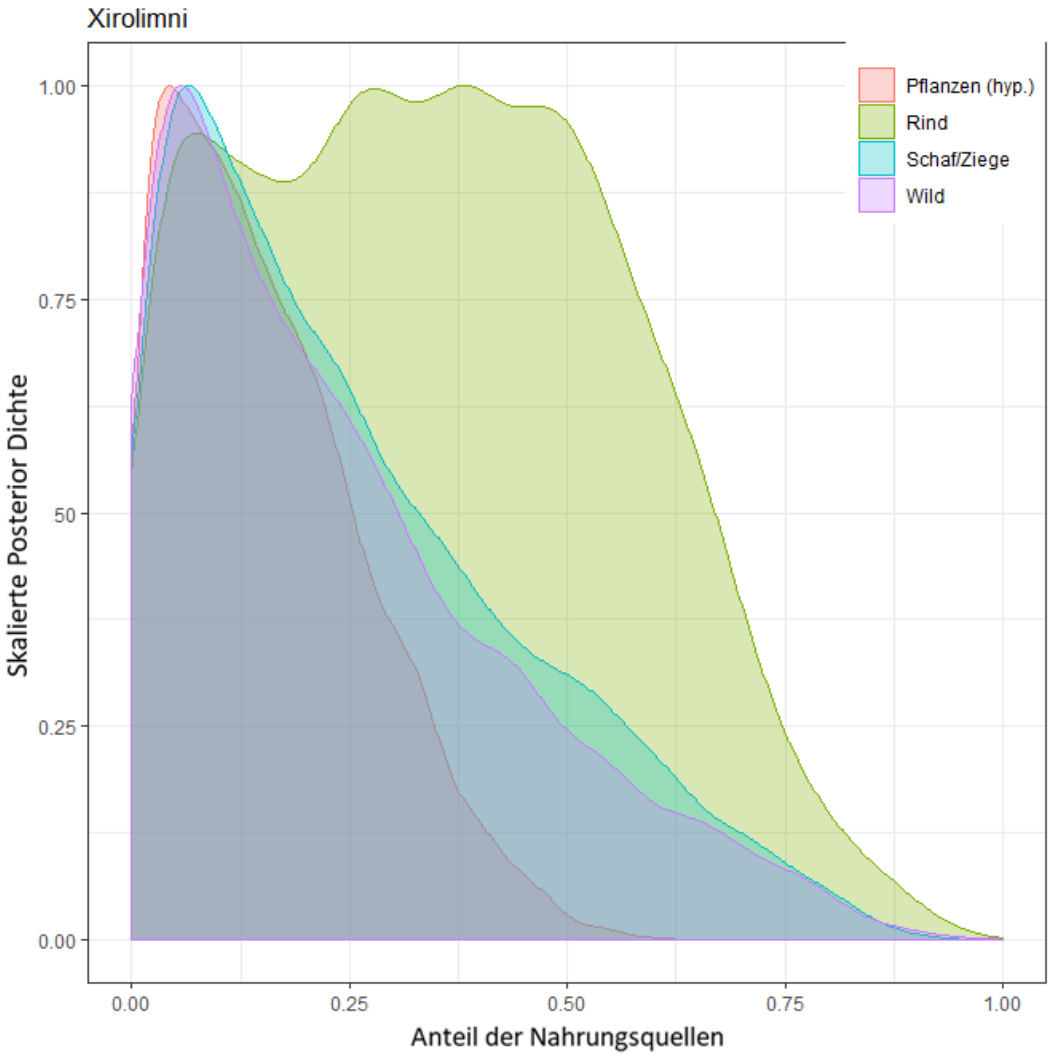


Abbildung 64: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Xirolimni (ohne subadultes Individuum X12). Erstellt mit MixSIAR. Wild (μ: 24,0 %), Rind (μ: 34,9 %), Schaf/Ziege (μ: 25,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (μ: 15,7 %).

Mit **MixSIAR** konnte allerdings ein Modell mit den terrestrischen Nahrungsquellen des griechischen Festlands (Tab. A 4) verwendet werden, wie schon für Mavropigi und Theopetra. Pflanzen spielen im Vergleich zu den bisherigen Modellen nur eine untergeordnete Rolle (MW: 15,7 %; sd: 11,4 %). Fleisch

von Wild und domestizierten Tieren hatten zusammen einen Ernährungsbeitrag von knapp 84 %. Getrennt betrachtet machten Wild (Reh und Rothirsch) 24 % (sd: 19,8 %) der Ernährung aus, Rind hat einen Anteil von 34,9 % (sd: 21,3 %) und Schaf/Ziege nimmt 25,4 % (sd: 19,9 %) in der Ernährung ein. Das MixSIAR-Modell für Xirolimni ist daher sehr fragwürdig, wo doch Xirolimni signifikant unterschiedlich zu Mavropigi und Theopetra ist. Zusätzlich fällt im Modell (Abb. 64) auf, dass die Spanne für den Anteil von Rind sehr breit gespannt ist und in der Simulation gleichermaßen wahrscheinlich ist. Die Fassung des Modells ist also nicht sehr gut und deutet auch hier an, obwohl ein Ergebnis erstellt wurde, dass das Modell für Xirolimni nicht ausreicht.

Tabelle 17: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Xirolimni**. Linke Spalte: ursprüngliche Originalinterpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Papathanasiou 2011; Papathanasiou 2015	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: MixSIAR, Kerndichte
C_3-Pflanzen-basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide	C_3-Pflanzen basierte Ernährung: Mischung aus Hülsenfrüchten und Getreide
Anteil tierischen Proteins nicht bekannt, aber höher als bei Populationen in anderen neolithischen und post-neolithischen Populationen	Fleischverzehr verhältnismäßig hoch: Mischung aus Wild und domestizierten Tieren

Die bivariate Auswertung (Papathanasiou 2011; Papathanasiou 2015) und die Auswertung mittels konzentrationsabhängiger Mischungsmodelle unterscheidet sich kaum. Die Ernährung setzt sich aus C_3-Pflanzen zusammen, wobei der Anteil an Fleisch im Verhältnis zu den anderen neolithischen Fundorten im Festland Griechenlands sehr hoch ist. Bereits in der bivariaten Auswertung (Papathanasiou 2011; Papathanasiou 2015) vermutete man einen höheren Anteil an tierischem Protein in der Ernährung, auch wenn der genaue Anteil bestimmt werden konnte. Zwar ist das Mischungsmodell von Xirolimni etwas bedenklich, da es nur ein MixSIAR-Modell als Ergebnis ist, dieses Modell unterstützt jedoch das bivariate Ergebnis, welches von einem hohen Anteil an tierischem Protein in der Ernährung ausgeht. Im Mischungsmodell konnte die Tierquelle näher in Wild und domestizierte Tiere aufgeteilt und bestimmt werden. Dennoch ist das Modell sehr kritisch zu betrachten, da das Mischungsmodell für IsoConc und SISUS unbestimmt ist. MixSIAR gibt grundsätzlich ein Ergebnis aus, ungeachtet von der Passung, weshalb das Ergebnis stark hinterfragt werden muss.

4.3.6 Kurzfazit: Griechenland

Die neolithische Transition, welche die Domestikation von Tieren und Pflanzen als kulturelles Gut weiterträgt, ist eine der wichtigsten Abschnitte der menschlichen Kultur. Durch das Wissen über die Haltung von Tieren, kann man vermuten, dass der Konsum von Fleisch ansteigt und als Proteinquelle im Vordergrund steht. Die neolithischen Siedlungen aus Griechenland sind für das Verständnis der neolithischen Transition und deren Adaptation ein wichtiger Wegweiser. Die Mischungsmodelle der fünf Siedlungen (Alepotrypa, Franchthi, Mavropigi, Theopetra, Xirolimni) zeigen, dass Fleisch als Proteinquelle, im Vergleich zu Nevalı Çori, durchaus ansteigt. Die primäre Proteinquelle stellen jedoch immer noch Pflanzen dar. Ebenso spielt auch immer noch die Jagd eine Rolle, obwohl man annehmen könnte, dass domestizierte Tiere das Jagdwild verdrängen, weil nun eine sichere Fleischquelle vorliegt. Die traditionelle Ernährungsstrategie ändert sich also nicht.

Die Haltung von Haustieren besitzt jedoch noch weitere Ebenen, die über die Ernährung hinausgehen wie z.B. Prestige und Ansehen. Tatsächlich zeigen sich mögliche soziale Differenzen in den Ergebnissen. Sowohl die individuellen Daten wie auch die Kerndichte zeigen, dass es gruppenbasierte Unterschiede in der Ernährungsweise gibt. Es kann also davon ausgegangen werden, dass die neolithischen Populationen bereits eine nicht-egalitäre Gesellschaftsstruktur hatten, in der manche Menschen einen besseren Zugang zu tierischem Protein hatten als die Hauptbevölkerung.

4.4 Serbien

4.4.1 Lepenski Vir

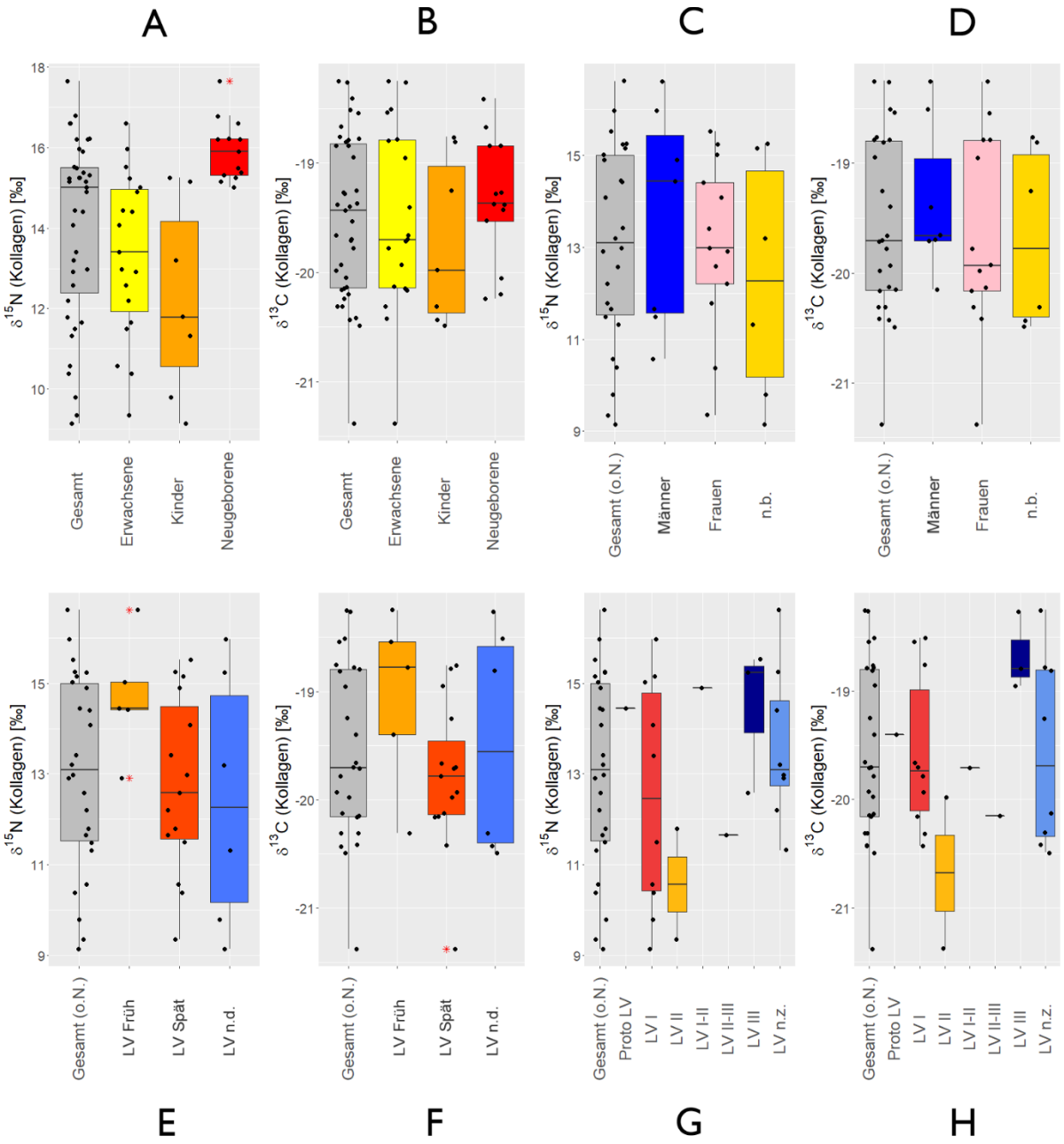


Abbildung 65: Boxplots der Daten aus Lepenski Vir. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **E**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **F**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **G**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen; **H**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen. *LV Früh*: vor 6300 v. Chr., *LV Spät*: nach 6300 v.Chr., *o.N.*: ohne Neugeborene, *n.b.*: nicht bestimmbar, *n.d.*: nicht datiert, *n.z.*: nicht zugeordnet.

Lepenski Virs Datensatz (n = 39; Tab. 18) ist sowohl im $\delta^{15}N$ wie auch im $\delta^{13}C$ sehr variabel und weist weite Wertespannen auf. Die Isotopendaten der Individuen aus Lepenski Vir sind in Tabelle 18 aufgeführt. Eine Zusammenfassung dieser Daten in Form der statistischen Parameter kann in Tabelle A 11 eingesehen werden.

Tabelle 18: Datentabelle der Populationen aus **LV**: Lepenski Vir (Borić et al. 2004). **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil, **neo**: neonat, **nb**: nicht bestimmbar, **G.**: Geschlecht, **m**: männlich, **w**: weiblich, **bis 6300**: bis 6300 v.Chr., **nach 6300:** nach 6300 v.Chr., **nd**: nicht datiert, **nz**: nicht zugeordnet. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	G.	Phase	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
LV7/Ia	spad	m	Id	nach 6300	3,31	7,43	11,49	8,49	21,1	-19,7	-24,7
LV11	14	nb	Ib-c	nach 6300	3,33	14,98	15,15	12,15	42,69	-18,76	-23,76
LV14	jad	w	II	nach 6300	2,91	10,53	9,35	6,35	26,28	-21,38	-26,38
LV17	juv	w	II	nach 6300	3,22	14,61	11,79	8,79	40,31	-19,98	-24,98
LV19	spad	w	IIIa	nach 6300	2,93	16,95	15,52	12,52	42,53	-18,95	-23,95
LV26	jad	m	I	nach 6300	3,49	8,2	10,57	7,57	24,55	-19,66	-24,66
LV32b	spad	w	IIIb	6080 – 5720 v. Chr.	2,86	14,44	12,58	9,58	35,38	-18,79	-23,79
LV41	fad	w	nz	bis 6300	2,98	17,95	14,41	11,41	45,89	-18,78	-23,78
LV42a	adult	m	II-III	nach 6300	3,36	15,37	11,65	8,65	44,32	-20,15	-25,15
LV42b	spad	w	IIIa	nd	2,99	16,36	15,24	12,24	41,88	-18,26	-23,26
LV47	spad	w	Ic	bis 6300	3,04	16,16	15,02	12,02	42,08	-18,54	-23,54
LV54b	spad	w	Ib	nach 6300	2,98	14,74	10,38	7,38	37,61	-19,78	-24,78
LV54c	spad	w	Ib	nach 6300	3,44	14,64	14,08	11,08	43,2	-20,16	-25,16
LV54d	spad	w	Ib	nach 6300	3,17	10,75	13,41	10,41	29,24	-19,93	-24,93
LV64	spad	m	I-II	nach 6300	3,09	15,97	14,9	11,9	42,31	-19,71	-24,71
LV68	sen	w	nz	bis 6300	3,15	11,92	12,91	9,91	32,2	-20,31	-25,31
LV69	spad	m	Proto	bis 6300	3,22	11,76	14,44	11,44	32,43	-19,4	-24,4
LV70	spad	m	Ib-c	nd	3,23	16,18	15,97	12,97	44,83	-18,51	-23,51
LV72	2 – 4	nb	nz	nd	3,25	13,98	11,32	8,32	38,96	-20,49	-25,49
LV84	3 – 4	nb	?	nd	3,24	14,3	13,2	10,2	39,65	-18,81	-23,81
LV89b	5	nb	nz	nach 6300	3,32	16,26	15,25	12,25	46,19	-19,25	-24,25
LV90	fad	m	nz	bis 6300	3,02	15,95	16,61	13,61	41,27	-18,25	-23,25
LV91	jad	w	nz	nach 6300	3,12	8,31	12,98	9,98	22,23	-20,42	-25,42
LV93	spad	w	nz	nach 6300	3,31	12,06	12,2	9,2	34,18	-20,13	-25,13
LV99	12 – 13	nb	Ia-e	nd	3,22	13,69	9,14	6,14	37,82	-20,31	-25,31
LV100	12 – 14	nb	Id-e	nd	2,99	14,56	9,79	6,79	37,34	-20,43	-25,43
LV63	neo	w	Id-e	nach 6300	3,37	15,58	15,49	12,49	45,01	-19,27	-24,27
LV94	neo	m	Id-e	nach 6300	3,12	13,03	15,16	12,16	34,79	-19,38	-24,38
LV101	neo	nb	Id-e	nach 6300	3,26	13,28	15,25	12,25	37,11	-19,37	-24,37
LV103	neo	m	Ia-e	nach 6300	3,47	19,24	17,66	14,66	57,14	-18,84	-23,84
LV107	neo	m	Ia-b	nach 6300	3,34	17,14	16,79	13,79	49,1	-18,41	-23,41
LV109a	neo	w	Ia-b	nach 6300	3,36	15,4	16,21	13,21	44,31	-19,43	-24,43
LV110	neo	w	Ia-b	nach 6300	3,3	16,01	16,23	13,23	45,29	-20,2	-25,2
LV111	neo	w	Ia-b	nach 6300	3,42	16,48	15,37	12,37	48,25	-20,05	-25,05
LV113	neo	w	Ia	nach 6300	3,36	16,01	15,02	12,02	46,15	-20,24	-25,24
LV116	neo	w	Ia-b	nach 6300	3,3	15,32	15,32	12,32	43,4	-19,53	-24,53
LV118	neo	w	Ia-c	nach 6300	3,22	14,78	15,9	12,9	40,75	-18,84	-23,84
LV125	neo	m	Ib	nach 6300	3,34	21,56	16,21	13,21	61,7	-19,28	-24,28
LV127	neo	w	Ib	nach 6300	3,19	12,26	16,6	13,6	33,5	-18,67	-23,67

Die Stickstoffisotopenwerte, gemessen im Kollagen, der gesamten Population liegen zwischen 9,14 und 17,66 ‰, wobei die Erwachsenen und die Kinder $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Werte zwischen 9,14 und 16,61 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,14 - 13,61 ‰) aufweisen und die Neugeborenen (n = 13) Werte zwischen 15,02 und 17,66 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 12,02 - 14,66 ‰) (Abb. 65). Die Stickstoffisotopenwerte der Erwachsenen unterscheiden sich nicht signifikant von den Werten der Kinder (Tab. 19), aber sowohl die Kinder, wie

auch die Erwachsenen unterscheiden sich im $\delta^{15}N$ signifikant von den Säuglingen (Tab. 19). Während der Stickstoffmedian der Erwachsenen und Kinder insgesamt bei 13,09 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 10,09 ‰) liegt, ist der Median der Säuglinge um fast eine Trophiestufe erhöht ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 15,90 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 12,90 ‰) und deutet daher auf einen Stilleffekt hin, weshalb für die Ernährungsrekonstruktion der Population die Säuglinge ausgeschlossen werden. Die $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Werte reichen zwar von -21,38 bis -18,25 ‰ (Abb. 65), weisen aber deutlich weniger Unterschiede in den Altersgruppen auf. Kinder und Erwachsenen nehmen Werte in der eben erwähnten Wertespanne ein; Neugeborene liegen mit Werten zwischen -18,41 und -20,24 ‰ ebenfalls in diesem Bereich.

Die $\delta^{13}C$-Werte der einzelnen Altersgruppen unterscheiden sich nicht signifikant (Tab. 19). Im Gegensatz zu den Stickstoffisotopenwerten, sind die $\delta^{13}C$-Mediane deutlich homogener (Erwachsene: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,70 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,70 ‰, Kinder: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,93 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,93 ‰, Säuglinge: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,37 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,37 ‰).

Tabelle 19: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) von **Lepenski Vir (LV)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	LV Erwachsene	LV Kinder	LV Neugeborene
LV Erwachsene	19	-	0,37	0,54
LV Kinder	7	0,33	-	0,38
LV Neugeborene	13	**$2{,}13*10^{-4}$**	**$9{,}98*10^{-4}$**	-

Tabelle 20: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Lepenski Vir (LV)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, * ohne Säuglinge, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	LV* ♂	LV* ♀	LV* n.b.
LV* ♂	7	-	0,23	0,43
LV* ♀	13	0,63	-	0,60
LV* n.b.	6	0,35	0,63	-

Die Werteunterschiede bei den verschiedenen Geschlechtergruppen (männlich, weiblich, nicht bestimmbar) sind sehr gering. Der Stickstoffisotopenwert der Männer (n = 7; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,44 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,44 ‰) ist zwar leicht erhöht im Vergleich zu den Frauen (n = 13; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 12,98 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,98 ‰) und den nicht bestimmbaren Individuen (n = 6; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 12,26 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,26 ‰) (Abb. 65), die Gruppen unterscheiden sich aber nicht signifikant (Tab. 20). Im Kohlenstoffisotopenwert unterscheiden sich die Geschlechtergruppen sogar noch weniger (Abb. 65), sodass es hier auch keine signifikanten Unterschiede gibt (Tab. 20).

Bezüglich der Datierung unterscheiden sich die $\delta^{15}N$-Mediane der Individuen, deren Datierung vor 6300 v. Chr. liegt ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,44 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,44 ‰) und derjenigen, die nach 6300 v. Chr. datiert wurden ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 12,58 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,58 ‰) zwar um knapp 2 ‰ (Abb. 65), doch diese Abweichung der Datensätze ist nicht signifikant (Tab. 21). Die Unterschiede zu den nicht datierten Individuen sind ebenso nicht signifikant (Tab. 21). Im Kohlenstoffisotopenwert sind die Spannen und

die Mediane der verschiedenen Datierungsgruppen sehr ähnlich (Tab. A 11) und diese sind zueinander nicht signifikant unterschiedlich (Tab. 21).

Tabelle 21: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Lepenski Vir (LV)** unterteilt nach Datierung. n = Probenzahl, * ohne Säuglinge; < 6300: vor 6300 v. Chr.; > 6300: nach 6300 v. Chr., n.d.: nicht datiert/nicht datierbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	LV* < 6300	LV* > 6300	LV* n.d.
LV* < 6300	5	-	0,10	0,46
LV* > 6300	15	0,10	-	0,91
LV* n.d.	6	0,32	0,79	-

Dasselbe Muster findet sich auch in den verschiedenen Phasen. Diese haben nur leicht abweichende Spannen und Mediane im $\delta^{15}N$-Wert und $\delta^{13}C$-Wert, wie man in Abbildung 65 deutlich sehen kann. Die Datengruppen weichen nicht signifikant voneinander ab (Tab. A 30). Untersucht man die Individuen getrennt nach Alter, Geschlecht oder Phasen auf ihre Datenverteilung, treten keine mathematischen Ausreißer auf. Sortiert man die Individuen nach Datierung, gibt es insgesamt drei Ausreißer. Zwei treten in der frühen Datierungsgruppe im Stickstoffisotopenwert auf, der milde Ausreißer LV90 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 16,61 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 13,61 ‰), ein adulter Mann, und der extreme Ausreißer LV68 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 12,91 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,91 ‰), eine Frau senilen Alters. Ein weiterer Ausreißer findet sich im $\delta^{13}C$-Datensatz der späten Datierung: LV14 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,38 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -26,38 ‰).

Die Kerndichte-Verteilung des Datensatzes aus Lepenski Vir zeigt eine geschlossene Dichtewolke (Abb. 66), die jedoch zwei Datenverdichtungen aufweist. Eine dieser Datenanhäufungen (n = 11) schneidet sich bei einem $\delta^{13}C$-Wert zwischen -23,0 ‰ und -24,0 ‰ und einem Stickstoffisotopenwert von ca. 12,0 ‰. Der zweite Dichtekern (n = 14) befindet sich bei einem $\delta^{13}C$-Signal von ungefähr -25,0 ‰ und einem $\delta^{15}N$-Wert zwischen 8,0 ‰ und 9,0 ‰. Es gibt einen leichten Auslauf der Wolke im $\delta^{13}C$-Wert bei -26 ‰. und einem Stickstoffisotopenwert von 6 ‰. Dies entsteht durch ein einzelnes Individuum (LV14). In den eindimensionalen Plots der Kohlenstoffdaten (Abb. 66) sind zwei Peaks definiert, auch wenn diese miteinander verbunden sind. In der Abbildung Stickstoffisotopenwert gibt es keinen klaren Peak (Abb. 66). Die Datenanhäufungen aus dem 2D-Plot sind im eindimensionalen Stickstoff-Plot nur in einem Peak angedeutet, dessen Spitze jedoch stark abflacht und sehr variable Werte andeutet. Trotzdem kann man aufgrund der Dichteverteilung zwei Gruppierungen innerhalb des Datensatzes erkennen und somit auf die Bevölkerung Lepenski Virs übertragen.

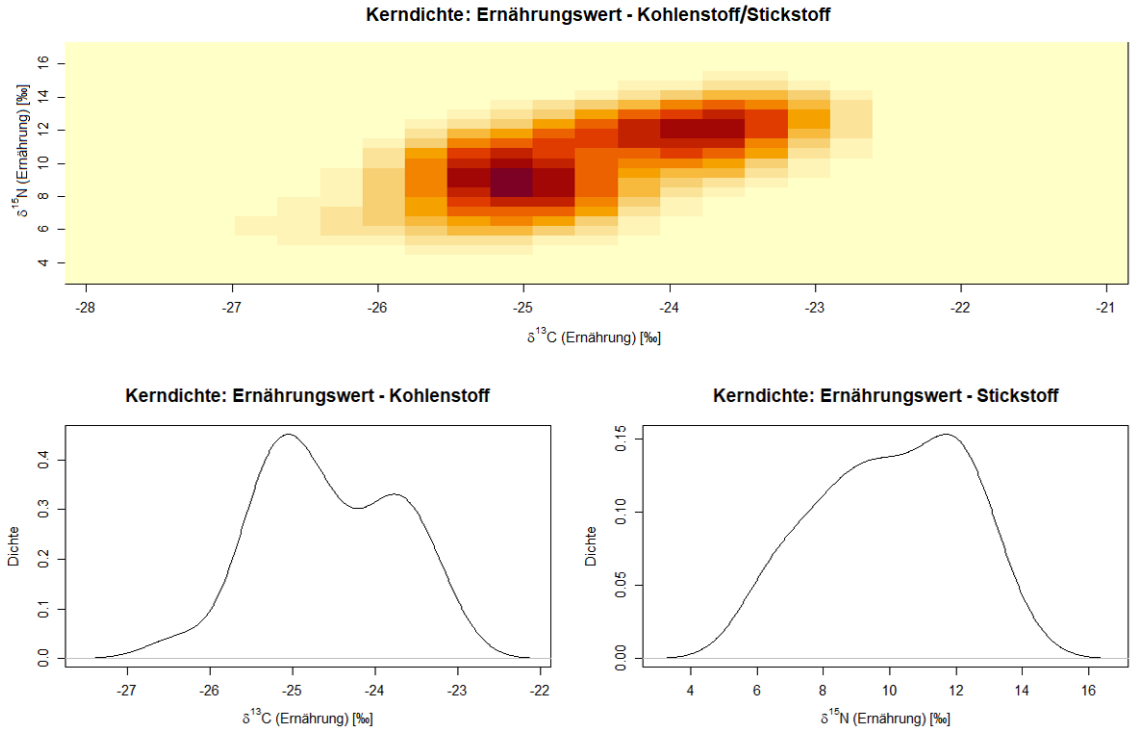


Abbildung 66: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Lepenski Vir (ohne Neugeborene, n = 26). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

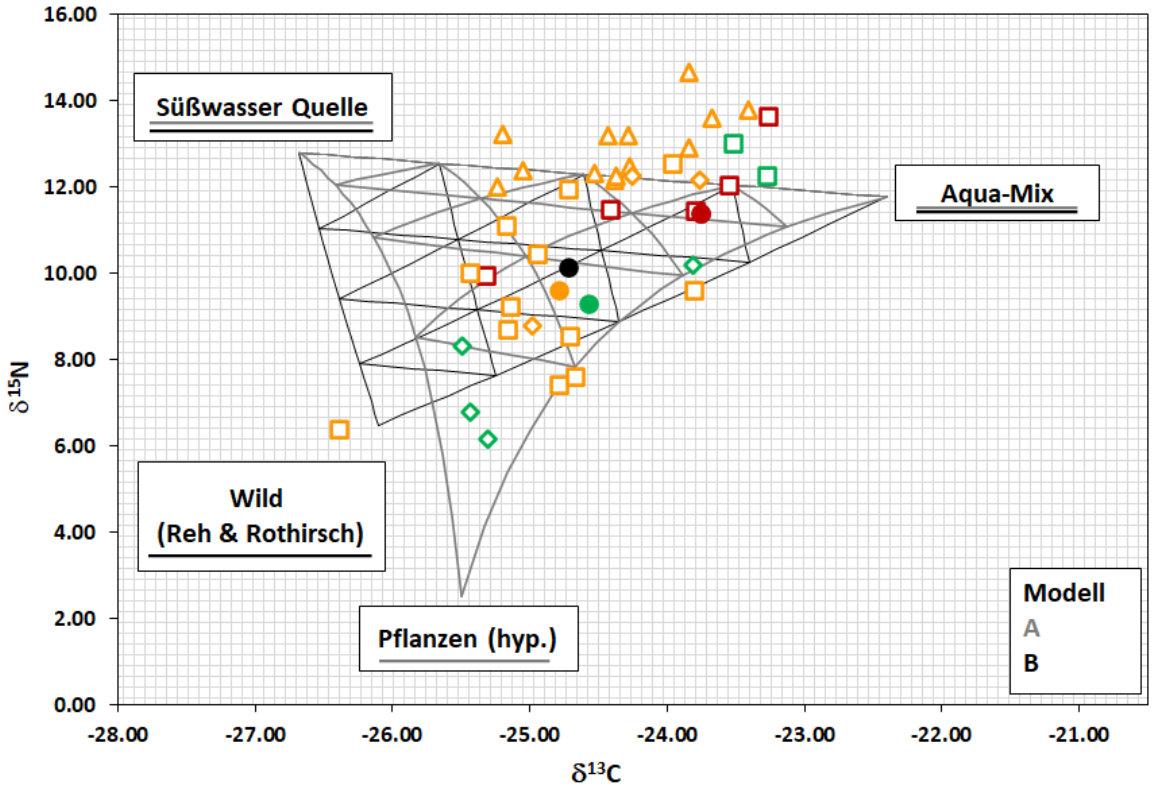


Abbildung 67: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Lepenski Vir. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder, **Dreieck**: Neugeborene; **Punkt**: Median; **Schwarz**: Gesamtpopulation, **Rot**: vor 6300 v. Chr., **Gelb**: nach 6300 v. Chr., **Grün**: nicht datiert. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gesamtpopulation: Süßwasser Quelle (16,1 %), Aqua-Mix Quelle (31,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (52,5 %), Süßwasser Quelle (23,8 %), Aqua-Mix Quelle (43,7), Wild (32,5 %); vor 6300 v. Chr.: Süßwasser Quelle (17,2 %), Aqua-Mix Quelle (62,2 %), Pflanzen (hypothetisch) (20,6 %), Süßwasser Quelle (22,7 %), Aqua-Mix Quelle (68,1 %), Wild (9,3 %); nach 6300 v. Chr.: Süßwasser Quelle (13,0 %), Aqua-Mix Quelle (27,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,5 %), Süßwasser Quelle (18,5 %), Aqua-Mix Quelle (40,8 %), Wild (40,7 %); nicht datiert: Süßwasser Quelle (6,5 %), Aqua-Mix Quelle (31,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (62,0 %), Süßwasser Quelle (9,5 %), Aqua-Mix Quelle (45,6 %), Wild (44,9 %).

Mit **IsoConc** lassen sich zwei verschiedene Modellansätze bestimmen (Abb. 67 Modell A, Abb. 67 Modell B). In beiden Modellen wird eine Süßwasserquelle und eine weitere aquatische Quelle eingesetzt, um das Nahrungsnetz zu lösen (Abb. 67). Beide Endmember sind aus dem Fundgut berechnete Werte (Tab. A 1). Die Süßwasserquelle wurde eine Trophieebene höher als ein Karpfen berechnet und simuliert somit einen Süßwasserjäger. Für die zweite aquatische Quelle (Aqua-Mix) gilt dies ebenfalls, nur dass ausgehend von den Störmedianwerten eine Trophieebene hochgerechnet wurde. Marine Jäger sind am Eisernen Tor sehr unwahrscheinlich, weil es sich um einen Süßwasserfluss handelt, weshalb die Quelle durch den internen Trophiestufeneffekt Störkaviar repräsentiert, da Stör als anadromer Fisch zum Laichen ins Süßwasser wandert. Gleichzeitig steht diese Quelle aber auch für einen potentiellen Jäger, wie schon bei der Süßwasserquelle, wenn man bedenkt, dass Süßgewässer sehr variabel in ihren Werten sein können (Kap. 1.6.2.2). Die zwei Nahrungsnetze unterscheiden sich im dritten Endpunkt. Während Modell A ein Nahrungsnetz mit Pflanzen spannt, entsteht das Netz in Modell B mit Wild, welches aus dem Median von Reh und Rothirsch berechnet wird. Jedoch ist ein Modell ohne pflanzliche Protein- und Nahrungsquelle nicht realistisch, sodass Modell B dazu dient zu überprüfen, welches tierische Protein überwiegt. Während in Modell A die Pflanzenquelle im Anteil überwiegt und knapp die Hälfte der Ernährung ausmacht (52,5 %), überwiegt in Modell B die Aqua-Mix-Quelle (43,7 %). Im Nahrungsnetz B sind die aquatischen Ressourcen die Hauptnahrungsquelle und machen zusammen sogar knapp 68 % der Ernährung aus, während Wild mit fast 33 % nur einen Drittel einnimmt. In Modell A haben die aquatischen Ressourcen zusammen einen geringeren prozentualen Anteil von ca. 48 % (Aqua-Mix: 31,4 %; Süßwasser: 16,1 %). Die fünf Individuen, die in die frühe Phase datieren (LV41, LV47, LV68, LV69, LV90), weisen im IsoConc-Modell eine hauptsächlich aquatische Ernährung auf. In Modell A (Abb. 67 Modell A vor 6300 v. Chr.) nehmen die aquatischen Quellen ca. 79 % ein (Aqua-Mix: 62,2 %; Süßwasser: 17,2 %) und in Modell B (Abb. 67 Modell B vor 6300 v. Chr.) sogar knapp 90 % (Aqua-Mix: 68,1 %; Süßwasser: 22,7 %). Pflanzen nehmen in Modell A dagegen 20,6 % des Biomassenanteils ein und Wild nur ca. 9 %. Die Individuen, die nach 6300 v. Chr. datieren, zeigen eine Ernährung, die deutlich mehr auf terrestrische Ressourcen aufbaut. Der Wildanteil in der Ernährung (Modell B) steigt auf einen Anteil von 40,7 %, der Anteil von Pflanzen steigt in Modell A sogar auf 59,5 %. Bei den Individuen, deren Datierung nicht bestimmbar war, zeigen sich ähnliche Muster: der Fischanteil in Modell A beträgt lediglich ca. 37 % (Aqua-Mix: 31,5 %; Süßwasser: 6,5 %), wohingegen Pflanzen einen Anteil von 62,0 % ausmachen. Im Modell B nehmen die aquatischen Ressourcen mit ca. 54 % (Aqua-Mix: 45,6 %; Süßwasser: 9,5 %) knapp die Hälfte der Biomasse ein (Tab. A 45). Wild ist mit 44,9 % fast ebenso stark vertreten und nahm im Vergleich zur frühen Phase um das Fünffache zu. Man muss jedoch beachten, dass die individuelle Spanne der Menschen in der jeweiligen Datierungsphase deutlich abweichen kann. Die IsoConc-Modelle deuten etwas auf einen Ernährungswandel hin, der vor 6300 v. Chr. mit einer aquatisch-basierten Ernährungsweise beginnt,

welche nach 6300 v. Chr. an Geltung verliert und mit terrestrischen Nahrungsmitteln langsam ersetzt wird.

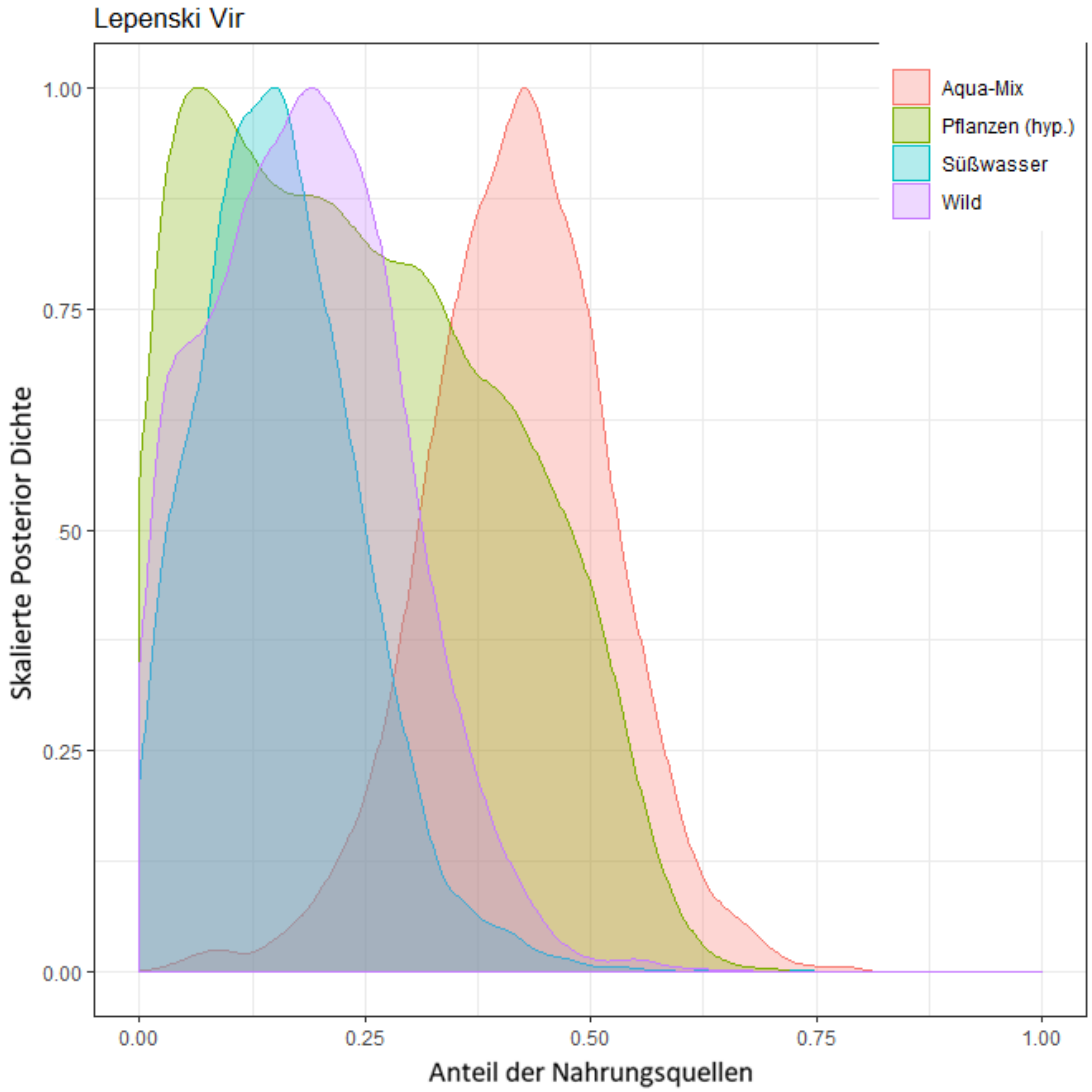


Abbildung 68: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Lepenski Vir (ohne Neugeborene). Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Süßwasserquelle (μ: 15,8 %), Aqua-Mix Quelle (μ: 41,9 %), Wild (Reh + Rothirsch) (μ: 18,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (μ: 23,9 %).

Das **MixSIAR**-Modell erlaubt eine größere Auswahl an Nahrungsendpunkten, sodass alle vier Endpunkte des IsoConc-Modells (Abb. 67) zusammen als Nahrungsquellen verwendet werden können (Abb. 68).

Wild, bestehend aus Rothirsch und Reh, spielt mit einem Anteil von 18,4 % eine höhere Rolle in der Ernährung als im IsoConc-Modell (Abb. 67). Der Anteil von Pflanzen liegt bei knapp 24 %. Wie erwartet nehmen aquatische Quellen den Hauptanteil der Biomasse ein. Der Gesamtanteil der aquatischen Ressourcen liegt bei ca. 60 % (Aqua-Mix: 41,9 %; Süßwasser: 15,8 %) und ist damit deutlich niedriger als im IsoConc-Modell. Während der Anteil an Süßwasserfisch zwar nur kaum abweicht, ist der Anteil der zweiten aquatischen Ressourcen (Aqua-Mix) im MixSIAR-Modell um fast 20 % niedriger als im IsoConc-Nahrungsnetz. Dennoch bestätigt das Mischungsmodell, welches mit MixSIAR erstellt wurde,

die aquatisch basierte Ernährung, welche sich durch die verschiedenen Datierungsgruppen zieht. In der frühen Phase (vor 6300 v. Chr.) ist die Ernährung auch gemäß MixSIAR deutlich auf aquatischen Nahrungsmitteln aufgebaut. Insgesamt 80 % (Aqua-Mix: 68,1 %; Süßwasser: 12,4 %) machen die aquatische Nahrungsquelle und Süßwasserressourcen in der Ernährung aus. Pflanzen (μ: 12,3 %; sd: 8,9 %) und Wild (μ: 7,1 %; sd: 5,3 %) spielen in der Ernährung eine eher untergeordnete Rolle, ergänzen aber dennoch die aquatischen Produkte. In der späten Phase (nach 6300 v. Chr.) treten Pflanzen mit 27,3 % und Wild mit 22,0 % deutlich in den Vordergrund und machen zusammen sogar auf fast 50 % in der Biomasse aus. Der Anteil von aquatischen Ressourcen reduziert sich dementsprechend auf knapp 50 % (Aqua-Mix: 37,6 %; Süßwasser: 13,1 %). Eine ähnliche Ernährungsweise zeigen die Individuen auf, die nicht datiert sind. Der Anteil an aquatischen Ressourcen sinkt minimal auf ca. 49 % (Aqua-Mix: 39,7 %; Süßwasser: 8,9 %) und der Anteil von terrestrischen Nahrungsmitteln steigt auf ca. 51 % (Pflanzen: 27,4 %; Wild: 24,1 %).

Die Mischungsmodelle, die mit MixSIAR erstellt wurden, belegen, wie auch die IsoConc-Modelle, einen Ernährungswechsel der sich etwa ab 6300 v. Chr. vollzogen hat. Der Konsum von aquatischen Ressourcen geht stark zurück. Sie sind zwar noch deutlich in der Ernährung vertreten, doch terrestrische Lebensmittel, besonders Pflanzenprodukte, werden nach 6300 v. Chr. in größerer Menge verzehrt.

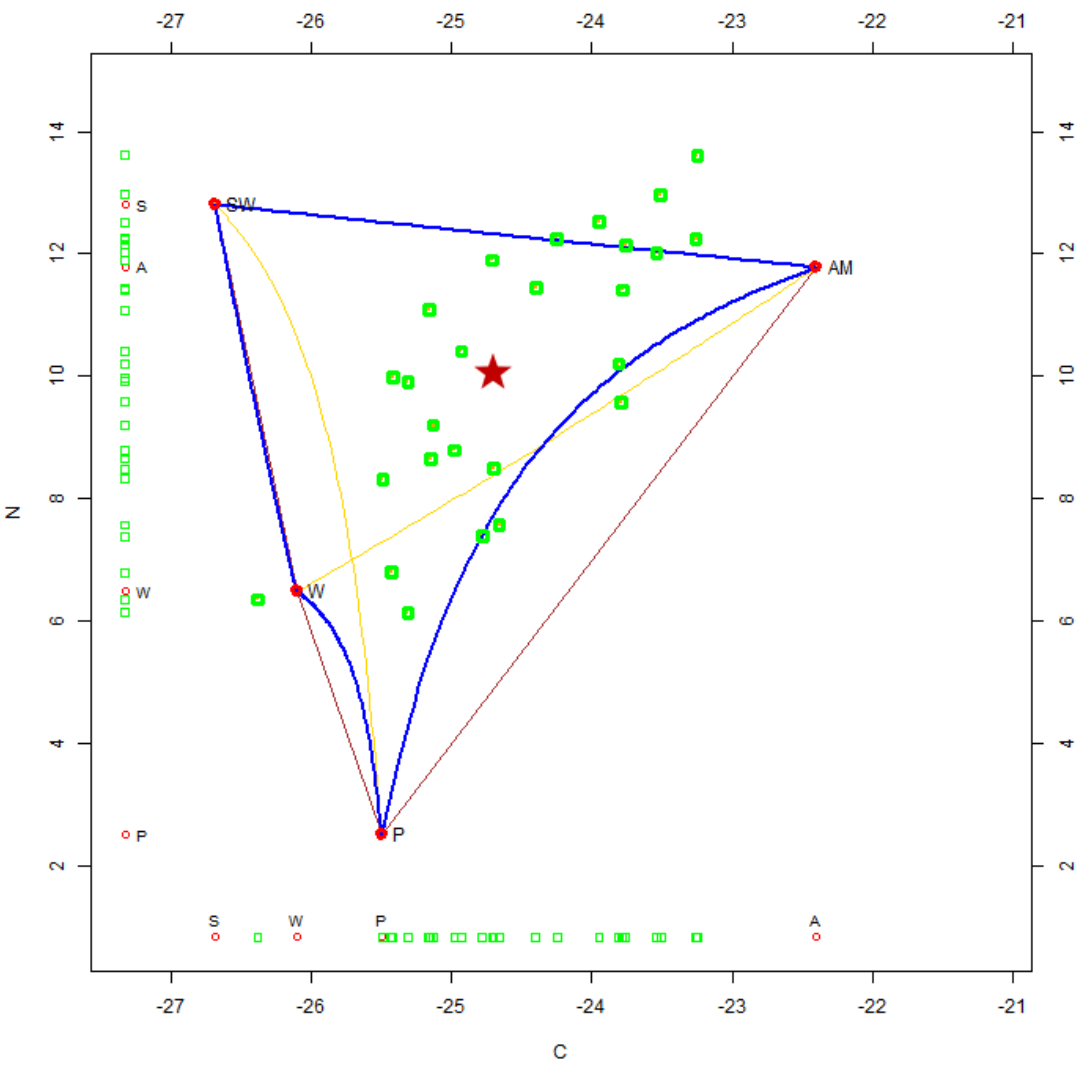


Abbildung 69: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Lepenski Vir (ohne Neugeborene). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **SW**: Süßwasserquelle (µ: 20,1 %), **AM**: Aqua-Mix Quelle (µ: 37,4 %), **W**: Wild (Reh + Rothirsch) (µ: 16,4 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 26,1 %).

Das **SISUS**-Modell für die Bevölkerung aus Lepenski Vir bekräftigen die Ergebnisse von IsoConc und MixSIAR. Von den 26 Individuen werden 13 vom Mischungsmodell eingefangen, wobei einige Individuen nur knapp aus dem Nahrungsnetz fallen und es keine enorm abweichenden Individuen gibt (Abb. 69). Der Großteil der Biomasse setzt sich aus aquatischen Ressourcen zusammen, wobei die Aqua-Mix Quelle (µ: 37,4 %; sd: 3,6 %) einen höheren Anteil ausmacht als Süßwasserquellen (µ: 20,1 %; sd: 2,2 %). Sowohl Pflanzen als auch Wild nehmen einen wichtigen Teil in der Ernährung ein. Pflanzen haben einen Biomasseanteil von ca. 26 % (sd: 15,2 %). Wild, welches sich aus Rothirsch und Reh zusammensetzt, nimmt 16,4 % (sd: 9,4 %) der Biomasse ein. Die Wertespanne der individuellen Ergebnisse reicht von einer dominierend terrestrischen bis zu einer primär aquatisch basierten Ernährung. Ähnliche Muster zeigen sich auch in der Ernährung, wenn die Individuen nach ihrer Datierung unterteilt werden. Die Individuen, die vor 6300 v. Chr. datieren, haben einen höheren Anteil an aquatischen Ressourcen (Aqua-Mix: 65,2 %; Süßwasser: 20,0 %) als an Pflanzen (µ: 10,2 %; sd: 6,0 %) und Wild (µ: 4,7 %; sd: 2,7 %). Die Nahrung der Individuen, deren Datierung nach 6300 v. Chr.

bestimmt wurde, beruht hingegen stärker auf terrestrischen Nahrungsmitteln wie Pflanzen (µ: 29,5 %; sd: 17,2 %) und Wild (µ: 20,5 %; sd: 11,8). Die Biomasse der aquatischen Ressourcen, sowohl der Aqua-Mix Quelle (µ: 34,3 %; sd: 3,8 %) als auch der Süßwasserressourcen (µ: 15,7 %; sd: 1,6), tritt deutlich in den Hintergrund, obwohl sie immer noch 50 % der Biomasse ausmachen. Auf individueller Ebene gehen die verschiedenen Quellen aber deutlich in ihren Anteilen auseinander und deuten auch hier Ernährungsweisen an, die zwischen einer terrestrischen und aquatischen Ernährung liegen und teils eine Mischform dieser beiden darstellt. Die Individuen, die nicht datiert wurden, weisen eine ähnliche Verteilung der Nahrungsquellen an wie der Median der Individuen, die nach 6300 n. Chr. datieren (Pflanzen: 30,7 %; Wild: 22,6 %; Aqua-Mix: 38,6 %; Süßwasser: 8,0 %).

Tabelle 22: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Lepenski Vir**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Borić et al. 2004	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
Fisch-basierte Ernährung	Fisch-basierte Ernährung
Pflanzen nicht im Fundgut → Agrikultur nicht sichtbar/unterstützt	Pflanzen: C_3-Pflanzen wurden konsumiert
Domestizierte Tiere: nur Hunde	Isotopendaten domestizierter Tiere (des neolithischen Pakets) nicht vorhanden nicht vorhanden → nicht einsetzbar
	Fleischverzehr gering: Fleischquelle Wild

Die ursprüngliche Auswertung (Borić et al. 2004) und die Mischungsmodelle zeigen beide, dass die Ernährung primär auf aquatischen Quellen, primär Süßwasser, beruht. Domestizierte Tiere beschränken sich im Fundgut auf Hunde und nicht auf die klassischen Tiere des neolithischen Pakets. Im Mischungsmodell kann auf domestizierte Tiere verzichtet werden, sie stehen aber auch nicht zur Verfügung. Wild hat im Mischungsmodell einen geringen Anteil, ist zum Spannen des Modells aber relevant und muss auch aufgrund des archäozoologischen Fundguts beachtet werden. Pflanzen sind im Fundgut überhaupt nicht vertreten (Borić et al. 2004), was jedoch für die Mischungsmodelle überhaupt kein Problem darstellt und ihren Vorteil bildet. Zwar sind die Pflanzen im Mischungsmodell hypothetisch, doch zum Auflösen des Modells sind pflanzliche Produkte unerlässlich (Abb. 67, Abb. 69). Pflanzen sind eine Nahrungsquelle, die physiologisch benötigt wird und vorhanden sein muss, auch wenn sie nicht im Fundgut überliefert sind. Die Auswertungsmethoden stimmen zwar in Bezug zu den aquatischen Quellen überein, gehen jedoch beim Konsum von Pflanzen stark auseinander.

4.4.2 Vlasac

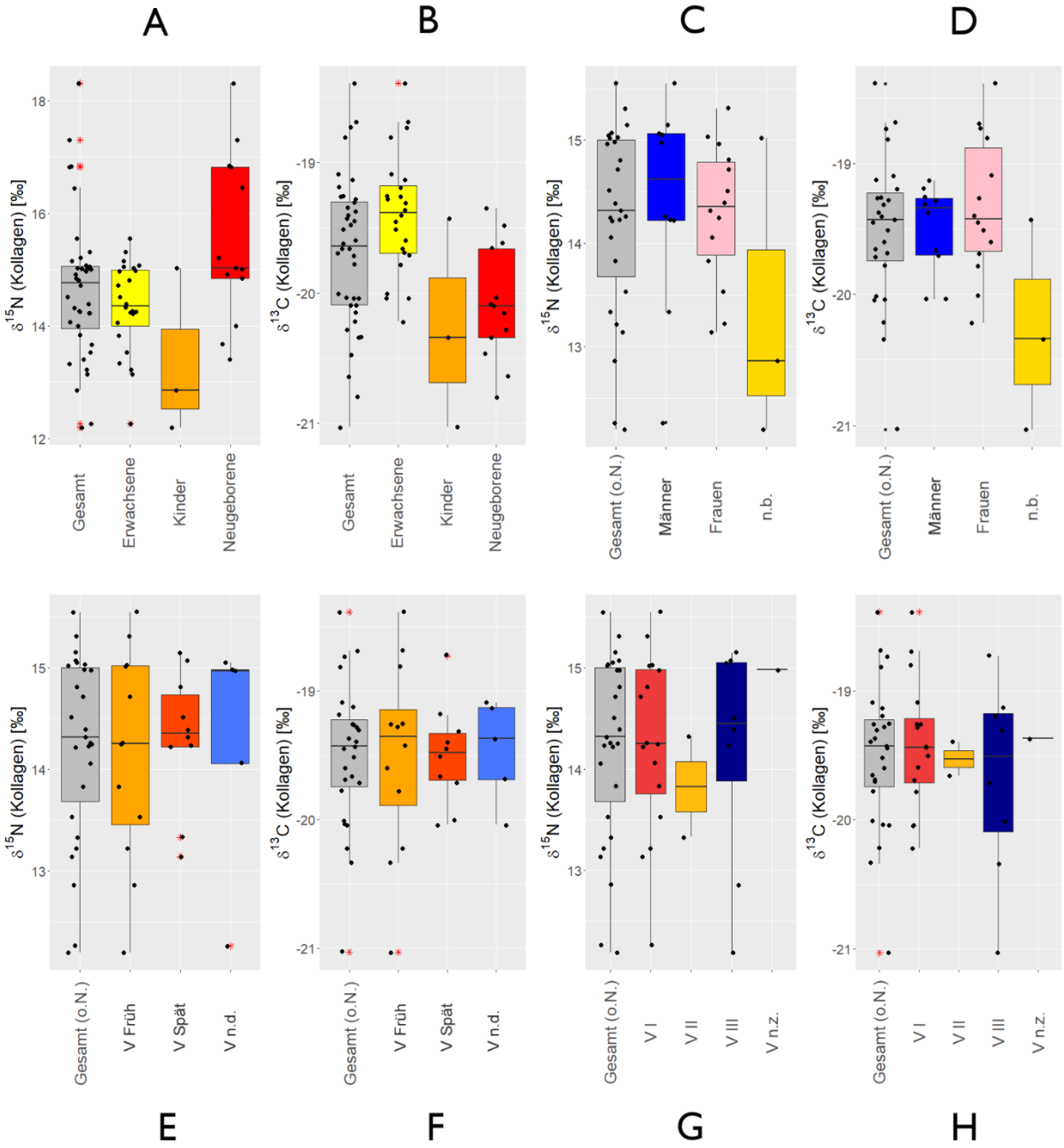


Abbildung 70: Boxplots der Daten aus Vlasac. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **E**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **F**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Datierung; **G**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen; **H**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Phasen. *V Früh*: vor 7600 v. Chr., *V Spät*: nach 7600 v.Chr., *o.N.*: ohne Neugeborene, *n.b.*: nicht bestimmbar, *n.d.*: nicht datiert, *n.z.*: nicht zugeordnet.

Die Datenpunkte der Individuen aus Vlasac (n = 39) sind in Tabelle 23 aufgeführt. Eine Zusammenfassung dieser Daten in Form der statistischen Parameter kann im Appendix unter Tabelle A 11 eingesehen werden. Die Daten der Individuen liegen, sowohl die $\delta^{15}N$-Werte, als auch die $\delta^{13}C$-Werte, weit verstreut (Abb. 70). Die Stickstoffisotopenwerte der Gesamtpopulation spannen von 12,19 ‰ bis 18,31 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,19 – 15,31 ‰), wobei die Werte der Erwachsenen (n = 24) und Kinder (n = 3) zwischen 12,19 ‰ und 15,55 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,19 – 12,55 ‰) liegen. Die Neugeborenen

liegen bezüglich ihrer Stickstoffisotopenwerte ein wenig höher ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 13,4 - 18,31 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 10,4 – 15,31 ‰) (Abb. 70).

Tabelle 23: Datentabelle der Populationen aus **V**: Vlasac (Borić et al. 2004). **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil, **neo**: neonat, **nb**: nicht bestimmbar, **G.**: Geschlecht, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nd**: nicht datiert, **nz**: nicht zugeordnet. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	G.	Phase	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
V4a	fad	m	III?–C	7600-6500 v. Chr.	3,51	15,51	15,07	12,07	46,63	-19,19	-24,19
V4b	spad	m	III?–C	nd	3,45	16,33	15,05	12,05	48,33	-19,13	-24,13
V6	spad	m	III?–C	7600-6500 v. Chr.	2,9	16,54	15,15	12,15	41,07	-19,71	-24,71
V7	15 – 16	nb	III?–C	9000-7600 v. Chr.	3,36	13,94	12,19	9,19	40,16	-20,34	-25,34
V11b	fad	w	III?–C	7600-6500 v. Chr.	3,46	16,27	14,51	11,51	48,32	-20,01	-25,01
V16	spad	m	I?–D	nd	3,47	14,17	12,26	9,26	42,19	-20,04	-25,04
V18c	9 – 10	nb	III?–C	9000-7600 v. Chr.	3,44	11,47	12,86	9,86	33,87	-21,03	-26,03
V23	spad	m	III–B	7600-6500 v. Chr.	3,4	16,72	14,23	11,23	48,71	-19,31	-24,31
V24	fad	w	III–B	6650 – 6610 v. Chr.	2,8	17,8	14,39	11,39	42,91	-18,73	-23,73
V27	spad	w	II–A	7600-6500 v. Chr.	3,44	17,5	14,32	11,32	51,61	-19,4	-24,4
V32	spad	w	I–A	9000-7600 v. Chr.	3,36	15,94	13,22	10,22	45,89	-20,22	-25,22
V36	fad	w	I–A	nd	3,43	13,51	14,97	11,97	39,75	-19,09	-24,09
V38	spad	w	I–A	9000-7600 v. Chr.	2,88	14,91	15,31	12,31	36,83	-18,81	-23,81
V44	spad	m	II–B	7600-6500 v. Chr.	3,48	16,43	13,33	10,33	48,99	-19,66	-24,66
V47	fad	w	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,51	14,96	15,03	12,03	45	-19,26	-24,26
V48	spad	w	I–B	9000-7600 v. Chr.	2,81	15,61	14,72	11,72	37,58	-18,39	-23,39
V53	8 – 9	nb	I–A	9000-7600 v. Chr.	3,42	15,27	15,02	12,02	44,73	-19,43	-24,43
V54	spad	m	I–A	7050 – 6350 v. Chr.	2,99	12,32	14,22	11,22	31,53	-20,04	-25,04
V63	spad	m	I–B	9000-7600 v. Chr.	2,98	17,56	14,26	11,26	44,84	-19,26	-24,26
V65a	fad	w	I–B	nd	2,9	16,59	14,06	11,06	41,16	-19,69	-24,69
V67	fad	w	I–A	9000-7600 v. Chr.	2,95	18,13	13,83	10,83	45,78	-18,69	-23,69
V71	spad	w	I?–D	9000-7600 v. Chr.	3,59	12,01	14,25	11,25	37,15	-19,6	-24,6
V72	spad	w	I–A	9750 – 8700 v. Chr.	3,47	16,7	13,53	10,53	49,68	-19,78	-24,78
V78	spad	m	I?–C	9000-7600 v. Chr.	3,56	14,83	15,55	12,55	45,28	-19,28	-24,28
V80	fad	w	I?–C	7600-6500 v. Chr.	2,91	15,5	13,14	10,14	38,62	-19,51	-24,51
V80a	fad	w	I?–C	7600-6500 v. Chr.	3,54	12,04	14,81	11,81	36,52	-19,45	-24,45

V84M	ad	m	nz	nd	3,17	16,2	14,98	11,98	44,02	-19,37	-24,37
V6a	neo	nb	III?–C	9000-7600 v. Chr.	3,33	12	16,82	13,82	34,26	-19,62	-24,62
V12	neo	nb	III?–C	nd	3,37	15,48	18,31	15,31	44,77	-19,48	-24,48
V12a	neo	nb	III?–C	7600-6500 v. Chr.	3,14	14,69	13,4	10,4	39,6	-20,04	-25,04
V12b	neo	nb	III?–C	7600-6500 v. Chr.	3,38	14,89	17,3	14,3	43,18	-19,66	-24,66
V36(1)	neo	nb	I–A	nd	3,43	13,62	16,45	13,45	40,03	-19,35	-24,35
V35a	neo	nb	I–A	9000-7600 v. Chr.	3,46	14,11	15,03	12,03	41,87	-20,09	-25,09
V21	neo	nb	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,44	9,8	16,84	13,84	28,93	-20,28	-25,28
V50a(1)	neo	nb	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,38	14,76	15,21	12,21	42,72	-20,8	-25,8
V59	neo	nb	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,33	14,98	14	11	42,75	-20,64	-25,64
V61	neo	nb	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,51	14,04	14,84	11,84	42,29	-20,15	-25,15
V62	neo	nb	I–B	9000-7600 v. Chr.	3,5	13,41	15	12	40,29	-20,1	-25,1
V10	neo	nb	III?–C	9000-7600 v. Chr.	3,33	15,34	14,91	11,91	43,49	-20,34	-25,34
V58b	neo	nb	II–B	7600-6500 v. Chr.	3,56	13,4	13,67	10,67	39,8	-20,47	-25,47

Die Mediane der verschiedenen Altersgruppen weichen nicht stark voneinander ab (Erwachsene: $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,36 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,36 ‰; Kinder: $\delta^{15}N_{Kollagenl}$: 12,86 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 9,86 ‰; Neugeborene: $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 15,03 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 12,03 ‰) trotzdem unterscheiden sich die Werte der Neugeborenen signifikant von den Werten der Erwachsenen, aber nicht von den Kindern (Tab. 24). Bei den Neugeborenen deutet das also auf einen hohen Stickstoffisotopenwert hin. Die Kinder, die zwischen 8 und 16 Jahre alt waren (Tab. 23), die sich nicht signifikant von den Neugeborenen und den Erwachsenen unterscheiden (Tab. 24), weisen aufgrund ihres Alters keinen Stilleffekt mehr auf. Zur Ernährungsrekonstruktion der Population wurden daher die Werte der Erwachsenen und der Kinder zusammen ausgewertet und die Werte der Säuglinge ausgeschlossen.

Die $\delta^{13}C$-Werte der Gesamtpopulation liegen zwischen -18,39 ‰ und -21,03 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,39 ‰ bis -26,03 ‰). Die Mediane der Neugeborenen ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,10 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,10 ‰) und Kinder ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,34 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,34 ‰) sind sich sehr ähnlich und die Daten der beiden Gruppen weichen nicht signifikant voneinander ab (Tab. 24). Der Median der Erwachsenen ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,39 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,39 ‰) ist ca. 1 ‰ positiver als die Kinder und Neugeborenen, doch weicht nur von den Neugeborenen signifikant ab, nicht von den Kindern (Tab. 24).

Tabelle 24: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Vlasac (V)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv*: schwache Aussagekraft.

	n	V Erwachsene	V Kinder	V Neugeborene
V Erwachsene	24	-	*0,06*	**3,65*10^{-04}**
V Kinder	*3*	*0,20*	-	*0,64*
V Neugeborene	13	**0,03**	*0,08*	-

Zwischen Männern (n = 10) und Frauen (n = 14) gibt es keine auffälligen Werte-Unterschiede, weder im Stickstoff-, noch im Kohlenstoffwert. Die Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnten (n = 3), waren im in beiden Isotopensystemen tendenziell niedriger als Männer oder Frauen, aber nicht signifikant (Tab. 25). Bei diesen drei Individuen handelt es sich um die Kinder.

Tabelle 25: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) **Vlasac (V)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, * ohne Neugeborene, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv*: schwache Aussagekraft.

	n	V* ♂	V* ♀	*V* n.b.*
V* ♂	10	-	0,56	*0,08*
V* ♀	14	0,46	-	*0,09*
V n.b.*	*3*	*0,20*	*0,28*	-

Basierend auf der Datierung gibt es in den Stickstoffmedianen keine signifikanten Unterschiede. Die Mediane der Individuen, die vor 7600 v. Chr. (n = 12, $\delta^{15}N_{Koll}$: 14,26 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,26 ‰) und nach 7600 v. Chr. (n = 10, $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,36 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,36 ‰) datieren, weichen um gerade mal ca. 0,10 ‰ ab, wie auch die Kohlenstoffisotopenwerte (vor 7600 v. Chr.: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,36 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,36 ‰, nach 7600 v. Chr.: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,48 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,48 ‰). Die Individuen, deren Datierung nicht möglich war (n = 5), weichen auch nur leicht in ihren Werten ab und unterscheiden sich nicht signifikant von den datierten Individuen (Tab. 26). Auch zwischen den archäologischen Phasen gibt es keine starken Differenzen zwischen den Medianen und Wertespannen des $\delta^{15}N$- und $\delta^{13}C$-Verhältnisses (Tab. A 11), sodass es keine signifikanten Unterschiede zwischen den Phasen gibt (Tab. A 30).

Tabelle 26: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Vlasac (V)** unterteilt nach Datierung. n = Probenzahl, * ohne Neugeborene; < 7600: vor 7600 v. Chr.; > 7600: nach 7600 v. Chr., n.d.: nicht datiert/nicht datierbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	V* < 7600	V* > 7600	V* n.d.
V* < 7600	12	-	0,77	0,96
V* > 7600	10	0,82	-	0,71
V* n.d.	5	0,87	0,95	-

Bezüglich der Datenverteilung gibt es insgesamt 10 Ausreißer (Abb. 70). Vier Individuen fallen im Stickstoffisotopenwert der gesamten Population, inklusive Säuglinge, als Outlier auf: das jugendliche Individuum V7 und die drei Neugeborenen V12, V 12b und V21. Im Stickstoffisotopenwert der Erwachsenen fällt das Individuum V16 mathematisch auf, welches außerdem ein Ausreißer bei den Männern und den nicht datierbaren Individuen ist. In der Gruppe der Individuen, die nach 7600 v. Chr.

datieren, finden sich zwei Ausreißer: der erwachsene Mann V44 und die erwachsenen Frau V80. Bei den Kohlenstoffisotopenwerten gibt es nur zwei Individuen, die in der Gesamtpopulation, exklusive Säuglinge, bezüglich ihrer Werte auffallen: das Neun- bis Zehnjährige Kind V18c und die adulte Frau V48. V18c hat den negativsten $\delta^{13}C$-Wert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,03 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -26,03 ‰), V48 hat hingegen den positivsten Wert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -18,39 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,39 ‰) hatte.

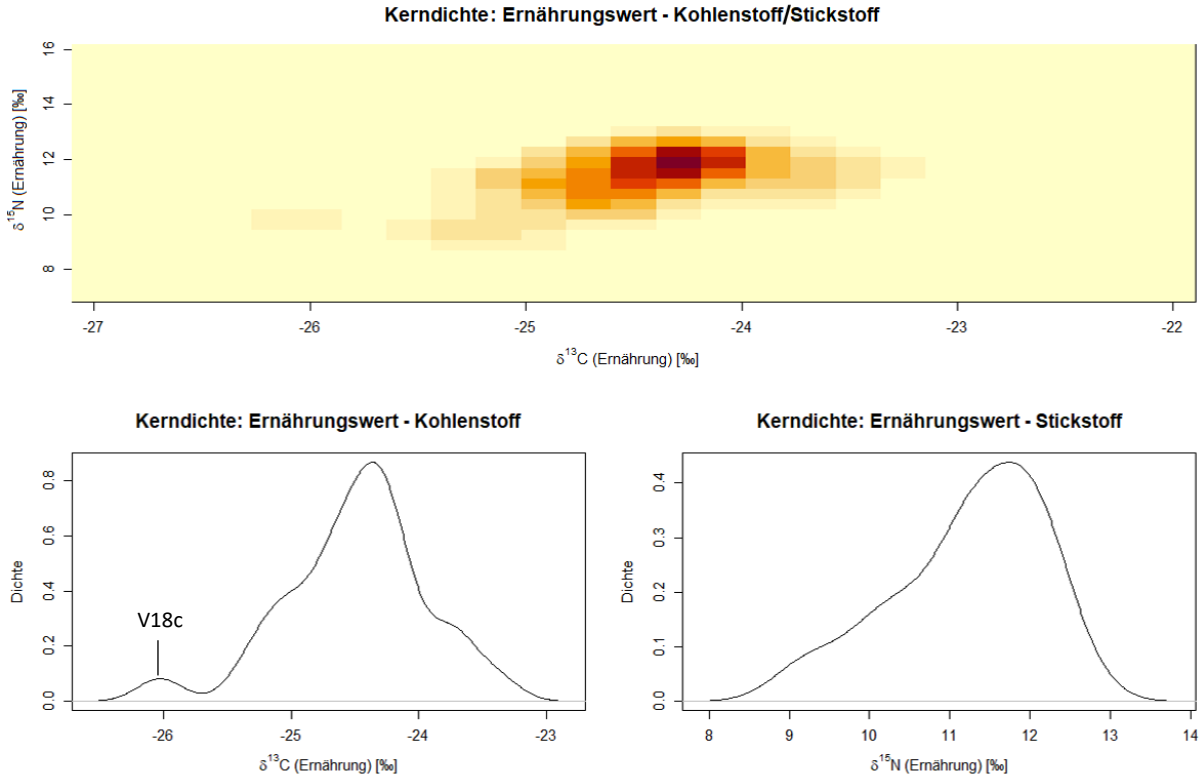


Abbildung 71: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Vlasac (ohne Neugeborene, n = 27). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Dichteverteilung der Population aus Vlasac besteht aus einer deutlichen Gruppe, deren stärkste Datendichte bei einem Stickstoffisotopenwert von ca. 12,0 ‰ und einem Kohlenstoffsignal zwischen -24,0 ‰ und -24,5 ‰ liegt (Abb. 71). Entlang der x-Achse, also dem Kohlenstoffisotopensignal, deutet das langsame Abschwächen des $\delta^{13}C$-Werts auf starke Variabilität im Kohlenstoffisotopenwert hin. Im eindimensionalen Dichteplot der Stickstoffisotopenwerte gibt es nur einen Peak. Die Dichte der Kohlenstoffdaten dagegen schlägt häufiger aus. Es gibt einen deutlichen Peak, der in beide Richtungen schnell abflacht, aber auf beiden Seiten hinweg nochmal schwach wächst. Zum einen beim $\delta^{13}C$-Wert -25 ‰ und zum anderen zwischen -23,5 und -24 ‰. Allerdings sind dies keine eindeutigen Dichtepeaks. Neben den bestimmten Peaks in beiden Isotopenwerten gibt es keine weiteren eindeutigen Anhäufungen. Eine aus mehreren Gruppen bestehende Datenverteilung, wie bei der Bevölkerung aus Lepenski Vir (Abb. 66), ist daher nicht erkennbar.

Die Ergebnisse der Mischungsmodelle der Mediane von Vlasac können in Tabelle A 45 (IsoConc), Tabelle A 46 (MixSIAR) und Tabelle A 47 (SISUS) nachgeschlagen werden. Die Abbildungen und weitere Mischungsmodelle sind im Appendix in Kapitel 9.2.3 aufgelistet.

Für Vlasac können die identischen Nahrungsquellen wie für Lepenski Vir verwendet werden. Das bedeutet, dass die Süßwasserquelle wurde eine Trophieebene höher als ein Karpfen kalkuliert wurde und die Aqua-Mix Quelle ausgehend von den Störmedianwerten Störkaviar und aquatische Jäger repräsentiert.

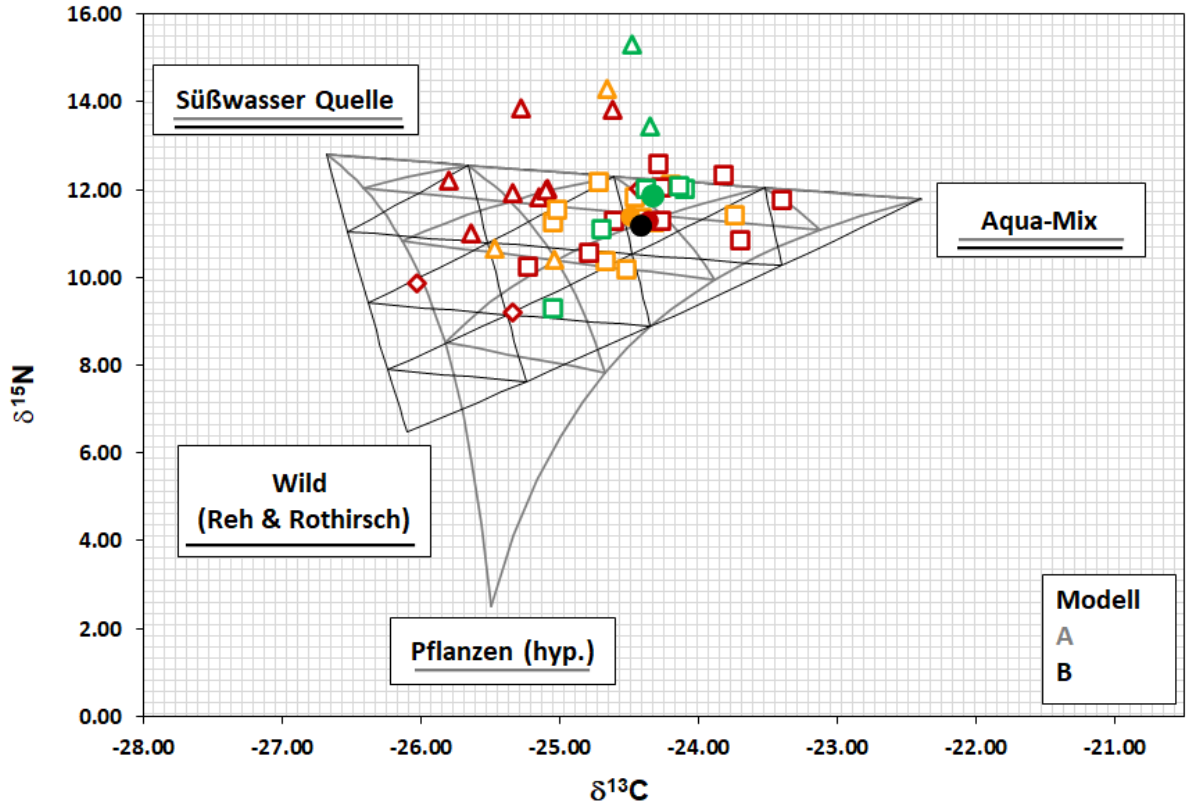


Abbildung 72: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Vlasac. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder, **Dreieck**: Neugeborene; **Punkt**: Median; **Schwarz**: Gesamtpopulation, **Rot**: vor 7600 v. Chr., **Gelb**: nach 7600 v. Chr., **Grün**: nicht datiert. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gesamtpopulation: Süßwasser Quelle (26,6 %), Aqua-Mix Quelle (45,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (28,3 %), Süßwasser Quelle (34,2 %), Aqua-Mix Quelle (52,6 %), Wild (13,2 %); vor 7600 v. Chr.: Süßwasser Quelle (25,3 %), Aqua-Mix Quelle (46,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (27,8 %), Süßwasser Quelle (32,8 %), Aqua-Mix Quelle (54,2 %), Wild (13,0 %); nach 7600 v. Chr.: Süßwasser Quelle (28,1 %), Aqua-Mix Quelle (44,2 %), Pflanzen (hypothetisch) (27,7 %), Süßwasser Quelle (34,5 %), Aqua-Mix Quelle (51,3 %), Wild (14,2 %); nicht datiert: Süßwasser Quelle (37,8 %), Aqua-Mix Quelle (52,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (9,7 %), Süßwasser Quelle (41,1 %), Aqua-Mix Quelle (55,1 %), Wild (3,8 %).

Wie auch für Lepenski Vir kommen für Vlasacs Population zwei **IsoConc**-Nahrungsnetze in Frage (Abb. 72). Sowohl Modell A, wie auch Modell B bestehen aus den identischen Nahrungsquellen wie bei den Nahrungsnetzen für Lepenski Vir (Abb. 67). Beide Modelle (Abb. 72) besitzen eine Süßwasser- und eine Aqua-Mix Quelle. Weiter sind in Modell A pflanzliche Nahrungsmittel berücksichtigt und in Modell B Wild (Reh, Rothirsch). Wie auch schon für das IsoConc-Modell aus Lepenski Vir (Kap. 4.1.1) gilt, dass ein Modell ohne Pflanzen physiologisch für die Konsumenten nicht möglich ist, sodass die Modell B zur näheren Quantifizierung der tierischen Proteinquelle dient. Von Modell werden insgesamt 24 von 27

Individuen eingefangen, also ca. 89 % der Population, und von Modell B 25 von 27, das entspricht knapp 93 % (Abb. 72).

In Modell A nehmen die Aqua-Mix Quellen den Hauptteil des Proteins der Ernährung ein (45,1 %). Zusammen mit der Süßwasserquelle (26,6 %) stammen damit knapp 2/3 der Nahrung von aquatischen Ressourcen, wohingegen Pflanzen mit einem Anteil von 28,3 % die restlichen ca. 1/3 der Ernährung der Menschen ergänzen. Modell B weist einen weit höheren Teil an aquatischen Quellen auf: die Aqua-Mix Nahrungsquelle macht ungefähr die Hälfte der Ernährungsproteins aus und die Süßwasserquelle ca. ein Drittel. Die Wildquelle, also Rothirsch und Reh, hingegen macht einen Anteil von ca. 13 % aus (Tab. A 45).

Individuen, die vor 7600 v. Chr. datieren (n = 12), ernähren sich hauptsächlich von aquatischen Ressourcen, sowohl in Modell A (Aqua-Mix: 46,4 %; Süßwasser: 24,4 %) als auch in Modell B (Aqua-Mix: 54,1 %; Süßwasser: 32,0 %). Pflanzen nehmen in dieser Gruppe laut Modell A mit 29,2 % aber ca. 1/3 der Biomasse ein, wohingegen Wild in Modell B nur 13,8 % ausmacht. Ein ähnliches Muster bildet sich bei den Individuen ab, die nach 7600 v. Chr. datieren. Aquatische Ressourcen machen in Modell A insgesamt ca. 75 % aus (Aqua-Mix: 44,6 %; Süßwasser: 29,1 %) und in Modell B sogar insgesamt ein wenig über 85 % (Aqua-Mix: 51,6 %; Süßwasser: 36,5 %). Bei diesen Individuen besteht die Ernährung in Modell A zu 1/3 aus Pflanzen (26,3 %) und in Modell B gibt es ein wenig Einfluss von Wild (11,9 %). Auch die individuelle Ergebnisspanne häuft sich um die aquatischen Ressourcen und nur in Einzelfällen um terrestrische Nahrungsmittel (Begleitband: Tab. 24). Die nicht-datierten Individuen zeigen ebenfalls eine hauptsächlich auf aquatischen Ressourcen basierte Ernährung aus. Modell A und Modell B bestimmen für aquatische Ressourcen einen Biomassenanteil von knapp 90 % (A: Aqua-Mix: 52,5 %; Süßwasser: 37,8 %; B: Aqua-Mix: 55,1 %; Süßwasser: 41,1 %). Der Pflanzenanteil nimmt in Modell A bei diesen Individuen aber mit nur 9,7 % Anteil im Nahrungsnetz deutlich ab. Der Wildanteil sinkt in Modell B sogar auf nur 3,8 %.

Das Nahrungsnetz, welches mit **MixSIAR** erstellt wurde, belegt ebenfalls eine aquatisch-basierte Ernährungsweise.

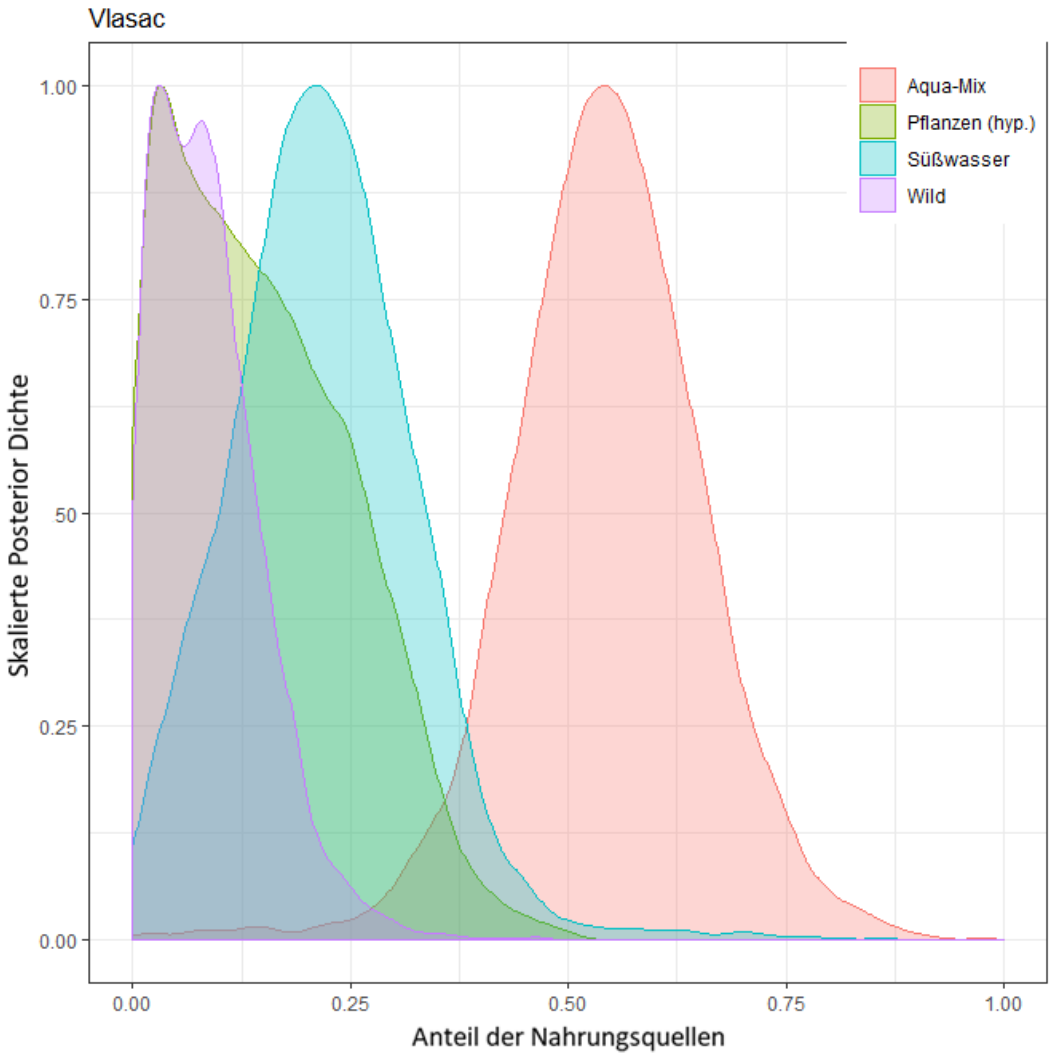


Abbildung 73: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Vlasac (ohne Neugeborene). Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Süßwasserquelle (µ: 22,0 %), Aqua-Mix Quelle (µ: 54,3 %), Wild (Reh + Rothirsch) (µ: 8,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 14,9 %).

Die aquatischen Endpunkte machen im Mischungsmodell im Mittel 75 % aus (Aqua-Mix: 54,3 %; Süßwasser: 22,0 %) und bilden damit 2/3 der Biomasse in der Ernährung. Pflanzen (µ: 14,9 %; sd: 10,3 %) und Wild (µ: 8,8 %; sd: 6,3 %) vervollständigen die alltägliche Nahrung (Abb. 73, Tab. A 46). Im Gegensatz zu Lepenski Vir (Kap. 4.4.1) und den IsoConc-Ergebnissen (Abb. 72) gibt es in Vlasac um 7600 v. Chr. keinen Wandel im Nahrungsstil, sondern es bleibt in einem ähnlichen Schema bestehen. In jeder Datierungsphase bleibt der Anteil der Aqua-Mix Ressource und von Süßwasserquellen vergleichbar. Die Aqua-Mix Quelle (vor 7600 v. Chr.: 56,0 %; nach 7600 v. Chr.: 52,9 %) macht über die Hälfte der Biomasse aus und sind damit fast doppelt so hoch wie Süßwasserquellen (vor 7600 v. Chr.: 19,7 %; nach 7600 v. Chr.: 23,6 %). Ebenso wenig ändert sich der Anteil von Pflanzen (vor 7600 v. Chr.: 15,4 %; nach 7600 v. Chr.: 15,1 %) und Wild (vor 7600 v. Chr.: 8,9 %; nach 7600 v. Chr.: 8,4 %), die zusammen 1/4 der Biomasse bilden. Denselben Ernährungsstil findet man auch bei den Individuen, die

nicht datiert sind. Aquatische Ressourcen formen die Grundlage der Speisen (Aqua-Mix: 57,0 %; Süßwasser: 27,4 %), welche von Pflanzen (µ: 10,4 %; sd: 7,9 %) und Fleisch von Jagdwild (µ: 5,2 %, sd: 4,9 %) komplettiert werden.

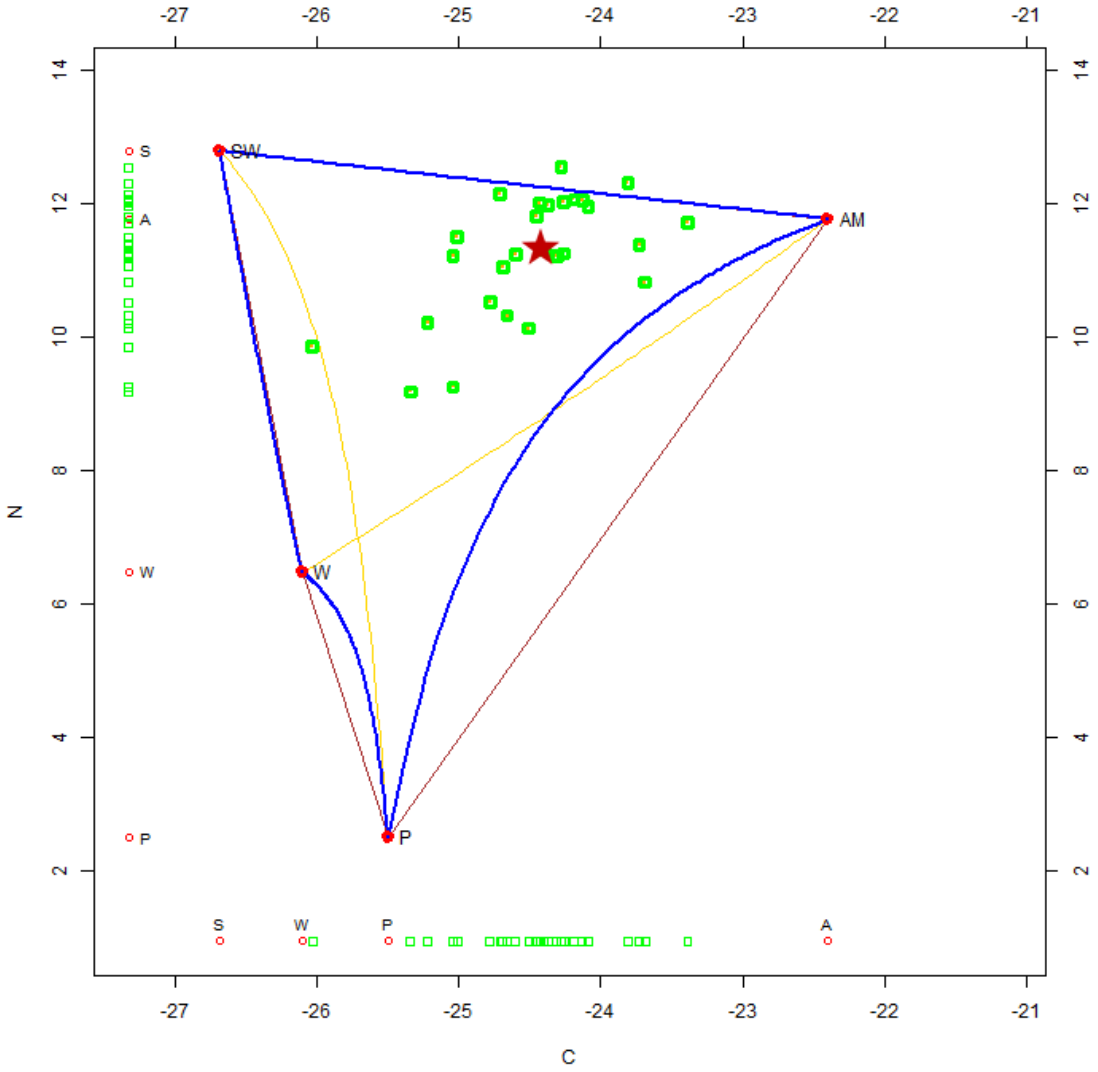


Abbildung 74: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Vlasac (ohne Neugeborene). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **SW**: Süßwasserquelle (µ: 30,4 %), **AM**: Aqua-Mix Quelle (µ: 48,9 %), **W**: Wild (Reh + Rothirsch) (µ: 6,7 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 14,0 %).

Für die Menschen aus Vlasac entsteht auch im **SISUS**-Modell eine hauptsächlich aquatisch-basierte Ernährung. Insgesamt werden 25 von 27 Individuen von diesem Nahrungsnetz erfasst, ausgenommen die erwachsenen Individuen V38 und V78, welche aber nur knapp aus dem Nahrungsnetz fallen (Abb. 74). Aquatische Endmember machen den Großteil der Biomasse aus, wobei sich diese näher aus 48,9 % Aqua-Mix Nahrungsquelle und aus 30,4 % aus Süßwasserressourcen zusammensetzt (Tab. A 47). Der Aqua-Mix Endmember spielt also auch hier eine größere Rolle als der Süßwasserendpunkt. Pflanzenprodukte sind mit 14,0 % vertreten. Der Anteil von Wild in der Ernährung ist sehr gering. Lediglich 6,7 % der Biomasse stammt von Wildtieren, in diesem Fall Rothirsch und Reh. Bei den Menschen aus Lepenski Vir zeigt sich eine breit gefächerte Individualernährung, die auch teils auf primär terrestrischen Produkten basiert (Kap. 4.4.1). Die Menschen aus Vlasac haben ebenfalls eine

individuelle Ergebnisspanne, doch in fast allen Fällen ist die Ernährung von aquatischen Ressourcen geprägt. Gruppiert man die Individuen nach ihrer Datierung, gibt es nur leichte Änderungen. Die Individuen, die vor 7600 v. Chr. datieren, haben sich hauptsächlich von aquatischen Nahrungsmitteln ernährt (Aqua-Mix: 50,3 %; Süßwasser: 28,3 %) und weniger von Pflanzen (14,5 %) oder Wild (7,0 %). Weniger von diesem Ernährungsstil abweichend ist die Ernährung des Datierungsmedians nach 7600 v. Chr.: aquatische Ressourcen machen knapp 79 % der Biomasse aus (Aqua-Mix: 47,9 %; Süßwasser: 32,0 %), danach folgen Pflanzen (13,7 %) und zuletzt Wild (6,5 %) (Tab. A 47, Abb. A 206, Abb. A 207). Die Individuen aus dieser Datierungsphase haben eine homogene Datenverteilung (Abb. A 206). Die Individuen mit einer unklaren Datierung haben ebenfalls einen Ernährungsstil, der aus aquatischen Ressourcen (Aqua-Mix: 53,8 %; Süßwasser: 69,5 %) besteht, welche mit Pflanzen (4,5 %) und Wild (1,9 %) ergänzt wurde, wobei es bei dieser Gruppierung eine deutlich ausgeprägte Individualverteilung gibt (Abb. A 211).

Tabelle 27: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Vlasac**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Borić et al. 2004	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie Fisch-basierte Ernährung Pflanzen nicht im Fundgut → Agrikultur nicht sichtbar/unterstützt	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte Aquatisch-basierte Ernährung Pflanzen: C_3-Pflanzen wurden konsumiert Isotopendaten domestizierter Tiere (des neolithischen Pakets) nicht vorhanden nicht vorhanden → nicht einsetzbar Fleischverzehr gering: Fleischquelle Wild

Vlasacs ursprüngliche Ernährungsauswertung (Borić et al. 2004) ist identisch mit der für Lepenski Virs Population. Die Ernährung stützt sich in erster Linie auf aquatische Ressourcen aus der Donau. Domestizierte Tiere, wie sie für das neolithische Paket üblich sind, also Schafe, Ziegen, Rinder und Schweine, haben in der mesolithisch-neolithischen Ernährung noch keinen Einfluss. Die einzigen im Fundgut vertretenen Tiere sind Hunde, die zwar durch Schlachtspuren als mögliche Nahrungsquelle ausgezeichnet sind, aber die Ernährung nicht stark prägten. Domestizierte Pflanzen waren nicht im archäobotanischen Fundgut vertreten, was den Eindruck erweckt, dass Agrikultur am Eisernen Tor im Neolithikum nicht praktiziert und der Konsum von Pflanzen als nicht-bedeutend eingestuft wurde. Im

konzentrationsabhängigen Mischungsmodell basiert die Ernährung, wie auch die Originalauswertung, auf aquatischen Quellen. Der Fleischverzehr beschränkt sich auf Wildfleisch. Der Anteil in der Ernährung scheint durch den recht geringen Anteil auf den ersten Blick nicht bedeutend. Jedoch ist Wild zum Aufbau des Netzes notwendig und ist außerdem im archäozoologischen Fundgut vertreten, weshalb man es im Kontext der Ernährung beachten muss. Domestizierte Tiere konnten aufgrund ihres Mangels im Fundguts nicht gemessen und folglich nicht im Nahrungsnetz eingesetzt werden. Anders sieht es bei Pflanzen aus. Diese sind zwar im Fundgut nicht vorhanden, weshalb der Pflanzenwert im Modell hypothetisch ist, doch ohne Pflanzen bzw. Pflanzenprodukte lässt sich das Modell nicht lösen und geht an diesem Punkt mit der ursprünglichen Auswertung auseinander (Borić et al. 2004).

4.4.3 Kurzfazit: Eisernes Tor

Im Vergleich zu den neolithischen Siedlungen in der Türkei und in Griechenland, bestand die Ernährung hauptsächlich aus aquatischen Ressourcen. Die Modelle belegen, dass das Ernährungsprotein stark auf aquatischen Nahrungsmitteln aufbaut. Aber auch Wild und Pflanzen spielten eine Rolle. Besonders Pflanzen sind hier ein interessanter Endpunkt im Modell und unterstreichen den Vorteil, den die Modelle mit sich bringen: Pflanzen sind als Nahrungsquelle und Proteinlieferant essentiell und dürfen nicht ausgeschlossen werden, auch wenn sie im archäobotanischen Fundgut fehlen. Die Modelle belegen dies im Falle der Populationen am Eisernen Tor sehr gut. Mehr noch, in Lepenski Vir wird ein zeitlicher Umbruch ca. 6300 v. Chr. erkenntlich. Ab diesem Zeitpunkt wandelte sich die Ernährung und terrestrische Nahrungsmittel nahmen in ihrem Biomasseanteil in der Ernährung der Population zu. Es gab einen Wandel in der Subsistenzökonomie, der durch die Modelle klar unterstrichen wird. In Vlasac, welches vor 6300 v. Chr. datiert, fehlt dieser Umbruch. Hier stammte das Protein durchgehend von aquatischen Ressourcen, obwohl auch hier Pflanzen nicht zu vernachlässigen sind. Die Wirtschaftsweise der Menschen hat sich hier jedoch noch nicht geändert, wie es für die Population aus Lepenski Vir der Fall war.

4.5 Einzugsbereiche

Für die mittelalterlichen Fundorte konnten sogenannte Einzugsbereiche berechnet werden. Zur Berechnung dieser Fläche ist die Bodengüte der untersuchten Umgebung notwendig. Für die bayerischen Fundorte kann auf die Informationen der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft zurückgegriffen werden (Tab. A 7), welche jedoch nur die grobe Umgebung abbildet und nicht direkt den direkten Einflussbereich. Dennoch lässt sich eine Auflistung der Faktoren zusammenstellen (Kap. 3.2), die sich auf die Bodengüte auswirken, wodurch diese wiederum geschätzt werden kann (Tab. A 7).

Die weiteren Parameter, die zur Berechnung des Einzugsbereichs notwendig sind (Tab. A 8) müssen zum Großteil geschätzt werden, darunter die Anzahl an Rindern und die Einwohnerzahl. Aus diesem Grund basiert die Einwohnerzahl zur Berechnung des Einzugsbereichs auf der Definition von Städten (Tab. 1, Kap. 1.4.2). Die Anzahl an Rindern wird auf dem Pro-Kopf-Verbrauch der Einwohner geschätzt (Kap. 3.2). Hieraus erhält man die Fläche, sowie den Radius der Einzugsbereiche, der von den Fundorten zur Versorgung der Bevölkerung mindestens benötigt wurde (Tab. 28, Tab. A 8).

Tabelle 28: Basiswerte zur Berechnung der Einzugsbereiche. * Spätantike, ** Frühmittelalter, *** Hoch-/Spätmittelalter, GF: Gesamtfläche, r_{AF}: Radius Fläche, $r_{1.1}$: Radius Gesamtfläche. Definition siehe Kap. 3.2.

Ort	**F** [km^2]	**GF** [km^2]	$\mathbf{r_{1.1}}$ [km]	$\mathbf{r_{1.2}}$ [km]
Erding – Klettham *	13,42	20,92	2,07	2,58
Bruckmühl **	35,49	42,99	3,36	3,70
Erding – Altenerding **	26,83	41,83	2,92	3,65
Ingolstadt - Etting **	5,37	8,37	1,31	1,63
Großmehring **	5,37	8,37	1,31	1,63
Kelheim **	70,97	85,97	4,75	5,23
Straubing **	56,41	131,41	4,24	6,47
Unterigling **	2,26	5,26	0,85	1,29
Regensburg ***	538,30	710,80	13,09	15,04
Zeholfing ***	3,61	6,61	1,07	1,45

Somit kann eine graphische Darstellung zur Einordnung des Fundorts in die geographische Landschaft erstellt werden, wie es in Abbildung 68 exemplarisch für den Fundort Bruckmühl dargestellt ist. Die Karten der einzelnen Fundorte sind im Anhang in den Kapiteln 9.2.4.1 (Spätantike), 9.2.5.1 (Frühmittelalter) und 9.2.6.1 (Hoch- und Spätmittelalter) dargestellt.

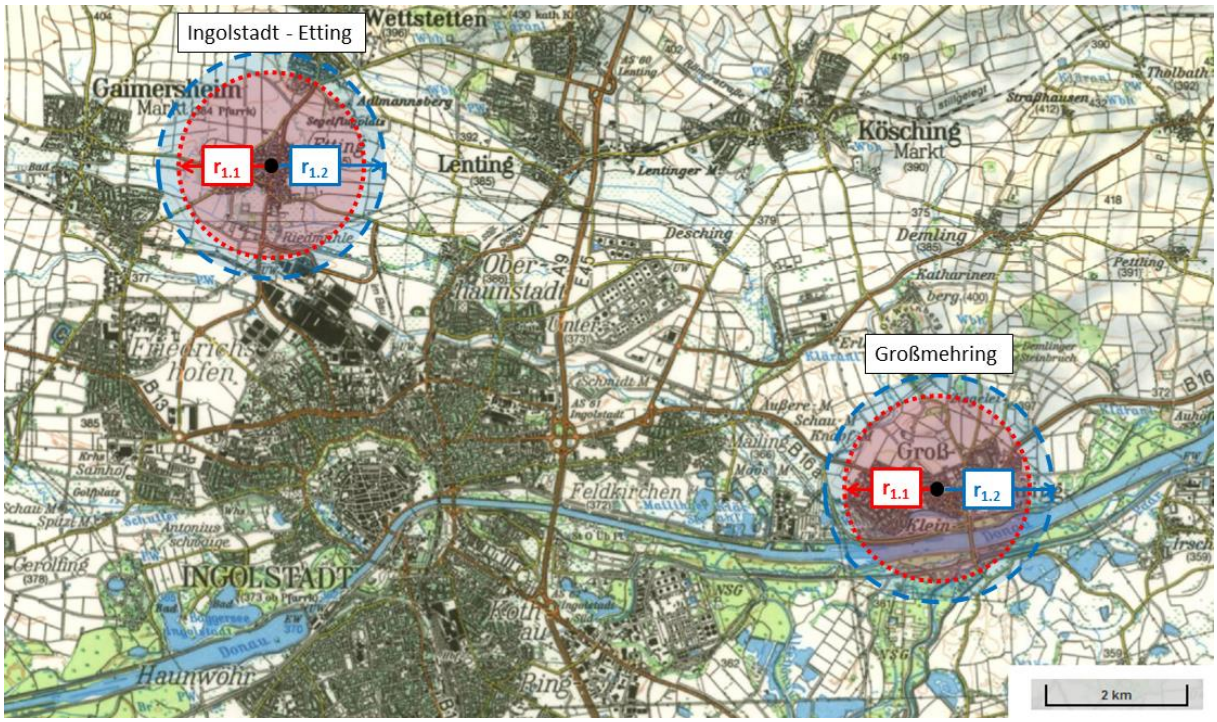


Abbildung 75: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Ingolstadt-Etting und Großmehring. I.E: $r_{1.1}$ = 1,31 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,63 km. G: $r_{1.1}$ = 1,31 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,63 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

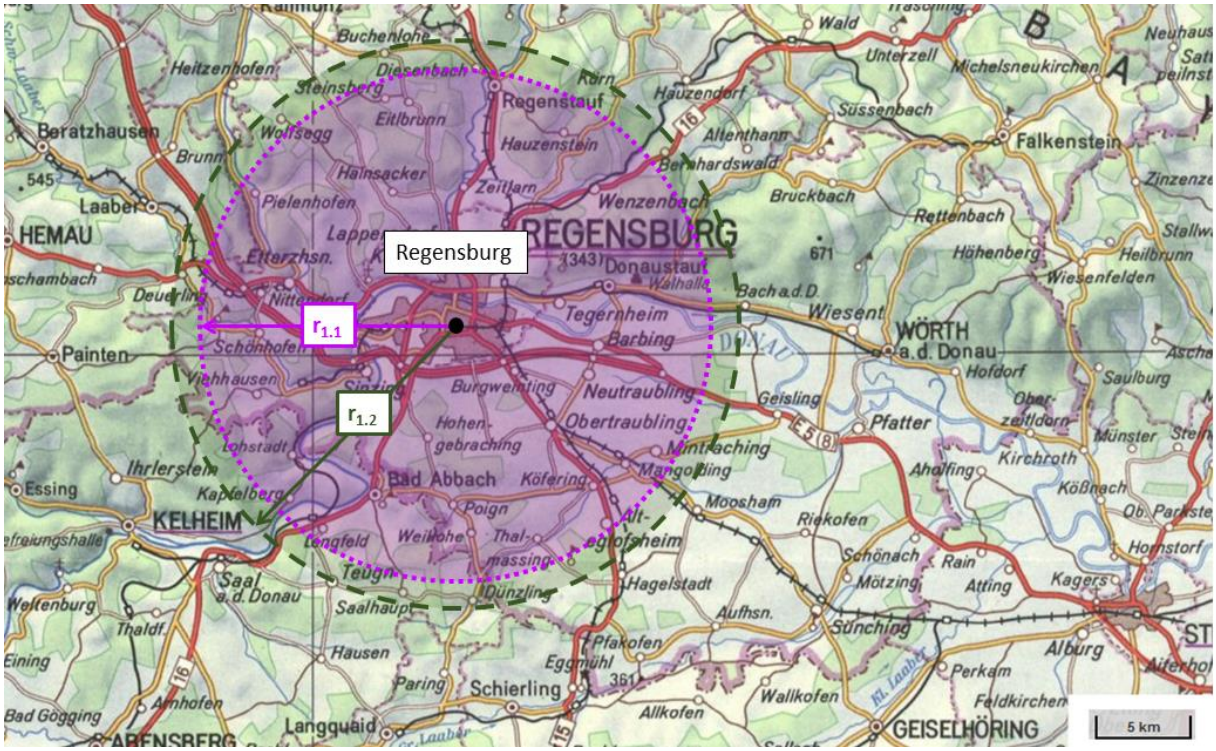


Abbildung 76: Einzugsbereich des hoch-/spätmittelalterlichen Regensburg. $r_{1.1}$ = 13,09 km, $r^{+}_{1.2}$ = 15,04 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

Die Radien der verschiedenen Fundorte, wie sie in den geographischen Karten dargestellt werden, zeigen deutliche Unterschiede zwischen den einzelnen Fundorten auf, besonders zwischen den ländlichen und städtischen Orten. Die Fundorte wie z.B. Ingolstadt-Etting und Großmehring, überschneiden sich nicht in ihrem Einzugsbereich, obwohl sie beide im nahen Ingolstädter Raum liegen (Abb. 75). Ein ähnliches Muster bildet sich jedoch auch bei den anderen Fundorten ab, z.B. im Fall von Bruckmühl. Es gibt Grenzen zwischen den Ortschaften, was auf eine Trennung der Siedlungen hindeutet und folglich auch eine Trennung der Felder und Weiden, auf denen Pflanzen und Tiere gehalten werden. Der Radius der Städte hingegen umschließt mehrere Ortschaften außerhalb der Stadt, wie man es deutlich am Beispiel von Regensburg erkennt (Abb. 76).

Zwischen dem Einzugsbereich, der die Fläche der Tiere nicht berücksichtigt und der Gesamtfläche GF, welche die Haltungsfläche von Tieren einbezieht, gibt es durchaus Unterschiede, die aber bei der Berechnung des Radius deutlich verringert werden (Tab. 28). Ausnahme bildet hierbei Straubing. Hier ist die Differenz zwischen der Gesamt Fläche GF und Fläche F relativ hoch, was mit der Bodengüte zusammenhängt. Straubing hat eine sehr gute Bodengüte und demensprechend ist die Anbaufläche für den Ertrag geringer als vergleichsweise in Regensburg. Die Fläche der Tiere wird jedoch mindestens benötigt und ist unabhängig von der Bodengüte.

4.6 Deutschland: Spätantike – Erding - Klettham

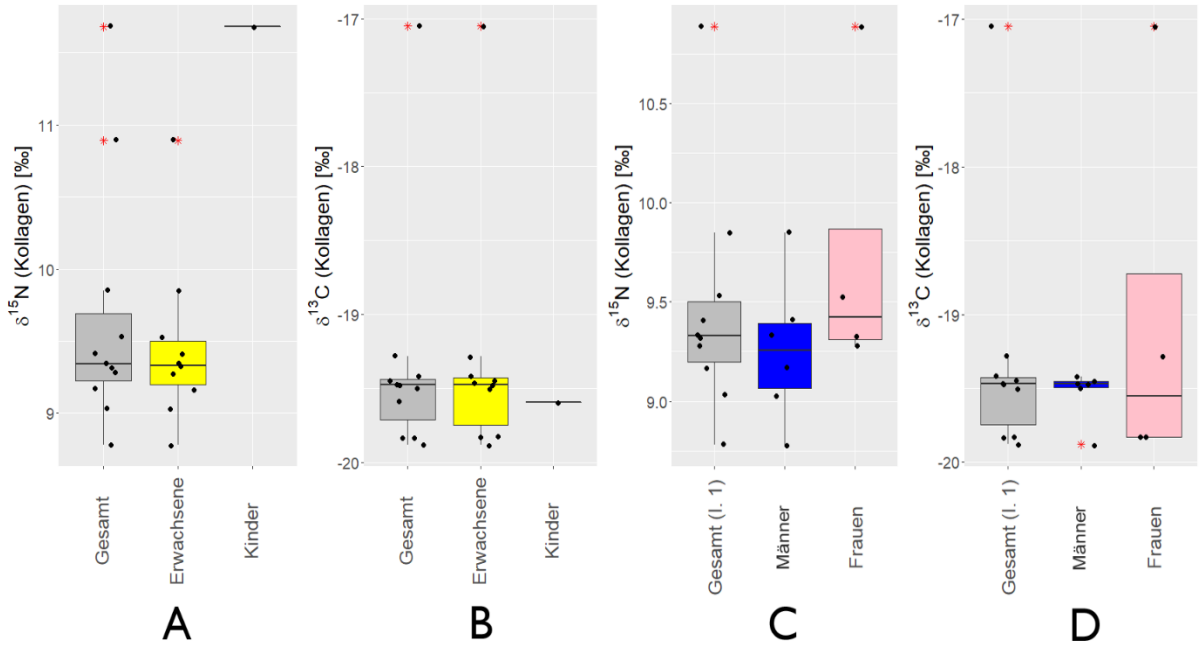


Abbildung 77: Boxplots der Daten aus Erding - Klettham. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *Gesamt (l.1)*: Gesamte Population ohne Infans 1.

Die Spätantike ist in dieser Arbeit durch den Fundort Erding-Klettham vertreten. Der Datensatz ist mit elf Individuen, darunter ein subadultes Individuum KL1720, sehr klein (Tab. 29). Eine statistische Zusammenfassung der Daten liegt in Tabelle A 12 vor. Die Stickstoff- und Kohlenstoffisotopie ist jeweils

sehr einheitlich. Der Stickstoffisotopenwert der Population spannt zwischen 8,78 ‰ und 11,68 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,78 – 8,68 ‰), wobei der Großteil der Datenpunkte zwischen 8,78 ‰ und 9,85 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,78 – 6,85 ‰) liegt (Tab. 29).

Zwischen den zehn Erwachsenen und dem einzelnen Kind KL1720 gibt es keine Unterschiede im Kohlenstoffverhältnis, jedoch ist das subadulte Individuum im Stickstoffisotopenwert erhöht (Abb. 77). Möglicherweise handelt es sich hierbei um den Stilleffekt. Zwar ist die Stichprobe zu klein für eine sichere Aussage, doch aufgrund des erhöhten Stickstoffisotopenwertes wird das Kind bei der Auswertung der Gesamtpopulation nicht berücksichtigt. Zwischen Männern (n = 6) und Frauen (n = 4) gibt es leichte Unterschiede. Der Kohlenstoffisotopenwert der Frauen scheint etwas variabler, was jedoch auf dem Wert des Individuum KL1721 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,05 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -22,05 ‰) basiert. Die Mediane der beiden Gruppen unterscheiden sich gar nicht (♂: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,47 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,47 ‰; ♀: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,55 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,55 ‰). Dasselbe Muster zeigt sich im Stickstoffisotopenverhältnis. Die Frauen deuten eine weitere Spanne an, welche erneut durch das Individuum KL1721 erzeugt wird, die Mediane unterscheiden sich nicht merklich (♂: $\delta^{15}N_{Koll}$: 9,26 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,26 ‰; ♀: $\delta^{15}N_{Koll}$: 9,43 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,43 ‰). Statistisch gesehen sind die Unterschiede der beiden Gruppen sowohl im $\delta^{15}N$-Wert (♂/♀: $p = 0,34$; $\alpha = 0,05$) als auch im $\delta^{13}C$-Wert (♂/♀: $p = 0,75$; $\alpha = 0,05$) nicht signifikant. Aufgrund des kleinen Datensatzes spiegelt dies jedoch nur eine Tendenz wider.

Tabelle 29: Datentabelle der Population aus Deutschland (Spätantike); (Hackenbeck et al. 2012). **KL**: Klettham, **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil, **Inf I**: Altergruppe Infans I, **neo**: neonat, **nb**: nicht bestimmbar, **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nummer	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
KL1663	ad	w	3,12	16,19	9,28	6,28	43,33	-19,83	-24,83
KL1700	sen	w	3,14	16,09	9,53	6,53	43,25	-19,28	-24,28
KL1702	ad	w	3,15	15,74	9,32	6,32	42,53	-19,83	-24,83
KL1662	mat	m	3,14	17,42	9,85	6,85	46,89	-19,88	-24,88
KL1664	mat	m	3,16	17,90	8,78	5,78	48,51	-19,50	-24,50
KL1665	ad	m	3,22	15,82	9,17	6,17	43,65	-19,42	-24,42
KL1669	ad	m	3,19	20,04	9,34	6,34	54,86	-19,47	-24,47
KL1703	ad	m?	3,24	12,99	9,41	6,41	36,07	-19,45	-24,45
KL1719	sen	m	3,24	15,46	9,03	6,03	42,86	-19,47	-24,47
KL1720	Inf I	m?	3,18	15,37	11,68	8,68	41,95	-19,59	-24,59
KL1721	*mat*	*w?*	*3,16*	*13,75*	*10,89*	*7,89*	*37,24*	*-17,05*	*-22,05*

In der Gesamtpopulation sind im Stickstoffisotopenwert zwei Ausreißer bestimmbar: der extreme Ausreißer KL1720 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 11,68 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 8,68 ‰), also das Kleinkind, und das Individuum KL1721 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 10,89 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,89 ‰). KL1721, ein weibliches Individuum, fällt allerdings nicht nur im Stickstoffisotopenwert als Ausreißer auf, sondern auch im $\delta^{13}C$-Wert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,05 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -22,05 ‰). Sie ist nicht nur in der Gesamtpopulation mit ihren Isotopensignalen als

Ausreißer auffällig, sondern auch in der Gruppe der Erwachsenen. In der geschlechtsspezifischen Gruppierung fällt sie mathematisch jedoch nicht auf. Im $\delta^{13}C$ zeigt sich bei den Männern ein auffälliges Individuum: KL1662 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,88 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,88 ‰). Der Kohlenstoffisotopenwert tritt zwar mathematisch gesehen als Ausreißer auf, der Unterschied zu den restlichen Männern liegt allerdings unter 0,5 ‰.

Die Dichteverteilung der Isotopie aus Erding-Klettham (Abb. 78) zeigt eine deutliche Ansammlung der Daten im Kohlenstoffisotopenbereich von -24,5 ‰ und im Stickstoffisotopenbereich von ca. 6,5 ‰. Die eindimensionalen Kerndichte-Plots verdeutlichen eine stabile Dichte im Kohlenstoffisotopenwert, wobei ein schwächerer Peak bei ca. -25 ‰ entsteht, während das Stickstoffisotopensignal schnell abflacht. Der Ausreißers KL1721 ist auch in den Kerndichte-Plots erkennbar ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,05 ‰; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,89 ‰).

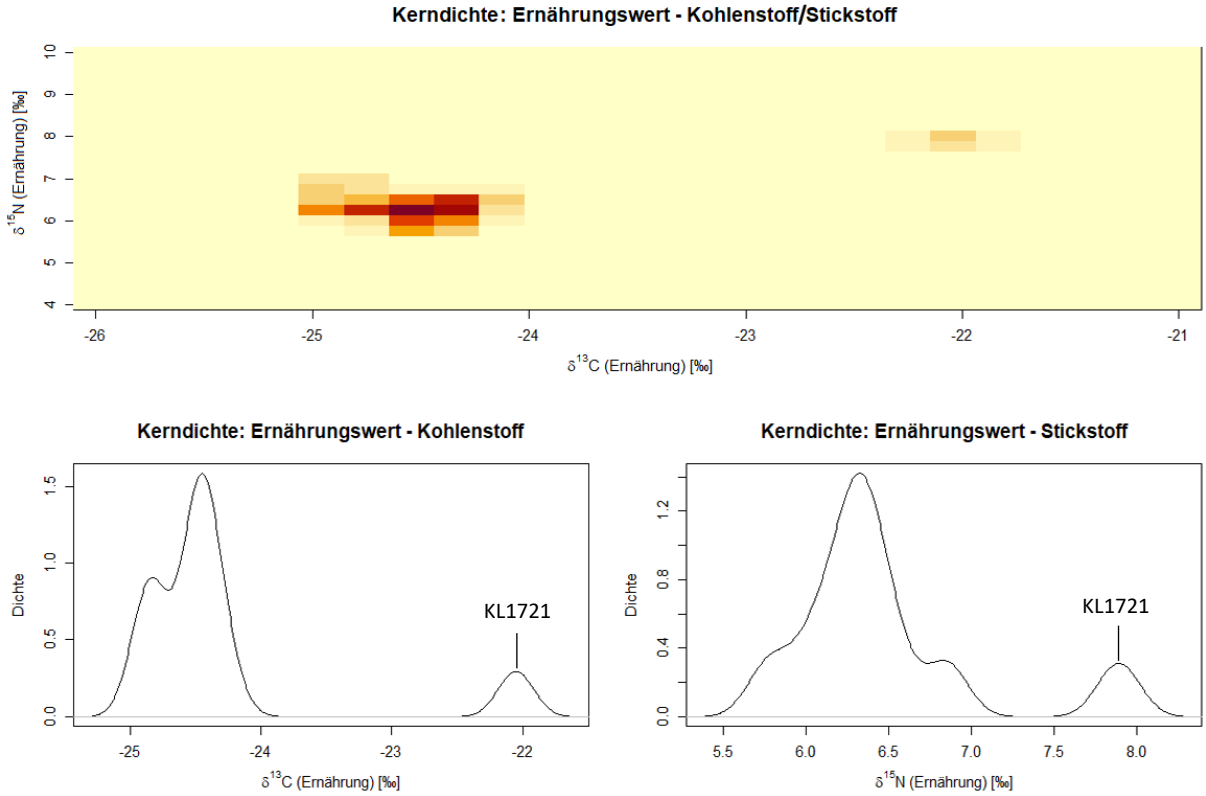


Abbildung 78: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Erding-Klettham (ohne Individuum KL1720). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Ergebnisse der Ernährungsrekonstruktion sind in Tabelle A 48 (IsoConc), Tabelle A 49 (MixSIAR) und Tabelle A 50 (SISUS) aufgelistet. Abbildungen auf die im Unterkapitel verwiesen werden, sind im Appendix in Kapitel 9.2.4 dargestellt. Individuelle Ergebnisse und Abbildungen sind in einem separaten Begleitband veröffentlicht (Begleitband Kap. 11).

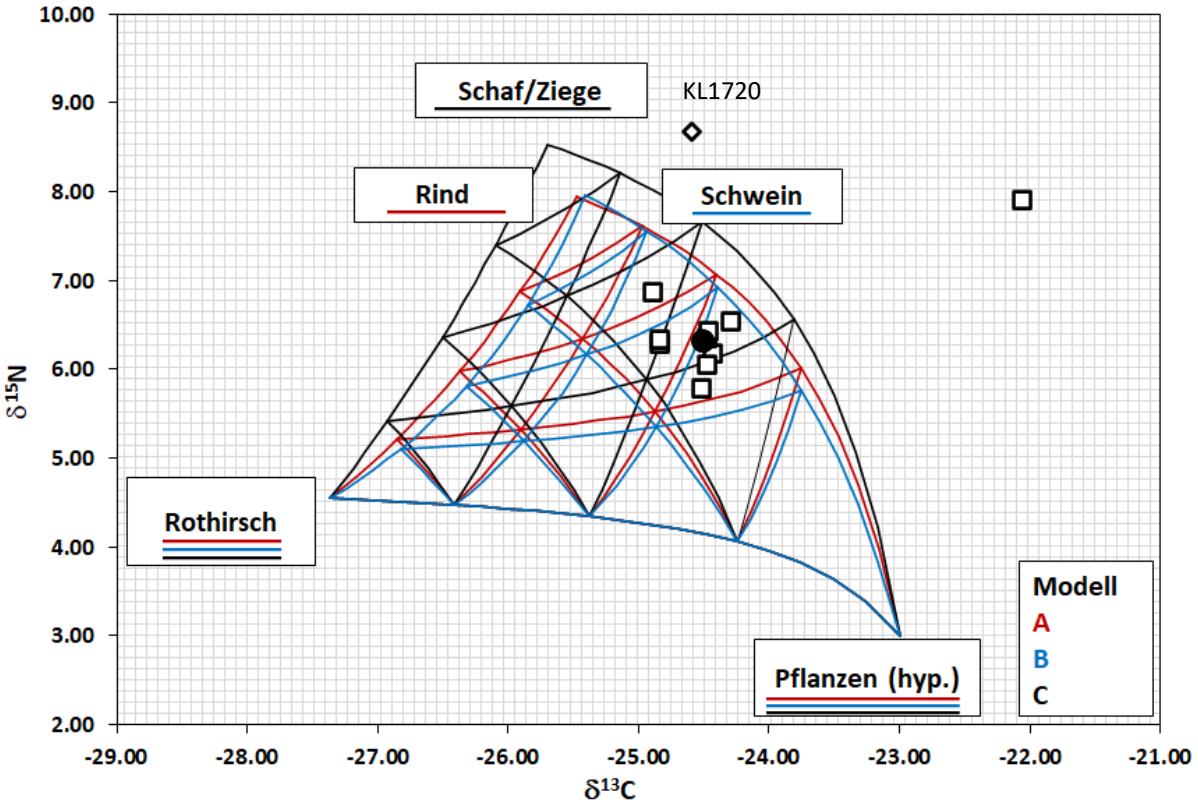


Abbildung 79: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Erding-Klettham. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Punkt**: Median exkl. Kind KL 1720. Werteberechnung exkl. Kind KL 1720. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Rothirsch (8,8 %), Rind (37,2 %), Pflanzen (hypothetisch) (54,0 %), Rothirsch (6,9 %), Schwein (41,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (52,1 %), Rothirsch (12,3 %), Schaf/Ziege (28,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,3 %).

Mit **IsoConc** sind für die Population aus Klettham drei potentielle Nahrungsnetze denkbar. Diese bestehen aus einer Pflanzenquelle, einer Wildquelle (Rothirsch) und jeweils einem domestizierten Haustier. Modell A setzt Rinder, Modell B Schweine und Modell C Schafe/Ziegen als domestizierte Quelle ein. Alle drei Modelle schließen alle Individuen gleichermaßen ein, ausgenommen das subadulte Individuum KL1720 und der Ausreißer KL1721 (Abb. 79). Der Biomasseanteil der einzelnen Komponenten schwankt nur leicht. Für den Populationsmedian liegt der Anteil an Pflanzen zwischen 50 und 60 % (Modell A: 54,0 %; Modell B: 52,1 %; Modell C: 59,3 %). Die größte Abweichung in der Biomasse stellt sich bei den domestizierten Tieren ein. Während Schafe/Ziegen in Modell C knapp 28 % ausmachen, haben Schweine in Modell B einen Anteil von 41 %. Rind liegt in Modell A mit ca. 37 % zwischen den anderen beiden Modellen. Der Einfluss der verschiedenen domestizierten Nutztiere ist in allen Modellen gleichermaßen hoch, sodass keines der getesteten Tiere als Endmember ausgeschlossen werden kann. Die Wildquelle liegt in ihrem Anteil in allen drei Modellen zwischen 7 und ca. 12 % (Modell A: 8,8 %; Modell B: 6,9 %; Modell C: 12,3 %) und ist somit der Endmember mit

dem geringsten Einfluss auf die Ernährung. Allerdings kann ohne Wild kein Nahrungsnetz gespannt werden (Abb. 79). Neben Pflanzen ist Wild also ein notwendiger Endmember.

Mit diesem Endmember stößt man bei **MixSIAR** jedoch auf ein Problem: Rothirsch kann hier nicht ins Modell aufgenommen werden, da lediglich die Isotopenwerte eines einzelnen Tiers zur Verfügung stehen. Eine Stichprobengröße von 1 wird von MixSIAR nicht unterstützt, weshalb Wild, obwohl es ein wichtiger Endmember ist, nicht ins Modell aufgenommen wurde.

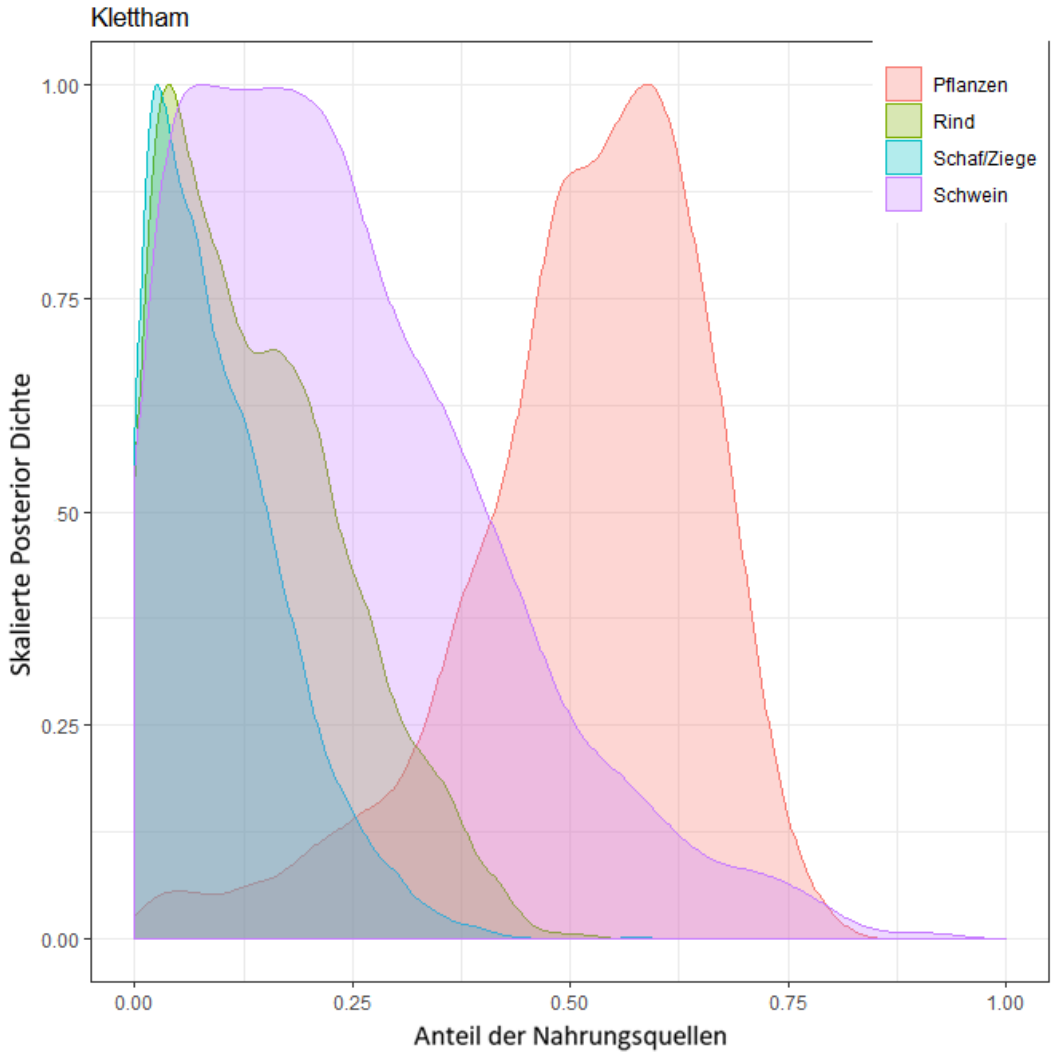


Abbildung 80: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Erding-Klettham. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Werteberechnung exkl. Kind KL 1720. Rind (µ: 14,4 %), Schwein (µ: 24,1 %), Schaf/Ziege (µ: 10,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 51,3 %).

MixSIAR berechnet immer eine Lösung, weshalb keine Aussage darüber möglich ist, ob Rothirsch als Quelle notwendig war oder nicht. Pflanzen haben im MixSIAR-Modell in der Ernährung mit 51,3 % als alleinstehende Quelle den größten Biomasseanteil. Das Fleisch von domestizierten Nutztieren nimmt in der Ernährung ca. 49 % ein und gliedert sich näher in Schwein (µ: 24,1 %; 8,0 %), Rind (µ: 14,4 %; sd: 10,4 %) und Schaf/Ziege (µ: 10,1 %; sd: 8,0 %) auf. Wie auch schon im IsoConc-Modell tritt Schwein als wichtiger Fleischlieferant in den Vordergrund und Schafe/Ziegen haben den geringsten Anteil als Fleischlieferant.

Mit **SISUS** können alle fünf möglichen Endmember als Modellbasis genutzt werden. Wie auch schon in den Modellen, die mit IsoConc und MixSIAR erstellt wurden, gibt es ungefähr ein Verhältnis von Pflanzen und Fleisch von 50:50, welches sowohl von Wildtieren wie auch von domestizierten Tieren stammt.

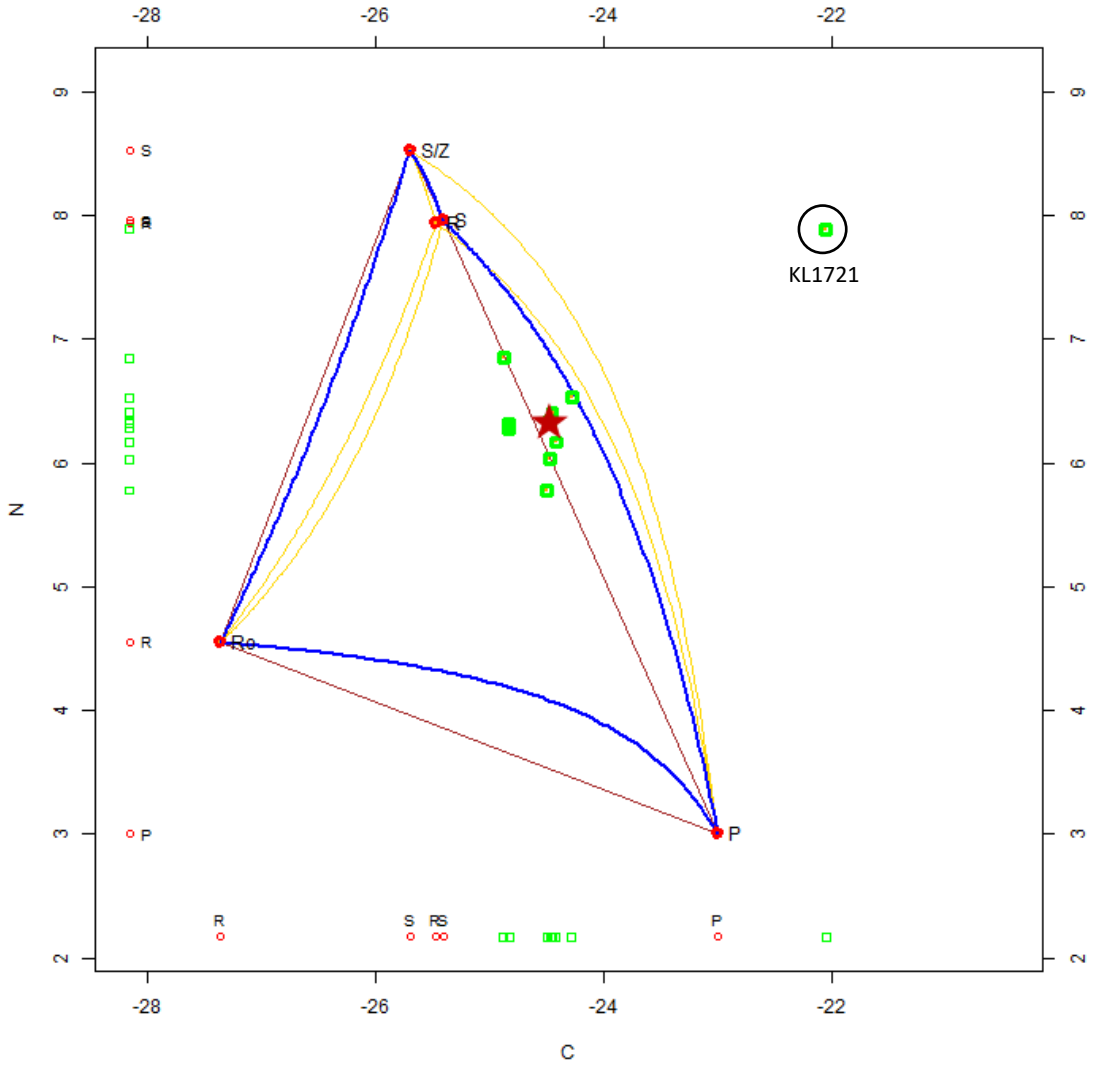


Abbildung 81: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Erding-Klettham (exkl. Kind KL 1720). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): Werteberechnung exkl. Kind KL 1720 **Ro**: Rothirsch (8,1 %), **R**: Rind (µ: 3,2 %), **S**: Schwein (µ: 14,3 %), **SZ**: Schaf/Ziege (µ: 10,1 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 54,4 %).

Pflanzen machen als eigenständige Quelle mit 54,4 % auch im SISUS-Modell den größten Anteil aus. Unter den domestizierten Tieren gibt es eine ähnliche Abstufung wie in den vorhergehenden Modellen: Schwein (µ: 14,3 %; sd: 10,2 %) ist die primäre Fleischquelle, wobei Rind (µ: 13,2 %; sd: 9,3 %) ebenso in der Ernährung repräsentiert ist und Schaf/Ziege (µ: 10,1 %; sd: 7,2 %) hat in der Ernährung unter den Nutztieren den kleinsten Einfluss. Wild hat unter den Fleischquellen den geringsten Biomassenanteil (µ: 8,1 %; sd: 1,1 %). Trotz des geringen Prozentsatzes bildet Rothirsch auch im SISUS-Modell einen notwendigen Endmember.

Das Individuum KL1721, eine mature Frau, hebt sich sichtlich von der sonst homogenen Datengruppen ab. Die Frau wird nicht vom Nahrungsnetz aufgefangen (Abb. 81) und divergiert deutlich von der Subsistenzstrategie aus Erding-Klettham.

Tabelle 30: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Erding-Klettham**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
größtenteils C_3Pflanzen-basierte Ernährung	C_3-Pflanzen basierte Ernährung
hoher Anteil an tierischem Protein	Verhältnis Ernährungsprotein von Pflanzen zu Fleisch gleich → Anteil an tierischem Protein (Wild und dom. Nutztiere) typisch für omnivore Ernährung Wild: geringer Anteil, jedoch notwendig domestizierte Tiere: Schwein, Rind, Schaf, Ziege → primäre Fleischquelle: Schwein

Gemäß der der ursprünglichen Auswertung (Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012) bestand die Ernährung der Menschen aus dem spätantiken Erding-Klettham aus einem hohen Anteil an tierischem Protein und basierte auf C_3-Pflanzen. Die konzentrationsbasierten Mischungsmodelle unterstützen die Auswertung dahingehend, dass die Ernährung auf C_3-Pflanzen und Pflanzenprodukten aufbaut. In den Modellen hatte Fleisch denselben Anteil in der Ernährung wie Pflanzen. Der Anteil von Fleisch in der Ernährung ist dementsprechend hoch, doch ist dieses Nahrungsmuster und -verhältnis typisch für eine omnivore Lebensweise. Im Vergleich zur bivariaten Interpretation spezifizieren die Mischungsmodelle den Ursprung des Tierproteins. Es wird deutlich, dass Wild und somit die Jagd immer noch eine Rolle spielt, wenn auch nur sehr untergeordnet, da das Fleisch von domestizierten Tieren die wichtigste Fleischquelle darstellt. Im Vordergrund steht hierbei das Fleisch von Schweinen, aber auch von Rindern. Schafe und Ziegen verlieren an Bedeutung in der Ernährung und werden in den Hintergrund gedrängt.

4.7 Deutschland: Frühmittelalter

4.7.1 Das frühmittelalterliche Nahrungsnetz (Bayern)

Für die Nahrungsnetze in Frühmittelalter ergibt sich ein Problem, das die Ernährungsrekonstruktion erheblich erschwert hat: das Fehlen von lokalen Tierdaten. Für die einzelnen Orte existieren nur selten Isotopendaten von Tieren des jeweiligen Fundortes. Des Weiteren ist das Mittelalter gekennzeichnet durch Städtebildung und die Anfänge des weitreichenden Handelssystems, was wiederum Nahrungsquellen außerhalb der Fundortumgebung erweitert.

In Abbildung 82 sieht man deutlich, wie stark die Tiere und die Menschen des Frühmittelalters bezüglich ihrer Isotopie spannen können, wie sie sich aber gleichzeitig auch überlappen. Aus diesen Gründen wird im Rahmen der vorliegenden Arbeit ein allgemeines Nahrungsnetz für den frühmittelalterlichen Raum Bayerns zu erstellen. Hierbei wurden die Tiere der hier besprochenen frühmittelalterlichen Siedlungen, falls vorhanden, zusammengefasst, und um Vergleichsdaten aus weiteren frühmittelalterlichen Fundorten in Bayern erweitert (Tab. A 1), welche zusammen als Pool für mögliche Endmember für die frühmittelalterlichen Individuen dienen (Abb. 82). Dies ist möglich, da die die Ökologie der Fundorte aus Bayern nahezu identisch und daher vergleichbar ist.

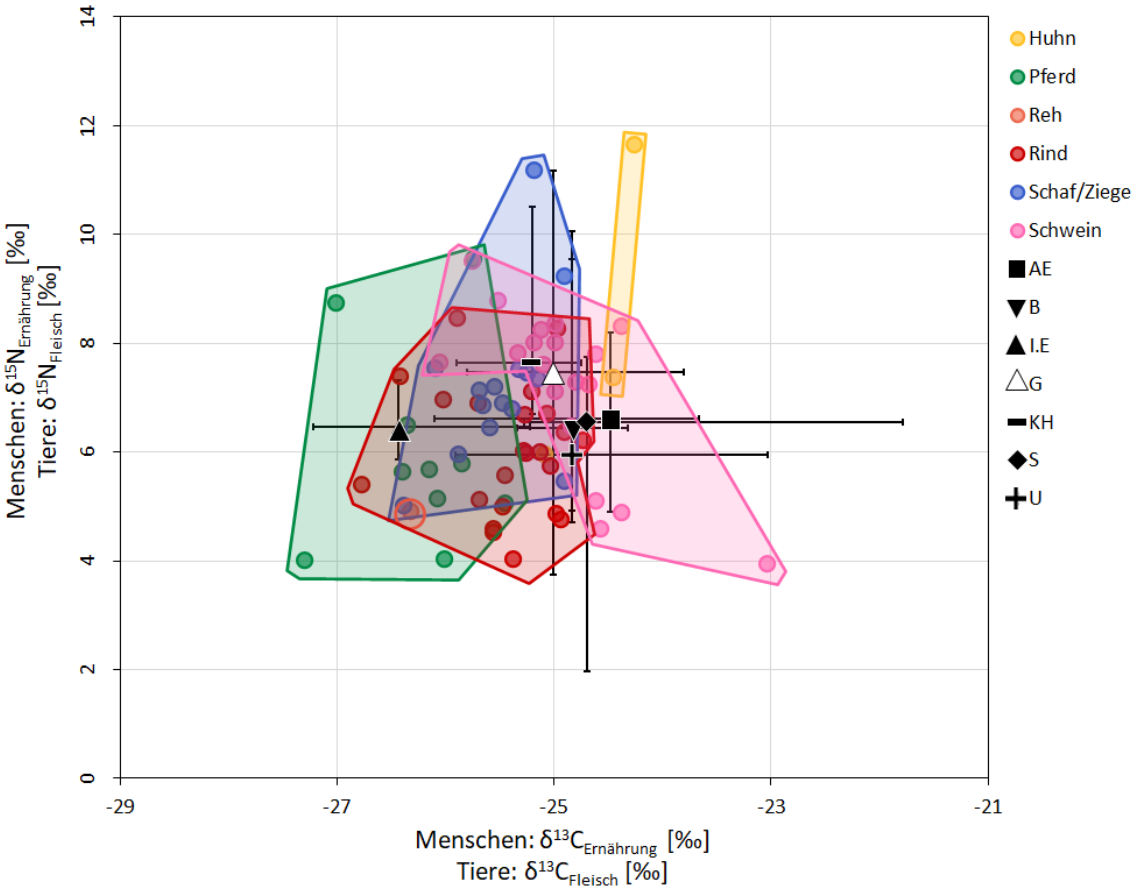


Abbildung 82: Datenpool aller Tierisotopien des frühmittelalterlichen Bayerns und der Populationsmedian der frühmittelalterlichen Fundorte. Kohlenstoff- und Stickstoffisotopie der Menschen: Ernährungswerte; Kohlenstoff- und Stickstoffisotopie der Tiere: Fleischwerte. **AE**: Erding-Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt-Etting, **G**: Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling.

4.7.2 Bruckmühl

Der Datensatz von Bruckmühl besteht aus insgesamt 33 Individuen (Tab. 31), darunter 24 Erwachsene, acht subadulte Individuen und ein Individuum, dessen Alter nicht bestimmt werden konnte.

Tabelle 31: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **B**: Bruckmühl (Czermak 2011); **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult **mad**: mitteladult, **sad**: spätadult, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **mat**: matur, **fmat**: frühmatur**, mmat**: mittelmatur**, nb**: nicht bestimmbar, **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
B1	juv	w	3,20	14,43	9,02	6,02	39,55	-20,10	-25,10
B2	fad	w	3,16	13,49	9,55	6,55	36,52	-19,98	-24,98
B3	mad	m	3,14	15,24	9,53	6,53	41,00	-19,49	-24,49
B5	Inf II	w?	3,17	14,20	9,44	6,44	38,56	-20,00	-25,00
B6*	fad	w?	3,21	19,23	9,12	6,12	52,85	-19,96	-24,96
B7*	fmat	w	3,14	23,25	8,16	5,16	62,57	-19,84	-24,84
B8	Inf I	nb	3,22	14,72	13,06	10,06	40,59	-19,32	-24,32
B9	Inf I	nb	3,22	14,59	9,74	6,74	40,23	-19,73	-24,73
B10	ad	w?	3,23	12,99	10,14	7,14	35,93	-19,77	-24,77
B11	juv	nb	3,29	13,83	9,87	6,87	39,00	-20,09	-25,09
B12	fad	w	3,10	14,89	8,70	5,70	39,62	-19,93	-24,93
B13	mad	m	3,14	10,86	9,71	6,71	29,20	-19,78	-24,78
B14	mmat	w	3,18	14,31	8,38	5,38	38,99	-19,75	-24,75
B15	mad	w	3,19	13,50	9,75	6,75	36,86	-19,75	-24,75
B16	fad	m?	3,29	13,07	9,11	6,11	36,84	-20,30	-25,30
B17	mad	m?	3,25	11,43	10,38	7,38	31,79	-19,76	-24,76
B19	sad	m	3,21	13,43	9,28	6,28	36,92	-20,17	-25,17
B21	fad	w	3,21	13,74	9,54	6,54	37,77	-20,06	-25,06
B22	fad	w?	3,25	11,86	9,79	6,79	33,05	-19,86	-24,86
B23	ad	w?	3,19	13,86	9,38	6,38	37,91	-19,86	-24,86
B24	fad	m?	3,27	11,78	9,88	6,88	32,99	-19,79	-24,79
B26	Inf II	w?	3,18	16,96	9,42	6,42	46,16	-20,17	-25,17
B27	fad	m	3,24	17,07	9,54	6,54	47,36	-19,63	-24,63
B28	fmat	w	3,15	13,22	8,96	5,96	35,71	-19,87	-24,87
B30*	nb	nb	3,27	7,00	7,93	4,93	19,65	-20,13	-25,13
B31	sad	w	3,19	15,25	9,63	6,63	41,76	-19,78	-24,78
B33	fad	w	3,25	12,67	9,07	6,07	35,32	-19,78	-24,78
B36	juv	m	3,28	14,27	9,63	6,63	40,07	-19,97	-24,97
B38	mad	w	3,16	15,76	9,39	6,39	42,74	-19,81	-24,81
B41	ad	m?	3,20	17,34	9,27	6,27	47,55	-19,71	-24,71
B42	mad	w	3,28	14,55	9,63	6,63	40,84	-19,71	-24,71
B44	fad	w	3,28	14,62	9,45	6,45	41,14	-19,73	-24,73
B45	juv	m?	3,27	12,70	9,02	6,02	35,55	-20,34	-25,34

Die Spanne der $\delta^{15}N$-Werte der Population reicht von 7,93 ‰ bis 13,06 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,93 ‰ – 10,06 ‰), wobei, mit Ausnahme des Kindes B8, die Werte zwischen 7,93 ‰ bis 10,38 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,93 ‰ – 7,38 ‰) liegen. Die $\delta^{13}C$-Werte der Population spannen zwischen -19,32 ‰ und -20,34 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,32 ‰ bis -25,34 ‰) und haben damit eine maximale Differenz von nur knapp 1 ‰.

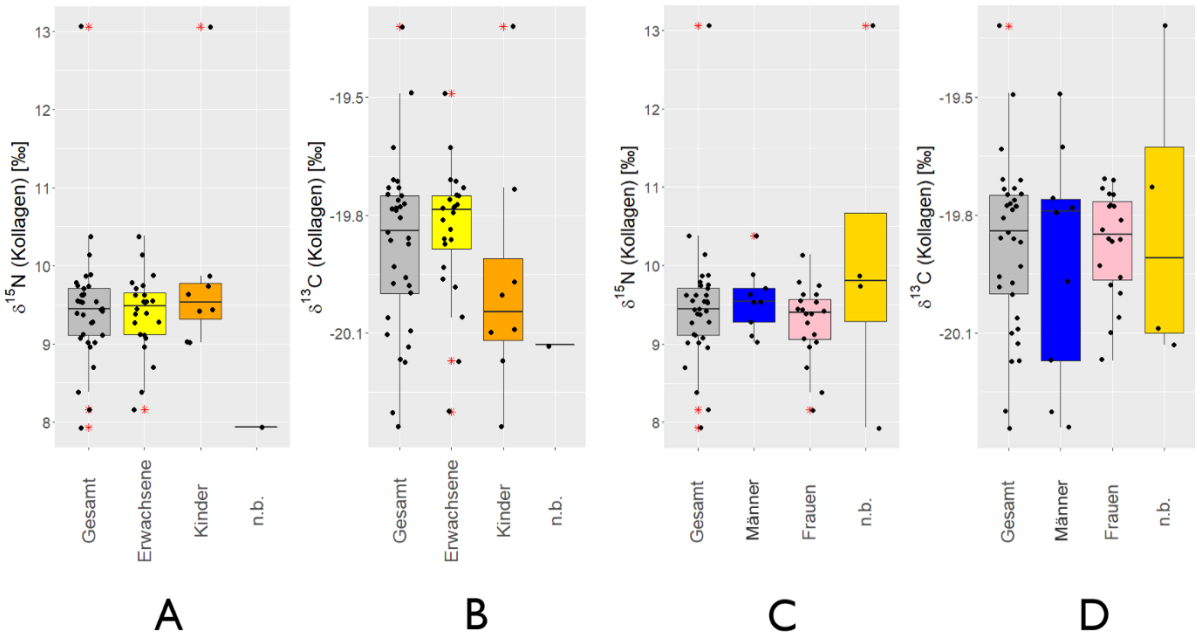


Abbildung 83: Boxplots der Daten aus Bruckmühl. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *n.b.*: nicht bestimmbar.

Die Abweichungen zwischen den Altersgruppen sind sehr gering. Die Werte der Erwachsenen und die der Kinder unterscheiden sich sowohl im Kohlenstoffisotopenwert, wie auch im Stickstoffisotopenwert nicht signifikant (Tab.32). Die Mediane der einzelnen Altersgruppen weichen im $\delta^{13}C$-Verhältnis um maximal 0,4 ‰ voneinander ab (Erwachsene: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19.79 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,79 ‰; Kinder: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,05 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,05 ‰; Alter nicht bestimmbar: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,13 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,13 ‰). Die Stickstoffmediane der Kinder ($\delta^{15}N_{Koll}$: 9,54 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,54 ‰) und Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Koll}$: 9,49 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,49 ‰) sind sich sehr ähnlich und gehen um nicht mal 0,1 ‰ auseinander.

Das Individuum, dessen Alter nicht bestimmt werden konnte, hat einen im Verhältnis niedrigen Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Koll}$: 7,93 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,93 ‰) und einen nicht abweichenden Kohlenstoffisotopenwert. Es liegt also kein Stilleffekt vor, weshalb das Individuum nicht aus der Gesamtpopulation ausgeschlossen wird.

Tabelle 32: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Bruckmühl (B)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; n.b.: Alter nicht bestimmbar/nicht bestimmt; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, x: kein Ergebnis.

	n	B Erwachsene	B Kinder	B n.b.
B Erwachsene	24	-	0,09	x
B Kinder	8	0,53	-	x
B n.b.	*1*	x	x	-

Zwischen den Geschlechtergruppen, inklusive der Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte, gibt es nur minimale Unterschiede von unter 0,3 ‰, was auch dem Messfehler entspricht. Der Median des $\delta^{15}N$-Verhältnisses liegt bei den Männern bei 9,54 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,54 ‰),

bei den Frauen 9,42 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,42 ‰) und bei den unbestimmten Individuen 9,81 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,81 ‰). Der $\delta^{13}C$ Median der Männer ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,79 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,79 ‰) ist tendenziell positiver als der Median der Frauen ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,86 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,86 ‰) und der Individuen mit nicht bestimmbarem Geschlecht ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,91 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,91 ‰). Die Differenzen der einzelnen Gruppen und deren Isotopensignale weichen nicht signifikant voneinander ab (Tab. 33).

Tabelle 33: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Bruckmühl (B)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	B ♂	B ♀	B n.b.
B ♂	10	-	0,77	0,72
B ♀	19	0,34	-	0,94
B n.b.	4	0,44	0,24	-

In der Gesamtpopulation gibt es im $\delta^{15}N$-Verhältnis drei Ausreißer: die erwachsene Frau B7* ($\delta^{15}N_{Koll}$: 8,16 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,16 ‰), das Kind B8 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 13,06 ‰; δ^{15}; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 10,06 ‰) und das Individuum B30* ($\delta^{15}N_{Koll}$: 7,93 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,93 ‰), dessen Geschlecht und Alter nicht bestimmt werden konnte. Die Individuen B7* und B8 fallen auch in ihrer jeweiligen Altersgruppe als Ausreißer auf (Abb. 83). B7* fällt außerdem in der Gruppe der Frauen mathematisch auf. Unter den Männern fällt im $\delta^{15}N$-Verhältnis allein das Individuum B17 ($\delta^{15}N_{Koll}$: 10,38 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,38 ‰) aus der Gruppe raus. Das Kind B8 fällt auch mit seinem abweichenden $\delta^{13}C$-Wert ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: - 19,32 ‰ bis – 24,32 ‰) aus der Gesamtpopulation und aus der Gruppe der Kinder (Abb. 83). Das subadulte Individuum B8, welches Anzeichen eines Stilleffekts aufweist wurde bei der Ernährungsrekonstruktion der Population ausgenommen (Abb. 83).

Unter den Erwachsenen gibt es drei Outlier im $\delta^{13}C$-Verhältnis: B3 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,49 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,49 ‰), B16 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,30 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,30 ‰), und B 19 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: 20,17 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,17 ‰).

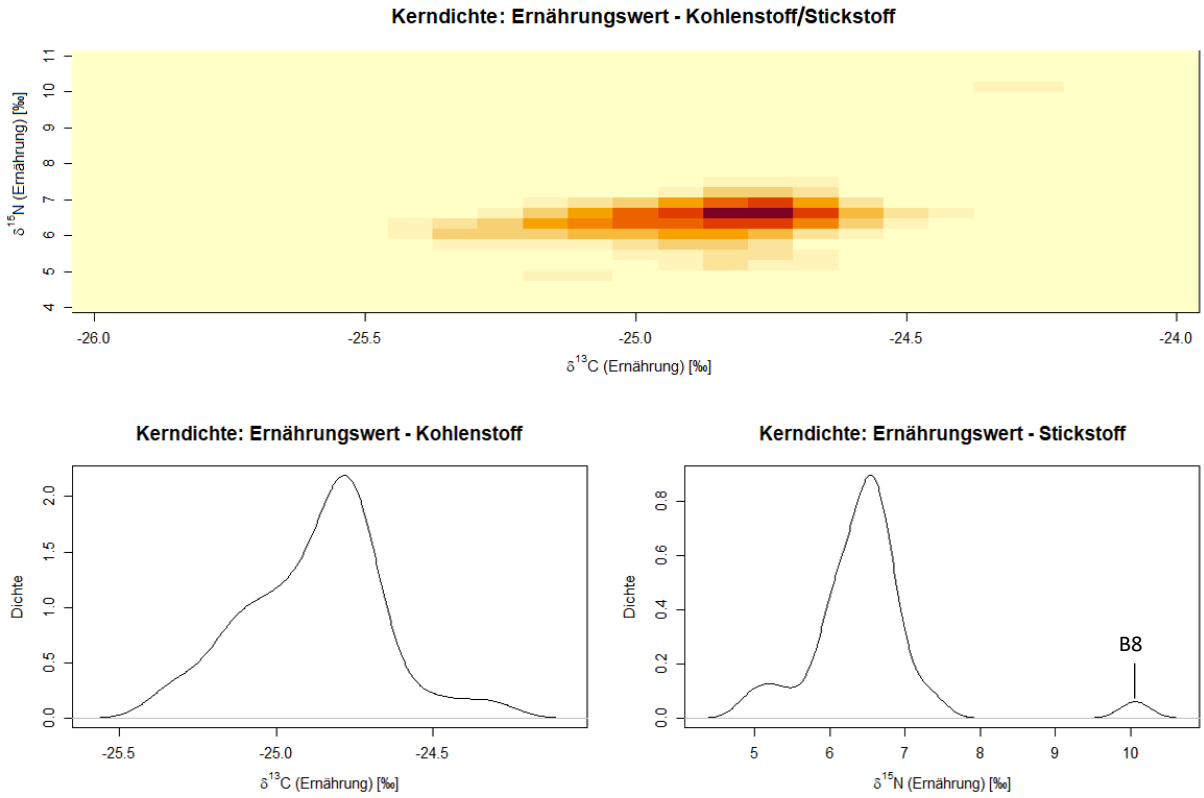


Abbildung 84: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Bruckmühl (inklusive B8). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts)

Die Kerndichte-Verteilung der aus den Kollagen berechneten Ernährungswerten (Abb. 84) zeigt eine klare Verdichtung der Daten aus Bruckmühl im Kohlenstoff/Stickstoff-Schnittbereich zwischen -25,0 bis -24,5 ‰/6 bis 7 ‰. Gerade im Kohlenstoffisotopenwert erkennt man eine starke Abflachung der Dichtewolke und somit eine sichtbare Verstreuung der Daten. Die Stickstoffisotopenwerte streuen im Vergleich zu den Kohlenstoffisotopenwerten zwar über mehrere Promille, doch die Stickstoffisotopenwerte sind nicht so variabel wie die Kohlenstoffisotopenwerte. Man erkennt einen weiteren Datenpunkt bei einem Stickstoffwert von ca. 10 ‰. Dieser entsteht durch das subadulte Individuum B8.

Der Bestattungsplatz Bruckmühl lässt sich näher in einen westlichen und einen östlichen Friedhofsteil aufteilen. Die beiden Friedhofsteile werde näher differenziert, weil durch Bestattungsbeigaben eine soziale Sichtung der Individuen angedeutet wird. Das Stickstoffsignal unterscheidet sich hierbei geringfügig (Abb. 85). Lediglich die Wertespanne weicht zwischen den beiden Bereichen ab: die $\delta^{15}N$-Werte der Individuen aus dem östlichen Friedhofsteil spannen von 7,93 ‰ bis 9,63 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,93 ‰ – 6,63 ‰) und die Stickstoffisotopenwerte der Individuen aus dem westlichen Friedhofsteil reichen von 8,16 ‰ bis 13,06 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,16 ‰ – 10,06 ‰) (Abb. 85). Der Kohlenstoffisotopenwert spannt hingegen ein wenig breiter. Die $\delta^{13}C$-Werte des östlichen Friedhofsteils reichen von -20,34 ‰ bis -19,63 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,34 ‰ – -24,63 ‰) und die des westlichen Friedhofsteil spannen von -19,32 ‰ bis -20,30 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,30 ‰ – -24,32 ‰)

(Abb. 85). Die Isotopenwerte der beiden Friedhofsabschnitten unterscheiden sich nicht signifikant (Tab. 34).

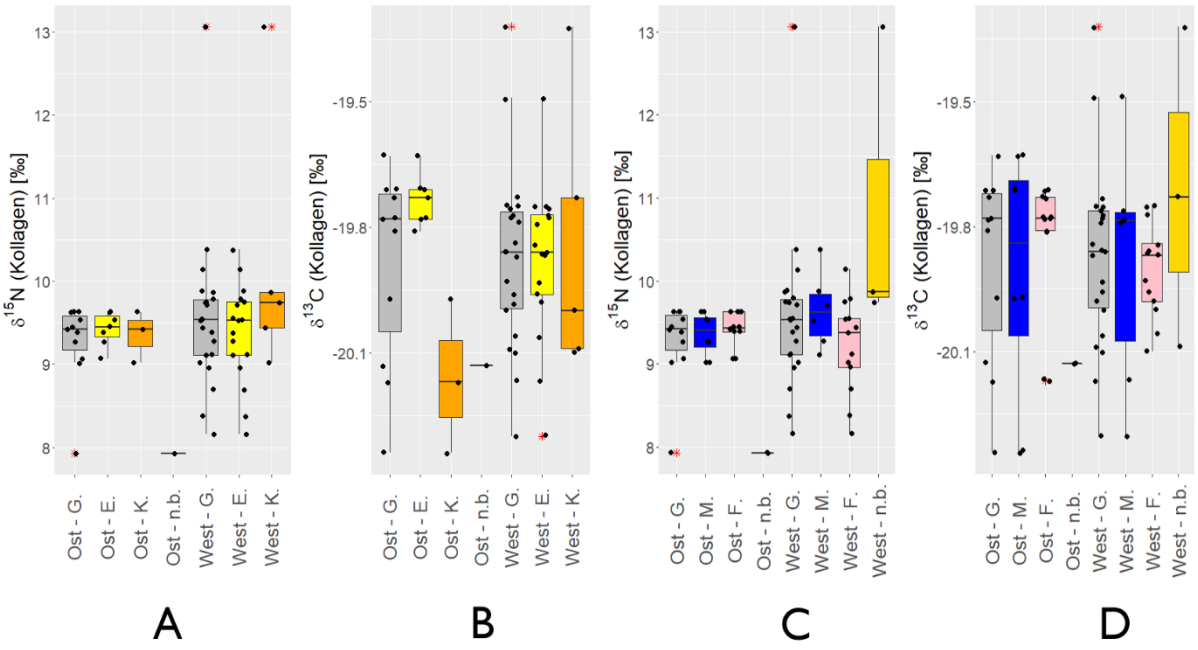


Abbildung 85: Boxplots der Daten aus Bruckmühl unterteilt nach Friedhofsteil. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *G.*: Gesamt, *E.*: Erwachsene; *K.*: Kinder; *M.*: Männer; *F.*: Frauen; *n.b.*: nicht bestimmbar.

Tabelle 34: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Bruckmühl (B)** getrennt nach Friedhofsteil. *: ohne Individuum B8, n = Probenzahl; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	B Ost	B West	B West*
B Ost	11	-	0,69	0,53
B West	22	0,33	-	0,81
B West*	21	0,58	0,52	-

Es gibt bei beiden Friedhofsteilen keine signifikanten Unterschiede in den Altersgruppen bezüglich der Stickstoffisotopie (Tab. 35). In den Kohlenstoffisotopenwerten gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Erwachsenen, die im östlichen Friedhofsteil bestattet wurden. Sie unterscheiden sich signifikant von den subadulten Individuen des östlichen Friedhofsbereich und auch von den Erwachsenen des westlichen Friedhofgebiets (Tab. 35). Obwohl sich die Kinder und die Erwachsenen des östlichen Friedhofsteils signifikant unterscheiden, wird der Populationsmedian des östlichen Teils, auf dem die Modelle dieses Friedhofteils berechnet werden, altersunabhängig berechnet, weil es sich bei den drei Individuen um keine Kleinkinder mehr handelt und daher keinen Stilleffekt mehr aufweisen. Darüber basiert der Test-Vergleich der beiden Altersgruppen auf einer geringen Stichprobenzahl, weshalb die Aussagekraft sehr schwach ist und nur eine Tendenz angibt.

Tabelle 35 Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Bruckmühl (B)** getrennt nach Friedhofsteil und unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; Erw.: Erwachsene; Kin.: Kinder. n.b.: Alter nicht bestimmbar/nicht bestimmt; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, x: kein Ergebnis.

	n	B Ost Erw.	B Ost Kin.	B Ost n.b.	B West Erw.	B West Kin.
B Ost Erw.	7	-	**0,02**	x	**0,02**	0,29
B Ost Kin.	3	0,82	-	x	0,04	0,23
B Ost n.b.	*1*	x	x	-	x	x
B West Erw.	17	0,92	0,83	x	-	0,88
B West Kin.	5	0,33	0,29	x	0,35	-

In den Geschlechtergruppen gibt es nur bei den Individuen aus dem westlichen Friedhofsteil signifikante Differenzen im $\delta^{15}N$-Verhältnis der Gruppe, deren Geschlecht nicht bestimmbar war im Verhältnis zu den zwei Frauengruppen (Tab. 36).

Tabelle 36: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Bruckmühl (B)** getrennt nach Friedhofsteil und unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, x: kein Ergebnis.

	n	B Ost ♂	B Ost ♀	B Ost n.b.	B West ♂	B West ♀	B West n.b.
B Ost ♂	4	-	1	x	0,92	0,69	0,86
B Ost ♀	6	0,75	-	x	0,75	0,15	0,6
B Ost n.b.	*1*	x	x	-	x	x	x
B West ♂	6	0,34	0,38	x	-	0,69	0,67
B West ♀	13	0,78	0,51	x	0,2	-	0,35
B West n.b.	3	0,05	**0,03**	x	0,25	**0,04**	-

Werden die Daten nach Geschlecht aufgetrennt, so finden sich signifikante Unterschiede lediglich zwischen dem $\delta^{15}N$-Wert der geschlechts-unbestimmten Gruppe des westlichen Friedhofsteil und dem der Frauen der beiden Friedhofstelle (Tab. 36)

In den verschiedenen Gruppen treten fast nur Ausreißer auf, die schon in der Gesamtauswertung auffielen. In der Stickstoffverteilung des östlichen Bereichs fällt das Individuum B30* auf, das keinem Geschlecht und Alter zugeordnet werden konnte. Im westlichen Bestattungsgebiet gibt es einen Ausreißer: das Kind B8, welches auch in seinem Kohlenstoffsignal im Gesamtkollektiv des westlichen Friedhofsabschnitt als Ausreißer identifiziert werden konnte. Im Kohlenstoffisotopenwert gibt es zusätzlich in der Gruppe der Erwachsenen im westlichen Bereich einen Ausreißer, das Individuum B16 ein erwachsener Mann. Unter den verschiedenen Geschlechtergruppen wird lediglich B26, ein Mädchen der Altersgruppe Infans II ($\delta^{13}C_{Kolllagen}$: -20,17 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,17 ‰) als ein Ausreißer unter den Frauen des östlichen Friedhofsteils bestimmt. Allerdings ist die Probengröße der einzelnen Gruppen des Friedhofteils der sehr klein, sodass die Ausreißeranalyse sehr vage ist und nur eine Tendenz ist.

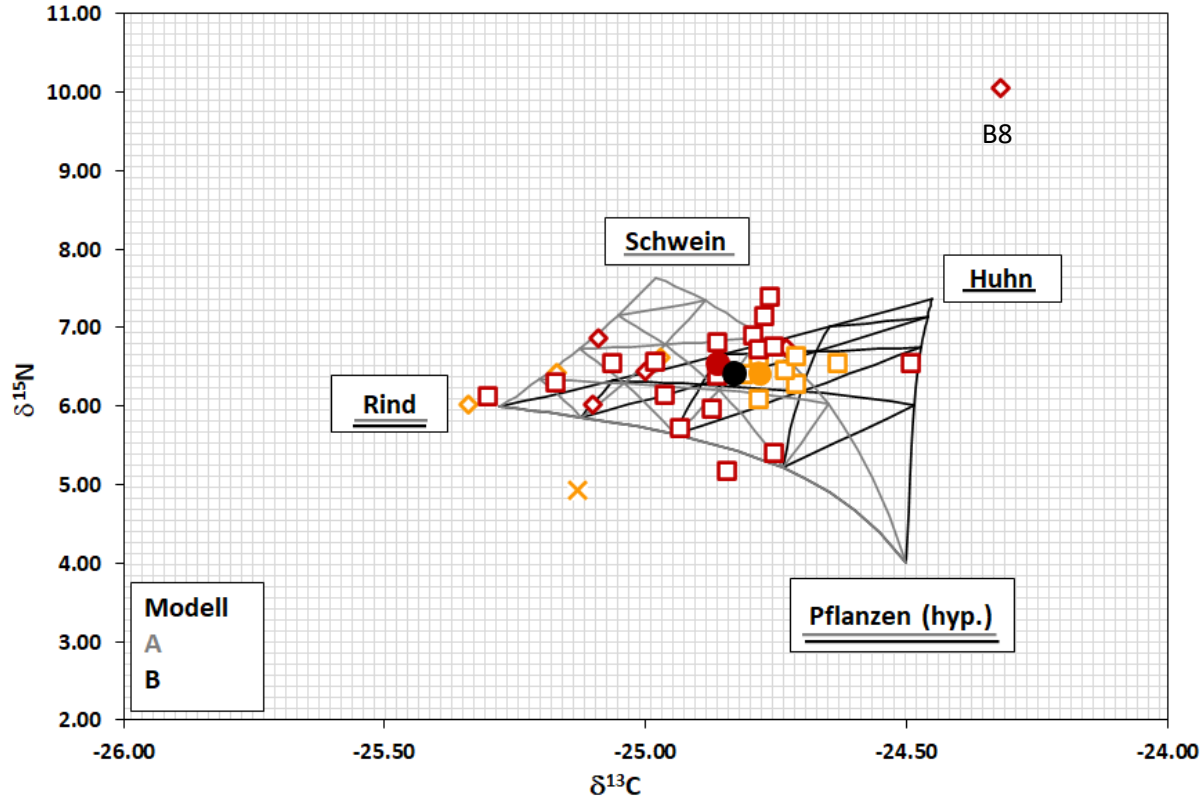


Abbildung 86: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Bruckmühl. (Darstellung mit B8) Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Kreuz**: nicht bestimmbar, **Punkt**: Median; **Gelb**: Ostteil des Friedhofs, **Rot**: Westteil des Friedhofs. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (ohne Individuum B8): Gesamtpopulation: Rind (18,4 %), Schwein (34,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (47,2 %), Rind (46,5 %), Huhn (35,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (18,5 %); Ostteil des Friedhofs: Rind (9,9 %), Schwein (33,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (56,3 %), Rind (36,6 %), Huhn (33,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (29,5 %); Westteil des Friedhofs: Rind (17,9 %), Schwein (37,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (44,6 %), Rind (47,6 %), Huhn (40,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (12,3 %).

Für die Population aus Bruckmühl ist es empfehlenswert zwei Modelle mit **IsoConc** zu erstellen (Abb. 86), da hierdurch fast alle Individuen (n = 26) durch ein Nahrungsnetz abgedeckt werden. Beide Modelle bestehen aus Pflanzen und Rind als Endmember und unterscheiden sich jeweils im dritten Endpunkt, der in Modell A auf Schweinefleisch und in Modell B auf Hühnerfleisch basiert. Die Ernährung beider Modelle besteht primär aus Fleisch, welches durch Pflanzen und Pflanzenprodukte ergänzt wird. Doch die Anteile der einzelnen Endpunkte unterscheiden sich deutlich. Modell A wird hauptsächlich durch Schweinefleisch (34,4 %) und Pflanzen (47,2 %) bestimmt und zu knapp 18 % aus Rind (18, %). In Modell B dominiert Rind mit ca. 47 % das Nahrungsnetz, gefolgt von Huhn (35,1 %). In diesem Modell werden Pflanzen (18,5 %) etwas in den Hintergrund gedrängt.

Zwischen den zwei Friedhofsteilen gibt es leichte Unterschiede im Anteilsverhältnis der einzelnen Endmember. Die Modelle für die Individuen, die im östlichen Friedhofsteil bestattet wurden, bauen zum Großteil auf den Fleischquellen auf. Wie auch in der Gesamtauswertung basieren beide Modelle auf domestizierten Tieren und Pflanzenprodukten. In Modell A ist die wichtigste Fleischquelle Schwein (33,8 %) und in Modell B Rind (36,65 %), wobei auch Huhn mit knapp 34 % einen wichtigen Anteil im Mischungsmodell einnimmt und über die Modelle hinweg konstant bleibt. Der Anteil von Pflanzen in

den Modellen für den östlichen Friedhofsteil ist sowohl in Modell A (56,3 %) wie auch in Modell B (29,5 %) ein wenig höher als in der Auswertung für die Gesamtbevölkerung. Dies steht ganz im Gegensatz zu den Modellen für den westlichen Friedhofsbereich, bei welchem Pflanzen sichtlich weniger Anteil haben (Modell A: 44,6 %; Modell B: 12,3 %) und die Fleischquellen zunehmen, wobei Schwein in Modell A mit ca. 38 % immer noch den Hauptanteil darstellt und Rind mit ca. 18 % erneut knapp 1/5 des Modells bildet. Modell B hingegen baut auf Rind (47,6 %) als Endpunkt auf, doch auch Huhn (40,1 %) beeinflusst die Ernährung laut Modell maßgeblich. Es deutet sich im IsoConc-Modell an, dass die Ernährung und die Beigaben nicht korrespondieren, wenn man als Prämisse annimmt, dass die Individuen aus dem östlichen Friedhofsteil – mit reichen Beigaben – einen besseren Zugang zu tierischem Protein hatten.

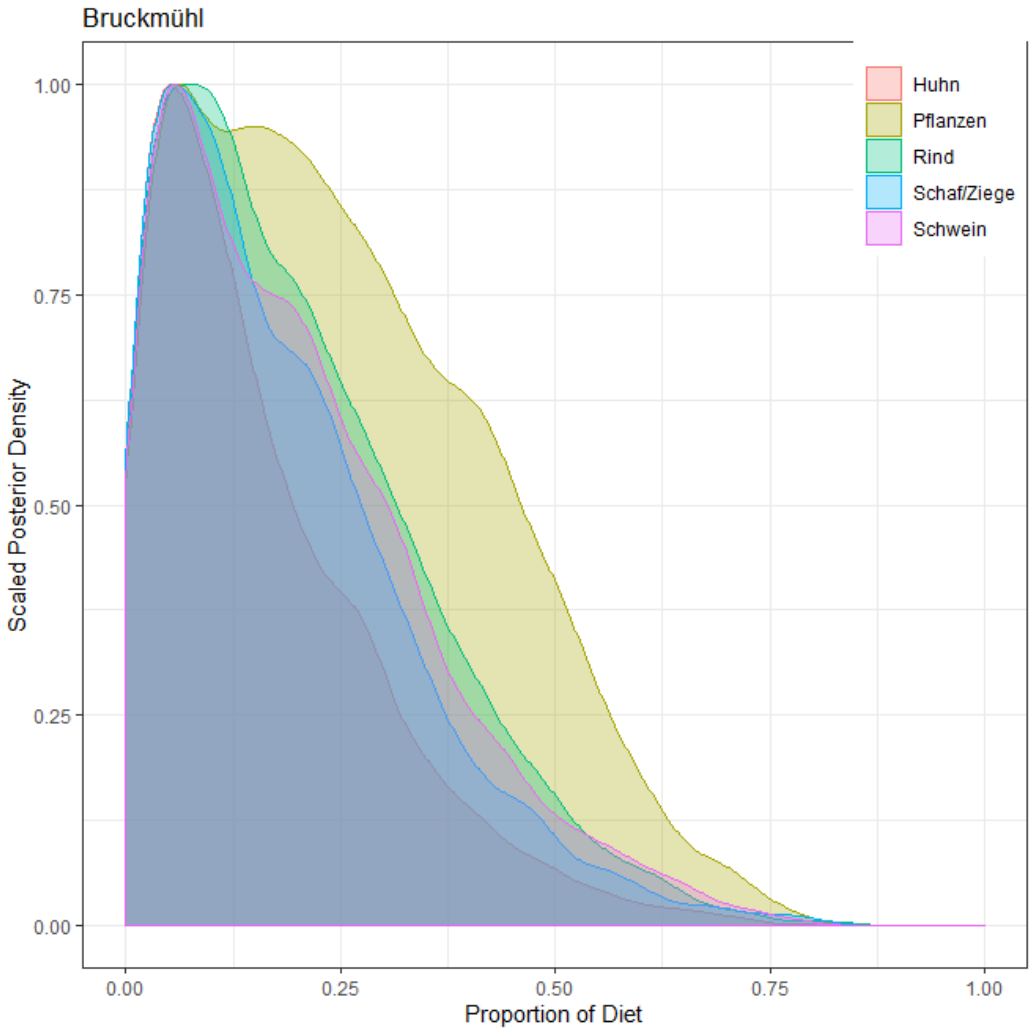


Abbildung 87: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Bruckmühl. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (ohne Individuum B8): Huhn (µ: 16,2 %), Rind (µ: 20,1 %), **S**: Schwein (µ: 20,0 %), Schaf/Ziege (µ: 18,4 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 25,3 %).

Das **MixSIAR**-Modell für Bruckmühl basiert sichtlich auf Fleisch als Endmember, wobei die einzelnen Fleischquellen Anteile zwischen 16,2 % (Huhn) und 20,1 % (Rind) ausmachen. Schweinefleisch ist für das Modell die wichtigste Fleischquelle, gefolgt von Rind (µ: 20,1 %; sd: 15,0 %), auch wenn Schaf/Ziege (µ: 18,4 %; sd: 14,6 %) und Huhn (µ: 16,2 %; sd: 13,7 %) ebenfalls einen beträchtlichen Prozentsatz im

Modell ausmachen. Pflanzen machen knapp 25 % der Biomasse aus und sind somit die Nahrungsquelle, die alleinstehend den größten Anteil hat. Im Gesamtbild werden sie von den Fleischquellen unterdrückt, auch wenn sie fast 1/4 der Biomasse bilden. Für die beiden Friedhofsabschnitte gibt es lediglich minimale Abweichungen zum Populationsmedian (Tab. A 52).

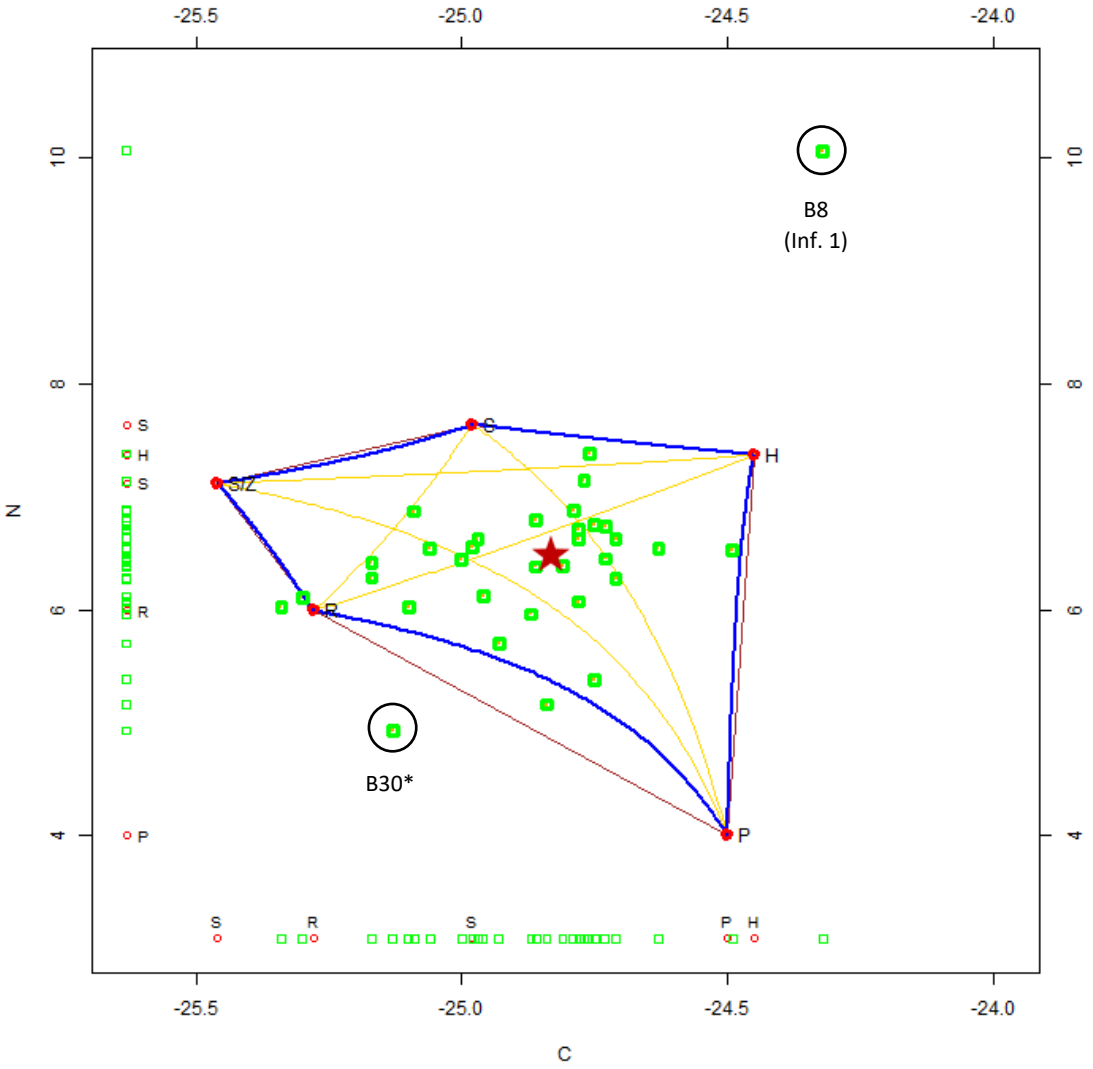


Abbildung 88: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Bruckmühl (Darstellung inklusive Individuum B8). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern; ohne Individuum B8): **H**: Huhn (µ: 13,8 %), **R**: Rind (µ: 18,6 %), **S**: Schwein (µ: 13,5 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 12,1 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 41,9 %).

Das **SISUS**-Modell widerspricht deutlich dem MixSIAR-Modell und nähert sich den Ergebnissen der IsoConc-Modelle an. Der Pflanzenkonsum ist mit 41,9 % die Quelle mit dem höchsten Einzelanteil, auch wenn Fleisch im Gesamtbild überwiegt. Die wichtigste Fleischquelle stellt Rind (µ: 18,6 %; sd: 10,7 %) dar, obwohl die Unterschiede zu den weiteren Tieranteilen gering sind: Huhn und Schwein machen 13,8 % (sd: 8,3 %) und 13,5 % (sd: 9,1 %) aus und Schafe/Ziegen nehmen im Modell 11,8 % (sd: 12,1 %) ein.

Das Modell für die Individuen aus dem östlichen Friedhofsbereich ergibt eine Ernährung und Anteilsverteilung, die sehr ähnlich zum Populationsmedian ist (Tab. A 53). Pflanzen machen mit ca. 48 % die größte Einzelquelle aus. Die wichtigste Fleischquelle stellt Geflügel dar (Huhn µ: 15,5 %;

sd: 8,1 %). Doch auch Rind (µ: 13,2 %; sd: 8,6 %) und Schwein (µ: 13,8 %; sd: 9,4 %) sind nicht weniger bedeutend. Schafe/Ziegen spielen mit einem Anteil von 9,4 % eine eher untergeordnete Rolle. Die Individuen aus dem westlichen Friedhofsbereich hatten eine Ernährung, die mehr auf Fleisch basierte, als die Gesamtpopulation oder die Individuen aus dem östlichen Teil des Friedhofs. Der Anteil von Pflanzen beträgt nur knapp 38 %. Die Anteilsverteilung der Fleischquellen ähnelt dem östlichen Friedhofsteil, ist jedoch erhöht. Rind (µ: 19,2 %; sd: 11,3 %) ist die wichtigste Fleischquelle, gefolgt von Huhn (µ: 15,9 %; sd: 9,3 %), Schwein (µ: 14,7 %; sd: 9,9 %) und zuletzt Schaf/Ziege (µ: 12,6 %; sd: 8,4 %). Der Ausreißer B30*, ein Individuum dessen Alter und Geschlecht nicht bestimmbar war, wird nicht vom Nahrungsnetz umschlossen. Allerdings weicht das Individuum nicht stark von der Grenze des Modells ab.

Tabelle 37: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Bruckmühl (B)**. Linke Spalte: ursprüngliche Originalinterpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Czermak 2011	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie Hauptproteinquelle: Pflanzen, Tiere, Fisch → nicht näher differenziert	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte C_3-Pflanzenbasierte Ernährung domestizierte Tiere: Schwein, Rind, Schaf, Ziege, Huhn → primäre Fleischquelle: Rind kein Wild und Fisch in der Ernährung und nicht notwendig für Mischungsmodell Unterschiede zwischen Friedhofsteilen Ost und West: ähnliche Ernährungsmuster → keine sozialen Differenzen.

Einen Vergleich zwischen der ursprünglichen Auswertung (Czermak 2011) und den Ergebnissen der Mischungsmodelle zu ziehen ist nicht möglich, da die Originalauswertung keine detaillierte Interpretation zu der Bevölkerung aus Bruckmühl liefert, sondern sich auf allgemeiner Ebene der Isotopenauswertung bewegt. Daher sind die hier generierten Nahrungsnetze die erste spezifische Auswertung der Bevölkerung aus Bruckmühl. Die Mischungsmodelle deuten auf eine Ernährung hin, bei der das Fleisch von domestizierten Tieren, allen voran Rind, die Grundlage des Nahrungsstils bilden. Die tierischen Proteine werden ergänzt durch C_3-Pflanzen und Produkte dieser Pflanzen. Wild und Fisch

waren kein Teil der Ernährung bzw. wurden in so geringen Mengen verzehrt, dass sie keinen Einfluss auf das Isotopensignal der Konsumenten hatte. Die Mischungsmodelle belegen deutlich, dass die Menschen Zugang zu Fleisch und tierischem Protein hatten und diese auch regelmäßig konsumierten. Zwischen dem östlichen und westlichen Friedhofsteil finden sich keine Unterschiede im Ernährungsstil. Tendenziell haben die Menschen aus dem westlichen Friedhofsteil mehr Fleisch konsumiert als die Menschen, die im östlichen Friedhofsabschnitt bestattet wurden. Eine soziale Differenz ist durch die Ernährungsrekonstruktion nicht gegeben, obwohl sich durch Bestattungsbeigaben eine soziale Schichtung zwischen den Individuen aus dem östlichen und dem westlichen Friedhofsbereich herauszeichnet. Die Unterschiede in den Ergebnissen in MixSIAR, IsoConc und SISUS sind dadurch zu erklären, dass MixSIAR Verteilungen betrachtet und keine Datenpunkte.

4.7.3 Erding – Altenerding

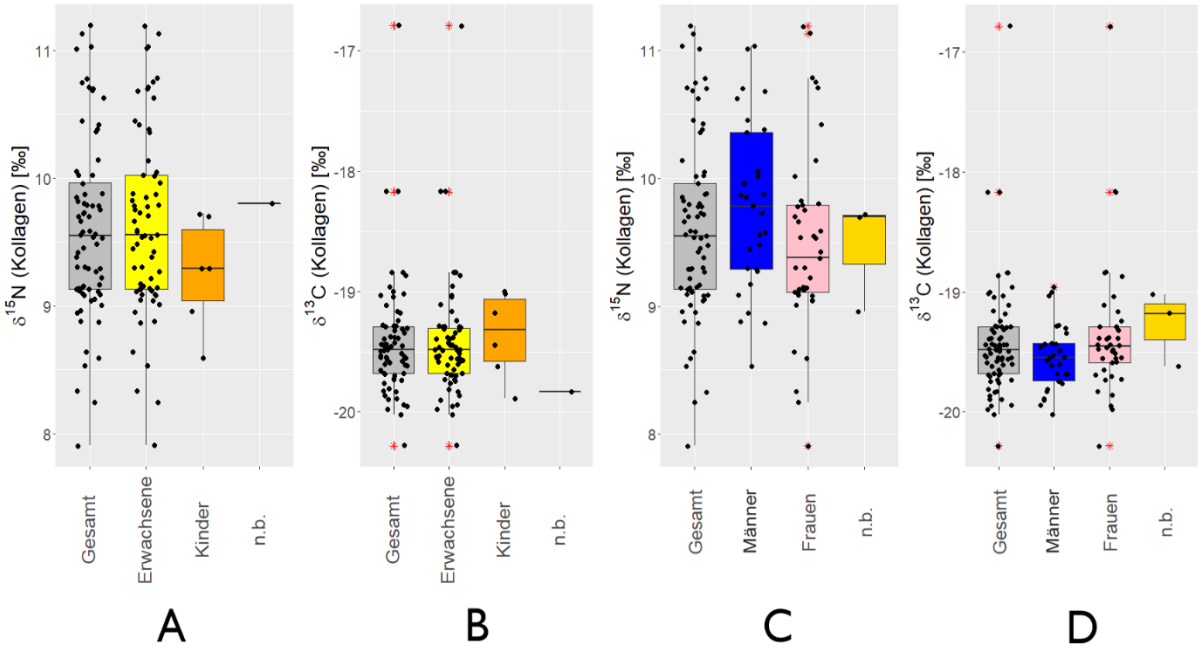


Abbildung 89: Boxplots der Daten aus Erding - Altenerding. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *n.b.*: nicht bestimmbar.

Aus dem Gräberfeld von Altenerding konnte an 73 Individuen eine Ernährungsrekonstruktion durchgeführt werden. Die $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Werte der gesamten Population liegen zwischen 7,91 ‰ und 11,19 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,91 bis 8,19 ‰) und sind identisch mit der Wertespanne der Erwachsenen. Die Werte erstrecken sich damit über eine ganze Trophiestufe. Die Kinder liegen mit Werten von 8,59 ‰ bis 9,72 ‰ in demselben Wertebereich. Der Kohlenstoffisotopenwert der Gesamtpopulation liegt im Bereich von -20,28 ‰ und -16,79 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,28 ‰ bis -21,79 ‰), wobei die Erwachsenen denselben Bereich abdecken. Der Großteil der Individuen liegt mit ihren $\delta^{13}C$-Werten jedoch im Bereich zwischen -20,02 ‰ und -18,87 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,02 ‰ bis -23,87 ‰) (Abb. 89, Tab. 38) Die subadulten Individuen haben Werte von -19,89 ‰ bis -19,00 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,89 ‰ bis -24,00 ‰).

Tabelle 38: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **AE**: Altenerding (Hackenbeck et al. 2012), **ad**: erwachsen, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **mat**: matur, **sen**: senil**, +**: mindestens, **nb**: nicht bestimmbar; **m**: männlich, **m**?: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung), **fett**: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
AE55	ad	m	3,16	14,63	11,01	8,01	39,61	-19,43	-24,43
AE76	Inf II	nb	3,18	14,88	9,70	6,70	40,58	-19,62	-24,62
AE91	ad	w	3,13	16,92	9,13	6,13	45,45	-19,69	-24,69
AE92	ad	m	3,12	15,63	9,45	6,45	41,77	-19,53	-24,53
AE105	ad	w	3,21	15,71	9,11	6,11	43,17	-19,38	-24,38
AE106	sen	m	3,15	15,16	10,05	7,05	41,00	-19,28	-24,28
AE117	sen	w	3,12	20,57	9,66	6,66	55,00	-19,46	-24,46
AE142	sen	w	3,15	14,20	10,71	7,71	38,40	-19,73	-24,73
AE146	ad	w	3,17	15,09	10,78	7,78	41,03	-19,55	-24,55
AE151	mat	w	3,14	15,01	9,01	6,01	40,48	-19,16	-24,16
AE154	ad	m	3,23	14,03	9,09	6,09	38,94	-19,94	-24,94
AE156	ad	w?	3,19	16,32	8,64	5,64	44,62	-19,39	-24,39
AE189	juv	nb	3,24	12,91	9,72	6,72	35,86	-19,18	-24,18
AE192	sen	w	3,18	14,64	9,70	6,70	39,90	-19,38	-24,38
AE201	ad	w	3,15	15,09	9,04	6,04	40,72	-19,95	-24,95
AE204	sen	w	3,19	14,19	9,30	6,30	38,75	-19,44	-24,44
AE218	sen	w?	3,19	14,50	9,09	6,09	39,67	-19,59	-24,59
AE224	sen	w	3,12	16,37	9,42	6,42	43,75	-19,04	-24,04
AE256	sen	w?	3,16	14,40	9,82	6,82	38,98	-19,58	-24,58
AE272	mat	w	3,13	15,53	9,54	6,54	41,73	-19,44	-24,44
AE280	ad	w	3,16	14,28	8,25	5,25	38,67	-19,65	-24,65
AE289	ad	w	3,16	14,48	8,33	5,33	39,23	-19,39	-24,39
AE297	ad	w?	3,15	15,19	9,38	6,38	40,97	-19,24	-24,24
AE329	mat	w	3,16	16,30	9,78	6,78	44,04	-19,32	-24,32
AE343	ad	w	3,16	15,04	7,91	4,91	40,71	-19,11	-24,11
AE344	mat	m	3,15	15,24	9,58	6,58	41,14	-19,30	-24,30
AE421	*mat*	*w*	*3,16*	*14,71*	*11,19*	*8,19*	*39,85*	*-19,98*	*-24,98*
AE427	sen	m?	3,14	14,46	9,85	6,85	38,94	-19,60	-24,60
AE452	sen	w	3,16	16,86	10,02	7,02	45,70	-19,31	-24,31
AE469	ad	m	3,16	14,75	9,17	6,17	39,98	-19,03	-24,03
AE487	ad	m	3,18	16,32	9,73	6,73	44,49	-19,49	-24,49
AE492	ad	m	3,17	14,07	8,87	5,87	38,28	-19,54	-24,54
AE501	ad	m	3,16	15,28	9,88	6,88	41,44	-19,44	-24,44
AE513	***ad***	***w***	***3,17***	***14,66***	***9,13***	***6,13***	***39,86***	***-16,79***	***-21,79***
AE516	Inf II	nb	3,14	14,90	8,96	5,96	40,12	-19,02	-24,02
AE521	ad	w	3,16	15,98	9,79	6,79	43,51	-18,84	-23,84
AE530	sen	w	3,18	14,84	9,30	6,30	40,51	-18,84	-23,84
AE554	juv	w?	3,13	16,13	8,59	5,59	43,20	-19,45	-24,45
AE587	mat	m	3,17	15,01	9,87	6,87	40,85	-19,29	-24,29
AE604	ad	w	3,15	16,68	9,05	6,05	45,03	-19,29	-24,29
AE607	ad	w	3,16	13,55	9,08	6,08	36,71	-19,49	-24,49
AE618	ad	w?	3,18	15,16	9,14	6,14	41,38	-19,70	-24,70
AE625	ad	w	3,13	17,58	9,14	6,14	47,21	-19,51	-24,51
AE631	mat	m	3,14	17,45	10,38	7,38	46,92	-19,34	-24,34

AE646	ad	w?	3,13	14,70	9,12	6,12	39,51	-19,56	-24,56
AE652	sen	m	3,16	15,32	10,70	7,70	41,48	-19,68	-24,68
AE657	ad	m	3,19	17,81	10,36	7,36	48,70	-19,90	-24,90
AE658	ad	w	3,13	15,34	9,15	6,15	41,23	-19,48	-24,48
AE674	sen	m	3,15	14,53	11,03	8,03	39,20	-19,44	-24,44
AE729	ad	m	3,17	15,43	10,02	7,02	41,92	-19,55	-24,55
AE788	ad	m?	3,14	15,69	9,56	6,56	42,30	-19,81	-24,81
AE809	nb	w	3,13	16,14	9,80	6,80	43,21	-19,83	-24,83
AE820	ad +	m	3,10	18,41	9,96	6,96	48,85	-20,02	-25,02
AE830	ad	m?	3,14	8,03	8,95	5,95	21,63	-19,76	-24,76
AE897	sen	w	3,16	18,93	9,75	6,75	51,33	-19,29	-24,29
AE902	ad	m	3,16	15,23	8,88	5,88	41,26	-19,83	-24,83
AE903	mat +	m	3,22	15,14	10,62	7,62	41,76	-19,57	-24,57
AE909	mat	w	3,19	13,16	11,13	8,13	36,03	-19,86	-24,86
AE948	mat +	m	3,15	15,99	10,45	7,45	43,15	-19,69	-24,69
AE997	sen	m?	3,13	15,88	8,53	5,53	42,65	-18,96	-23,96
AE1037	mat +	m	3,16	15,66	9,48	6,48	42,43	-19,61	-24,61
AE1083	sen	w?	3,17	17,29	9,55	6,55	46,99	-18,17	-23,17
AE1108	***sen***	***w***	***3,16***	***14,65***	***10,42***	***7,42***	***39,77***	***-18,17***	***-23,17***
AE1119	ad +	w	3,14	16,10	9,22	6,22	43,43	-19,55	-24,55
AE1125	ad +	m	3,18	14,55	9,27	6,27	39,64	-19,68	-24,68
AE1135	***ad***	***w***	***3,20***	***13,86***	***10,14***	***7,14***	***38,07***	***-20,28***	***-25,28***
AE1284	mat	m	3,15	15,64	10,68	7,68	42,27	-19,46	-24,46
AE1299	ad	w	3,15	15,18	10,75	7,75	41,00	-19,48	-24,48
AE1323	mat	m	3,17	14,83	9,78	6,78	40,32	-19,74	-24,74
AE1332	sen	w	3,22	12,70	9,53	6,53	35,07	-19,73	-24,73
AE1334	juv	m	3,22	16,02	9,29	6,29	44,22	-19,89	-24,89
AE1343	juv	m	3,17	15,44	9,29	6,29	41,98	-19,00	-24,00
AE1350	***mat***	***w***	***3,17***	***15,17***	***9,59***	***6,59***	***41,25***	***-18,87***	***-23,87***

Zwischen den Erwachsenen und den subadulten Individuen kann kein signifikanter Unterschied festgestellt werden (Tab. 39). Die Mediane der Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,56 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,48 ‰), der Kinder ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,29 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,32 ‰) und der Wert des Individuums (AE809), dessen Alter nicht bestimmt werden konnte ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,80 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,83 ‰), unterscheiden sich nur sehr geringfügig und werden deshalb in der Ernährungsrekonstruktion als Gesamtpopulation, der in den Modellen durch den Median repräsentiert wird, behandelt.

Tabelle 39: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Erding-Altenerding (AE)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; n.b.: Alter nicht bestimmbar/nicht bestimmt; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. x: kein Ergebnis.

	n	AE Erwachsene	AE Kinder	AE n.b.
AE Erwachsene	66	-	0,46	x
AE Kinder	6	0,21	-	x
AE n.b.	*1*	x	x	-

Von den 73 Individuen konnten 41 als Frauen und 29 als Männer bestimmt werden. Bei drei Individuen konnte kein Geschlecht bestimmt werden. Es gibt keine signifikanten Unterschiede zwischen den Geschlechtergruppen, weder im $\delta^{13}C$-Signal, noch im $\delta^{15}N$-Wert (Tab. 40). Die $\delta^{13}C$ -Mediane (♂: -19,55 ‰; ♀: -19,45 ‰; n.b.: -19,18 ‰) weichen nicht stark voneinander ab, ebenso wie die Stickstoffisotopenwerte (♂: 9,78 ‰; ♀: 9,38 ‰; n.b.: 9,70 ‰). Daher werden die Geschlechter nicht getrennt behandelt.

Tabelle 40: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Erding-Altenerding (AE)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	AE ♂	AE ♀	AE n.b.
AE ♂	29	-	0,10	0,20
AE ♀	41	0,08	-	0,48
AE n.b.	3	0,40	0,98	-

Im $\delta^{15}N$-Signal gibt es nur unter den Frauen drei Ausreißer (AE 343, AE 421, AE 909) (Abb. 89). Im Kohlenstoffsignal gibt es in der Gesamtpopulation vier Outlier (AE 513, AE 1083, AE 1108 und AE 1135), die auch im Datenkollektiv der Erwachsenen und der Frauen als Ausreißer herausstechen. Unter den Männern findet sich ein Ausreißer, das Individuum AE 997, welcher unter den Männern den höchsten $\delta^{13}C$-Wert aufweist.

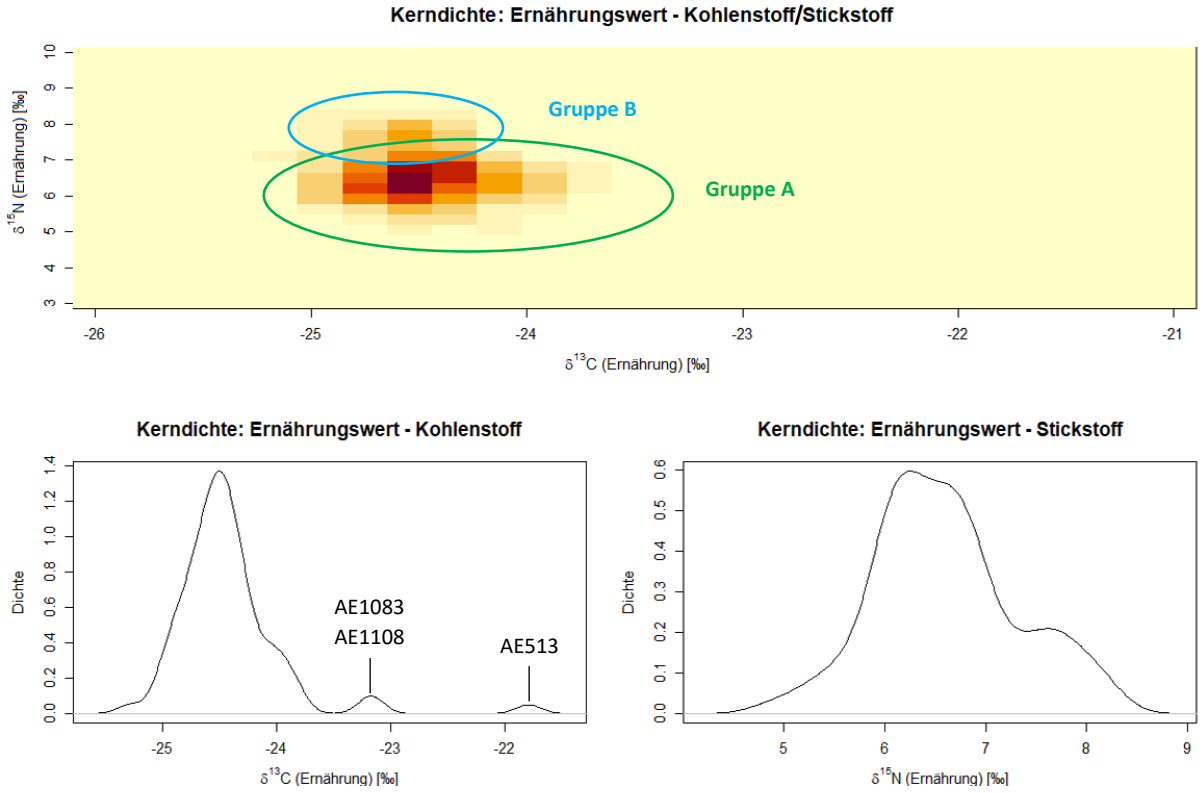


Abbildung 90: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Erding-Altenerding. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Kerndichte-Verteilung zeigt eine große Dichtewolke, die jedoch in zwei Dichtekerne unterteilt ist. Eine Punkteansammlung befindet sich bei einem Kohlenstoff/Stickstoffisotopenwert von -25,0 bis

24,5 ‰ ($\delta^{13}C$) und 6 ‰ bis 7 ‰ ($\delta^{15}N$), die als Gruppe A zusammenfasst. Die weitere Anhäufung befindet sich ebenfalls bei einem Kohlenstoffisotopenwert von -24,5 ‰, aber einem höheren Stickstoffisotopenwert von ca. 8 ‰ (Abb. 90), die als Gruppe B bezeichnet wird. Im eindimensionalen Dichte-Plot der Stickstoffisotopenwerte findet man diese beiden Anhäufungen in ihrer jeweiligen Intensität, wobei diese beiden keine klaren definierten Peaks bilden, aber dennoch erkennbar sind. Im eindimensionalen Plot erkennt man einen weiteren Ausschlag um den Wert zwischen -22 ‰ und -21 ‰, einen Ausreißer, die adulte Frau AE513. Ebenso gibt es einen Ausschlag zwischen -23,5 und -23,0 ‰, hervorgerufen durch die erwachsenen Frauen AE1083 und AE1108. Im zweidimensionalen Plot zeigt sich diese beiden Ausschläge aufgrund ihrer Schwäche nicht.

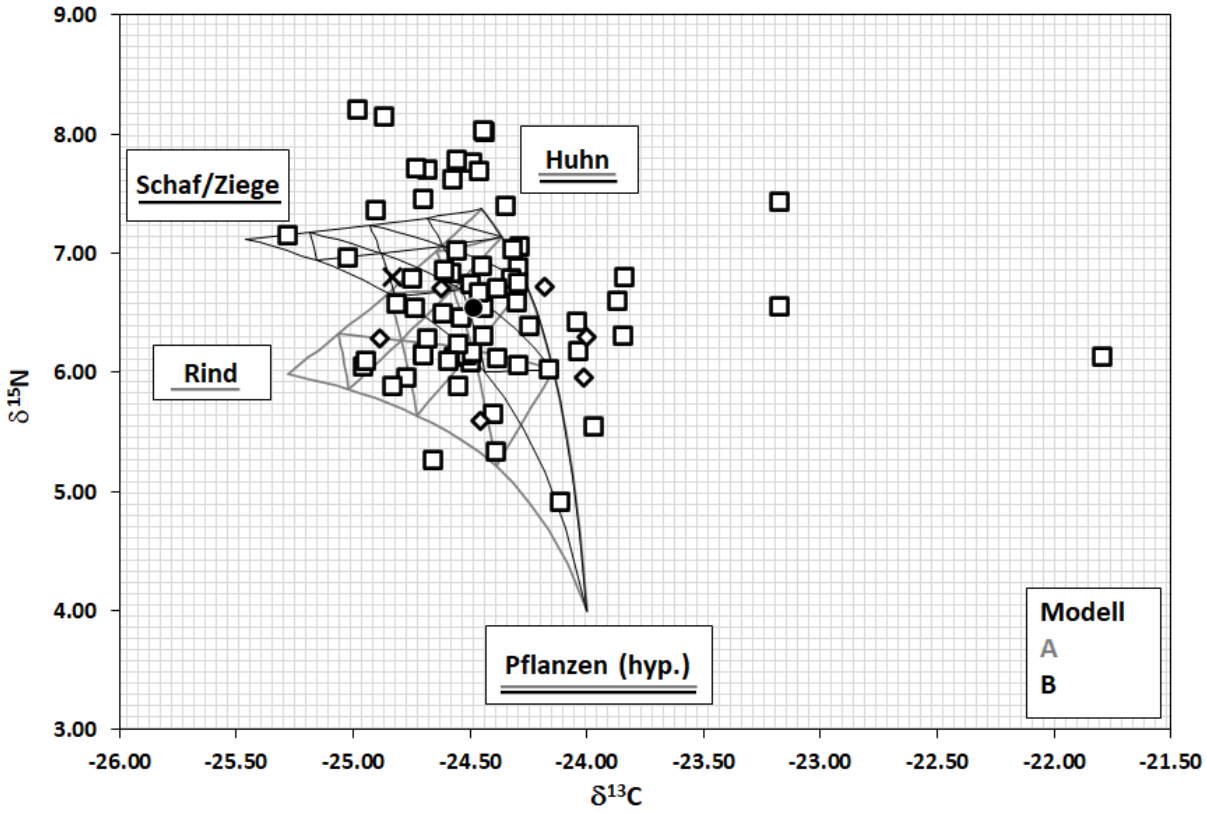


Abbildung 91: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Erding-Altenderding. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Kreuz**: nicht bestimmbar, **Punkt**: Median. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Rind (19,6 %), Huhn (41,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (39,3 %), Schaf/Ziege (22,5 %), Huhn (20,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (56,9 %).

Das **IsoConc**-Modell für die Bevölkerung aus Altenerding lässt sich in zwei Modelle unterteilen, wodurch 46 Individuen (63,0 %) umfasst wurden, wobei Modell A allein, welches aus Rind, Huhn und Pflanzen aufgebaut ist, hierbei die meisten Individuen umschließt (n =42; 57,5 %). Modell B, welches 28 Individuen (38,4 %) einbezieht, besteht ebenfalls aus Pflanzen und Huhn, doch werden als zweite Fleischquelle Schafe/Ziegen aufgenommen. Beide Modelle bauen stark auf Pflanzen auf: in Modell A haben sie für den Populationsmedian einen Anteil von fast 40 % und in Modell B stellen Pflanzenprodukte mit ca. 57 % sogar den Hauptanteil des Nahrungsnetzes dar. Der Anteil von Huhn

schwankt beachtlich von ca. 41 % in Modell A zu knapp 21 % in Modell B. Die abweichenden Fleischquellen Rind (19,6 %) und Schaf/Ziege (22,5 %) bleiben hingegen verhältnismäßig stabil.

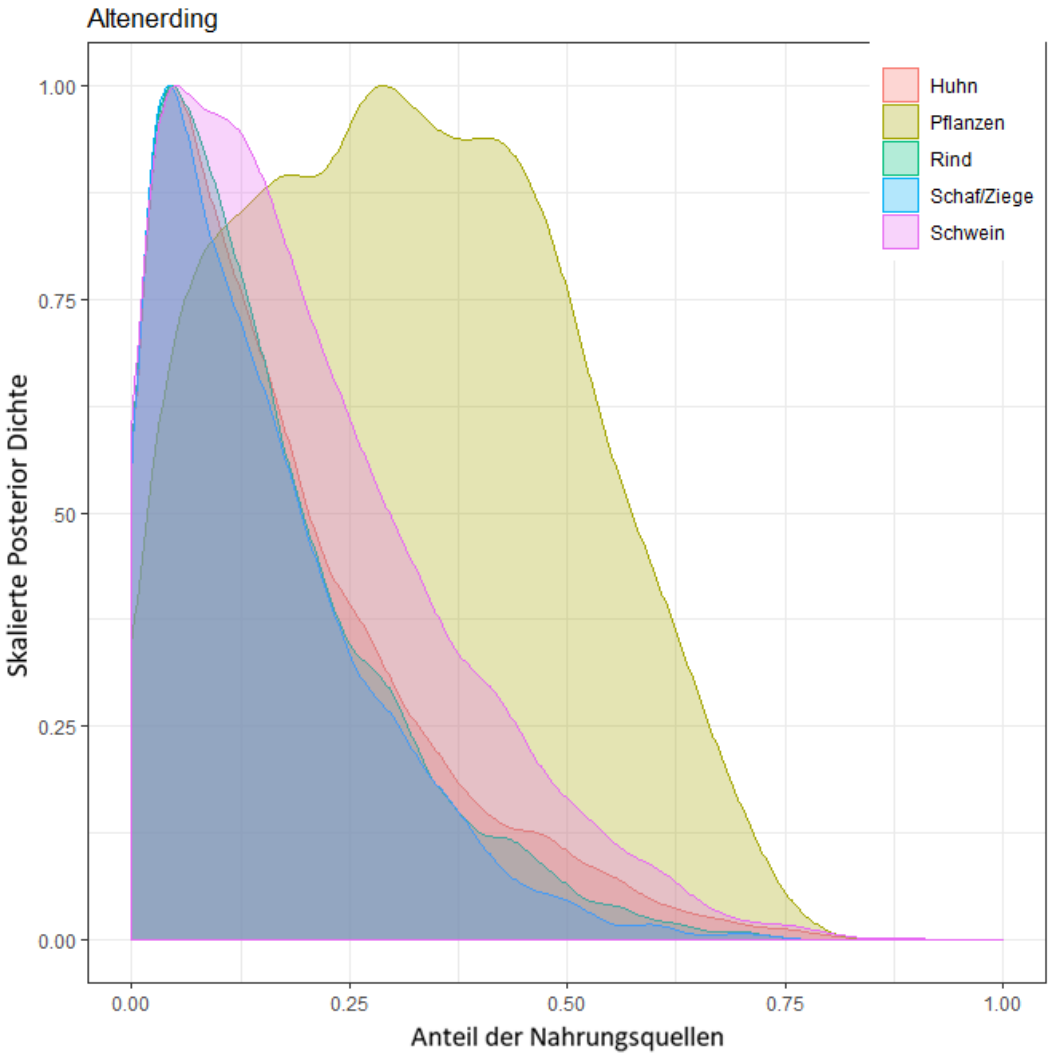


Abbildung 92: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Erding-Altenerding (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **H**: Huhn (24,2 %), **R**: Rind (µ: 6,3 %), **S**: Schwein (µ: 13,3 %); **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 7,0 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 49,2 %). Rot umrandet: Gruppe B.

Das **MixSIAR**-Modell für Altenerding besteht aus den Fleischquellen Huhn, Rind, Schaf/Ziege und Pflanzenprodukten (Abb. 92). Zusätzlich können Schweine als Nahrungsquelle hinzugefügt werden, welche in IsoConc aufgrund der Limitierung kein sinnvolles Modell ergeben.

Das MixSIAR-Mischungsmodell kalkuliert für den Populationsmedian, also der durchschnittlichen Bevölkerung, von Altenerding eine Gesamtbiomasse, die zu fast einem Drittel aus Pflanzen (µ: 31,6 %; sd: 17,9 %) und zu zwei Dritteln aus Fleisch besteht. Der Anteil von Pflanzen weißt in der MixSIAR-Simulation eine weite Variabilität der Pflanzenquelle auf, was bedeutet, dass diese Anteile vom Modell als sehr wahrscheinlich gelten. Unter den Fleischquellen nimmt Schwein mit 20,2 % den größten Anteil ein. Huhn (µ: 17,5 %; sd: 13,4 %), Rind (µ: 15,8 %, sd: 12,3 %) und Schaf/Ziege (µ: 15,0 %, sd: 11,9 %) weichen davon nur minimal ab und sind nicht weniger bedeutend.

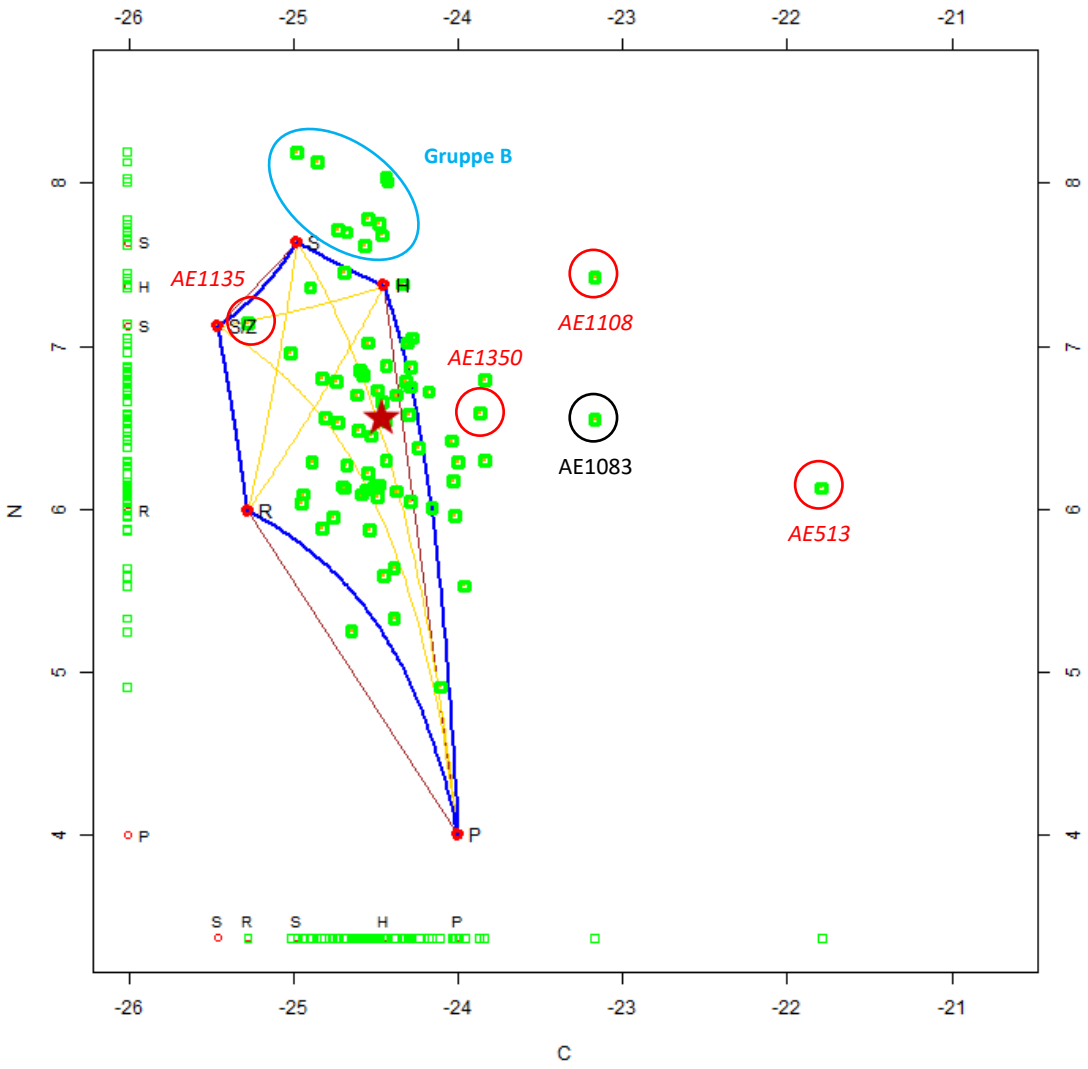


Abbildung 93: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Erding-Altenerding. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Huhn (μ: 17,5 %), Rind (μ: 15,8 %), Schwein (μ: 20,2 %), Schaf/Ziege (μ: 15,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (μ: 31,6 %). *Rot und kursiv*: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

Das **SISUS**-Modell (Abb. 93) stimmt weniger mit dem Ergebnis, welches man mit MixSIAR erhält überein, sondern ähnelt dem IsoConc-Modell. Pflanzen machen mit 49,2 % fast die Hälfte der Biomasse aus. Der Anteil der einzelnen Fleischquellen variiert beachtlich. Die wichtigste Fleischquelle für das SISUS-Mischungsmodell sind Hühner (μ: 24,2 %). Weniger bedeutend, aber dennoch vertreten, sind Schweine (μ: 13,3 %), während Rinder (μ: 6,3 %) und Schafe/Ziegen (μ: 7,0 %) deutlich weniger in der Biomasse vertreten sind. Diese Differenzen deuten im ersten Blick auf eine andere Ernährungsweise hin, aber entstehen dadurch, dass MixSIAR für die Berechnung der Anteile Verteilungen anstatt Punkte verwendet.

In der Darstellung des Nahrungsnetzes (Abb. 93) sieht man die Gruppierungen, die bereits die Kerndichte-Plots verdeutlichten. Die Gruppe mit höherem Stickstoffsignal, Gruppe B (Abb. 93), fällt aus dem Nahrungsnetz. Hier gibt es eindeutig einen fehlenden Endmember. Eine mögliche Nahrungsquelle wären Milch und Milchprodukte, hierdurch würden diese Individuen vom Modell einbezogen (Abb. 94).

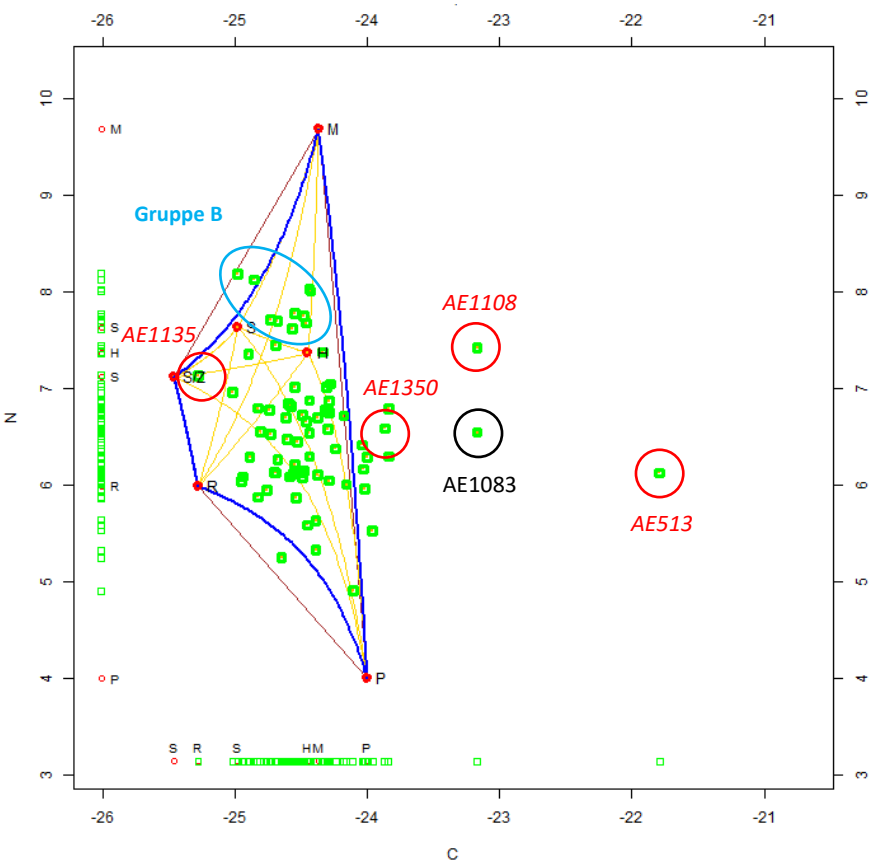


Abbildung 94: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Altenerding (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch), **M**: Milch (Rind, Schaf, Ziege). *Rot und kursiv*: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

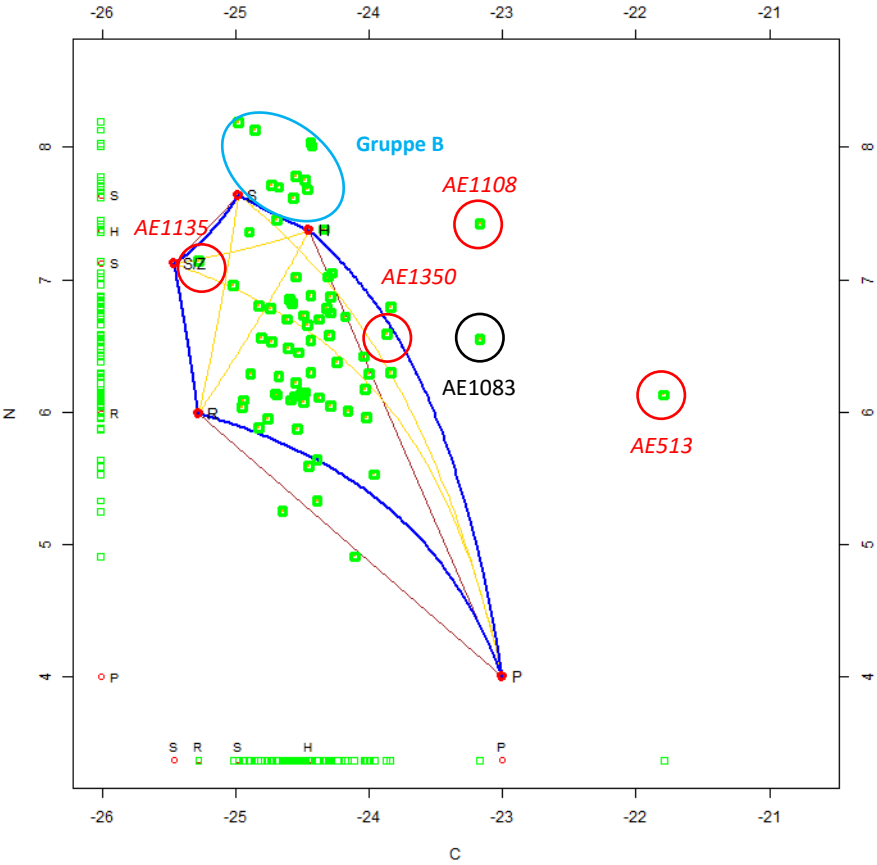


Abbildung 95: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Altenerding (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch). *Rot und kursiv*: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

Für die durchschnittliche Population, die in Gruppe A zusammengefasst ist, ist diese Nahrungsquelle jedoch nicht essentiell, sondern ergänzt das Modell nur für die Individualernährung der Individuen aus Gruppe B. Daher ist Abb. 93 das Mischungsmodell mit den geringsten Nahrungsquellen. Zusätzlich gibt es einige Individuen der Hauptgruppierung, die ebenfalls nicht vom Nahrungsnetz eingefangen werden. Für diese Individuen gibt es ebenfalls einen fehlenden Endmember. Diese Individuen würden vom Netz umfasst werden, wenn für den Pflanzenwert einen Kohlenstoffisotopenwert von -23 ‰ eingesetzt werden (Abb. 95). Es handelt sich hierbei nicht um einen klassischen *missing endmember*, sondern um einen Variabilitätspunkt, der durch mögliche Variabilität eines Wertes, wie sie z.B. bei Pflanzen vorzufinden ist, entsteht.

In der Population aus Altenerding gibt es außerdem Einflüsse nicht lokaler Kulturen in Form von künstlich deformierten Schädeln (AE513, AE1108, AE1135, AE1350). Tatsächlich fallen die Frauen AE513, und AE1108 als Ausreißer mit einem positiveren Kohlenstoffisotopenwert auf und die Frau AE1135 mit einem negativeren Kohlenstoffwert (Tab. 38). Die erwachsene Frau ist zwar kein Mathematischer Ausreißer hat aber tendenziell ebenfalls ein positiveres Kohlenstoffisotopensignal. Im Stickstoffisotopenwert sind die vier erwachsenen Frauen nicht auffällig.

Darüber hinaus gibt es mehrere Individuen (AE513, AE1083, AE1108), darunter auch zwei Individuen mit deformiertem Schädel (AE513, AE1108), die stark von den verschiedenen Nahrungsnetzen der Population abweichen (Abb. 93, Abb. 94, Abb. 95), auch dann, wenn die Variabilität von Pflanzen beachtet wird (Abb. 95). Ihre Ernährungsweise unterscheidet sich damit von der Subsistenzstrategie aus Altenerding.

Tabelle 41: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Erding-Altenerding**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
größtenteils C_3-Pflanzenbasierte Ernährung	C_3-Pflanzenbasierte Ernährung
hoher Anteil an tierischem Protein	hohem Anteil an tierischem Protein domestizierte Tiere: Schwein, Rind, Schaf, Ziege, Huhn, kein Wild notwendig für Mischungsmodelle

Im Grunde stimmen die konzentrationsbasierten Mischungsmodelle und die bivariate Auswertung (Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012) in ihren Aussagen überein: der pflanzliche Anteil der Ernährung basiert auf C_3-Pflanzen und der Anteil an tierischem Protein ist hoch. Die Mischungsmodelle quantifizieren diesen Anteil und beweisen somit die Aussage. Außerdem können Fisch und Wild als

essentielle Nahrungsquellen ausgeschlossen werden, da sie für das Netz nicht von Bedeutung sind. Weiterhin verdeutlichen die Mischungsmodelle die Gruppierung mit unterschiedlicher Ernährungsweise. Der Populationsmedian ist eine gute Methode um die durchschnittliche Ernährung abzubilden, doch die individuelle Ernährungsweise muss dennoch beachtet werden, da sich, wie hier in Altenerding erkennbar, Gruppen herauskristallisieren können. Eine Kerndichteanalyse ist daher eine gute ergänzende Methode.

4.7.4 Ingolstadt-Etting und Großmehring

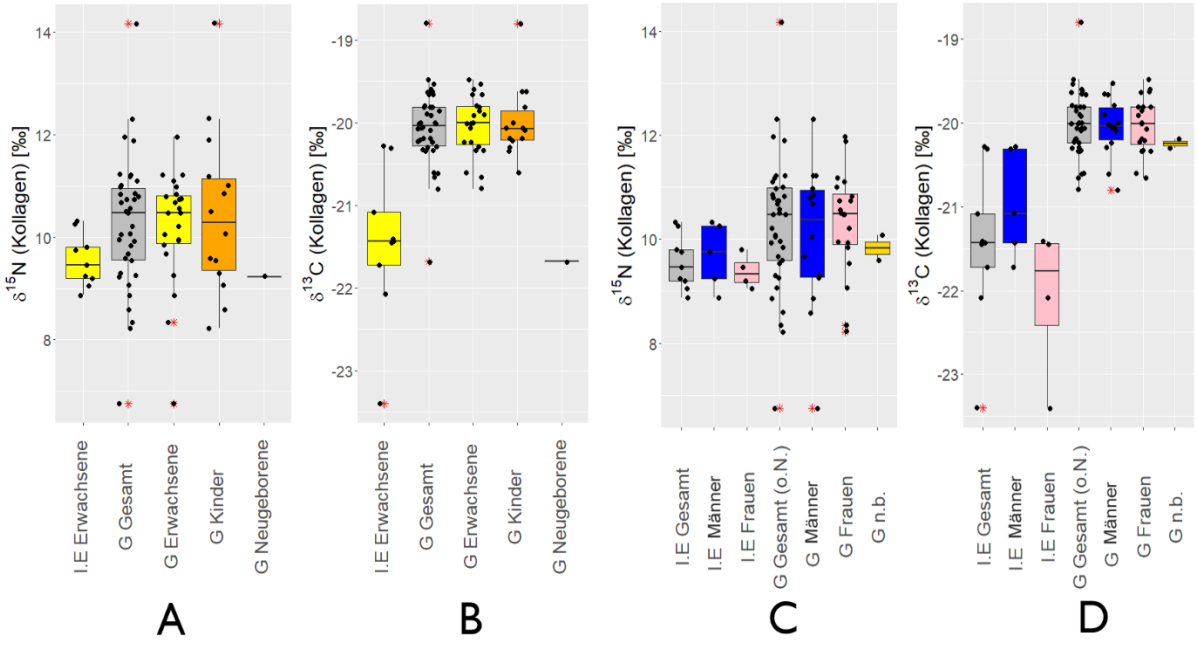


Abbildung 96: Boxplots der Daten aus Ingolstadt (I.E.: Ingolstadt – Etting, I.G.: Großmehring). **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. *o.N.*: ohne Neugeborene, *n.b.*: nicht bestimmbar.

Für die Datenauswertung werden die Fundorte Ingolstadt-Etting (n = 9) und Großmehring (n = 38) zwar auf einer gemeinsamen Basis untersucht, da beide im direkten Ingolstädter Umfeld liegen (Kap. 2.4.3), aber für die Ernährungsrekonstruktion getrennt analysiert und anschließend verglichen. Die Daten der beiden Fundorte unterscheiden sich in ihrer Wertespanne und in ihren Medianen sowohl im Stickstoff- wie auch im Kohlenstoffisotopenwert (Abb. 96). Die Bevölkerung aus Ingolstadt-Etting ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,46 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,43 ‰) hat deutlich niedrigere Werte als die Individuen aus Großmehring ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,48 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,04 ‰), auch wenn das Individuum IG2 19, welches auf ein Alter zwischen neugeboren und Infans 1 eingeordnet und daher als Neugeborenes behandelt wird, ausgeschlossen wird ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,48 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,01 ‰). Tatsächlich hat dieses Neugeborene aus Großmehring den niedrigsten Kohlenstoffisotopenwert und liegt mit seinem Stickstoffsignal unterhalb des 50er Perzentils ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,23 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,68 ‰).

Tabelle 42: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **I.E**: Ingolstadt – Etting (Czermak 2011), **I.G**: Ingolstadt – Großmehring (Czermak 2011), **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult, **mad**: mitteladult, **sad**: spätadult, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **neo**: neonat, **mat**: matur, **fmat**: frühmatur, **mmat**: mittelmatur**, smat**: spätmatur**, sen**: senil**, +**: mindestens, **m**: männlich, **m**?: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich, **nb**: nicht bestimmbar. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Ingolstadt – Etting									
Nr.	**Alter**	**Geschlecht**	**C/N**	**%N**	**$\delta^{15}N_K$**	**$\delta^{15}N_E$**	**%C**	**$\delta^{13}C_K$**	**$\delta^{13}C_E$**
I.E3c	mad	m?	3,49	14,73	10,32	7,32	44,10	-20,28	-25,28
I.E4	sad	w?	3,47	13,75	9,20	6,20	40,88	-21,45	-26,45
I.E13	fad	m?	3,54	12,05	9,24	6,24	36,54	-21,43	-26,43
I.E17	fad	w?	3,60	13,87	9,80	6,80	42,86	-22,08	-27,08
I.E18/I	fmat	m?	3,46	13,73	9,75	6,75	40,73	-20,31	-25,31
I.E18/II	fmat	m?	3,61	12,56	8,87	5,87	38,81	-21,72	-26,72
I.E22	sen	m?	3,53	15,74	10,25	7,25	47,58	-21,08	-26,08
I.E28*	fmat	w?	3,53	7,06	9,05	6,05	21,35	-23,40	-28,40
I.E33	fmat	w?	3,55	12,98	9,46	6,46	39,46	-21,41	-26,41
Großmehring									
Nr.	**Alter**	**Geschlecht**	**C/N**	**%N**	**$\delta^{15}N_K$**	**$\delta^{15}N_E$**	**%C**	**$\delta^{13}C_K$**	**$\delta^{13}C_E$**
G 1 7a	Inf I	nb	3,36	10,58	9,59	6,59	30,45	-20,19	-25,19
G 1 8*	juv	w?	3,56	6,92	11,18	8,18	21,13	-20,34	-25,34
G 1 78*	fmat	m	3,34	8,00	9,67	6,67	22,89	-20,61	-25,61
G 2 17*	Inf I	m?	3,33	5,31	10,85	7,85	15,16	-20,06	-25,06
G 2 19	Inf I/neo	m?	3,50	2,22	9,23	6,23	6,65	-21,68	-26,68
G 2 20*	fad	w	3,57	3,41	10,73	7,73	10,42	-20,07	-25,07
G 2 22	Inf I	w?	3,41	5,91	11,01	8,01	17,27	-19,63	-24,63
G 2 26*	Inf I	w?	3,46	3,75	11,89	8,89	11,12	-20,21	-25,21
G 2 28	ad+	w	3,49	5,99	10,83	7,83	17,91	-19,60	-24,60
G 2 114/I	juv	w	3,59	14,35	10,50	7,50	44,13	-19,81	-24,81
G 2 118	Inf I	m?	3,35	18,59	8,59	5,59	58,13	-20,06	-25,06
G 2 120/I	sad	m	3,53	15,07	6,75	3,75	45,64	-20,01	-25,01
G 2 121*	smat	w	3,53	7,12	11,96	8,96	21,53	-19,81	-24,81
G 2 133/I	juv	w?	3,57	17,42	9,54	6,54	53,37	-19,62	-24,62
G 2 133/II	Inf I	nb	3,31	13,77	10,07	7,07	39,04	-20,30	-25,30
G 2 156	Inf I	nb	3,16	16,57	14,17	11,17	44,82	-18,80	-23,80
G 3 24/III	sad	w	3,26	3,02	10,74	7,74	8,42	-20,23	-25,23
G 3 36*	sad	m	3,43	3,00	10,05	7,05	8,82	-20,80	-25,80
G 3 37	mmat	w? (m)	3,58	10,78	9,84	6,84	33,08	-20,33	-25,33
G 3 38	InfII	w?	3,28	12,34	8,22	5,22	34,71	-20,60	-25,60
G 3 43	mmat	m	3,55	12,85	10,98	7,98	39,05	-19,53	-24,53
G 3 47	fmat	m	3,38	11,84	10,80	7,80	38,79	-19,90	-24,90
G 3 53	sad	m	3,37	14,51	9,26	6,26	41,87	-20,29	-25,29
G 3 54	mad	w	3,57	12,28	10,47	7,47	37,99	-19,86	-24,86
G 3 55 ZG	fmat	m	3,59	13,58	11,22	8,22	41,77	-19,66	-24,66
G 3 57	fmat	m	3,59	13,58	11,22	8,22	41,77	-19,66	-24,66
G 3 64	Inf II	m?	3,57	12,54	9,30	6,30	38,34	-20,09	-25,09
G 3 66	sad	w	3,56	10,86	10,21	7,21	33,13	-20,34	-25,34
G 3 92	sad	w?	3,61	12,77	10,57	7,57	39,45	-20,01	-25,01
G 3 95	mad	w	3,27	13,33	11,10	8,10	37,31	-19,48	-24,48
G 3 99*	mad	m	3,53	8,73	10,68	7,68	26,39	-19,79	-24,79
G 3 106	fmat	w	3,60	15,36	9,93	6,93	47,33	-19,91	-24,91

G 3 109	sad	m	3,39	11,94	8,86	5,86	34,65	-20,24	-25,24
G 4 3	ad+	w	3,45	12,90	9,95	6,95	38,12	-20,00	-25,00
G 4 73	Inf I	m?	3,60	12,61	12,31	9,31	38,88	-20,00	-25,00
G 4 75	fmat	w	3,57	12,52	10,48	7,48	38,28	-19,81	-24,81
G 4 91	Inf II	w?	3,51	13,18	9,07	6,07	39,65	-20,19	-25,19
G 4 138	smat	w	3,39	13,56	8,34	5,34	39,39	-20,66	-25,66

Zwischen den Kindern (n = 14; $n_{Infans\ 1}$ = 8, $n_{Infans\ 2}$ = 3, $n_{Juvenis}$ = 3) und den Erwachsenen (n = 23) aus Großmehring gibt es keinen signifikanten Unterschied in den Stickstoff- und den Kohlestoffisotopenwerten (Tab. 43), was sich bereits in den ähnlichen Medianen der Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,48 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,00 ‰) und Kindern ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,29 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,07 ‰) andeutet (Abb. 96 A und B). Bis auf das Kind G2 156 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,17 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -18,80 ‰), weist keins der Kinder einen deutlichen Stilleffekt auf. Aus diesem Grund werden für die Ernährungsrekonstruktion die Isotopenwerte der Erwachsenen und Kinder, außer G2 156, zusammen als Populationsdurchschnitt ausgewertet. Die Population aus Etting ist im Stickstoff signifikant unterschiedlich zu den Erwachsenen aus Großmehring und im Kohlenstoffsignal sogar signifikant abweichend zu den Erwachsenen und der Kinder aus Großmehring (Tab. 43).

Tabelle 43: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Ingolstadt-Etting (I.E)** und **Großmehring (G)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; n.b.: Alter nicht bestimmbar/nicht bestimmt; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. x: kein Ergebnis

	n	I.E Erwachsene	G Erwachsene	G Kinder	G Säuglinge
I.E Erwachsene	9	-	**$1{,}15*10^{-04}$**	**$2{,}90*10^{-04}$**	x
G Erwachsene	23	**0,02**	-	0,79	x
G Kinder	14	0,16	0,94	-	x
G Säuglinge	*1*	x	x	x	-

Aufgetrennt nach Geschlecht gibt es in den $\delta^{15}N$-Werten nur zwischen den Frauen aus Etting und den Frauen aus Großmehring signifikante Unterschiede (Tab. 44). Die Mediane der beiden Orte unterscheiden sich bei den Männern um knapp 0,6 ‰ (I.E: 9,75 ‰; G: 10,37 ‰) und bei den Frauen um über 1 ‰ (I.E: 9,33 ‰; G: 10,49 ‰). Tendenziell haben die Frauen aus Etting einen niedrigeren Stickstoffisotopenwert als die Männer. Bei den Frauen aus Großmehring ist es genau umgekehrt: die Frauen haben einen leicht erhöhten Stickstoffisotopenwert als die Männer, jedoch ist dies ein nicht signifikanter Unterschied (Tab. 44). Die Individuen aus Großmehring, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte, haben einen Median von 10,07 ‰ und liegen somit zwischen den Medianwerten der beiden Fundorte.

Zwischen den Männern und Frauen aus Großmehring, inklusive Kinder, sind die Unterschiede im Kohlenstoffisotopenwert nicht signifikant verschieden. Auch die Daten der Männer und Frauen aus Etting sind untereinander nicht signifikant unterschiedlich. In dieser Gruppe befindet sich auch das Individuum G2 156. Allerdings unterscheiden sich die Männer und Frauen aus Großmühl signifikant von den Männern und Frauen aus Etting (Tab. 44).

Tabelle 44: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Ingolstadt-Etting (I.E)** und **Großmehring (G)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. *: ohne Neugeborene, ** inklusive G2 156

	n	I.E ♂	I.E ♀	G ♂*	G ♀	G n.b.**
I.E ♂	5	-	0,1	**0,01**	**0,01**	0,07
I.E ♀	4	0,54	-	**$3{,}46*10^{-3}$**	**$2{,}19*10^{-3}$**	0,05
G ♂*	14*	0,43	0,26	-	0,90	0,95
G ♀	20	0,10	**0,03**	0,82	-	0,85
G n.b.**	3	0,55	0,11	0,57	0,96	-

Diese Unterschiede zeigen sich auch im Kohlenstoffmedian. Die Männer (I.E: -21,08 ‰; G: -20,04 ‰) weisen einen Unterschied von knapp 1 ‰ auf und die Frauen (I.E: -21,77 ‰; G: -20,00 ‰) unterscheiden sich sogar um ca. 1,8 ‰ und somit um fast zwei Trophiestufen. Die Männer und Frauen aus Großmehring weichen kaum merklich in ihren Werten ab. Die Männer und Frauen aus Etting dagegen unterscheiden sich um 0,77 ‰. Die Individuen aus Großmehring, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte, liegen mit einem Kohlenstoffmedian von -20,19 ‰ nahe an den Werten der Männer und Frauen aus Großmehring.

In der Population von Etting gibt es keinen Ausreißer im $\delta^{15}N$-Signal, aber dafür einen Ausreißer im Kohlenstoffisotopenwert: das Individuum I.E 28*, welches den negativsten $\delta^{13}C$-Wert aufweist ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -23,40 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -28,40 ‰) (Abb. 96). Die Gesamtpopulation aus Großmehring hat im Stickstoffisotopenwert zwei Ausreißer: den Erwachsenen G2 120/I und das Kind G2 156. Schließt man die Neugeborenen aus der Verteilungsuntersuchung aus, bleiben diese beiden Individuen die einzigen Ausreißer. In der Gruppe der Kinder tritt nur das Kind G2 156 als Ausreißer auf. In der Gruppe der Erwachsenen kann neben dem in der Gesamtbevölkerung auffälligen Individuum G2 120/I, ein erwachsener Mann, noch ein weiterer Ausreißer (G4 138), eine erwachsene Frau, detektiert werden. In der Gruppe der Frauen fällt außerdem das Individuum mit der Nummer G3 38 mit einem niedrigen Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,22 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,22 ‰) als schwacher Ausreißer auf.

Im Kohlenstoffisotopensignal der gesamten Population aus Großmehring treten die Individuen G2 19 und G2 156 als Ausreißer auf. Schließt man das Neugeborene aus der Population aus, so handelt es sich nur noch bei dem Kind G2 156 um einen Ausreißer, der auch in der Gruppe der Kinder als Ausreißer auffällt. Das Individuum G 2 156 sticht also sowohl mit seinem hohen Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 14,17 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 11,17 ‰) hervor, wie auch mit dem positivsten Kohlenstoffisotopenwert der Population ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -18,80 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,80 ‰) und bestätigt somit, dass dieses bei der Ernährungsrekonstruktion aus der Durchschnittspopulation ausgeschlossen werden muss, weil sehr wahrscheinlich ein Stilleffekt vorliegt.

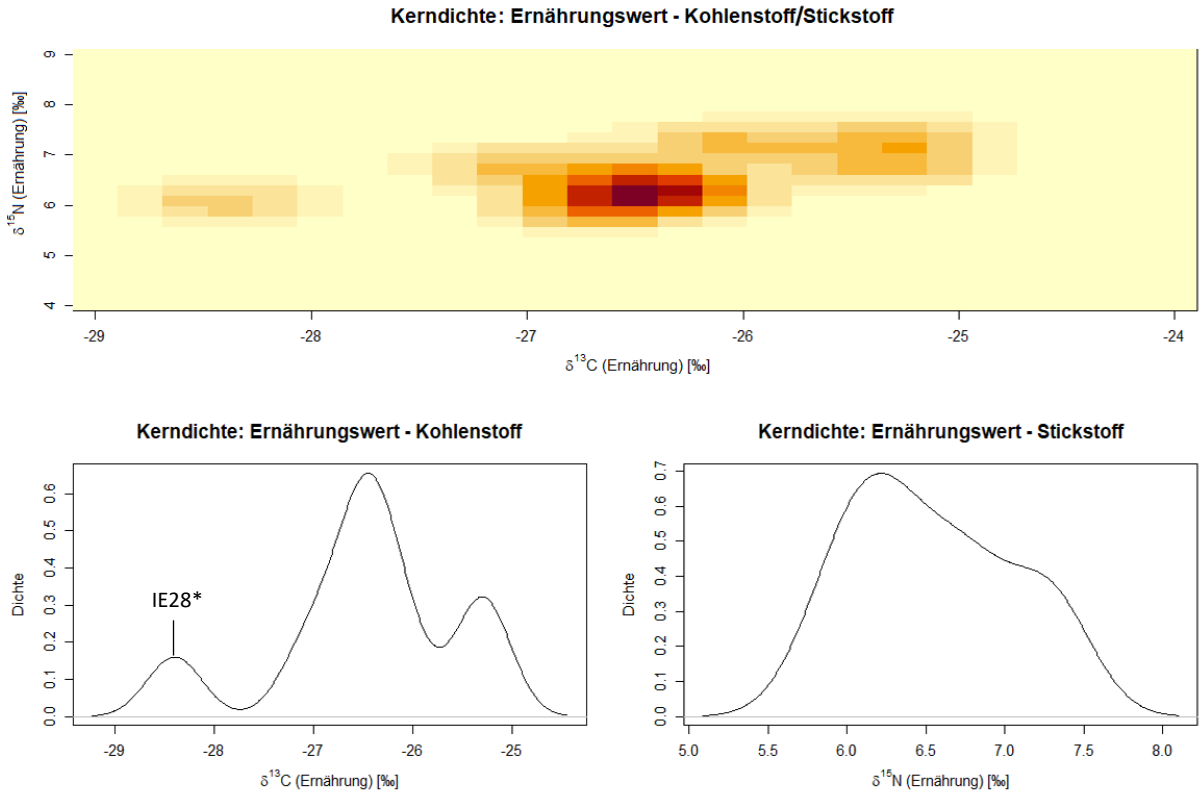


Abbildung 97: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Ingolstadt-Etting. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

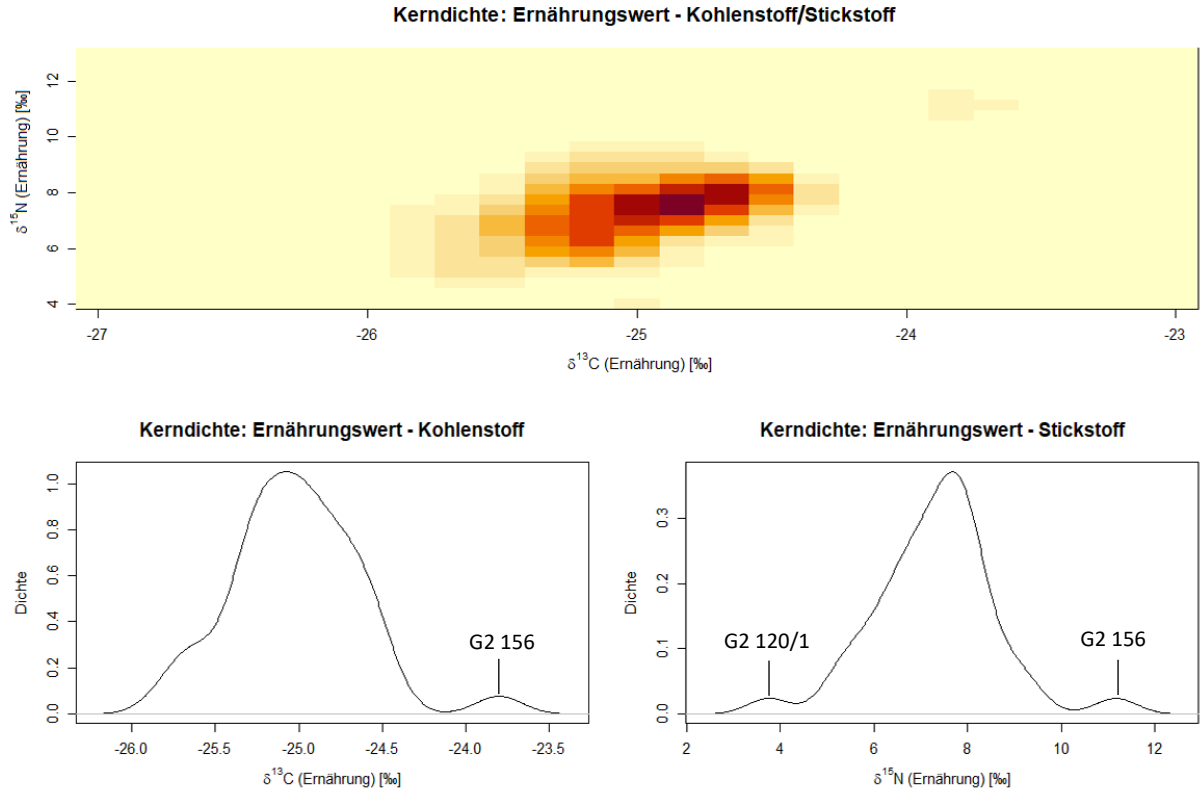


Abbildung 98: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Großmehring. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

Die Kerndichte Verteilung für die Daten aus Ingolstadt-Etting zeigt eine enorme Instabilität der Daten. Der 2D-Plot (Abb. 102) zeigt eine weite Streuung der Daten, die von der Kerndichte ausstrahlen, und der Bildung von mehreren schwachen Dichtewolken. Diese vereinzelten Dichtewolken erkennt man deutlich im eindimensionalen Kerndichte-Plot des $\delta^{13}C_{Ernährungs}$-Wertes, welcher die drei verschiedenen Peaks betont (Abb. 97). Der eindimensionale Plot des Stickstoffisotopenwerts hingegen hat keine klare Spitze, sondern deutet nur zwei unklare Peaks an, die ineinander übergehen (Abb. 97).

Im Gegensatz dazu gibt es bei den Daten aus Großmehring (Abb. 98) eine einzige große Dichtewolke. Zwar zeigt der 2D-Kerndichte-Plot eine Kerndichte an (Abb. 98), die auch durch Peaks in den beiden eindimensionalen Abbildungen veranschaulicht wird, doch in den Daten entsteht auch eine Unschärfe in der Dichte, durch die Variabilität. Diese entsteht besonders durch die breite Dichteverteilung der Kohlenstoffisotopenwerte. Im eindimensionalen $\delta^{15}N$-Plot gibt es zwei kleinere, schwache Peaks, die durch Ausreißer ausgelöst werden. Einmal erzeugt das Kind G2 156 einen Peak bei einem Stickstoffisotopenwert von ca. 11 ‰, welcher auch in der zweidimensionalen Abbildung zu erkennen ist und im eindimensionalen $\delta^{13}C$-Plot bei ca. -24 ‰ ausschlägt (Abb. 98). Ein weiterer schwacher Peak in der eindimensionalen $\delta^{15}N$-Abbildung entsteht durch die Frau G2 120/1, die schon als Ausreißer auffiel.

Konzentriert man sich auf die Daten der Bevölkerung aus Großmehring in Bezug auf die einzelnen Bestattungsplätze (Abb. 99), gibt es keine auffälligen Unterschiede im Stickstoff- oder Kohlenstoffsignal zwischen den Datensätzen der Bestattungsplätze.

Eine Ausnahme hierbei bildet der Bestattungsplatz 1, dessen Individuen (n =3) im Kohlenstoff tendenziell negativer sind, als die Individuen, die in den anderen Friedhofsteilen bestattet wurden. Tatsächlich unterscheiden sich die Individuen aus Bestattungsplatz 1 und Bestattungsplatz 2 im $\delta^{13}C$-Wert sogar signifikant (Tab. 45). Allerdings bildet dies nur eine Tendenz ab, da die Gruppe aus Bestattungslatz 1 lediglich aus drei Individuen besteht.

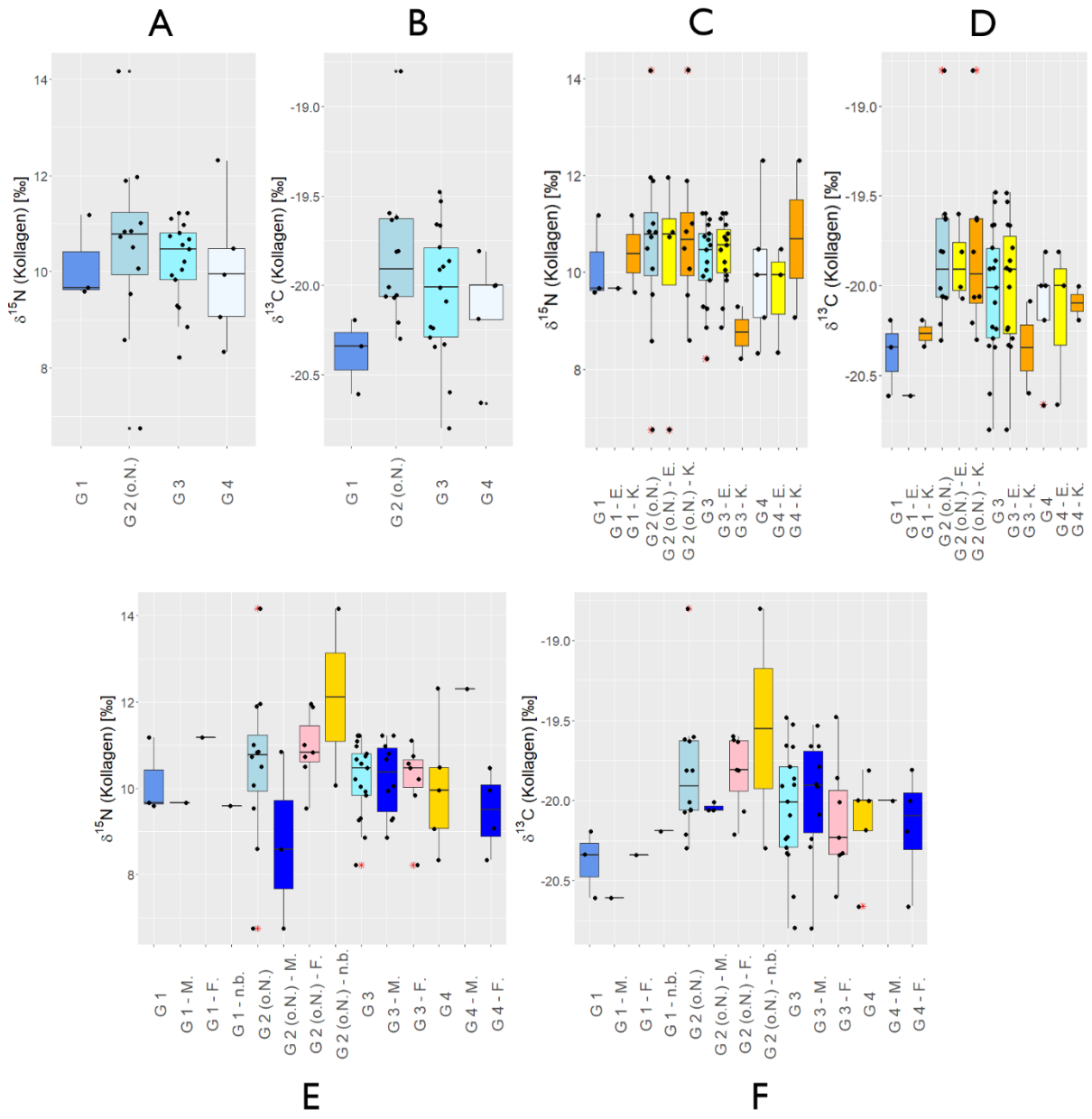


Abbildung 99: Boxplots der Daten aus Großmehring (G: Großmehring) unterteilt nach Bestattungsplatz (1, 2, 3, 4). **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen aller Individuen eines Bestattungsplatzes; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen aller Individuen eines Bestattungsplatzes; **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen getrennt nach Altersgruppen; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen getrennt nach Altersgruppen; **E**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen getrennt nach Geschlecht; **F**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen getrennt nach Geschlecht. *o.N.*: ohne Neugeborene, *n.b.*: nicht bestimmbar.

Tabelle 45: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Großmehring (G)** unterteilt nach Bestattungsplatz. n = Probenzahl, * ohne Neugeborene und G2 156, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	G 1	G 2*	G 3	G 4
G 1	3	-	**0,03**	0,12	0,29
G 2**	12	0,88	-	0,38	0,49
G 3	17	0,83	0,57	-	0,75
G 4	5	1,00	0,50	0,58	-

Unterteilt man die Datensätze nach Altersgruppen schwanken die Stickstoffisotopenwerte nur gering (Abb. 99 C und D). Der auffälligste Unterschied tritt bei den Kindern (n = 2) aus Bestattungsplatz 3 auf, welche mit einem Median von $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,76 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,76 ‰) tendenziell einen niedrigeren Stickstoffisotopenwert als die Erwachsenen (n = 15) desselben Friedhofsplatzes aufweisen und sich auch diesbezüglich von den anderen Kindern unterscheiden (Abb. 99). Ebenso fallen diese beiden Kinder mit niedrigen Kohlenstoffisotopenwerten ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,35 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,35 ‰) auf, wodurch sie sich von den Erwachsenen des Bestattungsplatzes leicht unterscheiden (Abb. 99). Die Isotopenwerte der Geschlechtergruppen schwanken nur geringfügig (Abb. 99 E und F), wobei die Männer aus Bestattungsplatz 2 (n = 3) niedriger in ihrem Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,59 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,59 ‰) sind als die Frauen (n = 7; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,38 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,38 ‰) oder das subadulten Individuums, dessen Geschlecht nicht bestimmbar war (G2 133/II; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,07 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,07 ‰), die ebenfalls im Friedhofsteil 2 bestattet wurden.

Bei den Stickstoffisotopenwerten können insgesamt drei Ausreißer bestimmt werden, die zum Teil bei der allgemeinen Auswertung im Gesamtdatensatz von Großmehring auffielen: G2 120/I und G2 156, welche beide in Friedhofsteil 2 bestattet wurden, sowie das Individuum G3 38 (Abb. 99), welches Teil des Bestattungsplatzes 3 ist. Das Individuum G2 156 ist ein Kind, welches mit seinem hohen Stickstoffisotopenwert auch in der Gruppe der Kinder als Ausreißer auffällt. Bezüglich ihrer Kohlenstoffisotopensignale gibt es insgesamt zwei mathematische Ausreißer, darunter erneut das Kind G2 156. Der zweite Ausreißer ist das Individuum G4 138 aus Bestattungsplatz 4 (Abb. 99).

Mit **IsoConc** lässt sich mit den gegebenen Nahrungsquellen kein sinnvolles Mischungsmodell für den Ingolstädter Raum einsetzen. In beiden Fundorten liegt sowohl der Populationsmedian, als auch der Großteil der Bevölkerungsdaten außerhalb des Nahrungsnetzes, dass mit den vorhandenen Tierdaten erstellt werden könnte. IsoConc ist nicht ausreichend, um ein Nahrungsnetz für die beiden Populationen zu erstellen.

Ähnlich sieht es auch beim Mischungsmodell aus, welches mit **SISUS** erstellt wird (Abb. 100). Für Ingolstadt-Etting existiert kein sinnvolles Modell mit den gegebenen Nahrungsquellen. Für Großmehring lässt sich ein Modell erstellen, welches nur rund 25 % der Individuen einfängt. Die Verteilung der individuellen Daten sowie des Populationsmedians, also der Durchschnittspopulation, im Nahrungsnetz sprechen jedoch nicht für ein erfolgreiches Modell (Abb. 100). Es gibt mehrere *missing endmember*. Zum einen mit einem negativeren Kohlenstoffisotopenwert, möglicherweise mit Einfluss des Baldachin-Effekts und zum anderen eine Nahrungsquelle mit höherem Stickstoffisosotopenwert.

Der mathematische Ausreißer G2 120/1, ein erwachsener Mann, fällt knapp aus dem Nahrungsnetz. Allerdings streuen die Daten der Population aus Großmehring allgemein sehr weit, sodass mehrere Individuen nicht vom Modell erfasst werden.

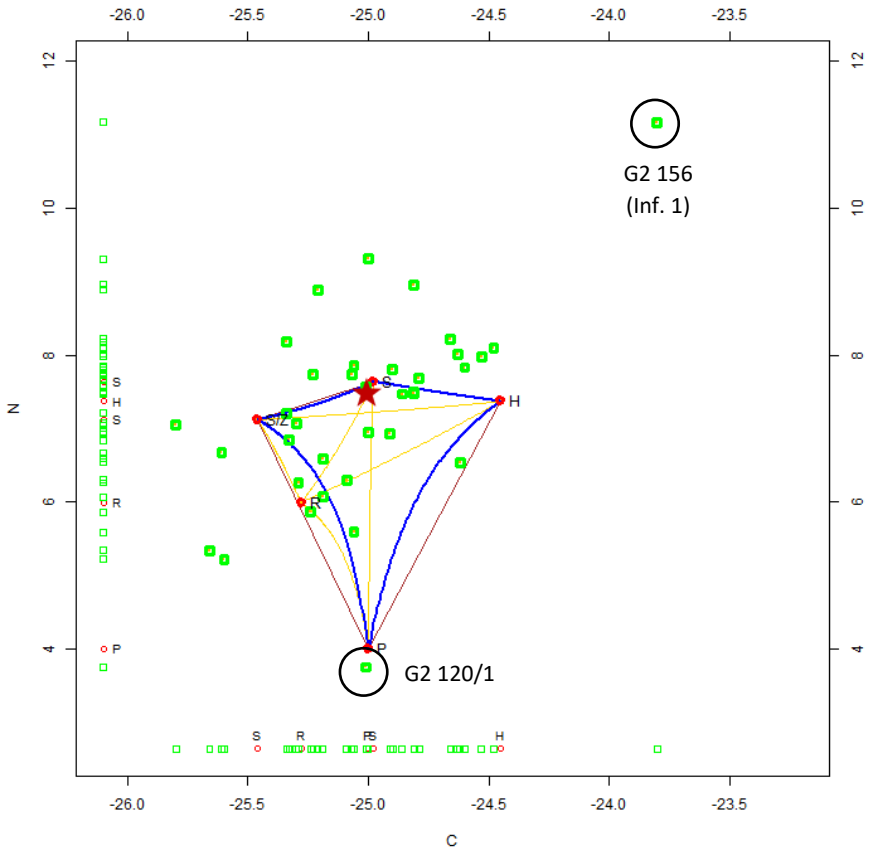


Abbildung 100: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Großmehring (Darstellung inklusive G2 156). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern, ohne Neugeborene und G2 156): **H**: Huhn (µ: 2,2 %); **R**: Rind (µ: 1,5 %); **S**: Schwein (µ: 79,7 %); **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 14,8 %); **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 1,9 %).

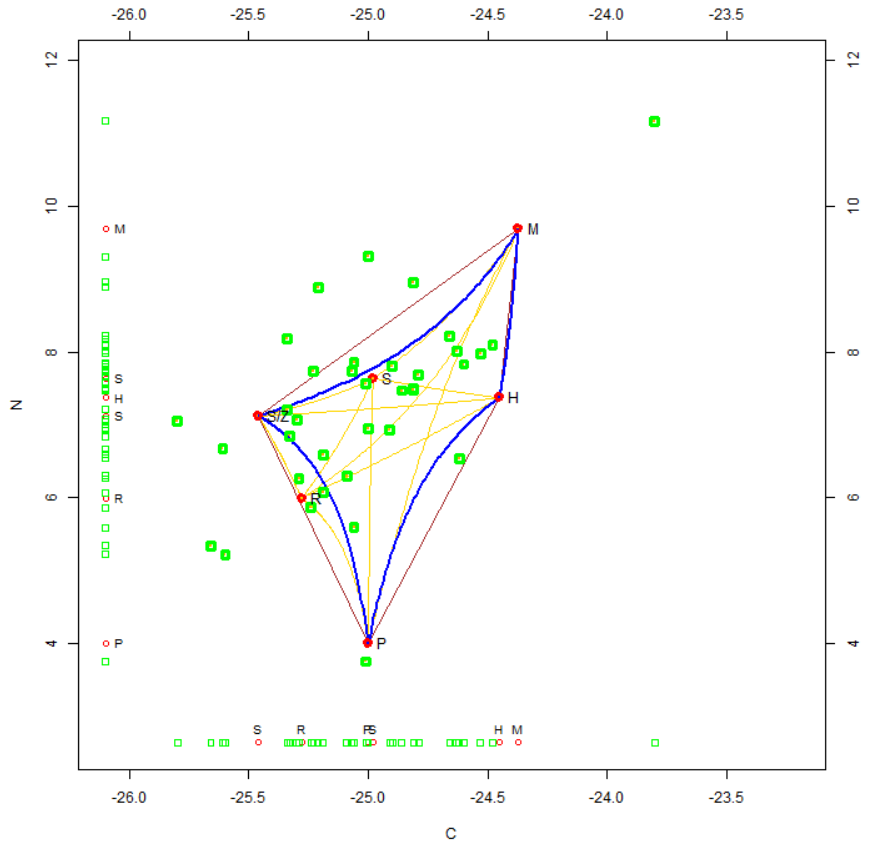


Abbildung 101: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Großmehring (Darstellung inklusive G2 156). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern, ohne Neugeborene und G2 156): **H**: Huhn (µ: 3,7 %); **R**: Rind (µ: 3,3 %); **S**: Schwein (µ: 29,2 %); **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 38,8 %); **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 4,0 %), **M**: Milch (Schaf/Ziege + Rind) (µ: 20,9 %).

Fügt man Milch, berechnet aus Rindern, Schafen, Ziegen, in das Nahrungsnetz hinzu, werden weitere Individuen in das Netz aufgenommen (Abb. A 101), sodass Milch und Milchprodukte durchaus eine plausible Nahrungsquelle darstellt (Tab. A 53). Trotzdem gibt es weiterhin zwei *missing endmember*, sodass man das Nahrungsnetz als nicht vollständig aufgelöst bewerten muss. Das Erstellen für die einzelnen Bestattungsplätze aus Großmehring scheint ebenfalls erfolglos. Für den Median der Menschen, die in Bestattungsplatz 1, Bestattungsplatz 3 und Bestattungsplatz 4 bestattet wurden, konnte ein Modell erstellt werden (Kap. 9.2.5.16: Abb. A 326-342, Kap. 9.1.4.5: Tab. A 53), allerdings ist aufgrund der geringen Stichprobengröße und die individuelle Datenverteilung nur eine Tendenz erkennbar. Für den Median der Individuen aus dem Friedhofsteil 2 wird kein Ergebnis erzielt, weil dieser außerhalb des Nahrungsnetzes liegt.

Mit **MixSIAR** werden erfolgreich Mischungsmodelle für Ingolstadt-Etting (Abb. 102) und Großmehring (Abb. 103) berechnet. Beide Nahrungsnetze basieren prinzipiell auf Fleisch von domestizierten Tieren. In den jeweiligen Anteilen der verschiedenen Fleischquellen unterscheiden sie sich jedoch. Die wichtigsten Fleischquelle in Ingolstadt-Etting sind Schaf/Ziege (28,4 %) und Rind mit fast 27 %. Weniger bedeutend sind dagegen Schwein (18,1 %) und Huhn (13,3 %). Den geringsten Anteil haben mit 12,9 % die Pflanzen und Pflanzenprodukte.

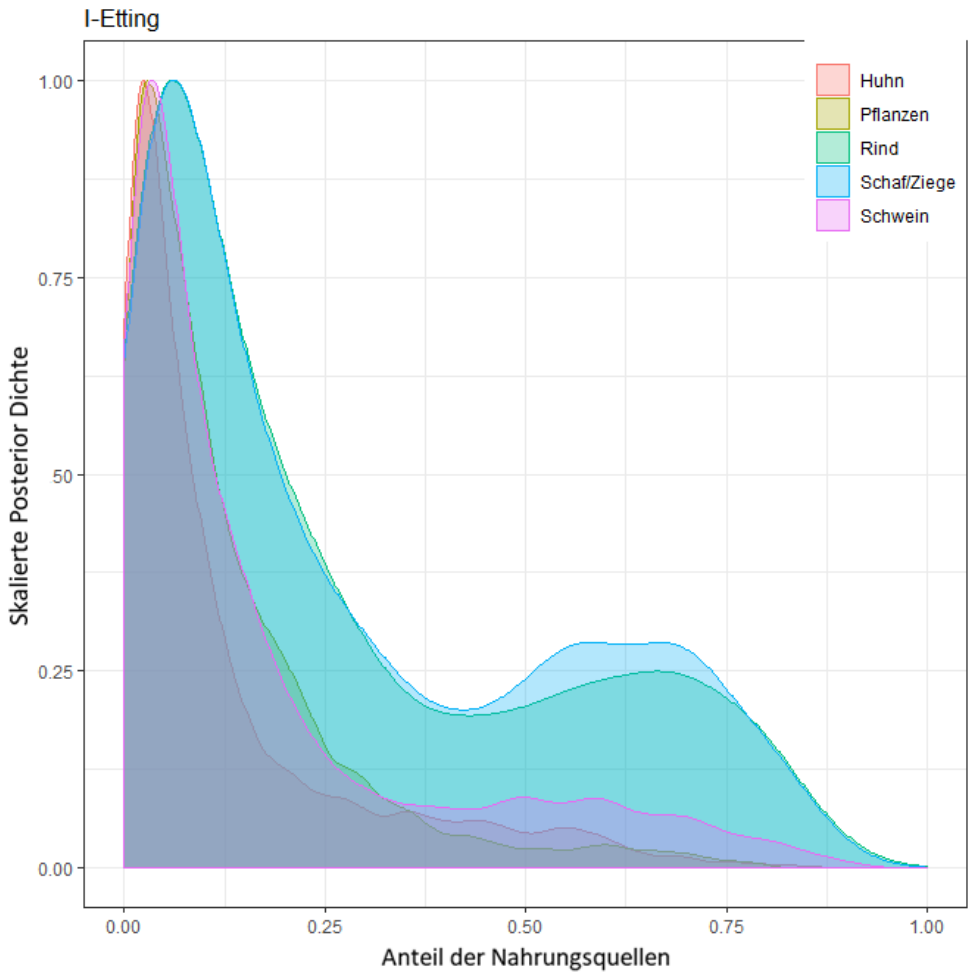


Abbildung 102: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Ingolstadt-Etting. Erstellt mit MixSIAR. Huhn (μ: 13,3 %), Rind (μ: 27,3 %), Schwein (μ: 18,1 %), Schaf/Ziege (μ: 28,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (μ: 12,9 %).

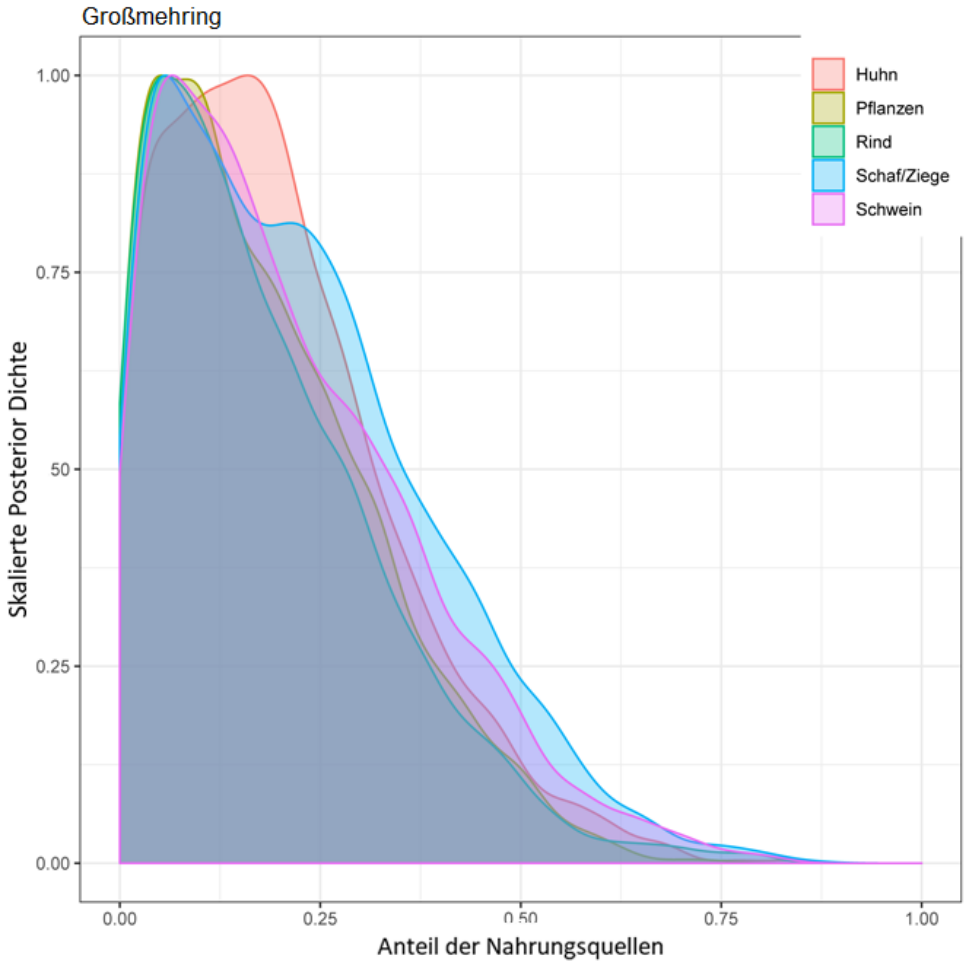


Abbildung 103: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Großmehring. Erstellt mit MixSIAR. Huhn (µ: 19,9 %), Rind (µ: 18,3 %), Schwein (µ: 21,2 %), Schaf/Ziege (µ: 22,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 18,3 %).

Die Ernährung in Großmehring ist nach dem MixSIAR-Modell deutlich ausgeglichener (Abb. 103). Die Anteile spannen zwischen 18,3 % (Rind) und 22,4 % (Schaf/Ziege). Die verschiedenen Fleischquellen haben auch hier den größten Anteil in der Gesamtverteilung, wobei Schaf/Ziege die Nahrungsquelle mit dem größten Anteil darstellt, gefolgt von Schwein (21,1 %) und Huhn (19,9 %). Den geringsten Anteil haben Rinder (18,3 %) und Pflanzen (18,3 %), wobei der Unterschied zu den anderen Quellen sehr gering ist. Da MixSIAR jedoch für alles ein Ergebnis erzielt, ist anzuzweifeln, dass die Modelle für Etting und Großmehring korrekt sind, wenn man bedenkt, dass mit IsoConc kein Netz und mit SISUS nur für Großmehring ein nicht vollständiges Modell erstellt werden kann

Die Ernährungsrekonstruktion mittels Mischungsmodellen erweist sich im Falle von Ingolstadt-Etting und Großmehring als äußerst komplex und ist als nicht aufgelöst anzusehen. Ein Vergleich zwischen den Ergebnissen der Mischungsmodelle und der Originalauswertung (Czermak 2011), die die Ernährungsweise der Bevölkerung aus Ingolstadt-Etting und Großmehring leider nicht näher beschreibt und interpretiert, ist nicht möglich. Die Auswertung der Bevölkerung des Ingolstädter Raums beschränkt sich in dieser Arbeit auf die bivariate Auswertung mittels Ernährungswerten und Dichte-Verteilung. Der Pflanzenteil der Ernährung basiert in beiden Fundorten auf C_3-Pflanzen. In

Großmehring liegt eine Ernährung nah, die ihr Fleisch von domestizierten Tieren bezieht. Allerdings sind weitere Nahrungsquellen nicht aus der Ernährung auszuschließen, da es *missing endmember* für die Modelle gibt wie z.B. Fisch. Sekundärprodukte wie Milch und Milchprodukte sind ebenfalls als Quelle nicht auszuschließen. Zwischen den Friedhofsteilen 1 bis 4 gibt es keine auffälligen Unterschiede, die auf einen sozialen Unterschied schließen lassen. Basierend auf den Kohlenstoff- und Stickstoffisotopenwerten ist Wild für die Menschen aus Ingolstadt-Etting jedoch eine mögliche Nahrungsquelle, denn für Ingolstadt-Etting ist der Kohlenstoffisotopiewert signifikant negativer als im Vergleich zu Großmehring. Ein Individuum (I.E3c) stammt aus dem Kreisgraben und ist dem Reiterstand zuzuordnen (Czermak 2011). Tatsächlich ist es auch das Individuum mit dem höchsten Stickstoffwert und hatte daher guten Zugang zu tierischem Protein. Ebenso hoch ist der Stickstoffwert des Individuums I.E22, welches jedoch nicht im Kreisgraben bestattet wurde. Beide Individuen fallen jedoch nicht als Ausreißer in der Population auf. Die Stichprobengröße aus Ingolstadt-Etting ist allerdings zu klein um eine gruppenspezifische Aussage zu treffen.

Tabelle 46: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Ingolstadt-Etting** und **Großmehring**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Literatur: Czermak 2011	
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie Hauptproteinquelle: Pflanzen, Tiere, Fisch → nicht näher differenziert	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte <u>Ingolstadt-Etting:</u> C_3-Pflanzenbasierte Ernährung Mischungsmodell (IsoConc) nicht erfolgreich MixSIAR-Modell möglich ABER: fragwürdig, da IsoConc und SISUS nicht erfolgreich <u>Großmehring:</u> C_3-Pflanzenbasierte Ernährung Mischungsmodell (IsoConc) nicht erfolgreich nur Teilergebnis durch Modell (SISUS) ABER: Stickstoffisotopenwerte deutlich erhöht MixSIAR-Modell möglich ABER: fragwürdig, da IsoConc nicht erfolgreich und SISUS nicht vollständig aufgelöst

4.7.5 Kelheim

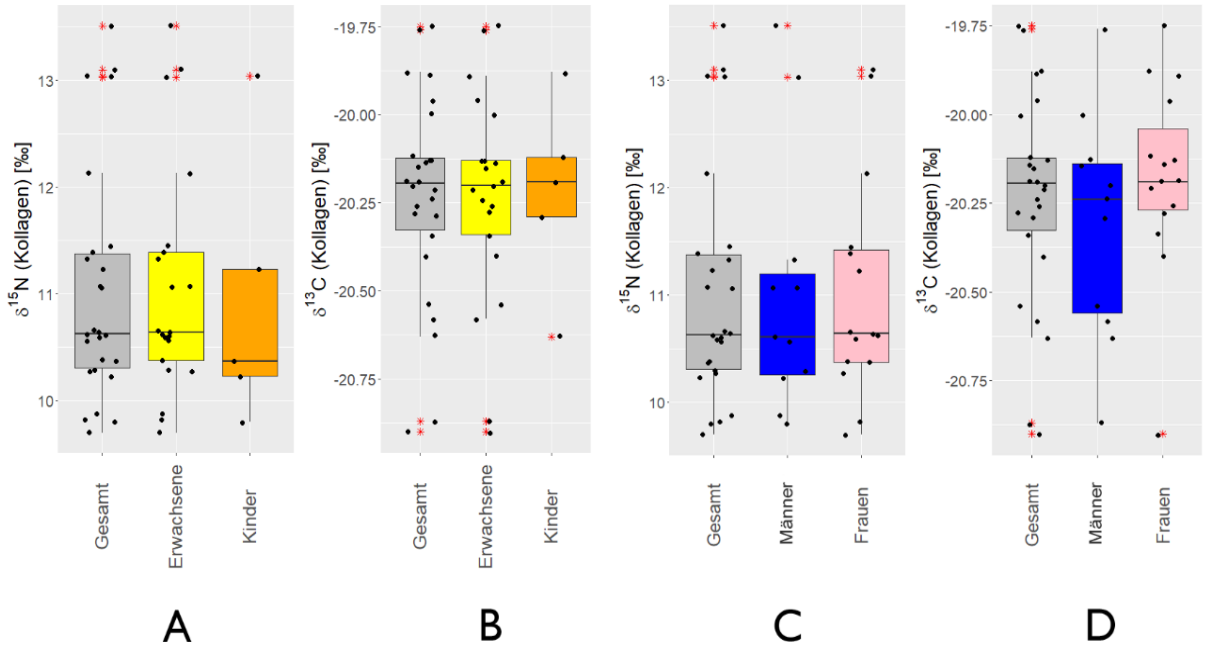


Abbildung 104: Boxplots der Daten aus Kelheim. A: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; B: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; C: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; D: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht.

Die Kelheimer Bevölkerung wird in dieser Arbeit von 26 Individuen repräsentiert, darunter 21 Erwachsene, fünf subadulte Individuen Kind, darunter zwei Jugendliche, zwei Kinder der Altersklasse Infans II und ein Kind der Altersklasse Infans I. Die Stickstoffisotopenwerte der Population spannt mit Werten zwischen 9,70 ‰ und 13,51 ‰ über 3 ‰, dies entspricht einer ganzen Trophieebene. Die Kohlenstoffisotopenwerte aus dem Kollagen sind deutlich homogener und erreichen Werte zwischen -20,90 ‰ und -19,75 ‰ (Abb. 104).

Tabelle 47: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **KH**: Kelheim (Czermak 2011, Strott 2007); **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult,, **mad**: mitteladult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **fmat**: frühmatur, **mmat**: mittelmatur**, smat**: spätmatur, **sen**: senil; **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich, **nd**: nicht datiert, **uk**: unklar (wird wie nb behandelt). **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **fett**: bestattet im Kreisgraben. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	G.	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
KH12/1	spad/fmat	w?	3,61	13,57	10,66	7,66	44,66	-20,21	-25,21
KH17	ad	w	3,27	9,65	13,10	10,10	27,07	-19,75	-24,75
KH18	ad	w	3,51	13,50	10,27	7,27	43,26	-20,40	-25,40
KH23	smat/sen	w	3,14	11,96	11,45	8,45	34,27	-19,89	-24,89
KH34	fad	w	3,29	10,85	12,13	9,13	30,63	-20,13	-25,13
KH36/1	mad	m?	3,60	11,11	10,56	7,56	36,50	-20,00	-25,00
KH40	smat	m	3,34	9,00	11,06	8,06	27,39	-20,15	-25,15
KH42	mad	m	3,50	10,92	11,07	8,07	32,78	-20,54	-25,54
KH43 Nord	mad	w	3,58	11,68	9,82	6,82	35,82	-20,90	-25,90
KH54	mad	m	3,61	12,04	10,29	7,29	37,31	-20,24	-25,24
KH55	mad	w?	3,46	10,75	11,39	8,39	31,90	-19,96	-24,96
KH68	mad	m	3,41	14,57	10,61	7,61	45,29	-20,13	-25,13

KH71	spad	m	3,41	10,33	13,51	10,51	25,90	-20,58	-25,58
KH77	spad	w	3,50	14,15	10,64	7,64	42,49	-20,28	-25,28
KH78	spad	w	3,58	11,77	10,59	7,59	36,12	-20,26	-25,26
KH80	mad	m	3,58	12,84	9,88	6,88	41,97	-20,20	-25,20
KH82	mad	w	3,54	13,39	10,38	7,38	40,63	-20,34	-25,34
KH86 Nord	Inf II	w	3,38	12,87	11,23	8,23	39,72	-20,12	-25,12
KH94	mmat/smat	m	3,15	11,99	11,33	8,33	32,34	-19,76	-24,76
KH124	mad	w	3,60	14,57	10,62	7,62	47,80	-20,14	-25,14
KH128	juv	w	2,97	9,72	13,04	10,04	24,77	-19,88	-24,88
KH K 10	Inf II	m	3,57	10,99	9,80	6,80	33,57	-20,29	-25,29
KH K 125	Inf I	w	3,60	15,01	10,37	7,37	46,33	-20,19	-25,19
KHRG 3	***mmat/smat***	***m***	***3,02***	***11,91***	***13,03***	***10,03***	***32,84***	***-20,87***	***-25,87***
KHRG 8	**fmat**	**w**	**3,57**	**13,41**	**9,70**	**6,70**	**43,72**	**-20,19**	**-25,19**
KH ZENTRUM II	juv	m	2,91	13,40	10,23	7,23	33,43	-20,63	-25,63

Der Median der subadulten Individuen liegt bei einem $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Wert von 10,37 ‰ und einem $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Wert von -20,19 ‰. Hier sticht die Jugendliche KH128 mit ihrem Stickstoff- und Kohlenstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 13,04 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,88 ‰) heraus. Die Mediane der Erwachsenen weichen nicht von dem der Kinder ab ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,64 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,20 ‰). Die Differenz zwischen adulten und subadulten Individuen ist nicht signifikant (Tab. 48). Deshalb werden die subadulten Individuen und die Erwachsenen für die Ernährungsauswertung zusammen als Gesamtpopulation, repräsentiert durch den Populationsmedian, ausgewertet.

Tabelle 48: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Kelheim (KH)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	KH Erwachsene	KH Kinder
KH Erwachsene	21	-	0,92
KH Kinder	5	0,52	-

Zwischen den Geschlechtergruppen gibt es weder im $\delta^{15}N$- noch im $\delta^{13}C$-Signal signifikante Unterschiede (Tab. 49). Eine geschlechterbezogene Ernährungsrekonstruktion ist daher nicht notwendig.

Tabelle 49: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Kelheim (KH)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, ♂: Männer; ♀: Frauen. weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	KH ♂	KH ♀
KH ♂	11	-	0,26
KH ♀	15	0,72	-

Im Gesamtkollektiv gibt es zwei Ausreißer: die Frau KH17 und den Mann KH71, die auch bei den Erwachsenen und in der jeweiligen Geschlechtergruppe mathematisch herausstechen (Abb. 104). In der Altersgruppe der Erwachsenen sowie der Männer ist zusätzlich das Individuum KHRG 3 ein Ausreißer. In der Gesamtpopulation gibt es vier Individuen, die sich bezüglich ihrer Kohlestoffwerte mathematisch vom Rest der Daten abheben: KH17, KH43 Nord, KH94 und KHRG 3. Diese vier Individuen sind ebenso Ausreißer in der Gruppe der Erwachsenen und das Individuum KH43 Nord ist zudem innerhalb der Frauen ein mathematischer Ausreißer. Das Individuum KHRG 3, ein erwachsener Mann, fällt also sowohl mit seinem hohen Stickstoffisotopenwert als auch mit einem niedrigen Kohlenstoffisotopenwert im Kollektiv auf. Das Besondere an diesem Mann ist, dass er im Kreisgraben bestattet wurde. Das andere Individuum, das ebenfalls im Kreisgraben bestattet wurde (KHRG 8), eine erwachsene Frau, hat im Vergleich zu dem Mann KHRG 3, einen niedrigen Stickstoffisotopenwert, fällt jedoch in der Population nicht als Ausreißer auf.

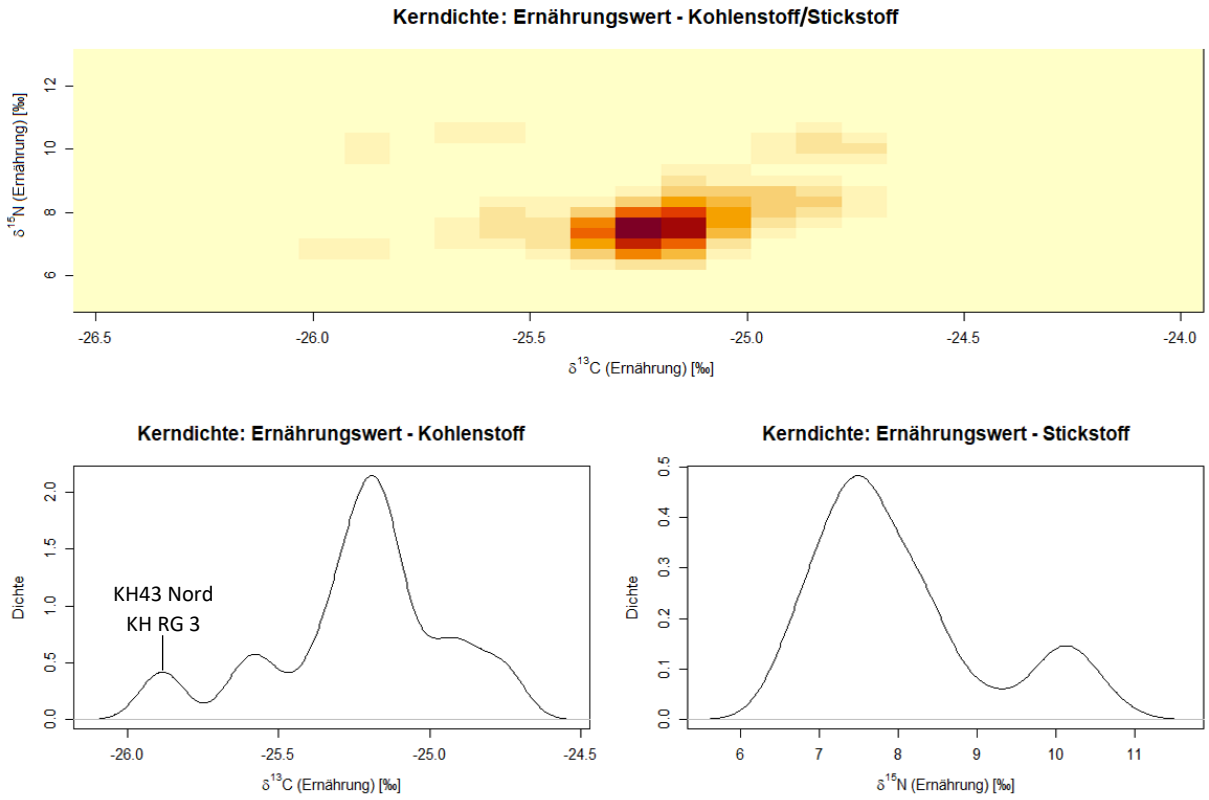


Abbildung 105: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Kelheim. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des δ^{13}C-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des δ^{15}N-Ernährungswerts).

Die Kerndichte-Plots der Kelheimer Daten (Abb. 105) zeigt eine weite Streuung der Daten. Es gibt einen Kern, an dem sich die Mehrzahl der Individualdaten anhäufen, im Stickstoffbereich zwischen 7 ‰ und 8 ‰ und im Kohlenstoffbereich zwischen -25,5 und -25,0 ‰. Diese Kernwolke besitzt jedoch weite Ausläufer, besonders im δ^{13}C-Wert, und es existieren weitere Dichtewolken, die durch Ausreißer (KH43 Nord, KH RG 3) entstehen.

Mit den vorhandenen Nahrungsquellen gibt es keine sinnvollen Mischungsmodelle weder mit **IsoConc** noch mit **SISUS**. Einzelne Individuen werden zwar durch ein Nahrungsnetz aus Pflanzen, Rind, Schwein, Huhn und Schaf/Ziege in SISUS eingefangen, doch der Großteil der Individuen (Abb. A 343) sowie der Populationsmedian (Abb. A 344) befinden sich mit einem höheren Stickstoffsignal als die Nahrungsquellen außerhalb des Netzes. Es fehlt somit eine essentielle Nahrungsquelle (= *missing endmember*), die durch einen hohen Stickstoffisotopenwert gekennzeichnet ist und die Ernährung der Bevölkerung aus Kelheim beeinflusst, möglicherweise eine aquatische Quelle.

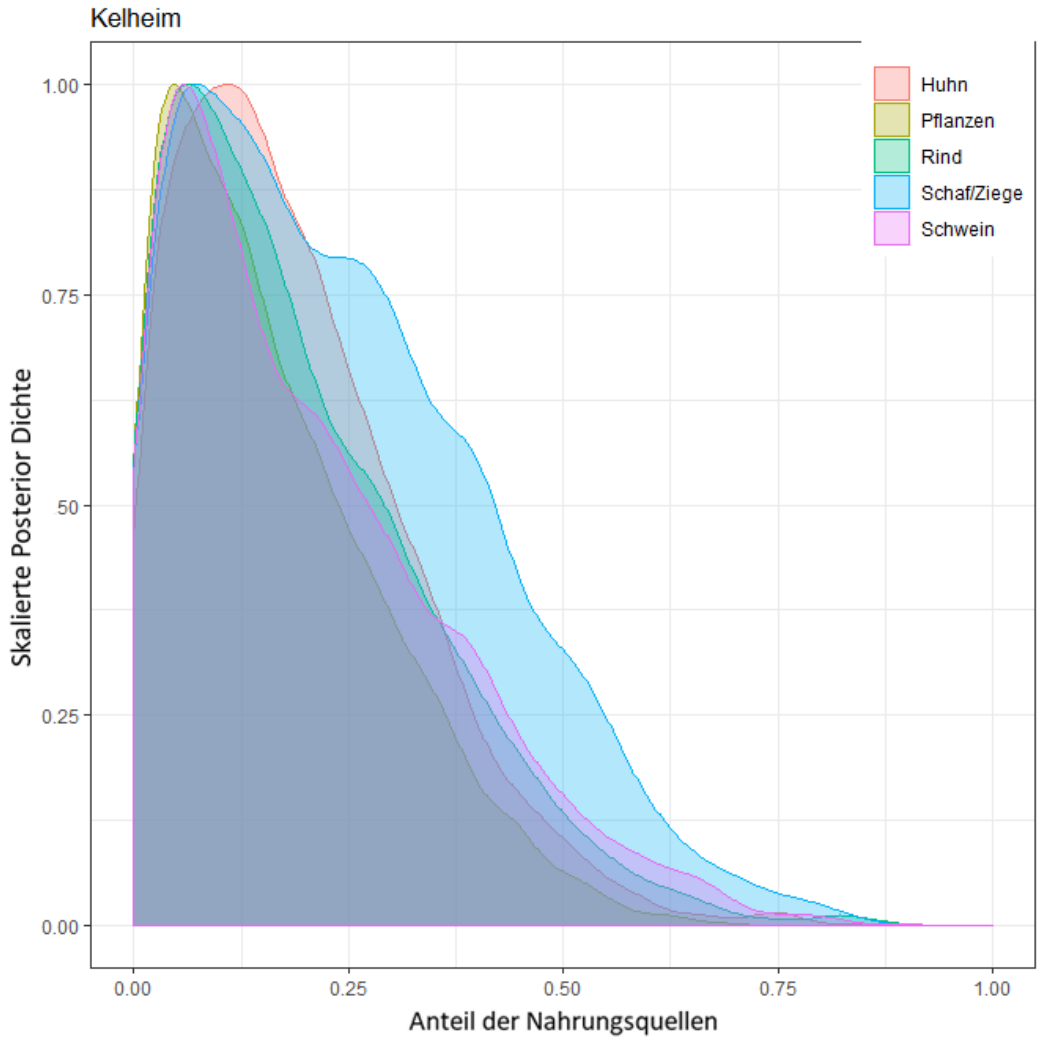


Abbildung 106: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Kelheim. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Huhn (µ: 19,0 %), Rind (µ: 19,5 %), Schwein (µ: 20,5 %), Schaf/Ziege (µ: 24,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 16,6 %).

Mit **MixSIAR** kann man mit den vorhandenen Nahrungsquellen ein Mischungsmodell erstellen (Abb. 106). Es deutet auf eine Ernährung hin, die auf Fleisch von domestizierten Tieren aufbaut und durch Pflanzen und Pflanzenprodukten vervollständigt wird. Im Vordergrund der Fleischquellen steht mit knapp 24 % das Fleisch von Schafen/Ziegen. Doch auch Schweine (µ: 20,5 %), Rinder (µ: 19,5 %) und Hühner (µ: 19,0 %) haben einen fast ebenso hohen Anteil im Modell. Pflanzen liegen mit einem prozentualen Beitrag von 16,6 % nur geringfügig unter dem Anteil der tierischen Nahrungsquellen.

Tabelle 50: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Kelheim**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

<table>
<tr><th colspan="3">AUSWERTUNG</th></tr>
<tr><th colspan="2">Original</th><th rowspan="2">Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell</th></tr>
<tr><th colspan="2">Literatur:
*Czermak 2011; **Strott 2007</th></tr>
<tr><td colspan="2">Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie</td><td rowspan="2">Methode: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte</td></tr>
<tr><td>*Hauptproteinquelle:
Pflanzen, Tiere, Fisch
→ nicht näher differenziert
→ unspezifisch zum Fundort</td><td>**tierisches Protein ausreichender zur Verfügung
→ alle Schichten hatten Zugang

Rind als primärer Fleischlieferant, daneben Schwein, Schaf/Ziege und Wild (Rothirsch, Reh)

Pflanzen: C_3-Pflanzen

kein überwiegender Konsum von Fisch</td><td>Mischungsmodell nicht erfolgreich
→ fehlende Endpunkte

Fisch als Nahrungsquelle denkbar</td></tr>
</table>

Ein Vergleich zwischen konzentrationsbasierten Mischungsmodellen und Originalauswertung ist für Kelheim nicht sinnvoll. Mit den vorhandenen Tierdaten sind für SISUS und IsoConc keine Modelle erstellbar. Lediglich MixSIAR berechnet ein Modell. Da MixSIAR immer ein Ergebnis ausgibt, muss dieses Nahrungsnetz allerdings angezweifelt werden, wenn mit anderen Programmen kein Modell erstellt werden kann. Die Auswertung der Kelheimer Bevölkerung beschränkt sich daher auf die konventionelle, bivariate Auswertung sowie auf die Dichte-Verteilung der Isotopendaten. Basierend darauf ist von einem regelmäßigen Fleischkonsum von domestizierten Tieren und Pflanzenprodukten, die von C_3-Pflanzen stammen, auszugehen. Die Individuen aus dem Kreisgraben (KHRG 3, KHRG 8) unterscheiden sich sehr stark. Während die Frau KHRG 8 einen niedrigen Stickstoffwert aufweist, hat der Mann KHRG 3 einen hohen Stickstoffwert und einen Kohlenstoffwert, der in der Population als Ausreißer auffällt. Dieses Individuum hatte guten Zugang zu tierischem Protein, wenn nicht sogar zu einer Süßwasserressource. Es sticht stark aus der Population hervor. Isotopenanalysen zu den weiteren Individuen, die im Kreisgraben bestattet wurden, könnten mögliche soziale Differenzen aufdecken, da eine Tendenz zur sozialen Stratifizierung vorhanden ist. Für die allgemeine Population kann der übermäßige Verzehr von Fisch ausgeschlossen werden, wenn man die Stickstoffisotopenwerte der Hauptgruppe (Abb. 105) beachtet, wobei es einzelne Individuen mit Isotopensignal gibt, der für den regelmäßigen Konsum von Fisch spricht.

4.7.6 Straubing

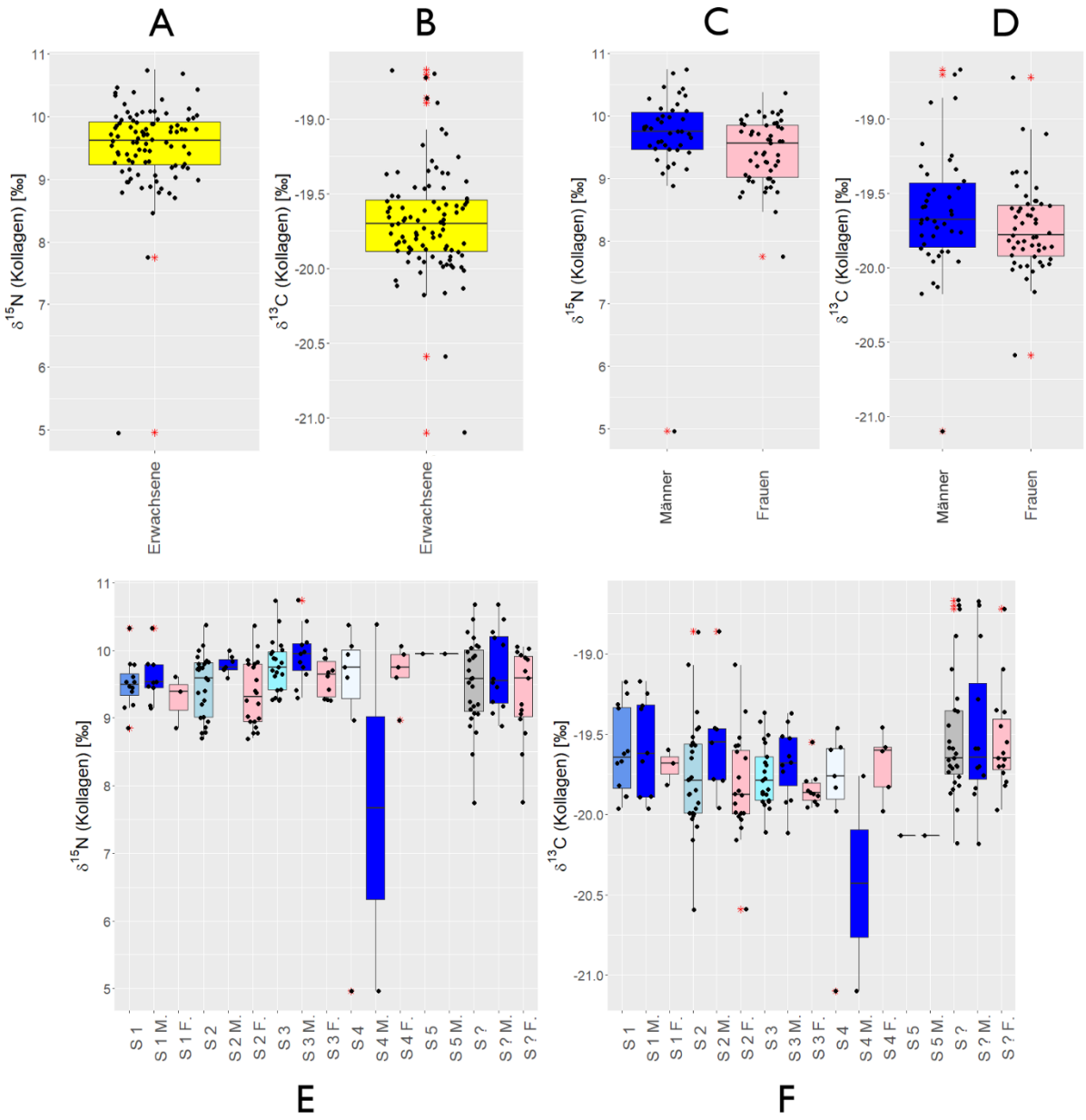


Abbildung 107: Boxplots der Daten aus Straubing. **A**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen erwachsenen Altersgruppe; **B**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen der erwachsenen Altersgruppe. **C**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; **D**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen getrennt nach Geschlecht; **E**: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen unterteilt nach Phasen (1, 2, 3, 4, ?) getrennt nach Geschlecht; **F**: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen unterteilt nach Phasen (1, 2, 3, 4, ?) getrennt nach Geschlecht.

Der Datensatz der Population aus Straubing umfasst 95 erwachsene Individuen, darunter 53 Frauen und 42 Männer. Das Stickstoffisotopensignal der Population beträgt zwischen 4,96 ‰ und 10,74 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 1,96 bis 7,74 ‰). Im Kohlenstoffisotopenwert werden Werte zwischen -21,10 ‰ und -18,67 ‰ eingeschlossen ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -26,10 bis -23,67 ‰) (Abb. 107). Die Mediane der Männer ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,75 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,68 ‰) und der Frauen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,56 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,78 ‰) unterscheiden sich nur kaum merklich (Abb. 107).

Tabelle 51: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **S**: Straubing (Hackenbeck et al. 2012); **ad**: erwachsen, **mat**: matur, **sen**: senil, **+**: mindestens; **m**: männlich, **w**: weiblich, **nd**: nicht datiert. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung); **fett**: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

Nr.	Alter	Geschlecht	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
S066	ad	w	6. Jhdt	3,17	11,37	8,95	5,95	30,89	-20,59	-25,59
S067	ad	w	nd	3,23	16,86	10,03	7,03	46,74	-19,74	-24,74
S073	mat	m	5.-6. Jhdt	3,12	17,45	9,79	6,79	46,73	-19,25	-24,25
S077	ad	w	6. Jhdt	3,11	17,24	9,85	6,85	46,00	-19,99	-24,99
S085	mat	m	nd	3,23	16,59	9,24	6,24	45,95	-19,87	-24,87
S093	mat	m	nd	3,17	12,87	9,18	6,18	34,97	-19,59	-24,59
S094	mat	w	nd	3,16	12,98	7,75	4,75	35,18	-19,36	-24,36
S095	ad	m	6. Jhdt	3,17	16,71	9,72	6,72	45,36	-18,86	-23,86
S098	ad	w	nd	3,24	16,56	9,06	6,06	46,02	-19,10	-24,10
S100	ad	w	6. Jhdt	3,23	15,83	9,21	6,21	43,87	-19,99	-24,99
S130	ad	m	7. Jhdt	3,14	17,77	9,95	6,95	47,88	-20,13	-25,13
S170	ad	m	6. Jhdt	3,15	14,98	9,90	6,90	40,44	-19,79	-24,79
S171	ad	m	6. Jhdt	3,10	17,61	9,75	6,75	46,87	-19,78	-24,78
S172	ad	m	6. Jhdt	3,19	17,00	9,98	6,98	46,55	-19,69	-24,69
S182	mat	m	6. Jhdt	3,22	15,09	10,74	7,74	41,66	-19,42	-24,42
S228	***ad***	***w***	***nd***	***3,13***	***18,33***	***8,99***	***5,99***	***49,17***	***-18,72***	***-23,72***
S233	ad	w	5.-6. Jhdt	3,16	16,20	9,39	6,39	43,81	-19,68	-24,68
S235	mat	m	nd	3,20	14,29	9,52	6,52	39,25	-18,70	-23,70
S236	mat	m	5.-6. Jhdt	3,23	13,70	9,19	6,19	37,91	-19,89	-24,89
S240	ad	m	5.-6. Jhdt	3,17	15,38	9,15	6,15	41,84	-19,32	-24,32
S241	ad	m	5.-6. Jhdt	3,21	15,65	9,47	6,47	42,99	-19,34	-24,34
S243	sen	m	nd	3,21	15,60	10,46	7,46	42,94	-18,89	-23,89
S246	sen	w	6.-7. Jhdt	3,17	12,85	9,60	6,60	34,89	-19,83	-24,83
S248	ad	w	6. Jhdt	3,14	13,93	9,88	6,88	37,46	-19,88	-24,88
S262	mat	w	nd	3,23	15,90	9,89	6,89	44,05	-19,66	-24,66
S265	ad	w	6. Jhdt	3,21	16,38	9,71	6,71	45,08	-19,94	-24,94
S299	mat	w	nd	3,24	15,54	8,78	5,78	43,20	-19,80	-24,80
S300	ad	w	6. Jhdt	3,18	16,00	8,78	5,78	43,66	-19,93	-24,93
S305	mat	w	6. Jhdt	3,17	13,96	9,37	6,37	37,89	-20,08	-25,08
S306	ad	w	6. Jhdt	3,18	15,80	9,26	6,26	43,03	-19,87	-24,87
S308	mat	m	6. Jhdt	3,26	14,78	9,71	6,71	41,30	-19,96	-24,96
S309	mat	m	6. Jhdt	3,23	14,45	9,95	6,95	40,06	-19,68	-24,68
S310	**mat**	**w**	**6. Jhdt**	**3,22**	**15,96**	**9,75**	**6,75**	**44,02**	**-19,07**	**-24,07**
S315	ad	m	nd	3,21	13,76	8,88	5,88	37,87	-19,59	-24,59
S316	mat	m	6. Jhdt	3,15	16,05	9,83	6,83	43,38	-19,55	-24,55
S317	ad	w	6. Jhdt	3,17	16,32	9,40	6,40	44,29	-19,36	-24,36
S320	ad	w	5.-6. Jhdt	3,23	16,13	8,85	5,85	44,61	-19,60	-24,60
S321	sen	w	6. Jhdt	3,27	13,96	9,68	6,68	39,10	-19,92	-24,92
S326	mat	m	nd	3,24	10,20	10,08	7,08	28,31	-19,76	-24,76
S328	**ad**	**w**	**6. Jhdt**	**3,14**	**16,44**	**8,70**	**5,70**	**44,23**	**-19,61**	**-24,61**
S329	ad	m	nd	3,19	15,69	9,58	6,58	42,89	-19,70	-24,70
S330	ad	m	5.-6. Jhdt	3,21	14,77	10,33	7,33	40,66	-19,67	-24,67
S349	mat	m	5.-6. Jhdt	3,14	14,93	9,80	6,80	40,18	-19,17	-24,17
S354	ad	w	6. Jhdt	3,24	12,15	9,83	6,83	33,72	-19,88	-24,88
S355	**ad**	**w**	**6. Jhdt**	**3,17**	**18,89**	**8,95**	**5,95**	**51,29**	**-19,52**	**-24,52**
S356	ad	m	nd	3,15	17,96	9,07	6,07	48,49	-19,84	-24,84
S358	mat	m	nd	3,14	13,36	10,68	7,68	36,01	-18,67	-23,67
S360	**ad**	**w**	**6. Jhdt**	**3,15**	**16,06**	**8,78**	**5,78**	**43,34**	**-19,65**	**-24,65**
S361	**ad**	**w**	**nd**	**3,14**	**16,98**	**9,12**	**6,12**	**45,62**	**-19,62**	**-24,62**
S369	ad	w	nd	3,24	15,59	10,05	7,05	43,31	-19,97	-24,97

S374	ad	m	6.-7. Jhdt	3,18	12,76	10,38	7,38	34,74	-19,76	-24,76
S377	mat	w	6. Jhdt	3,23	15,83	9,00	6,00	43,80	-19,99	-24,99
S388	mat	w	6. Jhdt	3,18	14,55	9,56	6,56	39,67	-20,01	-25,01
S399	sen	w	nd	3,16	14,95	9,98	6,98	40,55	-19,70	-24,70
S412	mat	w	6. Jhdt	3,17	15,73	9,80	6,80	42,72	-20,03	-25,03
S428	ad	m	6. Jhdt	3,29	13,80	9,75	6,75	38,94	-19,51	-24,51
S445	*ad*	*m*	*6.-7. Jhdt*	*3,18*	*15,60*	*4,96*	*1,96*	*42,54*	*-21,10*	*-26,10*
S450	ad	w	6. Jhdt	3,22	15,41	9,28	6,28	42,55	-19,96	-24,96
S451	ad	w	6. Jhdt	3,26	15,71	9,88	6,88	43,84	-19,85	-24,85
S452	mat	m	6. Jhdt	3,23	14,15	10,00	7,00	39,18	-19,46	-24,46
S470	**sen**	**w**	**nd**	**3,15**	**18,44**	**9,93**	**6,93**	**49,82**	**-19,82**	**-24,82**
S473	ad	m	5.-6. Jhdt	3,16	14,68	9,53	6,53	39,79	-19,89	-24,89
S474	ad	w	5.-6. Jhdt	3,22	11,74	9,61	6,61	32,42	-19,82	-24,82
S477	mat	w	6. Jhdt	3,16	13,24	9,26	6,26	35,91	-19,85	-24,85
S478	ad	m	6. Jhdt	3,25	13,93	10,43	7,43	38,78	-19,53	-24,53
S479	ad	w	6. Jhdt	3,17	15,54	10,37	7,37	42,22	-19,57	-24,57
S480	mat	w	6. Jhdt	3,25	15,44	8,86	5,86	43,06	-19,57	-24,57
S481	ad	w	nd	3,22	12,93	9,20	6,20	35,66	-19,35	-24,35
S483	ad	w	6.-7. Jhdt	3,26	14,04	9,94	6,94	39,21	-19,46	-24,46
S484	ad	m	6. Jhdt	3,24	10,81	9,30	6,30	30,02	-19,92	-24,92
S485	mat	m	nd	3,22	14,30	9,46	6,46	39,53	-20,18	-25,18
S486	mat	m	6. Jhdt	3,23	14,82	9,65	6,65	40,98	-20,11	-25,11
S487	mat	w	6. Jhdt	3,18	14,21	9,62	6,62	38,67	-19,55	-24,55
S489	sen	w	6.-7. Jhdt	3,24	12,93	10,07	7,07	35,87	-19,60	-24,60
S490	ad	m	6. Jhdt	3,23	14,23	9,41	6,41	39,37	-19,91	-24,91
S491	mat	m	6. Jhdt	3,24	14,09	9,82	6,82	39,11	-19,37	-24,37
S493	mat	m	nd	3,29	11,74	10,27	7,27	33,13	-19,71	-24,71
S494	ad	w	nd	3,20	15,39	9,86	6,86	42,19	-19,70	-24,70
S495	mat	w	6. Jhdt	3,27	14,20	10,07	7,07	39,73	-19,87	-24,87
S497	ad	w	6. Jhdt	3,24	17,59	10,01	7,01	48,90	-19,78	-24,78
S499	ad	w	nd	3,24	16,02	9,59	6,59	44,45	-19,65	-24,65
S500	ad	w	6. Jhdt	3,25	12,28	9,42	6,42	34,25	-19,79	-24,79
S501	mat	m	6. Jhdt	3,22	12,18	10,08	7,08	33,64	-19,64	-24,64
S502	**mat**	**w**	**6.-7. Jhdt**	**3,28**	**10,75**	**8,97**	**5,97**	**30,21**	**-19,98**	**-24,98**
S520	ad	w	6. Jhdt	3,24	16,06	9,27	6,27	44,57	-19,86	-24,86
S535	**mat**	**w**	**6. Jhdt**	**3,13**	**15,51**	**9,02**	**6,02**	**41,67**	**-20,16**	**-25,16**
S537	ad	w	nd	3,21	16,17	8,46	5,46	44,49	-19,55	-24,55
S538	mat	m	nd	3,21	14,60	10,19	7,19	40,12	-19,28	-24,28
S581	mat	m	6. Jhdt	3,20	18,21	9,59	6,59	49,94	-19,47	-24,47
S600	ad	w	6. Jhdt	3,27	14,70	9,80	6,80	41,17	-19,77	-24,77
S604	ad	w	6.-7. Jhdt	3,23	12,44	9,75	6,75	34,47	-19,58	-24,58
S660	ad	m	6. Jhdt	3,27	11,34	10,12	7,12	31,82	-19,73	-24,73
S665	ad	m	5.-6. Jhdt	3,32	9,98	9,45	6,45	28,39	-19,96	-24,96
S708	**sen**	**w**	**nd**	**3,13**	**16,50**	**9,70**	**6,70**	**44,30**	**-19,45**	**-24,45**
S739	mat	m	5.-6. Jhdt	3,22	15,95	9,53	6,53	43,99	-19,62	-24,62

Auch die Wertespannen der beiden Geschlechterkategorien weichen kaum voneinander ab. Frauen erreichen δ^{15}N-Werte von 7,75 bis 10,37 ‰ und Männer haben Werte zwischen 4,96 und 10,74 ‰, wobei der Bereich zwischen 8,88 und 10,74 ‰ liegt, wenn man das in seinen Isotopiewerten auffällige Individuum S445 ausschließt ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 4,96 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,10 ‰). Dennoch gibt es einen signifikanten Unterschied zwischen Männern und Frauen im Stickstoffisotopenwert ($p_N = 7{,}38*10^{-03}$; $\alpha = 0{,}05$). Im Kohlenstoffsignal sind sich die beiden Geschlechter deutlich ähnlicher (♂: -19,67

bis -21,10 ‰; ♀: -18,72 bis -20,59 ‰). Im $\delta^{13}C$-Wert gibt es keinen signifikanten Unterschied zwischen den beiden Geschlechtergruppen ($p_C = 0,10$; $\alpha = 0,05$). Weil die Unterschiede so gering sind, wird keine geschlechtsabhängige Ernährungsrekonstruktion durchgeführt.

Zwischen den einzelnen Datierungsphasen gibt es keine signifikanten Unterschiede im Stickstoffisotopenwert (Tab. 52). Die weite Wertespanne, die bei den zwei Männern aus Phase 4 sichtbar ist (Abb. 107), signalisiert zwar eine weite Variabilität in den Werten ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 4,96 – 10,38 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,10 – -19,76‰), entsteht allerdings lediglich durch die geringe Stichprobenzahl von zwei Individuen und einem Ausreißer (S445) der sich innerhalb dieser gesamten Datengruppe befindet. Im $\delta^{13}C$-Wert finden sich signifikante Unterschiede zwischen den Individuen unbekannter Datierung (n = 27) und den Individuen, die in Phase 2 (n = 27) und 3 (n = 21) datieren.

Tabelle 52: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Straubing (S)** unterteilt nach Datierung (Phase 1-5), *Phase ?:* nicht datiert. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv*: schwache Aussagekraft.

	n	S 1	S 2	S 3	S 4	*S 5*	S ?
S 1	12	-	0,16	0,11	0,35	*x*	0,73
S 2	27	0,84	-	0,73	0,95	*x*	**0,03**
S 3	21	0,06	0,04	-	1,00	*x*	**0,02**
S 4	7	0,42	0,43	0,73	-	*x*	0,17
S 5	*1*	x	x	x	x	-	x
S ?	27	0,77	0,53	0,18	0,80	*x*	-

Zwischen den Männern und Frauen der verschiedenen Datierungsphasen gibt es nur geringe Unterschiede. Lediglich die Frauen der ersten Phase unterscheiden sich im Stickstoffisotopenwert tendenziell von den Männern der zweiten und dritten Phase (Tab. 53). Allerdings ist die Stichprobengröße sehr gering, sodass nur eine Tendenz angegeben wird. Zwischen den Männern der dritten Phase gibt es im Stickstoffisotopenwert signifikante Unterschiede zwischen den Frauen der zweiten und nicht datieren Phase. Bezüglich der Kohlenstoffisotopenwerte gibt es signifikante Unterschiede zwischen den Frauen der dritten Phase und den Männern der zweiten Datierungsphase, wie auch den Männern und Frauen unbekannter Datierung. Bei den Frauen, deren Datierung unbekannt ist, gibt es zusätzlich signifikante Unterschiede im Kohlenstoffisotopensignal zwischen den Frauen der zweiten Phase. Innerhalb der einzelnen Phasen gibt es jedoch keine Unterschiede zwischen den Geschlechtergruppen (Tab. 53). Daher gibt es auch eine Ernährungsrekonstruktion der Phasen, die jedoch nicht noch geschlechtsspezifisch aufgetrennt wird.

Tabelle 53: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Straubing (S)** unterteilt nach Datierung (Phase 1-5) und Geschlecht, *?:* nicht datiert. n = Probenzahl; *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv*: schwache Aussagekraft, x: kein Ergebnis.

	n	S 1 ♂	S 1 ♀	S 2 ♂	S 2 ♀	S 3 ♂	S 3 ♀	S 4 ♂	S 4 ♀	S 5 ♂	? ♂	? ♀
S 1 ♂	9	-	*0,71*	0,96	0,07	0,29	0,12	0,19	*0,59*	x	0,75	0,93
S 1 ♀	*3*	*0,35*	-	*0,49*	*0,39*	*0,94*	*0,11*	*0,39*	*0,88*	x	0,72	0,51
S 2 ♂	7	0,09	***0,04***	-	0,06	0,72	**0,04**	0,31	*0,46*	x	0,97	0,92
S 2 ♀	20	0,31	*0,82*	0,06	-	0,17	0,72	0,46	*0,23*	x	0,05	**0,02**
S 3 ♂	11	0,07	***0,04***	0,39	**$4{,}98*10^{-03}$**	-	0,07	0,14	*1,00*	x	0,60	0,47
S 3 ♀	10	0,71	*0,20*	0,17	0,13	0,05	-	0,91	*0,24*	x	**0,02**	**$3{,}91*10^{-03}$**
S 4 ♂	*2*	*0,91*	*0,77*	*0,88*	*0,95*	*0,77*	*0,91*	-	*0,33*	x	0,14	0,08
S 4 ♀	5	0,50	*0,23*	0,94	0,21	0,28	0,58	0,85	-	x	0,71	0,48
S 5 ♂	1	x	x	x	x	x	x	x	x	-	x	x
? ♂		0,80	0,35	0,58	0,10	0,39	0,92	0,78	0,96	x	-	0,98
? ♀		0,77	0,64	0,31	0,61	**0,03**	0,56	0,94	0,43	x	0,20	-

Im Stickstoffisotopenwert sind zwei Ausreißer detektierbar: den Mann S445 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 4,96 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 1,96 ‰) und die Frau S094 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,75 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,75 ‰), die sowohl in der Gesamtpopulation, als auch in ihrer jeweiligen Geschlechtergruppe als Ausreißer auffallen. Im $\delta^{13}C$-Signal gibt es multiple Ausreißer. So fallen die Männer S235, S358 und S445 in der Gruppe der Männer und in der Gesamtpopulation auf. Das Individuum S445 tritt damit im Stickstoff- und auch im Kohlenstoffisotopenwert als Ausreißer hervor. Bei den Frauen finden sich zwei Ausreißer (S066, S228), die mit ihren Werten in der Gesamtpopulation wie auch bei den Frauen mathematisch herausstechen. Zusätzlich gibt es in der Gesamtpopulation noch zwei weitere Ausreißer: die zwei erwachsenen Männer S095 und S243.

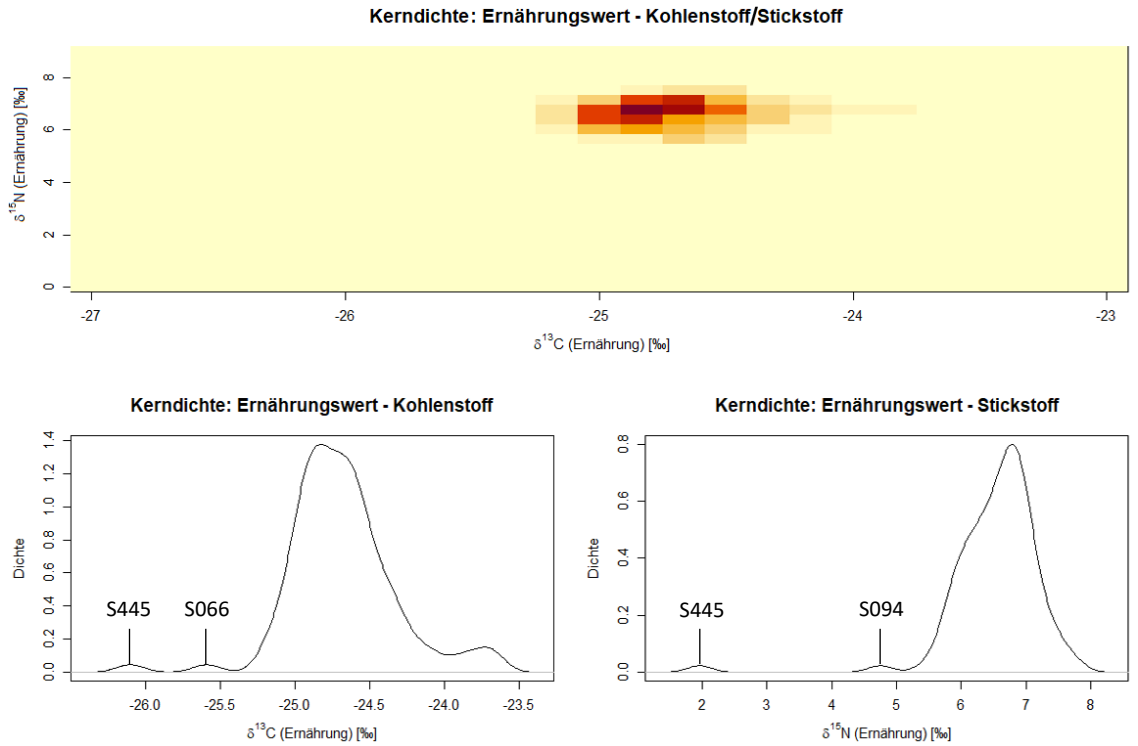


Abbildung 108: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Straubing. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Dichte-Verteilung der Bevölkerung aus Straubing ist überaus stabil. Im eindimensionalen Plot des Kohlestoffisotopenwertes gibt es eine deutliche Ansammlung der Werte zwischen -25,0 ‰ und -24,5 ‰ mit Ausläufern in die positive wie auch negative Richtung (Abb. 108). Diese schwachen Wertegipfel im negativen Bereich sind auf die Ausreißer S445 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: 21,10 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -26,10 ‰) und S066 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,59 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,59 ‰) im Datensatz zurückzuführen und in die positive Datenanhäufung durch die Individuen S095, S228, S243 und S358. Im Stickstoff liegt die größte Dichte bei knapp 7 ‰. Es gibt einen Ausreißer bei 2 ‰ (S445) und knapp 5 ‰ (S094). Die Kombination der beiden Isotopensysteme im 2D-Kerndichte-Plot zeigt eine starke Wolkenform mit erkennbarem Dichte-Peak. Die Ausreißer werden aufgrund ihrer geringen Ausprägung nicht vom 2D-Plot erfasst. Lediglich eine Gruppe ist im Datensatz der Straubinger Population zu detektieren.

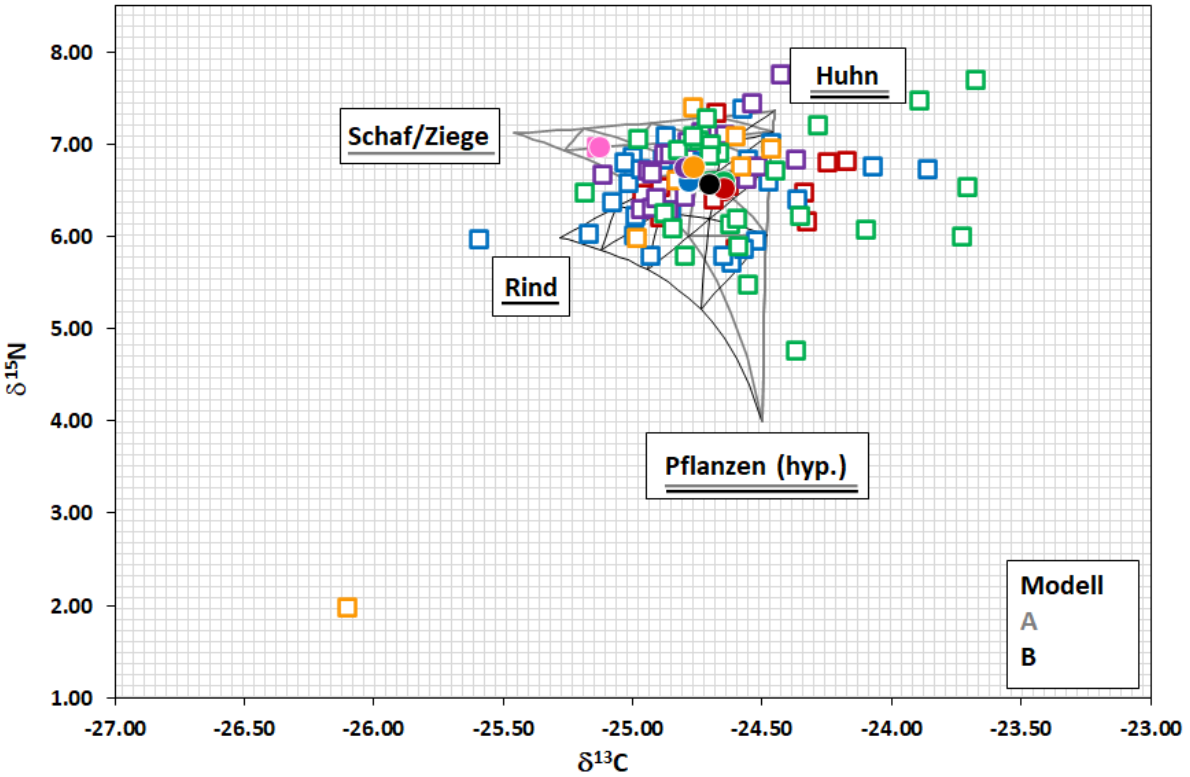


Abbildung 109: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Straubing. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Punkt**: Median, **Schwarz**: Gesamtpopulation, **Rot**: Phase 1, **Blau**: Phase 2, **Lila**: Phase 3, **Gelb**: Phase 4, **Pink**: Phase 5, **Grün**: Phase ?. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gesamtpopulation: Schaf/Ziege (20,4 %), Huhn (25,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (54,0 %), Rind (26,7 %), Huhn (45,3 %), Pflanzen (hypothetisch) (28,0 %). Phase 1: Schaf/Ziege (15,4 %), Huhn (24,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (59,7 %), Rind (20,6 %), Huhn (38,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (40,8 %).; Phase 2: Schaf/Ziege (28,1 %), Huhn (17,3 %), Pflanzen (hypothetisch) (54,6 %), Rind (40,0 %), Huhn (44,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (16,1 %); Phase 3: Schaf/Ziege (29,3 %), Huhn (24,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (46,2 %), Rind (42,4 %), Huhn (55,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (1,7 %); Phase 4: Schaf/Ziege (26,6 %), Huhn (26,8 %), Pflanzen (hypothetisch) (46,6 %), Rind (38,0 %), Huhn (55,2 %), Pflanzen (hypothetisch) (6,8 %); Phase 5: Schaf/Ziege (63,1 %), Huhn (10,5 %), Pflanzen (hypothetisch) (26,4 %), Rind (kein Ergebnis), Huhn (kein Ergebnis), Pflanzen (hypothetisch) (kein Ergebnis); Phase ?: Schaf/Ziege (15,7 %), Huhn (27,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (56,3 %), Rind (21,1 %), Huhn (42,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (36,2 %).

Für die Straubinger Population empfiehlt es sich, zwei Modelle mit **IsoConc** zu kalkulieren (Abb. 109). Beide Modelle setzt sich jeweils aus einer Pflanzenquelle und Huhn, sowie einer weiteren Fleischquelle zusammen. In Modell A besteht diese Fleischquelle aus Schafen/Ziegen und in Modell B aus Rindern (Abb. 109). Die Anteile der verschiedenen Komponenten variieren stark zwischen den beiden Nahrungsnetzen. Während Pflanzen in Modell A mit einem Anteil von 54 % ein wenig mehr als die Hälfte der Biomasse einnehmen, sinkt deren Anteil in Modell B auf 28,0 % ab. Huhn steigt umgekehrt von knapp 24 % (Modell A) auf einen Anteil von 45 %. Die in den Modellen abweichenden Endpunkte unterscheiden sich in ihrem prozentualen Anteil nur geringfügig: in Modell A beträgt dieser Anteil, bestehend aus Schafen/Ziegen ca. 22,1 %, in Modell B bestimmen Rinder diesen Endmember mit ca. 27 %. Aus den IsoConc-Modellen ergibt sich daher für die Bevölkerung aus Straubing eine typisch omnivore Ernährung, die sich aus Pflanzenprodukten und Fleisch zusammensetzt.

Zwischen den einzelnen Datierungsphasen gibt es nur leichte Differenzen bezüglich der Anteile. Das Individuum aus Phase 5 bildet hierbei die Ausnahme. Zwar sticht es in der Medianauswertung klar hervor, doch in der individuellen Verteilung gehört es immer noch zur allgemeinen Population (Abb. 109). Die Phasen 1 bis 4 sowie die Individuen mit unbekannter Datierung (Phase ?) weichen nur geringfügig voneinander ab und kreisen um den Median der Gesamtpopulation.

Abgesehen von Phase 5, weisen alle Datierungsphasen in Modell A einen Pflanzenanteil von mindestens 45 % auf (46,2 % – 59,7 %). Der Anteil von Schaf/Ziege und Huhn in den Modellen variiert je nach Datierungsphase: in Phase 1 und Phase ? beträgt der Anteil von Schaf/Ziege ca. 15 %, der von Huhn ca. 25 %. In Phase 2 bis 4 machen Schafe/Ziegen zwischen 26,6 und 29,3 % der Ernährung aus. Der Anteil von Huhn ist auch in diesen Phasen verschieden (Phase 2: 40,0 %, Phase 3: 42,4 %, Phase 4: 38,0 %). Ähnliche Muster zeigen sich auch in Modell B. Phase 1 und Phase ? gleichen sich in ihren Anteilen, während sich Phase 2, Phase 3 und Phase 4 im Anteil von Rind ähneln (Phase 2: 17,3 %, Phase 3: 24,5 %, Phase 4: 26,8 %), aber beim Anteil von Huhn abweichen.

Die beiden Nahrungsnetze umfassen die meisten Individuen der Straubinger Population (n = 64; 67,4 %), die auch schon in Abbildung 107 den starken Dichte-Peak darstellen. Allerdings gibt es einige Individuen (n = 16), die außerhalb der Modelle verstreut liegen und mit positiveren Kohlenstoffisotopenwerten auffallen. Für diese Individuen scheint es mindestens eine fehlende Nahrungskomponente (= *missing endmember*) zu geben, die einen positiveren Kohlenstoffwert aufweisen, möglicherweise ein weiterer Pflanzenwert vielleicht im C_4-Wertebereich.

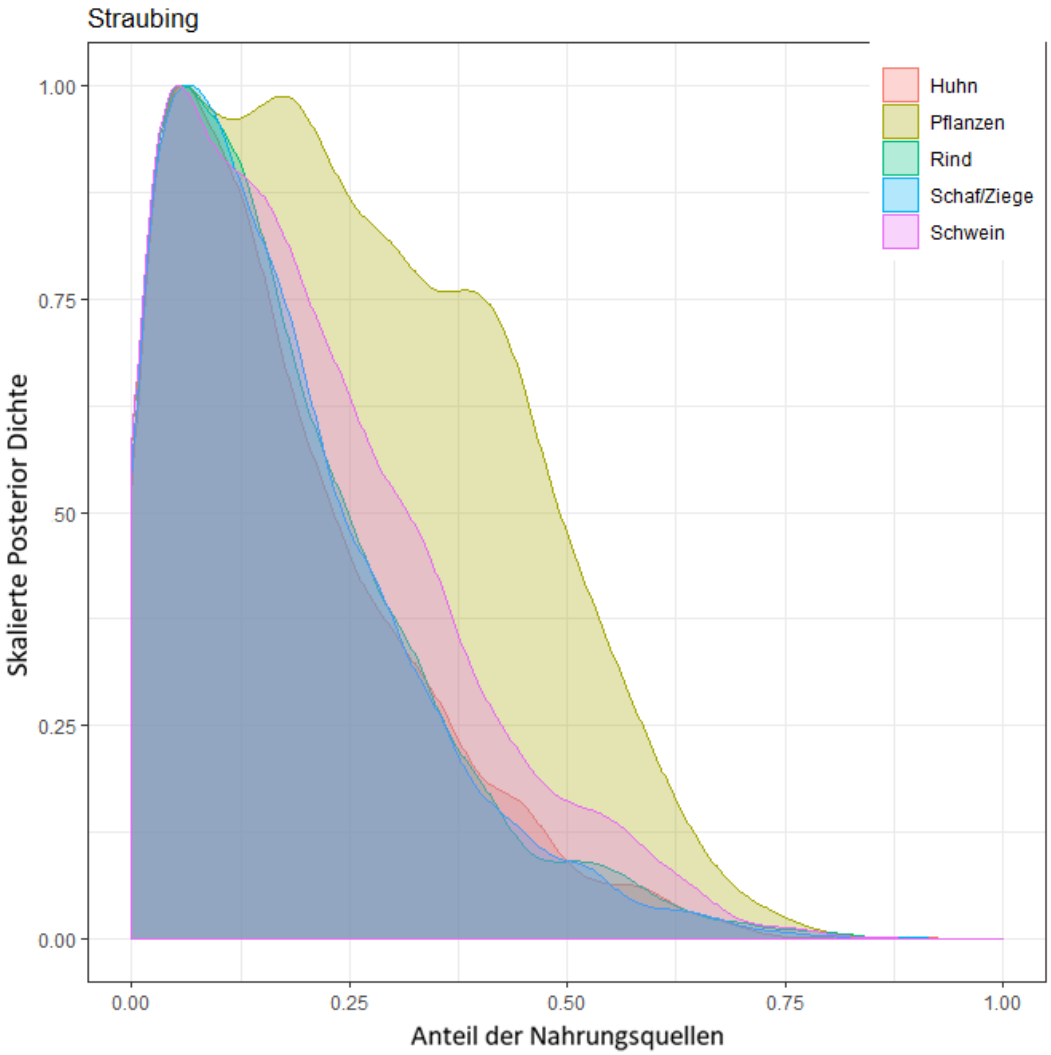


Abbildung 110: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Straubing. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Huhn (µ: 17,9 %), Rind (µ: 17,9 %), Schwein (µ: 20,5 %), Schaf/Ziege (µ: 17,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 26,0 %).

Für das **MixSIAR**-Modell (Abb. 110) konnte Schwein als weitere Nahrungsquelle hinzugefügt werden, welches aufgrund der Beschränkungen in IsoConc keinen notwendigen Endpunkt formte. Das Fleisch von domestizierten Tieren macht insgesamt den größten Teil des Mischungsmodell des Populationsmedians aus. Im Grunde weichen die Fleischquellen in ihren prozentualen Anteilen kaum voneinander ab und spannen zwischen 17,6 % (Schaf/Ziege) und 20,5 % (Schwein). Pflanzen nehmen als eigenständige Quelle dennoch mit 26 % den größten einzelnen Anteil ein und stellen somit 25 % der Biomasse dar. Die Ergebnisse der einzelnen Datierungsphasen unterscheiden sich in ihren Anteilen weder vom Populationsmedian noch untereinander (Tab. A 52).

Da MixSIAR für jeden Datenpunkt ein Ergebnis produziert, gibt es bei der Individualanalyse keine Individuen, die vom Modell ausgeschlossen werden, obwohl IsoConc zeigt, dass es für einige Individuen eine fehlende Nahrungsquelle gibt.

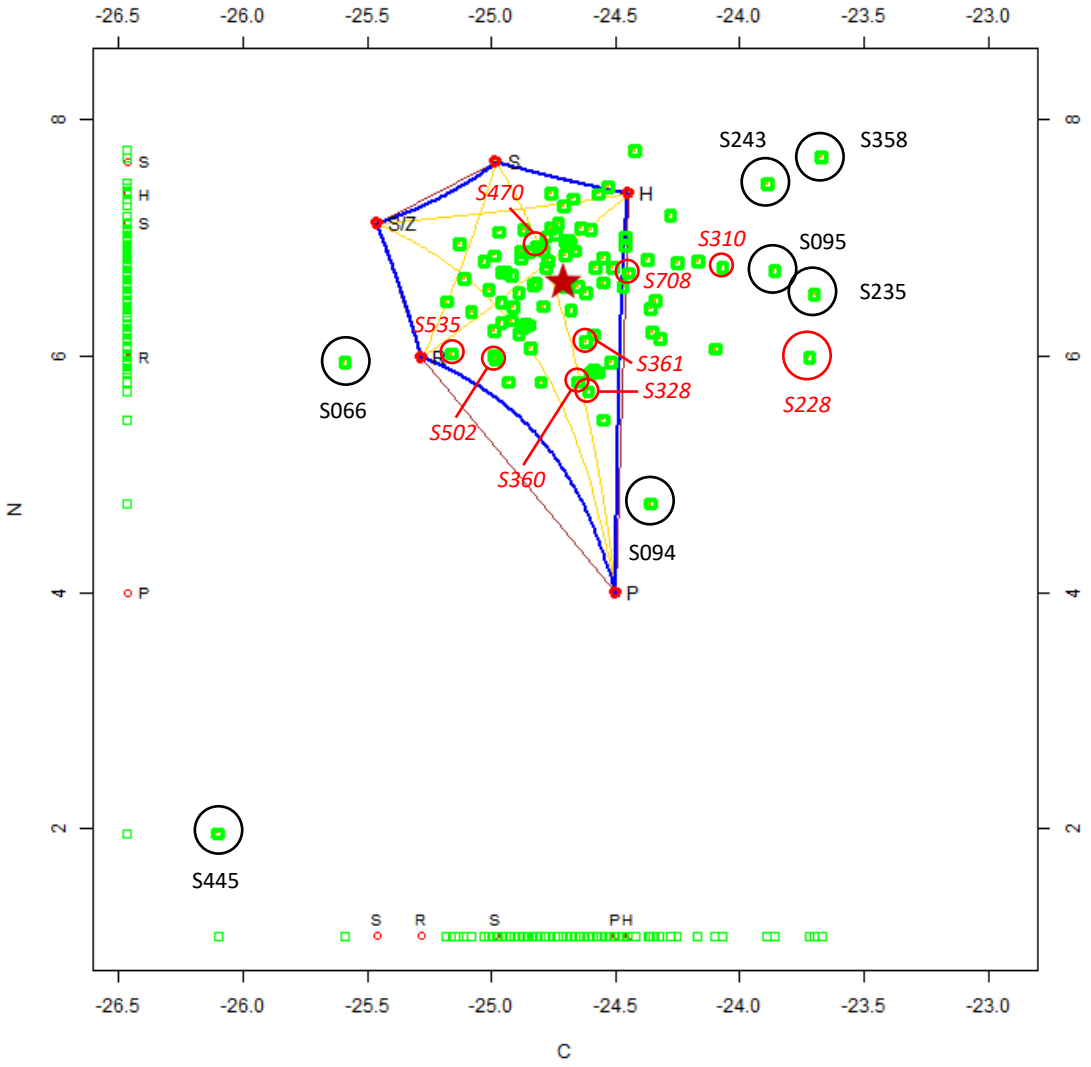


Abbildung 111: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Straubing (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **H**: Huhn (µ: 28,6 %), **R**: Rind (µ: 9,5 %), **S**: Schwein (µ: 12,1 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 6,9 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 42,9 %). *Rot und kursiv*: Individuen mit künstlicher Schädeldeformation.

Das **SISUS**-Modell (Abb. 111) für die Population aus Straubing basiert auf denselben Eckpunkten wie das MixSIAR-Modell (Abb. 110), mit dem Unterschied, dass bei MixSIAR die Mittelwerte der Endmember verwendet werden müssen und bei SISUS die Mediane eingesetzt werden können. Im SISUS-Nahrungsnetz haben Pflanzen mit 43 % den höchsten Anteil. Summiert man die Anteile der verschiedenen Fleischquellen haben sie jedoch den Hauptanteil in der Biomasse (57 %) und folglich in der Ernährung. Die einzelnen Fleischquellen unterscheiden sich drastisch in ihren Anteilen. Huhn hat den höchsten Anteil mit ca. 29 %. Schaf/Ziege (6,9 %) und Rind (9,5 %) haben einen deutlich geringeren Anteil, während Schwein mit 12 % etwas mehr als 10 % der Proteinbiomasse ausmacht.

Das SISUS-Modell umschließt im Vergleich zu den IsoConc-Modellen A und B die meisten Individuen in einem Netz (n = 70; 73,7 %). Nur die äußeren Datenpunkte der am Rand verstreuten Individuen, die auch in der Dichteverteilung (Abb. 108) die Ausläufer verkörpern, werden vom SISUS-Nahrungsnetz ausgeschlossen (Abb. 111). Mit einem Nahrungsnetz, welches einen Pflanzenwert von -24,0 ‰

statt -24,5 ‰ nutzt, werden die Ausläuferdaten, bis auf die extremen Ausreißer eingefangen (n = 79; 83,2 %) (Abb. A 349). Die grundlegende Ernährung ändert sich hierdurch nicht (Tab. A 56).

Die einzelnen Datierungsphasen unterscheiden sich teilweise in den Biomasseanteilen der einzelnen Nahrungsquellen. Dabei sticht das Individuum aus Phase 5 erneut mit seinen Anteilen klar hervor (Huhn: 10,1 %; Rind: 16,1 %; Schwein: 20,7 %; Schaf/Ziege: 42,0 %; Pflanzen: 11,2 %). Wie schon bei den Ergebnissen für IsoConc ähneln sich die Ergebnisse zwischen Phase 1 und Phase ? enorm. Pflanzen bilden bei diesen Modellen ca. 50 % der Biomasse. Die wichtigste Fleischquelle stellt Huhn dar (Phase 1: 28,0 %, Phase ?: 31,1 %). Weniger bedeutend sind Rind (ca. 7 %), Schaf/Ziege (ca. 5 %) und Schwein (ca. 9 %) (Tab. A 56).

Die Phasen 2, 3 und 4 weichen von diesen Ergebnissen ab, ähneln sich jedoch in ihren Anteilen untereinander. Pflanzen nehmen in Phase 3 und Phase 4 knapp ein Drittel der Biomasse ein, in Phase 2 hingegen 40,1 %. Huhn schwankt zwischen 31,3 % und 40,1 %. Dennoch gleichen sich der Populationsmedian der Phasen 2 bis 4 in den Anteilen der restlichen Fleischquellen: Rind (~ 13 %), Schaf/Ziege (~ 10 %) und Schwein (~ 16 %) (Tab. A 56).

In der Population gab es mehrere Frauen mit künstlicher Schädeldeformation (S228, S310, S328, S224, S360, S361, S470, S50, S535, S708), was auf nicht lokale Kultureinflüsse hindeutet. Das einzige Individuum, das aus dieser Gruppe mit seinen Isotopiewerten aus der Population fällt, ist die Frau S228, die ein positiveres Kohlenstoffisotopensignal aufweist, als die Durchschnittspopulation (Abb. 111). Die Frau S310 fällt zwar nicht als mathematischer Ausreißer auf, weist allerdings einen leicht erhöhten Kohlenstoffwert auf.

Mehrere Individuen (S095, S228, S235, S243, S358) fielen mit einem positiveren Kohlenstoffisotopensignal in der Population mathematisch als Ausreißer auf und wurden nicht vom Nahrungsnetz eingefangen (Abb. 111). Ihre Ernährungsweise weicht somit von der Subsistenzstrategie der Straubinger Bevölkerung ab. Ebenso stechen auch die Individuen S066, S094 und S445 aus dem Datensatz hervor (Abb. 111).

Tabelle 54: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Straubing**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original **Literatur:** Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie größtenteils C_3-Pflanzenbasierte Ernährung hoher Anteil an tierischem Protein	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte C_3-Pflanzen basierte Ernährung domestizierte Tiere: Schwein, Rind, Schaf, Ziege, Huhn → wichtigste Quelle: Huhn kein Wild und Fisch notwendig für das durchschnittliche Populations-Mischungsmodell in späteren Phasen: höherer Fleischanteil und weniger Pflanzen undatierte Phase und Phase 1 ähneln sich sehr stark → möglicher Zusammenhang

Die Ergebnisse der ursprünglichen, bivariaten Auswertung (Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012) und den konzentrationsbasierten Mischungsmodellen weichen prinzipiell nicht voneinander ab. Der pflanzliche Anteil der Ernährung basiert auf C_3-Pflanzen. Beide Auswertungen ergeben für die Ernährung einen verhältnismäßig hohen Anteil an tierischem Protein. Die Mischungsmodelle quantifizieren diesen Anteil und schließen zusätzlich Wild und Fisch als wichtige Nahrungsquelle für die Menschen aus Straubing aus. Lediglich domestizierte Tiere waren als Ressource von Bedeutung und standen allen Menschen gleichermaßen ausreichend und regelmäßig zur Verfügung. Es fällt jedoch auf, dass der Populationsdurchschnitt, also der Median, der späteren Phasen 2 bis 4 einen höheren Fleischanteil zeigt als die früheren Phasen, wobei dieser dann über die Phasen hinweg stabil bleibt. Es fällt außerdem auf, dass die Individuen aus Phase 1 und die undatierten Individuen ähnlich im Anteil ihrer Proteinquellen waren und es durchaus möglich ist, dass die undatierten Individuen zur Phase 1 gehören. Die Mischungsmodelle für die Population in Straubing weichen untereinander ab, besonders MixSIAR im Vergleich zu IsoConc und SISUS. Man muss jedoch beachten, das MixSIAR zur Simulation Verteilungen verwendet.

4.7.7 Unterigling

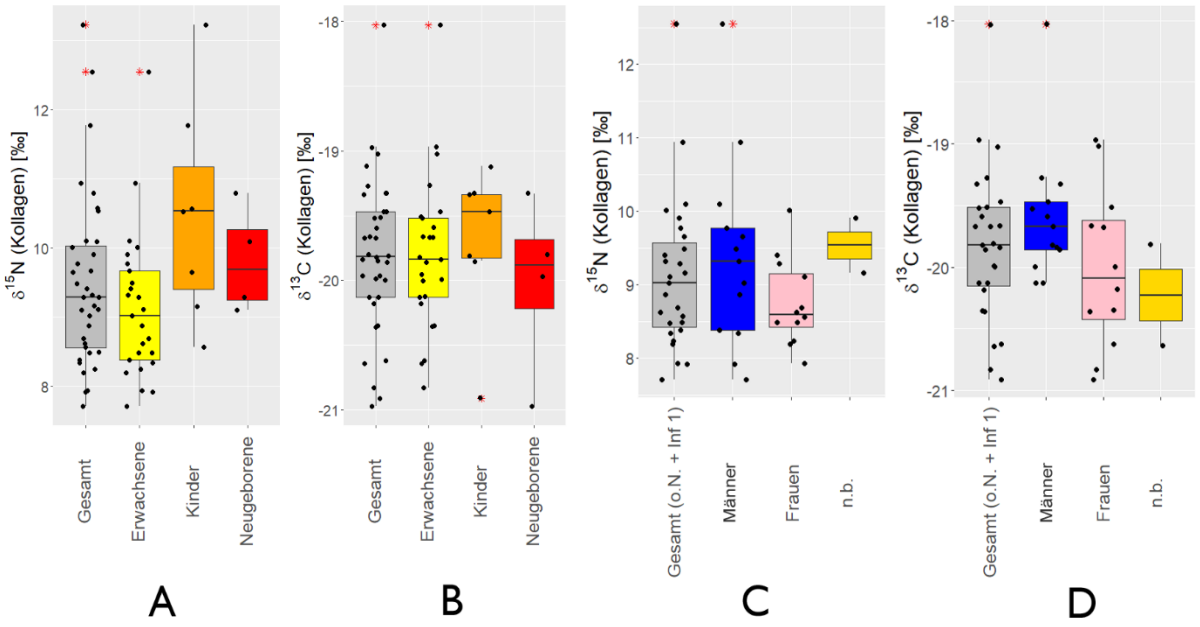


Abbildung 112: Boxplots der Daten aus Unterigling. A: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; B: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; C: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; D: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. o.N + Inf 1: ohne Neugeborene und Infans 1, n.b.: nicht bestimmbar.

Die Bevölkerung aus Unterigling wird durch insgesamt 36 Individuen repräsentiert. Die Population besteht aus 25 Erwachsenen, sieben Kindern und vier Neugeborenen. Die $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Werte sind sehr homogen in den einzelnen Altersgruppen (Abb. 112). Die Erwachsenen liegen im Bereich von -20,83 ‰ bis -18,03 ‰ wobei die meisten Werte bis maximal -19,02 ‰ reichen (Abb. 112). Die Neugeborenen ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,97 ‰ bis -19,33 ‰) und die Kinder ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,91 ‰ bis -19,12 ‰) überschneiden sich stark mit den Werten der Erwachsenen.

Tabelle 55: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **U**: Unterigling (Strott 2007); **ad**: erwachsen, **fad**: frühadult, **mad**: mitteladult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **neo**: neonat, **mat**: matur, **fmat**: frühmatur **mmat**: mittelmatur**, smat**: spätmatur **sen**: senil**, fsen**: frühsenil; **m**: männlich, **m**?: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich, **nb**: nicht bestimmbar. **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nr.	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
U3	Inf I	w	3,27	16,57	11,77	8,77	46,49	-19,12	-24,12
U5II	spad	m?	3,25	7,62	7,71	4,71	21,21	-20,13	-25,13
U16/2	neo	m	3,56	10,07	10,79	7,79	30,74	-20,97	-25,97
U20/3	InfII	nb	3,54	12,26	9,16	6,16	37,19	-19,81	-24,81
U23	sen	m	3,57	16,12	8,34	5,34	49,35	-19,59	-24,59
U35II	*mmat*	*m*	*2,99*	*12,54*	*12,55*	*9,55*	*32,13*	*-18,03*	*-23,03*
U45	sen	w	3,29	8,09	8,69	5,69	22,79	-19,67	-24,67
U46	sen	w	3,24	13,74	9,11	6,11	38,18	-19,66	-24,66
U54	juv	w?	3,40	14,13	8,57	5,57	41,17	-20,91	-25,91
U57II	smat	m	3,30	12,41	9,77	6,77	35,11	-19,86	-24,86
U65	neo	nb	3,26	12,84	9,29	6,29	35,92	-19,33	-24,33
U70	mat	w	3,34	14,70	8,48	5,48	42,13	-20,18	-25,18
U72	fmat	m	3,60	9,64	9,49	6,49	29,78	-19,99	-24,99

U76II	fmat	w	3,27	12,39	10,01	7,01	34,73	-19,02	-24,02
U79	fmat	m	3,51	12,12	10,10	7,10	37,35	-19,82	-24,82
U81	ad	nb	3,55	14,32	9,91	6,91	43,59	-20,64	-25,64
U86	fad	m	3,55	11,40	9,02	6,02	34,71	-19,47	-24,47
U94	sad	w	3,49	12,57	8,19	5,19	37,61	-20,36	-25,36
U95	smat	w?	3,54	12,09	8,24	5,24	36,75	-19,51	-24,51
U106	mad	m	3,50	12,84	8,38	5,38	38,84	-19,52	-24,52
U108/3	mmat	w	3,49	10,52	9,29	6,29	31,46	-20,00	-25,00
U115	juv/ad	m	3,34	16,20	9,65	6,65	46,35	-19,33	-24,33
U117	mmat	m	3,16	9,75	7,92	4,92	26,42	-19,67	-24,67
U131	neo	m	3,48	17,20	9,10	6,10	51,31	-19,80	-24,80
U152	mad	w	3,31	11,22	7,93	4,93	31,79	-20,62	-25,62
U167/1	ad+	w	3,56	10,99	9,41	6,41	33,53	-18,97	-23,97
U169/2	ad	m	3,54	9,36	8,87	5,87	28,35	-19,84	-24,84
U174	Inf I	w?	3,49	13,37	13,23	10,23	39,97	-19,34	-24,34
U198	Inf I	w	3,61	13,59	10,57	7,57	42,03	-19,47	-24,47
U200	spad	m?	3,29	14,48	9,32	6,32	40,82	-20,13	-25,13
U205	Inf I	m	3,60	11,95	9,67	6,67	36,91	-19,96	-24,96
U212	neo	m	3,33	14,35	10,09	7,09	40,95	-19,97	-24,97
U214/1	sen	w	3,51	9,48	8,49	5,49	28,58	-20,83	-25,83
U225	fad	m	3,29	14,81	10,94	7,94	41,80	-19,27	-24,27
U226	Inf I	w	3,60	15,57	10,53	7,53	48,07	-19,85	-24,85
U228	fad	w	3,38	11,13	8,62	5,62	32,25	-20,35	-25,35

Auch die $\delta^{13}C_{Kollagen}$-Mediane der Altersgruppen sind praktisch identisch (Erwachsene: -19,82 ‰; Kinder: -19,81 ‰; Neugeborene: -19,89 ‰) (Abb. 112).

Die Stickstoffisotopenwerte sind deutlich variabler ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,71 – 13,23 ‰). Während die Daten der Neugeborenen (n = 4; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,10 – 10,79 ‰) noch in der Wertespanne der Erwachsenen (n = 25; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,71 – 12,55 ‰) liegen, sind die Daten der Kinder leicht erhöht (n = 7; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,57 – 13,23 ‰) (Abb. 112 A). Besonders der Vergleich der Mediane zeigt, dass die Neugeborenen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,69 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,69 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,89 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,89 ‰) noch keinen Stilleffekt aufweisen. Bei der statistischen Untersuchung zeigt sich, dass es keine signifikanten Unterschiede zwischen den Erwachsenen und den Neugeborenen gibt (Tab. 56). Zwischen den Neugeborenen und den Kindern lassen sich ebenfalls keine statisch auffälligen Unterschiede im Kohlenstoffisotopen feststellen (Abb. 112). Zwischen den Erwachsenen und den Kindern zeigt sich jedoch ein signifikanter Unterschied im Stickstoffisotopenwert (Tab. 56).

Tabelle 56: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Unterigling (U)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	U Erwachsene	U Kinder	U Neugeborene
U Erwachsene	25	-	0,73	0,70
U Kinder	7	**0,03**	-	0,63
U Neugeborene	4	0,16	0,64	-

Die Kinder sind näher in die Altersgruppen Infans 1 (n = 5), Infans 2 (n = 1) und Juvenis (n = 1) aufgegliedert. Das juvenile Individuum (U54) hat, wie für einen Jugendlichen erwartet, Werte ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,57 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,91 ‰), die denen der Erwachsenen ähneln und liegen in deren unterem Wertebereich. Das Kind aus der Altersgruppe Infans 2 (U20/3) ähnelt diesen Werten ebenso ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,16 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,81 ‰). Die Kinder aus der Gruppe Infans 1 (U3, U174, U198, U205, U226) wiederum haben leicht erhöhte Werte, die möglicherweise durch einen Stilleffekt zu erklären sind. Aus diesem Grund werden die Kinder der Altersklasse Infans 1, zusätzlich zu den Neugeborenen, bei der Berechnung des Populationsmedians für die Mischungsmodelle aus der durchschnittlichen Gesamtpopulation ausgeschlossen.

Schließt man die Säuglinge und die fünf jungen Kinder aus der Gesamtpopulation aus, bleiben 27 Individuen übrig, von denen 13 als Männer und 12 als Frauen bestimmt werden konnten. Das Geschlecht des siebenjährigen Kindes U20/3 und des adulten Individuum U81 konnte nicht näher spezifiziert werden. Die Mediane der einzelnen Geschlechtergruppen sind sich sehr ähnlich, sowohl im $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Wert (♂: 9,32 ‰; ♀: 8,60 ‰; n.b.: 9,54 ‰) wie auch im Kohlenstoffsignal (♂: -19,67 ‰; ♀: -20,09 ‰; n.b.: -20,23 ‰) (Abb. 112 C, Abb. 112 D). Der statistische Test zeigte, dass es keine signifikanten Unterschiede zwischen den Stickstoff- und Kohlenstoffisotopenwerten der einzelnen Geschlechtergruppierungen gibt (Tab. 57). Man muss allerdings beachten das die Gruppe der Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte, mit zwei Individuen nur sehr gering ist, sodass nur eine Tendenz angezeigt wird.

Tabelle 57: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Unterigling (U)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl; ** ohne Neugeborene und Infans 1; ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv*: schwache Aussagekraft.

	n	U* ♂	U* ♀	U* n.b.
U** ♂	13	-	0,11	0,27
U** ♀	12	0,22	-	0,65
U** n.b.	*2*	*0,67*	*0,17*	-

In der gesamten Population gibt es zwei Ausreißer im Stickstoffsignal: der erwachsene Mann U35 II und das Kind U174. Das Individuum U174 ist ein Kind der Altersklasse Infans 1, welches in der Auswertungspopulation, also der Gesamtpopulation ohne Säuglinge und der jüngsten Kinder, ausgeschlossen wird. Der Mann U35II sticht dem höchsten Stickstoffisotopenwert in der Gesamtpopulation, in der Gruppe der Erwachsenen und bei den Männern als höchster Stickstoffisotopenwert hervor ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 12,55 ‰). In diesen Gruppen fällt er ebenfalls mit dem positivsten Kohlenstoffisotopensignal auf ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -18,03 ‰). In der Gruppe der Kinder sticht im Kohlenstoffisotopenwert das jugendliche Individuum U54 mit dem negativsten Signal heraus $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,91 ‰) und hat in der Altersklasse der subadulten Individuen auch den niedrigsten Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,57 ‰).

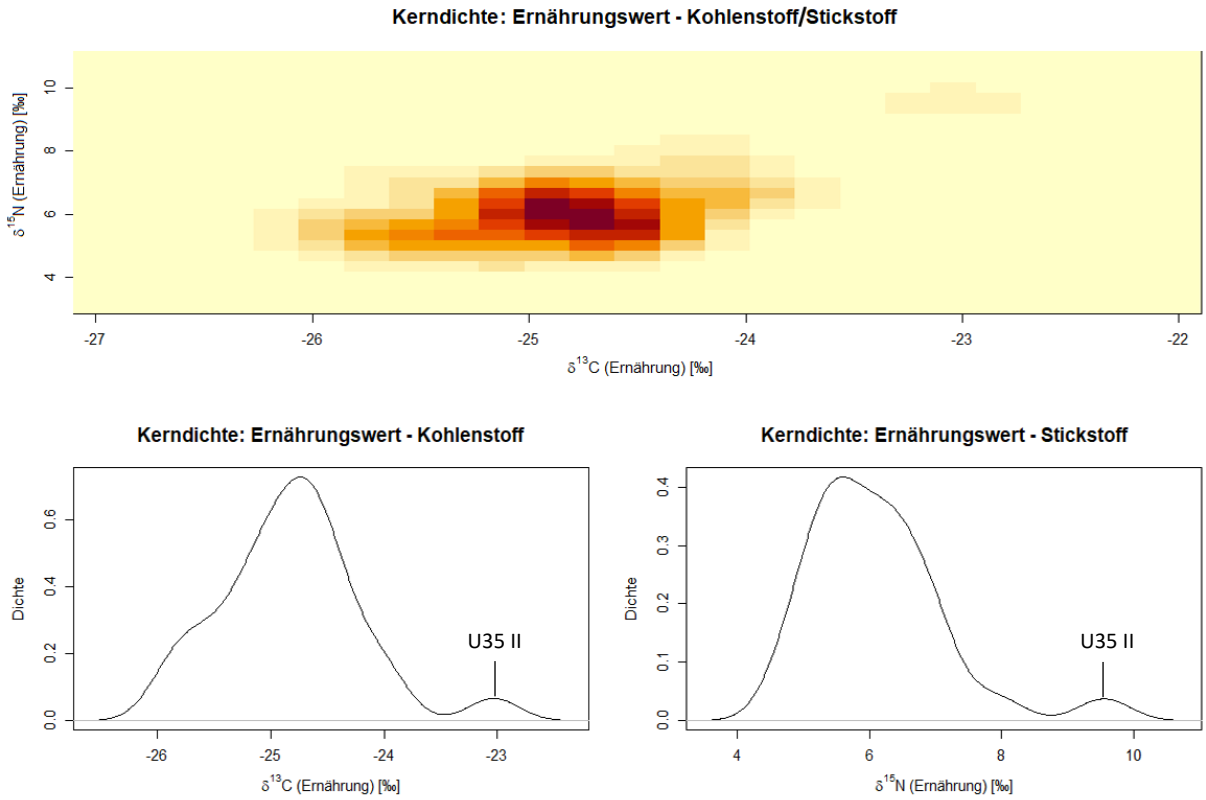


Abbildung 113: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Unterigling (ohne Neugeborene und Infans 1). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Kerndichte-Plots des Datensatzes aus Unterigling (Abb. 113) sind durch eine weite Streuung gekennzeichnet. Im 2D-Plot erkennt man eine konzentrierte Ansammlung der Daten bei einem Kohlenstoffisotopenwert zwischen -24,5 ‰ und -25,0 ‰ und bei einem Stickstoffisotopenwert zwischen 5,5 ‰ und 7,0 ‰. Allerdings flacht dieser Dichtekern langsam und sehr breit aus (Abb. 113). Diese Abweichung in den Daten spiegelt sich auch in den eindimensionalen Plots wider (Abb. 113). Sowohl im Kohlenstoff- als auch im Stickstoffisotopenwert gibt es je einen bestimmten Peak. Beide Peaks besitzen eine breite Stauchung, die durch eine unregelmäßige Verteilung der Daten erzeugt wird. Im eindimensionalen Kohlenstoffplot verdeutlicht ein schwacher Terrassenpunkt eine weitere leichte Verdichtung in den Daten, die eine leichte Gruppierung signalisiert. Zusätzlich gibt es in den eindimensionalen Abbildungen je einen weiteren kleinen Ausschlag im Kohlenstoff- und Stickstoffisotopensignal, die beide vom Individuum U35 II verursacht werden. Aus der Kerndichte-Verteilung geht eine klare Gruppierung hervor, die jedoch von einer weiteren Gruppe (n = 5) zwischen mit niedrigerem Kohlenstoffisotopenwert (-26 ‰ und -25,5 ‰) ergänzt wird.

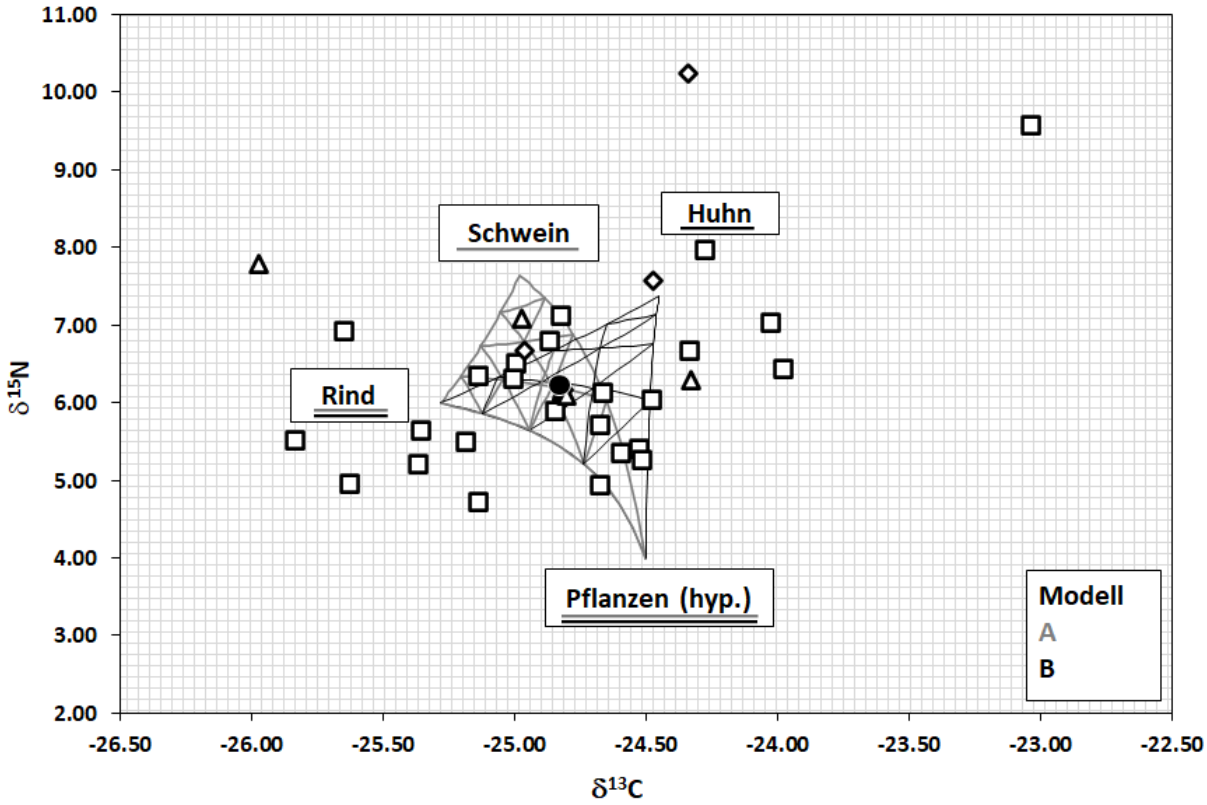


Abbildung 114: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Unterigling. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Dreieck**: Neugeborene, **Punkt**: Median ohne Neugeborene und Infans 1. Werteberechnung exkl. Neugeborene und Infans 1. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Rind (23,3 %), Schwein (19,4 %), Pflanzen (hypothetisch) (57,3 %), Rind (38,1 %), Huhn (16,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (45,8 %).

Das **IsoConc**-Modell für die Bevölkerung aus Unterigling (Abb. 114) kann in zwei gleichwertige Modelle aufgeschlüsselt werden und besteht jeweils aus Pflanzen und aus domestizierten Tieren. Aufgrund der weit verstreuten Isotopendaten werden nicht alle Individuen von den Modellen erfasst. Modell A umgreift elf Individuen (40,7 %) und Modell B acht Individuen (29,6 %). Zusammen umschließt das Nahrungsnetz von IsoConc 13 Individuen (48,1 %). Pflanzen machen als Quelle alleinstehend den größten Anteil für die durchschnittliche Bevölkerung, also dem Populationsmedian, aus, sowohl in Modell A (57,3 %) wie auch in Modell B (45,8 %). Von den domestizierten Tieren ist besonders Rind wichtig, welches in beiden Modellen als Eckpunkt dient und jeweils deutlich in der Biomasse vertreten ist (Modell A: 23,3 %; Modell B: 38,1 %). Die dritte Nahrungsquelle besteht ebenfalls aus domestizierten Tieren. Während in Modell A Schwein als Endpunkt mit 19,4 % den niedrigsten Fleischanteil im Modell hat, ergänzt Huhn (16,8 %) das Mischungsmodell B. Die Ernährung der Menschen aus Unterigling, die aus dem IsoConc-Modell resultiert, ist grundlegend auf C_3-Pflanzen aufgebaut und wird von Fleischprodukten von domestizierten Tieren ergänzt.

Die Daten der Individuen streuen sehr weit, sowohl im Stickstoffsignal als auch im Kohlenstoffisotopenwert, wie es auch die Dichteverteilung in Abbildung 112 abbildet. Daher werden die Hälfte der Individuen (n = 14) nicht von den beiden IsoConc-Modellen umschlossen.

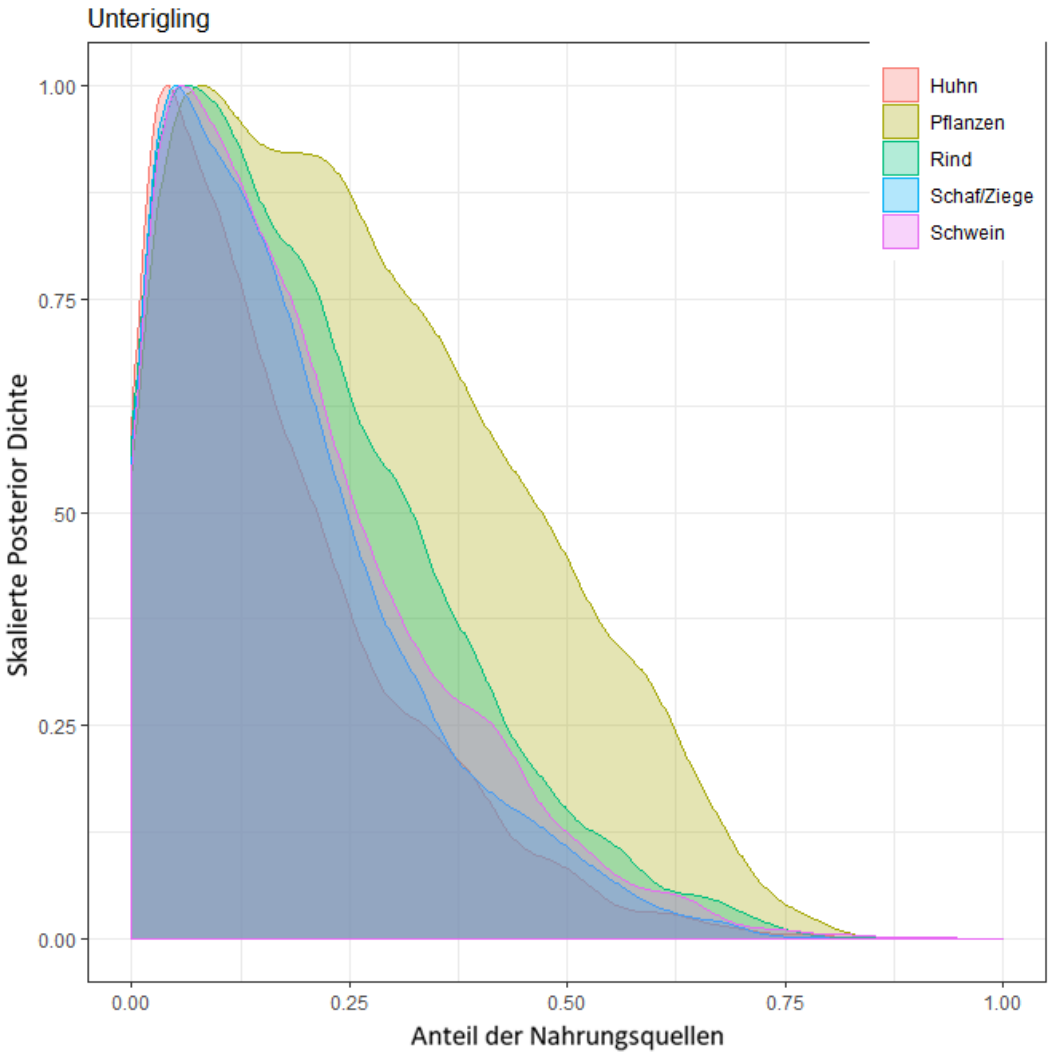


Abbildung 115: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Unterigling. Erstellt mit MixSIAR. Werteberechnung exkl. Neugeborene und Infans 1. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Huhn (µ: 16,6 %), Rind (µ: 20,2 %), Schwein (µ: 19,0 %), Schaf/Ziege (µ: 17,6 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 26,5 %).

Das Modell von **MixSIAR** (Abb. 115) weicht von den IsoConc-Modellen grundlegend ab. Zum einen können Schafe/Ziegen als Endpunkt eingefügt werden, welche im IsoConc-Modell nicht ausreichend waren, um ein Nahrungsnetz zu spannen. Zum anderen ändert sich die Priorität der Endpunkte im Vergleich zu IsoConc. Pflanzen haben als einzelne Quelle den größten Anteil, dieser halbiert sich jedoch im Vergleich zu IsoConc auf ca. 25 %. Das Mischungsmodell baut dementsprechend überwiegend auf Fleisch von domestizierten Tieren auf. Die wichtigste Fleischquelle bilden Rinder (µ: 20,2 %; sd: 15,4 %) und Schwein (µ: 19,0 %; sd: 15,1 %). Jedoch haben auch Schafe/Ziegen (µ: 17,6 %; sd: 14,1 %) und Hühner (µ: 16,6 %; sd: 14,1 %) einen fast ebenso hohen Einfluss. Das MixSIAR-Modell deutet für die Bevölkerung aus Unterigling auf eine Ernährung hin, deren Biomasse zu Dreiviertel auf Fleisch basiert und zu einem Viertel auf Pflanzenprodukten.

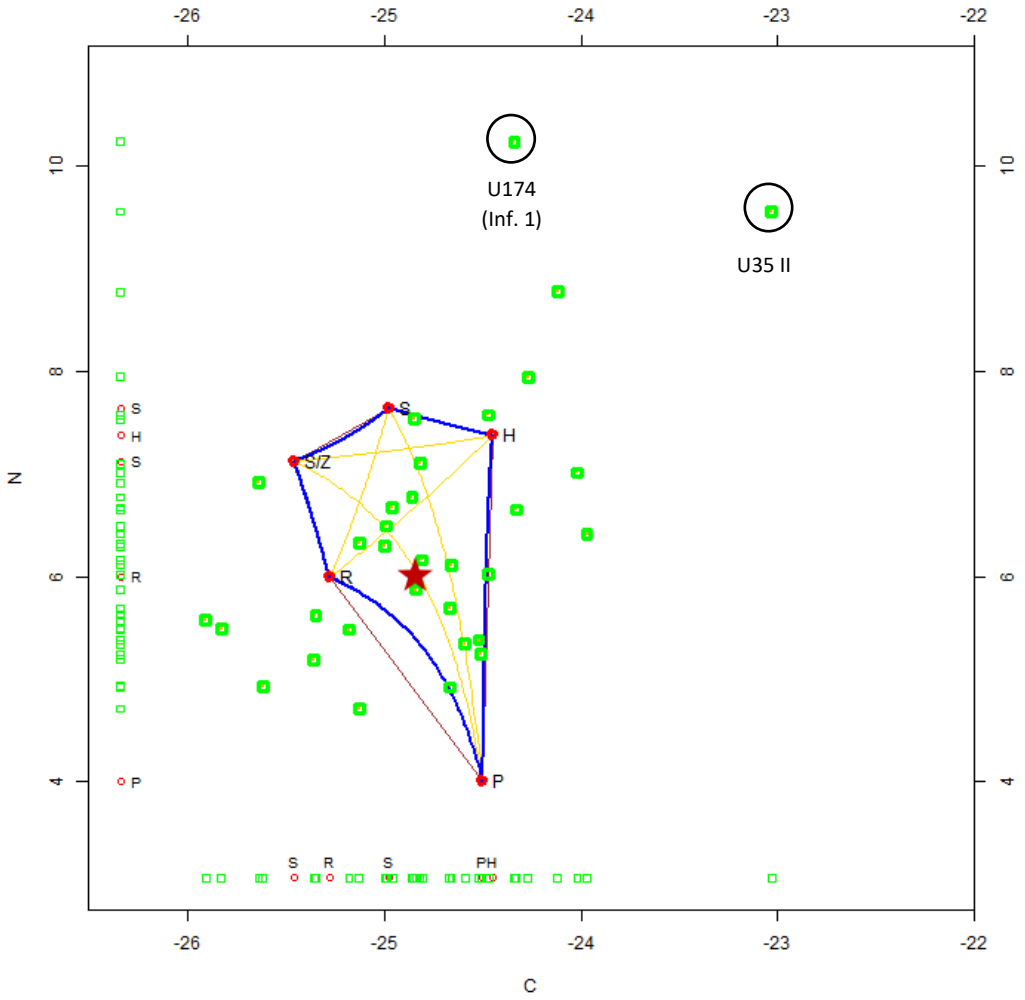


Abbildung 116 Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Unterigling (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): Werteberechnung exkl. Neugeborene und Infans 1 **H**: Huhn (µ: 6,1 %), **R**: Rind (µ: 19,5 %), **S**: Schwein (µ: 7,4 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 9,7 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 57,3 %).

Das Nahrungsnetz, welches mit **SISUS** berechnet wird (Abb. 116), weicht vom MixSIAR-Modell (Abb. 115, Tab. A 52) ab und nähert sich stark den IsoConc-Modellen (Abb. 114, Tab. A 51) an. Das SISUS-Modell basiert, wie die IsoConc-Modelle, hauptsächlich auf Pflanzen und Pflanzenprodukten. Mit einem Anteil von 57,3 % bestimmen Pflanzen knapp die Hälfte des Ernährungsstils der Bevölkerung. Die wichtigste Fleischquelle des Nahrungsnetzes stellen Rinder dar, welche ca. 20 % des Biomasseanteils ausmachen. Weniger bedeutend sind Schafe/Ziegen (µ: 9,7 %), Schweine (µ: 7,4 %) und Hühner (µ: 6,1 %). Dieses Nahrungsnetz stimmt mit den Nahrungsnetzen aus IsoConc insofern überein, als Pflanzen die Hälfte des Modells einnehmen und von Fleisch von domestizierten Tieren ergänzt werden, allen voran Rindfleisch. An einem Punkt gehen die verschiedenen Mischungsmodelle jedoch auseinander: während Huhn, Schaf/Ziege und Schwein bei den IsoConc und SISUS mehr in den Hintergrund rücken, sind sie im MixSIAR Modell im Anteil meist gleichwertig zum Anteil der Rinder. Somit gibt es für die Bevölkerung zwei verschiedene Erklärungsansätze, die sich aber über die grundlegende Ernährung einig sind. Wie auch schon bei den IsoConc-Modellen gibt es im SISUS-Modell durch die weite Streuung der Daten, einige Individuen, die nicht vom Modell eingeschlossen werden

(n = 12; 44,4 %) und daher keine individuellen Ergebnisse für diese vorliegen. Im Populationsmedian werden diese jedoch für den Populationsdurchschnitt beachtet.

Das SISUS-Modell deutet diverse Gruppierungen an, die sich auch in der Kernel-Dichte angedeutet haben: In Gruppe A (n = 7) gruppieren sich die Individuen U5 II, U54, U70, U94, U152, U214/1 und U228, die sowohl negativere Kohlenstoffisotopenwerte unter 20 ‰ als auch niedrigere Stickstoffisotopenwerte 9 ‰ aufweisen. Sie werden nicht vom Modell eingefangen. Eine weitere Gruppe lässt sich aus den Individuen bilden, die vom Nahrungsnetz erfasst werden. Zwischen dieser Gruppe lässt sich aber noch näher unterscheiden. Die Individuen U23, U45, U95, U106, U117 und U169/2 der Gruppe B weisen ähnliche Stickstoffisotopenwerte auf wie die Frauen aus Gruppe A ($\delta^{15}N_{Kollagen}$ < 9 ‰), aber positivere Kohlenstoffisotopenwerte ($\delta^{13}C_{Kollagen}$ ~ 19,5 ‰). Im Fall von Gruppe C (U20/3, U46, U79, U57 II, U72, U108/3, U205, U206, U226) sind die Individuen mit ^{15}N angereichert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$ > 9 ‰). Während sich die Individuen aus Gruppe B eher von Pflanzen und Pflanzenprodukten ernährten, konsumierten die Individuen einen höheren Anteil an tierischem Protein. Daneben gibt es eine weitere Gruppe D, deren Individuen (U3, U35 II, U76 II, U81, U115, U167/1, U174, U198, U225) außerhalb des Modells liegt, die sich jedoch keiner eigenen Gruppe zuordnen lassen, da ihre Werte sehr unterschiedlich sind. In diese Gruppen verteilen sich auch die Individuen des Separatgrablege (U79 -Gruppe C, U81 – Gruppe D, U225 –Gruppe D, U228 – Gruppe A), wobei nur Individuum U79 vom Nahrungsnetz aufgefangen wird.

Ein Individuum sticht jedoch deutlich aus der Population hervor: der erwachsene Mann U35 II. Auch wenn die Daten der Population aus Unterigling streuen, weist der Mann U35 II eine andere Ernährungsweise auf als die Bevölkerung aus Unterigling.

Die Originalauswertung und die Ergebnisse der Mischungsmodelle stimmen nicht in allen Punkten überein (Tab. 58). Sie sind sich zwar einig, dass die konsumierten Pflanzen und Pflanzenprodukte von C_3-Pflanzen stammten, doch in der Aussage zum Zugang zu tierischem Protein widersprechen sie sich. Die bivariate Interpretation sagt aus, dass tierisches Protein nur selten zur Verfügung stand. Knapp die Hälfte der Ernährung stammte laut Mischungsmodellen von Pflanzen, die restlichen 50 % jedoch von Fleisch. Tierisches Protein stand also nicht selten zur Verfügung, sondern regelmäßig. Laut den Modellen war Rind die wichtigste Fleischquelle. Wild und Fisch stellt bei der Auswertung der Gesamtpopulation keine essentielle Nahrungsquelle dar, bei der Streuung der Daten sind diese beiden Nahrungsquellen für die Individualernährung jedoch nicht auszuschließen. Bei der Streuung der Daten muss man ebenso beachten, dass es durchaus eine Gruppe an Individuen gab (Gruppe A), die einen höheren Pflanzenanteil in der Ernährung hat. Auch wenn diese Individuen außerhalb des Nahrungsnetzes liegen und einen niedrigeren Stickstoffisotopenwert haben, deuten ihre Werte regelmäßigen Fleischverzehr an. Es gibt jedoch auch Individuen (Gruppe C), die hohe Stickstoffisotopenwerte aufweisen, was auf einen erhöhten Anteil von Fleisch hindeutet.

Tabelle 58: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Unterigling**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original **Literatur:** Strott 2007	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte
Pflanzen: C_3-Pflanzen	C_3-Pflanzen basierte Ernährung
	Verhältnis Pflanzen zu Fleisch 1:1 → typisch omnivores Ernährungsmuster
	domestizierte Tiere: Schwein, Rind, Schaf, Ziege, Huhn
selten tierisches Protein zur Verfügung	kein Wild und Fisch notwendig für der durchschnittliches Populationsmischungs-modell (Populationsmedian) ABER: bei Individualernährung nicht auszuschließen
Separatgrablege: höchste $\delta^{15}N$-Werte: besserer Zugang zu tierischem Protein	Individuen aus Separatgrablege (U79, U81, U225, U228) tendenziell höhere Stickstoffisotopenwerte

4.8 Deutschland: Hoch-/Spätmittelalter

4.8.1 Regensburg

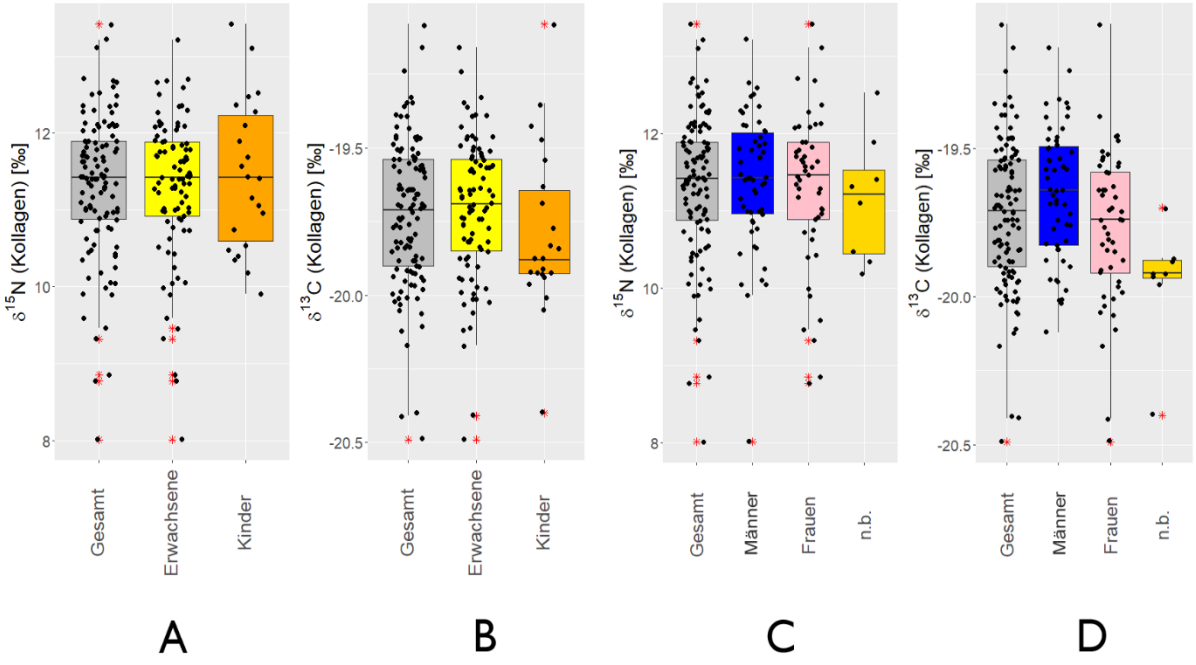


Abbildung 117: Boxplots der Daten aus Regensburg. A: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; B: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; C: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; D: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. n.b.: nicht bestimmbar.

Der Datensatz aus Regensburg besteht aus insgesamt 111 Individuen, wobei diese in Erwachsene (n = 88) und Kinder (n = 23) näher unterteilt werden können. Die Isotopensignale der Individuen kann in Tabelle 59 eingesehen werden. Eine Zusammenfassung der Werte in Form der statistischen Parameter ist in Tabelle A 14 angegeben. Die gesamte Population hat $\delta^{15}N$-Werte von 8,01 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,01 ‰) bis 13,42 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 10,42 ‰) und $\delta^{13}C$-Werte von -20,49 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,49 ‰) bis -19,08 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,08 ‰) (Abb. 117). Die Differenzen zwischen Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,01 bis 13,22 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,16 bis -20,49 ‰) und Kindern ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,91 bis 13,42 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,40 ‰ bis -19,08 ‰) sind sehr gering (Abb. 117), was sich ebenfalls in den jeweiligen Medianen der adulten Individuen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,42 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,69 ‰) und subadulten ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,42 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,88 ‰) widerspiegelt (Abb. 117). Weder im Stickstoff noch im Kohlenstoff lassen sich signifikante Unterschiede feststellen (p_N = 0,78; p_C = 0,09; α = 0,05; $n_{Erwachsene}$ = 89; n_{Kinder} = 22). Die Kinder sind nur in grobe Altersgruppen (Infans I, Infans II, Juvenis) eingeteilt und da sich die Isotopenwerte der Kinder sich von den erwachsen unterscheiden, werden die Kinder für die Ernährungsrekonstruktion in der Gesamtpopulation eingeschlossen.

Tabelle 59: Datentabelle der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). **R**: Regensburg (von Heyking 2012); **ad**: erwachsen, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **mat**: matur, **, sen**: senil**, nb**: nicht bestimmbar, **+**: mindestens ; **m**: männlich, **m**?: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nummer	Alter	Geschlecht	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
R7	Inf II	m	3,14	13,51	10,96	7,96	36,31	-19,94	-24,94
R12	Inf I	w?	3,09	16,68	11,57	8,57	44,18	-20,05	-25,05
R12a	Inf I	w?	3,22	16,73	12,37	9,37	46,20	-19,63	-24,63
R14	Inf I	w?	3,14	16,65	12,28	9,28	45,19	-19,92	-24,92
R22	Inf II/juv	m	3,11	16,77	11,16	8,16	44,73	-19,83	-24,83
R29	mat	m	3,15	16,73	11,48	8,48	45,52	-19,66	-24,66
R46	sen	w	3,09	16,00	12,13	9,13	42,43	-19,46	-24,46
R47	mat	w	3,15	16,97	12,13	9,13	46,13	-19,74	-24,74
R53	mat	w	3,10	16,35	11,44	8,44	43,39	-19,79	-24,79
R56	ad	w	3,15	16,14	8,85	5,85	43,91	-20,11	-25,11
R59	ad	w	3,15	15,34	9,46	6,46	41,43	-19,99	-24,99
R61	mat	w	3,15	15,34	12,09	9,09	41,43	-19,74	-24,74
R64	ad/mat	w	3,20	15,72	11,83	8,83	43,10	-19,51	-24,51
R65	mat	m	3,18	14,11	11,63	8,63	38,72	-19,57	-24,57
R67	sen	m	3,11	16,12	11,02	8,02	43,03	-19,47	-24,47
R69	mat	m	3,13	14,18	11,87	8,87	38,09	-19,57	-24,57
R70	sen	w	3,11	15,58	11,89	8,89	41,61	-19,66	-24,66
R76	mat	m	3,11	14,46	11,81	8,81	38,62	-19,57	-24,57
R79	ad/mat	w	3,17	17,57	11,64	8,64	47,77	-19,56	-24,56
R80	juv	m	3,12	12,14	9,91	6,91	32,52	-19,88	-24,88
R83	ad	m	3,11	13,62	12,27	9,27	36,38	-19,49	-24,49
R84	juv/ad	m?	3,10	14,67	11,35	8,35	39,00	-19,69	-24,69
R85a	juv	nb	3,20	15,71	10,35	7,35	43,12	-19,93	-24,93
R86	mat/sen	w	3,15	16,76	9,99	6,99	45,61	-19,82	-24,82
R87	mat	w	3,15	16,22	11,56	8,56	44,17	-19,53	-24,53
R89	ad+	nb	3,16	16,36	11,32	8,32	44,38	-19,70	-24,70
R96	*ad/mat*	*m?*	*3,23*	*14,75*	*8,01*	*5,01*	*40,89*	*-19,76*	*-24,76*
R97	mat	w	3,09	15,88	11,79	8,79	42,09	-19,56	-24,56
R99	ad	w?	3,19	16,21	9,90	6,90	45,96	-20,49	-25,49
R100	mat	m	3,15	16,54	10,77	7,77	45,02	-19,60	-24,60
R107	ad	m	3,08	16,65	11,42	8,42	44,06	-19,84	-24,84
R112	juv	m	3,10	16,19	11,43	8,43	43,03	-19,43	-24,43
R115	ad+	m	3,12	16,01	11,90	8,90	42,89	-19,94	-24,94
R116	ad	m	3,12	15,34	12,30	9,30	41,10	-19,67	-24,67
R117	ad	m	3,11	13,24	10,99	7,99	35,36	-19,81	-24,81
R120	juv	m	3,23	14,58	11,06	8,06	40,36	-19,35	-24,35
R121	mat	m	3,12	16,56	13,22	10,22	44,71	-19,46	-24,46
R123	mat	m	3,14	16,68	11,23	8,23	45,26	-19,74	-24,74
R130	ad	m	3,10	16,56	11,43	8,43	43,98	-20,02	-25,02
R135	ad	m	3,14	16,35	12,60	9,60	44,04	-19,39	-24,39
R136	Inf I	w?	3,12	15,59	13,42	10,42	41,70	-19,91	-24,91
R138	ad	w	3,11	15,35	11,46	8,46	40,92	-19,64	-24,64
R139	ad+	m	3,18	16,65	10,52	7,52	45,44	-19,64	-24,64
R144	mat	w	3,11	16,39	11,66	8,66	43,71	-19,66	-24,66
R145	Inf II/Juv	nb	3,14	16,72	11,41	8,41	45,33	-19,88	-24,88
R146	ad/mat	w	3,12	15,78	11,76	8,76	42,22	-19,95	-24,95
R155	sen	w	3,13	15,09	12,08	9,08	40,48	-20,00	-25,00
R156	sen	w	3,10	16,57	11,18	8,18	44,04	-19,55	-24,55
R157	Inf II/Juv	nb	3,18	16,33	10,48	7,48	44,47	-19,96	-24,96
R158	ad+	w	3,18	16,53	10,89	7,89	45,07	-19,97	-24,97

R171	ad	m	3,09	16,51	12,04	9,04	43,76	-19,43	-24,43
R175b	Inf I	nb	3,09	16,99	12,53	9,53	45,02	-20,40	-25,40
R199	ad	m	3,12	16,15	11,69	8,69	43,50	-19,36	-24,36
R201	juv	w	3,13	15,85	10,75	7,75	42,52	-20,01	-25,01
R208	mat/sen	w?	3,12	15,00	12,69	9,69	40,21	-19,81	-24,81
R212	mat	w	3,16	15,10	10,43	7,43	41,18	-19,84	-24,84
R214	Inf I	m	3,13	16,86	12,48	9,48	45,62	-19,54	-24,54
R216	ad	m	3,14	16,41	11,79	8,79	44,46	-19,35	-24,35
R221	ad+	nb	3,19	16,51	11,10	8,10	45,19	-19,87	-24,87
R227	ad	m	3,15	16,21	12,35	9,35	44,15	-19,90	-24,90
R247	mat/sen	w	3,14	16,70	11,70	8,70	45,31	-19,52	-24,52
R249	ad	w	3,13	16,88	11,71	8,71	45,63	-19,39	-24,39
R260	ad	w	3,20	15,17	8,77	5,77	41,60	-20,41	-25,41
R261	ad	w	3,11	14,57	12,71	9,71	38,86	-19,58	-24,58
R273	ad	m	3,13	16,56	12,51	9,51	44,84	-19,64	-24,64
R293	ad/mat	m?	3,15	15,88	10,98	7,98	43,19	-19,51	-24,51
R297	Inf II	nb	3,07	16,70	11,89	8,89	43,95	-19,92	-24,92
R298	juv	w	3,17	15,93	10,40	7,40	43,24	-19,77	-24,77
R301	ad+	m	3,21	16,22	11,85	8,85	44,64	-19,50	-24,50
R308	mat	m	3,15	16,48	12,36	9,36	44,56	-19,33	-24,33
R309	ad	w	3,20	16,42	11,34	8,34	45,06	-19,58	-24,58
R310	juv	m	3,07	15,89	12,10	9,10	41,84	-19,69	-24,69
R317	ad	m	3,11	16,77	11,76	8,76	44,68	-19,39	-24,39
R318	sen	m	3,15	16,23	12,66	9,66	43,77	-19,69	-24,69
R320	mat	m	3,14	16,85	10,25	7,25	45,74	-20,01	-25,01
R324	mat	w?	3,13	14,94	11,23	8,23	40,16	-19,54	-24,54
R326	ad+	w?	3,17	16,54	10,92	7,92	44,99	-19,71	-24,71
R328	ad	m	3,09	16,74	10,87	7,87	44,40	-19,95	-24,95
R330	ad+	m?	3,20	16,43	11,27	8,27	45,07	-19,50	-24,50
R332	ad	w	3,13	15,74	9,59	6,59	42,30	-19,88	-24,88
R337	mat/sen	w?	3,07	16,59	10,63	7,63	43,63	-19,85	-24,85
R340	mat	w	3,13	16,93	9,32	6,32	45,82	-20,03	-25,03
R344	mat	w	3,18	16,91	11,52	8,52	46,10	-19,71	-24,71
R345	ad	m?	3,11	14,38	10,85	7,85	38,36	-19,54	-24,54
R348	ad	m	3,14	14,21	11,96	8,96	38,22	-19,56	-24,56
R348b	ad	w	3,15	16,67	11,89	8,89	45,82	-19,82	-24,82
R351	juv	m	3,08	16,81	11,69	8,69	44,45	-19,47	-24,47
R358	ad/mat	w	3,11	16,34	12,09	9,09	43,54	-19,46	-24,46
R361	ad	m	3,21	16,33	10,05	7,05	44,92	-20,12	-25,12
R368	mat/sen	w	3,21	16,38	11,03	8,03	45,04	-19,64	-24,64
R370	sen	m?	3,11	15,83	11,40	8,40	42,26	-19,88	-24,88
R370b	Inf I	w?	3,09	16,67	13,11	10,11	44,12	-19,08	-24,08
R371	mat	m	3,11	15,50	11,00	8,00	41,35	-19,82	-24,82
R373	mat	w	3,19	12,91	10,97	7,97	35,27	-19,70	-24,70
R374	mat	m	3,26	14,30	10,05	7,05	40,04	-19,76	-24,76
R376	mat/sen	m?	3,17	15,80	10,11	7,11	43,29	-20,01	-25,01
R377	mat	m	3,09	16,54	10,45	7,45	43,84	-19,98	-24,98
R378	mat	m	3,18	13,49	12,11	9,11	36,81	-19,24	-24,24
R380	ad	w	3,11	15,16	11,63	8,63	40,43	-19,74	-24,74
R384	mat	w	3,18	16,62	11,02	8,02	45,33	-20,06	-25,06
R385	juv	m?	3,12	14,34	10,54	7,54	38,39	-19,84	-24,84
R397	Inf II	nb	3,15	16,81	10,18	7,18	44,34	-19,92	-24,92
R398	mat	m	3,15	16,86	11,36	8,36	45,73	-19,16	-24,16
R401	mat	m	3,16	14,85	10,73	7,73	40,57	-19,77	-24,77
R403	ad	w	3,07	16,33	11,40	8,40	42,96	-19,47	-24,47
R404	ad	m	3,14	14,11	11,40	8,40	37,96	-19,72	-24,72

R406	sen	w	3,07	17,02	11,29	8,29	44,80	-19,64	-24,64
R407	ad/mat	m	3,15	16,85	12,15	9,15	45,85	-19,53	-24,53
R424	ad	m?	3,12	15,67	12,03	9,03	41,87	-19,64	-24,64
R537	ad	w	3,12	14,40	10,73	7,73	38,48	-20,17	-25,17

Die Gesamtpopulation besteht aus 84 Männern, 49 Frauen und acht Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte. Die Stickstoffisotopenwerte der Frauen reicht von 8,77 ‰ bis 13,42 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,77 bis 10,42 ‰), die Werte der Männer spannen von 8,01 ‰ bis 13,22 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,01 bis 10,22 ‰) und die Individuen mit nicht bestimmbarem Geschlecht haben Werte, die zwischen 10,18 ‰ und 12,53 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,18 bis 9,53 ‰) liegen (Abb. 117). Auch die Mediane der einzelnen Gruppen liegen sehr nahe zusammen (♂: $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,43 ‰; ♀: $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,46 ‰; n.b.: $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,21 ‰). Die Daten der einzelnen Geschlechterkategorien sind in ihrem Stickstoffsignal nicht signifikant verschieden, unterscheiden sich allerdings in ihrem Kohlenstoffisotopenwert signifikant (Tab. 60).

Die Mediane der Männer, Frauen und Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmbar war, unterschieden sich jedoch nur um maximal 0,3 ‰ (♂: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,64 ‰; ♀: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,74 ‰; n.b.: $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,92 ‰) und auch die Wertespannen der drei Gruppen sind fast identisch. Frauen haben Kohlenstoffisotopenwerte zwischen -20,49 und-19,08 ‰. Männer ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: - 20,12 bis -19,16 ‰) und die Individuen ohne bestimmbares Geschlecht ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: - 20,40 bis-19,70 ‰) liegen in der Wertespanne der Frauen. Nun sind die Unterschiede zwar signifikant, aber in den Isotopenwerten sehr gering. Trotzdem gibt es eine separate, geschlechterspezifische Untersuchung zwischen Männern und Frauen.

Tabelle 60: Ergebnis der p-Werte (Mann-Whitney-Test) von **Regensburg** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl; ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	R ♂	R ♀	R n.b.
R ♂	84	-	**0,02**	**$2{,}40*10^{-03}$**
R ♀	49	0,70	-	0,05
R n.b.	8	0,38	0,50	-

In der Gesamtpopulation gibt es im Stickstoffisotopenwert fünf Ausreißer: R56, R96, R136, R260 und R340. Die Individuen R56 (♀), R96 (♂), R260 (♀) und R340 (♀) fallen sowohl in der Gruppe der Erwachsenen als auch in der entsprechenden Geschlechtergruppe als Ausreißer auf. Bei den Erwachsenen gibt es zusätzlich noch ein weiteres Individuum, die erwachsene Frau R59, welche mit ihrem verhältnismäßig niedrigem $\delta^{15}N$-Wert aus der Gruppe fällt. Im Kohlenstoffsignal gibt es ein Individuum, welches in der Gesamtpopulation, unter den Erwachsenen und unter den Frauen mathematisch als Ausreißer bestimmt wird: Individuum R99, welches den niedrigsten Kohlenstoffisotopenwert der Population aufweist ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,49 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,49). Bei den Kindern sind zwei Ausreißer in den Kohlenstoffisotopiewerten feststellbar (R175b, R370b) ebenso wie

bei der Gruppe der Individuen, deren Geschlecht nicht bestimmt werden konnte (R89, R175b) (Abb. 117).

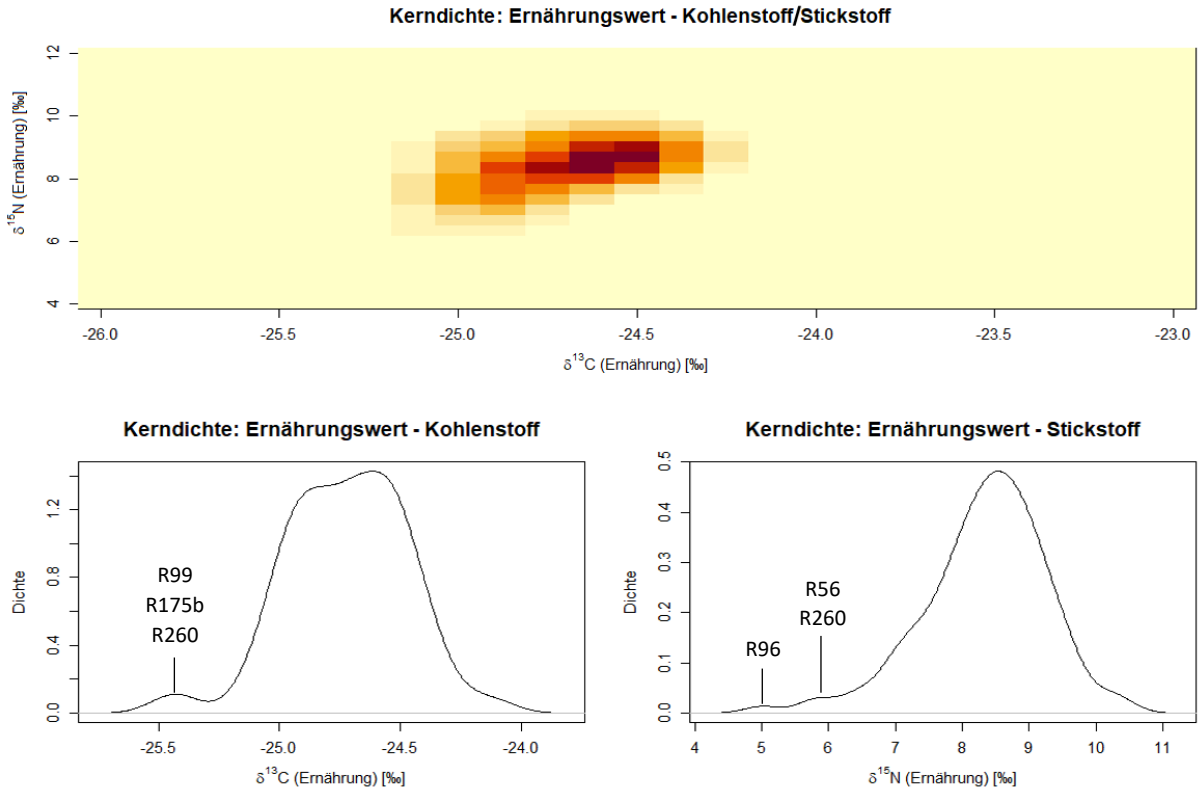


Abbildung 118: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Regensburg. **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Die Kerndichte Plots der Bevölkerung aus Regensburg zeigen eine deutliche Datenverdichtung mit der stärksten Dichte bei einem Stickstoffisotopenwert von 8,5 ‰ und einem Kohlenstoffsignal, der von -25 ‰ bis -24,5 ‰ reicht (Abb. 118). Der eindimensionale Kerndichte-Plot für die Kohlenstoffisotopendaten unterstreichen die Datenanhäufung, da es keinen Peak mit einer klaren Spitze gibt, sondern dieser Peak flach und breit endet (Abb. 118). Es gibt einen weiteren Ausschlag im Kohlenstoffisotopenwert, der drei Ausreißern geschuldet ist (Abb. 118). Der Stickstoffplot wiederum zeigt einen deutlichen, spitzen Peak, der in die Ausreißer übergeht.

Die Ergebnisse der verschiedenen Programme sind in Tabelle A 54 (IsoConc), Tabelle A 55 (MixSIAR) und Tabelle A 56 (SISUS) angegeben. Die Mischungsmodelle und bivariate Abbildungen, sowie geographische Karten mit Einzugsbereich sind in Kapitel 9.2.5 aufgeführt. Die individuellen Nahrungsnetze und deren Ergebnisse der Mischungsmodelle sind im Begleitband dieser Dissertation hinterlegt (Begleitband: Kap. 17).

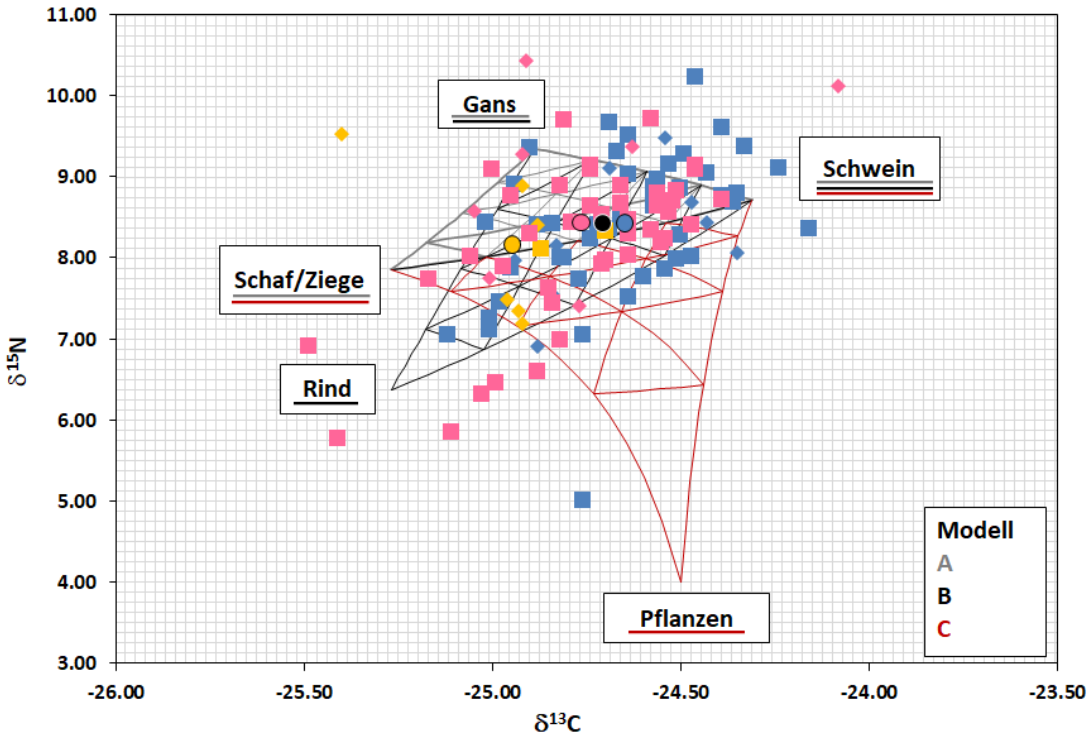


Abbildung 119: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Bruckmühl. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder, **Punkt**: Median. **Blau**: Männer, **Pink**: Frauen, **Gelb**: Geschlecht nicht bestimmbar. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Schaf/Ziege (35,8 %), Gans (12,2 %), Schwein (52,0 %), Rind (21,1 %), Gans (35,7 %), Schwein (43,2 %), Modell C: keine Ergebnisse.

IsoConc ergibt für die Bevölkerung aus Regensburg Modelle, die nur aus Fleischquellen bestehen, was jedoch nicht sinnvoll ist (Abb. 119). Wenn eine der gegebenen Fleischquellen durch eine Pflanzenwert ersetzt wird, ergibt sich kein geeignetes Modell, da nur eine geringe Menge an Individuen im Modell abgefangen wird. Hier wird die Schwäche, die IsoConc durch seine begrenzte Nahrungsquelleneingabe besitzt, ein Problem, da eine essentielle Nahrungsquelle kein bzw. ein beschränktes Ergebnis erzielt. Pflanzen sind jedoch eine wichtige Nahrungsquelle, da ein Pflanzenquelle die Modelle A und B jeweils ergänzen würde. Ein Modell C (Abb. 119) wäre zwar eine ergänzende Option, welches Pflanzen als Nahrungsquelle einschließen würde, doch für den Populationsmedian erzielt dieses IsoConc-Modell kein Ergebnis, gilt daher als nicht sinnvoll und wird verworfen. Man erkennt bereits durch die beiden Modelle in IsoConc, dass der Fleischanteil in der Ernährung sehr hoch ist. Hierbei spielt Schweinefleisch in beiden Modellen den Hauptanteil (Modell A: 52,0 %, Modell B: 43,2 %). Das Fleisch von Schafen/Ziegen, Rindern und auch Gänsen vervollständigt die Modelle. Männer und Frauen weichen von diesem Modell in ihren Anteilen leicht ab (Tab. A 54), nicht jedoch in der Verteilung der Nahrungsquellen. Frauen haben etwas mehr Geflügel, repräsentiert durch Gans, gegessen (Modell A: 17,9 %; Modell B: 40,8 %) als der Bevölkerungsdurchschnitt, aber dafür weniger Schwein (Modell A: 46,8 %; Modell B: 38,1 %) Im Anteil von Schaf/Ziege und Rind weichen sie nur minimal von der allgemeinen Ernährung ab (Schaf/Ziege: 35,6 %; Rind: 21,1 %). Männer weichen im Anteil von Schaf/Ziege (31,2 %) und Rind (18,4 %) ebenfalls nur leicht vom Populationsmedian ab, weisen dafür

aber einen geringeren Anteil von Gans (Modell A: 7,7 %; Modell B: 28,1 %) und einen höheren Anteil von Schwein (Modell A: 61,1 %; Modell B: 53,5 %) auf.

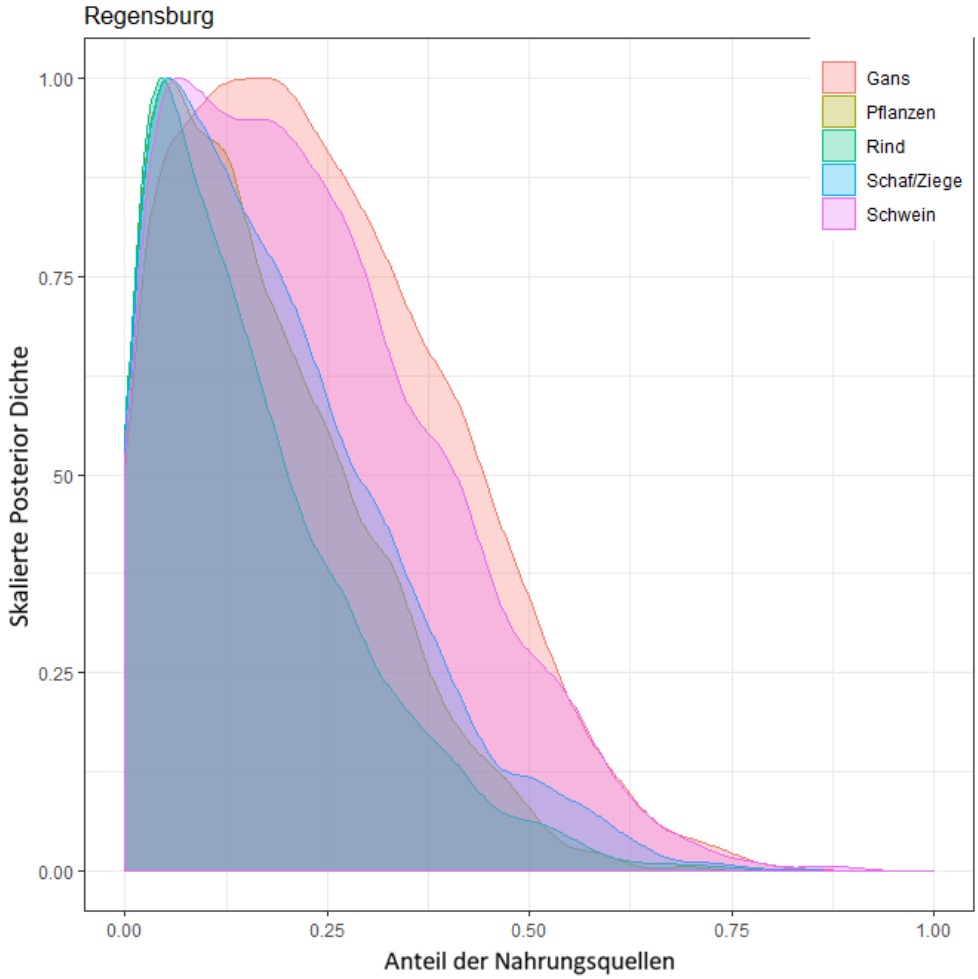


Abbildung 120: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian: Gans (µ: 24,4 %), Rind (µ: 15,9 %), Schwein (µ: 23,4 %), Schaf/Ziege (µ: 19,0 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 17,4 %).

MixSIAR erlaubt mehr als drei Ressourcen, sodass Pflanzen als Endmember eingesetzt werden können. In diesem Modell (Abb. 120) wird bestätigt, dass Pflanzen mit einem Anteil von ca. 18 % ein wichtiger Teil der Ernährung sind. Das Protein stammt jedoch zum Großteil von tierischen Quellen. Für das MixSIAR-Modell hat das Fleisch von Gänsen (µ: 24,4 %; sd: 16,0 %) und von Schweinen (µ: 23,4 %; sd: 16,2 %) die größte Bedeutung für die Ernährung, gefolgt von dem Fleisch von Schafen und Ziegen (µ: 19,0 %; sd: 14,4 %), wie auch von Rindern (µ: 15,9 %; sd: 13,2 %). Die Mischungsmodelle, die mit IsoConc und MixSIAR berechnet wurden, unterscheiden sich also im Ursprung der wichtigsten Fleischquelle. Schweine waren eine der bedeutendsten Fleischlieferanten des Mittelalters, weshalb das Modell mit IsoConc durchaus realistischer wirkt. Allerdings zeigen beide Modelle deutlich auf, wie wichtig Geflügel als Nahrungsmittel sein kann. Der Unterschied bei den Anteilen der Nahrungsquellen für Männer und Frauen ist kaum merkbar (Tab A 61).

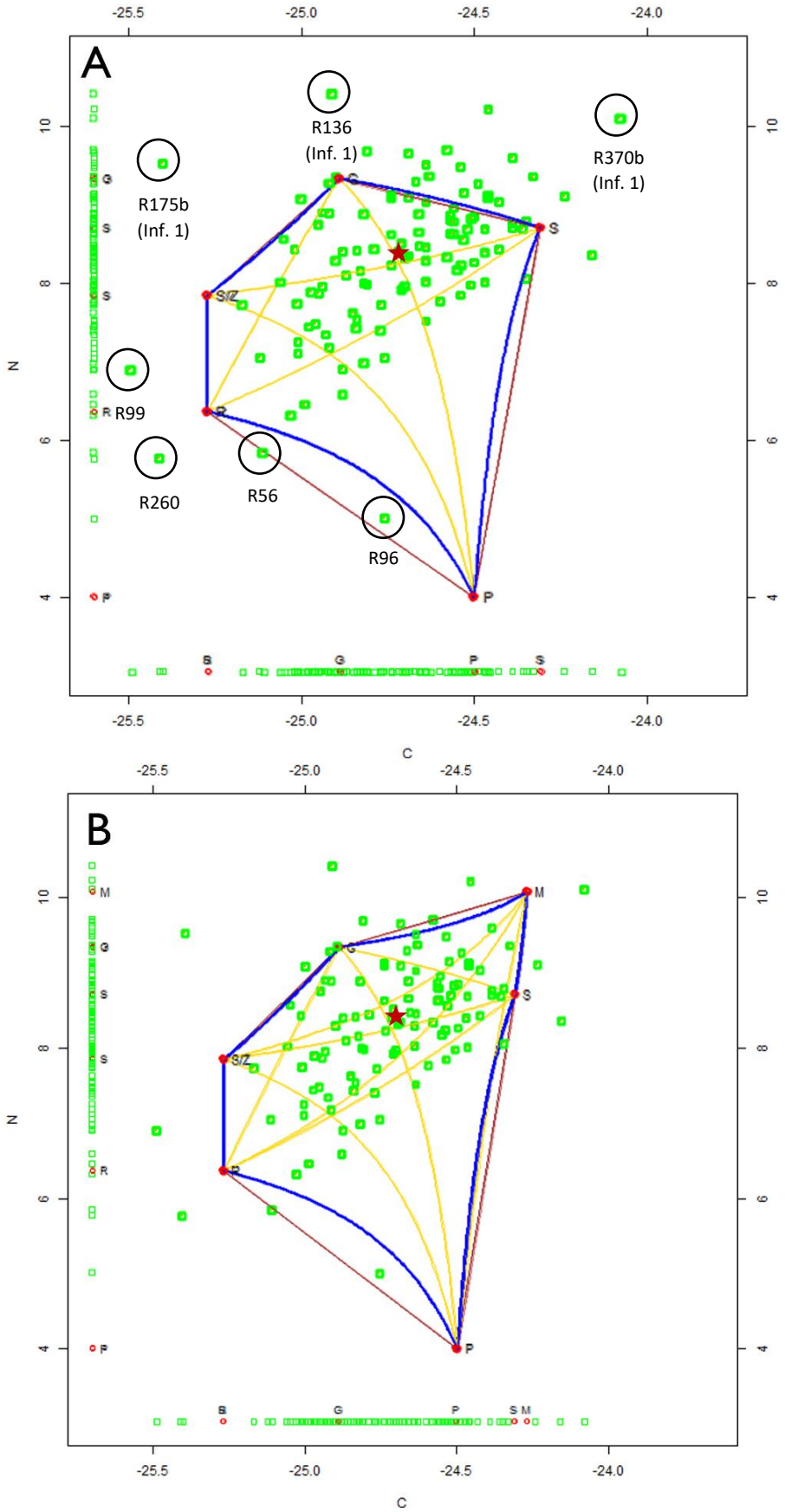


Abbildung 121: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Regensburg (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern): **Modell A: G**: Gans (µ: 33,2 %), **R**: Rind (µ: 7,1 %), **S:** Schwein (µ: 33,3 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 11,8 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 14,5 %). **Modell B**: **G**: Gans (µ: 23,2 %), **R**: Rind (µ: 9,1 %), **S:** Schwein (µ: 17,6 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 15,9 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 11,9 %), **M**: Milch (Schaf/Ziege + Rind) (µ: 22,2 %).

Für das Individualmodell von **SISUS** muss die Population aus Regensburg in zwei Gruppen eingeteilt werden, da die Zahl der Konsumenten auf 100 Datenpunkte eingeschränkt ist (Abb. 121 A), was jedoch kein Problem darstellt, da es sich nicht um eine Wahrscheinlichkeitsberechnung handelt wie bei MixSIAR. Daher wird das gleiche Ergebnis erzielt, als ob sie in einer Gruppe wären. Dies beeinträchtigt das Modell jedoch nicht weiter. Die Ergebnisse des SISUS-Modells entsprechen prinzipiell dem Ergebnis, wie man es bereits für das MixSIAR-Modelle erhält. Die wichtigste Proteinquelle stellt Fleisch dar. Im Vordergrund stehen hierbei wieder Schweine (µ: 33,3 %; sd: 10,2 %) und Gänse (µ: 33,2 %; sd: 8,0 %). Hierbei sieht man deutlich, dass der Anteil der beiden Tiere im Vergleich zum MixSIAR-Modell (Abb. 120, Tab. A 55) um knapp 10 % erhöht ist. Dagegen sinkt jedoch der Anteil an Schafen/Ziegen (µ: 11,8 %; sd: 8,4 %) und Rindern (µ: 7,1 %; sd: 5,0 %) um je 8 %. Pflanzenprodukte bleiben beinahe identisch (µ: 14,5 %; sd: 10,3 %). Die Individuen, die nicht vom Mischungsmodell berechnet werden (n = 30, 33 %), haben zum größten Teil deutlich höhere Stickstoffisotopenwerte, als die Nahrungsquellen (Abb. 121 A). Es gibt also durchaus noch einen weiteren, jedoch fehlenden Endmember. Naheliegend wären Nahrungsmittel wie Milch- und Milchprodukte oder Eier. Beide Nahrungsquellen können aus den Tierdaten berechnet und als Endpunkt in das vorhandene Nahrungsnetz eingesetzt werden. Hühnereier (berechnet aus dem Wert für Hühnerfleisch (Tab. A. 6) + 1 Trophieebene (Kap. 1.7): $\delta^{15}N$: 9,38 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -24,81 ‰) sind für das Mischungsmodell nicht sinnvoll, da sie das Netz nicht sinnvoll ergänzen. Die Individuen, die außerhalb des Netzes liegen, werden durch das Hinzufügen von Eiern nicht in das Nahrungsnetz aufgenommen. Eier sind somit kein nötiger Endmember. Milch von Rindern, Schafen und Ziegen hingegen erweitert das Mischungsmodell, sodass nun insgesamt 89 Individuen berechnet werden und 22 Individuen, also 25 %, vom Nahrungsnetz ausgeschlossenen werden (Abb. 121 B) und stellen somit eine überaus realistische Nahrungsquelle dar, die von den Menschen aus Regensburg konsumiert wurde.

Zwischen Männern und Frauen gab es, wie erwartet, nur sehr geringe Unterschiede in den Anteilen der Nahrungsquellen (Tab. A 56), sodass nicht mal Tendenzen abzulesen sind. Der Median der Frauen und der Männer, also der Geschlechterdurschnitt der jeweiligen Geschlechtergruppe, weicht nicht vom Populationsmedian ab noch unterscheiden sich die Geschlechter untereinander.

In der Population gab es vier erwachsene Ausreißer (R56, R96, R99, R260), die mit ihren Isotopiewerten aus der Population hervorstechen und auch außerhalb des Netzes liegen. Ihre Ernährungsweise weicht zwar von der Bevölkerung aus Regensburg ab, deutet jedoch nicht auf eine nicht lokale Wirtschaftsweise hin.

Tabelle 61: Zusammenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Regensburg**. Linke Spalte: ursprüngliche Interpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

<table>
<tr><th colspan="2">AUSWERTUNG</th></tr>
<tr><th>Original</th><th rowspan="2">Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell</th></tr>
<tr><td>Literatur:
Heyking 2012</td></tr>
<tr><td>Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie

terrestrische C_3-Pflanzennahrung

Fleischlieferant: Herbivore (Rind, Schaf/Ziege) + Omnivore (Schwein, Huhn)

hohe δ^{15}N-Werte: möglicherweise Ei und/oder Milch und nicht Süßwasserfisch</td><td rowspan="2">Methode: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte

C_3-Pflanzen basierte Ernährung

bedeutende Fleischlieferanten: Schwein, Gans, Schaf/Ziege, Rind
→ kein Wild, nur domestizierte Tiere

hohe δ^{15}N-Werte
→ hoher Anteil an tierischem Protein im Mischungsmodell berechnet
→ Milch möglicher Endmember für Individuen mit hohem Stickstoffisotopenwert</td></tr>
<tr><td>Methode: lineares Mischungsmodell mit IsoSource; Eckpunkte: Rind, Schwein, Geflügel

kein sinnvolles Ergebnis, da nur 50 % der Individuen eingeschlossen werden
ABER: alle drei Nahrungsmittel regelmäßig verzehrt</td></tr>
</table>

Im Vergleich ähneln sich die Interpretationen der bivariaten Originalauswertung und des konzentrationsabhängigen Mischungsmodelles (Tab. 61). In beiden Fällen basiert die Pflanzenquelle auf C_3-Pflanzen. Die wichtigsten Fleischlieferanten waren domestizierte Tiere. Gemäß beider Interpretationen waren Schwein, Rind und Schaf/Ziege von Bedeutung. Sie unterscheiden sich jedoch in der Geflügelquelle. Während in der Originalauswertung Huhn ein bedeutender Fleischlieferant war, war Gans zum Erstellen der Mischungsmodelle eine entscheidende Nahrungsquelle. Das Mischungsmodell, welches Heyking (2012), bestehend aus Rind, Schwein und Geflügel (Huhn), zeigt bereits, dass der Fleischkonsum hoch war. Allerdings berechnete dieses Modell nur 50 % der Individuen und nutzte nur tierische Quellen. Auch das IsoConc-Modell (Abb. 119) kann für den Populationsmedian nur Tierquellen verwenden, was jedoch absolut unrealistisch ist. Mit MixSIAR und SISUS können nun auch Pflanzen hinzugezogen. Beide Modelle zeigen (Abb. 120, Abb. 121) belegen, dass der Fleischkonsum hoch war. Man muss jedoch anmerken, dass die Modelle für die Durchschnittspopulation einen geringen Anteil an pflanzlichem Protein berechnet. Man muss hierbei beachten, dass es sich hier um die Durchschnittbevölkerung handelt. Auf individueller Ebene (Abb.121) sieht man die Variabilität, die die individuellen Werte annehmen können und der Anteil von Pflanzen stark schwankt. Es kann sich auch hier um eine Überrepräsentanz handeln, da der Populationsmedian nahe an den Fleischwerten liegt. Da es sich bei dem Ernährungswert um den Proteinernährungswert

handelt, ist es denkbar, dass Pflanzen verzehrt wurden, die einen geringen Proteingehalt hatten, wie Getreide und weniger proteinreiche Pflanzen wie Hülsenfrüchte. Nichtsdestotrotz zeigen die Modelle, dass der Fleischkonsum im Vergleich zu den spätantiken und frühmittelalterlichen Populationen angestiegen ist.

Ebenso ist es möglich, Milch und Milchprodukte als möglichen Nahrungsquelle in das Nahrungsnetz einzusetzen (Abb. 121 B) und ein sinnvolles Netz daraus zu erstellen. Das sparsamste Modell kommt jedoch ohne Milchprodukte aus und ist für die Mehrheit der Population nicht notwendig. Die unterstützt die Hypothese der ursprünglichen Auswertung (Heyking 2012), dass Milchprodukte die hohen Stickstoffisotopenwerte beeinflussen könnte.

4.8.2 Zeholfing

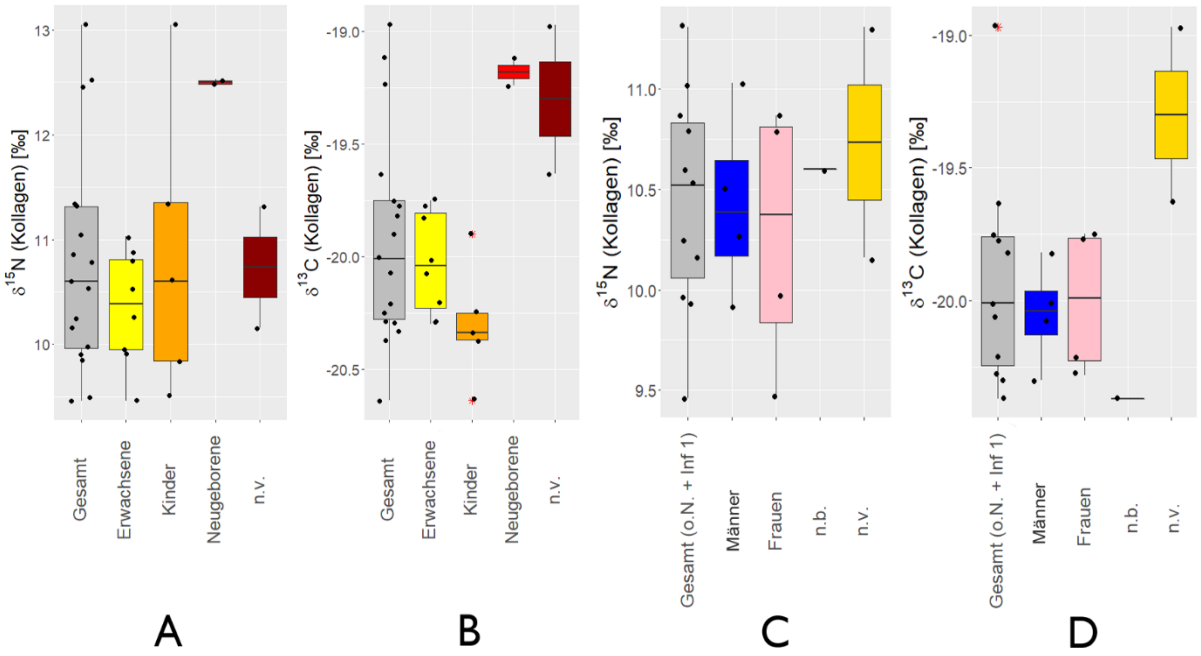


Abbildung 122: Boxplots der Daten aus Zeholfing. A: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; B: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Altersgruppen; C: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht; D: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen, getrennt nach Geschlecht. o.N + Inf 1: ohne Neugeborene und Infans 1, n.b.: nicht bestimmbar.

Die δ^{15}N-Werte der Population aus Zeholfing (n = 17) reichen von 9,46 ‰ ($\delta^{15}N_{Ernährung}$: 6,46 ‰) bis 13,05 ‰ $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 10,05 ‰) und die δ^{13}C-Werte von bis -20,64 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,64 ‰) bis -18,97 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,97 ‰). In der Population von Zeholfing finden sich neben Erwachsenen (n = 8) und Kindern (n = 5), auch Neugeborene (n = 2) und Individuen, deren Alter aus dem Datensatz nicht zugeordnet werden konnte (n = 2, n.v.).

Tabelle 62: Datentabelle der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). **Z**: Zeholfing (Strott 2007); **A**: Alter, **G**: Geschlecht, **ad**: erwachsen, **mad**: mitteladult, **spad**: spätadult, **juv**: juvenil (14 – 20 Jahre), **Inf I**: 1 – 6 Jahre, **Inf II**: 6 – 14 Jahre, **neo**: neonat, **mat**: matur, **mmat**: mittelmatur**, sen**: senil**, fsen**: frühsenil**, nb**: nicht bestimmbar; **m**: männlich, **m?**: möglicherweise männlich/eher männlich, **w**: weiblich, **w?**: möglicherweise weiblich/eher weiblich, **uk**: unklar (wird wie nb behandelt) **K**: Kollagen, **E**: Ernährung. **blau**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$ und $\delta^{13}C$, **grün**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{13}C$, **rot**: mathematischer Ausreißer im $\delta^{15}N$, *kursiv*: bedeutender Ausreißer (≙ abweichend von lokaler Ernährung).

Nummer	A.	G.	Datierung	C/N	%N	$\delta^{15}N_K$	$\delta^{15}N_E$	%C	$\delta^{13}C_K$	$\delta^{13}C_E$
Z3	mmat/fsen	m	10.-13. Jhdt	3,60	11,79	11,03	8,03	36,34	-20,30	-25,30
Z4/1	Inf I (1,5-2)	m?	10.-13. Jhdt	3,57	13,55	9,50	6,50	41,50	-20,25	-25,25
Z8/1	ad	w	10.-13. Jhdt	3,46	15,75	9,96	6,96	46,71	-20,28	-25,28
Z9	uk	uk	10.-13. Jhdt	3,27	9,48	11,31	8,31	26,59	-18,97	-23,97
Z10	Inf I (1)	nb	13.-15. Jhdt	3,61	11,21	13,05	10,05	34,72	-19,90	-24,90
Z14	neo	nb	13.-15. Jhdt	3,56	12,73	12,47	9,47	38,87	-19,12	-24,12
Z15	Inf I (4 – 5)	w?	13.-15. Jhdt	3,03	9,33	9,84	6,84	24,24	-20,64	-25,64
Z20	mad/fmat	w	10.-13. Jhdt	3,20	16,96	10,87	7,87	46,53	-19,75	-24,75
Z22	juv	nb	10.-13. Jhdt	3,25	12,27	10,60	7,60	34,17	-20,37	-25,37
Z27	mad	m	10.-13. Jhdt	3,61	10,23	10,25	7,25	31,68	-19,82	-24,82
Z30	mad/mmat	w	10.-13. Jhdt	2,87	16,29	10,79	7,79	40,04	-20,21	-25,21
Z40	neo/Inf I	nb	10.-13. Jhdt	3,55	15,44	12,53	9,53	47,00	-19,24	-24,24
Z42	mat/sen	m	10.-13. Jhdt	3,59	12,42	10,52	7,52	38,23	-20,01	-25,01
Z44	mad/mat	w	10.-13. Jhdt	3,53	19,52	9,46	6,46	59,13	-19,77	-24,77
Z47	Inf I (2 – 3)	nb	10.-13. Jhdt	3,43	13,53	11,35	8,35	39,77	-20,34	-25,34
Z49	uk	uk	13.-15. Jhdt	3,43	11,21	10,16	7,16	32,91	-19,63	-24,63
Z50	spad/mmat	m	13.-15. Jhdt	2,92	8,24	9,92	6,92	20,62	-20,07	-25,07

Die verschiedenen Altersgruppen sind weder im Stickstoff- noch im Kohlenstoffsignal signifikant unterschiedlich (Tab. 63). Allerdings handelt es sich hier um eine überaus kleine Datenmenge pro Gruppe, weshalb hier nur eine Tendenz reflektiert wird

An dieser Stelle ist anzumerken, dass bei den Individuen Z9 (Horizont 1) und Z49 (Horizont 2) in der Originalliteratur (Strott 2007) mehrere Individuen unter den beiden Nummern aufgelistet sind. Es gibt für Z9 zwei Individuen mit dieser Nummer, ein maturer Mann und eine adulte Frau. Welches Individuum hier untersucht wurde ist unklar, weshalb es als nicht vorhanden (n.v.) behandelt wird. Ebenso wie das Individuum Z49, für dessen Kollagenwert mehrere Individuen zu Auswahl stehen (Strott 2007).

Tabelle 63: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) von **Zeholfing (Z)** unterteilt nach Alter. n = Probenzahl, n.b.: Alter nicht bestimmbar; $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	Z Erwachsene	Z Kinder	Z Neugeborene	Z n.v.
Z Erwachsene	8	-	0,07	0,05	0,05
Z Kinder	5	0,71	-	0,08	0,08
Z Neugeborene	2	0,05	0,33	-	0,7
Z n.v.	2	0,51	0,85	0,25	-

Die Mediane der Neugeborenen ($\delta^{15}N_{Koll}$: 12,50 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,19 ‰) sind im Vergleich zu den Erwachsenen und Kindern tendenziell um eine Trophieebene erhöht und deuten dementsprechend auf einen Stilleffekt hin. Eines der Kinder (Z10) scheint ebenfalls noch gestillt worden zu sein, da es den höchsten Stickstoffisotopenwert aufweist ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 13,05 ‰). Allerdings unterscheiden sich die

Mediane der Erwachsenen ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,38 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,34 ‰) und Kinder ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,60 ‰; $\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,34 ‰) kaum (Abb. 122). Dennoch werden die Kinder der Altersklasse Infans 1, die zwischen einem Jahr und fünf Jahre alt sind, aus der Durchschnittsbevölkerung für Ernährungsauswertung der Gesamtpopulation ausgeschlossen. Somit werden von den Kindern nur das jugendliche Individuum Z22 im Populationsmedian beachtet. Die Individuen, die keinem Alter zugeordnet werden können, deuten auf keine Unterschiede im Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,73 ‰) im Vergleich zu der Gesamtpopulation hin, doch sind sie leicht erhöht in ihrem Kohlenstoffsignal ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,30 ‰), jedoch nicht signifikant. Sie werden daher in der Auswertung der Gesamtpopulation eingeschlossen. Den zwei Individuen, deren Alter nicht zugeordnet werden konnte, konnten ebenfalls keinem Geschlecht zugeordnet werden. Es gibt keine signifikanten Unterschiede zwischen den Geschlechtergruppen (Tab. 64). Aber auch hier ist die Aussagekraft aufgrund der geringen Gruppe in den Gruppen sehr schwach.

Tabelle 64: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) von **Zeholfing (Z)** unterteilt nach Geschlecht. n = Probenzahl, * ohne Neugeborene, ♂: Männer; ♀: Frauen, n.b.: Geschlecht nicht bestimmbar; n.v.: Geschlecht nicht vorhanden weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	Z* ♂	Z* ♀	Z* n.b.	Z* n.v.
Z* ♂	5	-	1,0	0,37	0,08
Z* ♀	5	0,83	-	0,55	0,08
Z* n.b.	3	0,07	0,14	-	0,15
Z* n.v.	2	0,56	0,33	0,39	-

In der Population gibt es insgesamt drei Ausreißer, die jeweils mit ihrem $\delta^{13}C$-Signal auffallen. Bei der Gruppe der Kinder können die Individuen Z 10 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -19,90 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -24,90 ‰) und Z15 ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,64 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,64 ‰) als Ausreißer detektiert werden. Jedoch trägt die Ausreißeranalyse wenig Aussagekraft, da es sich bei der Gruppe der Kinder um fünf Individuen handelt. In der Gesamtbevölkerung, die die Säuglinge nicht einschließt, kann Individuum Z9 mit einem $\delta^{13}C$-Wert von -18,97 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,97 ‰) als Ausreißer identifiziert werden.

Im 2D-Kerndichte-Plot für Zeholfing (Abb. 123) gibt es die stärkste Dichteanhäufung bei einem Kohlenstoffisotopenwert -25,5 bis -25 ‰ und einem Stickstoffisotopenwert von etwa 7 bis 8 ‰. Es existiert jedoch noch eine weitere schwächere Datenanhäufung um den Kohlenstoffbereich -24,0 ‰ und dem Stickstoffisotopenwert 8 ‰ (Abb. 123). Dieser Punkt entsteht durch das Individuum Z9 und ist somit keine Dichteanhäufung. Beide dieser Wolken zeigen sich auch in dem eindimensionalen Kerndichte-Plots für Kohlenstoff (Abb. 123). Die eindimensionale Abbildung des Stickstoffisotopenwertes zeigt eine Variabilität in den Werten, die zwischen 7 und 8 ‰ liegt und bestätigt somit den 2D-Dichte-Plot. Die Kerndichte-Untersuchung zeigt, dass es eine offensichtliche Gruppierung in den Daten von Zeholfing gibt.

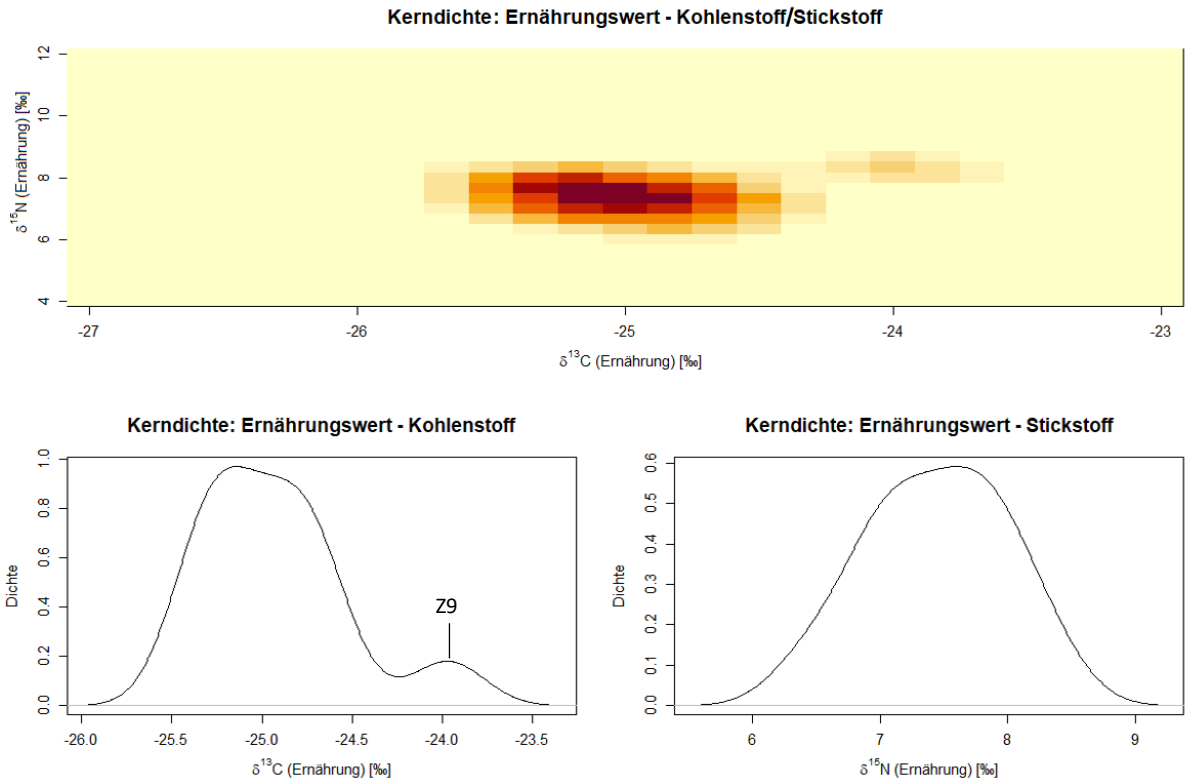


Abbildung 123: Kerndichte-Verteilung der Daten aus Zeholfing (ohne Neugeborene und Infans 1). **oben**: 2D-Kerndichte-Plot; **unten**: eindimensionaler Kerndichte-Plot (*links*: Verteilung des $\delta^{13}C$-Ernährungswerts; *rechts*: Verteilung des $\delta^{15}N$-Ernährungswerts).

Das Gräberfeld Zeholfing lässt sich genauer in die Friedhofsteile Horizont 1 (n = 12) und Horizont 2 (n = 5) aufgliedern. Horizont 1 datiert ins 10. bis 13. Jahrhundert und Horizont 2 in das 13. bis 15. Jahrhundert (Strott 2007) Aus diesem Grund, wurden die Daten zusätzlich nach Horizont separiert untersucht.

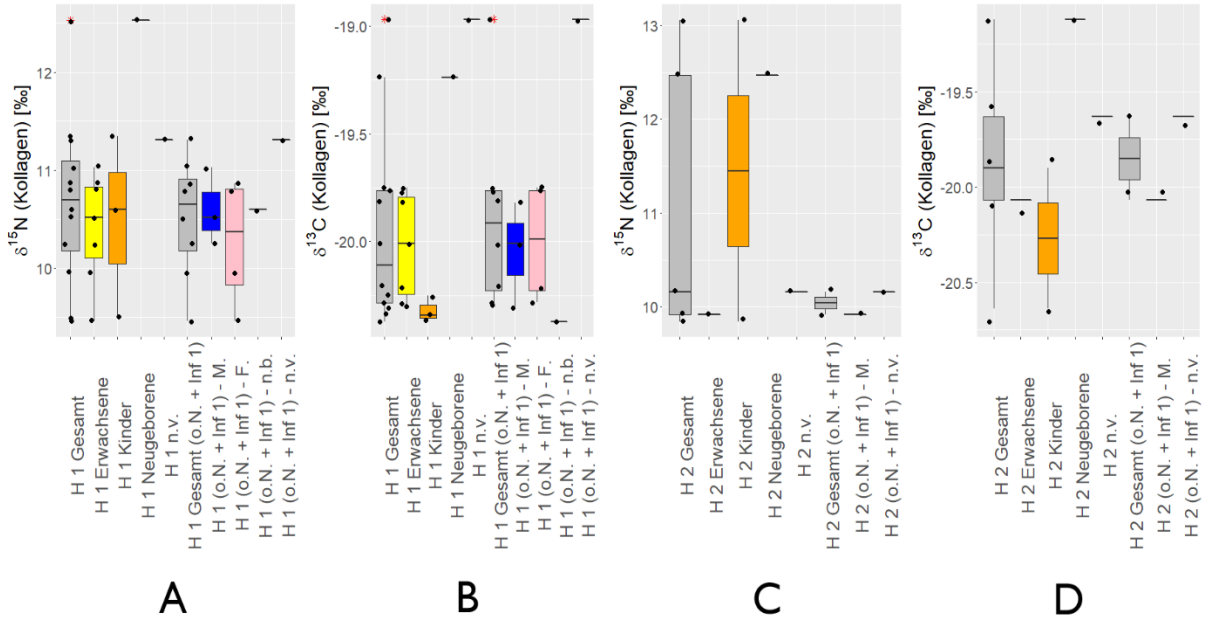


Abbildung 124: Boxplots der Daten aus Zeholfing. A: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen der Individuen aus Horizont 1; B: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen der Individuen aus Horizont 1; C: Stickstoffisotopie im Knochenkollagen der Individuen aus Horizont 2; D: Kohlenstoffisotopie im Knochenkollagen der Individuen aus Horizont 2. o.N.: ohne Neugeborene, n.b.: nicht bestimmbar.

Der Datensatz der Individuen, die in Horizont 1 bestattet wurden, umfasst zwölf Menschen, davon sieben Erwachsene, drei Kinder, darunter ein jugendliches Individuum und zwei Kinder, deren Alter zwischen 1,5 und 3 Jahren lag, ein Neugeborenes und ein Individuum, dessen Alter nicht angegeben war. Aus Horizont 2 sind fünf Individuen zur Untersuchung verfügbar, darunter ein erwachsenes Individuum, zwei Kinder, darunter ein Einjähriges und ein Kind im Alter von 4 bis 5 Jahren, ein Neugeborenes und ein Individuum, dessen Alter nicht bekannt war. Die $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Werte aus Horizont 1 spannen von 9,46 ‰ bis 12,53 ‰. Schließt man den Neugeborenen aus, liegen die Werte zwischen 9,46 ‰ und 11,35 ‰. Die Kohlenstoffisotopenwerte der Personen aus Horizont 1 liegen zwischen -20,37 ‰ und -18,97 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,37 bis -23,97 ‰). Die Werte aus Horizont 2 reichen im $\delta^{15}N_{Kollagen}$-Signal von 9,84 bis 13,05 ‰ und im $\delta^{13}C_{Kollagen}$ von -19,63 ‰ bis -20,64 ‰.

Im Falle von Horizont 1 ist das Neugeborene (Z40) im Stickstoffisotopenwert erhöht und deutet auf einen Stilleffekt hin, ebenso wie das Neugeborene (Z14), welcher in Horizont 2 bestattet wurde. Das einjährige Kind (Z10) aus Horizont 2 hat den höchsten Wert im Stickstoff und im Kohlenstoff. Die Neugeborenen (Z14, Z40) und die Kinder der Altersklasse Infans 1 (Z4/1, Z10 Z15, Z47) werden für die Ernährungsrekonstruktion der durchschnittlichen Bevölkerung, also dem Populationsmedian, aus den beiden Kollektiven entfernt. Die Isotopenwerte der Erwachsenen und der Kinder aus Horizont 1 unterscheiden sich tendenziell nicht. Auch die verschiedenen Geschlechtergruppen sind unterscheiden sich in der Tendenz nicht. Ein Signifikanztest ist aufgrund der geringen Gruppe an Individuen nicht aussagekräftig genug. Für die Individuen aus Horizont 2 können ebenfalls keine statistischen Tests durchgeführt werden, weil sich die verschiedenen Alter- und Geschlechtsgruppen aus jeweils nur einem Individuum zusammensetzte, ähnlich wie bei Horizont 1, abgesehen von Gruppe der Kinder, die aus zwei Individuen bestand.

In den Daten der beiden Horizonte ist nur ein Ausreißer feststellbar: das Individuum Z9 mit einem $\delta^{13}C$-Signal von -18,97 ‰ ($\delta^{13}C_{Ernährung}$: -23,97 ‰), das im Datensatz von Horizont 1 in der Gesamtpopulation, welche Säuglinge ausschließt, auftritt.

Das Nahrungsnetz Zeholfing lässt sich in **IsoConc** aus Pflanzen und domestizierten Tieren zusammensetzen (Abb. 125), wobei eine Kombination lediglich domestizierte Nutztiere (Rind, Schwein, Schaf/Ziege) verwendet (Modell B). Es zeigt, dass Pflanzen eine untergeordnete Rolle in der Ökonomie spielen und das Modell ohne Pflanzen (Modell B) primär zur Überprüfung der tierischen Quellen dient. Wie schon in vorherigen Fundorten auch, zeigt sich hier die Schwäche von IsoConc. Durch IsoConc ist aufgrund der eingeschränkten Nahrungsquellen (n = 3) ein solches Modell möglich, wenn auch unrealistisch, weil eine Ernährung, die lediglich aus tierischem Protein besteht, nicht sinnvoll ist. Es zeig jedoch, dass diese tierischen Nahrungsquellen von Bedeutung sind und ein Modell aus drei Nahrungsquellen nicht ausreicht.

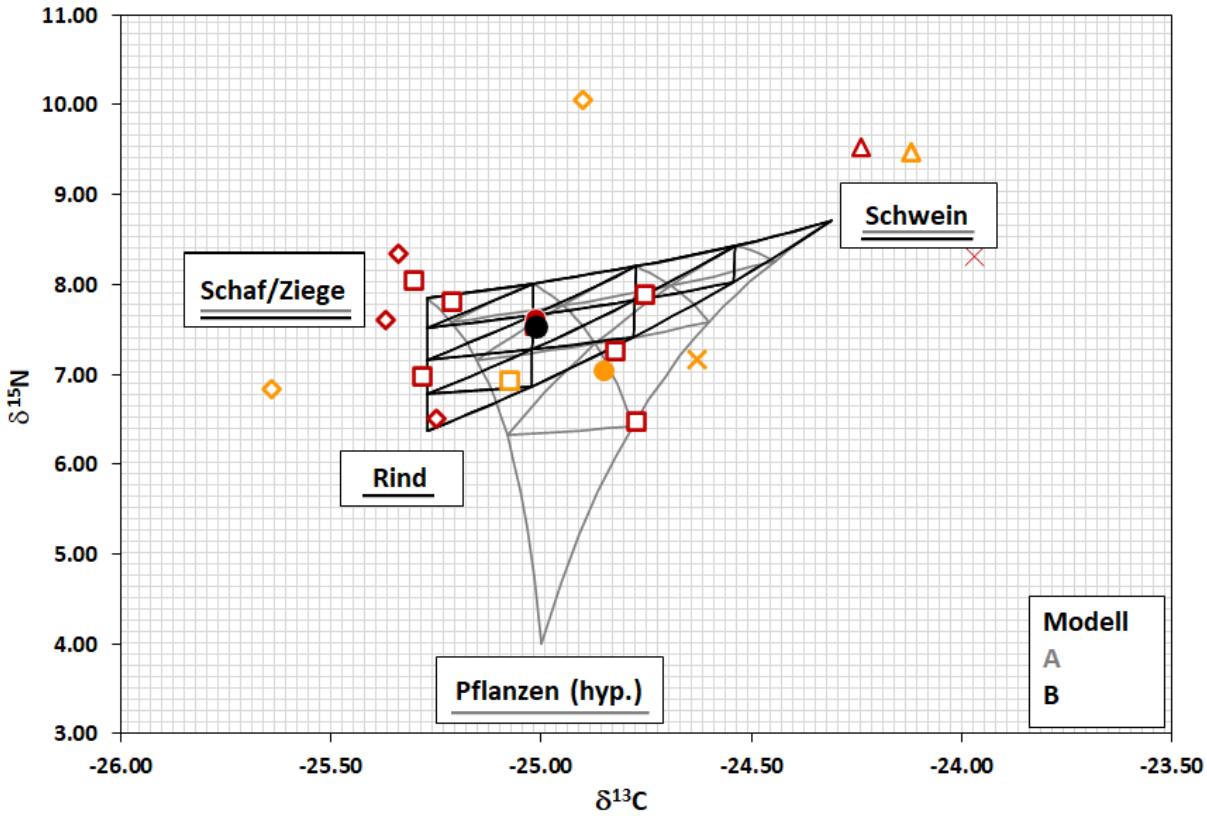


Abbildung 125: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Zeholfing. Erstellt mit IsoConc. **Viereck**: Erwachsene, **Raute**: Kinder; **Kreuz**: nicht bestimmbar, **Punkt**: Median; **Rot**: Horizont 1 des Friedhofs, **Gelb**: Horizont 2 des Friedhofs. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (ohne Neugeborene und Infans 1): Gesamtpopulation: Schaf/Ziege (46,9 %), Schwein (15,9 %), Pflanzen (hypothetisch) (37,2 %), Rind (34,7 %), Schaf/Ziege (39,2 %), Schwein (26,0 %); Horizont 1: Schaf/Ziege (50,2 %), Schwein (17,1 %), Pflanzen (hypothetisch) (32,7 %), Rind (29,4 %), Schaf/Ziege (44,6 %), Schwein (26,0 %); Horizont 2: Schaf/Ziege (15,8 %), Schwein (23,7 %), Pflanzen (hypothetisch) (60,5 %), Rind: kein Ergebnis, Schaf/Ziege: kein Ergebnis, Schwein: kein Ergebnis.

Die Proteinaufnahme der Population basierte stark auf dem Konsum von domestizierten Tieren, wobei eine Kombination der beiden Modelle die bestmögliche Auflösung des Netzes erzielt. In beiden Modellen dominieren hierbei Schafe und Ziegen mit einem Anteil von 46,9 % in Modell A und 39,2 % in Modell B. Der Anteil von Schwein variiert stark (Modell A: 15,9 %; Modell B: 26,0 %). Pflanzen nehmen in Modell A mit ca. 41 % einen geringeren Anteil ein als das Fleisch von Nutztieren, dennoch ist sein Anteil immer noch sehr hoch. Vergleicht man die Ergebnisse der Friedhofsteile Horizont 1 und Horizont 2, so wird deutlich, dass Horizont 1 im Vergleich zum Median von Horizont 2 einen höheren Fleischanteil in der Biomasse aufweist (Tab. A 54). Man muss jedoch beachten, dass die Berechnung des Populationsmedians, der für die Modelle verwendet wurde, auf einer sehr geringen Stichprobe basiert. Wie auch schon im Modell der gesamten Population stehen das Fleisch von Schafen/Ziegen eindeutig im Vordergrund. Der Anteil von Schwein in der Ernährung schwankt genauso und weicht kaum ab (Modell A: 17,1 %; Modell B: 26,0 %). Der Anteil von Rind sinkt ebenfalls sehr leicht, hat jedoch mehr Anteil (29,4 %) in der Ernährung als Schwein. Für die zwei Menschen, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden, weichen die Modelle deutlich ab. Modell B erzielt kein Ergebnis, da der Populationsmedian knapp aus dem Modell fällt, sodass nur Modell A funktioniert (Abb. 125). Der Fleischanteil sinkt beträchtlich und der Pflanzenanteil steigt in Modell A auf 60,5 % an (Tab. A 54).

Der Anteil von Schweinefleisch steigt mir 23,7 % im Vergleich zur Gesamtpopulation und zu Horizont 1 leicht an, stellt im Modell für Horizont 2 die wichtigste Fleischquelle dar. Der Anteil von Schafen/Ziegen nimmt dafür ab (15,8 %).

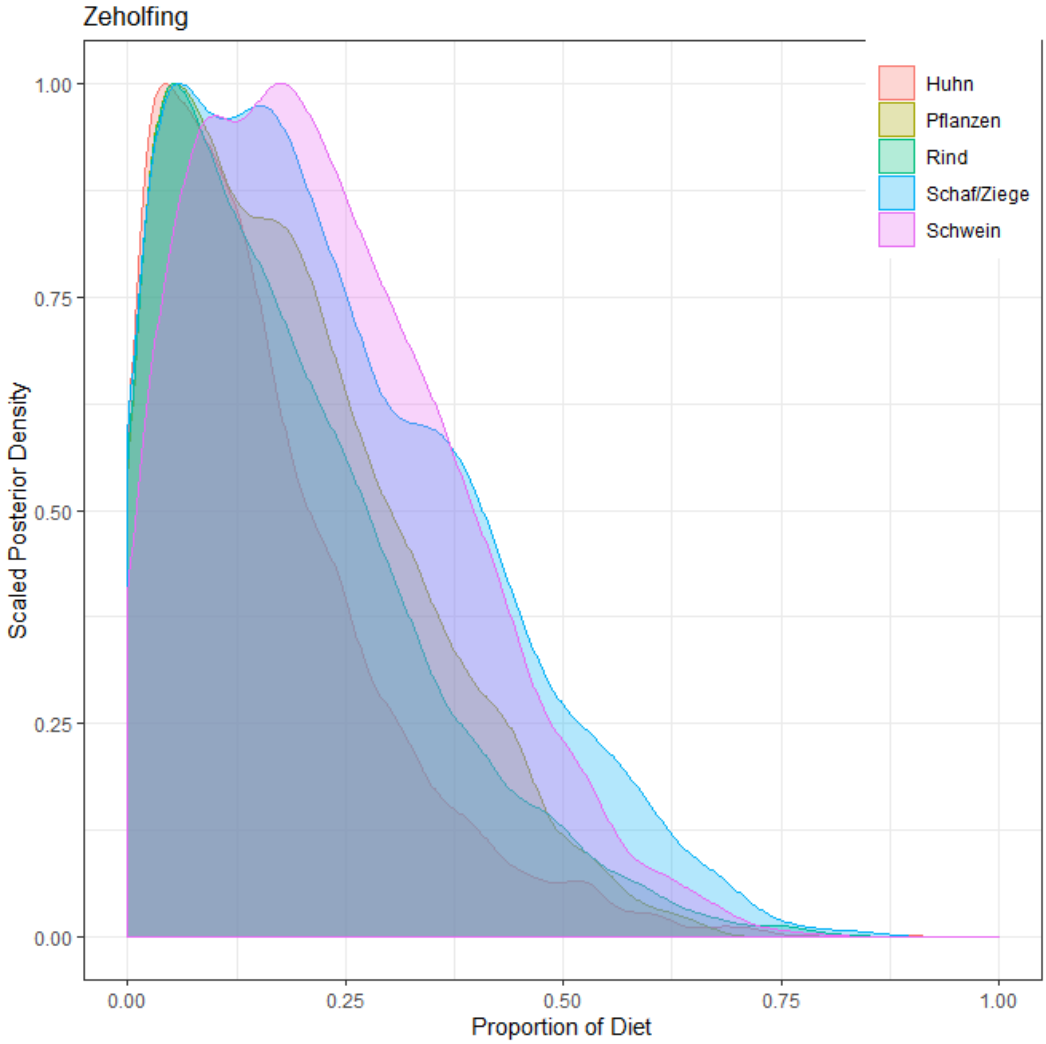


Abbildung 126: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der gesamten Population aus Zeholfing. Erstellt mit MixSIAR. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (ohne Neugeborene und Infans 1): Huhn (µ: 15,7 %), Rind (µ: 18,8 %), Schwein (µ: 23,0 %), Schaf/Ziege (µ: 23,3 %), Pflanzen (hypothetisch) (µ: 19,2 %).

Das Mischungsmodell der Zeholfinger Population, welches mit **MixSIAR** erstellt wurde (Abb. 126), basiert auf denselben Endmember wie die IsoConc-Modelle (Abb. 125), wird jedoch zusätzlich um Huhn als Endpunkt erweitert. Pflanzen machen mit einem Biomasseanteil von ca. 19 % ungefähr 1/5 des Ernährungsproteins der Population aus. Somit basiert die Ernährung grundlegend auf dem Verzehr von Produkten tierischen Ursprungs. Der Anteil von Fleisch wird maßgeblich von Schafen/Ziegen (µ: 23,3 %; sd: 16,9 %) und von Schweinen (µ: 23,0 %; sd: 14,9 %) dominiert. Doch auch Rinder und Hühner haben mit einem Anteil von 18,8 % bzw. 15,7 % keinen geringen Einfluss in der Ernährung. Die Bedeutung der verschiedenen Fleischquellen, die man durch das Modell von MixSIAR als Ergebnis erhält, ist ähnlich wie die in den Modellen von IsoConc (Abb. 125), sofern diese Ergebnisse übertragbar

sind, da IsoConc zwei unabhängige Modelle liefert und ein Modell aus Fleisch allein nicht sehr plausibel ist.

Ein vergleichbares Ernährungsmuster kann auf die Individuen, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden, übertragen werden. Den größten Einfluss auf die Ernährung haben mit 24,1 % bzw. 23,2 %. Schafe/Ziegen und Schweine. Der Anteil von Rindern steigt minimal auf 19,1 %, wobei der Anteil von Hühnern (µ: 15,0 %; sd: 12,7 %) und Pflanzen (µ: 18,6 %; sd: 13,9 %) in der Biomasse nahezu identisch bleibt. Bei der Untersuchung der Individuen aus dem Friedhofsteil Horizont 2 ergibt sich ein leicht abgewandelter Ernährungsstil. Schafe/Ziegen (µ: 20,6 %; sd: 15,6 %) und Schweine (µ: 22,3 %; sd: 14,6 %) sind immer noch die wichtigsten Fleischlieferanten, doch Pflanzen sind mit einem Biomasseanteil von 22,8 % gleichermaßen bedeutsam. Einen fast gleichermaßen hohen Beitrag zur Ernährung haben Rind (µ: 18,8 %; sd: 14,4 %) und Huhn (µ: 15,5 %; sd: 13,5 %). Im Gegensatz zu den IsoConc-Modellen, gibt es allerdings keinen deutlichen Unterschied zwischen den beiden Friedhofsteilen. Wobei auch hier nur eine Tendenz angegeben wird, da die Stichprobengröße für die Berechnung des Medians der beiden Friedhosteile, der für die Modelle die Durchschnittsbevölkerung repräsentiert, sehr gering ist.

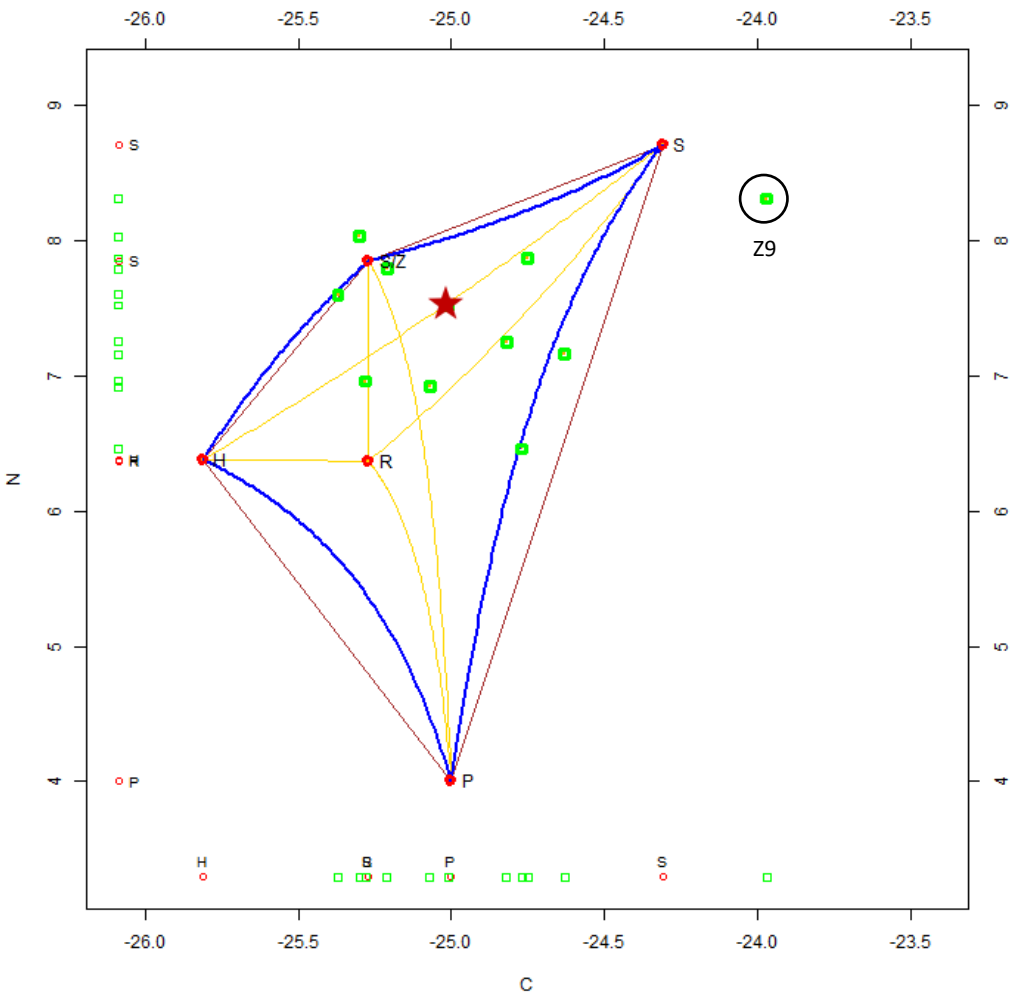


Abbildung 127: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Population aus Zeholfing. Erstellt mit SISUS. Anteile berechnet aus dem Populationsmedian (roter Stern; ohne Neugeborene und Infans 1): **H**: Huhn (µ: 15,8 %), **R**: Rind (µ: 11,7 %), **S**: Schwein (µ: 32,3 %), **S/Z**: Schaf/Ziege (µ: 27,9 %), **P**: Pflanzen (hypothetisch) (µ: 12,4 %).

Das Mischungsmodell, welches mit **SISUS** erstellt wird (Abb. 127), setzt sich aus denselben Nahrungsquellen zusammen wie MixSIAR. Für den Populationsmedian überwiegt die Biomasse der domestizierten Tiere beträchtlich. Pflanzenprotein spielt mit 12,4 % nur eine untergeordnete Rolle in der Ernährung. Der größte Anteil wird durch das Fleisch von Schweinen (µ: 32,3 %; sd: 8,3 %) eingenommen. Einen deutlich geringeren Einfluss auf die Ernährung der Zeholfinger Bevölkerung haben Schafe/Ziegen (µ: 27,9 %; sd: 10,8 %), Hühner (µ: 15,8 %; sd: 11,1 %), und Rinder (µ: 11,7 %; sd: 8,1 %). Ein ähnliches Ernährungsmuster zeigt sich bei den Individuen aus Horizont 1 (Abb. A 444, Abb. A 445). Im Gruppenmedian der Menschen aus Horizont 1 macht das Fleisch von Schafen und Ziegen den höchsten Biomasseanteil aus (µ: 34,1 %; sd: 9,5 %), gefolgt von den weiteren Nutztieren (µ Schwein: 31,4 %; µ Huhn: 13,7 %; µ Rind: 9,8 %) und auch Pflanzenprodukten (µ: 10,9 %; sd: 7,7 %). Beim Nahrungsnetz der Individuen aus Horizont 2 (Abb. A 449, Abb. A 450) steigt der Pflanzenanteil der Ernährung im Vergleich zu Horizont 1 immens auf ca. 46 % (Tab. A 56). Die Anteile der verschiedenen Nutztiere weichen ebenfalls von den Werten von Horizont 1 ab. Während der Anteil von Schwein in der Ernährung der Individuen aus Horizont 2 mit 31,2 % annäherungswiese gleich bleibt, sinkt der Einfluss von Schweinen (µ: 31,2 %) und Rindern (µ: 13,0 %) nur leicht. Der Anteil von Schaf/Ziege sinkt dagegen immens (µ: 4,6 %; sd: 3,2 %).

Das Individuum Z9 liegt knapp außerhalb des Nahrungsnetzes, doch die Abweichung ist mit ca. 1 ‰ nur sehr gering, sodass eine nicht lokale Subsistenzstrategie unwahrscheinlich ist.

Der Vergleich der Originalauswertung und der Ergebnisse, die sich mit Hilfe der Mischungsmodelle ergeben, zeigt, dass sich beide Interpretationen in ihrer Kernaussage ähneln. Die pflanzliche Ernährung basiert auf C_3-Pflanzen. Durch die Mischungsmodelle konnte festgestellt werden, dass lediglich domestizierte Tiere für das Nahrungsnetz notwendig sind, besonders Schwein, Rind, Schaf/Ziege, aber auch Geflügel. Wild spielt keine Rolle bei der Ernährung. Pflanzen sind für die Ernährung notwendig, aber der Anteil pflanzlicher Proteine ist für die Durchschnittsbevölkerung sehr gering. Physiologisch ist dies durchaus möglich, aber dennoch unwahrscheinlich. Es ist möglich, dass es sich um Überrepräsentanz von tierischem Protein handelt, da der Stickstoffisotopenwert des Populationsmedians nahe an den Fleischwerten liegt. Dennoch spricht der Isotopenwert für einen hohen Anteil an tierischem Protein. Daher ist es auch denkbar, dass der geringe Biomasseanteil von Pflanzen in der Durchschnittspopulation durch den geringen Proteinanteil der konsumierten Pflanzen und Pflanzenprodukte entsteht, wie z.B. Getreide und prozessierte Getreideprodukte. Es zeigt sich dennoch, dass der Fleischkonsum im Vergleich zu den spätantiken und frühmittelalterlichen Populationen ansteigt.

Die erhöhten Stickstoffisotopenwerte der Individuen, die in Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden, deutete die bivariate Auswertung als erhöhten Fleischkonsum, der durch eine Besserstellung dieser Individuen entstand. Die konzentrationsbasierten Mischungsmodelle unterstützen diese Aussage, da

nicht nur ein höherer Fleischanteil für die Individuen aus Horizont 1 (n= 9) berechnet wurden, sondern auch ein höherer Pflanzenanteil in der Ernährung der Menschen aus Horizont 2 (n = 2) festgestellt wurde. Eine Bestattung zweier unterschiedlicher sozialer Schichten in den beiden Friedhofsabschnitten ist also durchaus realistisch. Jedoch muss man auch beachten, dass die beiden Horizonte eine unterschiedliche Datierung aufweisen (Kap. 2.4.3). Allerdings zeigt sich durch die weite Streuung der Daten im Nahrungsnetz, wie individuell die Ernährung der Bevölkerung aus Zeholfing war. Darüber hinaus wurden die Modelle auf dem Median der Population sowie der einzelnen Horizonte berechnet, wobei die Stichprobengröße jeweils sehr klein ist, sodass die Interpretation hinsichtlich der beiden Horizonte nur einen Trend signalisiert. Dennoch deuten sowohl die Originalinterpretation als auch die Ergebnisse der konzentrationsbasierten Mischungsmodelle auf Gruppenunterschiede hin, wenn auch nur tendenziell.

Tabelle 65: Zusamenfassender Vergleich der Ergebnisauswertung von **Zeholfing**. Linke Spalte: ursprüngliche Originalinterpretation. Rechte Spalte: neue Ergebnisse, die mittels konzentratationsabhängigen Mischungsmodellen erzielt wurden.

AUSWERTUNG	
Original **Literatur:** Strott 2007	**Konzentrationsabhängiges Mischungsmodell**
Methode: bivariate Auswertung mittels Kollagenisotopie Pflanzen: C_3-Pflanzen Horizont 1a-c höhere $\delta^{15}N$-Werte: erhöhter Fleischkonsum → mögliche besser-gestellte Bevölkerungs-schicht	**Methode**: IsoConc, MixSIAR, SISUS, Kerndichte Pflanzen: C_3-Pflanzen bedeutendste Fleischlieferanten: Schwein, Schaf/Ziege, Rind → kein Wild, nur domestizierte Tiere Horizont 1: höherer Fleischkonsum als Horizont 2 Horizont 2: höherer Pflanzenkonsum als Horizont 1 → soziale Stratifizierung ABER: nur Tendenz, da kleine Stichprobengröße weit verstreute Isotopenwerte → sehr individuelle Ernährung

5 Diskussion

5.1 Mischungsmodelle

5.1.1 Programmvergleich

Das Programm **IsoConc** beruht auf einer Matrixberechnung. Das Excel-Sheet, in dem die Parameter eingegeben werde, ist einfach zu handhaben und sehr überschaubar. Das dabei entstehende Nahrungsnetz kann durch die gewohnten Excel-Funktionen überarbeitet werden und lässt die Darstellung nach den eigenen Wünschen anpassen, wie z.B. das Einfügen weiterer Punkte oder Beschriftungen oder die Anpassung der Größe und Farbe. Die Einfachheit führt allerdings auch zu einigen Nachteilen. Es können nur $\delta^{13}C$ und $\delta^{15}N$ als Isotopensysteme verwendet werden, zudem können lediglich drei Endpunkte eingefügt werden. Es gilt die Regel (Erhardt et al. 2014):

Gruppe Endmember = Gruppe Isotopensysteme + 1

Außerdem kann nur eine Mischung, also ein Konsument, untersucht werden. Für die Auswertung des Populationsmedians ist das ausreichend. Sobald allerdings ein Fundort mit mehreren Individuen ausgewertet wird, muss für jedes einzelne der Individuen eine neue Datei angelegt werden. Bei Fundorten mit wenigen Individuen, wie die neolithischen Fundorte aus Griechenland, ist der Arbeitsaufwand angemessen. Für Fundorte wie Regensburg, mit über 100 Gräbern, ist es unnötig aufwendig.

Tabelle 66: Vor- und Nachteile des Programms IsoConc.

VORTEIL	NACHTEIL
• benutzerfreundlich • übersichtlich • einfache Handhabung • Diagramme lassen sich nach dem Erstellen individualisieren	• nur drei Endmember verwendbar • nur zwei Isotopensysteme verwendbar • nur ein Konsument verwendbar
NUTZEN: anfänglicher Überblick	

IsoConc ist durch seine Einfachheit und Übersichtlichkeit als erste Analyse trotz seiner Einschränkungen durchaus geeignet, hauptsächlich für den Populationskontext. Tiefgreifende archäologische und anthropologische Fragestellungen lassen sich zwar nicht damit beantworten, aber es verschafft einen groben Überblick, welche Endmember überhaupt als Nahrungsquellen fungieren können. Zusätzlich ist es möglich, fehlende Nahrungsquellen zu erfassen und registrieren. Allerdings nur bedingt, da nur drei Endmember möglich sind. Es ist nicht ausreichend für eine alleinstehende, aussagekräftige Analyse, kann aber zum einen vorläufige Ergebnisse einer Studie darstellen und zum anderen eine Basis für weitere Auswertungen bilden.

Das R-Modul **MixSIAR** basiert auf Bayes-Berechnungen mit Markov-Chain-Monte-Carlo-Verfahren (Stock und Semmens 2016b), wodurch es die Ergebnisse simuliert. Für die Endmember müssen mindestens 2 Isotopensignale zur Berechnung des Mittelwertes angegeben werden. Es können keine Mediane für die Endmember eingesetzt werden, obwohl der Median für Ernährungs- und Populationsuntersuchungen besser geeignet ist, da Ausreißer weniger Einfluss auf den Wert nehmen, sondern nur Mittelwerte oder die Rohdaten, was man jedoch prinzipiell umprogrammieren könnte. Der Mittelwert ist deutlich empfindlicher gegenüber Ausreißern und hohen Wertespannen und dem Median, in Abhängigkeit zur Fragestellung, unterlegen.

Die Gruppe an Individuen, die untersucht werden kann, ist nicht durch MixSIAR eingeschränkt, jedoch werden die Dateien für die Mischungsmodelle beim Ausgeben der Modelle automatisch geöffnet. Allerdings kann R nur 63 Fenster gleichzeitig öffnen und bricht danach den Prozess ab, wodurch nicht alle Modelle ausgegeben werden oder die Berechnungen der Anteile der Endmember unterbrochen wird. Es ist jedoch nicht ratsam, bei einer individuellen Analyse einen Fundort in mehrere Läufe zu unterteilen, weil die Voraussetzungen im Falle einer Simulation für jeden Lauf anders sind. Die Fensterbeschränkung kann in R nicht abgestellt werden. Man kann es zwar im Skript umgehen, indem man R befiehlt die Abbildungen zu speichern ohne sie zu öffnen, dies ist innerhalb von MixSIAR allerdings nicht möglich. MixSIAR öffnet die Posterior-Dichte-Plots automatisch, bis entweder alle Individuen berechnet wurden oder das Maximum von 63 Individuen erreicht wird. Bei diesem Schritt muss der User sich einklinken und die Fenster, die MixSIAR öffnet, manuell schließen.

MixSIAR gibt für jede Gruppe oder Individuum ein Ergebnis aus. Das hat den Vorteil, dass es auch für Gruppen/Individuen, die nur leicht vom möglichen Netz abweichen, noch ein Ergebnis berechnet. Der Nachteil darin besteht allerdings, dass bei einer größeren Abweichung des Konsumenten vom Nahrungsnetz ein Fehlergebnis vorliegt. Säuglinge, wie zum Beispiel in Nevalı Çori, liegen üblicherweise deutlich außerhalb eines Nahrungsnetzes. Trotzdem erzielt MixSIAR ein Ergebnis, dass sicherlich falsch ist, weil es sich um Säuglinge handelt, die noch gestillt wurden. Auch für allgemeine Ausreißer mit einer enorm abweichenden Ernährung werden Ergebnisse in MixSIAR kalkuliert. Wenn also zuvor keine Ausreißeranalyse gemacht wurde, werden diese vom Modell nicht erkannt, sondern können möglicherweise fehlinterpretiert werden. Dies gilt folglich auch, wenn ein missing endmember für die Population vorliegt: er bleibt unerkannt. Da es sich jedoch um eine Simulation handelt, wird das nicht erkenntlich. Man sollte generell so viele Nahrungsquellen wie nötig einsetzen, aber so wenige wie möglich, auch bei Simulationen.

Die Auswertung beschränkt sich nicht auf zwei Isotopensysteme, da noch weitere Isotopensysteme, wie z.B. Schwefel, verwendet und ausgewertet werden.

Tabelle 67: Vor- und Nachteile des Programms MxiSIAR

VORTEIL	NACHTEIL
• R-Skript oder GUI nutzbar • Endmember ≥ Isotopensysteme + 1 • keine Einschränkung der Individuenzahl (nur von R selbst) → Individualuntersuchung sehr einfach • schöne Diagramme/Abbildungen	• ausführliche Einarbeitung notwendig • Abbildungen z.T. nicht anpassbar • nicht intuitiv nachprüfbar (Lage der Punkte im Nahrungsnetz) • erzielt immer ein Ergebnis
NUTZEN: Quantifizierung der Biomasse ABER einige Schwächen	

Trotz seiner Schwächen und der intensiven Einarbeitung, die notwendig ist, um das Programm zu nutzen, ist MixSIAR eine gute Möglichkeit die Biomasse der Nahrungsquellen zu quantifizieren. Achtet man auf die Problematik, die MixSIAR mit sich bringt, ist das R-Modul zur Ernährungsrekonstruktion durchaus geeignet, für anthropologische Fragestellungen in der Praxis jedoch problembehaftet.

SISUS ist zur Erstellung von Mischungsmodellen und Auswertung von Ernährungsverhalten sehr gut geeignet. Es ist kein alleinstehendes Programm, sondern besteht aus zwei Komponenten: der Excel-Datei und der R-Anwendung. Die Excel-Datei ist klar strukturiert und alle Einstellungen klar gekennzeichnet und im ersten SISUS-Excel-Blatt kurz erklärt. Ausführlichere Erklärungen zu den Einstellungsmöglichkeiten gibt es im begleitenden Handbuch (Erhardt 2014), welches eine leichte Einarbeitung möglich macht. Trotz einer Vielzahl an Excel-Tabs ist die Datei sehr übersichtlich und durch die einfache Handhabung ebenso benutzerfreundlich.

Die Excel-Datei wird nach dem Ausfüllen in R eingelesen. Die Installation von SISUS in R kann leider etwas zeitaufwendig sein. Zwar ist SISUS eine Art R-Modul, doch kann es nicht über den üblichen R-Befehl installiert werden, sondern erfordert manuelle Schritte. SISUS verläuft auch nicht über ein R-Skript, sondern nur über einen einzigen Befehl (*sisus.run*). Die Fülle an Möglichkeiten, die R eigentlich anbietet, wird nicht ausgeschöpft, sondern läuft im Hintergrund. Die Abbildungen können nicht individualisiert oder angepasst werden (z.B. Skalierung, Schriftart, -größe). Das Mischungsmodell per se ist sehr logisch: Individuen müssen im Netz liegen, um ein Ergebnis zu erzielen. Für Individuen außerhalb des Endpunktenetzes gibt es kein Ergebnis. Mathematische Ausreißer, die deutlich von der lokalen Subsistenzökonomie abweichen, da sie außerhalb des Messfehlers liegen, und die nicht im Mischungsmodell liegen, werden nicht beachtet, sondern müssen manuell interpretiert werden. Dies hat allerdings den Nachteil, dass Individuen, die nicht als Ausreißer gelten und nur knapp außerhalb des gespannten Netzes liegen ebenfalls kein Ergebnis erzielen. Dies ist allerdings nur ein Nachteil für die individuelle Auswertung und nicht für die allgemeine Auswertung der Subsistenzstrategie der Durchschnittsbevölkerung.

Der größte Vorteil von SISUS ist die Nutzung von mehr als drei Endpunkten. Wie bei MixSIAR auch muss man beachten, dass aus rein mathematischen Gründen bei zwei Isotopensysteme drei Nahrungsmittel

zuverlässig quantifiziert werden können (Phillips 2012), über diese Gruppe hinaus wird das Ergebnis steigend unscharf. Es gilt also auch hier: so viele Nahrungsquellen wie nötig, so wenige wie möglich.
In SISUS können bis zu 100 Individuen gleichzeitig in einem Dokument ausgewertet werden. Hat man in der Excel-Datei die Datenbeschriftung eingefügt, wird die resultierende Abbildung allerdings sehr unübersichtlich, weil die Datenbeschriftung für jeden einzelnen Punkt eingefügt wird. Die Lösung für dieses Problem ist recht einfach: die Individuumsnummer aus der Exceltabelle löschen. Somit entsteht ein gutes Übersichtbild mit der Datenverteilung. Für die Populationsauswertung können die einzelnen Daten durch den Populationsmedian ausgetauscht werden. Übersteigt man die Gruppe an Individuen, ist man gezwungen die Individuen in mehrere Gruppen zu unterteilen und mehr als eine Runde laufen zu lassen. Da SISUS aber nur Individuen einschließt die im Netz liegen, sind die Ergebnisse noch vergleichbar, weil es sich hierbei nicht um eine Simulation wie in MixSIAR handelt. Die Abbildungen der getrennten Gruppen lassen sich für eine einfachere Darstellung über ein Bildbearbeitungsprogramm zusammenfügen, sodass die unterteilten Gruppen eines Fundorts verglichen werden können.

Tabelle 68: Vor- und Nachteile des Programms SISUS.

VORTEIL	NACHTEIL
• anfängerfreundlich • gutes Handbuch • übersichtlich • Endmember ≥ Isotopensysteme + 1 • weitere Isotopensysteme anwendbar	• Abbildungen lassen sich nicht in R bearbeiten
NUTZEN: Quantifizierung der Biomasse	

SISUS ist eine sehr gute Methode, um die Biomasse der einzelnen Nahrungsmittel zu quantifizieren. Daher ist es für Fragestellungen, die sich auf Ernährungsrekonstruktion beziehen, überaus gut einsetzbar. Folglich ist es auch für die Interpretation der Subsistenzökonomie geeignet. Die Auswertung beschränkt sich bei SISUS ebenfalls nicht auf zwei Isotopensysteme. Es können noch weitere Isotopensysteme (z.B. Schwefel) ausgewertet werden.
Welches Programm zur Ernährungsrekonstruktion verwendet wird, ist abhängig von der Fragestellung. IsoConc ist nur für einen ersten Überblick geeignet. Für die Quantifizierung der verschiedenen Nahrungsquellen sollten MixSIAR oder SISUS verwendet werden, wobei SISUS präferiert wird, da es ein nachvollziehbares Netz bildet, im Gegensatz zu MixSIAR und Individuen, die außerhalb des Netzes liegen werden nicht falsch eingeschätzt, sondern müssen manuell ausgewertet werden. SISUS ist für die Auswertung der Isotopendaten prähistorischer Fundorte sehr gut geeignet, weshalb in der Auswertungsdiskussion auf diese Ergebnisse Bezug genommen wird.

Es gibt noch **weitere Programme**, die in Zusammenhang zur Ernährungsrekonstruktion getestet wurden. Darunter das R-Modul *SIBER* (Jackson et al. 2011). Dieses Modul ist jedoch ungeeignet zur Ernährungsrekonstruktion. Es stammt, wie die meisten Mischungsmodelle, aus der Ökologie. Primär fungiert es allerdings zur Untersuchung von Nischenverhalten, basierend auf Nahrungsquellen. Es ist daher abzuraten, es für anthropologische Fragestellungen bezüglich Ernährungsrekonstruktion und Subsistenzstrategie zu nutzen. Ein weiteres eigenständiges Programm, was zur Ernährungsrekonstruktion verwendet wird, heißt *FRUITS* (Fernandes et al. 2014). FRUITS kann genutzt werden, um Aminosäuresequenzanalysen auszuwerten und wird zur Ernährungsrekonstruktion, auch von archäologischen Funden, hinzugezogen. Es gibt nur einen Punkt, der hierbei stört: es gibt viele Parameter (z.B. Fett- oder Proteinanteile), die eingesetzt werden müssen, die bei archäologischen Funden nur berechnet werden können oder hypothetisch sind. Dies ist bei der Re-Evaluation von Daten, wie in der vorliegenden Arbeit, also ein großes Hindernis. Hat man diese Daten allerdings gemessen, stellt dies kein Problem mehr dar. Auch bei der Auswertung von modernen Proben ist dies kein Problem, da man moderne Vergleichswerte hinzuziehen kann. FRUITS stellt also eine gute Alternative dar, um Biomasseanteile in der Ernährung zu kalkulieren.

5.1.2 Konzentrationsberechnung

Die Konzentration von Stickstoff und Kohlenstoff für die konzentrationsabhängigen Mischungsmodelle wurde in dieser Arbeit basierend auf den Makronährstoffen entsprechender Nahrungsmittel kalkuliert und mit den gemessenen Konzentrationen aus dem Knochenkollagen verglichen.

Die Ergebnisse zeigen, dass sich bei der Konzentrationsberechnung (Formel 5 – Formel 8) nur geringe Unterschiede in der Stickstoffkonzentration ergeben, wohingegen die Kohlenstoffkonzentration zwischen Kalkulation und Messung im Knochenkollagen variiert (Kap. 4.1, Tab. A 3). Dass sich die gemessenen und berechneten Stickstoffkonzentrationen nicht sehr unterscheiden ist aus biologischer Sicht nicht verwunderlich. In der Berechnung der Stickstoffkonzentration bezieht man sich nur auf die Proteinkomponente (Formel 8.2, Formel 9.2), weil Proteine die häufigste in der Natur vorkommende Stickstoffquelle sind, sodass Parameter wie Kohlenhydrate oder Fett keinen Einfluss auf diese Berechnung haben. Die Stickstoffkonzentration im Knochen, jedenfalls bei anthropologischen Fragestellungen, wird im Kollagen gemessen. Die geringe Differenz der gemessenen und berechneten Stickstoffkonzentration ist vermutlich durch die hohe Ähnlichkeit in den für die Stickstoffkonzentration abhängigen Komponenten, also Protein, bedingt. Hier muss man den Baustoffwechsel im Körper beachten, der auch für die Ähnlichkeit des $\delta^{15}N$ im Körperprotein unterschiedlicher Gewebe sorgt (Ambrose 1993). Kohlenstoff hingegen kommt sowohl in Fett, Proteinen als auch Kohlenhydraten vor. Kollagen ist ein Protein. Fleisch zum größten Teil ebenso, aber in diesem Gewebe befinden sich noch Fett und teilweise auch Kohlenhydrate. Die prozentualen Anteile von Fett und Kohlenhydrat sind

jedoch abhängig von Tierart und Fleischstück (USDA). Somit fehlt in der Kohlenstoffkonzentration, gemessen im Knochenkollagen, die Anteile von Fett und anderen Komponenten. Der größte Unterschied zwischen Kollagen und Fleisch ist vor allem das Fett. Dementsprechend unterscheidet sich die berechnete Kohlenstoffkonzentration, die Fett einkalkuliert, von der, die im Kollagen gemessenen wird und nur auf Protein basiert.

Die Berechnung der Konzentrationswerte hat allerdings den Nachteil, dass die Anteile moderner Makronährstoffe in der Kalkulation verwendet werden müssen, die möglicherweise von denen im Fleisch prähistorischer Tiere und in prähistorischen Pflanzen abweicht. Sieht man jedoch die geringe Differenz der gemessenen und berechneten Stickstoffkonzentration, scheinen mögliche Abweichungen zwischen prähistorischen und modernen Tierproben vernachlässigbar klein zu sein. Folglich stammen die Unterschiede bei der Berechnung der Kohlenstoffkonzentration von den einzelnen Komponenten und nicht dadurch, dass es sich um moderne Makronährstoffwerte handelt, was wiederum bedeutet, dass die berechnete Konzentration deutlich genauer und realistischer ist. Für die Ernährungsrekonstruktion durch Mischungsmodelle, bei welcher die Ernährung simuliert wird, ist es erforderlich, die verschiedenen Proxyparameter so realistisch wie möglich zu setzen. Ein weiterer Nachteil in der Berechnung besteht darin, dass die Informationen mancher Spezies nicht zur Verfügung stehen oder nicht genauer spezifiziert werden. Beispielsweise werden Rothirsch und Reh bei der USDA-Datenbank nicht unterschieden, sodass bei diesen beiden Tierarten aufgrund ihrer Ähnlichkeit die Komponenten der Kategorie „Hirsch“ zur Berechnung verwendet wurde. Da sich beide Tierarten in derselben biologischen Familie befinden, sind die möglichen Unterschiede gering und vertretbar. Schwieriger wird es bei Tieren wie der Gazelle, da diese von der USDA-Datenbank nicht erfasst wird, sodass für diese Tierart schlichtweg keine Nährstoffinformation vorliegen und dementsprechend keine Konzentrationen berechnet werden konnten. In diesem Ausnahmsfall ist es daher unumgänglich, auf die Konzentrationswerte von Stickstoff und Kohlenstoff, die im Knochenkollagen gemessen wurden, zurückzugreifen, sofern das Kollagen in den archäologischen Proben ausreichend gut erhalten ist.

Für hypothetische Werte, wie den Pflanzen, war die Berechnung der Konzentrationswerte eine gute, in diesem Fall, auch die einzige Option, die zur Verfügung stand. Die Berechnung der Konzentration einzelner Endpunkte und Nahrungsquellen zur Ernährungsrekonstruktion durch konzentrationsabhängige Modelle ist somit sehr empfehlenswert, da so möglichst realistische Ausgangspunkte für die Nahrungsnetze vorgegeben werden.

5.2 Ausreißer und in der Isotopie auffällige Individuen

Statistische Ausreißer lassen sich in allen Datensätzen unter Berücksichtigung des archäologischen Kontexts feststellen. Wenn es sich bei den Ausreißern um Säuglinge handelt, muss man immer den Stilleffekt beachten. Die Säuglinge sind zwar Teil der Population, aber hatten eine vollkommen andere Ernährung im Vergleich zum Bevölkerungsdurchschnitt. Entweder sie zeigen ein deutliches Stillsignal oder sie weisen im Stickstoffisotopenwert keinen Stilleffekt auf, wenn es sich um Neugeborene handelt, da diese noch keinen Stilleffekt aufweisen, sondern den Isotopenwert der Mutter (Pearson et al. 2010). Bei Säuglingen, die einen Stilleffekt aufweisen, erkennt man deutlich das Elterninvestment. Die Babys wurden gestillt und von den Eltern versorgt und gepflegt. In jedem Fall muss man beachten, dass es sich hier um Individuen handelt, die verfrüht verstorben sind und möglicherweise eine Krankheit hatten, die sich auf den Metabolismus oder das Ernährungsverhalten der Individuen auswirkte, was letztendlich zum Tod führte. Unabhängig von Fundort und Epoche nehmen Säuglinge und Neugeborene keinen Einfluss auf die Ökonomie oder spiegeln diese wider.

Bei Kindern, die das Säuglingsalter überstanden haben, und Erwachsenen, die mit ihren Werten deutlich von der Population abweichen, kann es sich um eine immigrierte Person oder eine andere soziale Schicht handeln, die sich von anderen Nahrungsquellen ernährt hat und verstarb bevor sich das Knochenkollagen an eine lokale Ernährungsweise angepasst hat. Durch die Remodellierung im Knochen (Kap. 1.5) kommt es zu einem „Mischsignal“ im Isotopenwert, der im Knochenkollagen gemessen wird. Das bedeutet, dass der Isotopenwert der lokalen Ernährungsweise, abhängig von der Umbaurate des Knochens, im Knochenkollagen eingebaut wird, sodass es zu einer Mischung der alten und neuen Ernährungsweise kommt. Dies ist jedoch jeweils individuell im Kontext zur Population zu prüfen. Als extreme Ausreißer gelten nur Individuen, die von der lokalen Ernährungsweise abweichen. Ausreißer, die zwar mathematisch als Ausreißer bestimmt werden oder außerhalb des Nahrungsnetzes liegen, sind nicht zwangsläufig Individuen, die von der lokalen Wirtschaftsweise abweichen, da sowohl der Messfehler beachtet werden muss und auch die individuelle Ernährungspräferenz und soziale Unterschiede eine Rolle spielen. Menschen sind in Bezug auf ihre Ernährung Generalisten. Das bedeutet, dass leichte Abweichungen vom Bevölkerungsdurchschnitt nicht zwangsläufig auf *missing endmember* zurückzuführen sind, besonders da für die Nahrungsquellen Mediane eingesetzt werden. Daher werden als auffällige Individuen nur die Menschen besprochen und behandelt, die einer anderen Subsistenzstrategie entsprechen.

6 Diskussion: Auswertung der Fundorte

6.1 Die Ernährung und Ökonomie im Neolithikum

Es muss betont werden, dass die Stichprobengröße der neolithischen Siedlungen pro Fundort verhältnismäßig klein ist, was für neolithische Verhältnisse nicht ungewöhnlich ist. Aus diesem Grund sollten die Ergebnisse des *Isotopic Sourcing* nicht zwangsläufig auf die gesamte Population übertragen werden, sondern bilden nur einen kleinen Ausschnitt der Population ab. Darüber hinaus repräsentieren die Fundorte aufgrund der ^{14}C-Datierungen teils Zeitspannen über mehrere Jahrhunderte hinweg und sind nicht in präzisere zeitliche Etappen unterteilbar. Das neolithische Paket entstand in Form einer *de novo* Bildung in den Regionen des fruchtbaren Halbmonds und erreichte Griechenland in seiner voll entwickelten Form. Von dort aus breitete es sich in ganz Europa aus (Kap. 1.3). Die Schritte, um sich an die neue Lebensweise anzupassen bzw. die neue Lebensweise an die vorherrschende Kultur adaptieren, waren deutlich kleiner und waren schneller durchzusetzen als die Neuentwicklung des neolithischen Pakets in der Türkei.

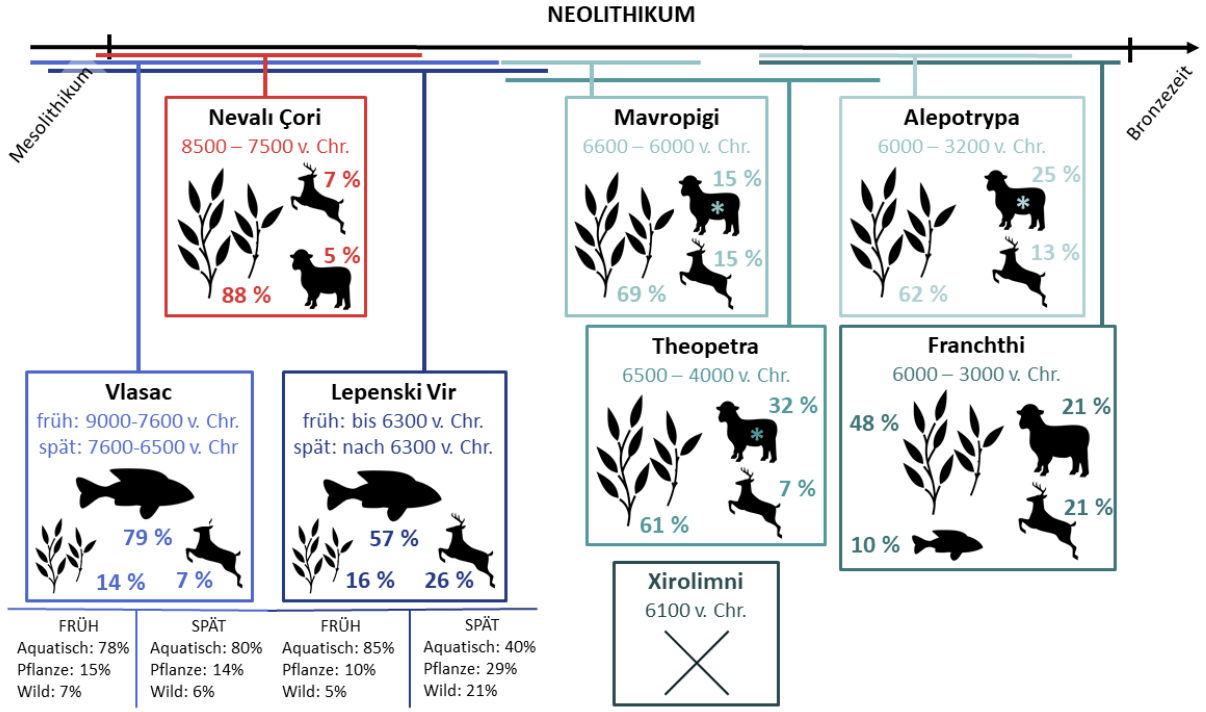


Abbildung 128: Zusammenfassung der neolithischen Ergebnisse (SISUS). Hirsch: repräsentativ für Wild; Fisch: repräsentativ für aquatische Ressource, Schaf: repräsentativ für domestizierte Tiere; *: Anteil der domestizierten Tiere (Schafe/Ziegen, Rind)

Die Bevölkerung des ältesten Fundortes, Nevalı Çori, der Teil des fruchtbaren Halbmondes ist, zählt zu den wichtigsten Orten des Frühneolithikums. Die Menschen aus dieser Siedlung ernährten sich überwiegend vegetarisch, aber erweiterten ihre Ernährung mit Fleisch von wilden und domestizierten Tieren, welche zusammen jedoch nur 10 % der Proteinbiomasse ausmachten. Archäobotanische Funde deuten darauf hin, dass das Sammeln von Pflanzen langsam durch Pflanzenanbau ersetzt wurde. Wie

sich im Fundgut zeigte, wurden damals bereits Getreide wie *Triticum monococcum*, *Triticum dicoccum* und *Hordeum distichon*, sowie Hülsenfrüchte angebaut. In den jüngeren Phasen der Siedlung nimmt die Zahl an kultivierten Getreiden zu (Pasternak 1995), während Hülsenfrüchte im Fundgut in ihrer Menge abnehmen. Diese Tendenz deutet darauf hin, dass eine Spezialisierung in der Pflanzenzucht in Richtung Getreide stattfand.

Die Isotopenwerte der Pflanzen auf Basis der Herbivoren zu berechnen, war für die Funde aus Nevalı Çori nicht möglich. Die daraus resultierenden Werte waren den Menschen entweder zu ähnlich oder sogar höher als die menschlichen Ernährungswerte. Der Grund dafür liegt vermutlich am semi-ariden Klima, das die Region um Nevalı *Çori* dominiert. Bei einer derartigen klimatischen Umgebung passt sich der Metabolismus mancher Pflanzenfresser an (Ambrose 1991), sodass sich der δ^{15}N-Wert im Kollagen erhöht und hierdurch an die Menschenwerte angleicht oder sie sogar übertrifft. Aus diesem Grund waren die realistischen, hypothetischen Werte für die Modelle eine gute Methode.

Mittels *Isotopic Sourcing* war es möglich, den Anteil an konsumierten Pflanzen zu quantifizieren, die bei einigen Individuen bis zu 90 % der Ernährung ausmachten und eine vegetarisch basierte Ernährung bestätigen. Somit waren 10 % des Proteins folglich tierischen Ursprungs (Kap. 4.2, A Tab. A 40 – 41).

Im Mischungsmodell wurden sowohl Wildtiere als auch frühe Formen domestizierter Tiere als Nahrungsquelle gesetzt. Das Mischungsmodell verdeutlicht, dass Jagen trotz des Vorhandenseins von domestizierten Tieren immer noch eine wichtige Rolle gespielt hat und bestätigt, dass domestizierte Tiere nicht auf regulärer Basis geschlachtet und verzehrt wurden, sondern z.B. für ihre Sekundärprodukte und als soziales Statussymbol gehalten wurden.

Nun sind die beprobten Individuen der Siedlung in verschiedene archäologische Schichten (Schicht I/II bis VI-VIII, Tab. 4) aufgeteilt (Lösch 2003), mit denen prinzipiell mögliche Unterschiede sichtbar gemacht werden können. Die Individuen aus den verschiedenen Leveln weisen jedoch keine isotopischen Unterschiede auf. Es wird allerdings deutlich, dass Pflanzen für die Bevölkerung stets bedeutend waren. Ihr Anteil in der Ernährung ist in jeder Schicht deutlich präsent und teilweise sehr hoch (Tab. A 40 – 41). Auch wenn im Laufe des Neolithikums die Zahl der Gazellen abnahm und die der domestizierten Tiere zunahm, waren die Wildtiere doch deutlich in der Überzahl (Peters et al. 1999, von den Driesch and Peters 2001, Vigne 2008). Prozentual gesehen sanken Gazellen im Fundgut 60 % (Level I/II) auf 40 % (Level IV/V) (Hauptmann 2011) und der Anteil von domestizierten Tieren stieg im Neolithikum an (Peters et al. 2004, Vigne 2008). Diese Änderungen konnten durch das Isotopic Sourcing nicht in der Ernährung der Menschen bestätigt werden. Man kann jedoch darauf schließen, dass domestizierte Tiere trotz ihrer Präsenz nicht in den Vordergrund der Ernährung rückten und Jagd immer noch eine Rolle spielte. Darüber hinaus ist erkennbar, dass Pflanzenkultivierung wichtiger und möglicherweise sogar weiter entwickelt war, als die Domestikation von Tieren.

In Griechenland, in dem die neolithische Kultur vollständig entwickelt ankam, ernährten sich die Menschen immer noch hauptsächlich von vegetabilen Produkten. Prinzipiell erwartet man durch das neolithische Paket, dass im Neolithikum sehr viel mehr Fleisch konsumiert wurde als von präneolithischen Populationen, allein aufgrund der einfachen Zugänglichkeit zu Fleisch von domestizierten Tieren. Der Großteil des Proteins der Populationen aus Griechenland stammte jedoch von C_3-Pflanzen und widerspricht damit dem Gedanken, dass Fleisch im Neolithikum in den Vordergrund rückt. Folgt man dem geographischen Verlauf des Neolithikums, also von den Festlandfundorten Griechenlands zu den Küstenorten, ist es durchaus korrekt, dass Fleisch mit der Zeit deutlich wichtiger wurde, besonders im Vergleich zu Nevalı Çori. C_3-Pflanzen bleiben in der Proteinbiomasse unverändert der wichtigste Teil, nehmen jedoch einen geringen Anteil ein als noch in Nevalı Çori (Alepotrypa: ~62 %; Franchthi: ~48 %; Mavropigi: ~69 %; Theopetra: ~61 %). Nur der Fleischkonsum hat sich leicht geändert. In allen Modellen hat die Bevölkerung zwar noch Wild (Alepotrypa: ~13 %; Franchthi: ~21 % Hirsch, 11 % Fisch; Mavropigi: ~15 %; Theopetra: ~7 %) verzehrt, aber entweder genauso viel Fleisch von domestizierten Tieren oder sogar mehr (Alepotrypa: ~26 %; Franchthi: ~21 %; Mavropigi: ~16 %; Theopetra: ~32 %). Ausgeschlossen ist hierbei Xirolimni. Xirolimni sticht als neolithischer Fundort deutlich hervor, da mit IsoConc und SISUS keine erfolgreiche Ernährungsrekonstruktion möglich war und somit kein Isotopic Sourcing durchgeführt werden konnte. Aus den verfügbaren Tierisotopensignalen konnten keine Nahrungsquelle in IsoConc und SISUS sinnvoll verwendet werden, um ein Netz zu spannen. Nur mit MixSIAR konnte ein Modell erstellt werden, weil MixSIAR immer ein Ergebnis liefert, egal ob das Nahrungsnetz sinnvoll ist oder nicht. Die Menschen von Xirolimni waren im Allgemeinen in ihren δ^{15}N-Werten erhöht und weichen sogar signifikant von den anderen Festlandfundorten ab. Xirolimni ist geographisch gesehen sehr nahe an Mavropigi und an Theopetra, was eine ähnliche Ernährung wie in diesen beiden Siedlungen vermuten lässt. Die erhöhten Stickstoffisotopenwerte deuten an, dass mehr tierisches Protein konsumiert wurde und weniger Pflanzenprodukte als in anderen neolithischen Siedlungen, wie Mavropigi oder Theopetra. Xirolimni ist ein paar Jahrhunderte jünger datiert als Mavropigi und Theopetra, welche in die frühe Phase des Frühneolithikums datieren, wohingegen Xirolimni in die letzte Phase des Frühneolithikums datiert. Dieser Zeitunterschied von mehreren hundert Jahren ist eine naheliegende Erklärung für diesen Ernährungswandel, bei dem der Anteil von Fleisch in der Ernährung steigt. Auch der Konsum von Milch und Milchprodukten im Neolithikum, wie es von Evershed et al. (2008) untersucht wurde, ist für Xirolimni nicht auszuschließen, trotz der Zeitstellung. Hagl et al. konnten 2013 an neolithischen Skeletten aus Bayern darlegen, dass die Milchwirtschaft in Bayern nicht vor 3000 v. Chr. etabliert wurde, obwohl das neolithische Paket Süddeutschland bereits im 6. Jahrtausend v. Chr. erreichte. Trotzdem dauerte es knapp 2000 Jahre bis Milch in die alltägliche Ernährung aufgenommen wurde. Falls also die erhöhten Stickstoffisotopenwerte in Xirolimni von

Milch und Milchprodukte stammen, hätte es sich um eine außergewöhnliche Wirtschaftsweise gehandelt.

Die domestizierten Tiere, welche bekanntlich ein bedeutender Teil des neolithischen Pakets darstellen, sind der wesentliche Unterschied in der Subsistenzökonomie der neolithischen Fundorte. Während domestizierte Tiere in Nevalı Çori nur sehr selten konsumiert wurden, war in den griechischen Orten, an denen das neolithische Paket in seiner vollentwickelten Form ankam, Wild im Speiseplan zurückgedrängt und durch domestizierte Tiere ersetzt. In beiden Fällen blieben Pflanzen die weitaus wichtigste Nahrungsquelle. Die Bevölkerung blieb also bei einer zwar langsam wechselnden, aber dennoch stabilen Strategie, die sich erfolgreich über Jahrtausende gehalten hat. Ein durchaus nachvollziehbares Verhalten, wenn man bedenkt, dass das Domestizieren, Halten und Züchten von Tieren sehr zeitaufwendig und ebenso anfällig gegenüber Störungen und plötzlichen Änderungen (z.B. Krankheiten) sind. Darüber hinaus waren Tiere wie Schafe, Ziegen und Rinder für ihre Sekundärprodukte wie Milch geschätzt. Das wiederum bedeutet, dass die Menschen aus dem Frühneolithikum ihre Haustiere angemessen halten mussten, was sowohl Futter wie auch medizinische Versorgung beinhaltet, damit sich die Tiere erfolgreich reproduzieren konnten. Dementsprechend ist es nicht überraschend, dass Fleisch auch im Sinne des Aufwands ein sehr teures Gut, und hoch angesehenes Produkt war, welches als sehr kostbar angesehen wurde. Das Schlachten eines Tieres kann damals durchaus mit dem Verlust einer wertvollen Ressource gleichgesetzt werden, da sie eine soziale Bedeutung und auch einen rituellen Kontext innehatte, was wiederum davon zeugt, dass domestizierte Tiere unweigerlich eine Form von Kapital darstellten (Papathanasiou 2015).

Allgemein geht man davon aus, dass die Ökonomie des Neolithikums auf domestizierten Tieren aufbaute (Papathanasiou 2015) und die Bedeutung von Wild somit in den Hintergrund geriet. Im Vergleich zu Nevalı Cori nimmt der Anteil an domestizierten Tieren zu. Wild verschwand allerdings nicht komplett vom Speiseplan, sondern blieb ein wichtiger Teil der Ernährung und ist als Nahrungsquelle nicht zu unterschätzen, was verdeutlicht, dass es noch Bezug zum Jagen gaben und die Menschen das Jagen nie verlernt haben. Dadurch war die Fleischversorgung immer gesichert, auch wenn es Probleme bei der Viehzucht der Haustiere gab und keines der domestizierten Tiere geschlachtet werden konnte. Wild ist hingegen eine gesicherte Nahrungsquelle. Dies gilt auch bei klimatischen Fluktuationen oder Klimaveränderungen. Bei schlechtem Klima oder temporären Veränderungen in der Temperatur waren die Menschen gezwungen, ihr Nahrungsverhalten umzustellen, was andernorts häufig mit erhöhtem Jagdverhalten einherging (Hüster-Plogmann et al. 1999, Schibler und Jacomet 2010). So zeigten Studien an neolithischen Fundorten in der Schweiz, dass bei klimatischen Abweichungen z.B. zwischen 3200 und 3000 v. Chr., die zu Dürrephasen oder auch kälteren Zeiten und dadurch zu ökonomischen Schwierigkeiten führen konnte, der prozentuale Anteil an Wild anstieg (Arbogast et al. 2006, Schibler und Jaomet 2010).

Darüber hinaus kann Jagen als kulturelles Symbol gedeutet werden, wie z.B. Maskulinität, und hat daher einen sozialen Kontext, der eine allgemeine Bedeutung in der Gesellschaft besitzt (Hadjikoumis 2018, Hamilakis 2000b, Papathanasiou 2015).

Man muss bei den Nahrungsquellen auch deutlich auf das archäozoologische Fundgut achten. Erstellt man beispielsweise für Alepotrypa ein sparsames Mischungsmodell, also ein Modell, das mit so wenigen Nahrungsquellen wie möglich auskommt, so besteht das Nahrungsnetz nur aus Pflanzen und den domestizierten Tieren (Schaf/Ziege, Rind) und verzichtet auf Wild. Dieses Modell wäre aber fragwürdig, da im archäobotanischen Fundgut Wildtiere gefunden wurden (Papathansiou et al. 2000). Der Fundkontext hilft zudem zu überprüfen, ob die Anteile im Modell realistisch sind oder Überrepräsentanz vorliegt, d.h., dass eine Nahrungsquelle vom Modell zu hoch geschätzt wird.

Der Fundkontext ist auch notwendig für Fundort-spezifische Ressourcen und Nahrungsquellen. Die neolithische Bevölkerung an den zwei Küstenorten, Alepotrypa und Franchthi, hatten durch ihre Lage Zugang zu marinen Ressourcen. In beiden Fundorten wurden Reste von Muscheln und Fischknochen gefunden, allerdings ist die Quantität von Fischresten nicht aussagekräftig genug (s. Kap. 1.3.1). Der Einfluss der marinen Ressourcen auf die Ernährung der zwei Populationen scheint laut konventioneller Isotopeninterpretation und archäozoologischer Analyse sehr gering zu sein (Mylona 2014, Papathanasiou 2015, Pluciennik 2008, Triantaphyllou 2015). In den Mischungsmodellen von Alepotrypa werden tatsächlich keine marinen Nahrungsquellen benötigt, um ein Nahrungsnetz zu spannen. Fügt man dem Netz marine Quellen hinzu, geht der Anteil ebendieser Quellen nicht über 5 % hinaus. Entsprechend dem niedrigen Anteil werden die marinen Ressourcen auch nicht eindeutig im Knochenkollagen reflektiert. Die neolithische Bevölkerung aus Alepotrypa hat also offensichtlich mehr auf terrestrische Nahrungsmittel zurückgegriffen. Man kann nur spekulieren, warum sie jedoch die marinen Ressourcen nicht näher ausgeschöpft haben. Ein Grund könnte sein, dass Alepotrypa nur saisonal besetzt war (Hadjikoumis 2018, Papathanasiou 2018). Bei Alepotrypa geht man mittlerweile auch von einem kulturell wichtigen Ort aus, der rituelle Bedeutung hat (Papathanasiou 2018). Dieser kulturelle Zusammenhang könnte eine weitere Erklärung für den geringen Konsum aquatischer Quellen sein. Rituale können mit einem symbolischen Schlachten des Tieres verknüpft sein, sodass aquatische Ressourcen überflüssig waren und nur auf terrestrische Produkte zurückgegriffen wurde. Alepotrypa ist noch näher in einzelne Abschnitte des Neolithikums unterteilt. Es gibt jedoch keine Unterschiede in der Ernährung. Im Frühneolithikum betrug der Pflanzenanteil laut SISUS-Modell knapp 58%, domestizierte Tiere 30 % und Wild lediglich 12%. Im späten bzw. finalen Abschnitt des Neolithikums hat Wild immer noch einen Anteil von ca. 12 %, Pflanzen sinken jedoch auf 54% und domestizierte Tiere steigen auf einen Anteil von ca. 34 %. Nur der Median der drei Individuen aus dem Mittleren Neolithikum unterscheidet sich vom Populationsmedian und den anderen

Datierungsphasen. Einen offensichtlichen Shift in der Ernährung gab es in Alepotrypa im Laufe des Neolithikums nicht.

Im Vergleich zu Alepotrypa benötigt man für das Erstellen eines Nahrungsnetzes für Franchthi eine marine Nahrungsquelle im Mischungsmodell, sonst löst sich das Nahrungsnetz nicht auf. Thunfisch ist die einzige marine Art, deren Isotopenwerte lokaler Funde zur Verfügung standen, weshalb diese im Mischungsmodell als Repräsentant für marine Fische zwangsweise gewählt wurden. Tatsächlich ist Thunfisch, neben Seebrasse, im Mesolithikum im archäozoologischen Fundgut am häufigsten vertreten (Farrand 2003), weshalb er ein berechtigter Vertreter der marinen Nahrungsquellen ist. Im Mischungsmodell zeigt sich allerdings, dass Thunfisch nur knapp 10 % der gesamten Biomasse ausmacht. Da der Thunfisch-Datenpunkt ausgehend von nur zwei Thunfischen berechnet wurde, ist es sehr wahrscheinlich, dass die eigentlichen marinen Werte eine höhere Variabilität aufwiesen und möglicherweise näher an der Population lagen, wodurch der Anteil an marinen Fischen und Weichtieren (z.B. Muscheln) in der Ernährung sogar noch höher wäre. Der Anteil von marinen Ressourcen in der Ernährung der Individuen aus Franchthi gleicht, auf dieser Annahme basierend, eher einem Näherungswert, der jedoch abweichen kann. Hieraus ergibt sich die Frage, ob es nicht einen *missing endmember* gibt, der nicht entdeckt wird. In den Modellen in IsoConc und SISUS bildet Thunfisch den oberen Endpunkt (Abb. 49, Abb. 51), der aber durchaus auch durch eine tierische terrestrische Nahrungsquelle ausgewechselt werden könnte. Das ist besonders bei der zeitlichen Einordnung von Franchthi, das zwischen dem frühen/mittleren und dem finalen Neolithikum datiert, wichtig. Man geht davon aus, dass im Frühneolithikum das Angeln und der Konsum von Fisch komplett wegfiel und erst im späteren Verlauf des Neolithikums wieder aufgegriffen wurde (Munro und Stiner 2015). Anhand der SISUS-Modelle wird ein zeitlich abhängiger Ernährungswechsel deutlich. Während im frühen/mittleren Neolithikum Pflanzen mit einem Anteil von ca. 70 % stark dominieren, nimmt ihr Anteil im späten (67,1 %) und finalen (45,6 %) Neolithikum stark ab und werden von domestizierten Tieren verdrängt.

Neben dem Konsum von mehr Fisch als im Küstenort Alepotrypa, wurde in Franchthi auch mehr Wild als von den Menschen aus Alepotrypa konsumiert. Zwar wurden in Franchthi gleichermaßen Wild und domestizierte Tiere konsumiert, im Kontrast zu Alepotrypa ist der Anteil in Franchthi vom prozentualen Proteinanteil in der Biomasse von Wild allerdings höher (ausgehend vom SISUS-Modell: ~22 %). Möglicherweise liegt das an einem kulturellen Zusammenhang, da Alepotrypa ein möglicher ritueller Ort ist.

Der Vergleich dieser zwei Küstenorte ist ein gutes Beispiel für die langsame Aufnahme der neolithischen Kultur in Griechenland, da Wild in beiden Fällen noch in der Ernährung vertreten ist, jedoch in unterschiedlichen Anteilen. Alepotrypa und Franchthi, die sehr ähnliche Lebensbedingungen

aufweisen, zeigen, wie unterschiedlich und flexibel die verschiedenen neolithischen Populationen in ihrer Ernährung und Wirtschaftsweise waren.

Bei der Bevölkerung aus Griechenland handelte es sich also um eine landwirtschaftlich geprägte Kultur, die sich durch Pflanzenanbau und Tierhaltung selbst versorgte, jedoch trotz der Domestikation von Tieren die Jagd von Wildtier nicht komplett aufgab und diese als Fleischquelle und für Rohstoffe nutzte. Mittels der Mischungsmodelle konnten die einzelnen Nahrungsquellen quantifiziert werden, wodurch der Anteil der einzelnen tierischen Fleischquellen angegeben und die Bedeutung der tierischen Ressourcen (Wild, domestizierte Tiere) definiert werden konnte.

Die Ernährung am Eisernen Tor unterscheidet sich hingegen deutlich von der Ernährungsweise der neolithischen Fundorte aus der Türkei und aus Griechenland. Die Ernährung der Bevölkerungen der beiden neolithischen Siedlungen Lepenski Vir und Vlasac basierte, wie zu erwarten, auf aquatischen Nahrungsmitteln wie Fisch, da beide Fundorte direkt am Ufer der Donau lagen. Daher ist es naheliegend, dass die Populationen der beiden Siedlungen den Süßwasserfluss ausschöpften und Fisch folglich als Nahrungsquelle dominiert. Allerdings wurden auch andere aquatische Quellen wie Störkaviar als Nahrungsquelle gewählt. Im Probenumfang der beiden Fundorte gab es noch weitere Süßwasserfische, die mit ihrem Isotopensignal nahe an den Isotopenwerten der berechneten Kaviar-Quelle lag, allerdings haben sie nicht ausgereicht, um das Nahrungsnetz erfolgreich aufzulösen. Man erkennt daran jedoch sehr deutlich, wie verschieden die aquatischen Ressourcen sein können und es sicher auch Süßwasserfische und aquatische Jäger gab, die die Kaviar-Werte erreichen. Dementsprechend macht es Sinn für die Modelle die Kaviar-Quelle als Mischung aquatischer Quellen, in den Modellen Aqua-Mix genannt, zu beschreiben und zu behandeln.

Die Mischungsmodelle zeigen jedoch, dass die Menschen auch regelmäßig terrestrische Proteinquellen genutzt haben. Besonders Pflanzen sind hierbei bedeutend. Zahnsteinanalysen von Proben aus Lepenski Vir und Vlasac bestätigen den Konsum von Pflanzenprodukten, ohne diesen quantifizieren zu können (Cristiani et al. 2016, Kap. 1.3.2). Die Untersuchung von archäobotanischen Überresten aus Lepenski Vir und Vlasac wurde bei deren Ausgrabungen leider nicht erfasst (Cristiani et al. 2016). Die Modelle zeigen aber, dass sie eine wichtige Nahrungsquelle sind. Wildtiere, wie Hirsche, sind ebenso relevant, da sie im Fundgut vorgefunden wurden und daher einen möglichen Einfluss auf die Ernährung hatten und in den Mischungsmodellen verwendet werden konnten. Die Mischungsmodelle bestätigen, dass Wildtiere tatsächlich Teil der Ernährung waren.

Die Form von Tierhaltung fehlt am Eisernen Tor gänzlich. Die Siedlungen lebten unabhängig vom neolithischen Paket und behielten ihre Subsistenzökonomie, die durch die starke Nutzung der lokalen Nahrungsquellen gekennzeichnet ist. Domestizierte Tiere, mit Ausnahme des Hundes, tauchten erst gegen Ende des Neolithikums auf. Der Einschluss von domestizierten Tieren in das Wirtschaftssystem wird außerdem durch das Fehlen von Wildformen verzögert. Domestizierte Tiere konnten im

Gegensatz zu Wildtieren im mesolithischen und neolithischen Fundgut nicht nachgewiesen werden (Bonsall et al. 2000, Borić et al. 2004), sodass ihre Isotopie nicht als Endpunkt für die Nahrungsnetze zur Verfügung stand. Dies bedeutet wiederum, dass domestizierte Tiere höchstwahrscheinlich nicht gehalten wurden und somit in der Ernährung keine Rolle gespielt haben sollten. Doch nicht nur domestizierten Tiere fehlten im Fundgut, sondern auch ihre entsprechenden Wildformen (Scharl 2004). Ein Hindernis, denn wie bereits erwähnt ist die Domestikation ein aufwendiger und intensiver Prozess, der zu Fehlerfolgen führen kann. Hat man Wildformen der jeweiligen Tiere, lassen sich diese einfangen und zur Domestikation nutzen. Gibt es allerdings keine Wildformen, kann die Herde nicht gebildet oder aufgefüllt werden, es kommt zum Versagen des Domestikationsvorgangs und im schlimmsten Fall zum unwiederbringlichen Verlust der Herde.

Die Auswertung der Mischungsmodelle der Bevölkerung aus Lepenski Vir zeigt, dass sich über den mesolithisch-neolithischen Übergang hinweg eine tendenzielle Änderung im Ernährungsstil der Menschen formt. Der Datensatz der Menschen aus Lepenski Vir deutet im Medianvergleich und der Kerndichte-Verteilung zwei Gruppierungen an, die mit der Datierung der Individuen zusammenhängt: Gruppe A mit den Individuen, die vor 6300 v. Chr. datieren und Gruppe B mit den Individuen nach 6300 v. Chr. Die Individuen aus Gruppe A weisen verhältnismäßig hohe Stickstoff- und Kohlenstoffwerte auf und haben sich deutlich von mehrheitlich aquatischen Ressourcen ernährt. Die Individuen aus Gruppe B neigen im Vergleich dazu zu niedrigeren Isotopenwerten. Zwar haben sie sich wie Gruppe A ebenso primär von aquatischen Ressourcen ernährt, doch bereits mit einem deutlichen Einfluss von terrestrischen Nahrungsmitteln. Diese Entwicklung beschreibt also einen Ernährungswandel am Eisernen Tor im Neolithikum in Richtung terrestrischer Ernährung. Die Ernährungsrekonstruktion von Lepenski Vir mittels konzentrationsabhängiger Mischungsmodelle unterscheidet sich in diesem Punkt von der ursprünglichen Auswertung der Daten nach Borić et al. (2004), unterstützt jedoch die Hypothese von Bonsall et. al. (2000), dass es einen Ernährungswandel im Laufe der Zeit gibt. Die Mischungsmodelle zeigen, dass es in Vlasac keinen zeitlich abhängigen Ernährungswandel mit steigendem Anteil von terrestrischen Nahrungsquellen gab, da die zeitlichen Eingrenzungen auf „vor 7600 v. Chr." (ca. 9000 – 7600 v. Chr.) und „nach 7600 v. Chr." (7600 – 6500 v. Chr.) beschränkt ist und Vlasac damit älter datiert als Lepenski Vir (Borić et al. 2004). Das Neolithikum am Eisernen Tor fand aber später als 6500 v. Chr. statt, wie man anhand von Lepenski Vir zeigt, weshalb der Ernährungswandel der Individuen aus Vlasac nicht sichtbar ist oder noch nicht stattgefunden hat.

Serbien hat ein anderes Klima und Ökosystem als die Türkei und Griechenland. Daher ist die Adaptation des neolithischen Paktes (Domestikation, kulturelle Einflüsse) deutlich. Möglicherweise war die Entwicklung des neolithischen Paketes in Serbien daher aufwendiger und langwieriger, als die Anpassung des neolithischen Pakets in Griechenland, das den Tieren ein ähnliches Umfeld und Klima bot wie es im Fruchtbaren Halbmond vorkam. Die Wirtschaftsstrategie ist, wie man anhand der drei

Länder sehen kann, abhängig von der Umwelt und zeigt gleichzeitig wie flexibel die neolithischen Populationen in ihrer Ernährung waren. Ebenso zeigt es auch, dass die Neolithisierung komplizierter war und mehrere Faktoren eine Rolle spielten.

Prinzipiell kann man aus diesen Ernährungsmustern schließen, dass die Neolithische Transition mit einer Ernährungsumstellung zusammenhing, die mit einem Nutzungswandel von Pflanzen- und Tierspezies einherging. Gerade die serbischen Funde zeigen, dass die neolithische Kultur an die vorherrschenden Lebensbedingungen angepasst oder nur teilweise akzeptiert wurde.

Die Untersuchung der Ernährung mittels konzentrationsbasierter Mischungsmodelle unterscheidet sich in den Ergebnissen von der Interpretation der bivariaten Auswertung. Obwohl die Quellen auf die Hauptkomponenten reduziert werden, ist das Ergebnis deutlich detaillierter, weil die einzelnen Nahrungsquellen quantifiziert werden. Darüber hinaus wird der individuellen Ernährung mehr Beachtung geschenkt, wodurch Muster sichtbar gemacht werden können. Es konnte insbesondere gezeigt werden, dass es bereits Anzeichen für eine nicht-egalitäre Gesellschaft gab, mit Individuen, die besseren oder leichteren Zugang zu bestimmten Nahrungsmitteln hatten, gerade in Hinblick auf tierisches Protein.

Zusammenfassend kann man sagen, dass der Biomassenanteil der wichtigsten Nahrungsmittel in der alltäglichen Ernährung in der neolithischen Transition nicht durch eine abrupte Ernährungsumstellung gekennzeichnet war. Die neolithische Kultur beinhaltet schließlich nicht nur die Ernährung, sondern schließt auch die allgemeine Lebensweise und bestimmte Techniken, wie z.B. der Anbau von Pflanzen, mit ein. Wild wurde nur langsam von domestizierten Tieren ersetzt, wobei der allgemeine Fleischkonsum sehr niedrig war und die Ernährung zum Vegetarismus tendierte. Die neolithische Bevölkerung war sehr flexibel in ihrer Ernährung, was durch die Entwicklung der Herdenhaltung deutlich verstärkt wurde. Diese erhöhte die Wahl der tierischen Produkte, da neben Wild und aquatischen Quellen (marin und Süßwasser) dadurch auch domestizierte Tiere zur Verfügung standen. Ebenso steigerte die Pflanzendomestikation die Variabilität in der Ernährung. All diese Faktoren unterstützten die neolithischen Populationen in ihrer Entwicklung und die Verbreitung der neolithischen Kultur. Es zeigt sich in der Langsamkeit der Adaptation eine stabilisierte Bevölkerung, an die sich die neue Kultur anpasst.

6.2 Auffällige Individuen und Gruppierungen der neolithischen Fundorte

6.2.1 Türkei

Nevalı Çori ist als eine der ersten Siedlungen bekannt und zeichnet sich auch durch das Vorkommen von frühen domestizierten Tieren aus (Lösch et al 2006). Wie die Mischungsmodelle zeigen, basierte die Ernährung stark auf Pflanzen und wurde durch tierisches Protein ergänzt.

Innerhalb der Population bildeten sich zwei Gruppierungen ab: alle Individuen, die einen $\delta^{15}N_{Ernährung}$ zwischen 2 und 4 ‰ aufweisen (Gruppe A) und Individuen, die diesen Stickstoffisotopenwert übersteigen (Gruppe B) (Kap. 4.2). Gleichzeitig sind die Individuen aus Gruppe B auch auffällige Ausreißer. Die erhöhten Stickstoffisotopenwerte der Personengruppe B entstanden durch erhöhten Konsum von tierischem Protein, während Gruppe A sich hauptsächlich von pflanzlichen Nahrungsmitteln ernährte. Diese Unterschiede im Nahrungsverhalten deuten auf eine soziale Struktur hin, die es Personen aus Gruppe B erlaubte auf Nahrungsmittel zuzugreifen, die den anderen Menschen in geringerem Maße oder gar nicht zur Verfügung standen. Der bevorrechtigte Zugang der Menschen aus Gruppe B zu Fleisch und weiteren tierischen Produkten kann zwei mögliche Erklärungen haben. Sie hatten einen höheren Sozialstatus und hatten hierdurch privilegierte Rechte oder die Personen waren in einen bestimmten Arbeitsbereich tätig, der ihnen den Zugang zu Fleisch erleichterte, wie z.B. Jäger.

Möglicherweise spielten beide Punkte eine Rolle, denn in beiden Fällen sind soziale Gefüge der Ursprung für die Ernährungsunterschiede. Eine nicht-egalitäre Gesellschaft bildet sich hierdurch ab. Der Kohlenstoffisotopenwert der Bevölkerung deutet keine Gruppenbildung an, sondern verläuft fließend über eine Spanne von ca. 3 ‰, die im C_3-Wertebereich liegt, sofern man die beiden extremen Ausreißer (NC90 G 10 79.2; NC90 K10 B36) ausschließt (Abb. 37, Abb. 38, Kap. 4.2). Dies liegt zum einen daran, dass Pflanzenwerte sehr variabel sein können und zum anderen deutet es auf eine tendenzielle Flexibilität in der Ernährung hin. Die Variabilität im Kohlenstoffisotopenwert lässt sich also durchaus durch eine individuelle Neigung erklären. Es ist dagegen unwahrscheinlich, dass die Unterschiede im Stickstoffisotopenwert nicht durch eine Nahrungspräferenz entstanden sind. Würde Fleisch in ausreichender Menge und durch einfache Beschaffung für jeden zur Verfügung stehen, würde jeder Mensch Fleisch präferieren. Der Hauptanteil der Bevölkerung ernährte sich aber primär vegetarisch, weil Fleisch von domestizierten Tieren aber auch von Wild offenbar eine Kostbarkeit war.

Es gibt zwei Ausreißer (NC90 G10 79.25, NC 90 K10 B36) in der Population von Nevalı Çori, die sich in ihren Kohlenstoffisotopenwert stark von den restlichen Menschen abheben. Die Werte lassen sich nicht durch Nahrungspräferenzen erklären, sondern nur durch vollkommen unterschiedliche Nahrungsquellen. Das erwachsene Individuum NC90 G10 79.25 zeigt einen Kohlenstoffisotopenwert (Kollagen: -26,49 ‰; Ernährung: -31,49 ‰), der im Vergleich zur Population deutlich erniedrigt ist und mit sehr großer Wahrscheinlichkeit durch den Baldachin-Effekt (Asam et al. 2006) entstand. Das Individuum ernährte sich ebenfalls hauptsächlich vegetarisch von C_3-Pflanzen, nur dass diese in oder nahe an einem bewaldeten Bereich wuchsen. Man kann zwar nicht genau bestätigen, wie dicht bewaldet die Urfa-Region um Nevalı Çori im Neolithikum war, doch die Bevölkerung aus Nevalı Çori weist keinen Baldachin-Effekt auf, weshalb man darauf schließen kann, dass das Individuum NC90 G10 79.25 nicht lokal war.

Das adulte Individuum NC 90 K10 B36 hat im Vergleich dazu ein stark erhöhtes Kohlenstoffsignal (Kollagen: -15,71 ‰; Ernährung: -20,71 ‰). Das Individuum hat außerdem den niedrigsten Stickstoffisotopenwert (Kollagen: 4,43 ‰; Ernährung: 1,43 ‰) der Population. Es hat sich also primär vegetarisch ernährt. Der Kohlenstoffisotopenwert befindet sich im Wertebereich zwischen C_3- und C_4-Pflanzen. Die Ernährung bestand also aus einer Mischung an Pflanzensorten die diese Photosynthesewege nutzen. Dieses Individuum ist als post-neolithisch eingestuft.
Das Individuum NC 90 K10 B36 verzehrte offenbar regelmäßig C_4-Pflanzen, was sich durch Nicht-Lokalität und Zeitstellung erklären lässt.

6.2.2 Griechenland

6.2.2.1 Küste

Die Population aus **Alepotrypa** ist in ihrer Ernährung homogen und weist keine Gruppierungsmuster auf. Bezüglich der allgemeinen Datierung der einzelnen Individuen aus Alepotrypa gibt es zwischen dem Frühen Neolithikum, dem Späten Neolithikum, sowie der Phase des Späten/Finalen Neolithikums im Ernährungsstil kaum Unterschiede, sondern lediglich auf individueller Ebene.
Es gibt ein Individuum, dass sich mit seinen Isotopiewerten der Bevölkerung abhebt. Das subadulte Individuum A1113 hebt sich mit seinen niedrigen δ^{13}C- und δ^{15}N-Werten ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -21,55 ‰; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 4,46 ‰) von den Werten der restlichen Menschen ab und weist auf einen anderen Ernährungsstil hin. Da es sich hier um ein subadultes Individuum handelt, genaues Alter ist nicht näher bestimmt, ist eine chronische Krankheit oder Infektionskrankheit, die sich auf den Metabolismus des Kindes ausgewirkt hat, nicht auszuschließen.
In der Population aus **Franchthi** gilt das erwachsene Individuum F1128 als auffälliges Individuum ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -18,18 ‰; $\delta^{15}N_{Kollagen}$: 9,52 ‰), wobei man anmerken muss, dass dies nur eine Tendenz ist, da eine Stichprobengröße von fünf Individuen nicht aussagekräftig genug ist, um klare Differenzen zu definieren. Dennoch hat den höchsten Kohlenstoff- und Stickstoffisotopiewert der Population und wird von den Mischungsmodellen (IsoConc, SISUS) nicht aufgefangen. Basierend auf der bivariaten Verteilung hatte es sich mehr von tierischen Nahrungsquellen ernährt als die restliche Population.

6.2.2.2 Festland

Die Werte aus **Mavropigi** zeigen eine Gruppierung an, die aller Wahrscheinlichkeit nach auf sozialen Unterschieden basiert. Besonders hervorzuheben ist hierbei der Kontrast zwischen den Individuen M5, einer erwachsenen Frau, und M7, einem achtjährigen Kind, die sich primär vegetarisch ernährten, und dem Individuum M17, einen erwachsenen Mann, der wiederum einen sehr Anteil von tierischem Protein in seiner Ernährung hat. Diese starke Differenz lässt sich durch das Geschlecht bzw. das Alter erklären und einem sozialen Faktor, denn die restliche Bevölkerung unterscheidet sich stark von den Werten dieses Mannes. Geht man davon aus, dass Fleisch etwas Besonderes war und der Zugang zu

diesem Nahrungsmittel beschränkt war, handelt es sich hierbei sehr wahrscheinlich um ein sozial höher gestelltes Individuum.

In der Gesamtpopulation fällt das Kohlenstoffsignal der Frau M18 auf, welches auf den Einfluss des Baldachin-Effekts hindeutet. Möglicherweise handelt es sich hier um ein nicht lokales Individuum, welches aus einer stärker bewaldeten Region nach Mavropigi immigrierte.

In der Population aus **Theopetra** gibt es zwei Gruppen. Der Großteil der Population, Gruppe A, welche sich aus neun Individuen zusammensetzt, liegt bei einem Stickstoffisotopenwert im Knochenkollagen unter 8 ‰ (Abb. A 46), der Ernährungswert liegt damit unter 5 ‰. Gruppe B, welche aus nur drei Individuen (T1187, T1191, T1198) besteht, befindet sich näher an den Isotopiewerten der domestizierten Tiere (Abb. 59, 61). Sie haben sowohl im 4-Quellen-Modell wie auch im 5-Quellen-Modell den niedrigsten Pflanzenanteil in der Ernährung und auch den höchsten Anteil an Fleisch domestizierter Tiere (Begleitband Tab. 18, 19). Möglicherweise handelt es sich bei den Individuen aus Gruppe B um höher privilegierte Personen, die aufgrund ihres sozialen Status einen bevorrechtigten Zugang zu Fleisch hatten. Vielleicht hatten diese Individuen allerdings auch einen besseren Zugang zu Fleisch, weil sie einen Berufsstand innehatten, der mit dem Umgang mit Tieren zu tun hatte, wohingegen die restliche Population im Ackerbau tätig war.

Es gibt ein Individuum (T1196), das sowohl in seinem δ^{15}N-Wert abgereichert wie auch in seinem δ^{13}C-Wert angereichert ist. Die Ernährungsweise weicht deutlich von der lokalen Subsistenzstrategie ab. Diese Auffälligkeit deutet nicht auf einen Statuskontext hin, sondern es handelt sich bei diesem Individuum um eine immigrierte Person, die wohl noch nicht so lange in Theopetra lebte, dass sich das Isotopensignal der lokalen Ernährung vollständig im Knochenkollagen widerspiegelt. Der Stickstoffisotopenwert dieses Individuums reflektiert eine deutlich vegetarische Ernährung, die sogar zu einem veganen Lebensstil tendiert. Im positiven Kohlenstoffisotopenwert zeichnet sich der Einfluss von C_4-Pflanzen ab, z.B. Hirse, sodass sich der Pflanzenanteil in der Ernährung von T1196 aus einer Mischung von C_3- und C_4-Pflanzen zusammensetzte und der Einfluss von C_4-Pflanzen ein Signal der ursprünglichen, nicht lokalen Ernährung reflektiert.

6.2.3 Serbien: das Eiserne Tor

Insgesamt gibt es zwei auffällige Individuen im Datensatz der Bevölkerung aus **Lepenski Vir** auf, sobald die Individuen nach Datierungsgruppen getrennt werden.

Im Datensatz der späten Phase tritt LV14 mit dem negativsten Kohlenstoffisotopenwert hervor. Tatsächlich handelt es sich hierbei um das Individuum, welches auch im Gesamtkontext den negativsten δ^{13}C-Wert hat und einen der niedrigsten Stickstoffisotopenwerte. Bei diesem Individuum handelt es sich um eine junge, erwachsene Frau, die sich durch ihre Isotopensignale von der Gruppe, die in die späte Phase datiert, wie auch der Gesamtpopulation abhebt. Die junge Frau ähnelt stark dem

Isotopiewert des Wild-Endpunkts des Mischungsmodells und hat sich, im Gegensatz zur Mehrheit der Bevölkerung, von terrestrischen Nahrungsmitteln, Wild und C_3-Pflanzen, ernährt. Es ist möglich, dass es sich hierbei um eine nicht lokale Person handelt, weil sie stark von der restlichen Population abweicht.

Der Ausreißer LV90 hat den höchsten $\delta^{15}N$-Wert in der frühen Phase wie auch in der Gesamtpopulation. Die Ernährung dieses erwachsenen Mannes basiert überwiegend auf aquatischen Ressourcen und weicht in dieser Hinsicht nicht von der Population ab. Doch es ist denkbar, dass der junge Mann einen besonderen, sozialen Status hatte, da er den höchsten Stickstoffisotopenwert der Population besitzt ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 16,61 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 13,61 ‰) und deshalb sogar aus dem Nahrungsnetz fällt. Dies deutet auf einen höheren Anteil von Fisch als der Populationsdurchschnitt hin.

In der Population aus **Vlasac** gibt es keine Hinweise auf expliziten Gruppen innerhalb des Datensatzes aus Vlasac, sondern nur einzelne Individuen, die hervorstechen.

Innerhalb der Gesamtbevölkerung und der Gruppe der Erwachsenen fällt das Individuum V16 auf. Es hat einen der niedrigsten Stickstoffisotopenwerte. Das Individuum hat sich in höherem Maße von Pflanzen ernährt als der Rest der Bevölkerung. Möglicherweise handelt es sich um ein nicht lokales Individuum, welches sich zwar noch von aquatischen Ressourcen ernährte, aber auch von Pflanzen oder Fleisch terrestrischer Tiere (Wild: ~ 23 %; Pflanzen: ~ 32 %; Aqua-Mix: ~ 27 %; Süßwasser: ~ 17 %). Ebenso ist es möglich, dass dieses Individuum einer anderen sozialen Schicht angehörte. Dasselbe gilt für das jugendliche Individuum V7, welches in der Gesamtpopulation, inklusive der subadulten Individuen, als Ausreißer auftritt. Es hat den niedrigsten Stickstoffisotopenwert der gesamten Bevölkerung und weist ähnliche Ernährungsmuster (Wild: ~ 25 %; Pflanzen: ~ 33 %; Aqua-Mix: ~ 20 %; Süßwasser: ~ 22 %) auf wie Individuum V16. Bezüglich der Kohlenstoffisotopenwerte findet sich ein Ausreißer, der sich von der Gruppe abhebt: das 9- bis 10-jährige Kind V18c. Es weist den negativsten Wert der Gesamtpopulation auf. Die Ernährung des Individuums basiert auf aquatischen Nahrungsmitteln. Das Kind V18c hat im Vergleich zu den restlichen Individuen allerdings mehr terrestrische Ressourcen konsumiert (Wild: ~ 23 %; Pflanzen: ~ 28 %; Aqua-Mix: ~ 5 %; Süßwasser: ~ 44 %). Die abweichenden Kohlenstoffisotopenwerte sind plausibler durch die konsumierten aquatischen Ressourcen erklärbar und weniger durch den Konsum terrestrischer Ressourcen wie Fleisch von Wild oder Pflanzen. Da Süßwasserressourcen auch innerhalb eines Gewässers in ihren Isotopenwerten stark variieren können (Kap. 1.6.2.3), dürften sie sich auch in den Konsumenten abbilden.

Beachtet man, dass sowohl Lepenski Vir und Vlasac keine einfachen Siedlungen sind, sondern auch ritualbezogenen Kulturstätten und somit herausragende Bestattungsplätze sind, ist es durchaus möglich, dass die Individuen aus mehreren Populationen stammen können. Nichtsdestotrotz teilen diese aber einen sehr ähnlichen Ernährungsstil und eine gleiche Wirtschaftsweise.

6.3 Bayern im Mittelalter

6.3.1 Einzugsbereiche

Es wurde die Minimalfläche, die zur Versorgung der Bevölkerung des Fundorts benötigt wird, berechnet.

Die Bestimmung des Einzugsbereichs dient nicht auf direktem Weg zur Rekonstruktion der Ernährung, doch ist dieses Vorgehen bei der Interpretation ökonomischer Zusammenhänge unerlässlich. Es bilden sich zwei klare Unterschiede zwischen ländlichen Siedlungen (u.a. Unterigling, Abb. A 230) und Städten (z.B. Regensburg, Abb. A 388) heraus. Zum einen überschneidet sich der Einzugsbereich von Städten mit anderen Siedlungen, weil Städte versorgt werden mussten und dies zum größten Teil durch die umliegenden Dörfer. Zum anderen überschneidet sich der Einzugsbereich von ländlichen Siedlungen sich nicht mit anderen Siedlungen.

Dadurch ergeben sich für Stadt und Land zwei unterschiedliche Ausgangpunkte. Städte benötigen eine Fläche, die andere Ortschaften und deren Gelände einbezieht und somit ein Herrschaftsgefüge voraussetzt. Die Vorzüge der Städte in Form von erhöhter Nahrungsmittelauswahl, sozialen Aufstiegschancen und mehr Freiheiten der Stadtbewohner waren seit jeher ein Pull-Faktor für Menschen, wodurch Städte wachsen und sich ausbreiten konnten. Das bedeutet dementsprechend zum einen, dass die Stadtbürger mit ausreichend Nahrungsmitteln versorgt werden und zum anderen müssen auch die Landwirte der umliegenden Siedlungen, welche zum Teil für die Nahrungsmittel der Stadtbürgern zuständig sind, entsprechende Überschüsse erwirtschaften.

Die Abbildungen der Einzugsbereiche der ländlichen Ortschaften deuten auf eine klare Trennung der Siedlungen hin. Hier gibt es keine bzw. äußerst geringe Überschneidungen mit den Flächen der Nachbarortschaften. Die Einwohnerzahl war geringer als in Städten, sodass auch die Minimalfläche wesentlich kleiner war. Allerdings muss beachtet werden, dass genug Überschuss angebaut werden musste, damit das Dorf selbst versorgt war, genug für den nächsten Anbau übrigblieb und auch noch erforderliche Abgaben gewährleistet waren. Zur Berechnung der Fläche wird der Überschuss beachtet, weshalb dies in der Minimalfläche bereits berücksichtigt ist. Die fehlende Überschneidung der Einzugsbereiche indiziert außerdem, dass Acker- und Weideland zweier Ortschaften klar getrennt waren. Dies kann auf individueller Ebene in Pflanzen und Tieren zu einem abweichenden Isotopensignal führen. Für kleine Siedlungen, die sich selbst versorgen mussten, ist es also zu empfehlen, für Isotopenuntersuchungen Tiere aus dem lokalen archäologischen Beifund zu messen, falls vorhanden, und weniger auf einen Datenpool zurückzugreifen. Für Städte, in denen Handel stattfand und die ihre Nahrungsmittel nicht selbst anbauten, sondern nur verarbeiteten, ist zwar die Messung von lokalen Beifunden ratsam, aber ein Datenpool eine mögliche Alternative. Der Datenpool, der in dieser Arbeit verwendet wurde, zeigt deutlich, wie variabel Tierdaten sein können. Obwohl

manche der Tiere teilweise in demselben archäologischen Fundgut gefunden wurden, spannten die Isotopenwerte sehr weit. Wenn für eine Studie also eine Ernährungsrekonstruktion geplant ist, sollte die Messung lokaler Tierfunde eingeplant werden. Erst seit dem letzten Jahrzehnt steigt die Bedeutung von Tierknochen für anthropologische Kontexte, davor wurden die archäozoologischen Funde zumeist nicht archiviert. In Fällen einer Re-Evaluation jedoch, in welcher keine zusätzlichen Daten gemessen werden, ist ein Datenpool die einzige mögliche Option.

6.3.2 Soziale Stratifizierung und Entwicklungen in mittelalterlichen Siedlungen

Die verschiedenen mittelalterlichen Fundorte zeigen in einigen Punkten Parallelen auf. Die Anteile von Fleisch in der Ernährung deutet darauf hin, dass tierisches Protein, bis auf wenige Einzelfälle, für den größten Zeitraum für alle Menschen ausreichend zur Verfügung stand und regelmäßig gegessen wurde. Der pflanzliche Anteil in der Ernährung stammt nur von C_3-Pflanzen. Der Einfluss von C_4-Pflanzen zeigt sich lediglich in einer Hand voll Individuen und das auch nur in geringem Ausmaß. Bei Pflanzen muss man in allen Fällen beachten, dass die Pflanzenwerte nicht nur für die Pflanze per se stehen, sondern auch für mögliche Pflanzenprodukte, wie Früchte oder Körner, und daraus hergestellte Nahrungsmittel wie Backwaren, Eintöpfe, Getränke (z.B. Saft) oder Öl. So hat auch Bier ähnliche Kohlenstoffisotopenwerte wie die Pflanzen, aus denen das Bier gebraut wird (Brooks et al. 2002). Die Pflanzenprodukte sind daher im Mischungsmodell schwer zu differenzieren, beziehungsweise die Spanne der $\delta^{13}C$-Werte in Pflanzen wird damit noch breiter. Der Einsatz von hypothetischen Pflanzen ist sehr hilfreich, weil man nicht ausgehend von tatsächlichen Daten auswertet, sondern rückführend von den notwendigen Werten auf die pflanzliche Nahrungsquelle der Individuen. Nichtsdestotrotz müssen die Pflanzenwerte realistisch gewählt werden.

Das Mittelalter ist der Ursprung der abendländischen Bevölkerung: von der bäuerlichen Kultur zu einem Feudalsystem. Um die Entwicklung der Ernährung- und Wirtschaftsweise im Mittelalter nachzuvollziehenden, eignen sich die Fundorte in Bayern sehr gut, da sich die Datierung der Fundorte über mehrere Jahrhunderte hinweg erstreckt. Es zeigt sich eine hohe Diversität und Komplexität in der individuellen Ernährung.

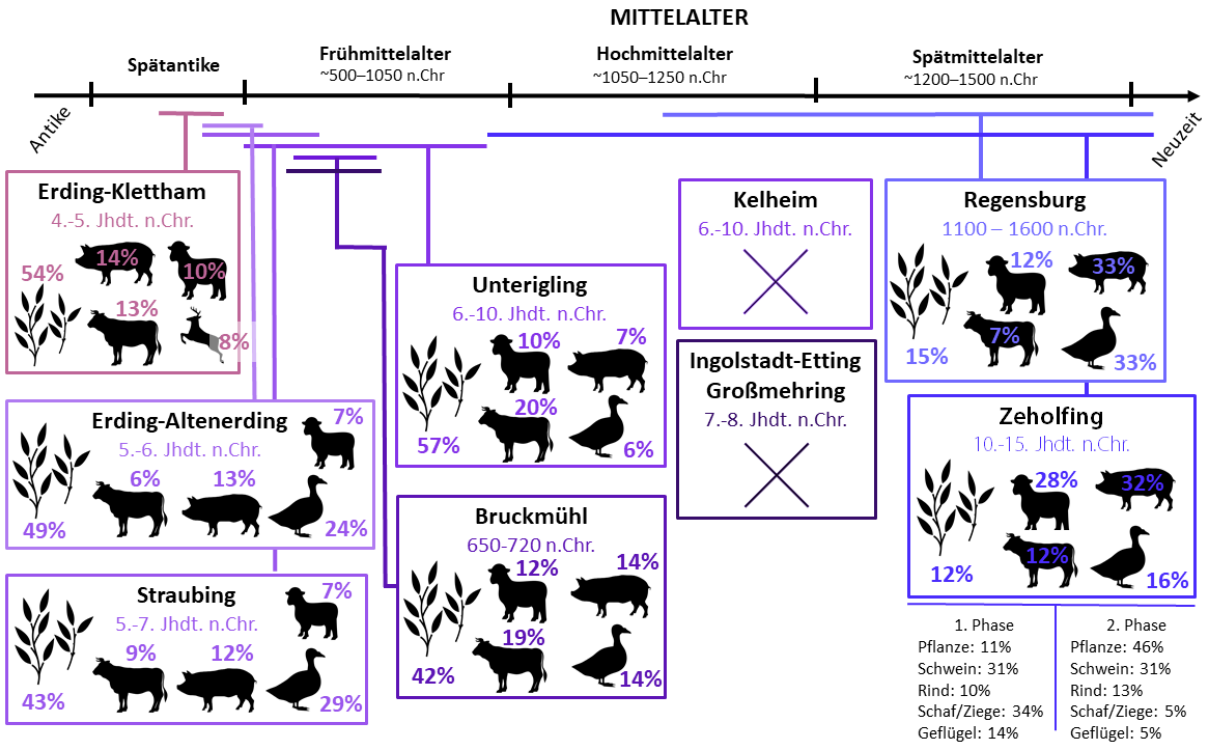


Abbildung 129: Zusammenfassung der spätantiken und mittelalterlichen Ergebnisse (SISUS). Hirsch: repräsentativ für Wild; Vogel: repräsentativ für Geflügel.

Die spätantike Population aus Erding-Klettham lebte wie man es für eine Siedlung aus der Spätantike erwartet: sie betrieb Ackerbau und Tierhaltung, war aber auch noch an der Jagd beteiligt, wenn auch in sehr geringem Maße. Die Lebens- und Ernährungsweise war primär landwirtschaftlich geprägt mit regelmäßigem Fleischkonsum. Der allgemeine Ernährungsstil der Bevölkerung des spätantiken Kletthams basiert auf C_3-Pflanzen. Es ist nicht bekannt, welche Pflanzensorten im Detail für diese Population relevant waren. Am wahrscheinlichsten sind Getreidesorten wie Roggen, Weizen und Gerste, aber auch diverse Obst- und Gemüsesorten oder Hülsenfrüchte, wie Bohnen oder Linsen, da sie allesamt im anschließenden Mittelalter angebaut wurden (Behre 1986, Rösch et al. 1992, Rösener 1991, Weiß-Adamson 2006). Wild, in diesem Fall Hirsche als Vertreter, beeinflusste die Ernährung allerdings nur in einem geringen Ausmaß. Der Verzehr von Wild war in der Spätantike noch nicht durch Jagdgesetze auf Adelsleute eingeschränkt, sondern stand jeder Person zur Verfügung. Trotzdem waren domestizierte Nutztiere im Vergleich zu Wild wichtiger für die Ernährung der Bevölkerung. Der geringe Anteil von Wild in der Biomasse lässt vermuten, dass die Rohstoffe (Leder, Geweih) im Vordergrund standen und Fleisch der Wildtiere sekundär war. Schwein wird in allen Modellen als wichtigstes Nutztier bestimmt, gefolgt von Rind, sowie Schafen und Ziegen. Diese Ernährungsweise ist realistisch, wenn man beachtet, dass Schweine eine hohe Wurfgröße haben und teilweise auch zweimal im Jahr Jungtiere haben können. Zudem wachsen Ferkel sehr schnell heran und sind dementsprechend verhältnismäßig schnell schlachtreif.

Unweit von Klettham befindet sich Erding-Altenerding. Pflanzliches Protein macht noch bis zu 50 % des Biomassenanteils aus. Für eine Siedlung, die zwischen Spätantike und Frühmittelalter datiert, ist dies

ein realistischer Ernährungsstil – zumal Erding-Klettham, welches nur wenige Jahrhunderte früher datiert, einen vergleichbaren Ernährungsstil aufweist. Die Ernährung hat sich über die wenigen Jahrhunderte hinweg nicht geändert und folglich blieb auch die Wirtschaftsweise ähnlich.

Diese Wirtschaftsweise zieht sich als Muster auch durch die weiteren frühmittelalterlichen Fundorte. Für die Populationen aus Bruckmühl und Unterigling war tierisches Protein ebenso wichtig in der Ernährung wie Agrarprodukte. Allerdings waren Pflanzen nach wie vor die wichtigste Proteinquelle. Für die Gesamtpopulation haben die Fleischquellen Rind, Huhn und Schwein die größte Bedeutung. Schafe/Ziegen hingegen sind weniger wichtig als Fleischlieferanten. Für ein ländliches Dorf zeigt sich damit ein ausgeglichenes Verhältnis zwischen Fleisch- und Pflanzenprodukten. Rinder sind in ihrer Haltung anspruchsvoller und aufwändiger als Schafe oder Ziegen. Offenbar konnten sich die Populationen aus Bruckmühl und Unterigling Rinderhaltung und den Konsum des Fleisches leisten.

Auf individueller Ebene gibt es in Unterigling mehrere *missing endmember*, wie weitere Fleischquellen, da die Daten der Menschen sehr verstreut liegen und weniger homogen sind als in anderen mittelalterlichen Fundorten. Die wichtigste tierische Proteinquelle war laut dem SISUS-Modell Rind (19,5 %), wohingegen Schafe/Ziegen (9,7 %), Schwein (7,4 %) und Huhn (6,1 %) weniger in der Ernährung vertreten waren.

Die Ernährungsrekonstruktion für die Siedlungen Ingolstadt-Etting, Großmehring und Kelheim erweist sich als komplexer. Die Ernährung der Menschen aus Ingolstadt-Etting ließ sich mit den vorhandenen Tierdaten nicht ermitteln, eine essentielle Nahrungsquelle fehlt. Die Werte der Bevölkerung aus Ingolstadt-Etting streuen sehr weit und sind daher nicht homogen. Der Stickstoffisotopenwert weicht nicht signifikant von den anderen mittelalterlichen Fundorten ab, außer von Großmehring und Kelheim (Tab. A 34), was einen regelmäßigen Fleischkonsum signalisiert. Die Kohlenstoffisotopenwerte sind hingegen niedriger als die der anderen mittelalterlichen Siedlungen und Städte. Eine mögliche Erklärung für die negativeren Kohlenstoffisotopenwerte ist der Baldachin-Effekt, der eine waldreiche Region andeutet. Knapp 10 km nördlich von Etting liegt der Köschinger Forst, ein historisch bekannter Wald zum Jagen (Jäckel 1863). Möglicherweise handelt es sich hier also um einen Jagdkontext z.B. von Wildschweinen. Eine weitere Möglichkeit wäre die Haltung von Tieren im Wald, so zum Beispiel bei der Eichelmast von Schweinen.

Großmehring ist ebenfalls eine Ortschaft im Ingolstädter Umkreis. SISUS kann hier lediglich für die individuelle Ernährung verwendet werden und weniger für die Populationsauswertung, da weniger als die Hälfte der Menschen vom Nahrungsnetz aufgefangen wird. Nichtsdestotrotz zeigt die Datenverteilung zwei Personenkreise an, nämlich die Personengruppe, die einen erhöhten Anteil von Fleisch bzw. Fisch oder Milchprodukte konsumierte und die Gruppe, die im Vergleich dazu weniger tierisches Protein in ihrer alltäglichen Ernährung hatte. Der Friedhof Großmehring ist in vier weitere Abschnitte unterteilt. Bezüglich dieser verschiedenen Friedhofsteile gibt es keine Unterschiede in der

Ernährung. Auch geschlechtsspezifischen Ernährungsmuster sind nicht evident. Ein sozialer Zusammenhang besteht in diesen Friedhofsteilen daher nicht, obgleich der archäologische Kontext das nahelegt. Die Individuen hatten alle eine gute Proteinversorgung, aber ernährten sich möglicherweise von unterschiedlich qualitativ wertigen Fleischstücken.

Das Nahrungsnetz von Kelheim weicht deutlich von den Mischungsmodellen der restlichen frühmittelalterlichen Städte ab, da das Netz aufgrund von mindestens einem *missing endmember* nicht gespannt werden kann. Es gibt daher mindestens einen *missing endmember,* der einen höheren Stickstoffisotopenwert aufweist und von der Bevölkerung konsumiert wurden, z.B. aquatische Ressourcen. Die Ernährung in Kelheim weicht offensichtlich von der Ernährungsweise der anderen mittelalterlichen Bayern ab. Die Stickstoffisotopenwerte sind deutlich angehoben im Vergleich zu den anderen, bayerischen Fundorten. Die Lokalisation von Kelheim an der Donau ist die plausibelste Erklärung für die angereicherten Stickstoffisotopenwerte, da ein Zugang zu Süßwasserfisch gewährleistet ist. Ein regelmäßiger Konsum von Fischprotein ist daher nachvollziehbar. Ein realistisches Nahrungsnetz für Kelheim setzt sich daher vermutlich sowohl aus terrestrischen Produkten (Pflanzen, Fleisch) und aquatischen Süßwasserquellen zusammen. Für die Mischungsmodelle können jedoch keine hypothetischen Werte oder nicht lokale Vergleichswerte verwendet werden, da die Isotopenwerte von Süßwasserquellen zu variabel sind (Keaveney und Reimer 2012). Bei der Population von Kelheim handelt es sich daher nicht um eine Agrargesellschaft, die sich primär von Pflanzenprodukten ernährte, sondern um Menschen, die regelmäßig tierisches Protein, sowohl von terrestrischen und zum Teil auch von aquatischen Quellen aß. Die Ernährung der Population war also durchaus komplexer als die Ernährungsweise der Menschen aus den anderen mittelalterlichen Fundorten.

Der Anteil von tierischem Protein steigt im Hoch- und Spätmittelalter weiter an, wie die Ergebnisse aus Zeholfing und Regensburg zeigen.

Die Modelle bestätigen für die Population aus Zeholfing eine Ernährung, deren pflanzliches Protein den geringsten Teil (~12 %) der Biomasse ausmacht. Tierisches Protein stand bei der täglichen Ernährungsweise deutlich im Vordergrund (~88 %). Die wichtigste Tierquelle waren Schafe und Ziegen, gefolgt von Schweinen. Rinder und Hühner waren ebenso Teil der Ernährung, doch sie waren laut den Modellen nicht so stark vertreten wie Schweine oder Schafe/Ziegen. Unterteilt man die Zeholfinger Bevölkerung nach den Friedhofsteilen, gibt es zwei deutliche Unterschiede: zum einen der Anteil von tierischem und pflanzlichem Protein und zum anderen die Fleischquelle. Für die Individuen, die in Horizont 1 bestattet wurden, waren Schafe und Ziegen die wichtigste tierische Proteinquelle (ca. 34 %). Pflanzenprotein war weniger bedeutend (ca. 11 %). Im Vergleich zu Regensburg oder den frühmittelalterlichen Fundorten ist es einer der niedrigsten Anteile für die pflanzliche Proteinbiomasse. Bei den Individuen aus Horizont 2 gibt es einen Anstieg im Biomasseanteil von pflanzlichem Protein

(46 %). Schafe/Ziegen (ca. 5 %) und Geflügel (Huhn: ca. 5 %) werden von Schweinen (ca. 31 %) und Rindern (ca. 13 %) als wichtigster Fleischlieferant abgelöst.

Es könnte es sich durchaus um einen sozialen Aspekt handeln, da es sich bei der Zeholfinger Bevölkerung teils um eine privilegierte Bevölkerungsschicht, in Form von Angehörigen einer lokalen Oberschicht, handelte (Strott 2007) und es aufgrund dieser sozialen Unterschiede wahrscheinlich zu unterschiedlichen Ernährungsstilen kam. Gerade auf individueller Ebene schwankt der Anteil an tierischen und pflanzlichen Nahrungsmitteln.

Allerdings datieren die Individuen aus Horizont 2 (13. – 15. Jahrhundert) wenige Jahrhunderte später als die Individuen aus Horizont 1 (10. – 13. Jahrhundert). Dieses Argument spricht zunächst nicht gegen eine soziale Komponente. Es gibt jedoch eine zeitliche Ebene, die die Ernährung ebenfalls beeinflusst haben kann. Gerade das 14. Jahrhundert war geprägt von Pestphasen, der kleinen Eiszeit und Hunger (Kap.1.4.2.2). Diese Entwicklung könnte den Wandel in der Ernährung auch erklären.

Mittels konzentrationsbasierter Mischungsmodelle ergibt sich für die Population aus Regensburg eine Ernährung, die auf einen hohen Konsum von tierischem Protein (ca. 75 %) und weniger auf pflanzlichem Protein (ca. 15 %) basierte. Die Populationsdaten verteilen sich im Kohlenstoffisotopensignal homogen, doch im Stickstoffisotopenwert spannen sie sehr weit ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,01 ‰ – 13,42 ‰). Bei der Regensburger Population handelt es sich aller Wahrscheinlichkeit um Bewohner*innen eins Armenhauses. Armenhäuser zählen zu Einrichtungen wie Hospizen oder Spitälern (Richter 1995) und sind daher dazu ausgelegt, Menschen mit nötigen Gütern wie Nahrung und Medikamenten zu versorgen. Die Versorgung der Bedürftigen zählte zur Barmherzigkeit und Nächstenliebe des christlichen Grundgendankens (Dirmeier 1995). So entwickelten sich im Mittelalter einige Spitäler und unabhängige Stiftungen sowie Klöster in und um Regensburg (Dirmeier 1995, Richter 1995, Schmuck 1995). Daher ist es naheliegend, dass der hohe Anteil an tierischem Protein tatsächlich für eine Ernährung spricht, die durch eine ausreichende Menge an tierischem Protein entstand. Meist denkt man bei tierischen Produkten zuerst an Fleisch, allerdings wurde im Mittelalter beim Tier alles verwendet. Das bedeutet, dass aus den Knochen und dem Knochenmark noch Brühe und Suppe produziert wurde.

Wie der Speiseplan eines Armenhauses im Detail aussah, ist unklar und sicherlich regional unterschiedlich, doch gibt es bereits im Mittelalter Ratgeber zur Diätetik, welche Empfehlungen zur Versorgung von Kranken in Bezug auf Ernährung nahelegen. Neben Suppen oder Eintöpfen wurden auch Innereien als Teil des medizinischen Speiseplans vorgeschlagen und weitere tierische Produkte wie Eier oder Milch (Fußgänger 2003). Für die Behandlung von Tuberkulose wird sogar eine hochkalorische Milchkur empfohlen, die aus Milch und Molke bestand und sowohl Kalorien lieferte als auch Eiweiß (Fußgänger 2003). Tatsächlich ist Milch als Quelle in den konzentrationsabhängigen Mischungsmodellen nicht auszuschließen (Kap. 4.8.1, Abb. 121 B), wie auch die bivariate Auswertung

bereits vorgeschlagen hat (Heyking 2012). Berechnete Isotopenwerte von Kühen, Schafen und Ziegen ergänzen das Nahrungsnetz sinnvoll und schließen Individuen ein, die vom Modell ohne Sekundärprodukte ausgeschlossen werden.

In den meisten Fällen gibt es keine klaren Grenzen in der Ernährung, die auf eine soziale Stratifizierung hinweisen. Nicht-lokale Beifunde mit denen die Individuen bestattet wurden, sind daher eine wichtige Informationsquelle, wodurch das Potential der Ernährungsrekonstruktion erweitert wird, da mögliche Muster zwischen sozial-privilegierten und ärmeren Sozialschichten sichtbar werden können. Bei einer sozialen Stratifizierung erwartet man eine erkennbare Gruppenbildung, wie zum Beispiel in den Fundorten Altenerding oder Unterigling. Altenerding zeigt durch künstliche Schädeldeformationen an manchen Individuen und spezielle Beifunde bei manchen Individuen eine Sonderstellung dieser Menschen, sei es durch Migration oder sozialer Schicht.

In den meisten Fällen ist der Übergang jedoch fließend, wie zum Beispiel bei den Menschen aus Regensburg oder auch in Bruckmühl. Die Individuen aus dem östlichen, beigabenreichen Friedhofsteil, hatten eine sehr homogene Ernährungsweise mit weniger individuellen Unterschieden. Die Ernährungsrekonstruktion stößt hier an ihre Grenzen: die Qualität der Nahrungsmittel lässt sich anhand der Isotopenwerte nicht näher feststellen. Sozial niedrigere Schichten hatten möglicherweise keinen Zugriff auf qualitativ hochwertige Nahrungsmittel und mussten bei tierischen Quellen auch auf weniger feine Fleischstücke oder Innereien zurückgreifen. Diese Parameter sind zwar ausschlaggebend für die sozialen Schichten, spiegeln sich aber nicht in der Isotopie wider.

Ohne Frage existierten soziale Unterschiede im Mittelalter, die sich auch auf die Ernährung auswirkten. Da tierische Proteine „teurer“ sind als pflanzliche, wird üblicherweise von einer fleischreicheren Kost der privilegierten Bevölkerungsschichten ausgegangen. Dies konnte in dieser Arbeit nicht bestätigt werden.

Es gibt allerdings Unterschiede in der Ernährung, die sich nicht im Mischungsmodell abbilden, aber einen großen Unterschied zwischen armen und reichen Gruppen ausmachen können, nämlich die Qualität der Nahrungsmittel, deren Art sowie deren Zubereitung. Arme Bevölkerungsschichten mit weniger Einkommen hatten vermutlich weniger Zugriff auf qualitativ hochwertige Produkte wie gutes Weizenmehl oder gute Stücke Fleisch von Tieren, die teurer waren, sondern mussten auf Produkte mit schlechterer Qualität wie Roggen und minderwertige Fleischstücke oder Reste zurückgreifen. Im Isotopensignal zeichnen sich Qualitätsunterschiede nicht ab. Fleisch kann ebenfalls zu weiteren Nahrungsmitteln verarbeitet werden, die aber nicht zwangsläufig zu anderen Isotopenwerten führen. Auch Eintöpfe, Brühen oder Suppen bauen auf Fleisch auf. Hierbei kommt auch Knochen und Knochenmark, welche für Brühe ausgekocht werden, zum Tragen. Dasselbe gilt auch für Innereien. Es gibt genug Rezepte und Gerichte, die Innereien verwerten. Für die Ökonomie allgemein sind diese

Unterschiede weniger bedeutend, doch für die Auswertung von sozialer Stratifizierung muss dies beachtet werden.

Ebenso wenig lässt sich der kirchliche Einfluss in der Ernährung feststellen. Ernährungsvorgaben, durch die Kirche oder Fastenzeiten, sind durch zeitgenössische Literatur belegt, doch sie werden nicht von Isotopen im Knochen erkannt, da es sich nur um kurzzeitige Ernährungsumstellungen handelt. Dies ist der Isotopie per se geschuldet. Die gemessenen Isotopenwerten stellen eine Mischung dar, die sich über mehrere Jahre hinweg gebildet hat und die durchschnittliche Ernährung wiedergibt. Schwankungen und Saisonalität werden nicht im Isotopenwert von Knochen aufgegriffen und fehlen folglich in den Mischungsmodellen. Dafür zeigen die Mischungsmodelle jedoch maßgebliche Änderungen in der Kultur und Wirtschaftsweise und sind daher für die Interpretation der Wirtschaftsweise einer Population essentiell.

Eine weitere potentielle Diskrepanz bezüglich der Nahrungsquellen wird aufgrund der Diskriminierung, die vom patriarchalischen Herrschaftssystem ausgeht, zwischen Männern und Frauen erwartet, welche sich in der Ernährungsweise widerspiegeln kann und demnach in der Isotopie reflektiert werden sollte. Die Stellung der Frau erfuhr im Laufe der Epochen viele Wandel. Während die Familienstruktur bei den Germanen patriarchalisch geprägt war, verbesserte sich die Stellung der Frau in der Römerzeit. Zur Regierungszeit Kaiser Augustus (27 v. Chr. – 14. n. Chr., Edmondson 2009) gab es für Frauen nach dem Tod des Vaters keine Geschlechtsvormundschaft mehr, wodurch sie voll handlungsfähig und sogar selbständige Rechtspersonen wurden. Im frühen Mittelalter nahm man ihnen diese Freiheiten, ein streng patriarchalisches System setzte sich durch. Frauen konnten nicht mehr eigenständig vor Gericht auftreten, sie wurden im Erbrecht benachteiligt und Vermögen durften sie nicht mehr verwalten. Auch wenn das System Männern gegenüber deutlich nachsichtiger war, waren diverse Straftaten, die an Frauen verübt wurden, streng geahndet, wie z.B. Vergewaltigung oder Zerren an den Haaren (Ennen 1994). Die Christianisierung war nicht nur an den Glauben und die Kirche gekoppelt, sondern fand sich auch in alltäglichen Werten, wie der christlichen Eheauffassung und Geschlechterbildern, wieder. Theoretisch werden Männer und Frauen von der Kirche gleich angesehen. Der Mann stellt jedoch immer noch das Oberhaupt der Familie dar und Frauen gelten als das schwächere Geschlecht. In der ersten Hälfte des 4. Jahrhunderts entwickelten sich Frauenklöster, obwohl Frauen bis ins jetzige 21. Jahrhundert das Priesteramt verwehrt wird. Trotzdem bietet ein kirchlicher Zusammenhang Frauen, wie auch Männern, Sicherheit und Möglichkeiten zur Bildung, weshalb der Klerus auch als sozial höhere Schicht angesehen wird (Ennen 1994). Tatsächlich unterscheiden sich die Isotopenwerte von Frauen und Männern nicht signifikant. Demzufolge gibt es keine offensichtlichen Anzeichen für ein geschlechtsspezifisches Ernährungsmuster.

Zudem gibt es keine offensichtlichen Unterschiede in der Ernährungsweise zwischen den Dörfern und den Städten. Die Bevölkerung in den Dörfern hatte nur tendenziell einen höheren Anteil von Pflanzen

in der Ernährung. Die Qualität der Nahrungsmittel lässt sich aus den Modellen, wie bereits erwähnt, nicht erschließen. Es lässt sich daraus jedoch schließen, dass auch die ländliche Bevölkerung und die Bauern von der profilierten Entwicklung der Städte profitierten. Auch wenn die Literatur davon ausgeht, dass im Alltag vegetarische Speisen, Suppen sowie Brei überwogen (Ennen 1994), zeigen die Modelle, dass Fleisch durchaus regelmäßig in den Speisen verarbeitet und konsumiert wurde. Darüber hinaus muss man bedenken, dass die Städte von ihrem dörflichen Umfeld versorgt wurden. Wie die Ergebnisse der Einzugsbereiche zeigen (Kap. 4.5), umfasst die Fläche der Stadt immer mehrere Dörfer, die von der Fläche eingeschlossen werden. Die Nahrungsmittel, die von den Menschen auf dem Dorf verarbeitet und konsumiert wurden, wurden aufgrund von Abgaben und Herrschaftsgefügen auch an die Stadt und deren Bewohner weitergegeben und vermarktet.

Darüber hinaus verdeutlichen die Mischungsmodelle, dass der Anteil von Fleisch und Fleischprodukten im Verlauf des Mittelalters im bayerischen Raum anstieg. Dies zeigt der Vergleich der mittelalterlichen Fundorte, die sich in unterschiedlich Datierungsphasen einteilen lassen, z.B. Straubing. Die Ernährung der Individuen der ersten Belegungsphase (Mitte 5. – frühes 6. Jhdt.) des Friedhofs setzte sich aus ca. 50 % pflanzlichen Protein und 50 % Protein tierischen Ursprungs zusammen und ähnelt dem Ernährungsstil aus Erding-Klettham und Erding-Altenerding. Die Ernährungsweise ist also typisch für den Übergang von der Spätantike zum Frühmittelalter, in welches die Individuen aus Phase 1 datieren. Über die zweite und dritte Belegungsphase (2. Phase: erste Hälfte 6. Jhdt., 3. Phase: zweite Hälfte 6. Jhdt.) hinweg sinkt der Pflanzenanteil 30 % ab und bleibt dann über die Phasen stabil, wobei der Anteil von tierischem Protein in der Ernährung steigt. Dieser Ernährungsstil bleibt in Phase 4 (spätes 6.-Mitte 7. Jhdt.) stabil. Phase 5 muss hierbei ausgeschlossen werden, weil es sich hierbei lediglich um ein Individuum handelt, dessen genaue Datierung nicht näher beschrieben wird (Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012). Die nicht datierten Individuen ähneln im Schnitt den Werten aus der ersten Phase. Womöglich handelt es sich hierbei um Individuen aus der frühen Phase des Friedhofs.

Zusammenfassend zeigt der Vergleich zwischen den Fundorten aus der Spätantike/Frühen Mittelalter (u.a. Erding-Klettham, Erding-Altenerding, Bruckmühl) und dem Hoch-/Spätmittelalter (Regensburg, Zeholfing) einen Anstieg im Fleischanteil und zur gleichen Zeit die abnehmende Bedeutung pflanzlichen Proteins.

Erwartungsgemäß erwartet man einen Einfluss der Krisenphasen auf die Ernährung, die sich gleichzeitig aktiv auf eine Mehrzahl an Menschen auswirken wie Hungersnöte, Erkrankungen und Kriege. Hierdurch kommt es zu fehlenden Arbeitskräften für die Herstellung verschiedener Produkte doch gleichzeitig gibt es mehr Nahrungsmittel für die Überlebenden. Man muss vor dem mittelalterlichen Hintergrund beachten, dass die Menschen damals einen geringeren Ertrag erwirtschafteten und weniger Rücklagen hatten als in der Neuzeit. Das zeigt sich bereits beim Schlachtgewicht von Tieren. Rinder hatten damals ein Gewicht von 100 kg, erreichen aber heute ein

Gewicht von 300 kg, auch das Gewicht von Schweinen hat sich knapp verdreifacht (früher: 38 kg, heute: 100 kg; Vogt-Lüerssen 2006). Bei Pflanzen ist das nicht anders. Zwischen 1200 und 1249 schwankt der Getreideertrag (Ernteertrag je Saatkorn) in Europa zwischen 3,0 – 3,7 zu 1 (Braudel 1985). Falls es eine Missernte gab, waren diese Rücklagen schnell erschöpft. Erst nach 1500 verbesserte sich der Ertrag dahingehend, dass stabile Rücklagen für die Menschen zur Verfügung standen, sie erreichten aber erst im 18. Jahrhundert sehr hohe Erträge (Braudel 1985). Missernten und Ernteausfälle führten im Früh- und Hochmittelalter schneller zu Problemen als in der Neuzeit, da sich diese Krisen stark auf den Getreidepreis auswirkten (Braudel 1985). Dies hat wiederum zur Folge, dass v.a. die Armen auf minderwertige Nahrung zurückgreifen mussten. In der Ernährungsrekonstruktion spiegelt sich diese Art der Wechselwirkung allerdings nur dann wider, wenn die Krise länger anhält (Pest, kleine Eiszeit) und sich längerfristig stark auf die Bevölkerung und somit auf die Wirtschaft und Ernährung ausübt.

Die Auswertung von Isotopensignalen und daraus erstellten Mischungsmodelle dient also nicht ausschließlich zur Ernährungsrekonstruktion, sondern schafft durch die Interpretation der vorherrschenden Ökonomie mehr Klarheit und Aufklärung über die verschiedenen Zeitalter und wie sie sich durchgesetzt und als Standard etabliert hat.

6.4 Auffällige und besondere Individuen der spätantiken und mittelalterlichen Fundorte

6.4.1 Spätantike und Frühes Mittelalter

Es waren keine Gruppierungen bezüglich der Isotopenwerte in **Erding-Klettham** erkennbar, lediglich ein paar Ausreißer stechen aus der sonst homogenen Bevölkerungsgruppe hervor. Auch KL1721 fällt mit einem erhöhten Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 10,89 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 7,89 ‰) auf, der sich vom Populationsdurchschnitt um knapp 1,5 ‰ abhebt. Der $\delta^{13}C$-Wert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -17,05 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -22,05 ‰) ist knapp 2 ‰ positiver als der Populationsdurchschnitt. In diesem Fall handelt es sich um eine erwachsene Frau. Ein Einfluss von C_4-Pflanzen kann nicht ausgeschlossen werden, was dafürsprechen würde, dass diese Frau nicht lokal war. Auch der Konsum von Fisch ist eine mögliche Erklärung für die Wertekombination dieses Individuums, denn Erding ist umgeben von Nebenflüssen der Isar und direkt durch Klettham verläuft der Nebenfluss Sempt. Fischdaten für lokale Flüsse liegen nicht vor, weshalb eine Einschätzung nicht möglich ist.

Es gibt zwei Gruppen, in die sich die Population aus **Erding-Altenerding** differenzieren lässt: eine Gruppe, die in ihrer Isotopie her zwischen den Fleisch- und Pflanzenwerten liegen (Gruppe A) und eine Gruppe aus wenigen Individuen, die einen leicht höheren Stickstoffisotopenwert aufweisen als Gruppe A und z.T. sogar über den Fleischwerten liegen (Gruppe B). In Gruppe A befindet sich der Großteil der Population, was darauf hindeutet, dass es sich hierbei um den überwiegend vorkommenden

Ernährungsstil handelt. Die Unterschiede zwischen den Gruppen lassen sich weder durch das Alter der Individuen, noch durch deren Geschlecht erklären. Gruppe B, die einen höheren Fleischkonsum aufwies, gehörte wohl einem höheren sozialen Rang an und konnte sich daher mehr Fleisch leisten. Die Individuen, die mit ihrem Stickstoffisotopenwert über den Fleischwerten liegen, haben sich nicht unbedingt von einer anderen Fleischsorte ernährt. Berechnet man den Milchwert basierend auf den Rinderwerten und den Daten der Schafe/Ziegen, so erhält man einen Endpunkt, der die Individuen mit hohem Stickstoffisotopenwert einfängt (Abb. 94). Sie weichen in ihrer Ernährung damit sichtlich von den restlichen Menschen der Bevölkerung ab. Einen Zusammenhang zum Geschlecht oder Alter ist auszuschließen, da es sich sowohl um Männer als auch Frauen im erwachsenen Alter handelt.

Es gibt außerdem mehrere Individuen, die von der Bevölkerungsverteilung abweichen. Im Stickstoffisotopenwert gibt es keine mathematischen Ausreißer, da die Spanne der Isotopenwerte sehr variabel ist und über knapp 3 ‰ spannt und die sozialen Differenzen durchaus reflektiert, wenn man sich die Individuen mit den höchsten und niedrigsten Werten betrachtet. Die erwachsene Frau AE343 fällt mit dem niedrigsten Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,91 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,91 ‰) der gesamten Population auf und tendiert zu einer vegetarischen Ernährung, die auf C_3-Pflanzen basiert. Es ist denkbar, dass diese Frau sozial unterprivilegiert war bzw. als Bäuerin in der Landwirtschaft tätig war und daher in der Ernährung hauptsächlich auf Agrarprodukte zugreifen konnte. Im Gegensatz dazu weisen die beiden Individuen AE421 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,19 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 8,19 ‰) und AE909 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 11,13 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 8,13 ‰) die höchsten Stickstoffisotopenwerte auf und hatten somit einen gesicherten Zugang zu Fleisch. Tatsächlich handelt es sich bei diesen beiden Individuen ebenfalls um Frauen, sodass ein Geschlechtsunterschied, der sich in der Ernährung widerspiegelt, nicht als Erklärung infrage kommt. Beide Individuen gehören zur Altersklasse Maturitas und sind damit älter als die Frau AE343, deren Alter in die Altersklasse Adultas bestimmt wurde. Diese Differenz könnte von einem sozial-privilegierten Rang oder einer individuellen Ernährungspräferenz der beiden Individuen stammen. Eine plausible Erklärung, da die verschiedenen Ernährungsstile der Gruppen A und B auf sozialer Stratifizierung hindeuten. Des Weiteren ist es möglich, dass es sich bei diesen beiden Individuen um immigrierte Menschen handelte. AE421 sticht in diesem Punkt klar hervor, da hier Bestattungsbeigaben sich von lokalen Beigaben abheben und womöglich aus Skandinavien oder dem Baltikum stammen (Hakenbeck et al. 2010; Hakenbeck et al. 2012). Daher kann bei dieser Frau, die vermutlich primär ortsfremd ist, sondern nach Altenerding migrierte, der Einfluss von Fisch in der Ernährung die hohen Stickstoffisotopenwerte erklären. Dies wiederum wirft die Frage auf, ob das für die anderen Individuen, besonders der Frau AE909, nicht ebenso gilt. Allerdings zeigten die Beigaben dieser Frau keine Anzeichen dafür, dass sie nicht lokal war.

Deutlich auffälliger sind dagegen die Frauen AE513, AE1083 und AE1108, die eine deutliche Anreicherung mit ^{13}C aufweisen. Die Individuen AE1083 und AE1108 weichen um knapp eine

Trophiestufe (~1,3 ‰) von der restlichen Population ab. Sie werden gar nicht bzw. nur schwer vom Nahrungsnetz eingefangen, was auf einen *missing endmember* in beiden Fällen hindeutet. Vielleicht ernährten sich die beiden von einer aquatischen Ressource, allerdings hat AE1108 nur einen leicht erhöhten Stickstoffisotopenwert und AE1083 weicht in seinem Stickstoffisotopenwert nicht vom Populationsmedian ab, sodass aquatische Ressourcen als Nahrungsquelle eher wegfallen. Es ist durchaus denkbar, dass diese beiden Individuen geringe Mengen an C_4-Pflanzen regelmäßig konsumierten. Weiterhin kann nicht ausgeschlossen werden, dass es sich um nicht lokale Individuen handelt, die sich bereits so lange in Altenerding befanden, dass sich eine Mischisotopie der alten und neuen Ernährung gebildet hat. Der Kohlenstoffisotopenwert von Individuum AE513 ist über 2 ‰ erhöht, wohingegen der Stickstoffisotopenwert nicht vom Populationsmedian abweicht, was auf eine weitere Pflanzenquelle hindeutet, die jedoch nicht von C_3-Pflanzen stammt, sondern von C_4-Pflanzen. Da die Frauen aus Grab AE513 und AE1108 deformierte Schädel aufweisen, handelt es sich bei diesen beiden sehr wahrscheinlich um nicht lokale Personen und auch die Frau aus Grab AE1083 scheint nach Altenerding migriert zu sein. Auch die Frauen AE1135 und AE1350 haben künstlich deformierte Schädel, was darauf hindeutet, dass sie nicht lokal sind. Tatsächlich fallen die beiden Individuen ebenfalls mit ihrem Kohlenstoffisotopenwert auf. AE1350 ist zwar kein mathematischer Ausreißer, doch das Individuum hat einen tendenziell positiveren Kohlenstoffisotopenwert, was wie bei den drei Frauen (AE513, AE1083, AE1108) auf einen Einfluss von C_4-Pflanzen hindeutet. Bei der Frau aus Grab AE1135 hat den negativsten Kohlenstoffwert, der aber nur geringfügig von der Population abweicht. Im Gegensatz zu den anderen vier Frauen gibt es keinen Einfluss von C_4-Pflanzen. Der Einfluss von nicht lokalen Kultureinflüssen ist aber dennoch vorhanden.

Bei der Population aus **Bruckmühl** gibt es nur zwei mathematische Ausreißer, die mit ihren Isotopenwerten auf eine mögliche soziale Schichtung hinweisen Der Ausreißer B30* zeigt den niedrigsten Stickstoffisotopenwert der Population ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 7,93 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 4,93 ‰). Die Ernährung dieses Individuums ist damit also deutlich auf Pflanzen aufgebaut. Das Stickstoffsignal dieses Individuums, dessen Alter und Geschlecht nicht bestimmbar waren, ist zwar im Vergleich zu der restlichen Bevölkerung etwas niedriger (ca. 2 ‰ im Vergleich zum Populationsmedian), aber dies deutet auf einen individuellen Ernährungsstil hin. Das Individuum war möglicherweise Bauer und griff bevorzugt auf die Pflanzenprodukte, die er anbaute. Ein ähnliches Muster zeigt sich auch bei Individuum B7*, eine Frau, welche ebenfalls mit einem verhältnismäßig niedrigen Stickstoffisotopenwert ein Ausreißer ist (ca. 1 ‰ im Vergleich zum Populationsmedian), aber nicht stark von der Population abweicht. Es ist unwahrscheinlich, dass die Ernährung einen Zusammenhang mit dem Geschlecht hat, weil das Individuum B7* auch in der Gruppe der Frauen als Ausreißer auftritt. Wie auch bei Individuum B30* lässt sich der abweichende Ernährungsstil durch eine individuelle Präferenz oder eine andere soziale Schicht erklären.

Möglicherweise gab es zusätzlich innerhalb der Menschen aus dem westlichen Friedhofsabschnitt eine weitere soziale Abstufung, die zu der individuellen Variabilität führt. So gibt es eine Gruppe A, bestehend aus den Individuen B10, B13, B15, B17, B22 und B24, die den Werten und der Homogenität der Menschen gleicht, die im Osten bestattet wurden, und eine weitere Gruppe B aus den übrigen Individuen, die weiter streuen und näher am Rind- und Pflanzenendpunkt liegen.

Ein Individuum sticht trotz der weiten Verteilung als einziger Ausreißer der Bevölkerung aus **Ingolstadt-Etting** klar hervor: die erwachsene Frau aus Grab I.E28. Sie hat das negativste Kohlenstoffsignal, welches mit einem Ernährungswert von -23,40 ‰ (Populationsmedian: -21,43 ‰) den Einfluss des Baldachin-Effekts reflektiert. Es könnte sich um ein lokales Individuum handeln, dessen Ernährung stark auf Wildtieren bzw. auf Tieren, die im Wald gehalten wurden, beruht. Es ist jedoch nicht auszuschließen, dass dieses Individuum nicht lokal ist und aus einer dichten Waldregion nach Etting übersiedelte. Trotz alledem weicht sie von der lokalen Ernährungsweise ab.

Ein weiteres Individuum, welches jedoch durch seine Beigaben als besonderes Individuum gekennzeichnet und dem Reiterstand zuzuordnen ist, ist der Mann I.E3c. Er hatte aus der Ettinger Population den höchsten Stickstoffistopenwert. Allerdings ist er hierdurch kein mathematischer Ausreißer. Dennoch zeigt sein Isotopenwert, dass er regemäßigen Zugang zu tierischem Protein hatte.

Die Individuen aus **Großmehring** lassen sich bezüglich ihrer Isotopie grob in zwei Gruppen unterteilen: Gruppe A, deren Individuen im Nahrungsnetz aufgefangen werden bzw. nur leicht von den Grenzen des Nahrungsnetzes abweichen und Gruppe B, die einen Stickstoffernährungswert von über 8 ‰ aufweisen und außerhalb des Netzes liegen. Wie man im SISUS-Modell (Abb. 100) deutlich erkennt, schwanken die individuellen Ergebnisse der Individuen aus Gruppe A, was durch die Spanne der Stickstoffstoffwerte hervorgerufen wird. Alle Individuen dieser Gruppe hatten regelmäßig Fleisch in ihrer Ernährung und folglich auch den Zugang zu diesen Produkten. Für die angereicherten Stickstoffisotopenwerte der Individuen aus Gruppe B gibt es mehrere Erklärungsansätze. Möglicherweise erkennt man in dieser Gruppe den Einfluss aquatischer Ressourcen. Großmehring liegt direkt an der Donau und ist umgeben von kleineren Seen. Dies gewährleistet damit gute Voraussetzungen für Fischereibetriebe und -tätigkeiten. Dementsprechend ist es naheliegend, dass aquatische Ressourcen verzehrt wurden. Eine weitere Möglichkeit, die die erhöhten Stickstoffisotopenwerte erklärt, wäre der Konsum von Milch und Milchprodukten. Berechnet man den Wert aus Kuhmilch, sowie Schaf- und Ziegenmilch würde eine plausible Nahrungsquelle entstehen, der allerdings weiterhin einige Individuen ausschließt (Abb. 101). Milch und Milchprodukte sind als Nahrungsquelle damit plausibel, ebenso wie Süßwasserfisch.

Den niedrigsten Stickstoffisotopenwert von Großmehring weist der Ausreißer I.G2 120/I auf ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 6,75 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 3,75 ‰), ein erwachsener Mann, dessen Ernährung auf C_3-Pflanzen basierte und der primär vegetarisch lebte. Möglicherweise war dieser Mann ein Bauer, der von den

Produkten lebte, die der Hof hergab. Seine Ernährungsweise weicht damit deutlich von der restlichen Bevölkerung ab, die im Durchschnitt sichtlich mehr Fleisch konsumierte.

Es finden sich grob drei Gruppierungen in **Kelheim**: Die Individuen der Gruppe A liegen nahe an den Isotopiewerten von Schafen/Ziegen. Die Stickstoffisotopenwerte der Menschen aus Gruppe B ist angereicherter mit ^{15}N und liegen im Netz über dem Wert für Schweinfleisch. Für Individuen aus Gruppe C ist kein zentraler Wertebereich feststellbar, sondern die Individuen sind bezüglich ihrer Kohlenstoff- und Stickstoffisotopiewerte weit verstreut und so weder in Gruppe A noch in Gruppe B einzuordnen. Fünf der Individuen aus Gruppe C (KH17, KH34. KH71, KH128, KHRG3) haben erhöhte Stickstoffisotopenwerte (ca. 2 – 3 ‰ im Vergleich zum Populationsmedian), die weniger durch terrestrische Nahrungsmittel erklärt werden können, sondern auf einen Einfluss von aquatischen Ressourcen hindeuten. Eine aquatische Nahrungsquelle im Raum Kelheim ist durchaus plausibel, da Kelheim direkt in der Donau-Altmühl-Gabelung liegt. Möglicherweise sind deshalb die Stickstoffisotopenwerte der Menschen aus Kelheim allgemein ein wenig höher als die die Menschen der anderen Städte (bis zu 1,4 ‰; Tab. A 13).

Am auffälligsten treten die Individuen KH71, KHRG 3, KH17 und KH128 hervor. Die vier Individuen haben sich aufgrund ihrer erhöhten Stickstoffisotopiewerte sehr wahrscheinlich von Süßwasserfischen ernährt. Da die Isotopensignale von aquatischen Ressourcen selbst innerhalb eines Gewässers stark schwanken können und trotz desselben Ursprungs in ihren Werten divergieren, ist ein hypothetischer Wert für Modelle nicht sinnvoll. Deshalb konnte kein Modell zur Überprüfung erstellt werden. Dennoch sind Süßwasserressourcen eine plausible Nahrungsquelle, wenn man deren Wertespanne beachtet (Kap. 1.6.2.2, Kap. 1.6.3.2). KH43 Nord ist eine erwachsene Frau, die auch bei den Frauen allgemein als Ausreißer auffällt. Ihr Kohlenstoffisotopenwert ist der negativste aus dem Datensatz. Ihr Stickstoffsignal liegt im unteren Viertel des allgemeinen Wertebereichs. Vermutlich entstand ihr negativer Kohlenstoffisotopenwert durch den Baldachin-Effekt.

Unter den im Kreisgraben bestatteten Individuen (KHRG3, KHRG 8) fällt nur der Mann aus Grab KHRG 3 mit besonderer Ernährung auf. Die Frau KHRG 8 fällt jedoch nicht auf. Eine soziale Sonderstellung der Individuen, die im Kreisgraben bestattet wurden, ist zwar nicht auszuschließen, besonders, da KHRG 3 deutlich aus der Population sticht, doch zeigt sich dies nicht allein durch die Isotopenanalyse.

In **Straubing** fällt eine Gruppe mit positiven Kohlenstoffisotopenwerten auf, die auch aus dem Nahrungsnetz fallen: die erwachsenen Männer S095, S235, S243 und S358, sowie die erwachsene Frau S228. Alle konzentrieren sich um einen ähnlichen Kohlenstoffisotopenwert (Kollagen: ~18,7 ‰; Ernährung: ~-23,7 ‰), was auf einen *missing endmember* hindeutet, und variieren in ihrem Stickstoffisotopenwert. Die fünf Individuen treten mit ihrem Kohlenstoffisotopenwert deutlich aus der Bevölkerung hervor. C_4-Pflanzen können als mögliche Erklärung nicht ausgeschlossen werden, doch das Kohlenstoffsignal der fünf Individuen ist durchaus noch im Wertebereich von C_3-Pflanzen und

weicht von der Bevölkerung nur um knapp 1 ‰ ab. Es könnte also ein Mischsignal von C_3- und C_4-Pflanzen, mit überwiegend C_3-Pflanzen, vorliegen oder der Konsum von C_4-Pflanzen und Fleisch von Herbivoren, die sich von C_4-Pflanzen ernährten. Der Einfluss von Fisch ist nicht auszuschließen, da Straubing an der Donau liegt, sodass Fischerei und somit der Verzehr von Süßwasserfisch eine plausible Erklärung für die positiveren Kohlenstoffisotopenwerte darstellen. Allerdings weichen die Individuen in ihrem Stickstoffisotopenwert nicht sehr von der Population ab, sodass Süßwasserfisch nicht als Quelle zu ignorieren, aber dennoch unwahrscheinlich ist. Es ist sicher, dass bei diesen fünf Individuen ein *missing endmember* für die Mischungsmodelle existiert, vermutlich ein geringer Einfluss von C_4-Pflanzen.

Die Frau S228 hatte einen künstlich deformierten Schädel, was auf einen nicht lokalen Kultureinfluss hindeutet. Die Frau ist daher sehr wahrscheinlich nicht lokal, sondern migrierte nach Straubing.

Auch die Frauen S310, S328, S224, S360, S361, S470, S50, S535 und S708 hatten einen künstlich deformierten Schädel, im Vergleich zu S228 hatten sie jedoch keine auffälligen Isotopenwerte. Ihre Ernährungsweise unterscheidet sich daher nicht vom lokalen Ernährungsstil. Man erkennt hier also sichtbare Kultureinflüsse über die Wirtschaftsweise hinaus oder die Frauen lebten schon so lange in Straubing, dass sich der Wert an die lokale Wirtschaftsweise angepasst hat.

Der auffälligste Ausreißer in der Population in Straubing ist das Individuum S445, welches äußerst niedrige Stickstoffisotopenwerte aufweist (Kollagen: 4,96 ‰; Ernährung: 1,96 ‰) und ein leicht negativeres Kohlenstoffsignal. Der Ernährungsstil dieses Mannes ist deutlich vegetarisch. Das Individuum hebt sich stark von der Gruppe ab und ist möglicherweise nicht lokal. Hakenbeck et al (2010, 2012) vermuteten, dass hier fälschlicherweise ein Tier gemessen wurde und es sich gar nicht um einen Menschen handelt. Sie vermuten, dass bei der Grabverfüllung aus Versehen ein Tierknochenfragment zu den Skelettknochen gepackt wurde und dann fälschlicherweise für das Knochenfragment eines Menschen gehalten und dessen Isotopie gemessen wurde. Diese Probe wurde dennoch behandelt, da es nicht bewiesen ist, dass es sich hier um ein Tier handelt und ähnliche Werte für Menschen durchaus möglich sind, wenn man das post-neolithische Individuum (NC90 K10 B36) aus Nevalı Çori beachtet.

Das Individuum S066, eine erwachsene Frau und Ausreißer in der Gesamtpopulation und in der Gruppe der Frauen, hatte einen tendenziell negativeren Kohlenstoffisotopenwert (Kollagen: -20,59 ‰; Ernährung: -25,59 ‰) als die Bevölkerung, wich aber in ihrem Stickstoffisotopenwert nicht ab. Sie ernährte sich also wie die Durchschnittspopulation von einer Mischung aus Fleisch und Pflanzen. Bei den konsumierten Pflanzen und Pflanzenprodukten handelte es sich um C_3-Pflanzen, die aber mit ^{13}C abgereichert waren, wie auch das Tierprotein, die sie konsumierte. Es ist denkbar, dass eine Fleischquelle einen negativeren Kohlenstoffisotopenwert hatte und die Frau sich hiervon ernährte.

Nichtsdestotrotz hatte das Individuum eine vom Durchschnitt abweichende Ernährung, die sowohl mit individuellen Präferenzen als auch mit einem anderen sozialen Hintergrund erklärt werden kann.

Durch das Mischungsmodell in SISUS deutet sich eine spezifische Gruppierung in **Unterigling** innerhalb der Daten an: In Gruppe A (n = 7) werden Individuen zusammengefasst, die sowohl negativere Kohlenstoffisotopenwerte ($\delta^{13}C_{Kollagen}$ < 20 ‰) als auch niedrigere Stickstoffisotopenwerte ($\delta^{15}N_{Kollagen}$ < 9 ‰) aufweisen und gleichzeitig nicht vom Nahrungsnetz erfasst werden. Eine weitere Gruppe lässt sich aus den Individuen bilden, die vom Nahrungsnetz erfasst werden. Zwischen dieser Gruppe lässt sich aber noch näher unterscheiden. Individuen der Gruppe B (n = 6) weisen ähnliche Stickstoffisotopenwerte auf wie die Frauen aus Gruppe A ($\delta^{15}N_{Kollagen}$ < 9 ‰), aber positivere Kohlenstoffisotopenwerte ($\delta^{13}C_{Kollagen}$ ~ 19,5 ‰). Im Fall von Gruppe C (n = 10) sind die Individuen mit ^{15}N angereichert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$ > 9 ‰). Während sich die Individuen aus Gruppe B eher von Pflanzen und Pflanzenprodukten ernährten, konsumierten die Individuen einen höheren Anteil an Fleisch und Fleischgerichten.

Bei den Individuen aus Gruppe A handelt es sich hauptsächlich um erwachsene Frauen. Diese haben etwas mehr Pflanzen und Pflanzenprodukte konsumiert als die anderen Individuen. Der statistische Test hat jedoch gezeigt, dass die Unterschiede zwischen Frauen und Männern nicht signifikant sind. Diese Gruppe der Frauen fällt also in der Ernährungsuntersuchung mit einer individuellen Ernährungsweise auf.

Neben den Gruppen A, B und C gibt es noch weitere Individuen (n = 9), die sich nicht in diese drei Gruppen kategorisieren lassen, allerdings auch keine eigene Gruppierung darstellen, da die Daten sehr variabel sind.

Der Ausreißer U35II hat einen stark erhöhten Stickstoffisotopenwert. Dies ist im Fall dieses erwachsenen Mannes durch eine Nahrungsquelle zu erklären, die nicht erfasst wurde. Sehr wahrscheinlich handelte es sich bei dieser Nahrungsquelle um Fisch. Durch Unterigling läuft der Luibach und in der näheren Umgebung gibt es zusätzlich noch den Fluss Singold. Durch diese beiden Gewässer besteht die Möglichkeit zur Fischerei. Es ist jedoch auch denkbar, dass dieses Individuum nicht lokal ist und nach Unterigling migrierte.

Eine Besonderheit des Friedhofs aus Unterigling war die Separatgrablege, von denen die Isotopenwerte der Individuen U79, U81, U225, U226 und U228 zur Ernährungsrekonstruktion zur Verfügung standen. Das weibliche Kind U226, das ca. vier Jahre alt war, und der mature Mann U79 lassen sich der Gruppe C zuordnen und hatten somit einen höheren tierischen Anteil in der Ernährung. Bezüglich der Nahrungsquellen weichen beide Individuen nicht von der Durchschnittspopulation ab, wobei es denkbar ist, dass das Kind U226 in der Phase des Abstillens war. Das adulte Individuum U81 hat leicht negativere Kohlenstoffisotopenwerte und ähnelt hierdurch den Individuen der Gruppe A, fällt nicht in diese Gruppe, und fällt knapp aus dem Mischungsmodell. Ein *missing endmember* könnte

das Individuum einschließen, allerdings kann es sich auch um einen Variabilitätspunkt handeln, da das Individuum nur knapp aus den Mischungsmodellen ausgeschlossen wird. Der Mann U225 lässt sich in keiner Gruppe zuordnen, da es durch seinen hohen Stickstoffisotopenwert aus der Population hervorsticht. Dieses Individuum hatte einen noch höheren tierischen Anteil in der Ernährung als die Individuen aus Gruppe C. Möglicherweise wurden Süßwasserfische konsumiert, aber auch Isotopenwerte lokaler Tiere statt derjenigen aus einem Datenpool könnten den Isotopenwert des Mannes erklären. Milch oder Milchprodukte sind ebenso wenig ausgeschlossen, doch ein aus den Schaf-, Rind- und Ziegenwerten berechneter Milchwert ist für dieses Individuum zur Modellerstellung nicht ausreichend, da es immer noch ausgeschlossen wird. Das Individuum U228 lässt sich durch seine Kohlenstoff- und Stickstoffisotopiewerte der Gruppe A zuordnen und weicht somit von den Individuen aus dem Separatgrablege ab. Es gibt also keine herausragende Ernährung für die Individuen aus dem Separatgrablege.

6.4.2 Hoch- und Spätmittelalter

Es gibt mehrere Individuen aus **Regensburg**, die mit ihren Isotopenwerten unter den untersuchten Individuen deutlich auffallen.

So sind die erwachsenen Individuen R56, R96 und R260 mit einem niedrigen Stickstoffisotopenwert auffällig. Die Frau R56 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,85 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,85 ‰) tritt auch in der Gruppe der Frauen als Ausreißer hervor, was darauf hindeutet, dass der Ernährungsunterschied nicht auf einen Geschlechtsbezug zurückzuführen ist. Die Frau fällt aus dem Nahrungsnetz, dennoch kann man sagen, dass die Ernährung dieser Frau deutlich mehr auf Pflanzen aufbaute als auf tierischem Protein. Der Mann aus Grab R96 hat den niedrigsten Stickstoffisotopenwert ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,01 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,01 ‰) der Population und liegt damit sehr nahe am Wertebereich von Pflanzen und deren Produkte. Seine Ernährung basierte also überwiegend auf pflanzlichen Produkten. Er fällt jedoch aus den Mischungsmodellen, sodass ein genauer Anteil nicht berechnet werden kann. Der Stickstoffisotopenwert der erwachsenen Frau aus Grab R260 ($\delta^{15}N_{Kollagen}$: 8,77 ‰; $\delta^{15}N_{Ernährung}$: 5,77 ‰) ist deutlich erniedrigt und fällt aus den Mischungsmodellen. Man kann daraus schließen, dass sie mehr Pflanzenprodukte verzehrt hat als der Durchschnitt. Ihr negativer Kohlenstoffisotopenwert ($\delta^{13}C_{Kollagen}$: -20,41 ‰; $\delta^{13}C_{Ernährung}$: -25,41 ‰) weicht nicht nur von der Gesamtpopulation ab, sondern ist auch mathematisch in der Erwachsenengruppe auffällig. Die Tendenz zu negativeren Werten als die Durchschnittspopulation deutet darauf hin, dass die Frau ein oder mehrere Nahrungsmittel in ihrer Ernährung hatte, die unter dem Baldachin-Effekt standen. Diesen Einfluss weist auch die adulte Frau R99 auf. Mit dem niedrigsten Kohlenstoffsignal tritt es deutlich aus der Menge hervor. Der Stickstoffisotopenwert der erwachsenen Frau liegt im unteren Drittel der Stickstoffverteilung, doch sie hat regelmäßig Fleisch verzehrt, möglicherweise von Wildtieren. Es stand kein Isotopensignal aus

Regensburg zur Verfügung, sodass kein Modell erstellt werden konnte. In Zusammenhang zum möglichen Einfluss des Baldachin-Effekt auf den Kohlenstoffisotopiewert der Frau, ist es jedoch ein plausibler *missing endmember*.

Innerhalb des Friedhofs aus **Zeholfing** und seiner beiden Friedhofsbereiche lässt sich keine explizite Gruppierung feststellen. Der Ausreißer Z9 aus Horizont 1 hat einen leicht erhöhten Kohlenstoffisotopenwert, der vom Populationsdurchschnitt um knapp 1 ‰ abweicht. Auch wenn das Individuum einen ähnlichen Ernährungsstil zu den restlichen Individuen aufweist, fällt es sogar nicht allzu knapp aus dem Nahrungsnetz, was auf eine abweichende Ernährungsweise hindeutet. Beachtet man jedoch die anderen mittelalterlichen Fundorte und wie weit die Spanne und Variabilität innerhalb eines Fundorts sein kann, ist es durchaus möglich, dass dieses Individuum nicht von der lokalen Wirtschaftsweise abweicht, sondern z.B. durch eine soziale Sonderstellung besseren Zugang zu tierischem Protein hatte. Es würde die Isotopenanalyse weiterer Individuen benötigen, um festzustellen, ob es sich hier um ein lokales Individuum mit besonderer Ernährungsweise handelt oder um ein nicht lokales Individuum und die fehlende Nahrungsquelle Tiere aus der ursprünglichen Heimat des Individuums sind.

6.5 Vorteile und Grenzen des Isotopic Sourcing

Es gibt einige Punkte, die durch *isotopic sourcing* allgemein und unabhängig vom Programm nicht erreicht und berechnet werden können. Die Ernährung, die von den Modellen kalkuliert wird, bildet den mehrjährigen Durchschnitt der Ernährung der Individuen ab. Darüber hinaus werden klimatische Veränderungen in den Isotopenwerten bei Knochen nicht unbedingt reflektiert, ebenso wenig wie Saisonalität. So müssen Pflanzen lange Zeit gedeihen und manche Wildtiere kommen in manchen Jahreszeiten gehäuft oder vermindert von. Auch religiöse Zusammenhänge, wie Fastenzeiten, oder kurze zeitliche Ernährungswechsel, genauso wie Schlachtzeiten können aus dem Isotopensignal nicht interpretiert werden, da es sich um temporäre Änderungen handelt.

Für die Auswertung der durchschnittlichen Subsistenzstrategie ist dies wiederum ein klarer Vorteil, da temporäre Einbrüche, Saisonalität und Änderungen nicht abgebildet werden. Einschneidende Kulturänderungen sind jedoch sehr wohl sichtbar. Darüber hinaus muss man bei der Auswertung beachten, dass ein gleiches Isotopensignal in den Programmen zu einer identischen Ernährungsweise führt, weil das Isotopensignal stets eine Mischung darstellt, die sich über mehrere Jahre akkumuliert hat und das Proteinsignal darstellt.

Es ist möglich, ein Nahrungsnetz mit mehreren Pflanzenendpunkten zu gestalten, da es in Pflanzen, ebenso wie bei tierischem Gewebe, Fraktionierungsprozesse in den einzelnen Organen gibt (Badeck et al. 2005), wodurch eine weitere Spanne in den $\delta^{13}C$-Werten entsteht. Die Isotopensignale in Pflanzen sind damit bis zu einem gewissen Grad sehr variabel und können im 2D-Modell einen

durchaus größeren Wertebereich abdecken. Das Problem hierbei ist allerdings, dass man ein weiteres Level an hypothetischen Werten in das Modell einspeist, obwohl zwei Pflanzenwerte in einem Modell durch ihre Variabilität gerechtfertigt werden. Es gilt aber bei den Mischungsmodellen, so viele Nahrungsmittel wie notwendig, jedoch so wenige Nahrungsquellen wie möglich einzusetzen. Für die Wirtschaftsökonomie ist daher eine pflanzliche Nahrungsquelle akzeptabel. Sollte die Fragestellung jedoch untersuchen, welche pflanzliche Nahrungsquelle in der Biomasse überwiegt, können weitere pflanzliche Nahrungsquellen in die Mischungsmodelle eingeschleust werden. Diese Möglichkeit zu analysieren, welche Nahrungsquelle in der Biomasse stärker vertreten ist, sei sie tierischen oder pflanzlichen Ursprungs, ist ein klarer Vorteil der Mischungsmodelle, welcher mit der bivariaten Auswertung nicht erreicht wird.

Eine Grenze erreicht das *isotopic sourcing*, aber auch die Isotopenanalyse allgemein, bei der Qualität der Nahrung. Die einfache soziale Stratifizierung spiegelt sich nicht in der Nahrung wider, weil in Bezug auf Fleisch qualitativ minderwertige und als teuer geltende Nahrungsquellen im Isotopensignal gleich sind.

Das Isotopic Sourcing durch die verschiedenen Mischungsmodelle bringt den Vorteil, eine explizite Quantifizierung der einzelnen Nahrungsmittel zu erzielen und liefert keine vage Einstufung, wie es bei der bivariate Auswertung der Fall ist. Die Ergebnisse der bivariaten Auswertung stuft den Konsumenten, sei es ein Individuum oder die Durchschnittspopulation, nur in ein unscharfes Schema der Trophieebenen ein. Die Mischungsmodelle lösen diese Unschärfe und setzen eine Relation des Konsumenten zu seinen Nahrungsmitteln und quantifizieren die einzelnen Ressourcen, wodurch die primäre Ernährungsweise rekonstruiert und vorherrschende Wirtschaftsweise interpretiert werden kann z.B. im Neolithikum Jagd gegenüber Haustierhaltung.

7 Conclusio: Die Bedeutung von Ernährungsrekonstruktion und Mischungsmodellen

In dieser Arbeit wurde für Populationen des Neolithikums und des Mittelalters die Paläoernährung durch konzentrationsabhängigen Mischungsmodelle quantifiziert und reevaluiert, wodurch das Wirtschaftssystem der Populationen besser definiert werden konnte. Bei der Ernährungsrekonstruktion mittels Mischungsmodellen handelt es sich nicht unbedingt um eine Rekonstruktion im üblichen Sinne, sondern es ist vielmehr eine reale Annäherung durch Modellierung. Die konventionelle, bivariate Auswertungsmethode basiert auf der Einschätzung von $\delta^{13}C$- and $\delta^{15}N$-Werten bezüglich der Trophieebenen, bei welcher das Isotopensignal der Menschen mit dem der lokalen Tiere verglichen wird. Isotopic Sourcing erlaubt hingegen eine Schätzung des prozentualen Anteiles der wichtigsten Nahrungsquellen, wie z.B. Fleisch oder Pflanzen. Verwendet man Tierknochen als isotopische Endmember, muss man jedoch den archäozoologischen Kontext beachten. Hierbei sollte auf die Häufigkeit bestimmter Spezies, sowie auf verschiedene Körperteile im Fundgut geachtet werden, die Anzeichen von Schlachtung zeigen oder Reste des Schlachtprozesses waren. Spezies, die am häufigsten im Fundgut vertreten sind, haben mit sehr großer Wahrscheinlichkeit neben ihren nützlichen Rohstoffen wie Fell, Milch und Knochen auch zur Fleischversorgung beigetragen. Archäozoologische und archäobotanische Funde sammeln sich meist über den gesamten Zeitraum einer Siedlung, teils über mehrere Jahrhunderte hinweg. Bei manchen Fundorten, z.B. Nevalı Çori, lassen sich die Tierknochen näher in Siedlungsphasen unterteilen. In den meisten Fällen gibt es diese Unterteilung jedoch nicht. Aufgrund der Funde allein ist es daher schwierig, den Anteil in der menschlichen Ernährung genau zu bestimmen. Mittels Isotopic Sourcing lässt sich der Biomasseanteil verschiedener Nahrungsmittel realistisch einschätzen. Nahrungsmittel in der alltäglichen Ernährung können quantifiziert werden, wodurch man die Subsistenzstrategie und Wirtschaftsweise einer Population näher nachvollziehen kann.

Die Isotopendaten, die in dieser Arbeit reevaluiert wurden, stammten von Fundorten, die sich in Zeit und Raum unterschieden, wodurch bestimmte Entwicklungen beobachtet werden konnten, welche für die Populationsdynamik von hoher Bedeutung waren.

Die Türkei steht hierbei für die Entstehung des sogenannten Neolithischen Pakets, einer Kombination aus Kultur und Wissen, sowie der Domestikation von Tieren und Pflanzen. Nevalı Çori, eine der ersten sesshaften Siedlungen, weist eine primär vegetarische Ernährung auf. Der Konsum von Fleisch war selten, trotz des Wissens über die Domestikation von Tieren. Wie die Modelle zeigen, stammte das konsumierte Fleisch sowohl von domestizierten Tieren als auch von Wild. Jagd war trotz Domestikation noch ein wichtiger Teil der Versorgung, auch wenn die archäozoologischen Beifunde eine Abnahme der Wildtiere im Laufe des Neolithikums belegen. Nichtsdestotrotz wurden Haustiere nicht primär als

Fleischlieferant gehalten, sondern hatten einen anderen Stellenwert inne, möglicherweise im sozial-kulturellen Zusammenhang. Die teils starken interindividuellen Unterschiede im Biomassenanteil von Pflanzen- und Tierprodukten deuten auf eine frühe Arbeitsteilung oder soziale Stratifizierung hin.

Obwohl die Neolithisierung in Griechenland sich nicht de novo entwickeln musste, sondern die Kultur zur Domestikation von Tieren und Pflanzen ausgereift war, zeigen sich immer noch sehr ähnliche Ernährungsschemata bei den Menschen der neolithischen Fundorte. Die Ernährung konzentrierte sich auf C_3-Pflanzen und war primär vegetarisch. Im Unterschied zu Nevalı Çori, weisen die griechischen Fundorte jedoch einen zunehmend höheren Anteil von Fleisch auf. Im Durchschnitt waren Wildtiere und domestizierte Tiere zu gleichen Teilen in der Ernährung vertreten. Die griechischen Fundorte belegen, dass eine Entwicklung hin zum vermehrten Verzehr von domestizierten Tieren erfolgte, jedoch die Jagd immer noch eine grundlegende Rolle spielte und Agrarprodukte immer noch einen elementaren Teil der Ernährung ausmachten.

Die zwei Fundorte in Serbien am Eisernen Tor, Lepenski Vir und Vlasac, datieren in das Mesolithikum und den Übergang zum Neolithikum, widersprechen allerdings der Bedeutung des neolithischen Pakets und demonstrieren zusätzlich seine Abhängigkeit von der geographischen Umgebung. Während die Türkei und Griechenland ein mediterranes Klima teilen, herrscht in Serbien milderes Klima. Die Türkei und die griechischen Fundorte, ausgenommen Franchthi, sind durch terrestrische Nahrungsquellen gekennzeichnet, doch in den serbischen Siedlungen stehen durch die Donau auch Süßwasserquellen zur Verfügung. Genau diese Ressource war für die Menschen aus Lepenski Vir und Vlasac von größter Bedeutung. Aquatische Ressourcen prägen den Ernährungsstil der Populationen, welche ihre alltägliche Ernährung mit C_3-Pflanzen und auch Wild ergänzten. Selbst als das Neolithikum Serbien erreichte, änderte sich der Ernährungsstil nur langsam in Richtung terrestrischer Nahrungsmittel. Das Ernährungsmuster in Serbien ist völlig losgelöst vom neolithischen Paket. Während das neolithische Paket aufgrund der ähnlichen Grundvoraussetzungen in Griechenland nur eine leichte Adaptation durchmachte, konnte es sich am Eisernen Tor nicht durchsetzen.

Auch wenn das Neolithikum durch die Domestikation von Tieren und Pflanzen eine Versorgung mit Nahrungsmitteln und infolgedessen eine einfachere Nahrungsmittelproduktion verspricht, war es dennoch ein langwieriger Prozess über tausende Jahre hinweg bis sich die Kultur und das Handwerk angepasst hatte, wobei lokale Gewohnheiten nicht zwangsläufig verdrängt wurden.

Über die Zeiten hinweg verbreitete und festigte sich das neolithische Paket und führte zur Stabilisation sowie zur Entstehung von etablierten Gesellschaften. Nach der Auflösung des Römischen Reiches in der Spätantike trat ein kultureller Wandel in Europa ein, der das Mittelalter einläutete. In der Ernährung änderte sich zu dieser Zeit wenig. Während in der Spätantike Wildtiere durchaus noch gejagt und einen geringen Einfluss auf die Ernährung hatten, verschwinden sie im Frühmittelalter bzw. wurden zu selten gegessen, um einen Abdruck im Isotopensignal der Menschen zu hinterlassen. Es gibt

im Fundort Ingolstadt-Etting in diesem Punkt möglicherweise eine Ausnahme, da Wild eine potentielle Nahrungsquelle darstellt, kann jedoch isotopisch nicht gesichert werden. Im Laufe des Hoch- und Spätmittelalters stieg der Anteil von Fleisch in der Ernährung weiter an, doch ebenso stieg die isotopische Variabilität der einzelnen Individuen, d.h. höhere Flexibilität, Arbeitsteilung, soziale Stratifizierung. Das negativ konnotierte Bild, welches die Menschen heutzutage vom Mittelalter haben, konnte nicht verifiziert werden.

Ähnlich verhält es sich im sozialen Bezugsrahmen. Man erwartet, dass das patriarchalische System, welches das Mittelalter dominierte, zu Differenzen in der Ernährung von Männern und Frauen führte. Die Ernährung zwischen Frauen und Männern zeigt jedoch keine Abweichung untereinander auf. Auch der Einfluss der Kirche mit Ernährungsgeboten reflektiert sich nicht in den Ergebnissen, ebenso wenig die Saisonalität von Pflanzen oder die Schlachtzeit von Tieren.

Weil die Mischungsmodelle der Bevölkerungen eine Akkumulation der Mischisotopie über mehrere Jahre abbilden, zeigen die variablen Isotopensignale der Individuen Ernährungspräferenzen, die nicht zwangsläufig mit Geschmack zusammenhängen, sondern sich auch durch den Zugang zu gewissen Nahrungsmitteln ableiten lassen. Der eingeschränkte oder spezialisierte Zugang zu Nahrungsmitteln kann durch soziale Abstufung, Arbeitsteilung oder einer Kombination aus beiden Strukturen entstehen.

Eine soziale Stratifizierung lässt sich mittels Mischungsmodellen entgegen der üblichen Vorstellung nicht feststellen. Es ist zusätzlich eine manuelle Auswertung der Daten notwendig, da der Ernährungsstil der diversen sozialen Schichten fließend ist. Eine klare Gruppierung kristallisiert sich nur in Einzelfällen heraus. Ebenso muss bei der Interpretation der Ergebnisse beachtet werden, dass die Qualität der Nahrungsmittel nicht widergespiegelt wird, beispielsweise qualitativ hochwertige und minder qualitative Fleischprodukte.

Außerdem muss man bei der Populationsauswertung Rücksicht auf die Datenverteilung und die individuellen Ergebnisse nehmen. Die allgemeine Datenverteilung ermöglicht es Gruppenmuster sichtbar zu machen. Doch auch die Ausreißeranalyse ist notwendig, um Individuen zu bestimmen, die vom lokalen Ernährungsstil deutlich abweichen und eine nicht lokale Ernährungs- und Wirtschaftsweise bzw. nicht-lokale Kultureinflüsse aufweisen.

Das größte Problem bei der Erstellung von Mischungsmodellen sind *missing endmember*, besonders Pflanzen. Leider sind gerade archäobotanische Funde sehr rar im Vergleich zu archäozoologischen Funden. Obendrein können Pflanzen auch anderweitig verwendet werden, wie z.B. Baumaterial, und eben nicht nur als Nahrungsmittel. Da Menschen Ernährungsgeneralisten mit sehr flexiblen Ernährungsgewohnheiten sind, sollten so viele Endmember wie nötig im Modell genutzt werden, aber zugleich so wenige wie möglich, um mathematische Fehler zu vermeiden. Es sollte bei der Auswahl der

Endmember zudem die Zusammensetzung des Fundguts in Bezug auf die Taxa beachtet werden, sodass essentielle Nahrungsquellen nicht ausgeschlossen werden.

Das **Fazit** dieser Arbeit lautet, dass die Auswertung stabiler Isotope leichter Elemente mittels Mischungsmodellen unerlässlich ist, um detailliertere Antworten auf archäologisch-wirtschaftliche und anthropologische Fragestellungen zu bekommen und hierdurch verstärkte, quantifizierbare Einblicke in die Ernährung, die Ökonomie und die Lebensweise prähistorischer, historischer und auch gegenwärtiger Populationen zu gewinnen.

8 Quellenverzeichnis

8.1 Literatur

Adams T. S., Sterner R. W. (2000): The effect of dietary nitrogen content on trophic level ^{15}N enrichment. Limnology and Oceanography 45(3): pp. 601-607.

Adler C. P. (2005): Knochenkrankheiten. Diagnostik makroskopischer, histologischer und radiologischer Strukturveränderungen des Skeletts. Springer, Berling, Heidelberg, New York, 3. Auflage.

Al-Bashaireh K., Al-Shorman A., Rose J., Jull A. J. T. Hodgins G. (2010): Paleodiet reconstruction of human remains from the archaeological site of Natfieh, northern Jordan. Radiocarbon 52(02), pp. 645-652.

Alberts B., Bray D., Lewis J., Raff M., Roberts K. (1989): Molecular Biology of the Cell. 2nd Edition Garland Publishing, New York, London.

Allentoft M., Sikora M., Sjögren K. G., Rasmussen S., Rasmussen M., Stenderup J., Damgaard P. B., Schroeder H., Ahlström T., Vinner L., Malaspinas A. S., Margaryan A., Higham T., Chivall D., Lynnerup N., Harbig L., Baron J., Della Casa P., Dąbrowski P., Duffy P. R., Ebel A. V., Epimakhov A., Frei K., Furmanek M., Gralak T., Gromov A., Gronkiewicz S., Grupe G., Hajdu T., Jarysz R., Khartanovich V., Khokhlov A., Kiss V., Kolář J., Kriiska A, Lasak I., Longhi C., McGlynn G., Merkevicius A., Merkyte I., Metspalu M., Mkrtchyan R., Moiseyev V., Paja L., Pálfi G., Pokutta D., Pospieszny L., Price T. D., Saag L., Sablin M., Shishlina N., Smrčka V., Soenov V. I., Szeverényi V., Tóth G., Trifanova S. V., Varul L., Vicze M., Yepiskoposyan L., Zhitenev V., Orlando L., Sicheritz-Pontén T., Brunak S., Nielsen R., Kristiansen K., Willerslev E. (2015): Population genomics of Bronze Age Eurasia. Nature (522): pp. 167–172.

Ambrose S. H. (1990): Preparation and characterization of bone and tooth collagen for isotopic analysis. Journal of Archaeological Science 17(4): pp. 431-451.

Ambrose S. H. (1991): Effects of diet, climate and physiology on nitrogen isotope abundances in terrestrial foodwebs. Journal of Archaeological Science 18(3): pp. 293-317.

Ambrose S. H. (1993): Isotopic analysis of paleodiets: methodological and interpretive considerations. In Sandford M. K. (eds.): Investigations of Ancient Human Tissue -Chemical Analysis in Anthropology. Gordon and Breach Science Publishers, Langhorne, pp. 59-130.

Ambrose S. H., Norr L. (1993): Experimental evidence for the relationship of the carbon isotope ratios of whole diet and dietary protein to those of bone collagen and carbonate. In Lambert J. B., Grupe G. (eds.): Prehistoric human bone – Archaeology at the Molecular Level, Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 1-37

Anders F., Onken B., Pujiula M., Focke H. (2007): Spätantike: Europa zwischen Antike und Mittelalter. Buchners Kolleg. Themen Geschichte, C.C. Buchners Verlag, Bamberg.

Anderson E.N. (2005): Everyone eats: understanding food and culture. New York University Press. New York, London.

Andreou S., Fotiadis M., Kotsakis K. (1996): Review of Aegean prehistory V: the Neolithic and Bronze Age of northern Greece. American Journal of Archaeology 100(3): pp.537-597.

Arbogast R. M., Jacomet S., Magny M., Schibler J. (2006): The significance of climate fluctuations for lake level changes and shifts in subsistence economy during the late Neolithic (4300–2400 BC) in central Europe. Vegetation History and Archaeobotany 15(4): pp. 403-418.

Armelagos G. J., Alcom M., Martin D., Vangreven D. P. (1989): Factors affecting elemental and isotopic variation in prehistoric human skeletons. In Price T. D.: The Chemistry of Prehistoric Human Bone. Cambridge University Press. Cambridge, pp. 230-244.

Asam T., Gruppe G., Peters J. (2006): Menschliche Subsistenzstrategien im Neolithikum: Eine Isotopenanalyse bayerischer Skelettfunde. Anthropologischer Anzeiger 64(1): pp. 1-23.

Badeck F. W., Tcherkez G., Nogues S., Piel C., Ghashghaie J. (2005): Post-photosynthetic fractionation of stable carbon isotopes between plant organs—a widespread phenomenon. Rapid Communications in Mass Spectrometry: An International Journal Devoted to the Rapid Dissemination of Up-to-the-Minute Research in Mass Spectrometry, 19(11): pp. 1381-1391.

Bartosiewicz L., Bonsall C., Şişu V. (2008): Sturgeon fishing in the middle and lower Danube region. The iron gates in prehistory – New perspectives, pp. 39-54.

Bayerisches Landesamt für Steuern: Merkblatt über den Aufbau der Bodenschätzung (03/2019), München.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft 2020: Böden und ihre Nutzung, Freising: https://www.lfl.bayern.de/iab/boden/036308/index.php; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 11:58 Uhr.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft 2021: Züchtung beim Schwein, Freising: https://www.lfl.bayern.de/schwerpunkte/tierwohl/068553/index.php; Zuletzt aufgerufen am 20.03.2021, 13:00 Uhr.

Becker C., Grupe G. (2012): Archaeometry meets archaeozoology: Viking Haithabu and medieval Schleswig reconsidered. Archaeological and Anthropological Sciences 4(4): pp. 241-262.

Bechstädt R. M. (1997): Seit wann ist Ingolstadt nun Stadt? Wissensspeicher zur Geschichte von Ingolstadt: https://www.ingolstadt.de/stadtmuseum/scheuerer/ing/750jahrf.htm; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:08 Uhr.

Behre K. E. (1986): Die Ernährung im Mittelalter. In: Herrmann B. (ed.): Mensch und Umwelt im Mittelalter, Stuttgart: Deutsche Verlags-Anstalt GmbH, pp. 74-87.

Ben-David M., Flaherty E. A. (2012): Stable isotopes in mammalian research: a beginner's guide. Journal of Mammalogy 93(2): pp. 312-328.

Bender M. M. (1968): Mass Spectrometric Studies of Carbon 13 Variations in Corn and Other Grasses. Radiocarbon 10(2): pp. 468-472.

Betz E, Reutter K., Mecke D., Ritter H. (2007): Biologie des Menschen. Nikol Verlagsgesellschaft mbH und Co. KG., Hamburg, 15. Auflage.

Binder H. J., Mansbach C. M. (2016): Nutrient Digestion and Absorption. In Boron W. F., Boulpaep E. L. (eds.): Medical Physiology. Elsevier, Philadelphia, 3. Auflage, pp. 914-943.

Bocherens H., Drucker D. (2003): Trophic level isotopic enrichment of carbon and nitrogen in bone collagen: case studies from recent and ancient terrestrial ecosystems. International Journal of Osteoarchaeology 13(1-2): pp. 46-53.

Bocherens H., Fizet M., Mariotti A. (1994): Diet, physiology and ecology of fossil mammals as inferred from stable carbon and nitrogen isotope biogeochemistry: implications for Pleistocene bears. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology 107(3): pp. 213-225.

Bocherens H., Koch P. L., Mariotti A., Geraads D., Jaeger J. J. (1996): Isotopic Biogeochemistry (^{13}C, ^{18}O) of Mammalian Enamel from African Pleistocene Hominid Sites. PALAIOS 11(4): pp. 306-318.

Bogaard A., Heaton T. H. E., Poulton P., Merbach I. (2007): The impact of manuring on nitrogen isotope ratios in cereals: archaeological implications for reconstruction of diet and crop management practices. Journal of Archaeological Science 34(3): pp. 335-343.

Bogaard, Amy, Fraser R., Heaton T. H. E., Wallace M., Vaiglova P., Charles M., Jones G., Evershed R. P., Styring A. K., Andersen N. H. (2013): Crop manuring and intensive land management by Europe's first farmers. Proceedings of the National Academy of Sciences 110(31): pp. 12589-12594.

Bökönyi S. (1970): Animal remains from Lepenski Vir. Science 167(3926): pp. 1702-1704.

Bond A. L., Diamond A. W. (2011): Recent Bayesian stable-isotope mixing models are highly sensitive to variation in discrimination factors. Ecological Applications 21(4): pp. 1017-1023.

Bonga L. A. (2017): Thoughts on the Preliminary Study of Early Neolithic Decorated Pottery from the Central Origma at Mavropigi-Filotsairi. In Sarris A., Kalogiropoulou E., Kalayci T., Karimali L. (eds.): Communities, Landscapes, and Interaction in Neolithic Greece. Archaeological series. International Monographs in Prehistory, Michigan, pp. 374-387.

Bonin T. S. (2017): Küche im Mittelalter: Eine kulinarische Zeitreise durch das facettenreiche Mittelalter. Mittelalter-Verlag e.V., Mörfelden-Walldorf.

Bonsall C., Cook G. T., Hedges R. E. M., Highham T. F. G., Pickard C., Radovanović (2004): Radiocarbon and stable isotope evidence of dietary change from the Mesolithic to the Middle Ages in the Iron Gates: new results from Lepenski Vir. Radiocarbon 46(1): pp. 293-300.

Bonsall C., Radovanović I., Roksandic M., Cook G. T., Highham T. F. G., Pickard C., Boroneant V. (2008): Dating burial practices and architecture at Lepenski Vir. In Bonsall C., Boroneant V., Radovanović I. (eds.): The Iron Gates in Prehistory. New Perspectives. BAR International Series 1893, Oxford, pp. 175-204.

Borić D. (2007): Mesolithic-Neolithic Interactions in the Danube Gorges. In Kozlowski J. K., Nowak M.: Mesolithic/Neolithic Interactions in the Balkans and in the Middle Danube Basin BAR International Series 1726, Oxford, pp. 31-45.

Borić D. (2016): Deathways at Lepenski Vir: patterns in mortuary practice: Serbian Archaeological Society.

Borić D., Grupe G., Peters J., Mikić Ž. (2004): Is the Mesolithic-Neolithic Subsistence Dichotomy Real? New Stable Isotope Evidence from the Danube Gorges. European Journal of Archaeology 7(3): pp. 221-248.

Borić D., French C. A., Stefanović S., Dimitrijević V., Cristiani E., Gurova, M., Antonović D., Allue E., Filipović D. (2014): Late Mesolithic lifeways and deathways at Vlasac (Serbia). Journal of Field Archaeology 39(1): pp. 4-31.

Boskey A. L. (2013): Bone composition: relationship to bone fragility and antiosteoporotic drug effects. BoneKey reports 2, Art.nr. 447.

Brather S. (1995): Nordwestslawische Siedlungskeramik der Karolingerzeit-Fränkische Waren als Vorbild?. Germania: Anzeiger der Römisch-Germanischen Kommission des Deutschen Archäologischen Instituts, 73(2): pp. 403-420.

Braudel F. (1985): Sozialgeschichte des 15.-18. Jahrhunderts: Der Alltag. Kindler Verlag, München.

Breasted J. H. (1926): The Conquest of Civilization. Harper und Brothers, New York, London.

Brooks J. R. Buchmann N., Phillips S., Ehleringer B., Evans R. D., Lott M., Martinelli L. A., Pockman W. T., Sandquist D., Sparks J. P. (2002): Heavy and light beer: a carbon isotope approach to detect C4 carbon in beers of different origins, styles, and prices. Journal of Agricultural and Food Chemistry 50 (22): pp. 6413-6418.

Cahill G. F. (2006). Fuel metabolism in starvation. Annual Review Nutrition (26): pp. 1-22.

Carter D. R., Beaupré G. S. (2001): Skeletal function and form: mechanobiology of skeletal development, aging, and regeneration. Cambridge University Press, Cambridge.

Caut S., Angulo E., Courchamp F. (2008): Caution on isotopic model use for analyses of consumer diet. Canadian Journal of Zoology 86(5): pp. 438-445.

Cernusak L. A., Tcherkez G., Keitel C., Cornwell W. K., Santiago L. S., Knohl A., Barbour M. M., Williams D. G., Reich P. B., Ellsworth D. S., Dawson T. E., Griffiths H. G., Farquhar G. D., Wright I. J. (2009): Why are non-photosynthetic tissues generally 13C enriched compared with leaves in C3 plants? Review and synthesis of current hypotheses. Functional Plant Biology 36(3): pp. 199-213.

Chisholm B. S. (1989): Variation in diet reconstructions based on stable carbon isotopic evidence. In Price T. D.: The Chemistry of Prehistoric Human Bone. Cambridge University Press. Cambridge, pp. 10-37.

Chisholm B. S., Nelson D. E., Schwarcz H. P (1982): Stable-Carbon Isotope Ratios as a Measure of Marine versus Terrestrial Protein in Ancient Diets. Science 216(4550): pp. 1131-1132.

Clementz M. T., Koch P. L. (2001): Differentiating aquatic mammal habitat and foraging ecology with stable isotopes in tooth enamel. Oecologia 129(3): pp. 461-472.

Cohen M. N. (1977): The food crisis in prehistory. Overpopulation and the origins of agriculture. Yale University Press, New Haven, London.

Cook, G. T., Bonsall C., Hedges R. E. M., McSweeney K., Boronean V., Pettitt P. B. (2001): A freshwater diet-derived 14 C reservoir effect at the Stone Age sites in the Iron Gates gorge. Radiocarbon 43(2A): pp. 453-460.

Cook G. T., Bonsall C., Hedges R. E. M., McSweeney K., Boroneant V., Bartosiewicz L., Pettitt P. B. (2002): Problems of dating human bones from the Iron Gates. Antiquity 76(291): pp. 77-85.

Craig H. (1953): The geochemistry of the stable carbon isotopes. Geochimica et Cosmochimica Acta 3(2): pp. 53-92.

Cristiani E., Radini A., Edinborough M., Borić D. (2016): Dental calculus reveals Mesolithic foragers in the Balkans consumed domesticated plant foods. Proceedings of the National Academy of Sciences 113(37): pp. 10298-10303.

Crowley B. E., Carter M. L., Karpanty S. M., Zihlman A. L., Koch P. L., Dominy N. J. (2010): Stable carbon and nitrogen isotope enrichment in primate tissues. Oecologia 164(3): pp. 611-626.

Cunliffe B. W. (2008): Europe between the Oceans, 9000 BC to AD 1000. Volume 63. Yale University Press, New Haven.

Czermak A. M. (2011): Soziale Stratifizierung im frühen Mittelalter: Aussage- und Nachweismöglichkeiten anhand von biologischen Indikatoren. Dissertation LMU, München.

Czermak A., Ledderose A. (2004): Getrennt und Gemeinsam: Zur gesellschaftlichen Gliederung eines frühmittelalterlichen Separatfriedhofs. Erste Ergebnisse einer archäologisch-anthropologischen Synthese. Documenta Archaeobiologiae 2: pp. 71-95.

Daxelmüller C. (1995): Zwischen Fest und Fasten. Frömmigkeit und Alltag im mittelalterlichen Regensburg. In: Angerer M., Wanderwitz M., Trapp E. (eds.): Regensburg im Mittelalter. Regensburg: Universitätsverlag Regensburg, pp. 237-250.

Degroot D. (2018): The frigid golden age: Climate change, the little ice age, and the Dutch Republic, 1560–1720. Cambridge University Press, Cambridge.

del Rio C. M., Wolf B. O. (2005): Mass-balance models for animal isotopic ecology. Physiological and ecological adaptations to feeding in vertebrates: pp. 141-174.

Delmas P. D., Malaval L. (1993): The proteins of bone. In Mundy G. R., Martin T. J. (eds.): Physiology and pharmacology of bone. Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 673-724.

Delwiche C. C., Steyn P. L. (1970): Nitrogen isotope fractionation in soils and microbial reactions. Environmental Science and Technology 4(11): pp. 929-935.

Demand N. H (2006): A history of Ancient Greece in its mediterranean context. Sloan Publishing, New York.

DeNiro M. J. (1985): Postmortem preservation and alteration of in vivo bone collagen isotope ratios in relation to palaeodietary reconstruction. Nature 317(6040): pp. 806-809.

DeNiro M. J., Epstein S. (1978): Influence of diet on the distribution of carbon isotopes in animals. Geochimica et Cosmochimica Acta 42(5): pp. 495-506.

DeNiro M. J., Epstein S. (1981): Influence of diet on the distribution of nitrogen isotopes in animals. Geochimica et Cosmochimica Acta 45(3): pp. 341-351.

Diamond J. (1997): Location, Location, Location: The First Farmers. Science 278(5341): pp. 1243-1244.

Dimitrijević V. (2008): Lepenski Vir animal bones: what was left in the houses? In Bonsall C., Boroneant V., Radovanović I. (eds.): The Iron Gates in Prehistory. New Perspectives. BAR International Series 1893, Oxford, pp. 117-130.

Dimitrijević V., Vuković S. (2012): Was the dog locally domesticated in the Danube Gorges? Morphometric study of dog cranial remains from four Mesolithic–Early Neolithic archaeological sites by comparison with contemporary wolves. International Journal of Osteoarchaeology 25(1): pp. 1-30.

Dimitrijević V., Živaljević Z., Stefanović S. (2016): Becoming sedentary? The seasonality of food resource exploitation in the Mesolithic-Neolithic Danube Gorges. Documenta Praehistorica 43: pp. 103-122.

Dirmeier A. (1995): Armenfürsorge, Totengedenken und Machtpolitik im mittelalterlichen Regensburg. Vom hospitale paupetum zum Almosenamt. In: Angerer M., Wanderwitz M., Trapp E. (eds.): Regensburg im Mittelalter. Universitätsverlag Regensburg, Regensburg, pp. 217-236.

Dufour E., Bocherens H., Mariotti A. (1999): Palaeodietary implications of isotopic variability in Eurasian lacustrine fish. Journal of Archaeological Science 26(6): pp. 617-627.

Ebersbach R., Schade C. (2002): Modelle zur Intensität der bandkeramischen Landnutzung am Beispiel der Altsiedellandschaft Mörlener Bucht / Wetterau. In Lüning J., Frirdich C., Zimmermann A (eds.). Die Bandkeramik im 21 Jahrhundert Symposium Brauweiler September 2002 Internationale Archäologie. Rahden, pp. 259-273.

Edmondson J. (2009) Introduction: Approaching the Age of Augusts. In Edmondson J. (ed.): Augustus. Edinburgh University Press, Edinburgh.

Ennen E. (1994): Frauen im Mittelalter. C.H. Beck Verlag, München.

Ergert B. E. (1984): Jagd in Bayern. Rosenheimer Raritäten, Rosenheim.

Elmadfa I., Leitzmann C. (2004): Ernährung des Menschen. Eugen Ulmer GmbH und Co, Stuttgart.

Engelhardt B. (1978): Cheleheim-Kelheim: Archäologie am Rhein-Main-Donau-Kanal: Gewinne und Verluste. Ausgrabungsnotizen aus Bayern, 1, Bayerisches Landesamt für Denkmalpflege.

Engelhardt B. (1987): Ausgrabungen am Main-Donau-Kanal: Archäologie und Geschichte im Herzen Bayerns. Leihdorf Verlag, Rahden.

Erhardt (2014): Stable Isotope Sourcing using Sampling – Getting Started. https://statacumen.com/sw/sisus/doc/SISUS_Getting_Started_v3_9-13.pdf

Erhardt E. B., Wolf B. O., Ben-David M., Bedrick E. J. (2014). Stable Isotope Sourcing using Sampling. Open Journal of Ecology 4 (6): pp. 289–298. doi: 10.4236/oje.2014.46027.

Ericksen M. F. (1991): Histologic estimation of age at death using the anterior cortex of the femur. American journal of physical anthropology, 84(2), pp. 171-179.

Evershed R. P., Payne S., Sherratt A. G., Copley M. S., Coolidge J., Urem-Kotsu D., Kotsakis K., Özdoğan M., Özdoğan A. E., Nieuwenhuyse O., Akkermans P. M. M. G., Bailey D., Andeescu R. R., Campbell S., Farid S., Hodder I., Yalman N., Özbaşaran M., Bıçakcı E., Garfinkel Y., Levy T., Burton M. M. (2008): Earliest date for milk use in the Near East and southeastern Europe linked to cattle herding. Nature (455): pp. 455:528.

Facorellis Y., Kyparissi-Apostolika N., Maniatis Y. (2001): The Cave of Theopetra, Kalambaka: Radiocarbon Evidence for 50,000 Years of Human Presence. Radiocarbon 43(2B): pp. 1029-1048.

Faller A., Schünke M., Schünke G. (2004): Der Körper des Menschen: Einführung in Bau und Funktion. Thieme, Stuttgart.

Farrand W. R. (2003): Depositional environments and site formation during the Mesolithic occupations of Franchthi Cave, Peloponnesos, Greece. In Galanidou N, Perlès C. (eds.): The vegetation history of the Greek Mesolithic – Problems and perspectives. The British School at Athens, London, pp. 69-78.

Fees-Buchecker W., Lang J. (2009): Gemeinde Igling: Ortschronik Oberigling und Unterigling. EOS-Verlag, St. Ottilien.

Fernandes R., Millard A. R., Brabec M., Nadeau M. J., Grootes P. (2014): Food reconstruction using isotopic transferred signals (FRUITS): a Bayesian model for diet reconstruction. PloS one, 9(2), e87436.

Fogel M. L., Tuross N., Johnson B. J., Miller G. H. (1997): Biogeochemical record of ancient humans. Organic Geochemistry 27(5–6): pp. 275-287.

Fraser R. A., Bogaard A., Heaton T., Charles M., Jones G., Christensen B. T., Halstead P., Merbach I., Poulton P. R., Sparkes D., Styring A. K. (2011): Manuring and stable nitrogen isotope ratios in cereals and pulses: towards a new archaeobotanical approach to the inference of land use and dietary practices. Journal of Archaeological Science 38(10): pp. 2790-2804.

Frayer D. W. (1988): Auditory exostoses and evidence for fishing at Vlasac. Current Anthropology 29(2): pp. 346-349.

Friedli H., Lötscher H., Oeschger H. J., Siegenthaler U., Stauffer B. (1986): Ice core record of the 13C/12C ratio of atmospheric CO2 in the past two centuries. Nature 324(6094): pp. 237-238

Fuller D. Q. (2007): Contrasting patterns in crop domestication and domestication rates: recent archaeobotanical insights from the Old World. Annals of Botany 100(5): pp. 903-924.

Fuller B., Fuller J. L., Harris D. A., Hedges R., E. M. (2006): Detection of breastfeeding and weaning in modern human infants with carbon and nitrogen stable isotope ratios. American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists 129(2): pp. 279-293.

Fußgänger R. (2003): Historische Betrachtungen zum Ernährungs- und Eßverhalten. In Wechsler J. G. (ed.): Adipositas – Ursachen und Therapie. 2. Auflage, Blackwell Verlag, Berlin: pp. 1-45.

Gairhos A. (2010): Späte Merowingerzeit im Ingolstädter Raum: die Bestattungsplätze von Etting-Sandfeld, Etting-Ziegelsaumäcker, Großmehring-Straßgwender und Enkering-Mauergarten. Verlag Dr. Faustus, Ingolstadt.

Gekle M. (2014): Funktion des Magen-Darm-Trakts, Energiehaushalt und Ernährung. In Pape H. C., Kurtz A., Silbernagl S.: Physiologie, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, New York, 7. Auflage, Kapitel 12 pp. 474-565.

Gekle M., Wischmeyer E., Gründer S., Petersen M., Schwab A., Markwardt F., Klöckler N., Pape H. C., Baumann R., Martin H. (2015): Taschenlehrbuch Physiologie. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, New York, 2. Auflage.

Gemeinde Großmehring: Großmehring in der Geschichte. https://www.grossmehring.de/Geschichte.n26.html; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:23 Uhr.

Graw M., Wahl J., Ahlbrecht M. (2005): Course of the meatus acusticus internus as criterion for sex differentiation. Forensic science international, 147(2), pp. 113-117.

Grupe G. (2000): Umweltnutzung im Mittelalter. Mitteilungen der Deutschen Gesellschaft für Archäologie des Mittelalters und der Neuzeit 11: pp. 18-22.

Grupe G. (2014): Application of isotopic mixing models for palaeodietary and paleoecological studies. Anthropologischer Anzeiger 71(1-2): pp. 21-39.

Grupe G., Peters J. (2008): Feeding humans and animals at Pre-Pottery Neolithic Nevalı Çori (SE-Anatolia) as evidenced by stable isotope analysis. Travaux de la Maison de l'Orient et de la Méditerranée 49(1): pp.197-217.

Grupe G., Peters J. (2011): Climatic conditions, hunting activities and husbandry practices in the course of the Neolithic transition: The story told by stable isotope analyses of human and animal skeletal remains. Human Bioarchaeology of the Transition to Agriculture: pp.63-85.

Grupe G., Price T. D., Schröter P., Söllner F., Johnson C. M., Beard B. L. (1997): Mobility of Bell Beaker people revealed by strontium isotope ratios of tooth and bone: a study of southern Bavarian skeletal remains. Applied Geochemistry 12(4): pp. 517-525.

Grupe G., Heinrich D., Peters J. (2009): A brackish water aquatic foodweb: trophic levels and salinity gradients in the Schlei fjord, Northern Germany, in Viking and medieval times. Journal of Archaeological Science 36(10): pp. 2125-2144.

Grupe G., Doppler S., Vohberger M., Peters J. (2010): Fishing with the Vikings: Vertebrate food webs and isotopic mixing models in a brackish water ecosystem at Viking Haithabu and medieval Schleswig. Bulletin of the Swiss Society for Anthropology 16: pp. 23-34.

Grupe G., Christiansen K., Schröder I., Wittwer-Backofen U. (2012): Anthropologie: Einführendes Lehrbuch. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

Grupe G., von Carnap-Bornheim C., Becker C. (2013): Rise and Fall of a Medieval Trade Centre: Economic Change from Viking Haithabu to Medieval Schleswig Revealed by Stable Isotope Analysis. European Journal of Archaeology 16(1): pp. 137-166.

Grupe G., Harbeck M., McGlynn G. C. (2015): Prähistorische Anthropologie. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

Haarmann H. (2012): Da Rätsel der Donauzivilisation – Die Entdeckung der ältesten Hochkultur Europas. C.H. Beck Verlag, München.

Haas H. G. (1979): Osteomalazien. In Schlegel B. (ed.): Verhandlungen der Deutschen Gesellschaft für innere Medizin, 85. Kongreß gehalten zu Wiesbaden vom 22.–26. April 1979, J.F. Bergmann-Verlag, München, pp. 275 – 278.

Hadjikoumis A. (2018): The macrofaunal assemblage of Alepotrypa. In Papathanasiou A., Parkinson W.A., Pullen D. J., Galaty M.L., Karkanas P. (eds.): Neolithic Alepotrypa Cave in the Mani, Greece. Oxbow books, Oxford, Philadelphia, pp. 272-305.

Hagl P., Becker C., Grupe, G. (2013): Establishment of dairying economy in the Bavarian Neolithic revealed by isotopic foodwebs. Documenta Archaeobiologiae 11: pp. 79-94.

Hahn E. (1896): Die Haustiere und ihre Beziehungen zur Wirtschaft des Menschen: eine geographische Studie. Duncker und Humblot, Leipzig.

Hakenbeck S. (2011): Local, regional and ethnic identities in early medieval cemeteries in Bavaria. Contributi di Archaeologia Medievale, Vol. 5, All'insegna del Giglio, Lorenzo.

Hakenbeck S. (2013): Potential and limitations of isotope analysis in Early Medieval archaeology. Post-Class Archaeol 3, pp. 109-125.

Hakenbeck S., McManus E., Geisler H., Grupe G., O'Connell T. (2010): Diet and mobility in Early Medieval Bavaria: A study of carbon and nitrogen stable isotopes. American Journal of Physical Anthropology 143(2): pp. 235-249.

Hakenbeck S., Geisler H., Gruppe G., O'Conell T. C. (2012): Ernährung und Mobilität im frühmittelalterlichen Bayern anhand einer Analyse stabiler Kohlenstoff und Stickstoffisotope – Studien zu Mobilität und Exogmie. Archäologisches Korrespondenzblatt, Volume 42. Römisch-Germanisches Zentralmuseum, Mainz.

Halstead P. (2007): Carcasses and commensality: investigating the social context of meat consumption in Neolithic and Early Bronze Age Greece. In Renard J., Mee C. (eds.): Cooking up the Past: food and culinary practices in the Neolithic and Bronze Age Aegean. Oxbow Books, Oxford, pp. 25-48.

Hamilakis Y. (2000a): Zooarchaeology of Neolithic Theopetra – preliminary report. In Kyparissi-Apostolika (ed.): Theopetra Cave: Twelve Years of Excavation and Research 1987-1998. Proceedings of the International Conference Trikala 6-7 November 1998, Athen, pp. 263-266.

Hamilakis Y. (2000b): The anthropology of food and drink consumption and Aegean archaeology. In Vaughan S. J., Coulson W. D. E. (eds.): Palaeodiet in the Aegean. Papers from a colloquium held at the 1993 meeting of the Archaeological Institute of America in Washington D.C. Oxbow Books, pp. 55:63.

Hammer Ø., Harper D. A. T., Ryan P. D. (2001): PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. Palaeontologia Electronica 4(1): pp. 9. http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm

Hansen J. M. (1978): The earliest seed remains from Greece: Palaeolithic through Neolithic at Franchthi Cave. Berichte der Deutschen Botanischen Gesellschaft 91(1): pp. 39-46.

Hansen J., Renfrew J. M. (1978): Palaeolithic-Neolithic seed remains at Franchthi Cave, Greece. Nature 271(5643): pp. 349-352.

Hare P. E. (1988): Organic Geochemistry of Bone and Its Relation to the Survival of Bone in the Natural Environment. In Behrensmeyer A. K., Hill A. P.: Fossils in the Making: Vertebrate Taphonomy and Paleoecology, The University of Chicago Press, Chicago, London, pp. 208-219.

Hare P. E., Fogel M. L., Stafford T. W., Mitchell A. D., Hoering T. C. (1991): The isotopic composition of carbon and nitrogen in individual amino acids isolated from modern and fossil proteins. Journal of Archaeological Science 18(3): pp. 277-292.

Harris D. R. (1996): Domesticatory relationships of people, plants and animals. *In* Elle R., Fukui K. (eds.): Redefining Nature – Ecology, Culture and Domestication. Berg Publishers, Oxford, pp. 437-463.

Hauptmann H. (1999): The Urfa region. In Başgelen N, Mehmet Ö. (eds.): Neolithic in Turkey: the cradle of civilization: new discoveries. Vol. 1, Arkeoloji ve Sanat Yaynlar, Istanbul, pp. 65-86.

Hauptmann H. (2011): The Urfa Region. In Özdogan M., Basgelen N., Kuniholm P. (eds.): The Neolithic in Turkey – New Excavations und New Research. Archaeology und Art Publications, Istanbul, pp. 85 – 138.

Heaton T. H. E. (1987): The 15 N/14 N ratios of plants in South Africa and Namibia: relationship to climate and coastal/saline environments. Oecologia 74: pp. 236-246.

Heaton T. H. E., Vogel J. C., von La Chevallerie G., Collett G. (1986): Climatic influence on the isotopic composition of bone nitrogen. Nature 322(6082): pp. 822-823.

Hedges R. E. M., Reynard L. M. (2007): Nitrogen isotopes and the trophic level of humans in archaeology. Journal of Archaeological Science 34(8): pp. 1240-1251.

Herrmann B., Grupe G., Hummel S., Piepenbrink H., Schutkowski H. (1990): Prähistorische Anthropologie: Leitfaden der Feld-und Labormethoden. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

Hirschmann F. G. (2009): Die Stadt im Mittelalter (Enzyklopädie deutscher Geschichte, Bd. 84), R. Oldenburg Verlag, München.

Horn F., Moc I., Schneider N., Grillhösl C., Berghild S., Lindenmeier G., et al. (2005): Biochemie des Menschen: das Lehrbuch für das Medizinstudium. Georg Thieme Verlag. Stuttgart, New York.

Howland M. R., Corr L. T., Young S. M. M., Jones V., Jim S., van der Merwe N. J., Mitchell A. D., Evershed R. P. (2003): Expression of the dietary isotope signal in the compound-specific δ13C values of pig bone lipids and amino acids. International Journal of Osteoarchaeology 13(1-2): pp. 54-65.

Hübner H. (1985): Geographische Variationen der Isotopen Zusammensetzung leichter Elemente im tierischen, insbesondere menschlichen Organismus: eine Studie: Akademie der Wissenschaften der DDR, Zentralinsitut für Isotopen-und Strahlenforschung, Leipzig: pp. 1-91.

Hüster-Plogmann H., Schibler J., Steppan K. H. (1999): The relationship between wild mammal explotation, climatic fluctuations and economic adaptations: A transdisciplinary study on the Neolithic sites from the Lake Zurich region, Southwest Germany and Bavaria. In Becker C., Manhart H., Peters J., Schibler J. (eds.), Historia animalium ex ossibus: Beiträge zur Paläoanatomie, Archäologie, Ägyptologie, Ethnologie und Geschichte der Tiermedizin. Festschrift für Angela von den Driesch zum 65. Geburtstag. Internationale Archäologie: Studia honoraria Bd. 8, Rahden/Westf., Leidorf: pp. 189-200.

Irsigler F. (1991): Bündelung von Energie in der mittelalterlichen Stadt: Einige Modellannahmen. Saeculum 42(3-4): pp. 308-319.

Isenmann E. (1988): Die deutsche Stadt im Spätmittelalter. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Jäckel A. J. (1863): Materialien zur bayer. Fauna und Jagdgeschichte. Acta Albertina Ratisbonensia, Korrespondenzblatt des zoologisch-mineralogischen Vereins in Regensburg, 17 (4).

Jackson A. L., Inger R., Parnell A. C., Bearhop S. (2011): Comparing isotopic niche widths among and within communities: SIBER–Stable Isotope Bayesian Ellipses in R. Journal of Animal Ecology, 80(3: pp. 595-602.

Jäger E., Neumann S., Ohmann E. (2009): Botanik. Springer-Verlag, Heidelberg.

James W. P. T. (1972): Protein synthesis and breakdown and amino acid catabolism in protein-calorie malnutrition. Proceedings of the Nutrition Society 31(2): pp. 225-231.

Jameson M. H. (1976): A Greek countryside: Reports from the Argolid Exploration project. Expedition 19(1): pp. 2-4.

Jankrift K. P. (2003): Brände, Stürme, Hungersnöte: Katastrophen in der mittelalterlichen Lebenswelt Jan Thorbecke Verlag GmbH, Ostfildern.

Jenkins S. G., Partridge S. T., Stephenson T. R., Farley S. D., Robbins C. T. (2001): Nitrogen and carbon isotope fractionation between mothers, neonates, and nursing offspring. Oecologia 129(3): pp. 336-341.

Jim S., Ambrose S. H., Evershed R. P. (2004): Stable carbon isotopic evidence for differences in the dietary origin of bone cholesterol, collagen and apatite: implications for their use in palaeodietary reconstruction. Geochimica et Cosmochimica Acta 68(1): pp. 61-72.

Jull A. T., Burr G. S., Hodgins G. W. (2013): Radiocarbon dating, reservoir effects, and calibration. Quaternary International, Vol. 299: pp. 64-71.

Kadereit K. W., Körner C., Kost B., Sonnewald U. (2014): Strasburger− Lehrbuch der Pflanzenwissenschaften. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

Kalicz N. (1990): Frühneolithische Siedlungsfunde aus Südwestungarn. Inventaria Praehistorica Hungariae IV. Kovacs T., Stanczik I. (Hrsg.), Magyar Nemzeti Muzeum.

Karamitrou-Mentessidi G., Efstratiou N., Kozlowski J. K., Kaczanowska M., Maniatis Y., Curci A., Michalopulou S., Papathanasiou A., Valamoti S. M. (2013): New evidence on the beginning of farming in Greece: the Early Neolithic settlement of Mavropigi in western Macedonia (Greece). Antiquity 87: pp. 336.

Karamitrou-Mentessidi G., Efstratiou N., Kaczanowska M., Kozlowski J. K. (2015): Early Neolithic Settlement of Mavropigi in Western Greek Macedonia. Eurasian Prehistory 12(1-2): pp. 47-116.

Katzenberg K. A., Weber A. (1999): Stable isotope ecology and palaeodiet in the Lake Baikal region of Siberia. Journal of Archaeological Science 26(6): pp. 651-659.

Keaveney E. M., Reimer P. J. (2012): Understanding the variability in freshwater radiocarbon reservoir offsets: a cautionary tale. Journal of Archaeological Science 39(5): pp. 1306-1316.

Kislev M. E., Bar-Yosef O. (1988) The legumes: the earliest domesticated plants in the Near East? Current anthropology 29(1): pp. 175-179.

Klein E. (1969): Geschichte der deutschen Landwirtschaft – Ein Überblick. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.

Knudson K. J., Price T. D., Buikstra J. E., Blom D. E. (2004): The Use of Strontium Isotope Analysis to Investigate Tiwanaku Migration and Mortuary Ritual in Bolivia and Peru. Archaeometry 46(1): pp. 5-18.

Koch P.L., Phillips D.L. (2002): Incorporating Concentration Dependence in Stable Isotope Mixing Models: A Reply to Robbins, Hilderbrand and Farley (2002). Oecologia 133(1): pp. 14-18.

Kornexl B. E., Werner T., Roßmann A., Schmidt H. L. (1997): Measurement of stable isotope abundances in milk and milk ingredients — a possible tool for origin assignment and quality control. Zeitschrift für Lebensmitteluntersuchung und -forschung 205(1): pp. 19-24.

Krueger H. W., Sullivan C. H. (1984): Models for carbon isotope fractionation between diet and bone. Stable isotopes in nutrition 258: pp. 205-220.

Kuhn K. (1987): The Classical Collagens: Types I, II and III. In Mayne, Burgeson R. E. (eds.): Structure and Function of Collagen Types. Academic Press, Orlando, pp. 1-37.

Kyparissi-Apostolika N. (2000): The Mesolithic/Neolithic transition in Greece as evidenced by the data at Theopetra cave in Thessaly. Volume XXVII: pp. 133-140.

Lanting J. N., Van Der Plicht J. (1998): Reservoir Effects and Apparent. The Journal of Irish Archaeology, Vol. 9, pp. 151-165.

Laurioux B. (1999) Tafelfreuden im Mittelalter: die Esskultur der Ritter, Bürger und Bauersleut. Bechtermünz-Verlag / Weltbild-Verlag, Ausgburg.

Ledderose A. (2003): Merowingerzeit in der Gemarkung Etting. Wissensspeicher zur Geschichte von Ingolstadt: https://www.ingolstadt.de/stadtmuseum/scheuerer/arch/merowi01.htm; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:11 Uhr.

Lee-Thorp J. A., Sealy J. C., van der Merwe N. J. (1989): Stable carbon isotope ratio differences between bone collagen and bone apatite, and their relationship to diet. Journal of Archaeological Science 16(6): pp. 585-599.

Lexikon des Mittelalters Band 2 (1983): Bettlerwesen bis Codex von Valencia. Artemis Verlag, München, Zürich.

Losert H., Pleterski A. (2003): Altenerding in Oberbayern. Struktur des frühmittelalterlichen Gräberfeldes und «Ethnogenese» der Bajuwaren. Verlag ZRC, Berlin; Bamberg, Ljubljana.

Lösch S. (2003): Nahrungsnetze im frühneolithischen Nevalı Çori-Rekonstruktion mittels stabiler C-, N- und O-Isotope in archäologischen Skelettfunden, LMU München.

Lösch S., Grupe G., Peters J. (2006): Stable isotopes and dietary adaptations in humans and animals at pre-pottery Neolithic Nevalı Çori, southeast Anatolia. American Journal of Physical Anthropology 131(2): pp. 181-193.

Lowenstam H. A., Weiner S. (1989): On biomineralization. Oxford University Press, New York.

Luke K. (1989): Die Entwicklung der Tierhaltung in Deutschland bis zum Beginn der Neuzeit: Modell und historische Realität. In Lühr V., Schulz M., Elwert G. (eds.): Spektrum: Berliner Reihe zu Gesellschaft, Wirtschaft und Politik in Entwicklungsländern Bd. 19, Verlag Breitenbach, Saarbrücken, Fort Lauderdale.

Mann M. E. (2002). Little ice age. In MacCracken M. C., Perry J. S. (eds.): Encyclopedia of global environmental change Volume 1: The Earth system: physical and chemical dimensions of global environmental change, pp. 504-509.

Manolagas S. C. (2000): Birth and Death of Bone Cells: Basic Regulatory Mechanisms and Implications for the Pathogenesis and Treatment of Osteoporosis. Endocrine Reviews 21(2): pp. 115-137.

Marino B. D., McElroy M. B. (1991): Isotopic composition of atmospheric CO2 inferred from carbon in C4 plant cellulose. Nature 349(6305): pp. 127.

Marinova E., Ntinou M. (2017): Neolithic woodland management and land-use in south-eastern Europe: the anthracological evidence from Northern Greece and Bulgaria. Quaternary International 496: pp. 51-67.

Mederer W. (1965): Der alternde Mensch und seine Ernährung, Medizinische Universitätsklinik Freiburg im Breisgau.

Meier D. (2003): Bauer/Bürger/Edelmann – Stadt und Land im Mittelalter. Jan Thorbecke Verlag, Ostfildern.

Meier T. (2004): Ökosystem, Sozialstruktur und Wirtschaftsweise im mittelalterlichen Altbaiern. Archäologisches Nachrichtenblatt 9: pp. 62-67.

Merah O., Deléens E., Teulat B., Monneveux P. (2002): Association between yield and carbon isotope discrimination value in different organs of durum wheat under drought. Journal of agronomy and crop science 188(6): pp. 426-434.

Meurer R. (2013): Wasserbau und Wasserwirtschaft in Deutschland: Vergangenheit und Gegenwart. Parey Bucherverlag, Berlin, Wien.

Miller A. (1984): Collagen: The Organic Matrix of Bone. Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Biological Sciences 304(1121): pp. 455-477.

Minagawa M., Wada E. (1984): Stepwise enrichment of 15N along food chains: Further evidence and the relation between $\delta^{15}N$ and animal age. Geochimica et Cosmochimica Acta 48(5): pp. 1135-1140.

Moore J. W., Semmens, B. X. (2008): Incorporating uncertainty and prior information into stable isotope mixing models. Ecology Letters, 11(5): pp. 470-480.

Moundrea-Agrafioti A. (2003): Mesolithic fish hooks from the Cave of Cyclope, Youra. In Galanidou N, Perlès C. (eds.): The vegetation history of the Greek Mesolithic – Problems and perspectives. The British School at Athens, London: pp. 131-141.

Mörike K. D., Betz E., Mergenthaler W. (2007): Biologie des Menschen. Lehrbuch der Anatomie, Physiologie und Entwicklungsgeschichte. 15. Auflage, Nikol, Hamburg.

Munro N. D., Stiner M. C. (2015): Zooarchaeological evidence for early Neolithic colonization at Franchthi cave (Peloponnese, Greece). Current Anthropology 56(4): pp. 596-603.

Müller H. (2015): Mittelalter. Walter de Gruyter GmbH, Berlin, Boston.

Mylona D. (2014): Aquatic animal resources in Prehistoric Aegean, Greece. Journal of Biological Research-Thessaloniki 21: (2).

Nabors M. W. (2007): Botanik. Pearson Deutschland GmbH, München.

Nehlich O., Borić D., Stefanović S., Richards M. P. (2010): Sulphur isotope evidence for freshwater fish consumption: a case study from the Danube Gorges, SE Europe. Journal of Archaeological Science 37(5): pp. 1131-1139.

Nentwig W. (2005): Humanökologie: Fakten-Argumente-Ausblicke. 2. Auflage, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York.

Neuberger F. M., Jopp E., Graw M., Püschel K., Grupe G. (2013): Signs of malnutrition and starvation—Reconstruction of nutritional life histories by serial isotopic analyses of hair. Forensic Science International, 226 (1-3): pp. 22-32.

Nesbitt M. (1995): Plants and People in Ancient Anatolia. The Biblical Archaeologist 58(2): pp. 68-81.

Newsome S. D., Phillips D. L., Culleton B. J., Guilderson T. P., Koch P. L. (2004): Dietary reconstruction of an early to middle Holocene human population from the central California coast: insights from advanced stable isotope mixing models. J. Archaeol. Sci. 31, pp. 1101-1115.

Newton S. (2003): The Mesolithic fauna from Theopetra Cave. In Galanidou N, Perlès C. (eds.): The vegetation history of the Greek Mesolithic – Problems and perspectives. The British School at Athens, London: pp. 199-205.

Nitsch E., Andreou S., Creuzieux A., Gardeisen A., Halstead P., Isaakidou V., Karathanou A., Kotsachristou D., Nikolaidou D., Papanthimou A. (2017): A bottom-up view of food surplus: using stable carbon and nitrogen isotope analysis to investigate agricultural strategies and diet at Bronze Age Archontiko and Thessaloniki Toumba, northern Greece. World Archaeology 49 (1): pp. 1-33.

Ntinou M., Tsartsidou G. (2017): Domestic and ritual use of plants and fuels in the neolithic cave of Alepotrypa, southern Peloponnese, Greece: The wood charcoal and phytolith evidence. Quaternary International 457: pp. 211-227.

O'Leary M. H. (1988): Carbon Isotopes in Photosynthesis. BioScience 38 (5): pp. 328-336.

Ogrinc N., Budja M. (2005): Paleodietary reconstruction of a Neolithic population in Slovenia: a stable isotope approach. Chemical Geology 218(1-2): pp. 103-116.

Ortner D. J., Putschar W. G. (1981): Identification of Pathological Conditions in Human Skeletal Remains. Smithsonian Contributions to Anthropology, Number 28, Smithsonian Institution Press, Washington.

Osmond C. B., Valaane N., Haslam S. M., Uotila P., Roksandic Z. (1981): Comparisons of δ 13 C values in leaves of aquatic macrophytes from different habitats in Britain and Finland; some implications for photosynthetic processes in aquatic plants. Oecologia, 50(1): pp. 117-124.

Papathanasiou A. (2010): Health, diet and social implications in Neolithic Greece from the study of human osteological material. In Pinhasi R, Stock J. T. (eds.): Human bioarchaeology of the transition to agriculture. John Wiley und Sons, West Sussex, pp. 87-106.

Papathanasiou A. (2015): Stable Isotope Analyses in Neolithic and Bronze Age Greece: An Overview. In Papathanasiou A., Richards M. P., Fox S. C.: Archaeodiet in the Greek World: Dietary Reconstruction from Stable Isotope Analysis, Hesperia Supplement 49, The American School of Classical Studies in Athen, Princeton, New Jersey, pp. 25-55.

Papathanasiou A. (2018): An integrated assessment of Alepotrypa Cave. In Papathanasiou A., Parkinson W.A., Pullen D. J., Galaty M.L., Karkanas P. (eds.): Neolithic Alepotrypa Cave in the Mani, Greece. Oxbow books, Oxford, Philadelphia, pp. 426-435.

Papathanasiou A., Richards M. P. (2011): Ανθρωπολογικά κατάλοιπα από τις πρώιμες θέσεις Μαυροπηγής, Ξηρολίμνης και Ποντοκώμης της Αρχαιότερης Νεολιθικής στη Δυτική Μακεδονία. Το Αρχαιολογικό Έργο στην Άνω Μακεδονία, Aiani: pp. 257-274.

Papathanasiou A., Larsen C. S., Norr L. (2000): Bioarchaeological inferences from a Neolithic ossuary from Alepotrypa Cave, Diros, Greece. International Journal of Osteoarchaeology 10(3): pp. 210-228.

Parkinson W. A., Papathanasiou A., Galaty M. L., Pullen D., J., Karkana P., Papathanassopulos G. (2017): Diros in Context: Alepotrypa Cave and Ksagounaki Promontory in the Neolithic Period. In Sarris A., Kalogiropoulou E., Kalayci T., Karimali L. (eds.): Communities, Landscapes, and Interaction in Neolithic Greece. Archaeological series. International Monographs in Prehistory, Michigan, pp. 126-136.

Parnell A. C., Inger R., Bearhop S., Jackson A. L. (2010): Source partitioning using stable isotopes: coping with too much variation. PloS One, 5(3), e9672.

Pasda K. (2004): Tierknochen als Spiegel sozialer Verhältnisse im 8.–15 Jh. in Bayern. Praehistorika Monographien Bd. 1, Praehistorika archäologischer Verlag, Erlangen.

Pasternak R. (1995): Die botanischen Funde aus Nevali Cori, Türkei (Akeramisches Neolithikum) – Ein Vorbericht. Res Archaeobotanicae, Proceedings of the 9th IWGP Symposium Kiel, Kiel, 1995, pp. 247-248.

Pearson J. A., Buitenhuis H., Hedges R. E. M., Martin L., Russell N., Twiss K. C. (2007): New light on early caprine herding strategies from isotope analysis: a case study from Neolithic Anatolia. Journal of Archaeological Science 34(12): pp. 2170-2179.

Pearson J. A., Hedges R. E. M., Molleson T. I., Özbek M. (2010): Exploring the relationship between weaning and infant mortality: An isotope case study from Aşıklı Höyük and Çayönü Tepesi. American Journal of Physical Anthropology 143(3): pp. 448-457.

Pearson J., Grove M., Özbek M., Hongo H. (2013): Food and social complexity at Çayönü Tepesi, southeastern Anatolia: Stable isotope evidence of differentiation in diet according to burial practice and sex in the early Neolithic. Journal of Anthropological Archaeology 32(2):1 pp. 80-189.

Perlès C. (2001): The early Neolithic in Greece: the first farming communities in Europe. Cambridge University Press, Cambridge.

Perlès C. (2003): The Mesolithic at Franchthi: an overview of the data and problems. In Galanidou N, Perlès C. (eds.): The vegetation history of the Greek Mesolithic – Problems and perspectives. The British School at Athens, London: pp. 79-87.

Perlès C., Quiles A., Valladas H. (2013): Early seventh-millennium AMS dates from domestic seeds in the Initial Neolithic at Franchthi Cave (Argolid, Greece). Antiquity 87(338): pp. 1001-1015.

Peters J., von den Driesch A., Helmer D. (2004): The Upper Euphrates-Tigris basin: cradle of agro-pastoralism? in: Vigne J. D., Peters J., Helmer D. (eds.): The first steps of animal domestication: new archaeozoological techniques. Oxbow Books, Oxford, pp. 96-124.

Peterson B. J., Fry B. (1987): Stable Isotopes in Ecosystem Studies. Annual Review of Ecology and Systematics 18: pp. 293-320.

Phillips D. L., Koch P. L. (2002): Incorporating concentration dependence in stable isotope mixing models. Oecologia, 130(1), pp. 114-125.

Pluciennik M. (2008): The coastal Mesolithic of the European Mediterranean. In Bailey G., Spikins P. (eds): Mesolithic Europe. Cambridge University Press., Cambridge, pp. 328-356

Price T. D. (2000): Europe's first farmers: an introduction. In Price T. D. (ed): Europe's first farmers. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 1-18.

O'Connell T. C., Hedges R. E. (1999): Investigations into the effect of diet on modern human hair isotopic values. American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 108(4): pp. 409-425.

Olsen J., Heinemeier J., Lübke H., Lüth F., Terberger T. (2010): Dietary habits and freshwater reservoir effects in bones from a Neolithic NE German cemetery. Radiocarbon, 52(2): pp. 635-644.

Raven P. H., Eichhorn S. E. (2013): Biology of plants. W.H. Freeman and Company, New York.

Richards M. P. (2015): Stable Isotope Analysis of Bone and Teeth as a mean for reconstructing past human diet in Greece. In Papathanasiou A., Richards M. P., Fox S. C. (eds): Archaeodiet in the Greek World: Dietary Reconstruction from Stable Isotope Analysis, Hesperia Supplement 49, The American School of Classical Studies in Athen, Princeton, New Jersey, pp. 15-23.

Richter K. (1995). Ausstellungsdokumentation Regensburger Spitäler und Stiftungen – Ansichten und Dokumente Ausstellungsdokumente. In Paulis H. E. (ed.): Regensburger Spitäler und Stiftungen: Denkmalpflege, Sammlungstradition, Geschichte und Sozialwesen. Beiträge des Regensburger Herbstsymposions zur Kunstgeschichte und Denkmalpflege vom 26. bis 28. November 1993. Schnell und Steiner, Regensburg: pp. 71-81.

Riehl S., Bens M., Conrad N. J., Darabi H., Deckers K., Nashli H. F., Zeidi-Kulehparcheh M. (2012): Plant use in three Pre-Pottery Neolithic sites of the northern and eastern Fertile Crescent: a preliminary report. Vegetation History and Archaeobotany 21(2): pp. 95-106.

Robbins C. T. (1993): Wildlife feeding and nutrition. Academic press, New York, London.

Römpp H. (1963): Isotope. Franckh'sche Verlagshandlung, Stuttgart.

Rösch M., Jacomet S., Karg S. (1992): The history of cereals in the region of the former Duchy of Swabia (Herzogtum Schwaben) from the Roman to the Post-medieval period: results of archaeobotanical research. Vegetation History and Archaeobotany 1(4): pp. 193-231.

Rösener W. (1991): Bauern im Mittelalter. C.H. Beck, München, 4. Auflage.

Sage W. (1984): Das Reihengräberfeld von Altenerding in Oberbayern. Gebrüder Mann, Berlin.

Savard M., Nesbitt M., Jones M. K. (2006): The Role of Wild Grasses in Subsistence and Sedentism: New Evidence from the Northern Fertile Crescent. World Archaeology 38(2): pp. 179-196.

Scarre C. (2013): The human past: World prehistory and the development of human societies. Thames und Hudsin Ltd. London.

Scharl S. (2004): Die Neolithisierung Europas: Ausgewählte Modelle und Hypothesen. Schier W. (Hrsg.), Würzburger Arbeiten zur Prähistorischen Archäologie, Band 2, Verlag Marie Leidorf GmbH, Rahden.

Schäuble A. (2007): Ernährungsrekonstruktion zweier mittelalterlicher Bevölkerungen aus Brandenburg anhand der Analyse stabiler Isotope. Mitteilungen der Deutschen Gesellschaft für Archäologie des Mittelalters und der Neuzeit 19: pp. 269-286.

Scheuer L., Black S., Schaefer M.C. (2010): Juvenile Osteology: A Laboratory and Field Manual. Academic Press, Burlington, San Diego, London.

Schibler J., Jacomet S. (2010): Short climatic fluctuations and their impact on human economies and societies: the potential of the Neolithic lake shore settlements in the Alpine foreland. Environmental archaeology 15(2): pp. 173-182.

Schipperges H. (1993): Die Kranken im Mittelalter. C.H. Beck, München.

Schmeiser K. (1957): Radioaktive Isotope: ihre Herstellung und Anwendung. Springer-Verlag, Berlin, Göttingen, Heidelberg.

Schoeller D. A., Brown C., Nakamura K., Nakagawa A., Mazzeo R. S., Brooks G. A., Budinger T. F. l. (1984): Influence of metabolic fuel on the 13C/12C ratio of breath CO_2. Biomedical mass spectrometry 11(11): pp. 557-561.

Schoeninger M. J., DeNiro M. J., Tauber H. (1983): Stable nitrogen isotope ratios of bone collagen reflect marine and terrestrial components of prehistoric human diet. Science 220(4604): pp. 1381-1383.

Schmuck K. (1995). Die Entwicklung der Evangelischen Wohltätigkeitsstiftung – Bürgerliche Stiftungen, Almosenamt, Evangelische Wohltätigkeitsstiftung. In Paulis H. E. (ed.): Regensburger Spitäler und Stiftungen: Denkmalpflege, Sammlungstradition, Geschichte und Sozialwesen. Beiträge des Regensburger Herbstsymposions zur Kunstgeschichte und Denkmalpflege vom 26. bis 28. November 1993. Schnell und Steiner, Regensburg: pp. 38-46.

Schubert E. (2006): Essen und Trinken im Mittelalter, Wissenschaftliche Buchgesellschaft.

Schwegler J. S., Lucius R. (2016): Der Mensch: Anatomie und Physiologie. Georg Thieme Verlag, Stuttgart.

Sealy J. C. (2001) Body tissue chemistry and palaeodiet. In: Brothwell D. R., Pollard A. M. (eds.): Handbook of Archaeological Sciences. Wiley, Chichester, pp. 269–279

Sebald S. V., Zeiler M., Grupe G. (2018): Provenance analysis of human cremations by $^{87}Sr/^{86}Sr$ isotopic ratios: migration into an Iron Age mining region in North-Rhine Westphalia. Open Journal of Archaeometry, 4(1): pp. 6-12.

Silbernagl S., Despopoulos A., Draguhn A. (2018): Taschenatlas Physiologie. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 9. Auflage.

Sofeso C., Vohberger M., Wisnosky A., Päffgen B., Harbeck M., Burger J., Kaiser E., Schier W. (2012): Verifying archaeological hypotheses: Investigations on origin and genealogical lineages of a privileged society in Upper Bavaria from Imperial Roman times (Erding, Kletthamer Feld). In: Kaiser E., Burger J., Schier W. (eds.): Population Dynamics in Prehistory and Early History. New Approaches using Stable Isotopes and Genetics. Topoi Berlin Studies of the Ancient World, Vol. 5, Walter de Gruyter, Berlin, Boston, pp. 113-130.

Srejović D. (1972): Europe's First Monumental Sculpture: New Discoveries at Lepenski Vir. New Aspects of Antiquity, Wheeler M. (eds.), Thames and Hudson, London.

Stadt Erding – Hiermer M. (2020): Stadtgeschichte – Ein Überblick über Jahrhunderte. https://www.erding.de/stadt-portrait/stadtgeschichte; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:25 Uhr.

Stadt Kelheim: Von Herzögen und Mordbuben. https://www.kelheim.de/mittelalter/; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:29 Uhr.

Stadtarchiv Straubing – Krenn D. M. (2020): Die Straubinger Chronik – Die wichtigsten Daten der Stadtgeschichte. http://www.straubing.de/de/tourismus/stadtportrait/geschichte/; Zuletzt aufgerufen am 23.03.2020, 12:36 Uhr.

Starkovich B. M, Stiner M. C. (2009): Hallan Çemi Tepesi: High-ranked game exploitation alongside intensive seed processing at the Epipaleolithic-Neolithic transition in Southeastern Turkey. Anthropozoologica 44(1): pp. 41-61.

Starkovich B. M., Ntinou M. (2017): Climate change, human population growth, or both? Upper Paleolithic subsistence shifts in southern Greece. Quaternary International 428: pp. 17-32.

Steele K. W., Daniel R. M. (1978): Fractionation of nitrogen isotopes by animals: a further complication to the use of variations in the natural abundance of 15 N for tracer studies. The Journal of Agricultural Science 90(1): pp. 7-9.

Steuer H. (2010): Zur archäologischen Korrelation von Awarenzeit, Karolingerzeit und Wikingerzeit. Antaeus (31-32): pp. 53-80.

Stevens R. E., Lightfoot E., Hamilton J., Cunliffe B., Hedges R. E. M. (2010): Stable Isotope Investigations of the Danebury Hillfort Pit Burials. Oxford Journal of Archaeology 29(4): pp. 407-428.

Stock B. C., Semmens B. X. (2016a): MixSIAR GUI User Manual. Version 3.1. https://github.com/brianstock/MixSIAR. doi:10.5281/zenodo.1209993.

Stock B. C., Semmens B. X. (2016b): Unifying error structures in commonly used biotracer mixing models. Ecology 97(10): pp. 2562-2569.

Stock B. C., Jackson A. L., Ward E. J., Parnell A. C., Phillips D. L., Semmens B. X. (2018): "Analyzing mixing systems using a new generation of Bayesian tracer mixing models." *PeerJ*, **6**, e5096.

Strott N. (2007): Paläodemographie frühmittelalterlicher Bevölkerungen Altbaierns-Diachrone und allopatrische Trends, Dissertation LMU, München.

Suhr G., Fehr H. (2007): Goldohrring und Bajuwarenschwert: Bruckmühl am Ende der Merowingerzeit, Markt Bruckmühl.

Süß J. (MediaCultura) (2007) in Badisches Landesmuseum Karlsruhe (ed.): Vor 12.000 Jahren in Anatolien. Die ältesten Monumente der Menschheit (2007) Abb. pp. 27.

Theodoropoulou T. (2018): The exploitation of marine animal resources at Alepotrypa Cave: harvesting strategies, management and uses. In Papathanasiou A., Parkinson W.A., Pullen D. J., Galaty M.L., Karkanas P. (eds.): Neolithic Alepotrypa Cave in the Mani, Greece. Oxbow books, Oxford, Philadelphia, pp. 327-359.

Thomas A. R. (2010): The evolution of the Ancient city: Urban theory and the archaeology of the Fertile Crescent. Plymouth: Lexington Books.

Tieszen L. L., Fagre T. (1993): Effect of diet quality and composition on the isotopic composition of respiratory CO2, bone collagen, bioapatite, and soft tissues. In Lambert J. B., Grupe G. (eds.): Prehistoric human bone – Archaeology at the Molecular Level, Springer, Berlin, Heidelberg. pp. 121-155.

Tortora G. J., Derrickson B. (2011): Principles of Anatomy and Physiology: Organization, Support and Movement, and Control Systems of the Human Body. Vol. 2: Maintenance and Continuity of the Human Body. John Wiley, New Jersey.

Triantaphyllou S. (2015): Stable Isotope Analysis of Skeletal Assemblages from Prehistoric Northern Greece. In Papathanasiou A., Richards M. P., Fox S. C. (eds.): Archaeodiet in the Greek World: Dietary Reconstruction from Stable Isotope Analysis, Hesperia Supplement 49, The American School of Classical Studies in Athen, Princeton, New Jersey, pp. 57-75.

Tringham R. (2000): Southeastern Europe in the transition to agriculture in Europe: bridge, buffer, or mosaic. In: Europe's first farmers. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 19-56.

Ubelaker D. H. (1987): Estimating age at death from immature human skeletons: an overview. Journal of Forensic Science, 32(5), pp. 1254-1263.

Ullrey D. E. (2009): Vitamins and Mineral Elements. *In* Adequate Food for All: Culture, Science, and Technology of Food in the 21st Century. in Pond W.G., Nichols B.L., Brown D.L. (eds.): CR Press Talyor und Francis Group, Boca Raton, pp. 103-126.

Urem-Kotsou D., Kotsakis K. (2007): Pottery, cuisine and community in the Neolithic of North Greece. In Renard J., Mee C. (eds.): Cooking up the Past: food and culinary practices in the Neolithic and Bronze Age Aegean. Oxbow Books, Oxford pp. 225-246.

USDA: U.S. Department of Agriculture. Agricultural Research Service. FoodData Central. https://fdc.nal.usda.gov/

Valamoti S. M. (2007): Traditional foods and culinary novelties in Neolithic and Bronze Age northern Greece: an overview of the archaeobotanical evidence. In Renard J., Mee C. (eds.): Cooking up the Past: food and culinary practices in the Neolithic and Bronze Age Aegean. Oxbow Books, Oxford pp. 89-108.

Valencak T. G. (2012): Über die Bedeutung der Wurfgröße. Österreichs Weidwerk 6, pp. 10-12.

van Klinken G. J, Richards M. P., Hedges B. E. M. (2002): An overview of causes for stable isotopic variations in past European human populations: environmental, ecophysiological, and cultural effects. In: Ambrose S. H., Katzenberg M. A. (eds.): Biogeochemical approaches to paleodietary analysis, Springer, pp. 39-63.

Vaupel P., Schaible H. G., Mutschler E. (2015): Anatomie, Physiologie, Pathophysiologie des Menschen. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft Stuttgart, Stuttgart.

VFED (2020): Verband für Ernährung und Diätetik e.V.: Ernährungsdreieck VFED.

Vigne J. D. (2008) Zooarchaeological aspects of the Neolithic diet transition in the Near East and Europe, and their putative relationships with the Neolithic demographic transition. In Bocquet-Appel J. P., Bar-Yosef O. (eds.): The Neolithic demographic transition and its consequences, Springer. pp. 179-205.

Vogt-Lüerssen M. (2006): Der Alltag im Mittelalter. Books on Demand GmbH, Norderstedt.

von den Driesch, A. (1987): Haus- und Jagdtiere im vorgeschichtlichen Thessalien. Praehistorische Zeitschrift., Vol. 62(1), pp. 1-21.

von den Driesch A, Peters J. (2001): Früheste Haustierhaltung in der Südosttürkei. Lux Orientis: Archäologie zwischen Asien und Europa: Festschrift für Harald Hauptmann zum 65: pp. 113-120.

von Heyking K. (2012): Anthropologie einer frühstädtischen Randgruppe: morphologische und archäometrische Untersuchung eines hoch-bis spätmittelalterlichen Armenhausgräberfeldes in Regensburg, Dissertation LMU, München.

von Thünen J. H. (1826): Der isolirte Staat in Beziehung auf Landwirthschaft und Nationalökonomie oder Untersuchungen über den Einfluß, den die Getreidepreise, der Reichthum des Bodens und die Abgaben auf den Ackerbau ausüben. Perthes, Hamburg.

Wallduck R., Bello S. M. (2016): An Engraved Human Bone from the Mesolithic–Neolithic Site of Lepenski Vir (Serbia). Cambridge Archaeological Journal 26(2): pp. 329-347.

Weiler E. W., Nover L., Nultsch W. (2008): Allgemeine und molekulare Botanik. Thieme, Stuttgart.

Weiß-Adamson M. (2013): Medieval Germany. In Weiß-Adamson M. (ed.): Regional Cuisines of Medieval Europe: A Book of Essay. Routledge, New York, London, pp. 153-196

Wilhelmi de Toledo F. (2005): Konzepte ganzheitlicher Ernährungstherapie. In Koula-Jenik H., Miko M., Kraft M., Schulz R. J. (eds.): Leitfaden Ernährungsmedizin. Urban und Fischer Verlag/Elsevier GmbH, 1. Auflage: pp. 242-249.

Zeder M. A., Emshwiller E., Smith B. D., Bradley D. G. (2006): Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. TRENDS in Genetics 22(3): pp. 139-155.

Zohary D., Hopf M. (2000): Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. Oxford University Press, Oxford.

8.2 Programme

QGIS

QGIS Development Team (2020): QGIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation. URL: http://qgis.org

PAST

Hammer Ø., Harper D. A. T., Ryan, P. D. (2001): PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. Palaeontologia Electronica 4(1): pp. 9. http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm

Procreate Version 5.0.0: Savage Interactive.

SISUS

Erhardt E. B., Wolf B. O., Ben-David M., Bedrick E. J. (2014). “Stable Isotope Sourcing using Sampling”. Open Journal of Ecology 4 (6): pp. 289–298. doi: 10.4236/oje.2014.46027.

MixSIAR

Programm: **Stock B. C., Semmens B. X.** (2016): MixSIAR GUI User Manual. Version 3.1. https://github.com/brianstock/MixSIAR. doi:10.5281/zenodo.1209993.

Residual Error: **Parnell A. C., Inger R., Bearhop S., Jackson A. L.** (2010): Source partitioning using stable isotopes: coping with too much variation. PloS One, 5(3), e9672

9 Appendix

9.1 Tabellen

9.1.1 Daten: Tiere und Pflanzen

9.1.1.1 Isotopenwerte

Tabelle A 1: Konzentrationsdifferenz der Tierdaten. A: Alepotrypa, AE: Altenerding, ASB: Ascheiheim-Bajuwarenring, EK: Eching-Kleiststraße, ET: Eisernes Tor, F: Franchthi, FSA: Freising-Attaching, G: Großmehring, KH: Kelheim, KL: Klettham, M: Mavropigi, NC: Nevalı Çori, R: Regensburg, T: Theopetra, U: Unterigling.

	Spezies	C/N	%N	$\delta^{15}N_{Kollagen} = \delta^{15}N_{Fleisch}$	%C	$\delta^{13}C_{Kollagen}$	$\delta^{13}C_{Fleisch}$
			TÜRKEI				
NC ?	Bos taurus primigenius	3,46	12,81	9,01	38,01	-19,10	-23,10
NC 91 G9 3949.6 G268	Bos taurus primigenius	3,43	13,15	8,40	38,63	-22,22	-26,22
NC 91 G9 59.29	Cervus elaphus	3,37	10,28	7,85	29,71	-22,66	-26,66
NC 92 Ku A G9 2	Cervus elaphus	3,28	10,17	7,21	28,58	-21,76	-25,76
NC 89 G3 3.25	Gazella	3,14	16,41	6,03	44,12	-20,48	-24,48
NC 90 G9 59.2	Gazella	3,14	14,65	5,85	39,36	-20,45	-24,45
NC 90 19.10 H10 72.24	Gazella	3,23	13,46	7,28	37,24	-20,15	-24,15
NC 91 28.10 G9 3839	Gazella	3,15	13,89	7,19	37,52	-19,75	-23,75
NC 91 5.10 F5 Gr.249	Equus hemionus	3,13	6,27	7,20	16,81	-20,42	-24,42
NC 91 30.10 G7 87.35a	Capra	2,99	15,35	6,52	39,31	-20,41	-24,41
NC 91 G9 77 P	Capra	3,27	14,76	6,33	41,42	-20,67	-24,67
NC 91 G7C 38 P	Capra	3,18	15,37	5,99	41,90	-21,25	-25,25
NC 91 5.10 F5 54.48	Ovis	3,54	11,51	5,28	34,94	-20,76	-24,76
NC 91 7.11 H5S 0.23 Gr.288	Ovis	3,55	13,40	7,30	40,75	-19,94	-23,94
NC H5S 0.23 Gr.288	Ovis	3,54	14,92	6,79	45,24	-20,32	-24,32
NC 91 G9 77.28	Lepus	3,56	13,96	8,86	42,58	-19,66	-23,66
NC 91 G9 98.3	Lepus	3,58	14,54	9,03	44,62	-19,24	-23,24
NC G5 Hs6 K2	Sus scrofa	3,20	12,31	6,10	33,80	-20,33	-24,33
NC 90 16.10 F7 90.27	Sus scrofa	3,37	2,60	8,30	7,52	-20,01	-24,01
NC91 H8 0.43	Sus scrofa	3,58	2,18	7,41	6,70	-18,60	-22,60

NC 90 H10S Gr.157 M2	Sus scrofa domesticus	3,60	13,07	5,40	40,28	-20,57	-24,57
NC 91 13.9 G9 9.27	Melinae	3,58	14,47	9,46	44,43	-18,29	-22,29
NC 91 10.10 H9S G232.35	Melinae	3,15	12,54	9,47	33,90	-19,04	-23,04
NC 90 G9 29.13	Vulpes	3,41	14,11	10,27	41,25	-21,12	-25,12
NC 90 G9 79.19	Vulpes	3,39	15,00	9,58	43,52	-19,76	-23,76
NC 90 17.10 G5 6.3	Felis silvestris	3,38	14,24	8,41	41,24	-18,20	-22,20
NC 91 5.10 G8 45 P	Felis margarita	3,18	11,28	7,37	30,74	-18,93	-22,93
NC 90 20.8 H9 0.3	Panthera leo	3,59	12,93	4,74	39,77	-20,43	-24,43
GRIECHENLAND – Küste							
A 1	Bos	3,55	13,51	5,13	41,17	-17,26	-21,26
A 11	Bos	3,35	15,21	3,82	43,71	-21,27	-25,27
A DA12	Bos	3,16	10,45	5,46	28,30	-20,13	-24,13
A DA13	Bos	3,15	14,50	3,36	39,21	-20,52	-24,52
A 117	Bos	3,50	14,61	4,38	43,76	-19,03	-23,03
A 118	Bos	3,55	9,80	4,10	29,77	-20,47	-24,47
A 119	Bos	3,45	9,88	4,60	29,22	-14,15	-18,15
F 6	Canis	3,31	15,03	7,64	42,69	-18,97	-22,97
F 21	Canis	3,46	14,61	7,87	43,31	-19,03	-23,03
F 31	Canis	3,34	14,34	7,54	41,01	-19,21	-23,21
A 3	Capra	3,30	15,50	5,21	43,88	-21,32	-25,32
A 120	Capra	3,47	11,12	5,95	33,05	-22,85	-26,85
A 116	Capra/Ovis	3,60	9,21	6,91	28,44	-21,53	-25,53
F 32	Capra/Ovis	3,50	6,21	4,77	18,65	-20,70	-24,70
F 34	Capra/Ovis	3,28	15,24	4,62	42,81	-19,75	-23,75
F 35	Capra/Ovis	3,31	15,27	6,83	43,26	-18,05	-22,05
A DA17	Ovis	3,19	12,30	5,59	33,67	-24,18	-28,18
F 28	Ovis	3,40	14,44	5,89	42,01	-19,81	-23,81
A 2	Cervus	3,25	15,81	4,32	44,09	-21,45	-25,45
F 11	Cervus	3,42	10,03	5,39	29,46	-21,44	-25,44
F 12	Cervus	3,44	3,87	3,83	11,41	-20,40	-24,40
F 23	Cervus	3,51	4,42	5,37	13,30	-21,87	-25,87
F 25	Cervus	3,41	6,20	6,52	18,11	-21,07	-25,07
F 7	Felinae	3,45	14,52	7,42	42,93	-19,47	-23,47
A 12	Perciformes	3,29	15,36	8,55	43,30	-10,32	-14,32
A 7	Sus	3,41	14,99	4,74	43,88	-20,81	-24,81

A DA14	Sus	3,17	13,24	4,79	35,94	-21,00	-25,00
A DA15	Sus	3,18	11,34	4,30	30,49	-20,66	-24,66
F 22	Sus	3,49	14,10	5,82	42,12	-20,08	-24,08
F 33	Sus	3,33	11,72	7,22	33,52	-19,81	-23,81
A 6	Thunnini	3,38	9,42	7,38	27,30	-13,66	-17,66
F 27	Thunnini	3,55	13,49	8,70	41,00	-14,14	-18,14
A 8	Vulpes	3,36	15,44	6,95	44,50	-19,41	-23,41
GRIECHENLAND – Festland							
M 11	Bos	3,40	14,75	6,06	43,00	-20,69	-24,69
M 12	Bos	3,22	14,30	6,07	39,40	-19,43	-23,43
T 70	Bos	3,19	15,37	4,86	42,05	-20,74	-24,74
T 237	Bos	3,35	14,70	5,01	42,15	-19,62	-23,62
T 102	Canis	3,23	15,50	7,48	42,95	-18,81	-22,81
T 252	Capra	3,28	15,31	5,70	43,02	-19,52	-23,52
T 54	Capra	3,29	14,68	5,82	41,44	-19,07	-23,07
X 2	Capra	3,35	13,71	4,47	39,35	-19,46	-23,46
M 7	Capra/Ovis	3,27	14,54	4,82	40,73	-20,45	-24,45
M 8	Capra/Ovis	3,24	14,63	5,02	40,61	-20,08	-24,08
M 9	Capra/Ovis	3,25	13,98	4,15	38,88	-20,45	-24,45
X 3	Capra/Ovis	3,25	14,90	6,04	41,48	-19,77	-23,77
X 4	Capra/Ovis	3,19	16,92	5,64	46,30	-18,78	-22,78
X 5	Capra/Ovis	3,19	14,96	5,37	40,89	-20,04	-24,04
X 6	Capra/Ovis	3,17	15,38	4,23	41,76	-19,63	-23,63
T 212	Ovis	3,21	15,38	5,68	42,36	-20,45	-24,45
T 94B	Ovis	3,24	15,20	4,74	42,15	-19,97	-23,97
M 4	Capreolus	3,25	14,67	5,45	40,86	-21,61	-25,61
M 5	Cervus	3,22	14,82	4,00	40,93	-20,14	-24,14
M 6	Cervus	3,23	12,98	4,35	35,88	-20,77	-24,77
T 248	Cervus	3,41	14,67	4,91	42,89	-20,80	-24,80
T 79	Mustelidae	3,10	4,18	6,92	11,12	-18,78	-22,78
T 507	Mustelidae	3,27	14,40	2,30	40,41	-19,73	-23,73
M 1	Sus	3,20	14,54	6,82	39,92	-19,86	-23,86
M 2	Sus	3,24	14,11	6,45	39,17	-21,05	-25,05
M 3	Sus	3,20	14,84	5,60	40,65	-21,29	-25,29
T 275	Sus	3,25	4,37	4,40	12,16	-21,06	-25,06

T 206	Sus	3,23	15,17	7,17	41,99	-19,63	-23,63
X 1	Sus	3,24	14,95	4,73	41,54	-19,54	-23,54
T 94A	Sus scrofa	3,13	2,32	3,89	6,23	-20,00	-24,00
M 14	Vulpes	3,22	15,26	6,68	42,07	-19,45	-23,45
ET 37	Acipendseridae	3,27	15,82	10,07	44,35	-19,21	-23,21
ET 38	Acipendseridae	3,32	12,75	8,32	36,28	-21,26	-25,26
ET 39	Acipendseridae	3,42	14,31	8,78	42,01	-19,4	-23,4
ET 7	Canis familiaris	2,92	14,22	10,65	35,57	-19,09	-23,09
ET 8	Canis familiaris	3,36	15,06	10,21	43,36	-19,5	-23,5
ET 9	Canis familiaris	3,3	10,55	10,97	29,87	-19,56	-23,56
ET 10	Canis familiaris	3,21	10,82	10,47	29,78	-18,86	-22,86
ET 15	Canis familiaris	3,47	10,68	9,57	31,78	-19,81	-23,81
ET 16	Canis familiaris	2,83	12,92	10,98	31,33	-20,29	-24,29
ET 19	Canis familiaris	3,6	14,12	11,57	45,58	-19,98	-23,98
ET 20	Canis lupus	3,43	16,86	11,87	49,09	-19,68	-23,68
ET 21	Canis lupus	3,34	15,41	9,62	44,18	-20,01	-24,01
ET 22	Canis lupus	3,38	17,67	10,1	51,17	-20,1	-24,1
ET 23	Capreolus capreolus	3,51	13,19	6,06	39,62	-21,59	-25,59
ET 24	Cervus elaphus	3,5	15,2	7,07	45,63	-22,59	-26,59
ET 26	Cervus elaphus	3,16	12,76	6,89	34,57	-22,35	-26,35
ET 27	Cervus elaphus	3,22	14,67	4,55	40,55	-21,84	-25,84
ET 31	Cyprinus carpio	3,34	16,36	6,59	47,12	-20,34	-24,34
ET 33	Cyprinus carpio	3,26	8,49	9,8	23,67	-23,68	-27,68
ET 34	Cyprinus carpio	3,47	9,91	6,44	29,47	-20,69	-24,69
ET 35	Cyprinus carpio	3,32	7,02	7,12	20,01	-20,84	-24,84
ET 1	Lynx lynx	3,51	15,08	10,64	45,3	-21,4	-25,4
ET 2	Martes martes	3,5	11,63	10,14	34,89	-20,16	-24,16
ET 3	Martes martes	3,32	12,39	9,12	35,51	-19,38	-23,38
ET 4	Martes martes	3,39	15,98	9,24	46,55	-18,94	-22,94
ET 5	Martes martes	3,39	13,66	10,62	39,77	-19,24	-23,24
ET 28	Sus scrofa	3,27	15,17	7,06	43,75	-20,32	-24,32
ET 29	Sus scrofa	3,26	16,75	11,94	46,83	-20,66	-24,66
ET 6	Ursus arctos	3,34	10,84	8,22	30,97	-20,54	-24,54
DEUTSCHLAND – Spätantike							
KL F29	Bos taurus	3,18	18,14	7,98	49,33	-21,49	-25,49

KL F30	Bos taurus	3,20	14,78	7,91	40,46	-21,46	-25,46
KL F2	Canid	3,17	18,90	8,40	51,18	-21,91	-25,91
KL F26	Canid	3,25	15,42	11,16	42,96	-20,45	-24,45
KL F3	Canid	3,19	15,38	10,47	42,00	-20,33	-24,33
KL F31	Canid	3,14	15,04	10,19	40,41	-20,03	-24,03
KL F9	Canid	3,24	13,89	9,91	38,55	-20,82	-24,82
KL F20	Cervus elaph.	3,18	16,66	4,55	45,21	-23,36	-27,36
KL F11	Equus caball.	3,27	13,25	6,40	37,26	-22,22	-26,22
KL F14	Equus caball.	3,33	14,73	5,73	42,00	-22,80	-26,80
KL F21	Equus caball.	3,20	11,10	6,81	30,36	-21,69	-25,69
KL F25	Equus caball.	3,25	13,73	5,95	38,25	-22,22	-26,22
KL F27	Equus caball.	3,24	15,03	7,26	41,90	-22,16	-26,16
KL F28	Equus caball.	3,23	14,26	6,52	39,46	-21,74	-25,74
KL F4	Equus caball.	3,18	15,49	6,30	42,04	-18,81	-22,81
KL F5	Equus caball.	3,25	14,15	7,01	39,30	-22,07	-26,07
KL F12	Ovis/Capra	3,22	17,02	8,89	47,07	-22,02	-26,02
KL F19	Ovis/Capra	3,19	19,44	8,15	53,27	-21,25	-25,25
KL F23	Ovis/Capra	3,28	13,58	8,68	37,98	-22,05	-26,05
KL F7	Ovis/Capra	3,20	13,06	8,37	35,80	-21,38	-25,38
KL F10	Sus	3,31	12,85	8,11	36,41	-21,64	-25,64
KL F13	Sus	3,26	15,17	9,42	42,35	-21,18	-25,18
KL F15	Sus	3,27	13,08	7,45	36,59	-21,12	-25,12
KL F17	Sus	3,17	16,51	5,73	44,86	-20,23	-24,23
KL F22	Sus	3,23	13,22	8,44	36,68	-22,02	-26,02
KL F24	Sus	3,22	17,59	7,81	48,65	-21,69	-25,69
DEUTSCHLAND – Frühmittelalter							
ASB 175F	Rind	3,35	7,24	4,52	20,80	-21,56	-25,56
ASB 342F	Rind	3,21	11,44	6,35	31,44	-20,90	-24,90
ASB 292F	Schaf/Ziege	3,19	10,25	5,45	28,02	-20,60	-24,60
ASB 294F	Schwein	3,17	15,40	5,10	41,80	-20,61	-24,61
AE 113F1_1	Rind	3,12	15,43	4,86	41,27	-20,98	-24,98
AE 113F1_2	Schwein	3,17	14,30	4,59	38,83	-20,56	-24,56
AE 113F1_3	Schwein	3,17	15,29	4,87	41,61	-20,37	-24,37
EK F2	Rind	3,17	24,95	4,76	67,83	-20,93	-24,93
EK F3	Rind	3,26	15,17	5,11	42,34	-21,68	-25,68

EK F4	Rind	3,26	18,09	4,98	50,53	-21,47	-25,47
EK F5	Rind	3,19	19,08	4,03	52,26	-21,37	-25,37
EK F7	Schaf/Ziege	3,22	15,81	5,95	43,68	-21,46	-25,46
FSA F16	Rind	3,23	13,15	5,39	36,30	-22,77	-26,77
FSA F17	Rind	3,23	14,41	4,59	39,73	-21,55	-25,55
FSA F18	Rind	3,21	15,45	5,99	42,32	-21,12	-25,12
FSA F2	Rind	3,21	16,37	5,73	44,92	-21,03	-25,03
FSA F3	Rind	3,23	15,92	7,38	44,02	-22,41	-26,41
FSA F4	Rind	3,27	11,46	7,09	32,07	-21,20	-25,20
FSA F43	Rind	3,17	16,26	6,95	44,25	-22,02	-26,02
FSA F44	Rind	3,20	16,02	5,97	43,94	-21,25	-25,25
FSA F45	Rind	3,25	14,50	6,68	40,41	-21,27	-25,27
FSA F5	Rind	3,11	17,92	6,70	47,72	-21,06	-25,06
FSA F13	Pferd	3,22	12,50	5,06	34,37	-21,44	-25,44
FSA F23	Pferd	3,24	16,45	5,64	45,51	-22,39	-26,39
FSA F24	Pferd	3,23	12,19	4,02	33,72	-22,01	-26,01
FSA F26	Pferd	3,32	13,64	9,55	38,81	-21,73	-25,73
FSA F28	Pferd	3,27	13,73	5,68	38,36	-22,15	-26,15
FSA F29	Pferd	3,22	16,28	5,13	44,93	-22,07	-26,07
FSA F46	Huhn	3,28	15,87	11,64	44,58	-20,26	-24,26
FSA F11	Schaf/Ziege	3,12	16,30	6,78	43,43	-20,90	-24,90
FSA F14	Schaf/Ziege	3,31	14,15	11,17	40,05	-21,88	-25,88
FSA F33	Schaf/Ziege	3,27	18,45	6,89	51,68	-21,38	-25,38
FSA F36	Schaf/Ziege	3,20	13,72	7,46	37,52	-21,18	-25,18
FSA F39	Schaf/Ziege	3,19	14,17	7,18	38,72	-21,47	-25,47
FSA F40	Schaf/Ziege	3,25	15,09	7,52	41,83	-21,25	-25,25
FSA F41	Schaf/Ziege	3,17	13,89	5,00	37,72	-21,54	-25,54
FSA F42	Schaf/Ziege	3,25	15,41	7,54	42,97	-21,31	-25,31
FSA F1	Schwein	3,41	12,97	8,23	37,93	-21,11	-25,11
FSA F19	Schwein	3,18	15,87	7,60	43,15	-21,09	-25,09
FSA F20	Schwein	3,27	15,62	7,10	43,64	-20,98	-24,98
FSA F21	Schwein	3,30	13,55	8,01	38,27	-21,17	-25,17
FSA F30	Schwein	3,32	13,86	9,50	39,50	-21,75	-25,75
FSA F31	Schwein	3,21	15,98	8,29	43,89	-20,37	-24,37
FSA F32	Schwein	3,23	13,34	6,47	36,56	-20,84	-24,84

FSA F7	Schwein	3,17	17,70	8,34	48,01	-20,99	-24,99
FSA F8	Schwein	3,14	16,64	7,79	44,74	-20,61	-24,61
FSA F9	Schwein	3,18	16,28	3,93	44,34	-19,04	-23,04
KH BV12/08 1535	Rind	3,50	15,75	8,25	47,30	-20,96	-24,96
KH BV12/08 77I1534	Rind	3,07	8,43	8,46	22,15	-21,89	-25,89
KH BO14/33 77I312	Reh	3,57	14,29	4,90	43,74	-22,32	-26,32
KH BY15/25 77I31	Pferd	3,05	9,55	8,74	25,00	-23,00	-27,00
KH BP11/17 77I245	Huhn	3,38	12,63	5,94	36,63	-21,08	-25,08
KH BV11/10 77I1530	Huhn	3,37	11,38	7,37	32,83	-20,45	-24,45
KH BV12/08 77I1535	Schaf/Ziege	2,99	10,80	9,22	27,65	-22,38	-26,38
KH BV16/02 77I75	Schaf/Ziege	3,17	9,87	7,34	26,81	-22,09	-26,09
KH BT12/27 77I128	Schwein	3,51	10,75	7,81	32,36	-21,33	-25,33
I.G 2 11	Rind	3,60	15,13	6,2	46,74	-20,73	-24,73
I.G 1 8	Pferd	3,36	11,57	6,49	33,35	-22,35	-26,35
I.G 2 114	Pferd	3,43	10,07	5,78	29,57	-21,84	-25,84
I.G 2 114 2	Schaf/Ziege	3,48	8,99	7,45	26,78	-21,59	-25,59
I.G 1 113	Schaf/Ziege	3,46	13,15	7	39,01	-21,65	-25,65
I.G 4 116 2	Schwein	3,37	9,86	8	28,52	-20,98	-24,98
I.G 1 8 2	Schwein	3,53	8,46	7,64	25,61	-22,05	-26,05
I.G 3 51	Katze	3,29	10,34	10,51	29,15	-19,2	-23,2
U 2001/2428 67865 D	Rind	3,45	11,95	6,90	35,28	-21,69	-25,69
U 2003/1947 89980D	Rind	3,41	12,77	6,01	37,29	-21,28	-25,28
U 2003/3320 89650D	Rind	3,59	9,39	5,57	28,91	-21,45	-25,45
U 2001/2428 67865D	Pferd	3,54	5,57	3,99	16,89	-23,29	-27,29
U 2000/2163 67189D	Schaf/Ziege	3,42	20,59	7,12	60,41	-20,90	-24,90
U 2003/1947 89980D	Schaf/Ziege	3,51	11,08	6,44	33,31	-21,15	-25,15
U 2003/3323 44507D	Schaf/Ziege	3,06	6,42	6,85	16,81	-21,68	-25,68
U 2003/1947 89980D	Schwein	3,46	11,59	7,28	34,32	-20,79	-24,79
U 2003/3323 44507D	Schwein	3,56	13,27	7,23	40,53	-20,67	-24,67
U 2003/3388 44521E	Schwein	3,47	12,46	8,77	37,06	-21,51	-25,51
DEUTSCHLAND – Hoch-/Spätmittelalter							
R 136	Gans	3,29	14,40	10,11	40,61	-21,38	-25,38
R 15	Gans	3,15	14,48	8,56	39,08	-20,40	-24,40
R 230	Rind	3,09	16,28	4,55	43,20	-20,99	-24,99
R 247	Rind	3,21	14,14	7,07	38,96	-21,92	-25,92

R X	Rind	3,18	16,91	8,63	46,09	-20,86	-24,86
R X	Rind	3,13	14,79	5,66	39,69	-21,54	-25,54
R 56	Katze	3,11	15,82	9,61	42,23	-20,54	-24,54
R 136	Huhn	3,31	12,61	7,61	35,77	-21,03	-25,03
R 230	Huhn	3,21	16,47	5,14	45,30	-22,58	-26,58
R 232	Hase	3,17	13,39	6,35	36,36	-23,44	-27,44
R 1	Schaf/Ziege	3,19	13,12	6,73	35,94	-21,27	-25,27
R 392	Schaf/Ziege	3,27	15,02	7,85	42,17	-21,03	-25,03
R 392	Schaf/Ziege	3,29	14,00	8,39	39,49	-21,92	-25,92
R 382	Rebhuhn	3,16	14,82	7,27	40,17	-19,05	-23,05
R 316	Schwein	3,25	13,28	7,89	37,03	-19,83	-23,83
R X	Schwein	3,19	16,61	9,52	45,47	-20,78	-24,78

9.1.1.2 Konzentrationsberechnung

Tabelle A 2: Parameter zur Berechnung der Kohlenstoff- und Stickstoffkonzentrationen der verschiedenen Nahrungsquellen. [D]: Deutschland, [G]: Griechenland, [S]: Serbien, [T]: Türkei, **TM**: Trockenmasse, **PTM**: Proteintrockenmasse, **FTM**: Fetttrockenmasse, **KHTM**: Kohlenhydrattrockenmasse, **BTM**: Ballaststofftrockenmasse.

Tiere													
Spezies	**USDA Nr,**	**USDA-Beschreibung**	**Inhaltsstoffe**					**Trockenmassen**					**%C**	**%N**
			Wasser	**Protein**	**Fett**	**KH**	**BS**	**TM**	**PTM**	**FTM**	**KHTM**	**BTM**		
Gans [D]	5146	Goose, domesticated, meat and skin, raw	49,66	15,86	33,62	0,00	0,00	50,34	31,51	66,79	0,00	0,00	66,47	5,04
	5148	Goose, domesticated, meat only, raw	68,30	22,75	7,13	0,00	0,00	31,70	71,77	22,49	0,00	0,00	54,19	11,48
	5111	Canada Goose, breast meat only, skinless, raw	70,78	24,31	4,02	0,00	0,00	29,22	83,20	13,76	0,00	0,00	53,58	13,31
	5150	Goose, liver, raw	71,78	16,37	4,28	6,32	0,00	28,22	58,01	15,17	22,40	0,00	51,62	9,28
	5147	Goose, domesticated, meat and skin, cooked, roasted	51,95	25,16	21,92	0,00	0,00	48,05	52,36	45,62	0,00	0,00	61,44	8,38
	5149	Goose, domesticated, meat only, cooked, roasted	57,23	28,97	12,67	0,00	0,00	42,77	67,73	29,62	0,00	0,00	57,44	10,84
Huhn [D]	5332	Chicken, ground, raw	73,24	17,44	8,1	0,04	0,00	26,76	65,17	30,27	0,15	0,00	56,66	10,43
	5066	Chicken, broilers or fryers, drumstick, meat and skin, raw	81,88	18,08	9,2	0,11	0,00	18,12	99,78	50,77	0,61	0,00	90,24	15,96
	5048	Chicken, broilers or fryers, back, meat and skin, raw	58,1	14,05	28,74	0,00	0,00	41,90	33,53	68,59	0,00	0,00	68,88	5,37
	5075	Chicken, broilers or fryers, leg, meat and skin, raw	67,3	16,37	15,95	0,17	0,00	32,70	50,06	48,78	0,52	0,00	62,85	8,01
	5084	Chicken, broilers or fryers, neck, meat and skin, raw	59,99	14,07	26,24	0,00	0,00	40,01	35,17	65,58	0,00	0,00	67,47	5,63
	5100	Chicken, broilers or fryers, wing, meat and skin, raw	69,19	17,52	12,85	0,00	0,00	30,81	56,86	41,71	0,00	0,00	60,85	9,10
	5115	Chicken, roasting, giblets, raw	74,73	18,14	5,04	1,14	0,00	25,27	71,78	19,94	4,51	0,00	54,32	11,49
	5127	Chicken, stewing, giblets, raw	69,8	17,89	9,21	2,13	0,00	30,20	59,24	30,50	7,05	0,00	56,85	9,48
	5006	Chicken, broilers or fryers, meat and skin, raw	65,99	18,6	15,06	0,00	0,00	34,01	54,69	44,28	0,00	0,00	61,65	8,75

	5109	Chicken, roasting, meat and skin and giblets and neck, raw	65,98	17,09	15,46	0,09	0,00	34,02	50,24	45,44	0,26	0,00	60,32	8,04
Reh Hirsch D G S S T	17164	Game meat, deer, raw	73,57	22,96	2,42	0,00	0,00	26,43	86,87	9,16	0,00	0,00	13,90	52,04
	17343	Game meat, deer, ground, raw	71,15	21,78	7,13	0,00	0,00	28,85	75,49	24,71	0,00	0,00	12,08	57,79
	35080	Deer (venison), sitka, raw (Alaska Native)	75,00	21,50	2,66	0,00	0,00	25,00	86,00	10,64	0,00	0,00	13,76	52,70
Rind D G S T	13017	Beef, grass-fed, ground, raw	67,13	19,42	12,73	0,00	0,00	32,87	59,08	38,73	0,00	0,00	59,77	9,45
	13023	Rinderbrust	70,29	20,72	7,37	0,00	0,00	29,71	69,74	24,81	0,00	0,00	54,87	11,16
	23459	Flanksteak	71,79	20,12	8,90	0,00	0,00	28,21	71,32	31,55	0,00	0,00	60,75	11,41
	13147	Rib	48,29	14,40	36,23	0,00	0,00	51,71	27,85	70,06	0,00	0,00	67,03	4,46
	13929	Beef, top sirloin, steak, separable lean and fat, trimmed to 1/8” fat, all grades, raw	66,09	20,30	12,71	0,00	0,00	33,91	59,86	37,48	0,00	0,00	59,24	9,58
	23471	eef, New Zealand, imported, tenderloin, separable lean and fat, raw	71,18	21,04	6,88	0,00	0,00	28,82	73,00	23,87	0,00	0,00	55,87	11,68
Schaf D G S T	17371	Lamb, New Zealand, imported, ground lamb, raw	69,29	20,33	12,41	0,00	0,00	30,71	66,20	40,41	0,00	0,00	64,73	10,59
	17224	Lamb, ground, raw	59,47	16,56	23,41	0,00	0,00	40,53	40,86	57,76	0,00	0,00	64,57	6,54
Schwein D	10005	Pork, fresh, belly, raw	36,74	9,34	53,01	0,00	0,00	63,26	14,76	83,80	0,00	0,00	70,53	2,36
	10219	Pork, fresh, ground, raw	61,06	16,88	21,19	0,00	0,00	38,94	43,35	54,42	0,00	0,00	63,35	6,94
	10001	Pork, fresh, carcass, separable lean and fat, raw	49,83	13,91	35,07	0,00	0,00	50,17	27,73	69,90	0,00	0,00	66,84	4,44
	10008	Pork, fresh, leg (ham), whole, separable lean and fat, raw	62,47	17,43	18,87	0,00	0,00	37,53	46,44	50,28	0,00	0,00	61,86	7,43
	10016	Pork, fresh, leg (ham), shank half, separable lean and fat, raw	67,69	19,87	11,96	0,00	0,00	32,31	61,50	37,02	0,00	0,00	59,74	9,84
	10020	Pork, fresh, loin, whole, separable lean and fat, raw	66,92	19,74	12,58	0,00	0,00	33,08	59,67	38,03	0,00	0,00	59,55	9,55
	10060	Pork, fresh, loin, tenderloin, separable lean only, raw	76,00	20,95	2,17	0,00	0,00	24,00	87,29	9,04	0,00	0,00	52,17	13,97
	10070	Pork, fresh, shoulder, whole, separable lean and fat, raw	64,02	17,18	17,99	0,00	0,00	35,98	47,75	50,00	0,00	0,00	62,33	7,64

Fisch G	15236	Fish, salmon, Atlantic, farmed, raw	64,89	20,42	13,42	0,00	0,00	35,11	58,16	38,22	0,00	0,00	9,31	58,91
	15076	Fish, salmon, Atlantic, wild, raw	68,50	19,84	6,34	0,00	0,00	31,50	62,98	20,13	0,00	0,00	10,08	47,85
	15117	Fish, tuna, fresh, bluefin, raw	68,09	23,33	4,90	0,00	0,00	31,91	73,11	15,36	0,00	0,00	11,70	49,53
	15123	Fish, tuna, fresh, skipjack, raw	70,58	22,00	1,01	0,00	0,00	29,42	74,78	3,43	0,00	0,00	11,96	41,46
	15127	Fish, tuna, fresh, yellowfin, raw	74,03	24,40	0,49	0,00	0,00	25,97	93,95	1,89	0,00	0,00	15,03	50,27
	15001	Fish, anchovy, european, raw	73,37	20,35	4,84	0,00	0,00	26,63	76,42	18,17	0,00	0,00	12,23	53,37
	15114	Fish, trout, mixed species, raw	71,42	20,77	6,61	0,00	0,00	28,58	72,67	23,13	0,00	0,00	11,63	55,14
	15039	Fish, herring, Atlantic, raw	72,05	17,96	9,04	0,00	0,00	27,95	64,26	32,34	0,00	0,00	10,28	57,67
Fisch: Karpfen S	15008	Fish, carp, raw	76,31	17,83	5,60	0,00	0,00	23,69	75,26	23,64	0,00	0,00	56,87	12,0
Fisch: marin S	15001	Fish, anchovy, european, raw	73,37	20,35	4,84	0,00	0,00	26,63	76,42	18,17	0,00	0,00	53,37	12,23
	15039	Fish, herring, Atlantic, raw	72,05	17,96	9,04	0,00	0,00	27,95	64,26	32,34	0,00	0,00	57,67	10,28
	15104	Fish, sturgeon, mixed species, raw	76,55	16,14	4,04	0,00	0,00	23,45	68,83	17,23	0,00	0,00	48,71	11,01
	15105	Fish, sturgeon, mixed species, cooked, dry heat	69,94	20,70	5,18	0,00	0,00	30,06	68,86	17,23	0,00	0,00	48,73	11,02
	15091	Fish, sea bass, mixed species, raw	78,27	18,43	2,00	0,00	0,00	21,73	84,81	9,20	0,00	0,00	51,01	13,57
Fisch: Süßwasser S	15114	Fish, trout, mixed species, raw	71,42	20,77	6,61	0,00	0,00	28,58	72,67	23,13	0,00	0,00	55,14	11,63
	15234	Fish, catfish, channel, farmed, raw	79,06	15,23	5,94	0,00	0,00	20,94	72,73	28,37	0,00	0,00	59,10	11,64
	15010	Fish, catfish, channel, wild, raw	80,60	16,38	2,82	0,00	0,00	19,40	84,43	14,54	0,00	0,00	54,81	13,51
	15024	Fish, drum, freshwater, raw	77,33	7,54	4,93	0,00	0,00	22,67	33,26	21,75	0,00	0,00	33,61	5,32
	15004	Fish, bass, striped, raw	79,22	17,73	2,33	0,00	0,00	20,78	85,32	11,21	0,00	0,00	52,78	13,65
	15003	Fish, bass, fresh water, mixed species, raw	75,66	18,86	3,69	0,00	0,00	24,34	77,49	15,16	0,00	0,00	51,66	12,40
	15008	Fish, carp, raw	76,31	17,83	5,60	0,00	0,00	23,69	75,26	23,64	0,00	0,00	56,87	12,04
Fisch: Stör S	15104	Fish, sturgeon, mixed species, raw	76,55	16,14	4,04	0,00	0,00	23,45	68,83	17,23	0,00	0,00	48,71	11,01
	15105	Fish, sturgeon, mixed species, cooked, dry heat	69,94	20,70	5,18	0,00	0,00	30,06	68,86	17,23	0,00	0,00	48,73	11,02

Ziege DGST	17168	Goat, raw	75,84	20,60	2,31	0,00	0,00	24,16	85,26	9,56	0,00	0,00	51,51	13,64
	17169	Game meat, goat, cooked, roasted	68,21	27,10	3,03	0,00	0,00	31,79	85,25	9,53	0,00	0,00	51,48	13,64
Milch D	11116000	Goat's milk, whole	87,03	3,56	4,14	4,45	4,45	12,97	27,45	31,92	34,31	34,31	53,65	4,39
	11111000	Milk, whole	88,1	3,28	3,2	4,67	4,81	11,90	27,56	26,89	39,24	40,42	52,16	4,41
	11115300	Buttermilk, whole	87,91	3,21	3,31	4,88	4,88	12,09	26,55	27,38	40,36	40,36	52,50	4,25
	11411100	Yogurt, whole milk, plain	87,89	3,47	3,25	4,66	4,66	12,11	28,65	26,84	38,48	38,48	52,34	4,58
Pflanzen														
Spezies	**USDA Nr,**	**USDA-Beschreibung**	**Inhaltsstoffe**					**Trockenmassen**					**%C**	**%N**
			Wasser	**Protein**	**Fett**	**KH**	**BS**	**TM**	**PTM**	**FTM**	**KHTM**	**BTM**		
Hülsen-früchte DGST	16069	lentil raw	8,26	24,63	1,06	63,25	10,70	91,74	26,85	1,16	68,94	11,66	44,46	3,87
	16144	lentils, pink or red, raw	7,82	23,91	2,17	63,10	10,80	92,18	25,94	2,35	68,45	11,72	44,71	3,74
	11300	peas, edible-podded, raw	88,89	2,80	0,20	7,55	2,60	11,11	25,20	1,80	67,96	23,40	43,73	3,63
	11304	peas, green, raw	78,86	5,42	0,40	14,45	5,70	21,14	25,64	1,89	68,35	26,96	44,18	3,69
Getreide GST	20004	barley, hulled	9,44	12,48	2,30	73,48	17,30	90,56	13,78	2,54	81,14	19,10	44,87	1,98
	20005	barley, pearled, raw	10,09	9,91	1,16	77,72	15,60	89,91	11,02	1,29	86,44	17,35	45,02	1,59
	20070	barley, flour or meal	10,01	13,18	1,81	73,14	14,60	89,99	14,65	2,01	81,28	16,22	44,94	2,11
	20008	lentil raw	9,75	13,25	3,40	71,50	10,00	90,25	14,68	3,77	79,22	11,08	45,35	2,11
	20130	lentils, pink or red, raw	12,11	10,50	1,60	74,52	10,10	87,89	11,95	1,82	84,79	11,49	45,11	1,72
Getreide D	20004	barley, hulled	9,44	12,48	2,30	73,48	17,30	90,56	13,78	2,54	81,14	19,10	44,87	1,98
	20005	barley, pearled, raw	10,09	9,91	1,16	77,72	15,60	89,91	11,02	1,29	86,44	17,35	45,02	1,59
	20130	barley, flour or meal	12,11	10,50	1,60	74,52	10,10	87,89	11,95	1,82	84,79	11,49	45,11	1,72
	20070	Triticale flour, whole-grain	10,01	13,18	1,81	73,14	14,60	89,99	14,65	2,01	81,28	16,22	44,94	2,11
	20008	buckwheat	9,75	13,25	3,40	71,50	10,00	90,25	14,68	3,77	79,22	11,08	45,35	2,11
	20063	Rye flour, dark	10,75	15,91	2,22	68,63	23,8	89,25	17,83	2,49	76,90	26,67	44,81	2,57
	20064	Rye flour, medium	10,90	10,88	1,52	75,43	11,80	89,10	12,21	1,71	84,66	13,24	45,09	1,76
	20065	Rye flour, light	11,40	9,82	1,33	76,68	8,00	88,60	11,08	1,50	86,55	9,03	45,26	1,60
	20062	Rye grain	10,60	10,34	1,63	75,86	15,10	89,40	11,57	1,82	84,85	16,89	44,96	1,67
	20132	Oat flour, partially debranned	8,55	14,66	9,12	65,70	6,50	91,45	16,03	9,97	71,84	7,11	47,31	2,31
	45026702	OATS, UPC: 070893029105	10,60	10,34	1,63	75,86	15,10	89,40	11,57	1,82	84,85	16,89	44,96	1,67
	20033	Oat bran, raw	6,55	17,30	7,03	66,22	15,40	93,45	18,51	7,52	70,86	16,48	46,19	2,67
	20034	Oat bran, cooked	84,00	3,21	0,86	11,44	2,60	16,00	20,06	5,38	71,50	16,25	45,60	2,89

Tabelle A 3: Konzentrationsdifferenz der verwendeten Tierdaten. A: Alepotrypa, AE: Altenerding, ASB: Ascheiheim-Bajuwarenring, EK: Eching-Kleiststraße, ET: Eisernes Tor, F: Franchthi, FSA: Freising-Attaching, G: Großmehring, KH: Kelheim, KL: Klettham, M: Mavropigi, NC: Nevalı Çori, R: Regensburg, T: Theopetra, U: Unterigling.

Nummer	Tier	%N (gemessen)	%N (berechnet)	|Differenz %N|	%C (gemessen)	%C (berechnet)	|Differenz %C|
R 136	Gans	14,40	9,72	4,68	40,61	57,46	16,85
R 15	Gans	14,48	9,72	4,76	39,08	57,46	18,38
NC 89 G3 3.25	Gazelle	16,41	x	x	44,12	x	x
NC 90 19.10 H10 72.24	Gazelle	13,46	x	x	37,24	x	x
NC 90 G9 59.2	Gazelle	14,65	x	x	39,36	x	x
NC 91 28.10 G9 3839	Gazelle	13,89	x	x	37,52	x	x
A 2	Hirsch/Rothirsch	15,81	13,25	2,56	44,09	54,18	10,09
ET 24	Hirsch/Rothirsch	15,20	13,25	1,95	45,63	54,18	8,55
ET 26	Hirsch/Rothirsch	12,76	13,25	0,49	34,57	54,18	19,61
ET 27	Hirsch/Rothirsch	14,67	13,25	1,42	40,55	54,18	13,63
F 11	Hirsch/Rothirsch	10,03	13,25	3,22	29,46	54,18	24,72
F 12	Hirsch/Rothirsch	3,87	13,25	9,38	11,41	54,18	42,77
F 23	Hirsch/Rothirsch	4,42	13,25	8,83	13,30	54,18	40,88
F 25	Hirsch/Rothirsch	6,20	13,25	7,05	18,11	54,18	36,07
KL F20	Hirsch/Rothirsch	16,66	13,25	3,41	45,21	54,18	8,97
M 5	Hirsch/Rothirsch	14,82	13,25	1,57	40,93	54,18	13,25
M 6	Hirsch/Rothirsch	12,98	13,25	0,27	35,88	54,18	18,30
NC 91 G9 59.29	Hirsch/Rothirsch	10,28	13,25	2,97	29,71	54,18	24,47
NC 92 Ku A G9 2	Hirsch/Rothirsch	10,17	13,25	3,08	28,58	54,18	25,60
T 248	Hirsch/Rothirsch	14,67	13,25	1,42	42,89	54,18	11,29
FSA F46	Huhn	15,87	9,22	6,65	44,58	64,01	19,43
KH BP11/17 77I245	Huhn	12,63	9,22	3,41	36,63	64,01	27,38
KH BV11/10 77I1530	Huhn	11,38	9,22	2,16	32,83	64,01	31,18
R 136	Huhn	12,61	9,22	3,39	35,77	64,01	28,24
R 230	Huhn	16,47	9,22	7,25	45,30	64,01	18,71
ET 23	Reh	13,19	13,25	0,06	39,62	54,18	14,56
KH BO14/33 77I312	Reh	14,29	13,25	1,04	43,74	54,18	10,44
M 4	Reh	14,67	13,25	1,42	40,86	54,18	13,32
A 1	Rind	13,51	9,62	3,89	41,17	59,59	18,42
A 11	Rind	15,21	9,62	5,59	43,71	59,59	15,88
A 117	Rind	14,61	9,62	4,99	43,76	59,59	15,83
A 118	Rind	9,80	9,62	0,18	29,77	59,59	29,82

A 119	Rind	9,88	9,62	0,26	29,22	59,59	30,37
A DA12	Rind	10,45	9,62	0,83	28,30	59,59	31,29
A DA13	Rind	14,50	9,62	4,88	39,21	59,59	20,38
AE 113F1_1	Rind	15,43	9,62	5,81	41,27	59,59	18,32
ASB 175F	Rind	7,24	9,62	2,38	20,80	59,59	38,79
ASB 342F	Rind	11,44	9,62	1,82	31,44	59,59	28,15
EK F2	Rind	24,95	9,62	15,33	67,83	59,59	8,24
EK F3	Rind	15,17	9,62	5,55	42,34	59,59	17,25
EK F4	Rind	18,09	9,62	8,47	50,53	59,59	9,06
EK F5	Rind	19,08	9,62	9,46	52,26	59,59	7,33
FSA F16	Rind	13,15	9,62	3,53	36,30	59,59	23,29
FSA F17	Rind	14,41	9,62	4,78	39,73	59,59	19,86
FSA F18	Rind	15,45	9,62	5,83	42,32	59,59	17,27
FSA F2	Rind	16,37	9,62	6,75	44,92	59,59	14,67
FSA F3	Rind	15,92	9,62	6,29	44,02	59,59	15,57
FSA F4	Rind	11,46	9,62	1,84	32,07	59,59	27,51
FSA F43	Rind	16,26	9,62	6,64	44,25	59,59	15,34
FSA F44	Rind	16,02	9,62	6,40	43,94	59,59	15,65
FSA F45	Rind	14,50	9,62	4,87	40,41	59,59	19,18
FSA F5	Rind	17,92	9,62	8,30	47,72	59,59	11,87
G 2 11	Rind	15,13	9,62	5,51	46,74	59,59	12,85
KH BV12/08 1535	Rind	15,75	9,62	6,13	47,30	59,59	12,29
KH BV12/08 77I1534	Rind	8,43	9,62	1,19	22,15	59,59	37,44
KL F29	Rind	18,14	9,62	8,52	49,33	59,59	10,26
KL F30	Rind	14,78	9,62	5,16	40,46	59,59	19,12
M 11	Rind	14,75	9,62	5,13	43,00	59,59	16,59
M 12	Rind	14,30	9,62	4,68	39,40	59,59	20,19
NC ?	Rind	12,81	9,62	3,19	38,01	59,59	21,58
NC 91 G9 3949.6 G268	Rind	13,15	9,62	3,53	38,63	59,59	20,96
R 230	Rind	16,28	9,62	6,66	43,20	59,59	16,39
R 247	Rind	14,14	9,62	4,52	38,96	59,59	20,63
R X	Rind	16,91	9,62	7,29	46,09	59,59	13,50
R X	Rind	14,79	9,62	5,17	39,69	59,59	19,90
T 237	Rind	14,70	9,62	5,08	42,15	59,59	17,44
T 70	Rind	15,37	9,62	5,75	42,05	59,59	17,54
U 2001/2428 67865 D	Rind	11,95	9,62	2,33	35,28	59,59	24,31

U 2003/1947 89980D	Rind	12,77	9,62	3,15	37,29	59,59	22,30
U 2003/3320 89650D	Rind	9,39	9,62	0,23	28,91	59,59	30,68
A 116	Schaf/Ziege	9,21	11,10	1,89	28,44	58,07	29,63
A 120	Schaf/Ziege	11,12	11,10	0,02	33,05	58,07	25,02
A 3	Schaf/Ziege	15,50	11,10	4,40	43,88	58,07	14,19
A DA17	Schaf/Ziege	12,30	11,10	1,20	33,67	58,07	24,40
ASB 292F	Schaf/Ziege	10,25	11,10	0,85	28,02	58,07	30,05
EK F7	Schaf/Ziege	15,81	11,10	4,70	43,68	58,07	14,39
F 28	Schaf/Ziege	14,44	11,10	3,34	42,01	58,07	16,06
F 32	Schaf/Ziege	6,21	11,10	4,89	18,65	58,07	39,42
F 34	Schaf/Ziege	15,24	11,10	4,14	42,81	58,07	15,26
F 35	Schaf/Ziege	15,27	11,10	4,17	43,26	58,07	14,81
FSA F11	Schaf/Ziege	16,30	11,10	5,20	43,43	58,07	14,64
FSA F14	Schaf/Ziege	14,15	11,10	3,05	40,05	58,07	18,02
FSA F33	Schaf/Ziege	18,45	11,10	7,34	51,68	58,07	6,39
FSA F36	Schaf/Ziege	13,72	11,10	2,62	37,52	58,07	20,55
FSA F39	Schaf/Ziege	14,17	11,10	3,07	38,72	58,07	19,36
FSA F40	Schaf/Ziege	15,09	11,10	3,99	41,83	58,07	16,24
FSA F41	Schaf/Ziege	13,89	11,10	2,79	37,72	58,07	20,35
FSA F42	Schaf/Ziege	15,41	11,10	4,31	42,97	58,07	15,10
G 1 113	Schaf/Ziege	13,15	11,10	2,05	39,01	58,07	19,06
G 2 114 2	Schaf/Ziege	8,99	11,10	2,11	26,78	58,07	31,29
KH BV12/08 77I1535	Schaf/Ziege	10,80	11,10	0,30	27,65	58,07	30,42
KH BV16/02 77I75	Schaf/Ziege	9,87	11,10	1,23	26,81	58,07	31,26
KL F12	Schaf/Ziege	17,02	11,10	5,92	47,07	58,07	11,00
KL F19	Schaf/Ziege	19,44	11,10	8,34	53,27	58,07	4,80
KL F23	Schaf/Ziege	13,58	11,10	2,48	37,98	58,07	20,09
KL F7	Schaf/Ziege	13,06	11,10	1,95	35,80	58,07	22,27
M 7	Schaf/Ziege	14,54	11,10	3,44	40,73	58,07	17,34
M 8	Schaf/Ziege	14,63	11,10	3,53	40,61	58,07	17,46
M 9	Schaf/Ziege	13,98	11,10	2,88	38,88	58,07	19,19
NC 91 30.10 G7 87.35a	Schaf/Ziege	15,35	11,10	4,25	39,31	58,07	18,76
NC 91 5.10 F5 54.48	Schaf/Ziege	11,51	11,10	0,41	34,94	58,07	23,13
NC 91 7.11 H5S 0.23 Gr.288	Schaf/Ziege	13,40	11,10	2,30	40,75	58,07	17,32
NC 91 G7C 38 P	Schaf/Ziege	15,37	11,10	4,27	41,90	58,07	16,17
NC 91 G9 77 P	Schaf/Ziege	14,76	11,10	3,66	41,42	58,07	16,65

NC H5S 0.23 Gr.288	Schaf/Ziege	14,92	11,10	3,82	45,24	58,07	12,83
R 1	Schaf/Ziege	13,12	11,10	2,02	35,94	58,07	22,13
R 392	Schaf/Ziege	15,02	11,10	3,92	42,17	58,07	15,90
R 392	Schaf/Ziege	14,00	11,10	2,90	39,49	58,07	18,58
T 212	Schaf/Ziege	15,38	11,10	4,28	42,36	58,07	15,71
T 252	Schaf/Ziege	15,31	11,10	4,21	43,02	58,07	15,05
T 54	Schaf/Ziege	14,68	11,10	3,58	41,44	58,07	16,63
T 94B	Schaf/Ziege	15,20	11,10	4,10	42,15	58,07	15,92
U 2000/2163 67189D	Schaf/Ziege	20,59	11,10	9,49	60,41	58,07	2,34
U 2003/1947 89980D	Schaf/Ziege	11,08	11,10	0,02	33,31	58,07	24,76
U 2003/3323 44507D	Schaf/Ziege	6,42	11,10	4,68	16,81	58,07	41,26
X 2	Schaf/Ziege	13,71	11,10	2,61	39,35	58,07	18,72
X 3	Schaf/Ziege	14,90	11,10	3,80	41,48	58,07	16,59
X 4	Schaf/Ziege	16,92	11,10	5,82	46,30	58,07	11,77
X 5	Schaf/Ziege	14,96	11,10	3,86	40,89	58,07	17,18
X 6	Schaf/Ziege	15,38	11,10	4,28	41,76	58,07	16,31
T 275	Schwein	4,37	7,77	3,40	12,16	62,05	49,89
A 7	Schwein	14,99	7,77	7,22	43,88	62,05	18,17
A DA14	Schwein	13,24	7,77	5,47	35,94	62,05	26,11
A DA15	Schwein	11,34	7,77	3,57	30,49	62,05	31,56
AE 113F1_2	Schwein	14,30	7,77	6,53	38,83	62,05	23,22
AE 113F1_3	Schwein	15,29	7,77	7,52	41,61	62,05	20,44
ASB 294F	Schwein	15,40	7,77	7,63	41,80	62,05	20,25
ET 28	Schwein	15,17	7,77	7,40	43,75	62,05	18,30
ET 29	Schwein	16,75	7,77	8,98	46,83	62,05	15,22
F 22	Schwein	14,10	7,77	6,33	42,12	62,05	19,93
F 33	Schwein	11,72	7,77	3,95	33,52	62,05	28,53
FSA F1	Schwein	12,97	7,77	5,20	37,93	62,05	24,12
FSA F19	Schwein	15,87	7,77	8,10	43,15	62,05	18,90
FSA F20	Schwein	15,62	7,77	7,85	43,64	62,05	18,41
FSA F21	Schwein	13,55	7,77	5,78	38,27	62,05	23,78
FSA F30	Schwein	13,86	7,77	6,09	39,50	62,05	22,55
FSA F31	Schwein	15,98	7,77	8,21	43,89	62,05	18,16
FSA F32	Schwein	13,34	7,77	5,57	36,56	62,05	25,49
FSA F7	Schwein	17,70	7,77	9,93	48,01	62,05	14,04
FSA F8	Schwein	16,64	7,77	8,87	44,74	62,05	17,31

FSA F9	Schwein	16,28	7,77	8,51	44,34	62,05	17,70
G 1 8 2	Schwein	8,46	7,77	0,69	25,61	62,05	36,44
G 4 116 2	Schwein	9,86	7,77	2,09	28,52	62,05	33,53
KH BT12/27 77I128	Schwein	10,75	7,77	2,98	32,36	62,05	29,69
KL F10	Schwein	12,85	7,77	5,08	36,41	62,05	25,64
KL F13	Schwein	15,17	7,77	7,40	42,35	62,05	19,70
KL F15	Schwein	13,08	7,77	5,31	36,59	62,05	25,46
KL F17	Schwein	16,51	7,77	8,74	44,86	62,05	17,19
KL F22	Schwein	13,22	7,77	5,45	36,68	62,05	25,37
KL F24	Schwein	17,59	7,77	9,82	48,65	62,05	13,40
M 1	Schwein	14,54	7,77	6,77	39,92	62,05	22,13
M 2	Schwein	14,11	7,77	6,34	39,17	62,05	22,88
M 3	Schwein	14,84	7,77	7,07	40,65	62,05	21,40
NC 90 16.10 F7 90.27	Schwein	2,60	7,77	5,17	7,52	62,05	54,53
NC 90 H10S Gr.157 M2	Schwein	13,07	7,77	5,30	40,28	62,05	21,77
NC G5 Hs6 K2	Schwein	12,31	7,77	4,54	33,80	62,05	28,25
NC91 H8 0.43	Schwein	2,18	7,77	5,59	6,70	62,05	55,35
R 316	Schwein	13,28	7,77	5,51	37,03	62,05	25,02
R X	Schwein	16,61	7,77	8,84	45,47	62,05	16,58
T 206	Schwein	15,17	7,77	7,40	41,99	62,05	20,06
T 94A	Schwein	2,32	7,77	5,45	6,23	62,05	55,82
U 2003/1947 89980D	Schwein	11,59	7,77	3,82	34,32	62,05	27,73
U 2003/3323 44507D	Schwein	13,27	7,77	5,50	40,53	62,05	21,52
U 2003/3388 44521E	Schwein	12,46	7,77	4,69	37,06	62,05	24,99
X 1	Schwein	14,95	7,77	7,18	41,54	62,05	20,51
A 6	Thunfisch	9,42	12,90	3,48	27,30	47,09	19,79
F 27	Thunfisch	13,49	12,90	0,59	41,00	47,09	6,09
Min				0,02			2,34
Max				15,33			55,82
Mittel				4,59			21,11
sd				2,57			8,97
Median				4,52			19,18

9.1.1.3 Isotopenwerte der Nahrungsquellen

Tabelle A 4: Isotopenwerte der verschiedenen Nahrungsquellen genutzt für das Mischungsmodell von IsoConc. *****: Berechnet mit den Werten aus Tabelle A 2. **K**: Küste, **FL**: Festland, **SpA**: Spätantike, **FMA**: Frühmittelalter, **HspMA**: Hoch-/Spätmittelalter.

Nahrungsquellen	%N*	$\delta^{15}N_{Kollagen}$	$\delta^{15}N_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$	%C*	$\delta^{13}C_{Kollagen}$	$\delta^{13}C_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$
Griechenland (K): Alepotrypa						
Rind [B]	9,62	4,38	4,38	59,59	-20,13	-24,13
Hirsch [A,B]	13,25	5,37	5,37	54,18	-21,44	-25,44
Schaf/Ziege [B]	11,10	5,74	5,74	58,07	-21,01	-25,01
Domestizierte Tiere (Rind, Schaf/Ziege) [A]	10,21	5,13	5,13	48,98	-20,47	-24,47
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,72	-	1,50	44,71	-	-25,00
Griechenland (K): Franchthi						
Schaf/Ziege	11,10	5,74	5,74	58,07	-21,01	-25,01
Thunfisch	12,90	8,04	8,04	47,09	-13,90	-17,90
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	2,50	44,71	-	-24,00
Griechenland (FL): Mavropigi, Theopetra						
Reh [A,B]	13,25	5,45	5,45	54,18	-21,61	-25,61
Rothirsch [A]	13,25	4,35	4,35	54,18	-20,77	-24,77
Domestizierte Tiere (Rind, Schaf/Ziege) [B]	10,21	5,37	5,37	48,98	-19,77	-23,77
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,72	-	2,00	44,71	-	-26,00
Serbien: Lepenski Vir, Vlasac						
Aqua-Mix [A, B]	11,02	11,78	11,78	48,72	-18,40	-22,40
Süßwasserquelle [A, B]	11,46	12,80	12,80	51,99	-22,68	-26,68
Wild (Reh + Rothirsch) [B]	13,25	6,48	6,48	54,18	-22,10	-26,10
Pflanzen (hyp.) [A]	2,72	-	2,50	44,71	-	-25,50
Deutschland (SpA): Klettham						
Rind [A]	9,62	7,94	7,94	59,59	-21,47	-25,47
Rothirsch [A,B;C]	13,25	4,55	4,55	54,18	-23,36	-27,36
Schaf/Ziege [C]	11,10	8,53	8,53	58,07	-21,70	-25,70
Schwein [B]	7,77	7,96	7,96	62,05	-21,41	-25,41
Pflanzen (hyp.) [A,B,C]	2,44	-	3,00	45,09	-	-23,00

Deutschland (FMA): Bruckmühl						
Huhn [B]	9,22	7,37	7,37	64,01	-20,45	-24,45
Rind [A,B]	9,62	5,98	5,98	59,59	-21,32	-25,32
Schwein [A]	7,77	7,60	7,60	62,05	-20,84	-24,84
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,44	-	3,00	45,09	-	-24,50
Deutschland (FMA): Erding – Altenerding						
Huhn [A,B]	9,22	7,37	7,37	64,01	-20,45	-24,45
Rind [A]	9,62	5,98	5,98	59,59	-21,32	-25,32
Schaf/Ziege [B]	11,10	7,12	7,12	58,07	-21,38	-25,38
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,00
Deutschland (FMA): Straubing						
Huhn [A,B,]	9,22	7,37	7,37	64,01	-20,45	-24,45
Rind [B]	9,62	5,98	5,98	59,59	-21,32	-25,32
Schaf/Ziege [A]	11,10	7,12	7,12	58,07	-21,38	-25,38
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Deutschland (FMA): Unterigling						
Huhn [B]	9,22	7,37	7,37	64,01	-20,45	-24,45
Rind [A,B]	9,62	5,98	5,98	59,59	-21,32	-25,32
Schwein [A]	7,77	7,60	7,60	62,05	-20,84	-24,84
Pflanzen (hyp.) [A,B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Deutschland (HspMA): Regensburg						
Gans [A,B]	9,72	9,63	9,63	57,46	-20,89	-24,89
Rind [B]	9,62	6,37	6,37	59,59	-21,27	-25,27
Schaf/Ziege [A]	11,10	7,85	7,85	58,07	-24,27	-25,27
Schwein [A,B]	7,77	8,71	8,71	62,05	-20,31	-24,31
Deutschland (HspMA): Zeholfing						
Rind [B]	9,62	6,37	6,37	59,59	-24,27	-25,27
Schaf/Ziege [A,B]	11,10	7,85	7,85	58,07	-24,27	-25,27
Schwein [A,B]	7,77	8,71	8,71	62,05	-20,31	-24,31
Pflanzen (hyp.) [A]	2,44	-	4,00	45,09	-	-25,00

Tabelle A 5: Isotopenwerte der verschiedenen Nahrungsquellen genutzt für das Mischungsmodell von MixSIAR. *****: Berechnet mit den Werten aus Tabelle A 7. **K**: Küste, **FL**: Festland, **SpA**: Spätantike, **FMA**: Frühmittelalter, **HspMA**: Hoch-/Spätmittelalter.

Nahrungsquellen	%N*	$\delta^{15}N_{Kollagen}$	$\delta^{15}N_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$	%C*	$\delta^{13}C_{Kollagen}$	$\delta^{13}C_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$
Türkei: Nevalı Çori						
Gazelle	9,62	6,59	6,59	59,59	-20,21	-24,21
Rothirsch	13,25	7,53	7,53	54,18	-22,21	-26,21
Schaf/Ziege	11,10	6,73	6,73	58,07	-20,56	-24,56
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	1,00	44,41	-	-26,00
Griechenland (K): Alepotrypa [A], Franchthi [B]						
Rind [A]	9,62	4,41	4,41	59,59	-18,98	-22,98
Hirsch [A,B]	13,25	5,09	5,09	54,18	-21,25	-25,25
Schaf/Ziege [A,B]	11,10	5,72	5,72	58,07	-21,02	-25,02
Thunfisch [B]	12,90	8,04	8,04	47,09	-13,90	-17,90
Pflanzen (hyp.) [A]	2,72	-	1,50	44,71	-	-25,00
Pflanzen (hyp.) [B]	2,72	-	1,50	44,71	-	-24,00
Griechenland (FL): Mavropigi [A], Theopetra [B], Xirolimni [C]						
Rind [A,B,C]	9,62	5,50	5,50	59,59	-20,12	-24,12
Schaf/Ziege [A,B,C]	11,10	5,14	5,14	58,07	-19,81	-23,81
Wild (Reh, Rothirsch) [A,B,C]	13,25	4,68	4,68	54,18	-20,83	-24,83
Pflanzen (hyp.) [A,B,C]	2,72	-	2,00	44,71	-	-26,00
Serbien: Lepenski Vir, Vlasac						
Aqua-Mix	11,02	12,06	12,06	48,72	-18,96	-22,96
Süßwasserquelle	11,46	12,80	12,80	51,99	-22,68	-26,68
Wild (Reh + Rothirsch)	13,25	6,14	6,14	54,18	-22,10	-26,10
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	2,50	44,71	-	-25,50
Deutschland (SpA): Klettham						
Rind	9,62	7,94	7,94	59,59	-21,47	-25,47
Schaf/Ziege	11,10	8,53	8,53	58,07	-21,68	-25,68
Schwein	7,77	7,52	7,52	62,05	-21,31	-25,31
Pflanzen (hyp.)	2,44	-	3,00	45,09	-	-23,00

Deutschland (FMA): Bruckmühl [A], Erding – Altenerding [B], Kelheim [A], Ingolstadt-Etting [A], Großmehring [C], Straubing [A/B], Unterigling[A]						
Huhn [A]	9,22	8,32	8,32	64,01	-20,60	-24,60
Rind [A]	9,62	6,01	6,01	59,59	-21,45	-25,45
Schaf/Ziege [A]	11,10	7,19	7,19	58,07	-21,41	-25,41
Schwein [A]	7,77	7,11	7,11	62,05	-20,81	-24,81
Pflanzen (hyp.) [A]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Pflanzen (hyp.) [B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,00
Pflanzen (hyp.) [C]	2,44	-	4,00	45,09	-	-25,00
Deutschland (HspMA): Regensburg [A], Zeholfing [B]						
Gans [A]	9,72	9,34	9,34	57,46	-20,89	-24,89
Huhn [B]	9,22	6,38	6,38	64,01	-21,81	-25,81
Rind [A,B]	9,62	6,48	6,48	59,59	-21,33	-25,33
Schaf/Ziege [A,B]	11,10	7,66	7,66	58,07	-21,41	-25,41
Schwein [A,B]	7,77	8,71	8,71	62,05	-20,31	-24,31
Pflanzen (hyp.) [A]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Pflanzen (hyp.) [B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-25,00

Tabelle A 6: Isotopenwerte der verschiedenen Nahrungsquellen genutzt für das Mischungsmodell von SISUS. *****: Berechnet mit den Werten aus Tabelle A 7. **K**: Küste, **FL**: Festland, **SpA**: Spätantike, **FMA**: Frühmittelalter, **HspMA**: Hoch-/Spätmittelalter.

Nahrungsquellen	%N*	$\delta^{15}N_{Kollagen}$	$\delta^{15}N_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$	%C*	$\delta^{13}C_{Kollagen}$	$\delta^{13}C_{Fleisch/Pflanzenprodukt}$
Türkei: Nevalı Çori						
Gazelle	9,62	6,61	6,61	59,59	-20,30	-24,30
Rothirsch	13,25	7,53	7,53	54,18	-22,21	-26,21
Schaf/Ziege	11,10	6,43	6,43	58,07	-20,54	-24,54
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	1,00	44,41	-	-26,00
Pflanzen (hyp.) II	2,72	-	1,50	44,41	-	-25,00
Griechenland (K): Alepotrypa [A], Franchthi [B]						
Rind [A]	9,62	4,38	4,38	59,59	-20,13	-24,13
Hirsch [A,B]	13,25	5,37	5,37	54,18	-21,44	-25,44
Schaf/Ziege [A,B]	11,10	5,74	5,74	58,07	-21,01	-25,01
Thunfisch [B]	12,90	8,04	8,04	47,09	-13,90	-17,90
Pflanzen (hyp.) [A]	2,72	-	1,50	44,71	-	-25,00
Pflanzen (hyp.) [B]	2,72	-	1,50	44,71	-	-24,00

Griechenland (FL): Mavropigi, Theopetra						
Reh	13,25	5,45	5,45	54,18	-21,61	-25,61
Rind	9,62	6,06	6,06	59,59	-19,62	-23,62
Rothirsch	13,25	4,35	4,35	54,18	-20,77	-24,77
Schaf/Ziege	11,10	5,2	5,2	58,07	-19,87	-23,87
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	2,00	44,71	-	-26,00
Serbien: Lepenski Vir und Vlasac						
Aqua-Mix	11,02	11,78	11,78	48,72	-18,40	-22,40
Süßwasserquelle	11,46	12,80	12,80	51,99	-22,68	-26,68
Wild (Reh + Rothirsch)	13,25	6,48	6,48	54,18	-22,10	-26,10
Pflanzen (hyp.)	2,72	-	2,50	44,71	-	-25,50
Deutschland (SpA): Klettham						
Rind	9,62	7,94	7,94	59,59	-21,47	-25,47
Rothirsch	13,25	4,55	4,55	54,18	-23,36	-27,36
Schaf/Ziege	11,10	8,53	8,53	58,07	-21,70	-25,70
Schwein	7,77	7,96	7,96	62,05	-21,41	-25,41
Pflanzen (hyp.)	2,44	-	3,00	45,09	-	-23,00
Deutschland (FMA): Bruckmühl [A], Erding – Altenerding [B], Kelheim [A], Ingolstadt-Etting [A], Großmehring [C], Straubing [A], Unterigling [A]						
Huhn [A,B,C]	9,22	7,37	7,37	64,01	-20,45	-24,45
Rind [A,B;C]	9,62	5,98	5,98	59,59	-21,32	-25,32
Schaf/Ziege [A,B,C]	11,10	7,12	7,12	58,07	-21,38	-25,38
Schwein [A,B,C]	7,77	7,60	7,60	62,05	-20,84	-24,84
Pflanzen (hyp.) [A]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Pflanzen (hyp.) [B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,00
Pflanzen (hyp.) [C]	2,44	-	4,00	45,09	-	-25,00
Deutschland (HspMA): Regensburg [A], Zeholfing [B]						
Gans [A]	9,72	9,63	9,63	57,46	-20,89	-24,89
Huhn [B]	9,22	6,38	6,38	64,01	-21,81	-25,81
Rind [A,B]	9,62	6,37	6,37	59,59	-21,27	-25,27
Schaf/Ziege [A,B]	11,10	7,85	7,85	58,07	-21,27	-25,27
Schwein [A,B]	7,77	8,71	8,71	62,05	-20,31	-24,31
Pflanzen (hyp.) [A]	2,44	-	4,00	45,09	-	-24,50
Pflanzen (hyp.) [B]	2,44	-	4,00	45,09	-	-25,00

9.1.2 Daten: Bodengüte und Einzugsbereiche

Tabelle A 7: Bodenschätzung und darauf basierende Bodengüte. Lkr.: Landkreis, *Informationen vom Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft.

Ort*	Lkr.*	Bodenschätzung*	Hinweise zur Bewirtschaftung*	Endgültige Bodengüte
Bergstetten	Regensburg	LT 6 V 40/36	Mäßiger Ackerbaustandort	**mäßig**
Parleiten	Pfaffenhofen (bei Ingolstadt)	S 3 D 28/26	bevorzugt waldbauliche Nutzung, typischer Kartoffel-Roggenstandort, für Hopfenbau geeignet	**gut**
Straßkirchen	Straubing – Bogen	L3 Lö 76/74	uneingeschränkte Nutzung, beste Zuckerrüben- und Weizenböden	**sehr gut**
Ettringen	Unterallgäu (bei Igling)	lS 4 Al 45/43	gute Wasserdurchlässigkeit	**gut**
		LT 5 Al 53/48	guter Ackerstandort, Grünlandnutzung bei höheren Niederschlägen	**sehr gut**
Moosinning	Erding	Mo/lS 4 30/28	geeignet für Sonderkulturen (Gelbe Rüben, Schwarzwurzeln, Kräuter), Ackernutzung erfordert regelmäßige Instandhaltung der Entwässerungsanlagen	**gut**
Niederaichbach	Landshut (bei Zeholfing)	L3 Lö 74/72	uneingeschränkte Nutzung, beste Zuckerrüben- und Weizenböden	**sehr gut**
		sL 3 Lö 65/63	fruchtbar, vielseitig nutzbare Böden	
Malgersdorf	Rottal-Inn (bei Zeholfing)	L 3 b 2 43/40 als Acker: L 6 D 43/40	natürlicher Grünlandstandort mittlerer Leistungsfähigkeit, bei der Ackernutzung i.d.R. melioriert	**gut**
Zorneding	Ebersberg (bei Bruckmühl)	SL 4 D 50/46	bei ausreichend Niederschlägen Ackerstandort mittlerer Ertragsleistung	**mäßig**

Tabelle A 8: Basiswerte zur Berechnung der Einzugsbereiche. * Spätantike, ** Frühmittelalter, *** Hoch-/Spätmittelalter; EZ_g: Einwohnerzahl geschätzt; **EZ_v**: Einwohnerzahl verwendet; BGK: Bodengüteklasse, GF: Gesamtfläche, $r_{2.1}$: Radius Fläche, $r_{2.2}$: Radius Gesamtfläche

Ort	**EZ_g**	**EZ_v**	**Pro-Kopf-Verbrauch** [kg]	**Tierzahl**	**Fläche pro Tier** [ha]	**BGK**	**Getreideüberschuss** [kg/ha]	**F** [km^2]	**GF** [km^2]	**$r_{1.1}$** [km]	**$r_{2.2}$** [km]
Erding – Klettham *	200-500	500	220	500	1,5	2	82	13,42	20,92	2,07	2,58
Bruckmühl **	200-500	500	220	500	1,5	3	31	35,49	42,99	3,36	3,70
Erding – Altenerding **	500-1000	1000	220	1000	1,5	2	82	26,83	41,83	2,92	3,65
Ingolstadt – Etting **	<200	200	220	200	1,5	2	82	5,37	8,37	1,31	1,63
Großmehring **	<200	200	220	200	1,5	2	82	5,37	8,37	1,31	1,63
Kelheim **	500-1000	1000	220	1000	1,5	3	31	70,97	85,97	4,75	5,23
Straubing **	2000-5000	5000	220	5000	1,5	1	195	56,41	131,41	4,24	6,47
Unterigling **	<200	200	220	200	1,5	1	195	2,26	5,26	0,85	1,29
Regensburg ***	11500	11500	220	11500	1,5	3	47	538,30	710,80	13,09	15,04
Zeholfing ***	<200	200	220	200	1,5	2	122	3,61	6,61	1,07	1,45

9.1.3 Statistik

9.1.3.1 Parameter (Statistik)

Tabelle A 9: Statistische Parameter der Population aus Nevalı Çori (NC). **ad**: erwachsen, **neo**: neonat, *: ohne Neugeborene, archäologische Schichten (I/II, I/II o III, I/III, III, IV/V, VI/VIII), **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range. **Auswertung inkl. NC 90 K10 B36, † Auswertung exkl. NC 90 K10 B36.

$\delta^{15}N$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
NC – gesamt	37	4,43	5,80	6,16	1,06	6,49	6,70	8,91	0,90	1,35	4,45	8,05	2,70	3,10	9,40
NC – ad* **	34	4,43	5,80	6,10	0,95	6,34	6,49	8,82	0,69	1,04	4,76	7,53	2,08	3,72	8,57
NC – ad* †	33	5,35	5,80	6,10	0,90	6,40	6,59	8,82	0,79	1,19	4,62	8,78	2,37	3,43	8,96
NC – neo	3	7,04	7,75	8,46	0,98	8,14	8,69	8,91	0,94	1,40	6,35	10,09	2,81	4,95	11,49
I/II*	15	8,73	6,01	6,16	0,90	6,55	6,56	8,82	0,55	0,83	5,18	7,38	1,65	4,36	8,21
I/II o III	1	5,80	5,80	5,80	5,80	5,80	5,80	5,80	-	-	-	-	-	-	-
I/III	1	5,50	5,50	5,50	5,50	5,50	5,50	5,50	-	-	-	-	-	-	-
III*	11	5,35	5,66	6,01	0,82	6,24	6,55	7,78	0,89	1,33	4,33	7,87	2,66	3,01	9,20
IV/V	3	5,64	5,79	5,94	0,44	6,03	6,23	6,51	0,44	0,65	5,14	6,88	1,31	4,49	7,53
VI/VIII	3	4,43	5,32	6,20	2,14	6,44	7,45	8,69	2,13	3,20	2,12	10,64	6,39	-1,08	13,84
$\delta^{13}C$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
NC – gesamt	37	-26,49	-21,12	-20,80	1,48	-20,75	-20,12	-15,71	1,00	1,50	-22,62	-18,62	3,00	-24,12	-17,12
NC – ad* **	34	-26,49	-21,20	-20,80	1,51	-20,81	-20,13	-15,71	1,07	1,60	-22,80	-18,53	3,20	-24,40	-16,93
NC – ad* †	33	-26,49	-21,25	-20,81	1,23	-20,96	-20,14	-19,54	1,12	1,67	-22,92	-18,46	3,35	-24,60	-16,79
NC – neo	3	-20,90	-20,78	-20,66	1,11	-20,14	-19,77	-18,87	1,02	1,52	-22,30	-18,25	3,05	-23,83	-16,73
I/II *	15	-21,61	-21,05	-20,73	0,59	-20,63	-20,14	-19,54	0,92	1,38	-22,43	-18,76	2,76	-23,81	-17,38
I/II o III	1	-20,12	-20,12	-20,12	-20,12	-20,12	-20,12	-20,12	-	-	-	-	-	-	-
I/III	1	-20,60	-20,60	-20,60	-20,60	-20,60	-20,60	-20,60	-	-	-	-	-	-	-
III*	11	-26,49	-21,73	-21,08	1,88	-21,55	-20,52	-19,88	1,22	1,82	-23,55	-18,70	3,65	-25,38	-16,88
IV/V	3	-20,80	-20,34	-19,89	0,54	-20,18	-19,87	-19,85	0,48	0,71	-21,05	-19,16	1,43	-21,77	-18,45
VI/VIII	3	-21,74	-21,51	-21,28	3,36	-19,58	-18,50	-15,71	3,02	4,52	-26,03	-13,98	9,05	-30,56	-9,46

Tabelle A 10: Statistische Parameter der Populationen aus Griechenland. **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi, **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, **nv**: nicht vorhanden, **nb**: nicht bestimmbar, *: ohne Neugeborene/Säuglinge, **m**: männlich, **w**: weiblich, **FN**: Frühes Neolithikum, **F/MN**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **MN**: Mittleres Neolithikum, **SpN**: Spätes Neolithikum, **Sp/FiN**: Spätes/Finales Neolithikum, **FiN**: Finales Neolithikum, **N?**: Neolithikum, **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range.

	$\delta^{15}N$														
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
A – gesamt	22	4,46	6,71	7,21	1,03	7,08	7,98	8,48	1,27	1,91	4,81	9,89	3,81	2,90	11,79
A – ad	15	5,64	6,95	7,47	0,90	7,31	8,05	8,48	1,10	1,64	5,31	9,69	3,29	3,66	11,33
A – sad	7	4,46	6,25	6,74	1,17	6,59	7,15	8,10	0,90	1,35	4,90	8,50	2,70	3,55	9,85
A FN	6	2,64	2,91	4,24	1,13	4,12	5,21	5,48	2,30	3,45	-0,54	8,66	6,90	-3,99	12,11
A MN	3	2,80	2,80	3,74	1,15	3,88	5,09	5,09	-	-	-	-	-	-	-
A SpN	5	1,46	2,58	4,21	1,47	3,88	5,03	5,13	2,45	3,67	-1,09	8,69	7,34	-4,76	12,36
A Sp/FiN	8	2,80	3,90	4,30	0,74	4,24	4,91	5,10	1,01	1,52	2,38	6,43	3,04	0,86	7,95
F – gesamt	8	7,79	8,18	8,95	2,09	9,52	9,92	14,11	1,73	2,60	5,59	12,52	5,19	2,99	15,11
F – ad	5	7,79	7,84	8,30	0,70	8,37	8,38	9,52	0,54	0,81	7,03	9,19	1,62	6,22	10,00
F – neo	3	9,74	10,09	10,44	2,35	11,43	12,28	14,11	2,19	3,28	6,81	15,56	6,56	3,53	18,84
F m *	3	8,30	8,34	8,38	0,68	8,73	8,95	9,52	0,61	0,92	7,42	9,87	1,83	6,51	10,78
F – w *	1	7,79	7,79	7,79	7,79	7,79	7,79	7,79	-	-	-	-	-	-	-
F – nv *	1	7,84	7,84	7,84	7,84	7,84	7,84	7,84	-	-	-	-	-	-	-
F F/MN	1	4,84	4,84	4,84	0,00	4,84	4,84	4,84	-	-	-	-	-	-	-
F SpN	1	5,38	5,38	5,38	0,00	5,38	5,38	5,38	-	-	-	-	-	-	-
F FiN	2	4,79	-	5,05	0,36	5,05	-	5,30	-	-	-	-	-	-	-
F N?	1	6,52	6,52	6,52	0,00	6,52	6,52	6,52	-	-	-	-	-	-	-
M- gesamt	11	6,00	7,15	7,30	0,77	7,40	7,80	8,70	0,65	0,98	6,18	8,78	1,95	5,20	9,75
M- ad	5	6,50	7,10	7,30	0,90	7,58	8,30	8,70	1,20	1,80	5,30	10,10	3,60	3,50	11,90
M- sad	6	6,00	7,23	7,35	0,69	7,25	7,48	8,10	0,25	0,38	6,85	7,85	0,75	6,48	8,23
M – m	2	7,30	-	8,00	0,99	8,00	-	8,70	-	-	-	-	-	-	-
M – w	2	6,50	-	6,80	0,42	6,80	-	7,10	-	-	-	-	-	-	-
M – nb	1	8,30	8,30	8,30	8,30	8,30	8,30	8,30	-	-	-	-	-	-	-
M – nv	6	6,00	7,23	7,35	0,69	7,25	7,48	8,10	0,25	0,38	6,85	7,85	0,75	6,48	8,23
T	13	4,38	7,24	7,55	1,05	7,40	7,81	8,70	0,57	0,86	6,39	8,67	1,71	5,53	9,52
X – gesamt	14	8,10	8,53	8,70	0,39	8,69	8,80	9,70	0,28	0,41	8,11	9,21	0,83	7,70	9,63
X- ad	11	8,10	8,45	8,70	0,29	8,60	8,75	9,00	0,30	0,45	8,00	9,20	0,90	7,55	9,65
X- sad	3	8,50	8,65	8,80	0,62	9,00	9,25	9,70	0,60	0,90	7,75	10,15	1,80	6,85	11,05
X – m	3	8,20	8,30	8,60	0,30	8,56	8,80	8,90	0,50	0,75	7,55	9,55	1,50	6,80	10,30
X – w	4	8,10	8,48	8,65	0,29	8,53	8,70	8,70	0,23	0,34	8,14	9,04	0,68	7,80	9,38
X – nv	5	8,50	8,70	8,80	0,46	8,94	9,00	9,70	0,30	0,45	8,25	9,45	0,90	7,80	9,90

$\delta^{13}C$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
A – gesamt	22	-21,55	-20,00	-19,94	0,48	-19,93	-19,66	-19,27	0,34	0,51	-20,51	-19,15	0,01	-20,01	-19,65
A – ad	15	-20,67	-20,00	-20	0,32	-19,95	-19,85	-19,27	0,15	0,23	-20,23	-19,63	0,45	-20,45	-19,40
A – sad	7	-21,55	-19,81	-19,65	0,75	-19,89	-19,50	-19,42	0,31	0,47	-20,28	-19,04	0,93	-20,74	-18,57
A FN	6	-25,29	-25,07	-24,90	0,38	24,81	-24,43	-24,27	0,65	0,97	-26,04	-23,46	1,94	-27,01	-22,49
A MN	3	-24,70	-24,70	-24,65	0,15	-24,59	-24,42	-24,42	-	-	-	-	-	-	-
A SpN	5	-26,55	-26,11	-24,95	0,71	-25,41	-24,94	-24,92	1,18	1,76	-27,87	-23,17	3,53	-29,64	-21,41
A Sp/FiN	8	-25,17	-25,00	-24,95	0,25	-24,85	-24,55	-24,50	0,45	0,67	-25,68	-23,88	1,35	-26,35	-23,20
F – gesamt	8	-19,23	-19,01	-18,7	0,79	-18,46	-18,08	-16,96	0,94	1,41	-20,42	-16,67	2,81	-21,82	-15,27
F – ad	5	-19,23	-19,14	-18,97	0,46	-18,79	-18,43	-18,18	0,71	1,07	-20,21	-17,37	2,13	-21,27	-16,30
F – neo	3	-18,96	-18,36	-17,77	1,01	-17,9	-17,36	-16,96	1,00	1,50	-19,86	-15,86	3,00	-21,36	-14,36
F m *	3	-16,14	-18,70	-18,43	0,5	-18,58	-18,30	-18,18	0,48	0,72	-19,42	-17,58	1,44	-20,14	-16,86
F – w *	1	-19,23	-19,23	-19,23	0	-19,23	-19,23	-19,23	-	-	-	-	-	-	-
F – nv *	1	-18,97	-18,97	-18,97	0	-18,97	-18,97	-18,97	-	-	-	-	-	-	-
F F/MN	1	-23,97	-23,97	-23,97	0,00	-23,97	-23,97	-23,97	-	-	-	-	-	-	-
F SpN	1	-24,14	-24,14	-24,14	0,00	-24,14	-24,14	-24,14	-	-	-	-	-	-	-
F FiN	2	-24,23	-	-23,83	0,57	-23,83	-	-23,43	-	-	-	-	-	-	-
F N?	1	-23,18	-23,18	-23,18	0,00	-23,18	-23,18	-23,18	-	-	-	-	-	-	-
M- gesamt	11	-22,1	-20,80	-20,5	0,67	-20,56	-20,20	-19,4	0,60	0,90	-21,70	-19,30	1,80	-22,60	-18,40
M- ad	5	-22,1	-20,90	-20,5	1	-20,6	-20,10	-19,4	0,80	1,20	-22,10	-18,90	2,40	-23,30	-17,70
M- sad	6	-20,9	-20,70	-20,6	0,29	-20,53	-20,27	-20,2	0,43	0,64	-21,34	-19,63	1,28	-21,98	-19,00
M – m	2	-20,1	-	-19,75	0,49	-19,75	-	-19,4	-	-	-	-	-	-	-
M – w	2	-22,1	-	-21,5	0,85	-21,5	-	-20,9	-	-	-	-	-	-	-
M – nb	1	-20,5	-20,50	-20,5	0	-20,5	-20,50	-20,5	-	-	-	-	-	-	-
M – nv	6	-20,9	-20,70	-20,6	0,29	-20,53	-20,27	-20,2	0,43	0,64	-21,34	-19,63	1,28	-21,98	-19,00
T	13	-20,51	-20,30	-20,13	0,86	-19,83	-19,80	-17,22	0,50	0,75	-21,05	-19,05	1,50	-21,80	-18,30
X – gesamt	14	-20,3	-19,90	-19,7	0,28	-19,79	-19,62	-19,4	0,28	0,41	-20,31	-19,21	0,83	-20,73	-18,80
X- ad	11	-20,3	-20,00	-19,8	0,29	-19,85	-19,65	-19,4	0,35	0,53	-20,53	-19,13	1,05	-21,05	-18,60
X- sad	3	-19,7	-19,70	-19,7	0,17	-19,6	-19,55	-19,4	0,15	0,23	-19,93	-19,33	0,45	-20,15	-19,10
X – m	3	-20,3	-19,90	-19,8	0,33	-19,82	-19,70	-19,4	0,20	0,30	-20,20	-19,40	0,60	-20,50	-19,10
X – w	4	-20,3	-20,15	-20	0,3	-19,98	-19,82	-19,6	0,33	0,49	-20,64	-19,33	0,98	-21,13	-18,85
X – nv	5	-19,7	-19,70	-19,7	0,13	-19,62	-19,60	-19,4	0,10	0,15	-19,85	-19,45	0,30	-20,00	-19,30

Tabelle A 11: Statistische Parameter der Populationen aus Serbien. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, <6300: vor 6300 v. Chr., >6300: nach 6300 v. Chr., <7600: vor 7600 v. Chr., >7600: nach 7600 v. Chr., **nd**: nicht datiert, Phasen LV (Proto, I, I-II, II, II-III, III),Phasen V (I, II, III), **nz**: nicht zugeordnet, **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range.

$\delta^{15}N$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
LV – gesamt	39	9,14	12,39	15,02	2,27	14,01	15,51	17,66	3,12	4,67	7,72	20,18	9,35	3,05	24,86
LV – ad	19	9,35	11,93	13,41	2,04	13,35	14,96	16,61	3,04	4,55	7,38	19,51	9,11	2,83	24,07
LV – sad	7	9,14	10,55	11,79	2,42	12,23	14,18	15,25	3,62	5,43	5,12	19,61	10,86	-0,31	25,04
LV – neo	13	13,53	14,98	15,37	0,77	15,49	16,21	17,66	1,23	1,85	13,14	18,06	3,69	11,29	19,90
LV- gesamt *	26	9,14	11,53	13,09	2,16	13,05	14,99	16,61	3,46	5,19	6,34	20,18	10,38	1,15	25,37
LV – m *	7	10,57	11,57	14,44	2,40	13,66	15,44	16,61	3,87	5,80	5,77	21,24	11,60	-0,03	27,04
LV – w *	13	9,35	12,20	12,98	1,85	13,07	14,41	15,52	2,21	3,32	8,89	17,73	6,63	5,57	21,04
LV – nb *	6	9,14	10,17	12,26	2,64	12,31	14,66	15,25	4,49	6,74	3,44	21,40	13,47	-3,30	28,13
LV < 6300 *	5	12,91	14,41	14,44	1,33	14,68	15,02	16,61	0,61	0,92	13,50	15,94	1,83	12,58	16,85
LV > 6300 *	15	9,35	11,57	12,58	1,94	12,75	14,49	15,52	2,92	4,38	7,19	18,87	8,76	2,81	23,25
LV nd *	6	9,14	10,17	12,26	2,83	12,44	14,73	15,97	4,56	6,84	3,33	21,57	13,68	-3,51	28,41
LV -Proto *	1	14,44	14,44	14,44	0,00	14,44	14,44	14,44	-	-	-	-	-	-	-
LV I *	10	9,14	10,43	12,45	2,51	12,50	14,79	15,97	4,36	6,54	3,89	21,32	13,07	-2,65	27,86
LV I – II *	2	9,35	-	10,57	1,73	10,57	-	11,79	-	-	-	-	-	-	-
LV II *	1	14,90	14,90	14,90	0,00	14,90	14,90	14,90	-	-	-	-	-	-	-
LV II – III *	1	11,65	11,65	11,65	0,00	11,65	11,65	11,65	-	-	-	-	-	-	-
LV III *	3	12,58	13,91	15,24	1,62	14,45	15,38	15,52	1,47	2,21	11,71	17,59	4,41	9,50	19,79
LV nz *	8	11,32	12,73	13,09	1,72	13,61	14,62	16,61	1,89	2,83	9,90	17,45	5,66	7,07	20,28
V – gesamt	40	12,19	13,96	14,77	1,27	14,65	15,05	18,31	1,10	1,65	12,31	16,70	3,29	10,67	18,34
V – ad	24	12,26	14,00	14,36	0,80	14,34	14,99	15,55	0,99	1,49	12,52	16,48	2,97	11,03	17,96
V – sad	3	12,19	12,53	12,86	1,48	13,36	13,94	15,02	1,42	2,12	10,41	16,06	4,25	8,29	18,19
V – neo	13	13,40	14,84	15,03	1,50	15,52	16,82	18,31	1,98	2,97	11,87	19,79	5,94	8,90	22,76
V – gesamt *	27	12,19	13,68	14,32	0,92	14,23	15,00	15,55	1,32	1,98	11,70	16,98	3,96	9,72	18,96
V – m *	10	12,26	14,22	14,62	0,99	14,41	15,06	15,55	0,84	1,26	12,96	16,32	2,52	11,70	17,58
V – w *	14	13,14	13,89	14,36	0,67	14,29	14,79	15,32	0,90	1,35	12,54	16,14	2,70	11,19	17,49
V – nb *	3	12,19	12,53	12,86	1,48	13,36	13,94	15,02	1,42	2,12	10,41	16,06	4,25	8,29	18,19
V < 7600 *	12	12,19	13,45	14,26	1,05	14,15	15,02	15,55	1,57	2,36	11,10	17,38	4,71	8,74	19,73
V > 7600 *	10	13,14	14,22	14,36	0,66	14,32	14,73	15,15	0,51	0,77	13,46	15,50	1,53	12,69	16,26
V nd *	5	12,26	14,06	14,97	1,19	14,26	14,98	15,05	0,92	1,38	12,68	16,36	2,76	11,30	17,74
V I *	16	12,26	13,76	14,26	0,90	14,26	14,98	15,55	1,23	1,84	11,92	16,82	3,68	10,08	18,66
V II *	2	13,33	-	13,82	0,70	13,82	-	14,43	-	-	-	-	-	-	-
V III *	8	12,19	13,89	14,45	1,09	14,18	15,05	15,15	1,17	1,75	12,14	16,80	3,50	10,39	18,55

V nd *	1	14,98	14,98	14,98	0,00	14,98	14,98	14,98	-	-	-	-	-	-	-
$\delta^{13}C$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
LV – gesamt	39	-21,38	-20,14	-19,43	0,74	-19,50	-18,82	-18,25	1,32	1,97	-22,11	-16,85	3,95	-24,09	-14,88
LV – ad	19	-21,38	-20,14	-19,70	0,85	-19,52	-18,79	-18,25	1,36	2,03	-22,17	-16,76	4,07	-24,21	-14,73
LV – sad	7	-20,49	-20,37	-19,98	0,76	-19,72	-19,03	-18,76	1,34	2,01	-22,38	-17,02	4,02	-24,39	-15,01
LV – neo	13	-20,24	-20,04	-19,43	0,57	-19,46	-19,09	-18,41	0,95	1,43	-21,47	-17,67	2,85	-22,89	-16,24
LV- gesamt *	26	-21,38	-20,16	-19,70	0,82	-19,57	-18,80	-18,25	1,36	2,04	-22,20	-16,76	4,09	-24,25	-14,71
LV – m *	7	-20,15	-19,70	-19,66	0,70	-19,34	-18,95	-18,25	0,75	1,13	-20,83	-17,83	2,25	-21,95	-16,70
LV – w *	13	-21,38	-20,16	-19,93	0,91	-19,65	-18,79	-18,26	1,37	2,06	-22,22	-16,74	4,11	-24,27	-14,68
LV – nb *	6	-20,49	-20,40	-19,78	0,83	-19,68	-18,92	-18,76	1,48	2,22	-22,62	-16,70	4,44	-24,84	-14,48
LV < 6300 *	5	-20,31	-19,40	-18,78	0,82	-19,06	-18,54	-18,25	0,86	1,29	-20,69	-17,25	2,58	-21,98	-15,96
LV > 6300 *	15	-21,38	-20,14	-19,78	0,68	-19,78	-19,45	-18,76	0,69	1,03	-21,17	-18,42	2,06	-22,20	-17,40
LV nd *	6	-20,49	-20,40	-19,56	1,05	-19,47	-18,59	-18,26	1,82	2,72	-23,12	-15,87	5,45	-25,85	-13,15
LV -Proto *	1	-19,40	-19,40	-19,40	0,00	-19,40	-19,40	-19,40	-	-	-	-	-	-	-
LV I *	10	-20,43	-20,10	-19,74	0,72	-19,58	-18,98	-18,51	1,12	1,68	-21,78	-17,30	3,35	-23,45	-15,63
LV I – II *	2	-21,38	-	-20,68	0,99	-20,68	-	-19,98	-	-	-	-	-	-	-
LV II *	1	-19,71	-19,71	-19,71	0,00	-19,71	-19,71	-19,71	-	-	-	-	-	-	-
LV II – III *	1	-20,15	-20,15	-20,15	0,00	-20,15	-20,15	-20,15	-	-	-	-	-	-	-
LV III *	3	-18,95	-18,87	-18,79	0,36	-18,67	-18,52	-18,26	0,35	0,52	-19,39	-18,00	1,04	-19,91	-17,49
LV nz *	8	-20,49	-20,34	-19,69	0,88	-19,55	-18,80	-18,25	1,54	2,30	-22,64	-16,50	4,61	-24,95	-14,20
V – gesamt	40	-21,03	-20,09	-19,64	0,59	-19,69	-19,30	-18,39	0,79	1,19	-21,28	-18,12	2,37	-22,46	-16,93
V – ad	24	-20,22	-19,70	-19,39	0,46	-19,40	-19,18	-18,39	0,52	0,78	-20,48	-18,40	1,56	-21,26	-17,62
V – sad	3	-21,03	-20,68	-20,30	0,80	-20,27	-19,89	-19,43	0,80	1,20	-21,88	-18,69	2,40	-23,08	-17,49
V – neo	13	-20,80	-20,34	-20,10	0,45	-20,08	-19,66	-19,35	0,68	1,02	-21,36	-18,64	2,04	-22,38	-17,62
V – gesamt *	27	-21,03	-19,75	-19,43	0,56	-19,50	-19,23	-18,39	0,52	0,78	-20,53	-18,45	1,56	-21,31	-17,67
V – m *	10	-20,04	-19,70	-19,34	0,34	-19,50	-19,27	-19,13	0,43	0,65	-20,35	-18,62	1,30	-21,00	-17,97
V – w *	14	-20,22	-19,67	-19,43	0,53	-19,33	-18,88	-18,39	0,79	1,18	-20,85	-17,70	2,36	-22,03	-16,52
V – nb *	3	-21,03	-20,68	-20,34	0,80	-20,27	-19,89	-19,43	0,80	1,20	-21,88	-18,69	2,40	-23,08	-17,49
V < 7600 *	12	-21,03	-19,89	-19,36	0,75	-19,51	-19,15	-18,39	0,74	1,11	-21,00	-18,04	2,23	-22,12	-16,92
V > 7600 *	10	-20,04	-19,70	-19,48	0,39	-19,50	-19,33	-18,73	0,37	0,55	-20,25	-18,78	1,10	-20,80	-18,24
V nd *	5	-20,04	-19,69	-19,37	0,40	-19,46	-19,13	-19,09	0,56	0,84	-20,53	-18,29	1,68	-21,37	-17,45
V I *	16	-20,22	-19,71	-19,44	0,50	-19,41	-19,22	-18,39	0,50	0,74	-20,45	-18,48	1,49	-21,20	-17,74
V II *	2	-19,66	-19,59	-19,53	0,18	-19,53	-19,46	-19,40	0,13	0,20	-19,79	-19,27	0,39	-19,98	-19,07
V III *	8	-21,03	-20,09	-19,51	0,75	-19,68	-19,18	-18,73	0,92	1,38	-21,47	-17,80	2,75	-22,84	-16,43
V nd *	1	-19,37	-19,37	-19,37	0,00	-19,37	-19,37	-19,37	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle A 12: Datentabelle der Population aus Deutschland (Spätantike). **KL**: Klettham, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, ** ohne Kinder, **m**: männlich, **w**: weiblich, **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range.

$\delta^{15}N$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
KL – gesamt	11	8,78	9,23	9,34	0,87	9,66	9,69	11,68	0,47	0,70	8,53	10,39	1,40	7,83	11,09
KL – ad	10	8,78	9,20	9,33	0,58	9,46	9,50	10,89	0,30	0,45	8,74	9,95	0,91	8,29	10,41
KL – sad	1	11,68	11,68	11,68	0,00	11,68	11,68	11,68	-	-	-	-	-	-	-
KL** -m	6	8,78	8,97	9,52	0,37	9,26	9,52	9,85	0,55	0,83	8,14	10,35	1,66	7,31	11,18
KL** - w	4	9,80	9,31	9,43	0,38	9,76	9,87	10,89	0,56	0,84	8,47	10,71	1,68	7,63	11,55
$\delta^{13}C$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
KL – gesamt	11	-19,88	-19,71	-19,47	0,78	-19,34	-19,43	-17,05	0,28	0,42	-20,13	-19,01	0,84	-20,55	-18,59
KL – ad	10	-19,88	-19,75	-19,47	0,82	-19,32	-19,43	-17,05	0,32	0,48	-20,23	-18,95	0,96	-20,71	-18,47
KL – sad	1	-19,59	-19,59	-19,59	0,00	-19,59	-19,59	-19,59	-	-	-	-	-	-	-
KL** -m	6	-19,88	-19,60	-19,47	0,17	-19,53	-19,44	-19,42	0,15	0,23	-19,83	-19,21	0,46	-20,06	-18,98
KL** - w	4	-19,83	-19,83	-19,55	1,32	-19,00	-18,72	-17,05	1,11	1,66	-21,49	-17,06	3,32	-23,15	-15,40

Tabelle A 13: Datentabelle der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **AE**: Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt – Etting, **G**: Ingolstadt – Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling; **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, * ohne Neugeborene, **: ohne Neugeborene und G2 156 ***: ohne Neugeborene und Infans 1. **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden, Ost: östlicher Friedhofsteil, West: westlicher Friedhofsteil, G 1: Bestattungsplatz 1, G 2: Bestattungsplatz 2, G 3: Bestattungsplatz 3, G 4: Bestattungsplatz 4 **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range.

$\delta^{15}N$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
AE – gesamt	73	7,91	9,13	9,55	0,71	9,61	9,96	11,19	0,83	1,25	7,89	11,21	2,49	6,64	12,45
AE – ad	66	7,91	9,13	9,56	0,72	9,64	10,02	11,19	0,89	1,34	7,80	11,36	2,67	6,46	12,69
AE – sad	6	8,59	9,04	9,29	0,43	9,26	9,60	9,72	0,56	0,83	8,21	10,43	1,67	7,38	11,26
AE – nb	1	9,80	9,80	9,80	0,00	9,80	9,80	9,80	-	-	-	-	-	-	-
AE -m	29	8,53	9,29	9,78	0,67	9,79	10,36	11,03	1,07	1,61	7,69	11,97	3,21	6,08	13,57
AE – w	41	7,91	9,11	9,38	0,73	9,49	9,79	11,19	0,68	1,02	8,09	10,81	2,04	7,07	11,83
AE -nb	3	8,96	9,33	9,70	0,43	9,46	9,71	9,72	0,38	0,57	8,76	10,28	1,14	8,19	10,85
B – gesamt	33	7,93	9,11	9,45	0,83	9,47	9,71	13,06	0,60	0,90	8,21	10,61	1,80	7,31	11,51
B – ad	24	8,16	9,12	9,49	0,50	9,39	9,65	10,38	0,53	0,80	8,32	10,45	1,60	7,52	11,25
B – sad	8	9,02	9,32	9,54	1,31	9,90	9,77	13,06	0,45	0,68	8,64	10,45	1,36	7,96	11,13
B – nb	1	7,93	7,93	7,93	0,00	7,93	7,93	7,93	-	-	-	-	-	-	-
B -m	10	9,02	9,27	9,54	0,40	9,54	9,69	10,38	0,42	0,63	8,65	10,32	1,25	8,02	10,94
B – w	19	8,16	9,05	9,42	0,49	9,29	9,59	0,10	0,55	0,82	8,23	10,41	1,64	7,41	11,23
B -nb	4	7,93	9,29	9,81	2,13	10,15	10,67	13,06	1,38	2,07	7,22	12,74	4,14	5,14	14,81
B – Ost	11	4,93	6,07	6,42	0,49	6,27	6,63	6,63	0,56	0,84	5,23	7,47	1,68	4,39	8,31
B -West	22	5,16	6,09	6,57	0,95	6,57	6,81	10,06	0,72	1,08	5,00	7,89	2,17	3,92	8,98
IE	9	8,87	9,20	9,46	0,52	9,55	9,80	10,32	0,60	0,90	8,30	10,70	1,80	7,40	11,60
IE -m	5	8,87	9,24	9,75	0,63	9,69	10,25	10,32	1,01	1,52	7,73	11,77	3,03	6,21	13,28
IE – w	4	9,05	9,16	9,33	0,33	9,38	9,55	9,80	0,38	0,57	8,59	10,12	1,15	8,01	10,69
G – gesamt	38	6,75	9,55	10,48	1,30	10,27	10,95	14,17	1,40	2,09	7,46	13,04	4,19	5,37	15,13
G – ad	23	6,75	9,89	10,48	1,11	10,20	10,82	11,96	0,93	1,40	8,49	12,21	2,79	7,10	13,61
G – sad	14	8,22	9,36	10,29	1,61	10,45	11,14	14,17	1,78	2,67	6,69	13,81	5,34	4,02	16,48
G – neo	1	9,23	9,23	9,23	0,00	9,23	9,23	9,23	-	-	-	-	-	-	-
G – gesamt **	36	6,75	9,55	10,48	1,15	10,19	10,95	12,31	1,40	2,09	7,46	13,04	4,19	5,37	15,13
G -m*	14	6,75	9,27	10,37	1,42	10,04	10,95	12,31	1,68	2,52	6,75	13,47	5,04	4,23	15,99
G – w	20	8,22	9,91	10,49	0,99	10,33	10,88	11,96	0,97	1,45	8,46	12,33	2,90	7,01	13,78
G -nb	3	9,59	9,83	10,07	2,52	11,28	12,12	14,17	2,29	3,44	6,40	15,56	6,87	2,96	18,99
G 1	3	6,59	6,59	6,67	0,90	7,15	8,18	8,18	1,59	2,39	4,21	10,57	4,77	1,82	12,95
G 2 **	11	6,75	9,54	10,73	2	10	11,01	11,96	1,47	2,21	7,34	13,22	4,41	5,13	15,42
G 3	17	5,22	6,57	7,47	0,87	7,20	7,89	8,22	1,32	1,98	4,59	9,87	3,96	2,61	11,85

G 4	5	5,34	5,71	6,95	1,52	7,03	8,40	9,31	2,69	4,04	1,67	12,43	8,07	-2,37	16,47
KH – gesamt	26	9,70	10,31	10,63	1,09	11,03	11,38	13,51	1,07	1,60	8,71	12,98	3,20	7,12	14,58
KH – ad	21	9,70	10,38	10,64	1,08	11,05	11,39	13,51	1,01	1,52	8,87	12,91	3,03	7,35	14,42
KH – sad	5	9,80	10,02	10,37	1,29	10,93	12,14	13,04	2,12	3,18	6,84	15,32	6,36	3,66	18,50
KH -m	11	9,80	10,23	10,61	1,21	11,03	11,33	13,51	1,10	1,16	9,08	12,49	3,30	6,93	14,63
KH – w	15	9,70	10,37	10,64	1,04	11,03	11,45	13,10	1,08	1,62	8,75	13,07	3,24	7,13	14,69
S	95	4,96	9,23	9,62	0,69	9,53	9,92	10,74	0,69	1,04	8,19	10,95	2,07	7,16	11,99
S -m	42	4,96	9,46	9,75	0,86	9,66	10,06	10,74	0,60	0,90	8,57	10,96	1,79	7,67	11,85
S – w	53	7,75	9,02	9,56	0,51	9,43	9,85	10,37	0,83	1,25	7,78	11,10	2,49	6,53	12,34
S – Phase 1	12	8,85	9,24	9,50	0,37	9,51	9,75	10,33	0,50	0,76	8,48	10,50	1,52	7,73	11,26
S – Phase 1 m	9	9,15	9,32	9,53	0,36	9,58	9,80	10,33	0,48	0,71	8,61	10,51	1,43	7,90	11,22
S – Phase 1 w	3	8,85	8,85	9,39	0,39	9,28	9,61	9,61	0,76	1,14	7,71	10,75	2,28	6,57	11,89
S – Phase 2	27	8,70	9,00	9,59	0,46	9,47	9,83	10,37	0,83	1,25	7,76	11,08	2,49	6,51	12,32
S – Phase 2 m	7	9,59	9,71	9,75	0,14	9,79	9,90	10,00	0,19	0,28	9,43	10,19	0,57	9,14	10,47
S – Phase 2 w	20	8,70	8,95	9,32	0,49	9,37	9,80	10,37	0,85	1,28	7,68	11,08	2,55	6,40	12,35
S – Phase 3	21	9,26	9,42	9,75	0,39	9,77	11,00	10,74	1,58	2,37	7,05	13,37	4,74	4,68	15,74
S – Phase 3 m	11	9,30	9,65	9,95	0,42	9,93	10,12	10,74	0,47	0,70	8,95	10,83	1,41	8,24	11,53
S – Phase 3 w	10	9,26	9,28	9,65	0,28	9,60	9,88	10,01	0,60	0,90	8,37	10,78	1,81	7,47	11,69
S – Phase 4	7	4,96	8,97	9,75	1,88	9,10	10,07	10,38	1,10	1,65	7,32	11,72	3,30	5,67	13,37
S – Phase 4 m	2	4,96	-	7,67	-	7,67	-	10,38	-	-	-	-	-	-	-
S – Phase 4 w	5	8,97	9,29	9,75	0,43	9,67	10,01	10,07	0,72	1,08	8,21	11,09	2,16	7,13	12,17
S – Phase 5	1	9,95	9,95	9,95	0,00	9,95	9,95	9,95	-	-	-	-	-	-	-
S – Phase ?	27	8,75	9,07	9,58	0,65	9,52	10,03	10,68	5,60	8,40	0,67	18,43	16,79	-7,72	26,82
S – Phase ? m	12	8,88	9,20	9,55	0,60	9,72	10,25	10,68	1,06	1,58	7,61	11,83	3,17	6,03	13,42
S – Phase ? w	15	8,75	9,07	9,58	0,65	9,52	10,03	10,68	0,96	1,44	7,63	11,47	2,88	6,19	12,91
U – gesamt	36	7,71	8,55	9,29	1,26	9,48	10,03	13,23	1,48	2,22	6,33	12,25	4,44	4,11	14,47
U – ad	25	7,71	8,38	9,02	1,07	9,14	9,65	12,55	1,27	1,91	6,48	11,56	3,81	4,57	13,46
U – sad	7	8,57	9,42	10,53	1,60	10,50	11,17	13,23	1,76	2,63	6,78	13,80	5,27	4,15	16,44
U – neo	4	9,10	9,24	9,69	0,78	9,82	10,27	10,79	1,02	1,53	7,71	11,80	3,07	6,17	13,33
U -gesamt ***	27	7,71	8,38	9,02	1,03	9,12	9,65	12,55	1,27	1,91	6,48	11,56	3,81	4,57	13,46
U -m ***	13	7,71	8,38	9,32	1,31	9,39	9,94	12,55	1,56	2,33	6,05	12,27	4,67	3,71	14,60
U – w ***	12	7,93	8,30	8,60	0,59	8,75	9,25	10,01	0,94	1,42	6,88	10,66	2,84	5,47	12,08
U -nb ***	2	9,16	-	9,54	0,53	9,54	-	9,91	-	-	-	-	-	-	-
$\delta^{13}C$															

	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
AE – gesamt	73	-20,28	-19,68	-19,48	0,48	-19,42	-19,29	-16,79	0,39	0,59	-20,27	-18,71	1,17	-20,85	-18,12
AE – ad	66	-20,28	-19,68	-19,48	0,49	-19,42	-19,30	-16,79	0,38	0,57	-20,25	-18,73	1,14	-20,82	-18,16
AE – sad	6	-19,89	-19,58	-19,32	0,36	-19,36	-19,06	-19,00	0,52	0,78	-20,36	-18,28	1,56	-21,14	-17,50
AE – nb	1	-19,83	-19,83	-19,83	0,00	-19,83	-19,83	-19,83	-	-	-	-	-	-	-
AE -m	29	-20,02	-19,74	-19,55	0,27	-19,54	-19,43	-18,96	0,31	0,47	-20,21	-18,97	0,93	-20,67	-18,50
AE – w	41	-20,28	-19,59	-19,45	0,58	-19,34	-19,29	-16,79	0,30	0,45	-20,04	-18,84	0,90	-20,49	-18,39
AE -nb	3	-19,62	-19,40	-19,18	0,31	-19,27	-19,10	-19,02	0,30	0,45	-19,85	-18,65	0,90	-20,30	-18,20
B – gesamt	33	-20,34	-20,00	-19,84	0,22	-19,88	-19,75	-19,32	0,25	0,38	-20,38	-19,38	0,75	-20,75	-19,00
B – ad	24	-20,30	-19,89	-19,79	0,17	-19,84	-19,75	-19,49	0,14	0,21	-20,10	-19,54	0,42	-20,31	-19,33
B – sad	8	-20,34	-20,12	-20,05	0,31	-19,96	-19,91	-19,32	0,21	0,31	-20,43	-19,60	0,62	-20,74	-19,29
B – nb	1	-20,13	-20,13	-20,13	0,00	-20,13	-20,13	-20,13	-	-	-	-	-	-	-
B -m	10	-20,34	-20,12	-19,79	0,29	-19,89	-19,72	-19,49	0,40	0,60	-20,72	-19,12	1,19	-21,31	-18,53
B – w	19	-20,17	-19,97	-19,86	0,13	-19,88	-19,77	-19,71	0,20	0,29	-20,26	-19,48	0,59	-20,56	-19,19
B -nb	4	-20,13	-20,10	-19,91	0,38	-19,82	-19,63	-19,32	0,47	0,71	-20,81	-18,93	1,41	-21,51	-18,22
B – Ost	11	-25,34	-25,13	-24,78	0,23	-24,89	-24,71	-24,63	0,42	0,63	-25,76	-24,08	1,26	-26,39	-23,45
B -West	22	-25,30	-25,02	-24,86	0,22	-24,87	-24,76	-24,32	0,26	0,39	-25,40	-24,37	0,77	-25,79	-23,99
IE	9	-23,40	-21,72	-21,43	0,94	-21,46	-21,08	-20,28	0,64	0,96	-22,68	-20,12	1,92	-23,64	-19,16
IE -m	5	-21,72	-21,43	-21,08	0,65	-20,96	-20,31	-20,28	1,12	1,68	-23,11	-18,63	3,36	-24,79	-16,95
IE – w	4	-23,40	-22,41	-21,77	0,93	-22,09	-21,44	-21,41	0,97	1,46	-23,87	-19,99	2,91	-25,32	-18,53
G – gesamt	38	-21,68	-20,28	-20,04	0,47	-20,06	-19,81	-18,80	0,47	0,70	-20,98	-19,11	1,40	-21,68	-18,41
G – ad	23	-20,80	-20,27	-20,00	0,36	-20,03	-19,80	-19,48	0,47	0,70	-20,97	-19,10	1,40	-21,67	-18,41
G – sad	14	-20,60	-20,20	-20,07	0,43	-19,99	-19,86	-18,80	0,35	0,52	-20,72	-19,34	1,04	-21,24	-18,82
G – neo	1	-21,68	-21,68	-21,68	0,00	-21,68	-21,68	-21,68	-	-	-	-	-	-	-
G – gesamt **	36	-20,80	-20,28	-20,04	0,33	-20,05	-19,81	-19,48	0,47	0,70	-20,98	-19,11	1,40	-21,68	-18,41
G -m*	14	-20,80	-20,20	-20,04	0,36	-20,05	-19,82	-19,53	0,39	0,58	-20,78	-19,24	1,16	-21,36	-18,67
G – w	20	-20,66	-20,25	-20,00	0,33	-20,03	-19,81	-19,48	0,45	0,68	-20,93	-19,14	1,35	-21,60	-18,46
G -nb	3	-20,30	-20,25	-20,19	0,84	-19,76	-19,50	-18,80	0,75	1,13	-21,38	-18,38	2,25	-22,50	-17,25
G 1	3	-25,61	-25,61	-25,34	0,21	-25,38	-25,19	-25,19	0,42	0,63	-26,24	-24,56	1,26	-26,87	-23,93
G 2 **	11	-20,30	-20,07	-20,01	0,24	-19,93	-19,63	-19,60	0,44	0,66	-20,73	-18,97	1,32	-21,39	-18,31
G 3	17	-25,80	-25,31	-25,01	0,37	-25,04	-24,73	-24,48	0,58	0,88	-26,19	-23,85	1,75	-27,07	-22,97

G 4	5	-25,66	-25,43	-25,00	0,32	-25,13	-24,91	-24,81	0,52	0,78	-26,21	-24,13	1,56	-26,99	-23,35
KH – gesamt	26	-20,90	-20,33	-20,20	0,29	-20,23	-20,12	-19,75	0,21	0,31	-20,65	-19,81	0,63	-20,96	-19,49
KH – ad	21	-20,90	-20,34	-20,20	0,30	-20,23	-20,13	-19,75	0,21	0,32	-20,66	-19,82	0,63	-20,97	-19,50
KH – sad	5	-20,63	-20,46	-20,19	0,27	-20,22	-20,00	-19,88	0,46	0,69	-21,15	-19,31	1,38	-21,84	-18,62
KH -m	11	-20,87	-20,58	-20,24	0,32	-20,31	-20,13	-19,76	0,45	0,67	-21,26	-19,46	1,35	-21,93	-18,78
KH – w	15	-20,90	-20,28	-20,19	0,27	-20,18	-19,96	-19,75	0,32	0,48	-20,76	-19,48	0,96	-21,24	-19,00
S	95	-21,10	-19,89	-19,70	0,36	-19,68	-19,54	-18,67	0,35	0,53	-20,42	-19,02	1,05	-20,94	-18,49
S -m	42	-21,10	-19,86	-19,68	0,43	-19,63	-19,43	-19,67	0,43	0,65	-20,51	-18,79	1,29	-21,15	-18,14
S – w	53	-20,59	-19,92	-19,78	0,30	-19,73	-19,58	-18,72	0,34	0,51	-20,43	-19,07	1,02	-20,94	-18,56
S – Phase 1	12	-19,96	-19,87	-19,65	0,27	-19,60	-19,33	-19,17	0,55	0,82	-20,69	-18,50	1,64	-21,52	-17,68
S – Phase 1 m	9	-19,96	-19,89	-19,62	0,31	-19,57	-19,29	-19,17	0,61	0,91	-20,80	-18,38	1,82	-21,71	-17,47
S – Phase 1 w	3	-19,82	-19,82	-19,68	0,11	-19,70	-19,60	-19,60	0,22	0,33	-20,15	-19,27	0,66	-20,48	-18,94
S – Phase 2	27	-20,59	-19,99	-19,79	0,35	-19,75	-19,55	-18,86	0,44	0,66	-20,65	-18,89	1,32	-21,31	-18,23
S – Phase 2 m	7	-19,96	-19,79	-19,55	0,36	-19,55	-19,46	-18,86	0,33	0,49	-20,29	-18,97	0,99	-20,78	-18,47
S – Phase 2 w	20	-20,59	-20,01	-19,88	0,33	-19,82	-19,58	-19,07	0,43	0,64	-20,64	-18,94	1,28	-21,28	-18,31
S – Phase 3	21	-20,11	-19,92	-19,79	0,20	-19,76	-19,60	-19,37	0,32	0,48	-20,40	-19,12	0,96	-20,88	-18,64
S – Phase 3 m	11	-20,11	-19,91	-19,68	0,23	-19,68	-19,51	-19,37	0,40	0,60	-20,51	-18,91	1,20	-21,11	-18,31
S – Phase 3 w	10	-19,96	-19,93	-19,87	0,12	-19,84	-19,79	-19,55	0,14	0,21	-20,13	-19,58	0,41	-20,34	-19,38
S – Phase 4	7	-21,10	-19,98	-19,76	0,56	-19,90	-19,58	-19,46	0,40	0,60	-20,58	-18,98	1,20	-21,18	-18,38
S – Phase 4 m	2	-21,10	-	-20,43	-	-20,43	-	-19,76	-	-	-	-	-	-	-
S – Phase 4 w	5	-19,98	-19,91	-19,60	0,21	-19,69	-19,52	-19,46	0,39	0,58	-20,48	-18,94	1,16	-21,06	-18,37
S – Phase 5	1	-20,13	-25,13	-20,13	0,00	-20,13	-20,13	-20,13	-	-	-	-	-	-	-
S – Phase ?	27	-20,18	-19,76	-19,65	0,39	-19,52	-19,35	-18,67	0,41	0,62	-20,38	-18,74	1,23	-20,99	-18,12
S – Phase ? m	12	-20,18	-19,82	-19,65	0,49	-19,48	-18,99	-18,67	0,83	1,25	-21,07	-17,74	2,50	-22,32	-16,49
S – Phase ? w	15	-19,97	-19,74	-19,65	0,32	-19,55	-19,36	-18,72	0,38	0,57	-20,31	-18,79	1,14	-20,88	-18,22
U – gesamt	36	-20,97	-20,13	-19,82	0,60	-19,81	-19,47	-18,03	0,66	0,99	-21,12	-18,48	1,98	-22,11	-17,49
U – ad	25	-20,83	-20,13	-19,82	0,61	-19,78	-19,51	-18,03	0,62	0,93	-21,06	-18,58	1,86	-21,99	-17,65
U – sad	7	-20,91	-19,91	-19,81	0,58	-19,78	-19,41	-19,12	0,50	0,75	-20,66	-18,66	1,50	-21,41	-17,91
U – neo	4	-20,97	-20,22	-19,89	0,69	-20,02	-19,68	-19,33	0,54	0,81	-21,03	-18,87	1,61	-21,83	-18,07
U -gesamt ***	27	-20,91	-20,18	-19,82	0,62	-19,82	-19,51	-18,03	0,67	1,01	-21,19	-18,51	2,01	-22,19	-17,50
U -m ***	13	-20,13	-19,93	-19,67	0,54	-19,59	-19,40	-18,03	0,53	0,79	-20,71	-18,61	1,58	-21,50	-17,83

U – w ***	12	-20,91	-20,56	-20,09	0,65	-20,01	-19,55	-18,97	1,01	1,51	-22,07	-18,04	3,02	-23,58	-16,53
U -nb ***	2	-20,64	-	-20,23	0,59	-20,23	-	-19,81	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle A 14: Datentabelle der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing; **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden, **n**: Probengröße, **Min**: Minimaler Wert, **Q1**: 1. Quartil; sd: Standardabweichung, **MW**: Mittelwert, **Q3**: 3. Quartil, **Max**: Maximaler Wert, **IQR**: Interquartile Range.

	$\delta^{15}N$														
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
R – gesamt	111	8,01	10,88	11,42	0,93	11,33	11,89	13,42	1,02	1,52	9,36	13,41	3,05	7,84	14,94
R -ad	89	8,01	10,92	11,42	0,92	11,30	11,89	13,22	0,97	1,46	9,47	13,35	2,91	8,01	14,80
R -sad	22	9,91	10,59	11,42	0,98	11,46	12,23	13,42	1,64	2,46	8,13	14,69	4,93	5,66	17,16
R – m	54	8,01	10,96	11,43	0,88	11,39	12,01	13,22	1,05	1,57	9,39	13,58	3,14	7,82	15,15
R – w	49	8,77	10,89	11,46	1,01	11,30	11,89	13,42	1,00	1,50	9,39	13,39	3,00	7,89	14,89
R -nb	8	10,18	10,45	11,21	0,81	11,16	11,53	12,53	1,08	1,62	8,83	13,15	3,24	7,21	14,77
Z – gesamt	17	9,49	9,96	10,60	1,07	10,80	11,31	13,05	1,35	2,03	7,94	13,34	4,05	5,91	15,36
Z – ad	8	9,46	9,95	10,38	0,55	10,35	10,81	11,03	0,86	1,29	8,66	12,10	2,58	7,37	13,39
Z – sad	5	9,50	9,84	10,60	1,41	10,87	11,35	13,05	1,51	2,27	7,58	13,62	4,53	5,31	15,88
Z – neo	*2*	12,47	-	12,50	0,04	12,50	-	12,53	-	-	-	-	-	-	-
Z – nv	*2*	10,16	-	10,73	0,81	10,73	-	11,31	-	-	-	-	-	-	-
Z – alle *	11	9,46	9,96	10,52	0,55	10,44	10,87	11,31	0,91	1,37	8,60	12,24	2,73	7,23	13,60
Z – m *	4	9,92	10,00	10,39	0,47	10,43	10,90	11,03	0,90	1,35	8,65	12,25	2,70	7,30	13,60
Z – w *	4	9,46	9,59	10,38	0,68	10,27	10,85	10,87	1,27	1,43	8,16	12,28	3,80	5,79	14,65
Z -nb *	1	10,60	10,60	10,60	0,00	10,60	10,60	10,60	-	-	-	-	-	-	-
Z – nv *	2	10,16	-	10,74	0,81	10,74	-	11,31	-	-	-	-	-	-	-
Z – H1 *	9	9,46	10,11	10,60	0,57	10,53	10,95	11,31	0,84	1,27	8,84	12,22	2,54	7,57	13,49
Z – H2 *	2	9,92	-	10,04	0,17	10,04	-	10,16	-	-	-	-	-	-	-

$\delta^{13}C$															
	n	Min	Q1	Median	SD	MW	Q3	Max	IQR (Q3 – Q1)	IQR*1,5	Q1 – IQR*1,5	Q3 + IQR*1,5	IQR*3	Q1 – IQR*3	Q3 + IQR*3
R – gesamt	111	-20,49	-19,90	-19,71	0,25	-19,72	-19,54	-19,08	0,36	0,54	-20,44	-19,00	1,08	-20,98	-18,46
R -ad	89	-20,49	-19,85	-19,69	0,24	-19,71	-19,54	-19,16	0,31	0,47	-20,32	-19,08	0,93	-20,78	-18,61
R -sad	22	-20,04	-19,93	-19,88	0,28	-19,79	-19,64	-19,08	0,28	0,42	-20,35	-19,22	0,85	-20,78	-18,79
R – m	54	-20,12	-19,83	-19,64	0,22	-19,65	-19,49	-19,16	0,34	0,50	-20,33	-18,99	1,01	-20,84	-18,49
R – w	49	-20,49	-19,92	-19,74	0,26	-19,77	-19,58	-19,08	0,34	0,51	-20,43	-19,07	1,02	-20,94	-18,56
R -nb	8	-20,40	-19,94	-19,92	0,20	-19,95	-19,88	-19,70	0,06	0,09	-20,03	-19,79	0,18	-20,12	-19,70
Z – gesamt	17	-20,64	-20,28	-20,01	0,47	-19,92	-19,75	-18,97	0,53	0,80	-21,08	-18,96	1,59	-21,87	-18,16
Z – ad	8	-20,30	-20,23	-20,04	0,23	-20,03	-19,81	-19,75	0,42	0,63	-20,86	-19,18	1,26	-21,49	-18,55
Z – sad	5	-20,64	-20,37	-20,34	0,27	-20,30	-20,25	-19,90	0,12	0,18	-20,55	-20,07	0,36	-20,73	-19,89
Z – neo	2	-19,24	-	-19,19	0,08	-19,18	-	-19,12	-	-	-	-	-	-	-
Z – nv	2	-19,63	-	-19,30	0,47	-19,30	-	-18,97	-	-	-	-	-	-	-
Z – alle *	11	-20,37	-20,28	-20,01	0,40	-19,93	-19,75	-18,97	0,53	0,80	-21,08	-18,96	1,59	-21,87	-18,16
Z – m *	4	-20,30	-20,24	-20,04	0,20	-20,05	-19,87	-19,82	0,38	0,56	-20,81	-19,31	1,13	-21,37	-18,74
Z – w *	4	-20,28	-20,26	-19,99	0,28	-20,00	-19,76	-19,75	0,51	0,76	-21,02	-18,99	1,52	-21,79	-18,23
Z -nb *	1	-20,37	-20,37	-20,37	0,00	-20,37	-20,37	-19,90	-	-	-	-	-	-	-
Z – nv *	2	-19,63	-	-19,30	0,47	-19,30	-	-18,97	-	-	-	-	-	-	-
Z – H1 *	9	-20,37	-20,29	-20,01	0,44	-19,94	-19,76	-18,97	0,53	0,79	-21,09	-18,97	1,59	-21,88	-18,17
Z – H2 *	2	-20,07	-	-19,85	0,31	-19,85	-	-19,63	-	-	-	-	-	-	-

9.1.3.2 Normalität

Tabelle A 15: Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Population aus Nevalı Çori (NC). α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen, **ad**: erwachsen, **neo**: neonat, *: ohne Neugeborene, archäologische Schichten (I/II, I/II o III, I/III, III, IV/V, VI/VIII), **Auswertung inkl. NC 90 K10 B36, † Auswertung exkl. NC 90 K10 B36, **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		$\delta^{15}N$	
	n	Shapiro-Wilk W	p (normal)	Shapiro-Wilk W	p (normal)
NC – gesamt	37	0,79	**$7{,}96*10^{-06}$**	0,89	**$1{,}62*10^{-03}$**
NC – ad * **	34	0,77	**$7{,}78*10^{-06}$**	0,88	**$1{,}80*10^{-03}$**
NC – ad* †	33	0,72	**$1{,}50*10^{-06}$**	0,83	**$1{,}59*10^{-04}$**
NC – neo	*3*	0,84	0,21	0,92	0,44
I/II *	15	0,97	0,91	0,76	0,00
I/II o III	*1*	*x*	*x*	x	x
I/III	*1*	*x*	*x*	x	x
III *	11	0,78	**$4{,}98*10^{-03}$**	0,90	0,17
IV/V	*3*	0,78	0,07	0,97	0,66
VI/VIII **	*3*	0,81	0,13	0,99	0,81

Tabelle A 16: Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Populationen aus Griechenland. **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi, **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni, α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, **nv**: nicht vorhanden, **nb**: nicht bestimmbar, *: ohne Neugeborene/Säuglinge, ** ohne Individuum X12, **m**: männlich, **w**: weiblich, **FN**: Frühes Neolithikum, **F/MN**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **MN**: Mittleres Neolithikum, **SpN**: Spätes Neolithikum, **Sp/FiN**: Spätes/Finales Neolithikum, **FiN**: Finales Neolithikum, **N?**: Neolithikum, **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		$\delta^{15}N$	
	n	Shapiro-Wilk W	p (normal)	Shapiro-Wilk W	p (normal)
A – gesamt	22	0,83	**$1{,}54*10^{-03}$**	0,93	0,11
A – ad	15	0,92	0,22	0,90	0,10
A – sad	7	0,65	**$1{,}07*10^{-03}$**	0,94	0,64
A FN	6	0,96	0,78	0,94	0,68
A MN	3	*0,88*	*0,32*	*0,99*	*0,80*
A SpN	5	0,78	0,05	0,86	0,25
A Sp/FiN	8	0,88	0,18	0,93	0,50
F – gesamt	8	0,89	0,25	0,81	**0,03**
F – ad	*5*	0,89	0,35	0,84	0,17
F – neo	*3*	*0,99*	*0,79*	*0,87*	*0,29*
F m *	*3*	*0,93*	*0,48*	*0,80*	*0,11*
F – w *	*1*	x	x	x	x
F – nv *	*1*	x	x	x	x
F F/MN	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
F SpN	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
F FiN	*2*	*1*	*1*	*1*	*1*
F N?	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
M- gesamt	11	0,91	0,28	0,96	0,78
M- ad	*5*	0,98	0,92	0,94	0,70
M- sad	6	0,89	0,34	0,88	0,26
M – m	*2*	*1,00*	*1,00*	1,00	1,00
M – w	*2*	*1,00*	*1,00*	1,00	1,00
M – nb	*1*	x	x	x	x
M – nv	6	0,89	0,34	0,88	0,26
T	13	0,69	**$4{,}18*10^{-04}$**	0,80	**0,01**
X – gesamt	14	0,92	0,19	0,91	0,14
X**	13	0,91	0,19	0,94	0,44
X- ad	11	0,94	0,50	0,92	0,35
X- sad	*3*	*0,75*	***0***	*0,92*	*0,46*
X – m	*3*	*0,98*	*0,91*	*0,92*	*0,55*
X – w	*4*	0,99	0,95	0,74	**0,03**
X – nv	*5*	0,73	**0,02**	0,89	0,35

Tabelle A 17 Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Populationen aus Serbien. , α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen, **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, <6300: vor 6300 v. Chr., >6300: nach 6300 v. Chr., <7600: vor 7600 v. Chr., >7600: nach 7600 v. Chr., **nd**: nicht datiert, Phasen LV (Proto, I, I-II, II, II-III, III),Phasen V (I, II, III), **nz**: nicht zugeordnet, **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		**$\delta^{15}N$**	
	n	**Shapiro-Wilk W**	**p (normal)**	**Shapiro-Wilk W**	**p (normal)**
LV – gesamt	39	0,96	0,23	0,92	**0,01**
LV – ad	19	0,95	0,23	0,96	0,34
LV – sad	7	0,85	0,12	0,92	0,50
LV – neo	13	0,94	0,48	0,92	0,23
LV- gesamt *	26	0,95	0,23	0,96	0,34
LV – m *	7	0,87	0,19	0,90	0,35
LV – w *	13	0,94	0,42	0,95	0,67
LV – nb *	6	0,81	0,07	0,90	0,37
LV < 6300 *	*5*	*0,93*	*0,57*	*0,96*	*0,78*
LV > 6300 *	15	0,94	0,33	0,95	0,57
LV nd *	6	0,81	0,07	0,93	0,54
LV -Proto *	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
LV I *	10	0,87	0,11	0,91	0,29
LV I – II *	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
LV II *	*3*	*0,87*	*0,29*	*1,00*	*0,87*
LV II – III *	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
LV III *	*4*	*0,92*	*0,53*	*0,86*	*0,28*
LV nz *	8	0,87	0,16	0,96	0,78
V – gesamt	40	0,99	0,94	0,95	0,08
V – ad	27	0,97	0,68	0,92	**$4{,}76*10^{-02}$**
V – sad	*3*	*0,99*	*0,85*	*0,92*	*0,44*
V – neo	13	0,96	0,79	0,94	0,51
V – gesamt *	27	0,97	0,68	0,92	**$4{,}76*10^{-02}$**
V – m *	10	0,86	0,07	0,88	0,13
V – w *	14	0,97	0,93	0,96	0,70
V – nb *	*3*	*0,99*	*0,85*	*0,92*	*0,44*
V < 7600 *	12	0,97	0,85	0,96	0,77
V > 7600 *	10	0,96	0,77	0,91	0,28
V nd *	*5*	*0,91*	*0,49*	*0,76*	***0,04***
V I *	16	0,97	0,91	0,96	0,58
V II *	*2*	*1,00*	*1,00*	1,00	1,00
V III *	8	0,95	0,75	0,84	0,07
V nd *	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*

Tabelle A 18: Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Population aus Deutschland (Spätantike). α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen, **KL**: Klettham, **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, ** ohne Kinder, **m**: männlich, **w**: weiblich, **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		$\delta^{15}N$	
	n	Shapiro-Wilk W	p (normal)	Shapiro-Wilk W	p (normal)
KL – gesamt	11	0,58	**$1{,}25*10^{-05}$**	0,79	**$7{,}69*10^{-03}$**
KL – ad	10	0,59	**$4{,}40*10^{-05}$**	0,83	**0,03**
KL – sad	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
KL** -m	6	0,64	**$1{,}50*10^{-03}$**	0,98	0,96
KL** - w	4	0,76	**$4{,}99*10^{-02}$**	0,74	**0,03**

Tabelle A 19: Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen**, AE**: Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt – Etting, **G**: Ingolstadt – Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling; **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, *: ohne Individuum B8, **: ohne Neugeborene und Individuum G2 156, ***: ohne Neugeborene und Infans 1. **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden, Ost: östlicher Friedhofsteil, West: westlicher Friedhofsteil, G 1: Bestattungsplatz 1, G 2: Bestattungsplatz 2, G 3: Bestattungsplatz 3, G 4: Bestattungsplatz 4 **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		**$\delta^{15}N$**	
	n	**Shapiro-Wilk W**	**p (normal)**	**Shapiro-Wilk W**	**p (normal)**
AE – gesamt	73	0,78	**$5{,}70*10^{-09}$**	0,97	0,12
AE – ad	6	0,77	**$6{,}76*10^{-09}$**	0,97	0,15
AE – sad	6	0,92	0,52	0,92	0,53
AE – nb	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
AE -m	29	0,97	0,49	0,97	0,69
AE – w	41	0,77	**$1{,}65*10^{-06}$**	0,95	0,08
AE -nb	*3*	*0,93*	*0,50*	*0,77*	***0,04***
B – gesamt	33	0,97	0,36	0,77	**$8{,}27*10^{-06}$**
B – gesamt*	32	0,95	0,18	0,94	0,06
B – ad	24	0,92	0,06	0,96	0,43
B – sad	*8*	0,89	0,25	0,64	**$4{,}64*10^{-04}$**
B – nb	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
B -m	10	0,92	0,35	0,94	0,59
B – w	19	0,93	0,15	0,94	0,27
B -nb	4	0,89	0,38	0,92	0,55
B – Ost	11	0,87	0,08	0,72	**$8{,}81*10^{-04}$**
B – Ost ad	7	0,93	0,59	0,92	0,48
B – Ost sad	3	1,00	0,91	0,97	0,66
B – Ost nb	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
B – Ost m	4	0,92	0,53	0,94	0,66
B – Ost w	6	0,70	**$5{,}67*10^{-03}$**	0,87	0,24
B Ost nb	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
B – West	22	0,96	0,44	0,78	**$2{,}43*10^{-04}$**
B – West*	21	0,97	0,65	0,97	0,66
B - West ad	17	0,94	0,29	0,97	0,85
B - West sad	5	0,84	0,16	0,74	**0,03**
B West M	6	0,91	0,44	0,97	0,90
B West F	13	0,95	0,58	0,97	0,98
B West nb	3	1,00	0,93	0,78	0,07
IE	*9*	0,91	0,33	0,94	0,54
IE -m	5	0,89	0,34	0,92	0,51
IE - w	4	0,84	0,19	0,96	0,80
G - gesamt	38	0,93	**0,02**	0,97	0,30
G - ad	23	0,96	0,41	0,89	**0,01**
G - sad	14	0,86	**0,03**	0,95	0,63
G - neo	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
G – gesamt **	36	0.97	0.50	0.96	0.23
G -m	14	0,95	0,53	0,95	0,53
G – w*	20	0,97	0,67	0,95	0,33
G -nb	*3*	*0,80*	*0,13*	*0,83*	*0,18*
G 1	*3*	*0,97*	*0,69*	*0,79*	*0,09*
G 2 **	11	0.88	0.11	0.92	0.92
G 3	17	0,97	0,81	0,92	0,16
G 4	5	0,89	0,34	0,97	0,85
KH - gesamt	26	0,95	0,18	0,87	**$3{,}51*10^{-03}$**
KH - ad	21	0,94	0,21	0,88	**0,01**
KH - sad	*1*	0,97	0,89	0,87	0,25
KH -m	9	11	0,97	0,92	0,84
KH – w	13	15	0,91	0,13	0,89

S	95	0,93	**7,48*10^{-05}**	0,77	**9,25*10^{-11}**
S -m	42	0,93	**0,01**	0,63	**4,38*10^{-09}**
S – w	53	0,94	**9,76*10^{-03}**	0,95	**0,03**
S – Phase 1	12	0,92	0,29	0,96	0,74
S – Phase 1 m	9	0,89	0,22	0,91	0,31
S – Phase 1 w	3	0,98	0,70	0,94	0,54
S – Phase 2	27	0,96	0,32	0,94	0,10
S – Phase 2 m	7	0,89	0,30	0,98	0,94
S – Phase 2 w	20	0,96	0,54	0,94	0,21
S – Phase 3	21	0,95	0,40	0,94	0,24
S – Phase 3 m	11	0,96	0,77	0,98	0,93
S – Phase 3 w	10	0,82	0,03	0,90	0,25
S – Phase 4	7	0,74	**0,01**	0,67	**1,69*10^{-03}**
S – Phase 4 m	2	1,00	1,00	1,00	1,00
S – Phase 4 w	5	0,93	0,61	0,90	0,41
S – Phase 5	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
S – Phase ?	27	0,89	**0,01**	0,97	0,61
S – Phase ? m	12	0,89	0,12	0,94	0,48
S – Phase ? w	15	0,89	0,06	0,87	0,06
U - gesamt	36	0,97	0,33	0,91	**0,01**
U - ad	25	0,96	0,38	0,90	**0,02**
U - sad	7	0,90	0,35	0,96	0,78
U - neo	*4*	*0,93*	*0,62*	*0,92*	*0,56*
U -gesamt ***	27	0,96	0,40	0,89	**9,71*10^{-03}**
U -m ***	13	0,80	**6,27*10^{-03}**	0,93	0,30
U – w ***	12	0,98	0,60	0,94	0,50
U -nb ***	*2*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*

Tabelle A 20: Ergebnisse des Shapiro-Wilk-Tests der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, *kursiv:* nicht ausreichend für statistische Untersuchungen, **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing; **ad**: erwachsen, **sad**: subadult, **neo**: neonat, * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden, **n**: Probengröße.

		$\delta^{13}C$		$\delta^{15}N$	
	n	Shapiro-Wilk W	p (normal)	Shapiro-Wilk W	p (normal)
R - gesamt	111	0,98	0,23	0,97	**0,01**
R -ad	89	0,98	0,11	0,94	**4,80*10^{-04}**
R -sad	22	0,92	0,09	0,97	0,67
R - m	84	0,98	0,71	0,95	**0,02**
R - w	49	0,97	0,30	0,96	0,08
R -nb	8	0,76	**0,01**	0,95	0,70
Z - gesamt	17	0,93	0,25	0,92	0,13
Z - ad	8	0,89	0,23	0,95	0,72
Z - sad	5	0,95	0,76	0,93	0,58
Z - neo	*2*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*
Z - nv	*2*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*
Z - alle *	11	0,88	0,13	0,98	0,99
Z – m *	4	0,98	0,92	0,98	0,95
Z – w *	4	0,80	0,11	0,89	0,37
Z -nb *	*1*	*x*	*x*	*x*	*x*
Z – nv *	*2*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*
Z H1 *	9	0,85	0,08	0,97	0,87
Z H2 *	*2*	*1,00*	*1,00*	*1,00*	*1,00*

9.1.3.3 Mann-Whitney -Test

Türkei

Tabelle A 21: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Nevalı Çori (NC) unterteilt nach Alter. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, **ad**: erwachsen, **neo**: neonat. **Auswertung inkl. NC 90 K10 B36, † Auswertung exkl. NC 90 K10 B36.

		$\delta^{15}N$			$\delta^{13}C$		
	n	NC – ad* **	NC – ad* †	NC - neo	NC – ad* **	NC – ad* †	NC - neo
NC – ad* **	34	-	1	**$5{,}40*10^{-02}$**	-	1	1
NC – ad* †	33	0,84	-	**$5{,}60*10^{-02}$**	0,84	-	0,91
NC - neo	3	0,02	0,02	-	0,36	0,30	-

Tabelle A 22: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Nevalı Çori (NC) unterteilt nach archäologischen Schichten. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **Auswertung inkl. NC 90 K10 B36, † Auswertung exkl. NC 90 K10 B36, **n**: Probengröße.

		$\delta^{15}N$						$\delta^{13}C$					
	n	NC – ad* **	NC – ad *†	I/II*	III*	IV/V	VI/VIII**	NC – ad* **	NC – ad *†	I/II*	III*	IV/V	VI/VIII**
NC – ad* **	34	-	1	1	1	1	1	-	1	1	1	1	1
NC – ad* †	33	0,84	-	1	1	1	1	0,84	-	1	1	1	1
I/II*	15	0,35	0,42	-	1	1	1	0,57	0,46	-	1	1	1
III*	11	0,69	0,58	0,31	-	1	1	0,25	0,30	0,15	-	0,62	1
IV/V	3	0,66	0,59	0,29	1,00	-	1	0,13	0,10	0,17	0,06	-	1
VI/VIII**	3	0,96	1,00	1,00	1,00	1,00	-	0,74	0,77	0,55	0,88	0,66	-

Griechenland

Tabelle A 23: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Griechenland. **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi, **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, ** ohne Individuum X12.

		$\delta^{15}N$					$\delta^{13}C$				
	n	A - gesamt	F – gesamt *	M - gesamt	T - gesamt	X - gesamt	A - gesamt	F – gesamt *	M - gesamt	T - gesamt	X - gesamt
A - gesamt	22	-	0,16	1	1	**$2,87*10^{-03}$**	-	**$6,41*10^{-03}$**	**0,02**	1	1
F – gesamt *	5	**0,02**	-	0,36	0,30	1	**$6,41*10^{-04}$**	-	**0,02**	0,08	**0,01**
M - gesamt	11	0,43	**$3,82*10^{-03}$**	-	1	**$4,37*10^{-03}$**	**$1,81*10^{-03}$**	**$2,16*10^{-03}$**	-	0,17	**0,02**
T - gesamt	13	0,26	**$2,65*10^{-03}$**	0,58	-	**$1,95*10^{-03}$**	0,30	**$7,78*10^{-03}$**	**0,02**	-	1
X - gesamt	14	**$2,87*10^{-03}$**	0,18	**$4,37*10^{-04}$**	**$1,95*10^{-04}$**	-	0,54	**$1,50*10^{-03}$**	**$2,49*10^{-03}$**	0,19	-

Tabelle A 24: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Griechenland unterteilt nach Alter. **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi, **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **ad**: erwachsen, s**ad**: subadult**, neo**: neonat.

		$\delta^{15}N$								$\delta^{13}C$							
	n	A- ad	A- sad	F - ad	F - neo	M- ad	M- sad	X- ad	X- sad	A- ad	A- ad	A- sad	F - ad	F - neo	M- ad	M- sad	X- ad
A- ad	15	-	1							-	1						
A- sad	7	0,12	-							0,11	-						
F - ad	5			-	1							-	1				
F - neo	3			0,04	-							0,14	-				
M- ad	5					-	1							-	1		
M- sad	6					0,85	-							0,93	-		
X- ad	11							-	1							-	1
X- sad	3							0,39	-							0,2356	-

Tabelle A 25: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Griechenland unterteilt nach Geschlecht **F**: Franchthi, **M**: Mavropigi, **X**: Xirolimni, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden.

		$\delta^{15}N$									$\delta^{13}C$								
	n	F - m*	F - w*	F - nv *	M - m	M - w	M - nb	M - nv	X - m	X - w	X - nv	F – m *	F - w *	F - nv *	M - m	M - w	M - nb	M - nv	X - m	X - w	X - nv
F - m *	3	-	x	x								-	x	x							
F - w *	1	x	-	x								x	-	x							
F - nv *	1	x	x	-								x	x	-							
M - m	2				-	x	x	x							-	x	x	x			
M - w	2				x	-	x	x							x	-	x	x			
M - nb	1				x	x	-	x							x	x	-	x			
M - nv	6				x	x	x	-							x	x	x	-			
X - m	5								-	1	0,75								-	1	0,58
X - w	4								0,80	-	0,51								0,54	-	0,40
X - nv	5								0,25	0,17	-								0,19	0,13	-

Serbien

Tabelle A 26: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Serbien. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene.

		$\delta^{15}N$		$\delta^{13}C$	
	n	LV - gesamt *	V - gesamt *	LV - gesamt *	V - gesamt *
LV – gesamt *	26	-	0,08	-	0,57
V - gesamt *	27	0,08	-	0,57	-

Tabelle A 27: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Serbien unterteilt nach Alter. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; α = 0,05; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **ad**: erwachsen, s**ad**: subadult**, neo**: neonat.

		$\delta^{15}N$						$\delta^{13}C$					
	n	LV - ad	LV - sad	LV - neo	V - ad	V - sad	V - neo	LV - ad	LV - sad	LV - neo	V - ad	V - sad	V - neo
LV - ad	19	-	1	**$3{,}19*10^{-03}$**				-	1	1			
LV - sad	7	0,33	-	**0,01**				0,37	-	1			
LV - neo	13	**$2{,}13*10^{-04}$**	**$9{,}98*10^{-04}$**	-				0,54	0,38	-			
V - ad	24				-	1	0,42				-	0,88	**$5{,}47*10^{-03}$**
V - sad	3				0,20	-	1				0,06	-	1
V - neo	13				**0,03**	0,08	**-**				**$3{,}65*10^{-04}$**	0,64	**-**

Tabelle A 28: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Serbien unterteilt nach Geschlecht. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar.

		$\delta^{15}N$						$\delta^{13}C$					
	n	LV – m*	LV – w*	LV – nb*	V – m*	V – w*	V – nb*	LV – m*	LV – w*	LV – nb*	V – m*	V – w*	V – nb*
LV – m*	7	-	1	1				-	1	1			
LV – w*	13	0,63	-	1				0,23	-	1			
LV – nb*	6	0,35	0,63	-				0,43	0,60	-			
V – m*	10				-	1	1				-	1	1
V – w*	14				0,46	-	1				0,56	-	1
V – nb*	3				0,20	0,28	-				0,08	0,09	-

Tabelle A 29: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Serbien unterteilt nach Datierung. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, <6300: vor 6300 v. Chr., >6300: nach 6300 v. Chr., <7600: vor 7600 v. Chr., >7600: nach 7600 v. Chr., **nd**: nicht datiert.

		$\delta^{15}N$						$\delta^{13}C$					
	n	LV < 6300*	LV > 6300*	LV nd*	V < 7600*	V > 7600*	V nd*	LV < 6300*	LV > 6300*	LV nd*	V < 7600*	V > 7600*	V nd*
LV < 6300*	5	-	1	1	1	1	1	-	1	1	1	1	1
LV > 6300*	15	0,10	-	1	0,9	1	1	0,10	-	1	1	1	1
LV nd*	6	0,32	0,79	-	1	1	1	0,46	0,91	-	1	1	1
V < 7600*	12	0,53	0,06	0,28	-	1	1	0,27	0,33	1,00	-	1	1
V > 7600*	10	0,58	0,07	0,36	0,82	-	1	0,22	0,17	0,96	0,77	-	1
V nd*	5	0,83	0,19	0,52	0,87	0,95	-	0,40	0,29	0,93	0,96	0,71	-

Tabelle A 30: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Populationen aus Serbien unterteilt nach Phasen. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, Phasen LV (Pr: Proto, I, I-II, II, II-III, III),Phasen V (I, II, III), **nd**: nicht datiert.

		$\delta^{15}N$										$\delta^{13}C$										
	n	LV - Pr*	LV I*	LV II*	LV I+II*	LV II+III *	LV III*	LV nd*	V I*	V I*I	V III*	V nd*	LV - Pr*	LV I*	LV II*	LV I+II*	LV II+III *	LV III*	LV nd*	V I*	V I*I	V III*	V nd*
LV -Pr*	1	-	x	x	x	x	x	x					-	x	x	x	x	x	x				
LV I*	10	x	-	1	x	x	1	1					x	-	1	x	x	1	1				
LV II*	2	x	0,45	-	x	x	1	1					x	0,16	-	x	x	1	1				
LV I+II*	1	x	x	x	-	x	x	x					x	x	x	-	x	x	x				
LV II+III*	1	x	x	x	x	-	x	x					x	x	x	x	-	x	x				
LV III*	3	x	0,20	0,15	x	x	-	1					x	0,15	0,15	x	x	-	1				
LV nd*	8	x	0,40	0,09	x	x	0,61	-					x	0,79	0,36	x	x	0,26	-				
V I*	16								-	1	1	x								-	1	1	x
V II*	2								0,62	-	1	x								0,83	-	1	x
V III*	8								0,83	0,51	-	x								0,56	0,90	-	x
V nd*	1								x	x	x	-								x	x	x	-

Deutschland – Spätantike

Tabelle A 31: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Umgebung Erding). **KL**: Klettham, **AE**: Erding-Altenerding, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

		$\delta^{15}N$		$\delta^{13}C$	
	n	KL - ad	AE - gesamt	KL - gesamt	AE - gesamt
KL - ad	11	-	0,47	-	0,59
AE - gesamt	73	0,47	-	0,59	-

Tabelle A 32: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Umgebung Erding) unterteilt nach Alter. **KL**: Klettham, **AE**: Erding-Altenerding, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, **ad**: erwachsen, s**ad**: subadult**, neo**: neonat.

		$\delta^{15}N$					$\delta^{13}C$				
	n	KL - ad	KL - sad	AE - ad	AE - sad	AE - nb	KL - ad	KL - sad	AE - ad	AE - sad	AE - nb
KL - ad	10	-	x				-	x			
KL - sad	1	x	-				x	-			
AE - ad	66			-	0,62	x			-	1	x
AE - sad	6			0,21	-	x			0,46	-	x
AE - nb	1			x	x	-			x	x	-

Tabelle A 33: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Umgebung Erding) unterteilt nach Geschlecht. **KL**: Klettham, **AE**: Erding-Altenerding, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied, ** ohne Kinder, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar.

		$\delta^{15}N$					$\delta^{13}C$				
	n	KL** -m	KL** - w	AE -m	AE - w	AE -nb	KL** -m	KL** - w	AE -m	AE - w	AE -nb
KL** -m	6	-	0,34				-	0,75			
KL** – w	4	0,34	-				0,75	-			
AE -m	29			-	0,48	x			-	1	1
AE – w	41			0,08	-	x			0,10	-	1
AE -nb	3			x	x	-			0,20	0,48	-

Deutschland – Frühmittelalter

Tabelle A 34: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Frühmittelalter). **AE**: Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt – Etting, **G**: Ingolstadt – Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling. *: ohne Individuum B8, ** ohne Neugeborene und Individuum G2 156, ***: ohne Neugeborene und Infans 1. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

	n	AE	B*	I,E	I,G **	KH	S	U ***
AE	73	-	**$2,94*10^{-09}$**	**$1,18*10^{-06}$**	**$8,13*10^{-11}$**	**$1,10*10^{-12}$**	**$8,04*10^{-06}$**	**$6,08*10^{-04}$**
B*	32	0,16	-	**$8,71*10^{-06}$**	**0,03**	**$6,39*10^{-06}$**	**$7,68*10^{-04}$**	0,60
I,E	9	0,84	0,53	-	**$3,63*10^{-05}$**	**$1,37*10^{-04}$**	**$1,06*10^{-06}$**	**$6,82*10^{-02}$**
G**	36	**$7,98*10^{-04}$**	**$1,09*10^{-04}$**	**0,03**	-	**0,04**	**$5,54*10^{-07}$**	0,10
KH	26	**$8,97*10^{-09}$**	**$8,38*10^{-09}$**	**$1,18*10^{-04}$**	**0,03**	-	**$9,47*10^{-11}$**	**$2,79*10^{-03}$**
S	95	0,79	0,05	0,75	**$7,66*10^{-05}$**	**$3,22*10^{-11}$**	-	0,18
U ***	27	**$3,17*10^{-03}$**	0,07	0,08	**$1,13*10^{-04}$**	**$8,97*10^{-08}$**	**$1,08*10^{-03}$**	-

Tabelle A 35: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Frühmittelalter) unterteilt nach Alter. **AE**: Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt – Etting, **G**: Ingolstadt – Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling. * ohne Neugeborene, **: ohne Neugeborene und Infans 1. n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. **ad**: erwachsen, s**ad**: subadult**, neo**: neonat, **nb**: nicht bestimmbar.

$\delta^{15}N$

	n	AE - ad	AE - sad	AE - nb	B - ad	B - sad	B - nb	IE	IG - ad	IG - sad	IG - neo	KH - ad	KH - sad	S	U - ad	U - sad	U - neo
AE - ad	6	-	1	x													
AE - sad	6	0,21	-	x													
AE - nb	*1*	x	x	-													
B - ad	24				-	1	x										
B - sad	*8*				0,53	-	x										
B - nb	*1*				x	x	-										
IE	*9*							-	1	1	x						
G - ad	23							0,02	-	1	x						
G - sad	14							0,16	0,94	-	x						
G - neo	*1*							x	x	x	-						
KH - ad	21											-	0,52				
KH - sad	5											0,52	-				
S	95													-			
U - ad	25														-	1	1
U - sad	7														0,03	-	1
U - neo	4														0,16	0,64	-

$\delta^{13}C$

	n	AE - ad	AE - sad	AE - nb	B - ad	B - sad	B - nb	IE	IG - ad	IG - sad	IG - neo	KH - ad	KH - sad	S	U - ad	U - sad	U - neo
AE - ad	6	-	1	x													
AE - sad	6	0,46	-	x													
AE - nb	1	x	x	-													
B - ad	24				-	1	x										
B - sad	8				0,09	-	x										
B - nb	1				x	x	-										
IE	9							-	**$8,95*10^{-05}$**	0,02	x						
G - ad	23							**$1,15*10^{-04}$**	-	1	x						
G - sad	14							**$2,90*10^{-04}$**	0,79	-	x						
G - neo	1							x	x	x	-						
KH - ad	21											-	0,92				
KH - sad	1											0,95	-				

S	95														-				
U - ad	25															-	1	1	
U - sad	7															0,73	-	1	
U - neo	4															0,70	0,63	-	

Tabelle A 36: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Frühmittelalter) unterteilt nach Geschlecht. **AE**: Altenerding, **B**: Bruckmühl, **I.E**: Ingolstadt – Etting, **G**: Ingolstadt – Großmehring, **KH**: Kelheim, **S**: Straubing, **U**: Unterigling, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden.

	n	AE -m	AE - w	AE -nb	B -m	B - w	B -nb	IE -m	IE - w	IG -m*	IG – w*	IG -nb	KH -m	KH – w*	S -m	S - w	U -m*	U - w	U -nb
AE -m	29	-	1	1															
AE - w	41	0,08	-	1															
AE -nb	*3*	0,40	0,98	-															
B -m	10				-	1	1												
B - w	19				0,34	-	1												
B -nb	4				0,44	0,24	-												
IE -m	5							-	1	1	1	1							
IE - w	4							0,54	-	1	1	1							
G -m*	14							0,43	0,26	-	1	1							
G - w	20							0,10	**0,03**	0,82	-	1							
G -nb	*3*							0,55	0,11	0,57	0,96	-							
KH -m	9												-	1					
KH – w	13												0,72	-					
S -m	42														-	1			
S – w	53														**7,38 *10^{-03}**	-			
U -m**	14																-	1	1
U – w**	16																0,22	-	1
U -nb**	*2*																0,67	0,17	-

	n	AE -m	AE - w	AE -nb	B -m	B - w	B -nb	IE -m	IE - w	IG -m*	IG – w*	IG -nb	KH -m	KH – w*	S -m	S - w	U -m*	U - w	U -nb
AE -m	29	-	1	1															
AE - w	41	0,10	-	1															
AE -nb	3	0,20	0,48	-															
B -m	10				-	1	1												
B - w	19				0,77	-	1												
B -nb	4				0,72	0,94	-												

IE -m	5			-	1	1	1	1						
IE - w	4			0,11	-	0,59	0,37	1						
IG -m*	14			**6,27 *10^{-03}**	**3,46 *10^{-03}**	-	1	1						
IG - w	20			**7,23 *10^{-03}**	**2,19 *10^{-03}**	0,90	-	1						
IG -nb	3			0,07	0,05	0,95	0,85	-						
KH -m	9								-	1				
KH – w	13								0,26	-				
S -m	42										-	1		
S – w	53										0,10	-		
U -m**	13												-	1	1
U – w**	14												0,11	-	1
U -nb**	2												0,27	0,65	-

Deutschland - Hoch-/Spätmittelalter

Tabelle A 37: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied.

		$\delta^{15}N$		$\delta^{13}C$	
	n	R	Z	R	Z
R	111	-	**0,001**	-	**0,0003**
Z	15	**$9,42*10^{-04}$**	-	**$6,88*10^{-04}$**	-

Tabelle A 38: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) unterteilt nach Alter. **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. **ad**: erwachsen, s**ad**: subadult**, neo**: neonat, **nb**: nicht bestimmbar.

		$\delta^{15}N$						$\delta^{13}C$					
	n	R -ad	R -sad	Z - ad	Z - ad	Z - neo	Z - nb	R -ad	R -sad	Z - ad	Z - ad	Z - neo	Z - nb
R -ad	89	-	1					-	1				
R -sad	22	0,78	-					0,09	-				
Z - ad	8			-	1	0,75	1			-	1	0,75	0,75
Z - sad	5			0,71	-	1	1			0,07	-	1	1
Z - neo	*2*			0,05	0,33	-	1			0,05	0,08	-	1
Z - nb	*2*			0,51	0,85	0,25	-			0,05	0,08	0,70	-

Tabelle A 39: Ergebnis der statistischen Untersuchung (Mann-Whitney-Test) der Population aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) unterteilt nach Geschlecht. **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing, n = Probengröße, weiß hinterlegt: $\delta^{15}N$; grau hinterlegt: $\delta^{13}C$; $\alpha = 0,05$; normale Schrift: kein signifikanter Unterschied; **fett**: signifikanter Unterschied. * ohne Neugeborene, **m**: männlich, **w**: weiblich, **nb**: nicht bestimmbar, **nv**: nicht vorhanden.

		$\delta^{15}N$							$\delta^{13}C$						
	n	R -m	R -w	R - nb	Z -m*	Z- w*	Z – nb*	Z – nv*	R -m	R -w	R - nb	Z -m*	Z- w*	Z – nb*	Z – nv*
R -m	84	-	1	1					-	0,05	0,05				
R -w	49	0,70	-	1					**0,02**	-	1				
R - nb	8	0,38	0,50	-					**$2,40*10^{-03}$**	**$4,94*10^{-02}$**	-				
Z -m*	5				-	1	1	1				-	1	1	1
Z- w*	5				0,83	-	1	1				1,00	-	1	1
Z – nb*	*3*				0,07	0,14	-	1				0,37	0,55	-	1
Z – nv*	*2*				0,56	0,33	0,39	-				0,08	0,08	0,15	-

9.1.4 Ergebnisse der Mischungsmodelle (Populationsmediane)

9.1.4.1 Türkei

Tabelle A 40: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Population aus Nevalı Çori. *: ohne Neugeborene; sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

		MixSIAR				
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Nevalı Çori (gesamt*)	Pflanzen	0,906	0,028	0,927	0,840	0,947
	Schaf/Ziege	0,023	0,016	0,021	0,001	0,057
	Gazelle	0,021	0,015	0,018	0,001	0,054
	Rothirsch	0,050	0,039	0,040	0,002	0,145
Schicht I/II	Pflanzen	0,896	0,032	0,903	0,819	0,943
	Schaf/Ziege	0,028	0,020	0,025	0,001	0,073
	Gazelle	0,025	0,018	0,022	0,001	0,067
	Rothirsch	0,050	0,043	0,038	0,002	0,158
Schicht I/II o, III	Pflanzen	0,920	0,059	0,936	0,763	0,988
	Schaf/Ziege	0,021	0,027	0,012	0,000	0,089
	Gazelle	0,019	0,023	0,011	0,000	0,081
	Rothirsch	0,040	0,049	0,022	0,001	0,184
Schicht I/III	Pflanzen	0,926	0,058	0,941	0,776	0,989
	Schaf/Ziege	0,020	0,028	0,011	0,000	0,088
	Gazelle	0,017	0,021	0,010	0,000	0,072
	Rothirsch	0,037	0,046	0,020	0,000	0,165
Schicht III	Pflanzen	0,922	0,032	0,929	0,843	0,966
	Schaf/Ziege	0,018	0,015	0,015	0,001	0,055
	Gazelle	0,017	0,014	0,013	0,0000	0,050
	Rothirsch	0,043	0,040	0,030	0,001	0,145
Schicht IV/V	Pflanzen	0,917	0,043	0,927	0,808	0,974
	Schaf/Ziege	0,022	0,021	0,016	0,000	0,076
	Gazelle	0,020	0,019	0,014	0,000	0,067
	Rothirsch	0,041	0,045	0,025	0,001	0,161
Schicht VI/VIII	Pflanzen	0,888	0,056	0,899	0,742	0,962
	Schaf/Ziege	0,033	0,034	0,023	0,001	0,117
	Gazelle	0,029	0,030	0,021	0,001	0,101
	Rothirsch	0,050	0,058	0,028	0,001	0,212

Tabelle A 41: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Population aus Nevalı Çori. *: ohne Neugeborene , Min: Minimaler Anteil; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

		SISUS					
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Min**	**Mittelwert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Nevalı Çori (gesamt*)	Pflanzen	0,875	0,876	0,000	0,876	0,876	0,001
	Schaf/Ziege	0,000	0,053	0,031	0,053	0,106	0,106
	Gazelle	0,000	0,046	0,026	0,046	0,091	0,091
	Rothirsch	0,018	0,026	0,004	0,026	0,033	0,015
Schicht I/II	Pflanzen	0,858	0,859	0,000	0,859	0,859	0,001
	Schaf/Ziege	0,000	0,053	0,031	0,053	0,107	0,170
	Gazelle	0,035	0,081	0,027	0,081	0,126	0,092
	Rothirsch	0,000	0,007	0,004	0,081	0,015	0,015
Schicht I/II o, III	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Gazelle	-	-	-	-	-	-
	Rothirsch	-	-	-	-	-	-
Schicht I/III	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Gazelle	-	-	-	-	-	-
	Rothirsch	-	-	-	-	-	-
Schicht III	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Gazelle	-	-	-	-	-	-
	Rothirsch	-	-	-	-	-	-
Schicht IV/V	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Gazelle	-	-	-	-	-	-
	Rothirsch	-	-	-	-	-	-
Schicht VI/VIII	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Gazelle	-	-	-	-	-	-
	Rothirsch	-	-	-	-	-	-

9.1.4.2 Griechenland

Tabelle A 42: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Populationen aus Griechenland. *: ohne Neugeborene, **FN**: Frühes Neolithikum, **F/MN**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **MN**: Mittleres Neolithikum, **SpN**: Spätes Neolithikum, **Sp/FiN**: Spätes/Finales Neolithikum, **FiN**: Finales Neolithikum, **N?**: Neolithikum.

IsoConc (Küste)		
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Alepotrypa Modell A	Schaf/Ziege	0,280
	Rind	0,060
	Pflanzen	0,659
Alepotrypa Modell B	Schaf/Ziege, Rind	0,219
	Hirsch	0,163
	Pflanzen	0,618
Alepotrypa FN Modell A	Schaf/Ziege	0,273
	Rind	0,099
	Pflanzen	0,628
Alepotrypa FN Modell B	Schaf/Ziege, Rind	0,264
	Hirsch	0,138
	Pflanzen	0,598
Alepotrypa MN Modell A	Schaf/Ziege	0,067
	Rind	0,343
	Pflanzen	0,590
Alepotrypa MN Modell B	Schaf/Ziege, Rind	x
	Hirsch	x
	Pflanzen	x
Alepotrypa SpN Modell A	Schaf/Ziege	0,284
	Rind	0,051
	Pflanzen	0,665
Alepotrypa SpN Modell B	Schaf/Ziege, Rind	0,209
	Hirsch	0,170
	Pflanzen	0,621
Alepotrypa Sp/FiN Modell A	Schaf/Ziege	0,304
	Rind	0,051
	Pflanzen	0,644
Alepotrypa Sp/FiN Modell B	Schaf/Ziege, Rind	0,221
	Hirsch	0,186
	Pflanzen	0,593
Franchthi *	Schaf/Ziege	0,348
	Thunfisch	0,076
	Pflanzen	0,576
Franchthi F/MN	Schaf/Ziege	0,235
	Thunfisch	0,053
	Pflanzen	0,712
Franchthi SpN	Schaf/Ziege	0,434
	Thunfisch	0,064
	Pflanzen	0,502
Franchthi FiN	Schaf/Ziege	0,236
	Thunfisch	0,077
	Pflanzen	0,687
Franchthi N?	Schaf/Ziege	-
	Thunfisch	-
	Pflanzen	-

IsoConc (Festland)		
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Mavropigi Modell A	Reh	0,191
	Rothirsch	0,311
	Pflanzen	0,498
Mavropigi Modell B	Reh	0,165
	Schaf/Ziege, Rind	0,158
	Pflanzen	0,677
Theopetra Modell A	Reh	0,264
	Rothirsch	0,608
	Pflanzen	0,128
Theopetra Modell B	Reh	0,247
	Schaf/Ziege, Rind	0,300
	Pflanzen	0,453

Tabelle A 43: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Populationen aus Griechenland. *: ohne Neugeborene, [a]: einzige Lösung; **FN**: Frühes Neolithikum, **F/MN**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **MN**: Mittleres Neolithikum, **SpN**: Spätes Neolithikum, **Sp/FiN**: Spätes/Finales Neolithikum, **FiN**: Finales Neolithikum, **N?**: Neolithikum; sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

MixSIAR: Küste						
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Alepotrypa	Schaf/Ziege	0,175	0,140	0,141	0,007	0,547
	Rind	0,200	0,169	0,155	0,007	0,631
	Hirsch	0,260	0,190	0,216	0,014	0,718
	Pflanzen	0,365	0,202	0,373	0,019	0,716
Alepotrypa	Schaf/Ziege	0,230	0,161	0,203	0,010	0,606
	Rind	0,203	0,170	0,156	0,005	0,630
	Hirsch	0,253	0,182	0,220	0,010	0,691
	Thunfisch	0,050	0,040	0,040	0,002	0,145
	Pflanzen	0,264	0,177	0,245	0,011	0,635
Alepotrypa FN	Schaf/Ziege	0,176	0,138	0,147	0,008	0,528
	Rind	0,207	0,175	0,160	0,007	0,649
	Hirsch	0,260	0,189	0,220	0,010	0,694
	Pflanzen	0,357	0,198	0,362	0,017	0,710
Alepotrypa MN	Schaf/Ziege	0,126	0,119	0,095	0,004	0,458
	Rind	0,199	0,169	0,153	0,009	0,647
	Hirsch	0,226	0,192	0,170	0,009	0,708
	Pflanzen	0,449	0,226	0,490	0,020	0,792
Alepotrypa SpN	Schaf/Ziege	0,172	0,140	0,141	0,008	0,524
	Rind	0,194	0,168	0,146	0,007	0,640
	Hirsch	0,262	0,193	0,219	0,012	0,706
	Pflanzen	0,372	0,206	0,381	0,020	0,731
Alepotrypa Sp/FiN	Schaf/Ziege	0,181	0,139	0,152	0,007	0,543
	Rind	0,194	0,166	0,148	0,007	0,621
	Hirsch	0,273	0,194	0,236	0,012	0,722
	Pflanzen	0,352	0,198	0,360	0,018	0,697
Franchthi*	Schaf/Ziege	0,355	0,220	0,346	0,019	0,794
	Hirsch	0,386	0,221	0,387	0,023	0,804
	Thunfisch	0,066	0,043	0,061	0,003	0,163
	Pflanzen	0,193	0,139	0,166	0,008	0,504

Franchthi* F/MN	Schaf/Ziege	0,316	0,198	0,300	0,015	0,719
	Hirsch	0,373	0,212	0,368	0,022	0,780
	Thunfisch	0,073	0,047	0,067	0,004	0,178
	Pflanzen	0,239	0,161	0,215	0,011	0,588
Franchthi* SpN	Schaf/Ziege	0,350	0,221	0,336	0,015	0,787
	Hirsch	0,394	0,225	0,388	0,023	0,814
	Thunfisch	0,060	0,042	0,054	0,002	0,157
	Pflanzen	0,196	0,139	0,171	0,008	0,505
Franchthi* FiN	Schaf/Ziege	0,336	0,208	0,319	0,016	0,752
	Hirsch	0,380	0,213	0,382	0,021	0,790
	Thunfisch	0,074	0,046	0,070	0,004	0,174
	Pflanzen	0,210	0,149	0,186	0,007	0,537
Franchthi* N?	Schaf/Ziege	0,473	0,270	0,513	0,018	0,894
	Hirsch	0,339	0,245	0,296	0,009	0,790
	Thunfisch	0,081	0,057	0,072	0,003	0,201
	Pflanzen	0,107	0,094	0,082	0,003	0,336
MixSIAR: Festland						
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Mavropigi	Wild (Reh, Rothirsch)	0,259	0,198	0,219	0,010	0,740
	Schaf/Ziege	0,127	0,106	0,102	0,004	0,385
	Rind	0,126	0,105	0,102	0,005	0,380
	Pflanzen	0,488	0,176	0,527	0,060	0,753
Theopetra	Wild (Reh, Rothirsch)	0,283	0,197	0,252	0,013	0,719
	Schaf/Ziege	0,178	0,135	0,153	0,007	0,501
	Rind	0,165	0,128	0,139	0,006	0,485
	Pflanzen	0,373	0,168	0,384	0,042	0,670
Xirolimni	Wild (Reh, Rothirsch)	0,240	0,198	0,191	0,006	0,718
	Schaf/Ziege	0,254	0,199	0,210	0,006	0,718
	Rind	0,349	0,213	0,343	0,015	0,762
	Pflanzen	0,157	0,114	0,136	0,006	0,418

Tabelle A 44: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Populationen aus Griechenland. *: ohne Neugeborene, **FN**: Frühes Neolithikum, **F/MN**: Frühes/Mittleres Neolithikum, **MN**: Mittleres Neolithikum, **SpN**: Spätes Neolithikum, **Sp/FiN**: Spätes/Finales Neolithikum, **FiN**: Finales Neolithikum, **N?**: Neolithikum, Min: Minimaler Anteil; sd: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

			SISUS (Küste)				
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Min**	**Mittel-wert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Alepotrypa 4-Quellen	Schaf/Ziege	0,000	0,141	0,081	0,141	0,280	0,280
	Rind	0,060	0,117	0,033	0,117	0,175	0,115
	Hirsch	0,000	0,127	0,074	0,127	0,255	0,255
	Pflanzen	0,570	0,615	0,026	0,615	0,659	0,089
Alepotrypa FN	Schaf/Ziege	0,000	0,138	0,079	0,137	0,273	0,273
	Rind	0,000	0,155	0,033	0,155	0,212	0,112
	Hirsch	0,000	0,124	0,072	0,124	0,249	0,249
	Pflanzen	0,539	0,584	0,026	0,584	0,628	0,089
Alepotrypa MN	Schaf/Ziege	0,000	0,034	0,019	0,034	0,067	0,067
	Rind	0,343	0,356	0,007	0,356	0,369	0,026
	Hirsch	0,000	0,028	0,016	0,028	0,057	0,057
	Pflanzen	0,574	0,582	0,005	0,582	0,590	0,016
Alepotrypa SpN	Schaf/Ziege	0,000	0,143	0,082	0,142	0,284	0,284
	Rind	0,051	0,108	0,034	0,108	0,167	0,116
	Hirsch	0,000	0,128	0,075	0,129	0,258	0,258
	Pflanzen	0,575	0,621	0,026	0,620	0,665	0,090

Alepotrypa Sp/FiN	Schaf/Ziege	0,000	0,153	0,088	0,153	0,305	0,305
	Rind	0,051	0,114	0,037	0,114	0,178	0,126
	Hirsch	0,000	0,140	0,081	0,140	0,281	0,281
	Pflanzen	0,51	0,593	0,030	0,593	0,644	0,103
Alepotrypa 5-Quellen	Schaf/Ziege	0,000	0,118	0,078	0,08	0,281	0,281
	Rind	0,000	0,063	0,041	0,058	0,175	0,175
	Hirsch	0,000	0,149	0,072	0,158	0,257	0,257
	Thunfisch	0,000	0,010	0,006	0,009	0,027	0,027
	Pflanzen	0,570	0,661	0,034	0,664	0,712	0,146
Franchthi*	Schaf/Ziege	0,000	0,208	0,119	0,207	0,411	0,411
	Hirsch	0,000	0,211	0,124	0,212	0,427	0,427
	Thunfisch	0,089	0,105	0,009	0,105	0,121	0,032
	Pflanzen	0,452	0,476	0,014	0,476	0,500	0,047
Franchthi* F/MN	Schaf/Ziege	0,000	0,119	0,068	0,118	0,235	0,235
	Hirsch	0,000	0,115	0,067	0,116	0,233	0,233
	Thunfisch	0,053	0,060	0,699	0,706	0,706	0,712
	Pflanzen	0,699	0,706	0,004	0,706	0,712	0,013
Franchthi* SpN	Schaf/Ziege	0,000	0,219	0,126	0,219	0,434	0,434
	Hirsch	0,000	0,229	0,134	0,229	0,462	0,462
	Thunfisch	0,064	0,083	0,011	0,083	0,101	0,037
	Pflanzen	0,437	0,469	0,019	0,469	0,502	0,065
Franchthi* FiN	Schaf/Ziege	0,000	0,119	0,068	0,119	0,236	0,236
	Hirsch	0,000	0,119	0,070	0,119	0,241	0,241
	Thunfisch	0,077	0,085	0,005	0,085	0,093	0,017
	Pflanzen	0,666	0,677	0,006	0,677	0,687	0,021
Franchthi* N?	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
			SISUS (Festland)				
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Min**	**Mittel-wert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Bereich**
Mavropigi (Median) 4-Quellen	Reh	0,129	0,146	0,010	0,146	0,164	0,036
	Schaf/Ziege	0,000	0,084	0,049	0,085	0,168	0,168
	Rind	0,000	0,075	0,043	0,075	0,151	0,151
	Pflanzen	0,668	0,69	0,015	0,694	0,721	0,053
Mavropigi (Median) 5-Quellen	Reh	0,129	0,161	0,013	0,162	0,191	0,063
	Rothirsch	0,000	0,103	0,073	0,091	0,310	0,310
	Schaf/Ziege	0,000	0,056	0,040	0,049	0,168	0,168
	Rind	0,000	0,050	0,036	0,044	0,151	0,151
	Pflanzen	0,498	0,629	0,048	0,635	0,721	0,222
Theopetra (Median) 4-Quellen	Reh	0,027	0,073	0,026	0,073	0,117	0,090
	Schaf/Ziege	0,000	0,168	0,097	0,168	0,334	0,334
	Rind	0,000	0,148	0,087	0,149	0,299	0,299
	Pflanzen	0,549	0,611	0,036	0,611	0,674	0,125
Theopetra (Median) 5-Quellen	Reh	0,027	0,124	0,041	0,123	0,228	0,200
	Rothirsch	0,000	0,205	0,146	0,181	0,616	0,616
	Schaf/Ziege	0,000	0,111	0,080	0,098	0,334	0,334
	Rind	0,000	0,100	0,071	0,087	0,300	0,299
	Pflanzen	0,156	0,460	0,111	0,475	0,674	0,517

9.1.4.3 Serbien

Tabelle A 45: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Populationen aus Serbien. *: ohne Neugeborene.

	IsoConc	
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,355

(gesamt)	Süßwasser	0,108
v.1	Pflanzen	0,536
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,499
(gesamt)	Süßwasser	0,167
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,335
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,699
vor 6300 v. Chr.	Süßwasser	0,064
v.1	Pflanzen	0,237
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,776
vor 6300 v. Chr.	Süßwasser	0,116
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,108
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,312
nach 6300 v. Chr.	Süßwasser	0,084
v.1	Pflanzen	0,604
Lepenski Vir	Aqua-Mix	0,466
nach 6300 v. Chr.*	Süßwasser	0,118
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,416
Lepenski Vir*	Aqua-Mix	0,358
n.d.	Süßwasser	0,013
v.1	Pflanzen	0,329
Lepenski Vir	Aqua-Mix	0,520
n.d.*	Süßwasser	0,021
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,459
Vlasac*	Aqua-Mix	0,509
(gesamt)	Süßwasser	0,187
v.1	Pflanzen	0,305
Vlasac*	Aqua-Mix	0,600
(gesamt)	Süßwasser	0,256
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,144
Vlasac*	Aqua-Mix	0,523
vor 7600 v. Chr.	Süßwasser	0,163
v.1	Pflanzen	0,314
Vlasac*	Aqua-Mix	0,618
vor 7600 v. Chr.	Süßwasser	0,232
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,151
Vlasac*	Aqua-Mix	0,53
nach 7600 v. Chr.	Süßwasser	0,212
v.1	Pflanzen	0,285
Vlasac*	Aqua-Mix	0,588
nach 7600 v. Chr.	Süßwasser	0,280
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,131
Vlasac*	Aqua-Mix	0,589
n.d.	Süßwasser	0,283
v.1	Pflanzen	0,127
Vlasac*	Aqua-Mix	0,629
n.d.	Süßwasser	0,320
v.2	Wild (Reh, Rothirsch)	0,050

Tabelle A 46: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Populationen aus Serbien *: ohne Neugeborene; sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

		MixSIAR				
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Lepenski Vir* **(gesamt)**	Aqua-Mix	0,419	0,103	0,422	0,209	0,619
	Süßwasser	0,158	0,089	0,151	0,014	0,356
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,184	0,106	0,181	0,011	0,401
	Pflanzen	0,239	0,155	0,225	0,009	0,536

Lepenski Vir* vor 6300 v. Chr.	Aqua-Mix	0,681	0,105	0,688	0,460	0,862
	Süßwasser	0,124	0,089	0,111	0,007	0,319
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,071	0,053	0,061	0,003	0,197
	Pflanzen	0,123	0,089	0,106	0,005	0,327
Lepenski Vir* nach 6300 v. Chr.	Aqua-Mix	0,376	0,102	0,379	0,165	0,569
	Süßwasser	0,131	0,084	0,120	0,007	0,327
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,220	0,127	0,217	0,010	0,467
	Pflanzen	0,273	0,173	0,258	0,013	0,594
Lepenski Vir n.d.	Aqua-Mix	0,397	0,100	0,402	0,173	0,581
	Süßwasser	0,089	0,068	0,074	0,004	0,260
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,241	0,129	0,242	0,019	0,617
	Pflanzen	0,274	0,179	0,255	0,009	0,487
Vlasac* (gesamt)	Aqua-Mix	0,543	0,112	0,545	0,321	0,758
	Süßwasser	0,220	0,106	0,216	0,030	0,436
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,088	0,063	0,078	0,005	0,237
	Pflanzen	0,149	0,103	0,135	0,005	0,362
Vlasac* vor 7600 v. Chr.	Aqua-Mix	0,560	0,108	0,560	0,350	0,773
	Süßwasser	0,197	0,102	0,192	0,021	0,410
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,089	0,063	0,079	0,004	0,231
	Pflanzen	0,154	0,103	0,141	0,007	0,371
Vlasac* nach 7600 v. Chr.	Aqua-Mix	0,529	0,115	0,528	0,282	0,742
	Süßwasser	0,236	0,109	0,235	0,037	0,460
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,084	0,063	0,072	0,004	0,231
	Pflanzen	0,151	0,102	0,137	0,007	0,374
Vlasac* n.d.	Aqua-Mix	0,570	0,118	0,573	0,315	0,805
	Süßwasser	0,274	0,120	0,272	0,047	0,535
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,052	0,049	0,040	0,002	0,177
	Pflanzen	0,104	0,079	0,088	0,004	0,297

Tabelle A 47: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Populationen aus Serbien. *: ohne Neugeborene, Min: Minimaler Anteil; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

		SISUS					
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Min**	**Mittelwert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Lepenski Vir* (gesamt)	Aqua-Mix	0,312	0,374	0,036	0,374	0,435	0,123
	Süßwasser	0,162	0,201	0,022	0,201	0,239	0,077
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,164	0,094	0,164	0,325	0,325
	Pflanzen	0,000	0,261	0,152	0,261	0,526	0,526
Lepenski Vir* vor 6300 v. Chr.	Aqua-Mix	0,622	0,652	0,017	0,652	0,681	0,059
	Süßwasser	0,172	0,200	0,016	0,200	0,227	0,054
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,047	0,027	0,047	0,093	0,093
	Pflanzen	0,000	0,102	0,060	0,102	0,206	0,206
Lepenski Vir* nach 6300 v. Chr.	Aqua-Mix	0,276	0343	0,038	0,342	0,408	0,133
	Süßwasser	0,130	0,157	0,016	0,157	0,185	0,055
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,205	0,118	0,205	0,407	0,407
	Pflanzen	0,000	0,295	0,172	0,295	0,595	0,595
Lepenski Vir* n.d.	Aqua-Mix	0,315	0,386	0,041	0,386	0,456	0,140
	Süßwasser	0,065	0,080	0,009	0,080	0,095	0,031
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,226	0,130	0,226	0,449	0,449
	Pflanzen	0,000	0,307	0,179	0,308	0,620	0,620
Vlasac* (gesamt)	Aqua-Mix	0,451	0,489	0,022	0,489	0,526	0,074
	Süßwasser	0,266	0,304	0,022	0,304	0,342	0,077
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,067	0,034	0,067	0,132	0,132
	Pflanzen	0,000	0,140	0,082	0,140	0,283	0,283
Vlasac*	Aqua-Mix	0,464	0,503	0,022	0,503	0,541	0,077
	Süßwasser	0,244	0,283	0,022	0,283	0,320	0,077

vor 7600 v. Chr.	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,070	0,040	0,070	0,138	0,138
	Pflanzen	0,000	0,145	0,085	0,145	0,292	0,292
Vlasac* nach 7600 v. Chr.	Aqua-Mix	0,442	0,479	0,021	0,479	0,514	0,073
	Süßwasser	0,281	0,320	0,022	0,320	0,358	0,077
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,065	0,037	0,065	0,128	0,128
	Pflanzen	0,000	0,137	0,080	0,137	0,277	0,277
Vlasac* n.d.	Aqua-Mix	0,525	0,538	0,008	0,538	0,551	0,027
	Süßwasser	0,378	0,385	0,009	0,395	0,411	0,033
	Wild (Reh, Rothirsch)	0,000	0,019	0,012	0,019	0,038	0,038
	Pflanzen	0,000	0,048	0,028	0,048	0,097	0,097

9.1.4.4 Deutschland – Spätantike

Tabelle A 48: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Population aus Erding-Klettham.

	IsoConc	
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Erding-Klettham Modell A	Rind	0,372
	Rothirsch	0,088
	Pflanzen	0,540
Erding-Klettham Modell B	Rothirsch	0,069
	Schwein	0,410
	Pflanzen	0,521
Erding-Klettham Modell C	Rothirsch	0,123
	Schaf/Ziege	0,284
	Pflanzen	0,593

Tabelle A 49: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Population aus Erding-Klettham. sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

		MixSIAR				
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Erding-Klettham	Rind	0,144	0,104	0,126	0,011	0,374
	Schaf/Ziege	0,101	0,080	0,083	0,003	0,299
	Schwein	0,241	0,174	0,212	0,008	0,667
	Pflanzen	0,513	0,143	0,536	0,137	0,725

Tabelle A 50: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Population aus Erding-Klettham. Min: Minimaler Anteil; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

		SISUS					
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Min**	**Mittelwert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Erding-Klettham	Rothirsch	0,056	0,081	0,011	0,080	0,111	0,055
	Schwein	0,000	0,143	0,102	0,125	0,432	0,432
	Rind	0,000	0,132	0,093	0,115	0,393	0,393
	Schaf/Ziege	0,000	0,101	0,072	0,088	0,302	0,302
	Pflanzen	0,512	0,544	0,016	0,541	0,587	0,075

9.1.4.5 Deutschland – Frühmittelalter

Tabelle A 51: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Frühmittelalter). *: ohne Neugeborene, **: ohne Neugeborene und Infans 1.

	IsoConc	
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Bruckmühl (gesamt) Modell A	Pflanzen	0,472
	Rind	0,184
	Schwein	0,344
Bruckmühl (gesamt) Modell B	Huhn	0,351
	Pflanzen	0,185
	Rind	0,465
Bruckmühl Ost Modell A	Pflanzen	0,563
	Rind	0,099
	Schwein	0,338
Bruckmühl Ost Modell B	Huhn	0,339
	Pflanzen	0,295
	Rind	0,366
Bruckmühl West Modell A	Pflanzen	0,446
	Rind	0,179
	Schwein	0,375
Bruckmühl West Modell B	Huhn	0,401
	Pflanzen	0,123
	Rind	0,476
Erding-Altenerding Modell A	Huhn	0,411
	Pflanzen	0,393
	Rind	0,196
Erding-Altenerding Modell B	Huhn	0,205
	Pflanzen	0,569
	Schaf/Ziege	0,225
Ingolstadt-Etting Modell A	Huhn	-
	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
Ingolstadt-Etting Modell B	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
	Schwein	-
Großmehring* (gesamt) Modell A	Huhn	-
	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
Großmehring* (gesamt) Modell B	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
	Schwein	-
Großmehring Bestattungsplatz 1 Modell A	Huhn	0,037
	Rind	0,438
	Schaf/Ziege	0,526
Großmehring Bestattungsplatz 1 Modell B	Rind	0,450
	Schaf/Ziege	0,474
	Schwein	0,076
Großmehring* Bestattungsplatz 2 Modell A	Huhn	-
	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
Großmehring* Bestattungsplatz 2 Modell B	Rind	-
	Schaf/Ziege	-
	Schwein	-
Großmehring Bestattungsplatz 3 Modell A	Huhn	-
	Rind	-
	Schaf/Ziege	-

Großmehring	Rind	0,080
Bestattungsplatz 3	Schaf/Ziege	0,015
Modell B	Schwein	0,905
Großmehring	Huhn	0,393
Bestattungsplatz 4	Rind	0,240
Modell A	Schaf/Ziege	0,368
Großmehring	Rind	-
Bestattungsplatz 4	Schaf/Ziege	-
Modell B	Schwein	-
Kelheim	Pflanzen	-
Modell A	Schaf/Ziege	-
	Schwein	-
Kelheim	Rind	-
Modell B	Schaf/Ziege	-
	Schwein	-
Straubing	Huhn	0,256
Modell A	Pflanzen	0,540
	Schaf/Ziege	0,204
Straubing	Huhn	0,453
Modell B	Pflanzen	0,280
	Rind	0,267
Straubing	Huhn	0,249
Phase 1	Pflanzen	0,597
Modell A	Schaf/Ziege	0,154
Straubing	Huhn	0,386
Phase 1	Pflanzen	0,408
Modell B	Rind	0,206
Straubing	Huhn	0,173
Phase 2	Pflanzen	0,546
Modell A	Schaf/Ziege	0,281
Straubing	Huhn	0,440
Phase 2	Pflanzen	0,161
Modell B	Rind	0,400
Straubing	Huhn	0,245
Phase 3	Pflanzen	0,462
Modell A	Schaf/Ziege	0,293
Straubing	Huhn	0,559
Phase 3	Pflanzen	0,017
Modell B	Rind	0,424
Straubing	Huhn	0,268
Phase 4	Pflanzen	0,466
Modell A	Schaf/Ziege	0,266
Straubing	Huhn	0,552
Phase 4	Pflanzen	0,068
Modell B	Rind	0,380
Straubing	Huhn	0,105
Phase 5	Pflanzen	0,264
Modell A	Schaf/Ziege	0,631
Straubing	Huhn	x
Phase 5	Pflanzen	x
Modell B	Rind	x
Straubing	Huhn	0,279
Phase ?	Pflanzen	0,563
Modell A	Schaf/Ziege	0,157
Straubing	Huhn	0,427
Phase ?	Pflanzen	0,362
Modell B	Rind	0,211

Unterigling Modell A**	Pflanzen	0,573
	Rind	0,233
	Schwein	0,194
Unterigling Modell B**	Huhn	0,161
	Pflanzen	0,458
	Rind	0,381

Tabelle A 52: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Frühmittelalter). *: ohne Individuum B8, **: ohne Neugeborene, ***: ohne Neugeborene und Infans 1; sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

		MixSIAR				
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Bruckmühl* (gesamt)	Huhn	0,162	0,137	0,124	0,058	0,507
	Pflanzen	0,253	0,171	0,229	0,111	0,616
	Rind	0,201	0,150	0,173	0,082	0,560
	Schaf/Ziege	0,184	0,146	0,150	0,069	0,548
	Schwein	0,200	0,154	0,170	0,075	0,580
Bruckmühl Ost	Huhn	0,172	0,144	0,134	0,006	0,541
	Pflanzen	0,257	0,172	0,233	0,012	0,627
	Rind	0,186	0,144	0,156	0,006	0,545
	Schaf/Ziege	0,181	0,142	0,148	0,007	0,518
	Schwein	0,203	0,156	0,171	0,008	0,581
Bruckmühl* West	Huhn	0,167	0,138	0,133	0,005	0,520
	Pflanzen	0,246	0,168	0,222	0,012	0,603
	Rind	0,199	0,151	0,165	0,007	0,558
	Schaf/Ziege	0,188	0,143	0,157	0,008	0,532
	Schwein	0,201	0,153	0,166	0,007	0,569
Erding-Altenerding	Huhn	0,175	0,151	0,134	0,006	0,560
	Pflanzen	0,316	0,179	0,310	0,022	0,661
	Rind	0,158	0,133	0,123	0,005	0,492
	Schaf/Ziege	0,150	0,124	0,119	0,005	0,461
	Schwein	0,202	0,157	0,166	0,006	0,583
Ingolstadt-Etting	Huhn	0,133	0,163	0,065	0,002	0,591
	Pflanzen	0,129	0,140	0,083	0,003	0,575
	Rind	0,273	0,253	0,174	0,005	0,808
	Schaf/Ziege	0,284	0,254	0,184	0,007	0,806
	Schwein	0,181	0,209	0,091	0,003	0,740
Großmehring (gesamt)**	Huhn	0,199	0,140	0,175	0,009	0,539
	Pflanzen	0,183	0,137	0,157	0,005	0,500
	Rind	0,183	0,145	0,150	0,006	0,524
	Schaf/Ziege	0,224	0,162	0,200	0,008	0,588
	Schwein	0,212	0,158	0,178	0,010	0,586
Großmehring Bestattungsplatz 1	Huhn	0,130	0,113	0,099	0,004	0,431
	Pflanzen	0,211	0,158	0,178	0,008	0,581
	Rind	0,238	0,172	0,205	0,010	0,631
	Schaf/Ziege	0,237	0,166	0,212	0,010	0,614
	Schwein	0,185	0,148	0,150	0,006	0,543
Großmehring Bestattungsplatz 2**	Huhn	0,221	0,148	0,201	0,010	0,570
	Pflanzen	0,167	0,128	0,141	0,006	0,474
	Rind	0,175	0,140	0,143	0,005	0,518
	Schaf/Ziege	0,218	0,161	0,188	0,008	0,600
	Schwein	0,218	0,163	0,187	0,007	0,599

Großmehring Bestattungsplatz 3	Huhn	0,201	0,141	0,177	0,008	0,530
	Pflanzen	0,177	0,134	0,151	0,006	0,497
	Rind	0,188	0,148	0,155	0,006	0,547
	Schaf/Ziege	0,219	0,163	0,188	0,009	0,608
	Schwein	0,215	0,160	0,181	0,007	0,587
Großmehring Bestattungsplatz 4	Huhn	0,175	0,135	0,144	0,007	0,507
	Pflanzen	0,208	0,149	0,184	0,009	0,552
	Rind	0,195	0,147	0,164	0,007	0,543
	Schaf/Ziege	0,212	0,159	0,182	0,008	0,586
	Schwein	0,209	0,156	0,178	0,008	0,578
Kelheim	Huhn	0,190	0,135	0,164	0,008	0,508
	Pflanzen	0,166	0,128	0,137	0,006	0,463
	Rind	0,195	0,152	0,160	0,007	0,555
	Schaf/Ziege	0,244	0,173	0,219	0,008	0,627
	Schwein	0,205	0,163	0,168	0,007	0,595
Straubing (gesamt)	Huhn	0,179	0,144	0,141	0,008	0,546
	Pflanzen	0,260	0,172	0,240	0,010	0,609
	Rind	0,179	0,145	0,144	0,006	0,558
	Schaf/Ziege	0,176	0,142	0,144	0,007	0,534
	Schwein	0,205	0,157	0,174	0,006	0,582
Straubing Phase 1	Huhn	0,184	0,150	0,145	0,007	0,562
	Pflanzen	0,272	0,180	0,251	0,011	0,646
	Rind	0,174	0,142	0,139	0,007	0,529
	Schaf/Ziege	0,162	0,38	0,127	0,006	0,516
	Schwein	0,208	0,159	0,176	0,008	0,599
Straubing Phase 2	Huhn	0,170	0,138	0,135	0,008	0,523
	Pflanzen	0,254	0,171	0,235	0,011	0,619
	Rind	0,190	0,147	0,158	0,007	0,547
	Schaf/Ziege	0,182	0,140	0,156	0,006	0,527
	Schwein	0,203	0,152	0,171	0,008	0,566
Straubing Phase 3	Huhn	0,184	0,142	0,154	0,007	0,526
	Pflanzen	0,241	0,165	0,215	0,012	0,592
	Rind	0,184	0,142	0,154	0,006	0,526
	Schaf/Ziege	0,185	0,143	0,152	0,008	0,533
	Schwein	0,206	0,155	0,178	0,006	0,582
Straubing Phase 4	Huhn	0,178	0,138	0,149	0,008	0,515
	Pflanzen	0,248	0,163	0,228	0,012	0,603
	Rind	0,181	0,145	0,146	0,007	0,544
	Schaf/Ziege	0,182	0,141	0,152	0,006	0,518
	Schwein	0,212	0,156	0,180	0,010	0,576
Straubing Phase 5	Huhn	0,160	0,127	0,130	0,007	0,474
	Pflanzen	0,184	0,137	0,155	0,007	0,497
	Rind	0,224	0,158	0,199	0,009	0,581
	Schaf/Ziege	0,239	0,167	0,213	0,011	0,622
	Schwein	0,193	0,150	0,161	0,007	0,567
Straubing Phase ?	Huhn	0,182	0,145	0,146	0,007	0,468
	Pflanzen	0,272	0,174	0,257	0,014	0,575
	Rind	0,172	0,136	0,140	0,006	0,439
	Schaf/Ziege	0,168	0,140	0,134	0,006	0,449
	Schwein	0,207	0,156	0,173	0,008	0,505
Unterigling* **	Huhn	0,1666	0,141	0,129	0,005	0,515
	Pflanzen	0,265	0,181	0,240	0,011	0,649
	Rind	0,202	0,154	0,173	0,006	0,569
	Schaf/Ziege	0,176	0,141	0,145	0,006	0,534
	Schwein	0,190	0,151	0,155	0,007	0,561

Tabelle A 53: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Frühmittelalter). * ohne Individuum B8, **: ohne Neugeborene, ***: ohne Neugeborene und Infans 1, Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

		SISUS					
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Min**	**MW**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Bruckmühl* (gesamt)	Huhn	0,000	0,138	0,083	0,129	0,363	0,363
	Pflanzen	0,169	0,419	0,092	0,430	0,582	0,413
	Rind	0,000	0,186	0,107	0,177	0,467	0,467
	Schaf/Ziege	0,000	0,121	0,081	0,113	0,329	0,329
	Schwein	0,000	0,135	0,091	0,124	0,376	0,376
Bruckmühl Ost	Huhn	0,000	0,155	0,081	0,153	0,358	0,358
	Pflanzen	0,272	0,481	0,075	0,494	0,605	0,332
	Rind	0,000	0,132	0,086	0,118	0,369	0,369
	Schaf/Ziege	0,000	0,094	0,064	0,085	0,267	0,267
	Schwein	0,000	0,138	0,094	0,124	0,375	0,375
Bruckmühl West*	Huhn	0,000	0,159	0,093	0,148	0,410	0,410
	Pflanzen	0,098	0,377	0,102	0,390	0,554	0,455
	Rind	0,000	0,192	0,113	0,181	0,493	0,493
	Schaf/Ziege	0,000	0,126	0,084	0,116	0,343	0,343
	Schwein	0,000	0,147	0,099	0,135	0,407	0,407
Erding-Altenerding	Huhn	0,022	0,242	0,085	0,246	0,440	0,418
	Pflanzen P-Wert -24,0	0,373	0,492	0,043	0,498	0,575	0,202
	Rind	0,000	0,063	0,044	0,055	0,187	0,187
	Schaf/Ziege	0,000	0,070	0,050	0,062	0,210	0,210
	Schwein	0,000	0,133	0,095	0,117	0,403	0,403
Erding-Altenerding	Huhn	0,000	0,144	0,102	0,127	0,431	0,431
	Pflanzen P-Wert -23,0	0,232	0,349	0,046	0,351	0,457	0,225
	Rind	0,051	0,207	0,059	0,212	0,337	0,287
	Schaf/Ziege	0,000	0,164	0,117	0,143	0,492	0,492
	Schwein	0,000	0,137	0,098	0,118	0,410	0,410
Erding-Altenerding	Huhn	0,000	0,132	0,090	0,119	0,440	0,440
	Pflanzen P-Wert -24,0	0,373	0,508	0,042	0,512	0,599	0,226
	Rind	0,000	0,087	0,054	0,083	0,244	0,244
	Schaf/Ziege	0,000	0,077	0,054	0,067	0,244	0,244
	Schwein	0,000	0,105	0,081	0,086	0,407	0,407
	Milch (Rind, Schaf/Ziege)	0,000	0,091	0,061	0,082	0,300	0,300
Ingolstadt-Etting	Huhn	-	-	-	-	-	-
	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Rind	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Schwein	-	-	-	-	-	-
Großmehring (gesamt)**	Huhn	0,000	0,022	0,015	0,019	0,064	0,064
	Pflanzen	0,000	0,019	0,014	0,017	0,059	0,059
	Rind	0,000	0,015	0,011	0,013	0,045	0,045
	Schaf/Ziege	0,015	0,148	0,023	0,013	0,045	0,045
	Schwein	0,681	0,797	0,026	0,800	0,851	0,125
Großmehring (gesamt)**	Huhn	0,000	0,037	0,028	0,031	0,143	0,143
	Pflanzen	0,000	0,040	0,030	0,034	0,154	0,154
	Rind	0,000	0,033	0,025	0,028	0,128	0,128
	Schaf/Ziege	0,104	0,388	0,103	0,407	0,597	0,494
	Schwein	0,000	0,292	0,210	0,251	0,851	0,851
	Milch (Rind, Schaf/Ziege)	0,000	0,209	0,088	0,225	0,387	0,387

Großmehring Bestattungsplatz 1	Huhn	0,000	0,012	0,009	0,012	0,037	0,037
	Pflanzen	0,000	0,068	0,048	0,060	0,204	0,204
	Rind	0,229	0,373	0,050	0,381	0,450	0,220
	Schaf/Ziege	0,474	0,522	0,019	0,523	0,567	0,092
	Schwein	0,000	0,025	0,018	0,022	0,076	0,076
Großmehring Bestattungsplatz 2**	Huhn	-	-	-	-	-	-
	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Rind	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Schwein	-	-	-	-	-	-
Großmehring Bestattungsplatz 3	Huhn	0,000	0,038	0,027	0,034	0,114	0,114
	Pflanzen	0,000	0,034	0,024	0,029	0,102	0,102
	Rind	0,000	0,027	0,019	0,023	0,080	0,080
	Schaf/Ziege	0,015	0,094	0,040	0,089	0,205	0,189
	Schwein	0,681	0,807	0,047	0,812	0,905	0,223
Großmehring Bestattungsplatz 4	Huhn	0,000	0,200	0,090	0,120	0,393	0,393
	Pflanzen	0,000	0,179	0,105	0,177	0,420	0,420
	Rind	0,000	0,149	0,088	0,147	0,352	0,350
	Schaf/Ziege	0,000	0,184	0,111	0,176	0,412	0,412
	Schwein	0,000	0,288	0,156	0,297	0,580	0,580
Kelheim	Huhn	-	-	-	-	-	-
	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
	Rind	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Schwein	-	-	-	-	-	-
Straubing (gesamt)	Huhn	0,088	0,286	0,079	0,288	0,473	0,386
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,5}}$	0,244	0,429	0,067	0,440	0,547	0,303
	Rind	0,000	0,095	0,067	0,083	0,283	0,283
	Schaf/Ziege	0,000	0,069	0,049	0,060	0,208	0,208
	Schwein	0,000	0,121	0,086	0,106	0,365	0,365
Straubing (gesamt)	Huhn	0,000	0,176	0,108	0,162	0,471	0,471
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,0}}$	0,162	0,368	0,076	0,377	0,507	0,345
	Rind	0,000	0,152	0,084	0,148	0,366	0,366
	Schaf/Ziege	0,000	0,146	0,098	0,134	0,390	0,390
	Schwein	0,000	0,158	0,106	0,146	0,443	0,443
Straubing Phase 1	Huhn	0,137	0,280	0,057	0,282	0,414	0,277
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,5}}$	0,377	0,505	0,046	0,513	0,585	0,208
	Rind	0,000	0,070	0,050	0,061	0,209	0,209
	Schaf/Ziege	0,000	0,053	0,037	0,046	0,158	0,158
	Schwein	0,000	0,092	0,066	0,081	0,279	0,279
Straubing Phase 2	Huhn	0,000	0,206	0,100	0,205	0,451	0,451
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,5}}$	0,146	0,401	0,091	0,417	0,552	0,406
	Rind	0,000	0,139	0,094	0,123	0,402	0,402
	Schaf/Ziege	0,000	0,098	0,068	0,087	0,286	0,286
	Schwein	0,000	0,157	0,109	0,138	0,434	0,434
Straubing Phase 3	Huhn	0,000	0,274	0,119	0,276	0,561	0,561
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,5}}$	0,015	0,313	0,108	0,331	0,502	0,487
	Rind	0,000	0,143	0,101	0,125	0,424	0,424
	Schaf/Ziege	0,000	0,100	0,071	0,087	0,298	0,298
	Schwein	0,000	0,170	0,121	0,148	0,493	0,493
Straubing Phase 4	Huhn	0,025	0,297	0,109	0,299	0,558	0,534
	Pflanzen $^{\text{P-Wert -24,5}}$	0,061	0,329	0,097	0,345	0,505	0,444
	Rind	0,000	0,128	0,090	0,112	0,381	0,381
	Schaf/Ziege	0,000	0,090	0,064	0,079	0,271	0,271
	Schwein	0,000	0,156	0,111	0,136	0,470	0,470

Straubing Phase 5	Huhn	0,000	0,101	0,065	0,094	0,270	0,270
	Pflanzen P-Wert -24,5	0,000	0,112	0,074	0,103	0,284	0,284
	Rind	0,000	0,161	0,83	0,166	0,342	0,342
	Schaf/Ziege	0,108	0,420	0,114	0,436	0,638	0,530
	Schwein	0,000	0,207	0,129	0,196	0,550	0,550
Straubing Phase ?	Huhn	0,160	0,311	0,060	0,313	0,454	0,294
	Pflanzen P-Wert -24,5	0,332	0,469	0,050	0,477	0,556	0,225
	Rind	0,000	0,072	0,051	0,063	0,215	0,215
	Schaf/Ziege	0,000	0,054	0,038	0,047	0,161	0,161
	Schwein	0,000	0,094	0,067	0,083	0,284	0,284
Unterigling* **	Huhn	0,000	0,061	0,043	0,053	0,181	0,181
	Pflanzen	0,434	0,573	0,059	0,570	0,723	0,278
	Rind	0,00	0,195	0,082	0,200	0,385	0,385
	Schaf/Ziege	0,000	0,097	0,069	0,086	0,281	0,281
	Schwein	0,000	0,074	0,065	0,065	0,225	0,225

9.1.4.6 Deutschland – Hoch-/Spätmittelalter

Tabelle A 54: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). *: ohne Neugeborene und Infans 1.

	IsoConc	
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Anteil**
Regensburg Modell A	Gans	0,122 | ♂ 0,077 | ♀ 0,179
	Schaf/Ziege	0,358 | ♂ 0,312 | ♀ 0,356
	Schwein	0,520| ♂ 0,611 | ♀ 0,468
Regensburg Modell B	Gans	0,357| ♂ 0,281 | ♀ 0,408
	Rind	0,211| ♂ 0,184 | ♀ 0,211
	Schwein	0,432| ♂ 0,535 | ♀ 0,381
Zeholfing* (gesamt) Modell A	Pflanzen	0,372
	Schaf/Ziege	0,469
	Schwein	0,159
Zeholfing* (gesamt) Modell B	Rind	0,347
	Schaf/Ziege	0,392
	Schwein	0,260
Zeholfing* Horizont 1 Modell A	Pflanzen	0,327
	Schaf/Ziege	0,502
	Schwein	0,171
Zeholfing* Horizont 1 Modell B	Rind	0,294
	Schaf/Ziege	0,446
	Schwein	0,260
Zeholfing* Horizont 2 Modell A	Pflanzen	0,605
	Schaf/Ziege	0,158
	Schwein	0,237
Zeholfing* Horizont 2 Modell B	Rind	x
	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x

Tabelle A 55: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). *: ohne Neugeborene und Infans 1; sd: Standardabweichung; 2,5 %: 0,25-Quartil; 97,5 %: 0,975-Quartil.

		MixSIAR				
Fundort	**Nahrungsquellen**	**Mittelwert**	**sd**	**50 % (Median)**	**2,5 %**	**97,5 %**
Regensburg	Gans	0,244	0,160	0,222	0,009	0,589
	Pflanzen	0,174	0,128	0,145	0,005	0,469
	Rind	0,159	0,132	0,126	0,006	0,494
	Schaf/Ziege	0,190	0,144	0,161	0,007	0,545
	Schwein	0,234	0,162	0,210	0,011	0,590
Regensburg ♀	Gans	0,245	0,160	0,226	0,012	0,590
	Pflanzen	0,171	0,126	0,146	0,007	0,461
	Rind	0,160	0,136	0,124	0,005	0,511
	Schaf/Ziege	0,188	0,149	0,154	0,008	0,560
	Schwein	0,235	0,162	0,212	0,009	0,605
Regensburg ♂	Gans	0,249	0,165	0,230	0,012	0,605
	Pflanzen	0,173	0,130	0,147	0,006	0,462
	Rind	0,153	0,130	0,119	0,005	0,477
	Schaf/Ziege	0,180	0,145	0,147	0,006	0,531
	Schwein	0,244	0,164	0,222	0,011	0,610
Zeholfing* (gesamt)	Huhn	0,157	0,132	0,124	0,005	0,514
	Pflanzen	0,192	0,139	0,169	0,008	0,510
	Rind	0,188	0,1348	0,154	0,007	0,554
	Schaf/Ziege	0,233	0,169	0,201	0,007	0,610
	Schwein	0,230	0,149	0,210	0,009	0,560
Zeholfing* Horizont 1	Huhn	0,150	0,127	0,117	0,005	0,479
	Pflanzen	0,186	0,139	0,161	0,007	0,508
	Rind	0,191	0,151	0,155	0,006	0,550
	Schaf/Ziege	0,241	0,171	0,210	0,013	0,622
	Schwein	0,232	0,155	0,213	0,010	0,573
Zeholfing* Horizont 2	Huhn	0,155	0,135	0,117	0,006	0,509
	Pflanzen	0,228	0,163	0,201	0,009	0,580
	Rind	0,188	0,144	0,152	0,009	0,536
	Schaf/Ziege	0,206	0,156	0,173	0,008	0,596
	Schwein	0,223	0,146	0,205	0,011	0,555

Tabelle A 56: Prozentuale Biomassenanteile der Nahrungsquellen aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Populationen aus Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter). ohne Neugeborene und Infans 1. Min: Minimaler Anteil; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

		SISUS					
Fundort	**Nahrungs-quellen**	**Min**	**Mittelwert**	**sd**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Regensburg	Gans	0,122	0,332	0,080	0,338	0,52	0,393
	Pflanzen	0,000	0,146	0,103	0,127	0,437	0,437
	Rind	0,000	0,071	0,050	0,103	0,211	0,211
	Schaf/Ziege	0,000	0,118	0,084	0,103	0,358	0,358
	Schwein	0,048	0,333	0,102	0,350	0,520	0,472
Regensburg ♀	Gans	0,176	0,381	0,078	0,388	0,558	0,383
	Pflanzen	0,000	0,146	0,104	0,128	0,439	0,439
	Rind	0,000	0,071	0,050	0,063	0,211	0,211
	Schaf/Ziege	0,000	0,118	0,084	0,104	0,356	0,356
	Schwein	0,002	0,284	0,101	0,300	0,468	0,468

Regensburg ♂	Gans	0,077	0,263	0,072	0,268	0,429	0,353
	Pflanzen	0,000	0,129	0,092	0,113	0,388	0,388
	Rind	0,000	0,062	0,044	0,055	0,184	0,184
	Schaf/Ziege	0,000	0,103	0,073	0,090	0,312	0,312
	Schwein	0,182	0,443	0,093	0,458	0,611	0,429
Regensburg	Gans	0,000	0,232	0,105	0,236	0,515	0,515
	Pflanzen	0,000	0,119	0,090	0,100	0,450	0,450
	Rind	0,000	0,091	0,061	0,085	0,283	0,283
	Schaf/Ziege	0,000	0,160	0,101	0,150	0,425	0,425
	Schwein	0,000	0,176	0,116	0,161	0,520	0,520
	Milch	0,000	0,222	0,136	0,212	0,586	0,586
Regensburg ♀	Gans	0,000	0,278	0,108	0,285	0,558	0,558
	Pflanzen	0,000	0,111	0,086	0,092	0,440	0,440
	Rind	0,000	0,089	0,060	0,082	0,276	0,276
	Schaf/Ziege	0,000	0,166	0,105	0,156	0,451	0,451
	Schwein	0,000	0,153	0,104	0,139	0,468	0,468
	Milch	0,000	0,203	0,128	0,189	0,555	0,555
Regensburg ♂	Gans	0,000	0,174	0,091	0,173	0,430	0,430
	Pflanzen	0,000	0,127	0,090	0,113	0,437	0,437
	Rind	0,000	0,087	0,058	0,079	0,274	0,274
	Schaf/Ziege	0,000	0,129	0,083	0,120	0,356	0,356
	Schwein	0,000	0,223	0,141	0,209	0,611	0,611
	Milch	0,000	0,262	0,150	0,254	0,656	0,656
Zeholfing* (gesamt)	Huhn	0,000	0,158	0,111	0,140	0,450	0,450
	Pflanzen	0,000	0,124	0,088	0,110	0,372	0,372
	Rind	0,000	0,116	0,081	0,103	0,347	0,347
	Schaf/Ziege	0,000	0,279	0,108	0,296	0,469	0,469
	Schwein	0,159	0,323	0,083	0,312	0,533	0,373
Zeholfing* Horizont 1	Huhn	0,000	0,137	0,097	0,121	0,411	0,411
	Pflanzen	0,000	0,109	0,077	0,096	0,327	0,327
	Rind	0,000	0,098	0,069	0,086	0,294	0,294
	Schaf/Ziege	0,077	0,341	0,095	0,357	0,502	0,425
	Schwein	0,171	0,314	0,072	0,304	0,512	0,341
Zeholfing* Horizont 2	Huhn	0,0000	0,046	0,032	0,040	0,138	0,138
	Pflanzen	0,264	0,459	0,072	0,469	0,605	0,341
	Rind	0,000	0,130	0,092	0,114	0,391	0,391
	Schaf/Ziege	0,000	0,052	0,037	0,046	0,158	0,158
	Schwein	0,237	0,312	0,027	0,317	0,355	0,118

9.2 Abbildungen

9.2.1 Türkei

9.2.1.1 Bivariate Abbildungen

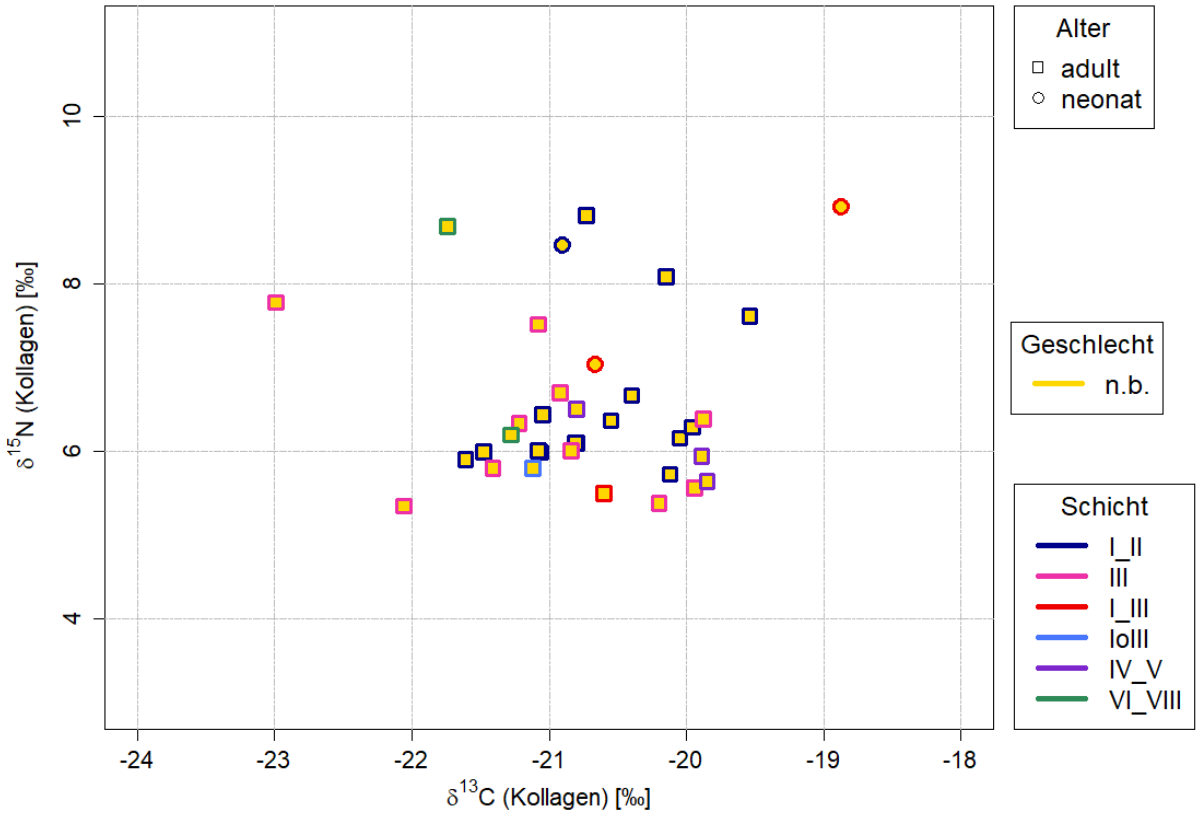


Abbildung A 1: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Nevalı Çori. **n.b.:** nicht bestimmt

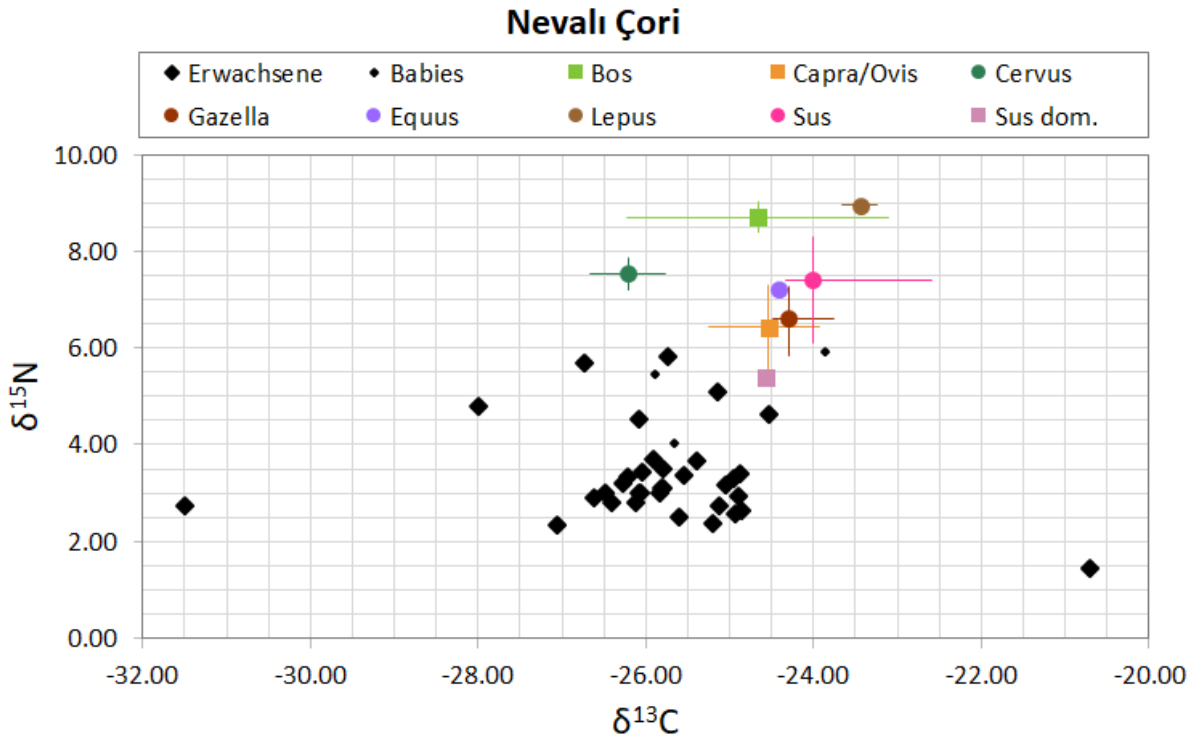


Abbildung A 2: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus Nevalı Çori.

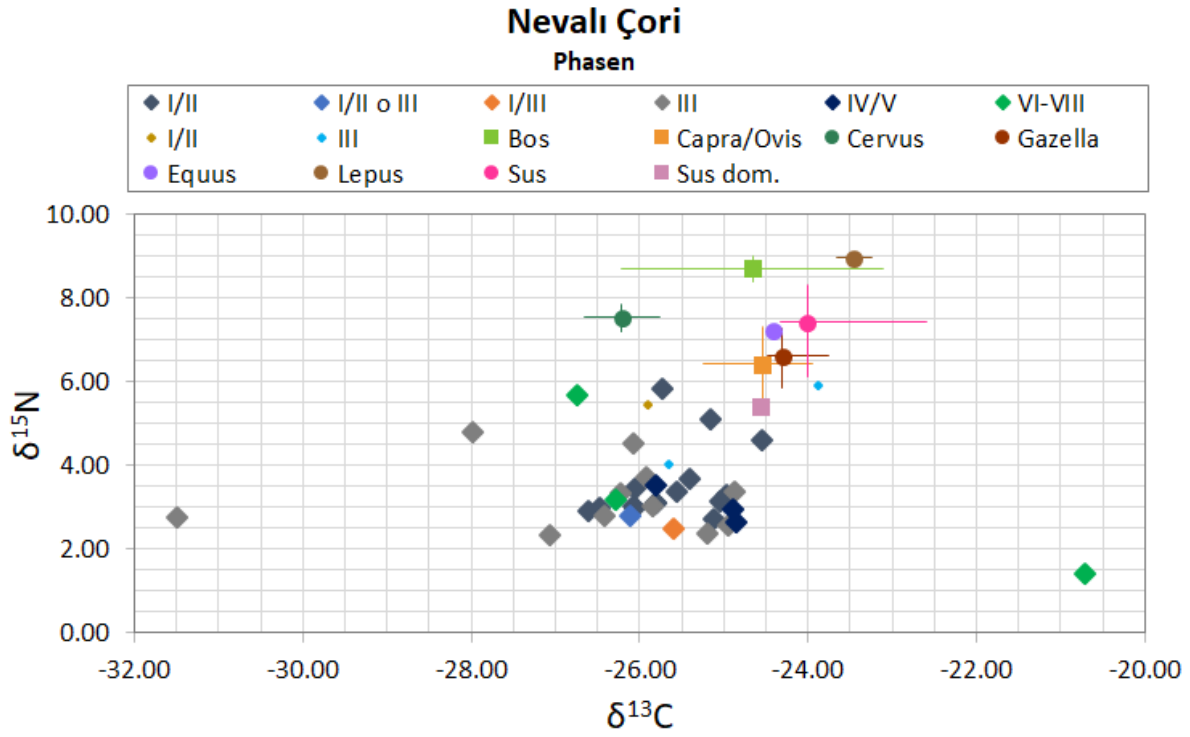


Abbildung A 3: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus Nevalı Çori unterteilt nach archäologischen Phasen.

9.2.1.2 MixSIAR: Nevalı Çori – Populationsmedian

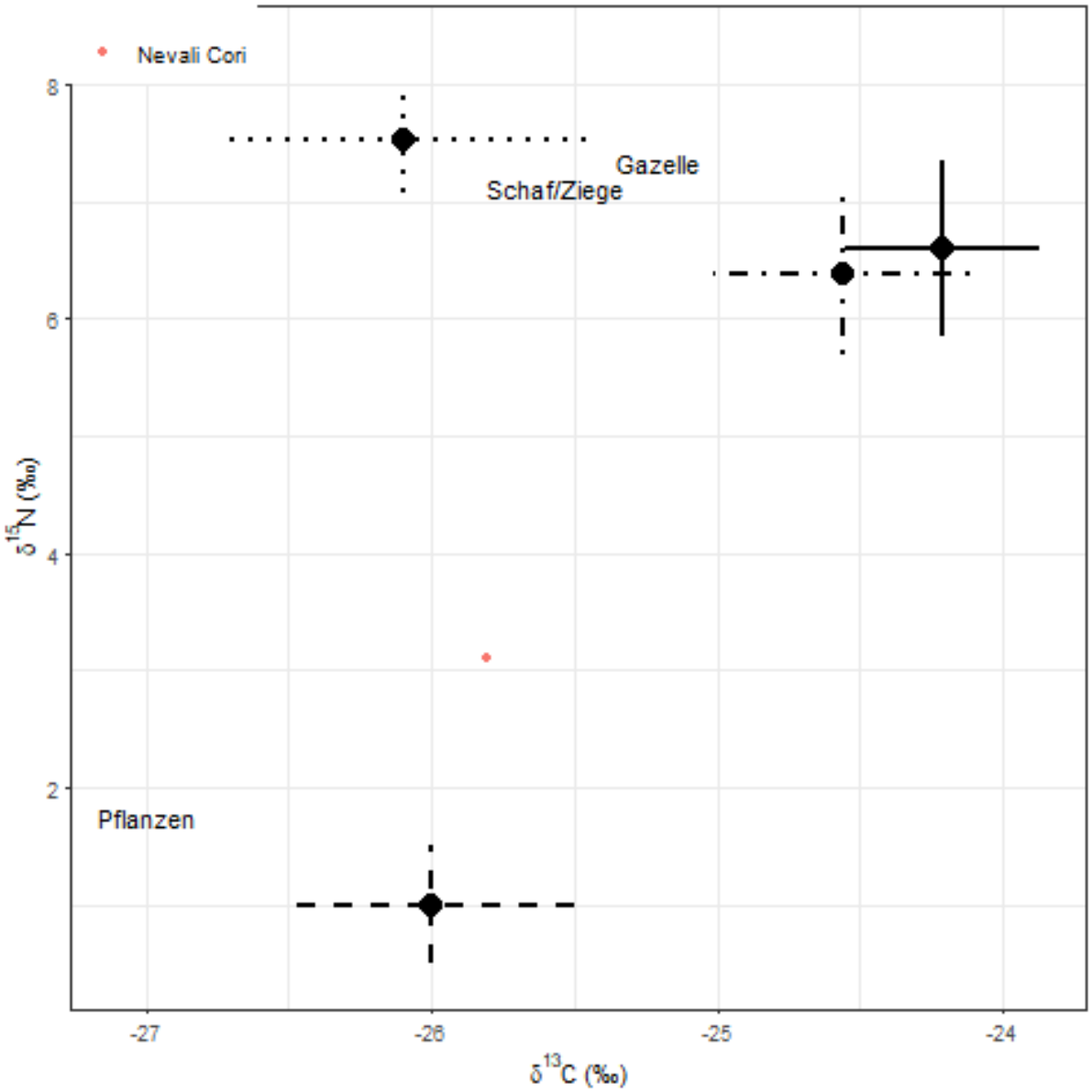


Abbildung A 4: Isospace Plot des Populationsmedians aus Nevalı Çori. Erstellt mit MixSIAR.

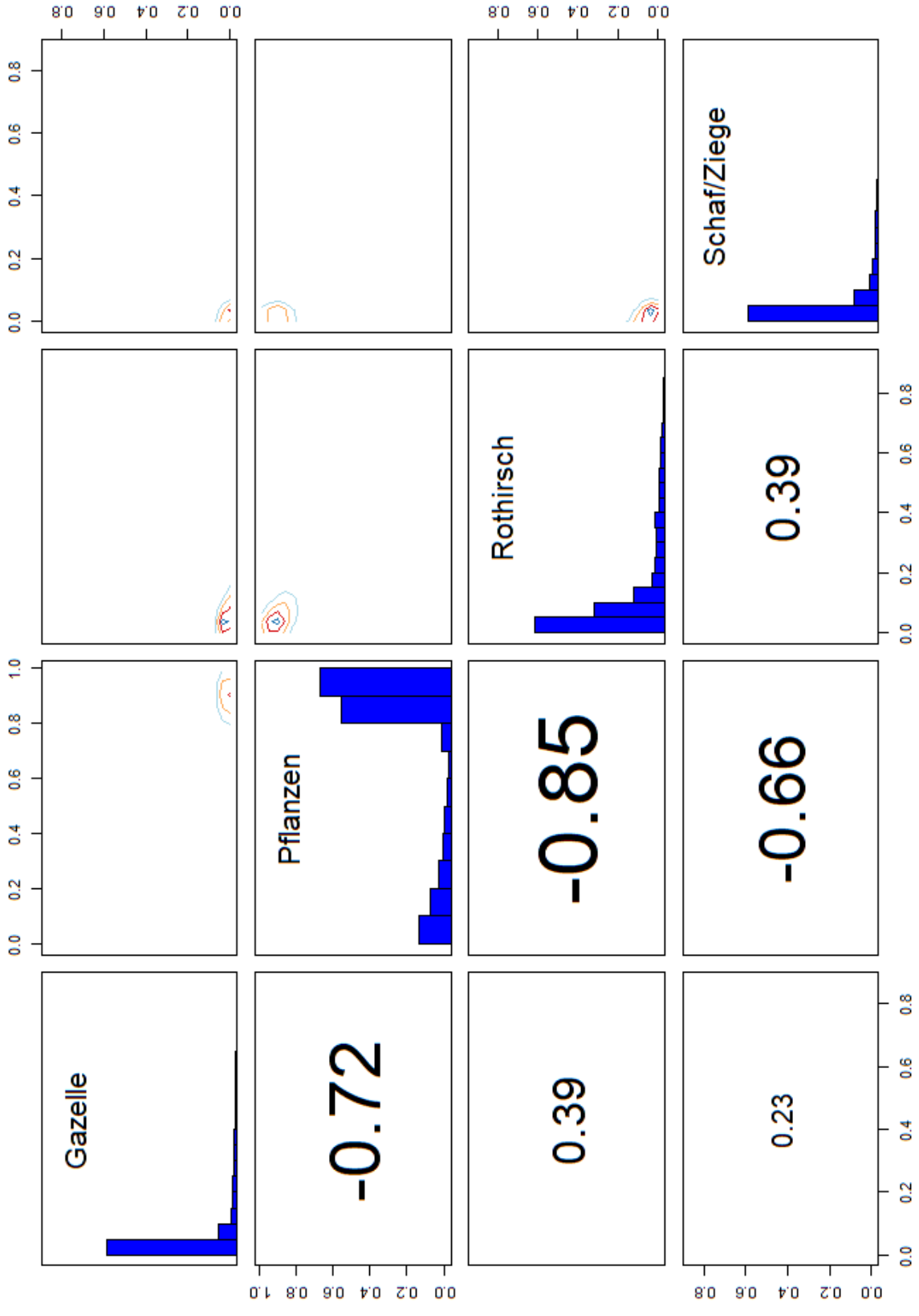


Abbildung A 5: Pairs Plot der Population aus Nevalı Çori. oberhalb Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.1.3 MixSIAR: Nevalı Çori – Schichten

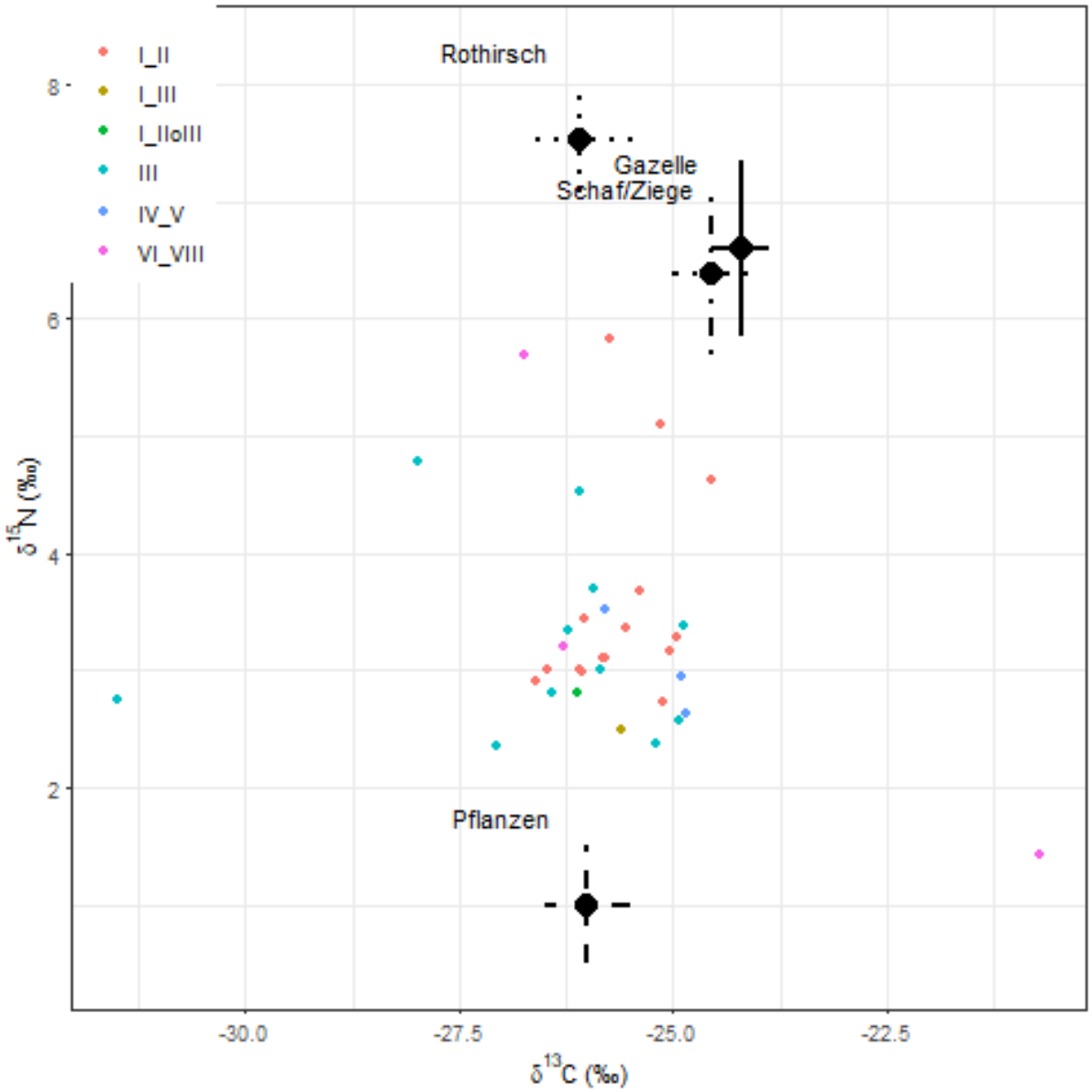


Abbildung A 6: Isospace Plot des Individuen aus Nevalı Çori unterteilt nach archäologischer Schicht. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht I/II

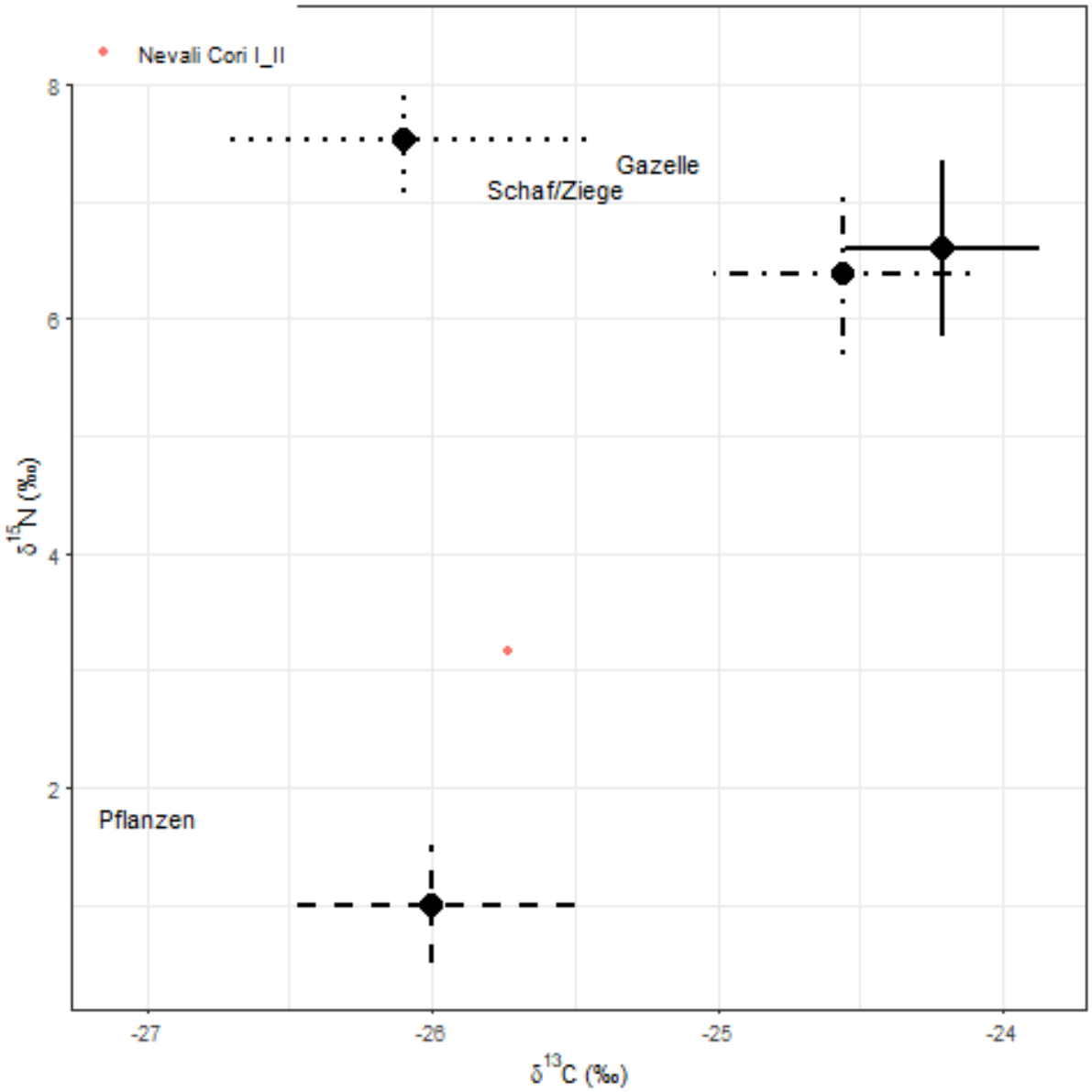


Abbildung A 7: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/II sind. Erstellt mit MixSIAR.

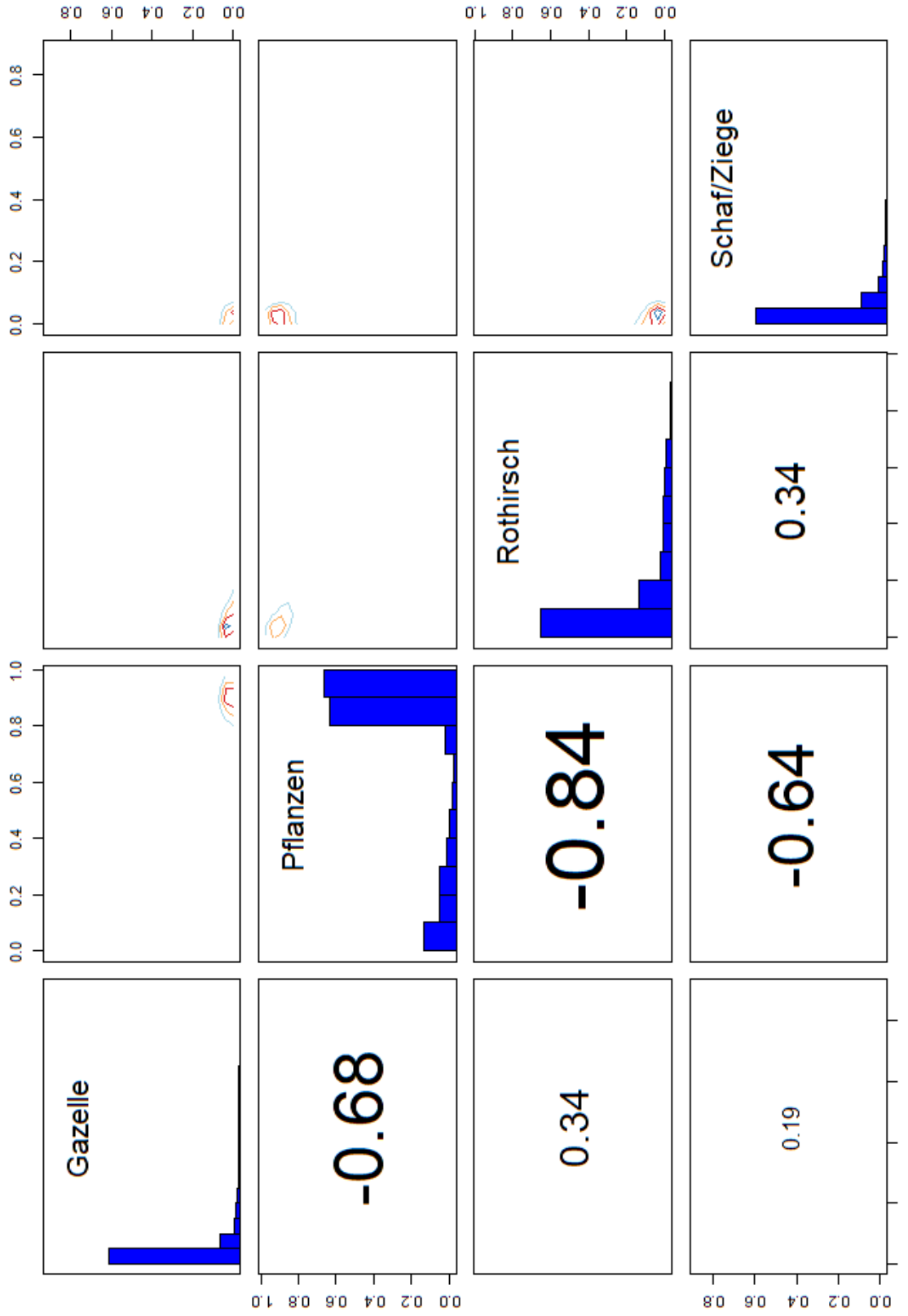


Abbildung A 8: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht I/II datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

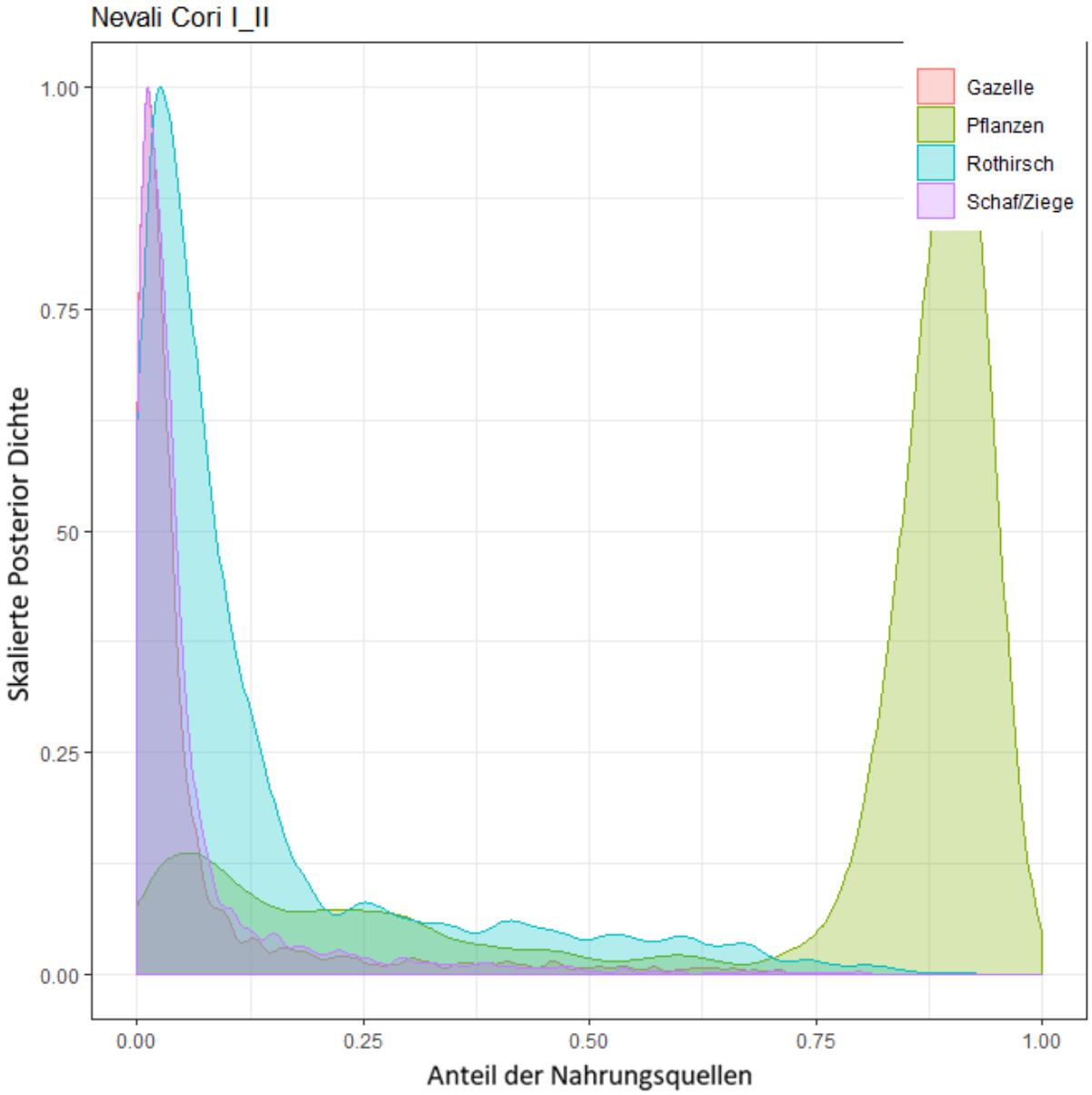


Abbildung A 9: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/II sind. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht I/III

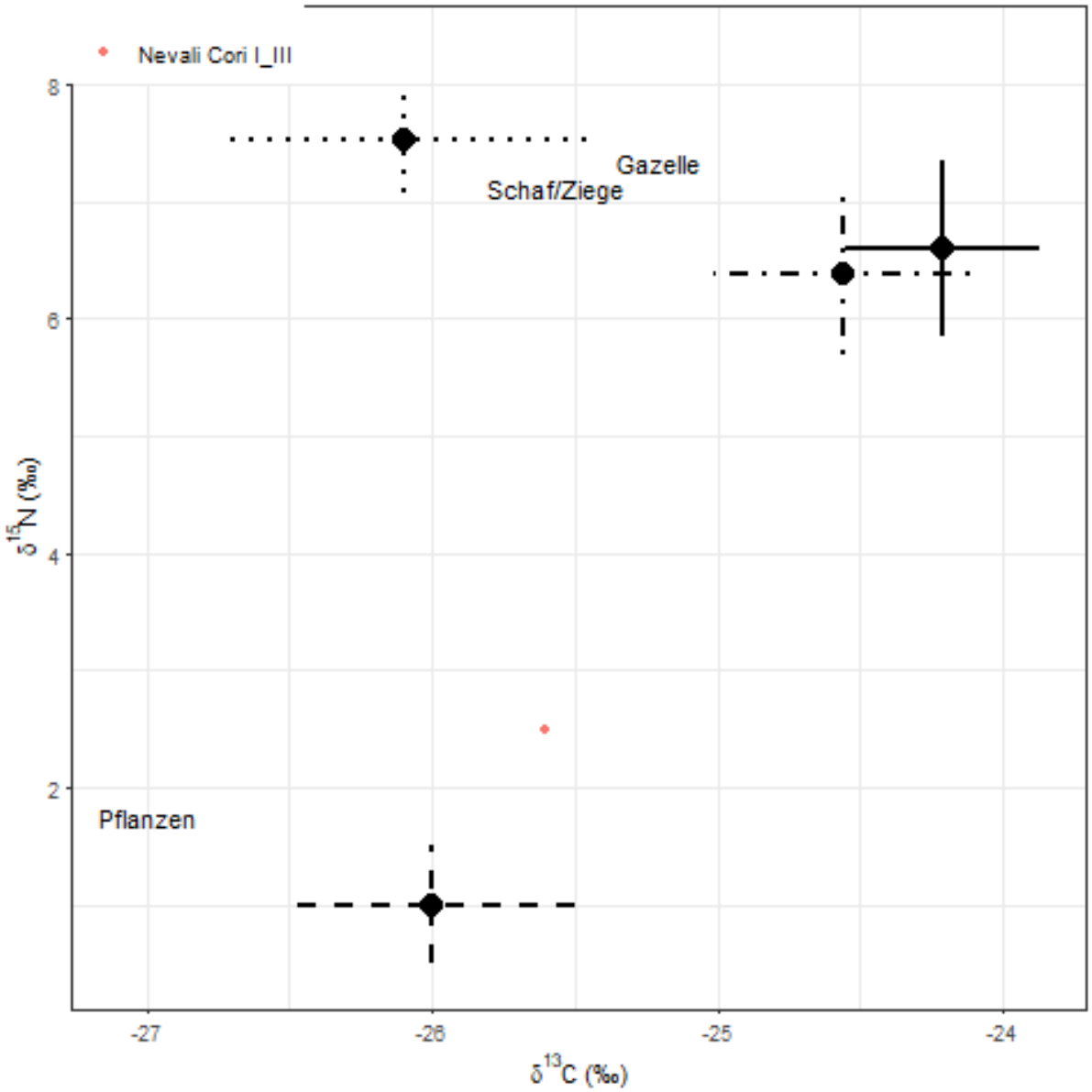


Abbildung A 10: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/III sind. Erstellt mit MixSIAR.

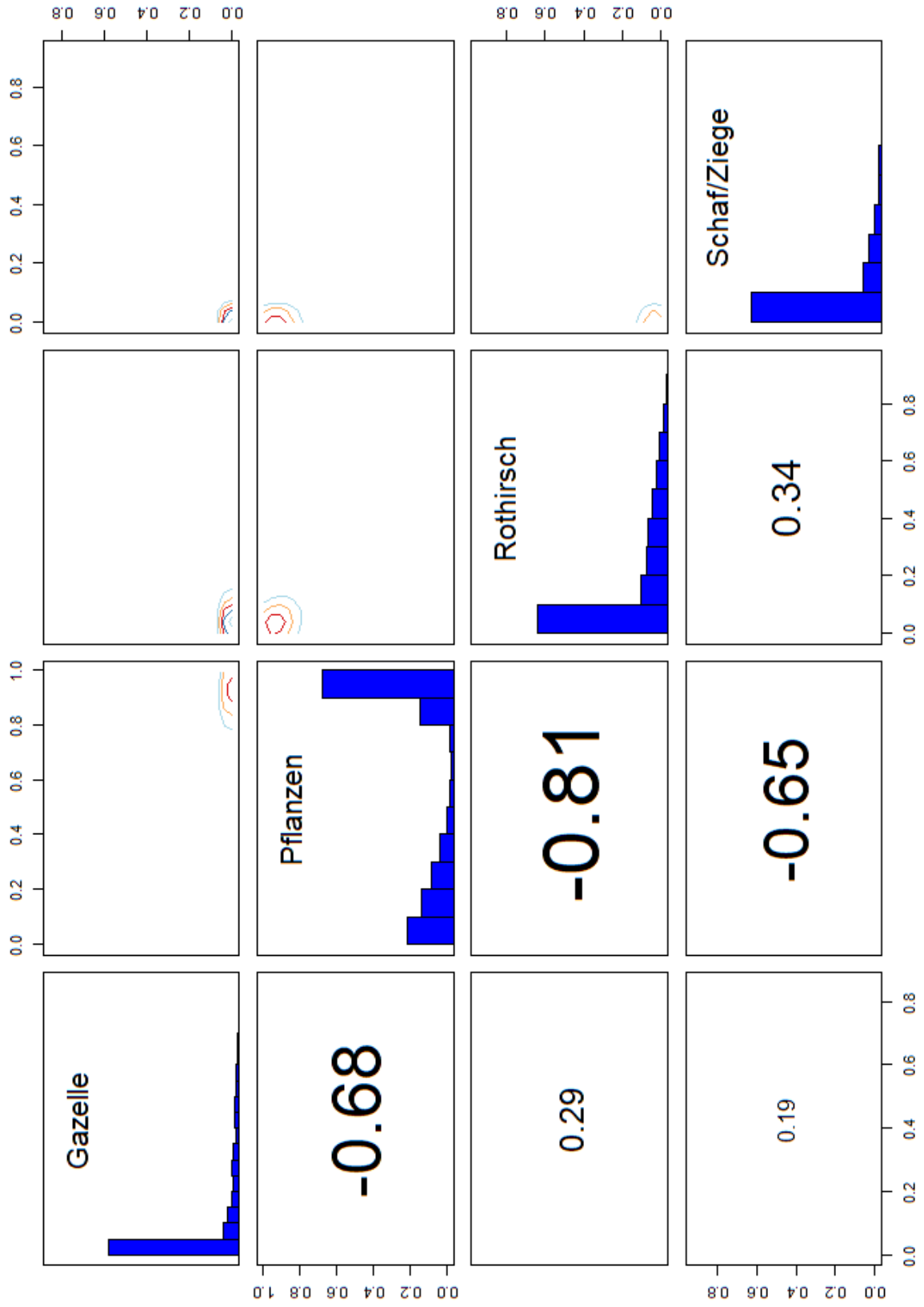


Abbildung A 11: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht I/III datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

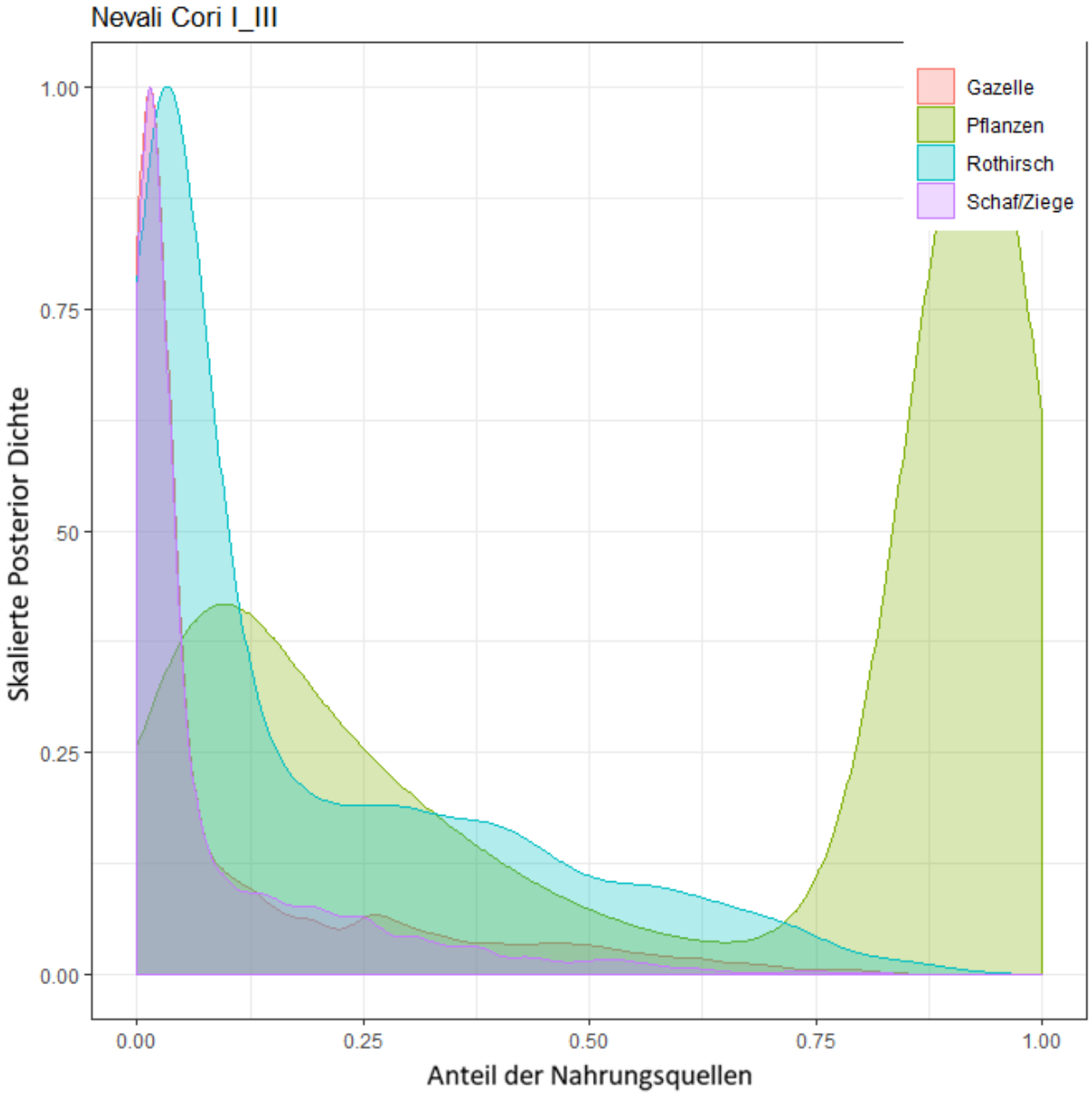


Abbildung A 12: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/III sind. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht I/II oder III

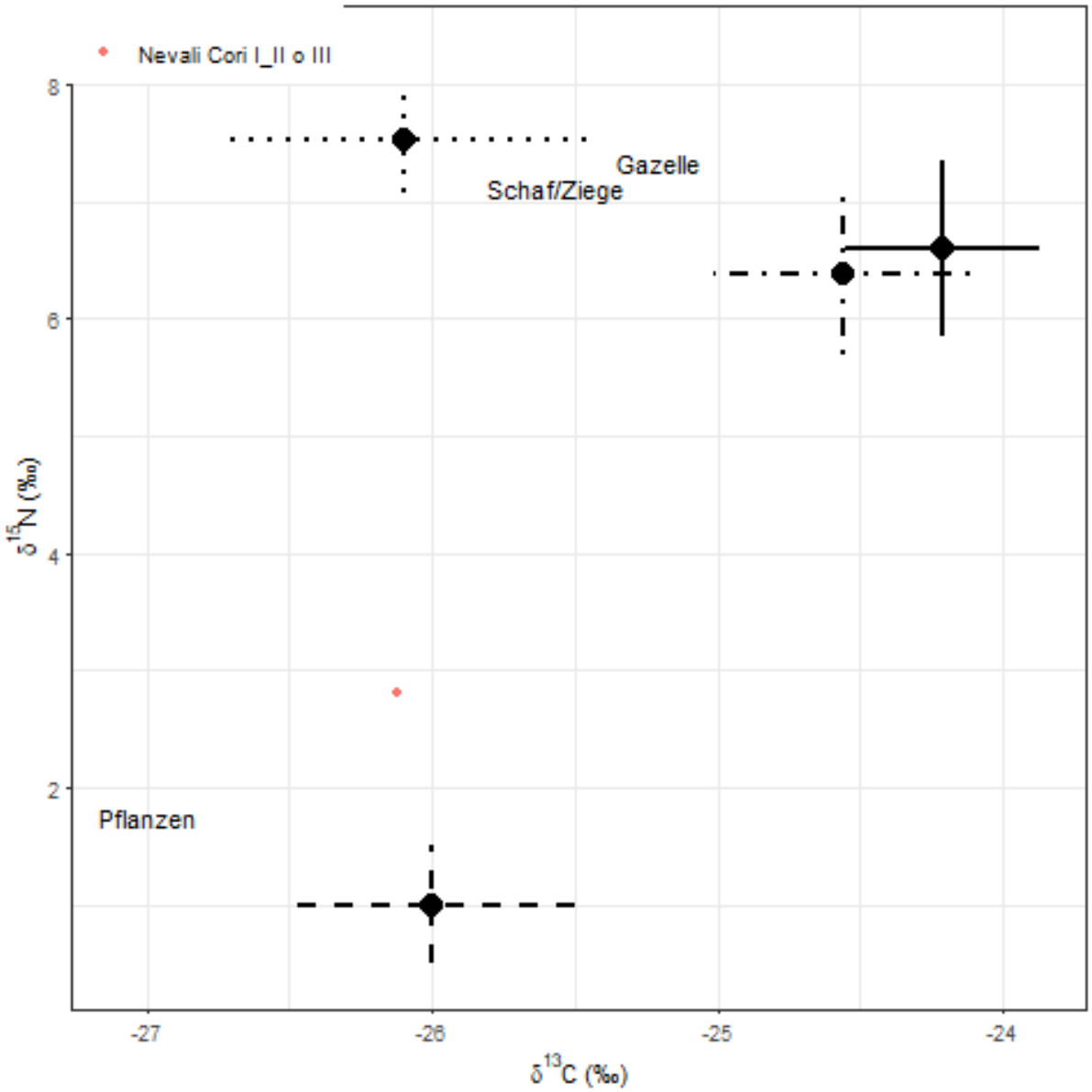


Abbildung A 13: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/II oder III sind. Erstellt mit MixSIAR.

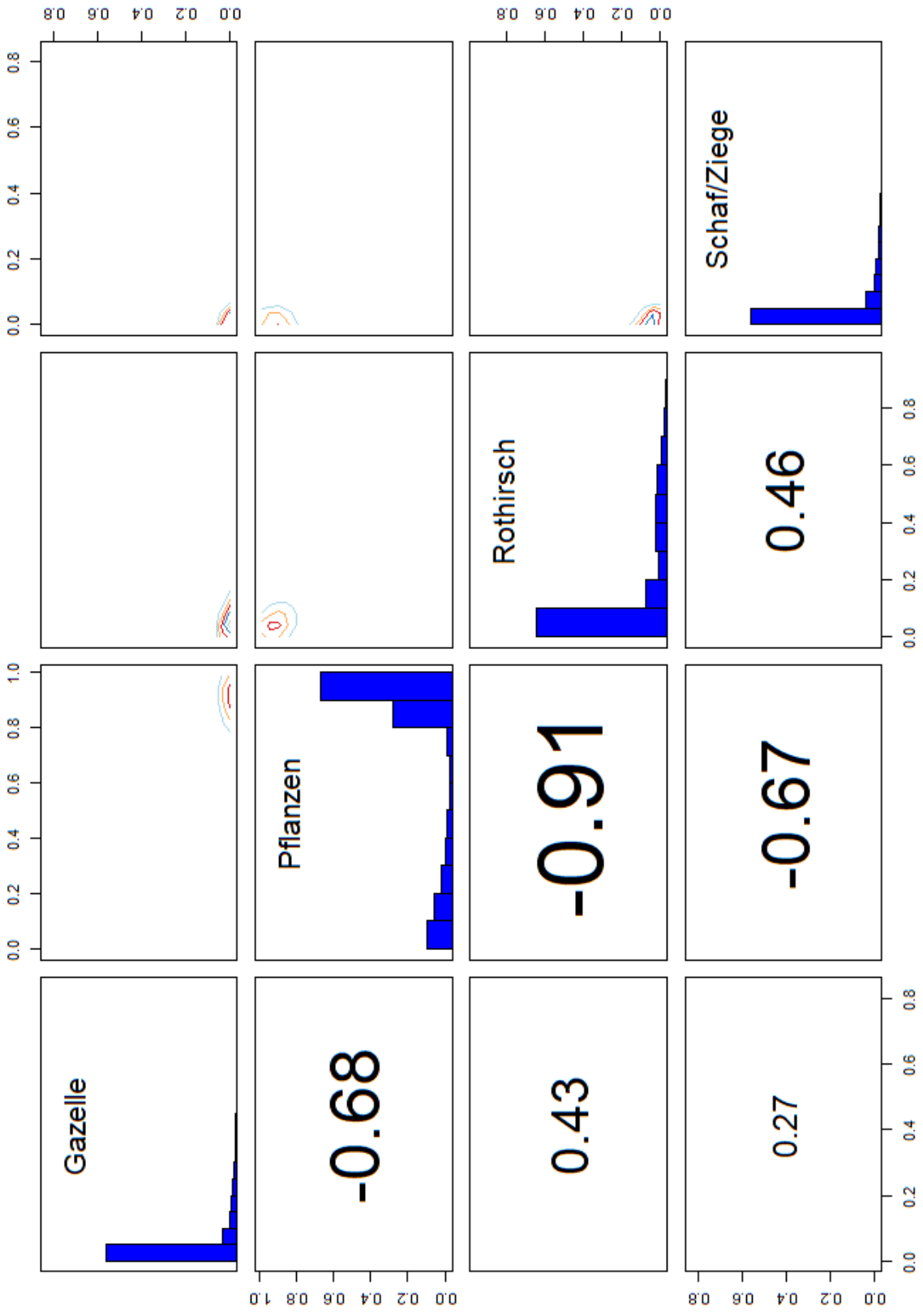


Abbildung A 14: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht I/II oder III datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

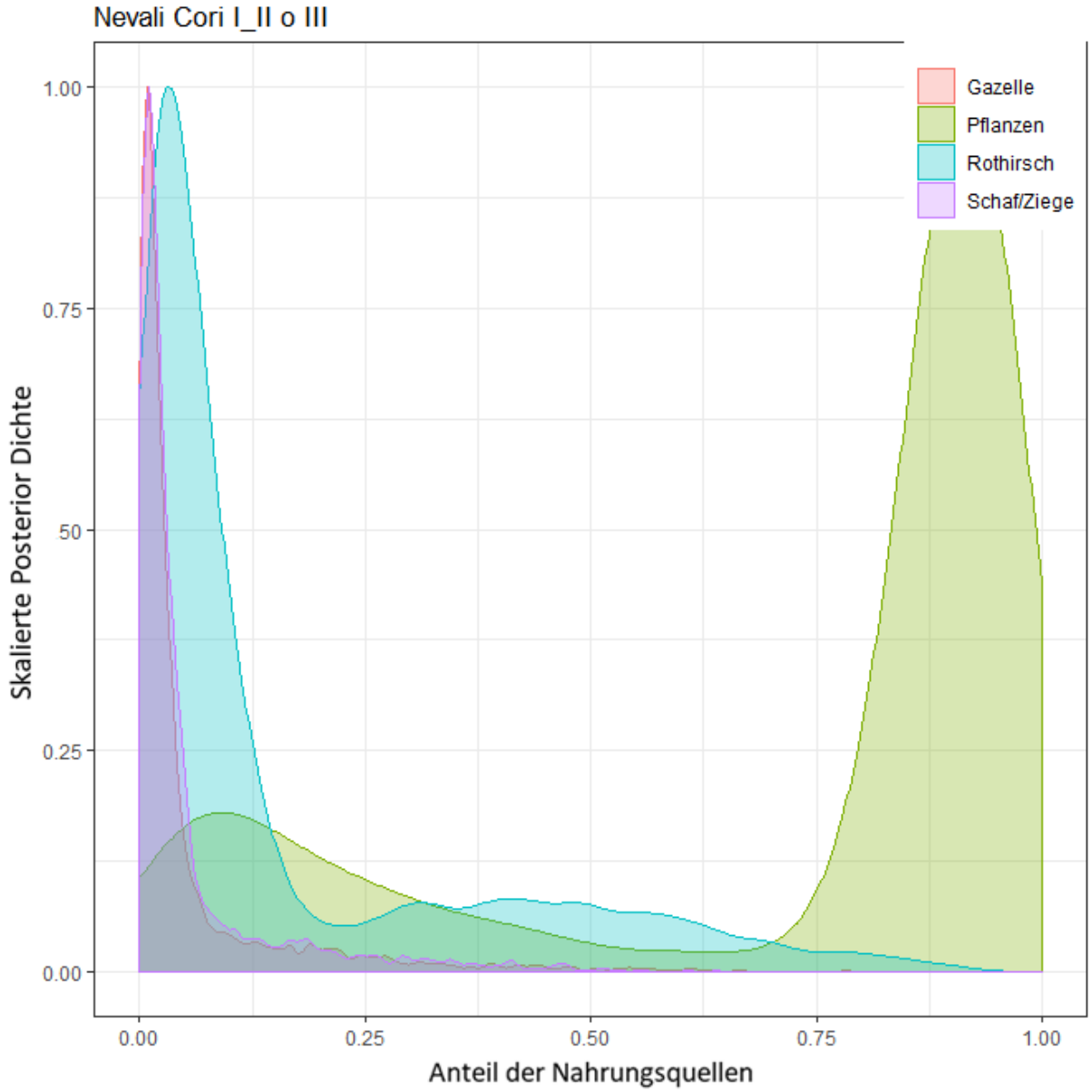


Abbildung A 15: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht I/II oder III sind. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht III

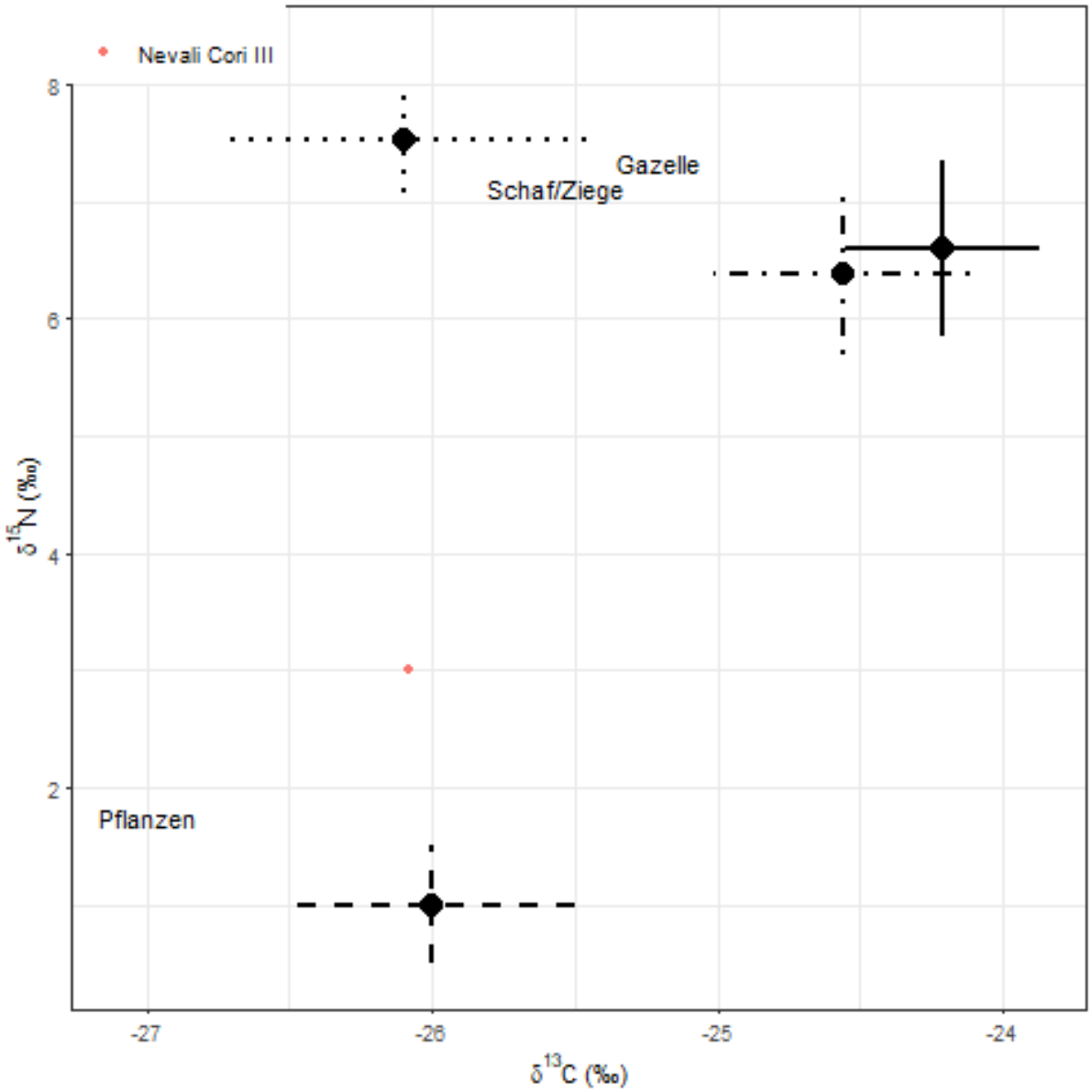


Abbildung A 16: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht III sind. Erstellt mit MixSIAR.

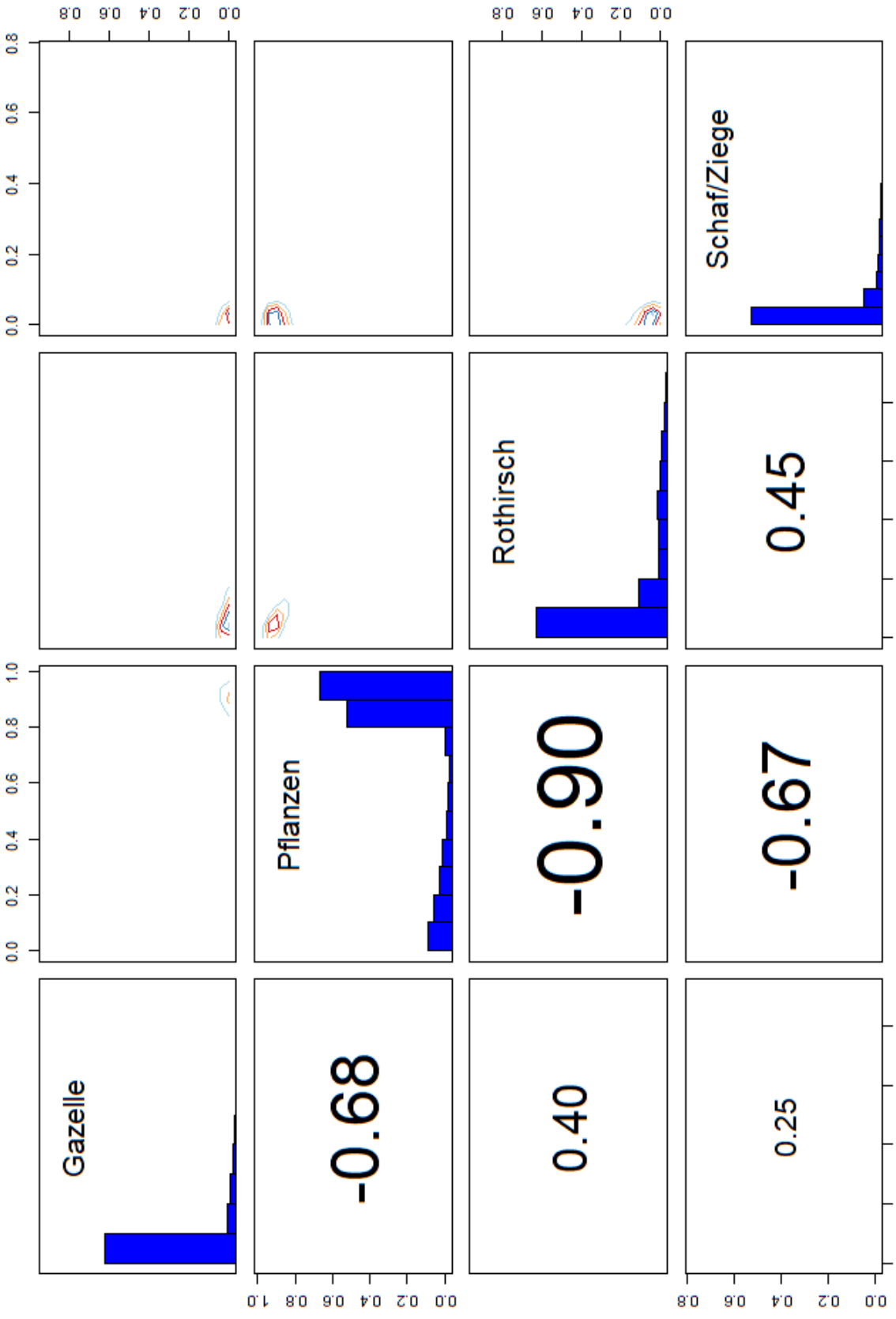


Abbildung A 17: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht III datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

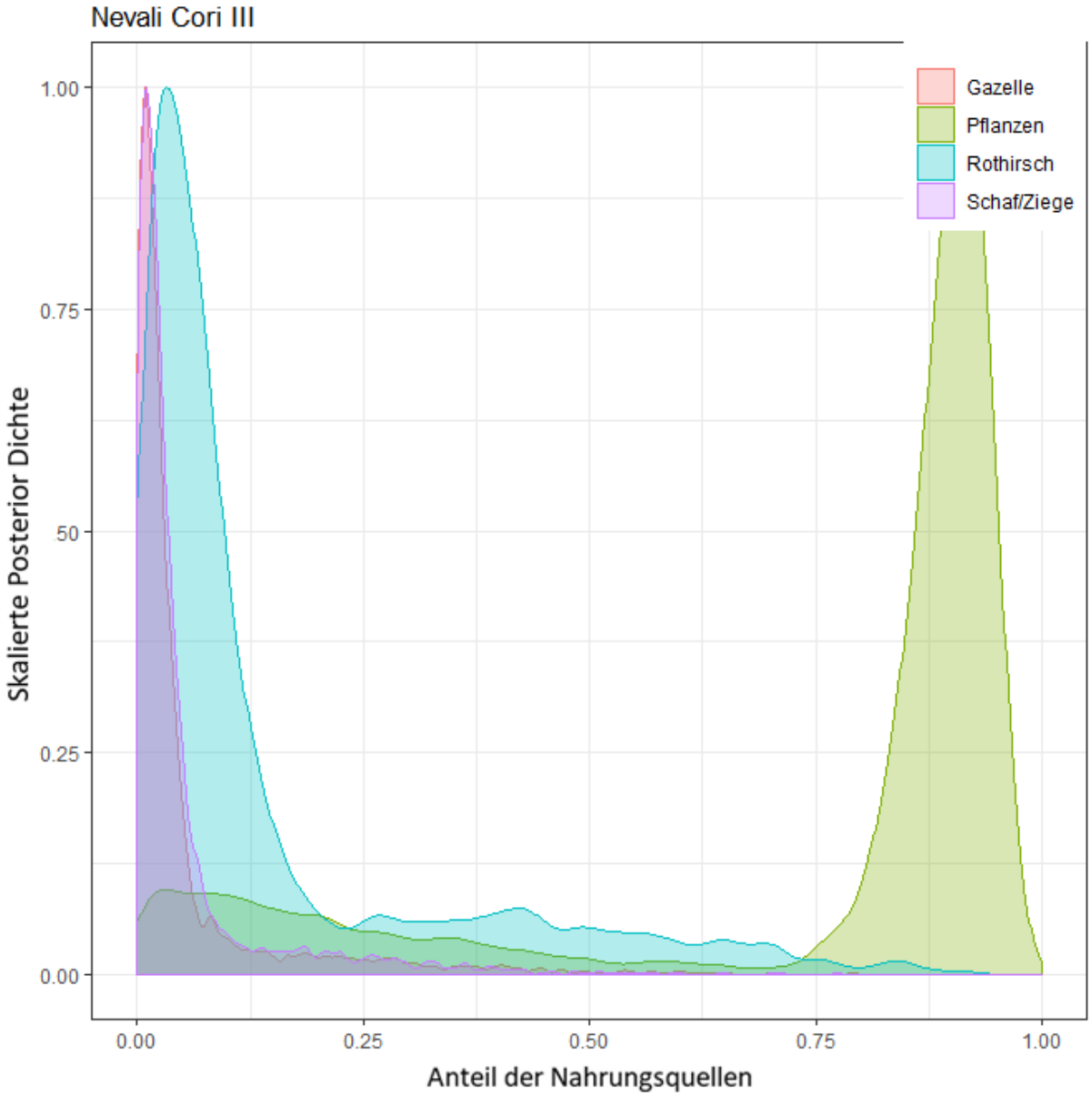


Abbildung A 18: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht III sind. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht IV/V

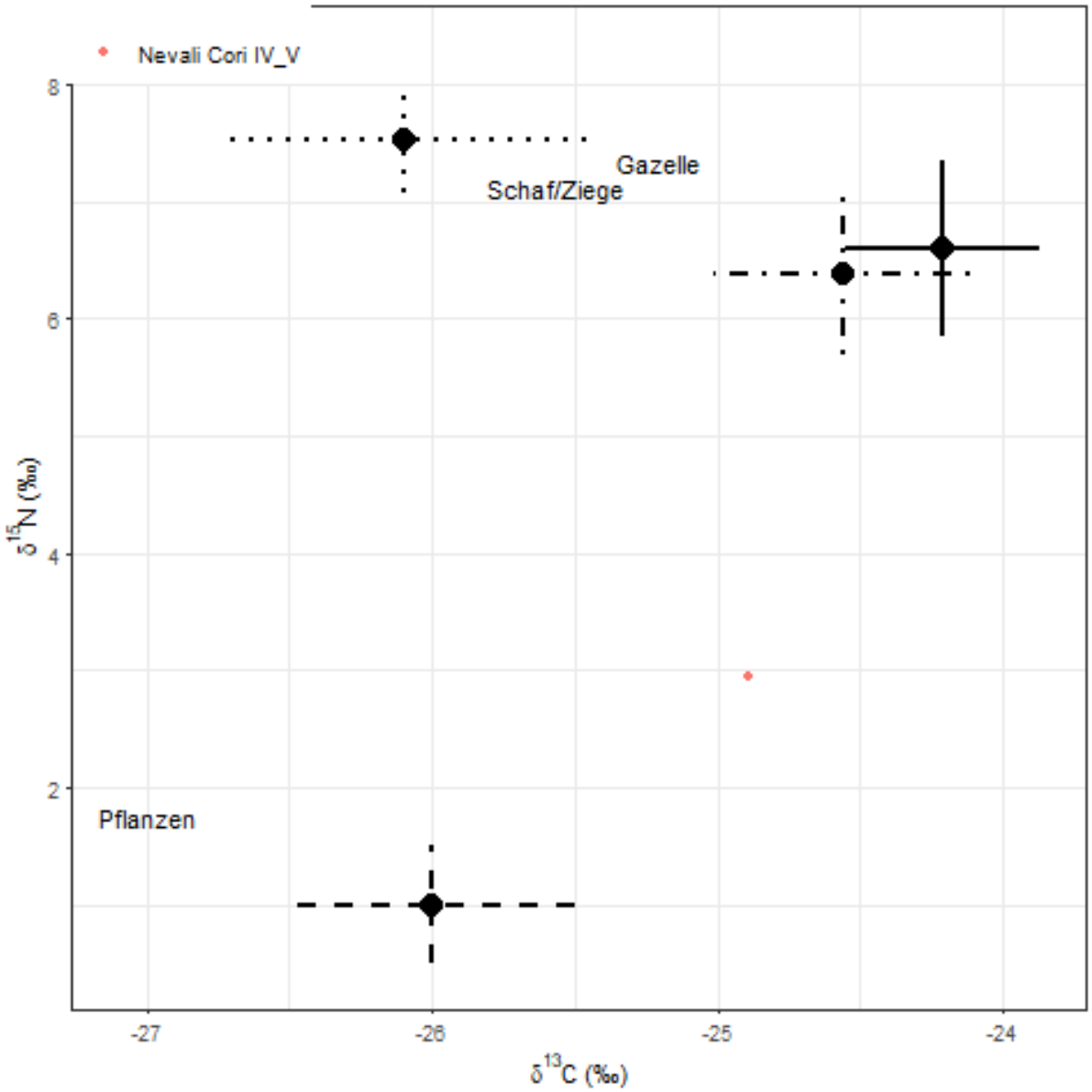


Abbildung A 19: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht IV/V sind. Erstellt mit MixSIAR.

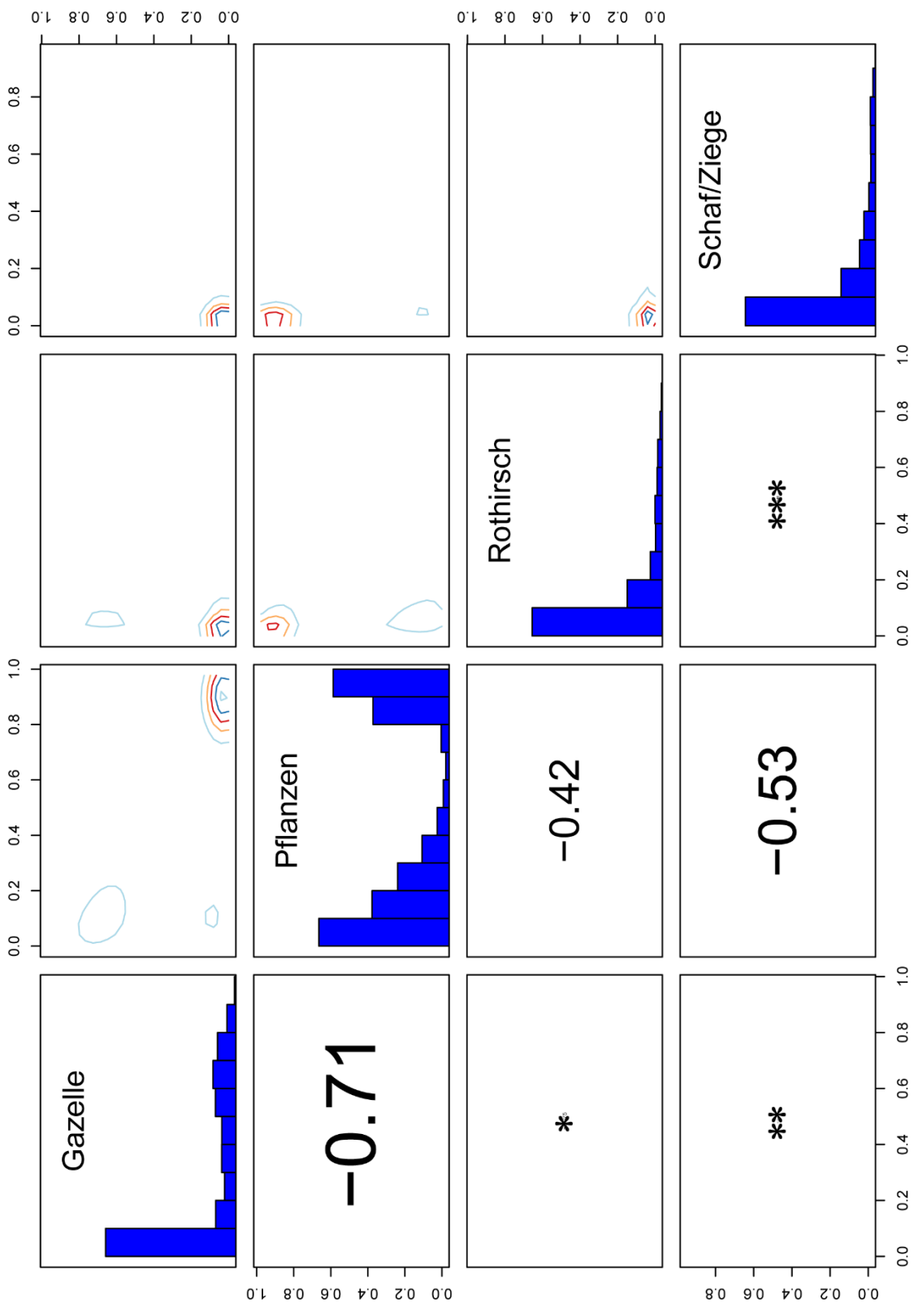


Abbildung A 20: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht IV/V datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,075; **: -0,027; ***0,046

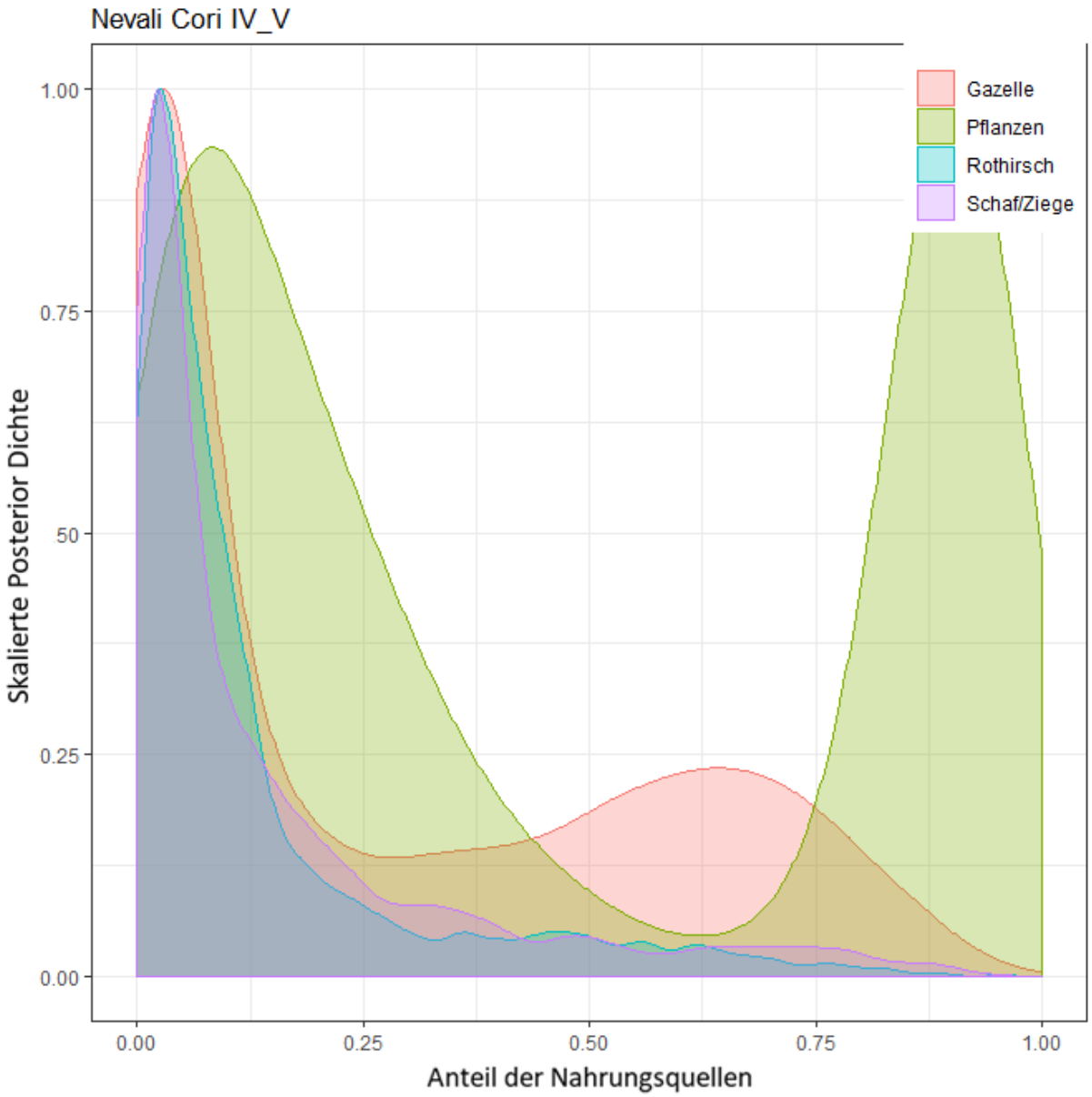


Abbildung A 21: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht IV/V sind. Erstellt mit MixSIAR.

Schicht VI/VIII

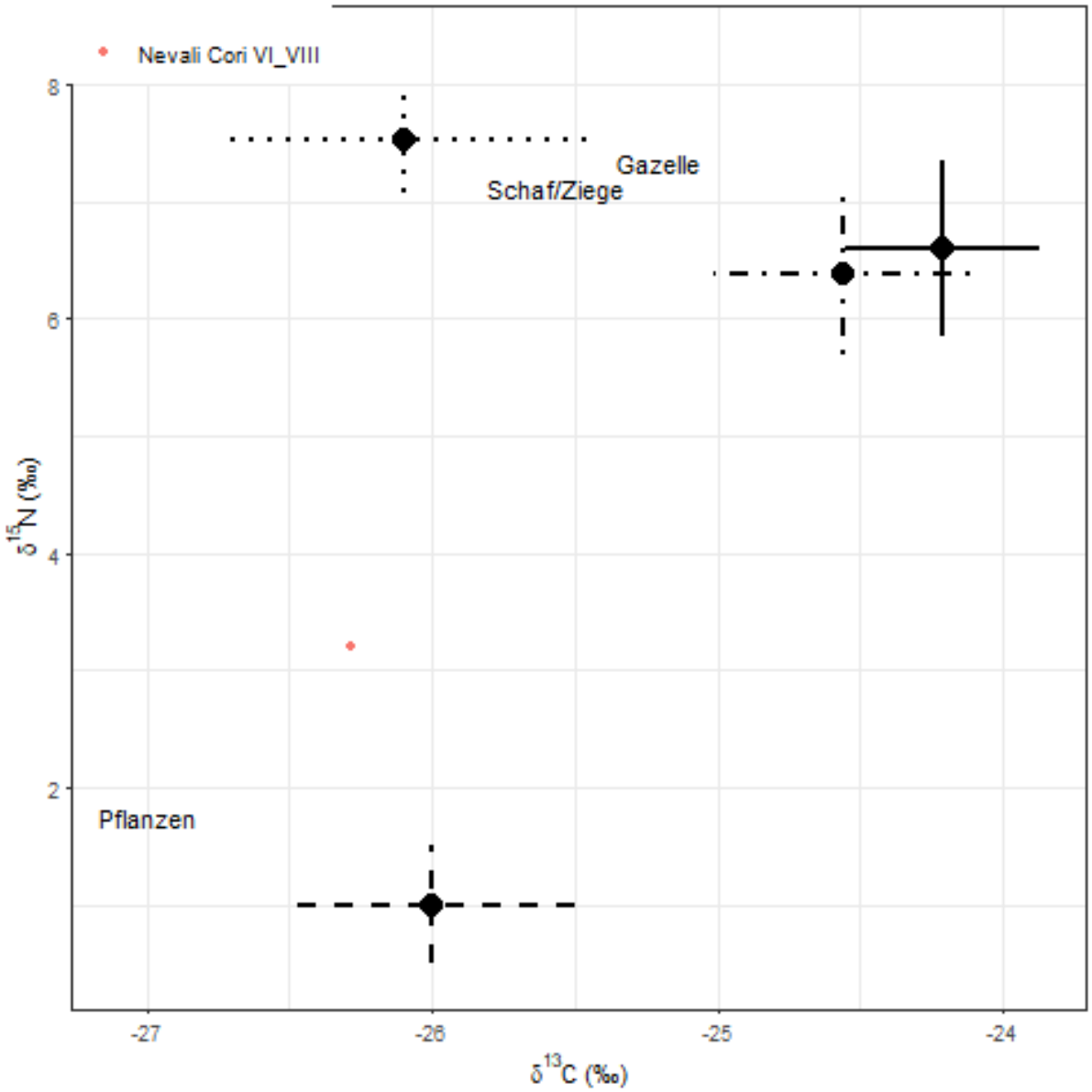


Abbildung A 22: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht VI/VIII sind. Erstellt mit MixSIAR.

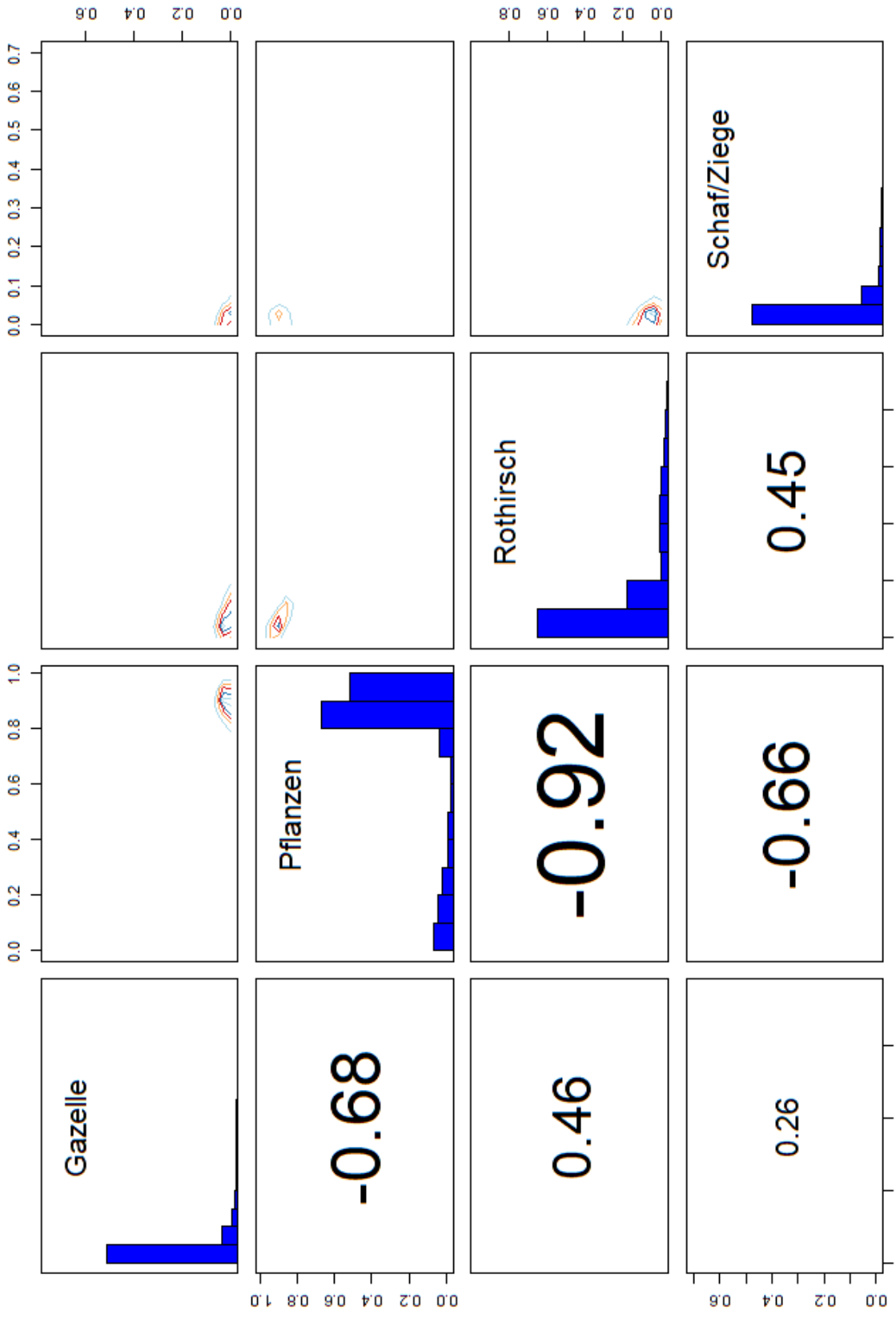


Abbildung A 23: Pairs Plot der Individuen aus Nevalı Çori, die in Schicht VI/VIII datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

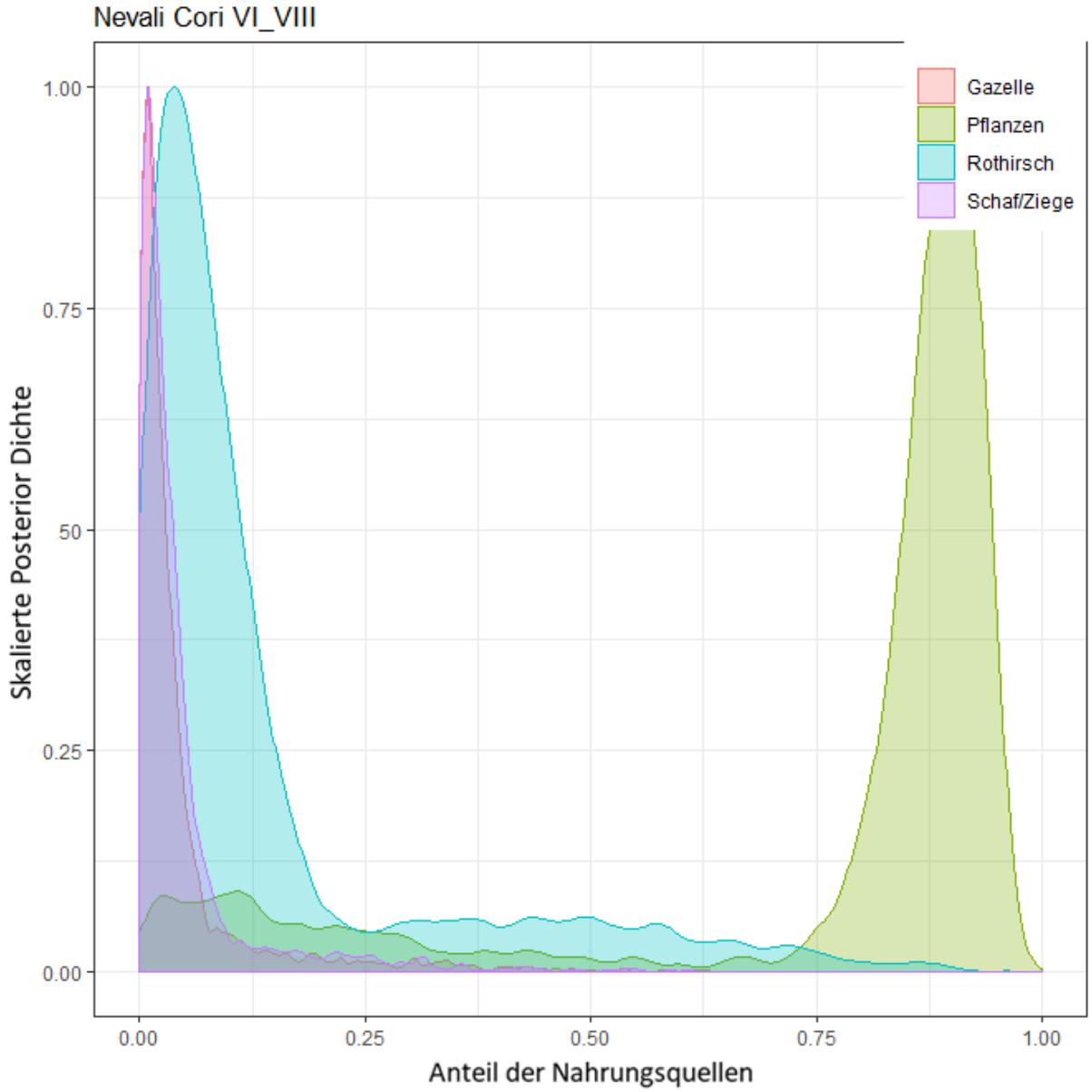


Abbildung A 24: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht VI/VIII sind. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.1.4 SISUS: Nevalı Çori – Populationsmedian

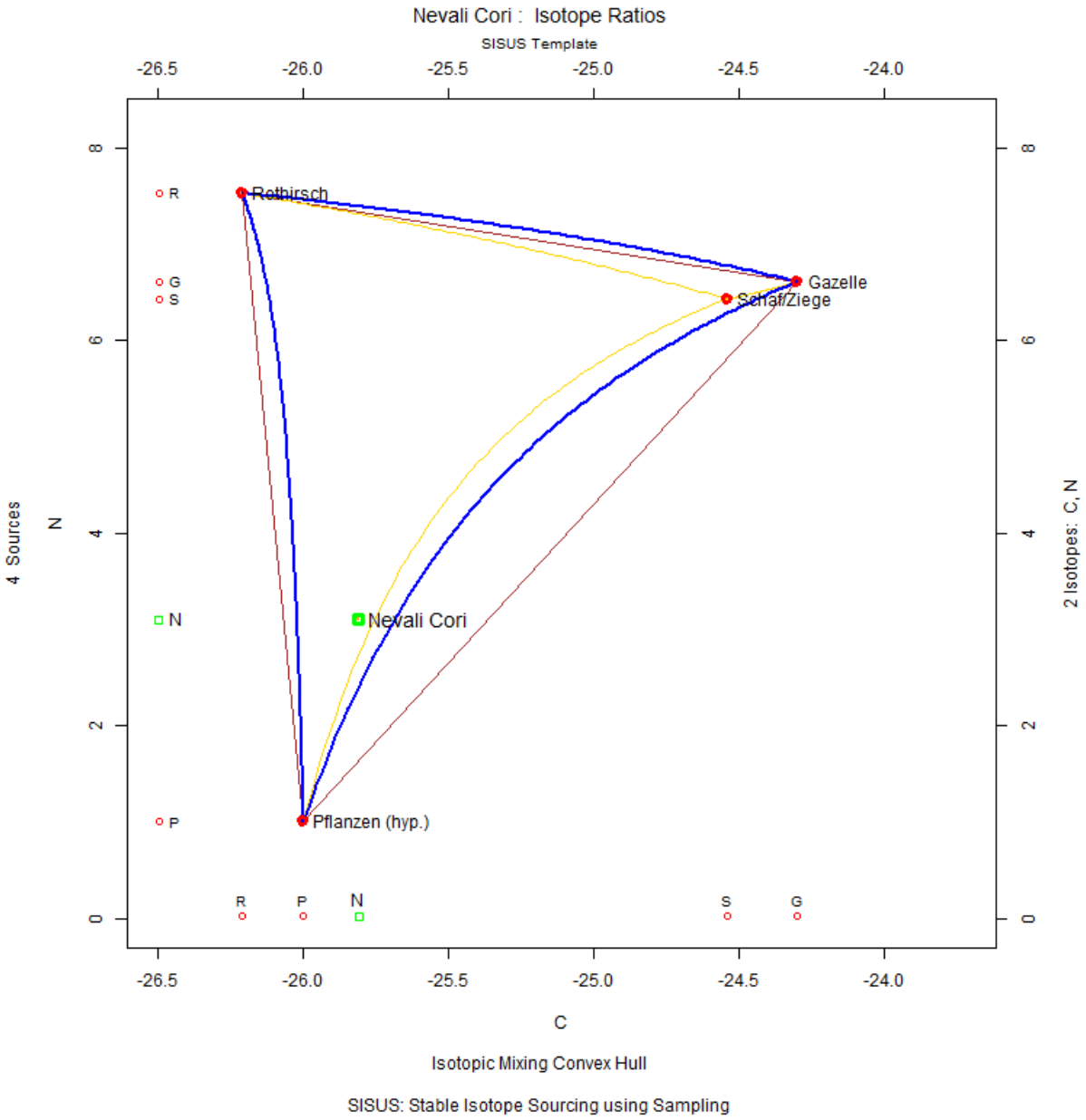


Abbildung A 25: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Nevalı Çori. Erstellt mit SISUS.

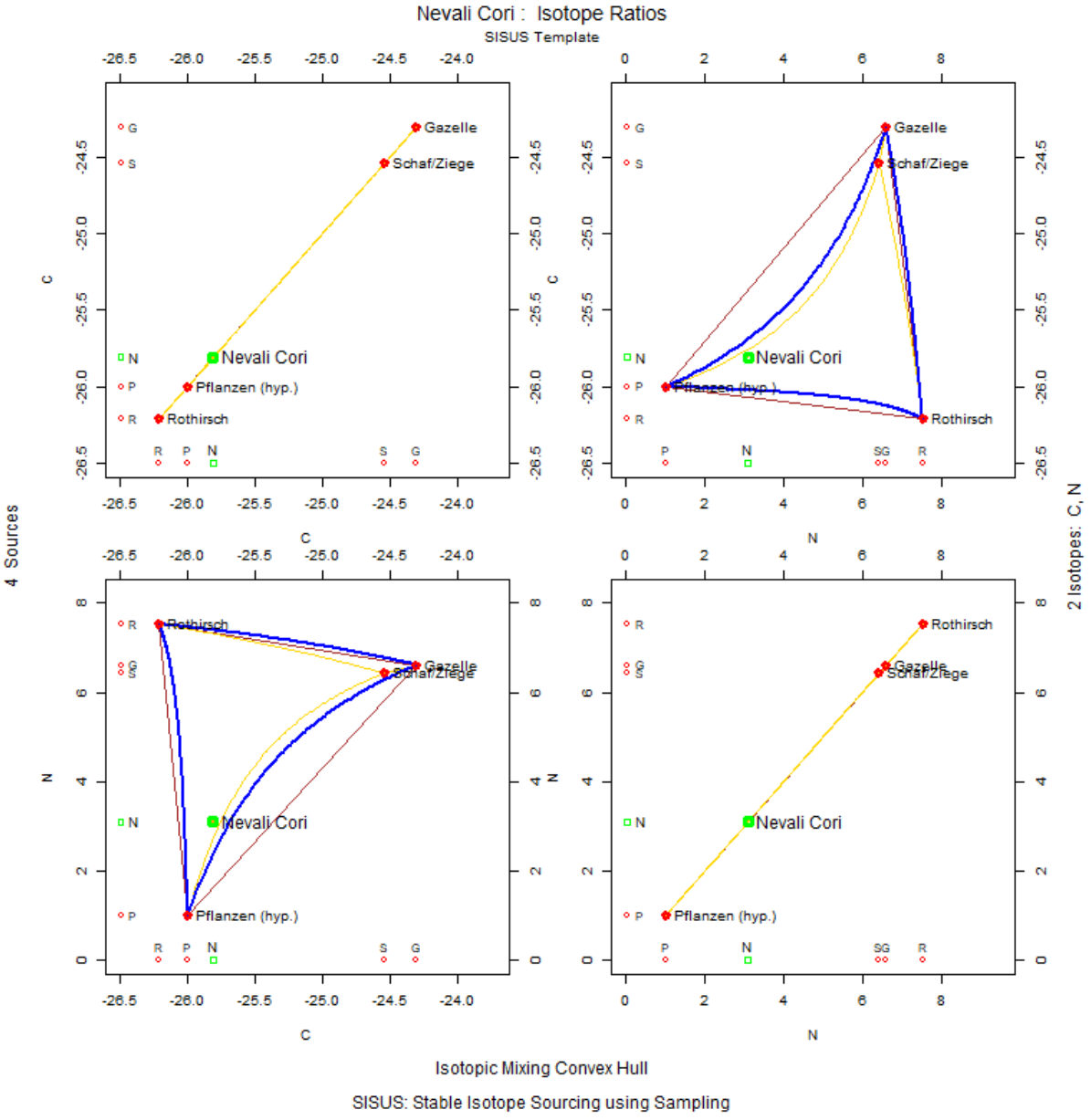


Abbildung A 26: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Nevalı Çori in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

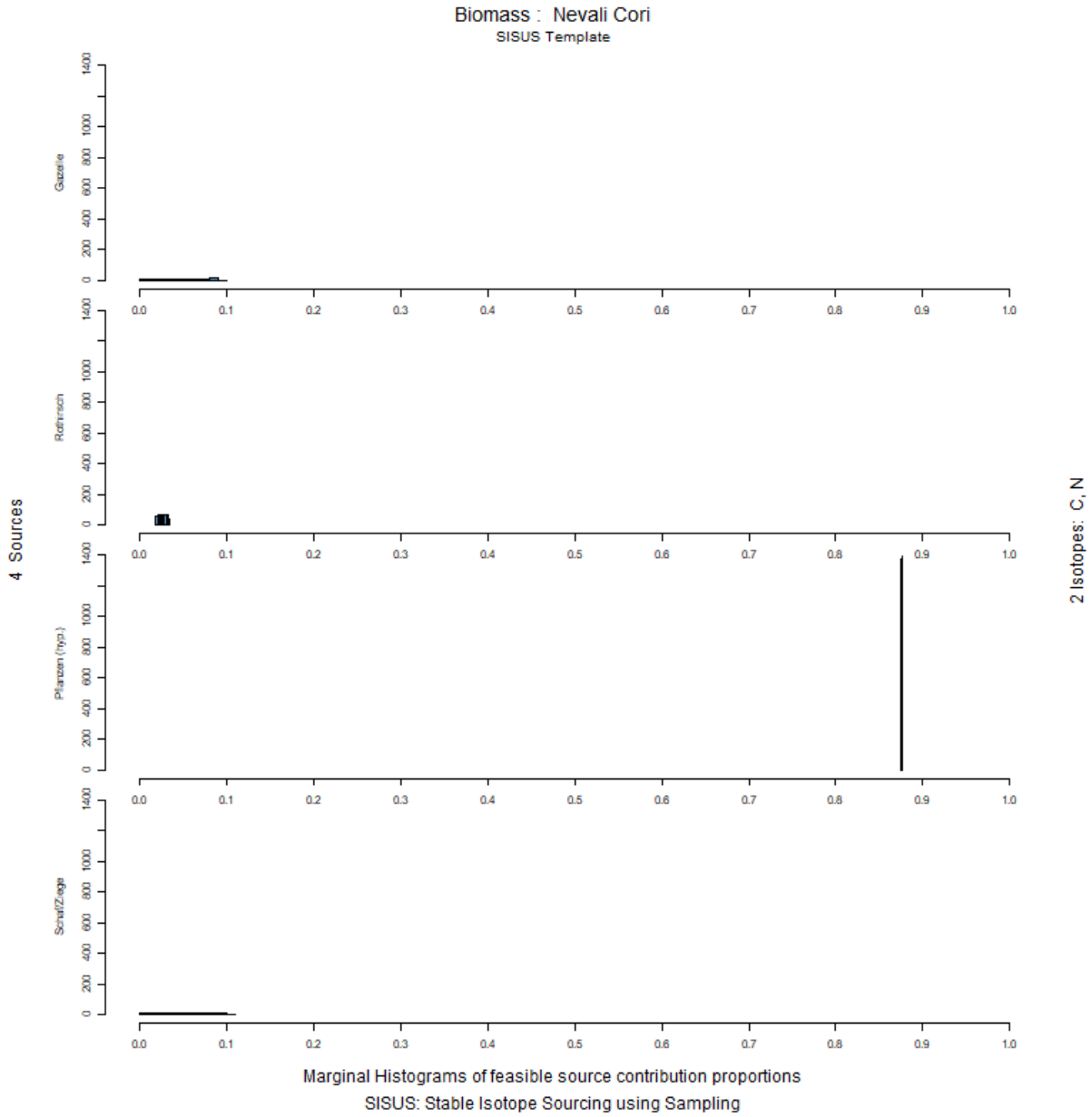


Abbildung A 27: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Nevalı Çori. Erstellt mit SISUS.

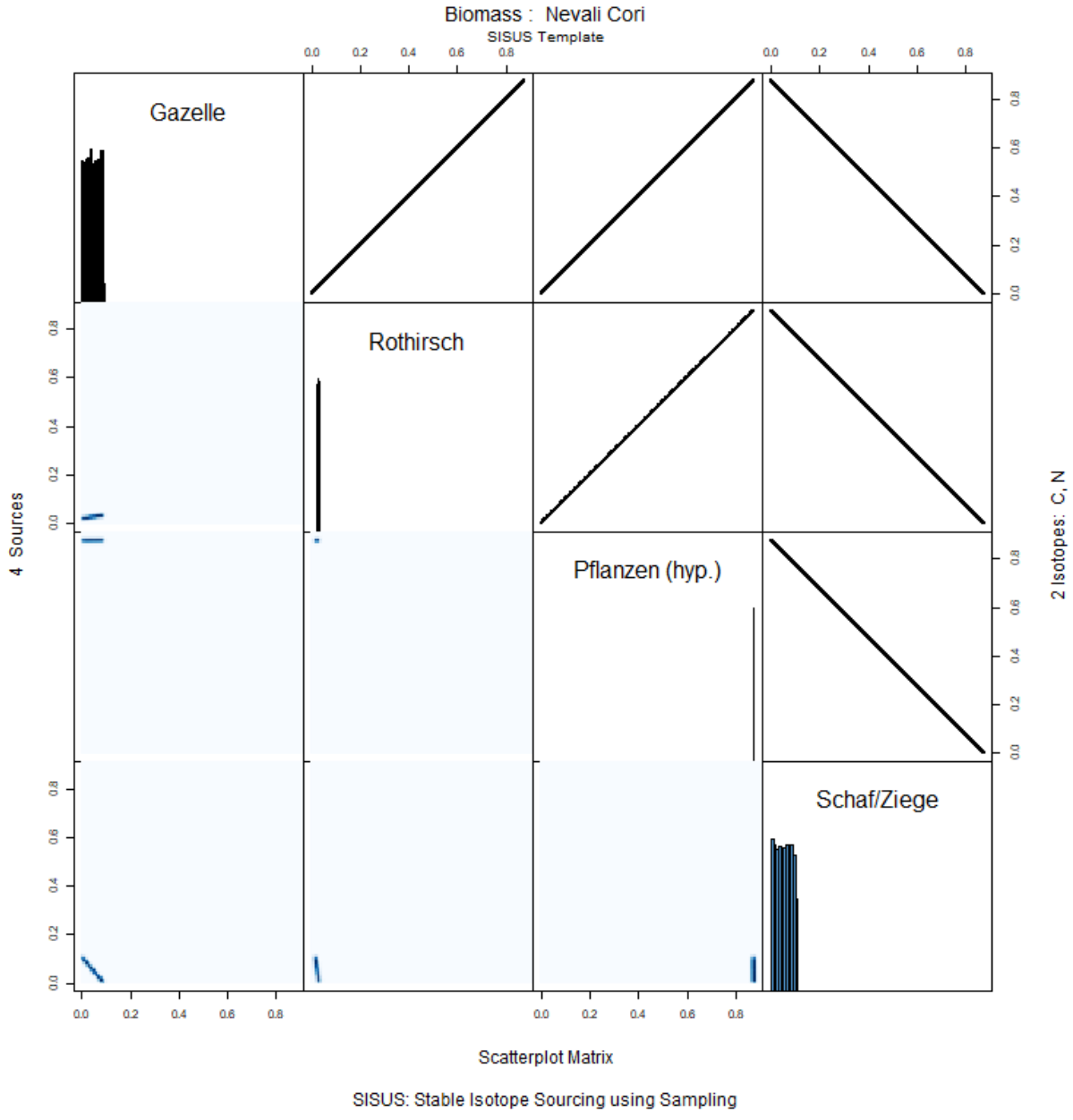


Abbildung A 28: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Nevalı Çori. Erstellt mit SISUS.

9.2.1.5 SISUS: Nevalı Çori – Schichten

Schicht I/II

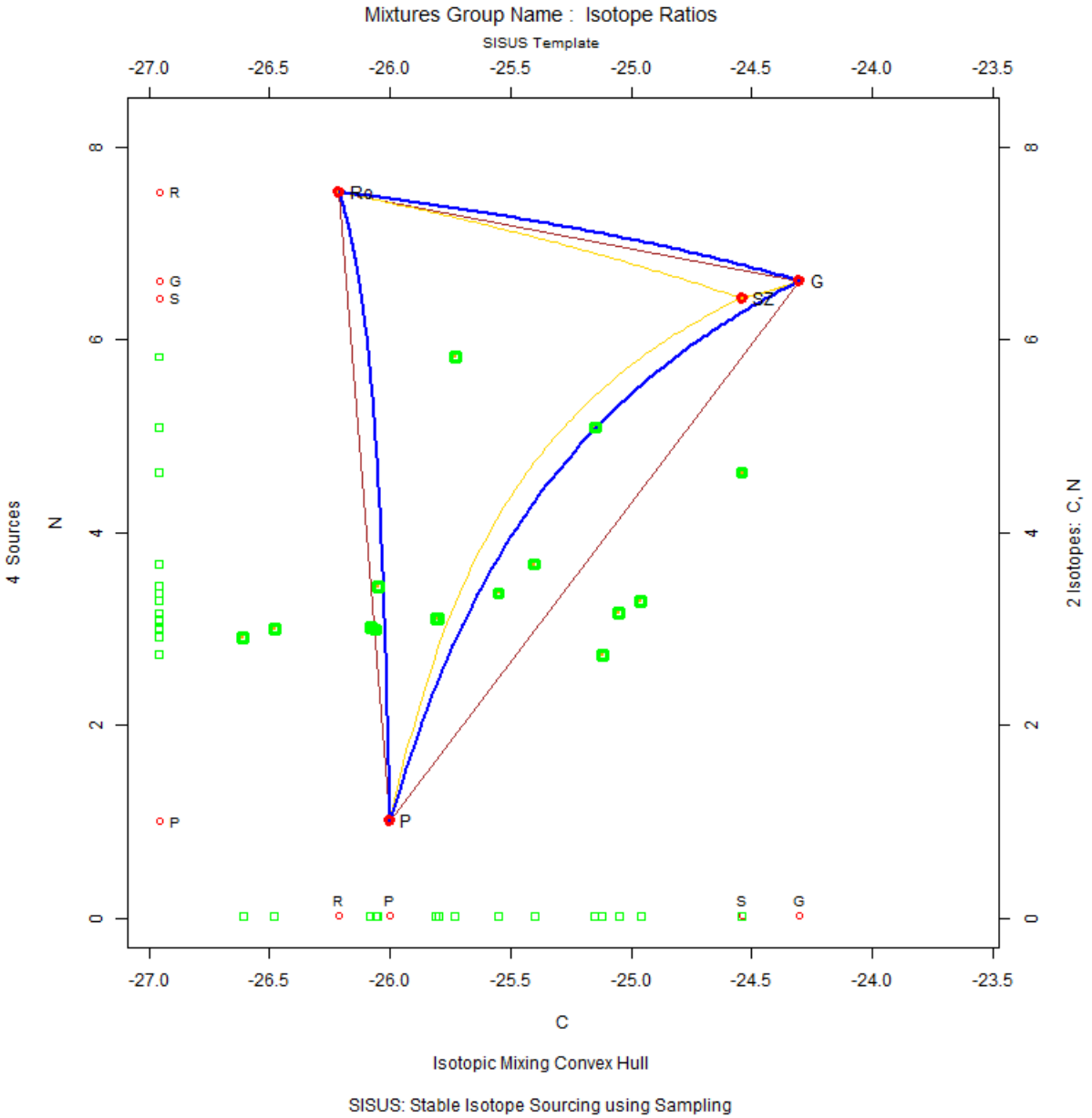


Abbildung A 29: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) I/II sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

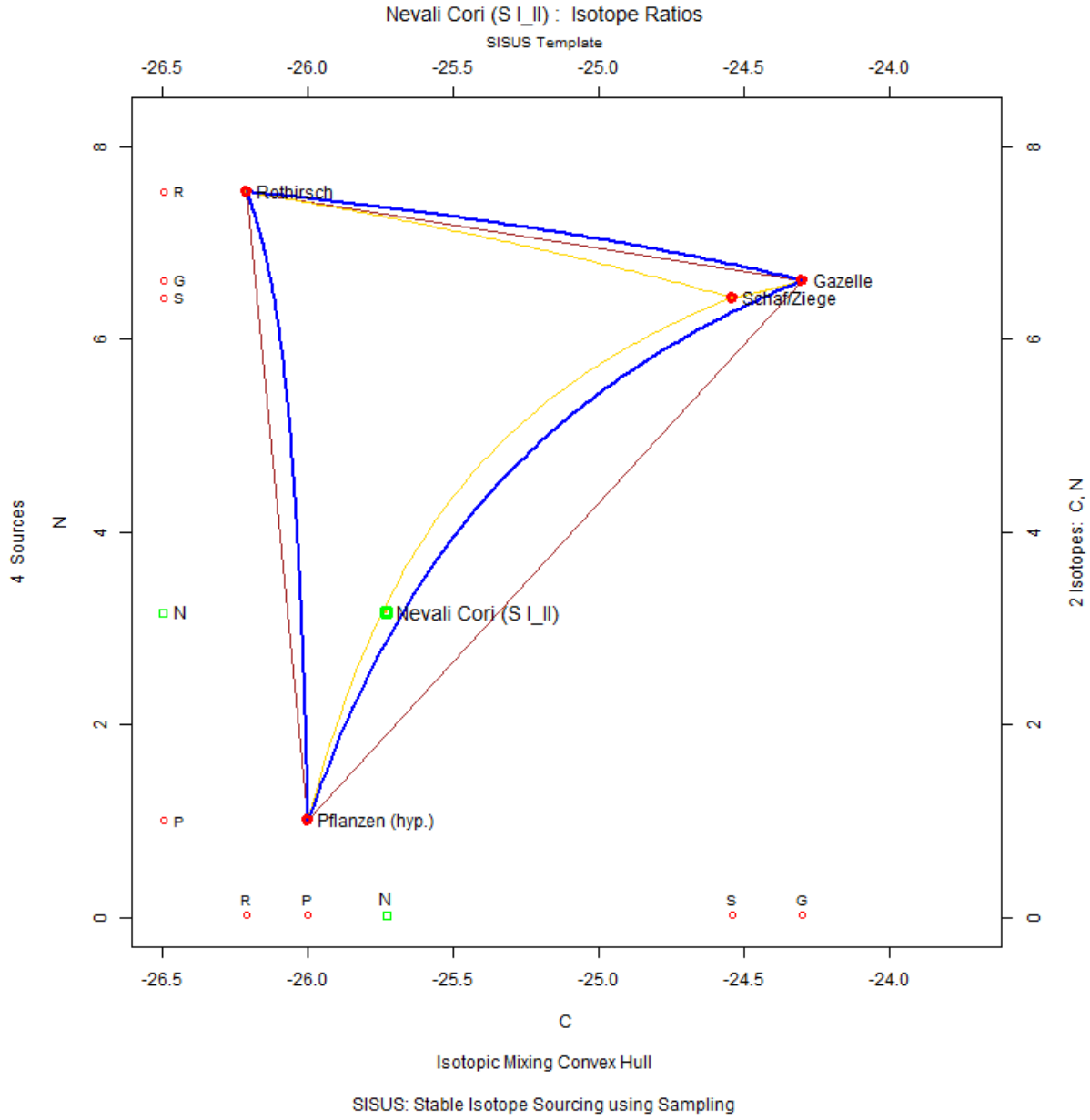


Abbildung A 30: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) I/II sind. Erstellt mit SISUS.

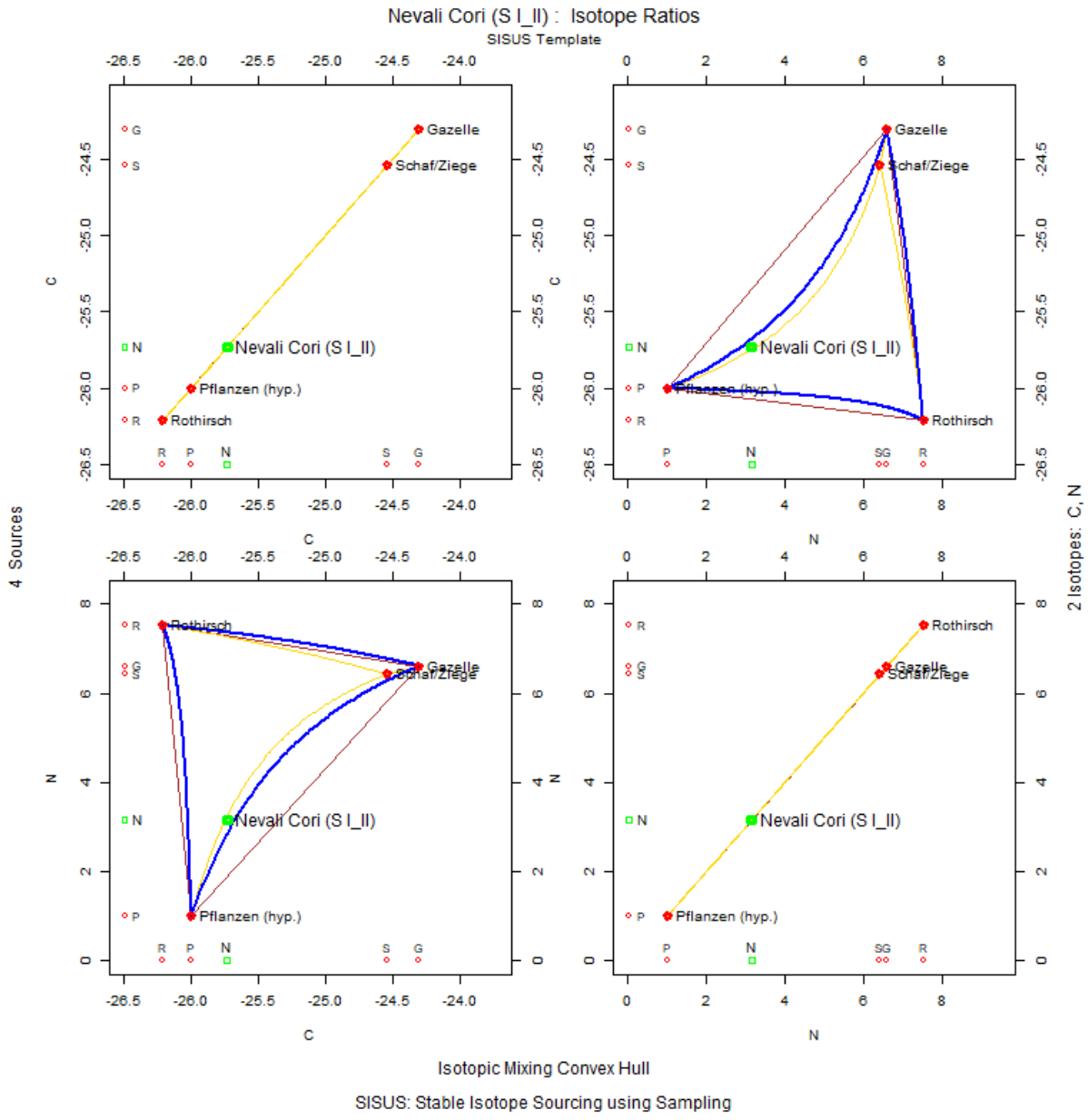


Abbildung A 31: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) I/II sind, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

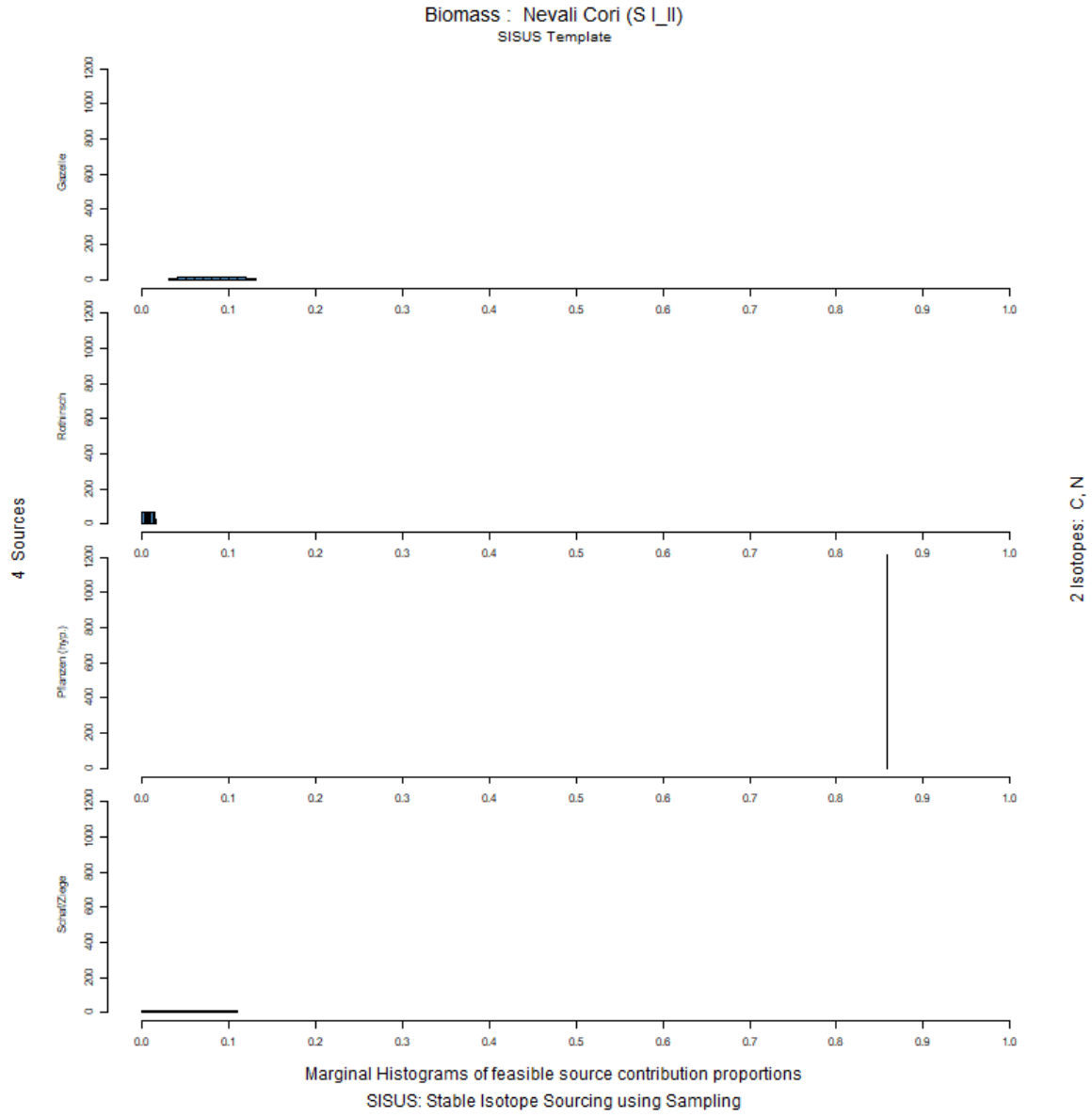


Abbildung A 32: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) I/II sind. Erstellt mit SISUS.

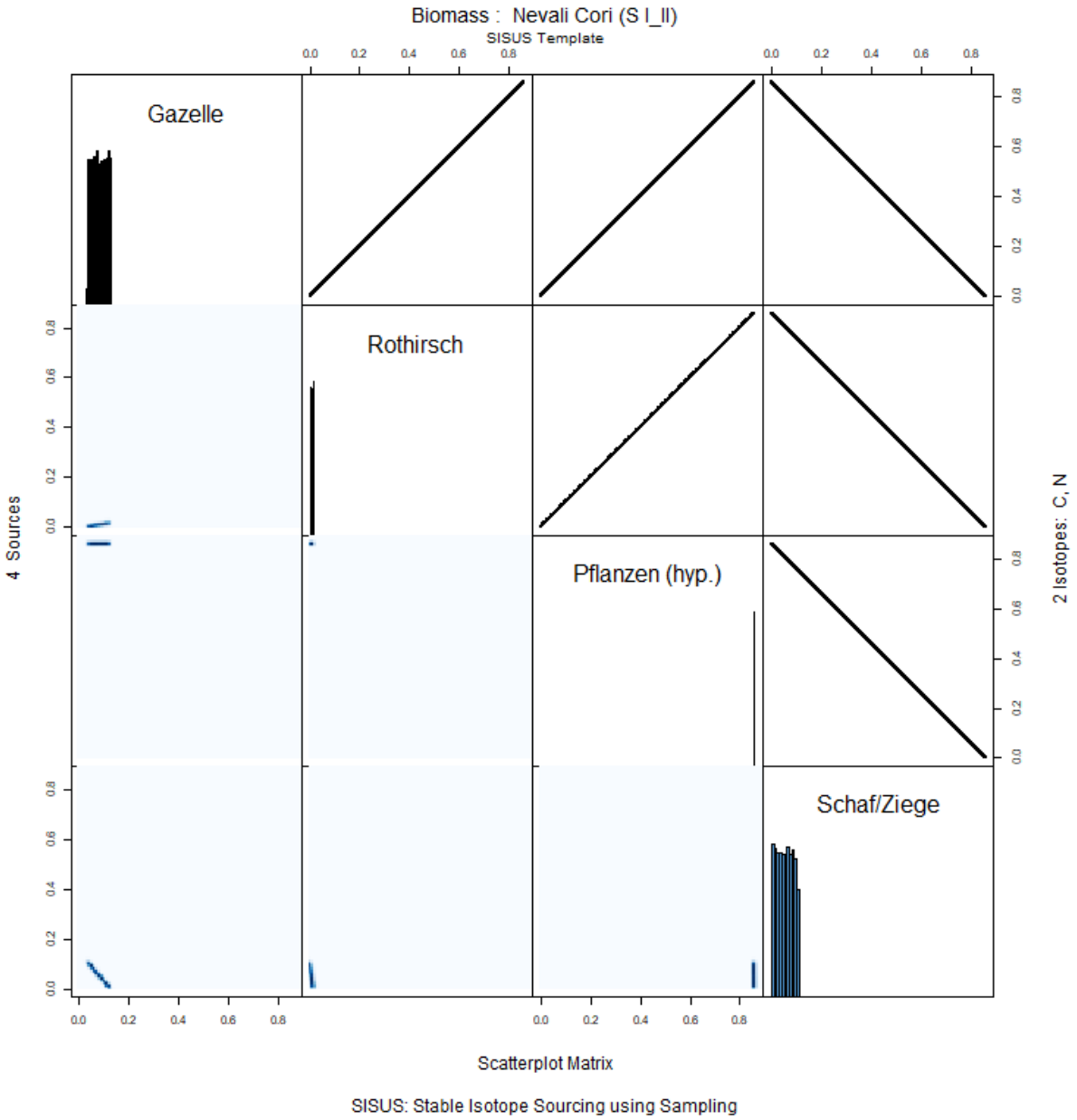


Abbildung A 33: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) I/II sind. Erstellt mit SISUS.

Schicht I/II oder III

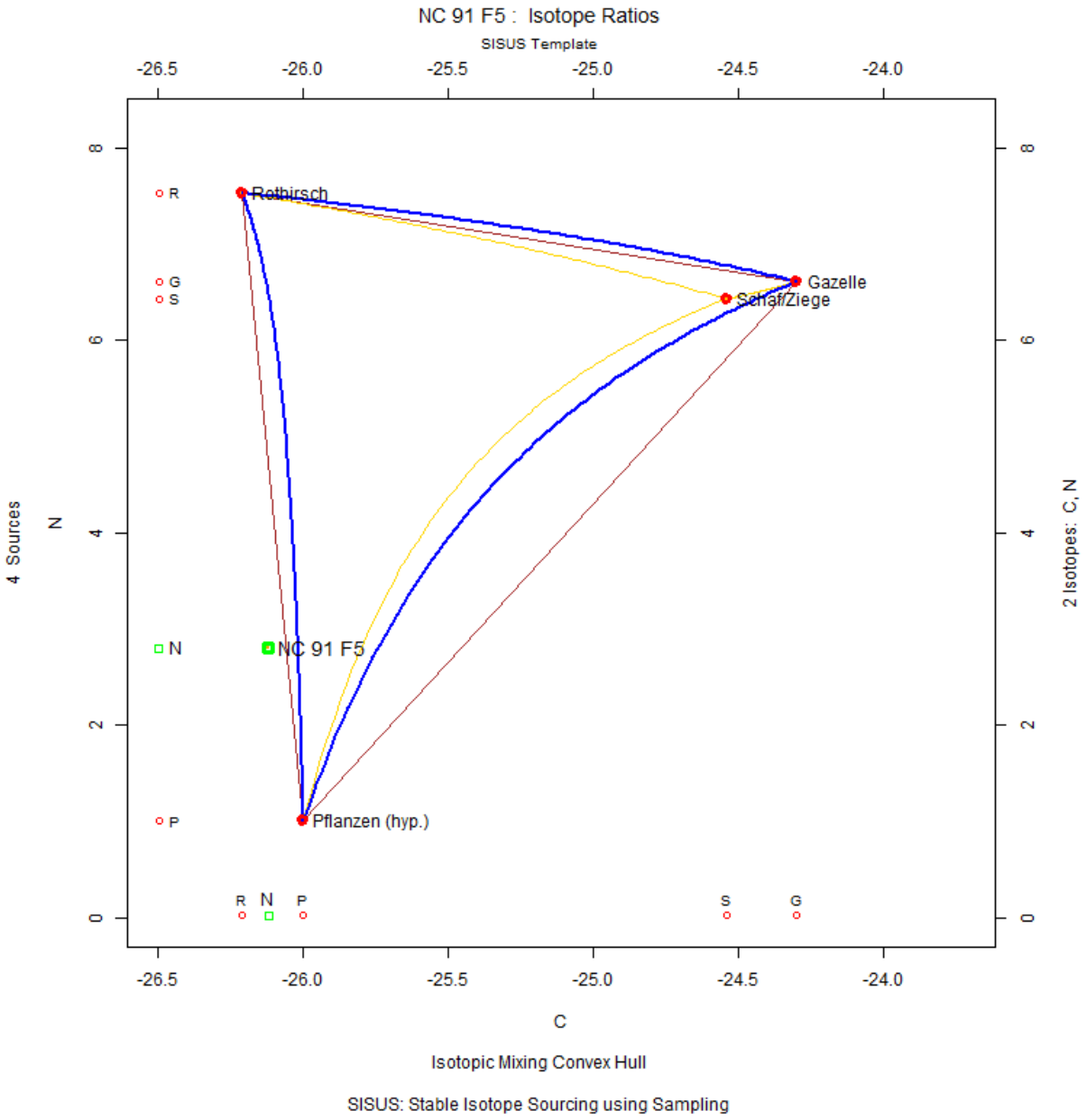


Abbildung A 34: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Nevalı Çori (NC) 91 F5, welches Teil der archäologischen Schicht I/II oder III sind. Erstellt mit SISUS.

Schicht I/III

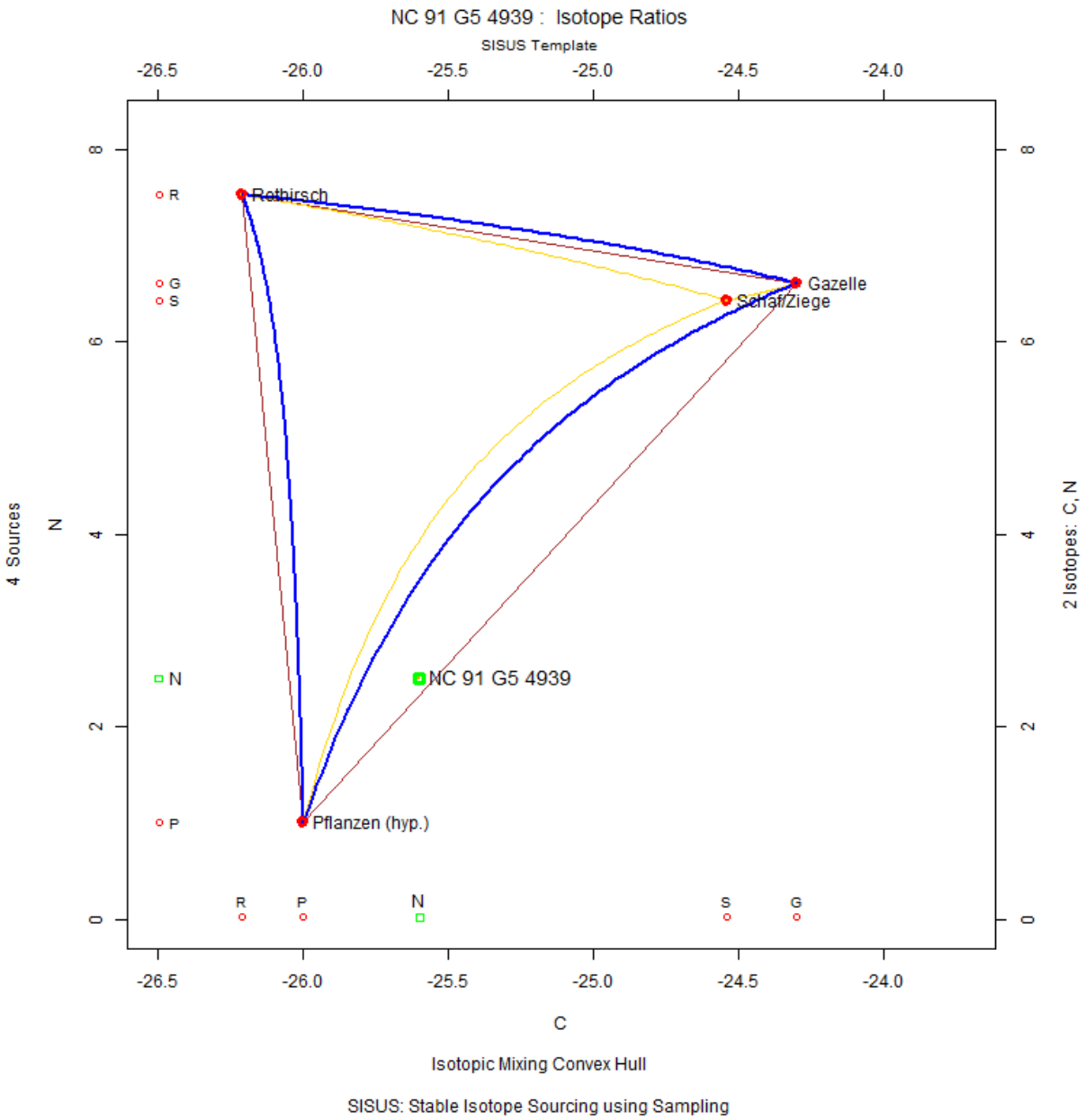


Abbildung A 35: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Nevalı Çori (NC) 91 G5 4939, welches Teil der archäologischen Schicht I/II oder III sind. Erstellt mit SISUS.

Schicht IIII

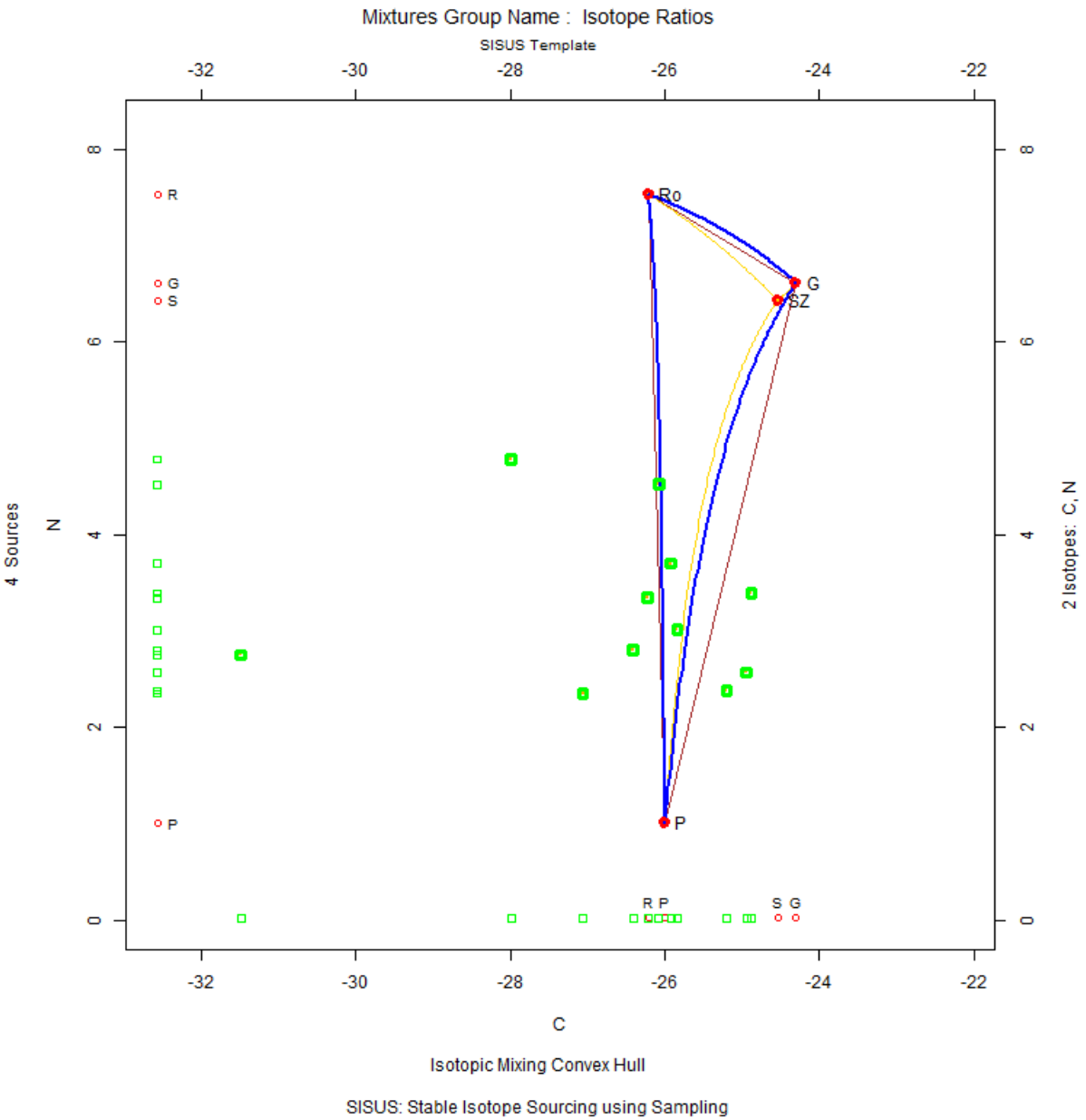


Abbildung A 36: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) III sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

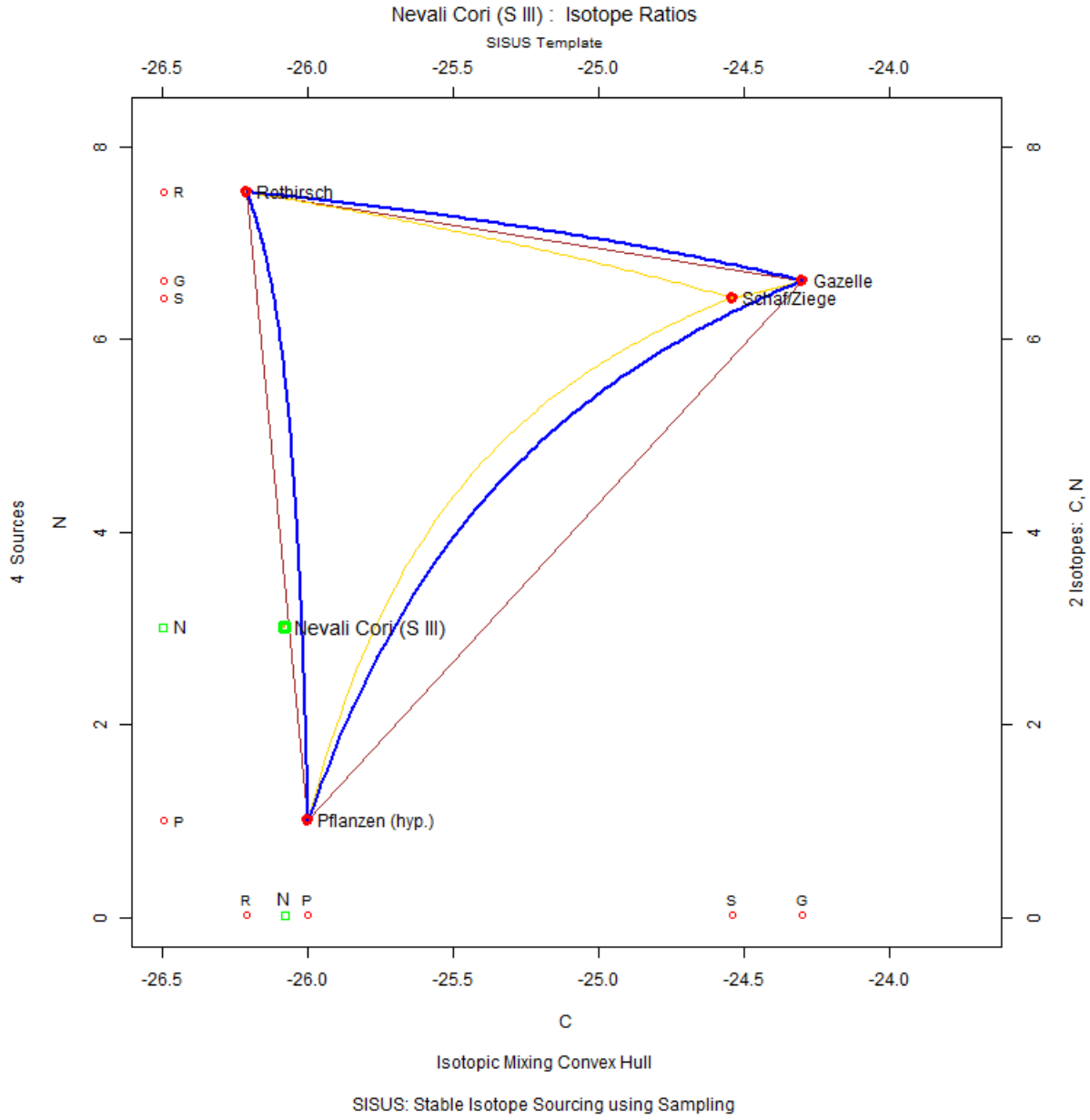


Abbildung A 37: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) III sind. Erstellt mit SISUS.

Schicht IV/V

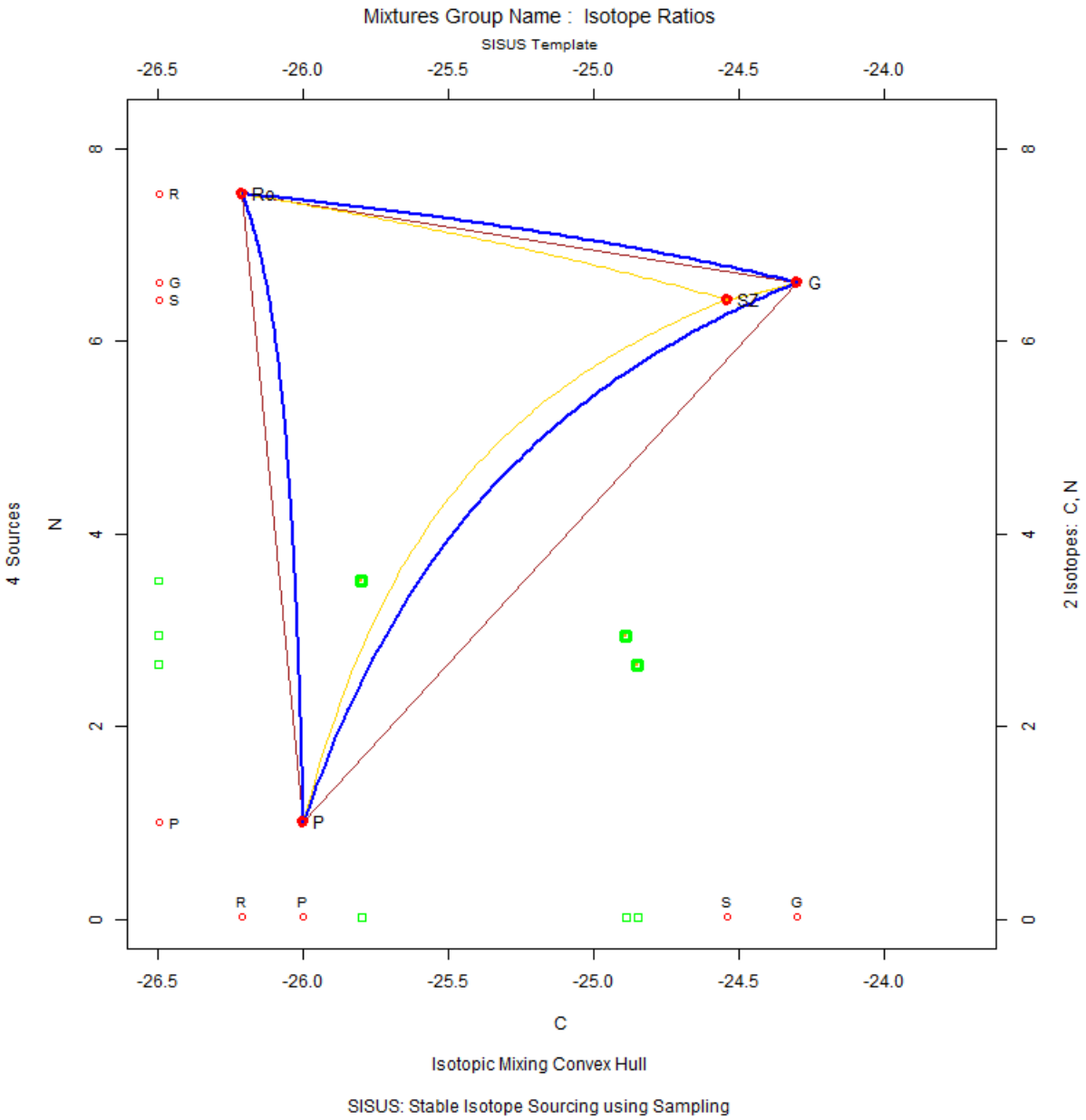


Abbildung A 38: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) IV/V sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

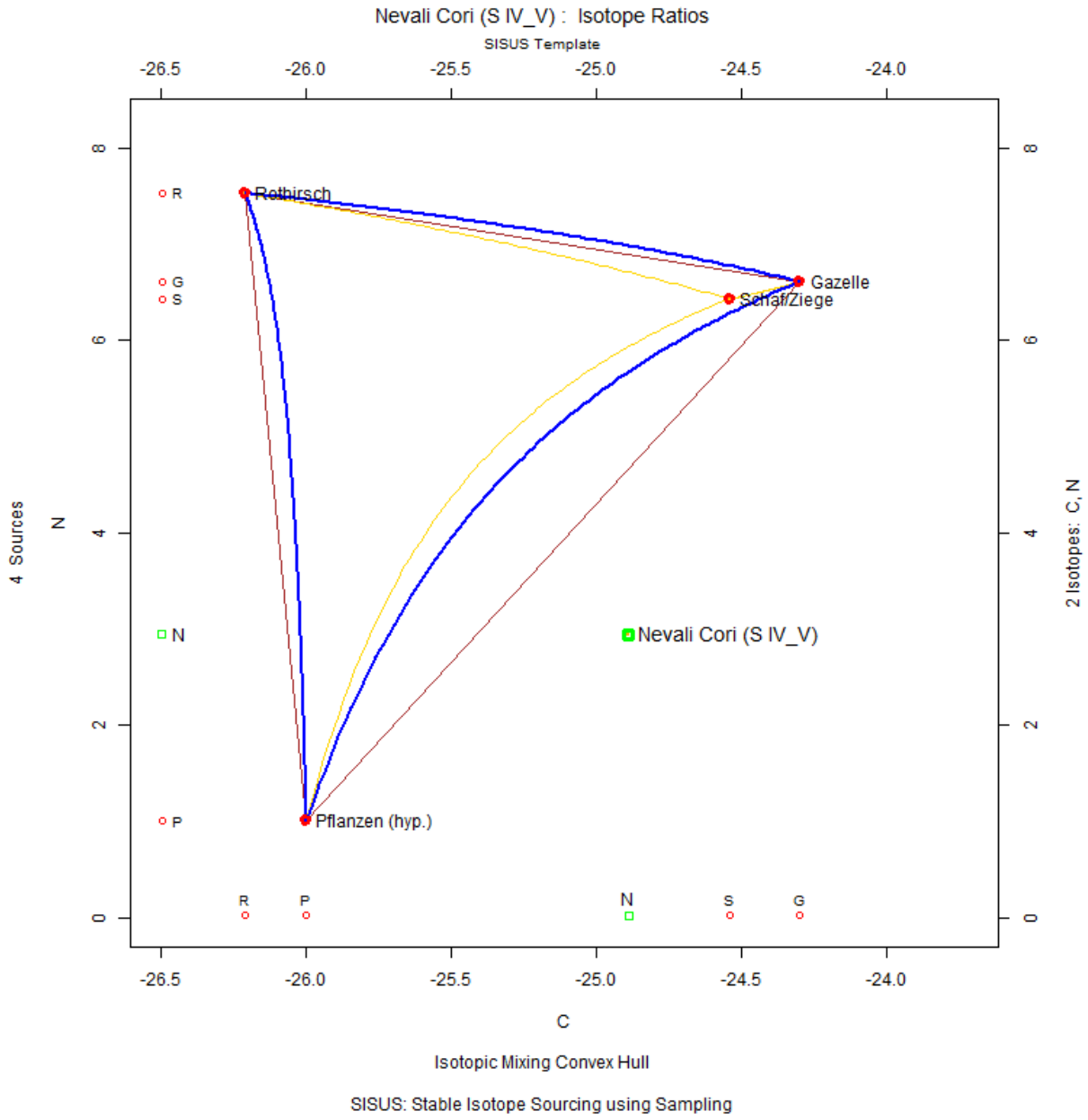


Abbildung A 39: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) IV/V sind. Erstellt mit SISUS.

Schicht VI/VIII

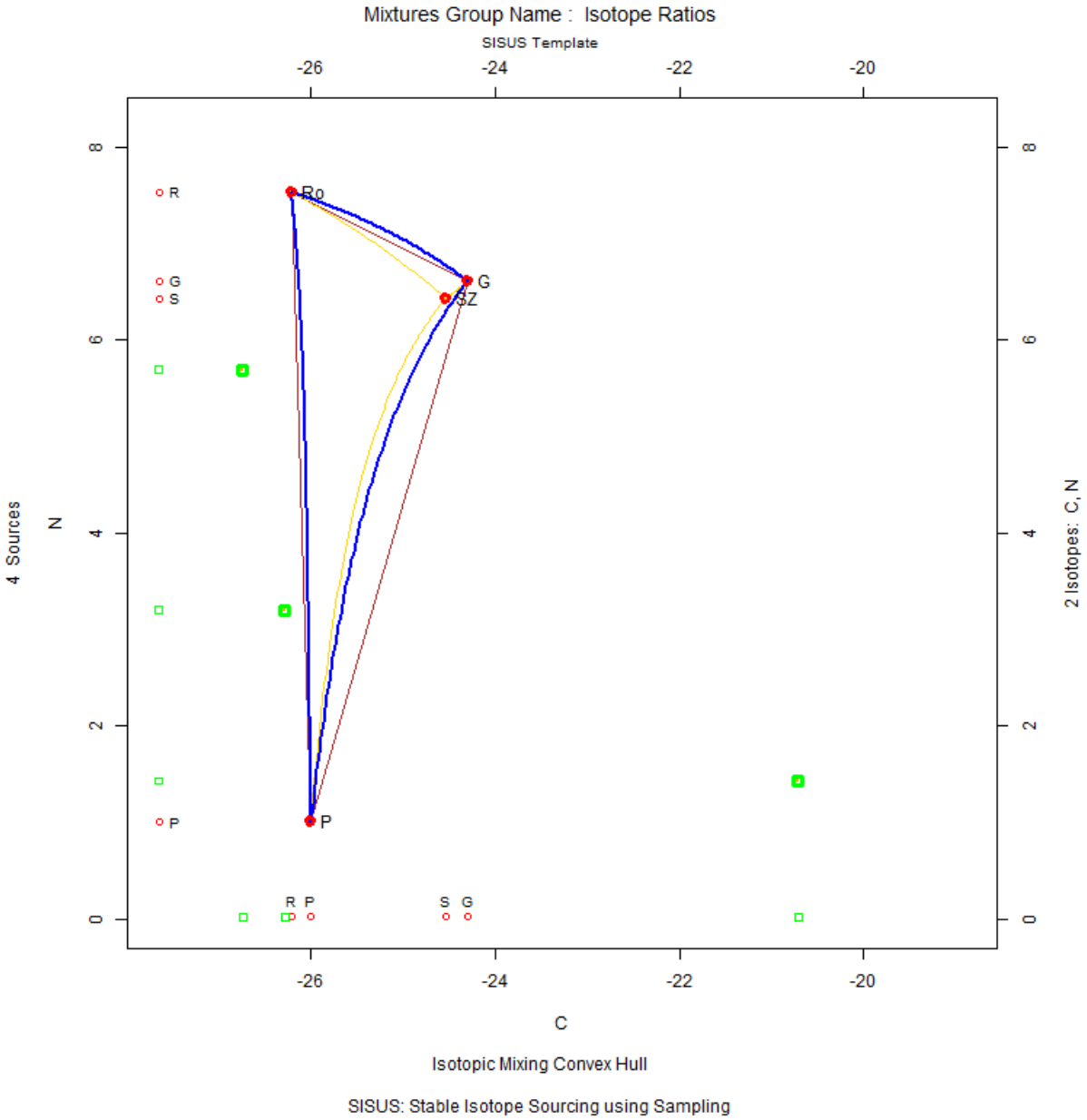


Abbildung A 40: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) VI/VIII sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

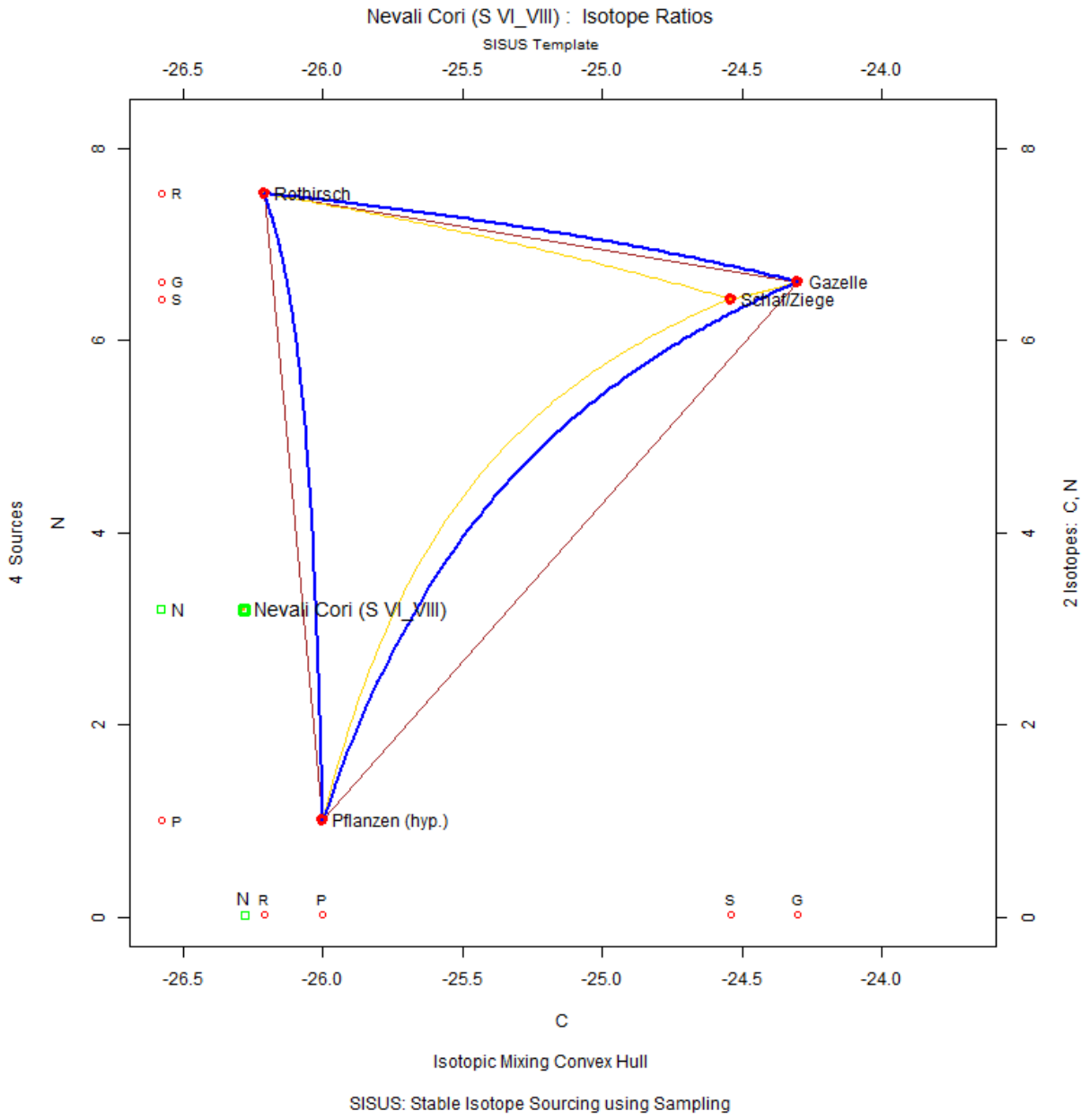


Abbildung A 41: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Nevalı Çori, die Teil der archäologischen Schicht (S) VI/VIII sind. Erstellt mit SISUS.

9.2.2 Griechenland

9.2.2.1 Bivariate Abbildungen - Küste

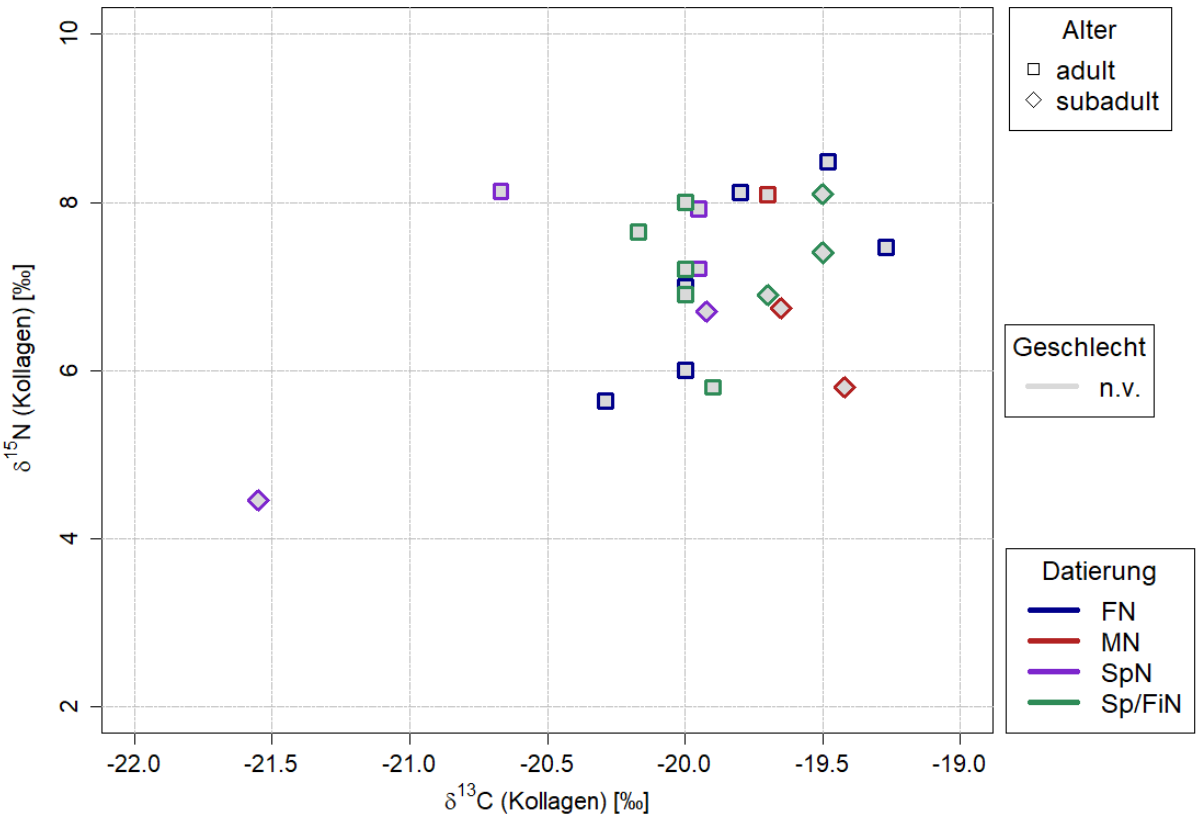


Abbildung A 42: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Alepotrypa. *n.v.*: nicht vorhanden, *FN*: Frühes Neolithikum, *MN*: Mittleres Neolithikum, *SpN*: Spätes Neolithikum, *Sp/FiN*: Spätes/Finales Neolithikum

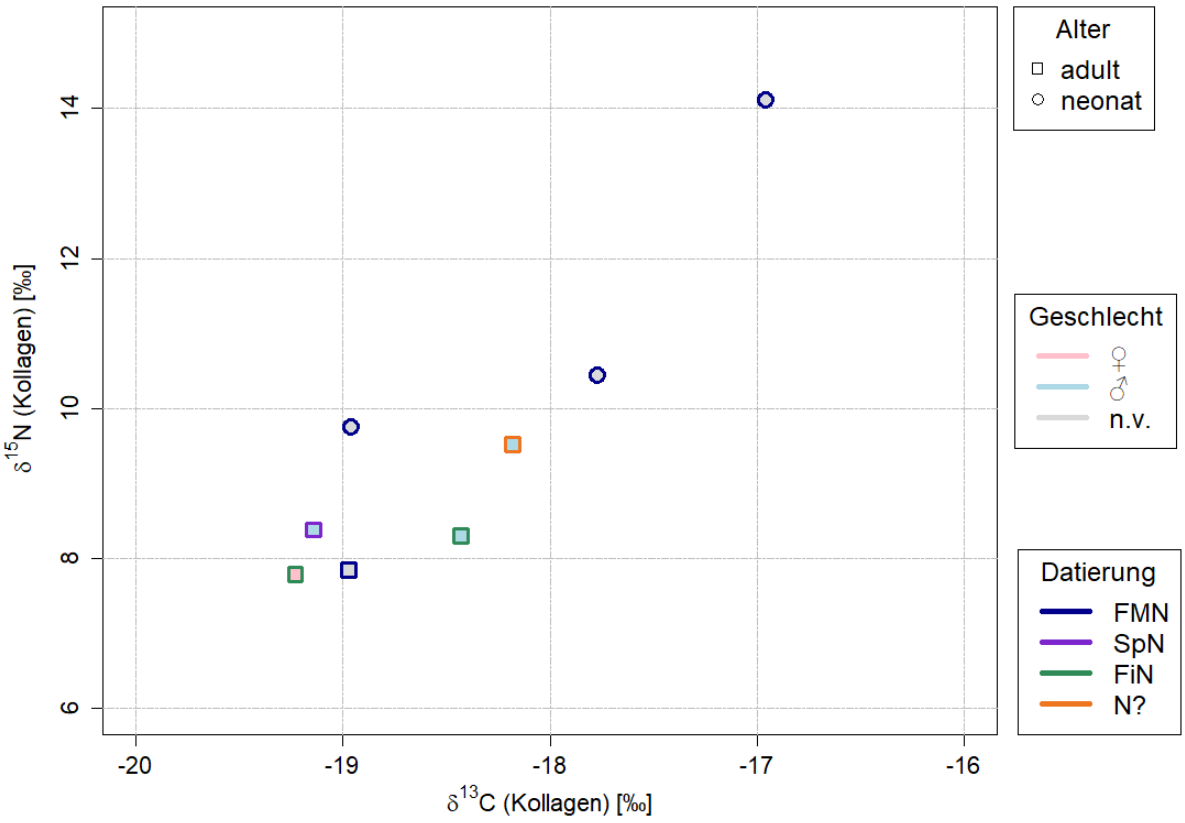


Abbildung A 43: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Franchthi. **oben**: gesamte Daten getrennt nach Alter; **unten**: Daten getrennt nach Geschlecht (**M**: männlich, **W**: weiblich, **n.a.**: nicht vorhanden).

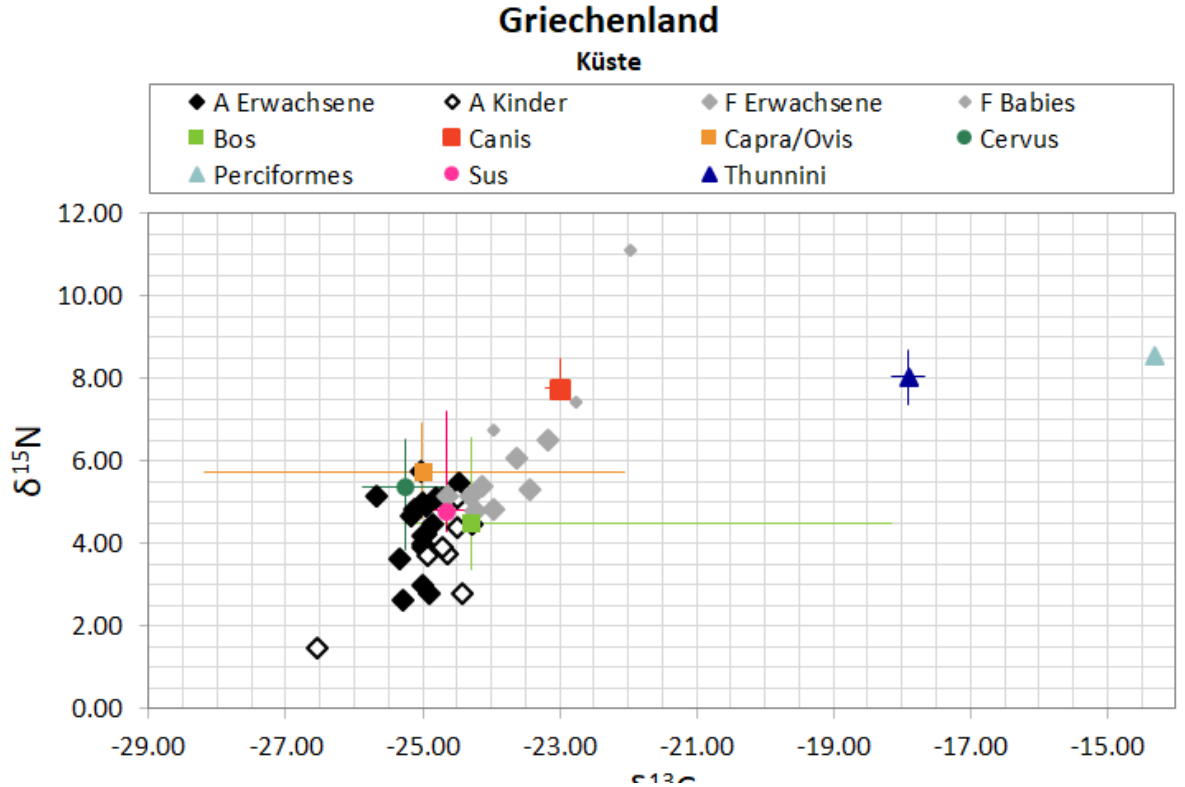


Abbildung A 44: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus der Küstenregion Griechenlands. **A**: Alepotrypa, **F**: Franchthi.

9.2.2.2 Bivariate Abbildungen – Festland

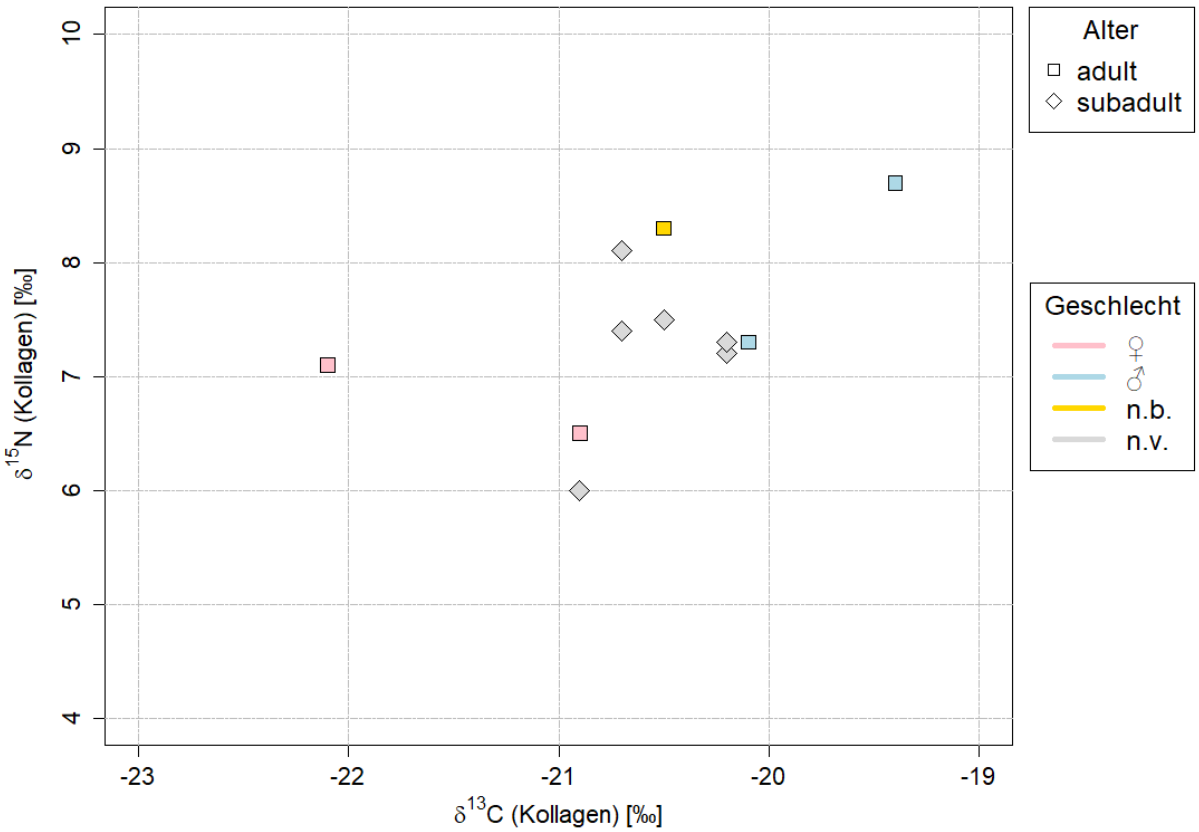


Abbildung A 45 Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Mavropigi. **n.b.**: nicht bestimmbar, **n.v.**: nicht vorhanden.

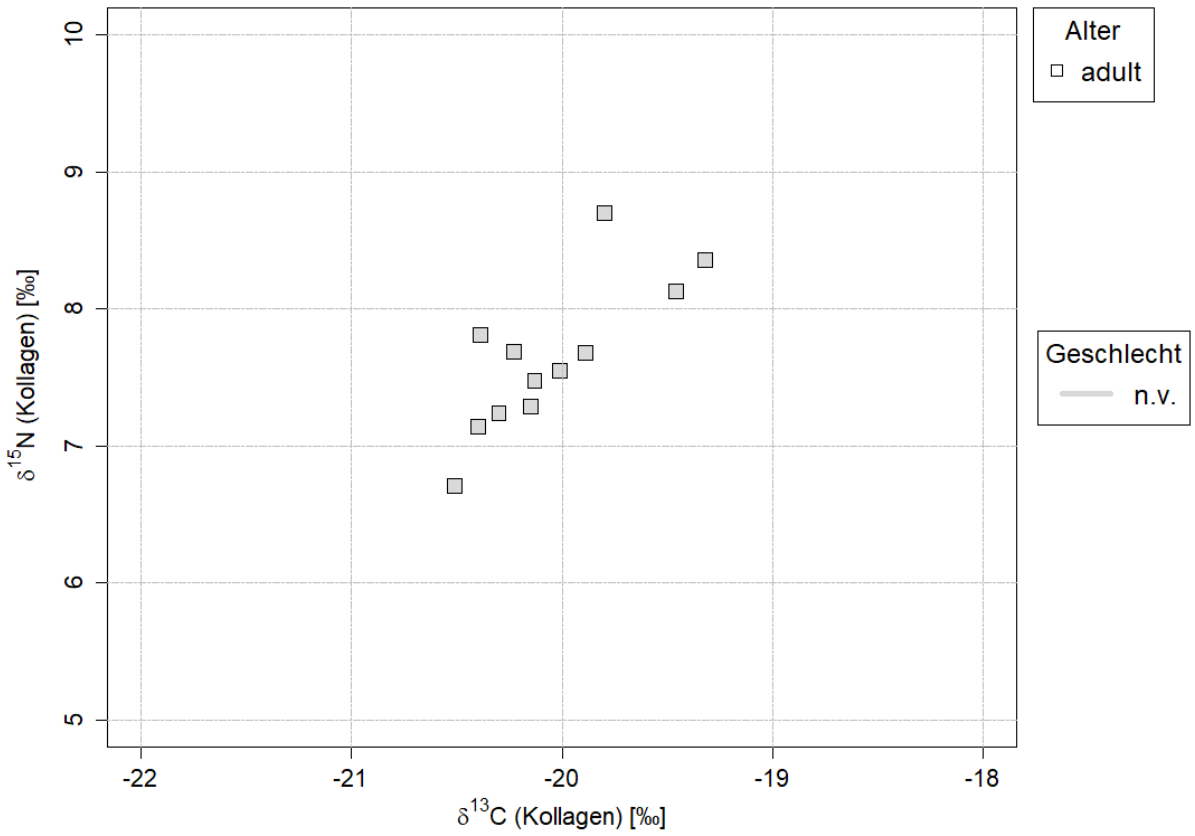


Abbildung A 46: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Theopetra).

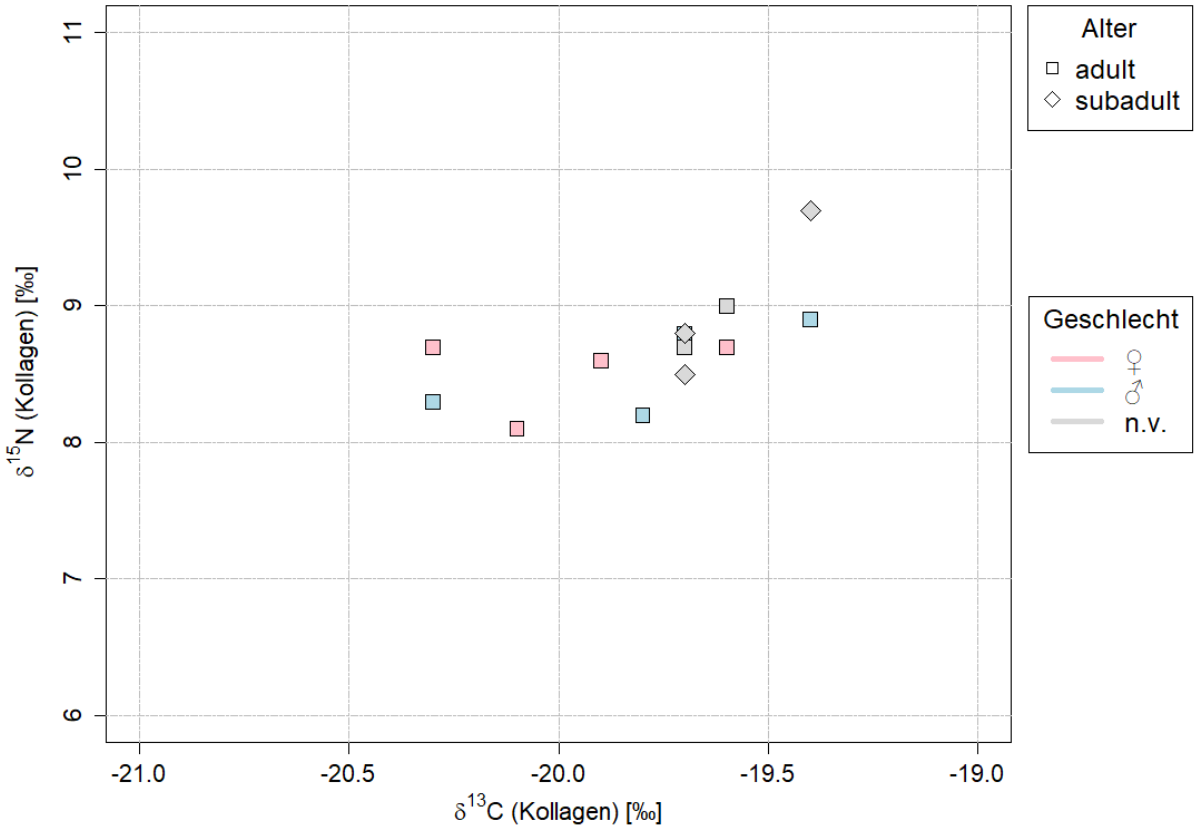


Abbildung A 47: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Xirolimni. **oben**: gesamte Daten getrennt nach Alter; **unten**: Daten getrennt nach Geschlecht (**M**: männlich, **W**: weiblich, **n.a.**: nicht vorhanden).

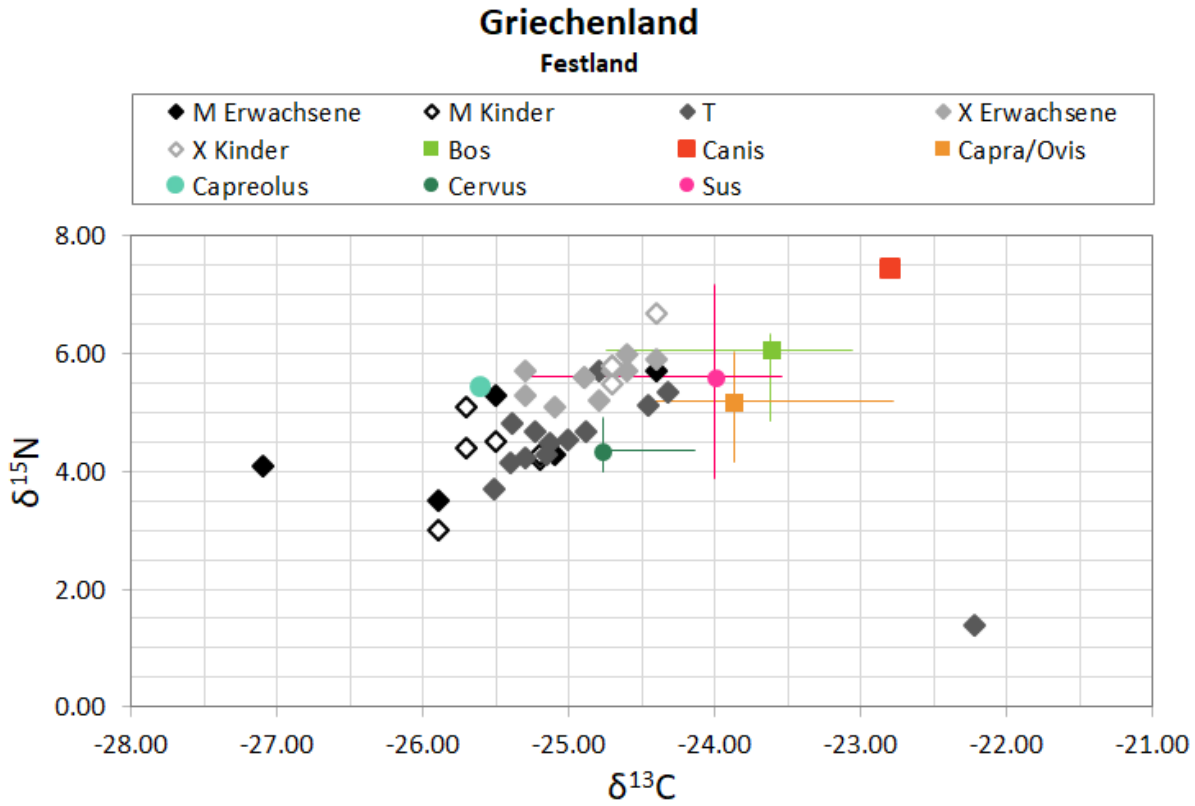


Abbildung A 48: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus der Festlandregion Griechenlands. **M**: Mavropigi, **T**: Theopetra, **X**: Xirolimni.

9.2.2.3 MixSIAR: Alepotrypa - Populationsmedian

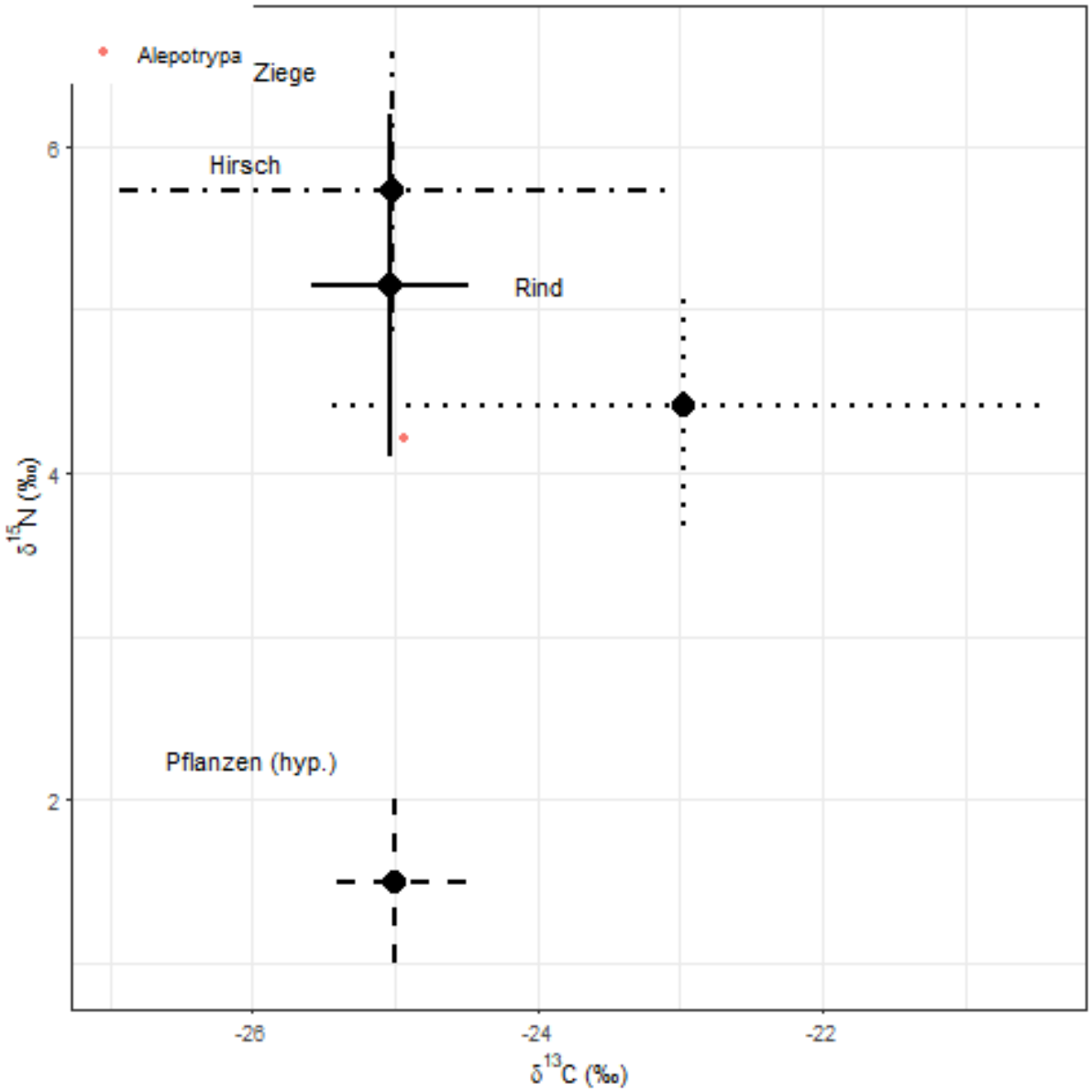


Abbildung A 49: Isospace Plot des Populationsmedians aus Alepotrypa. Erstellt mit MixSIAR.

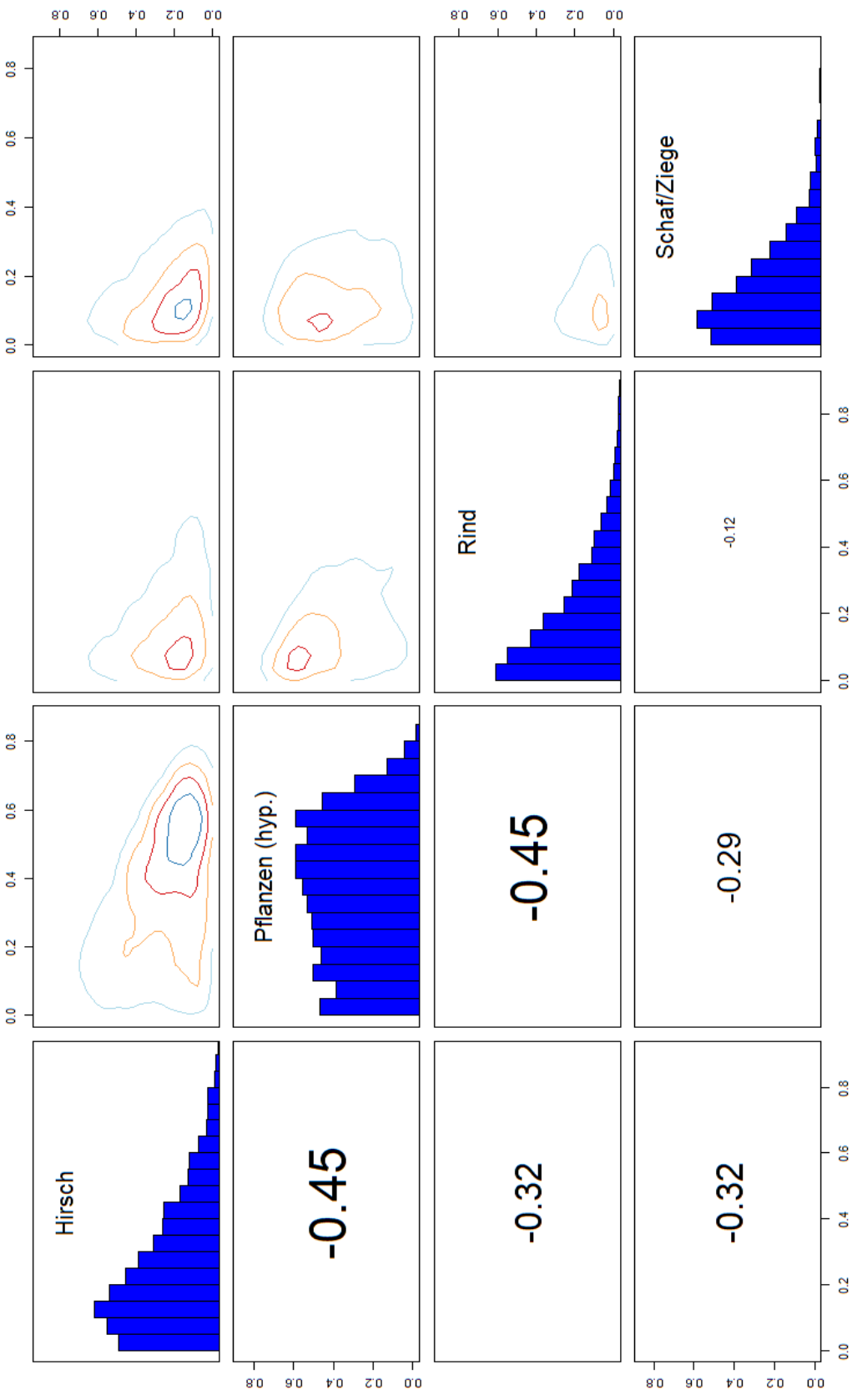


Abbildung A 50: Pairs Plot der Population aus Alepotrypa. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.2.4 MixSIAR: Alepotrypa – Datierung

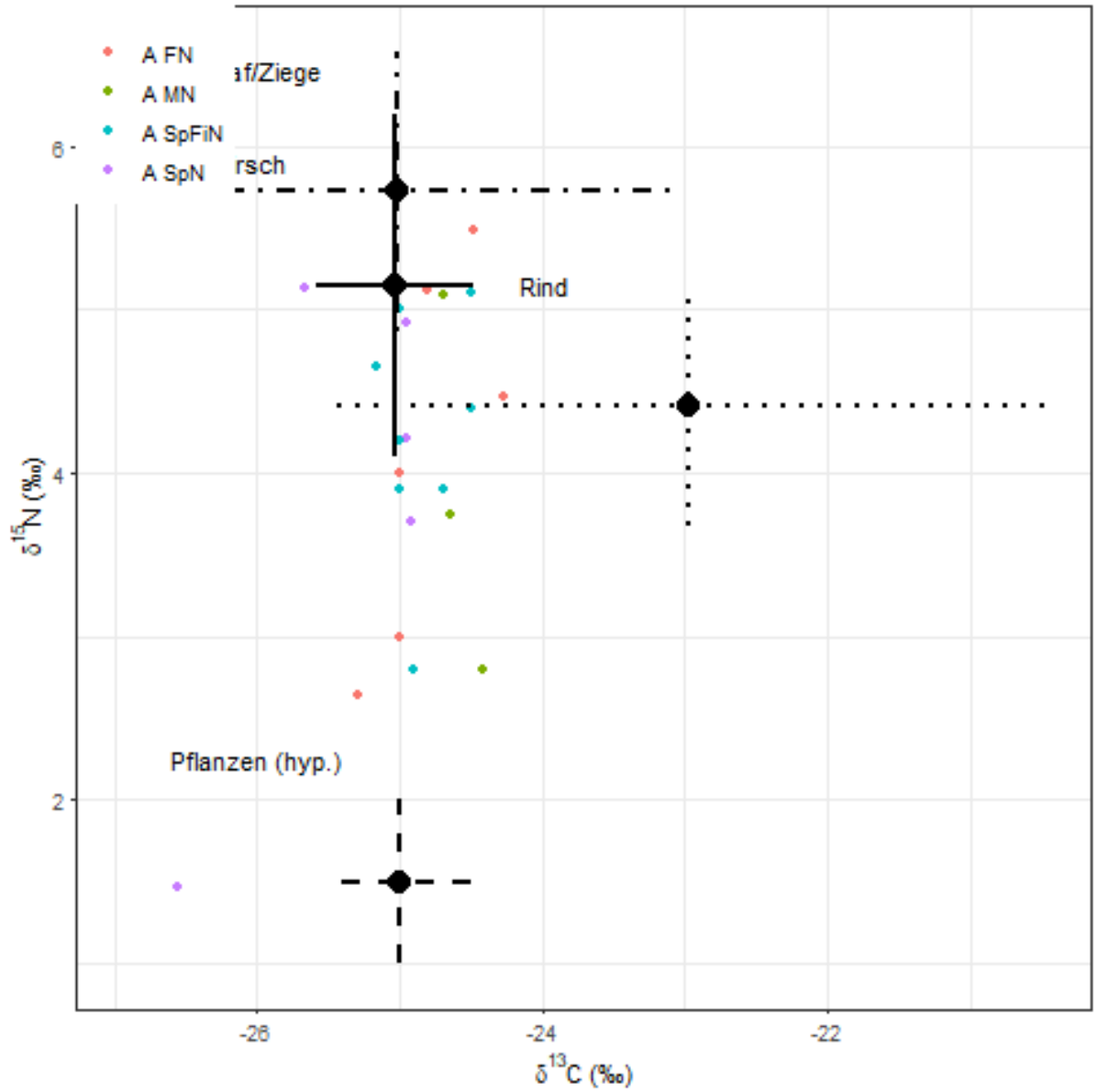


Abbildung A 51: Isospace Plot des Individuen aus Alepotrypa unterteilt nach Datierung. Erstellt mit MixSIAR.

Frühes Neolithikum

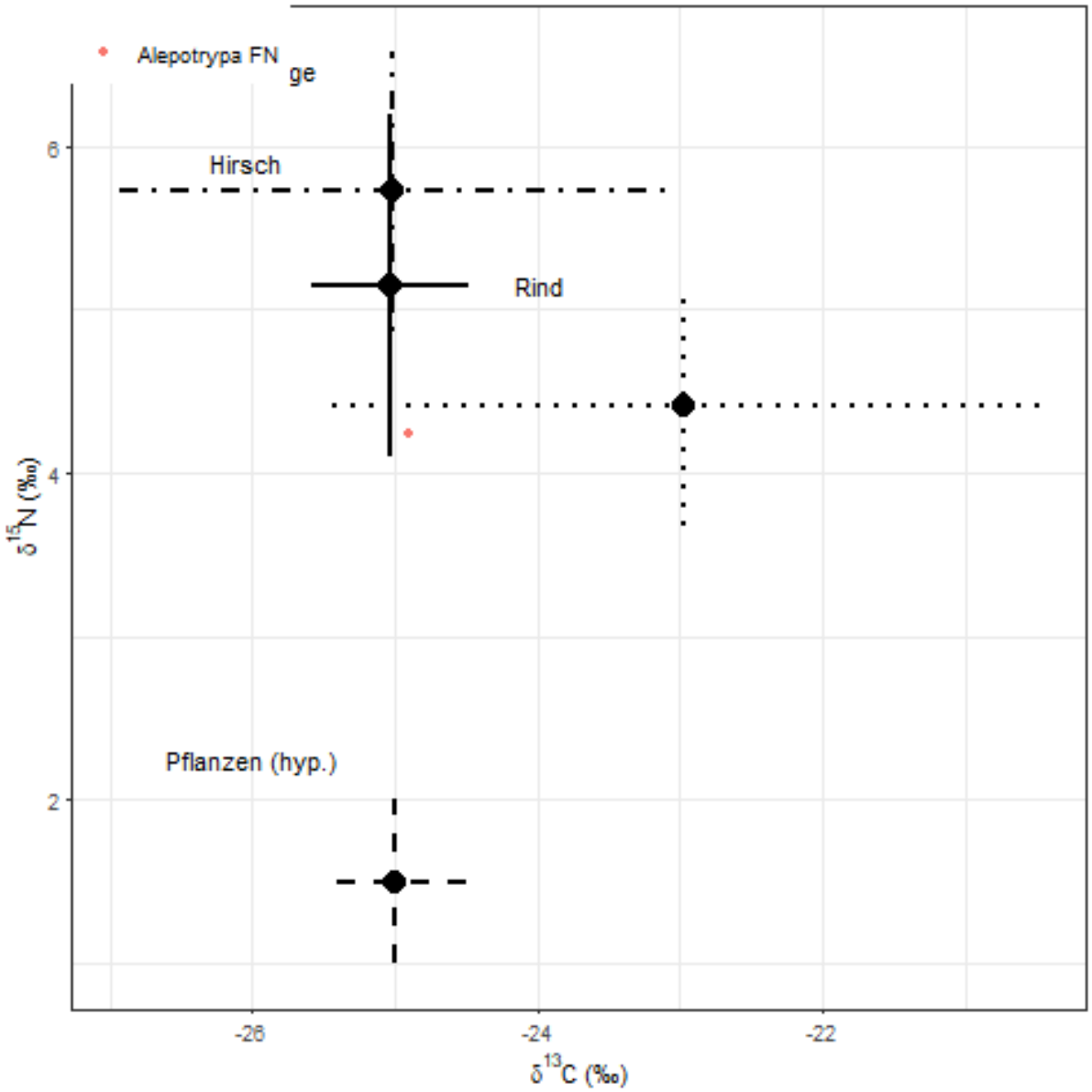


Abbildung A 52: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

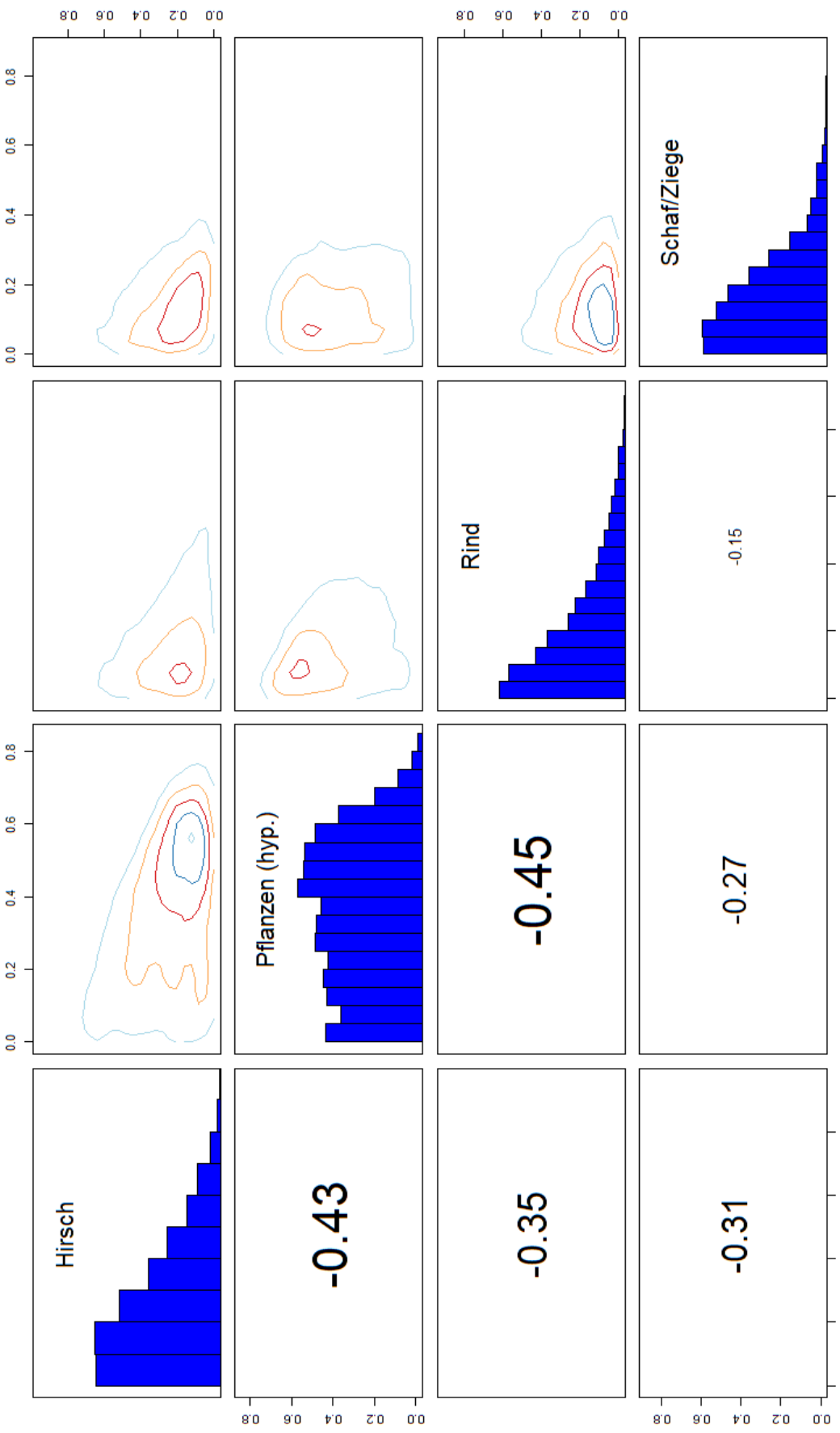


Abbildung A 53: Pairs Plot der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

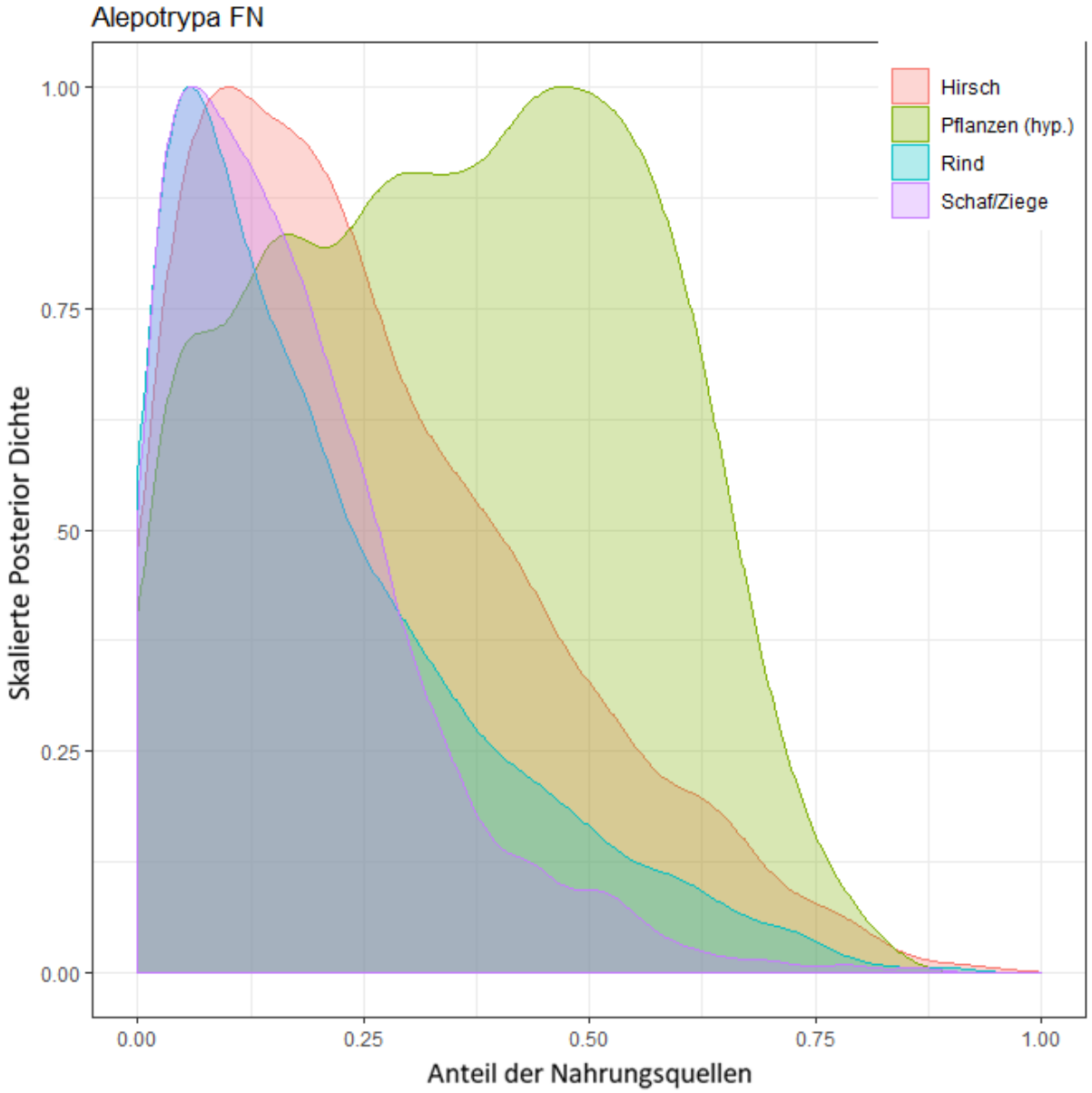


Abbildung A 54: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Mittleres Neolithikum

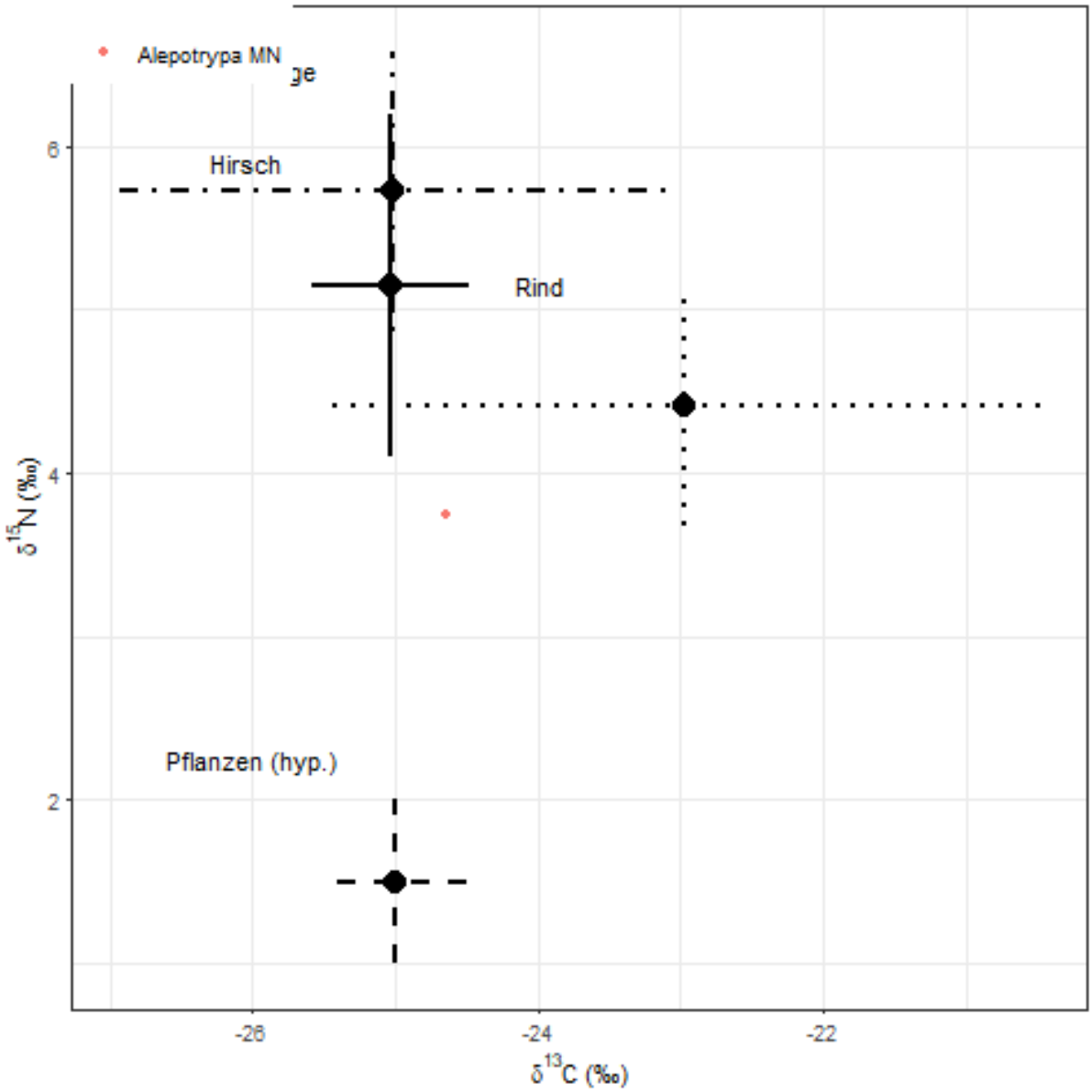


Abbildung A 55: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

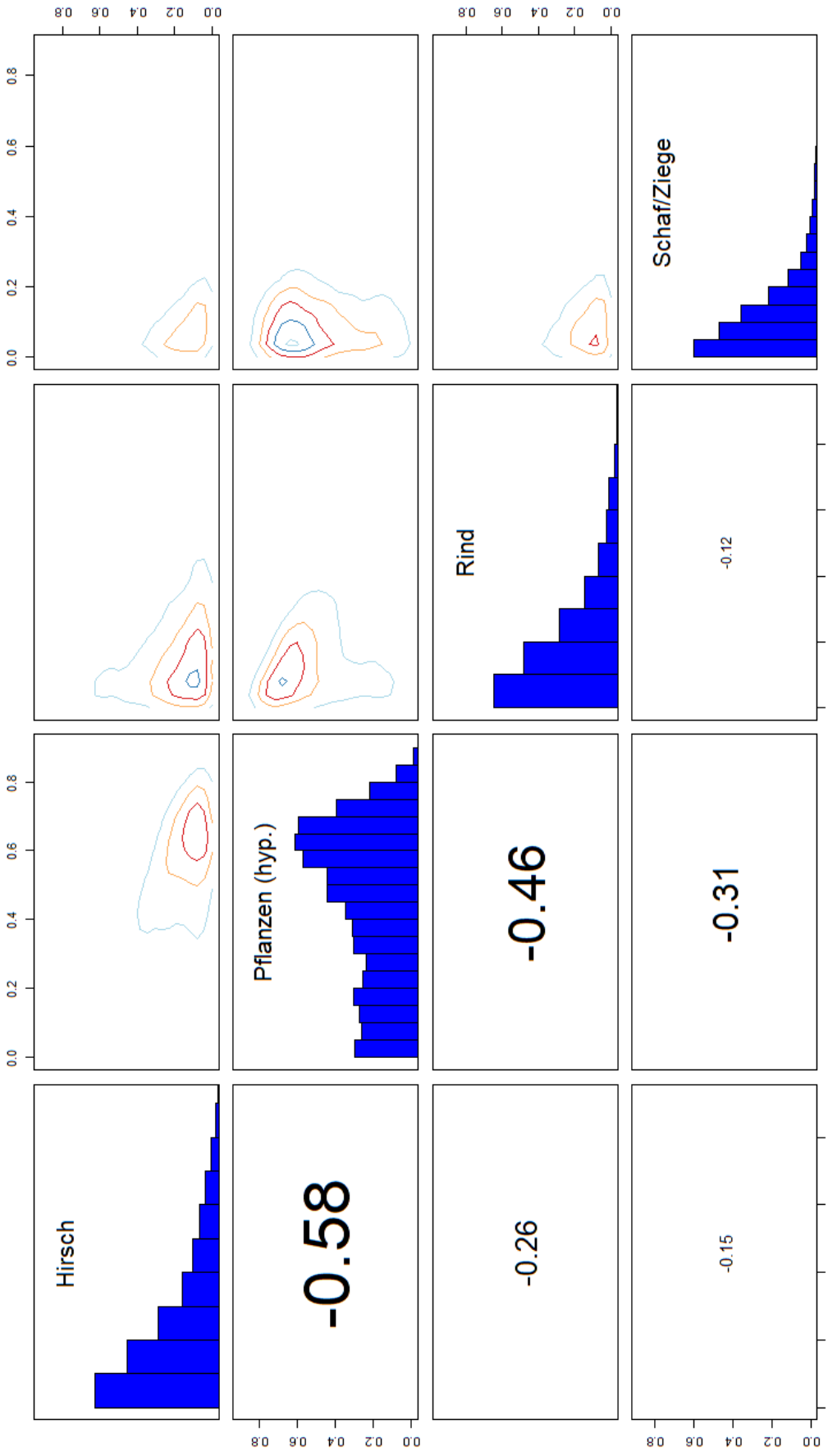


Abbildung A 56: Pairs Plot der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

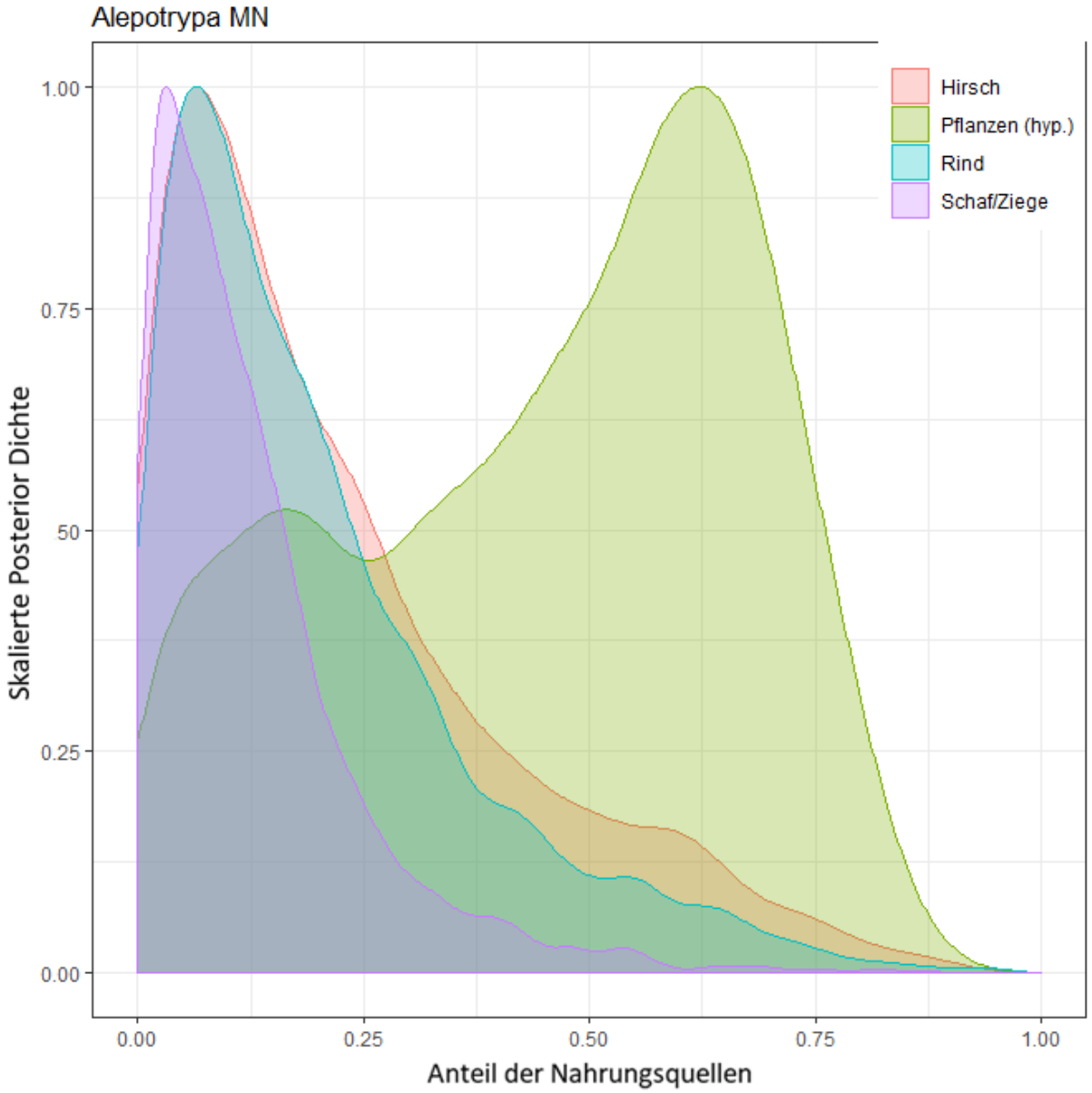


Abbildung A 57: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Spätes Neolithikum

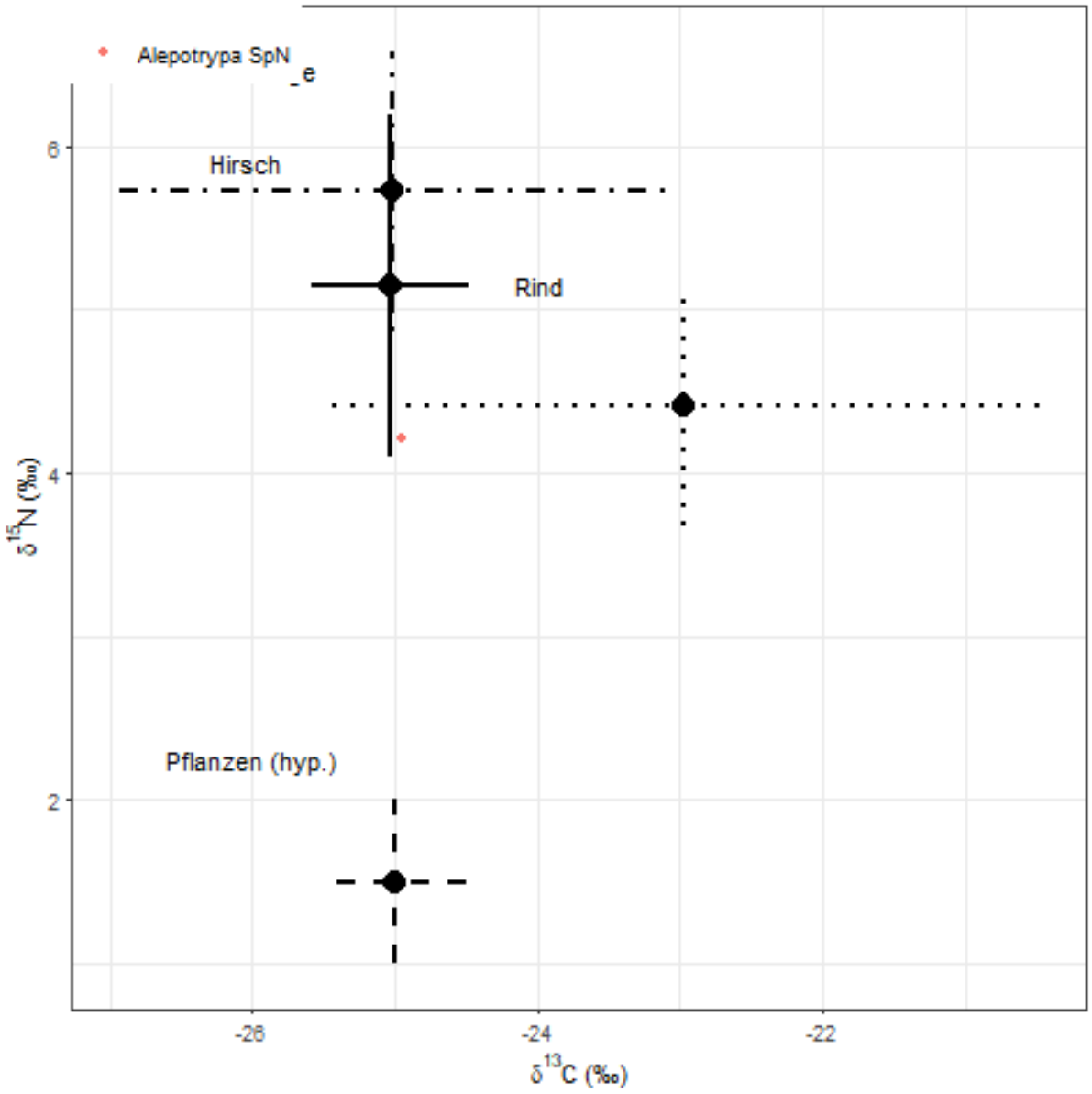


Abbildung A 58: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

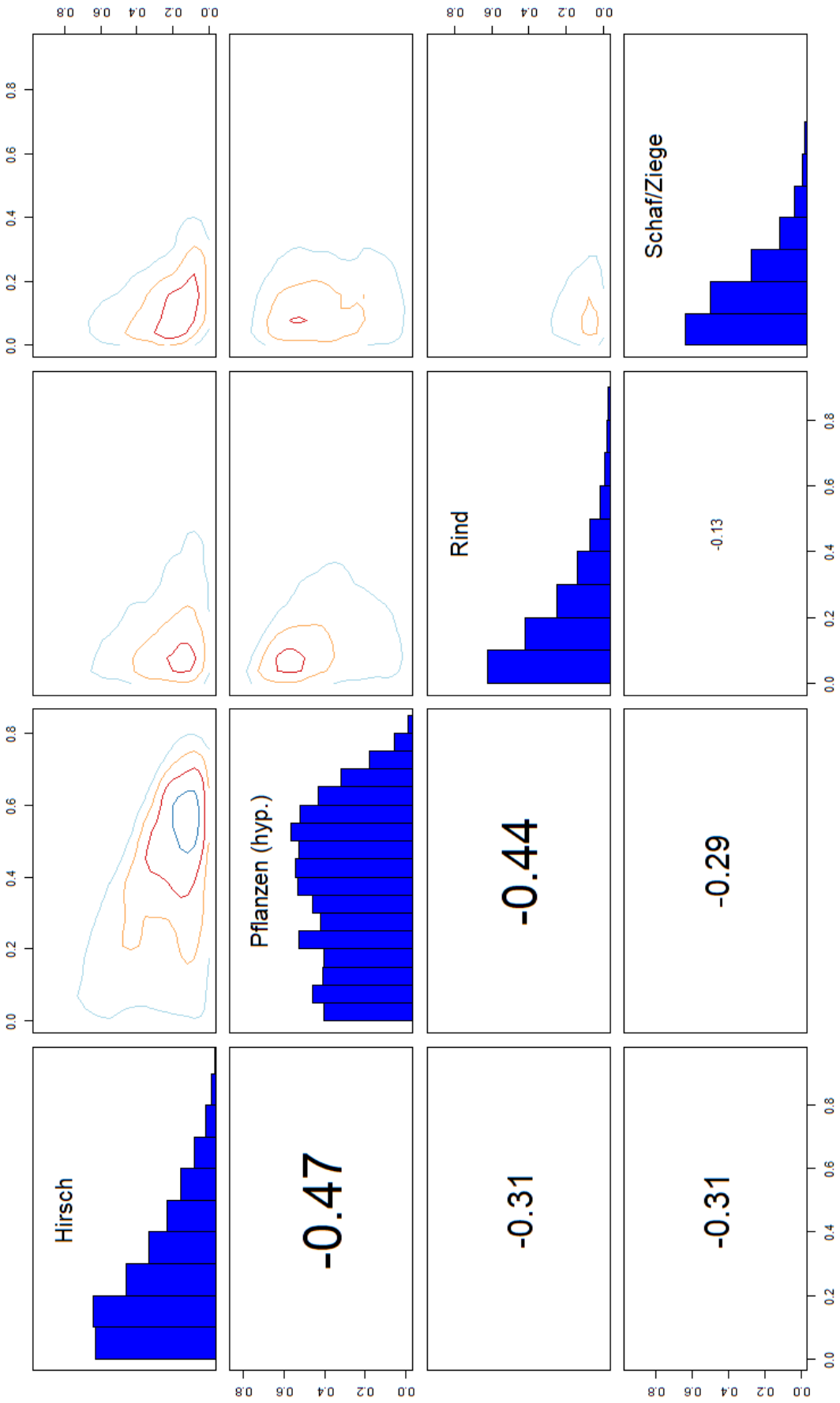


Abbildung A 59: Pairs Plot der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

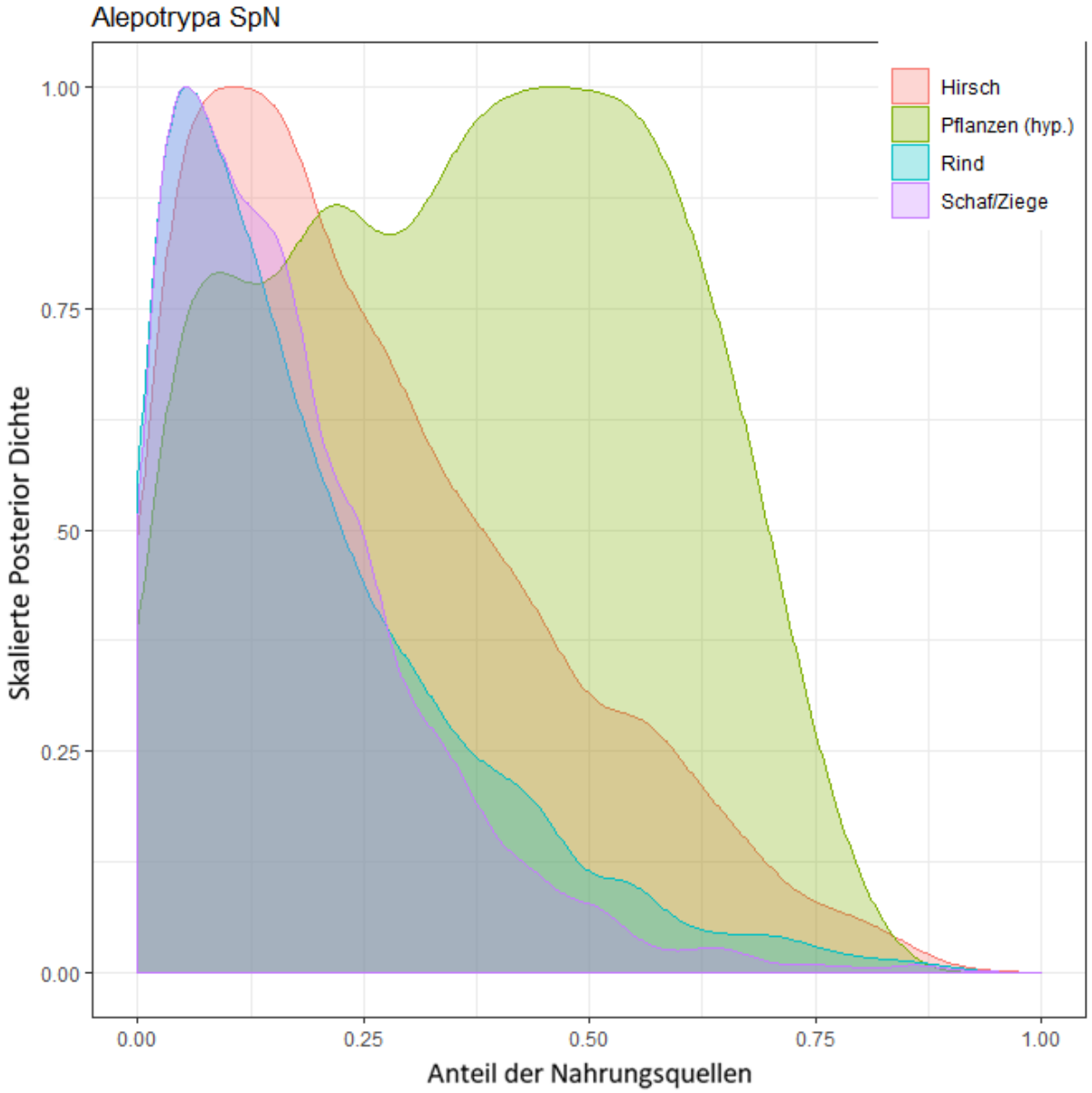


Abbildung A 60: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Spätes/Finales Neolithikum

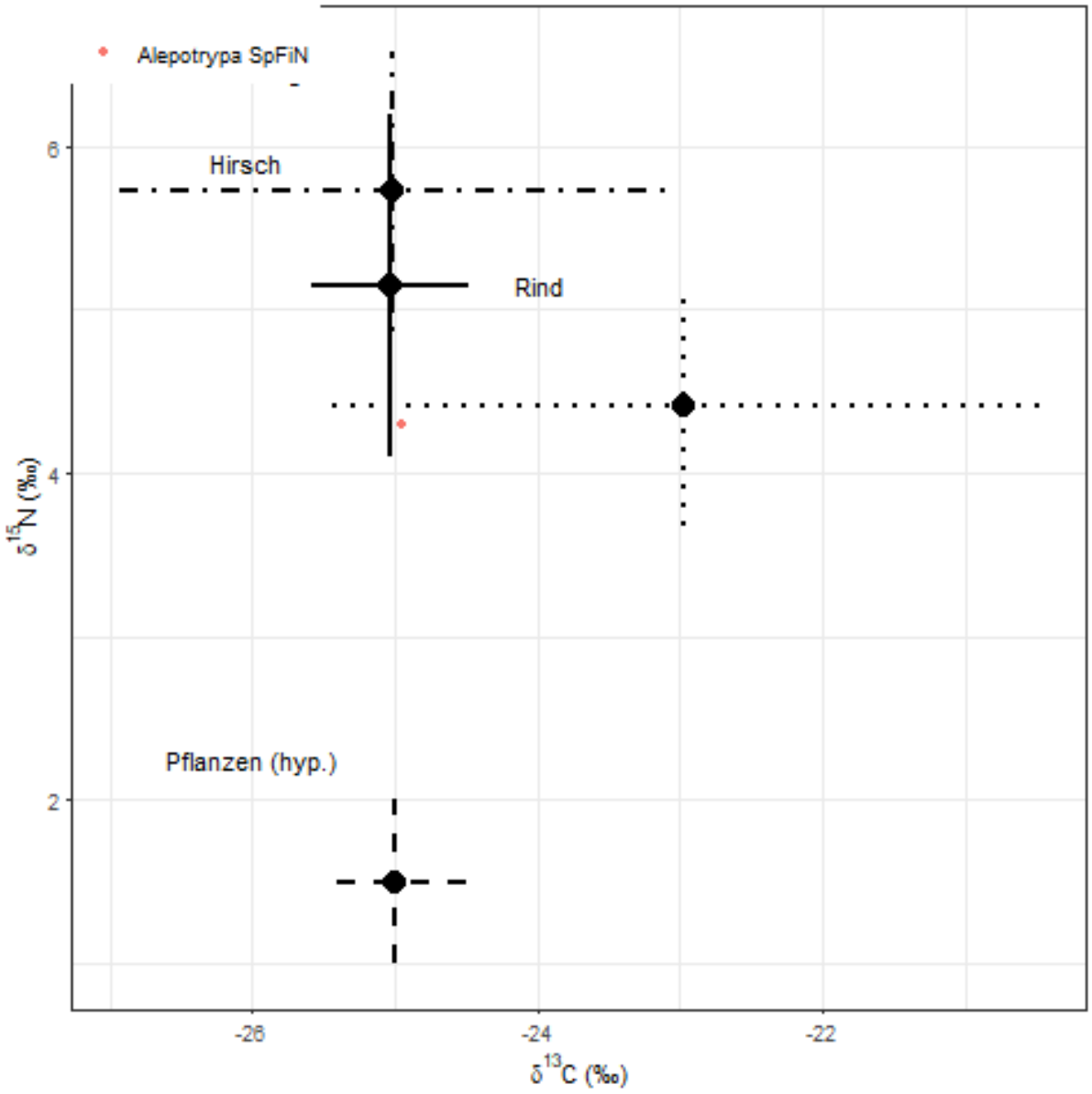


Abbildung A 61: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

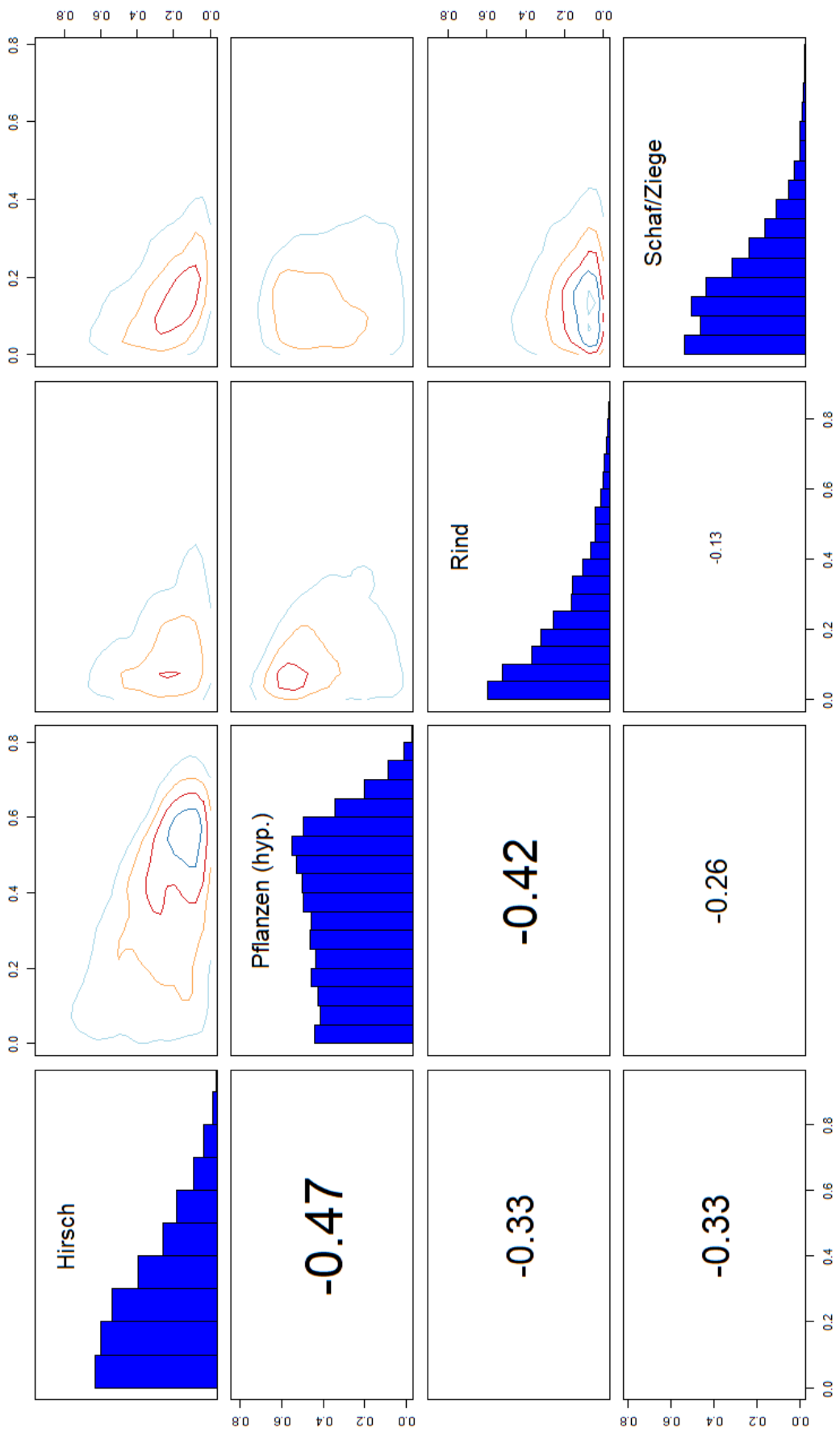


Abbildung A 62: Pairs Plot der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

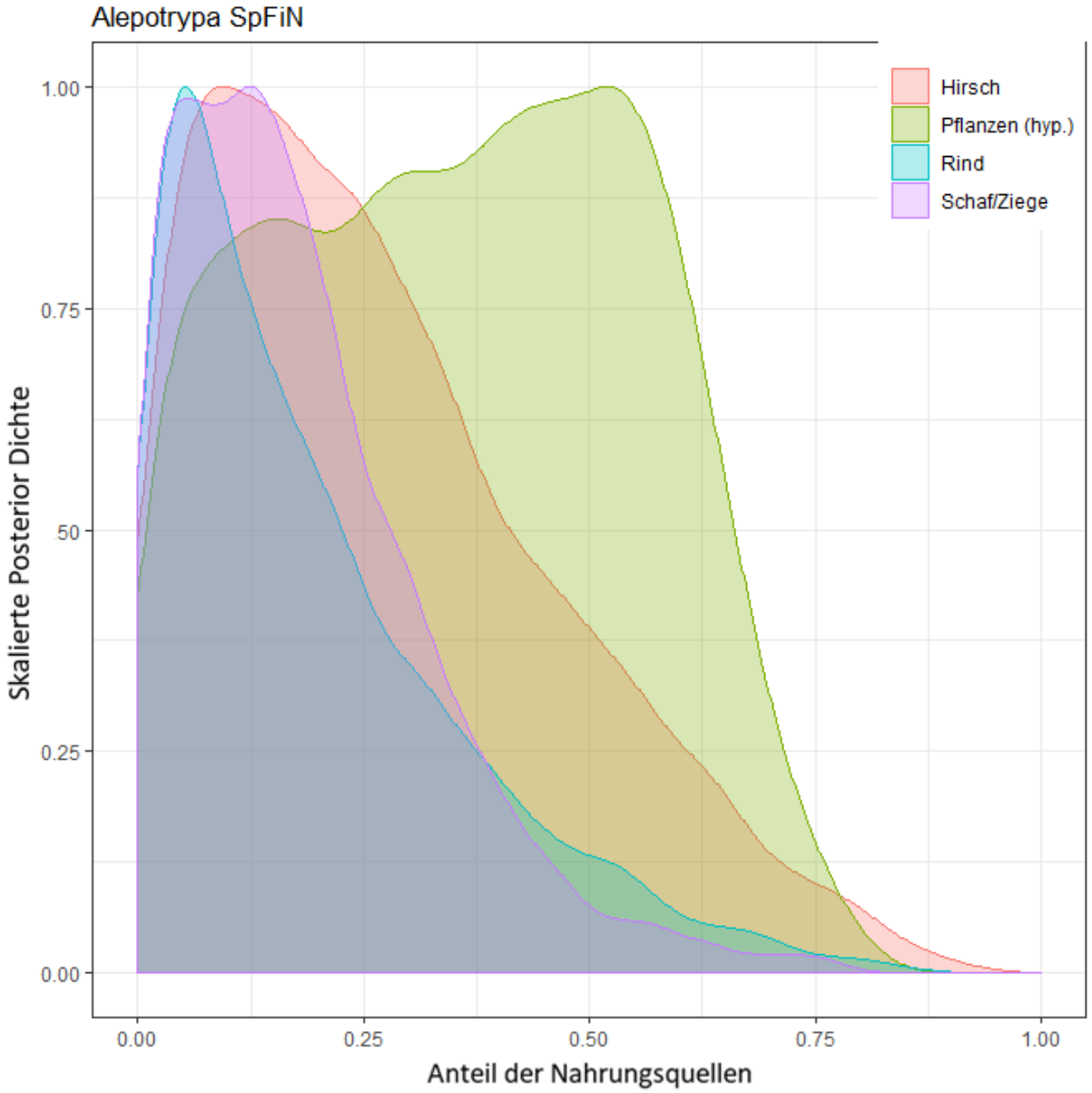


Abbildung A 63: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.2.5 MixSIAR: Franchthi - Populationsmedian

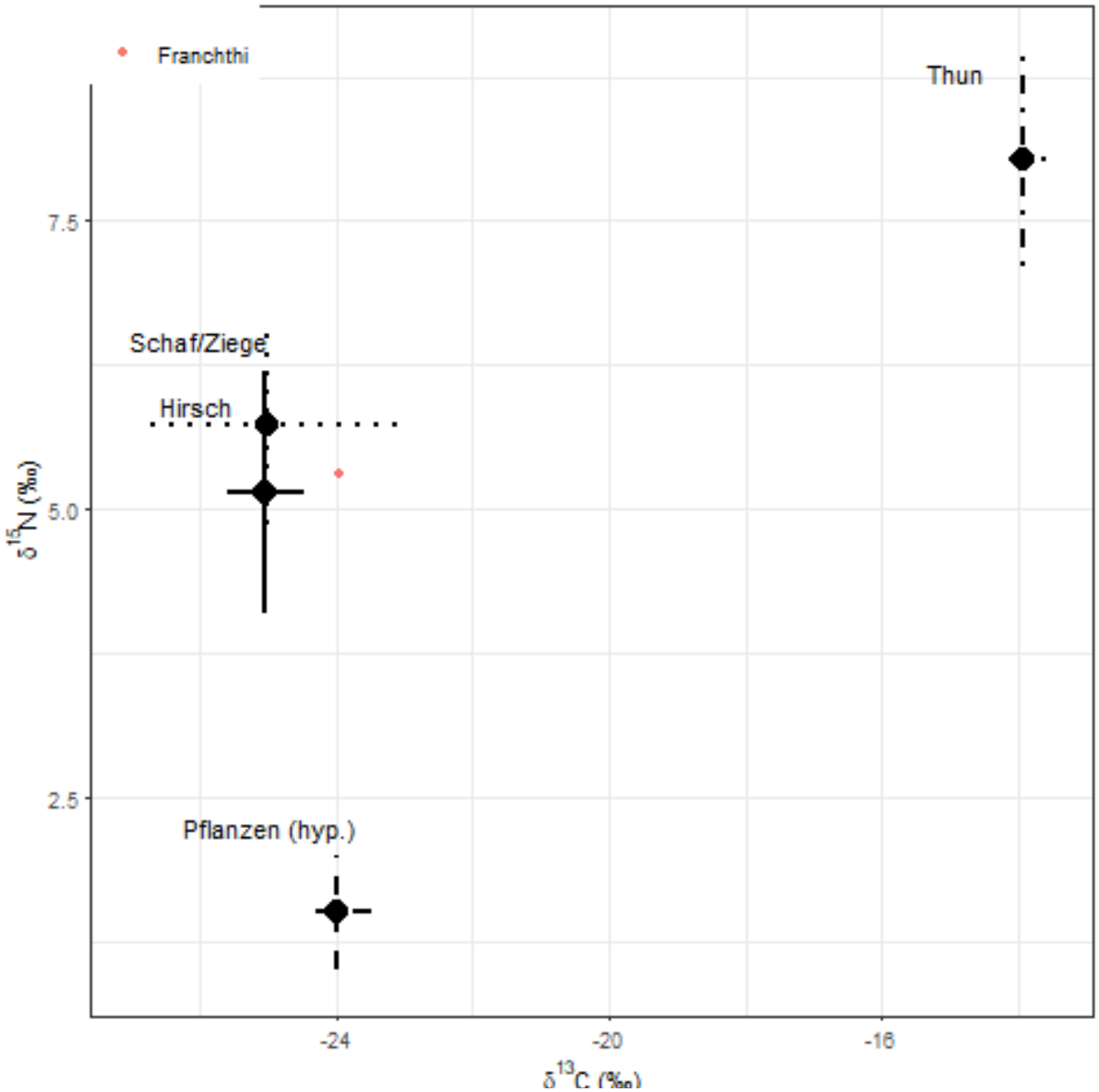


Abbildung A 64: Isospace Plot des Populationsmedians aus Franchthi. Erstellt mit MixSIAR.

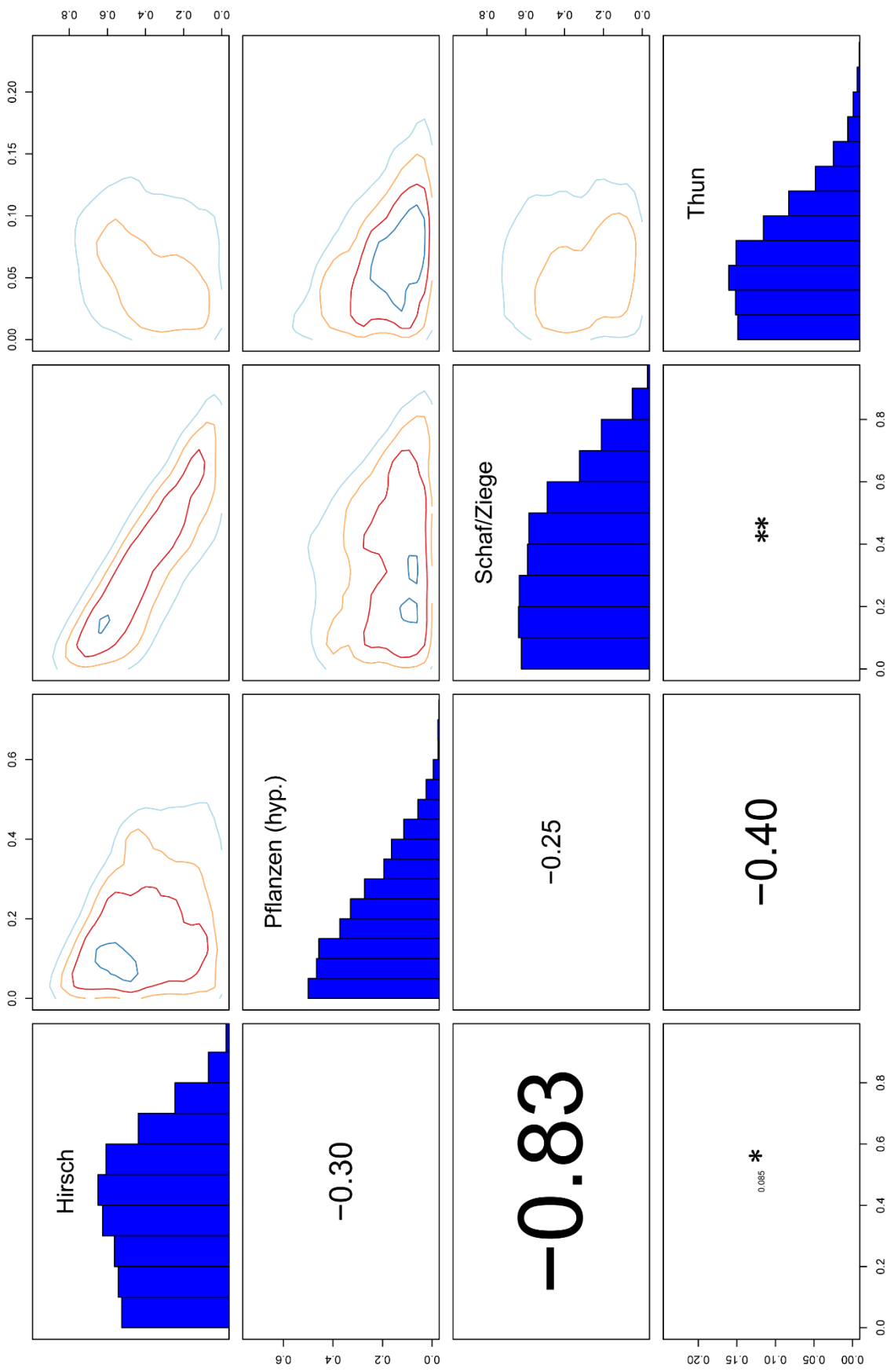


Abbildung A 65: Pairs Plot der Individuen aus Franchthi. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,085, **: -0,03

9.2.2.6 MixSIAR: Franchthi – Datierung

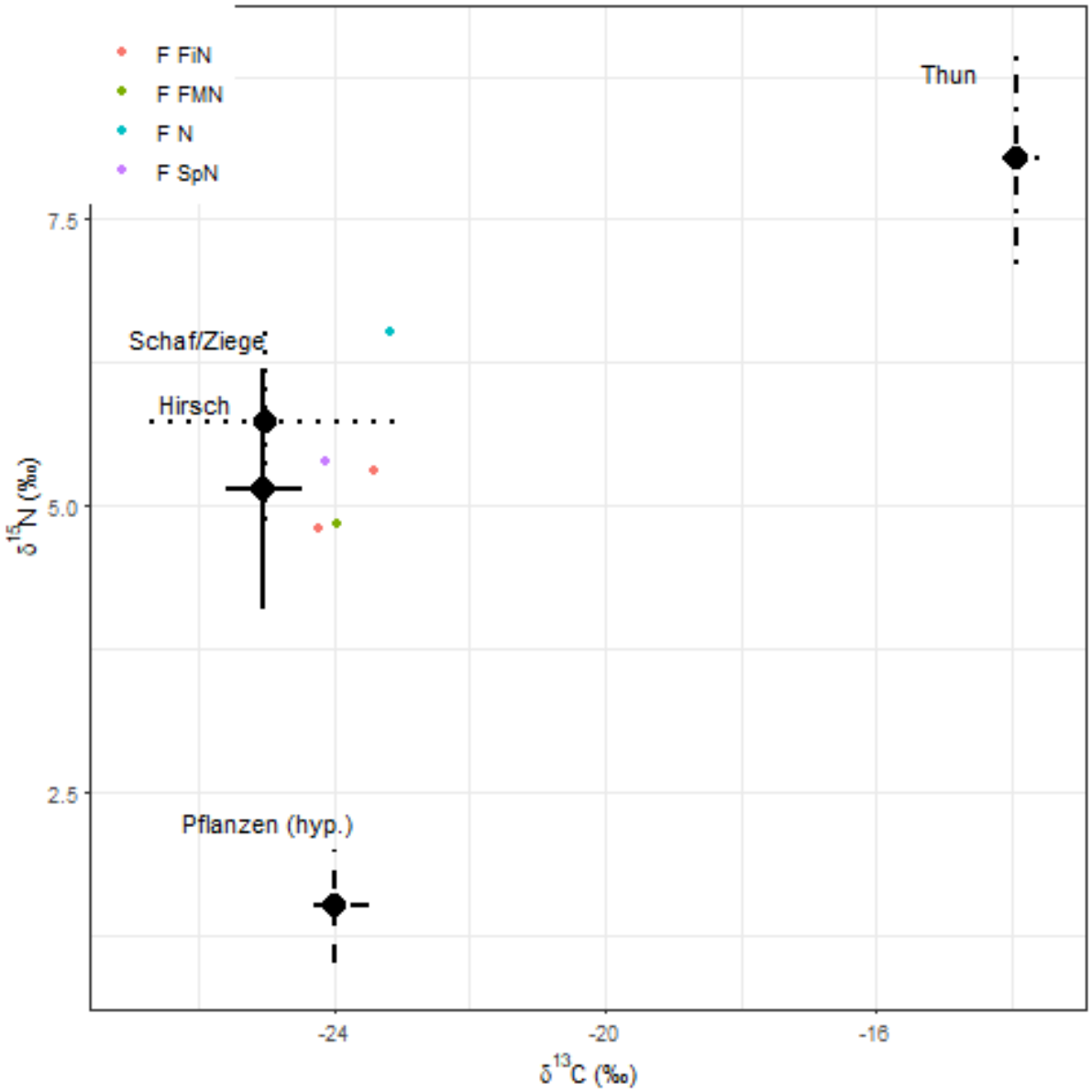


Abbildung A 66: Isospace Plot des Individuen aus Franchthii unterteilt nach Datierung. Erstellt mit MixSIAR.

Frühes/Mittleres Neolithikum

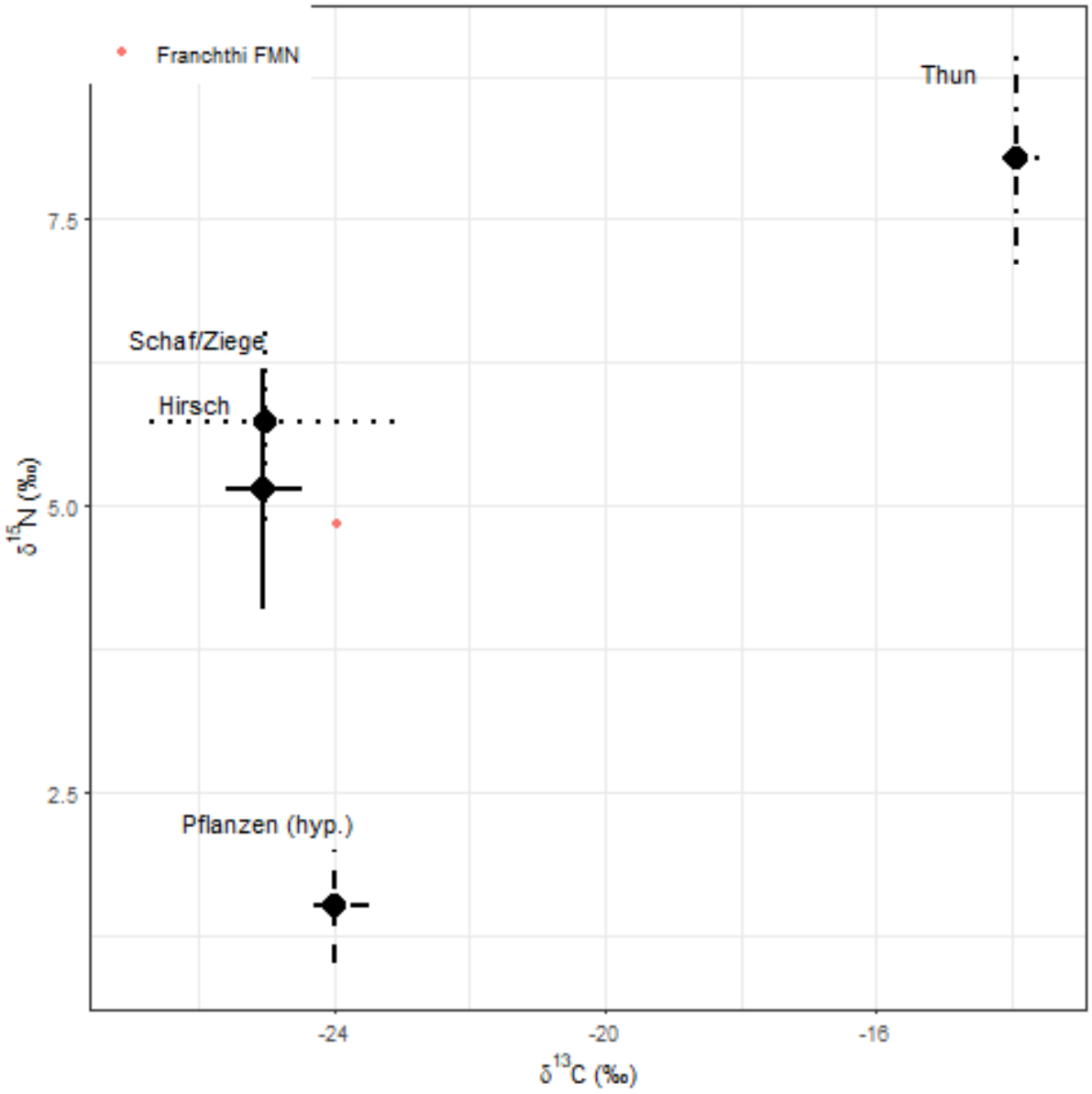


Abbildung A 67: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

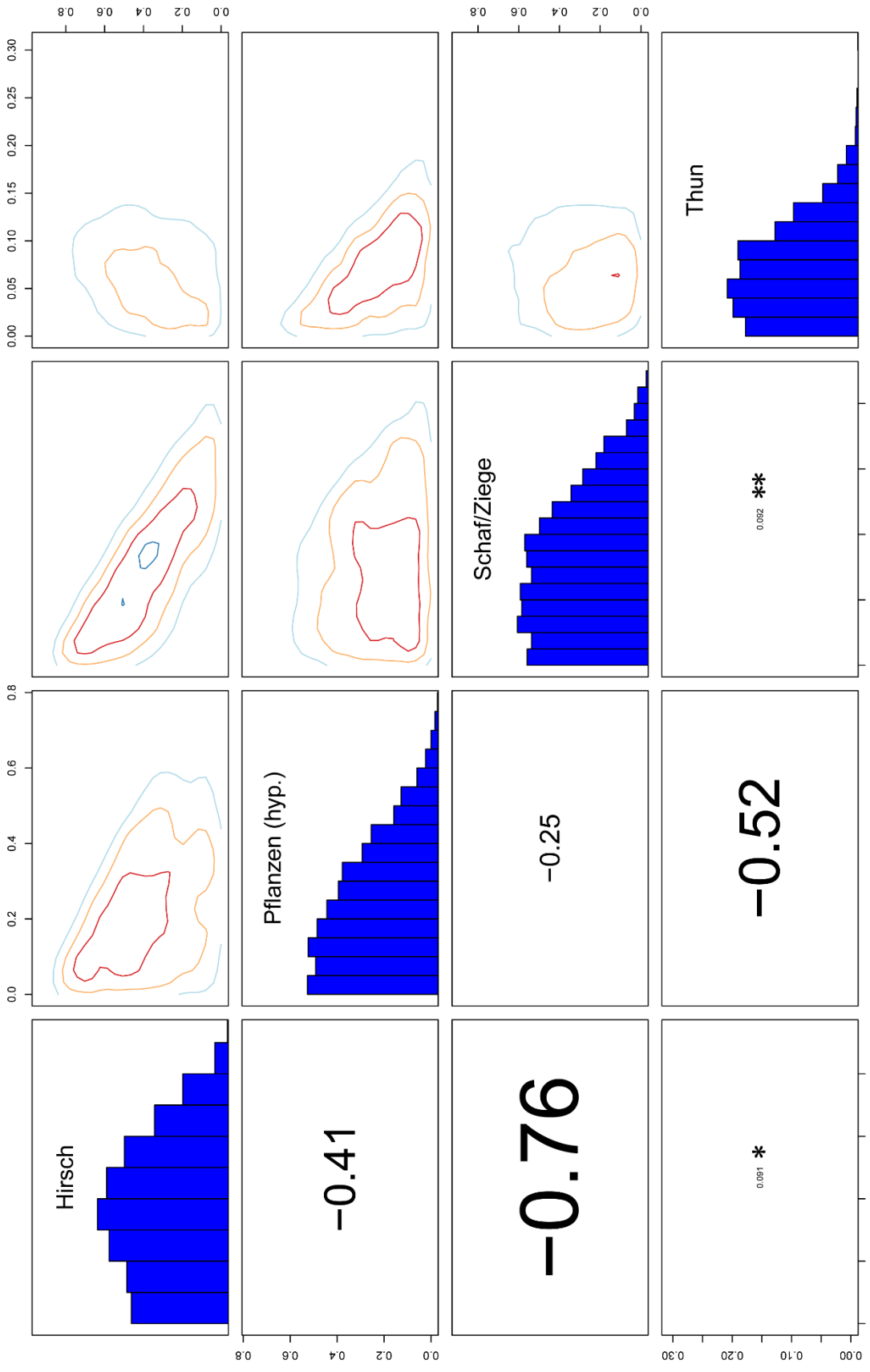


Abbildung A 68: Pairs Plot der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. * 0,091; ** 0,092

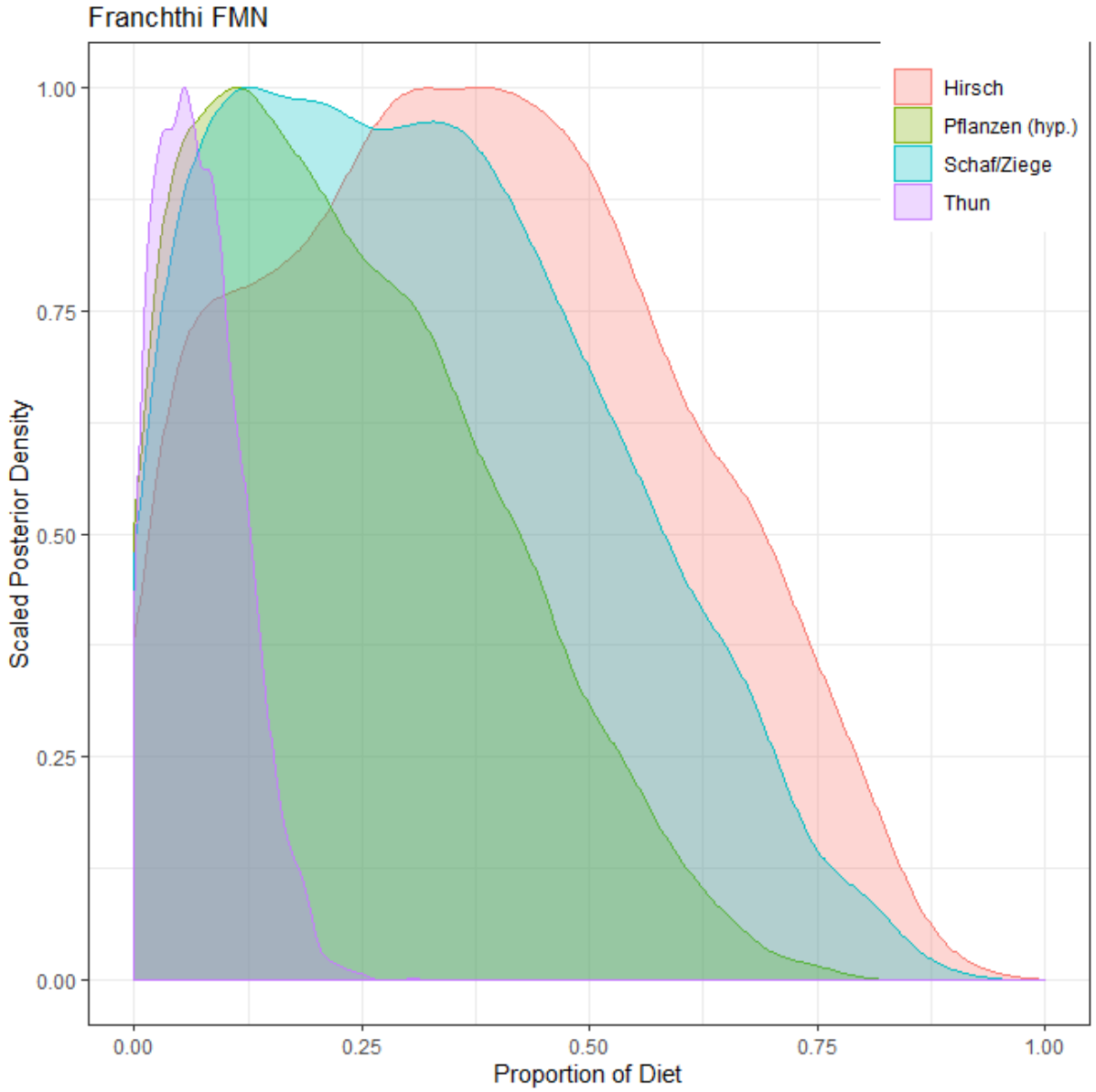


Abbildung A 69: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Spätes Neolithikum

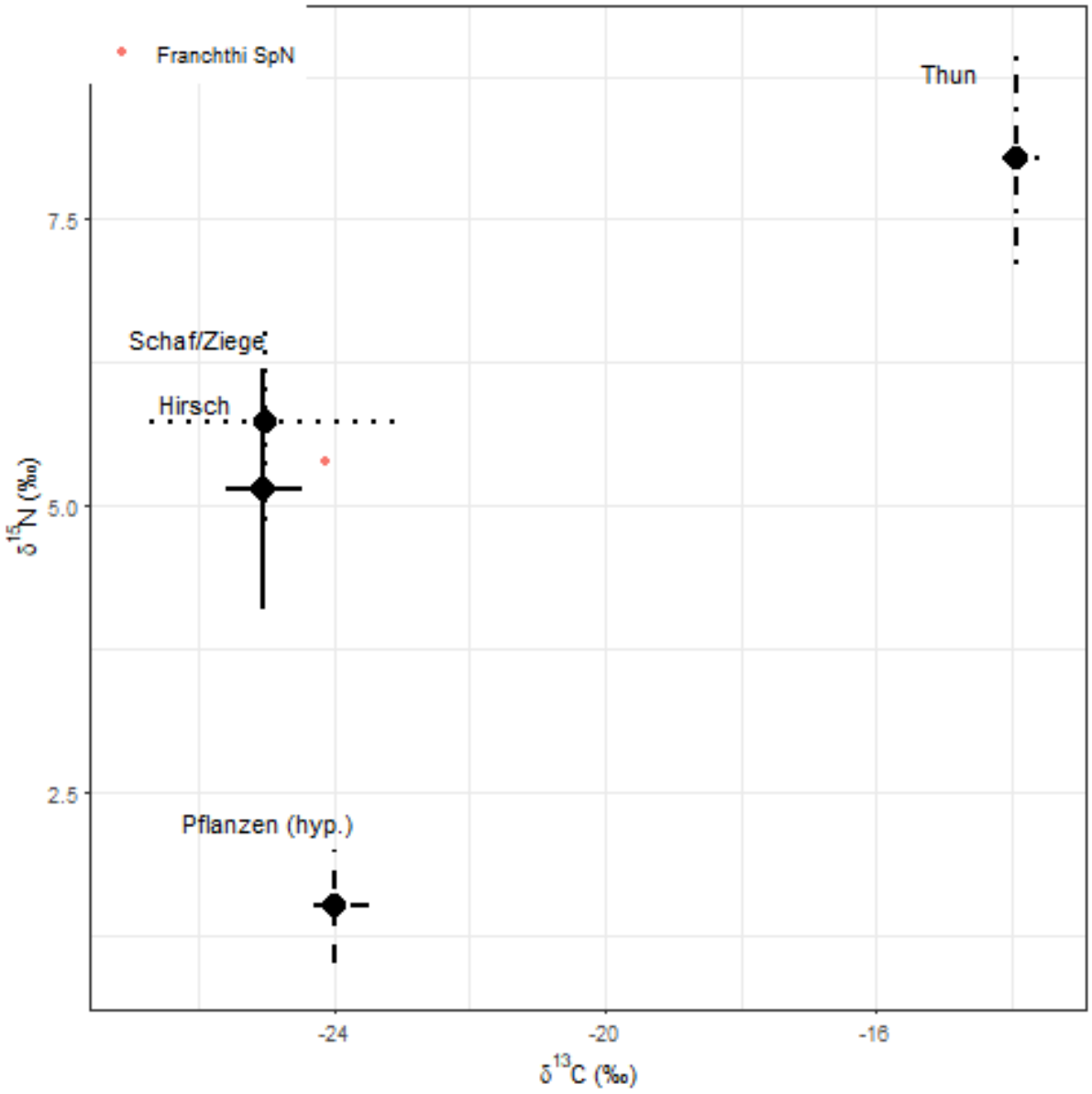


Abbildung A 70: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

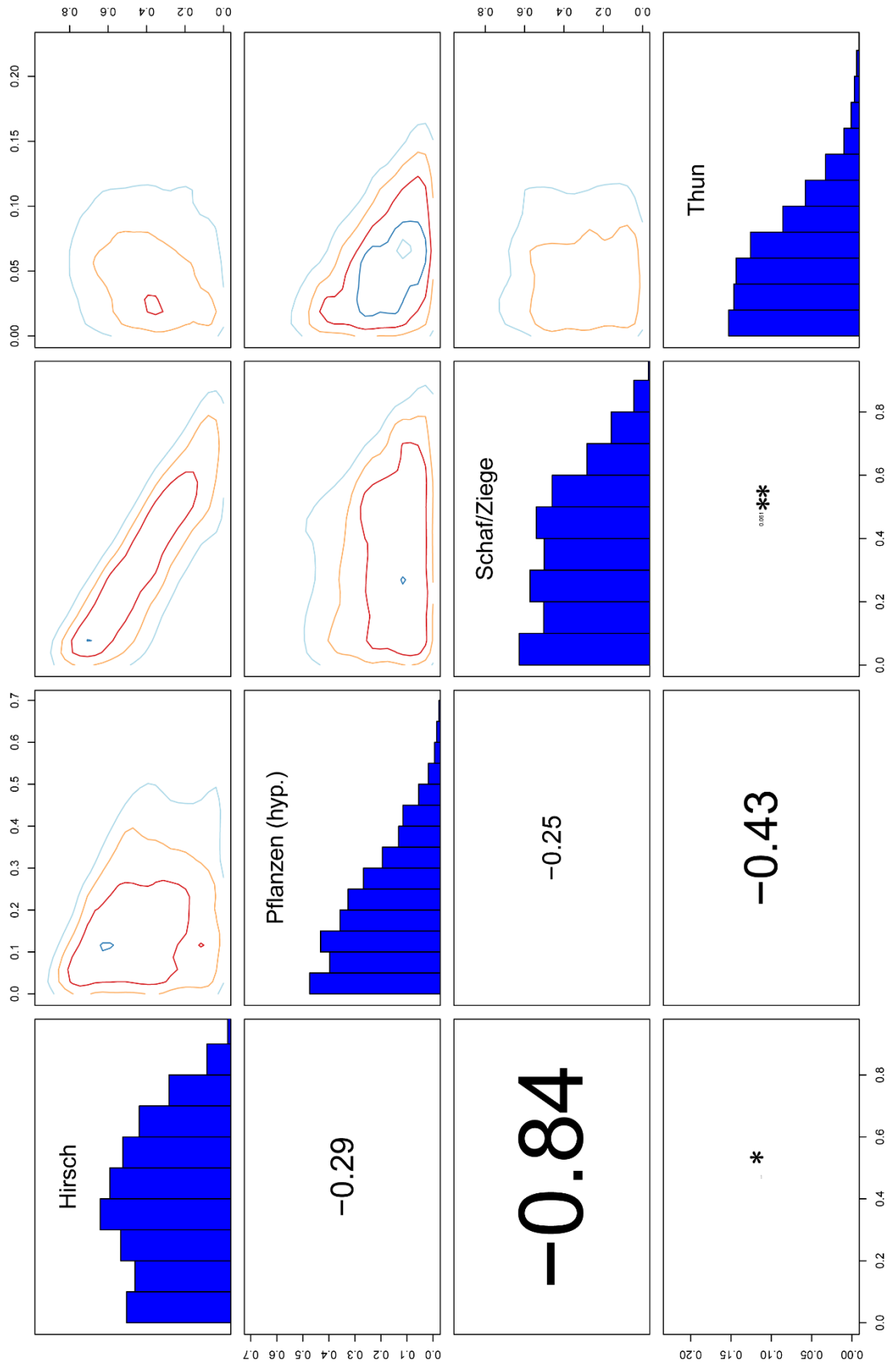


Abbildung A 71: Pairs Plot der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,017, **: 0,061

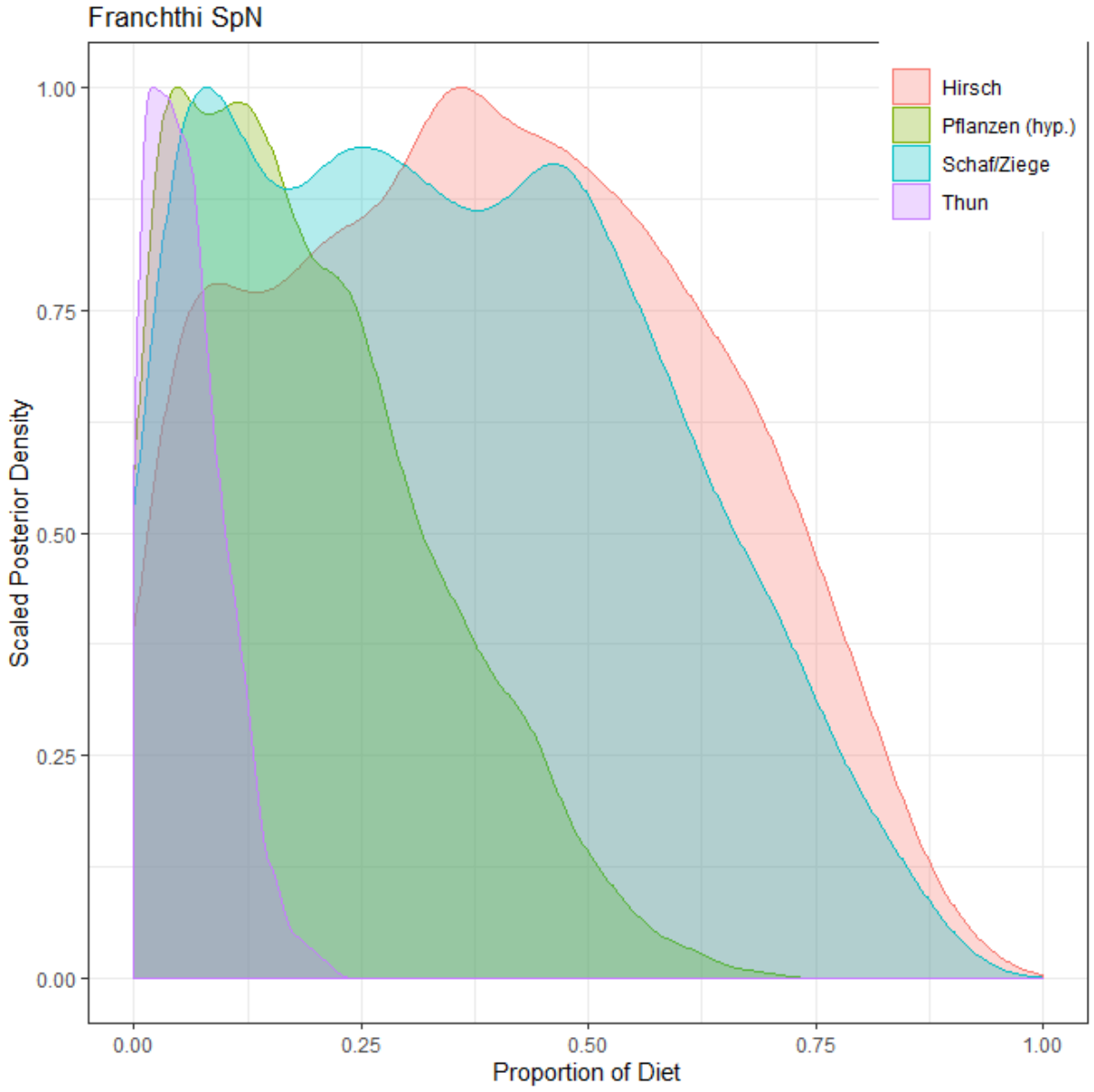


Abbildung A 72: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Finales Neolithikum

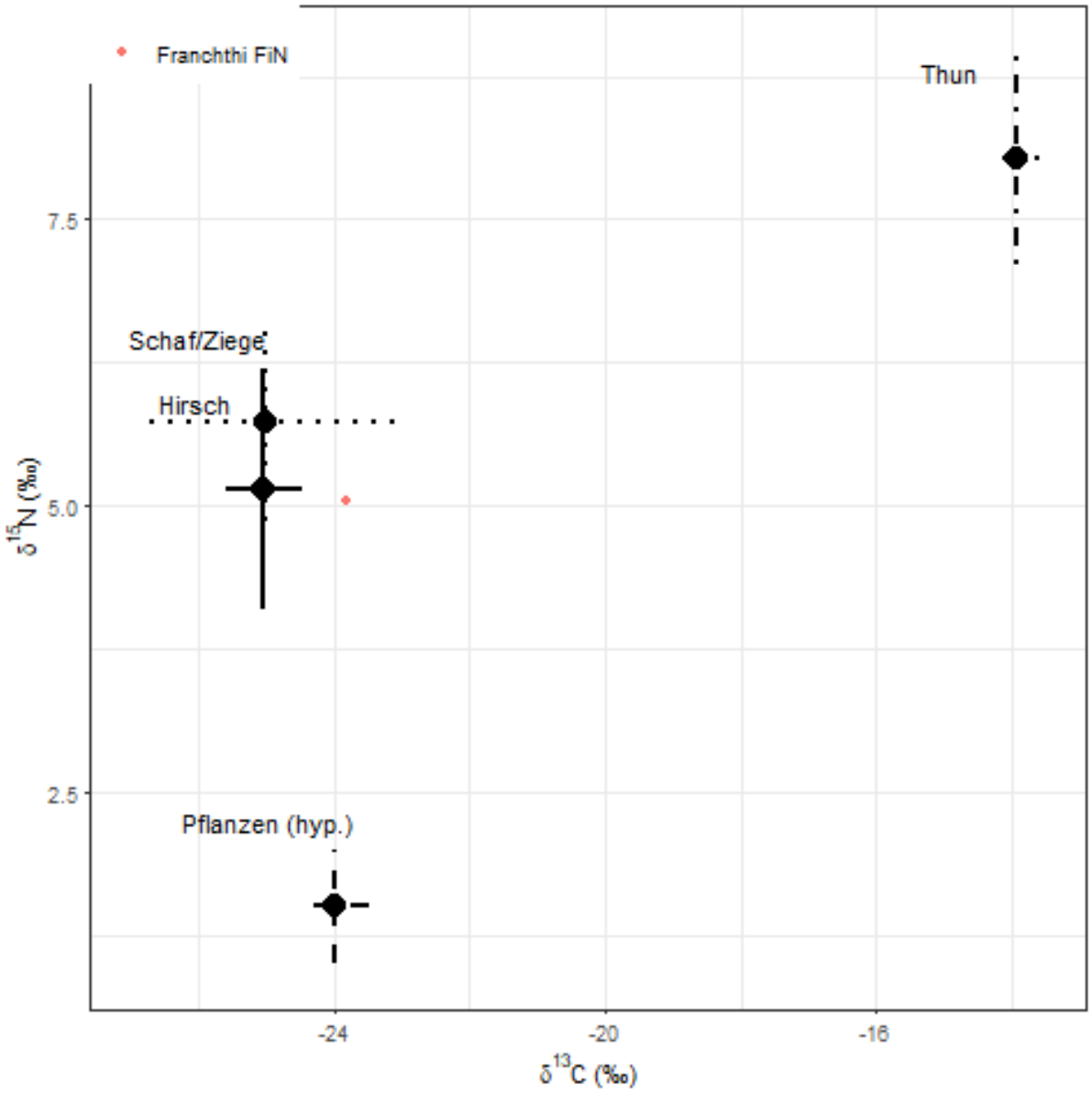


Abbildung A 73: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Finale Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

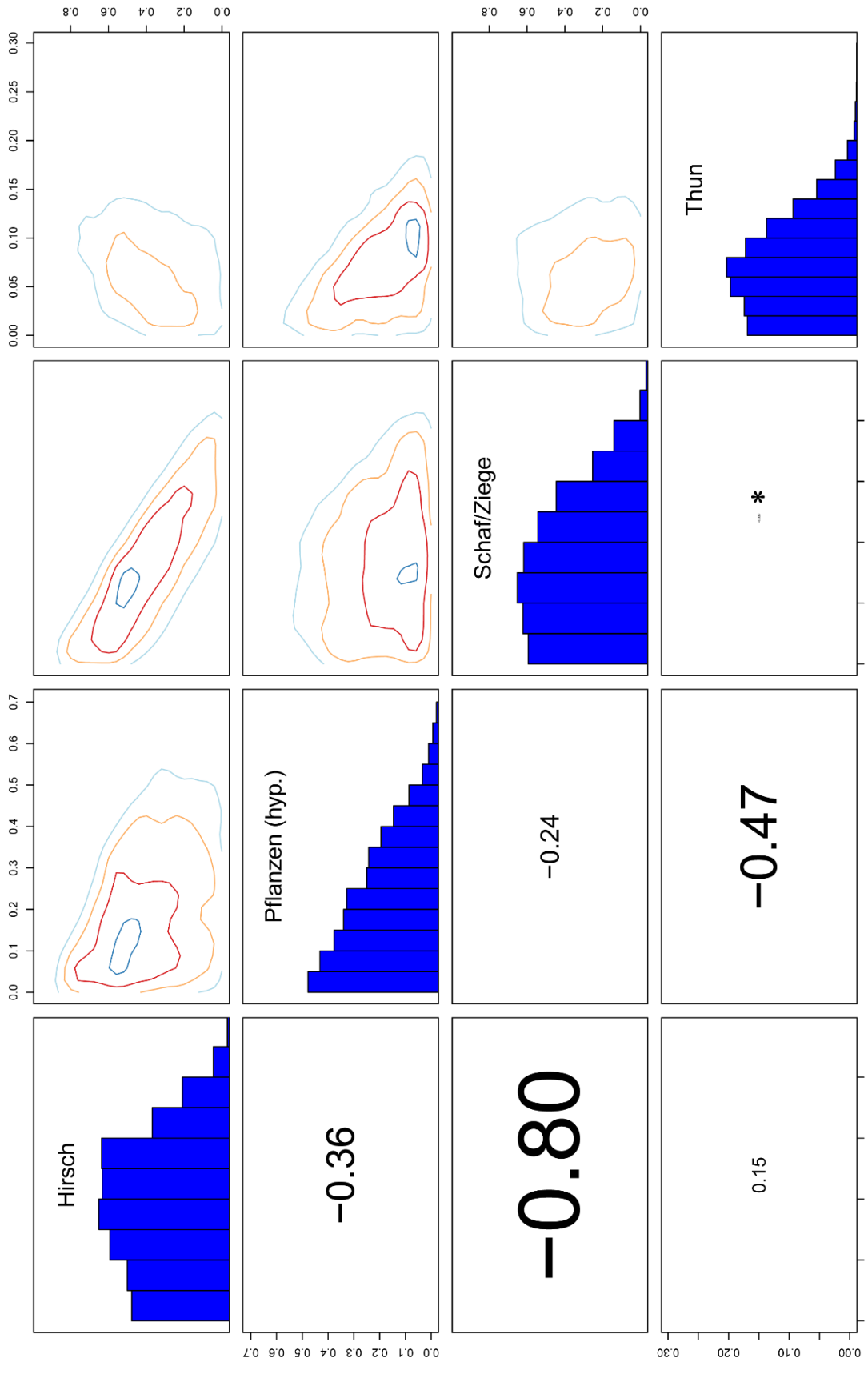


Abbildung A 74: Pairs Plot der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,039

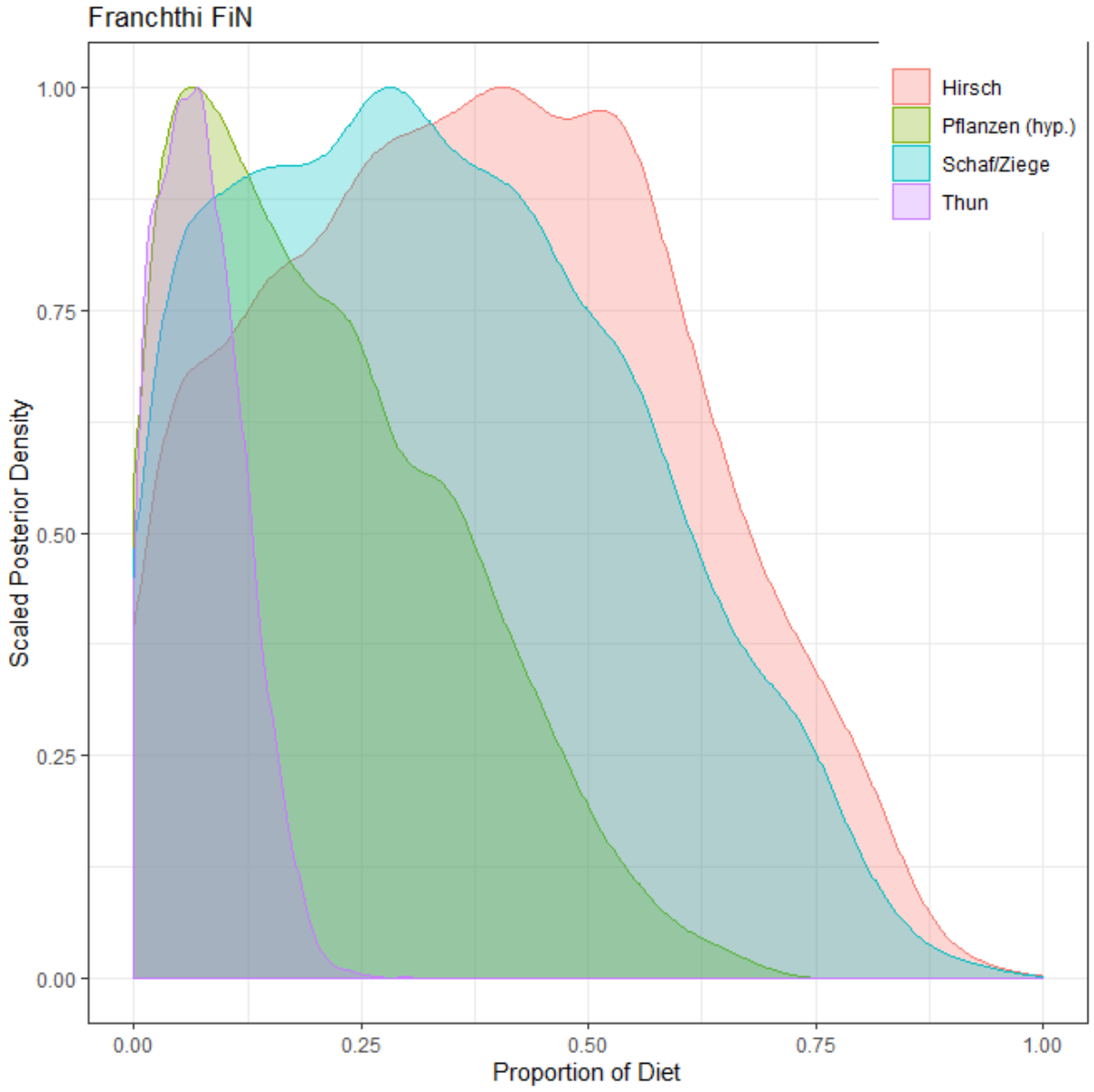


Abbildung A 75: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Neolithikum

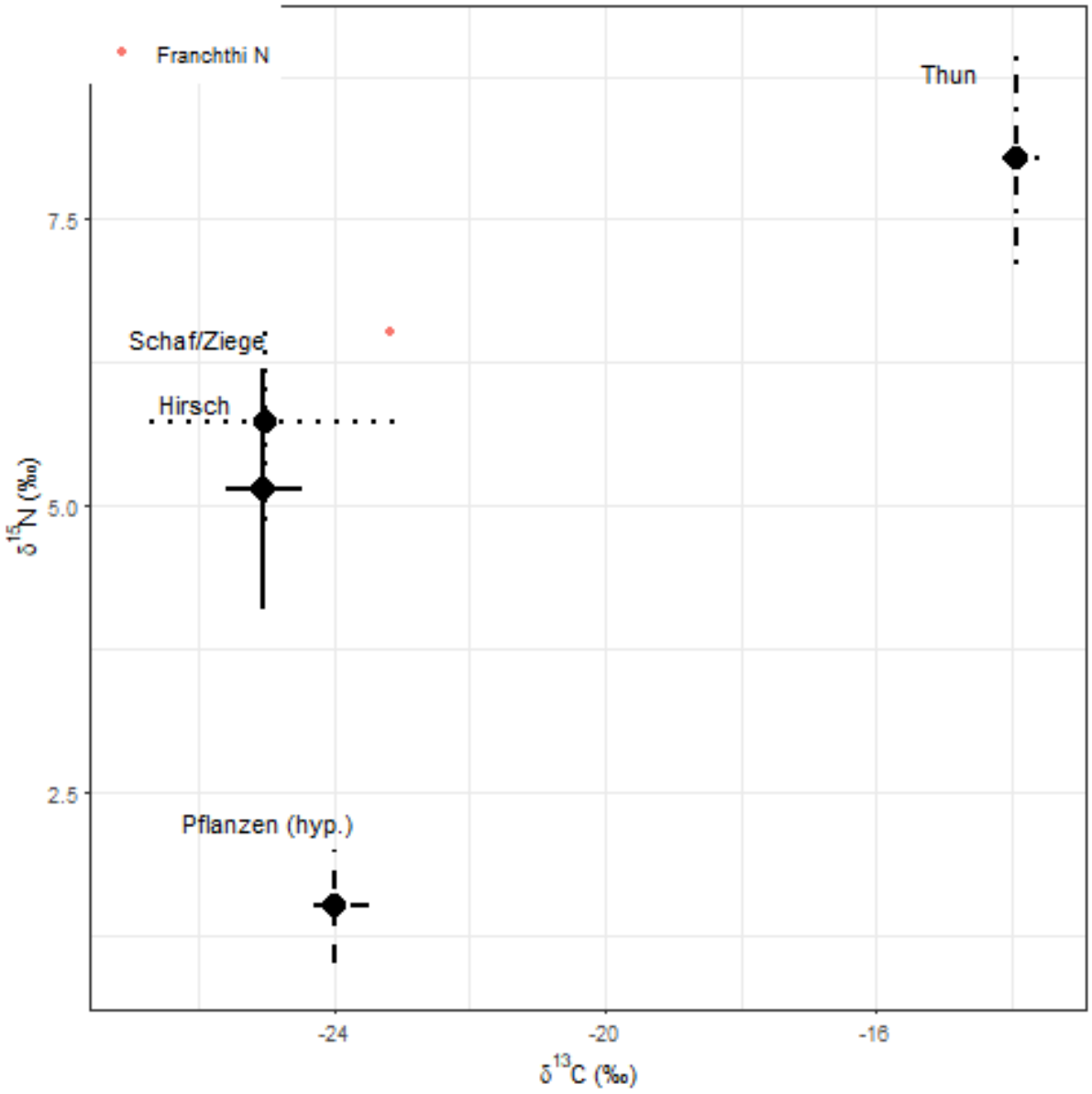


Abbildung A 76: : Isospace Plot des Medians der Individuen aus Franchthi, die allgemein in das Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

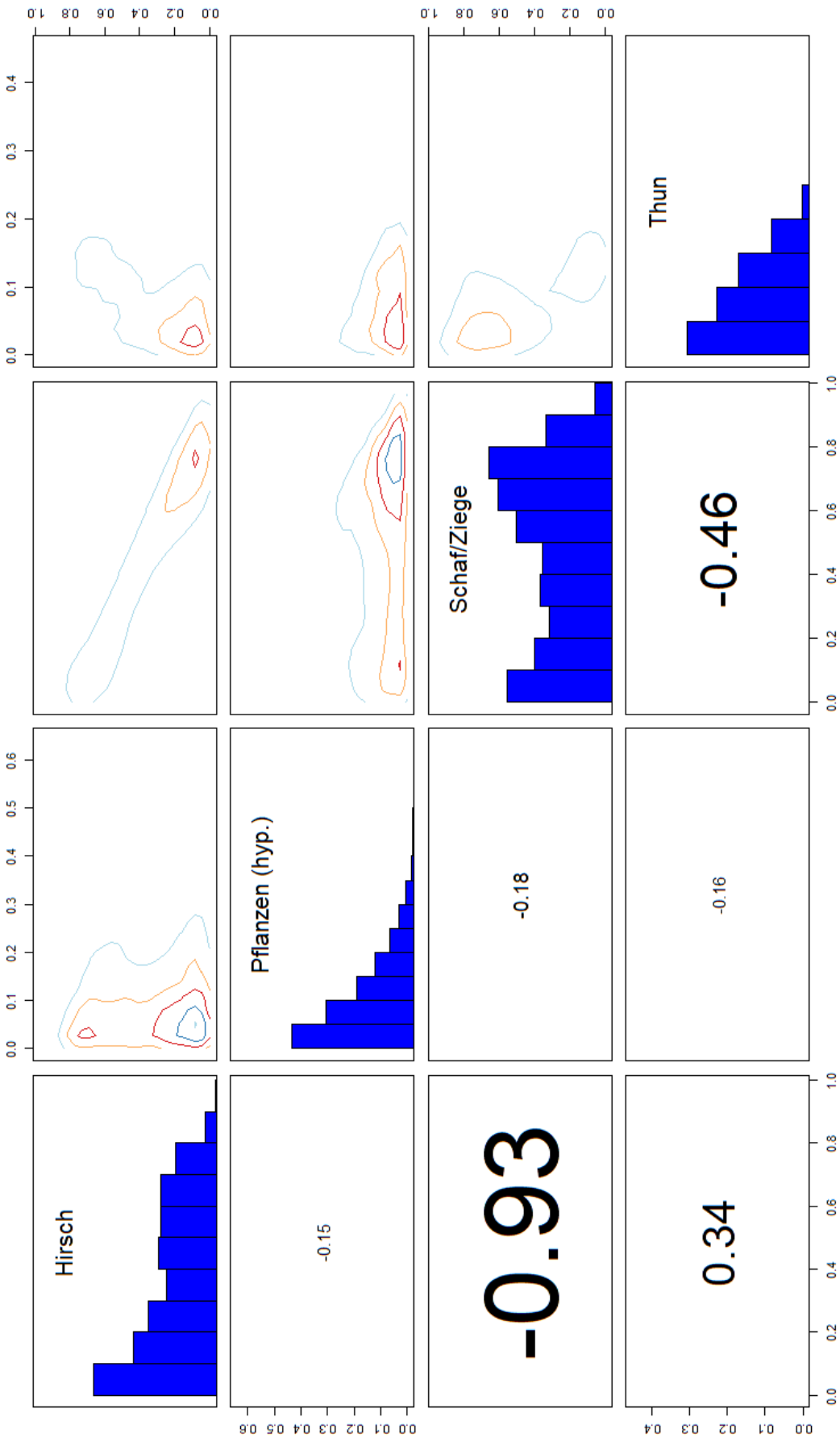


Abbildung A 77: Pairs Plot der Individuen aus Franchthi, die allgemein in das Neolithikum datieren. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

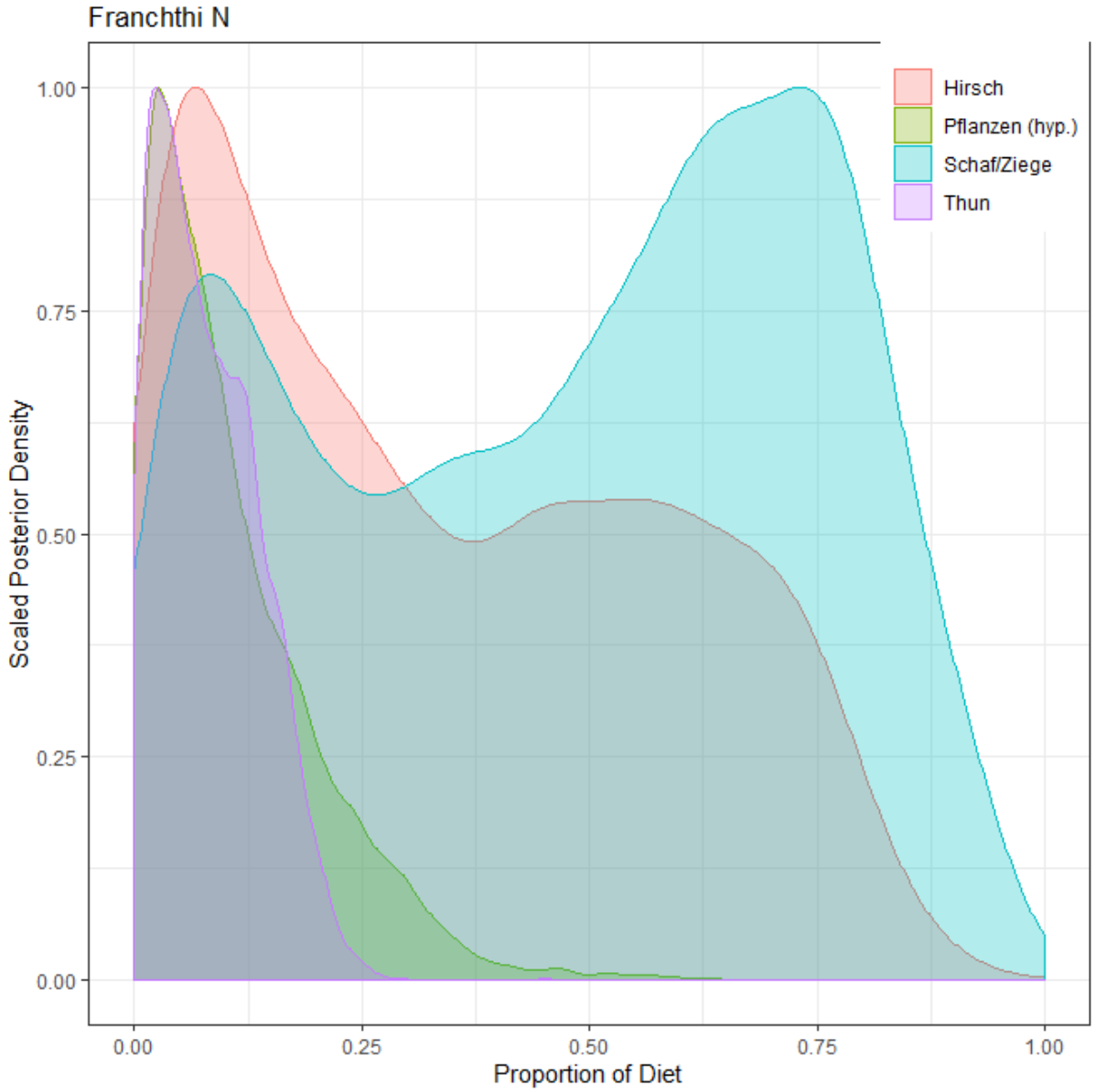


Abbildung A 78: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die allgemein in das Neolithikum datieren. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.2.7 MixSIAR: Mavropigi

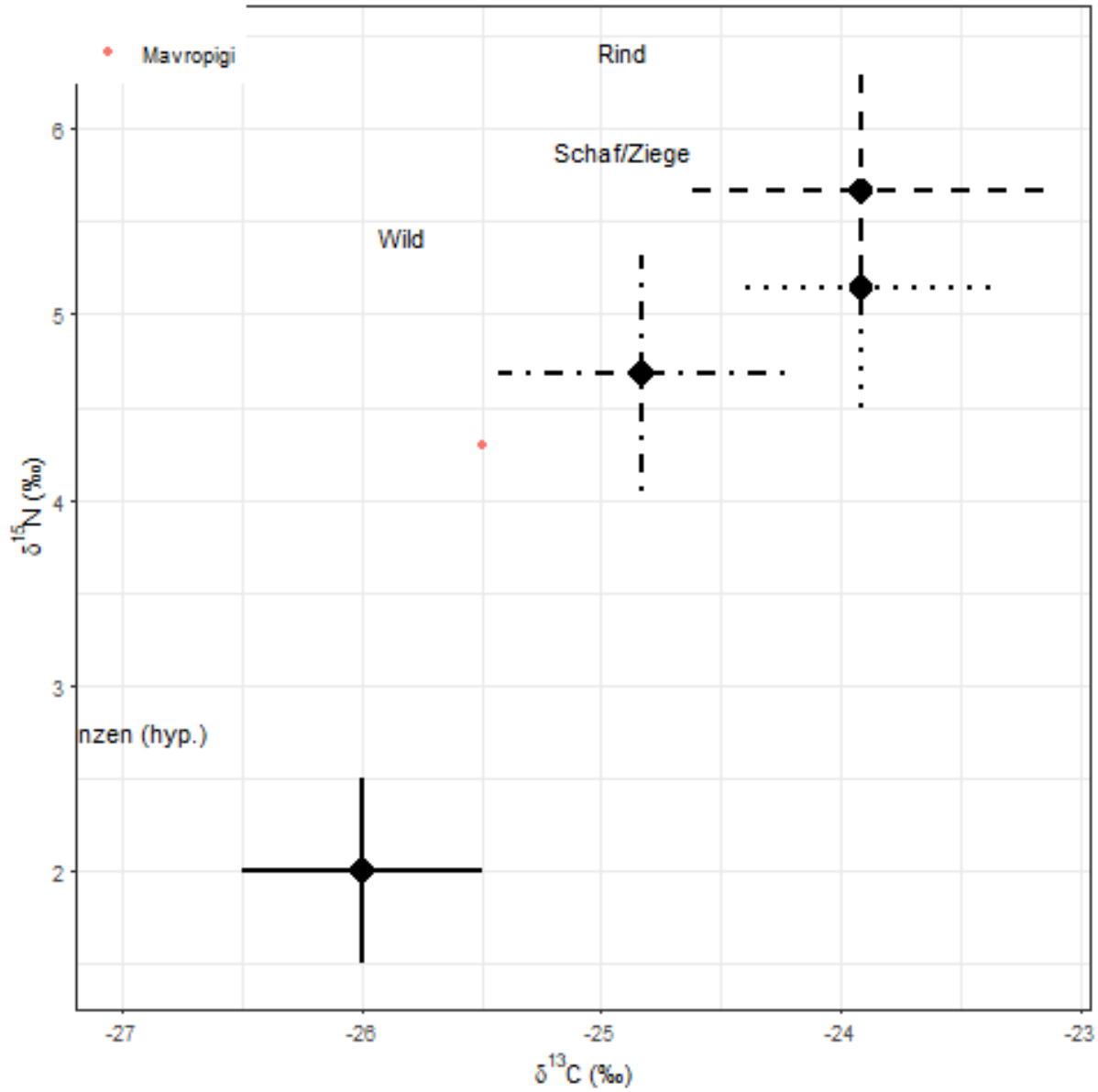


Abbildung A 79: Isospace Plot des Populationsmedians aus Mavropigi. Erstellt mit MixSIAR.

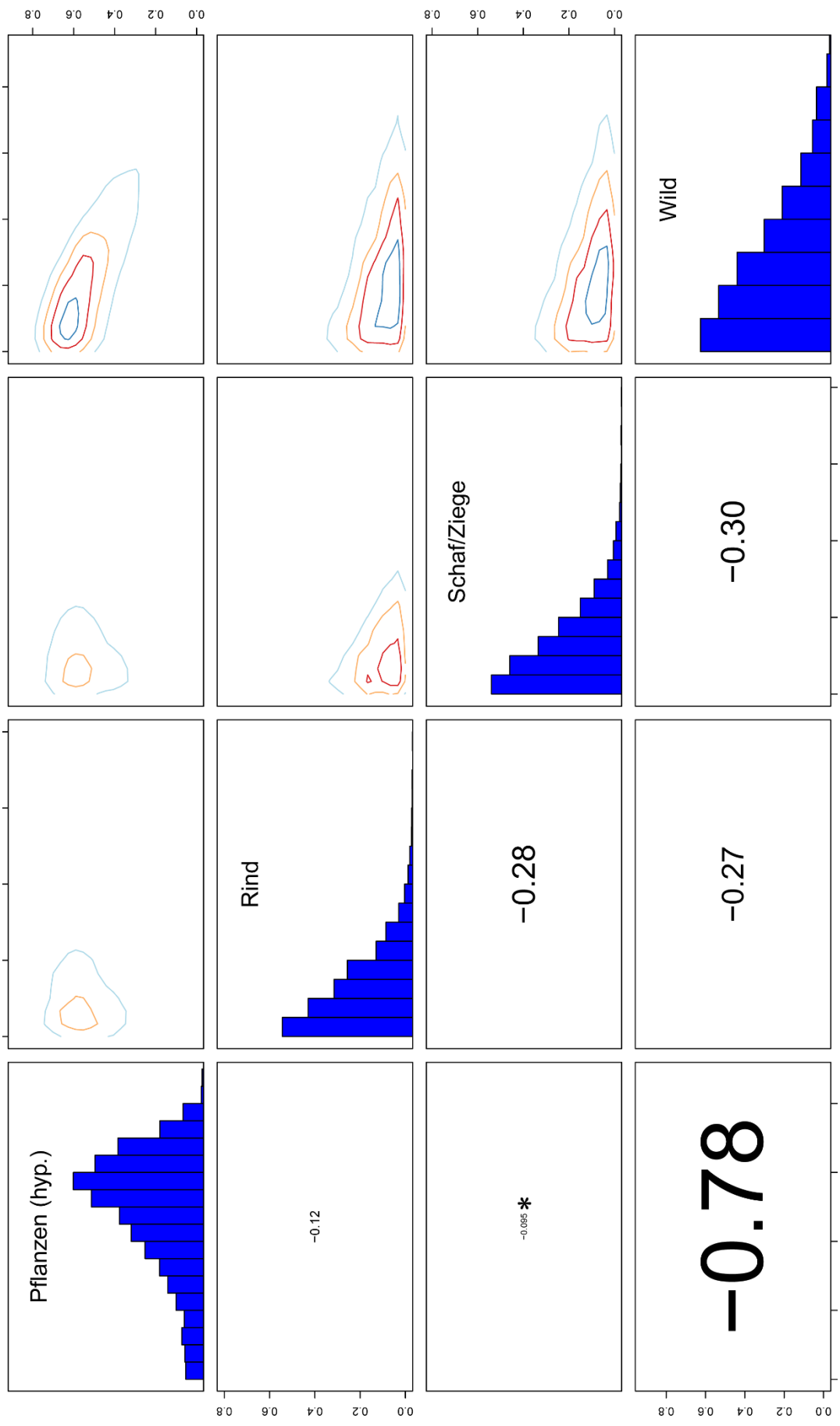


Abbildung A 80: Pairs Plot der Population aus Mavropigi. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,095

9.2.2.8 MixSIAR: Theopetra

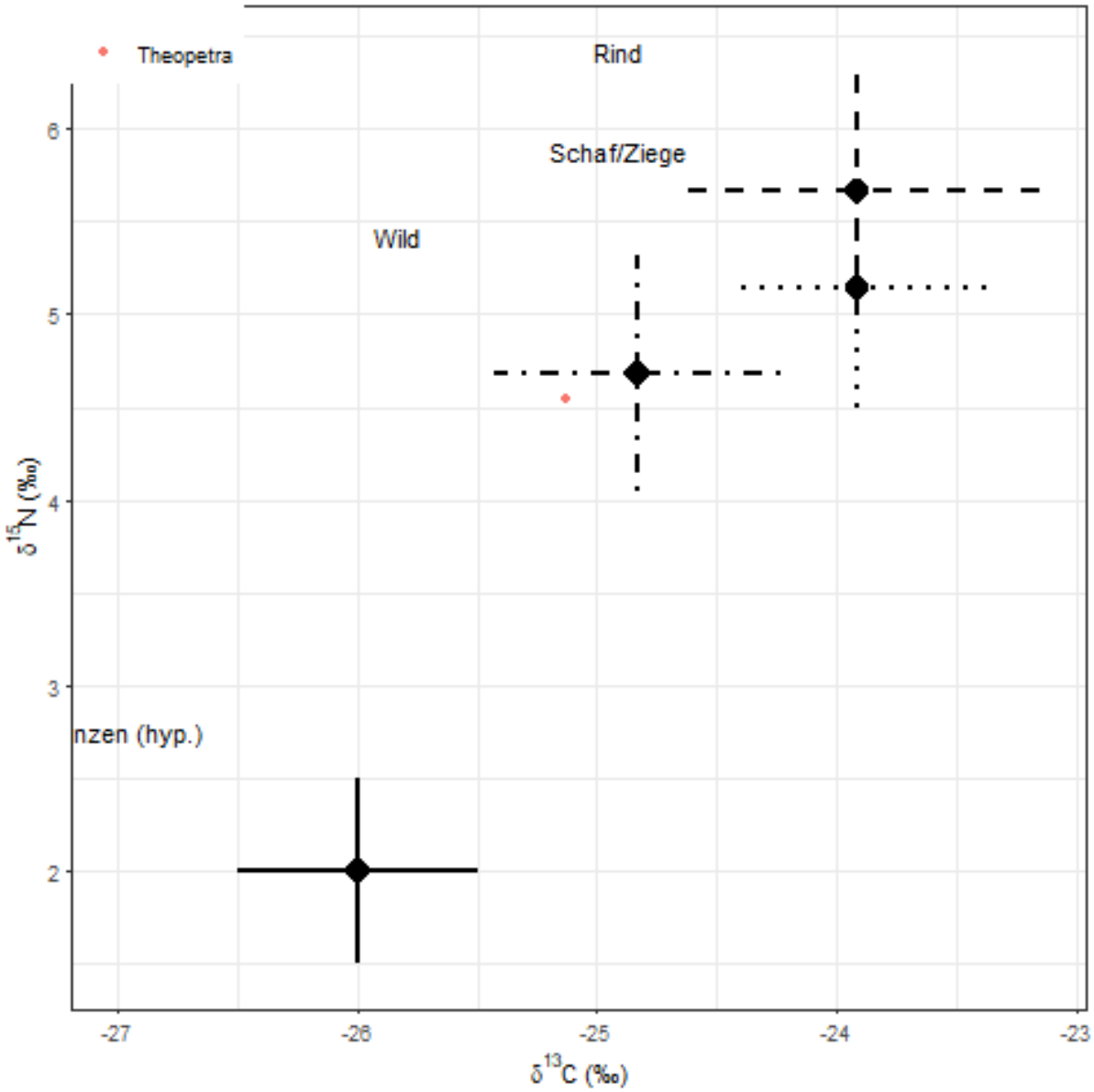


Abbildung A 81: Isospace Plot des Populationsmedians aus Theopetra. Erstellt mit MixSIAR.

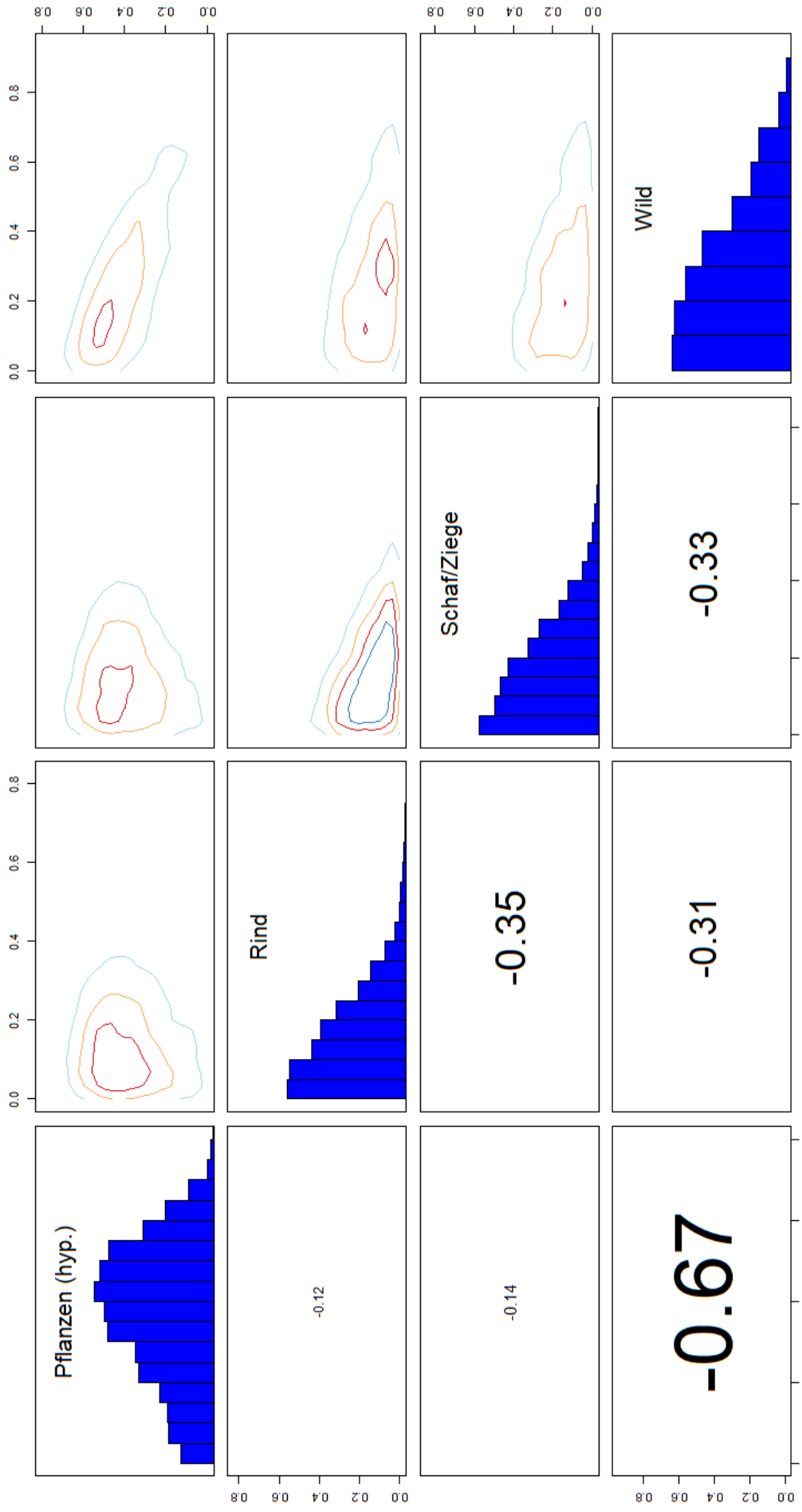


Abbildung A 82: Pairs Plot der Population aus Theopetra. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.2.9 MixSIAR: Xirolimni

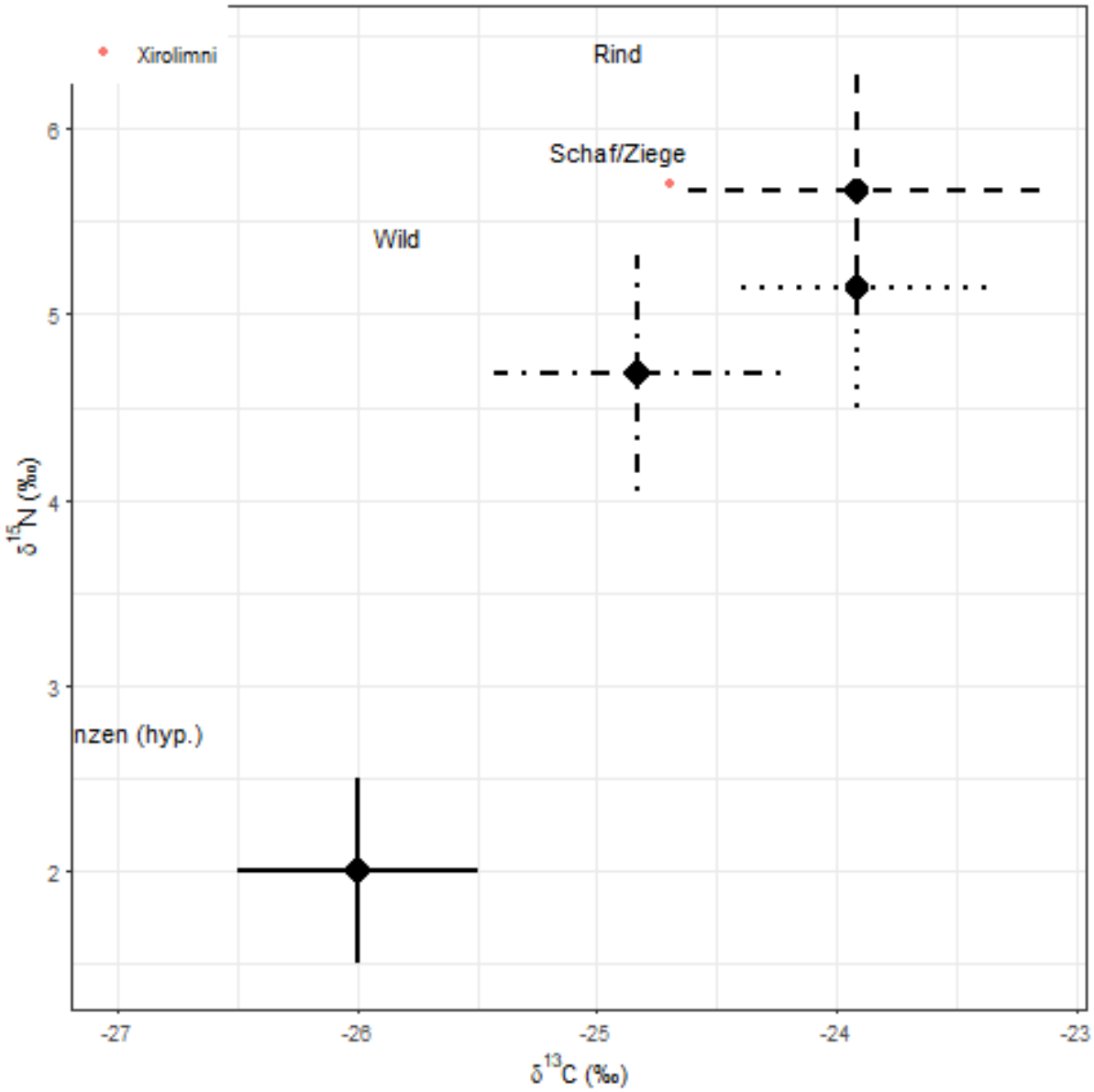


Abbildung A 83: Isospace Plot des Populationsmedians aus Xirolimni. Erstellt mit MixSIAR.

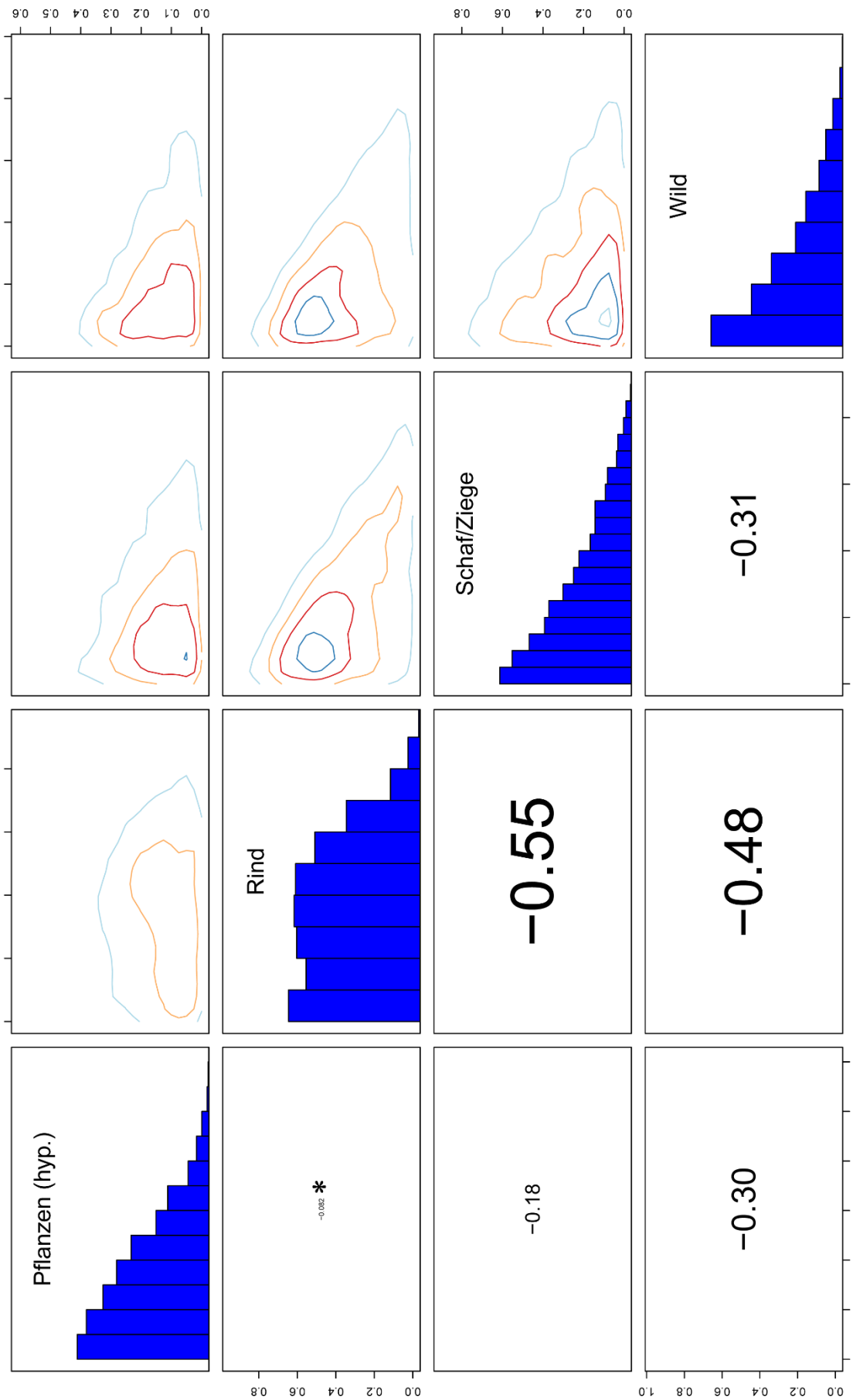


Abbildung A 84: Pairs Plot der Population aus Xirolimni. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,082

9.2.2.10 SISUS: Alepotrypa - Populationsmedian

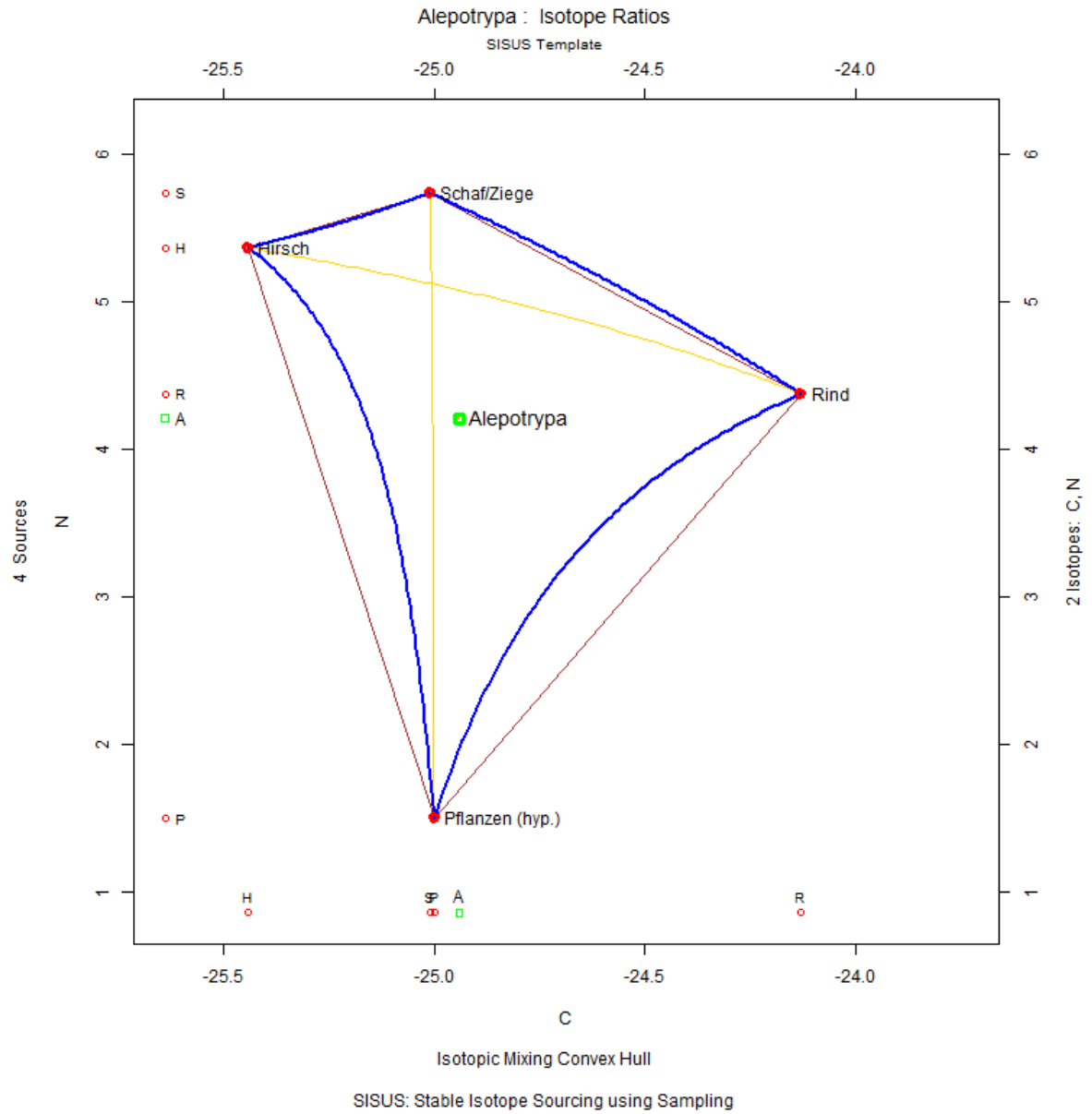


Abbildung A 85: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Alepotrypa. Erstellt mit SISUS.

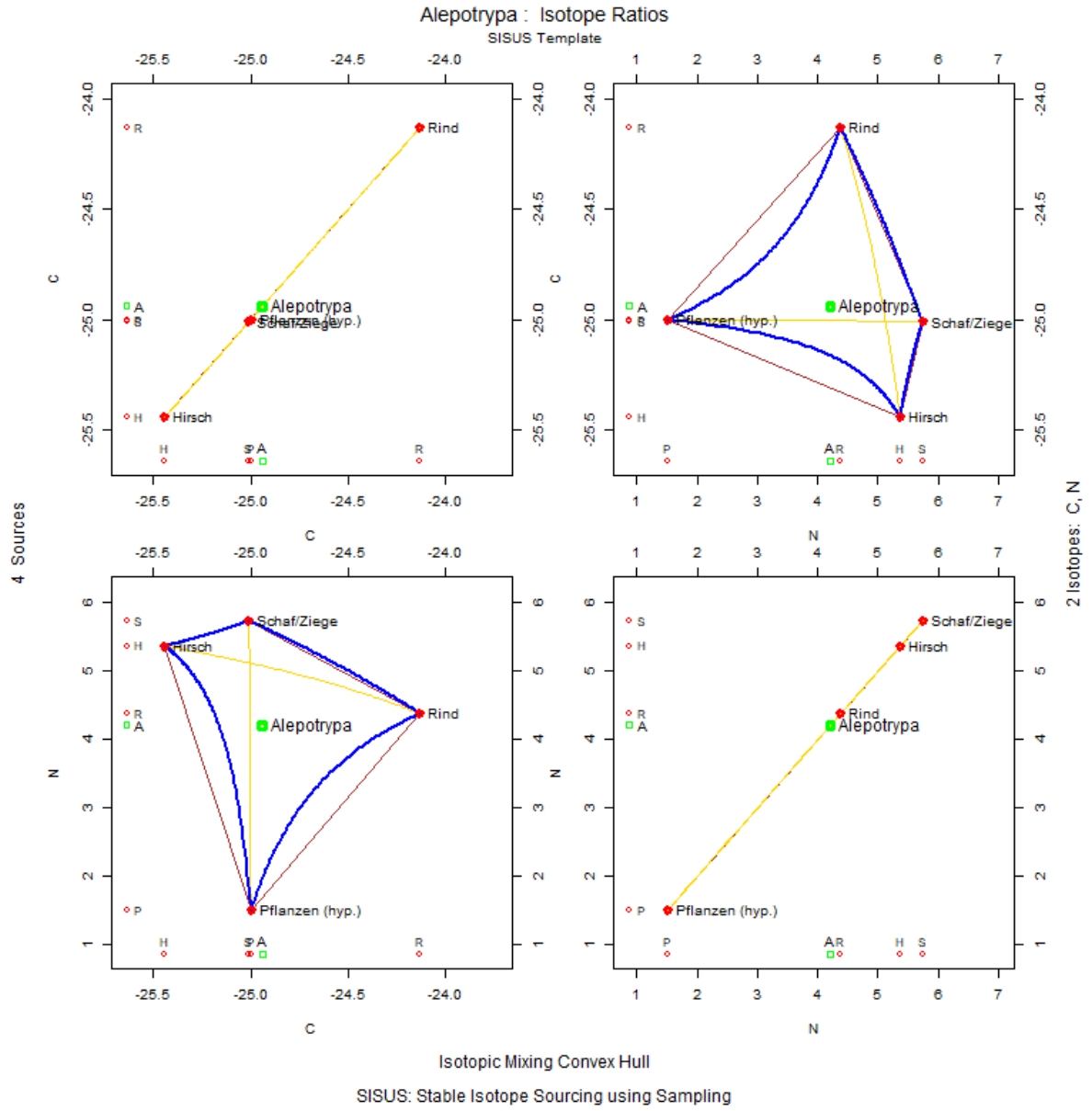


Abbildung A 86: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Alepotrypa in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

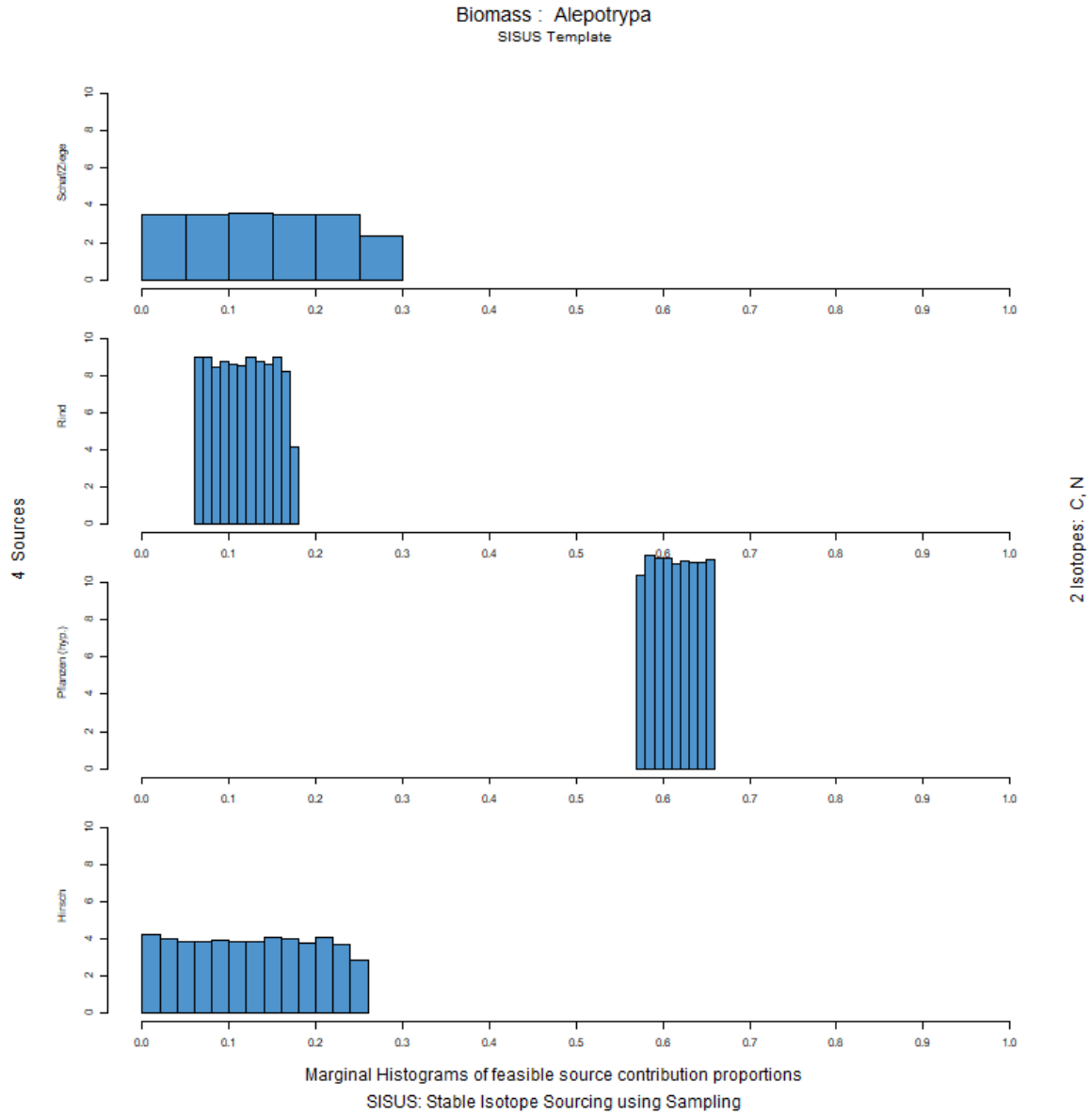


Abbildung A 87: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Alepotrypa. Erstellt mit SISUS.

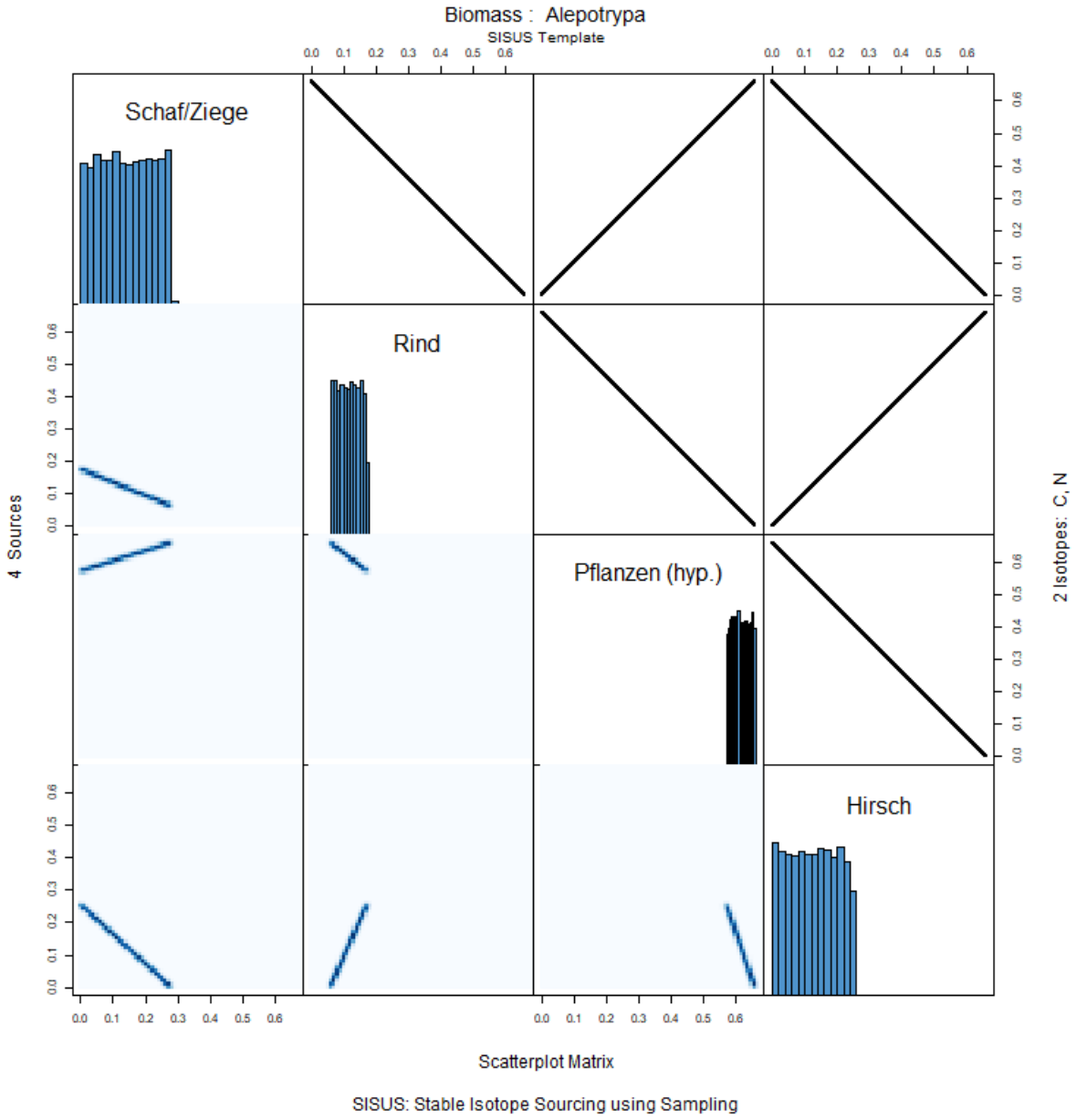


Abbildung A 88: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Alepotrypa. Erstellt mit SISUS.

9.2.2.11 SISUS: Alepotrypa - Datierung

Frühes Neolithikum

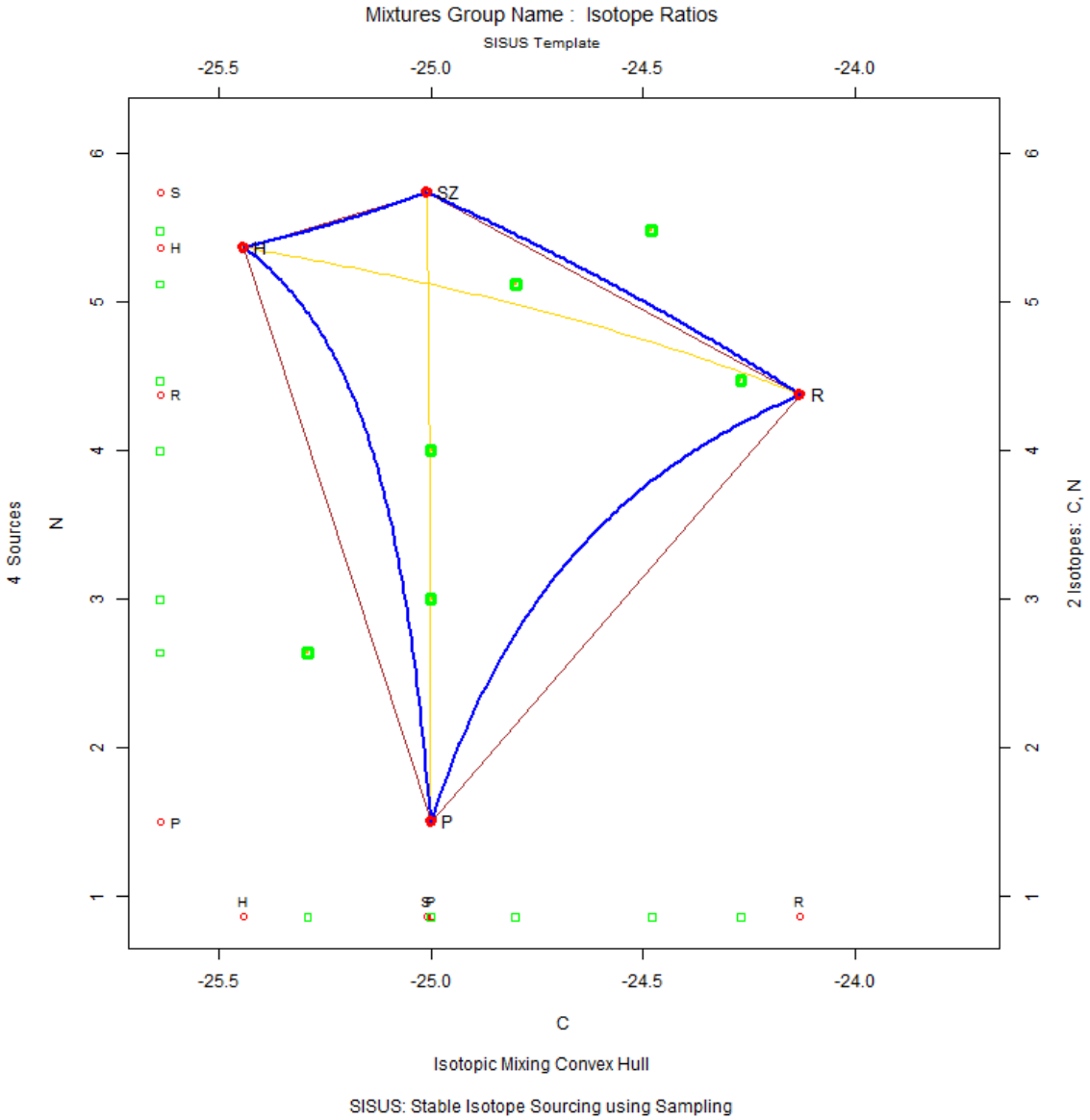


Abbildung A 89: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

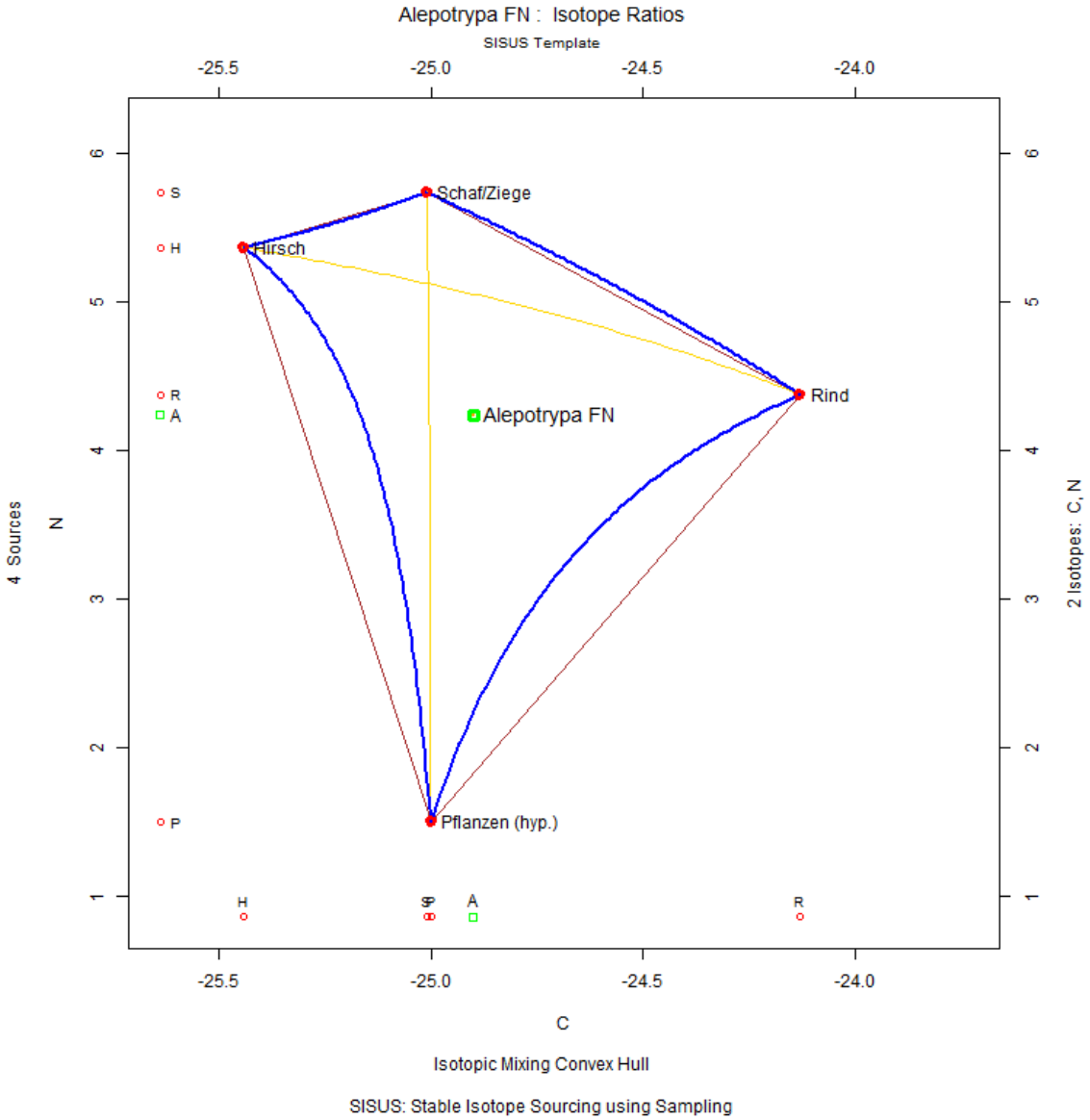


Abbildung A 90: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum (FN) datieren. Erstellt mit SISUS.

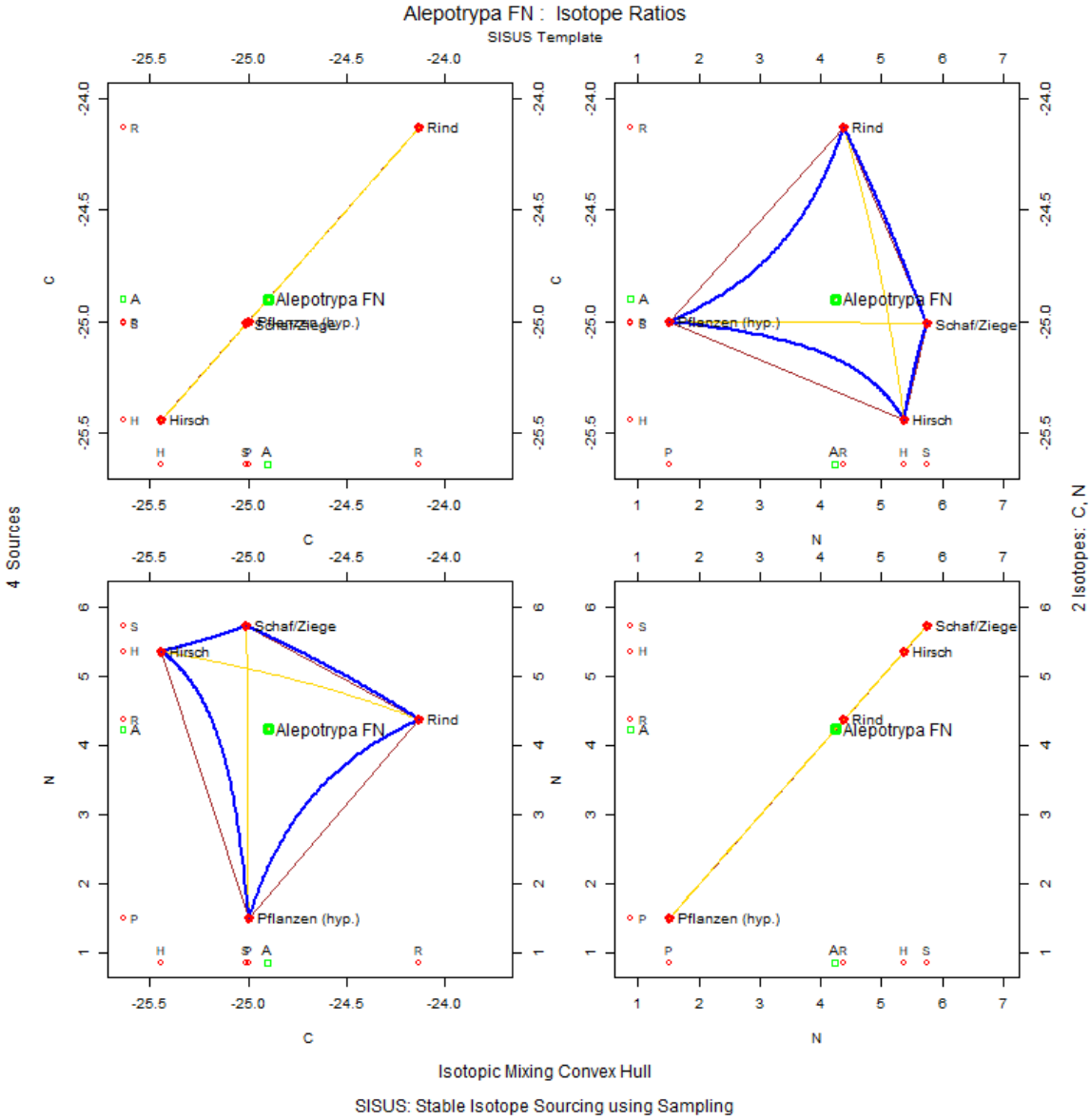


Abbildung A 91: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum (FN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

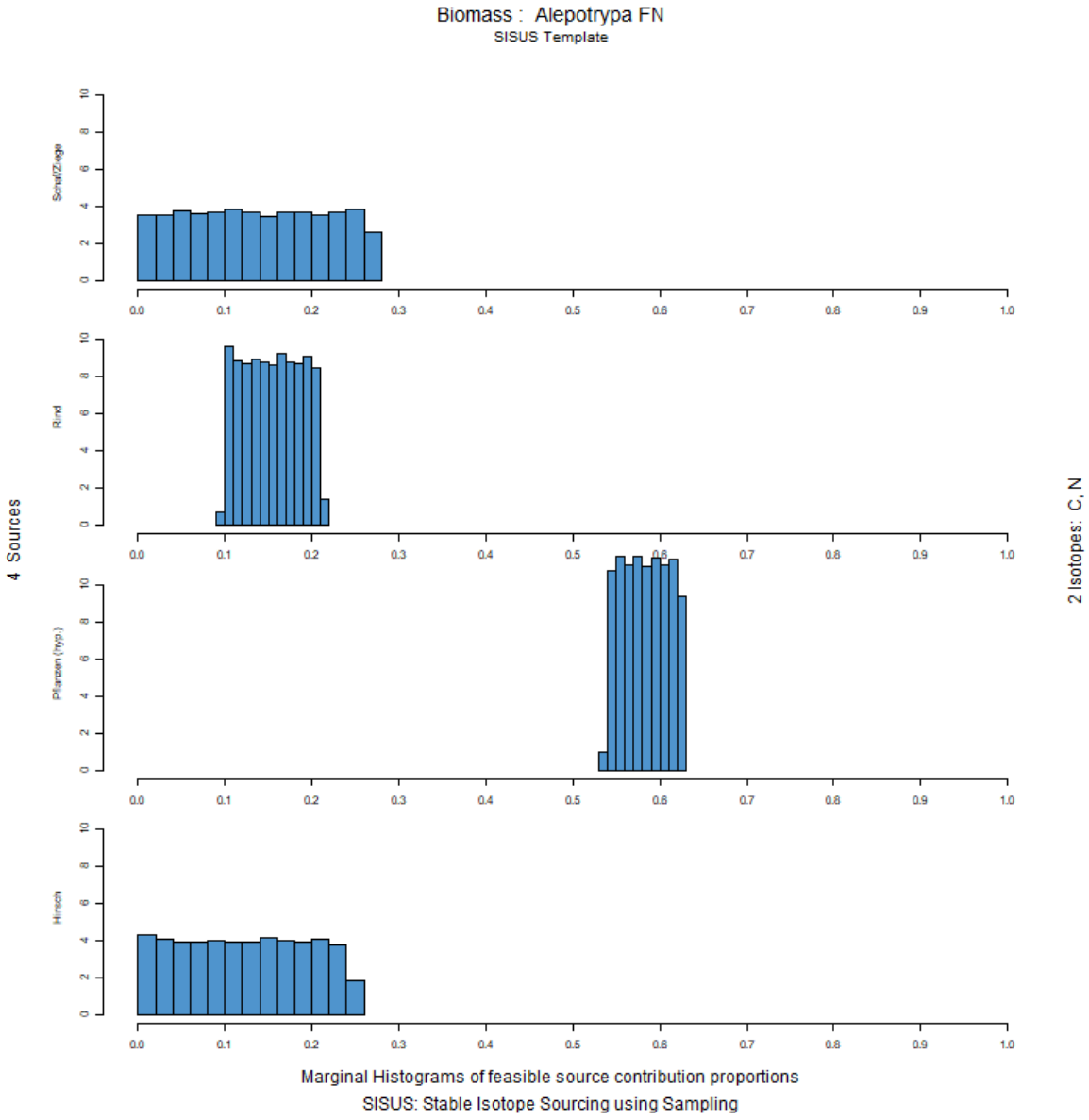


Abbildung A 92: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum (FN) datieren. Erstellt mit SISUS.

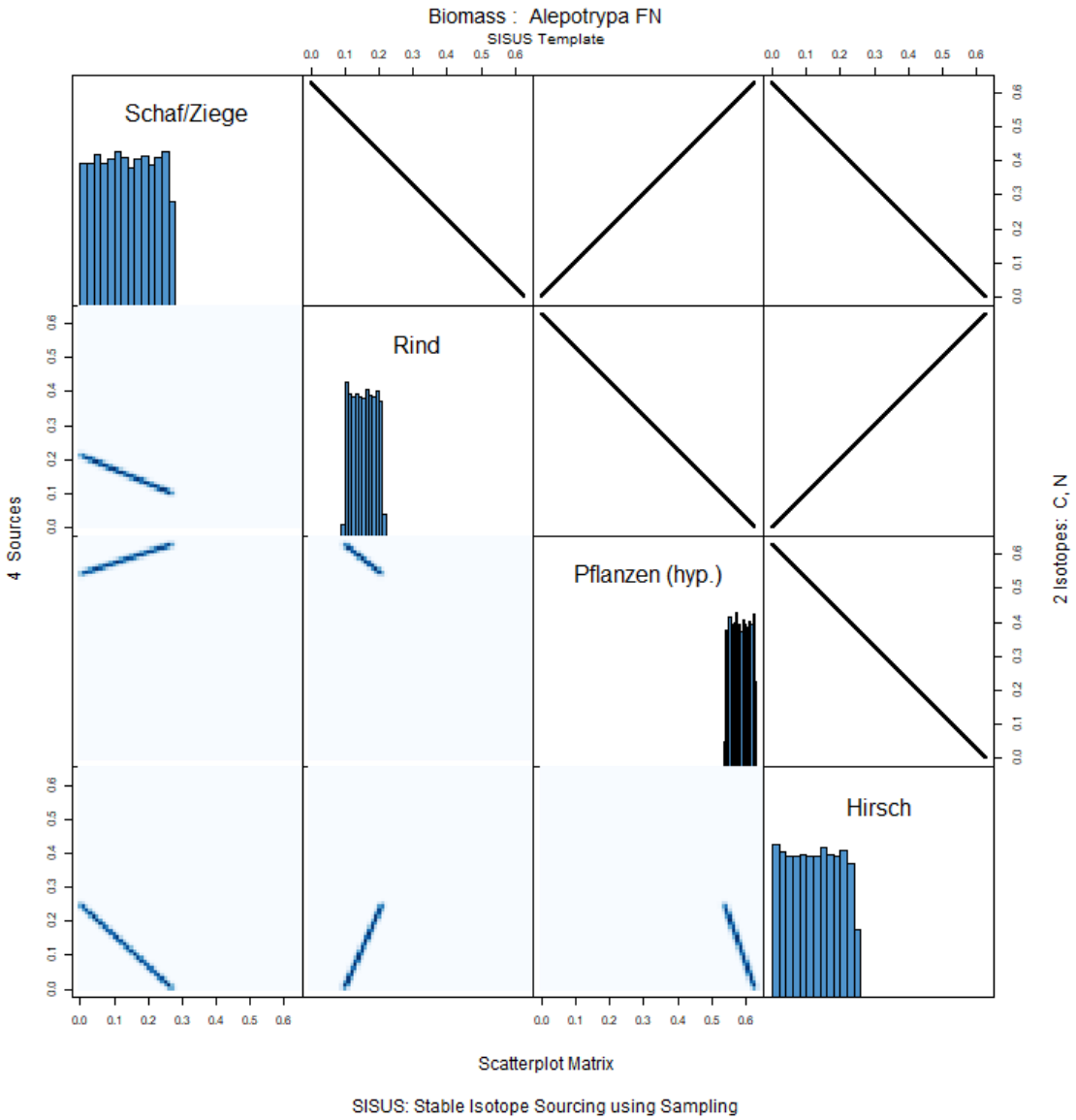


Abbildung A 93: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Frühe Neolithikum (FN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Mittleres Neolithikum

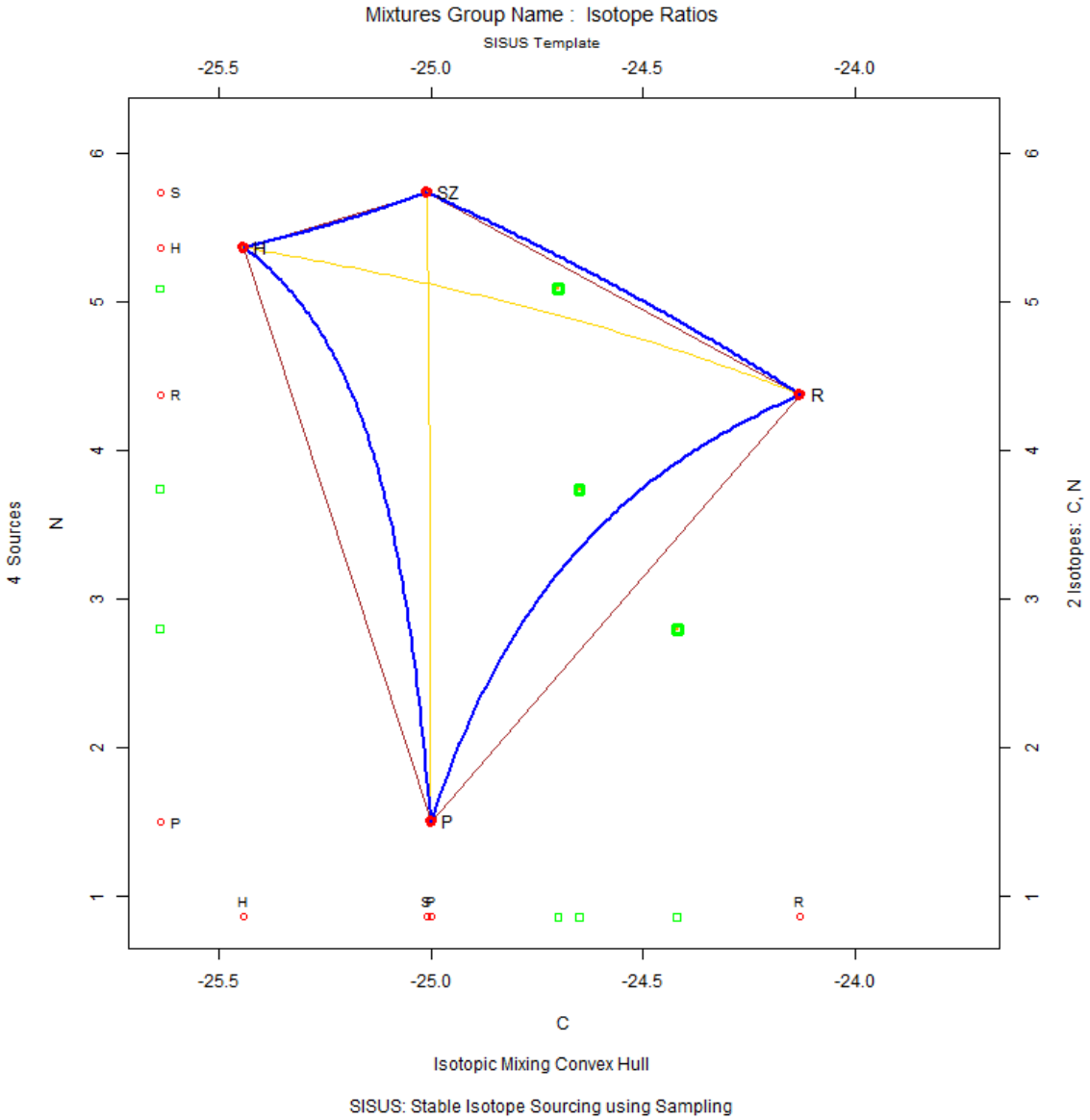


Abbildung A 94: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

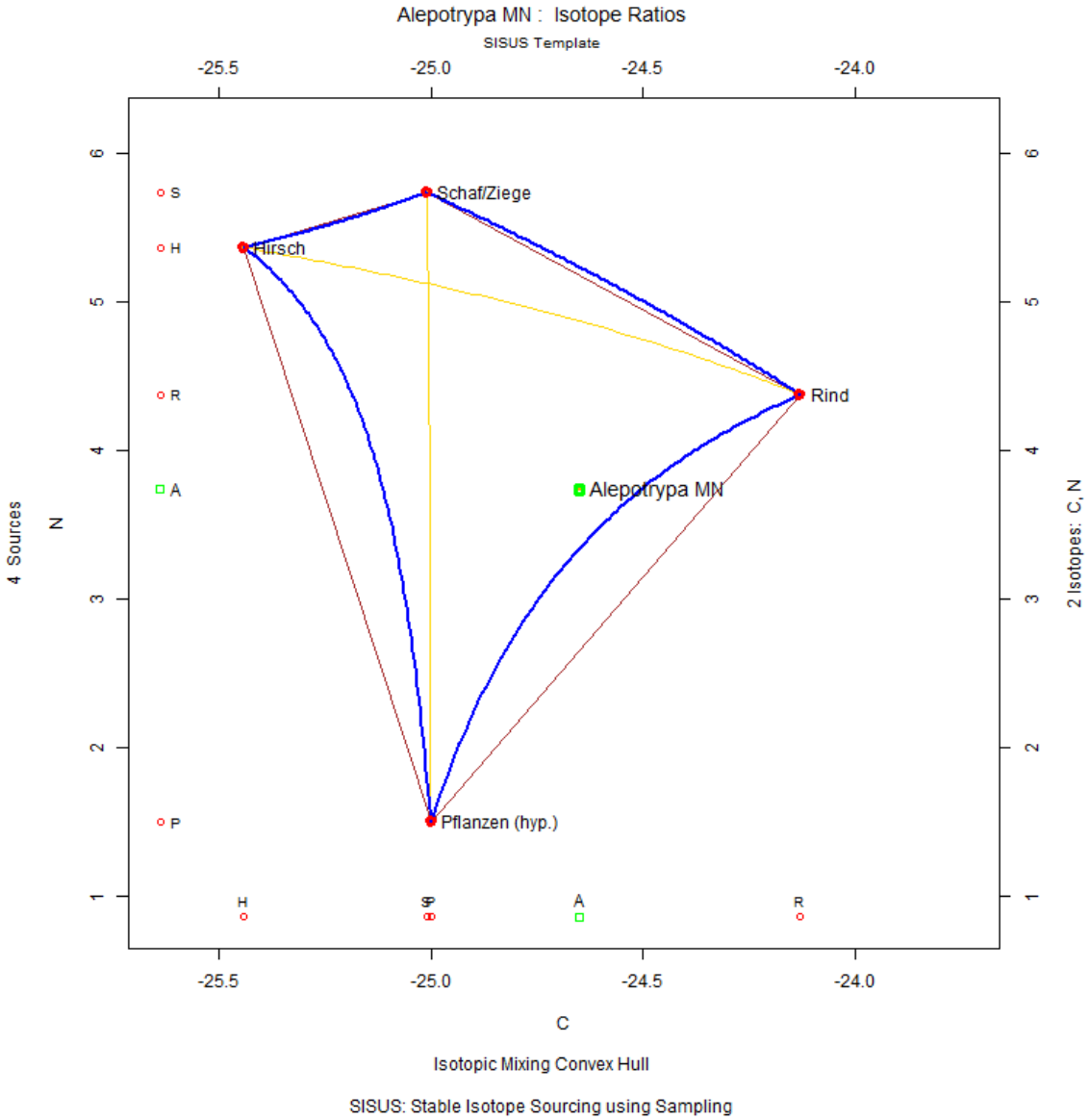


Abbildung A 95: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum (MN) datieren. Erstellt mit SISUS.

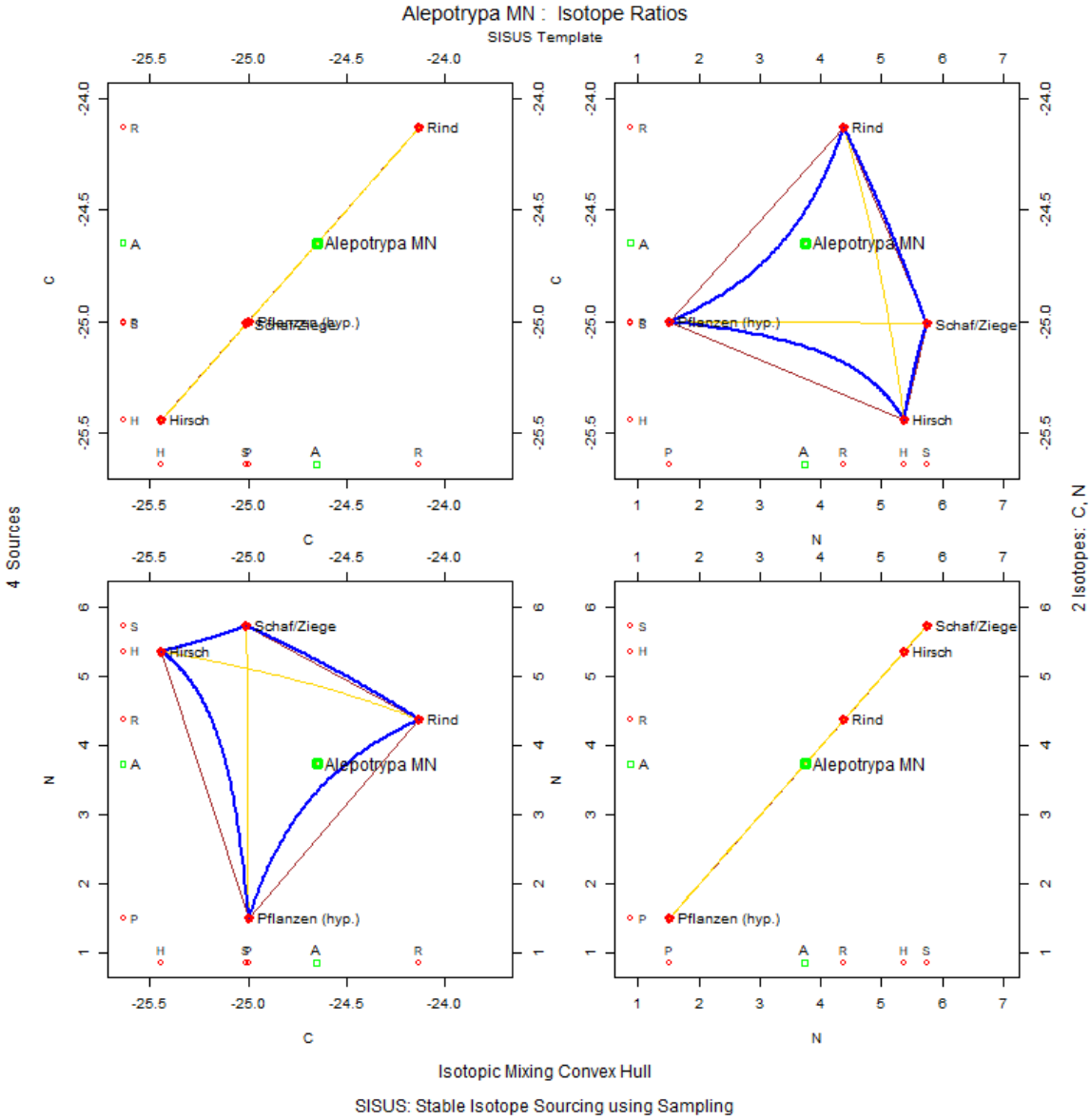


Abbildung A 96: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum (MN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

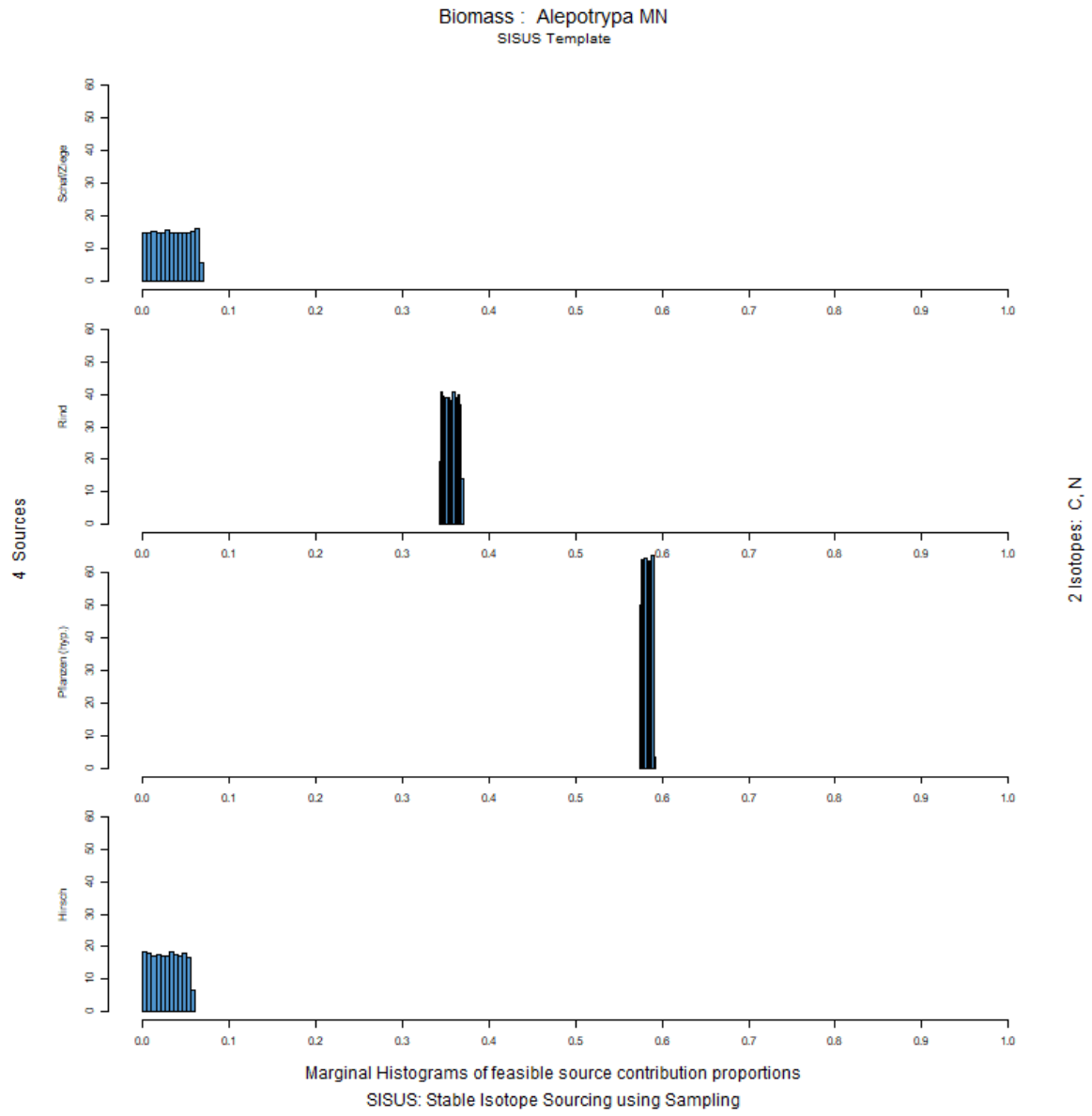


Abbildung A 97: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum (MN) datieren. Erstellt mit SISUS.

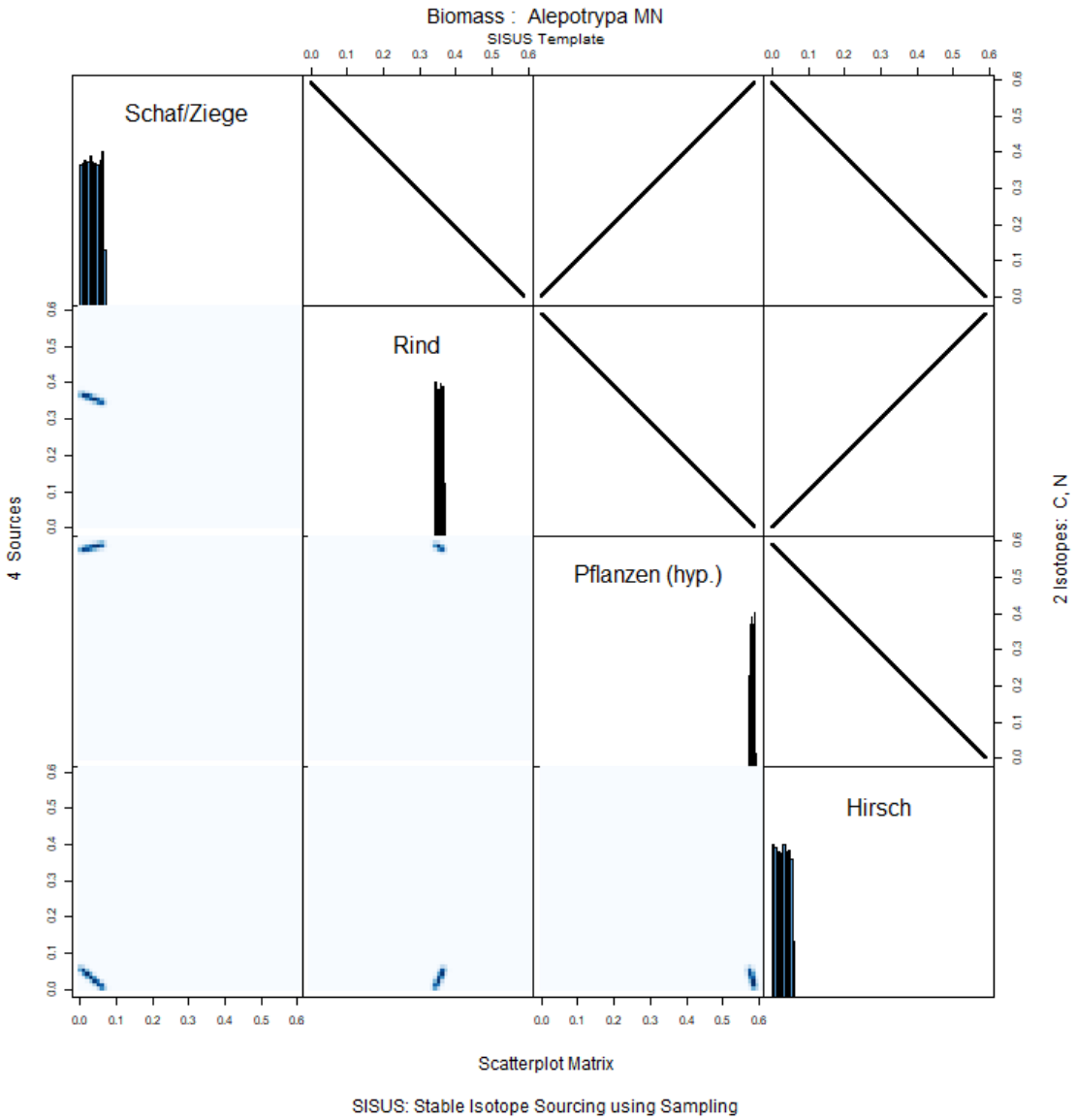


Abbildung A 98: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Mittlere Neolithikum (MN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Spätes Neolithikum

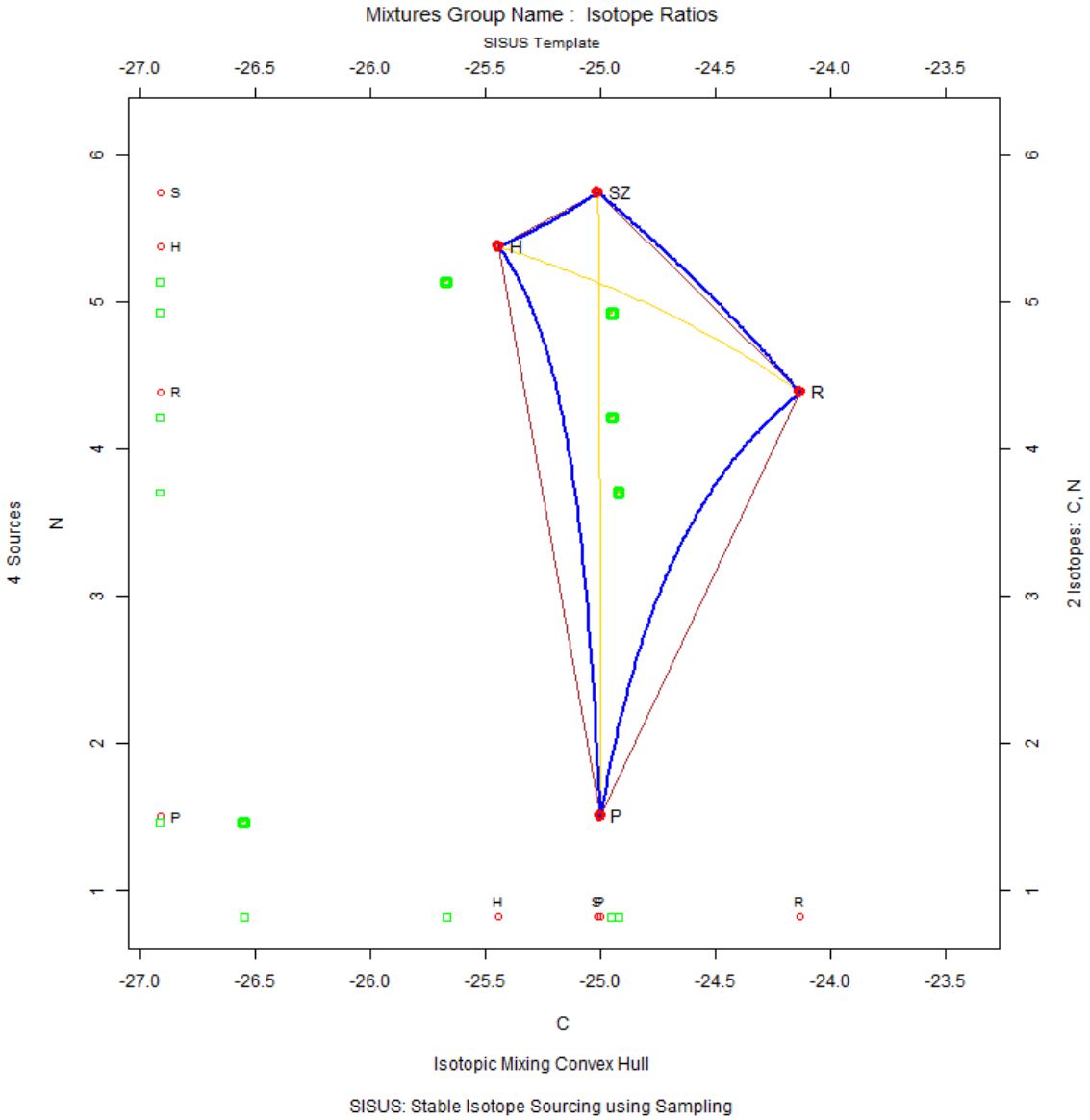


Abbildung A 99: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

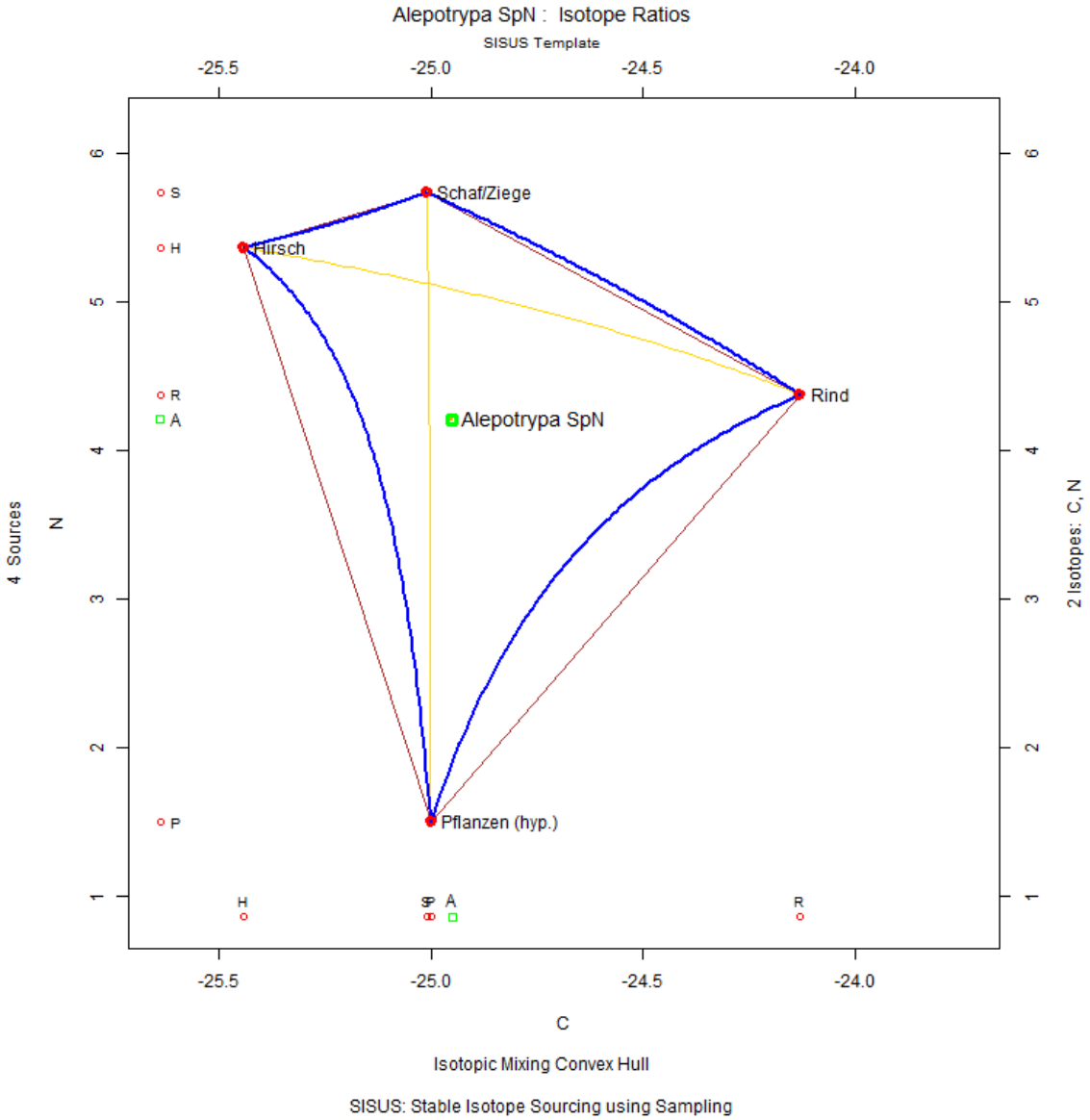


Abbildung A 100: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

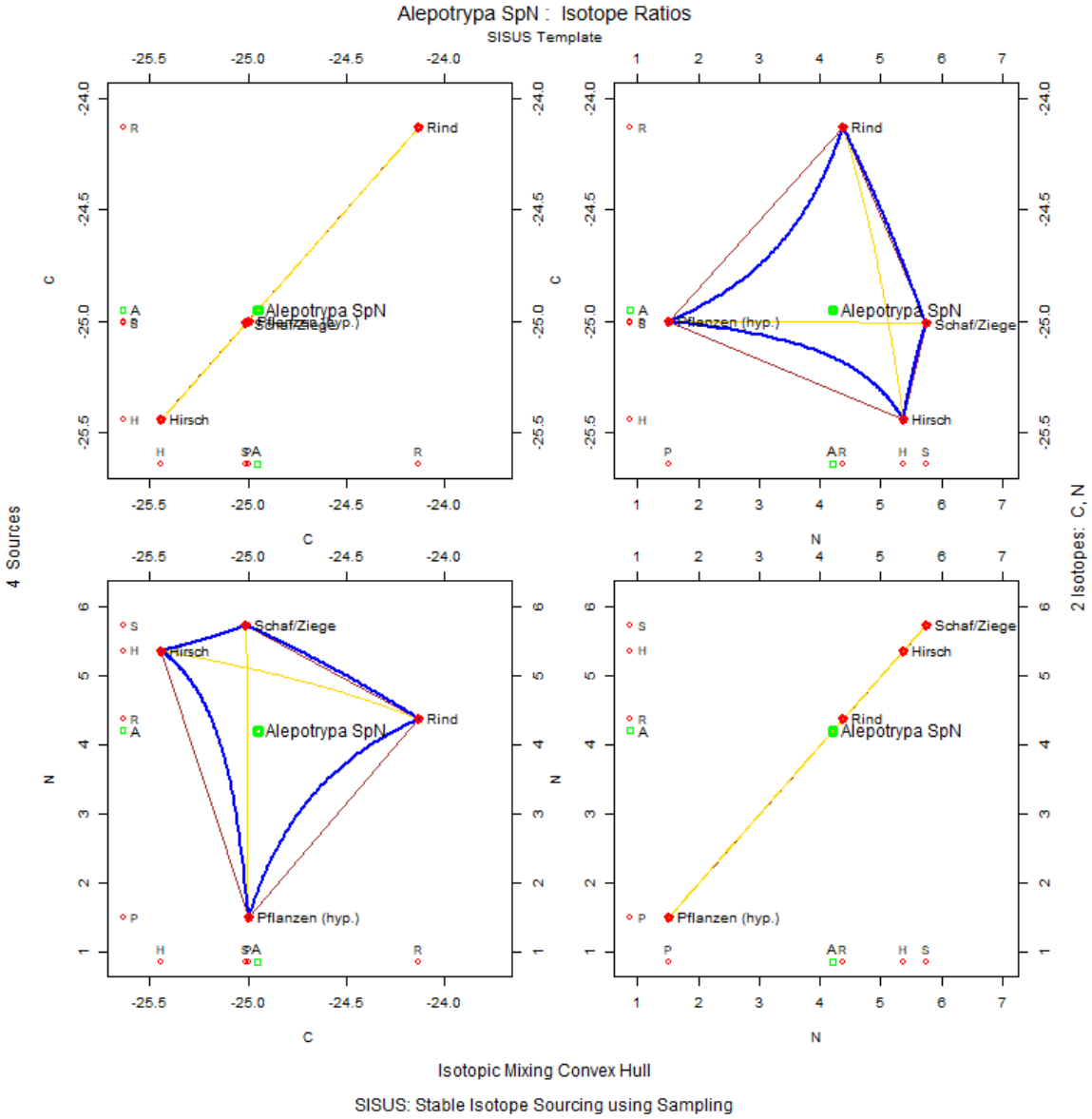


Abbildung A 101: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

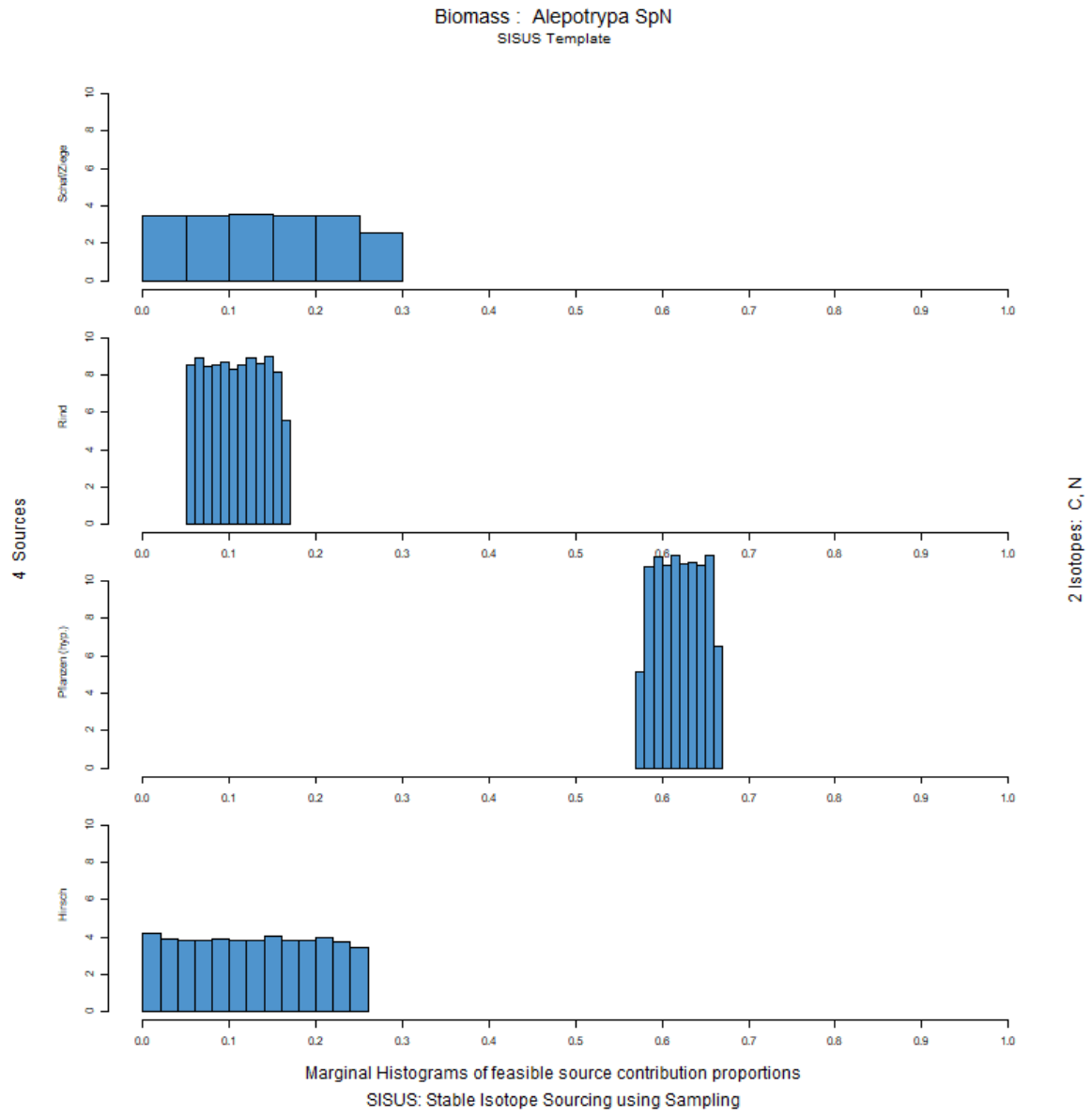


Abbildung A 102: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

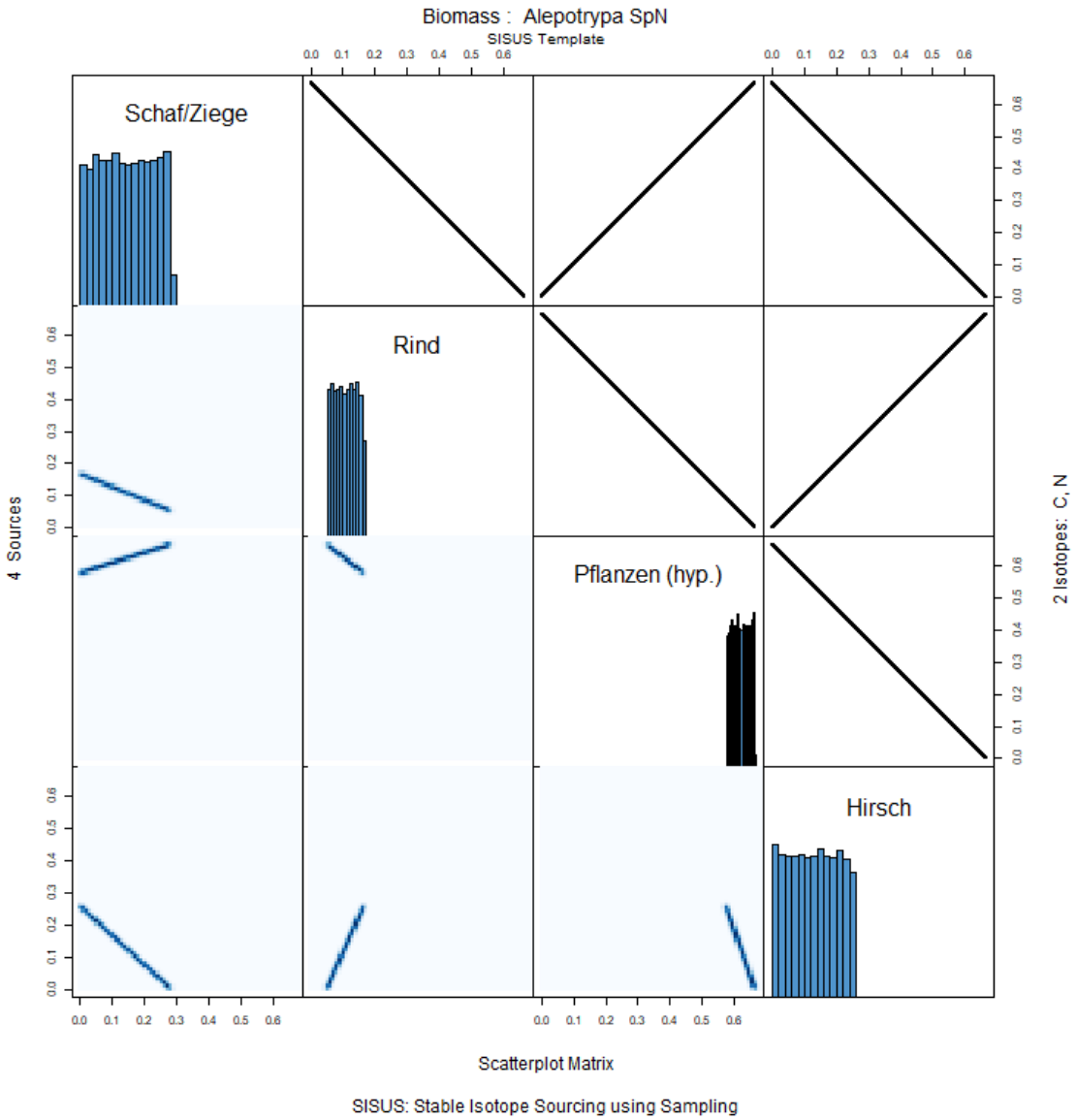


Abbildung A 103: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Spätes/Finales Neolithikum

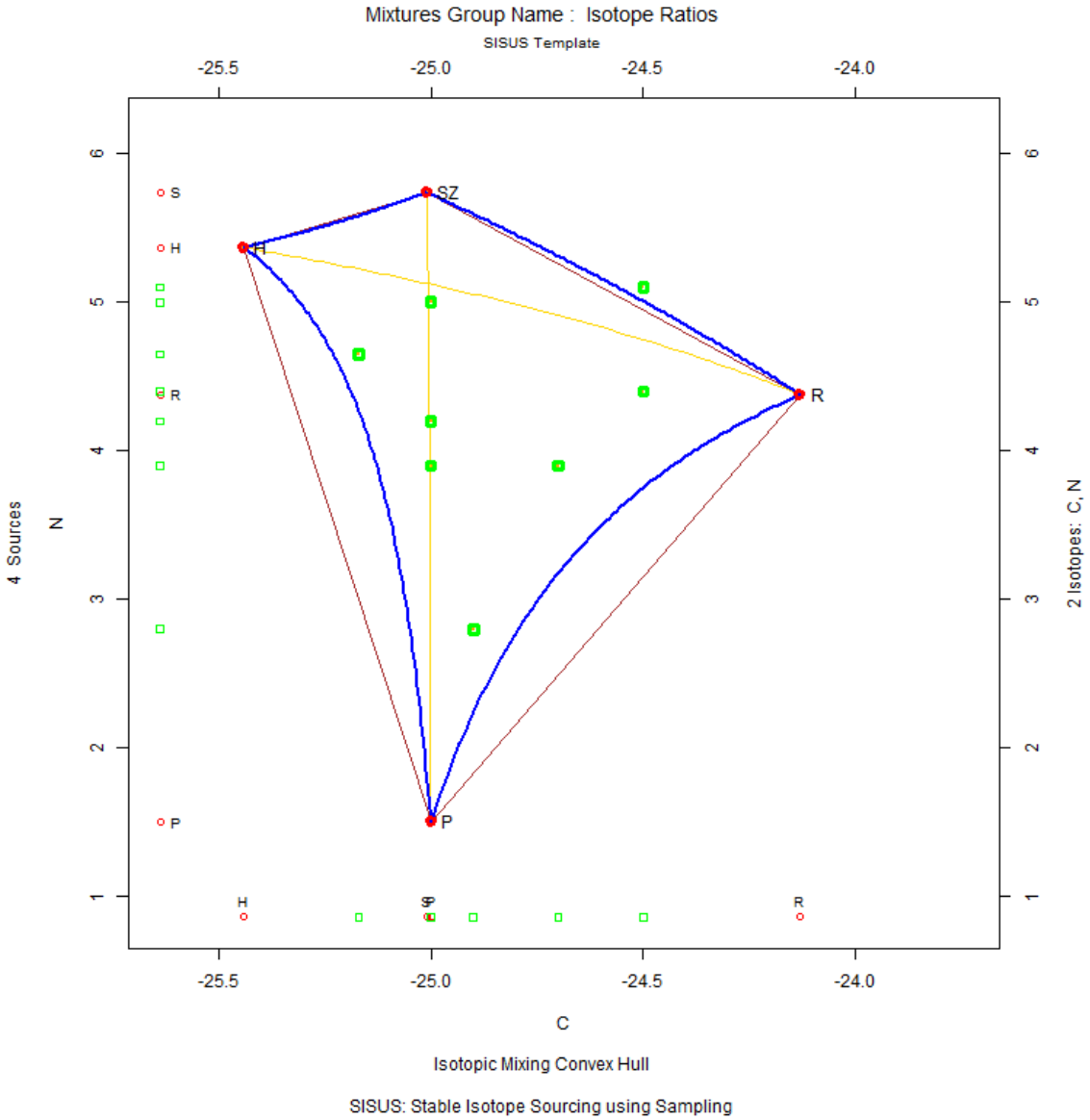


Abbildung A 104: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

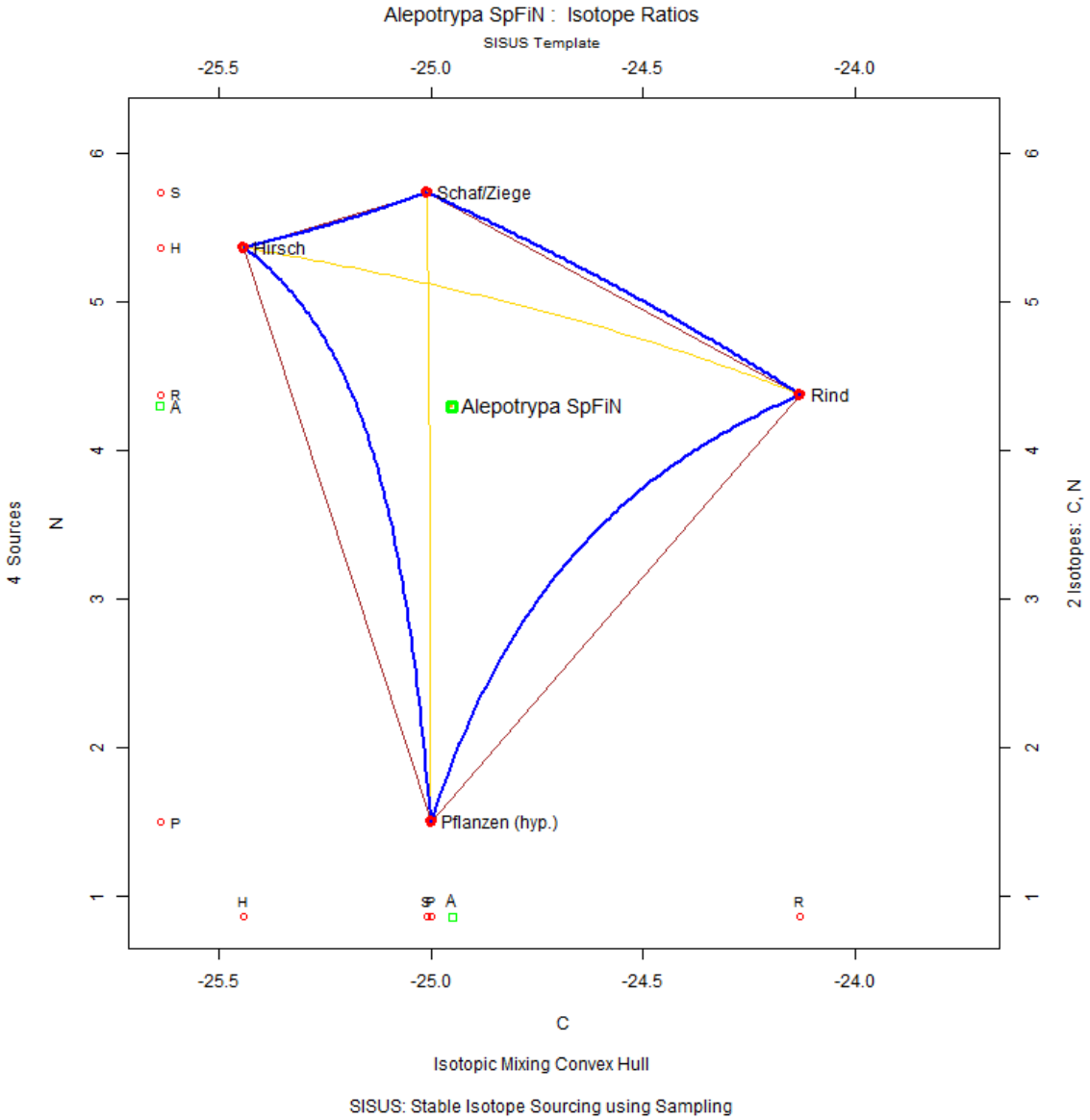


Abbildung A 105: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum (SpFiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

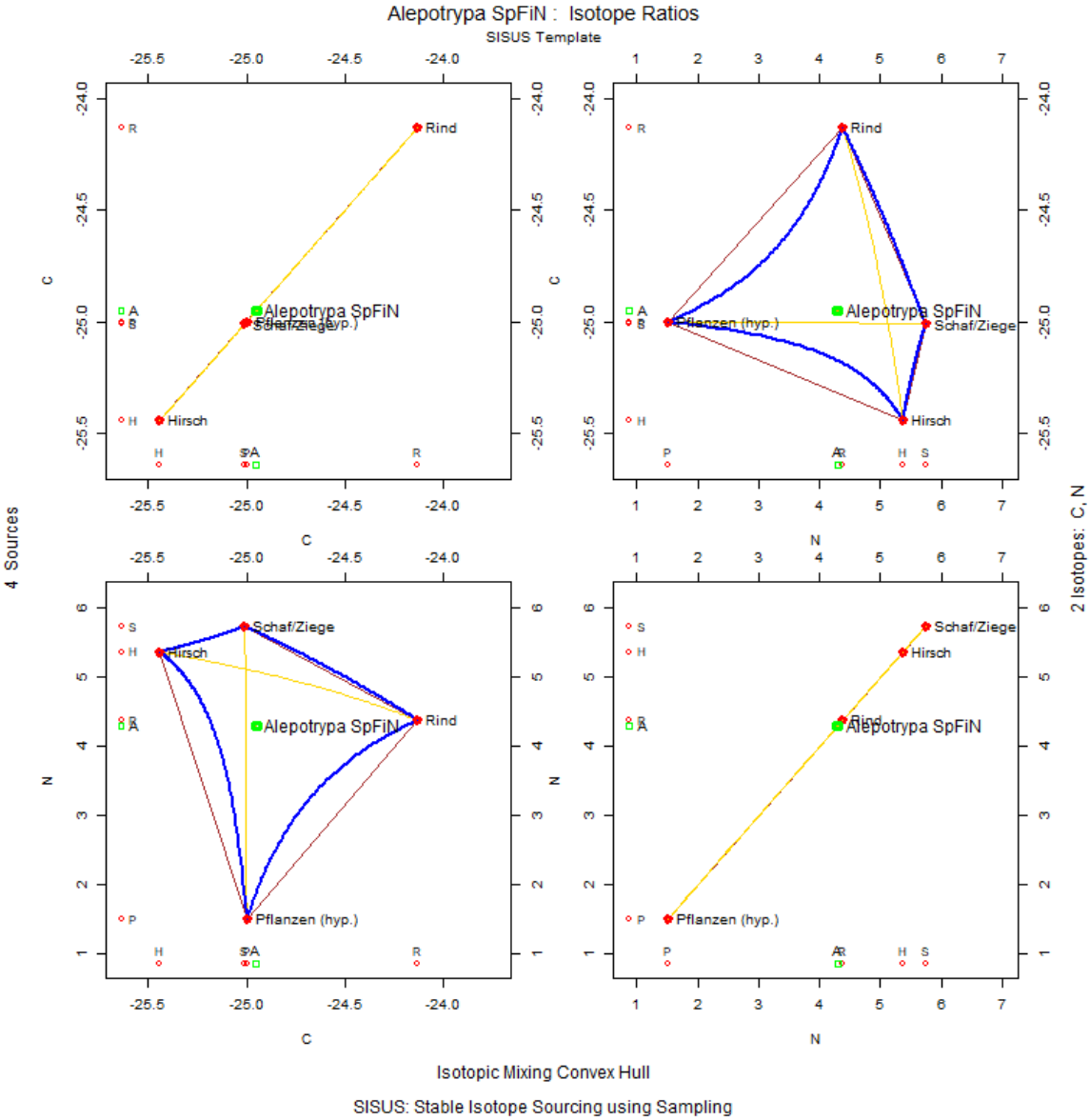


Abbildung A 106: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum (SpFiN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

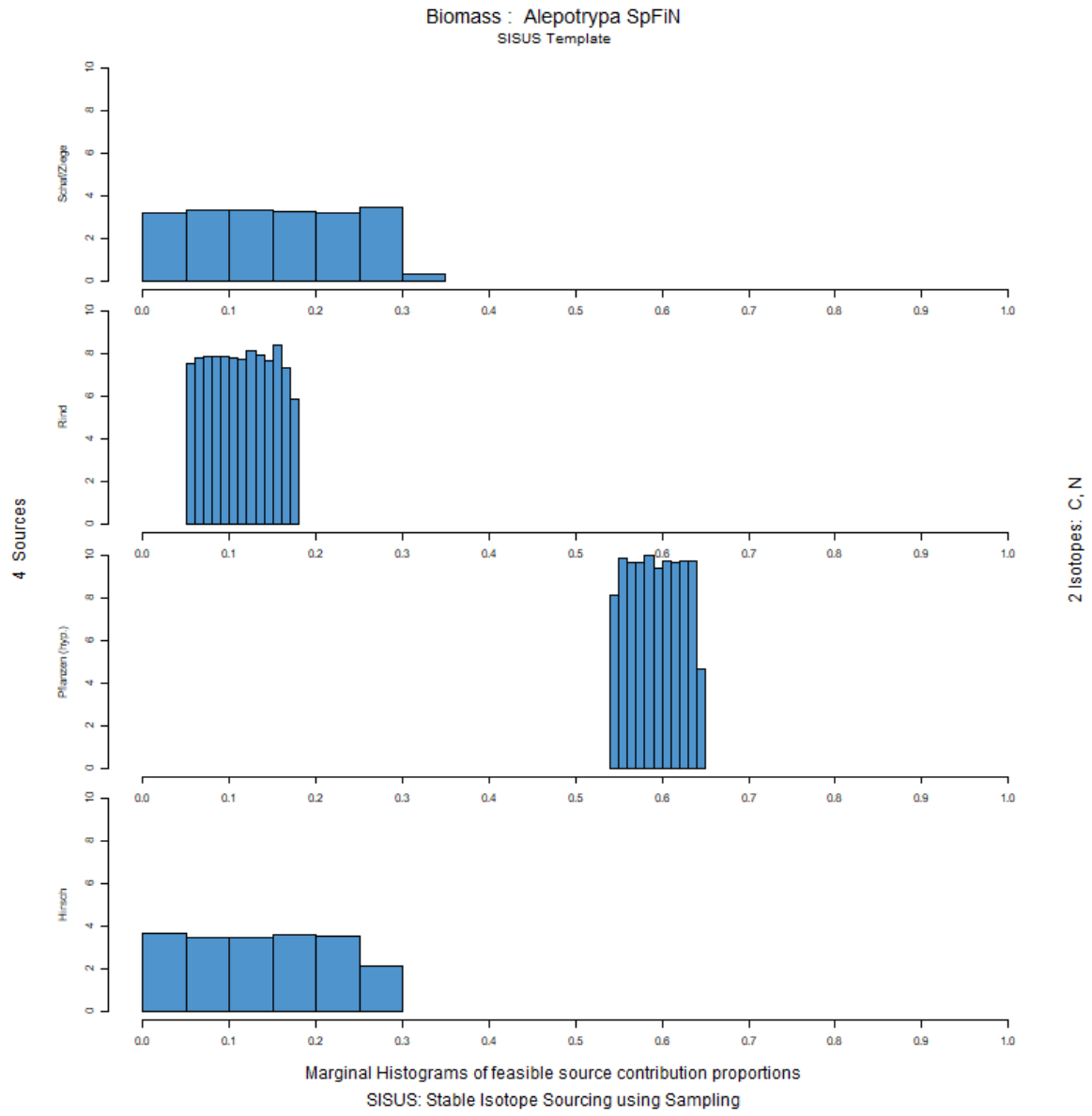


Abbildung A 107: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum (SpFiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

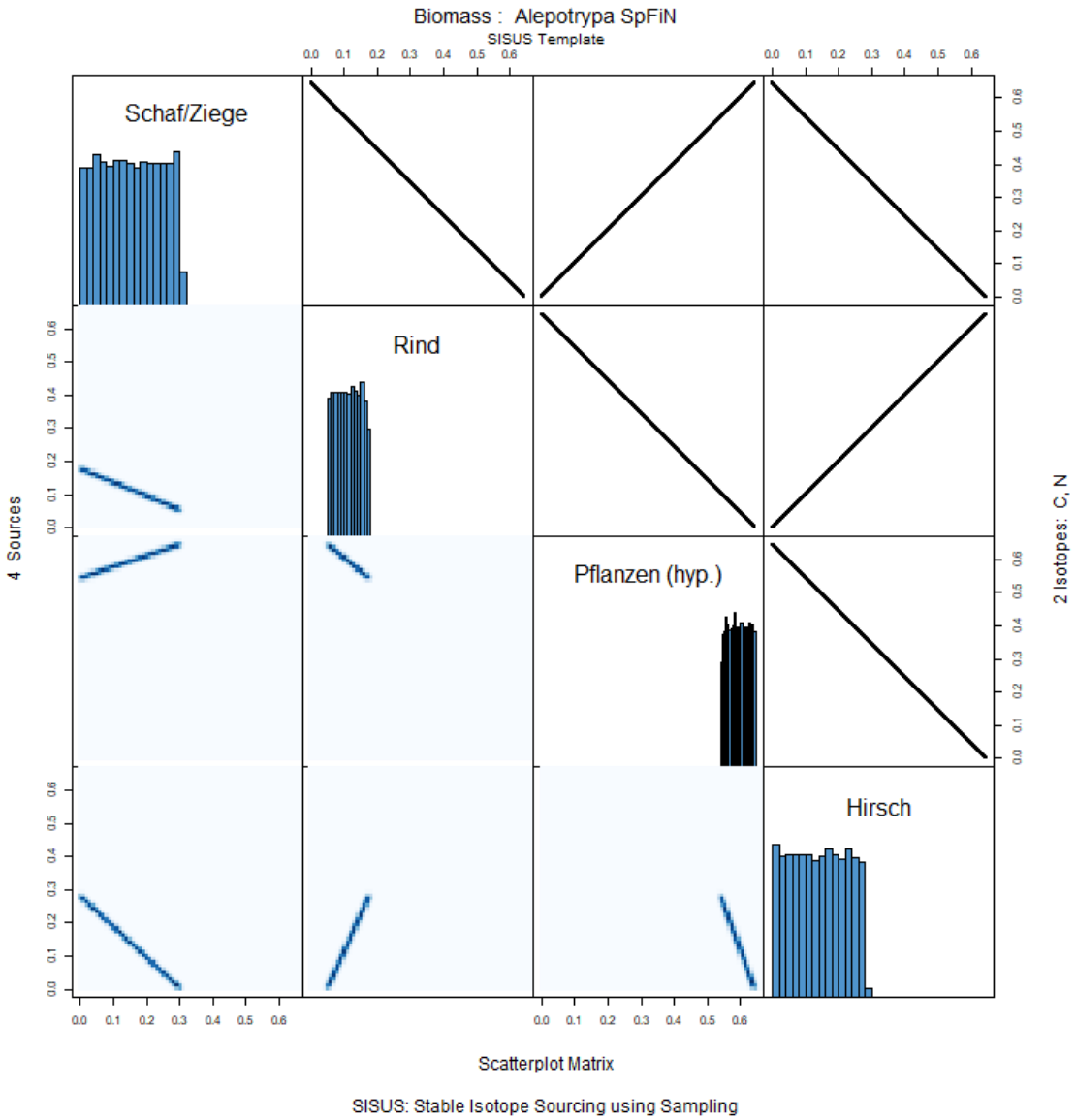


Abbildung A 108: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Alepotrypa, die in das Späte/Finale Neolithikum (SpFiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

9.2.2.12 SISUS: Franchthi - Populationsmedian

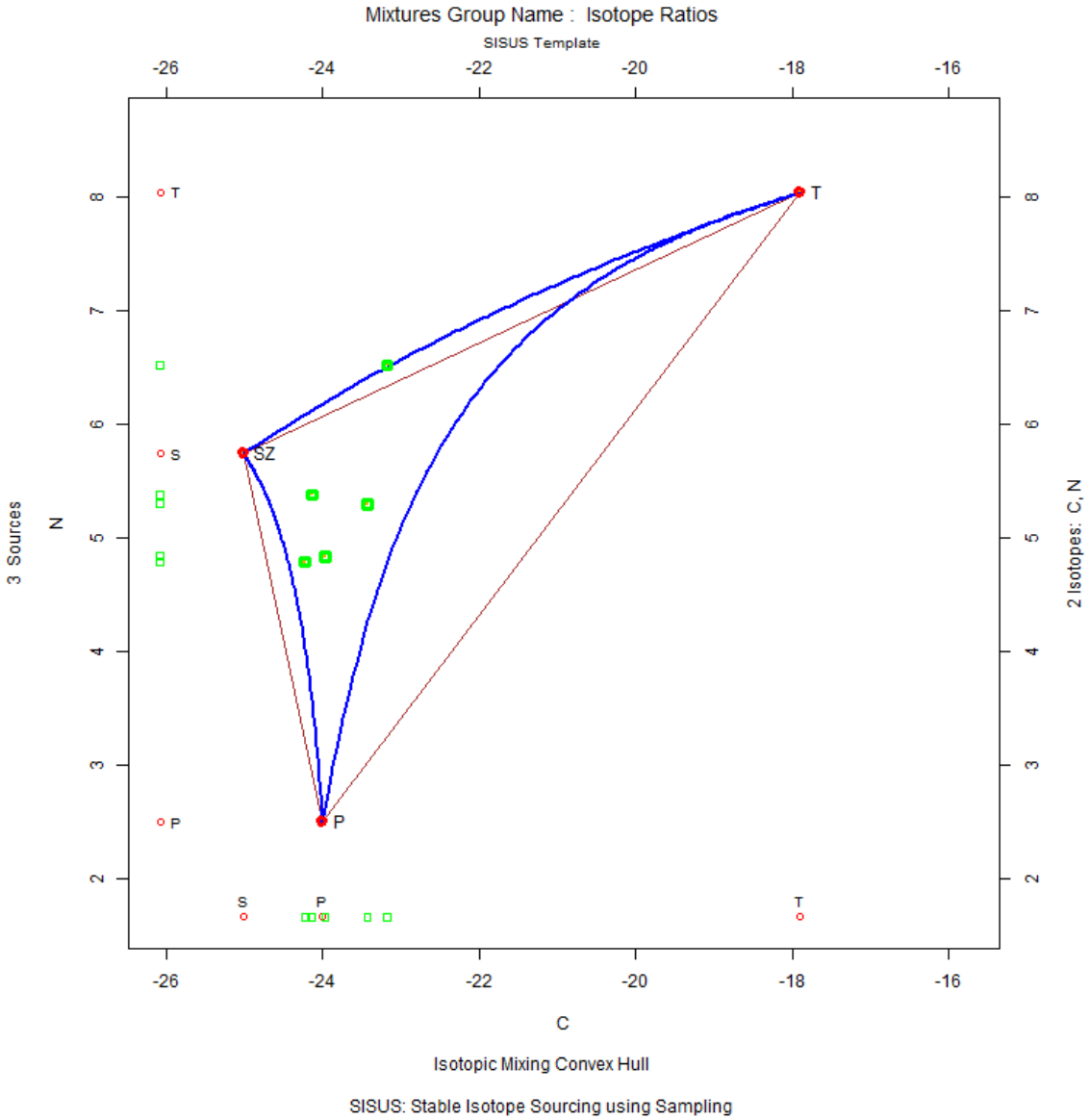


Abbildung A 109: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Franchthi. Erstellt mit SISUS

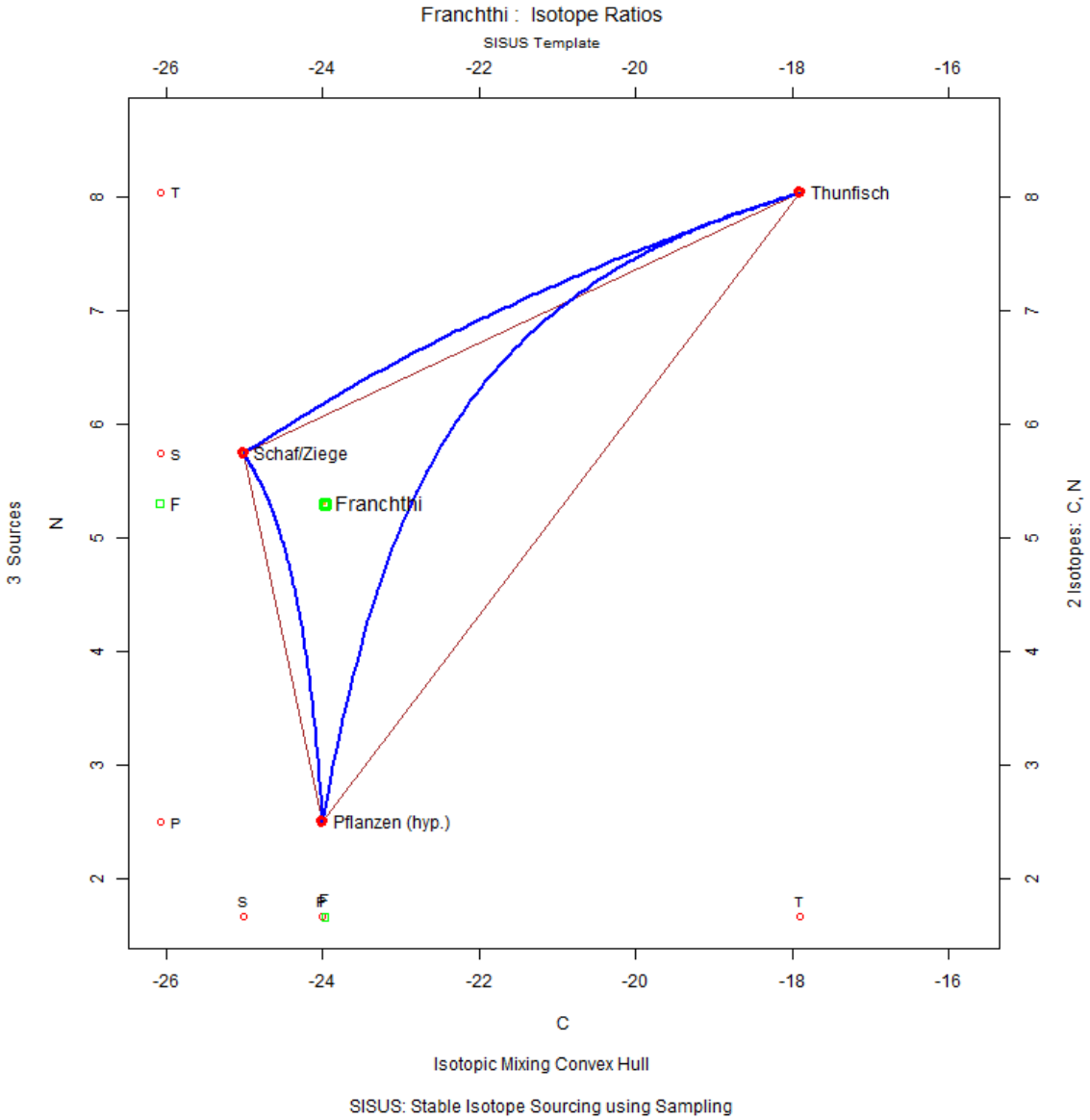


Abbildung A 110: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Franchthi. Erstellt mit SISUS

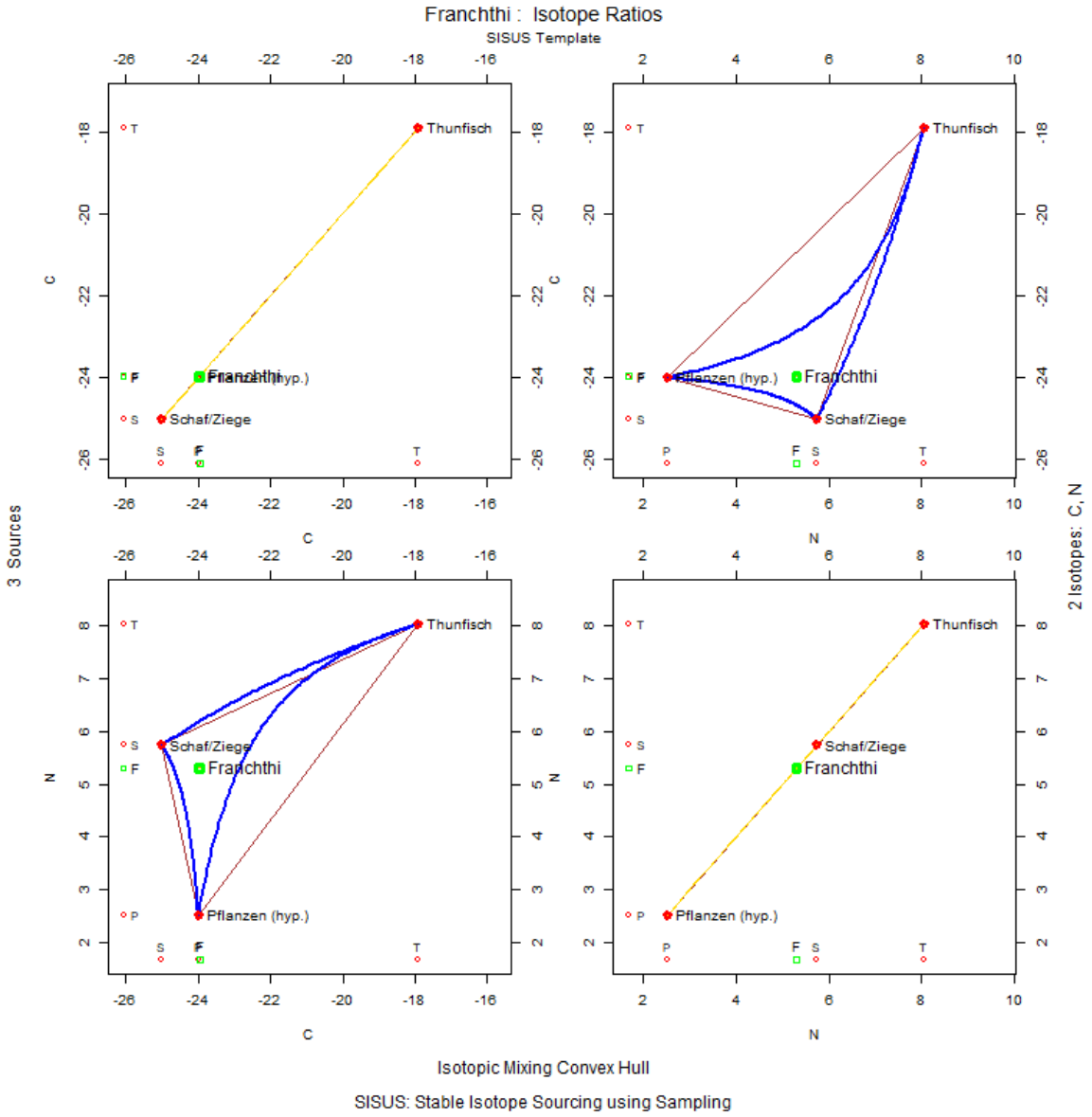


Abbildung A 111: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Franchthi in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

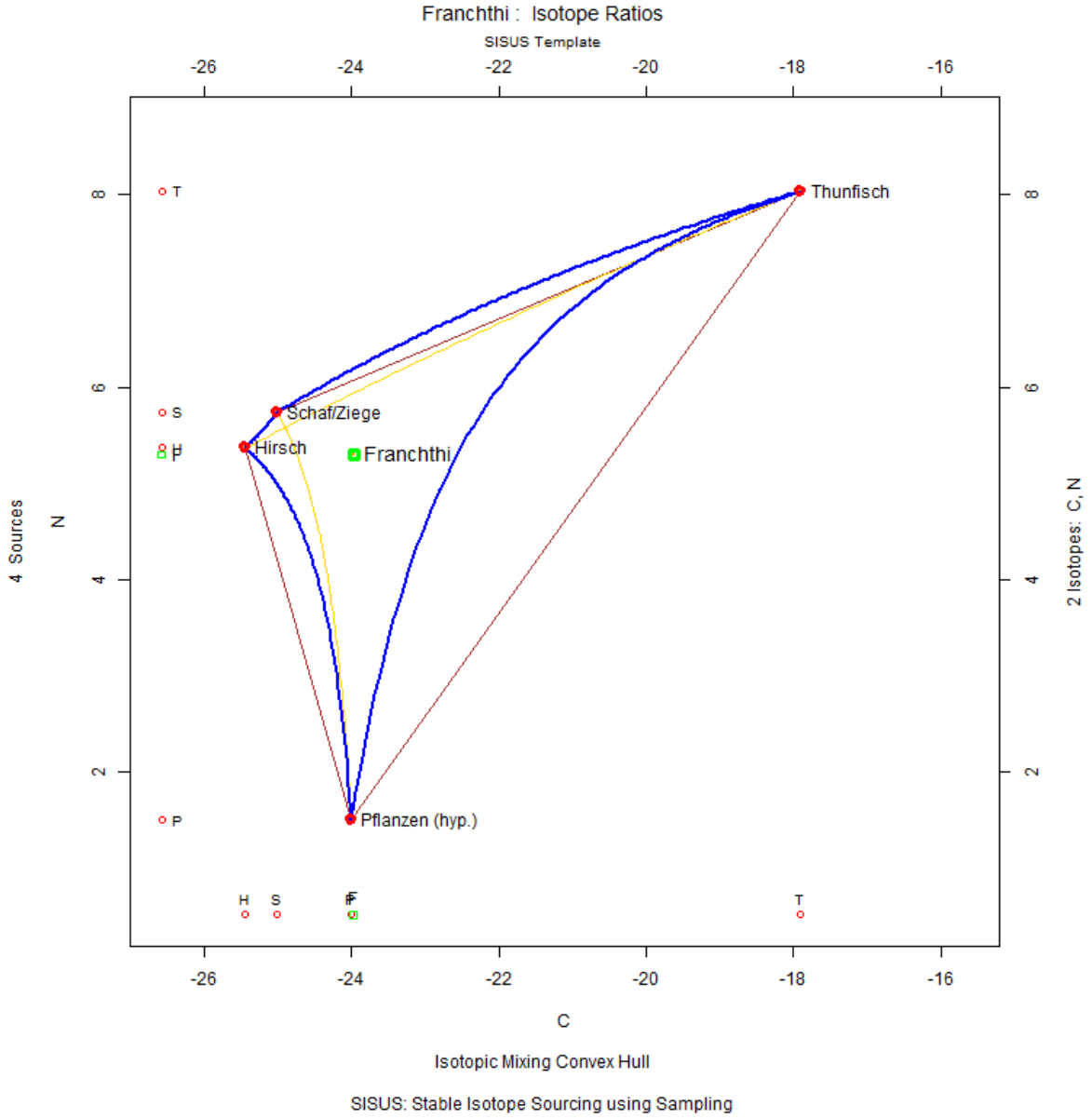


Abbildung A 112: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Franchthi. Erstellt mit SISUS.

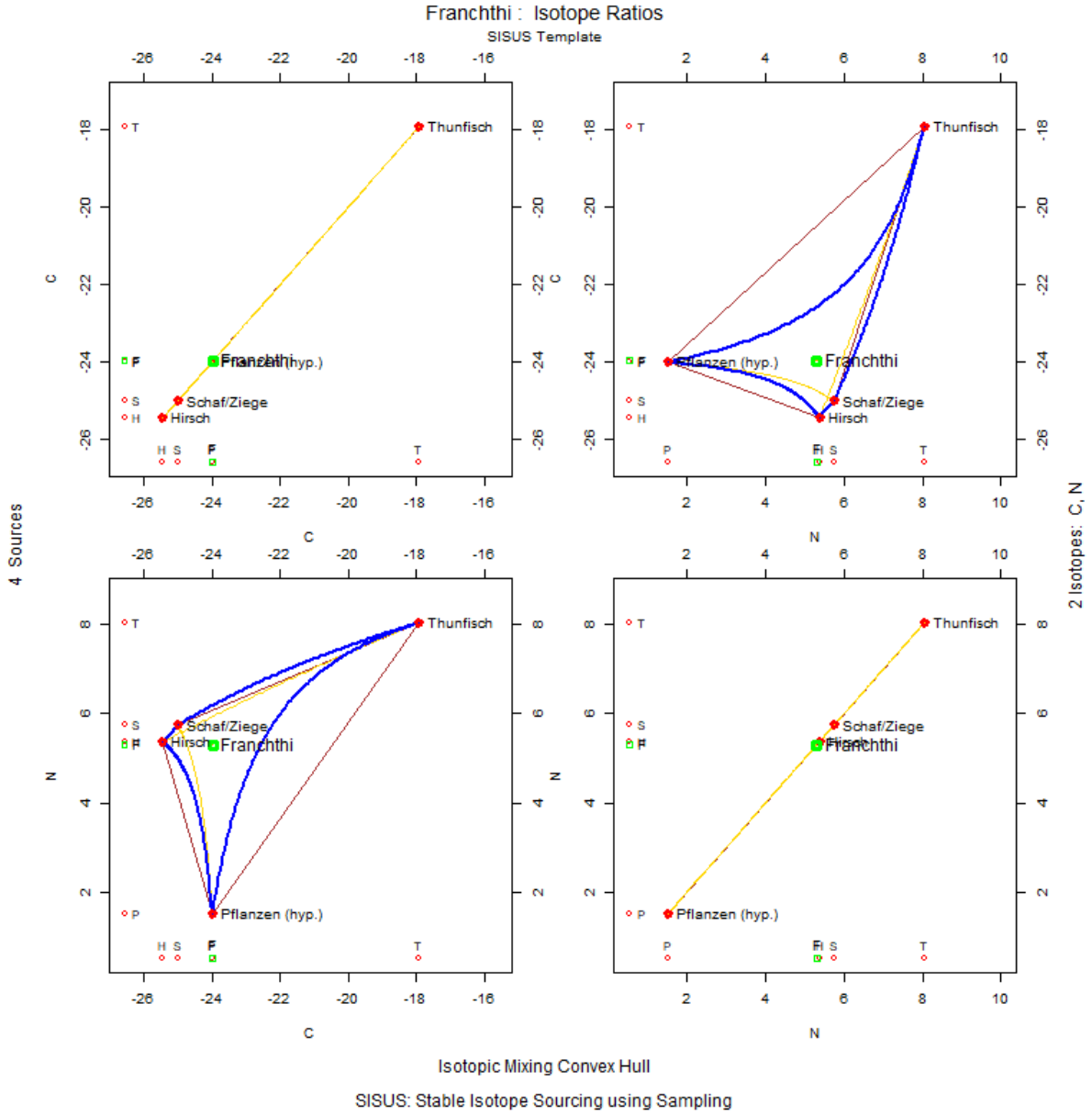


Abbildung A 113: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Franchthi in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

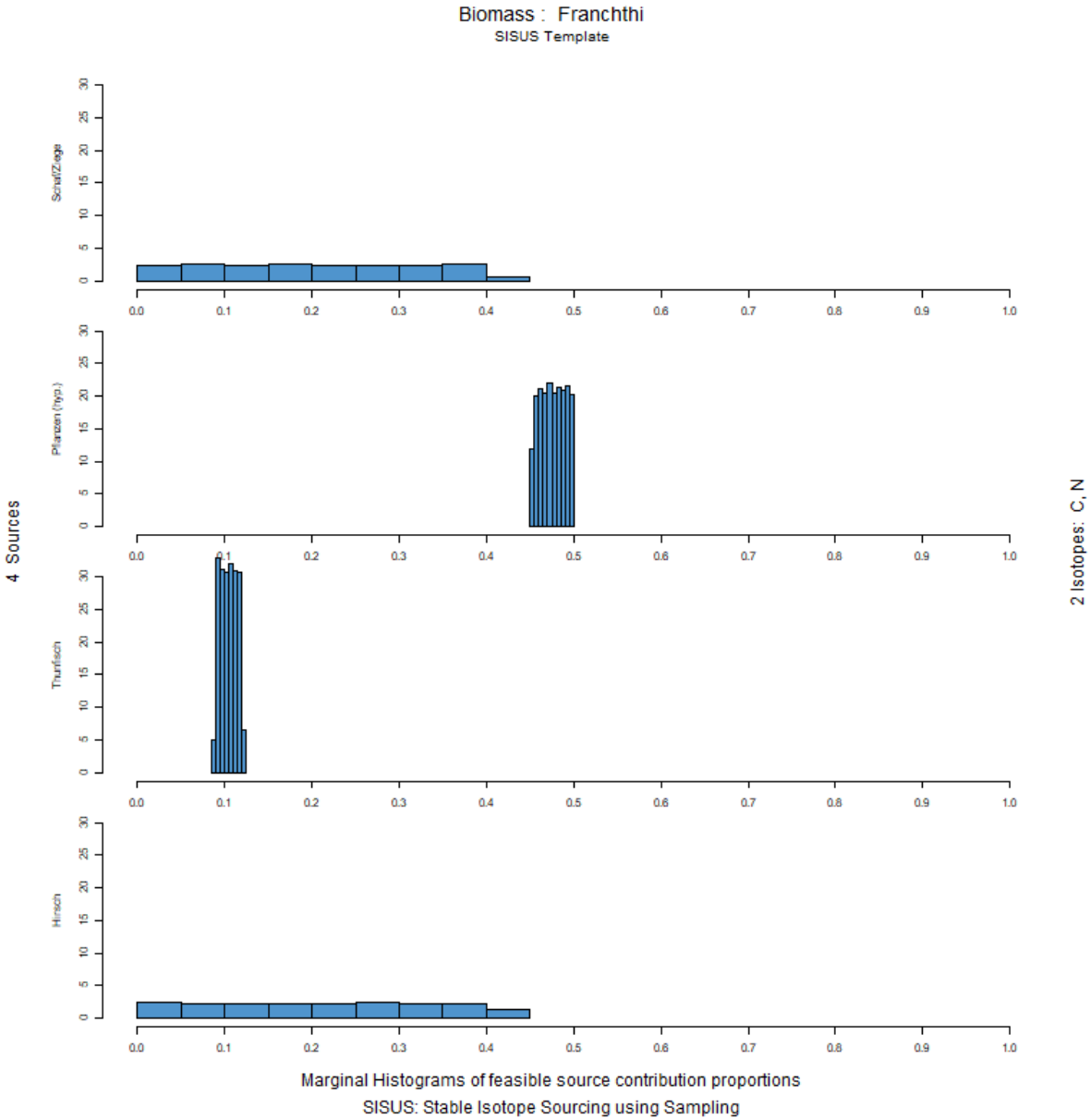


Abbildung A 114: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Franchthi. Erstellt mit SISUS.

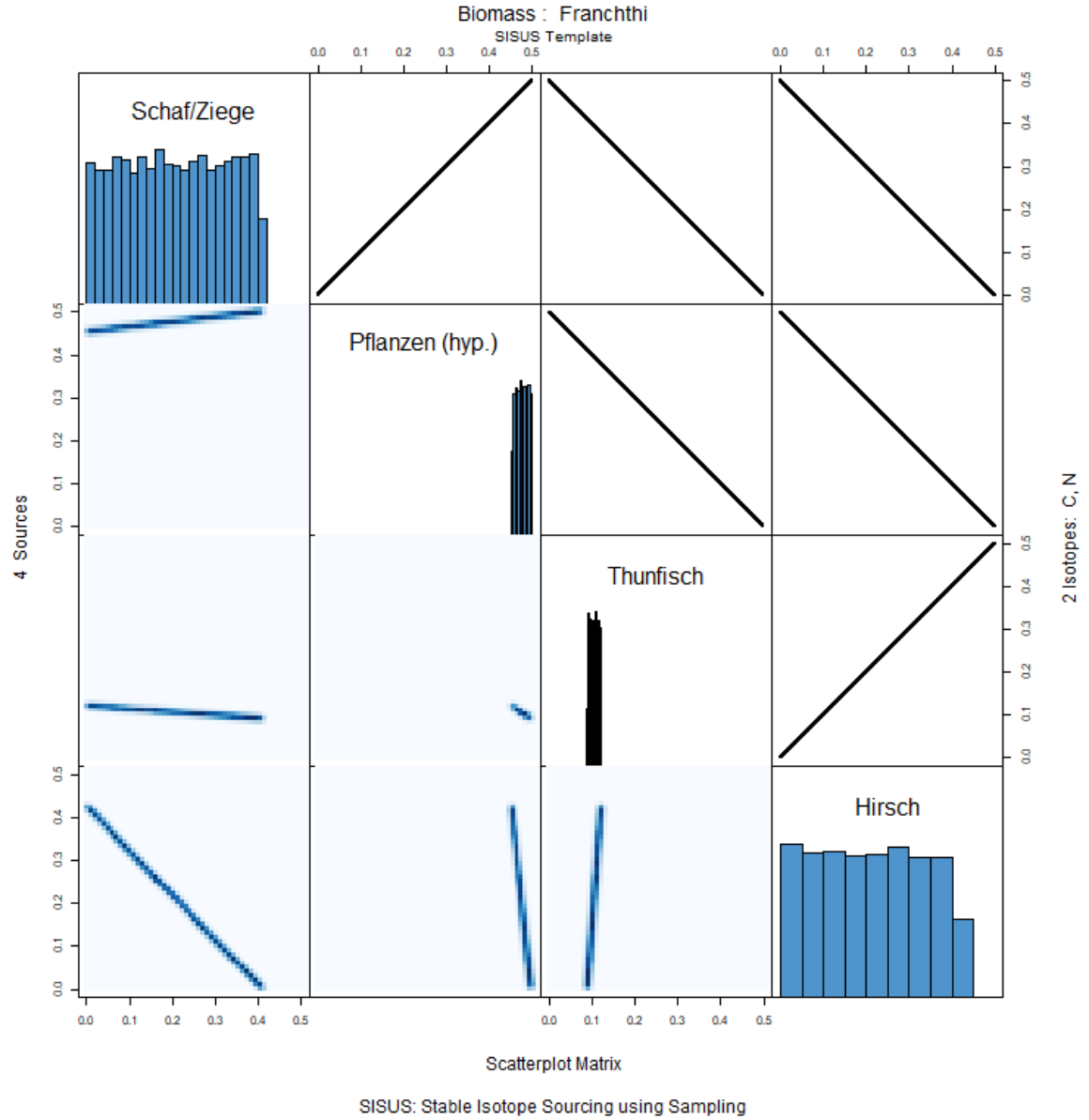


Abbildung A 115: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Franchthi. Erstellt mit SISUS.

9.2.2.13 SISUS: Franchthi – Datierung

Frühes/Mittleres Neolithikum

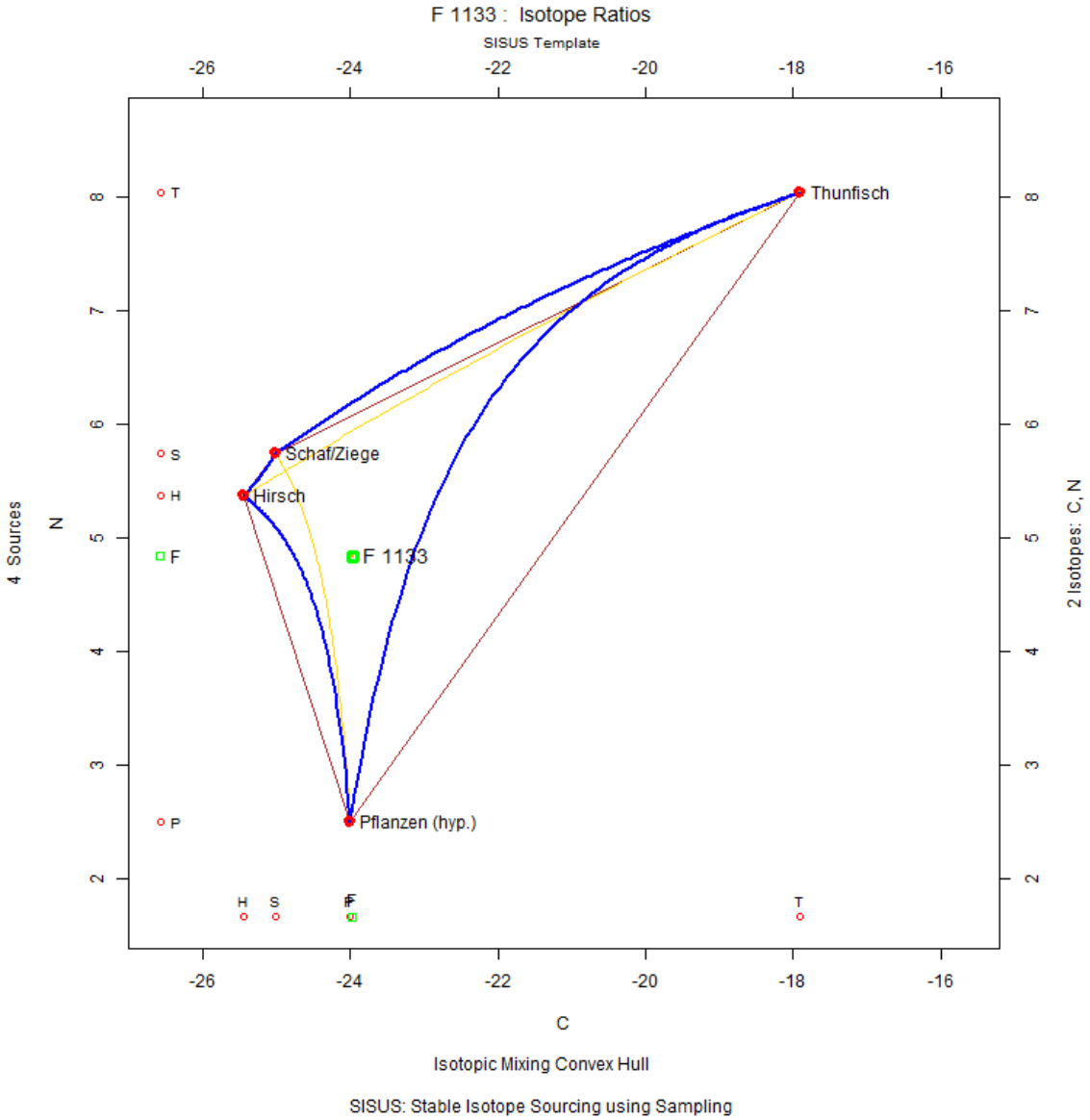


Abbildung A 116: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Franchthi (F) 1133, welches in das Frühe/Mittlere Neolithikum datiert. Erstellt mit SISUS.

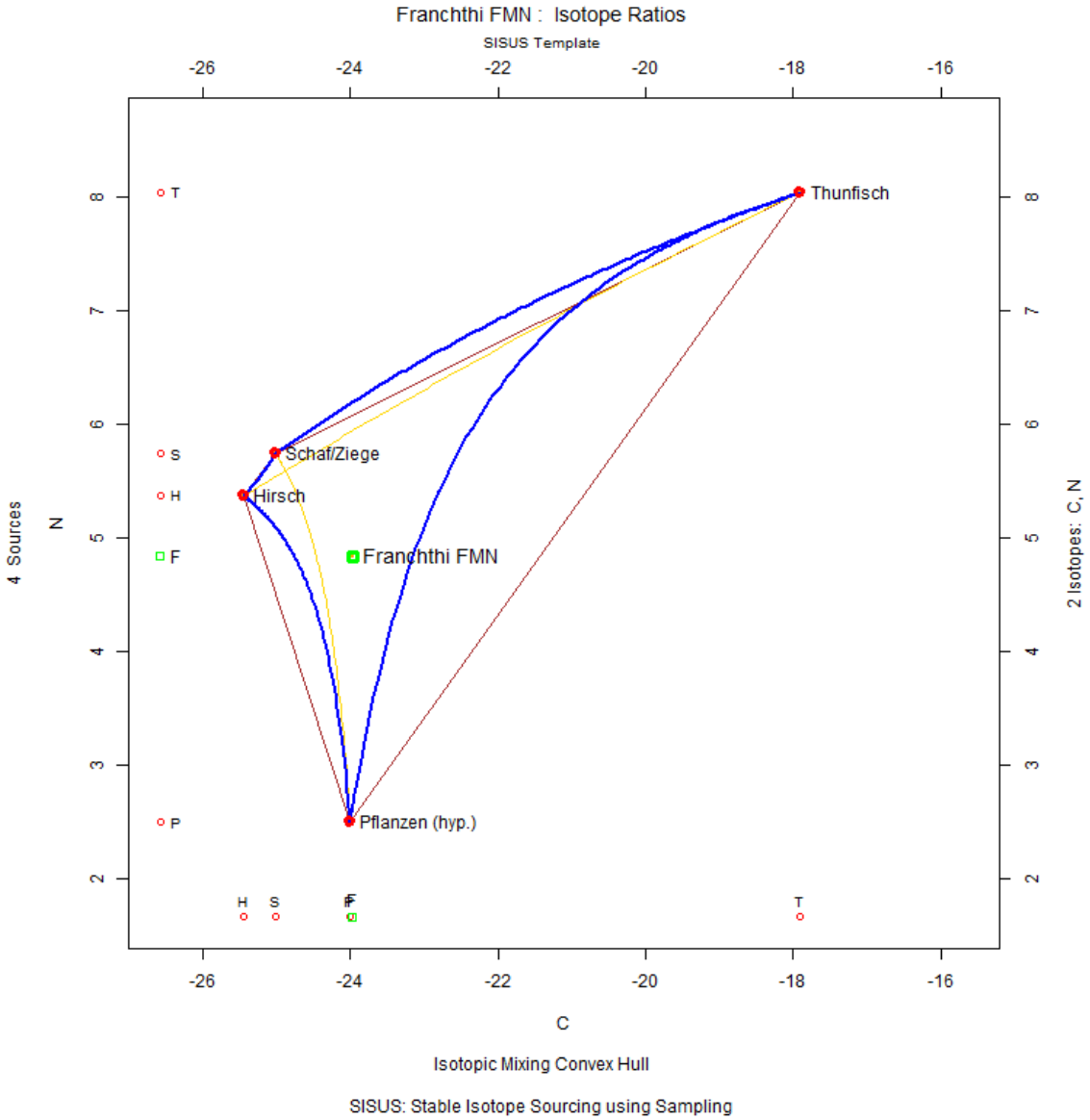


Abbildung A 117: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum (FMN) datieren. Erstellt mit SISUS.

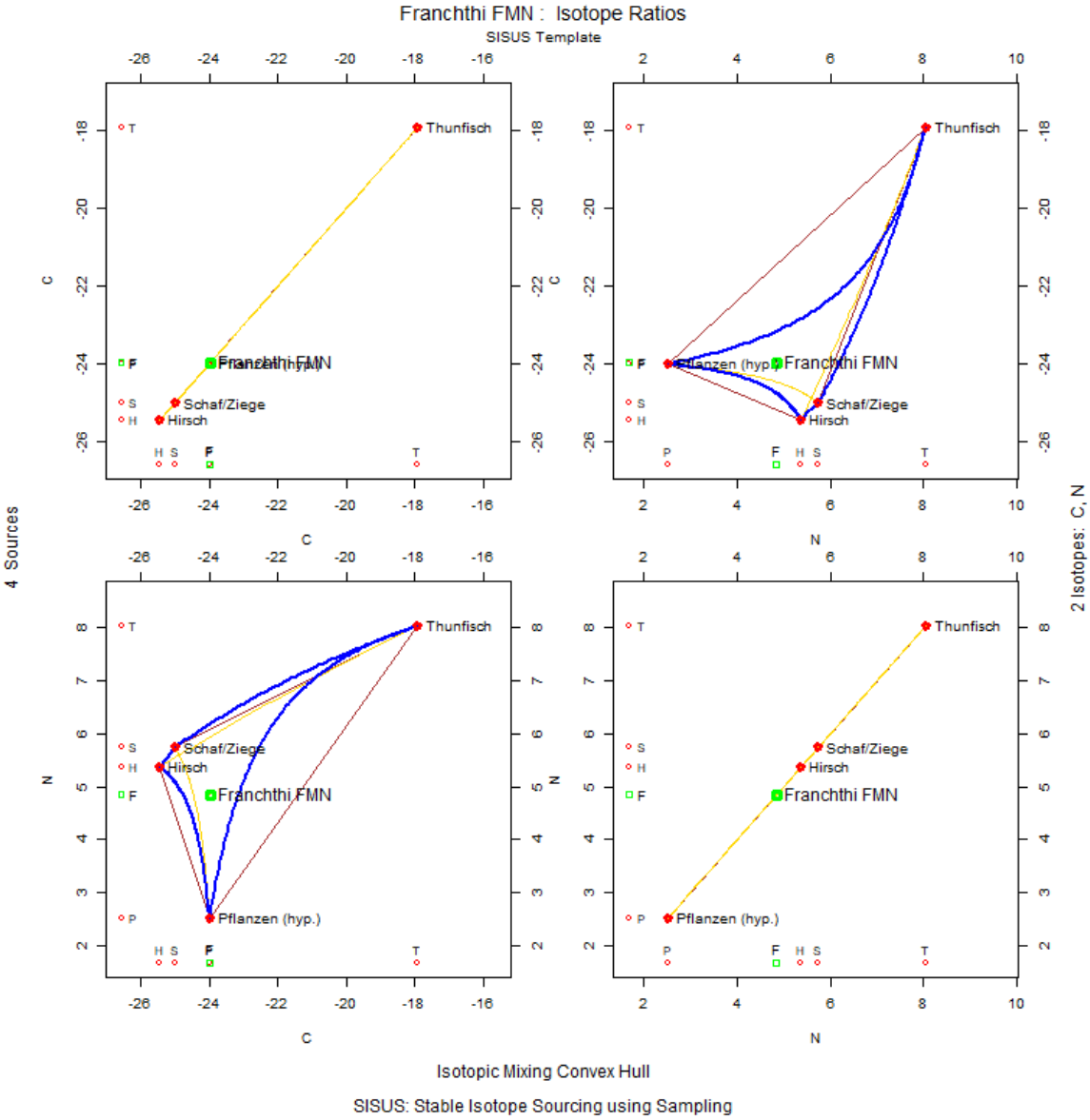


Abbildung A 118: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum (FMN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

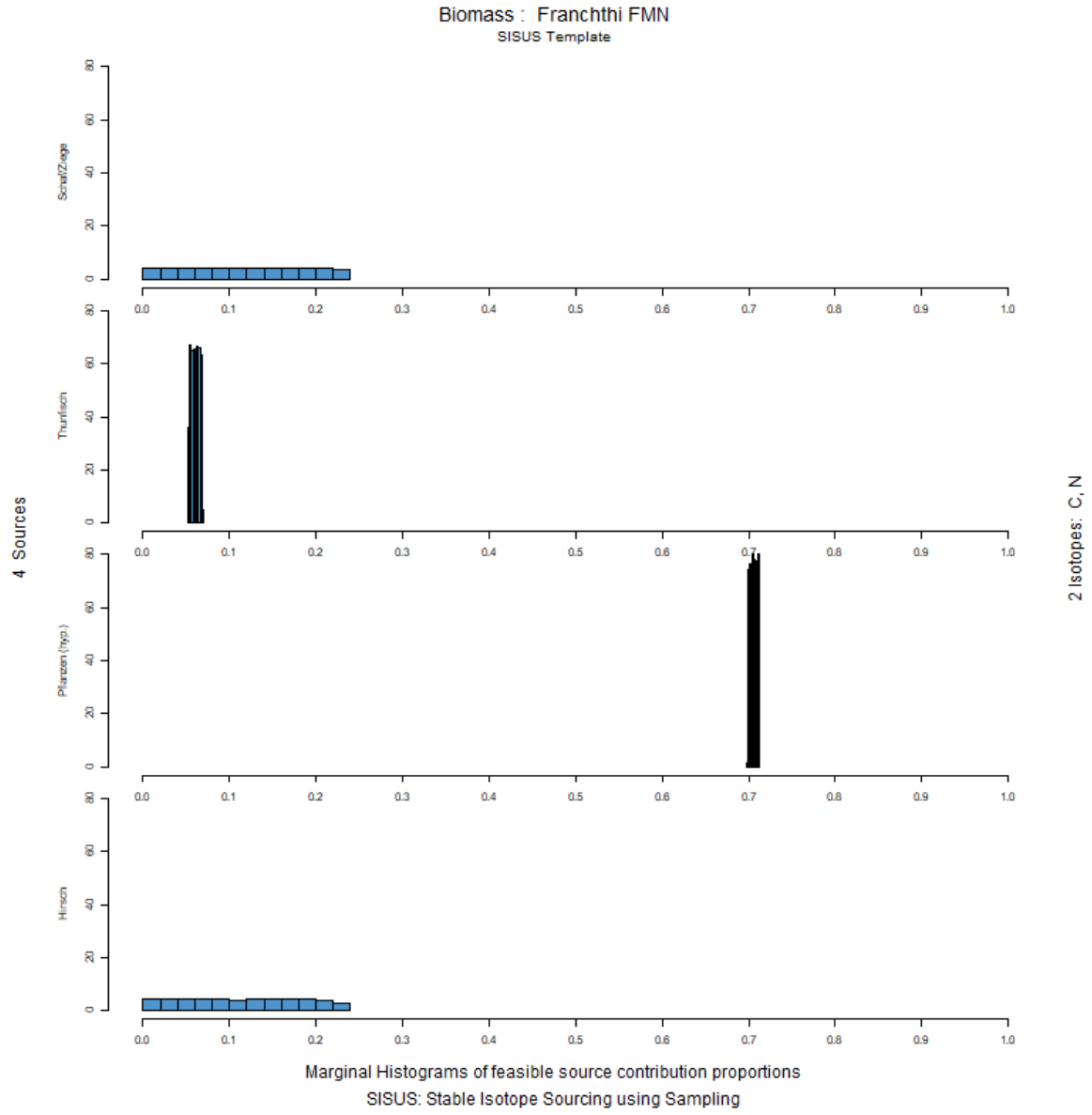


Abbildung A 119: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum (FMN) datieren. Erstellt mit SISUS.

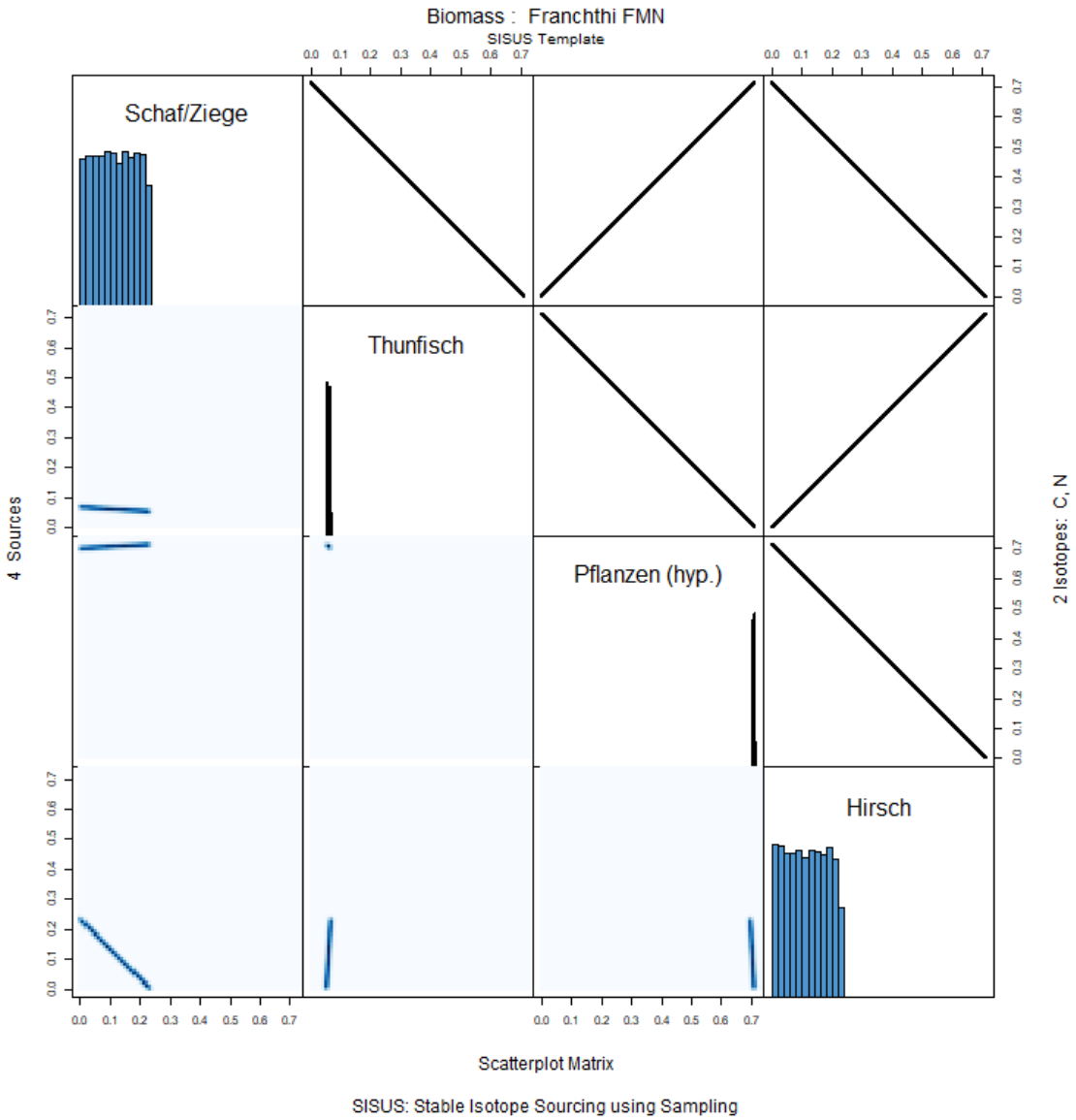


Abbildung A 120: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Frühe/Mittlere Neolithikum (FMN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Spätes Neolithikum

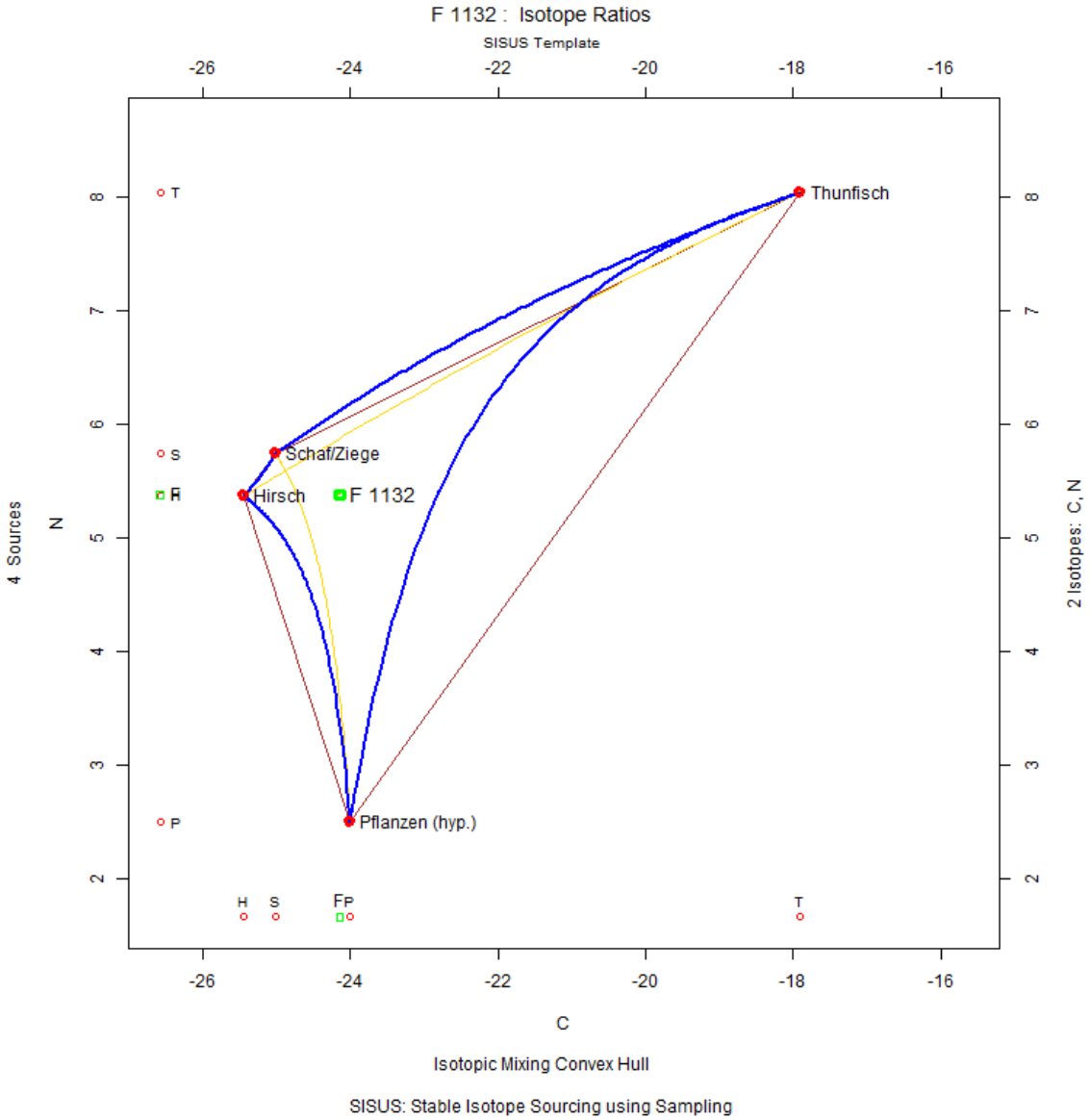


Abbildung A 121: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Franchthi (F) 1132, welches in das Späte Neolithikum datiert. Erstellt mit SISUS.

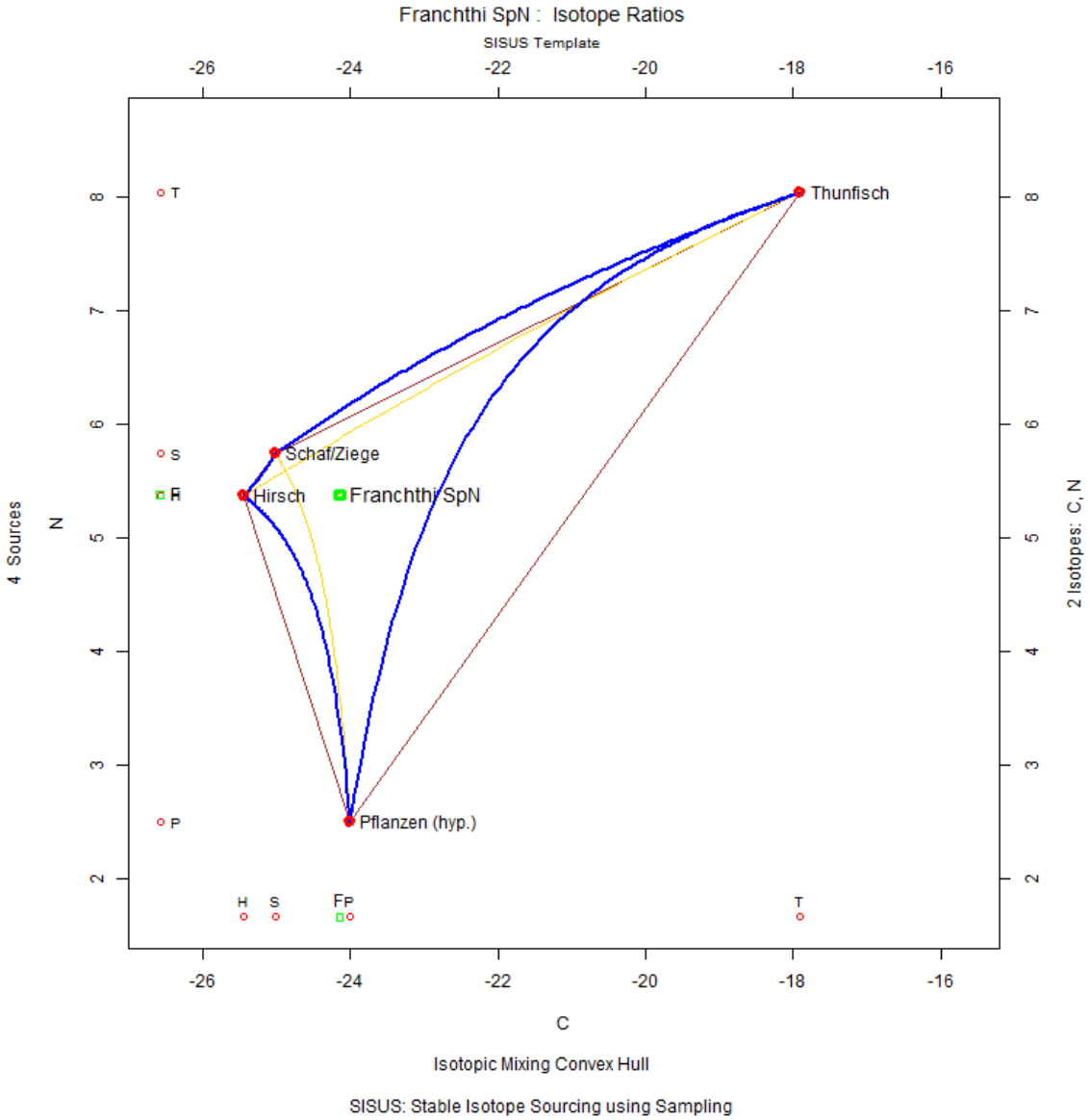


Abbildung A 122: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

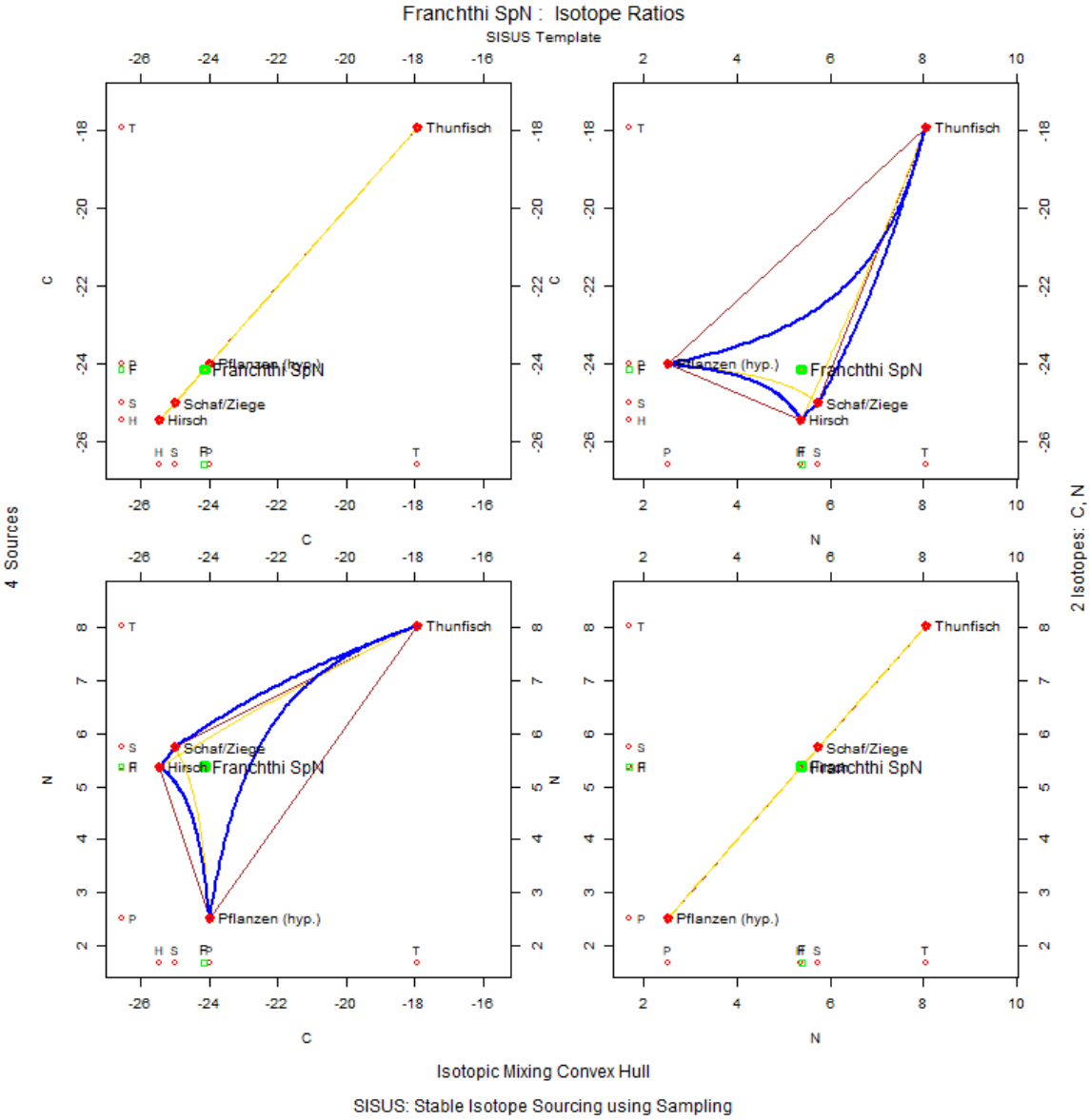


Abbildung A 123: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

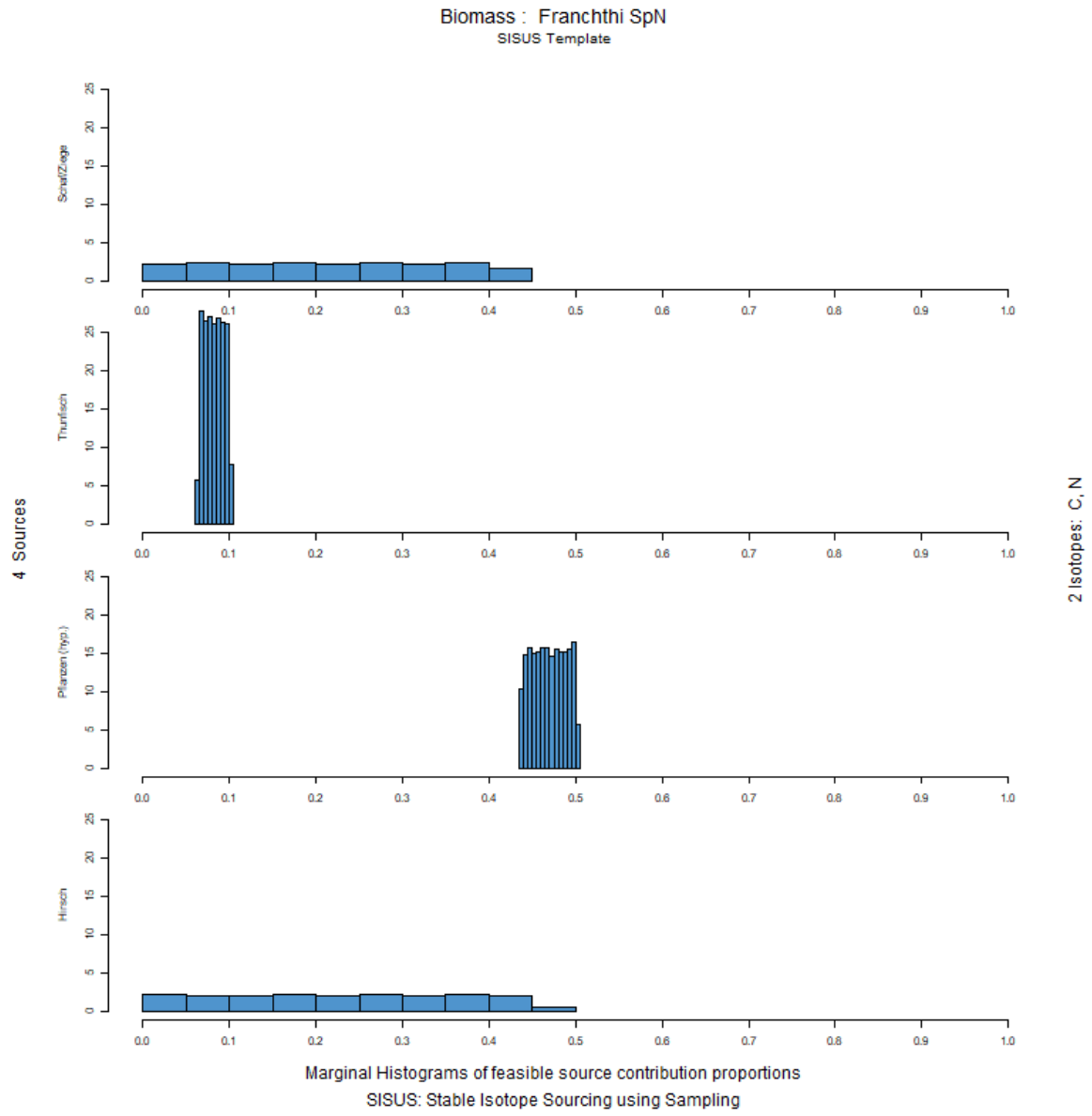


Abbildung A 124: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

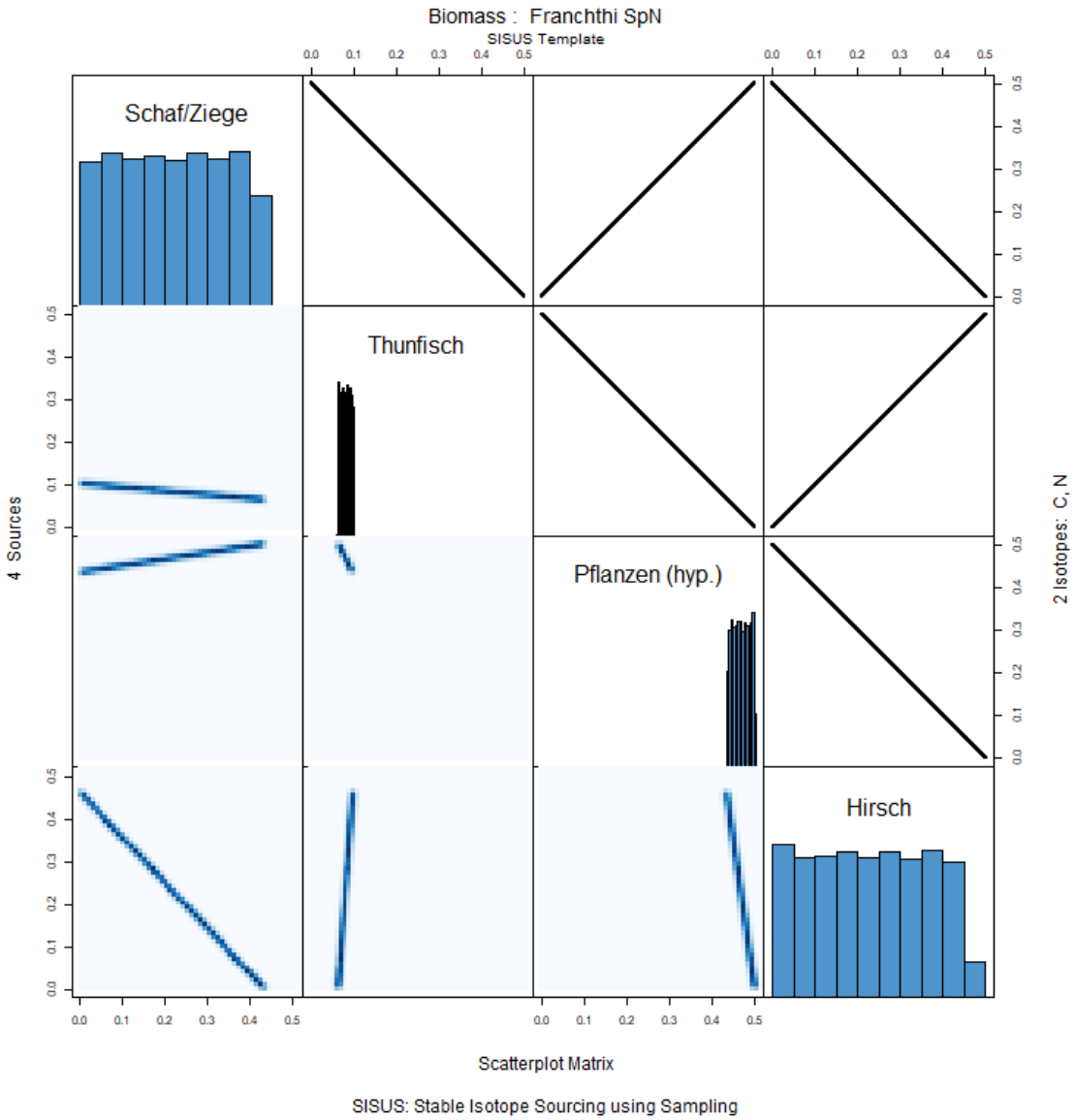


Abbildung A 125: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Späte Neolithikum (SpN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Finales Neolithikum

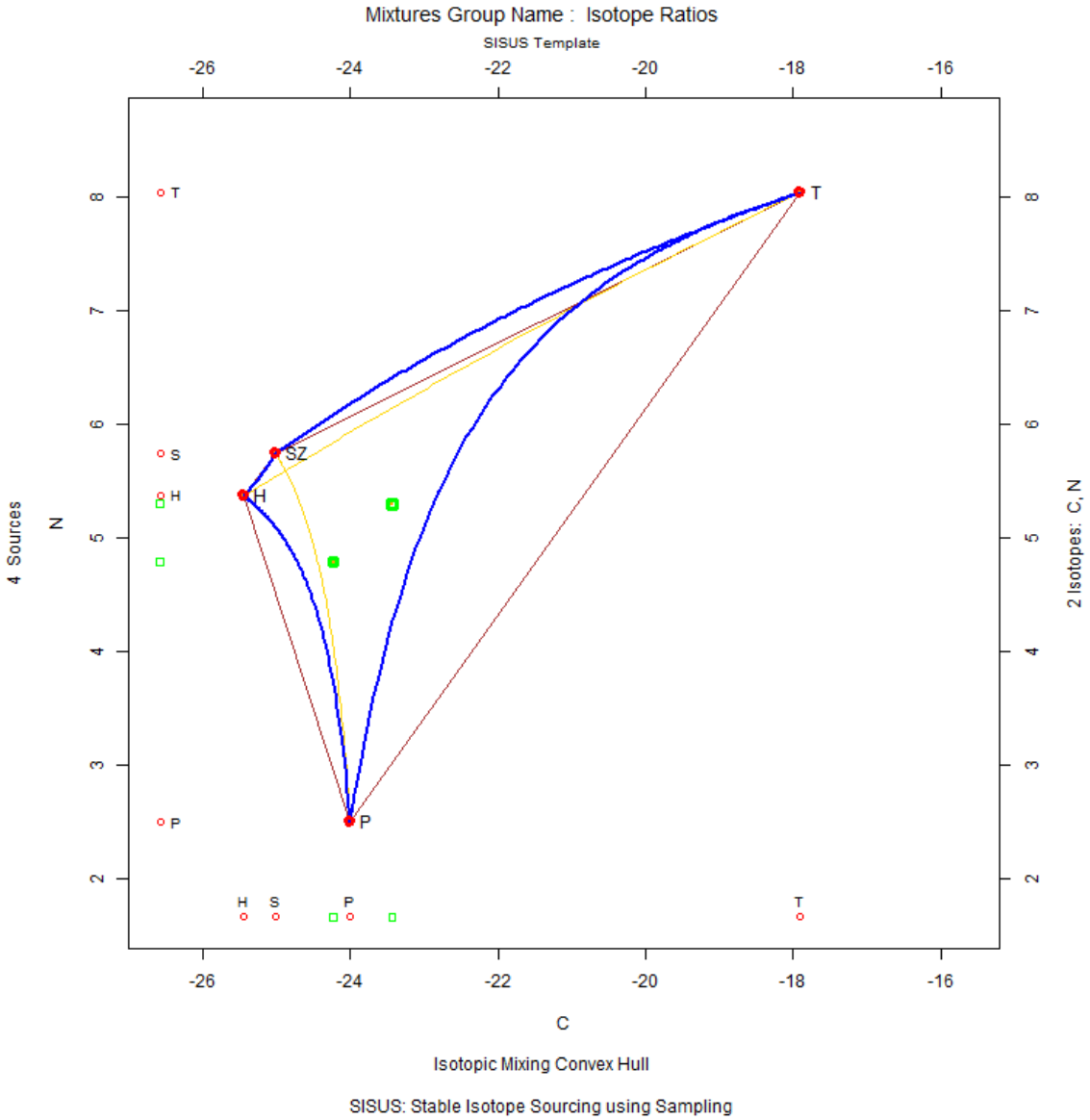


Abbildung A 126: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

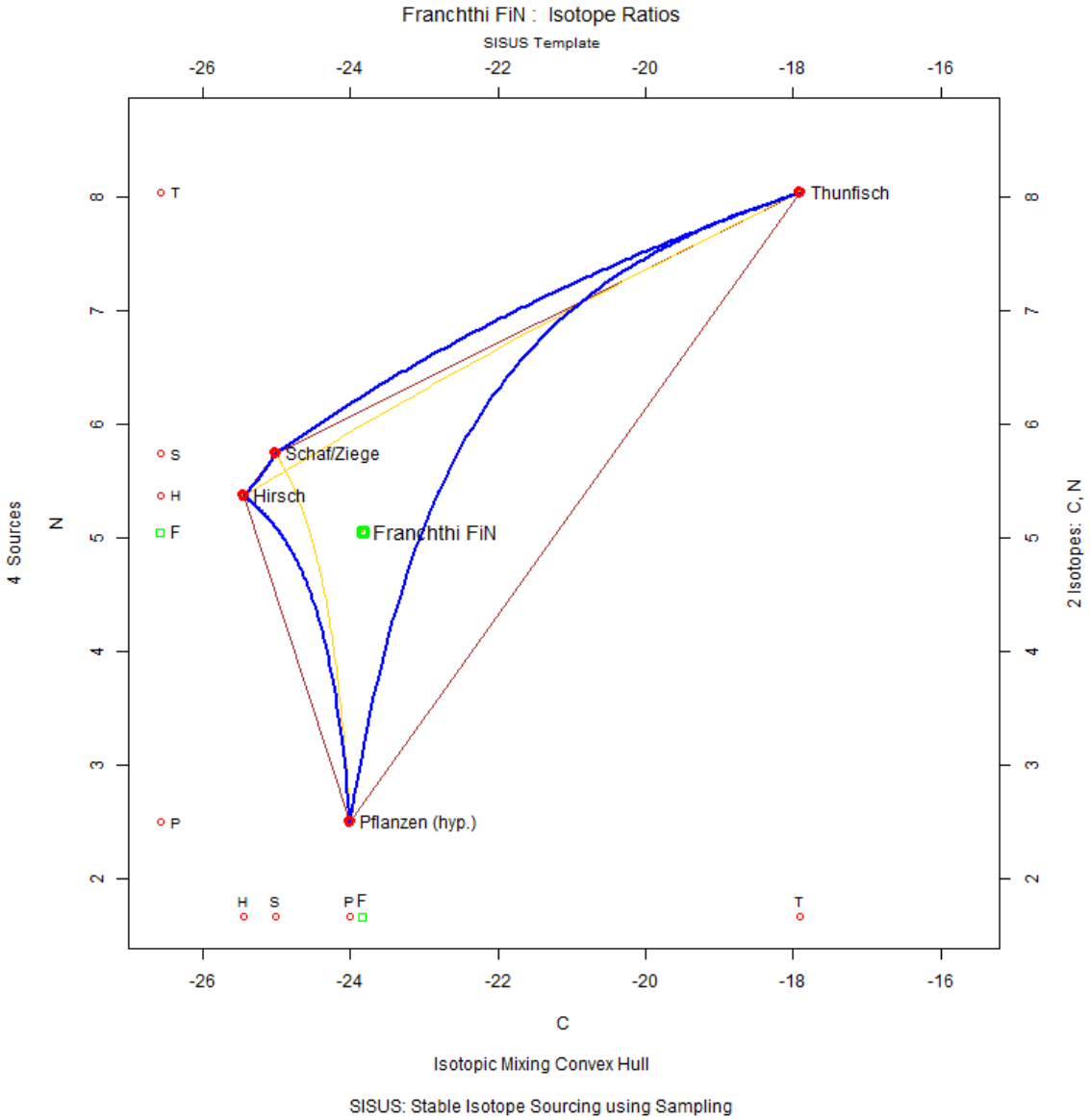


Abbildung A 127: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum (FiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

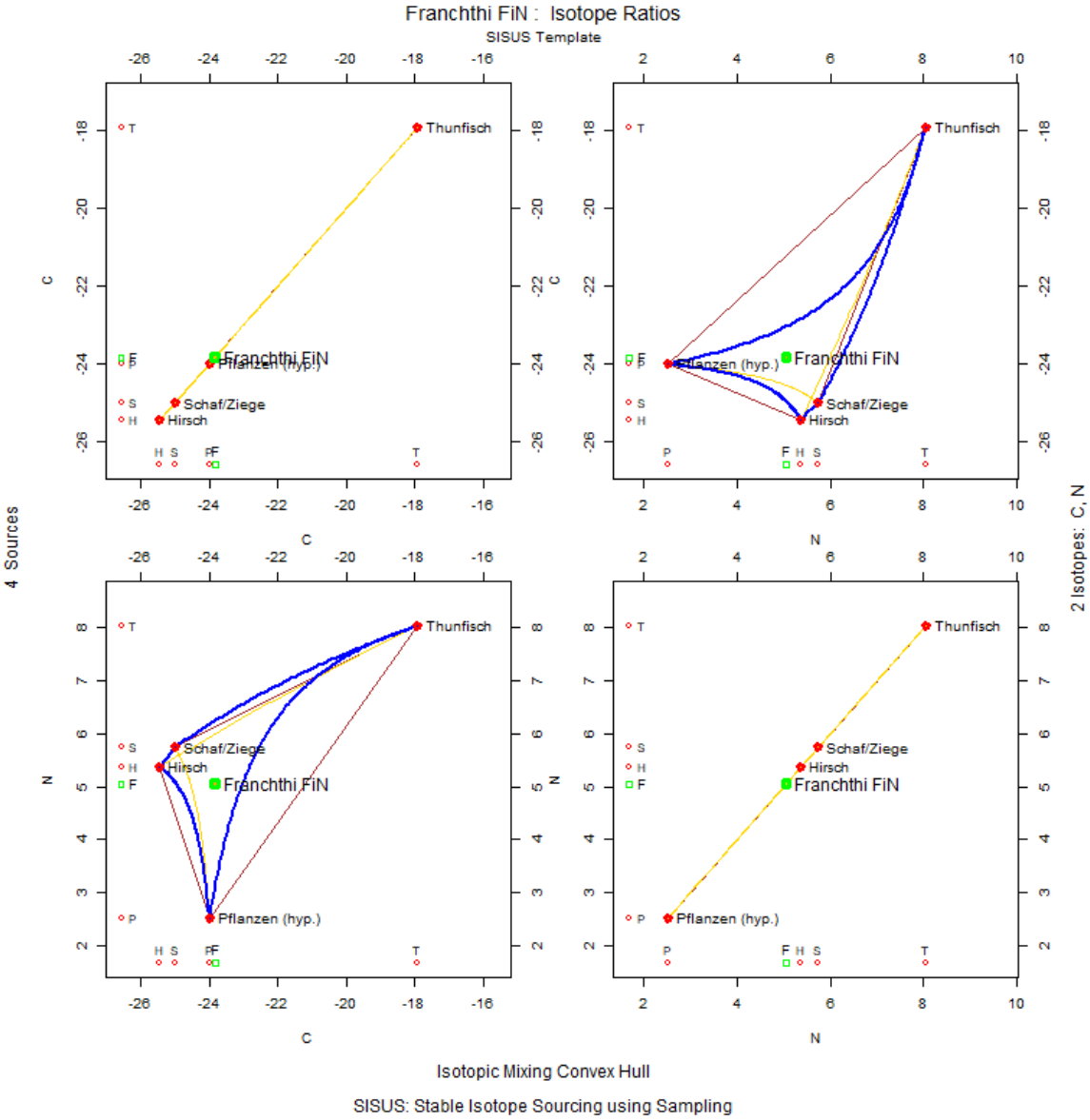


Abbildung A 128: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum (FiN) datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

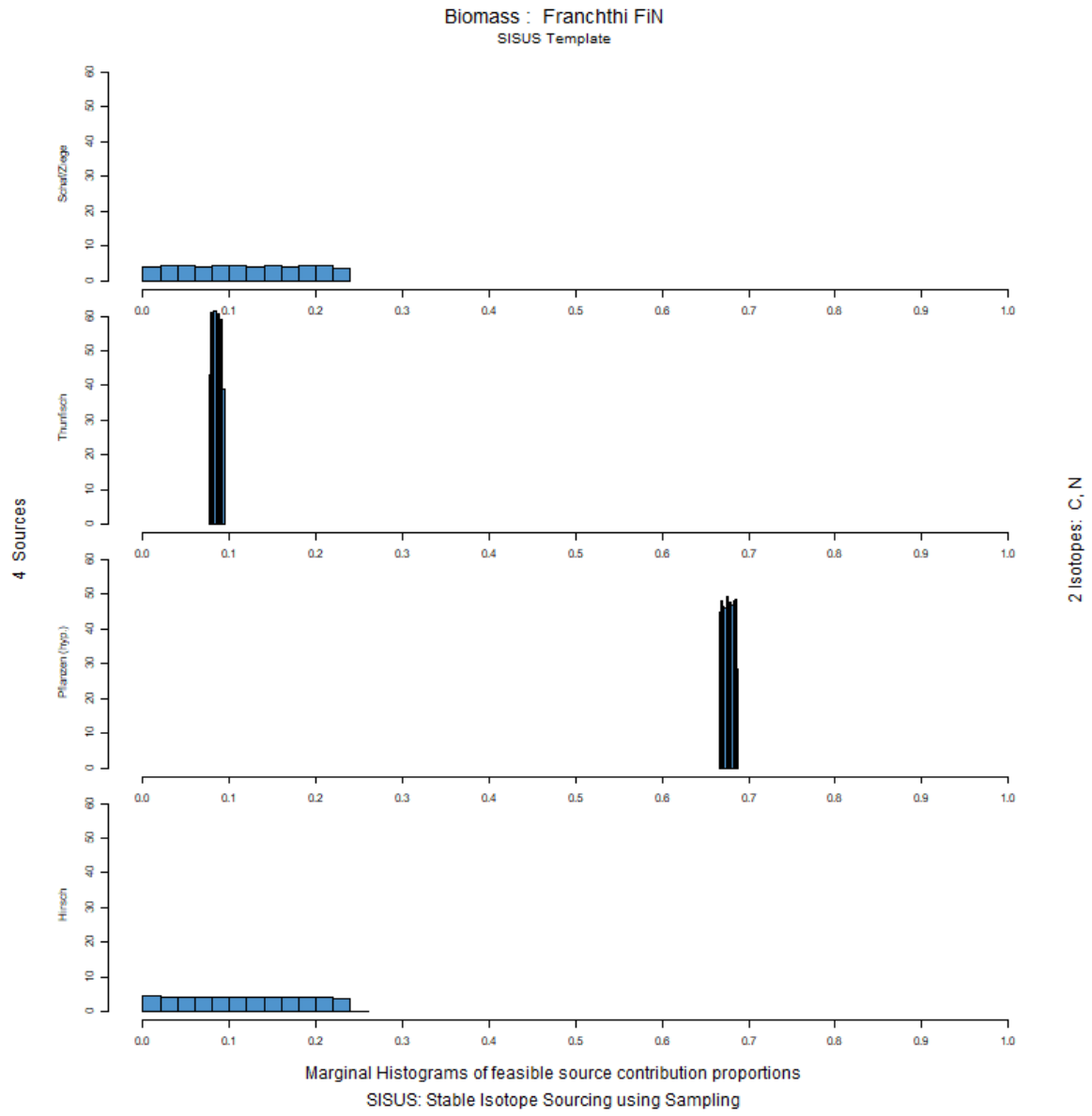


Abbildung A 129: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum (FiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

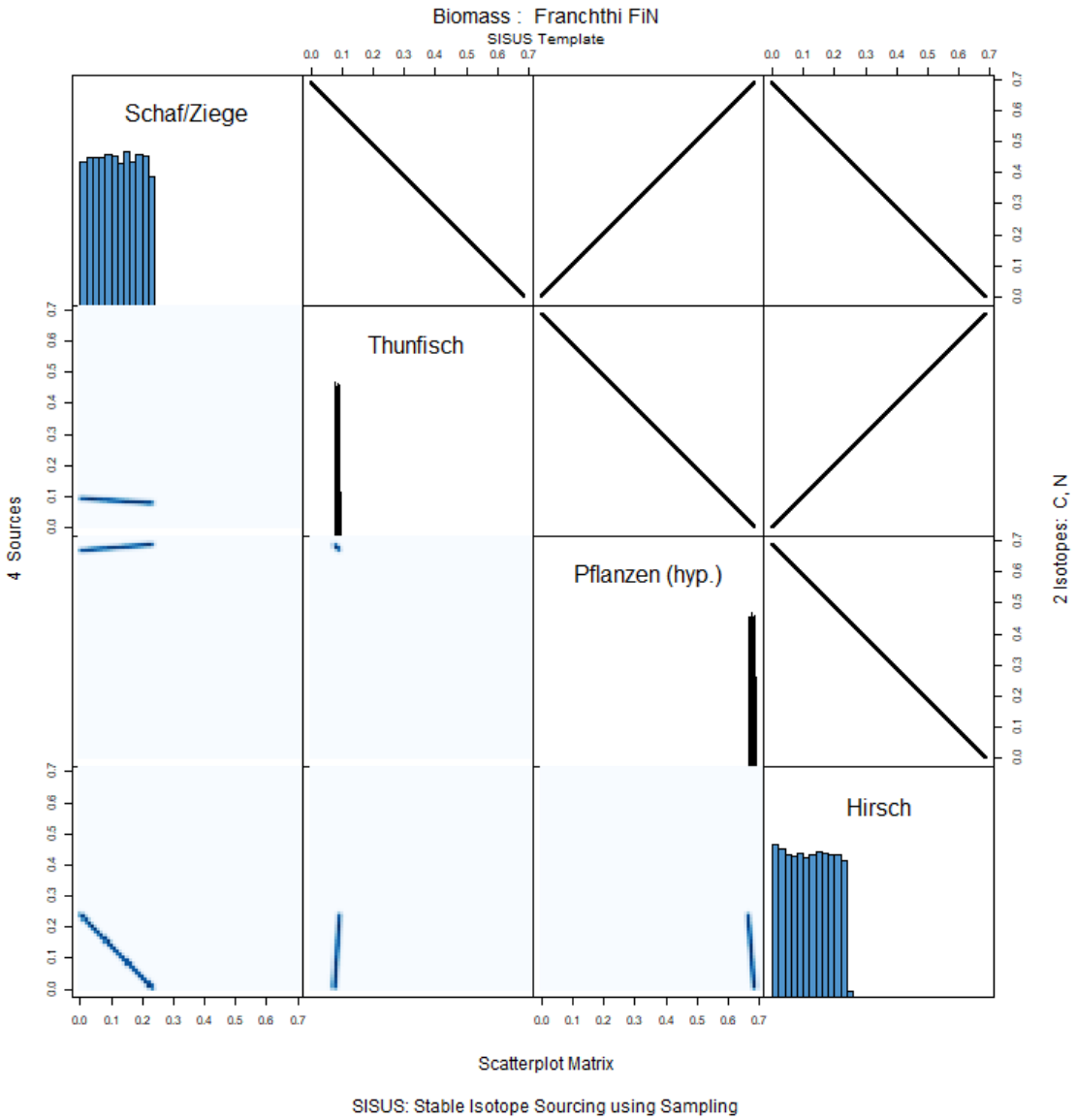


Abbildung A 130: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Franchthi, die in das Finale Neolithikum (FiN) datieren. Erstellt mit SISUS.

Neolithikum

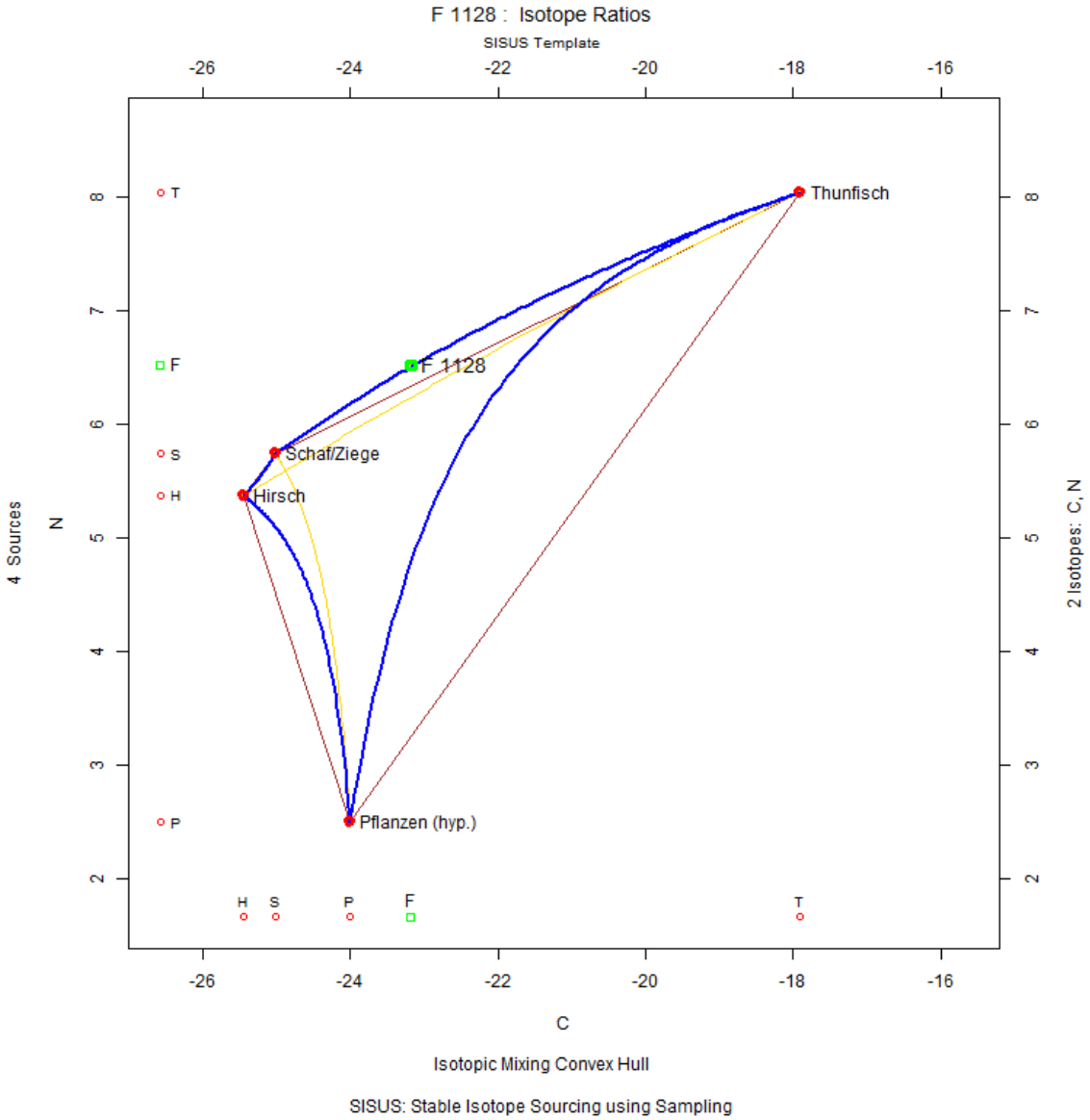


Abbildung A 131: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Franchthi (F) 1128, welches allgemein in das Neolithikum datiert. Erstellt mit SISUS.

9.2.2.14 SISUS: Mavropigi

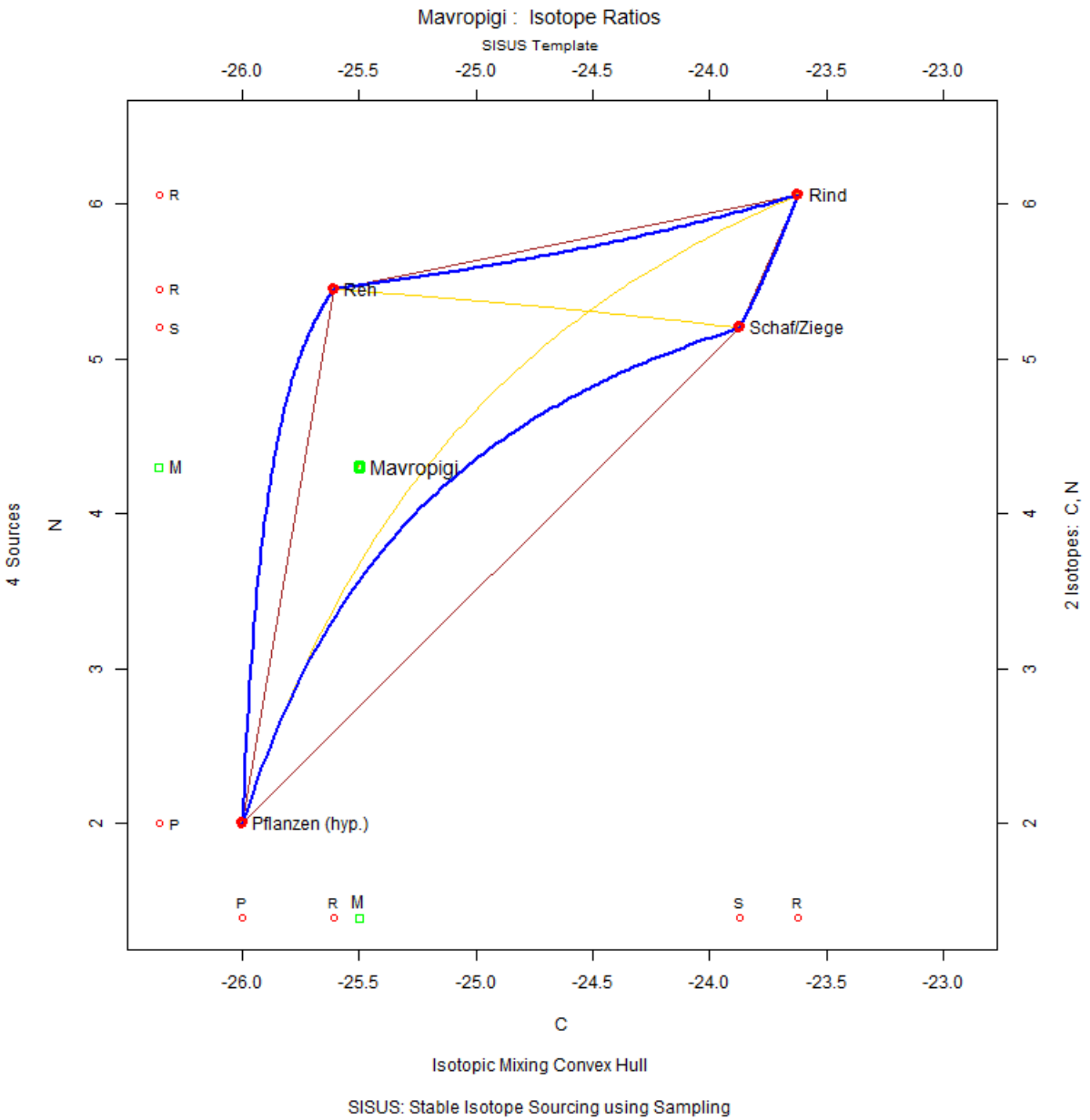


Abbildung A 132: Konzentrationsbasiertes 4-Quellen-Mischungsmodell des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS

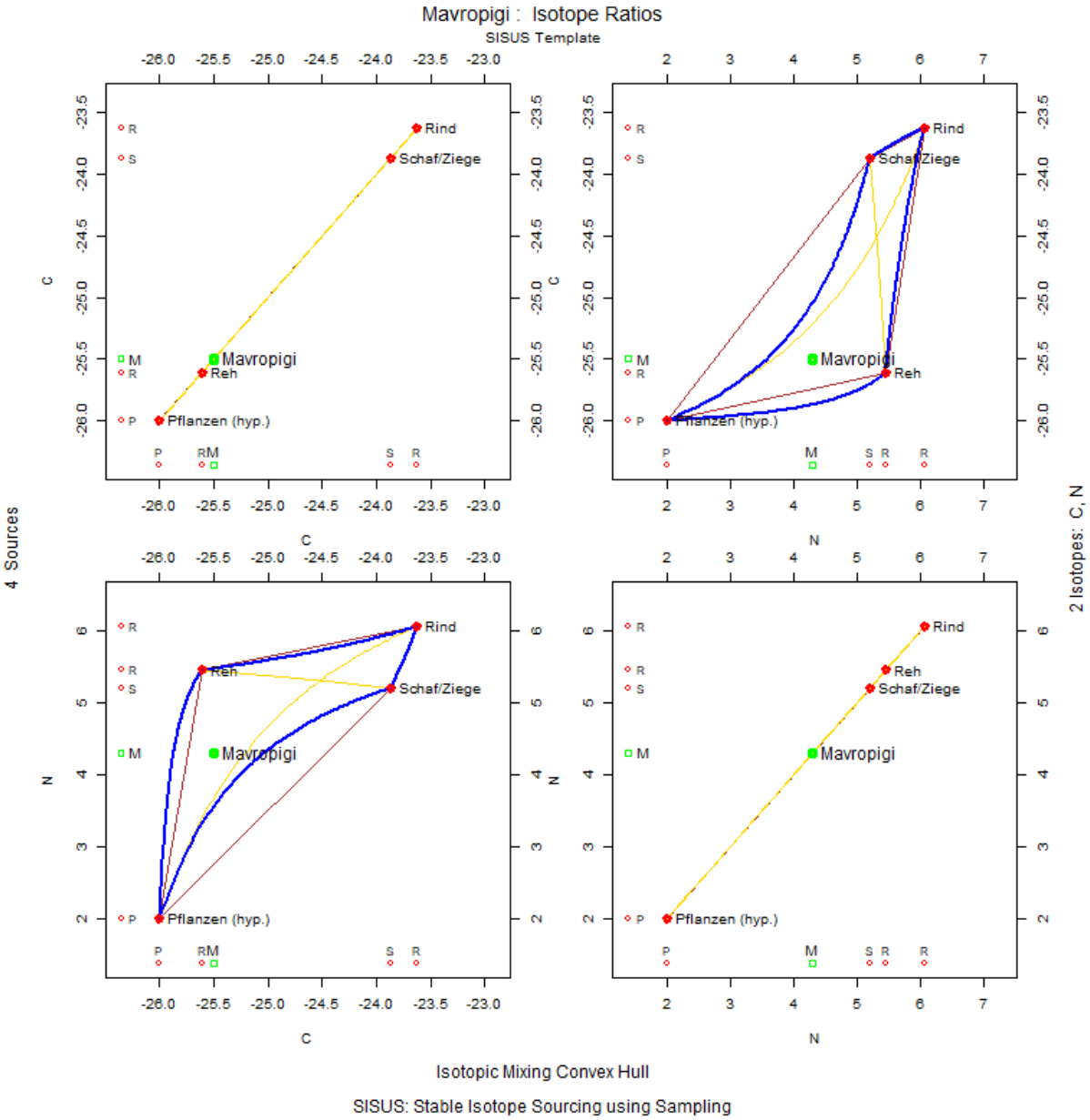


Abbildung A 133: Convex Hull Matrizenplot des 4-Quellen-Modells mit Verteilung des Populationsmedians von Mavropigi in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

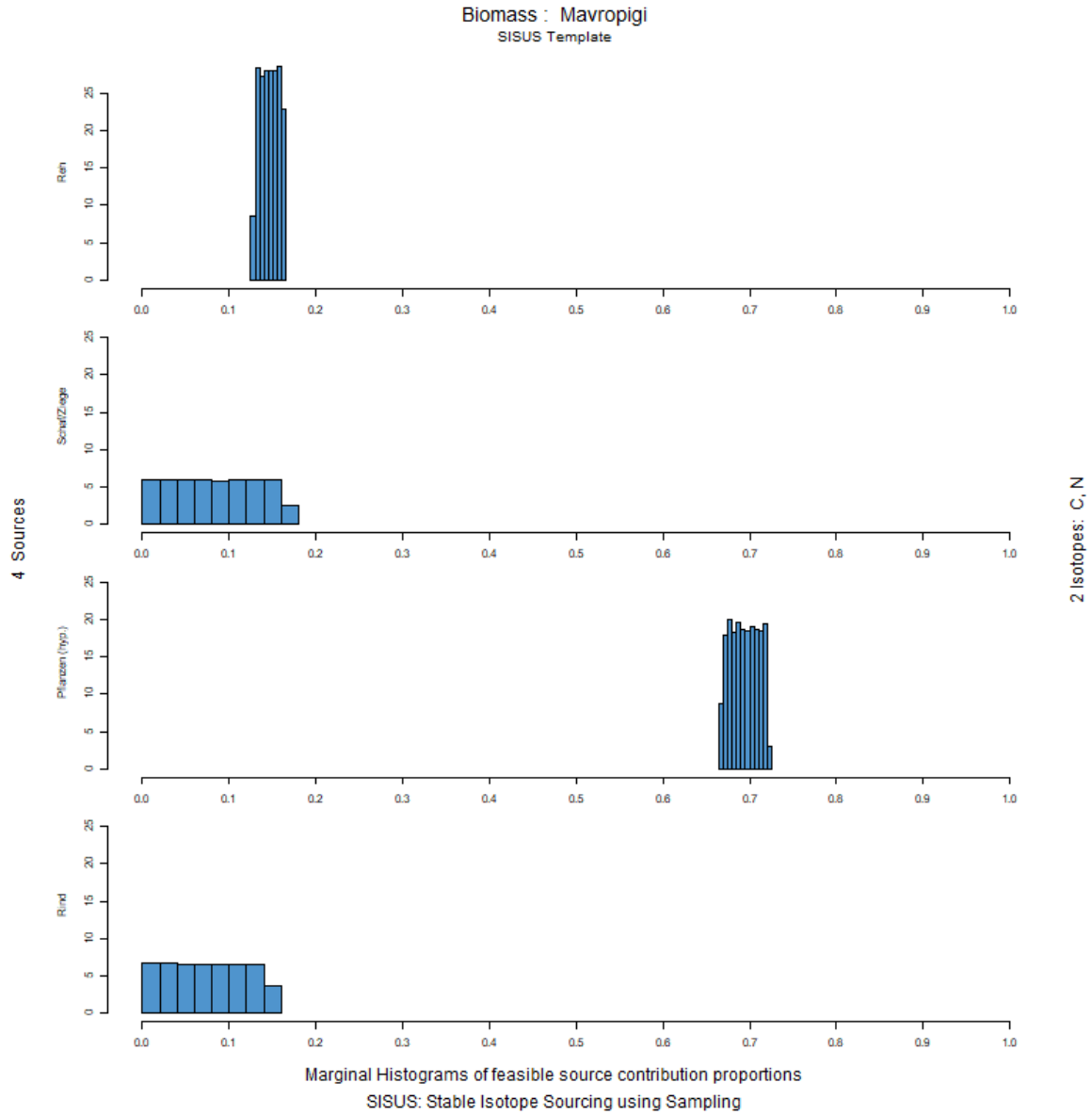


Abbildung A 134: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 4-Quellen-Modells des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS.

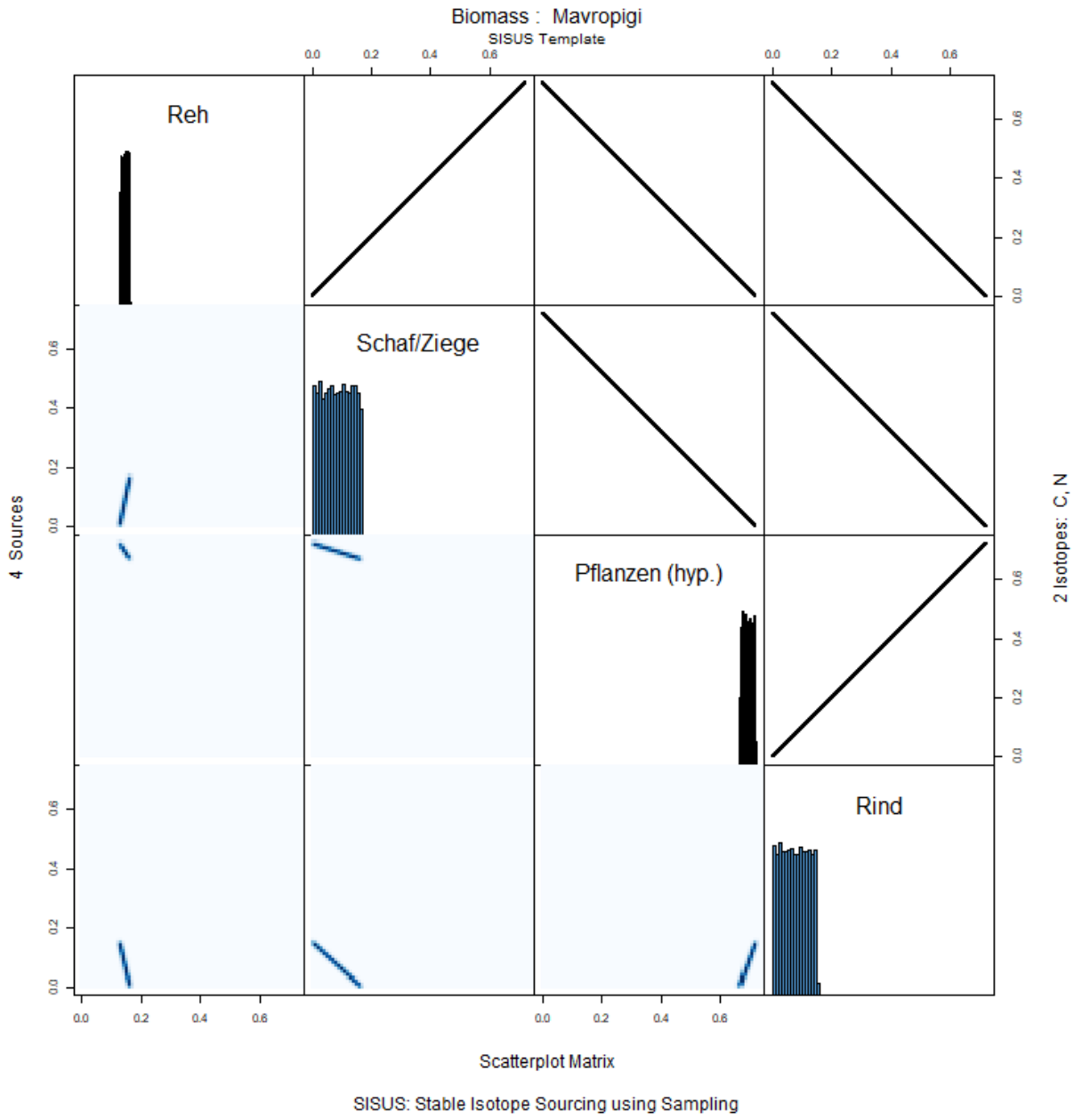


Abbildung A 135: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 4-Quellen-Modells des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS.

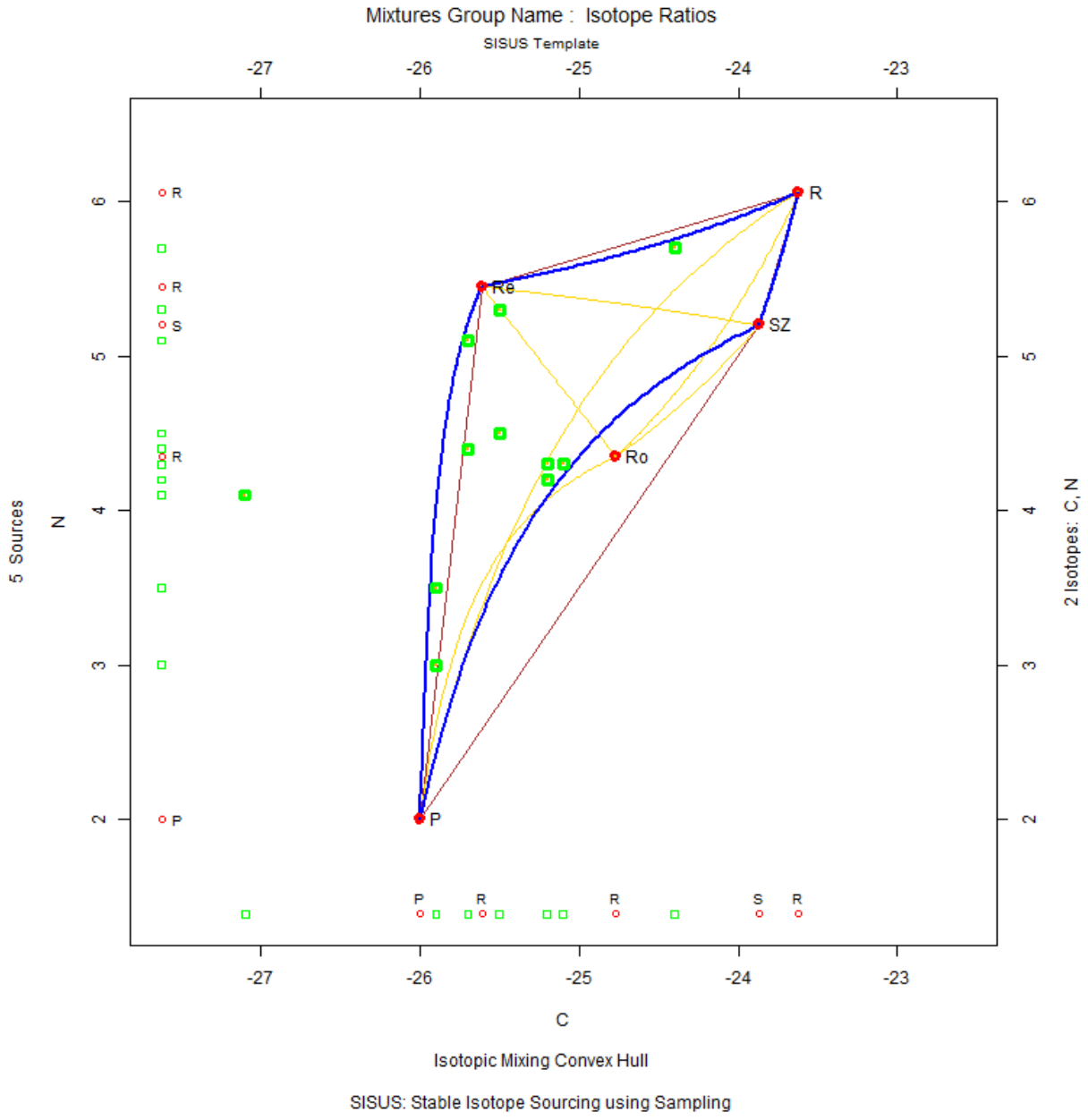


Abbildung A 136: Konzentrationsbasiertes 5-Quellen-Mischungsmodell der Population aus Mavropigi (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

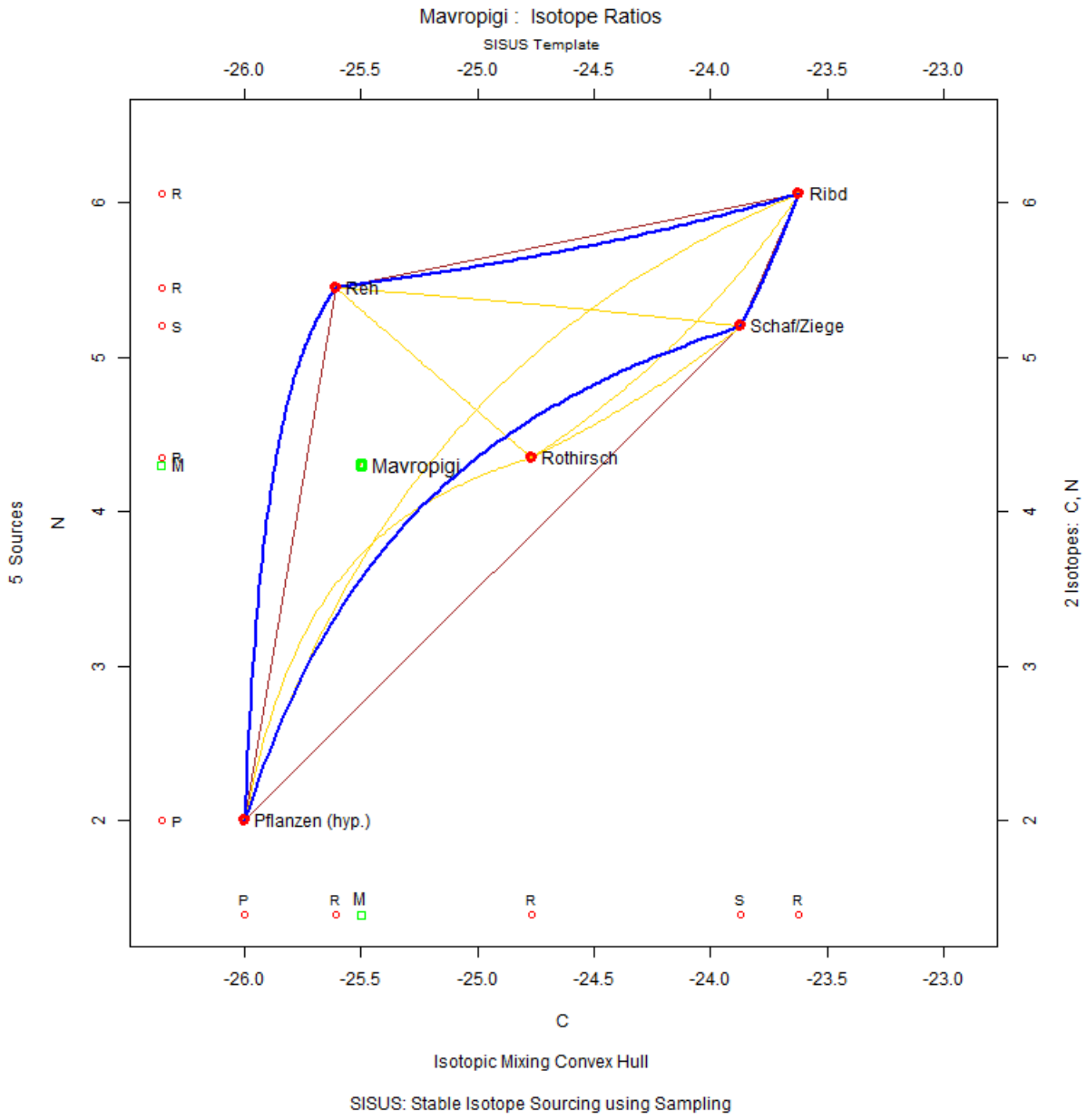


Abbildung A 137: Konzentrationsbasiertes 5-Quellen Mischungsmodell des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS.

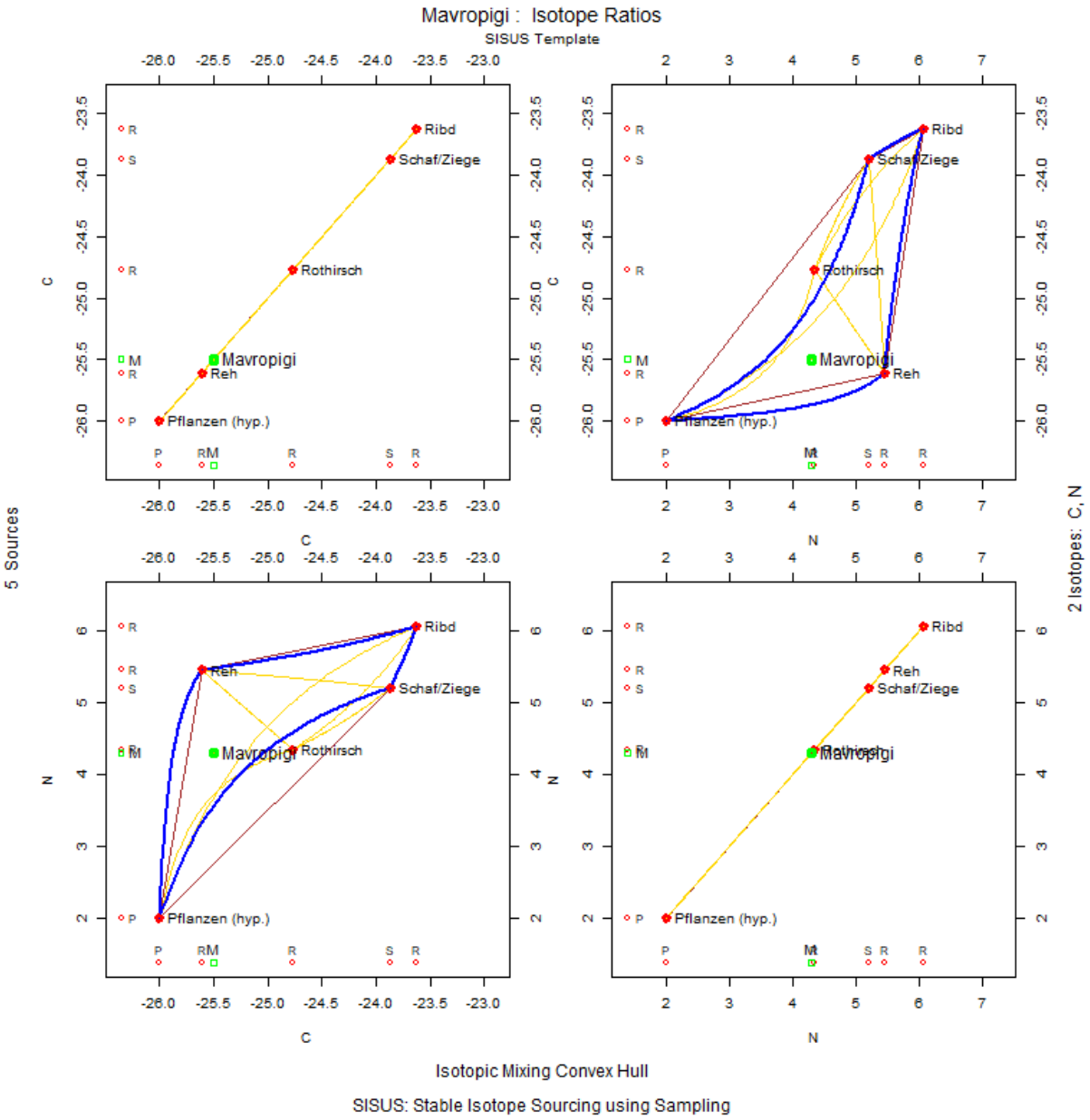


Abbildung A 138: Convex Hull Matrizenplot des 5-Quellen-Modells mit Verteilung des Populationsmedians von Mavropigi in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

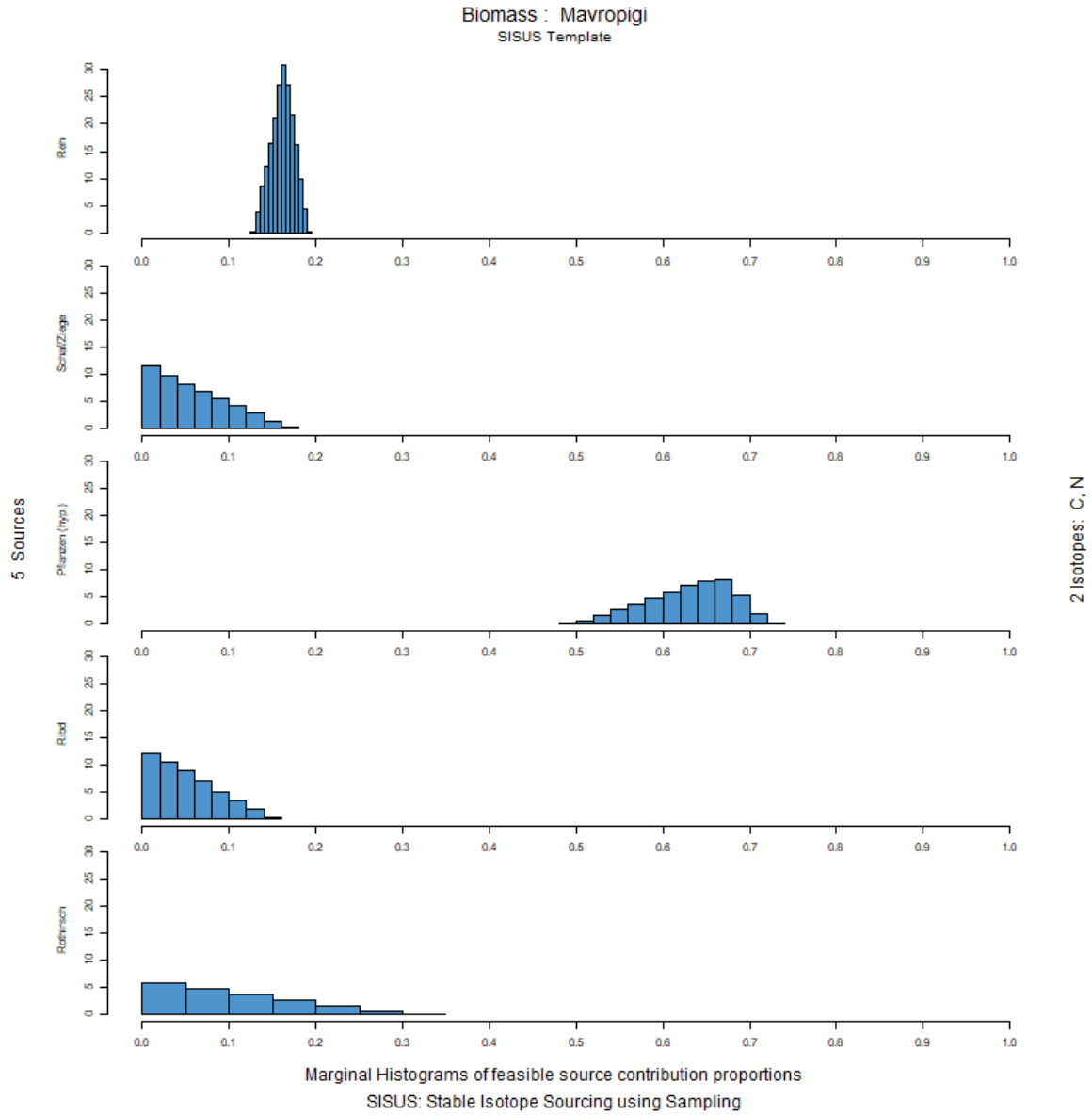


Abbildung A 139: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 5-Quellen-Modells des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS.

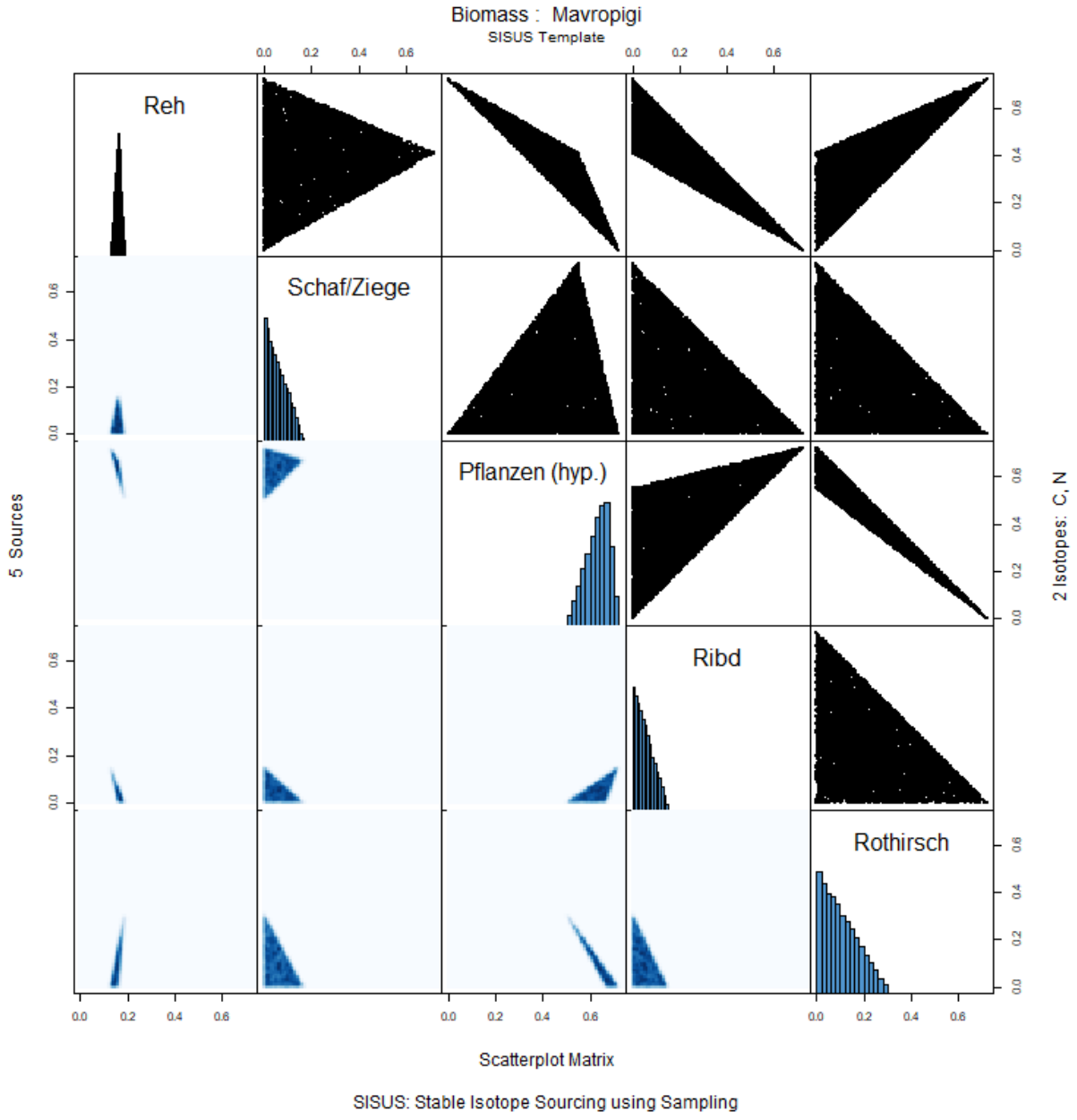


Abbildung A 140: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 5-Quellen-Modells des Populationsmedians von Mavropigi. Erstellt mit SISUS.

9.2.2.15 SISUS: Theopetra

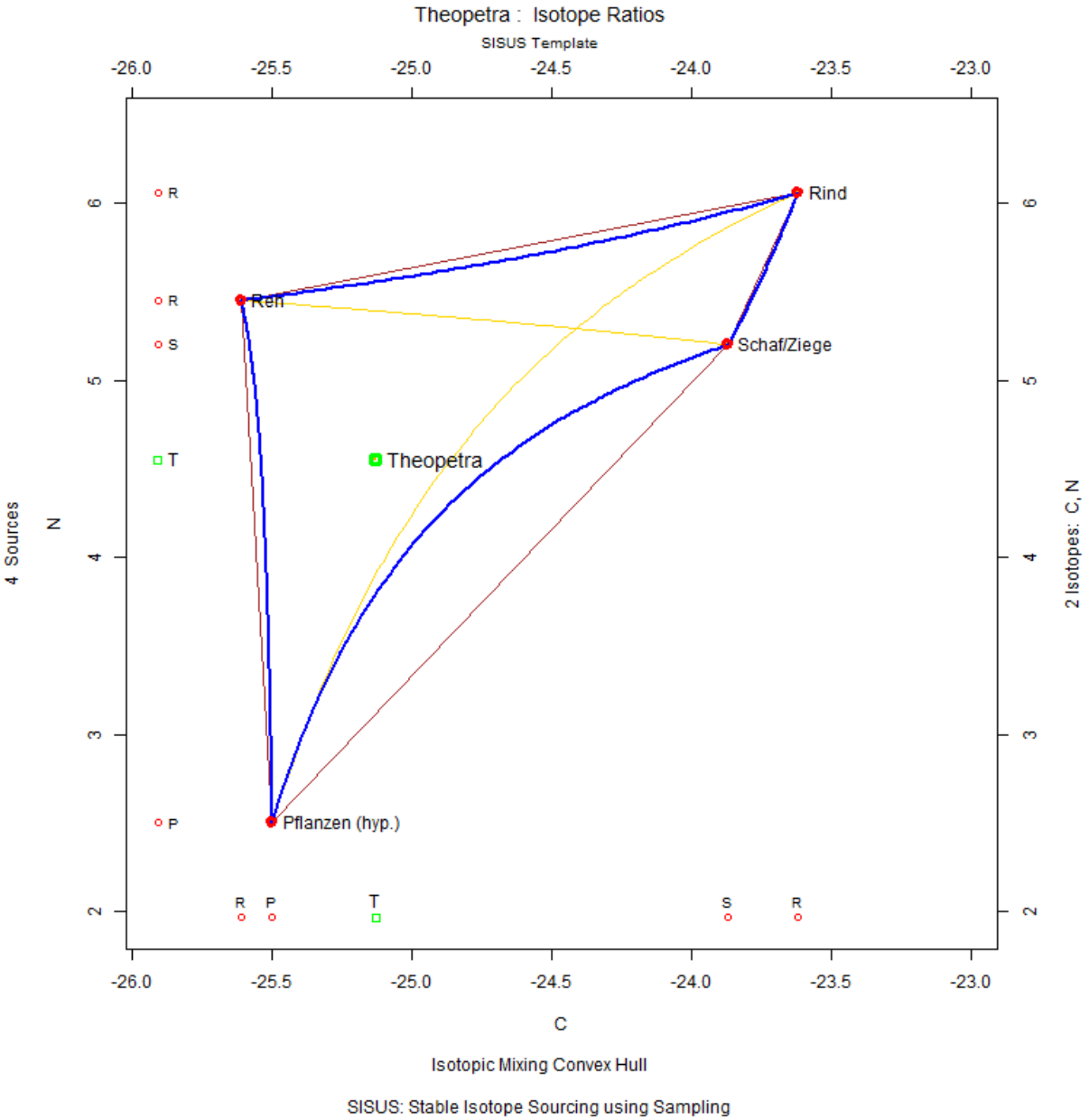


Abbildung A 141: Konzentrationsbasiertes 4-Quellen-Mischungsmodell des Populationsmedians von Theopetra. Erstellt mit SISUS.

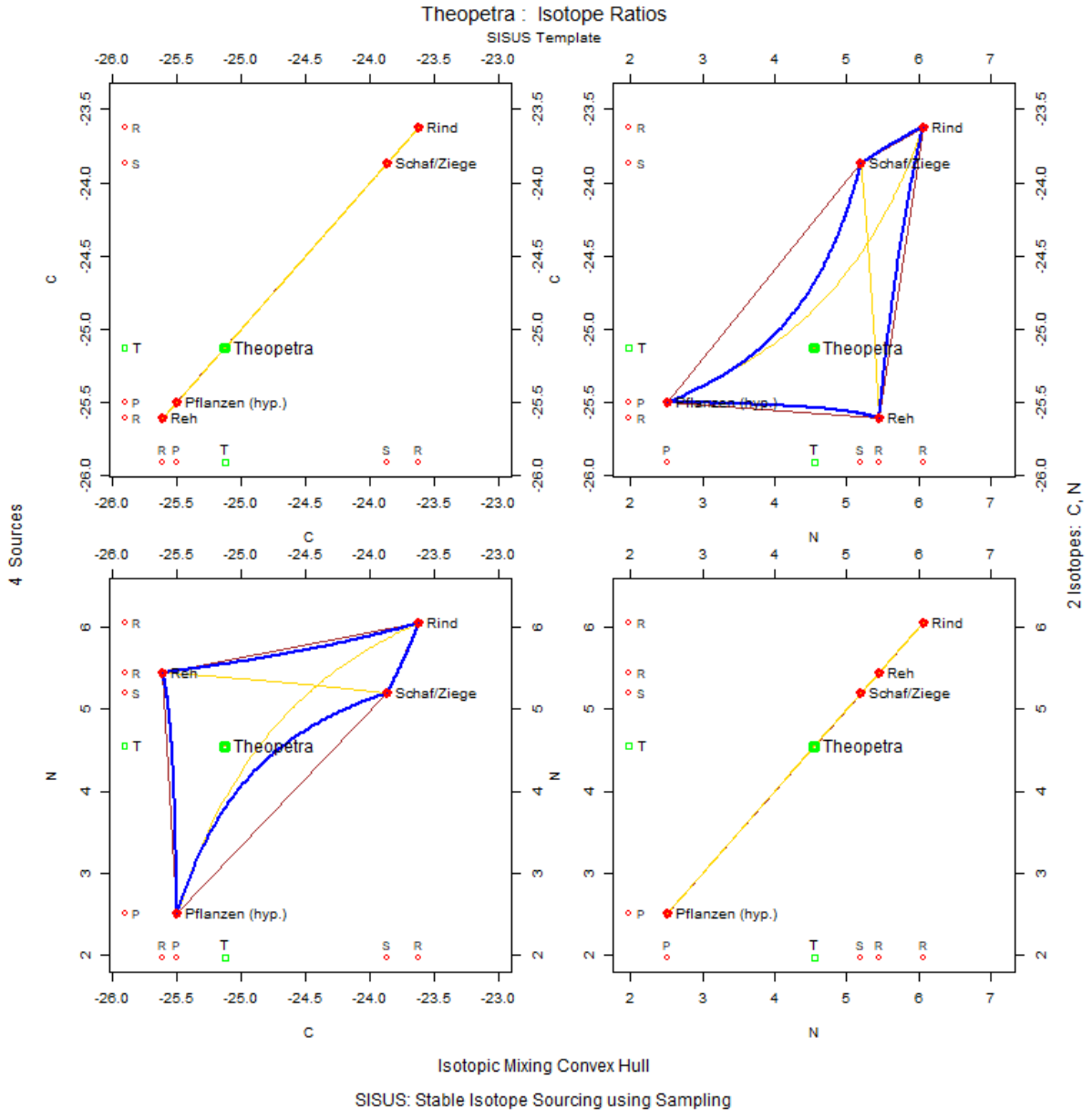


Abbildung A 142: Convex Hull Matrizenplot des 4-Quellen-Modells mit Verteilung des Populationsmedians von Theopetra in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

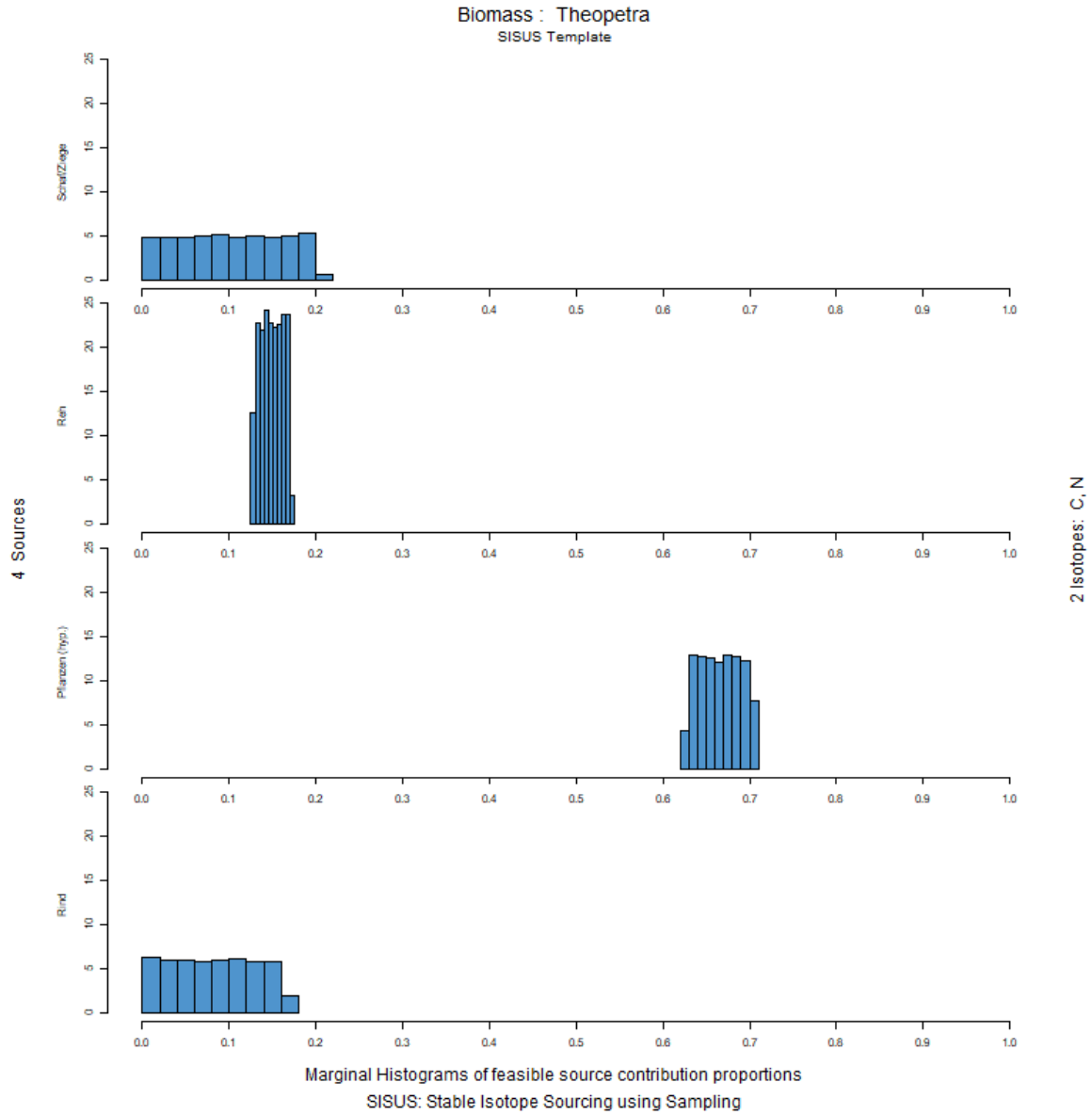


Abbildung A 143: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 4-Quellen-Modells des Populationsmedians von Theopetra. Erstellt mit SISUS.

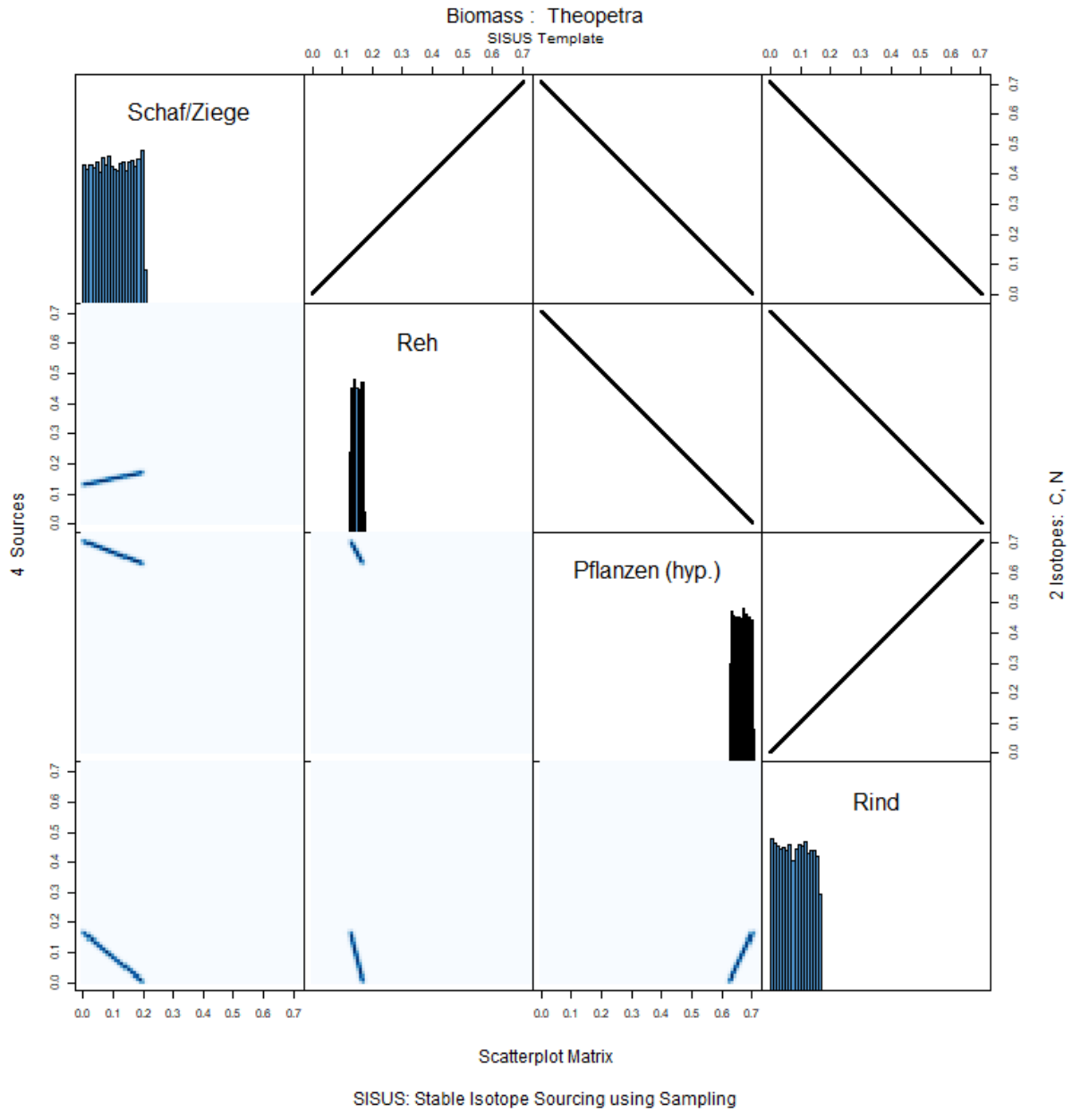


Abbildung A 144: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 4-Quellen-Modells des Populationsmedians von Theopetra. Erstellt mit SISUS.

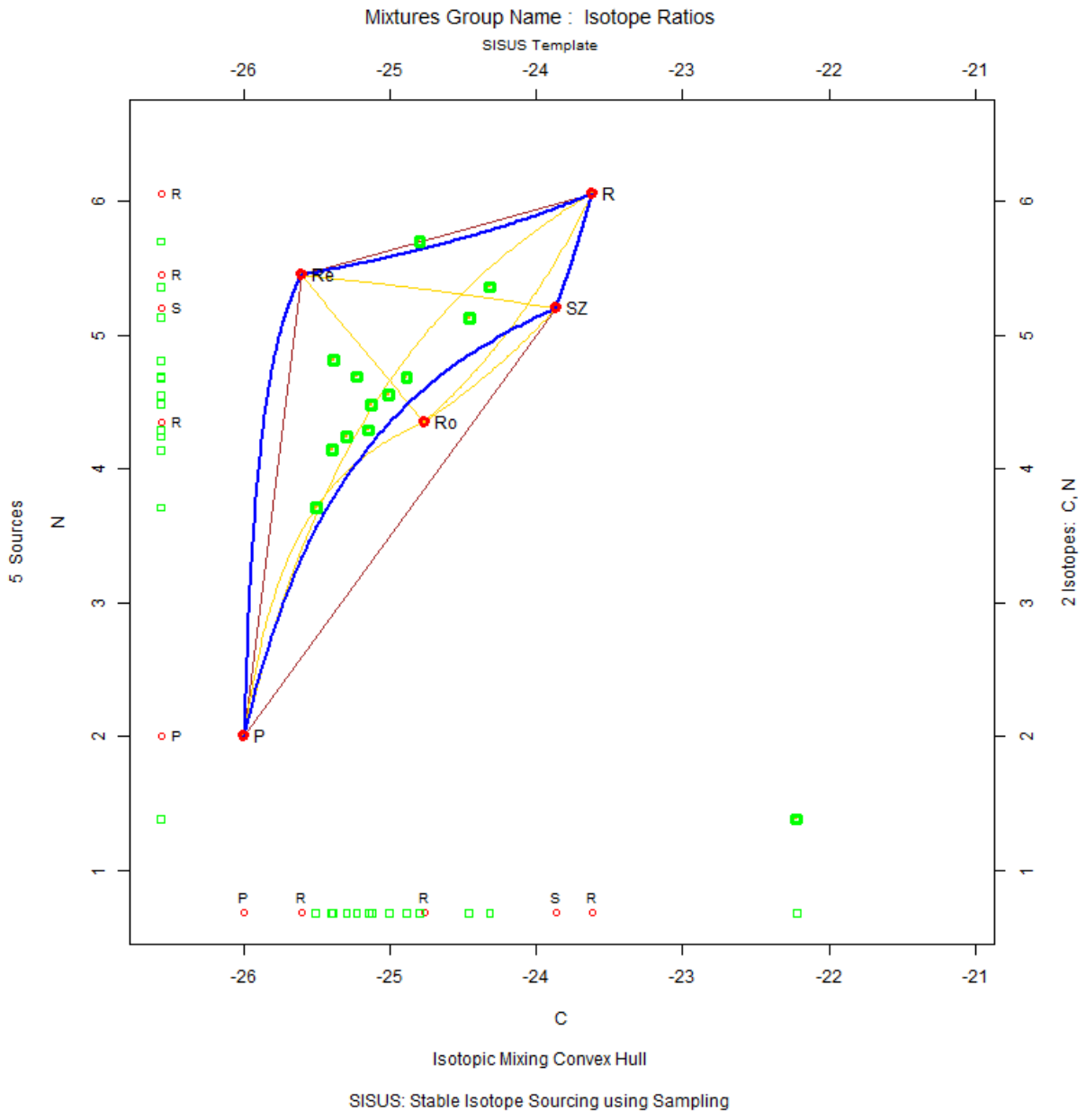


Abbildung A 145: Konzentrationsbasiertes 5-Quellen-Mischungsmodell der Population aus Theopetra (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS.

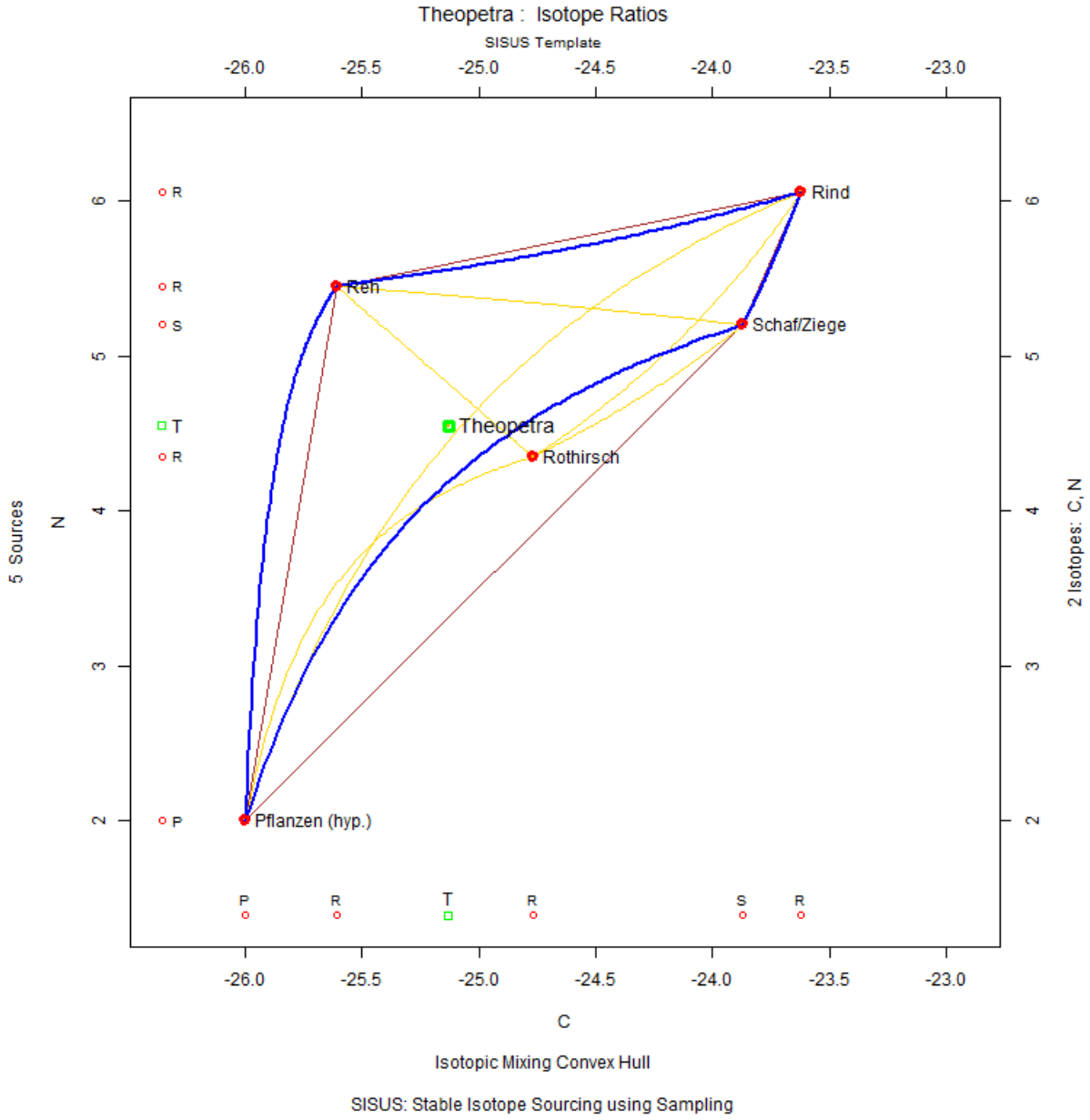


Abbildung A 146: Konzentrationsbasiertes 5-Quellen Mischungsmodell des Populationsmedians von Theopetra. Erstellt mit SISUS.

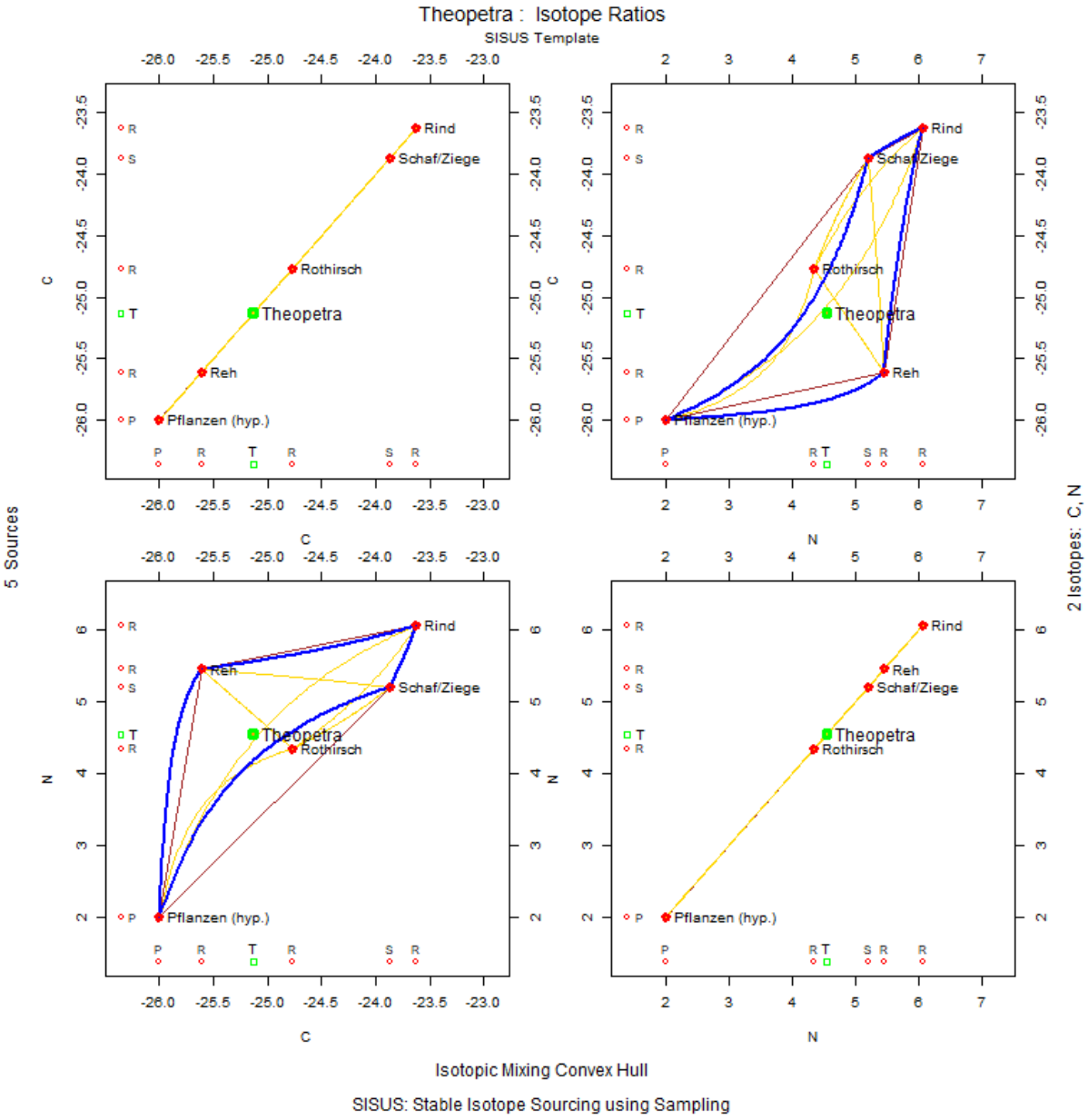


Abbildung A 147: Convex Hull Matrizenplot des 5-Quellen-Modells mit Verteilung des Populationsmedians von Theopetra in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

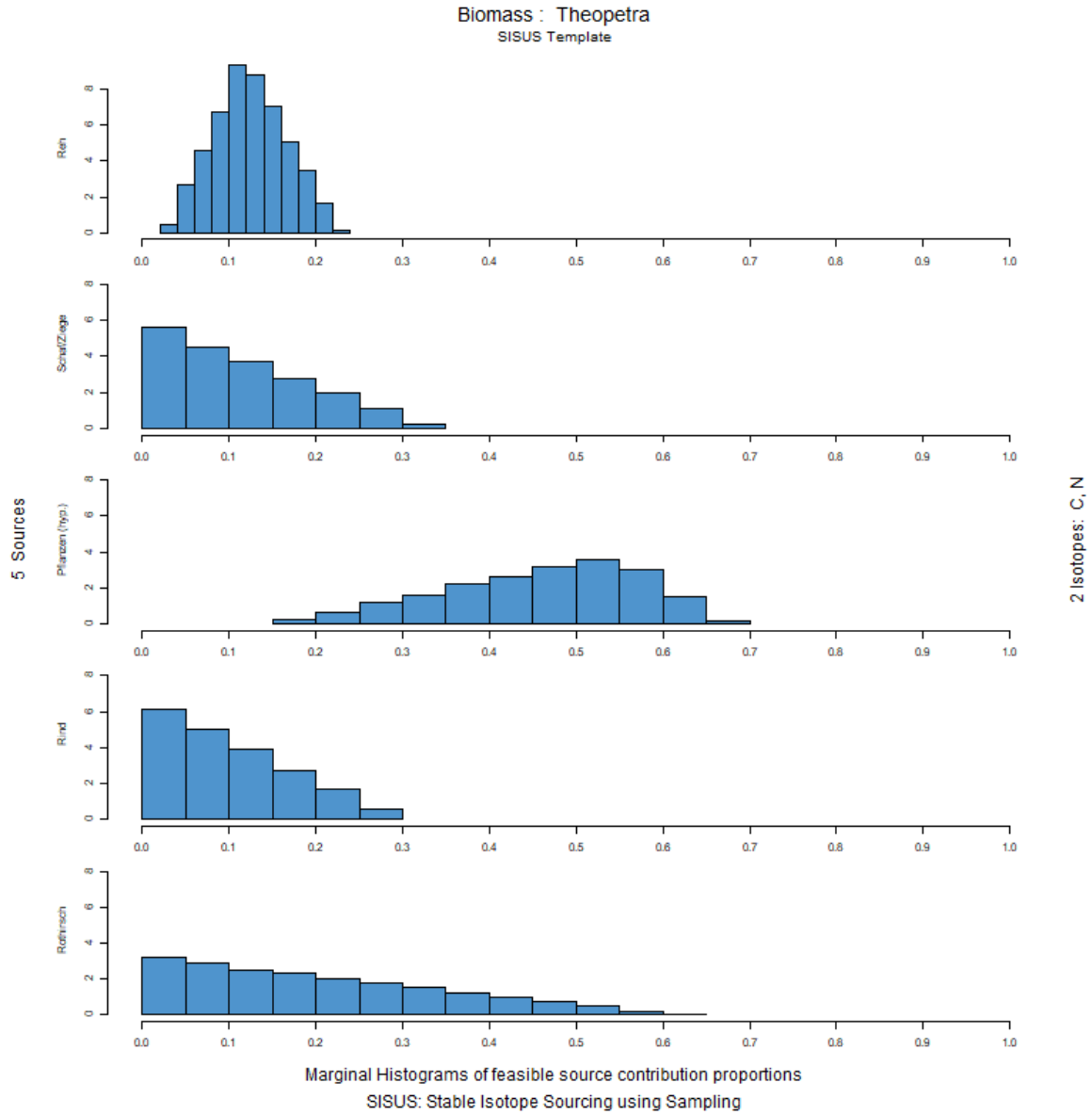


Abbildung A 148: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 5-Quellen-Modells des Populationsmedians von THeopetra. Erstellt mit SISUS.

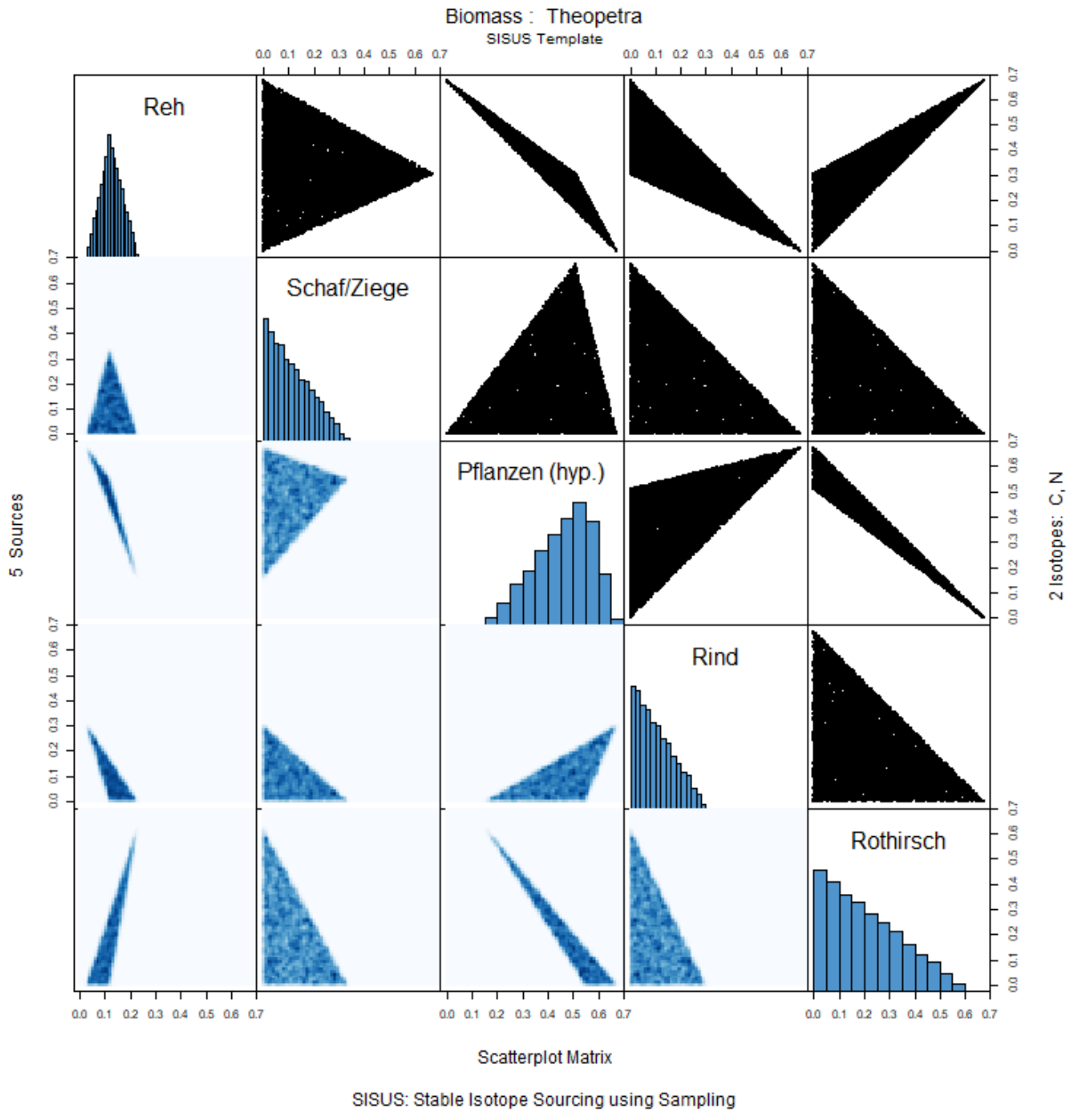


Abbildung A 149: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse im 5-Quellen-Modells des Populationsmedians von Theopetra. Erstellt mit SISUS.

9.2.3 Serbien

9.2.3.1 Bivariate Abbildungen

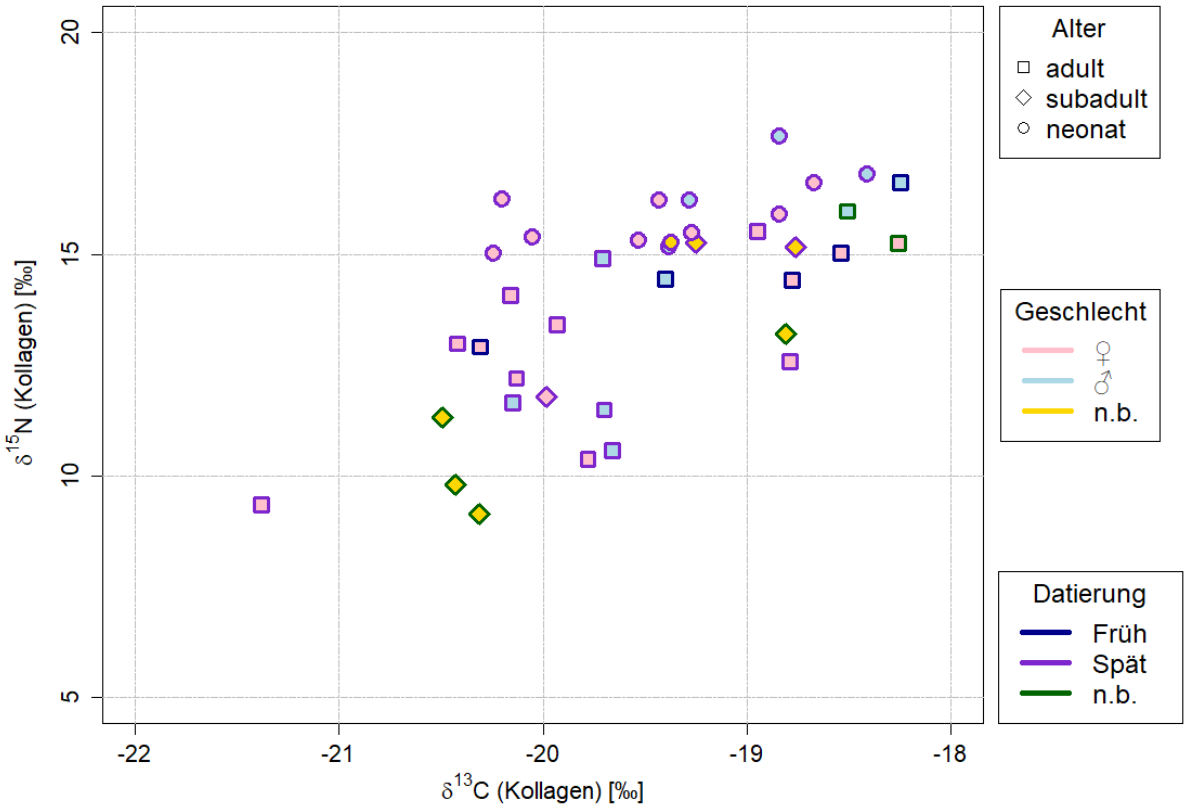


Abbildung A 150: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Lepenski Vir. *n.b.*: nicht bestimmbar, *Früh*: vor 6300 v. Chr., *Spät*: nach 6300 v. Chr.

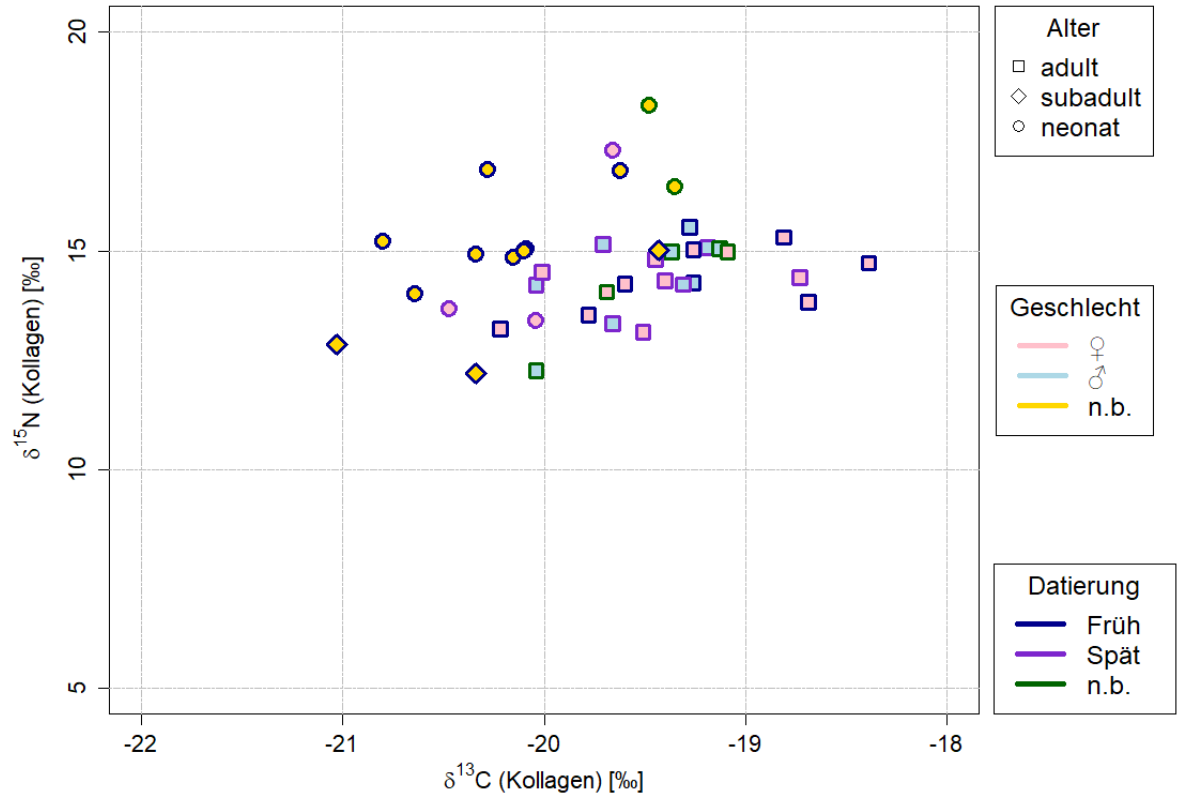


Abbildung A 151: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Vlasac. *n.b.*: nicht bestimmbar, *Früh*: vor 7600 v. Chr., *Spät*: nach 7600 v. Chr.

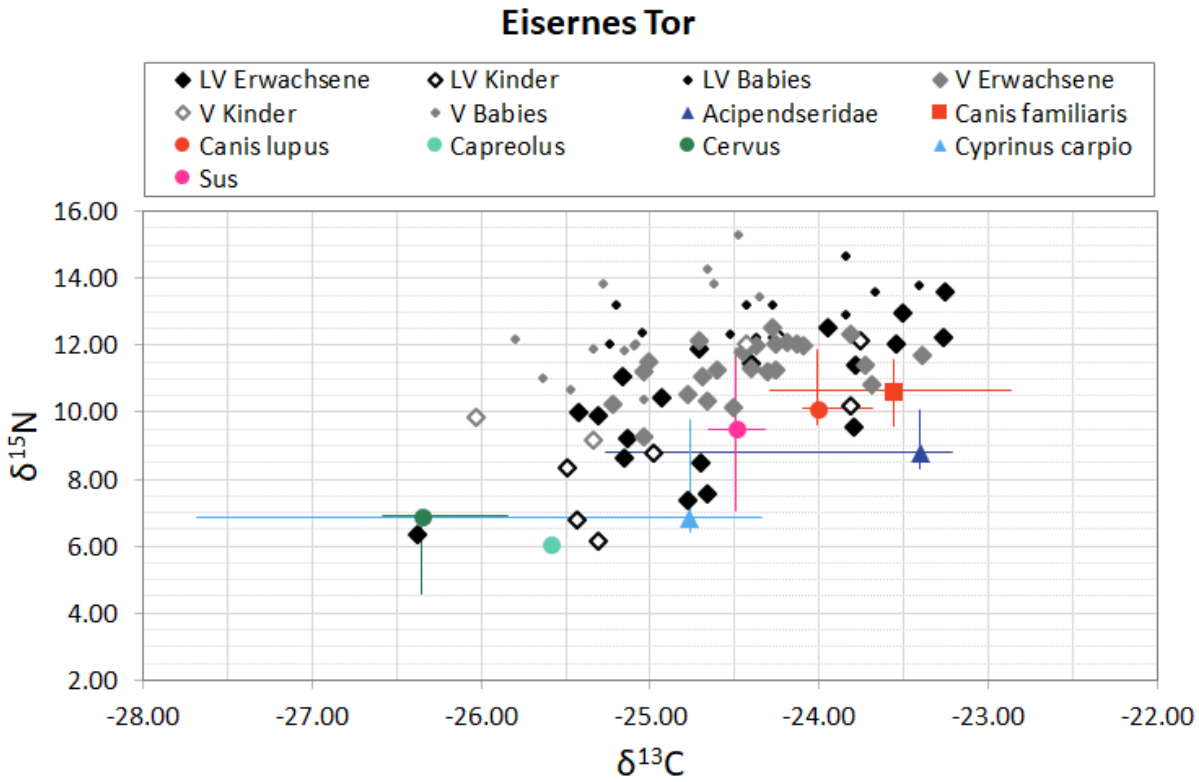


Abbildung A 152: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere der Region des Eisernen Tors in Serbien. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac.

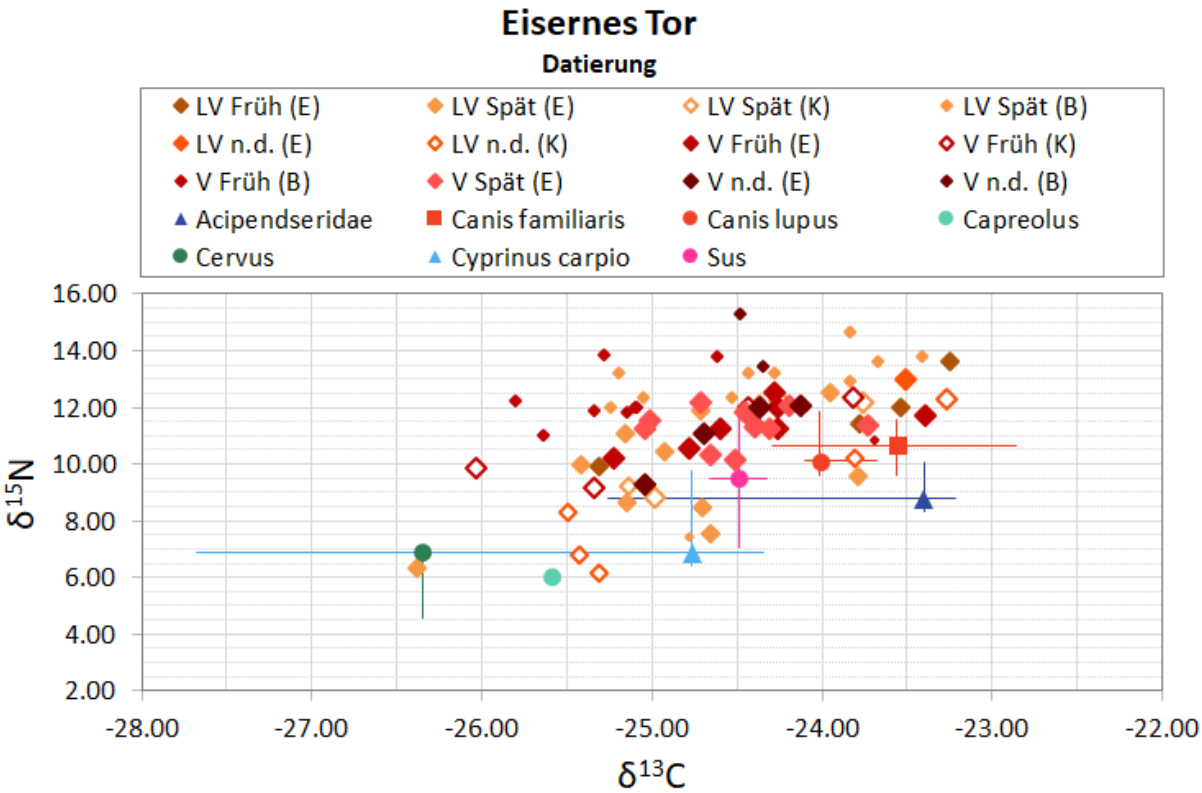


Abbildung A 153: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere der Region des Eisernen Tors in Serbien unterteilt nach Phasen. **LV**: Lepenski Vir, **V**: Vlasac. **E**: Erwachsene, **K**: Kinder, **B**: Babies, **LV Früh**: vor 6300 v. Chr., **LV Spät**: nach 6300 v. Chr., **V Früh**: vor 7600 v. Chr., **V Spät**: nach 7600 v. Chr., **n.d.**: nicht datiert.

9.2.3.2 Mischungsmodelle: Lepenski Vir – Populationsmedian

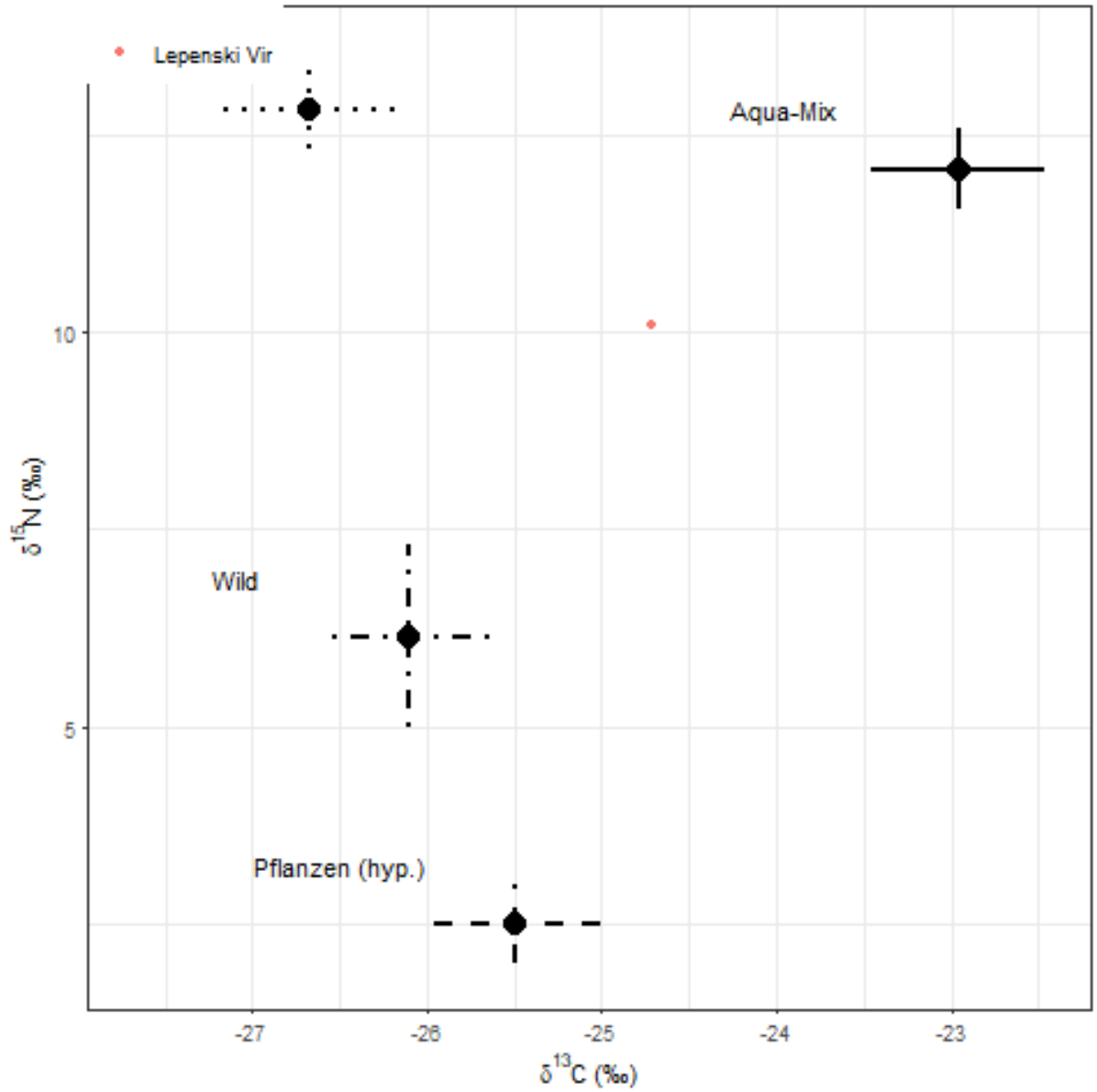


Abbildung A 154: Isospace Plot des Populationsmedians aus Lepenski Vir. Erstellt mit MixSIAR.

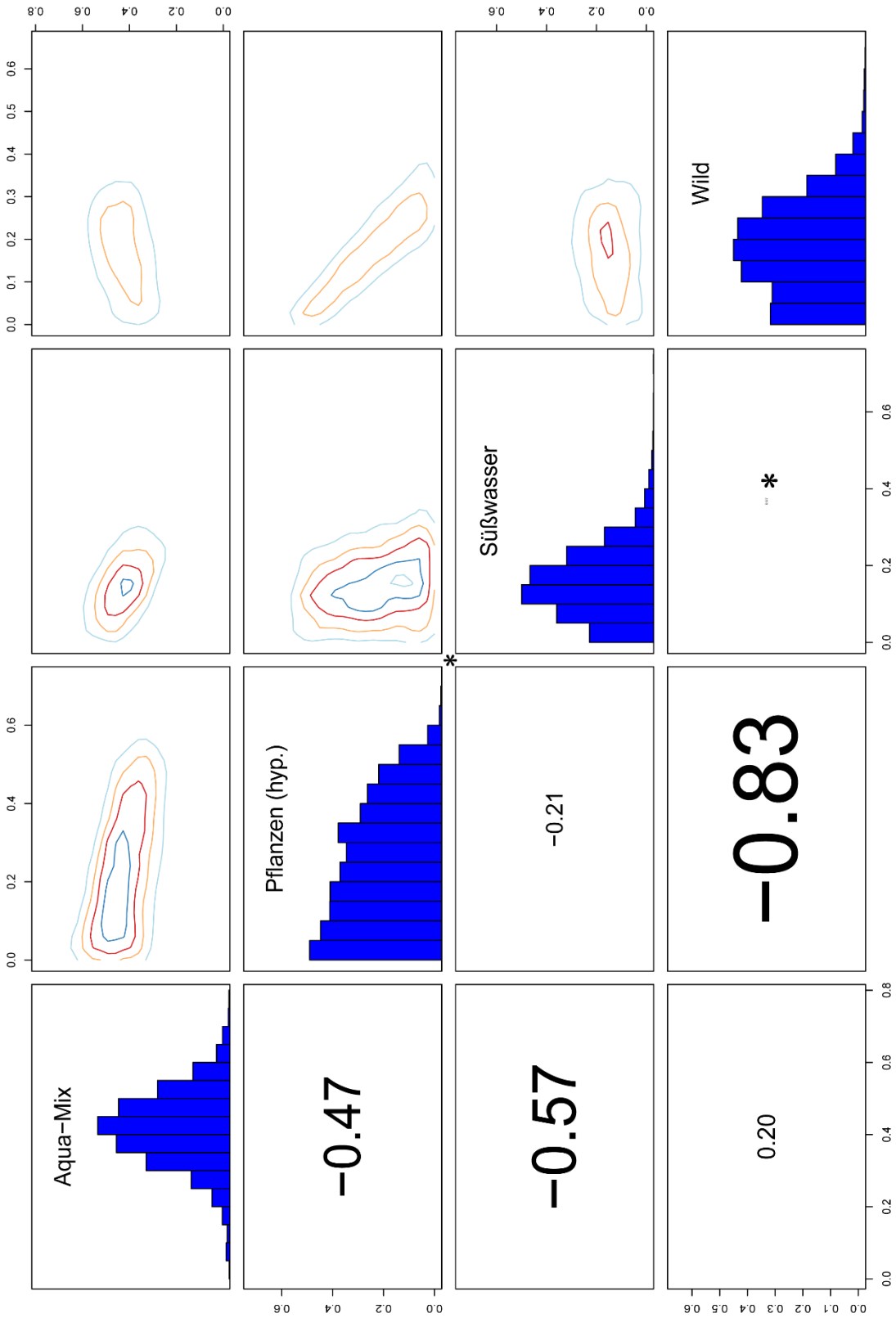


Abbildung A 155: Pairs Plot der Population aus Lepenski Vir. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,027

9.2.3.3 Mischungsmodelle: Lepenski Vir - Datierung

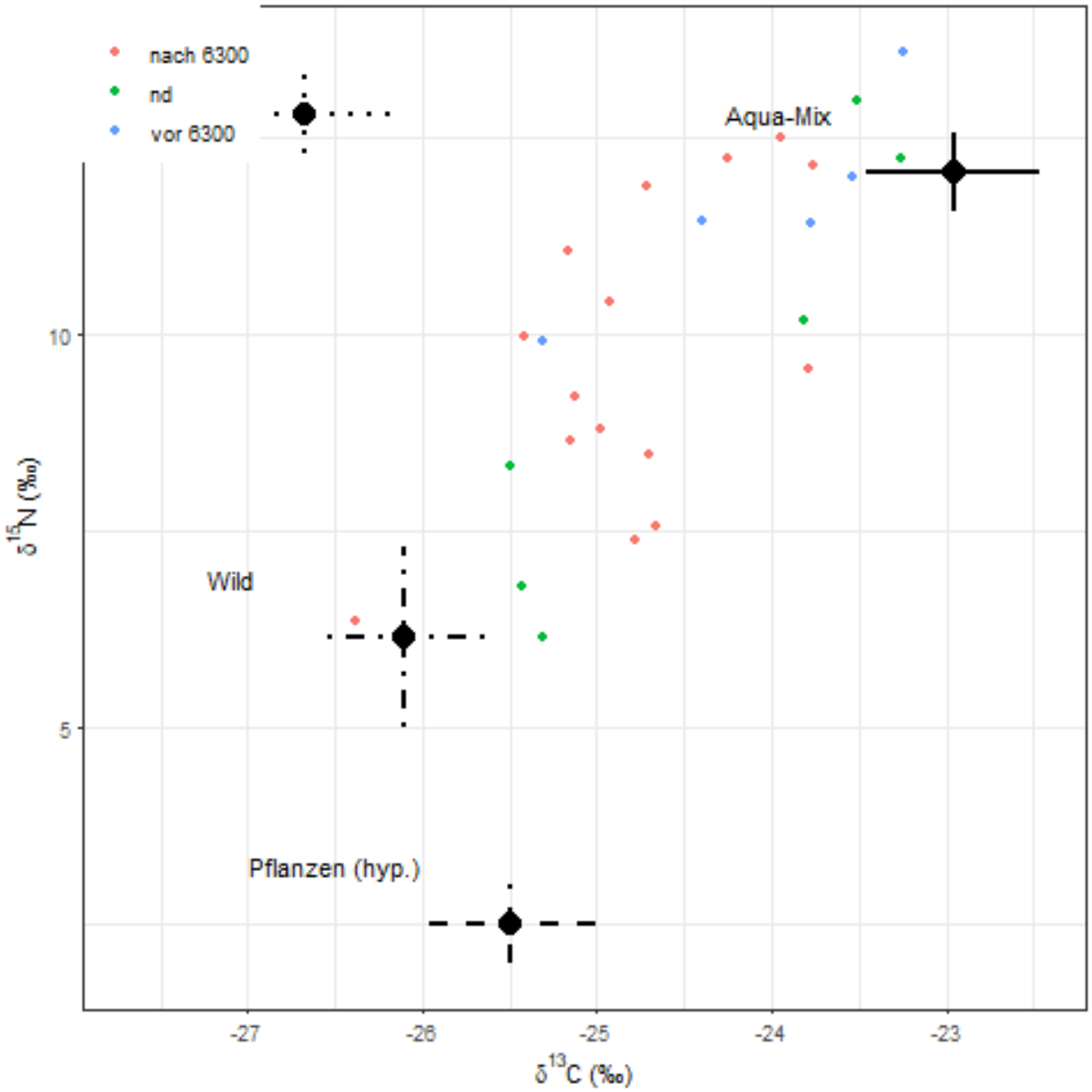


Abbildung A 156: Isospace Plot des Individuen aus Lepenski Vir unterteilt nach Datierung. Erstellt mit MixSIAR.

vor 6300 v. Chr.

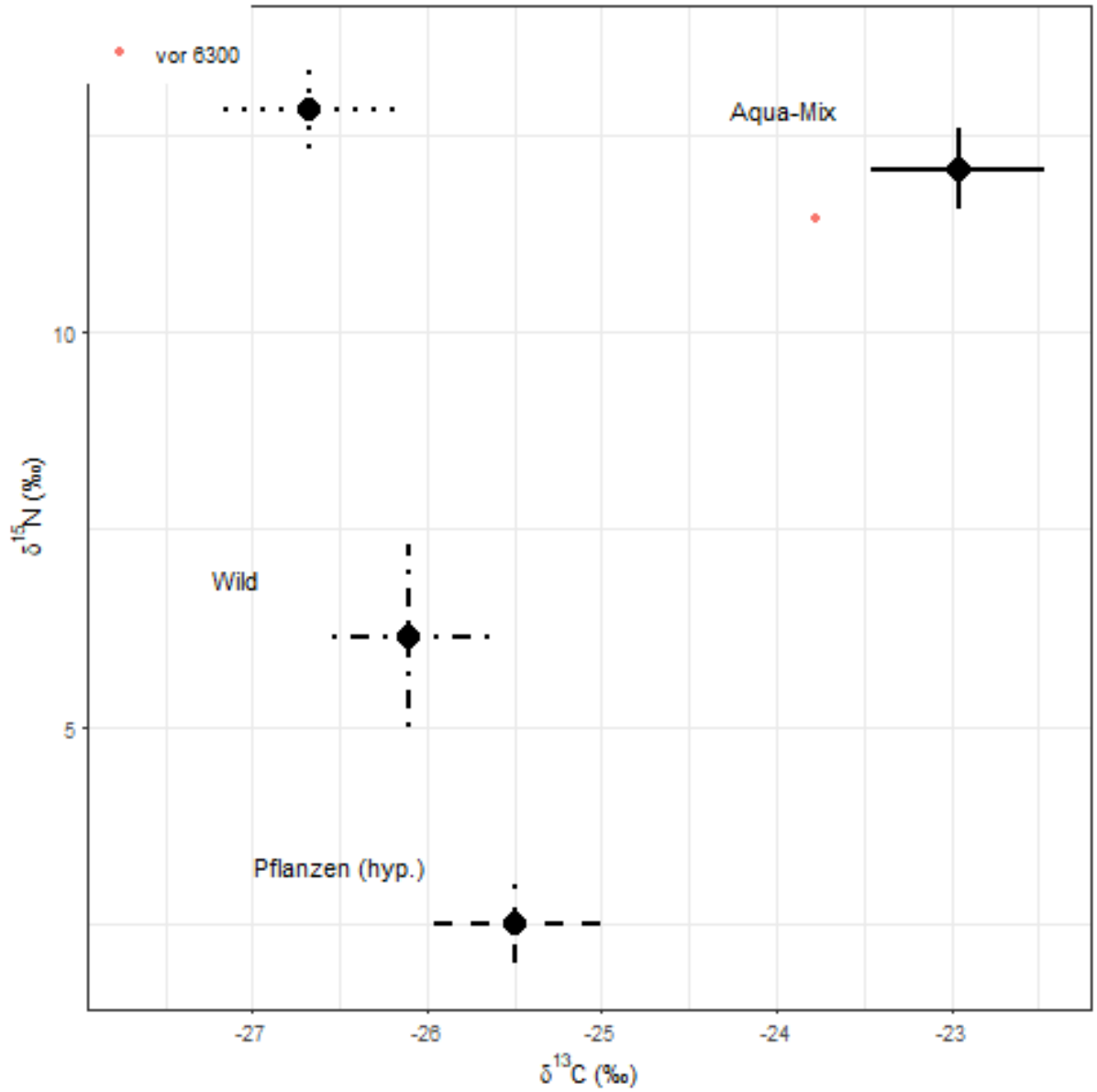


Abbildung A 157: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

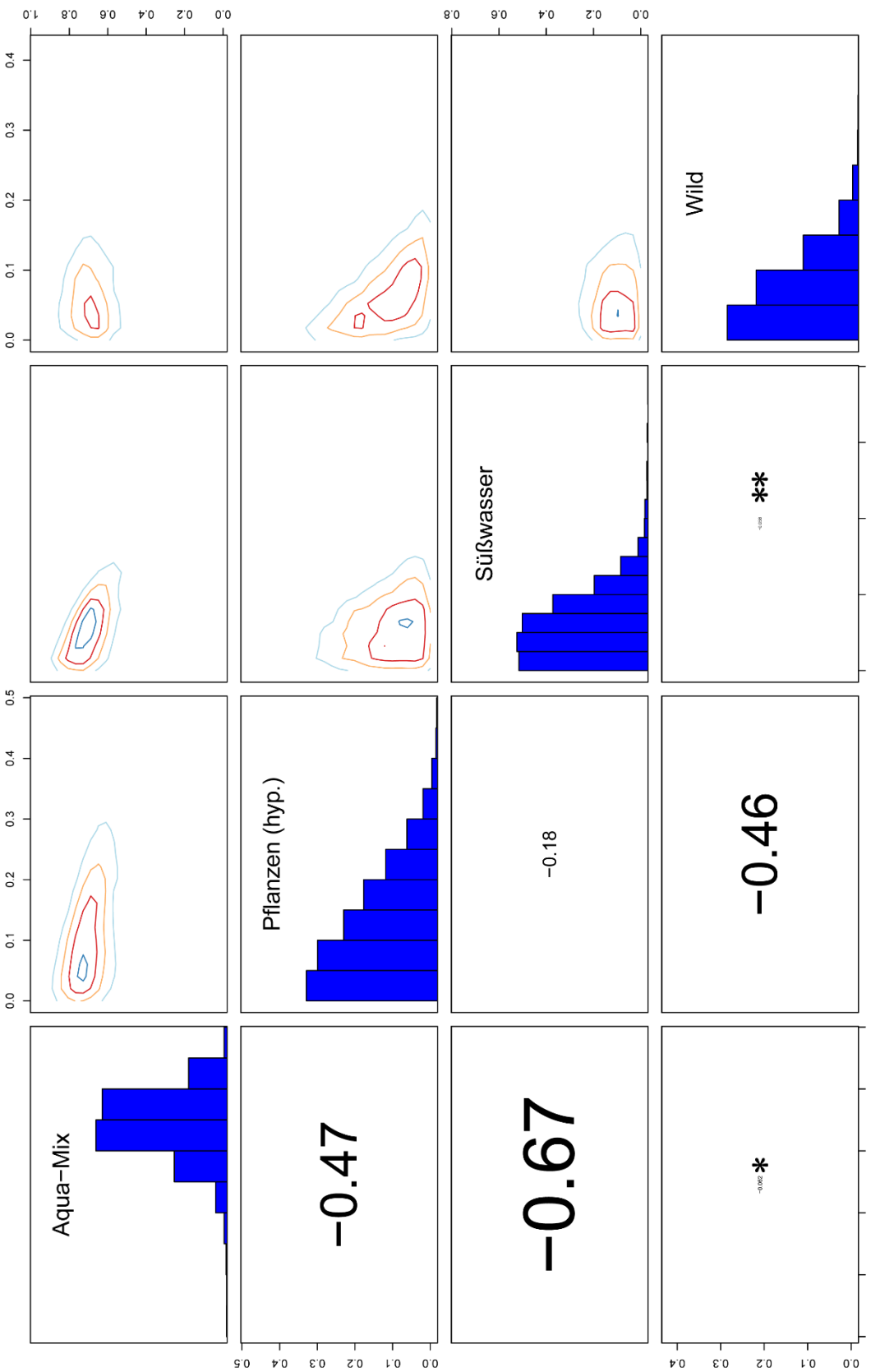


Abbildung A 158: Pairs Plot der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,062, **: -0,058

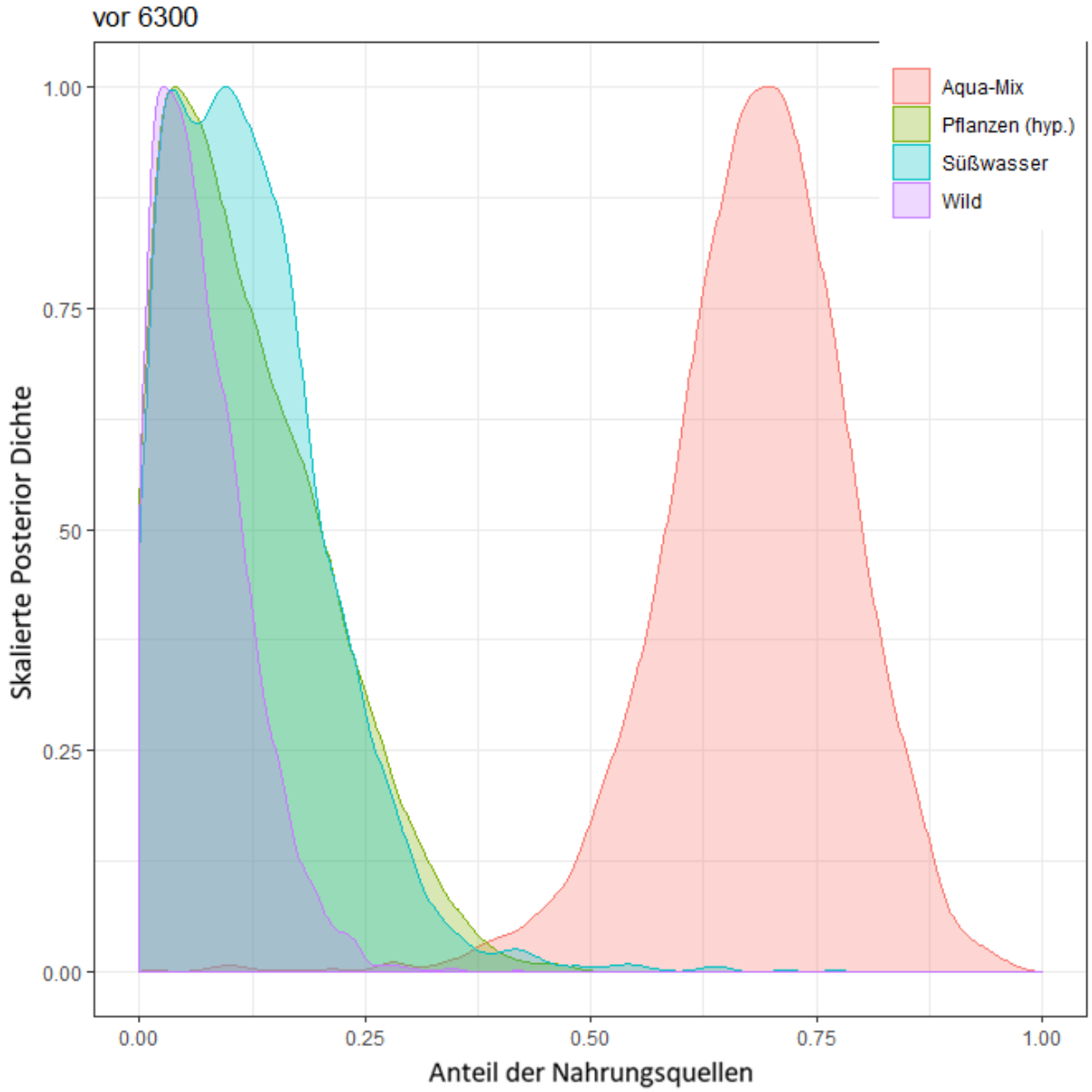


Abbildung A 159: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

nach 6300 v. Chr.

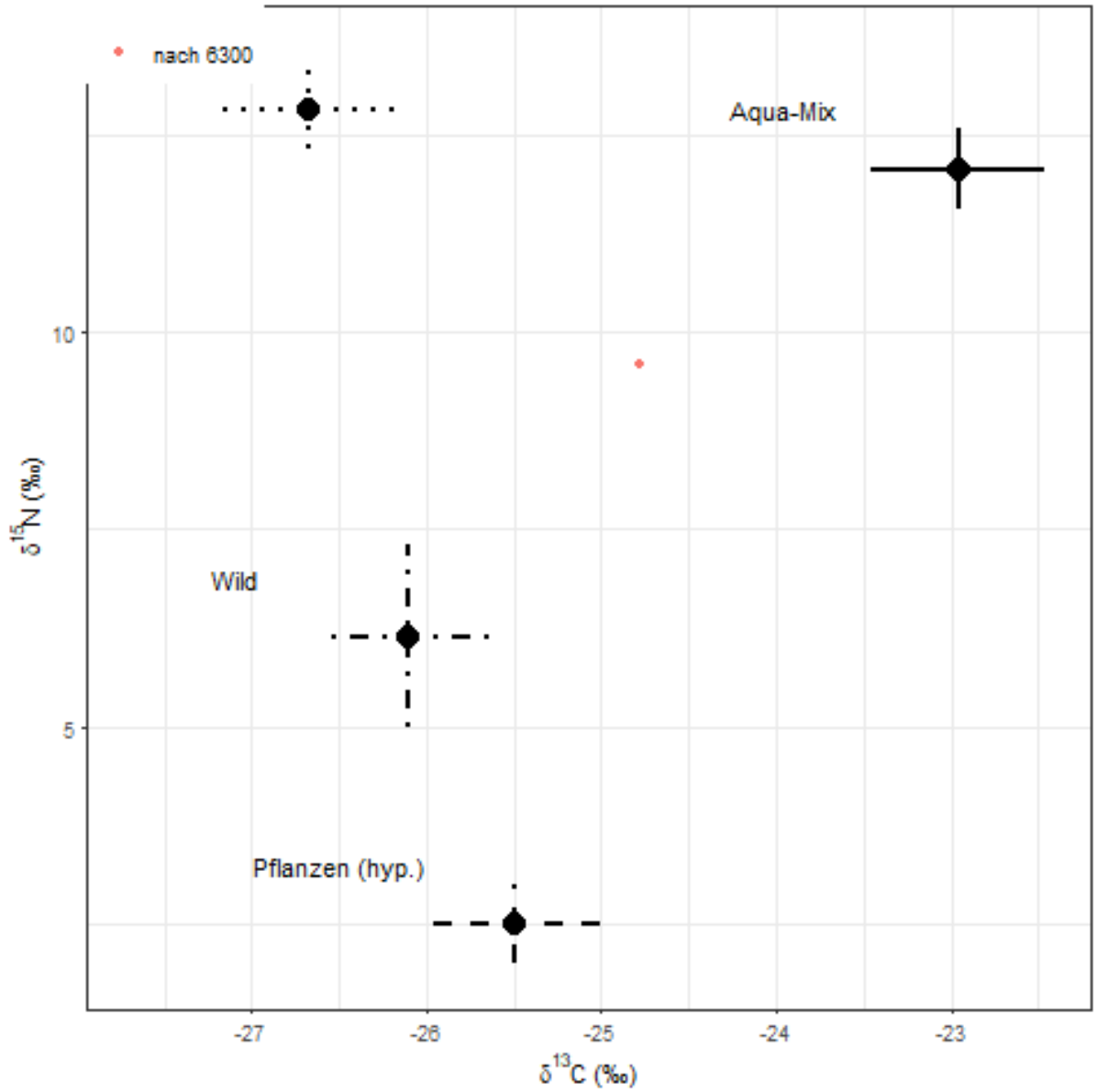


Abbildung A 160: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

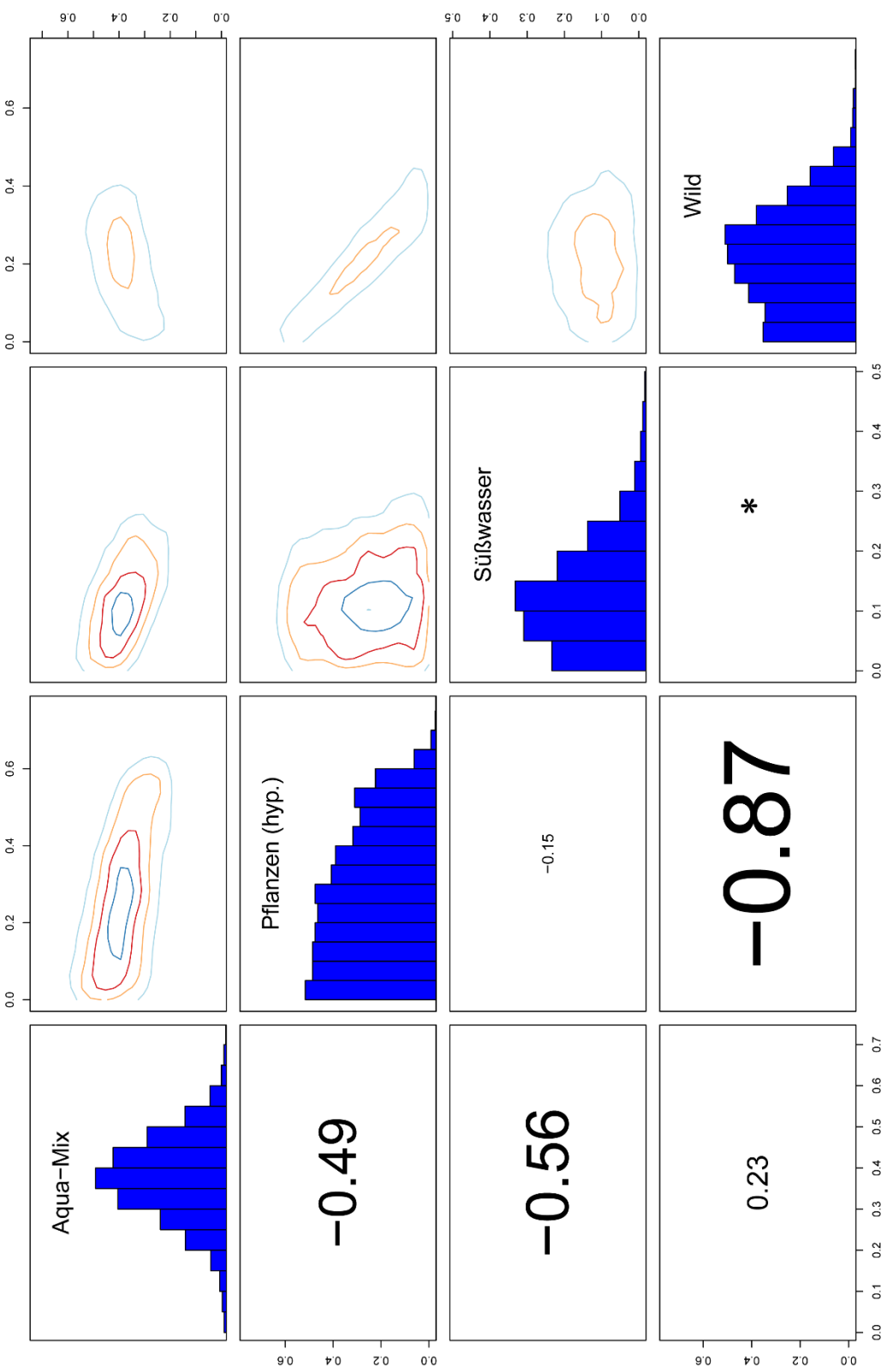


Abbildung A 161: Pairs Plot der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: nicht ablesbar

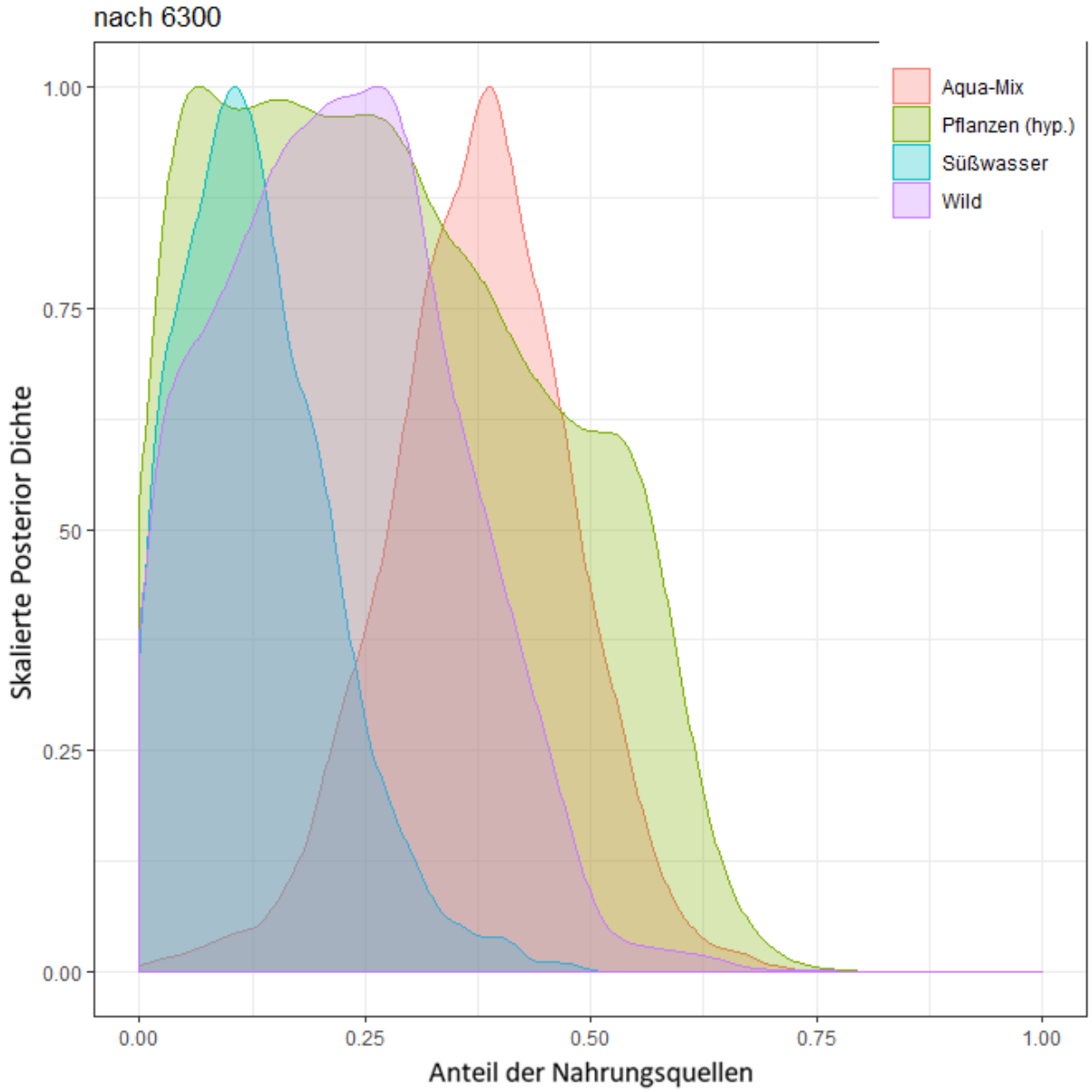


Abbildung A 162: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

nicht datiert

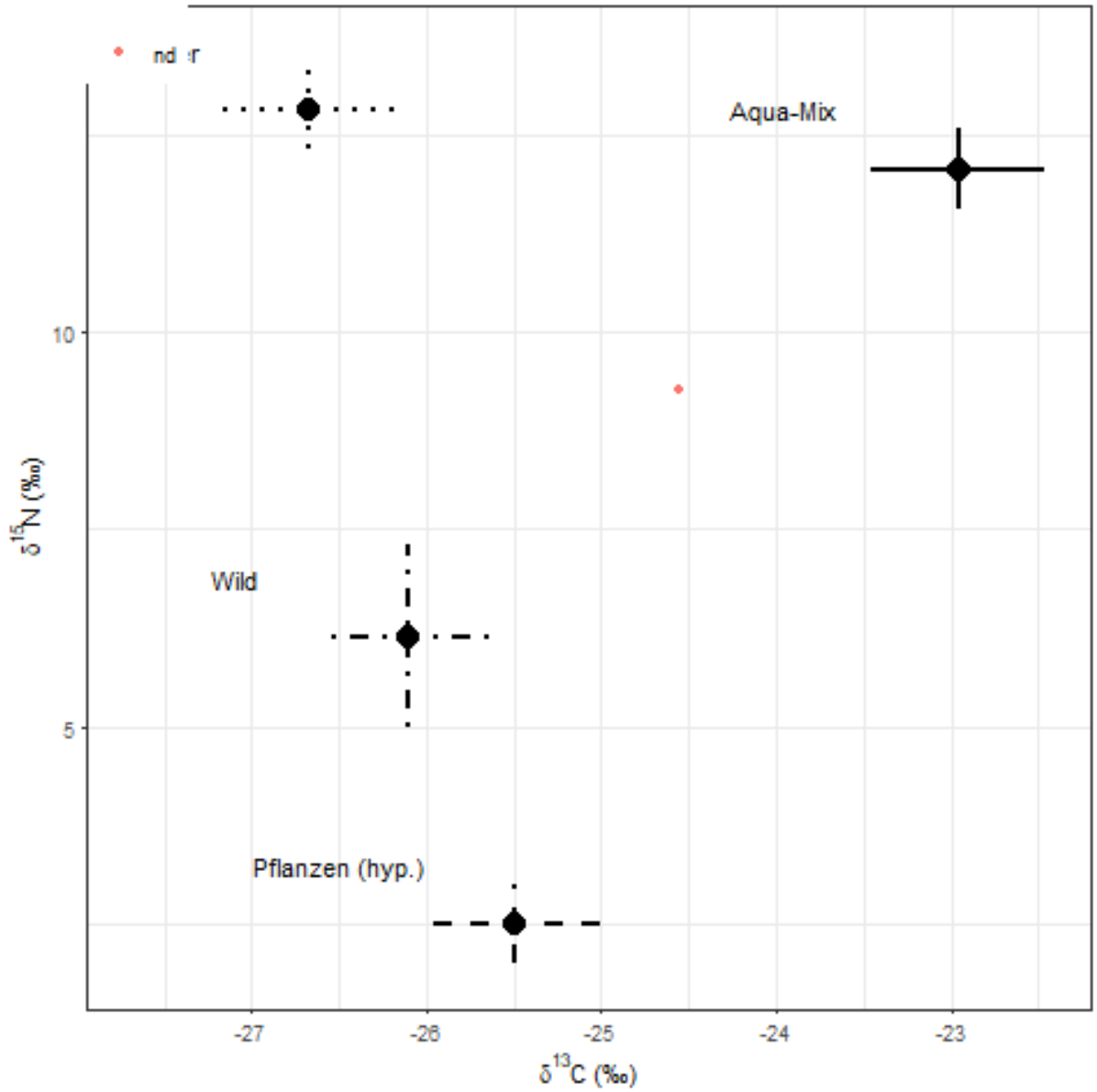


Abbildung A 163: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR

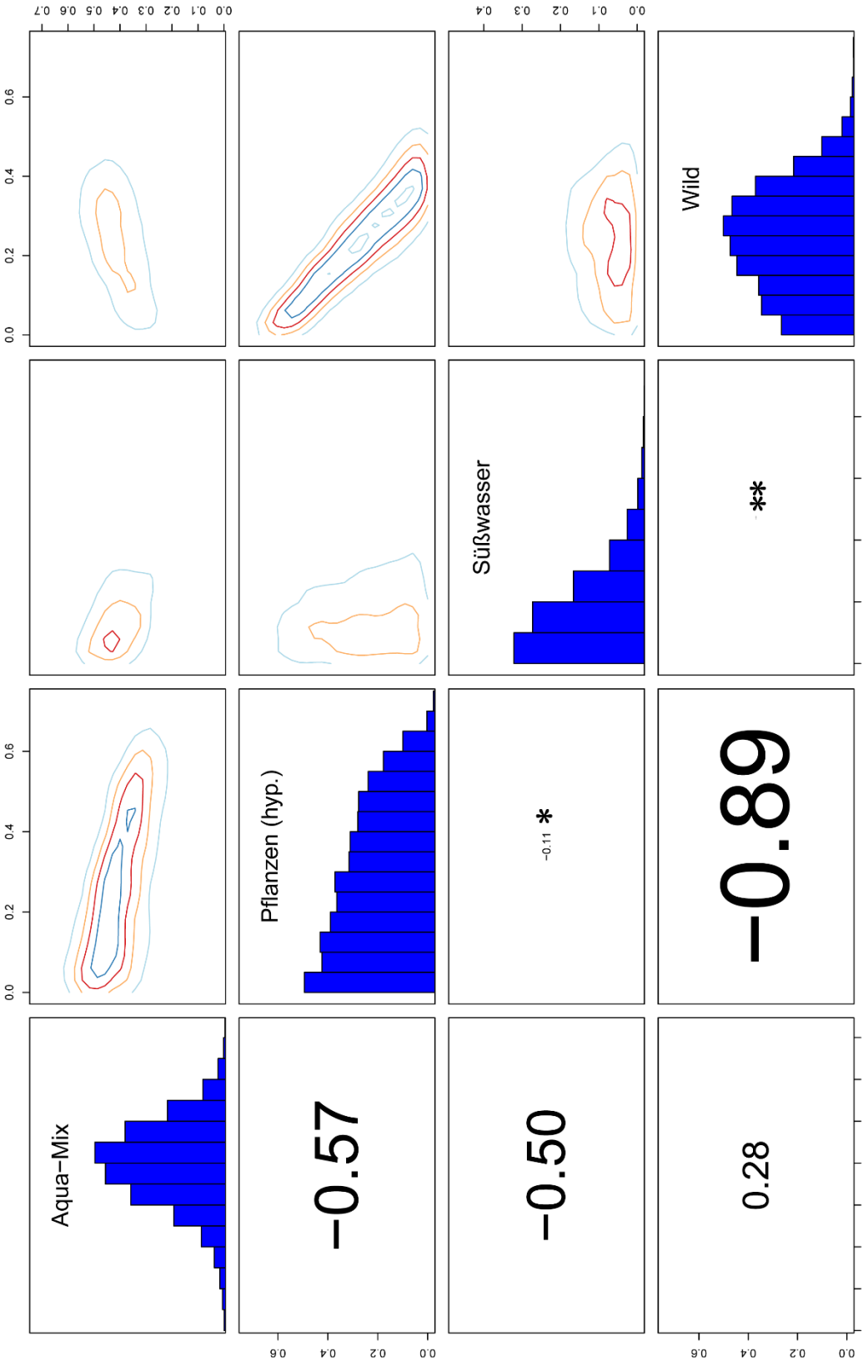


Abbildung A 164: Pairs Plot der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,11, **: 0,022

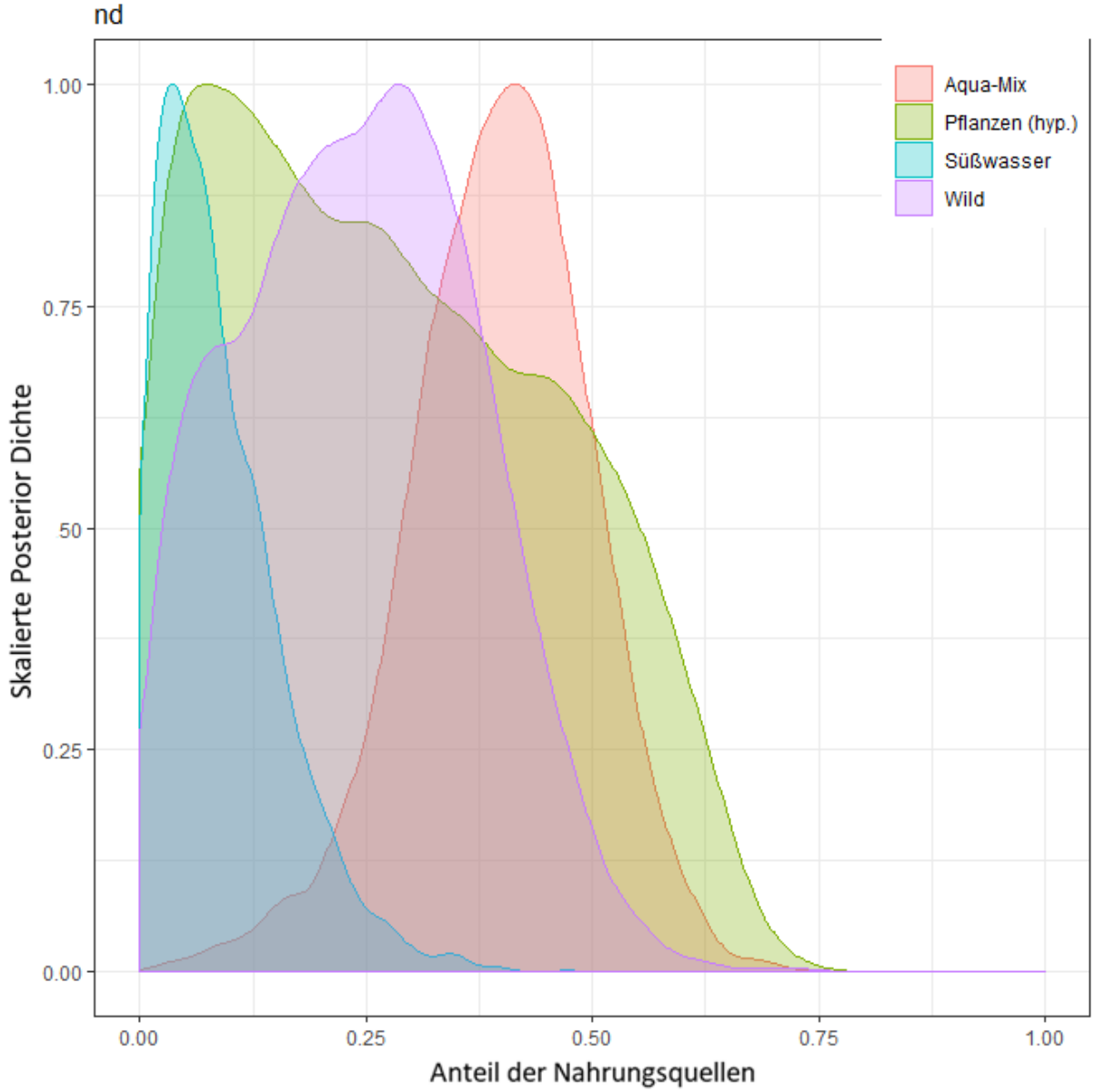


Abbildung A 165: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.3.4 Mischungsmodelle: Vlasac - Populationsmedian

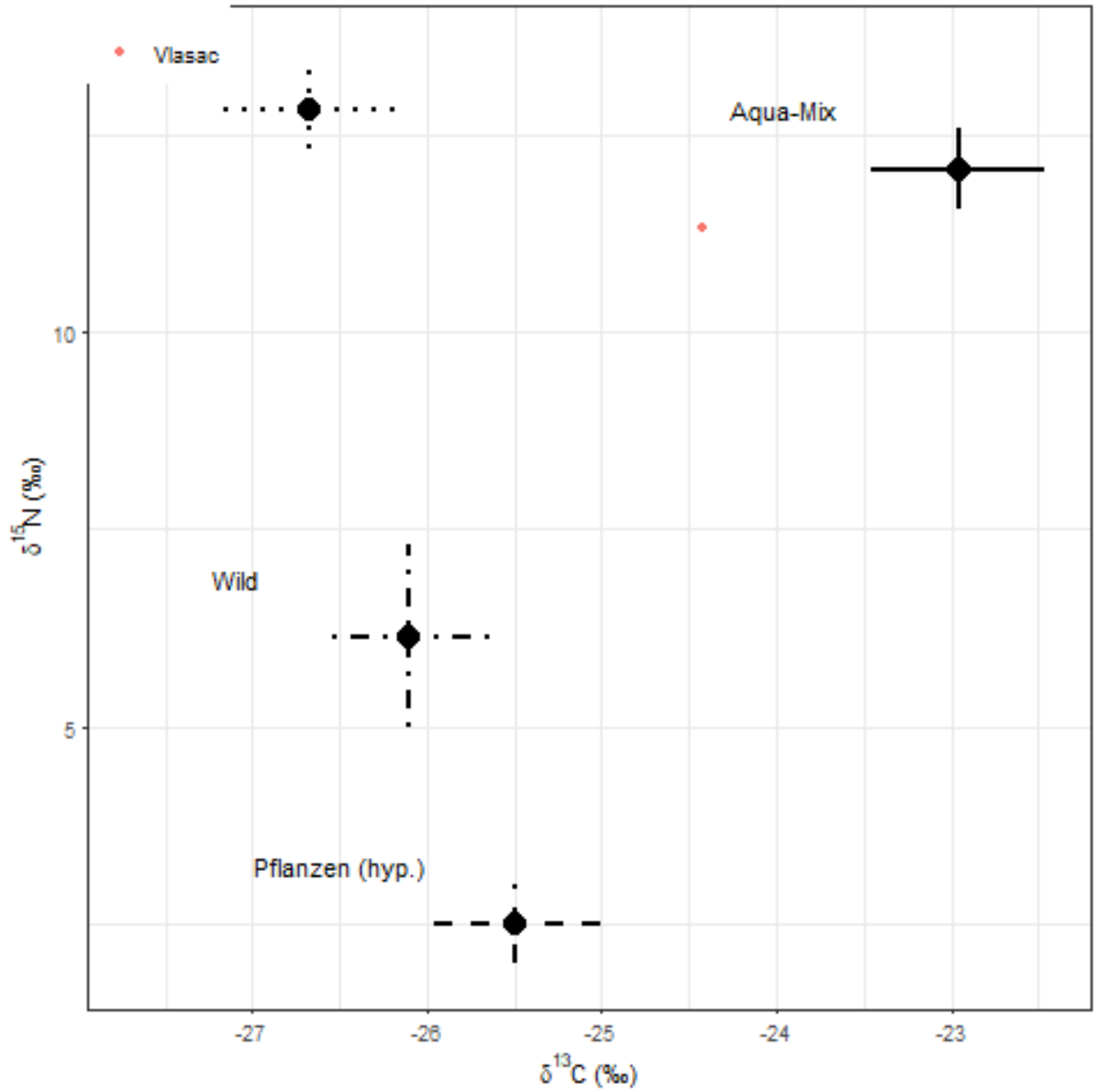


Abbildung A 166: Isospace Plot des Populationsmedians aus Vlasac. Erstellt mit MixSIAR.

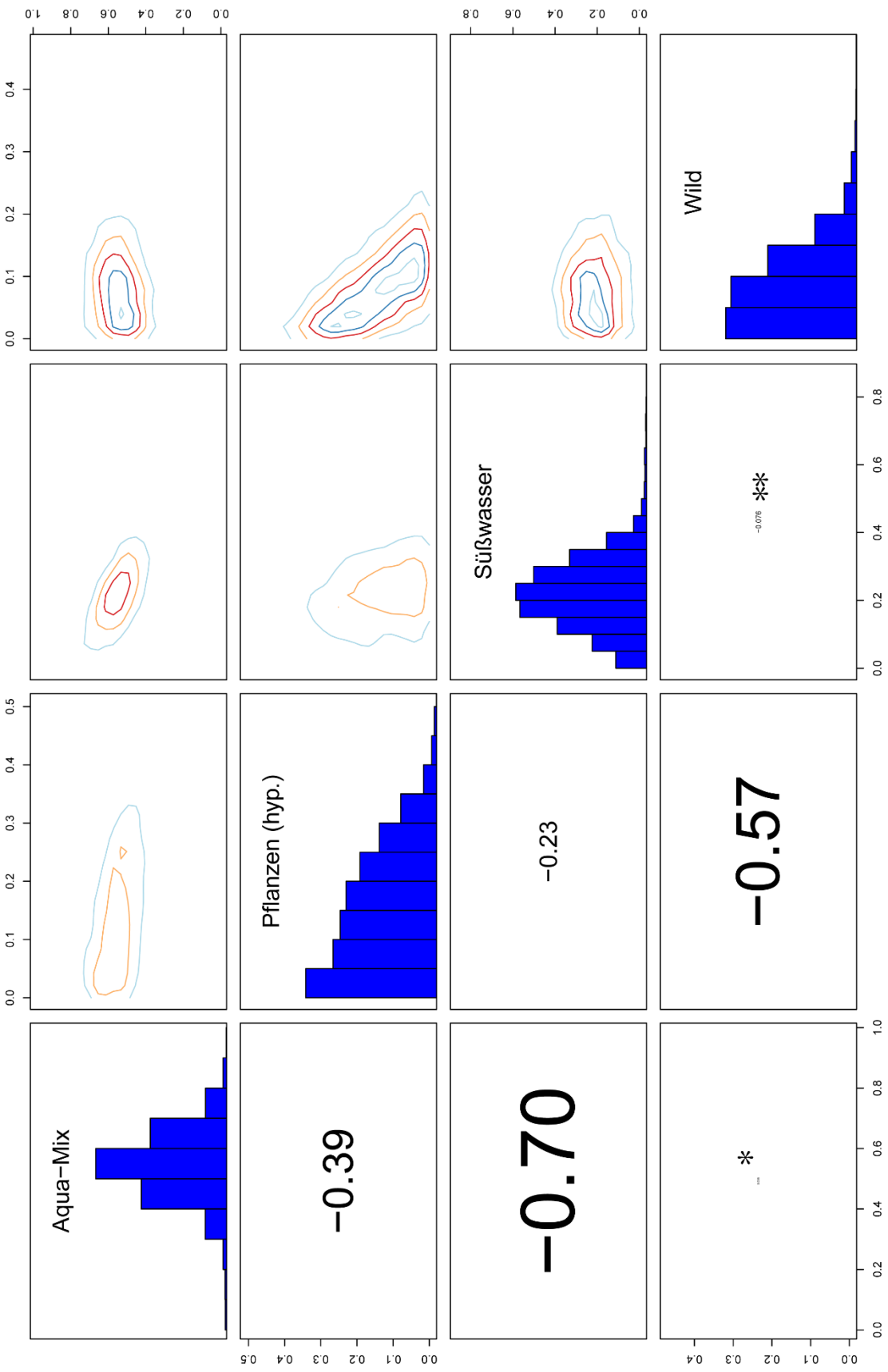


Abbildung A 167: Pairs Plot der Population aus Vlasac. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,035, **: -0,076

9.2.3.5 Mischungsmodelle: Vlasac - Datierung

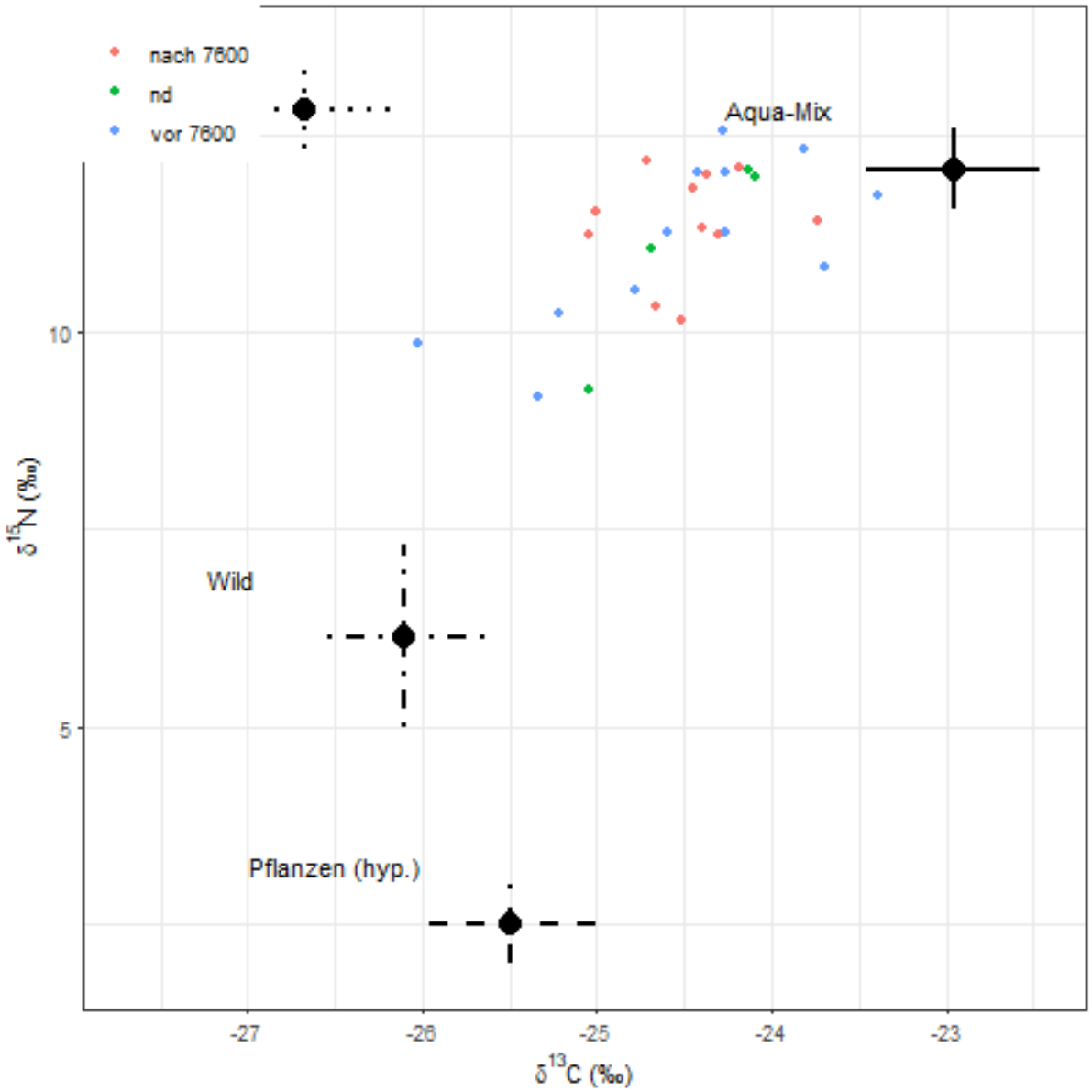


Abbildung A 168: Isospace Plot des Individuen aus Vlasac unterteilt nach Datierung. Erstellt mit MixSIAR.

vor 7600 v. Chr.

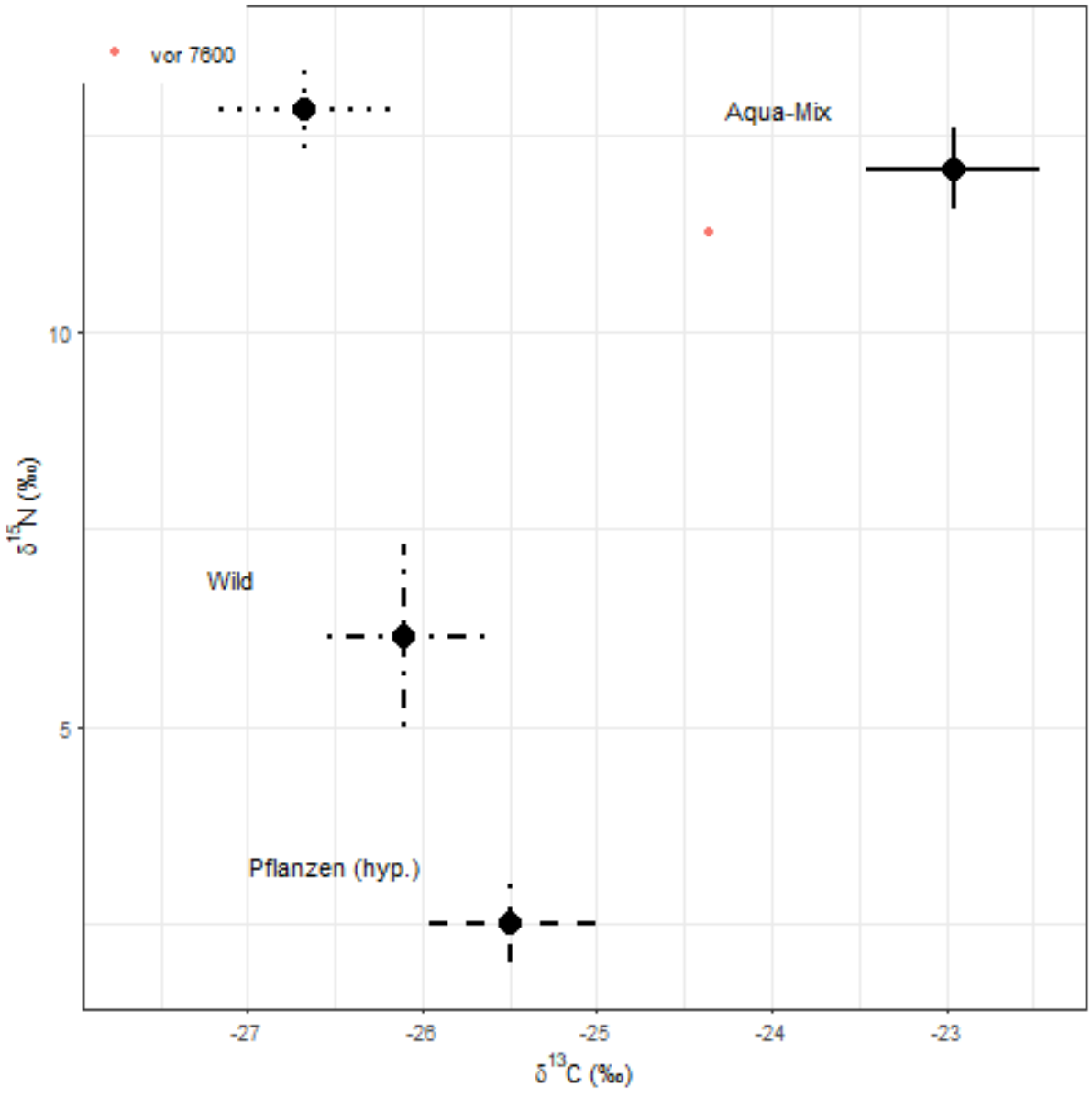


Abbildung A 169: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR

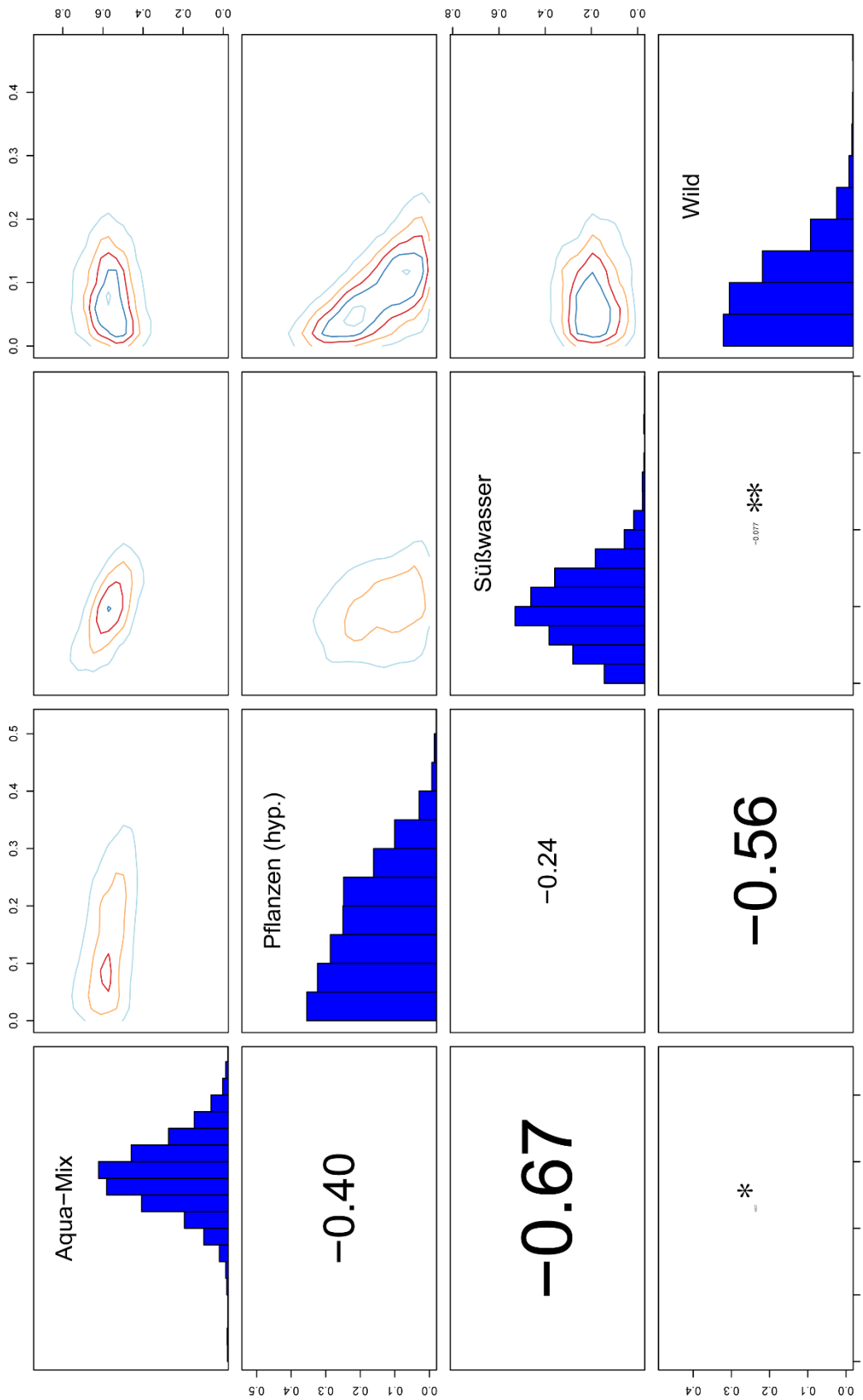


Abbildung A 170: Pairs Plot der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: 0,027; **: -0,077

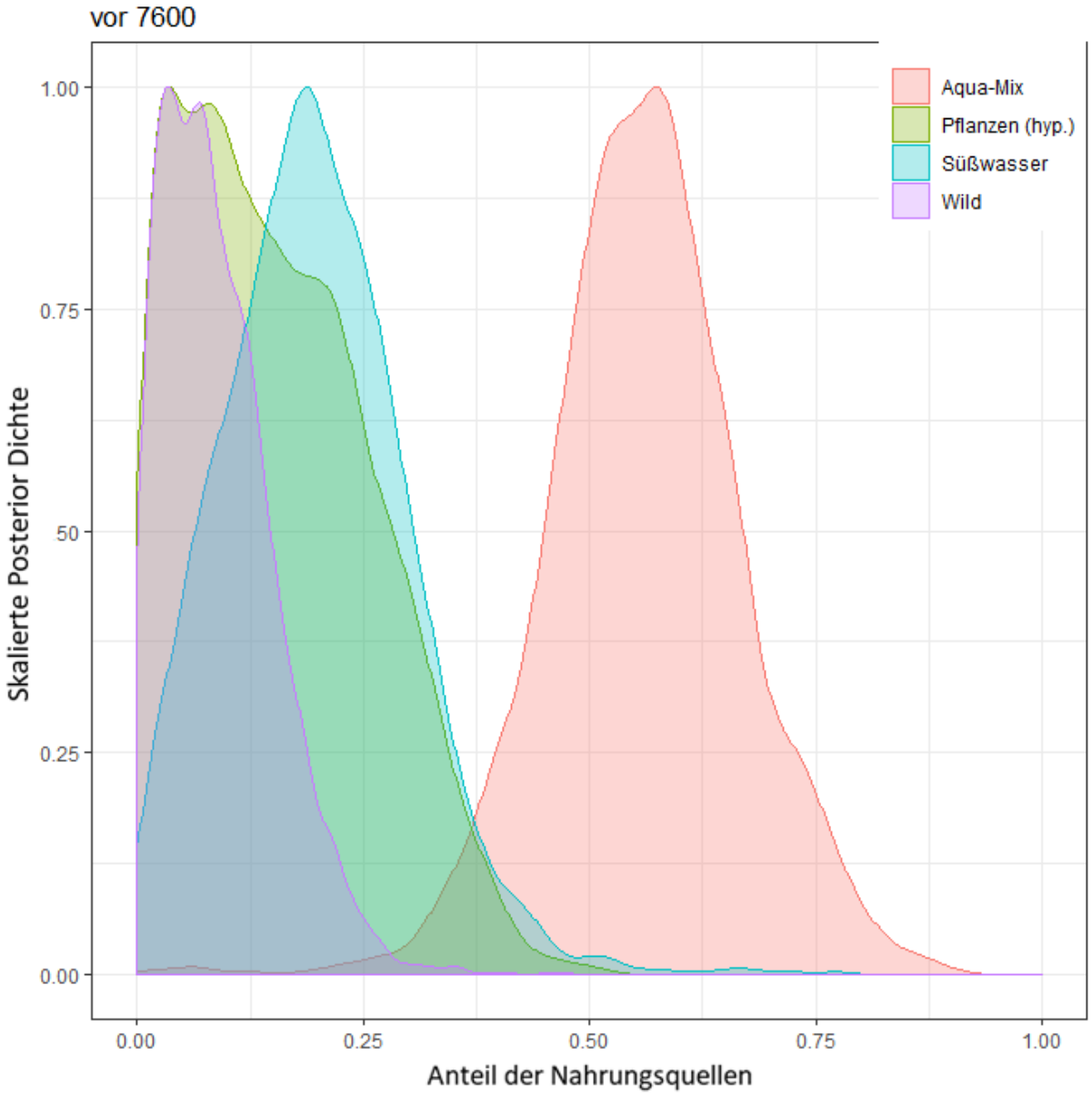


Abbildung A 171: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

nach 7600 n. Chr.

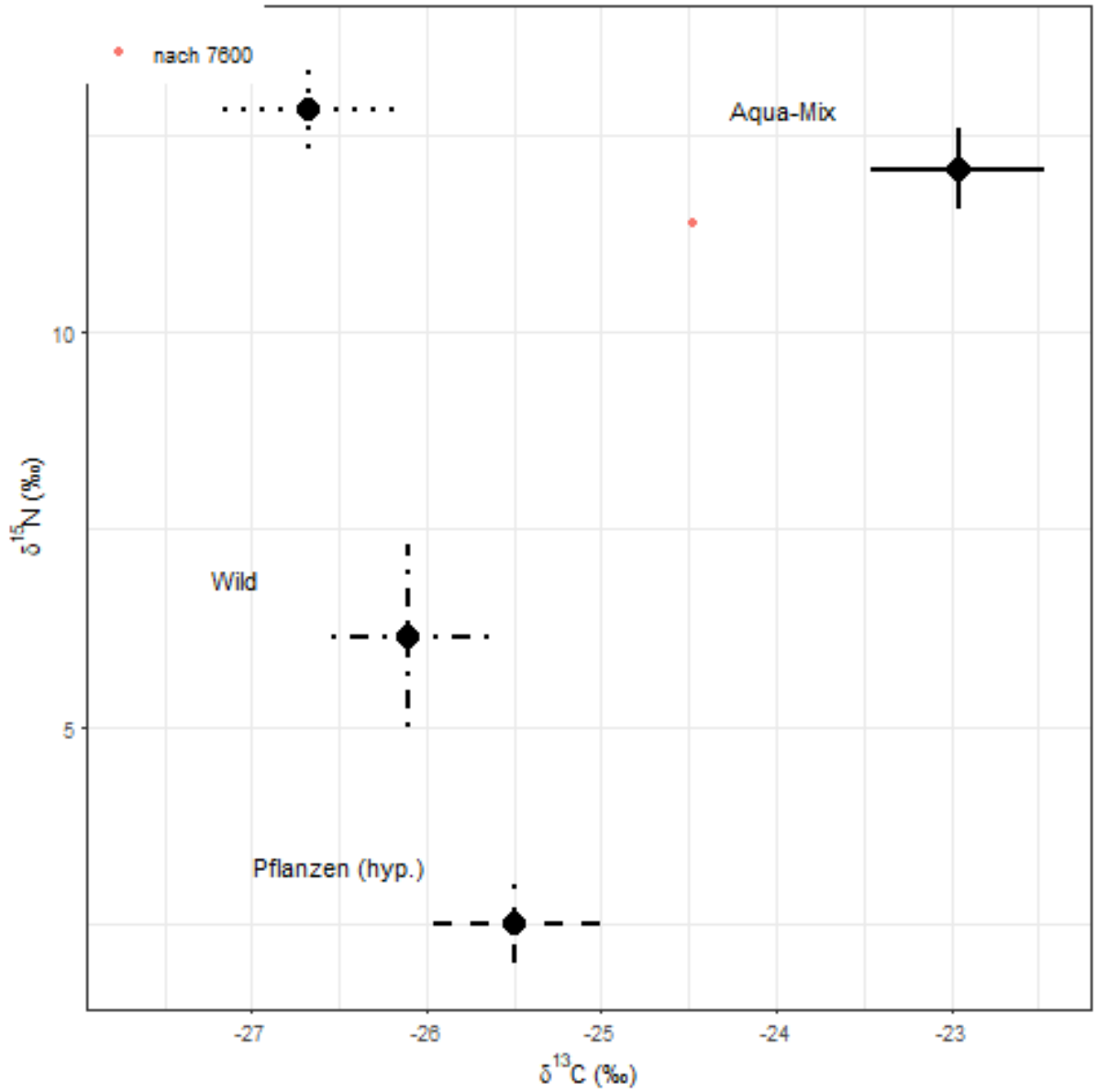


Abbildung A 172: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR

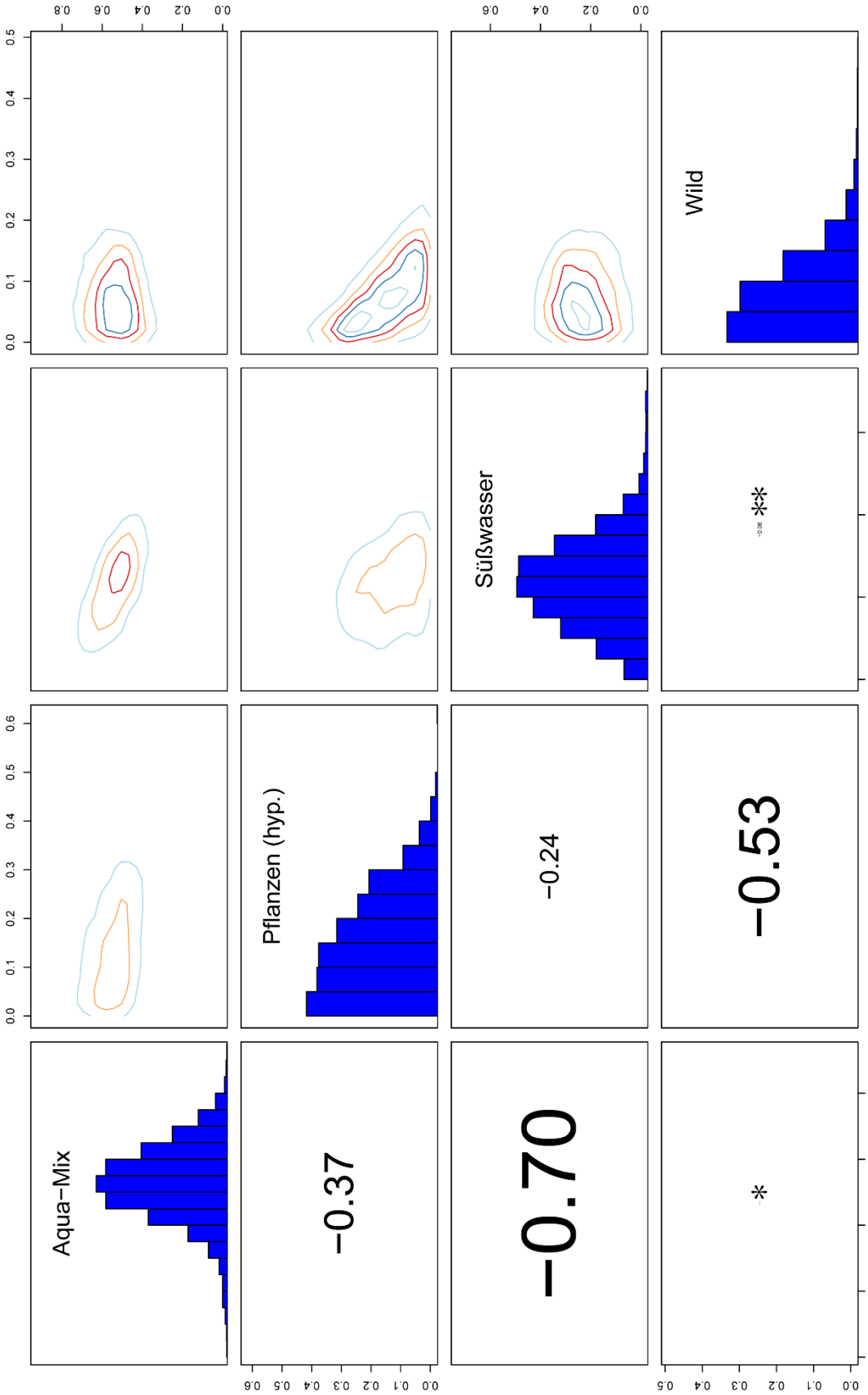


Abbildung A 173: Pairs Plot der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren. Ob Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,015; **: : -0,06

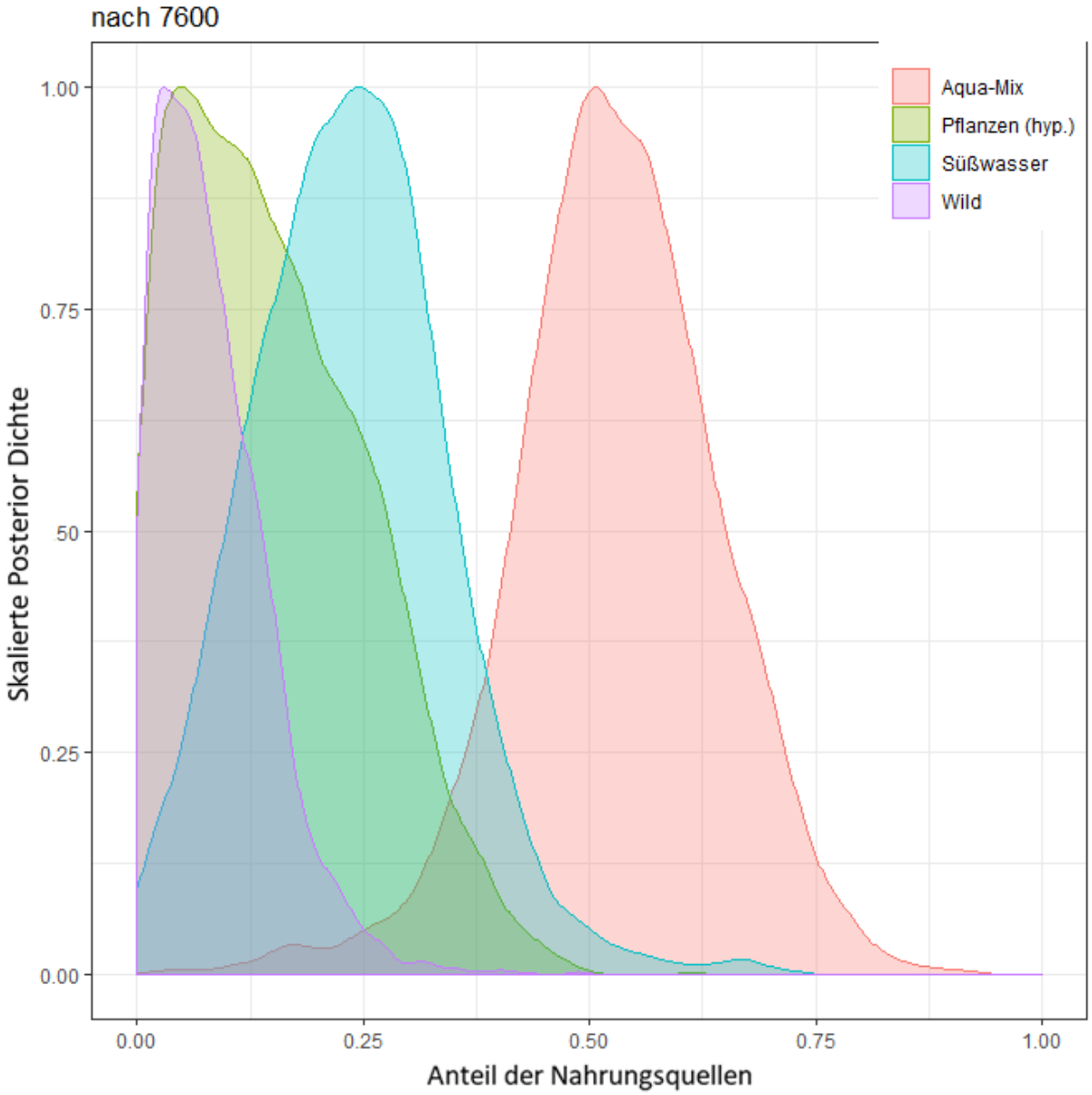


Abbildung A 174: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit MixSIAR.

nicht datiert

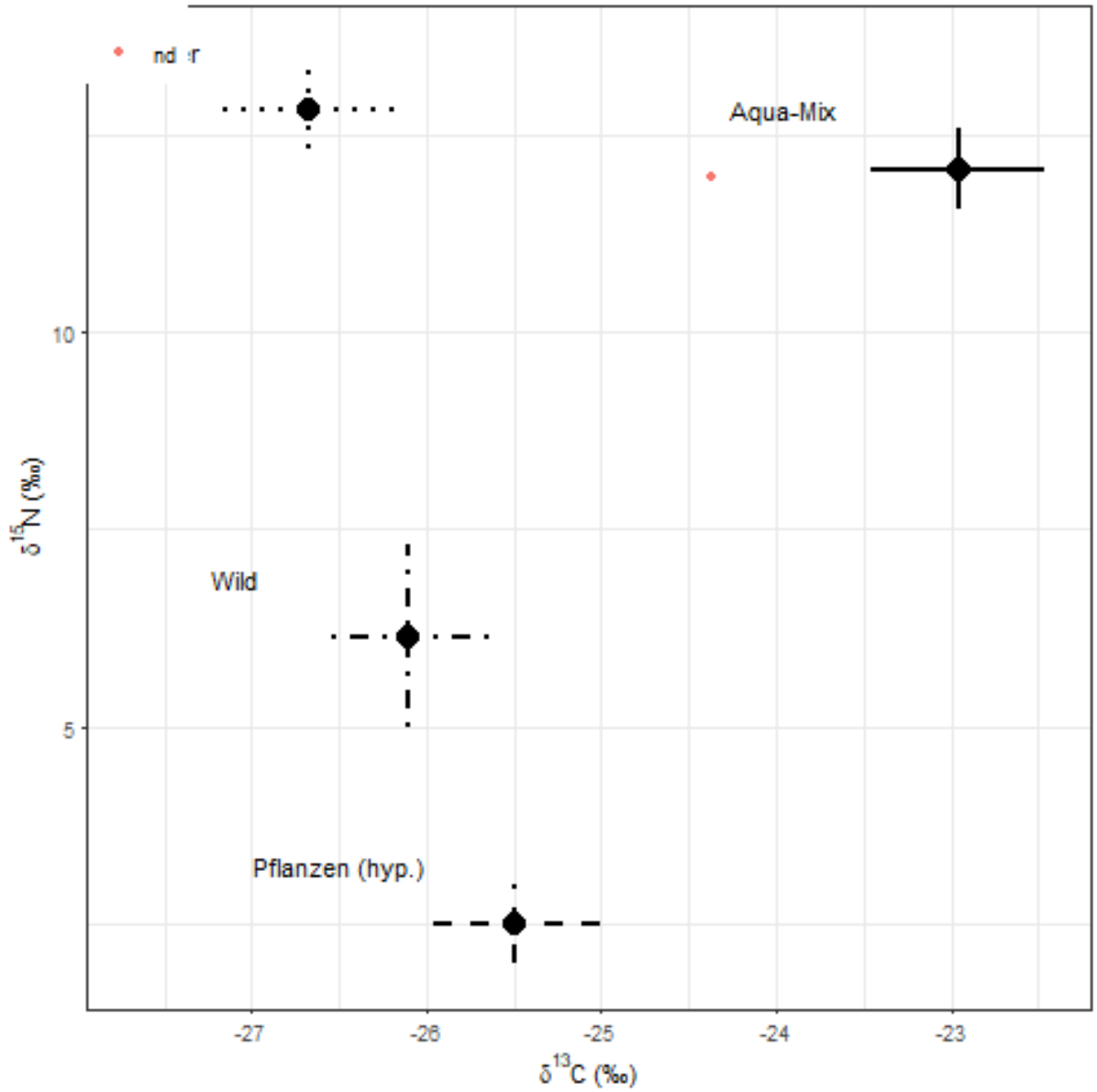


Abbildung A 175: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR

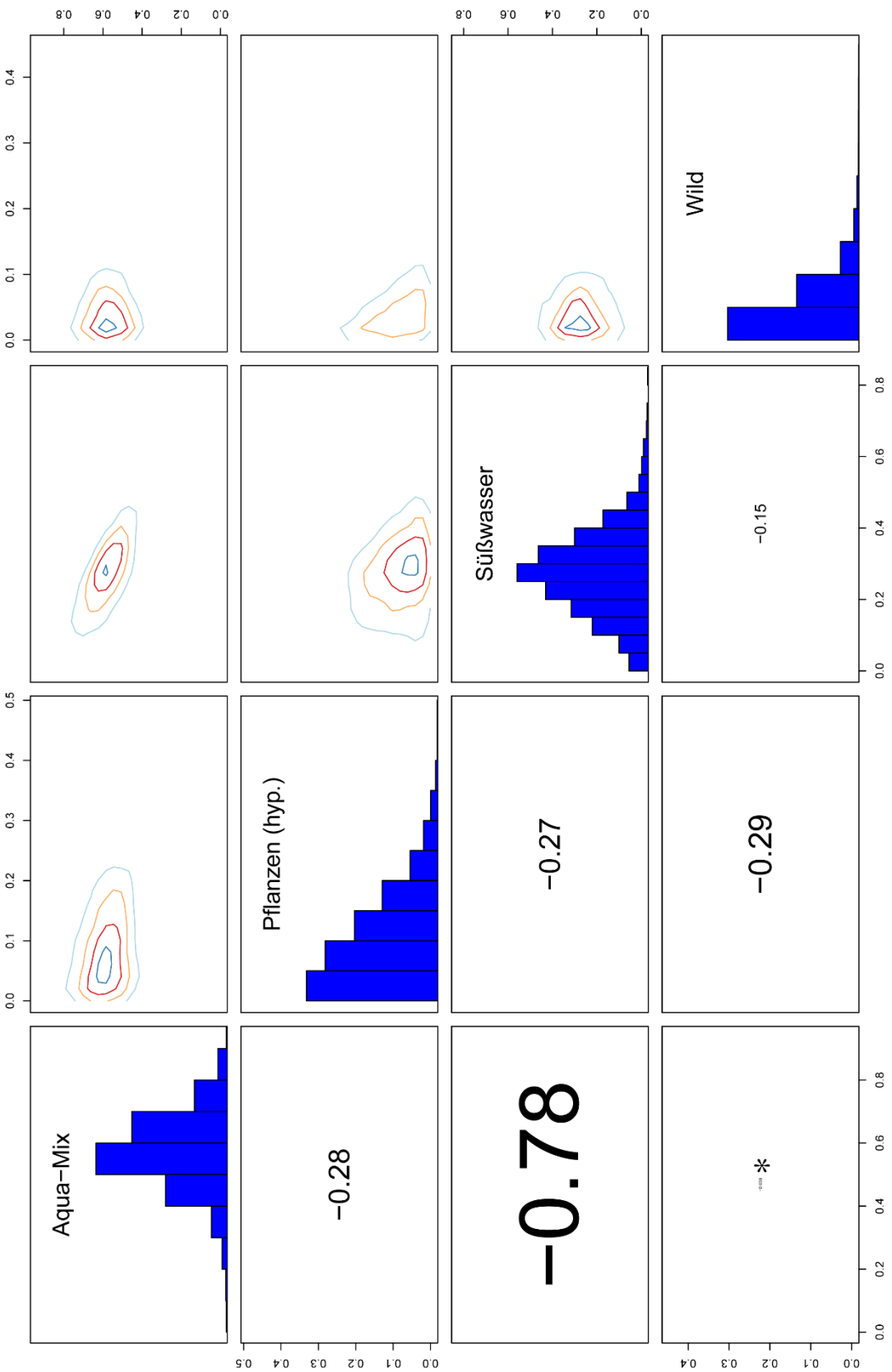


Abbildung A 176: Pairs Plot der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,058

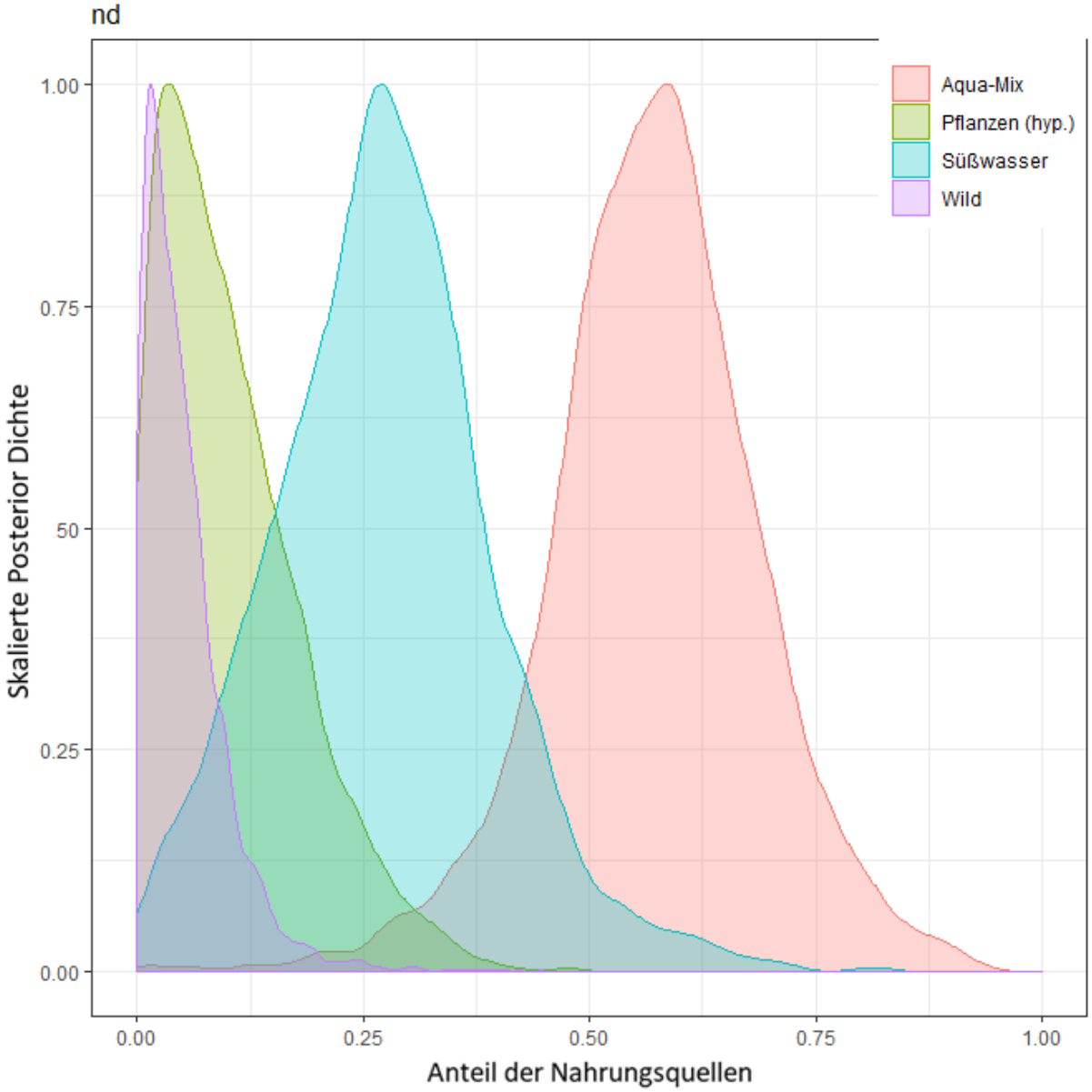


Abbildung A 177: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.3.6 SISUS: Lepenski Vir – Populationsmedian

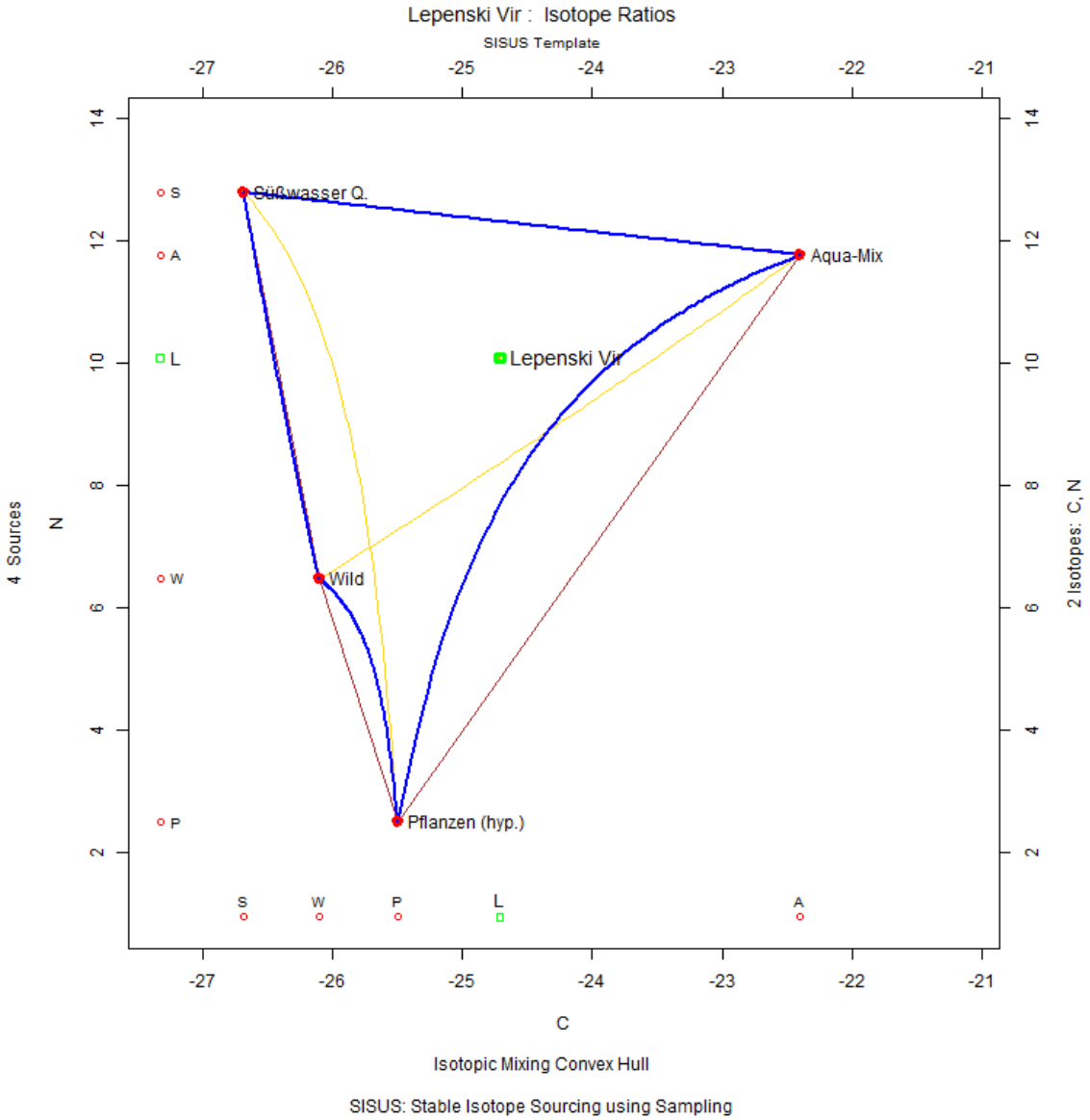


Abbildung A 178: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Lepenski Vir. Erstellt mit SISUS.

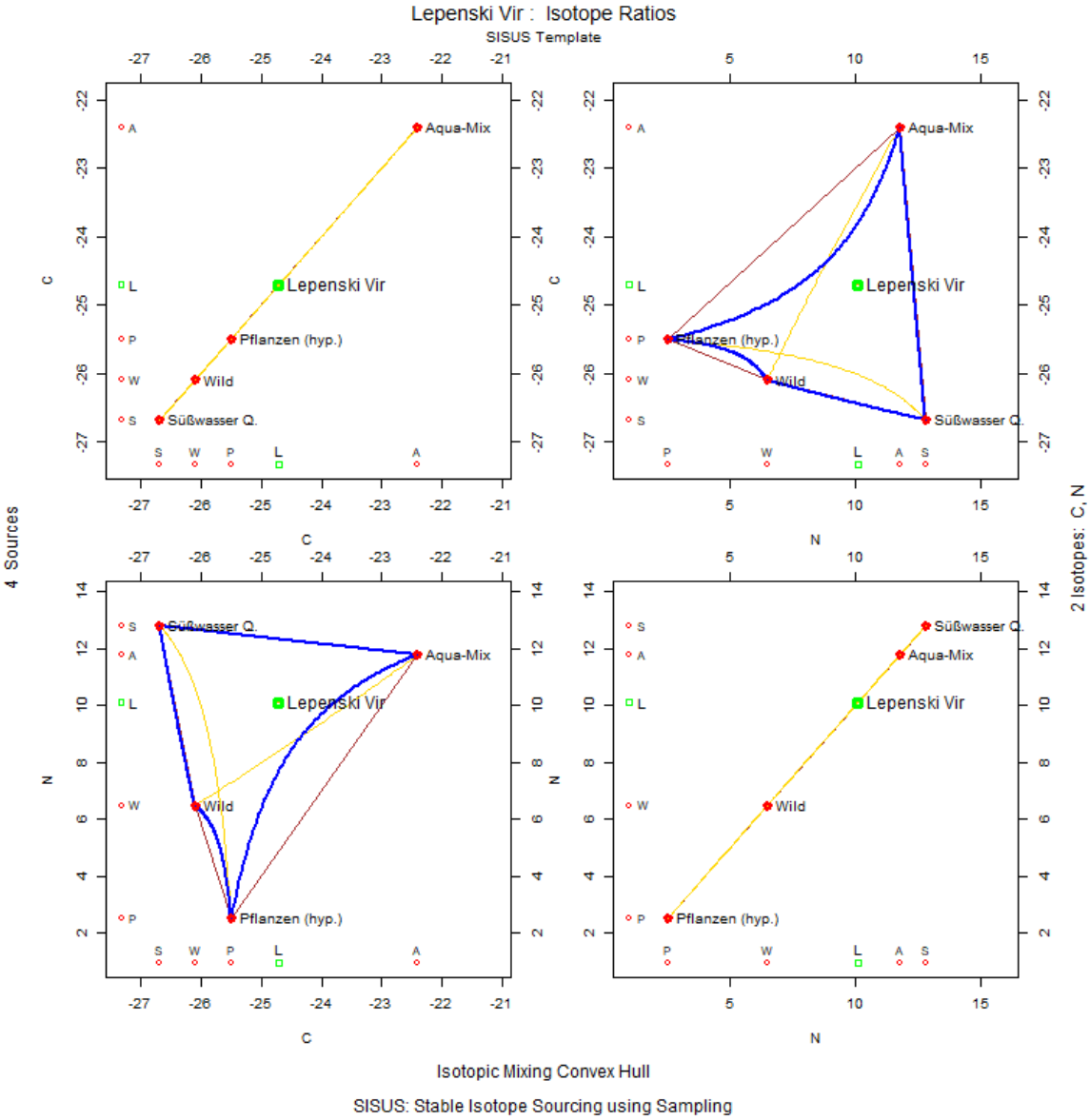


Abbildung A 179: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Lepenski Vir in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

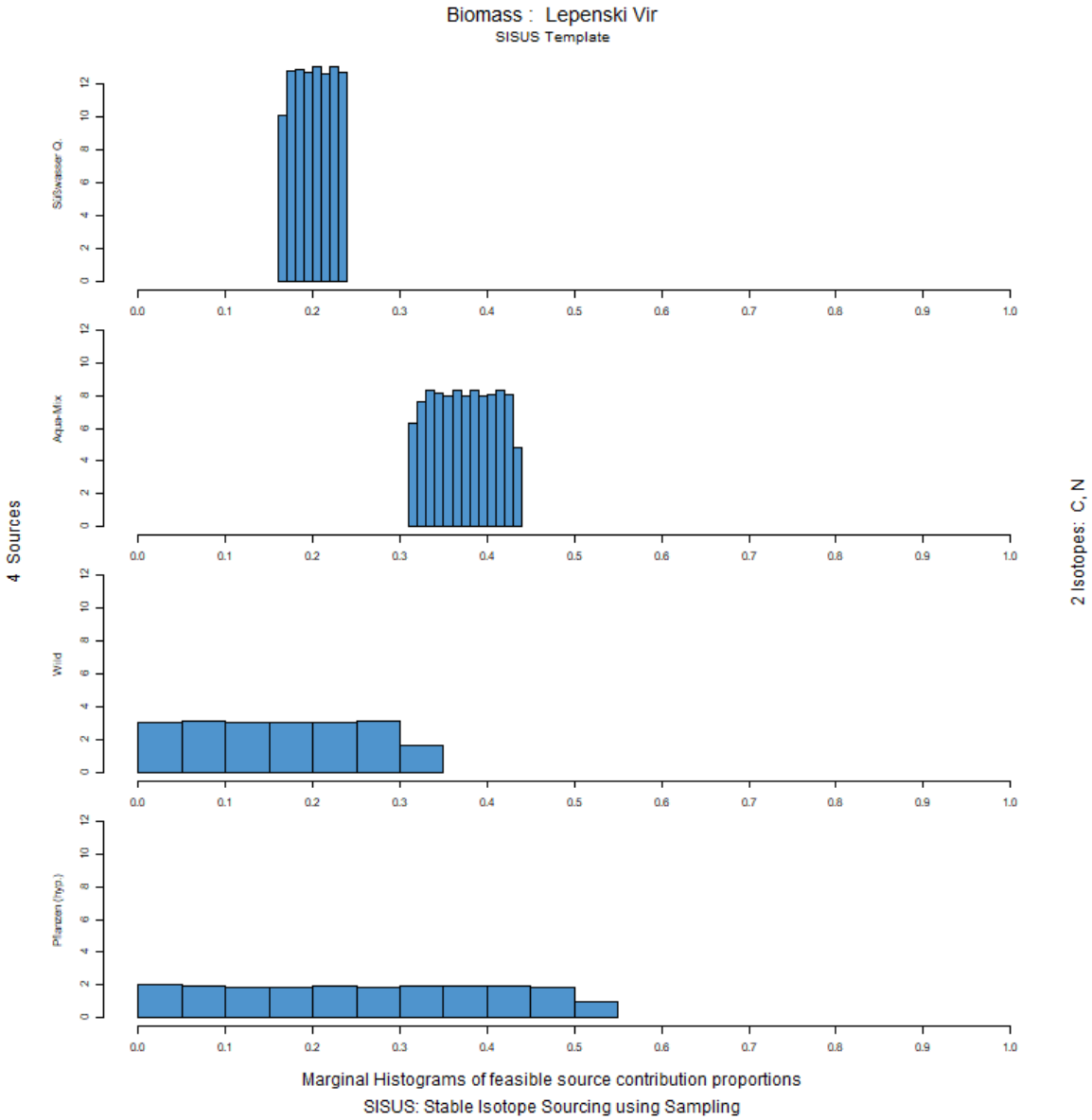


Abbildung A 180: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Lepenski Vir. Erstellt mit SISUS.

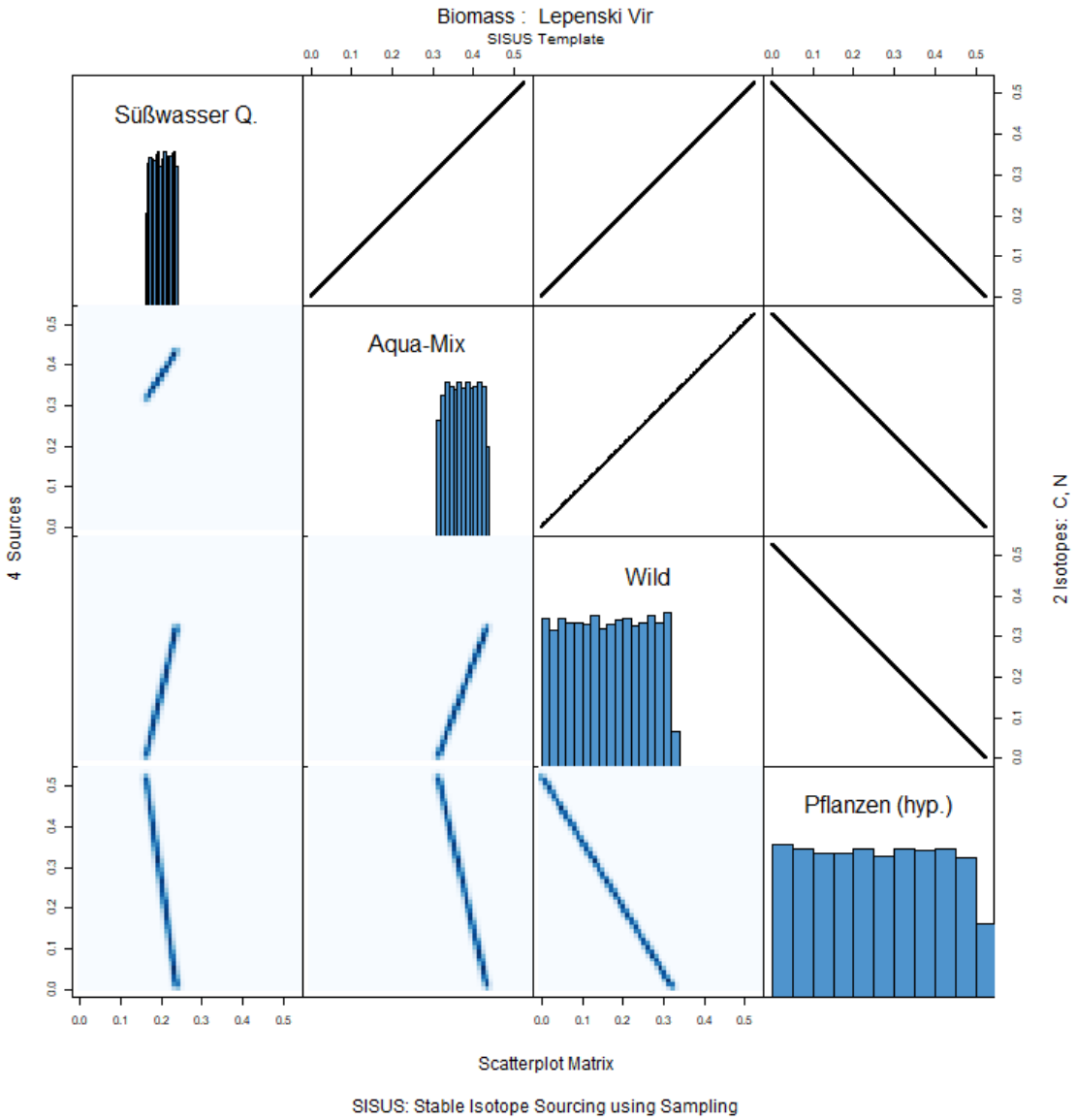


Abbildung A 181: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Lepenski Vir. Erstellt mit SISUS.

9.2.3.7 SISUS: Lepenski Vir – Populationsmedian

vor 6300 v. Chr.

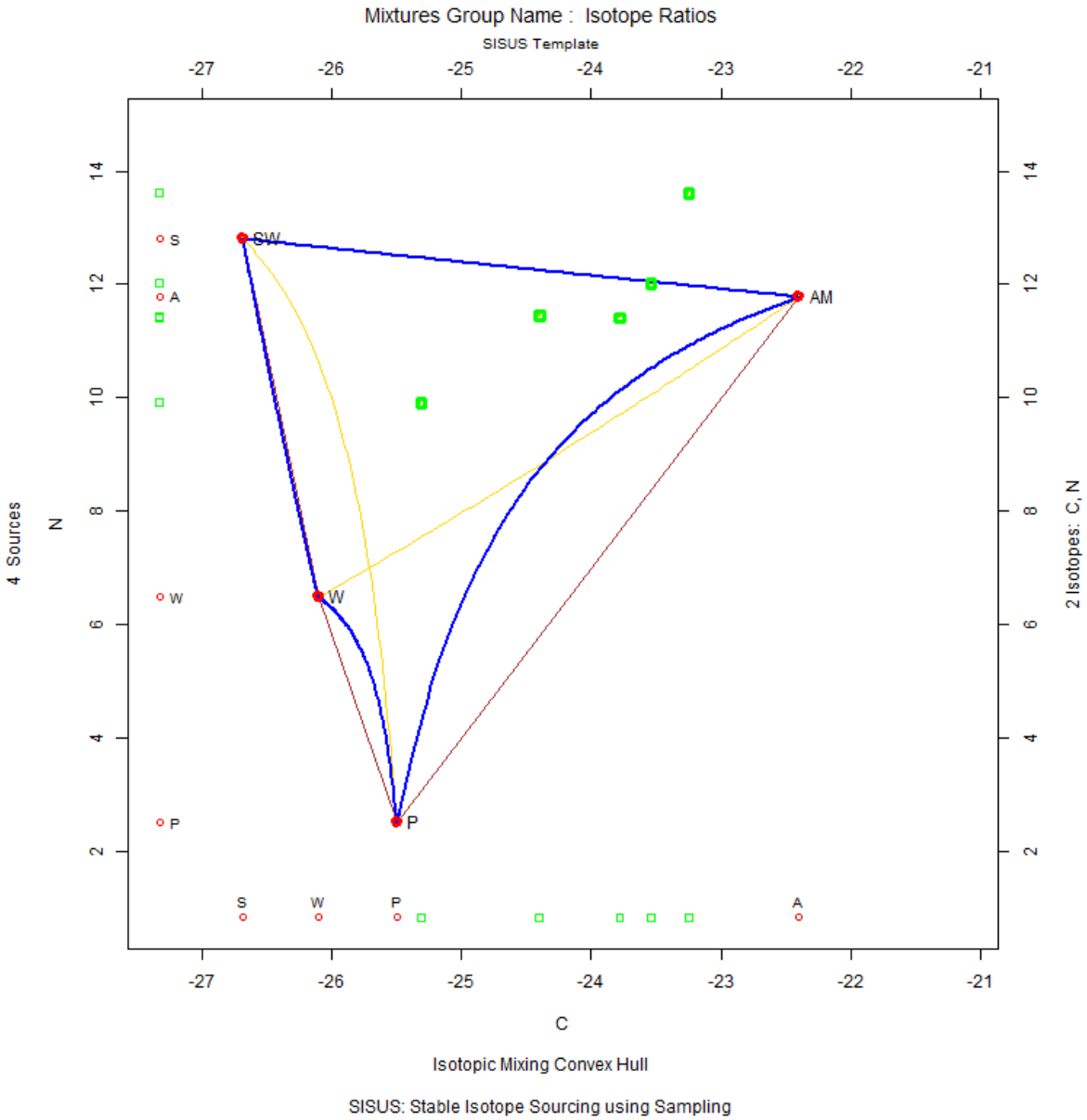


Abbildung A 182: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

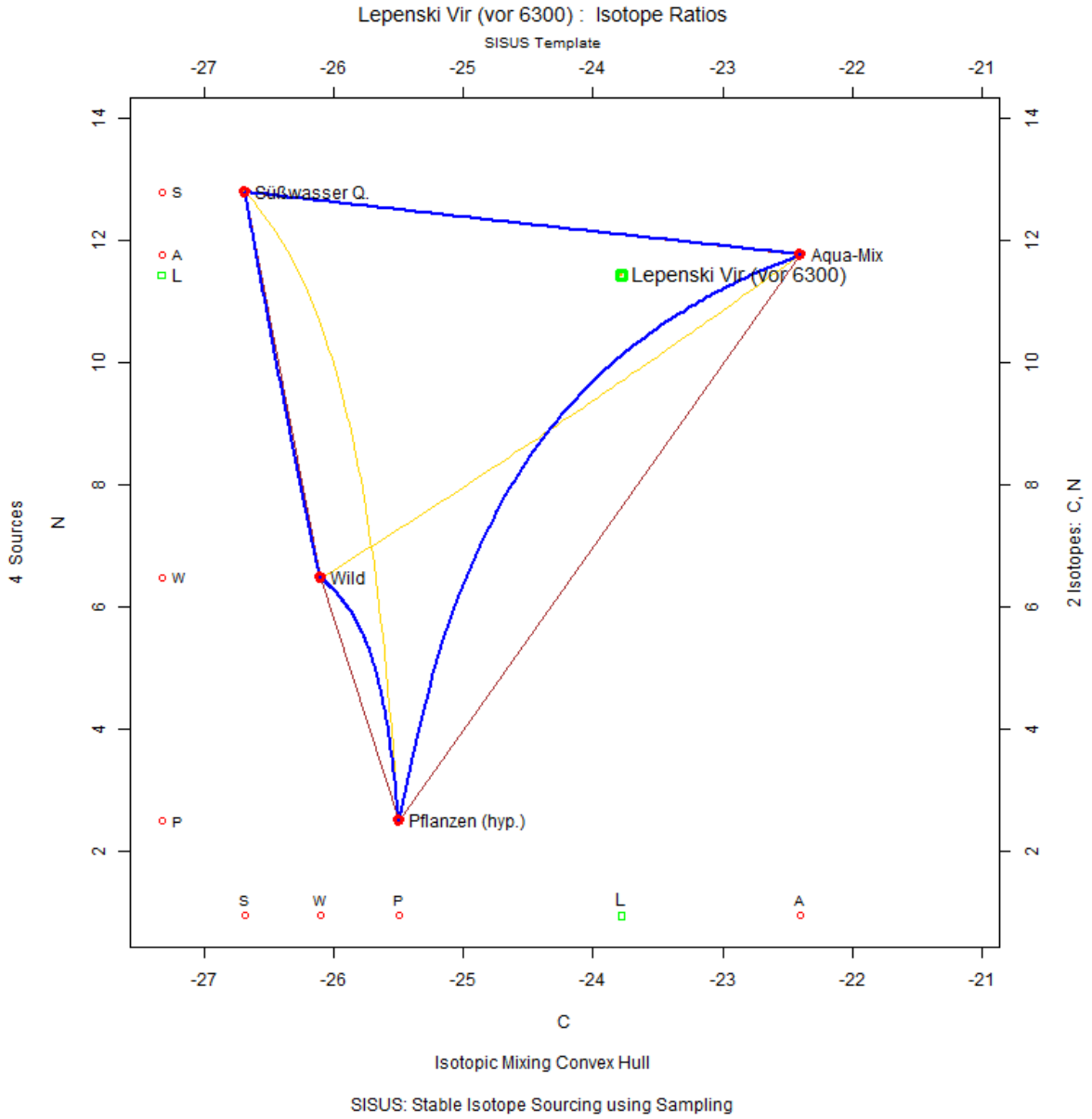


Abbildung A 183: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

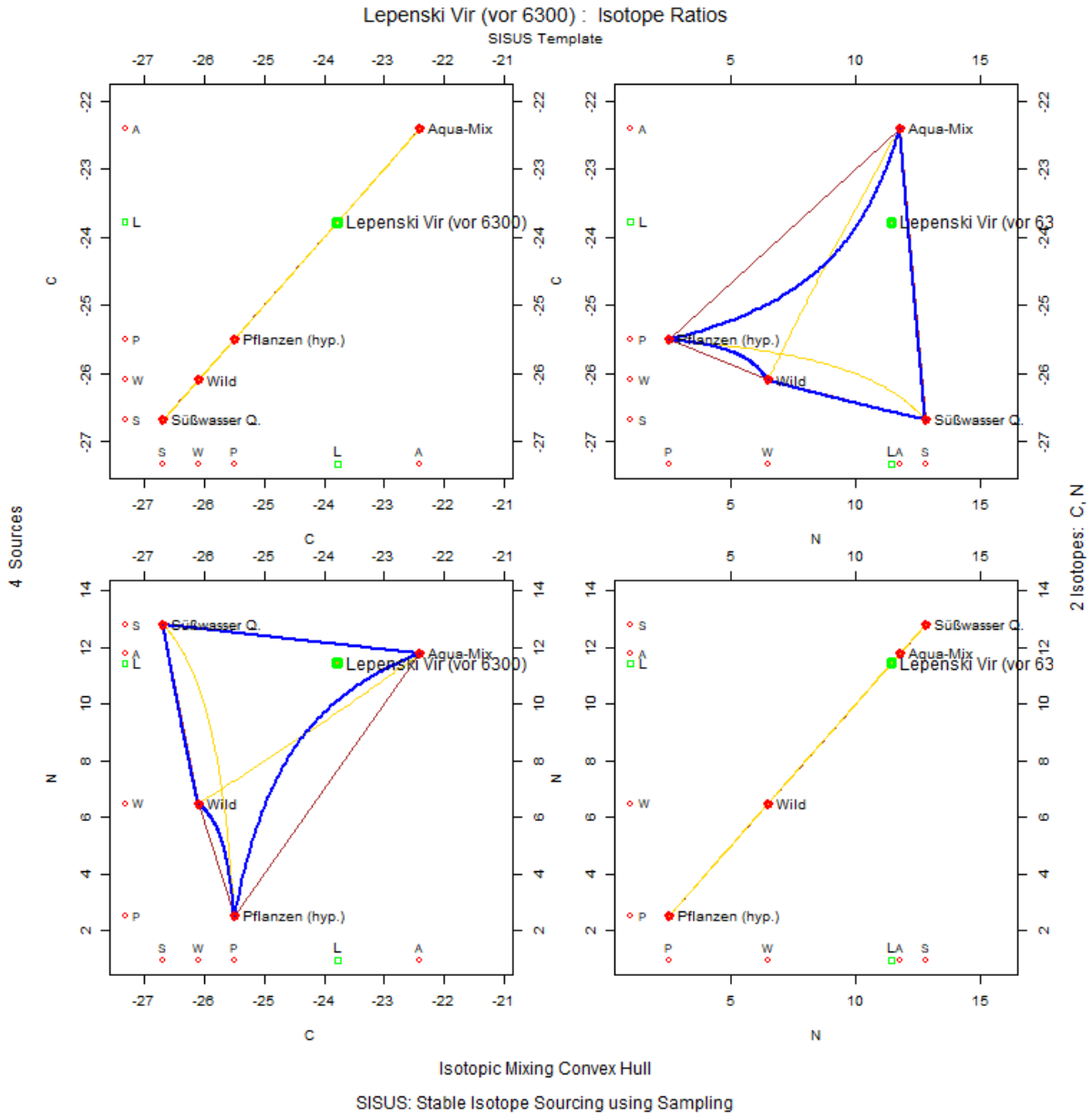


Abbildung A 184: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

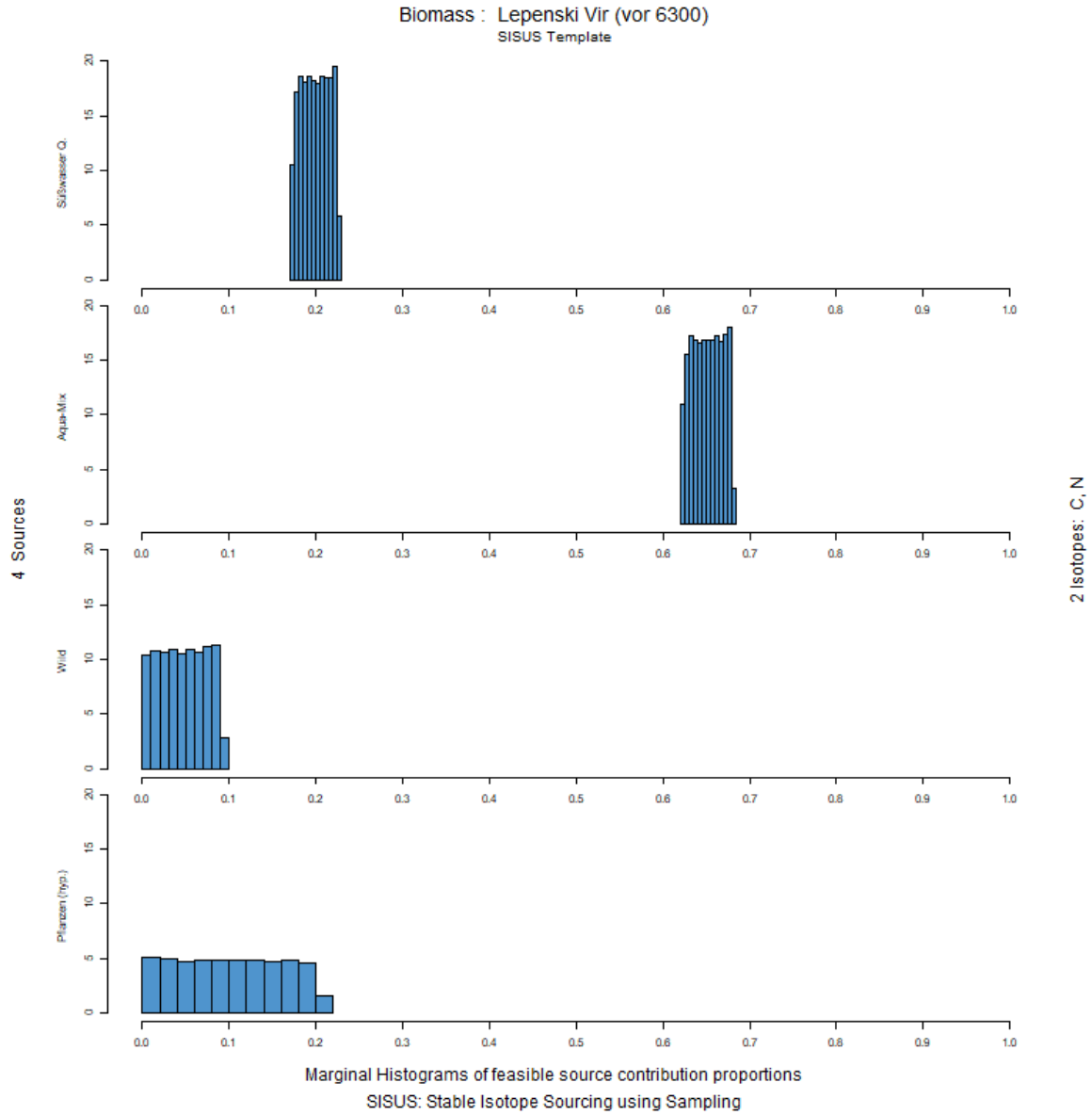


Abbildung A 185: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

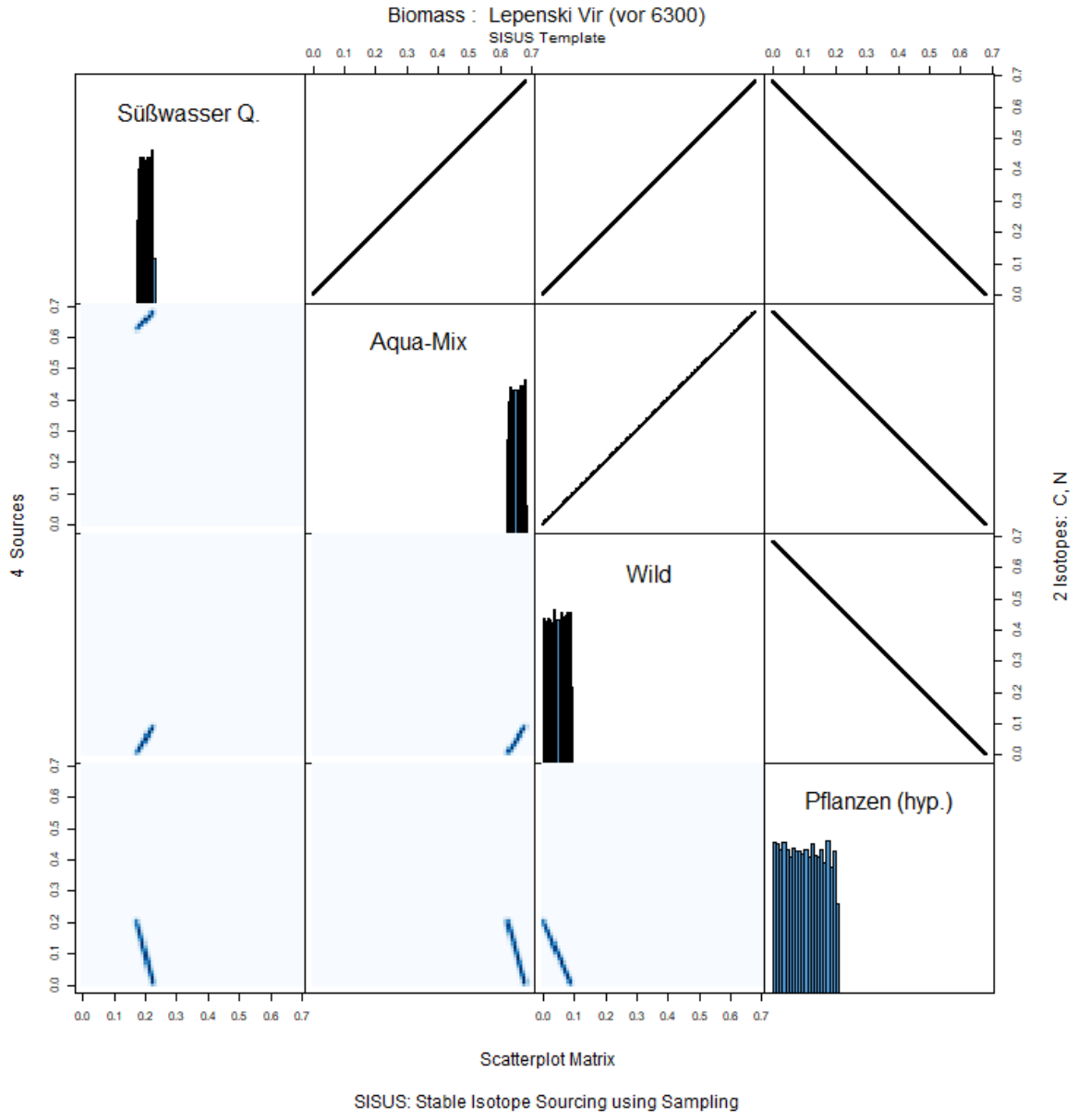


Abbildung A 186: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die vor 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

nach 6300 v. Chr.

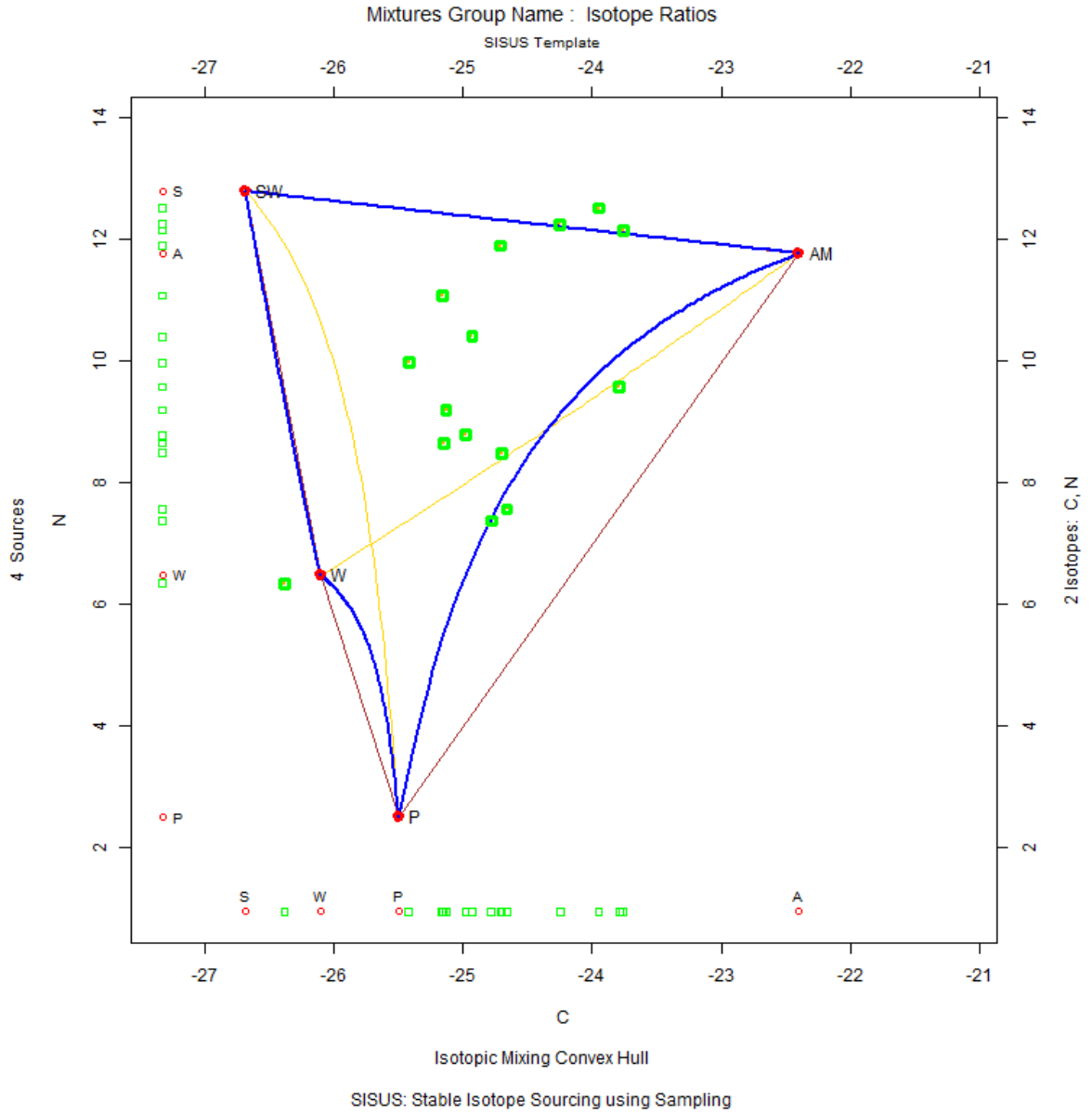


Abbildung A 187: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

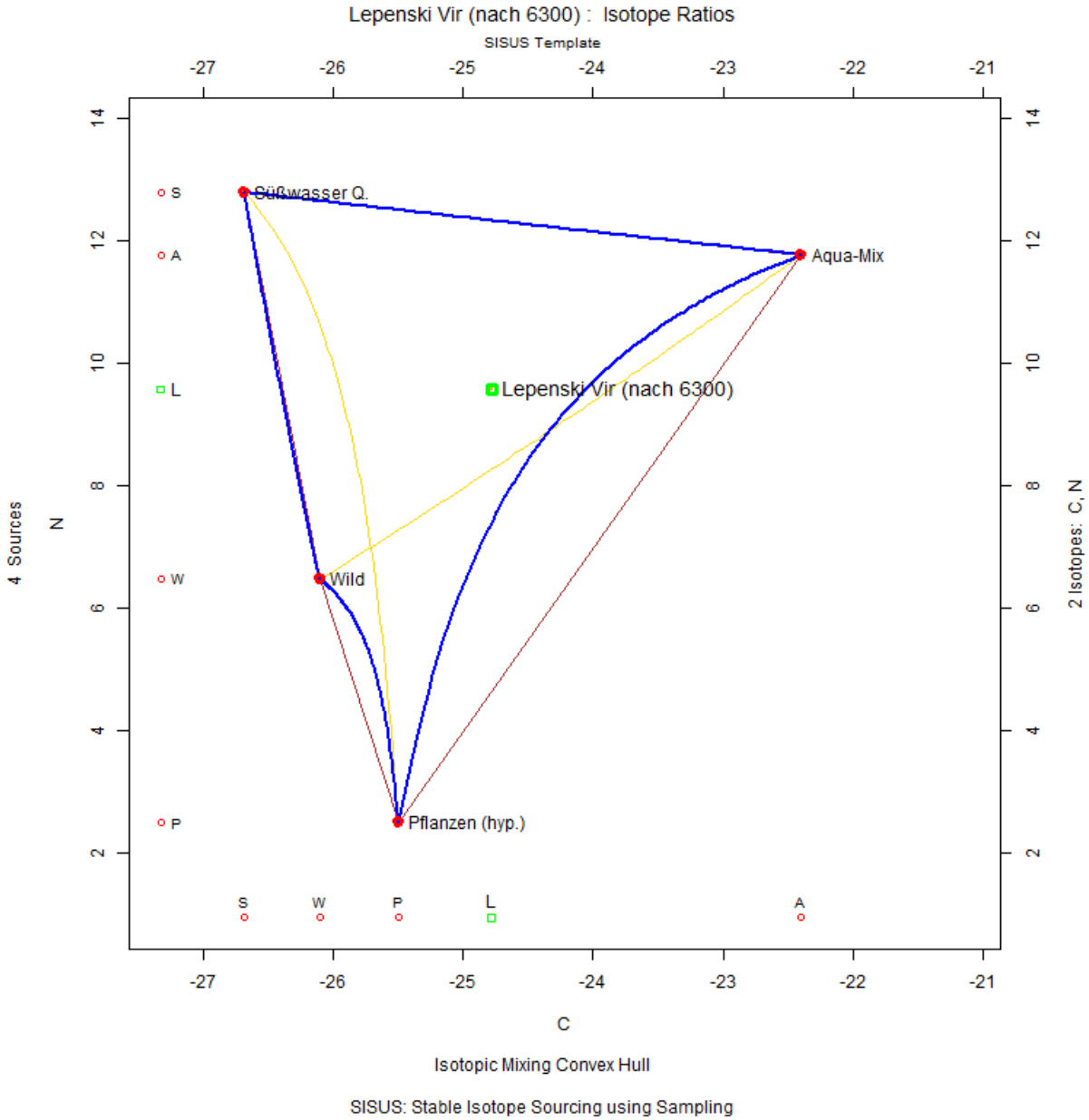


Abbildung A 188: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

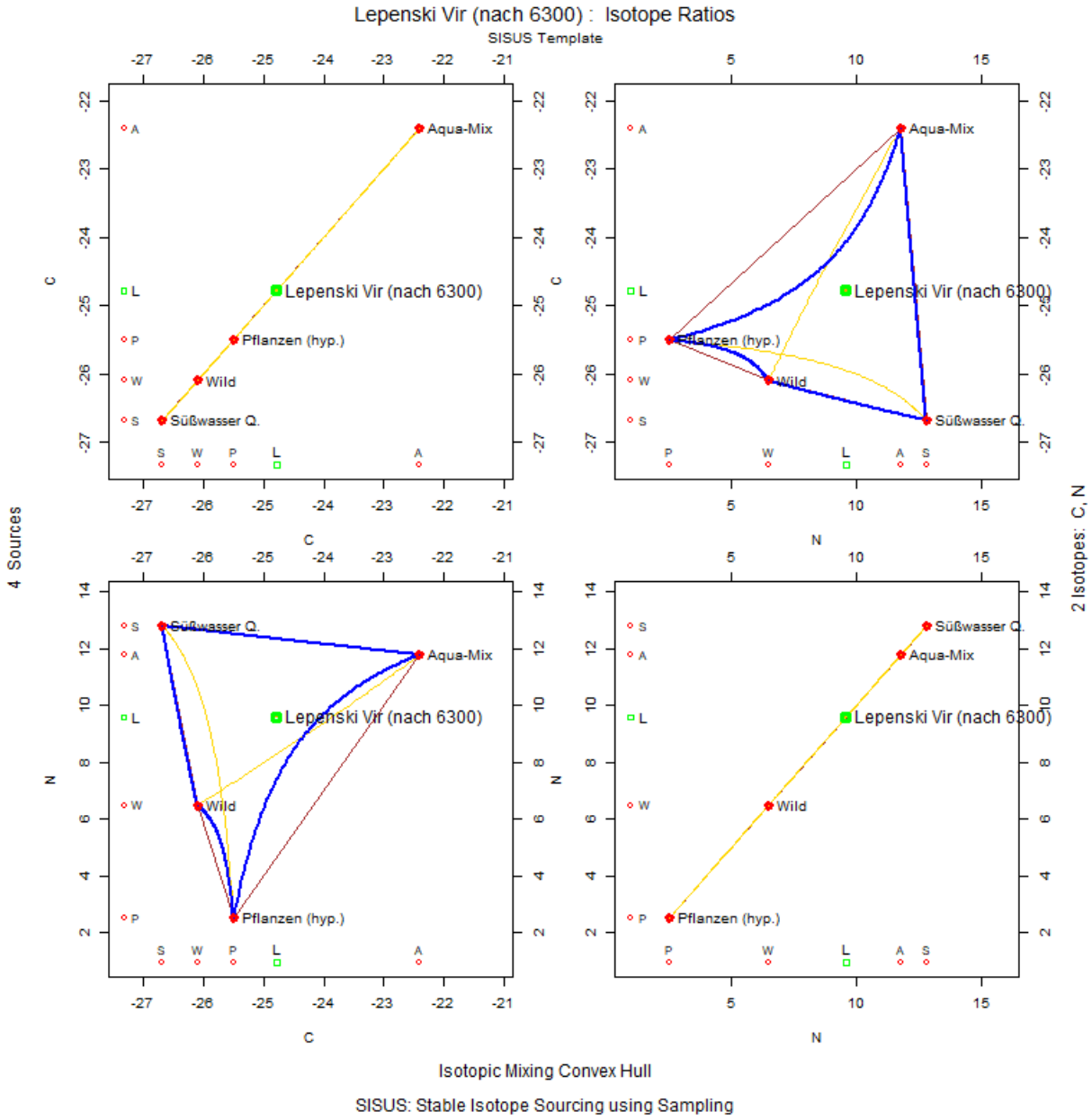


Abbildung A 189: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

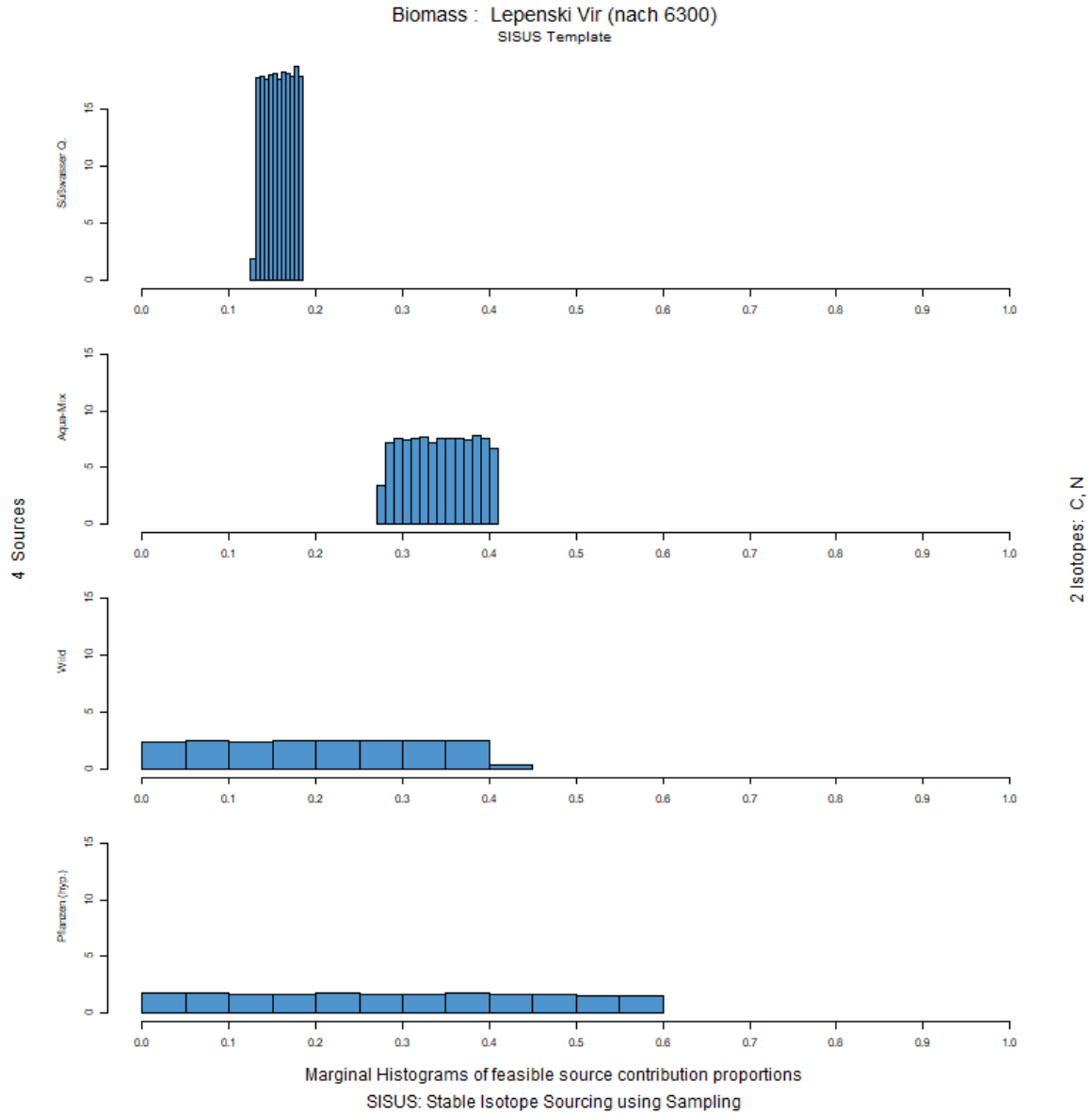


Abbildung A 190: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

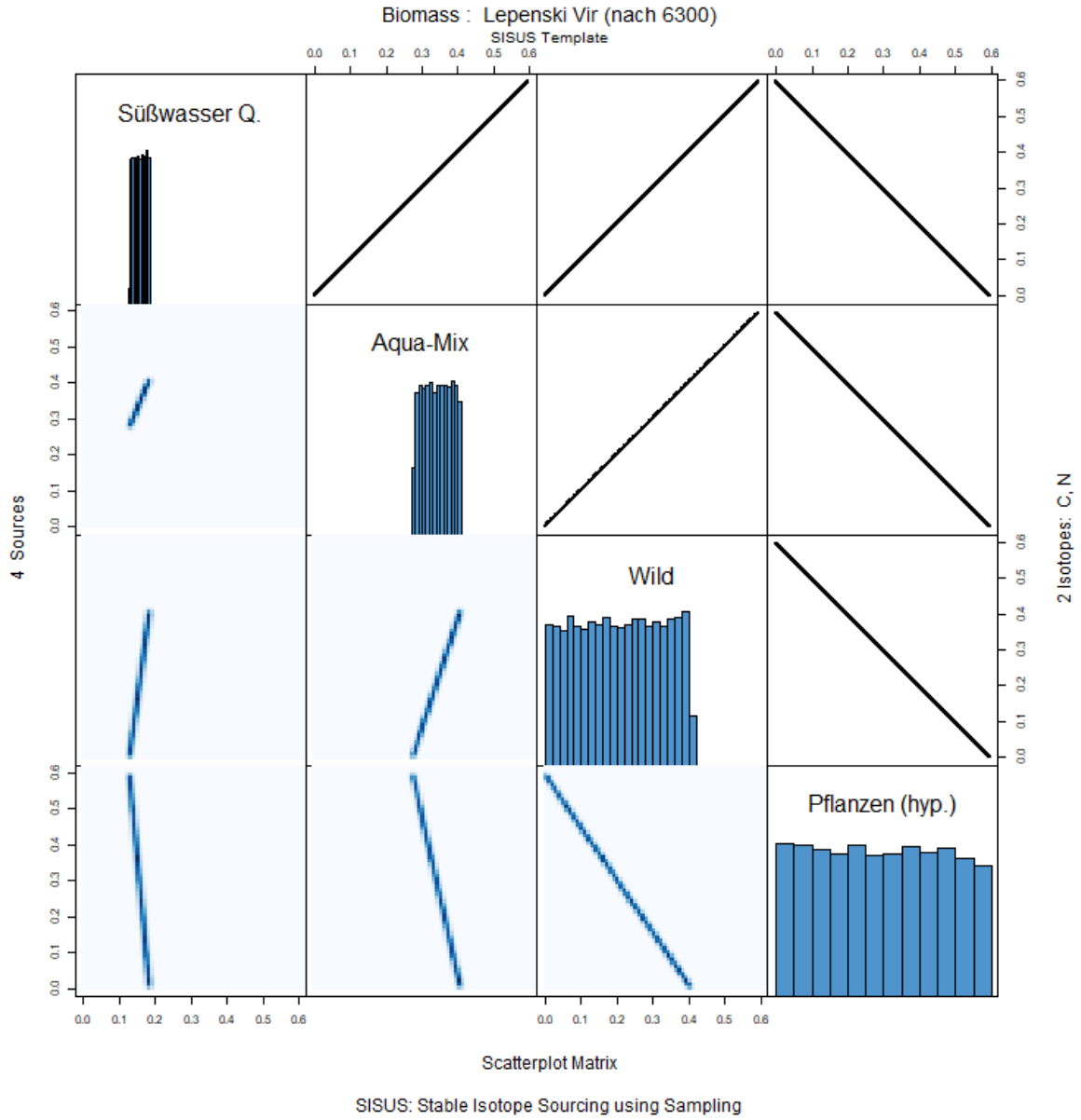


Abbildung A 191: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nach 6300 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

nicht datiert

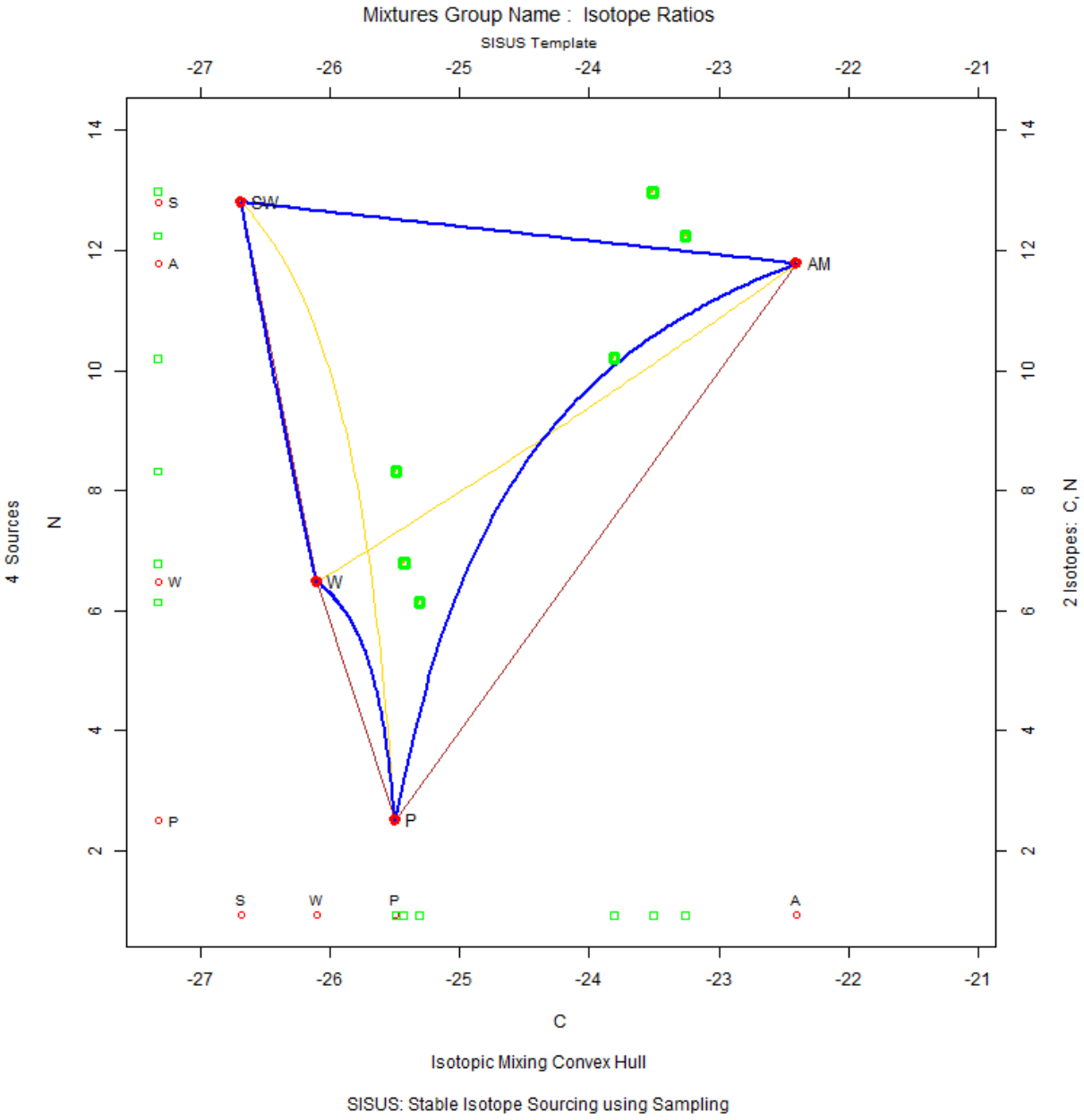


Abbildung A 192: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

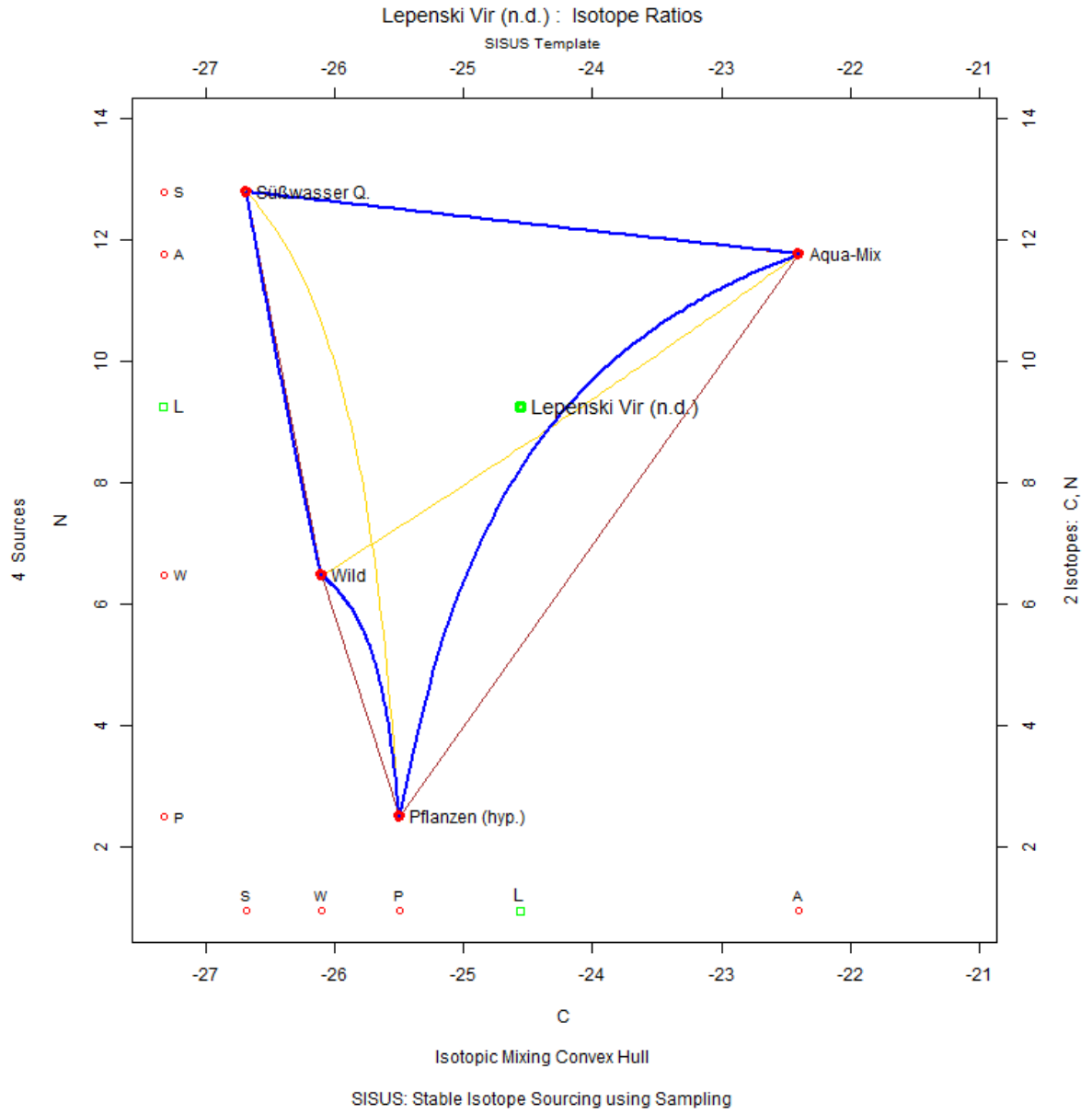


Abbildung A 193: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

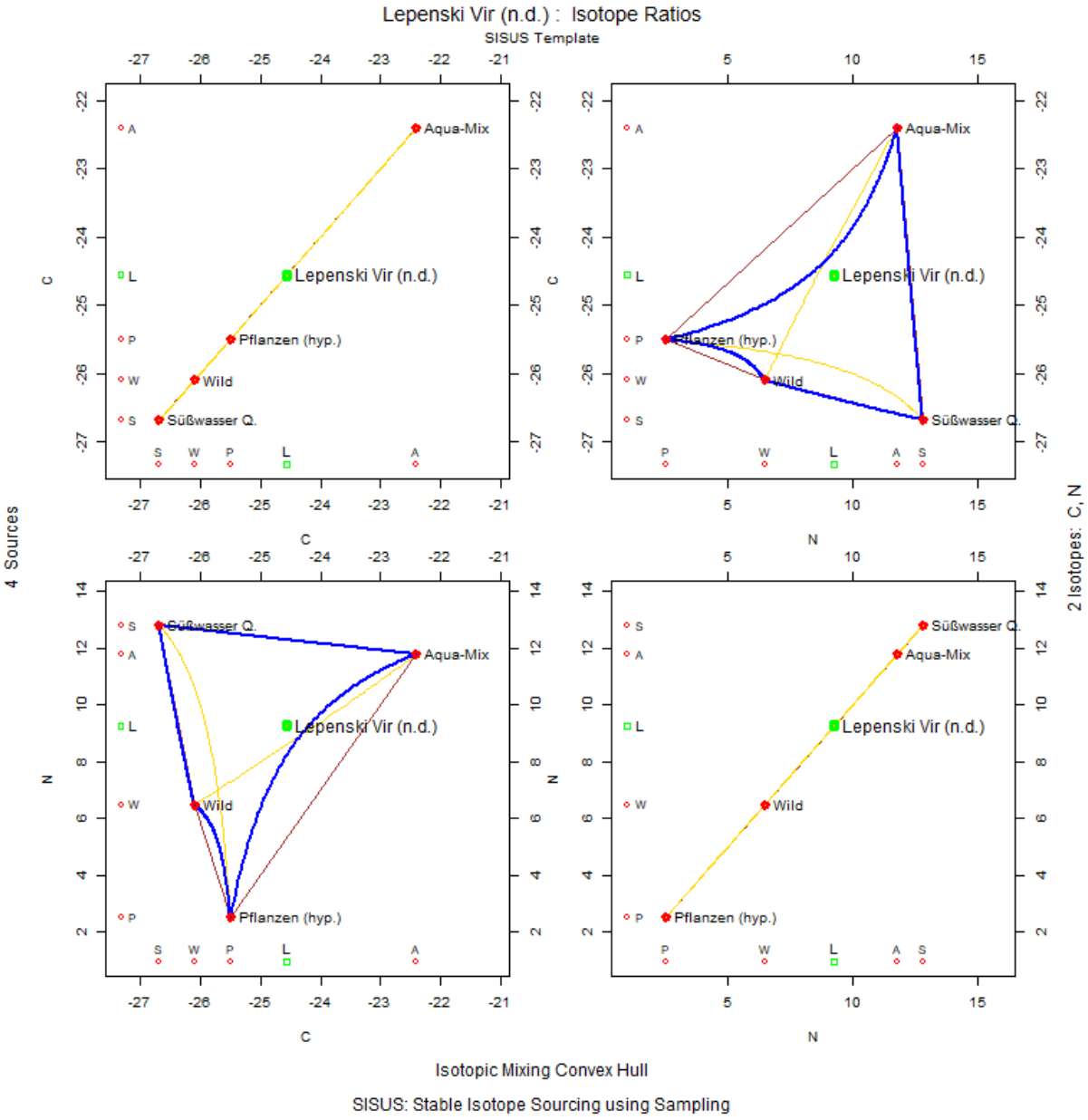


Abbildung A 194: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

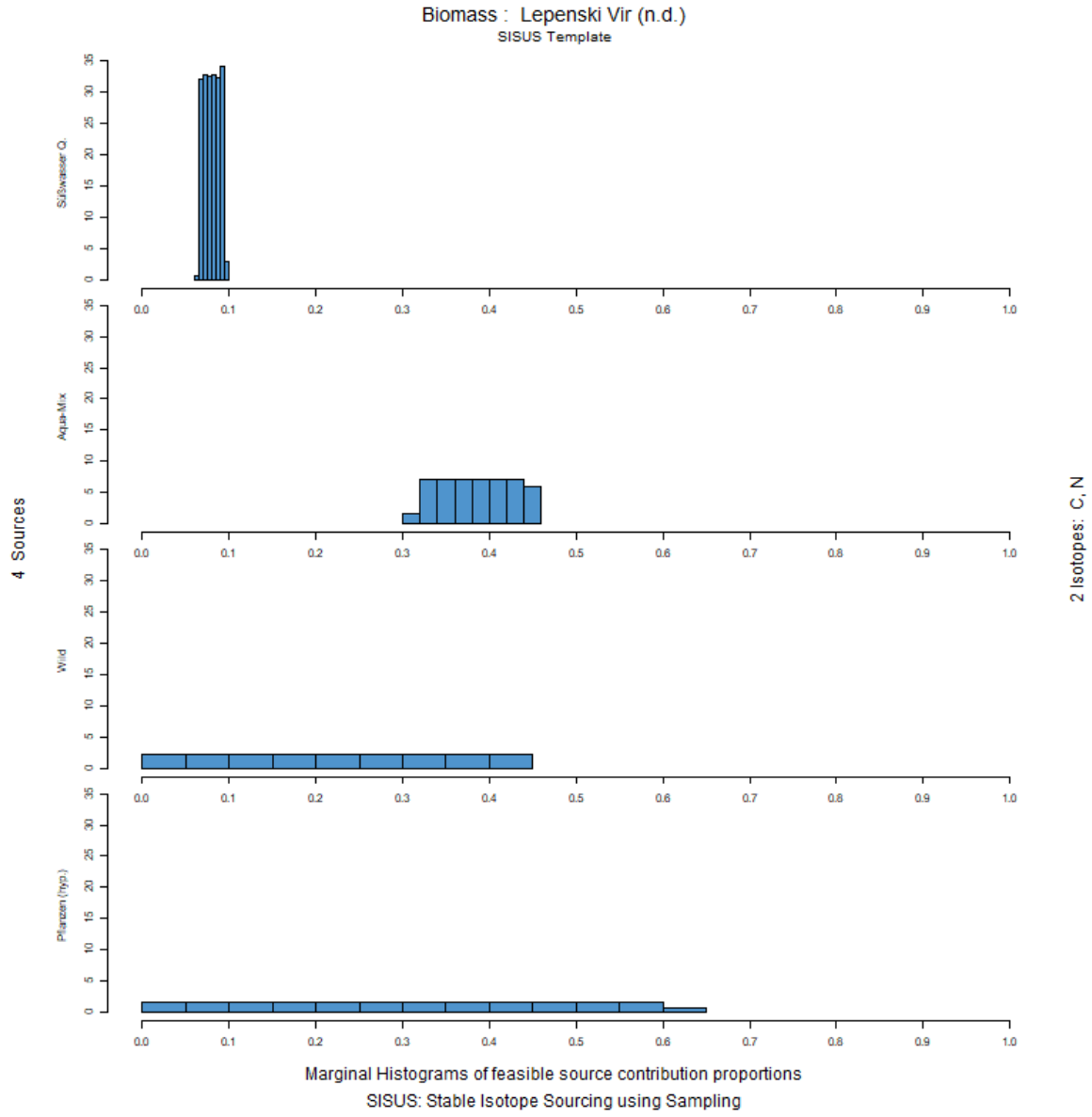


Abbildung A 195: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

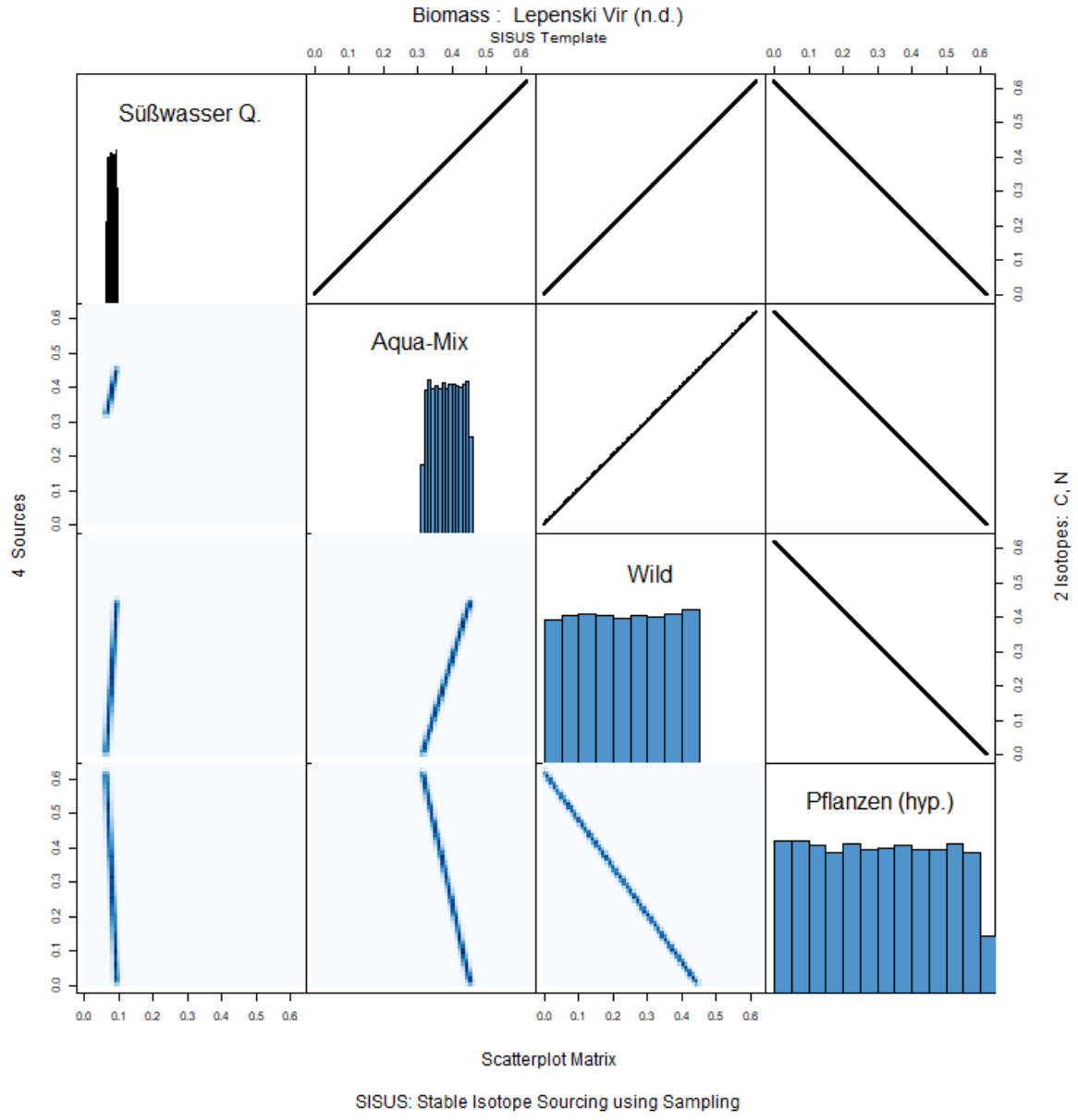


Abbildung A 196: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Lepenski Vir, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

9.2.3.8 SISUS: Vlasac – Populationsmedian

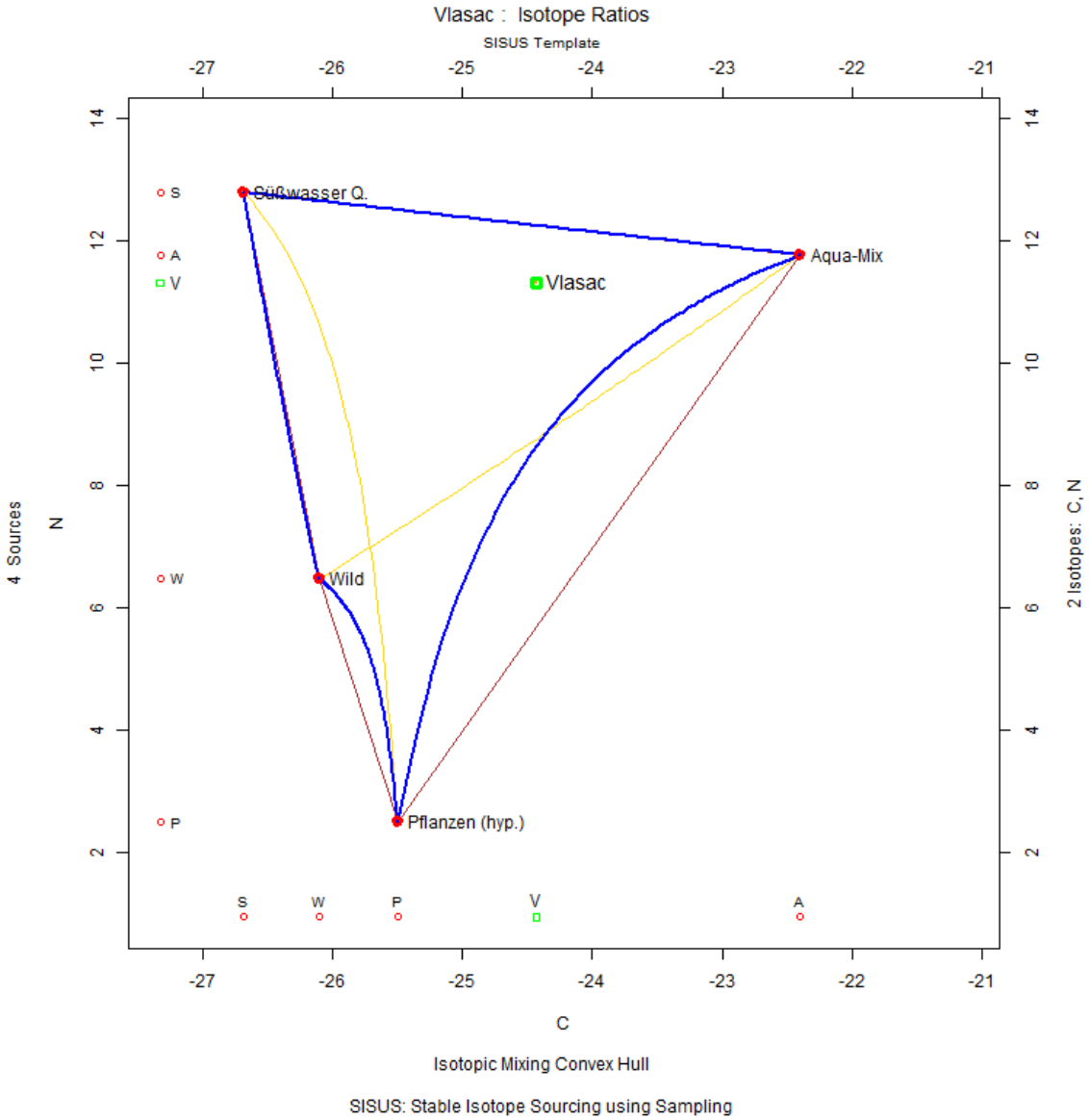


Abbildung A 197: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Vlasac Erstellt mit SISUS.

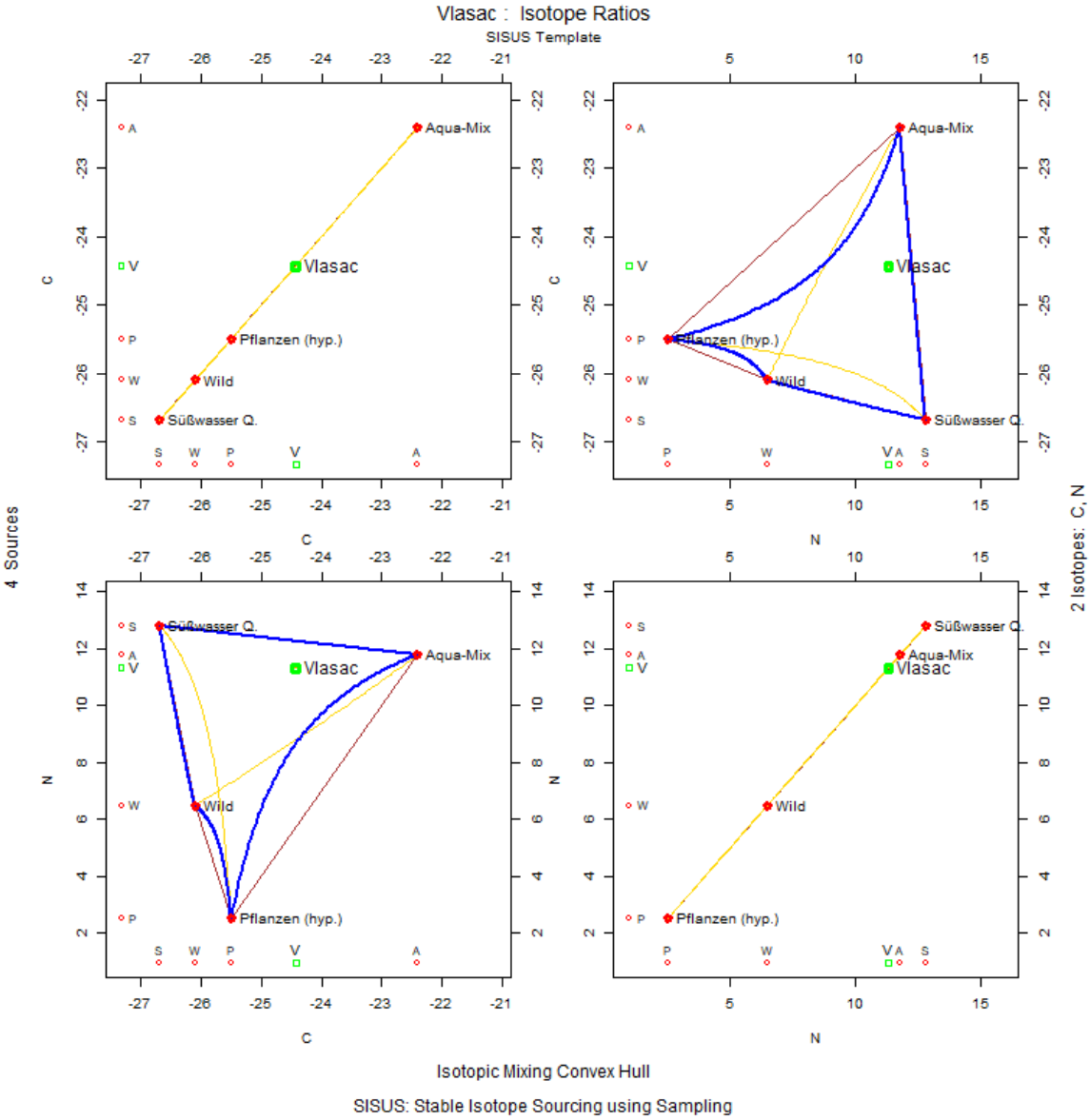


Abbildung A 198: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Vlasac in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

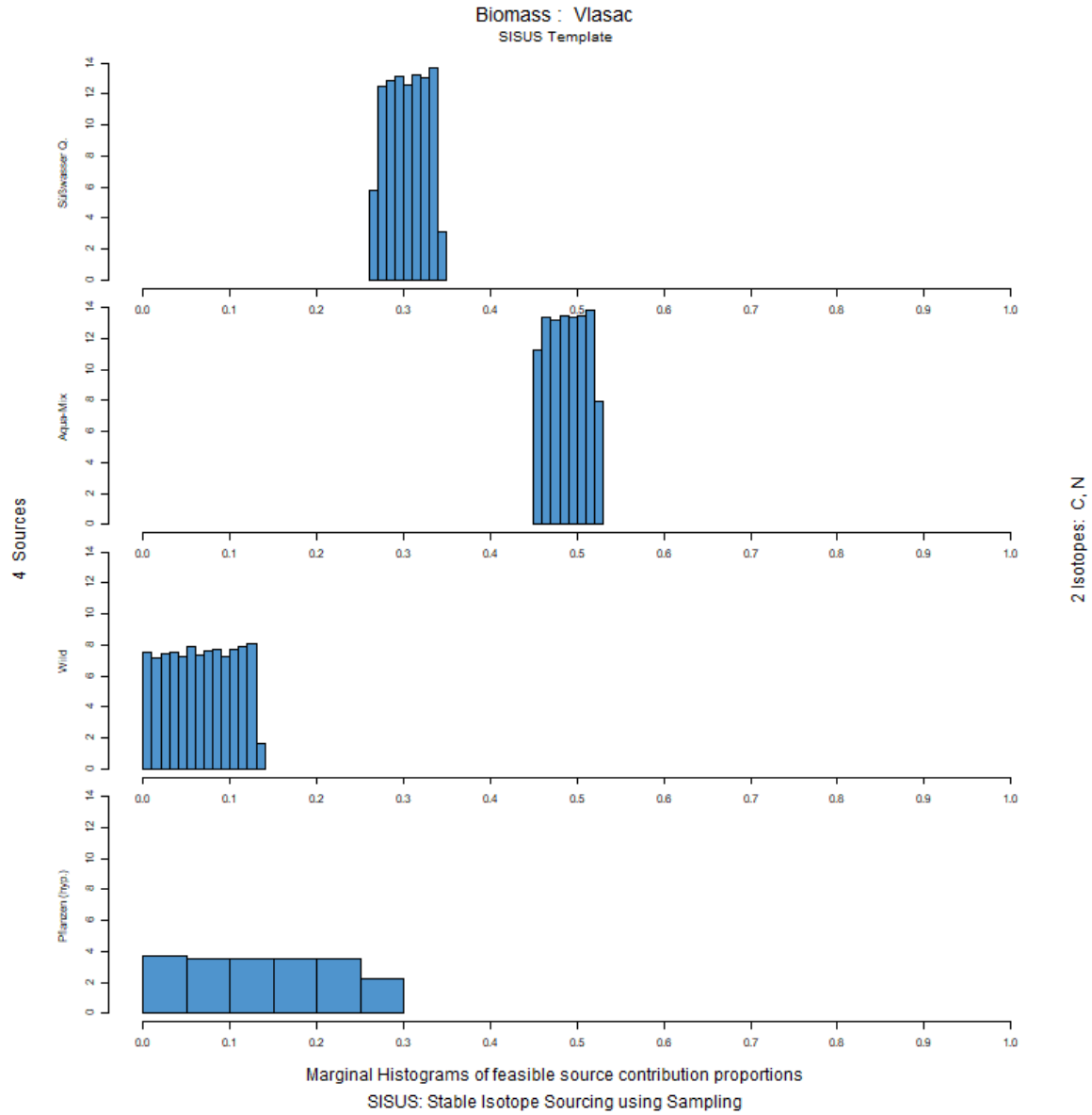


Abbildung A 199: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Vlasac. Erstellt mit SISUS.

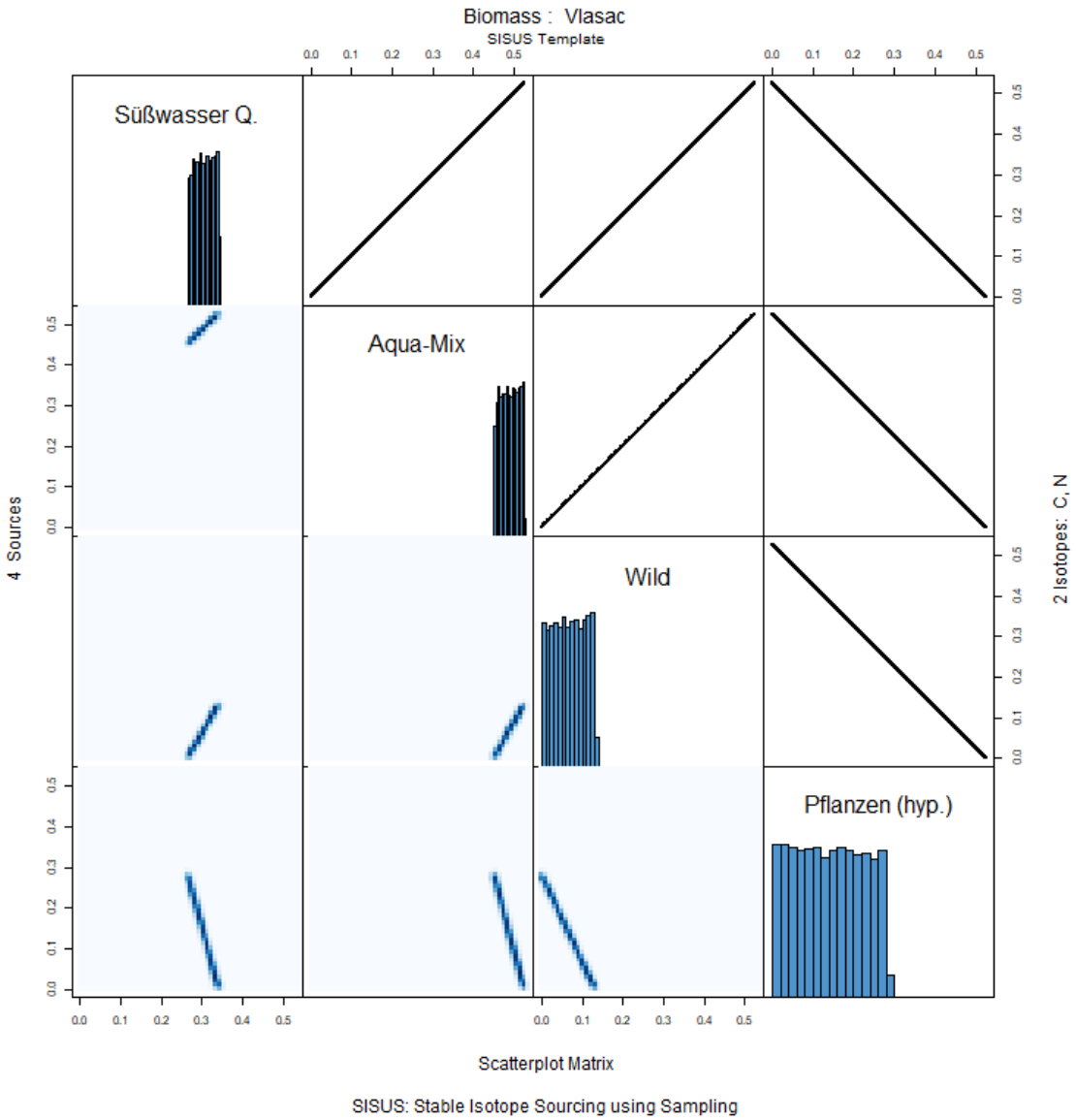


Abbildung A 200: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Vlasac. Erstellt mit SISUS.

9.2.3.9 SISUS: Vlasac – Populationsmedian

vor 7600 v. Chr.

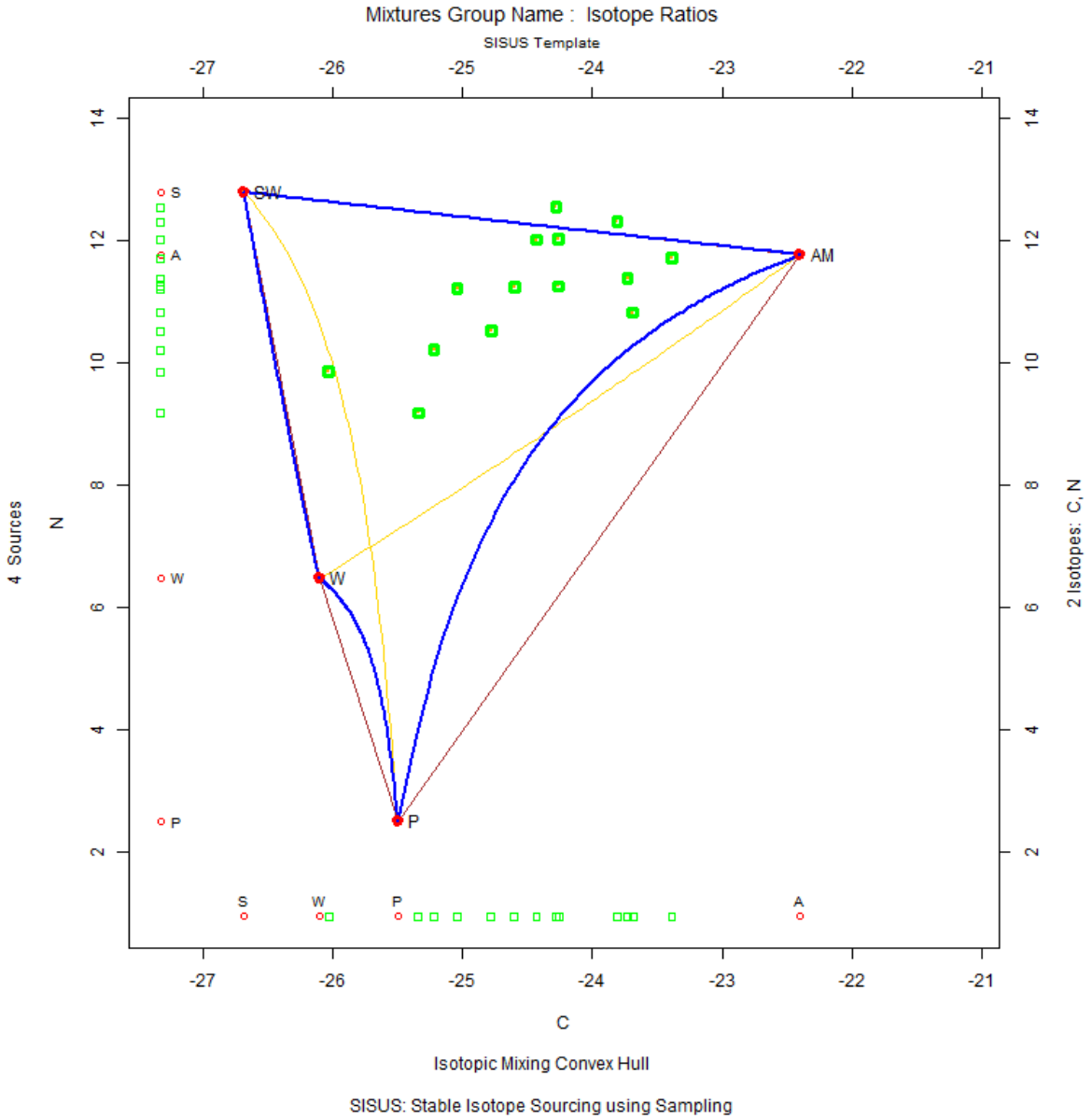


Abbildung A 201: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

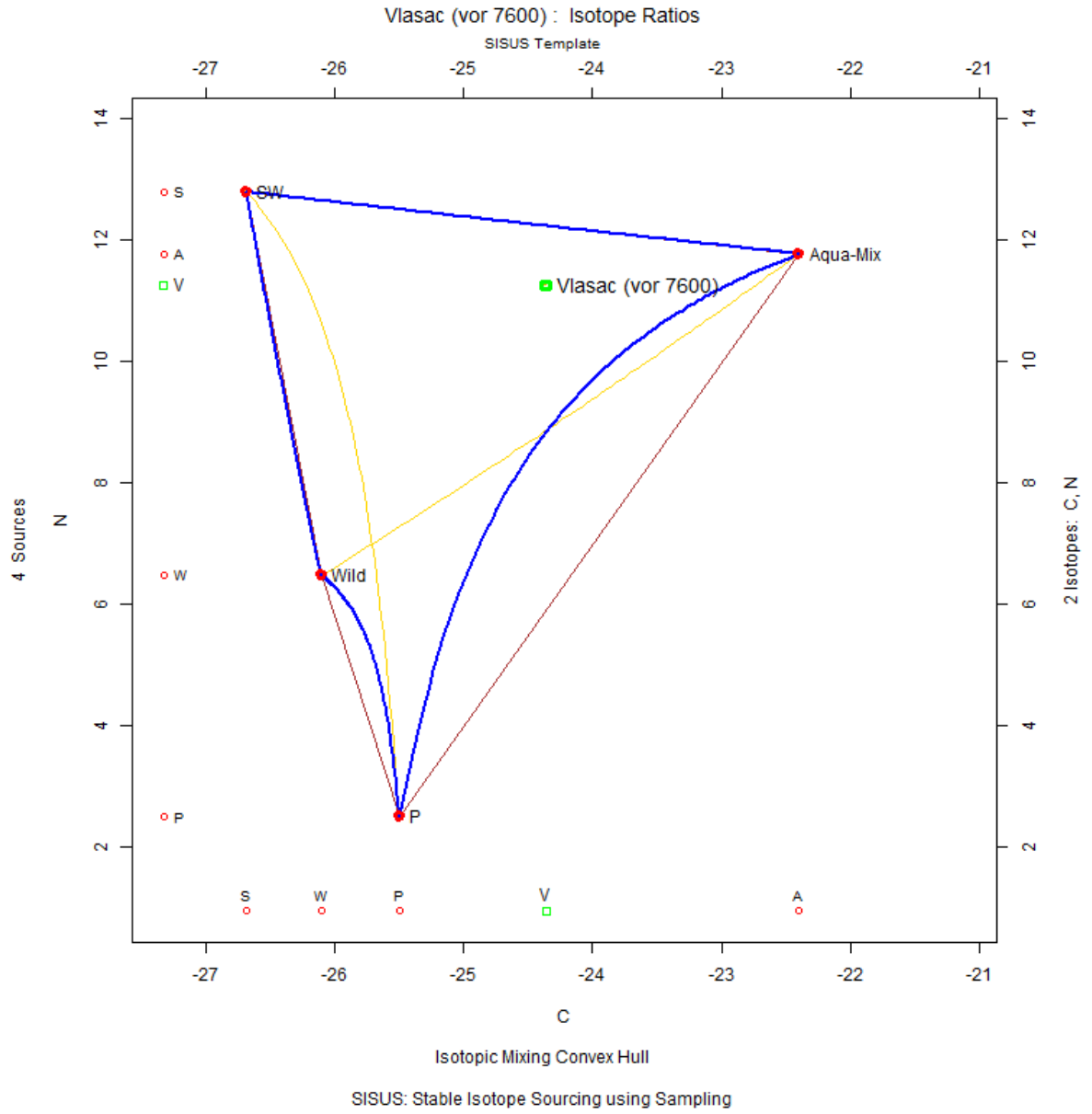


Abbildung A 202: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

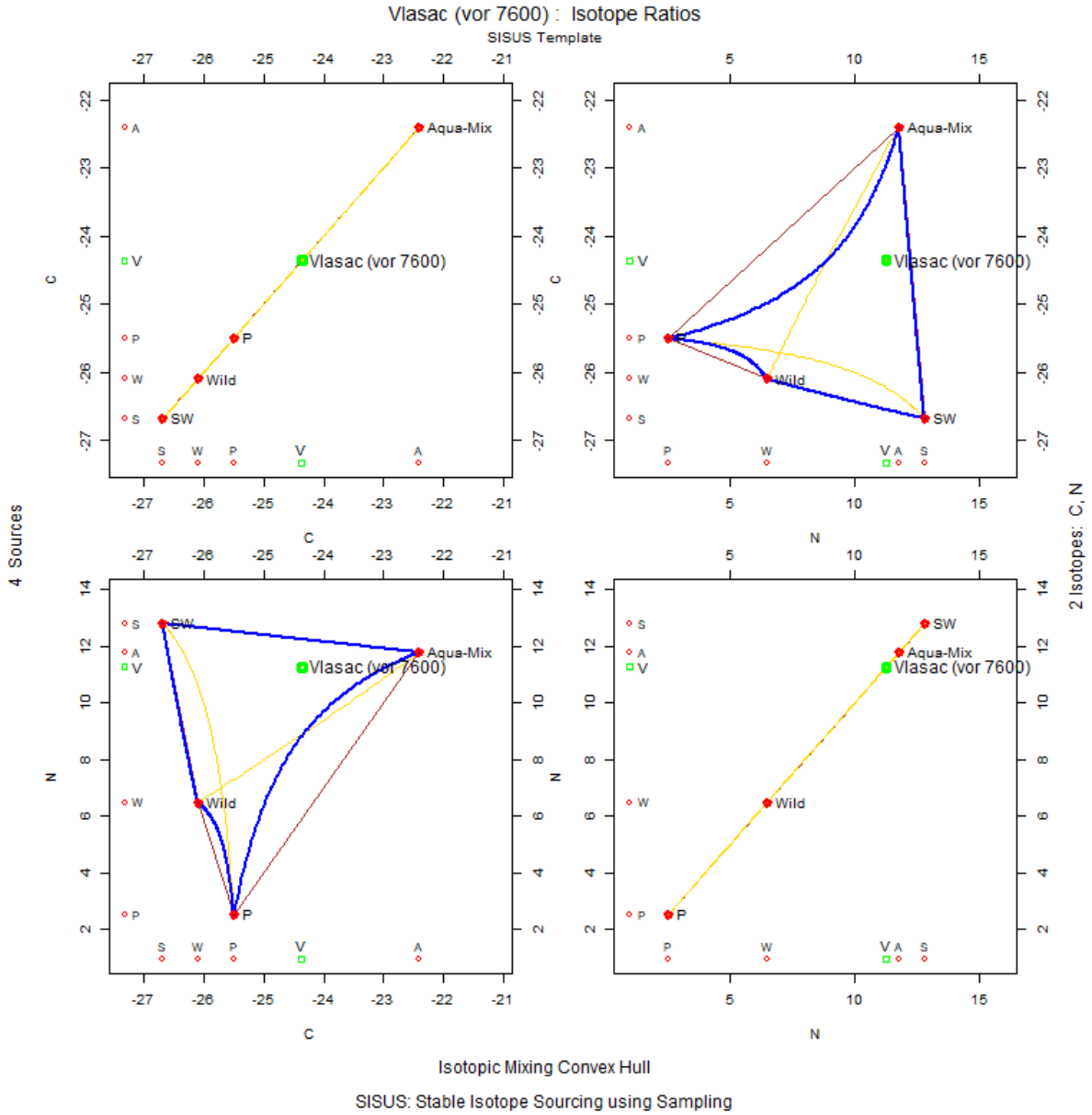


Abbildung A 203: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

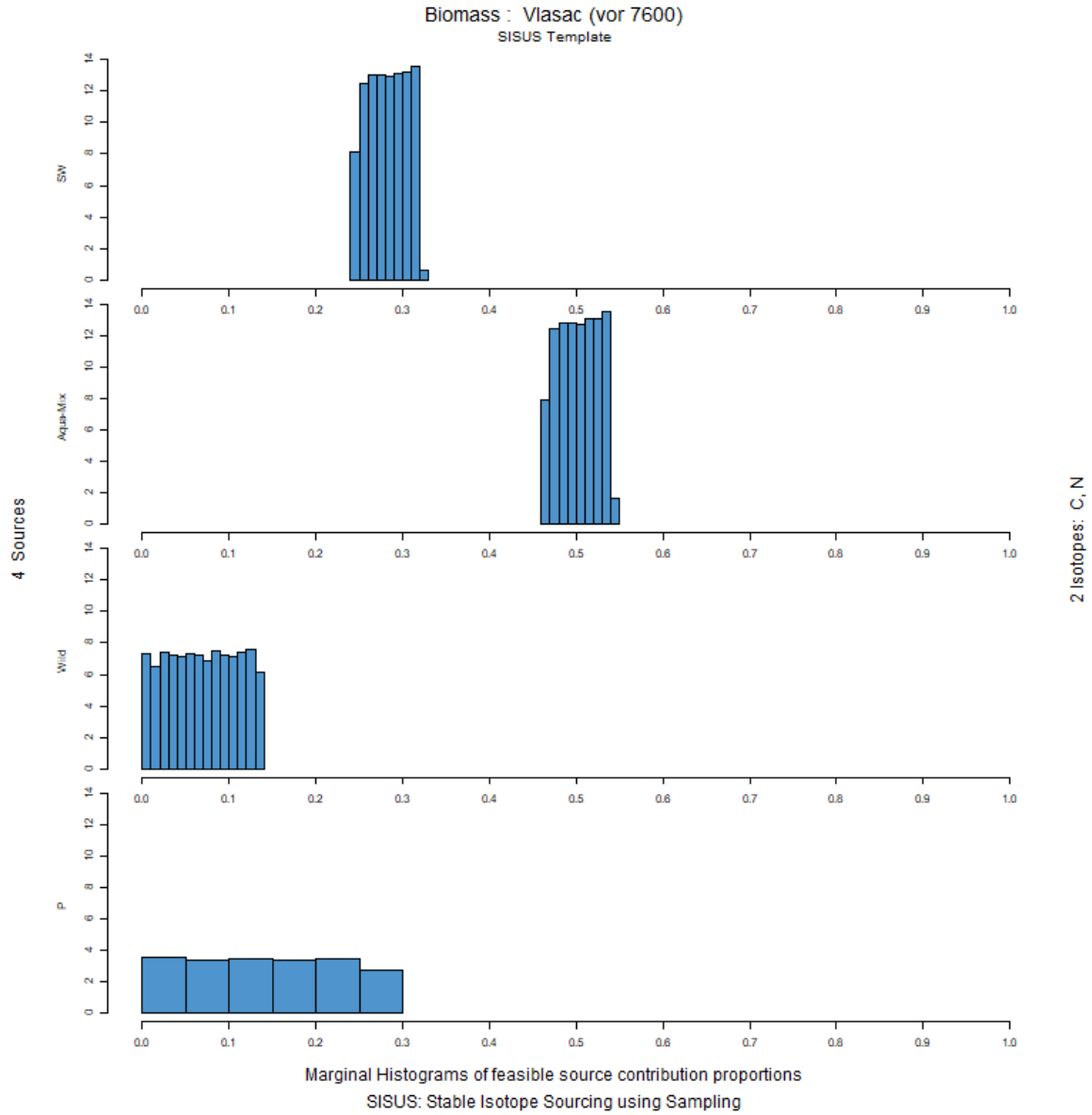


Abbildung A 204: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

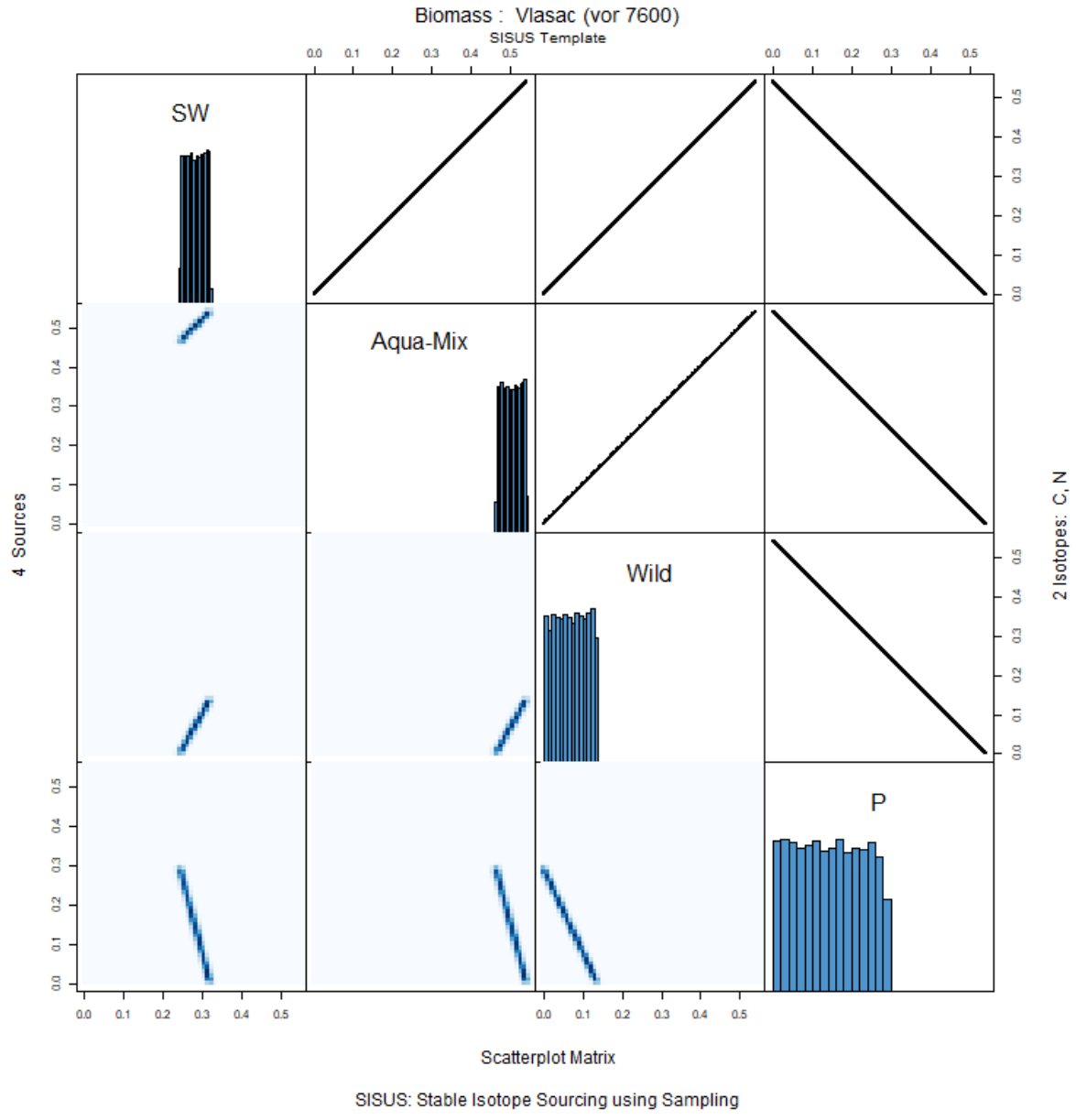


Abbildung A 205: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

nach 7600 v. Chr.

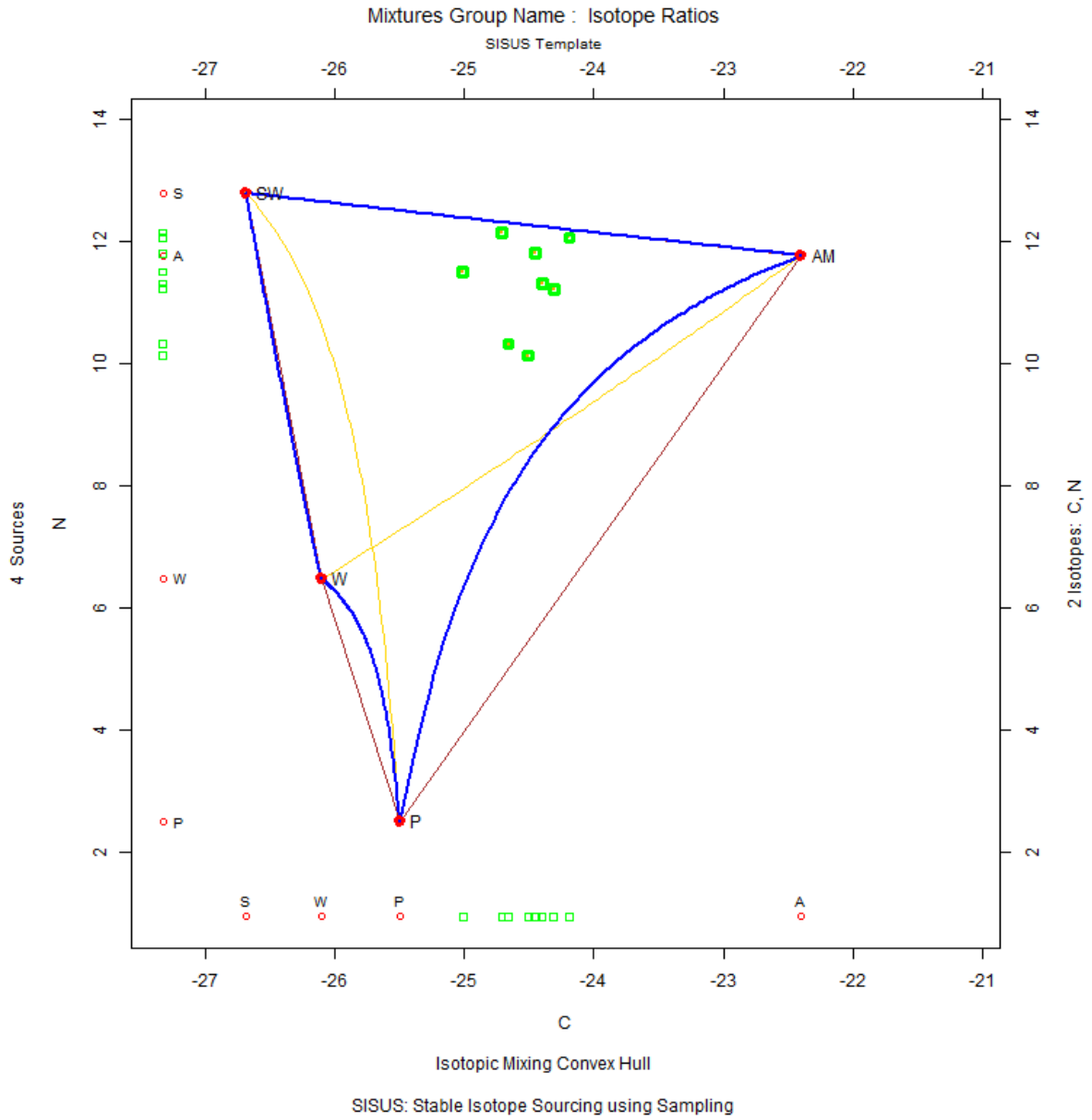


Abbildung A 206: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

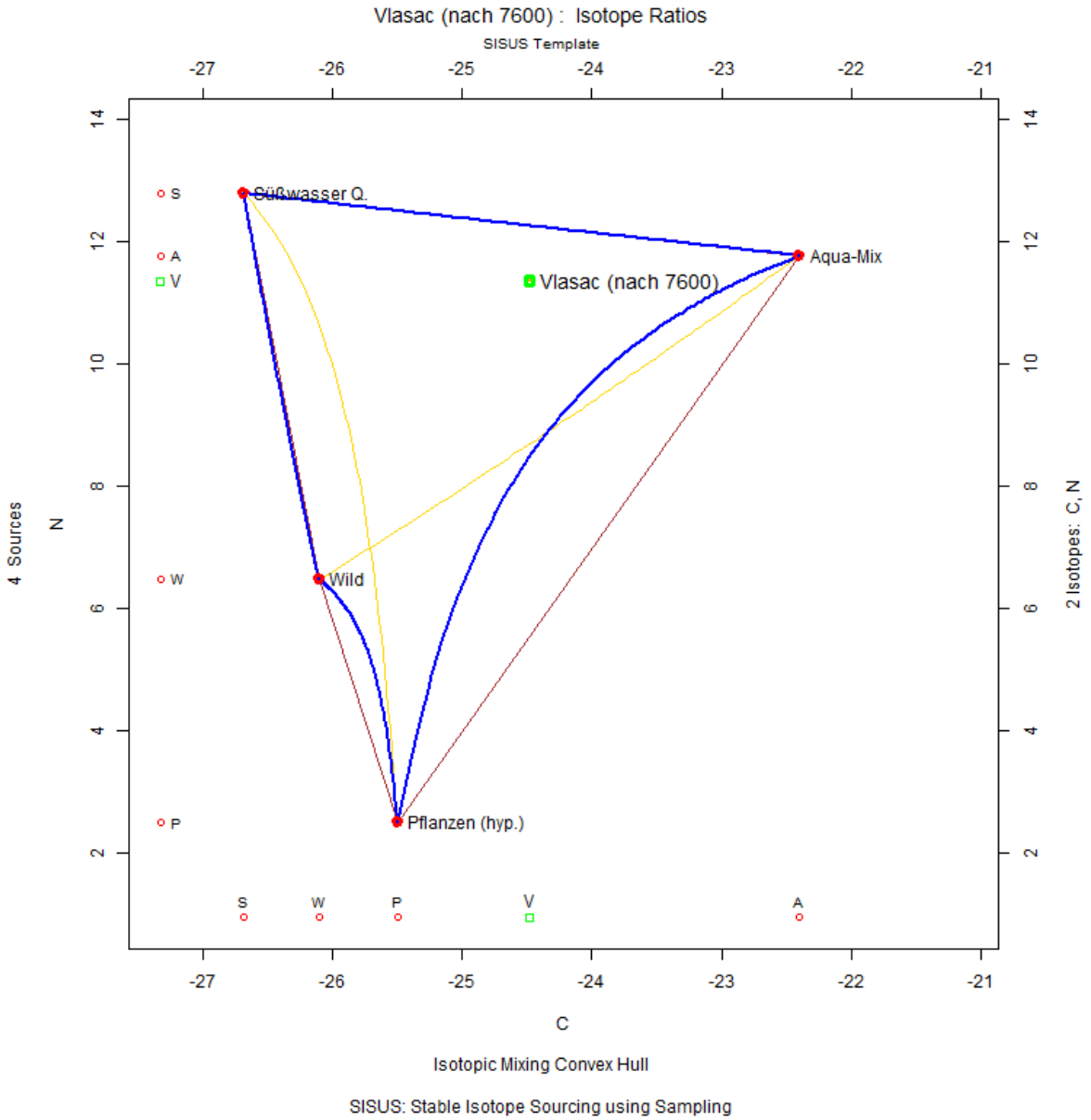


Abbildung A 207: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die vor 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

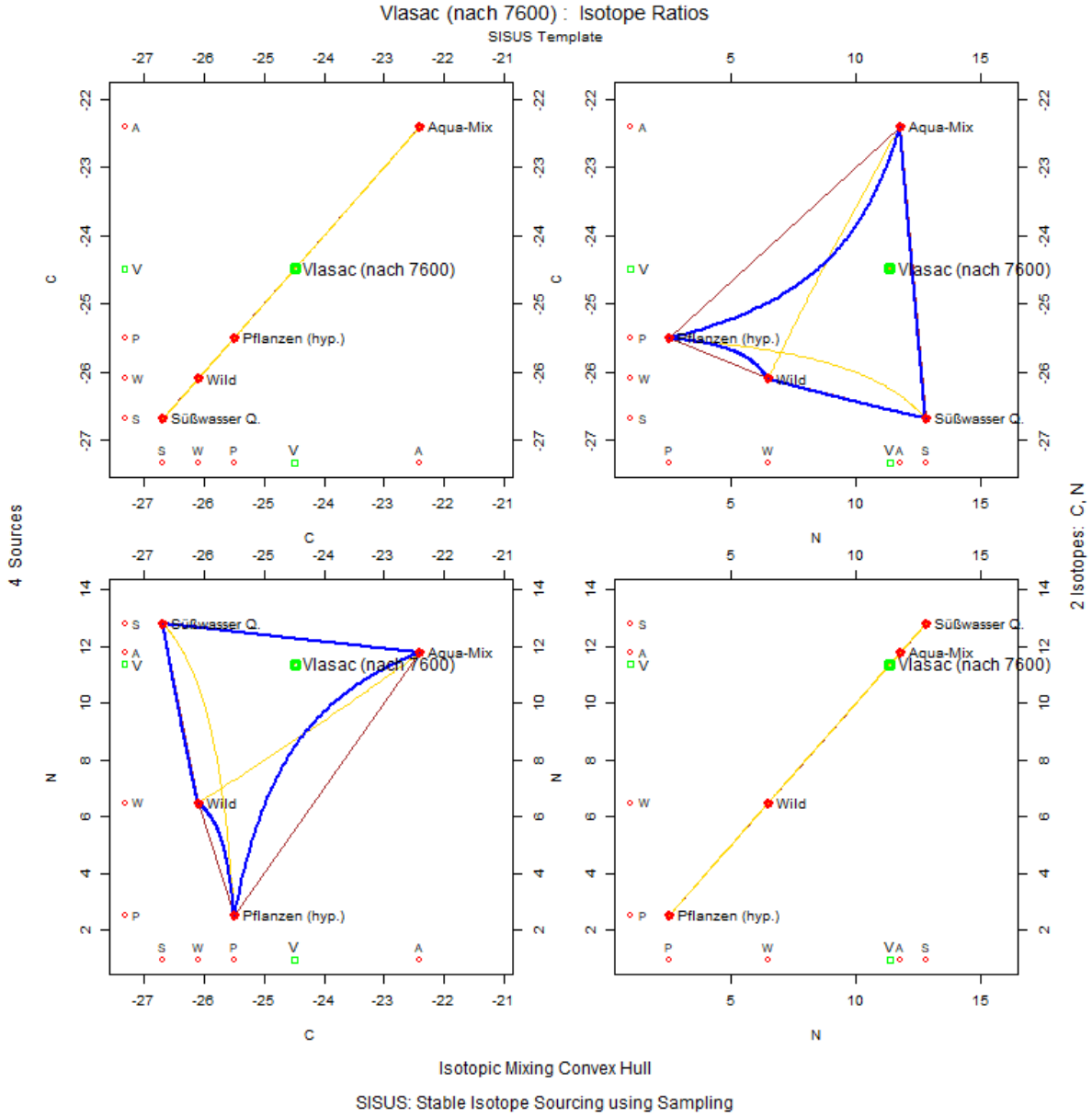


Abbildung A 208: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

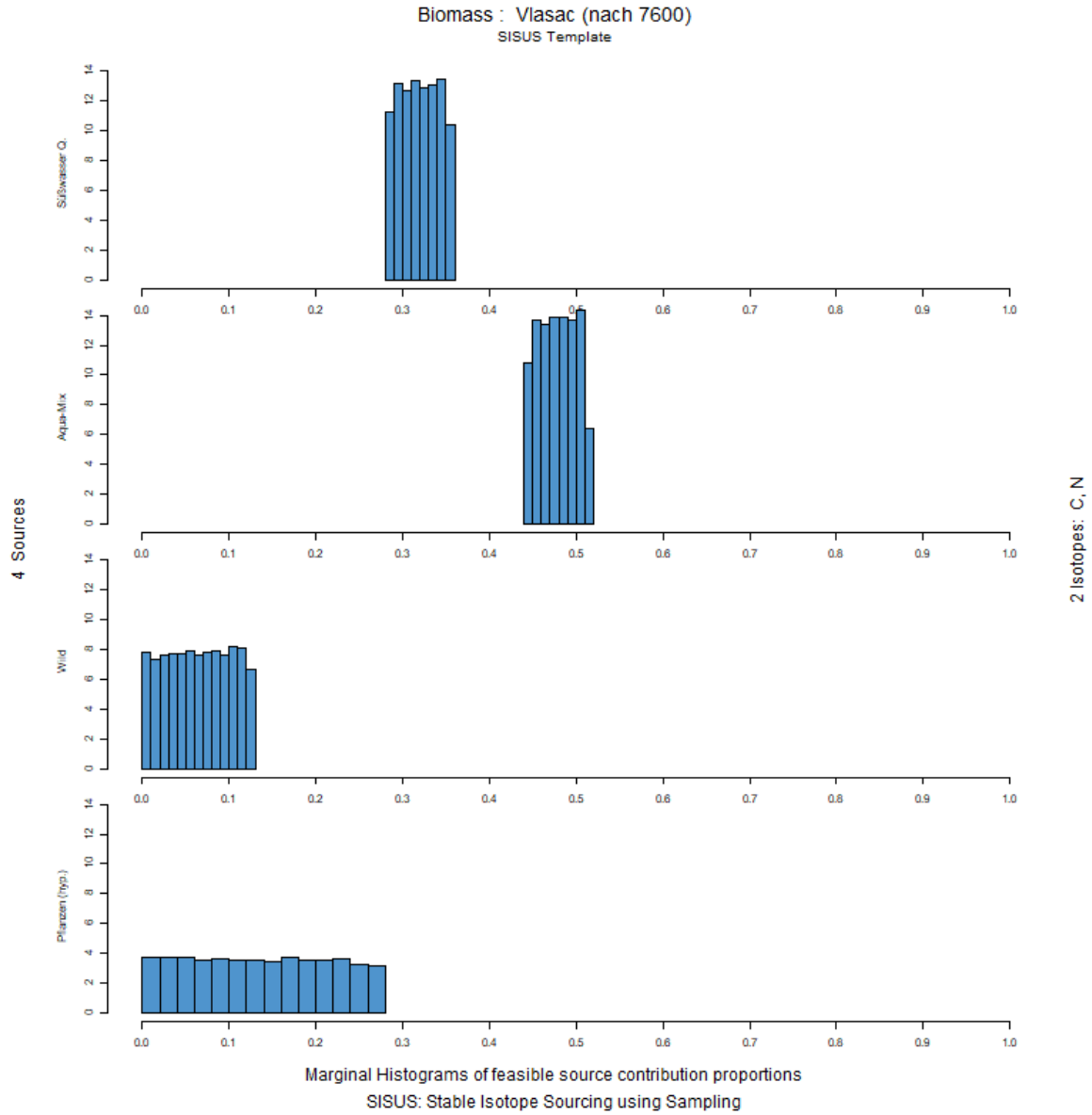


Abbildung A 209: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

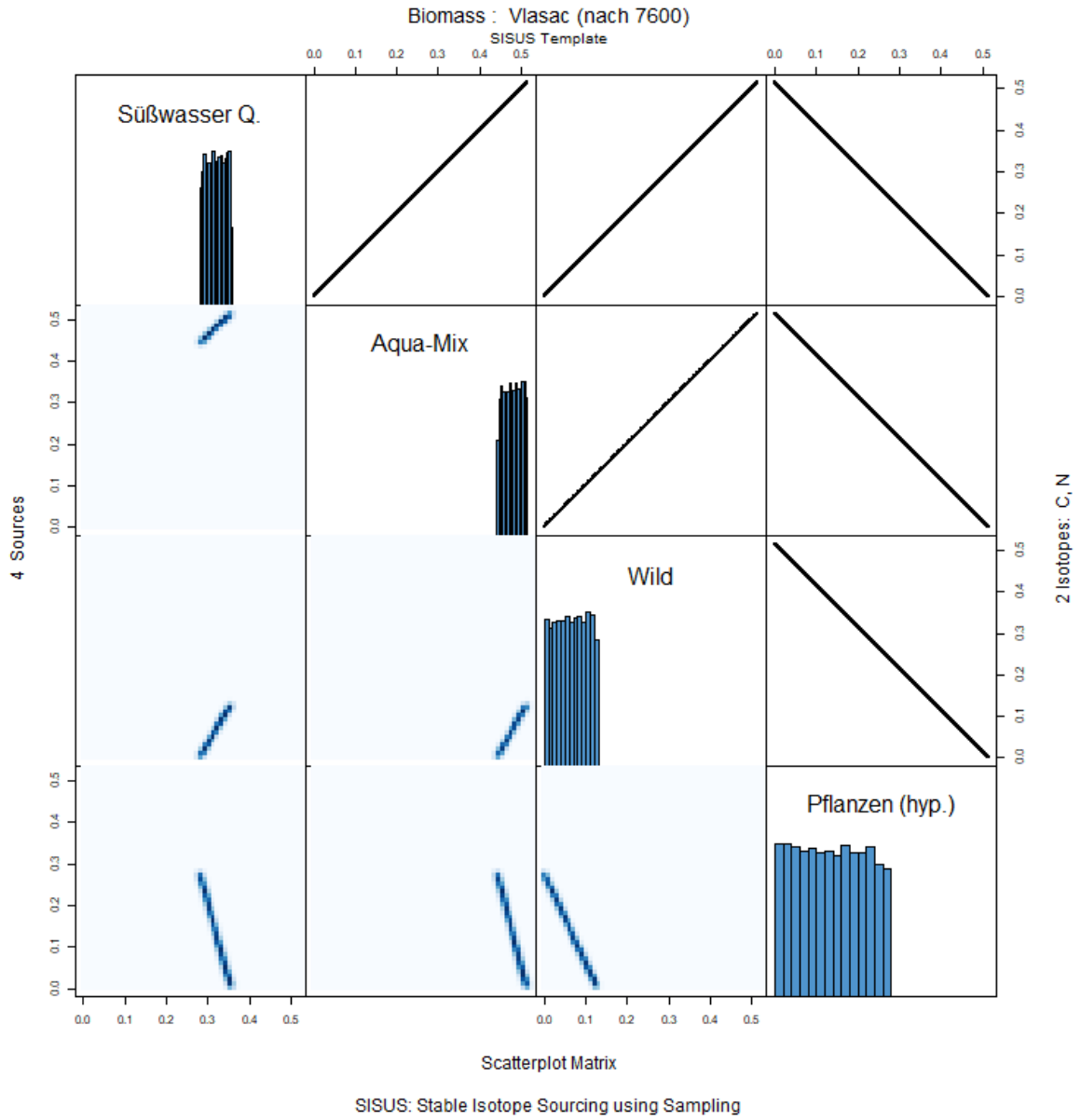


Abbildung A 210: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die nach 7600 v. Chr. datieren. Erstellt mit SISUS.

nicht datiert

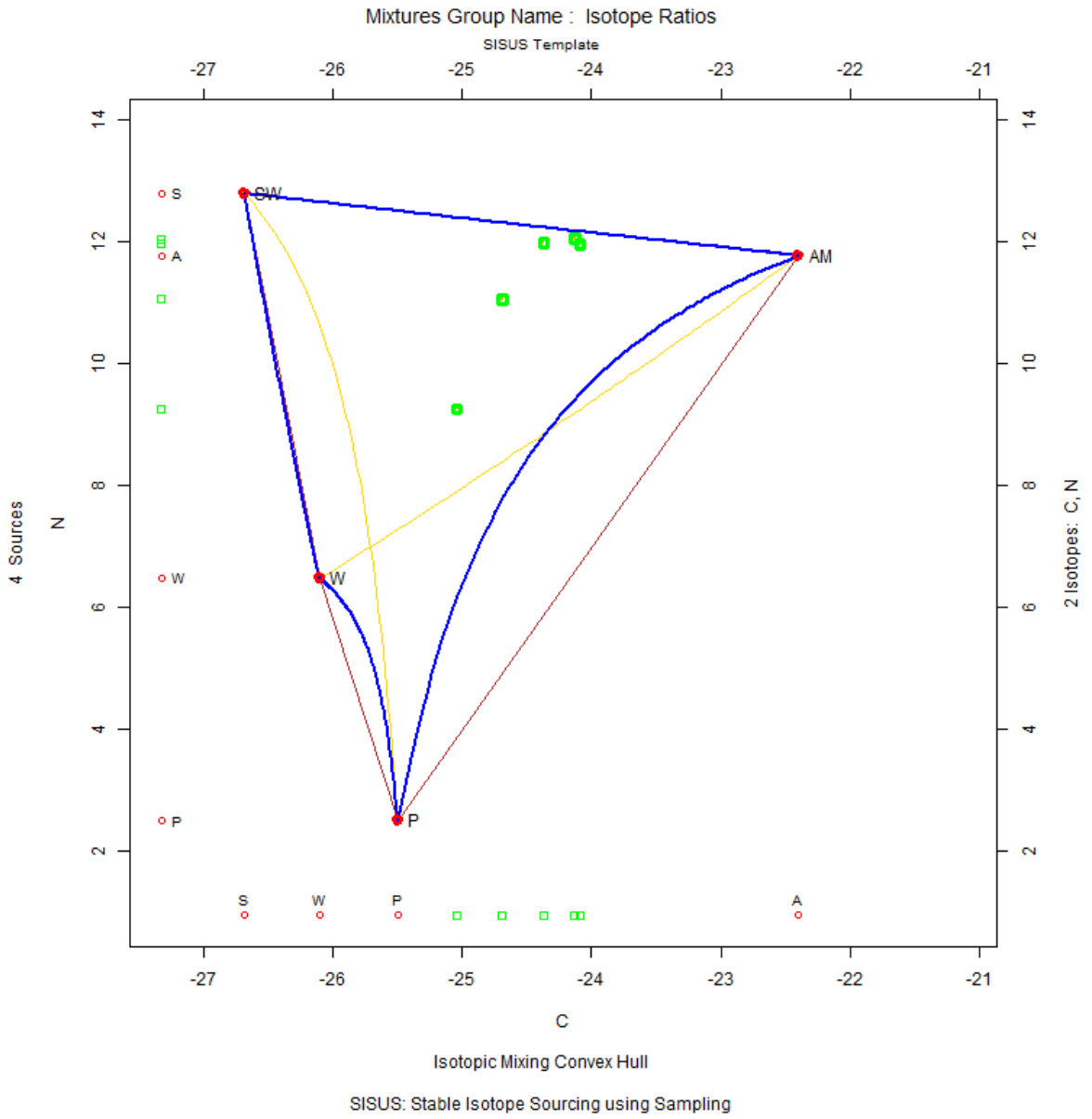


Abbildung A 211: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **SW**: Süßwasserquelle, **M**: Marine Quelle, **W**: Wild (Reh + Rothirsch), **P**: Pflanzen (hypothetisch).

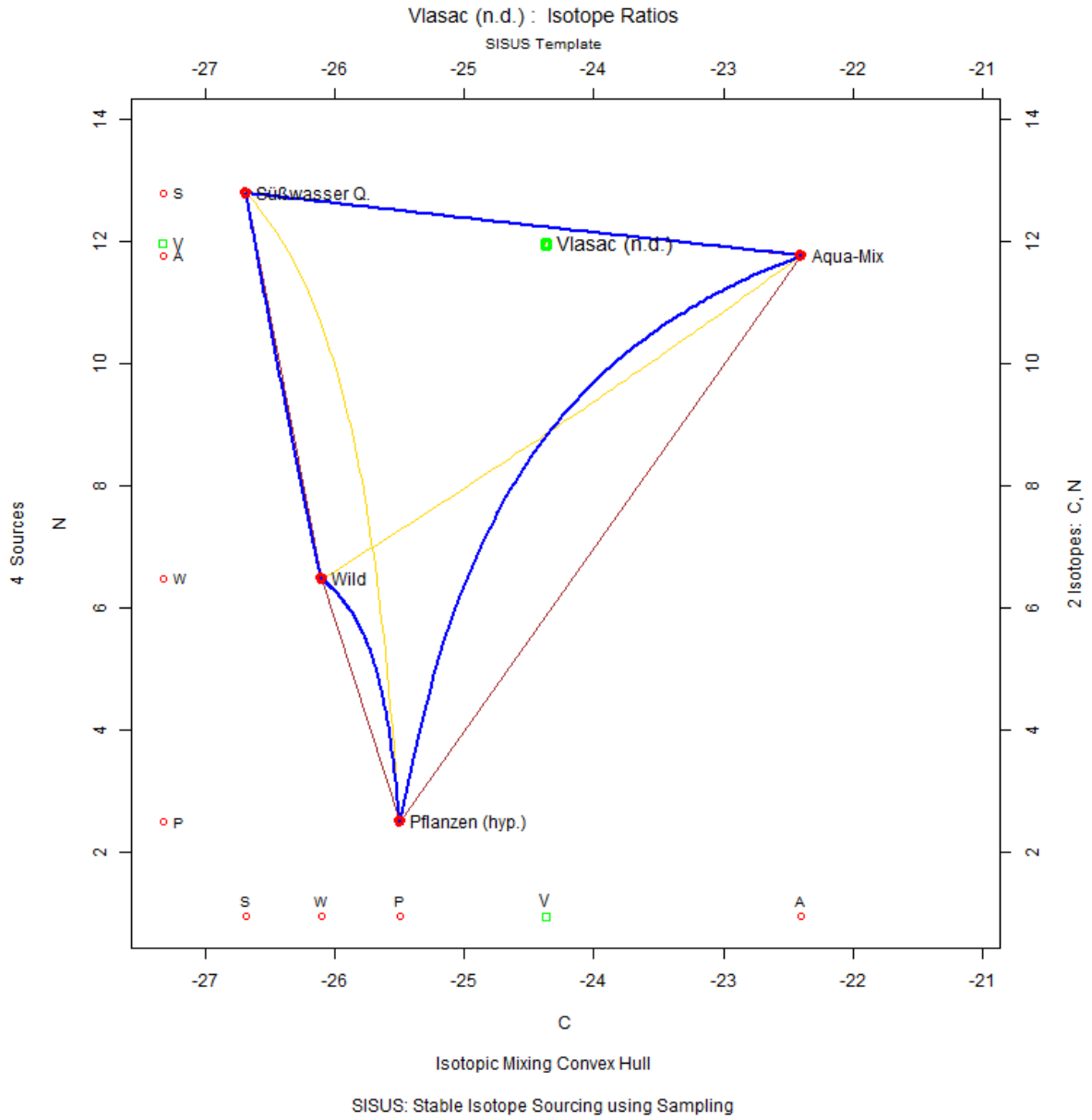


Abbildung A 212: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

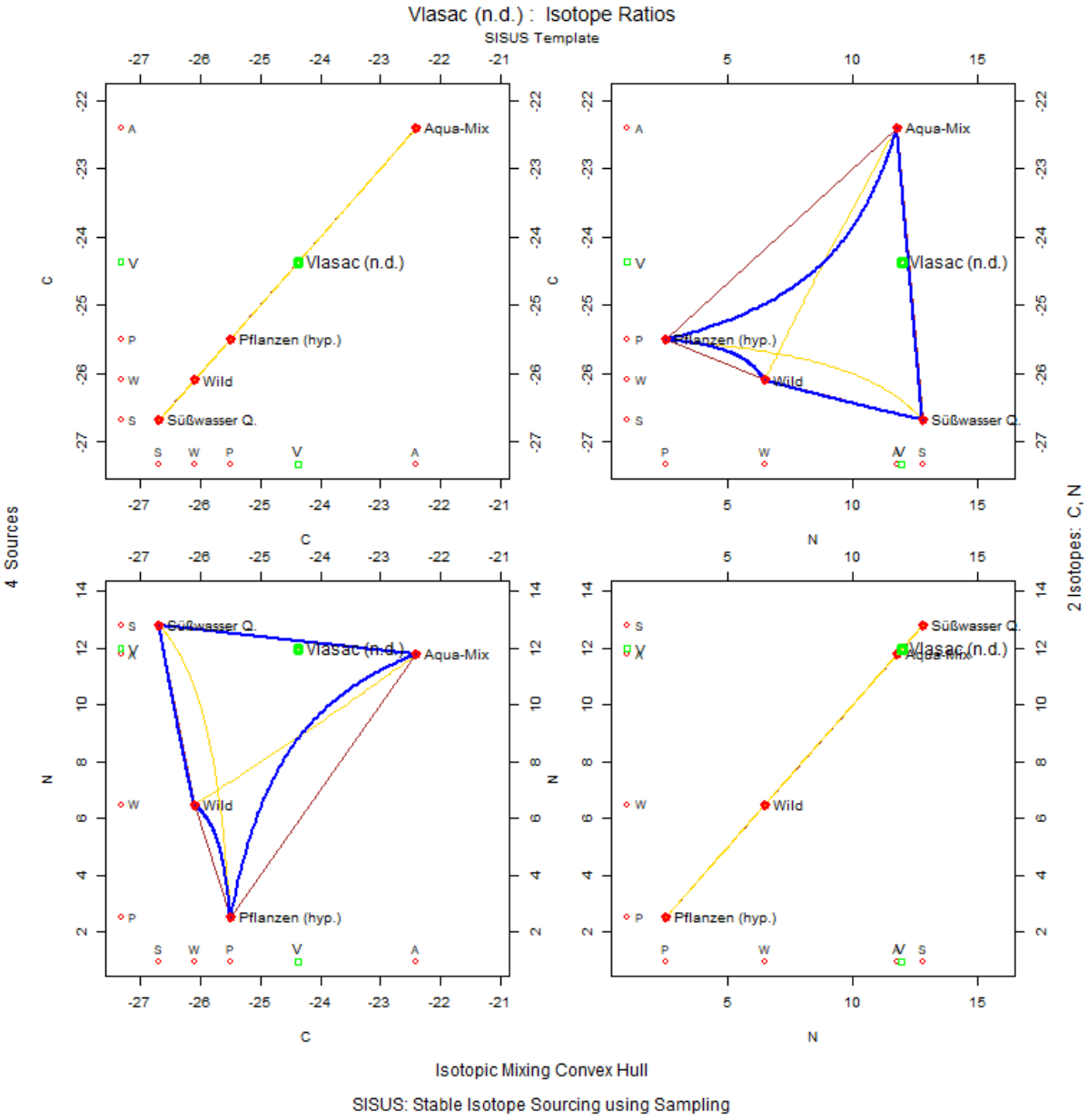


Abbildung A 213: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

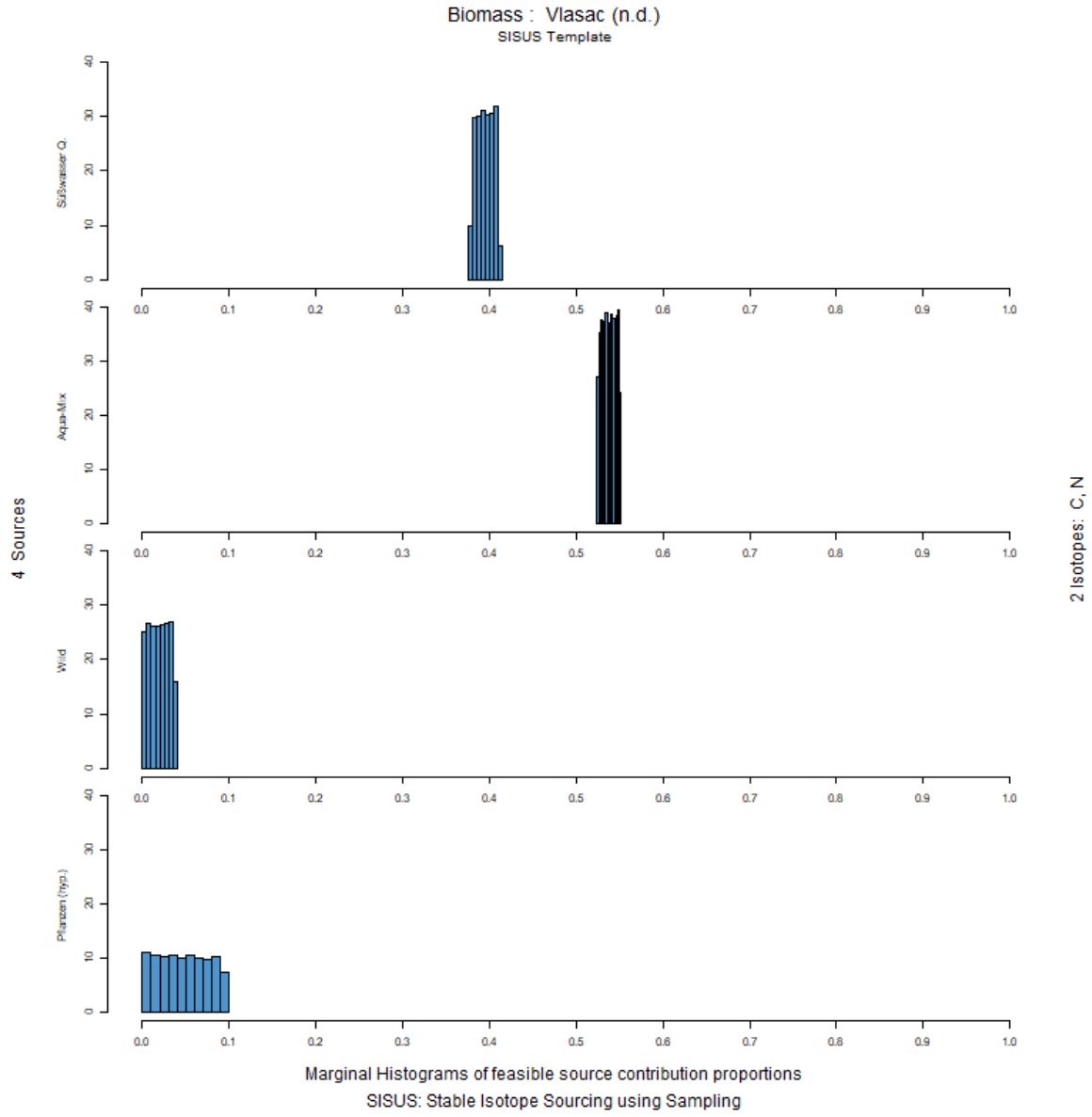


Abbildung A 214: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

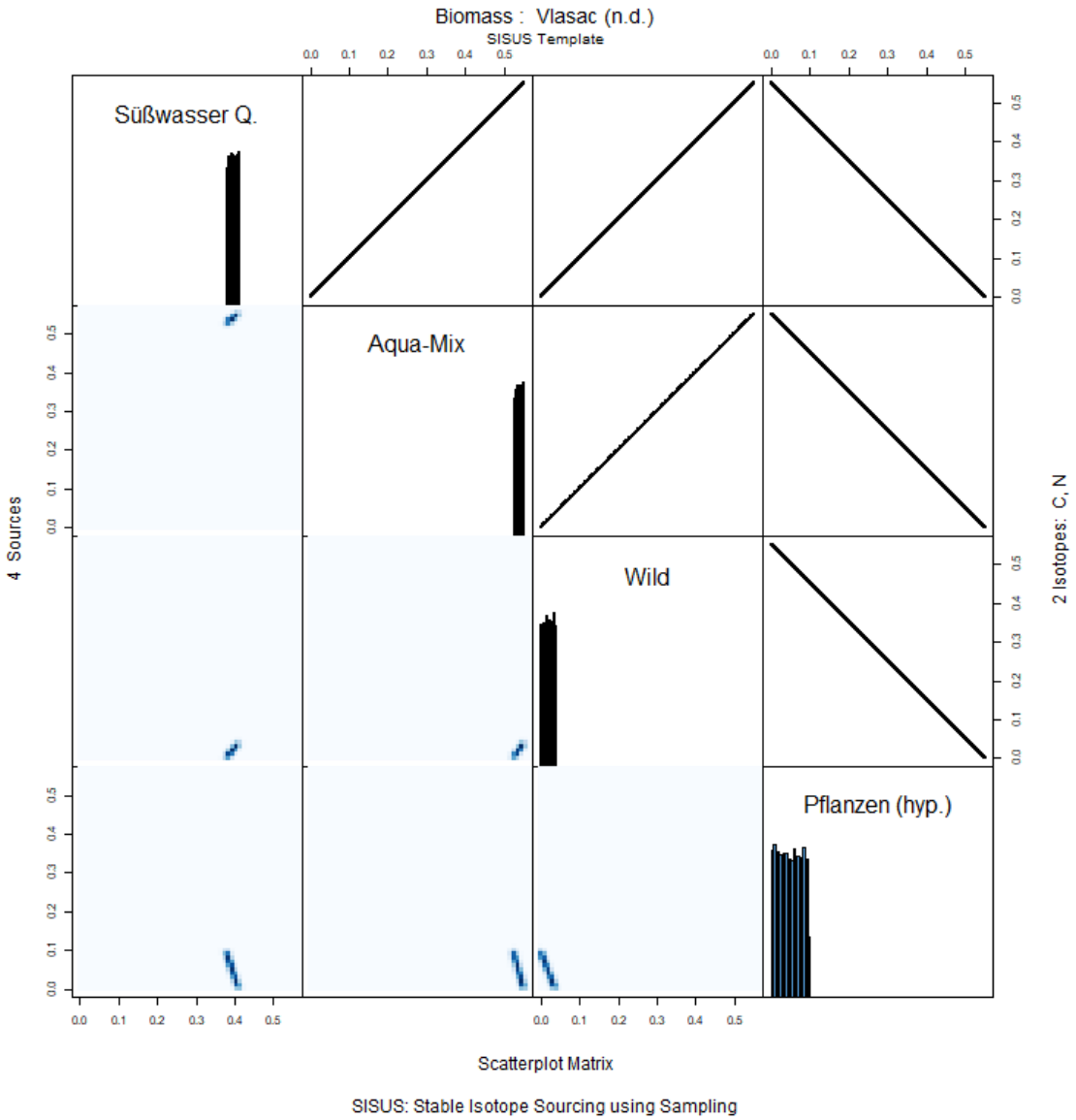


Abbildung A 215: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Vlasac, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

9.2.4 Deutschland – Spätantike

9.2.4.1 Einzugsbereiche

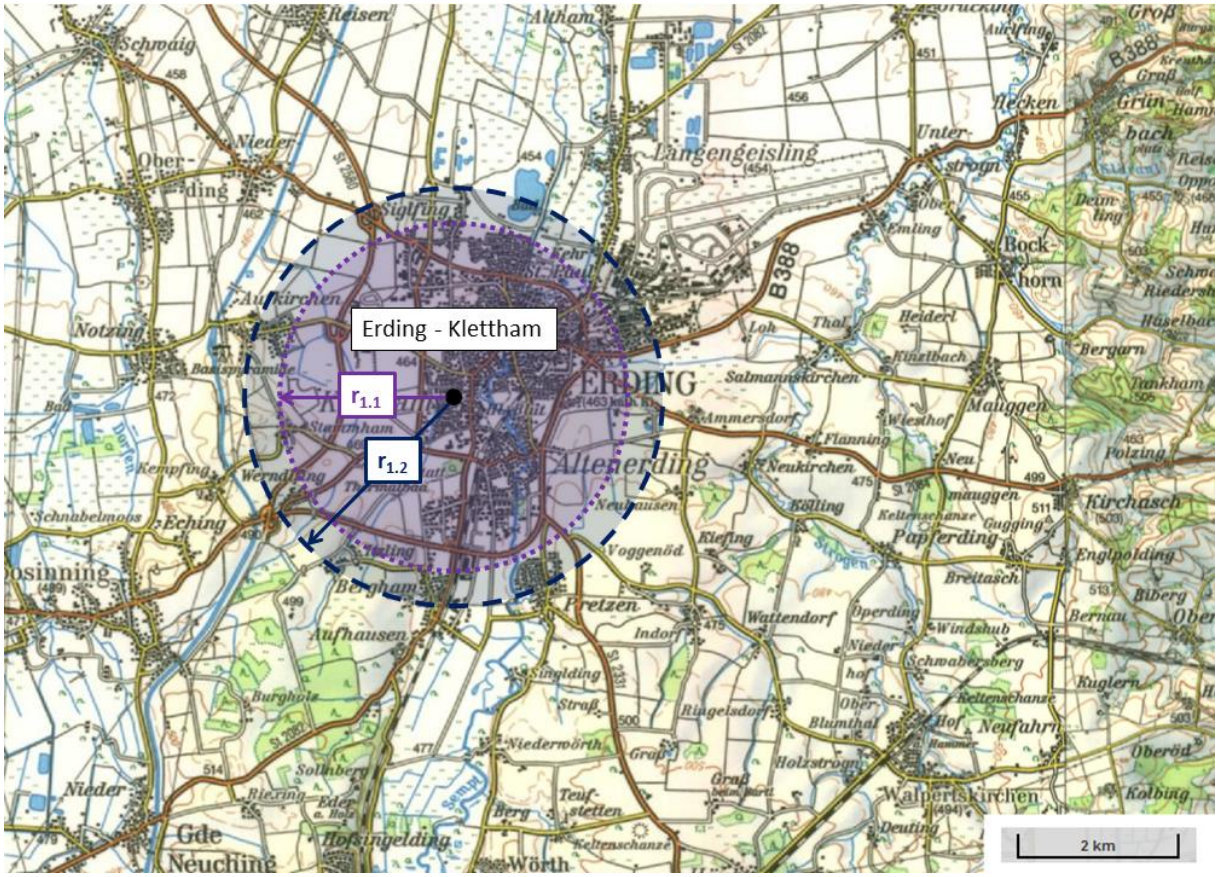


Abbildung A 216: Einzugsbereich des spätantiken Erding-Klettham. $r_{1.1}$ = 2,07 km, $r^{+}_{1.2}$ = 2,58 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

9.2.4.2 Bivariate Abbildungen

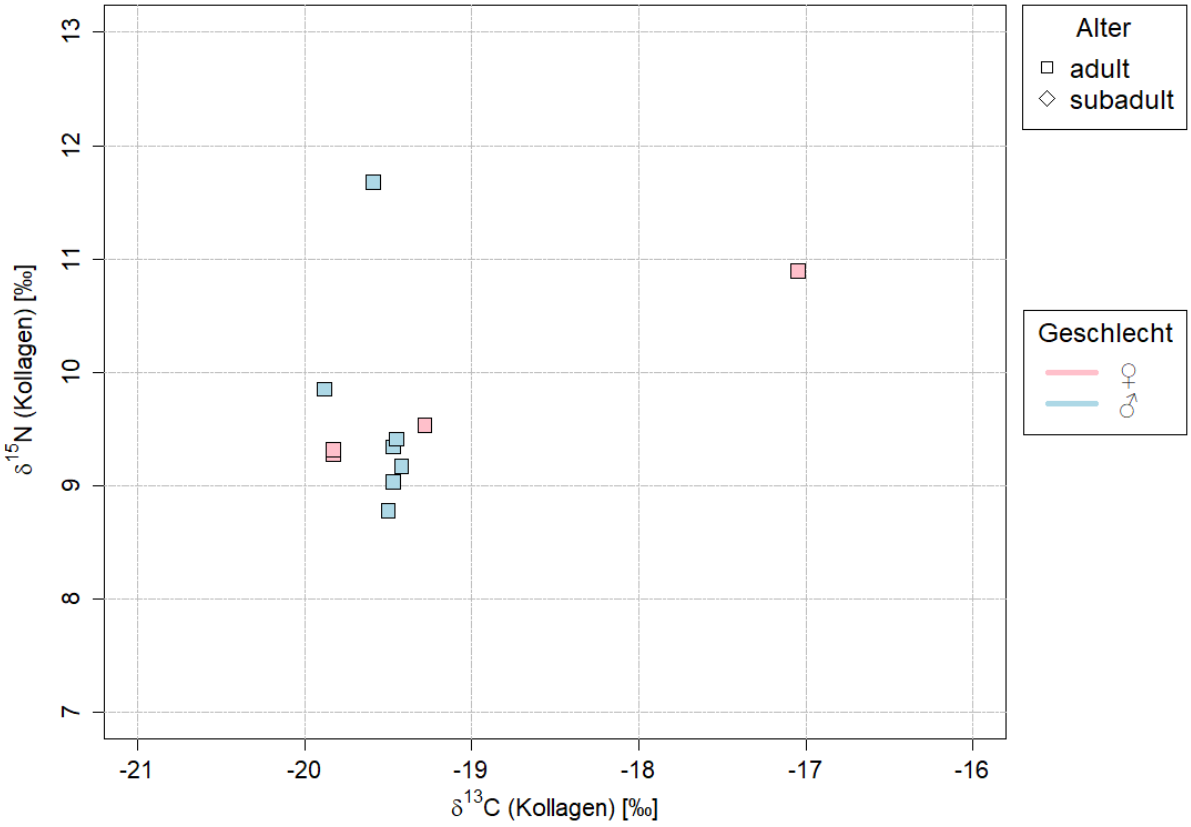


Abbildung A 217: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Erding - Klettham.

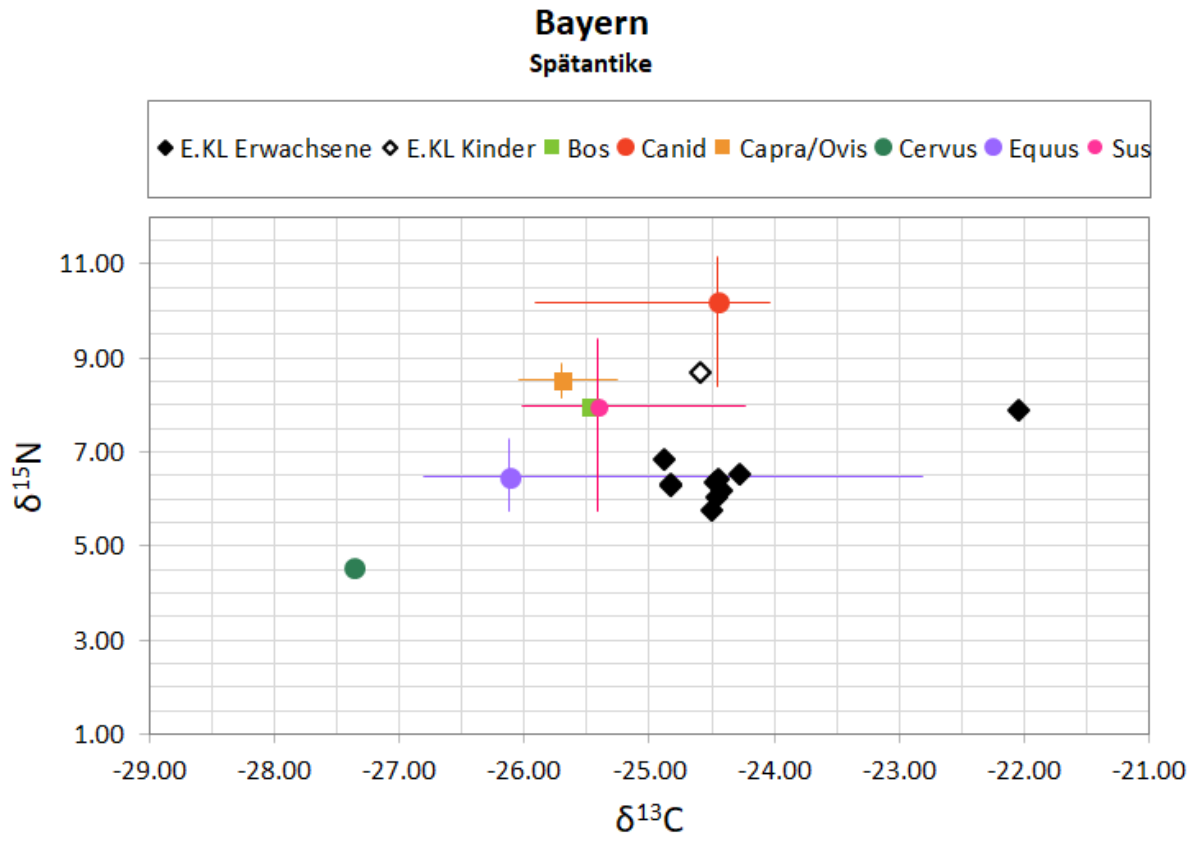


Abbildung A 218: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus dem spätantiken Bayern. **E.KL**: Erding-Klettham.

9.2.4.3 MixSIAR: Klettham

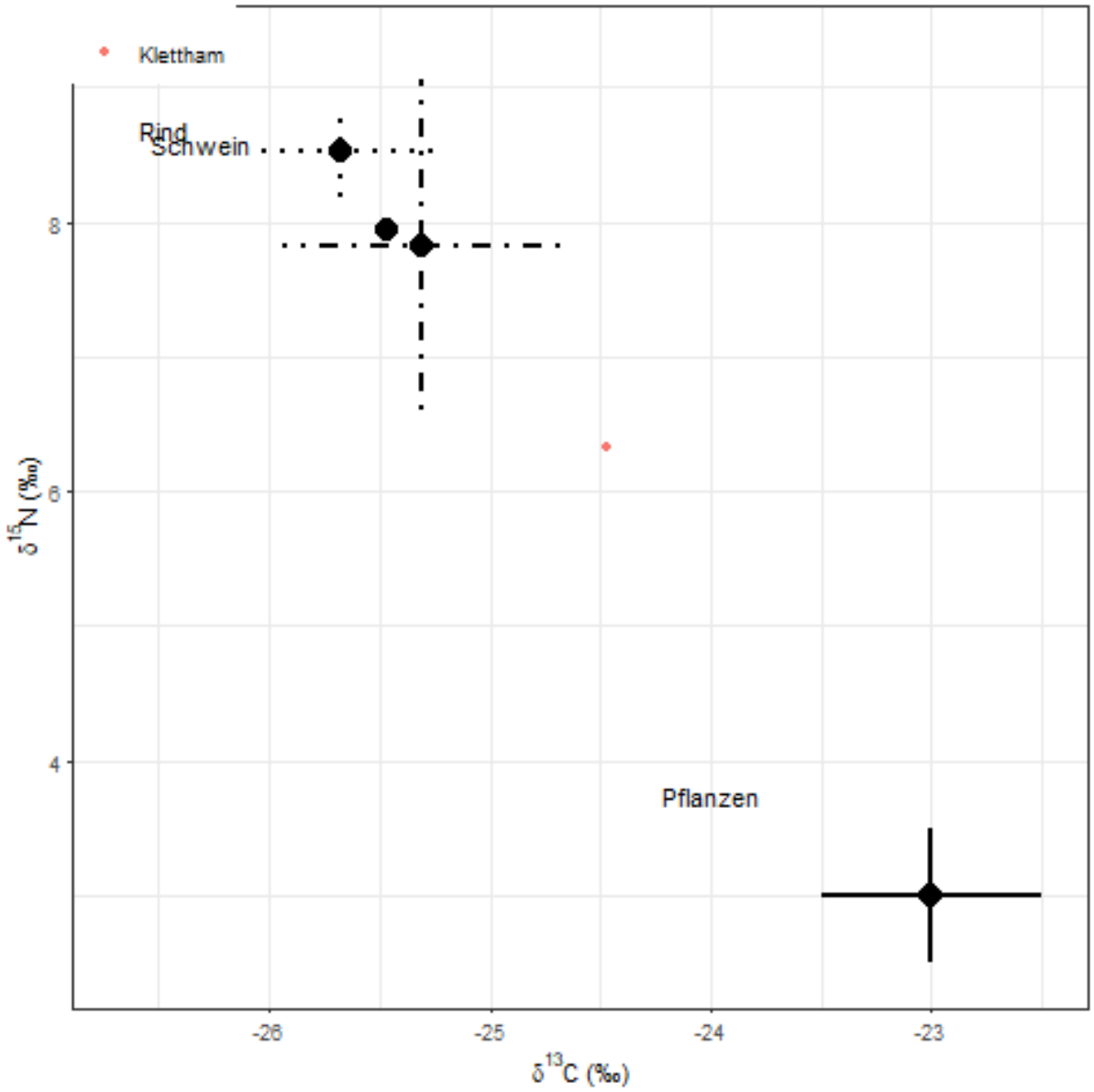


Abbildung A 219: Isospace Plot des Populationsmedians aus Erdings-Klettham. Erstellt mit MixSIAR.

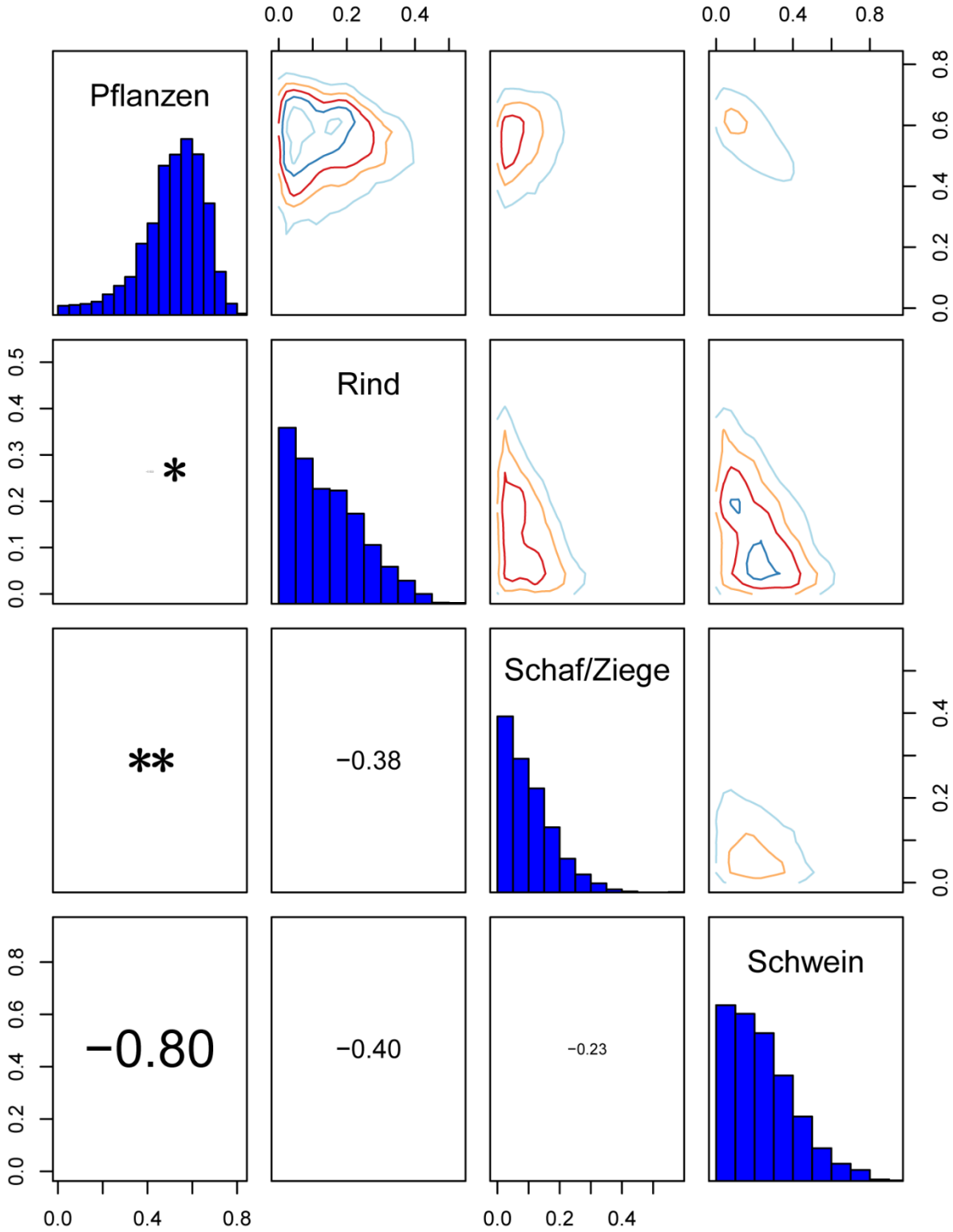


Abbildung A 220: Pairs Plot der Population aus Erding-Klettham. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,033; ** nicht ablesbar

9.2.4.4 SISUS: Klettham

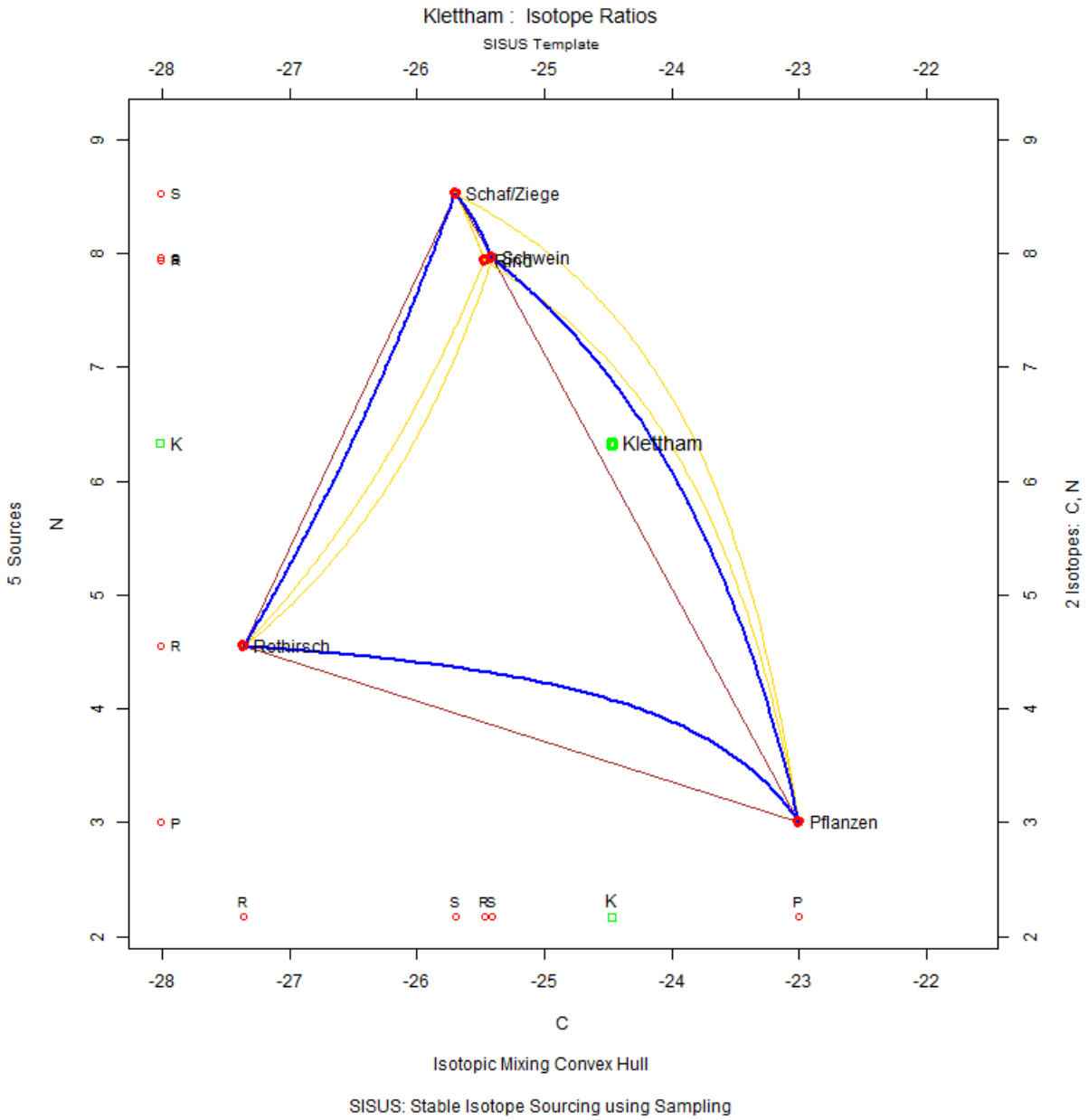


Abbildung A 221: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Erding-Klettham. Erstellt mit SISUS.

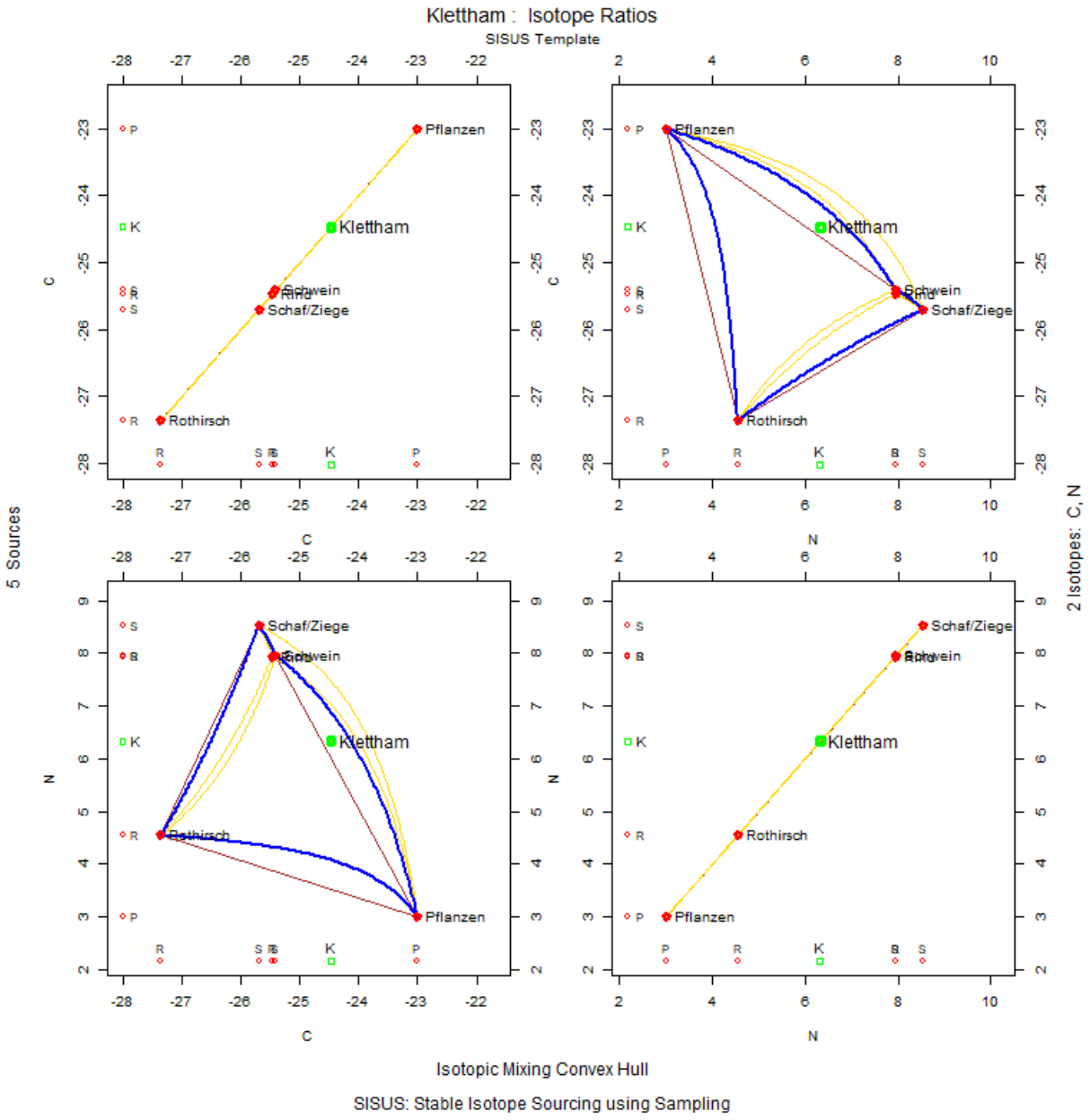


Abbildung A 222: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Erding-Klettham in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

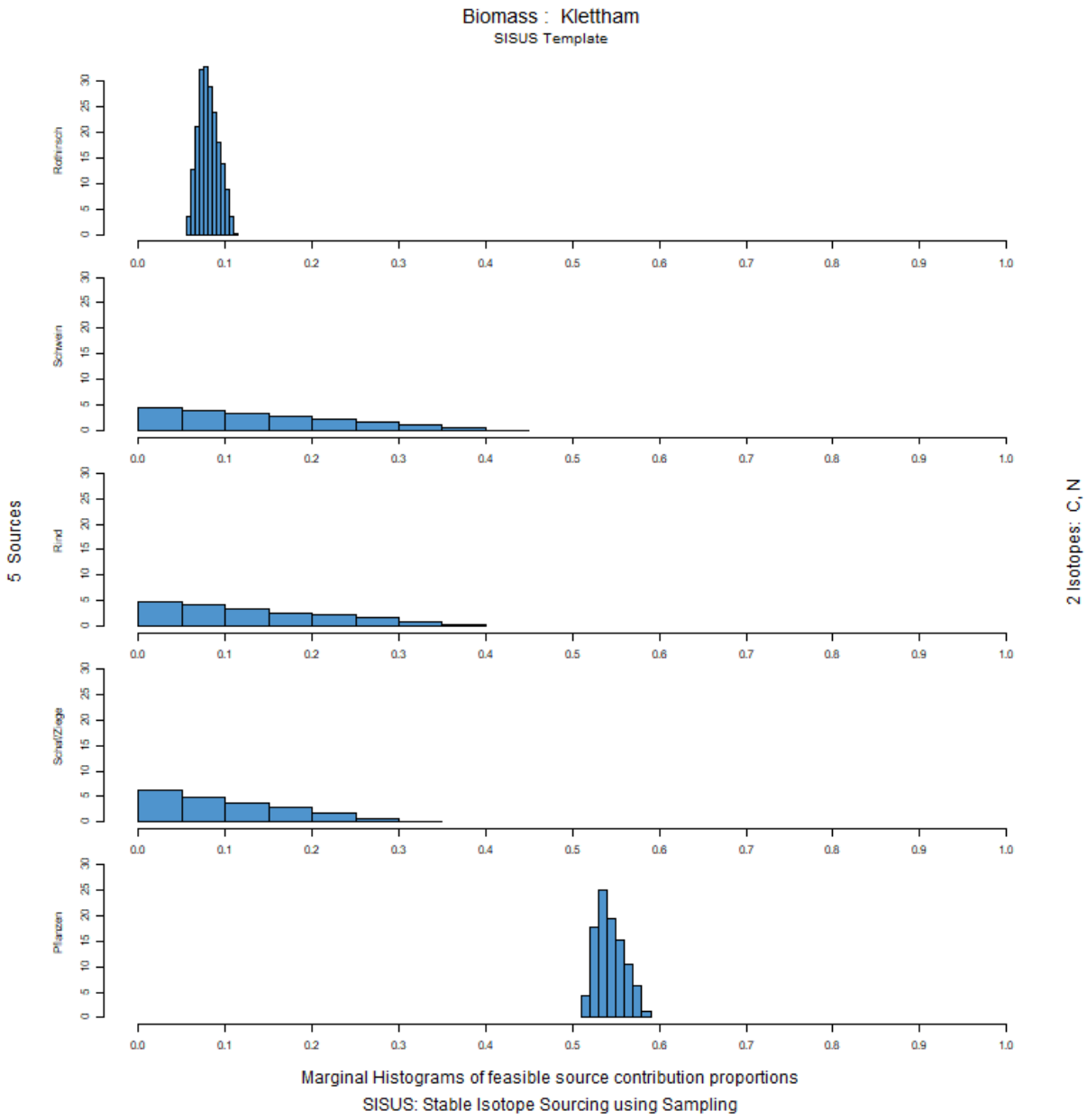


Abbildung A 223: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Klettham. Erstellt mit SISUS.

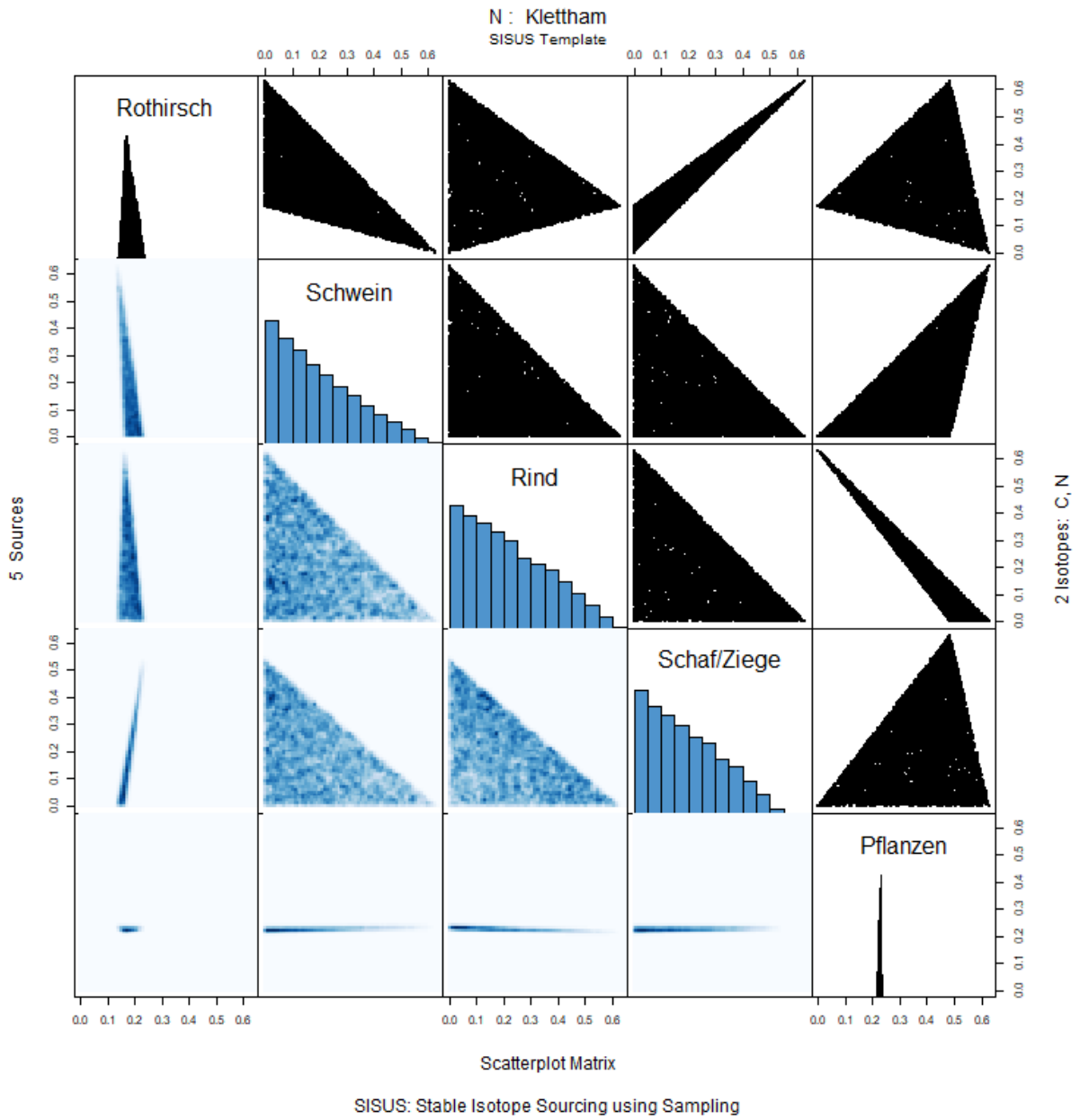


Abbildung A 224: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Klettham. Erstellt mit SISUS.

9.2.5 Deutschland – Frühmittelalter

9.2.5.1 Einzugsbereiche

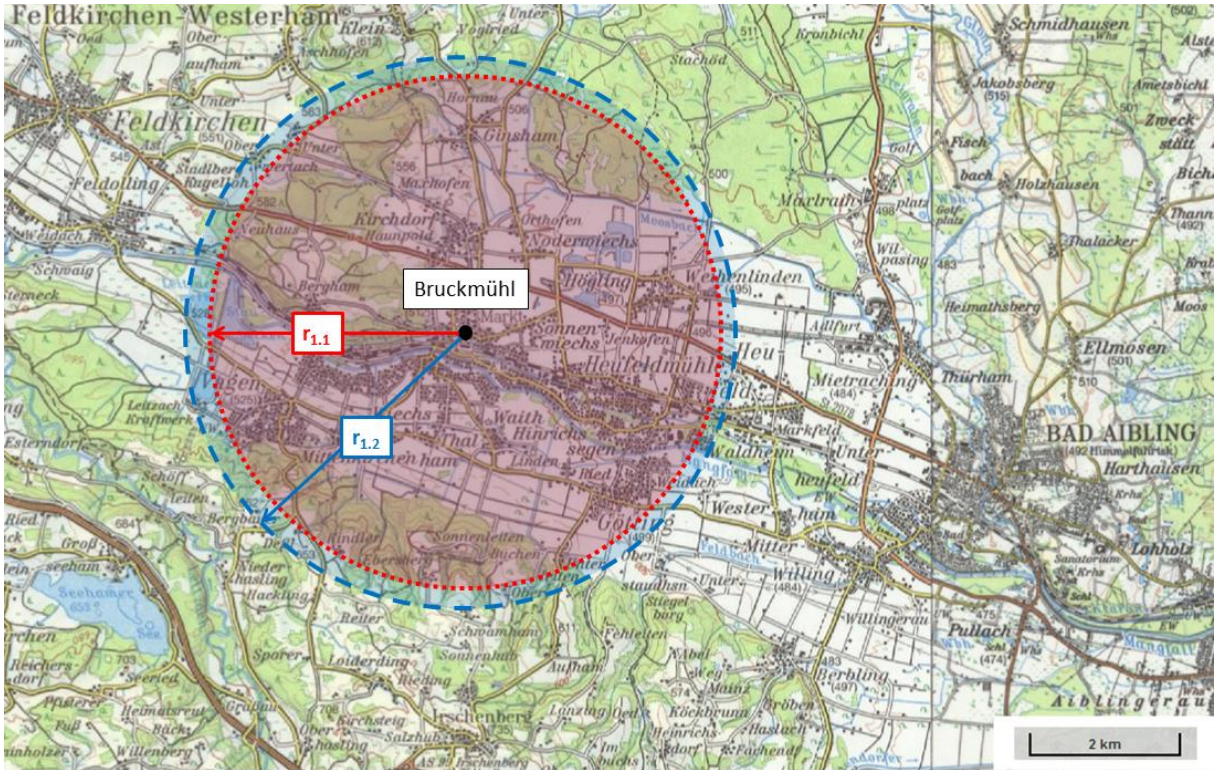


Abbildung A 225: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Bruckmühl. $r_{1.1}$ = 3,36 km, $r^{+}_{1.2}$ = 3,70 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

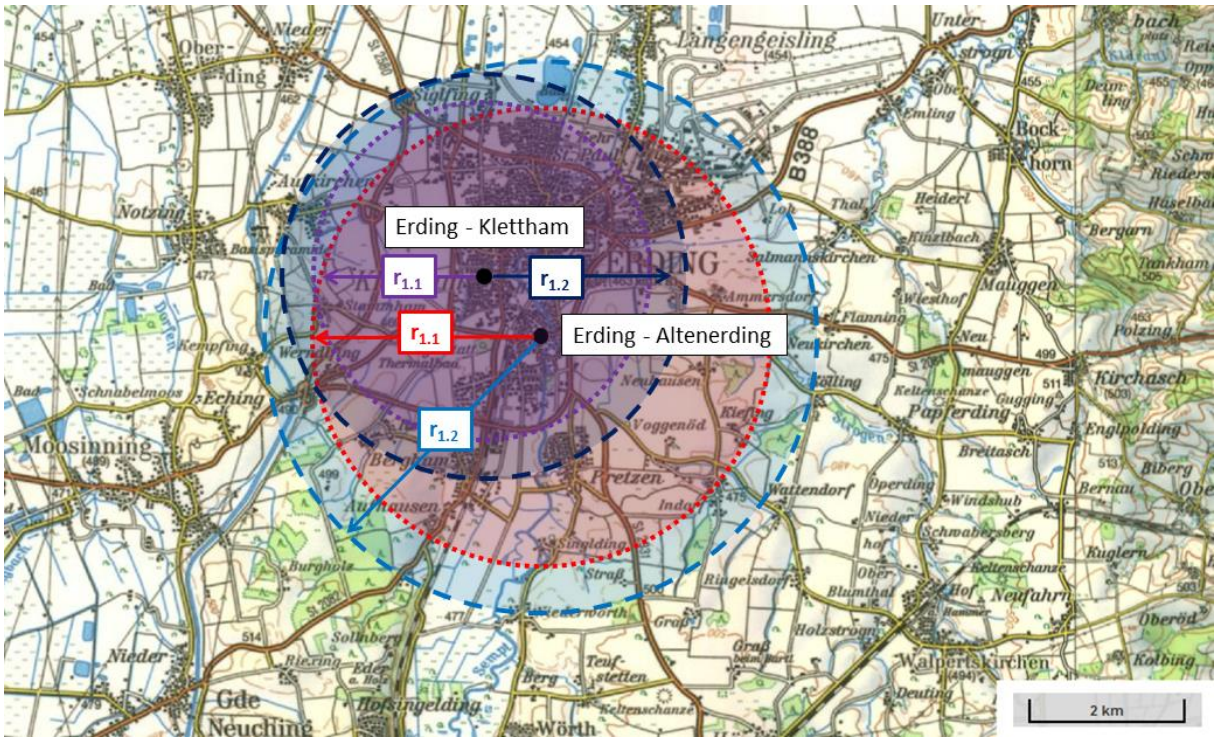


Abbildung A 226: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Erding-Altenerding. $r_{1.1}$ = 2,92 km, $r^{+}_{1.2}$ = 3,65 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

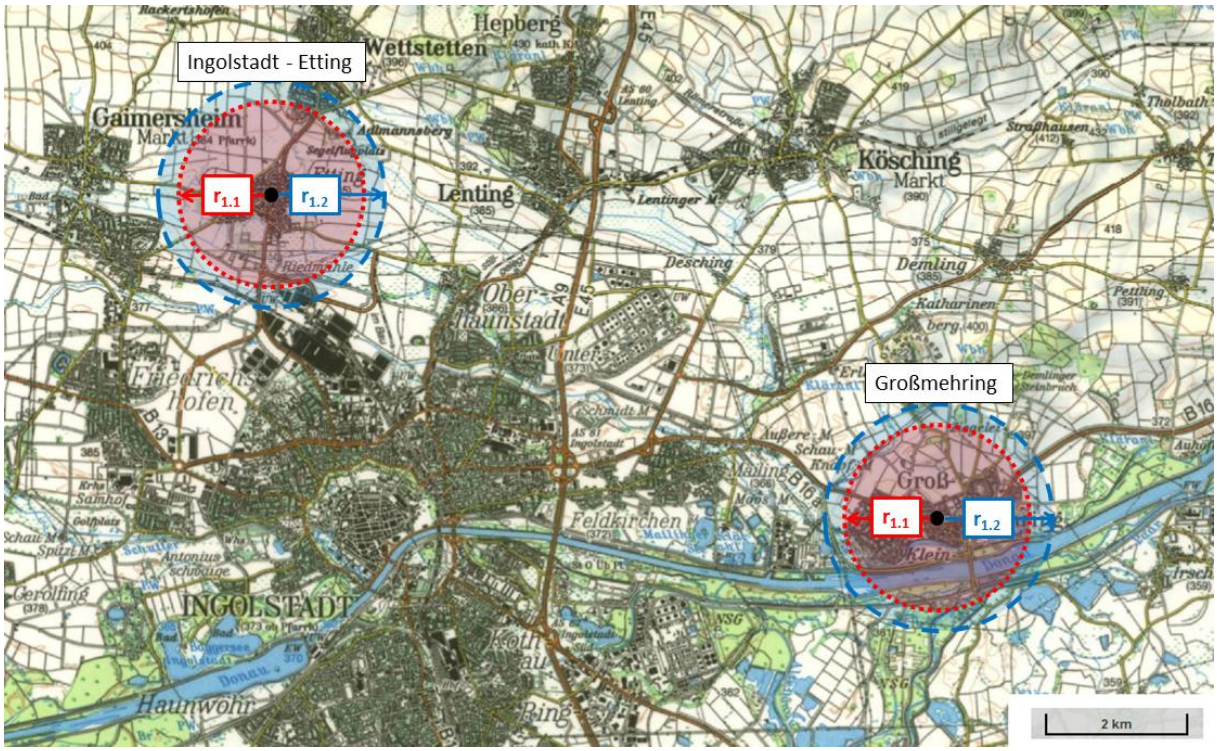


Abbildung A 227: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Ingolstadt-Etting und Großmehring. I.E: $r_{1.1}$ = 1,31 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,63 km. G: $r_{1.1}$ = 1,31 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,63 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

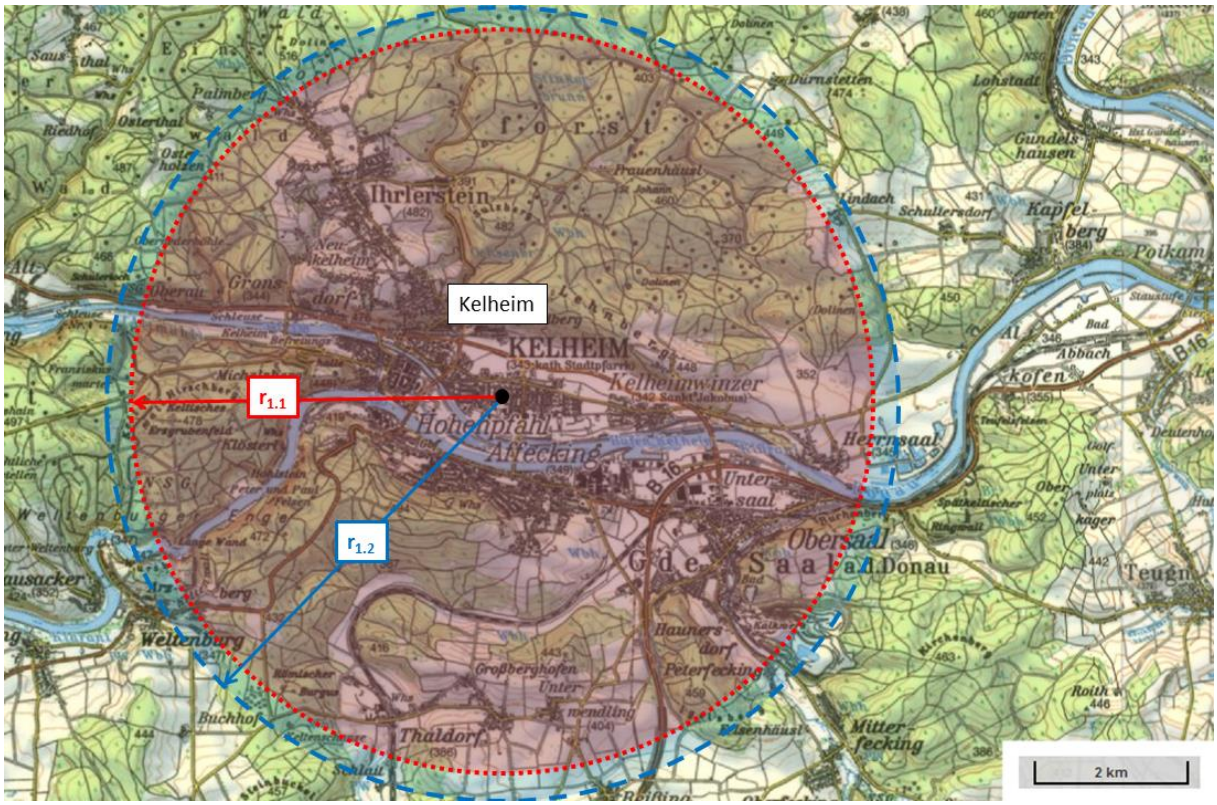


Abbildung A 228: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Kelhiem. $r_{1.1}$ = 4,75 km, $r^{+}_{1.2}$ = 5,23 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

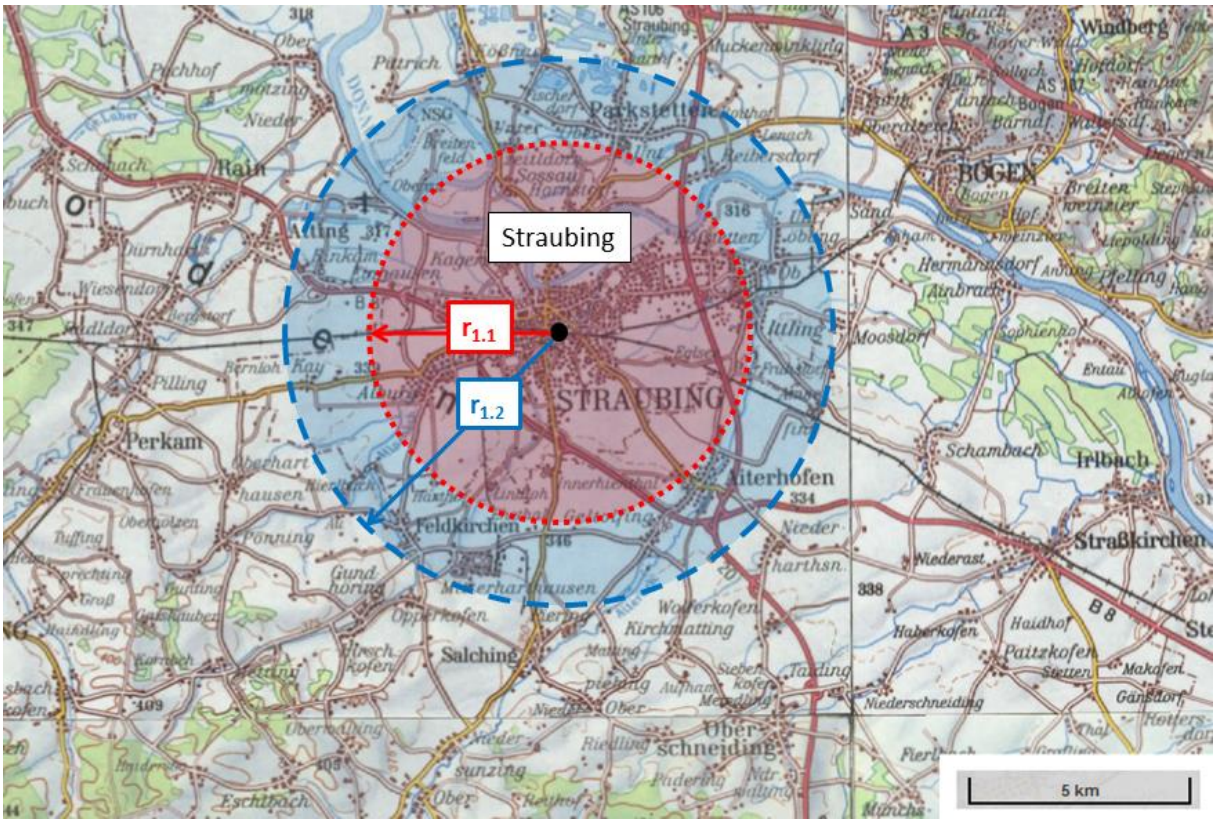


Abbildung A 229: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Straubing. $r_{1.1}$ = 4,24 km, $r^{+}_{1.2}$ = 6,47 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

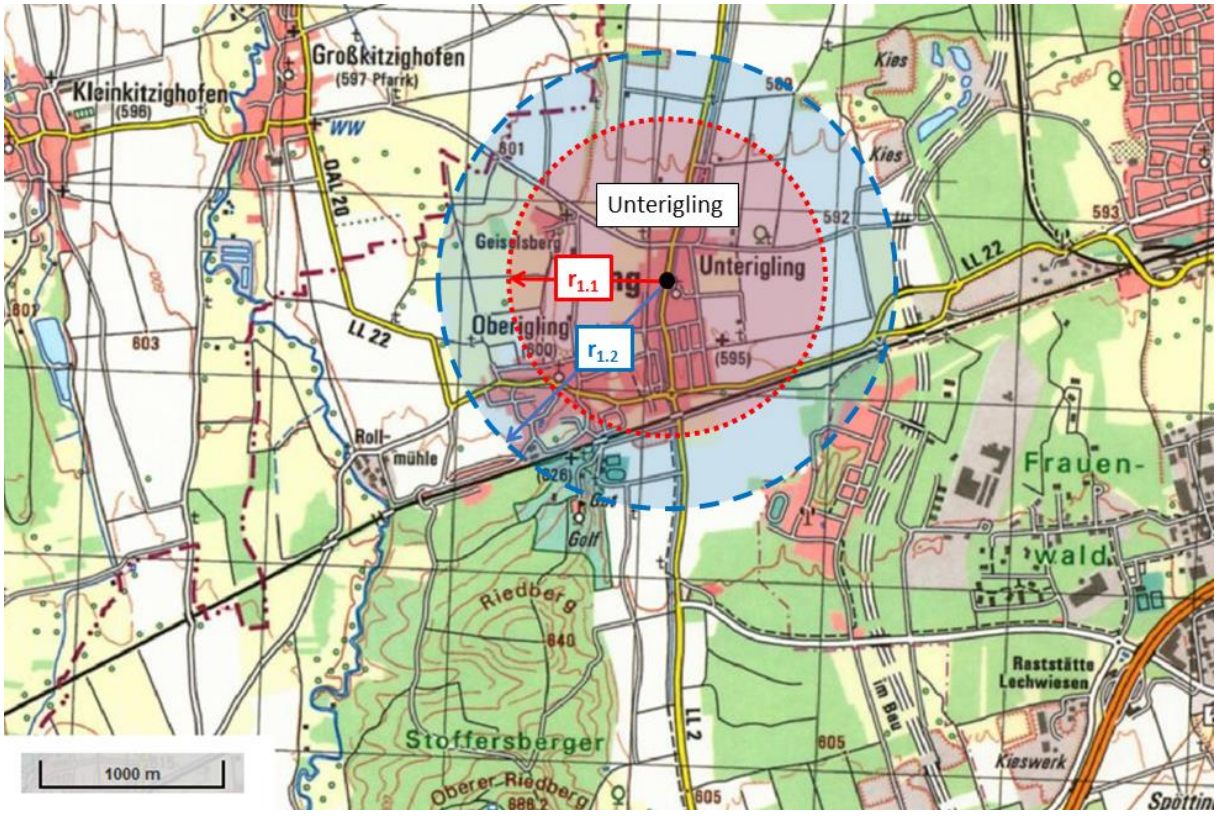


Abbildung A 230: Einzugsbereich des frühmittelalterlichen Unterigling. $r_{1.1}$ = 0,85 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,29 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

9.2.5.2 Bivariate Abbildungen

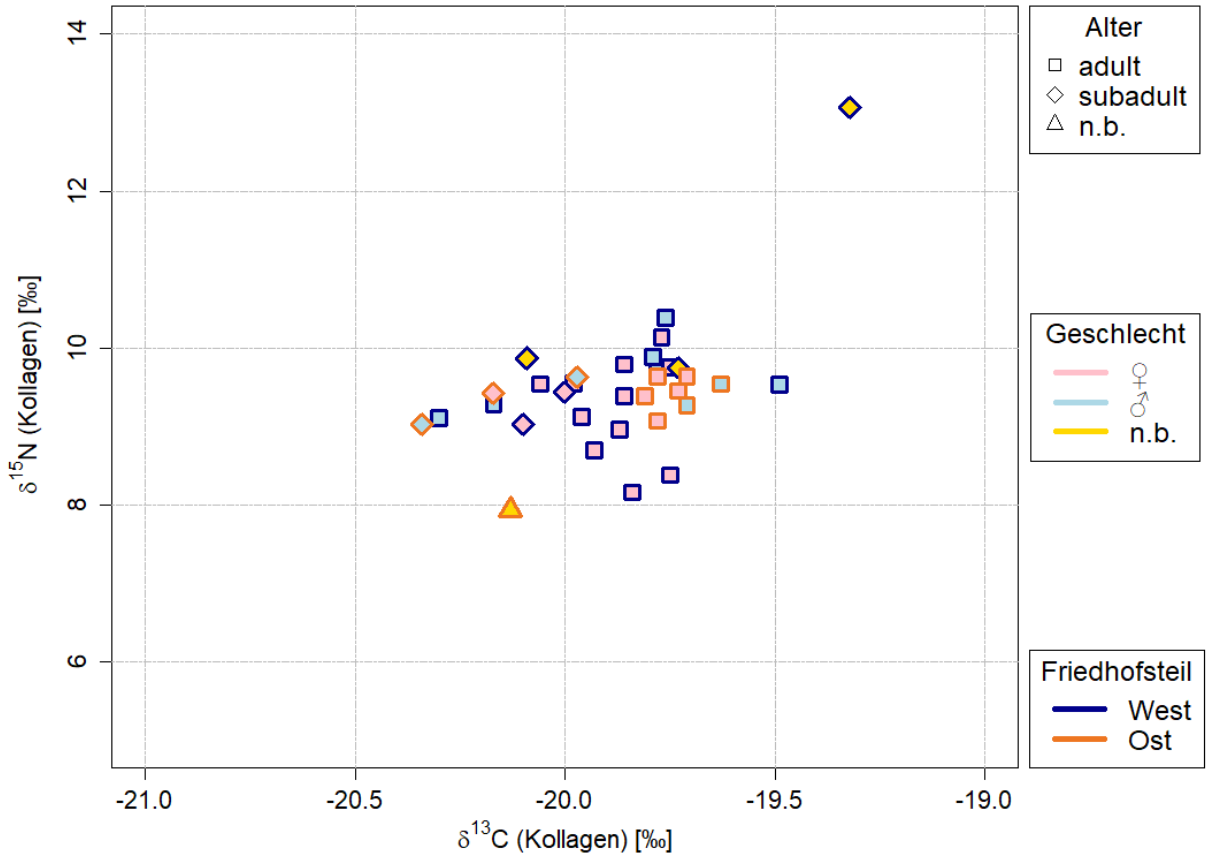


Abbildung A 231: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Bruckmühl. **n.b.**: nicht bestimmbar

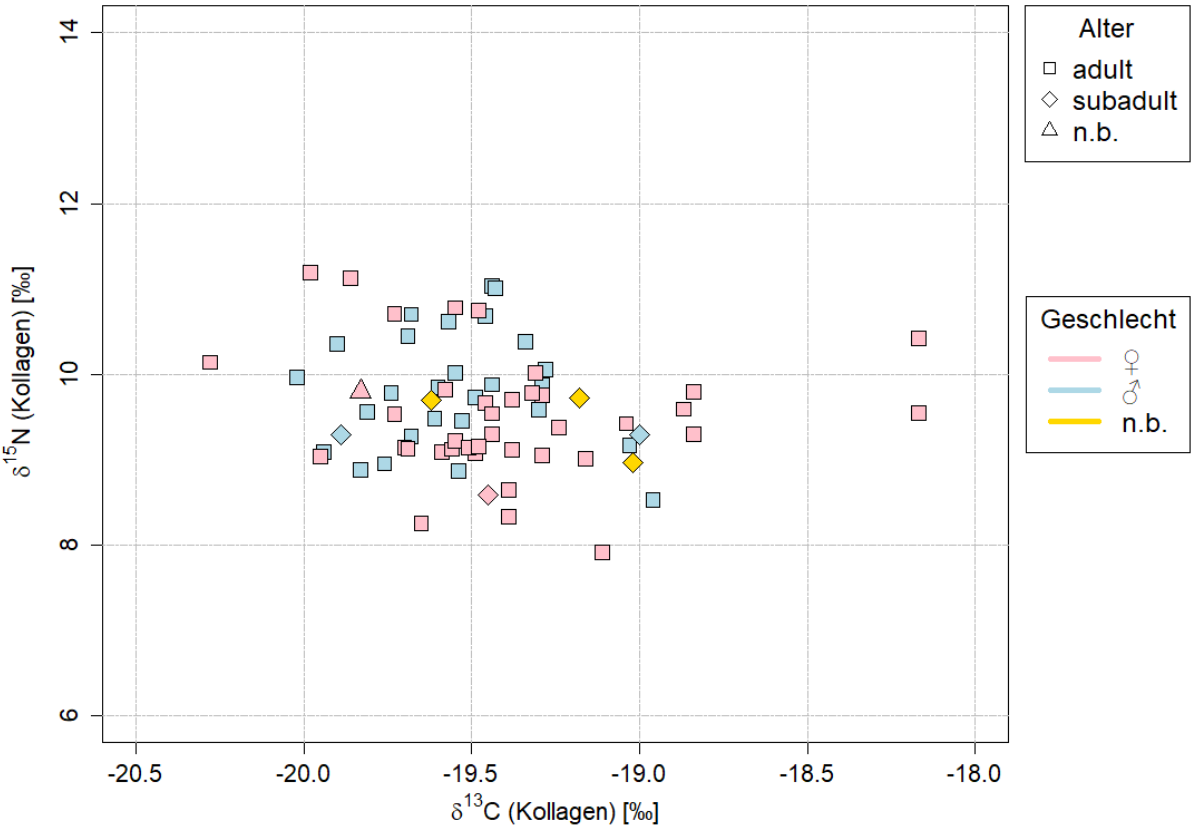


Abbildung A 232: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Erding - Altenerding. **n.b.**: nicht bestimmbar

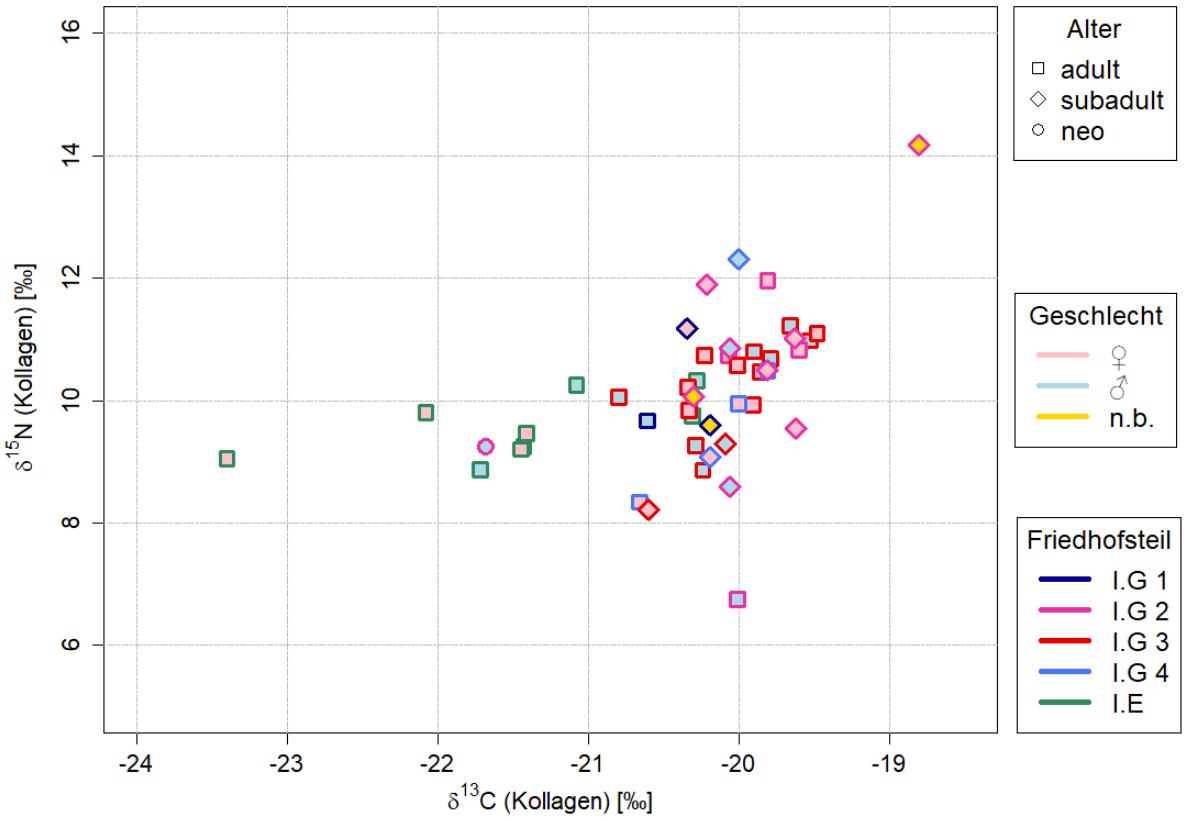


Abbildung A 233: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Ingolstadt. **I.E.**: Ingolstadt – Etting, **I.G.**: Ingolstadt – Großmehring; **n.b.**: nicht bestimmbar

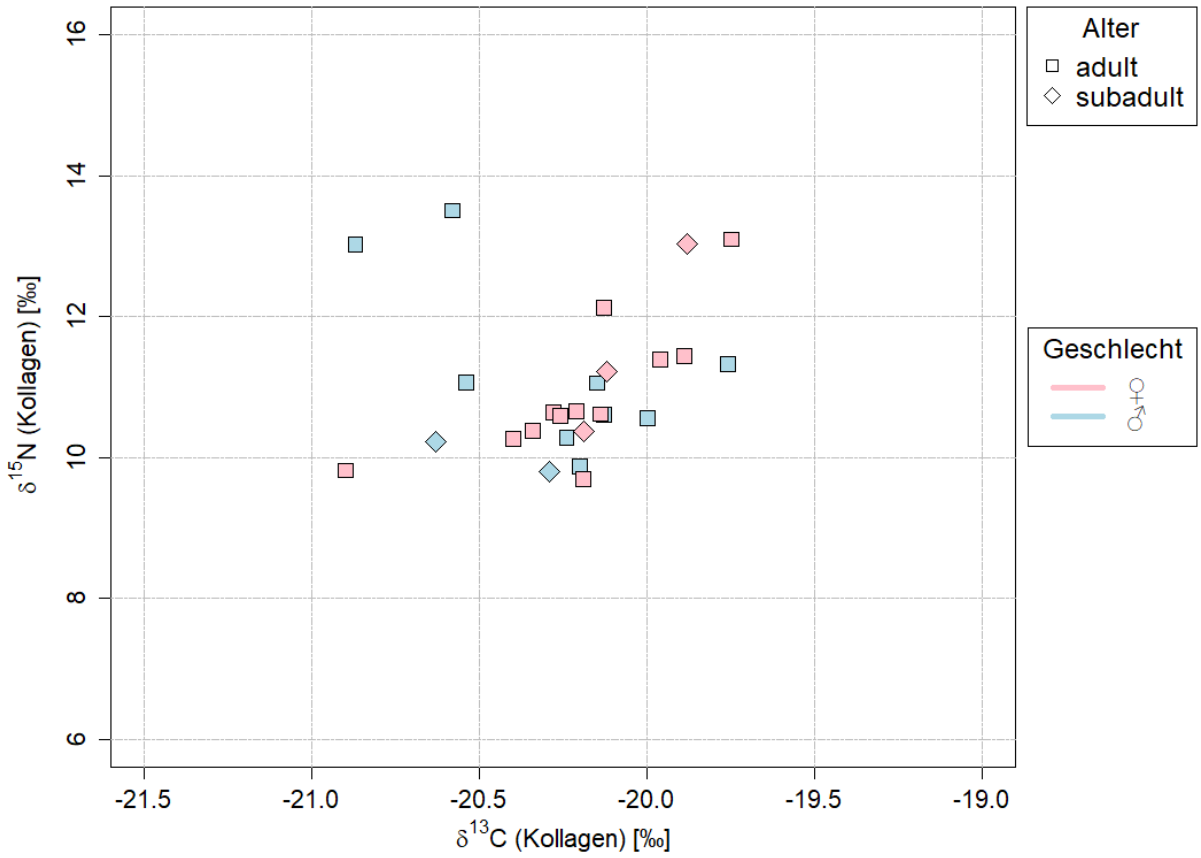


Abbildung A 234: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Kelheim.

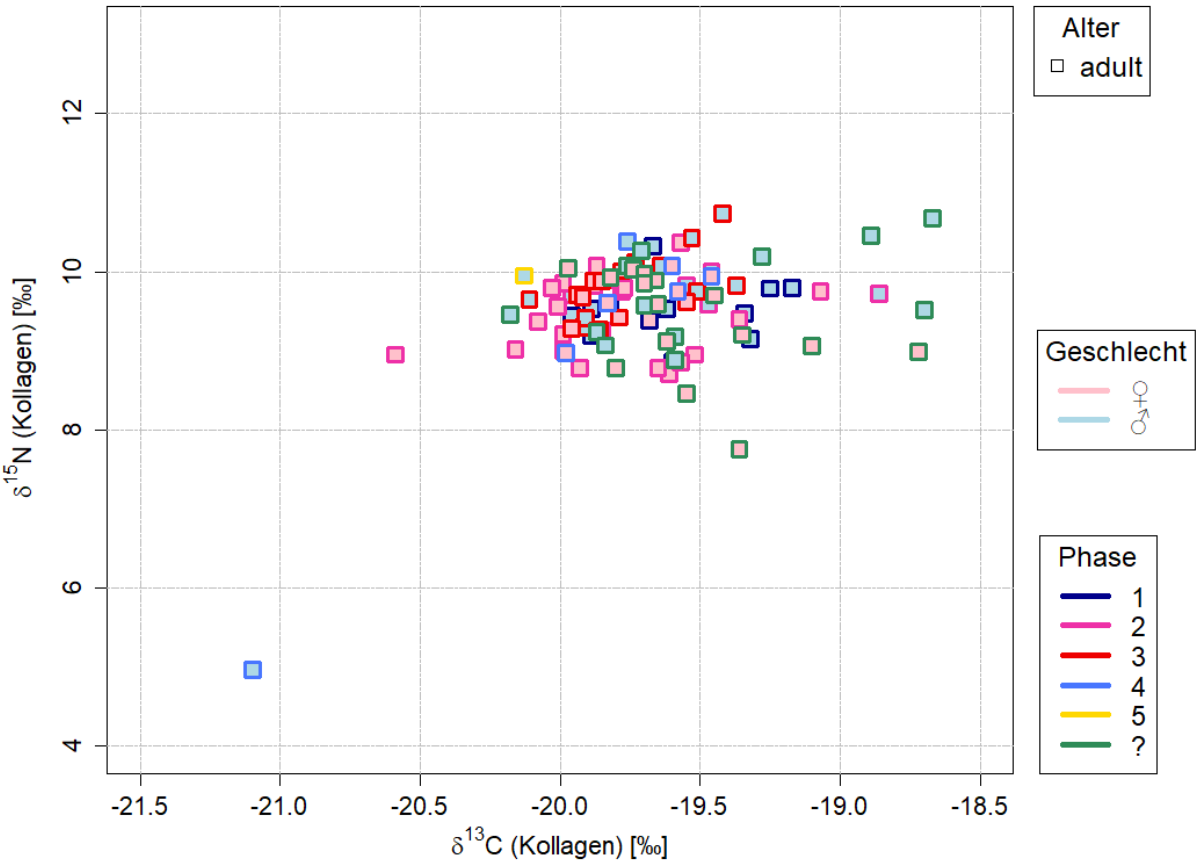


Abbildung A 235: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Straubing.

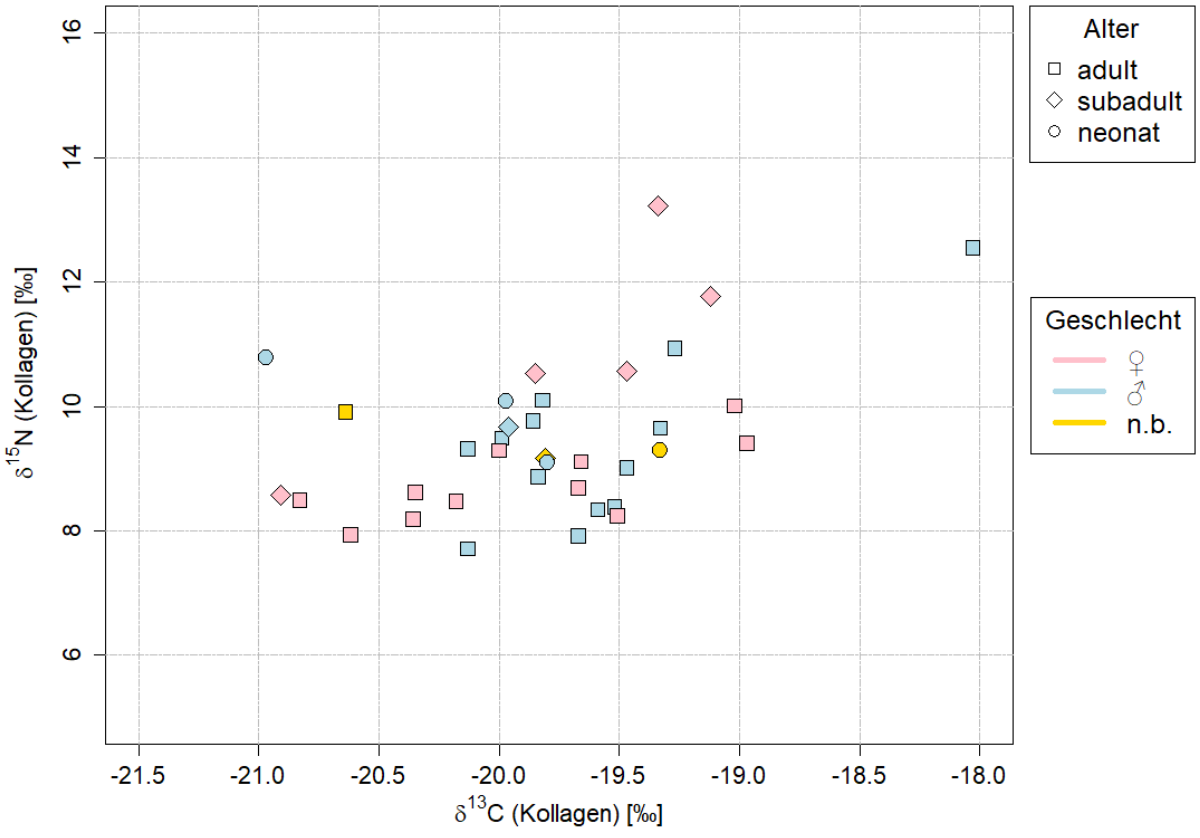


Abbildung A 236: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Unterigling. **n.b.**: nicht bestimmbar).

9.2.5.3 MixSIAR: Bruckmühl – Populationsmedian

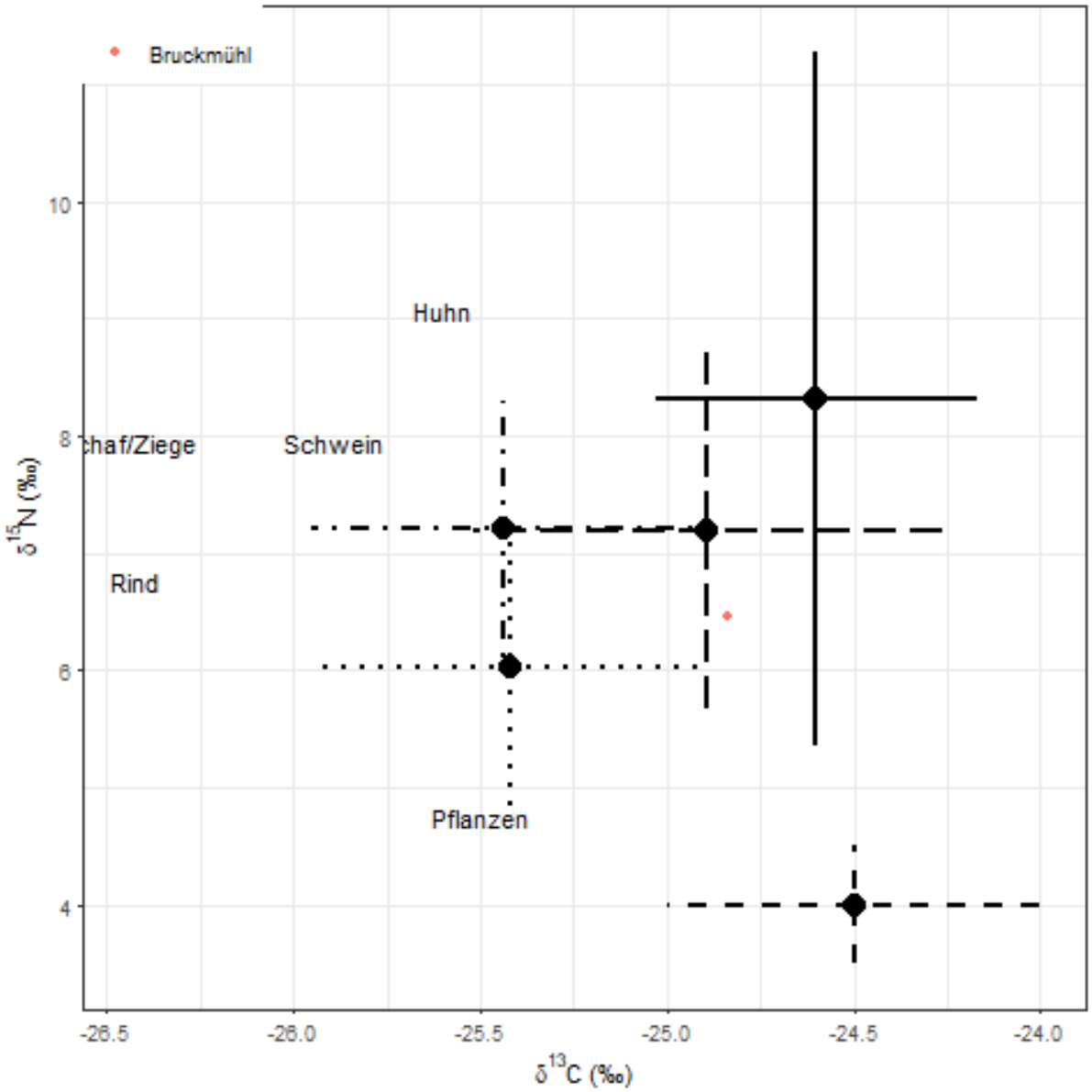


Abbildung A 237: Isospace Plot des Populationsmedians aus Bruckmühl. Erstellt mit MixSIAR.

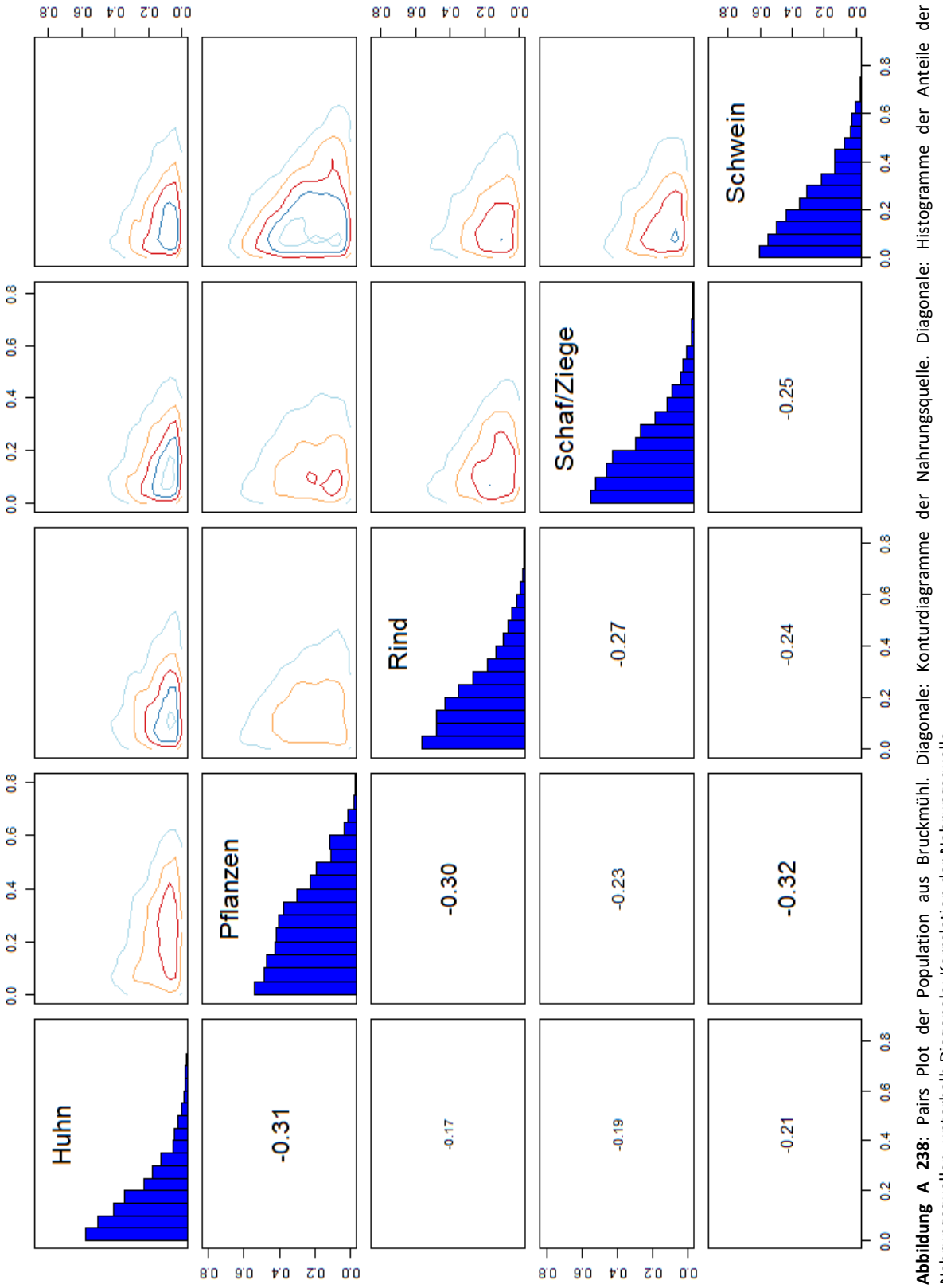


Abbildung A 238: Pairs Plot der Population aus Bruckmühl. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.5.4 MixSIAR: Bruckmühl - Friedhofsteile

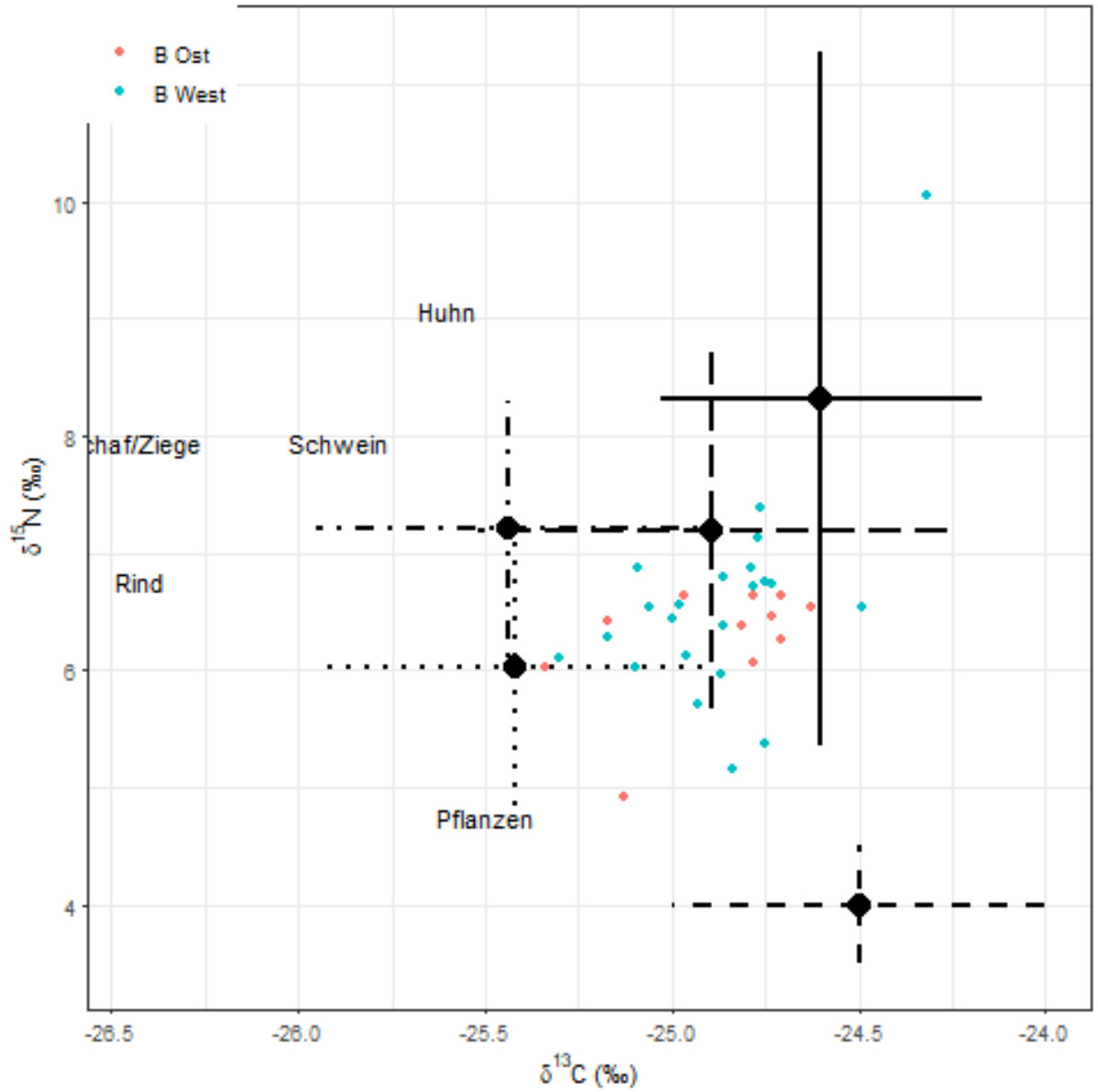


Abbildung A 239: Isospace Plot des Individuen aus Bruckmühl unterteilt nach Friedhofsteil. Erstellt mit MixSIAR.

Brückmühl - Ost

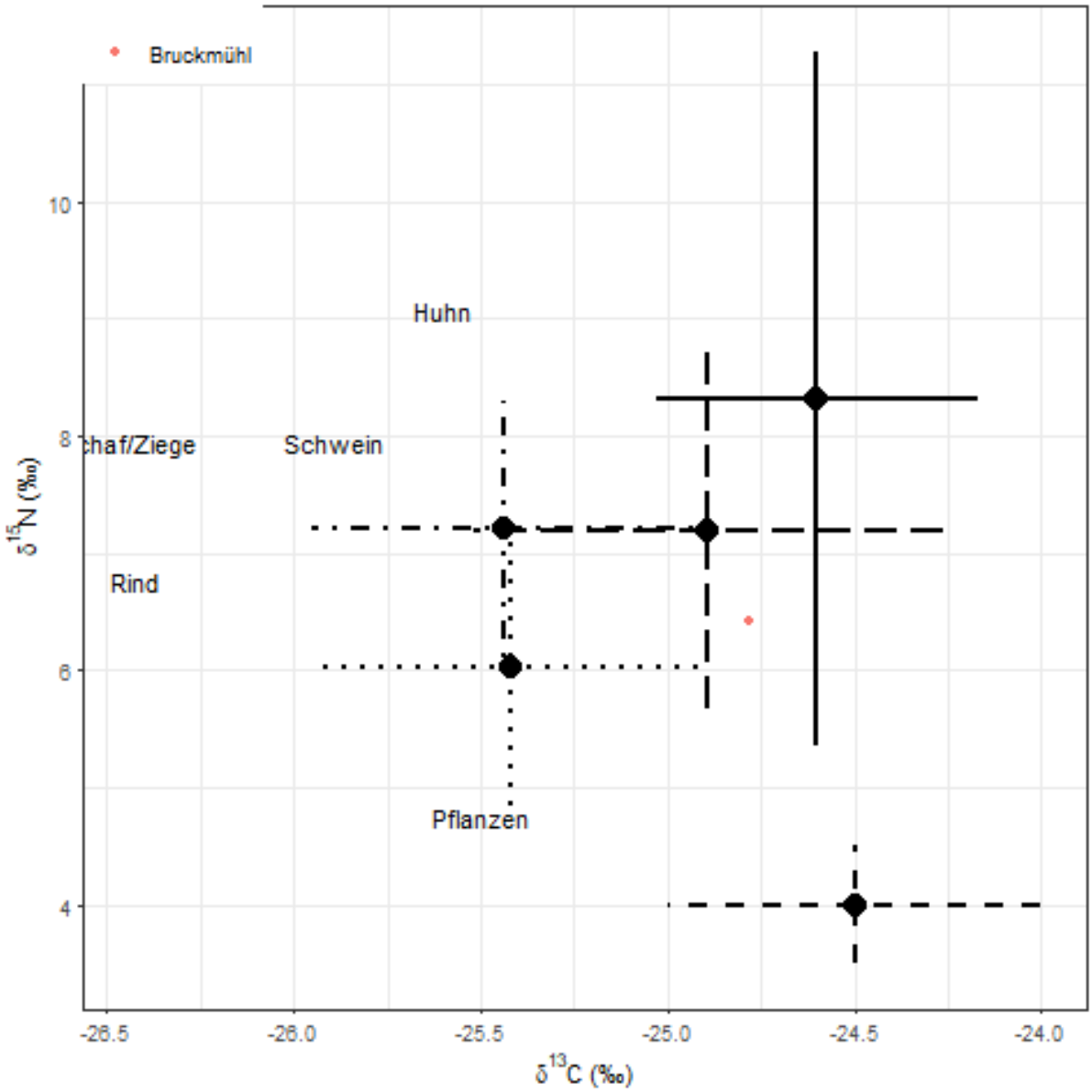


Abbildung A 240: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

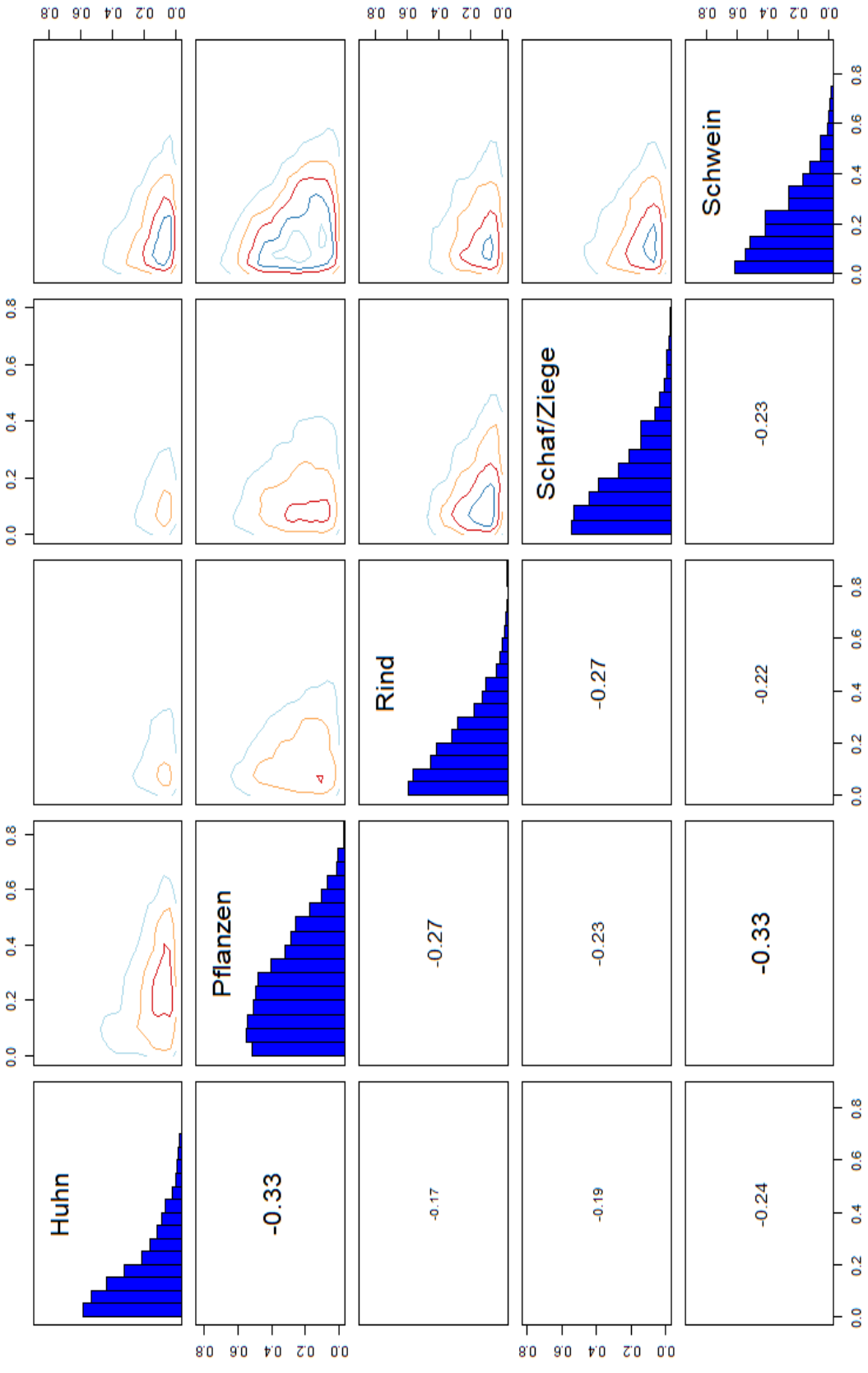


Abbildung A 241: Pairs Plot der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

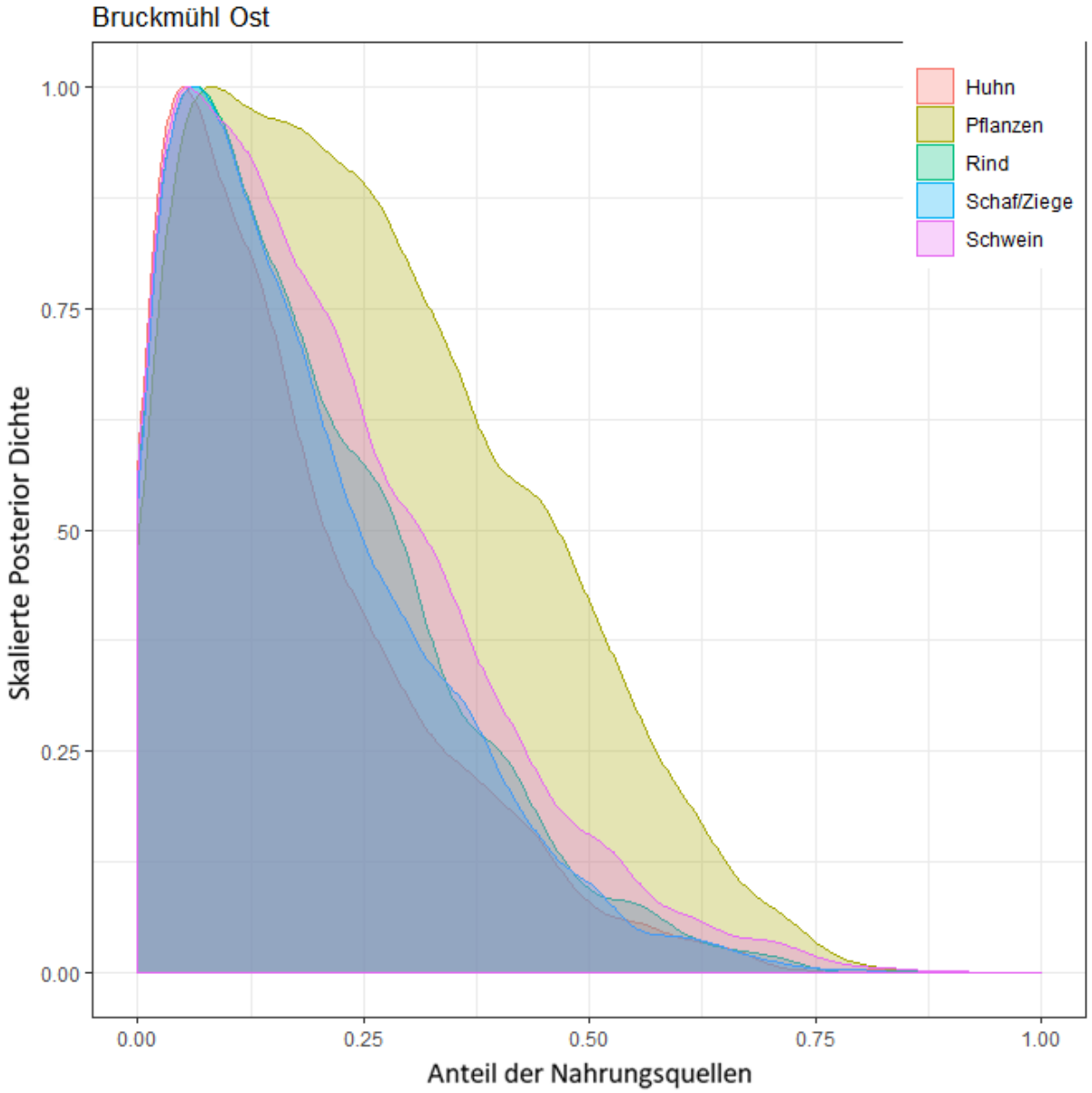


Abbildung A 242: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Friedhofsteil bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

Brückmühl - West

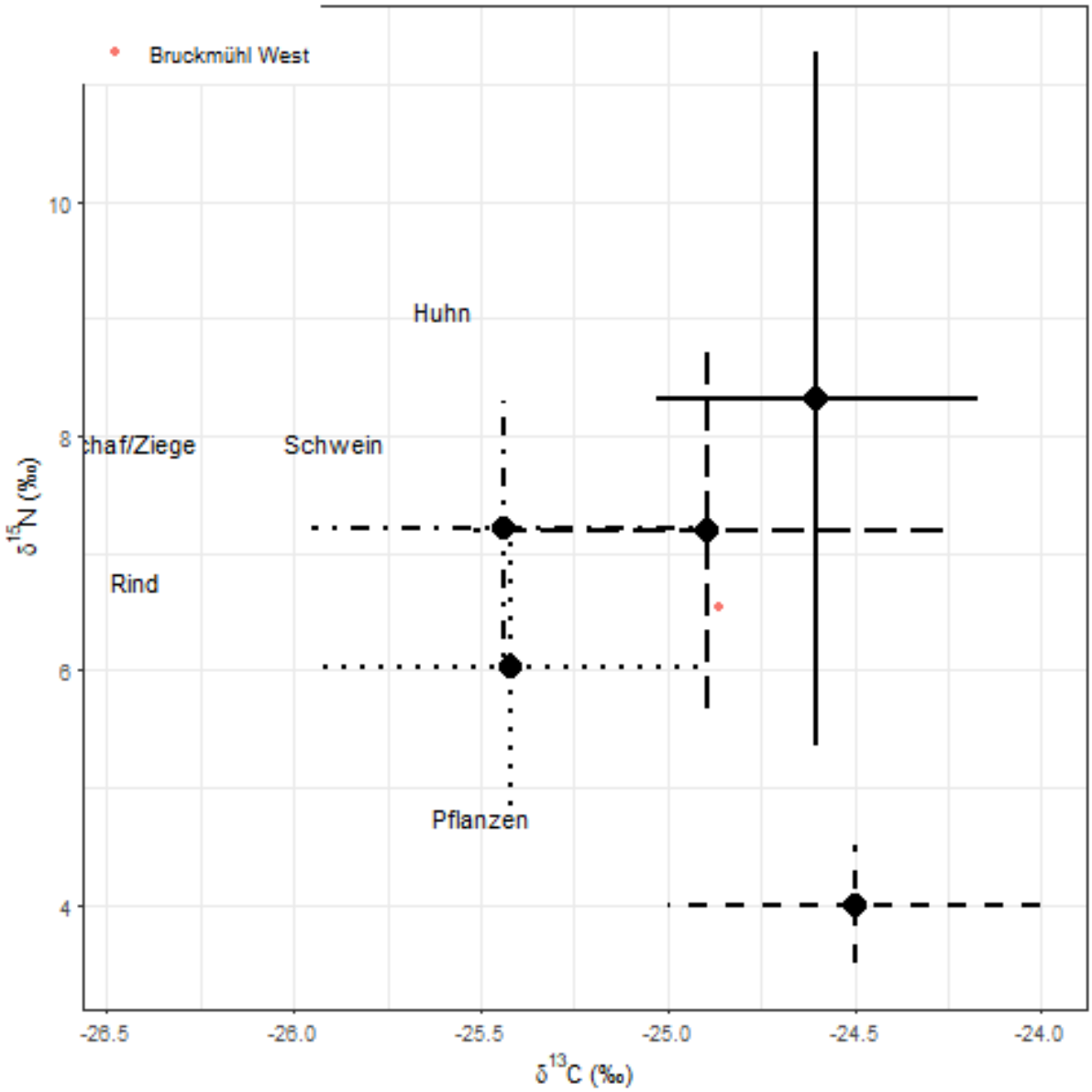


Abbildung A 243: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

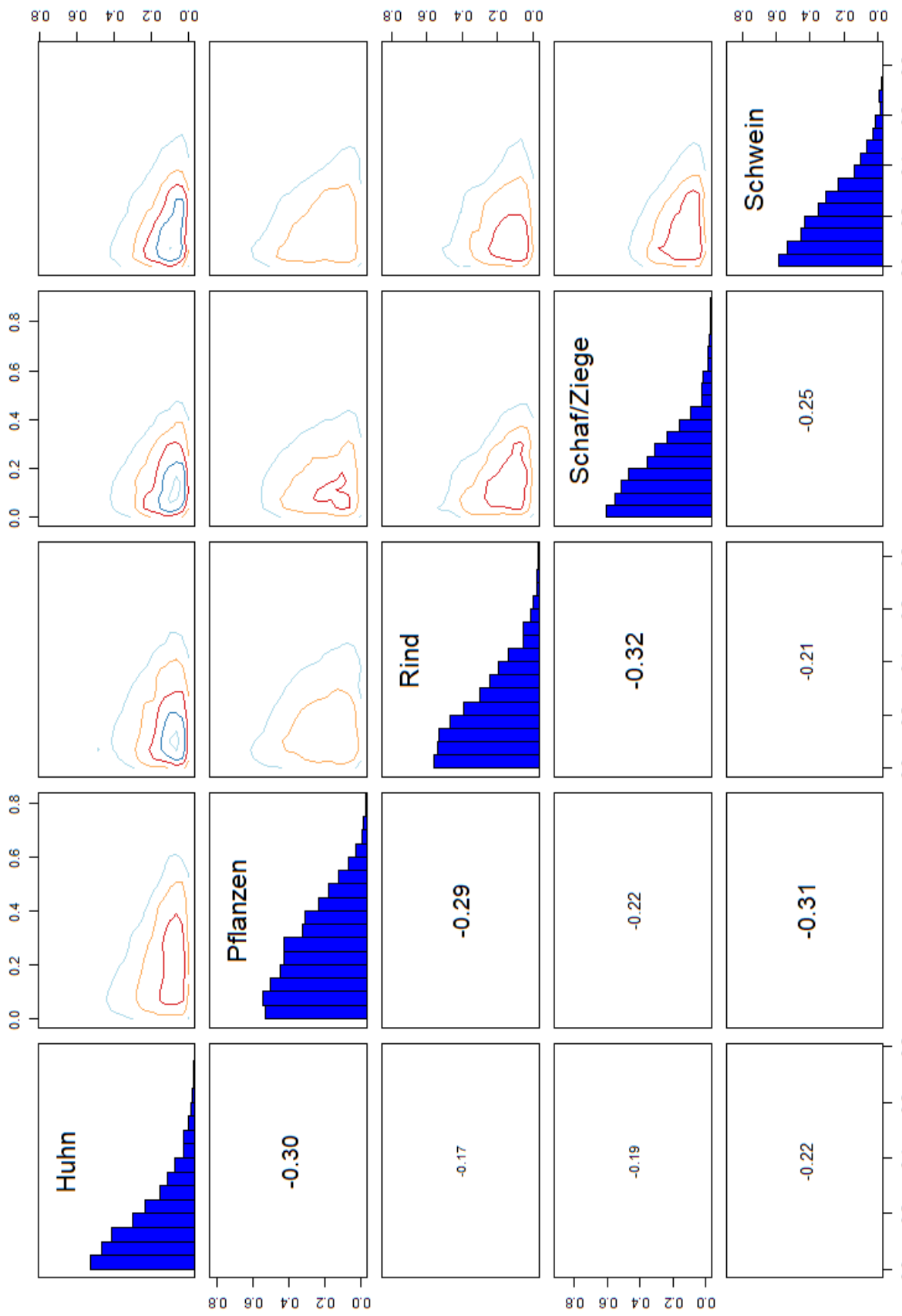


Abbildung A 244: Pairs Plot der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

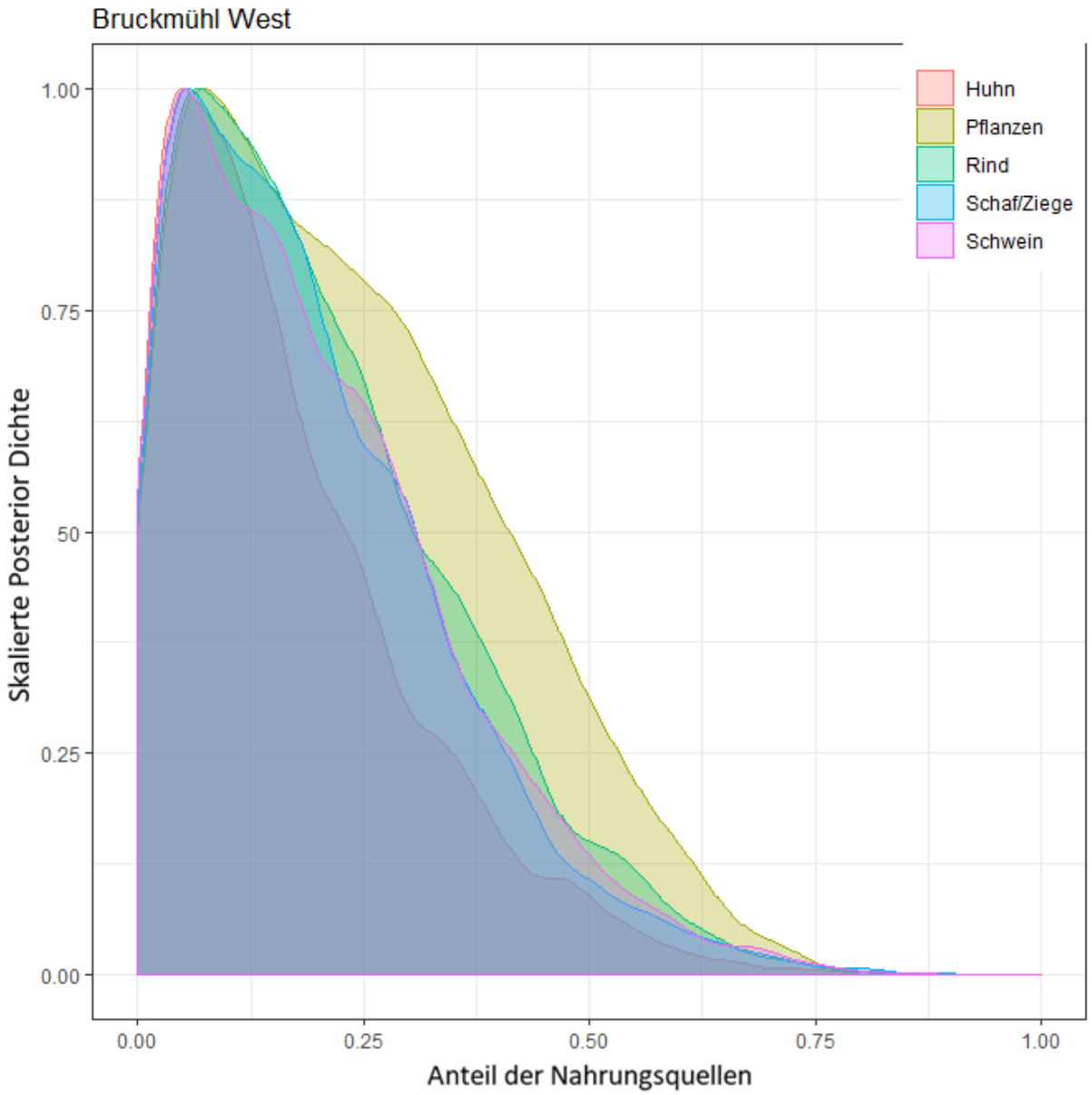


Abbildung A 245: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Friedhofsteil bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.5.5 MixSIAR: Erding - Altenerding

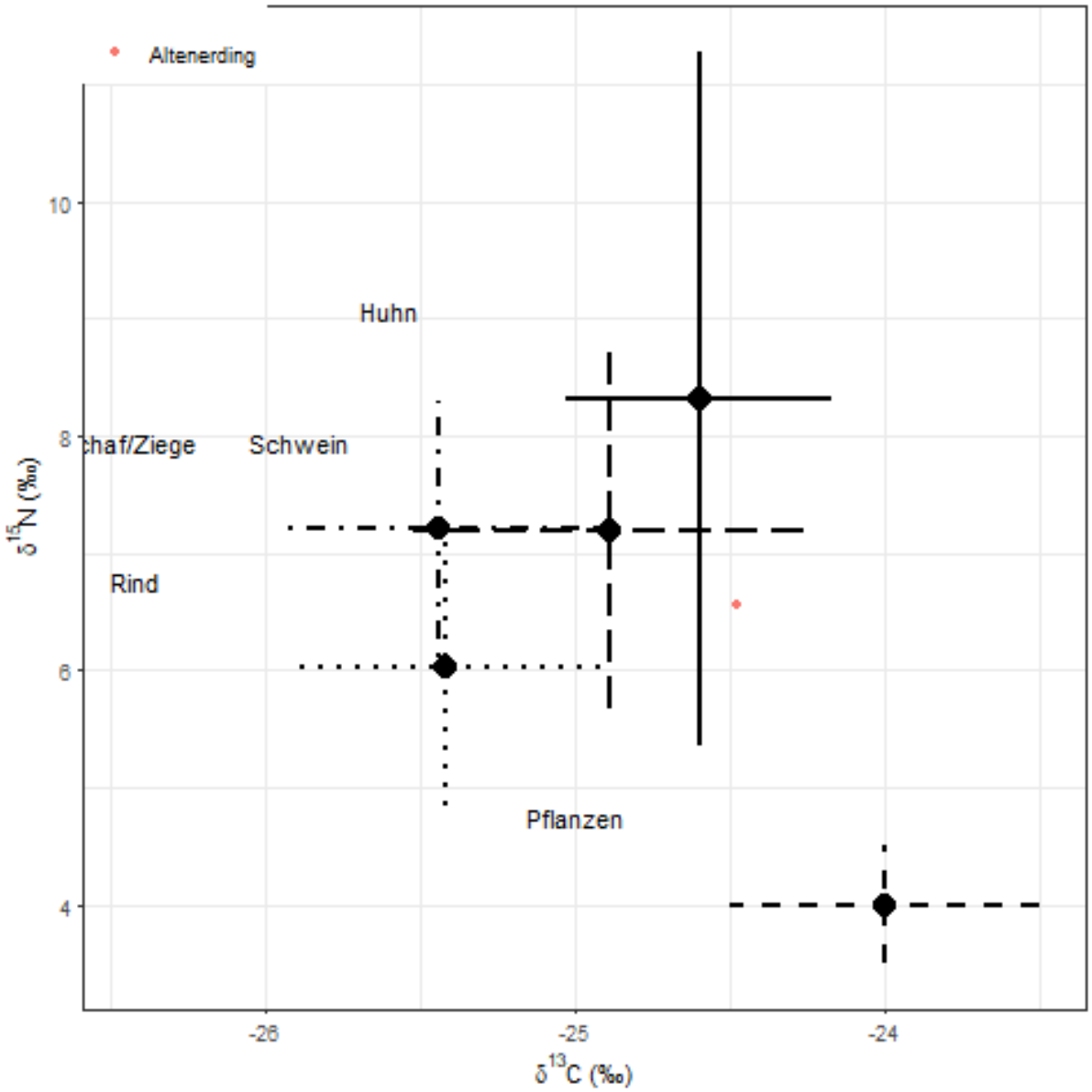


Abbildung A 246: Isospace Plot des Populationsmedians aus Erding-Altenerding. Erstellt mit MixSIAR.

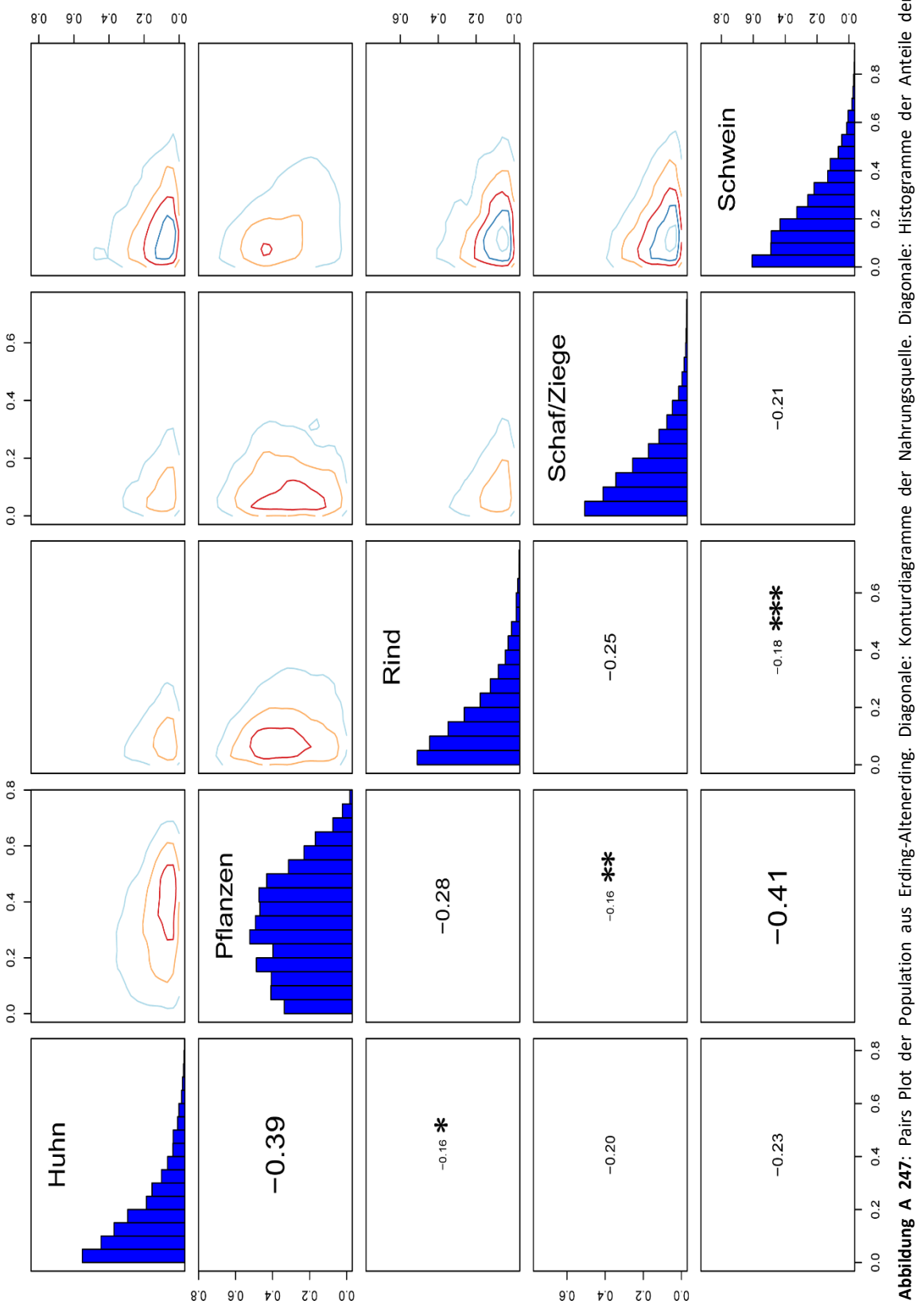


Abbildung A 247: Pairs Plot der Population aus Erding-Altenerding. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,16,,**: -0,16; ***: -0,018

9.2.5.6 MixSIAR: Ingolstadt – Etting

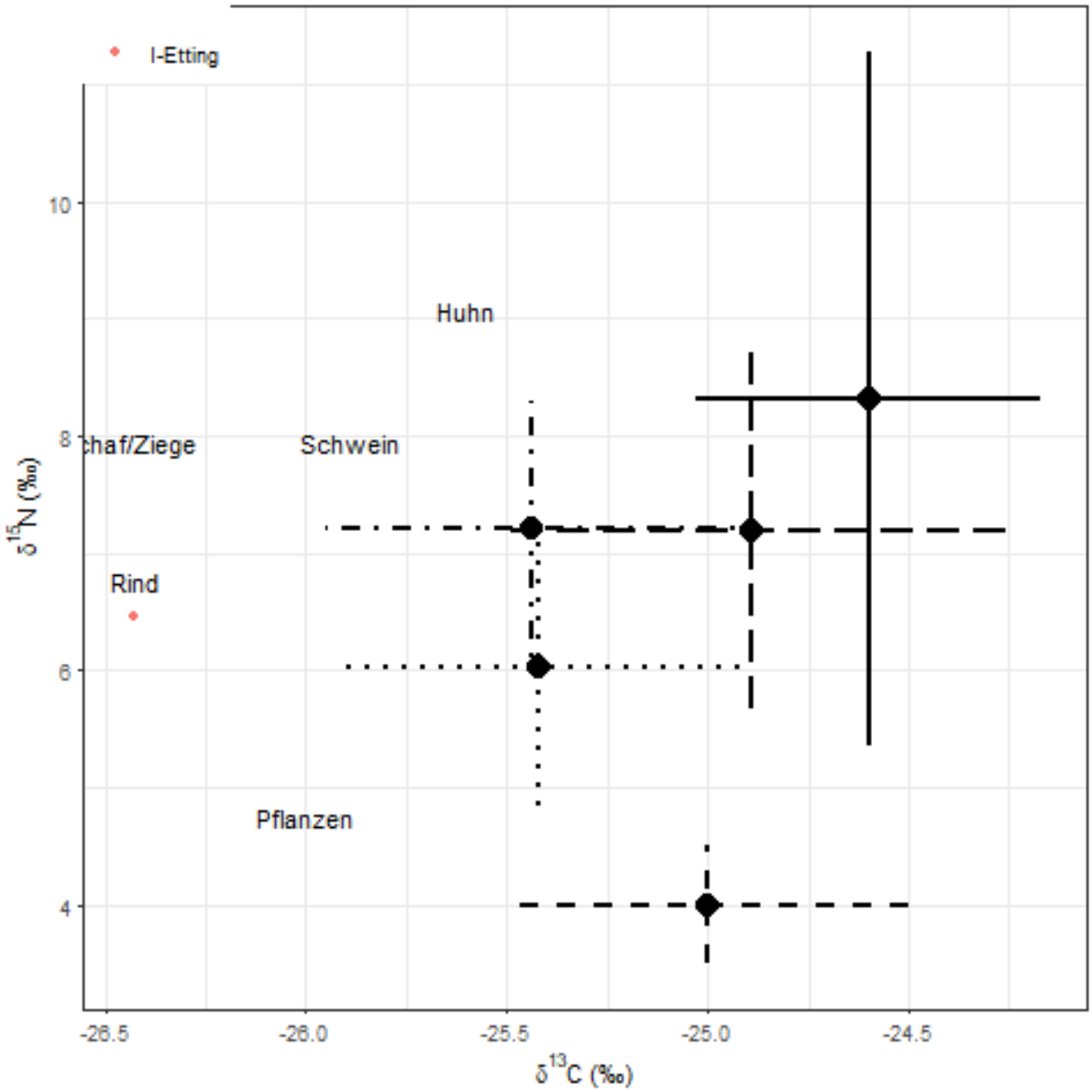


Abbildung A 248: Isospace Plot des Populationsmedians aus Ingolstadt-Etting. Erstellt mit MixSIAR.

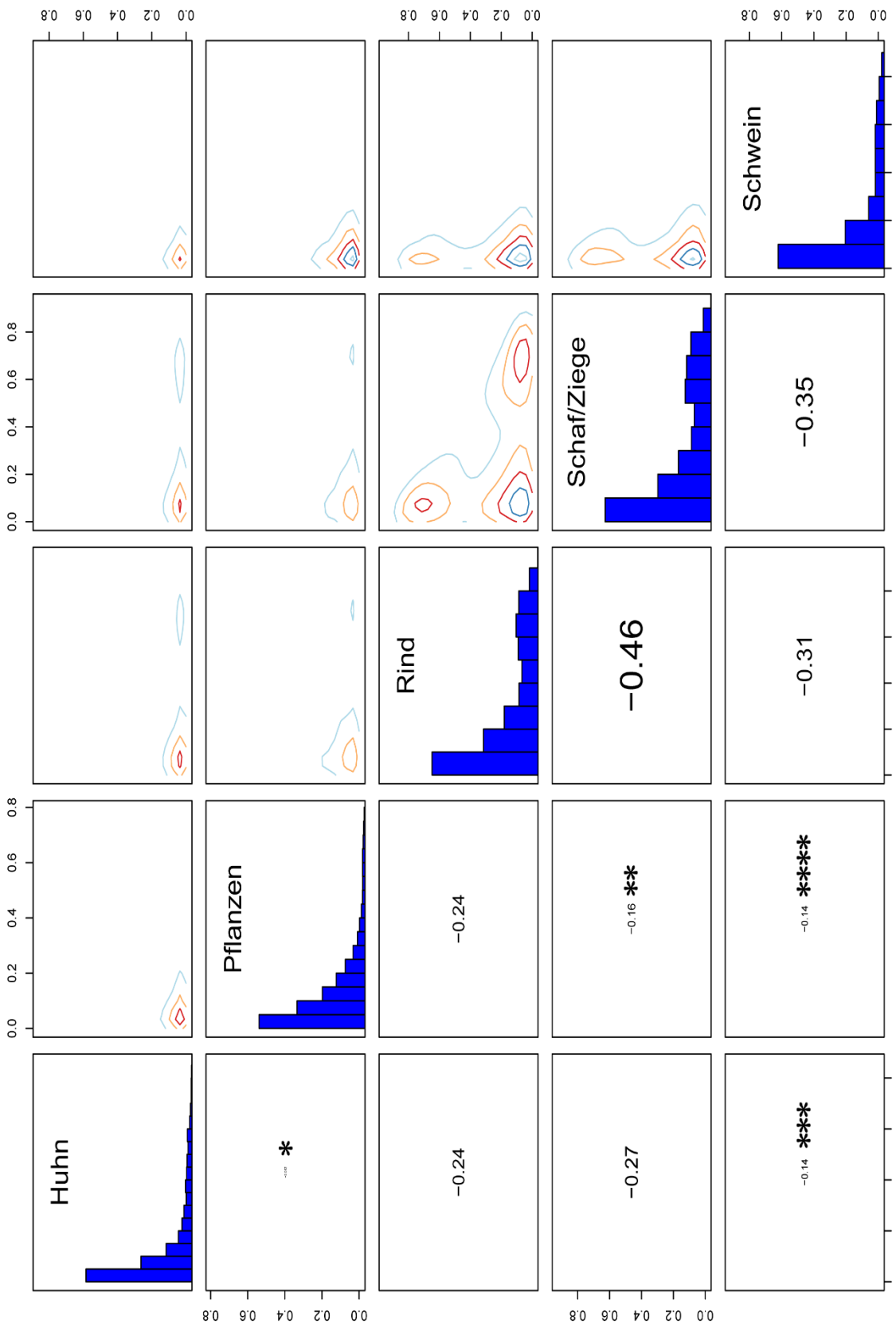


Abbildung A 249: Pairs Plot der Population aus Ingolstadt-Etting. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,042; **: -0,16; ***: -0,14; ****: -0,14

9.2.5.7 MixSIAR: Großmehring - Populationsmedian

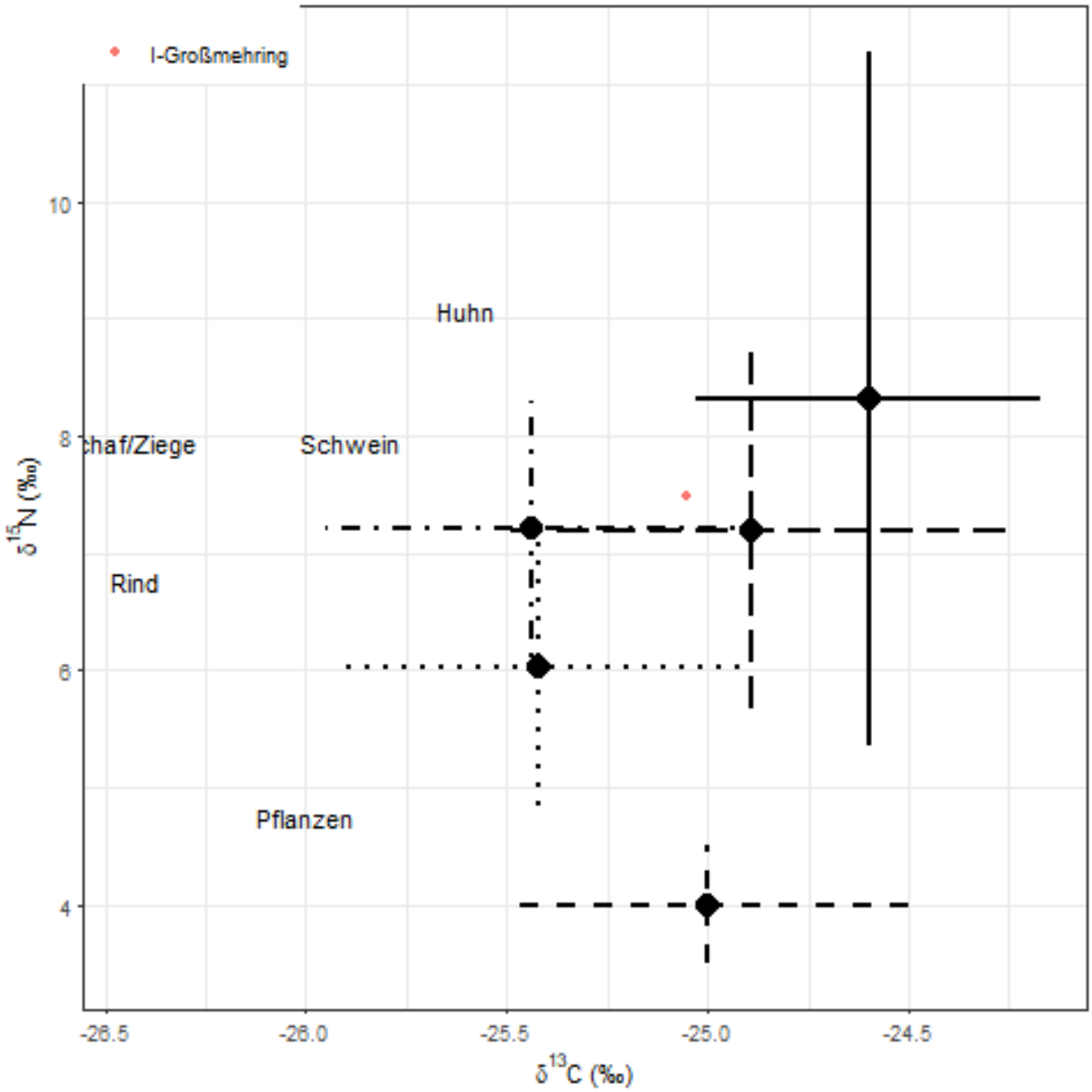


Abbildung A 250: Isospace Plot des Populationsmedians aus Großmehring. Erstellt mit MixSIAR.

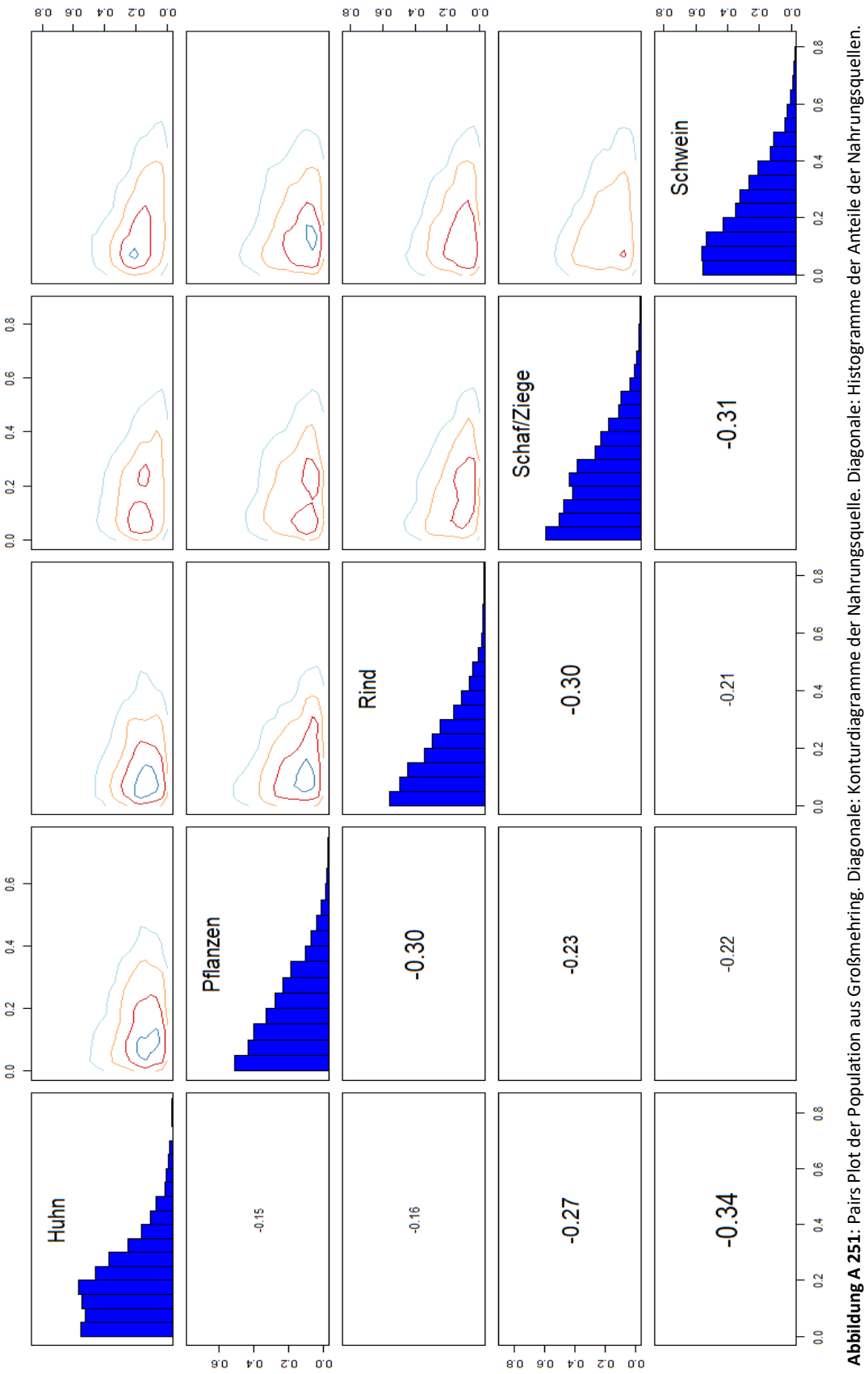


Abbildung A 251: Pairs Plot der Population aus Großmehring. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.5.8 MixSIAR: Großmehring – Bestattungsplatz

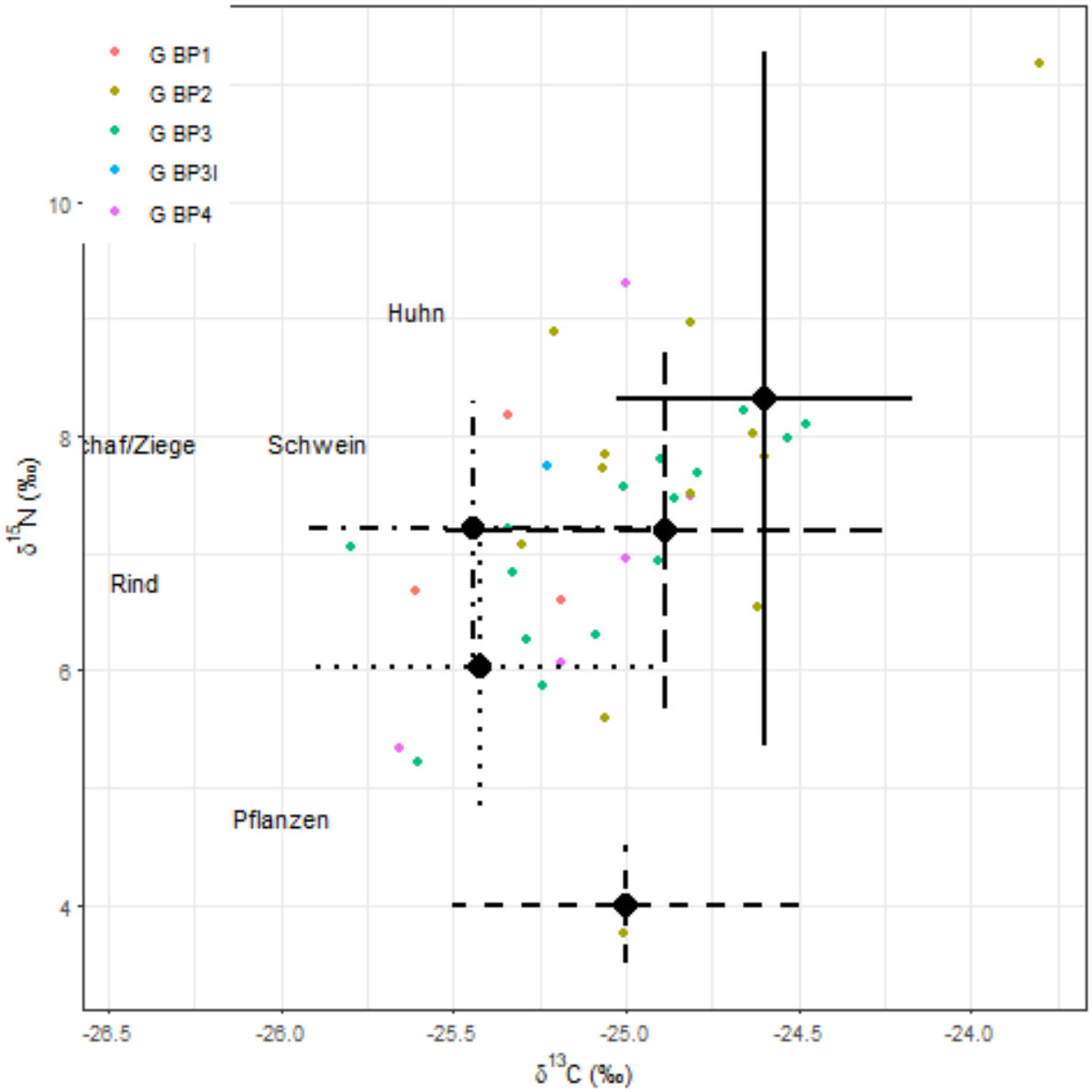


Abbildung A 252: Isospace Plot des Individuen aus Großmehring unterteilt nach Bestattungsplatz. Erstellt mit MixSIAR.

Bestattungsplatz 1

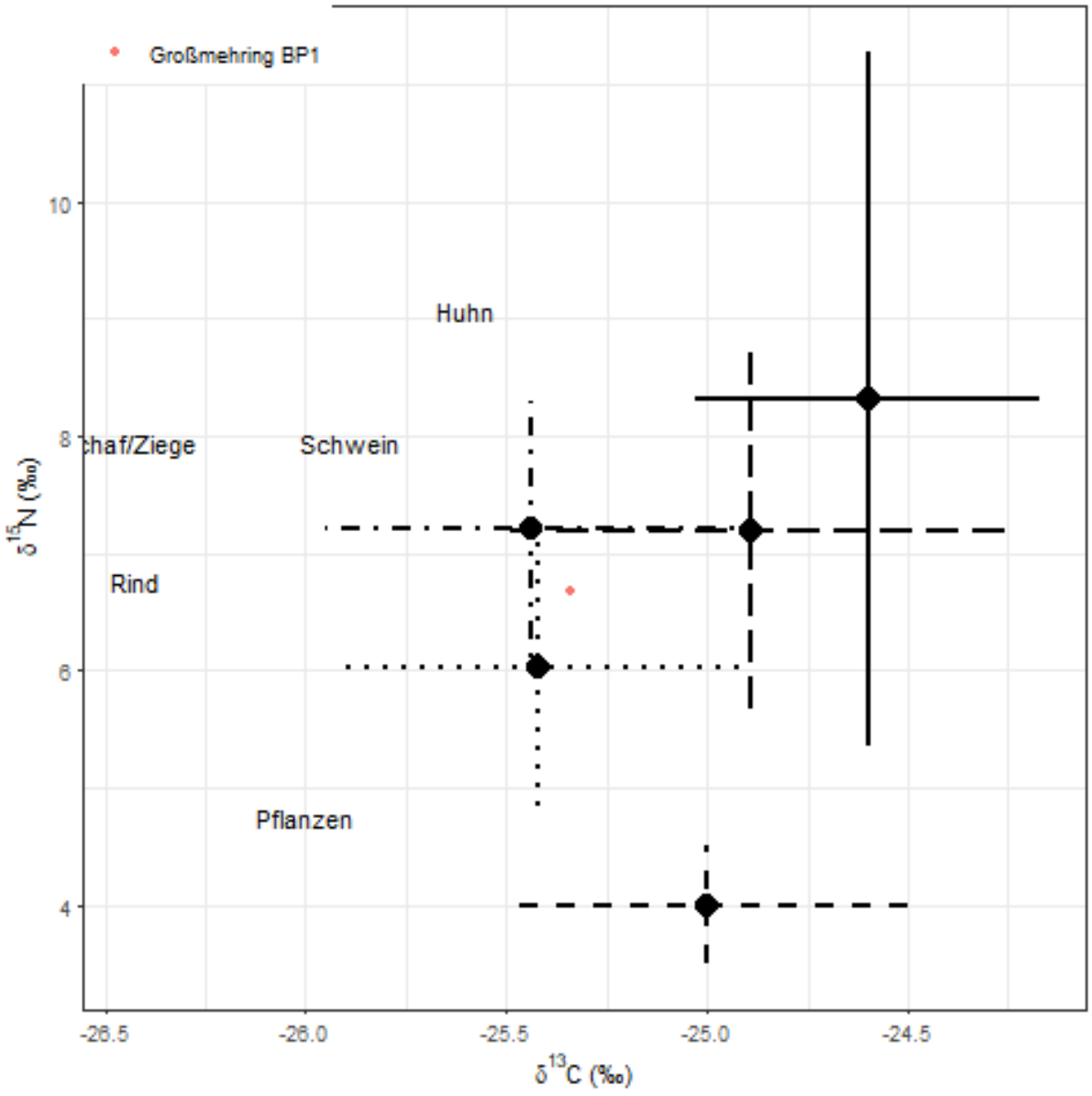


Abbildung A 253: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

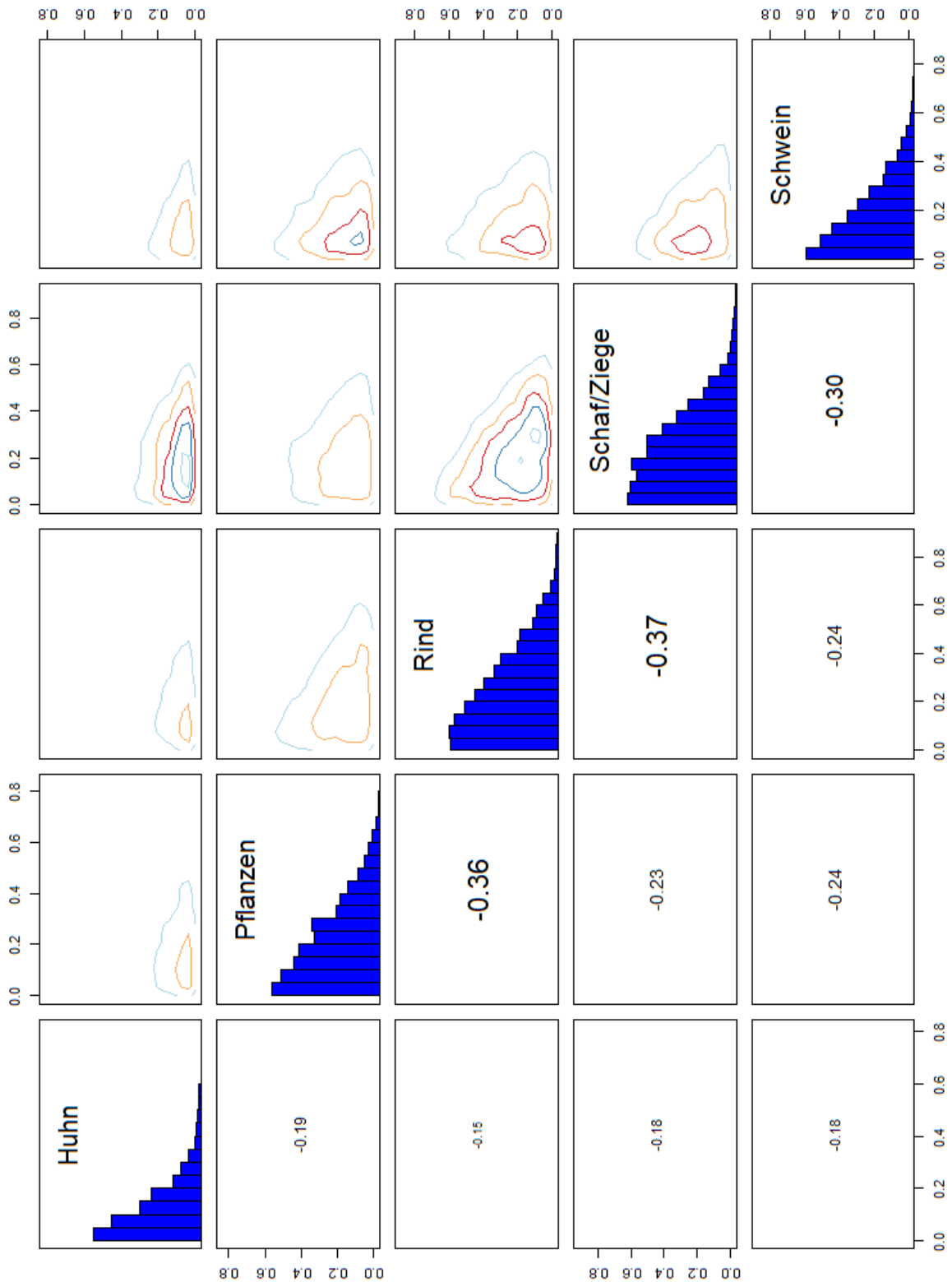


Abbildung A 254: Pairs Plot der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

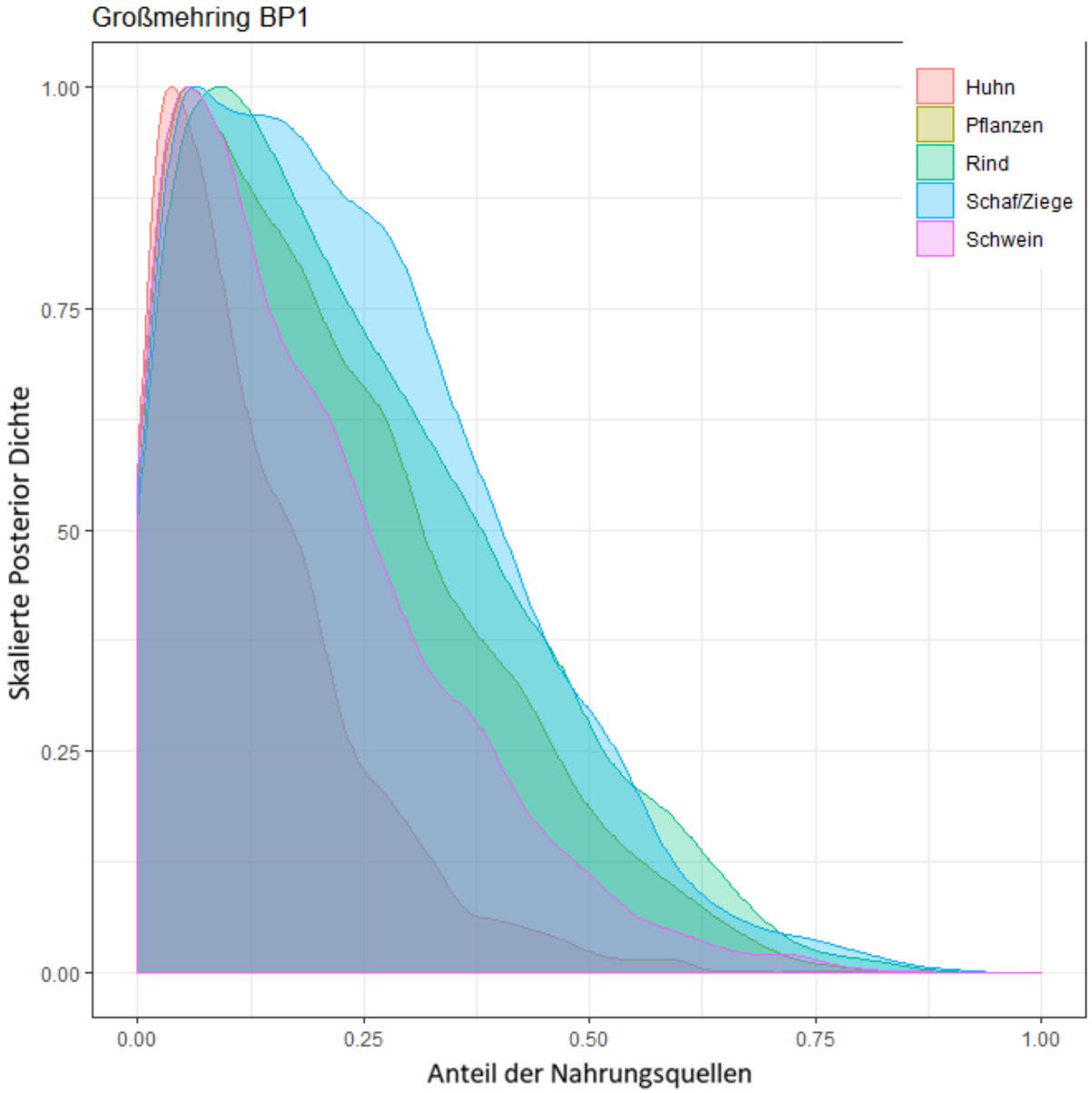


Abbildung A 255: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

Bestattungsplatz 2

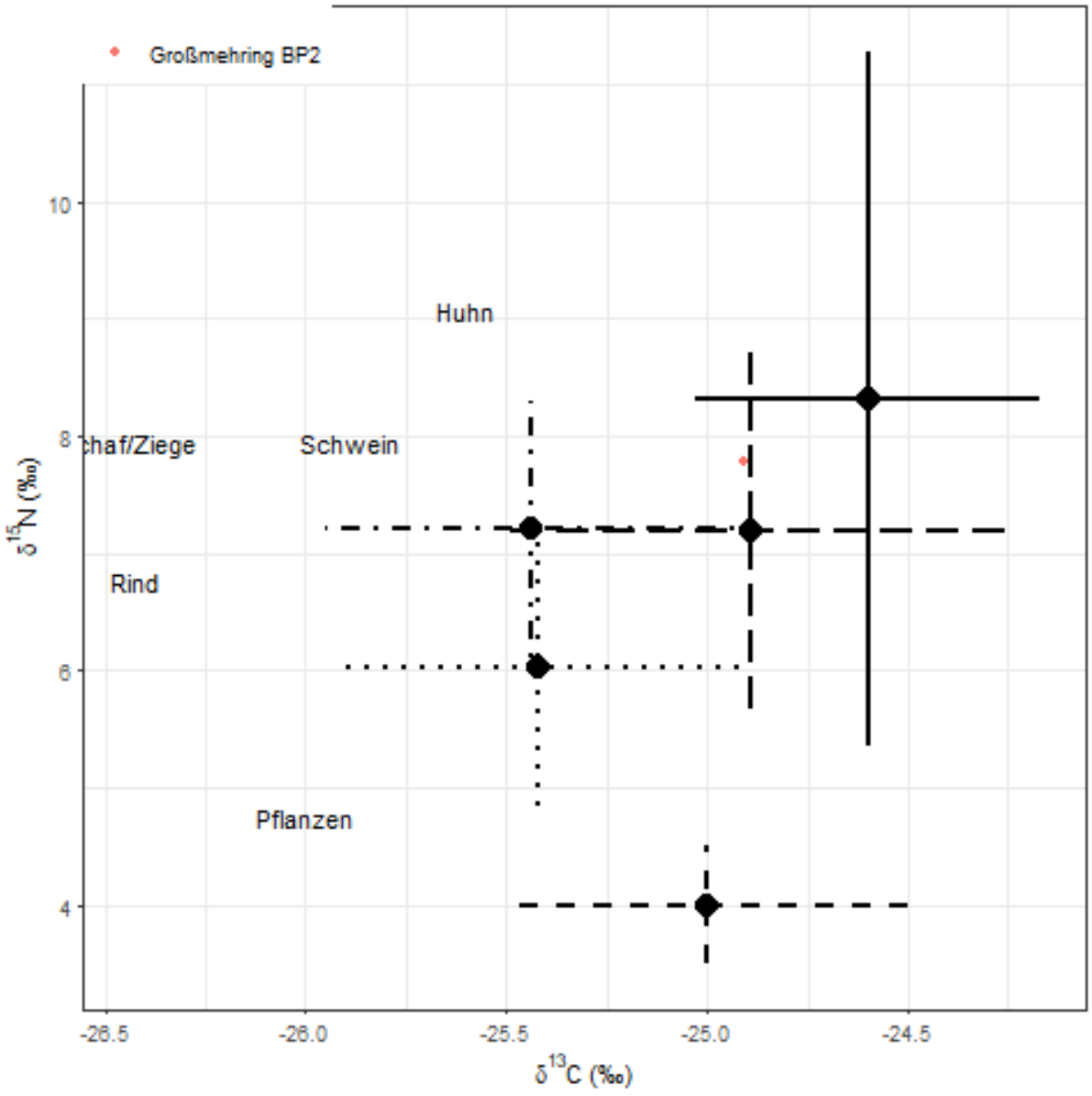


Abbildung A 256: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 2 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

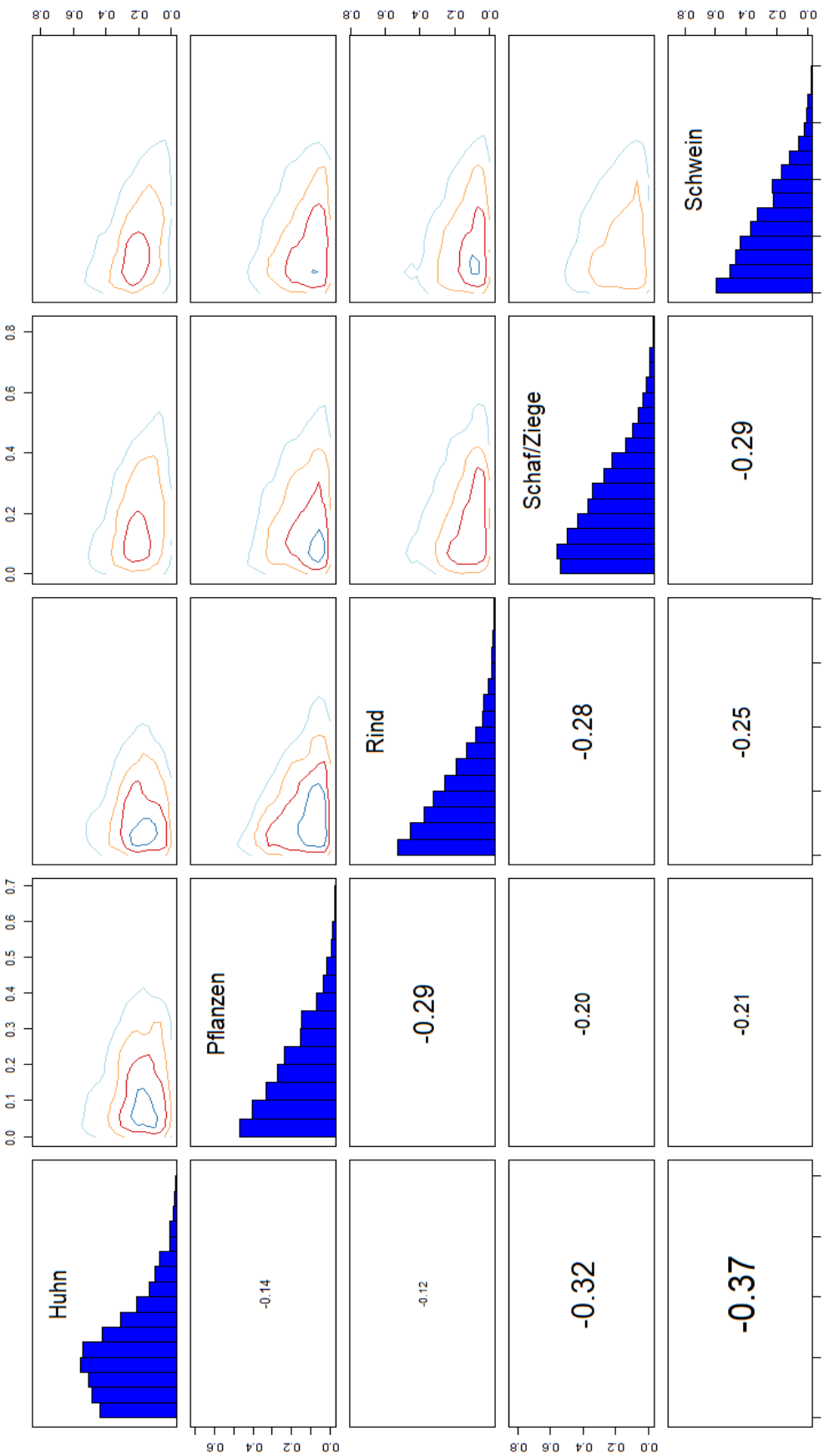


Abbildung A 257: Pairs Plot der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 2 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

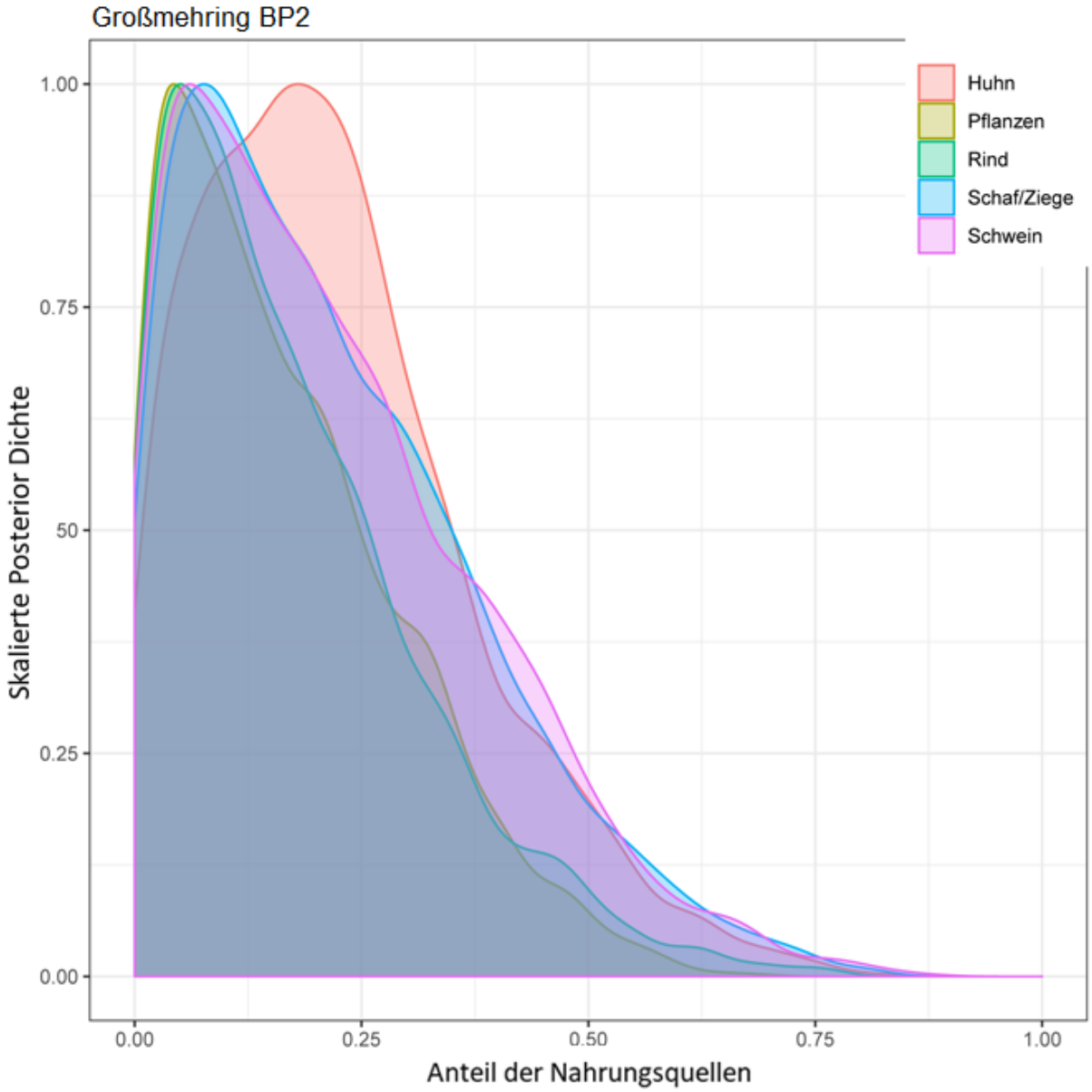


Abbildung A 258: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 2 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

Bestattungsplatz 3

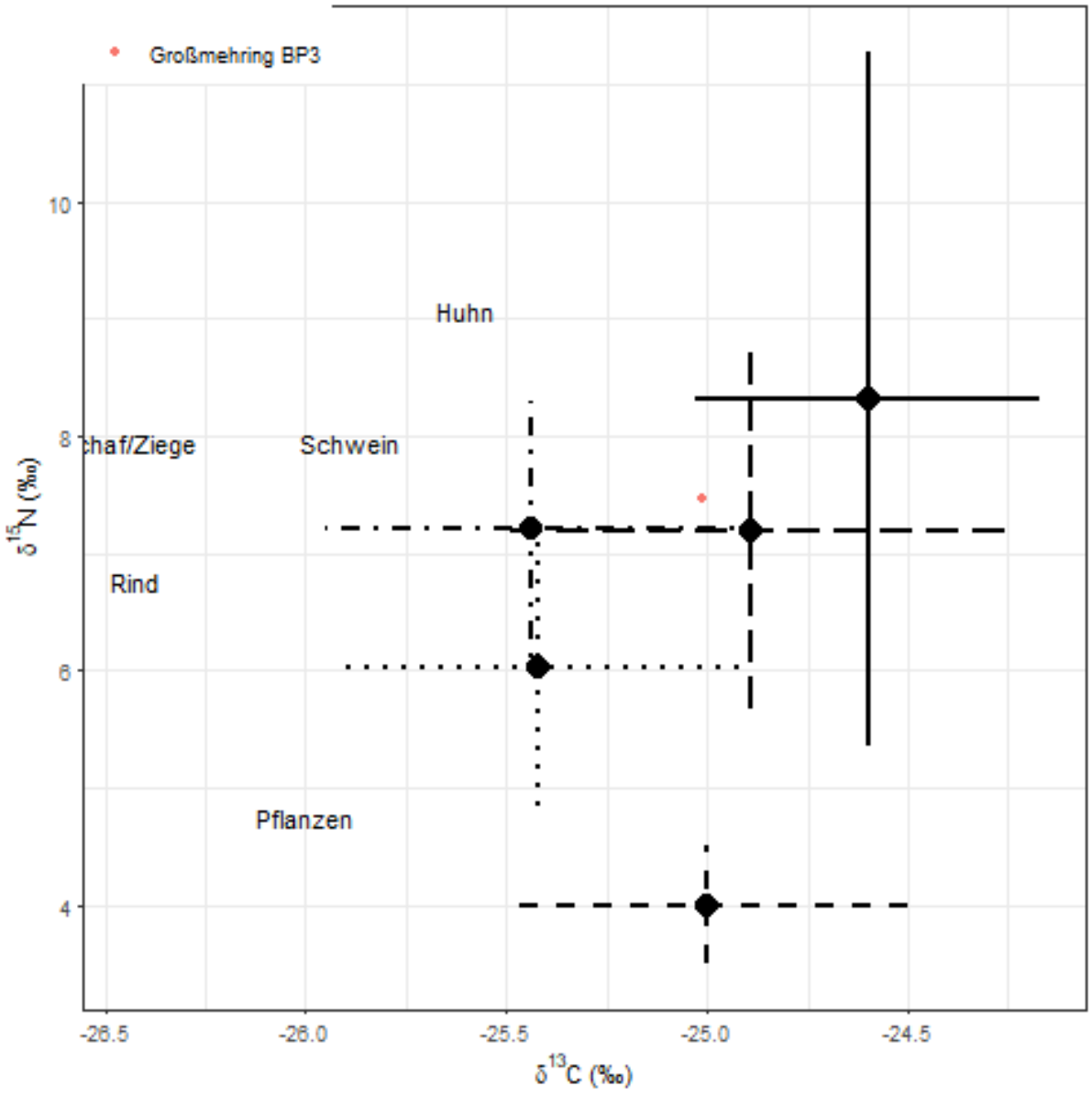


Abbildung A 259: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

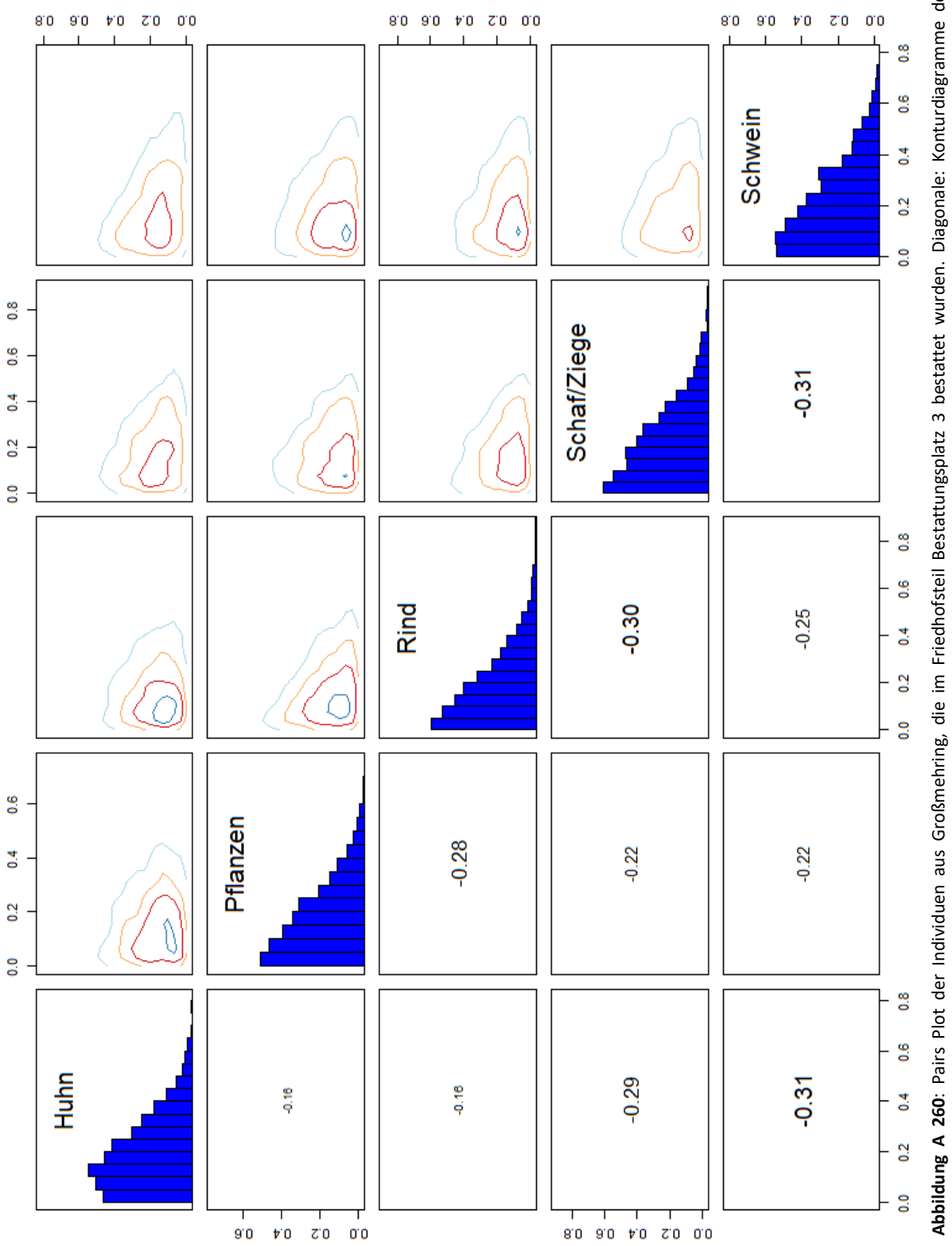


Abbildung A 260: Pairs Plot der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

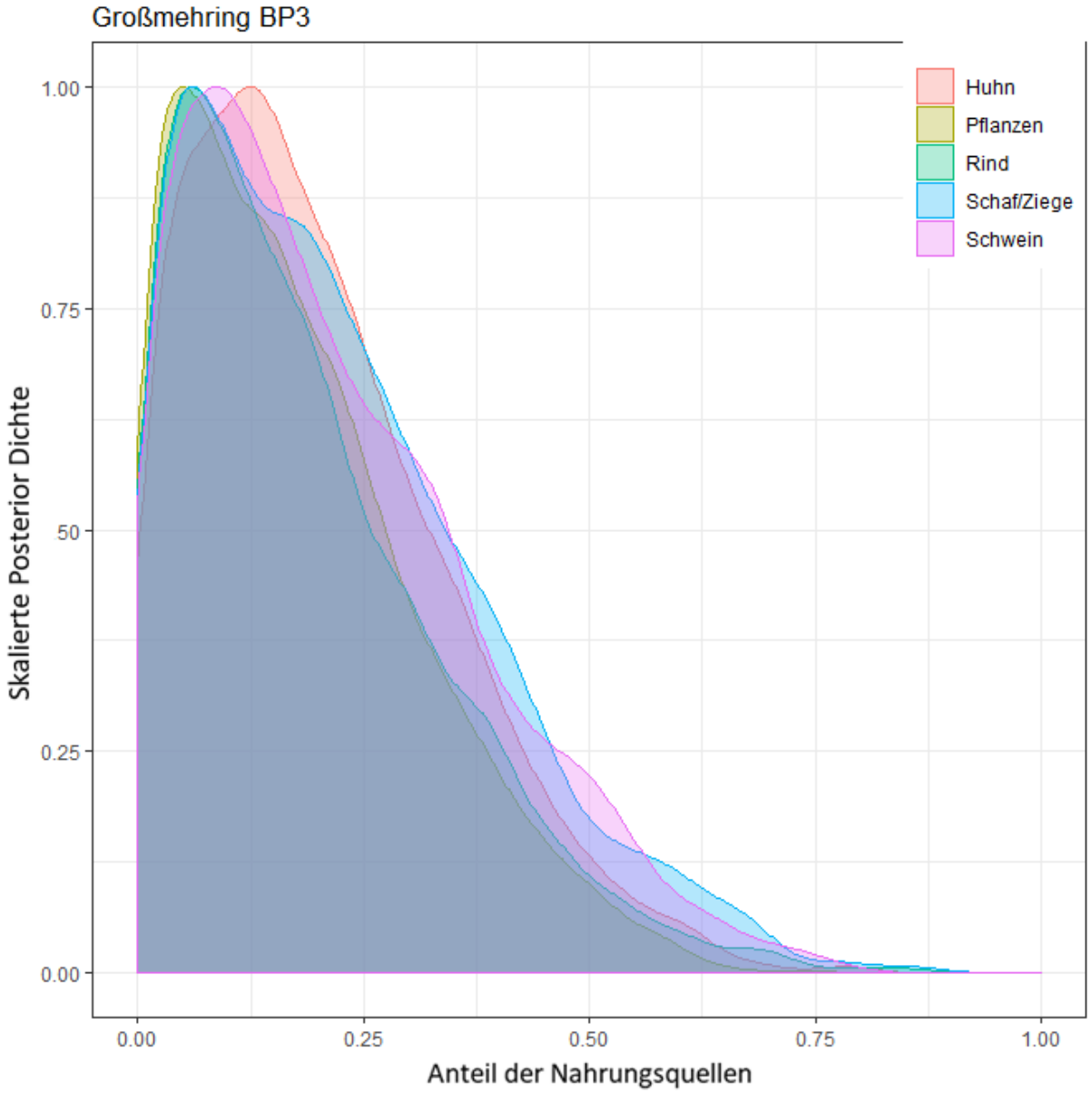


Abbildung A 261: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

Bestattungsplatz 4

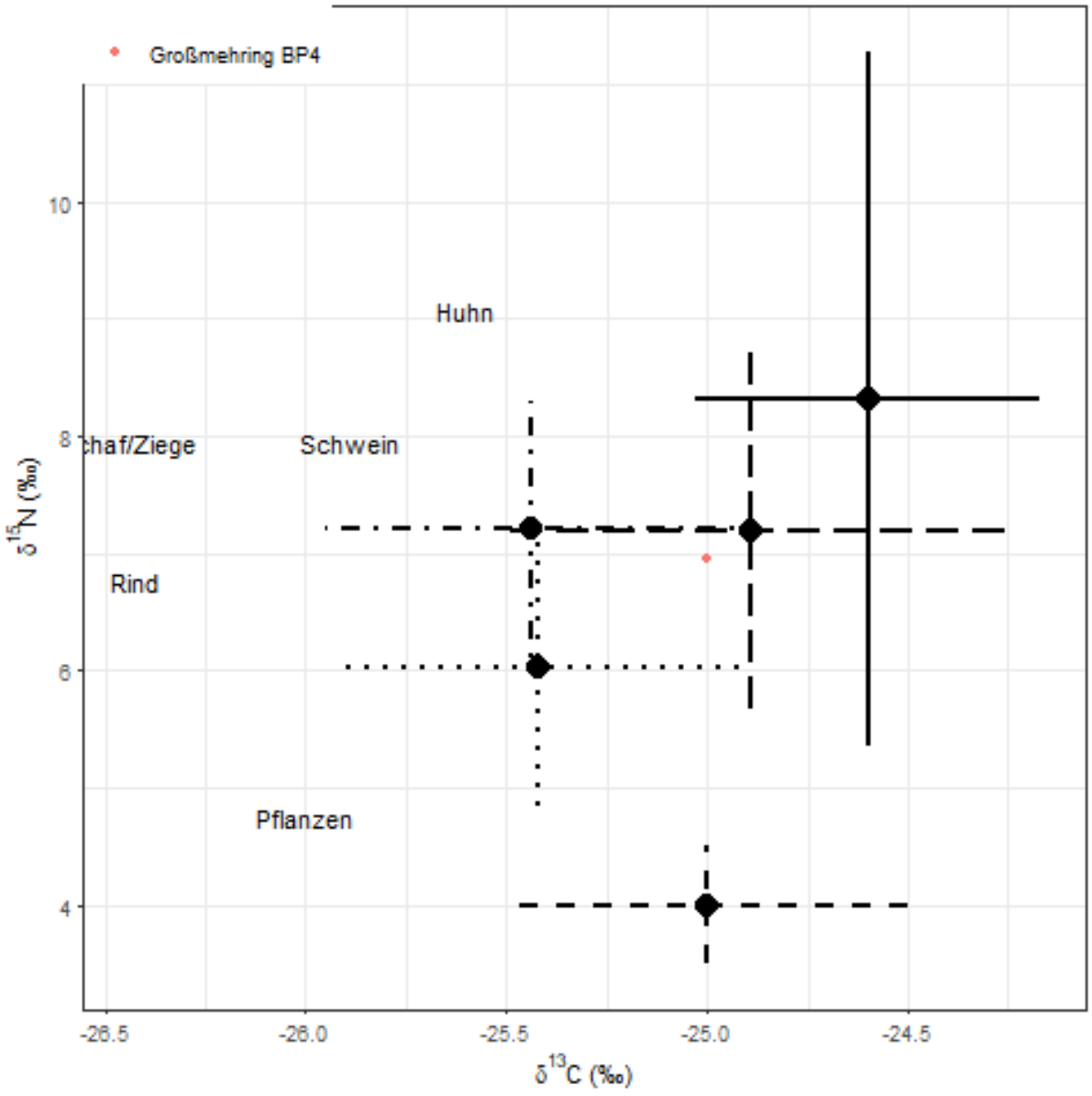


Abbildung A 262: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

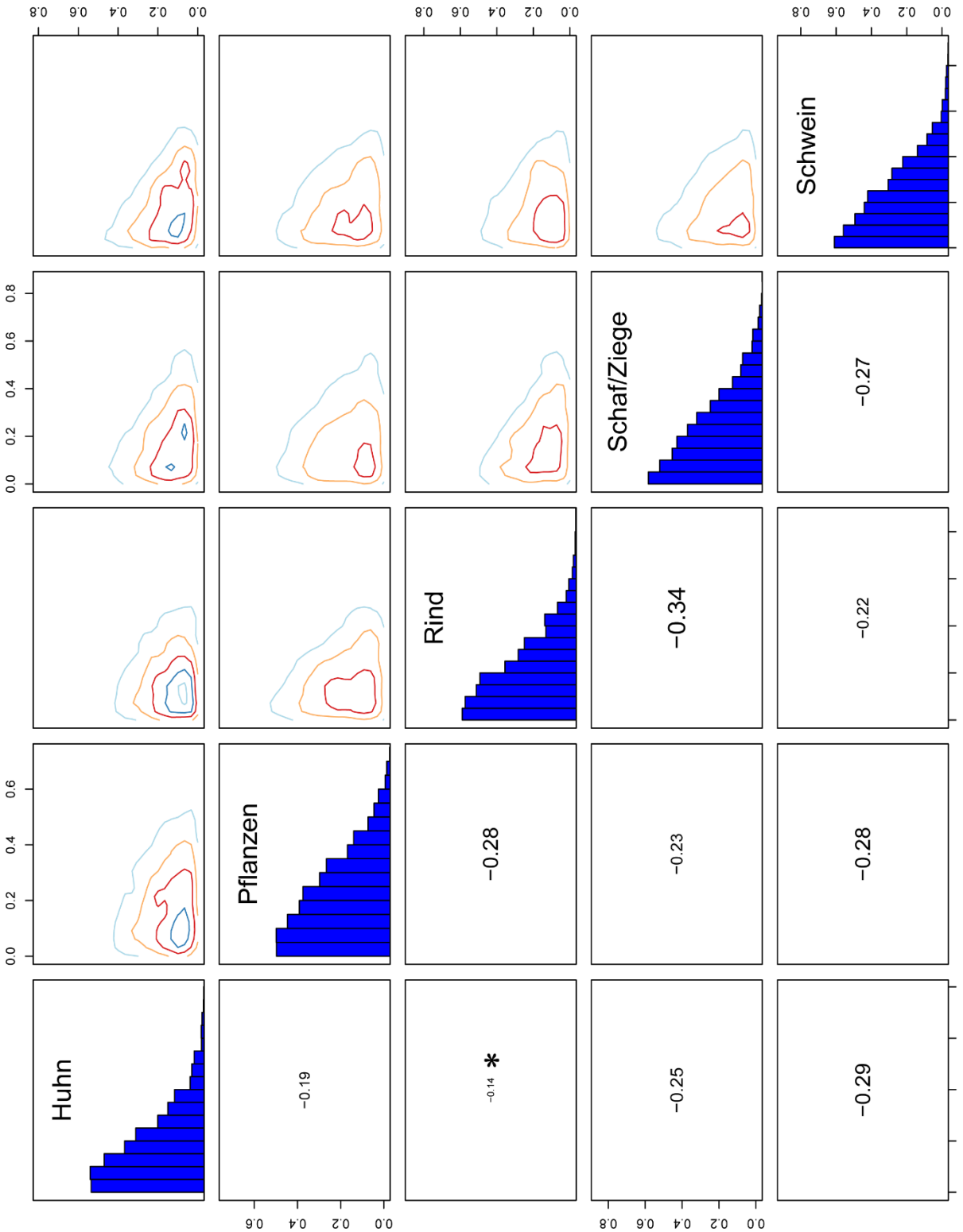


Abbildung A 263: Pairs Plot der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,14

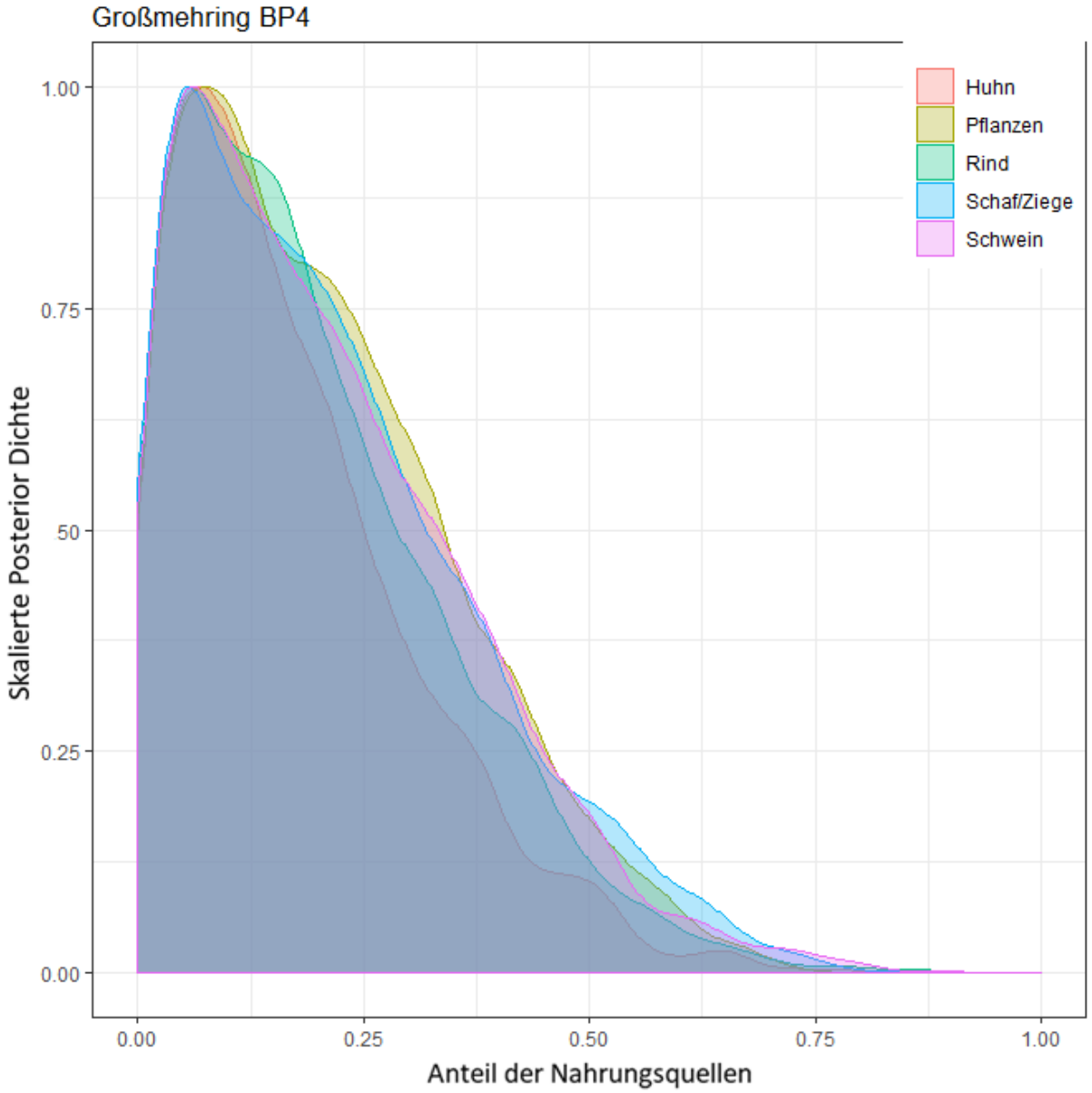


Abbildung A 264: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.5.9 MixSIAR: Kelheim

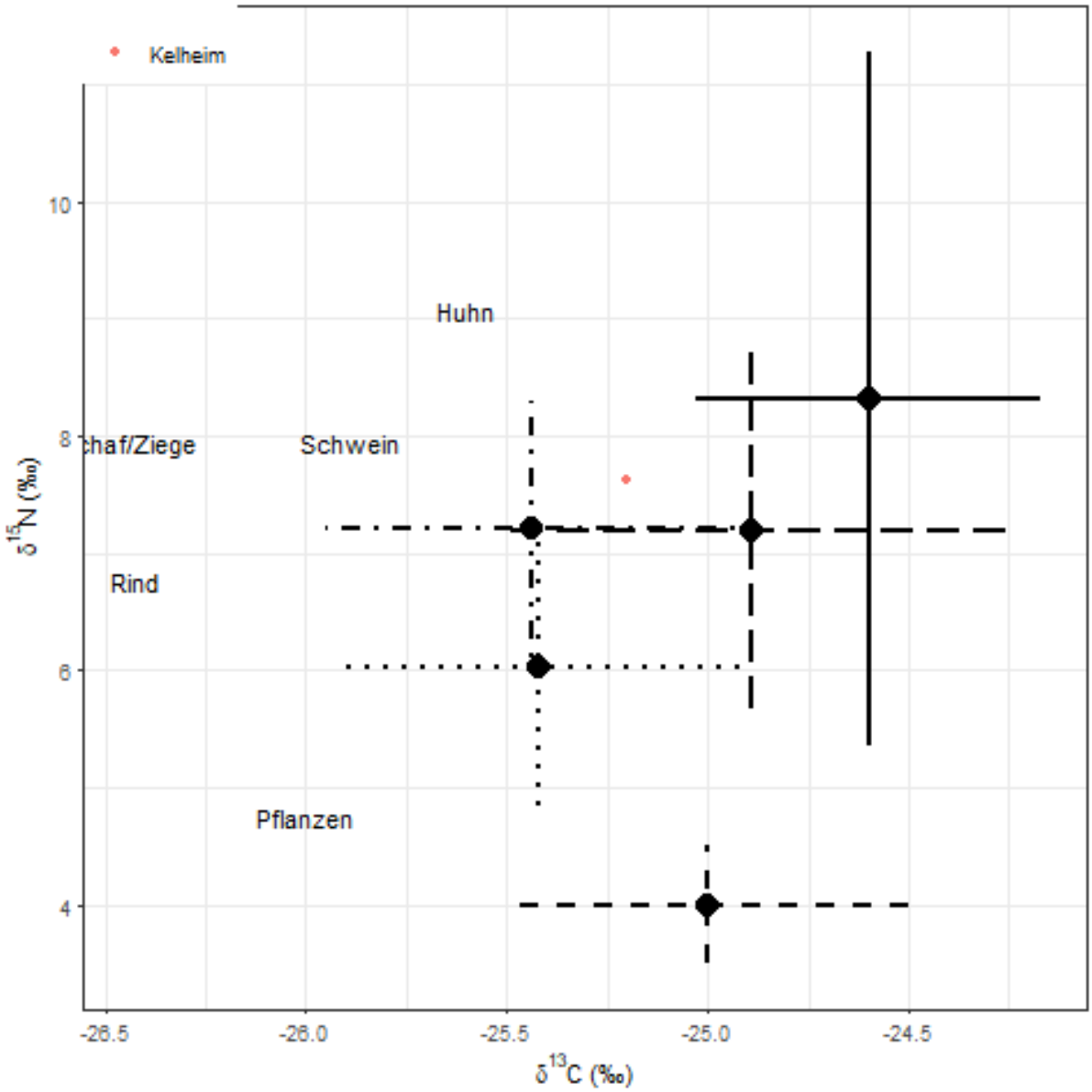


Abbildung A 265: Isospace Plot des Populationsmedians aus Kelheim. Erstellt mit MixSIAR.

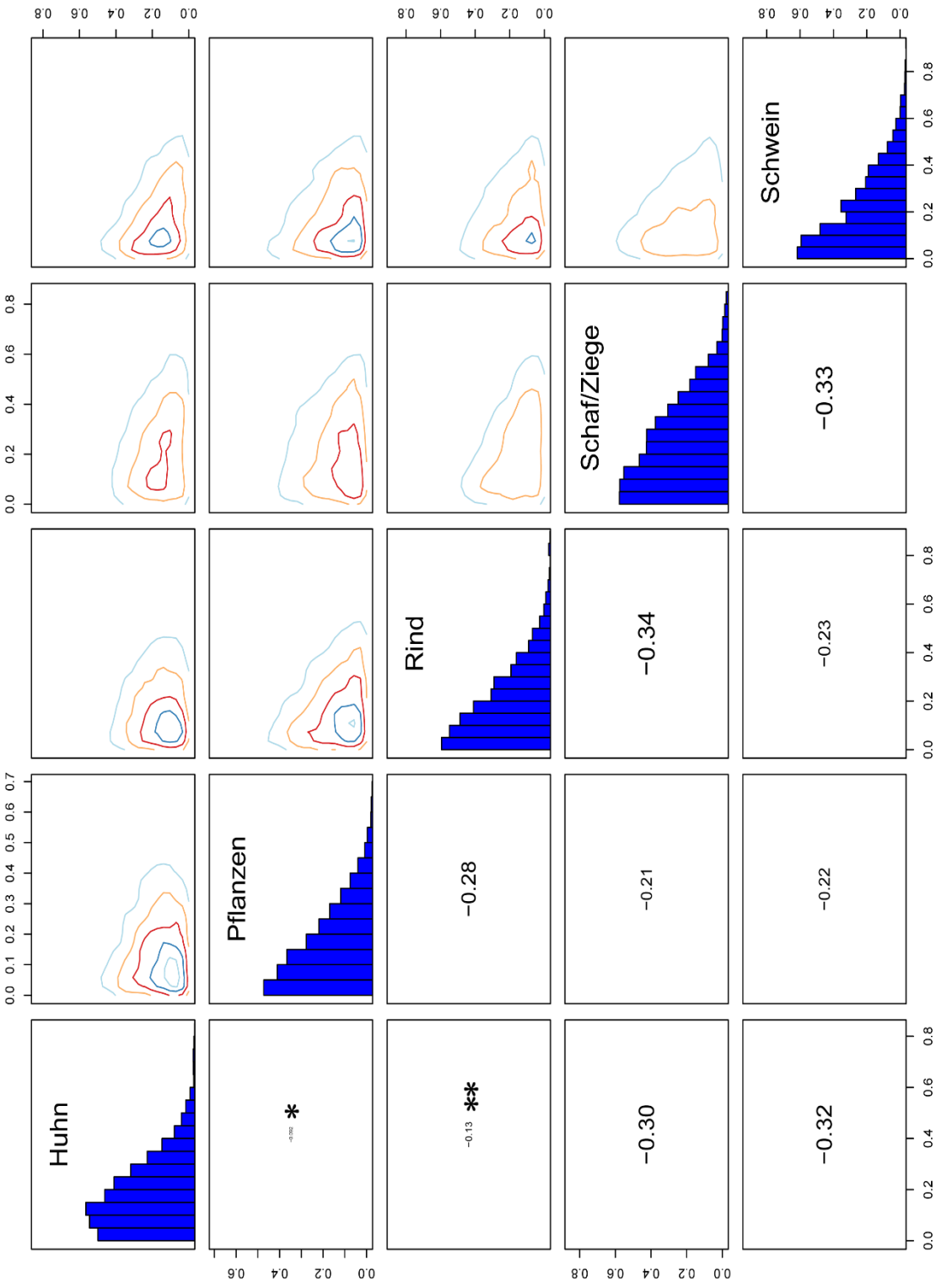


Abbildung A 266: Pairs Plot der Population aus Kelheim. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,092; **: -0,13

9.2.5.10 MixSIAR: Straubing - Populationsmedian

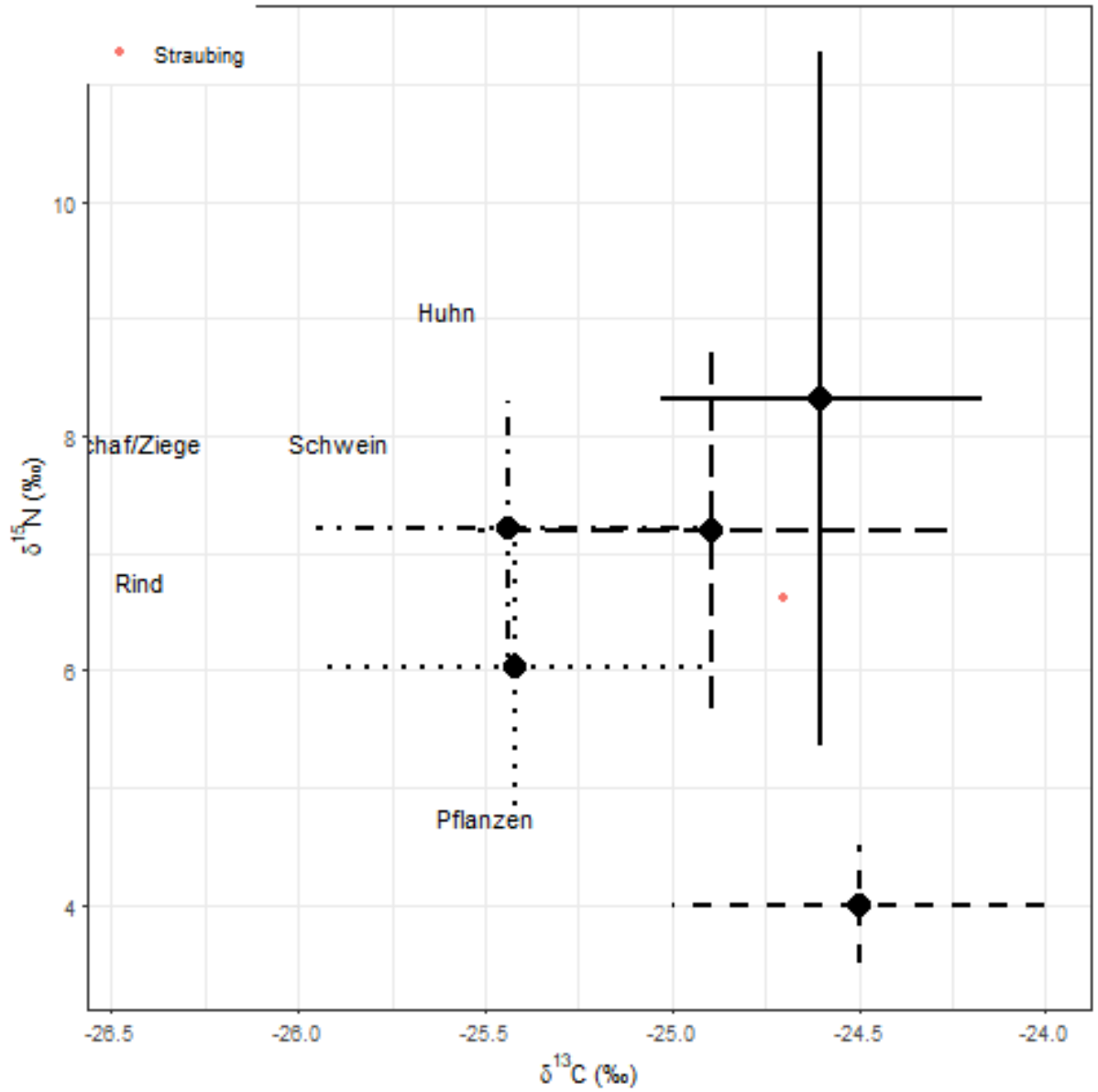


Abbildung A 267: Isospace Plot des Populationsmedians aus Straubing. Erstellt mit MixSIAR.

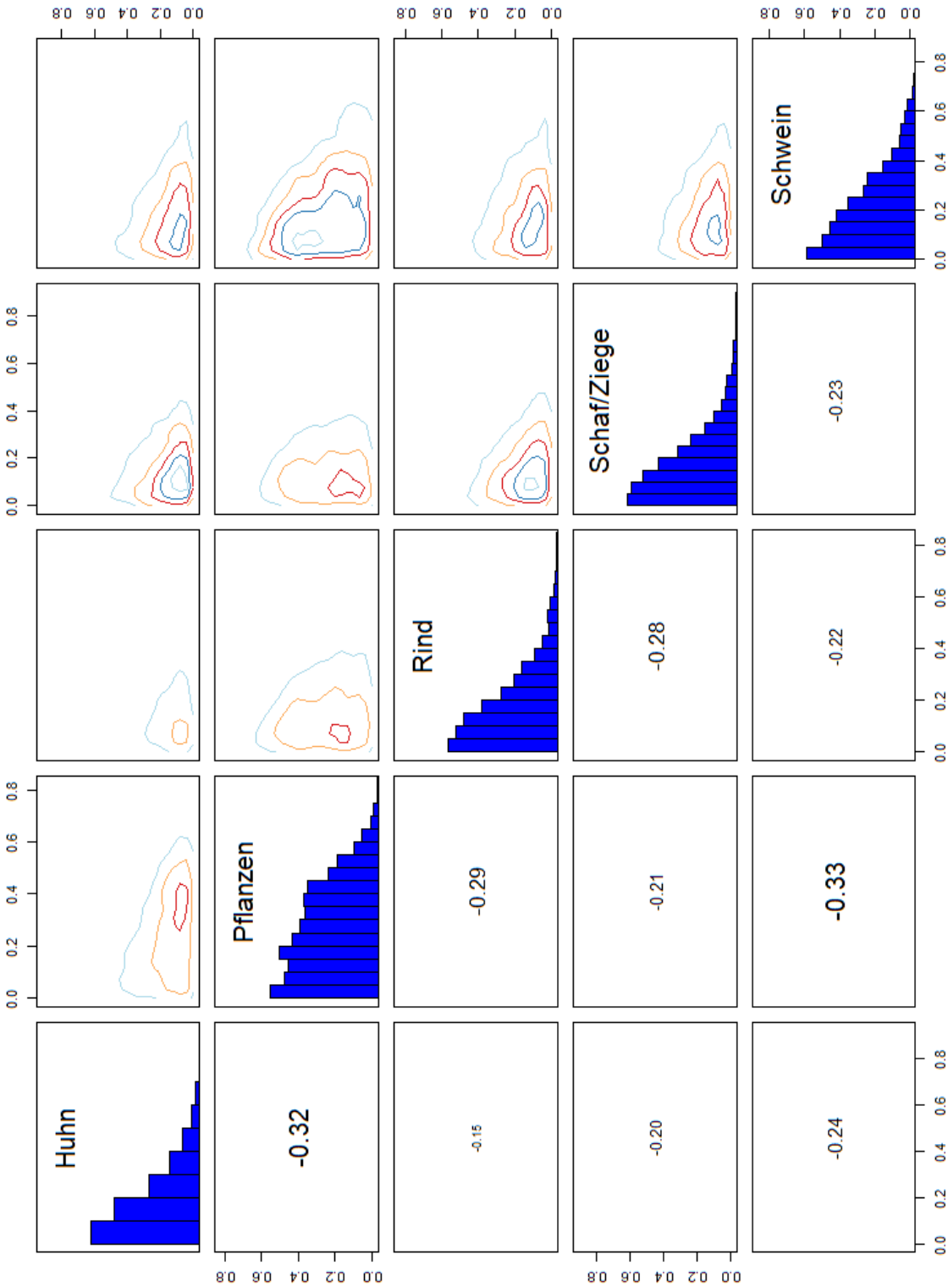


Abbildung A 268: Pairs Plot der Population aus Straubing. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.5.11 MixSIAR: Straubing - Datierung

Phase 1

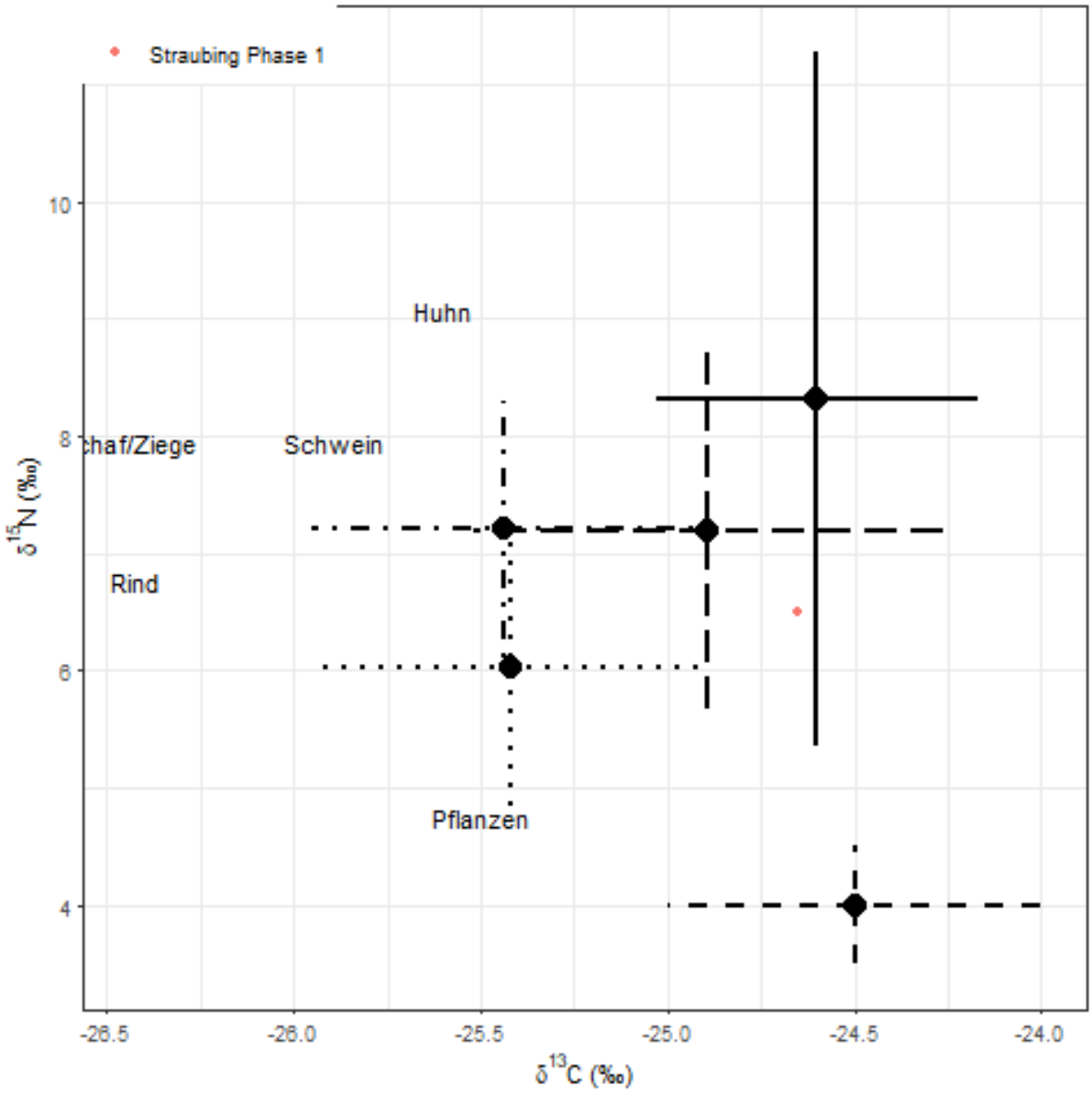


Abbildung A 269: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

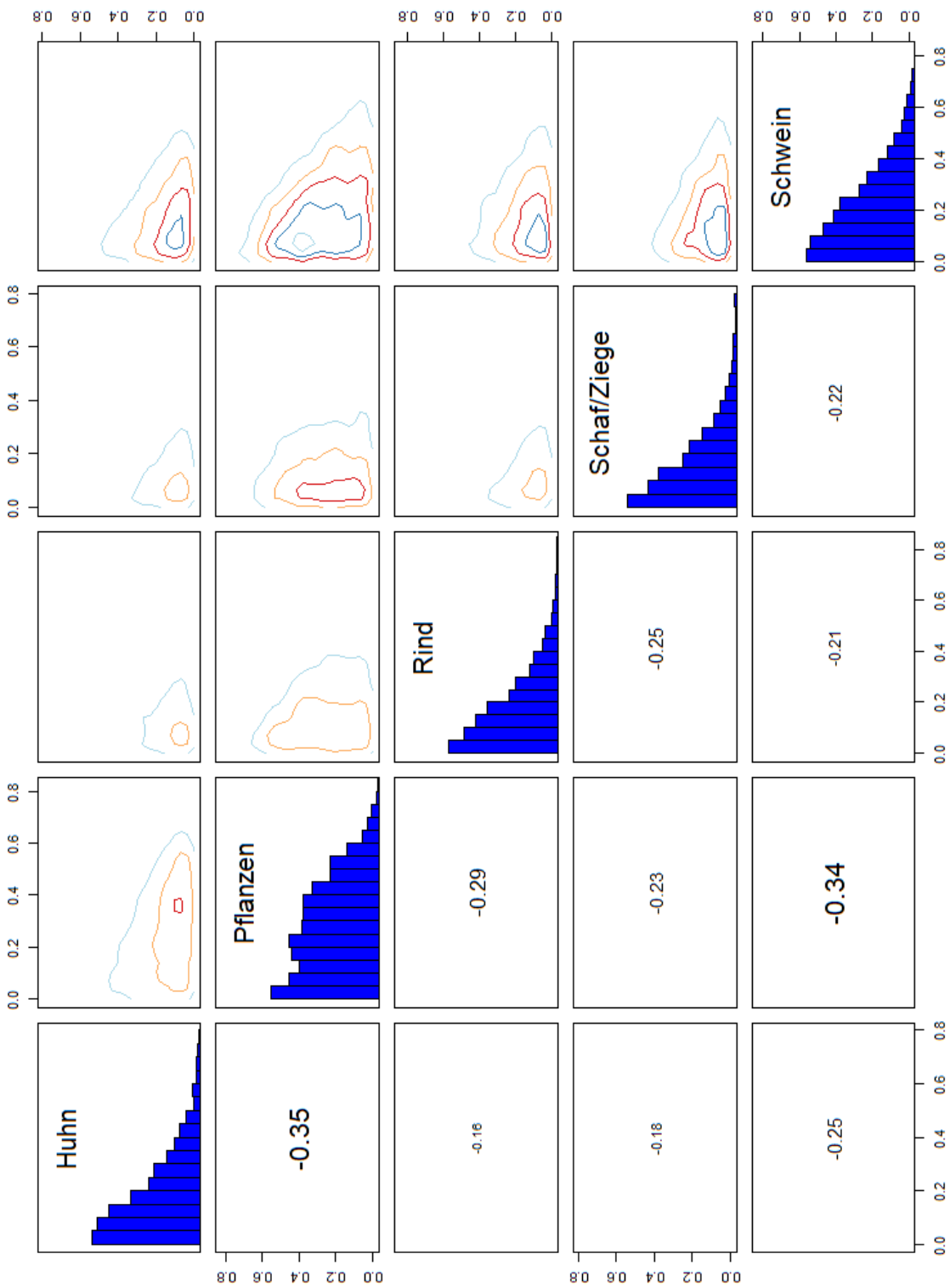


Abbildung A 270: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

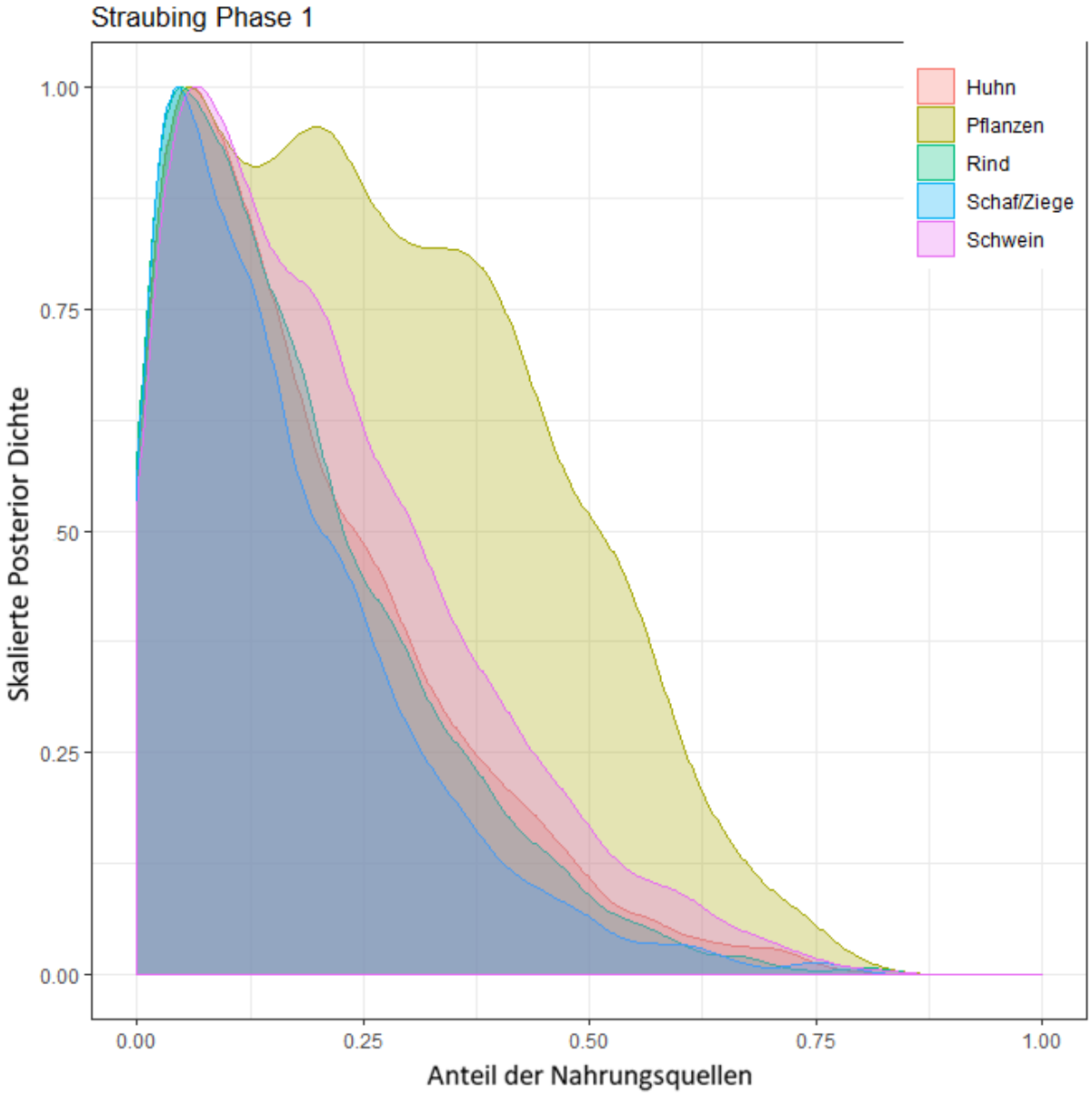


Abbildung A 271: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Phase 2

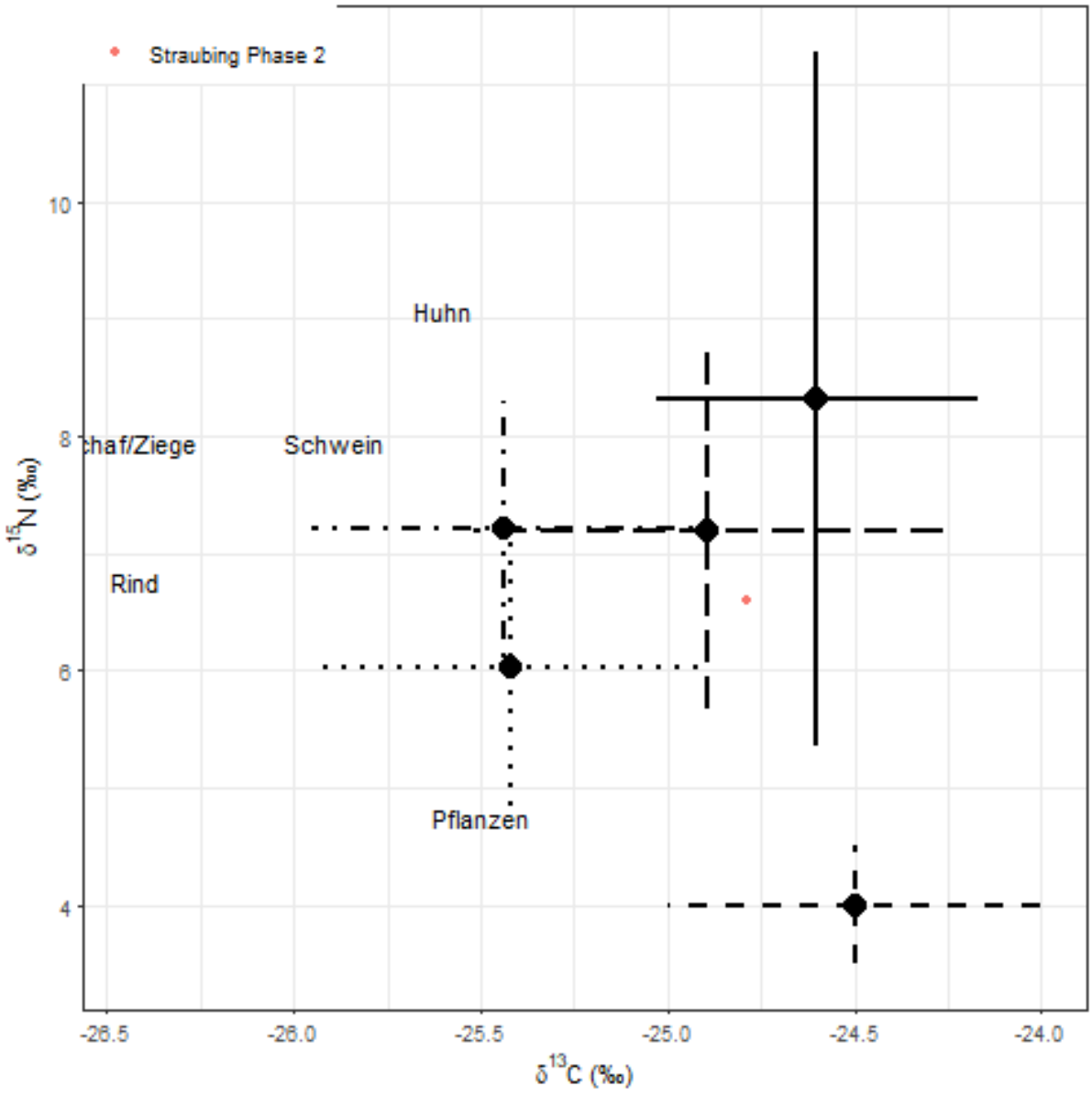


Abbildung A 272: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

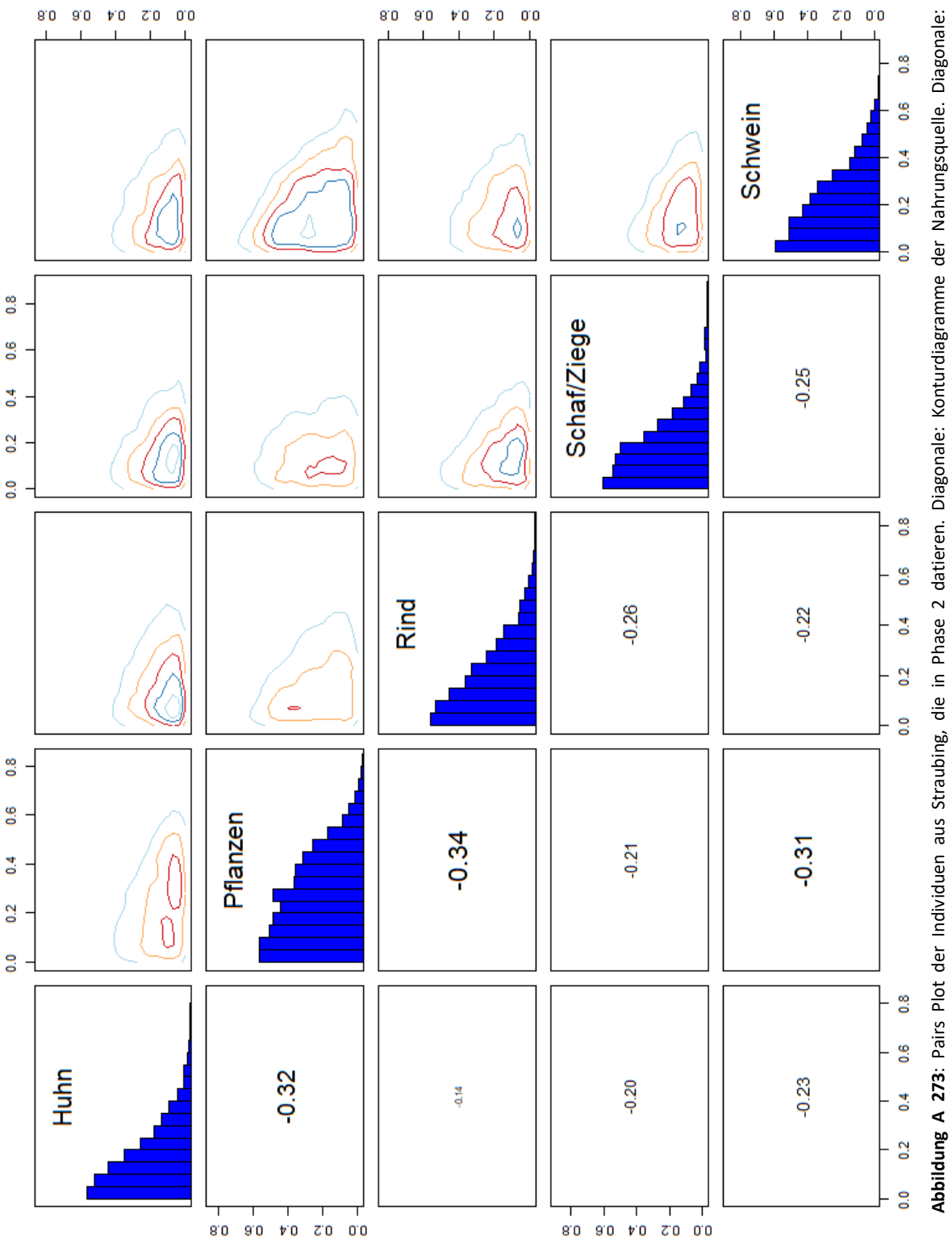


Abbildung A 273: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

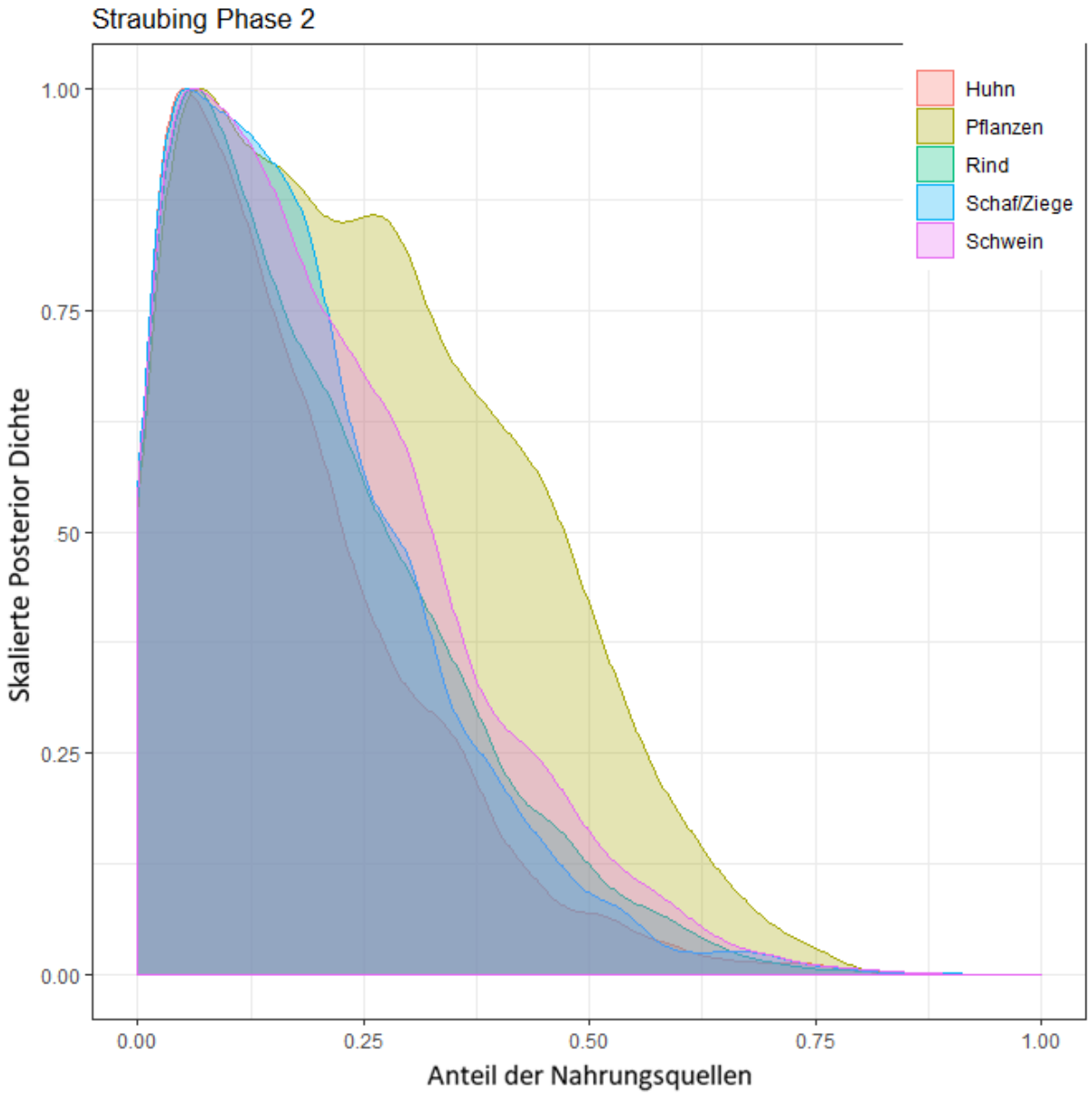


Abbildung A 274: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Phase 3

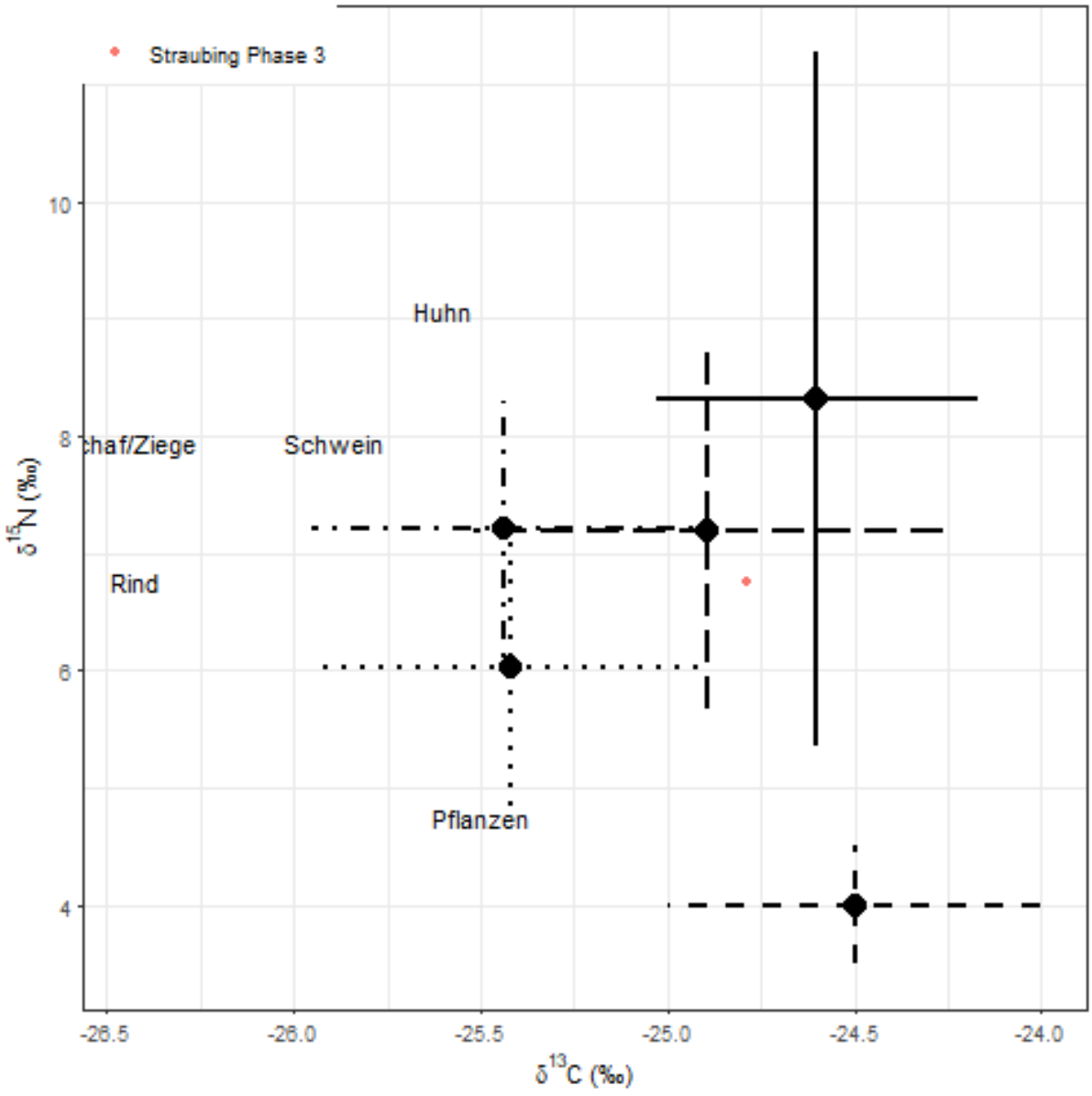


Abbildung A 275: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

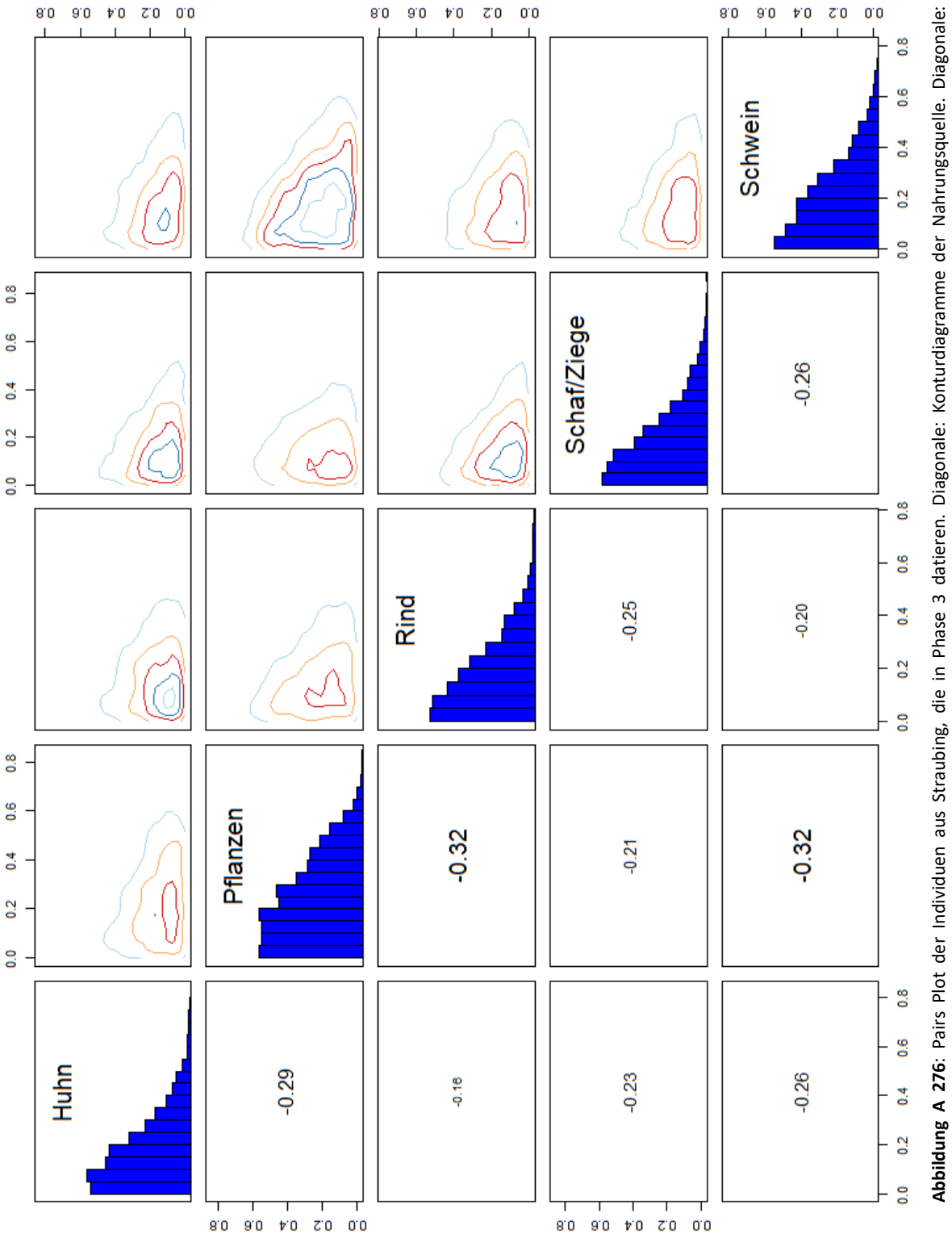


Abbildung A 276: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

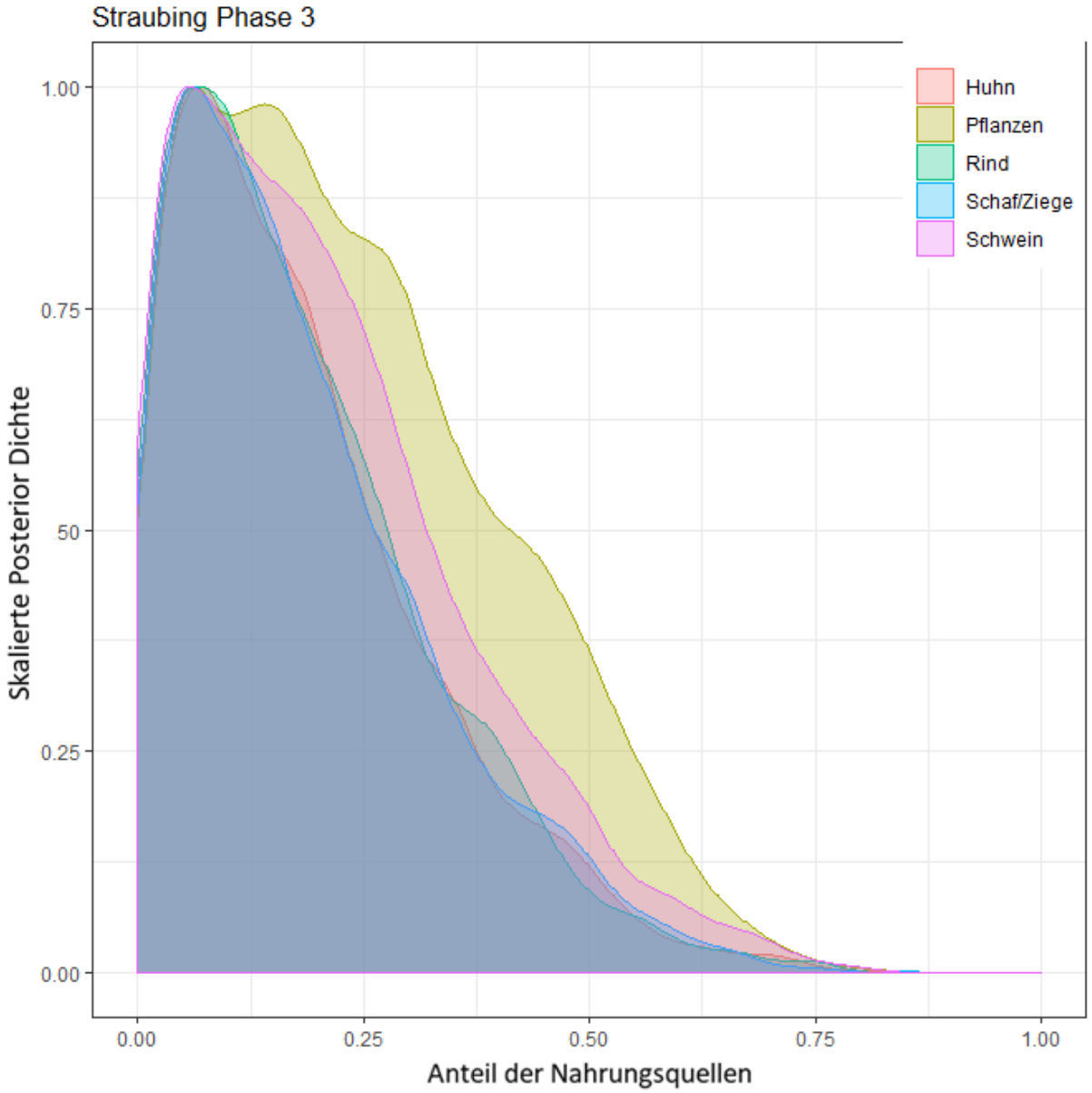


Abbildung A 277: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Phase 4

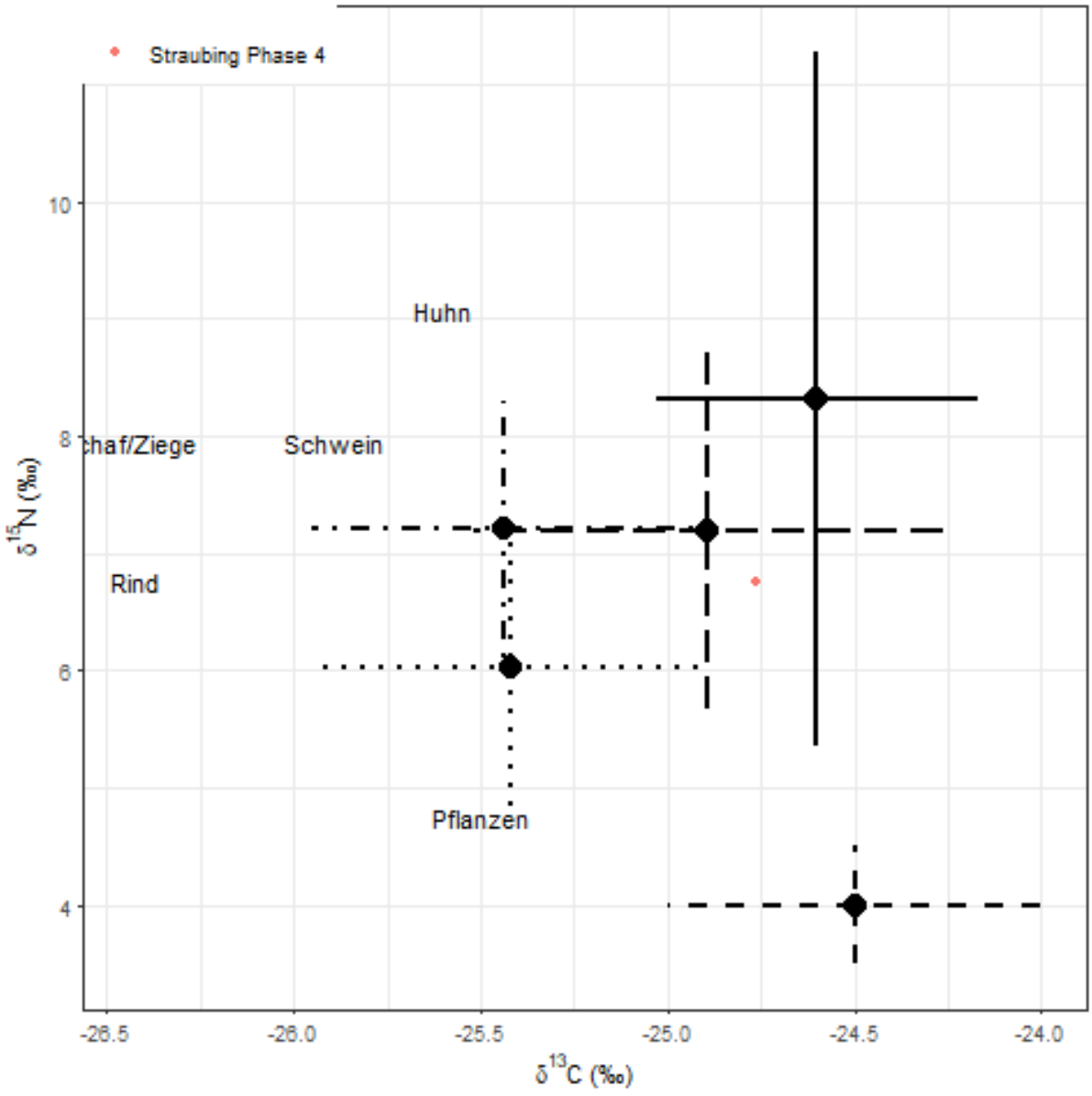


Abbildung A 278: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

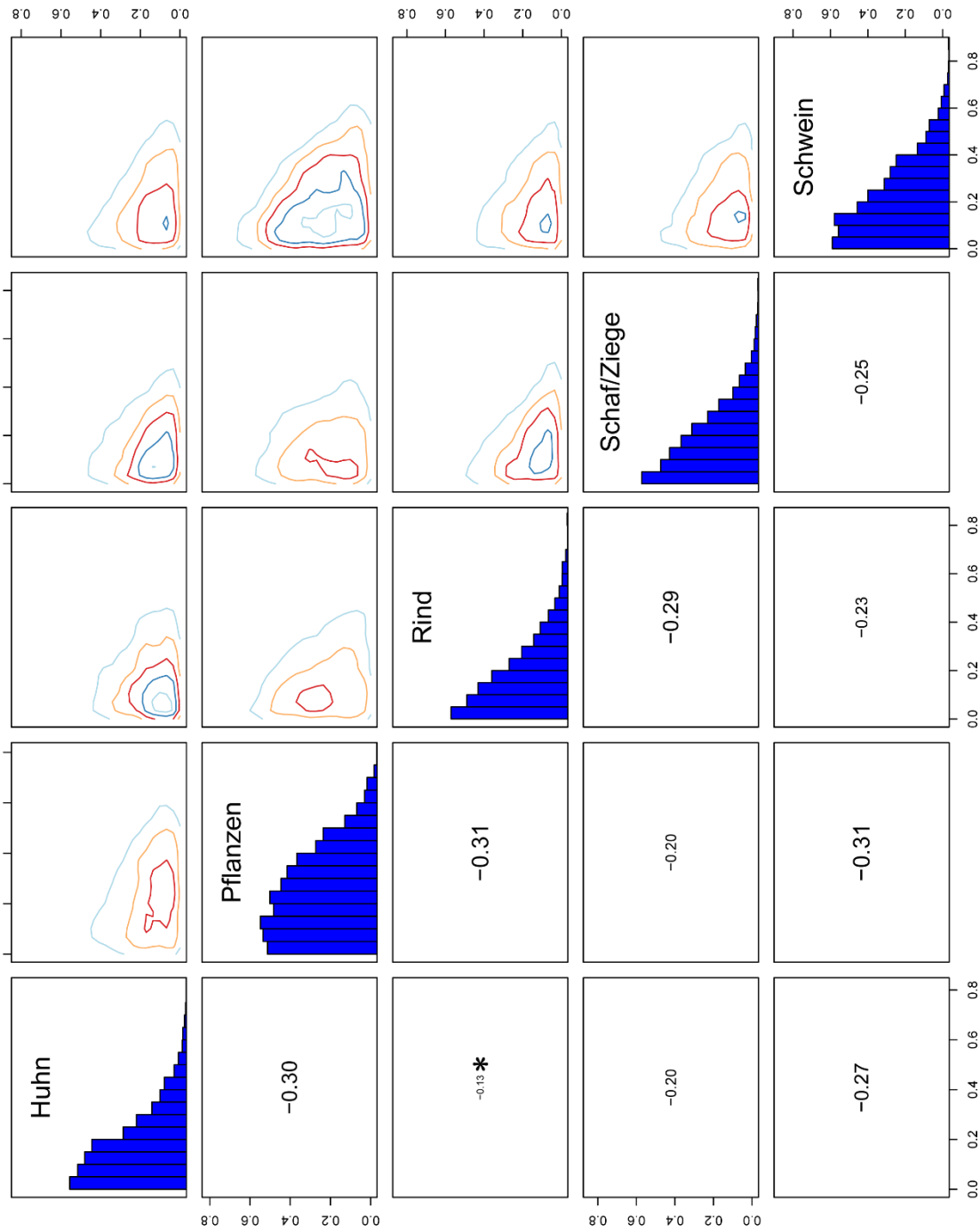


Abbildung A 279: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,13

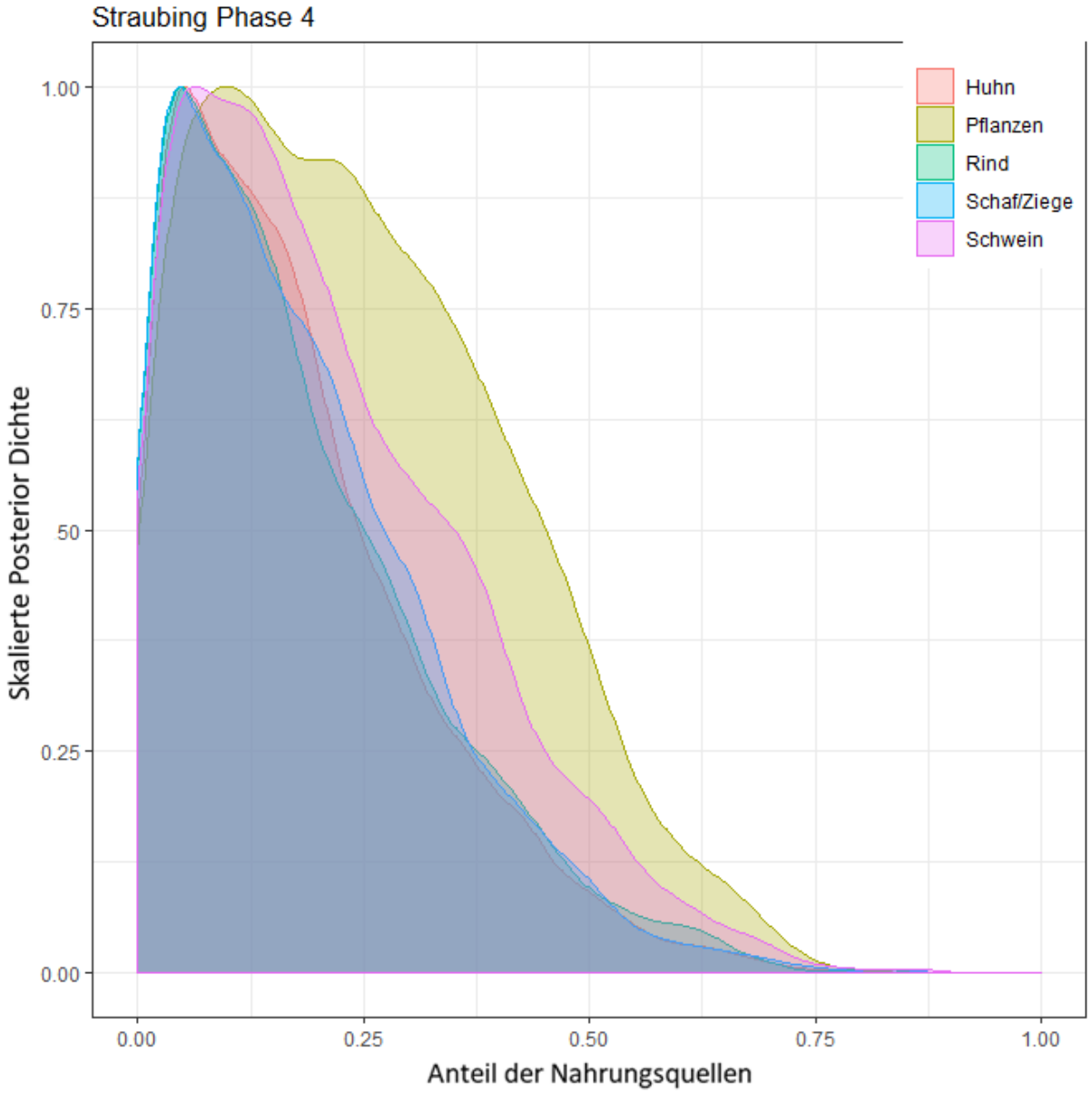


Abbildung A 280: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

Phase 5

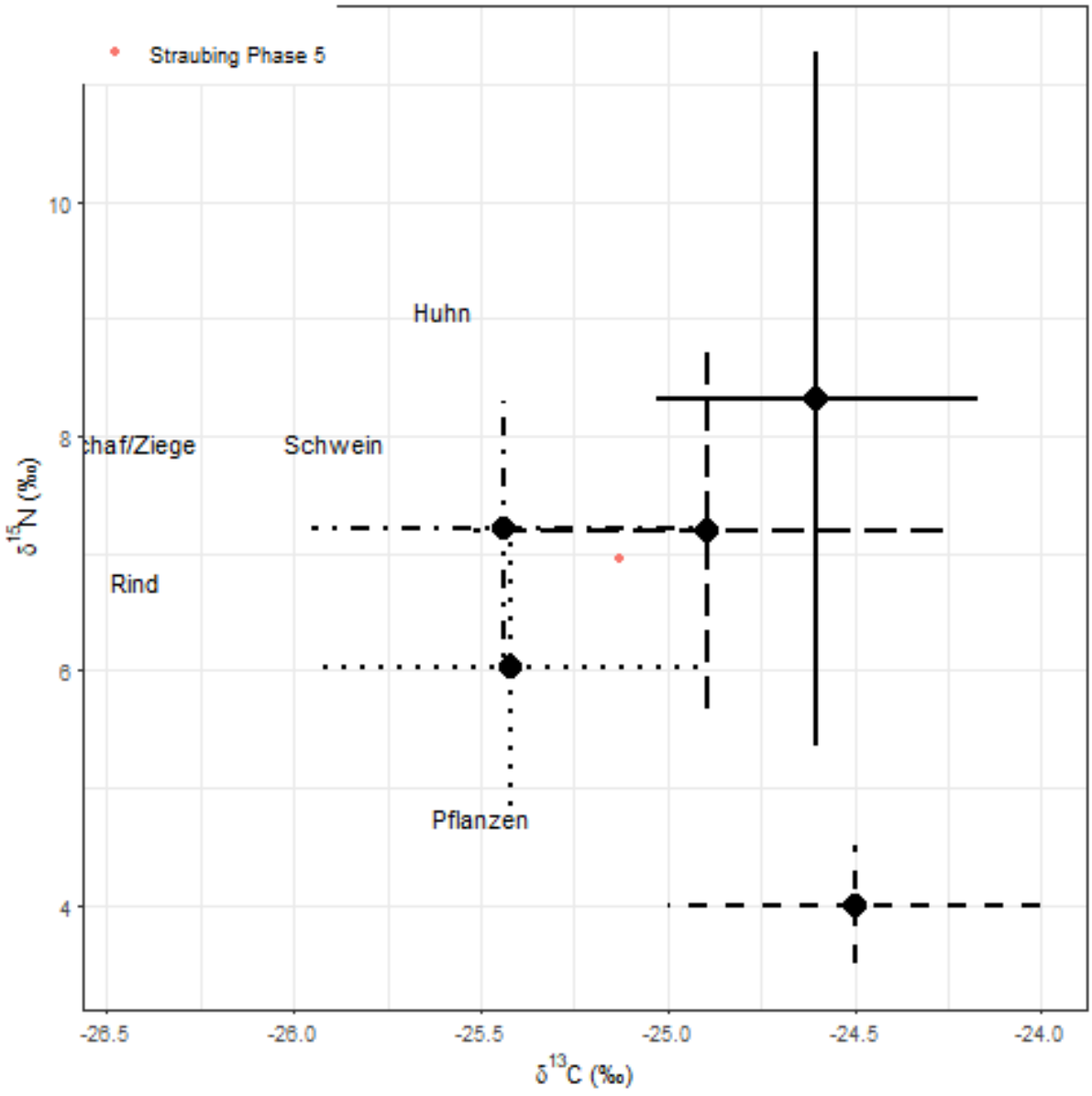


Abbildung A 281: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

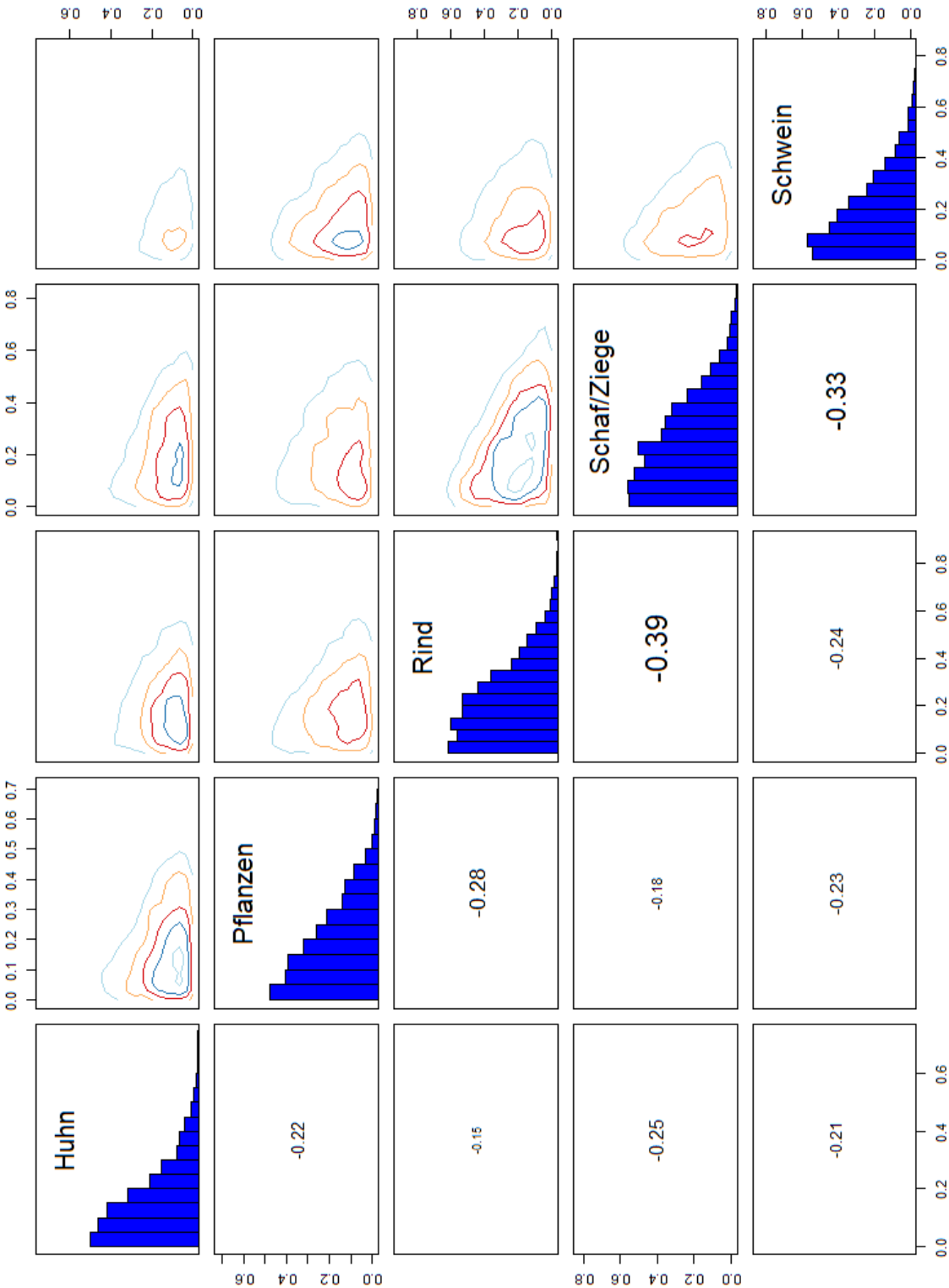


Abbildung A 282: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

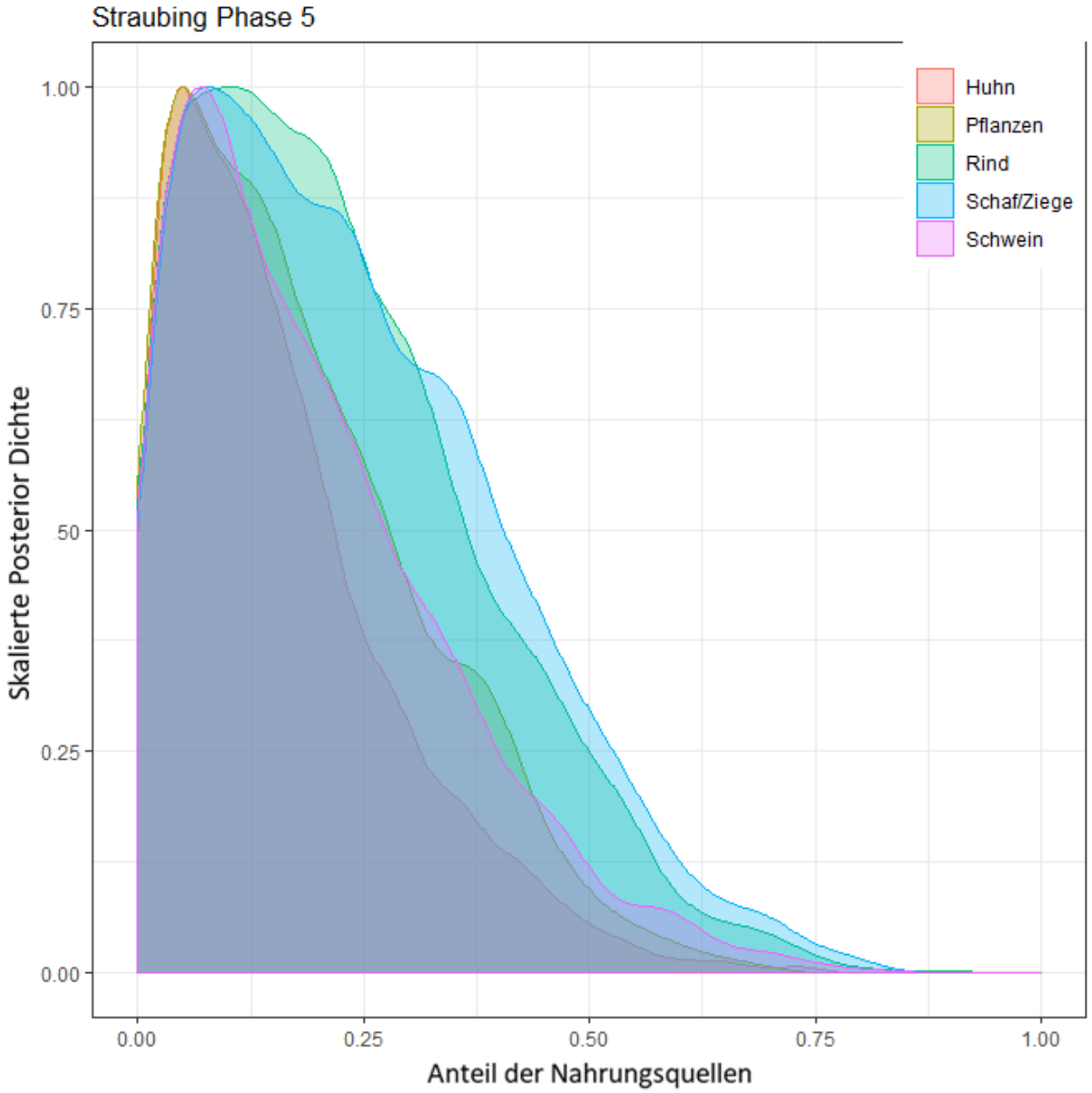


Abbildung A 283: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Erstellt mit MixSIAR.

nicht datiert - Phase ?

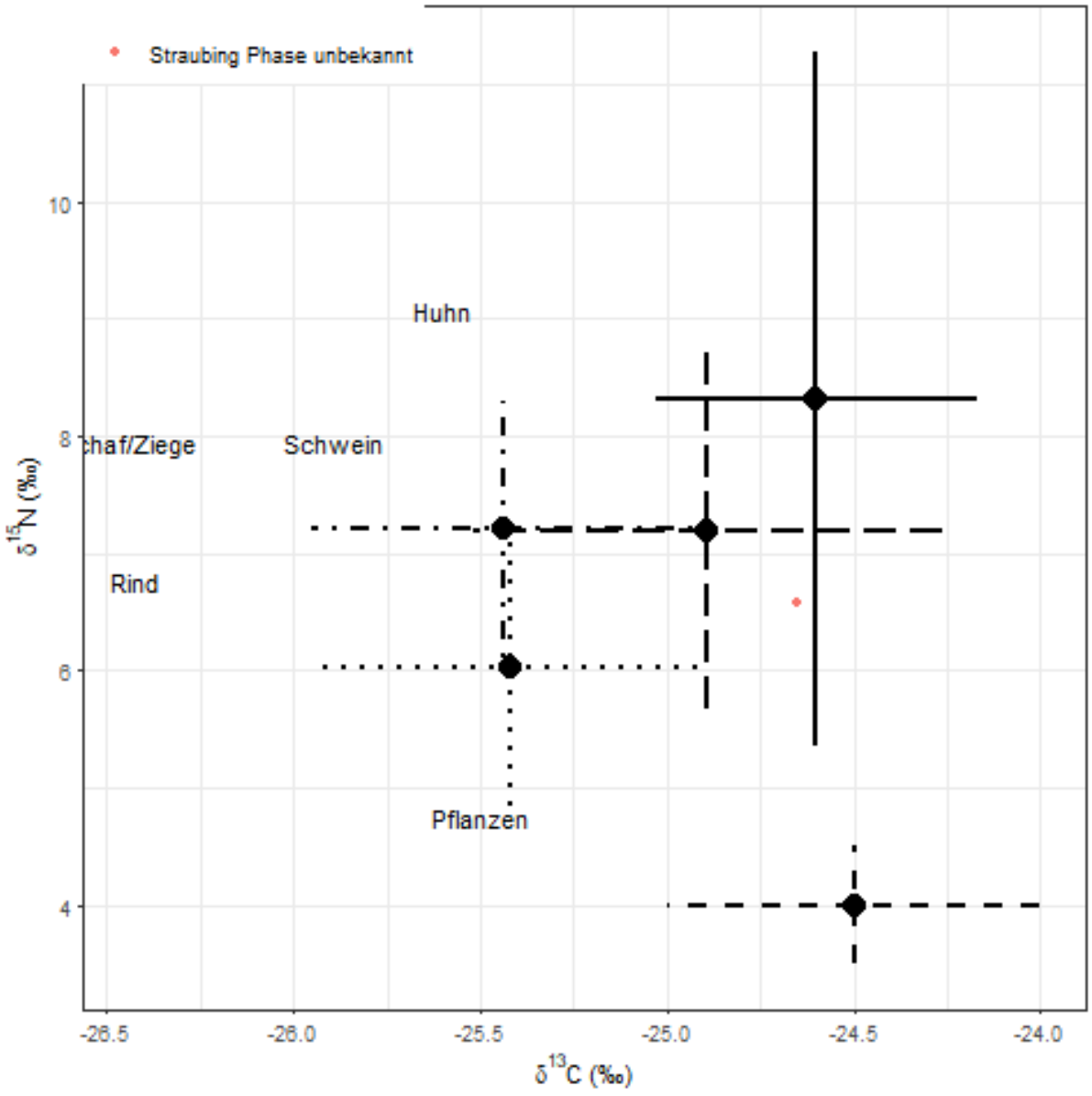


Abbildung A 284: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR.

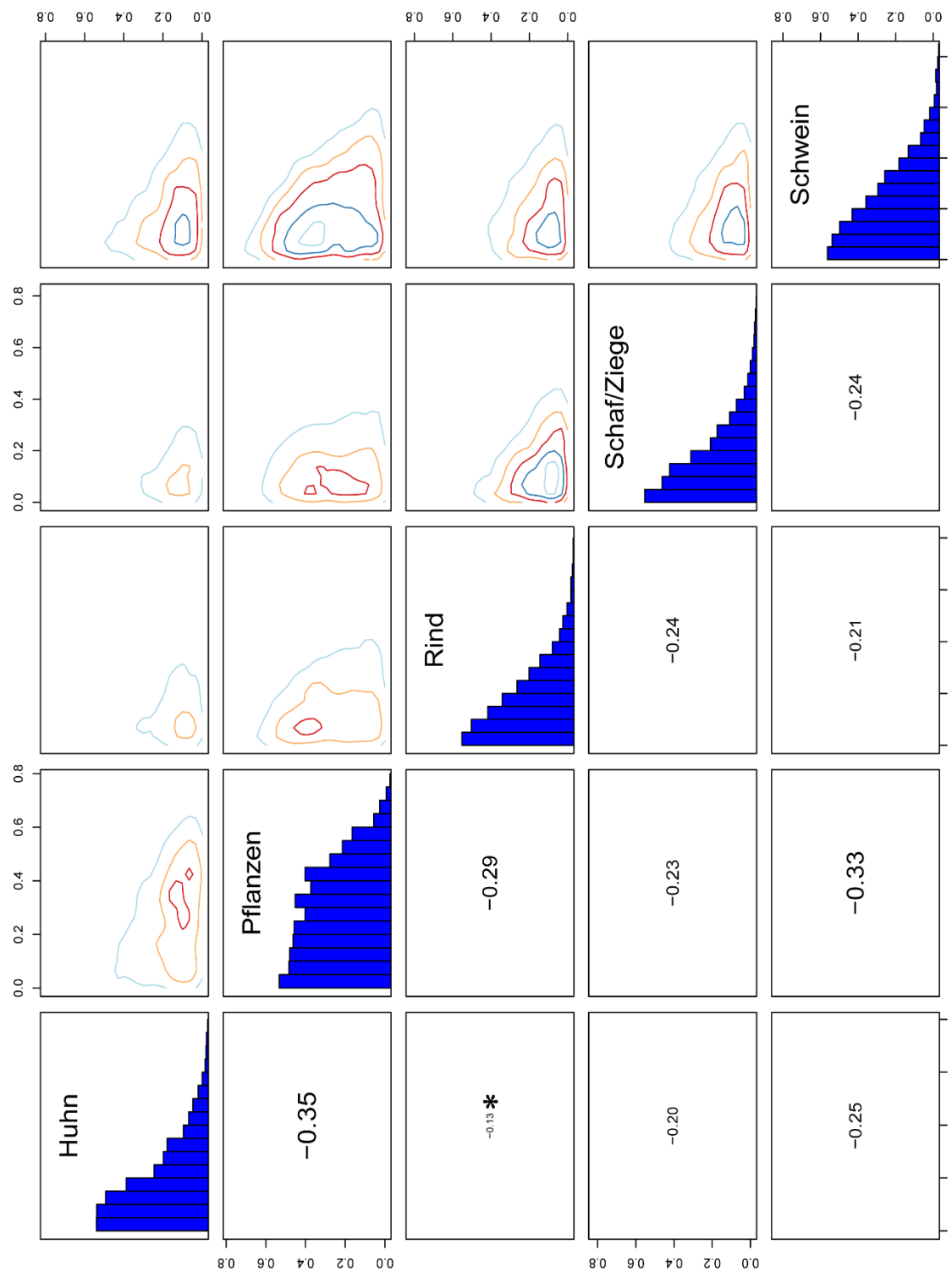


Abbildung A 285: Pairs Plot der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle. *: -0,13

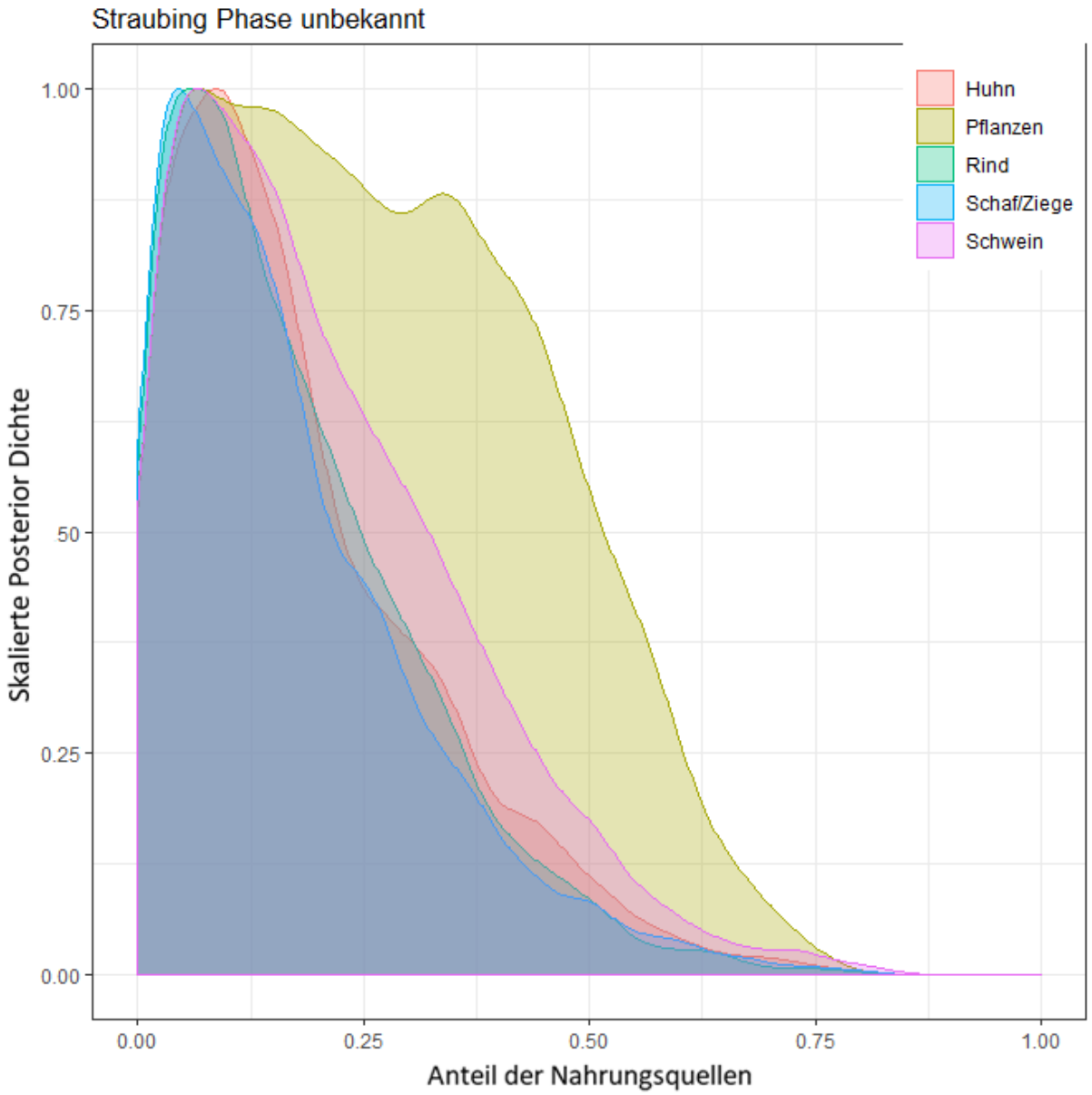


Abbildung A 286: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.5.12 MixSIAR: Unterigling

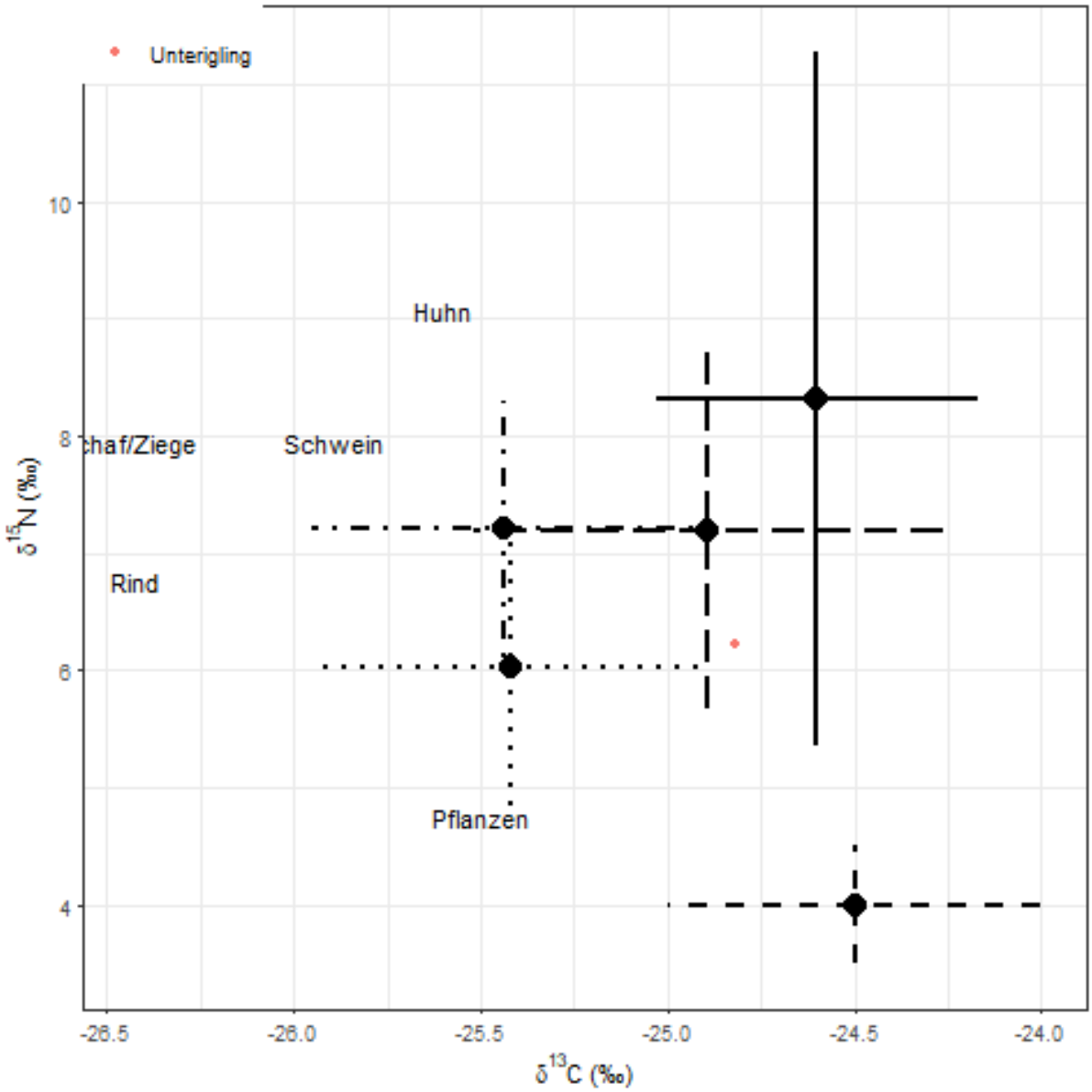


Abbildung A 287: Isospace Plot des Populationsmedians aus Unterigling. Erstellt mit MixSIAR.

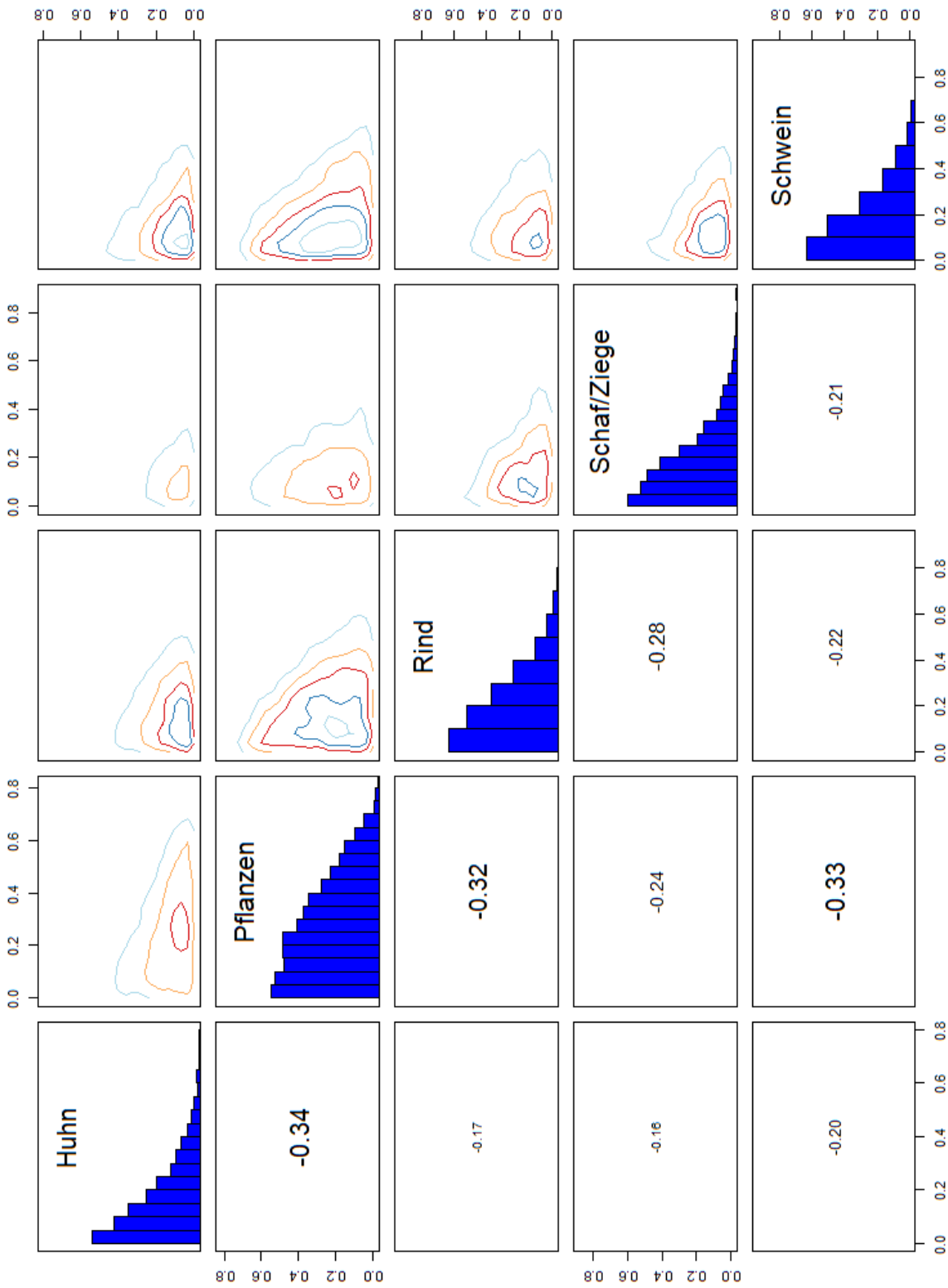


Abbildung A 288: Pairs Plot der Population aus Unterilging. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.5.13 SISUS: Bruckmühl

Populationsmedian

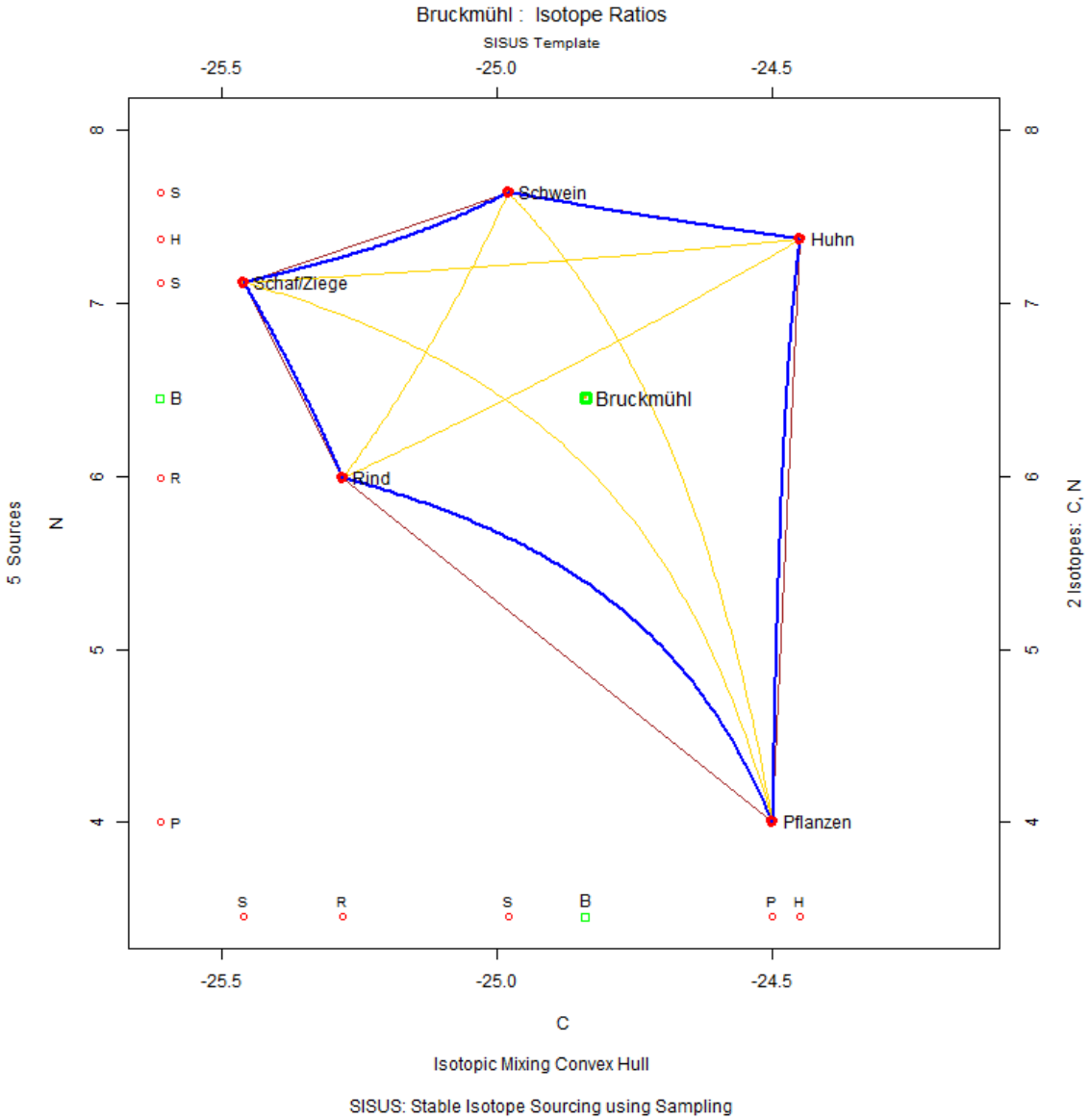


Abbildung A 289: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Bruckmühl. Erstellt mit SISUS.

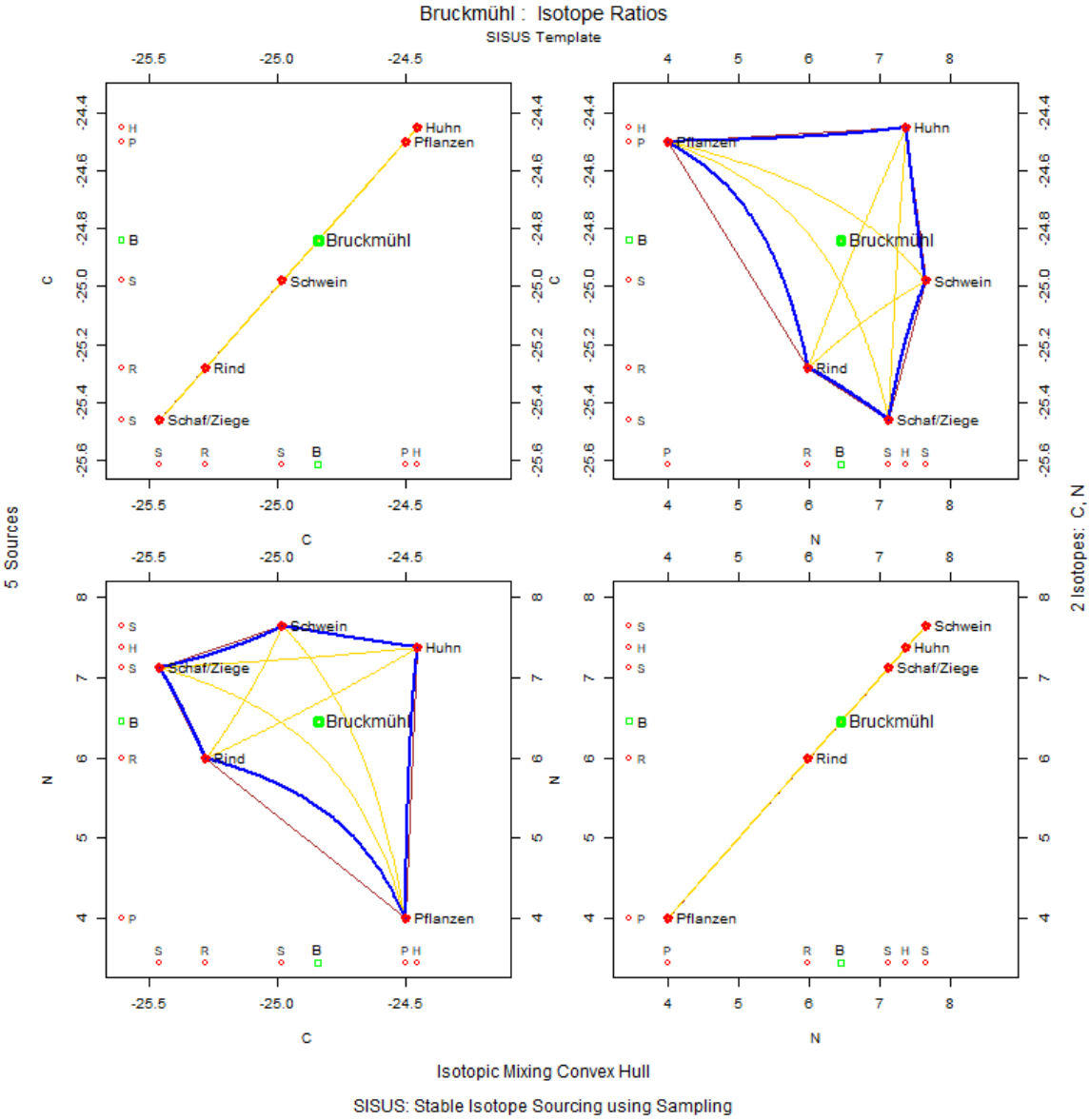


Abbildung A 290: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Bruckmühl in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

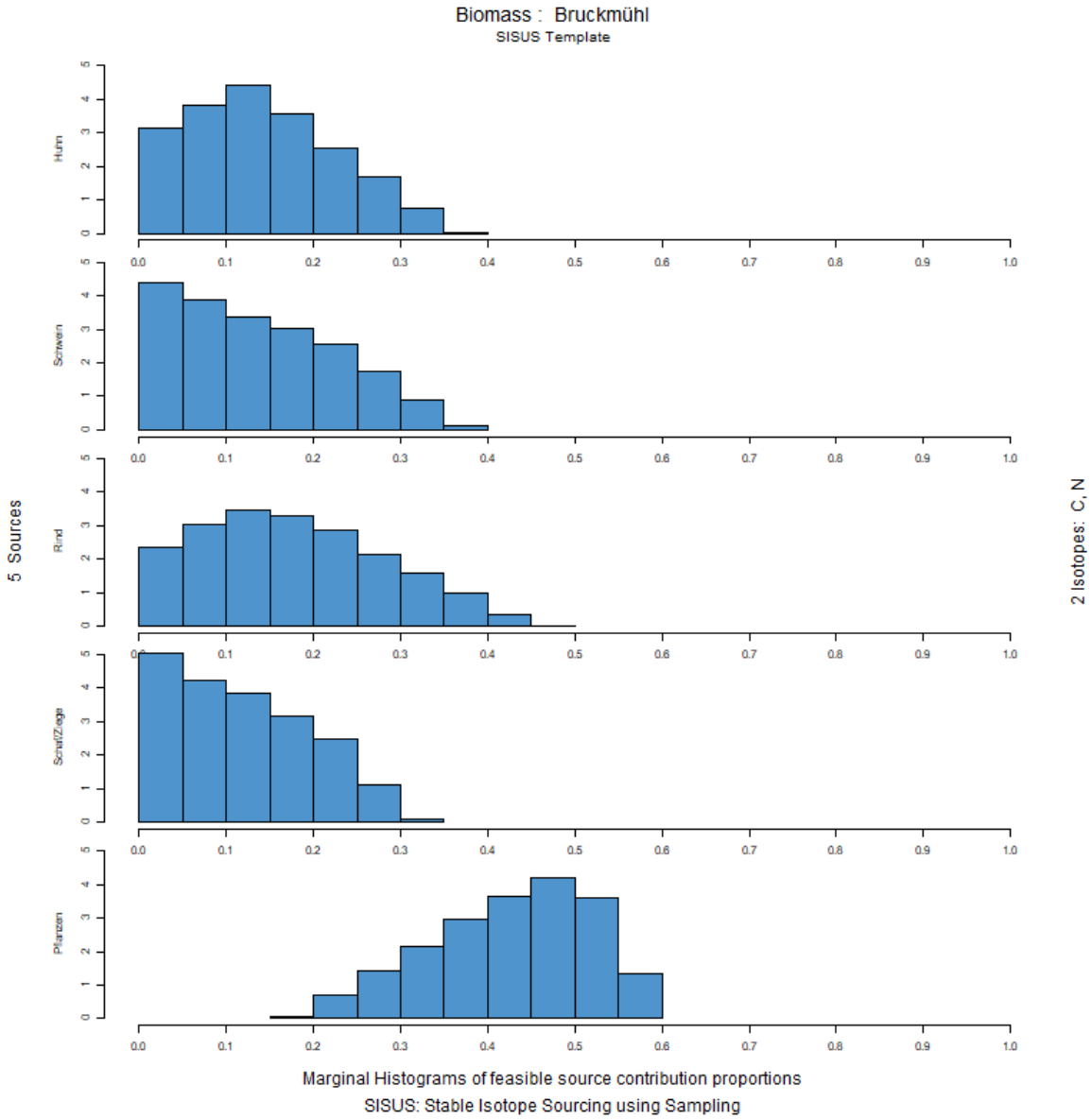


Abbildung A 291: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Bruckmühl. Erstellt mit SISUS.

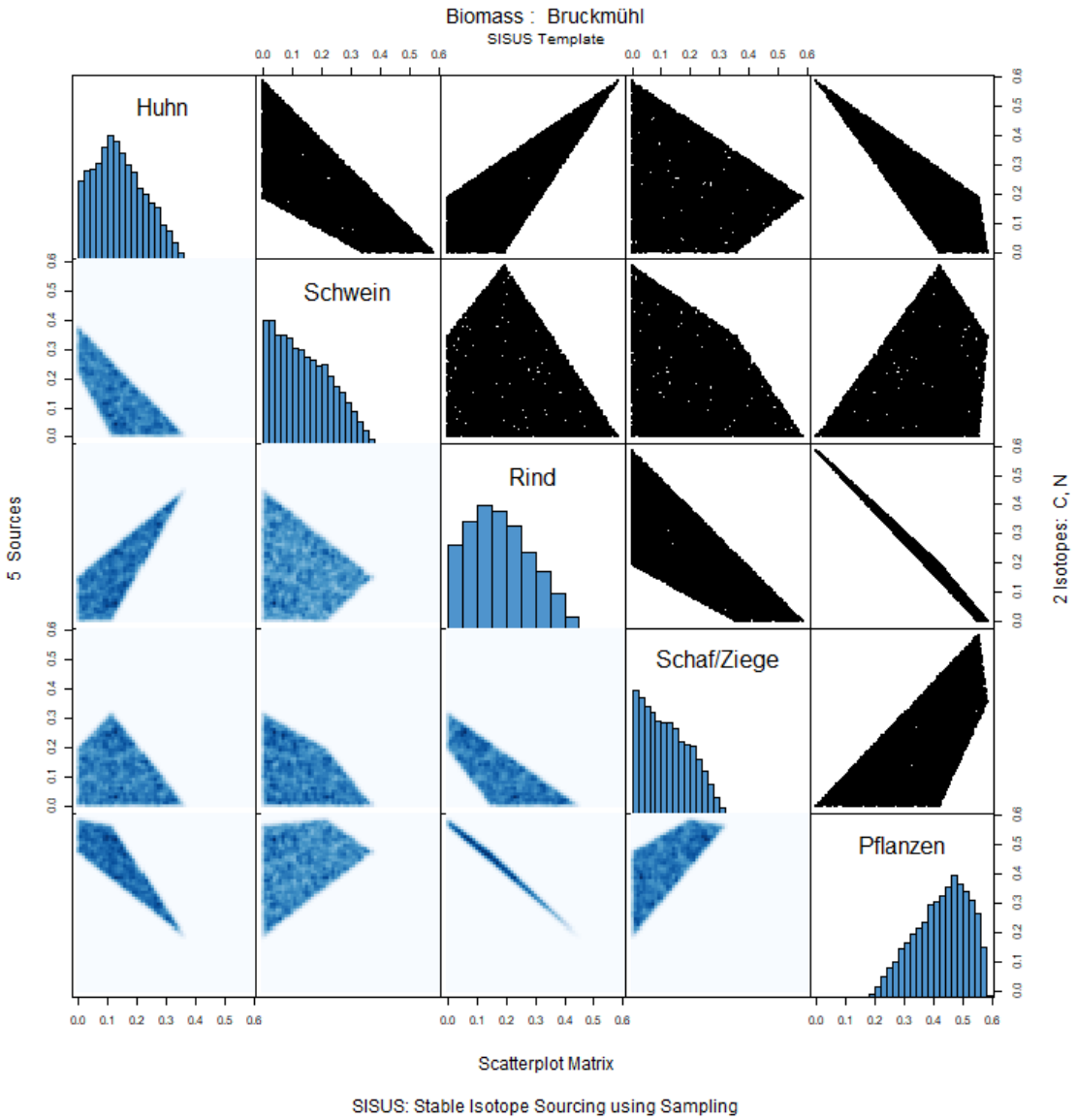


Abbildung A 292: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Bruckmühl. Erstellt mit SISUS.

Bruckmühl - Ost

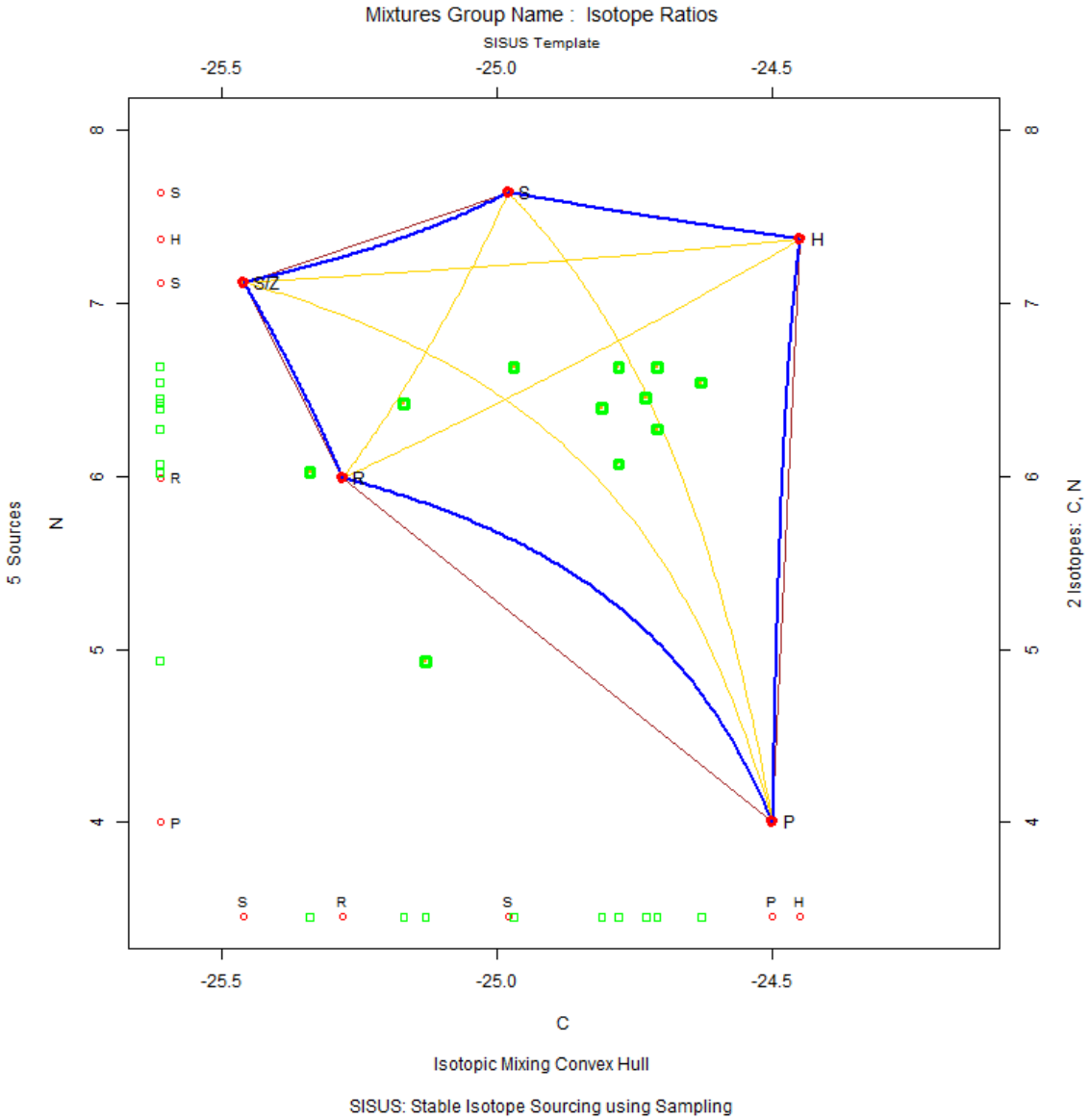


Abbildung A 293: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

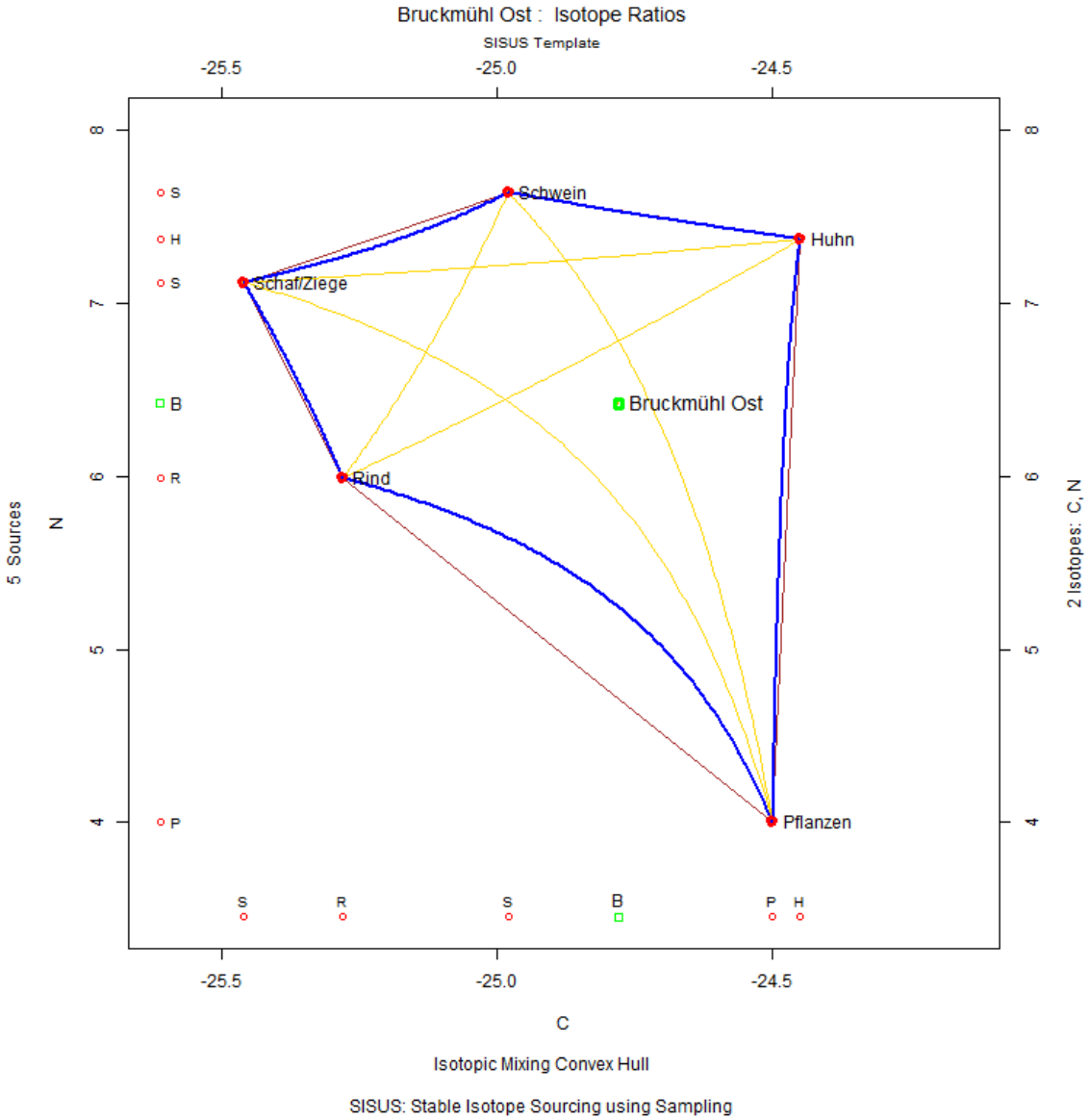


Abbildung A 294: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

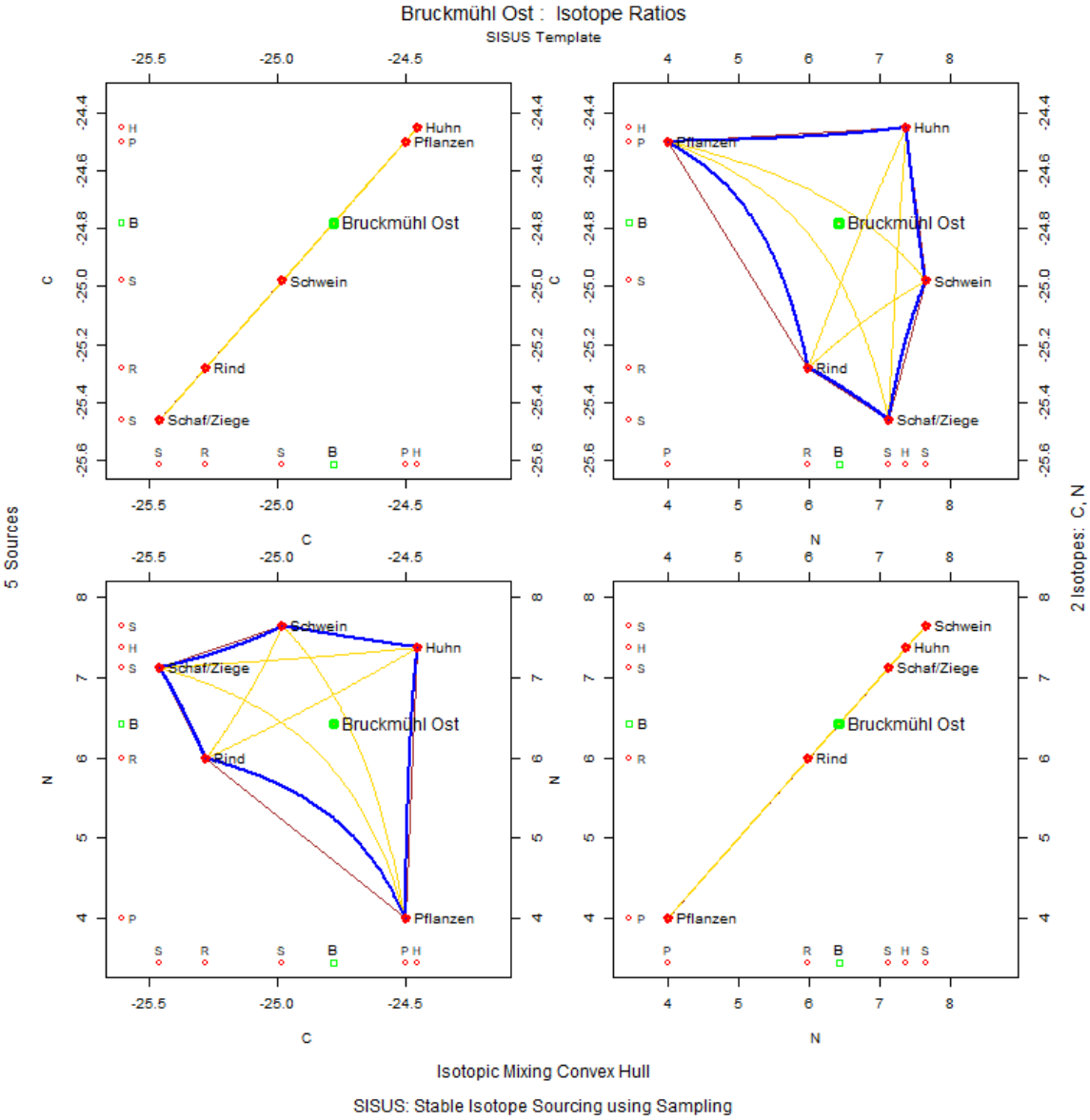


Abbildung A 295: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

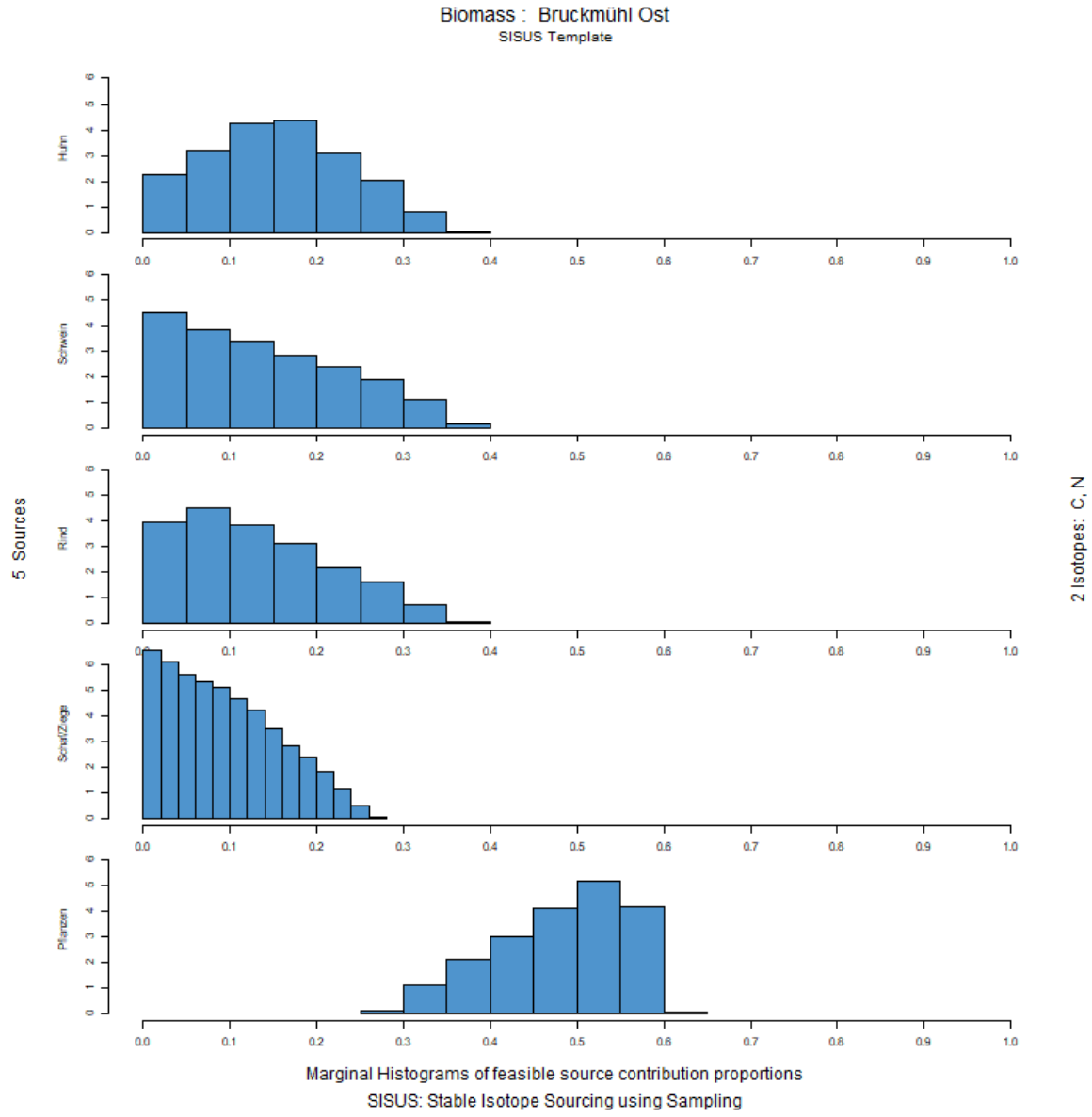


Abbildung A 296: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

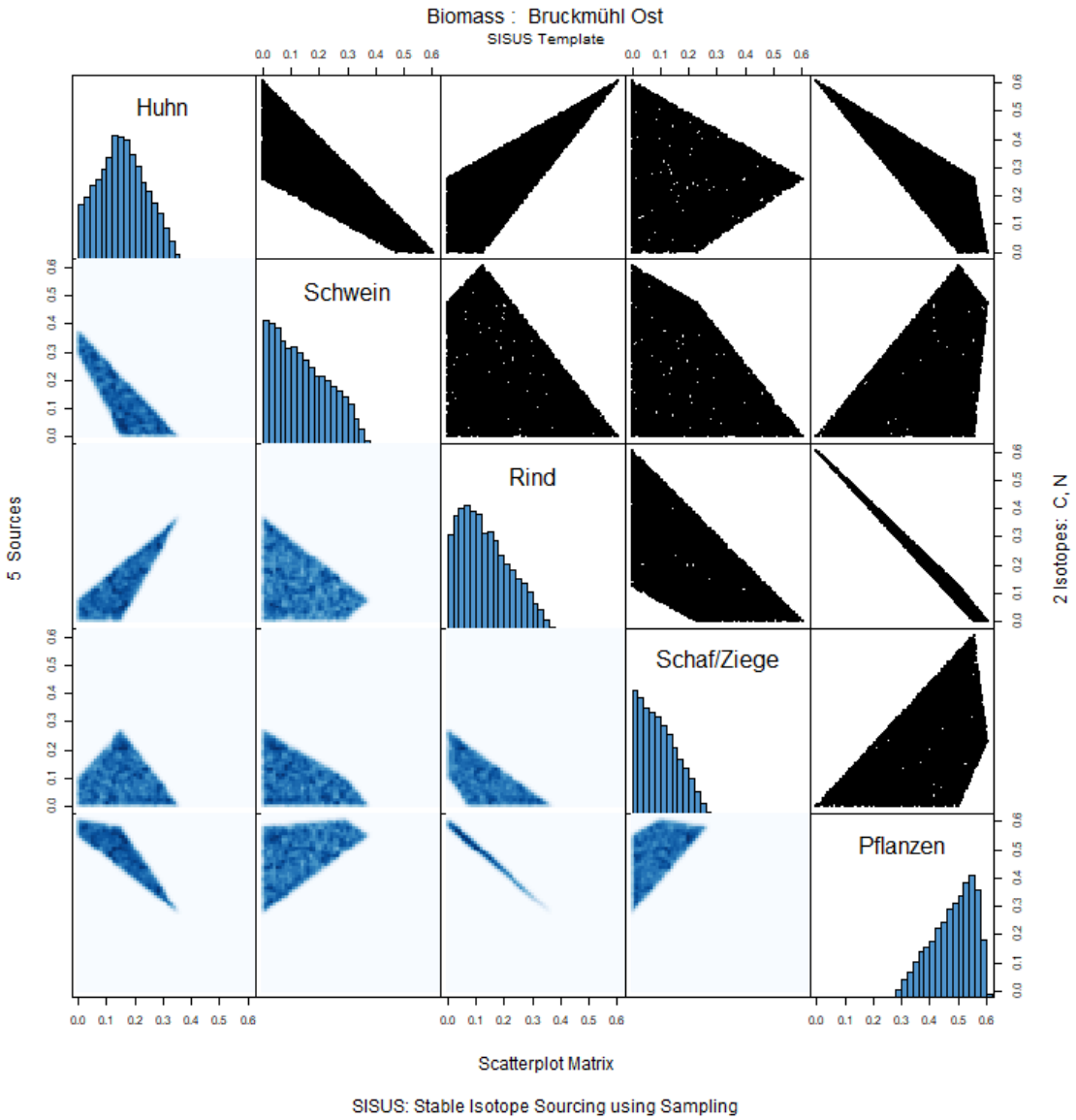


Abbildung A 297: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im östlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

Bruckmühl - West

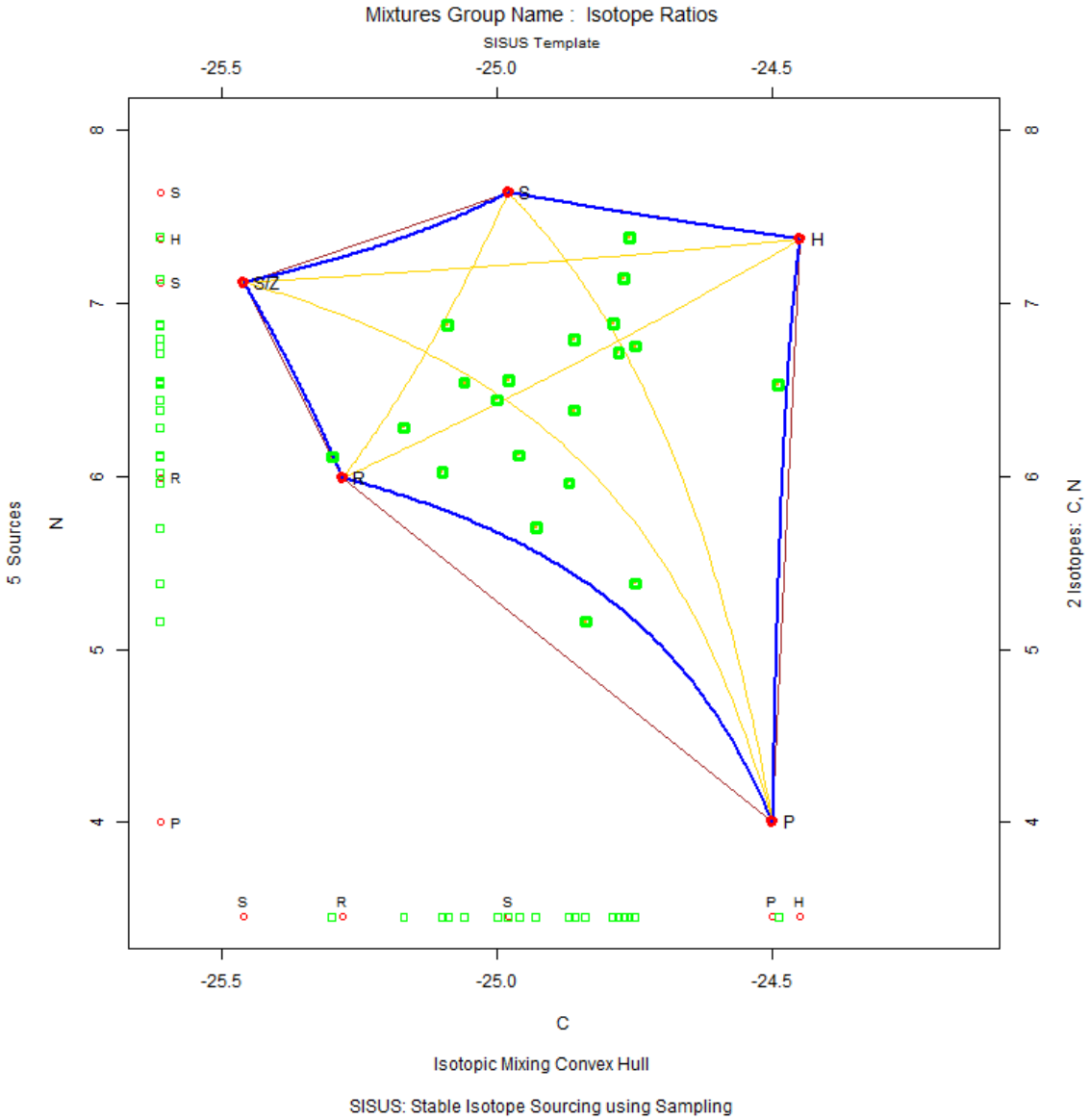


Abbildung A 298: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

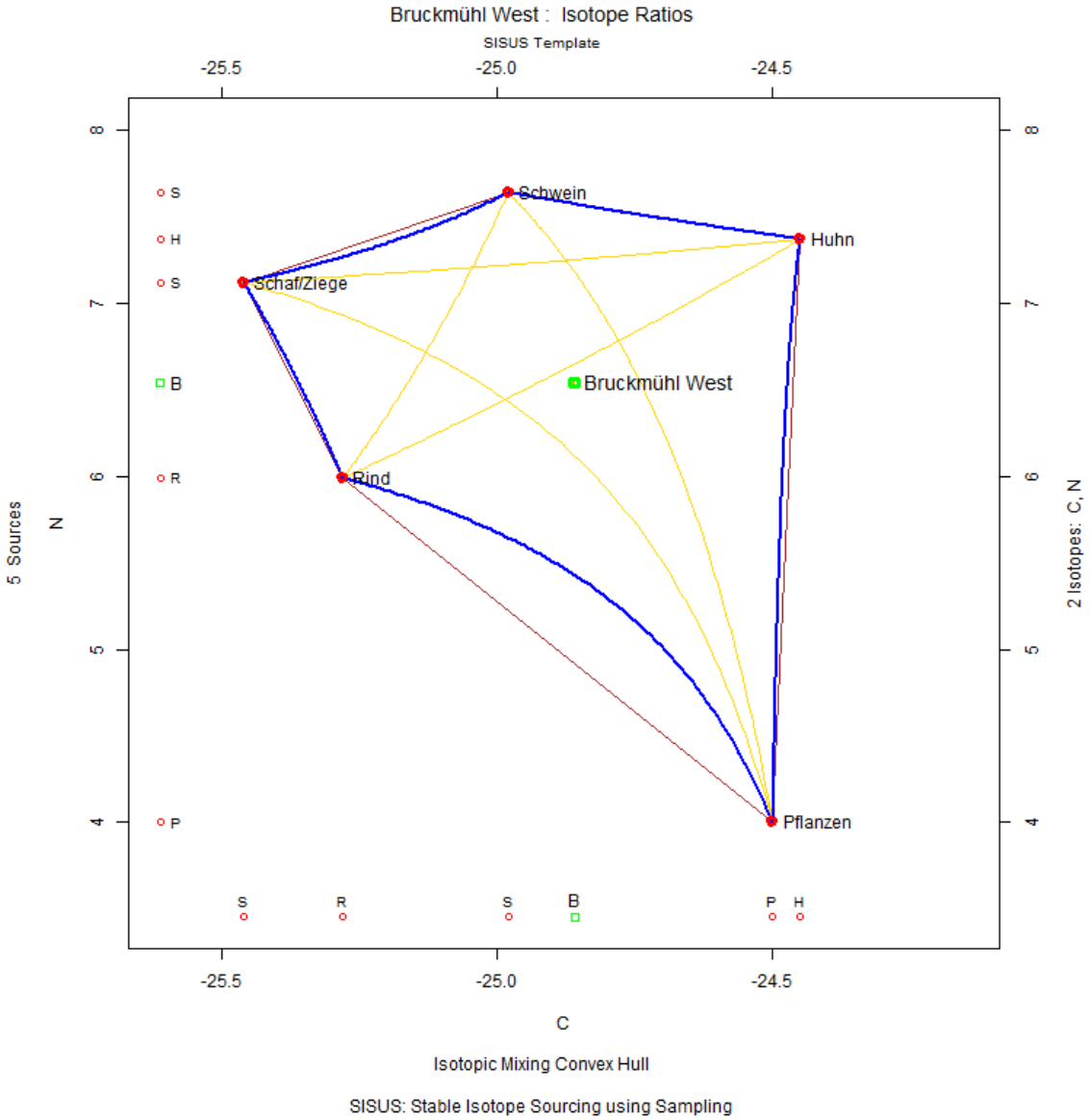


Abbildung A 299: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

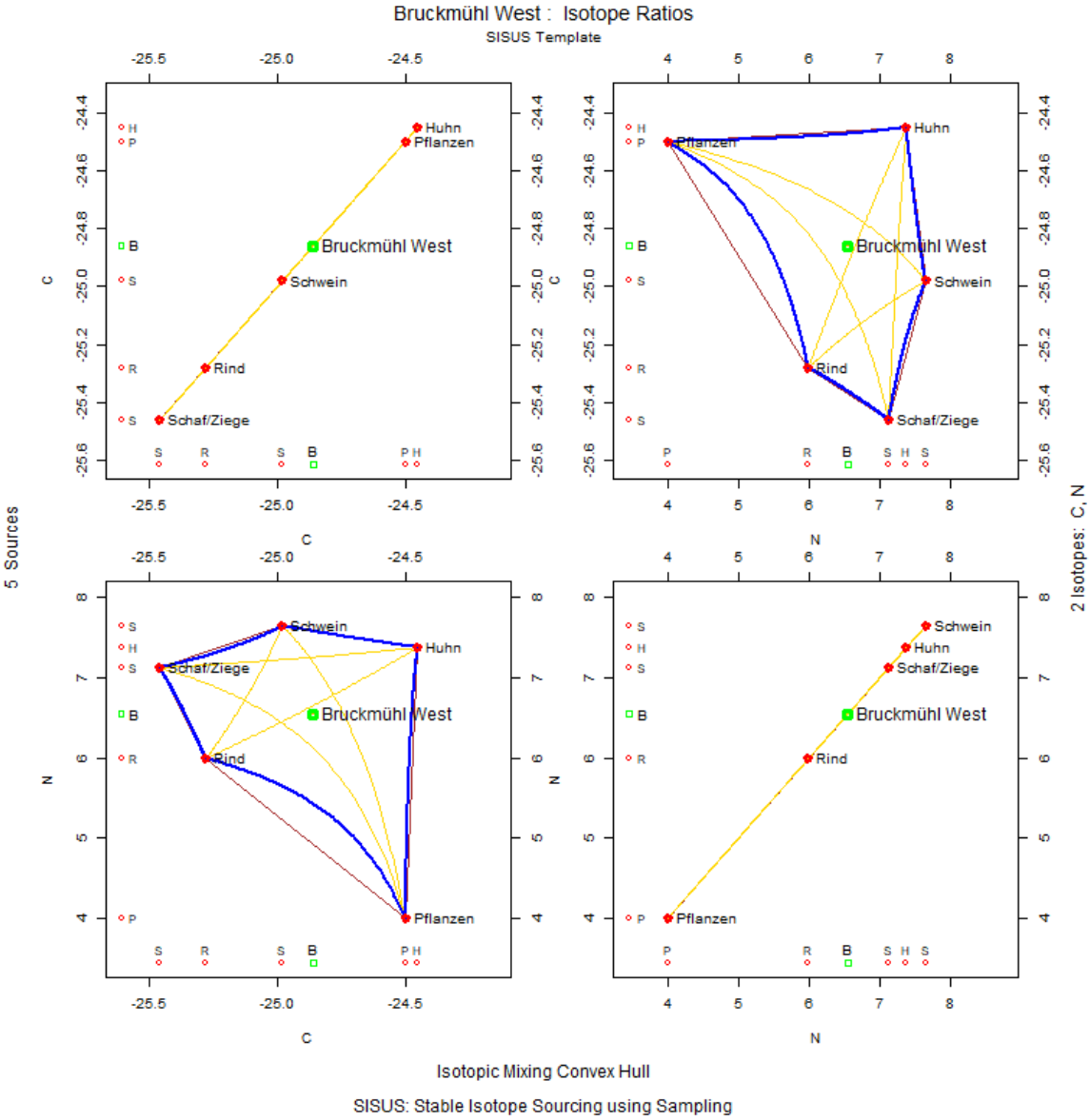


Abbildung A 300: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

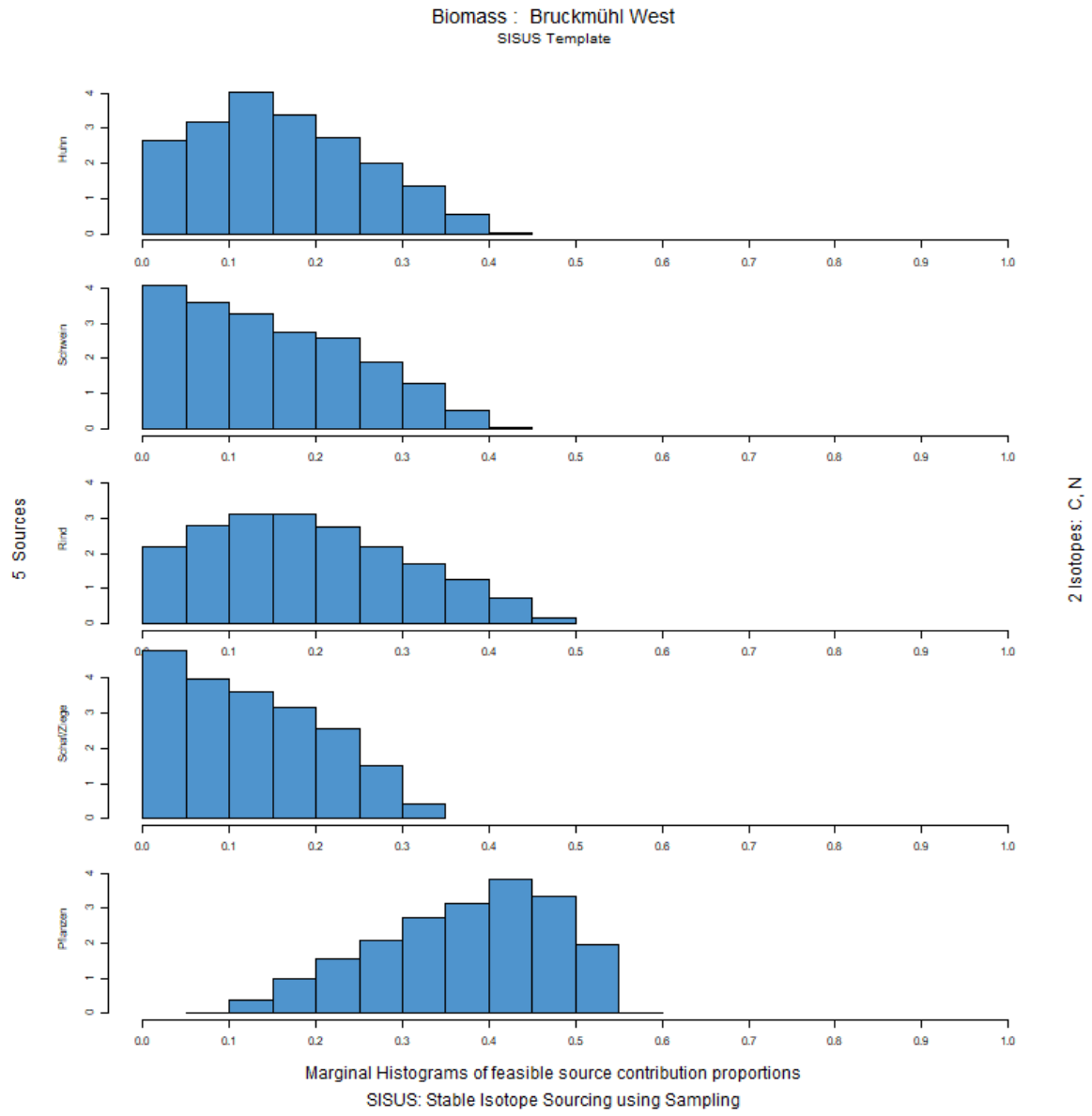


Abbildung A 301: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

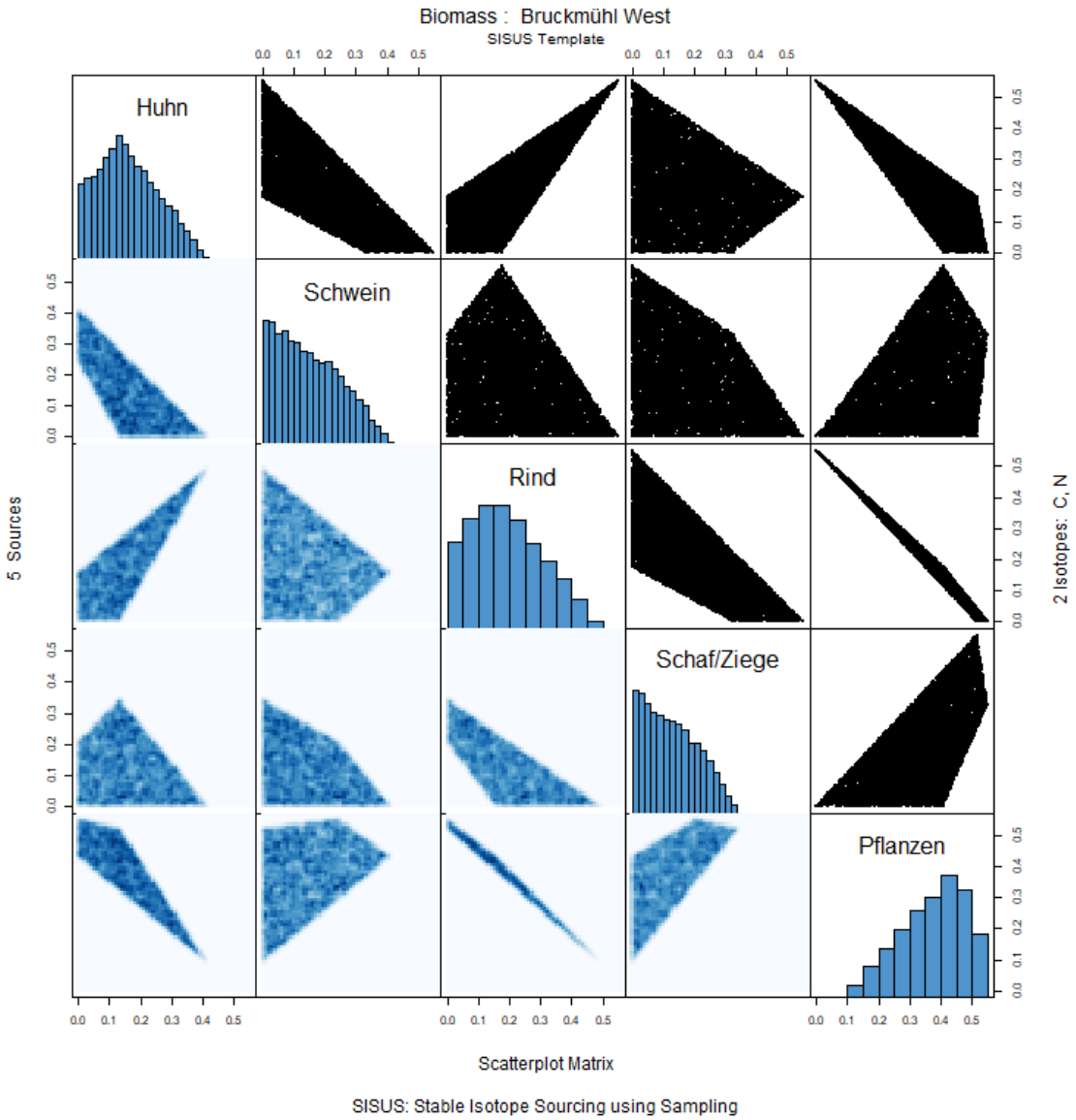


Abbildung A 302: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Bruckmühl, die im westlichen Teil des Friedhofs bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

9.2.5.14 SISUS: Erding – Altenerding

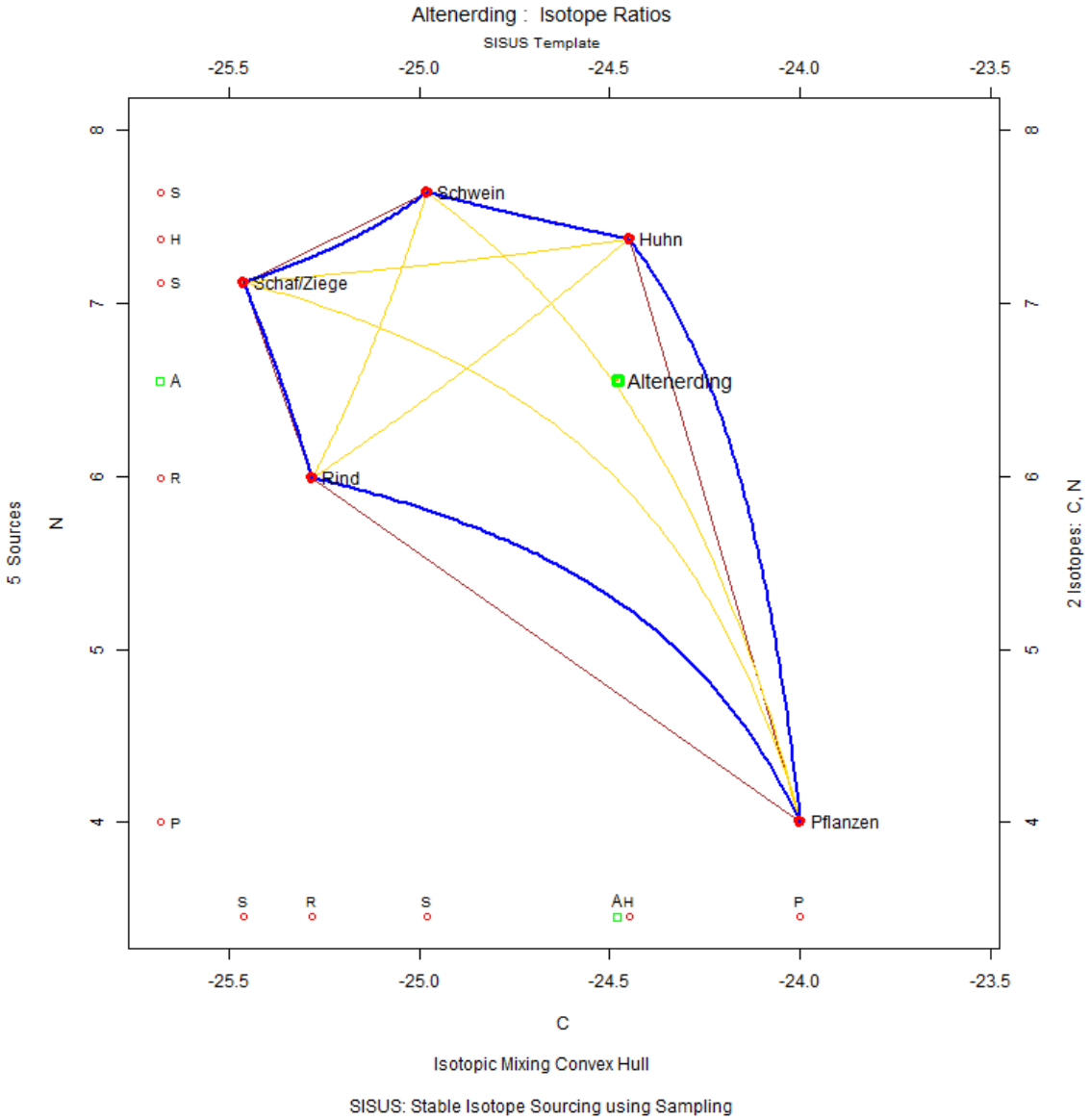


Abbildung A 303: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

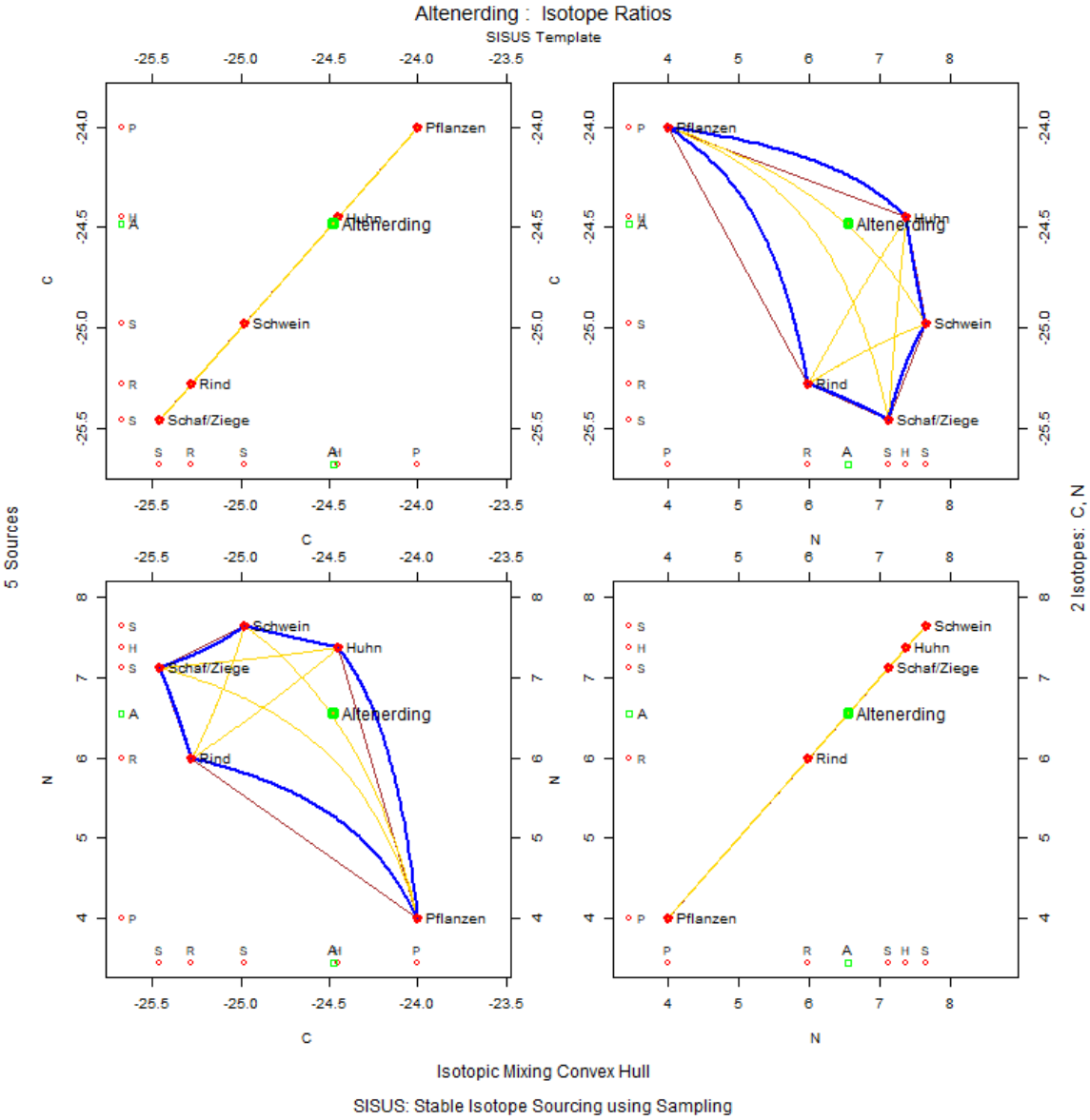


Abbildung A 304: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Erding-Altenerding in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

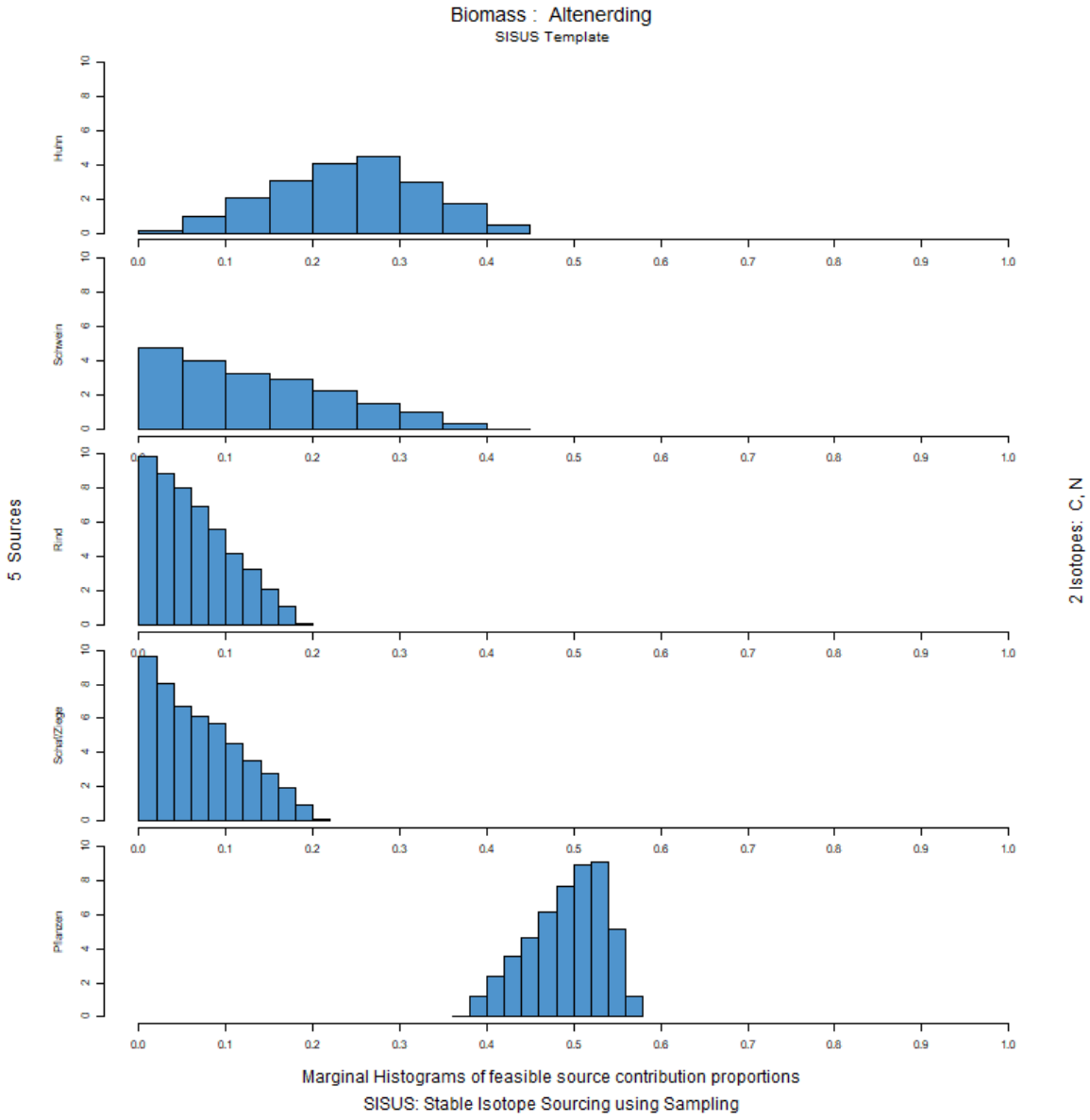


Abbildung A 305: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

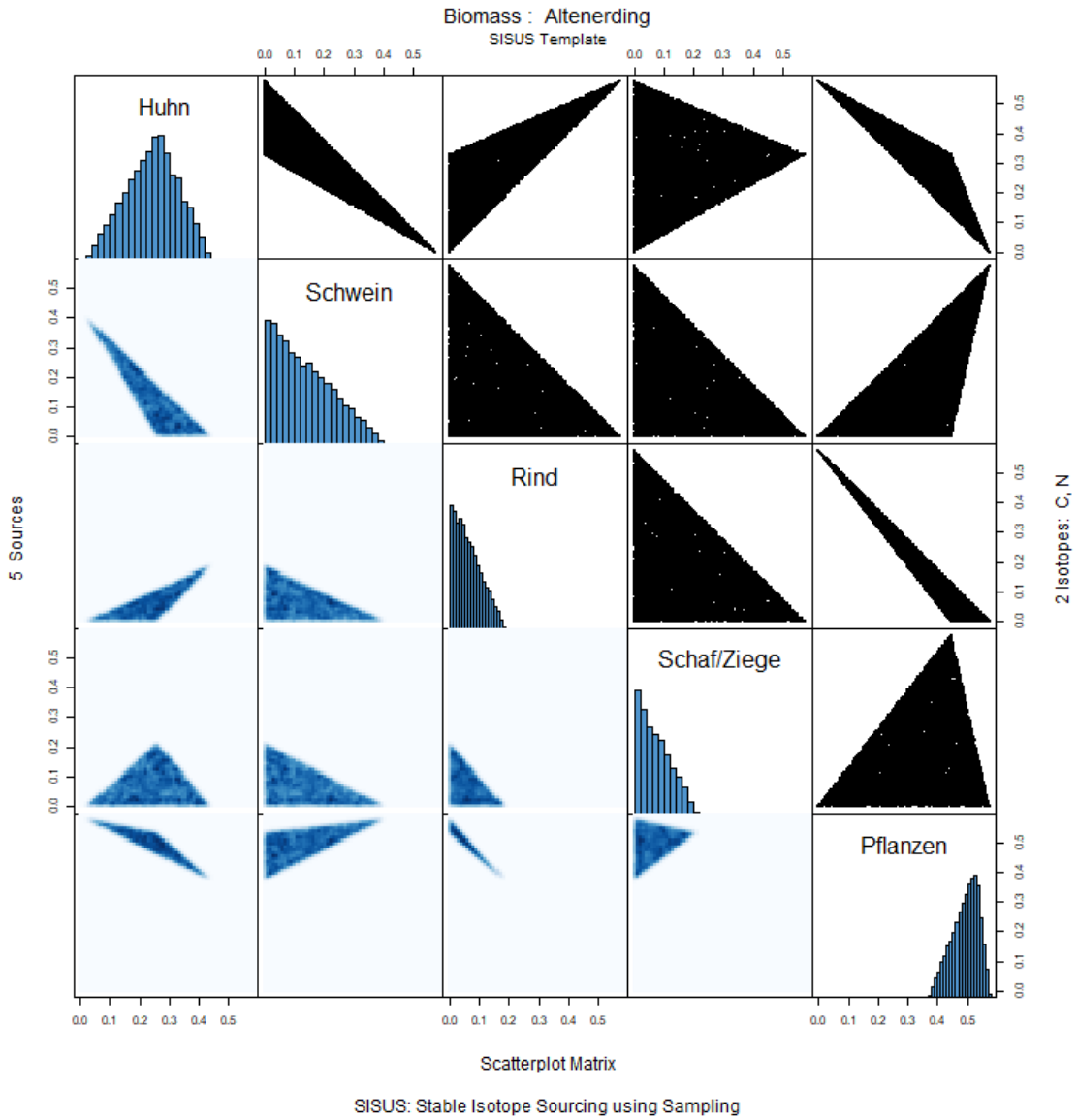


Abbildung A 306: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

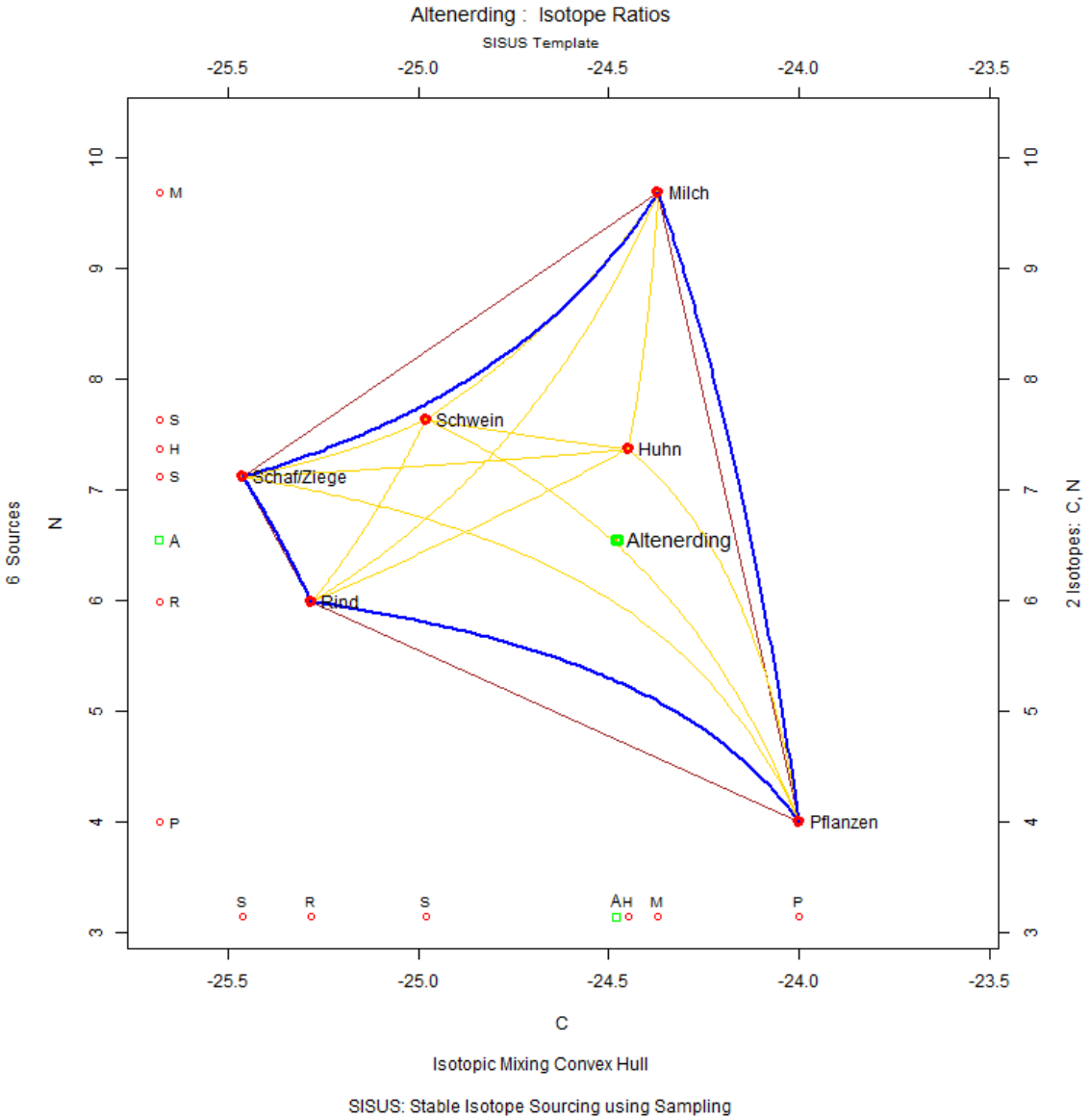


Abbildung A 307: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

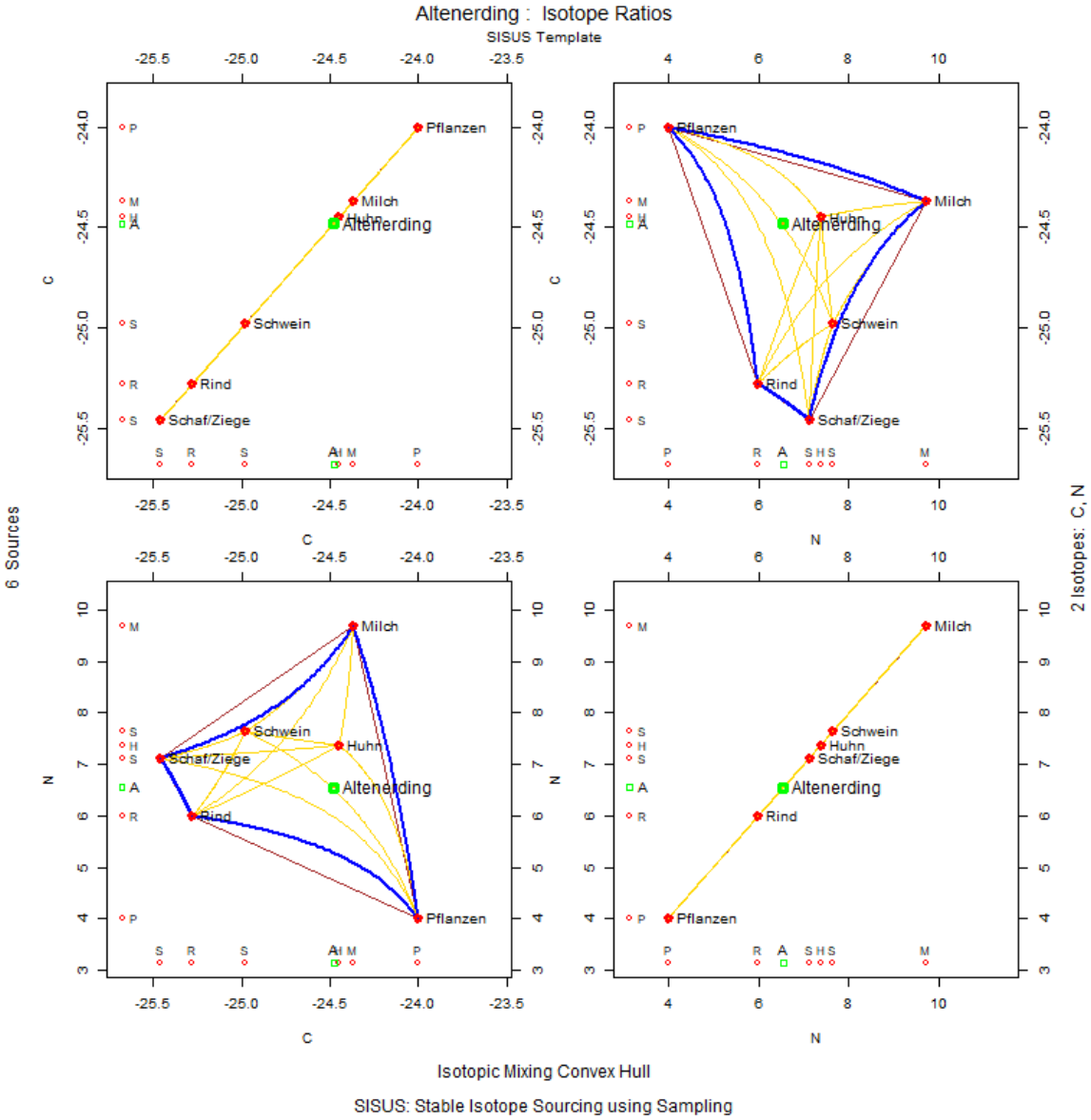


Abbildung A 308: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

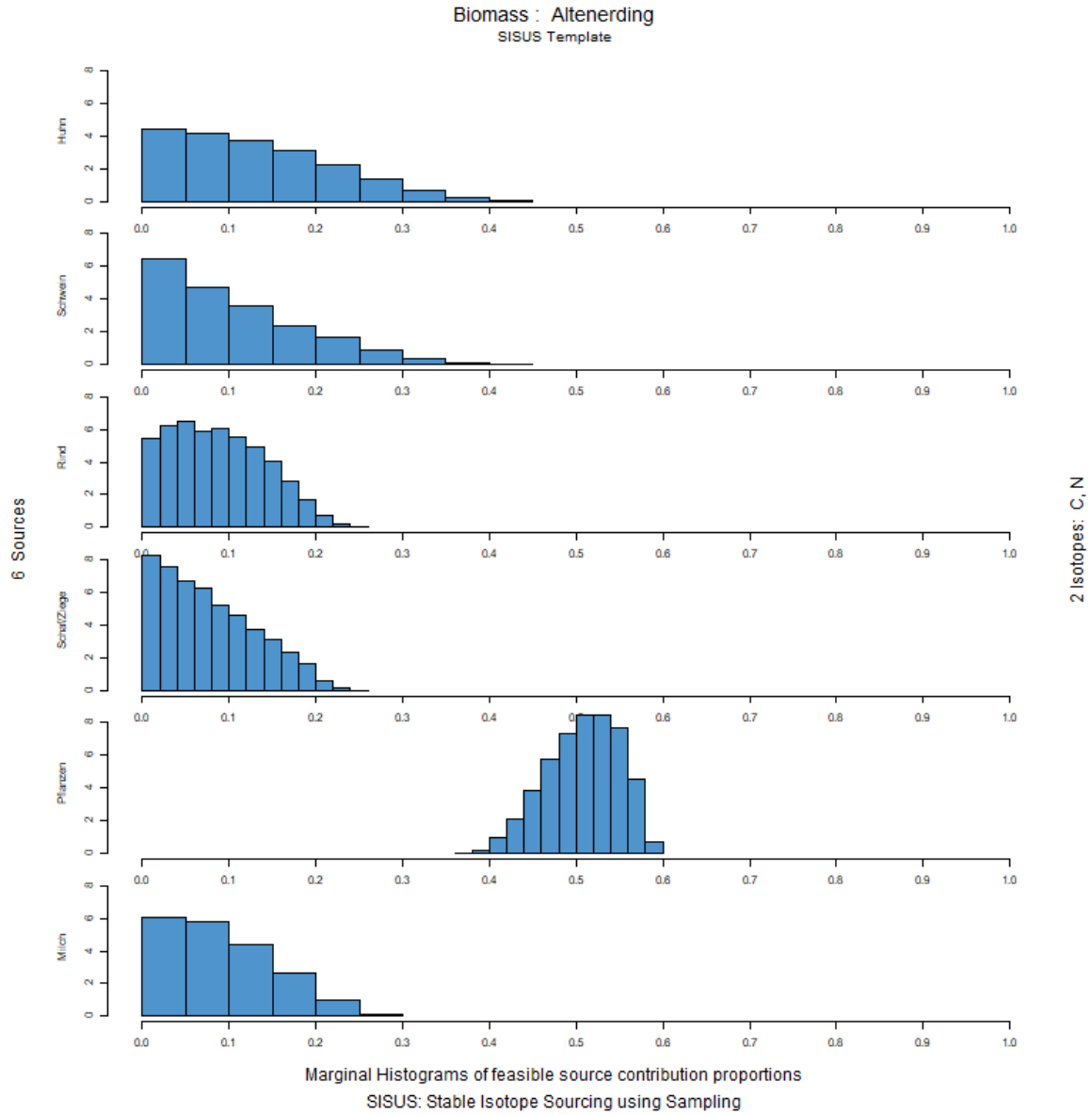


Abbildung A 309: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

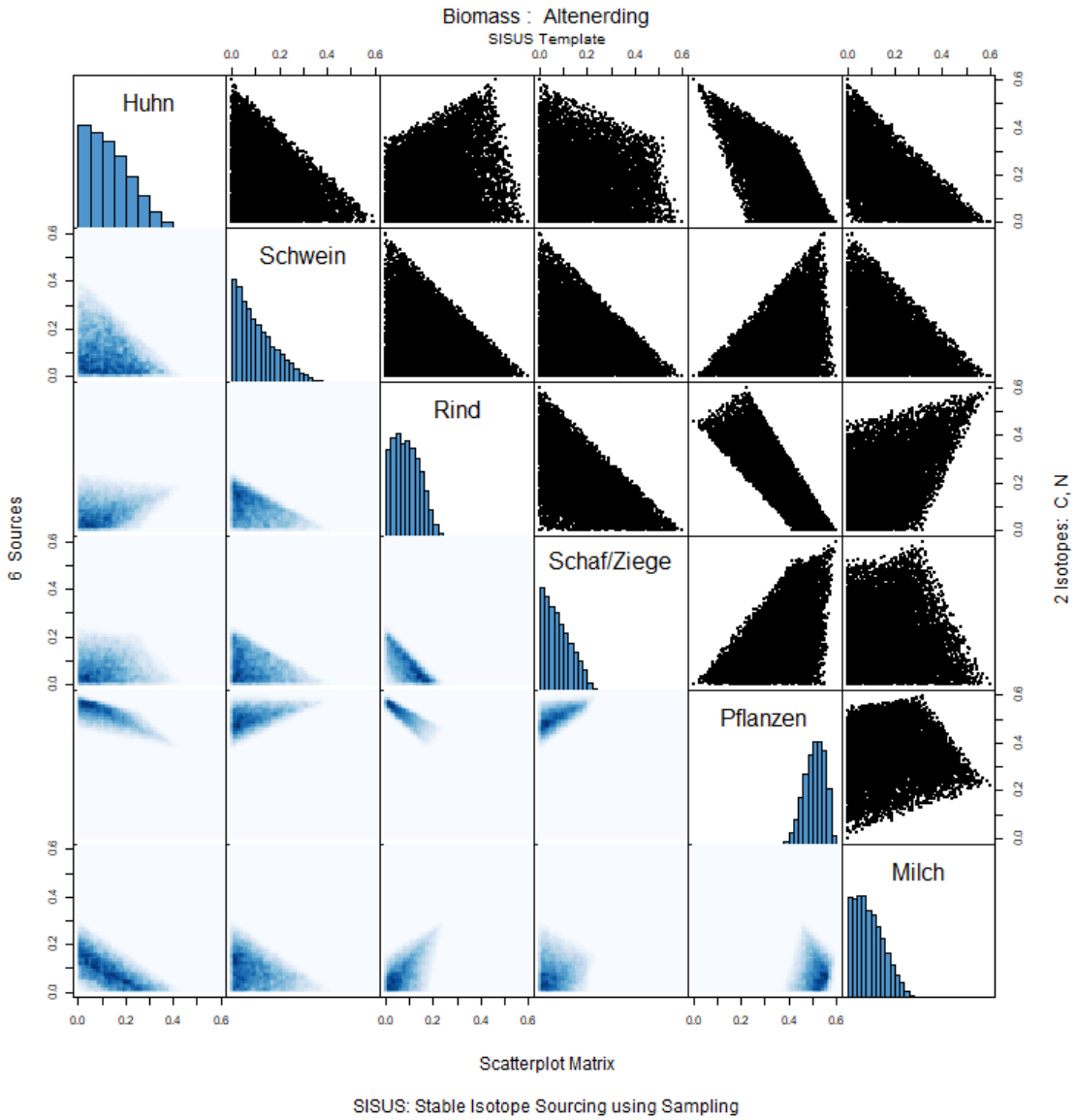


Abbildung A 310: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

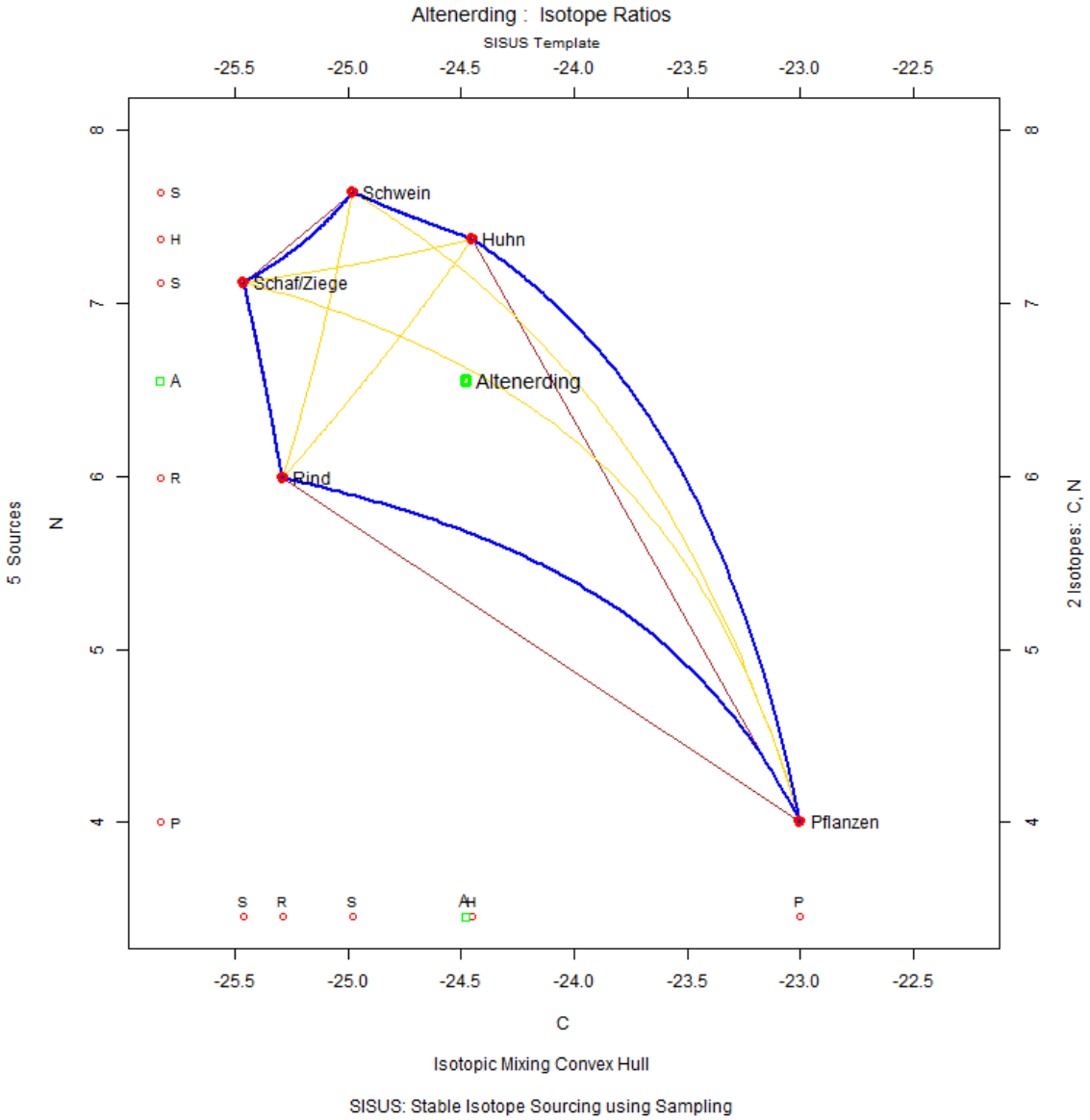


Abbildung A 311: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

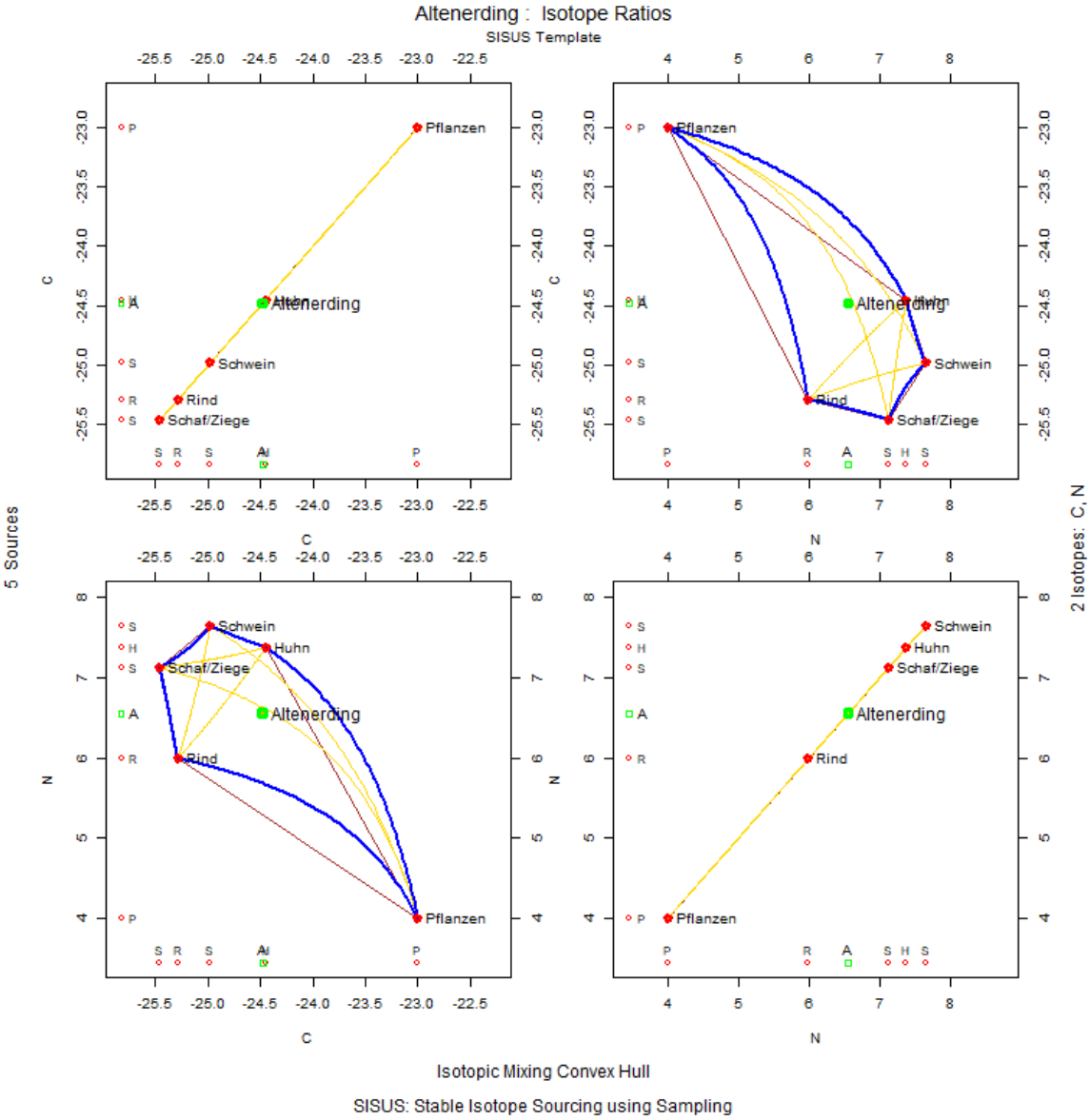


Abbildung A 312: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Erding-Altenerding in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

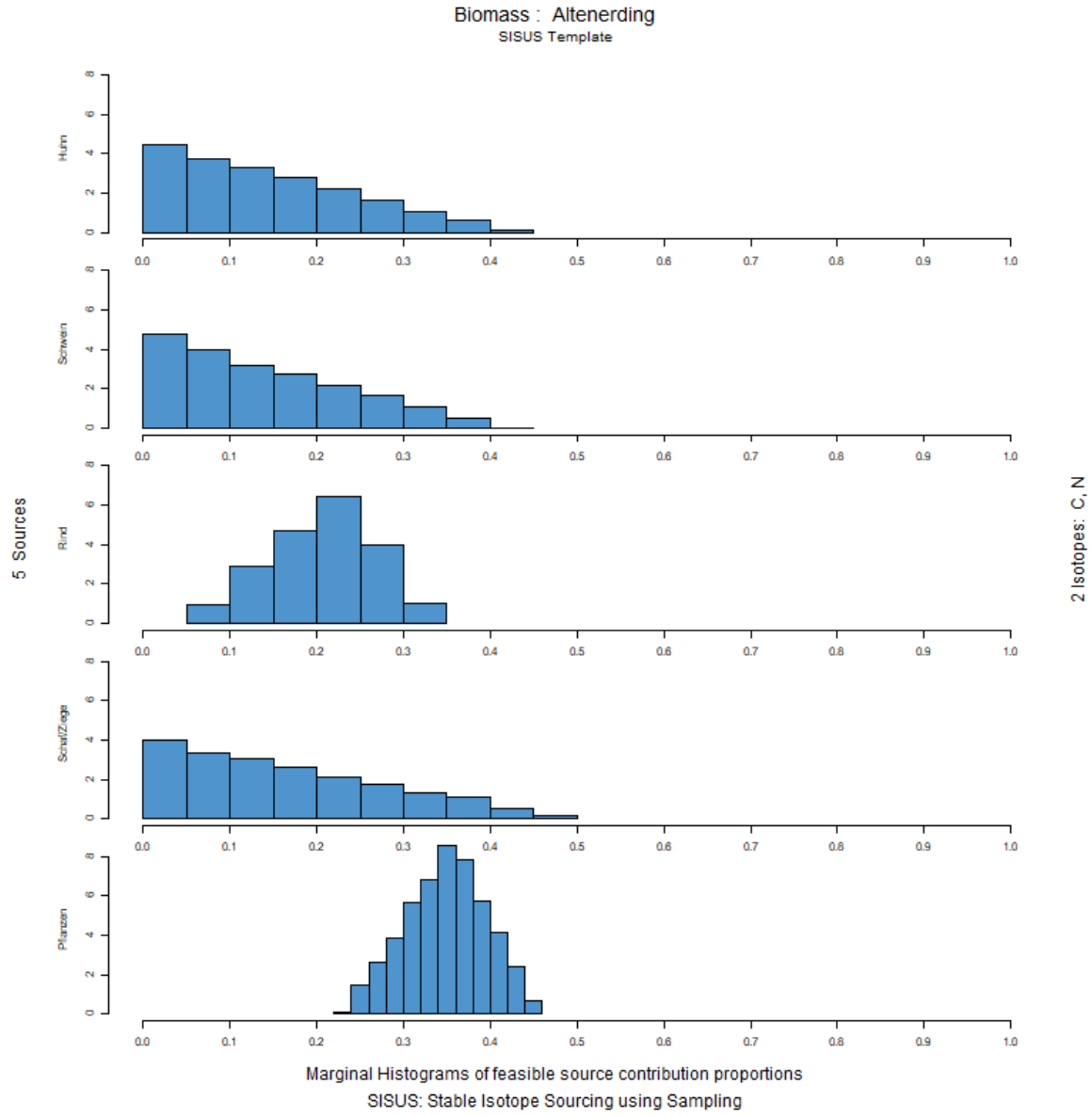


Abbildung A 313: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

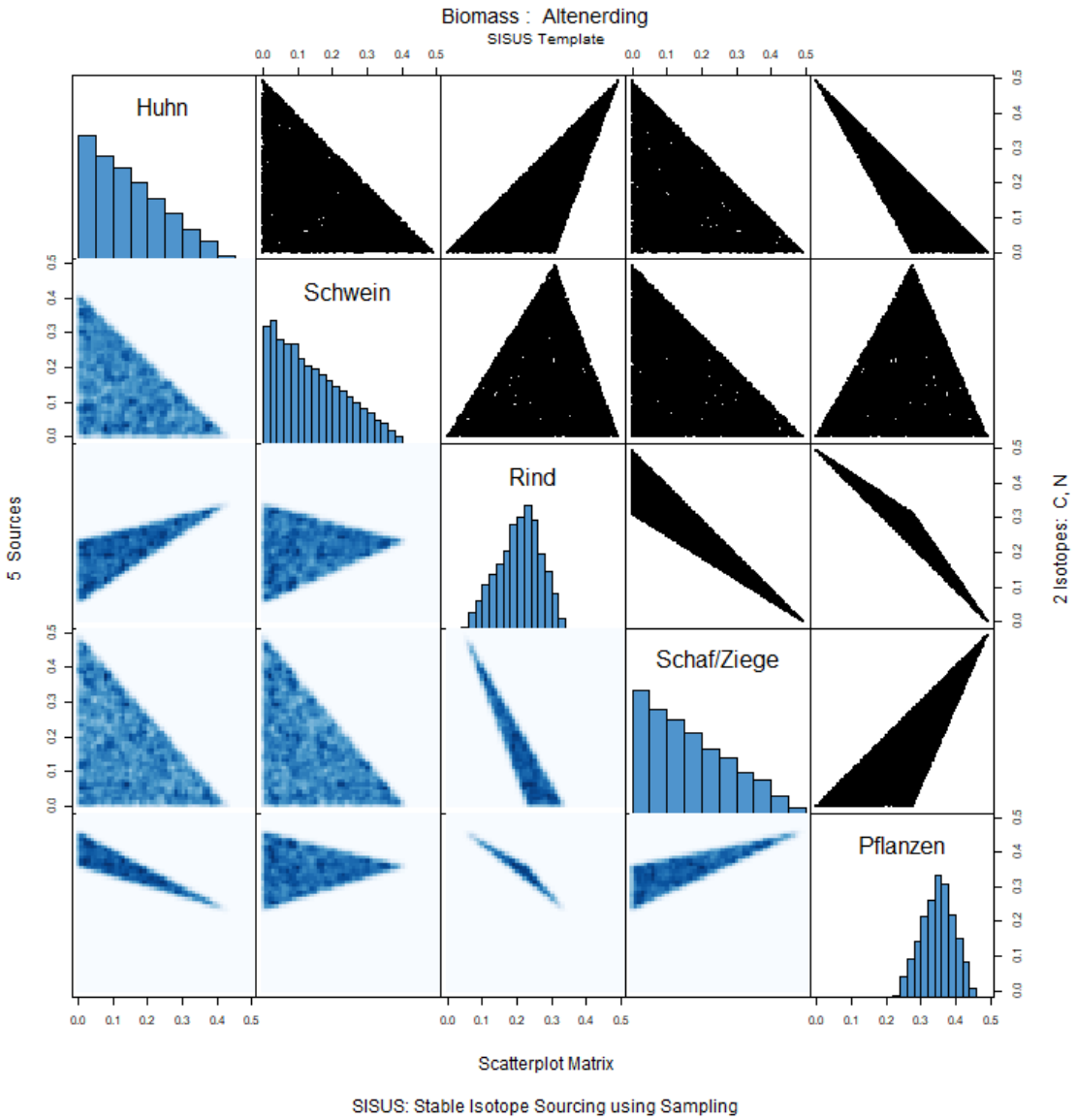


Abbildung A 314: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Erding-Altenerding. Erstellt mit SISUS.

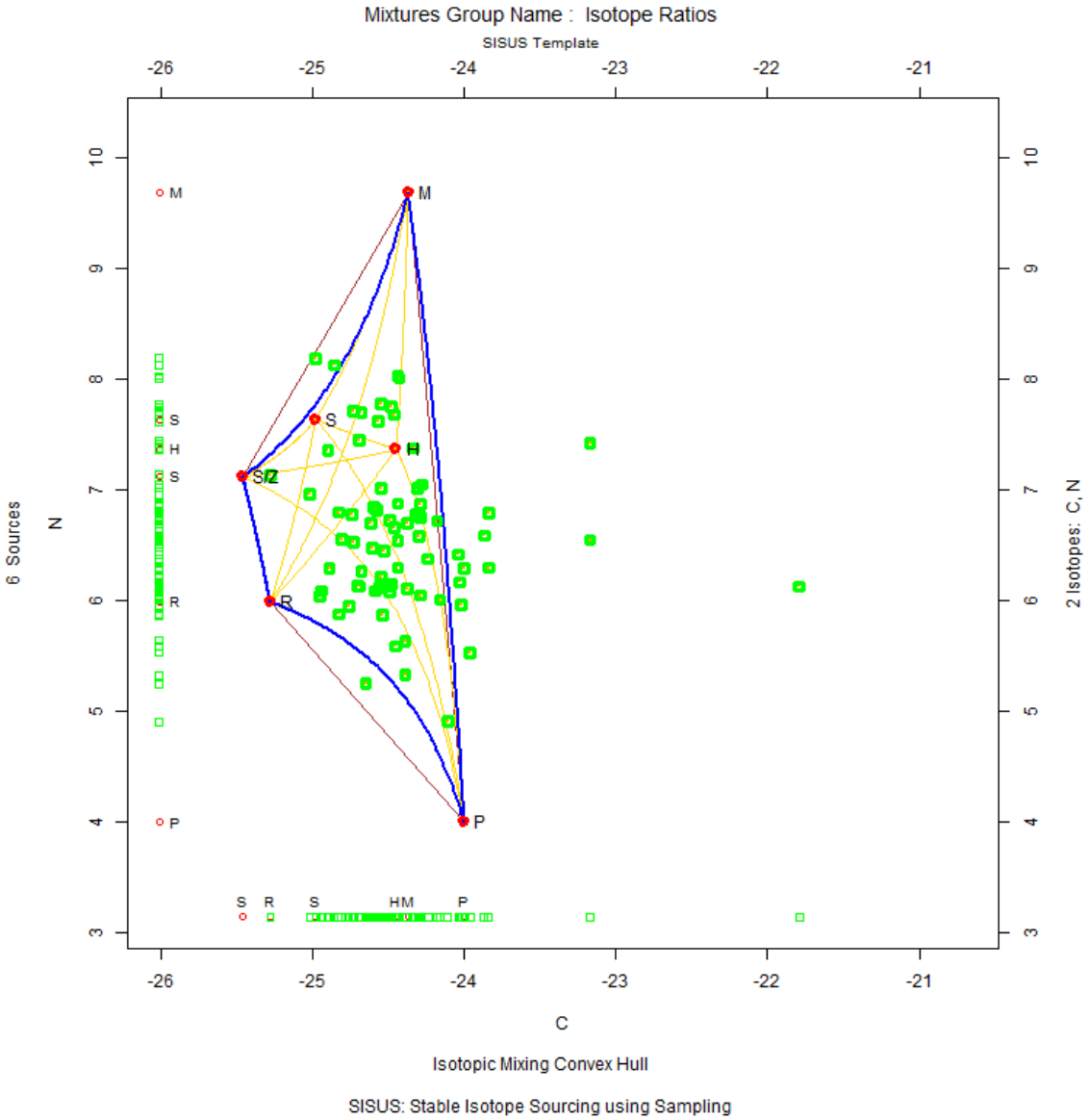


Abbildung A 315: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Altenerding (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch), M: Milch (berechnet auf Rind, Schaf und Ziege)

9.2.5.15 SISUS: Ingolstadt – Etting

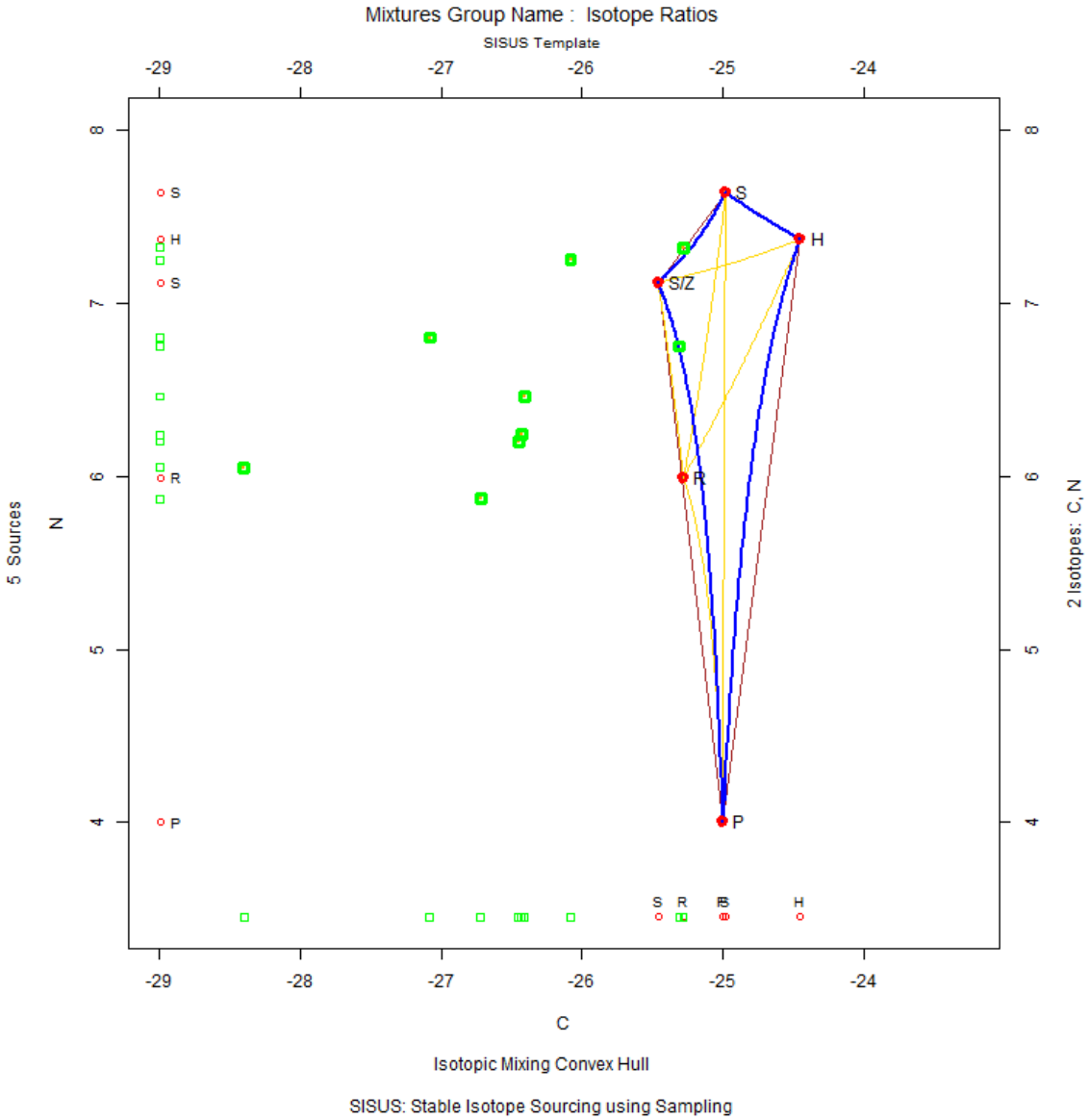


Abbildung A 316: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Ingolstadt-Etting. Erstellt mit SISUS.

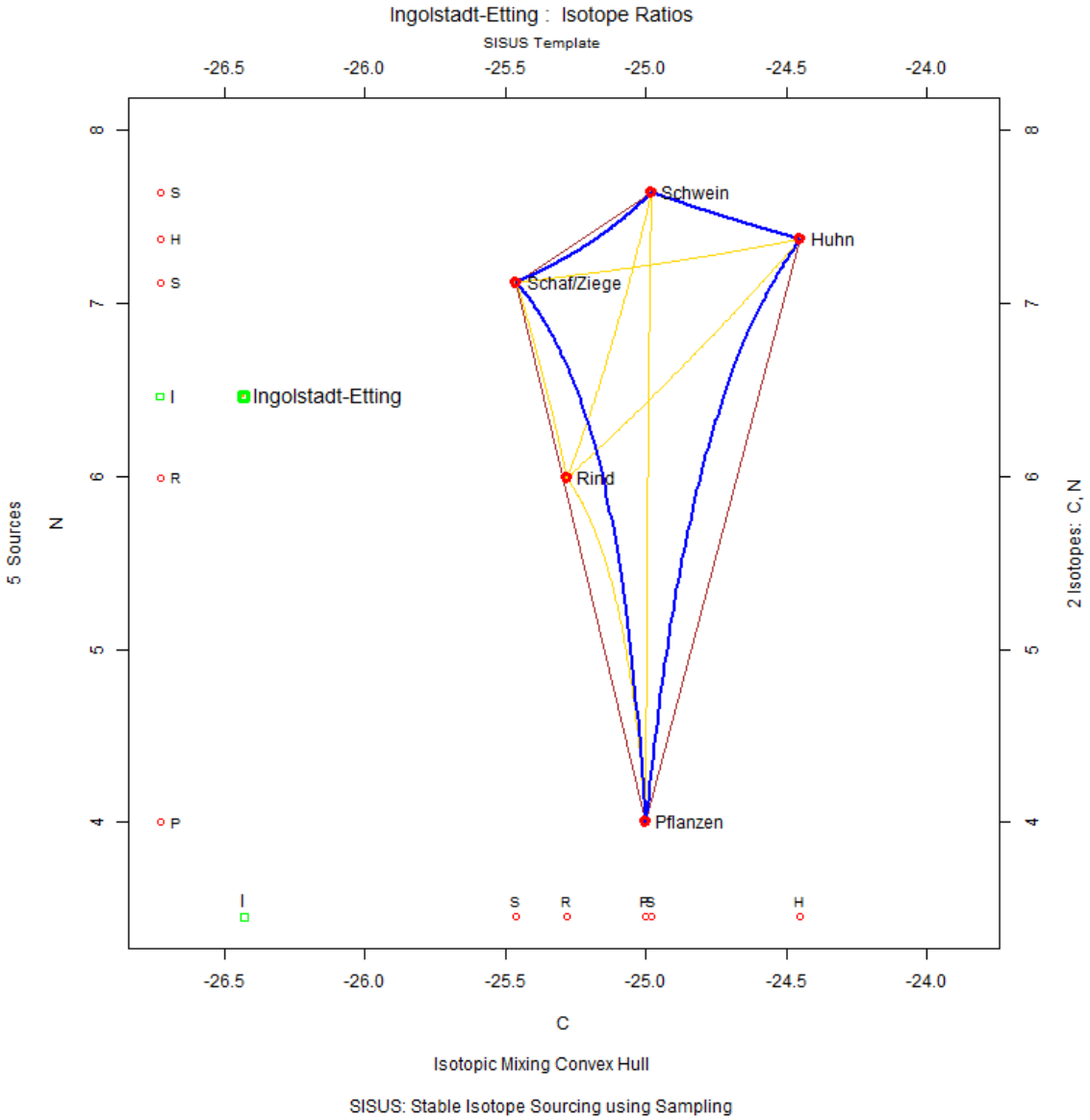


Abbildung A 317: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Ingolstadt-Etting. Erstellt mit SISUS.

9.2.5.16 SISUS: Großmehring

Populationsmedian

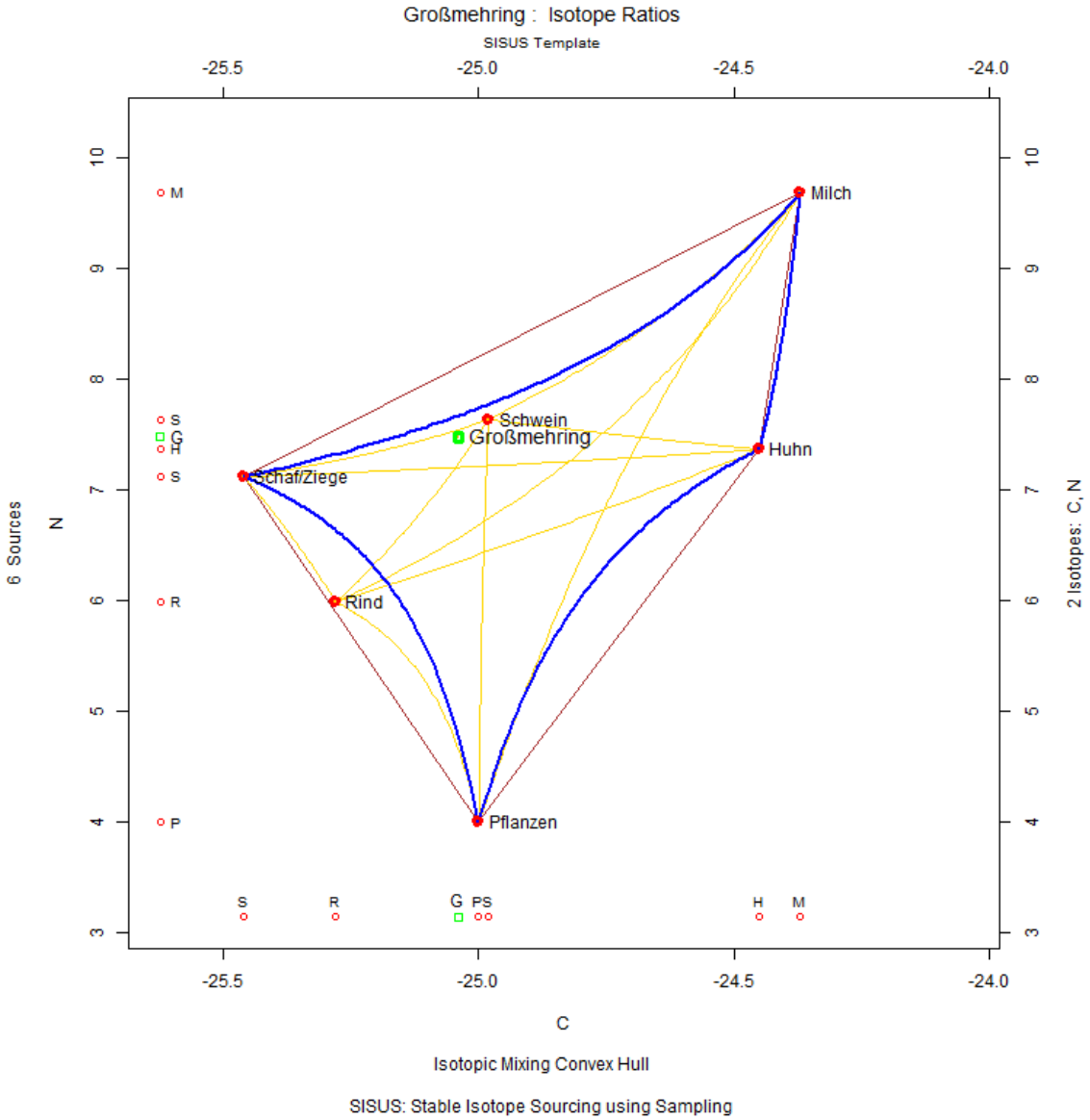


Abbildung A 318: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

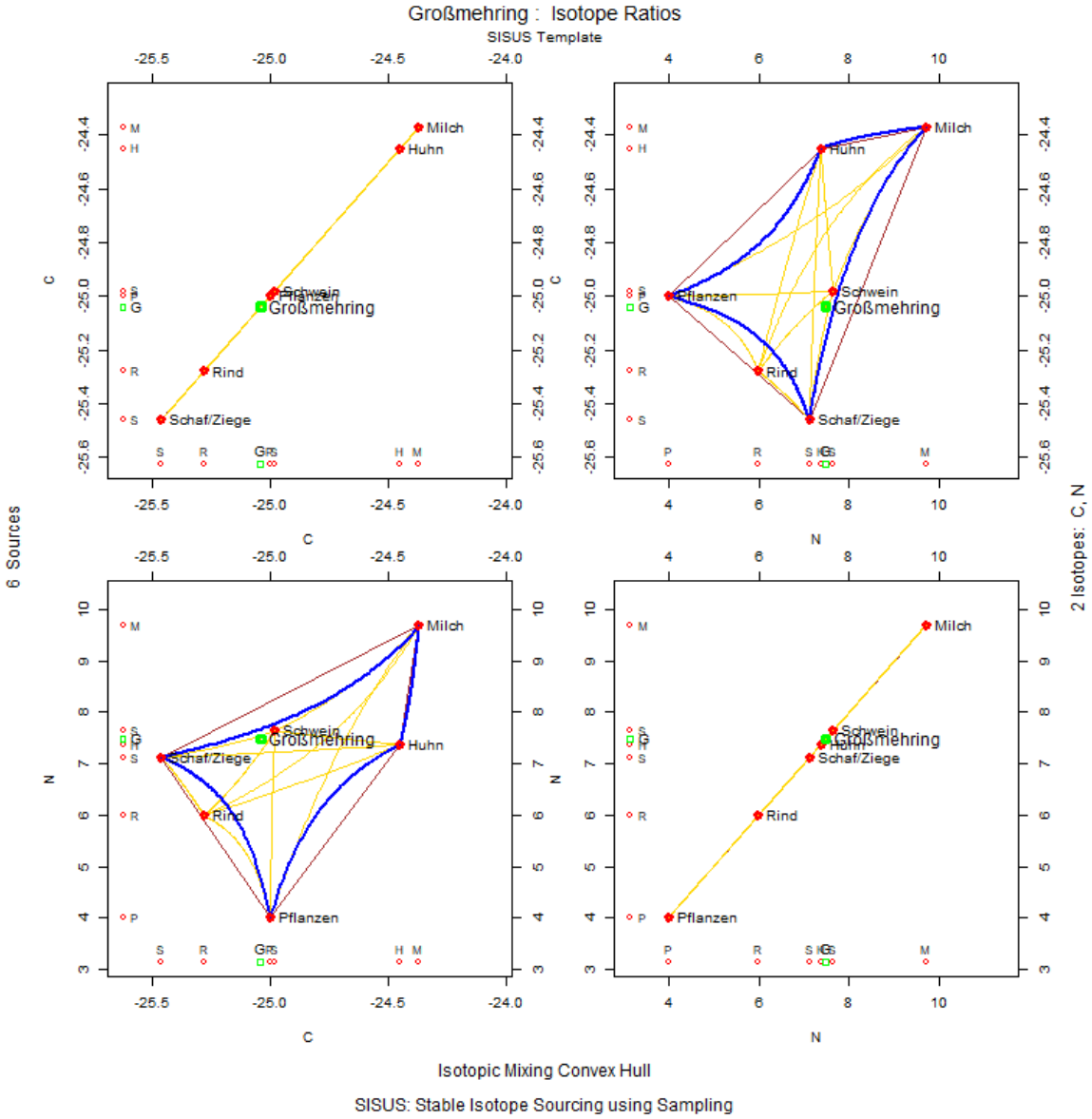


Abbildung A 319: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Großmehring in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS

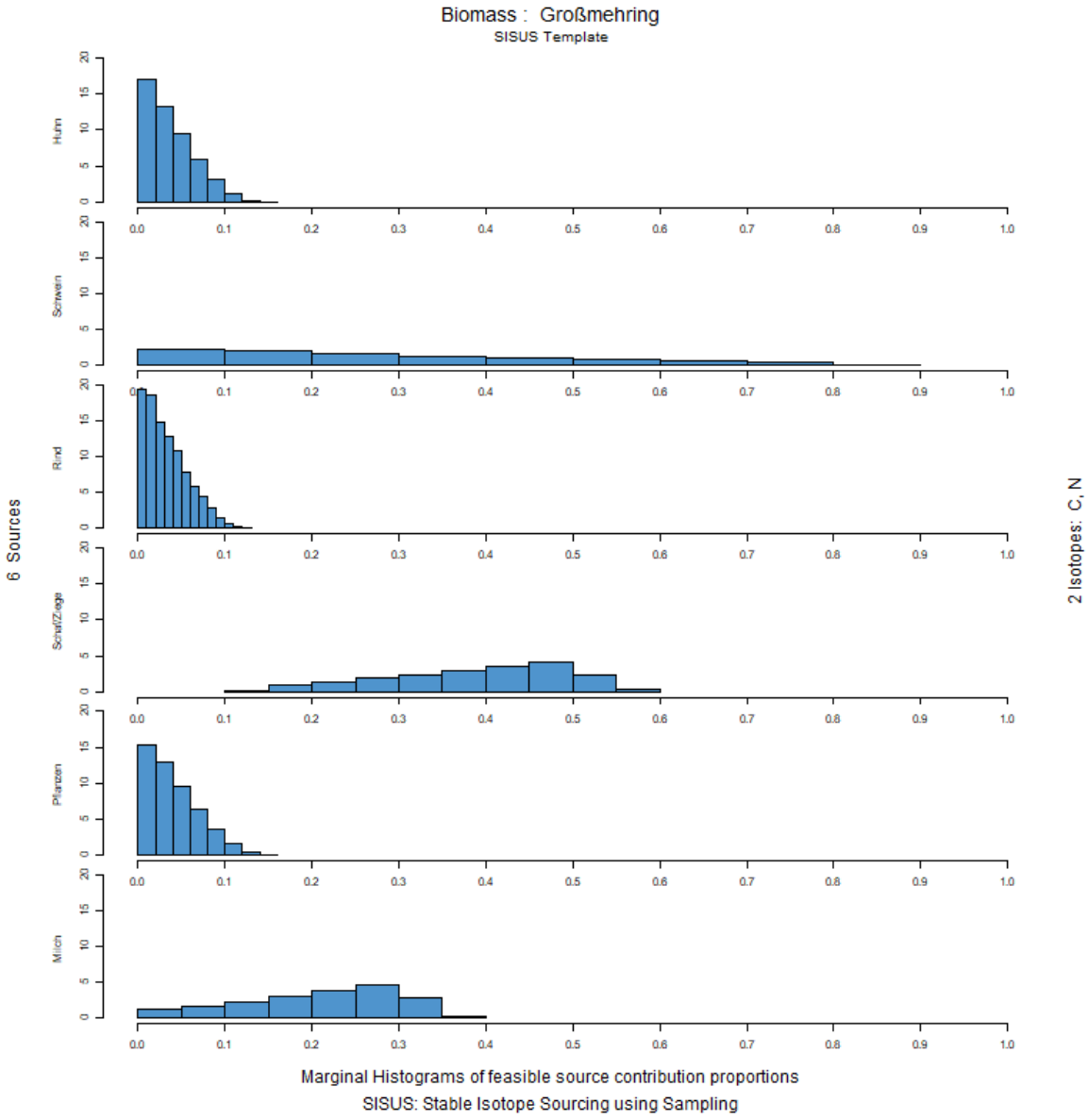


Abbildung A 320: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

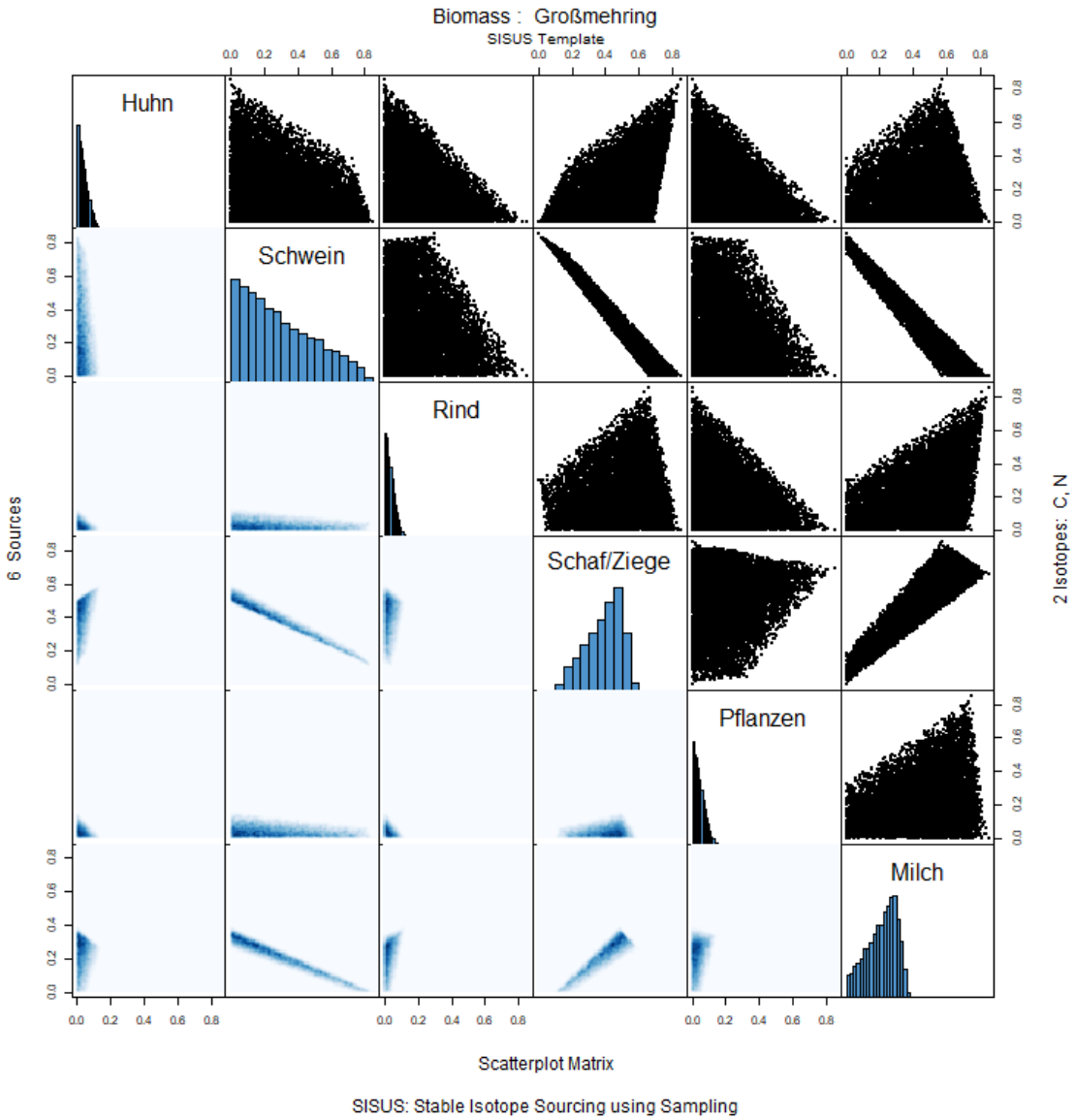


Abbildung A 321: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

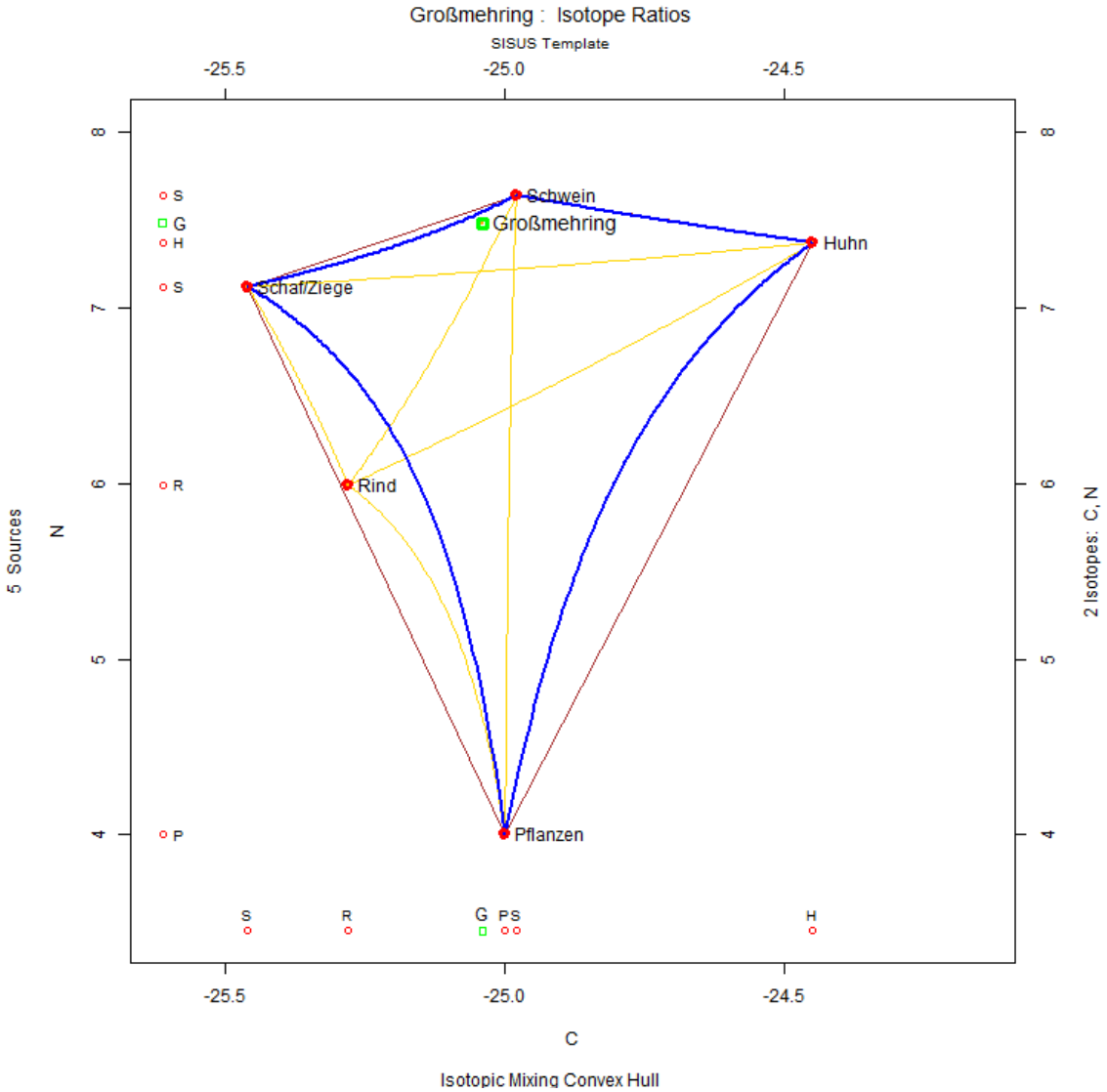


Abbildung A 322: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

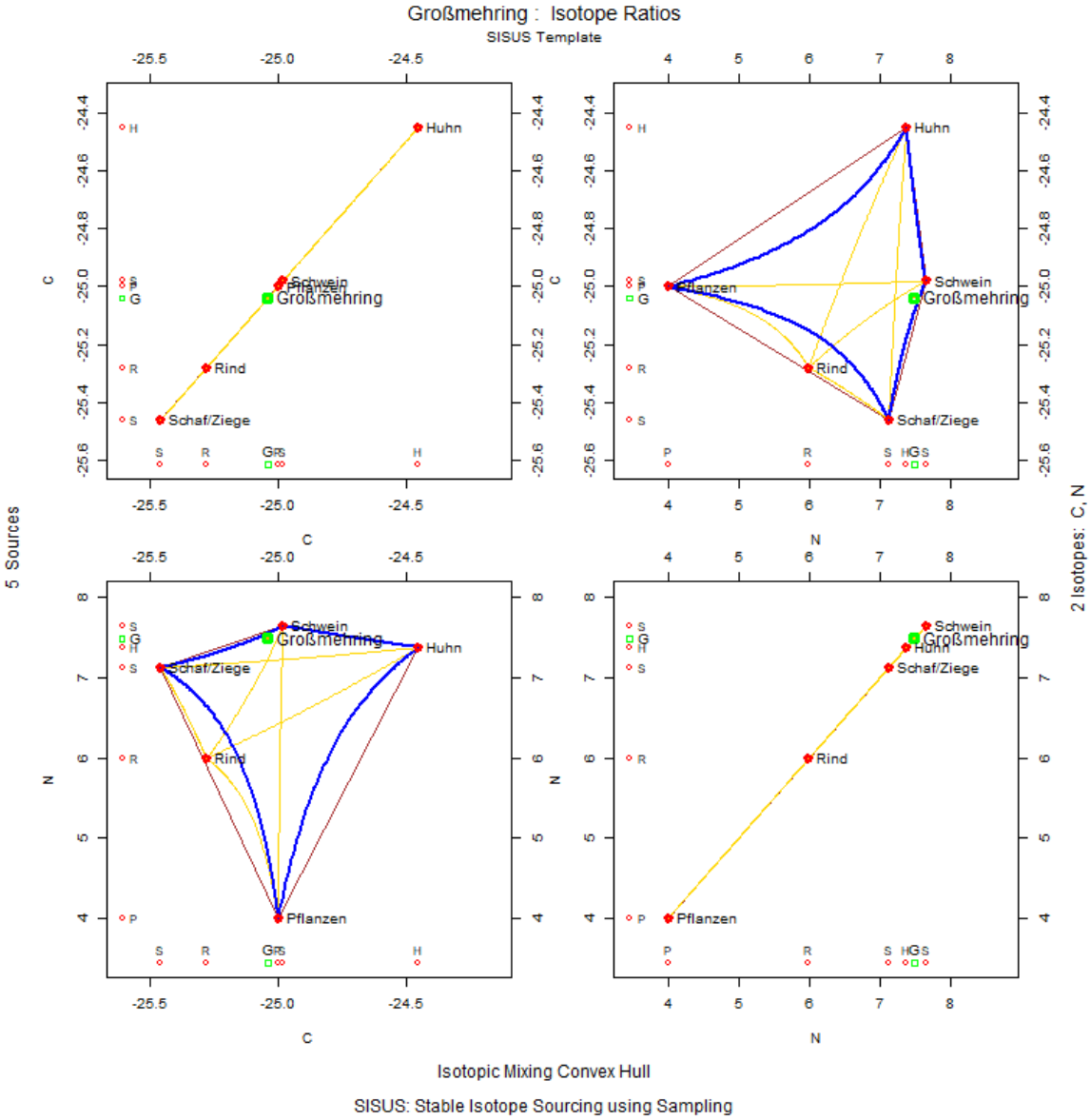


Abbildung A 323: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Großmehring in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS

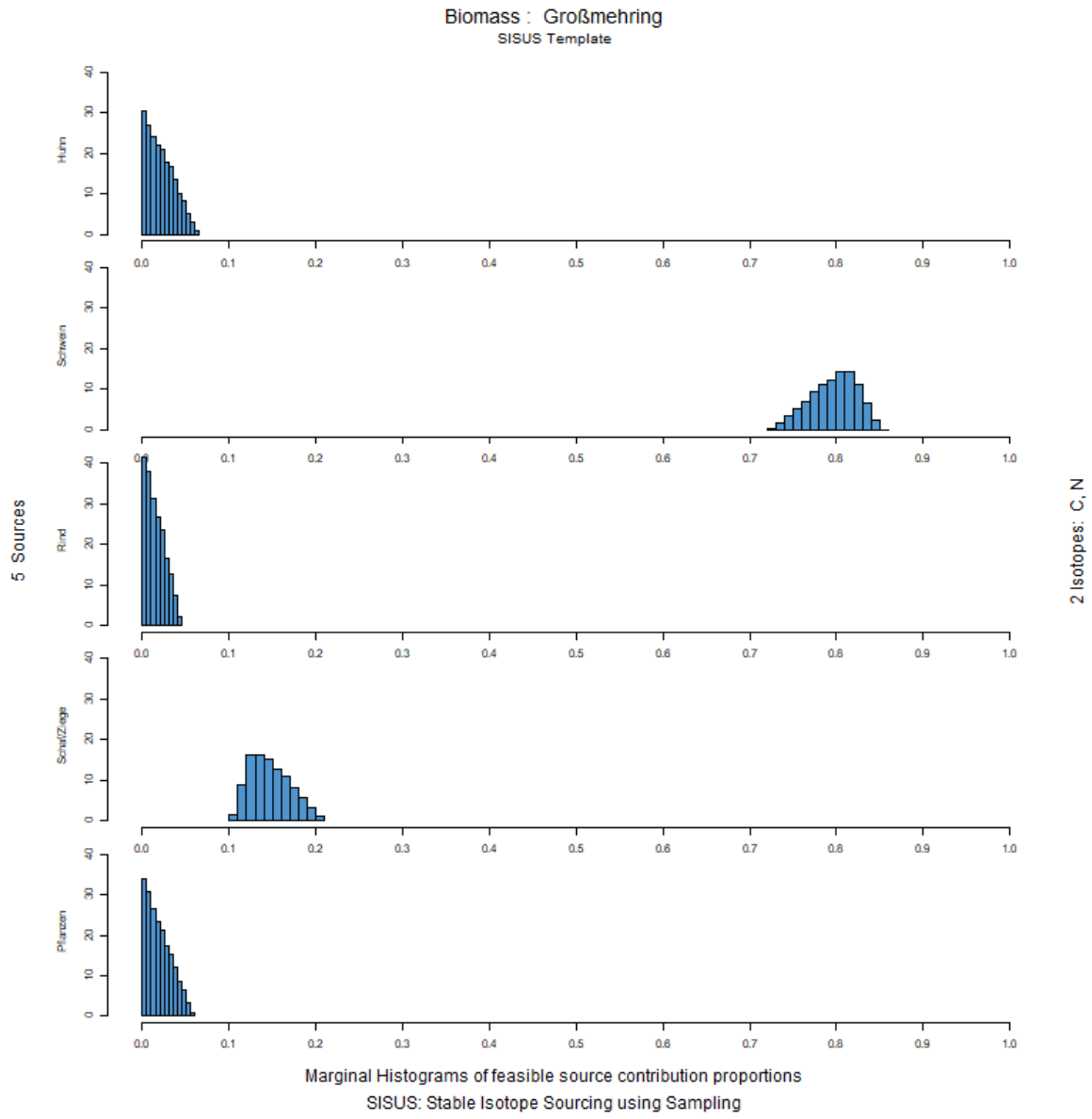


Abbildung A 324: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

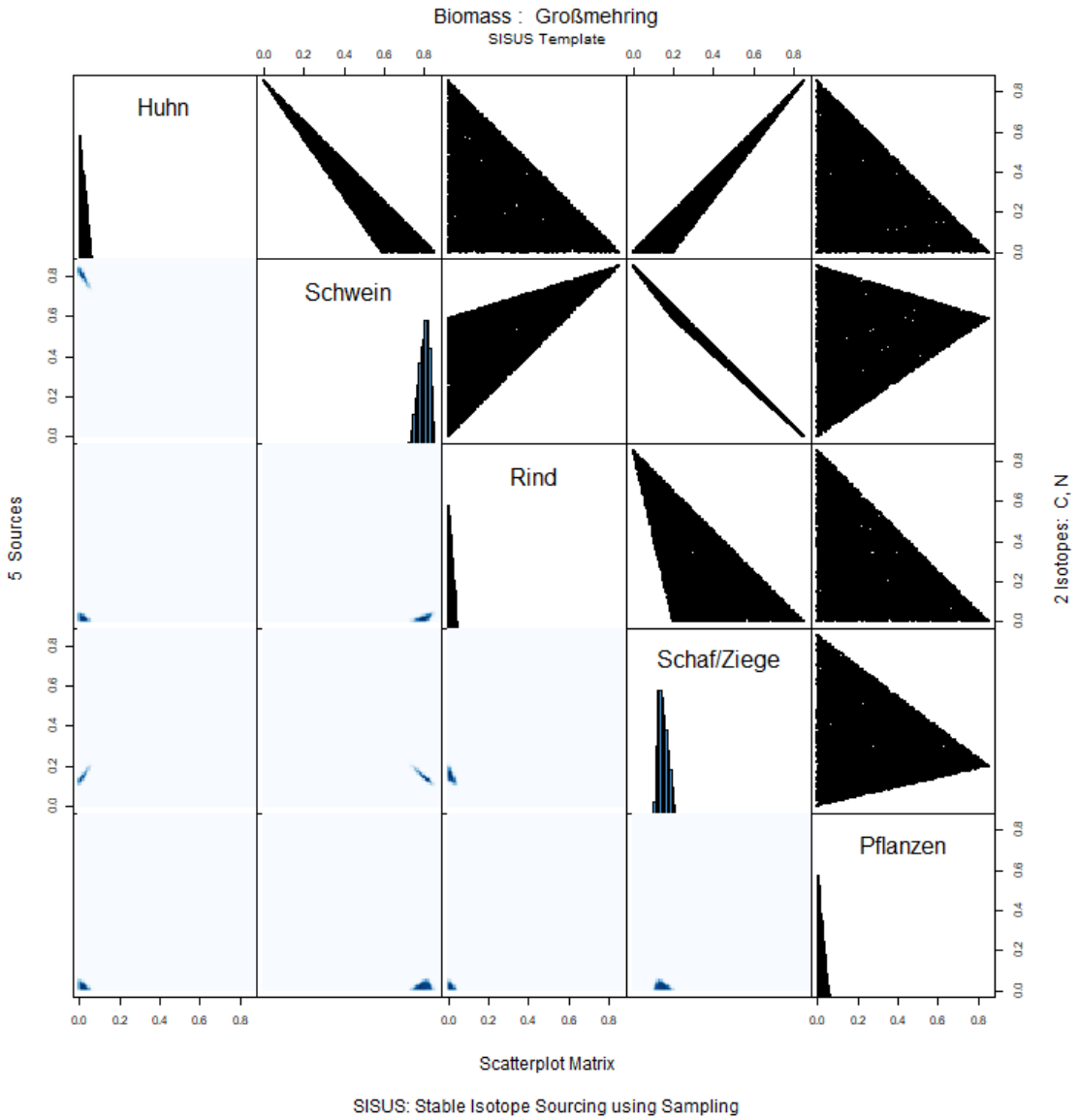


Abbildung A 325: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Großmehring. Erstellt mit SISUS.

Bestattungsplatz - 1

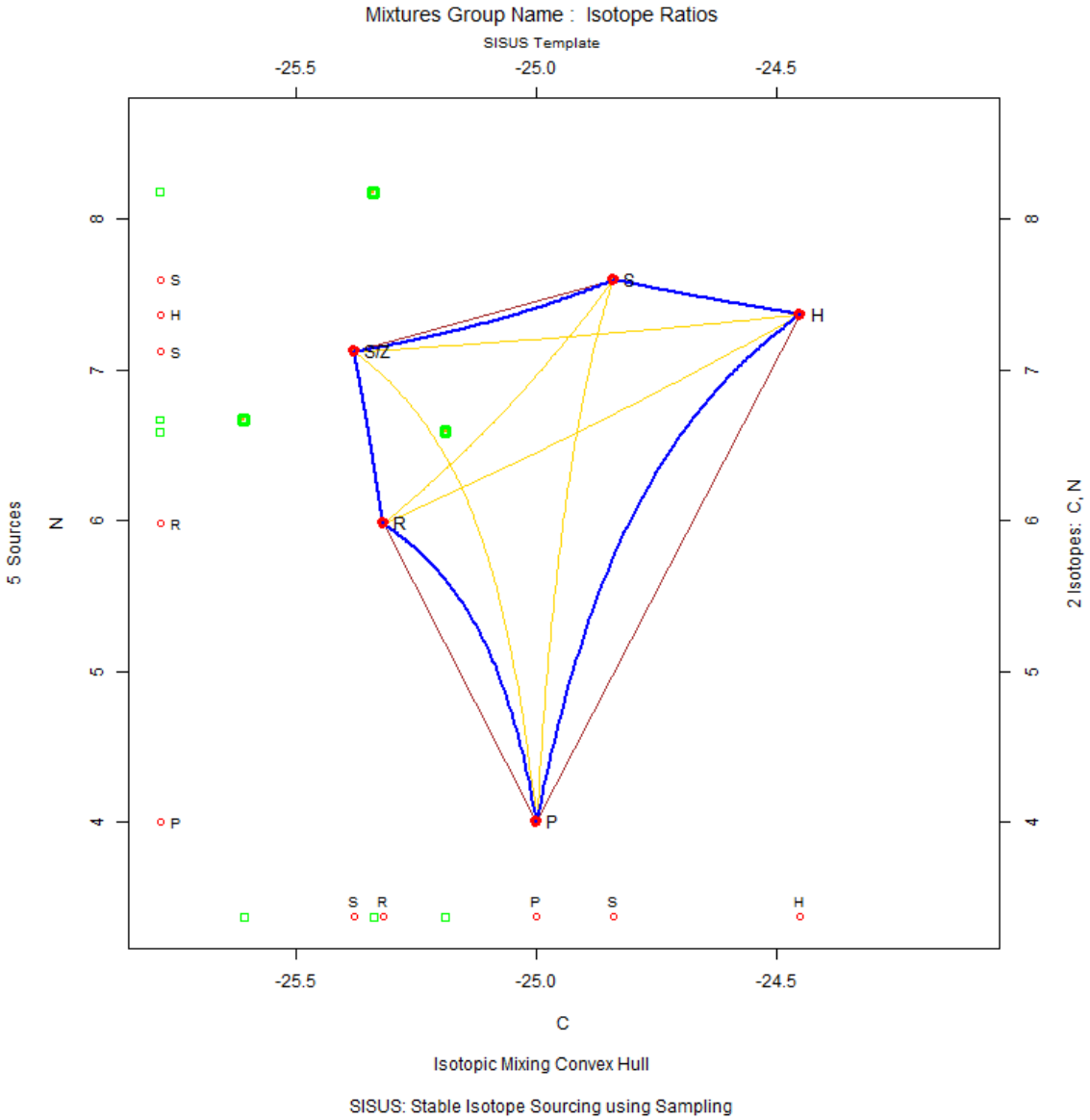


Abbildung A 326: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

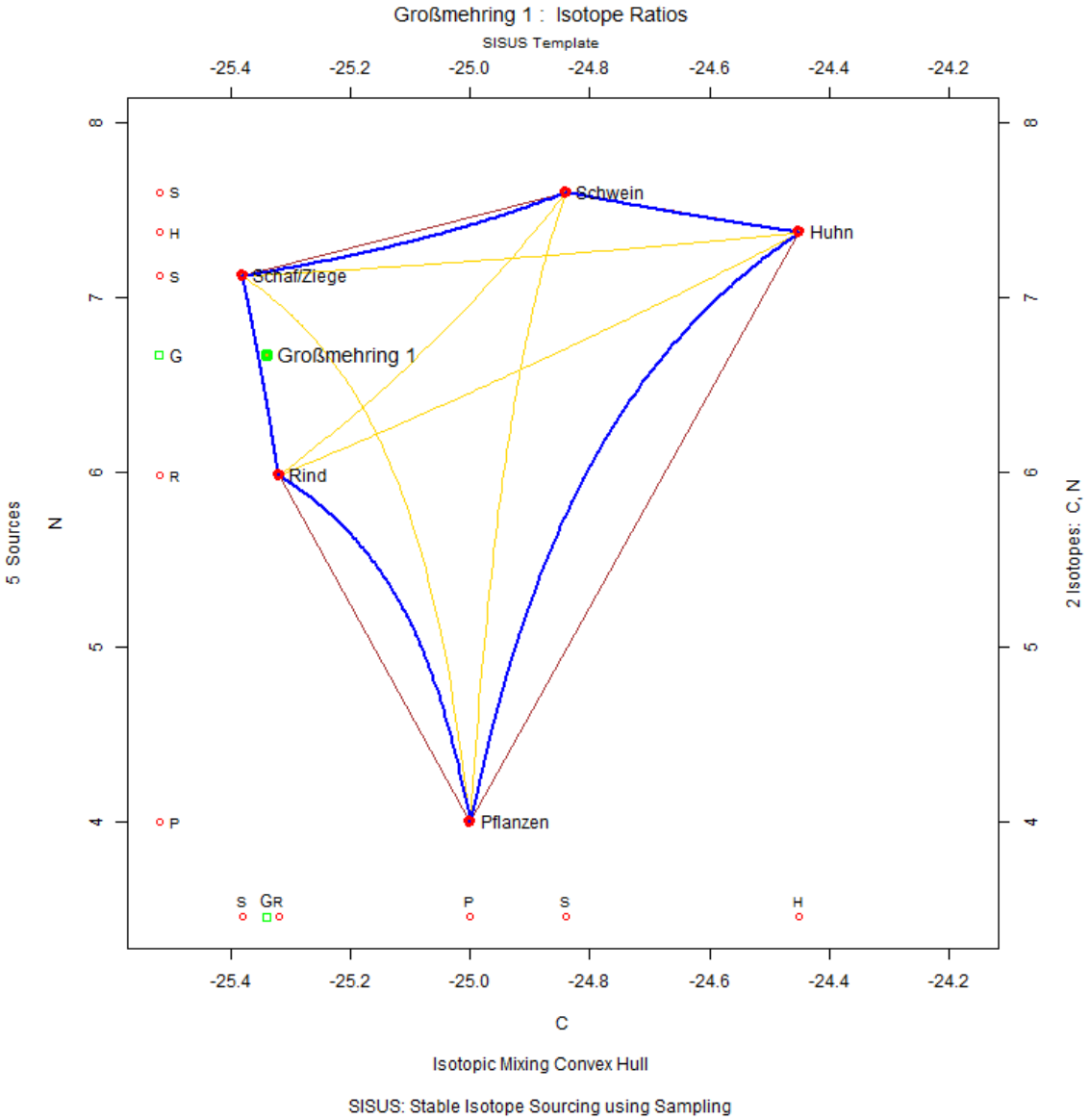


Abbildung A 327: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

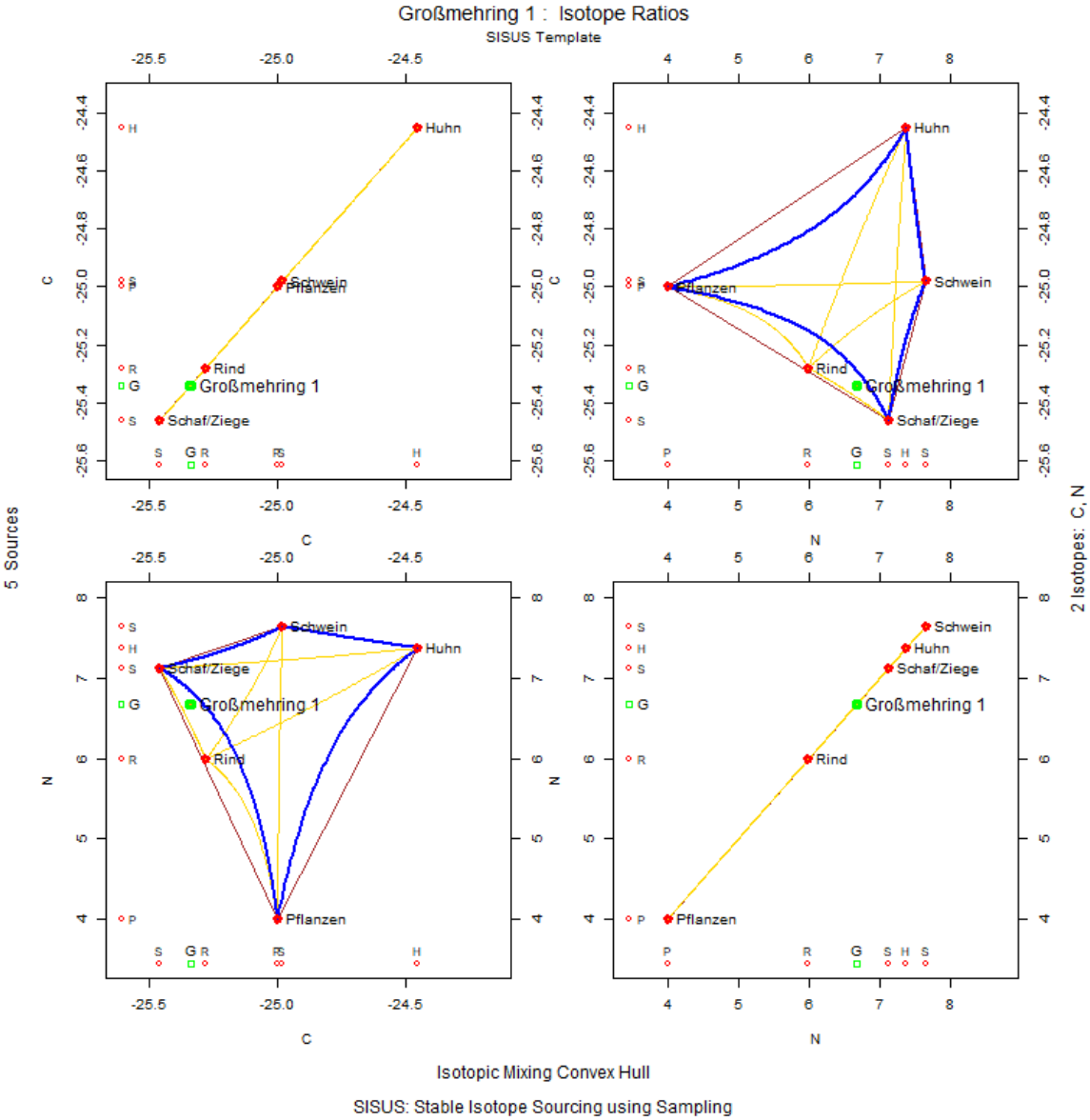


Abbildung A 328: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

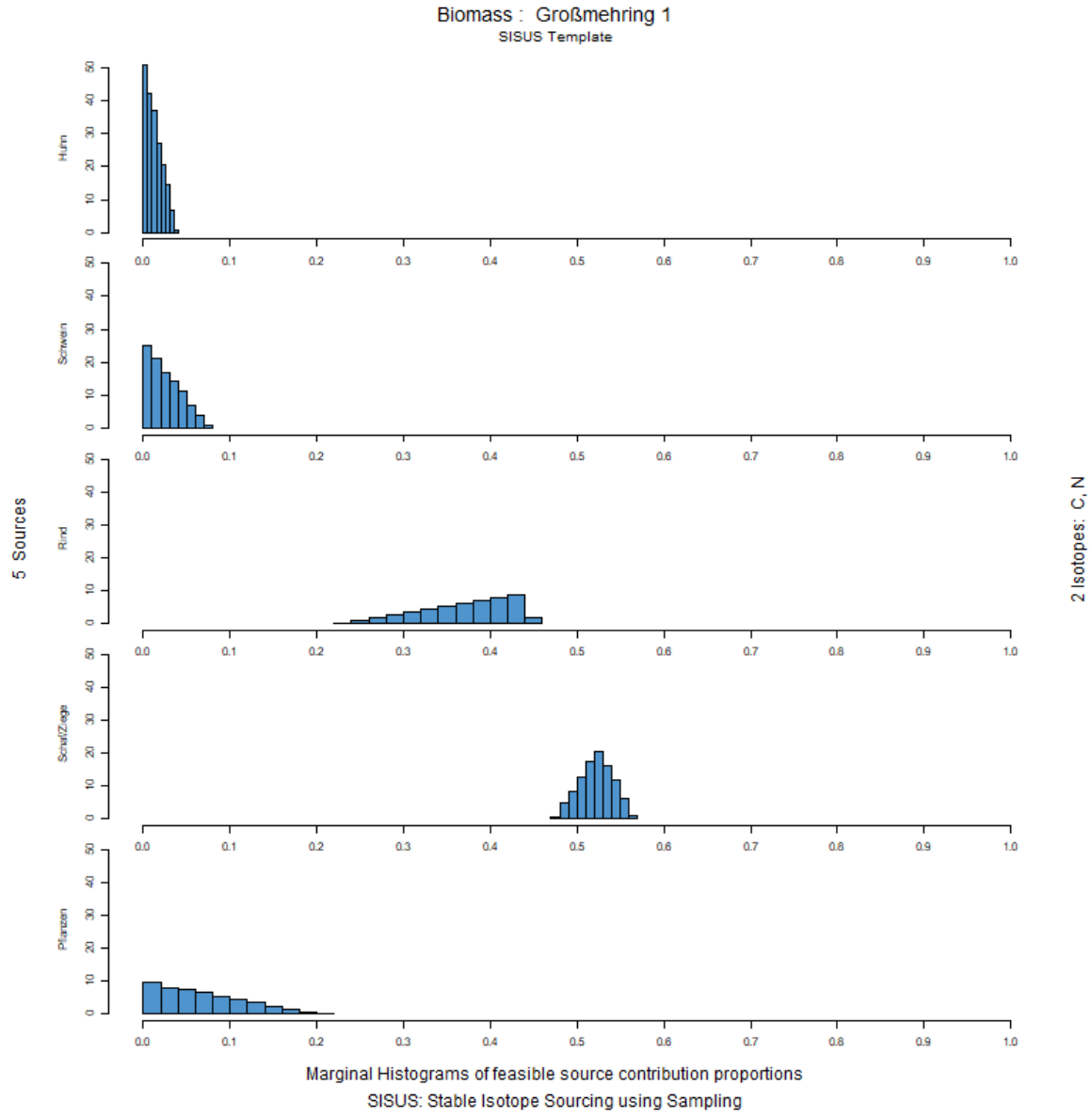


Abbildung A 329: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

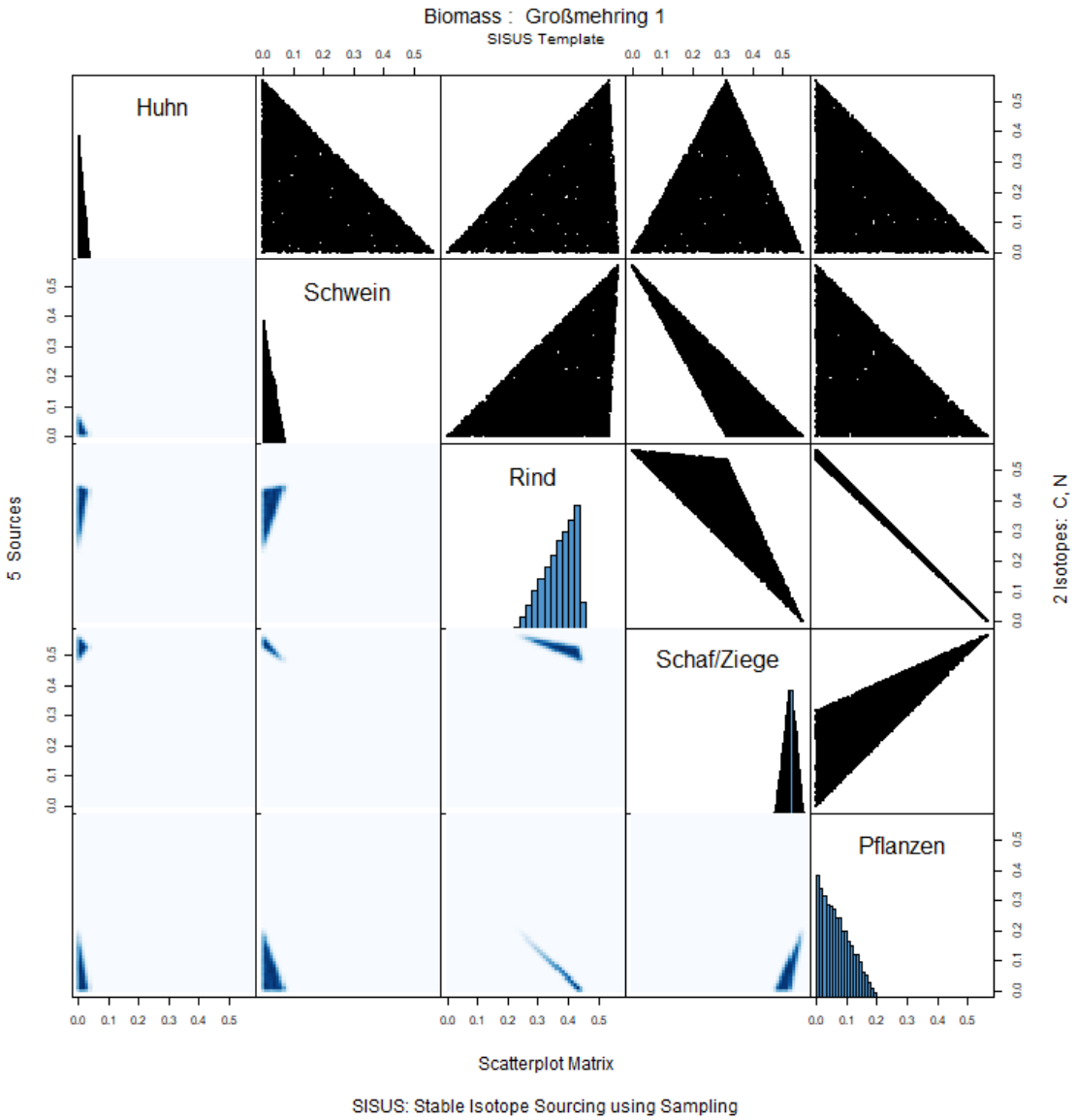


Abbildung A 330: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

Bestattungsplatz - 2

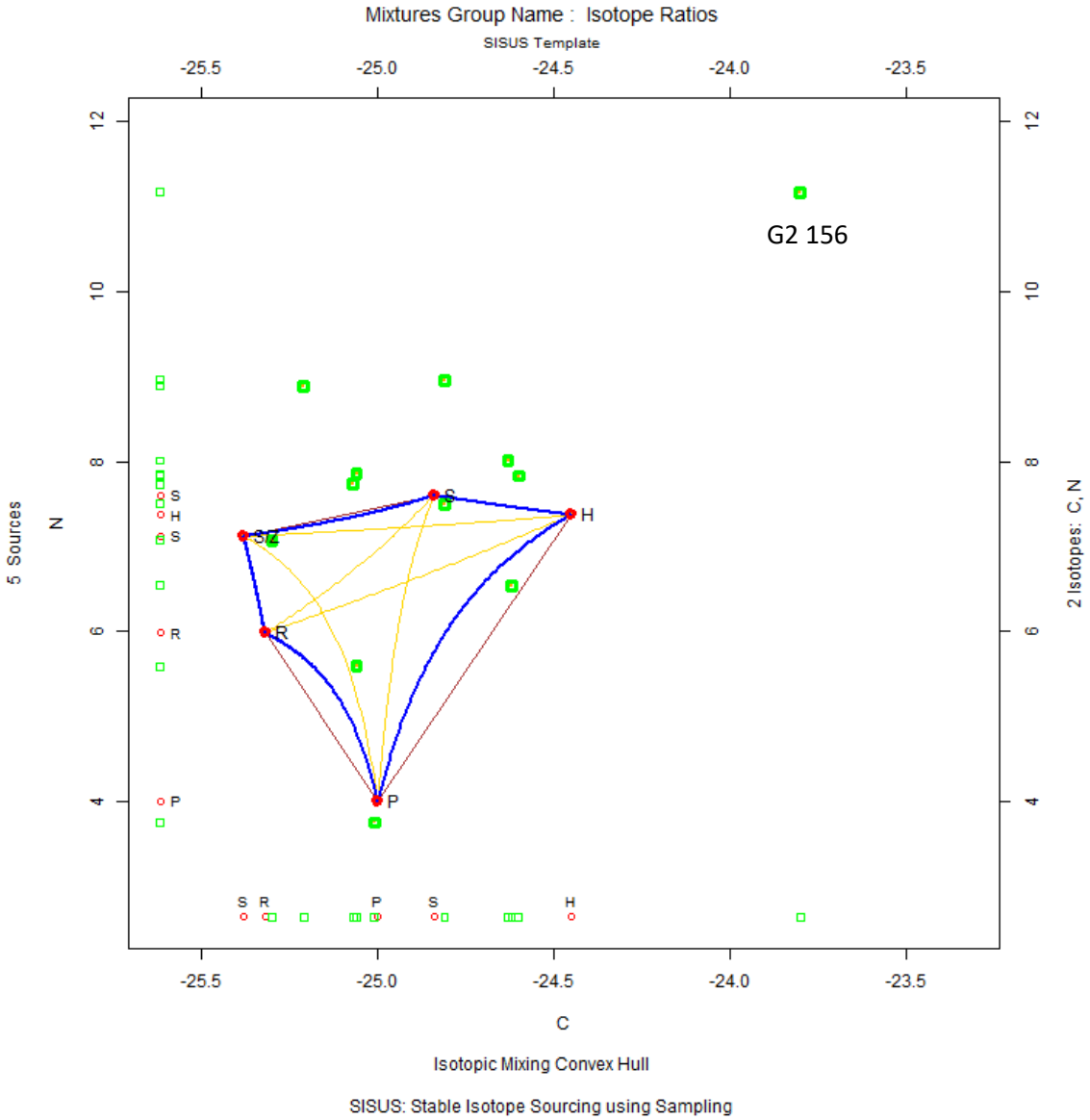


Abbildung A 331: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Großmehring (Darstellung inklusive G2 156), die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 2 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

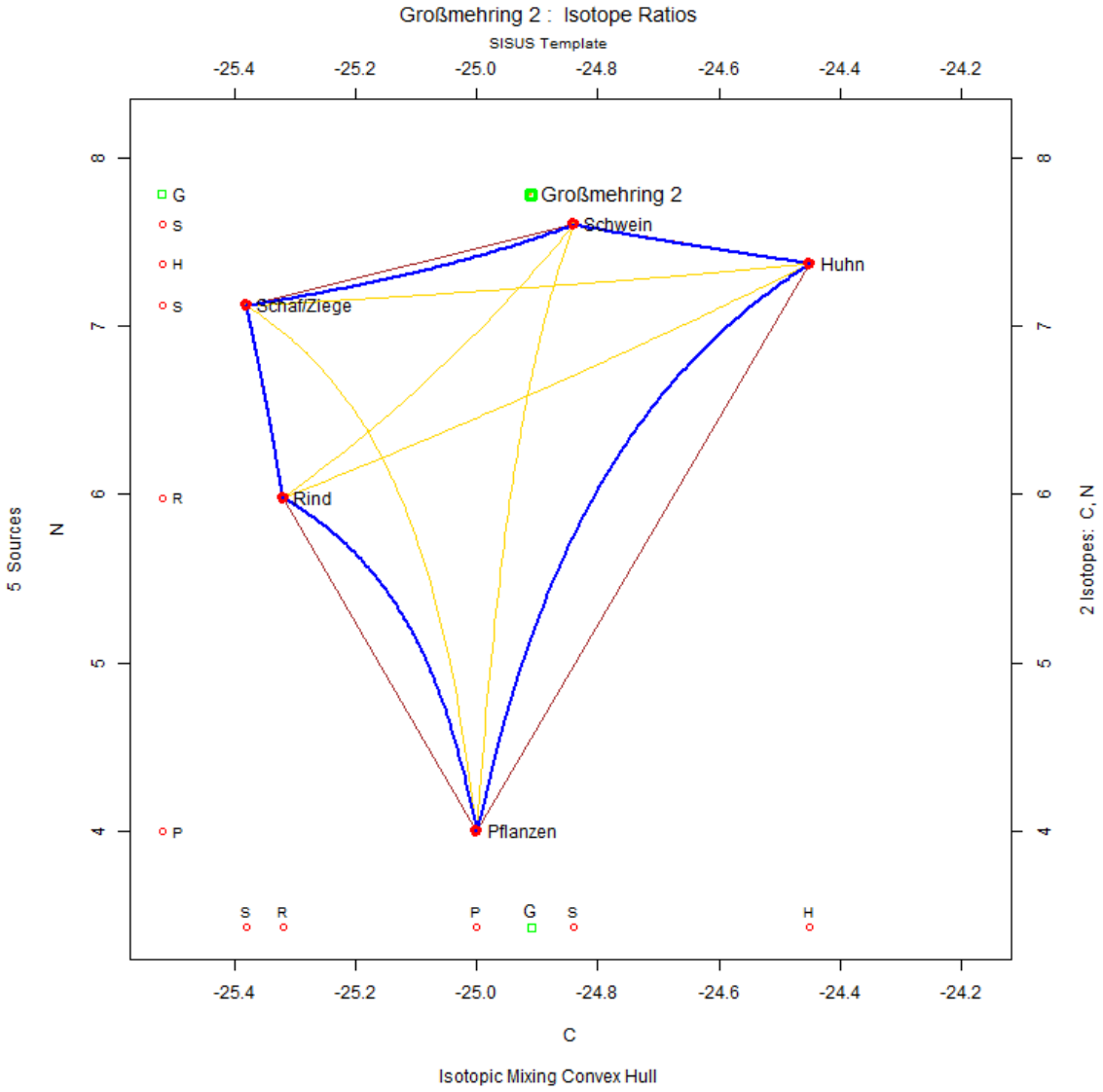


Abbildung A 332: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 2 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

Bestattungsplatz - 3

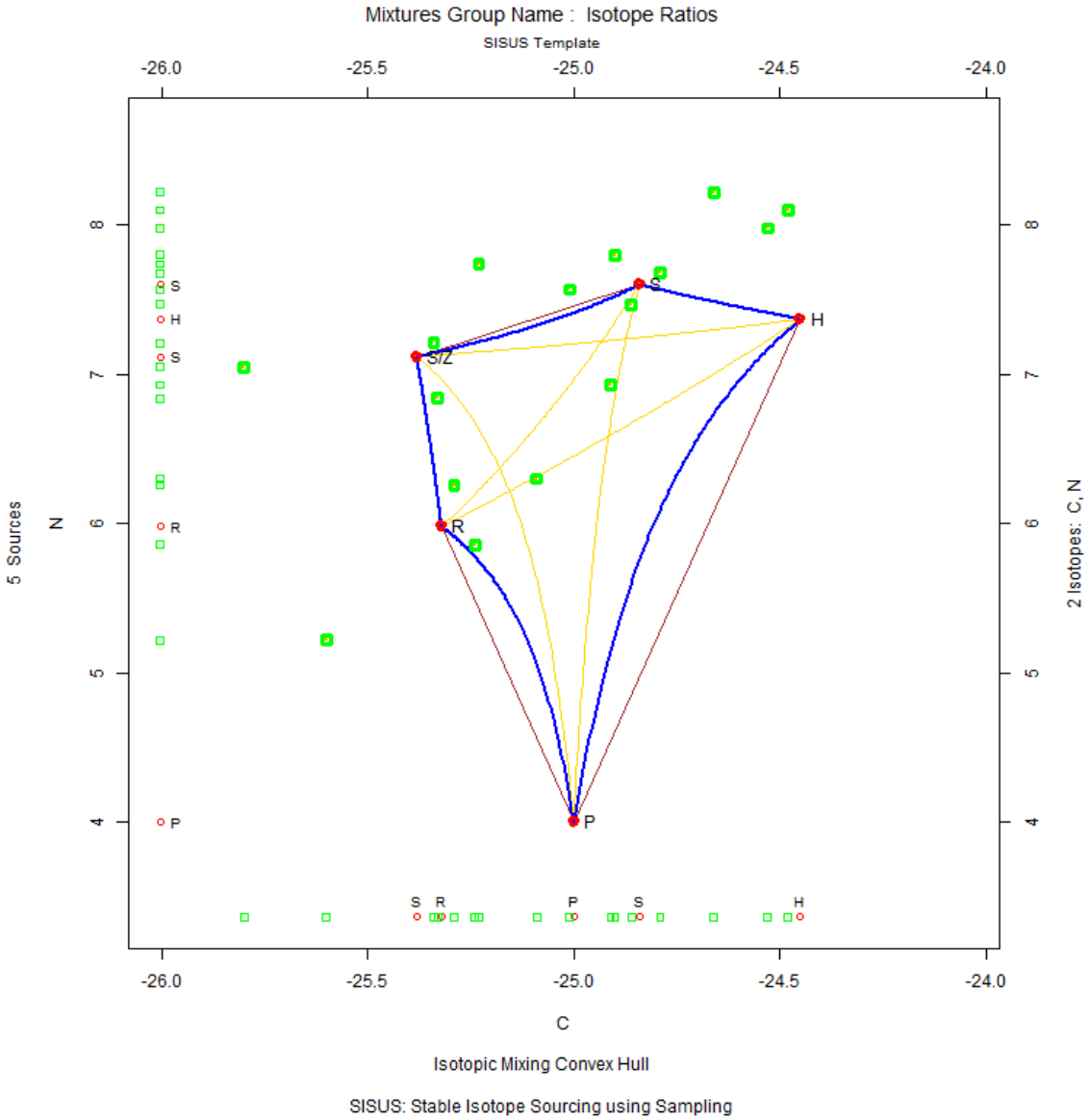


Abbildung A 333: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

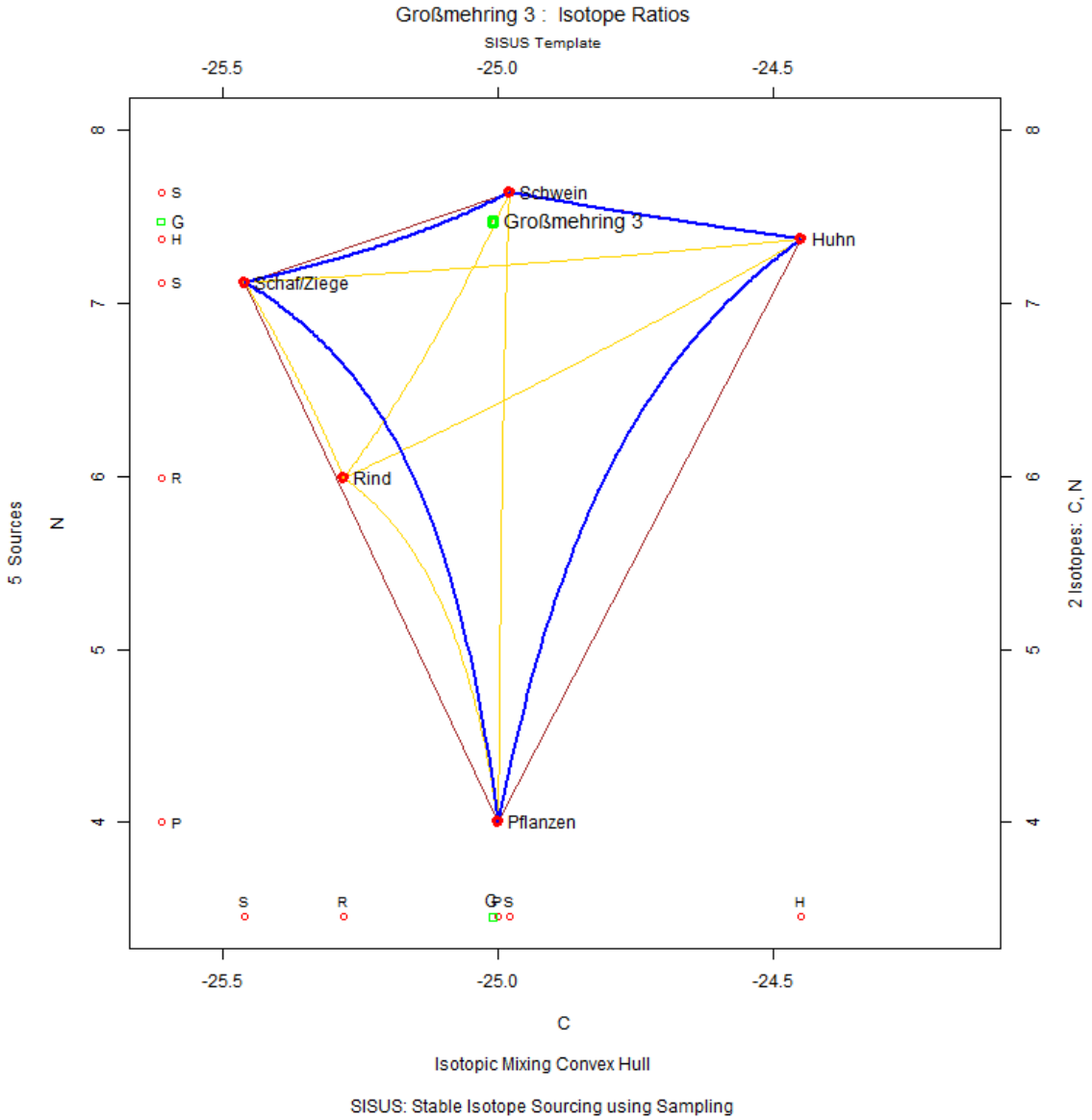


Abbildung A 334: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

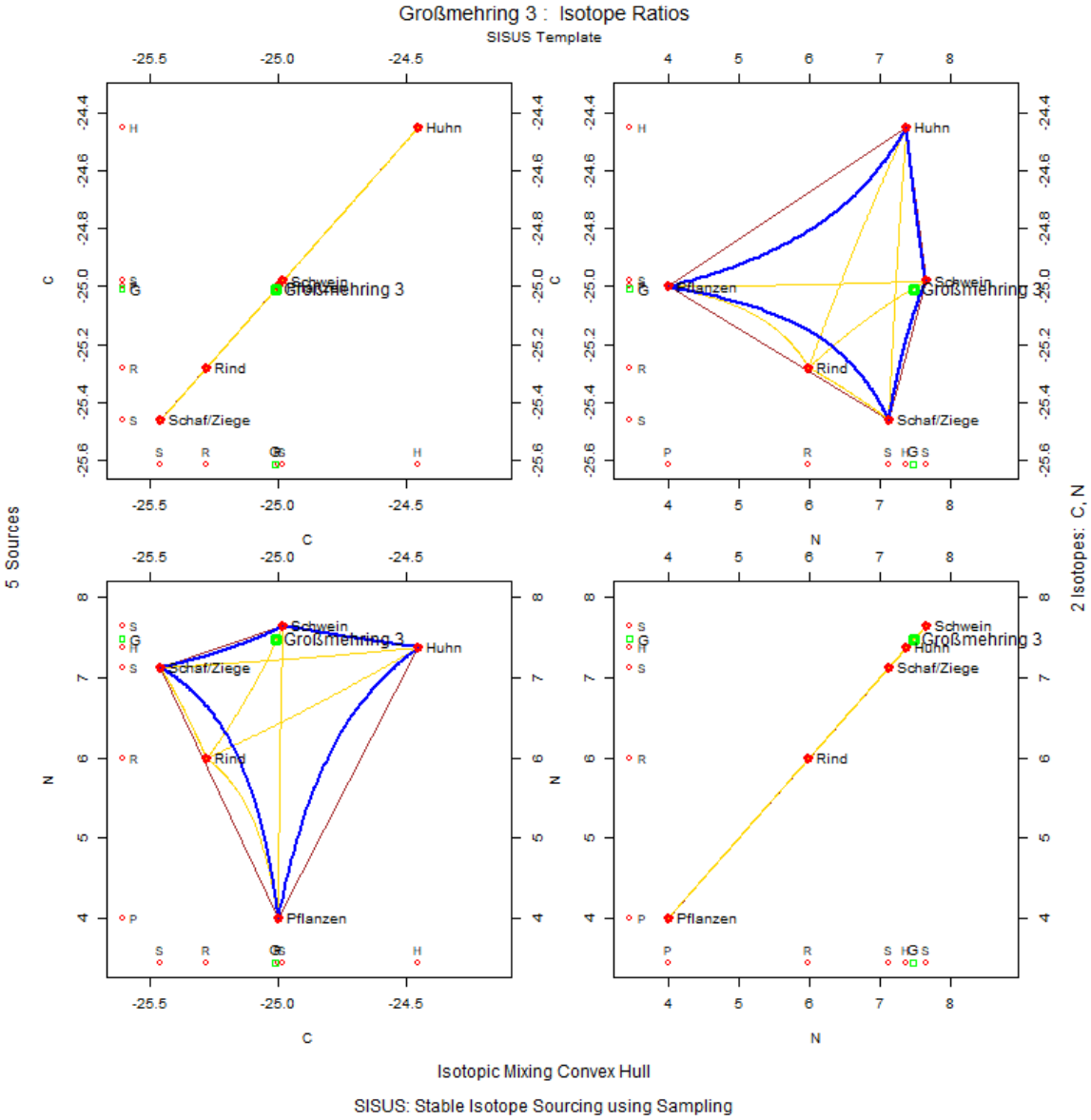


Abbildung A 335: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS

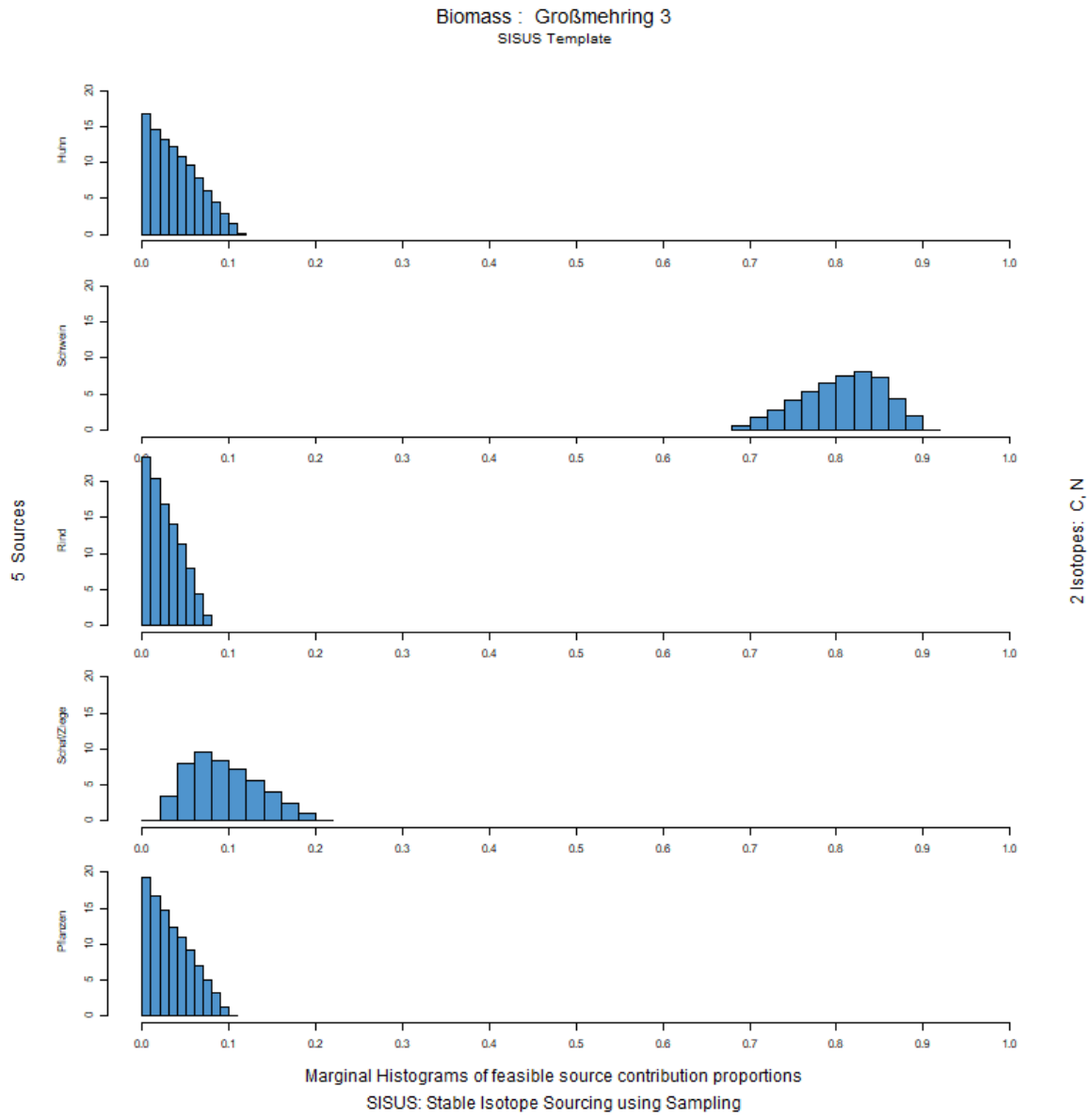


Abbildung A 336: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

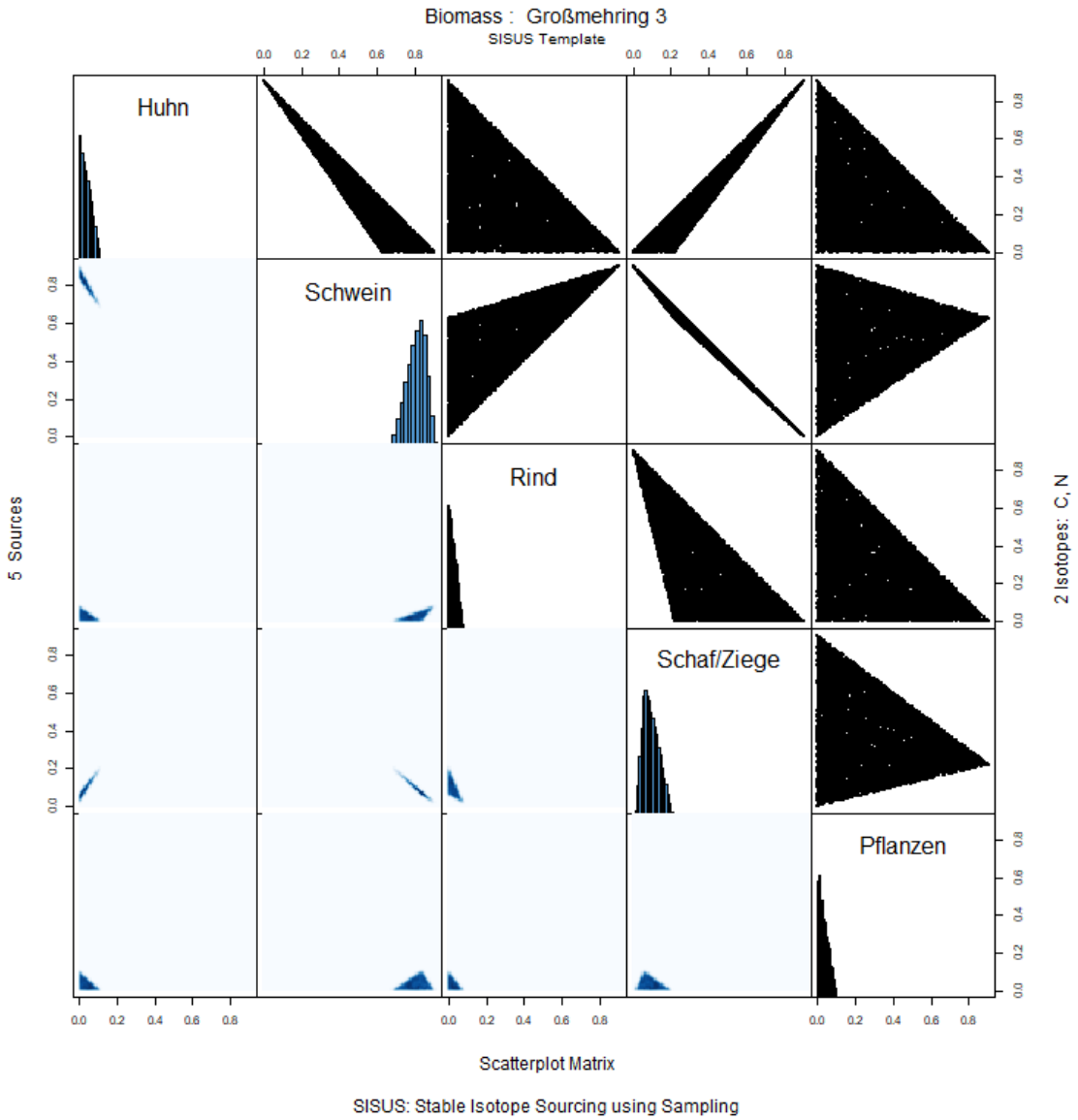


Abbildung A 337: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 3 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

Bestattungsplatz - 4

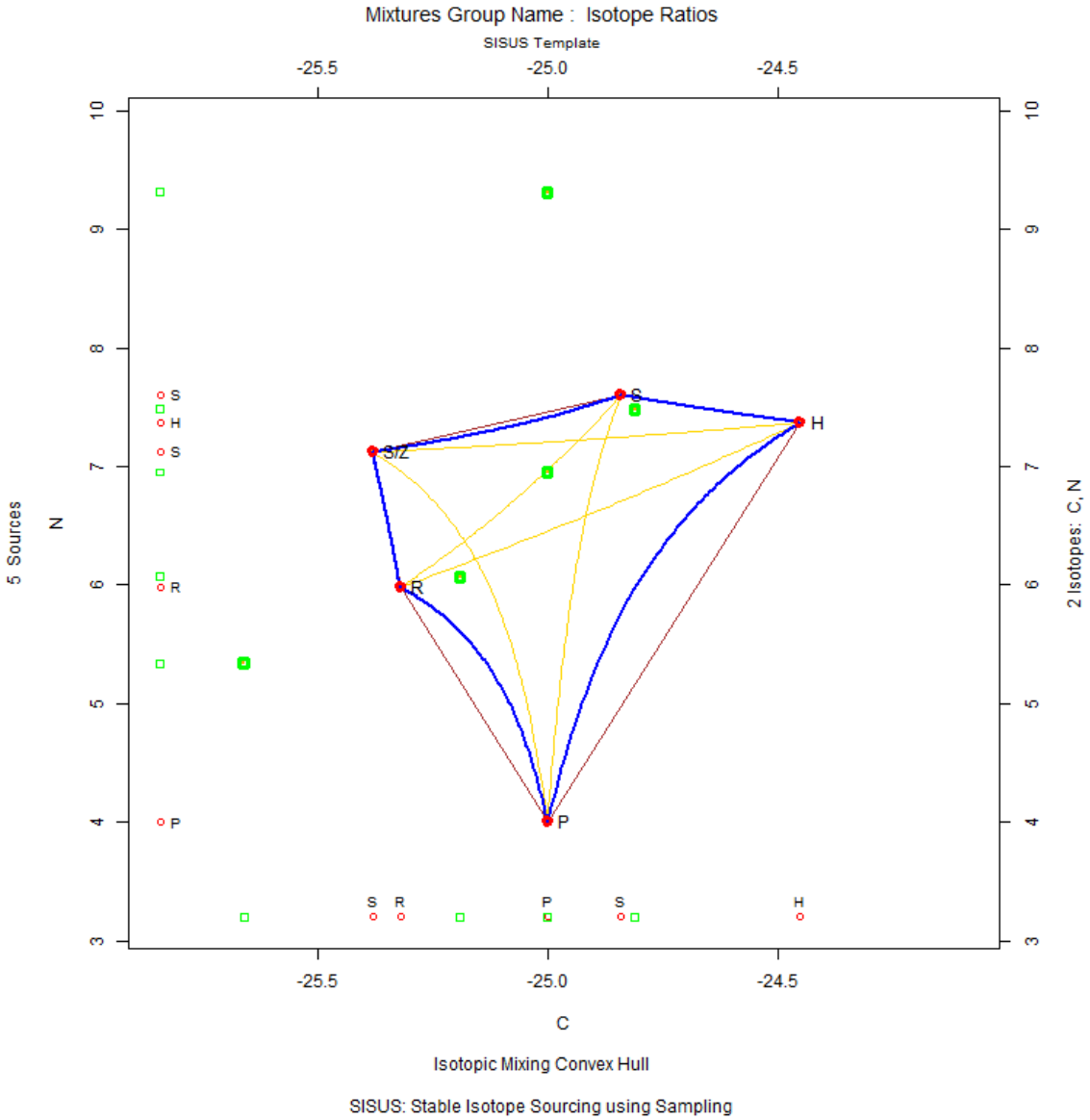


Abbildung A 338: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

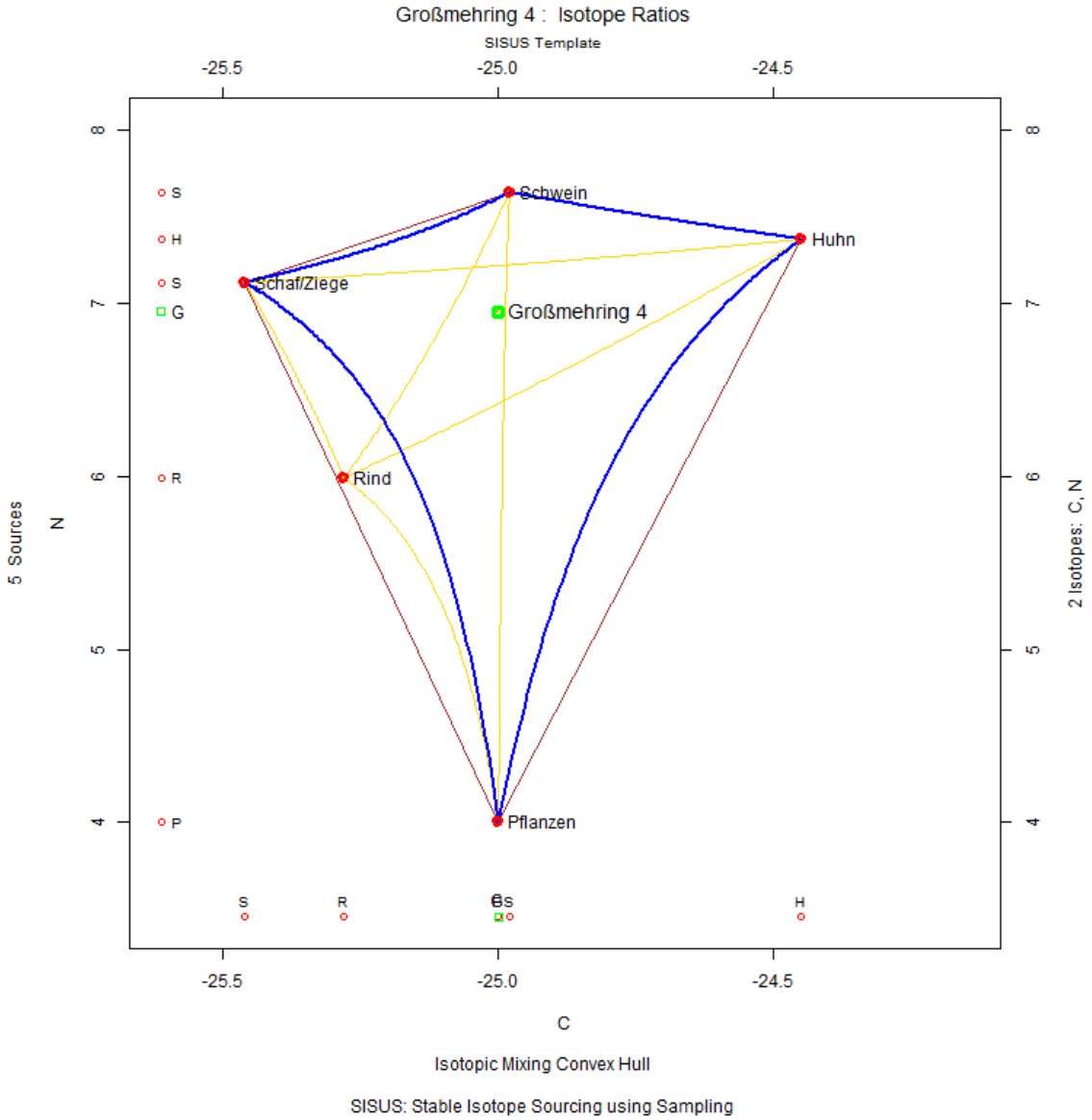


Abbildung A 339: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

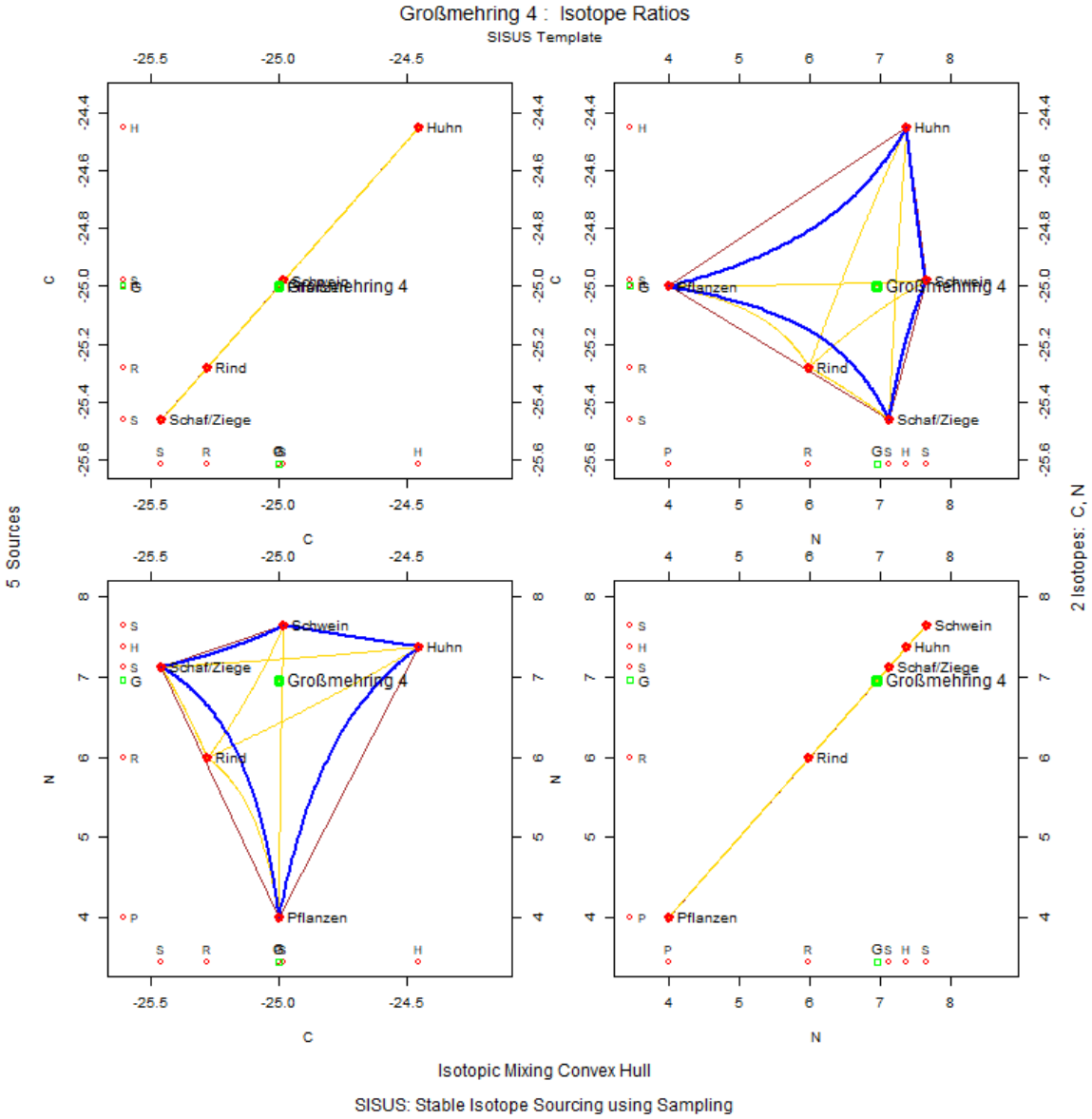


Abbildung A 340: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

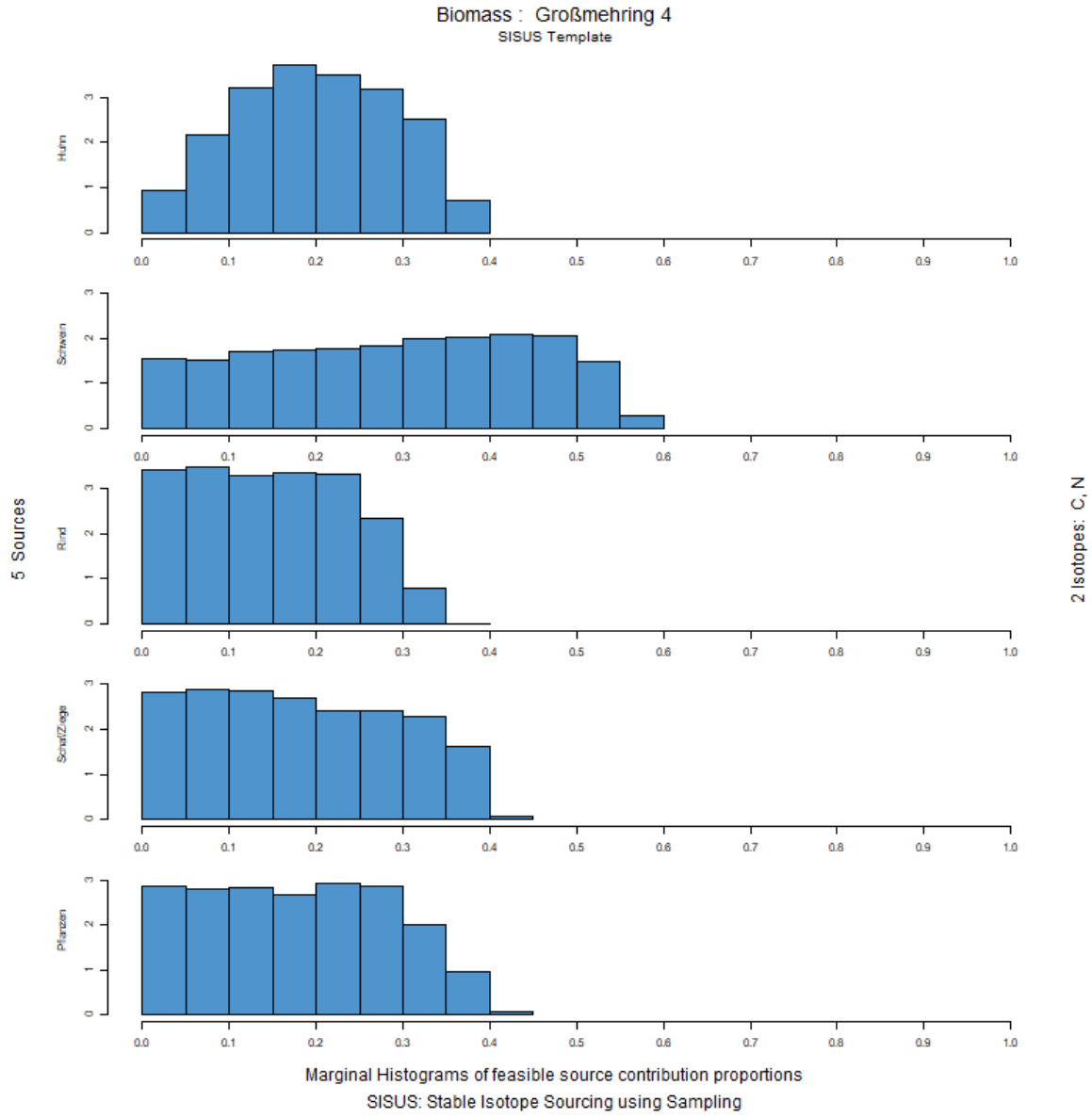


Abbildung A 341: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 4 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

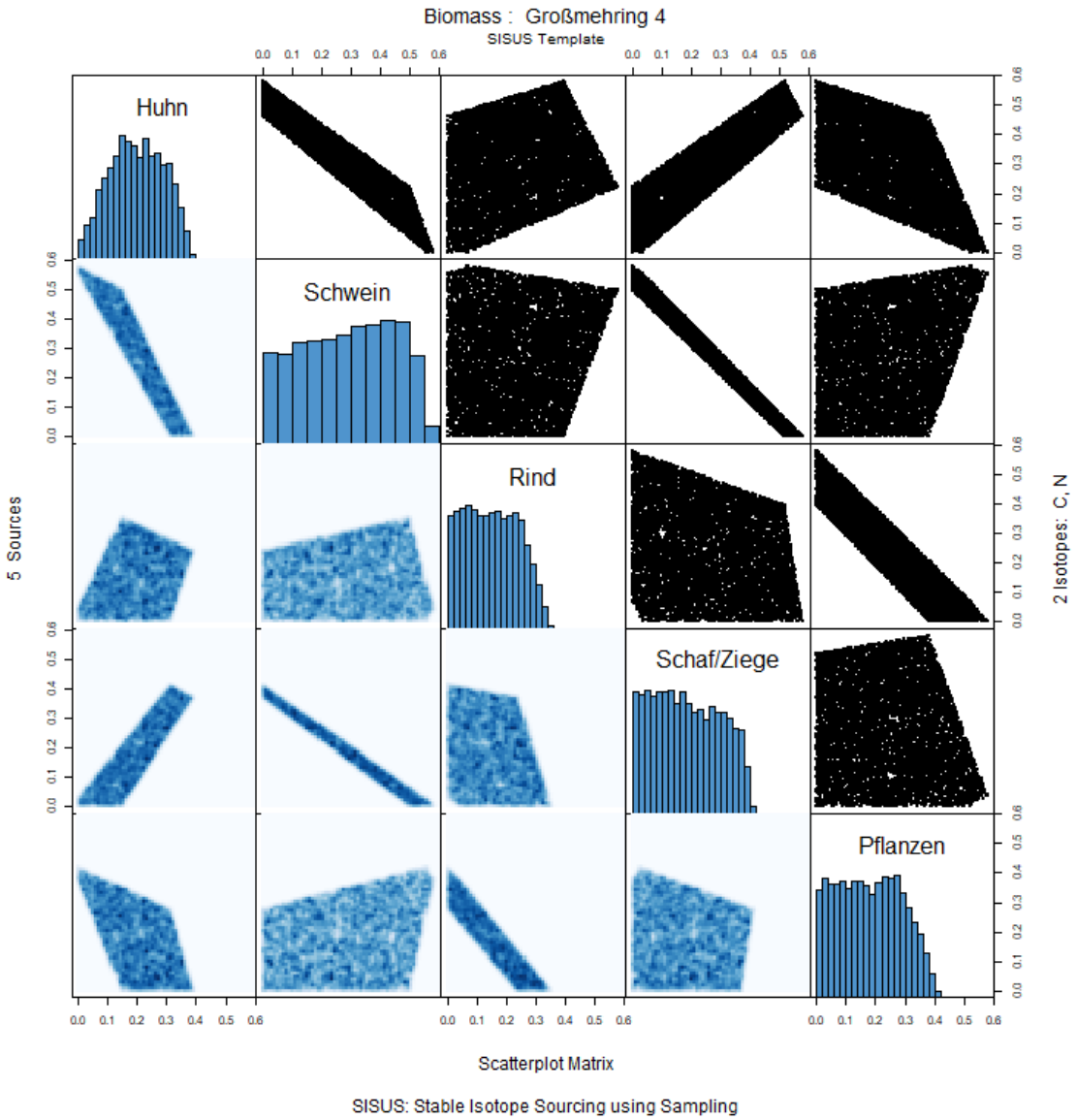


Abbildung A 342: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Großmehring, die im Friedhofsteil Bestattungsplatz 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

9.2.5.17 SISUS: Kelheim

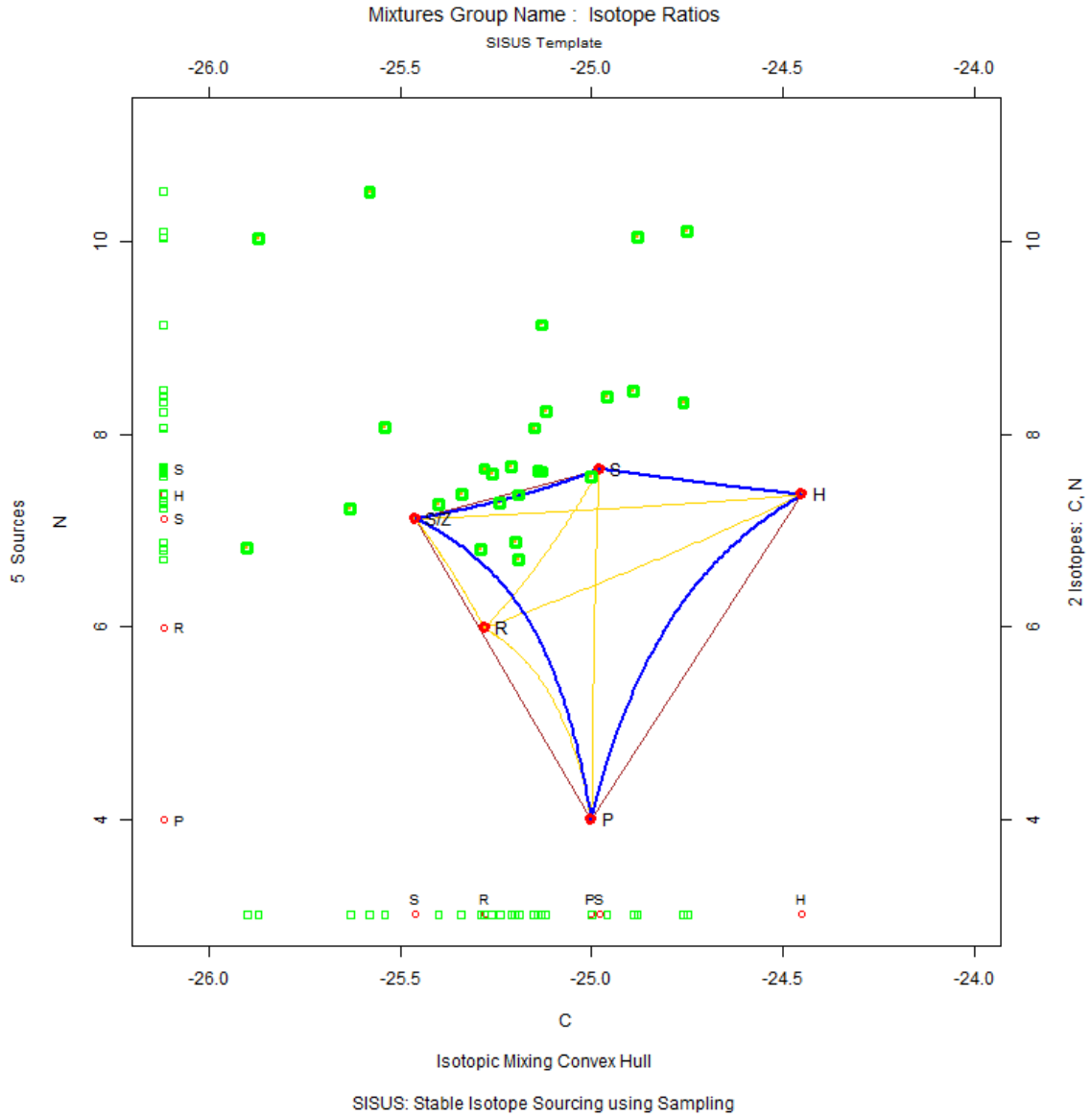


Abbildung A 343: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Kelheim (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch).

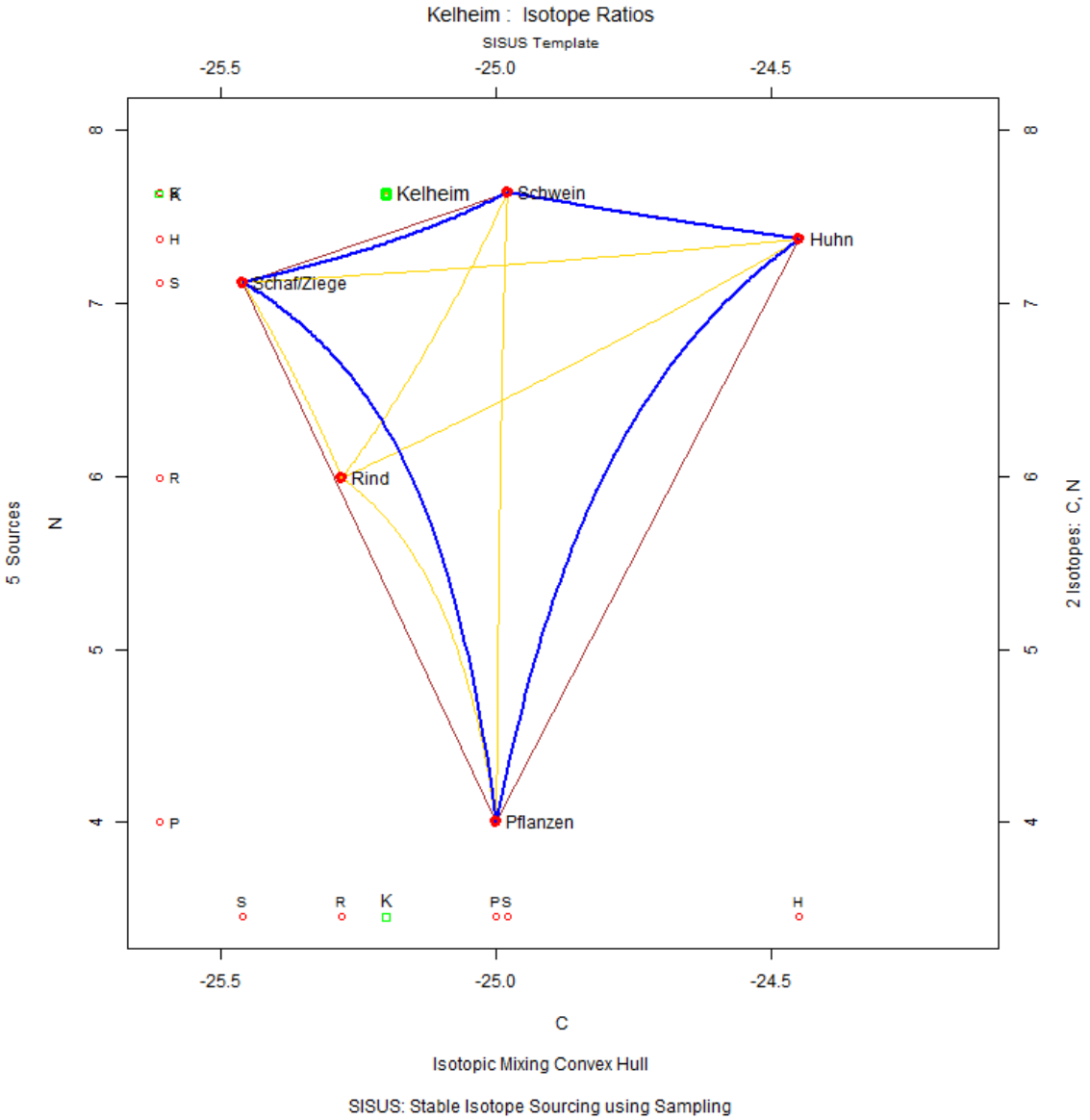


Abbildung A 344: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Kelheim. Erstellt mit SISUS.

9.2.5.18 SISUS: Straubing

Populationsmedian

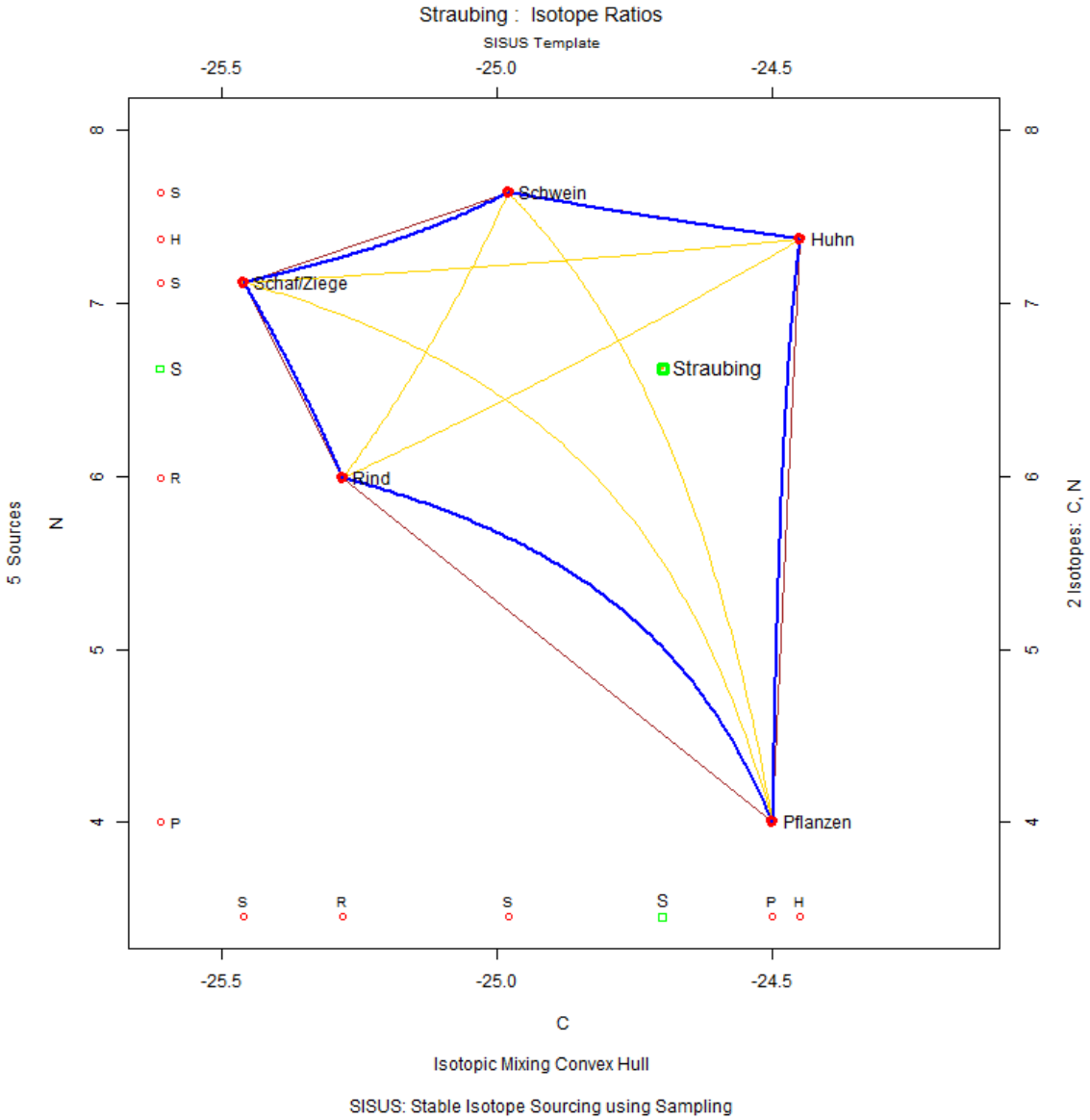


Abbildung A 345: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

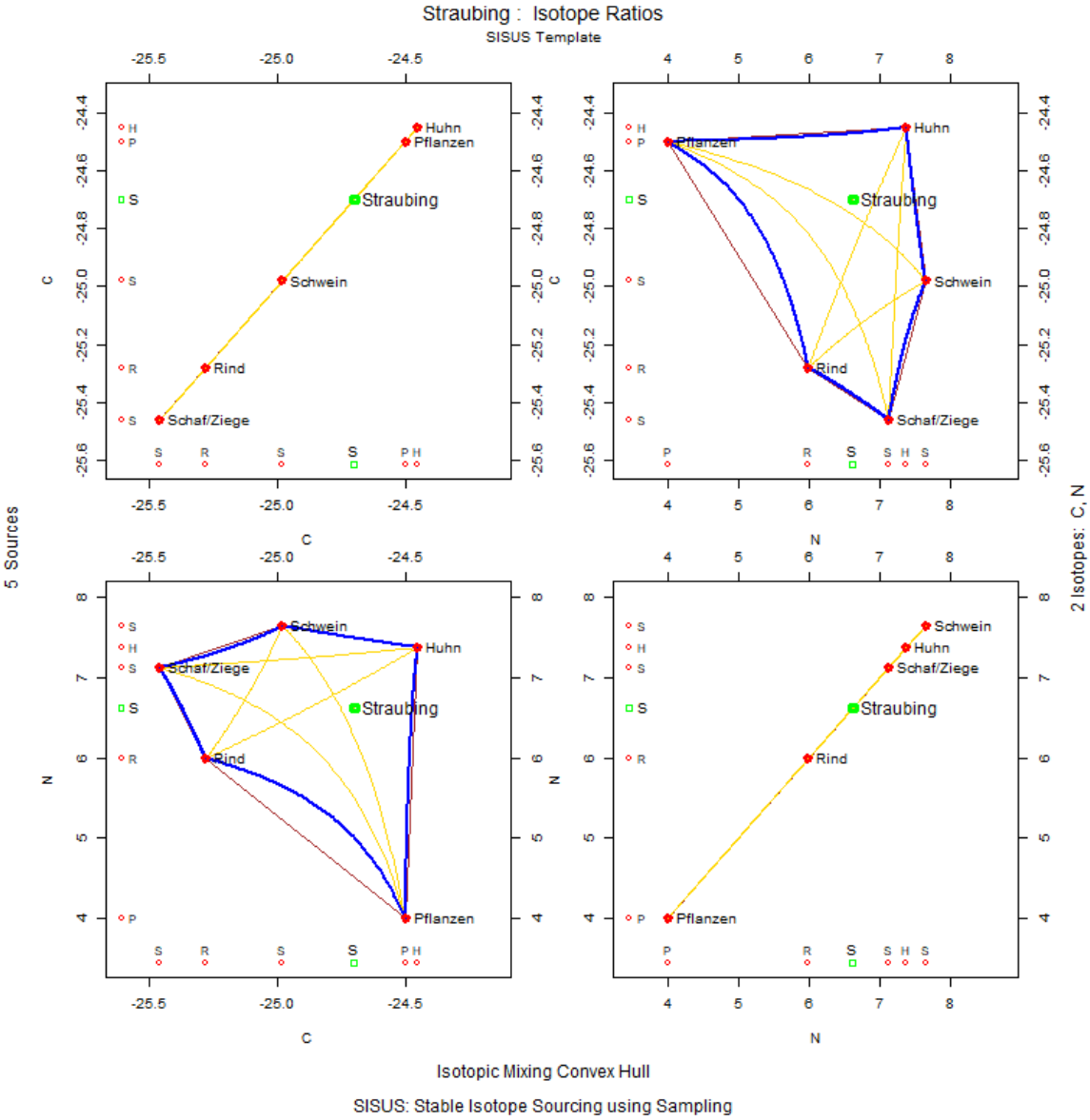


Abbildung A 346: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Straubing in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

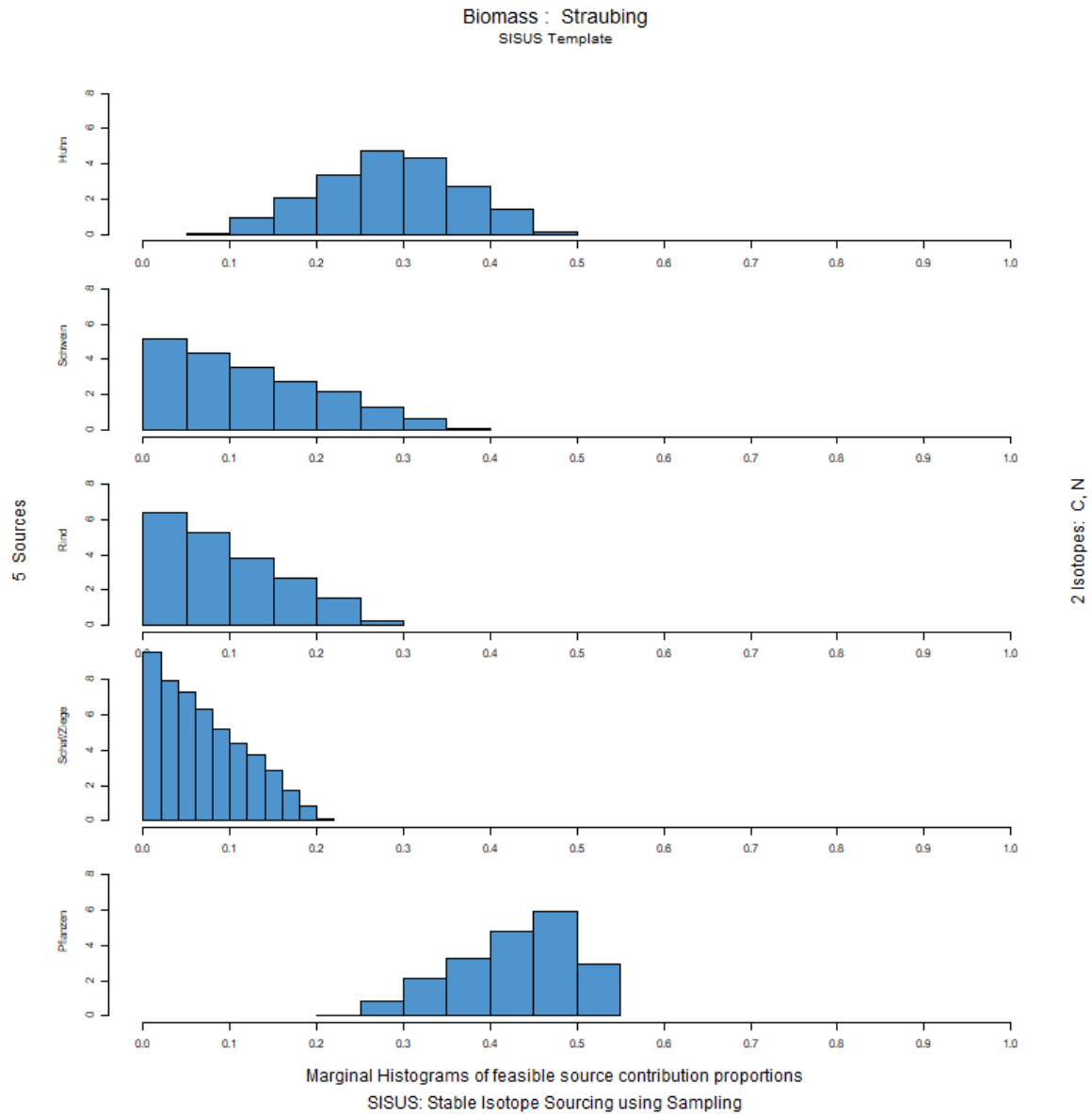


Abbildung A 347: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

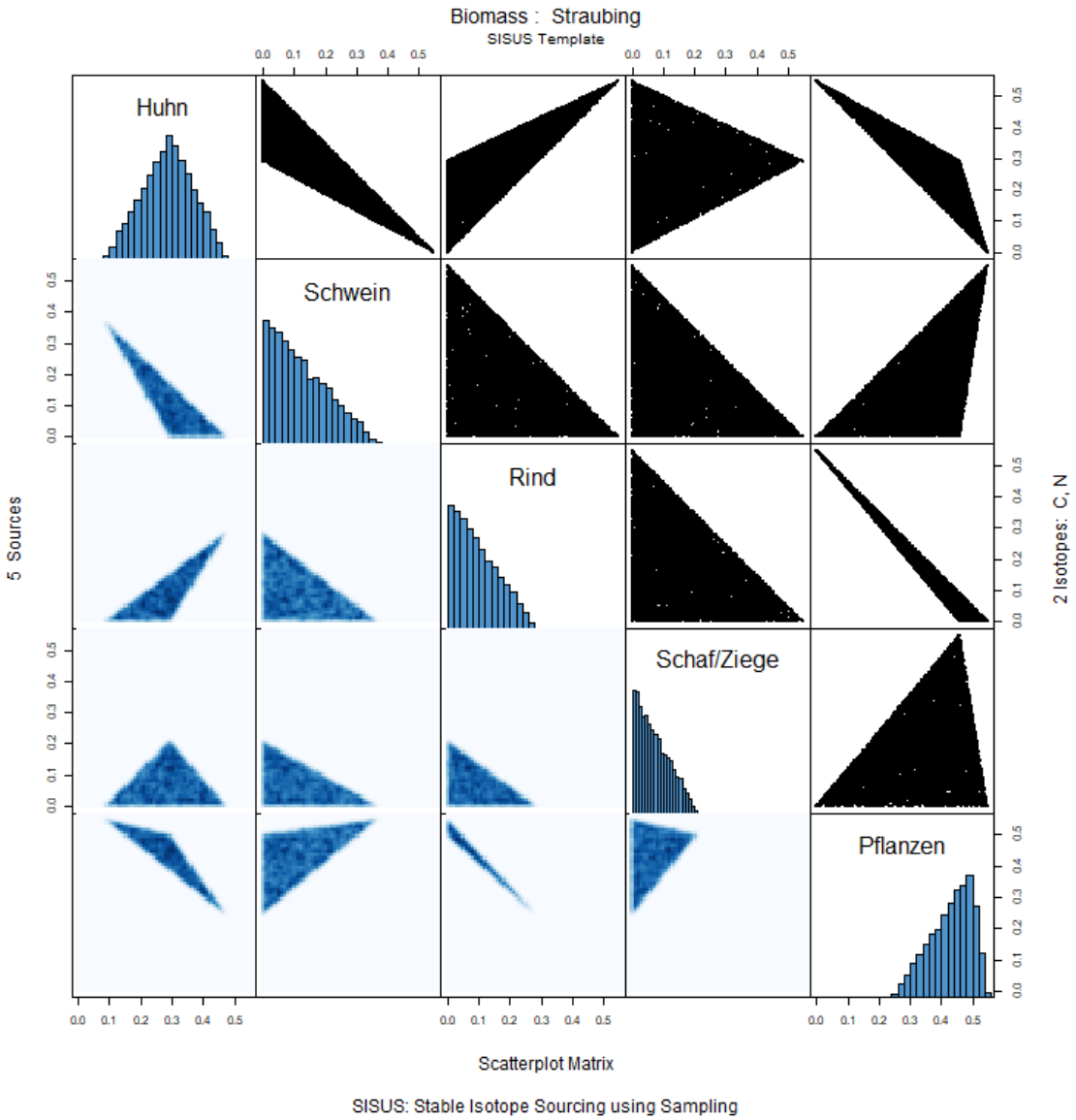


Abbildung A 348: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

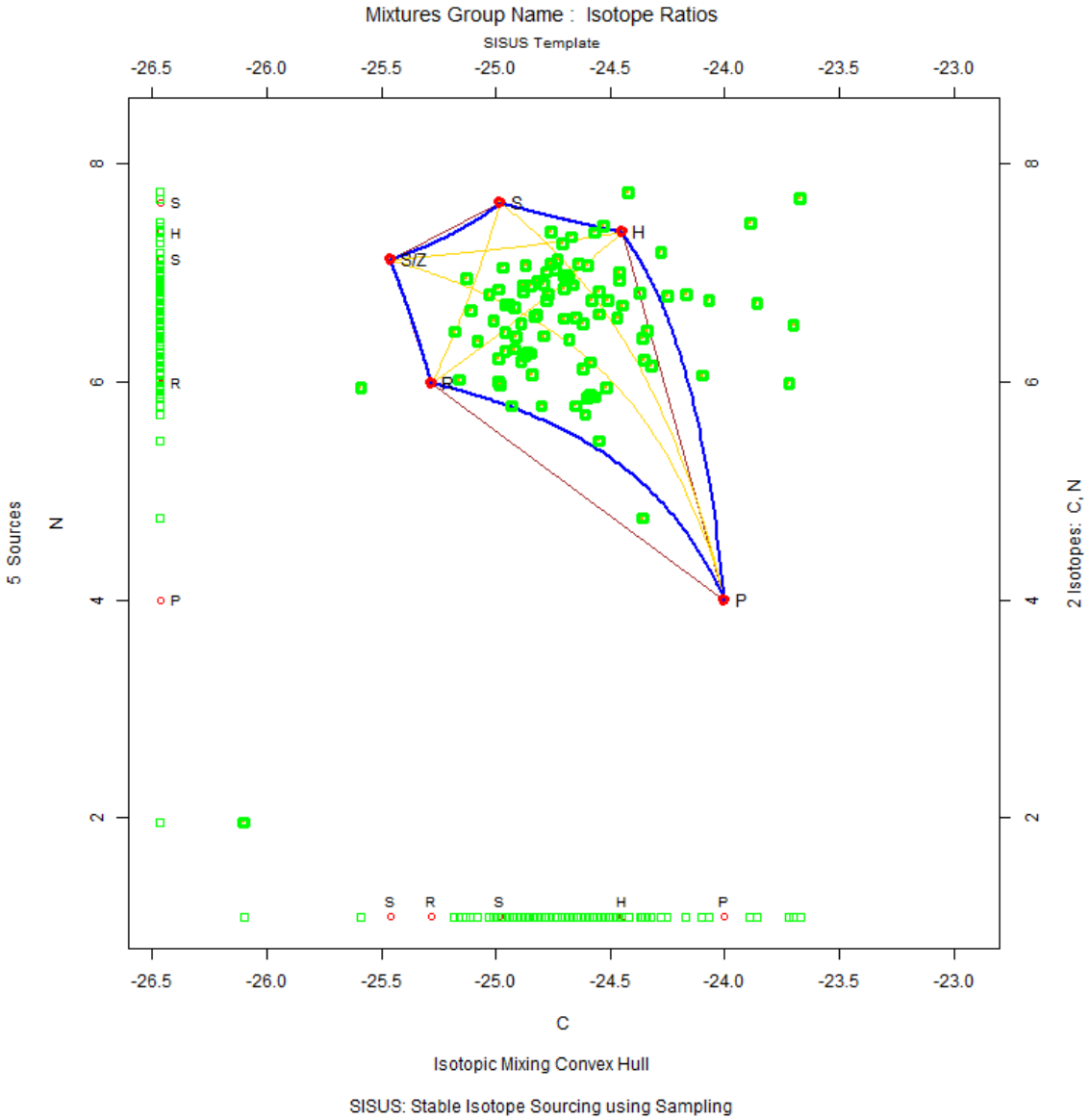


Abbildung A 349: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Straubing (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch).

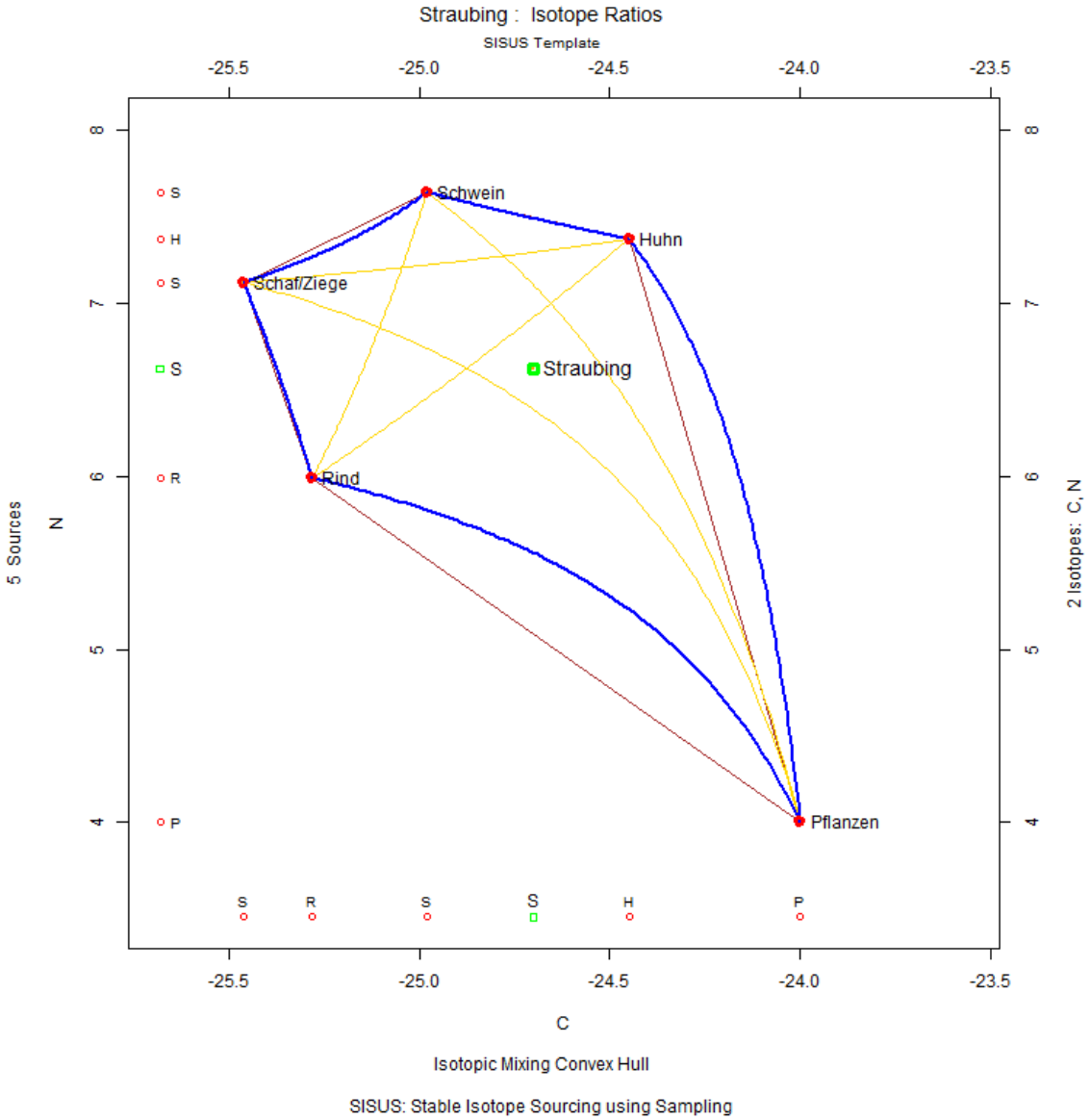


Abbildung A 350: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

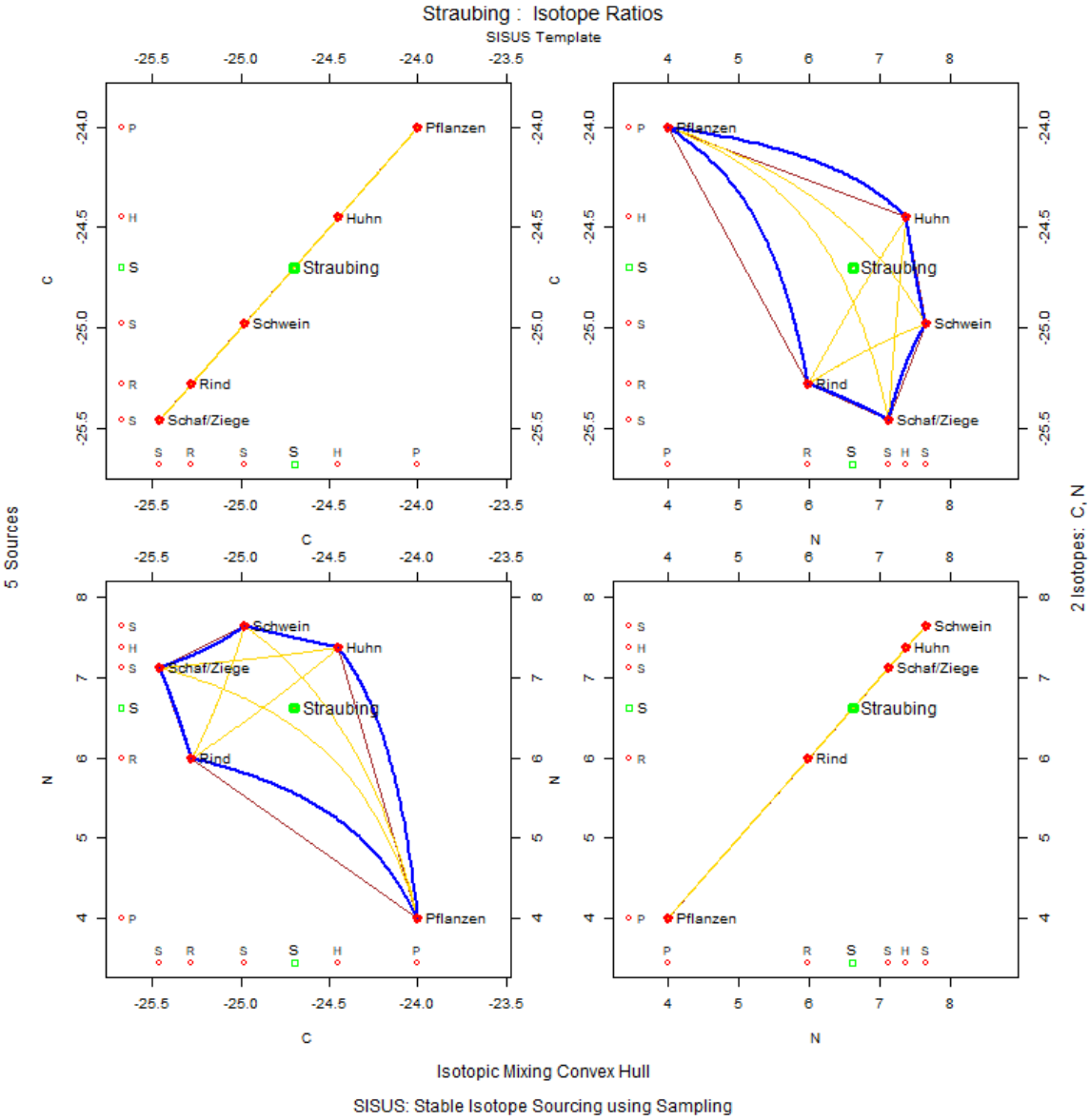


Abbildung A 351: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Straubing in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

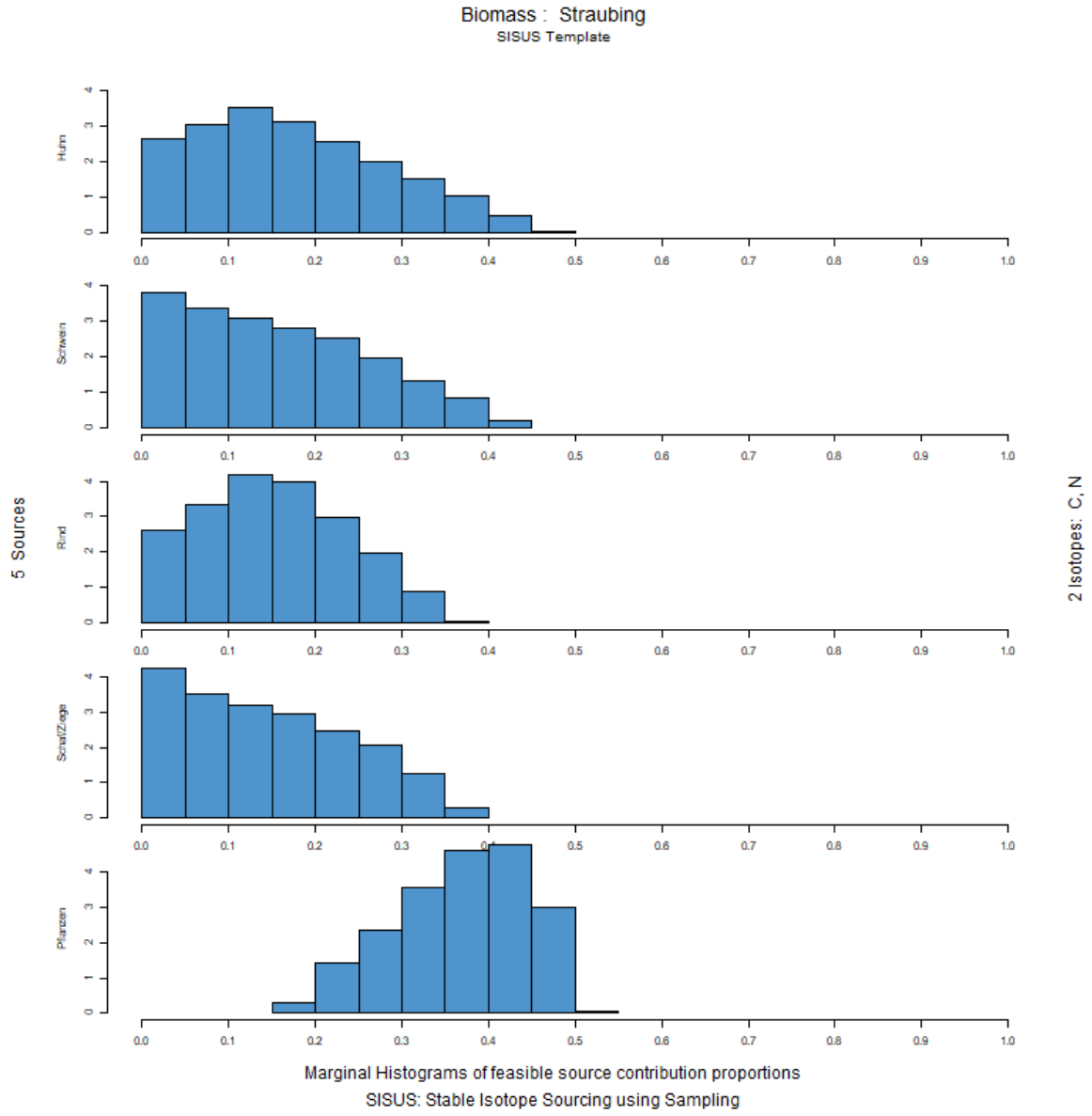


Abbildung A 352: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

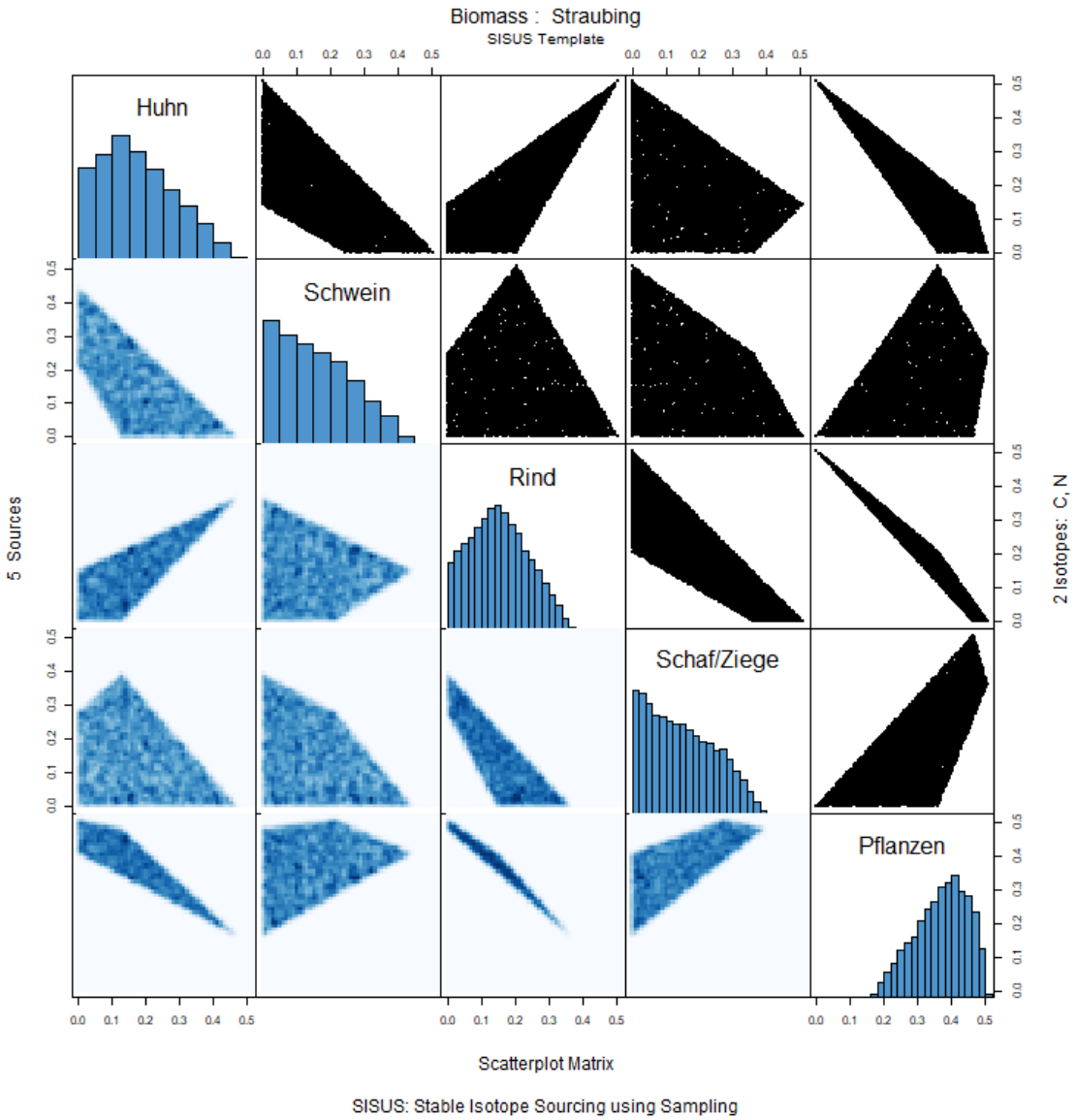


Abbildung A 353: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Straubing. Erstellt mit SISUS.

Phase 1

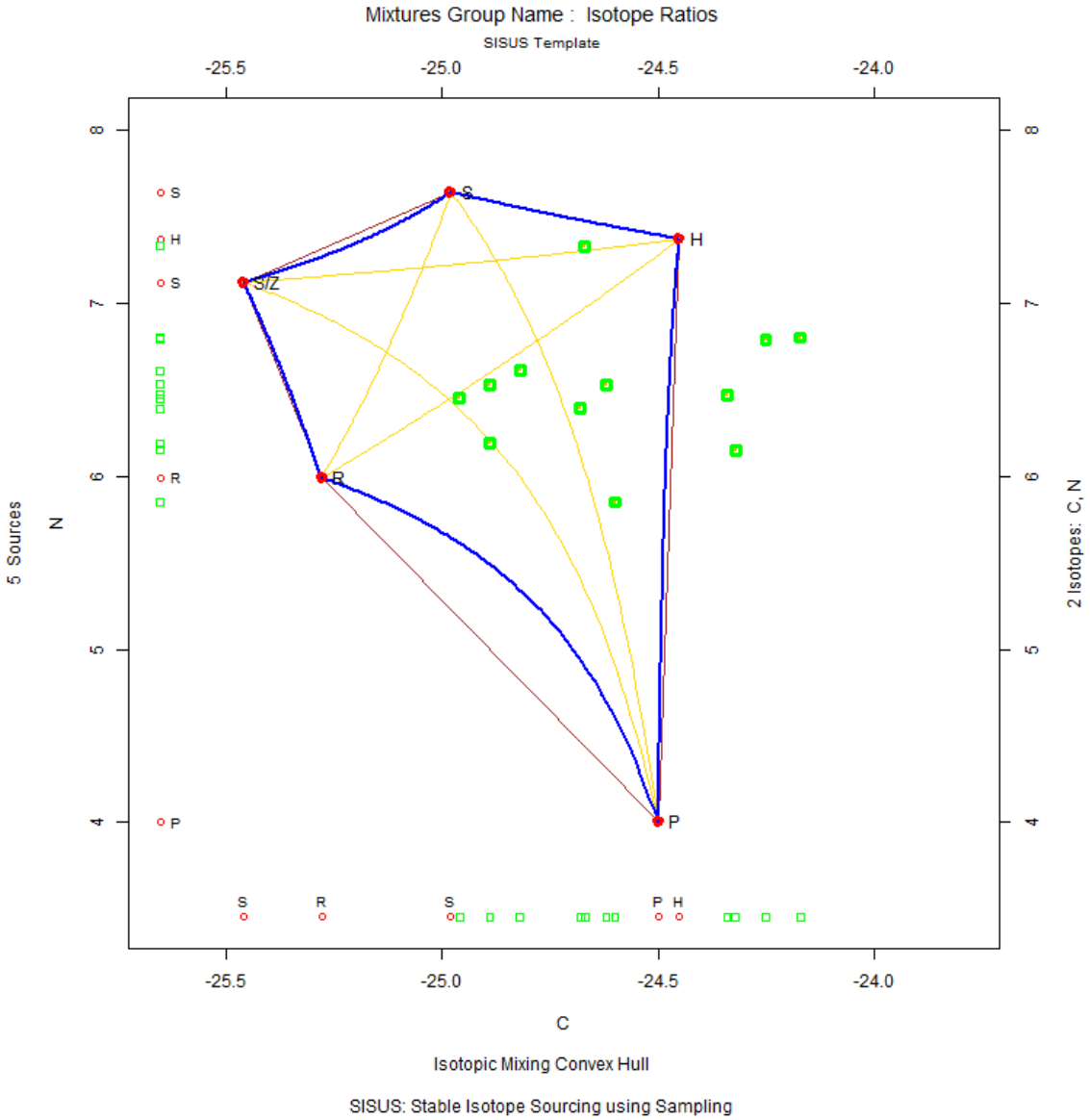


Abbildung A 354: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit SISUS.

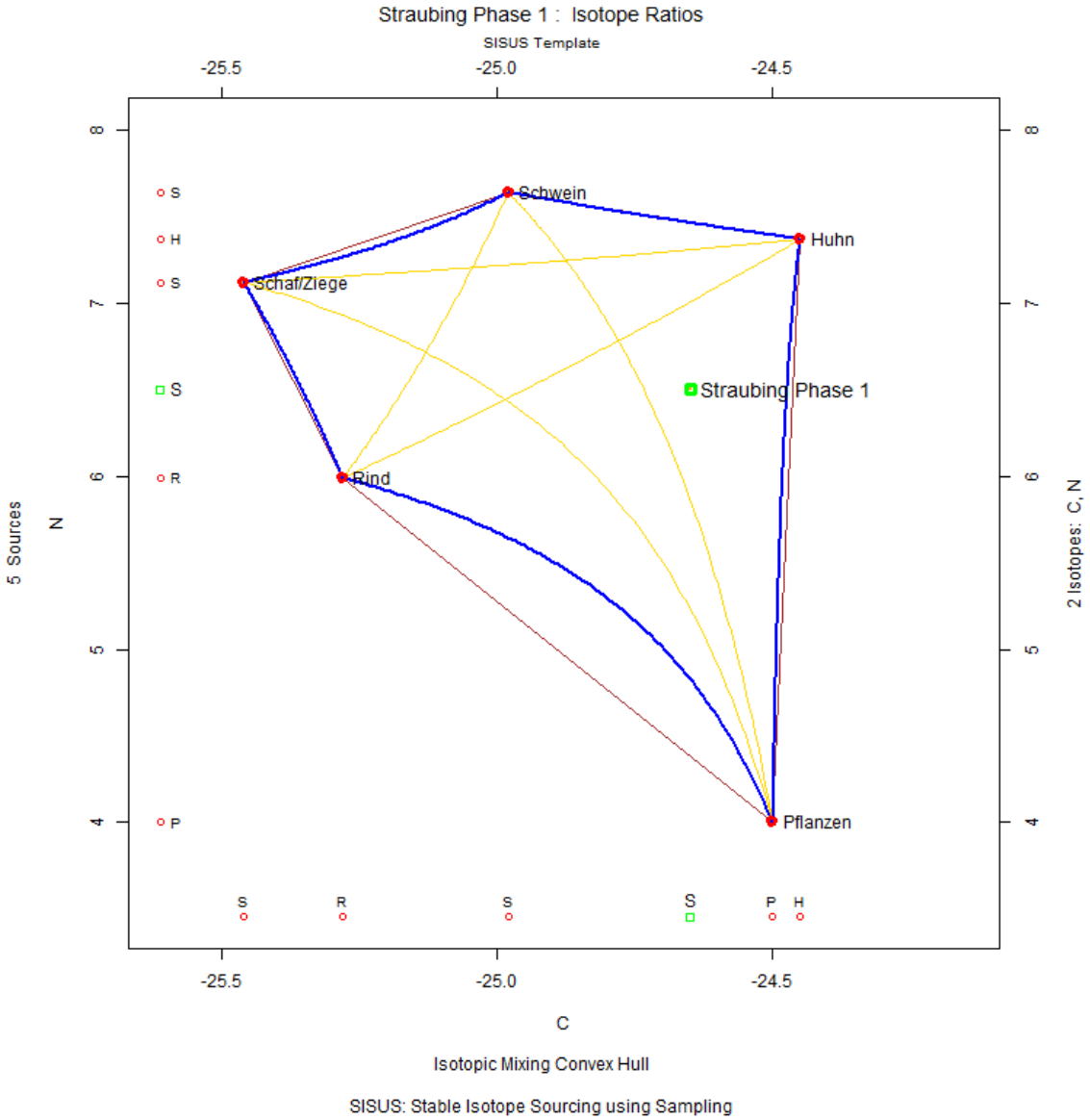


Abbildung A 355: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit SISUS.

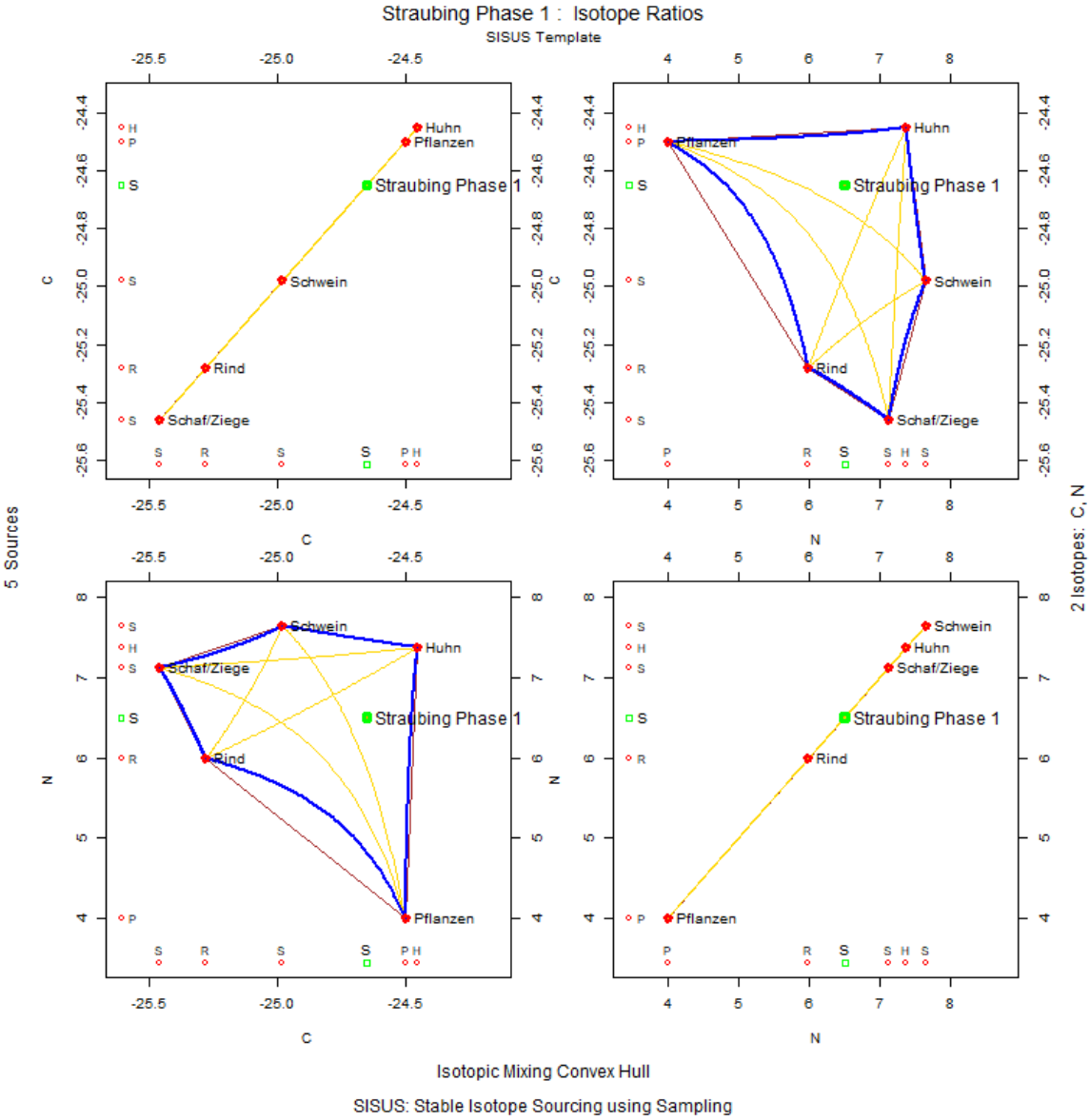


Abbildung A 356: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

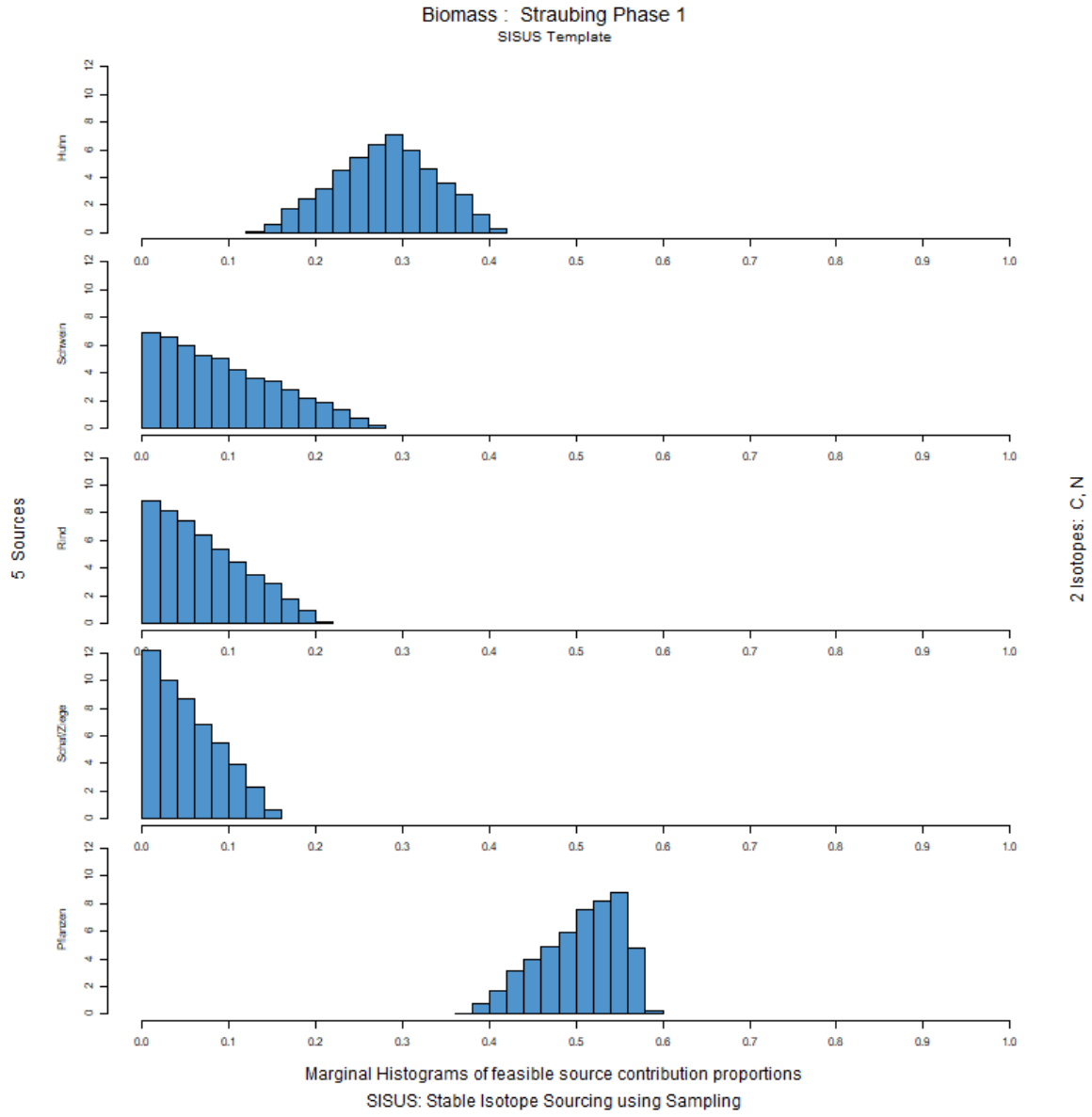


Abbildung A 357: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit SISUS.

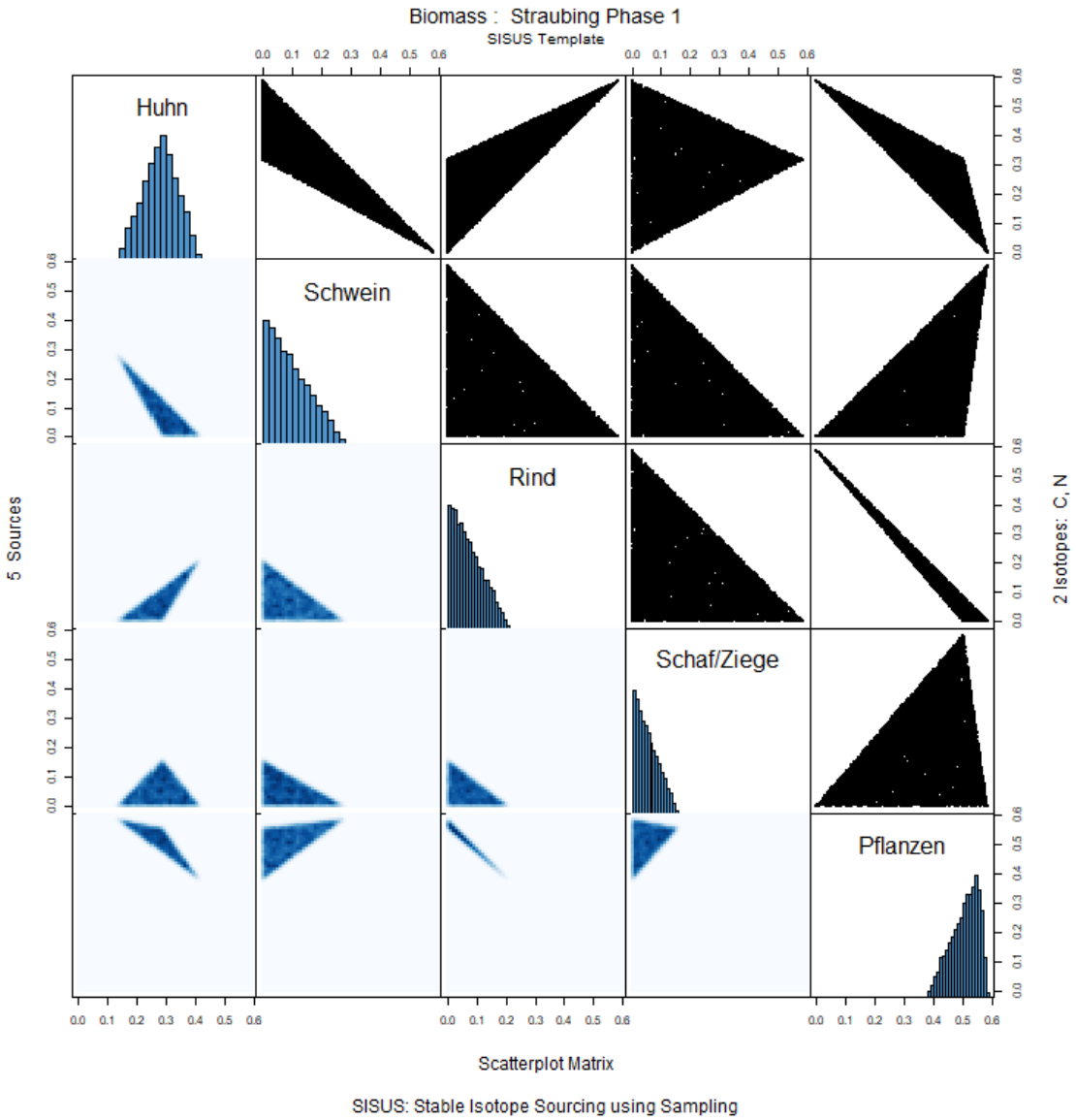


Abbildung A 358: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 1 datieren. Erstellt mit SISUS.

Phase 2

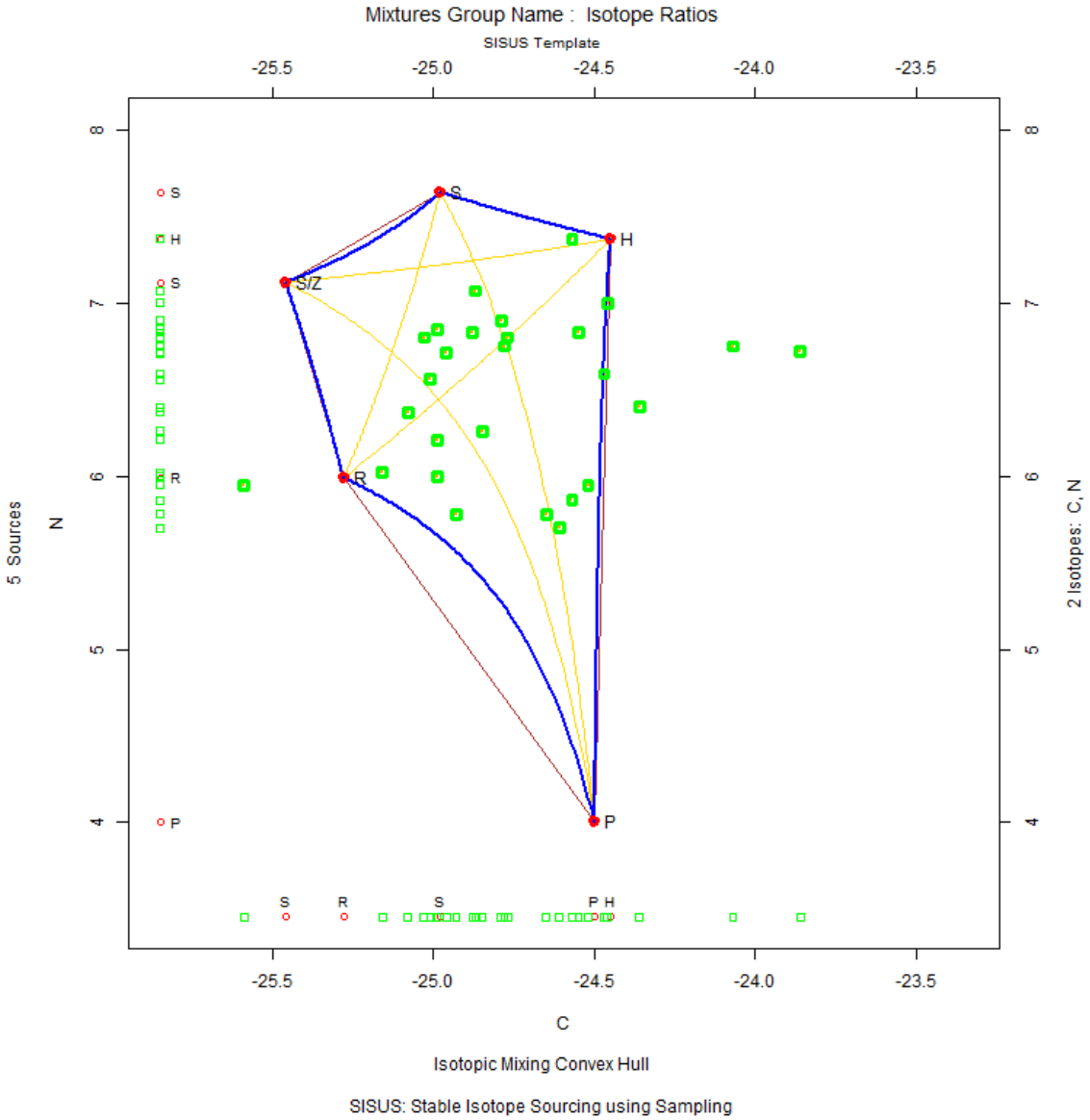


Abbildung A 359: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit SISUS.

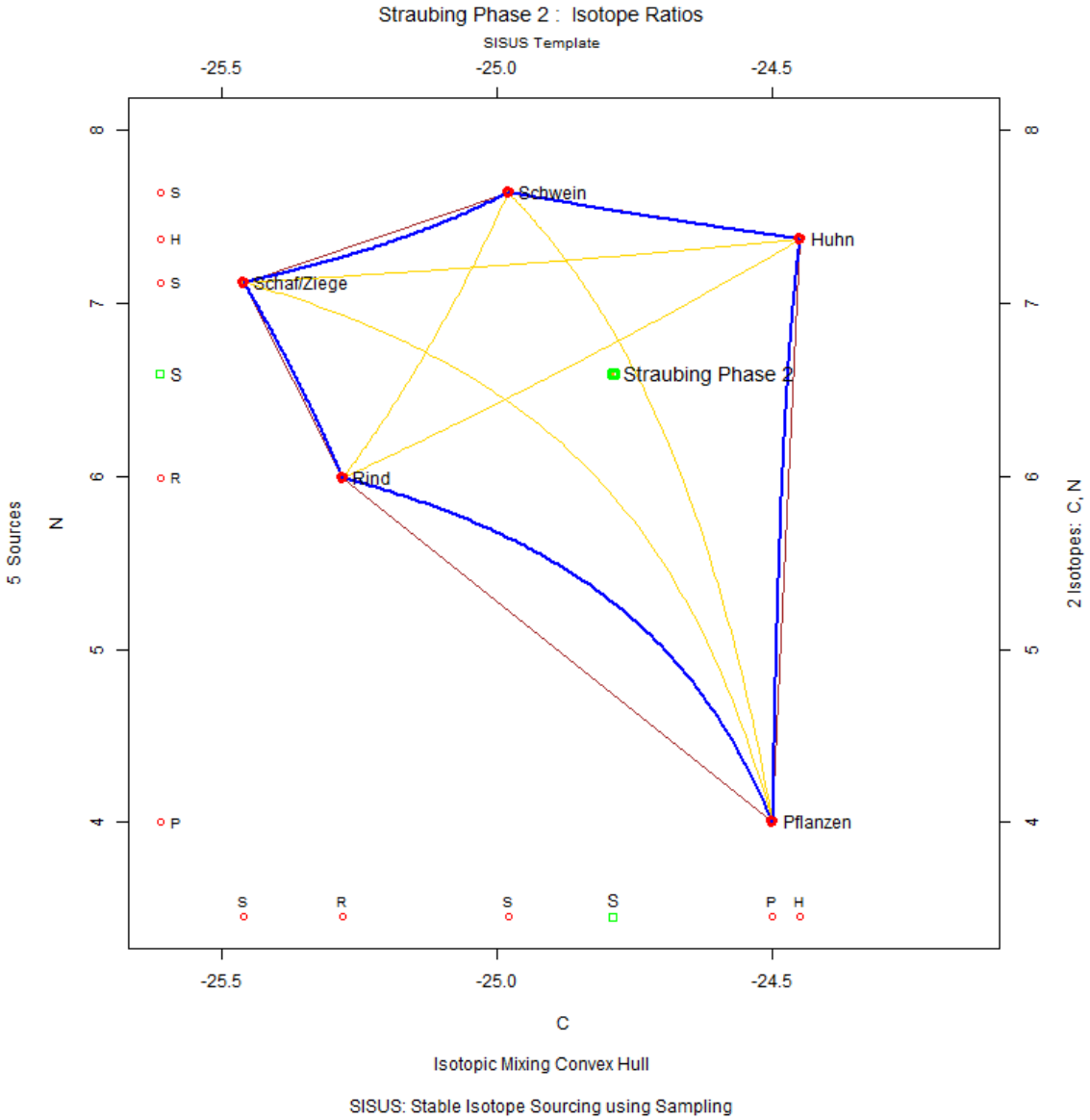


Abbildung A 360: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit SISUS.

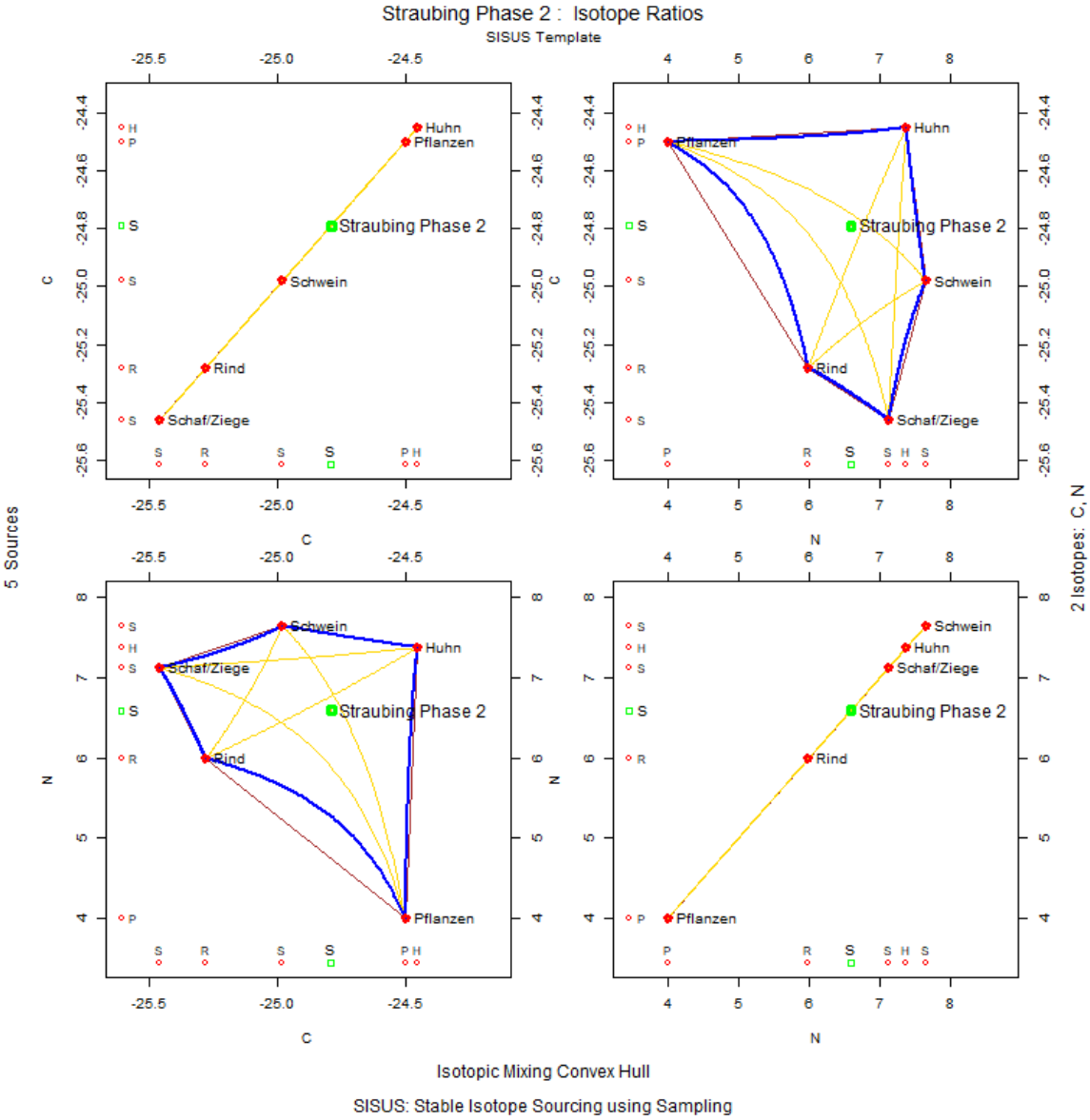


Abbildung A 361: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

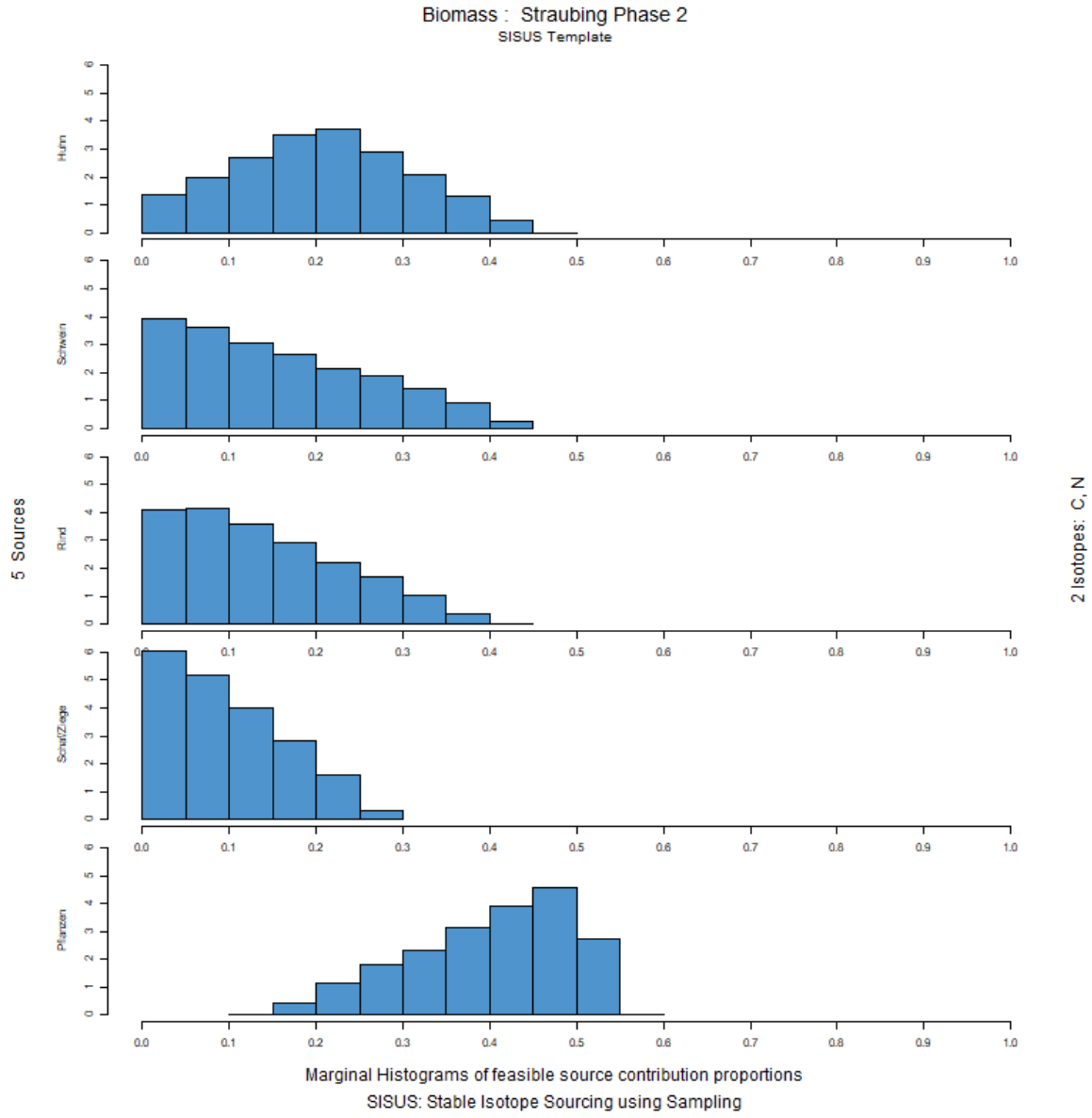


Abbildung A 362: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit SISUS.

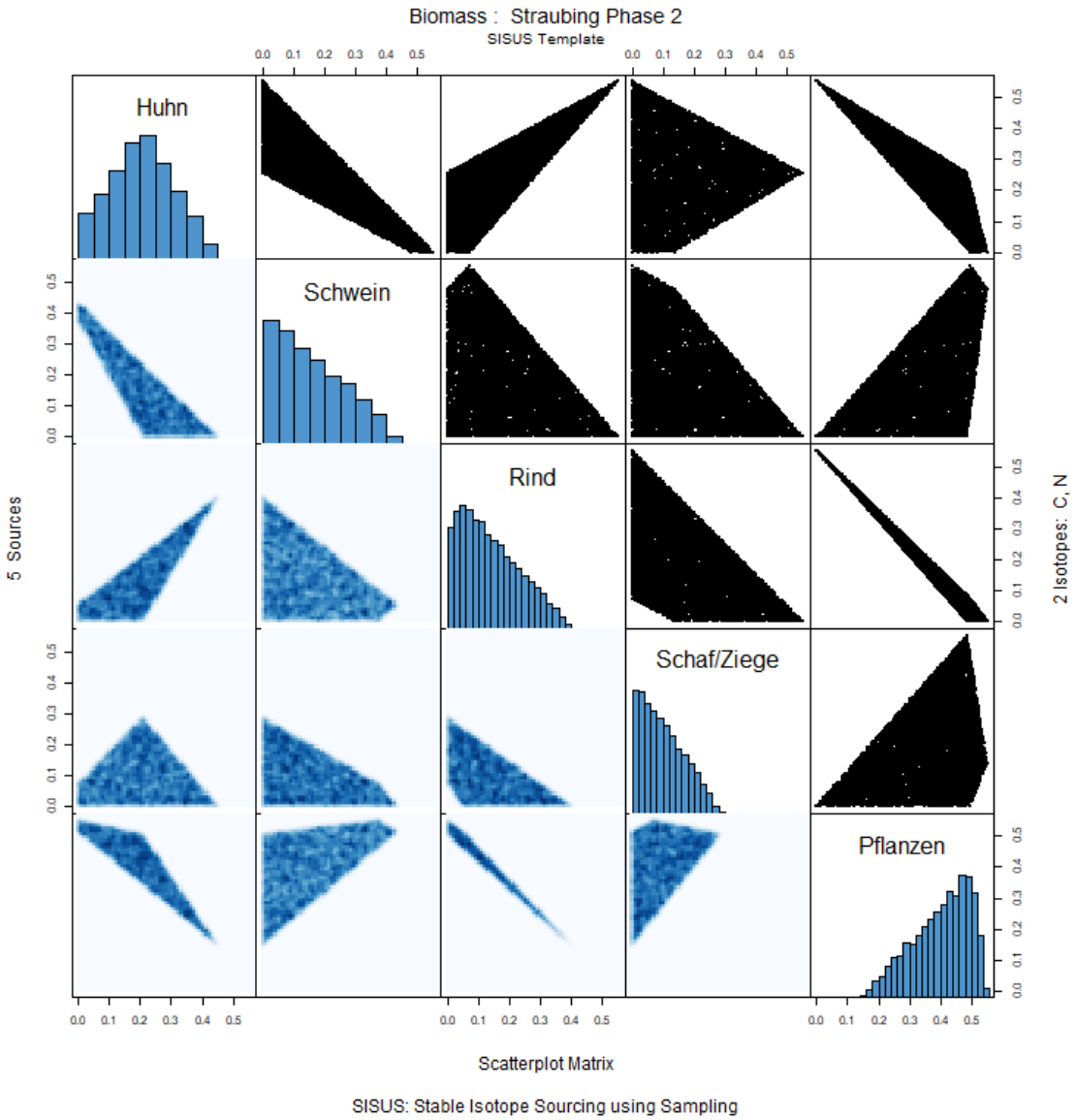


Abbildung A 363: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 2 datieren. Erstellt mit SISUS.

Phase 3

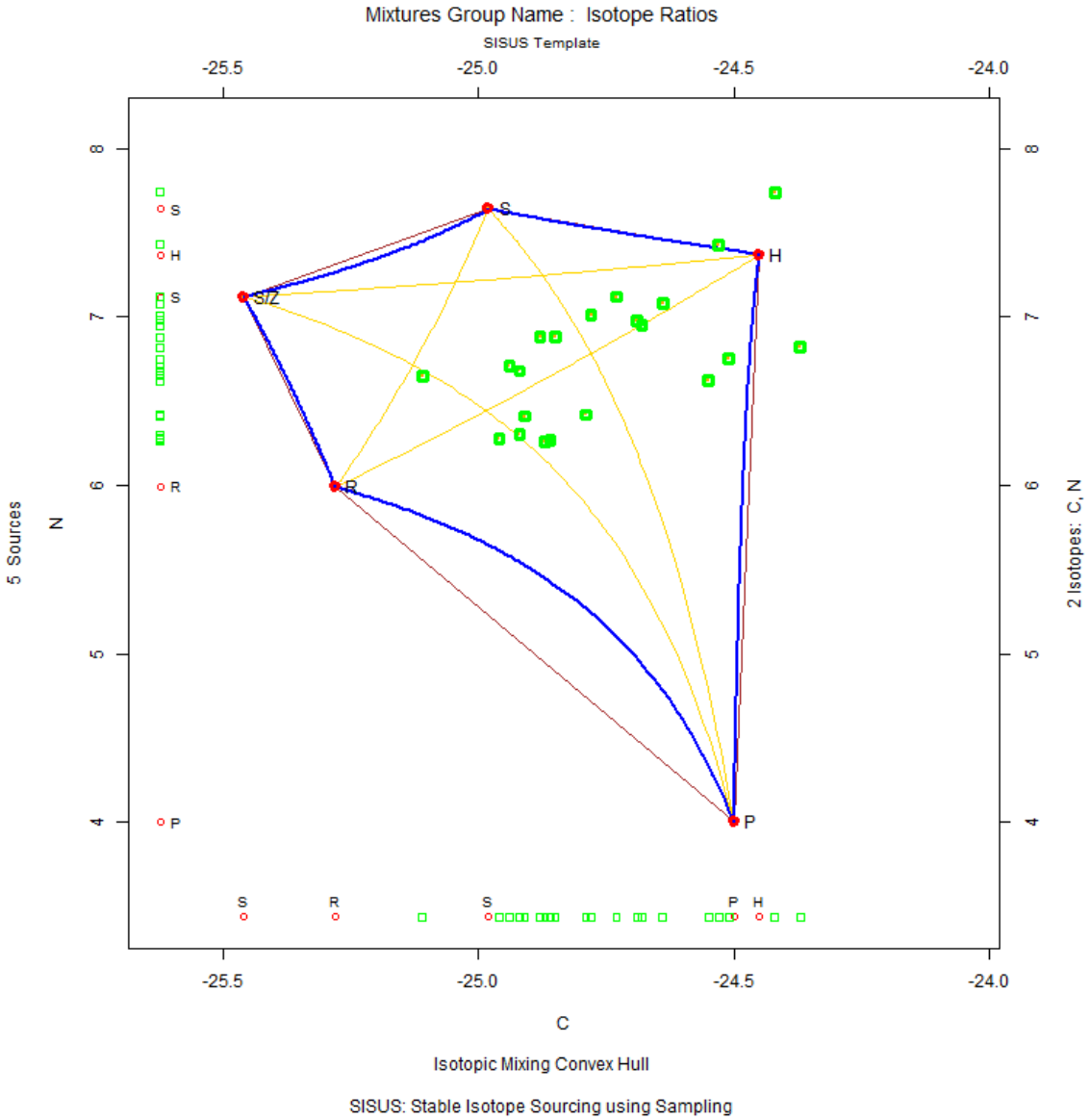


Abbildung A 364: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren wurden. Erstellt mit SISUS.

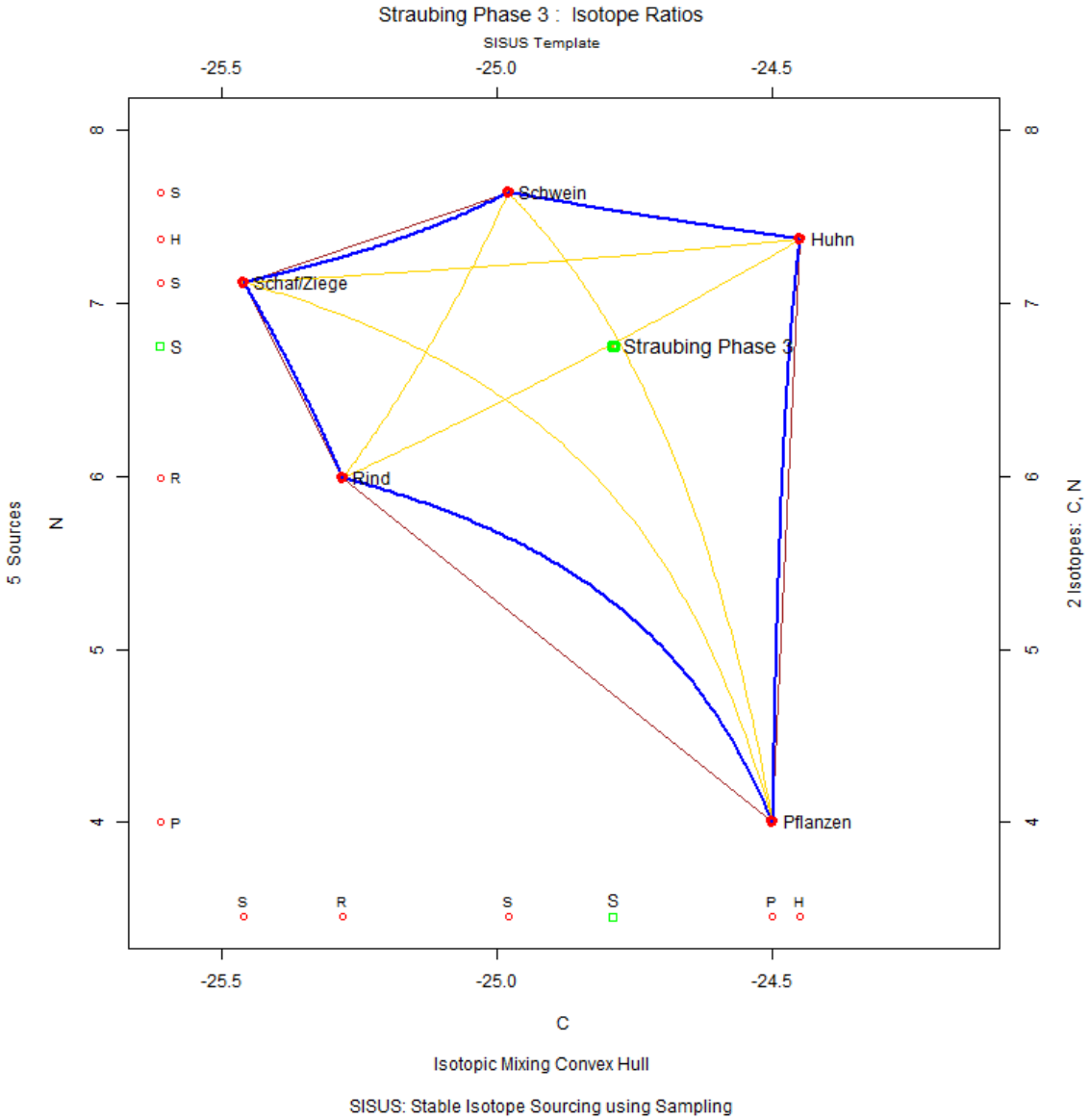


Abbildung A 365: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Erstellt mit SISUS.

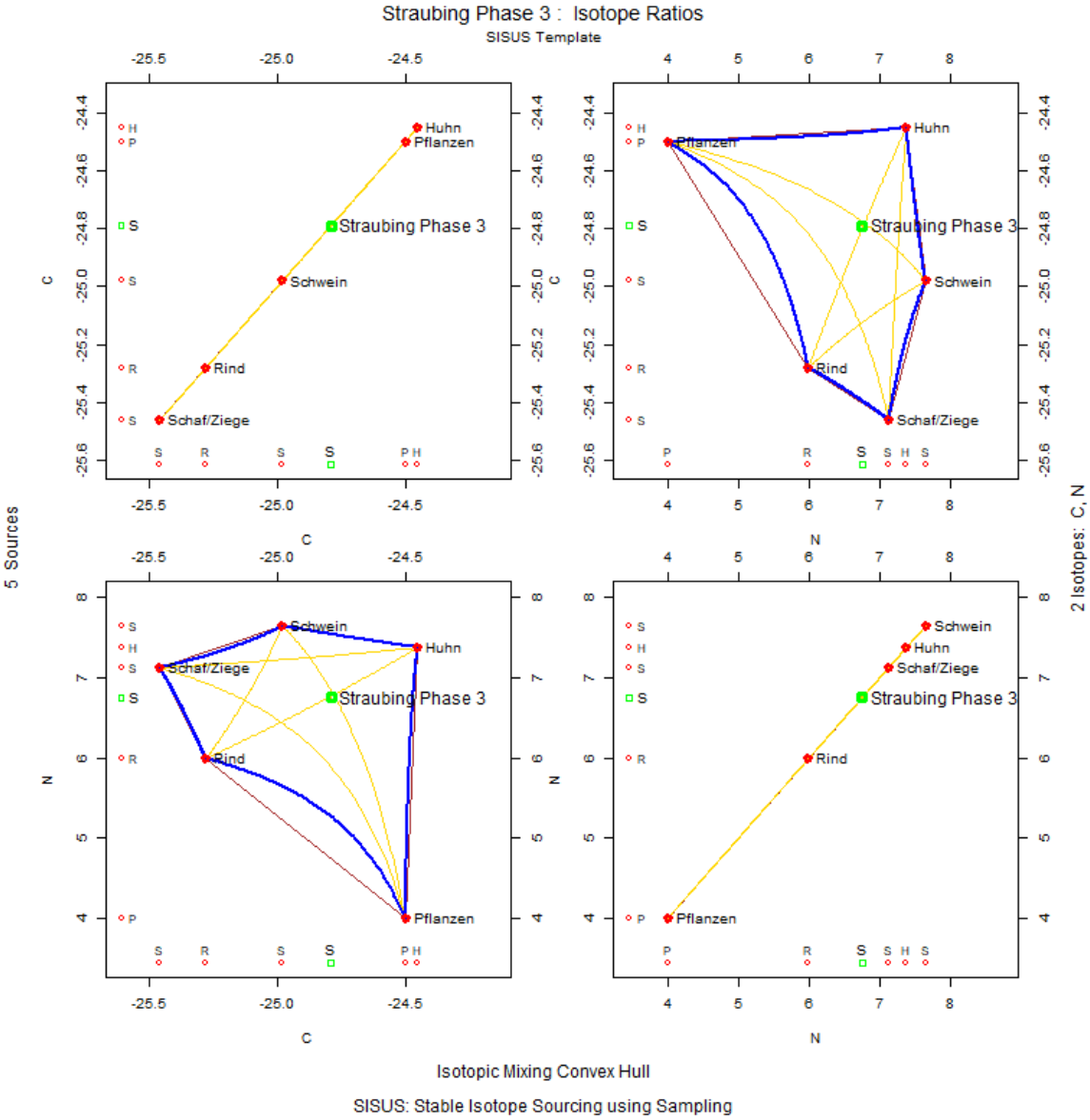


Abbildung A 366: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

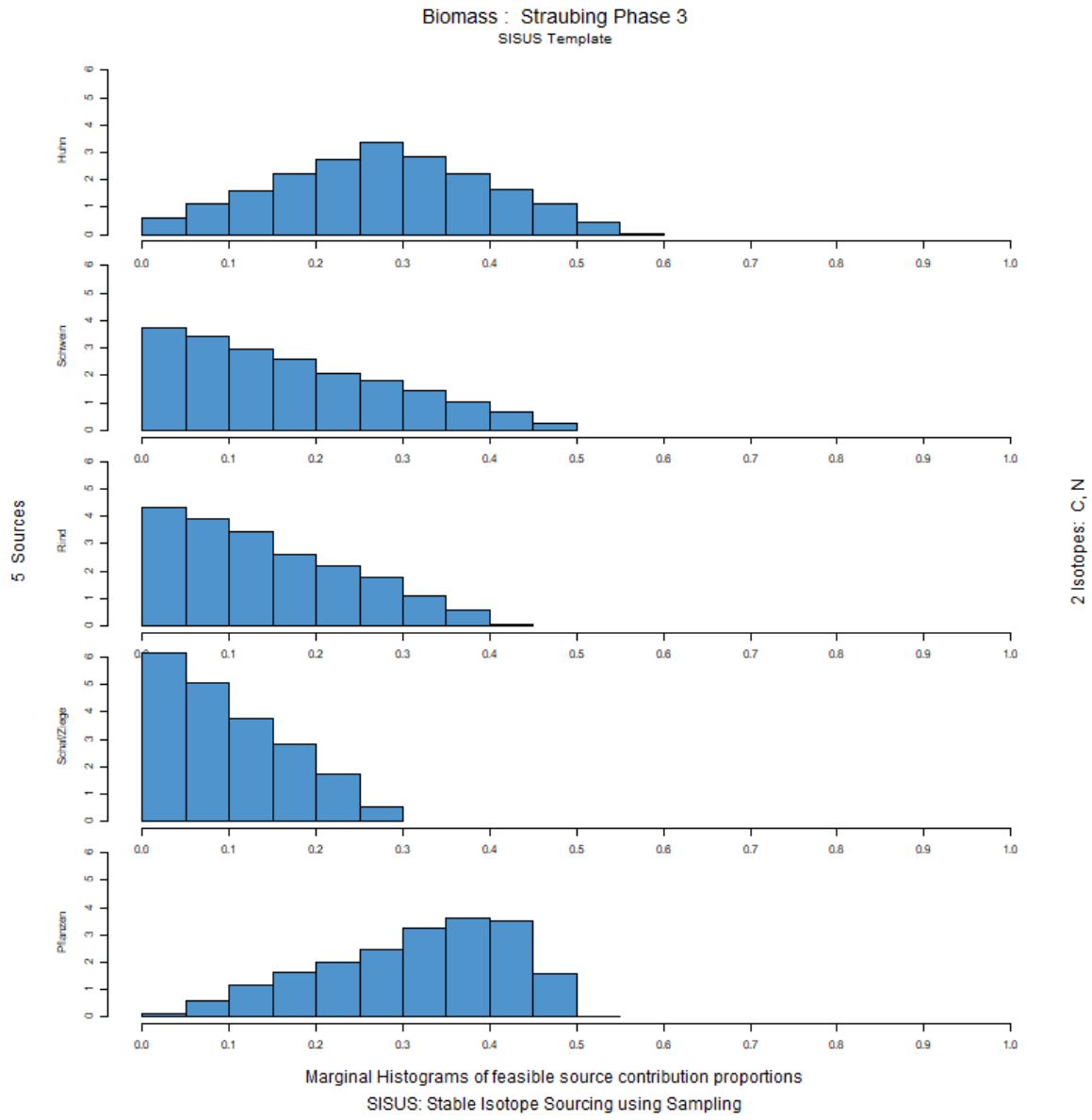


Abbildung A 367: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Erstellt mit SISUS.

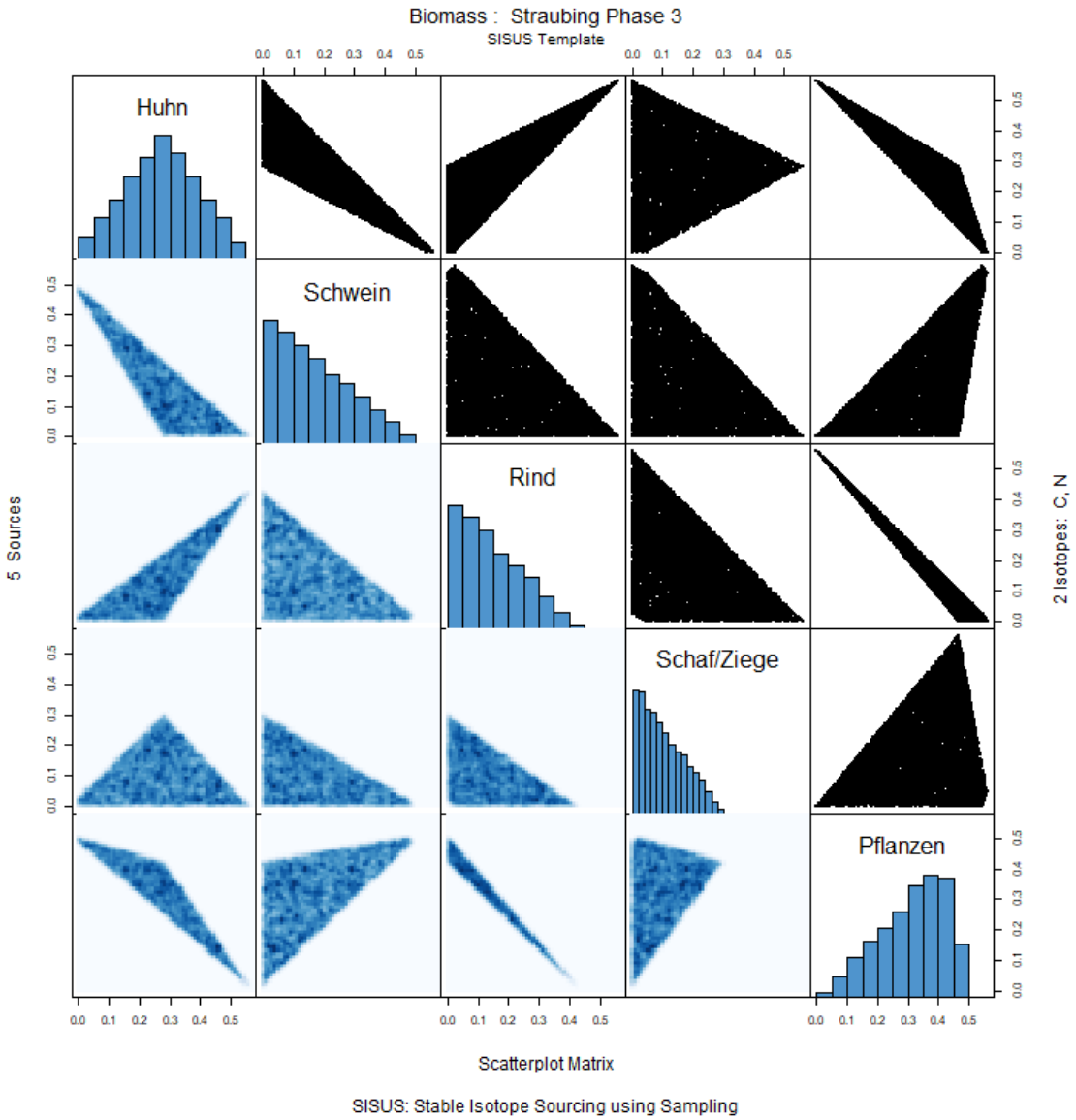


Abbildung A 368: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 3 datieren. Erstellt mit SISUS.

Phase 4

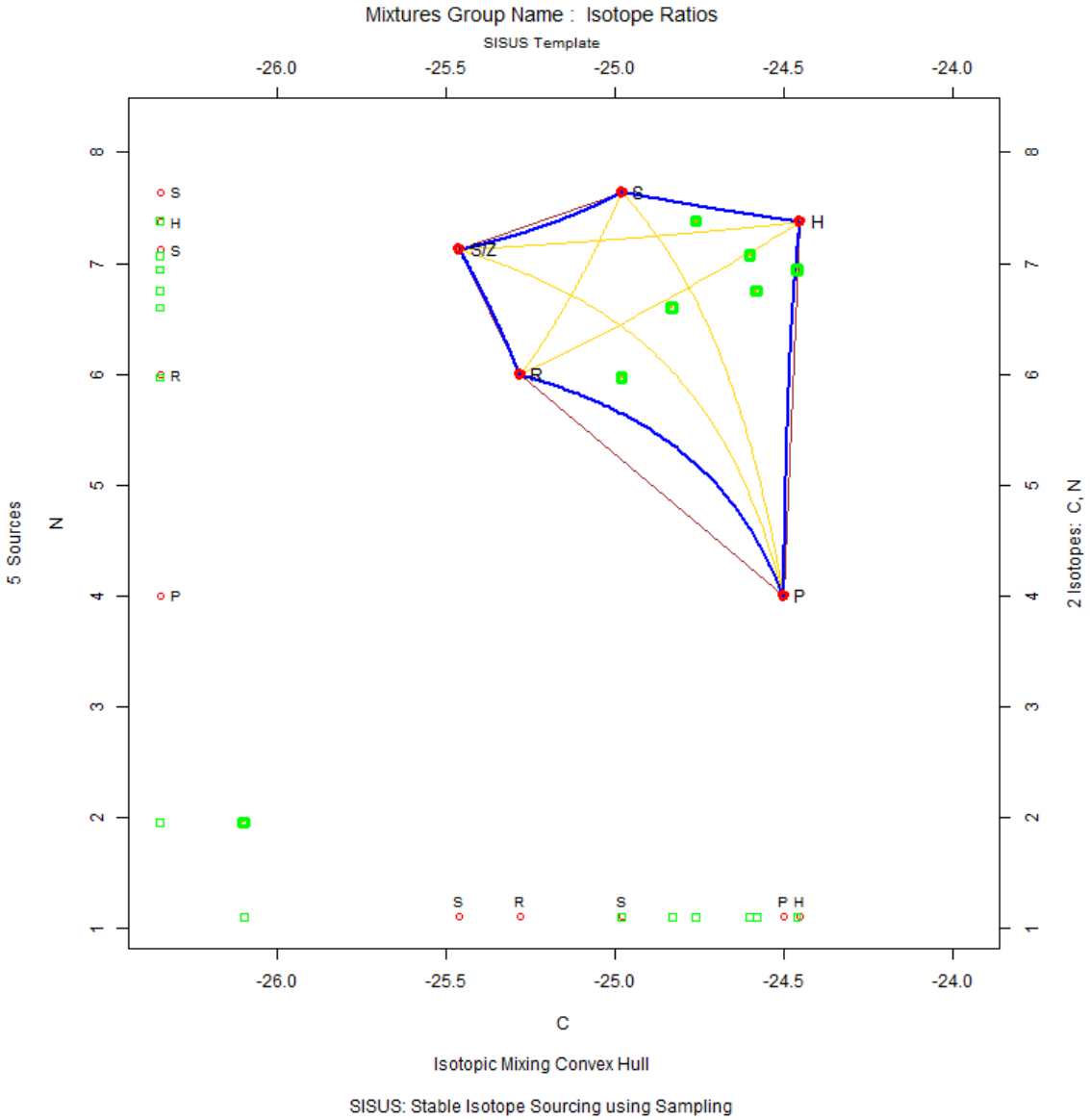


Abbildung A 369: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren wurden. Erstellt mit SISUS.

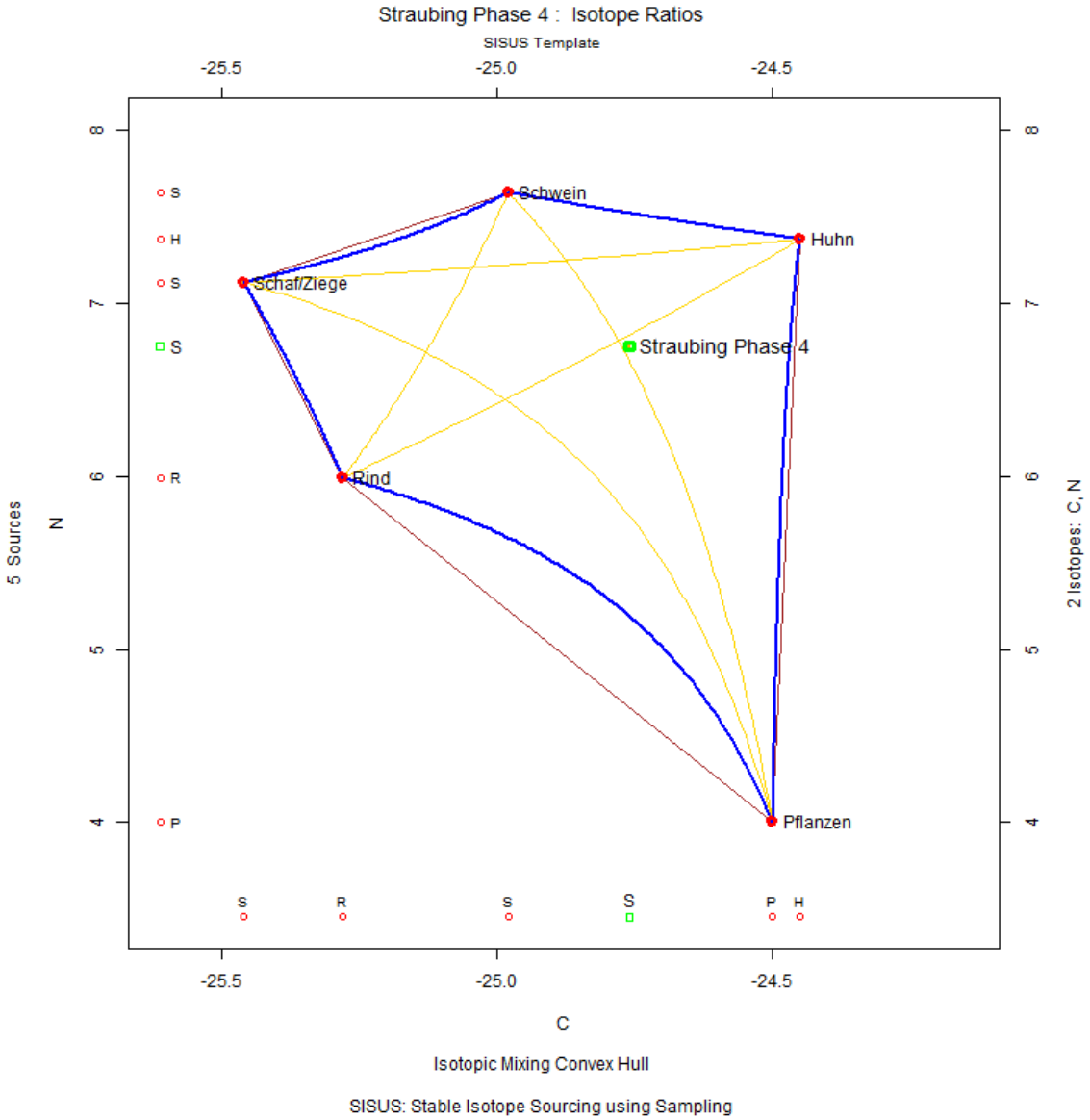


Abbildung A 370: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Erstellt mit SISUS.

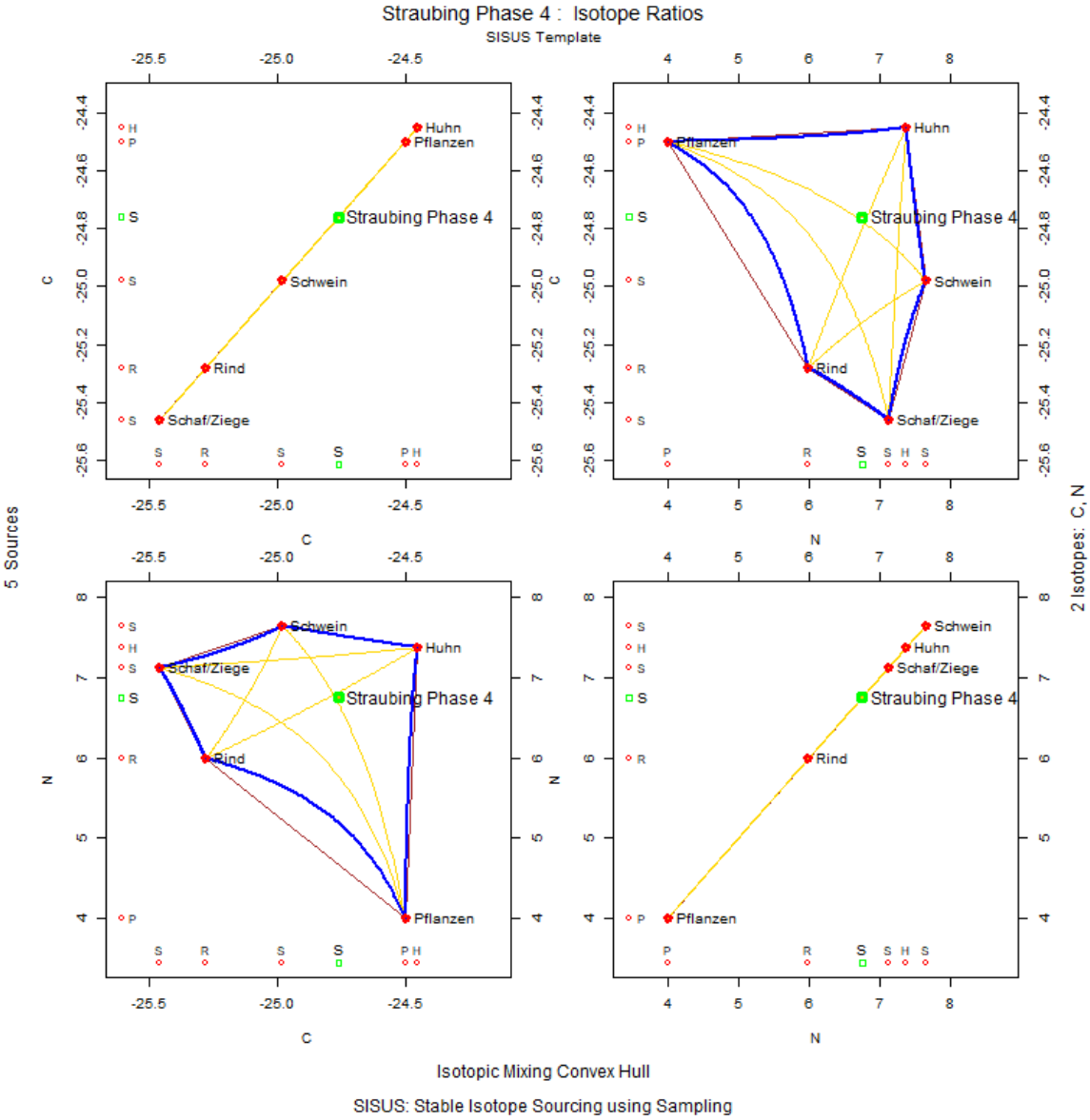


Abbildung A 371: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

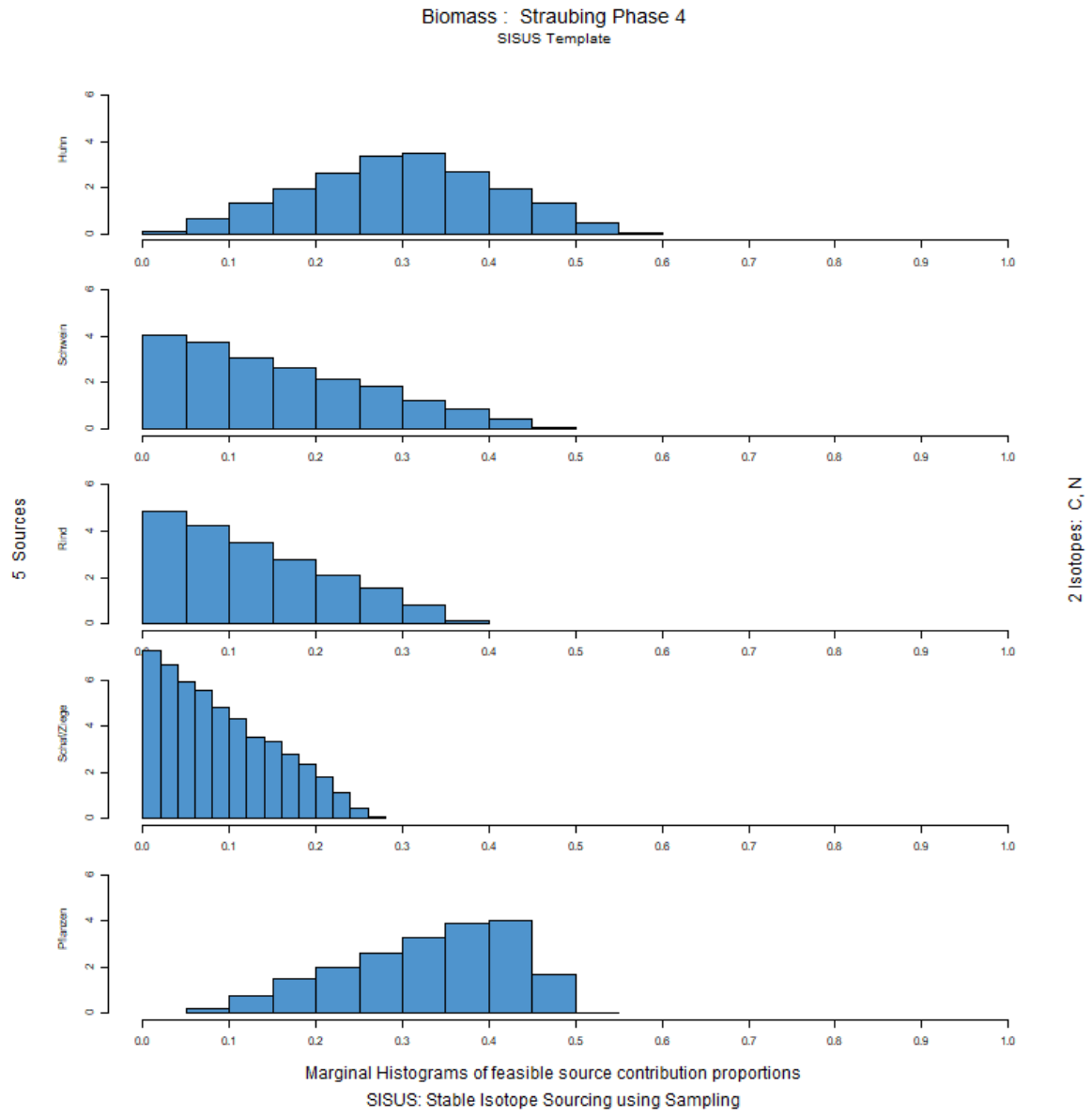


Abbildung A 372: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Erstellt mit SISUS.

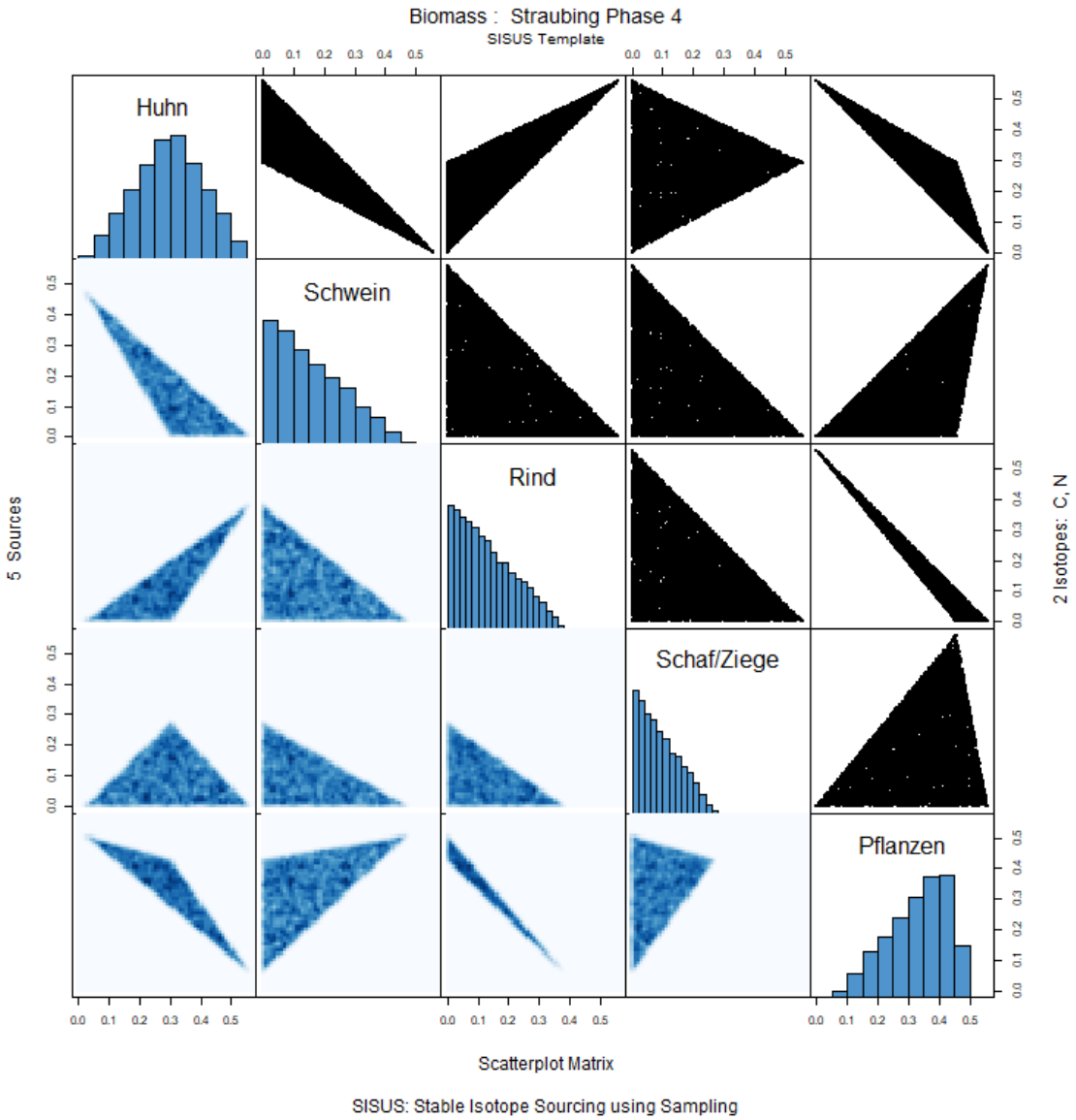


Abbildung A 373: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 4 datieren. Erstellt mit SISUS.

Phase 5

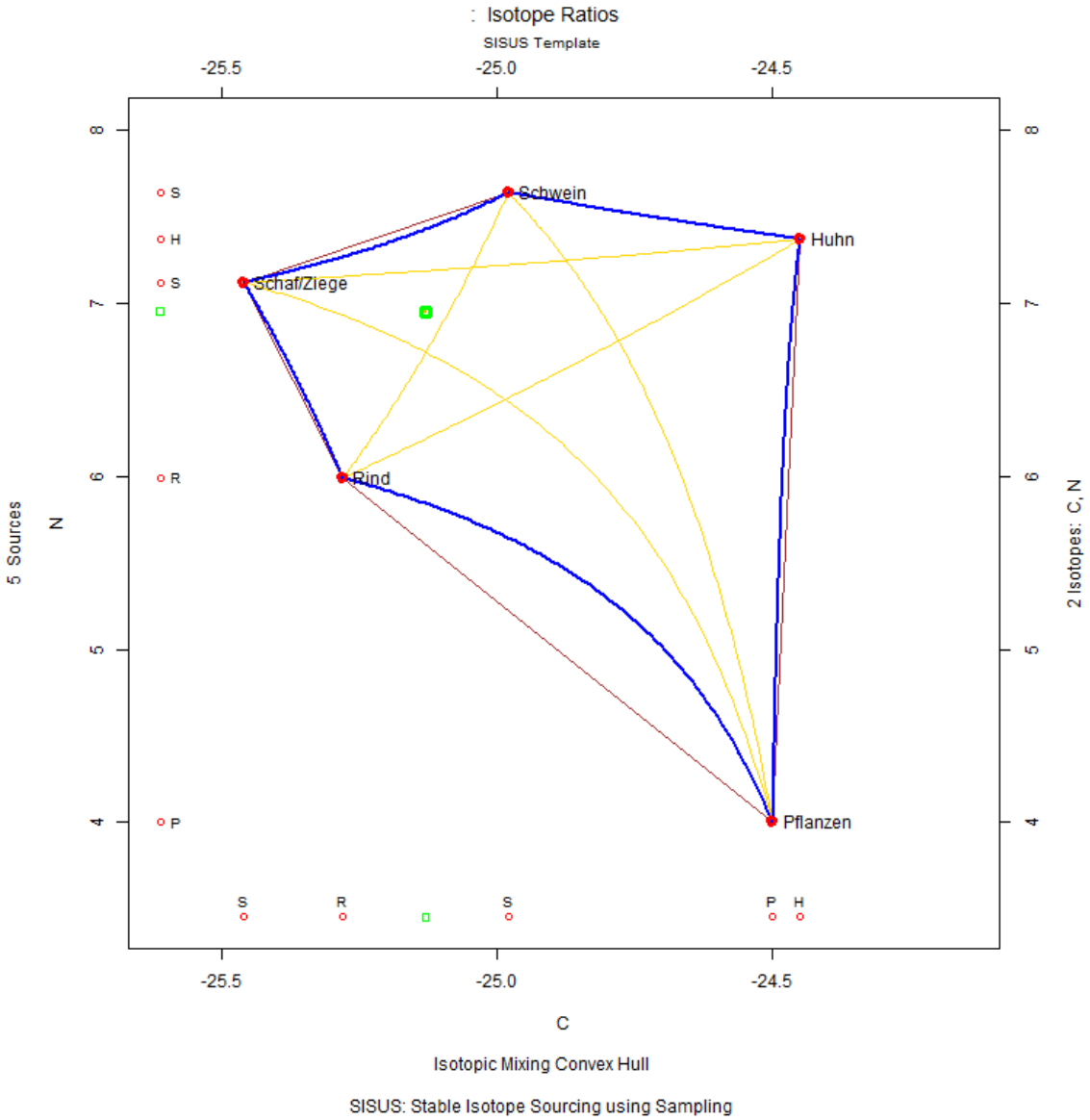


Abbildung A 374: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums aus Straubing, das in Phase 5 datieren wurden. Erstellt mit SISUS.

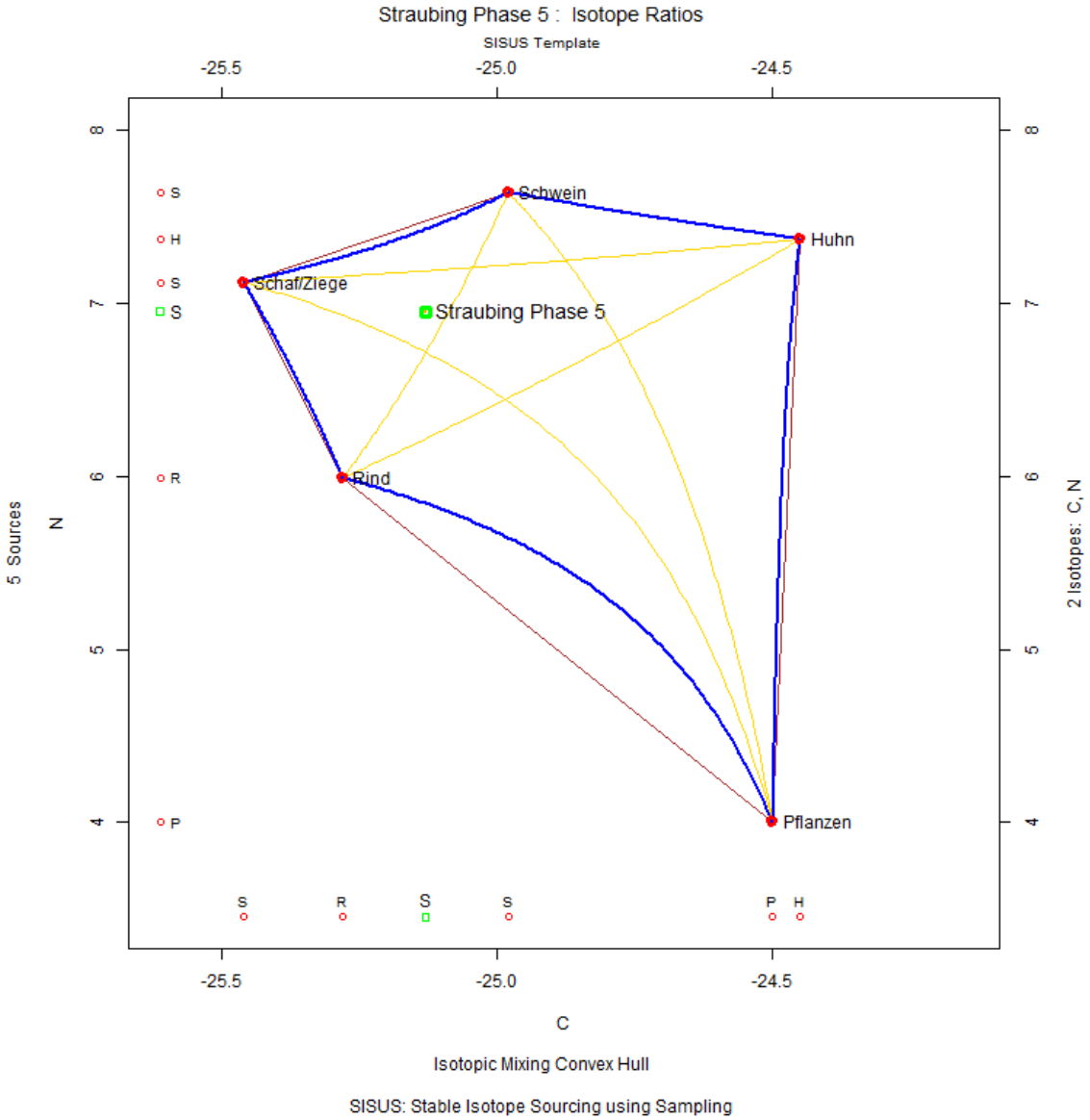


Abbildung A 375: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Erstellt mit SISUS.

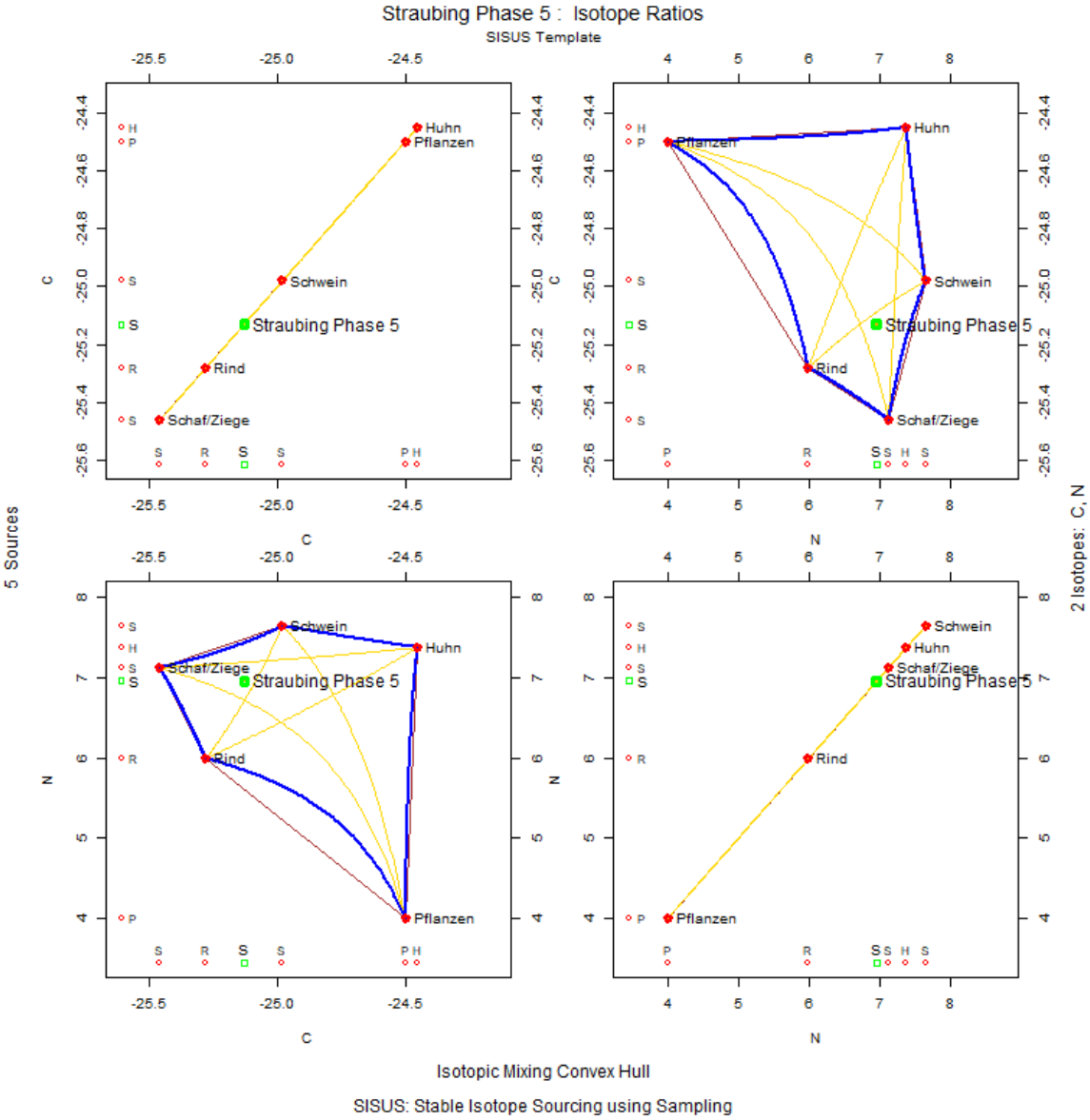


Abbildung A 376: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

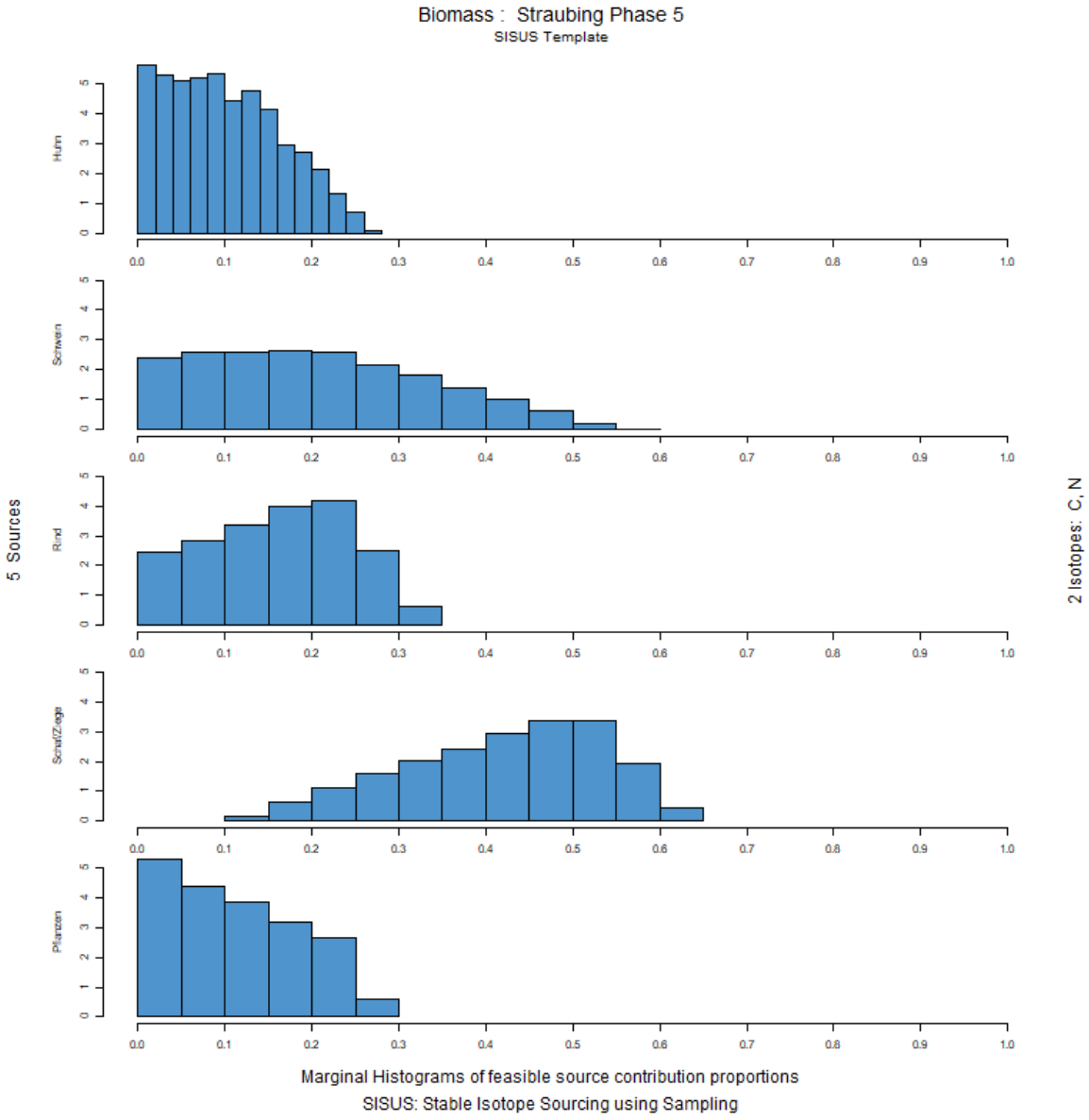


Abbildung A 377: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Erstellt mit SISUS.

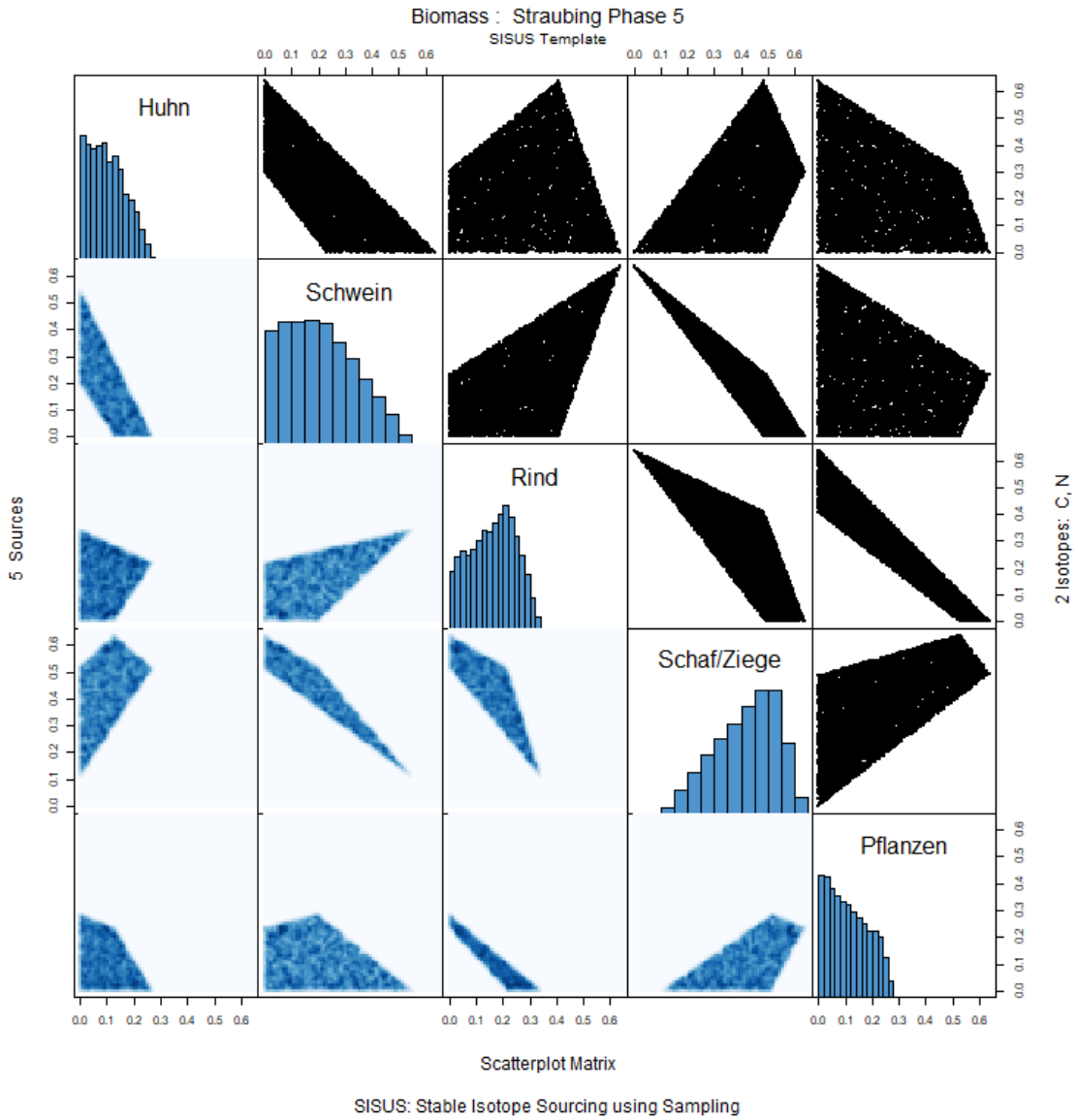


Abbildung A 378: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die in Phase 5 datieren. Erstellt mit SISUS.

nicht datiert - Phase ?

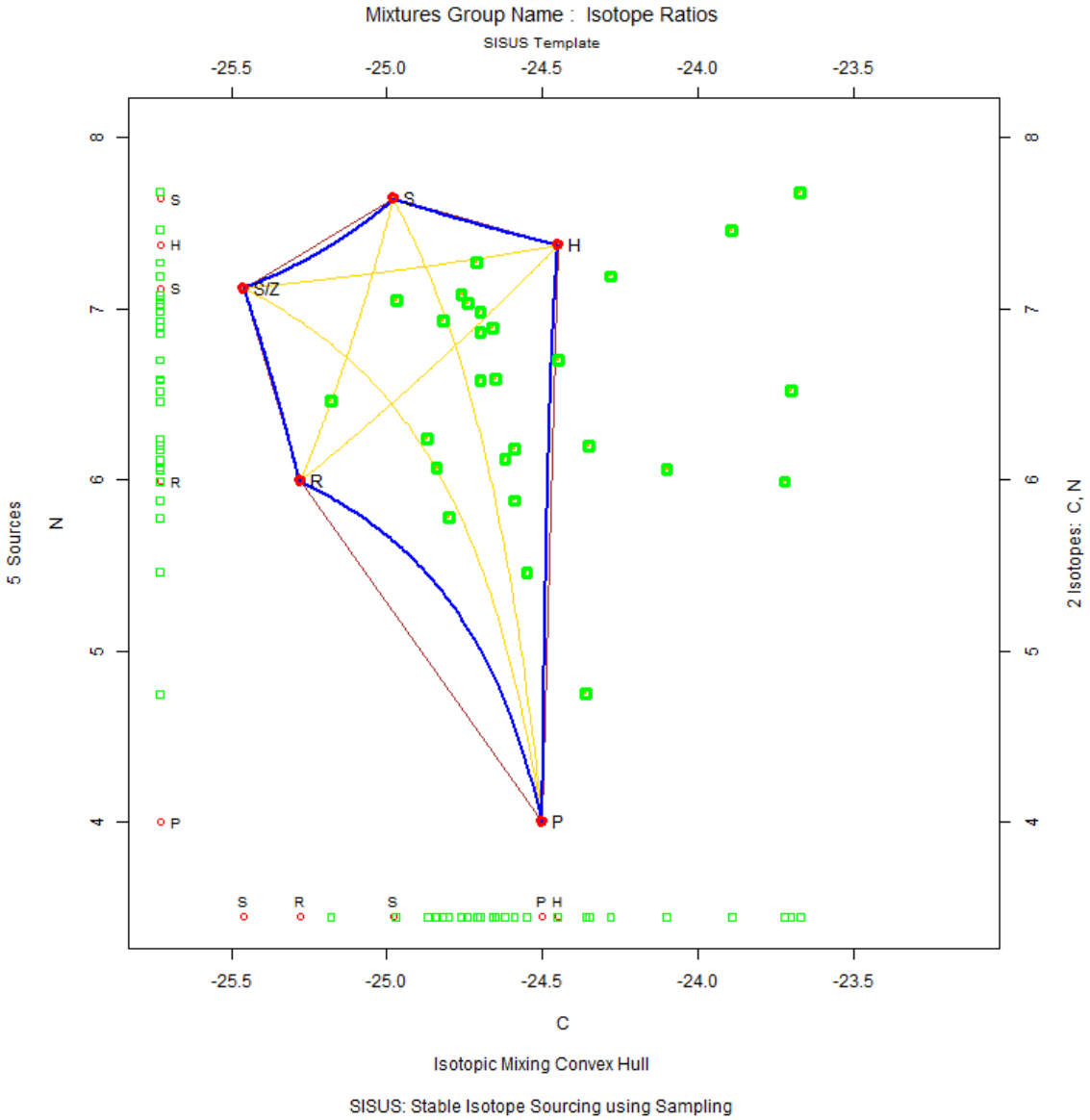


Abbildung A 379: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

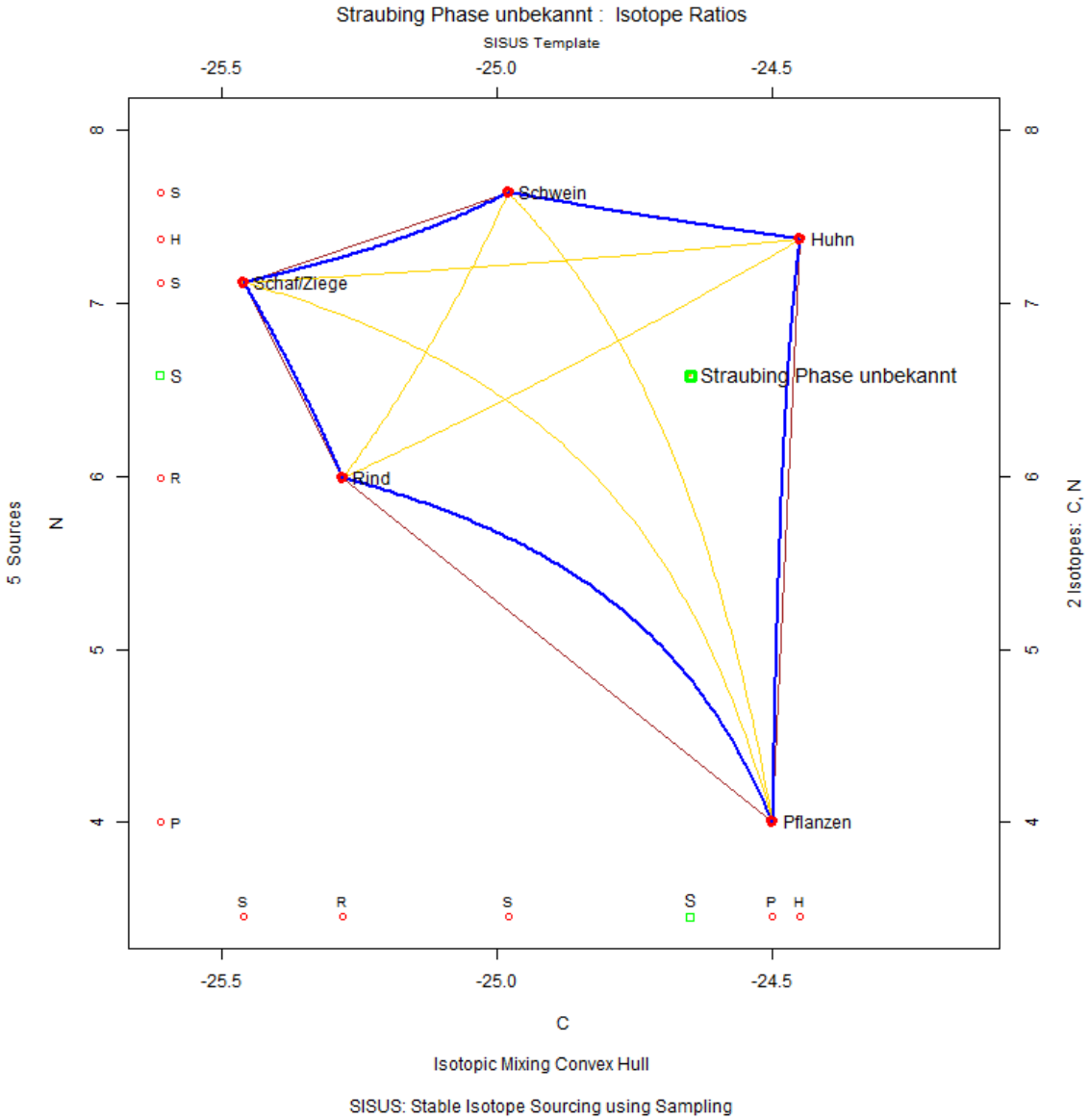


Abbildung A 380: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

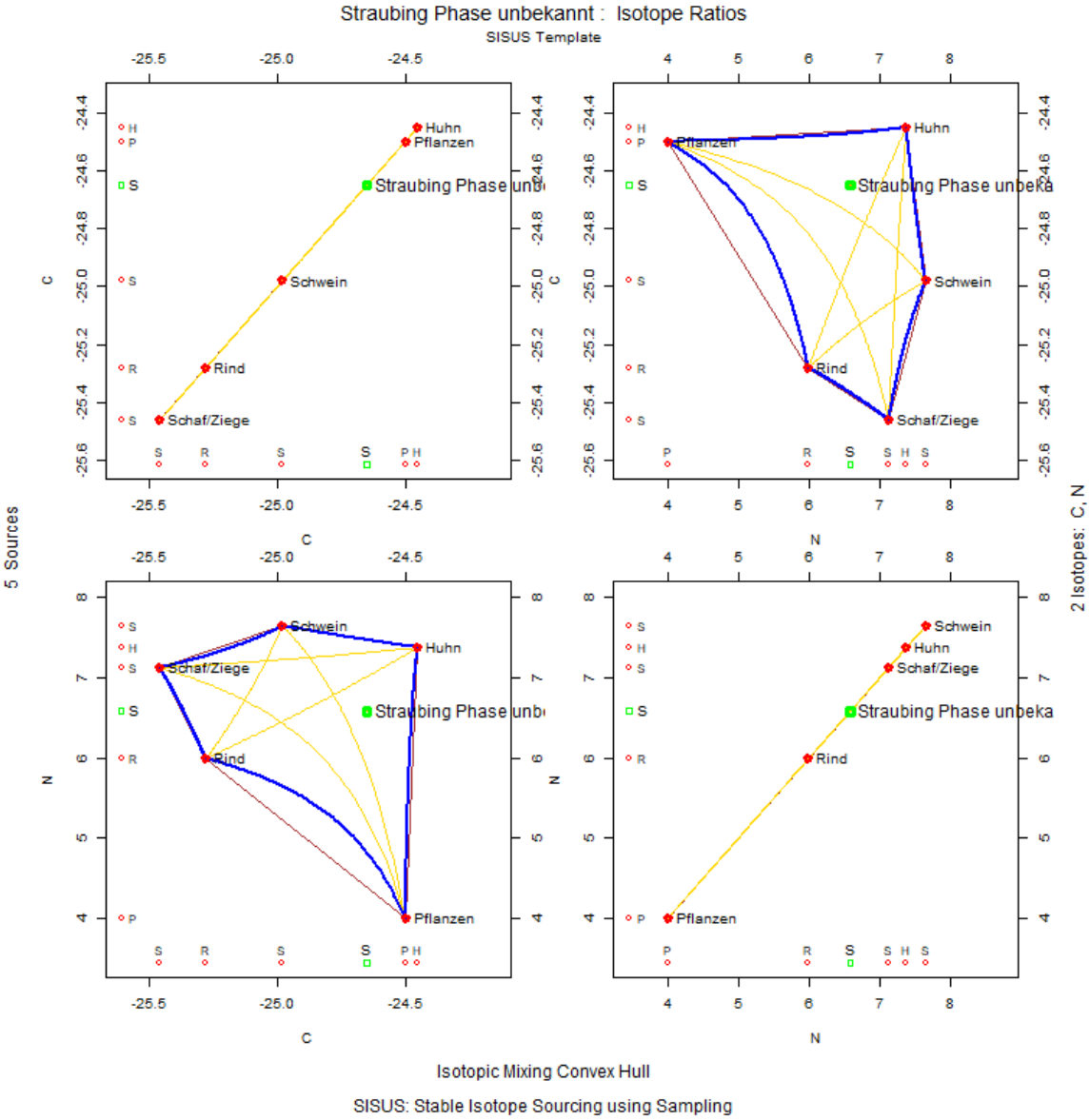


Abbildung A 381: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

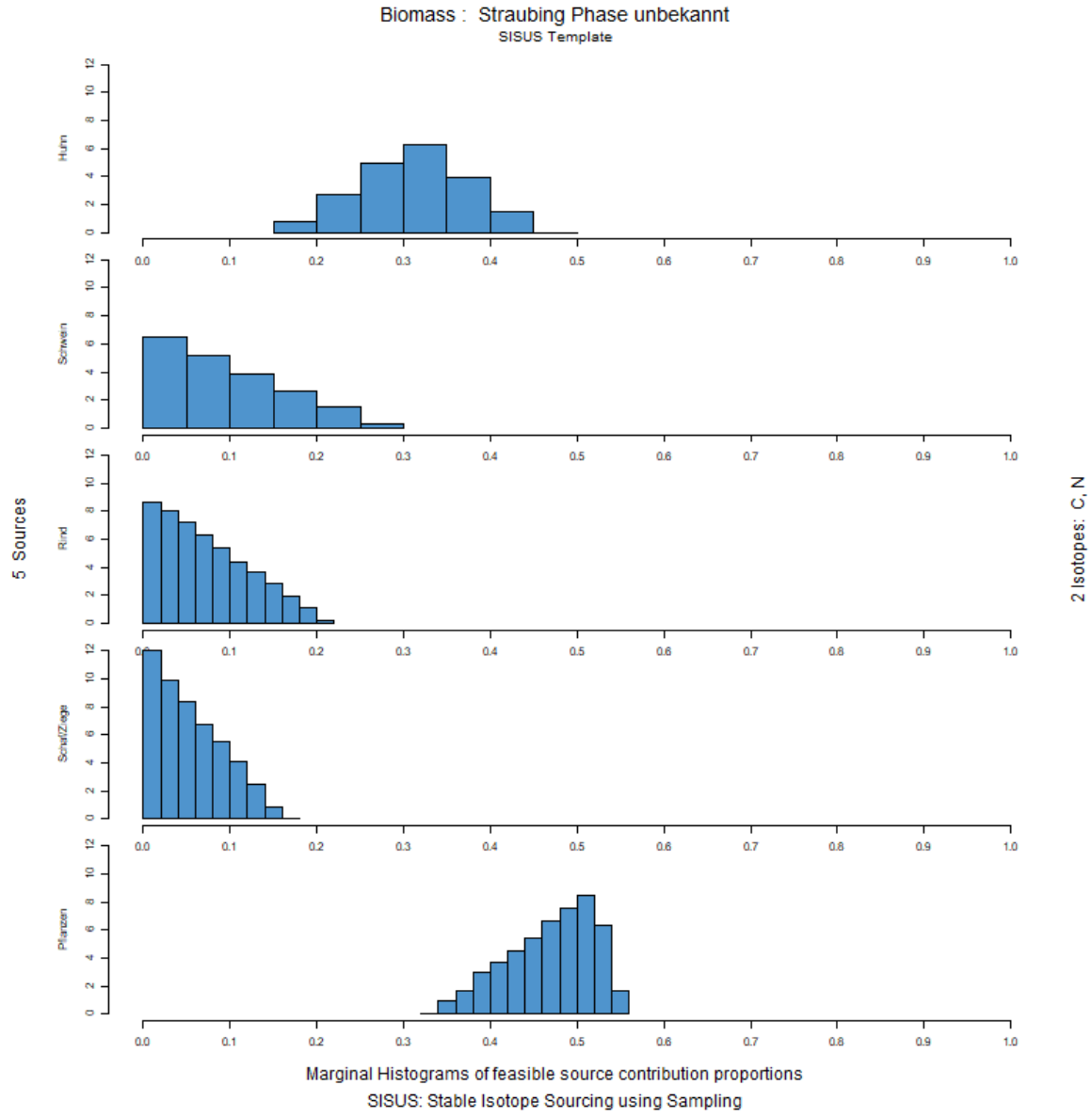


Abbildung A 382: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

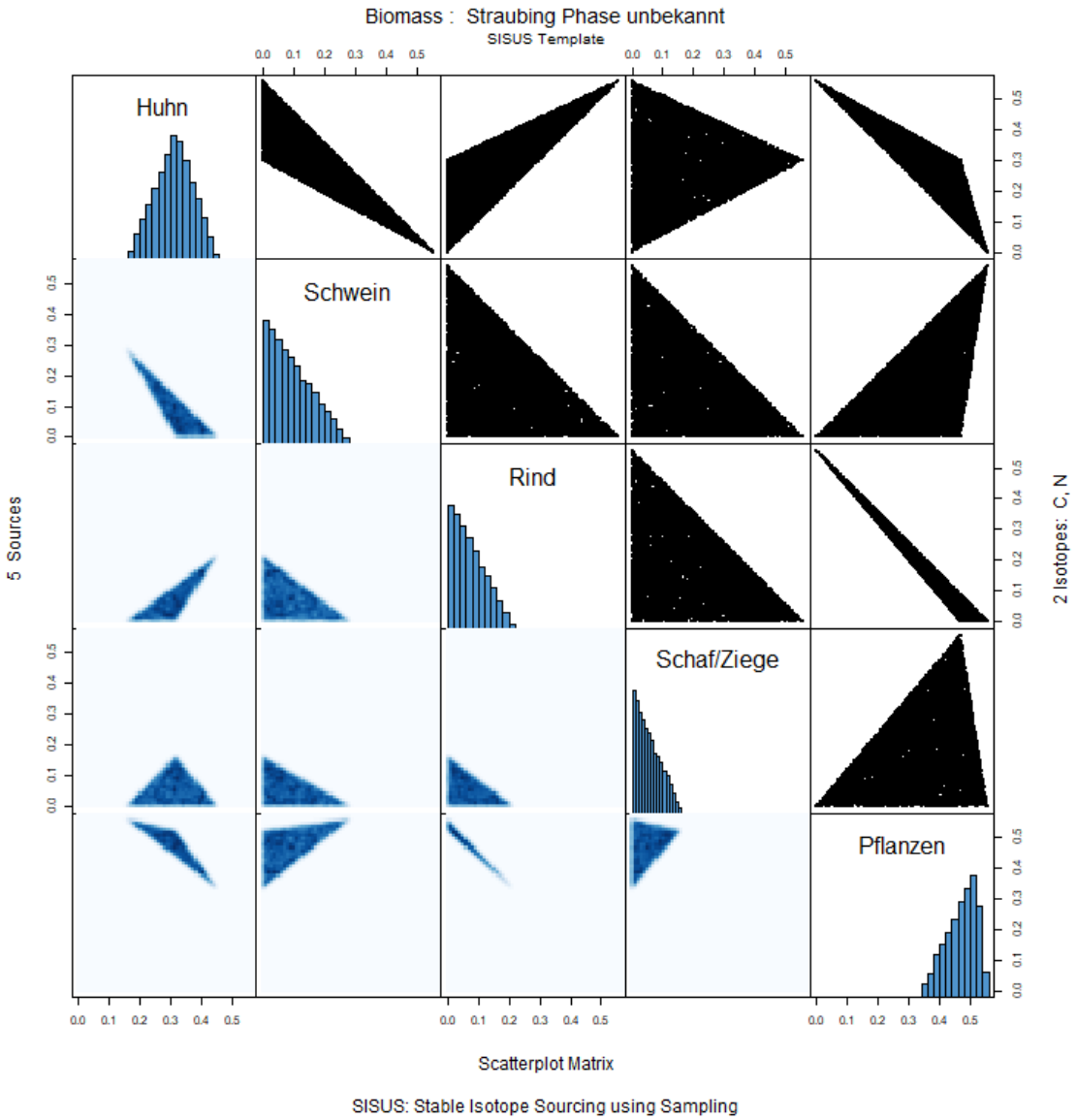


Abbildung A 383: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Straubing, die nicht datiert sind. Erstellt mit SISUS.

9.2.5.19 SISUS: Unterigling

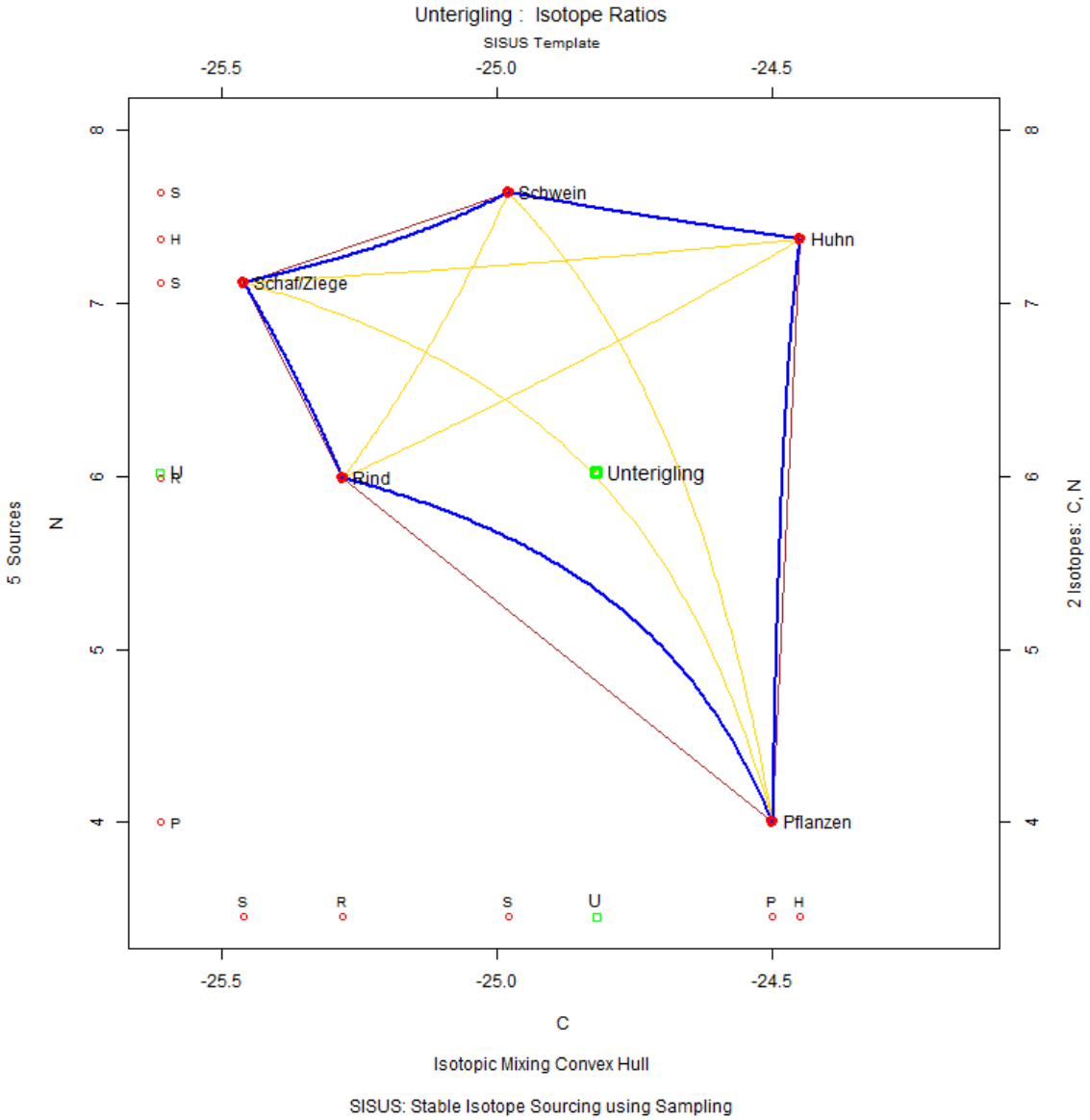


Abbildung A 384: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Unterigling. Erstellt mit SISUS

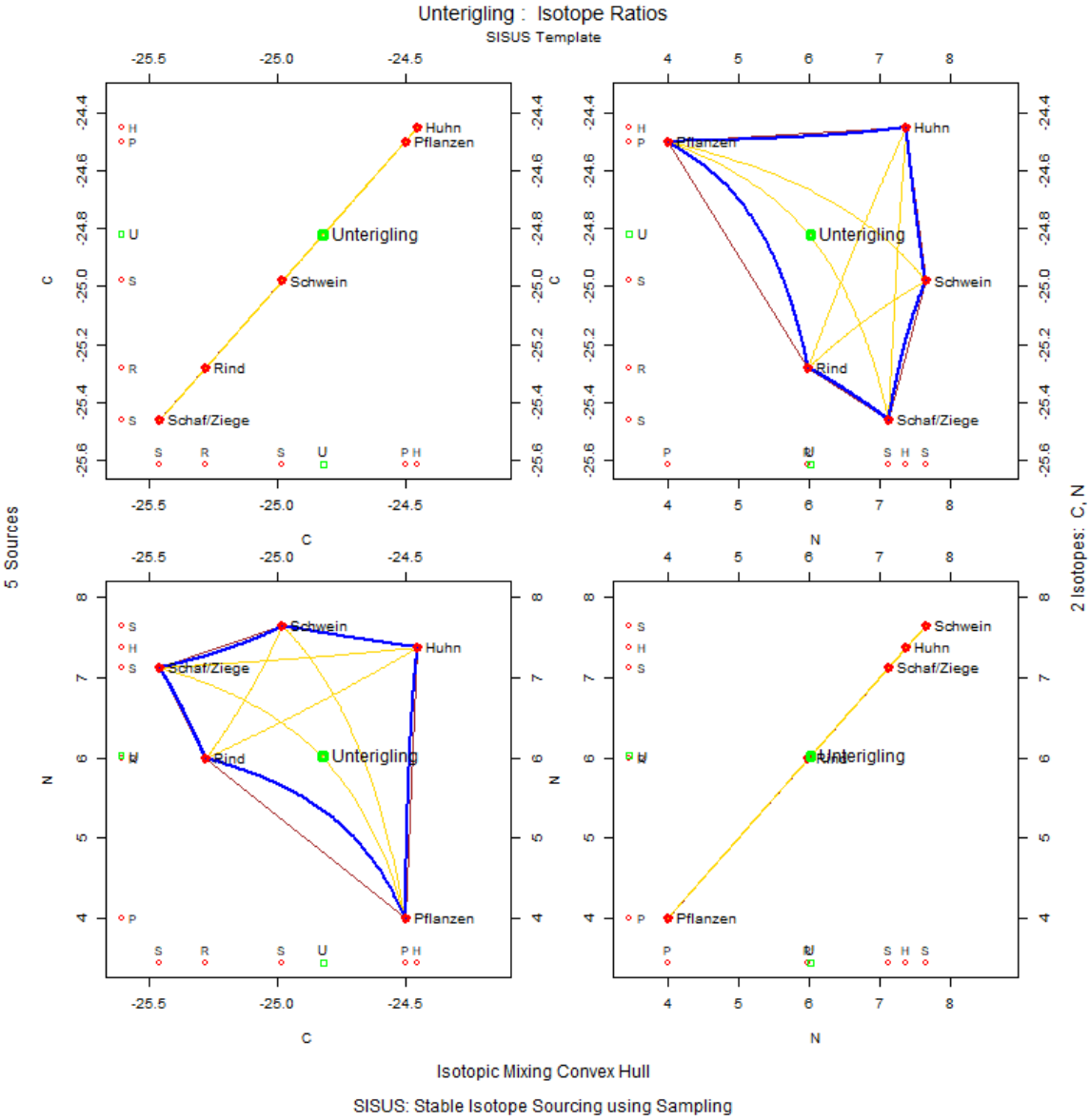


Abbildung A 385: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Unterigling in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

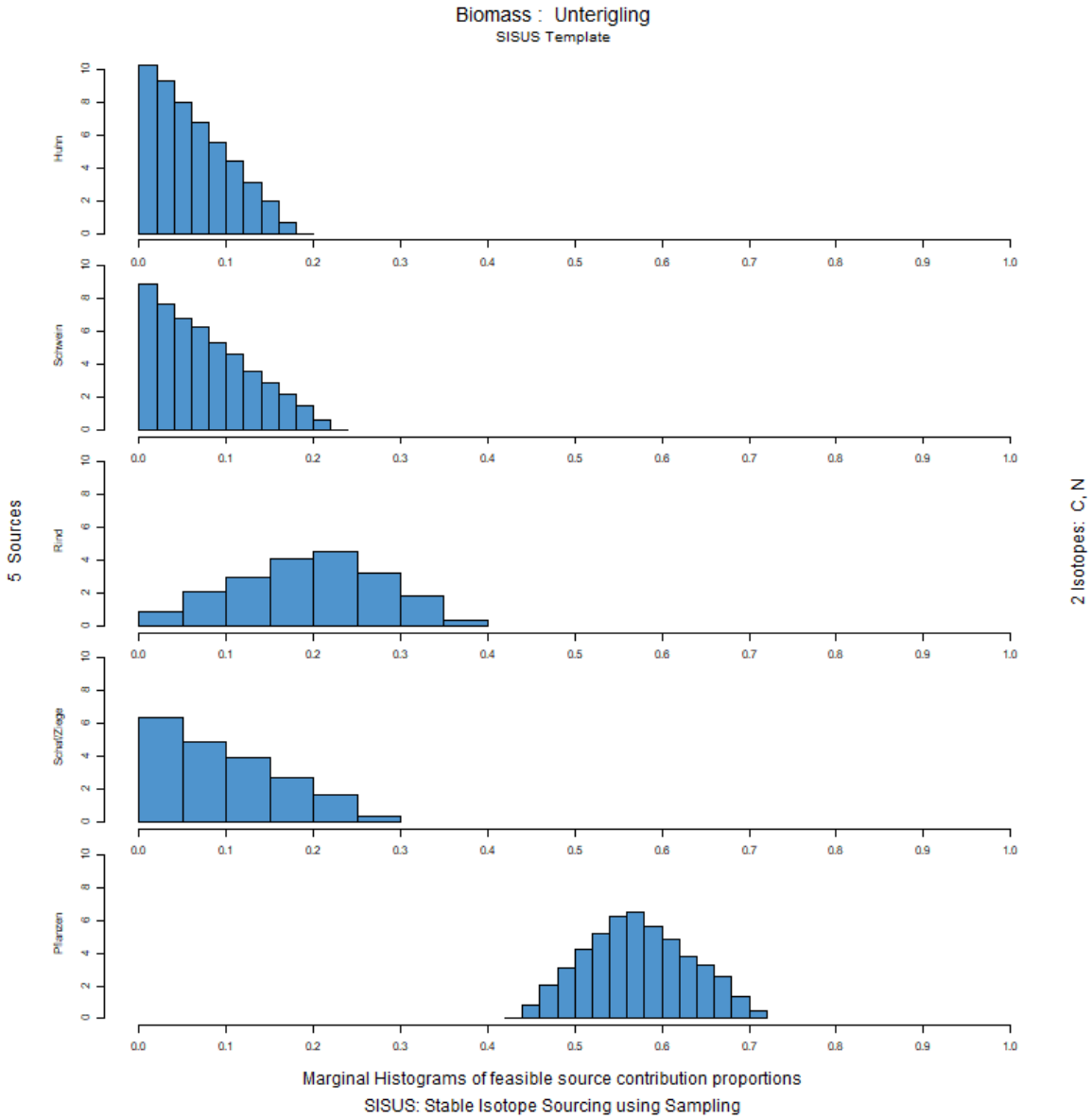


Abbildung A 386: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Unterigling. Erstellt mit SISUS.

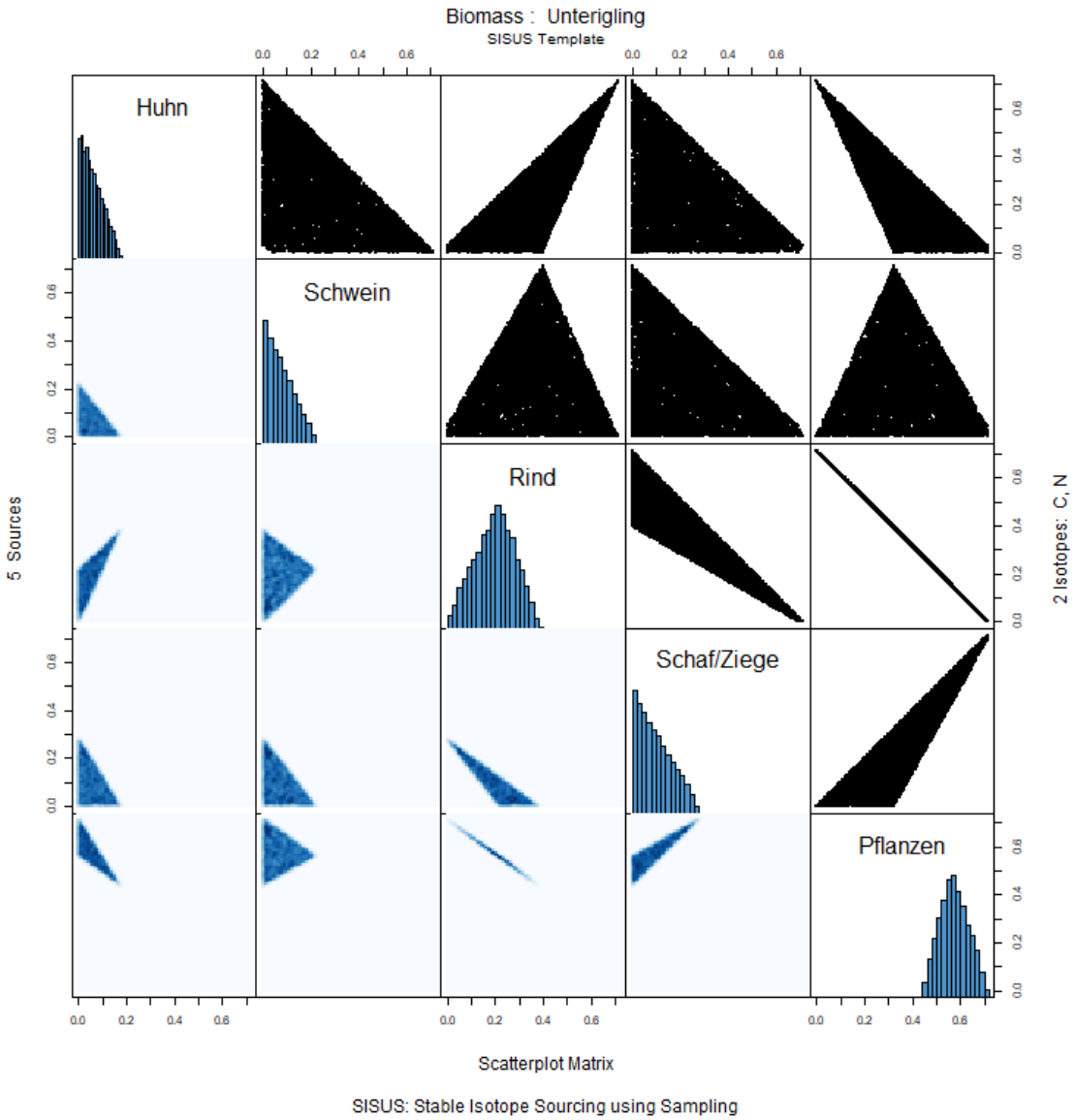


Abbildung A 387: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Unterigling. Erstellt mit SISUS.

9.2.6 Deutschland – Hoch-/Spätmittelalter

9.2.6.1 Einzugsbereiche

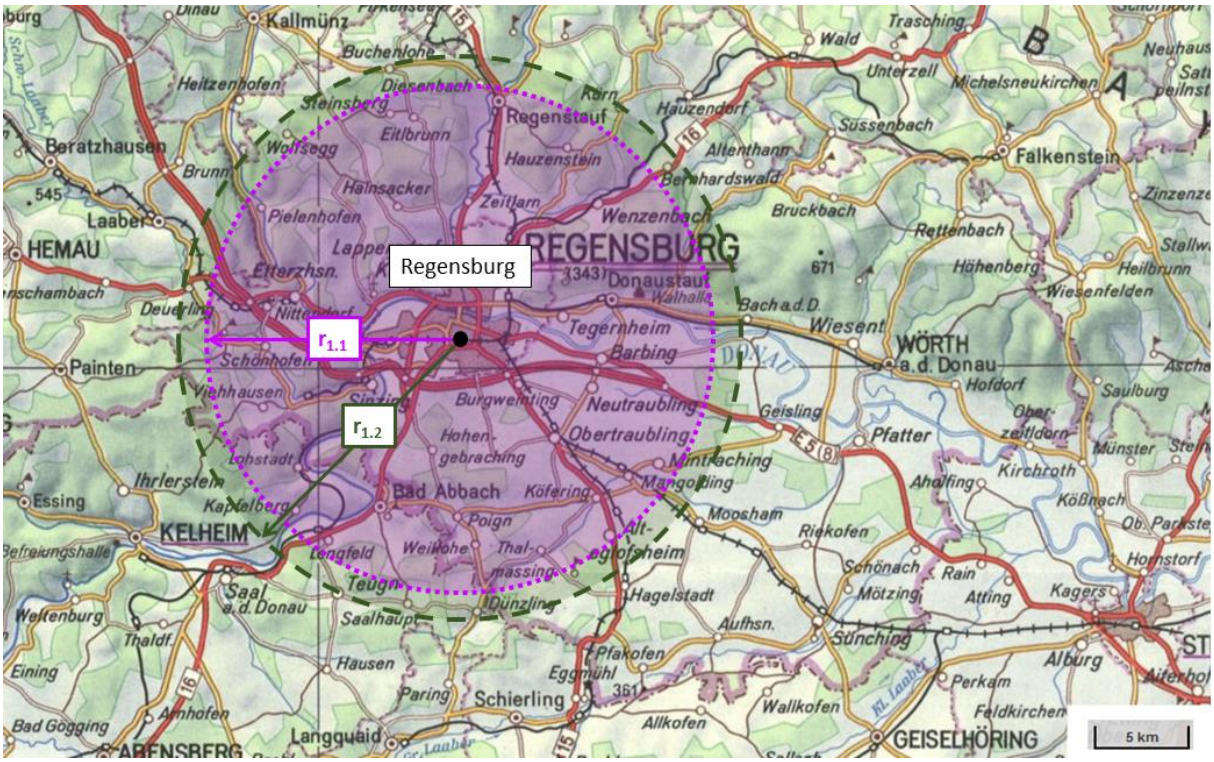


Abbildung A 388: Einzugsbereich des hoch-/spätmittelalterlichen Regensburg. $r_{1.1}$ = 13,09 km, $r^{+}_{1.2}$ = 15,04 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

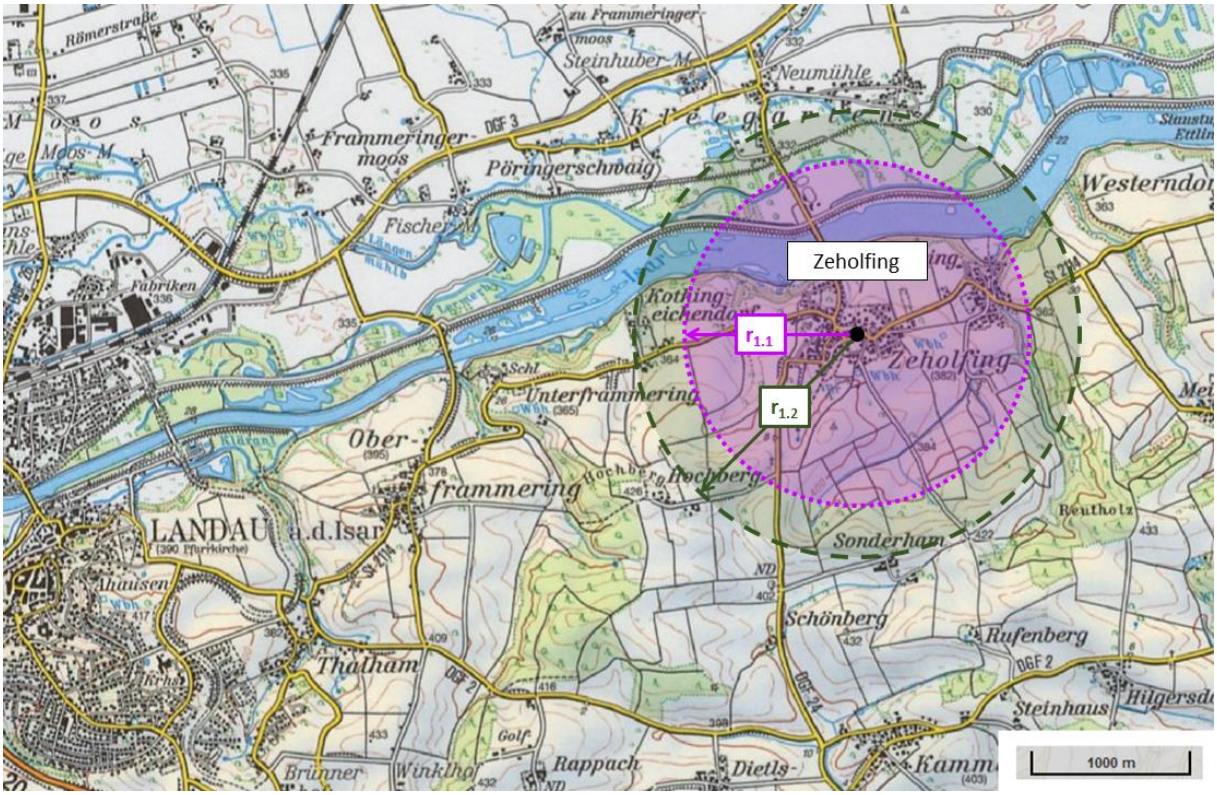


Abbildung A 389: Einzugsbereich des hoch-/spätmittelalterlichen Zeholfing. $r_{1.1}$ = 1,07 km, $r^{+}_{1.2}$ = 1,45 km. Karte erstellt mit BayernAtlas (geoportal.bayern.de).

9.2.6.2 Bivariate Abbildungen

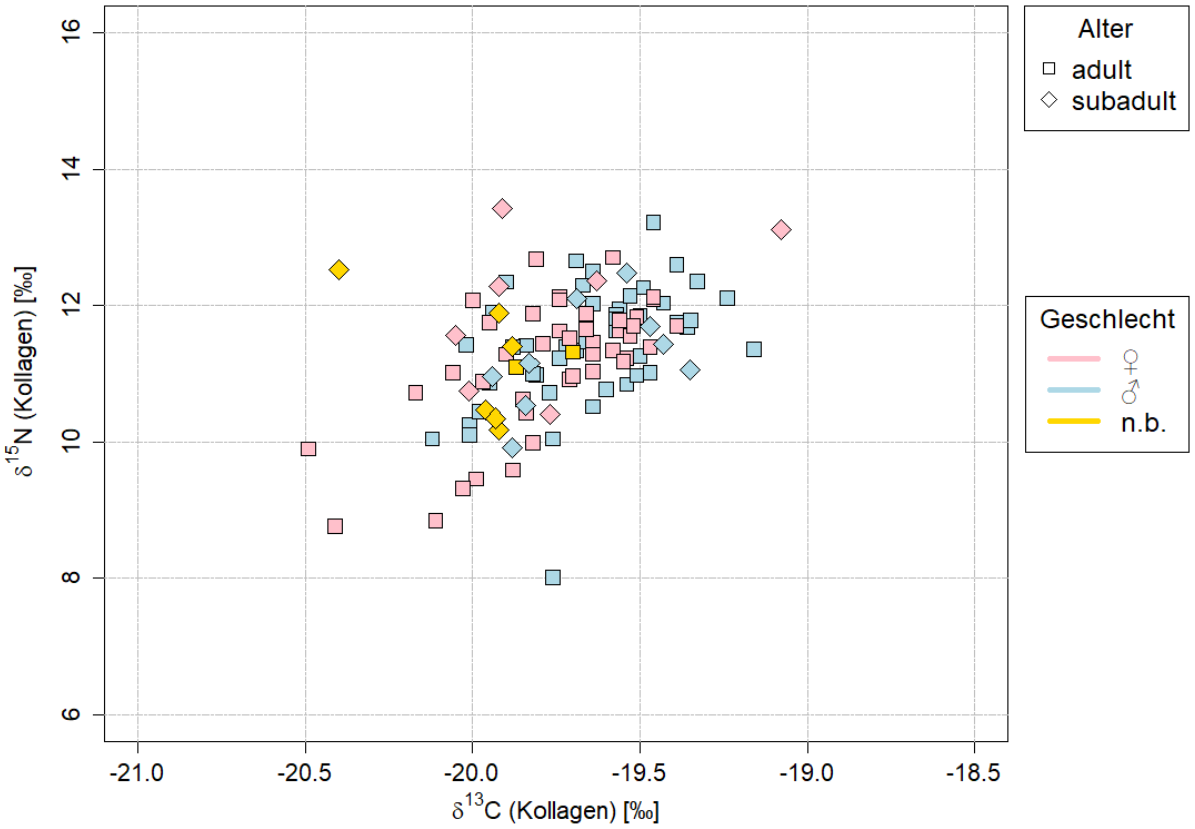


Abbildung A 390: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Regensburg. **n.b**: nicht bestimmbar.

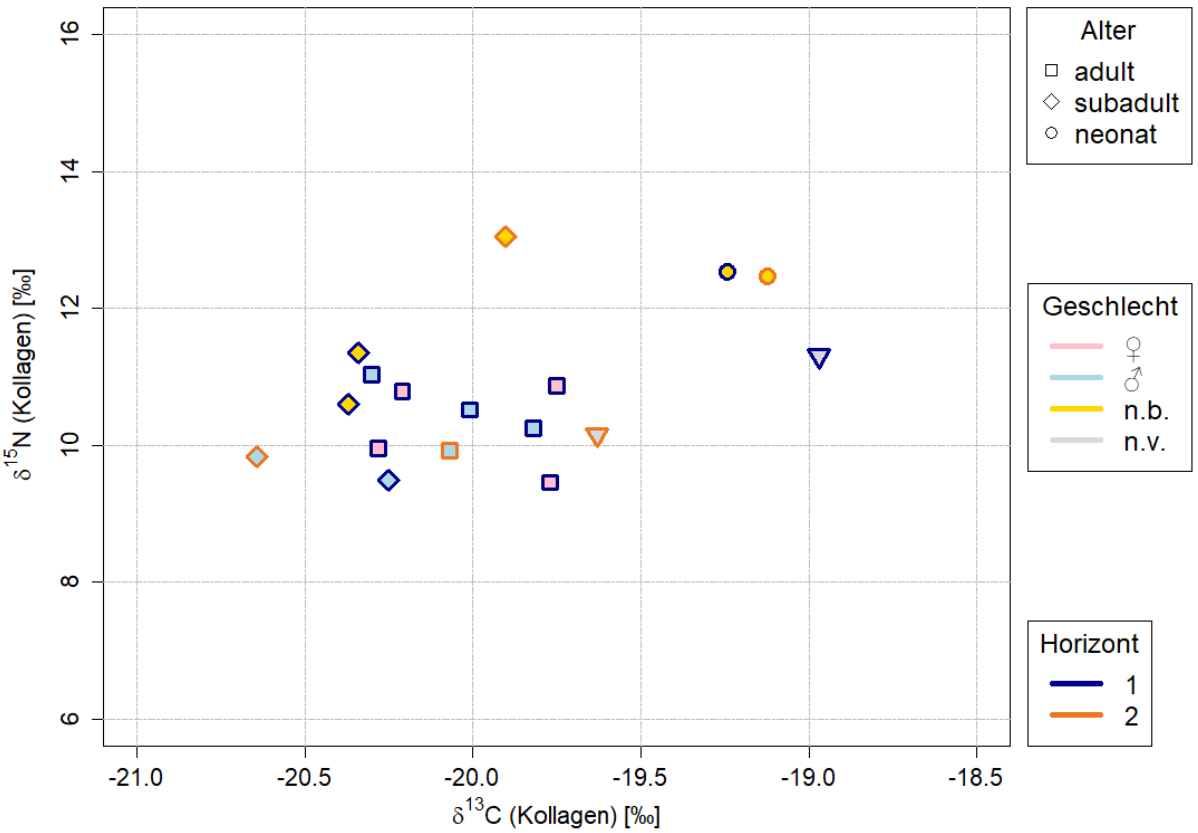


Abbildung A 391: Bivariate Verteilung der Kollagenwerte der Menschen aus Zeholfing. **n.b.**: nicht bestimmbar, n.v.: nicht vorhanden.

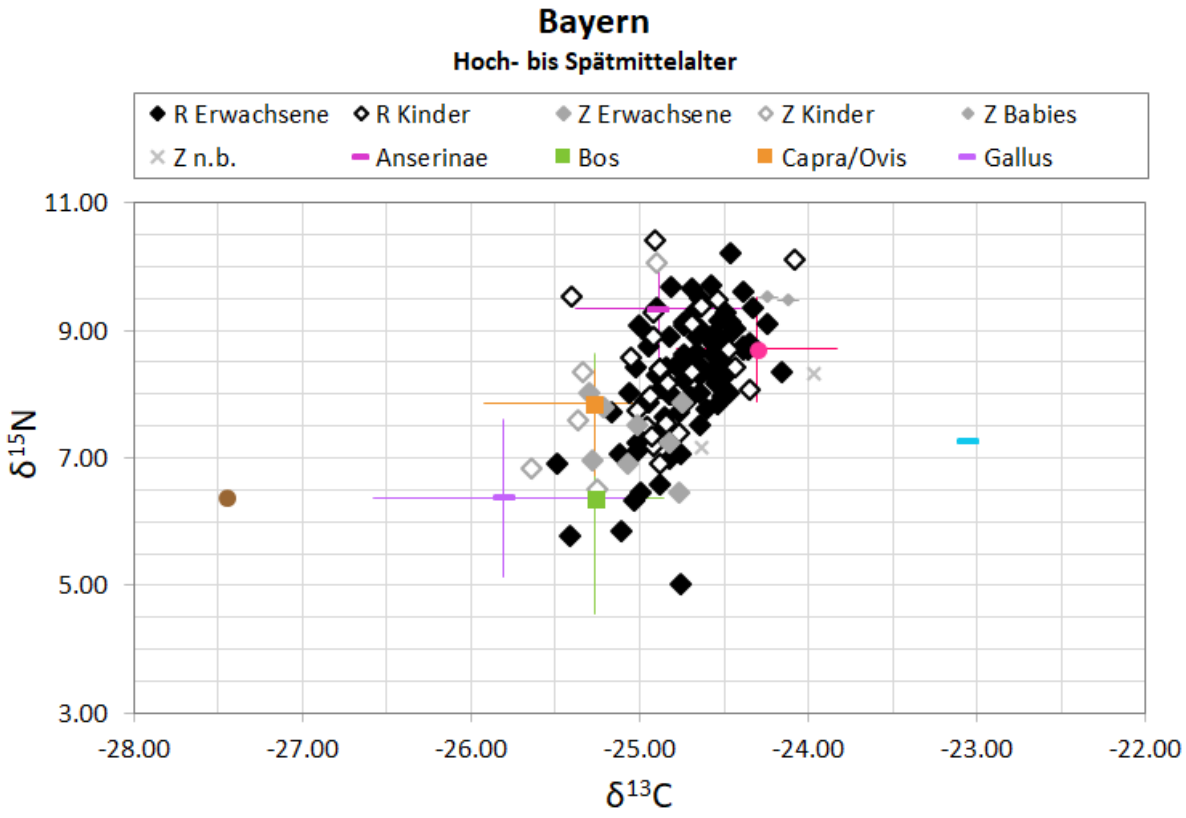


Abbildung A 392: Bivariate Verteilung der Ernährungswerte der Menschen und Fleischwerte der Tiere aus dem hoch- und spätmittelalterlichen Bayern. **R**: Regensburg, **Z**: Zeholfing.

9.2.6.3 MixSIAR: Regensburg - Populationsmedian

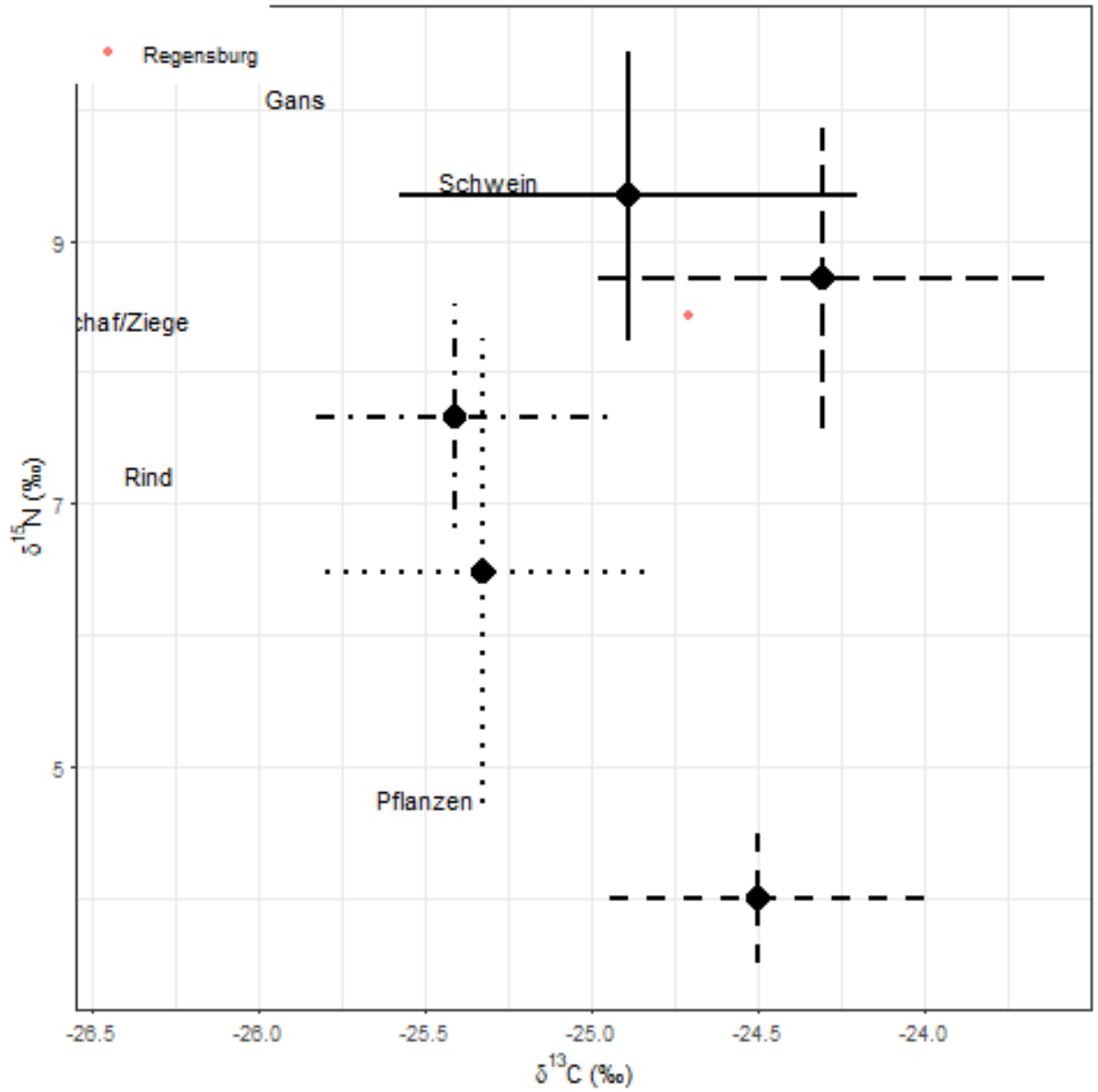


Abbildung A 393: Isospace Plot des Populationsmedians aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

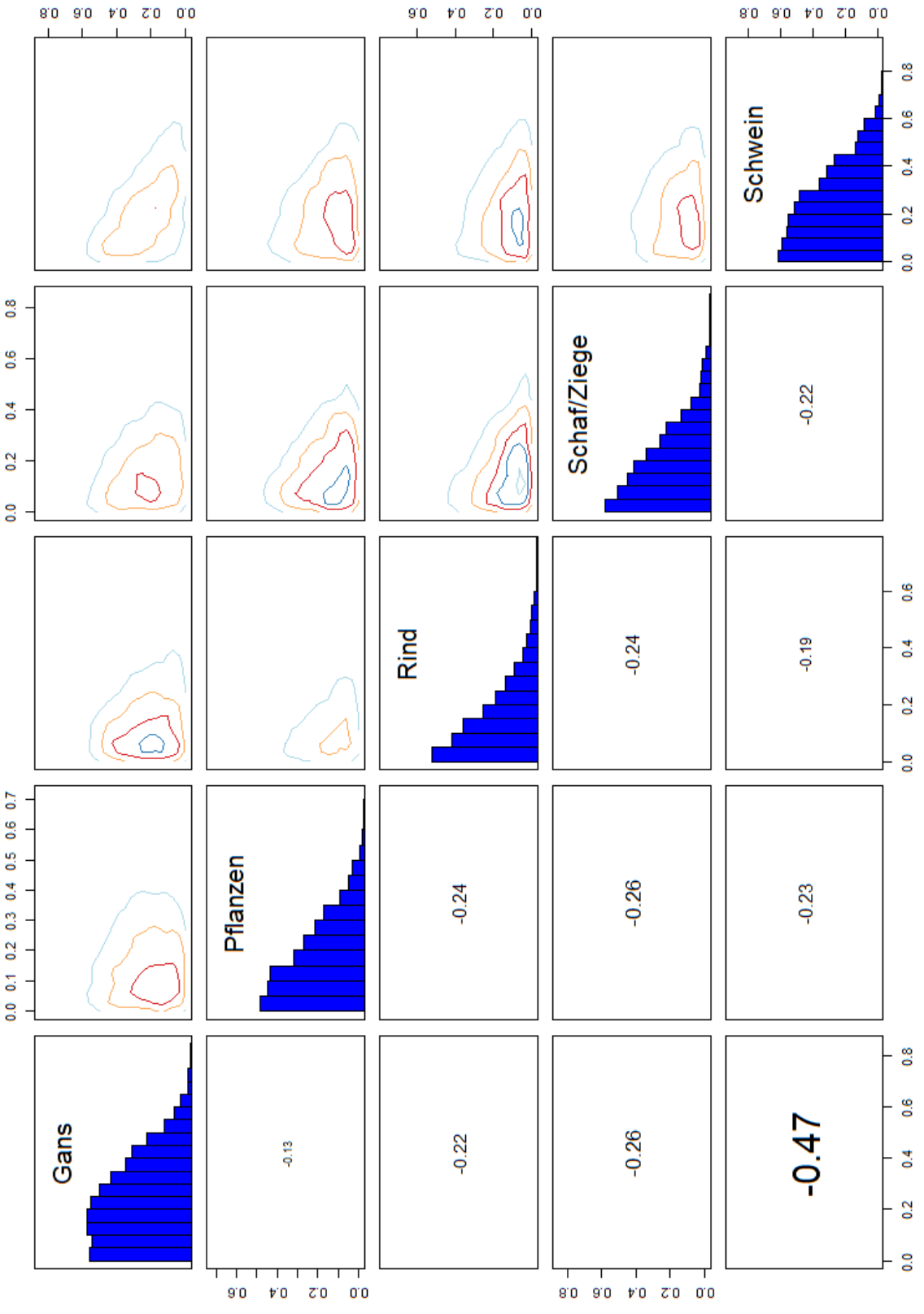


Abbildung A 394: Pairs Plot der Population aus Regensburg. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.6.4 MixSIAR: Regensburg - Geschlecht

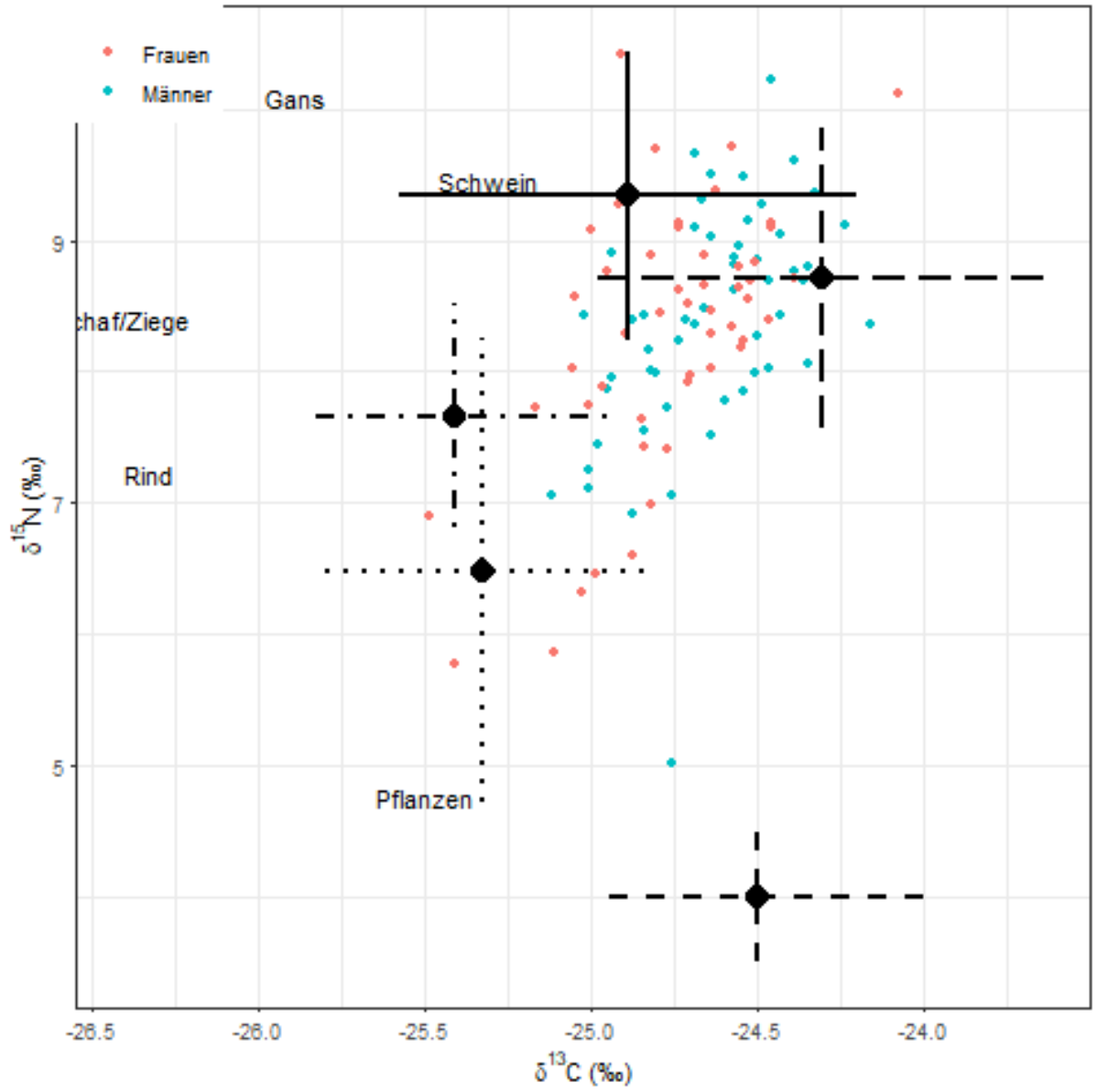


Abbildung A 395: Isospace Plot des Individuen aus Regenburg unterteilt nach männlichen und weiblichen Individuen. Erstellt mit MixSIAR.

Frauen

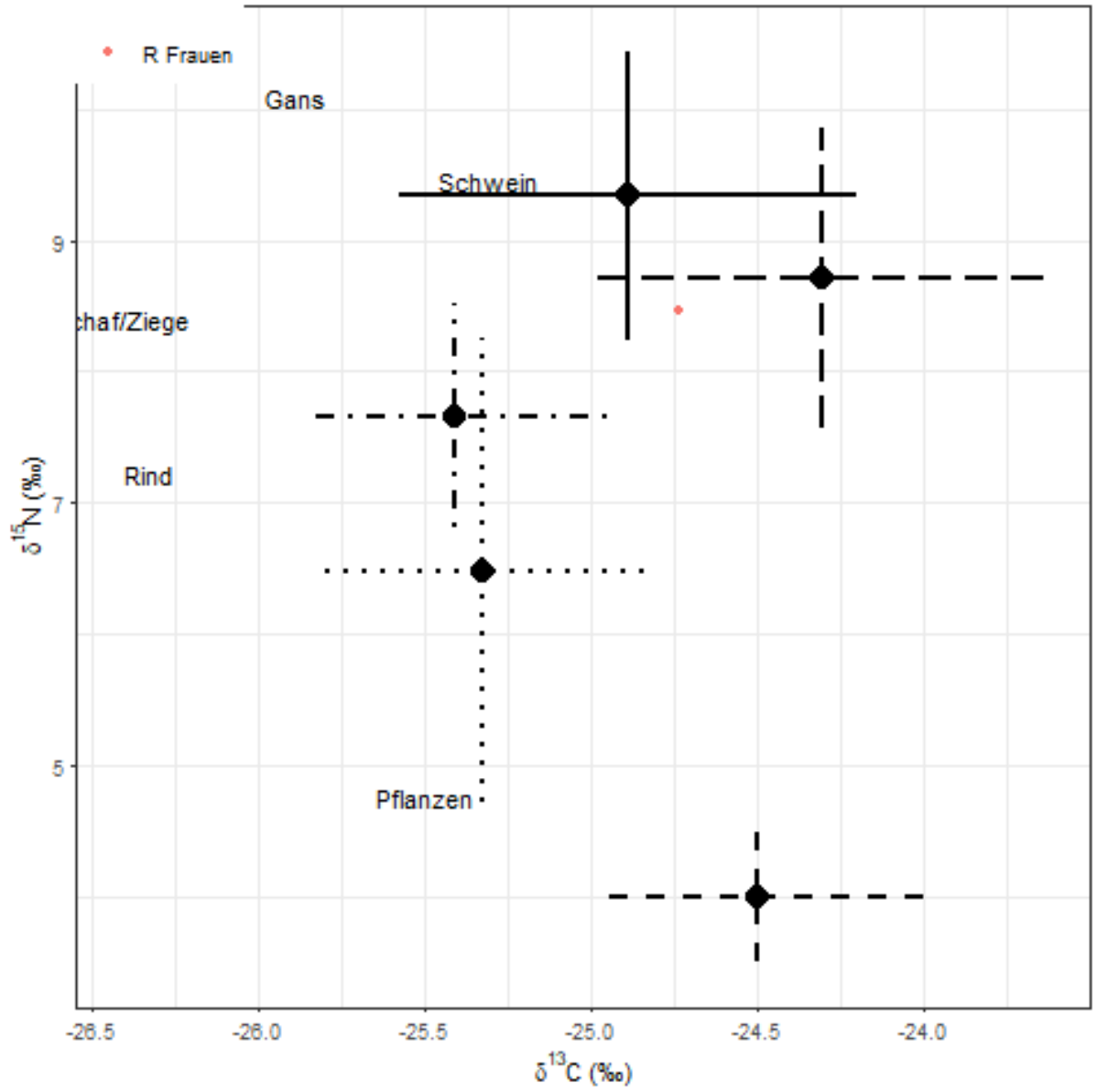


Abbildung A 396: Isospace Plot des Medians der Frauen aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

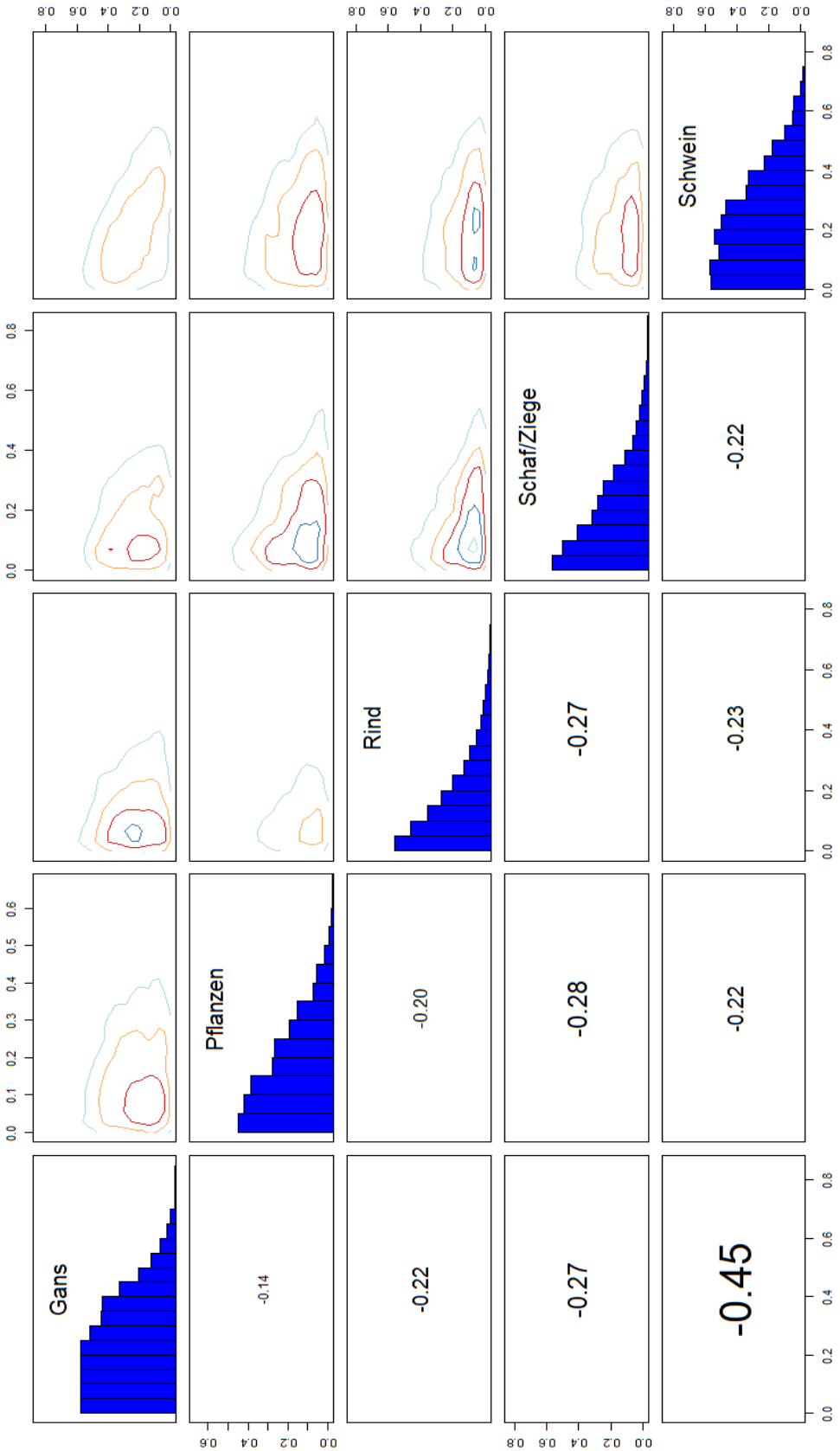


Abbildung A 397: Pairs Plot der Ergebnisse des Medians der Frauen aus Regensburg. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

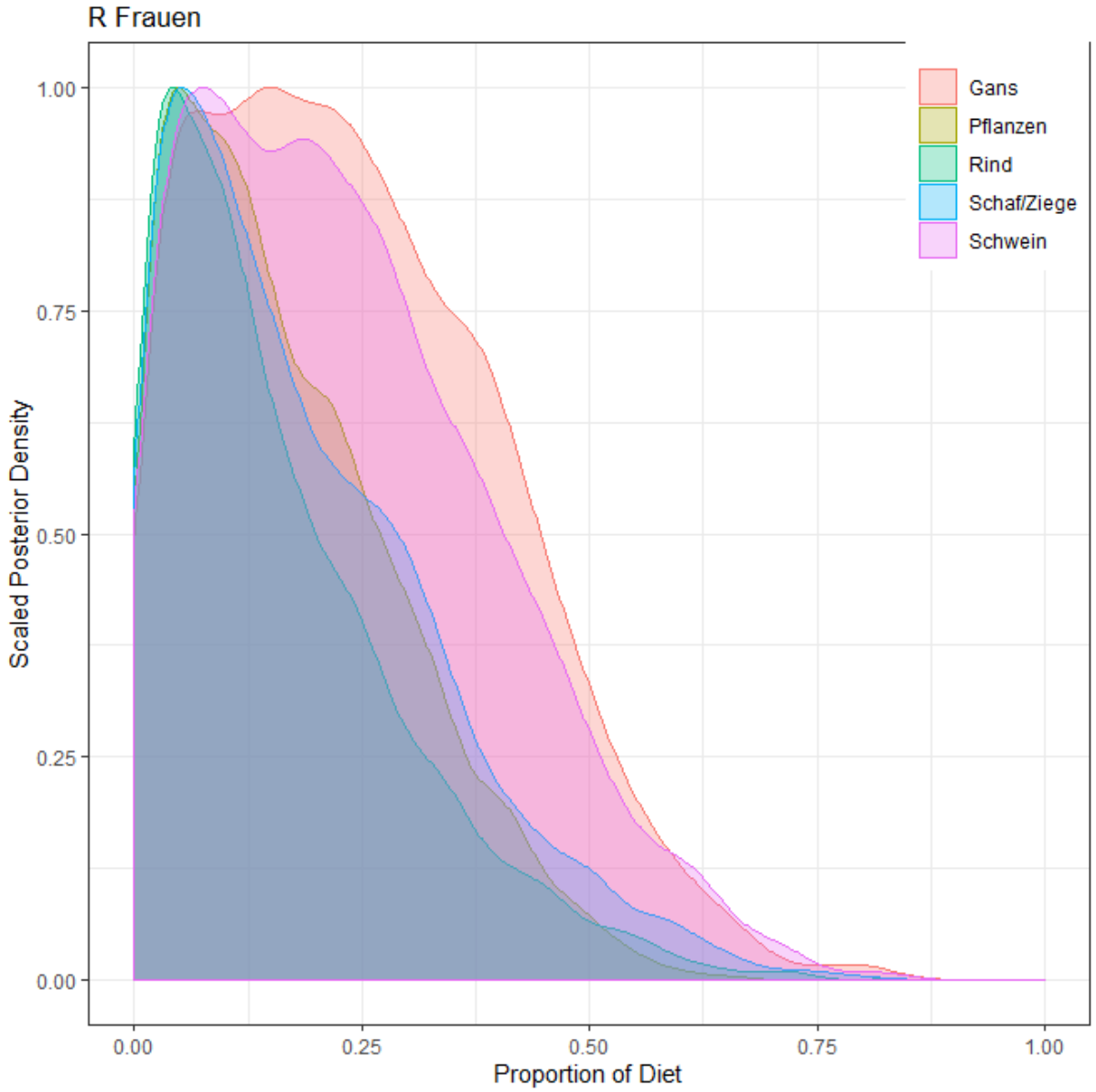


Abbildung A 398: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Frauen aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

Männer

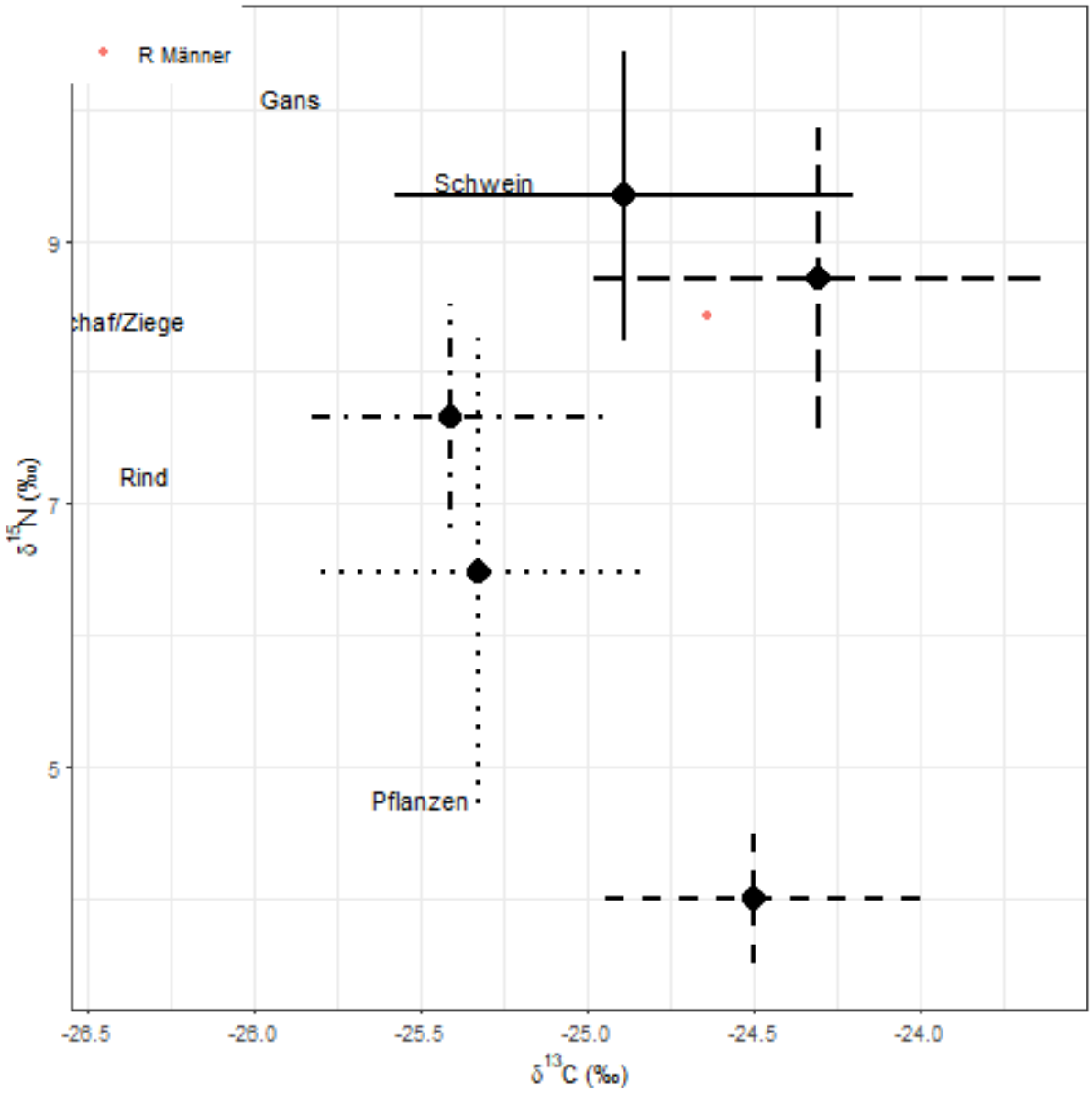


Abbildung A 399: Isospace Plot des Medians der Männer aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

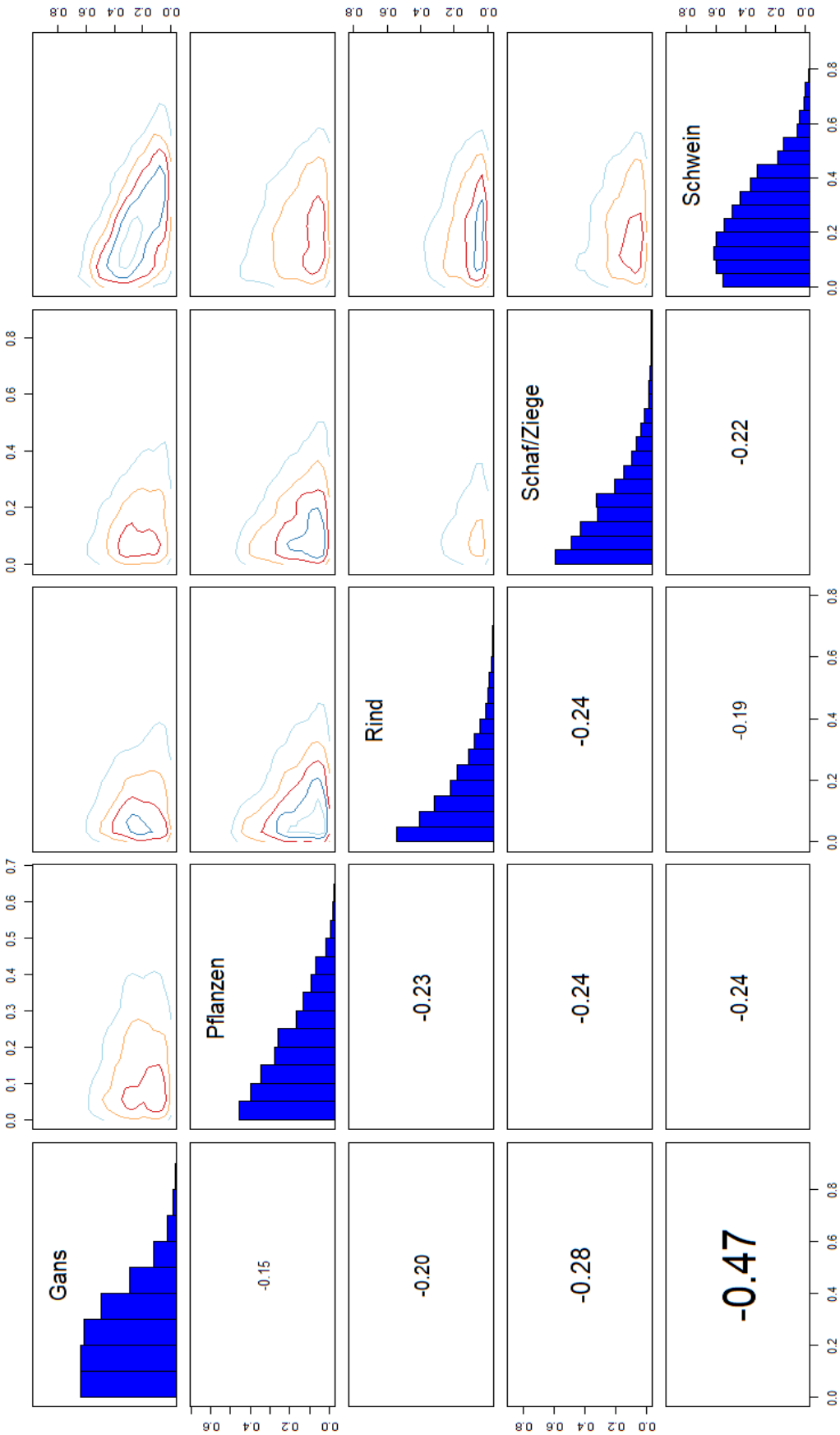


Abbildung A 400: Pairs Plot der Ergebnisse des Medians der Männer aus Regensburg. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

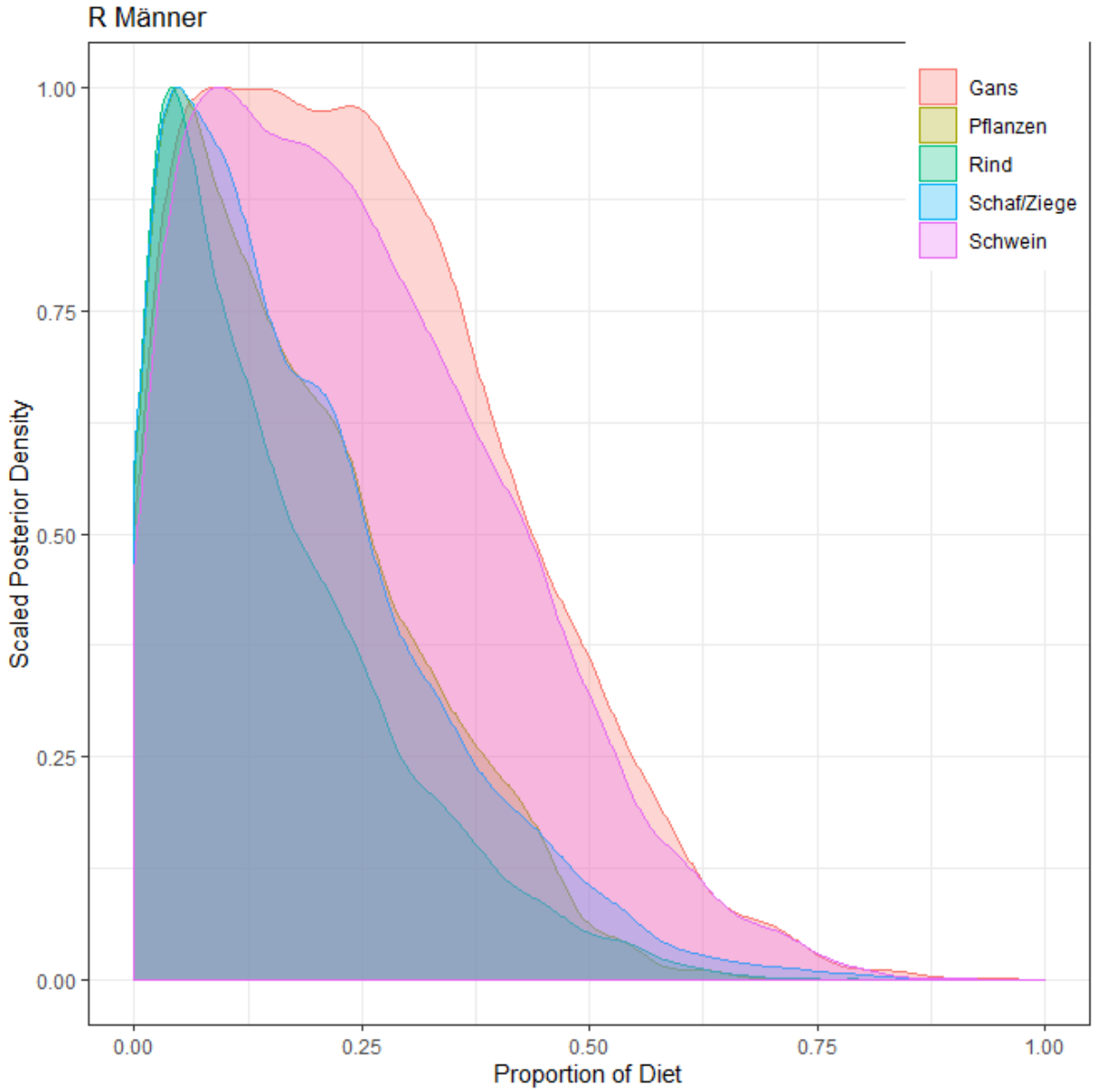


Abbildung A 401: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Männer aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.6.5 MixSIAR: Zeholfing – Populationsmedian

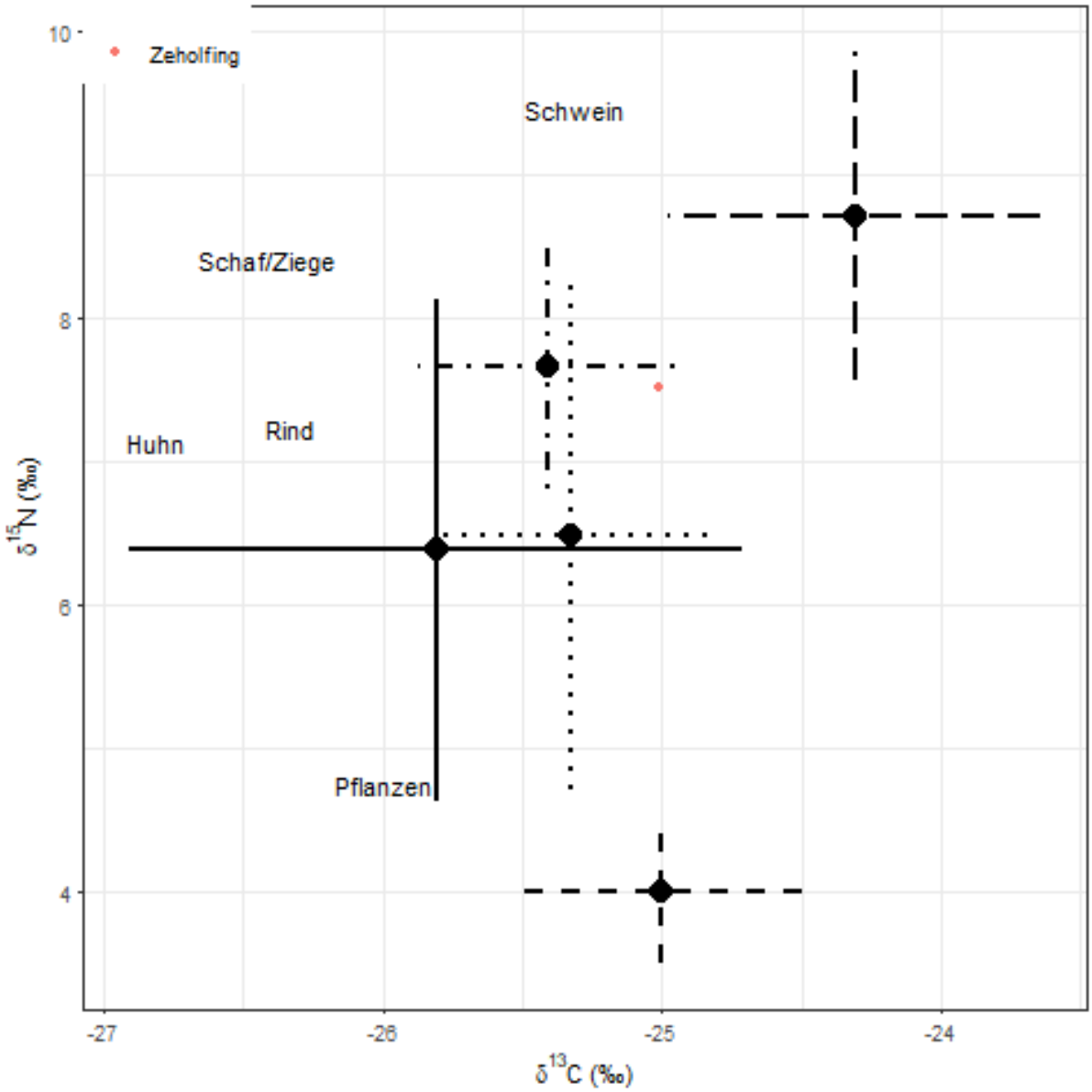


Abbildung A 402: Isospace Plot des Populationsmedians aus Zeholfing. Erstellt mit MixSIAR.

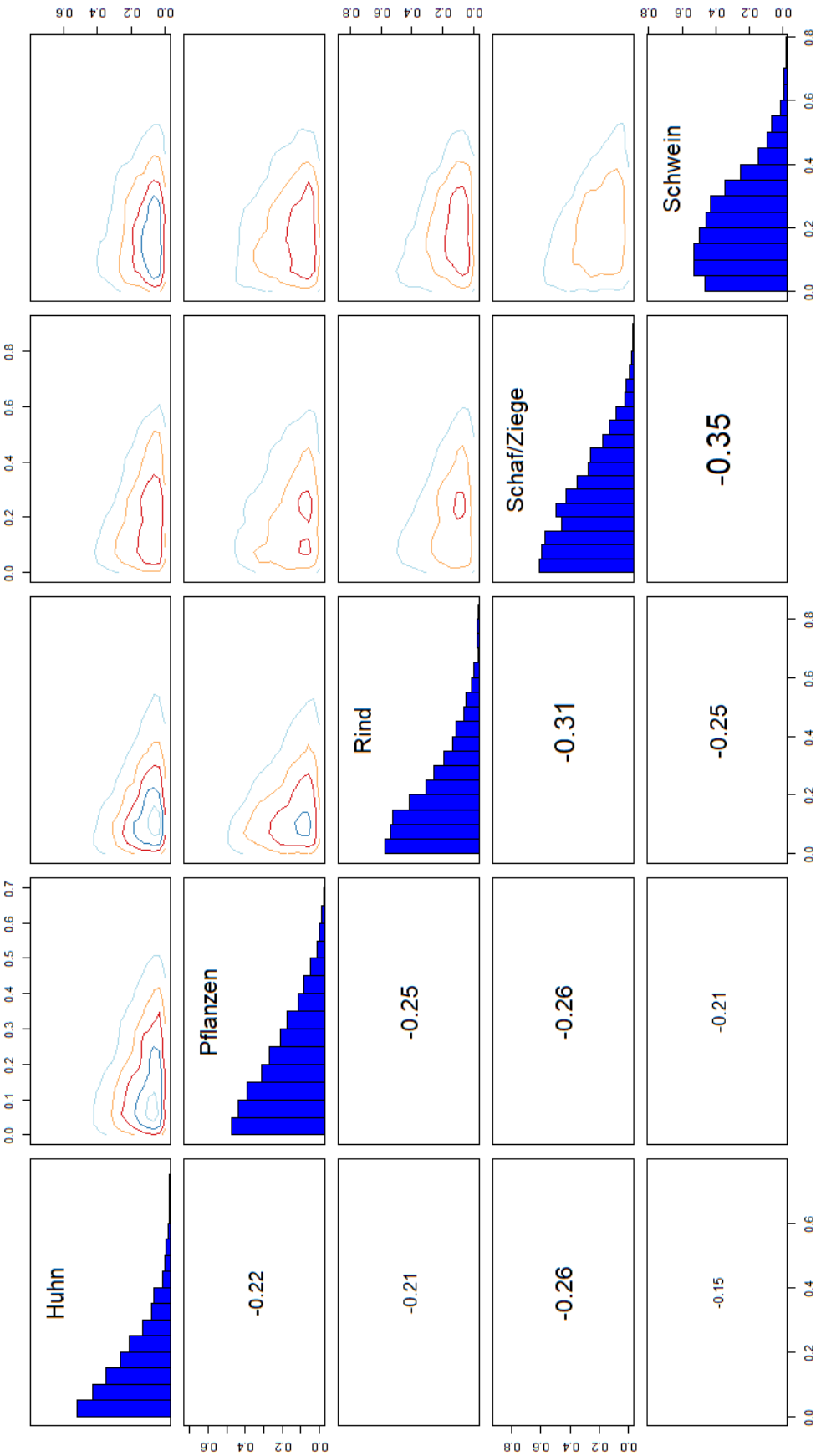


Abbildung A 403: Pairs Plot der Population aus Zeholfing. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

9.2.6.6 MixSIAR: Zeholfing - Friedhofsteile

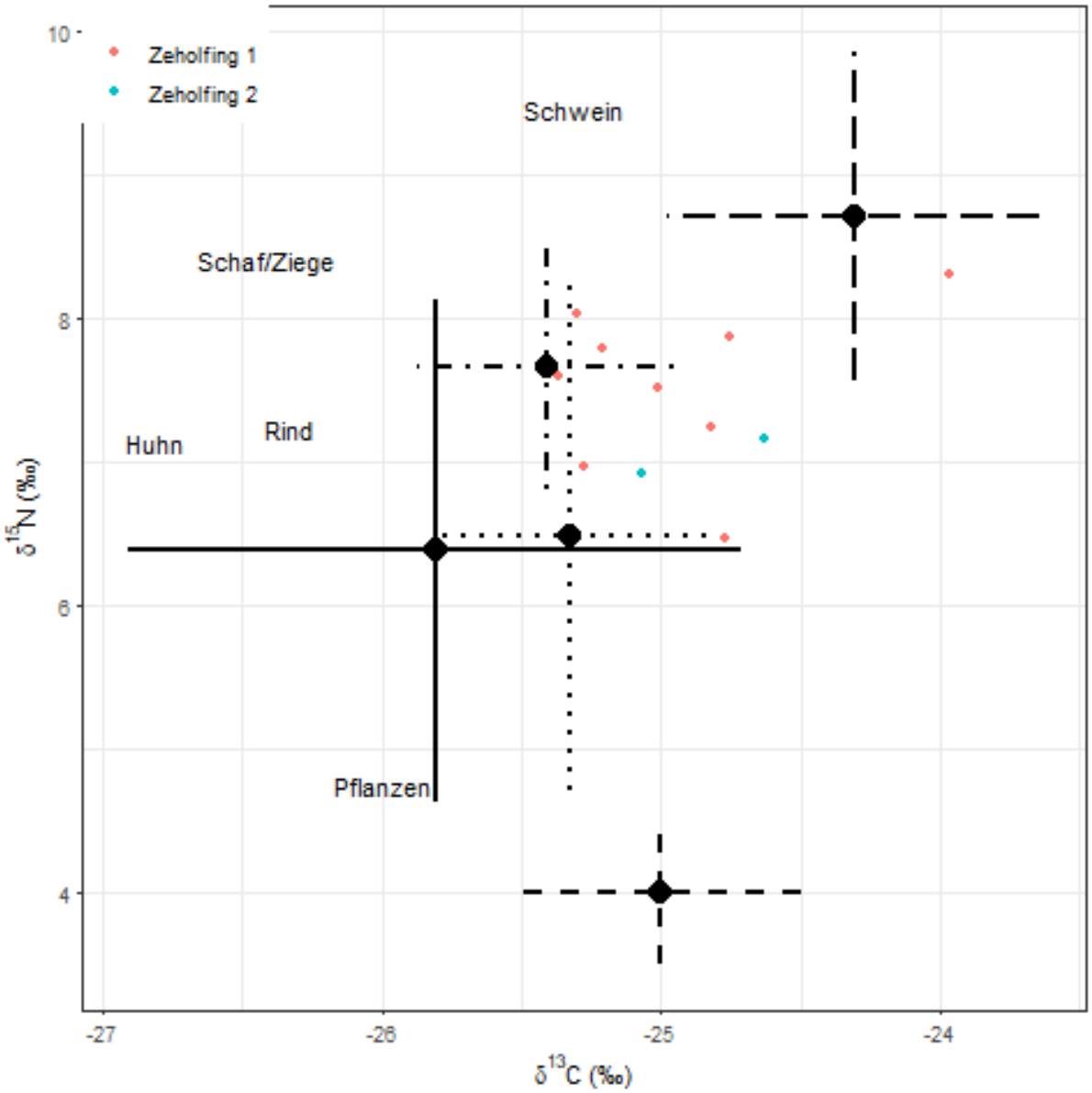


Abbildung A 404: Isospace Plot des Individuen aus Zeholfing unterteilt nach Friedhofsteil. Erstellt mit MixSIAR.

Zeholfing - Horizont 1

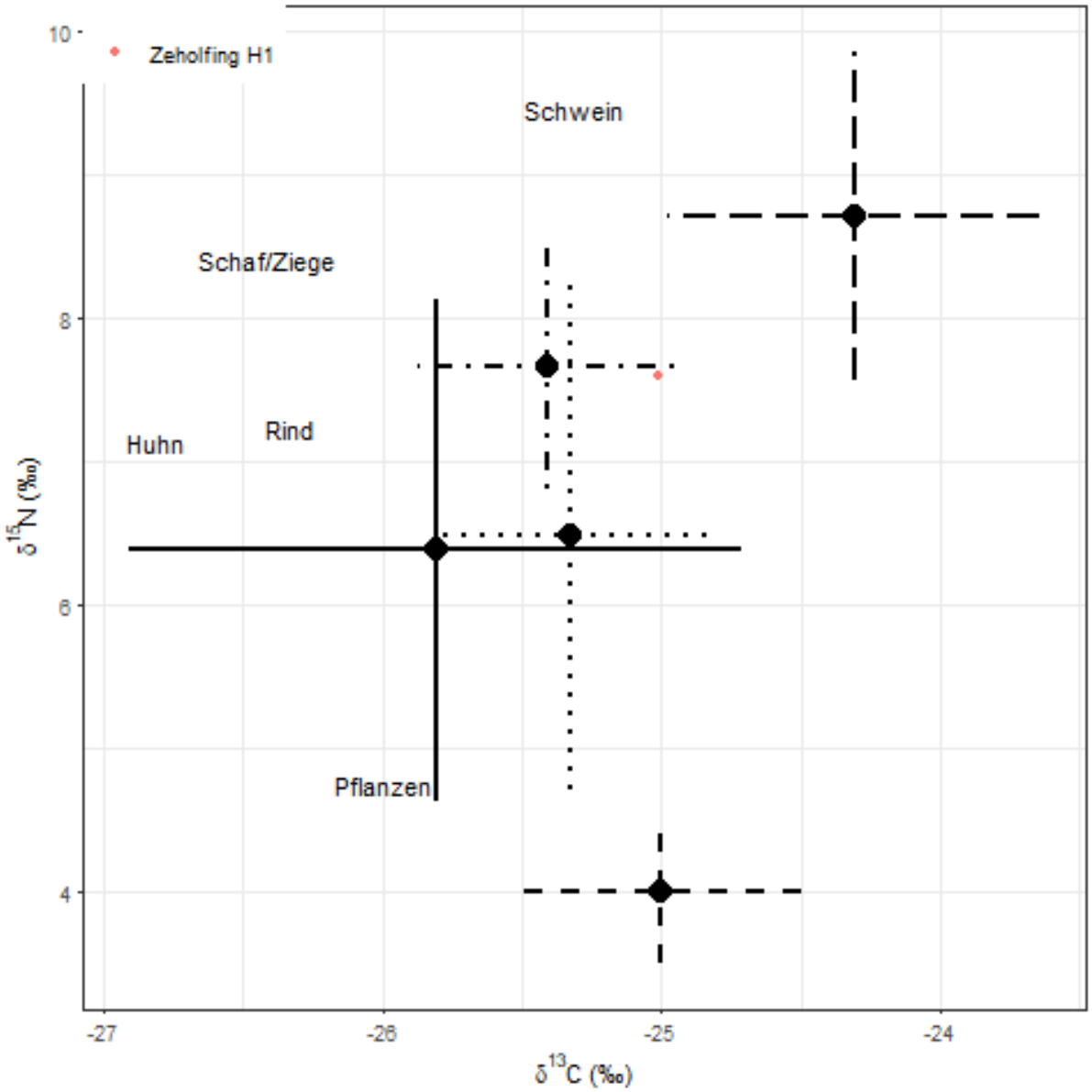


Abbildung A 405: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

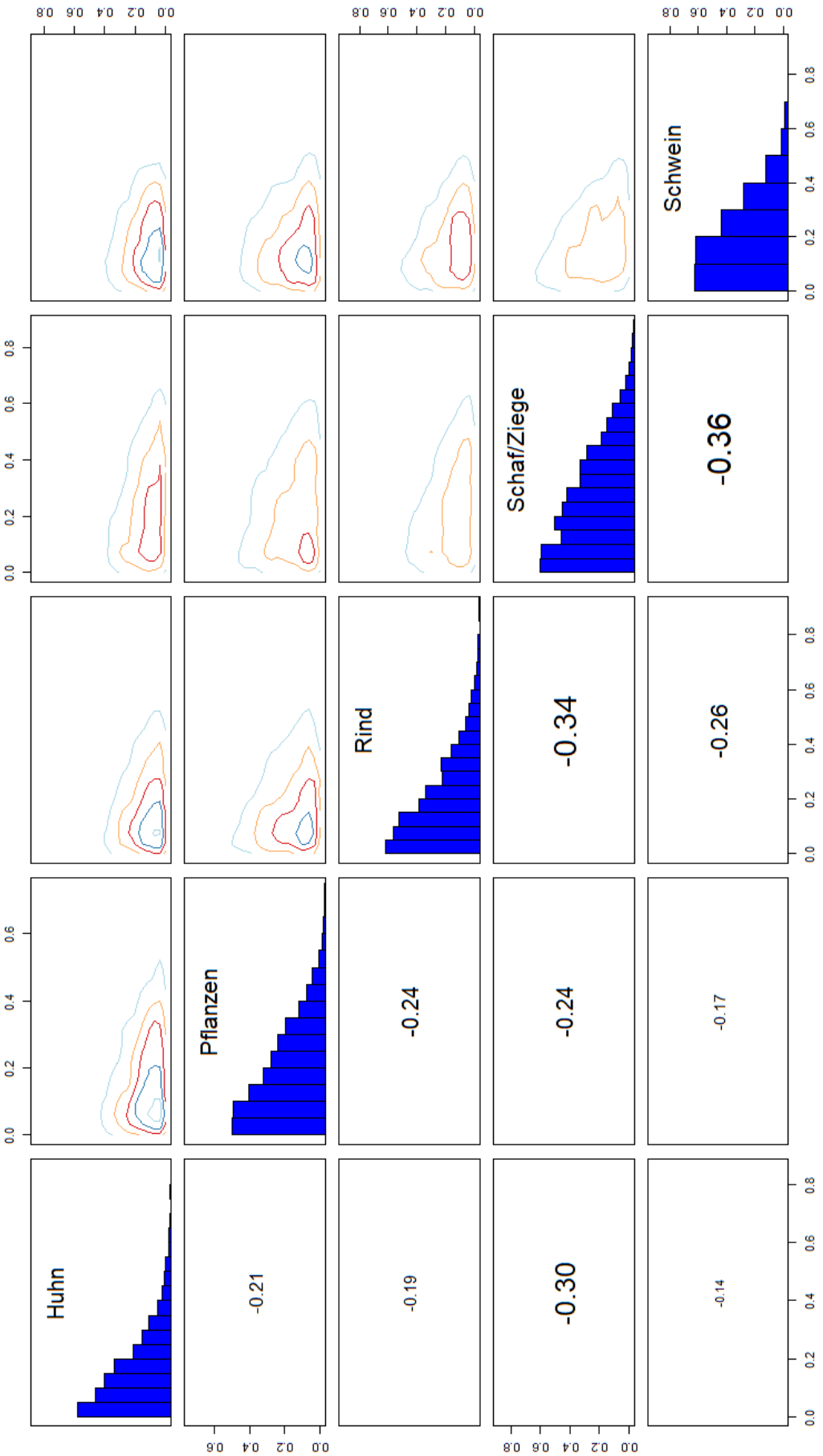


Abbildung A 406: Pairs Plot der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

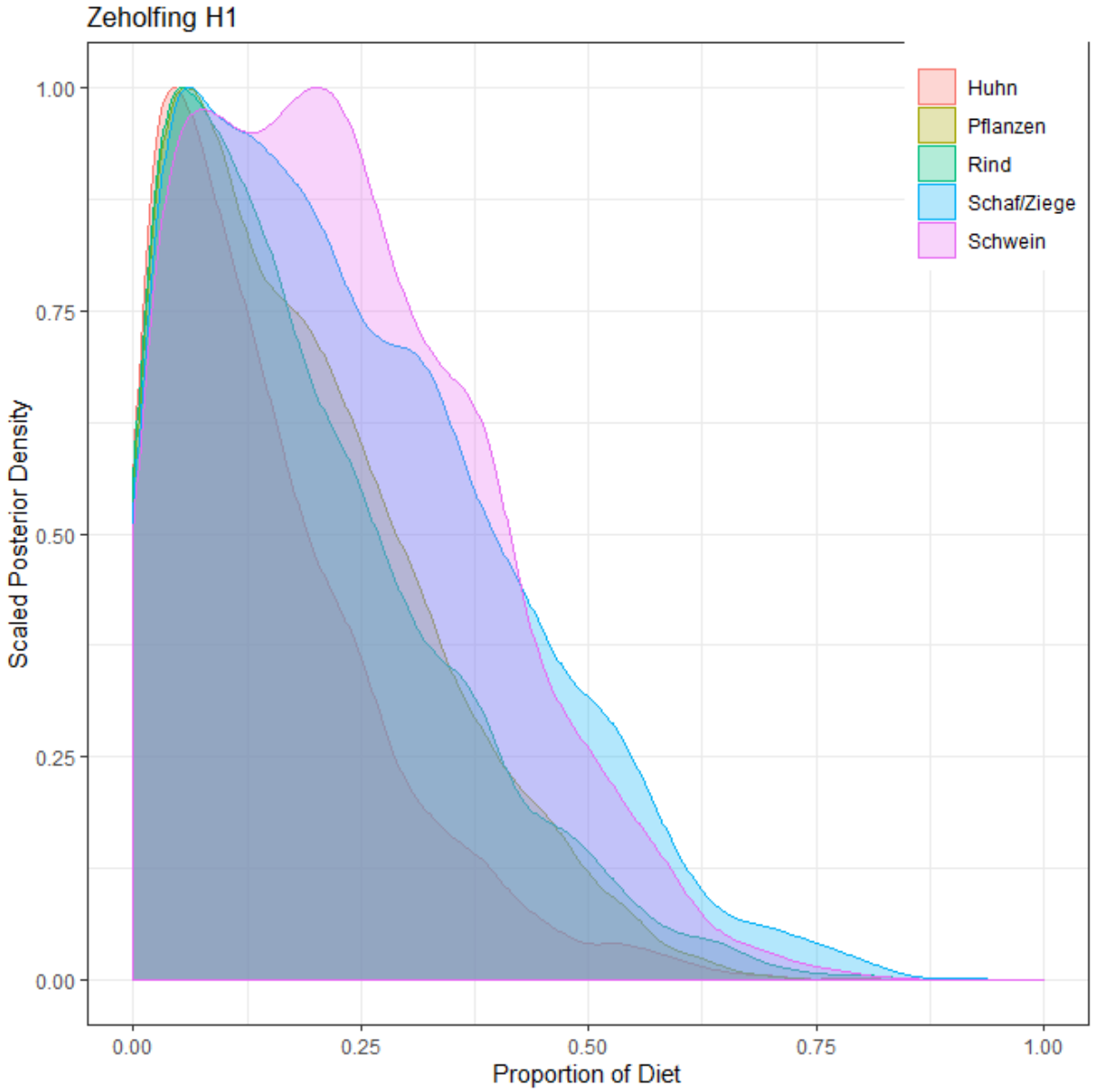


Abbildung A 407: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

Zeholfing – Horizont 2

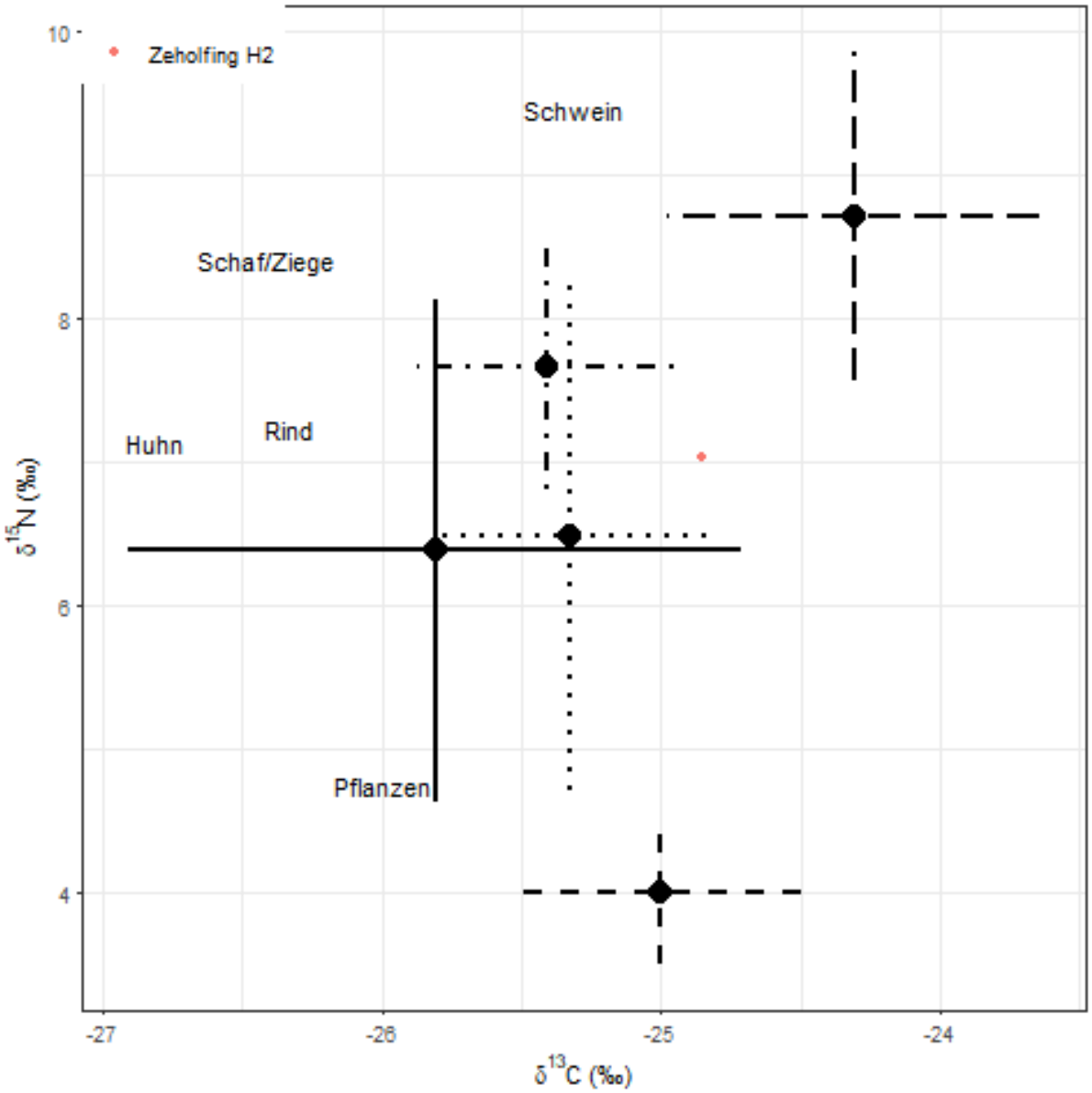


Abbildung A 408: Isospace Plot des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

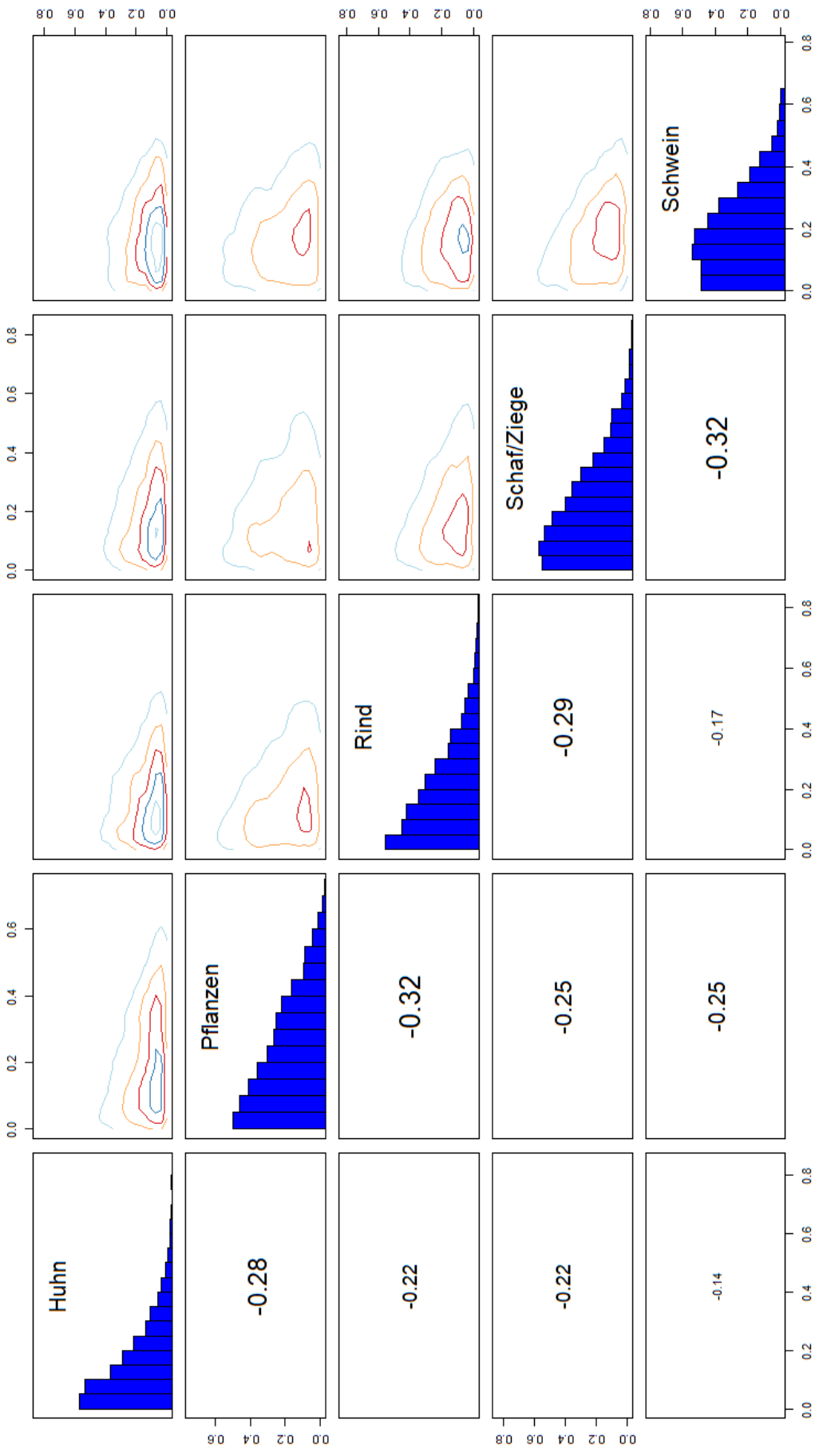


Abbildung A 409: Pairs Plot der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Diagonale: Konturdiagramme der Nahrungsquelle. Diagonale: Histogramme der Anteile der Nahrungsquellen. unterhalb Diagonale: Korrelation der Nahrungsquelle.

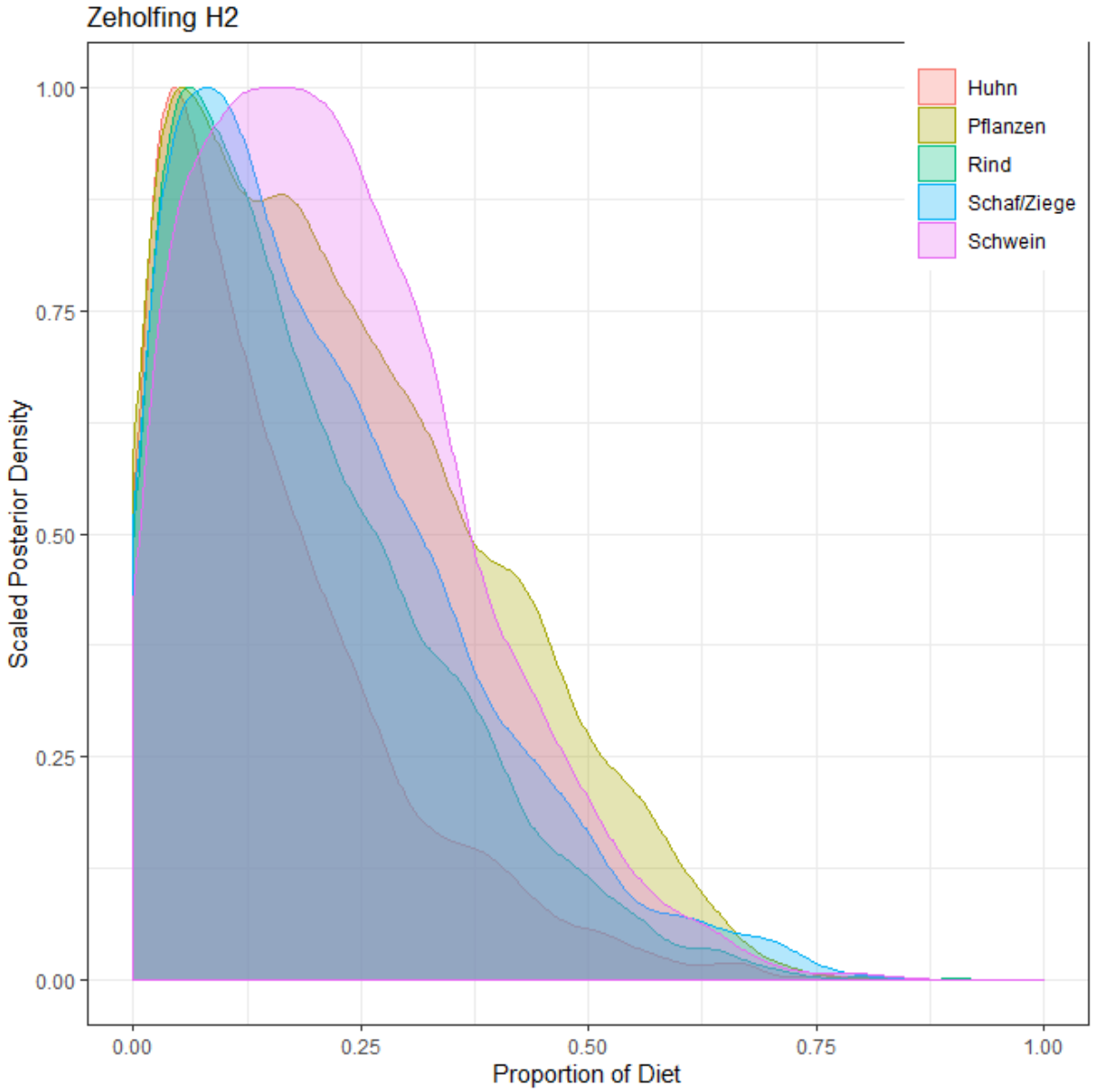


Abbildung A 410: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Erstellt mit MixSIAR.

9.2.6.7 SISUS: Regensburg

Gesamtpopulation

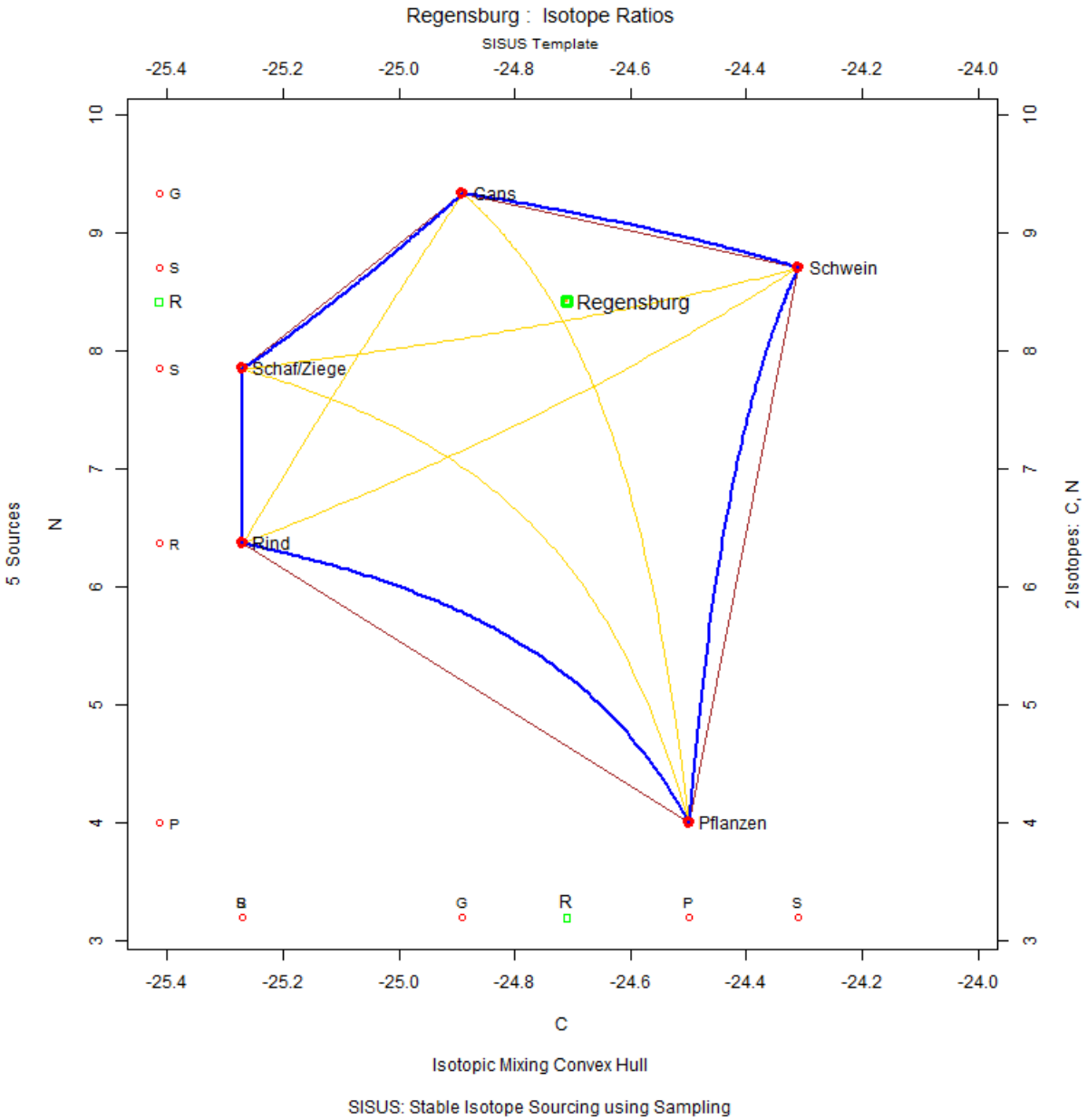


Abbildung A 411: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

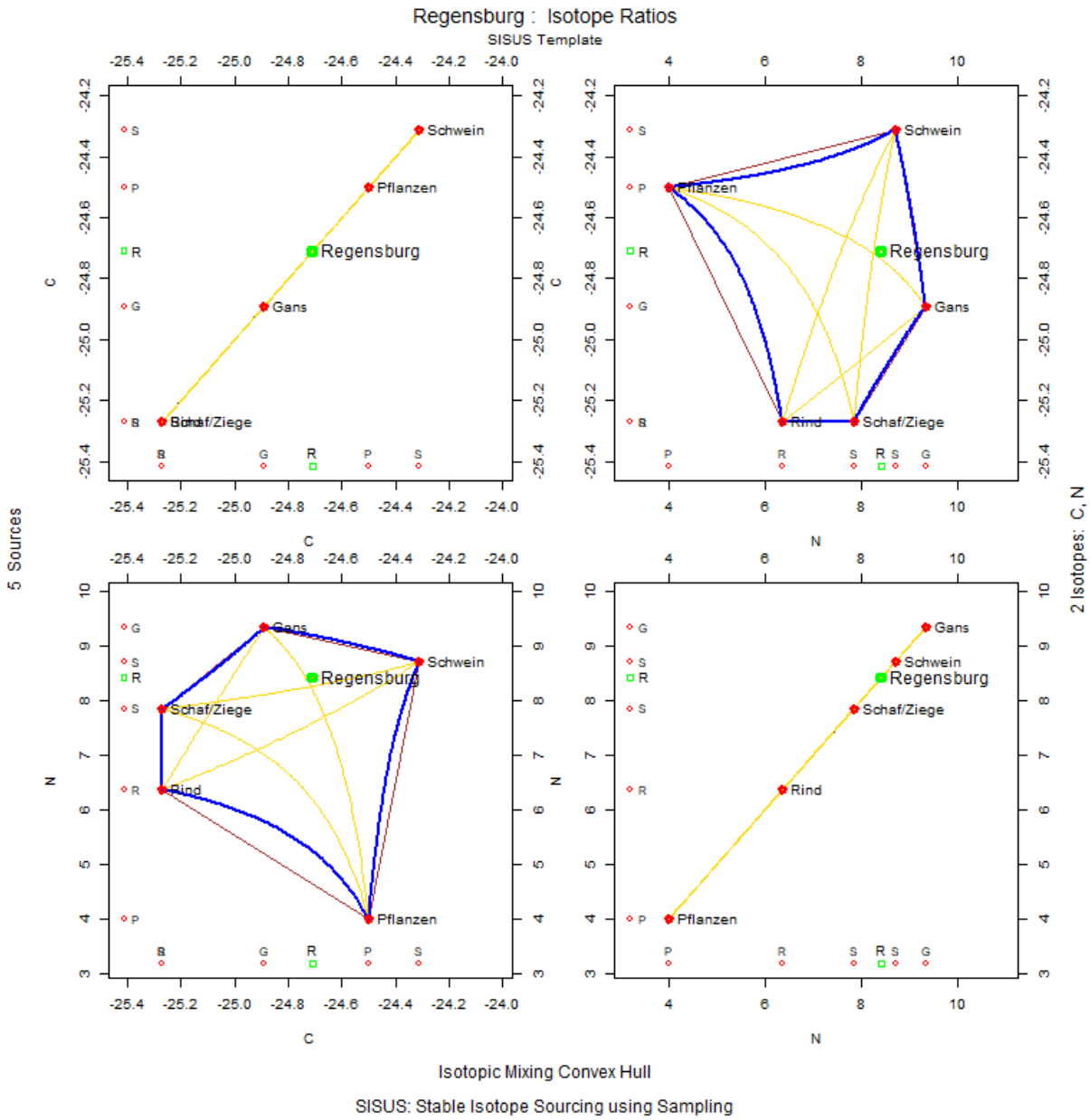


Abbildung A 412: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

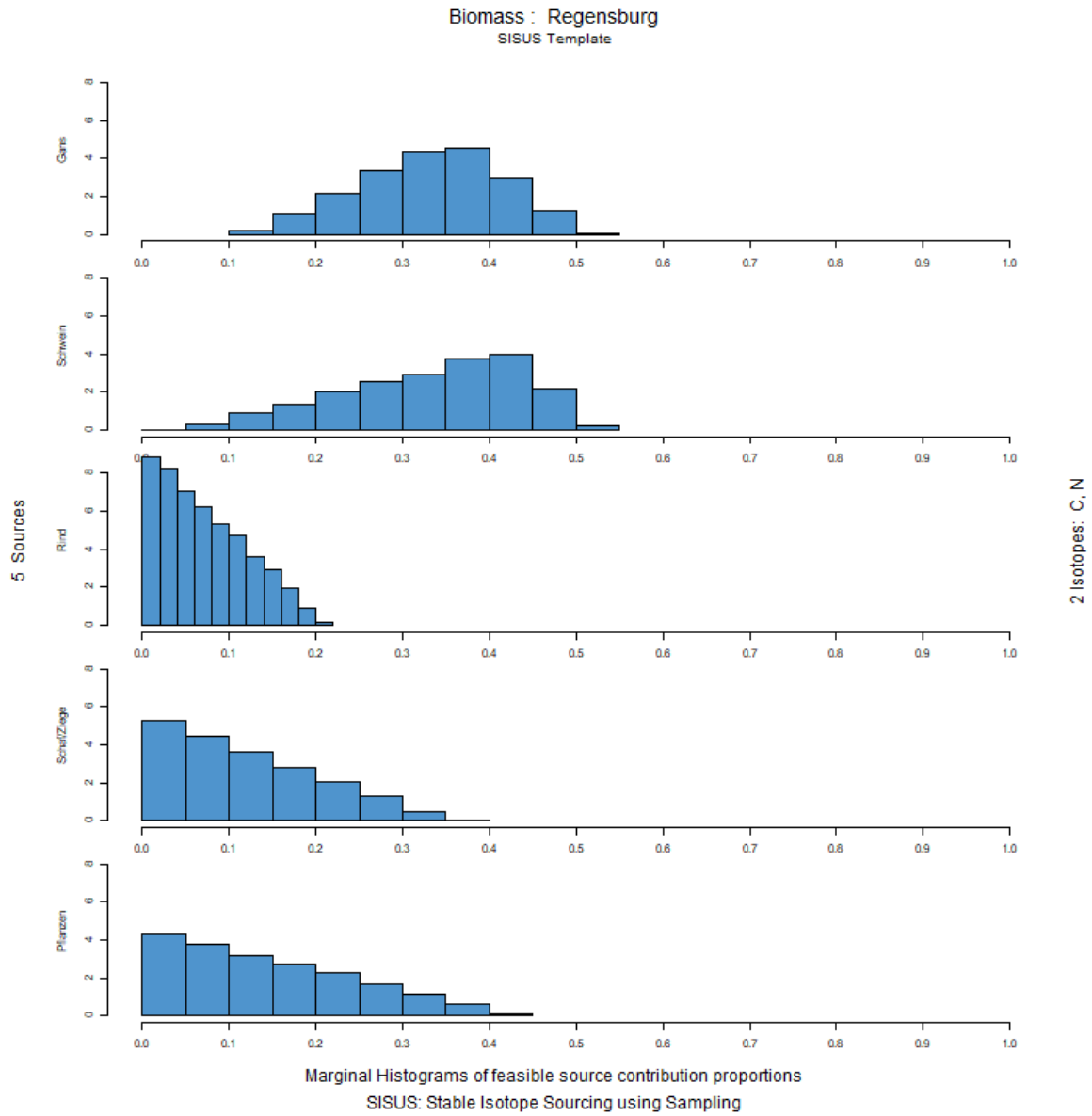


Abbildung A 413: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

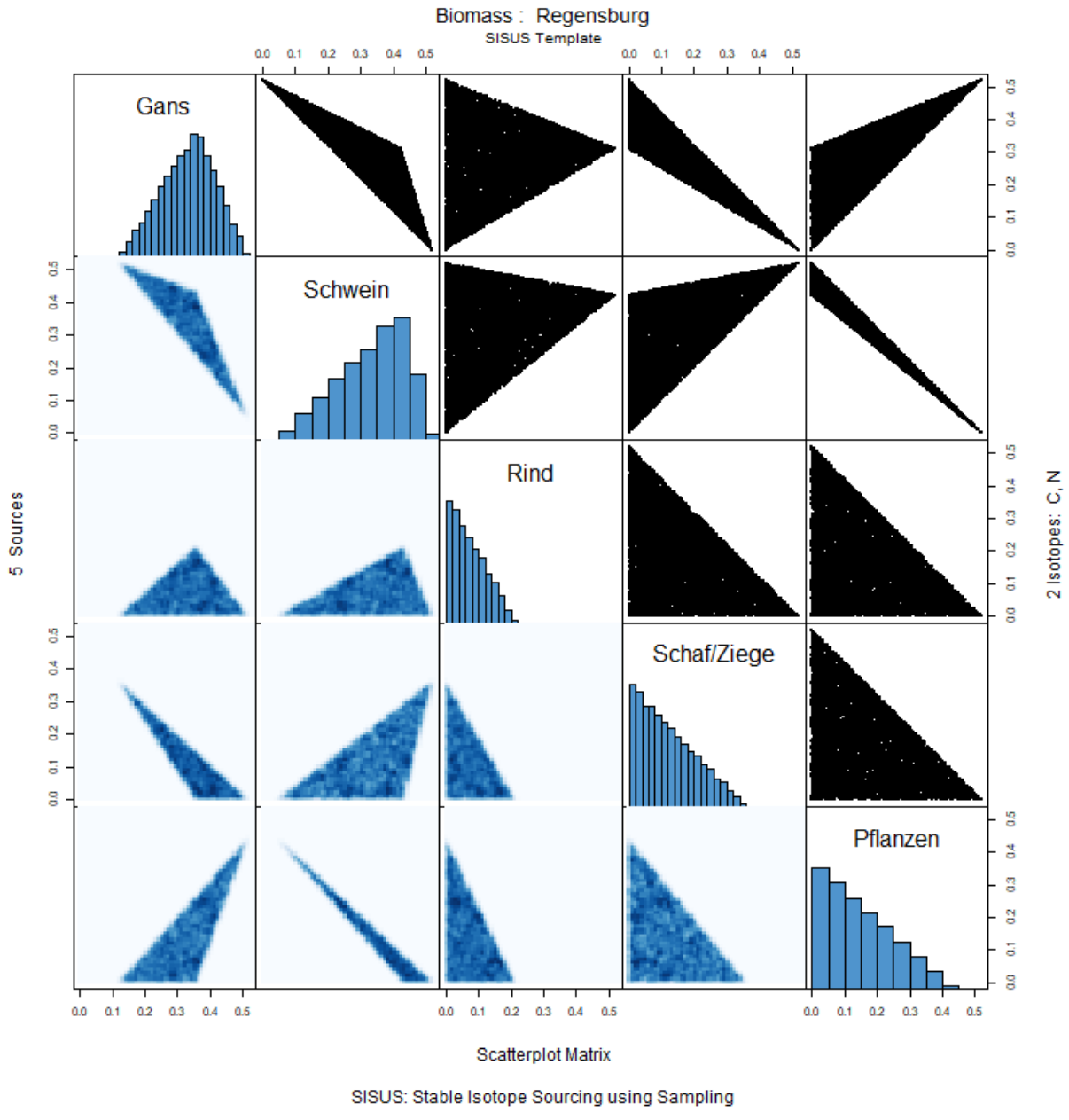


Abbildung A 414: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

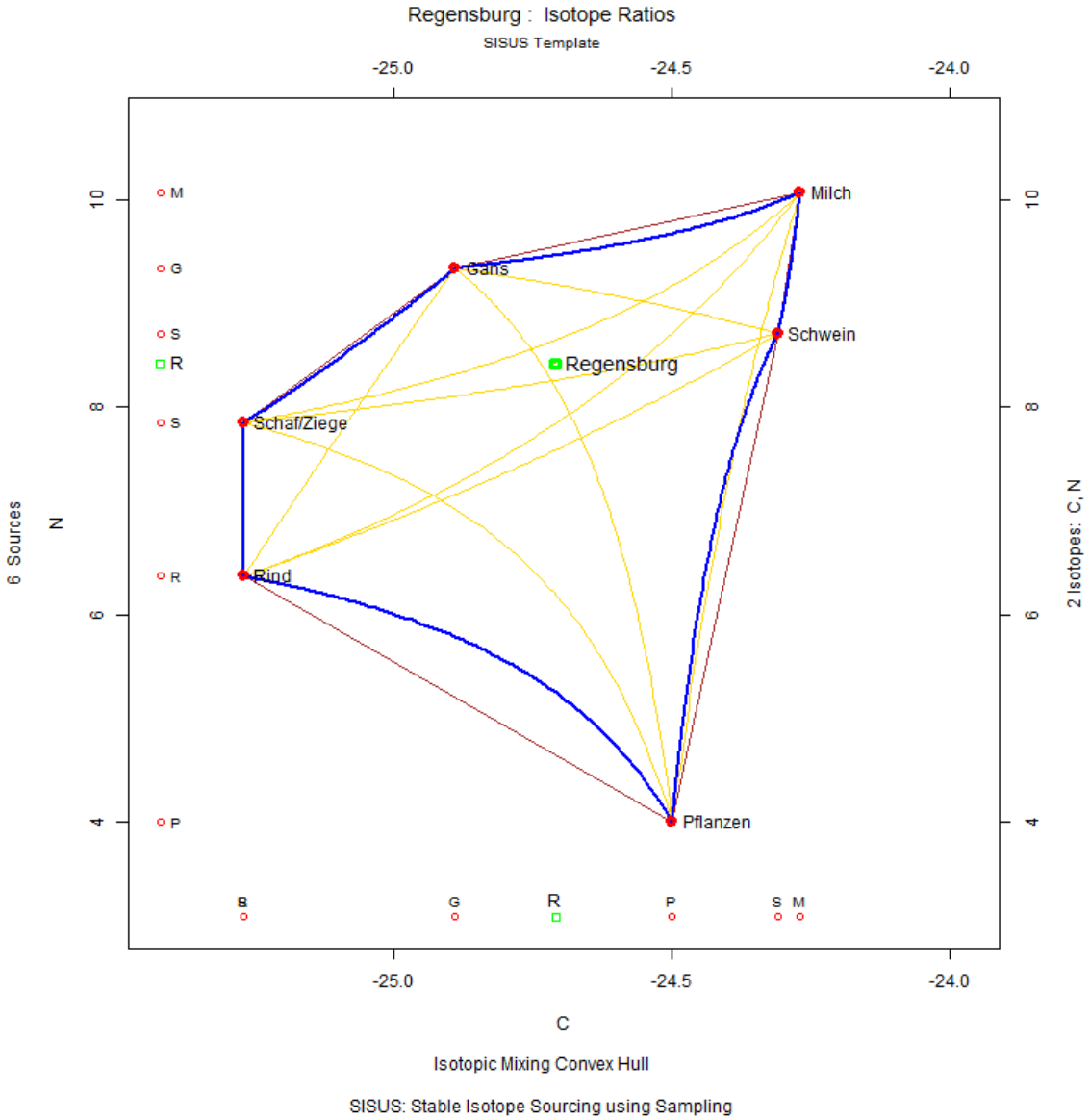


Abbildung A 415: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

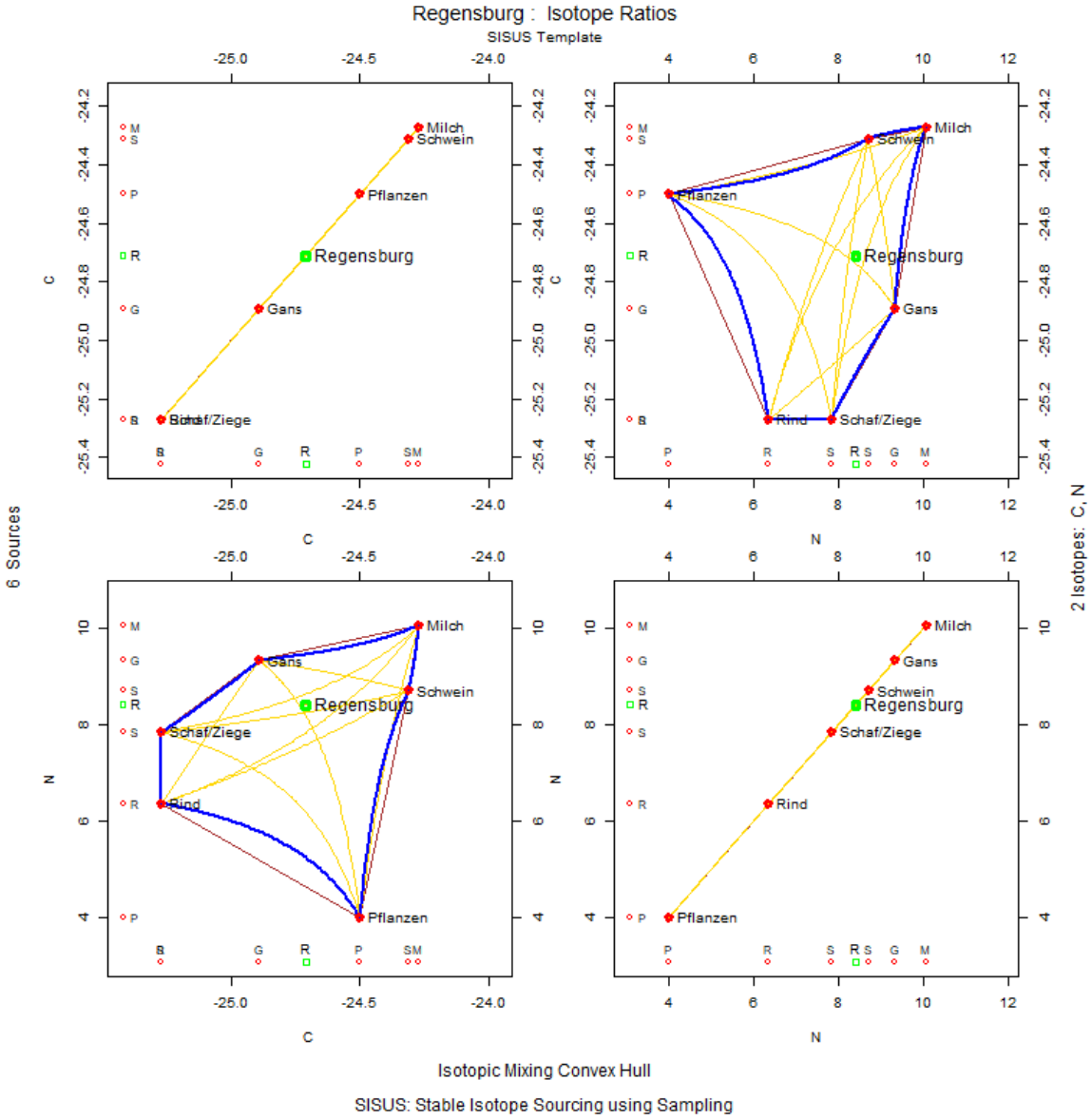


Abbildung A 416: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

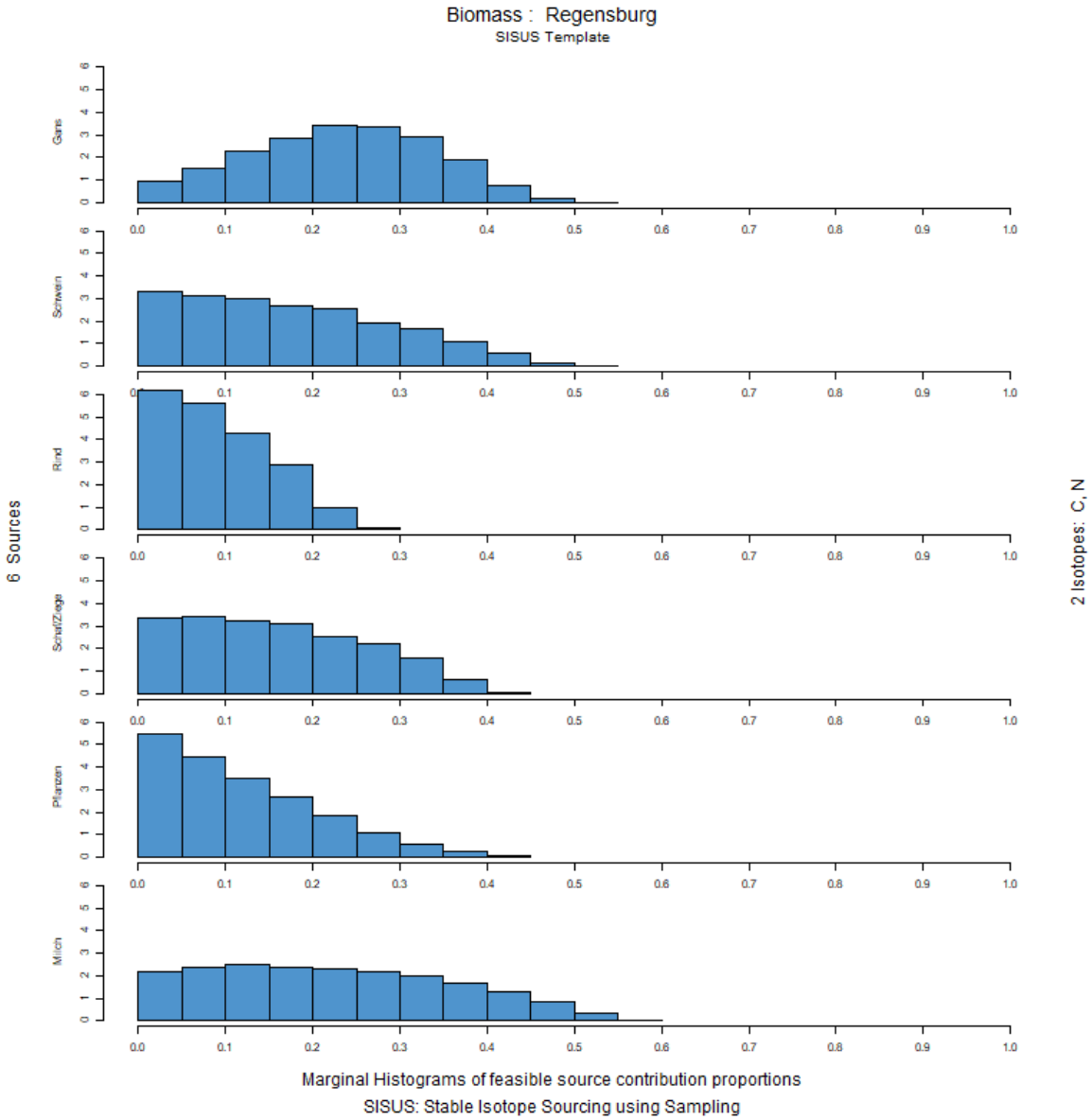


Abbildung A 417: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

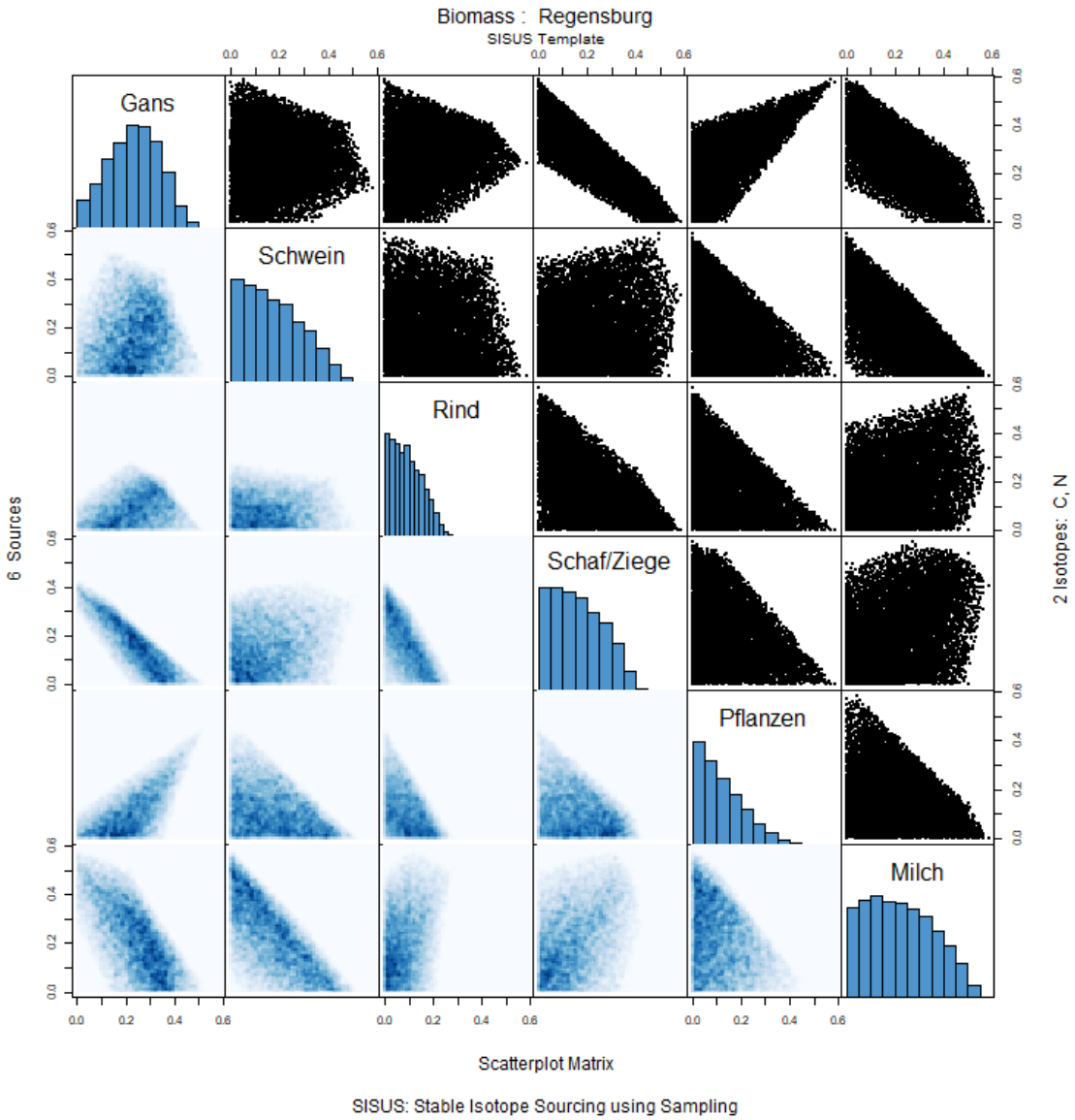


Abbildung A 418: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

Frauen

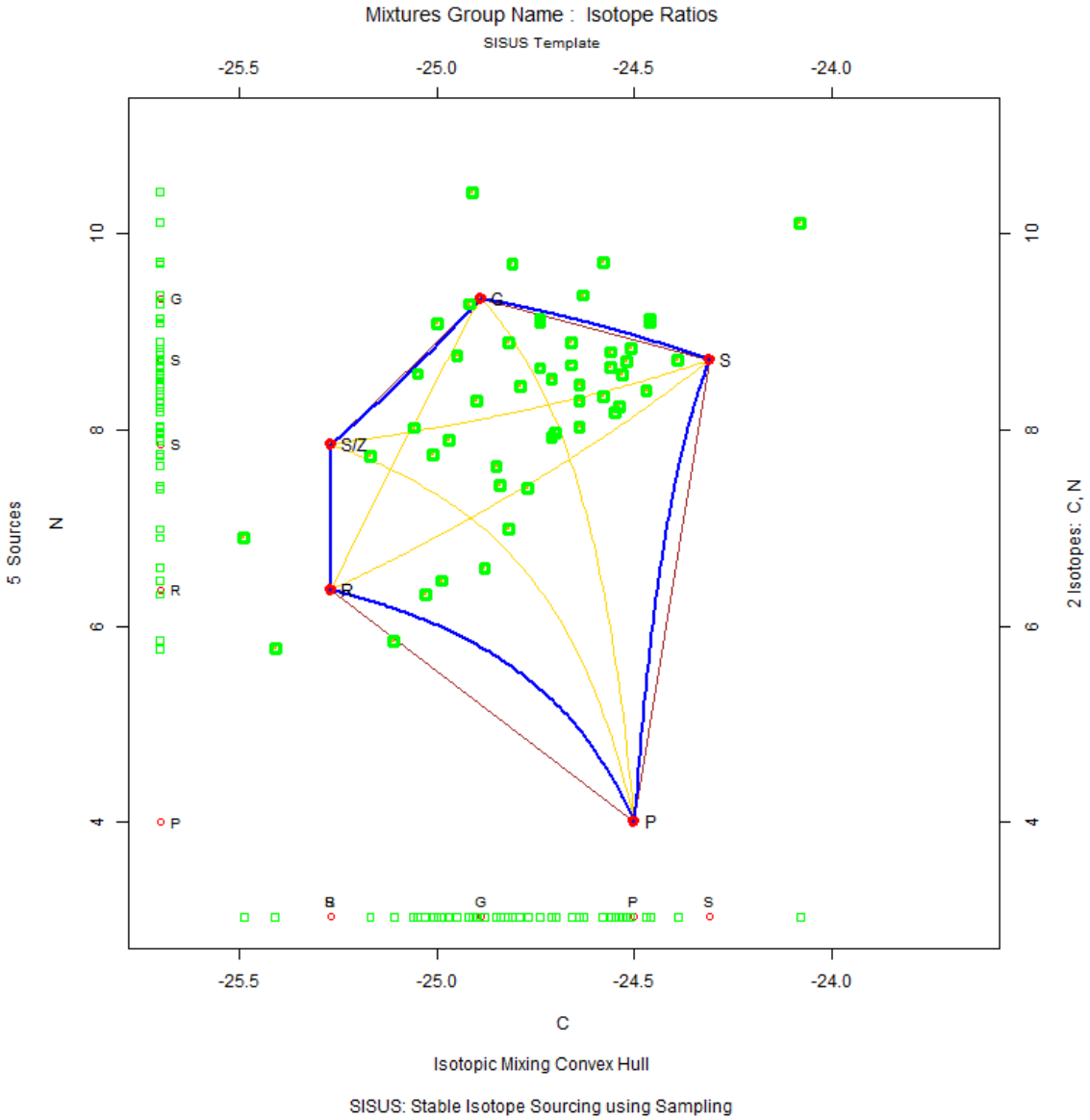


Abbildung A 419: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Frauen von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

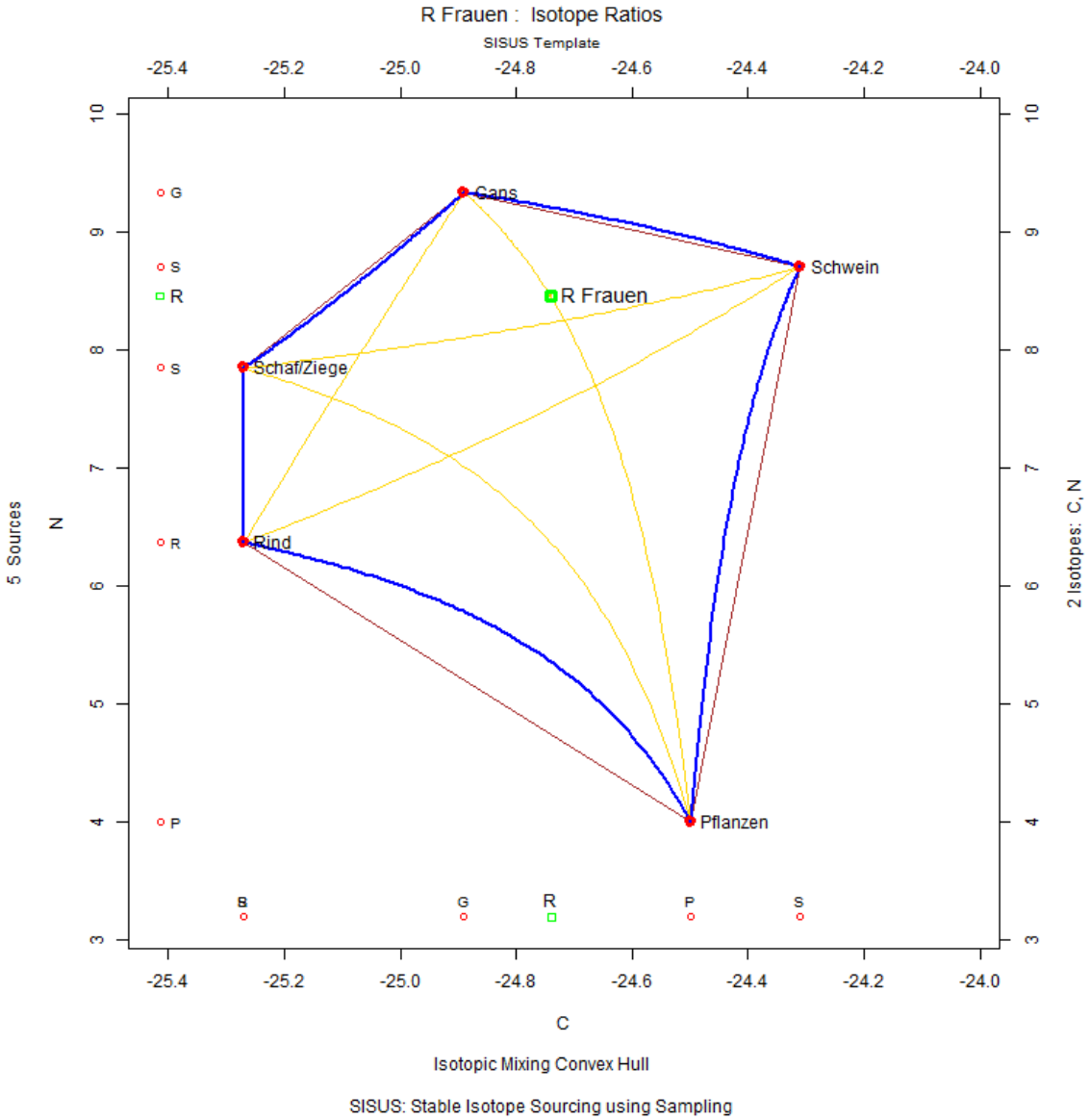


Abbildung A 420: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

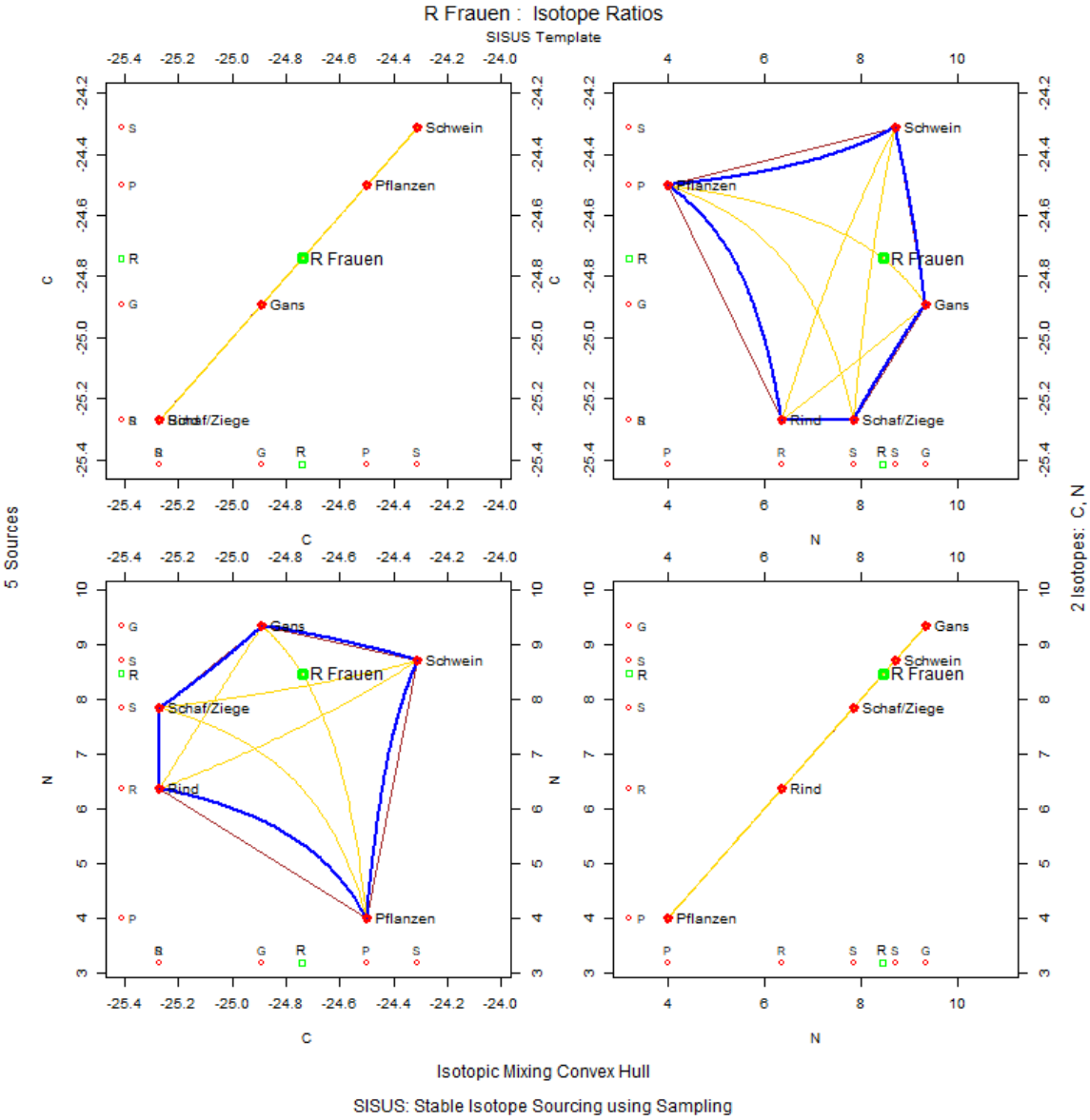


Abbildung A 421: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Frauenmedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

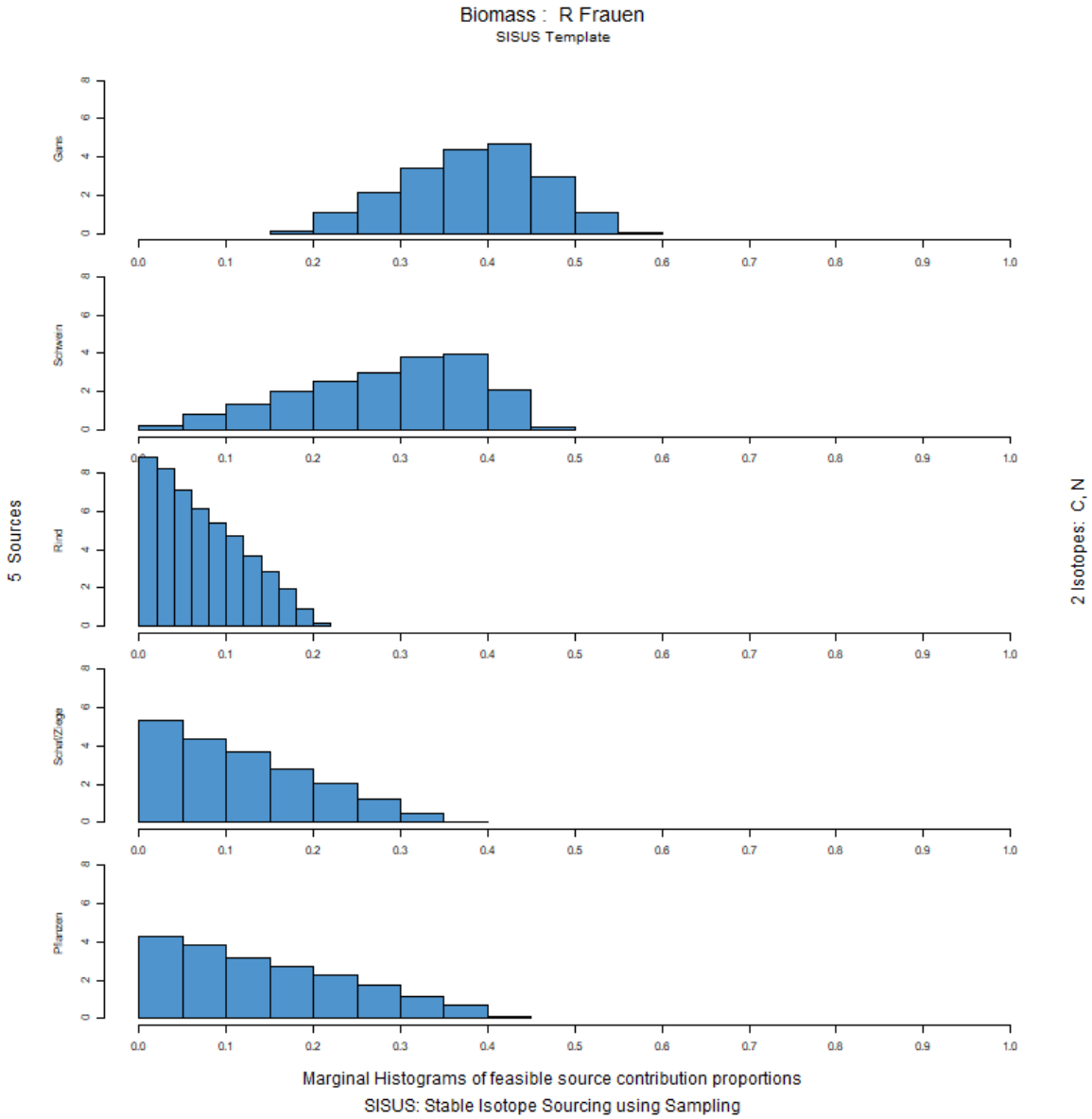


Abbildung A 422: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

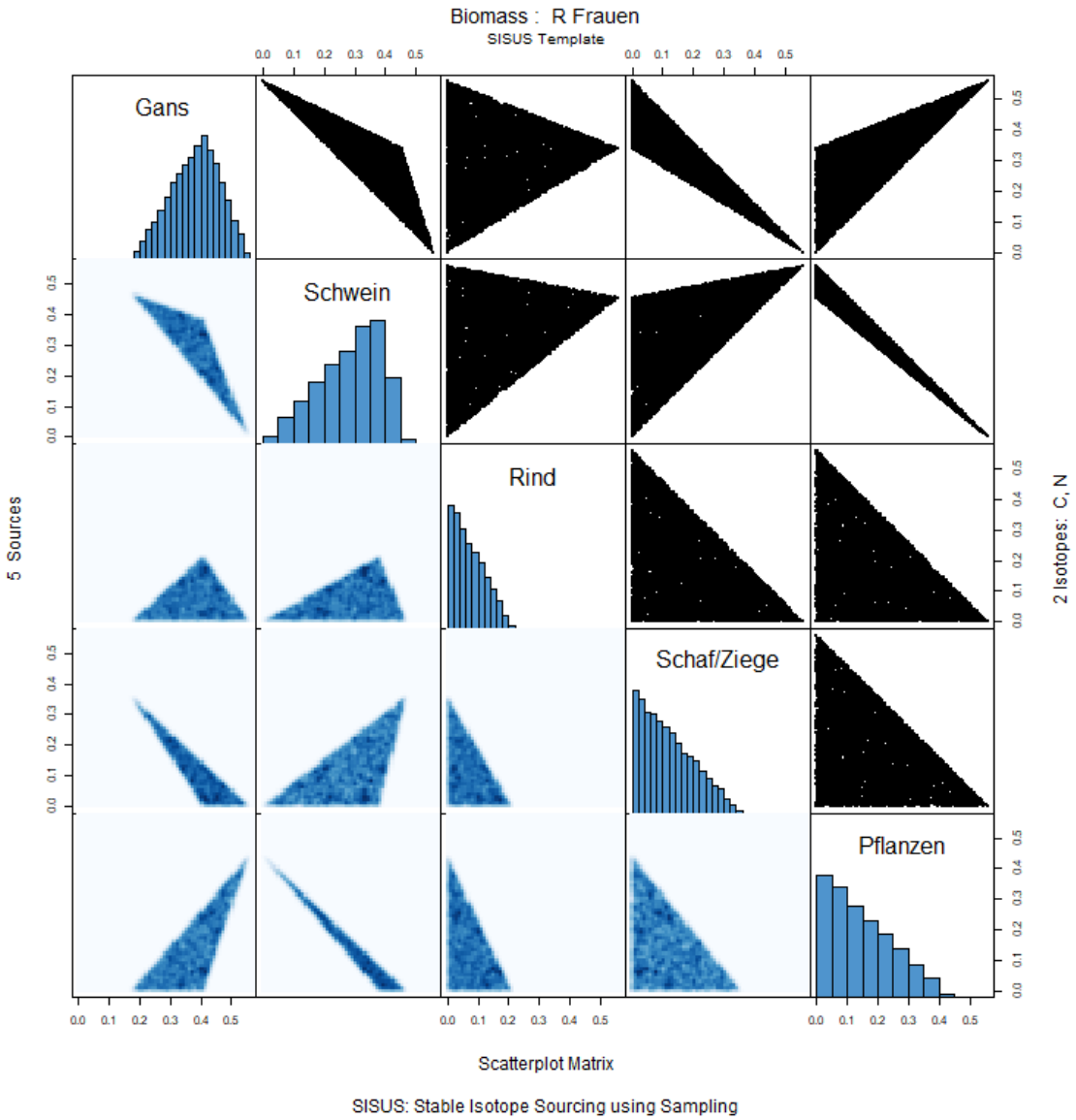


Abbildung A 423: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

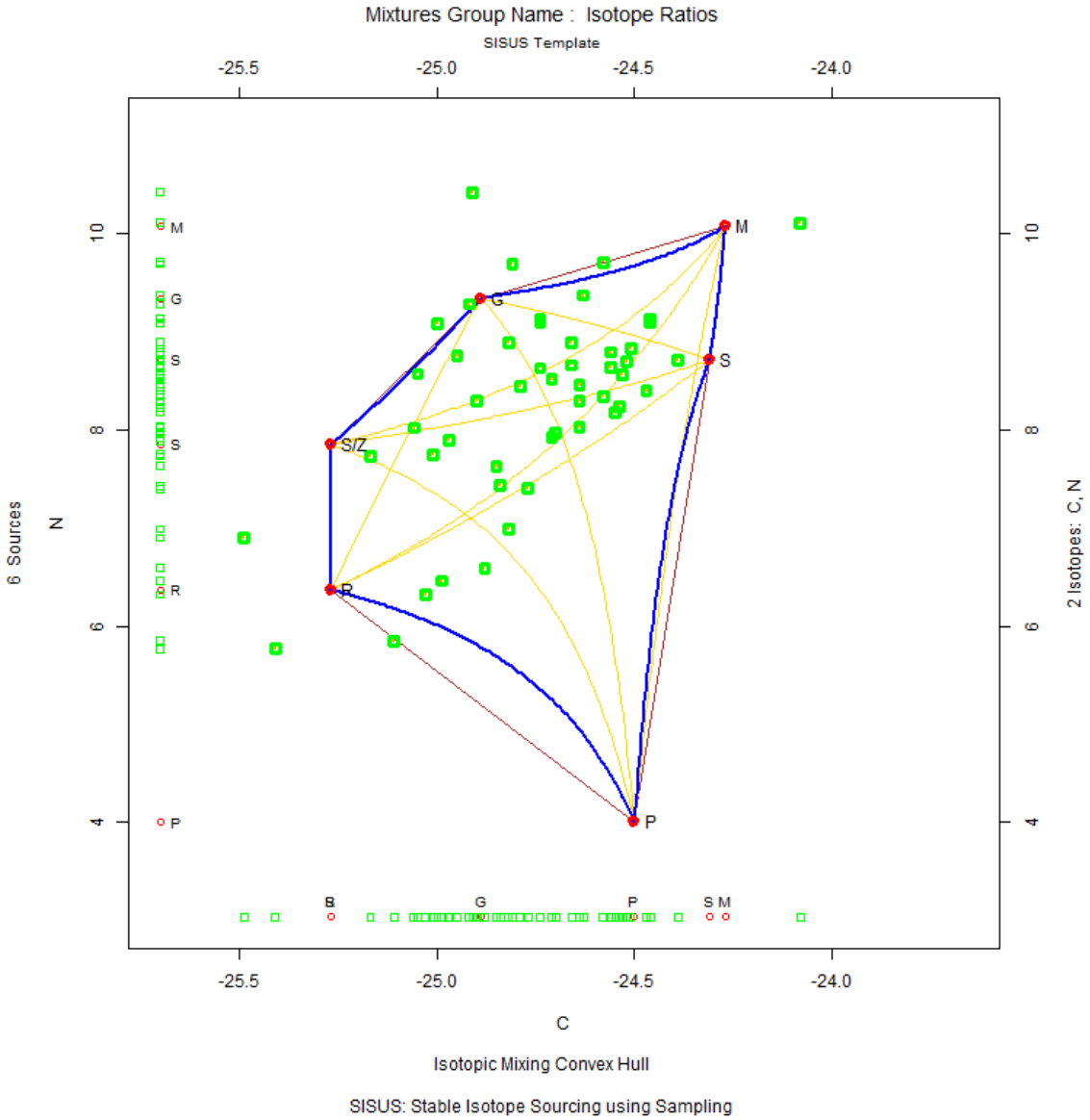


Abbildung A 424: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Frauen von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

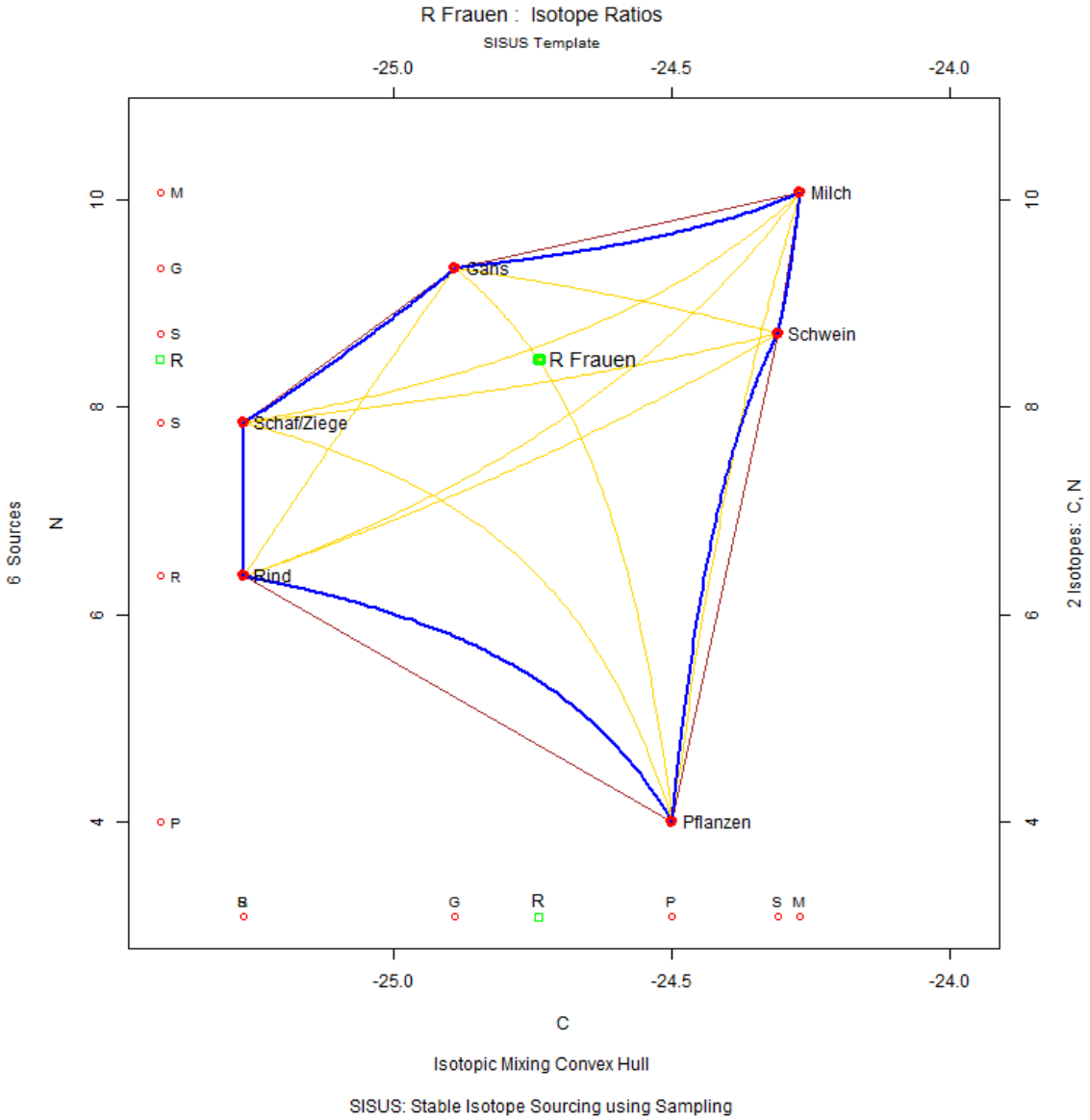


Abbildung A 426: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

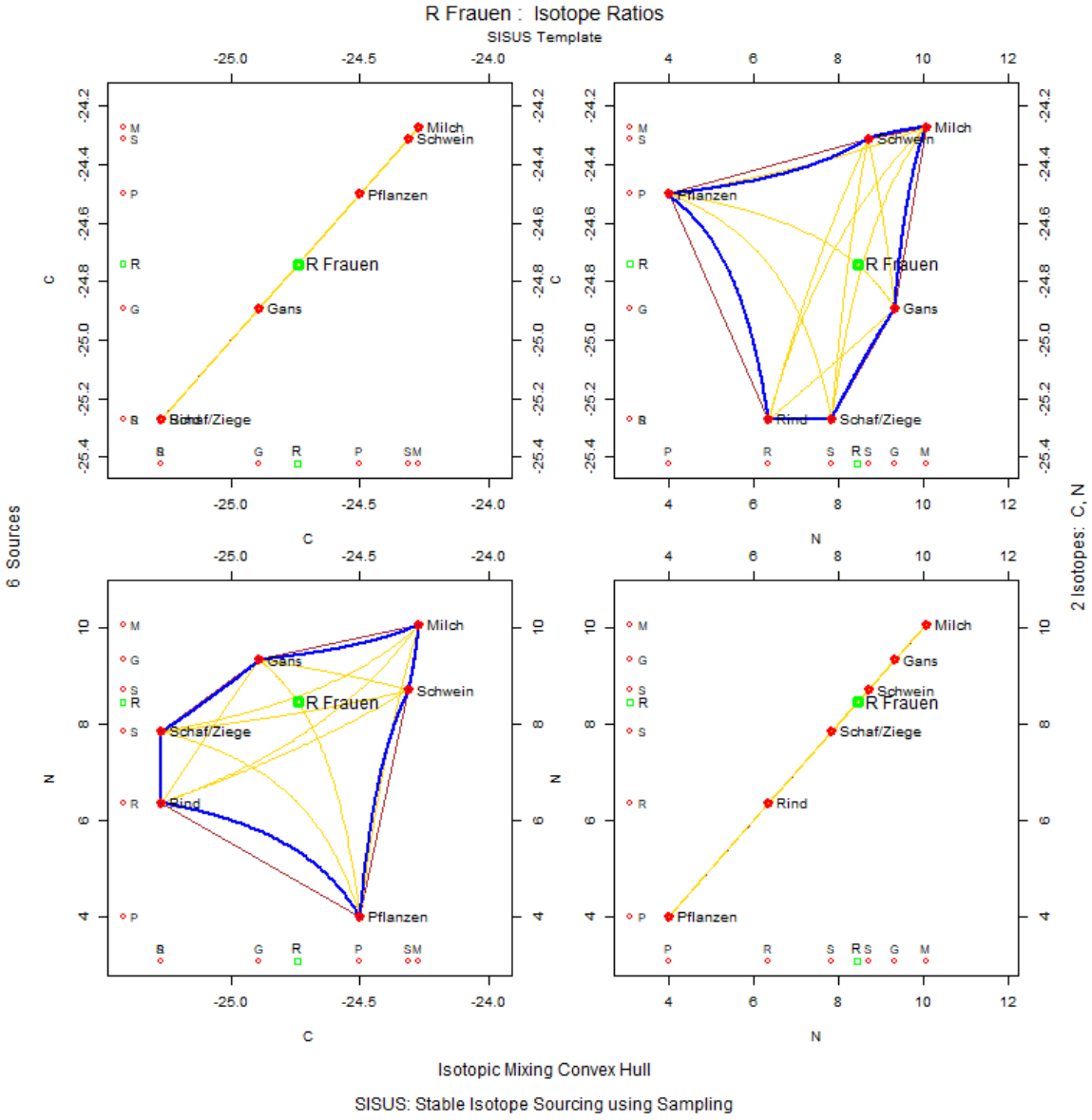


Abbildung A 427: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Frauenmedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

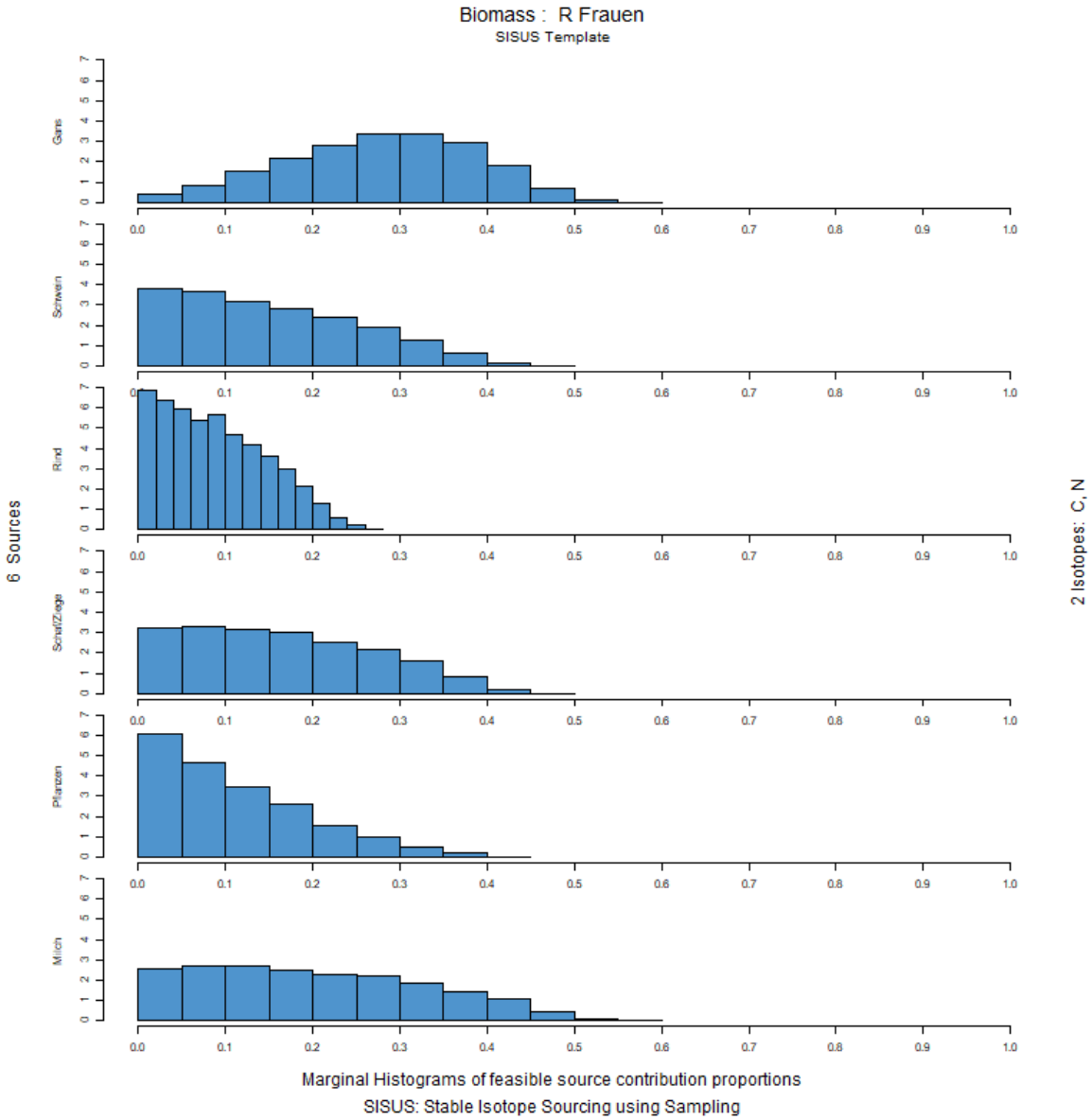


Abbildung A 428: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

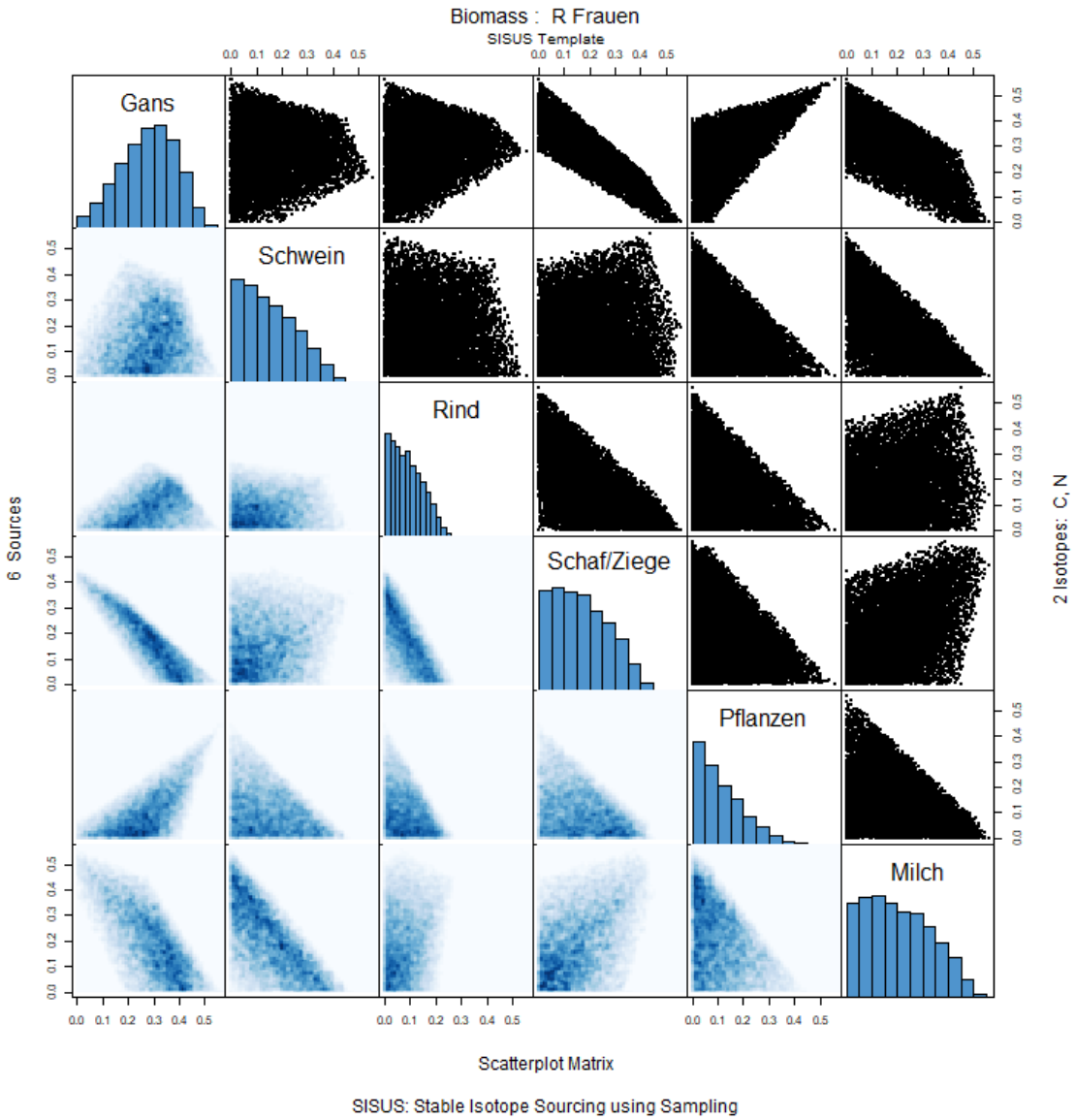


Abbildung A 429: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Frauenmedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

Männer

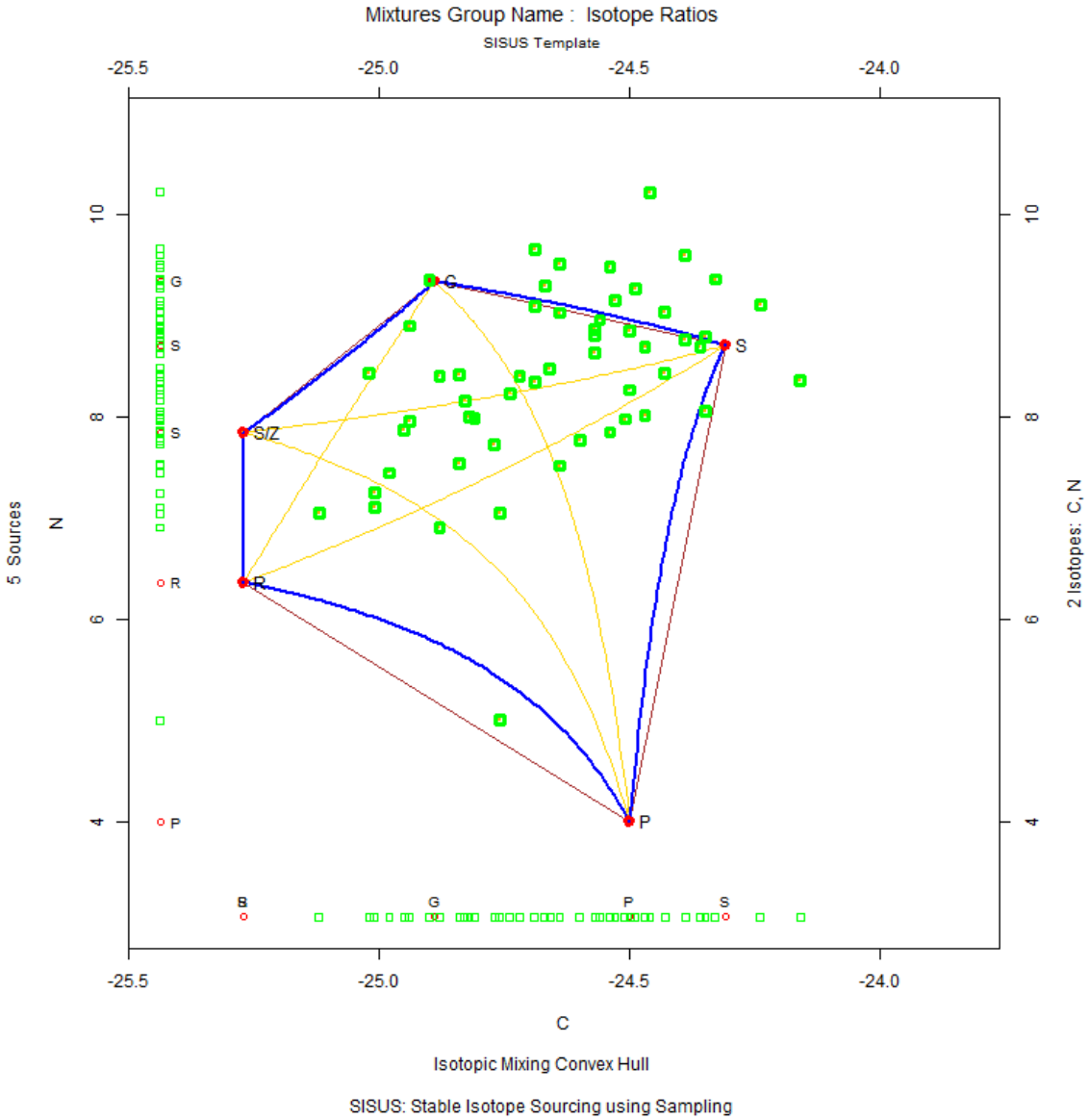


Abbildung A 430: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Männer von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

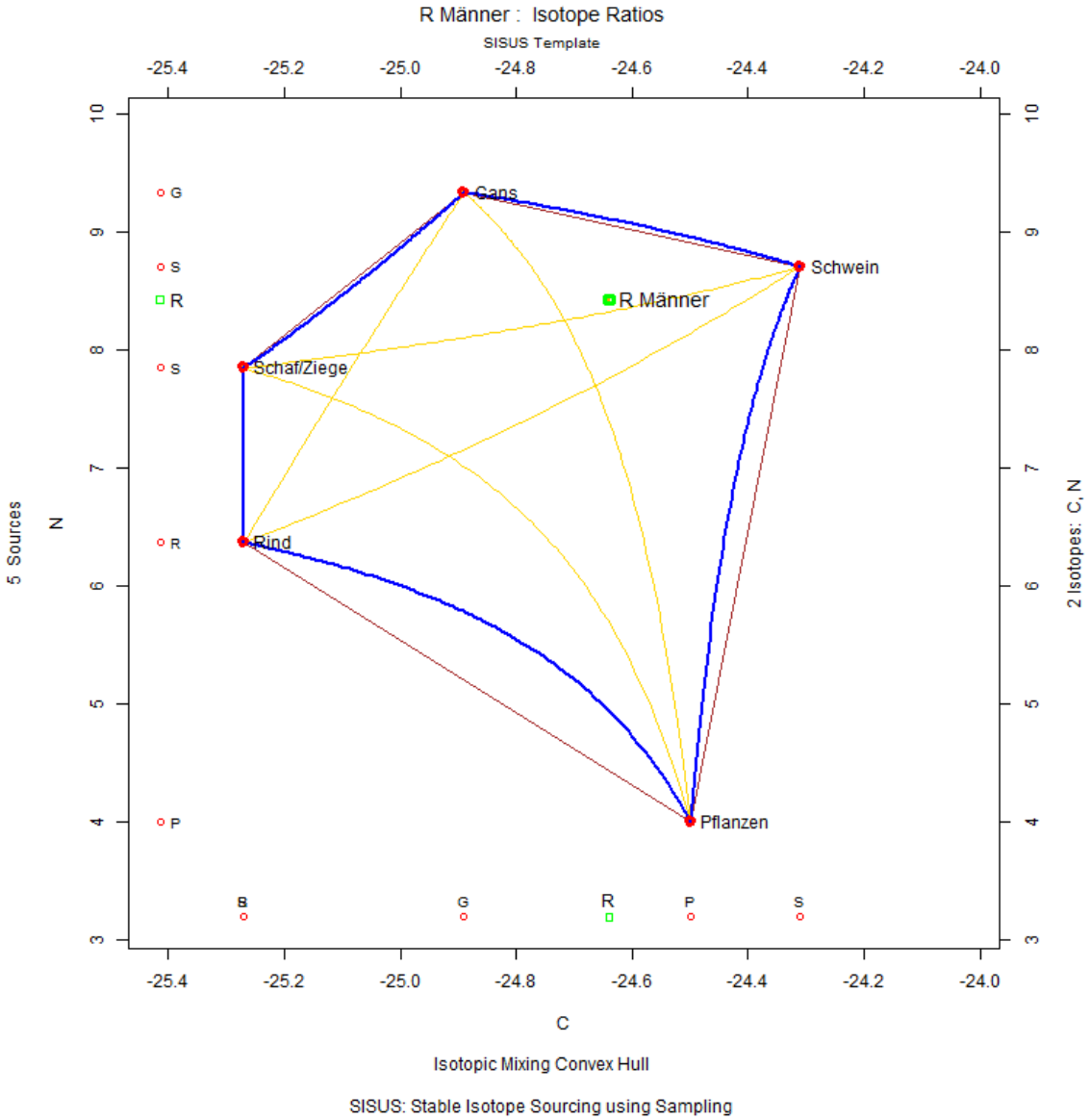


Abbildung A 431: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

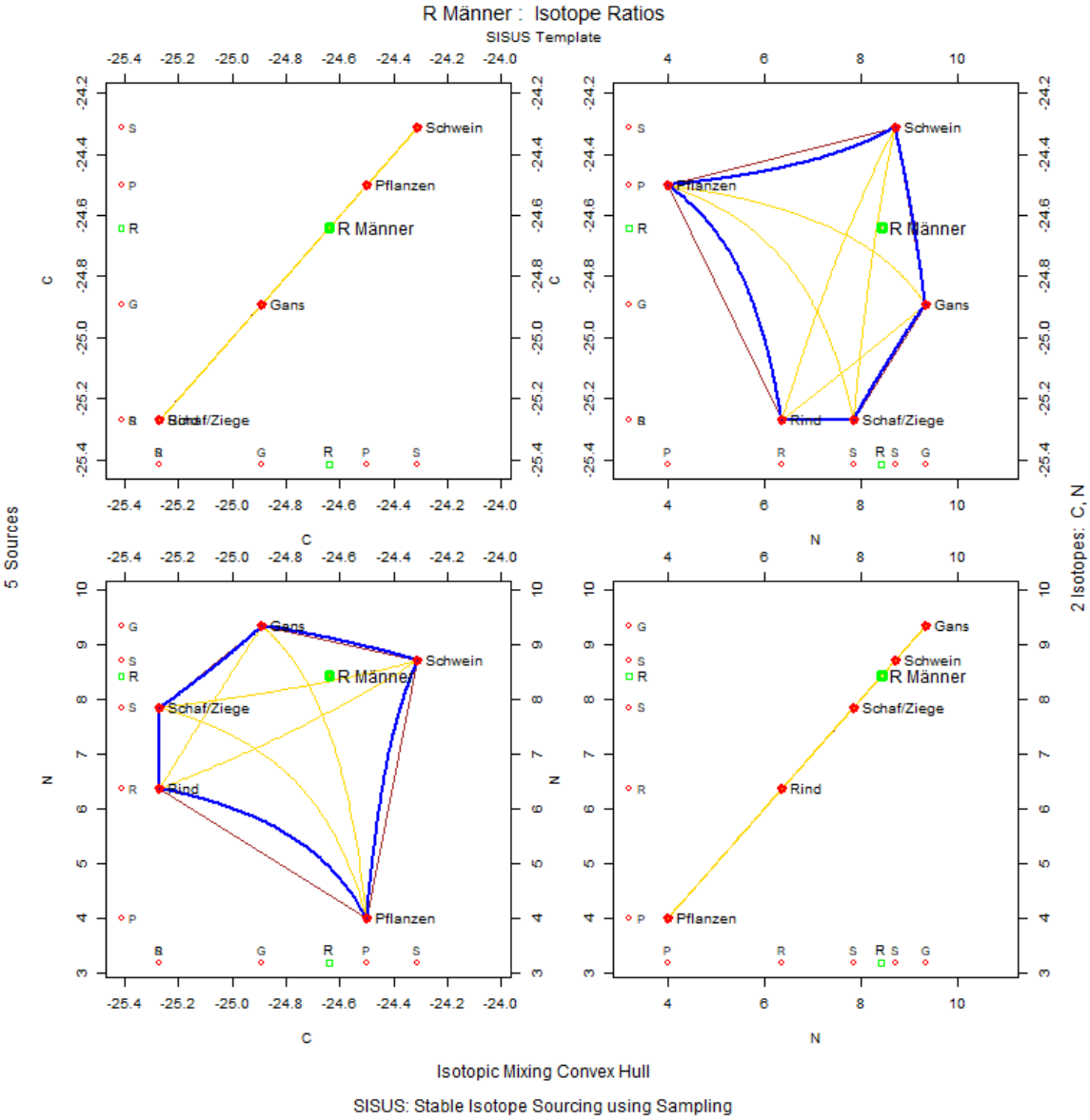


Abbildung A 432: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Männermedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

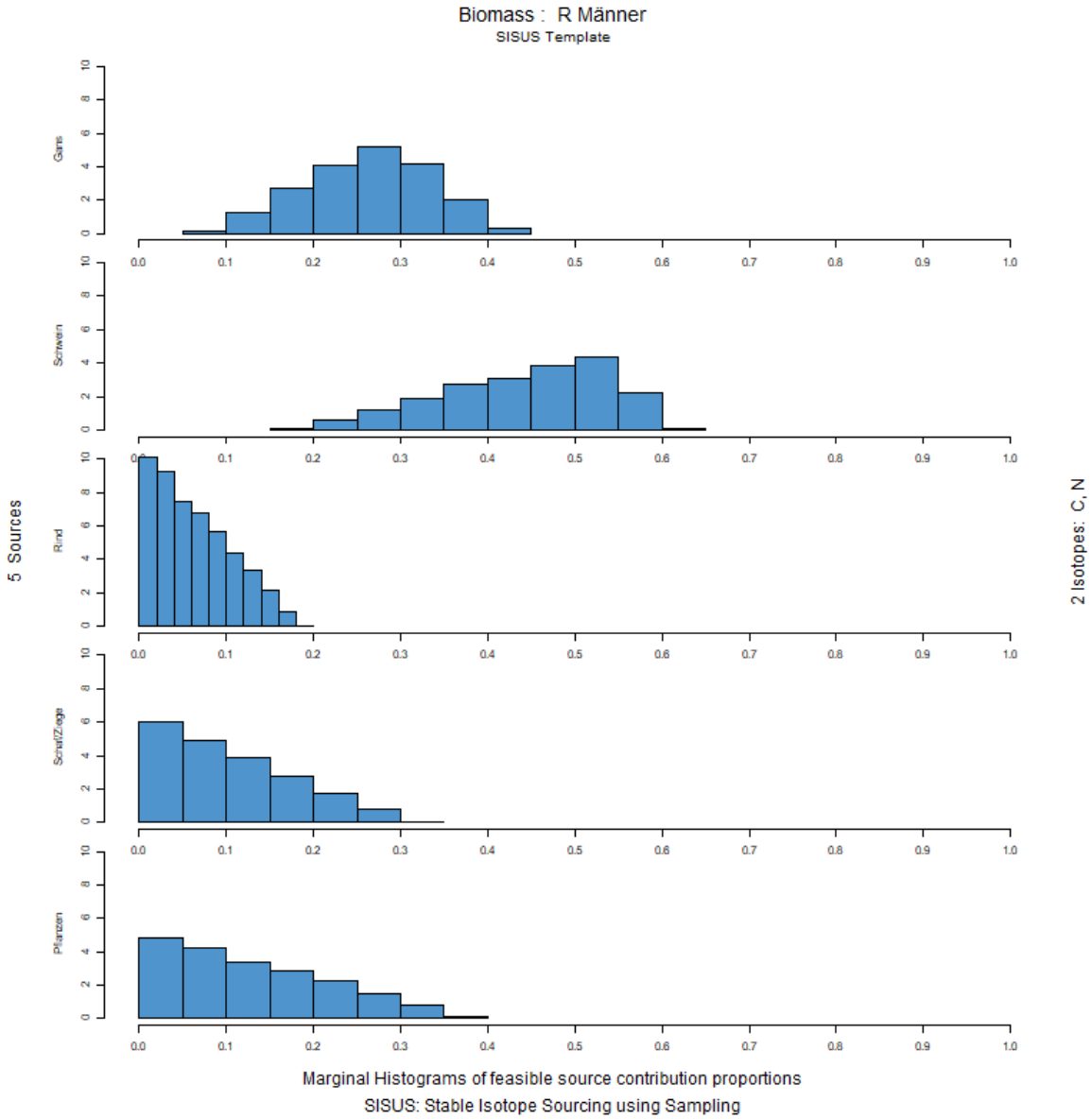


Abbildung A 433: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

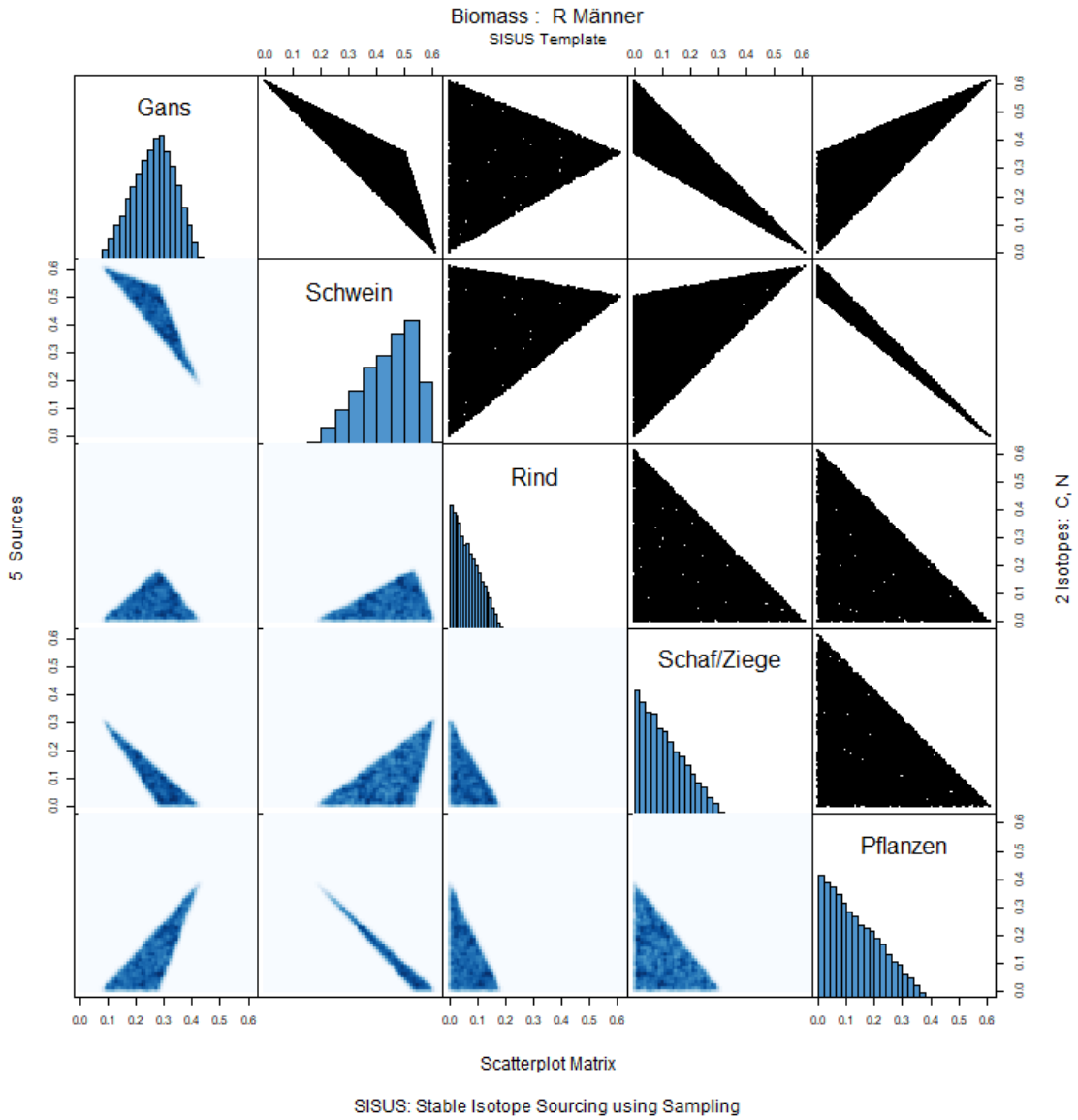


Abbildung A 434: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

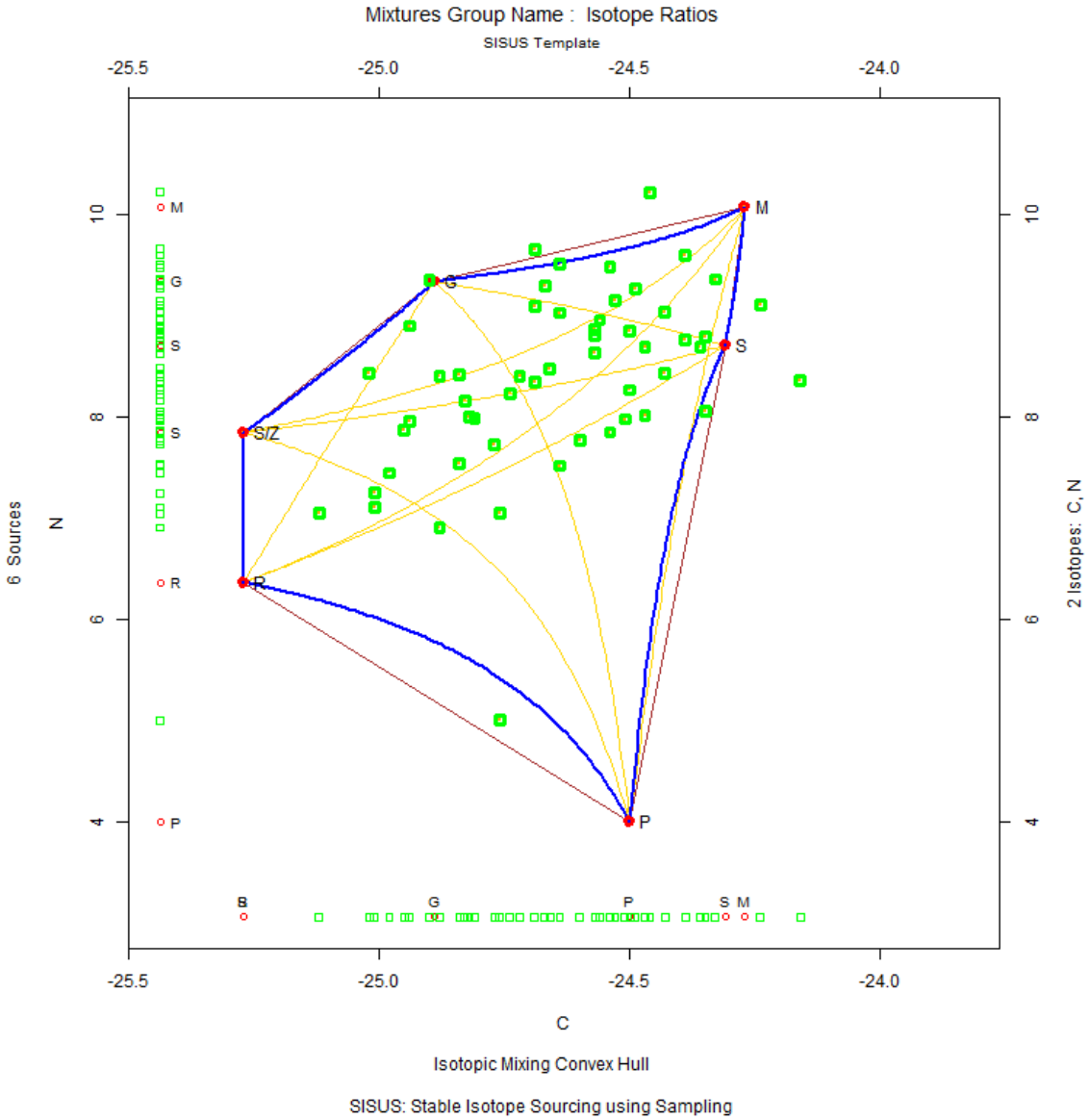


Abbildung A 435: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der Männer von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

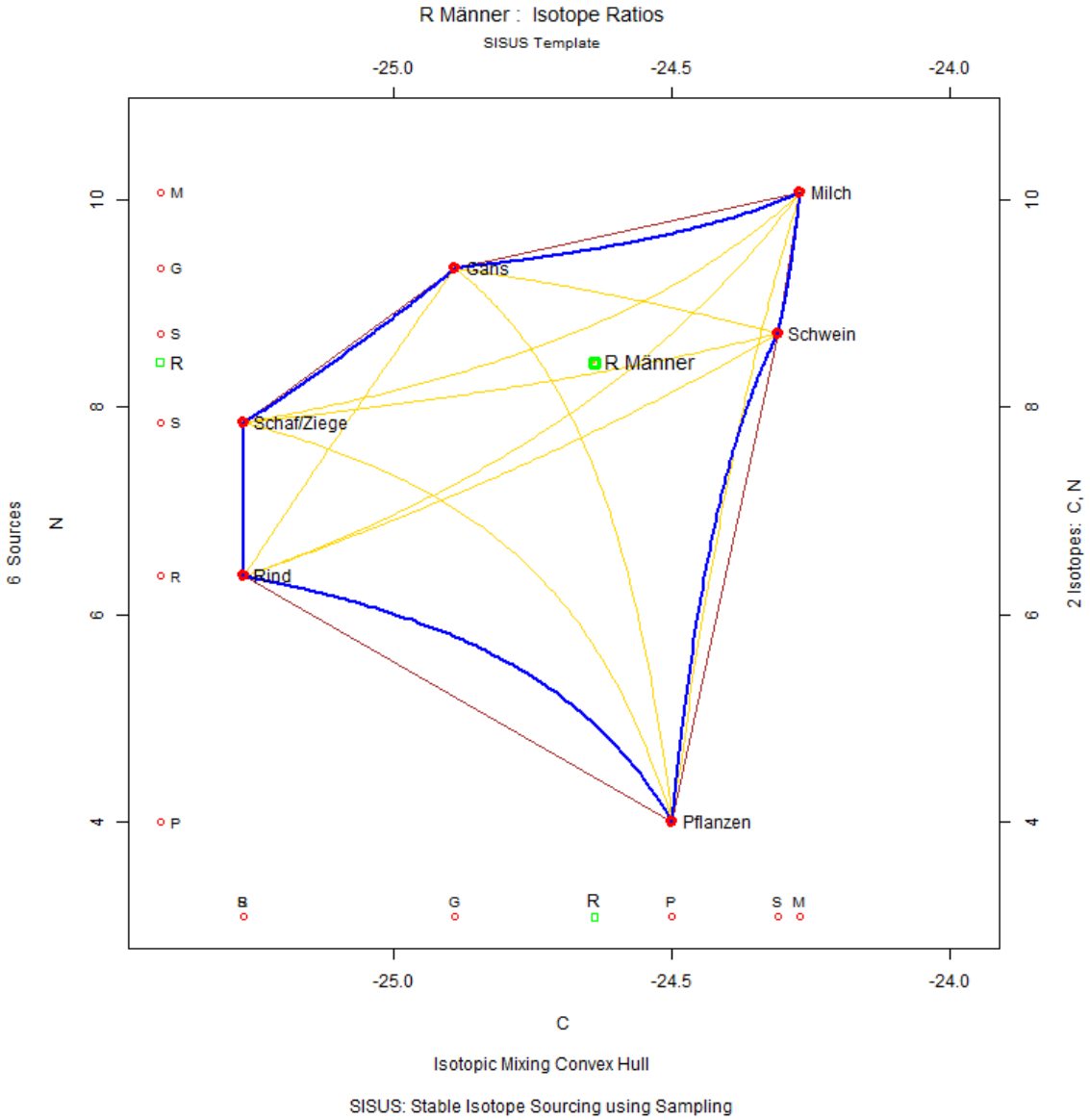


Abbildung A 436: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

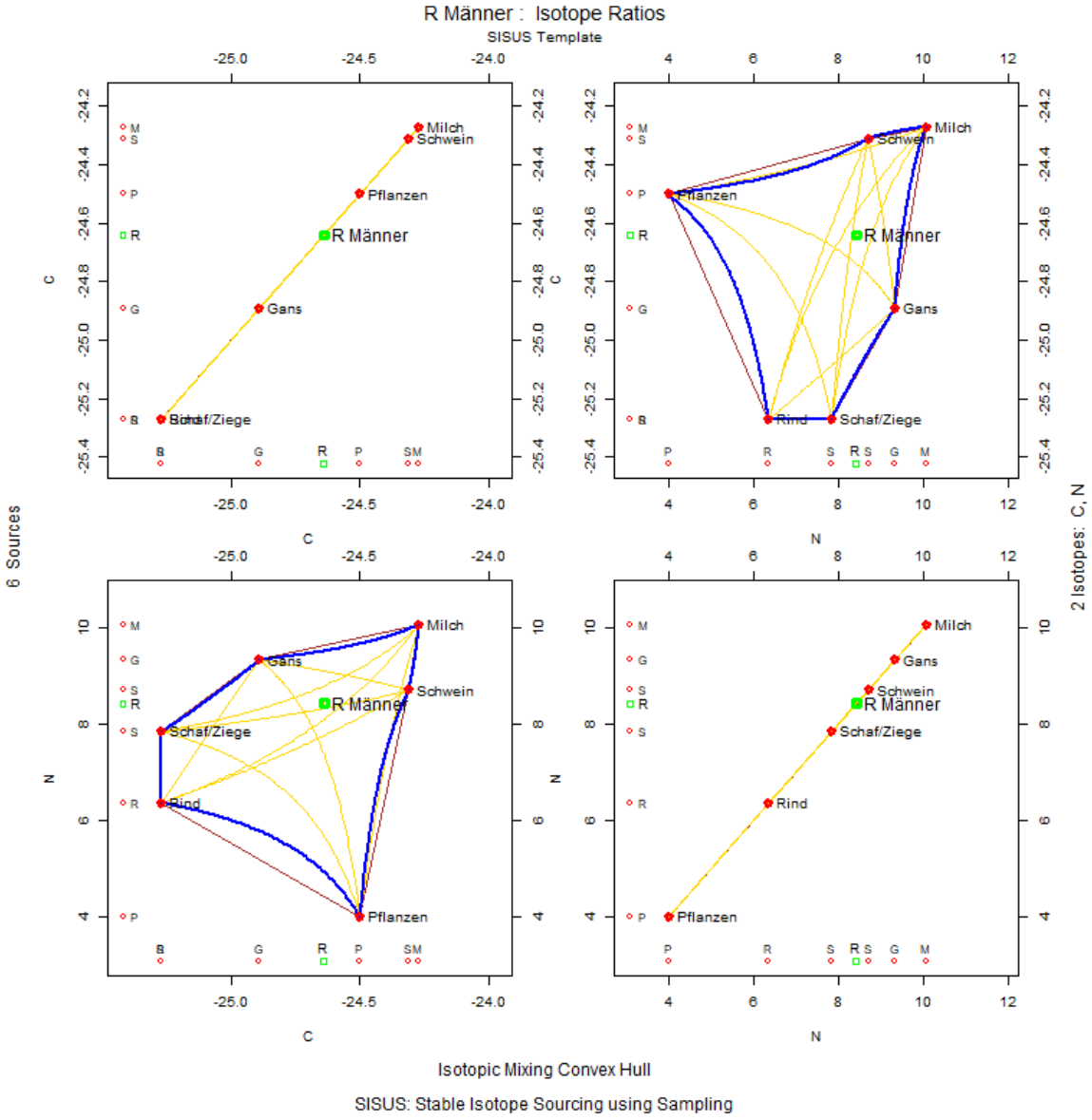


Abbildung A 437: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Männermedians von Regensburg in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

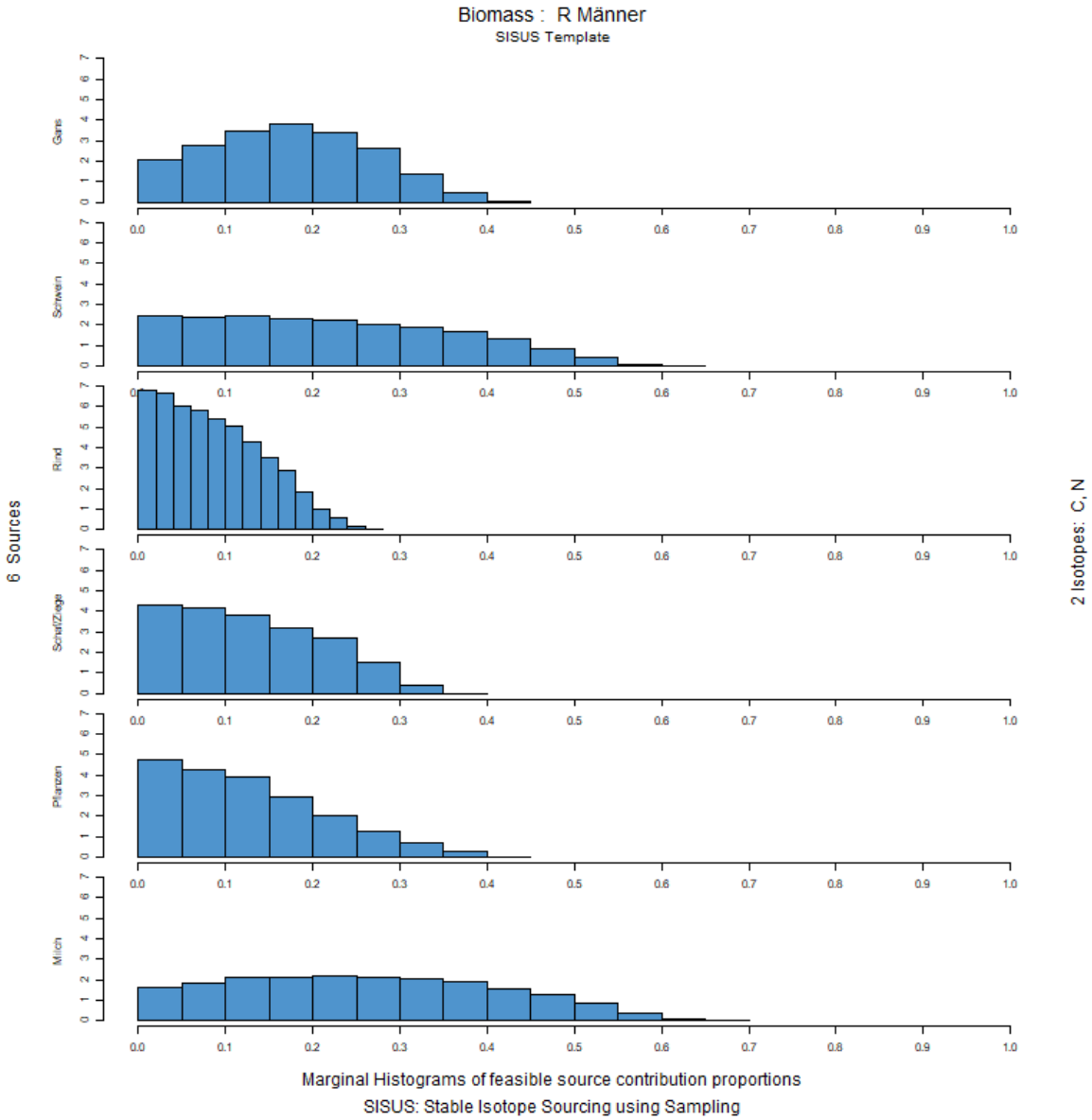


Abbildung A 438: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

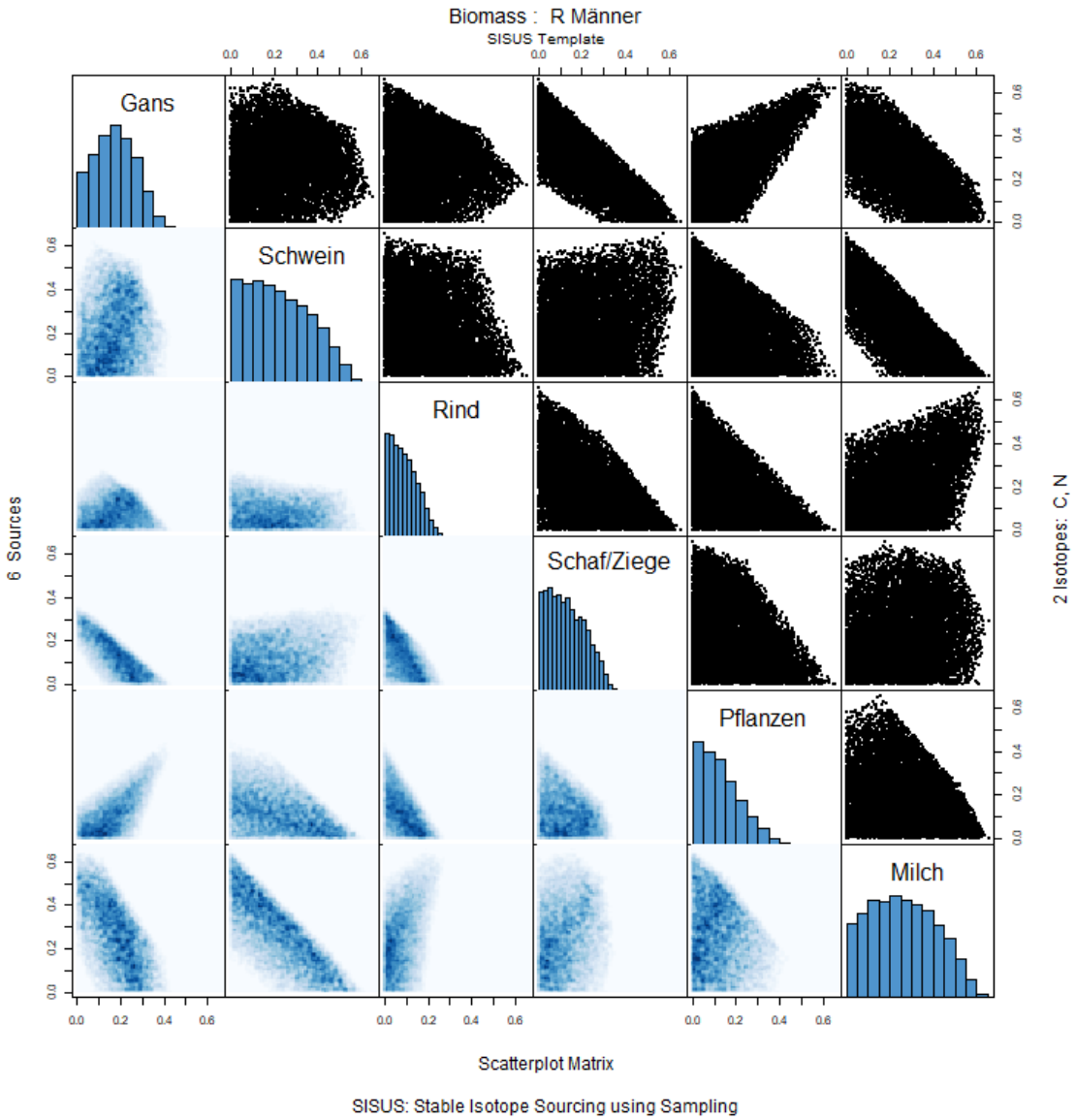


Abbildung A 439: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Männermedians von Regensburg. Erstellt mit SISUS.

9.2.6.8 SISUS: Zeholfing

Gesamtpopulation

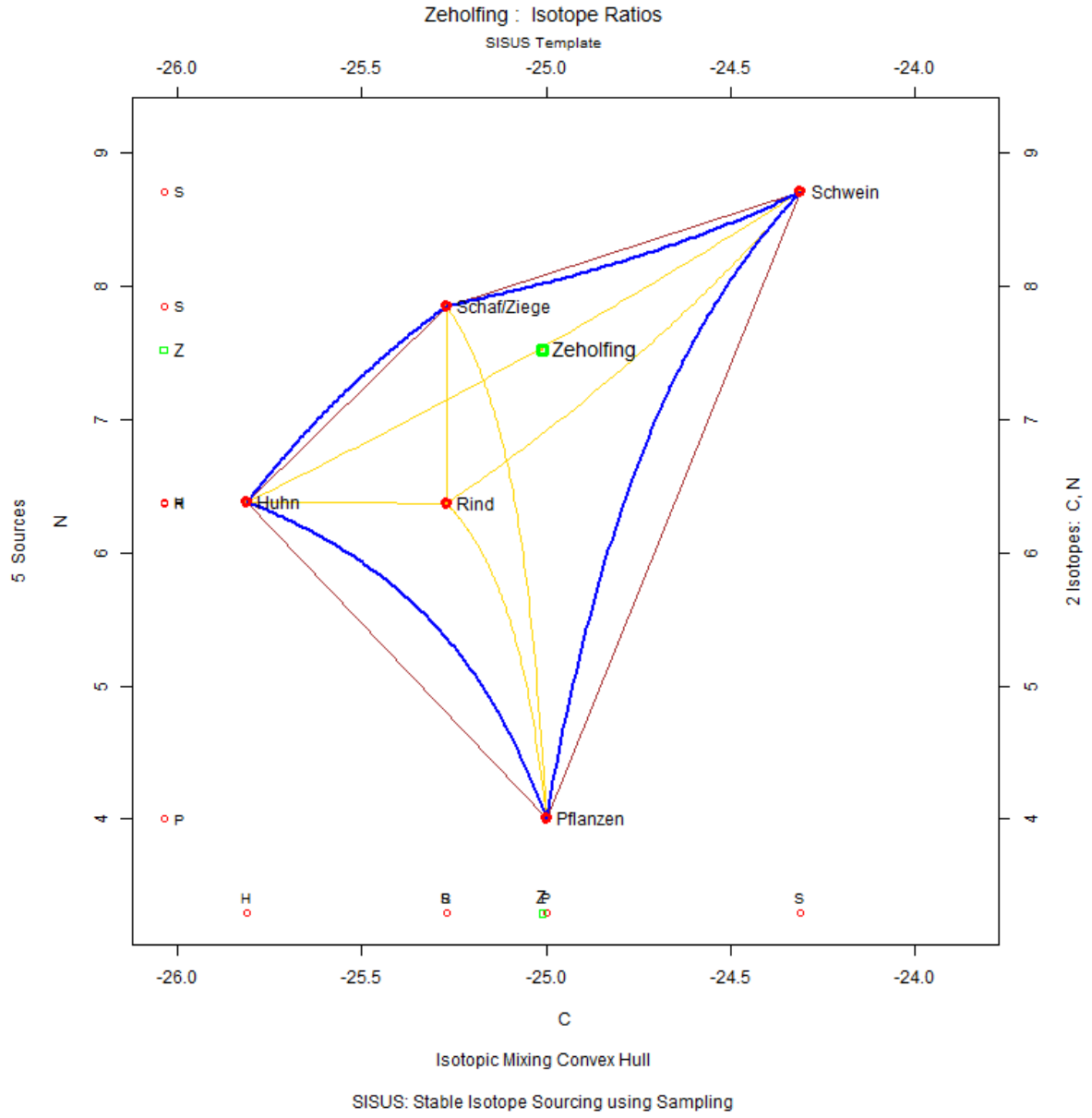


Abbildung A 440: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Populationsmedians von Zeholfing. Erstellt mit SISUS.

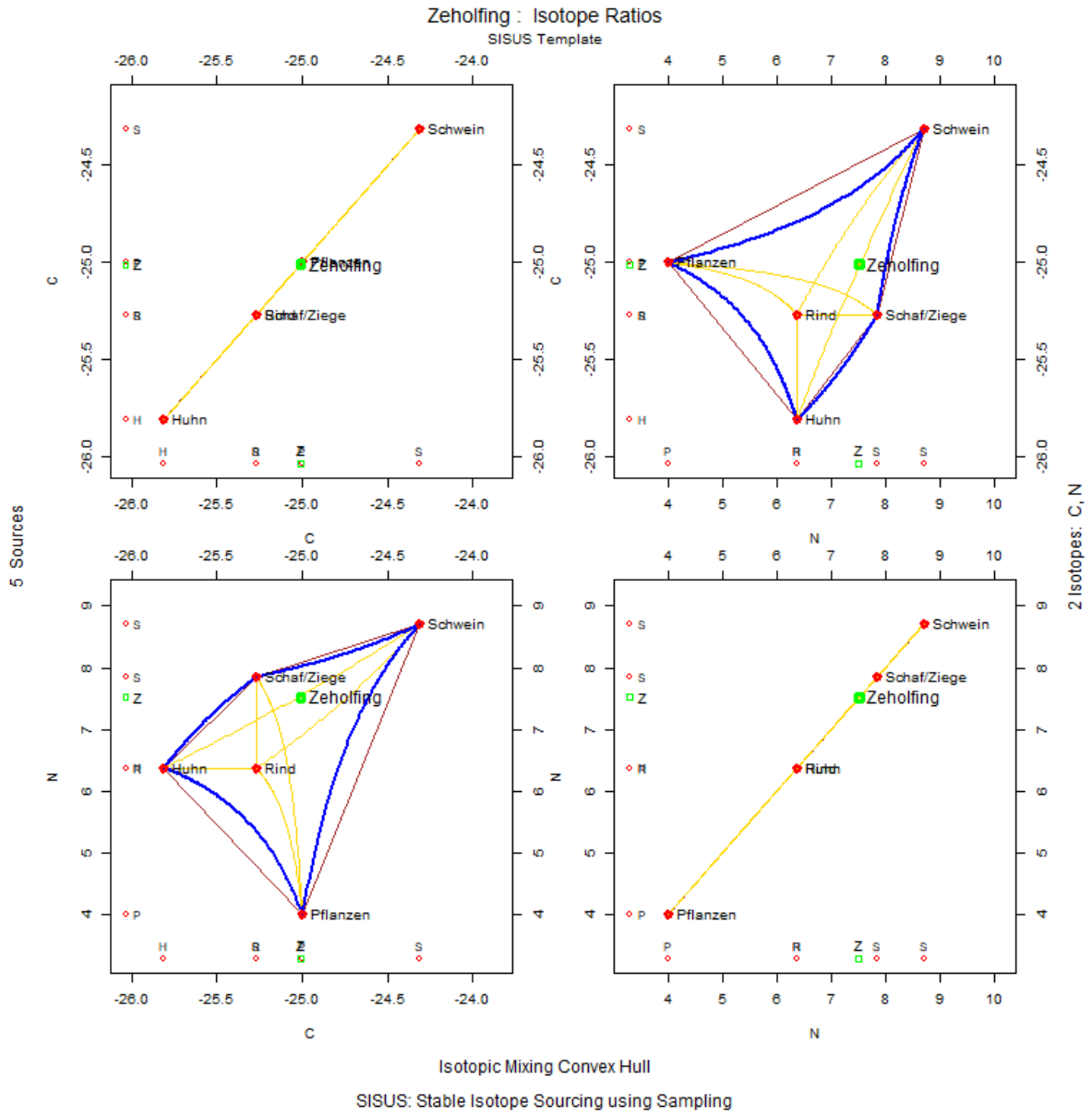


Abbildung A 441: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Populationsmedians von Zeholfing in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

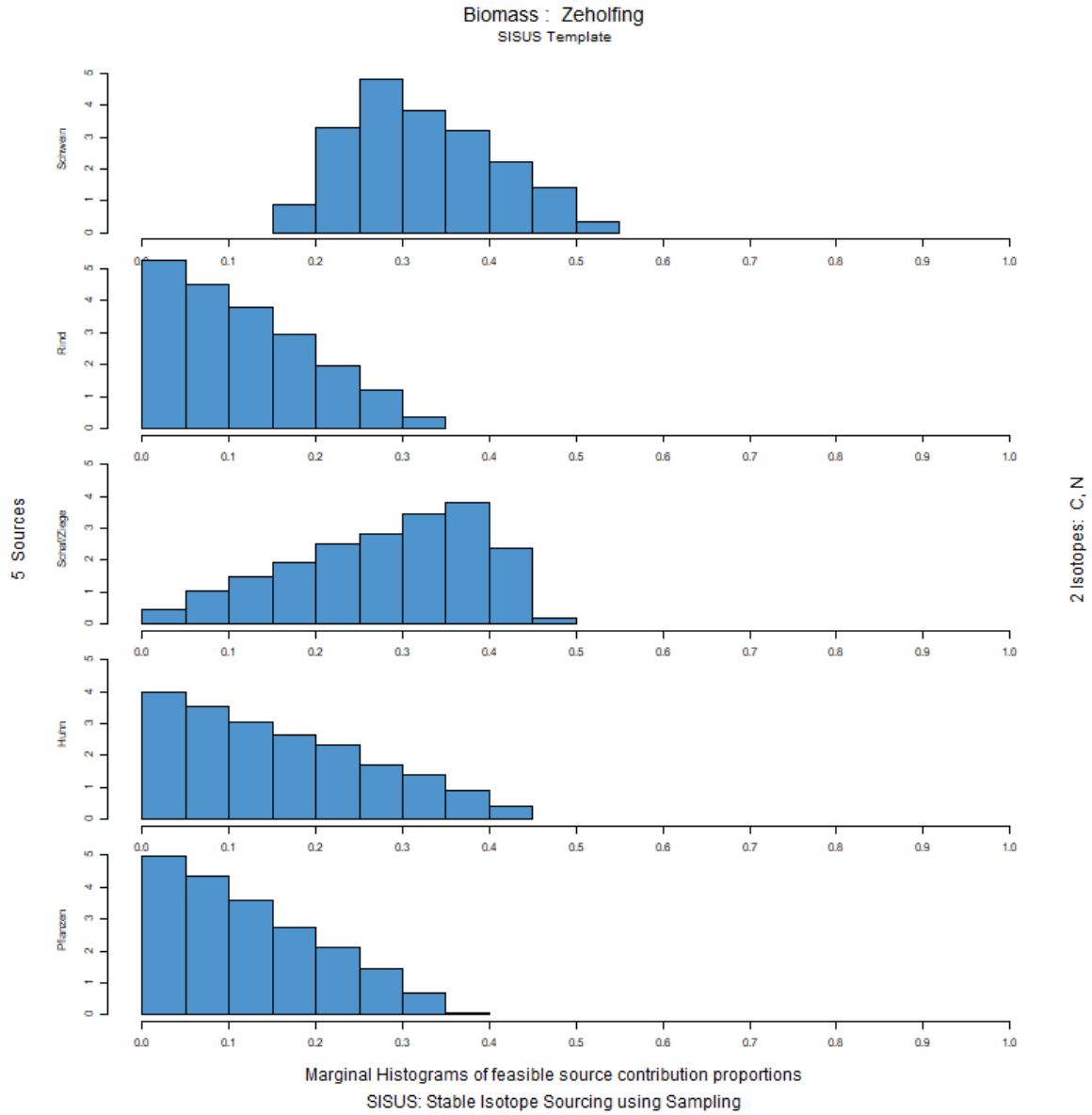


Abbildung A 442: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Zeholfing. Erstellt mit SISUS.

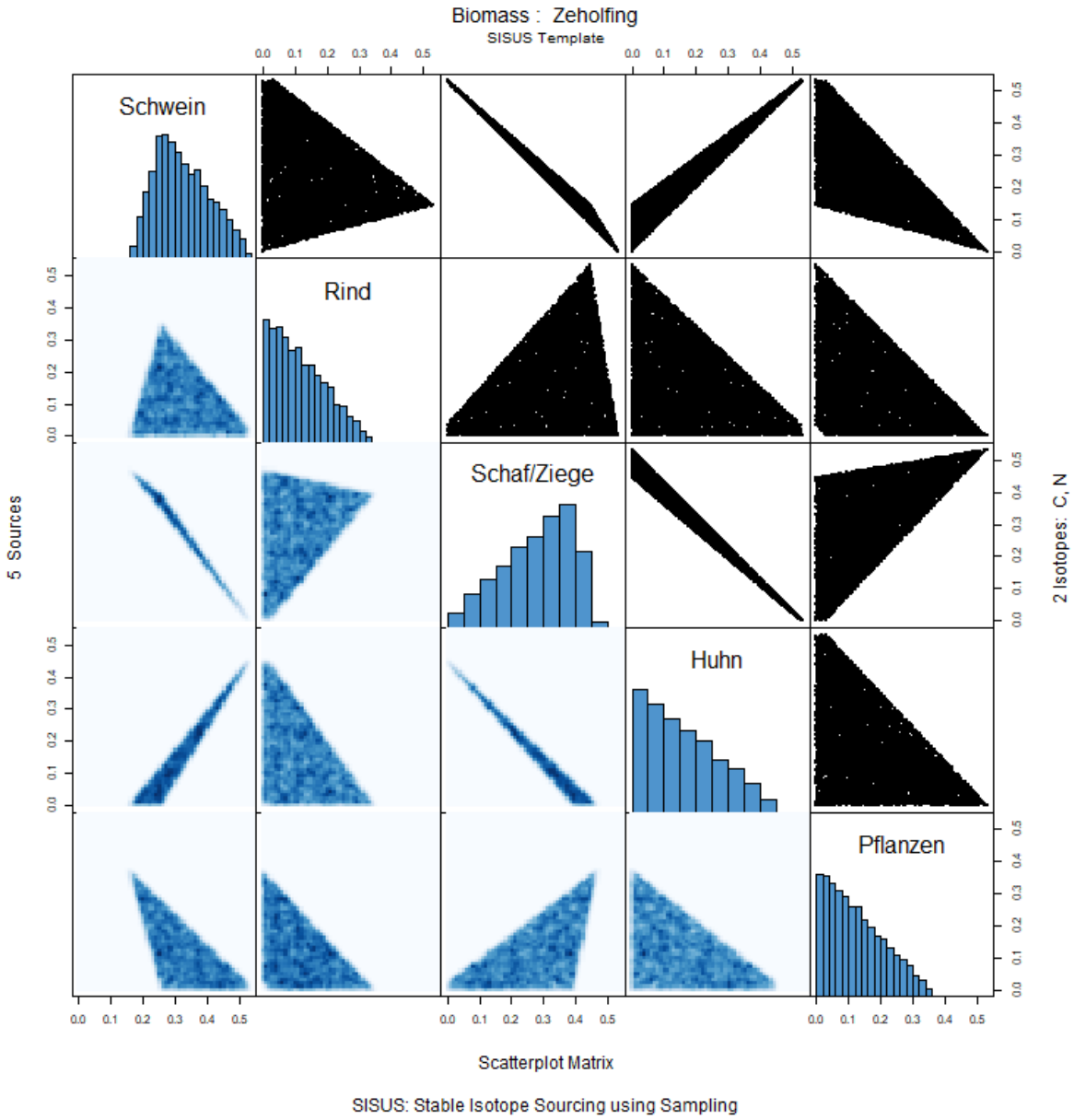


Abbildung A 443: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Populationsmedians von Zeholfing. Erstellt mit SISUS.

Horizont 1

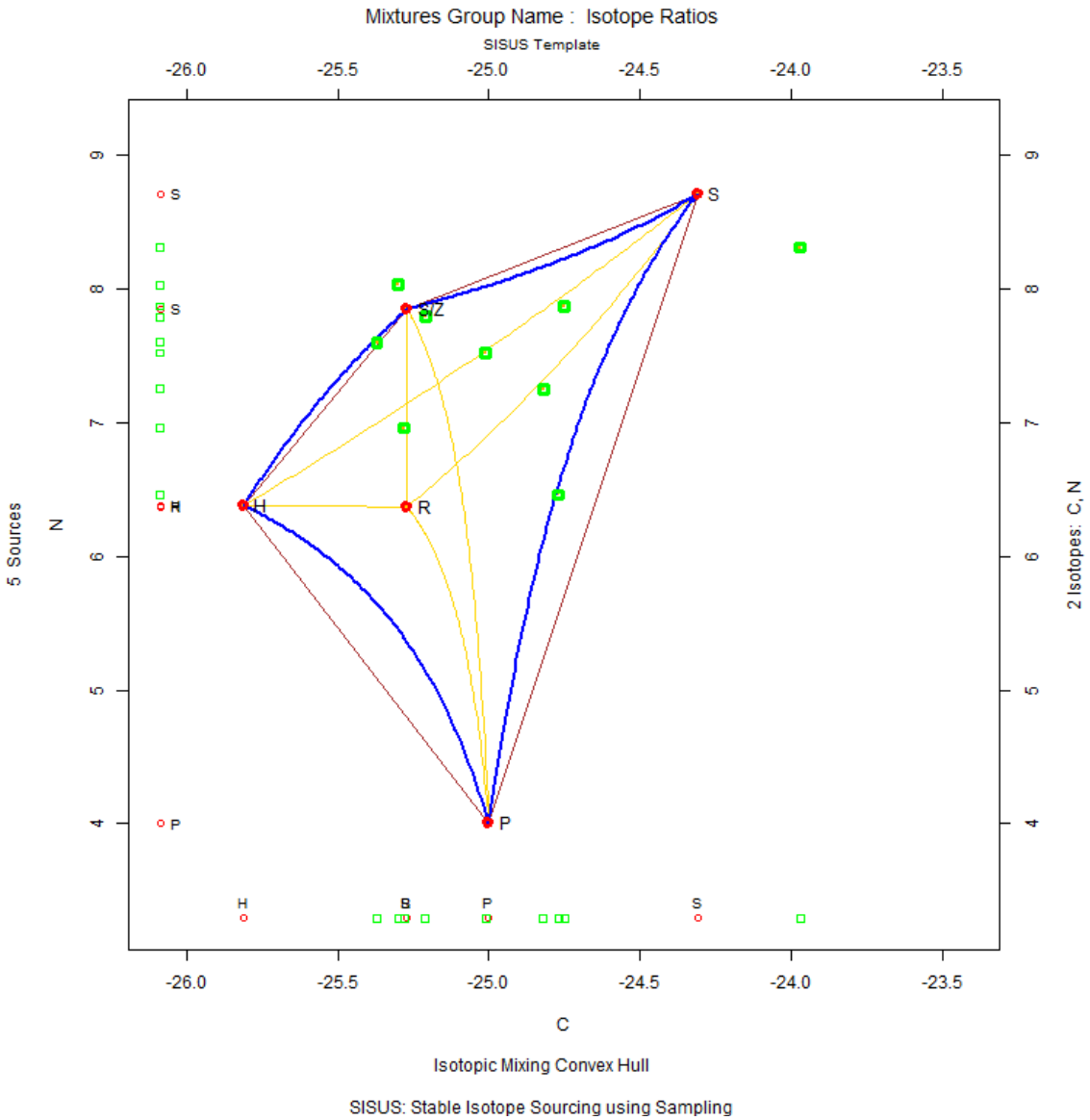


Abbildung A 444: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch).

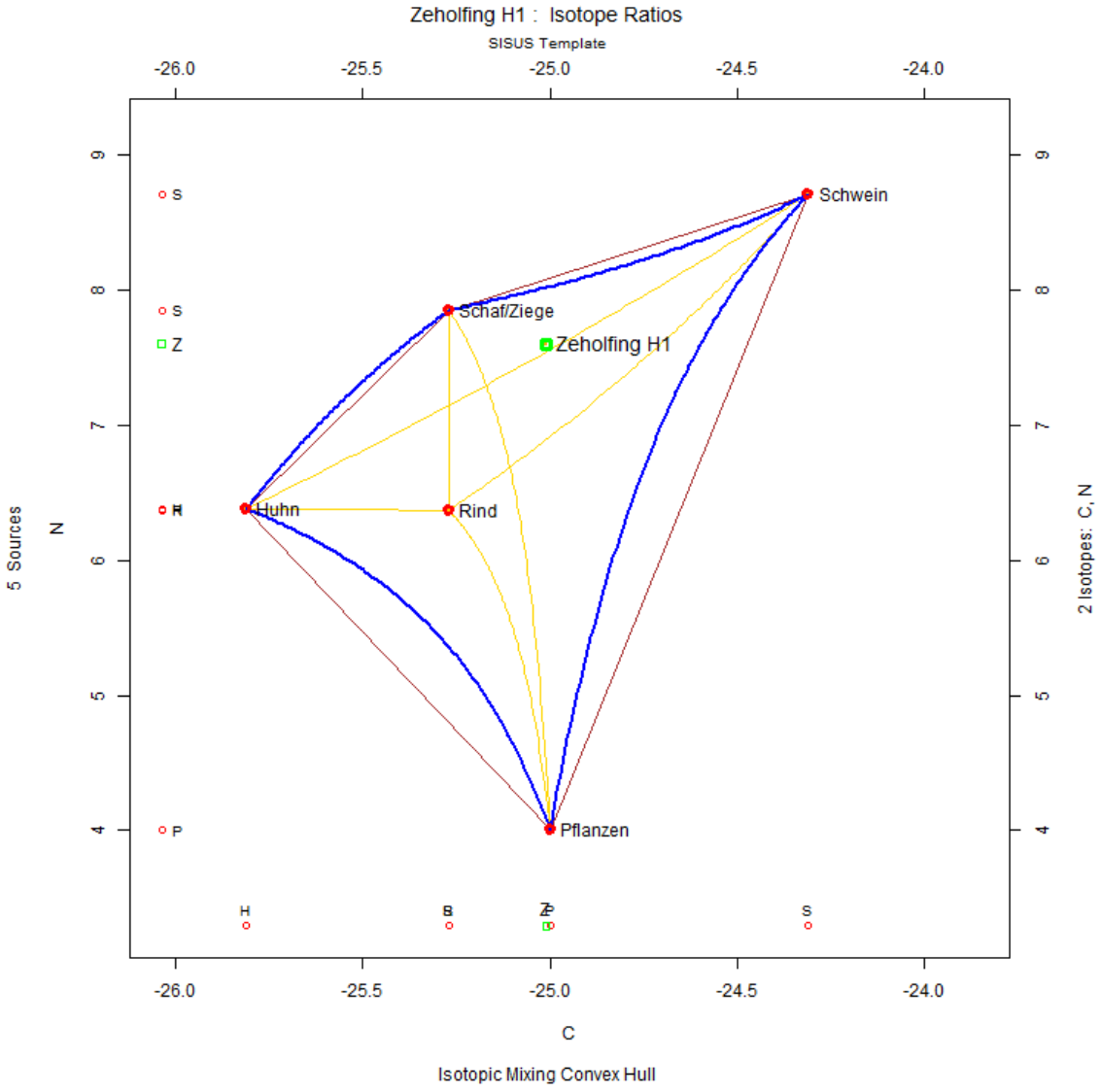


Abbildung A 445: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

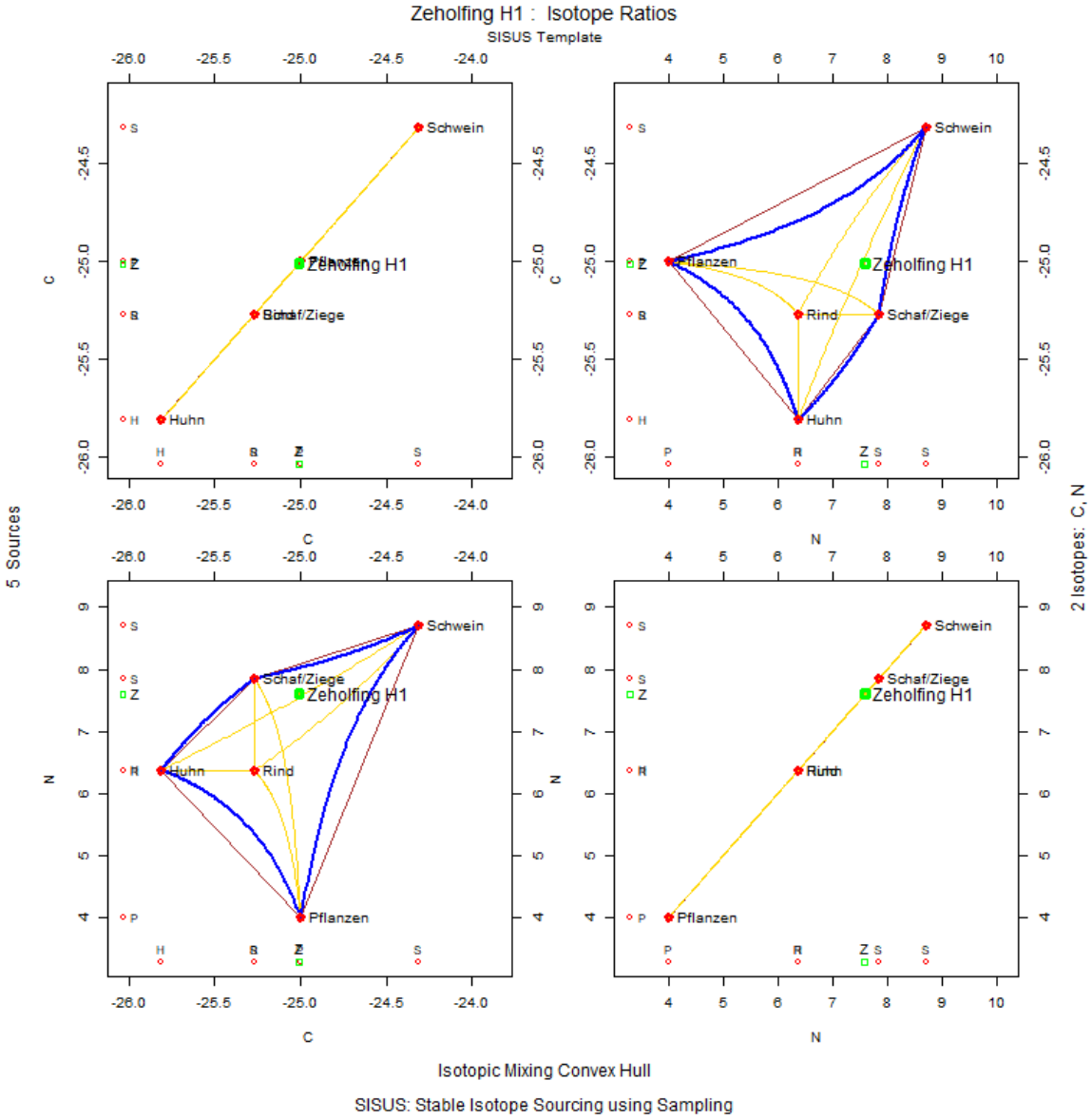


Abbildung A 446: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

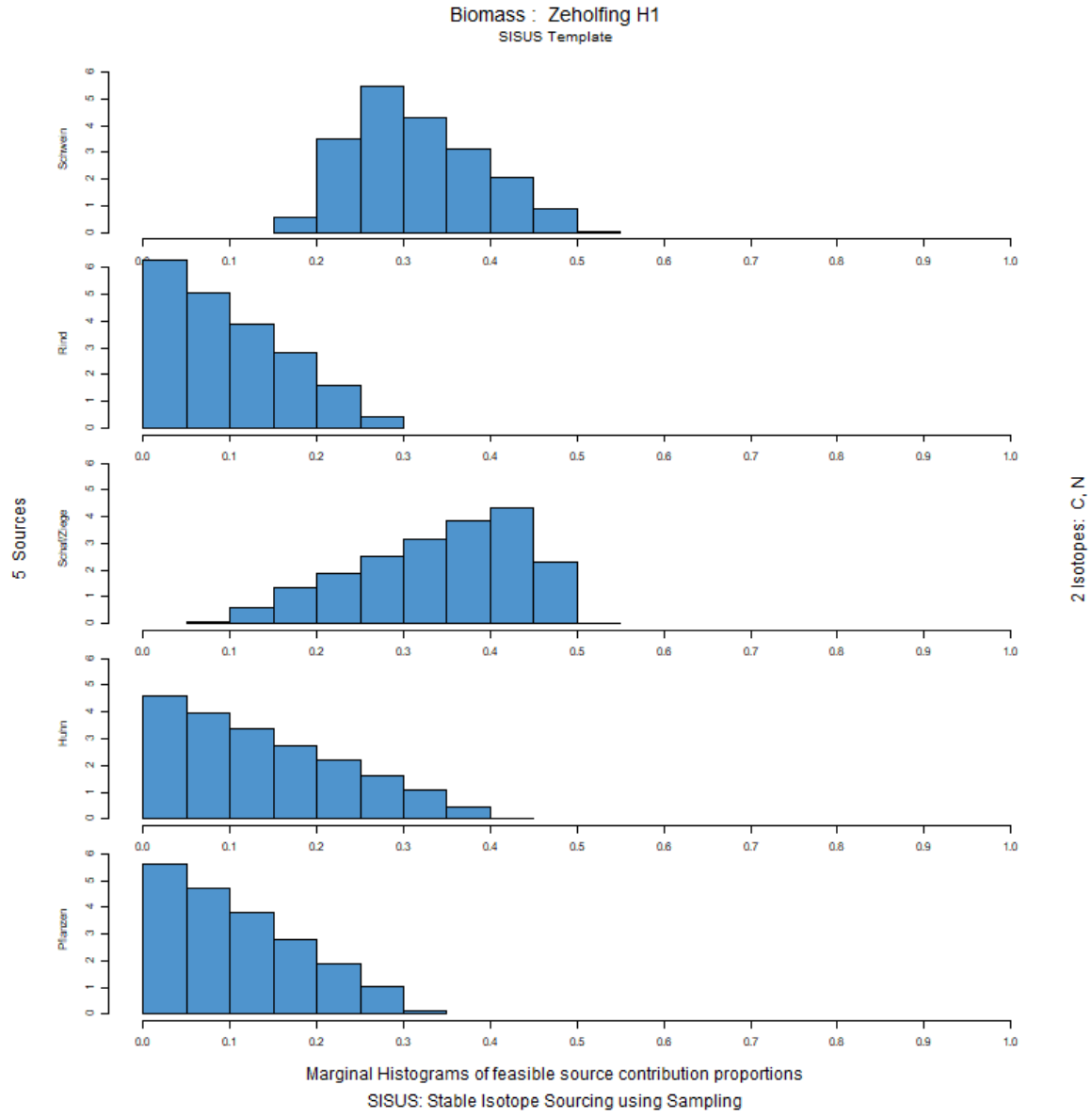


Abbildung A 447: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

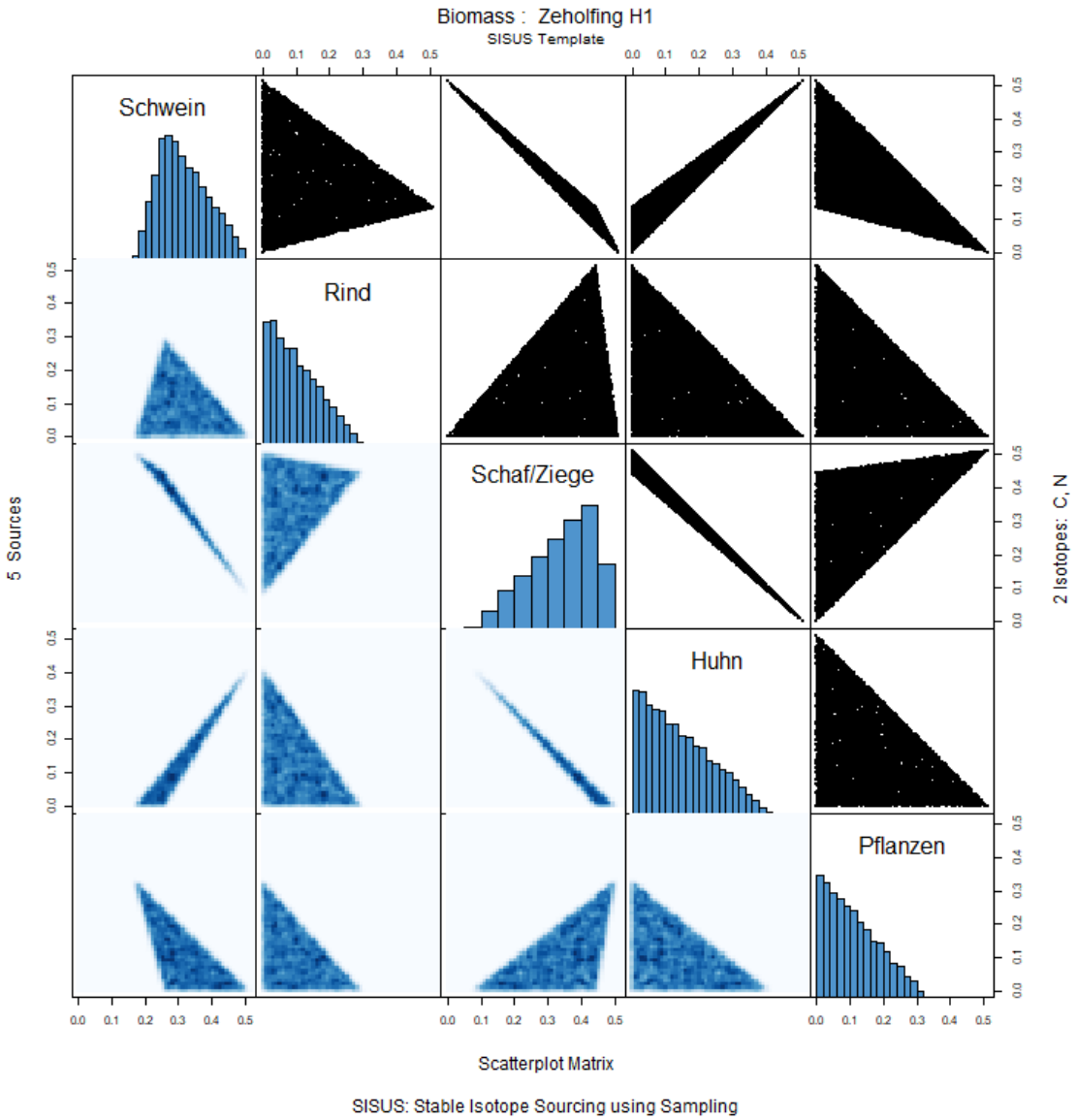


Abbildung A 448: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 1 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

Horizont 2

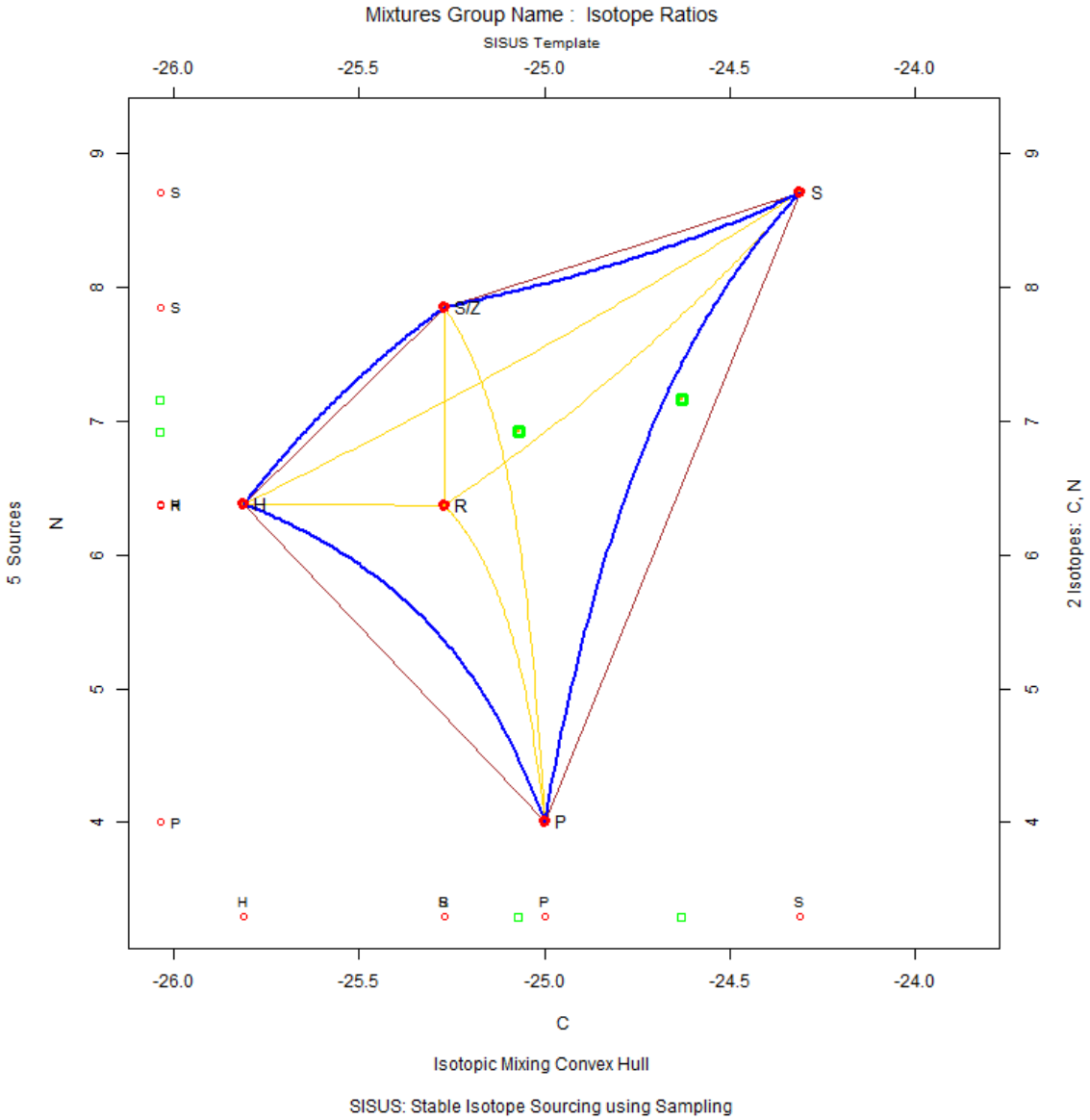


Abbildung A 449: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell der der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden (ohne Punktbeschriftung). Erstellt mit SISUS. **H**: Huhn, **R**: Rind, **S**: Schwein, **S/Z**: Schaf/Ziege, **P**: Pflanzen (hypothetisch).

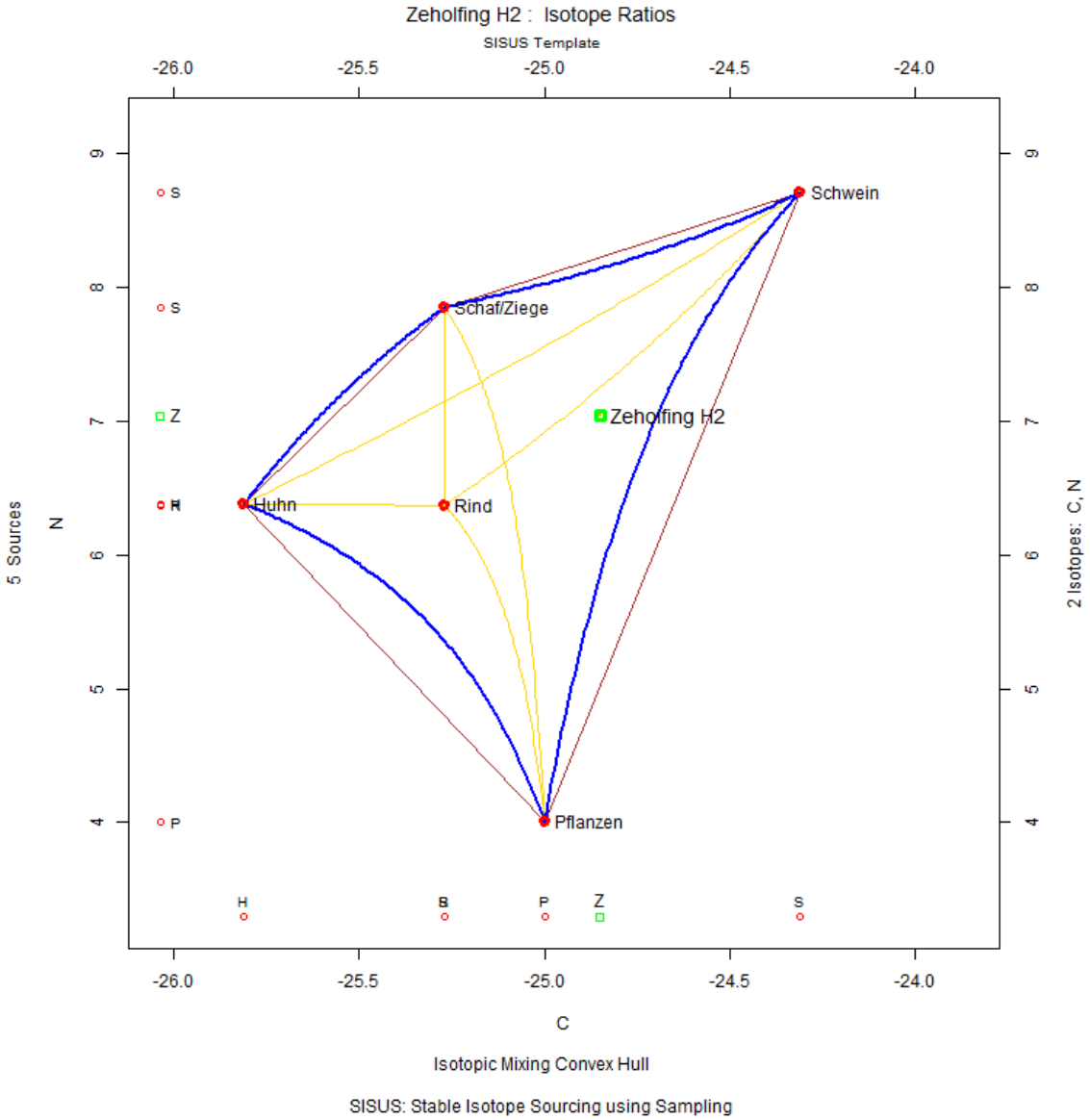


Abbildung A 450: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

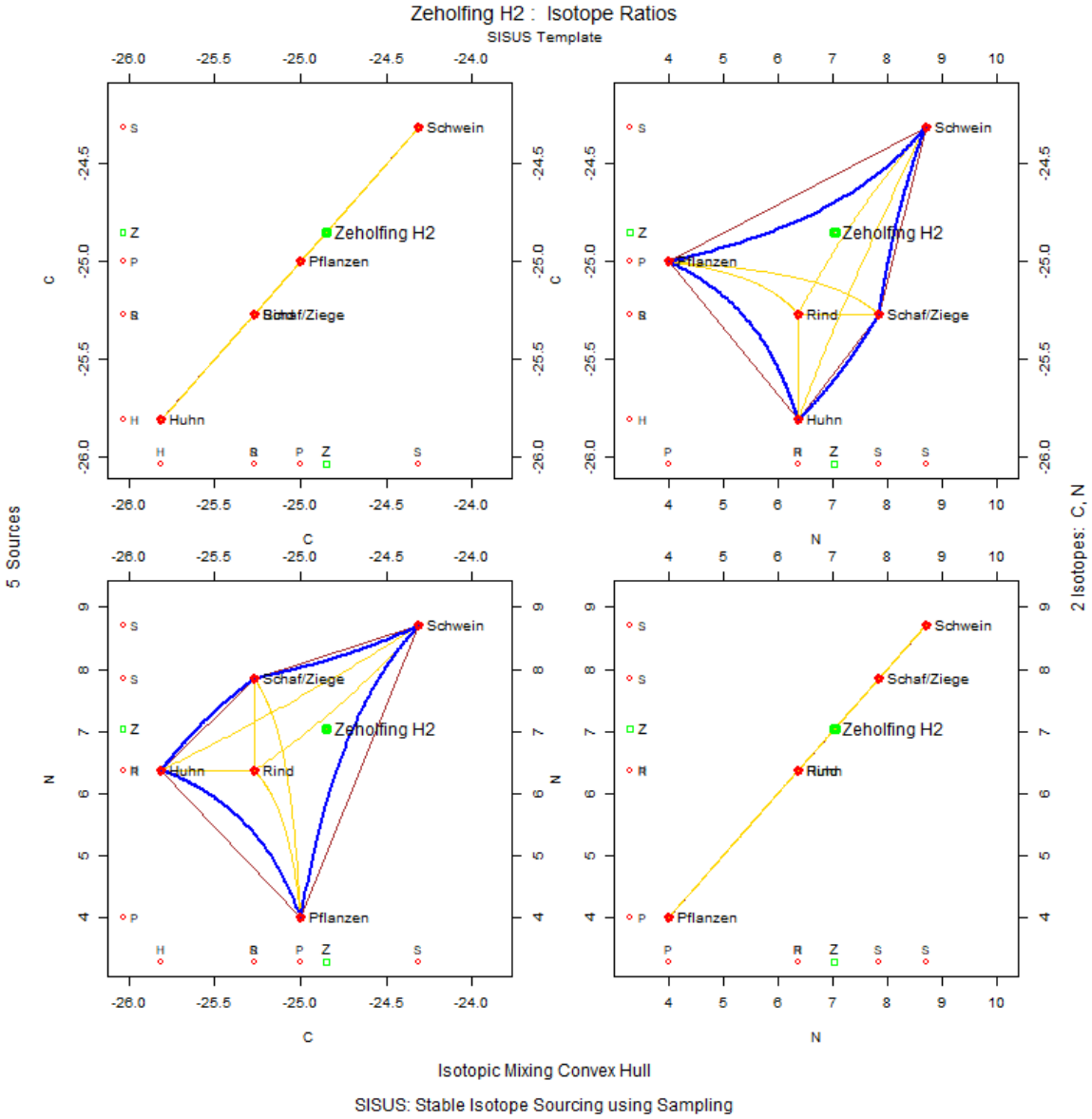


Abbildung A 451: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden, in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

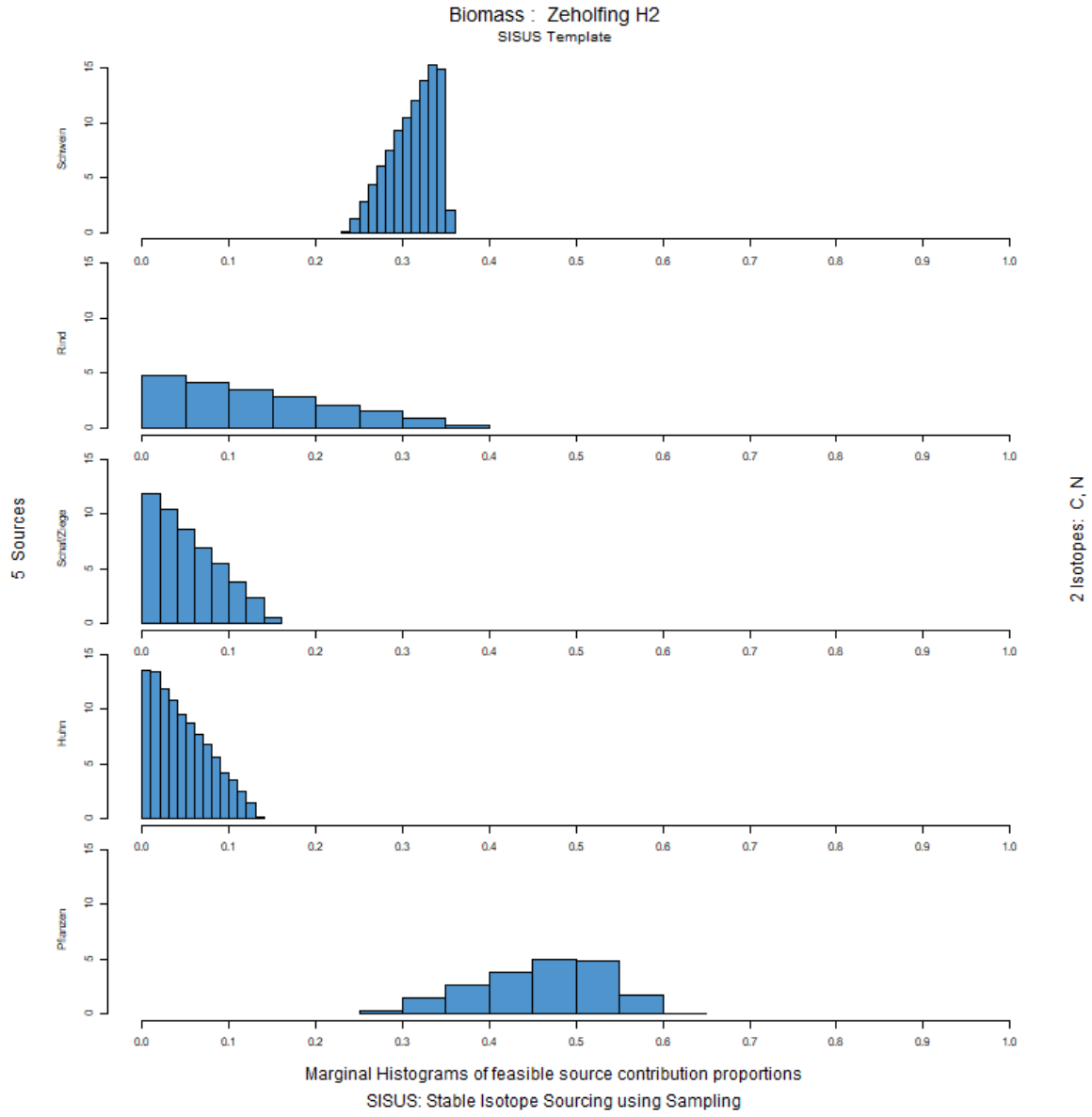


Abbildung A 452: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

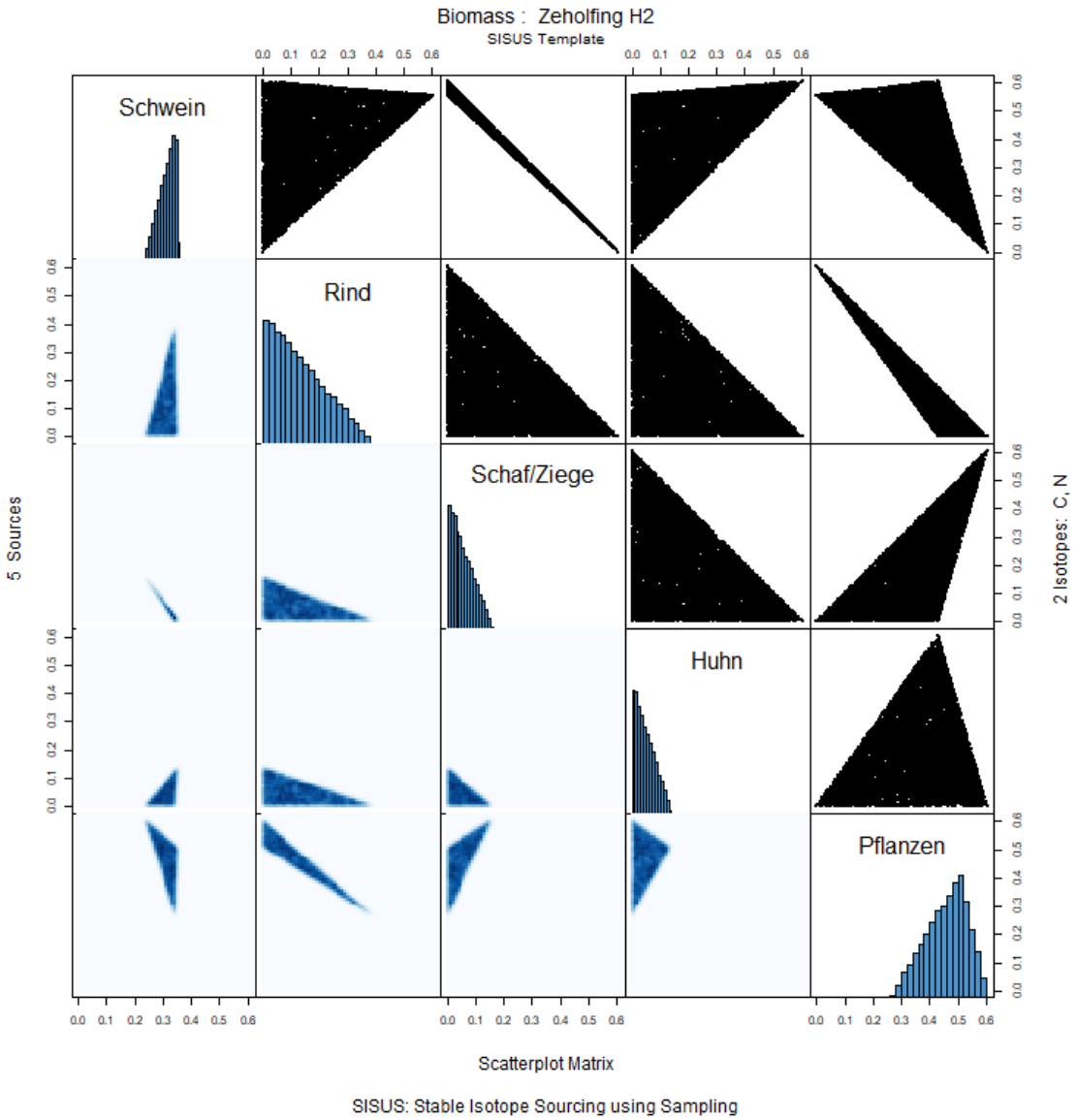


Abbildung A 453: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Medians der Individuen aus Zeholfing, die im Friedhofsteil Horizont 2 bestattet wurden. Erstellt mit SISUS.

10 Danksagung

Johann Wolfgang von Goethe schrieb im Jahr 1797: „*Leider lässt sich eine wahrhafte Dankbarkeit mit Worten nicht ausdrücken*“. Nichtsdestotrotz möchte ich in diesem Abschnitt meinen aufrichtigen Dank an all die Personen richten, die mich auf diesem Lebensabschnitt begleitet und unterstützt haben:

Allen voran danke ich Frau **Prof. Dr. Gisela Grupe**, die mir dieses spannende Promotionsthema angeboten hat und sich immer die Zeit zum regen Austausch genommen hat. In all den Jahren, vom Bachelor bis hin zur Doktorarbeit, war sie mir immer eine einmalige Mentorin, die mich und meine Fähigkeiten durch eine Vielzahl an Chance unterstützte.

Mein Dank gilt außerdem der **Studienstiftung des deutschen Volkes**, die es mir durch ihre finanzielle Unterstützung die Möglichkeit erlaubt hat, diese Arbeit ohne Probleme fertigzustellen. Darüber hinaus haben sie mir in der Zeit, in der sie mich gefördert haben, durch ihr breites Weiterbildungsangebot neue Seiten, Ansichten und Chancen zur Selbstentwicklung gegeben, welche ich mehr als dankend angenommen habe.

Zudem möchte ich mich bei Frau **Dr. Anastasia Papathanasiou** für den Austausch zu den Daten der griechischen Fundorte bedanken. Die Kooperation erlaubte mir einen tieferen Einblick in den griechischen Fundkontext, wovon die Interpretation und der Kontext reichlich profitierte.

Zudem möchte ich mich weiter bei Herrn **Prof. Dr. Peer Kröger** und Herrn **Prof. Dr. Wolfgang Enard** bedanken, die als Teil meines TAC-Komitees meine Arbeit begleiteten und kritisch beurteilt haben. Der aus den Komiteesitzungen gewonnene Input hat die Auswertung meiner Doktorarbeit durchweg gebessert.

Bei der Herrn **Dr. Jürgen Süß**, sowie dem **VFED** bedanke ich mich für Nutzungszustimmung ihrer Abbildungen.

Ein großer Dank gilt auch den Personen, die Teil der **Arbeitsgruppe für Anthropologie** der LMU waren bzw. immer noch sind, besonders Dr. Andrea Göhring und Dr. Larissa Otto. Es war wirklich eine schöne Zeit mit unterhaltsamen Gesprächen, hilfreichen Ratschlägen und verdienten Kaffeepausen.

Zuletzt danke ich **meinen Eltern**. Ohne ihre Unterstützung wäre mir das Studium und die Promotion nicht möglich gewesen.

Danke.

Du bist, was du isst:
Applikation konzentrationsbasierter Mischungsmodelle auf Stabilisotopen-Daten aus archäologischen Skelettfunden zur Rekonstruktion früher Wirtschaftsökonomie

Begleitband mit individuellen Mischungsmodellen

(Abbildungen und Tabellen)

Sidney Viviane Sebald

Inhaltsverzeichnis

Einführung 1

1 Türkei – Nevalı Cori 2

1.1 MixSIAR: Abbildungen 2

1.2 MixSIAR: Tabellen 36

1.3 SISUS: Abbildungen 39

1.3.1 Schicht I/II 39

1.3.2 Schicht I/II oder III 66

1.3.3 Schicht I/III 67

1.3.4 Schicht III 68

1.3.5 Schicht IV/V 85

1.3.6 Schicht VI/VIII 91

1.4 SISUS: Tabellen 94

2 Griechenland – Alepotrypa 97

2.1 IsoConc: Abbildungen 97

2.2 IsoConc: Tabellen 108

2.3 MixSIAR: Abbildungen 110

2.4 MixSIAR: Tabellen 134

2.5 SISUS: Abbildungen 138

2.6 SISUS: Tabellen 203

3 Griechenland – Franchthi 207

3.1 IsoConc: Abbildungen 207

3.2 IsoConc: Tabellen 210

3.3 MixSIAR: Abbildungen 211

3.4 MixSIAR: Tabellen 218

3.5 SISUS: Abbildungen 219

3.6 SISUS: Tabellen 236

4 Griechenland – Mavropigi 237

4.1 IsoConc: Abbildungen 237

4.2 IsoConc: Tabellen 243

4.3 MixSIAR: Abbildungen 244

4.4 MixSIAR: Tabellen 257

4.5 SISUS: Abbildungen 258

4.6 SISUS: Tabellen 299

5 Griechenland – Theopetra 301

5.1 IsoConc: Abbildungen 301
5.2 IsoConc: Tabellen 308
5.3 MixSIAR: Abbildungen 309
5.4 MixSIAR: Tabellen 324
5.5 SISUS: Abbildungen 325
5.6 SISUS: Tabellen 371
6 Griechenland – Xirolimi 374
6.1 MixSIAR: Abbildungen 374
6.2 MixSIAR: Tabellen 390
7 Serbien – Lepenski Vir 392
7.1 IsoConc: Abbildungen 392
7.2 IsoConc: Tabellen 405
7.3 MixSIAR: Abbildungen 407
7.4 MixSIAR: Tabellen 435
7.5 SISUS: Abbildungen 437
7.5.1 Datierung: vor 6300 v. Chr. 437
7.5.2 Datierung: nach 6300 v. Chr. 454
7.5.3 Datierung: nicht datierbar/nicht datiert 493
7.6 SISUS: Tabellen 511
8 Serbien – Vlasac 513
8.1 IsoConc: Abbildungen 513
8.2 IsoConc: Tabellen 527
8.3 MixSIAR: Abbildungen 529
8.4 MixSIAR: Tabellen 558
8.5 SISUS: Abbildungen 560
8.5.1 Datierung: vor 7600 v. Chr. 560
8.5.2 Datierung: nach 7600 v. Chr. 610
8.5.3 Datierung: nicht datierbar/nicht datiert 642
8.6 SISUS: Tabellen 662
9 Deutschland (Spätantike) – Klettham 664
9.1 IsoConc: Abbildungen 664
9.2 IsoConc: Tabellen 669
9.3 MixSIAR: Abbildungen 670
9.4 MixSIAR: Tabellen 682
9.5 SISUS: Abbildungen 683
9.6 SISUS: Tabellen 720

10 Deutschland (Frühmittelalter) – Bruckmühl ... 721
10.1 IsoConc: Abbildungen ... 721
10.2 IsoConc: Tabellen ... 738
10.3 MixSIAR: Abbildungen ... 740
10.4 MixSIAR: Tabellen ... 775
10.5 SISUS: Abbildungen ... 778
10.6 SISUS: Tabellen ... 895
11 Deutschland (Frühmittelalter) – Erding - Altenerding ... 898
11.1 IsoConc: Abbildungen ... 898
11.2 IsoConc: Tabellen ... 935
11.3 MixSIAR: Abbildungen ... 939
11.4 MixSIAR: Tabellen ... 1014
11.5 SISUS: Abbildungen ... 1023
11.6 SISUS: Tabellen ... 1228
12 Deutschland (Frühmittelalter) – Ingolstadt-Etting ... 1235
12.1 MixSIAR: Abbildungen ... 1235
12.2 MixSIAR: Tabellen ... 1246
13 Deutschland (Frühmittelalter) – Großmehring ... 1247
13.1 MixSIAR: Abbildungen ... 1247
13.2 MixSIAR: Tabellen ... 1286
13.3 SISUS: Abbildungen ... 1290
13.4 SISUS: Tabellen ... 1363
14 Deutschland (Frühmittelalter) – Kelheim ... 1367
14.1 MixSIAR: Abbildungen ... 1367
14.2 MixSIAR: Tabellen ... 1395
15 Deutschland (Frühmittelalter) – Straubing ... 1398
15.1 IsoConc: Abbildungen ... 1398
15.2 IsoConc: Tabellen ... 1445
15.3 MixSIAR: Abbildungen ... 1451
15.4 MixSIAR: Tabellen ... 1548
15.5 SISUS: Abbildungen ... 1559
15.6 SISUS: Tabellen ... 1862
16 Deutschland (Frühmittelalter) – Unterigling ... 1871
16.1 IsoConc: Abbildungen ... 1871
16.2 IsoConc: Tabellen ... 1887
16.3 MixSIAR: Abbildungen ... 1889

16.4 MixSIAR: Tabellen 1923
16.5 SISUS: Abbildungen 1926
16.6 SISUS: Tabellen 2003
17 Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) – Regensburg 2006
17.1 IsoConc: Abbildungen 2006
17.2 IsoConc: Tabellen 2062
17.3 MixSIAR: Abbildungen 2068
17.4 MixSIAR: Tabellen 2180
17.5 SISUS: Abbildungen 2192
17.6 SISUS: Tabellen 2546
18 Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) – Zeholfing 2557
18.1 IsoConc: Abbildungen 2557
18.2 IsoConc: Tabellen 2565
18.3 MixSIAR: Abbildungen 2566
18.4 MixSIAR: Tabellen 2583
18.5 SISUS: Abbildungen 2585
18.6 SISUS: Tabellen 2627

Einführung

Dieser Band ist ein begleitender Ergänzungsband zur Promotionsarbeit „Du bist, was du isst: Applikation konzentrationsbasierter Mischungsmodelle auf Stabilisotopen-Daten aus archäologischen Skelettfunden zur Rekonstruktion früher Wirtschaftsökonomie“ (Sebald 2021).

Er beinhaltet die individuellen Ergebnisse der Mischungsmodelle der neolithischen Fundorte aus der Türkei (Nevalı Çori), Griechenland (Alepotrypa, Franchthi, Mavropigi, Theopetra, Xirolimni) und Serbien (Lepenski Vir, Vlasac) sowie die mittelalterlichen Orte aus Deutschland (Bruckmühl, Erding-Altenerding, Erding-Klettham, Großmehring, Ingolstadt-Etting, Kelheim, Regensburg, Straubing, Unterigling, Zeholfing) und umfasst hierbei alle Modellabbildungen und Tabellen der Resultate.

Die nähere Erläuterung und Interpretation der Fundorte und Programme werden im Hauptband der Promotionsarbeit besprochen.

1 Türkei – Nevalı Cori

1.1 MixSIAR: Abbildungen

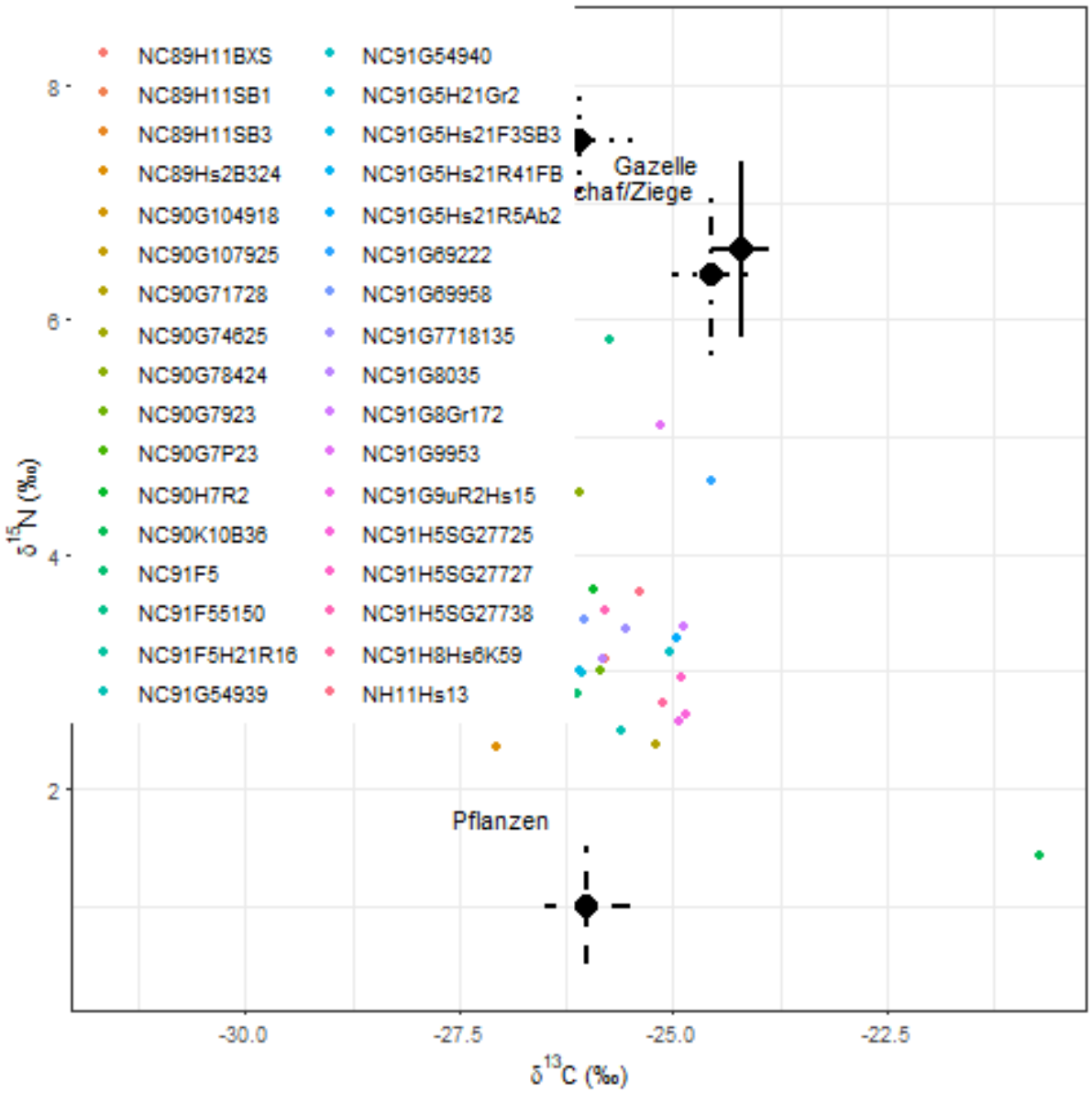


Abbildung 1: Isospace Plot der Individuen aus Nevalı Çori. Erstellt mit MixSIAR.

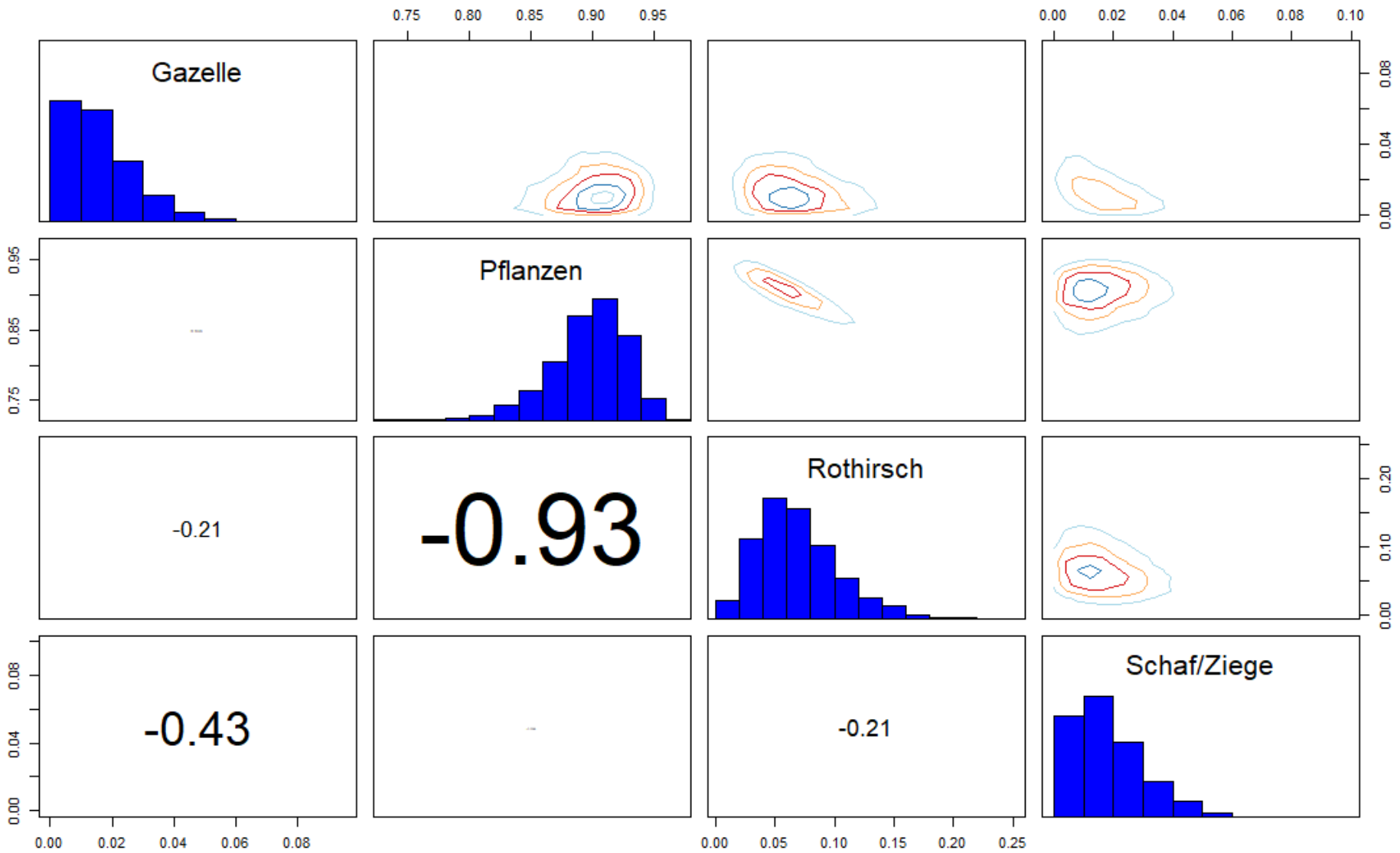


Abbildung 2: Pairs Plot der Population aus Nevalı Çori. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

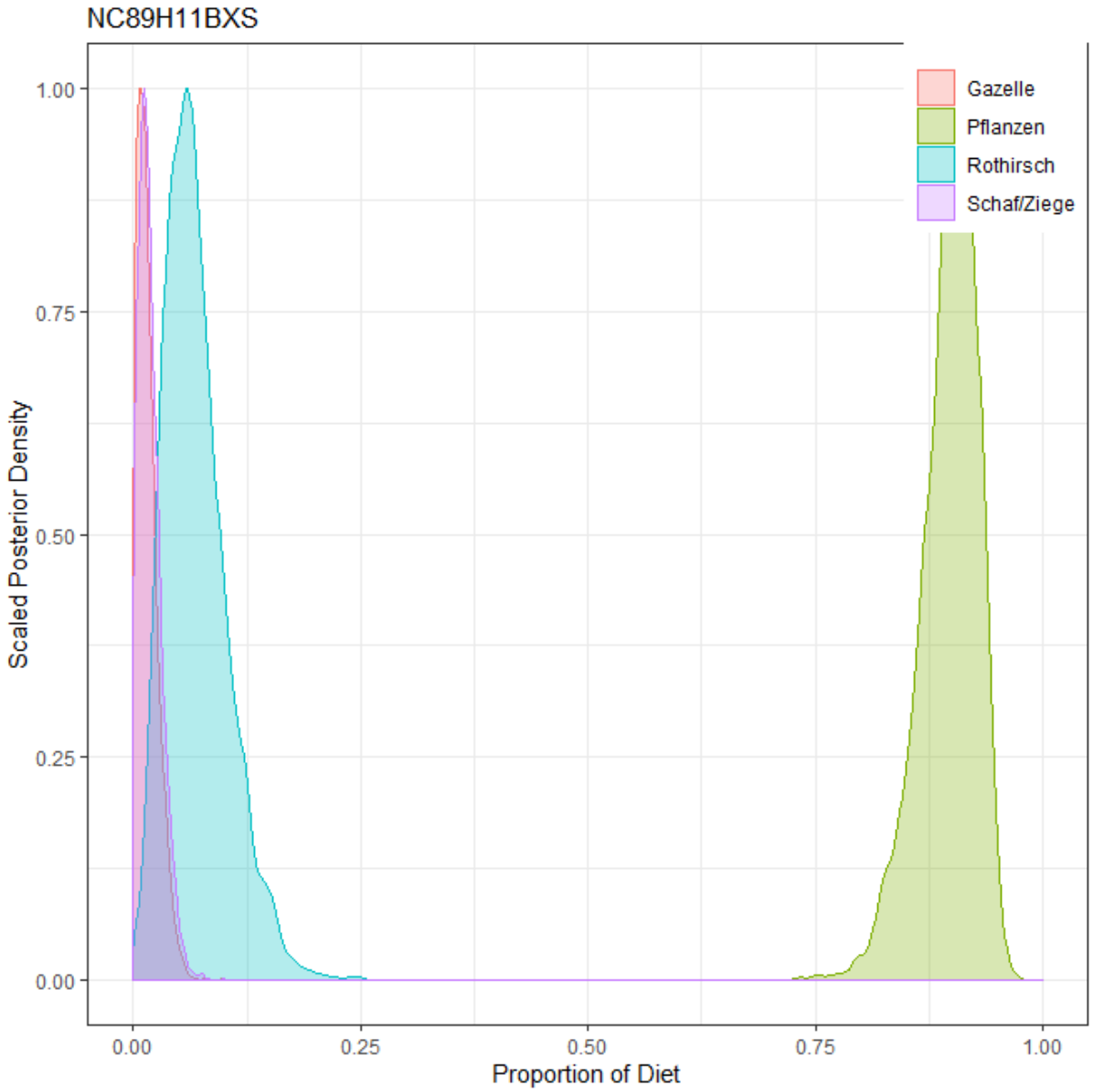


Abbildung 3: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89H11BXS. Erstellt mit MixSIAR.

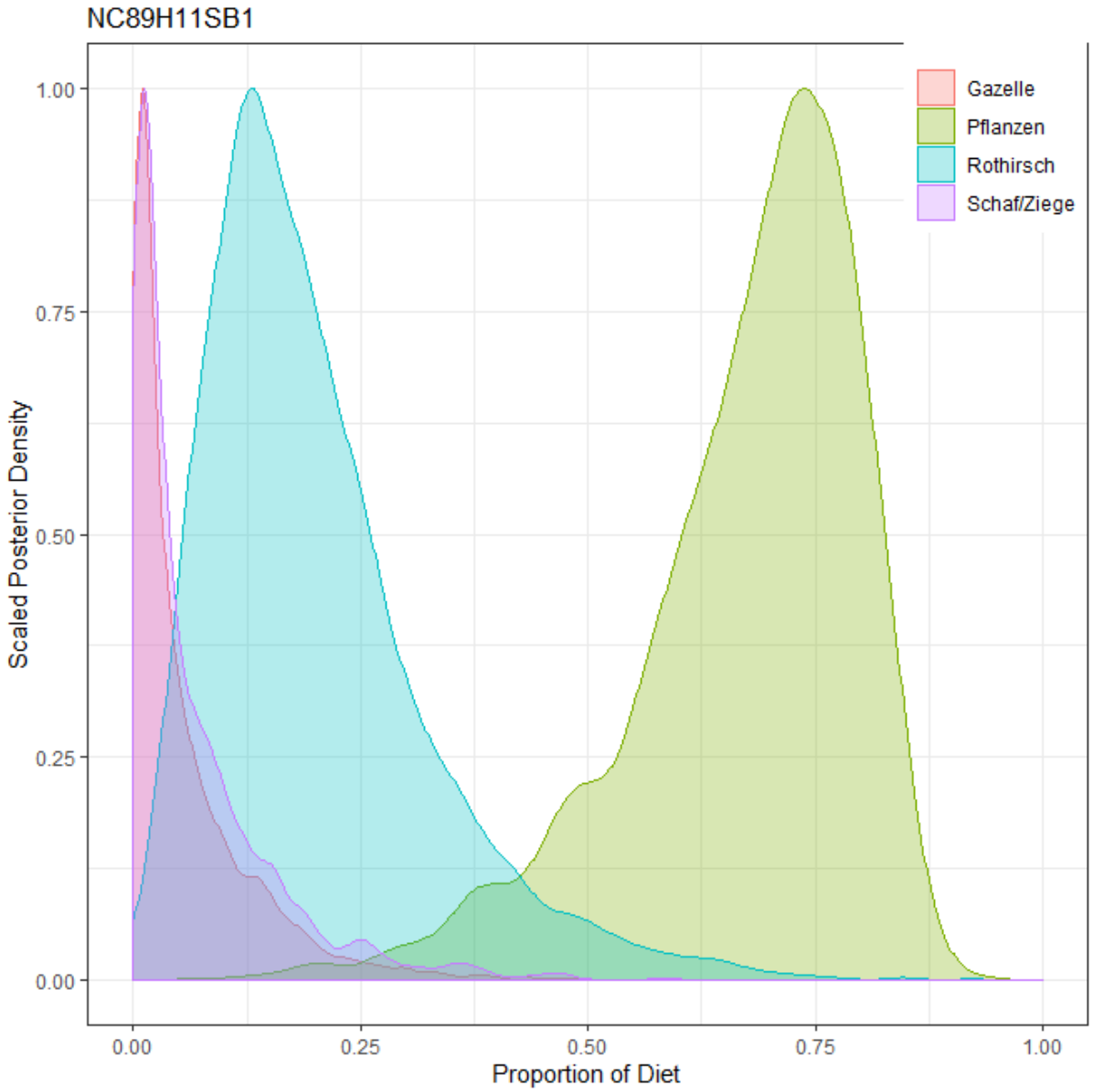


Abbildung 4: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89H11SB1. Erstellt mit MixSIAR.

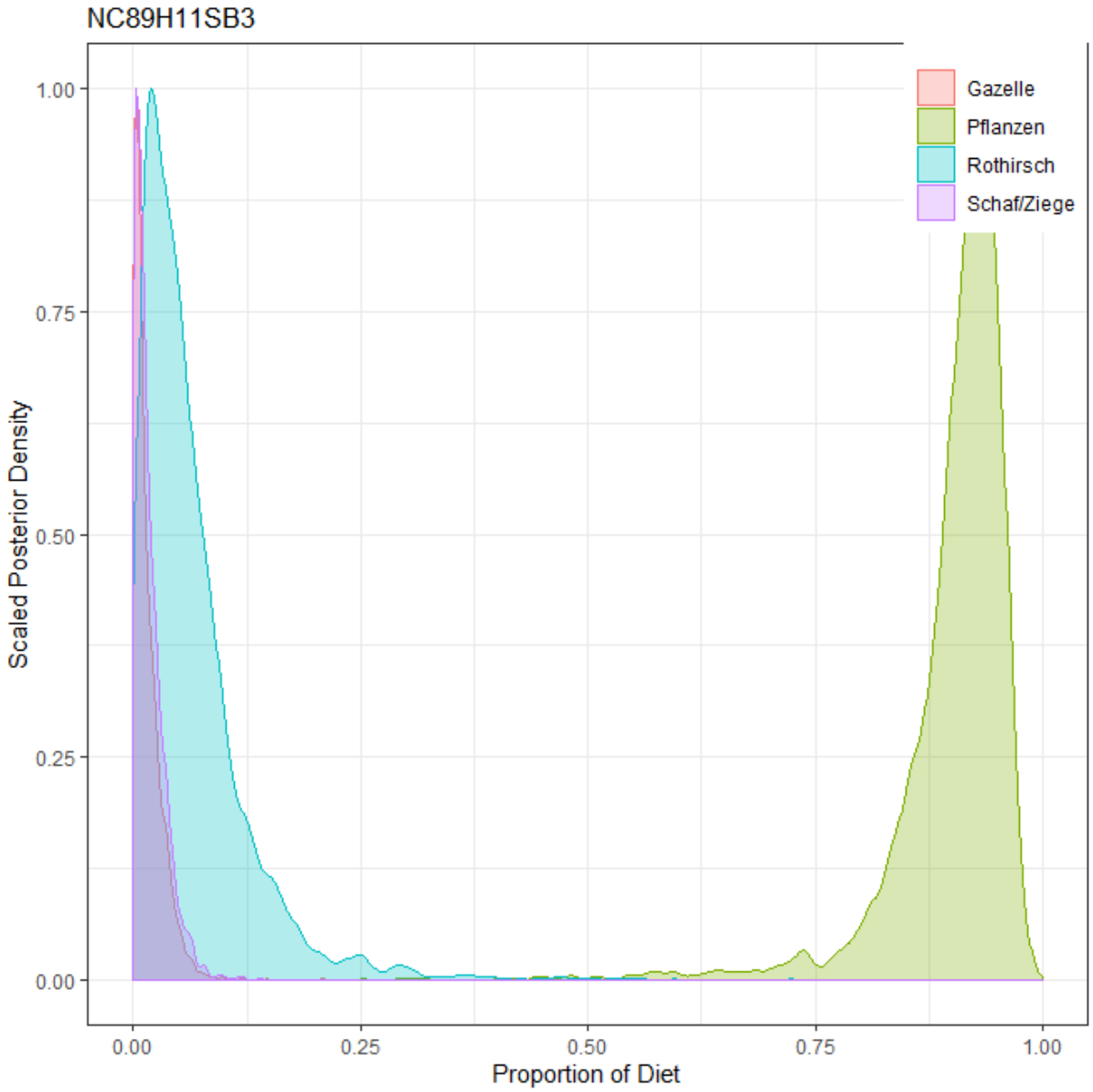


Abbildung 5: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89H11SB3. Erstellt mit MixSIAR.

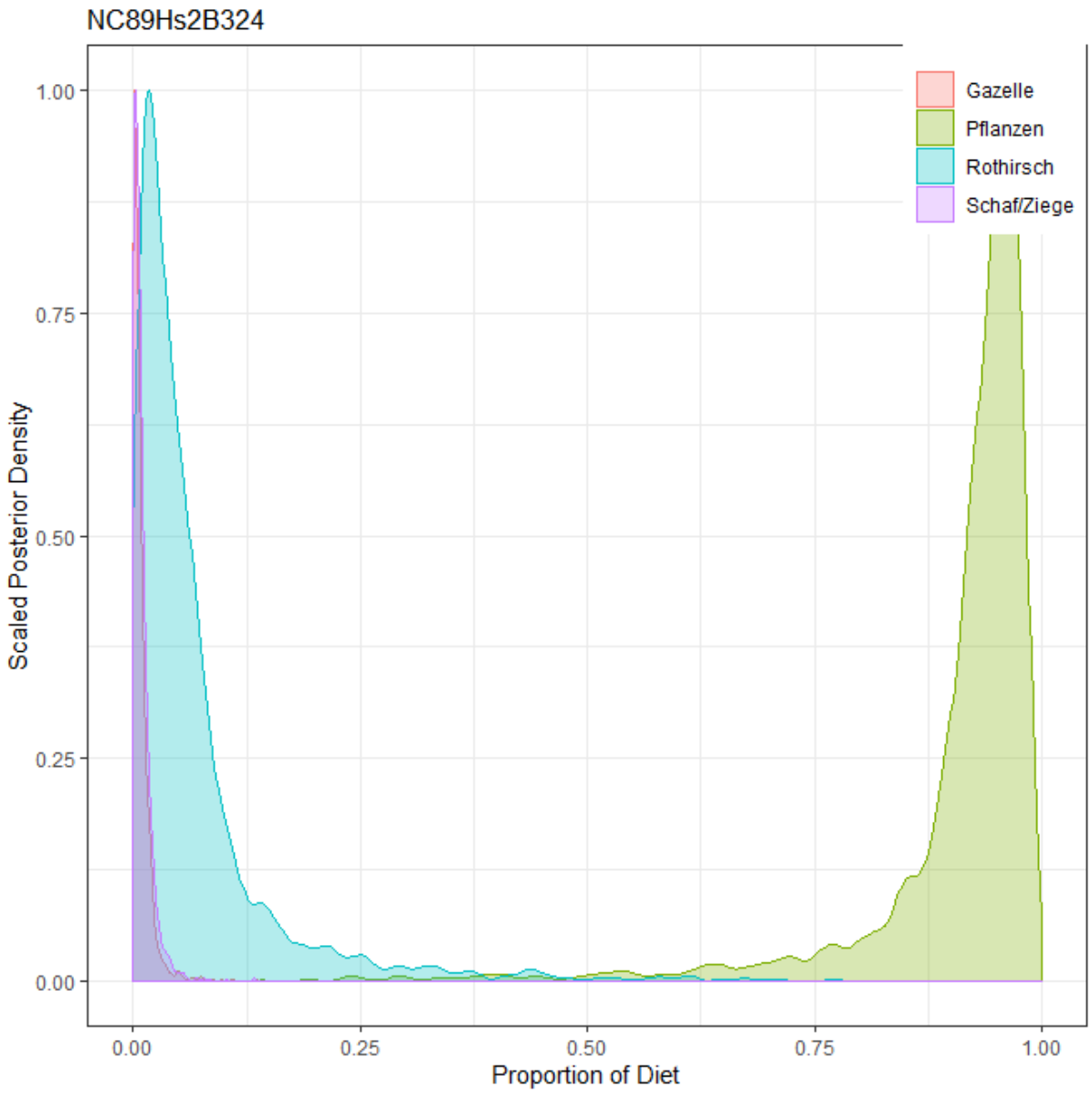


Abbildung 6: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89Hs2B324. Erstellt mit MixSIAR.

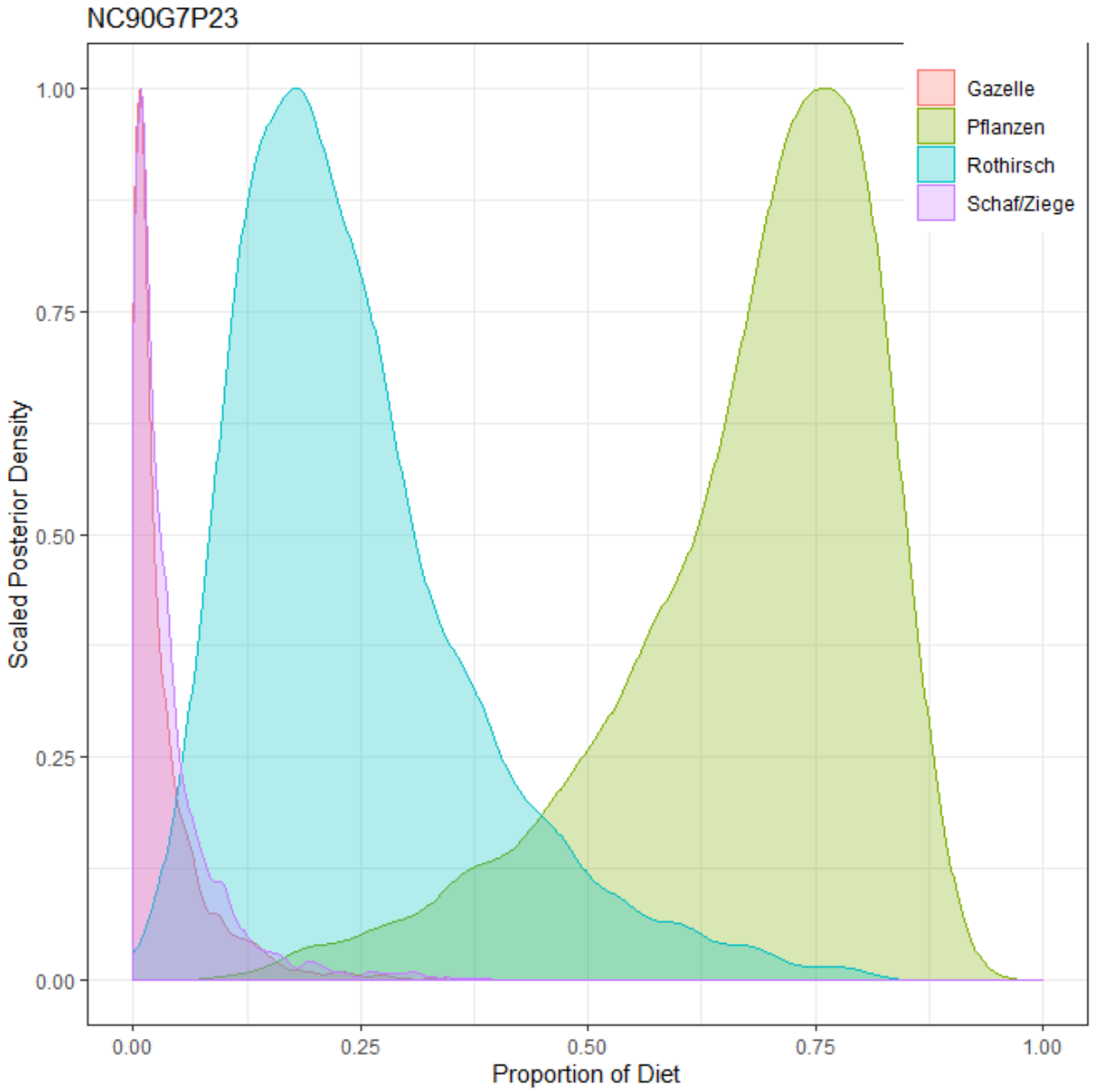


Abbildung 7: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G7P23. Erstellt mit MixSIAR.

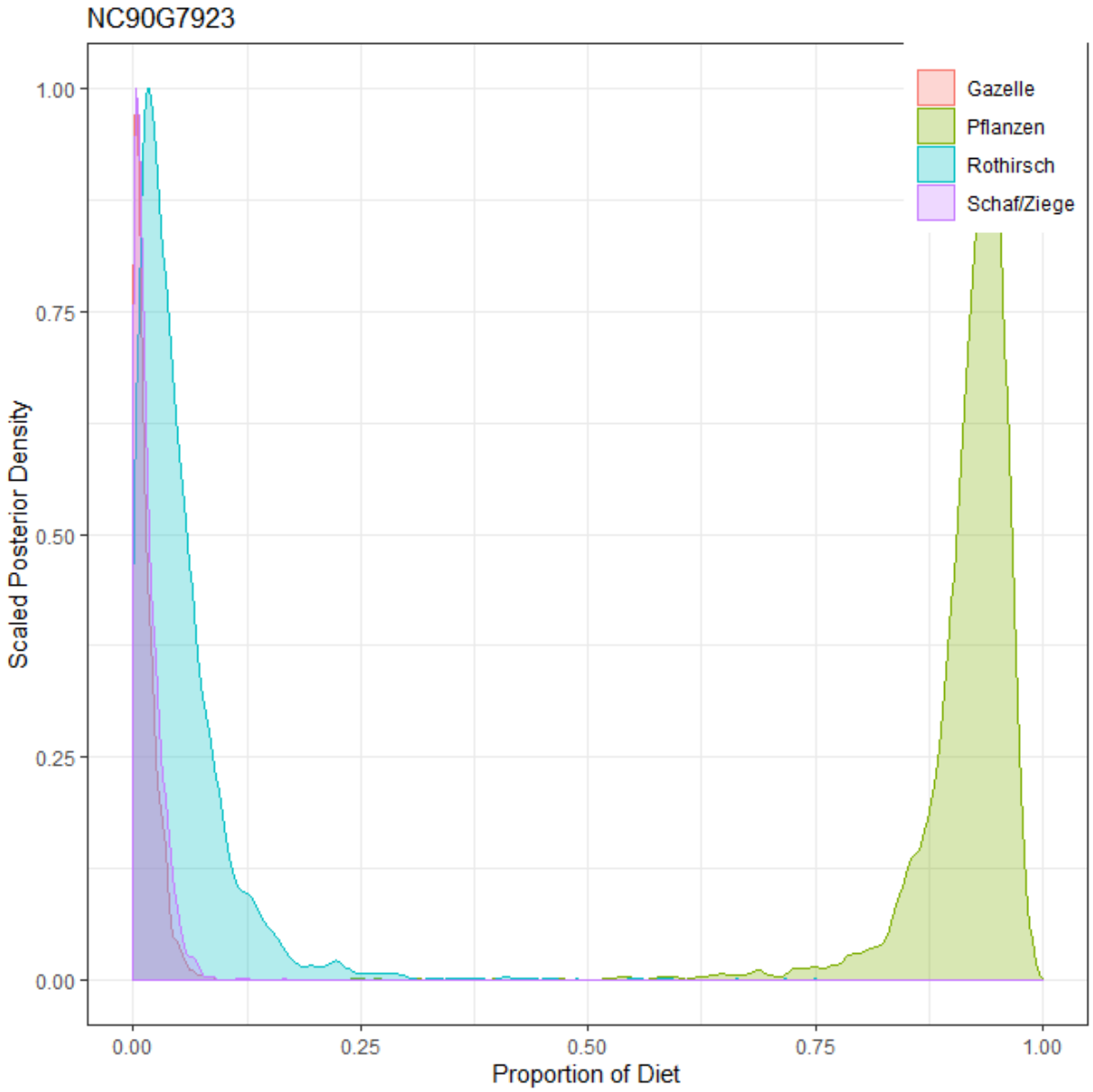


Abbildung 8: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G7923. Erstellt mit MixSIAR.

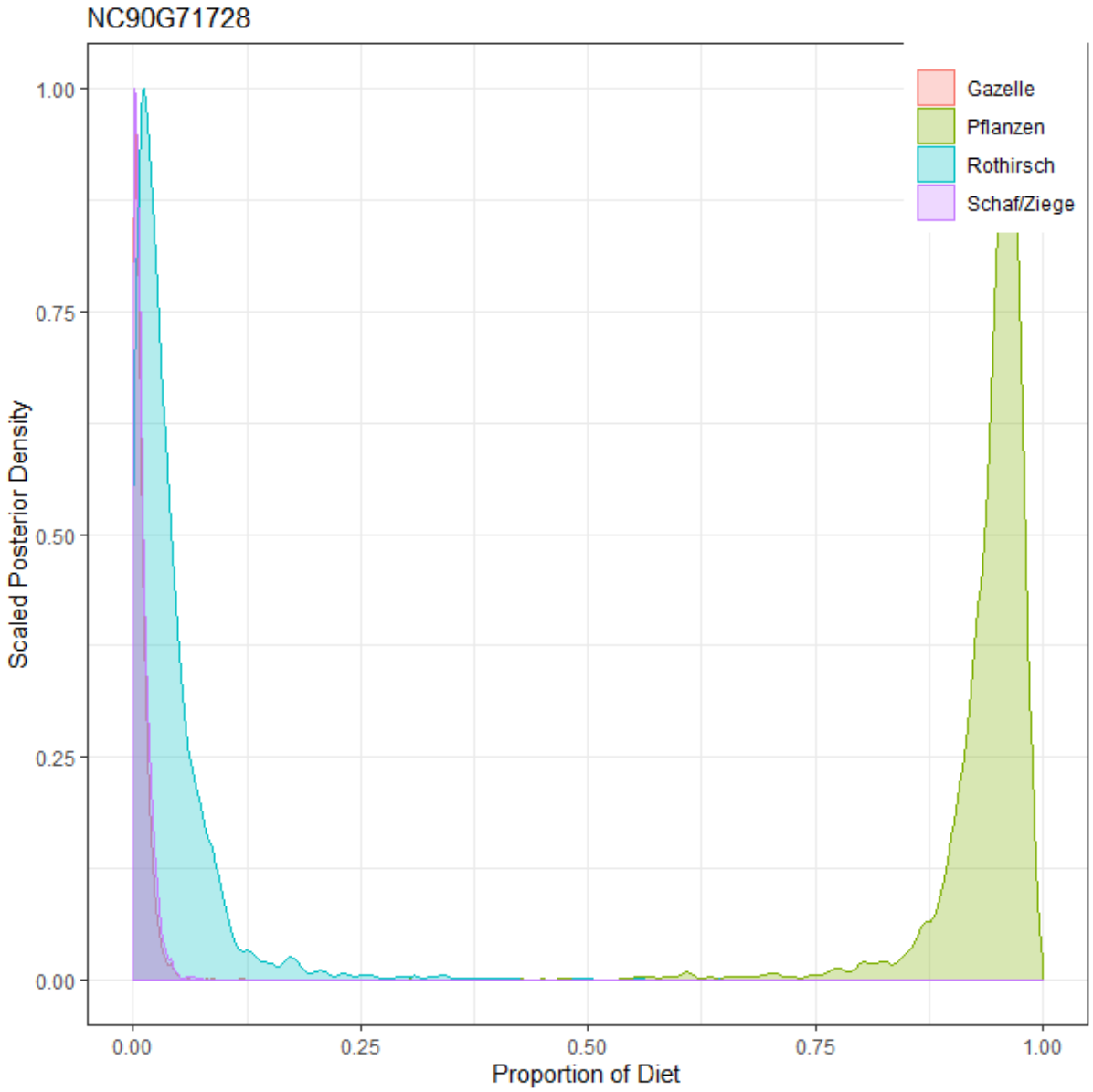


Abbildung 9: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G71728. Erstellt mit MixSIAR.

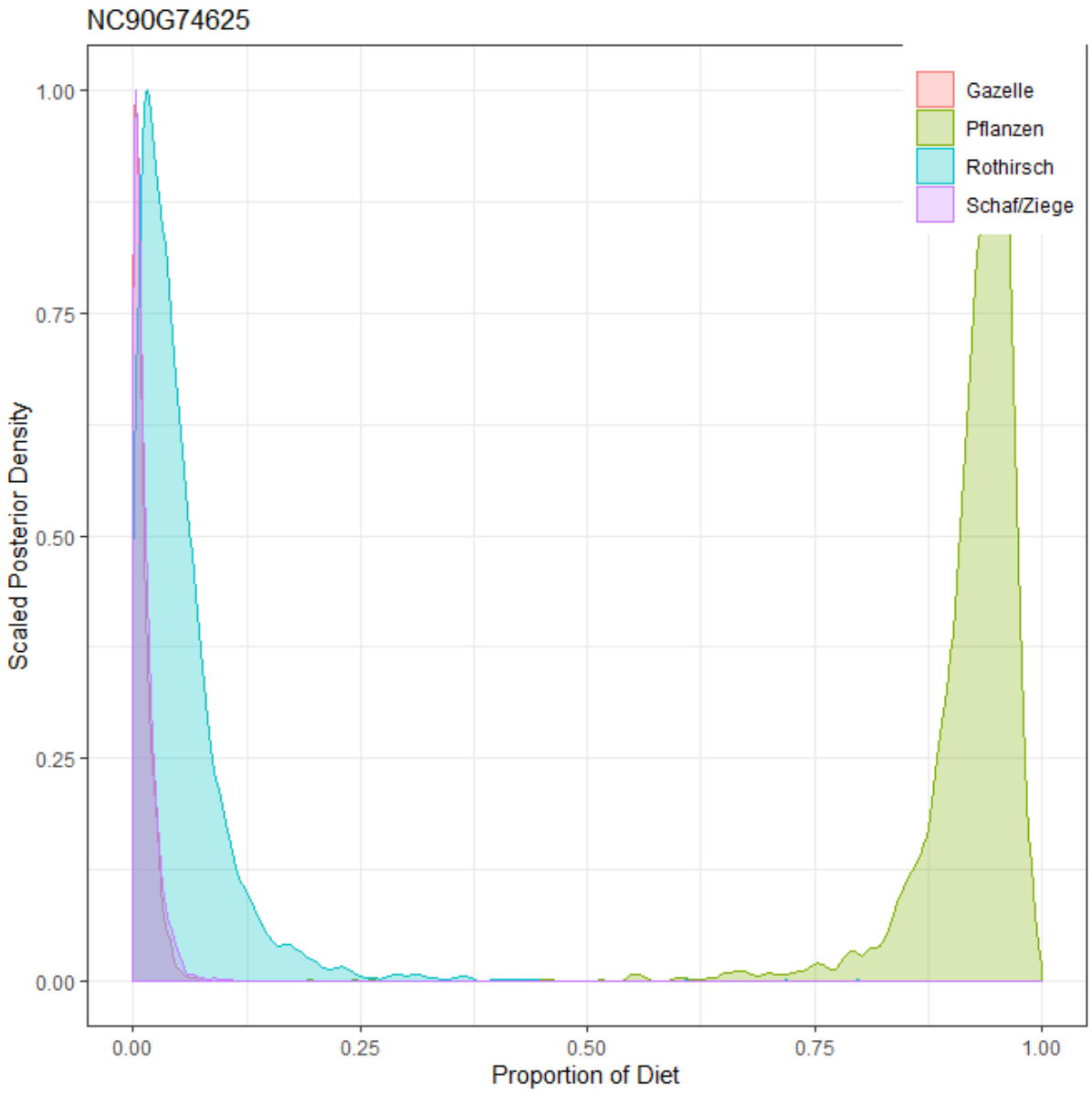


Abbildung 10: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G74625. Erstellt mit MixSIAR.

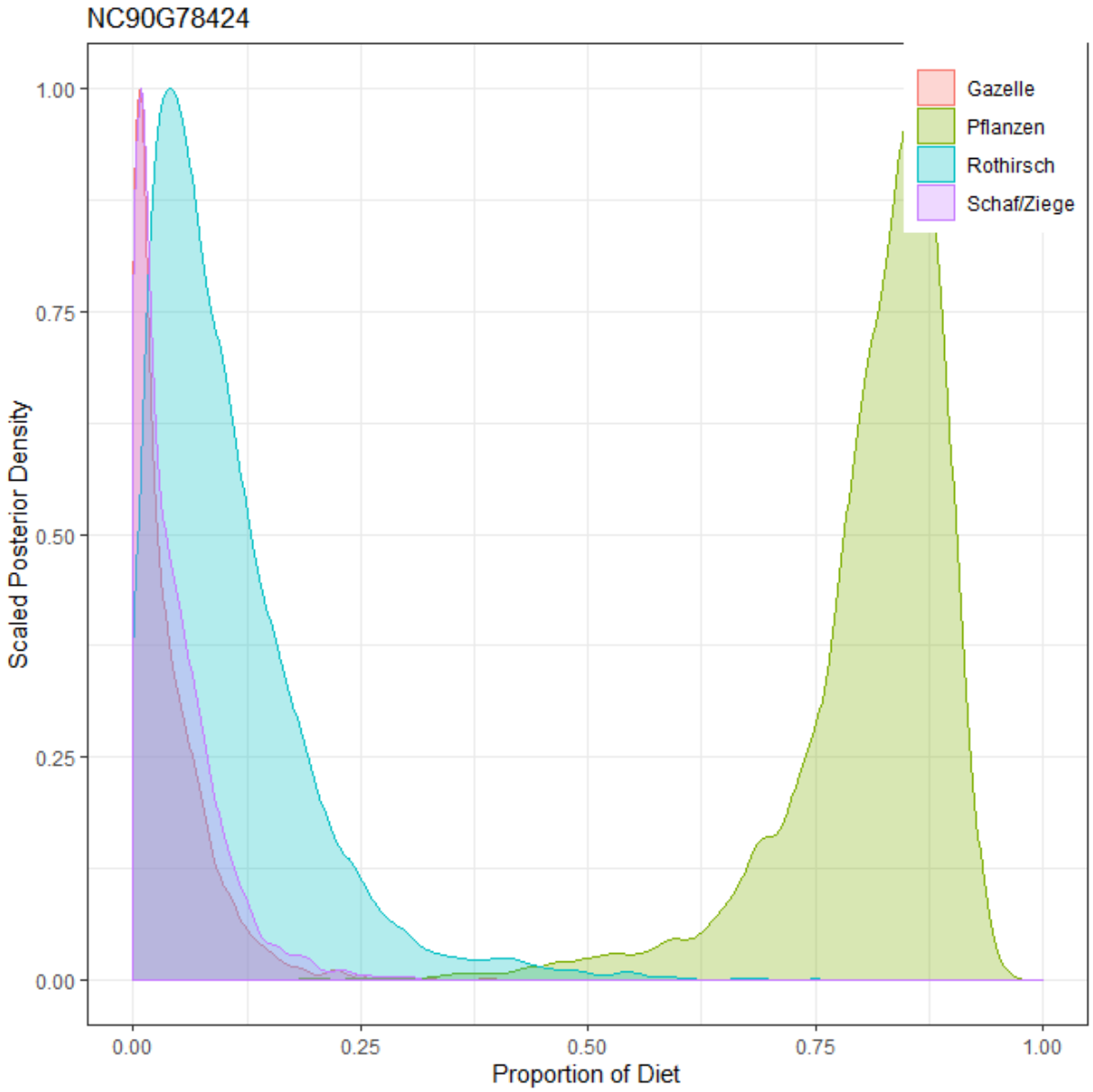


Abbildung 11: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G78424. Erstellt mit MixSIAR.

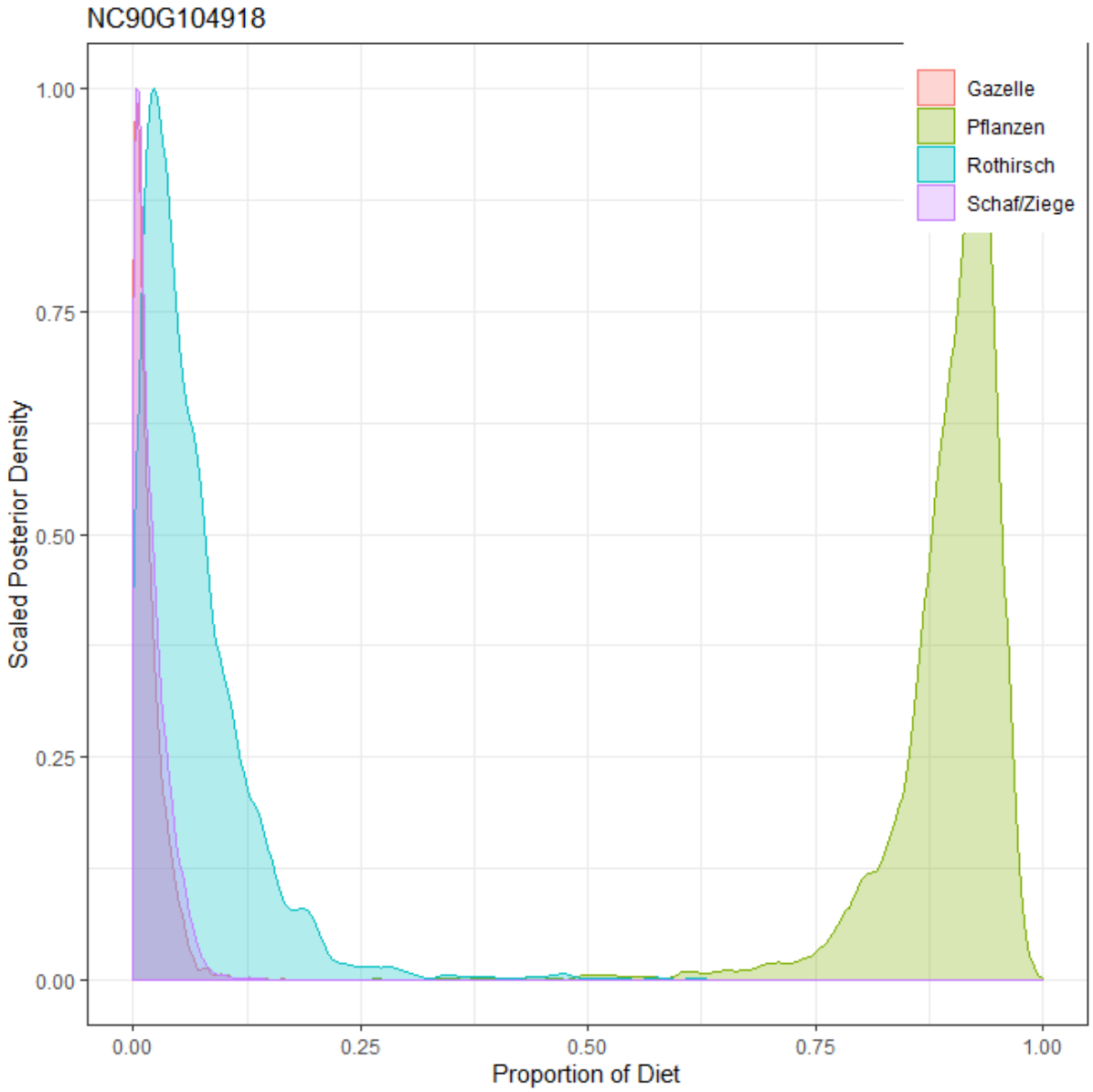


Abbildung 12: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G104918. Erstellt mit MixSIAR.

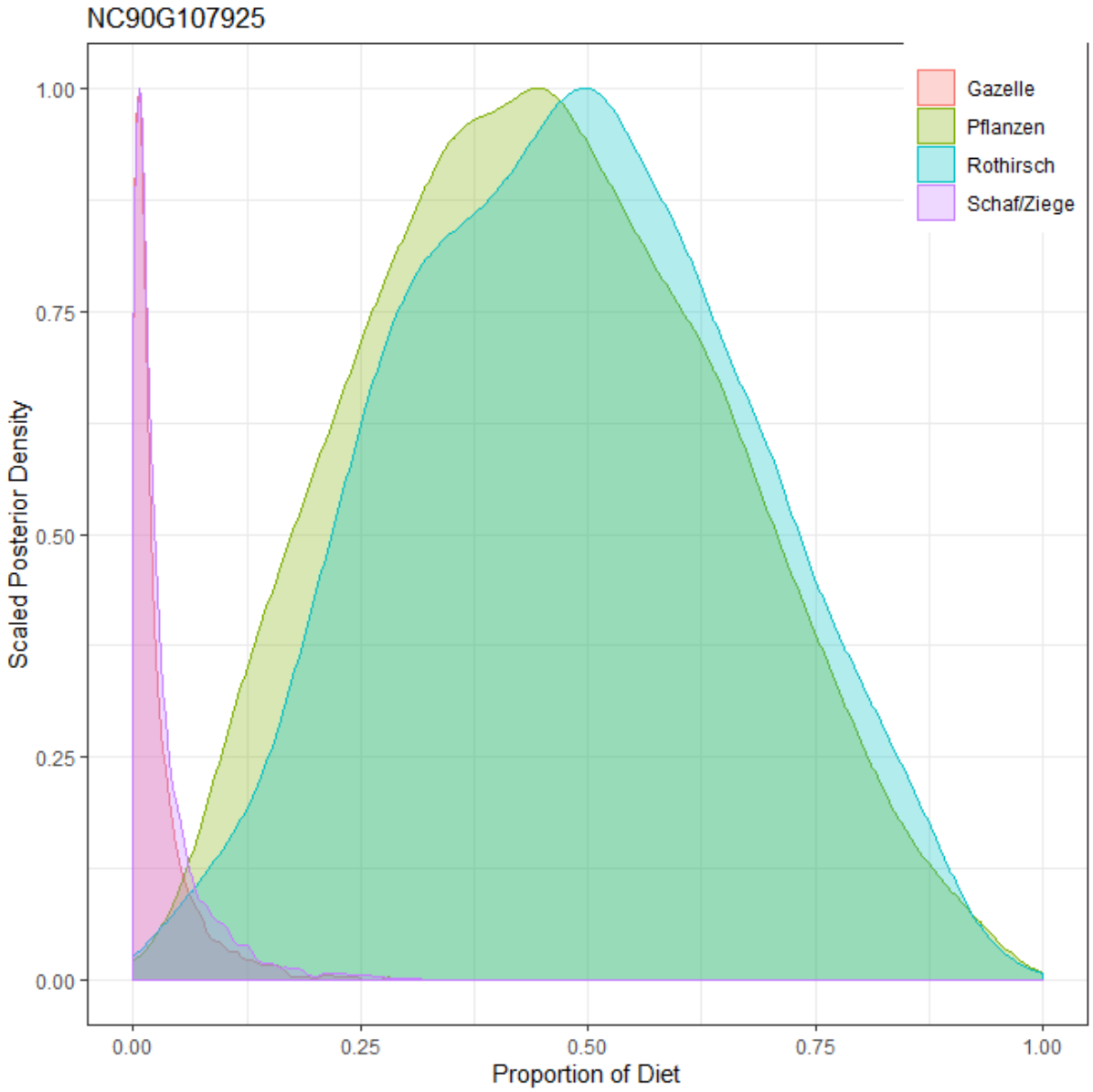


Abbildung 13: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90G107925. Erstellt mit MixSIAR.

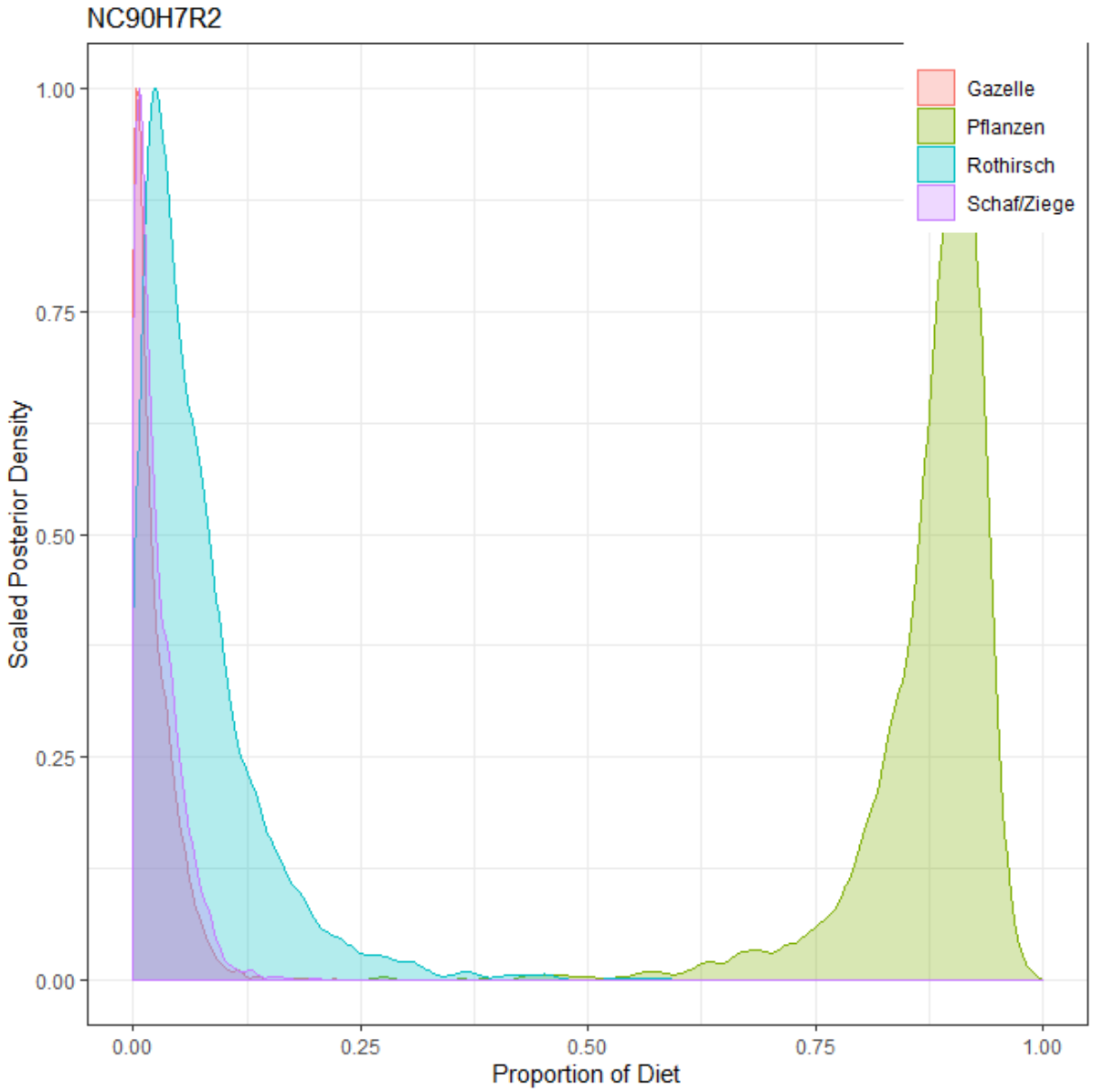


Abbildung 14: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90H7R2. Erstellt mit MixSIAR.

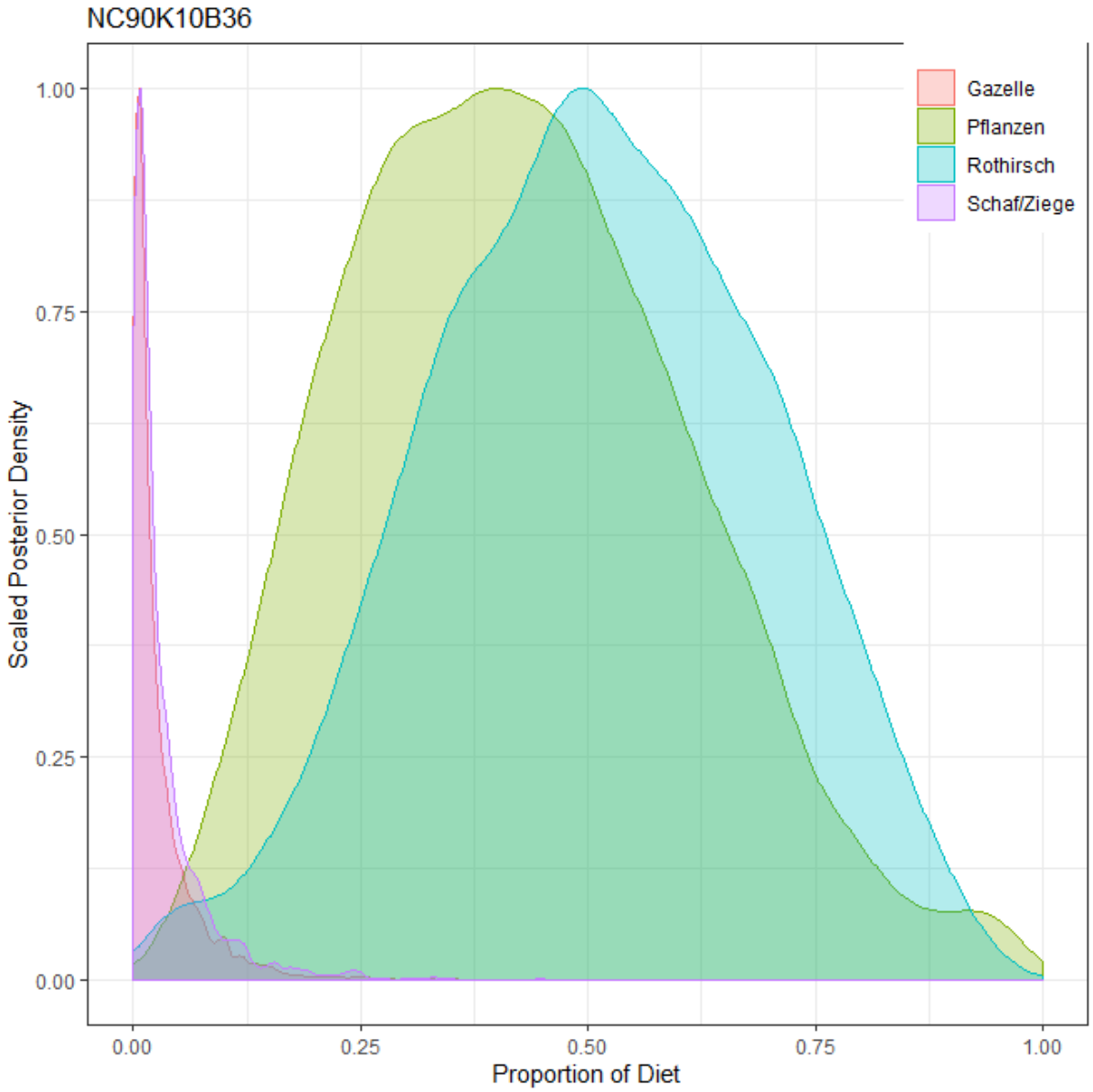


Abbildung 15: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90K10B36. Erstellt mit MixSIAR.

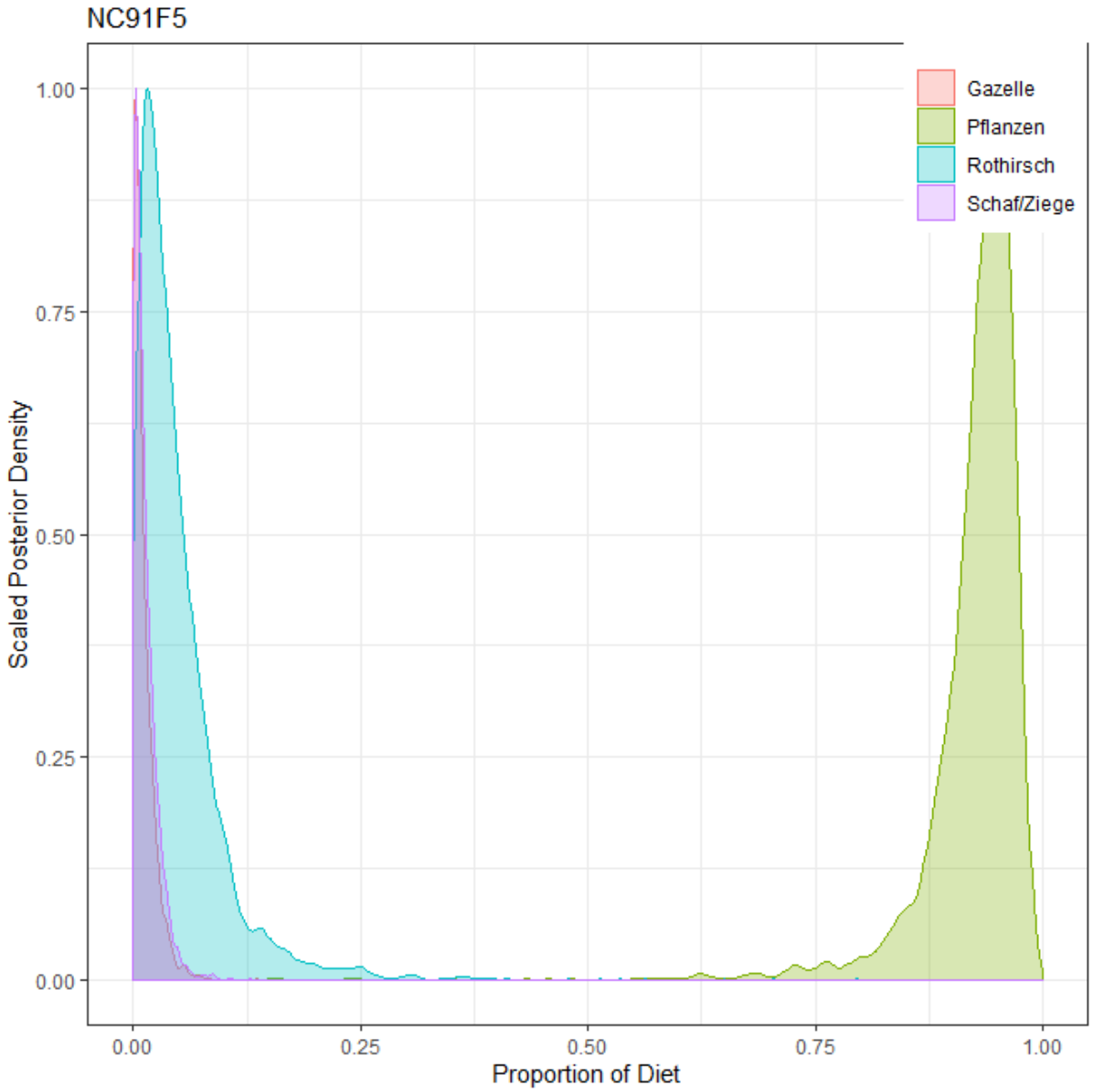


Abbildung 16: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91F5. Erstellt mit MixSIAR.

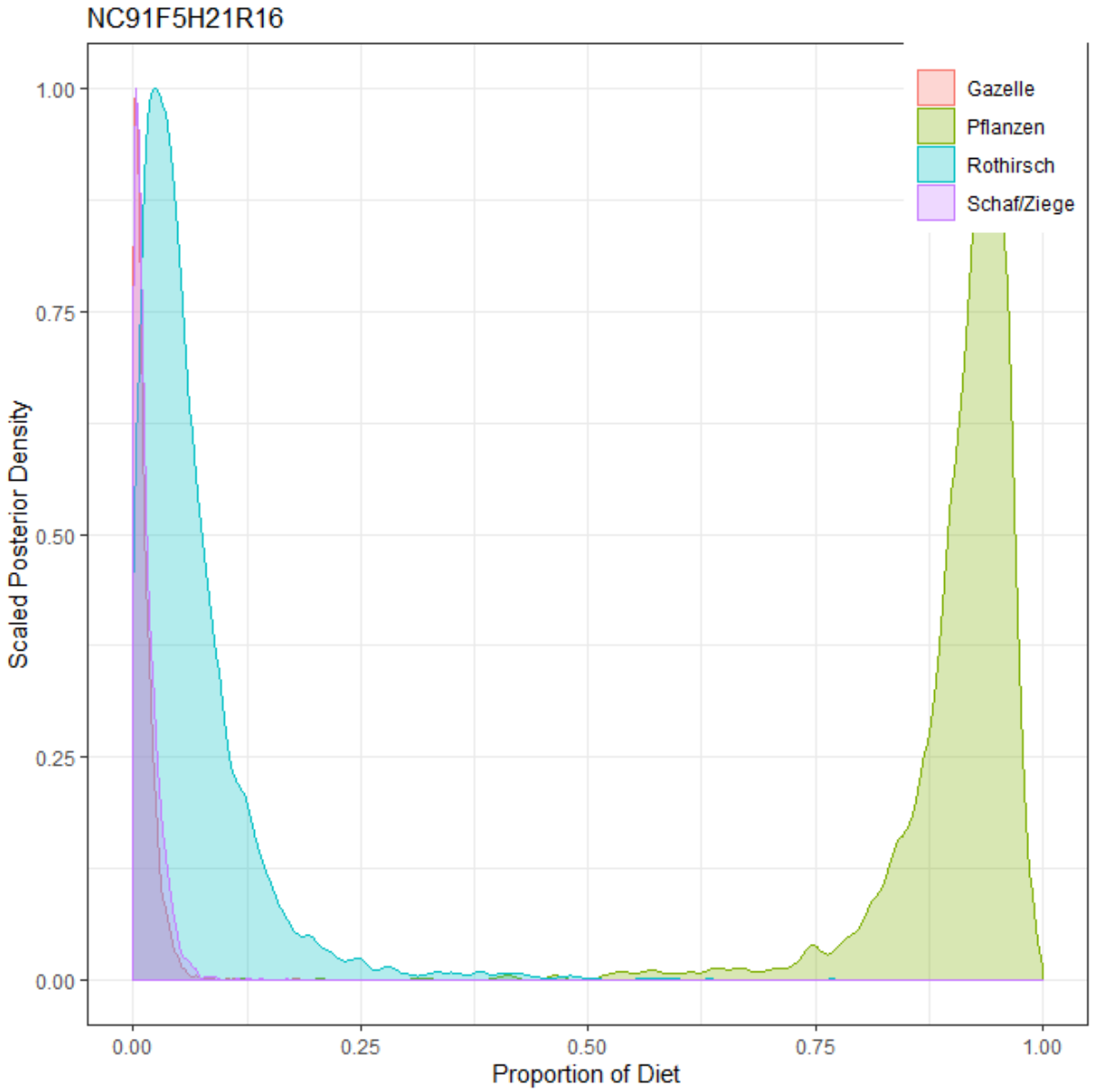


Abbildung 17: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91F5H21R16. Erstellt mit MixSIAR.

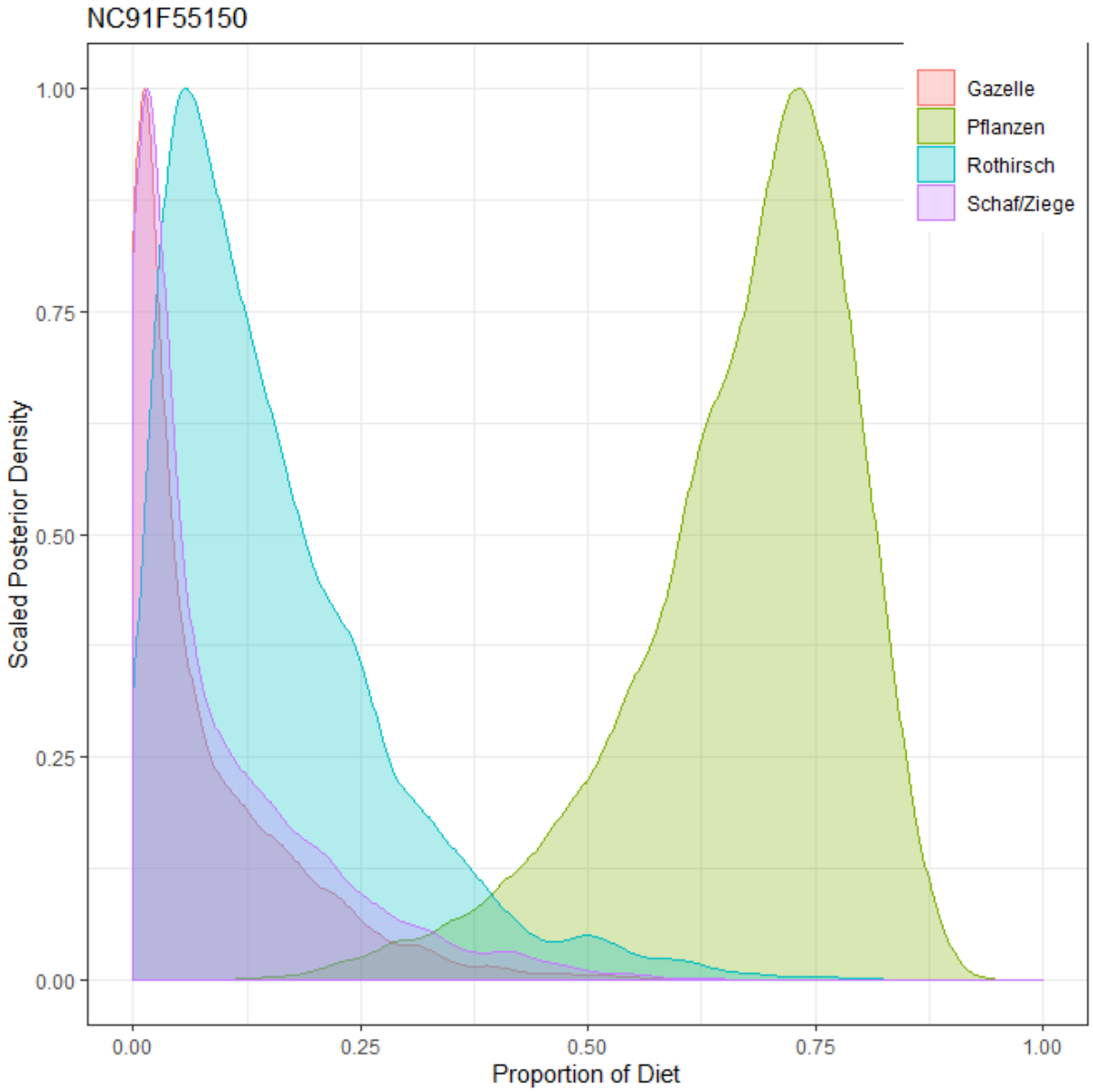


Abbildung 18: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91F55150. Erstellt mit MixSIAR.

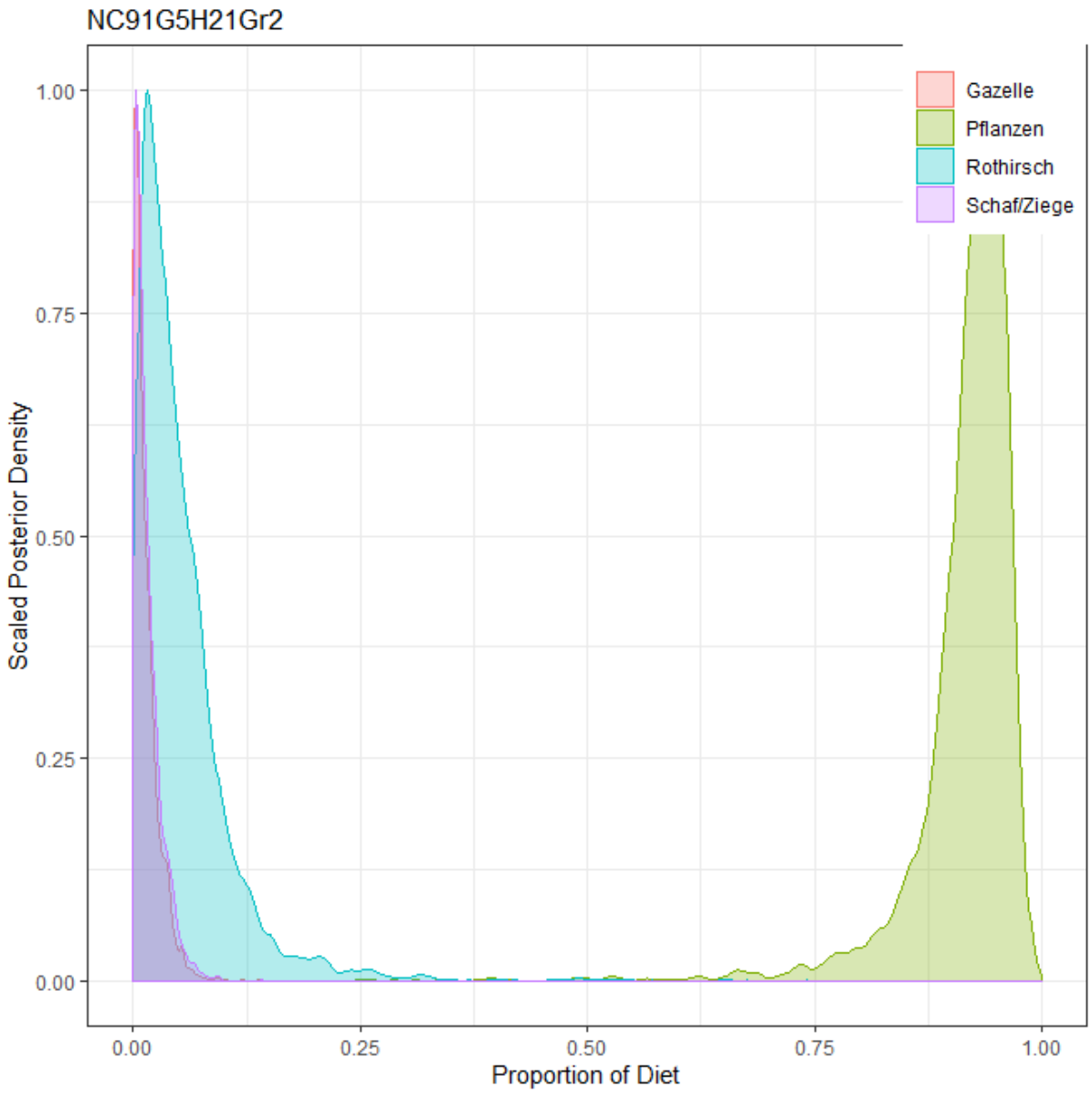


Abbildung 19: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G5H21Gr2. Erstellt mit MixSIAR.

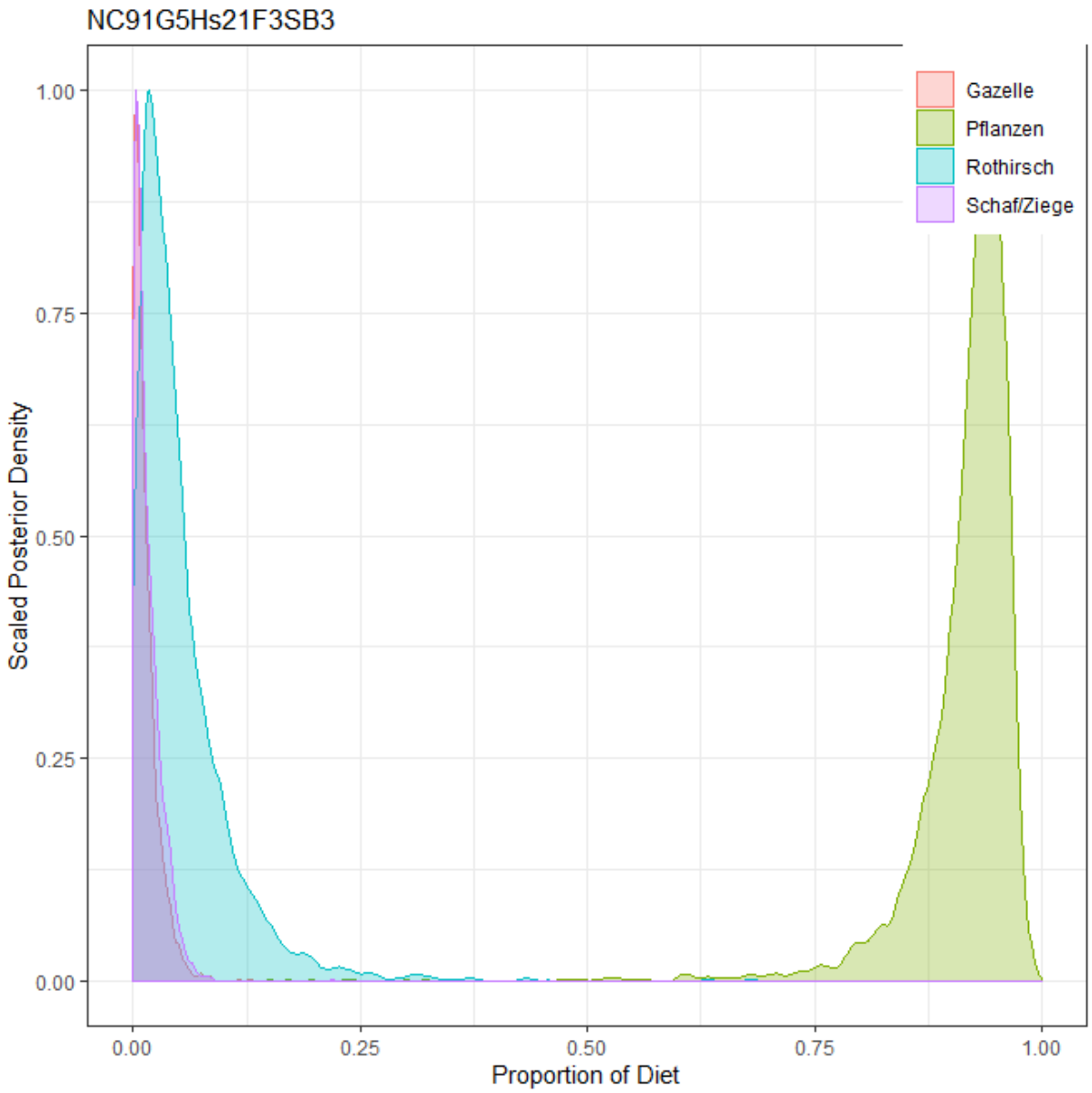


Abbildung 20: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G5Hs21F3SB3. Erstellt mit MixSIAR.

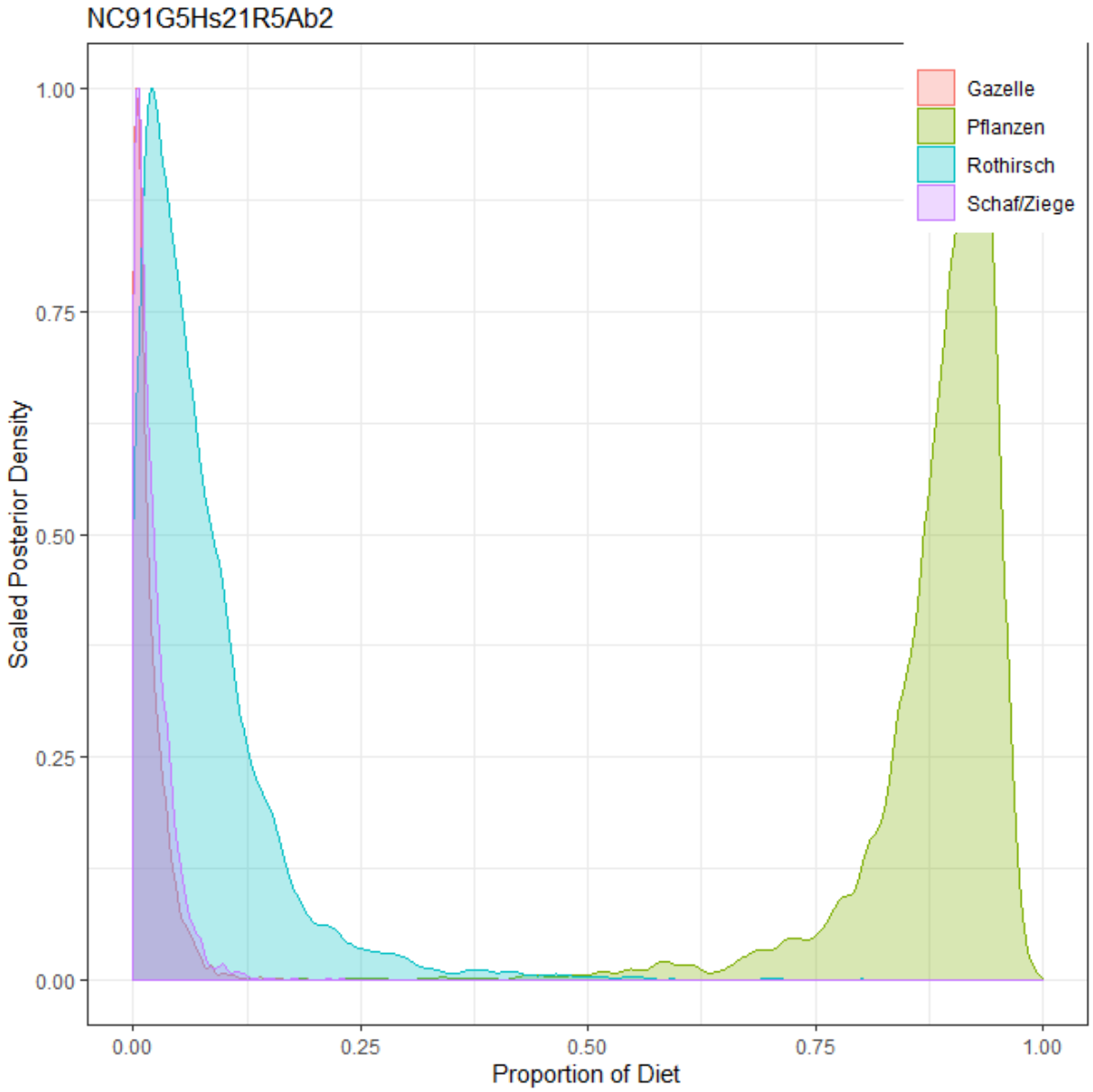


Abbildung 21: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G5Hs21R5Ab2. Erstellt mit MixSIAR.

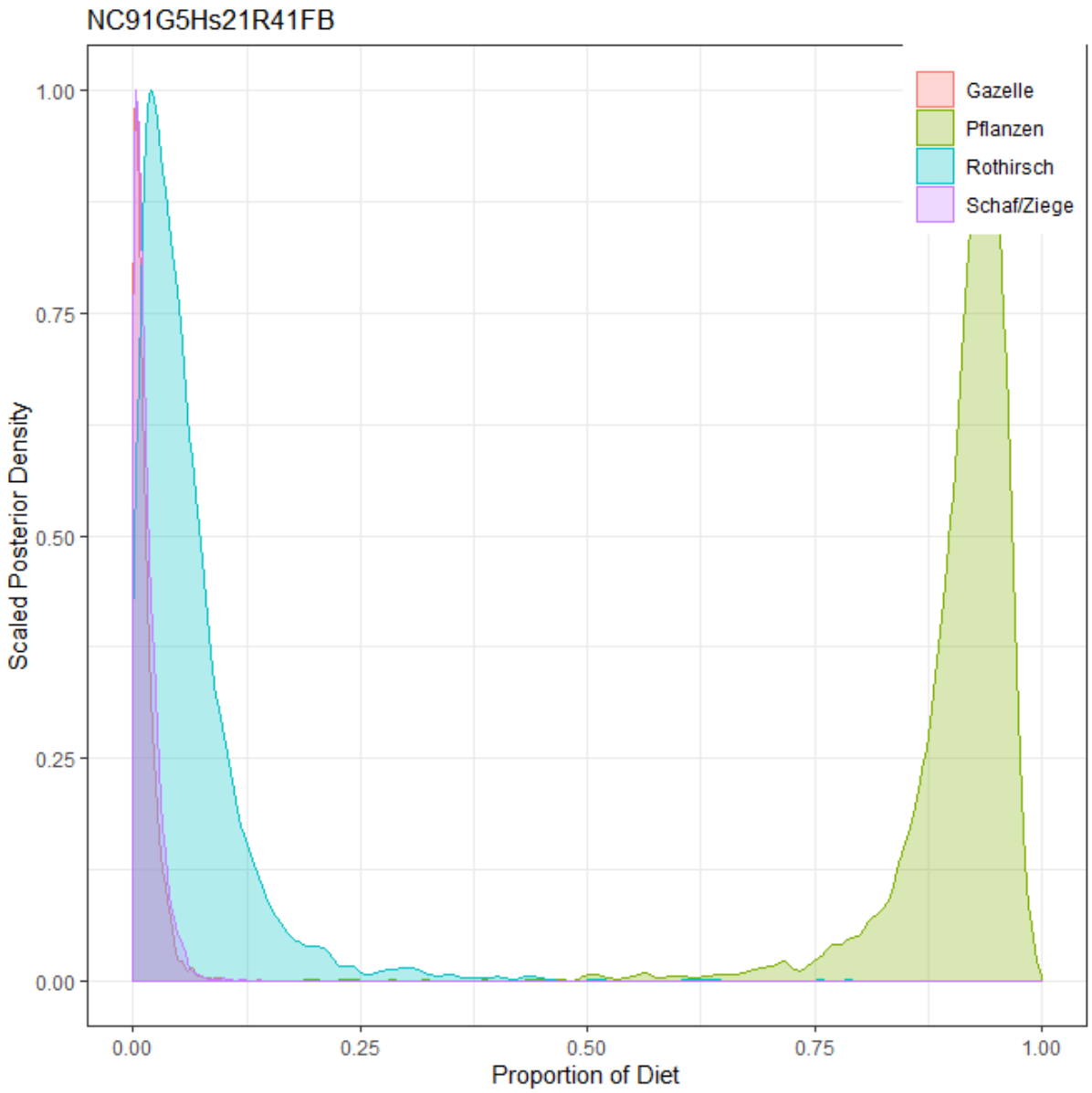


Abbildung 22: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G5Hs21R41FB. Erstellt mit MixSIAR.

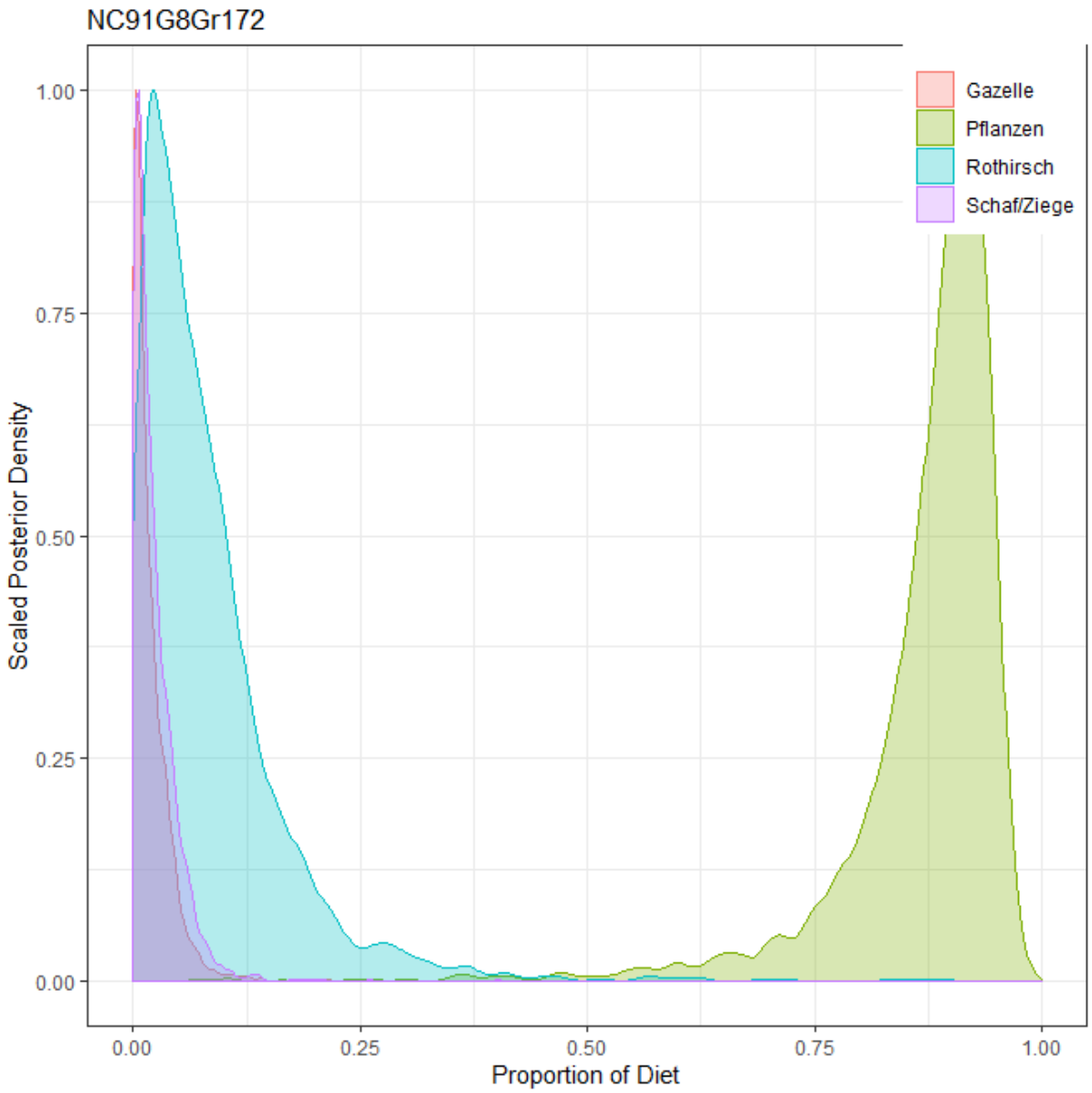


Abbildung 23: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G8Gr172. Erstellt mit MixSIAR.

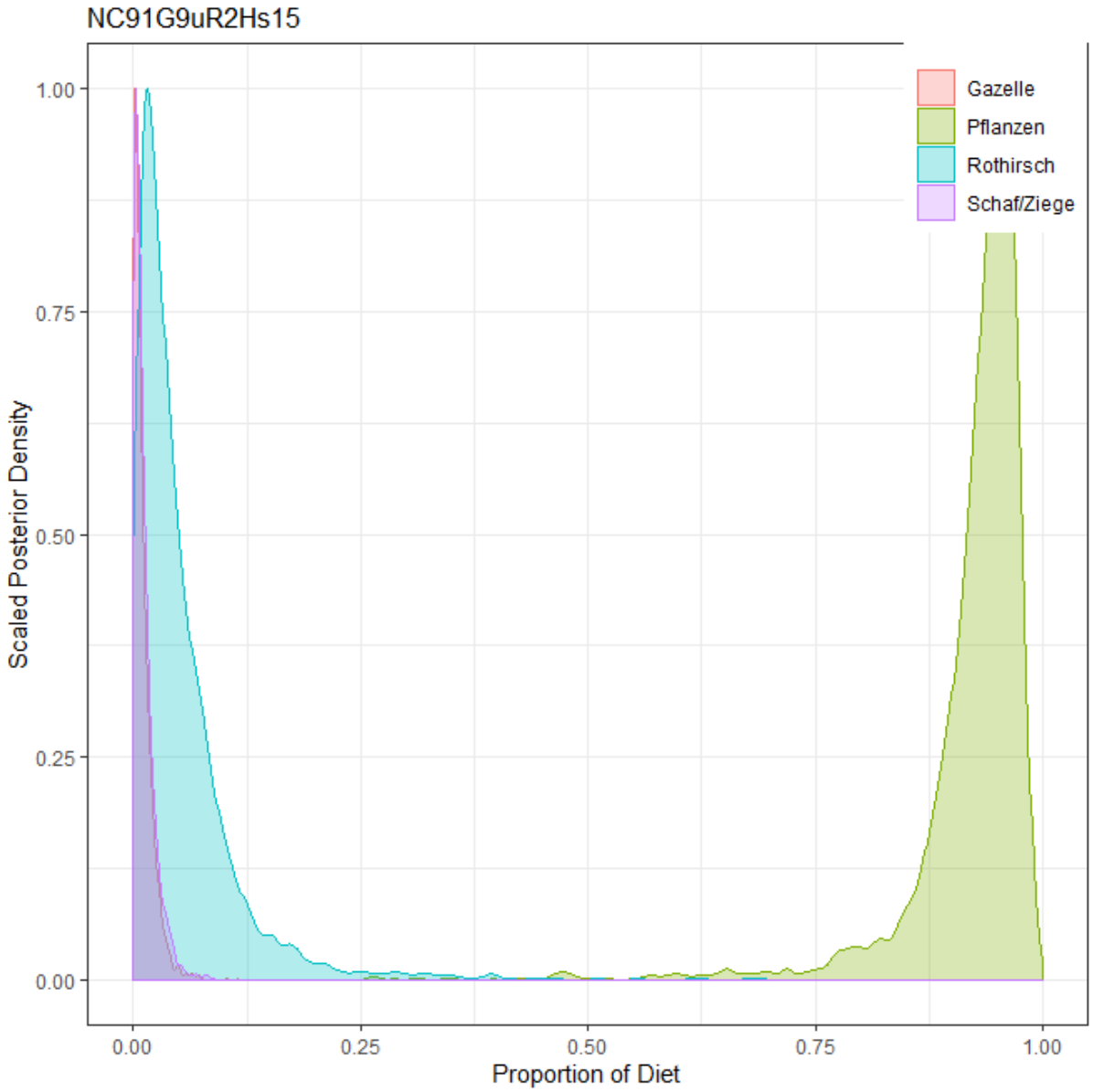


Abbildung 24: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G9uR2Hs15. Erstellt mit MixSIAR.

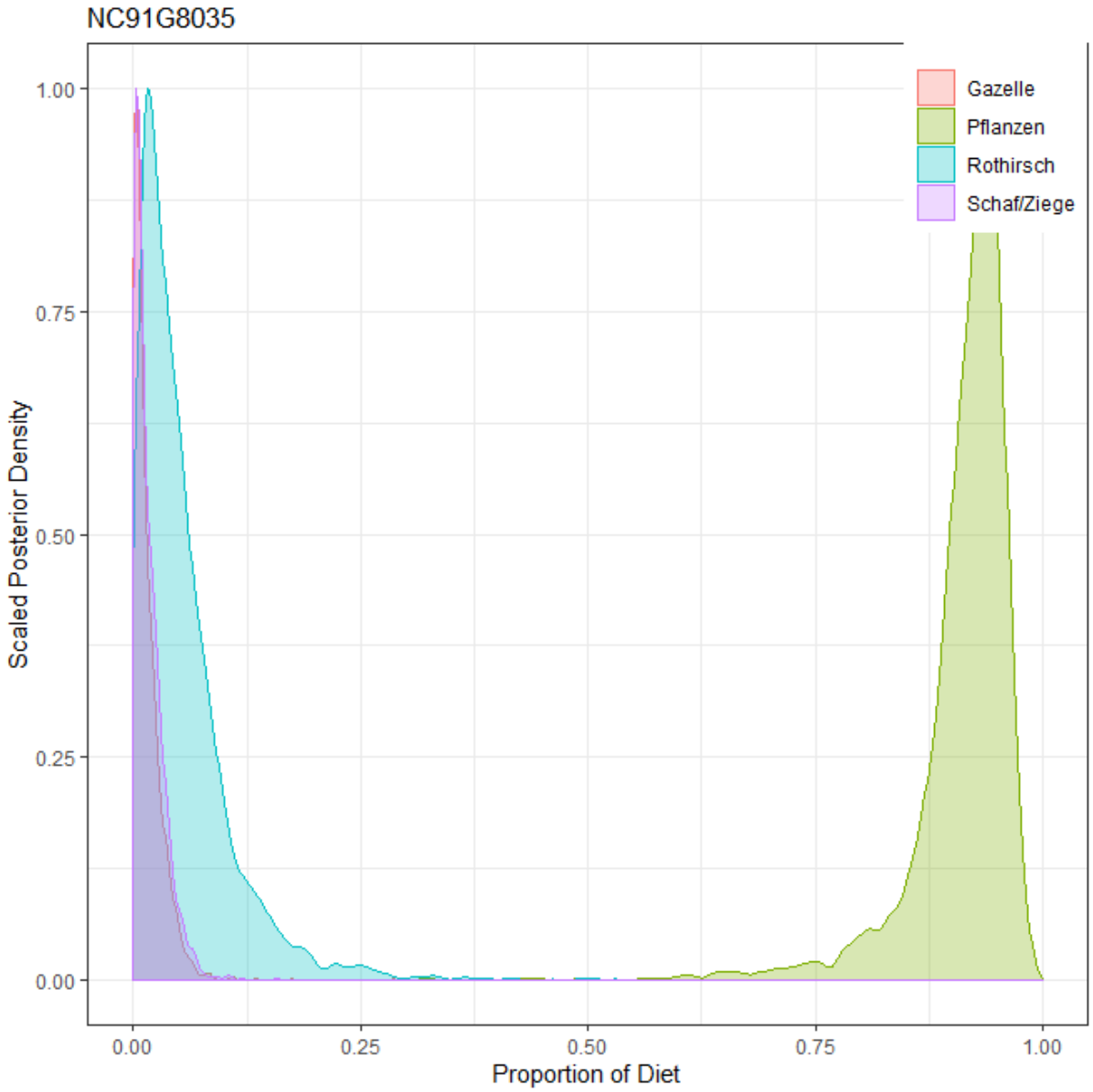


Abbildung 25: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G8035. Erstellt mit MixSIAR.

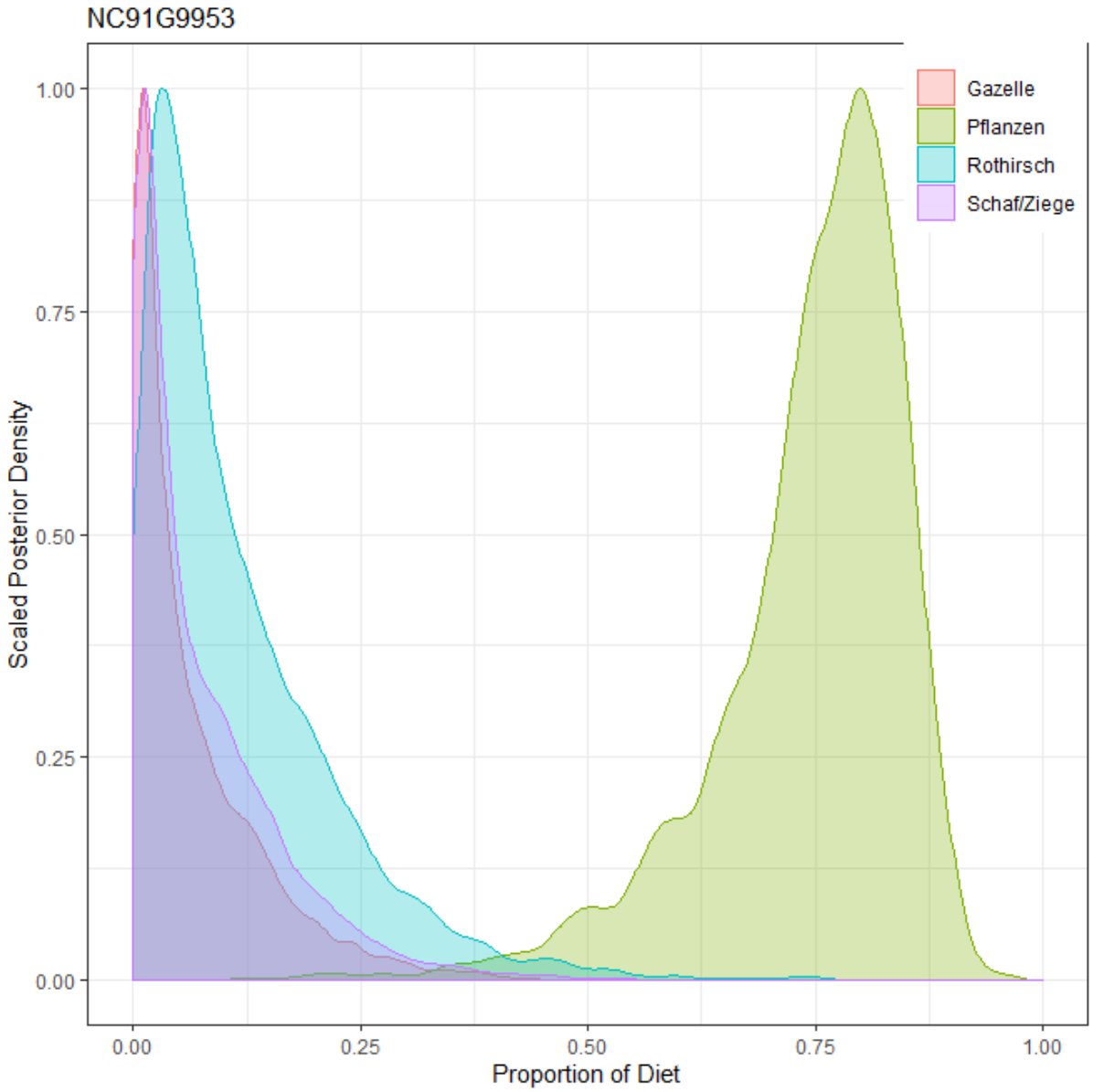


Abbildung 26: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G9953. Erstellt mit MixSIAR.

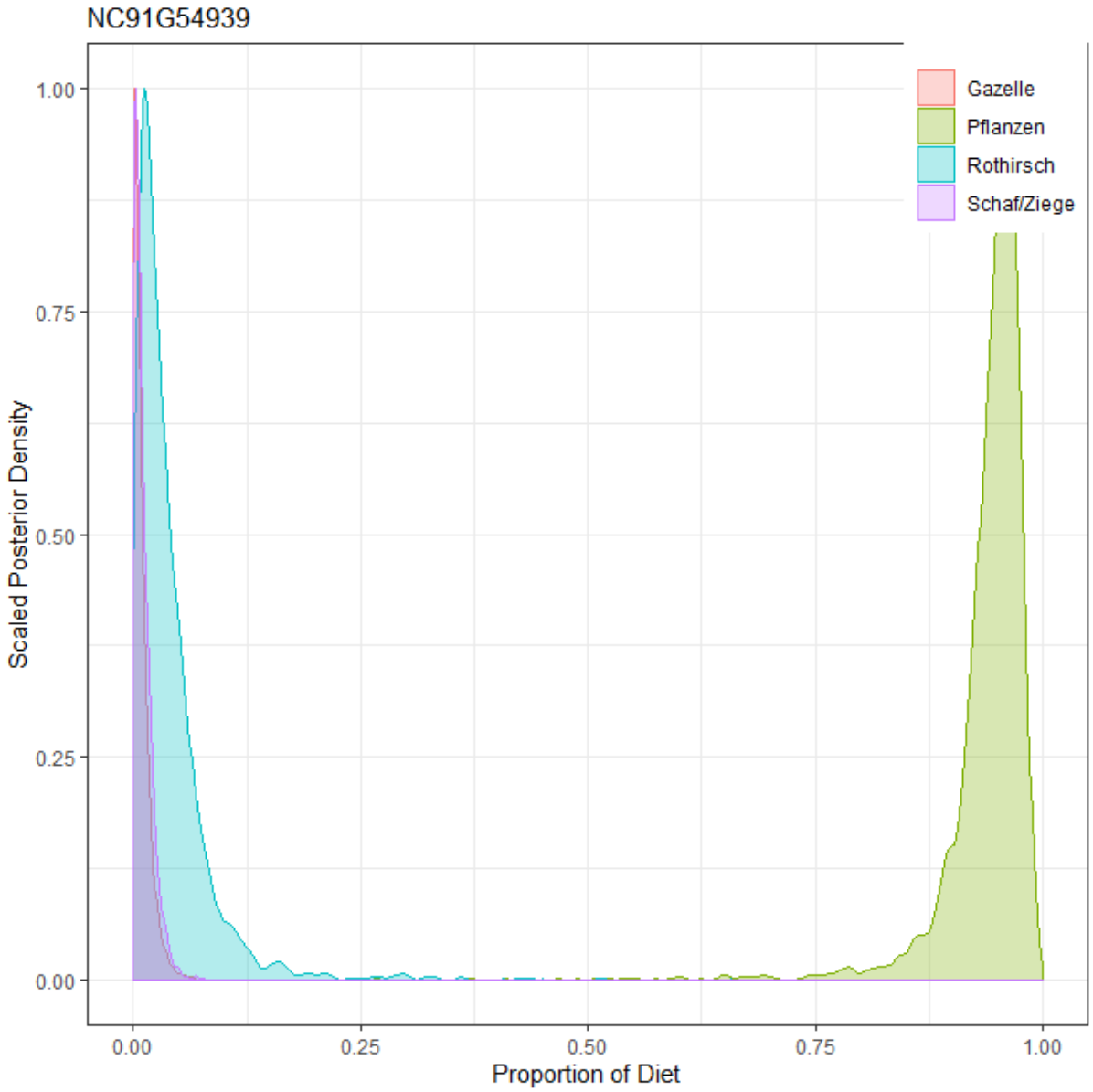


Abbildung 27: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G54939. Erstellt mit MixSIAR.

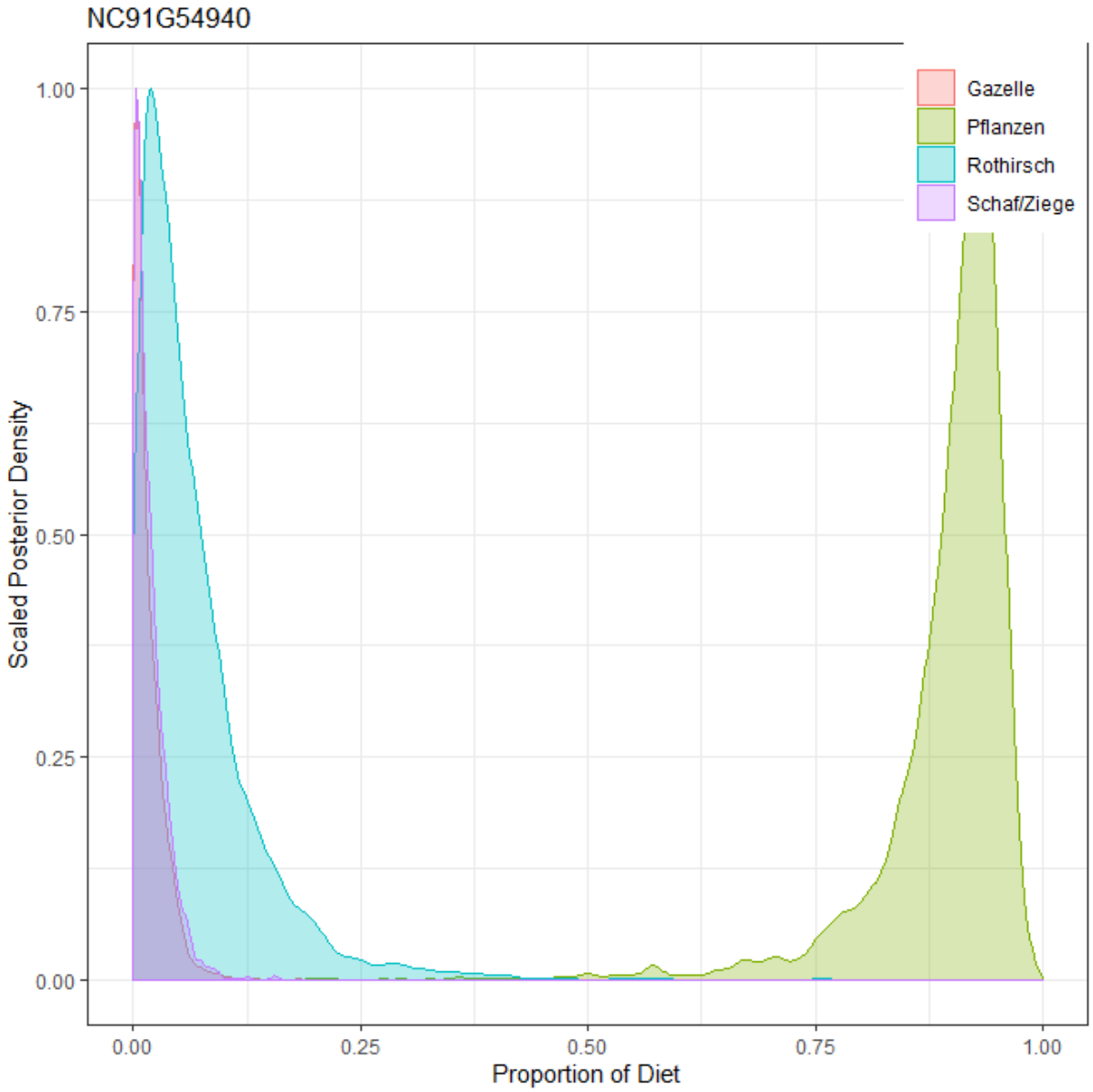


Abbildung 28: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G54940. Erstellt mit MixSIAR.

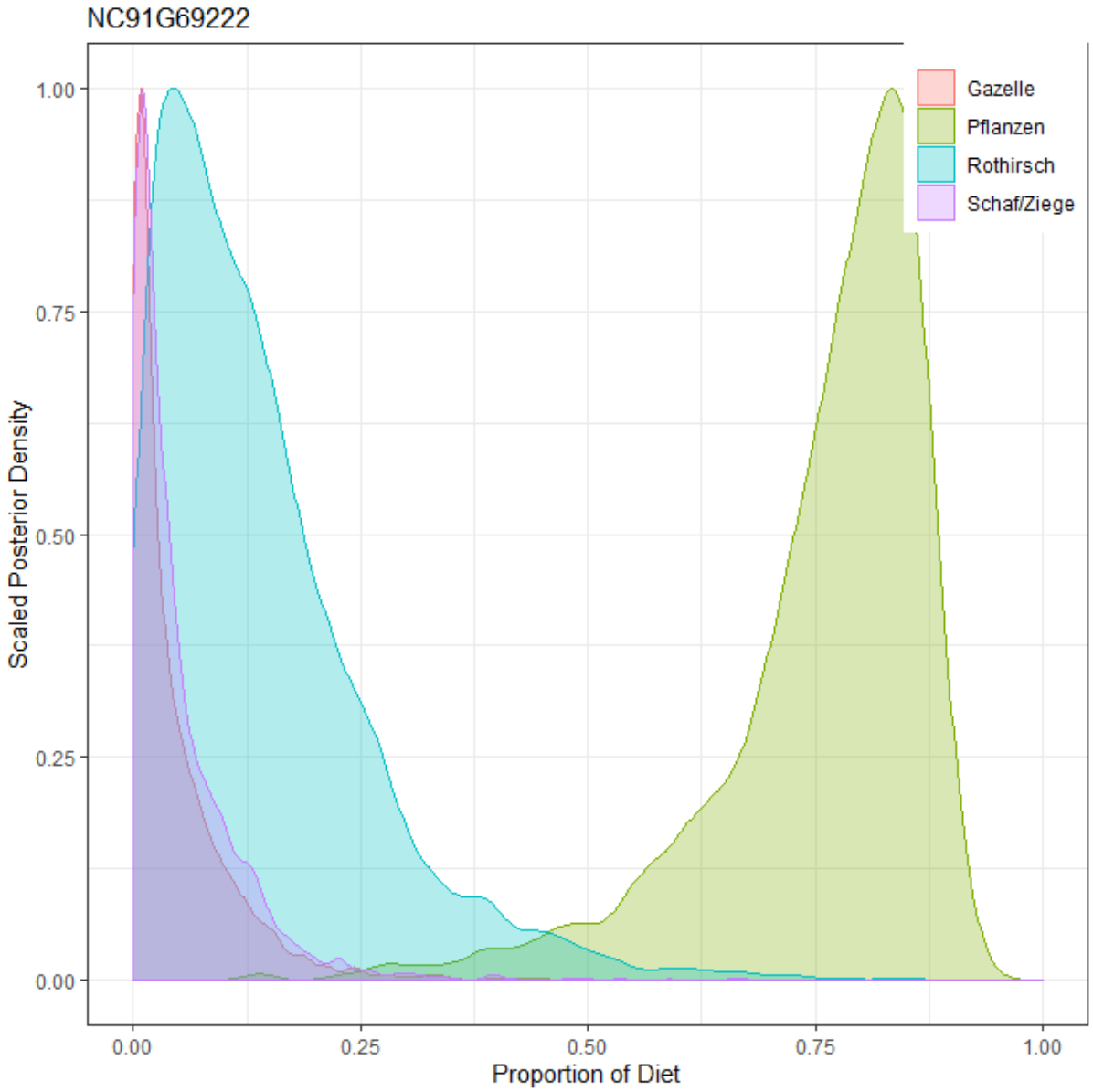


Abbildung 29: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G69222. Erstellt mit MixSIAR.

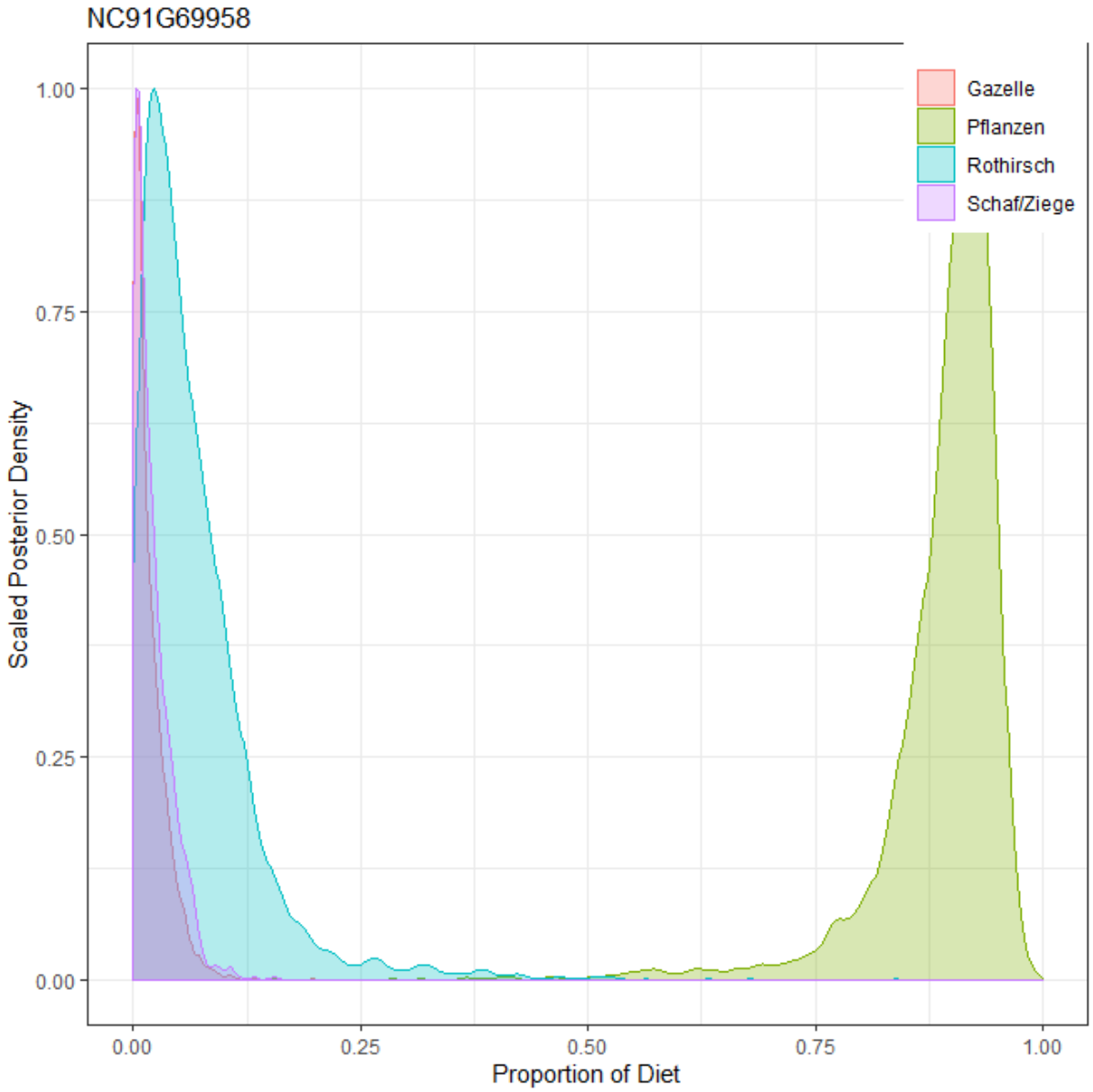


Abbildung 30: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G69958. Erstellt mit MixSIAR.

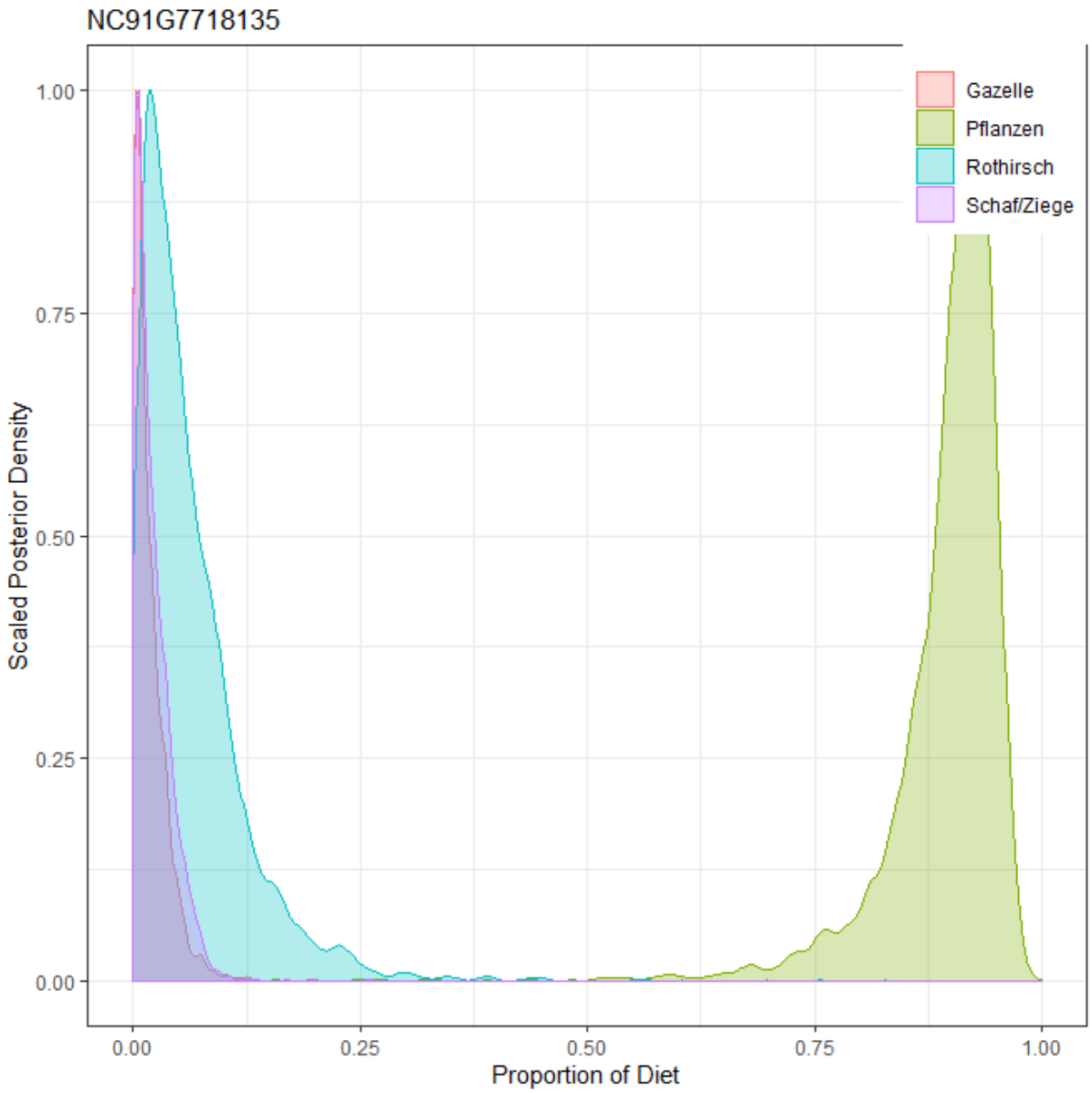


Abbildung 31: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91G7718135. Erstellt mit MixSIAR.

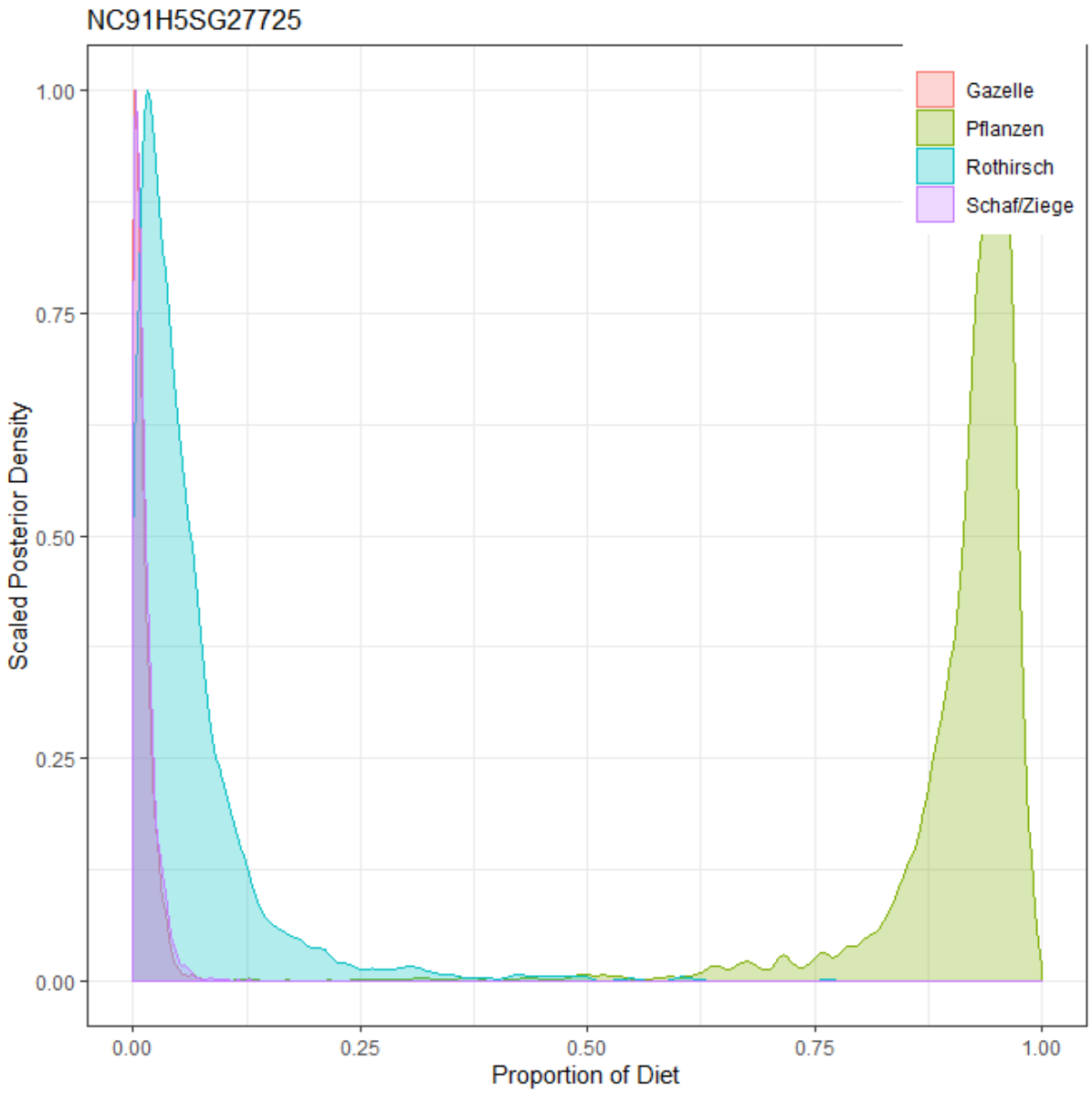


Abbildung 32: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91H5SG27725. Erstellt mit MixSIAR.

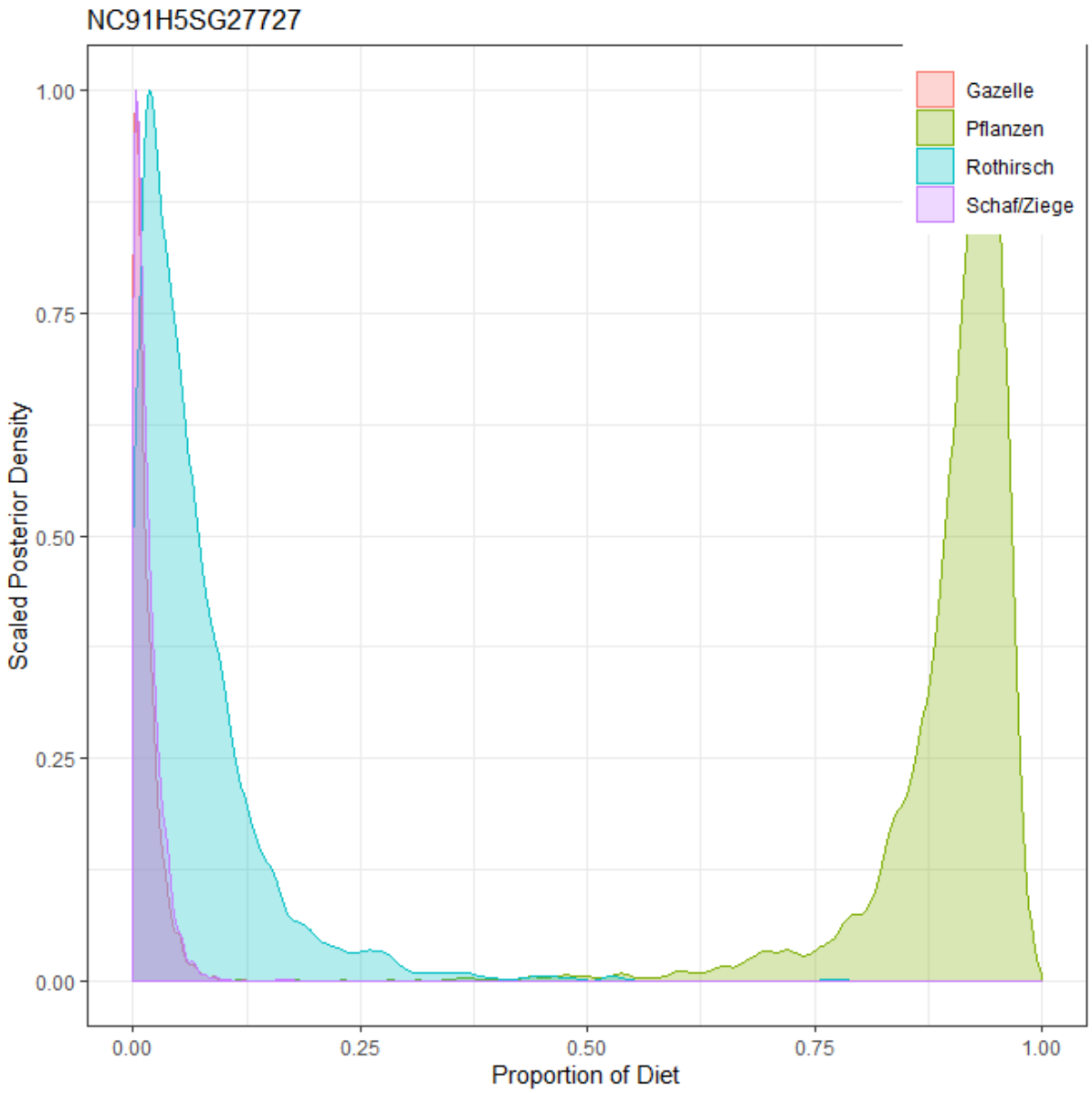


Abbildung 33: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91H5SG27727. Erstellt mit MixSIAR.

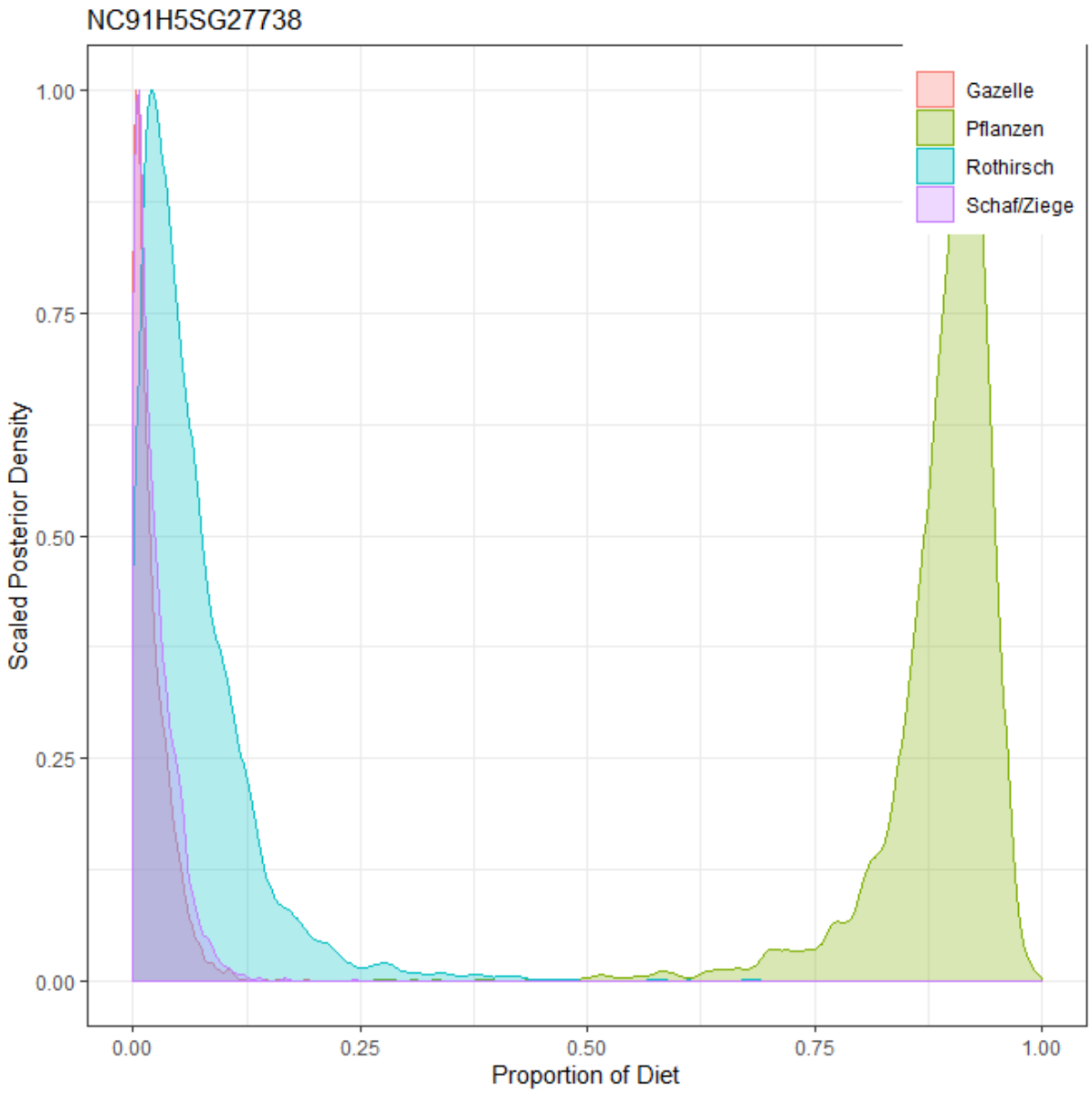


Abbildung 34: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91H5SG27738. Erstellt mit MixSIAR.

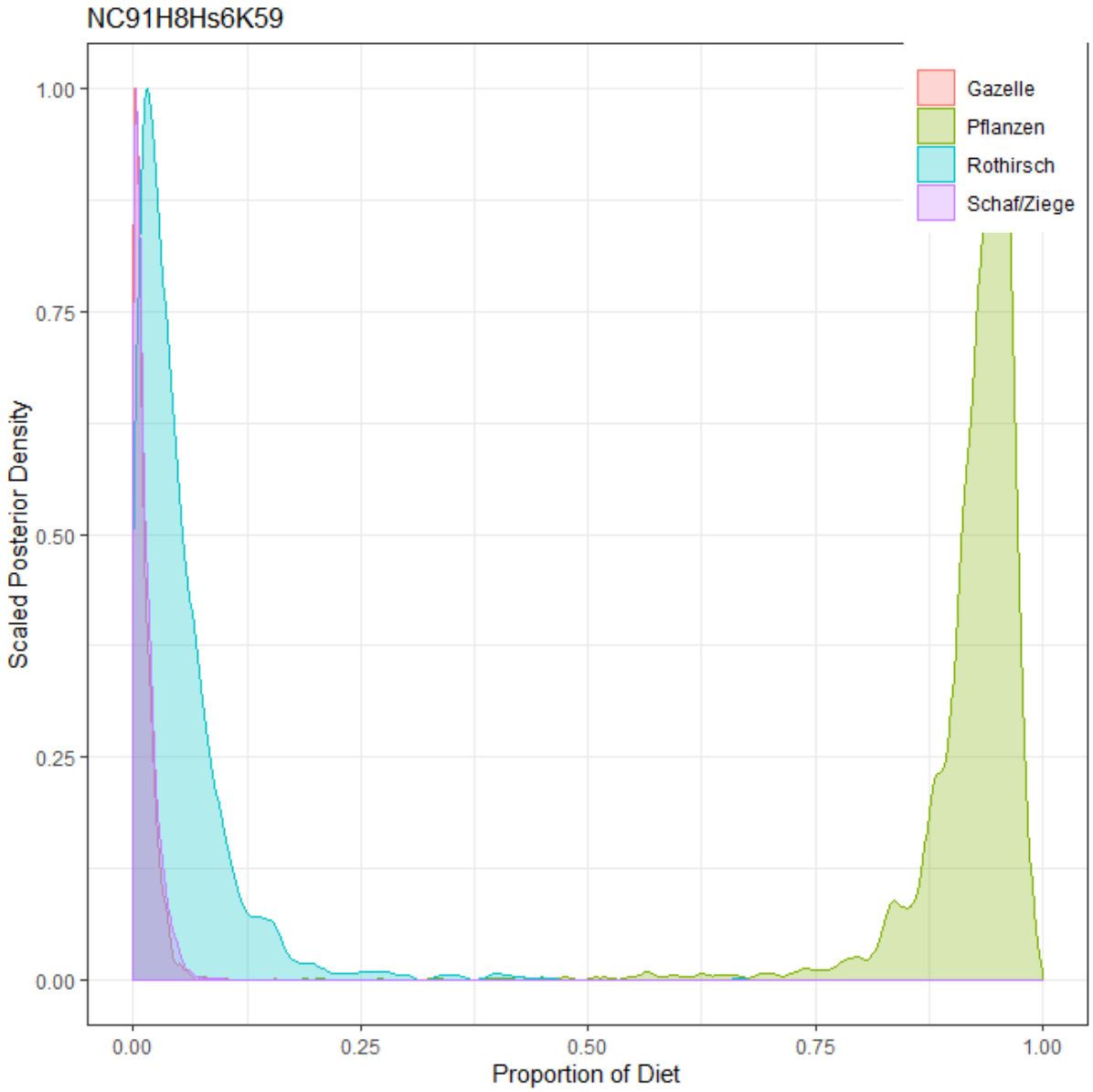


Abbildung 35: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91H8Hs6K59. Erstellt mit MixSIAR.

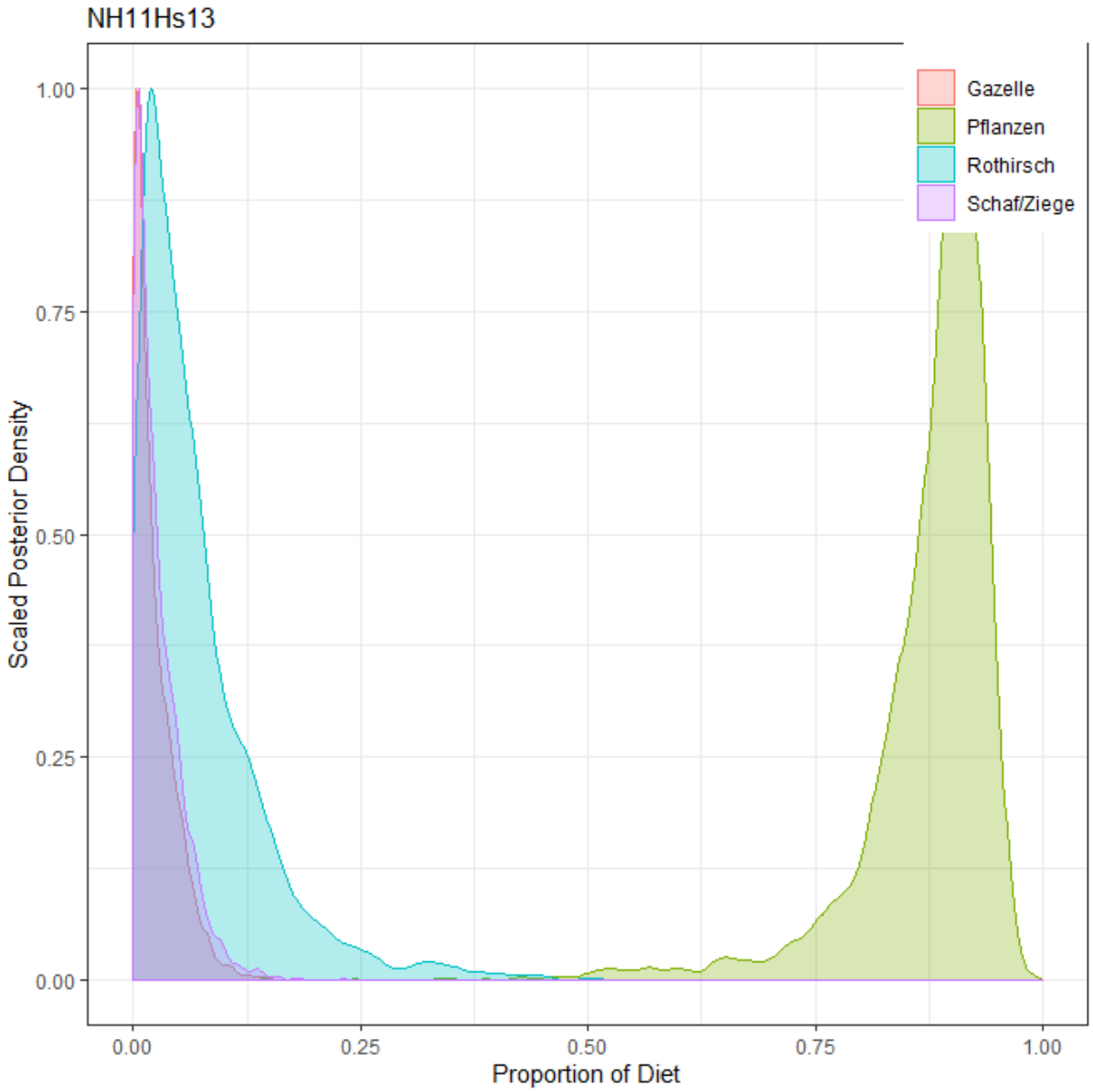


Abbildung 36: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 11Hs13. Erstellt mit MixSIAR.

1.2 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 1: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Nevalı Çori (NC). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
N?H11Hs13	Gazelle	0,1%	2,4%	2,5%	1,5%	8,9%
	Pflanzen	67,6%	87,3%	7,6%	89,0%	95,2%
	Rotwild	0,5%	7,5%	7,3%	5,5%	26,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,8%	3,2%	2,0%	9,5%
NC89H11BXS	Gazelle	0,1%	1,5%	1,1%	1,3%	4,3%
	Pflanzen	82,0%	89,6%	3,2%	90,0%	94,7%
	Rotwild	1,4%	7,0%	3,6%	6,5%	15,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	1,9%	1,2%	1,6%	4,8%
NC89H11SB1	Gazelle	0,1%	5,6%	7,2%	2,8%	25,2%
	Pflanzen	36,6%	67,4%	12,5%	69,7%	84,8%
	Rotwild	3,1%	20,3%	12,5%	18,0%	51,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,7%	8,3%	3,5%	30,6%
NC89H11SB3	Gazelle	0,0%	1,5%	1,5%	1,0%	5,5%
	Pflanzen	72,7%	90,2%	6,8%	91,8%	96,8%
	Rotwild	0,5%	6,4%	6,4%	4,7%	22,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,9%	1,9%	1,3%	6,3%
NC89Hs2B324	Gazelle	0,0%	0,9%	1,2%	0,5%	3,5%
	Pflanzen	56,0%	90,9%	10,7%	94,3%	98,6%
	Rotwild	0,4%	7,2%	9,7%	4,0%	37,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,1%	1,8%	0,7%	4,2%
NC90G1049.18	Gazelle	0,0%	1,8%	1,8%	1,2%	6,5%
	Pflanzen	70,8%	89,5%	6,9%	91,2%	96,6%
	Rotwild	0,5%	6,7%	6,7%	4,8%	24,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,1%	2,1%	1,5%	7,1%
NC90G1079.25	Gazelle	0,1%	2,9%	4,3%	1,4%	15,7%
	Pflanzen	10,8%	45,3%	19,8%	44,0%	88,3%
	Rotwild	9,0%	48,4%	19,5%	48,5%	85,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,3%	4,4%	1,8%	16,3%
NC90G717.28	Gazelle	0,0%	0,9%	1,1%	0,6%	3,4%
	Pflanzen	78,1%	93,7%	6,3%	95,2%	98,6%
	Rotwild	0,2%	4,4%	5,8%	2,8%	18,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,0%	1,2%	0,7%	3,7%
NC90G746.25	Gazelle	0,0%	1,2%	1,2%	0,8%	4,1%
	Pflanzen	73,5%	91,9%	6,6%	93,6%	97,9%
	Rotwild	0,3%	5,6%	6,1%	3,9%	21,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,3%	1,4%	0,9%	4,6%
NC90G784.24	Gazelle	0,1%	3,9%	4,5%	2,3%	15,0%
	Pflanzen	53,0%	80,5%	9,8%	82,9%	91,8%
	Rotwild	0,8%	10,8%	9,4%	8,4%	35,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	4,8%	5,1%	3,2%	16,7%
NC90G79.23	Gazelle	0,0%	1,4%	1,5%	1,0%	5,1%
	Pflanzen	75,6%	91,6%	6,1%	93,0%	97,5%
	Rotwild	0,4%	5,3%	5,7%	3,8%	20,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,7%	1,6%	1,2%	5,8%
NC90G7P23	Gazelle	0,1%	3,6%	4,8%	1,9%	17,2%
	Pflanzen	29,5%	67,2%	14,7%	70,3%	87,3%
	Rotwild	5,2%	24,9%	14,0%	22,3%	60,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	4,2%	5,5%	2,4%	18,8%

NC90H7R2	Gazelle	0,1%	2,3%	2,3%	1,5%	8,2%
	Pflanzen	68,8%	87,6%	7,5%	89,4%	95,3%
	Rotwild	0,4%	7,4%	7,4%	5,5%	27,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,7%	2,7%	2,0%	9,0%
NC90K10B36	Gazelle	0,1%	3,0%	4,1%	1,5%	14,7%
	Pflanzen	11,1%	42,4%	19,6%	40,7%	91,5%
	Rotwild	7,0%	51,2%	19,1%	52,1%	85,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,4%	4,7%	1,8%	17,1%
NC91F5	Gazelle	0,0%	1,2%	1,3%	0,8%	4,1%
	Pflanzen	78,7%	92,6%	5,5%	94,0%	98,0%
	Rotwild	0,3%	4,9%	5,1%	3,5%	18,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,3%	1,4%	1,0%	4,7%
NC91F551.50	Gazelle	0,1%	7,6%	9,3%	3,6%	33,3%
	Pflanzen	35,9%	67,0%	12,4%	69,4%	84,2%
	Rotwild	1,1%	15,5%	12,5%	12,4%	48,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,8%	11,4%	5,0%	41,7%
NC91F5H21R16	Gazelle	0,0%	1,3%	1,5%	0,8%	4,5%
	Pflanzen	71,0%	90,7%	7,6%	92,6%	97,6%
	Rotwild	0,4%	6,6%	7,0%	4,8%	24,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,5%	1,7%	1,0%	5,2%
NC91G549.39	Gazelle	0,0%	1,0%	1,1%	0,7%	3,5%
	Pflanzen	82,7%	93,9%	5,5%	95,1%	98,4%
	Rotwild	0,2%	4,0%	4,9%	2,7%	14,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,1%	1,4%	0,8%	3,9%
NC91G549.40	Gazelle	0,0%	1,7%	2,0%	1,1%	6,3%
	Pflanzen	69,0%	89,5%	7,8%	91,5%	96,6%
	Rotwild	0,4%	6,9%	7,3%	4,9%	25,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,0%	2,1%	1,4%	7,2%
NC91G5H21Gr.2	Gazelle	0,0%	1,3%	1,5%	0,9%	4,7%
	Pflanzen	75,5%	91,5%	6,4%	92,9%	97,5%
	Rotwild	0,3%	5,6%	6,1%	4,0%	20,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,6%	1,6%	1,2%	5,7%
NC91G5Hs21R5Ab2	Gazelle	0,0%	1,4%	1,5%	1,0%	5,0%
	Pflanzen	76,1%	91,5%	6,2%	93,0%	97,5%
	Rotwild	0,3%	5,5%	6,0%	3,8%	20,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,6%	1,6%	1,1%	5,3%
NC91G5Hs21F3SB3	Gazelle	0,0%	1,3%	1,4%	0,9%	4,6%
	Pflanzen	72,0%	90,7%	6,9%	92,6%	97,4%
	Rotwild	0,4%	6,3%	6,4%	4,6%	24,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,6%	1,9%	1,1%	5,3%
NC91G5Hs21R41FB	Gazelle	0,0%	1,8%	2,3%	1,2%	6,9%
	Pflanzen	64,3%	88,3%	8,1%	90,4%	96,3%
	Rotwild	0,4%	7,7%	7,8%	5,5%	29,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,2%	2,3%	1,5%	7,6%
NC91G692.22	Gazelle	0,1%	4,6%	6,3%	2,3%	21,4%
	Pflanzen	45,6%	76,2%	11,2%	78,9%	90,0%
	Rotwild	0,8%	13,9%	10,9%	11,7%	41,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,3%	6,3%	3,2%	21,0%

NC91G699.58	Gazelle	0,0%	1,9%	2,0%	1,3%	6,9%
	Pflanzen	68,7%	88,7%	7,5%	90,6%	96,0%
	Rotwild	0,4%	7,1%	7,3%	5,1%	25,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,3%	2,2%	1,6%	7,8%
NC91G77181.35	Gazelle	0,0%	1,9%	2,3%	1,2%	6,7%
	Pflanzen	71,3%	89,4%	6,9%	91,1%	96,4%
	Rotwild	0,3%	6,4%	6,5%	4,5%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,3%	2,3%	1,7%	7,9%
NC91G80.35	Gazelle	0,0%	1,5%	1,6%	1,1%	5,5%
	Pflanzen	76,3%	91,1%	6,0%	92,6%	97,0%
	Rotwild	0,3%	5,5%	5,6%	4,0%	20,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,8%	1,9%	1,4%	6,1%
NC91G8Gr.172	Gazelle	0,0%	2,0%	2,2%	1,3%	7,2%
	Pflanzen	61,4%	87,1%	9,1%	89,7%	95,9%
	Rotwild	0,5%	8,6%	8,5%	6,4%	31,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,3%	2,7%	1,6%	7,9%
NC91G995.3	Gazelle	0,1%	6,3%	7,5%	3,5%	25,6%
	Pflanzen	43,3%	74,5%	11,1%	77,1%	88,2%
	Rotwild	0,6%	11,4%	10,8%	8,2%	40,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,8%	8,9%	4,4%	30,8%
NC91G9uR2Hs15	Gazelle	0,0%	1,1%	1,3%	0,7%	4,2%
	Pflanzen	70,9%	92,1%	7,5%	94,1%	98,1%
	Rotwild	0,3%	5,5%	6,9%	3,6%	23,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,3%	1,6%	0,9%	4,6%
NC91H5SG277.25	Gazelle	0,0%	1,2%	1,5%	0,7%	4,5%
	Pflanzen	68,8%	91,3%	7,7%	93,5%	97,9%
	Rotwild	0,3%	6,2%	7,1%	4,2%	25,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,4%	1,5%	0,9%	4,8%
NC91H5SG277.27	Gazelle	0,0%	1,4%	1,8%	0,9%	5,6%
	Pflanzen	66,2%	89,9%	8,4%	92,1%	97,2%
	Rotwild	0,4%	7,0%	7,7%	4,9%	28,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	1,7%	2,1%	1,1%	6,2%
NC91H5SG277.38	Gazelle	0,0%	2,0%	2,1%	1,3%	7,2%
	Pflanzen	71,9%	88,8%	6,8%	90,5%	95,9%
	Rotwild	0,4%	6,9%	6,7%	5,0%	24,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	2,4%	2,3%	1,7%	8,0%
NC91H8Hs6K?59	Gazelle	0,0%	1,2%	1,8%	0,8%	4,5%
	Pflanzen	69,6%	91,7%	7,6%	93,6%	97,8%
	Rotwild	0,3%	5,6%	7,0%	3,7%	25,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,5%	1,7%	1,0%	5,0%

1.3 SISUS: Abbildungen

1.3.1 Schicht I/II

NC 89 H11 BXS

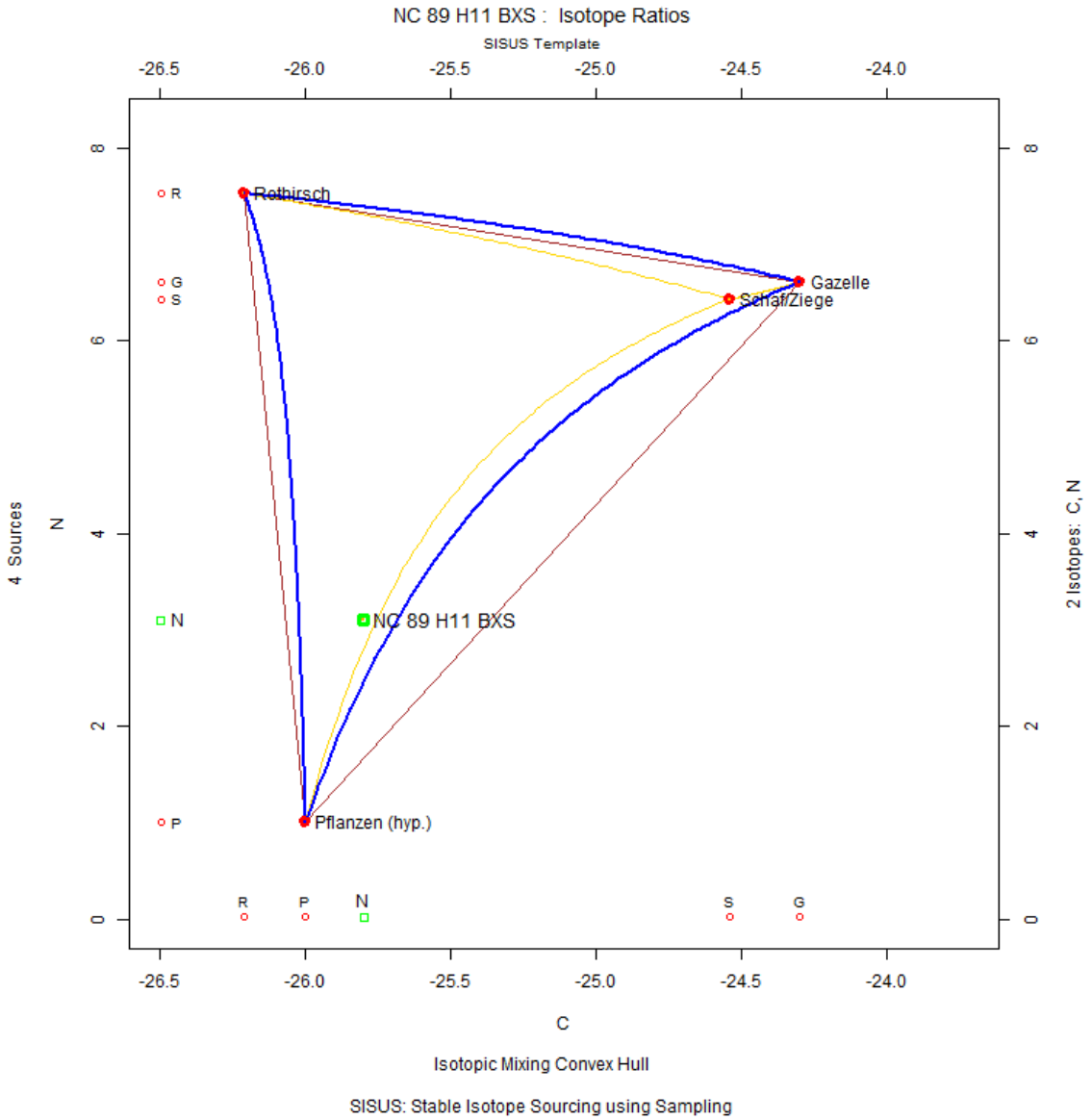


Abbildung 37: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89H11BXS. Erstellt mit SISUS.

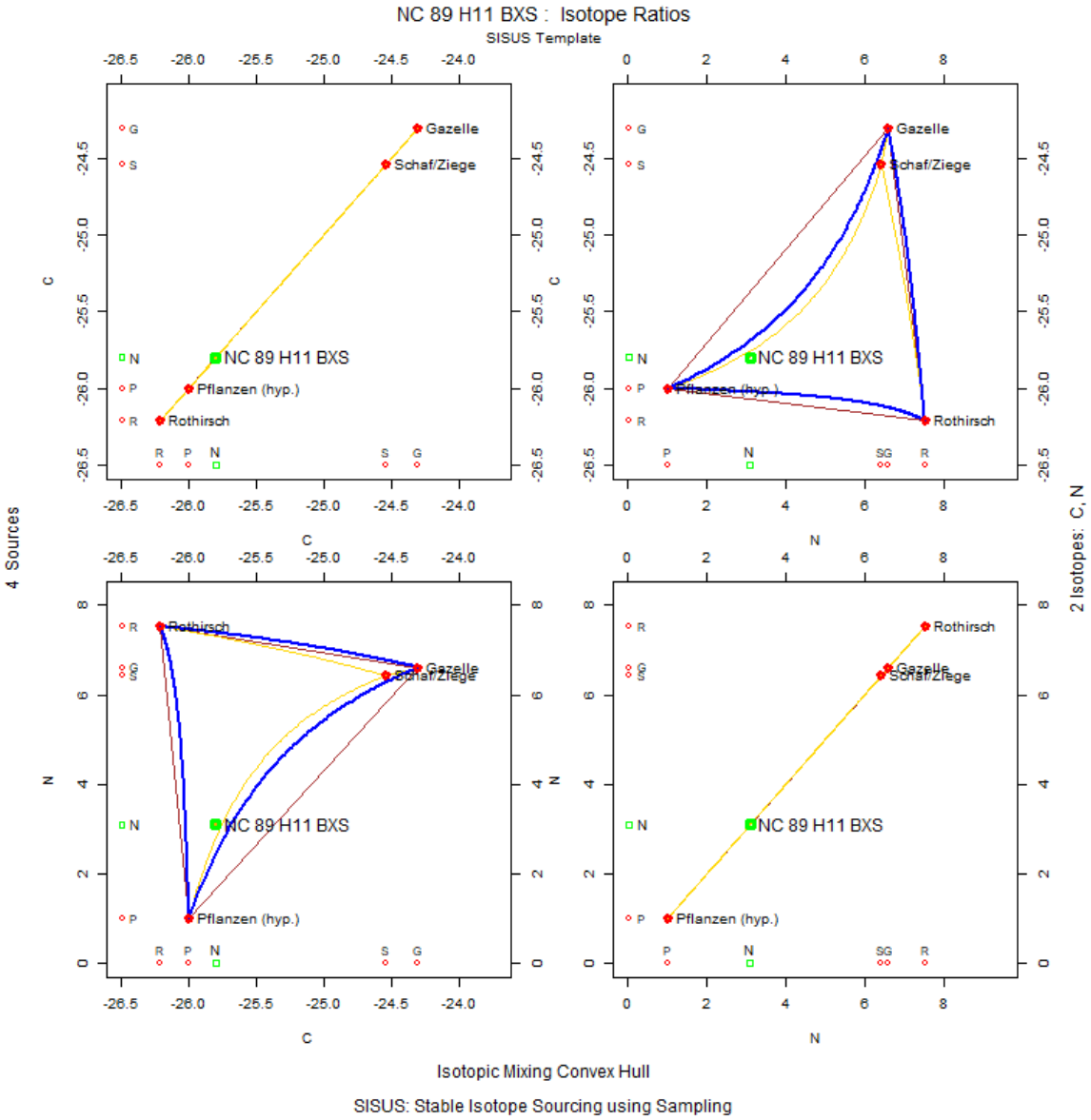


Abbildung 38: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 H11 BXS in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

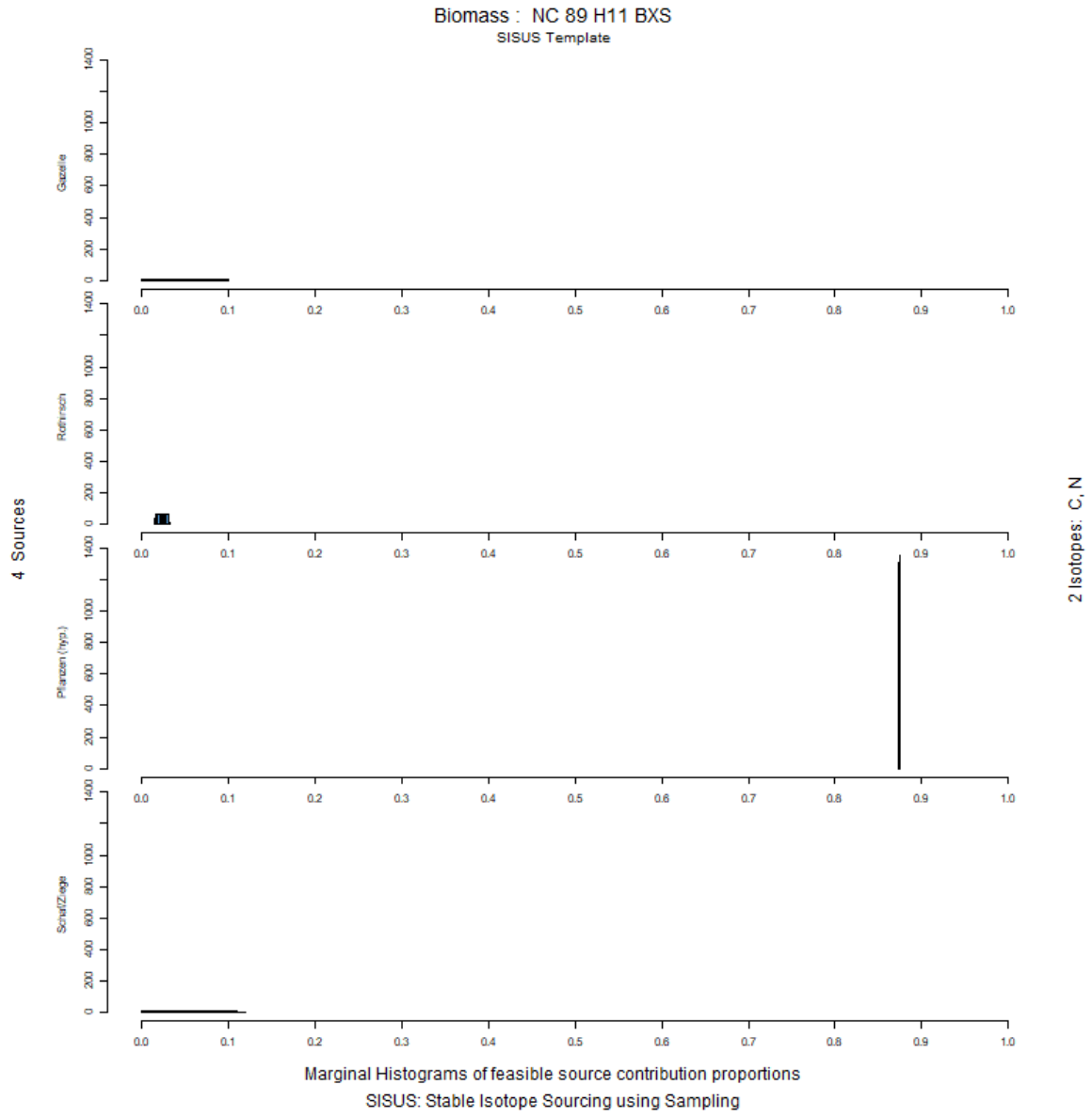


Abbildung 39: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 H11 BXS. Erstellt mit SISUS.

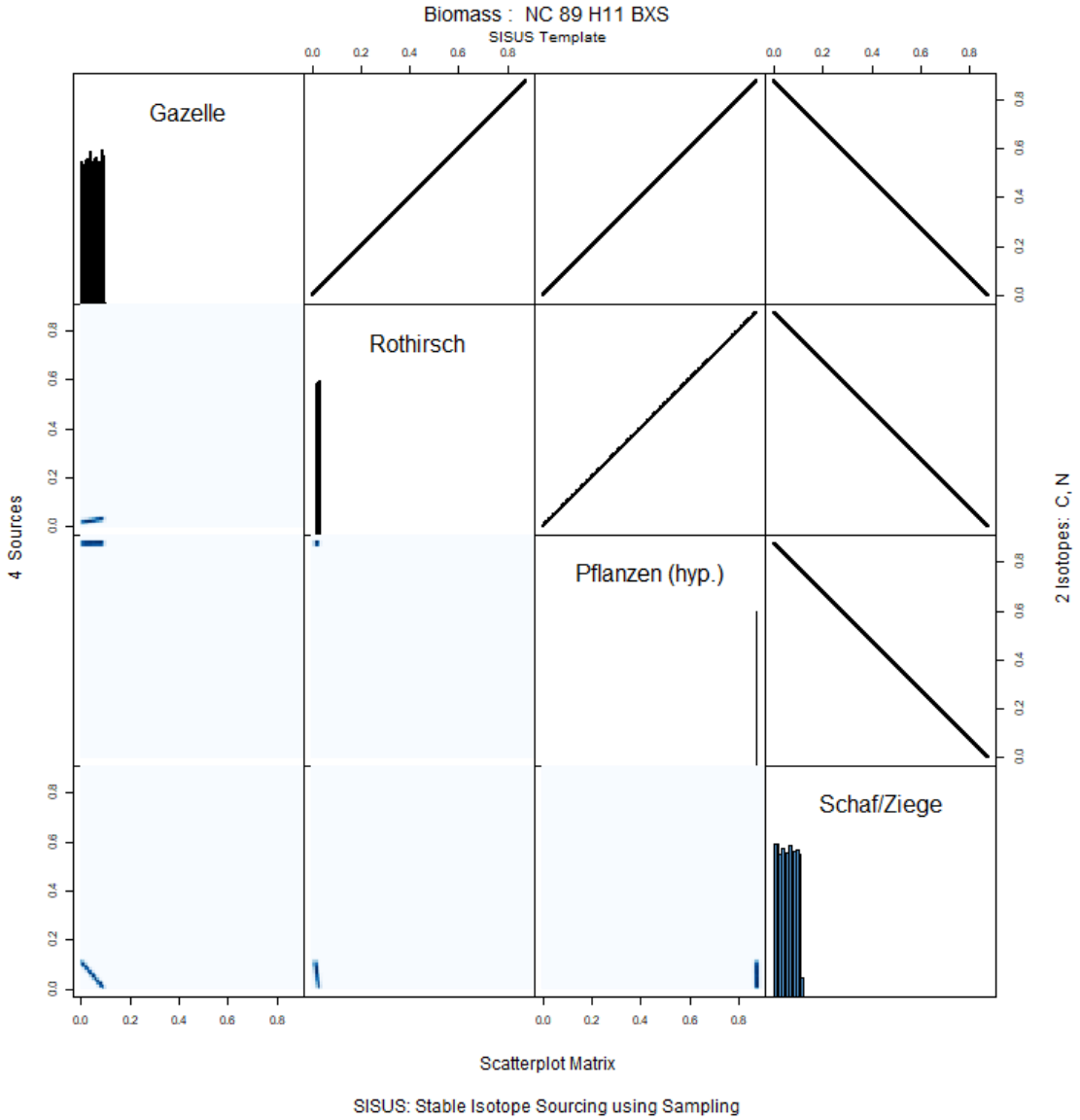


Abbildung 40: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 H11 BXS. Erstellt mit SISUS.

NC 91 F5 5150

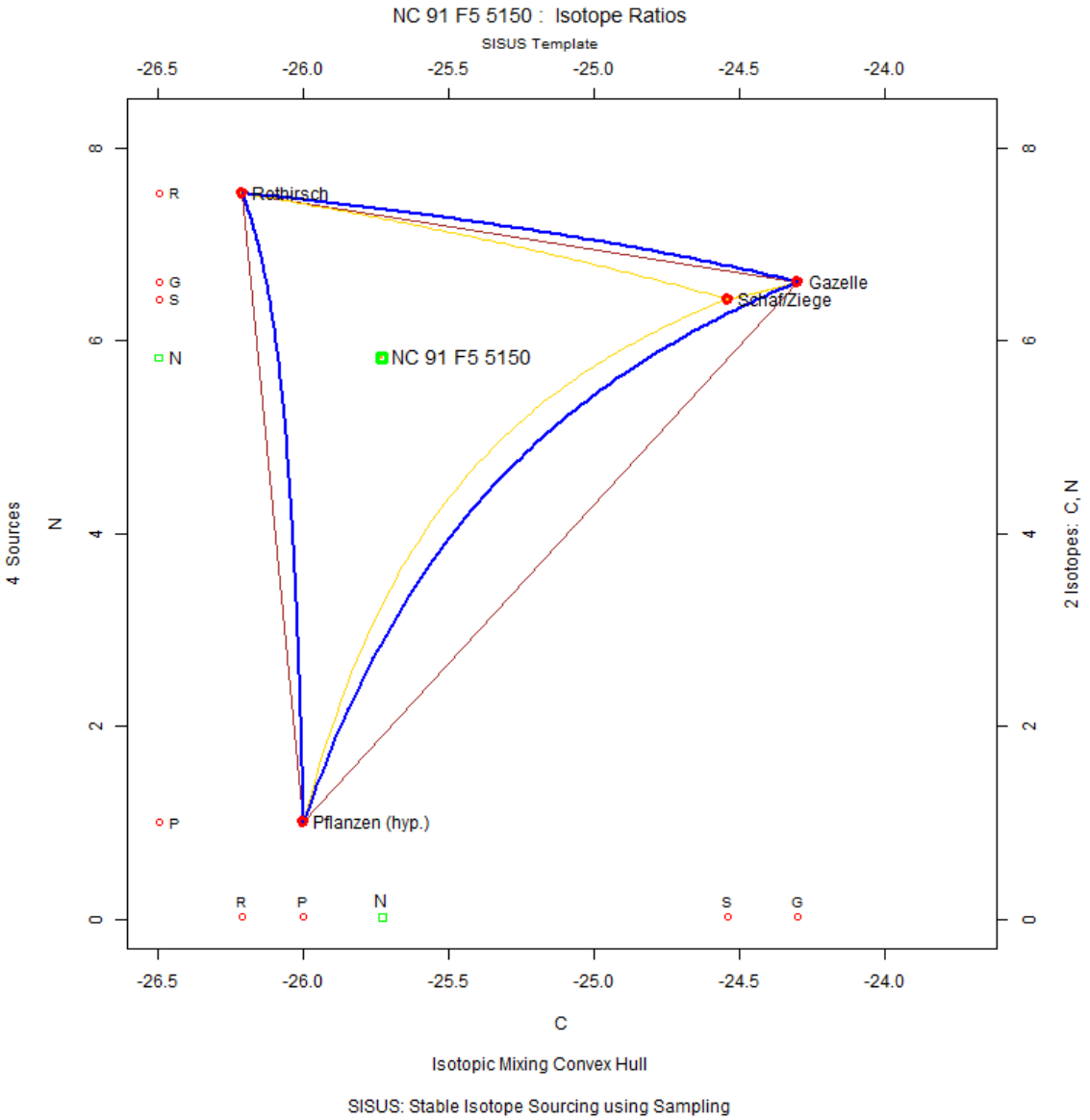


Abbildung 41: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5 5150. Erstellt mit SISUS.

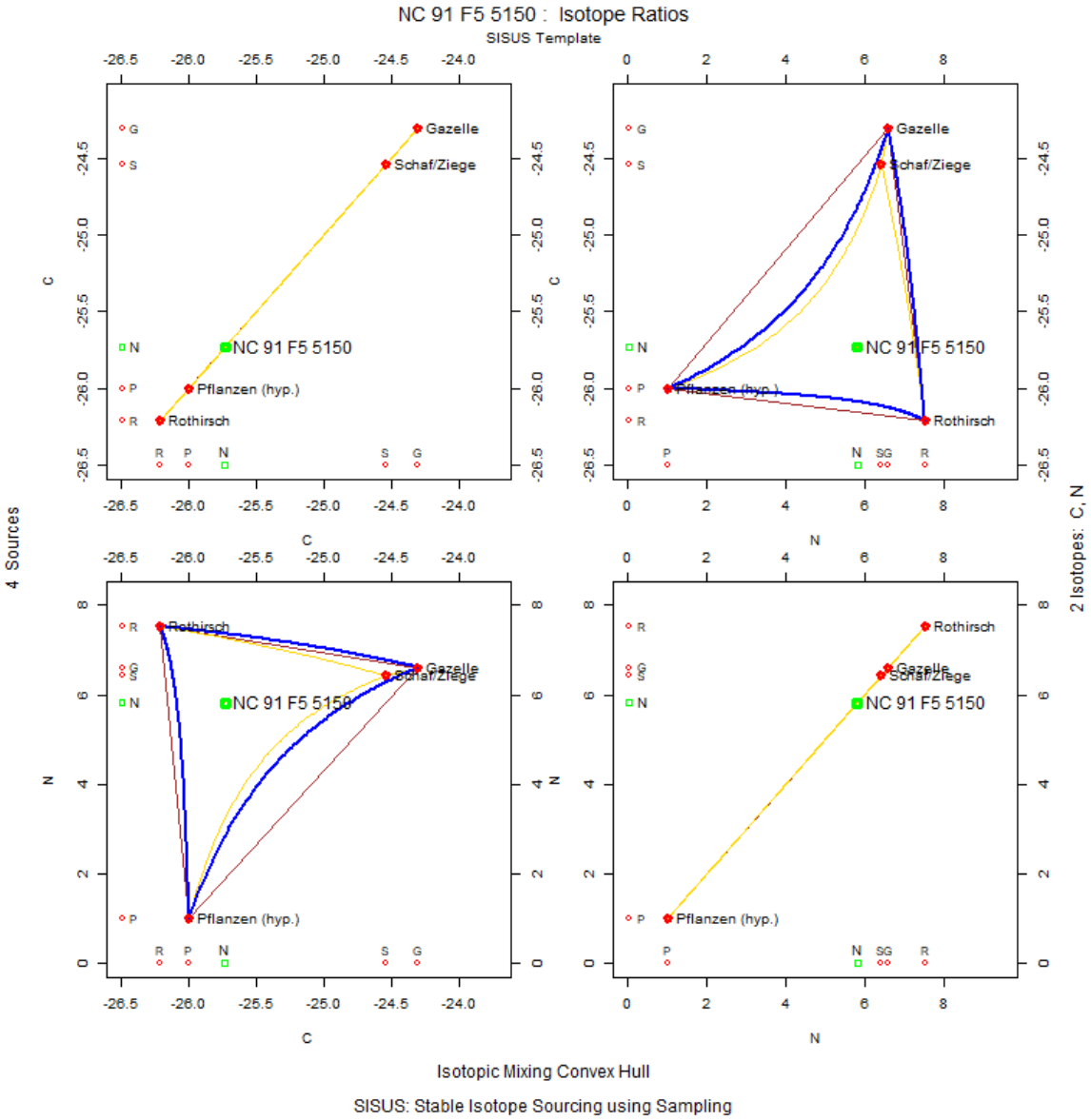


Abbildung 42: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5 5150 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

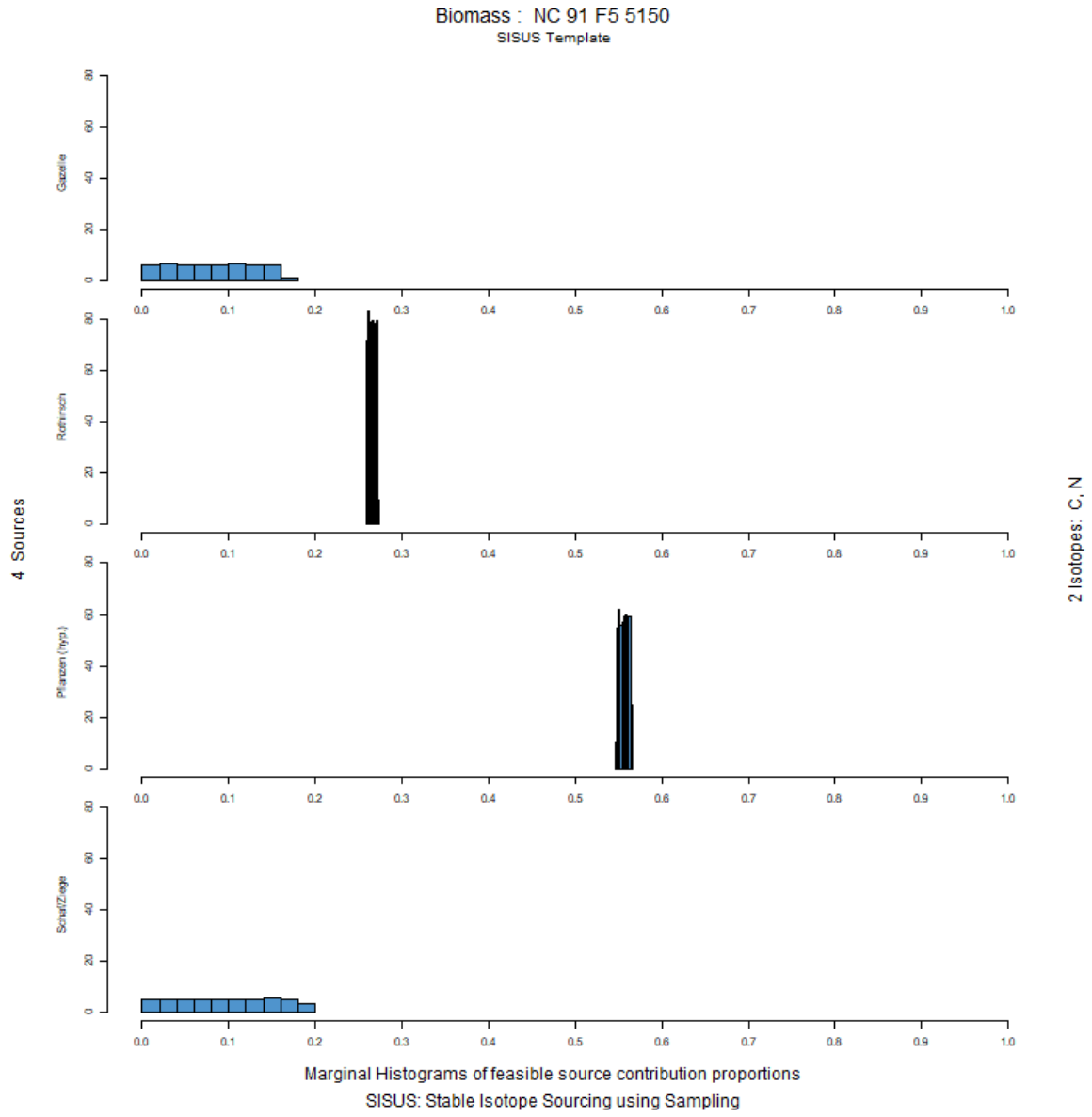


Abbildung 43: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5 5150. Erstellt mit SISUS.

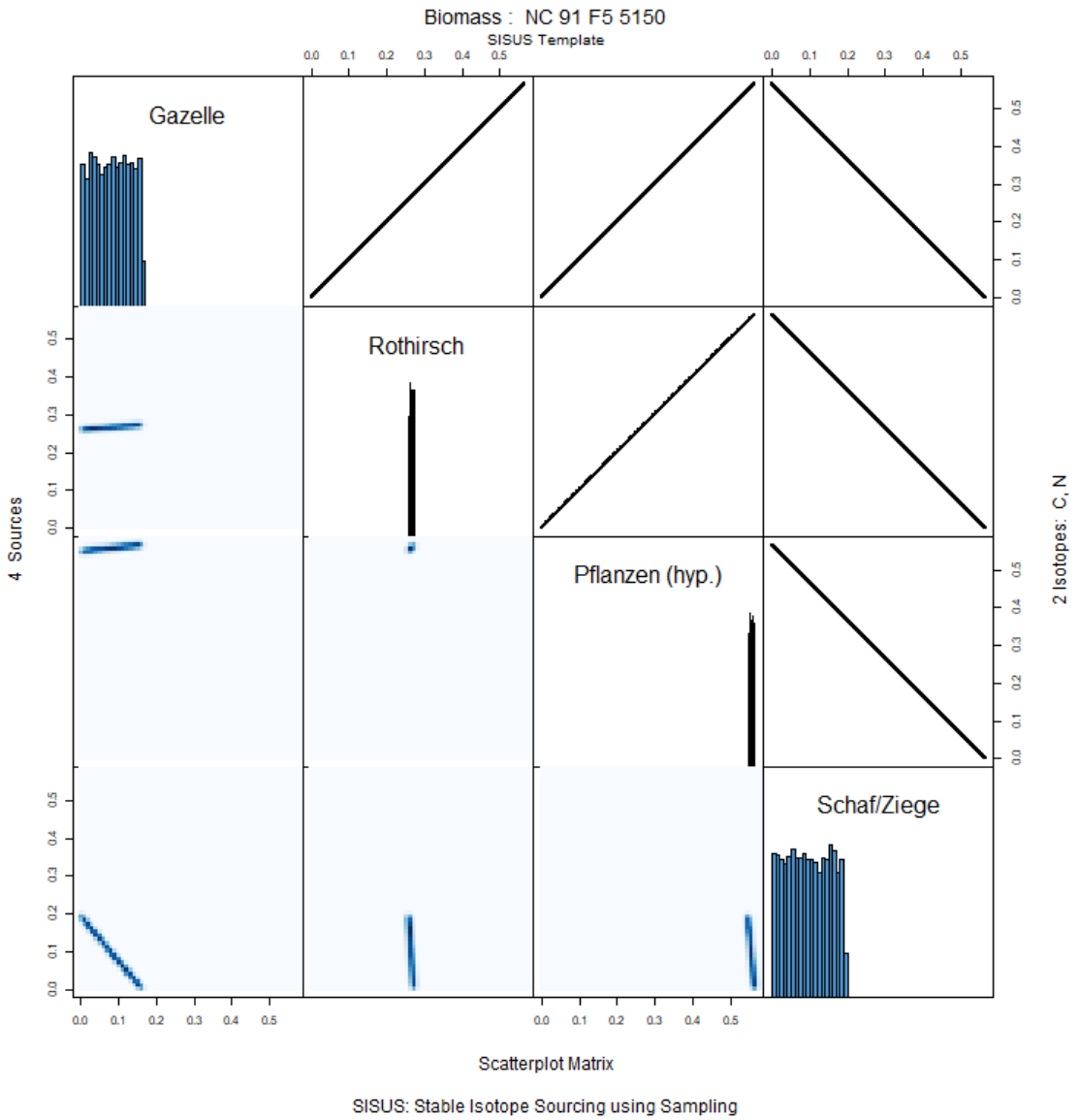


Abbildung 44: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5 5150. Erstellt mit SISUS.

NC 91 F5 H21 R16

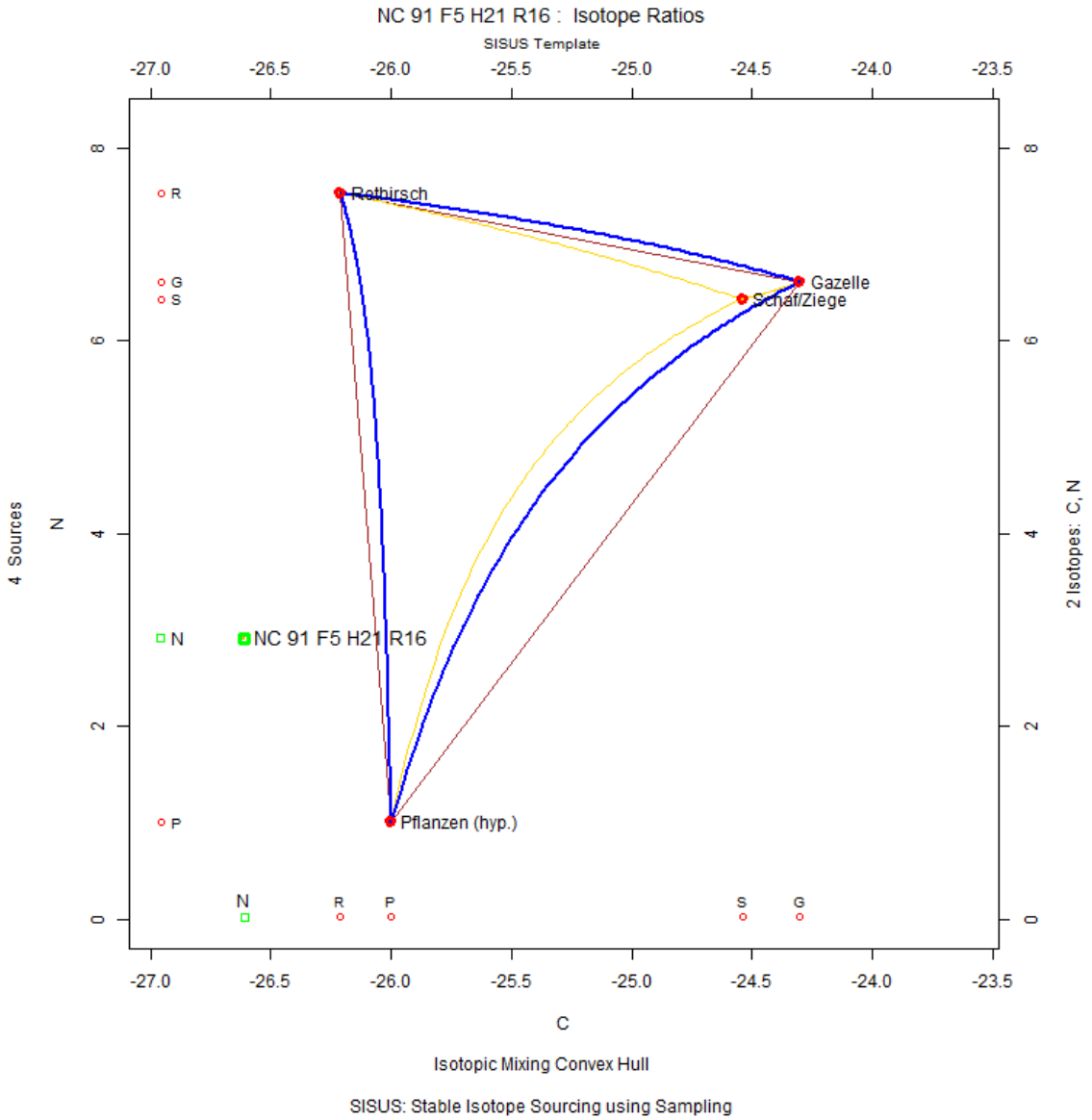


Abbildung 45: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5 H21 R16. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G5 4940

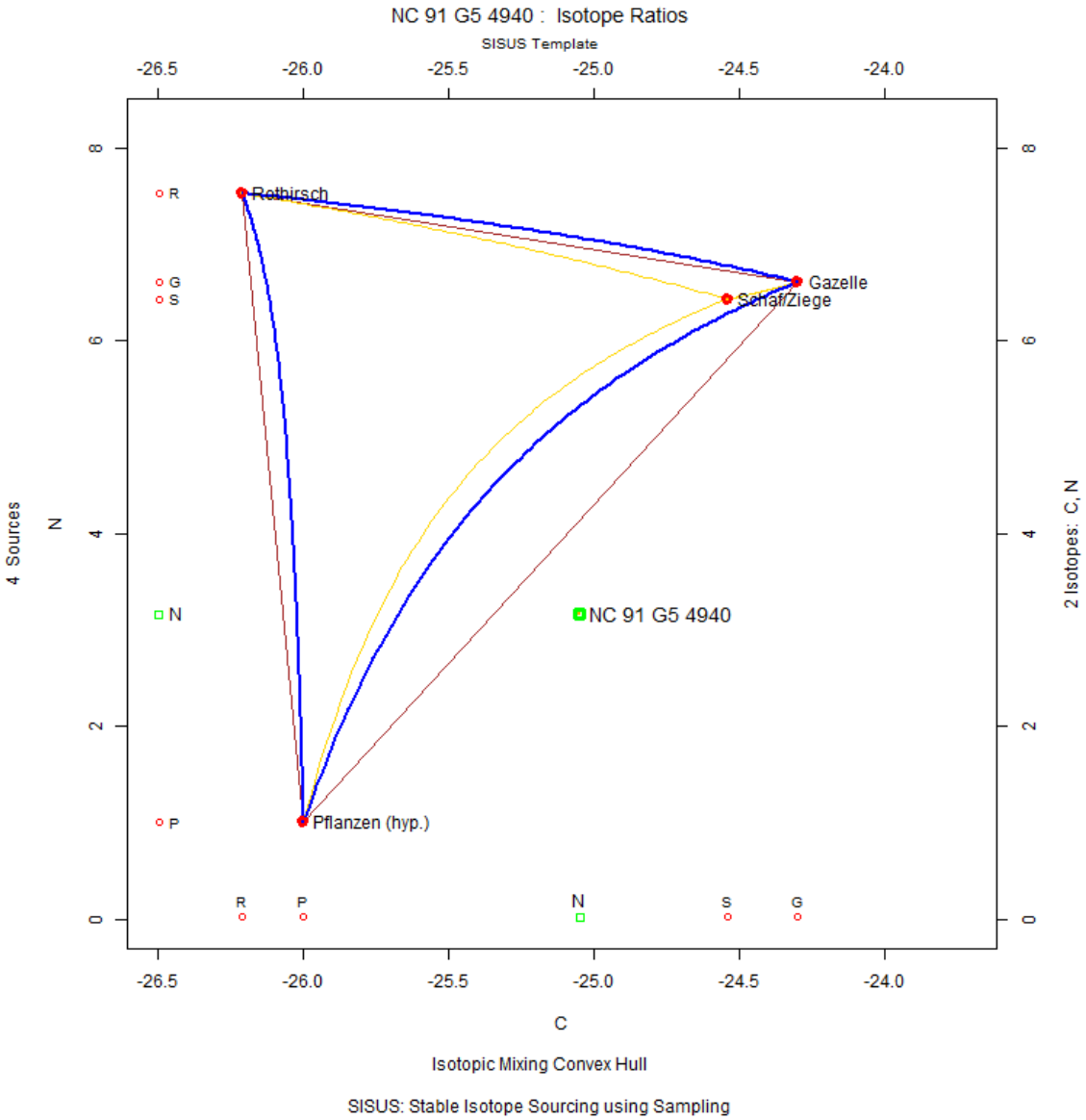


Abbildung 46: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 4940. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G5 H21 Gr2

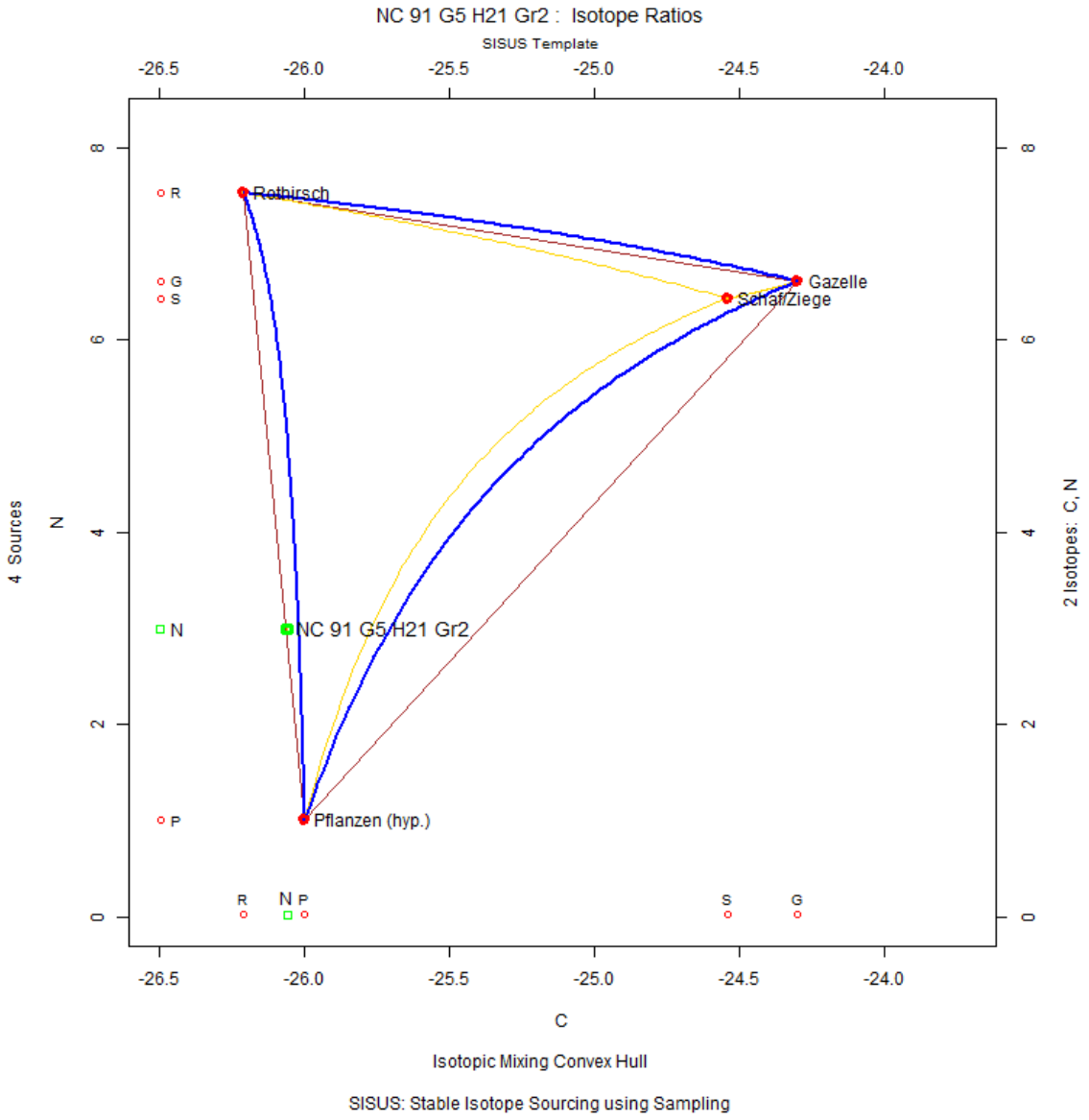


Abbildung 47: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 H21 Gr.2. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G5 Hs32 R5 Ab2

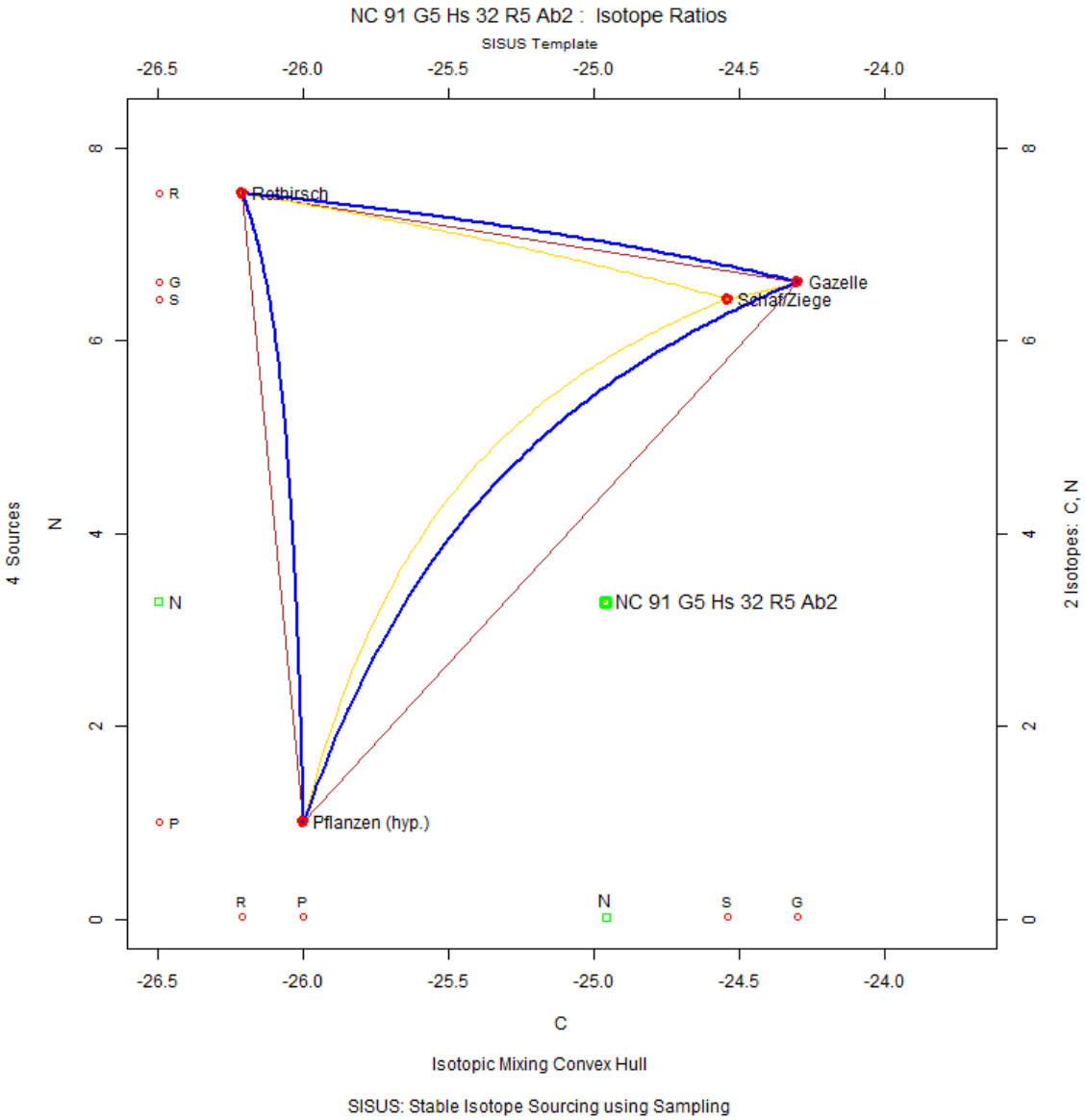


Abbildung 48: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 H3s32 R5 Ab2. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G5 Hs21 F3 S B3

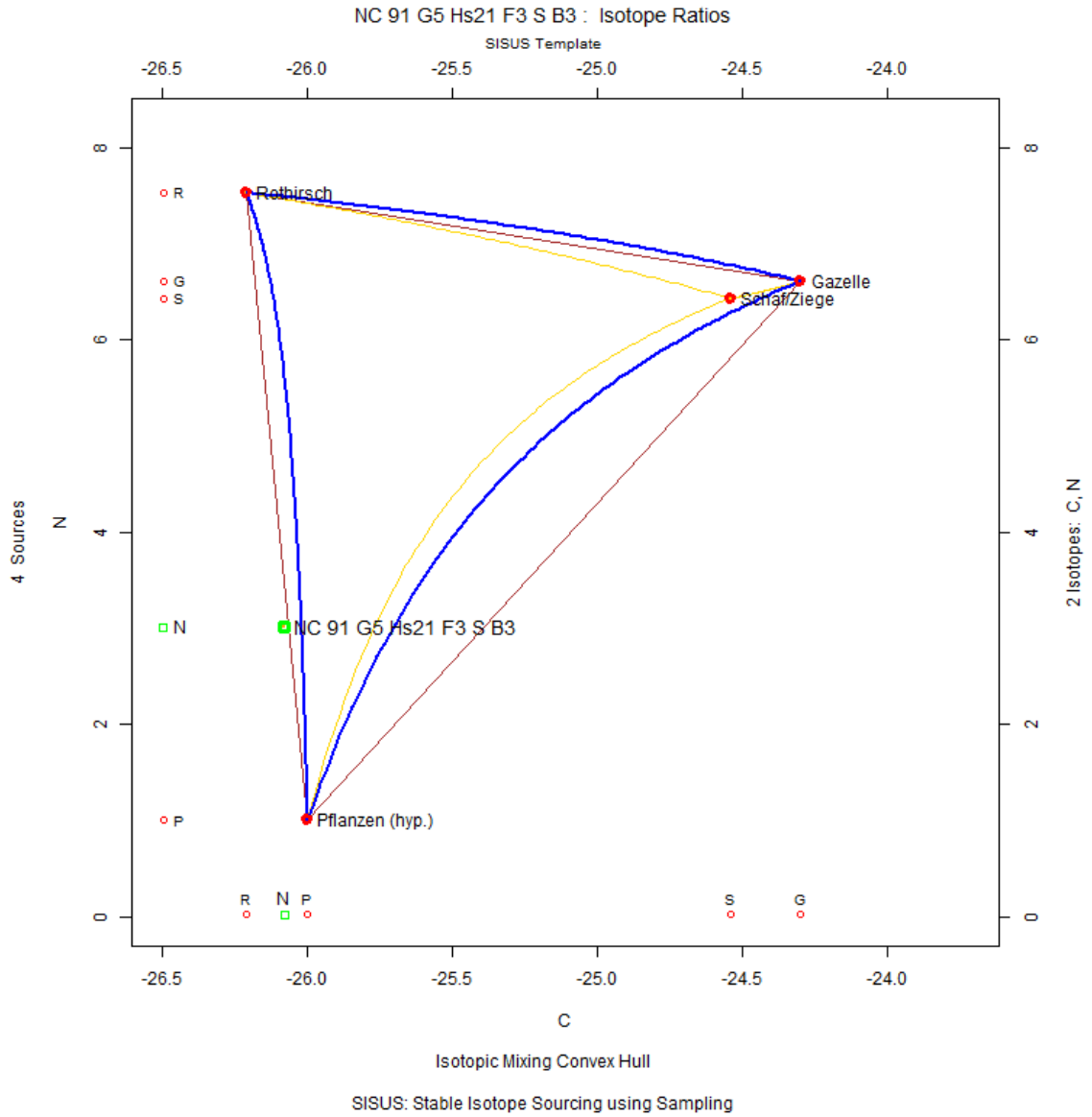


Abbildung 49: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 Hs21 F3 S B3. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G5 Hs21 R4 1FB

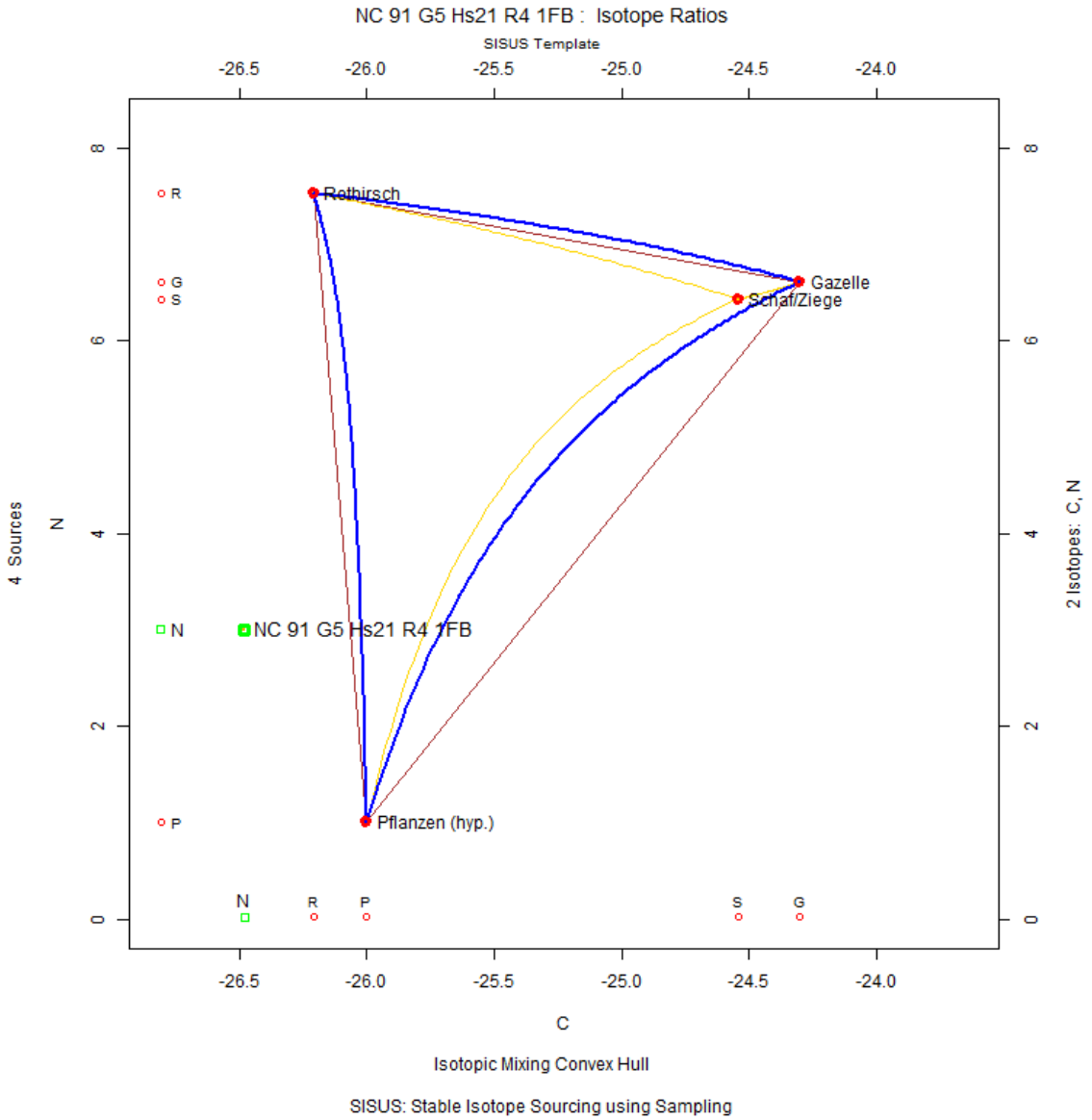


Abbildung 50: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 Hs21 R4 1FB. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G6 9222

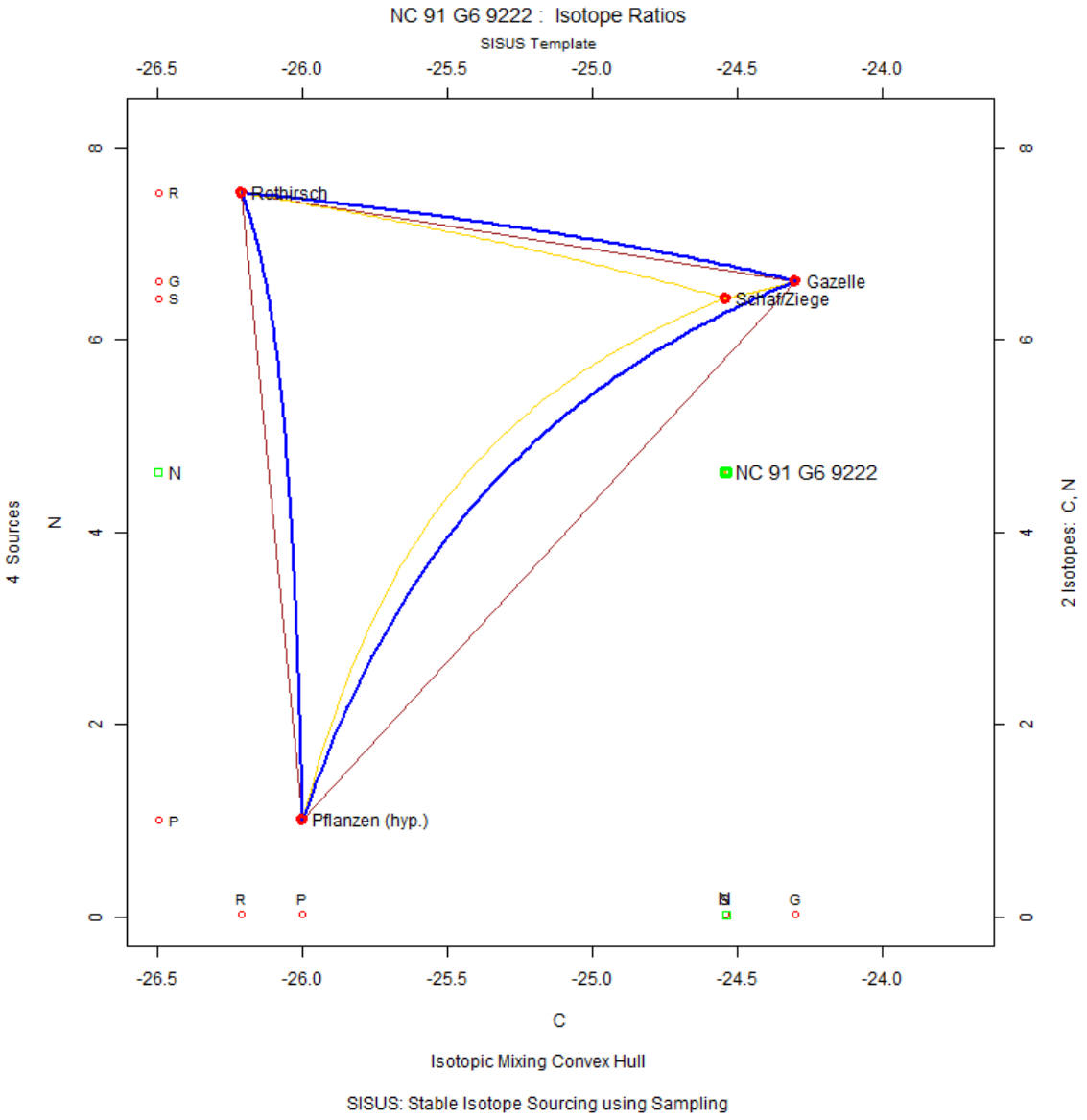


Abbildung 51: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G6 9222. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G6 9958

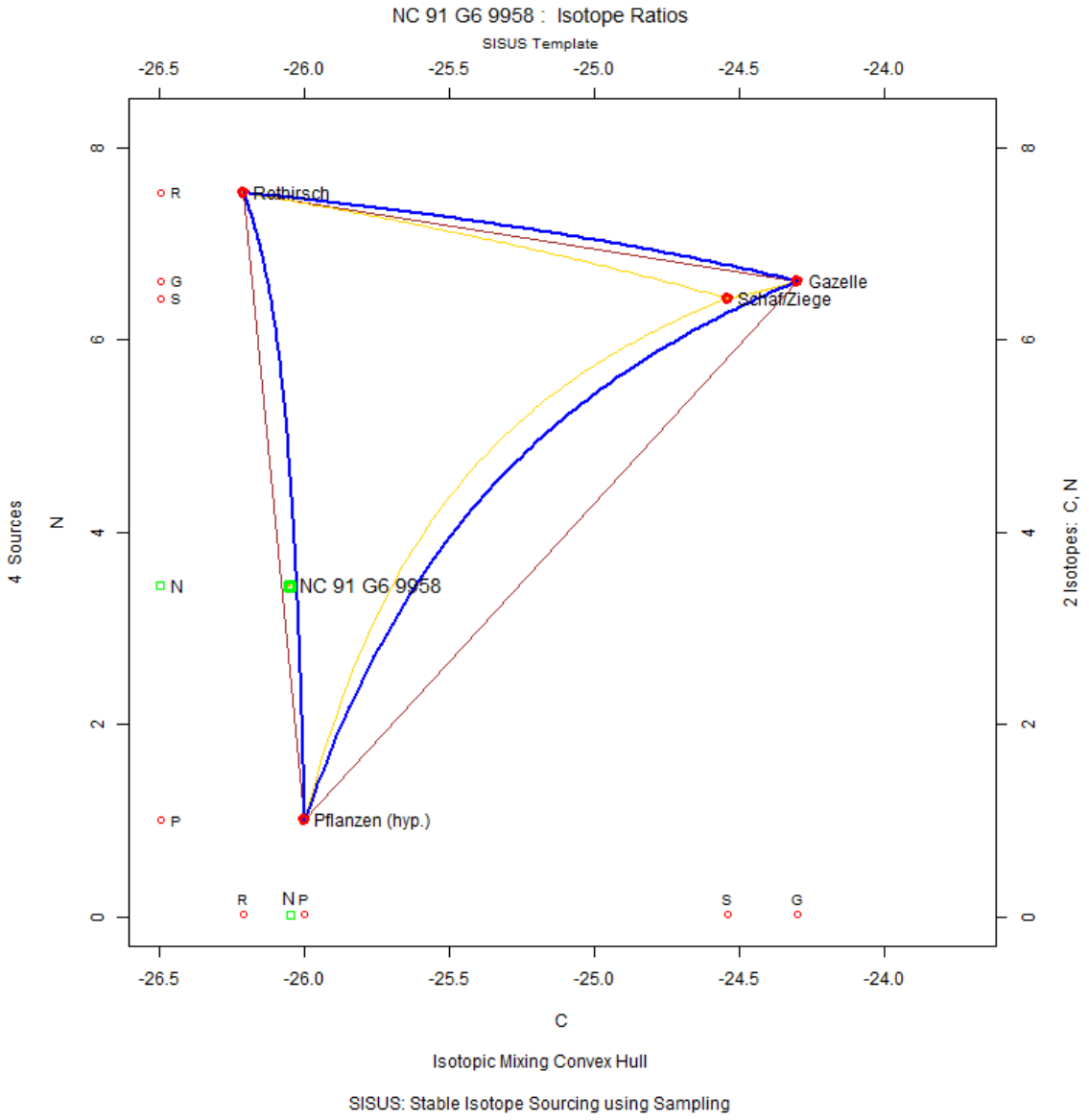


Abbildung 52: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G6 9958. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G7 718135

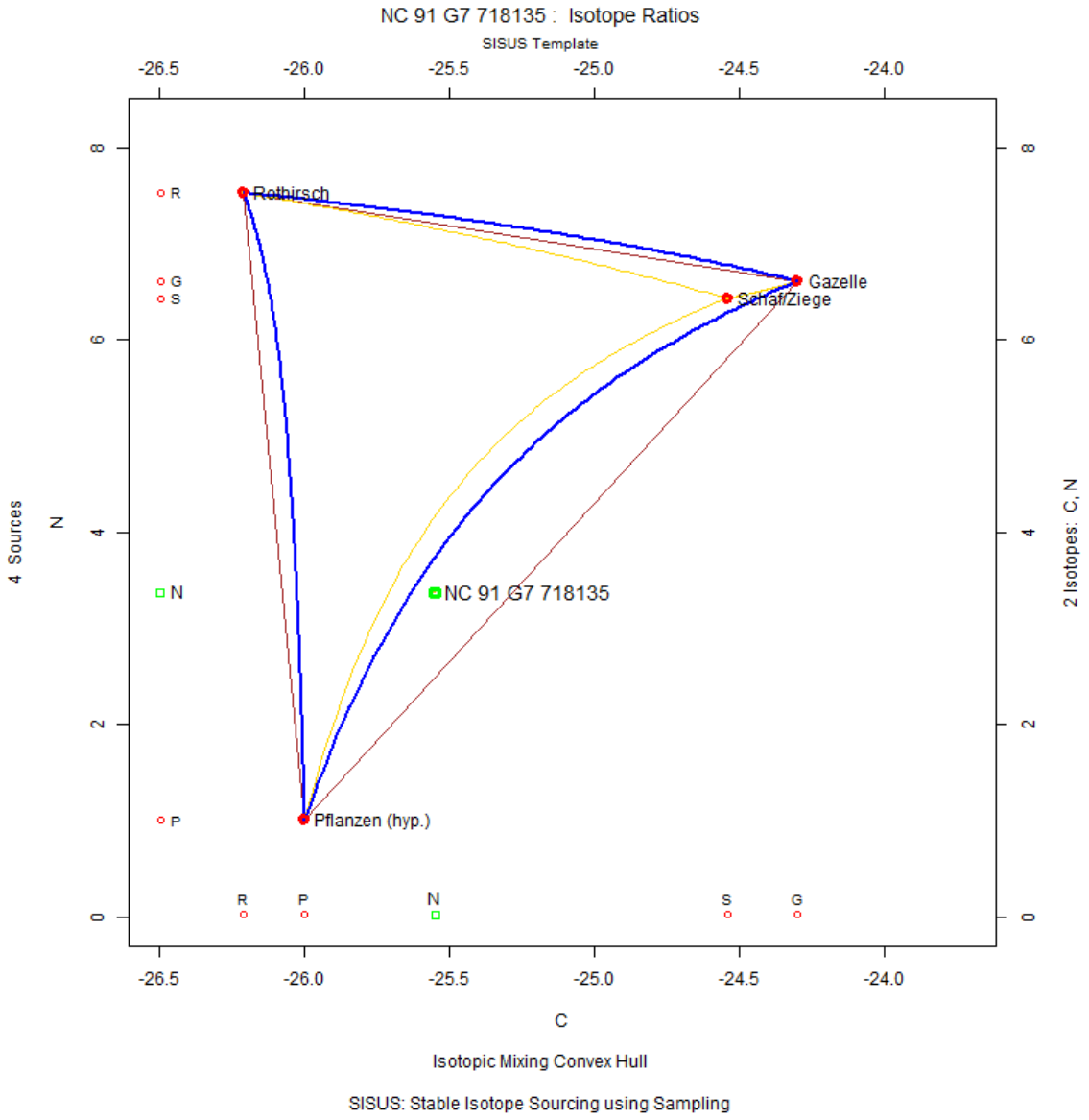


Abbildung 53: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G7 718135. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G8 035

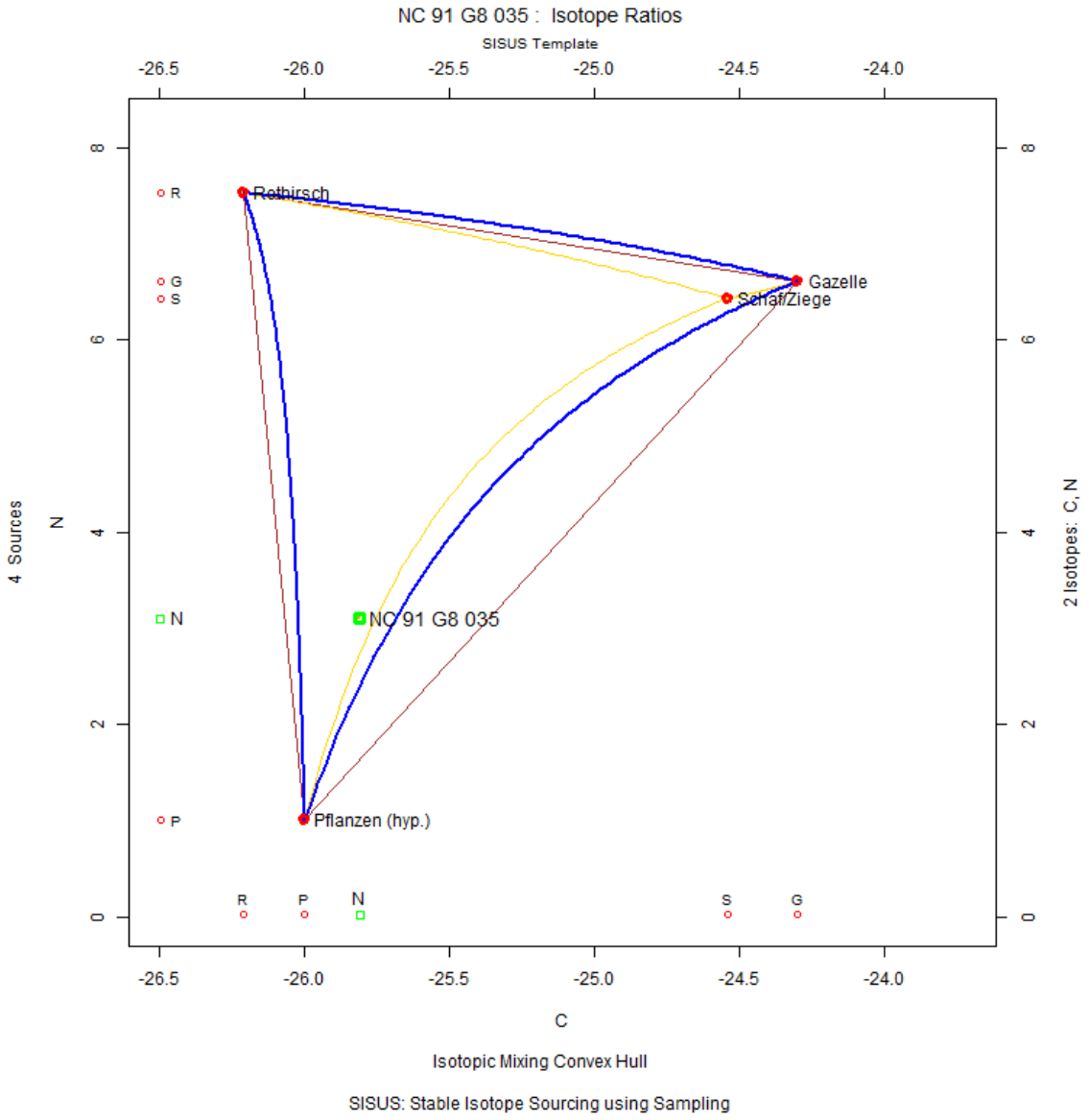


Abbildung 54: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G8 035. Erstellt mit SISUS.

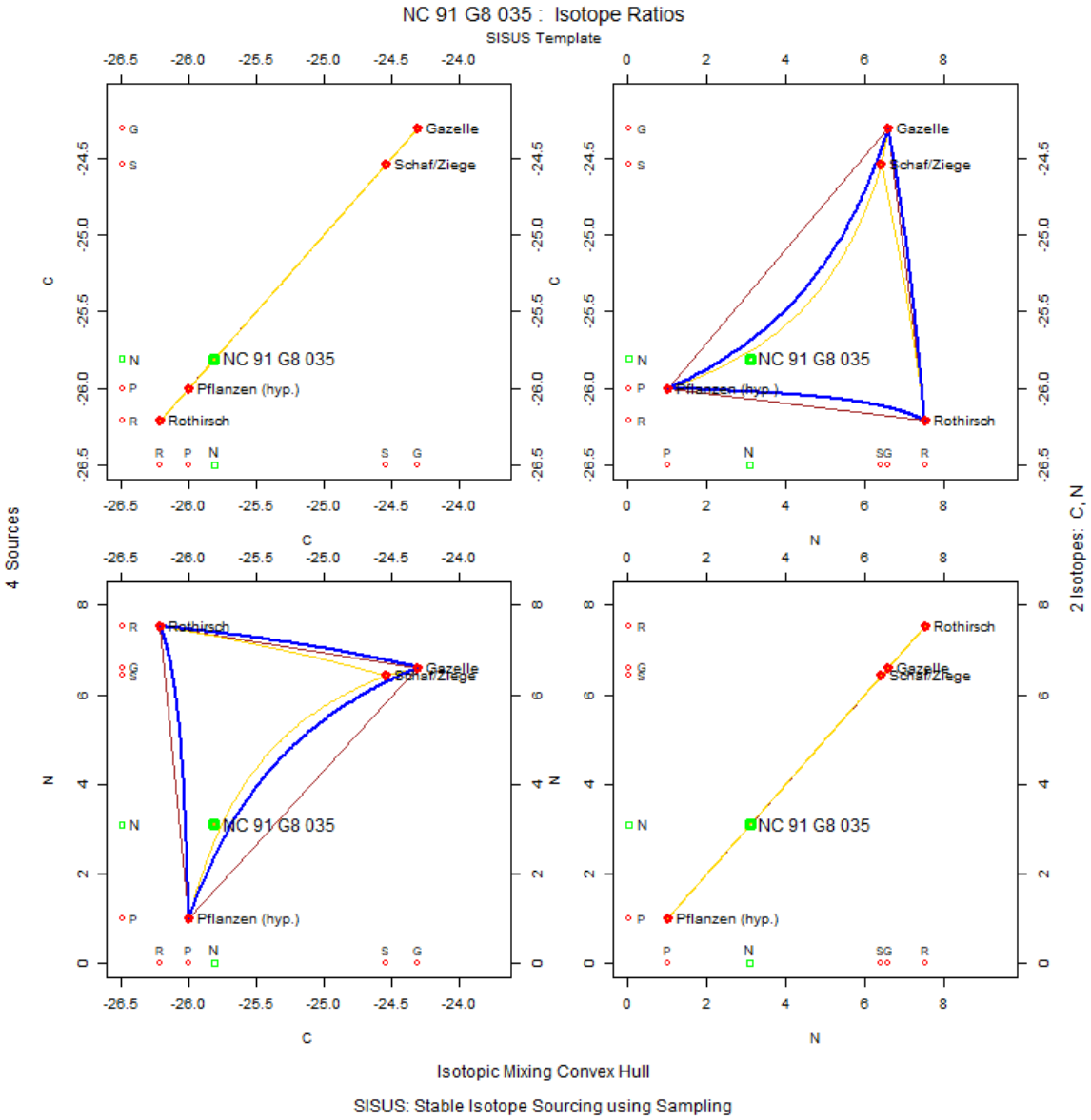


Abbildung 55: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G8 035 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

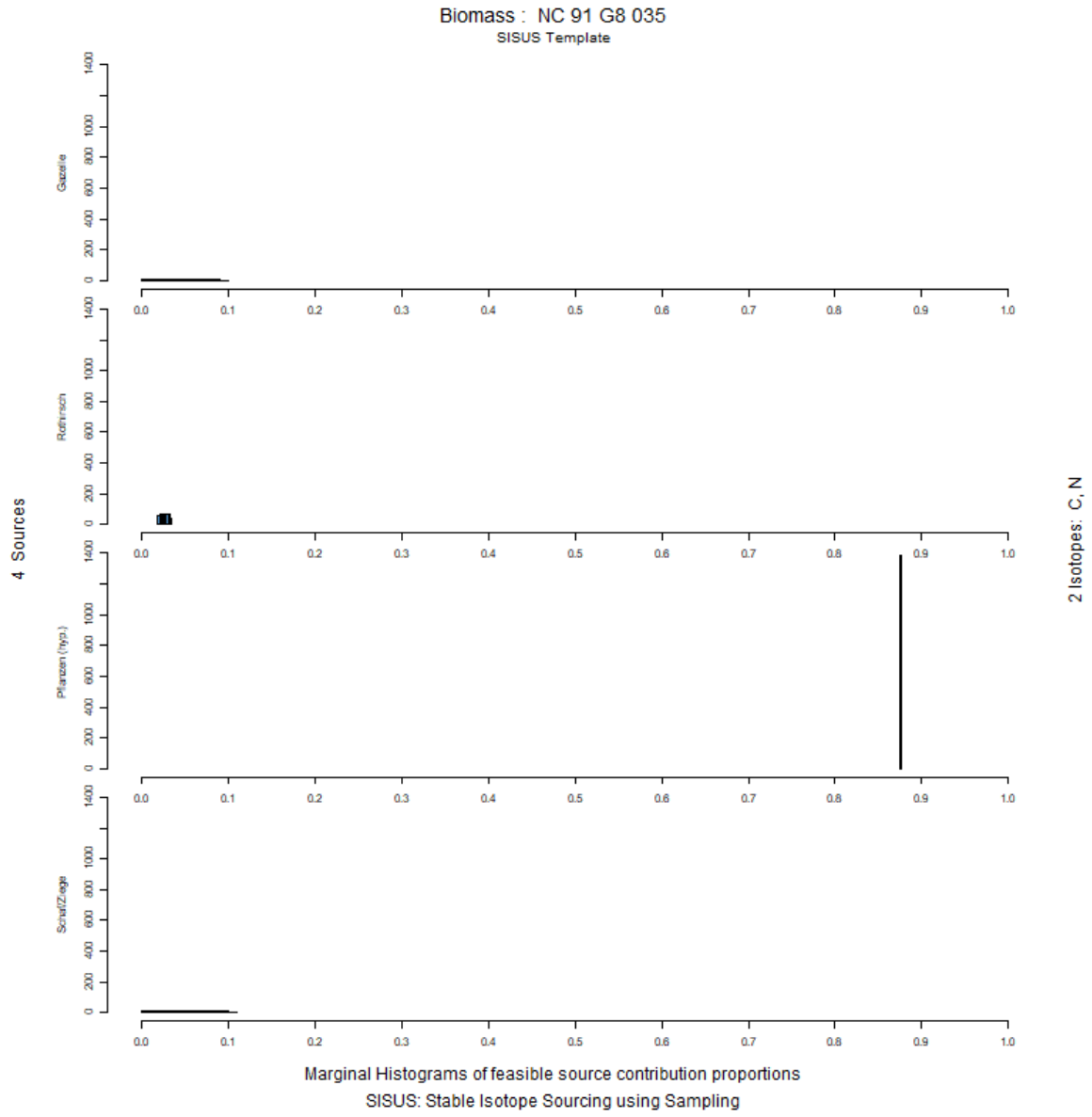


Abbildung 56: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G8 035. Erstellt mit SISUS.

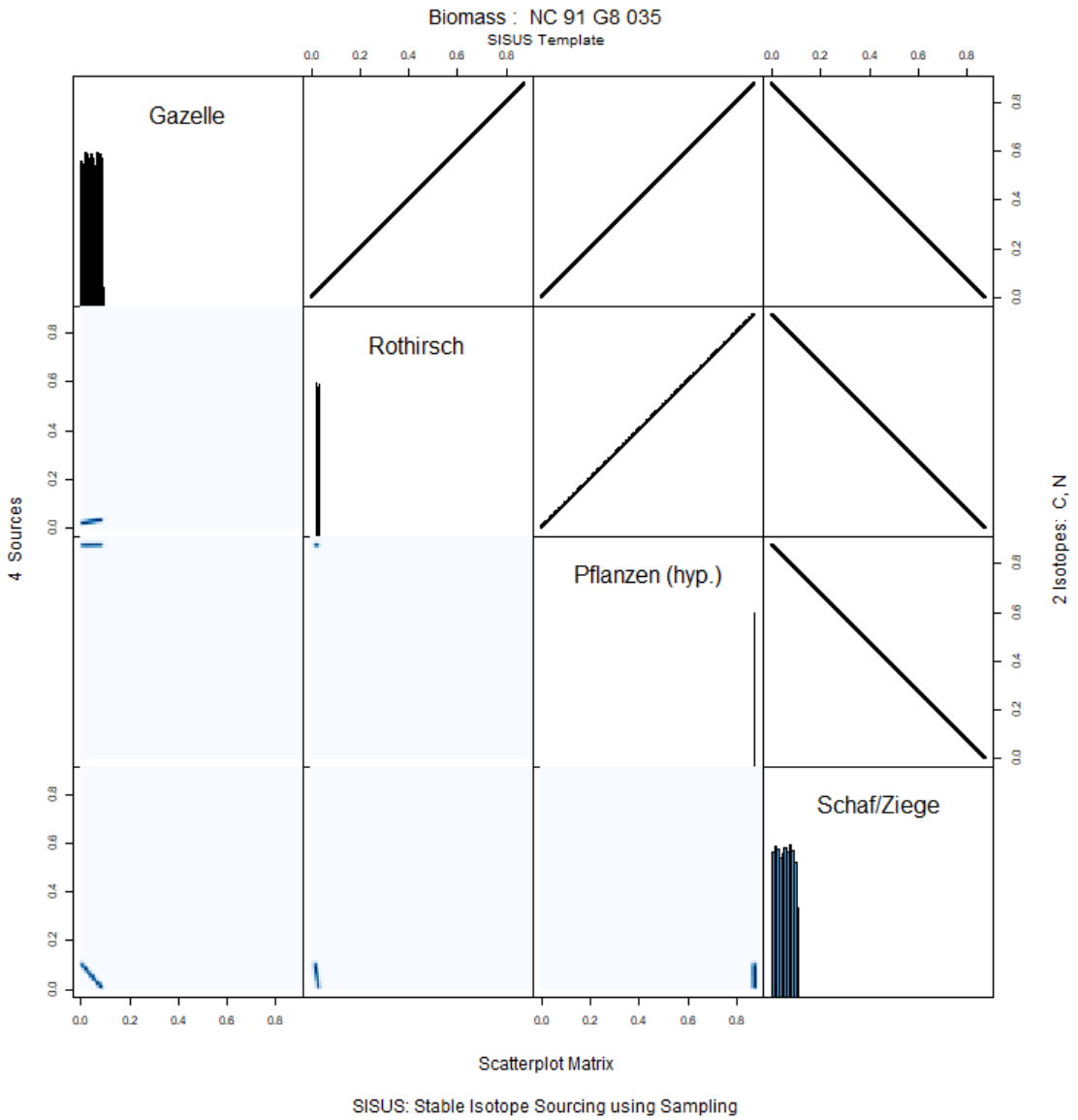


Abbildung 57: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G8 035. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G9 953

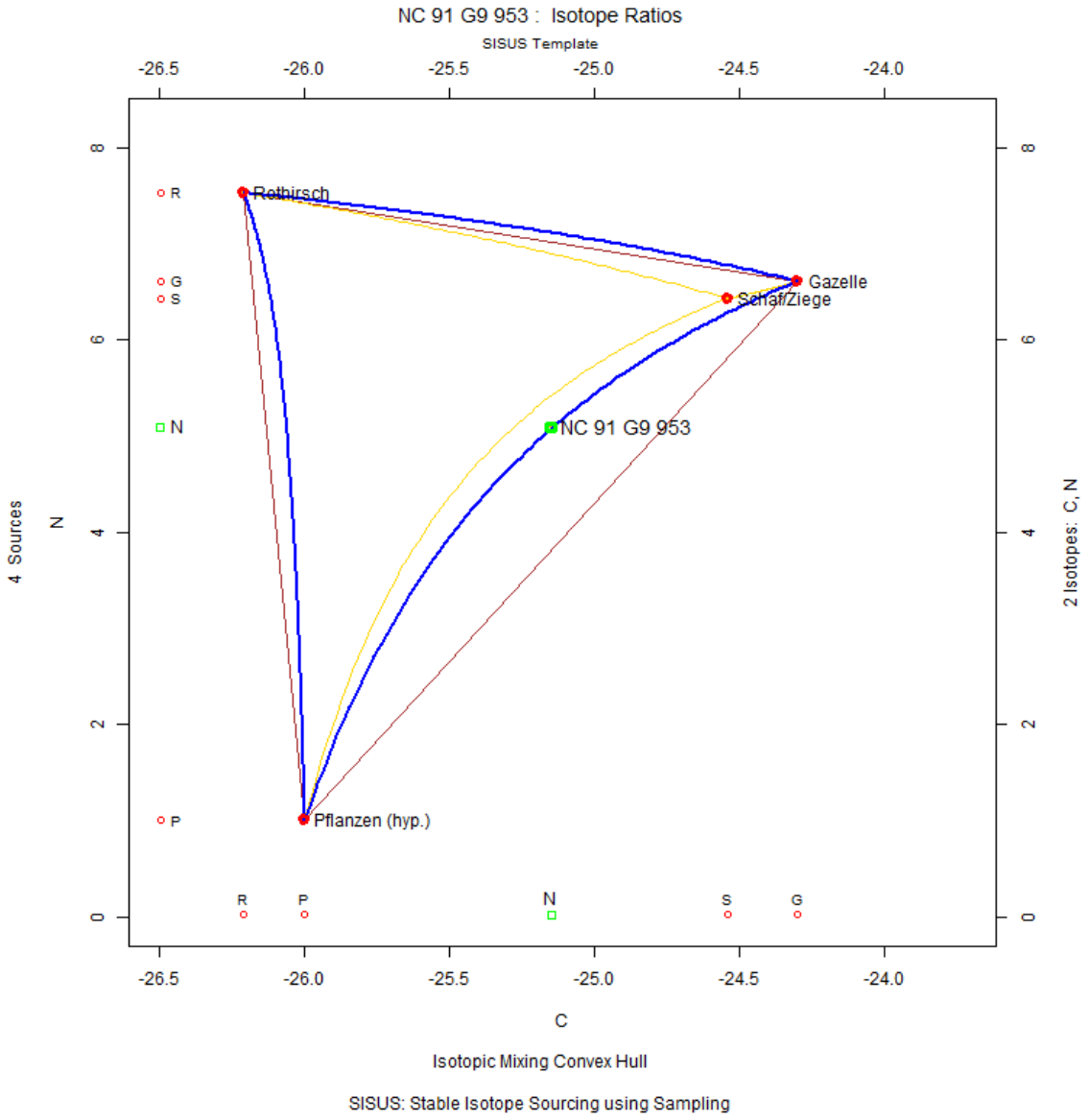


Abbildung 58: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G9 953. Erstellt mit SISUS.

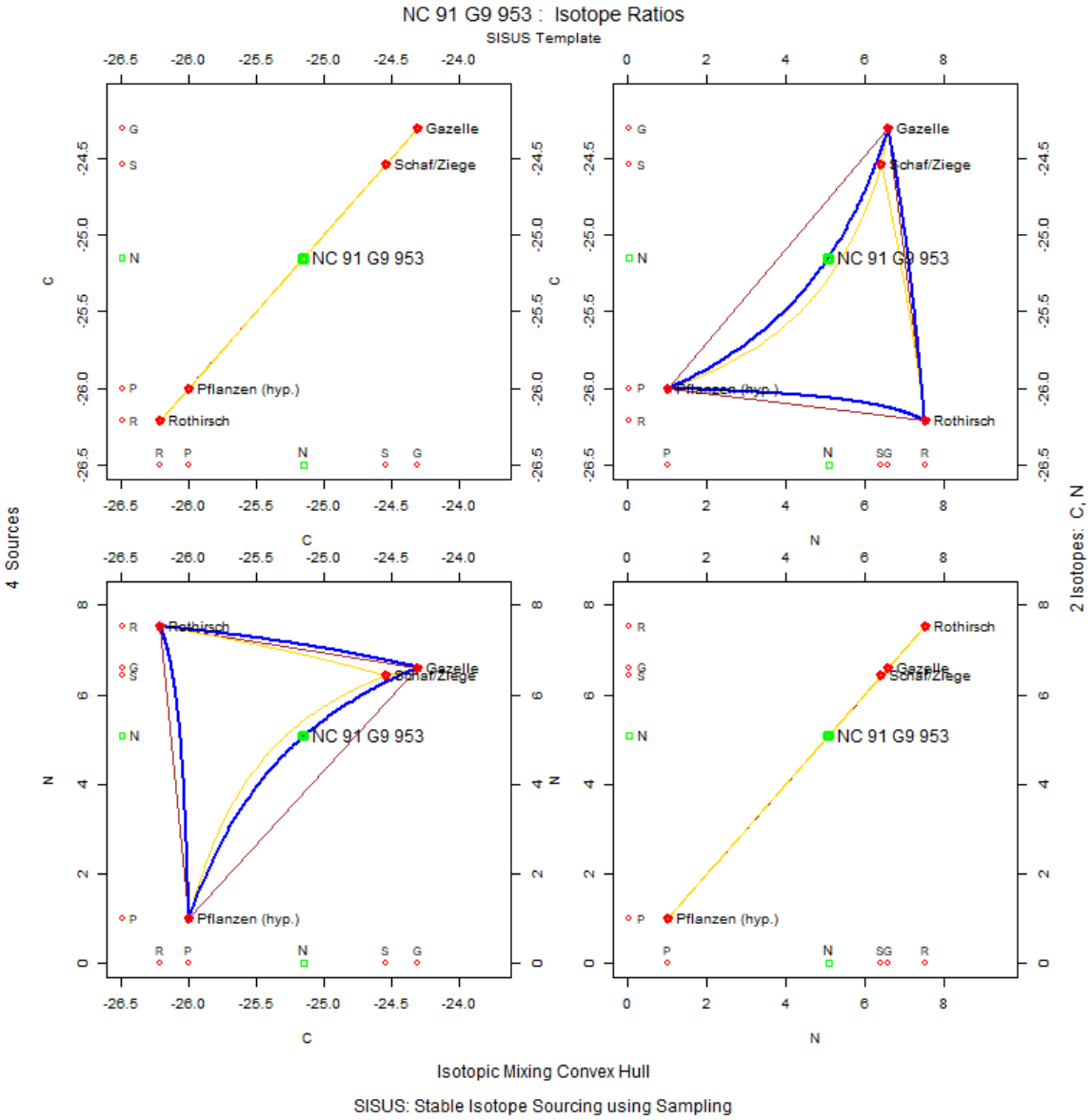


Abbildung 59: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G9 953 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

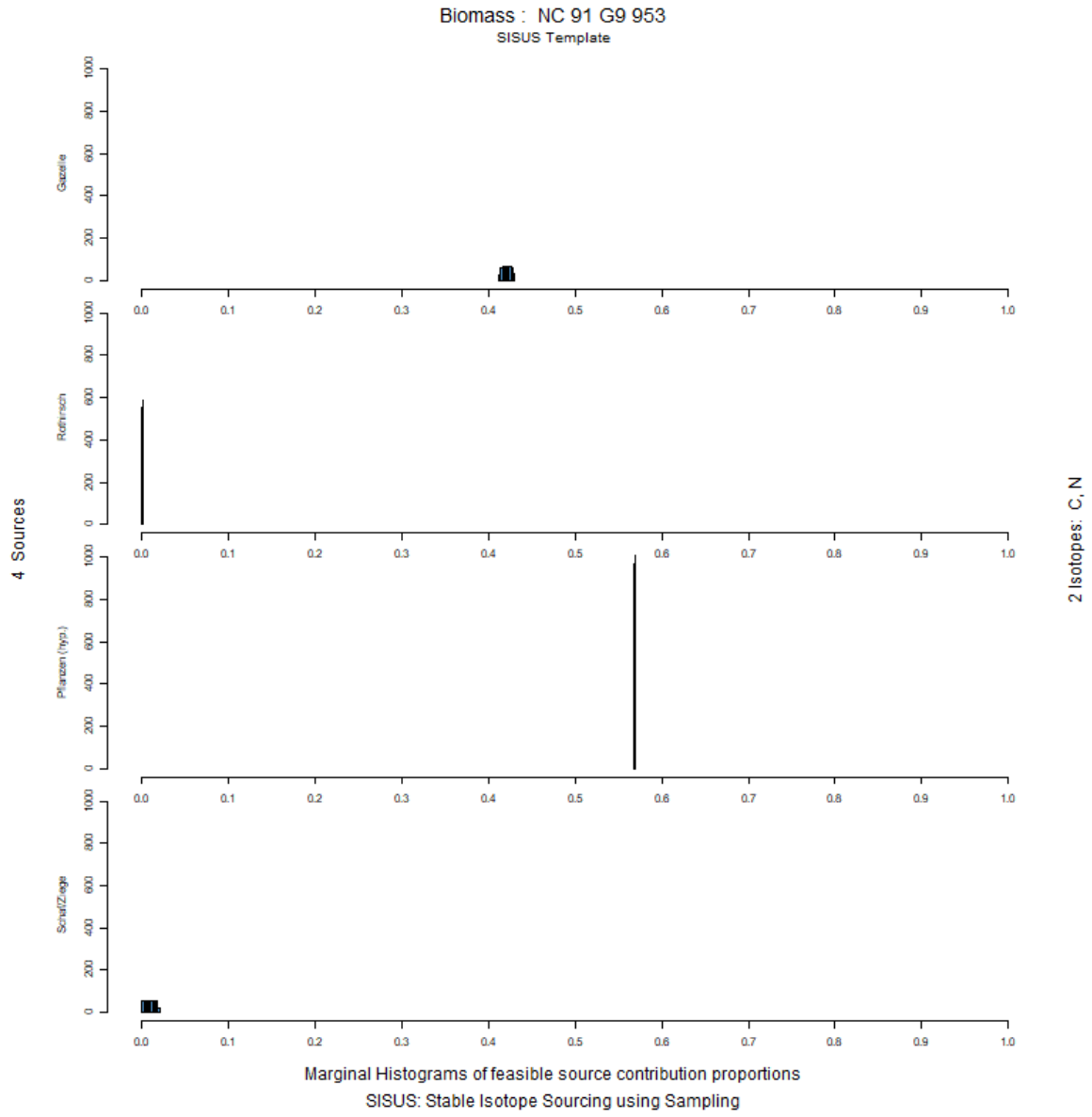


Abbildung 60: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G9 953. Erstellt mit SISUS.

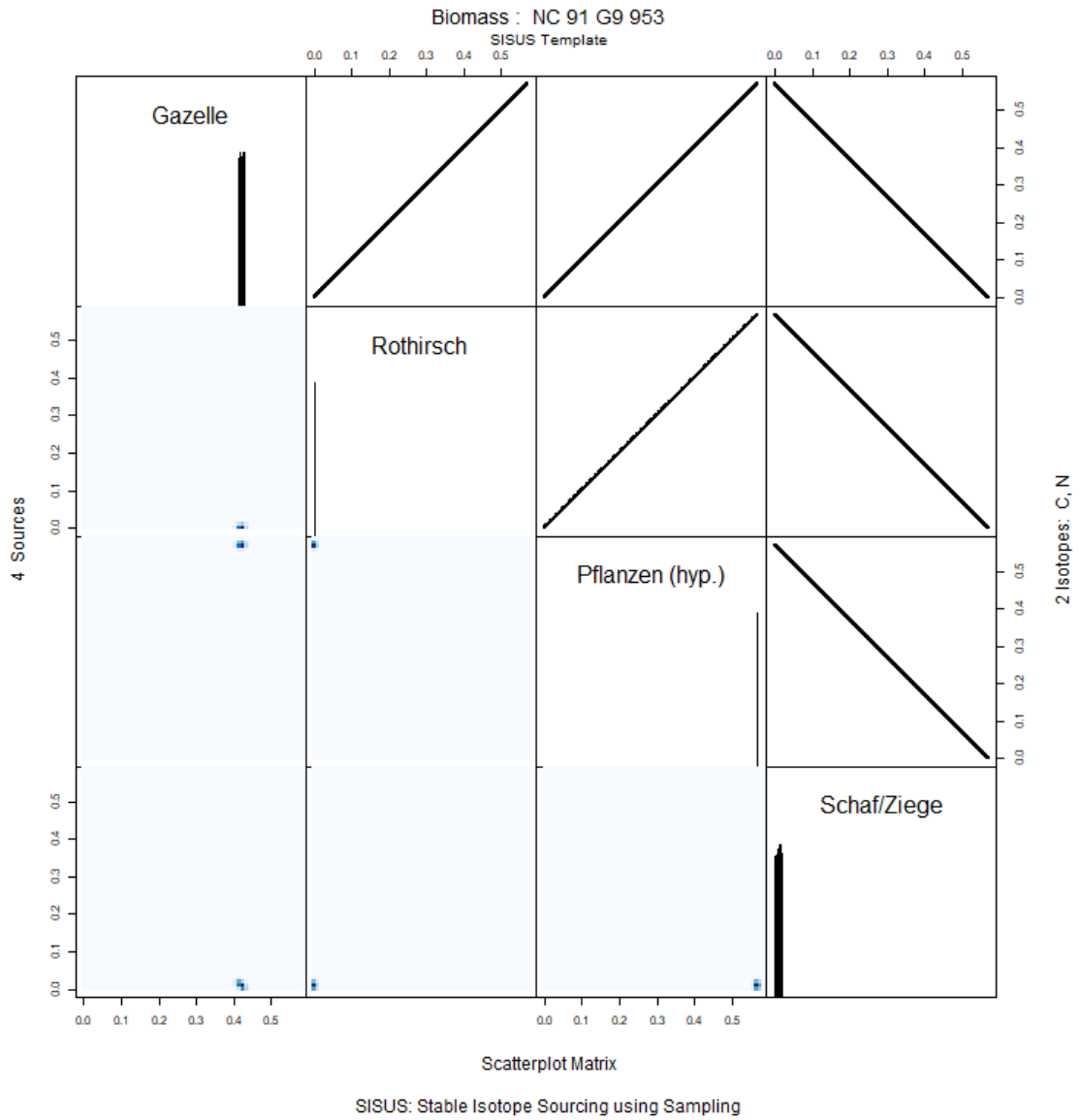


Abbildung 61: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G9 953. Erstellt mit SISUS.

NC 91 H8 Hs6 K 5 9

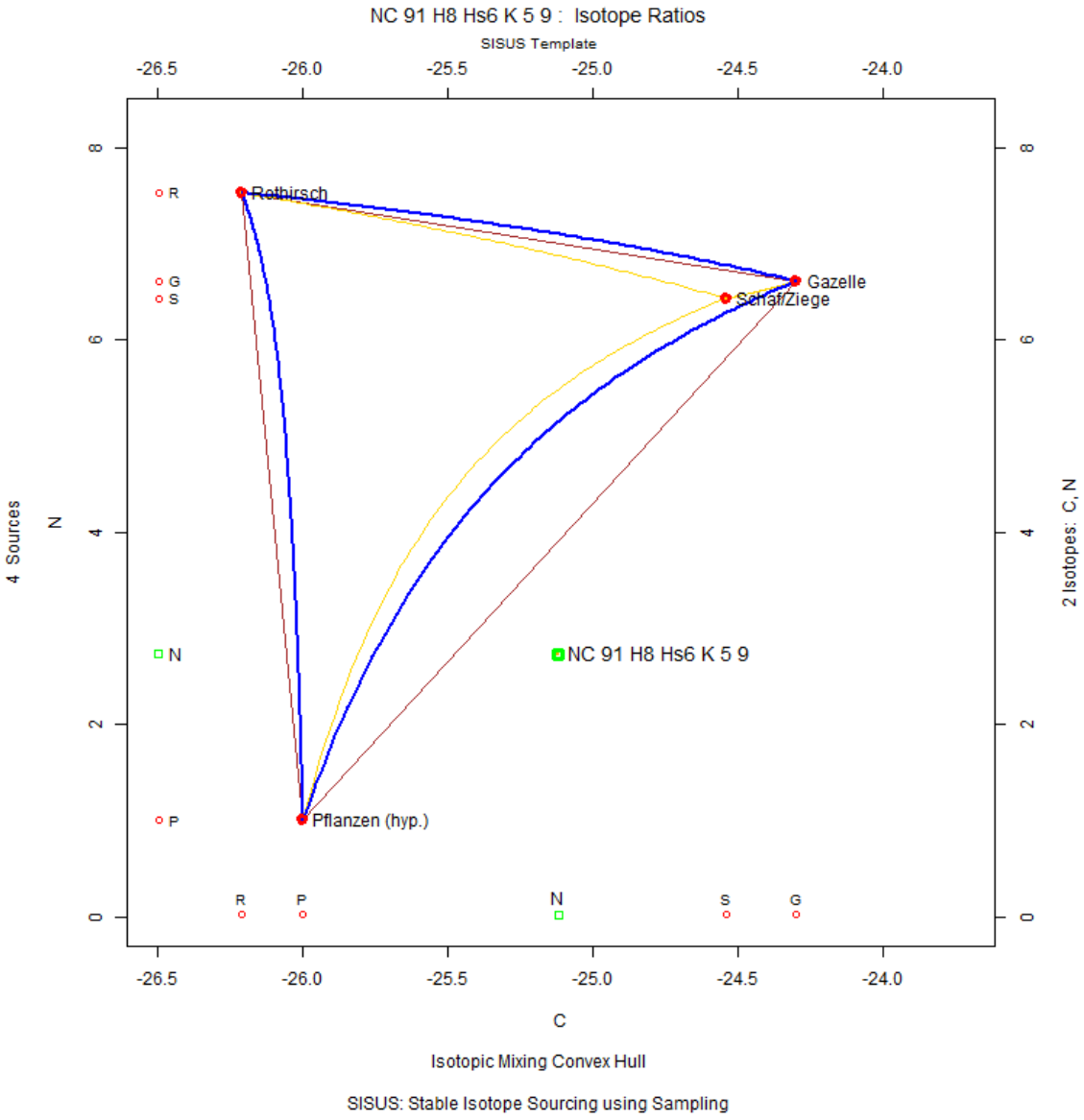


Abbildung 62: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H8 Hs6 K5 9. Erstellt mit SISUS.

NC 91 H11 Hs13

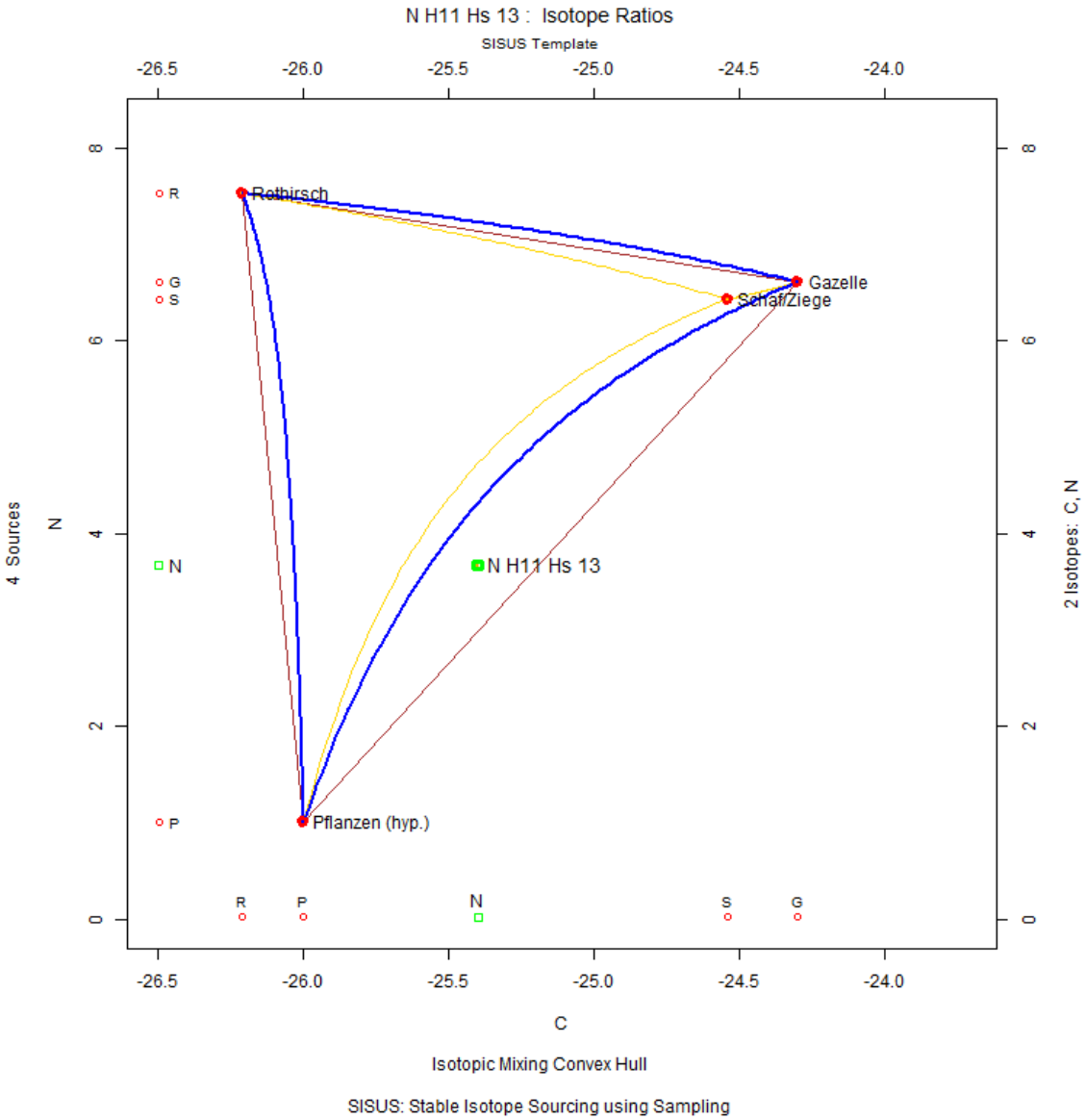


Abbildung 63: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H11 Hs13. Erstellt mit SISUS.

1.3.2 Schicht I/II oder III

NC 91 F5

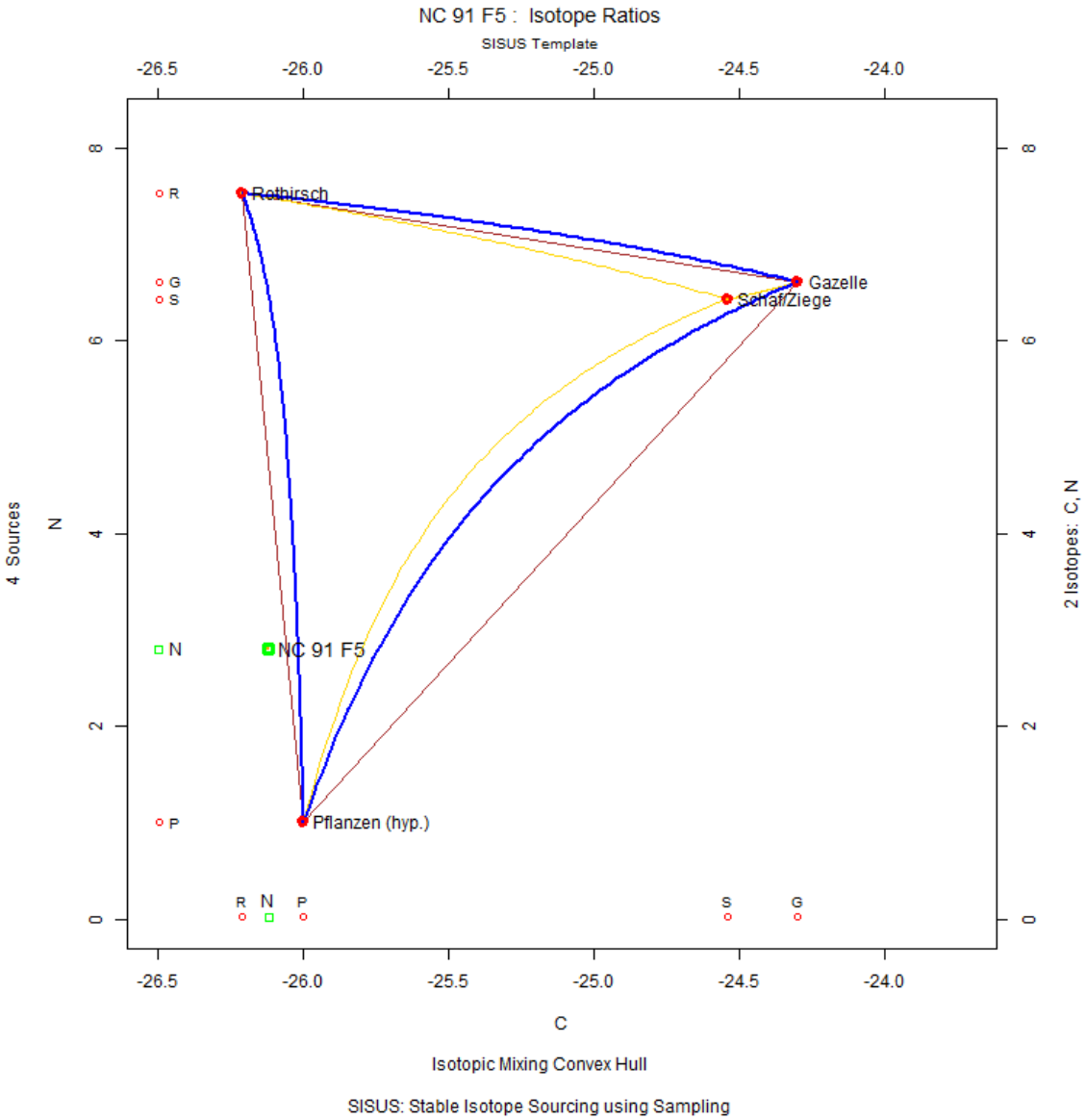


Abbildung 64: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 F5. Erstellt mit SISUS.

1.3.3 Schicht I/III

NC 91 G5 4939

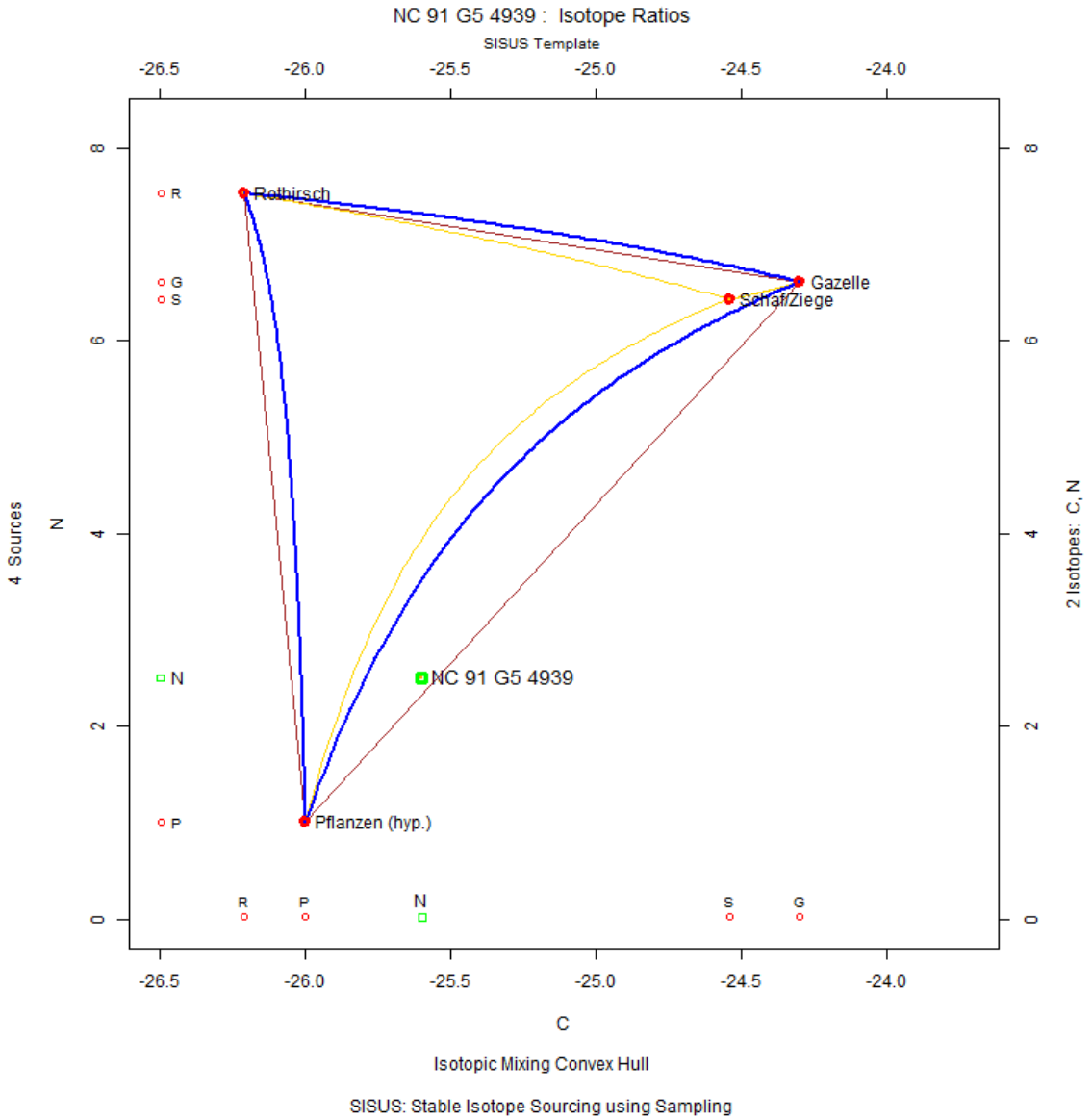


Abbildung 65: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5 4939. Erstellt mit SISUS.

1.3.4 Schicht III

NC 89 Hs2 B3 24

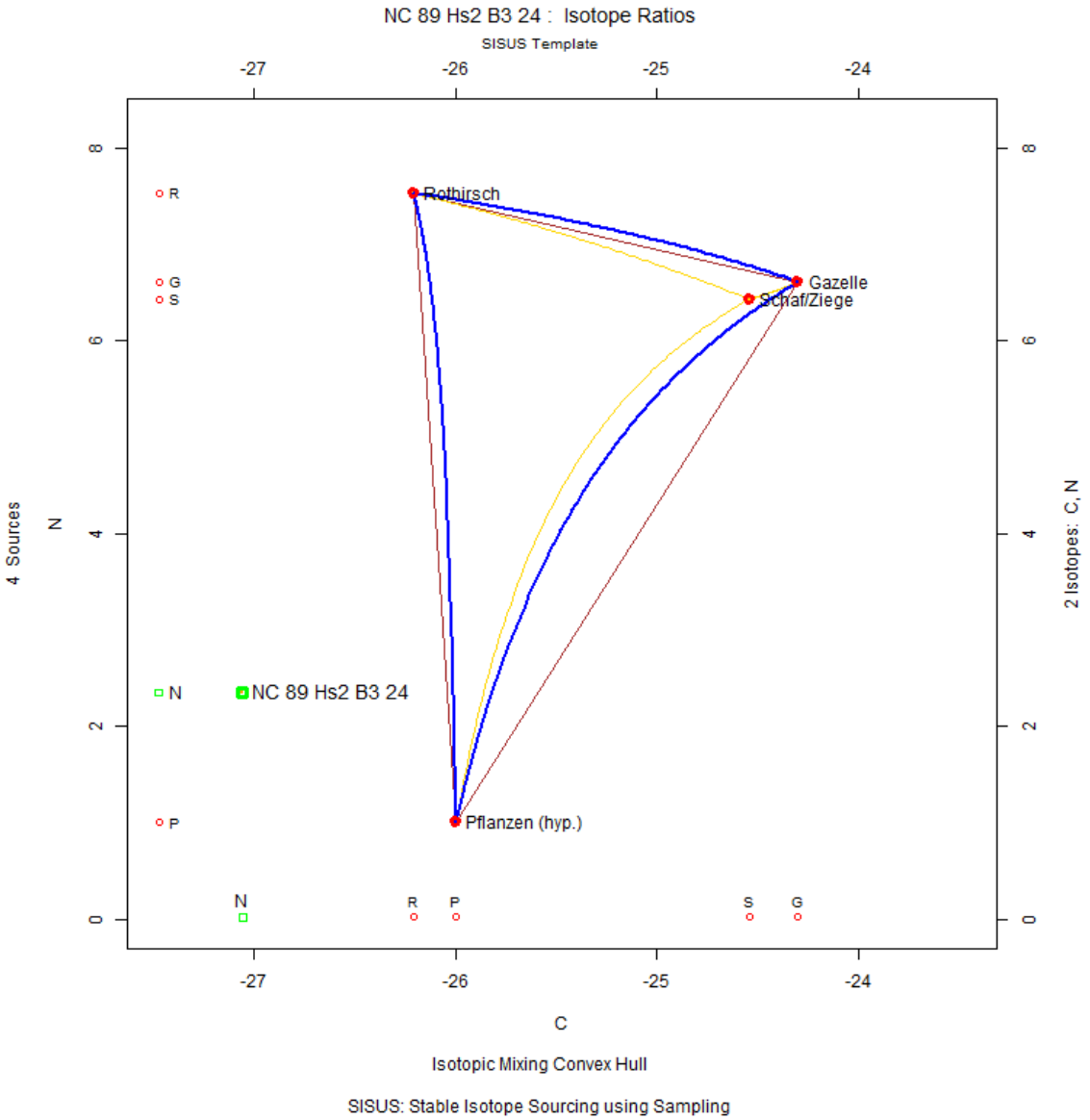


Abbildung 66: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 Hs2 B3 24. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G7 923

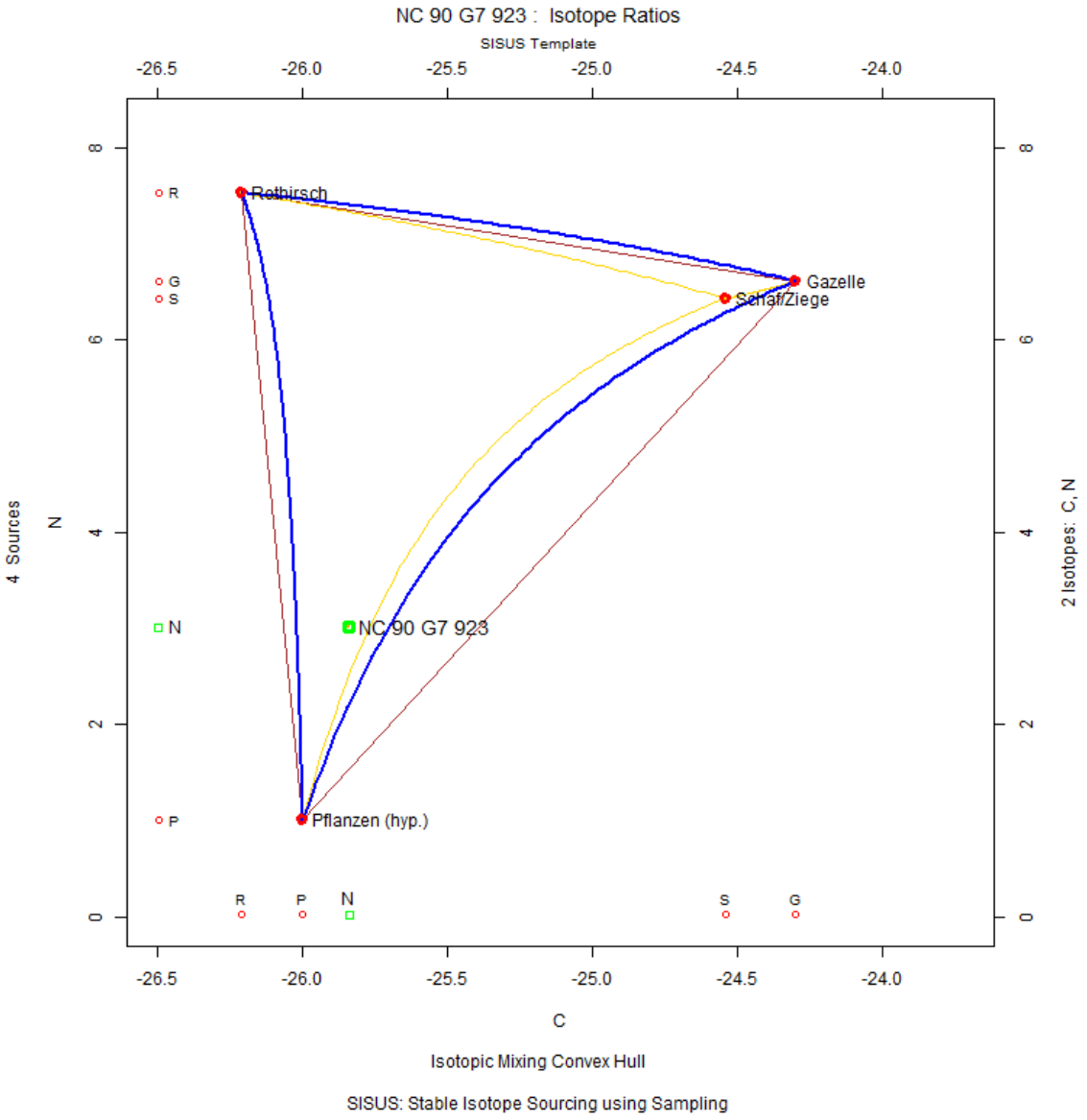


Abbildung 67: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 923. Erstellt mit SISUS.

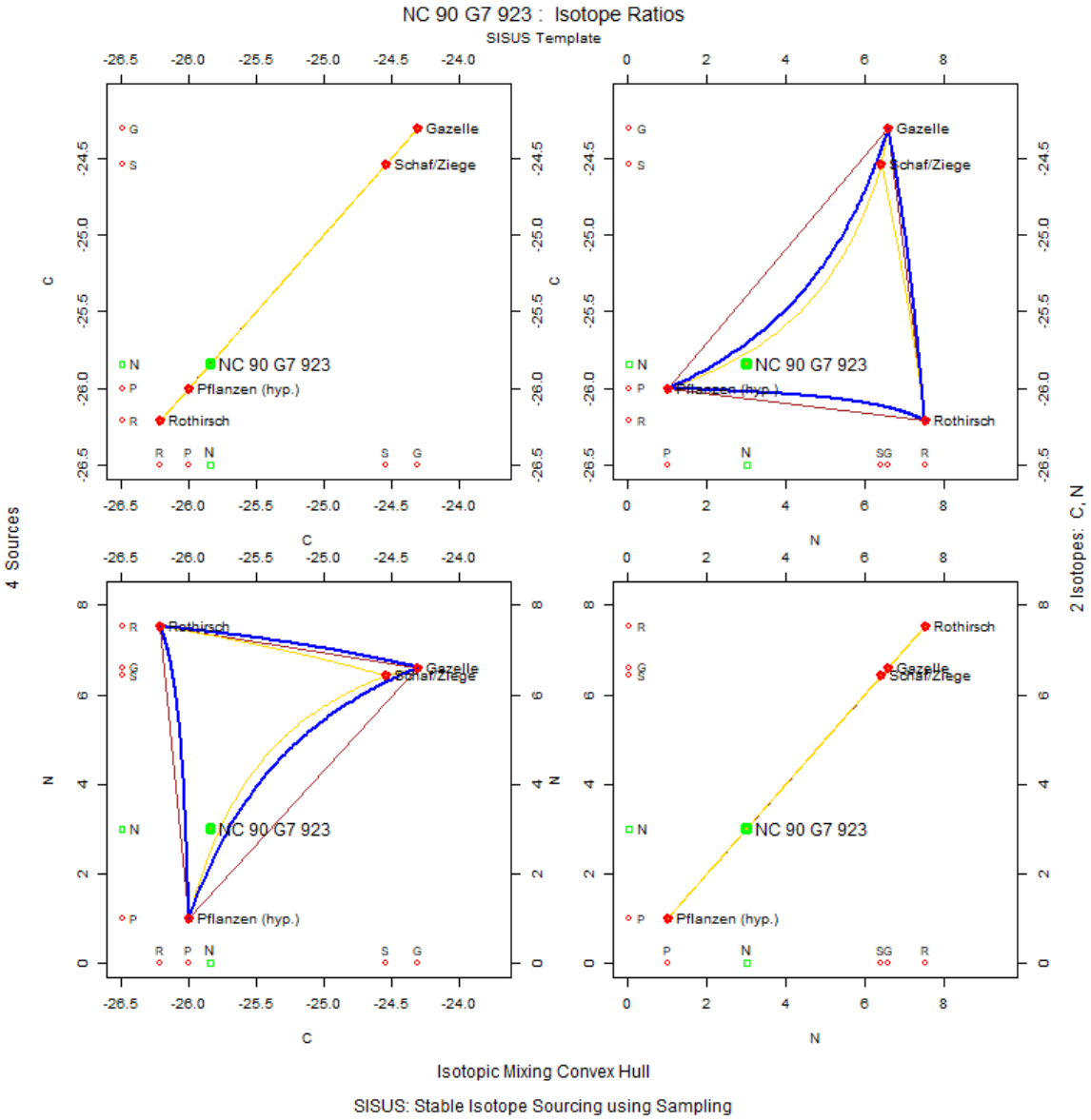


Abbildung 68: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 923 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

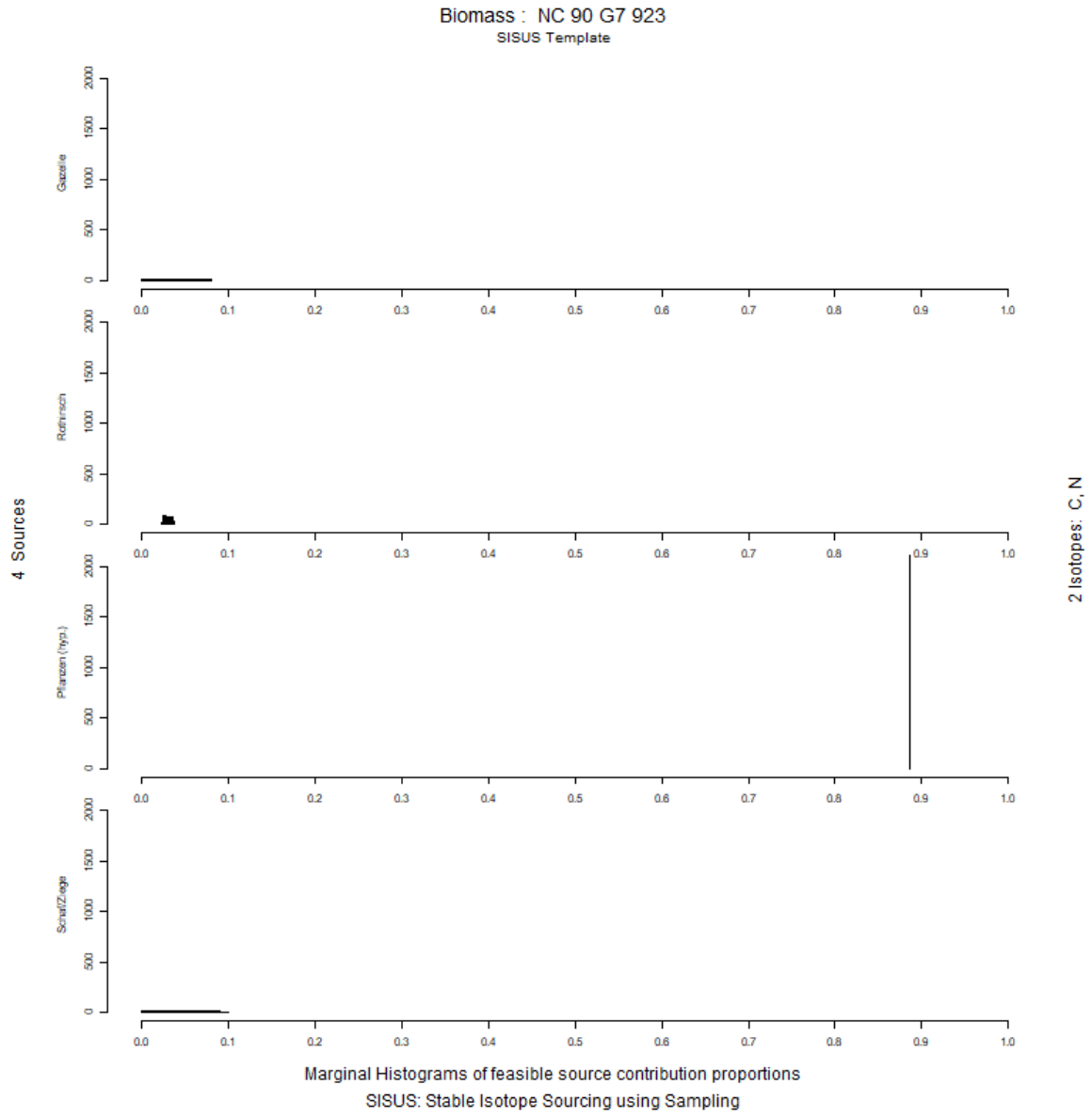


Abbildung 69: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 923. Erstellt mit SISUS.

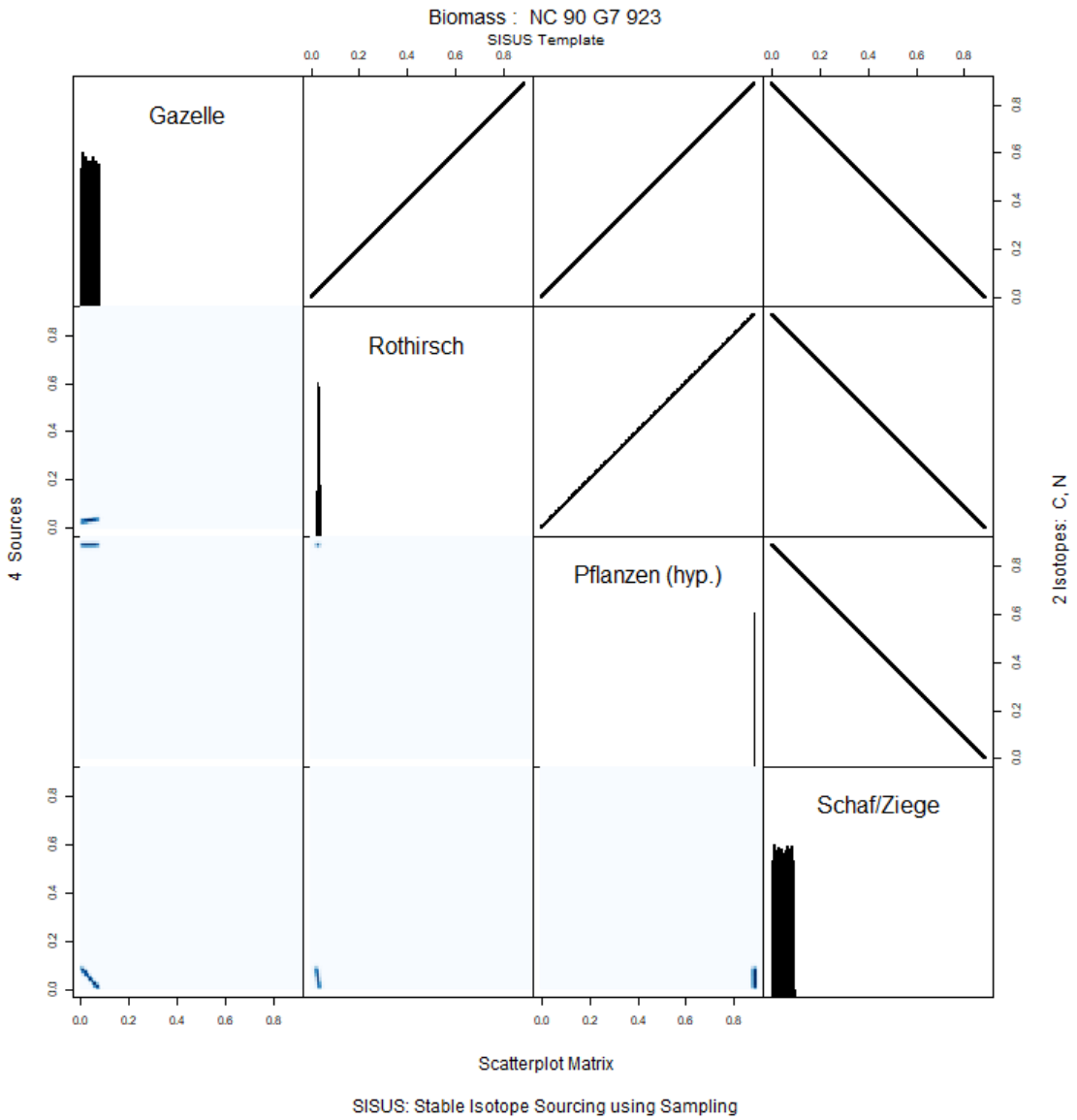


Abbildung 70: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 923. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G7 1728

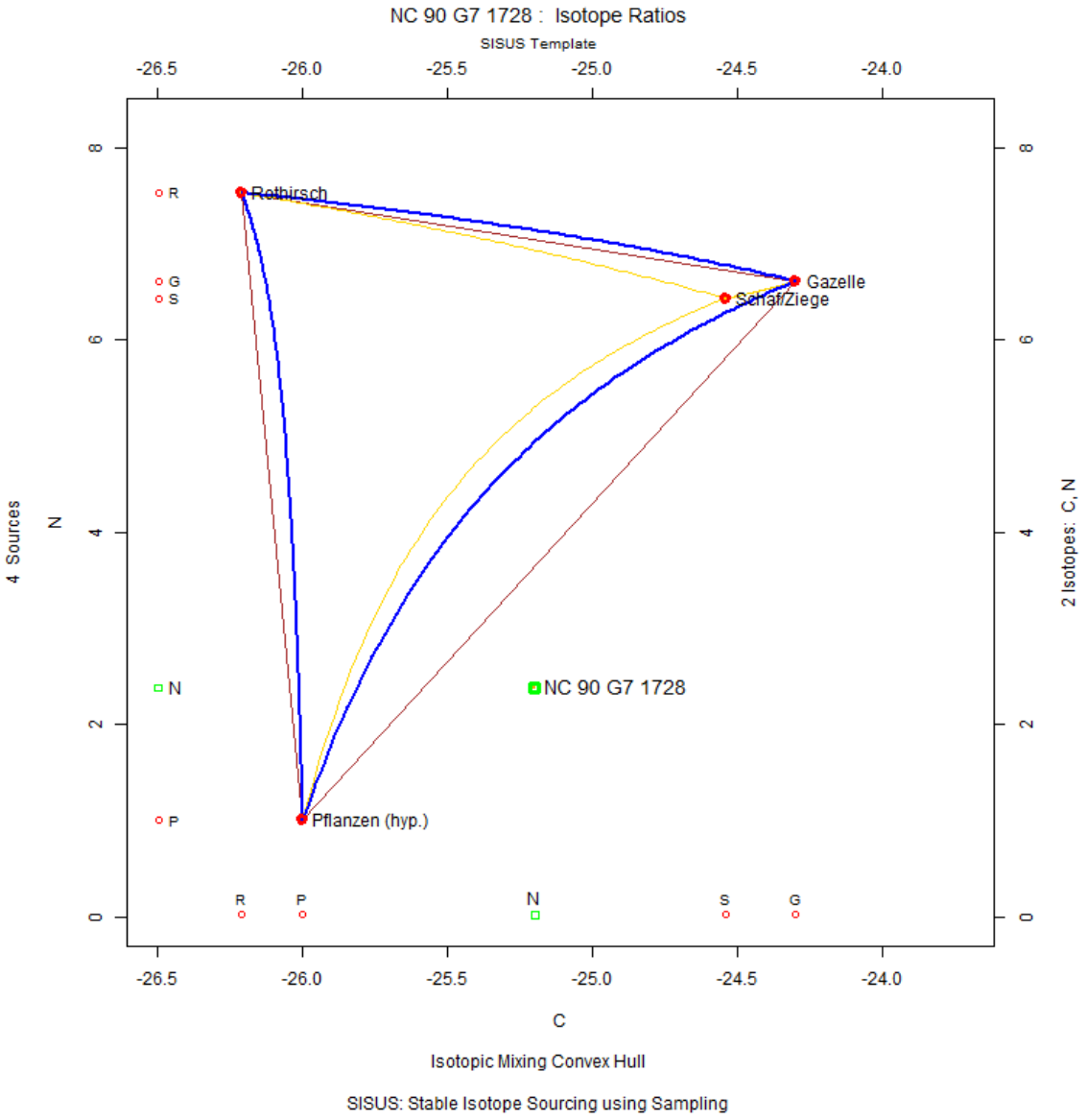


Abbildung 71: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 1728. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G7 4625

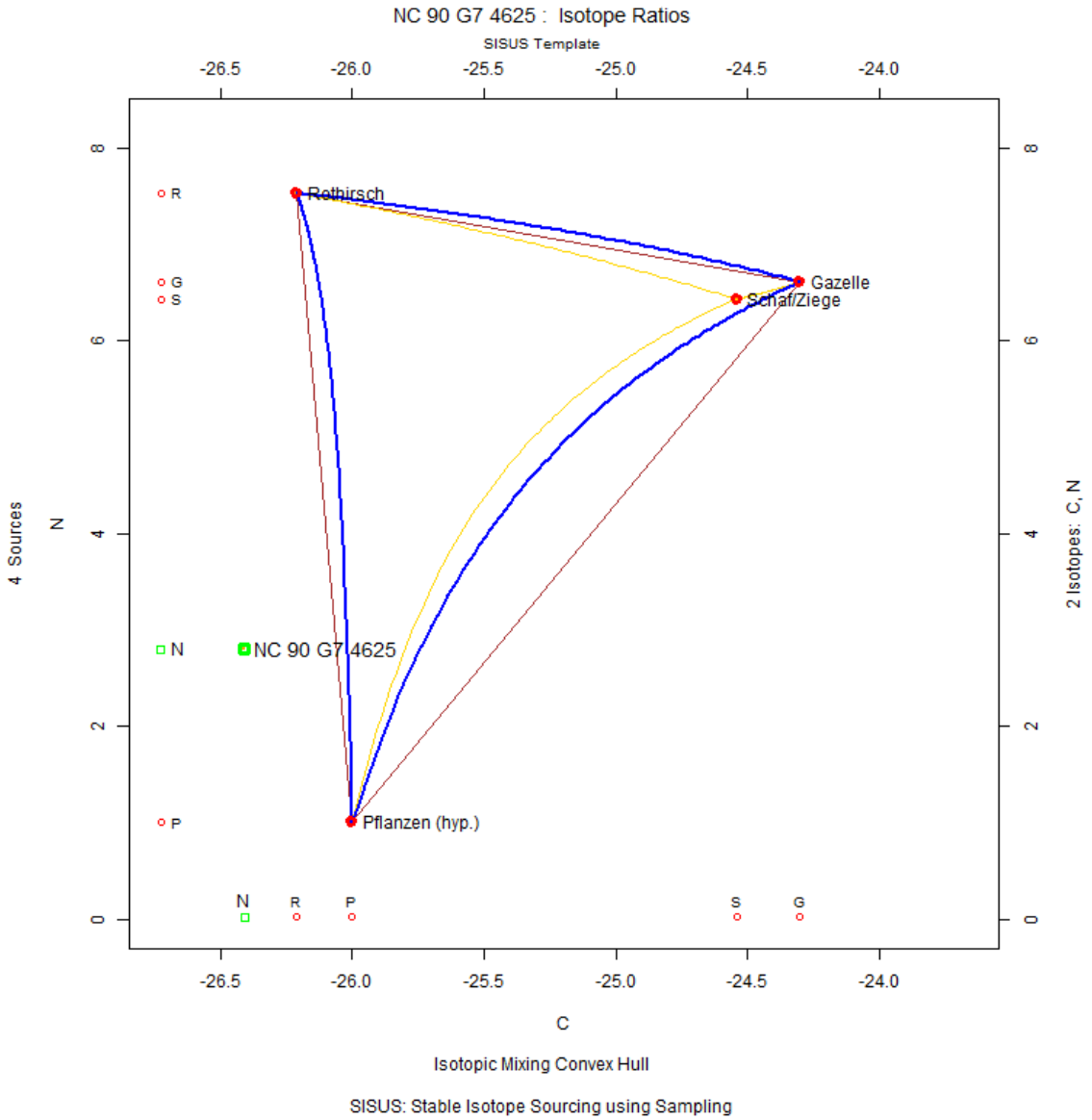


Abbildung 72: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 4625. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G7 8424

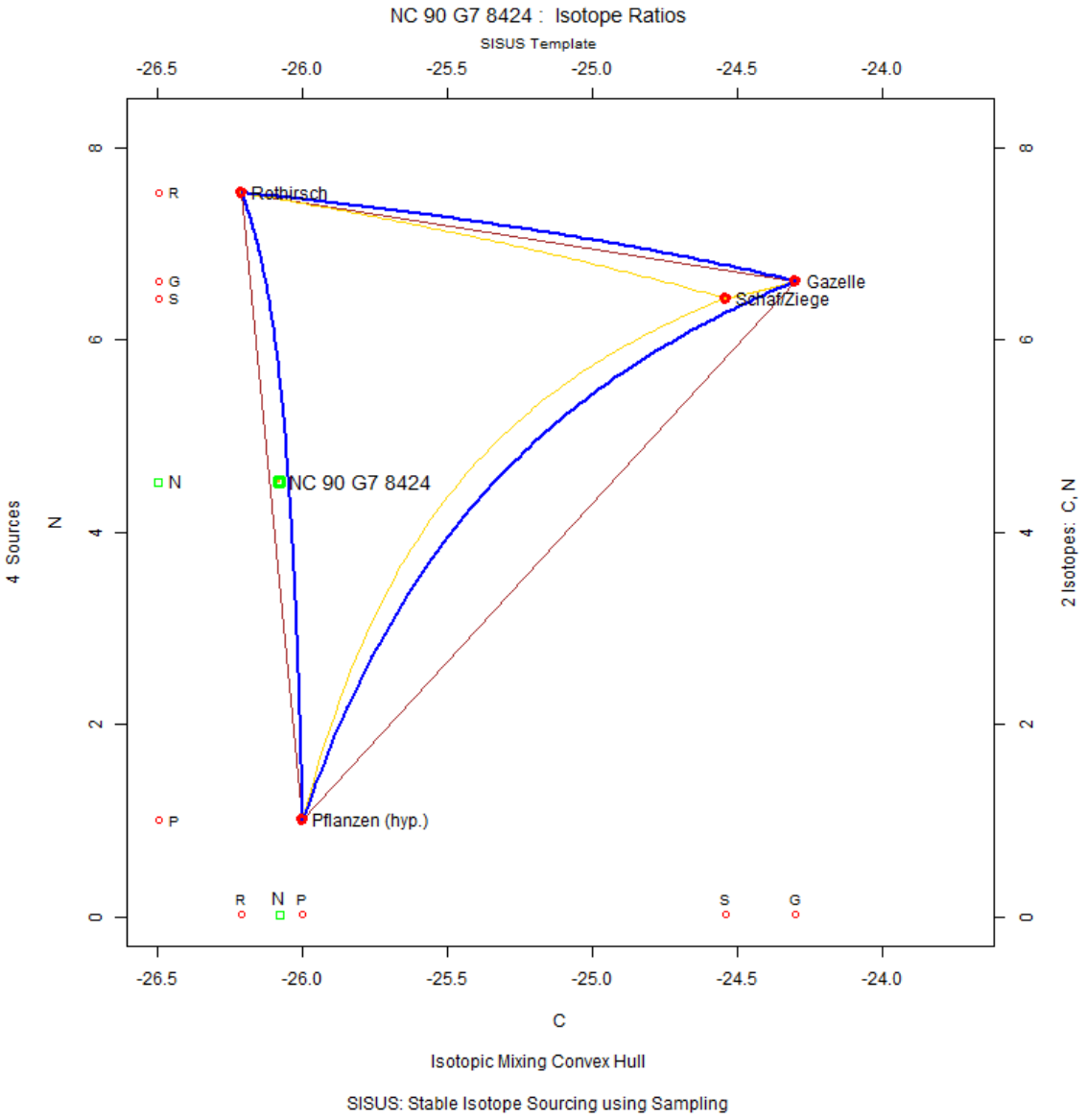


Abbildung 73: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 8424. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G7 P23

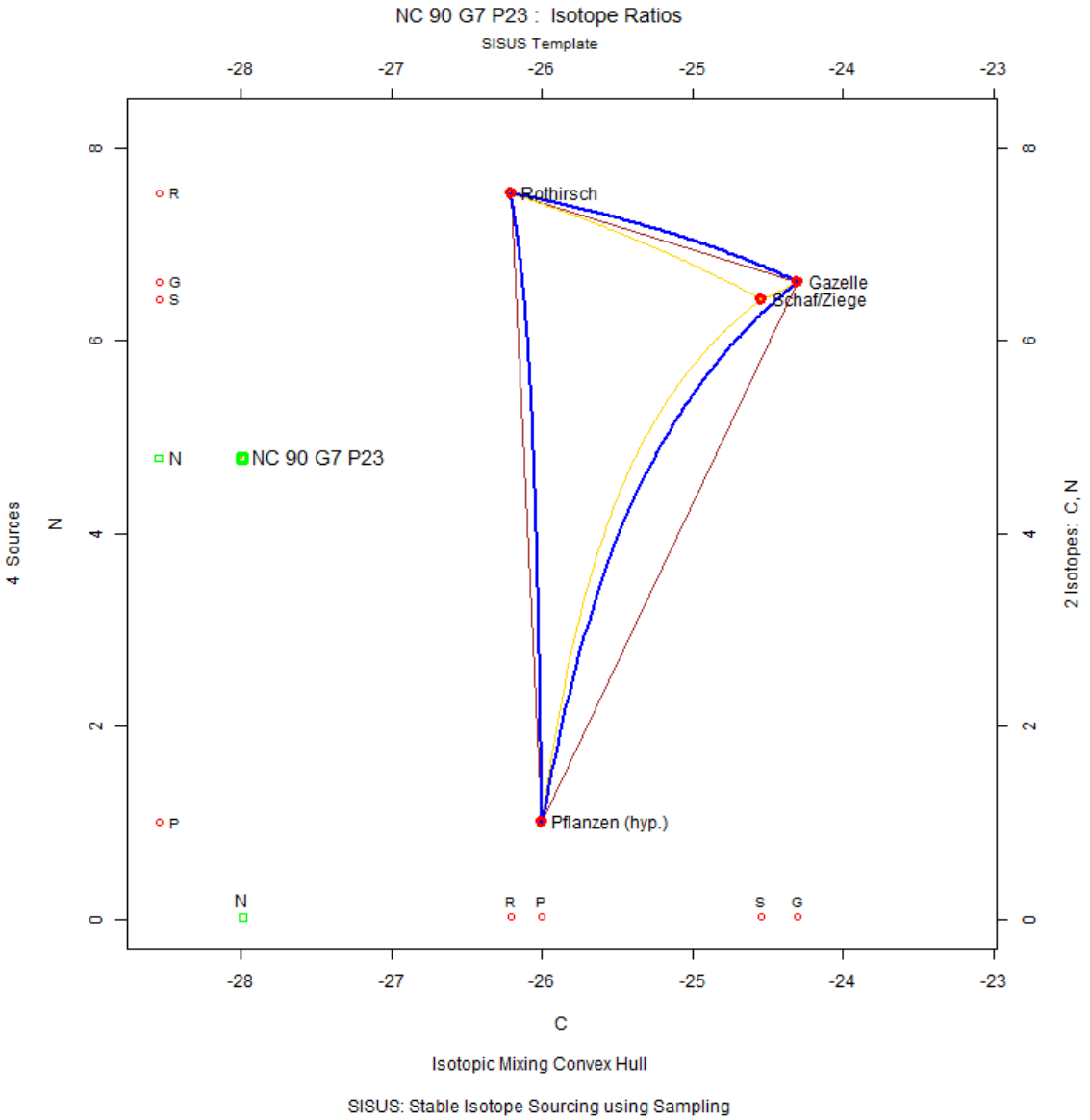


Abbildung 74: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G7 P23. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G10 4918

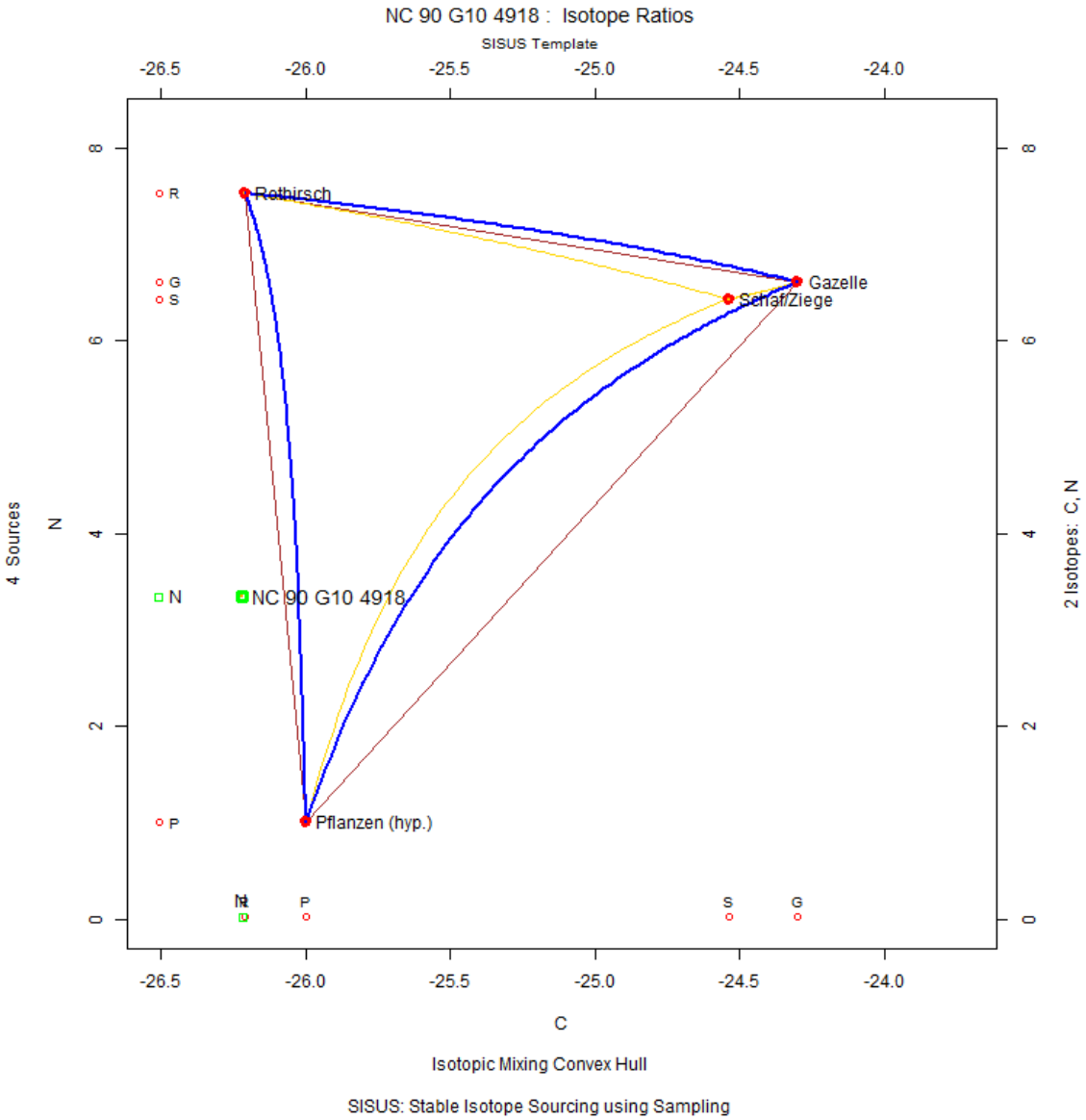


Abbildung 75: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G10 4918. Erstellt mit SISUS.

NC 90 G10 7925

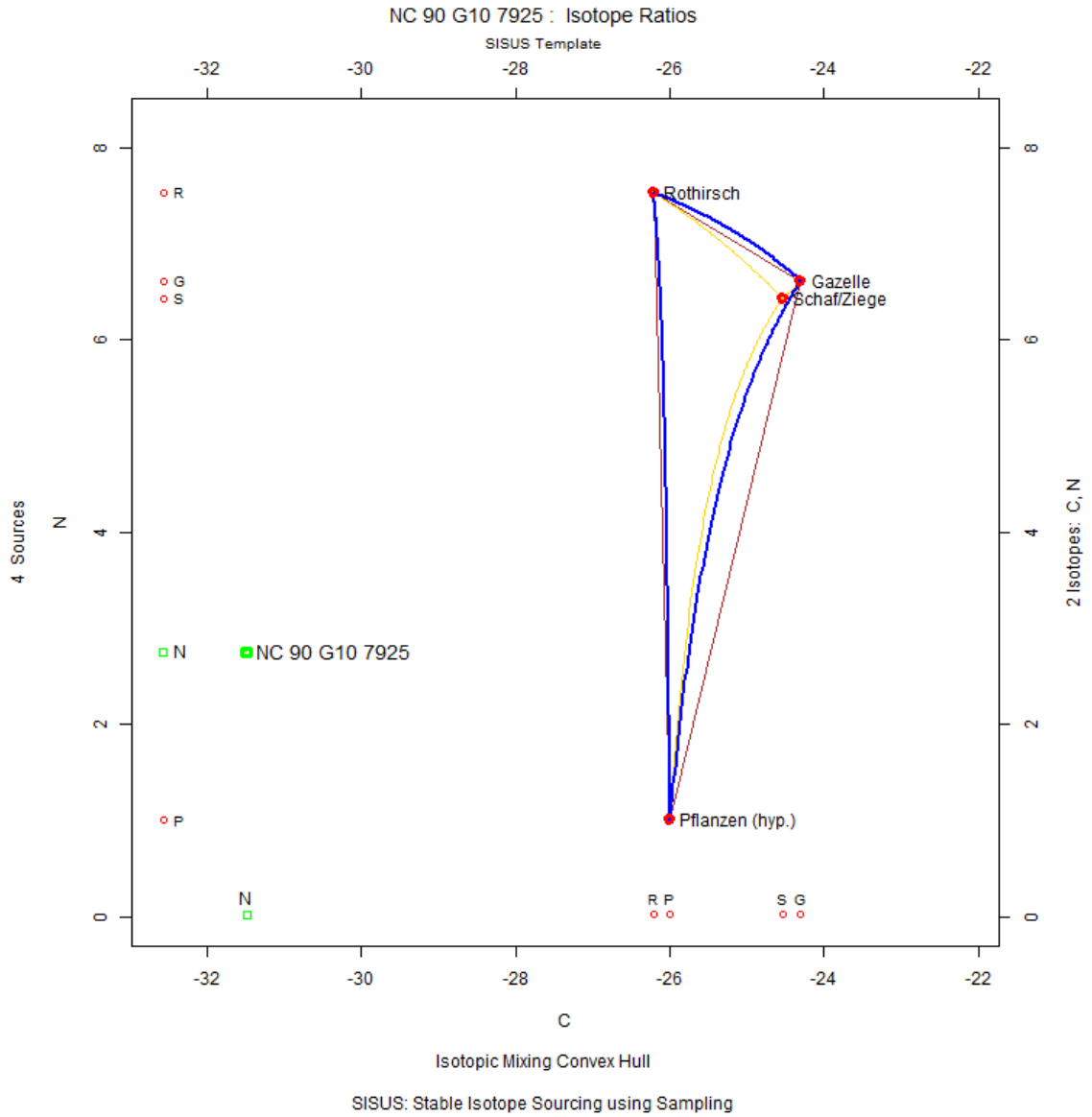


Abbildung 76: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 G10 7925. Erstellt mit SISUS.

NC 90 H7 R2

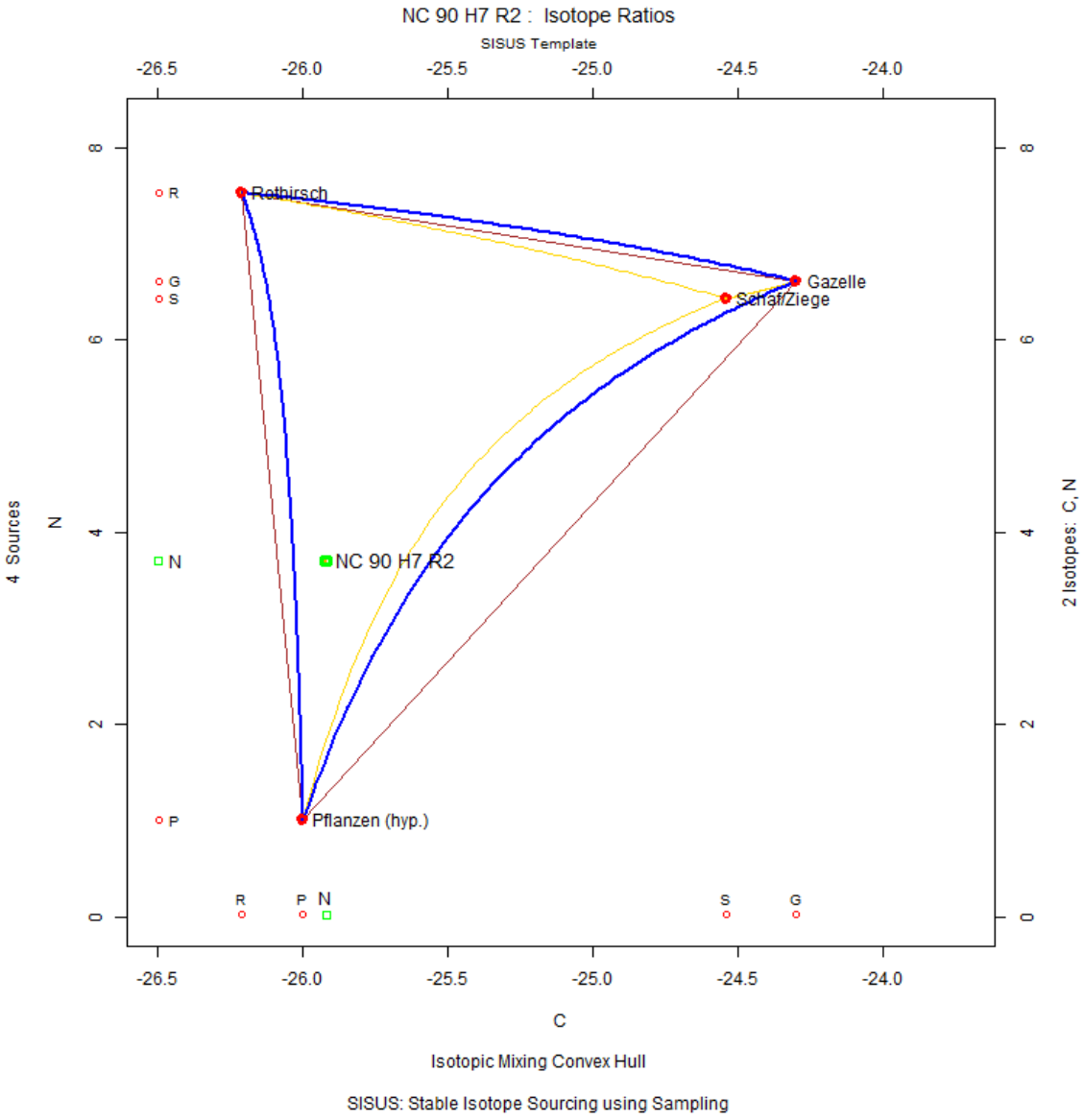


Abbildung 77: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 H7 R2. Erstellt mit SISUS.

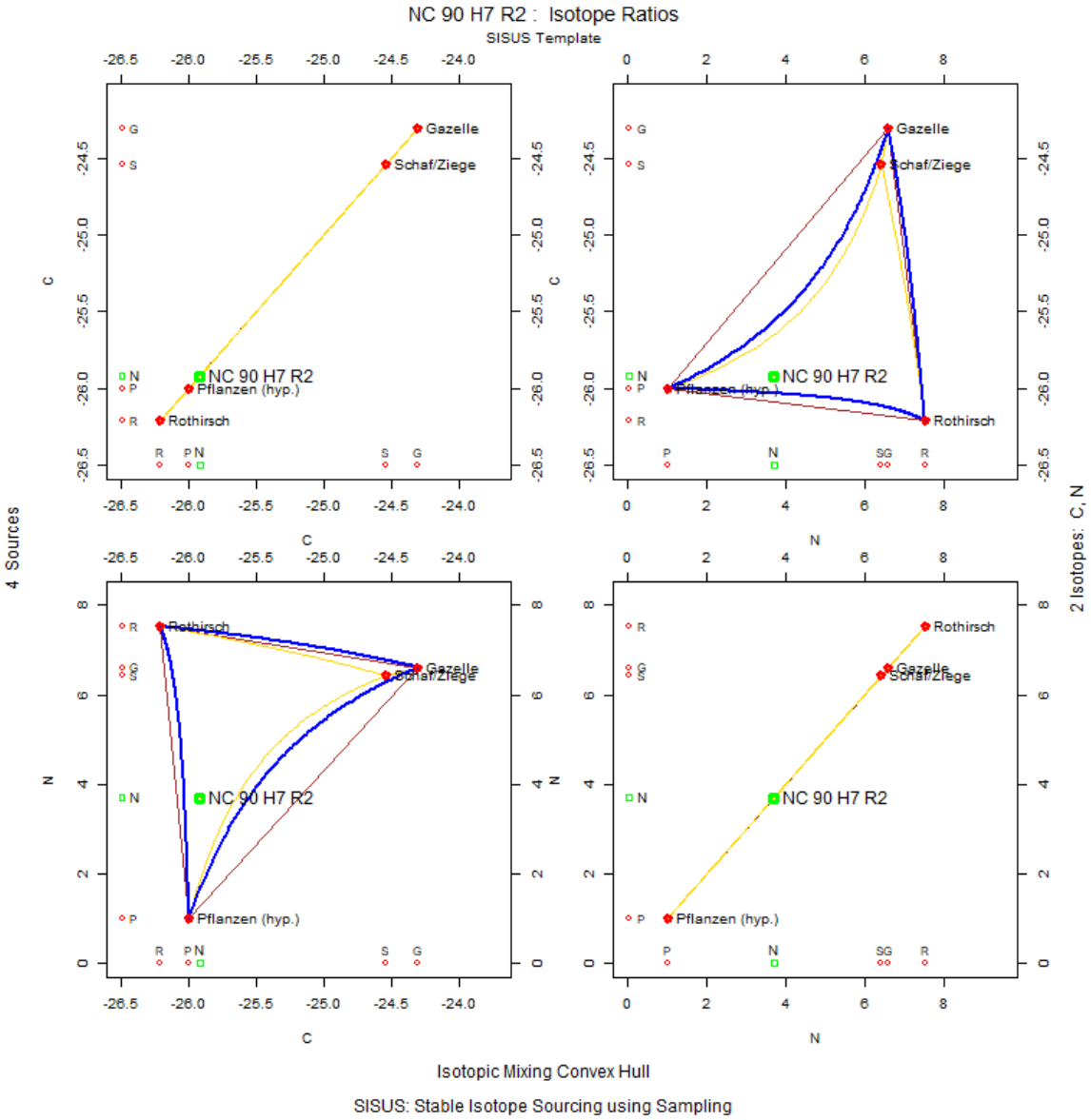


Abbildung 78: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 H7 R2 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

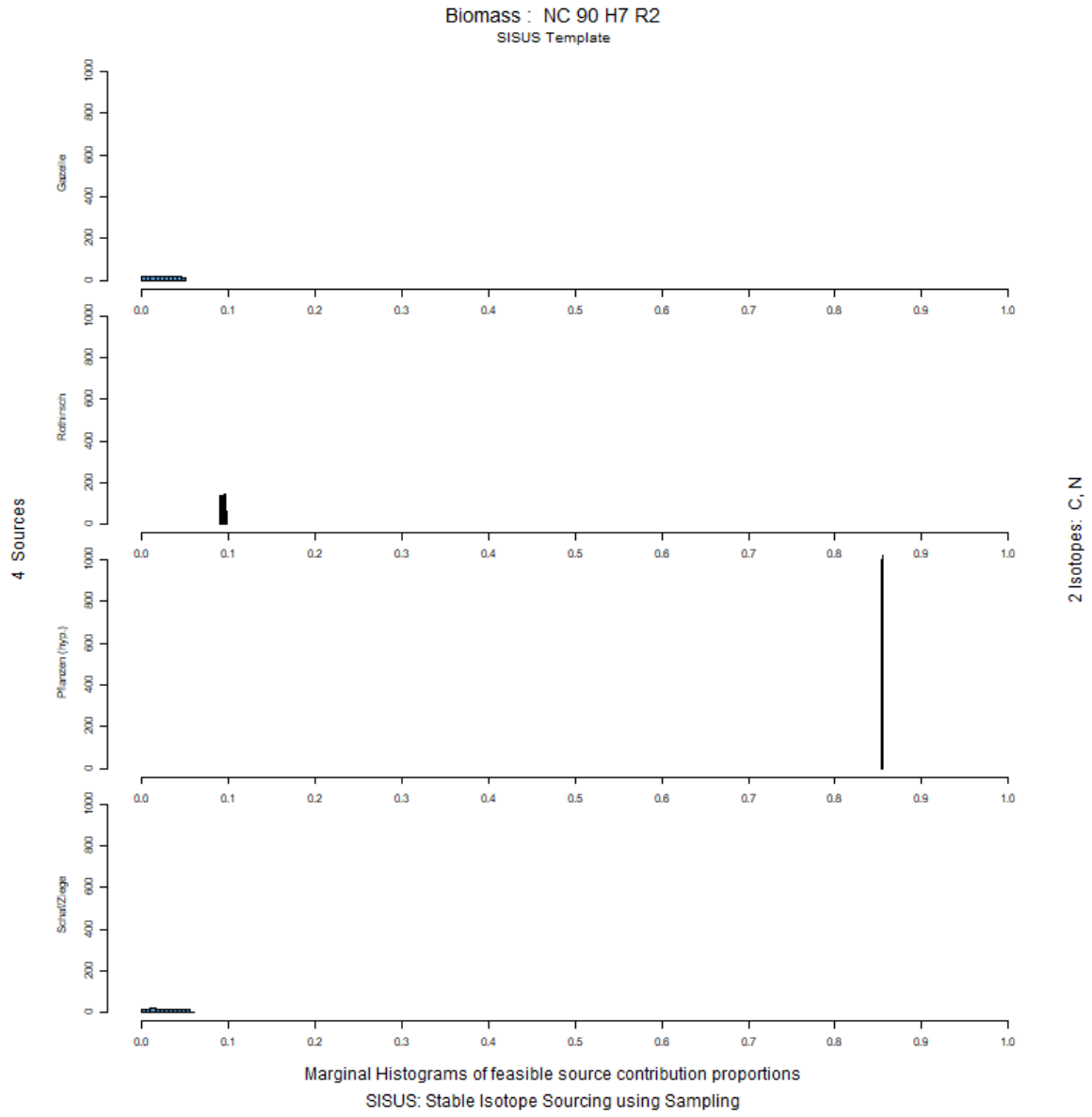


Abbildung 79: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 H7 R2. Erstellt mit SISUS.

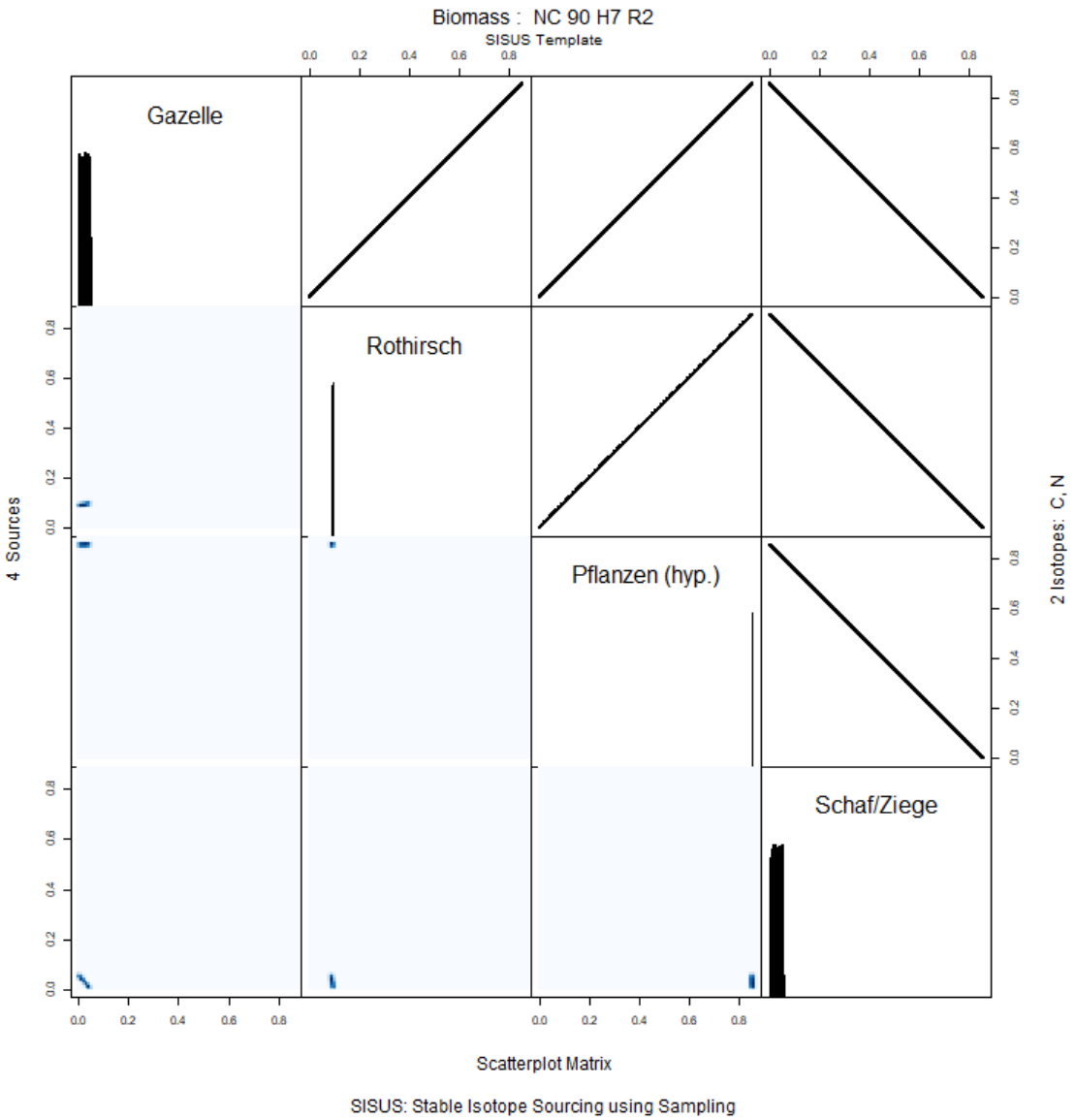


Abbildung 80: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 H7 R2. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G8 Gr172

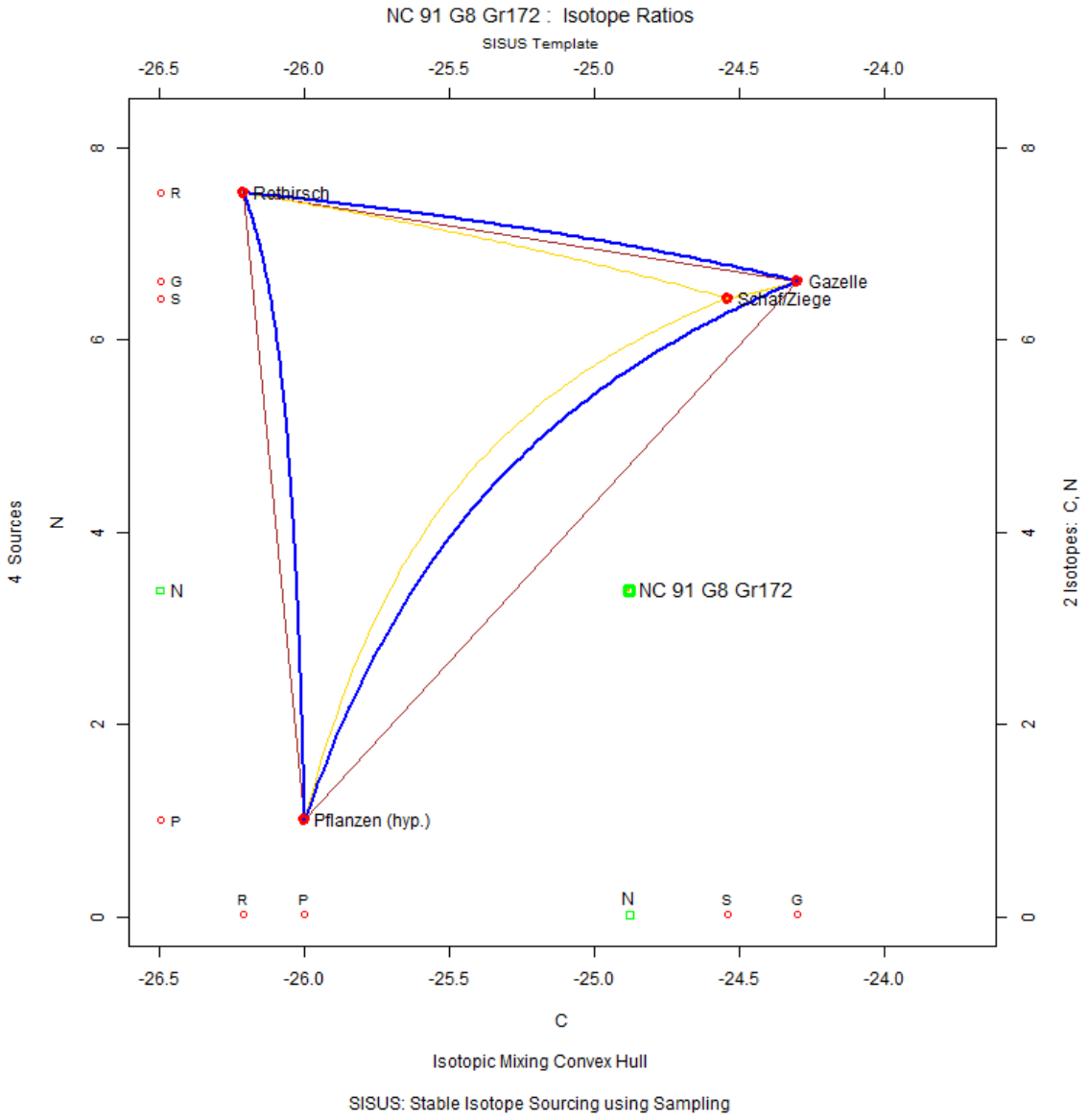


Abbildung 81: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G8 Gr172. Erstellt mit SISUS.

NC 91 G9 u R2 Hs15

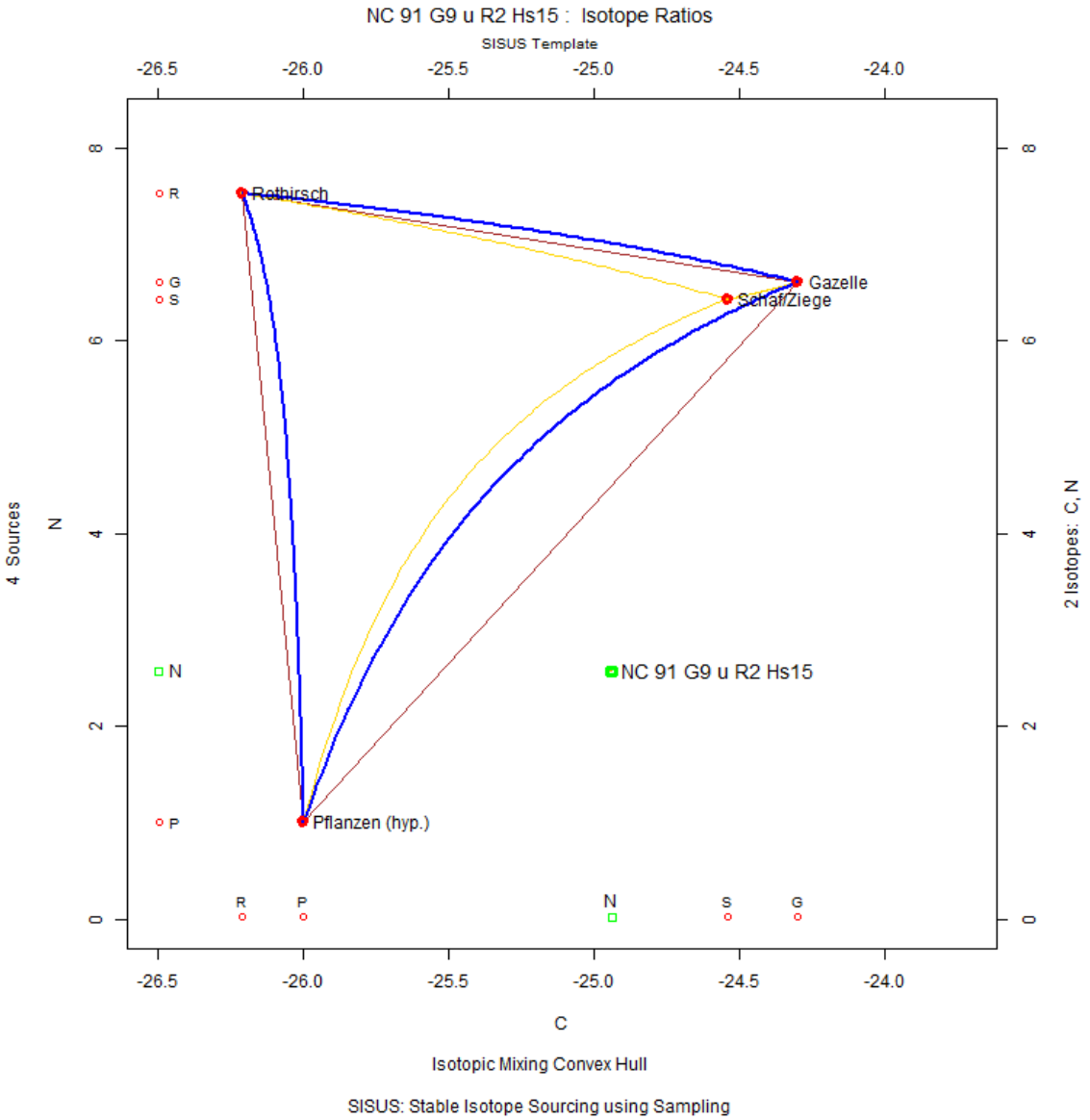


Abbildung 82: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G9 u R2 Hs15. Erstellt mit SISUS.

1.3.5 Schicht IV/V

NC 91 H5S G27725

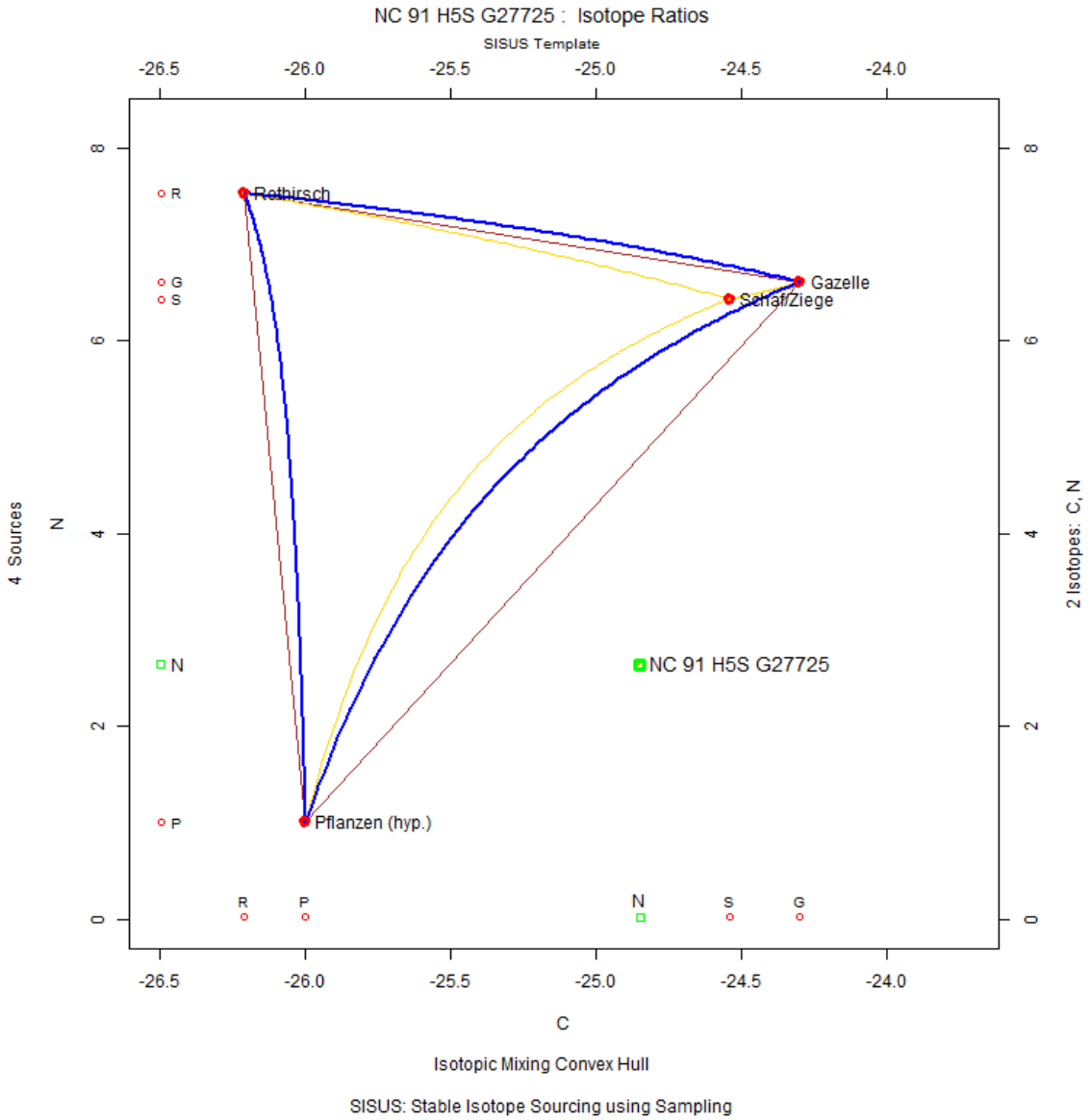


Abbildung 83: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 G5S G27725. Erstellt mit SISUS.

NC 91 H5S G27727

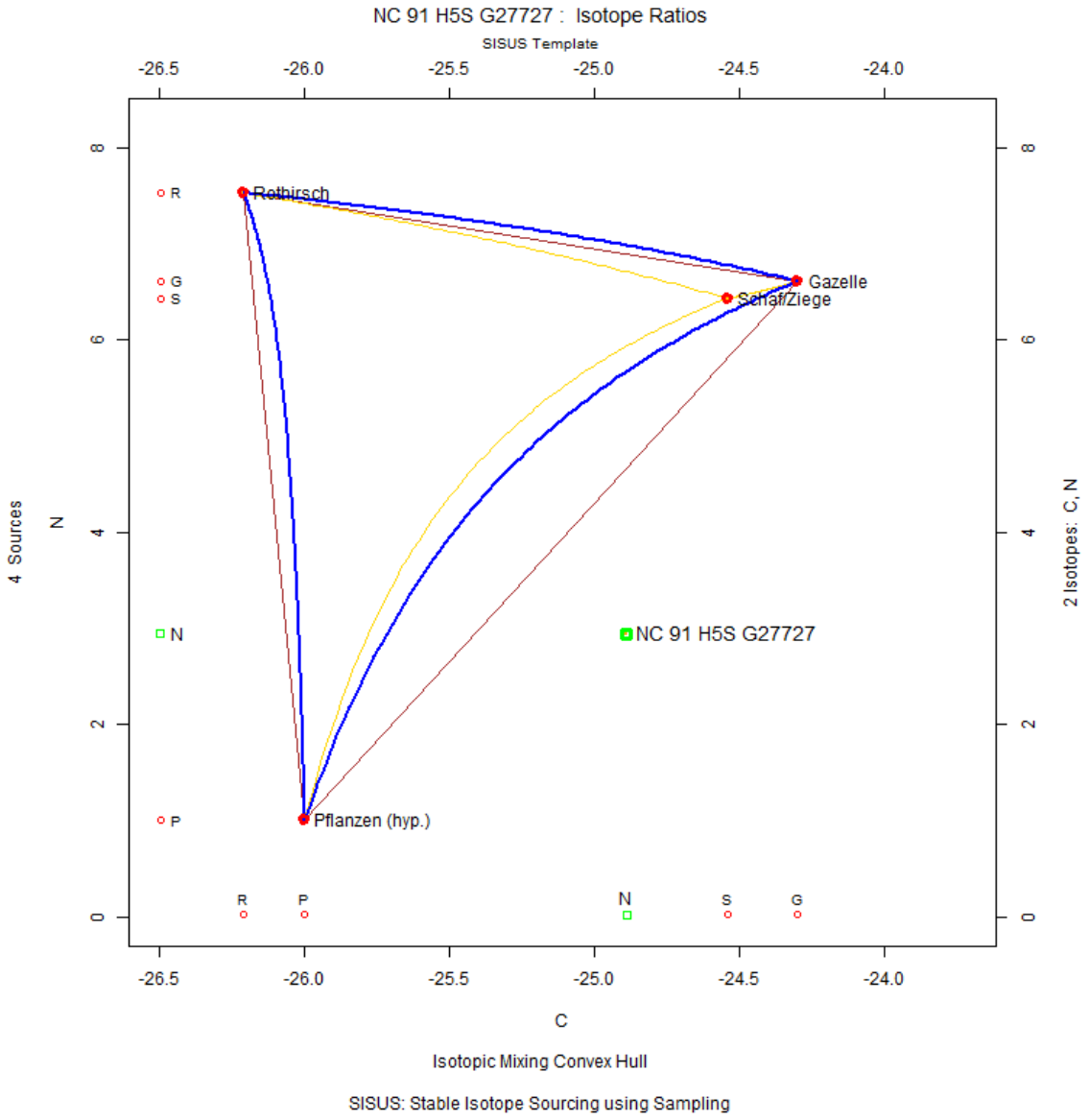


Abbildung 84: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H5S G27727. Erstellt mit SISUS.

NC 91 H5S G27738

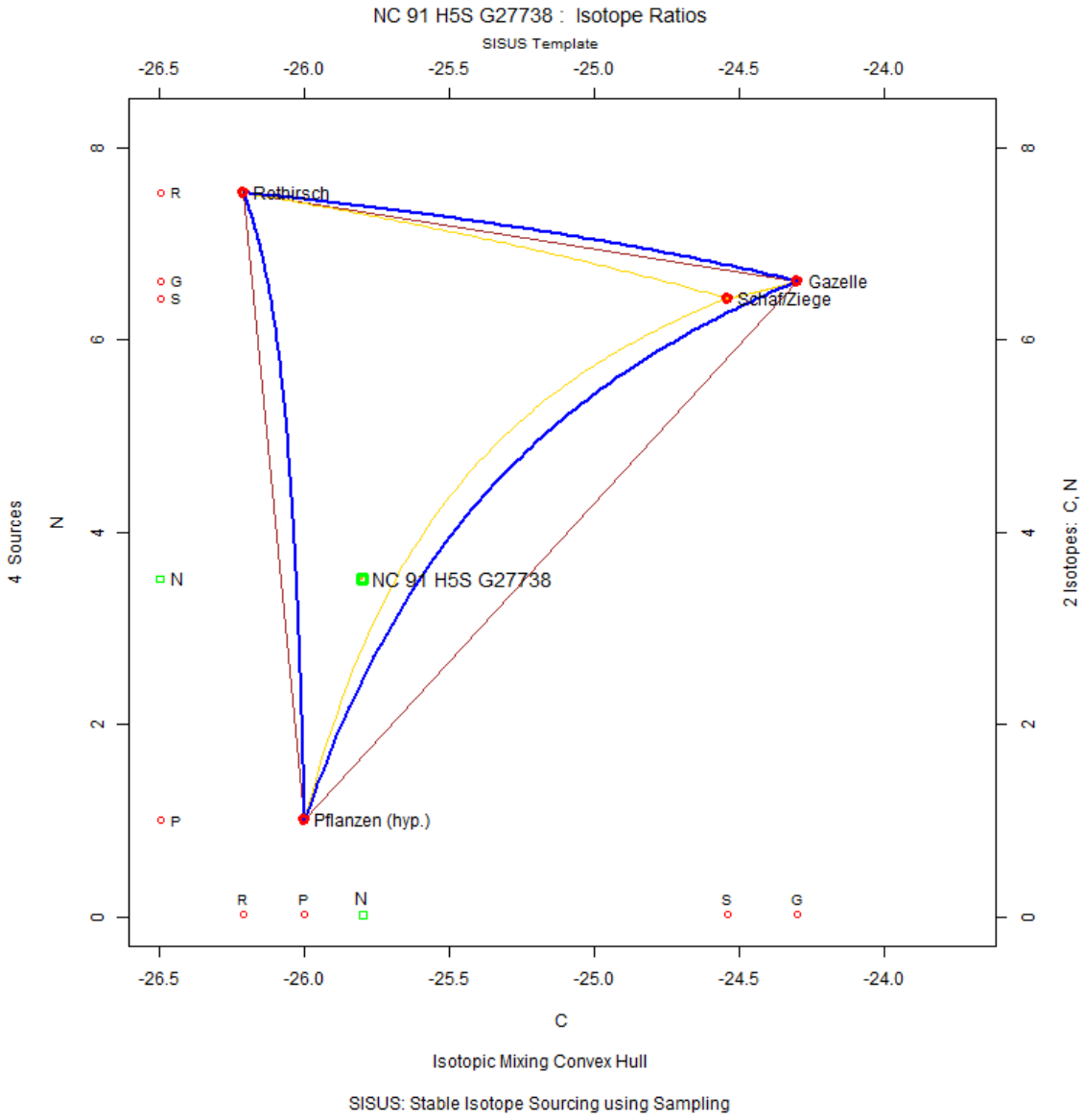


Abbildung 85: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H5S G27738. Erstellt mit SISUS.

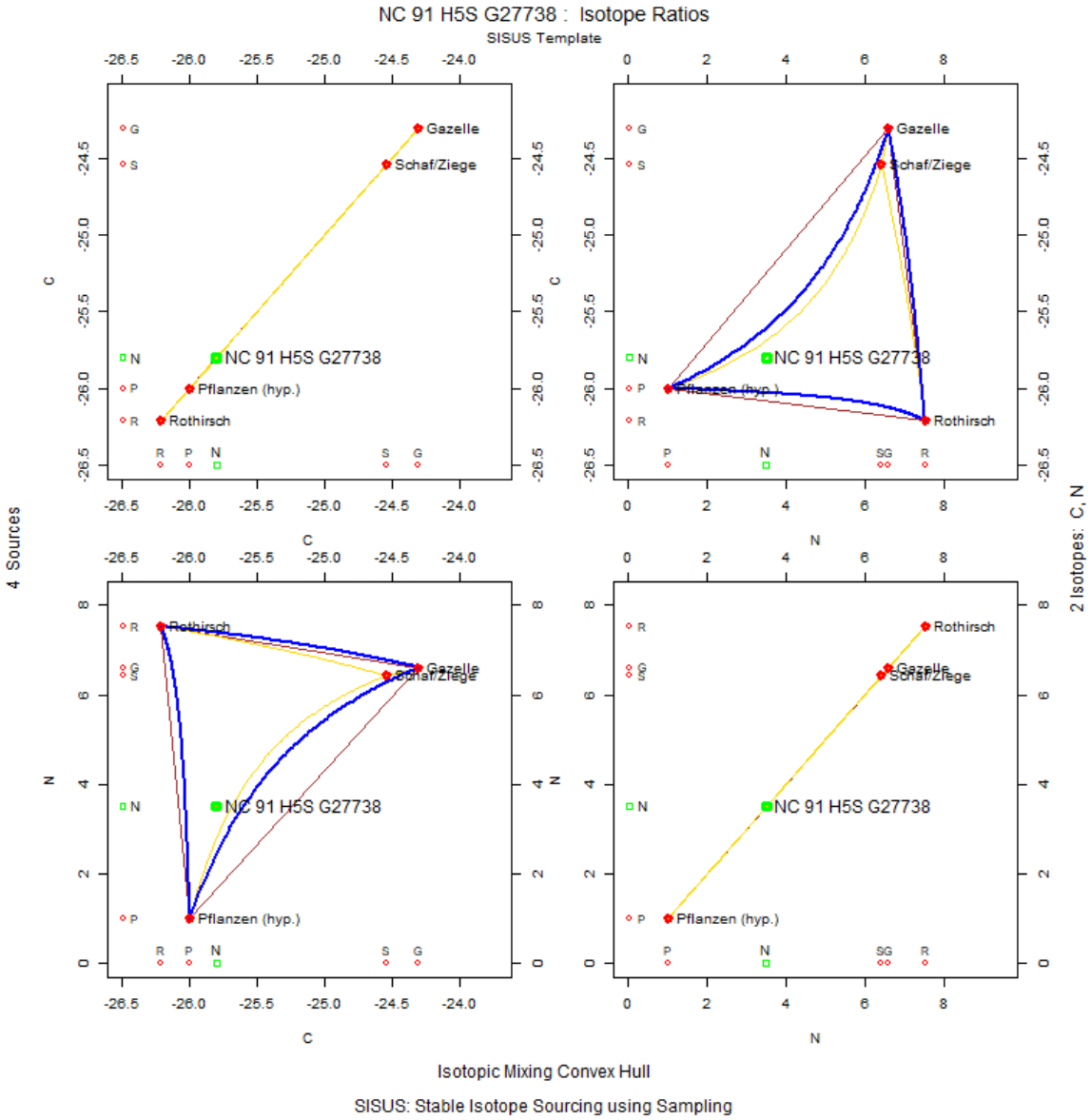


Abbildung 86: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H5S G27738 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

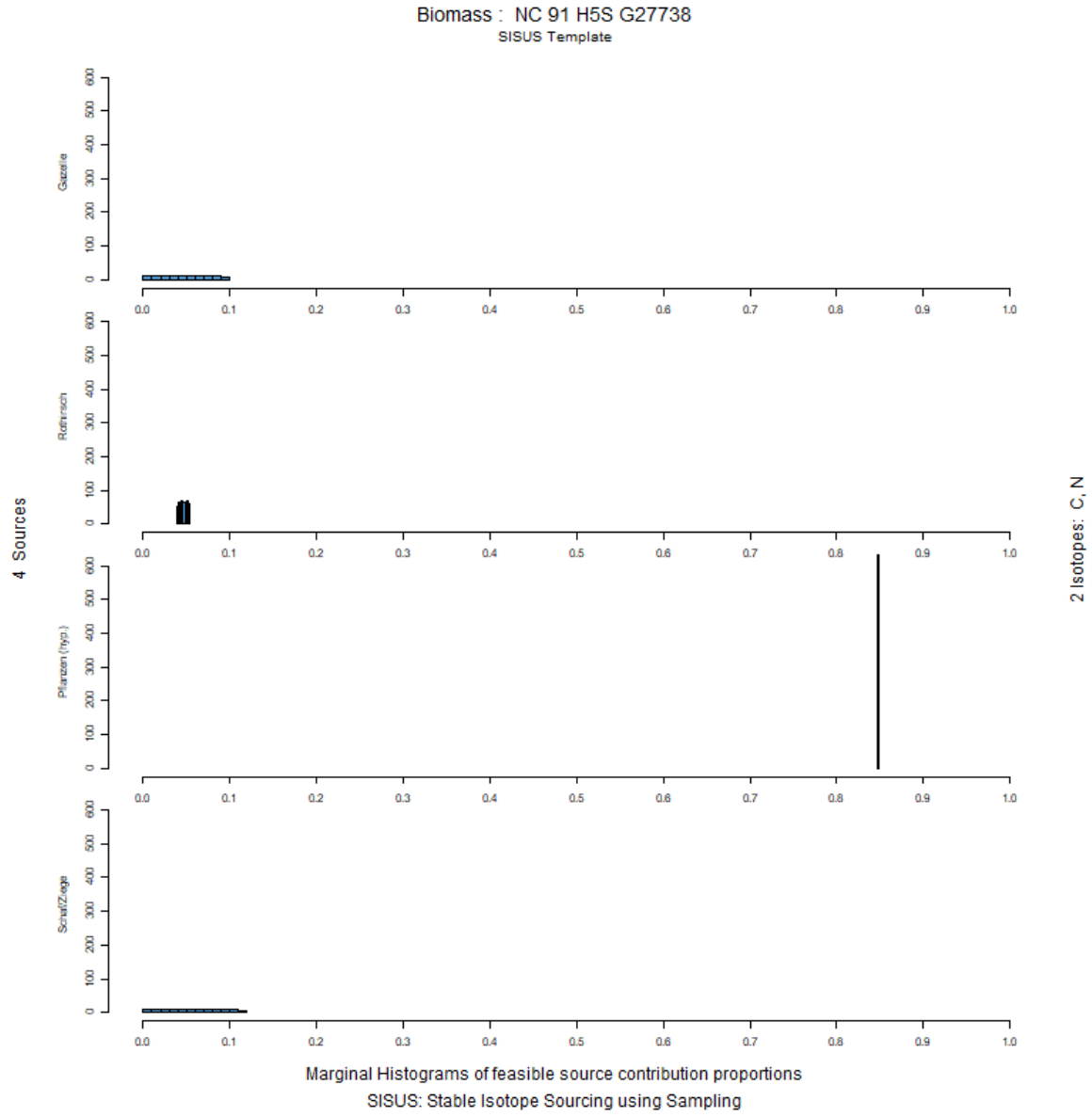


Abbildung 87: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H5S G27738. Erstellt mit SISUS.

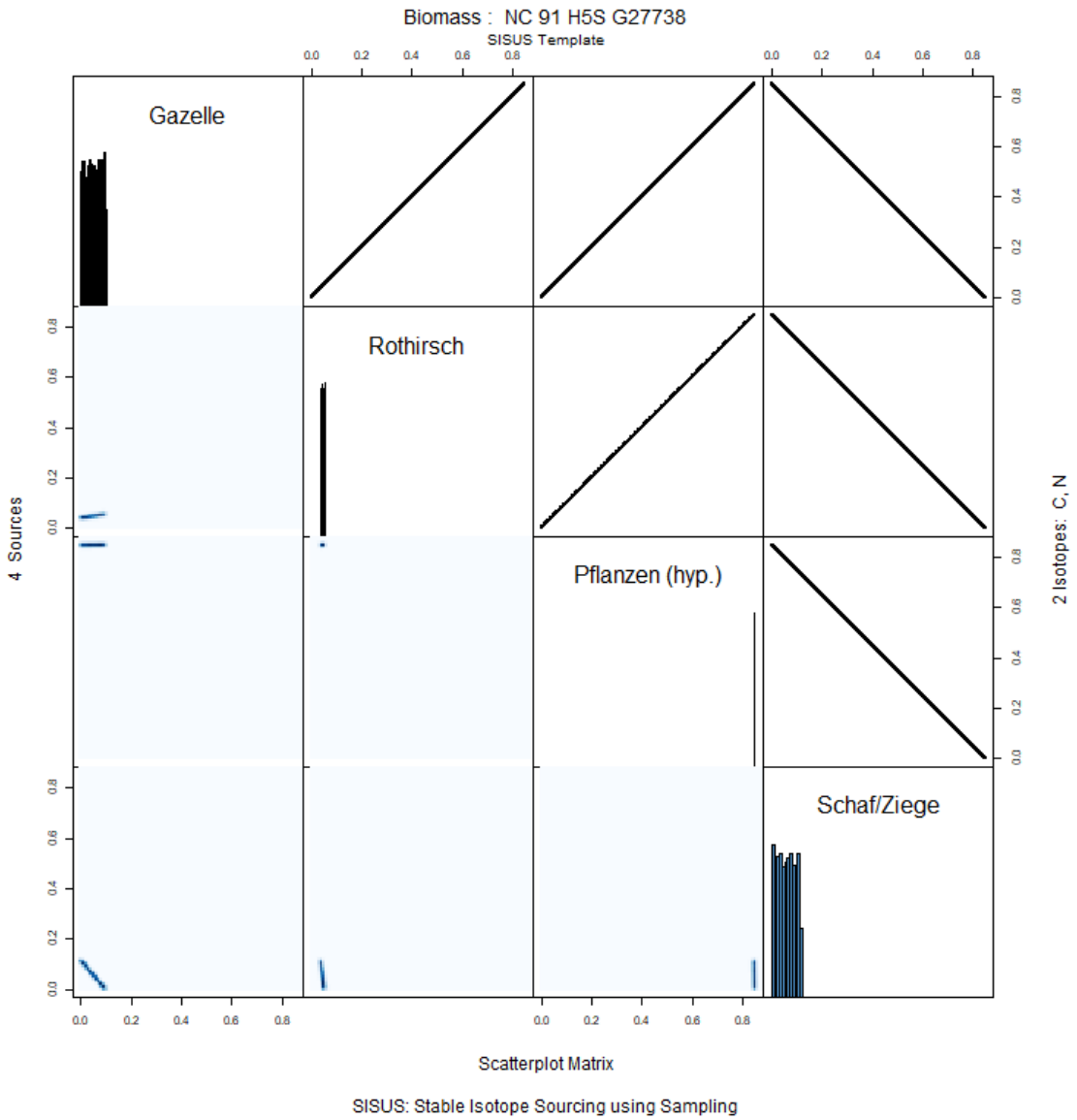


Abbildung 88: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Nevalı Çori (NC) 91 H5S G27738. Erstellt mit SISUS.

1.3.6 Schicht VI/VIII

NC 89 H11 SB1

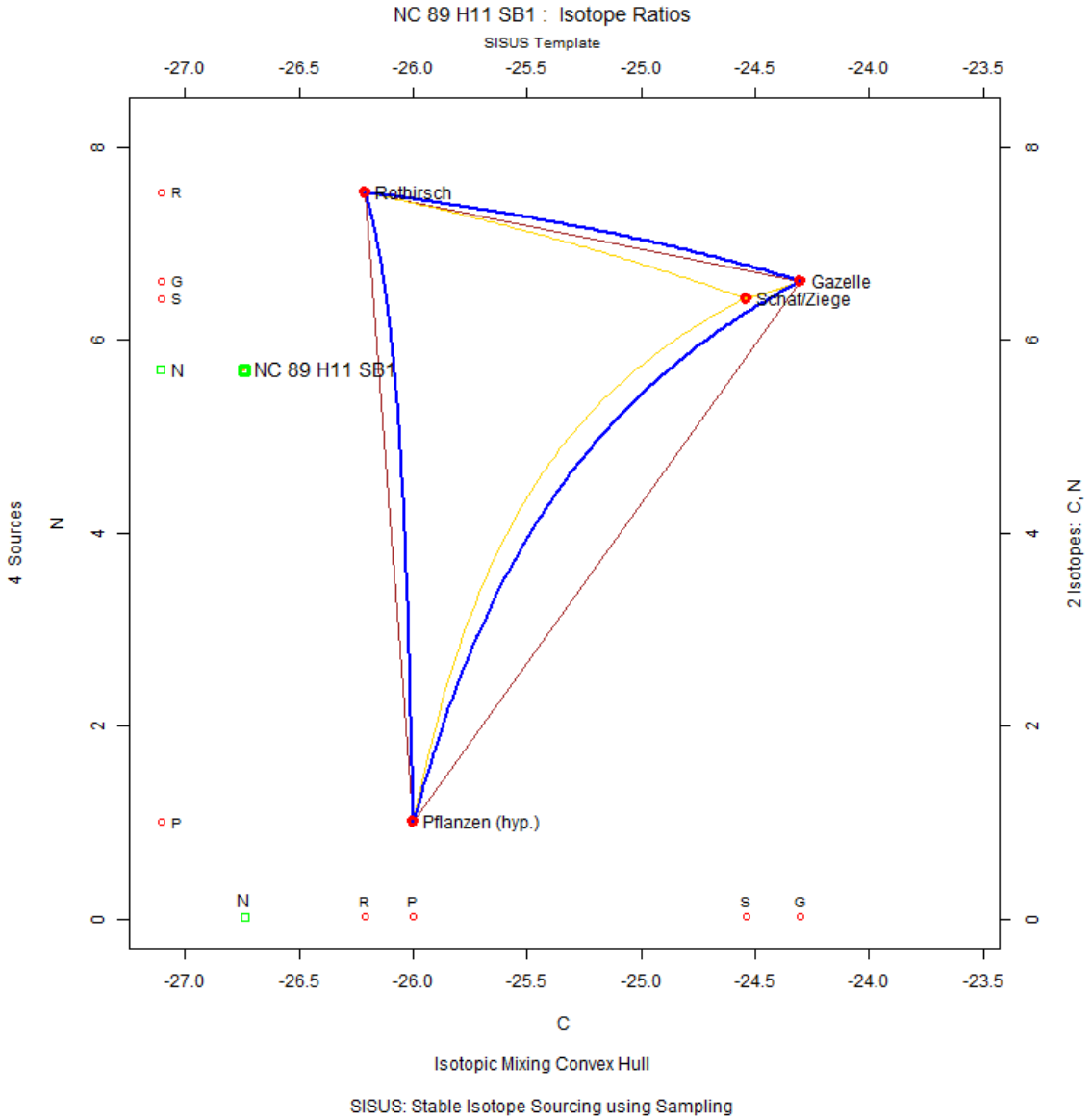


Abbildung 89: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 H11 SB1. Erstellt mit SISUS.

NC 89 H11 SB3

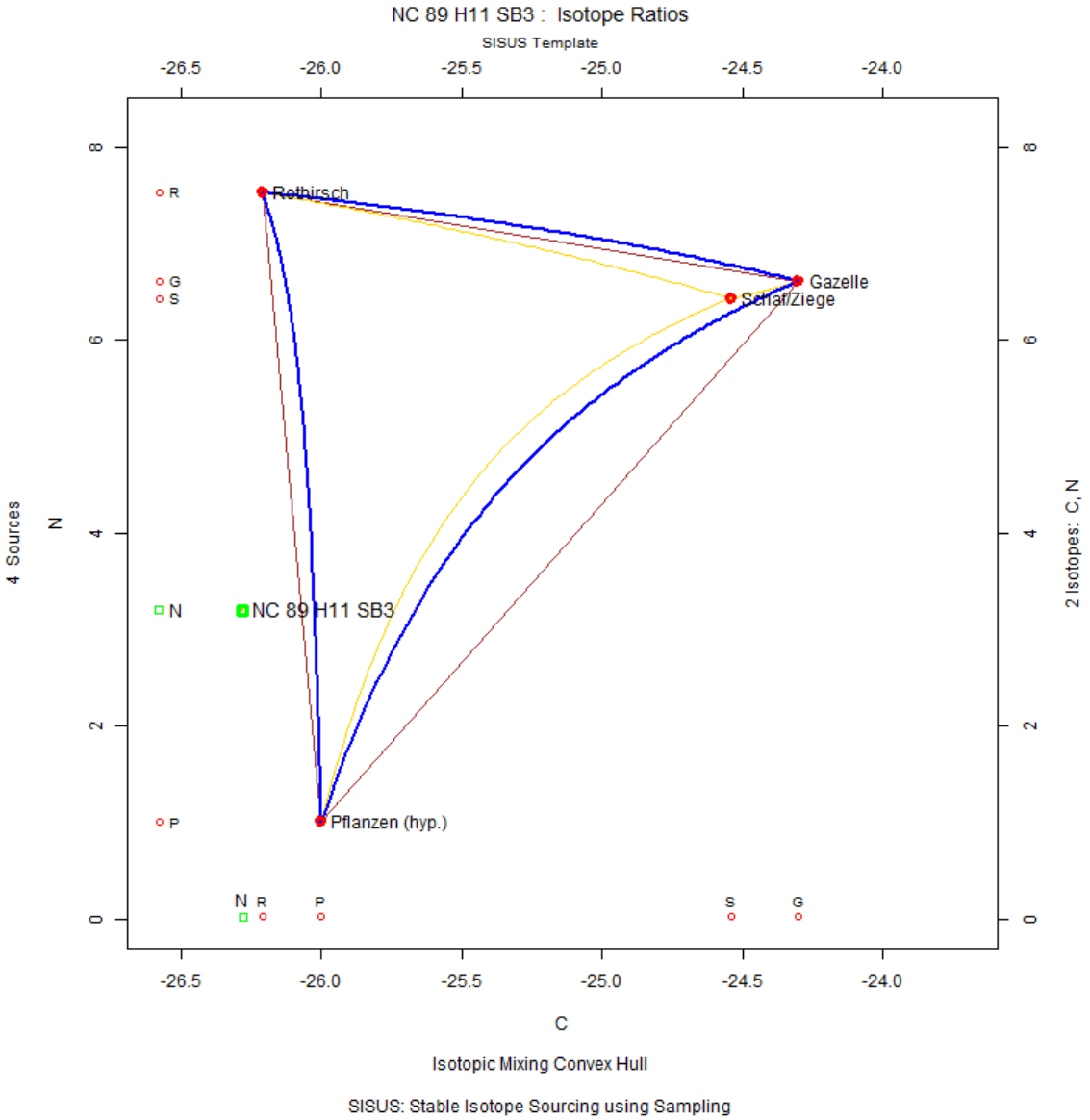


Abbildung 90: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 89 H11 SB3. Erstellt mit SISUS.

NC 90 K10 B36

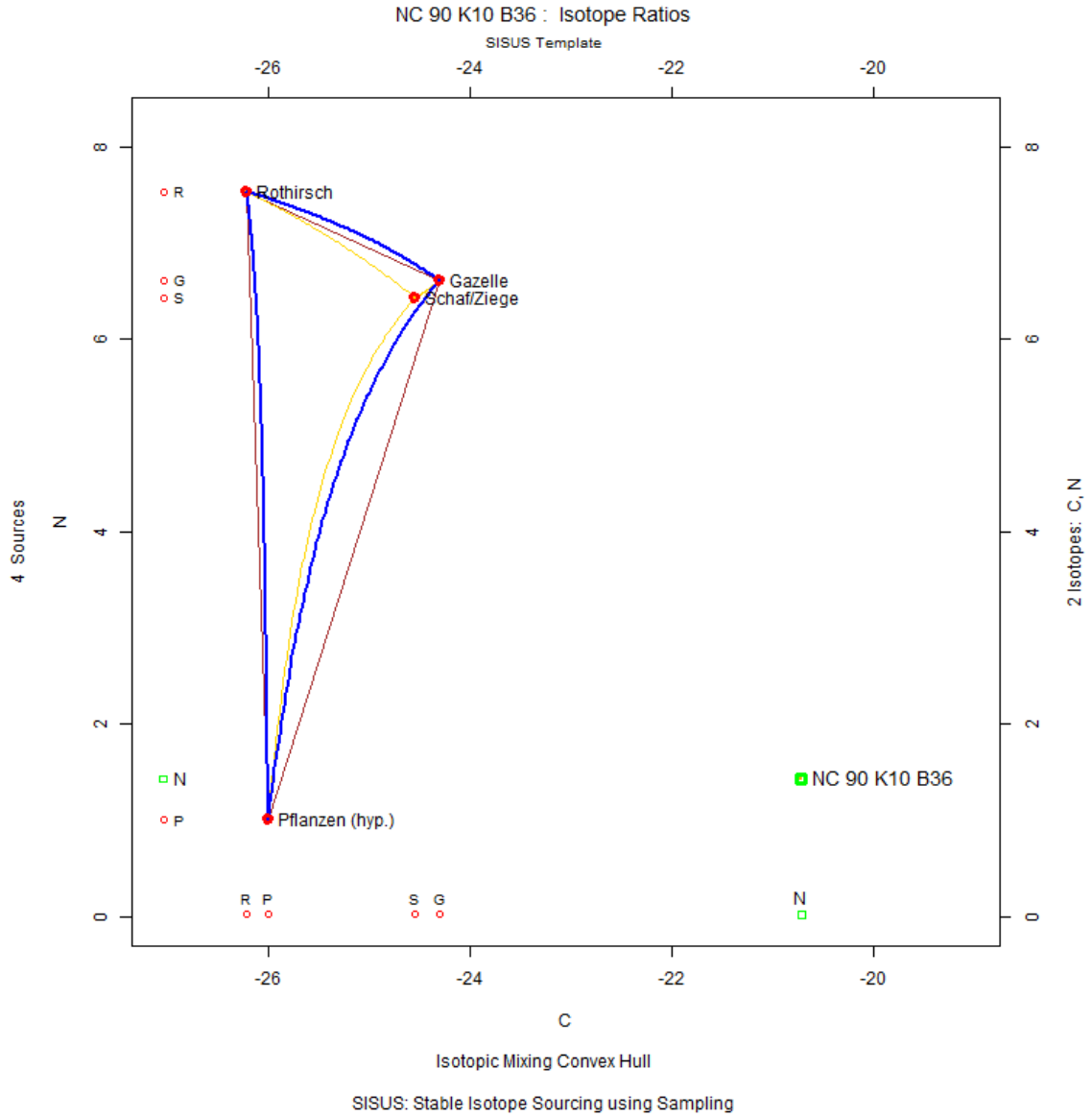


Abbildung 91: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Nevalı Çori (NC) 90 K10 B36. Erstellt mit SISUS.

1.4 SISUS: Tabellen

Tabelle 2: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Nevalı Çori (NC). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
N?H11Hs13	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC89H11BXS	Pflanzen	87,4	87,4	0.02	87,4	87,5	0,1
	Gazelle	0	4,8	2.8	4,8	9,5	9,5
	Rotwild	1,5	2,3	0.4	2,3	3	1,6
	Schaf/Ziege	0	5,5	3.2	5,5	11,1	11,1
NC89H11SB1	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC89H11SB3	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC89Hs2B324	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G1049.18	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G1079.25	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G717.28	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G746.25	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G784.24	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC90G79.23	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

NC90G7P23	Pflanzen	88,6	88,6	0.01	88,6	88,7	0,1
	Gazelle	0	3,9	2.2	3,9	7,7	7,7
	Rotwild	2,4	3	0.4	3	3,6	1,3
	Schaf/Ziege	0	4,5	2.6	4,5	9	9
NC90H7R2	Pflanzen	85,4	85,4	0.03	85,4	85,5	0,1
	Gazelle	0	2,4	1.4	2,4	4,8	4,8
	Rotwild	9	9,4	0.2	9,4	9,8	0,7
	Schaf/Ziege	0	2,8	1.6	2,8	5,6	5,6
NC90K10B36	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91F5	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91F551.50	Pflanzen	54,8	55,6	0.5	55,6	56,5	1,7
	Gazelle	0	8,2	4.7	8,3	16,3	16,3
	Rotwild	25,9	26,6	0.4	26,6	27,2	1,3
	Schaf/Ziege	0	9,6	5.6	9,5	19,3	19,3
NC91F5H21R16	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G549.39	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G549.40	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G5H21Gr.2	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G5Hs21R5Ab2	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G5Hs21F3SB3	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G5Hs21R41FB	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G692.22	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G699.58	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

NC91G77181.35	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G80.35	Pflanzen	87,5	87,6	0.02	87,6	87,6	0,1
	Gazelle	0	4,6	2.6	4,5	9,1	9,1
	Rotwild	1,8	2,6	0.4	2,6	3,3	1,5
	Schaf/Ziege	0	5,3	3.1	5,3	10,6	10,6
NC91G8Gr.172	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91G995.3	Pflanzen	56,8	56,9	0.03	56,9	56,9	0,1
	Gazelle	41,3	42,1	0.5	42,1	42,9	1,6
	Rotwild	0	0,1	0.1	0,1	0,2	0,2
	Schaf/Ziege	0	0,9	0.5	0,9	1,9	1,9
NC91G9uR2Hs15	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91H5SG277.25	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91H5SG277.27	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
NC91H5SG277.38	Pflanzen	84,6	84,7	0.05	84,7	84,8	0,2
	Gazelle	0	4,9	2.8	4,9	9,8	9,8
	Rotwild	3,8	4,6	0.4	4,6	5,3	1,5
	Schaf/Ziege	0	5,8	3.3	5,8	11,5	11,5
NC91H8Hs6K?59	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Gazelle	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

2 Griechenland – Alepotrypa

2.1 IsoConc: Abbildungen

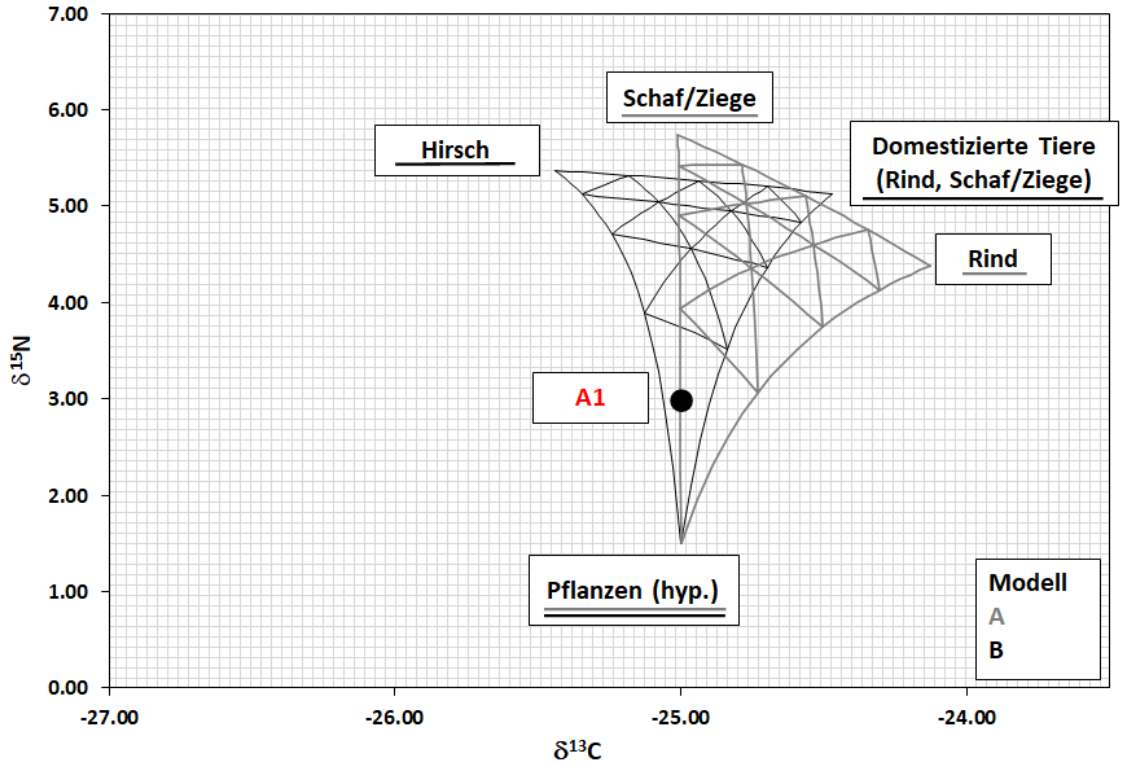


Abbildung 93: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1. Erstellt mit IsoConc.

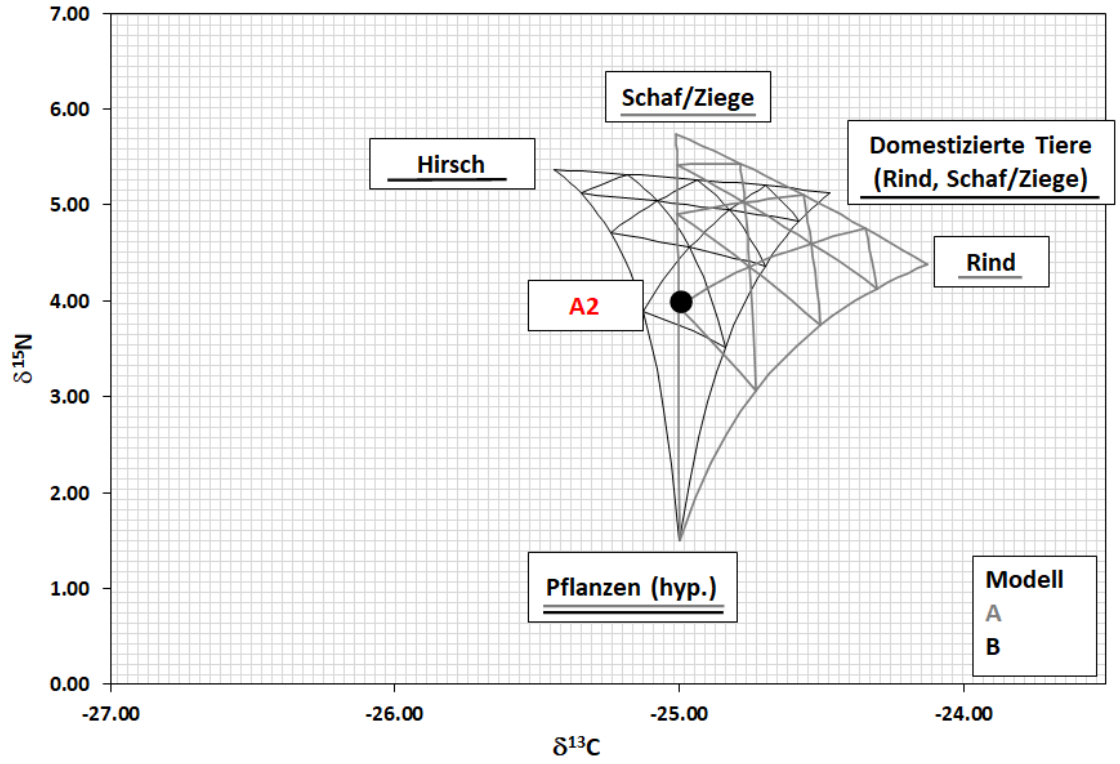


Abbildung 92: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 2. Erstellt mit IsoConc.

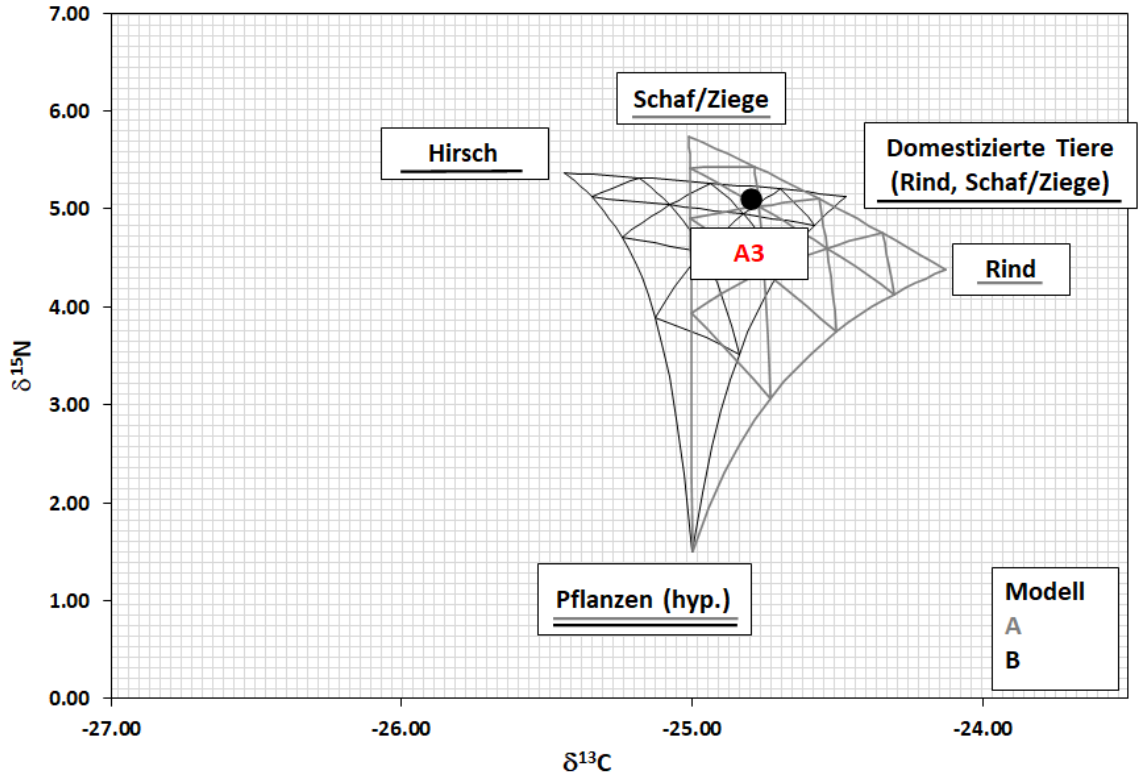


Abbildung 94: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 3. Erstellt mit IsoConc.

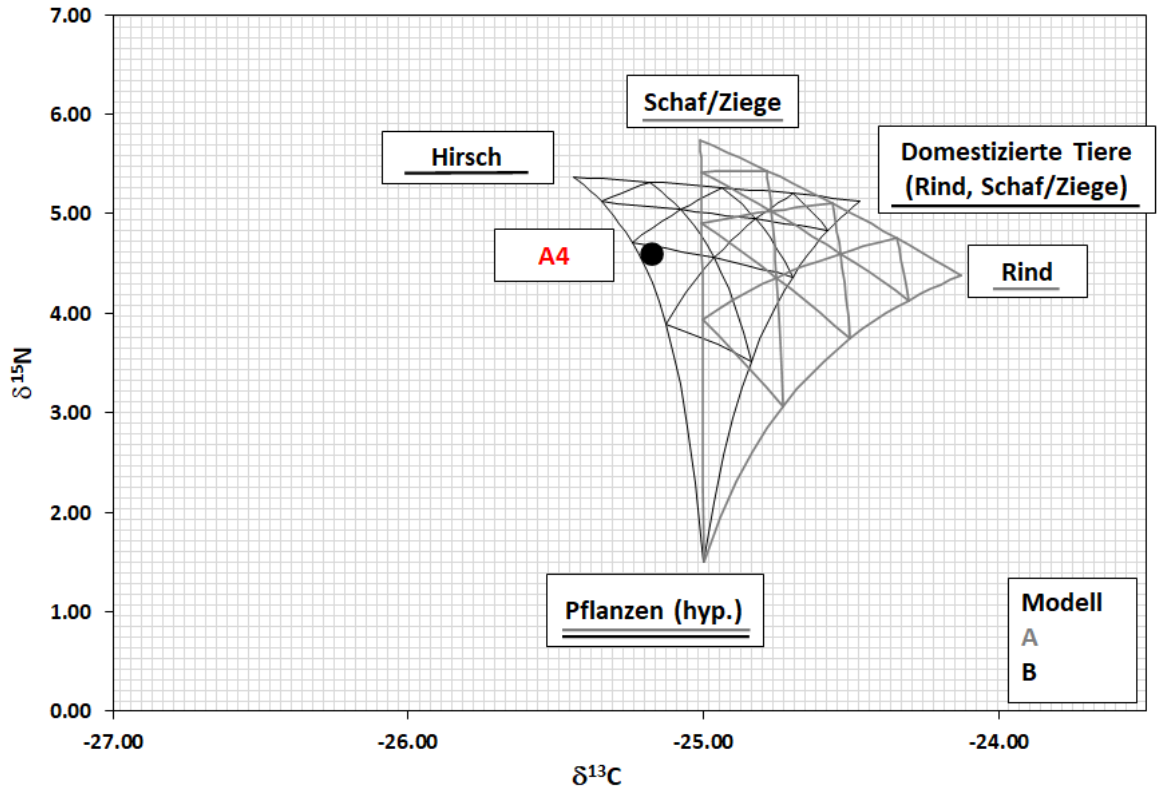


Abbildung 95: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 4. Erstellt mit IsoConc.

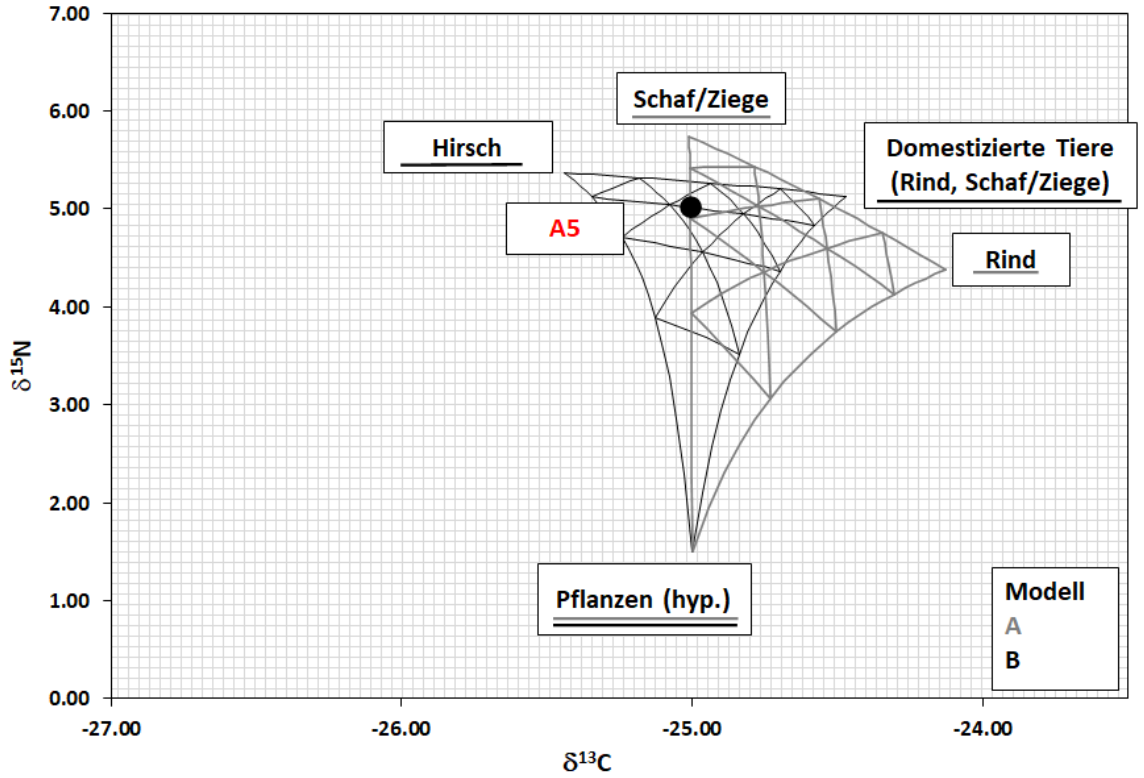


Abbildung 96: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 5. Erstellt mit IsoConc.

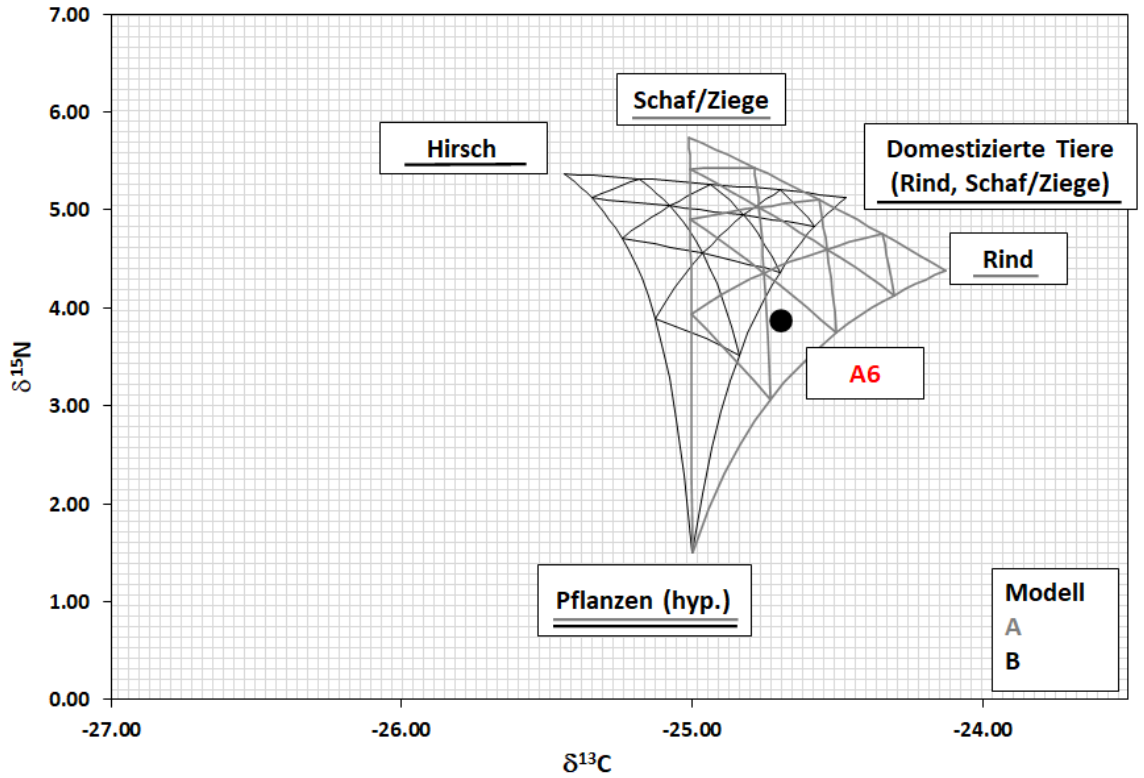


Abbildung 97: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 6. Erstellt mit IsoConc.

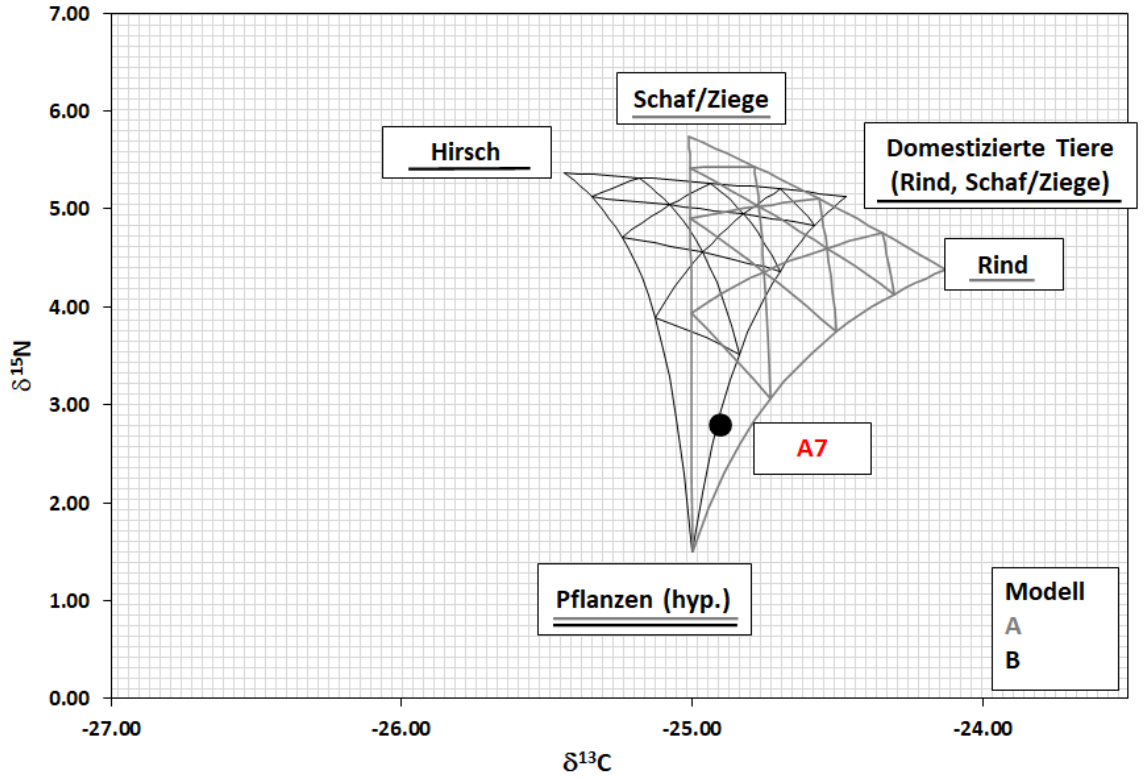


Abbildung 98: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 7. Erstellt mit IsoConc.

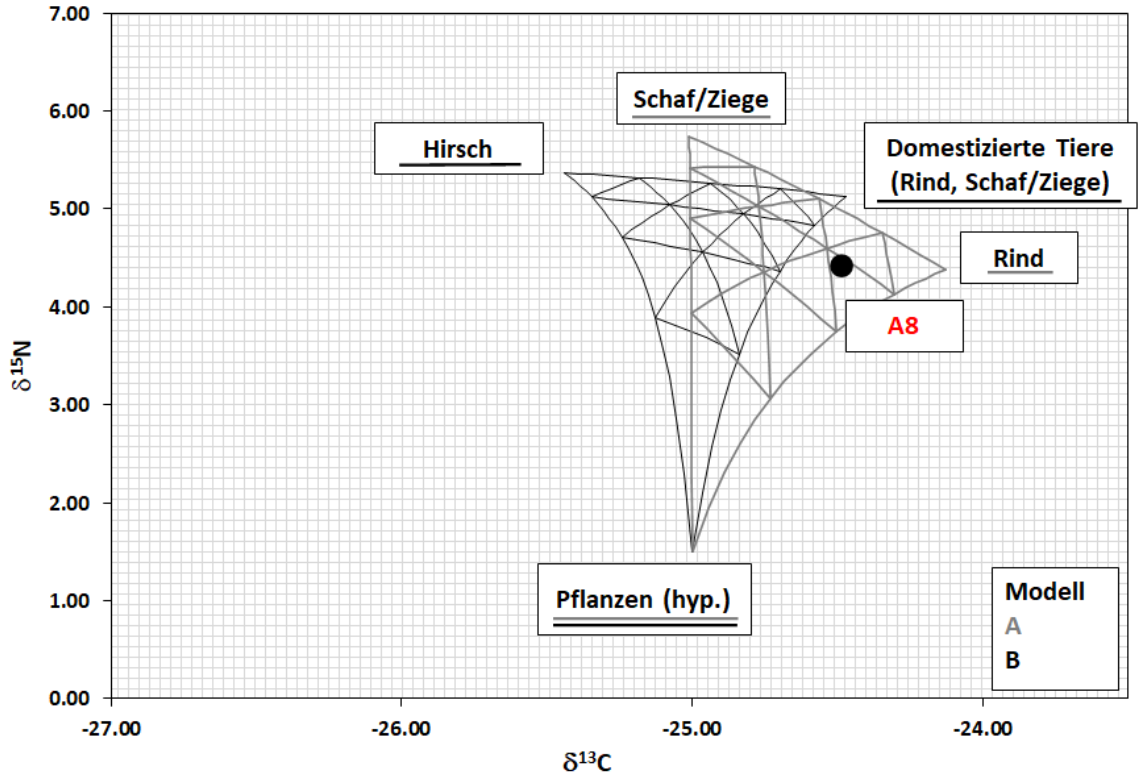


Abbildung 99: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 8. Erstellt mit IsoConc.

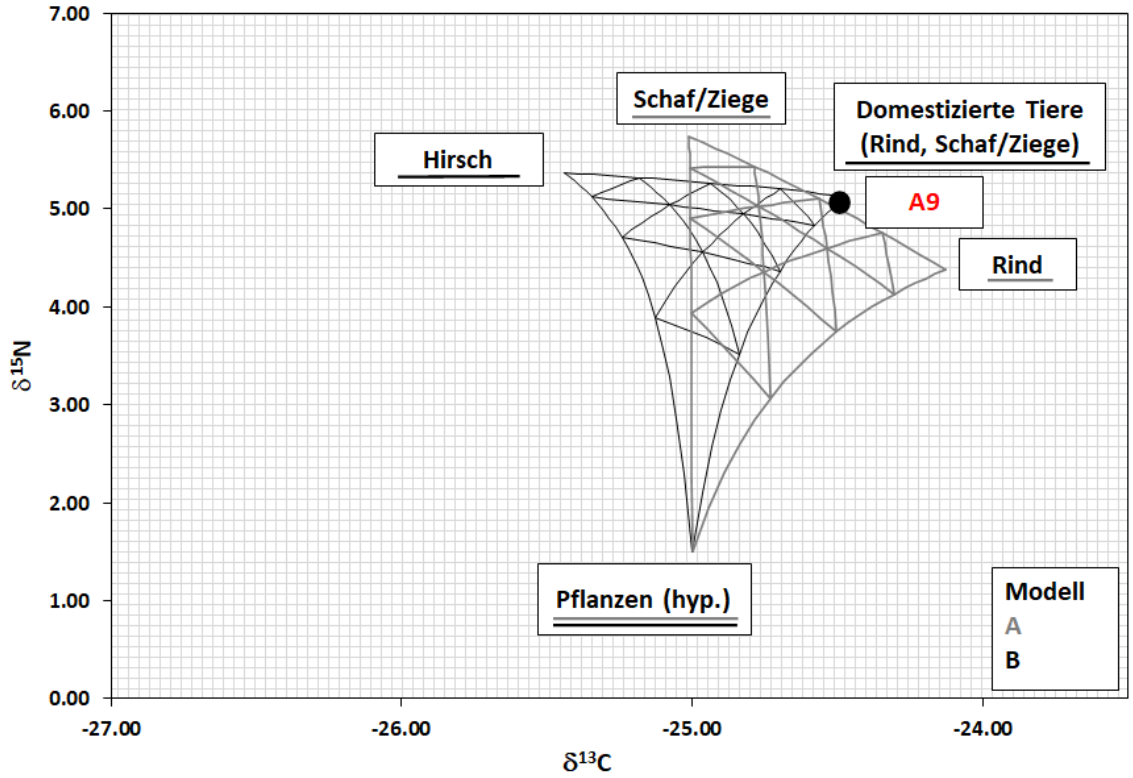


Abbildung 100: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 9. Erstellt mit IsoConc.

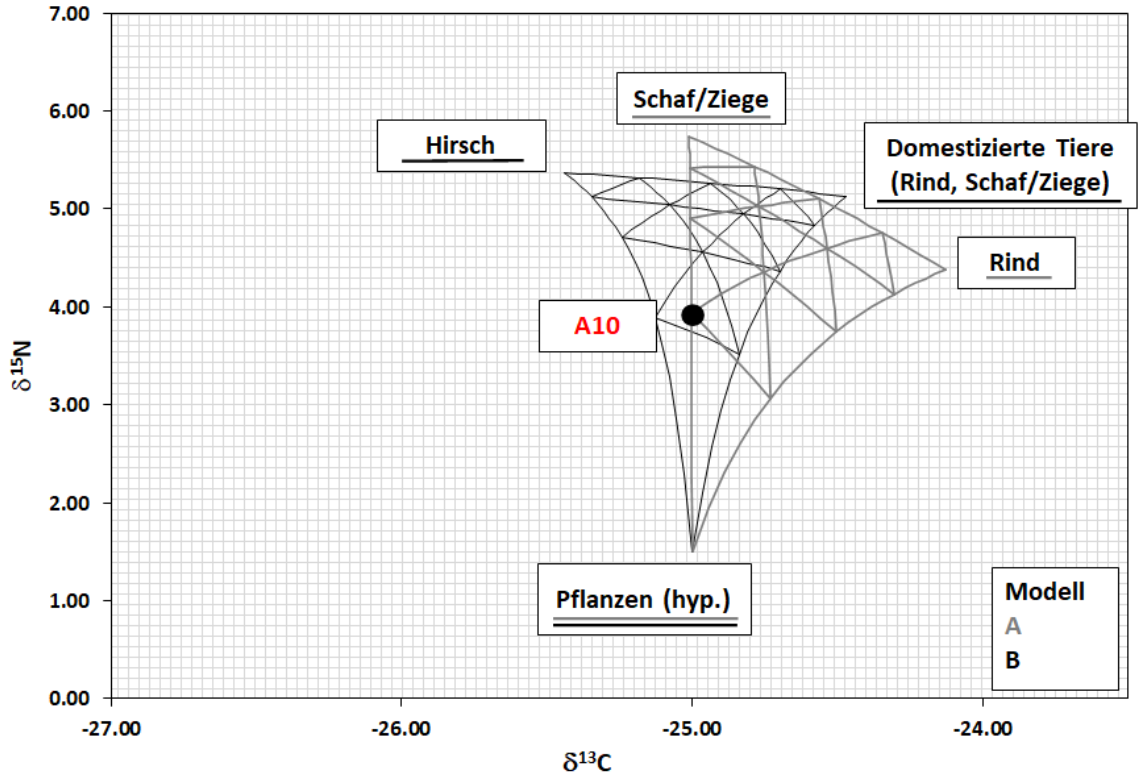


Abbildung 101: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 10. Erstellt mit IsoConc.

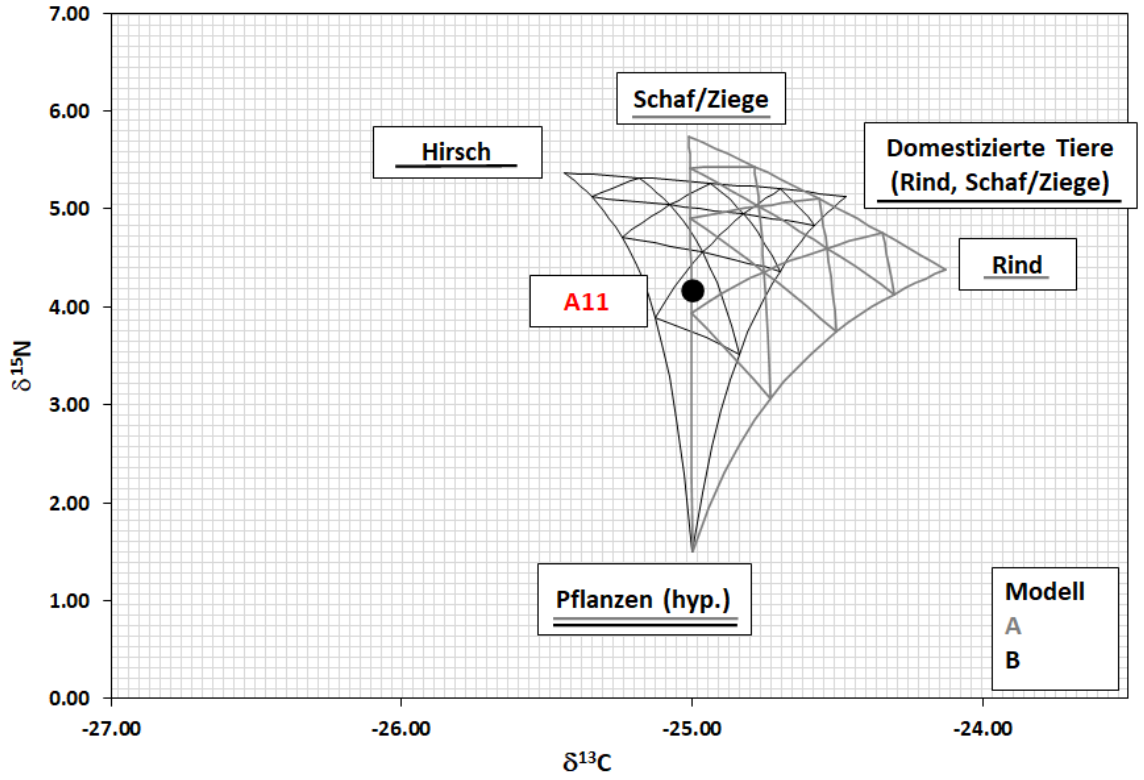


Abbildung 102: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 11. Erstellt mit IsoConc.

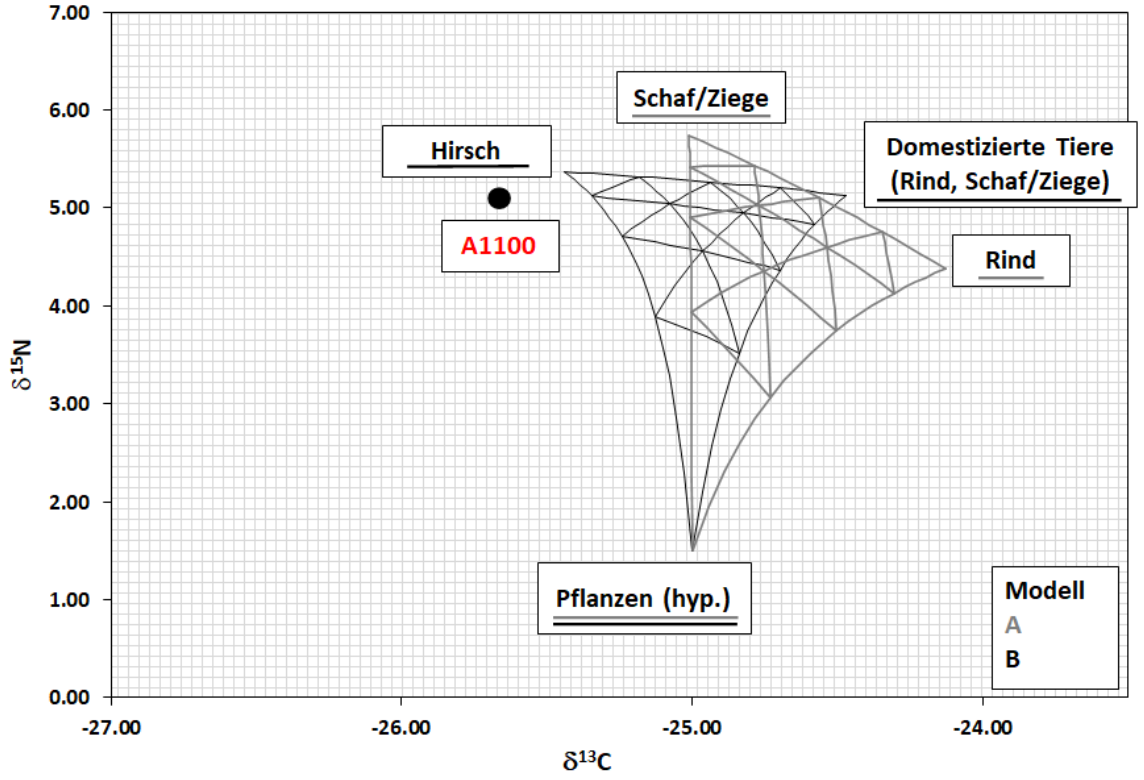


Abbildung 103: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1100. Erstellt mit IsoConc.

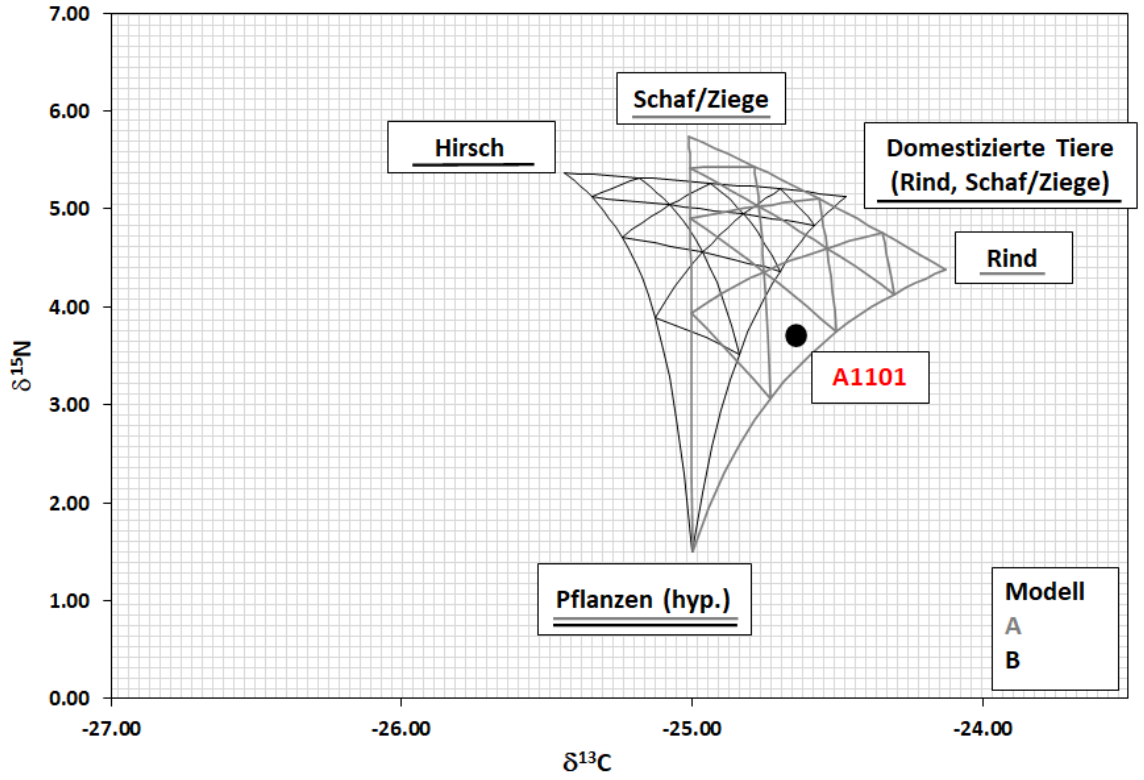


Abbildung 104: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1101. Erstellt mit IsoConc.

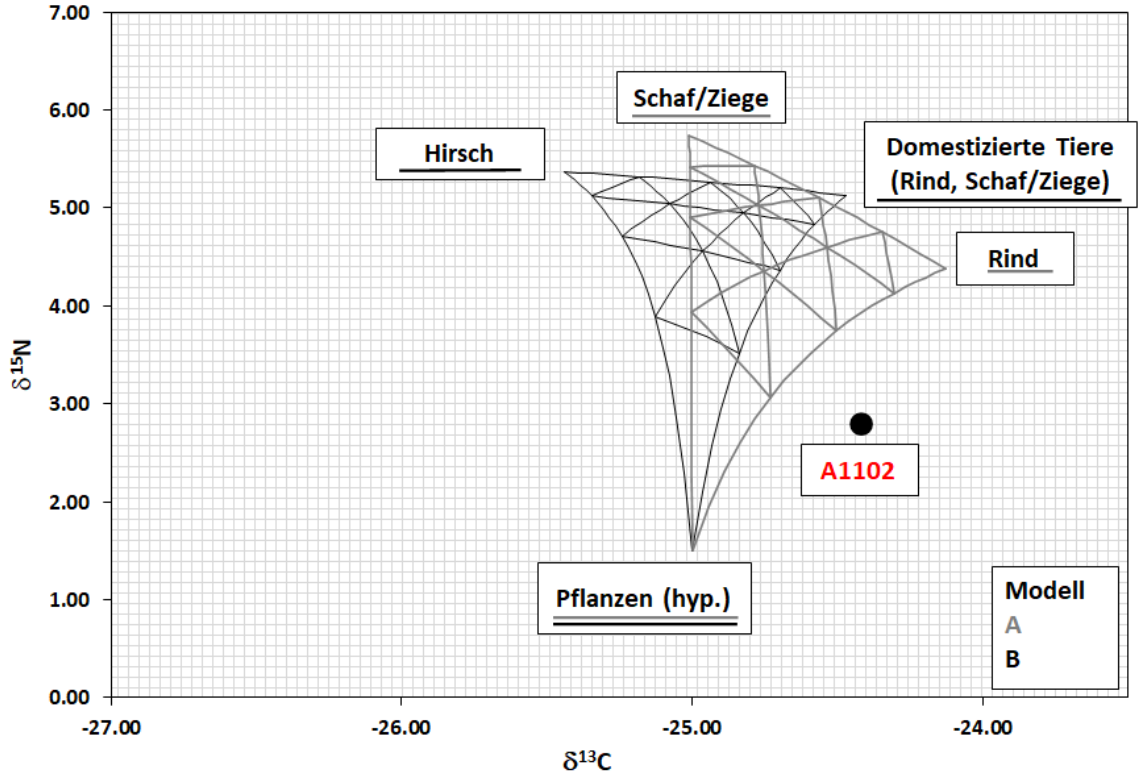


Abbildung 105: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1102. Erstellt mit IsoConc.

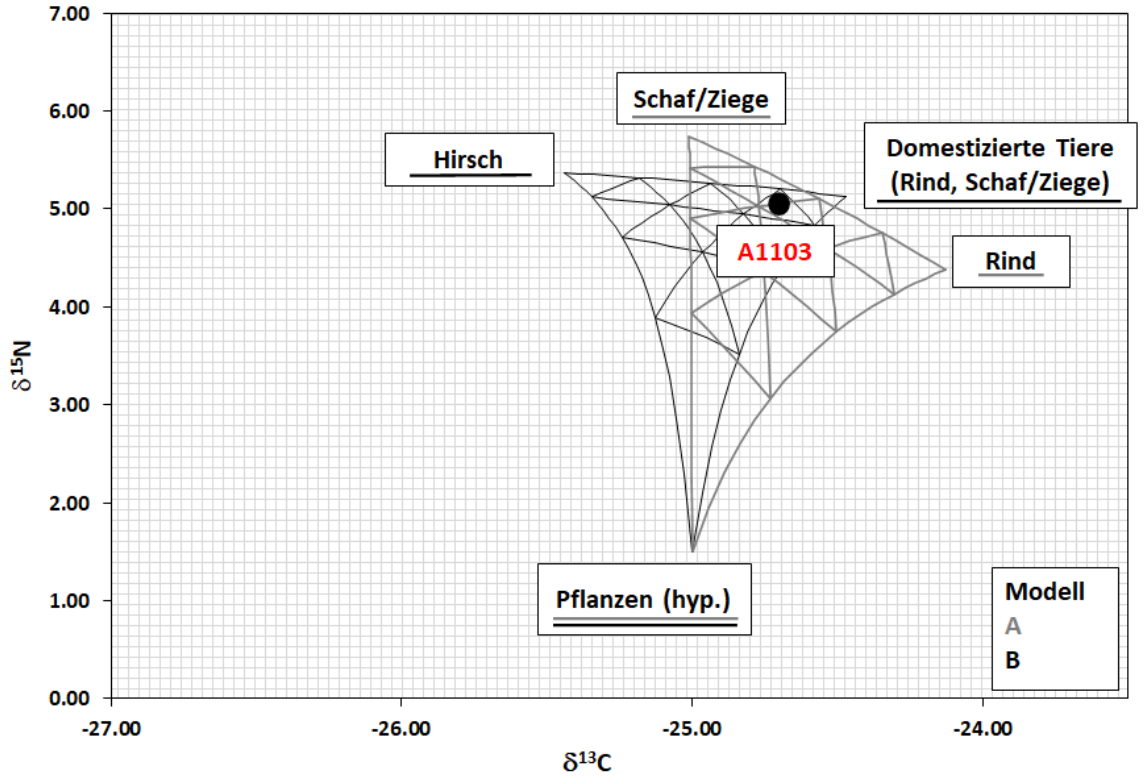


Abbildung 106: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1103. Erstellt mit IsoConc.

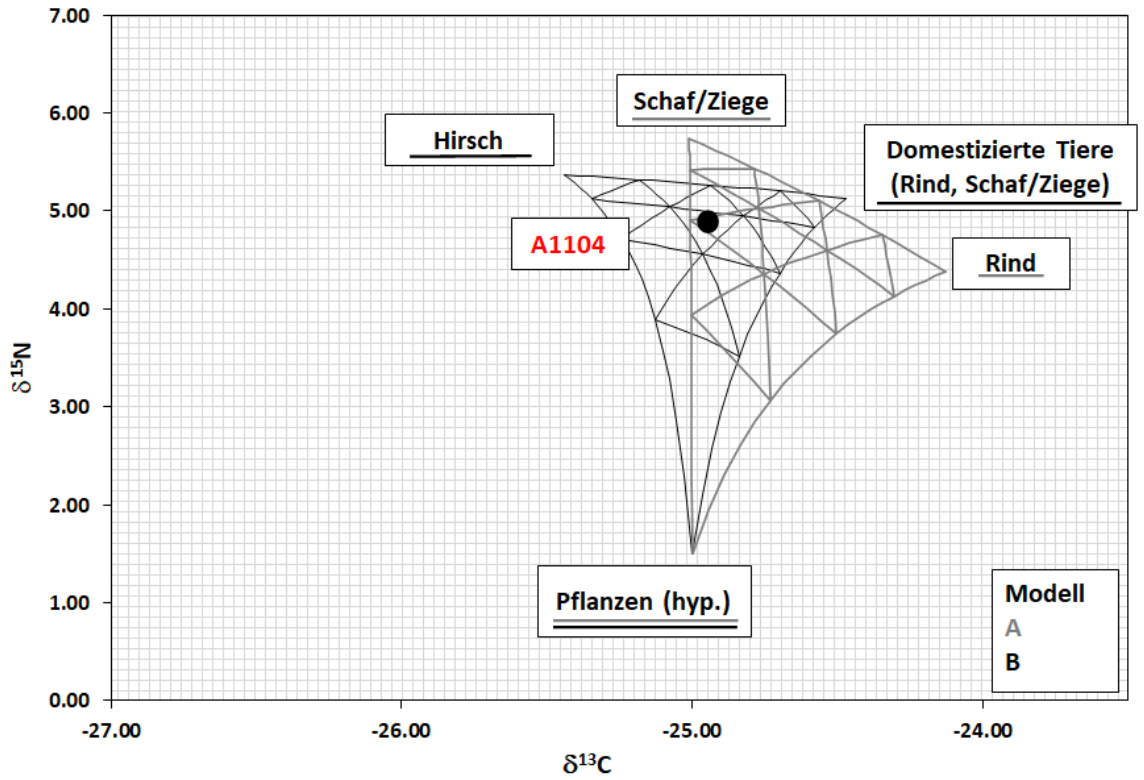


Abbildung 107: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1104. Erstellt mit IsoConc.

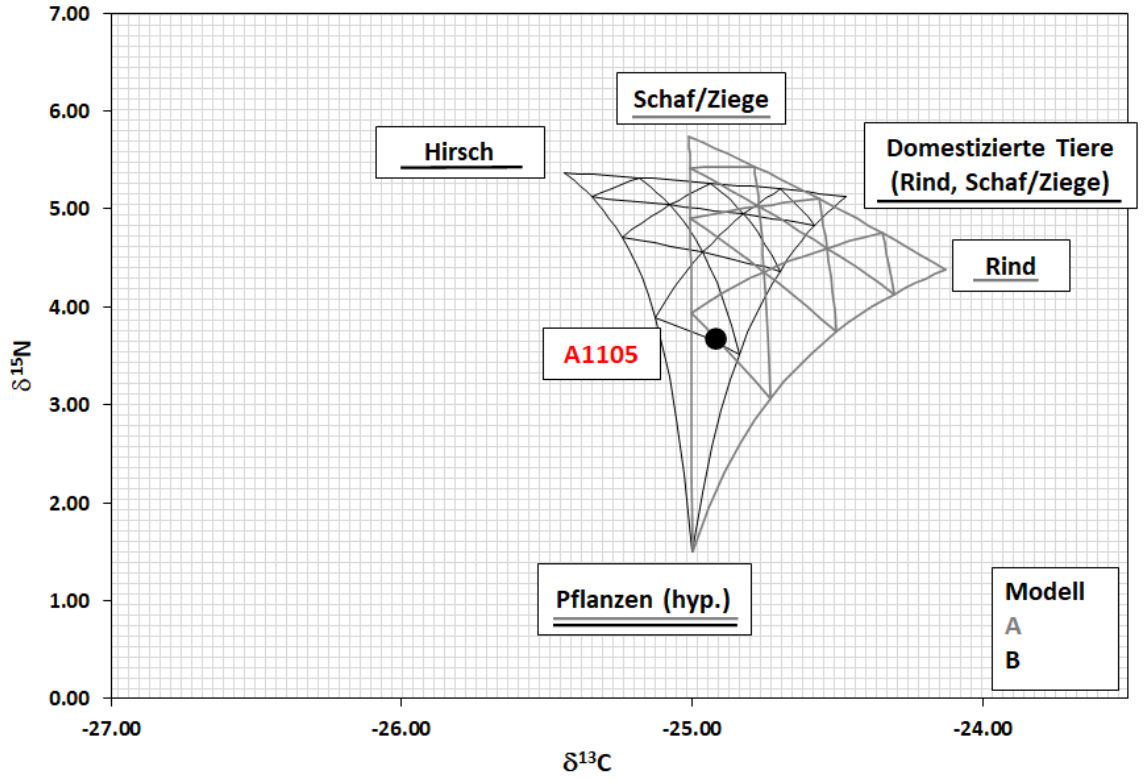


Abbildung 108: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1105. Erstellt mit IsoConc.

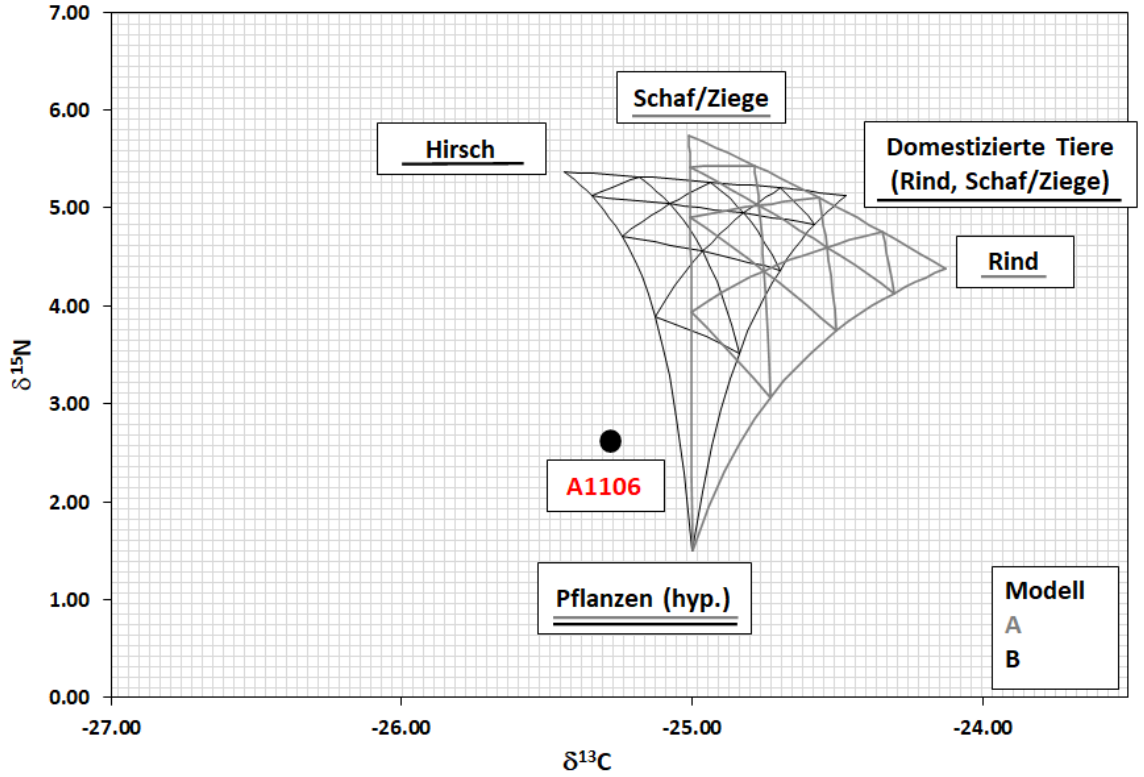


Abbildung 109: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1106. Erstellt mit IsoConc.

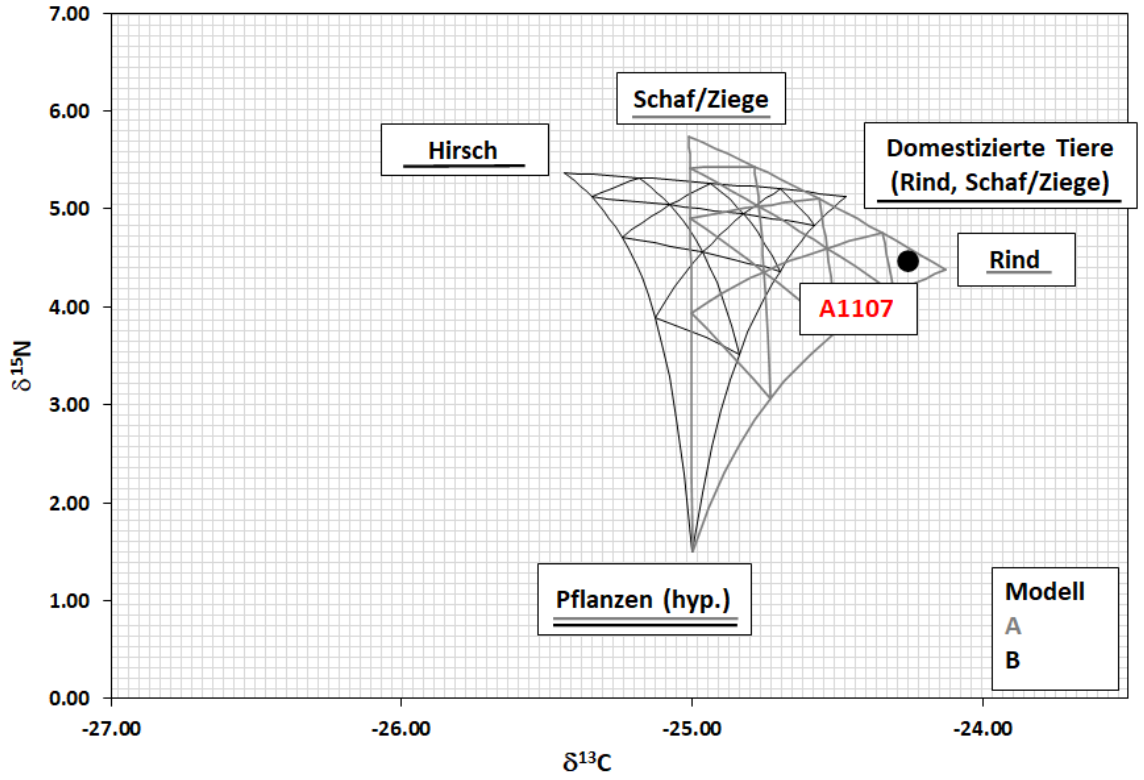


Abbildung 110: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1107. Erstellt mit IsoConc.

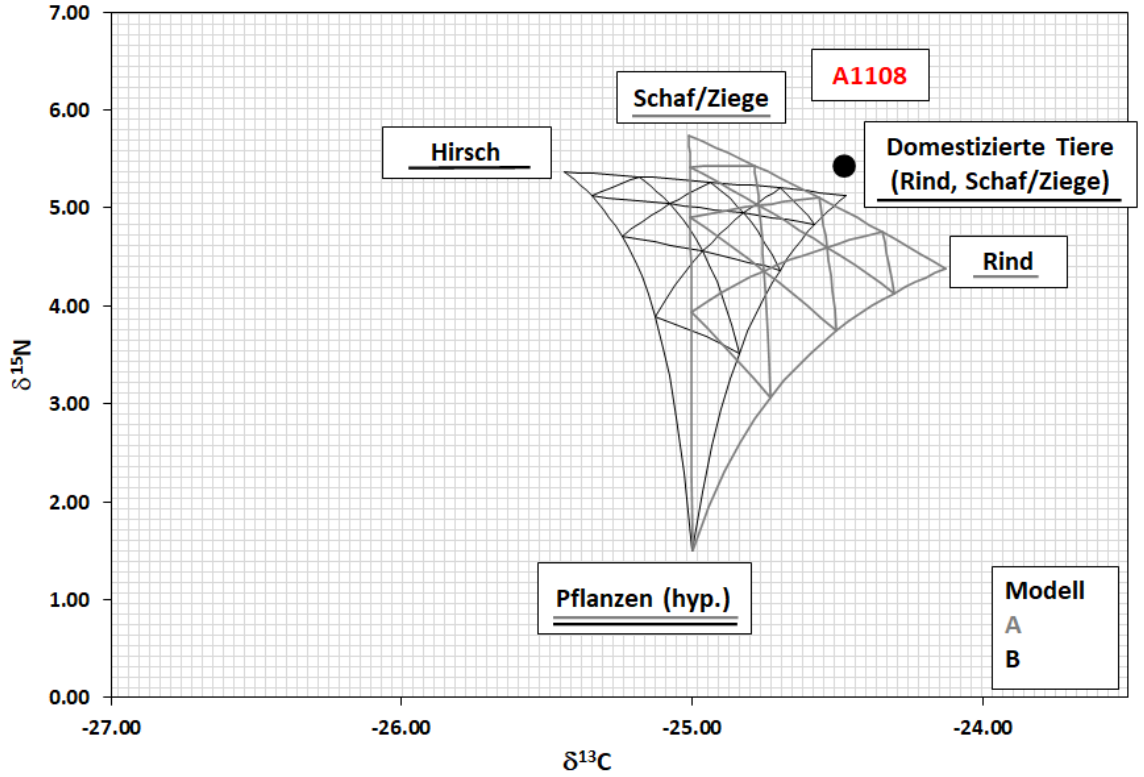


Abbildung 111: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1108. Erstellt mit IsoConc.

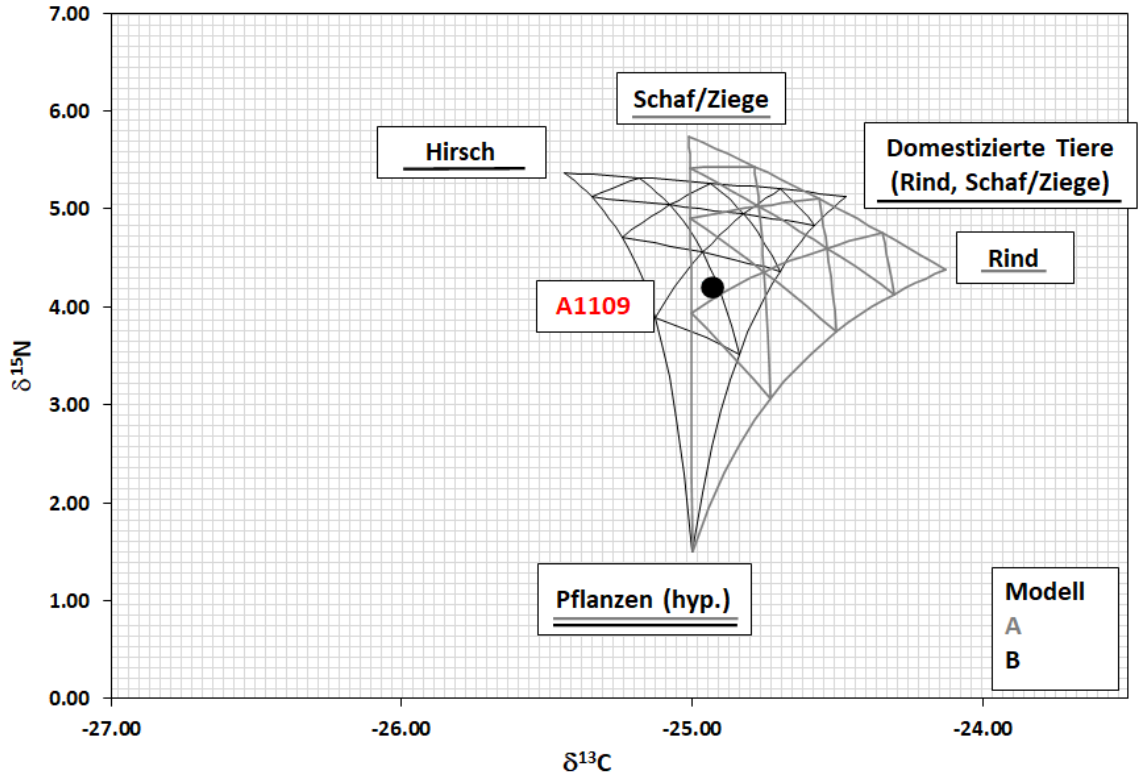


Abbildung 112: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1109. Erstellt mit IsoConc.

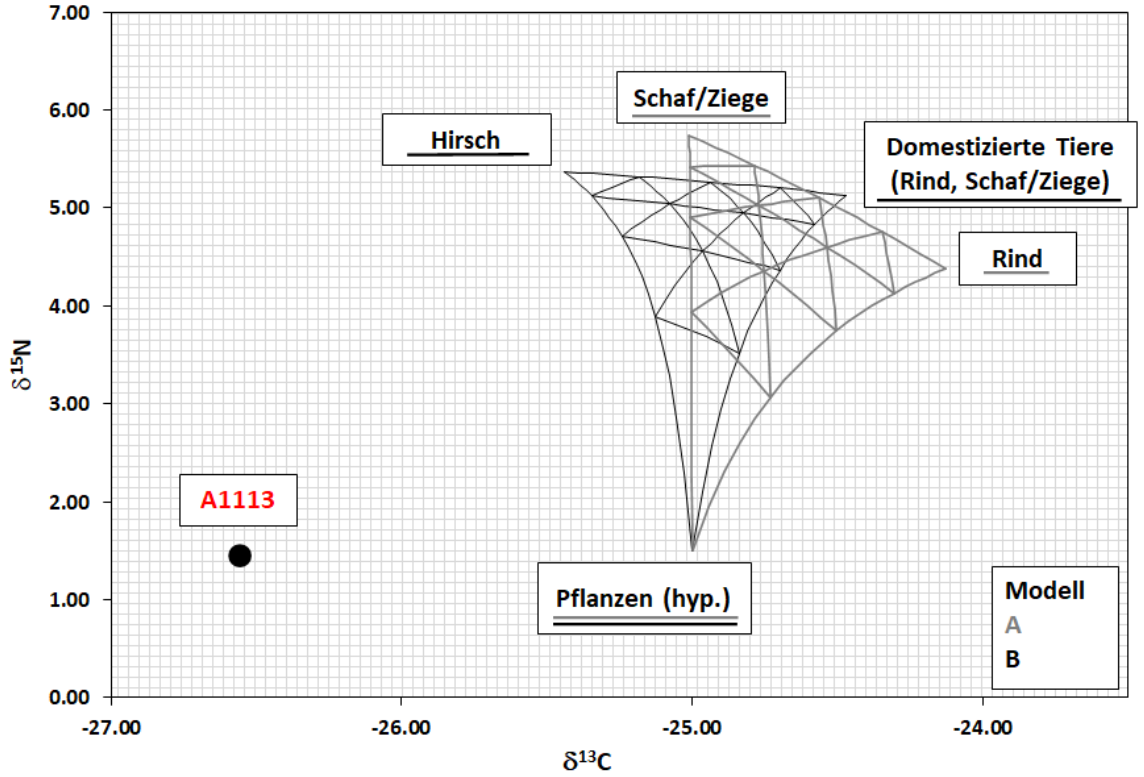


Abbildung 113: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1113. Erstellt mit IsoConc.

2.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 3 Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Alepotrypa (A). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
A1	Schaf/Ziege	11,8%
	Rind	0,1%
	Pflanzen	88,1%
A2	Schaf/Ziege	25,9%
	Rind	0,3%
	Pflanzen	73,8%
A3	Schaf/Ziege	55,3%
	Rind	22,0%
	Pflanzen	22,7%
A4	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A5	Schaf/Ziege	53,6%
	Rind	0,6%
	Pflanzen	45,8%
A6	Schaf/Ziege	12,0%
	Rind	29,5%
	Pflanzen	58,5%
A7	Schaf/Ziege	5,1%
	Rind	9,1%
	Pflanzen	85,9%
A8	Schaf/Ziege	16,7%
	Rind	53,1%
	Pflanzen	30,2%
A9	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A10	Schaf/Ziege	24,1%
	Rind	0,3%
	Pflanzen	75,6%
A11	Schaf/Ziege	29,9%
	Rind	0,3%
	Pflanzen	69,7%
A1100	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A1101	Schaf/Ziege	6,7%
	Rind	34,3%
	Pflanzen	59,0%
A1102	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A1103	Schaf/Ziege	51,7%
	Rind	33,3%
	Pflanzen	14,9%
A1104	Schaf/Ziege	49,3%
	Rind	5,6%
	Pflanzen	45,1%

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
A1	Dom. Tiere	7,4%
	Rothirsch	5,6%
	Pflanzen	87,0%
A2	Dom. Tiere	17,5%
	Rothirsch	13,3%
	Pflanzen	69,2%
A3	Dom. Tiere	30,3%
	Rothirsch	58,9%
	Pflanzen	10,8%
A4	Dom. Tiere	43,0%
	Rothirsch	5,8%
	Pflanzen	51,2%
A5	Dom. Tiere	42,0%
	Rothirsch	32,0%
	Pflanzen	26,1%
A6	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A7	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A8	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A9	Dom. Tiere	1,7%
	Rothirsch	9,5%
	Pflanzen	3,6%
A10	Dom. Tiere	16,1%
	Rothirsch	12,3%
	Pflanzen	71,6%
A11	Dom. Tiere	20,6%
	Rothirsch	15,7%
	Pflanzen	63,7%
A1100	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1101	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1102	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1103	Dom. Tiere	20,0%
	Rothirsch	69,5%
	Pflanzen	10,5%
A1104	Dom. Tiere	34,7%
	Rothirsch	35,0%
	Pflanzen	30,3%

A1105	Schaf/Ziege	17,6%
	Rind	7,6%
	Pflanzen	74,8%
A1106	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A1107	Schaf/Ziege	9,7%
	Rind	82,1%
	Pflanzen	8,2%
A1108	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x
A1109	Schaf/Ziege	28,4%
	Rind	5,1%
	Pflanzen	66,5%
A1113	Schaf/Ziege	x
	Rind	x
	Pflanzen	x

A1105	Dom. Tiere	7,9%
	Rothirsch	18,3%
	Pflanzen	73,8%
A1106	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1107	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1108	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
A1109	Dom. Tiere	17,0%
	Rothirsch	20,9%
	Pflanzen	62,1%
A1113	Dom. Tiere	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x

2.3 MixSIAR: Abbildungen

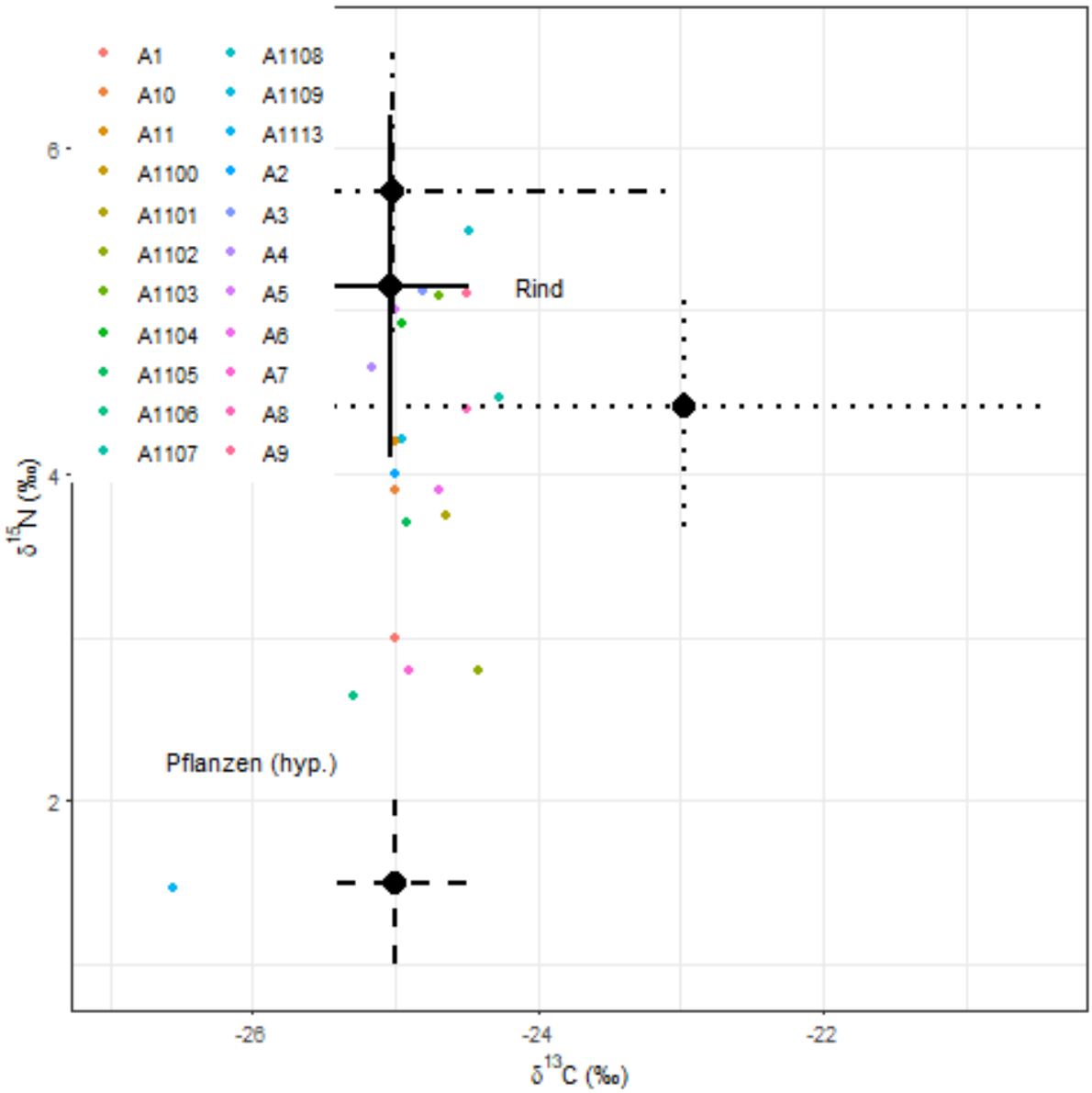


Abbildung 114: Isospace Plot der Individuen aus Alepotrypa. Erstellt mit MixSIAR.

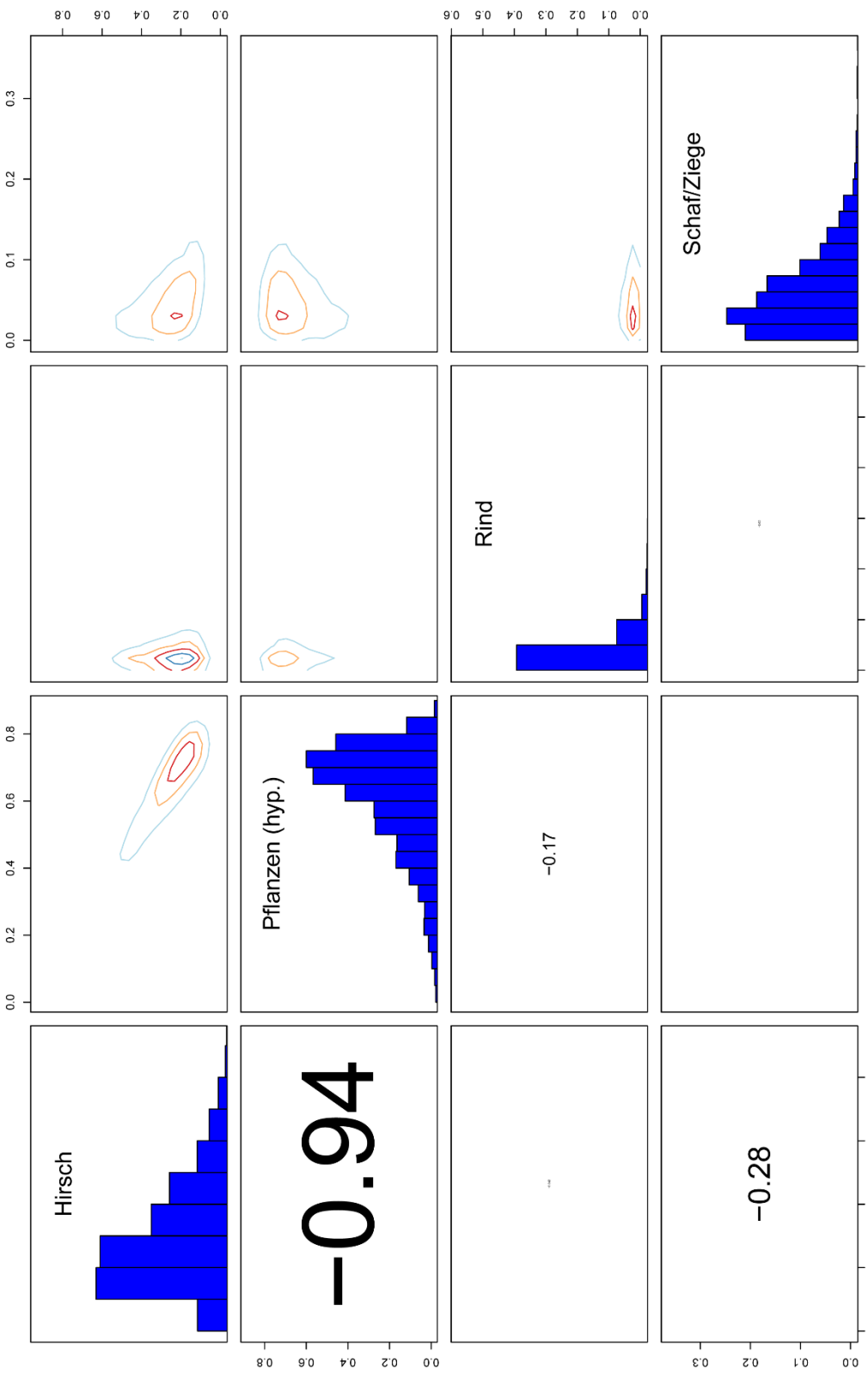


Abbildung 115: Pairs Plot der Population aus Alepotrypa. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

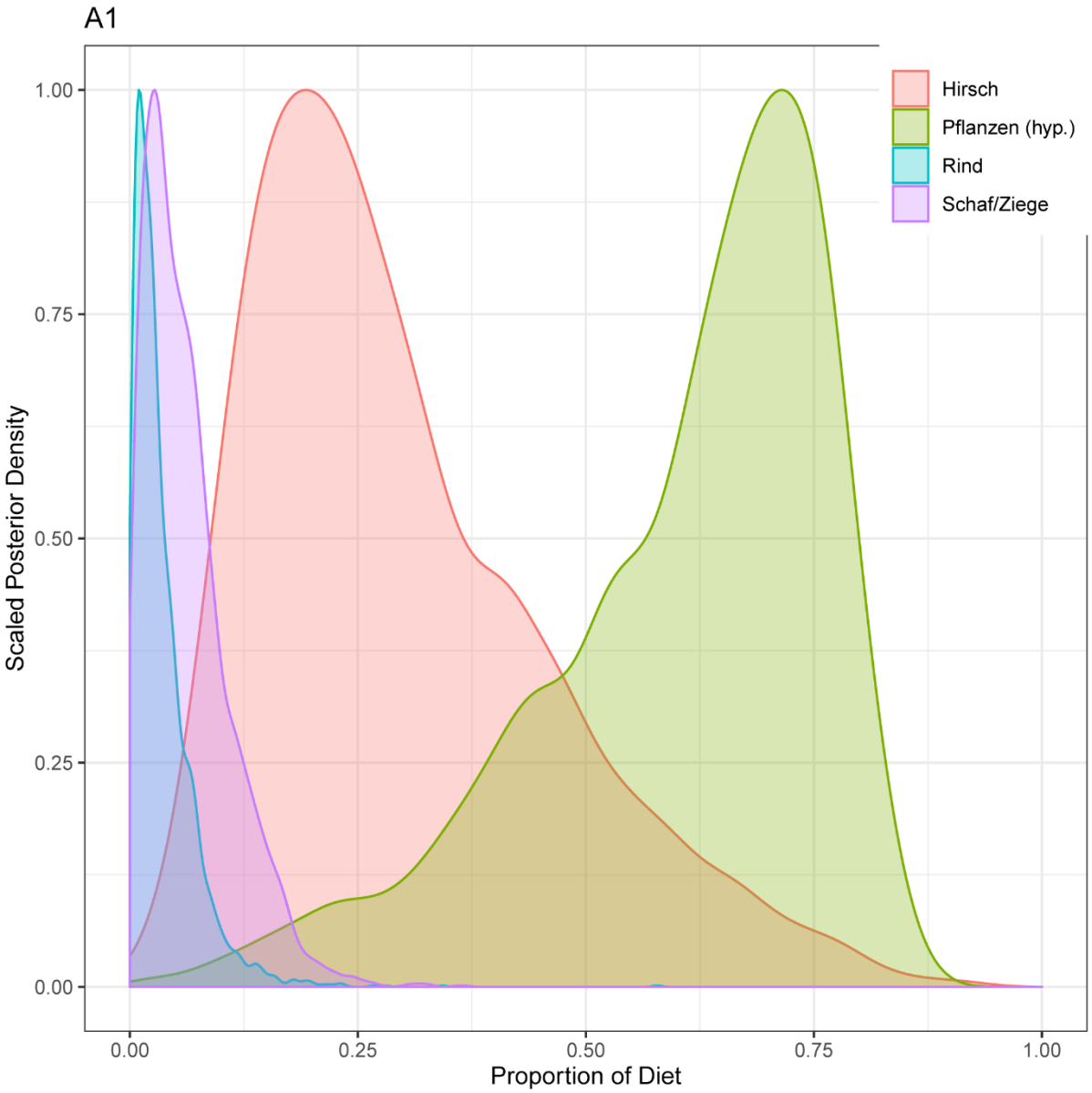


Abbildung 116: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1. Erstellt mit MixSIAR.

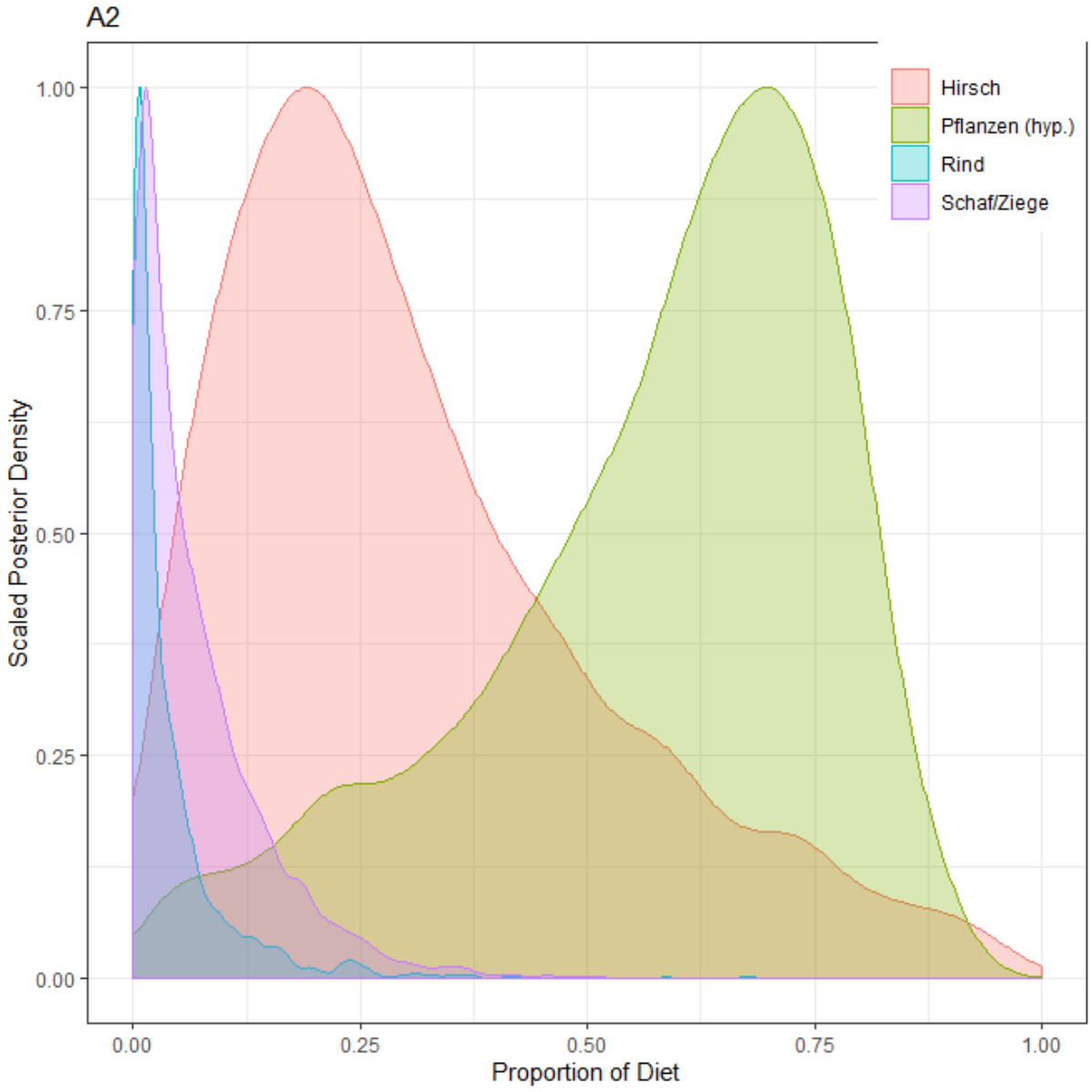


Abbildung 117: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 2. Erstellt mit MixSIAR.

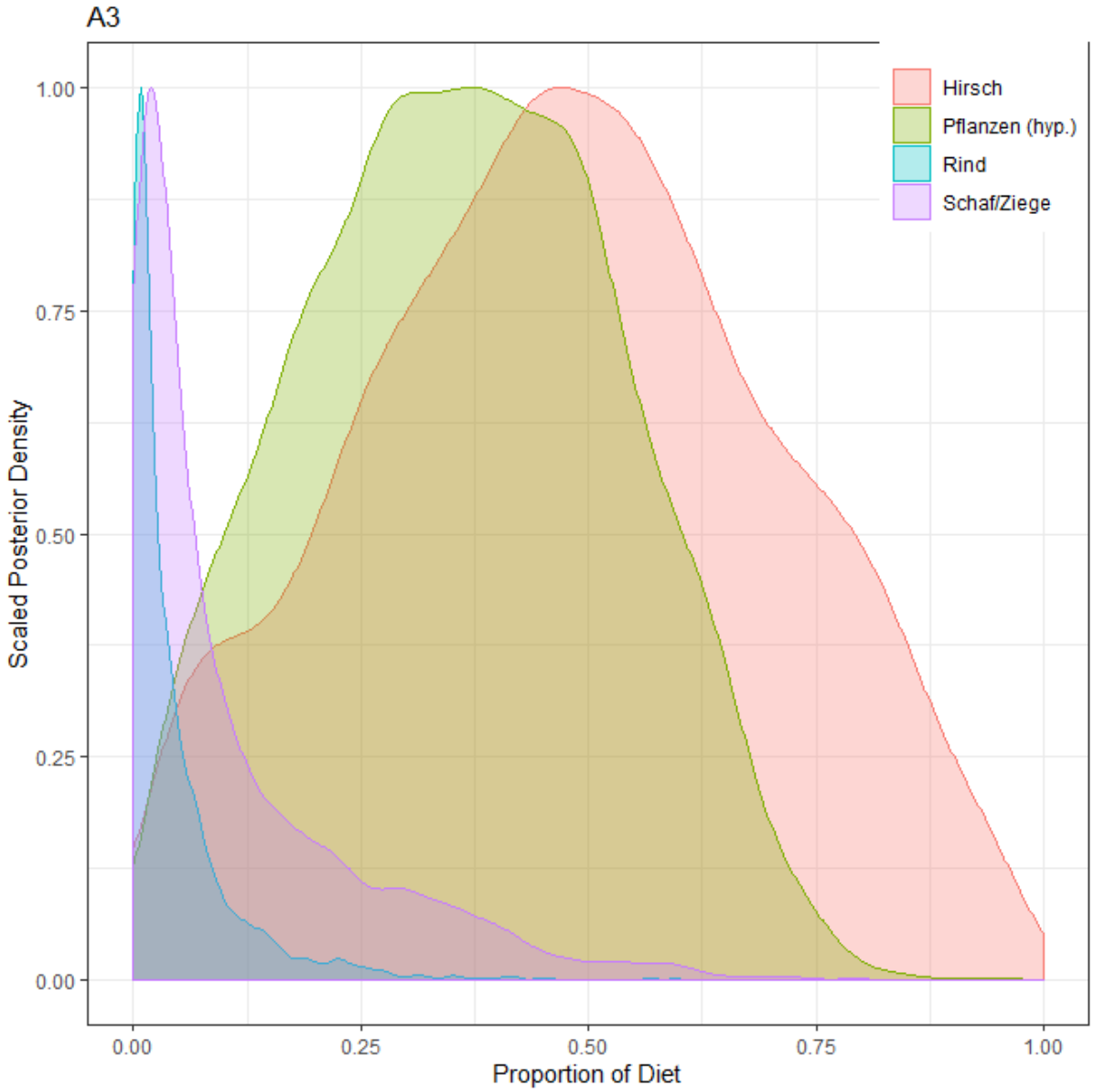


Abbildung 118: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 3. Erstellt mit MixSIAR.

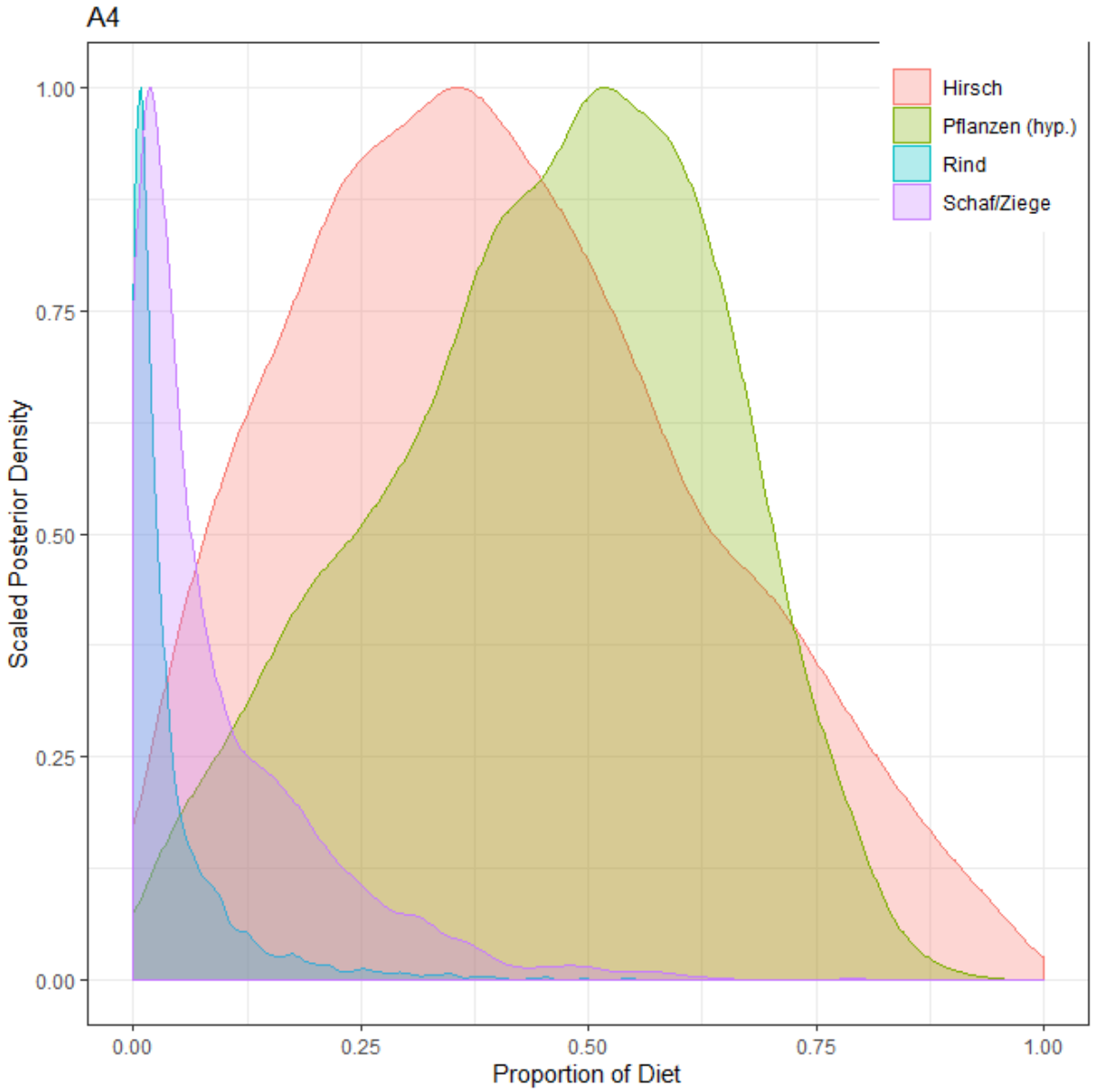


Abbildung 119: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 4. Erstellt mit MixSIAR.

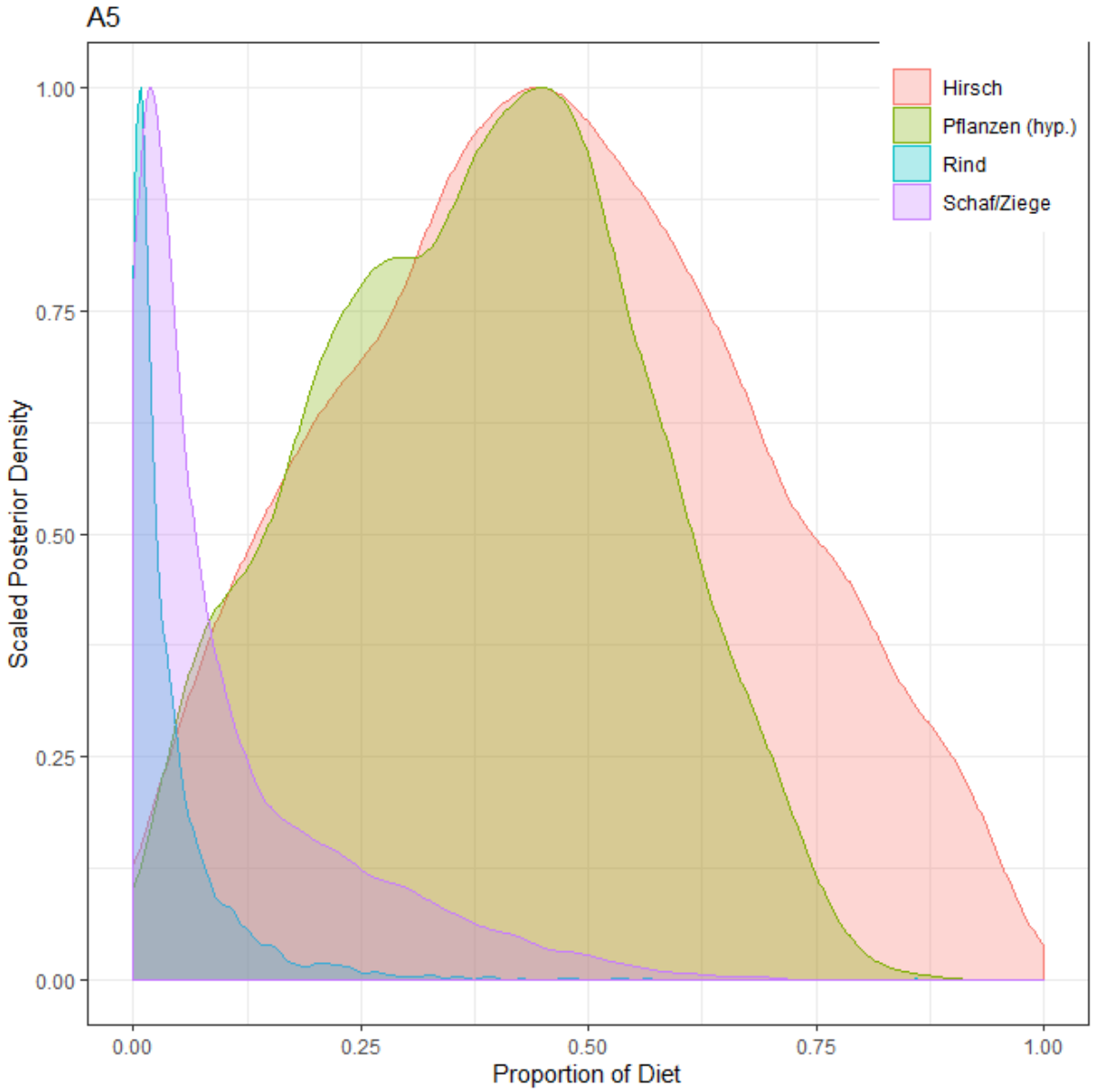


Abbildung 120: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 5. Erstellt mit MixSIAR.

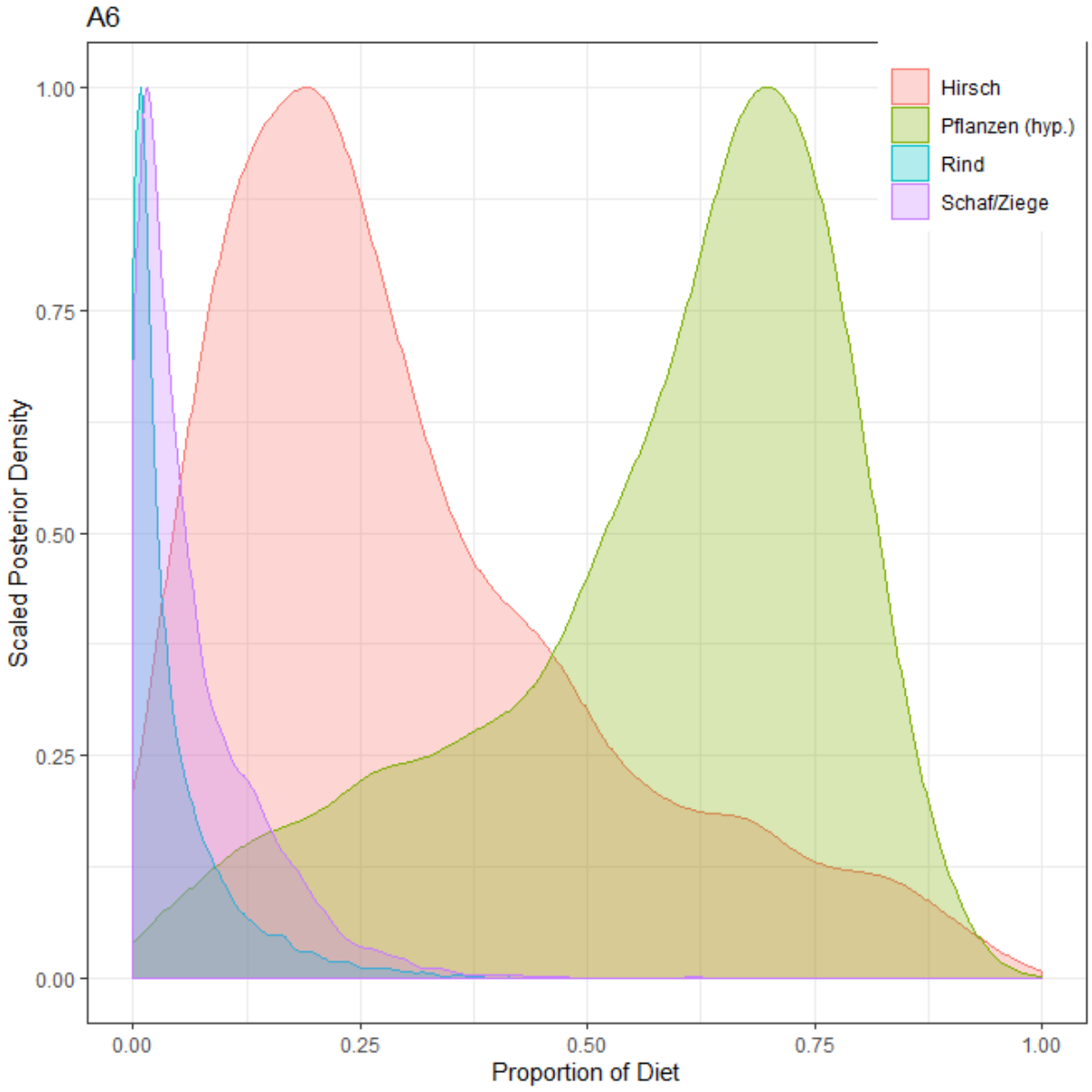


Abbildung 121: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 6. Erstellt mit MixSIAR.

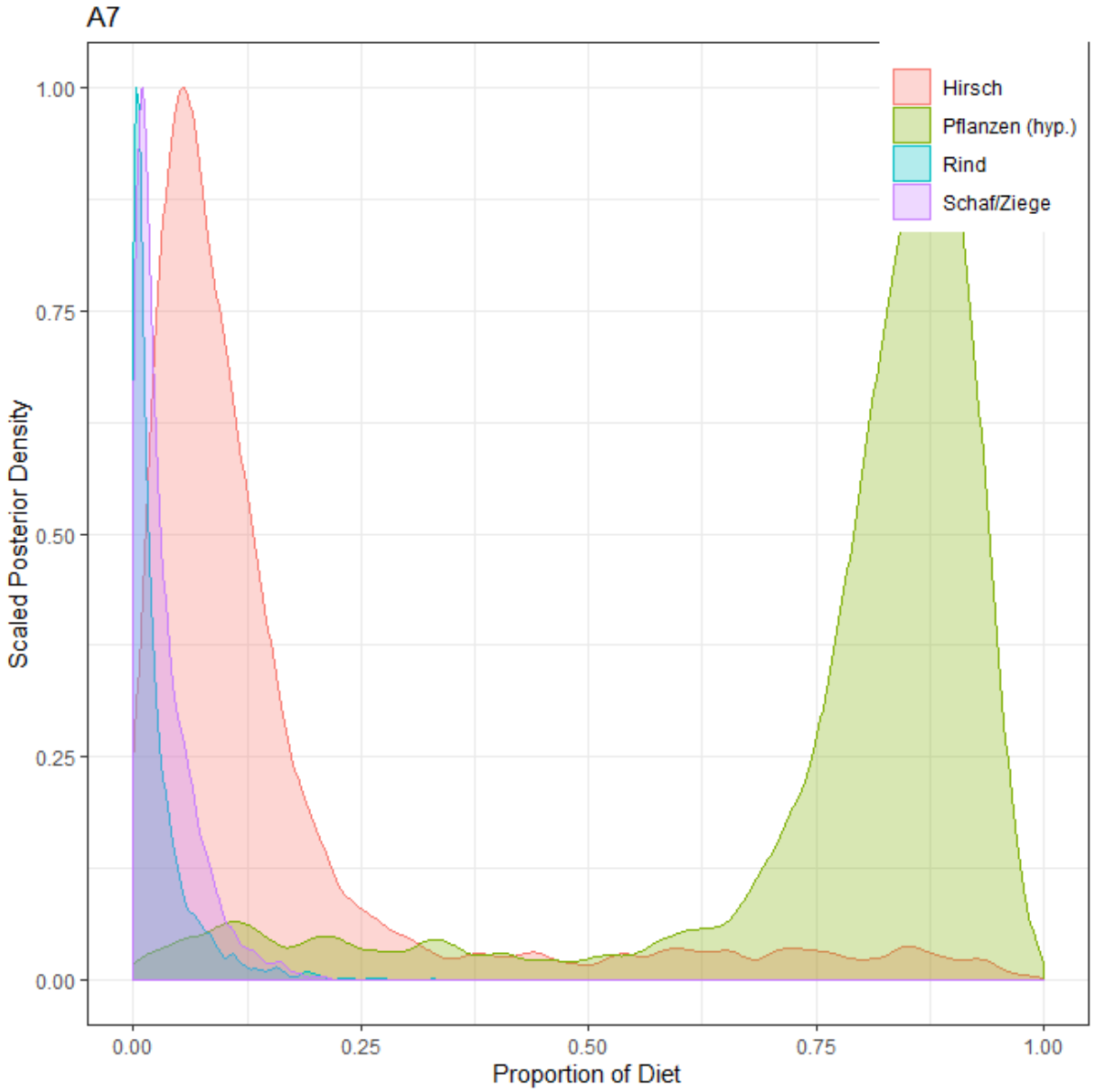


Abbildung 122: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 7. Erstellt mit MixSIAR.

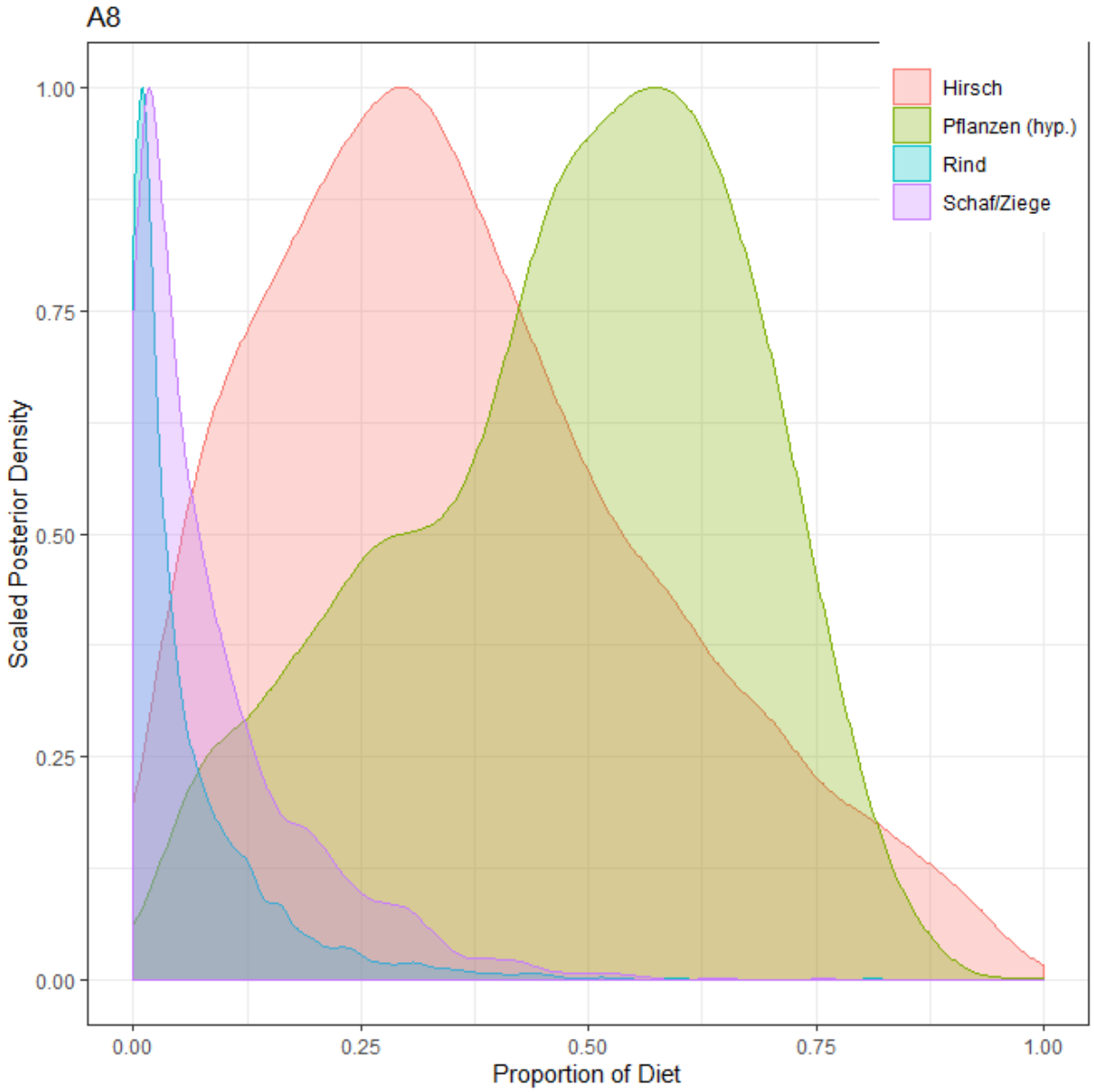


Abbildung 123: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 8. Erstellt mit MixSIAR.

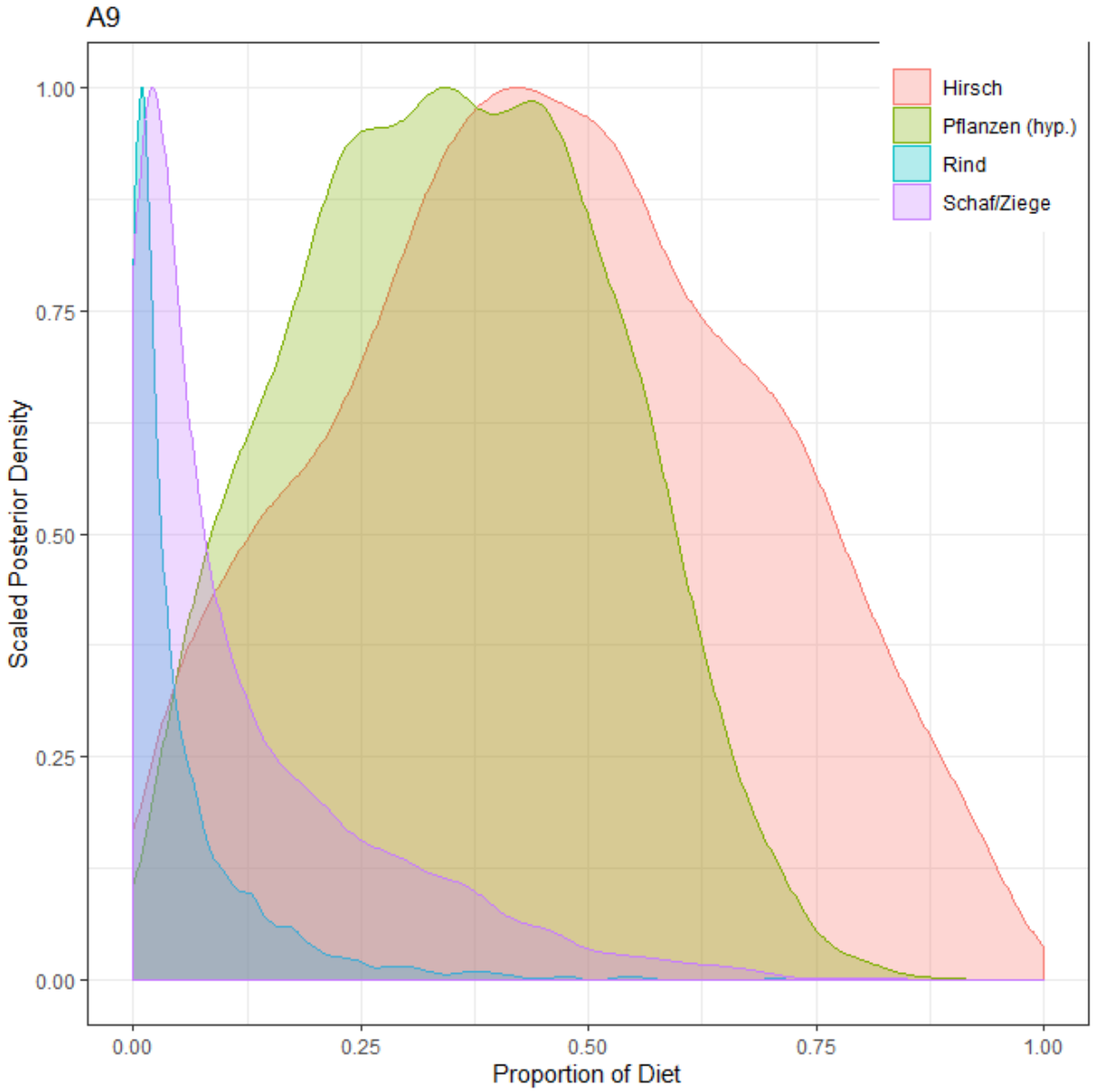


Abbildung 124: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 9. Erstellt mit MixSIAR.

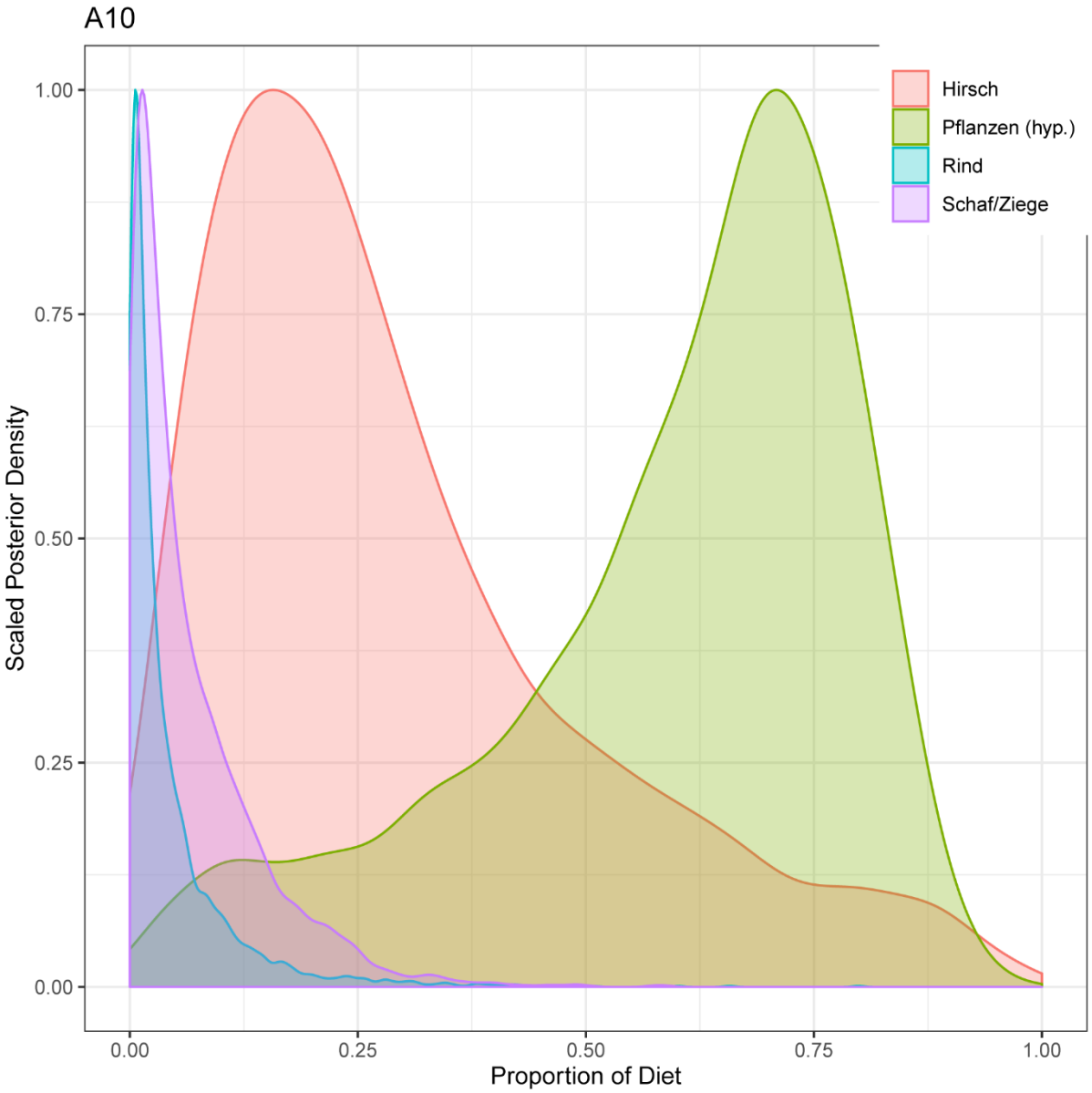


Abbildung 125: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 10. Erstellt mit MixSIAR.

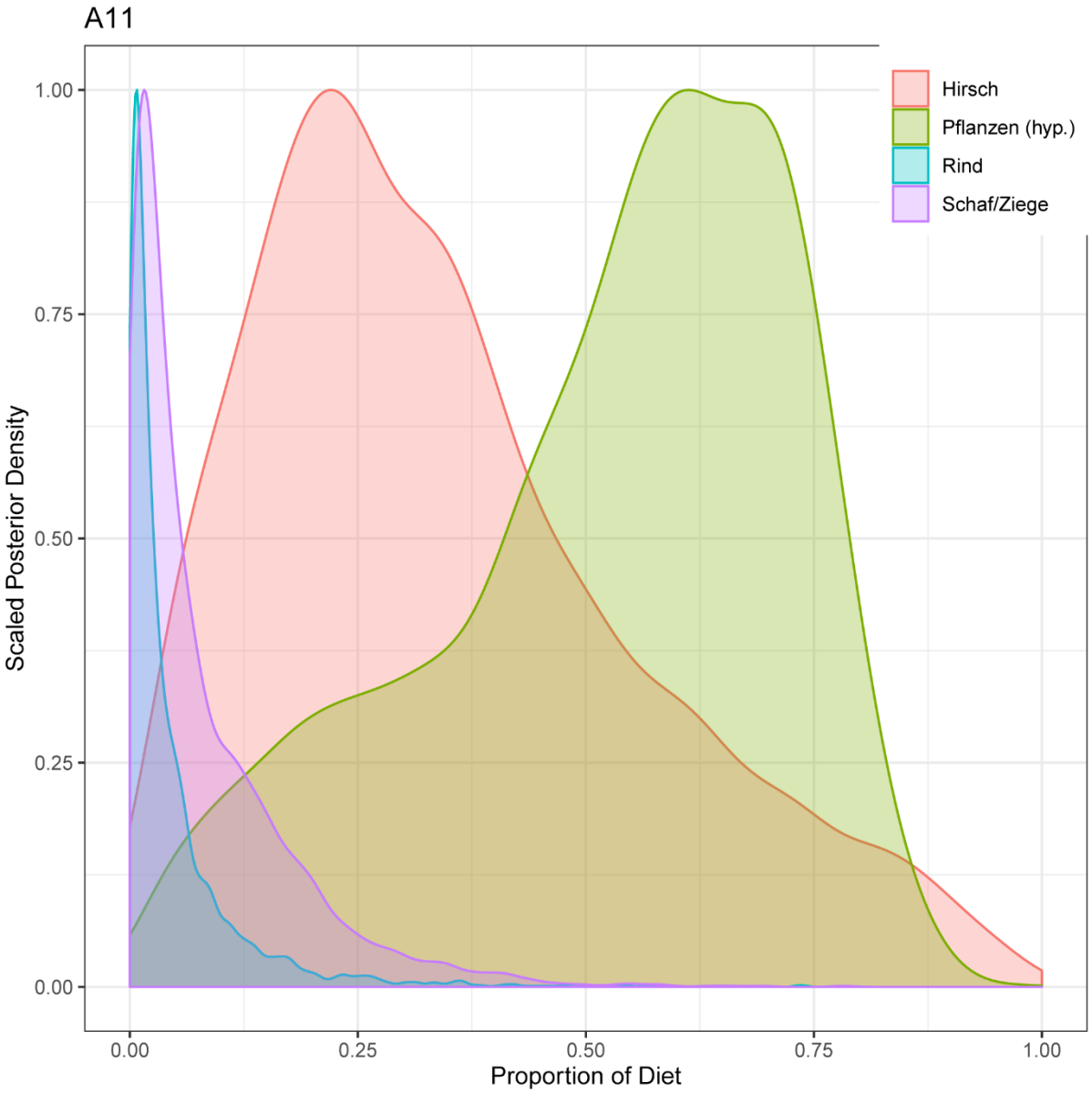


Abbildung 126: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 11. Erstellt mit MixSIAR.

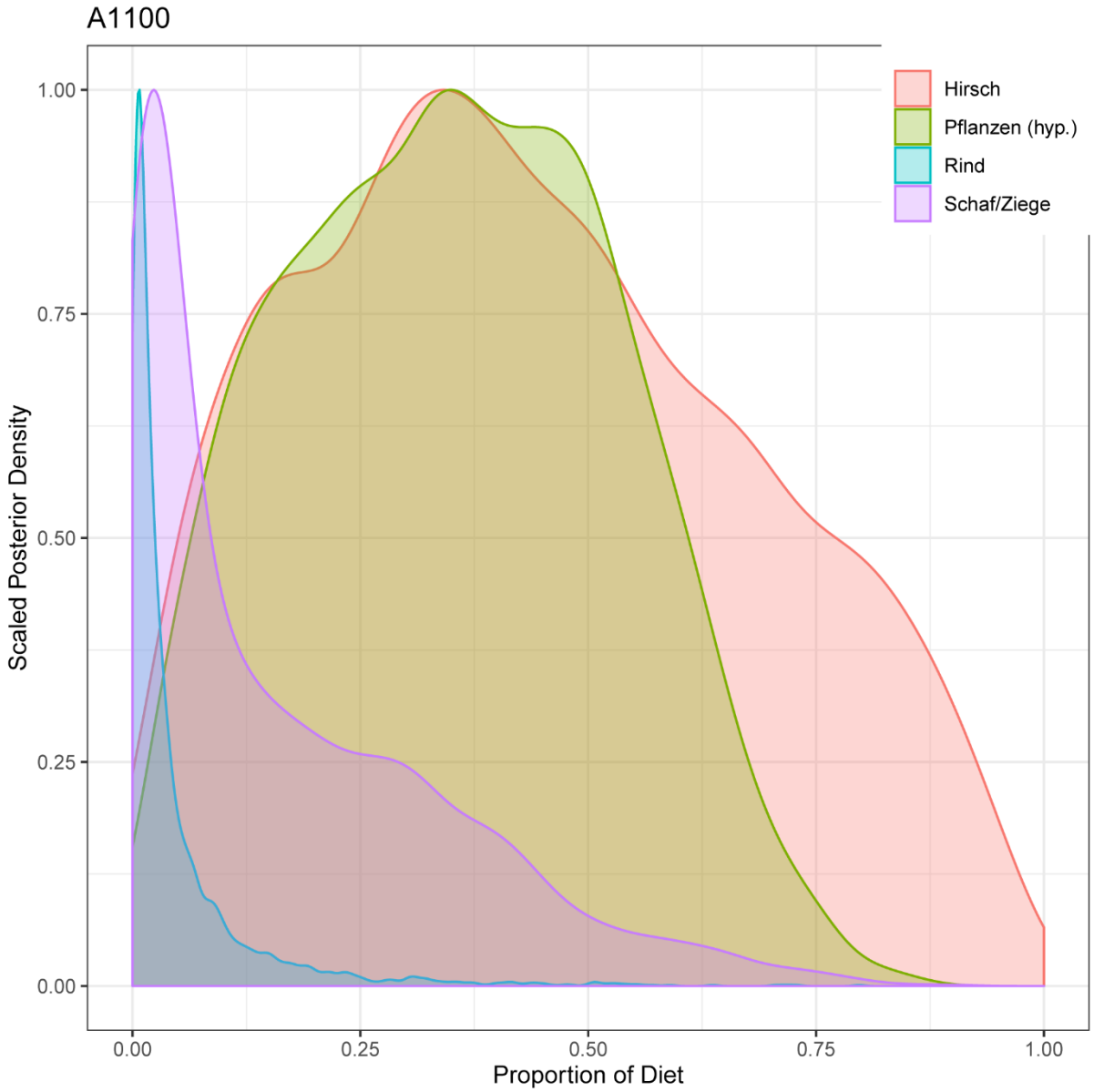


Abbildung 127: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1100. Erstellt mit MixSIAR.

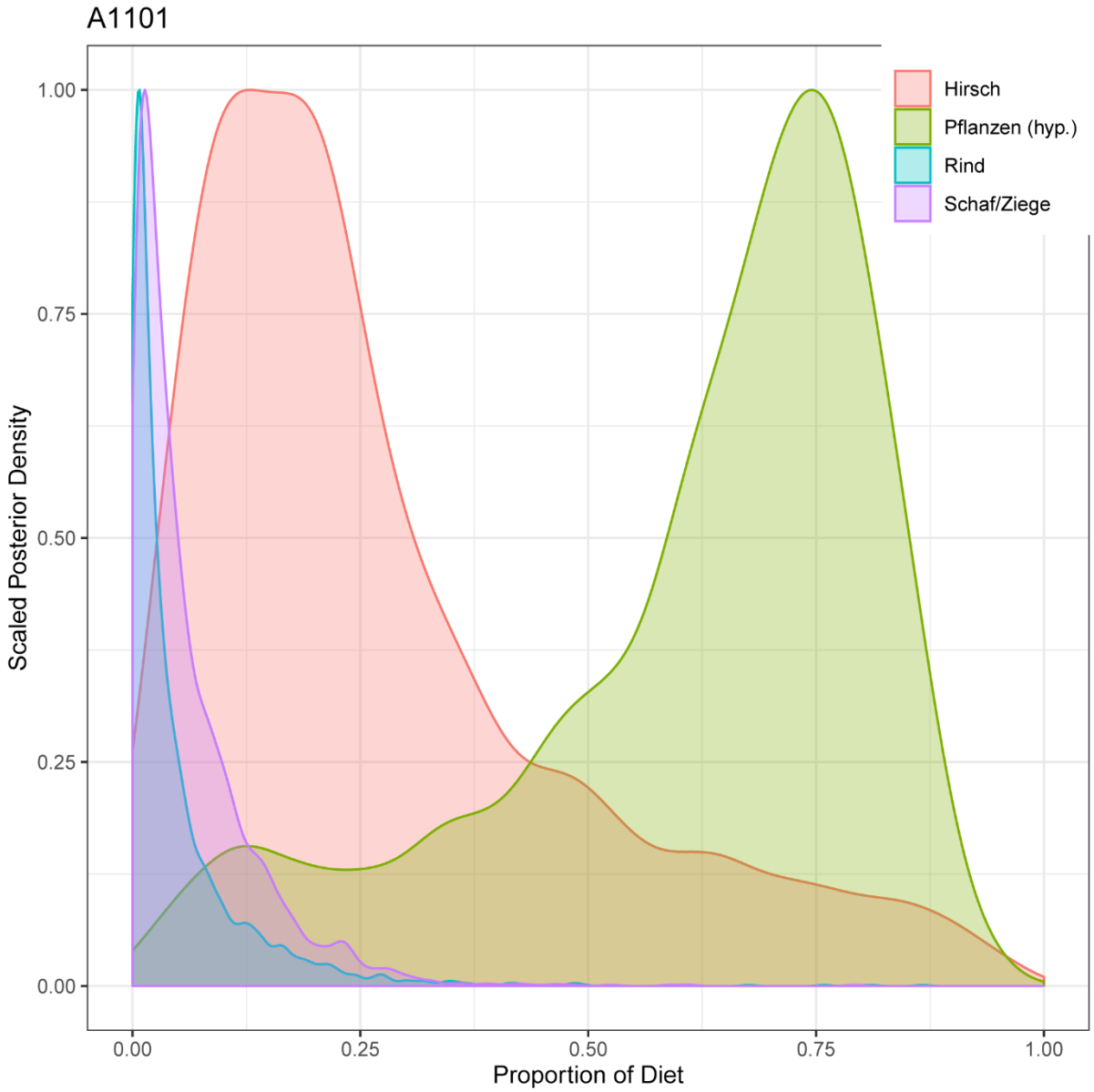


Abbildung 128: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1101. Erstellt mit MixSIAR.

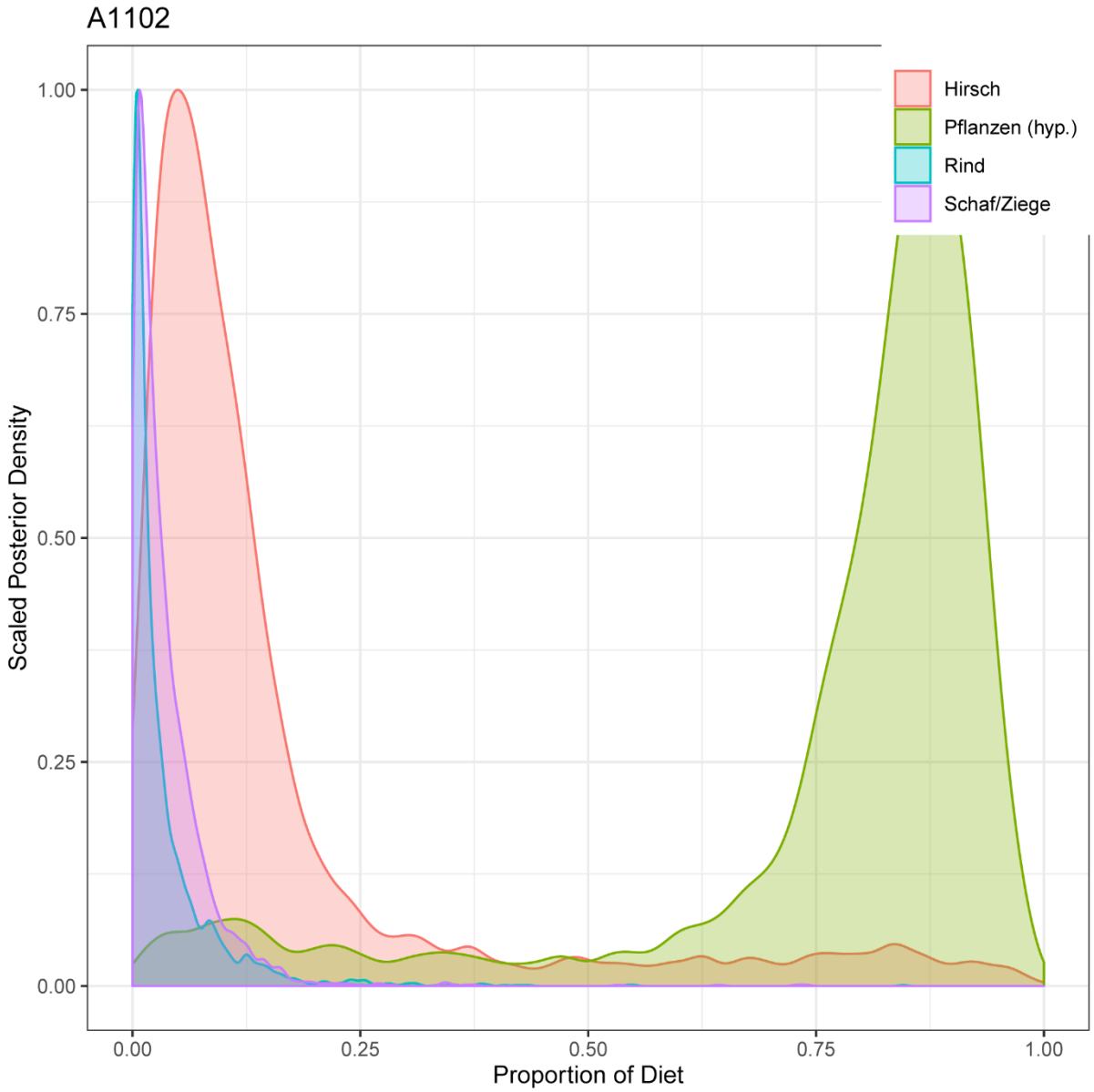


Abbildung 129: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1102. Erstellt mit MixSIAR.

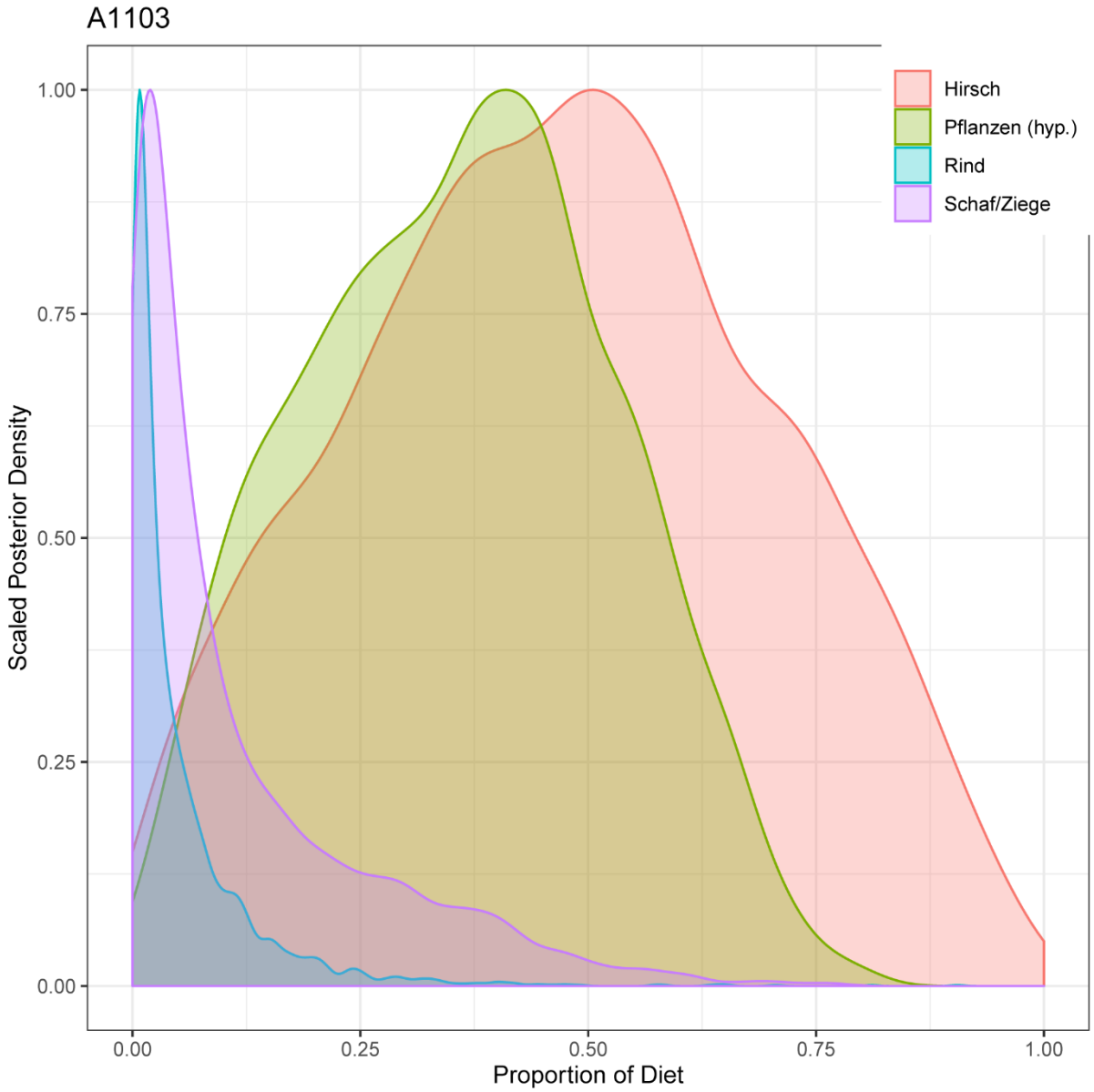


Abbildung 130: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1103. Erstellt mit MixSIAR.

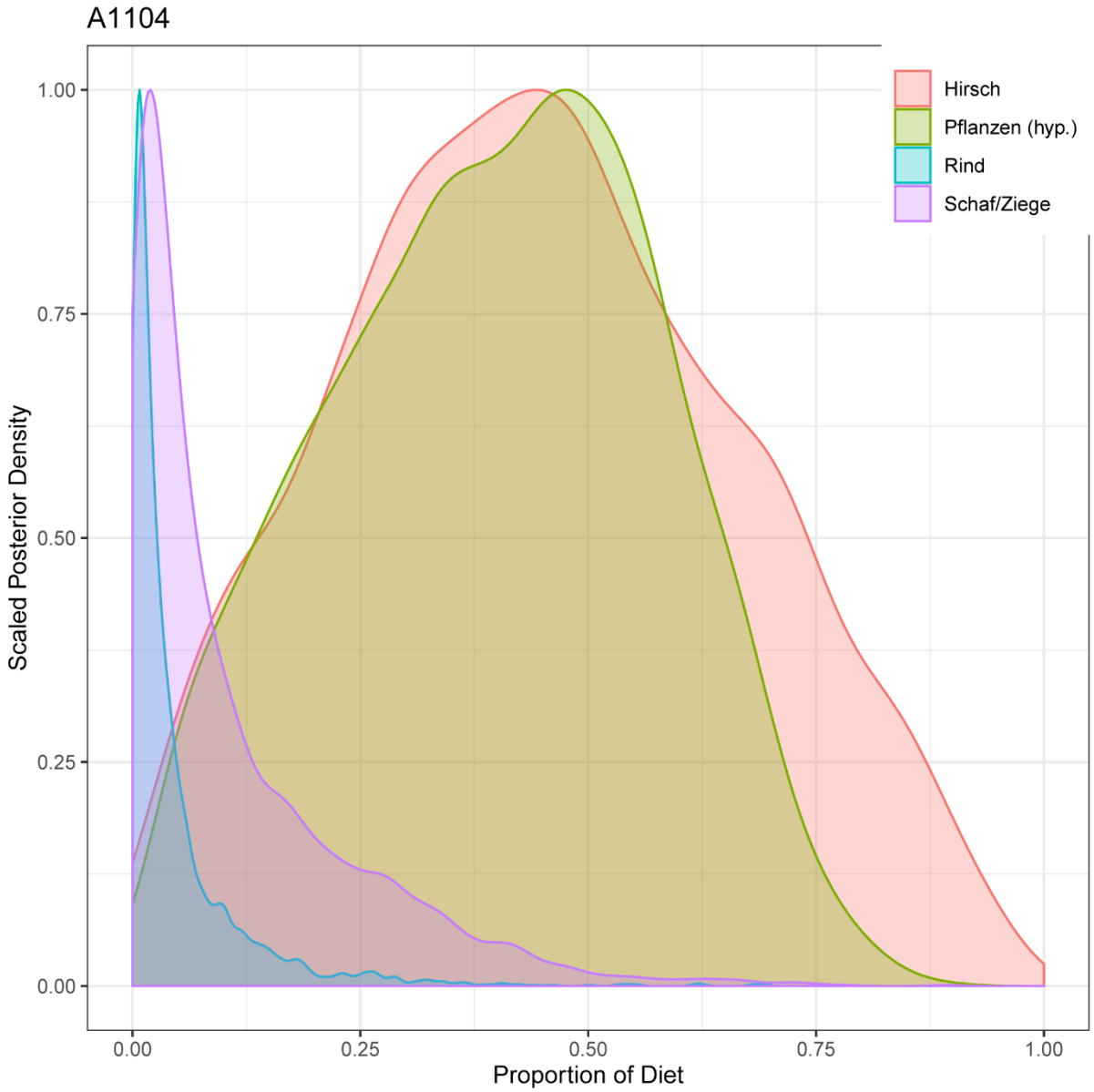


Abbildung 131: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1104. Erstellt mit MixSIAR.

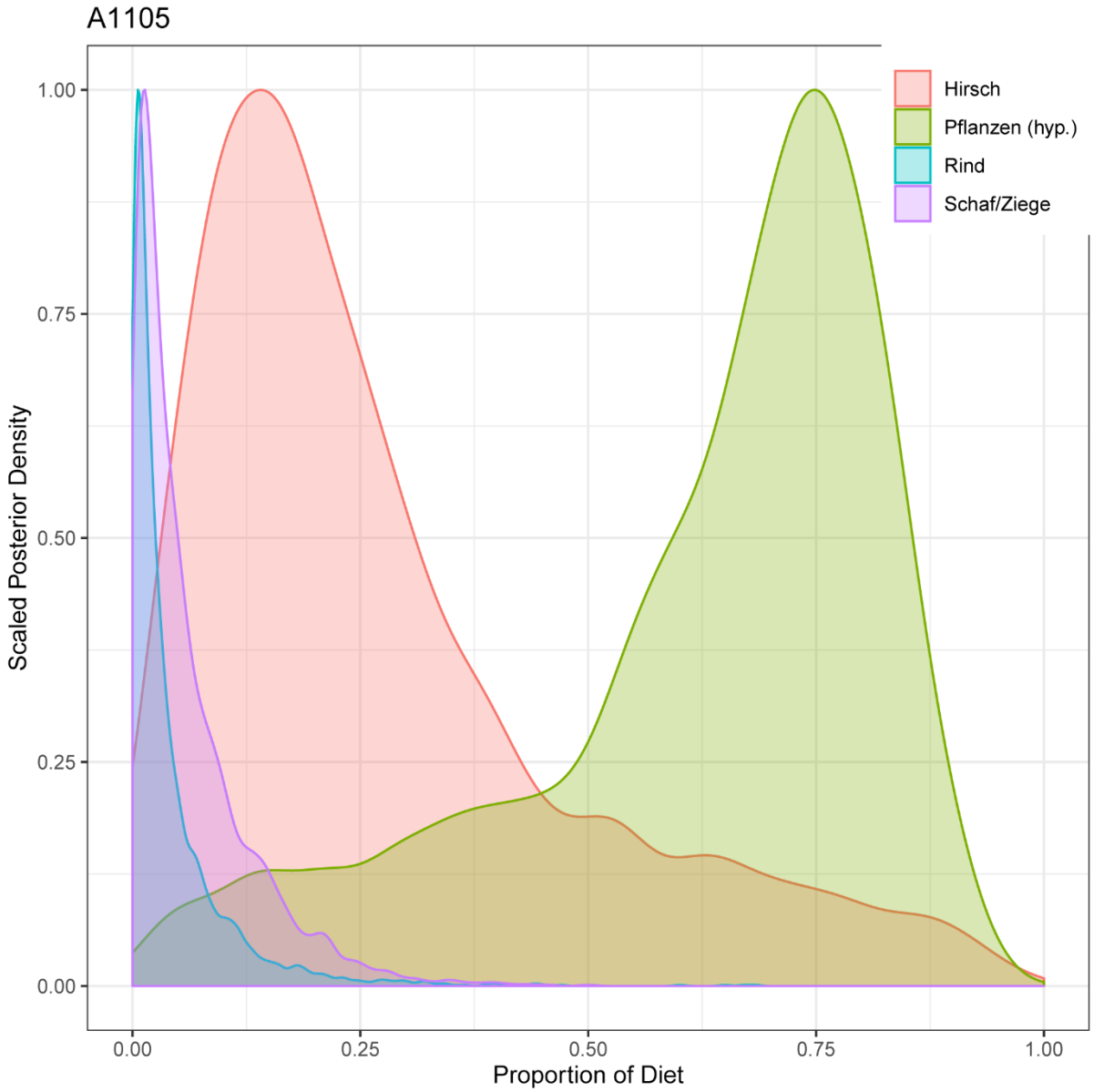


Abbildung 132: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1105. Erstellt mit MixSIAR.

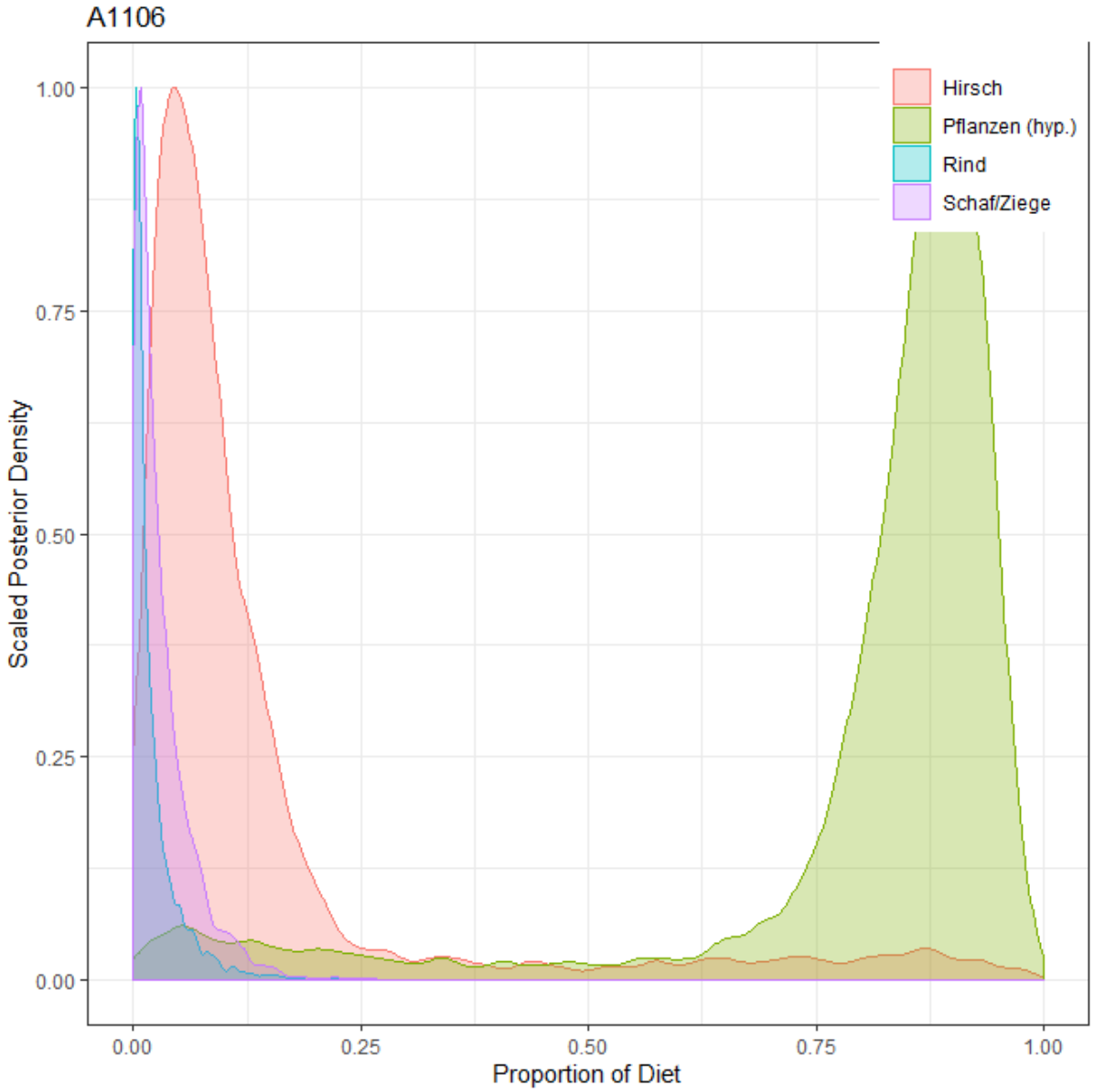


Abbildung 133: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1106. Erstellt mit MixSIAR.

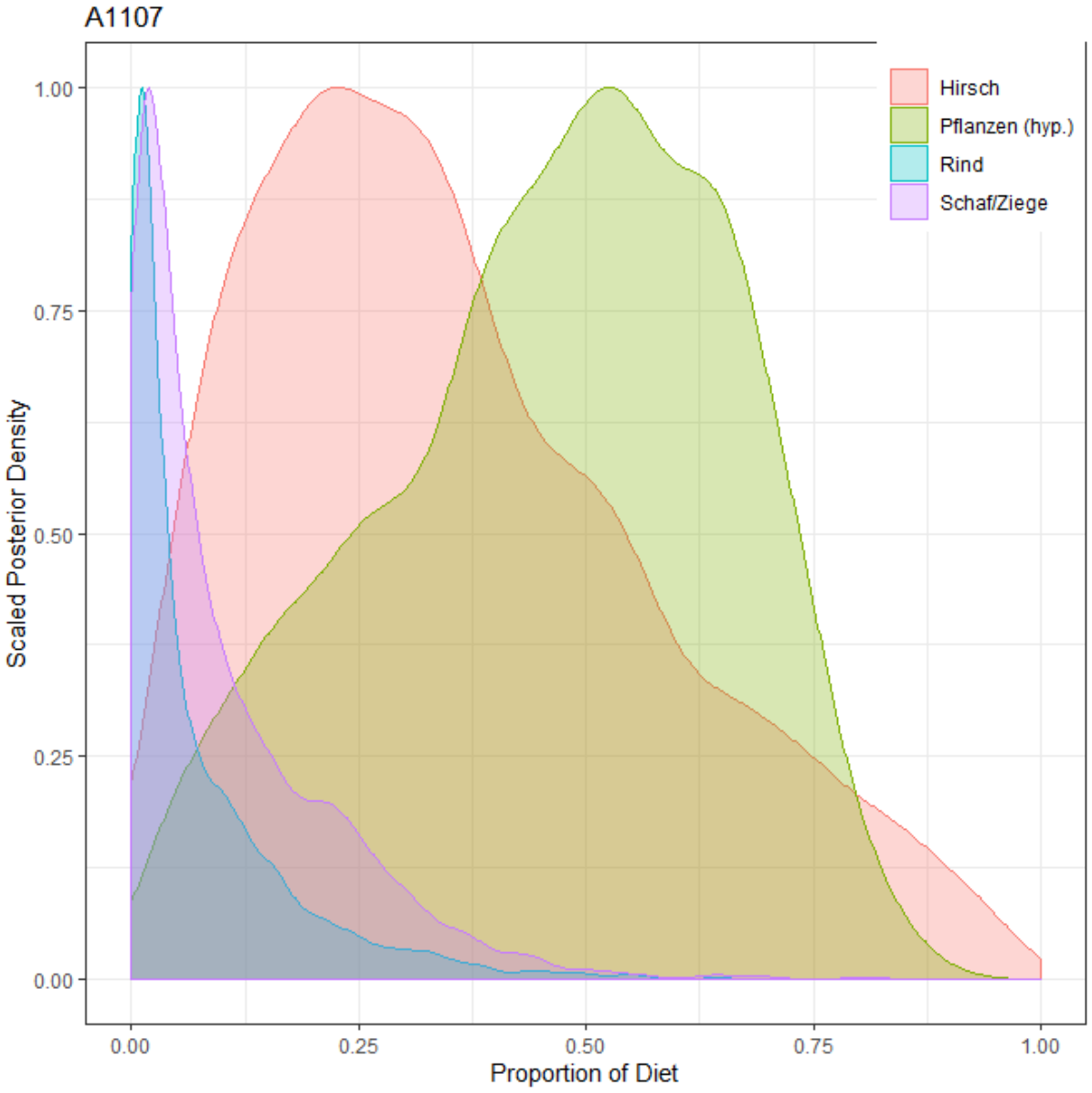


Abbildung 134: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1107. Erstellt mit MixSIAR.

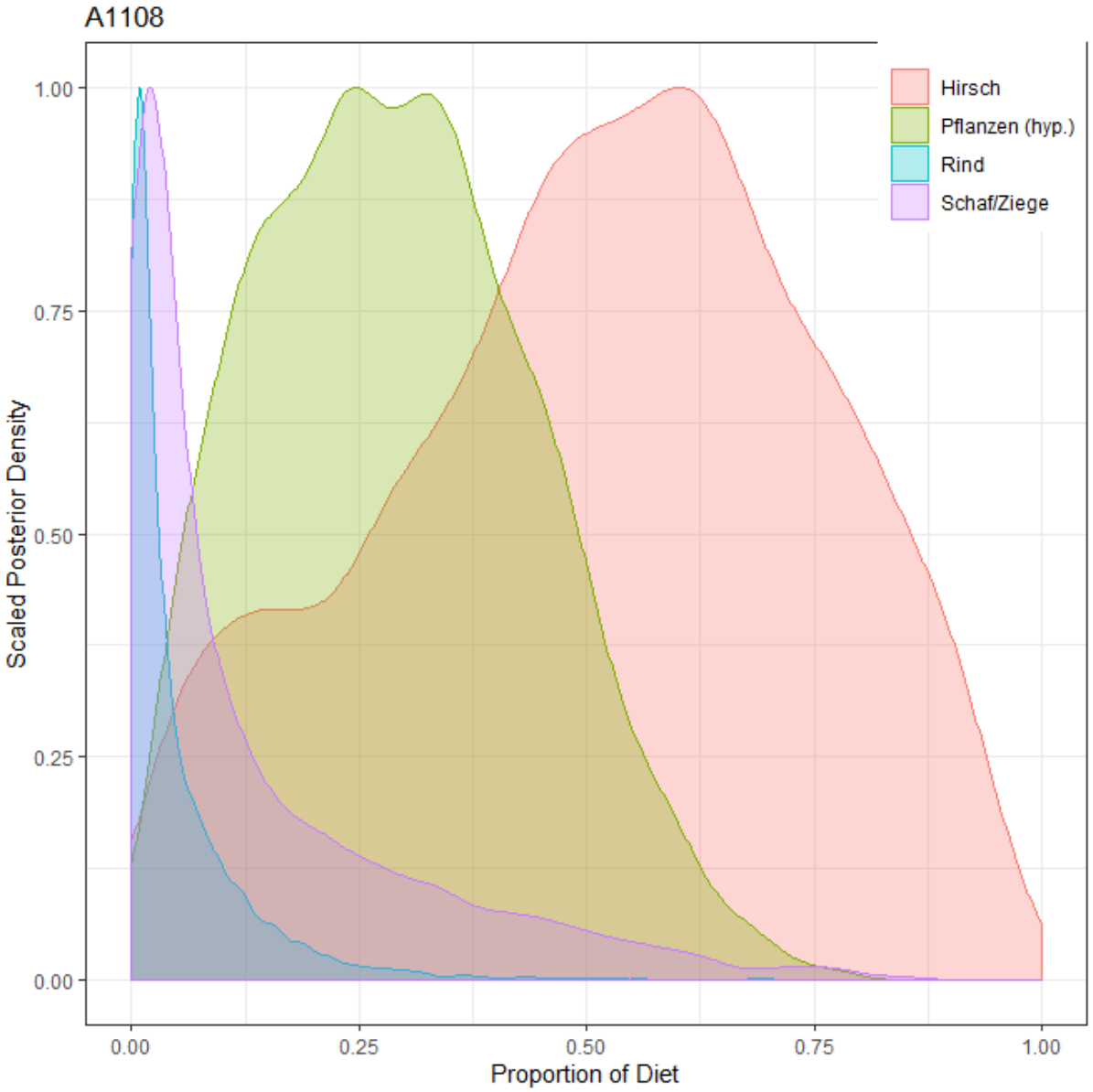


Abbildung 135: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1108. Erstellt mit MixSIAR.

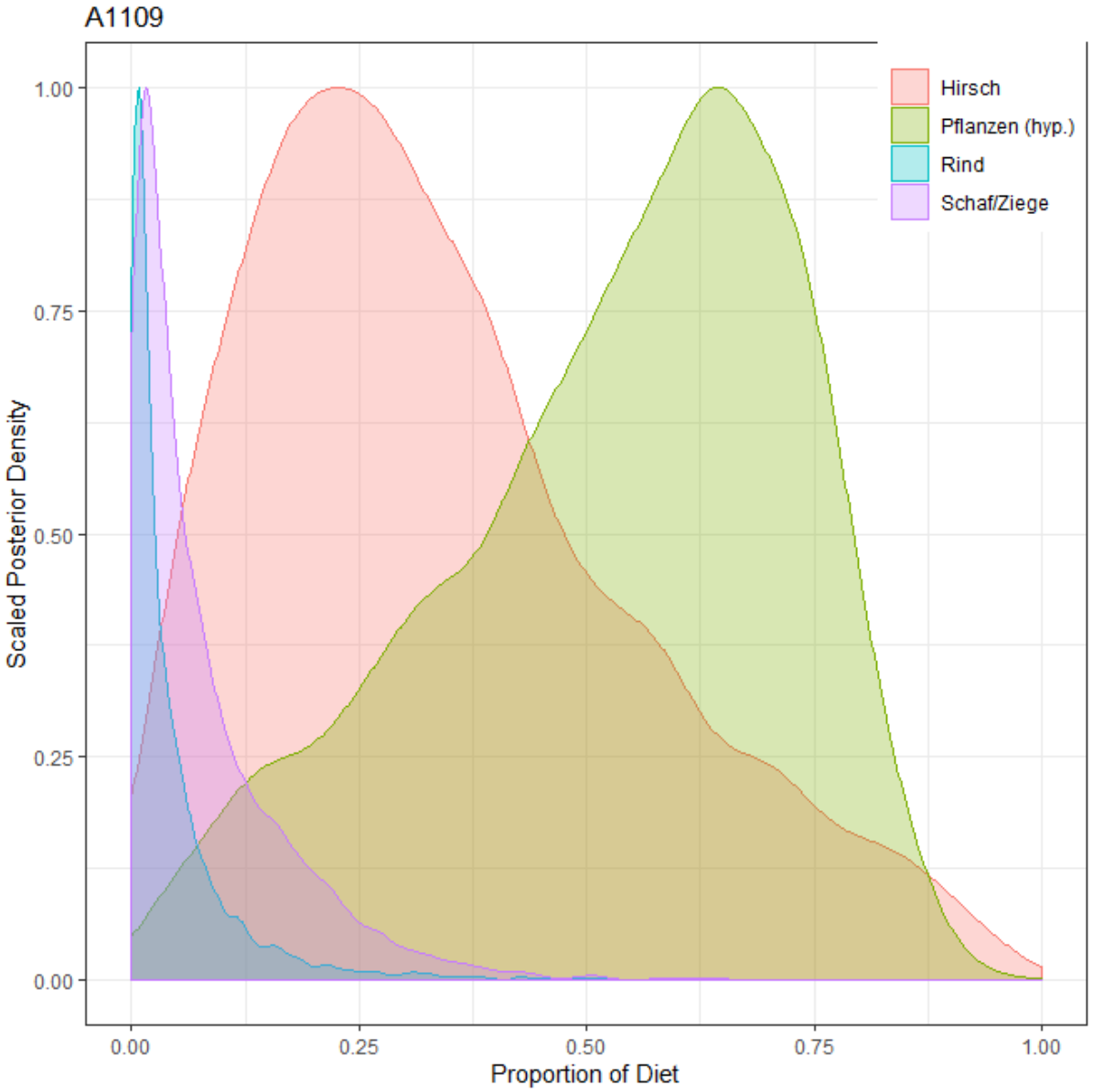


Abbildung 136: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1109. Erstellt mit MixSIAR.

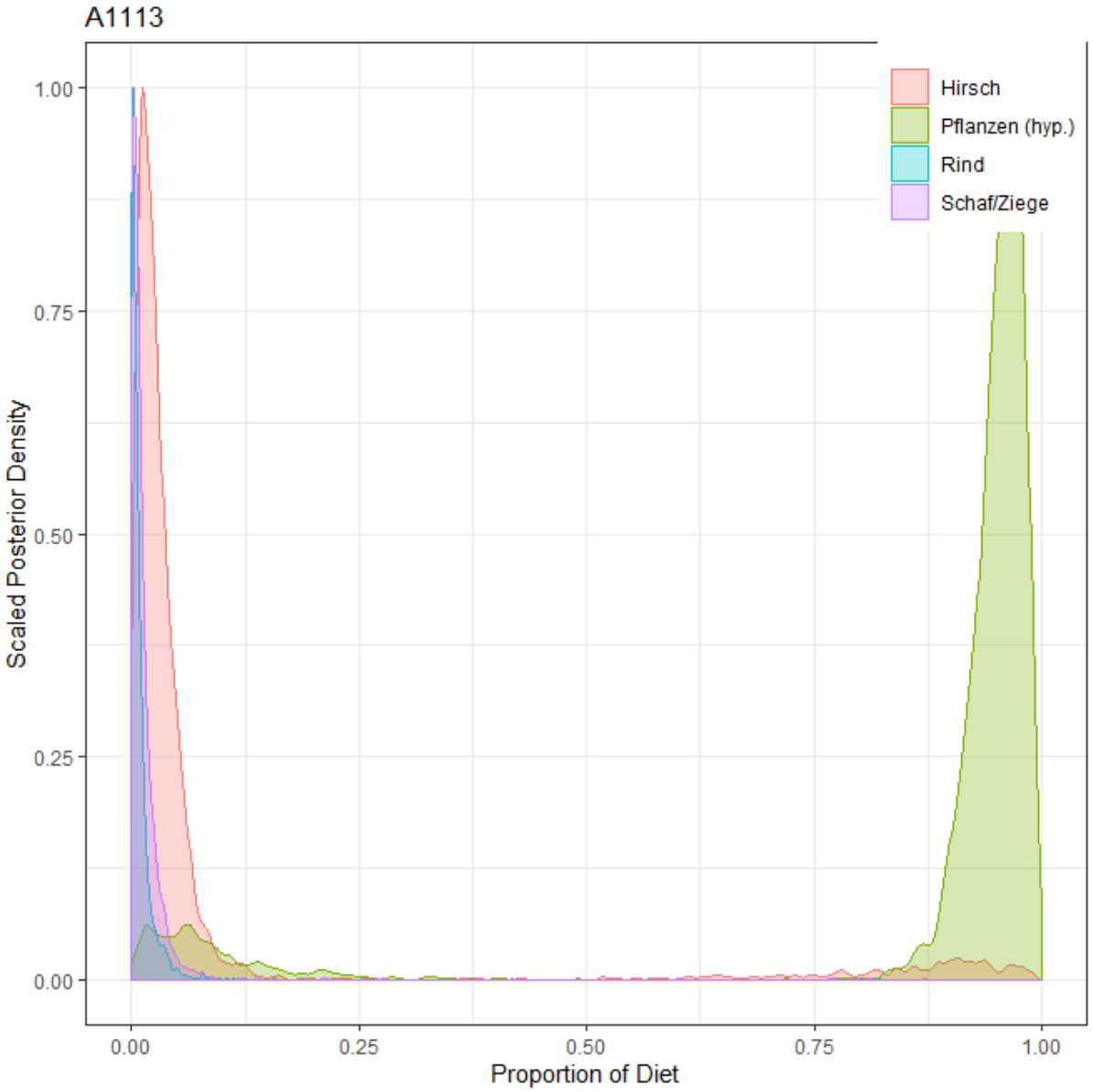


Abbildung 137: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1113. Erstellt mit MixSIAR.

2.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 4: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell (Version A: 4-Quellen) für die Individuen aus Alepotrypa (A). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR - Version A: 4 Quellen						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
A1	Hirsch	7,4%	29,6%	16,4%	25,8%	69,5%
	Pflanzen	20,7%	60,7%	15,9%	65,0%	81,5%
	Rind	0,1%	3,5%	3,5%	2,5%	12,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	6,2%	4,8%	5,2%	17,5%
A2	Hirsch	3,5%	31,0%	20,7%	26,2%	82,6%
	Pflanzen	9,7%	57,6%	19,8%	62,1%	85,1%
	Rind	0,0%	4,3%	6,6%	2,0%	23,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,1%	7,5%	4,6%	26,6%
A3	Hirsch	5,3%	47,7%	22,5%	47,6%	89,8%
	Pflanzen	4,7%	36,0%	17,0%	36,1%	67,5%
	Rind	0,0%	4,9%	7,0%	2,4%	23,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,4%	13,6%	5,7%	48,4%
A4	Hirsch	4,2%	40,4%	21,7%	38,5%	85,9%
	Pflanzen	7,2%	45,1%	18,4%	47,1%	76,4%
	Rind	0,0%	4,6%	7,0%	2,1%	25,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,9%	11,2%	5,5%	39,1%
A5	Hirsch	6,0%	46,1%	22,2%	45,6%	89,7%
	Pflanzen	5,7%	38,0%	17,4%	38,8%	70,3%
	Rind	0,0%	4,6%	7,1%	2,2%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,2%	13,0%	5,9%	46,6%
A6	Hirsch	2,9%	30,2%	20,9%	24,5%	82,9%
	Pflanzen	10,1%	57,9%	20,1%	63,3%	85,4%
	Rind	0,0%	4,9%	6,7%	2,3%	23,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,0%	7,2%	4,5%	26,1%
A7	Hirsch	1,1%	16,1%	20,0%	9,1%	83,2%
	Pflanzen	10,4%	77,6%	21,0%	84,7%	95,2%
	Rind	0,0%	2,8%	3,9%	1,4%	14,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,5%	4,1%	2,3%	13,3%
A8	Hirsch	3,8%	36,3%	21,3%	33,1%	84,5%
	Pflanzen	7,5%	47,8%	19,2%	50,4%	78,5%
	Rind	0,0%	6,5%	9,0%	3,0%	32,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,4%	10,3%	5,9%	36,7%
A9	Hirsch	4,8%	45,9%	22,4%	45,3%	88,4%
	Pflanzen	5,5%	35,3%	16,7%	35,1%	66,5%
	Rind	0,1%	6,0%	8,6%	2,6%	30,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,9%	14,6%	7,0%	52,6%
A10	Hirsch	3,3%	29,5%	21,2%	23,9%	84,7%
	Pflanzen	9,2%	59,4%	20,2%	64,8%	85,9%
	Rind	0,1%	4,3%	6,5%	2,0%	23,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,7%	7,3%	4,1%	25,4%
A11	Hirsch	4,1%	34,6%	21,3%	30,7%	84,9%
	Pflanzen	8,5%	52,6%	19,8%	56,7%	80,8%
	Rind	0,1%	4,7%	7,1%	2,2%	24,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,2%	9,2%	4,7%	33,8%
A1100	Hirsch	3,9%	43,4%	24,2%	41,0%	90,4%
	Pflanzen	4,0%	35,2%	17,6%	35,0%	68,6%
	Rind	0,0%	4,9%	8,0%	2,0%	29,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,6%	17,4%	10,0%	60,7%
A1101	Hirsch	2,2%	27,4%	21,3%	21,0%	84,2%

	Pflanzen	8,8%	61,5%	21,0%	67,8%	87,6%
	Rind	0,1%	4,9%	7,3%	2,2%	24,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	6,2%	6,8%	3,9%	23,9%
A1102	Hirsch	1,0%	16,3%	20,8%	8,9%	84,1%
	Pflanzen	8,4%	76,7%	22,0%	84,4%	95,4%
	Rind	0,0%	3,3%	5,2%	1,4%	16,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,7%	4,6%	2,3%	14,2%
A1103	Hirsch	5,4%	47,1%	22,6%	47,4%	89,2%
	Pflanzen	5,7%	35,9%	16,7%	36,5%	66,8%
	Rind	0,1%	5,2%	7,5%	2,4%	25,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,9%	13,8%	6,1%	48,0%
A1104	Hirsch	5,5%	44,6%	21,8%	43,9%	87,0%
	Pflanzen	5,8%	39,6%	17,8%	40,5%	71,1%
	Rind	0,1%	4,7%	7,2%	2,2%	25,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,0%	12,6%	6,0%	43,7%
A1105	Hirsch	2,4%	27,3%	21,1%	20,9%	83,0%
	Pflanzen	9,9%	62,4%	20,7%	68,8%	88,5%
	Rind	0,0%	4,2%	6,2%	2,0%	21,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,1%	6,6%	3,9%	23,9%
A1106	Hirsch	1,0%	14,6%	20,1%	7,7%	85,0%
	Pflanzen	8,1%	80,0%	21,3%	87,0%	96,2%
	Rind	0,0%	2,3%	3,9%	1,0%	11,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,2%	4,0%	2,0%	12,3%
A1107	Hirsch	3,6%	35,6%	22,0%	31,7%	85,8%
	Pflanzen	6,6%	46,1%	19,2%	48,4%	77,3%
	Rind	0,1%	7,7%	10,1%	3,5%	36,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,7%	11,5%	6,3%	40,0%
A1108	Hirsch	5,0%	51,4%	23,4%	53,1%	91,2%
	Pflanzen	4,4%	29,3%	15,1%	28,5%	59,9%
	Rind	0,0%	5,5%	7,6%	2,5%	26,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	13,9%	17,0%	6,2%	60,1%
A1109	Hirsch	3,8%	34,2%	21,2%	30,2%	84,0%
	Pflanzen	9,8%	52,9%	19,7%	56,4%	82,5%
	Rind	0,0%	4,8%	7,0%	2,2%	25,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,2%	9,1%	4,9%	32,2%
A1113	Hirsch	0,3%	10,2%	23,5%	2,5%	92,1%
	Pflanzen	3,3%	86,0%	26,8%	95,4%	99,0%
	Rind	0,0%	1,4%	5,5%	0,5%	5,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,3%	8,0%	0,8%	8,9%

Tabelle 5: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell (Version B: 5-Quellen) für die Individuen aus Alepotrypa (A). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR - Version B: 5 Quellen						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
A1	Hirsch	8,1%	33,7%	17,0%	30,7%	71,2%
	Pflanzen	17,2%	55,8%	16,6%	59,1%	79,3%
	Rind	0,1%	3,3%	3,4%	2,3%	12,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,5%	5,2%	5,4%	19,7%
	Thunfisch	0,0%	0,7%	0,6%	0,5%	2,4%
A2	Hirsch	3,4%	35,0%	22,1%	30,5%	86,3%
	Pflanzen	6,1%	52,8%	21,1%	57,7%	82,4%
	Rind	0,0%	4,1%	6,4%	1,8%	22,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,4%	8,4%	4,4%	29,3%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,1%	0,4%	3,9%
A3	Hirsch	6,5%	51,1%	22,2%	51,1%	90,5%
	Pflanzen	4,0%	32,3%	16,4%	32,0%	64,7%
	Rind	0,0%	4,5%	7,1%	1,9%	25,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,2%	14,0%	5,3%	52,4%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,0%	0,4%	3,8%
A4	Hirsch	4,8%	44,4%	22,4%	42,5%	89,2%
	Pflanzen	5,1%	40,8%	18,9%	42,4%	73,7%
	Rind	0,0%	4,1%	6,6%	1,7%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,1%	12,0%	5,4%	43,1%
	Thunfisch	0,0%	0,7%	0,9%	0,4%	3,2%
A5	Hirsch	6,8%	49,6%	22,7%	49,7%	91,1%
	Pflanzen	4,1%	34,5%	17,2%	34,2%	67,2%
	Rind	0,0%	4,1%	6,6%	1,8%	22,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,1%	13,5%	5,3%	49,5%
	Thunfisch	0,0%	0,7%	0,9%	0,4%	3,3%
A6	Hirsch	3,6%	33,7%	21,8%	28,3%	85,5%
	Pflanzen	7,3%	53,8%	21,1%	58,5%	83,3%
	Rind	0,0%	4,5%	6,5%	2,1%	23,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,0%	7,9%	4,3%	28,0%
	Thunfisch	0,0%	1,0%	1,4%	0,4%	4,9%
A7	Hirsch	1,5%	19,3%	22,2%	10,7%	86,2%
	Pflanzen	6,1%	73,2%	23,4%	82,0%	94,2%
	Rind	0,0%	2,7%	4,5%	1,3%	13,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,9%	4,8%	2,4%	15,4%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,3%	0,3%	4,4%
A8	Hirsch	5,1%	40,1%	22,1%	36,8%	87,8%
	Pflanzen	5,7%	43,9%	19,6%	46,1%	76,4%
	Rind	0,1%	5,5%	8,1%	2,4%	28,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,3%	10,7%	5,3%	39,4%
	Thunfisch	0,0%	1,1%	1,5%	0,5%	5,9%
A9	Hirsch	6,9%	50,0%	22,2%	50,4%	90,7%
	Pflanzen	3,8%	31,9%	16,5%	31,2%	64,9%
	Rind	0,0%	5,1%	7,3%	2,3%	25,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	12,0%	14,2%	6,4%	50,3%
	Thunfisch	0,0%	1,0%	1,4%	0,5%	5,2%
A10	Hirsch	3,5%	34,0%	22,7%	28,7%	88,4%
	Pflanzen	5,8%	54,4%	21,6%	60,0%	84,2%
	Rind	0,0%	3,9%	6,2%	1,7%	21,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,0%	8,0%	4,1%	27,9%
	Thunfisch	0,0%	0,7%	1,1%	0,4%	3,7%
A11	Hirsch	4,3%	38,4%	22,3%	34,7%	86,1%
	Pflanzen	6,0%	48,5%	20,5%	52,0%	80,4%
	Rind	0,0%	4,3%	7,0%	1,8%	24,6%

	Schaf/Ziege	0,1%	8,1%	9,5%	4,6%	34,2%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,0%	0,4%	3,7%
A1100	Hirsch	4,1%	46,0%	25,3%	44,6%	92,2%
	Pflanzen	3,2%	32,6%	17,8%	31,7%	67,8%
	Rind	0,0%	4,4%	7,7%	1,6%	28,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	16,4%	18,0%	8,5%	60,2%
	Thunfisch	0,0%	0,6%	0,9%	0,3%	2,7%
A1101	Hirsch	3,2%	30,9%	21,7%	25,0%	85,3%
	Pflanzen	6,8%	57,1%	21,6%	62,7%	86,0%
	Rind	0,0%	4,5%	6,8%	1,9%	23,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,6%	7,1%	4,1%	26,0%
	Thunfisch	0,0%	1,0%	1,4%	0,5%	5,2%
A1102	Hirsch	1,4%	19,2%	21,1%	11,5%	82,6%
	Pflanzen	7,4%	71,7%	22,9%	80,0%	94,7%
	Rind	0,0%	3,5%	5,3%	1,6%	17,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	4,2%	5,1%	2,7%	16,3%
	Thunfisch	0,0%	1,4%	2,1%	0,4%	7,6%
A1103	Hirsch	6,7%	49,8%	22,2%	50,0%	89,7%
	Pflanzen	4,6%	33,0%	16,6%	32,5%	65,0%
	Rind	0,0%	4,7%	7,4%	2,0%	24,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,6%	14,2%	5,7%	51,6%
	Thunfisch	0,0%	0,9%	1,2%	0,4%	4,2%
A1104	Hirsch	5,9%	48,2%	22,4%	47,6%	90,5%
	Pflanzen	4,8%	36,0%	17,6%	36,3%	68,0%
	Rind	0,0%	4,2%	6,7%	1,8%	23,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,9%	13,0%	5,4%	47,0%
	Thunfisch	0,0%	0,7%	1,0%	0,4%	3,8%
A1105	Hirsch	3,6%	30,3%	21,8%	23,7%	84,5%
	Pflanzen	7,9%	58,6%	21,3%	64,5%	87,0%
	Rind	0,0%	3,9%	6,0%	1,7%	20,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,3%	6,8%	3,9%	24,7%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,2%	0,4%	4,3%
A1106	Hirsch	1,2%	17,3%	22,2%	9,0%	87,0%
	Pflanzen	6,0%	76,5%	23,5%	85,1%	95,6%
	Rind	0,0%	2,3%	3,7%	1,0%	11,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,4%	3,8%	2,1%	13,7%
	Thunfisch	0,0%	0,6%	1,0%	0,3%	3,4%
A1107	Hirsch	4,5%	39,0%	21,8%	36,4%	87,2%
	Pflanzen	5,5%	41,7%	19,0%	42,9%	75,0%
	Rind	0,0%	6,8%	9,6%	3,0%	35,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,1%	12,2%	6,7%	43,3%
	Thunfisch	0,0%	1,4%	1,9%	0,6%	6,9%
A1108	Hirsch	6,6%	53,7%	23,0%	55,5%	91,3%
	Pflanzen	3,7%	27,0%	14,9%	25,5%	57,4%
	Rind	0,0%	4,8%	7,3%	2,0%	25,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	13,5%	16,8%	6,0%	59,6%
	Thunfisch	0,0%	1,0%	1,4%	0,4%	5,0%
A1109	Hirsch	4,3%	37,7%	22,0%	33,8%	86,7%
	Pflanzen	6,7%	49,2%	20,3%	52,6%	80,5%
	Rind	0,0%	4,1%	6,4%	1,8%	21,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	8,2%	9,3%	4,8%	33,7%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	1,1%	0,4%	3,7%
A1113	Hirsch	0,4%	10,9%	24,2%	2,7%	92,6%
	Pflanzen	2,6%	84,8%	27,5%	94,8%	98,8%
	Rind	0,0%	1,7%	6,6%	0,5%	7,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,2%	6,6%	0,9%	9,4%
	Thunfisch	0,0%	0,4%	1,2%	0,1%	2,1%

2.5 SISUS: Abbildungen

A 1

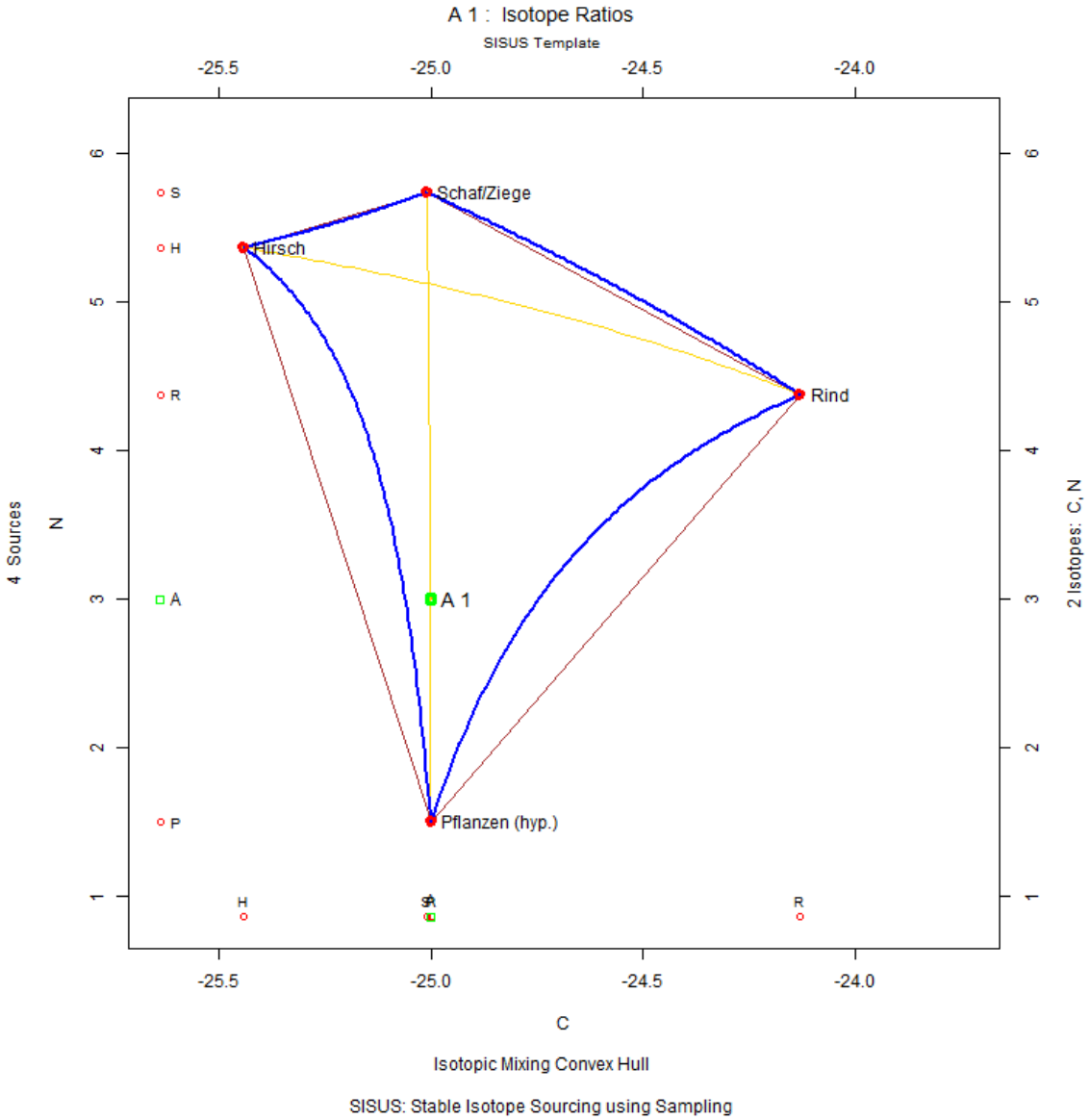


Abbildung 138: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1. Erstellt mit SISUS.

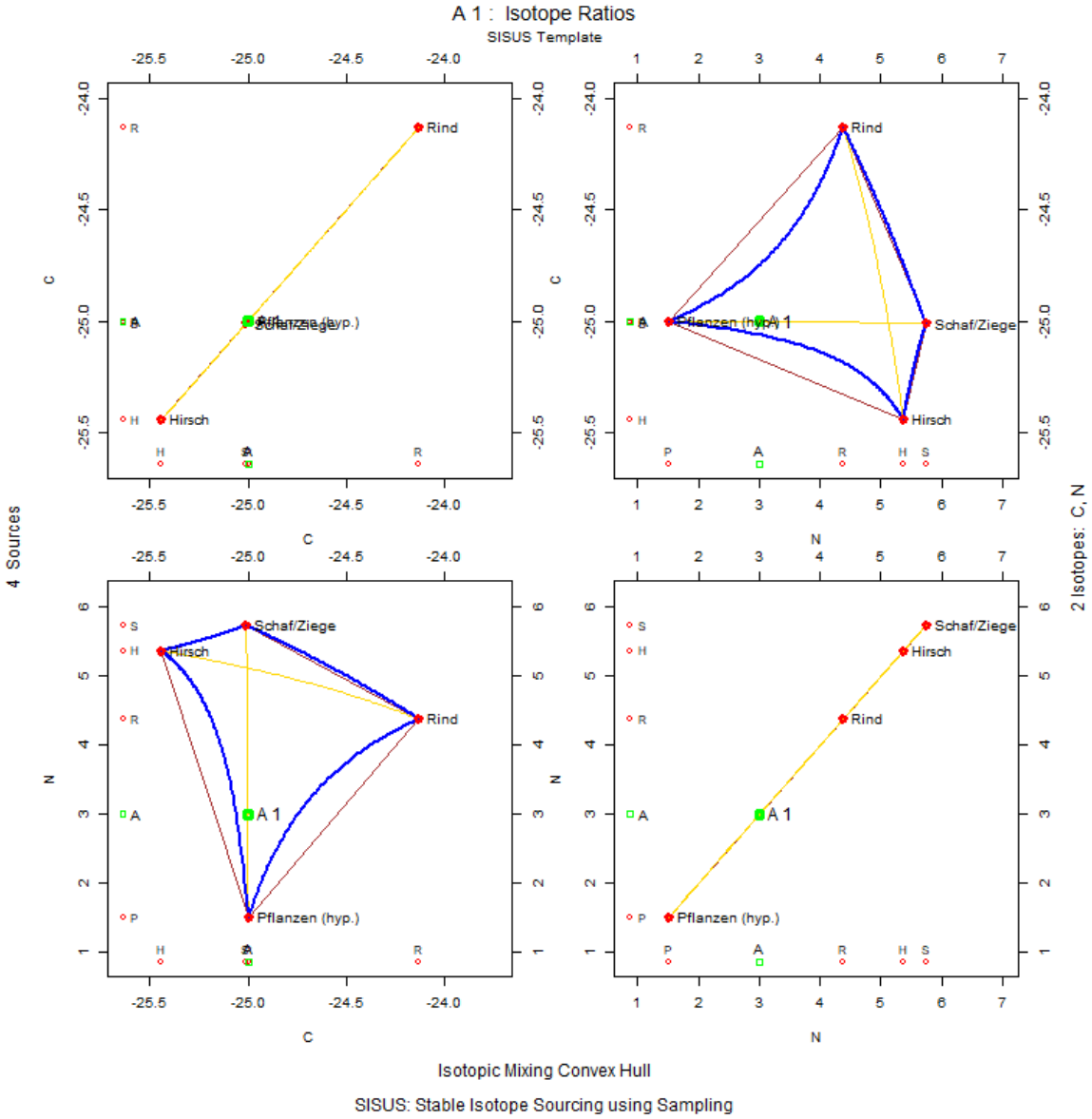


Abbildung 139: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

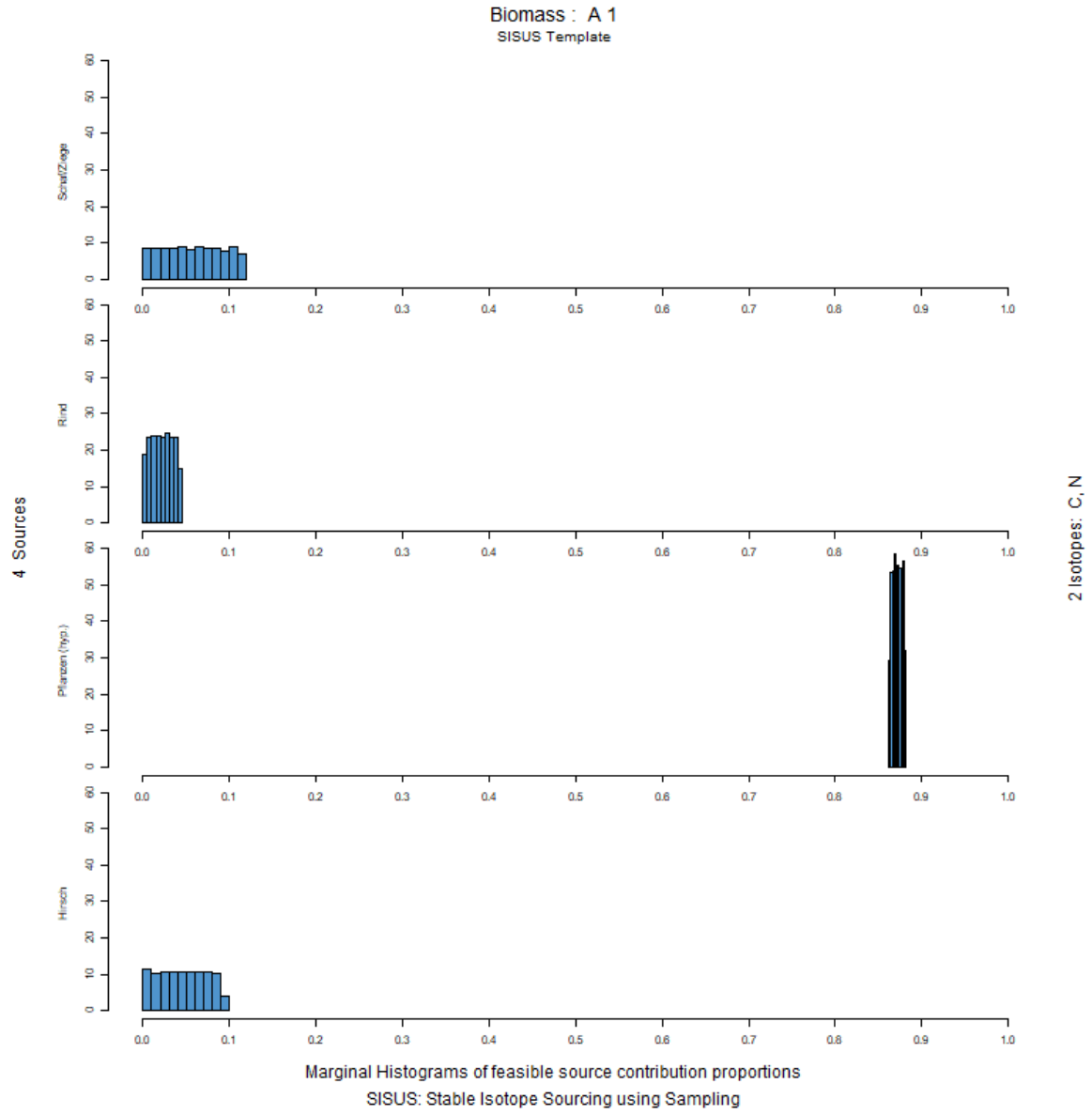


Abbildung 140: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1. Erstellt mit SISUS.

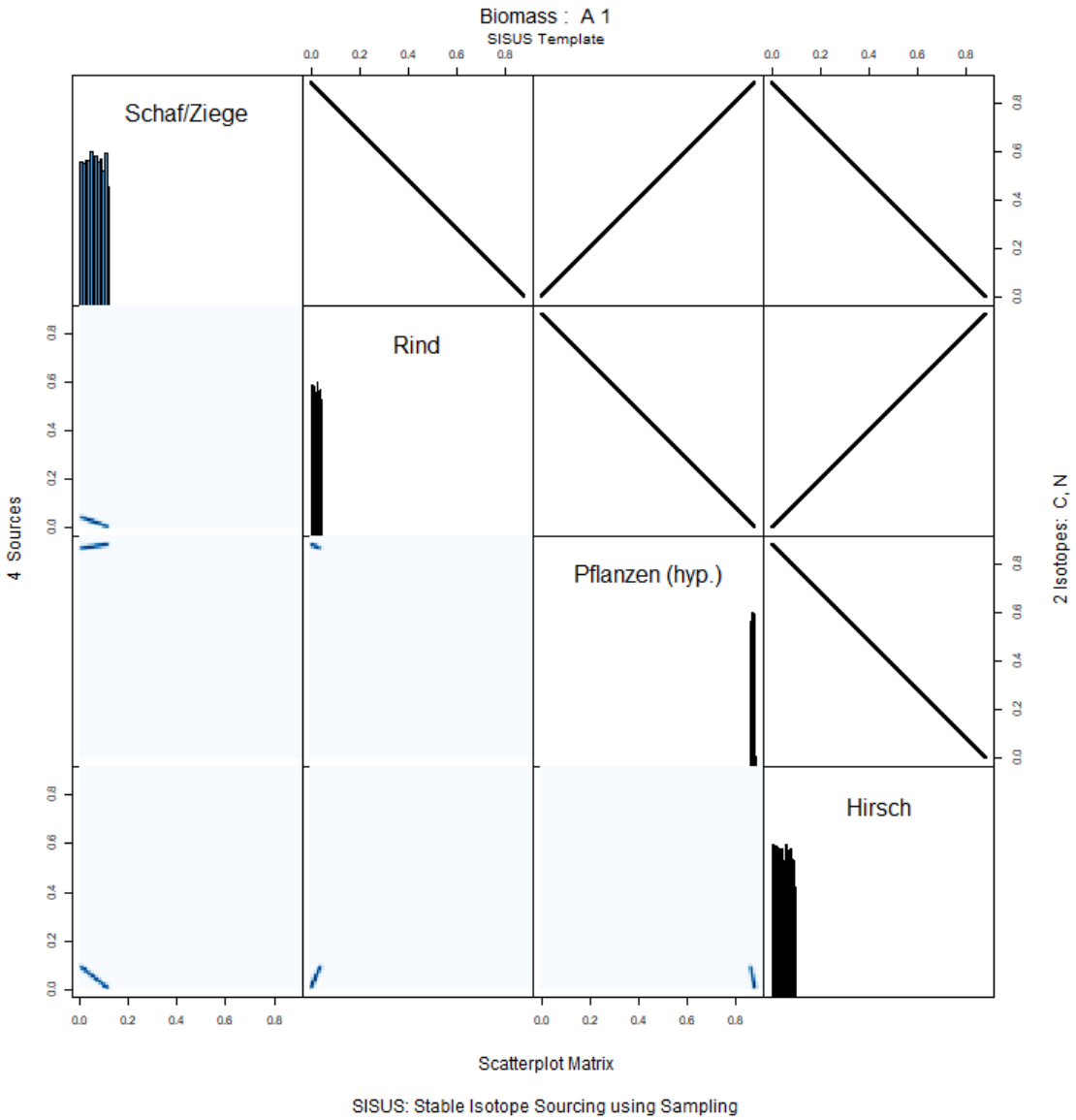


Abbildung 141: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1. Erstellt mit SISUS.

A2

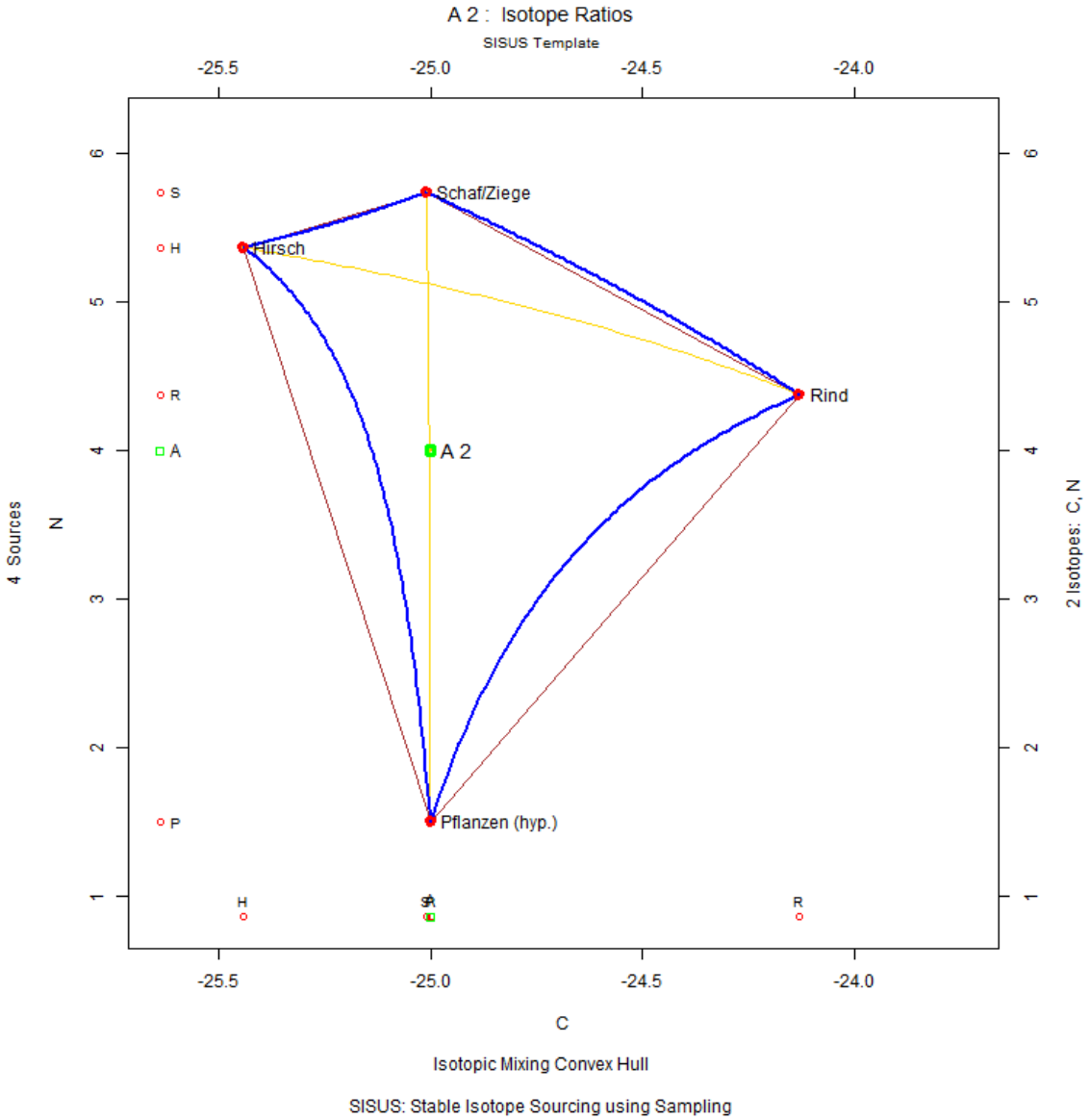


Abbildung 142: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 2. Erstellt mit SISUS.

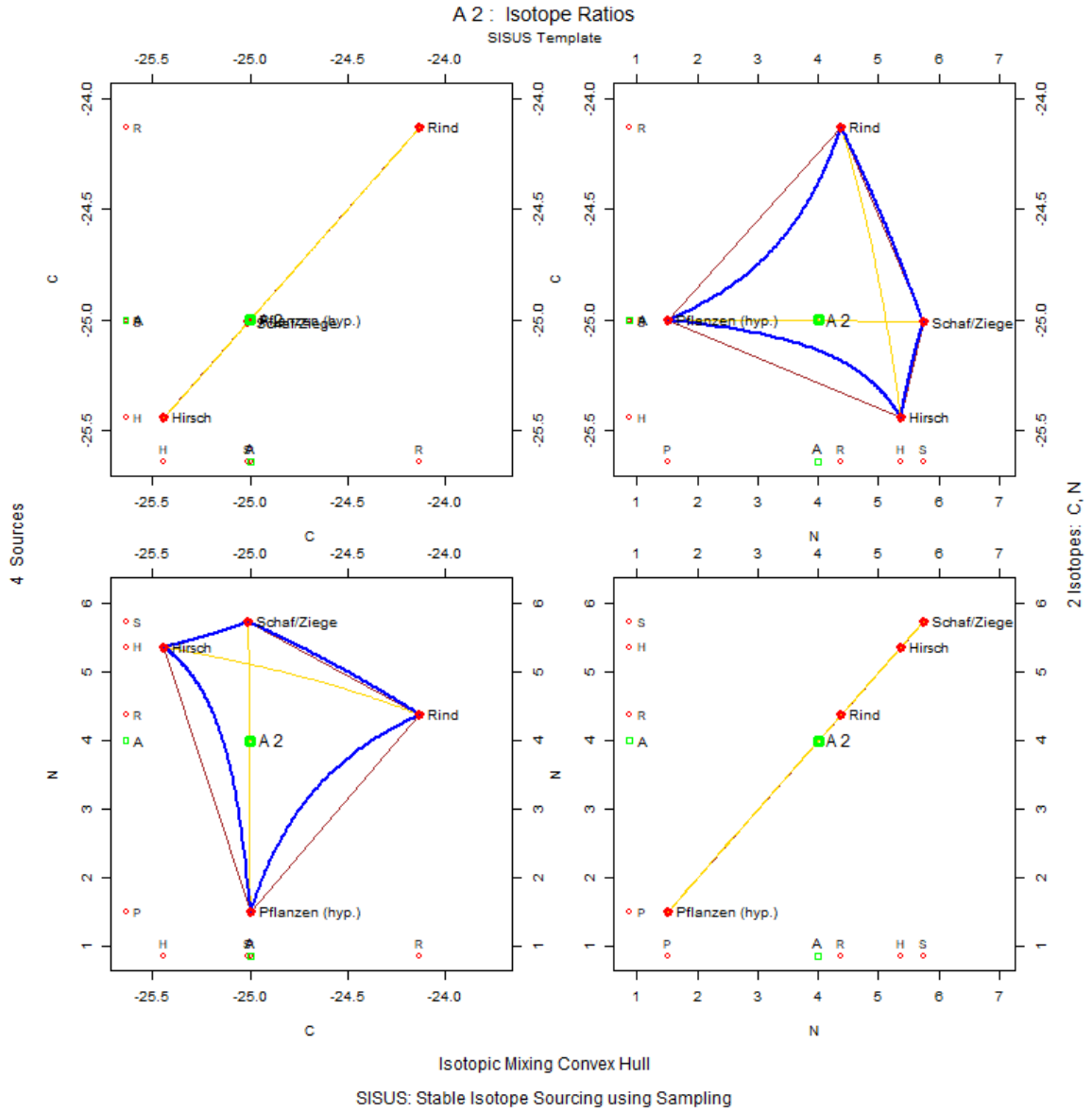


Abbildung 143: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 2 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

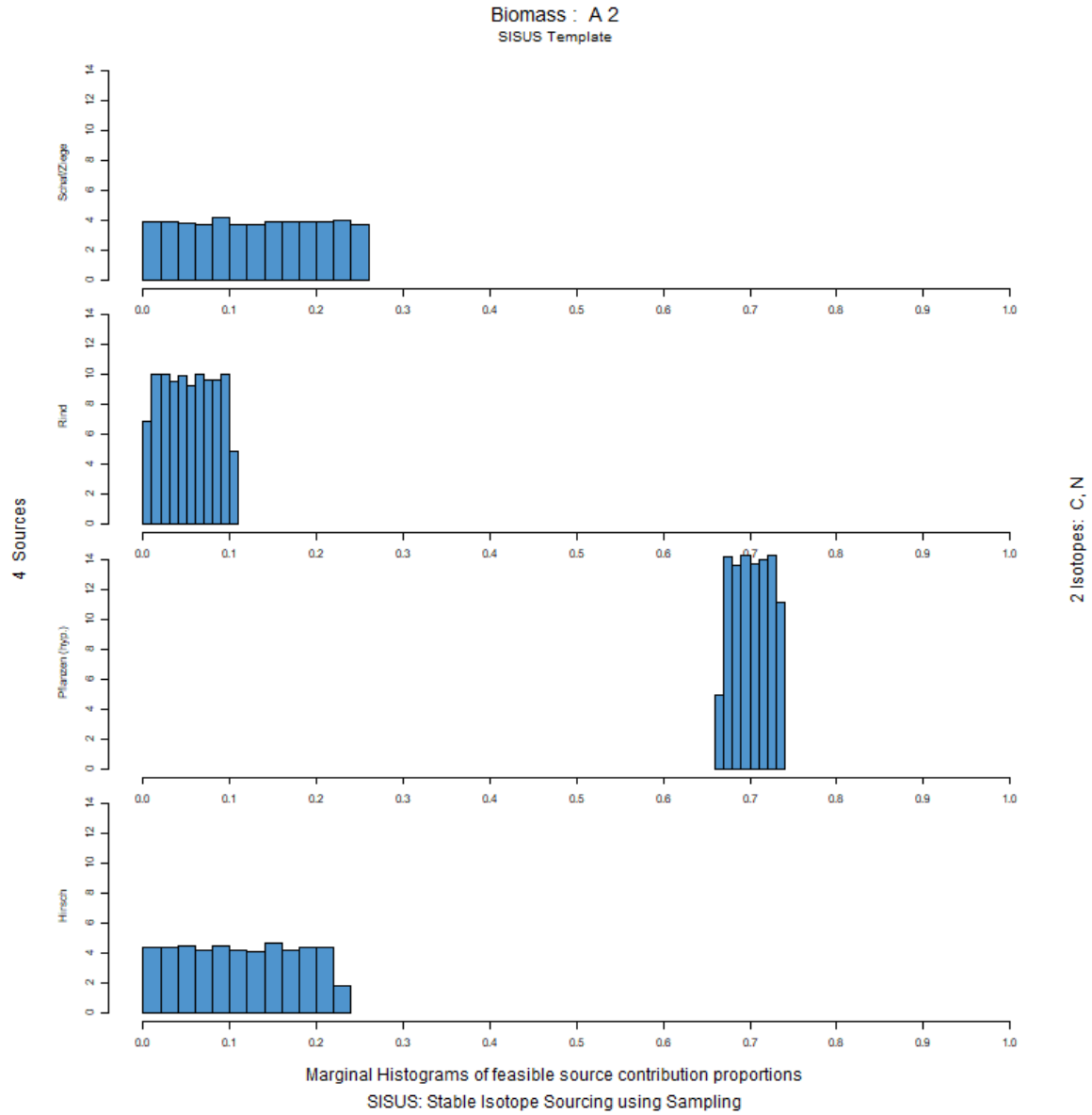


Abbildung 144: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 2. Erstellt mit SISUS.

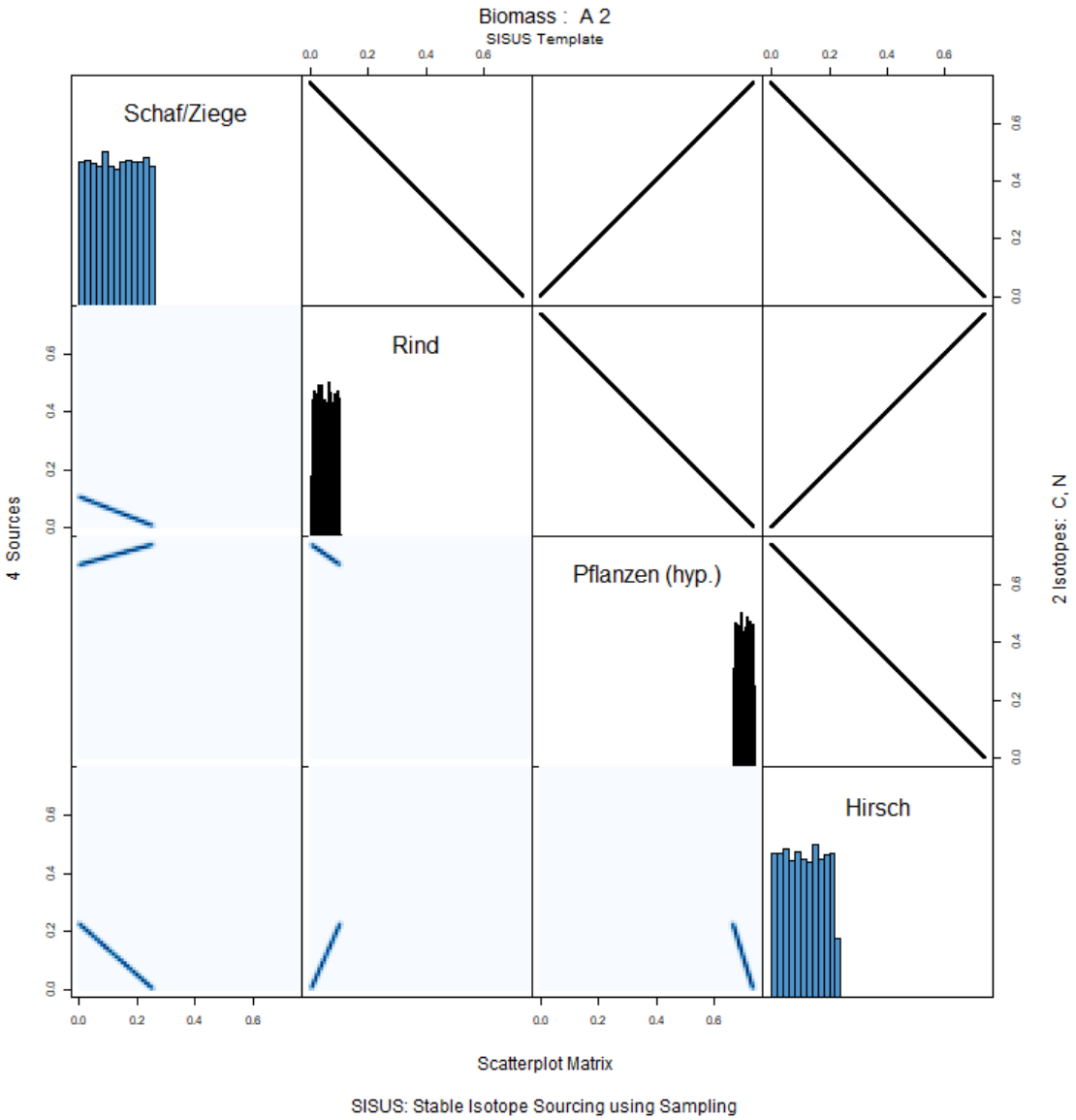


Abbildung 145: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 2. Erstellt mit SISUS.

A3

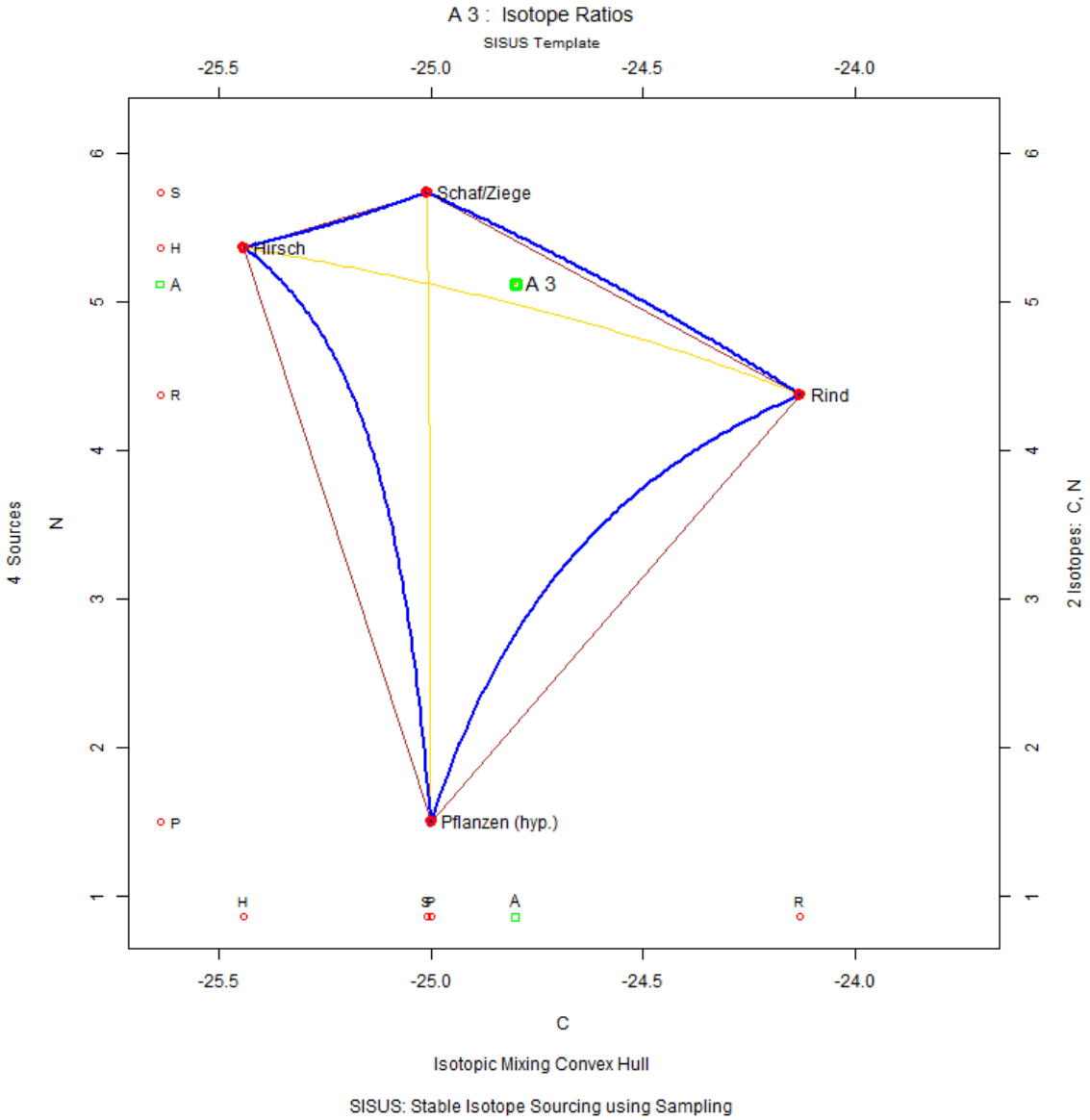


Abbildung 146: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 3. Erstellt mit SISUS.

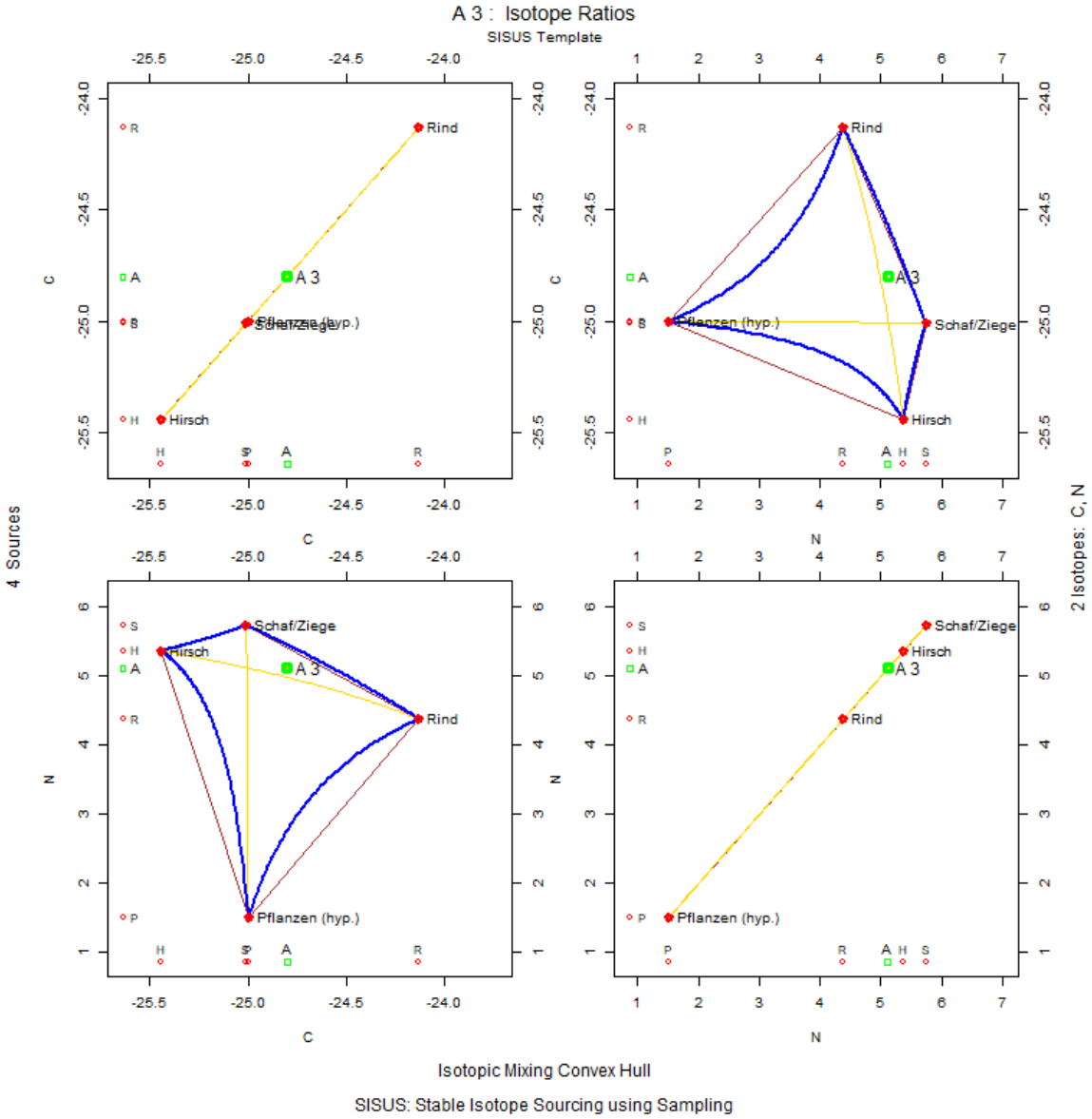


Abbildung 147: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

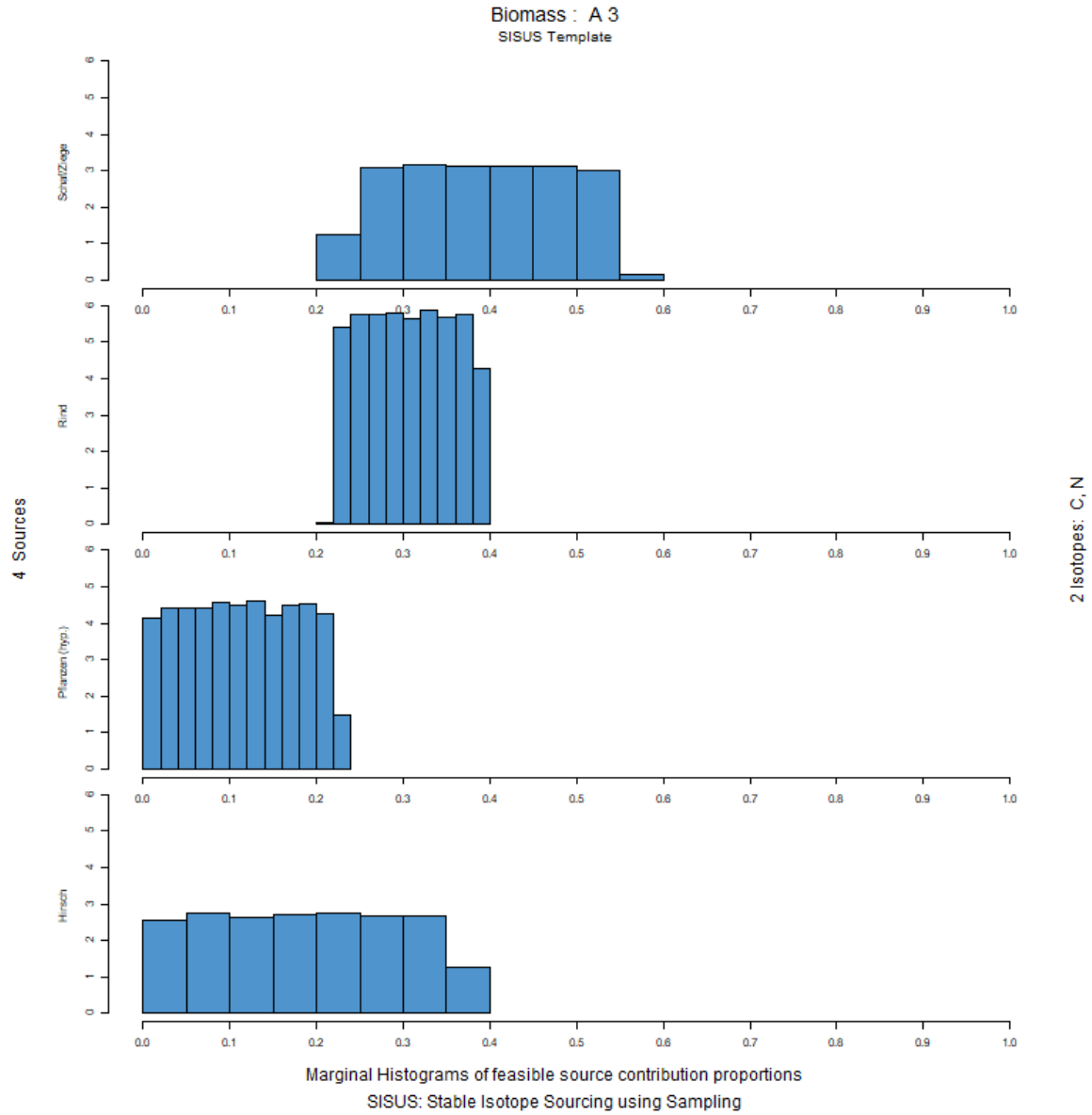


Abbildung 148: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 3. Erstellt mit SISUS.

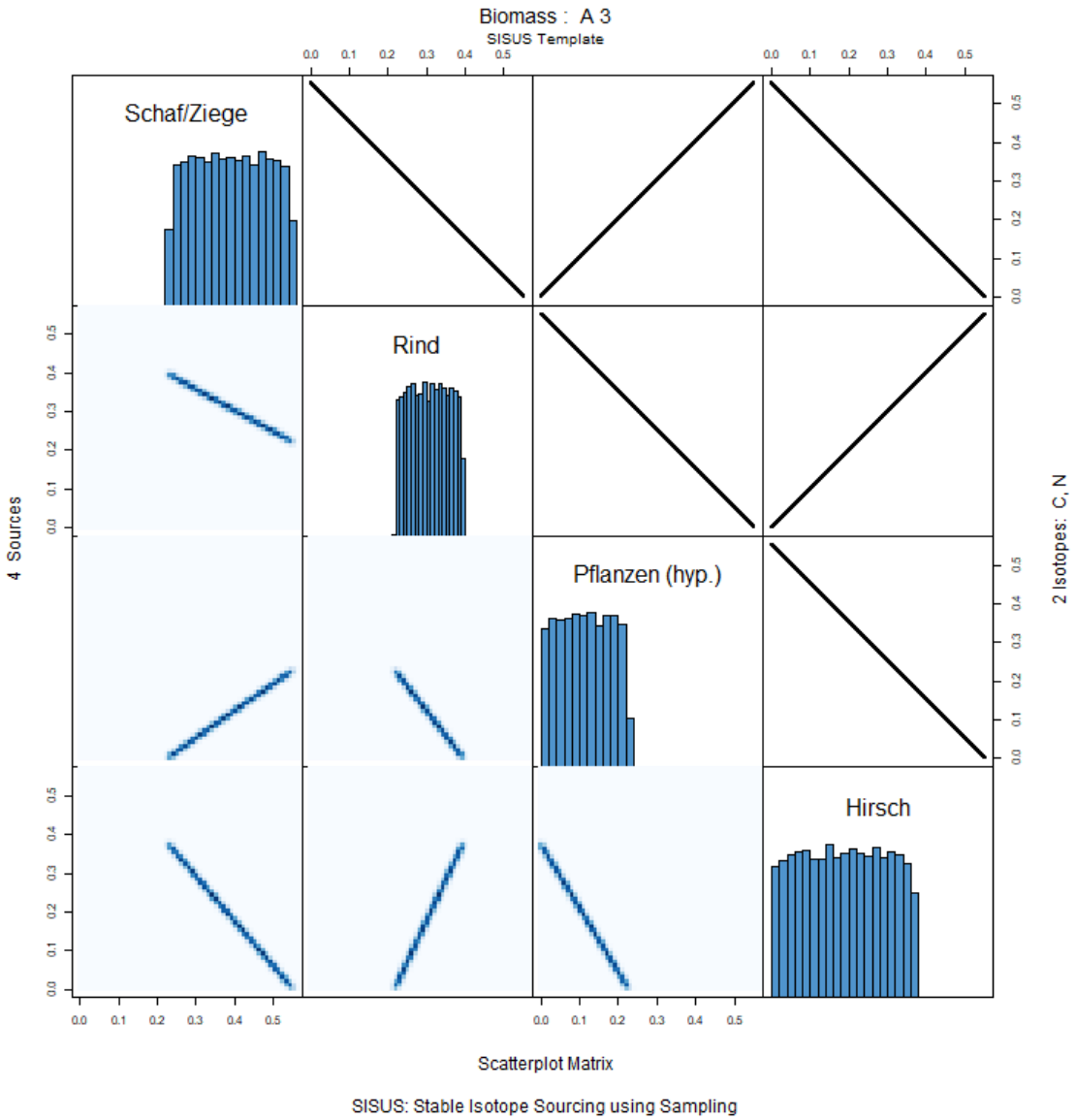


Abbildung 149: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 3. Erstellt mit SISUS.

A4

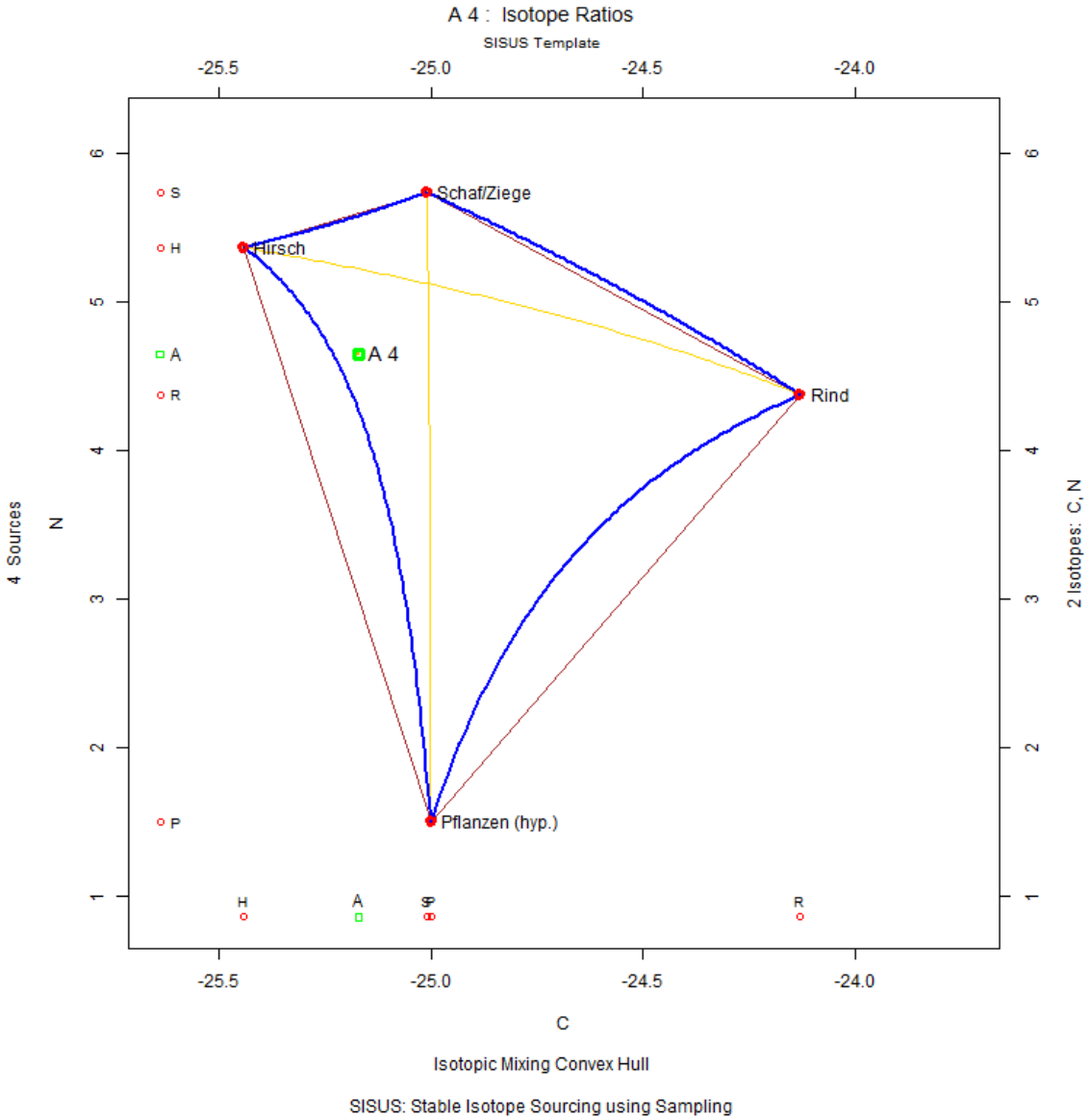


Abbildung 150: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 4. Erstellt mit SISUS.

A5

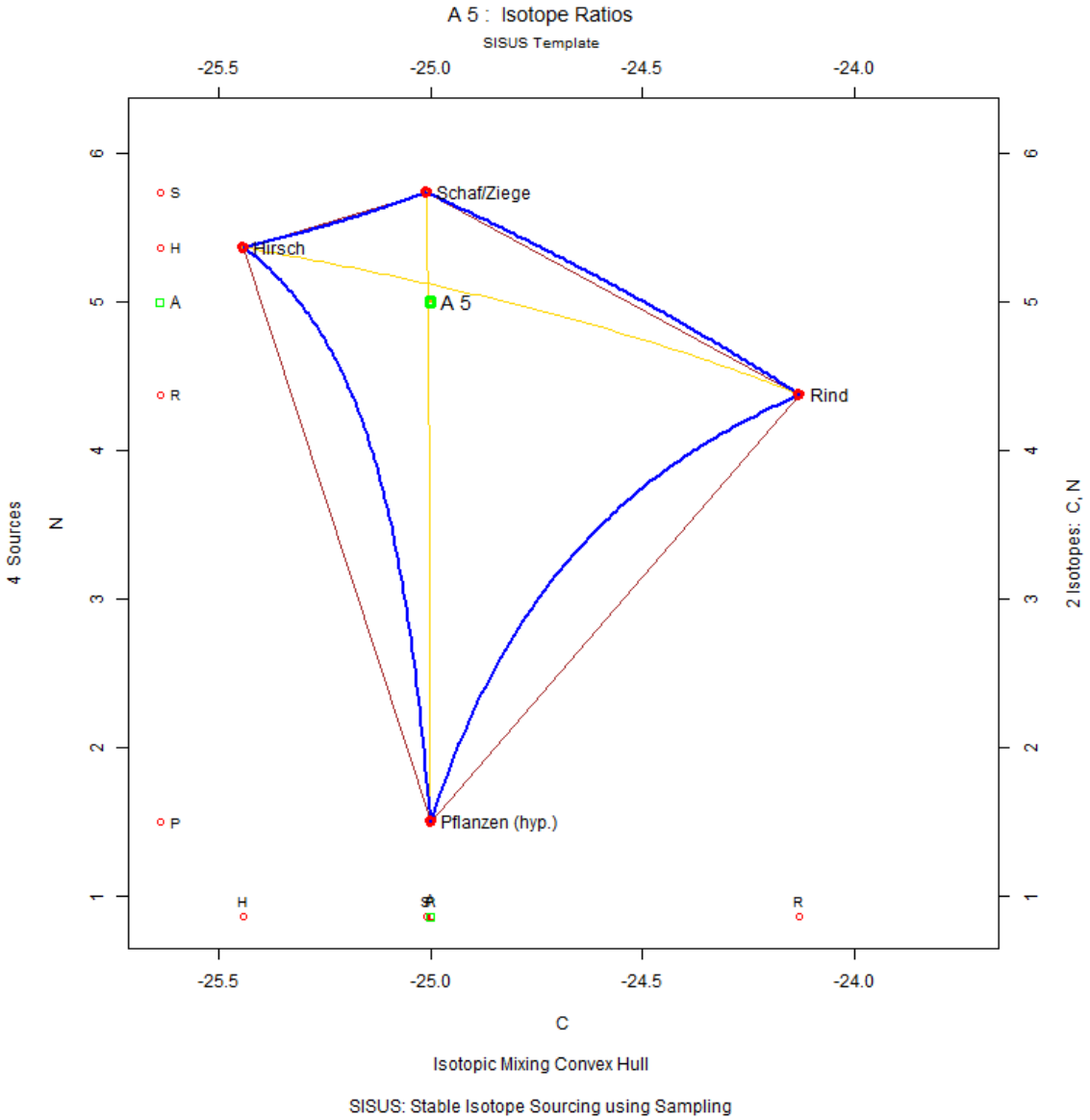


Abbildung 151: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 5. Erstellt mit SISUS.

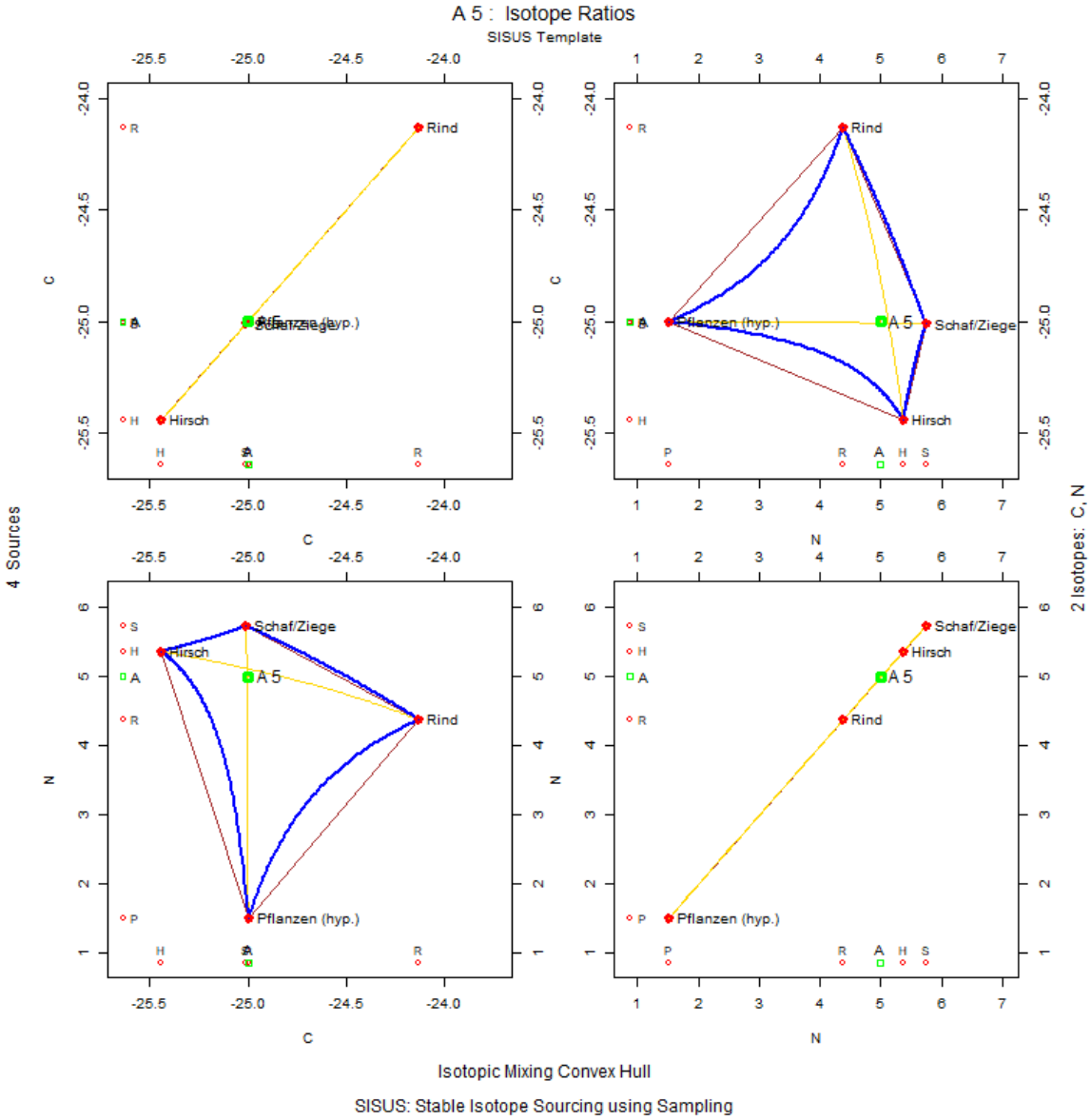


Abbildung 152: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 5 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

A6

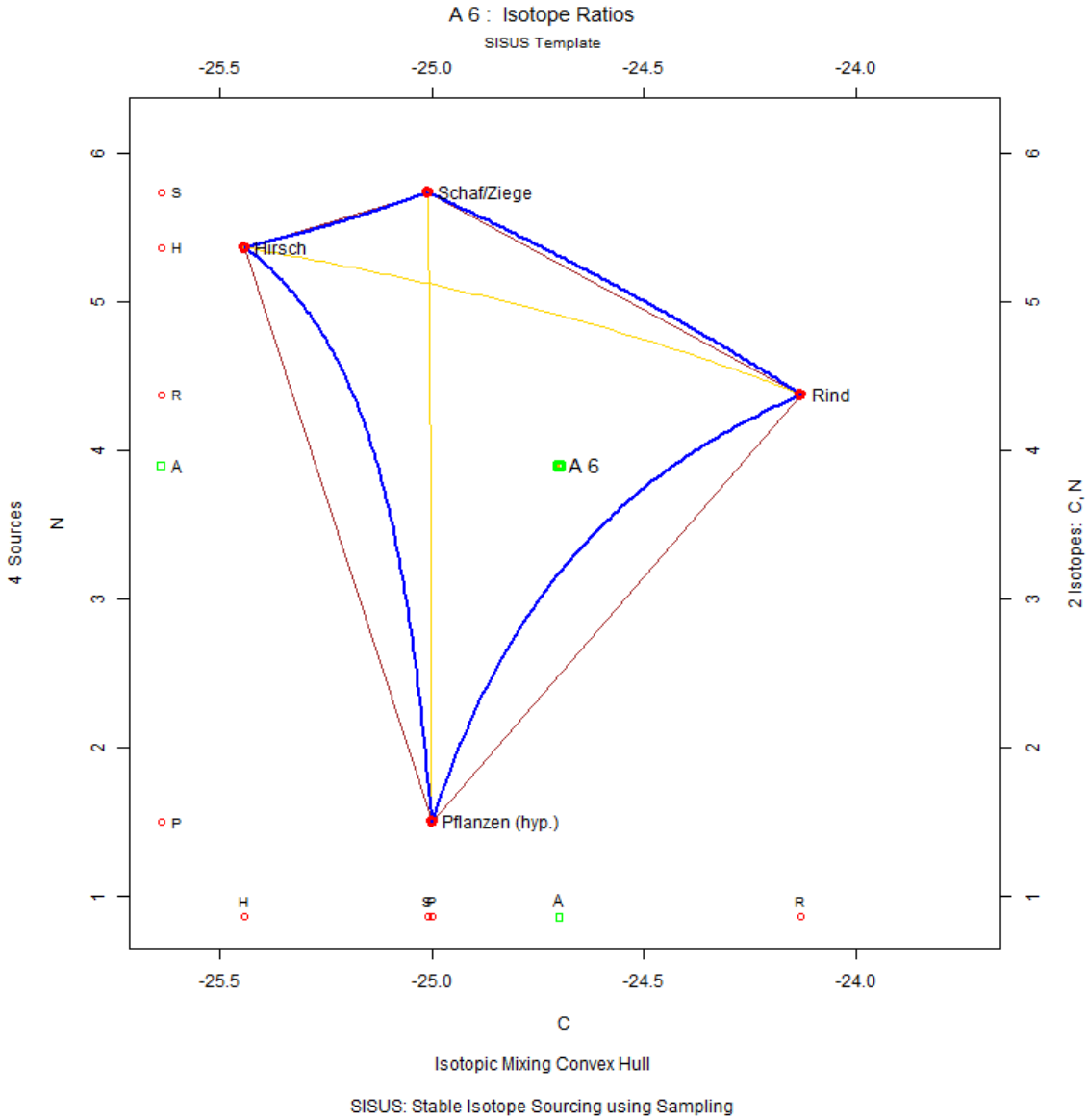


Abbildung 153: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 6. Erstellt mit SISUS.

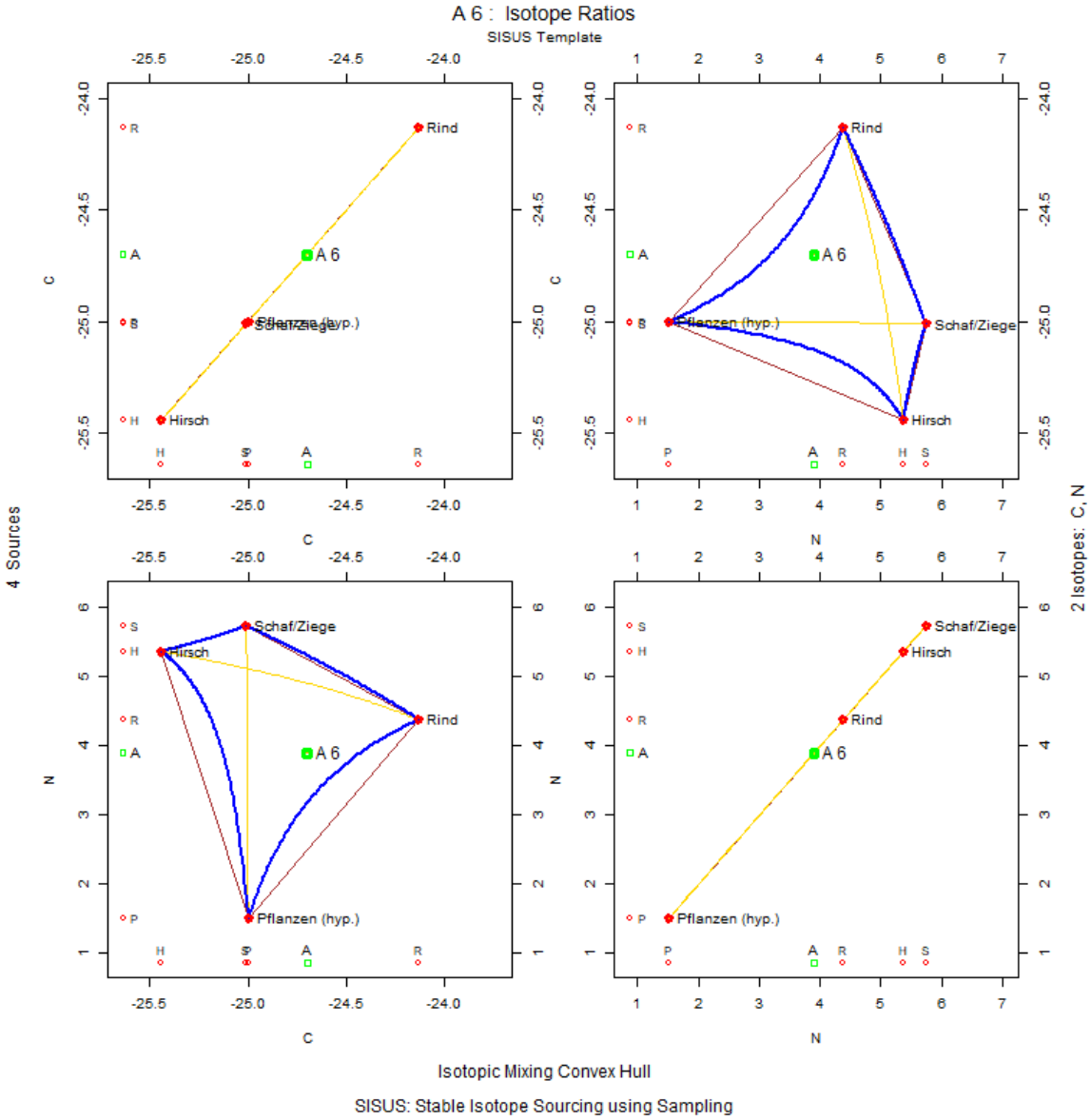


Abbildung 154: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 6 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

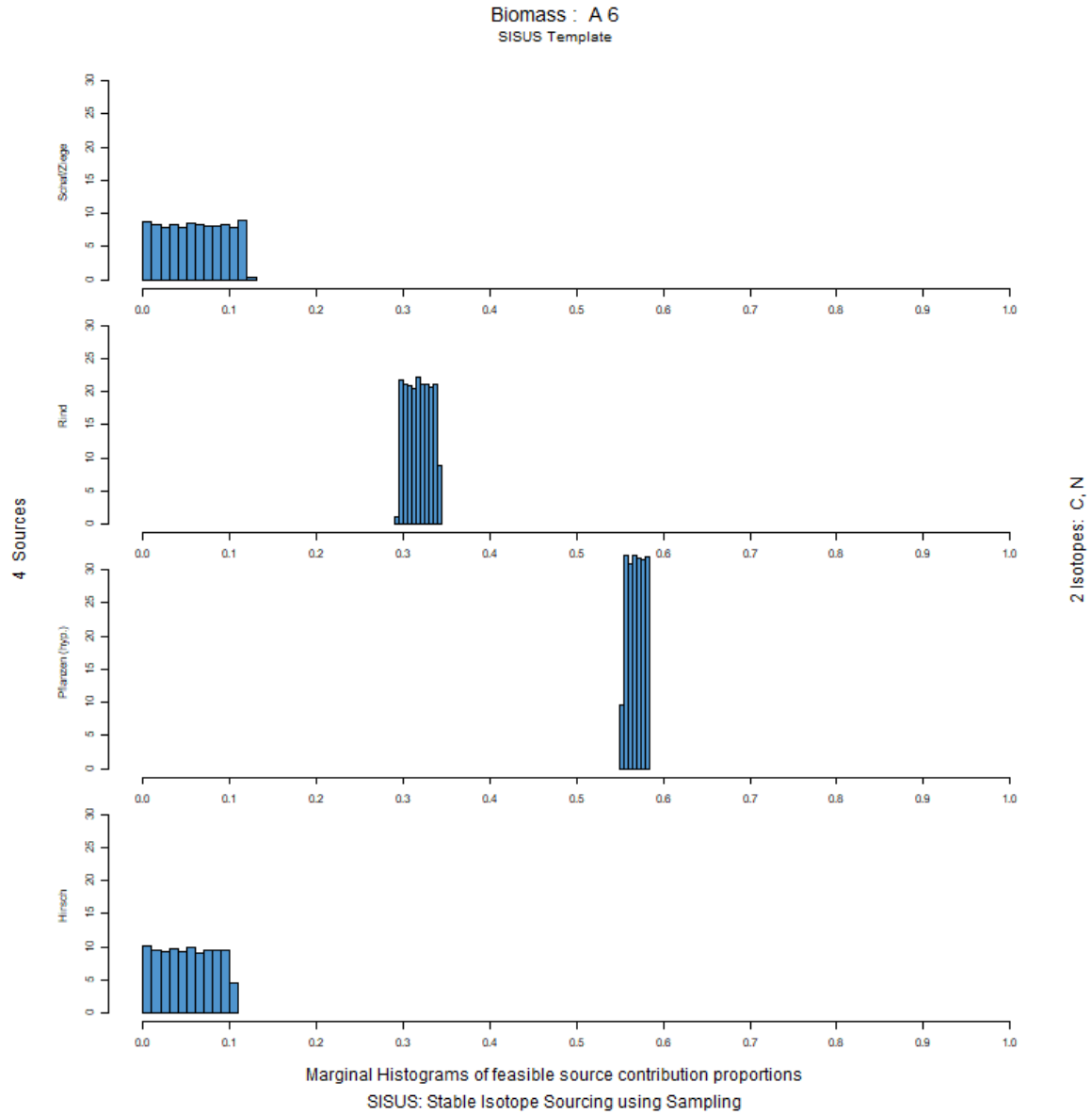


Abbildung 155: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 6. Erstellt mit SISUS.

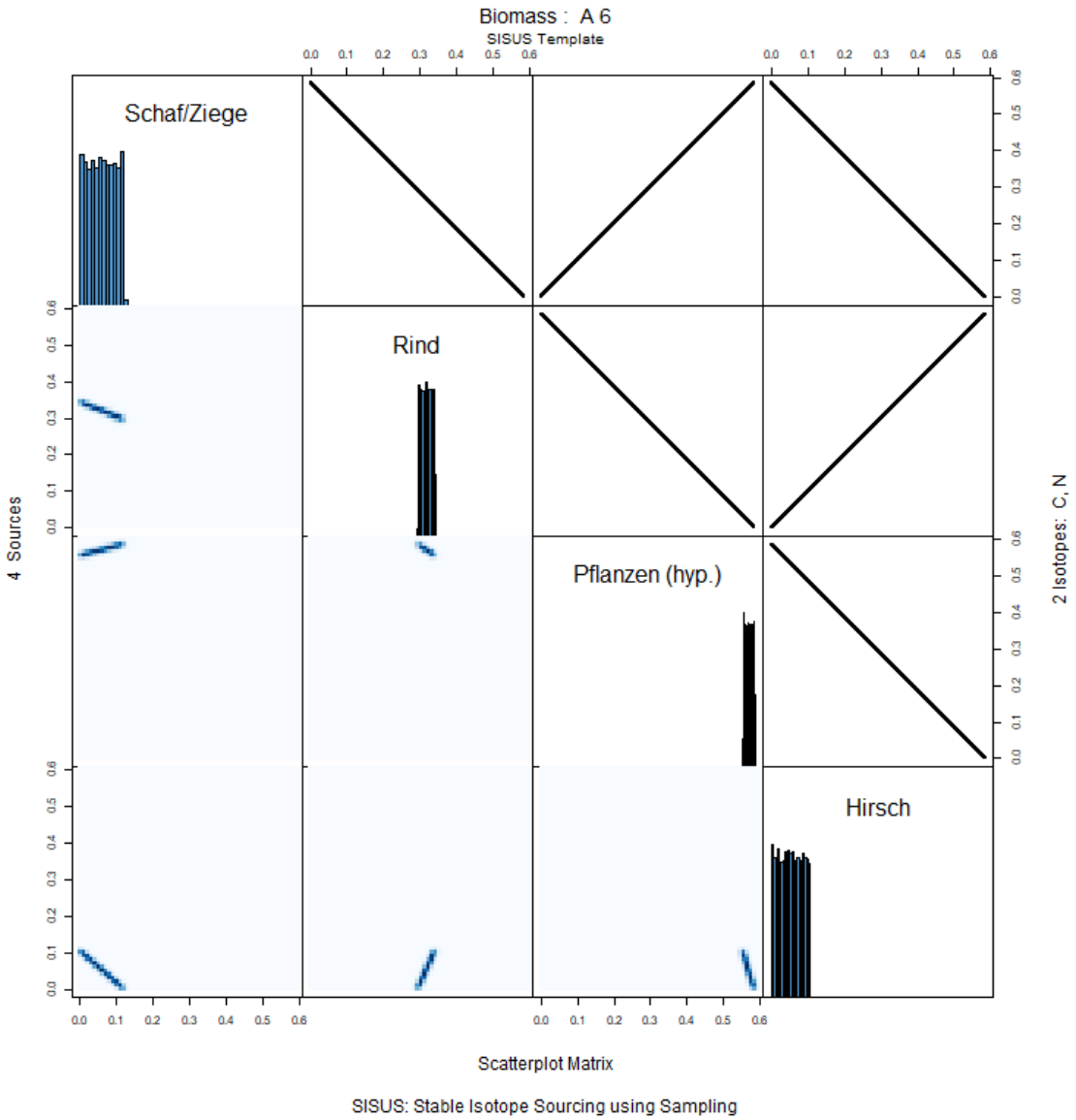


Abbildung 156: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 6. Erstellt mit SISUS.

A7

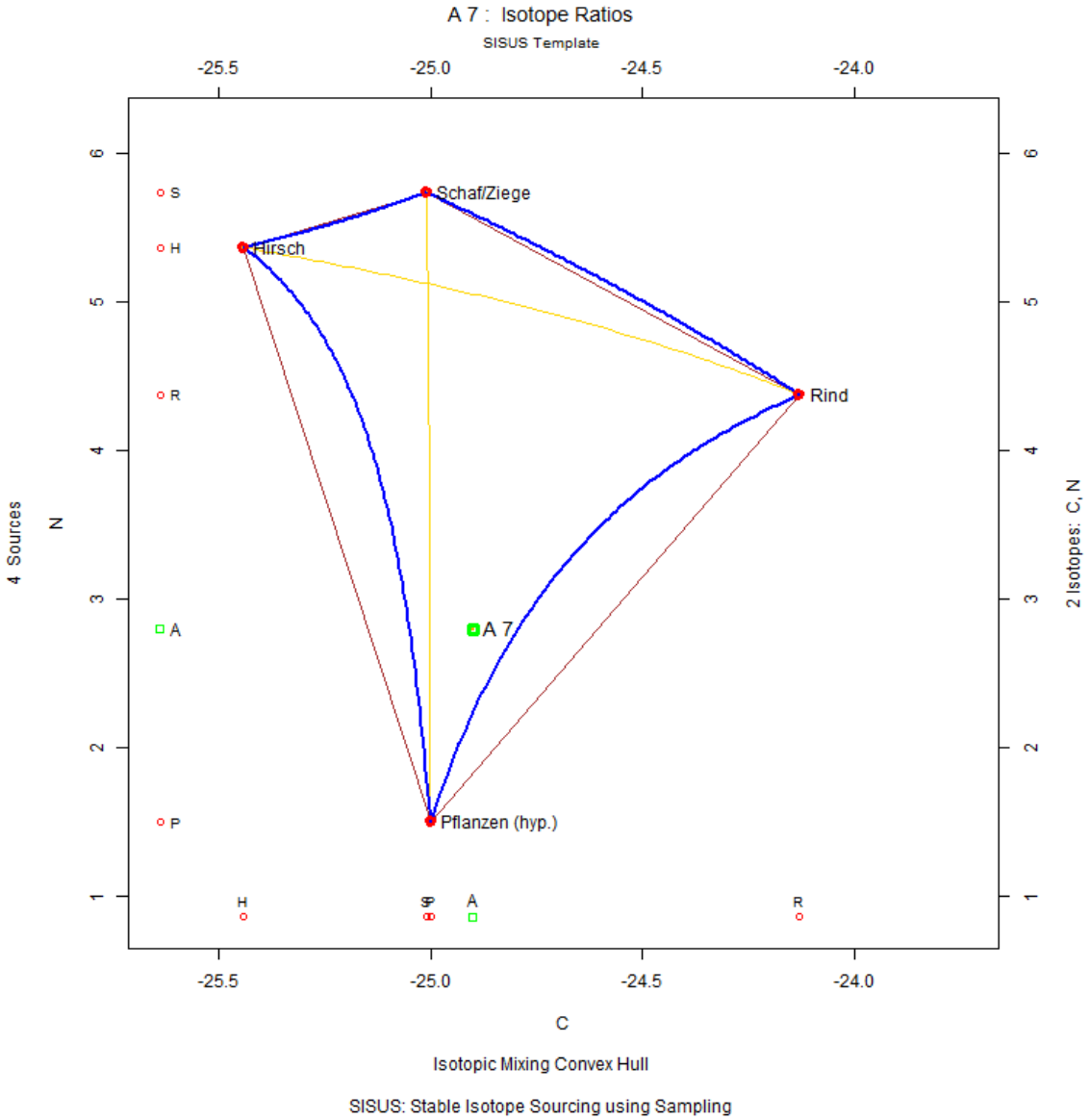


Abbildung 157: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 7. Erstellt mit SISUS.

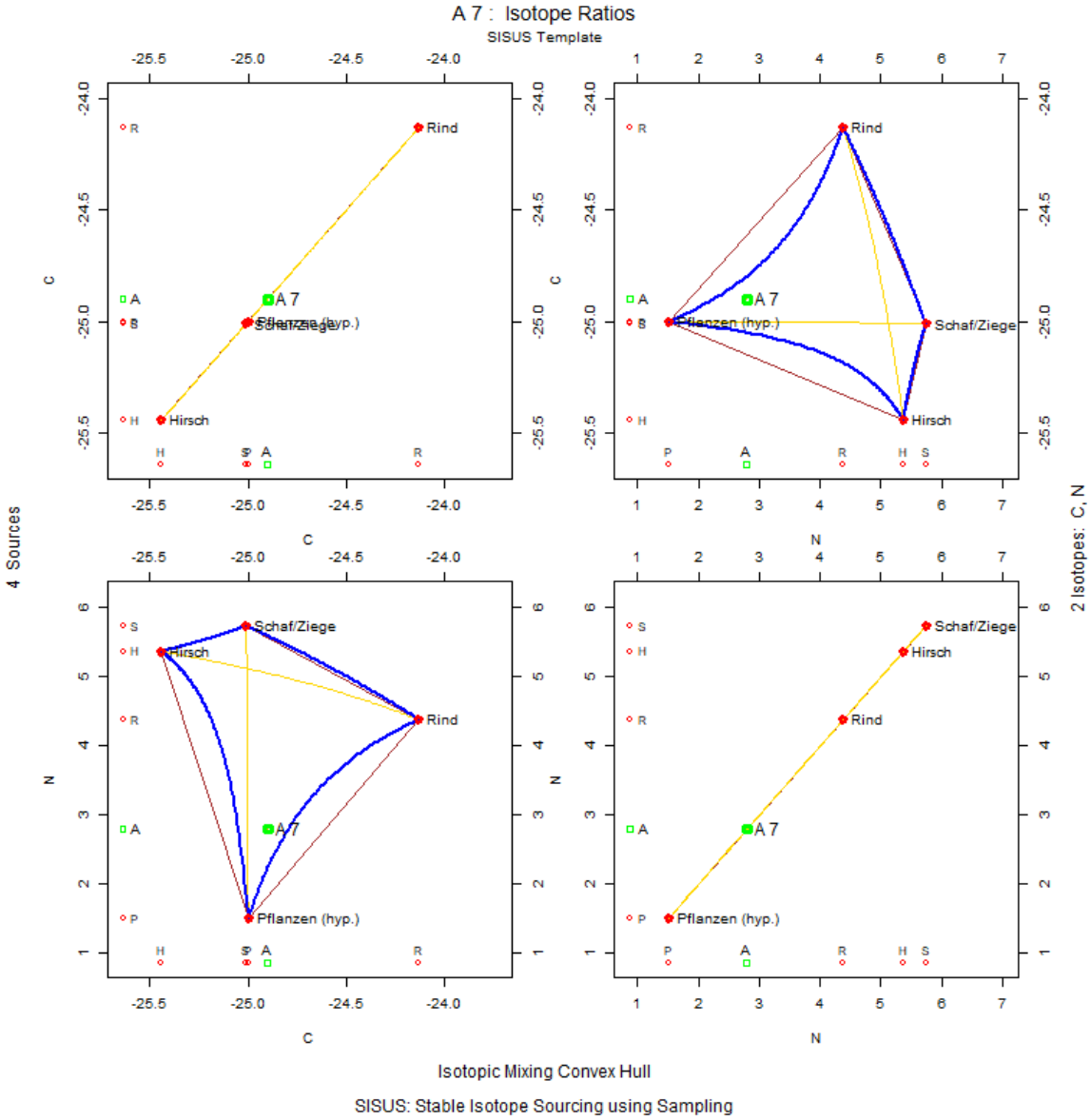


Abbildung 158: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 7 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

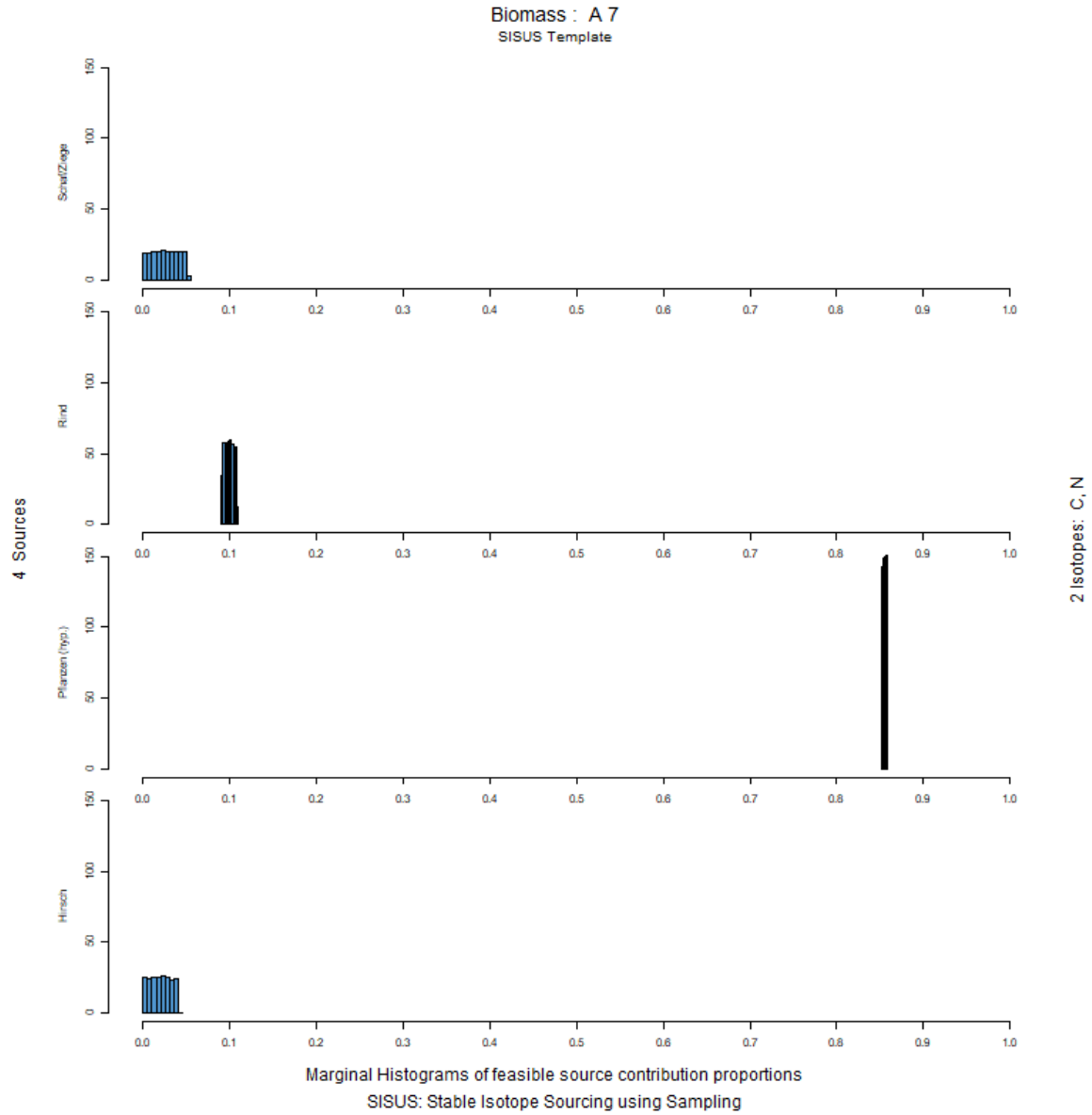


Abbildung 159: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 7. Erstellt mit SISUS.

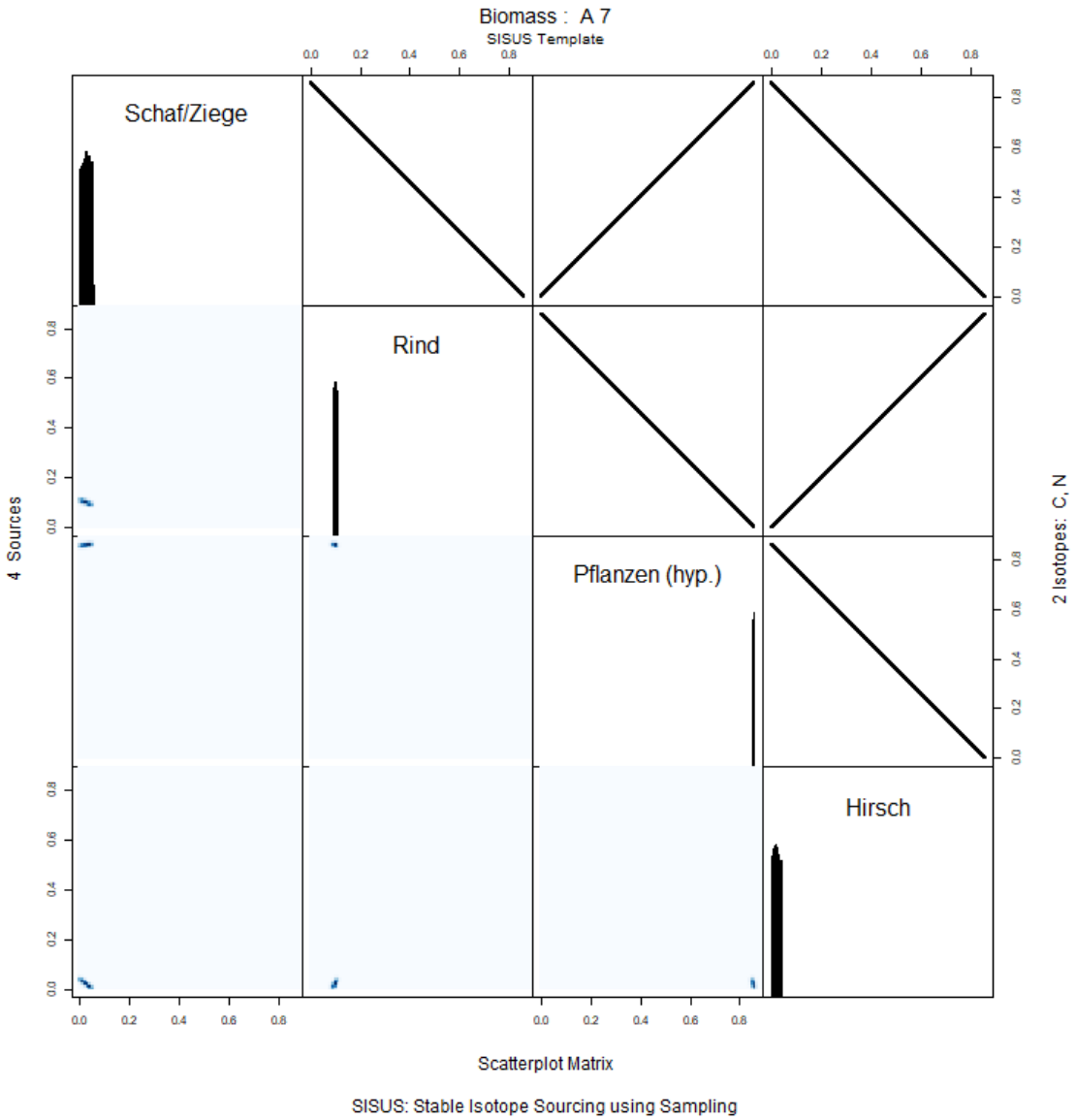


Abbildung 160: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 7. Erstellt mit SISUS.

A8

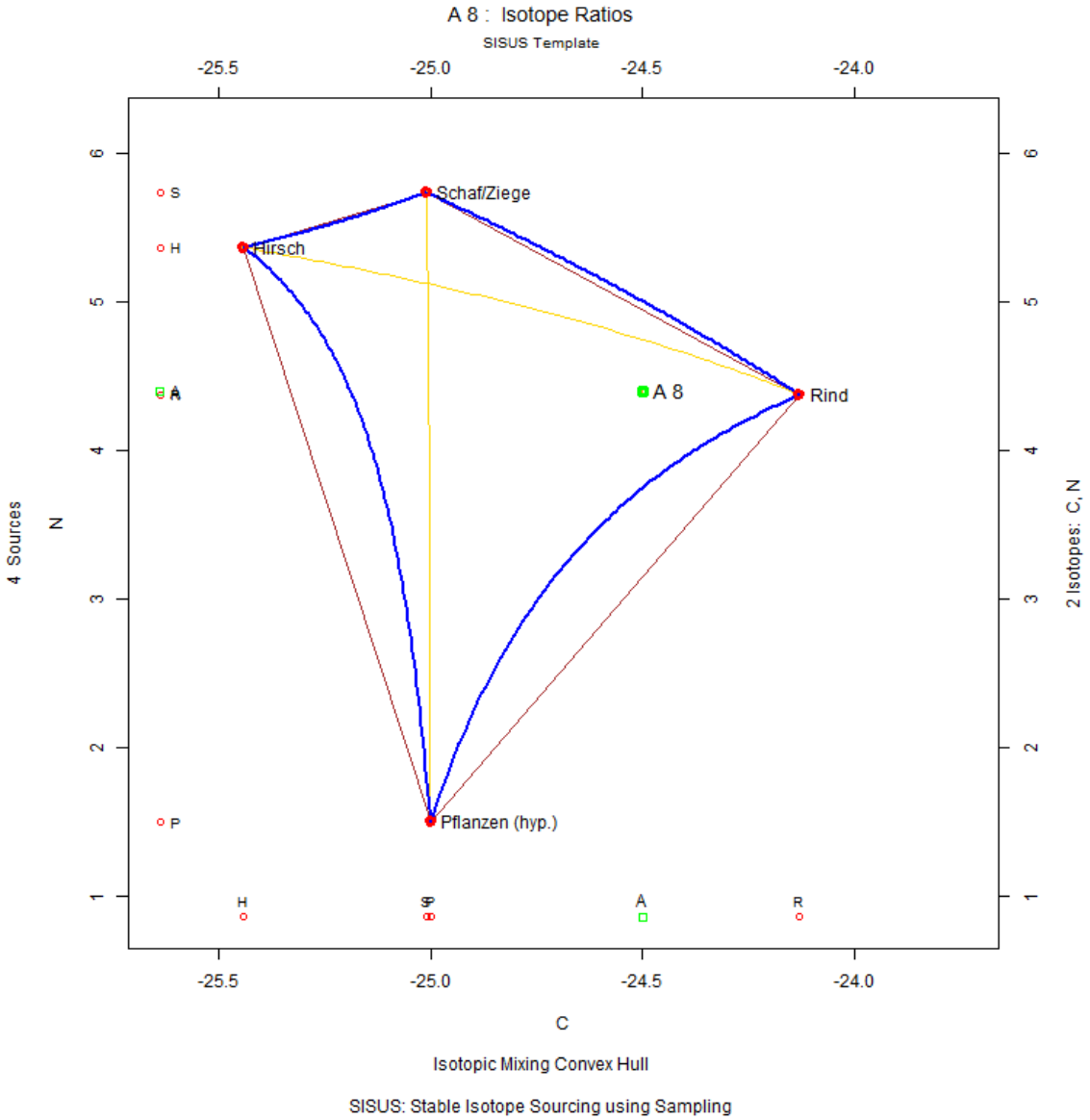


Abbildung 161: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 8. Erstellt mit SISUS.

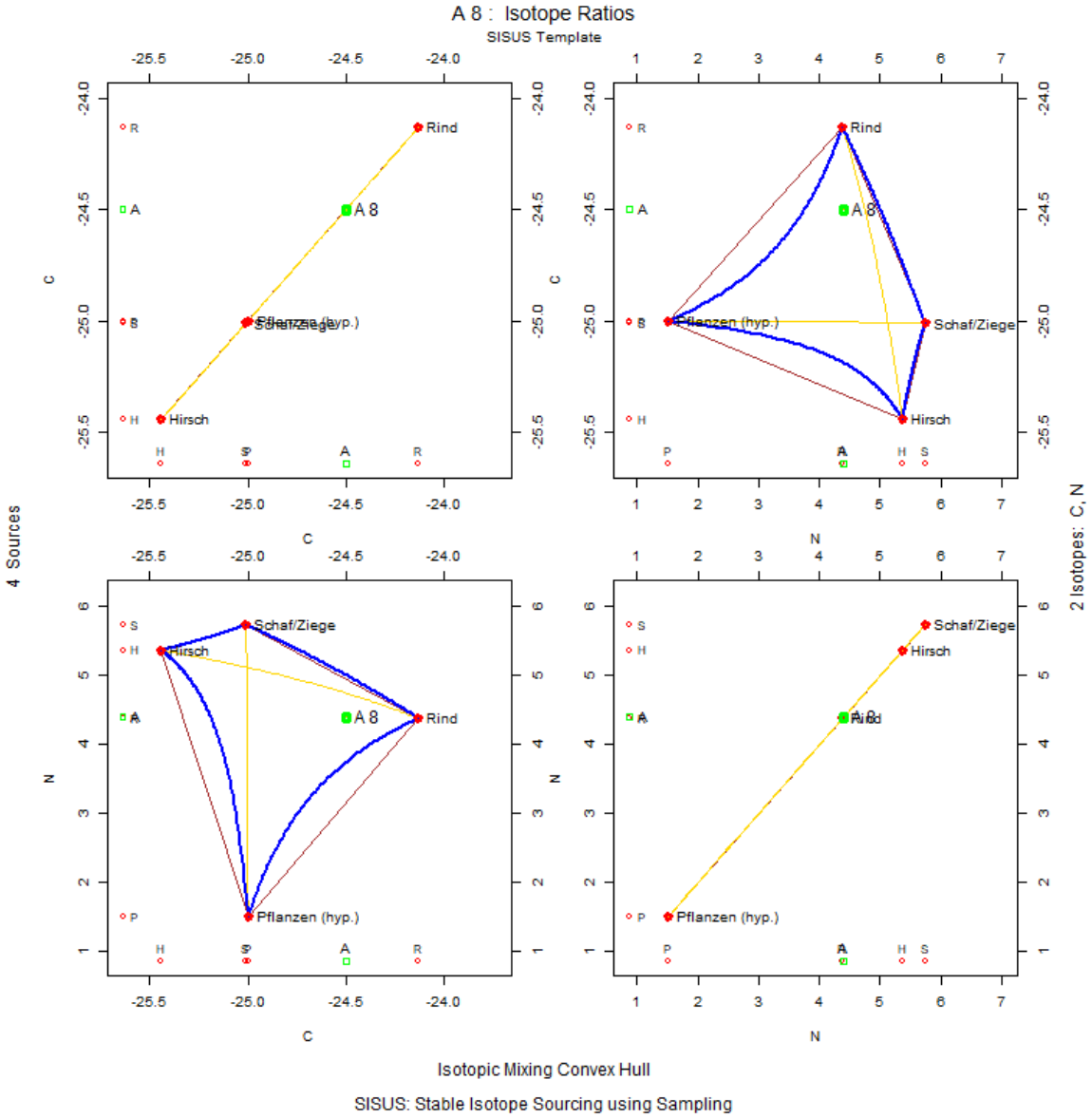


Abbildung 162: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 8 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

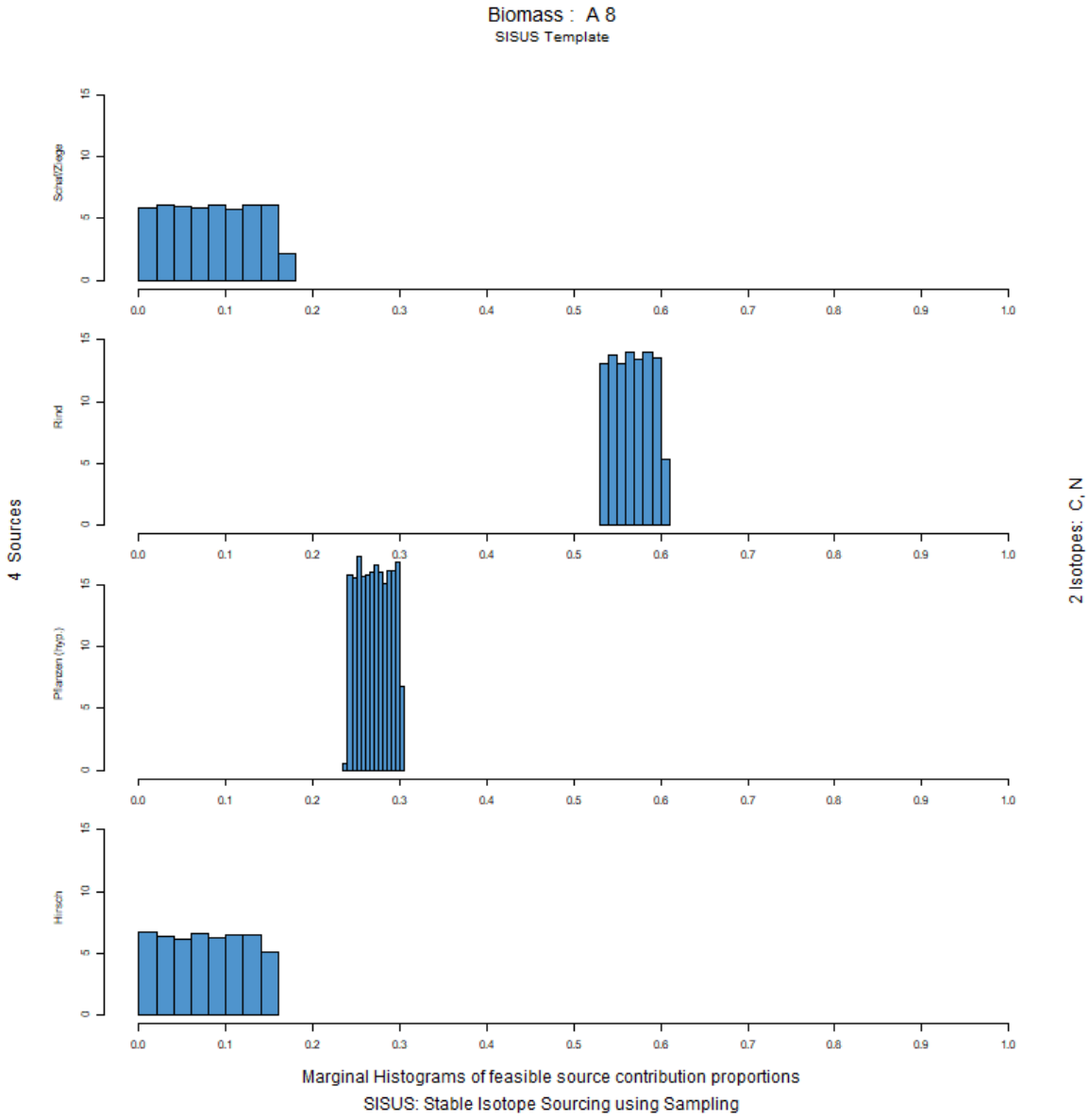


Abbildung 163: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 8. Erstellt mit SISUS.

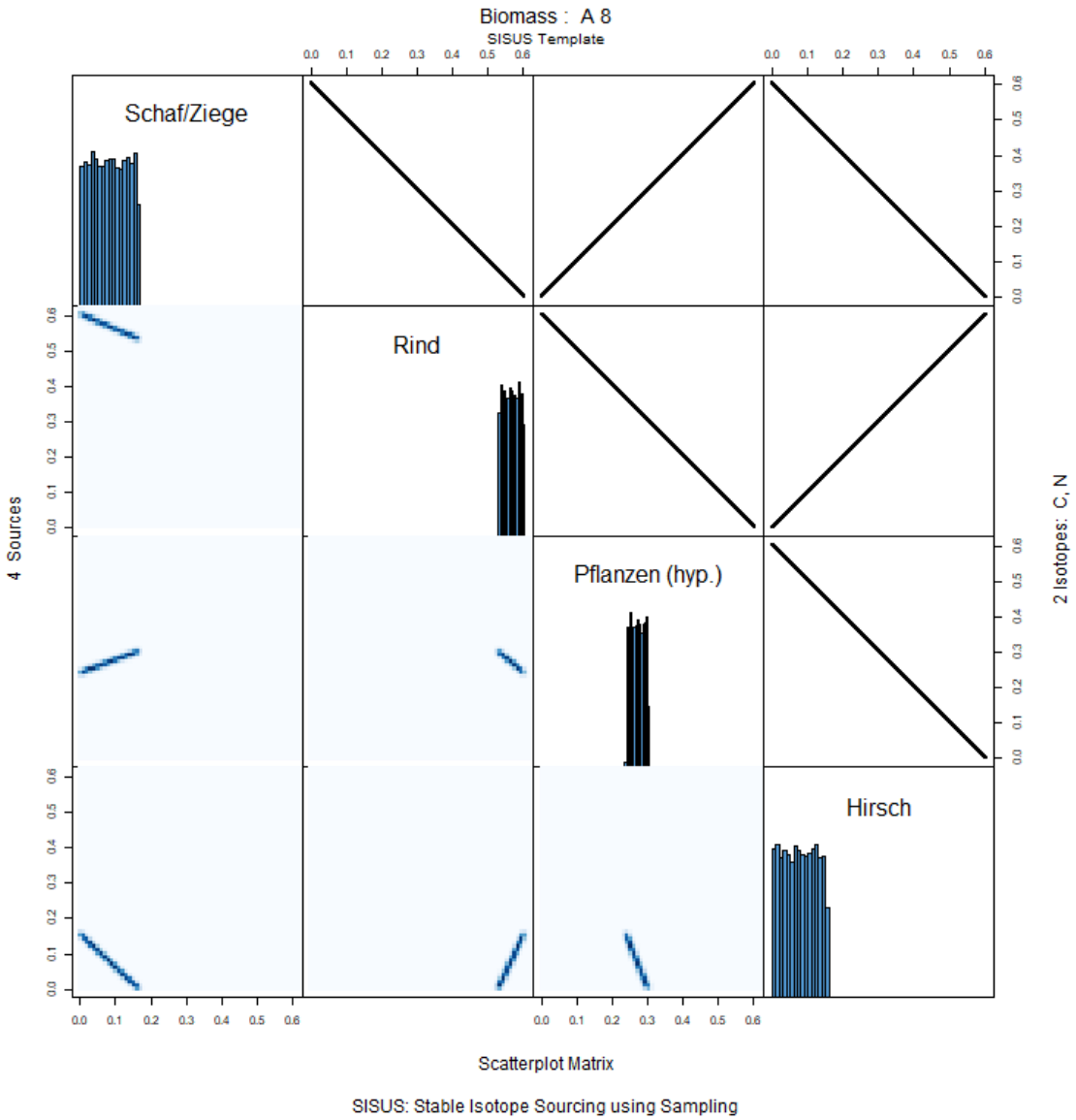


Abbildung 164: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 8. Erstellt mit SISUS.

A9

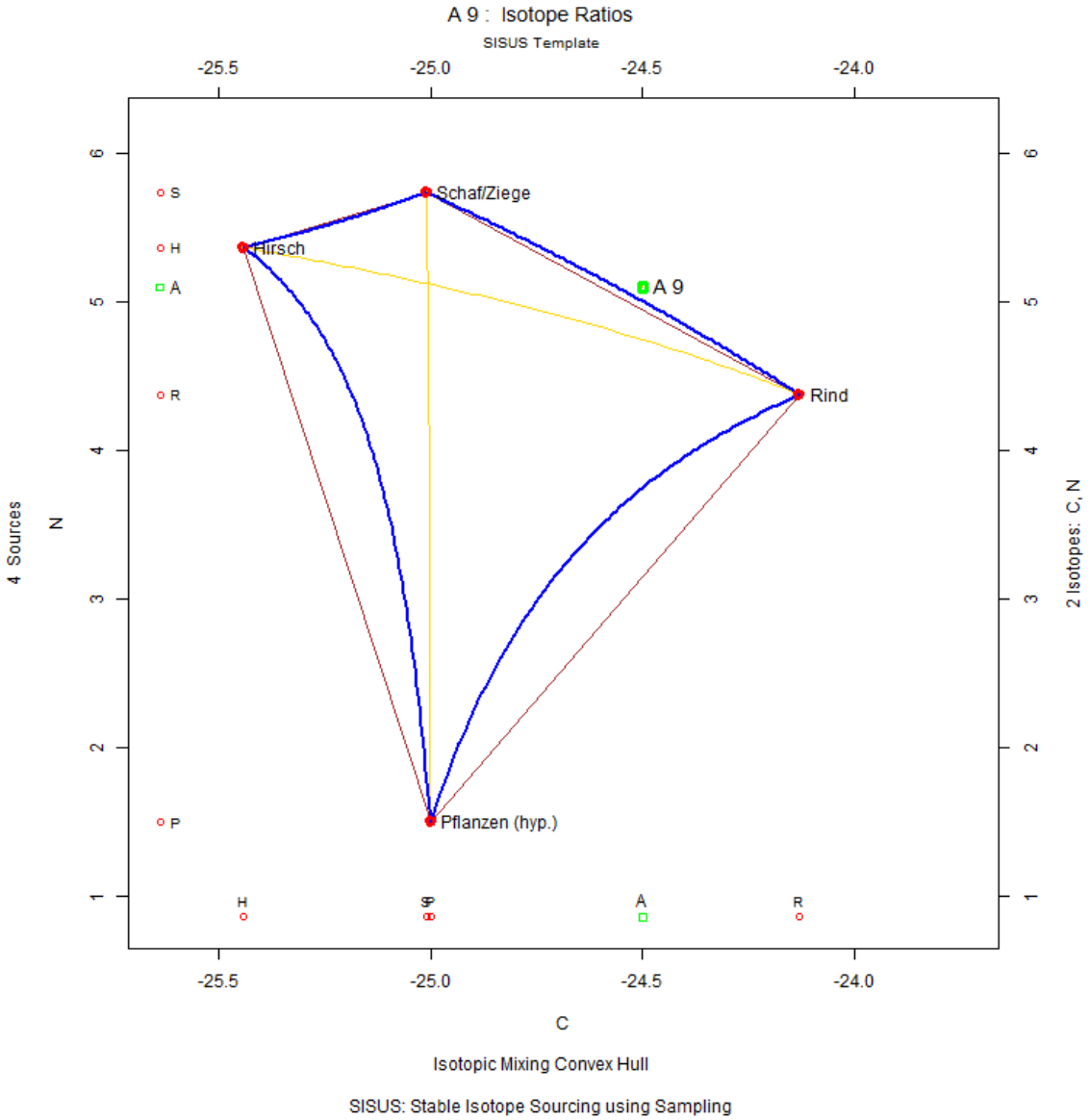


Abbildung 165: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 9. Erstellt mit SISUS.

A10

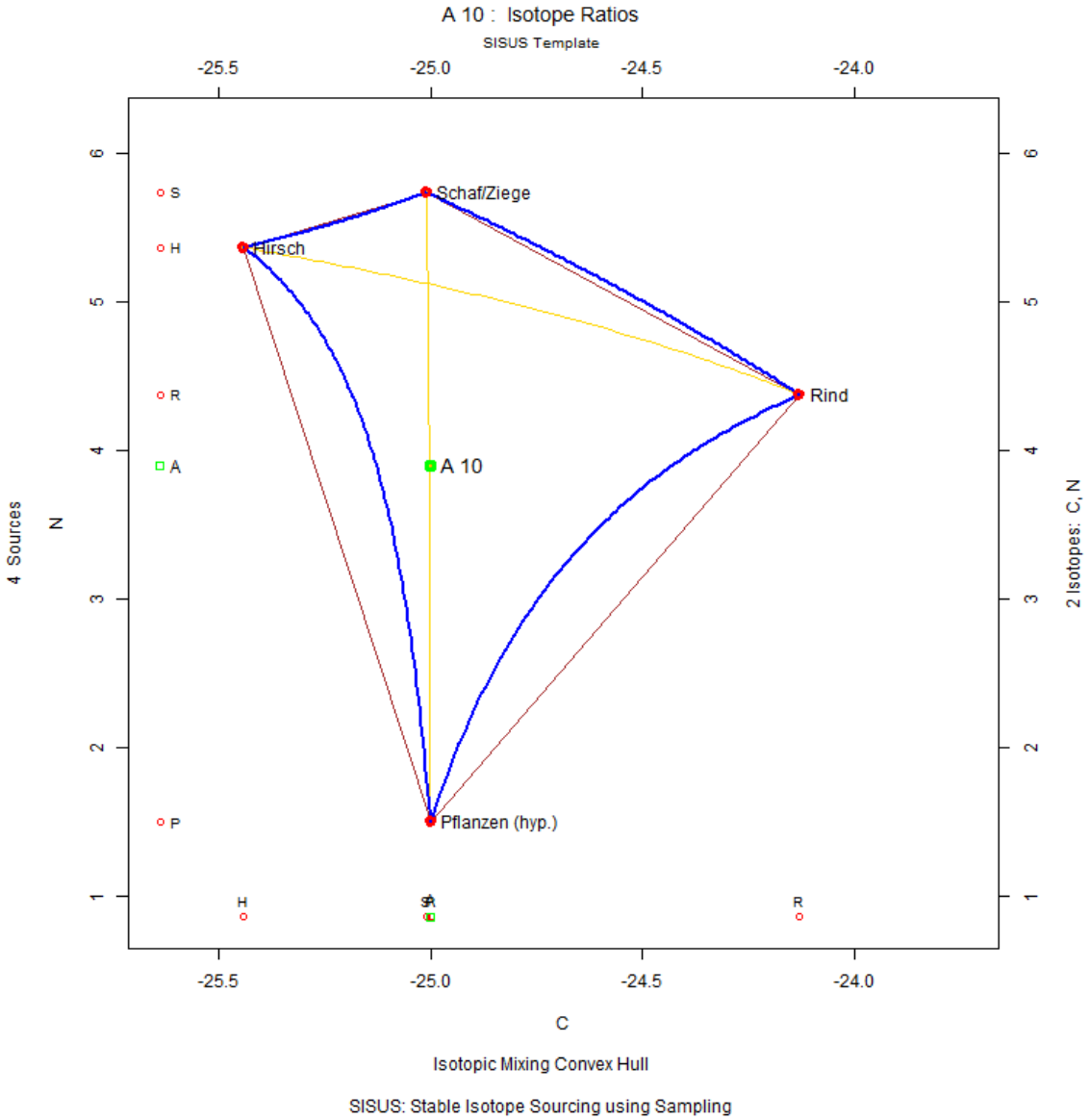


Abbildung 166: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 10. Erstellt mit SISUS.

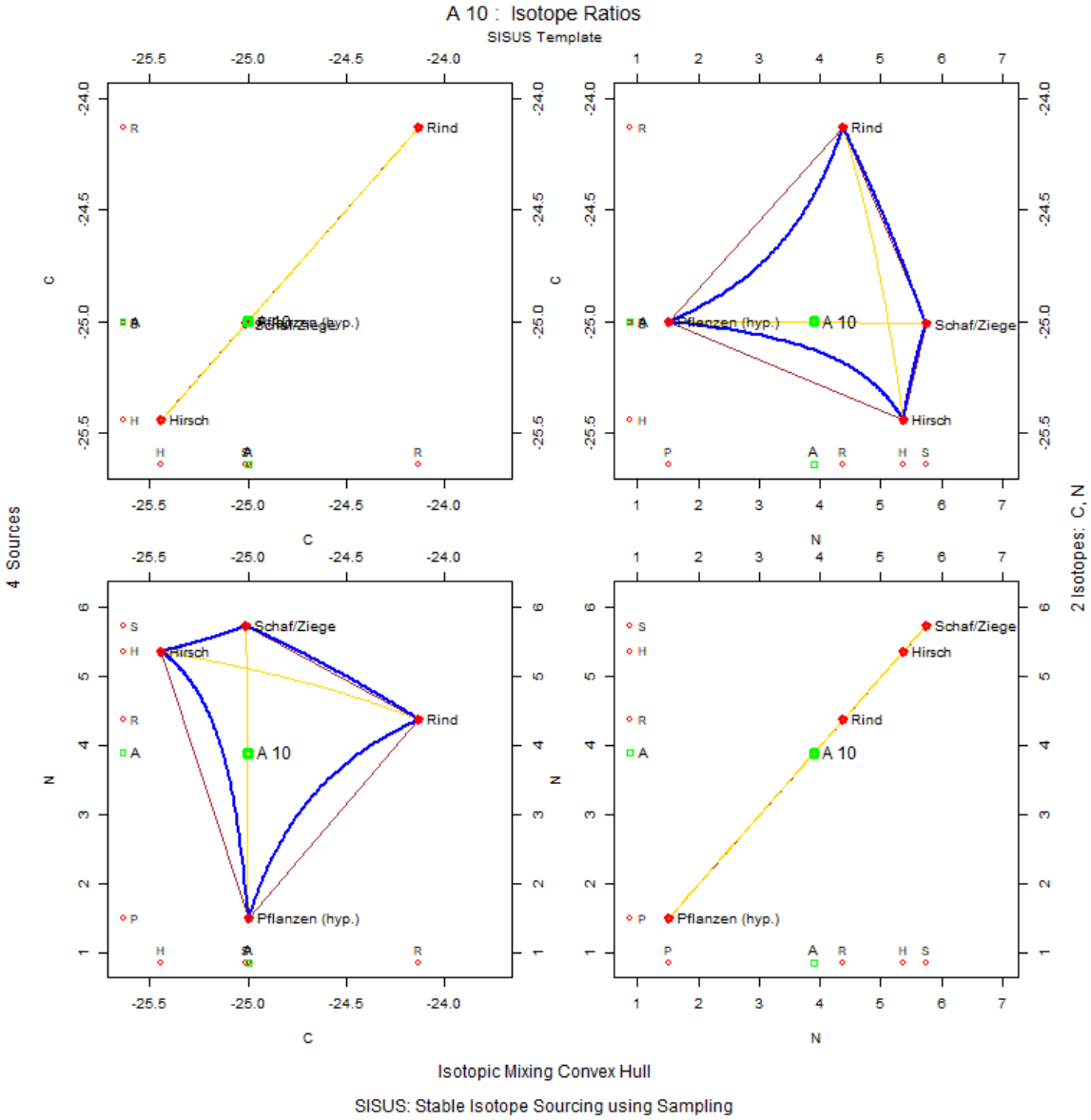


Abbildung 167: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 10 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

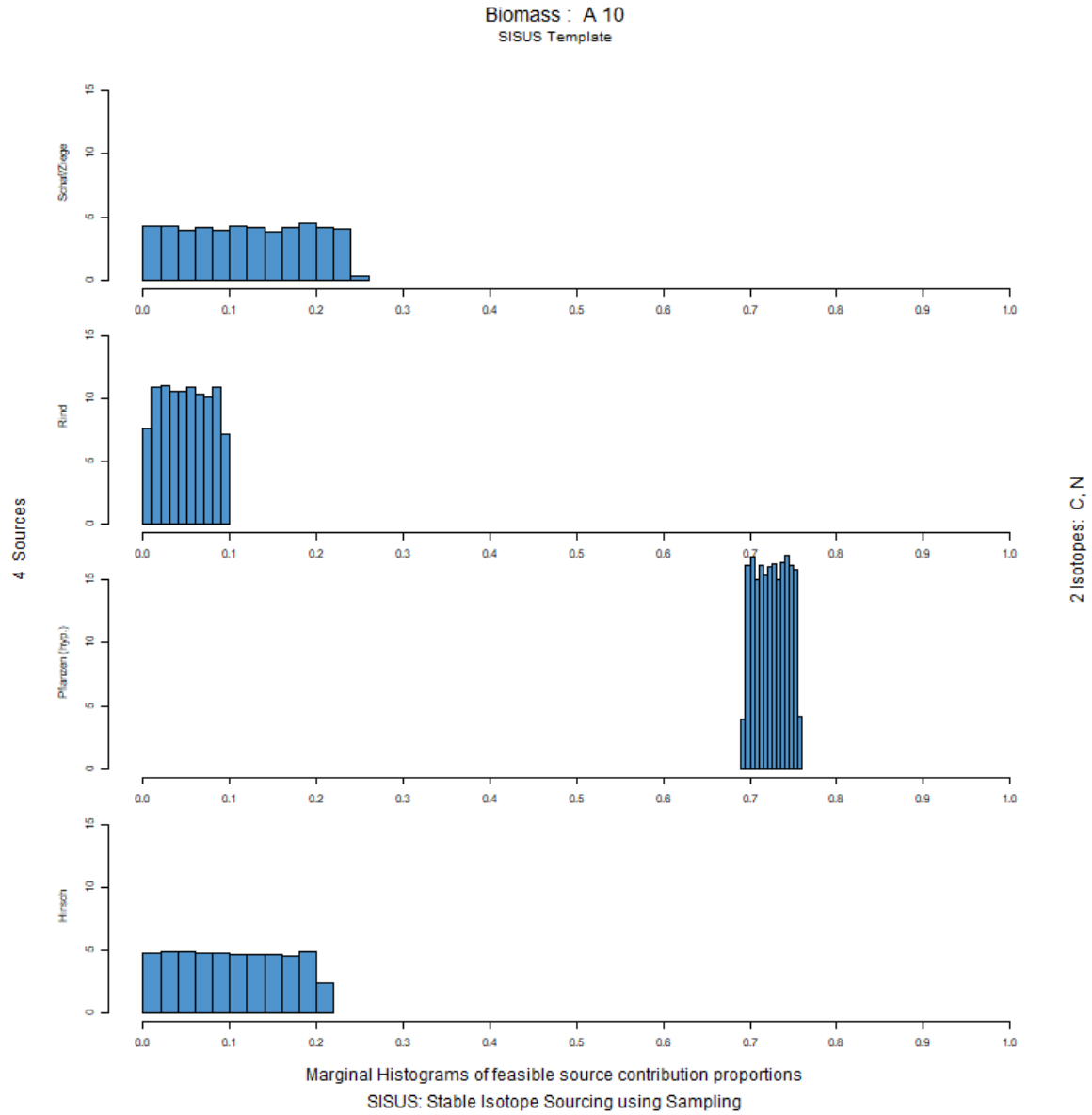


Abbildung 168: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 10. Erstellt mit SISUS.

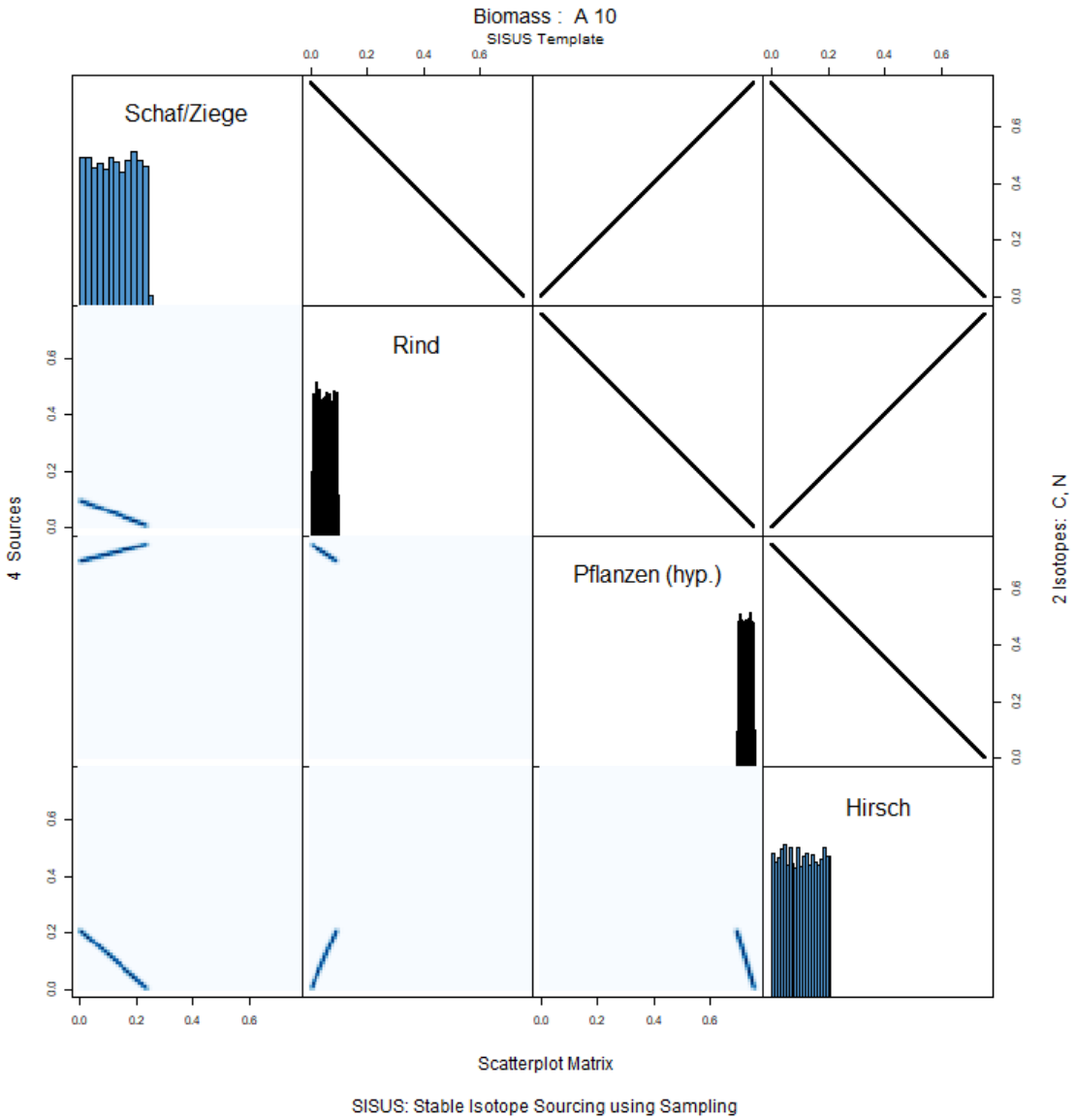


Abbildung 169: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 10. Erstellt mit SISUS.

A 11

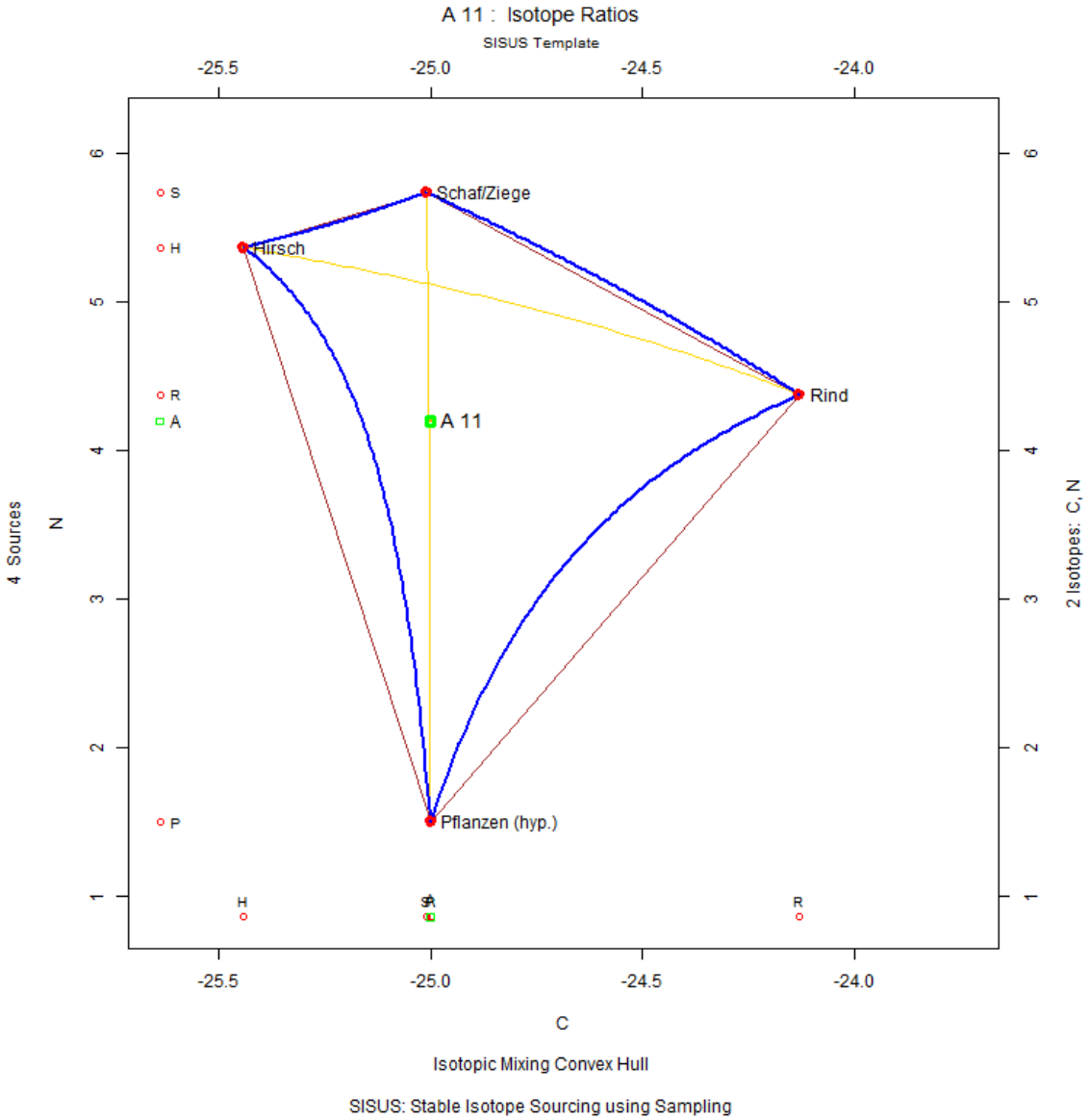


Abbildung 170: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 11. Erstellt mit SISUS.

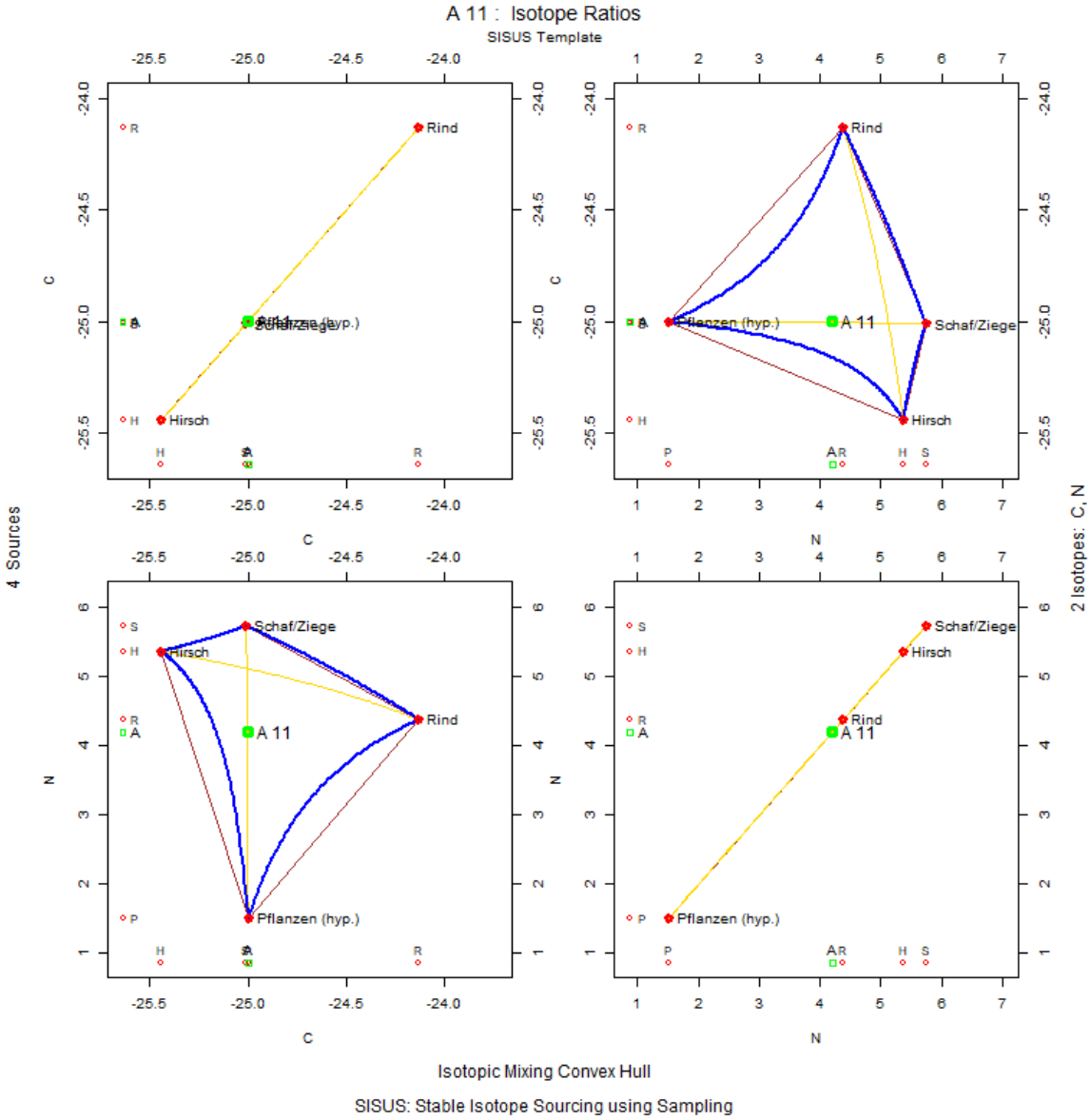


Abbildung 171: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 11 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

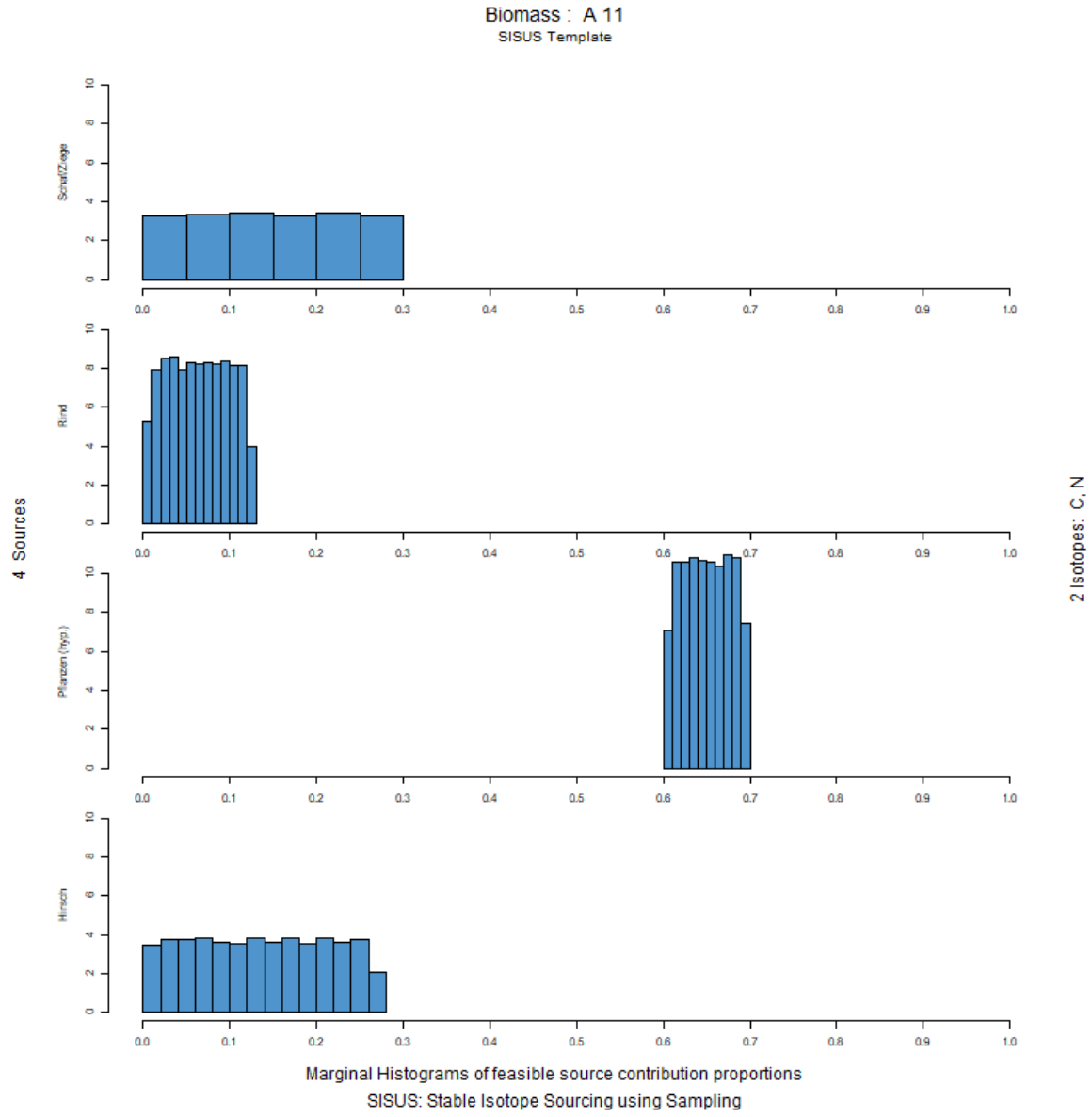


Abbildung 172: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 11. Erstellt mit SISUS.

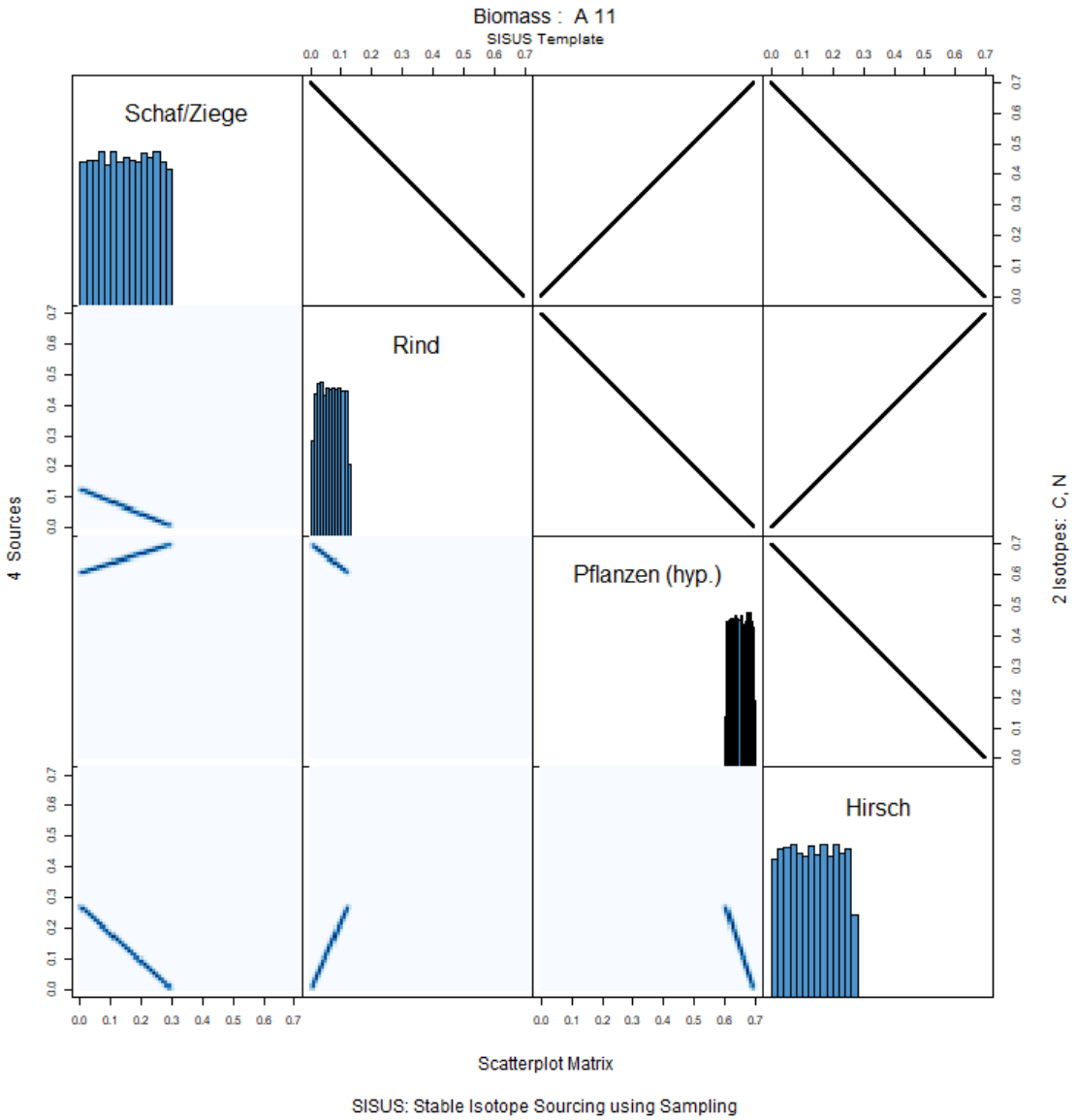


Abbildung 173: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 11. Erstellt mit SISUS.

A1100

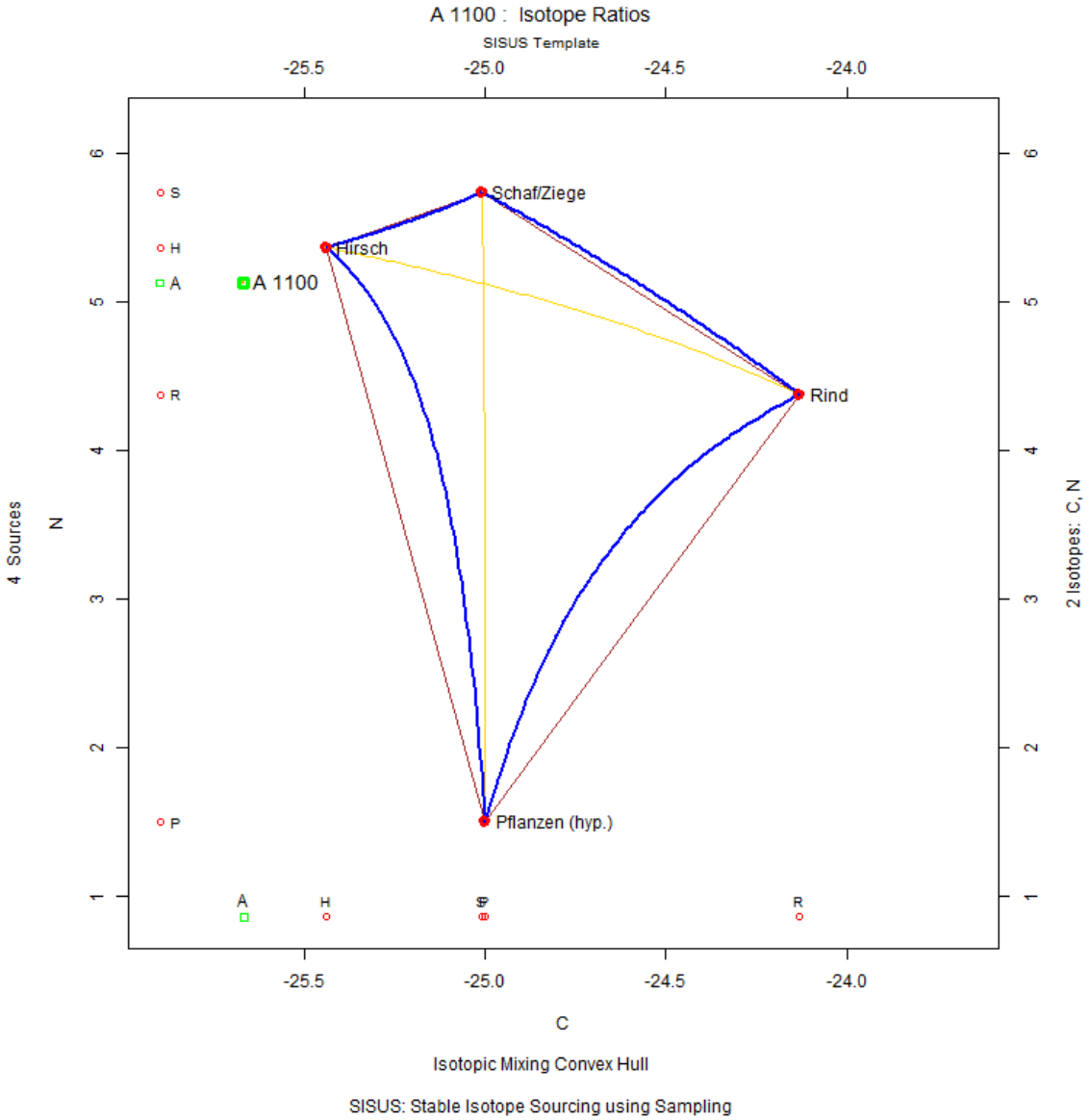


Abbildung 174: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1100. Erstellt mit SISUS.

A1101

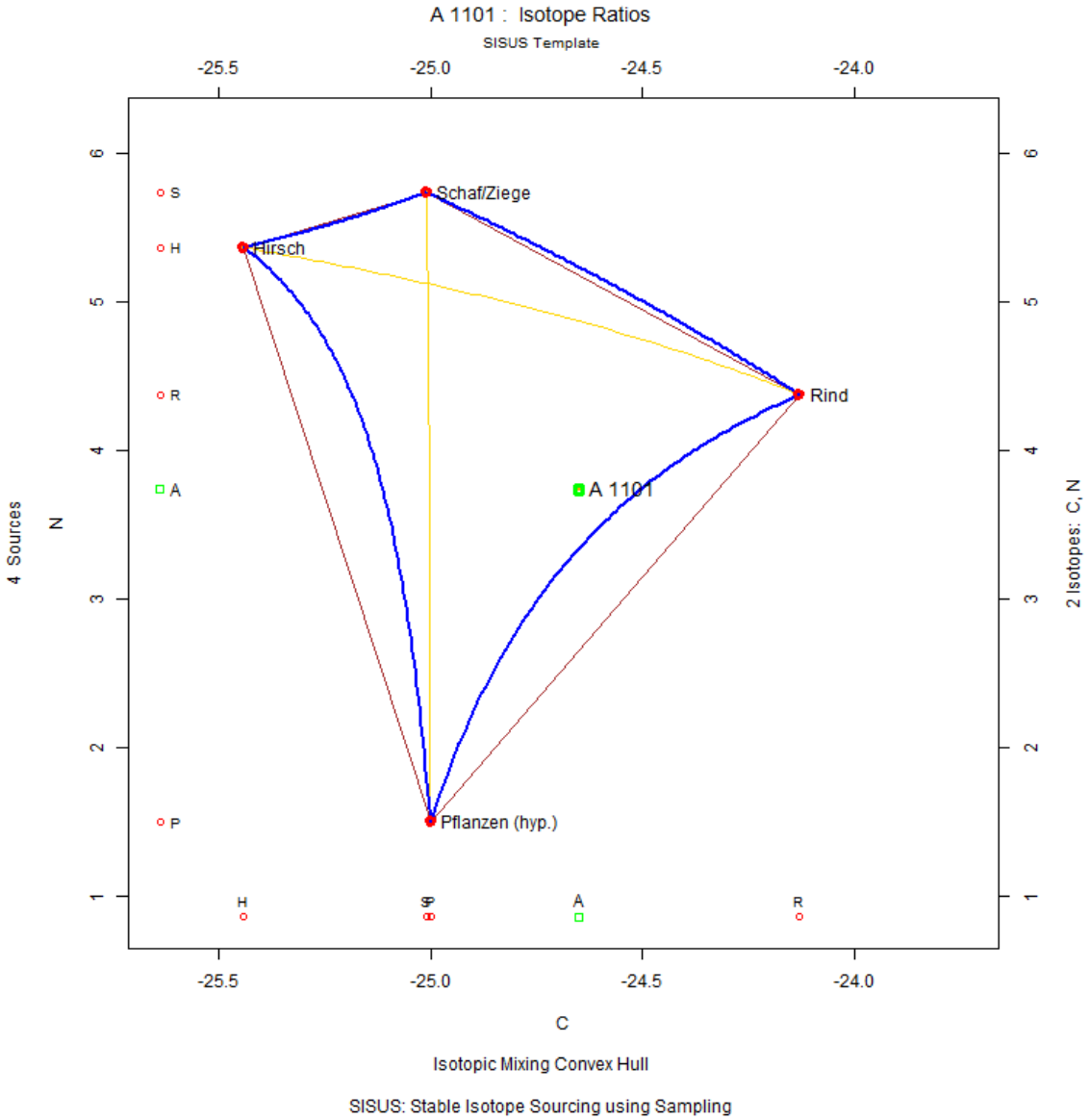


Abbildung 175: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1101. Erstellt mit SISUS.

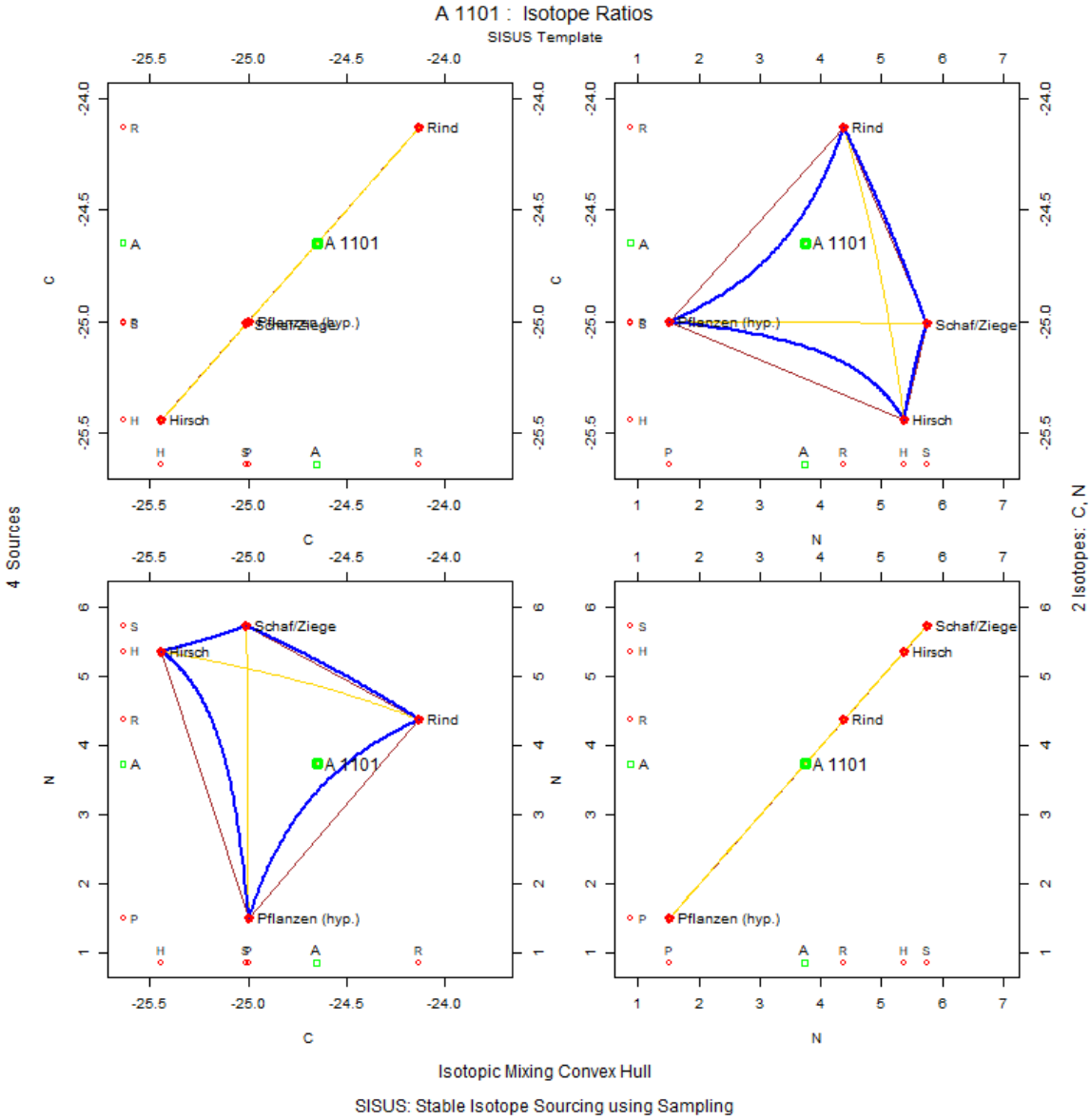


Abbildung 176: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1101 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

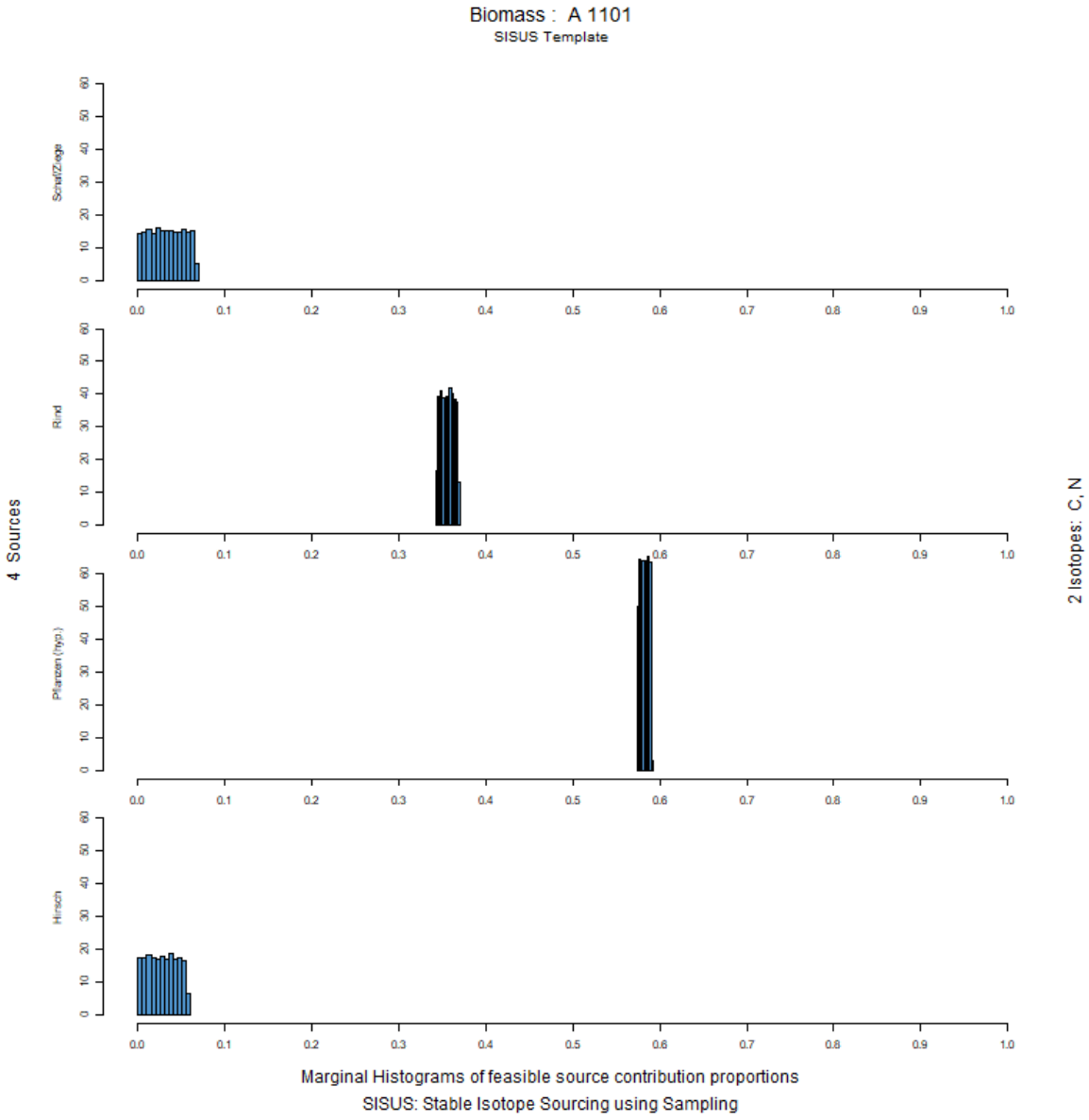


Abbildung 177: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1101. Erstellt mit SISUS.

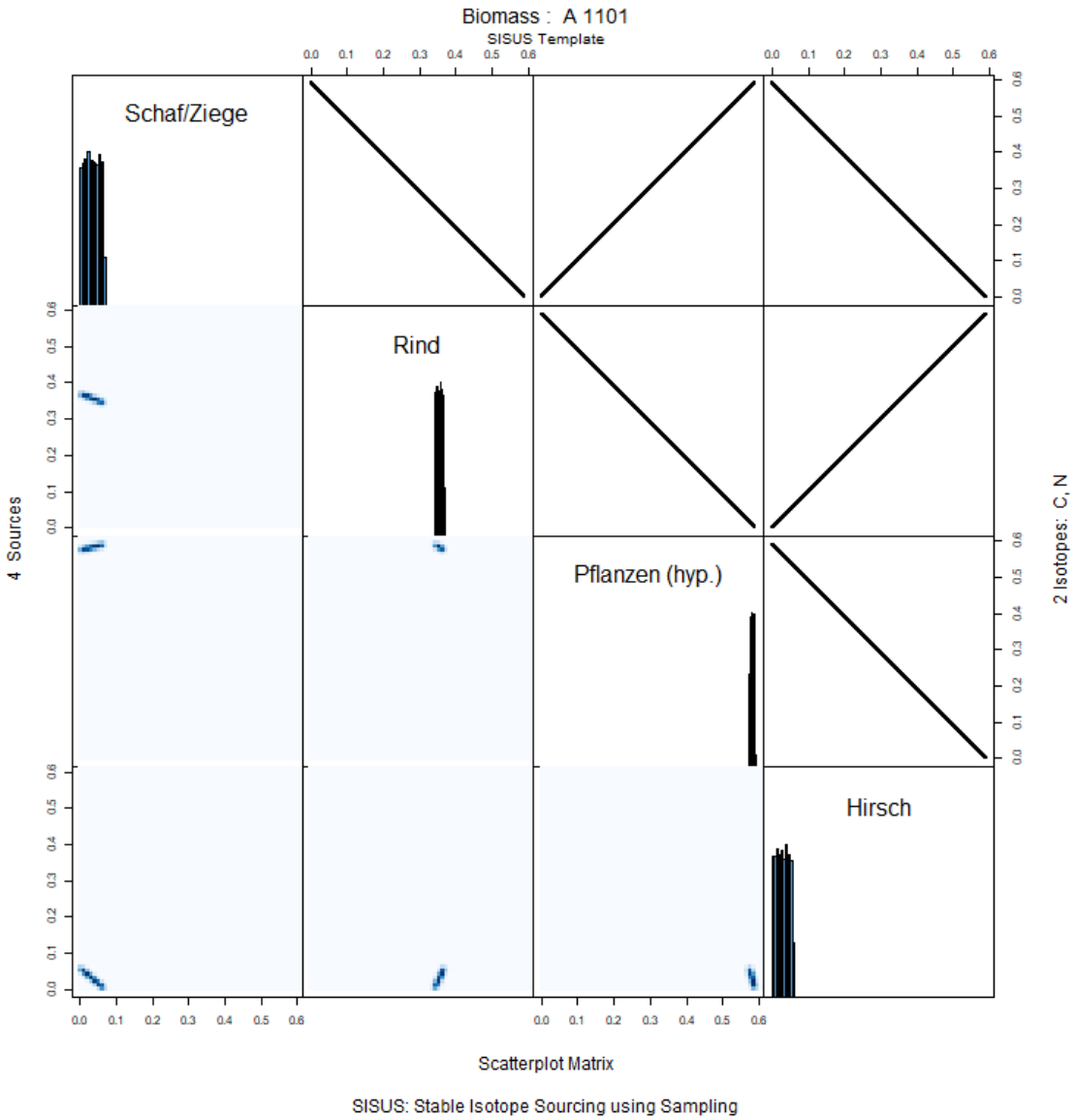


Abbildung 178: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1101. Erstellt mit SISUS.

A1102

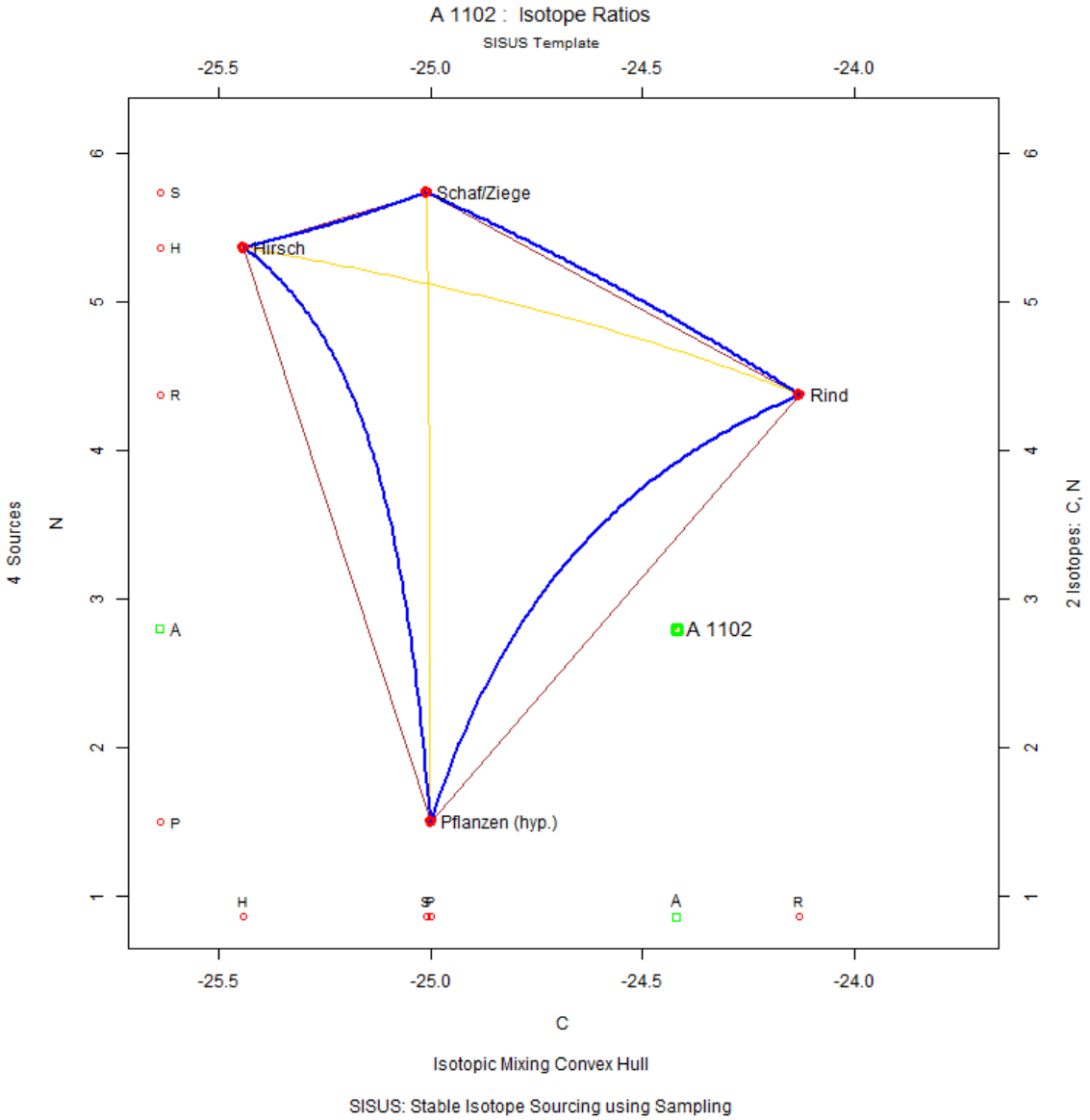


Abbildung 179: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1102. Erstellt mit SISUS.

A1103

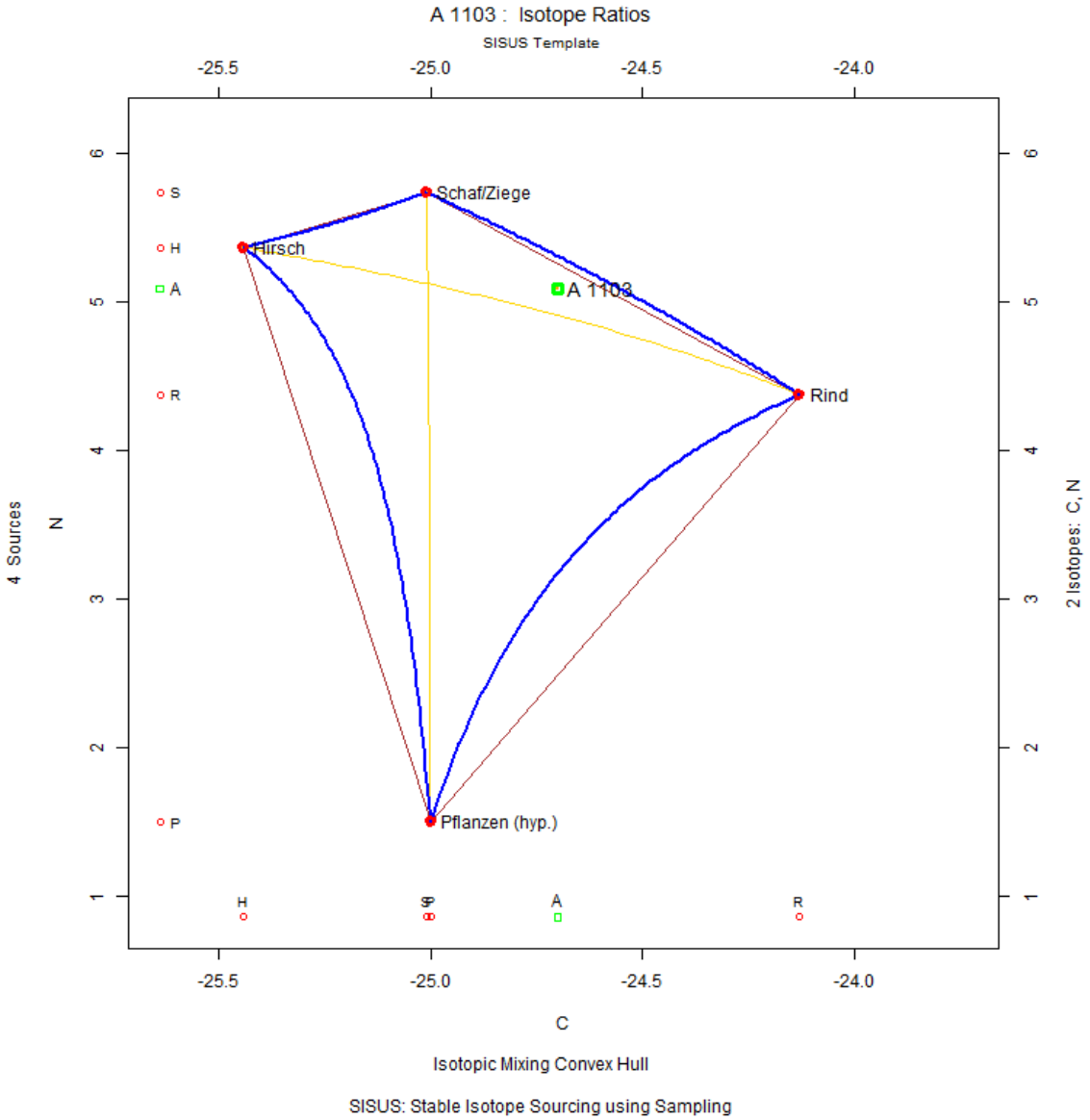


Abbildung 180: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1103. Erstellt mit SISUS.

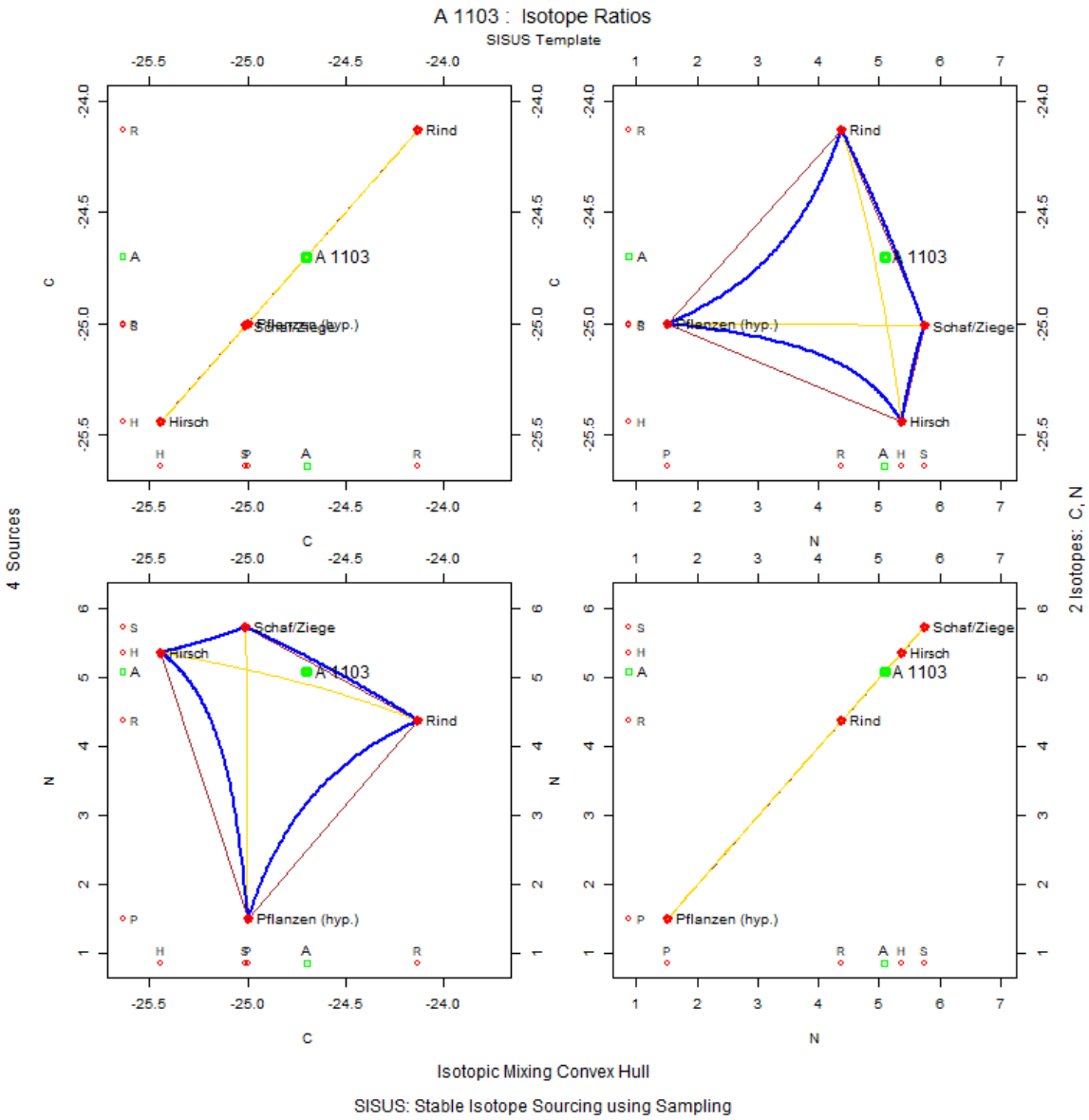


Abbildung 181: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1103 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

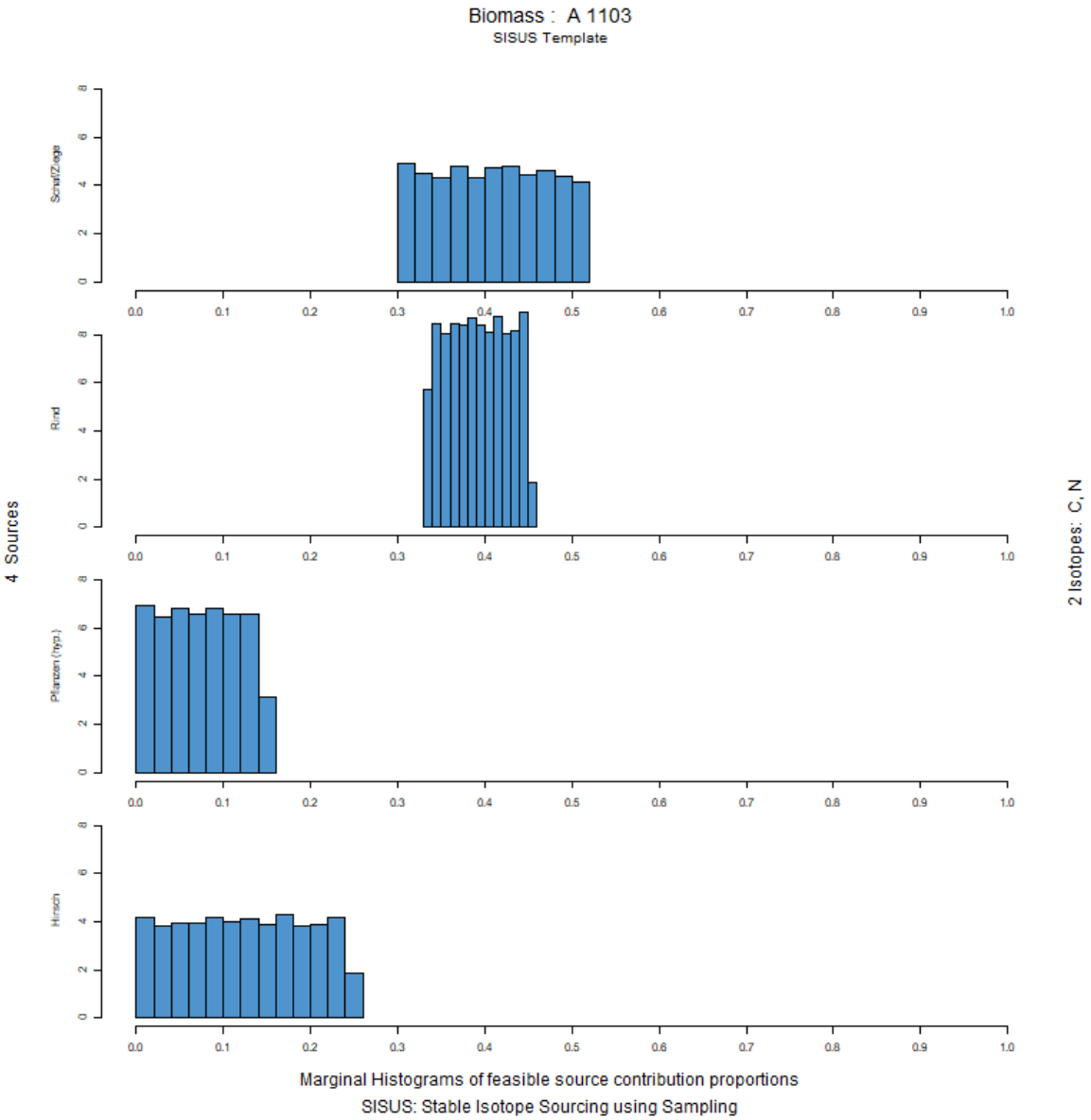


Abbildung 182: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1103. Erstellt mit SISUS.

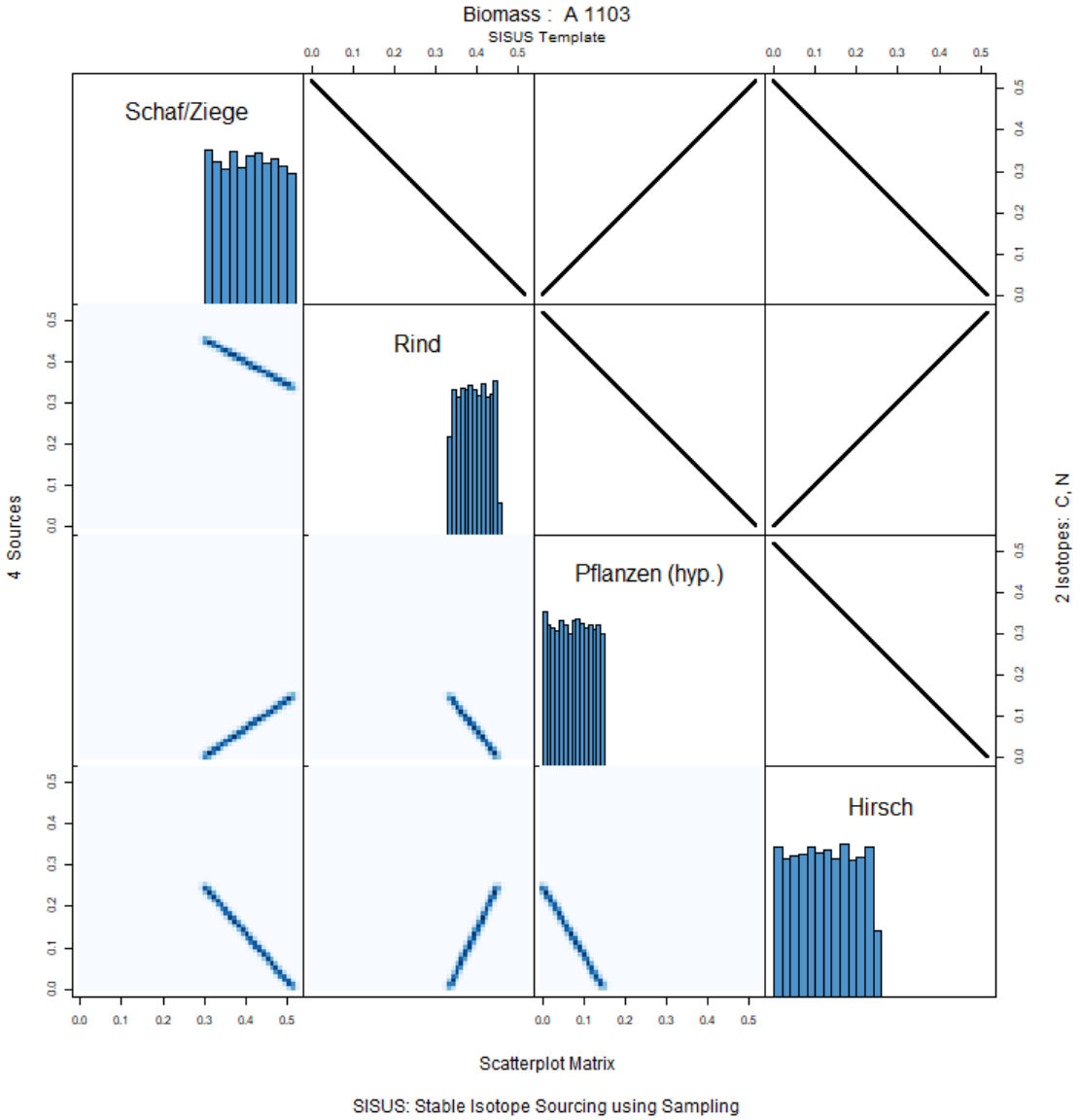


Abbildung 183: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1103. Erstellt mit SISUS.

A1104

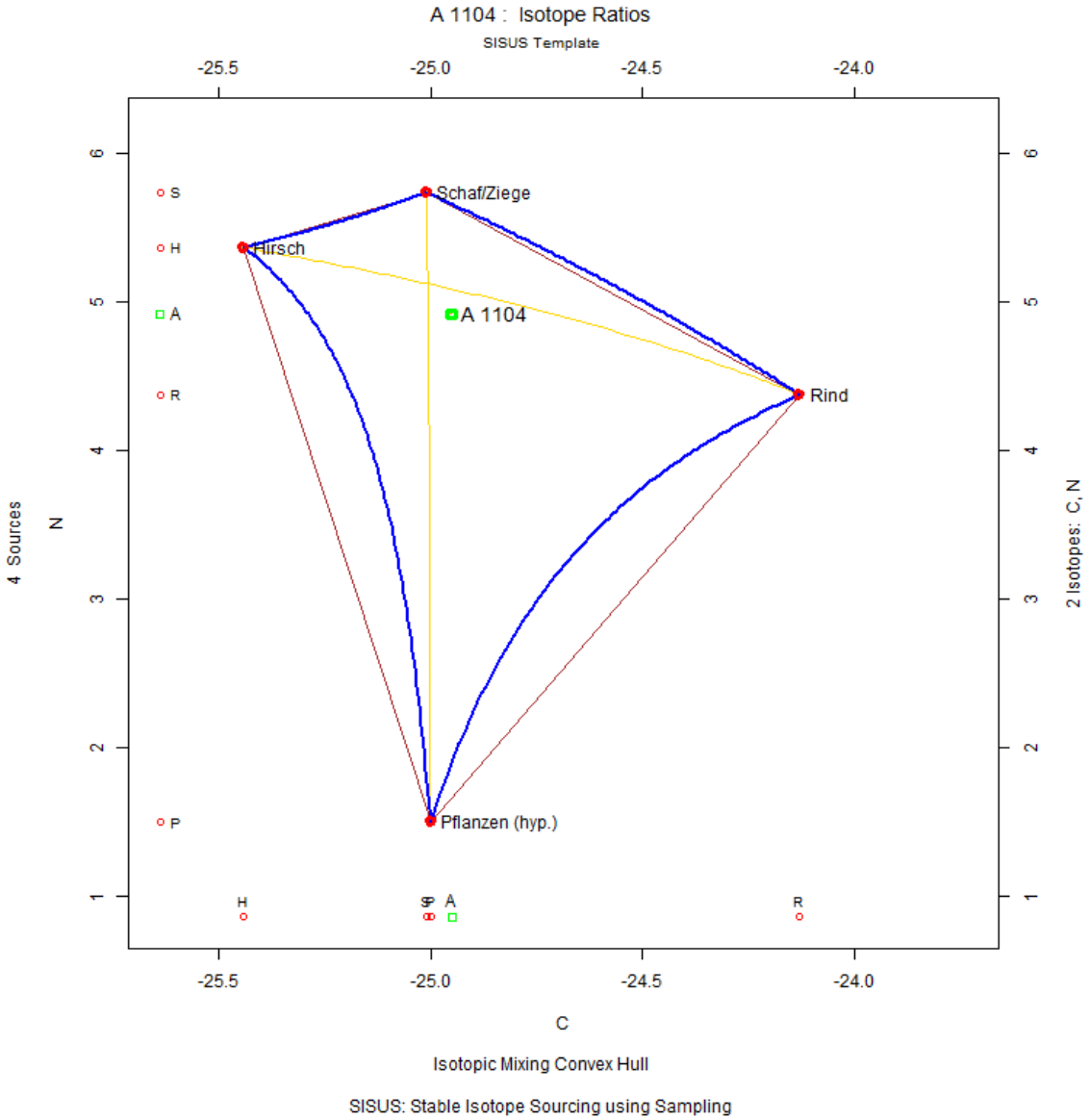


Abbildung 184: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1104. Erstellt mit SISUS.

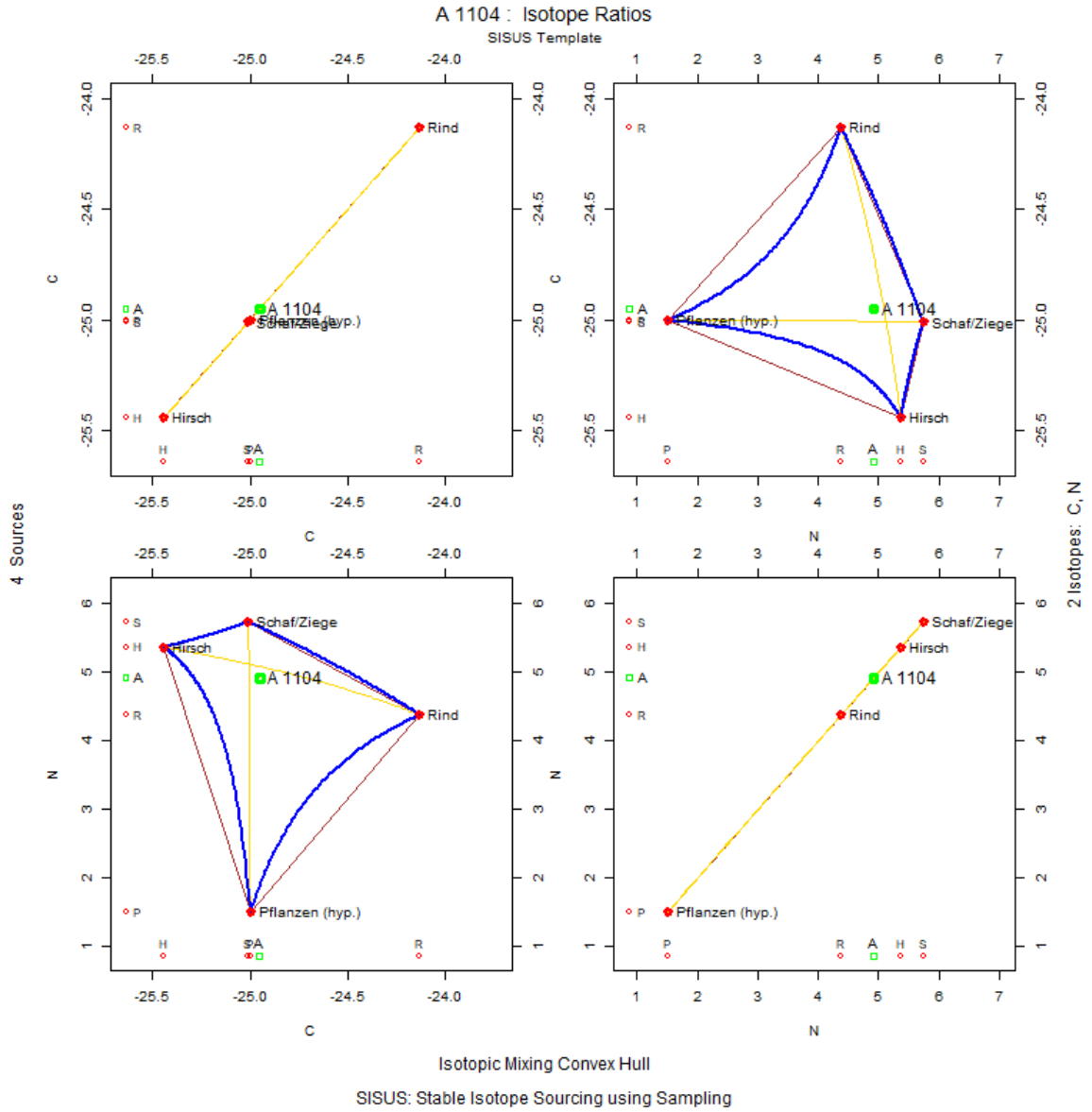


Abbildung 185: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1104 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

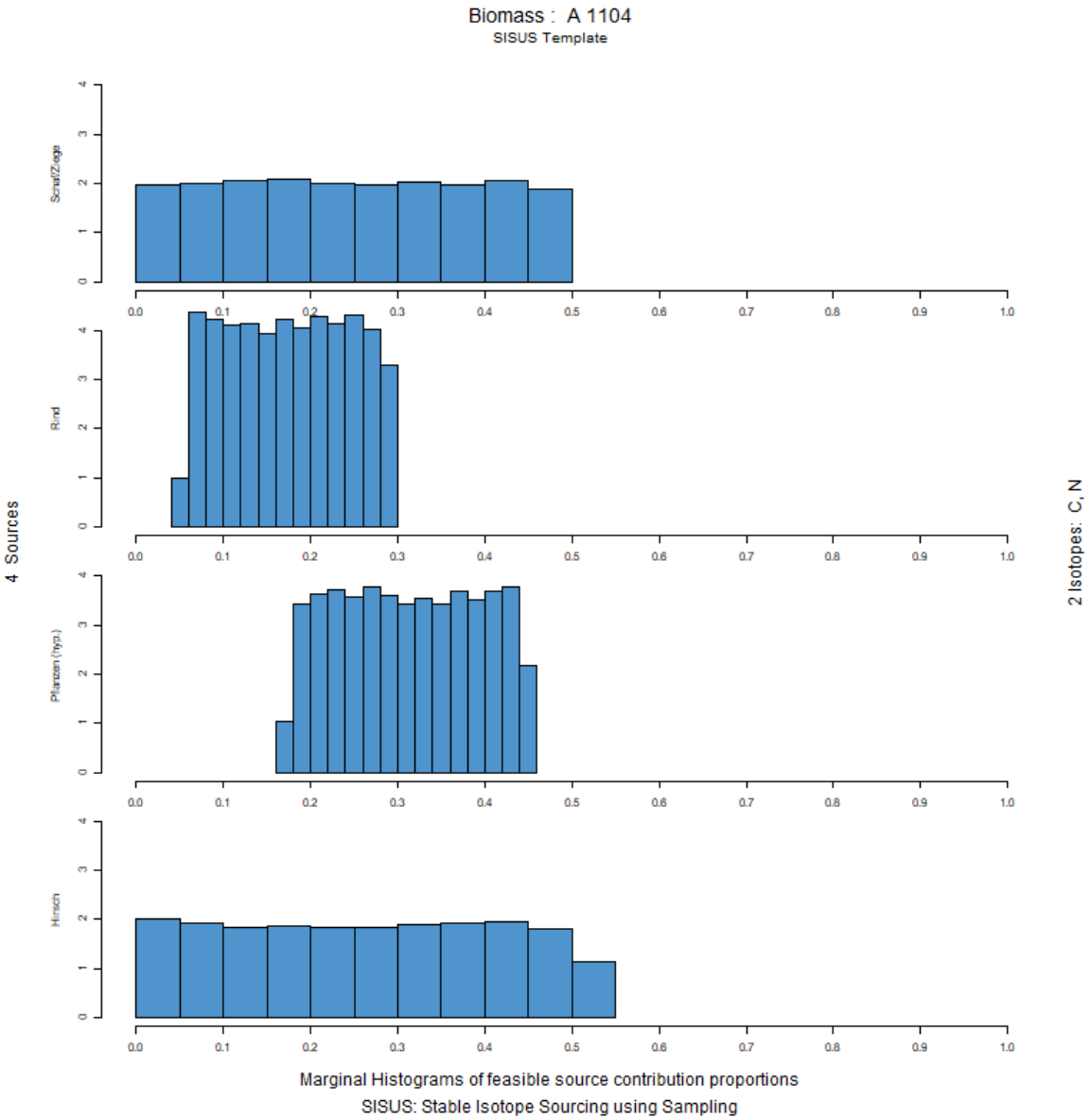


Abbildung 186: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1104. Erstellt mit SISUS.

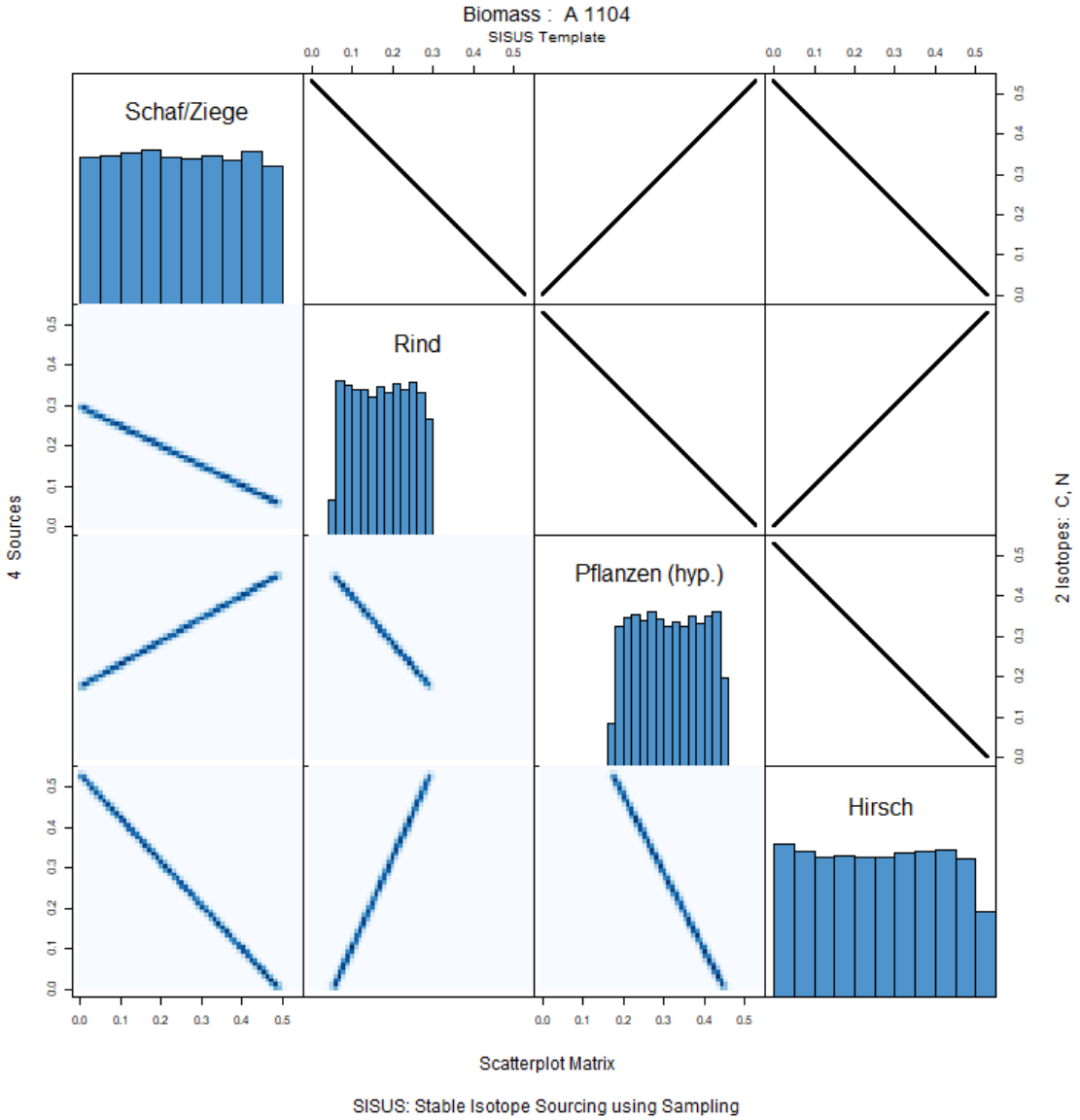


Abbildung 187: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1104. Erstellt mit SISUS.

A1105

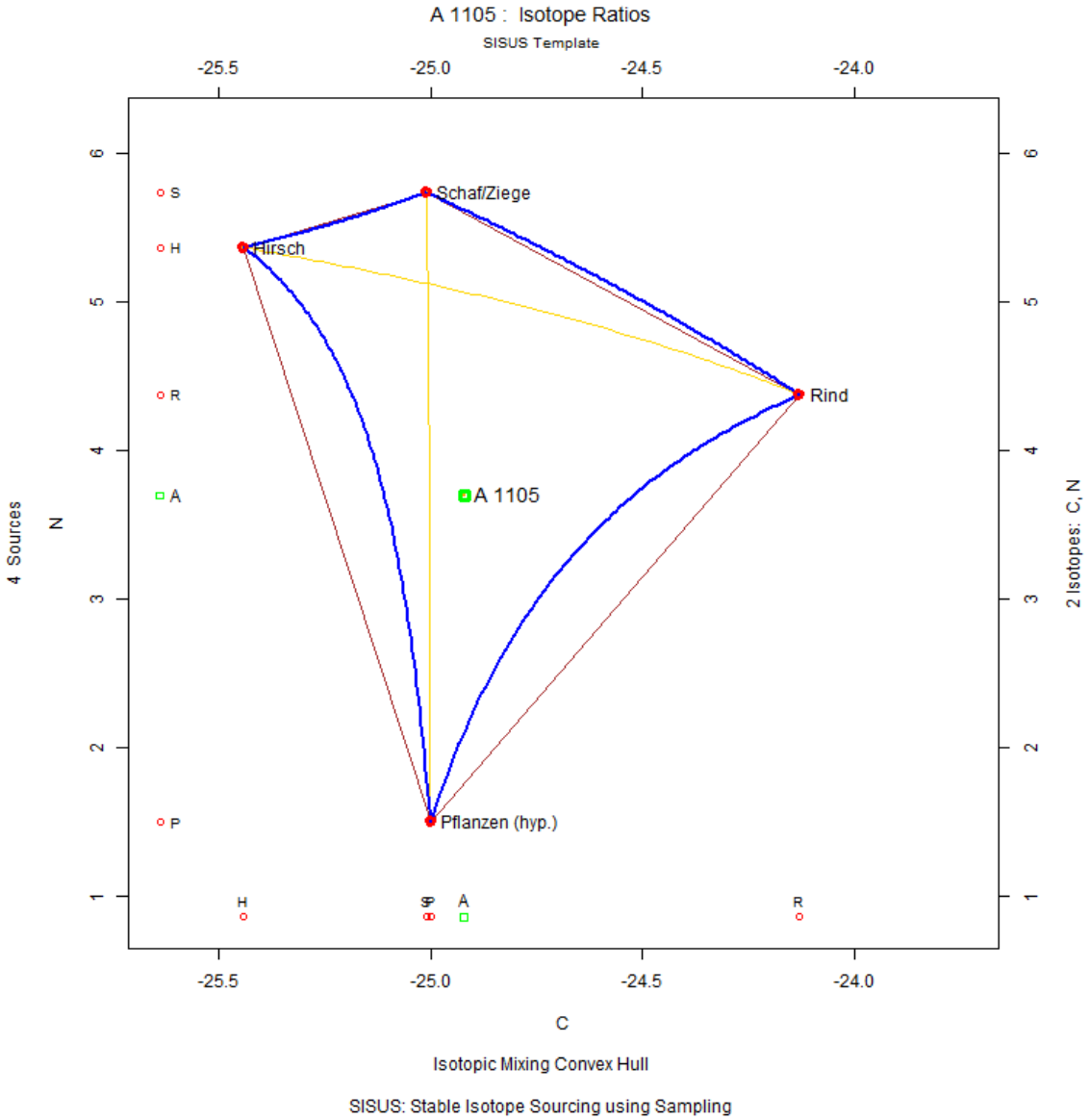


Abbildung 188: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1105. Erstellt mit SISUS.

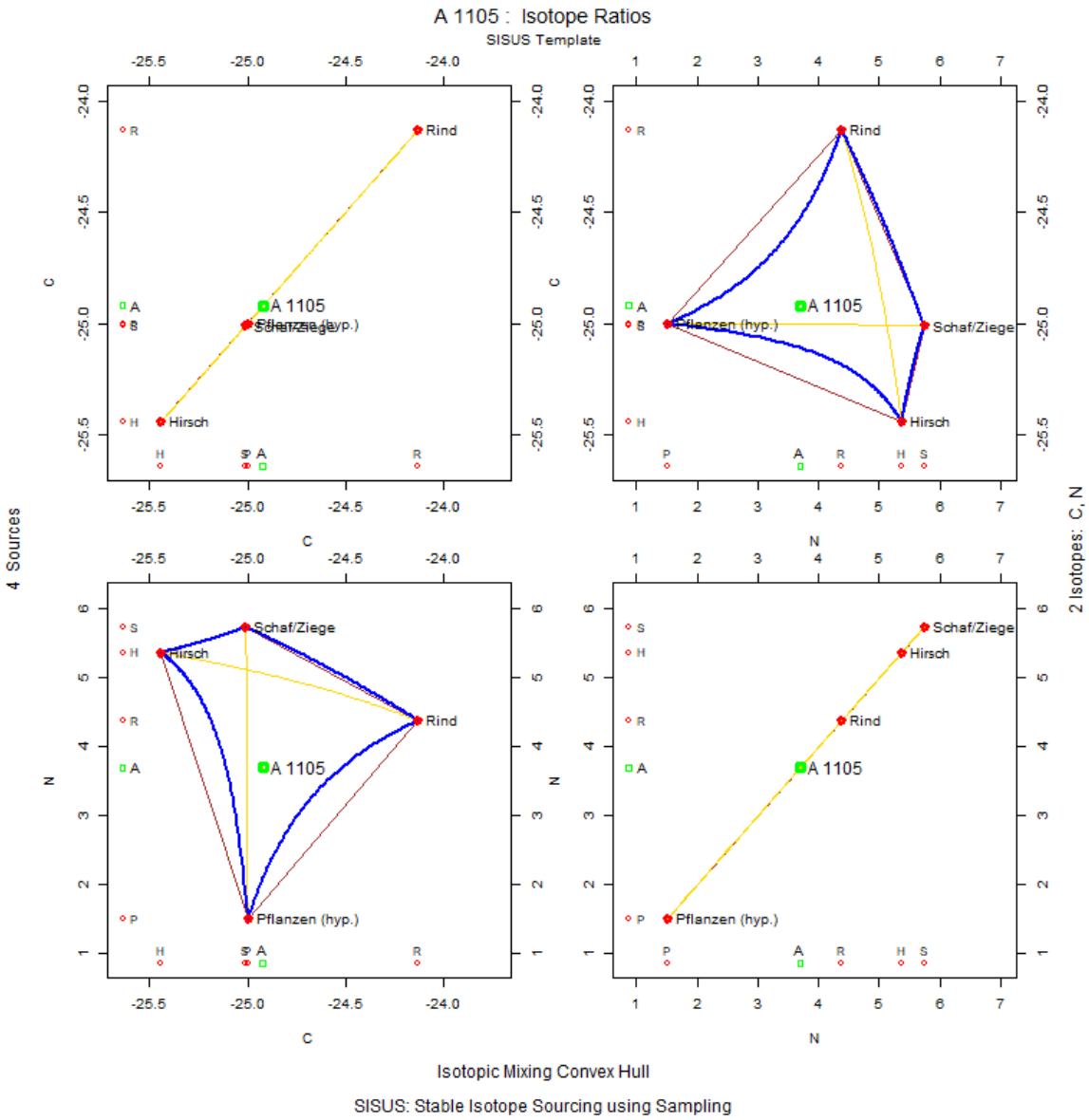


Abbildung 189: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1105 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

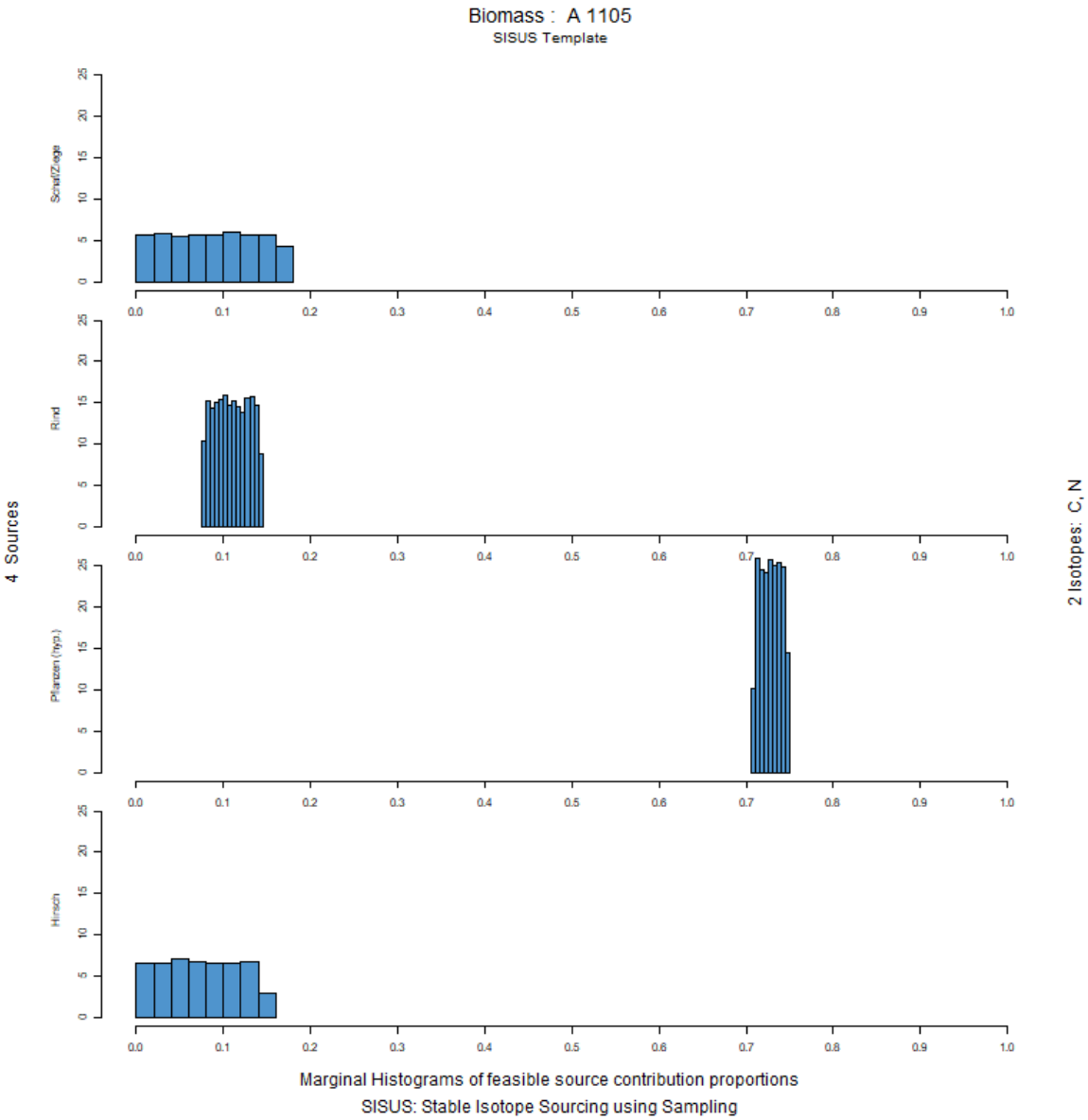


Abbildung 190: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1105. Erstellt mit SISUS.

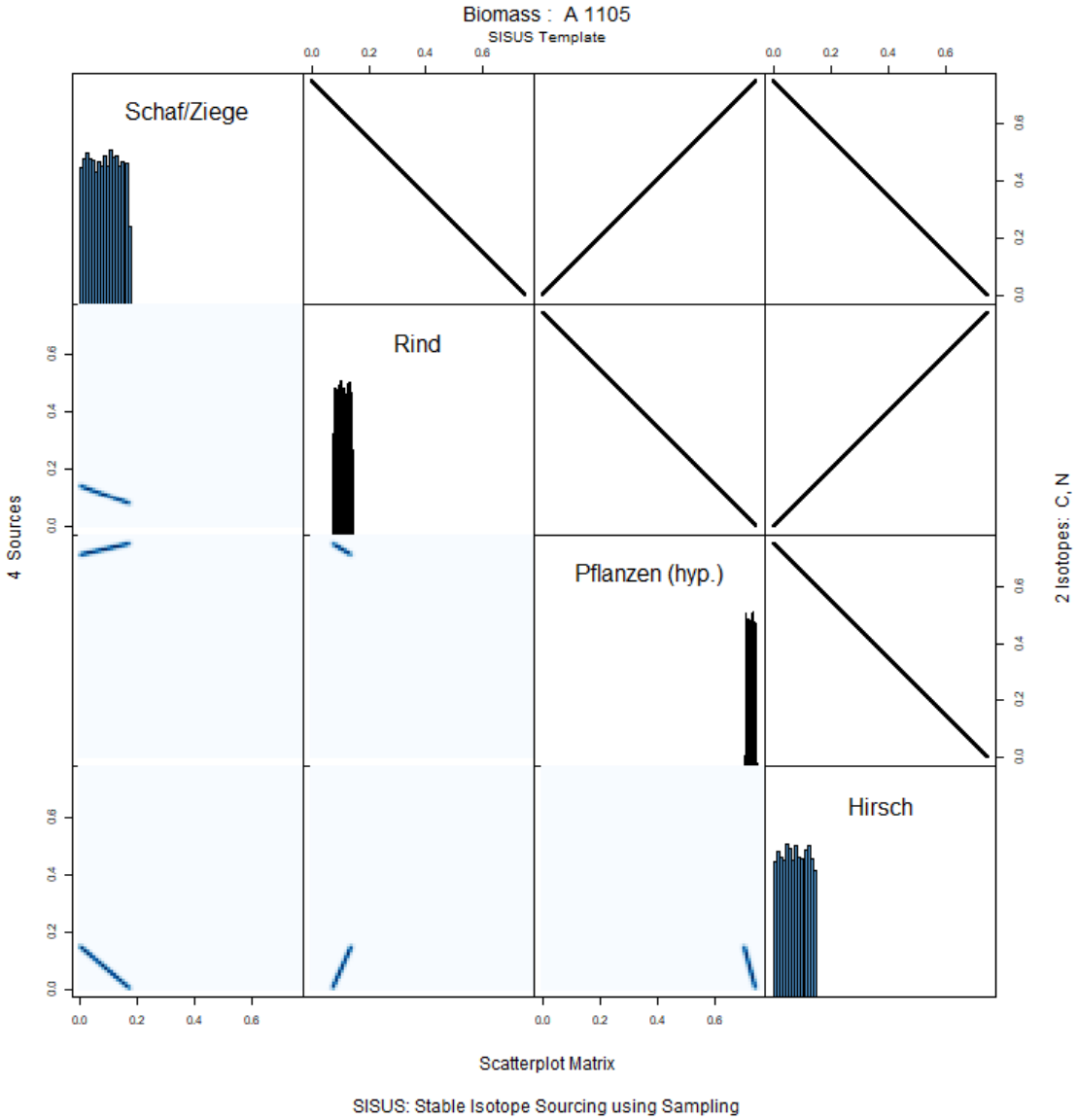


Abbildung 191: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1105. Erstellt mit SISUS.

A1106

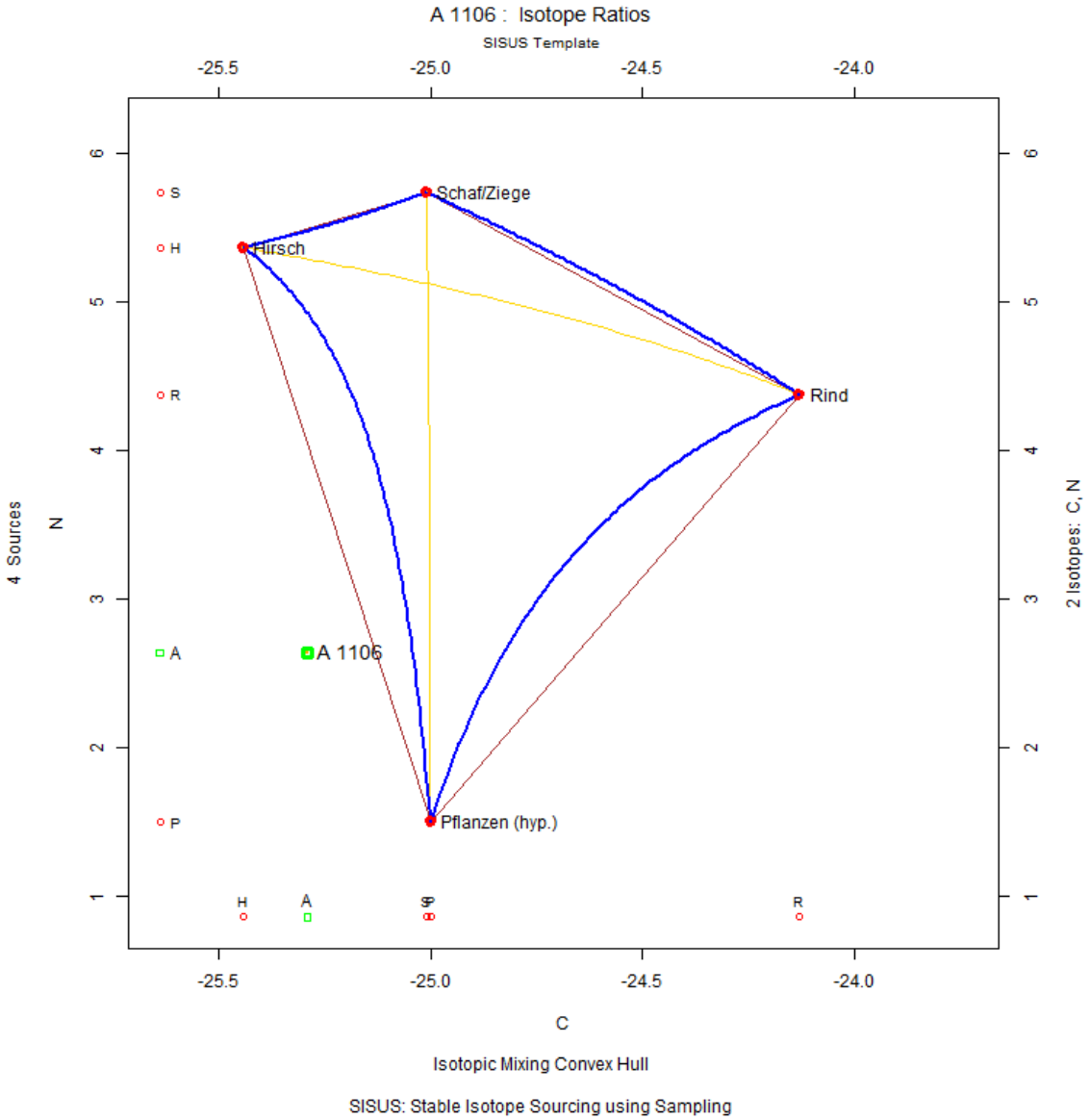


Abbildung 192: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1106. Erstellt mit SISUS.

A1107

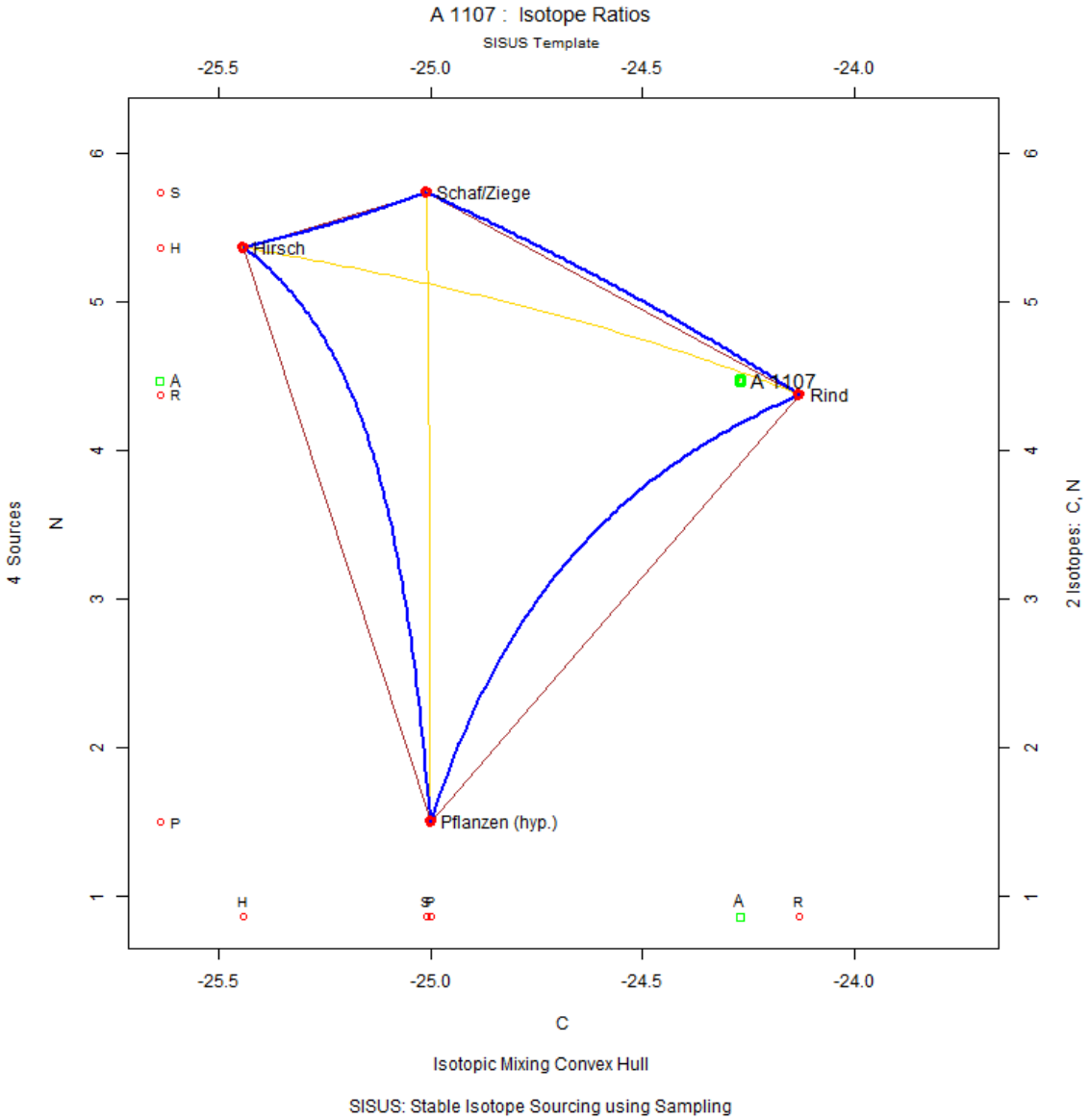


Abbildung 193: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1107. Erstellt mit SISUS.

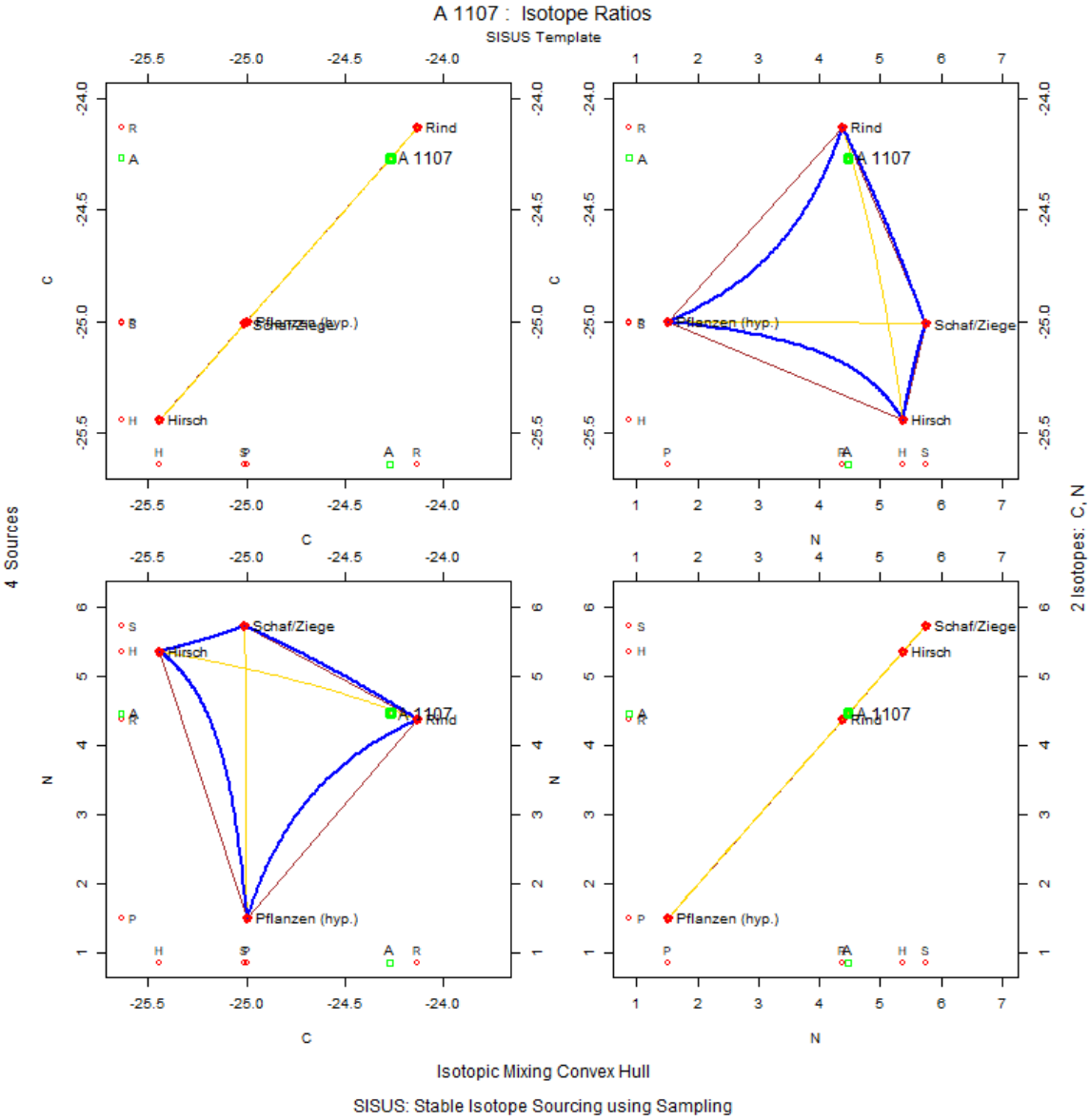


Abbildung 194: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1107 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

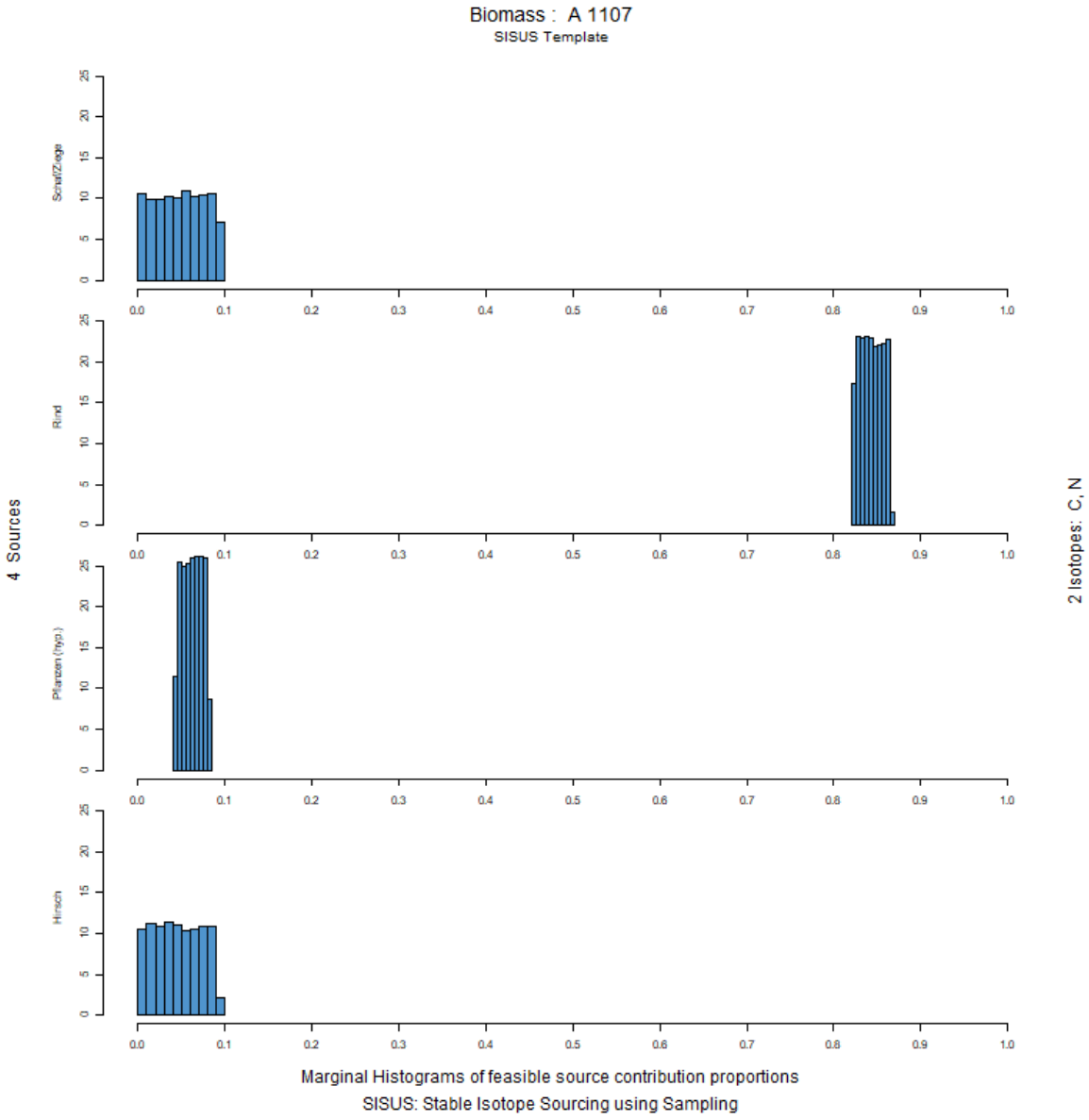


Abbildung 195: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1107. Erstellt mit SISUS.

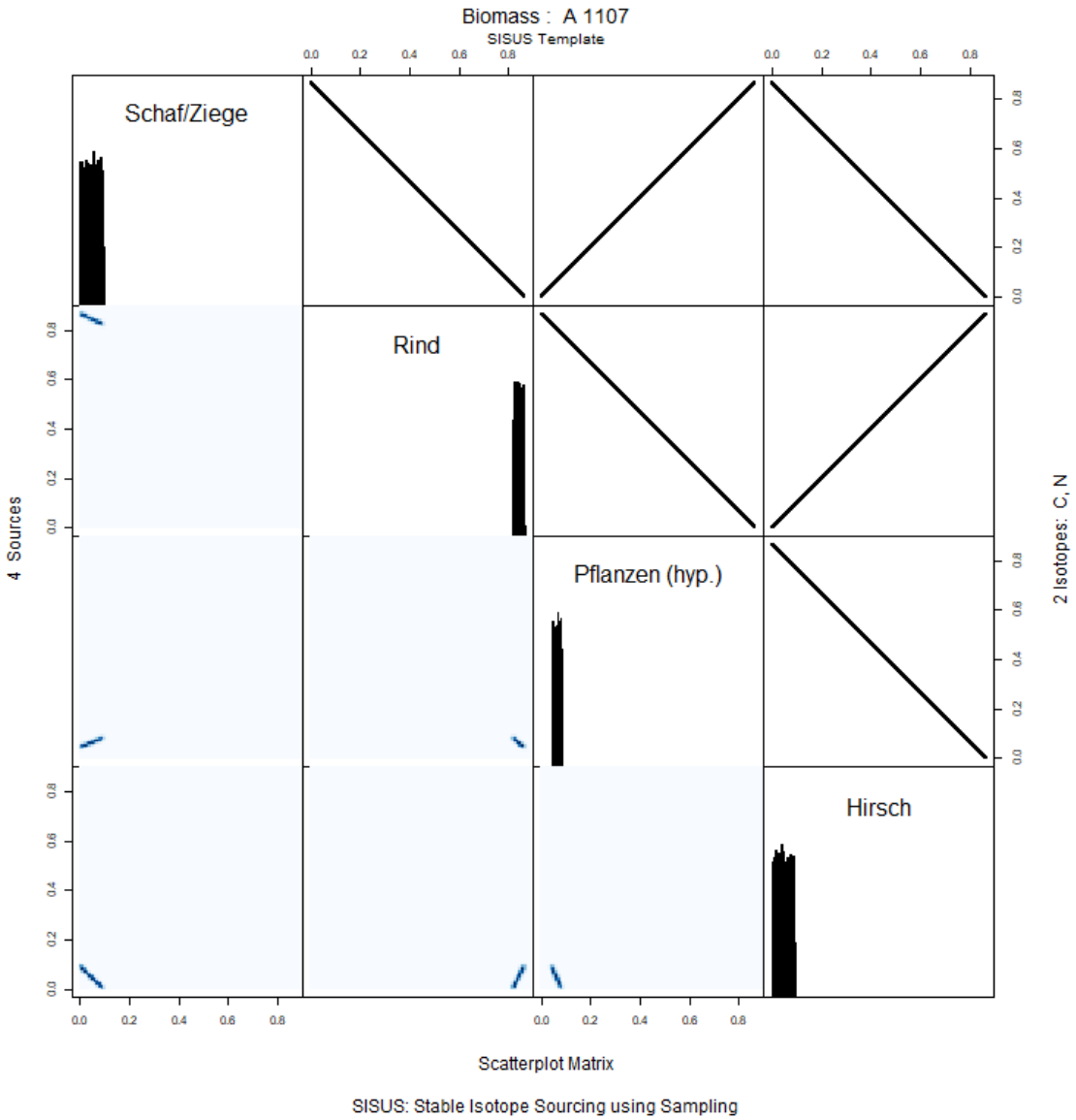


Abbildung 196: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1107. Erstellt mit SISUS.

A1108

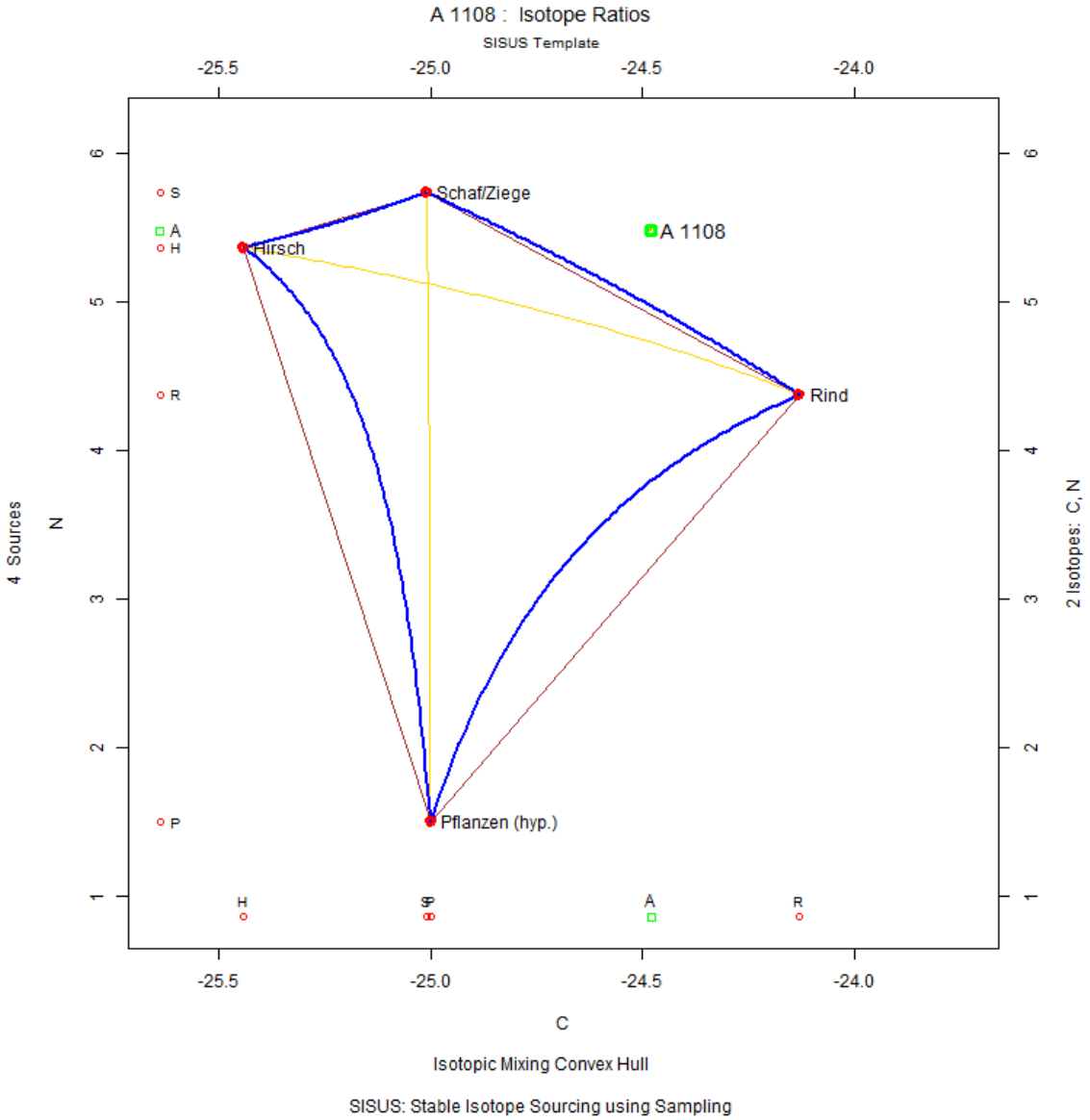


Abbildung 197: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1108. Erstellt mit SISUS.

A1109

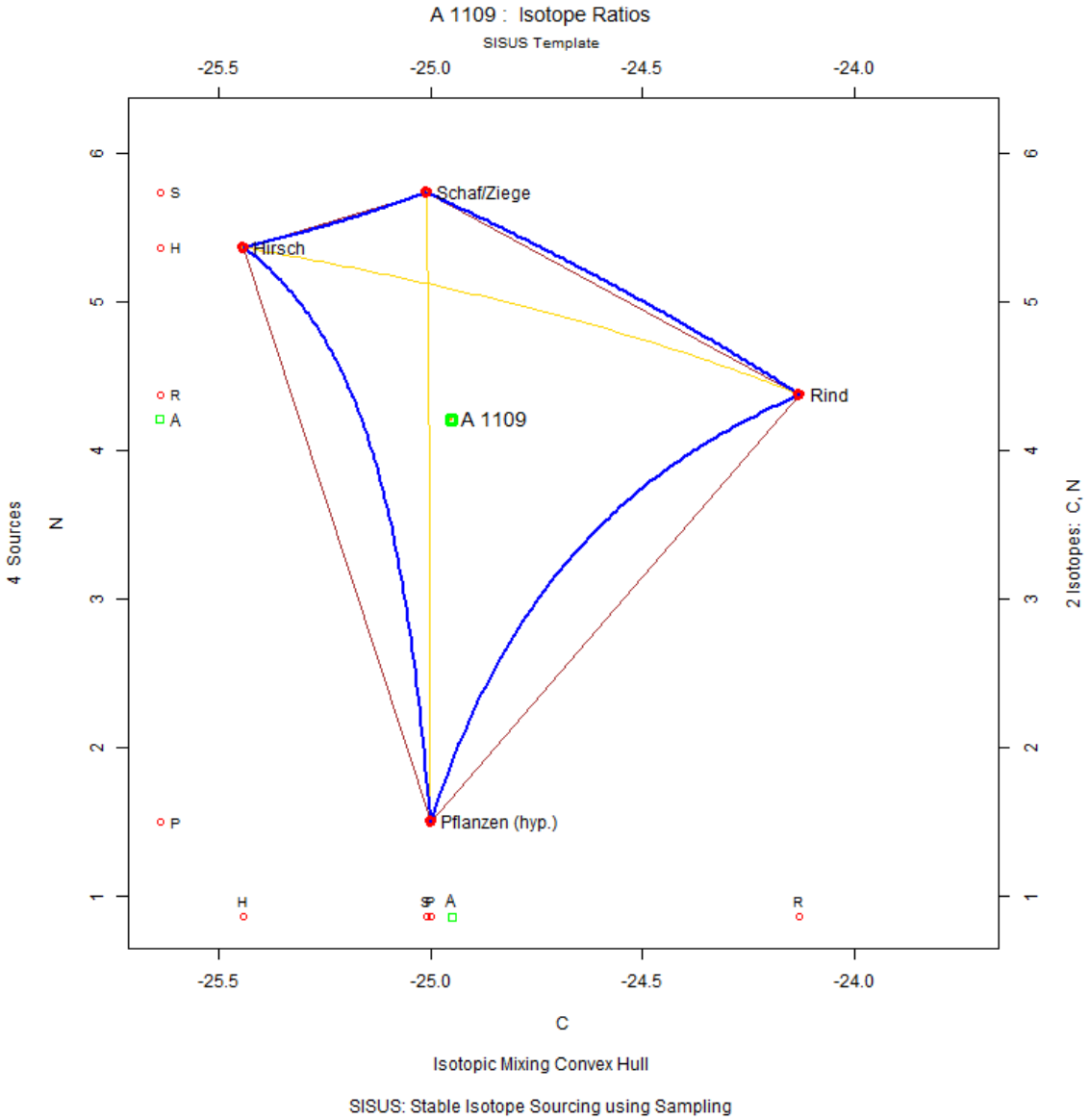


Abbildung 198: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1109. Erstellt mit SISUS.

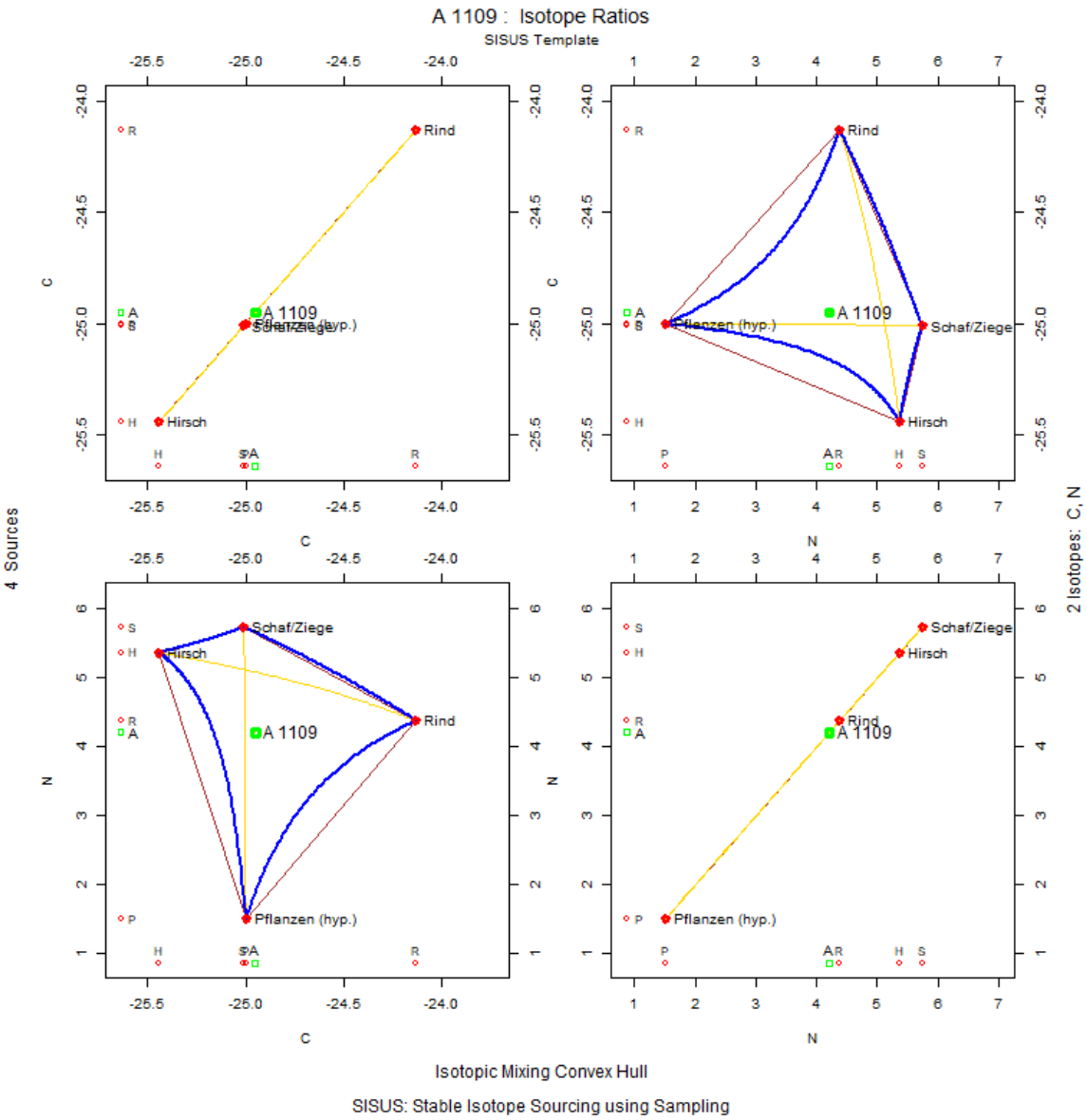


Abbildung 199: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Alepotrypa (A) 1109 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

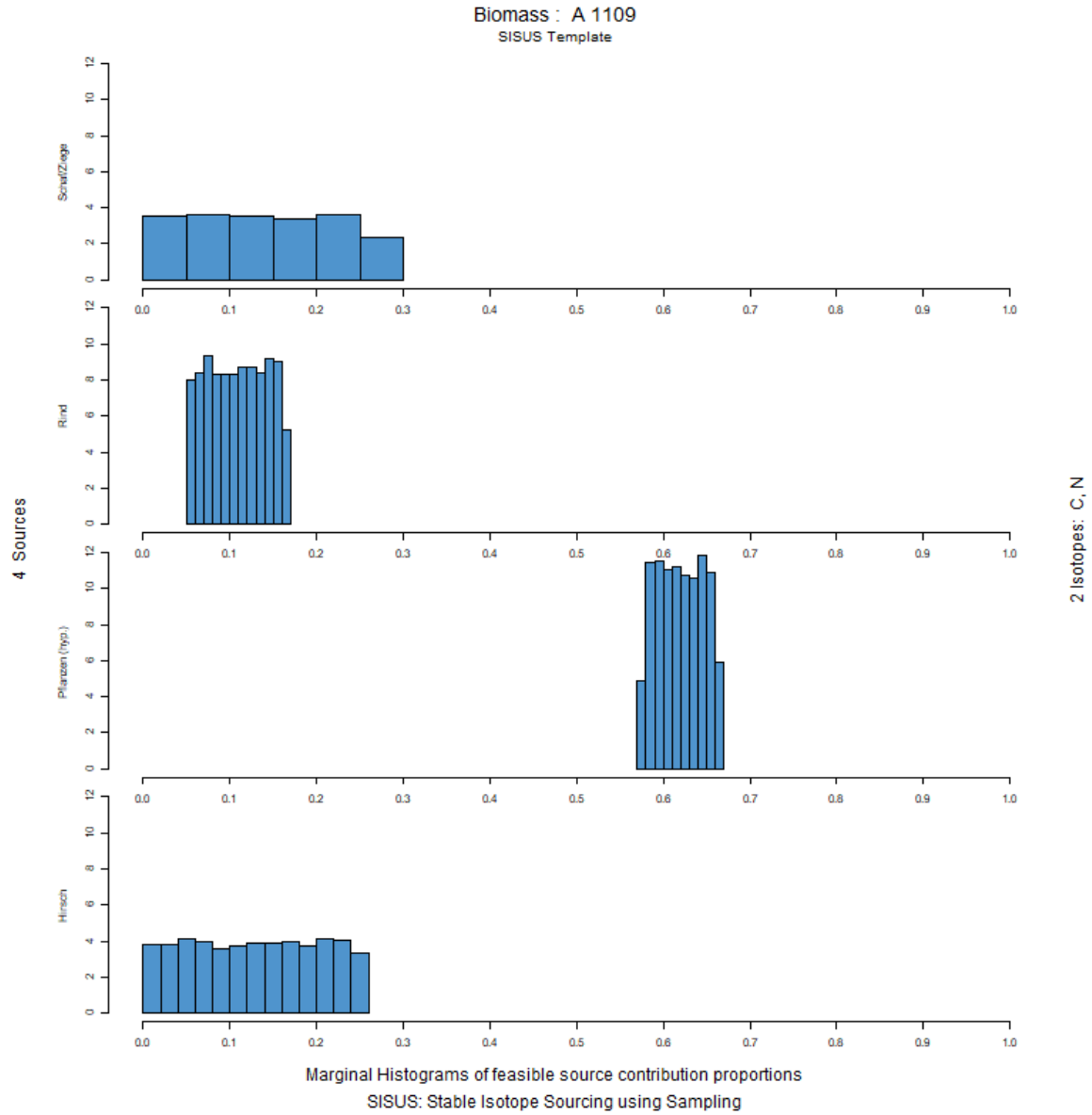


Abbildung 200: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1109. Erstellt mit SISUS.

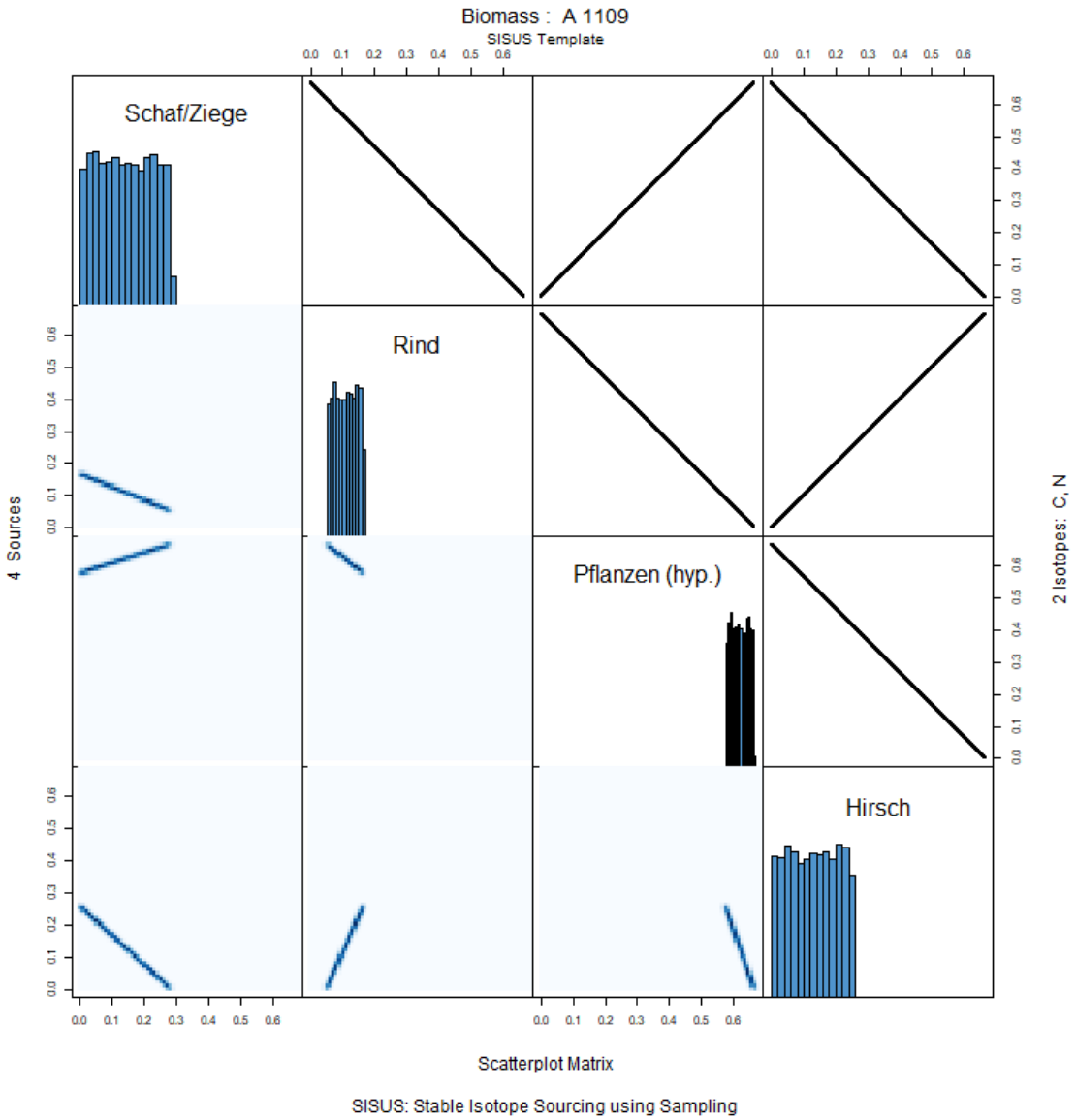


Abbildung 201: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Alepotrypa (A) 1109. Erstellt mit SISUS.

A1113

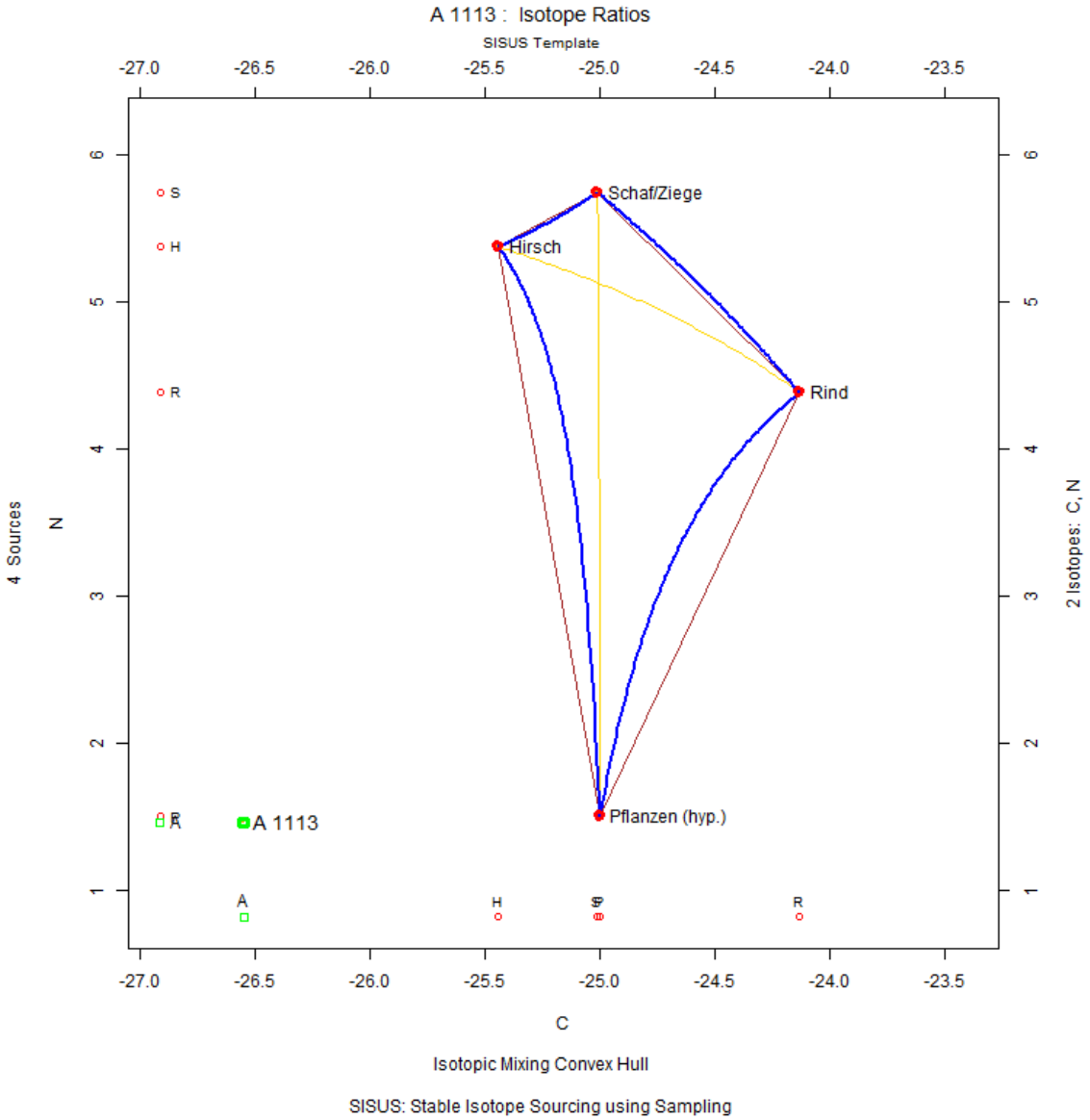


Abbildung 202: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Alepotrypa (A) 1113. Erstellt mit SISUS.

2.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 6: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version A: 4-Quellen) für die Individuen aus Alepotrypa (A). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version A: 4 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
A1	Pflanzen	86,3%	87,2%	0,5%	87,2%	88,1%	1,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,9%	3,4%	5,9%	11,8%	11,8%
	Rind	0,1%	2,2%	1,2%	2,2%	4,3%	4,2%
	Hirsch	0,0%	4,7%	2,7%	4,7%	9,4%	9,4%
A2	Pflanzen	66,6%	70,2%	2,1%	7,2%	73,8%	7,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,0%	7,5%	13,0%	25,9%	25,9%
	Rind	0,3%	5,4%	3,0%	5,4%	10,5%	10,2%
	Hirsch	0,0%	11,4%	6,6%	11,3%	22,8%	22,8%
A3	Pflanzen	0,0%	11,4%	6,5%	11,3%	22,7%	22,7%
	Schaf/Ziege	22,9%	39,1%	9,3%	39,0%	55,3%	32,4%
	Rind	22,0%	30,8%	5,0%	30,8%	39,6%	17,6%
	Hirsch	0,0%	18,8%	10,7%	18,9%	37,5%	37,5%
A4	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A5	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A6	Pflanzen	55,4%	56,9%	0,9%	56,9%	58,5%	3,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,0%	3,5%	6,0%	12,0%	12,0%
	Rind	29,5%	31,8%	1,4%	31,8%	34,2%	4,7%
	Hirsch	0,0%	5,2%	3,0%	5,2%	10,4%	10,4%
A7	Pflanzen	85,2%	85,5%	0,2%	85,5%	85,9%	0,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,6%	1,4%	2,6%	5,1%	5,1%
	Rind	9,1%	10,0%	0,5%	10,0%	10,8%	1,8%
	Hirsch	0,0%	2,0%	1,1%	2,0%	4,0%	4,0%
A8	Pflanzen	24,0%	27,1%	1,8%	27,1%	30,2%	6,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,4%	4,8%	8,4%	16,7%	16,7%
	Rind	53,1%	56,7%	2,1%	56,7%	60,4%	7,3%
	Hirsch	0,0%	7,8%	4,5%	7,8%	15,6%	15,6%
A9	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A10	Pflanzen	69,4%	72,5%	1,8%	72,5%	75,6%	6,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,1%	7,0%	12,1%	24,1%	24,1%
	Rind	0,3%	5,0%	2,7%	4,9%	9,6%	9,4%
	Hirsch	0,0%	10,5%	6,1%	10,4%	21,0%	21,0%
A11	Pflanzen	60,3%	65,0%	2,7%	65,0%	69,7%	9,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,0%	8,6%	15,0%	29,9%	29,9%
	Rind	0,3%	6,4%	3,5%	6,4%	12,5%	12,2%
	Hirsch	0,0%	13,6%	7,8%	13,6%	27,2%	27,2%

A1100	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A1101	Pflanzen	57,4%	58,2%	0,5%	58,2%	59,0%	1,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,3%	1,9%	3,4%	6,7%	6,7%
	Rind	34,3%	35,6%	0,7%	35,6%	36,9%	2,6%
	Hirsch	0,0%	2,8%	1,6%	2,8%	5,7%	5,7%
A1102	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A1103	Pflanzen	0,0%	7,4%	4,3%	7,4%	14,9%	14,9%
	Schaf/Ziege	30,0%	40,8%	6,3%	40,8%	51,7%	21,7%
	Rind	33,3%	39,3%	3,4%	39,3%	45,2%	11,9%
	Hirsch	0,0%	12,5%	7,2%	12,5%	24,8%	24,8%
A1104	Pflanzen	17,4%	31,4%	8,0%	31,3%	45,1%	27,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	24,8%	14,3%	24,7%	49,3%	49,3%
	Rind	5,6%	17,5%	7,0%	17,5%	29,6%	24,0%
	Hirsch	0,0%	26,3%	15,4%	26,4%	53,0%	53,0%
A1105	Pflanzen	70,8%	72,8%	1,2%	72,8%	74,8%	4,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,8%	5,0%	8,8%	17,6%	17,6%
	Rind	7,6%	11,0%	1,9%	11,0%	14,3%	6,7%
	Hirsch	0,0%	7,5%	4,3%	7,4%	14,9%	14,9%
A1106	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A1107	Pflanzen	4,3%	6,2%	1,1%	6,3%	8,2%	3,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,9%	2,8%	4,9%	9,7%	9,7%
	Rind	82,1%	84,3%	1,3%	84,3%	86,5%	4,4%
	Hirsch	0,0%	4,6%	2,6%	4,5%	9,2%	9,2%
A1108	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
A1109	Pflanzen	57,5%	62,0%	2,7%	62,0%	66,5%	9,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,2%	8,2%	14,1%	28,4%	28,4%
	Rind	5,1%	10,9%	3,3%	10,9%	16,7%	11,6%
	Hirsch	0,0%	12,9%	7,5%	13,0%	25,8%	25,8%
A1113	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x

Tabelle 7: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version B: 5-Quellen) für die Individuen aus Alepotrypa (A). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version B: 5 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
A1	Pflanzen	86,3%	87,9%	0,6%	87,9%	89,2%	2,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,0%	2,9%	3,5%	11,8%	11,8%
	Rind	0,0%	1,4%	1,0%	1,3%	4,3%	4,3%
	Hirsch	0,0%	6,4%	2,4%	6,9%	10,1%	10,1%
	Thunfisch	0,0%	0,2%	0,2%	0,2%	0,7%	0,7%
A2	Pflanzen	66,6%	71,9%	1,9%	72,2%	75,0%	8,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,8%	6,3%	7,8%	25,9%	25,9%
	Rind	0,0%	3,5%	2,5%	3,1%	10,5%	10,5%
	Hirsch	0,0%	15,2%	5,6%	16,2%	23,3%	23,3%
	Thunfisch	0,0%	0,6%	0,4%	0,5%	1,7%	1,7%
A3	Pflanzen	0,0%	24,7%	12,0%	25,2%	47,0%	47,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	24,5%	14,6%	23,8%	55,3%	55,3%
	Rind	0,0%	17,8%	10,4%	17,5%	39,6%	39,6%
	Hirsch	0,0%	30,4%	15,6%	31,4%	60,5%	60,5%
	Thunfisch	0,0%	2,7%	1,5%	2,6%	6,6%	6,6%
A4	Pflanzen	49,5%	52,6%	1,1%	52,8%	54,2%	4,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,6%	2,5%	3,2%	10,8%	10,8%
	Rind	0,0%	1,6%	1,1%	1,4%	4,7%	4,7%
	Hirsch	35,0%	42,0%	2,5%	42,4%	45,8%	10,7%
	Thunfisch	0,0%	0,2%	0,2%	0,2%	0,7%	0,7%
A5	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
A6	Pflanzen	55,4%	69,6%	7,0%	69,7%	81,5%	26,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,5%	3,9%	6,5%	14,8%	14,8%
	Rind	0,0%	15,3%	9,2%	15,0%	34,2%	34,2%
	Hirsch	0,0%	6,2%	3,5%	6,2%	13,4%	13,4%
	Thunfisch	0,0%	2,4%	1,3%	2,5%	5,1%	5,1%
A7	Pflanzen	85,2%	88,9%	1,8%	89,0%	92,2%	7,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,0%	1,8%	2,9%	7,1%	7,1%
	Rind	0,0%	4,7%	2,9%	4,5%	10,8%	10,8%
	Hirsch	0,0%	2,6%	1,5%	2,6%	6,0%	6,0%
	Thunfisch	0,0%	0,8%	0,5%	0,9%	1,8%	1,8%
A8	Pflanzen	24,0%	51,6%	14,0%	51,8%	75,3%	51,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,4%	4,9%	8,3%	17,6%	17,6%
	Rind	0,0%	27,9%	16,5%	27,7%	60,4%	60,4%
	Hirsch	0,0%	8,2%	4,6%	8,3%	16,5%	16,5%
	Thunfisch	0,0%	3,9%	2,2%	3,9%	8,1%	8,1%
A9	Pflanzen	0,0%	25,8%	15,7%	25,4%	55,7%	55,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	21,2%	12,2%	21,2%	46,9%	46,9%
	Rind	0,0%	26,3%	14,6%	26,5%	52,3%	52,3%
	Hirsch	0,0%	21,2%	12,5%	21,1%	47,4%	47,4%
	Thunfisch	0,8%	5,5%	2,0%	5,5%	9,9%	9,2%
A10	Pflanzen	69,4%	74,1%	1,7%	74,3%	76,9%	7,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,3%	5,9%	7,2%	24,1%	24,1%
	Rind	0,0%	3,2%	2,3%	2,8%	9,6%	9,6%
	Hirsch	0,0%	14,0%	5,2%	14,9%	21,6%	21,6%
	Thunfisch	0,0%	0,5%	0,4%	0,5%	1,5%	1,5%
A11	Pflanzen	60,3%	67,0%	2,4%	67,4%	70,8%	10,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,3%	7,2%	9,1%	29,9%	29,9%
	Rind	0,0%	4,2%	2,9%	3,7%	12,5%	12,5%

	Hirsch	0,0%	17,9%	6,6%	19,0%	27,3%	27,3%
	Thunfisch	0,0%	0,6%	0,6%	0,6%	1,9%	1,9%
A1100	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
A1101	Pflanzen	57,4%	72,5%	7,4%	73,0%	84,7%	27,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,4%	2,7%	4,3%	11,0%	11,0%
	Rind	0,0%	16,3%	10,1%	15,6%	36,9%	36,9%
	Hirsch	0,0%	4,0%	2,4%	3,9%	9,8%	9,8%
	Thunfisch	0,0%	2,8%	1,5%	2,9%	5,5%	5,5%
A1102	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
A1103	Pflanzen	0,0%	25,2%	13,6%	25,2%	50,9%	50,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	23,7%	13,7%	23,6%	51,7%	51,7%
	Rind	0,0%	21,7%	12,3%	23,6%	51,7%	51,7%
	Hirsch	0,0%	26,0%	14,3%	26,2%	54,9%	54,9%
	Thunfisch	0,0%	3,3%	1,8%	3,3%	7,6%	7,6%
A1104	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
A1105	Pflanzen	70,8%	76,8%	2,5%	76,9%	81,4%	10,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,0%	5,1%	7,6%	18,4%	18,4%
	Rind	0,0%	5,7%	3,5%	5,5%	14,3%	14,3%
	Hirsch	0,0%	8,6%	4,4%	9,0%	16,3%	16,3%
	Thunfisch	0,0%	0,9%	0,5%	0,9%	2,3%	2,3%
A1106	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
A1107	Pflanzen	4,3%	43,1%	20,8%	33,3%	78,2%	73,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,3%	3,1%	5,2%	11,6%	11,6%
	Rind	0,0%	41,1%	24,4%	40,9%	86,5%	86,5%
	Hirsch	0,0%	5,1%	2,9%	5,2%	11,1%	11,1%
	Thunfisch	0,0%	5,4%	3,0%	5,4%	10,8%	10,8%
A1108	Pflanzen	0,0%	16,7%	10,0%	16,2%	39,0%	39,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	31,1%	17,0%	31,8%	64,6%	64,6%
	Rind	0,0%	13,7%	7,9%	13,7%	31,1%	31,1%
	Hirsch	0,0%	30,0%	18,3%	29,4%	68,2%	68,2%
	Thunfisch	4,3%	8,5%	1,6%	8,5%	12,1%	7,8%
A1109	Pflanzen	57,5%	66,3%	3,2%	66,6%	71,4%	13,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,8%	7,8%	10,8%	28,5%	28,5%
	Rind	0,0%	5,9%	3,9%	5,3%	16,7%	16,7%
	Hirsch	0,0%	15,2%	7,2%	16,1%	26,0%	26,0%
	Thunfisch	0,0%	0,9%	0,6%	0,8%	2,6%	2,6%
A1113	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x

3 Griechenland – Franchthi

3.1 IsoConc: Abbildungen

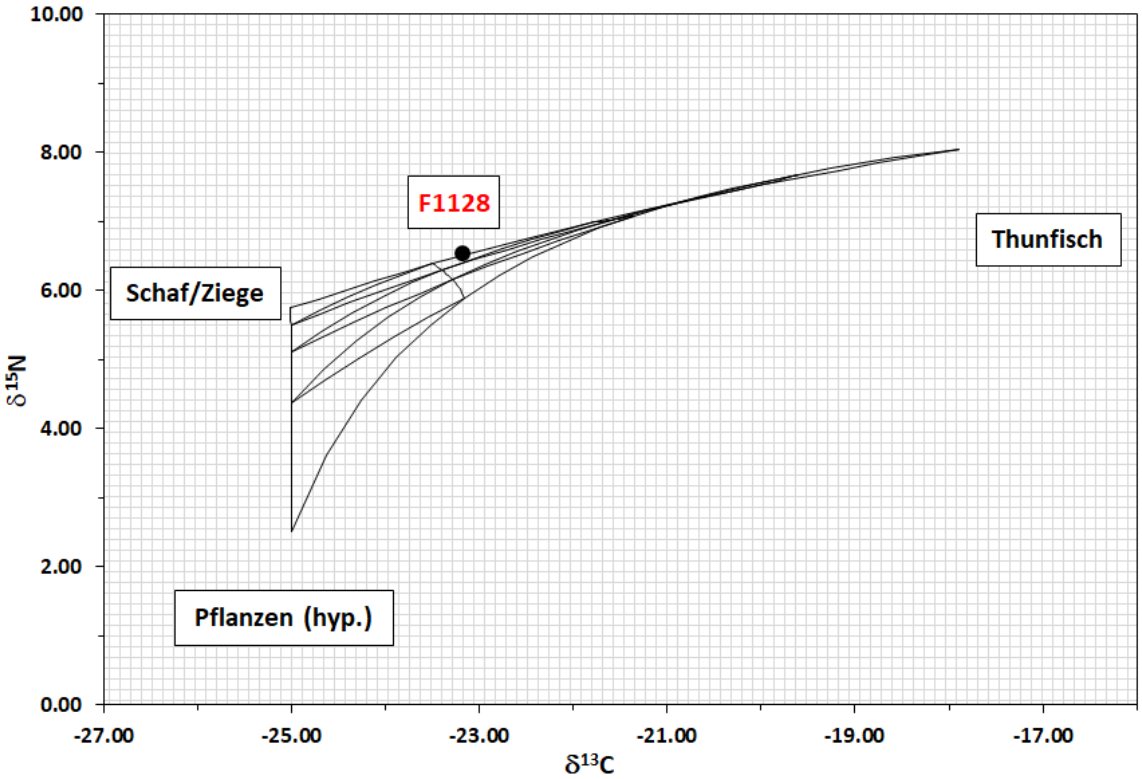


Abbildung 203: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1128. Erstellt mit IsoConc.

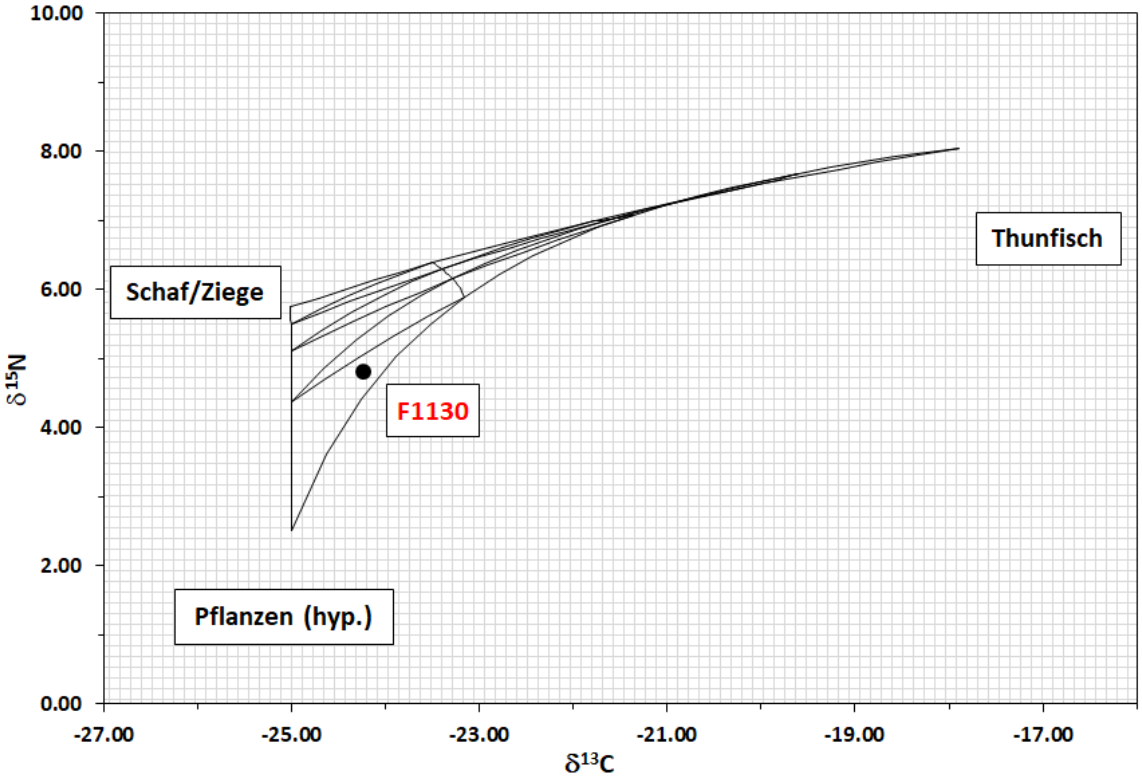


Abbildung 204: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1130. Erstellt mit IsoConc.

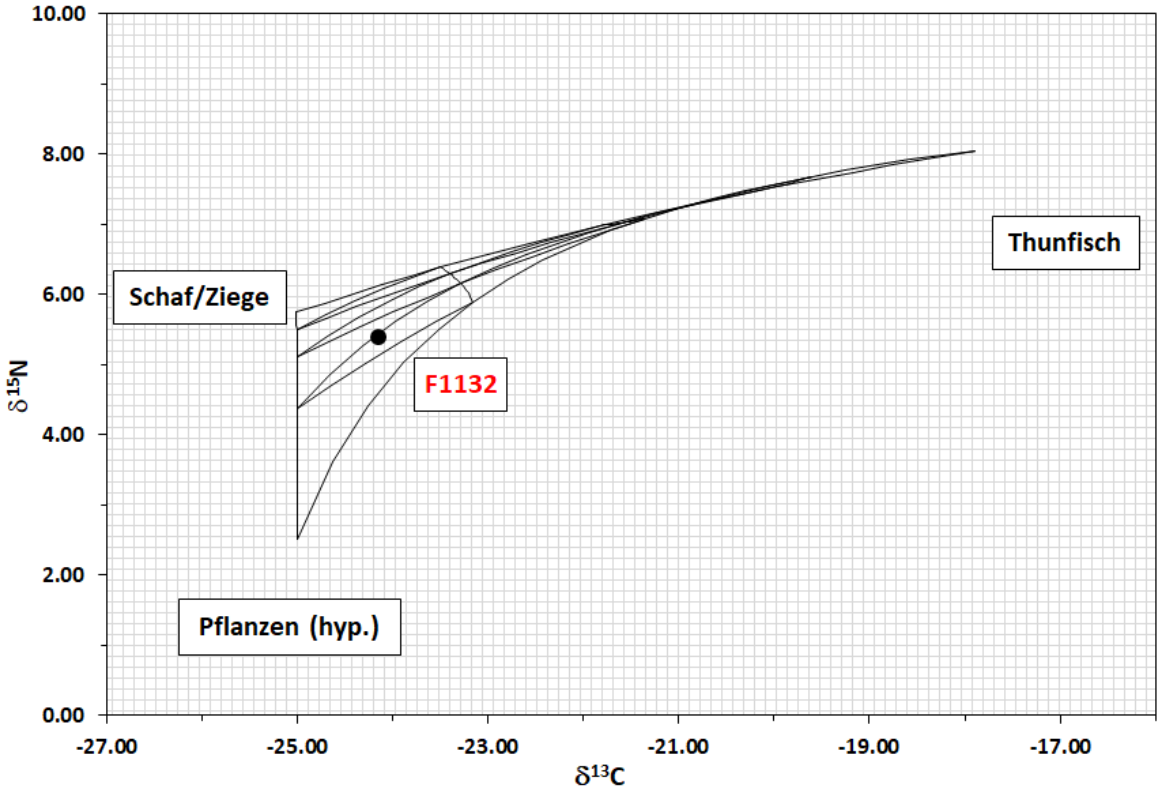


Abbildung 205: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1132. Erstellt mit IsoConc.

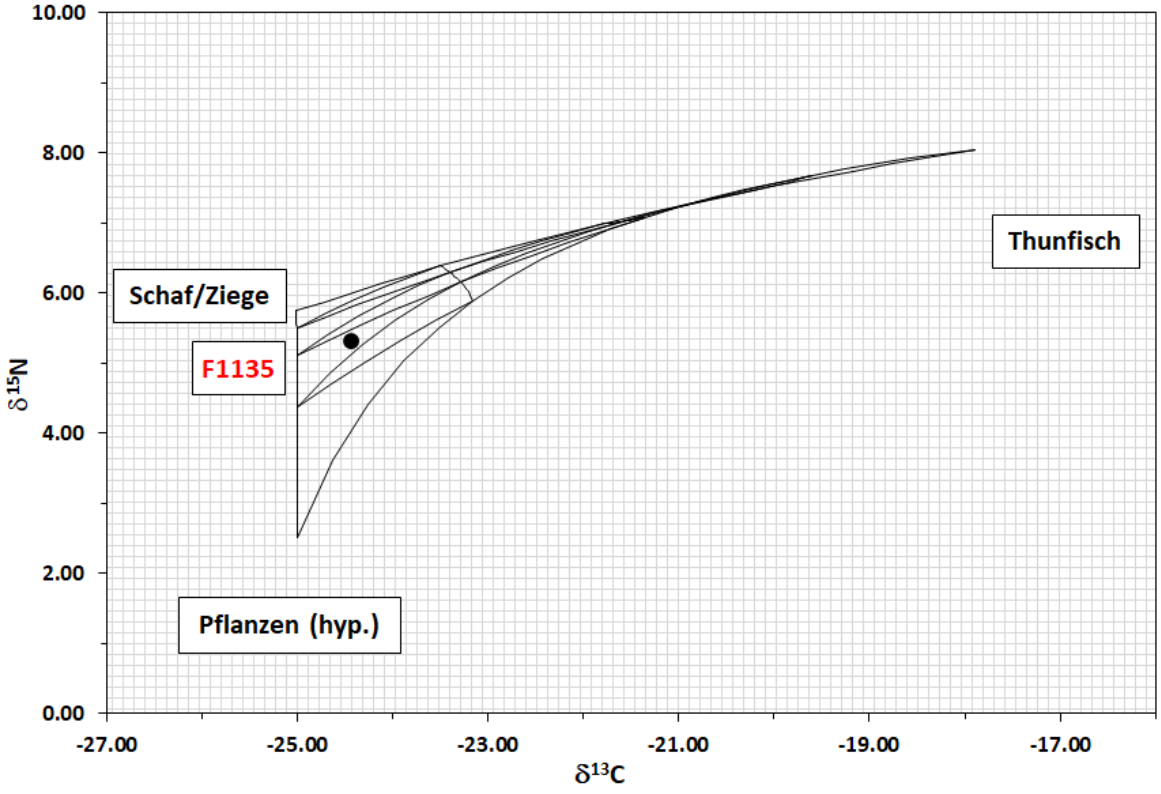


Abbildung 206: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1135. Erstellt mit IsoConc.

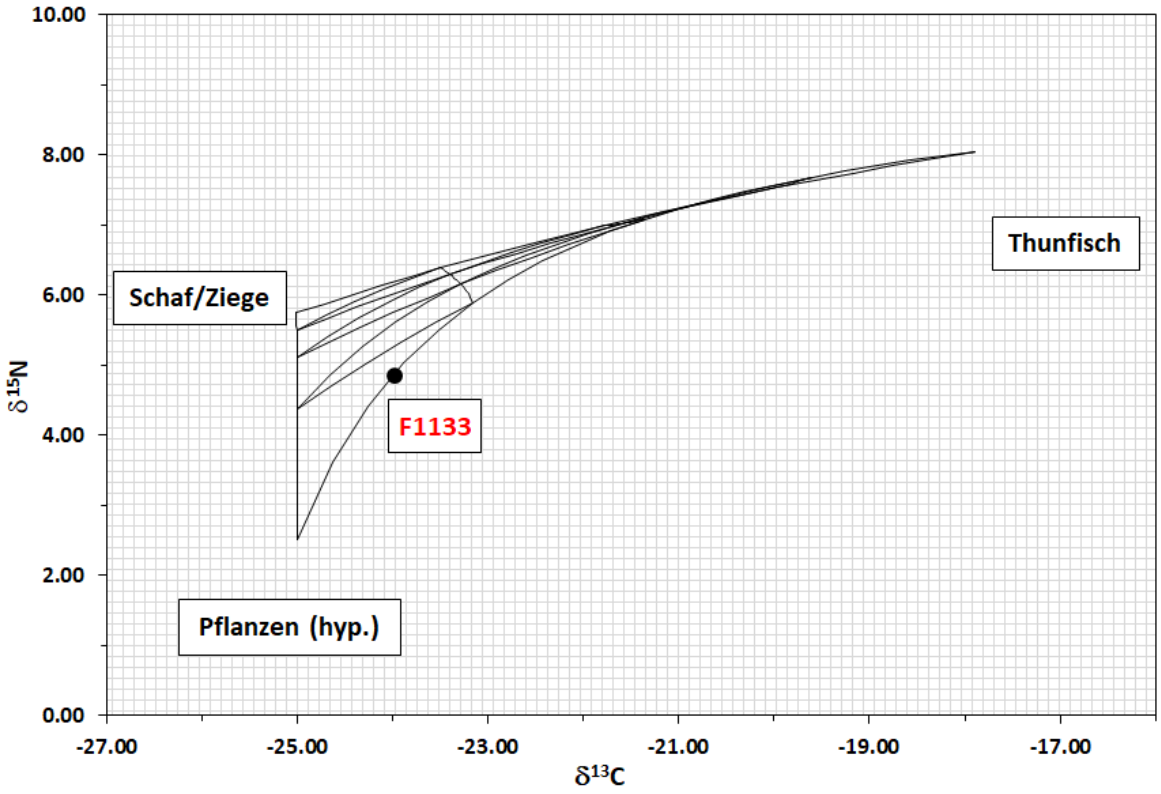


Abbildung 207: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1133. Erstellt mit IsoConc.

3.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 8: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Franchthi (F).

IsoConc		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
F1128	Pflanzen	x
	Schaf/Ziege	x
	Thunfisch	x
F1130	Pflanzen	67,2%
	Schaf/Ziege	30,5%
	Thunfisch	2,3%
F1132	Pflanzen	50,2%
	Schaf/Ziege	43,4%
	Thunfisch	6,4%
F1133	Pflanzen	71,2%
	Schaf/Ziege	23,5%
	Thunfisch	5,3%
F1135	Pflanzen	45,8%
	Schaf/Ziege	51,4%
	Thunfisch	2,8%

3.3 MixSIAR: Abbildungen

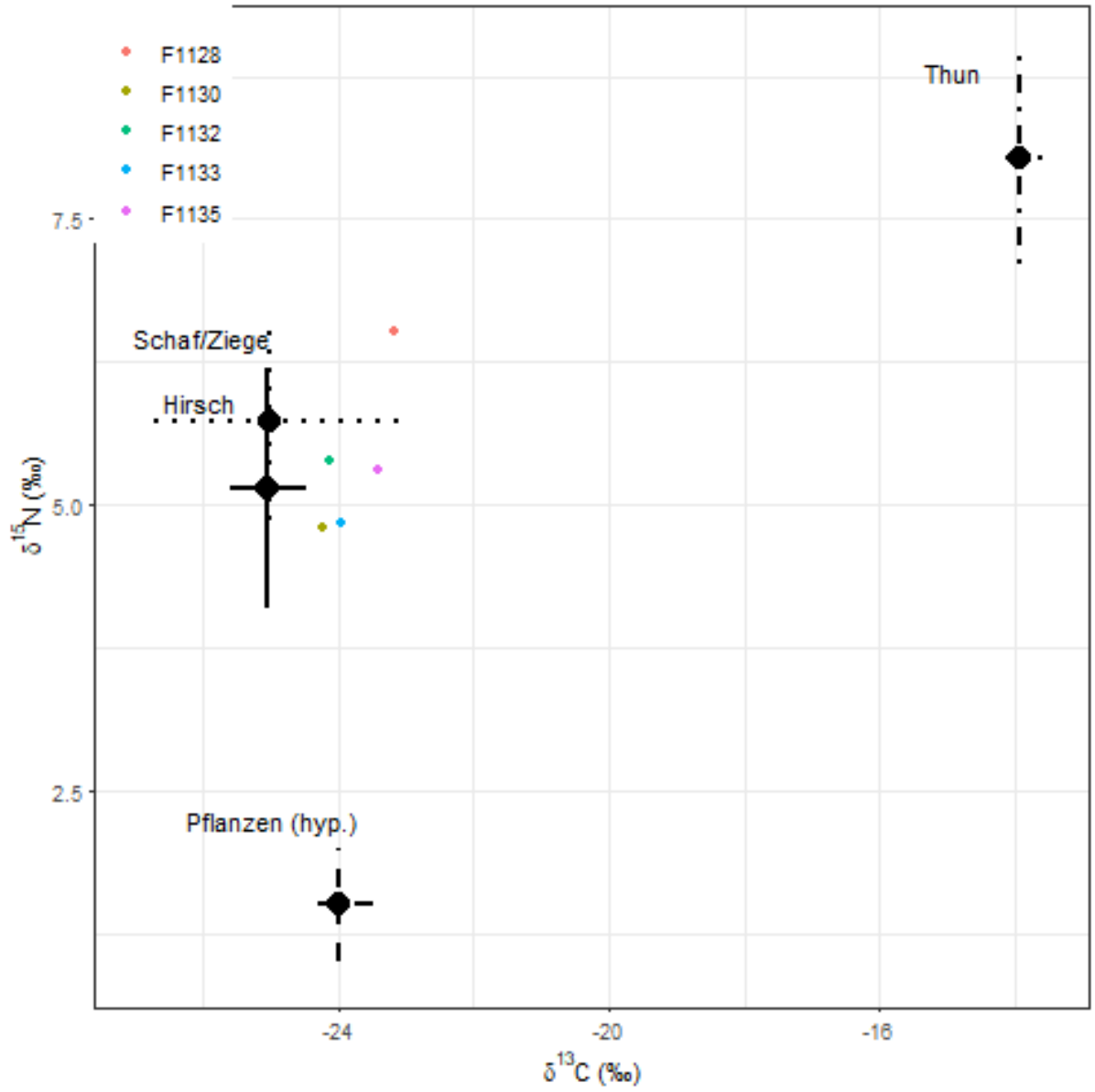


Abbildung 208: Isospace Plot der Individuen aus Franchthi. Erstellt mit MixSIAR.

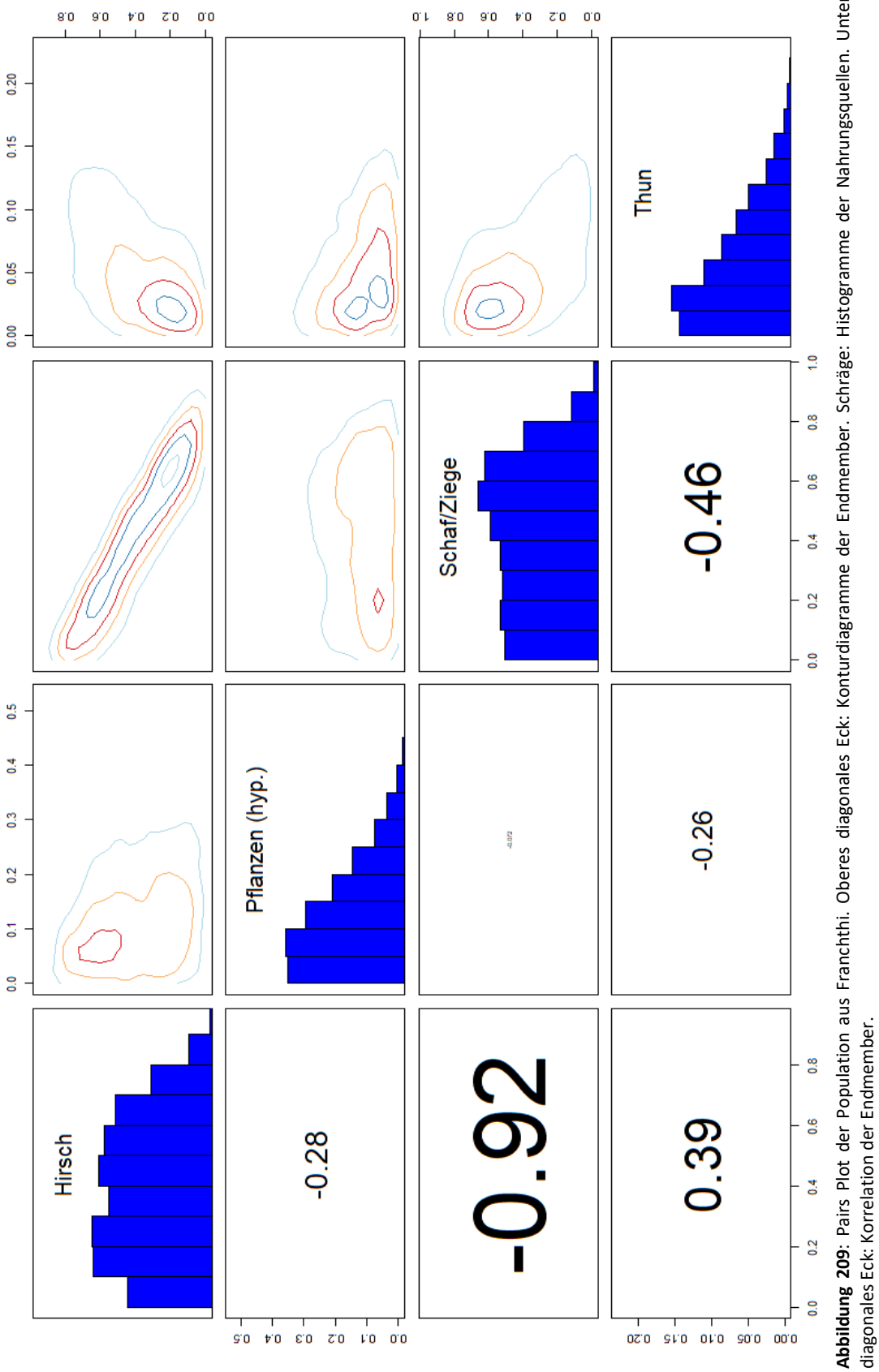


Abbildung 209: Pairs Plot der Population aus Franchthi. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

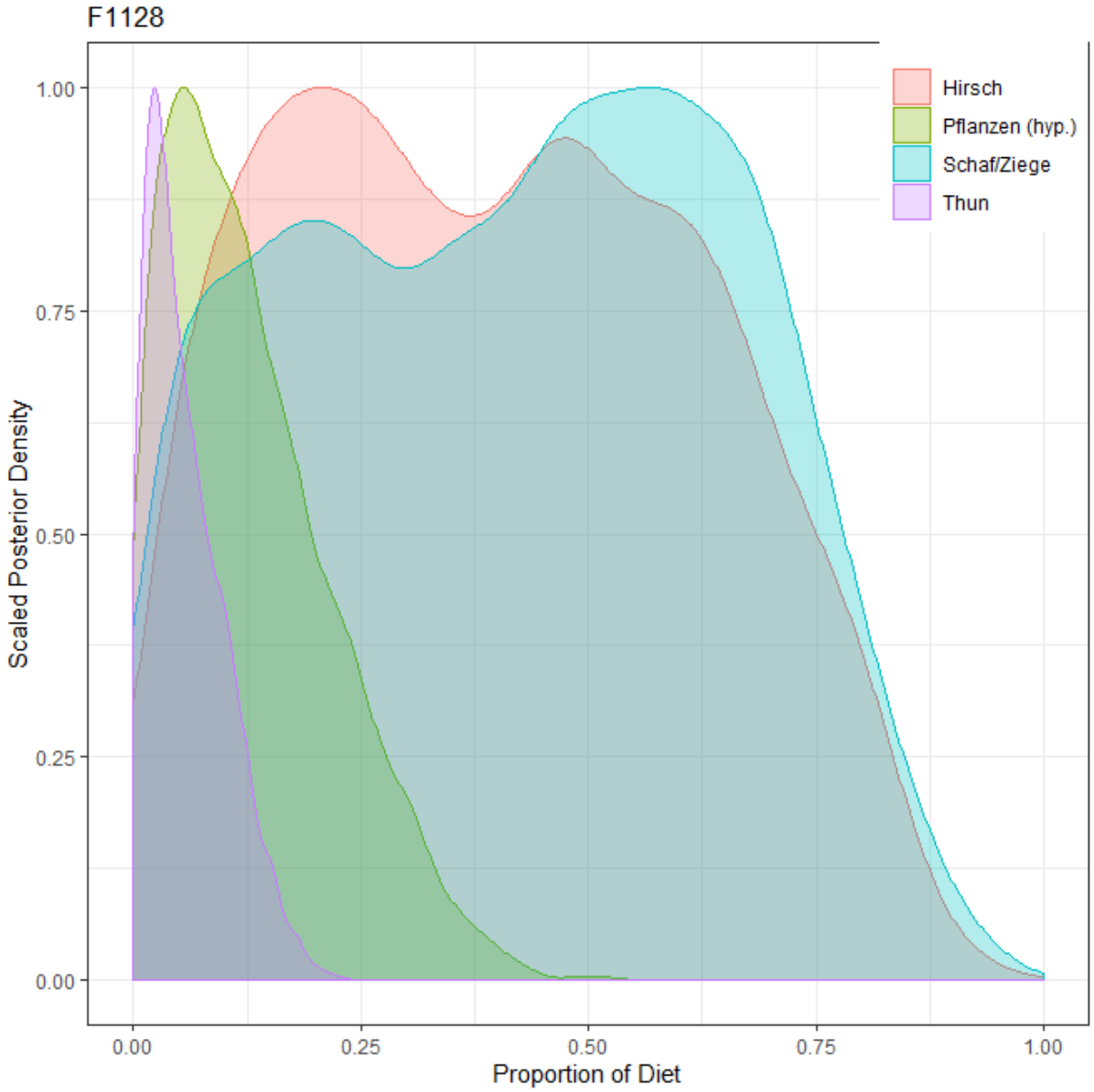


Abbildung 210: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1128. Erstellt mit MixSIAR.

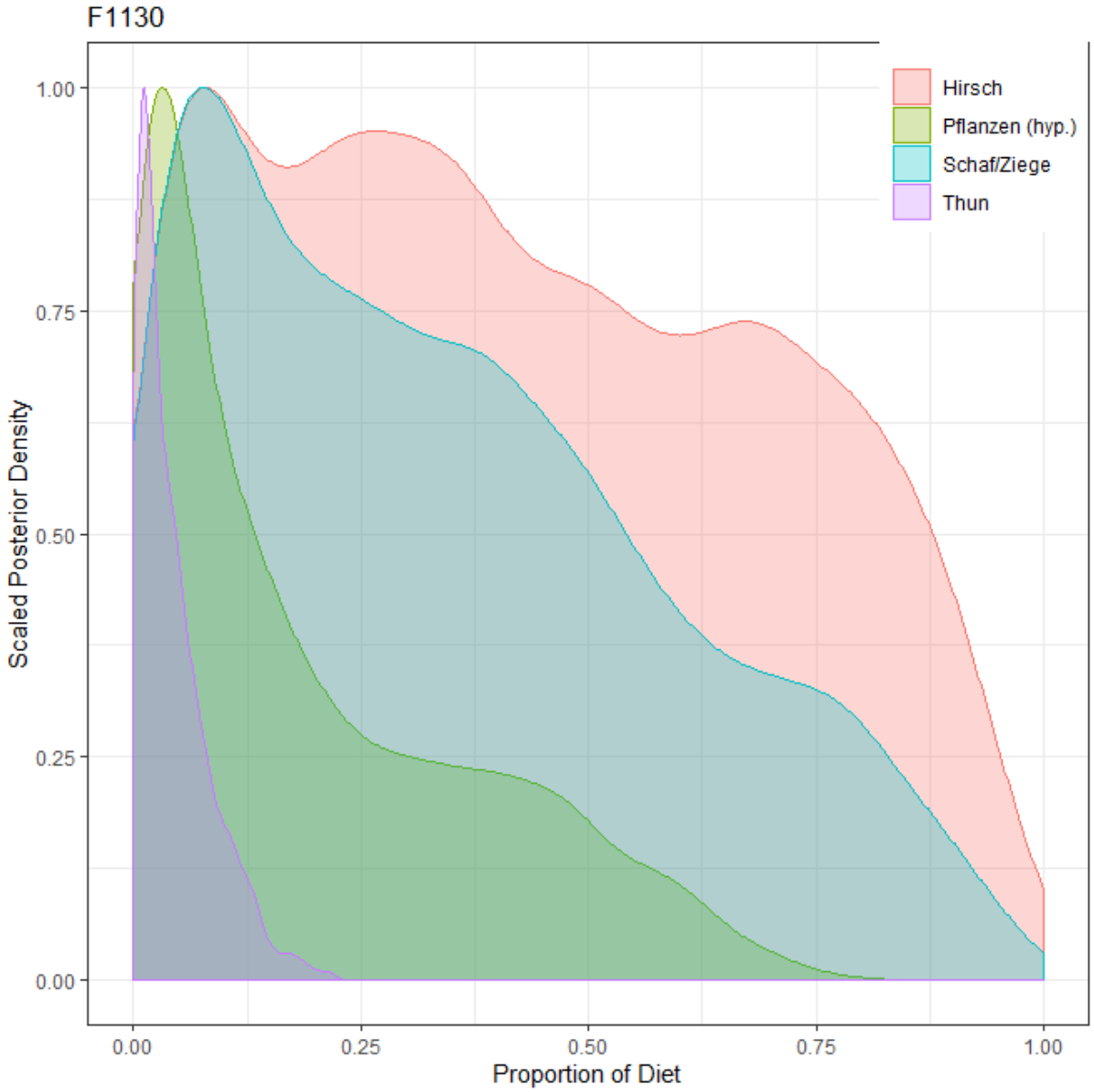


Abbildung 211: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1130. Erstellt mit MixSIAR.

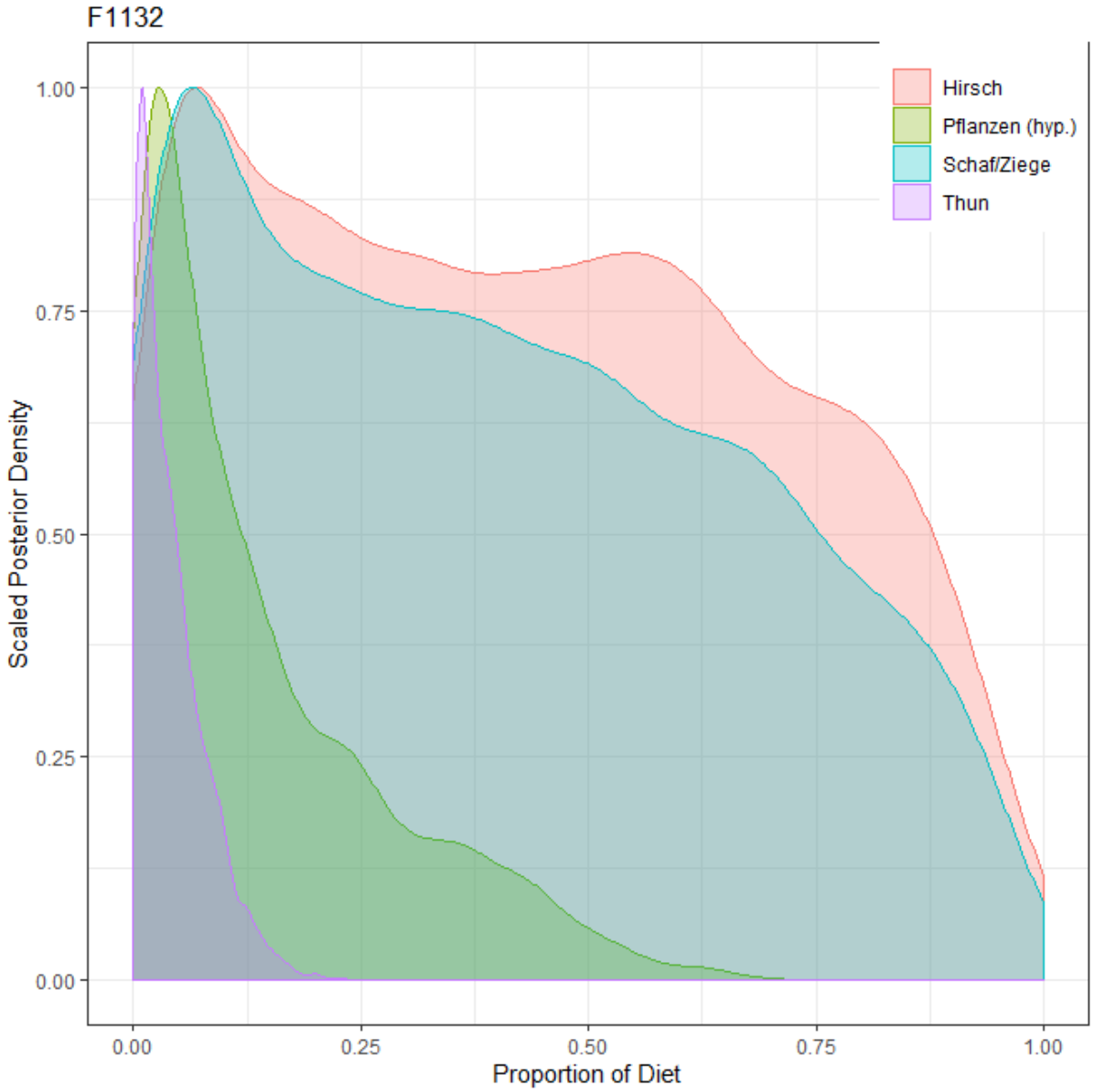


Abbildung 212: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1132. Erstellt mit MixSIAR.

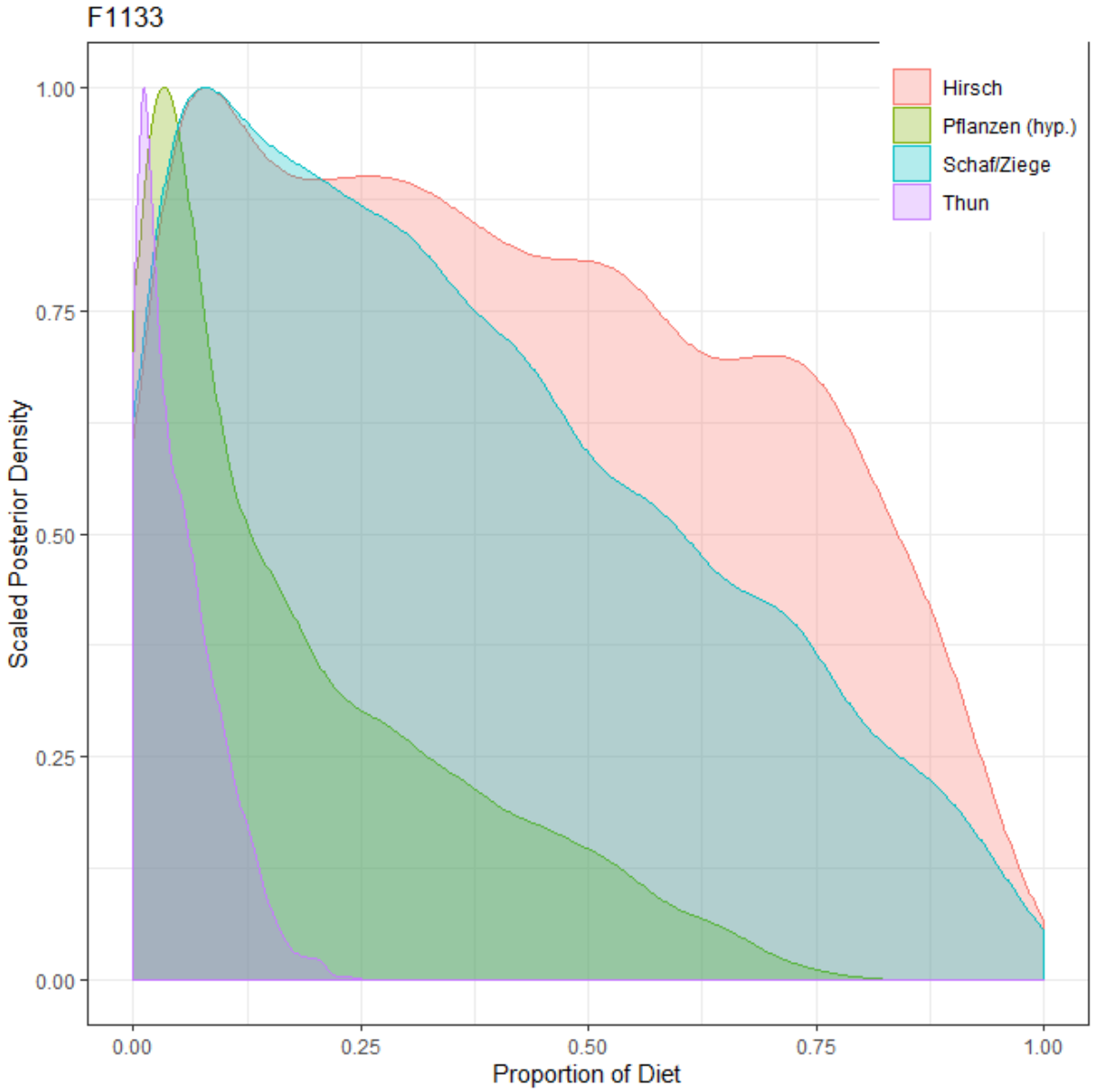


Abbildung 213: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1133. Erstellt mit MixSIAR.

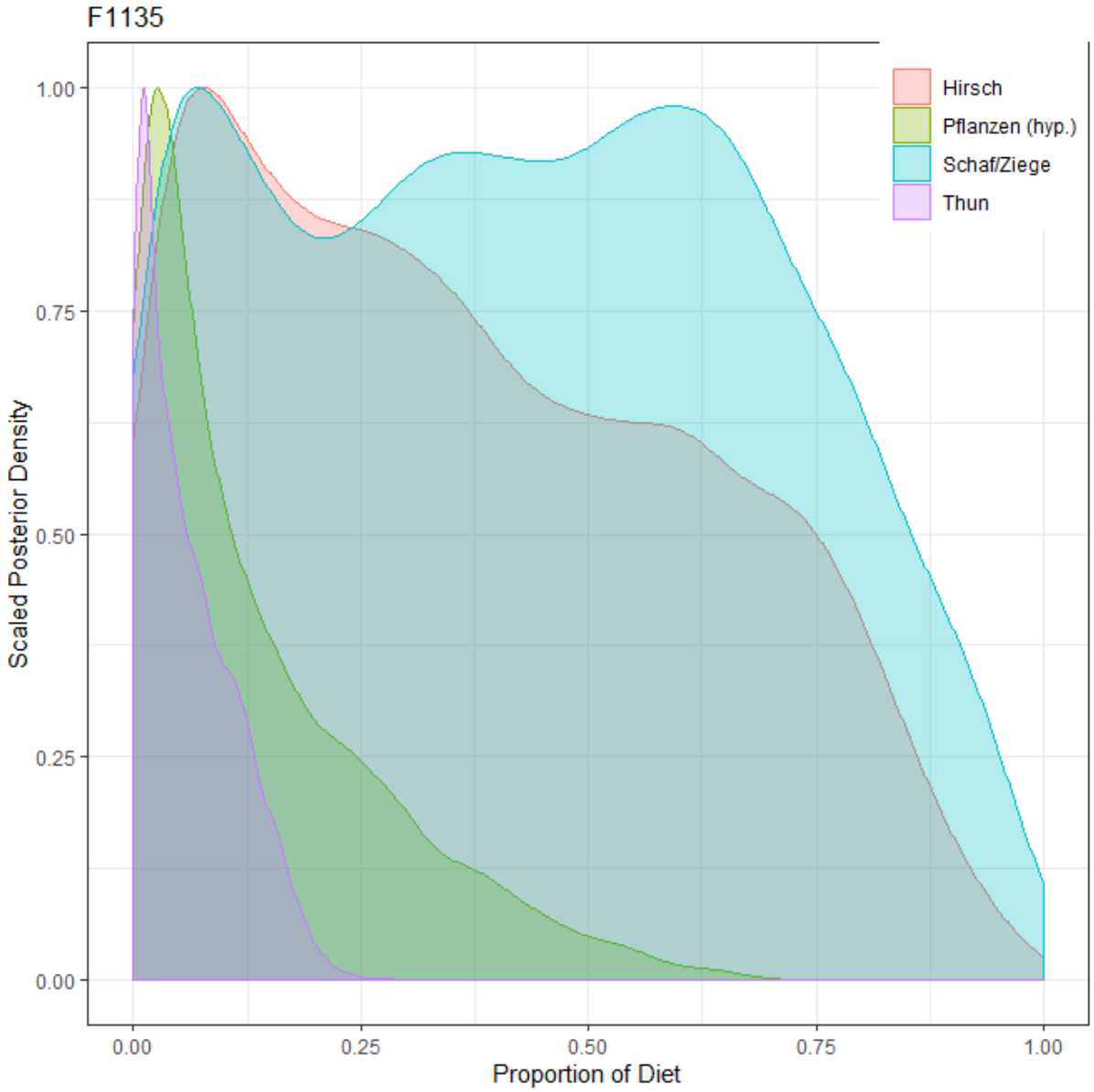


Abbildung 214: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1135. Erstellt mit MixSIAR.

3.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 9: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell (Version B: 5-Quellen) für die Individuen aus Franchthi (F). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR - Version A: 4 Quellen						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
F1128	Hirsch	3,2%	39,5%	22,4%	39,0%	81,2%
	Pflanzen	0,6%	12,8%	9,2%	11,2%	33,9%
	Schaf/Ziege	2,2%	41,9%	23,3%	43,3%	82,3%
	Thunfisch	0,3%	5,8%	4,3%	4,9%	15,8%
F1130	Hirsch	1,6%	42,0%	27,1%	39,0%	91,7%
	Pflanzen	0,2%	19,2%	18,4%	12,6%	61,3%
	Schaf/Ziege	1,0%	34,3%	24,8%	30,4%	86,8%
	Thunfisch	0,1%	4,5%	4,1%	3,2%	15,0%
F1132	Hirsch	1,5%	42,3%	27,5%	40,9%	91,8%
	Pflanzen	0,2%	14,2%	14,0%	9,4%	48,9%
	Schaf/Ziege	0,8%	39,3%	27,2%	36,8%	91,7%
	Thunfisch	0,1%	4,1%	3,8%	3,1%	13,8%
F1133	Hirsch	1,5%	41,0%	26,5%	38,9%	89,5%
	Pflanzen	0,3%	18,4%	17,6%	12,6%	61,3%
	Schaf/Ziege	1,0%	35,5%	25,2%	31,4%	88,9%
	Thunfisch	0,1%	5,1%	4,4%	4,0%	15,8%
F1135	Hirsch	1,1%	37,1%	25,3%	33,8%	85,8%
	Pflanzen	0,2%	13,9%	13,7%	9,3%	48,9%
	Schaf/Ziege	1,1%	42,9%	26,6%	42,7%	91,6%
	Thunfisch	0,1%	6,1%	5,2%	4,8%	17,9%

Tabelle 10: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell (Version A: 4-Quellen) für die Individuen aus Franchthi (F). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR - Version B: 5 Quellen						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
F1128	Hirsch	2,3%	36,1%	20,7%	35,9%	73,7%
	Pflanzen	0,4%	10,4%	7,9%	8,8%	29,6%
	Rind	0,6%	14,7%	11,9%	12,1%	45,6%
	Schaf/Ziege	1,6%	34,6%	22,4%	32,9%	76,2%
	Thunfisch	0,1%	4,2%	3,6%	3,1%	13,6%
F1130	Hirsch	1,3%	37,8%	25,8%	34,2%	87,4%
	Pflanzen	0,1%	15,2%	15,9%	9,1%	55,9%
	Rind	0,3%	15,0%	16,3%	9,0%	60,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	28,6%	23,0%	23,4%	82,8%
	Thunfisch	0,1%	3,4%	3,5%	2,3%	12,6%
F1132	Hirsch	0,9%	38,8%	26,0%	37,3%	87,3%
	Pflanzen	0,2%	11,3%	12,1%	6,6%	44,5%
	Rind	0,2%	13,9%	14,8%	8,7%	54,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	33,0%	25,2%	29,2%	87,4%
	Thunfisch	0,1%	3,0%	3,0%	2,0%	11,0%
F1133	Hirsch	1,3%	36,4%	24,8%	33,3%	85,9%
	Pflanzen	0,2%	14,7%	15,6%	8,5%	55,9%
	Rind	0,2%	16,1%	17,0%	10,0%	62,1%
	Schaf/Ziege	0,8%	29,1%	23,2%	23,9%	81,5%
	Thunfisch	0,1%	3,7%	3,7%	2,4%	13,1%
F1135	Hirsch	0,9%	33,5%	23,4%	30,9%	80,8%
	Pflanzen	0,2%	11,0%	11,4%	7,1%	42,5%
	Rind	0,3%	17,0%	17,0%	11,2%	61,7%
	Schaf/Ziege	0,8%	34,3%	25,2%	31,2%	84,3%
	Thunfisch	0,1%	4,3%	4,3%	2,7%	15,3%

3.5 SISUS: Abbildungen

F1128

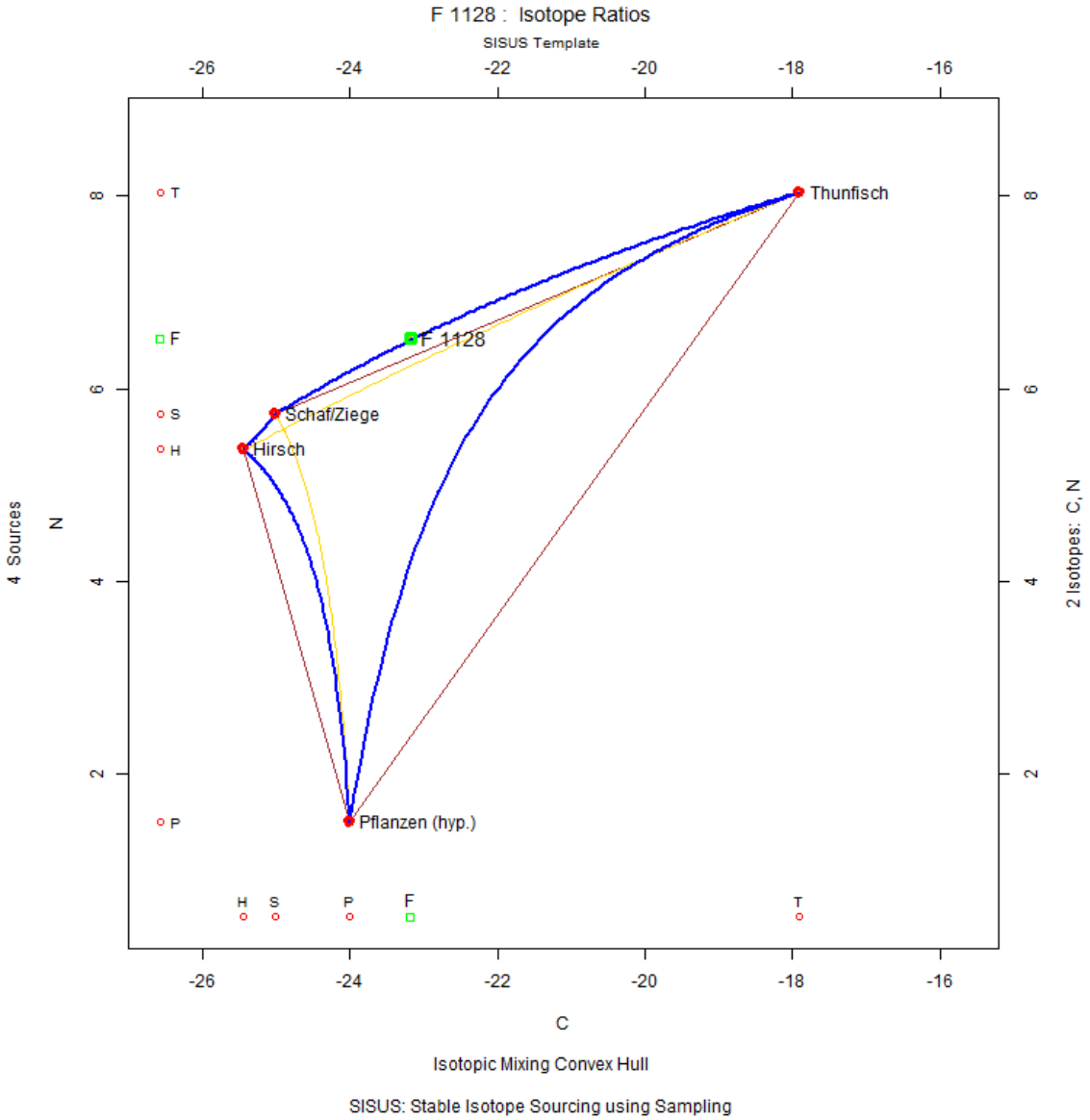


Abbildung 215: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1128. Erstellt mit SISUS.

F1130

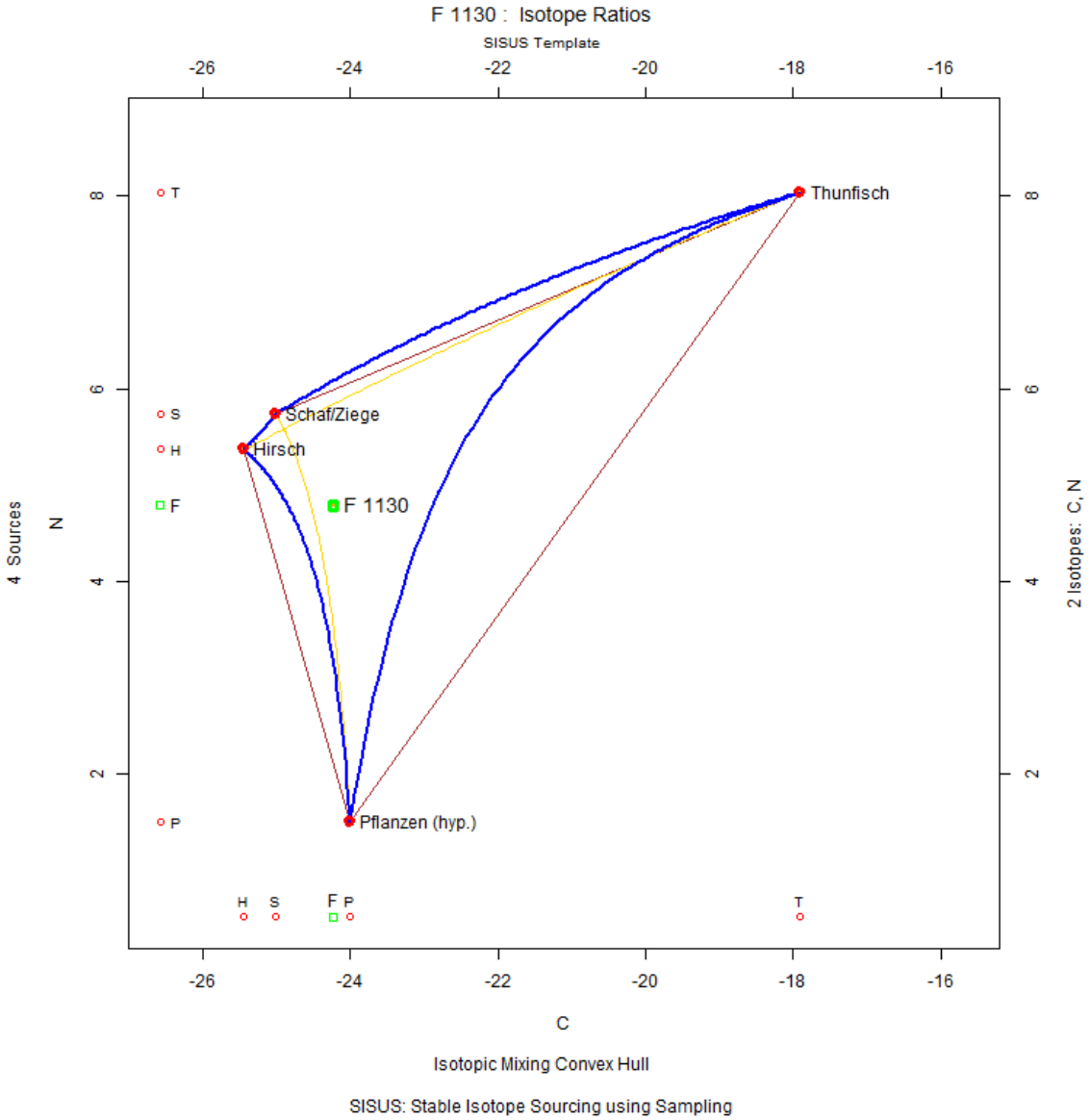


Abbildung 216: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1130. Erstellt mit SISUS.

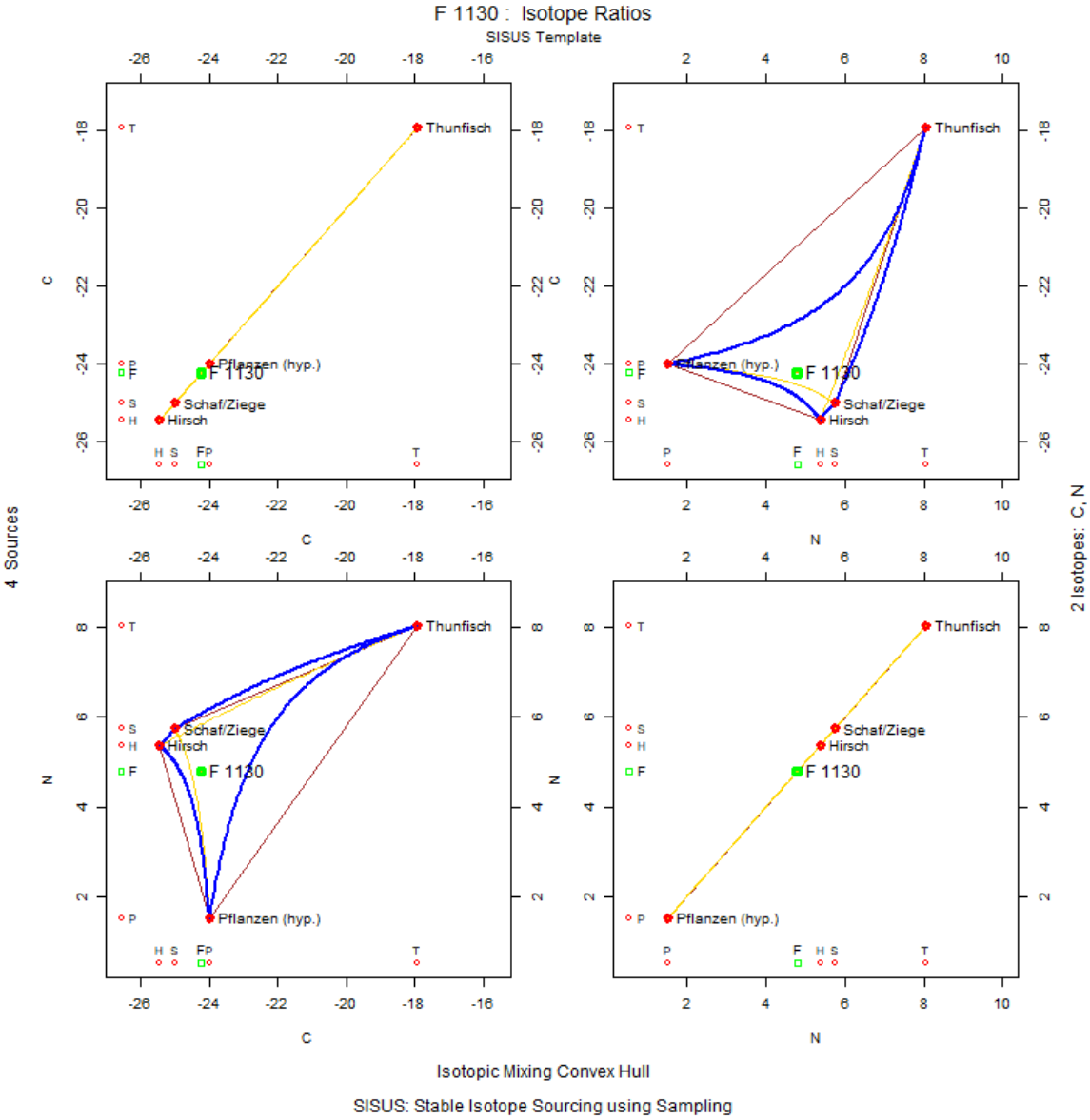


Abbildung 217: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Franchthi (F) 1130 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

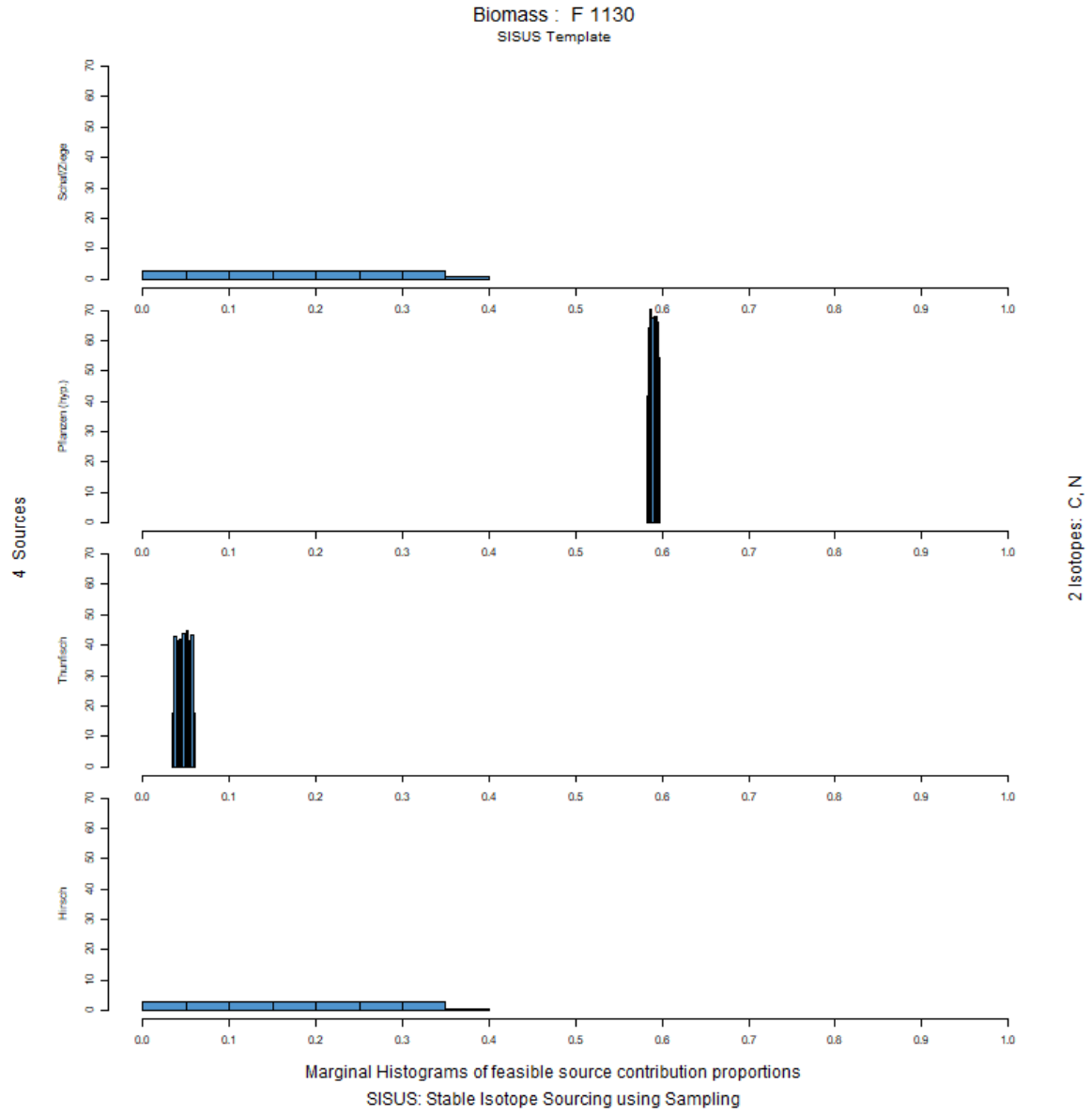


Abbildung 218: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1130. Erstellt mit SISUS.

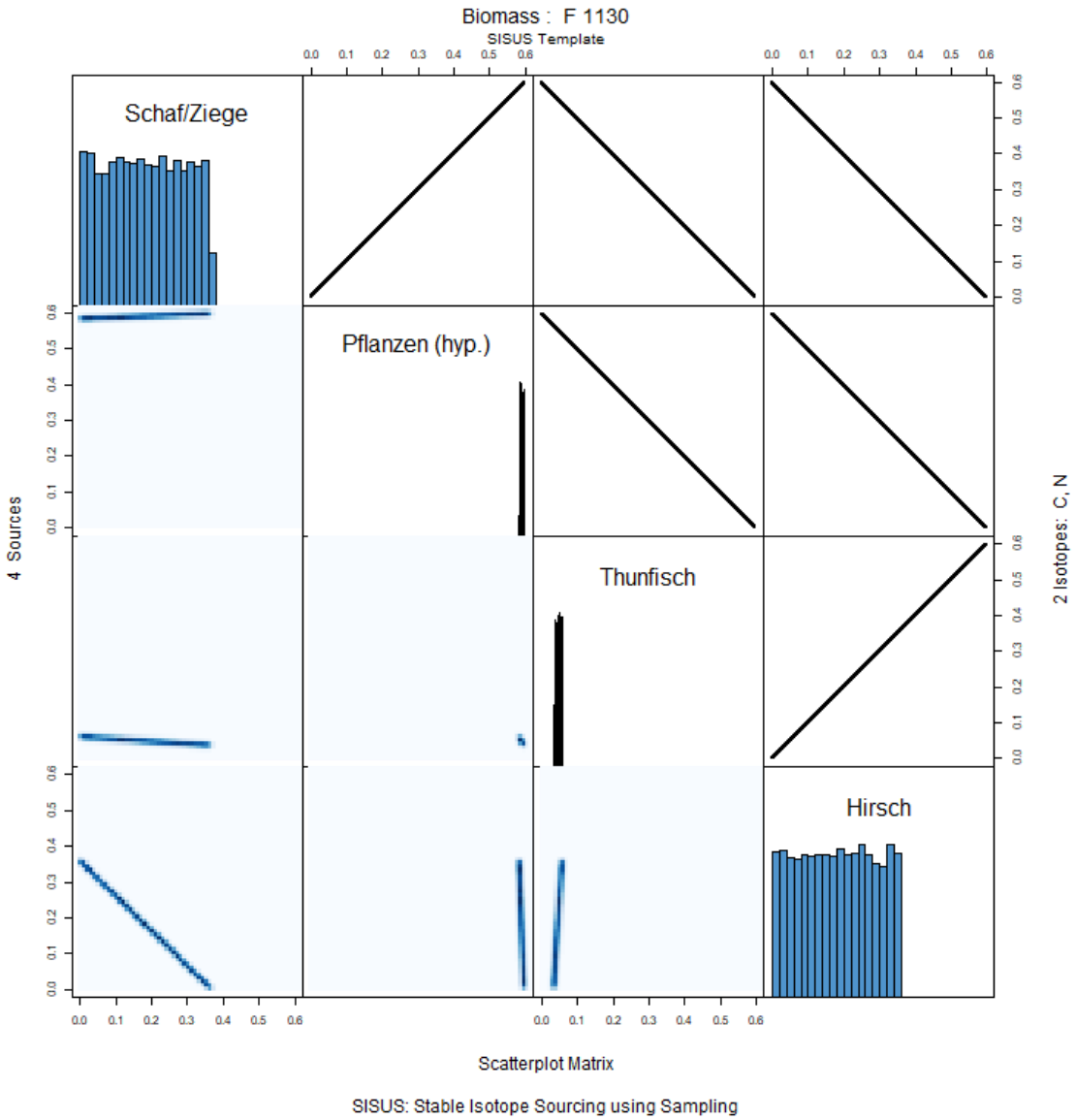


Abbildung 219: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1130. Erstellt mit SISUS.

F1132

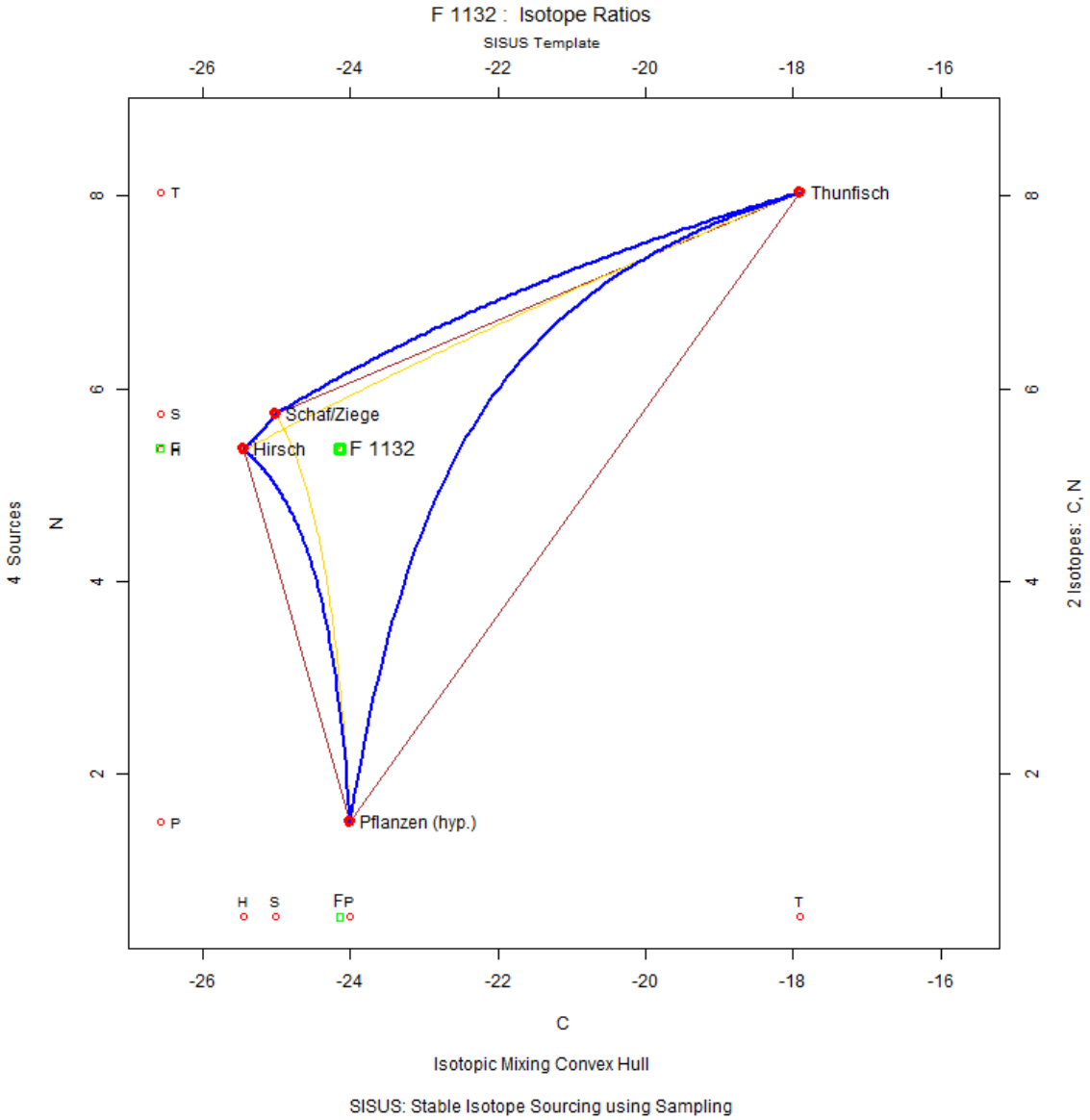


Abbildung 220: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1132. Erstellt mit SISUS.

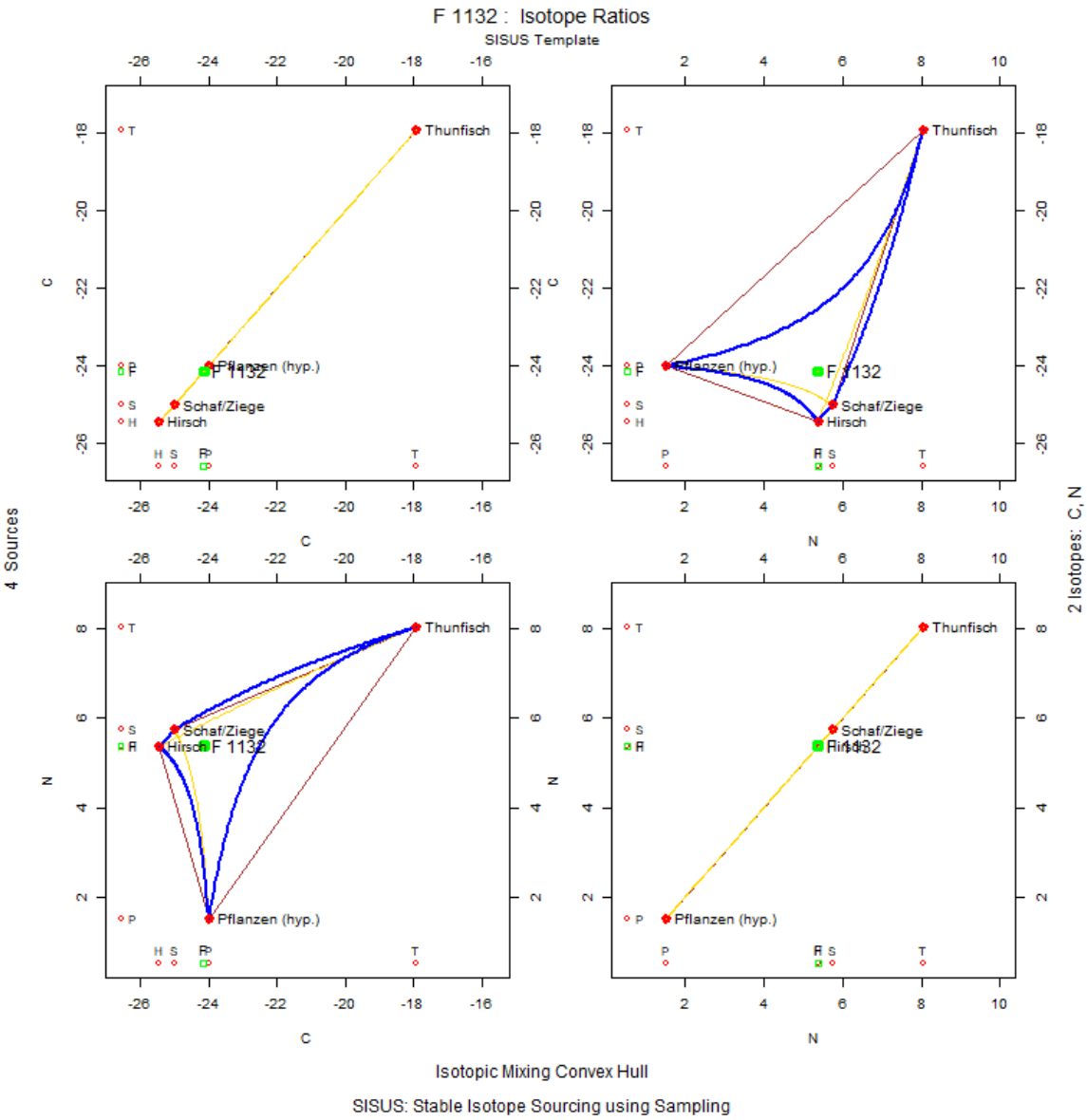


Abbildung 221: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Franchthi (F) 1132 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

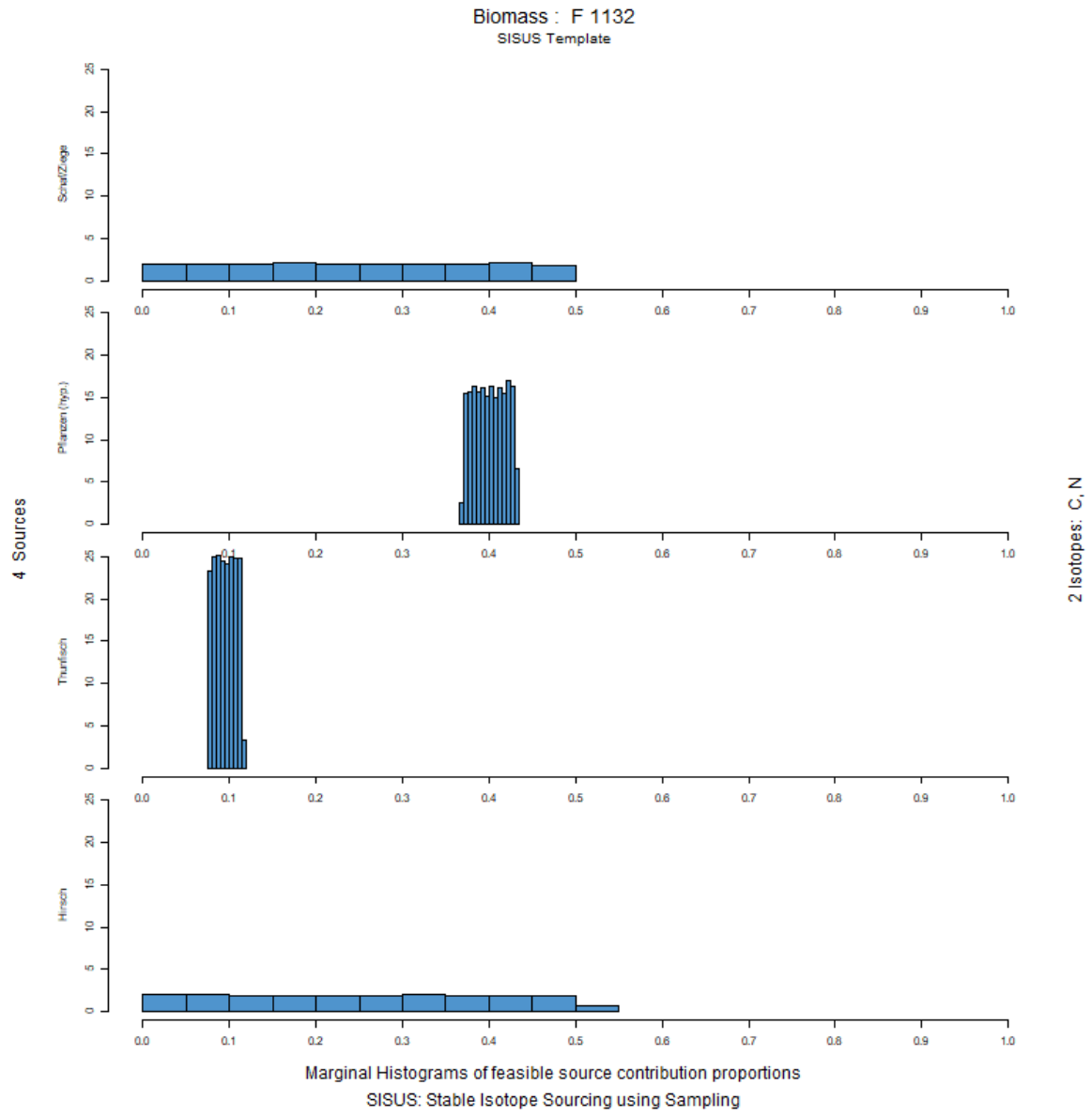


Abbildung 222: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1132. Erstellt mit SISUS.

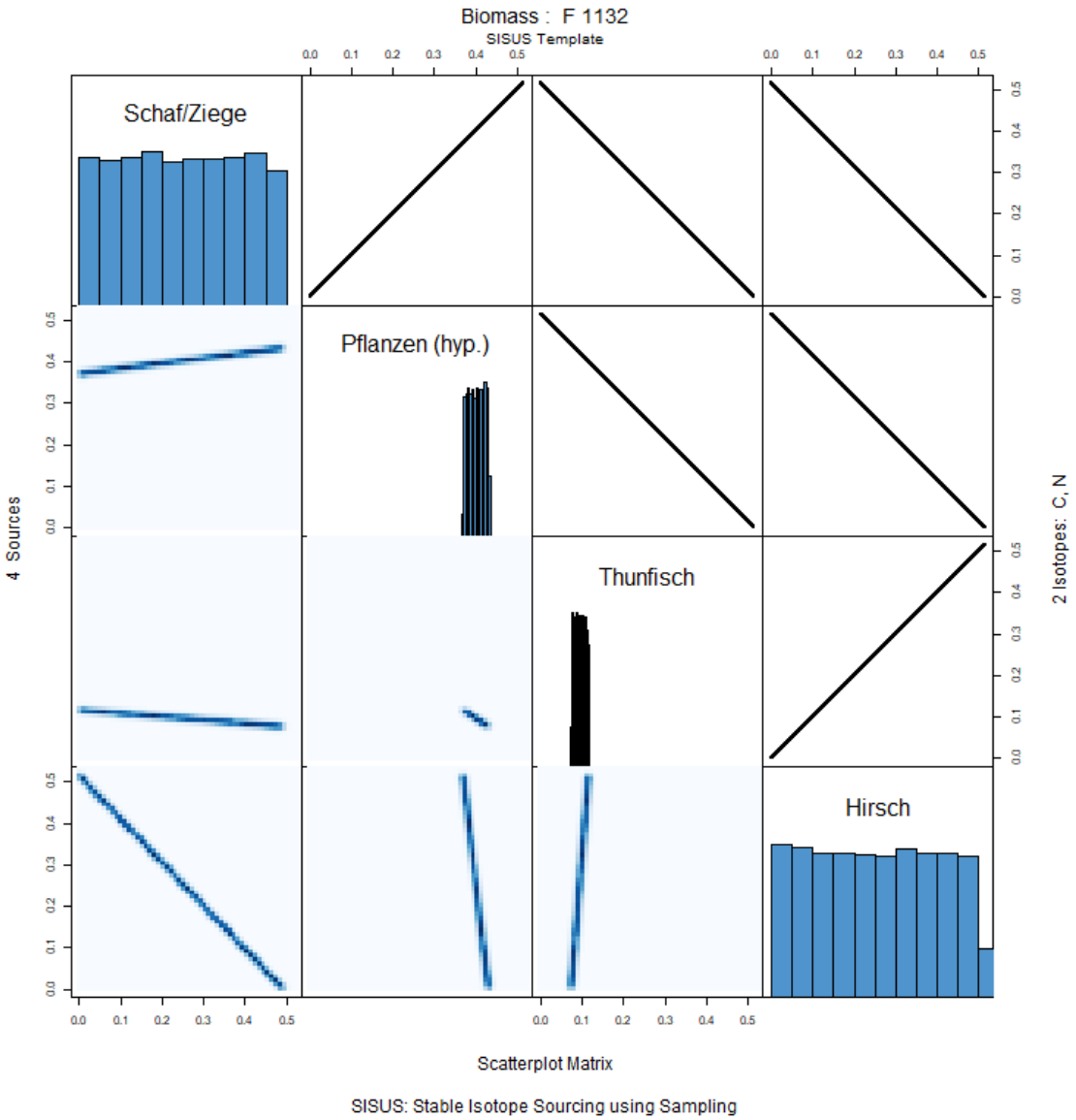


Abbildung 223: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1132. Erstellt mit SISUS.

F1133

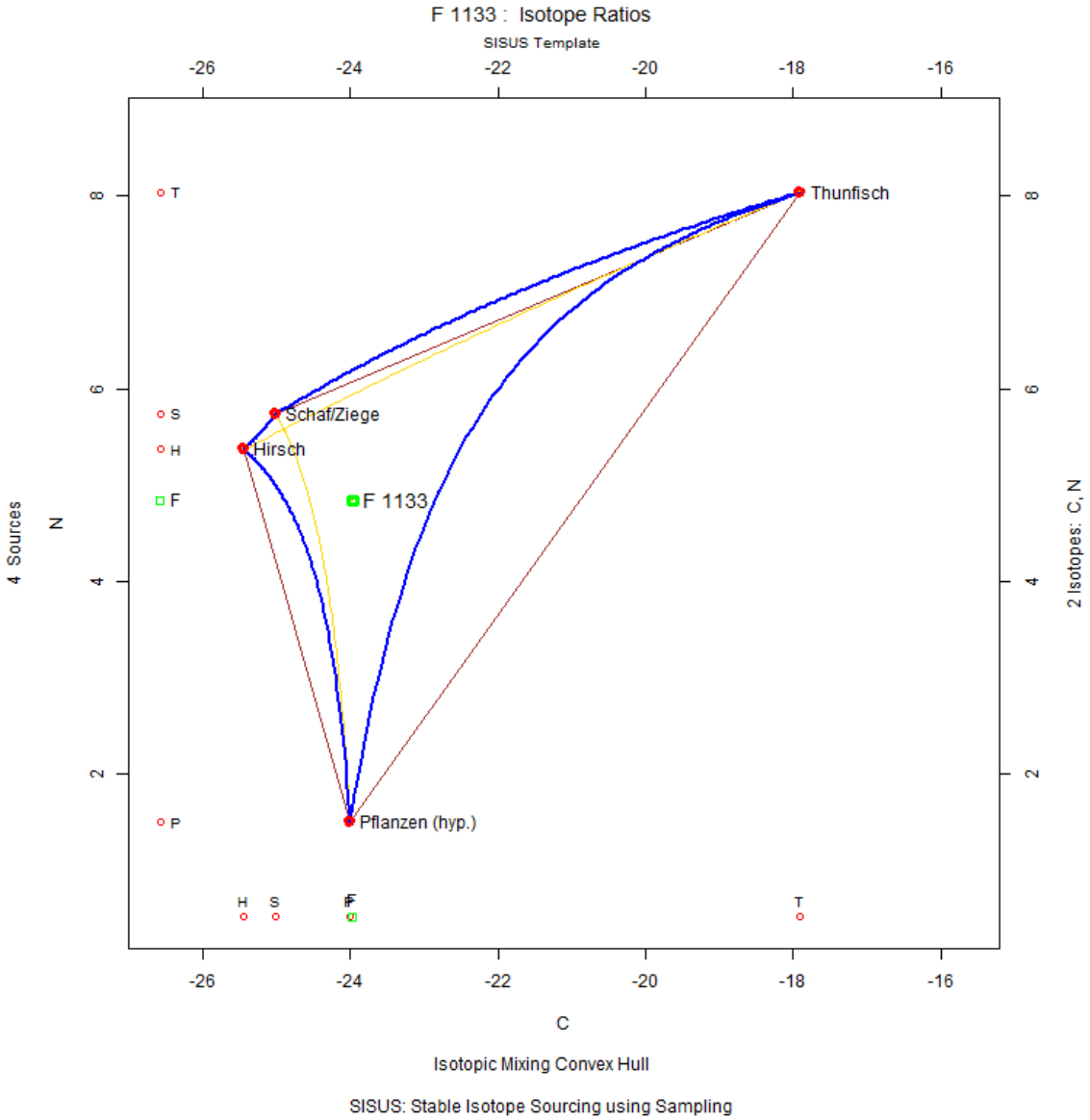


Abbildung 224: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1133. Erstellt mit SISUS.

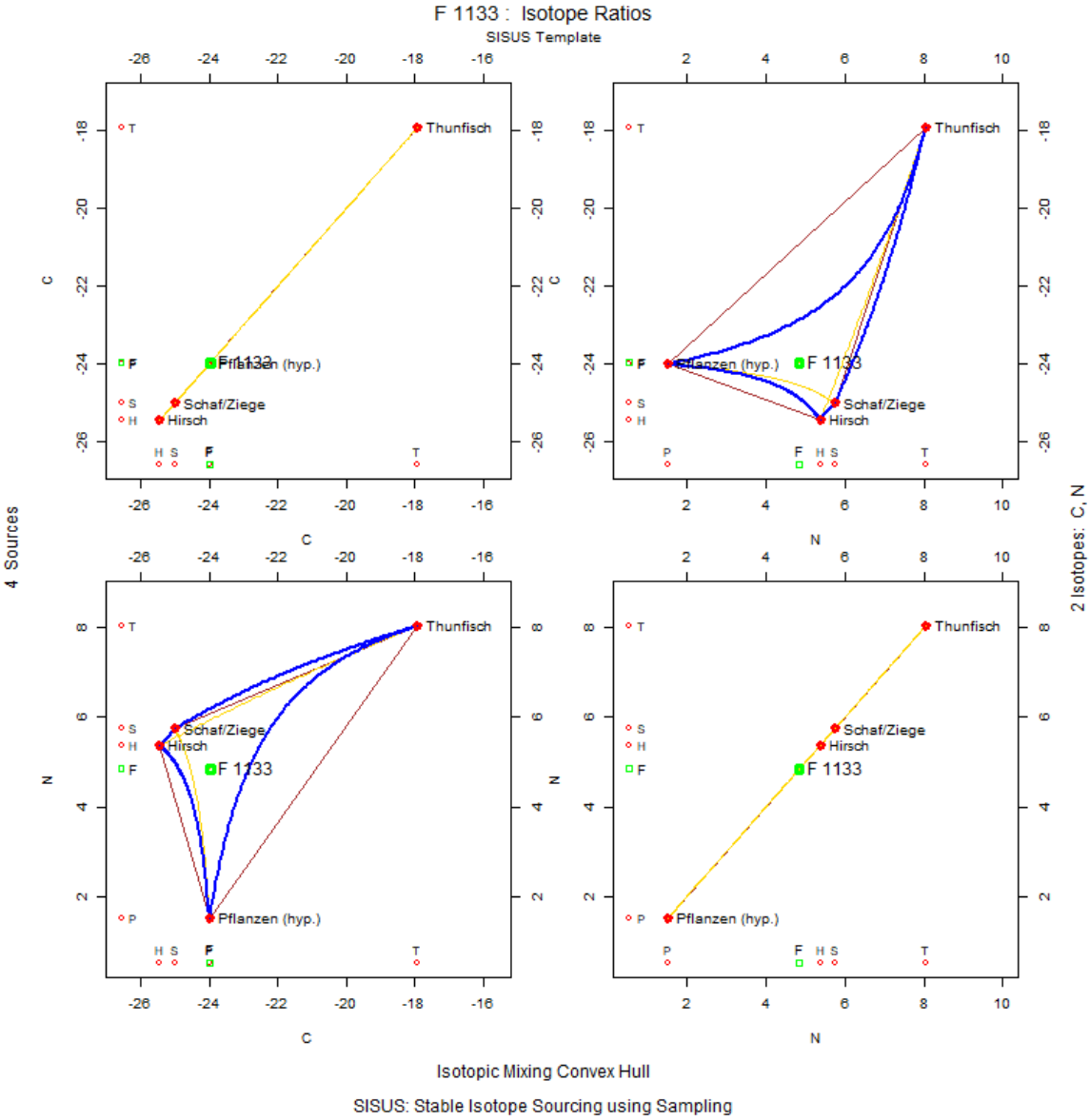


Abbildung 225: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Franchthi (F) 1133 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

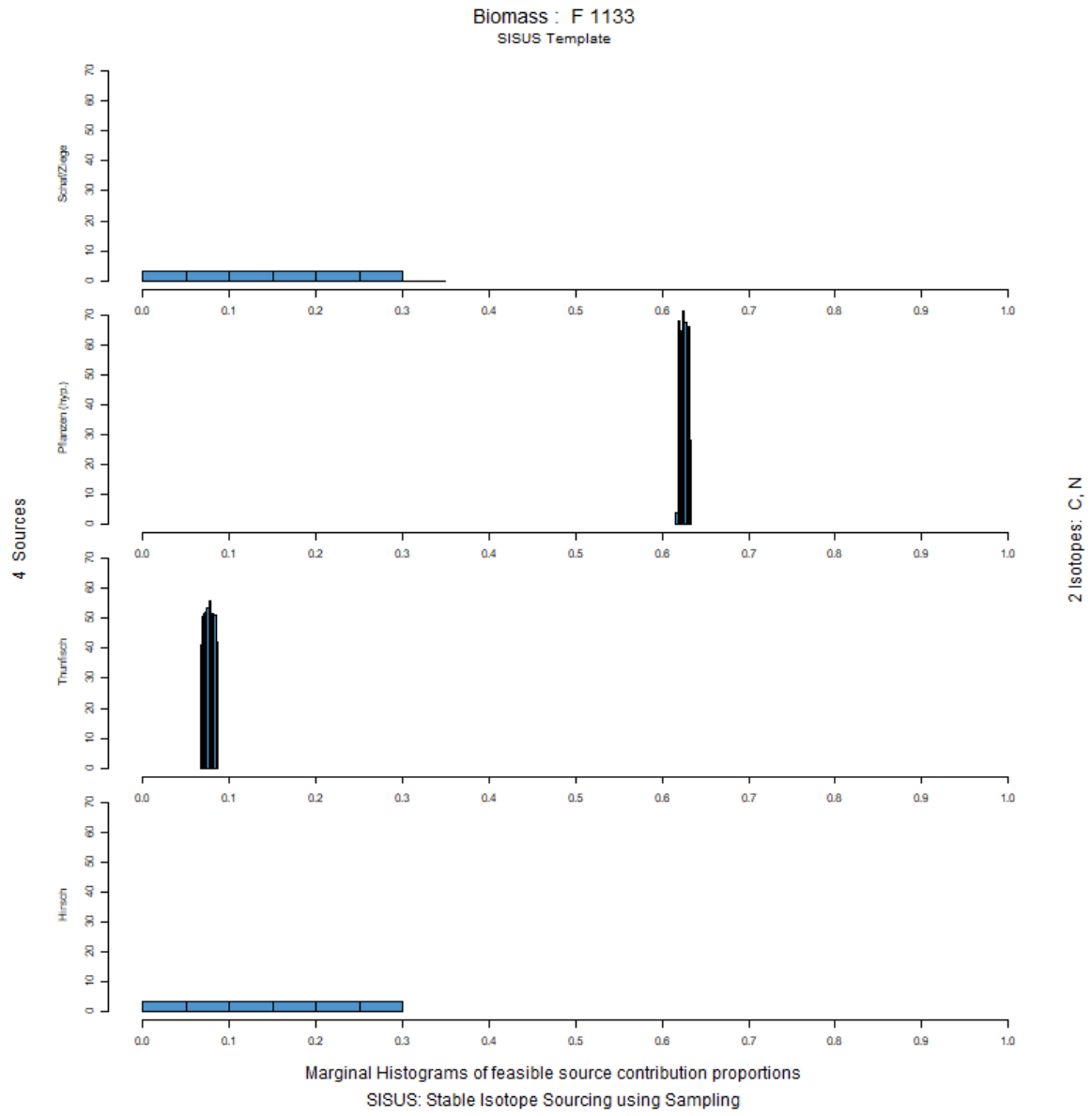


Abbildung 226: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1133. Erstellt mit SISUS.

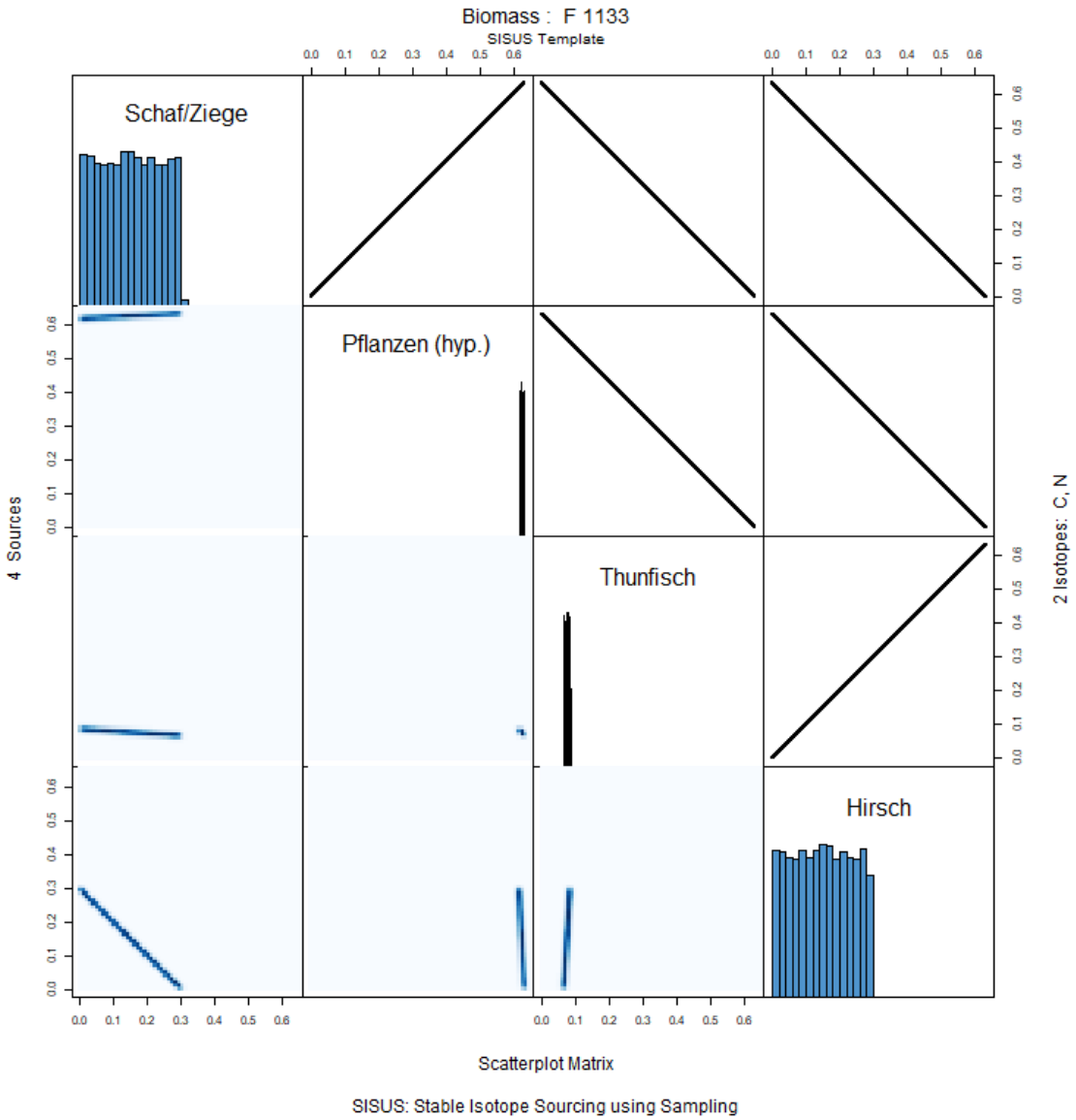


Abbildung 227 Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1133. Erstellt mit SISUS.

F1135

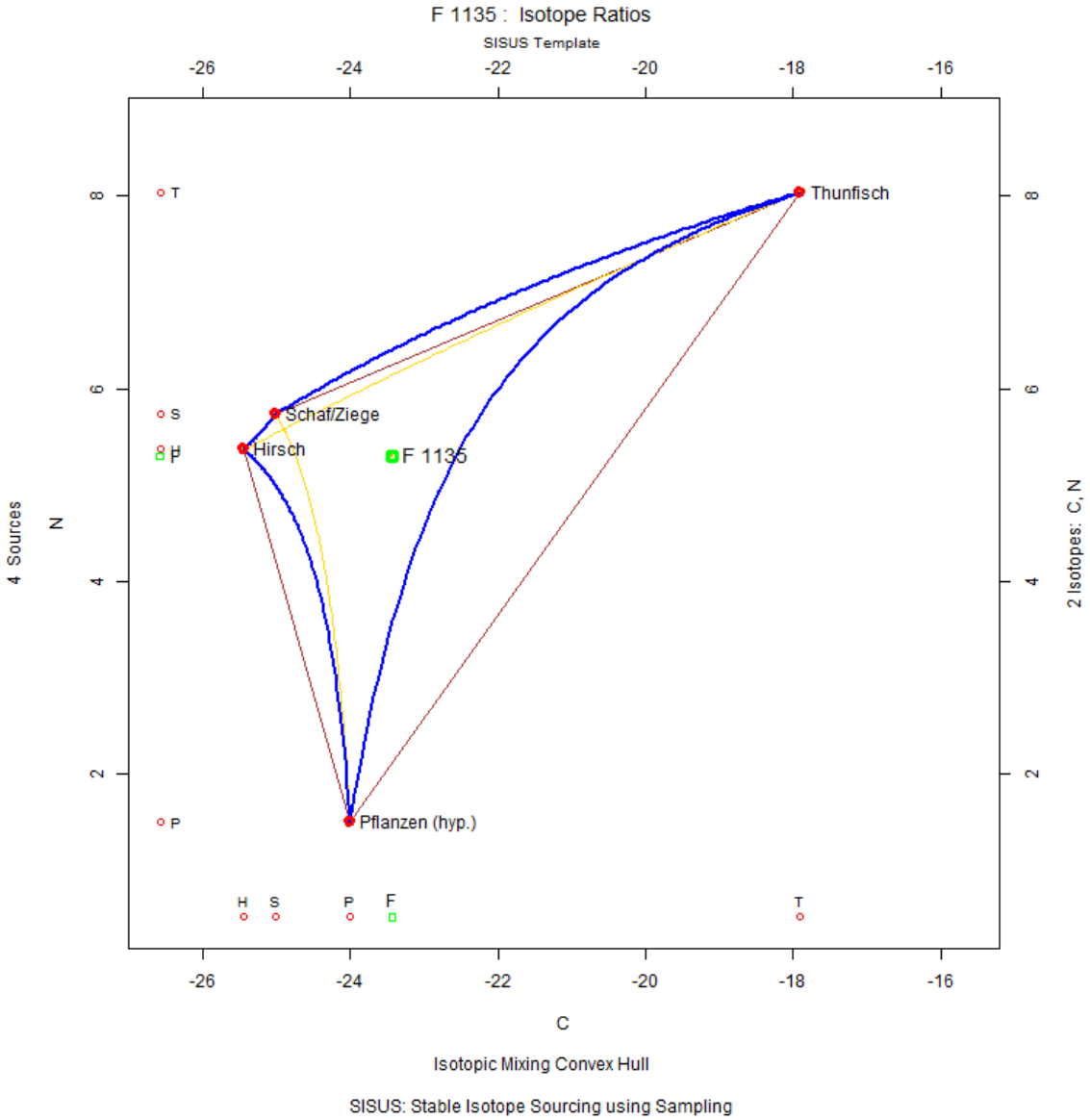


Abbildung 228: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Franchthi (F) 1135. Erstellt mit SISUS.

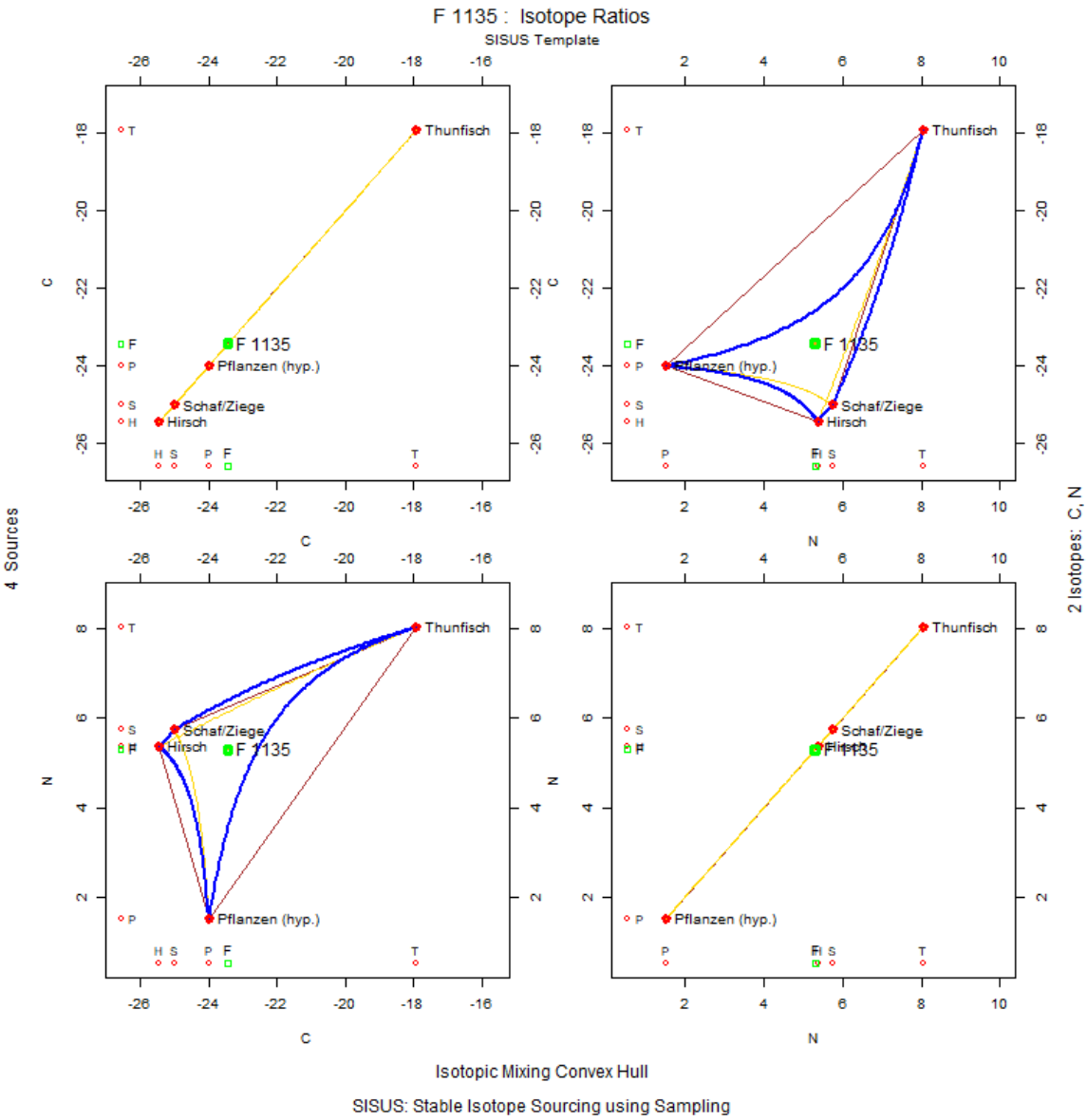


Abbildung 229: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Franchthi (F) 1135 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

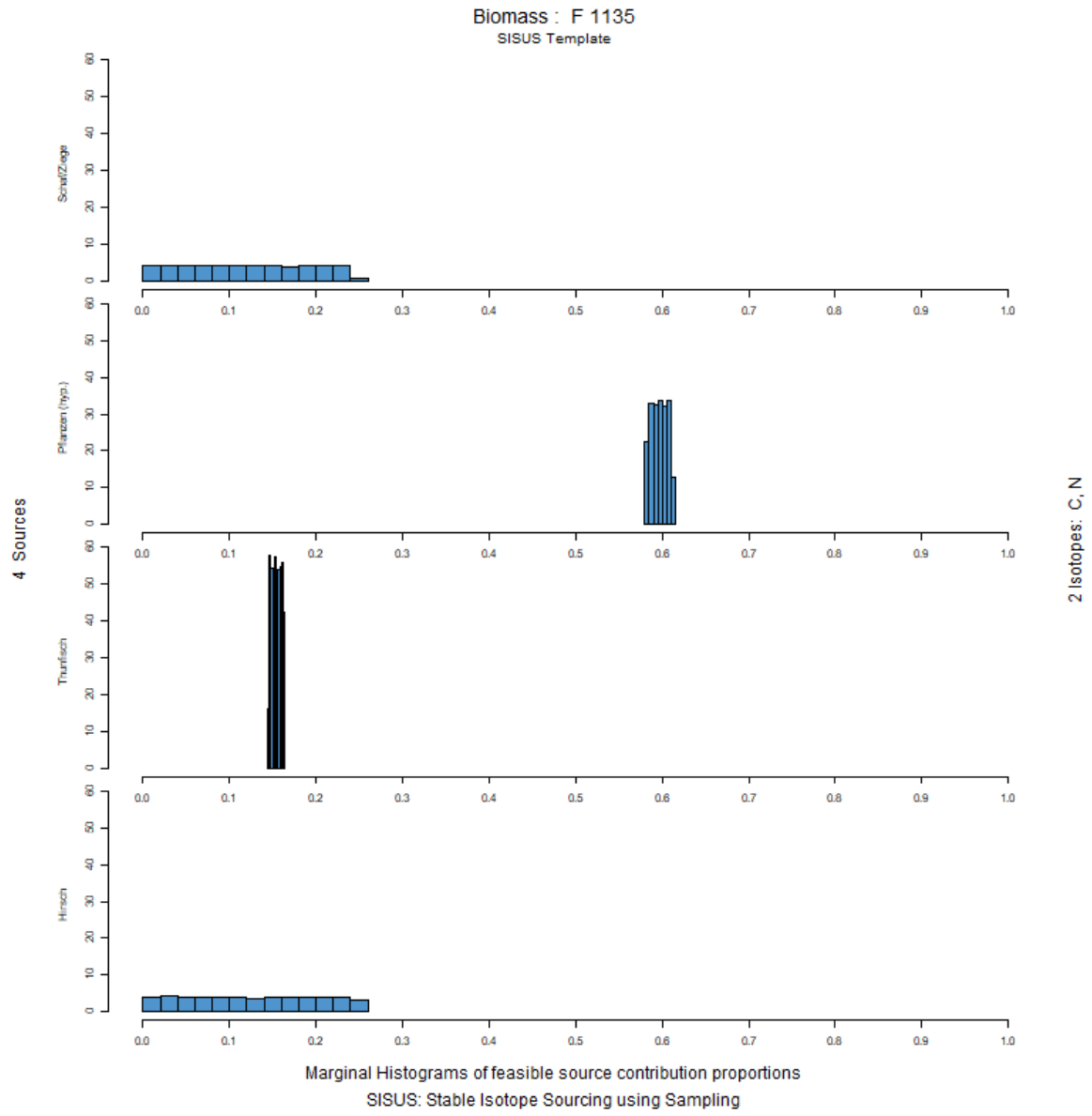


Abbildung 230: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1135. Erstellt mit SISUS.

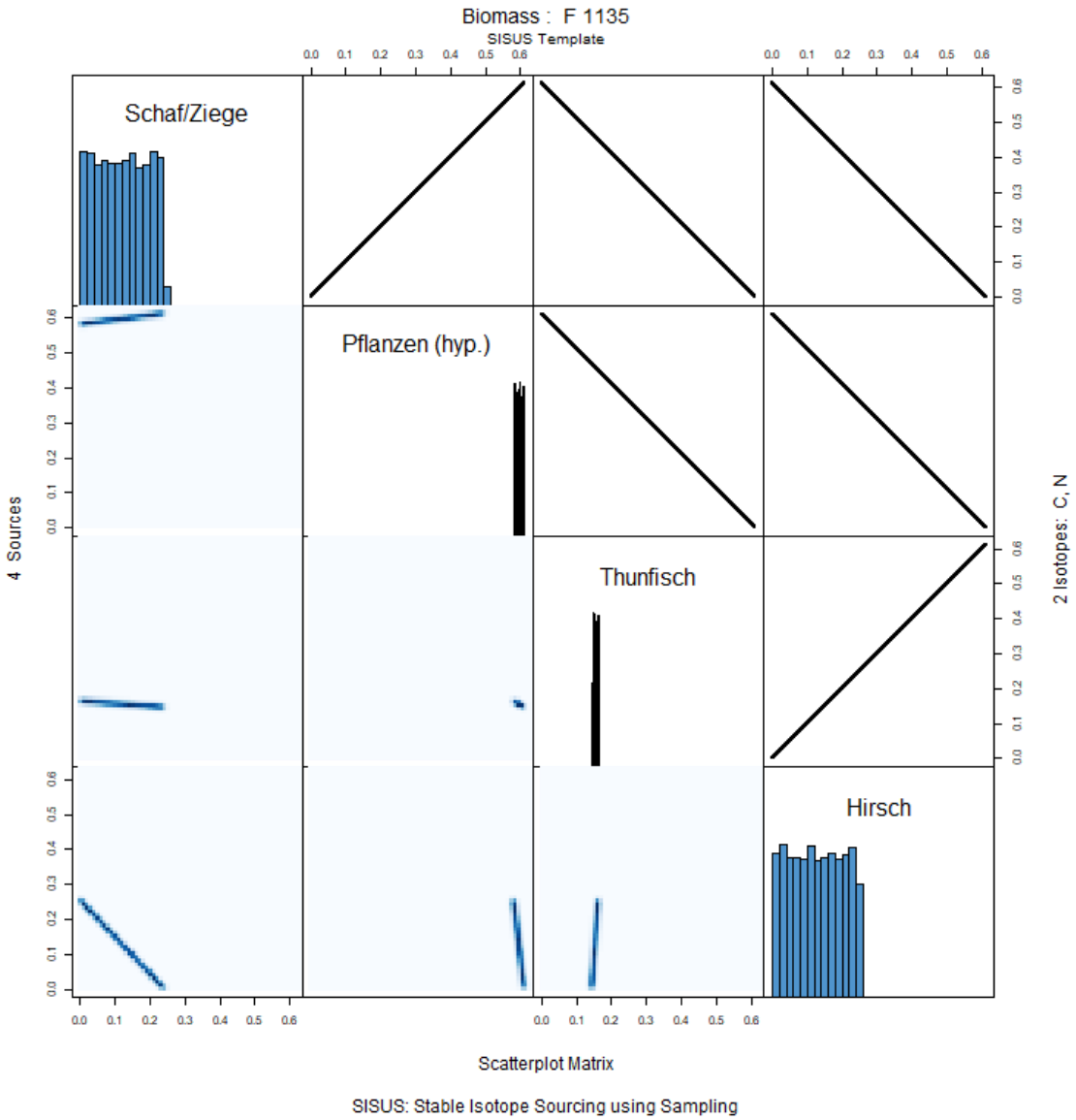


Abbildung 231: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Franchthi (F) 1135. Erstellt mit SISUS.

3.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 11: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Franchthi (F). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
F1128	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Hirsch	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Thunfisch	x	x	x	x	x	x
F1130	Pflanzen	58,3%	59,0%	0,4%	59,0%	59,8%	1,5%
	Hirsch	0,0%	18,0%	10,4%	18,1%	35,8%	35,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,3%	10,7%	18,2%	36,7%	36,7%
	Thunfisch	3,5%	4,7%	0,7%	4,7%	5,9%	2,4%
F1132	Pflanzen	36,9%	40,1%	1,8%	40,1%	43,2%	6,3%
	Hirsch	0,0%	25,6%	15,0%	25,6%	51,5%	51,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	24,8%	14,3%	24,8%	49,3%	49,3%
	Thunfisch	7,5%	9,5%	1,2%	9,5%	11,6%	4,0%
F1133	Pflanzen	61,8%	62,5%	0,4%	62,5%	63,3%	1,5%
	Hirsch	0,0%	14,8%	8,6%	14,9%	29,7%	29,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,0%	8,7%	15,0%	30,1%	30,1%
	Thunfisch	6,7%	7,6%	0,6%	7,6%	8,6%	1,9%
F1135	Pflanzen	58,2%	59,7%	0,9%	59,7%	61,2%	3,0%
	Hirsch	0,0%	12,8%	7,4%	12,7%	25,5%	25,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,1%	7,1%	12,1%	24,3%	24,3%
	Thunfisch	14,5%	15,4%	0,5%	15,4%	16,3%	1,8%

4 Griechenland – Mavropigi

4.1 IsoConc: Abbildungen

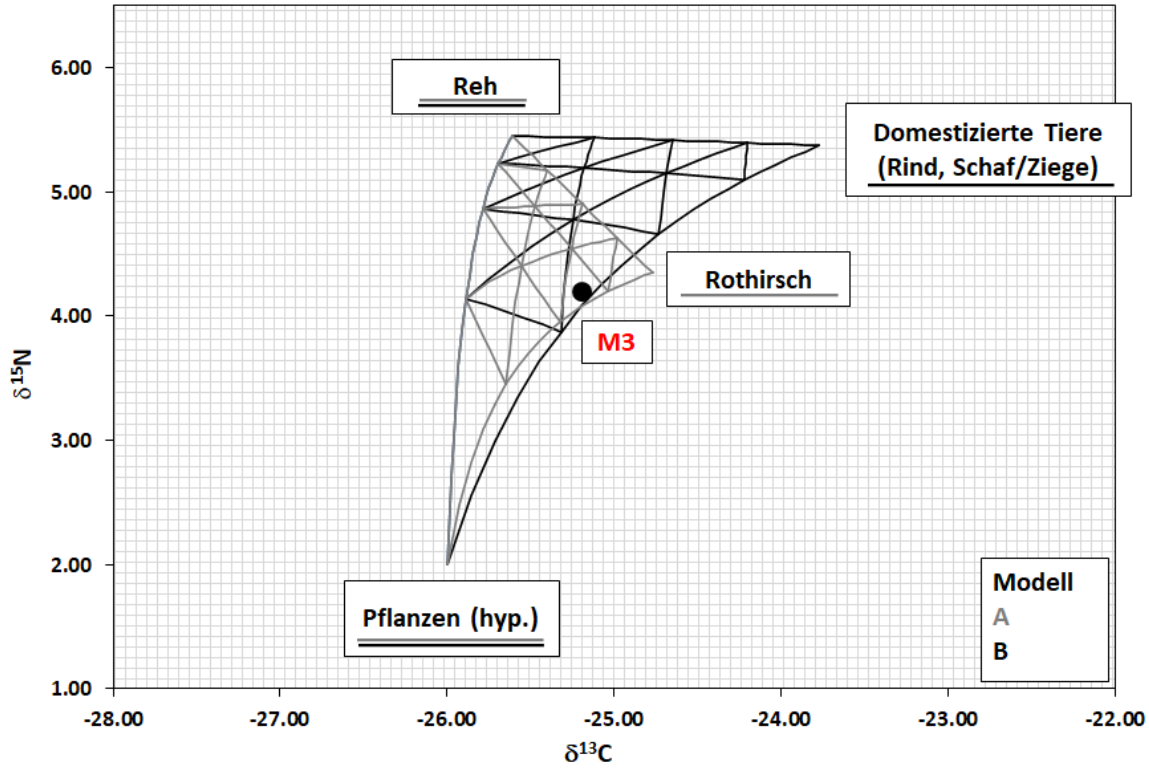


Abbildung 232: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 3. Erstellt mit IsoConc.

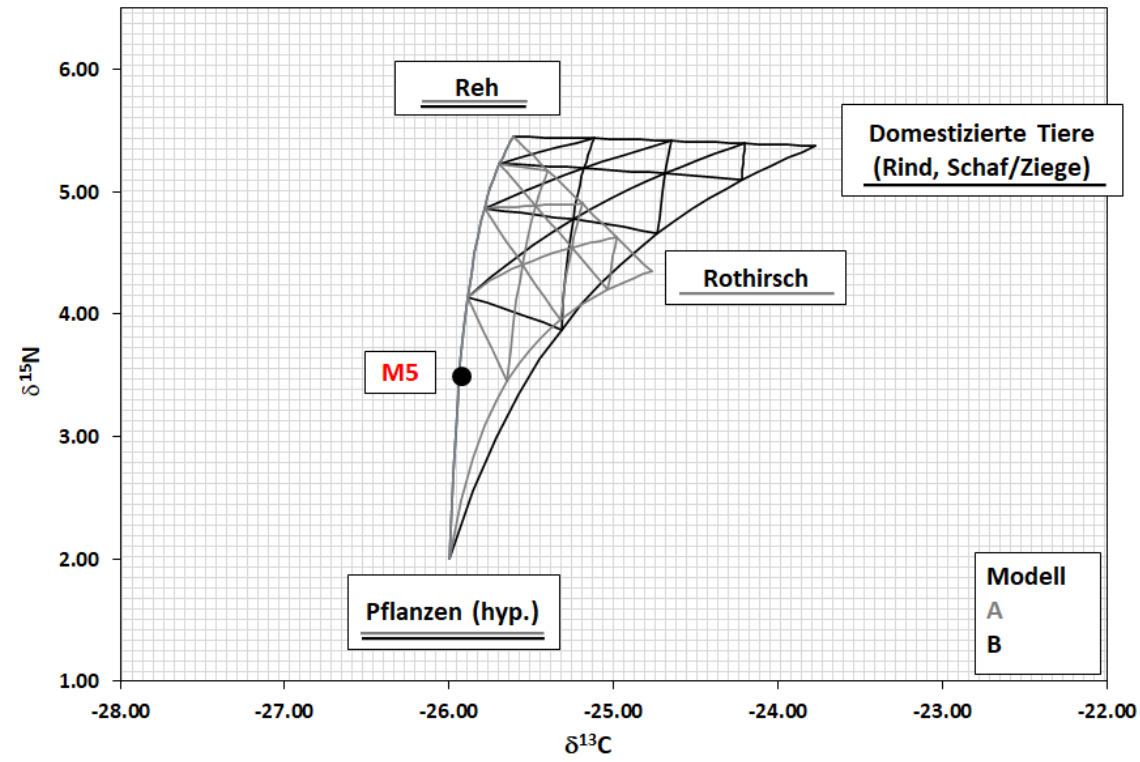


Abbildung 233: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 5. Erstellt mit IsoConc.

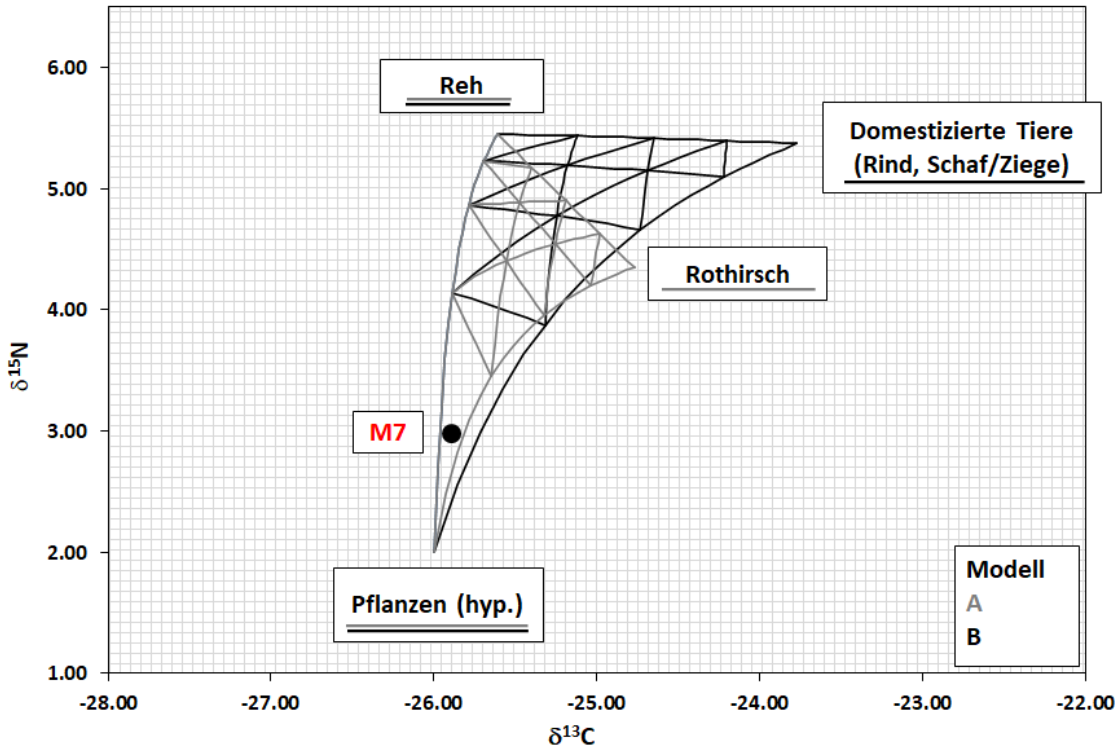


Abbildung 235: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 7. Erstellt mit IsoConc.

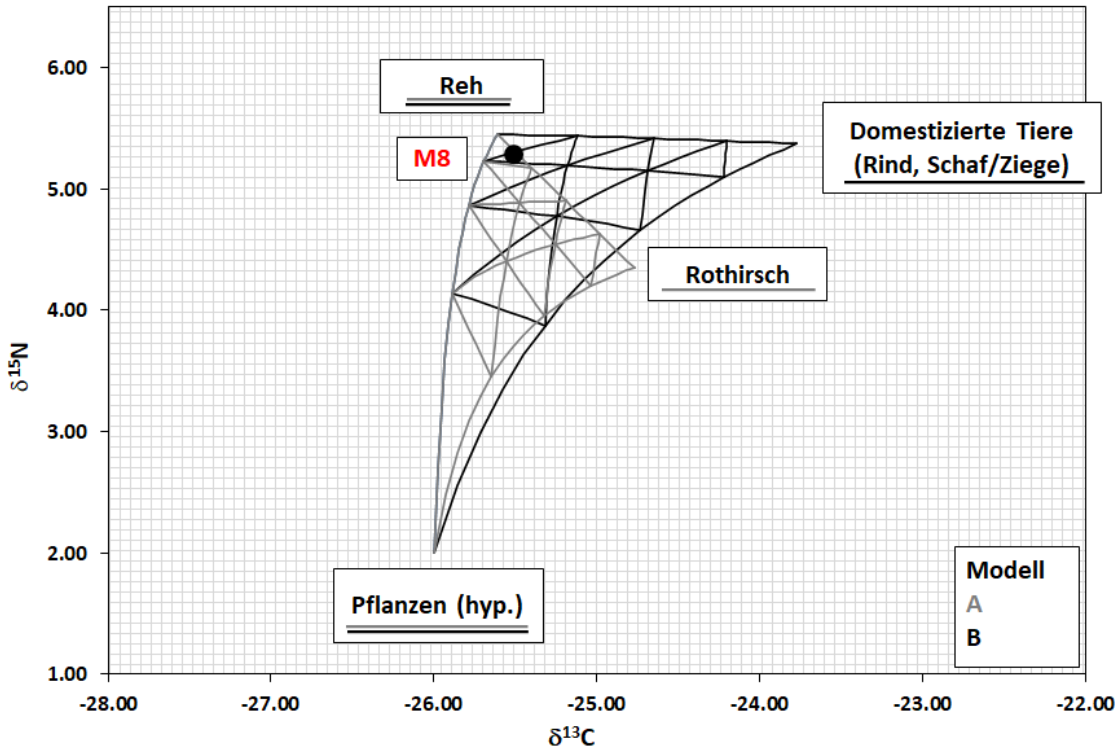


Abbildung 234: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 8. Erstellt mit IsoConc.

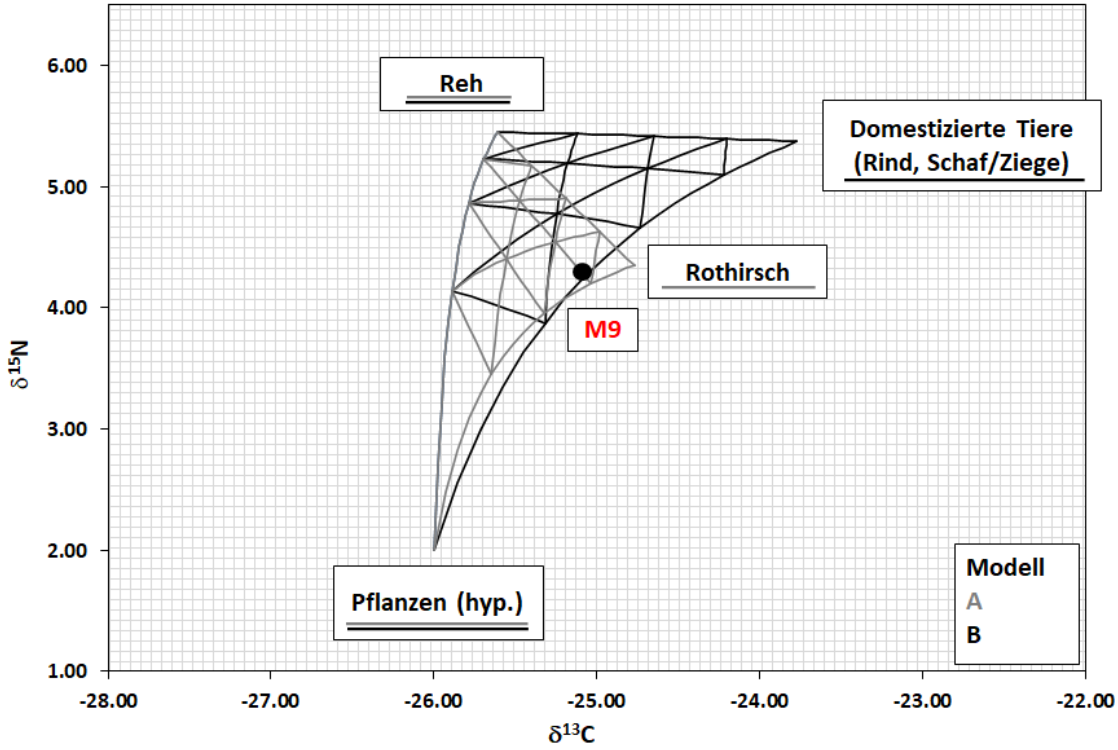


Abbildung 236: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 9. Erstellt mit IsoConc.

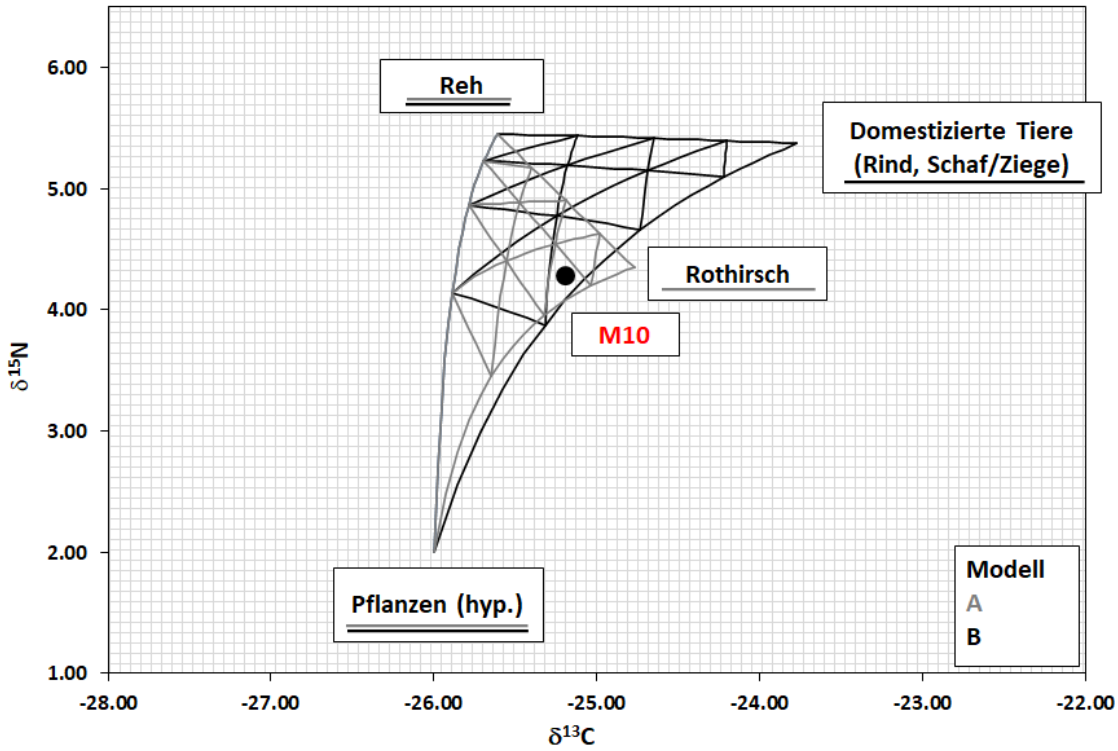


Abbildung 237: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 10. Erstellt mit IsoConc.

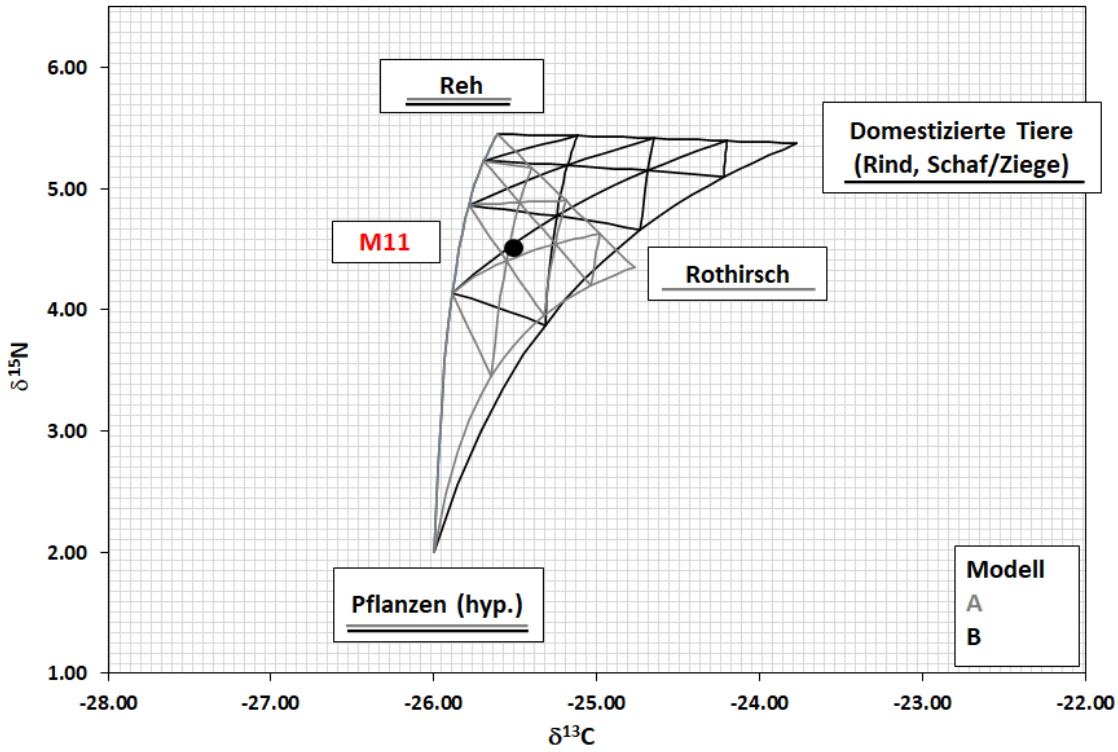


Abbildung 238: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 11. Erstellt mit IsoConc.

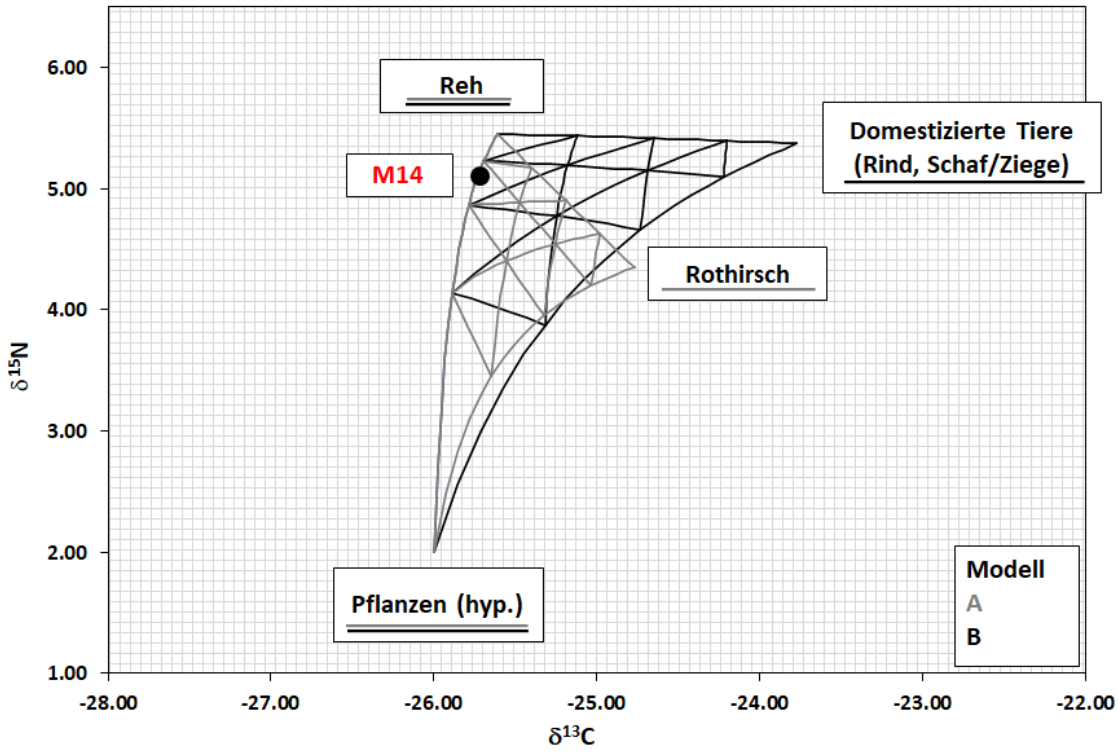


Abbildung 239: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 14. Erstellt mit IsoConc.

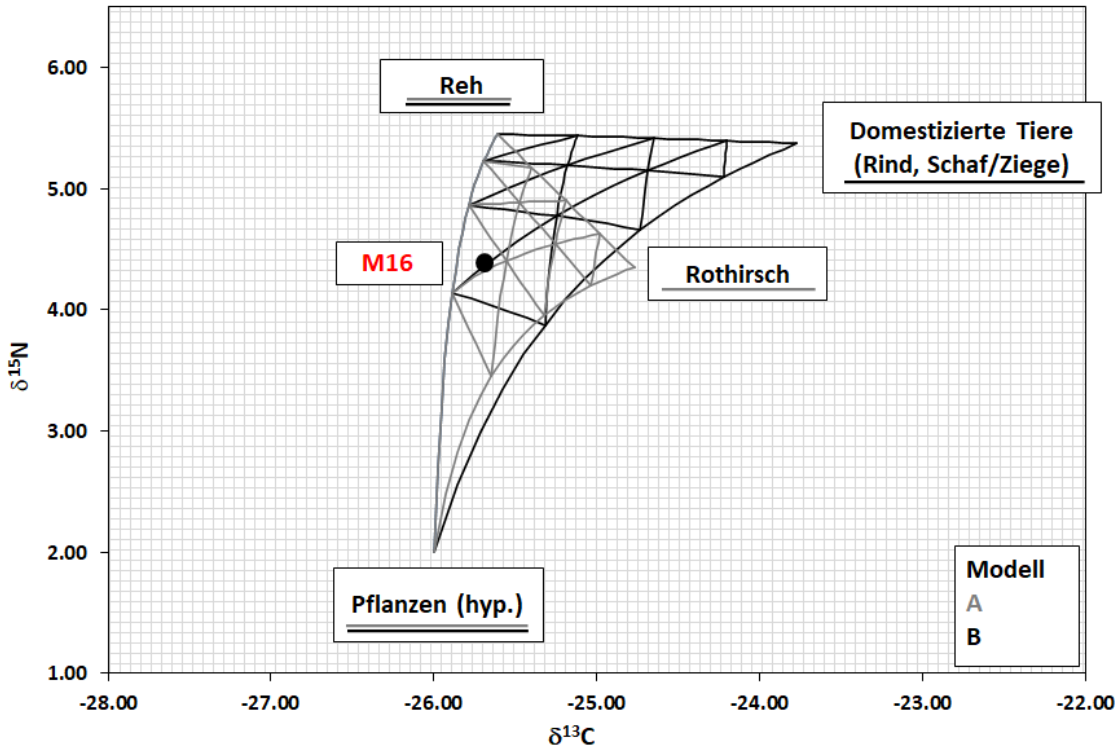


Abbildung 240: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 16. Erstellt mit IsoConc.

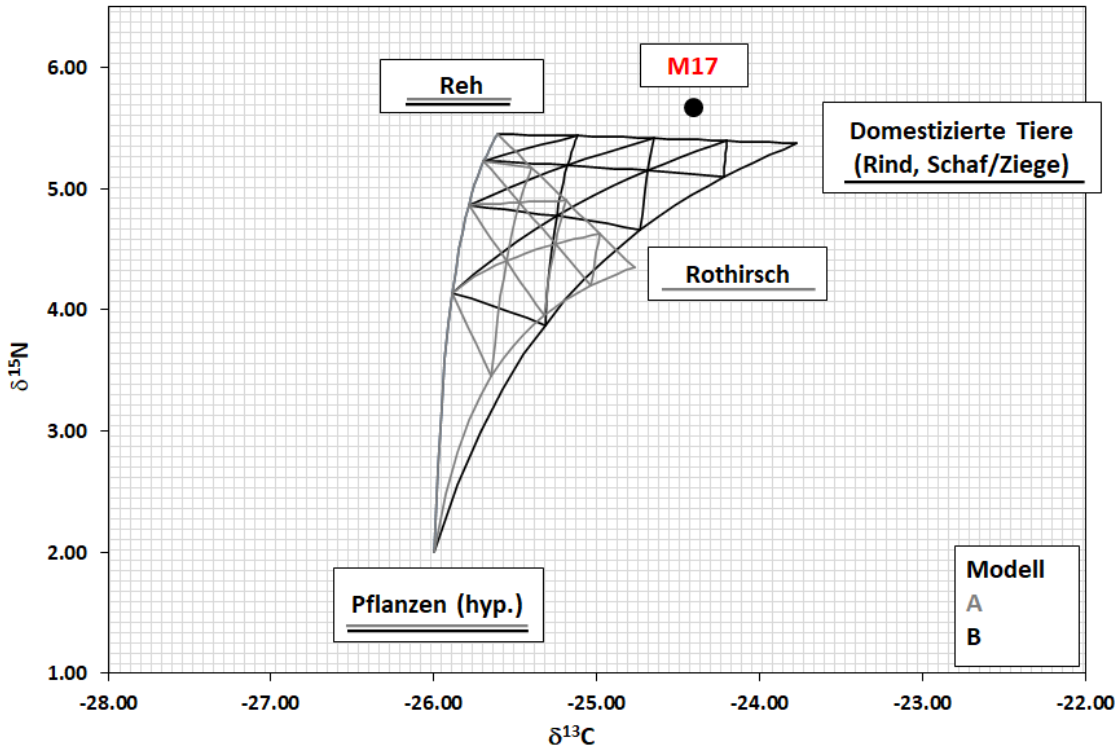


Abbildung 241: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 17. Erstellt mit IsoConc.

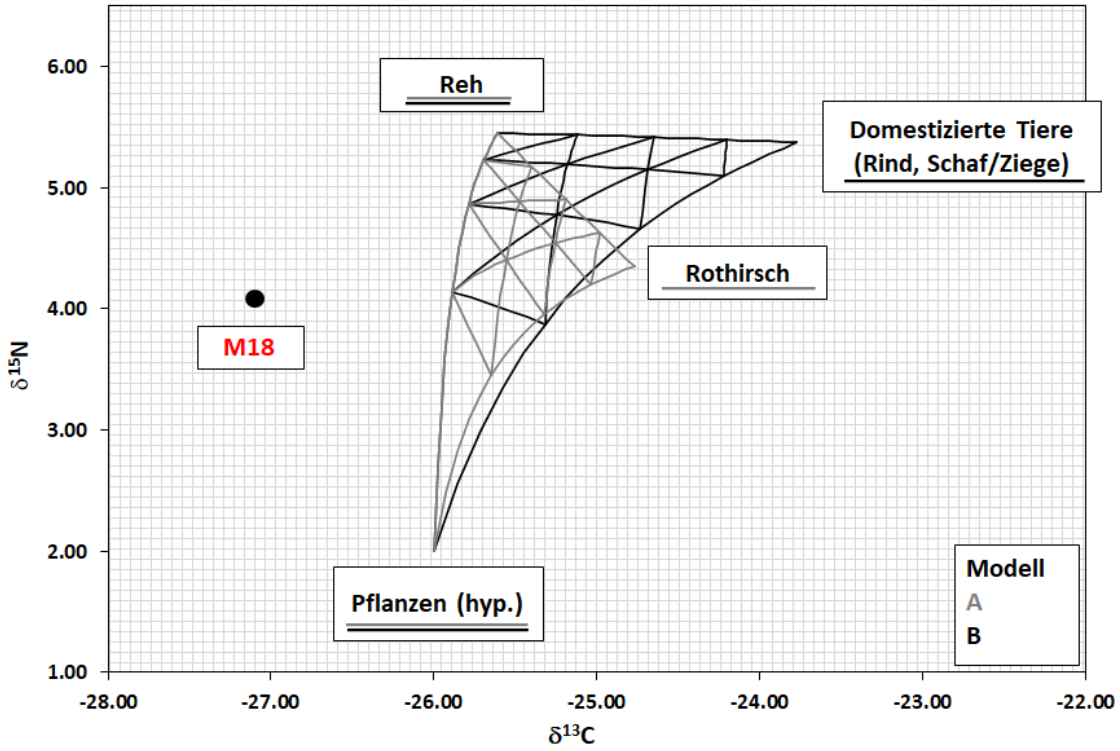


Abbildung 242: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 18. Erstellt mit IsoConc.

4.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 12: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Mavropigi (M). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
M3	Reh	5,6%
	Rothirsch	59,3%
	Pflanzen	35,1%
M5	Reh	12,0%
	Rothirsch	3,1%
	Pflanzen	84,8%
M7	Reh	4,6%
	Rothirsch	5,4%
	Pflanzen	90,0%
M8	Reh	86,2%
	Rothirsch	13,3%
	Pflanzen	0,5%
M9	Reh	7,3%
	Rothirsch	67,7%
	Pflanzen	25,0%
M10	Reh	10,4%
	Rothirsch	58,5%
	Pflanzen	31,4%
M11	Reh	28,0%
	Rothirsch	28,7%
	Pflanzen	43,3%
M14	Reh	64,8%
	Rothirsch	2,4%
	Pflanzen	32,8%
M16	Reh	28,2%
	Rothirsch	12,9%
	Pflanzen	58,8%
M17	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
M18	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
M3	Reh	3,1%
	Schaf/Ziege, Rind	29,4%
	Pflanzen	67,4%
M5	Reh	12,5%
	Schaf/Ziege, Rind	1,5%
	Pflanzen	86,0%
M7	Reh	5,8%
	Schaf/Ziege, Rind	2,5%
	Pflanzen	91,7%
M8	Reh	74,7%
	Schaf/Ziege, Rind	8,1%
	Pflanzen	17,2%
M9	Reh	2,2%
	Schaf/Ziege, Rind	33,7%
	Pflanzen	64,1%
M10	Reh	5,8%
	Schaf/Ziege, Rind	29,1%
	Pflanzen	65,1%
M11	Reh	23,0%
	Schaf/Ziege, Rind	14,9%
	Pflanzen	62,1%
M14	Reh	63,3%
	Schaf/Ziege, Rind	1,4%
	Pflanzen	35,3%
M16	Reh	26,5%
	Schaf/Ziege, Rind	6,7%
	Pflanzen	66,7%
M17	Reh	x
	Schaf/Ziege, Rind	x
	Pflanzen	x
M18	Reh	x
	Schaf/Ziege, Rind	x
	Pflanzen	x

4.3 MixSIAR: Abbildungen

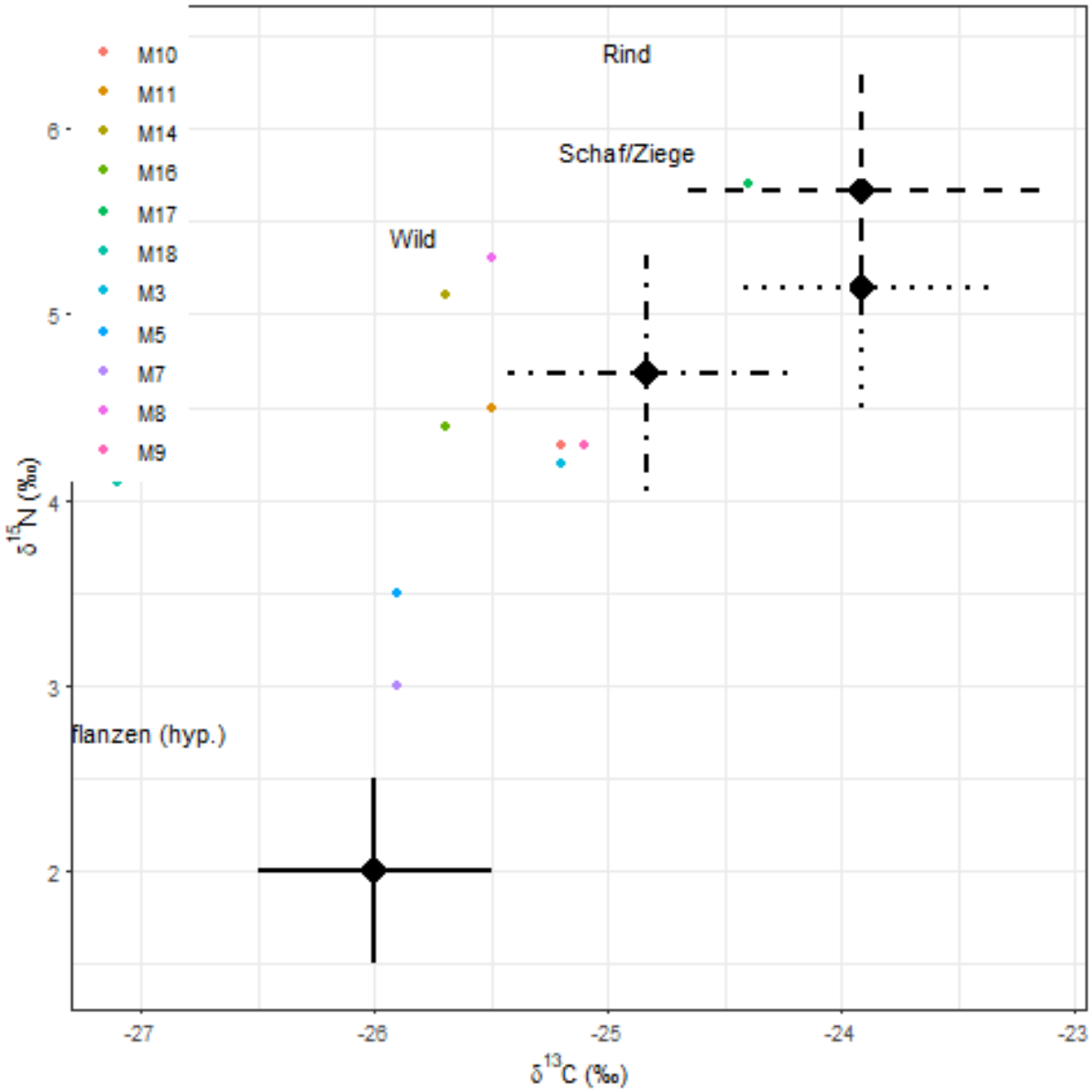


Abbildung 243: Isospace Plot der Individuen aus Mavropigi. Erstellt mit MixSIAR.

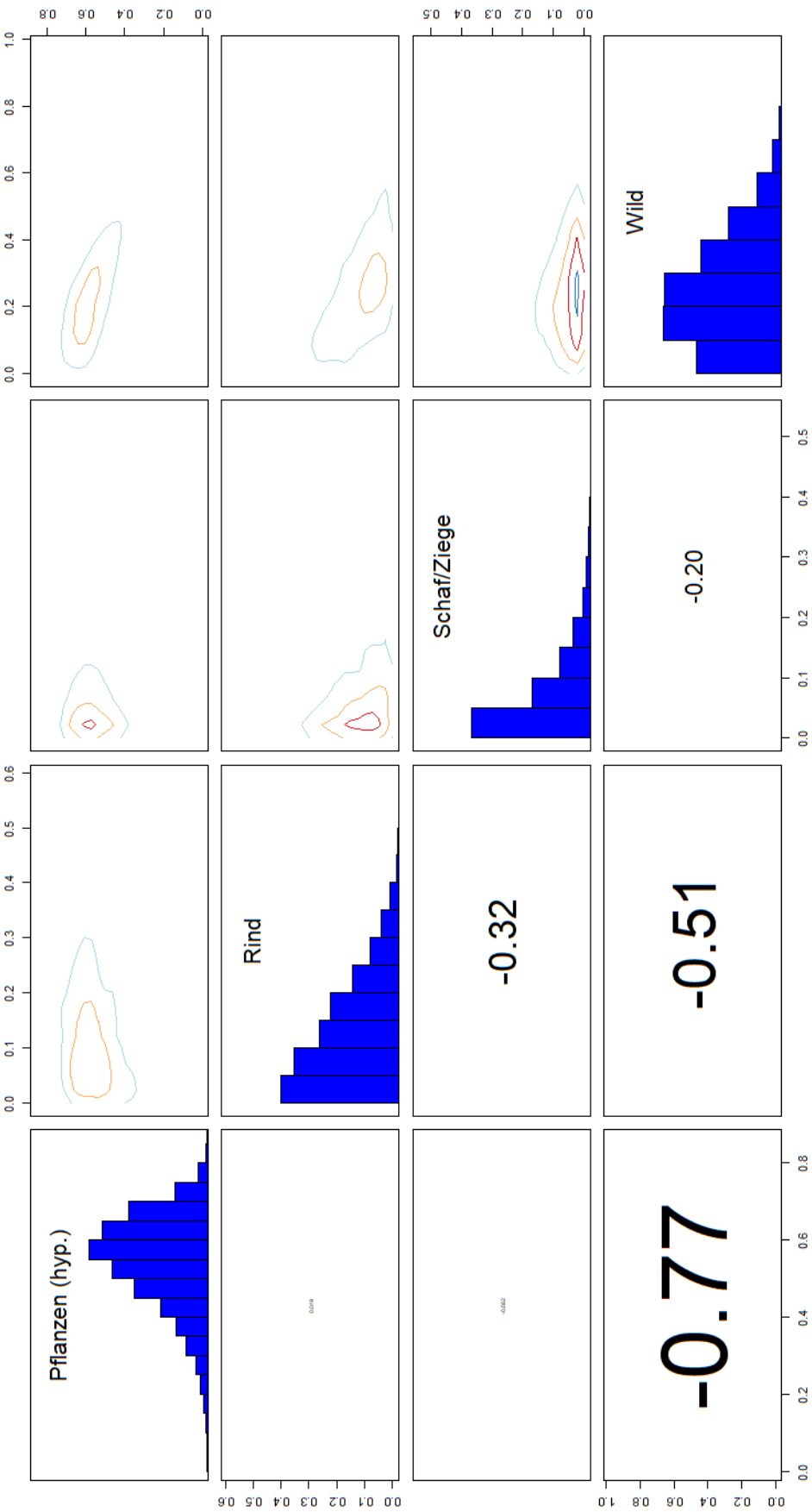


Abbildung 244: Pairs Plot der Population aus Mavropigi. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

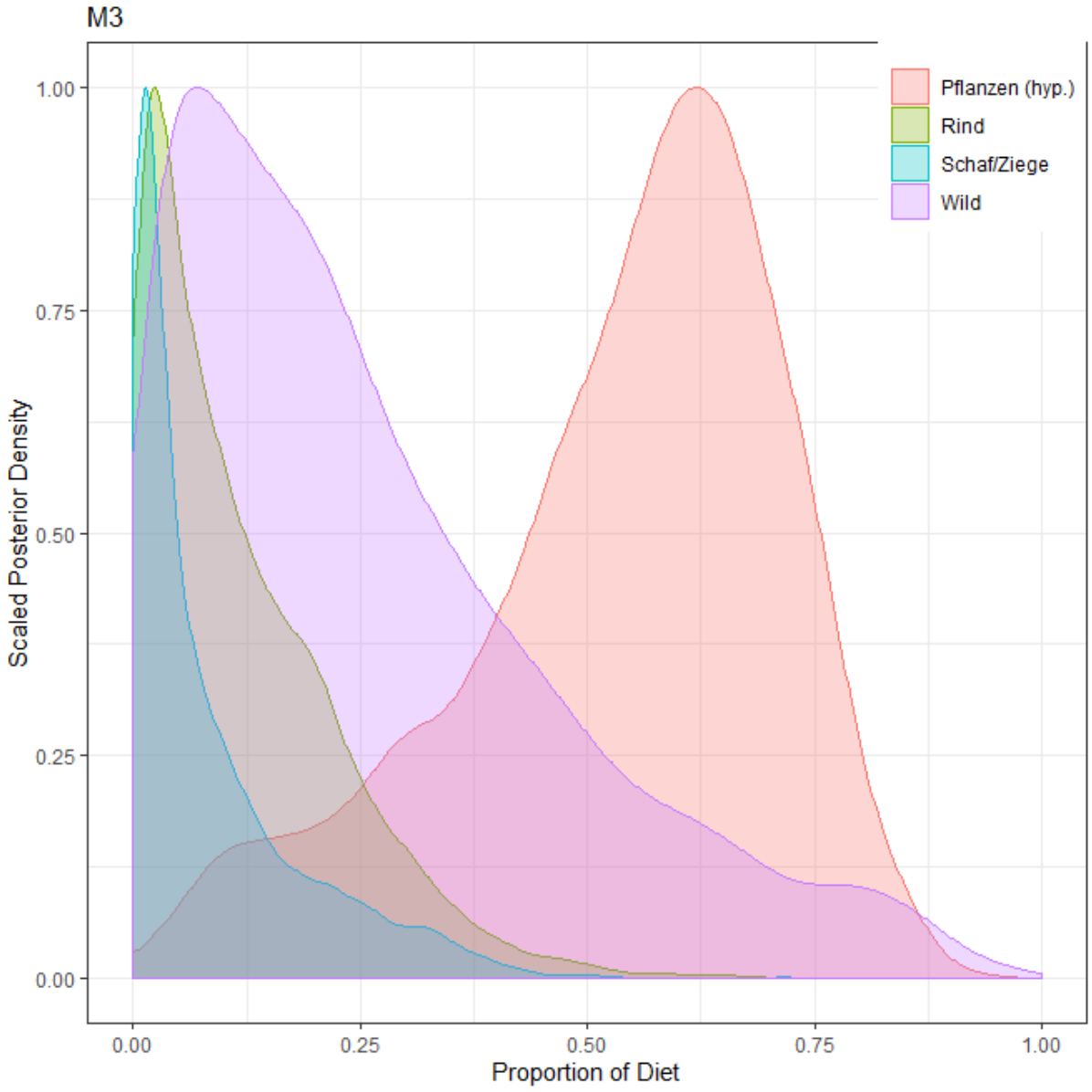


Abbildung 245: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 3. Erstellt mit MixSIAR.

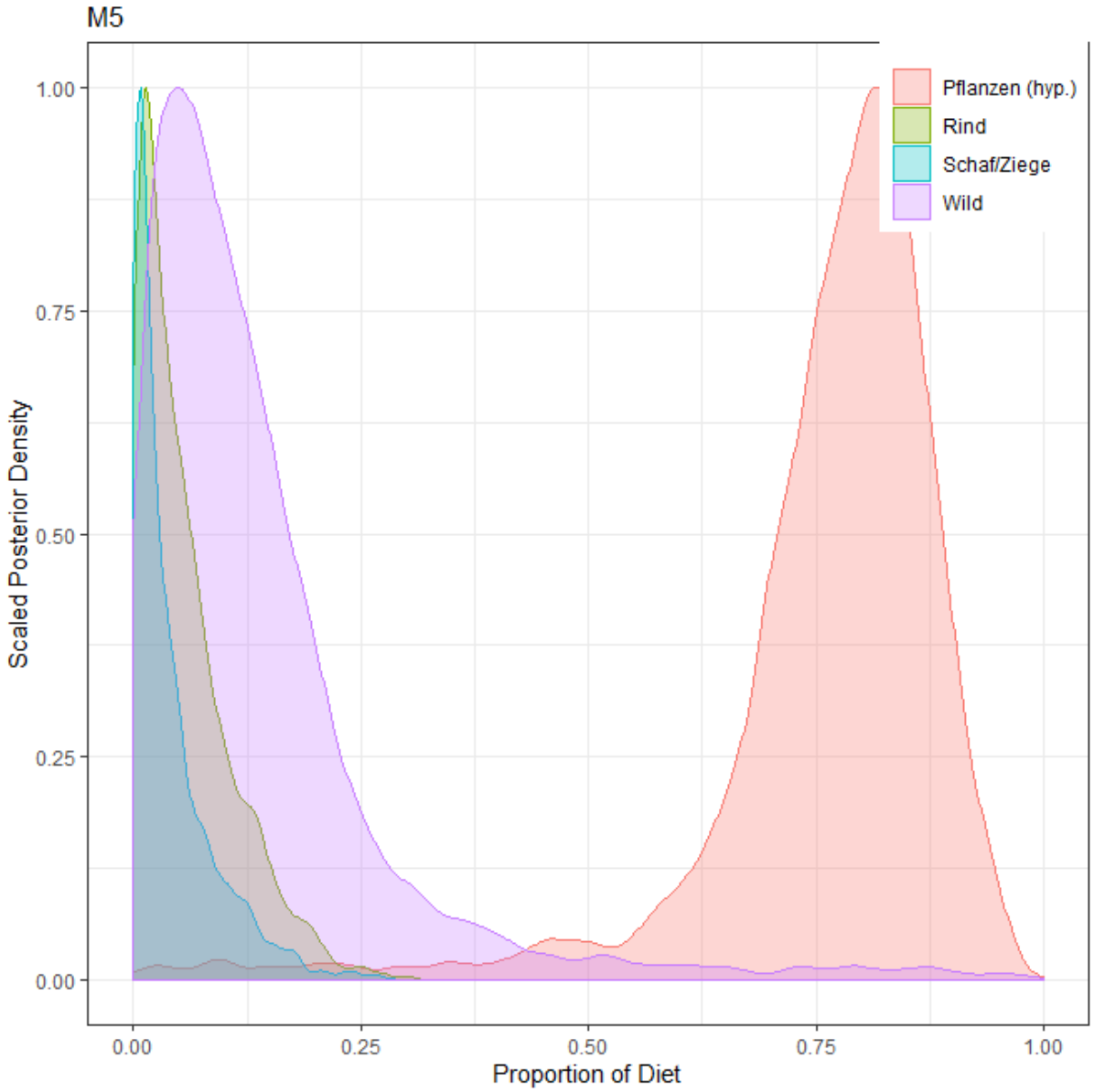


Abbildung 246: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 5. Erstellt mit MixSIAR.

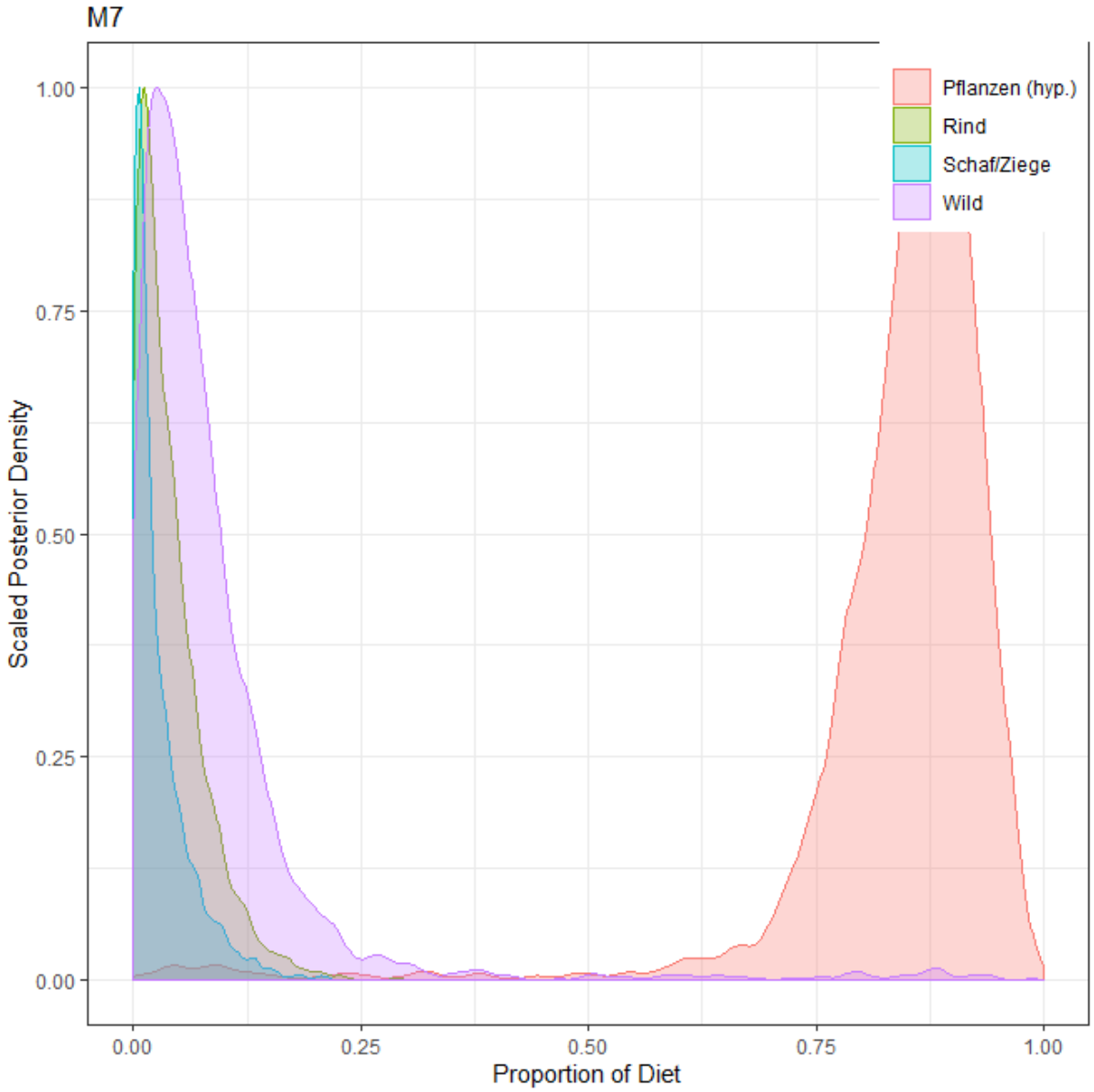


Abbildung 247: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 7. Erstellt mit MixSIAR.

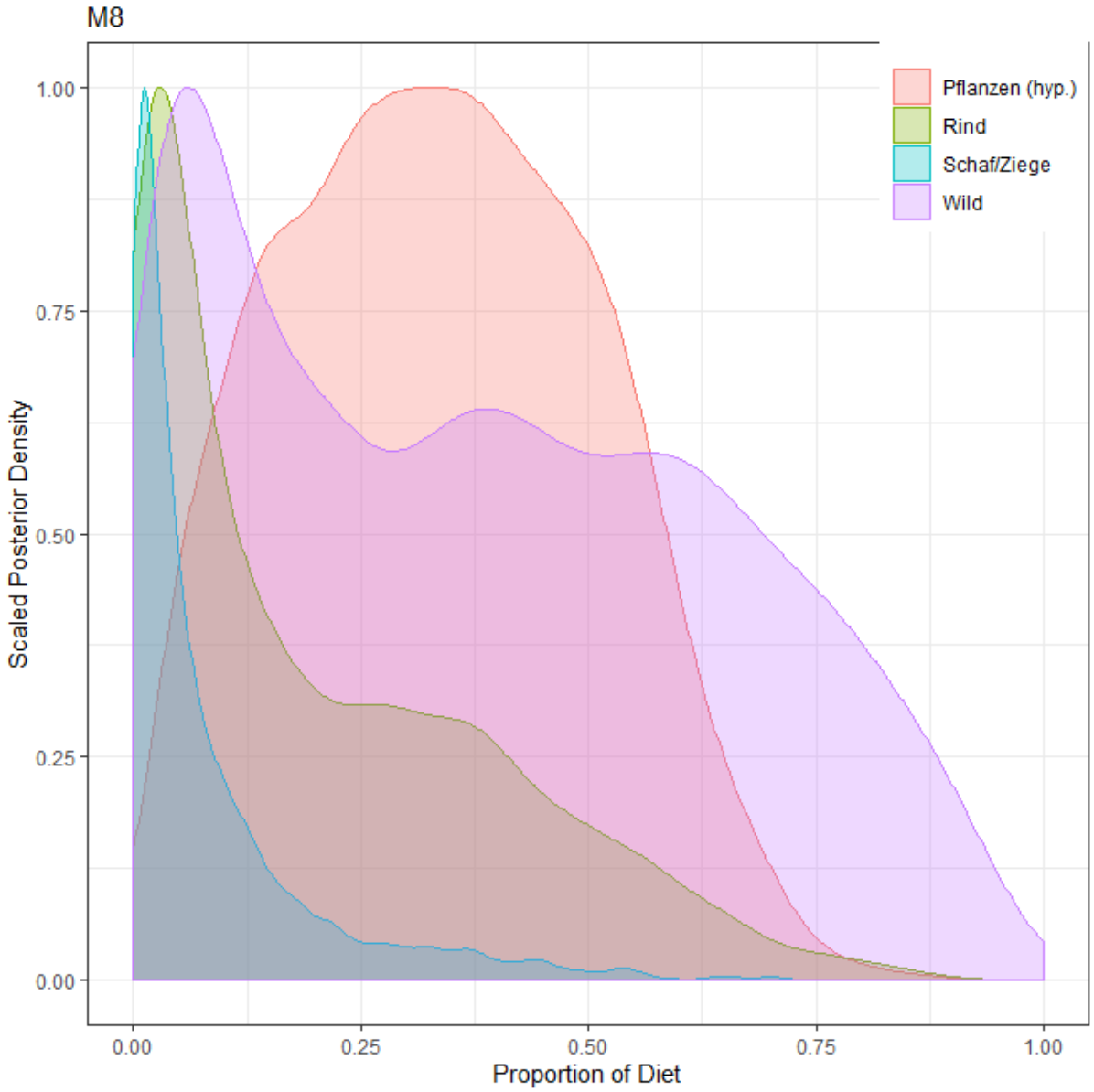


Abbildung 248: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 8. Erstellt mit MixSIAR.

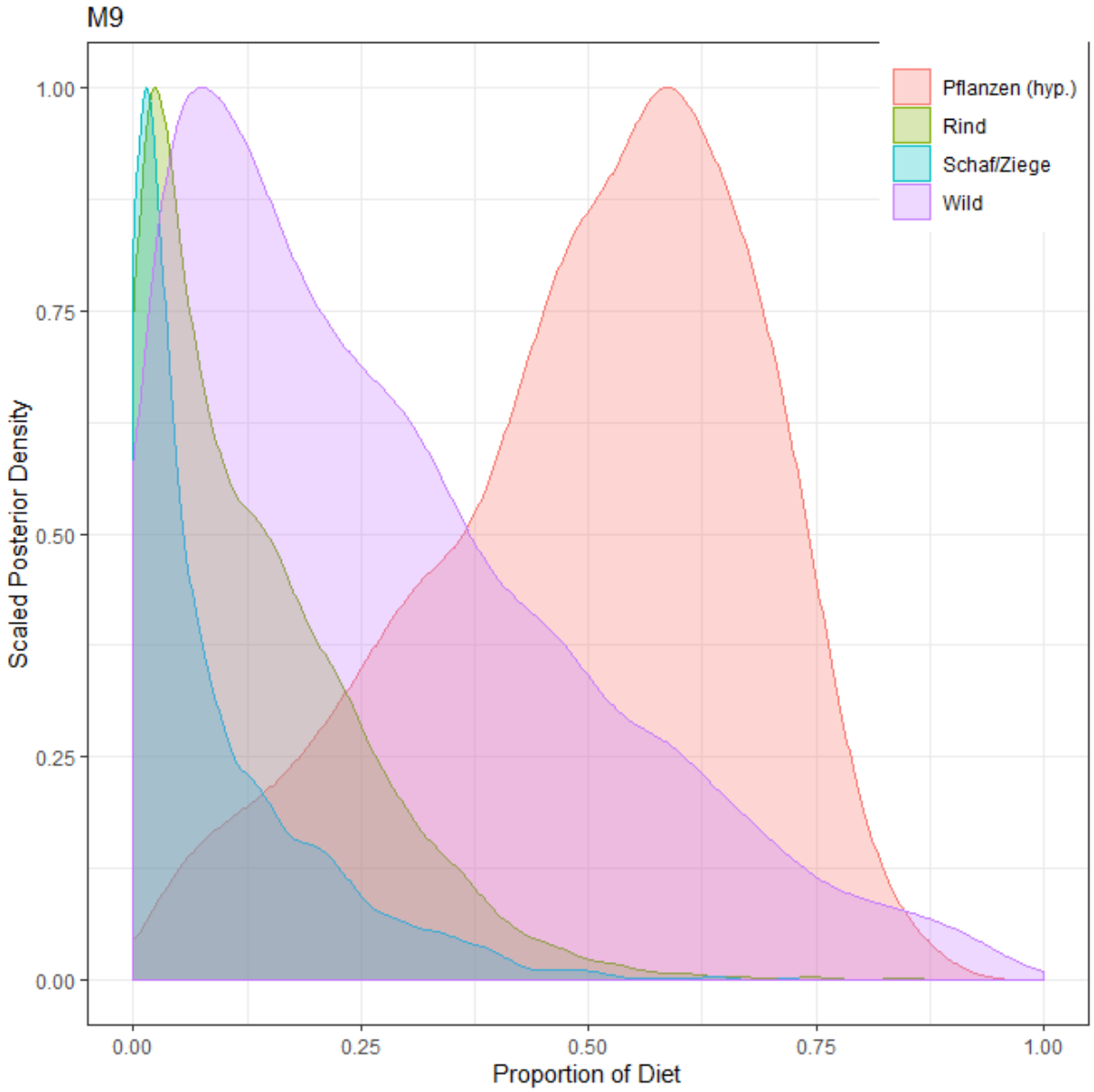


Abbildung 249: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 9. Erstellt mit MixSIAR.

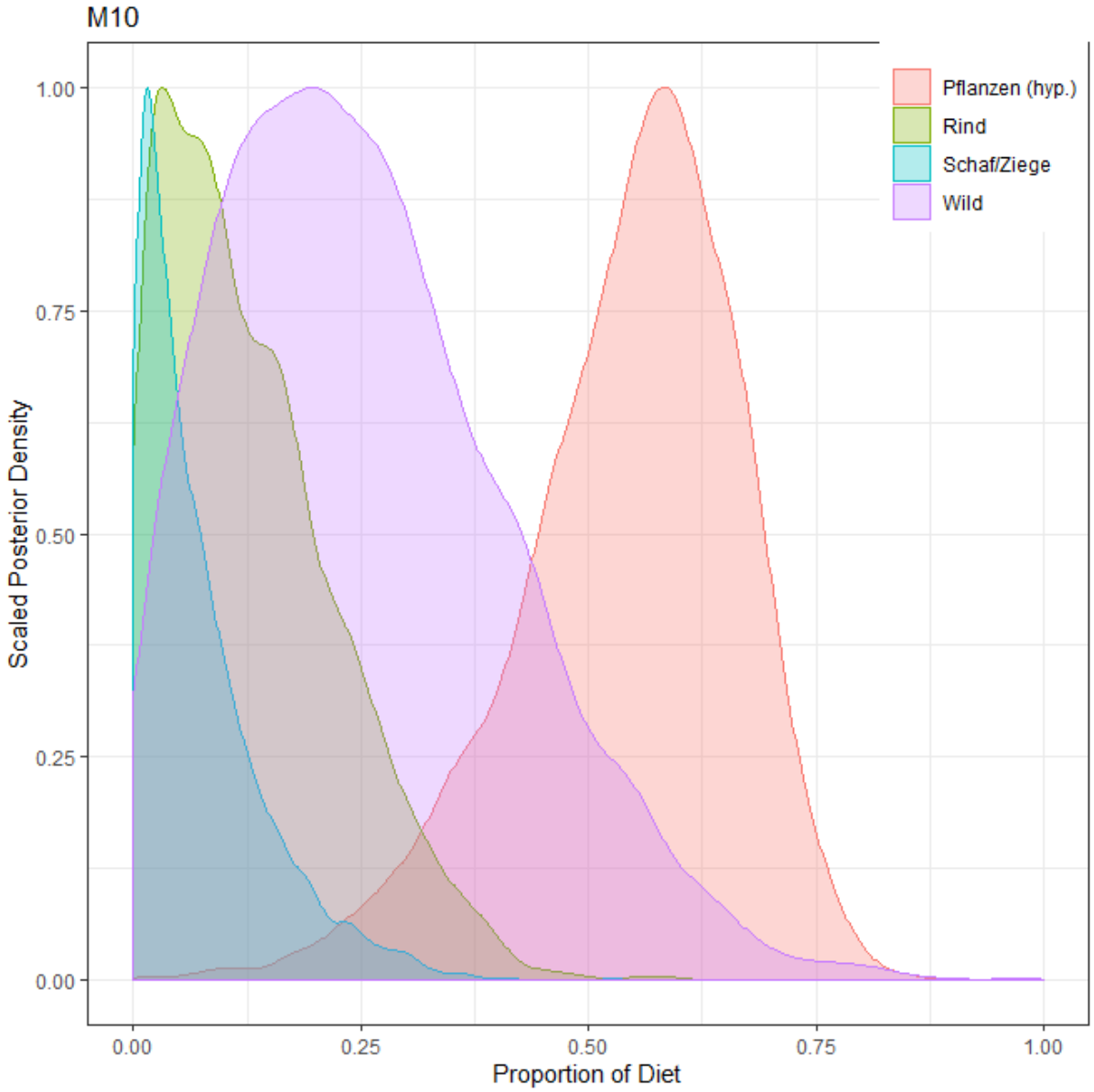


Abbildung 250: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 10. Erstellt mit MixSIAR.

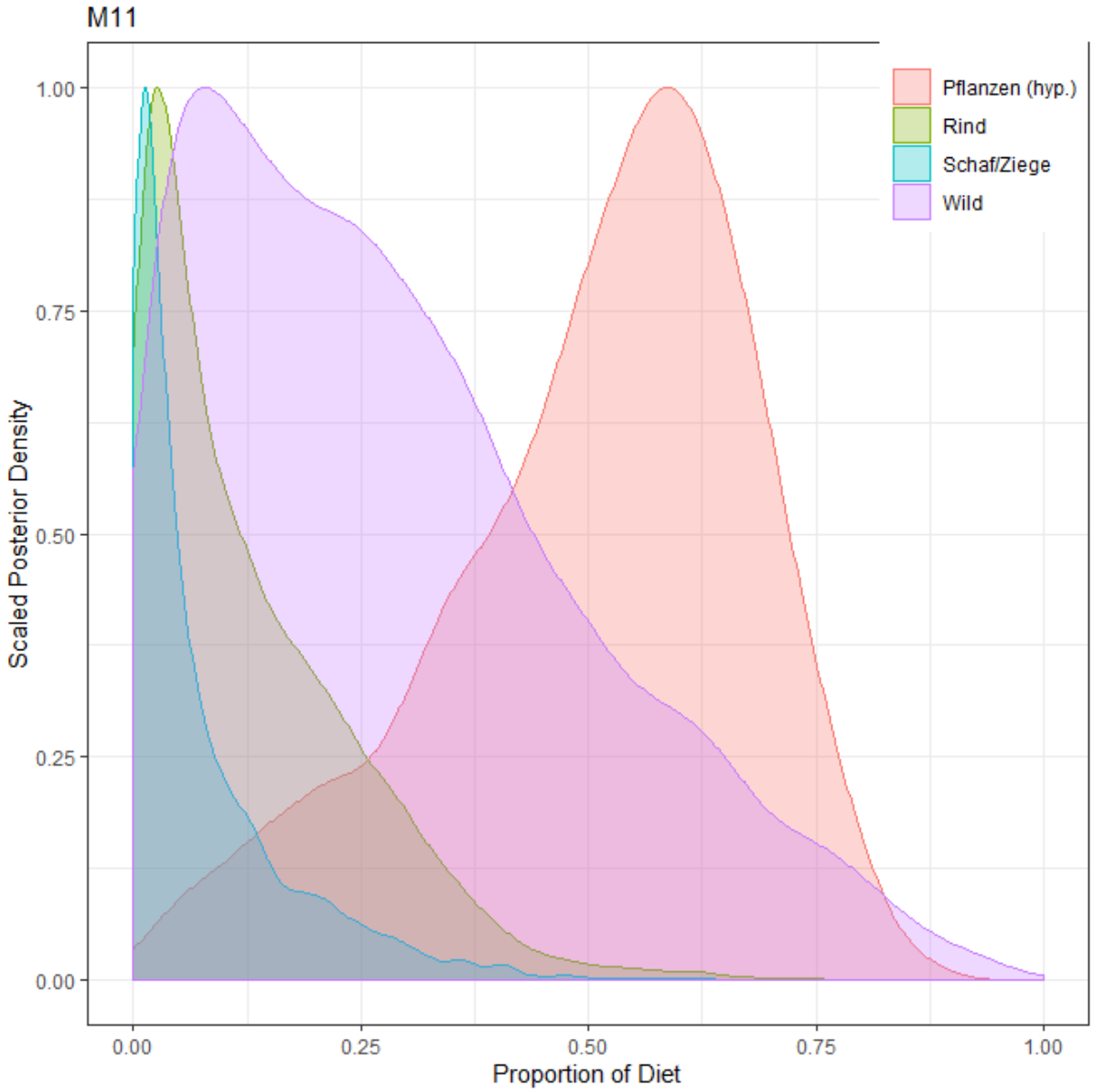


Abbildung 251: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 11. Erstellt mit MixSIAR.

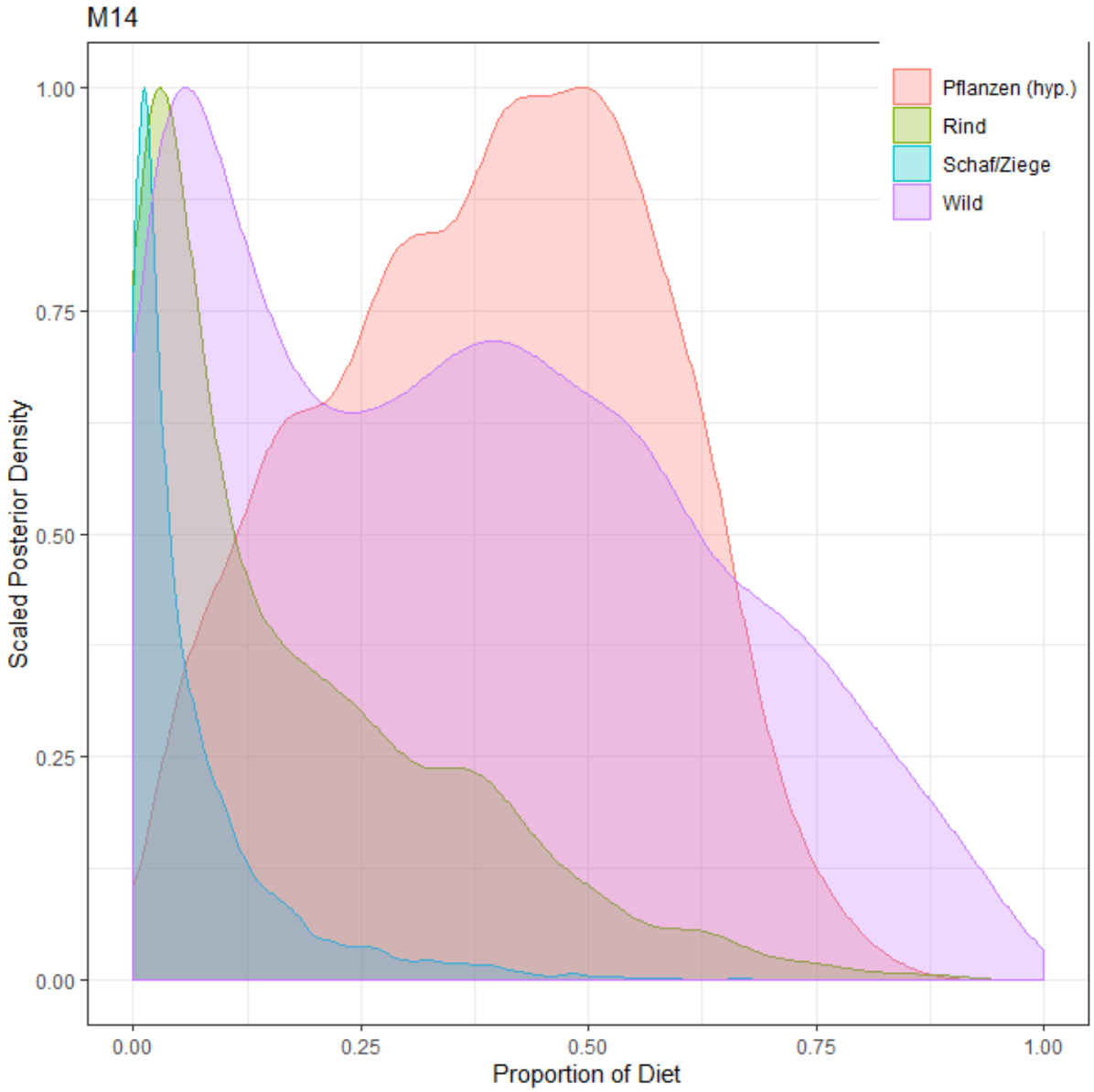


Abbildung 252: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 14. Erstellt mit MixSIAR.

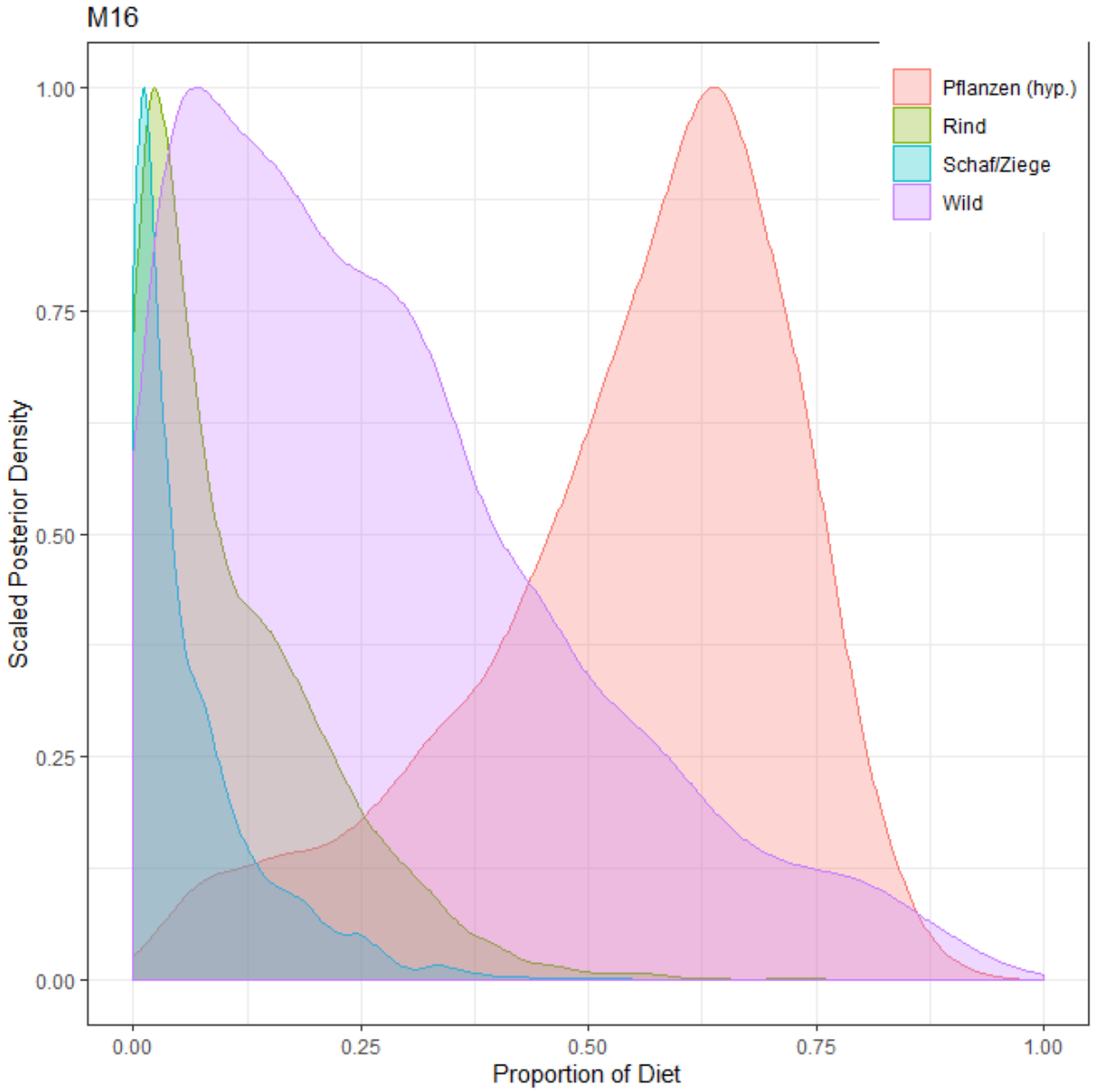


Abbildung 253: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 16. Erstellt mit MixSIAR.

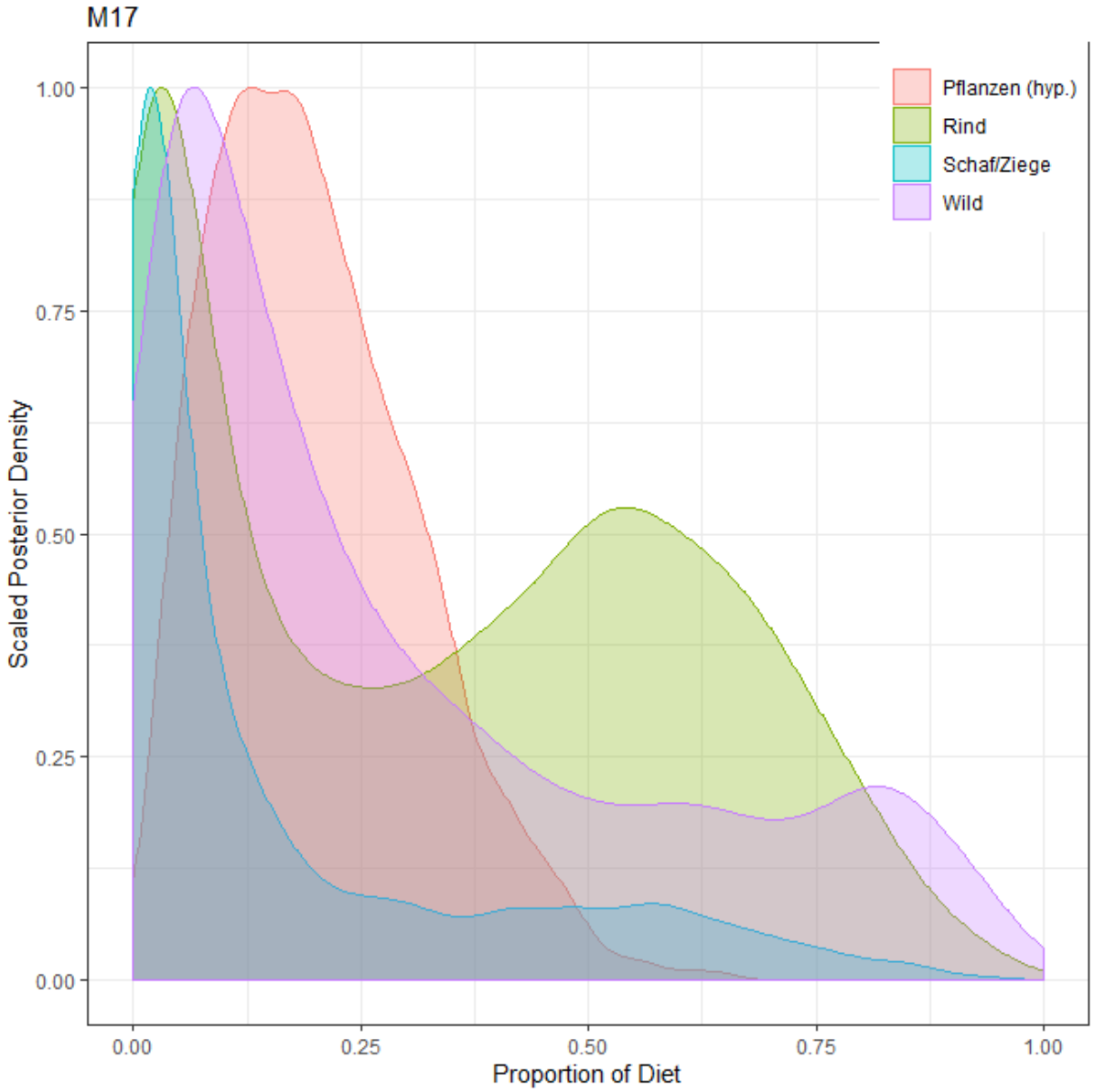


Abbildung 254: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 17. Erstellt mit MixSIAR.

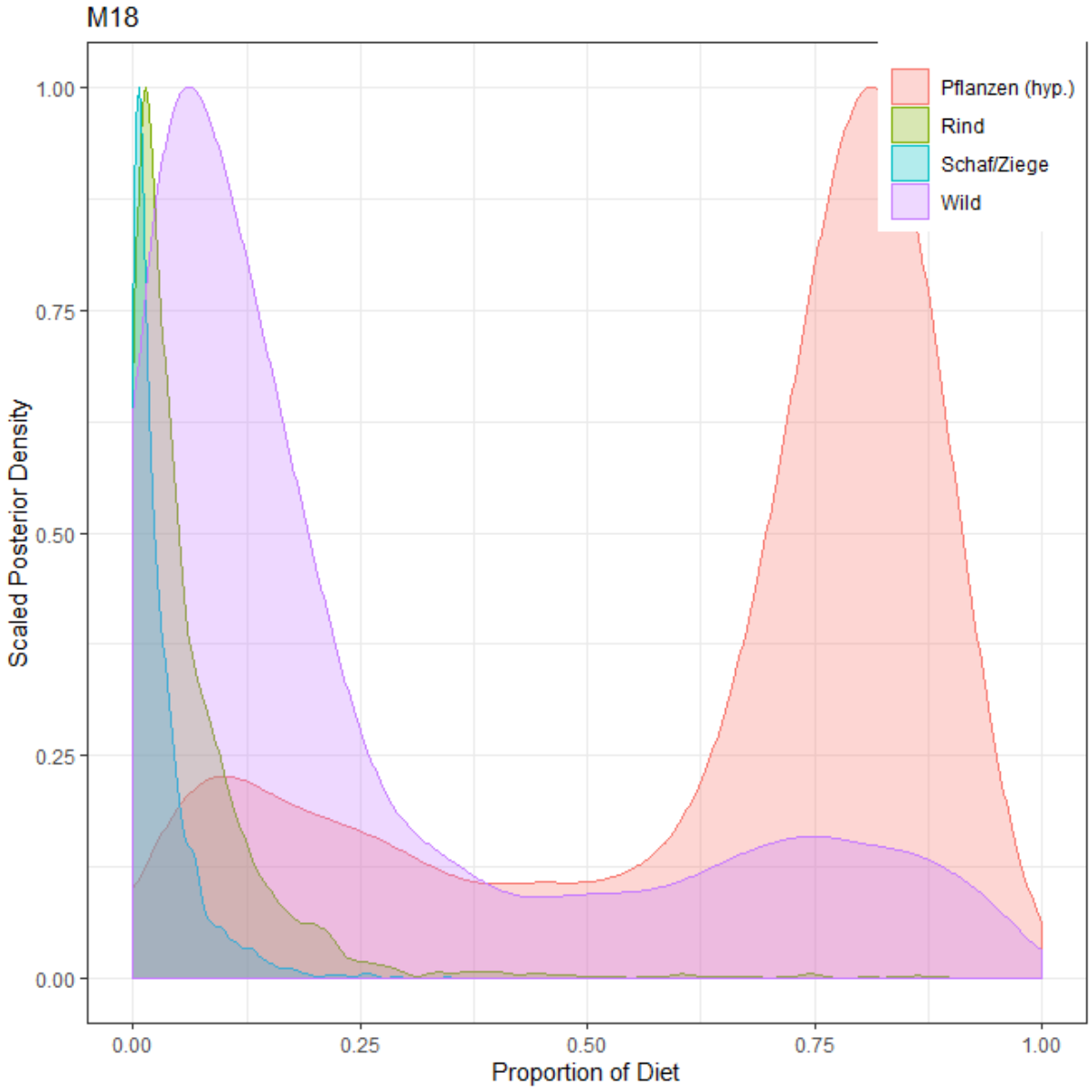


Abbildung 255: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 18. Erstellt mit MixSIAR.

4.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 13: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Mavropigi (M). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2.50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97.50%**
M3	Pflanzen	10,4%	53,5%	17,9%	57,2%	80,2%
	Rind	0,2%	12,0%	11,0%	9,0%	39,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	8,5%	10,0%	4,4%	34,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,9%	26,0%	21,1%	20,6%	79,4%
M5	Pflanzen	32,0%	76,2%	14,0%	79,1%	92,8%
	Rind	0,1%	5,8%	5,5%	4,3%	19,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	4,2%	4,7%	2,5%	17,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,5%	13,9%	14,4%	10,1%	58,6%
M7	Pflanzen	55,0%	84,2%	12,2%	86,5%	96,0%
	Rind	0,1%	4,2%	4,1%	3,1%	14,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,9%	3,4%	1,7%	12,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,3%	8,7%	11,7%	5,8%	37,2%
M8	Pflanzen	4,6%	33,5%	16,9%	33,1%	65,8%
	Rind	0,2%	20,4%	19,6%	13,8%	66,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	8,6%	11,6%	4,0%	43,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	37,5%	26,8%	35,7%	88,7%
M9	Pflanzen	9,5%	49,8%	18,2%	52,7%	78,4%
	Rind	0,2%	13,3%	12,2%	10,1%	42,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,3%	10,8%	5,0%	38,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	27,6%	21,7%	22,6%	80,4%
M10	Pflanzen	26,7%	54,4%	12,2%	56,1%	74,1%
	Rind	0,4%	12,9%	9,7%	10,9%	35,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,3%	7,1%	5,1%	26,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,5%	25,5%	15,7%	23,5%	61,1%
M11	Pflanzen	10,6%	50,6%	17,3%	53,7%	77,8%
	Rind	0,2%	12,8%	12,0%	9,3%	41,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,8%	9,5%	4,0%	34,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,9%	28,7%	21,1%	25,0%	77,3%
M14	Pflanzen	5,9%	39,1%	17,9%	40,4%	70,5%
	Rind	0,2%	17,8%	17,7%	11,6%	62,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,1%	9,4%	3,5%	36,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	36,0%	25,6%	34,2%	87,3%
M16	Pflanzen	10,1%	54,6%	17,9%	58,3%	80,5%
	Rind	0,2%	11,3%	10,9%	7,9%	37,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,7%	8,0%	3,7%	27,7%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	27,4%	21,0%	23,4%	79,2%
M17	Pflanzen	3,3%	20,1%	11,3%	18,5%	45,3%
	Rind	0,2%	33,9%	27,0%	33,4%	82,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	16,6%	22,0%	5,4%	73,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	29,4%	27,2%	18,9%	89,9%
M18	Pflanzen	4,6%	64,0%	27,2%	76,3%	92,5%
	Rind	0,2%	6,9%	10,0%	3,9%	33,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,3%	4,0%	1,9%	14,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,5%	25,7%	27,5%	13,6%	90,6%

4.5 SISUS: Abbildungen

M3

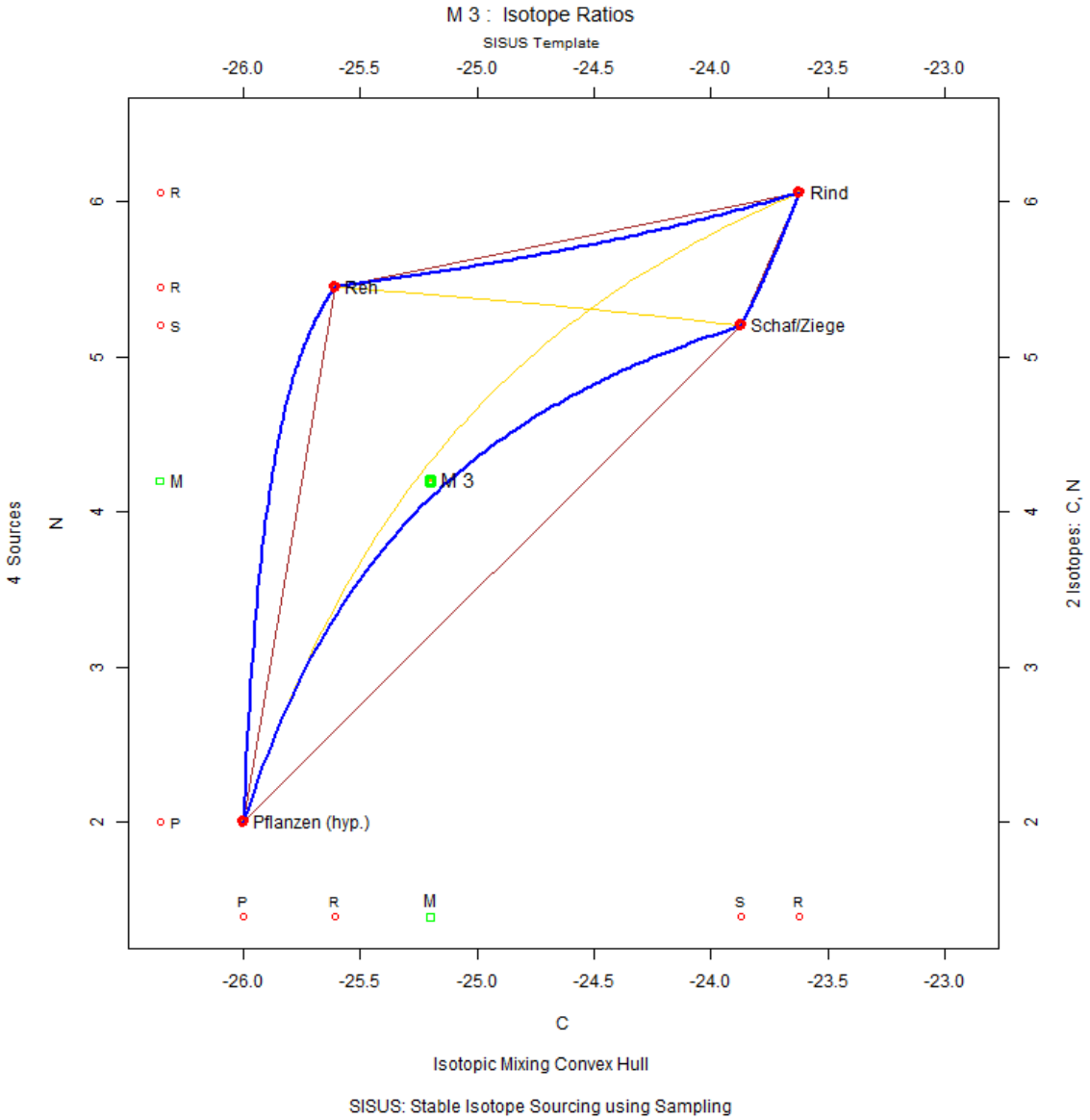


Abbildung 256: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 3. Erstellt mit SISUS.

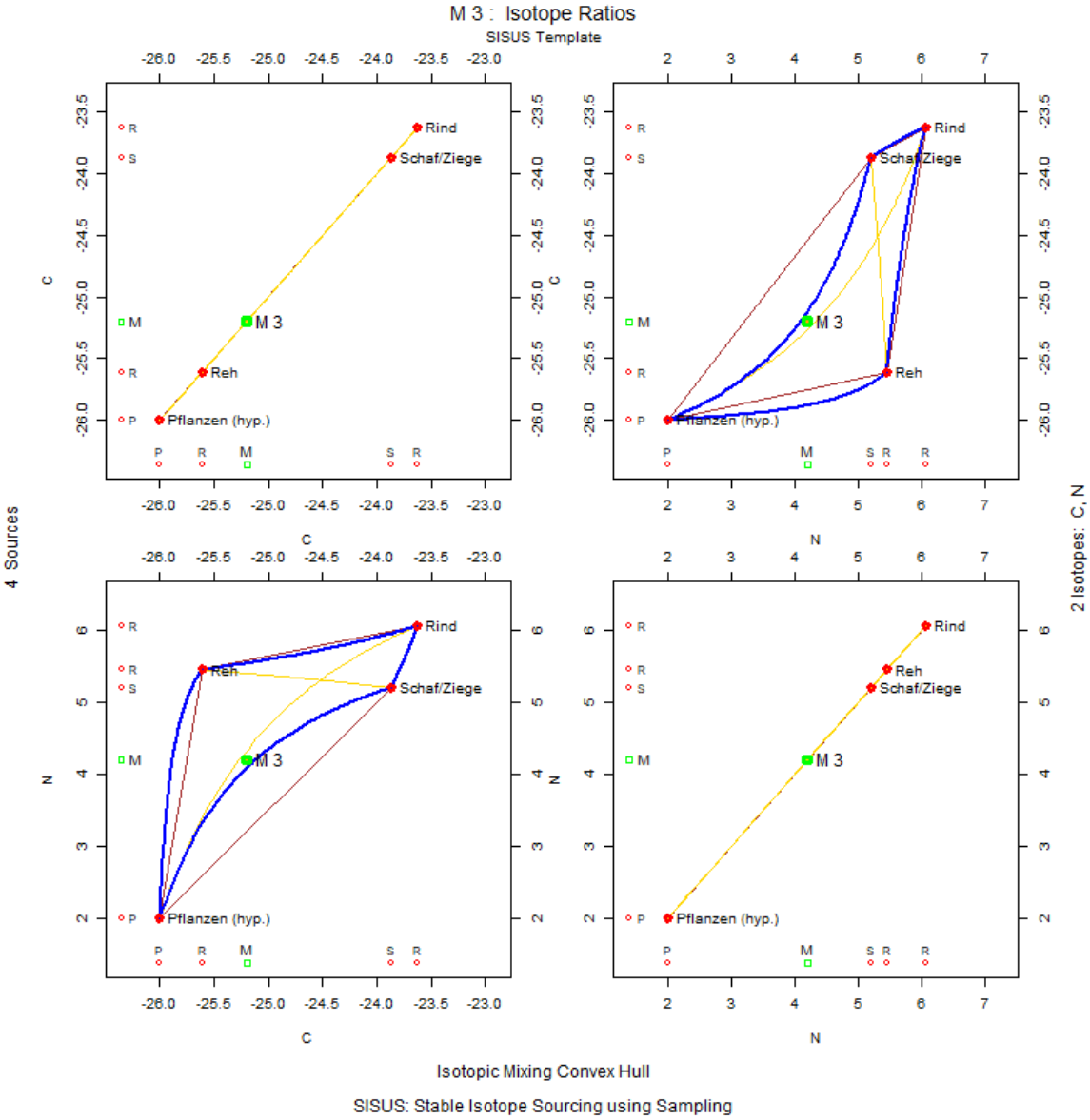


Abbildung 257: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

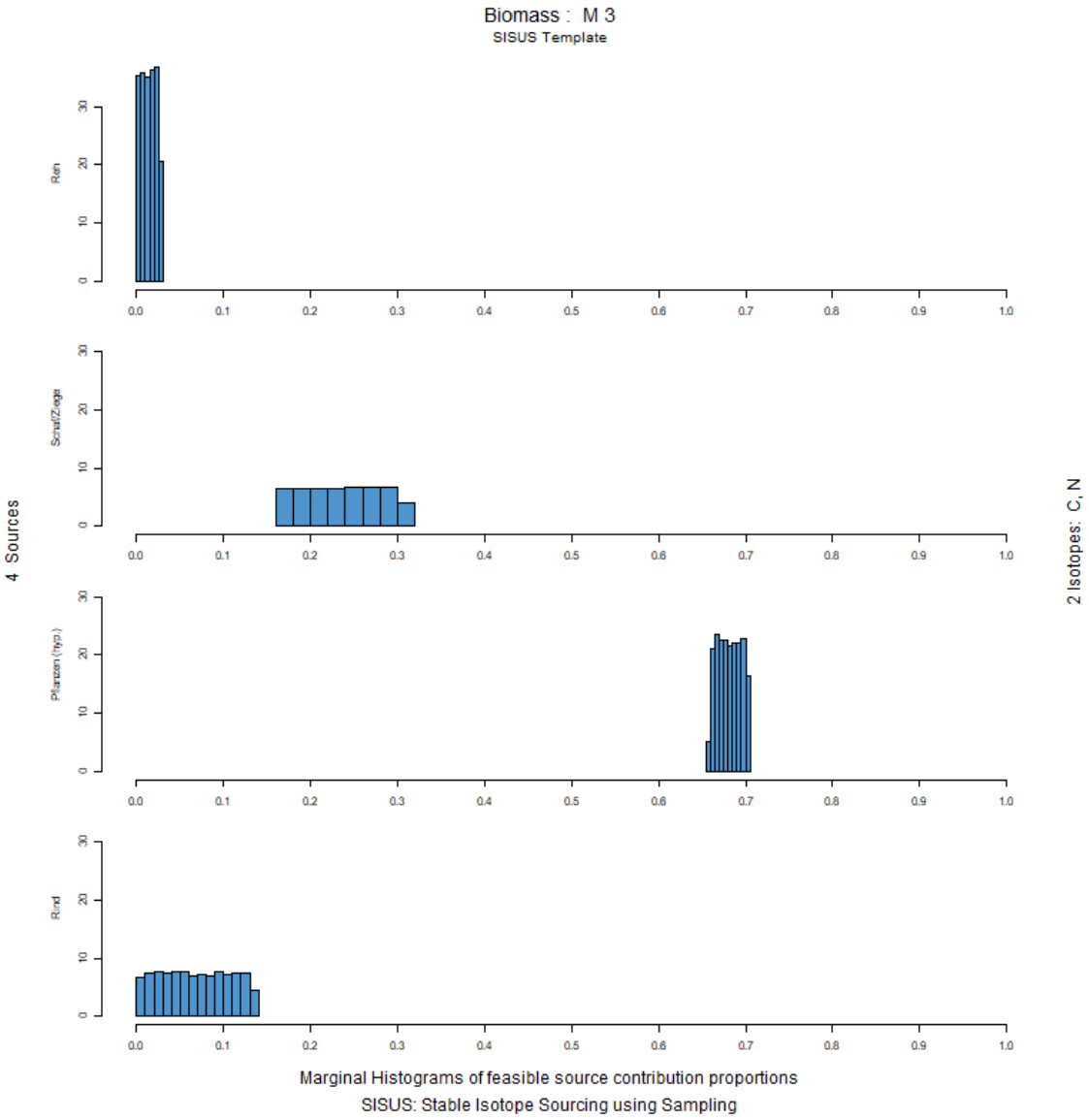


Abbildung 258: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 3. Erstellt mit SISUS.

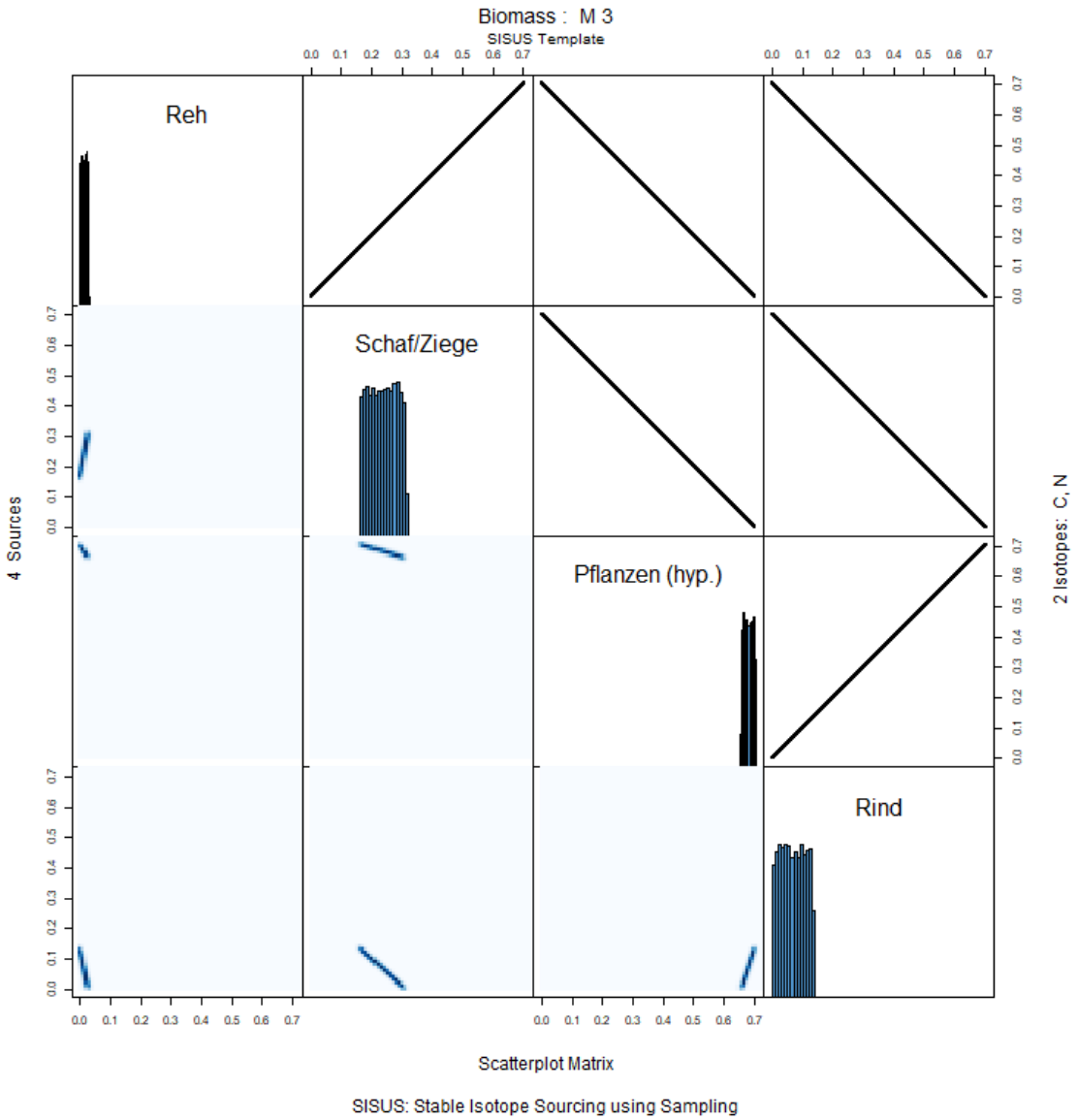


Abbildung 259: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 3. Erstellt mit SISUS.

M5

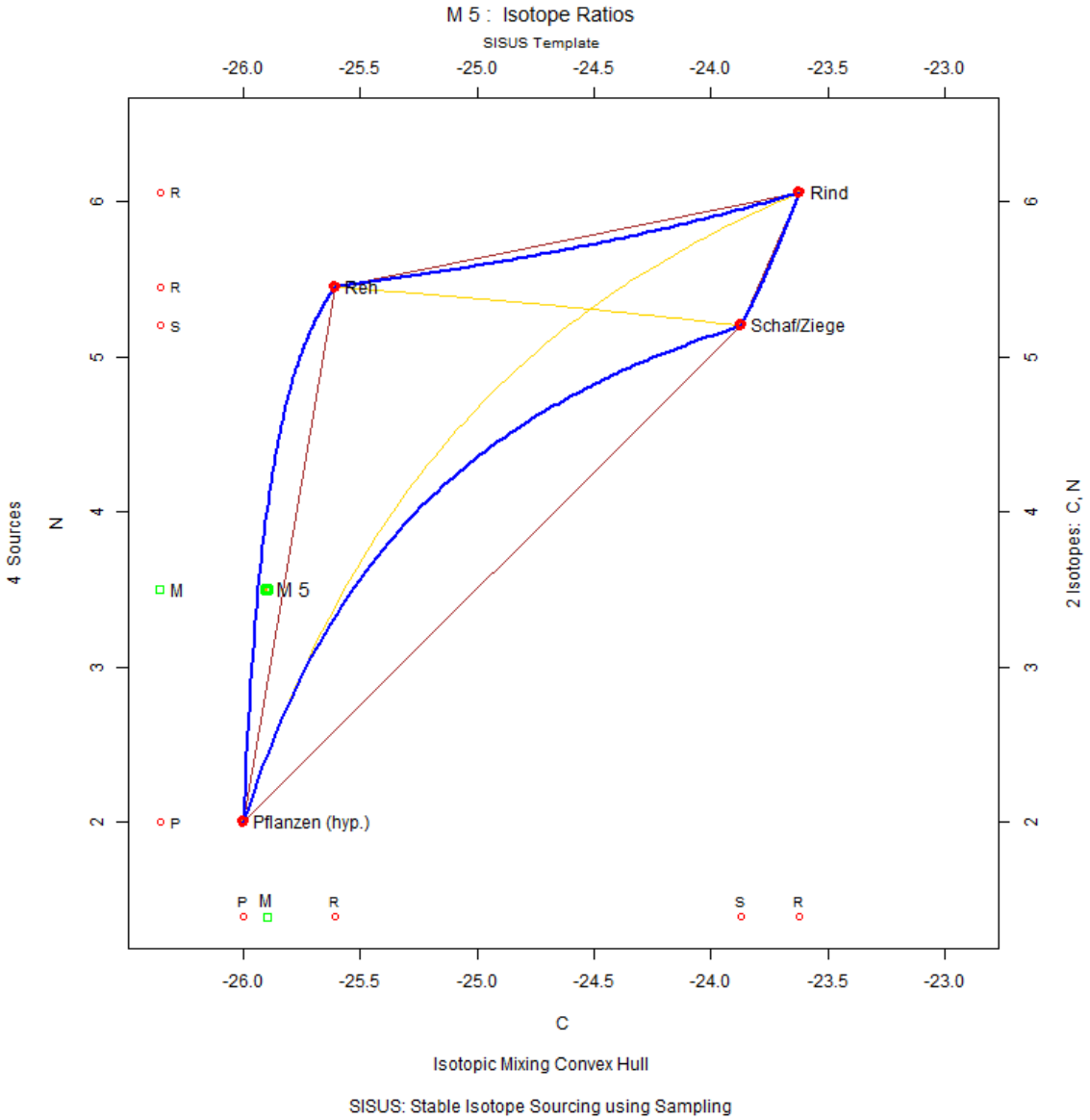


Abbildung 260: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 5. Erstellt mit SISUS.

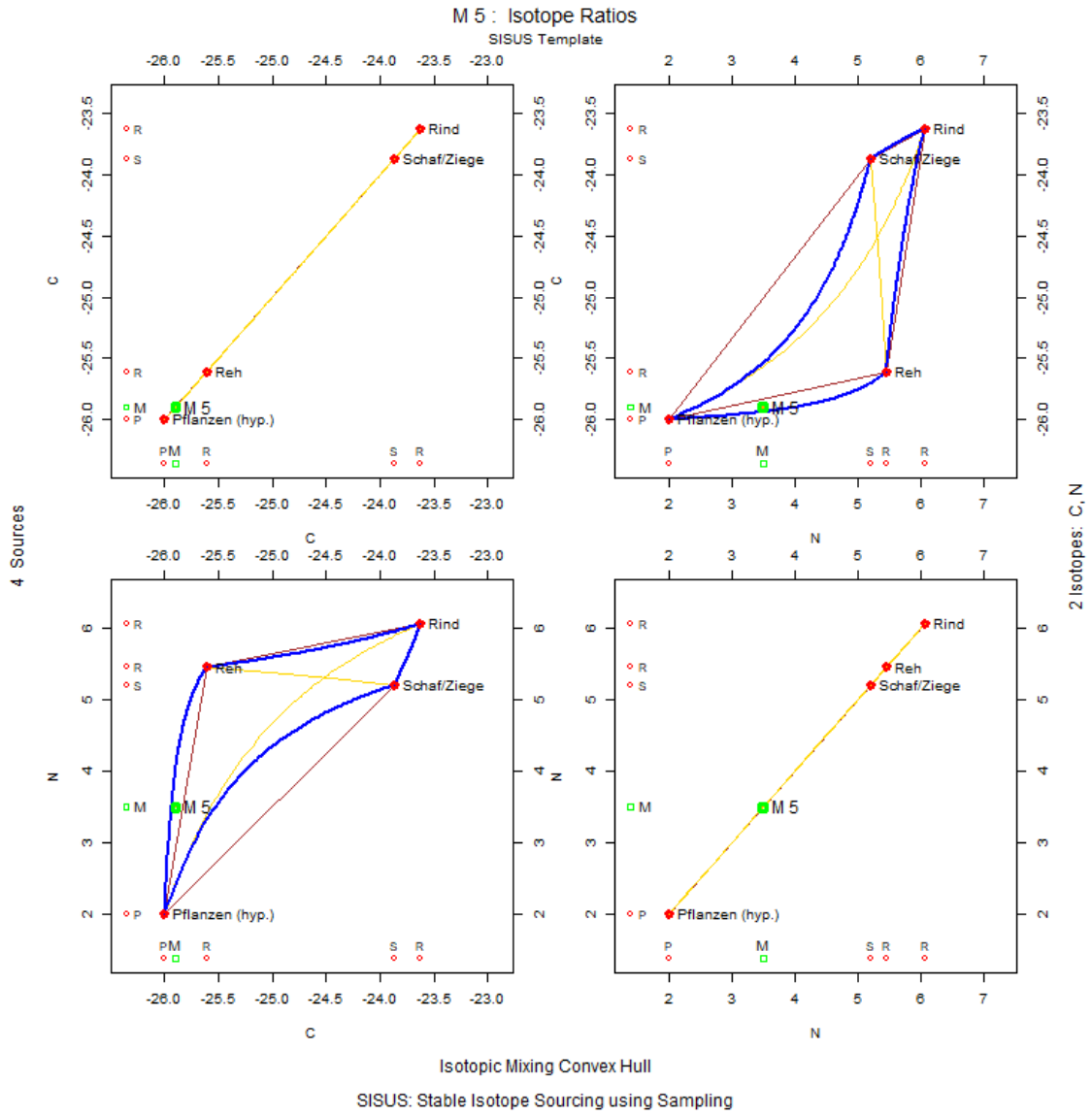


Abbildung 261: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 5 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

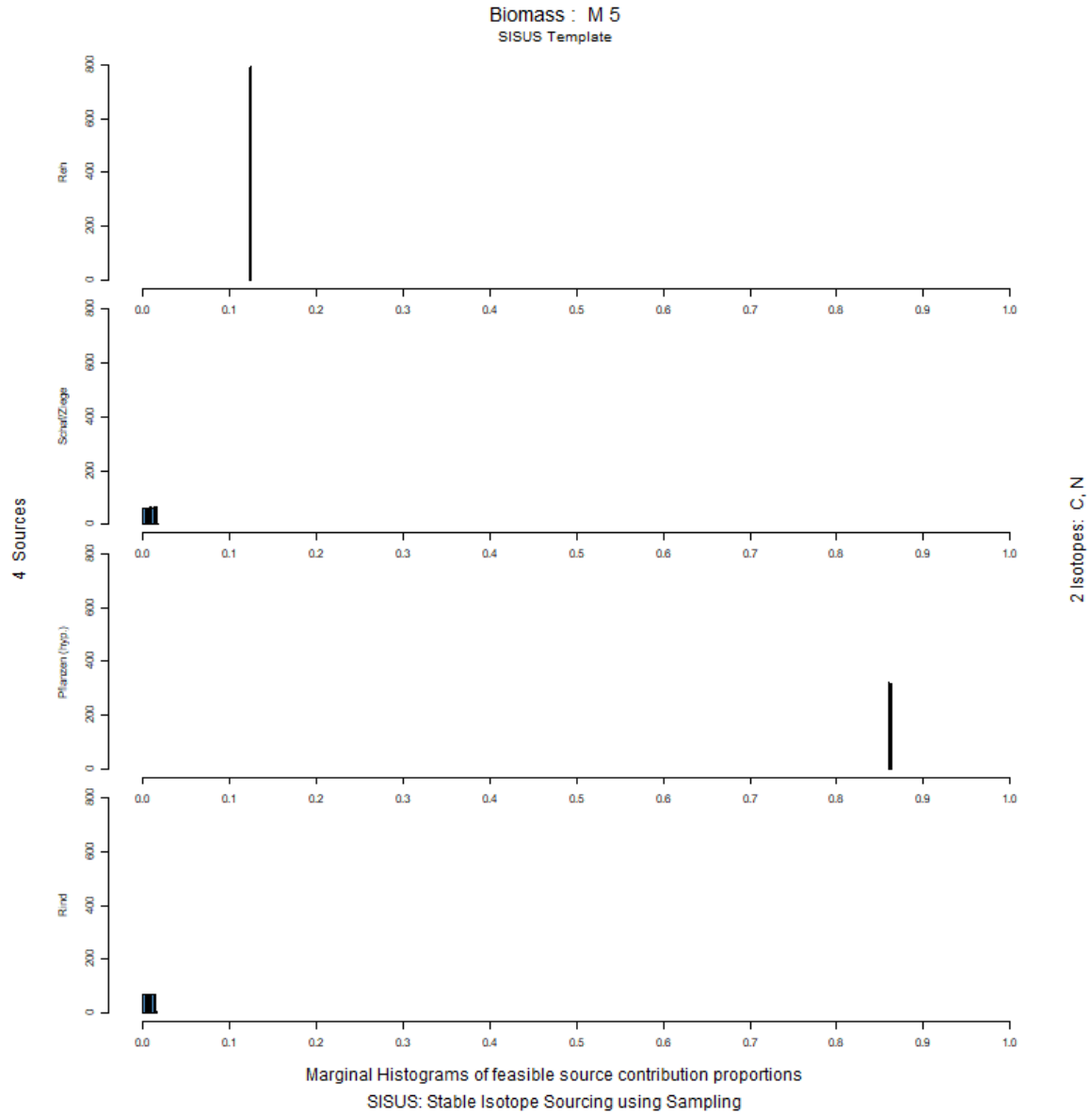


Abbildung 262: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 5. Erstellt mit SISUS.

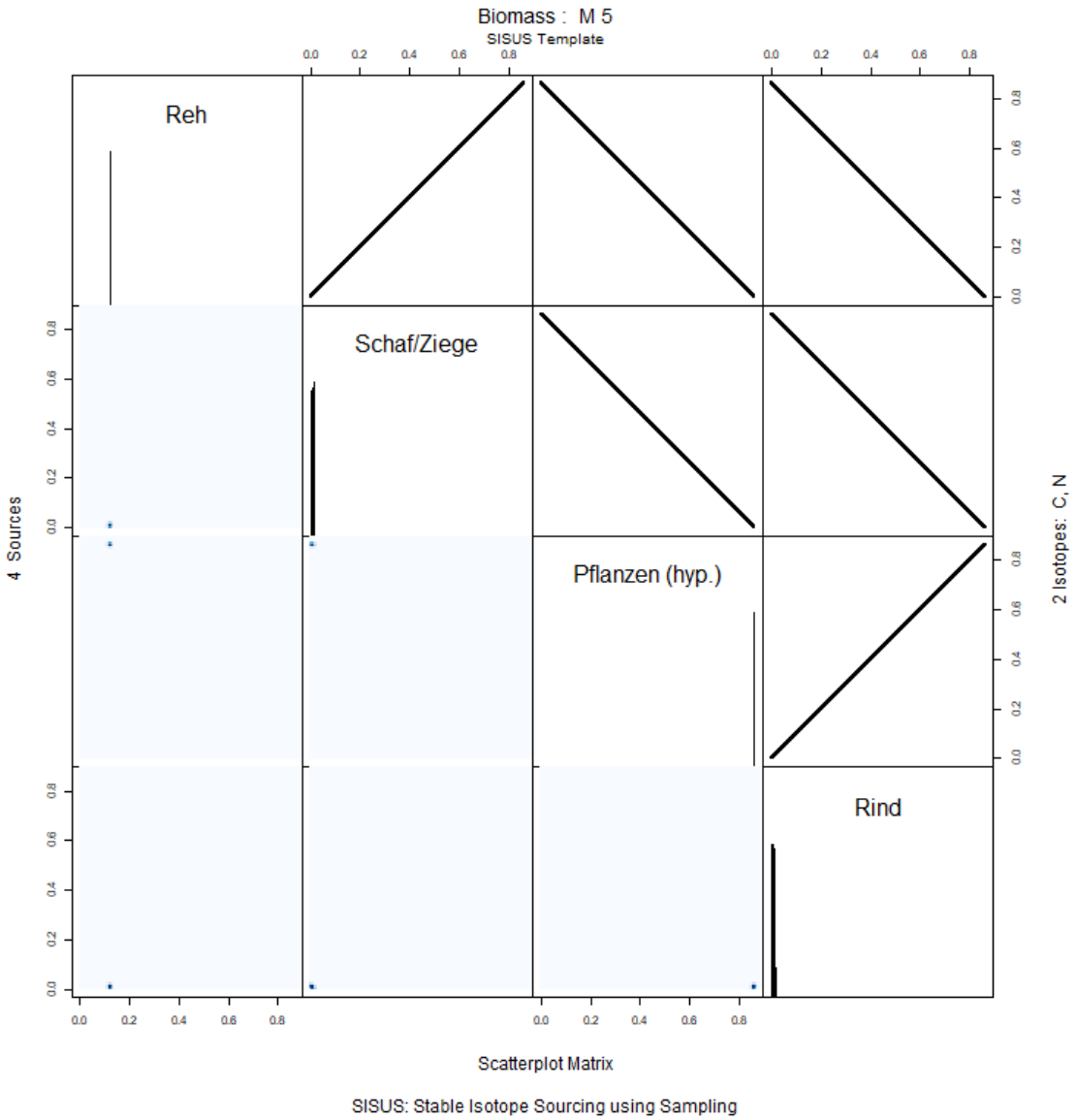


Abbildung 263: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 5. Erstellt mit SISUS.

M7

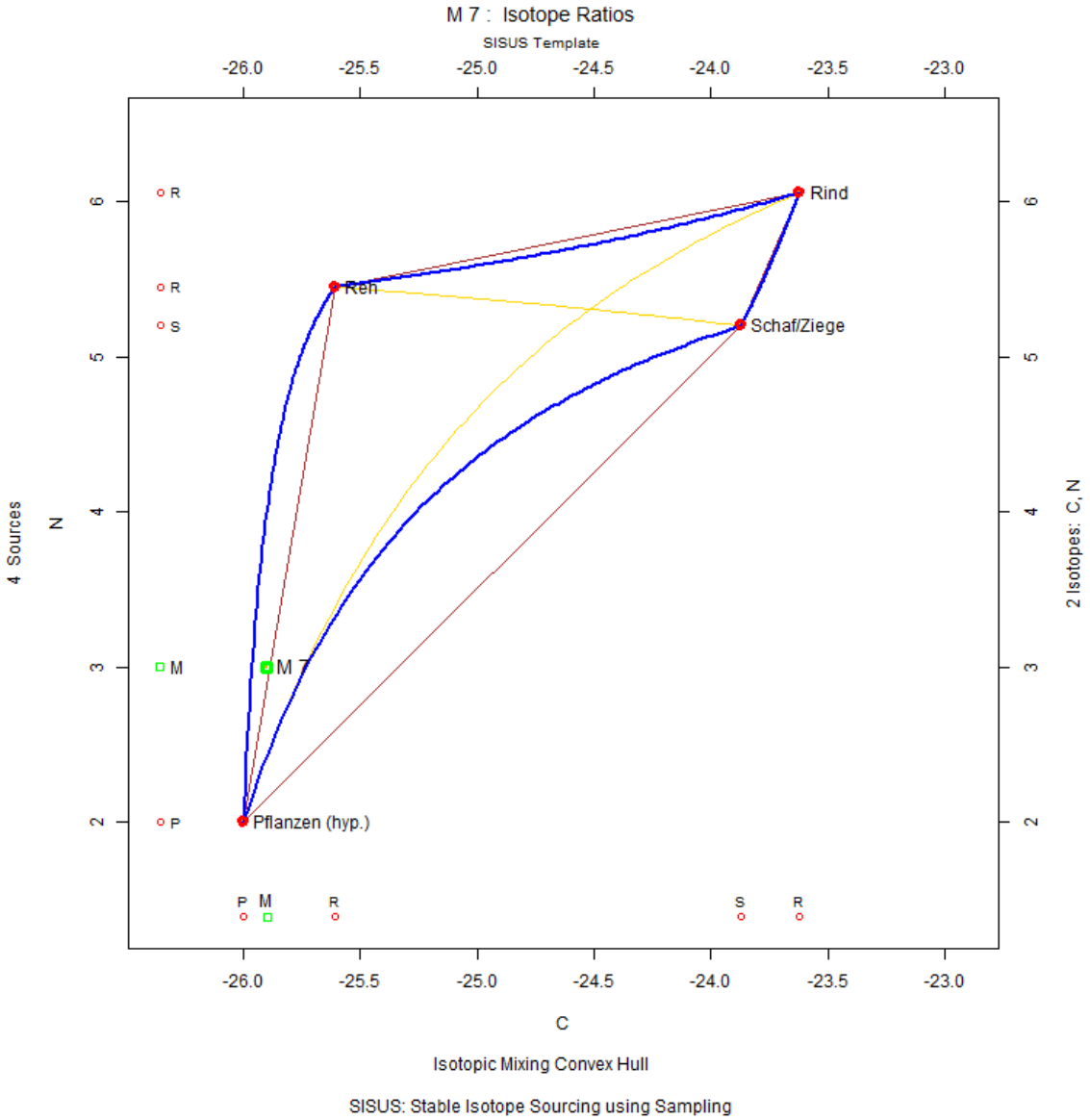


Abbildung 264: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 7. Erstellt mit SISUS.

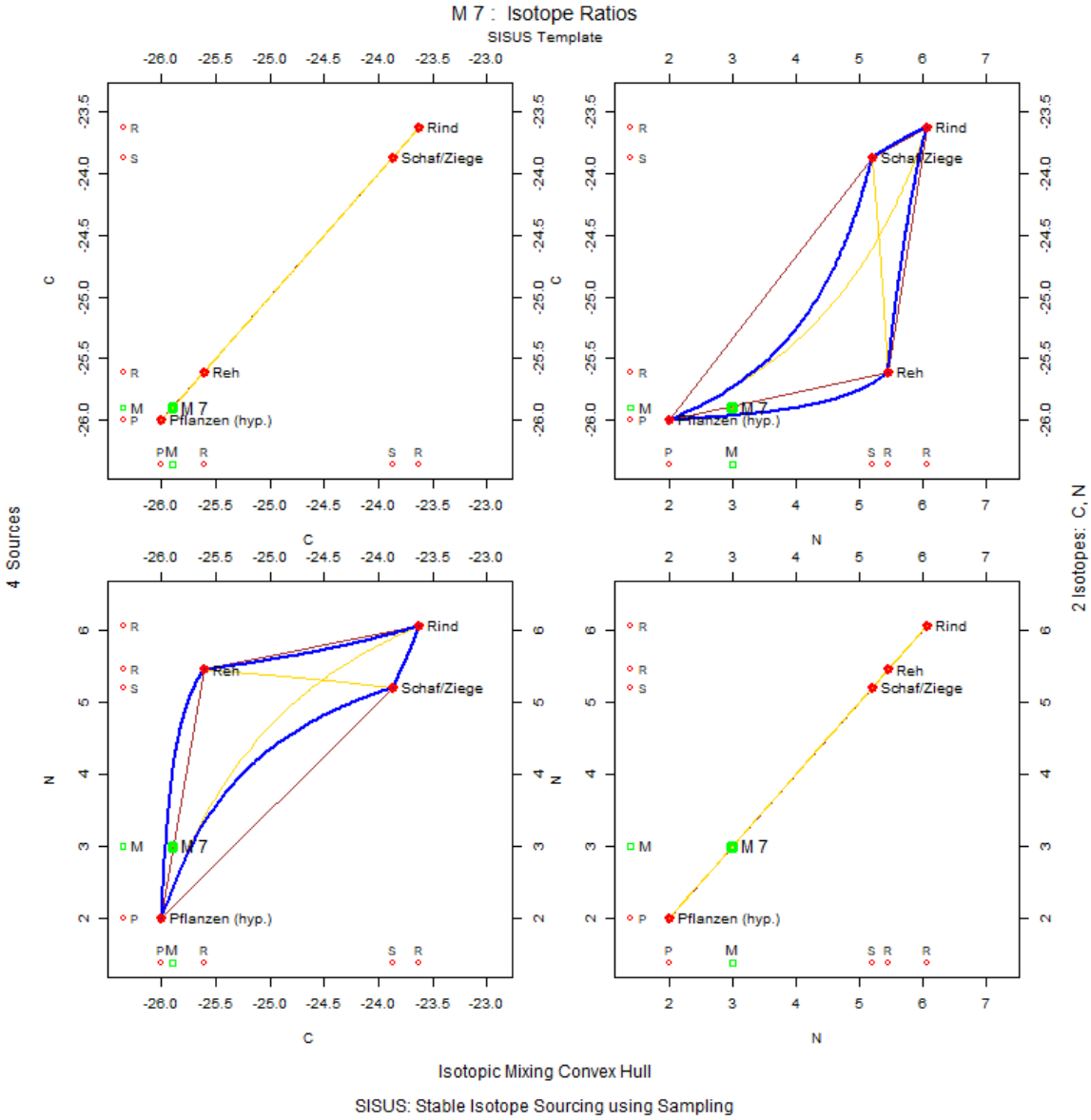


Abbildung 265: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 7 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

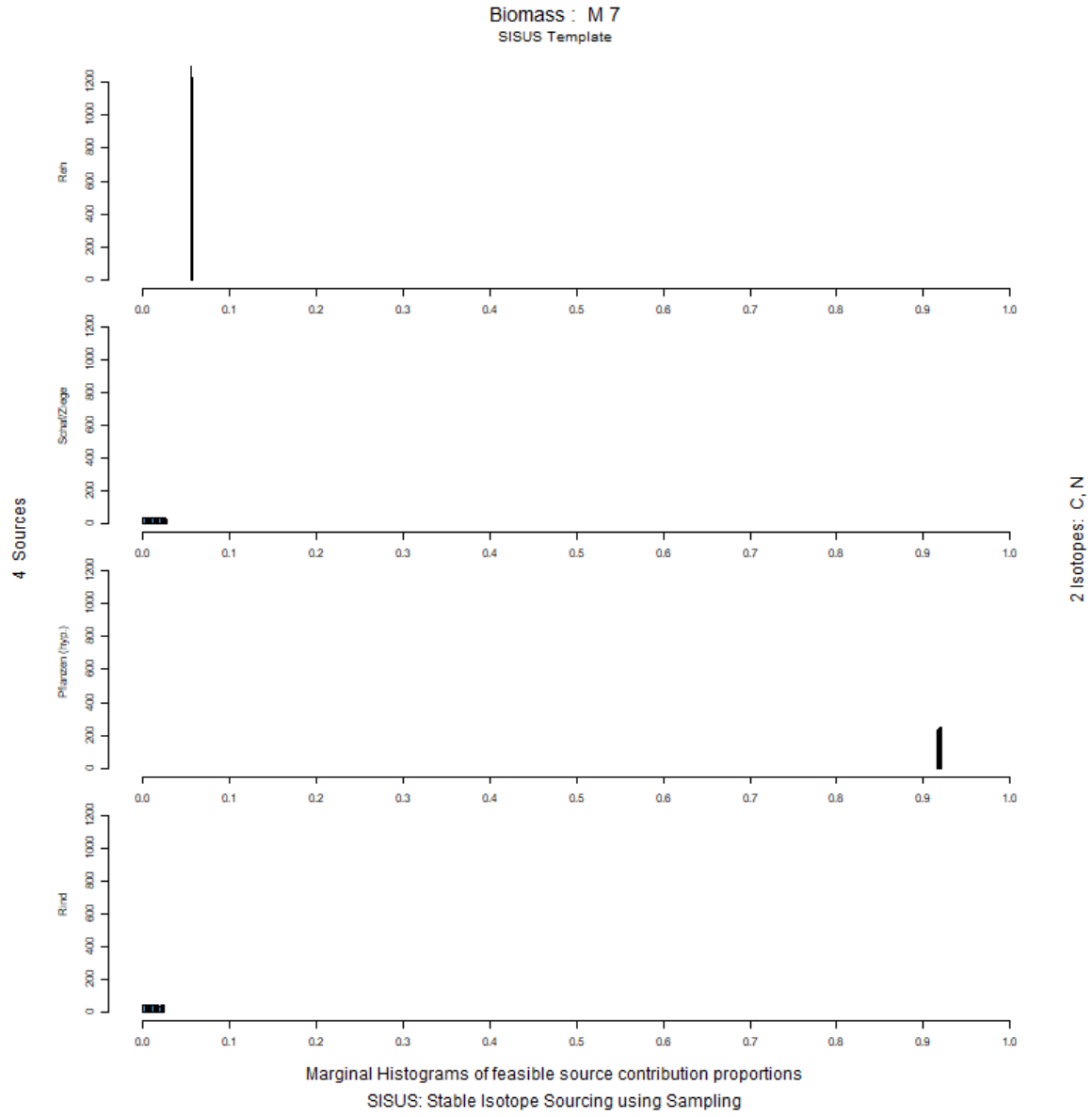


Abbildung 266: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 7. Erstellt mit SISUS.

Abbildung 268

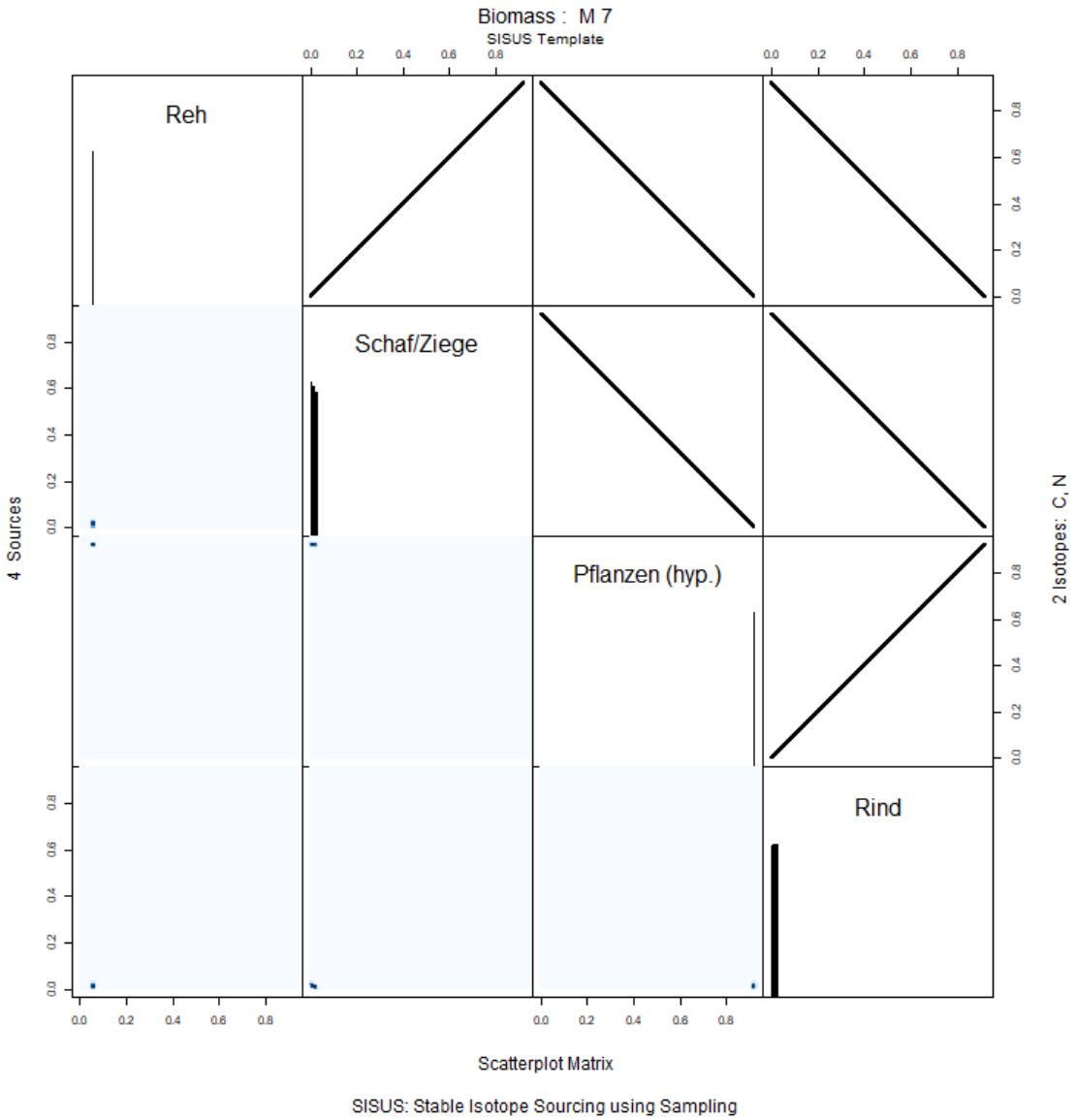


Abbildung 267: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 7. Erstellt mit SISUS.

M8

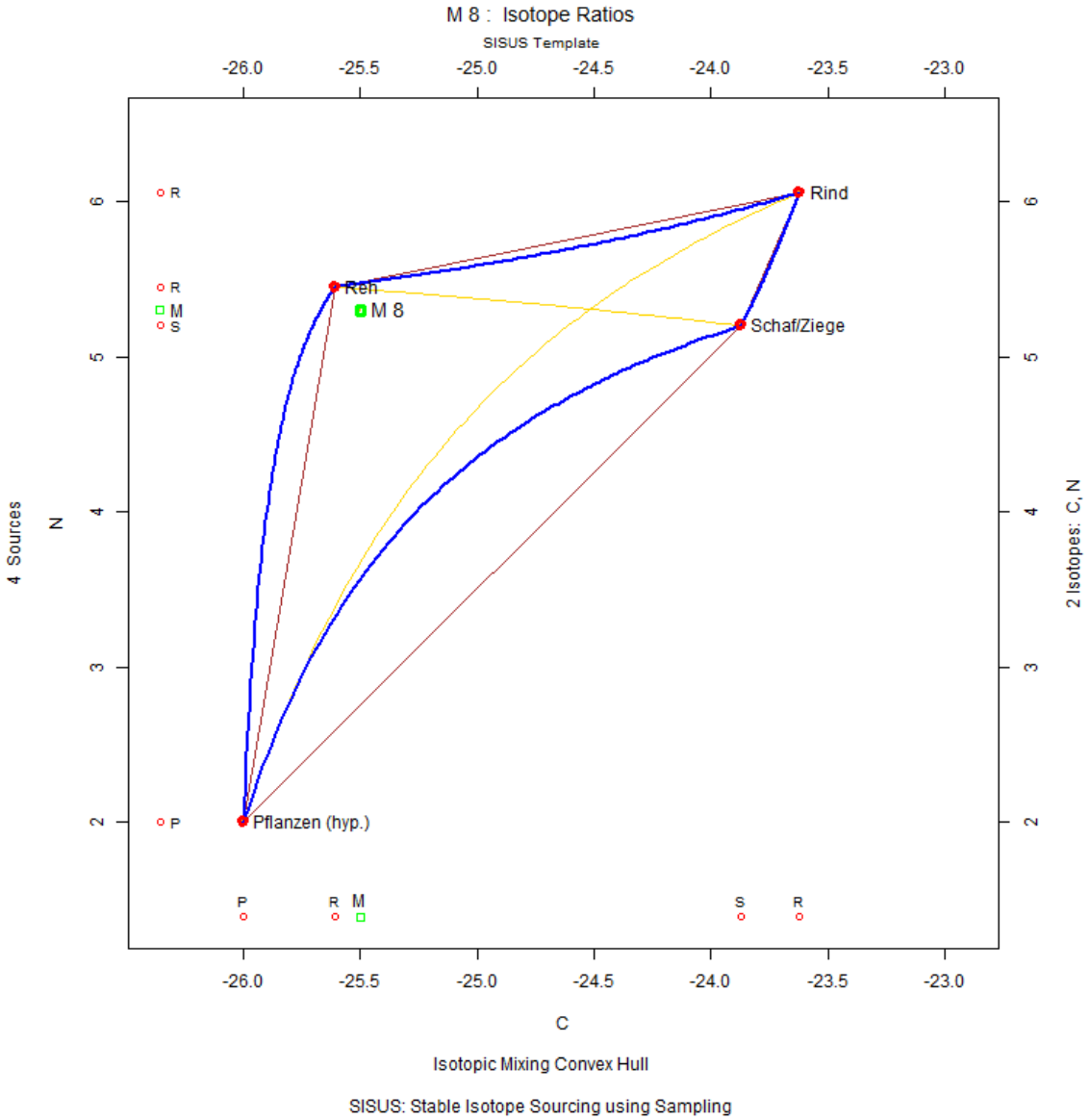


Abbildung 269: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 8. Erstellt mit SISUS.

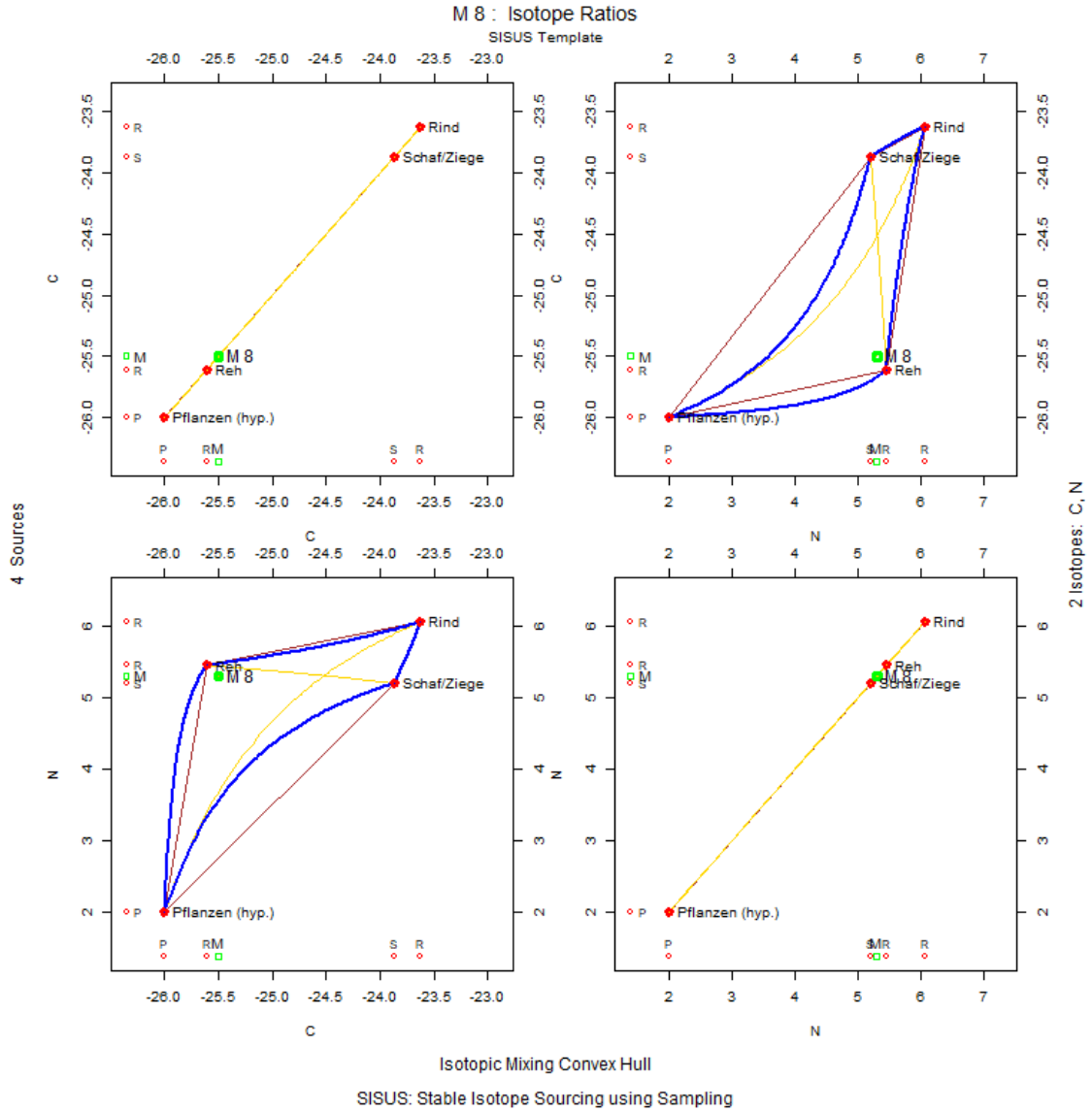


Abbildung 270: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 8 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

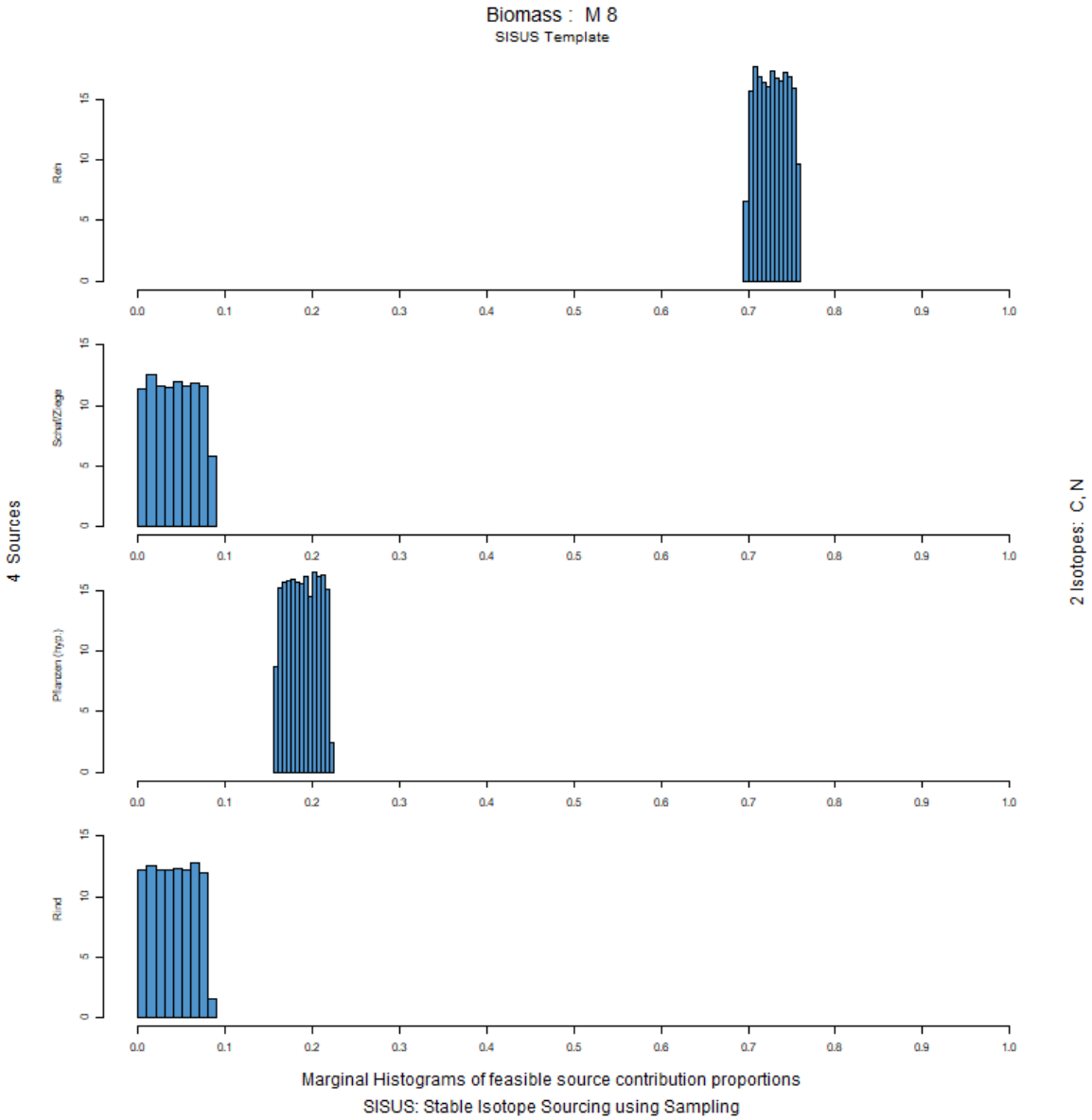


Abbildung 271: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 8. Erstellt mit SISUS.

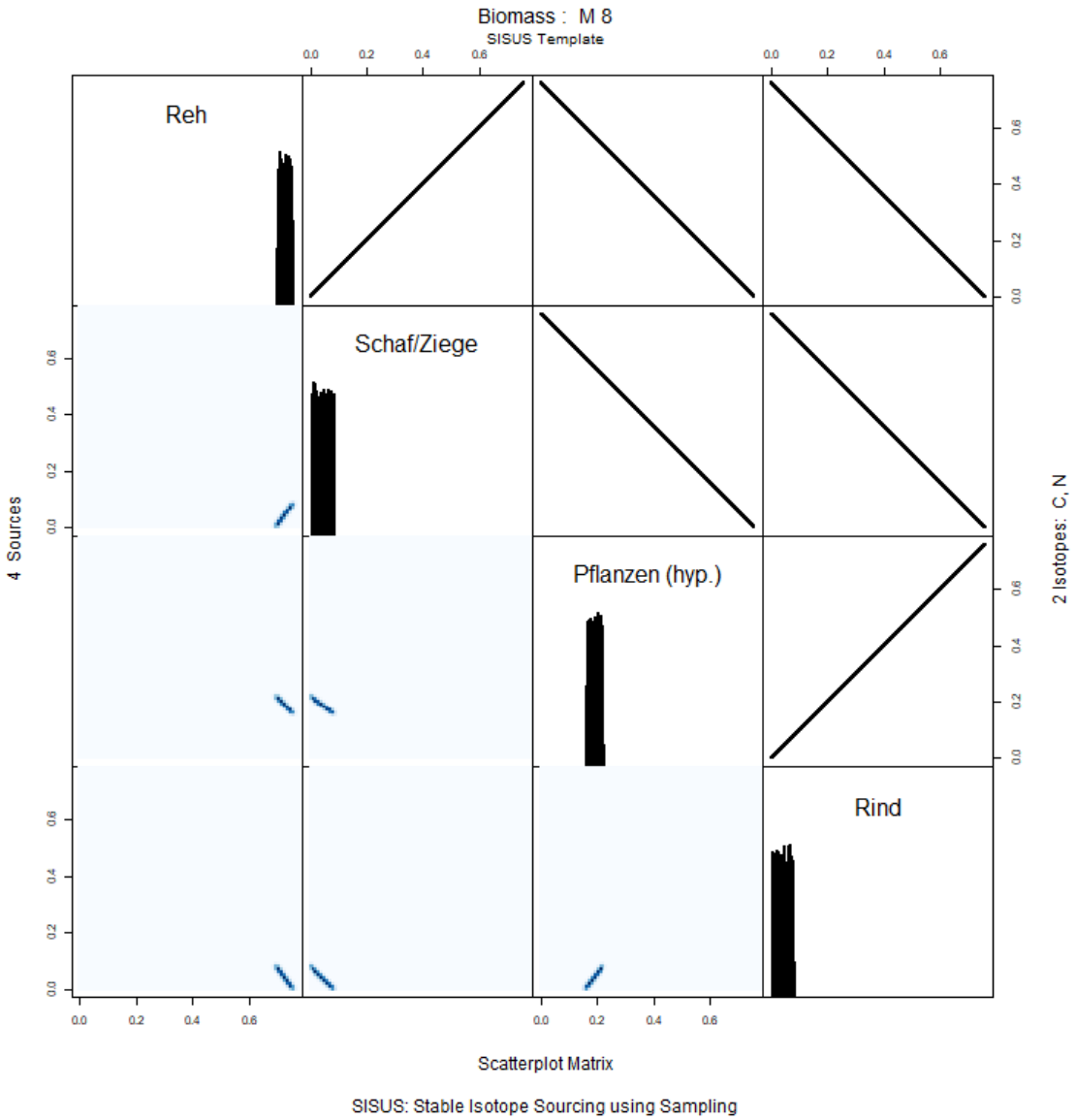


Abbildung 272: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 8. Erstellt mit SISUS.

M9

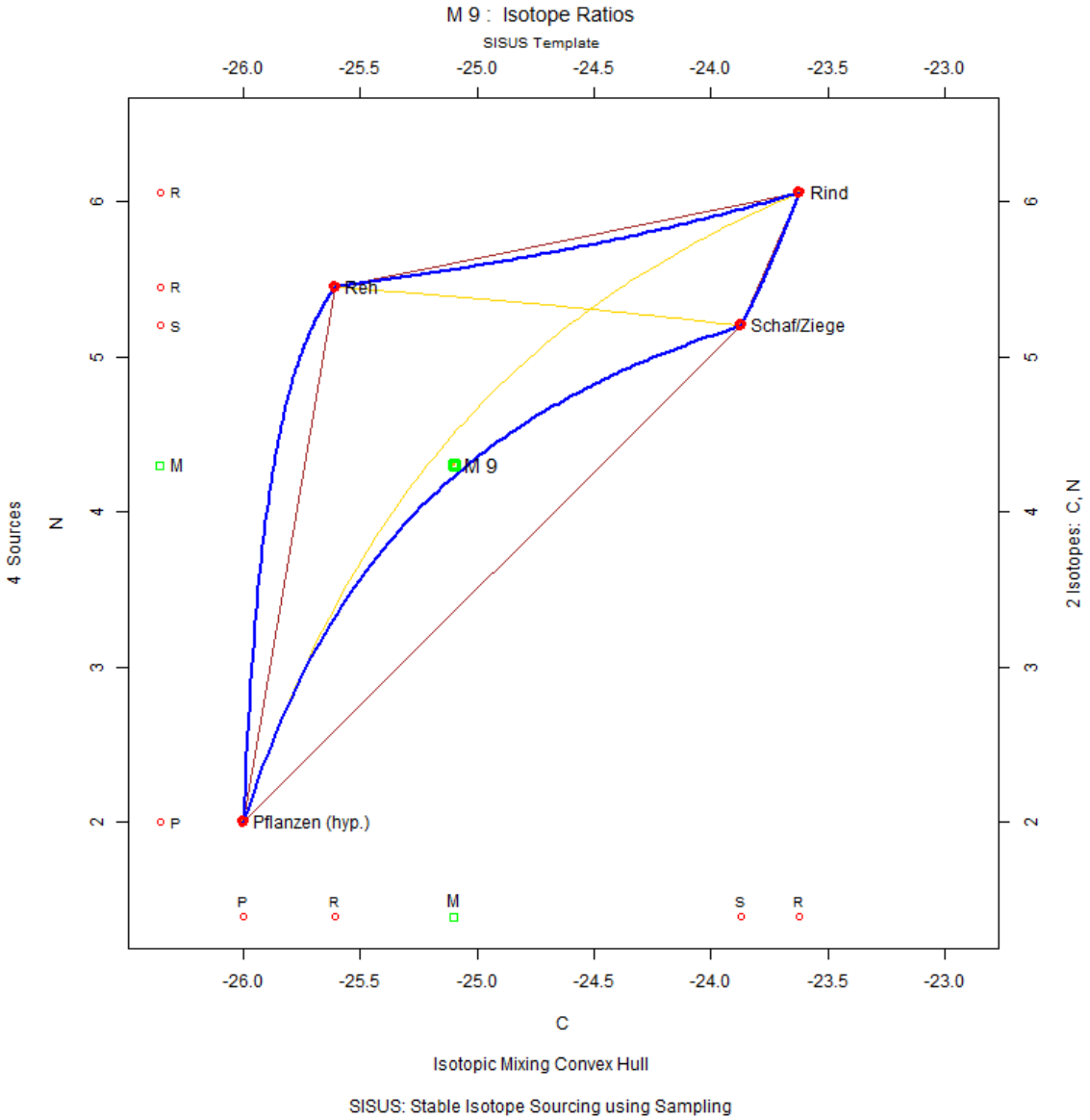


Abbildung 273: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 9. Erstellt mit SISUS.

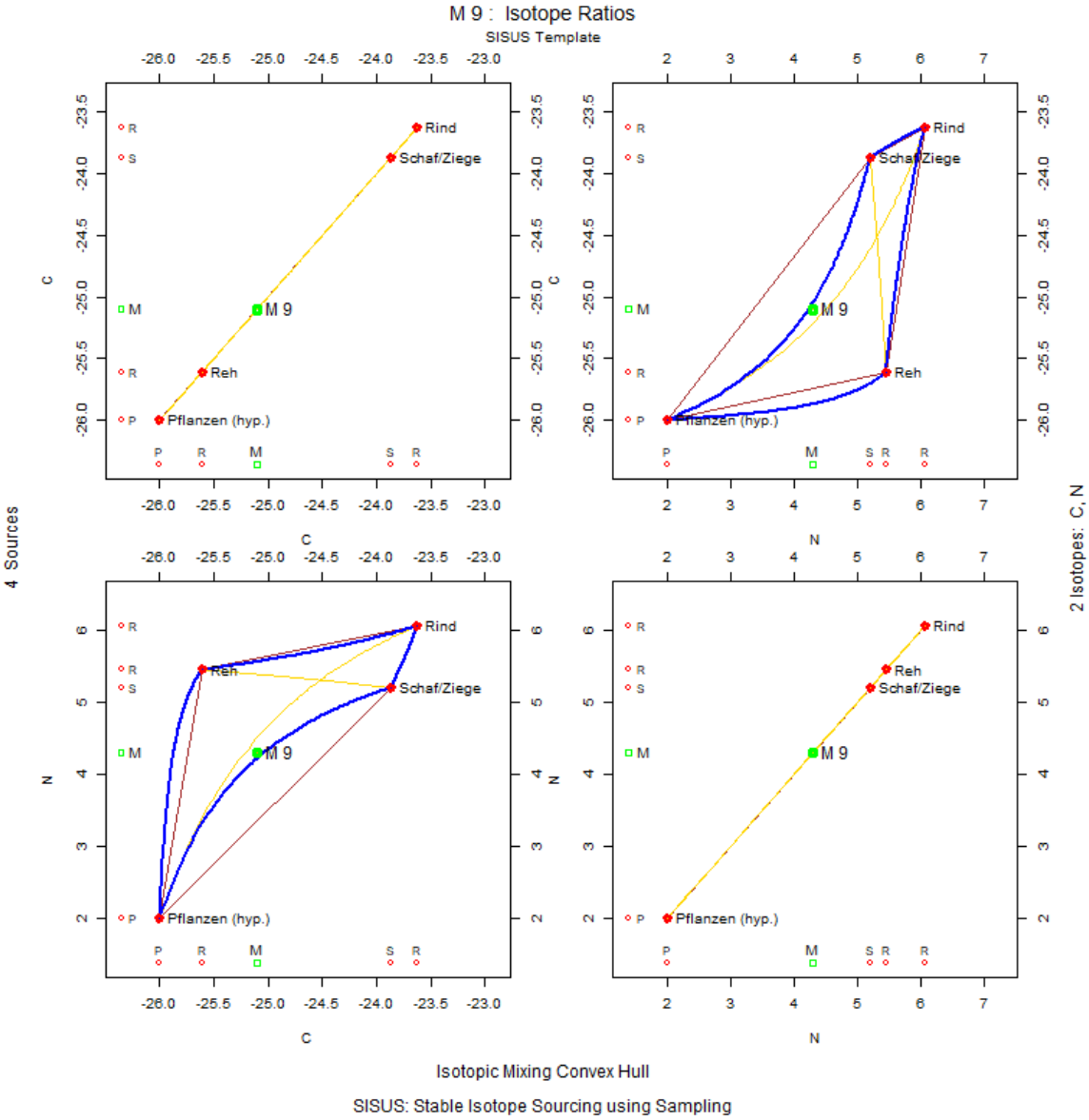


Abbildung 274: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 9 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

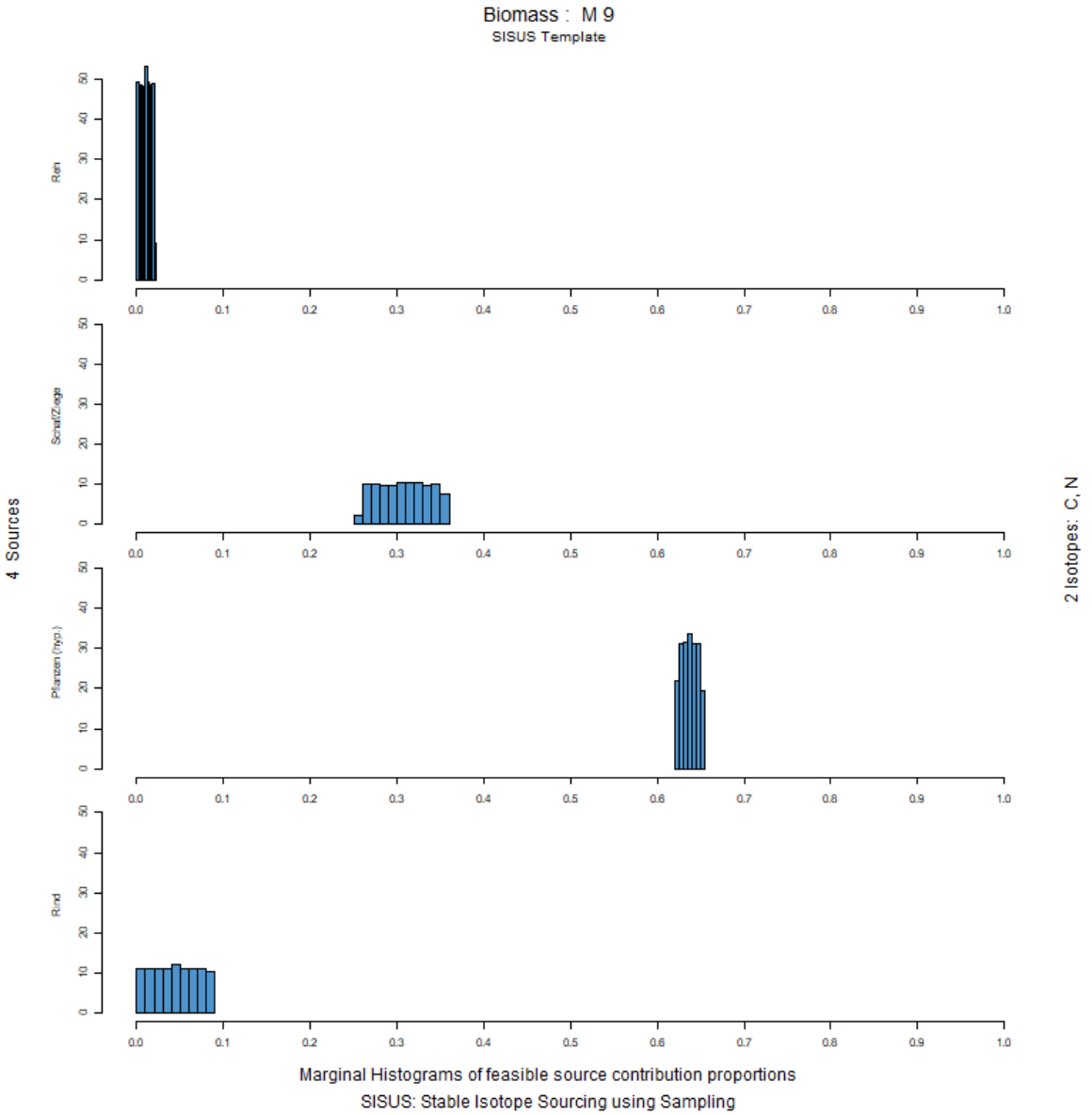


Abbildung 275: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 9. Erstellt mit SISUS.

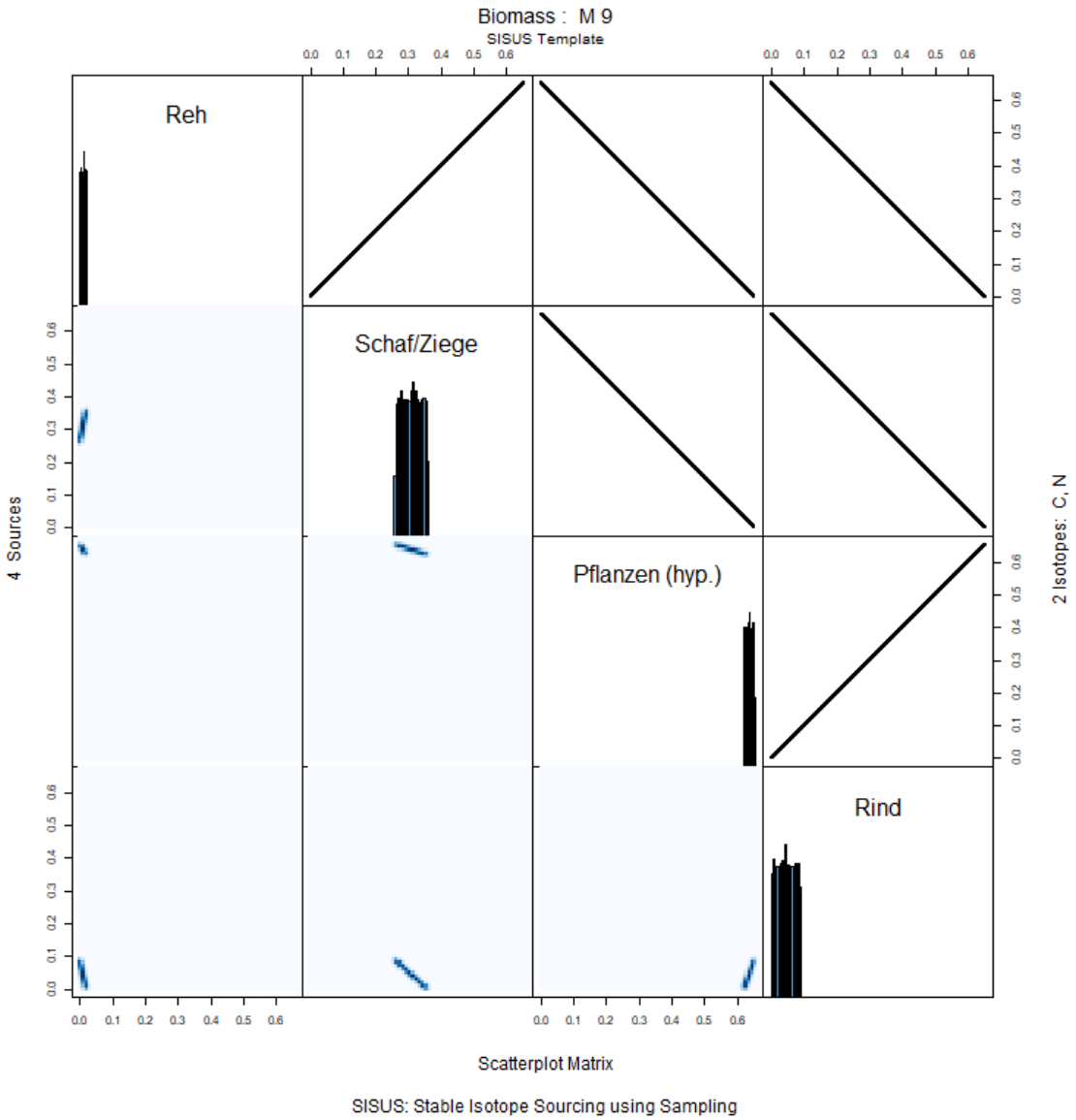


Abbildung 276: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 9. Erstellt mit SISUS.

M10

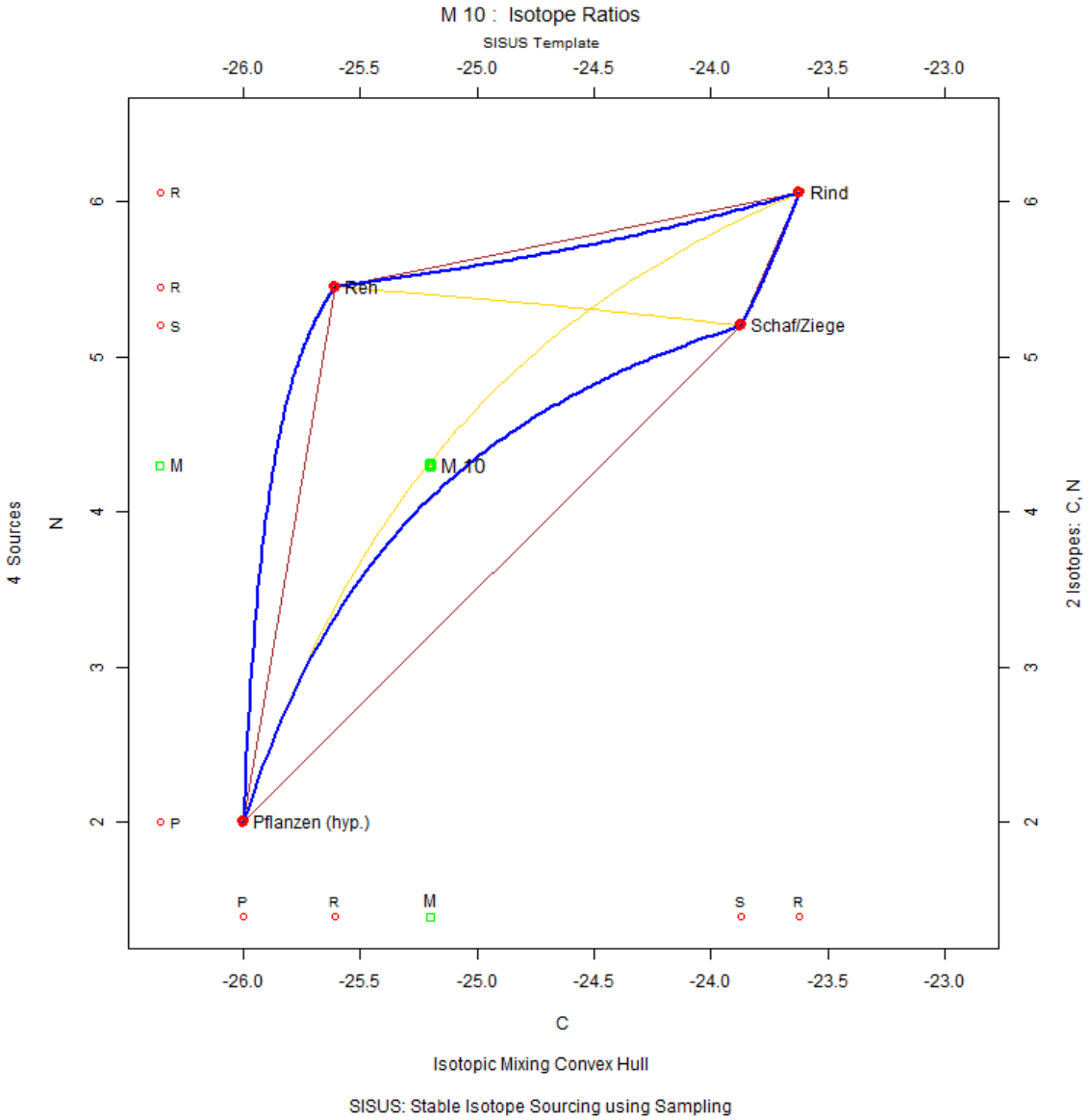


Abbildung 277: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 10. Erstellt mit SISUS.

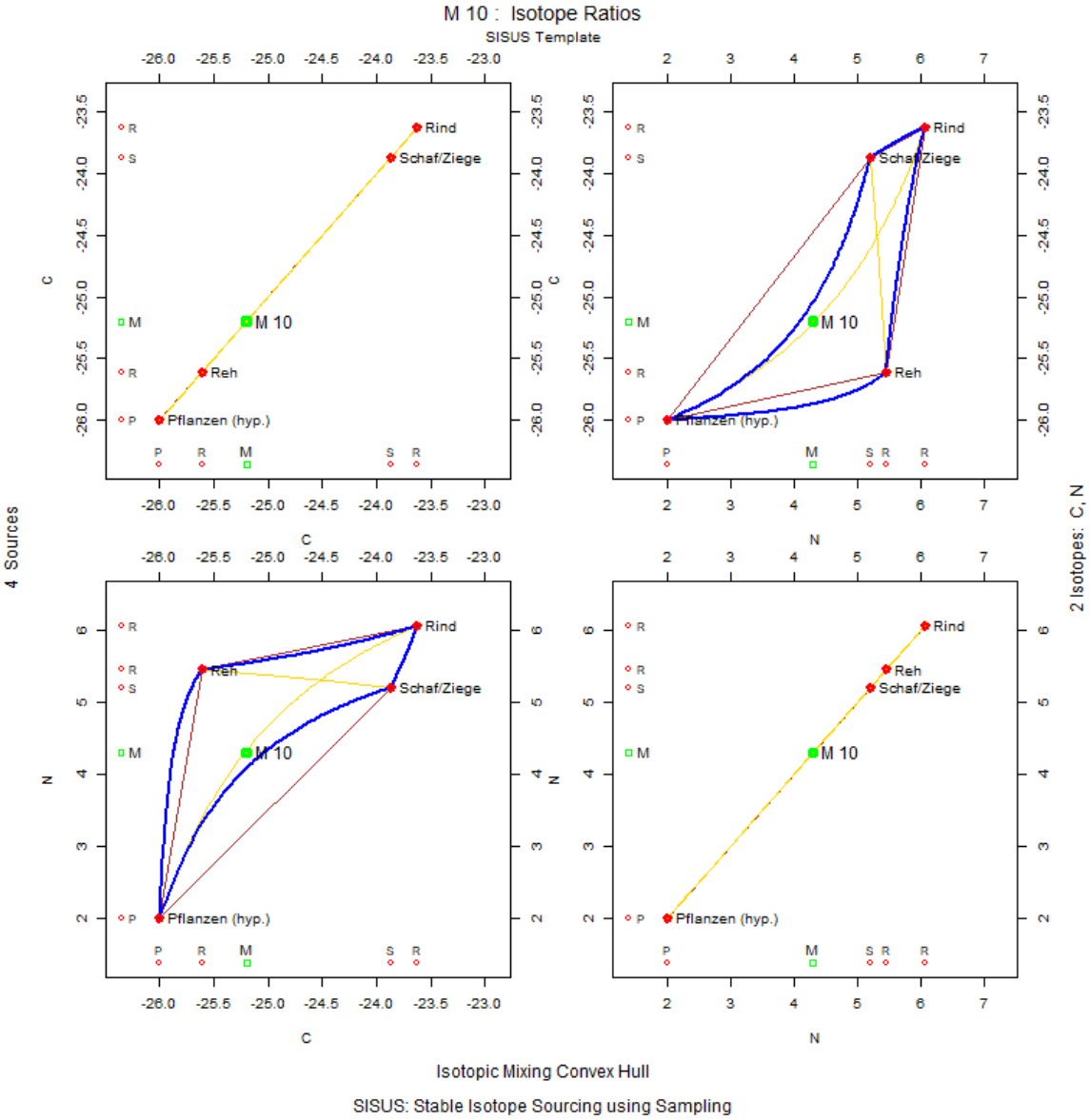


Abbildung 278: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 10 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

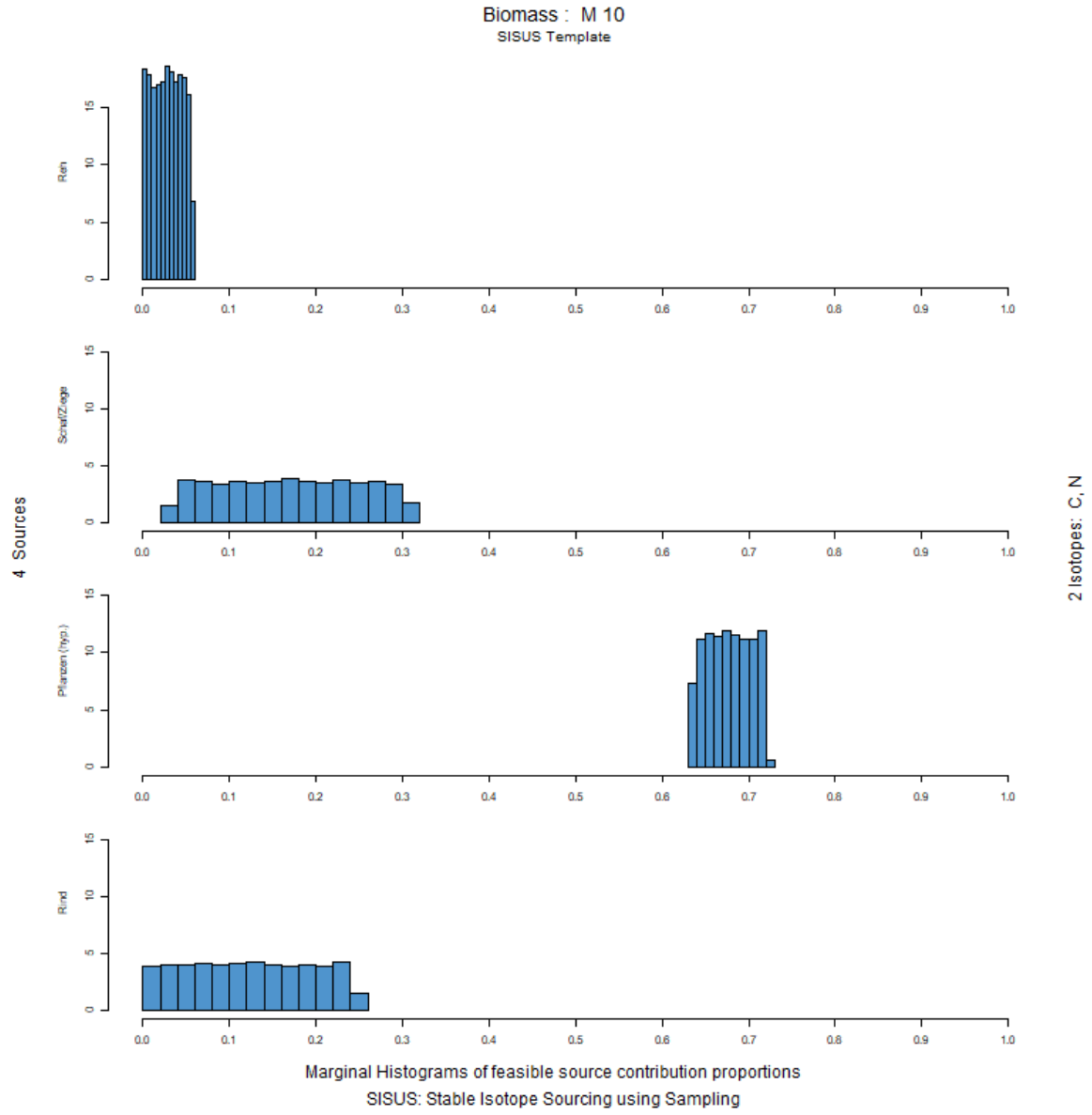


Abbildung 279: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 10. Erstellt mit SISUS.

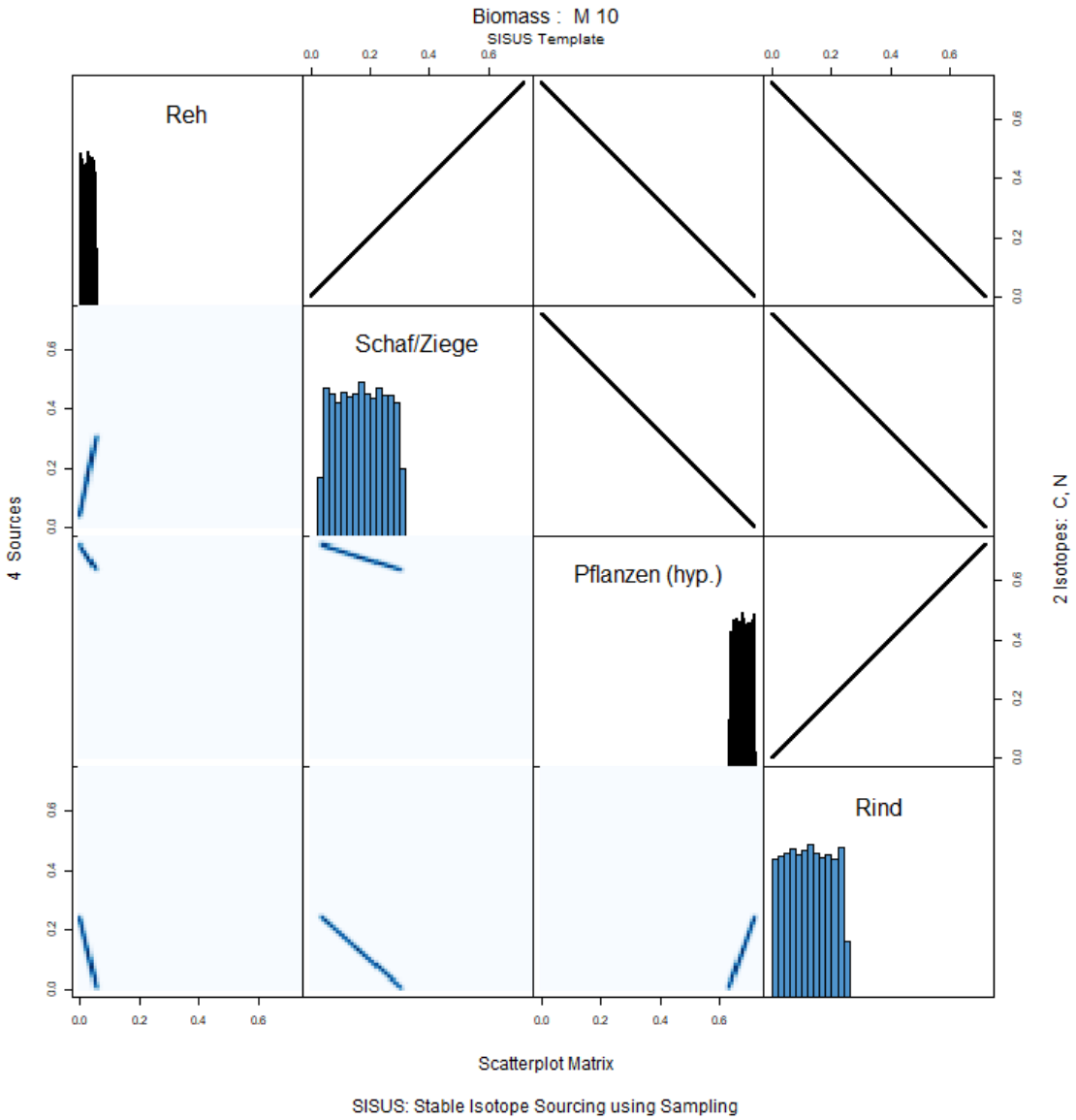


Abbildung 280: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 10. Erstellt mit SISUS.

M11

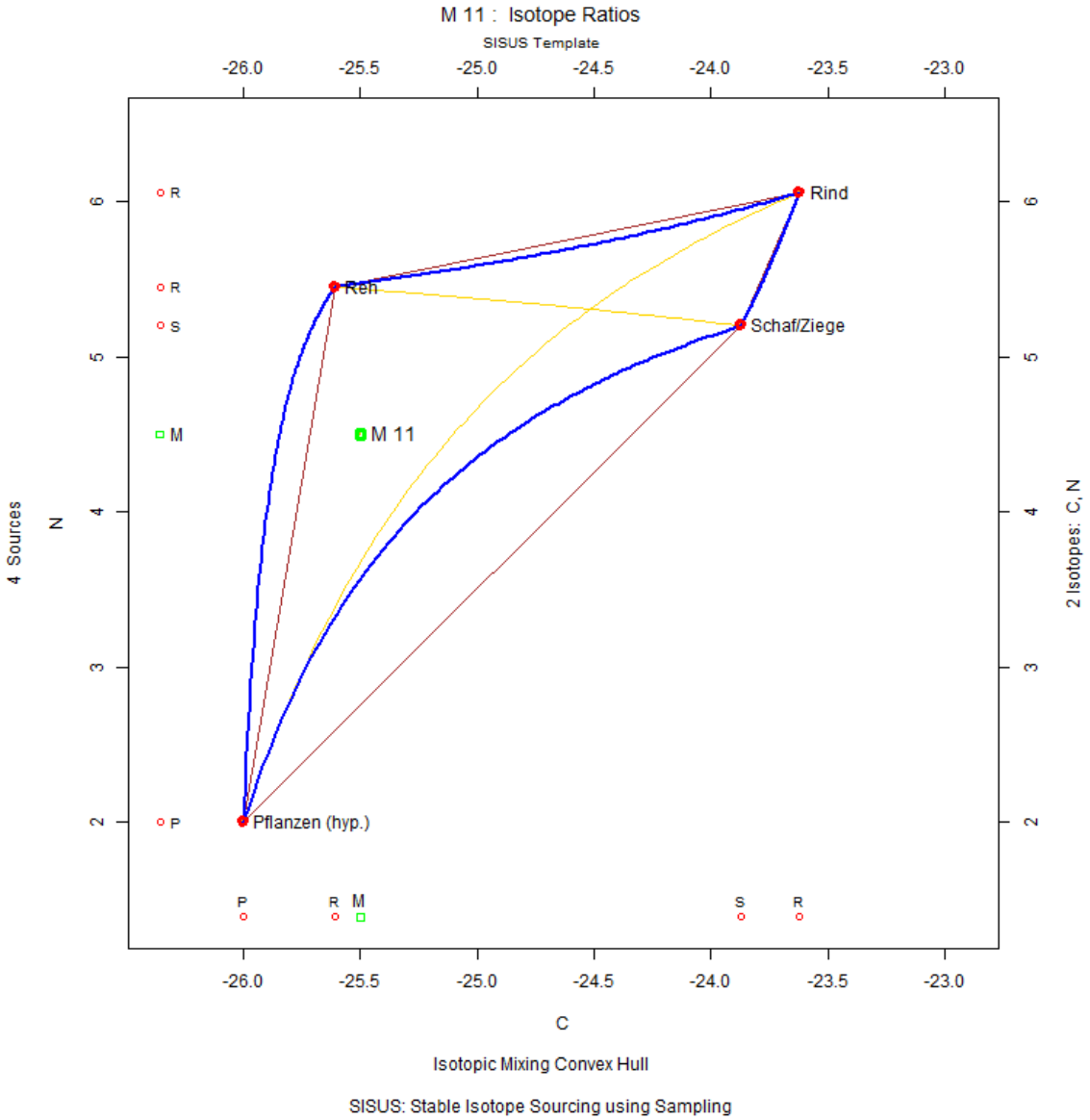


Abbildung 281: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 11. Erstellt mit SISUS.

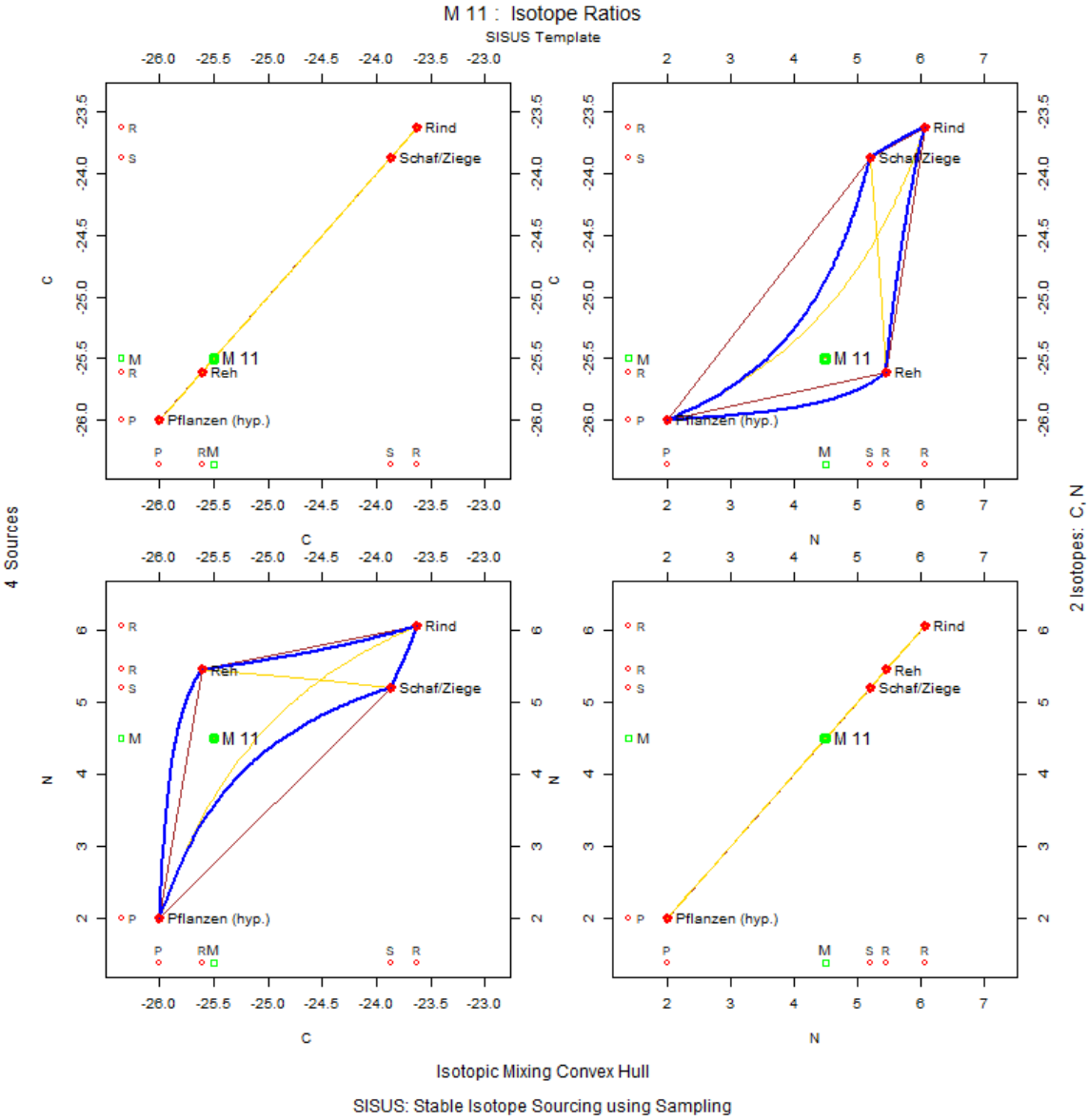


Abbildung 282: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 11 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

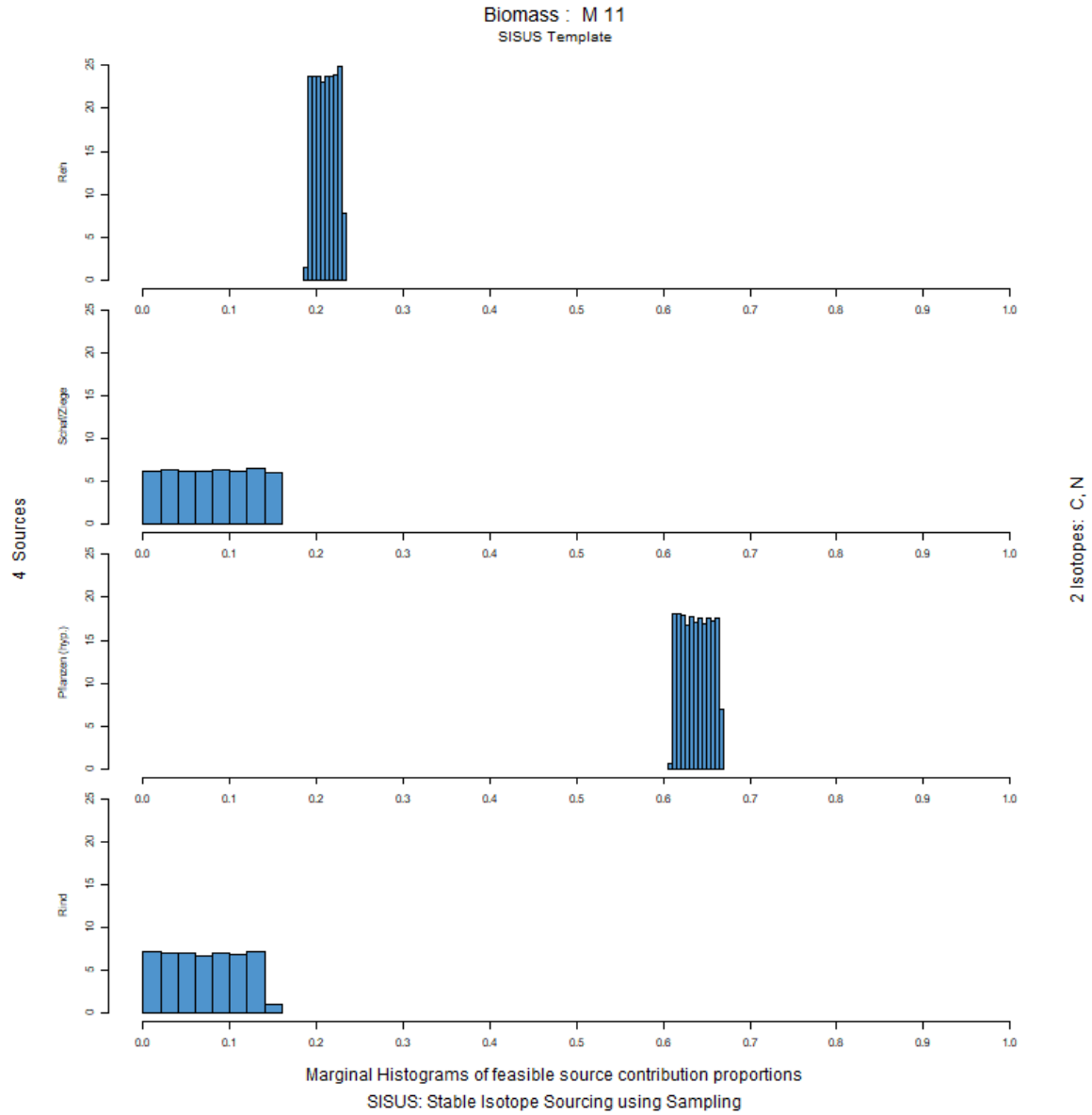


Abbildung 283: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 11. Erstellt mit SISUS.

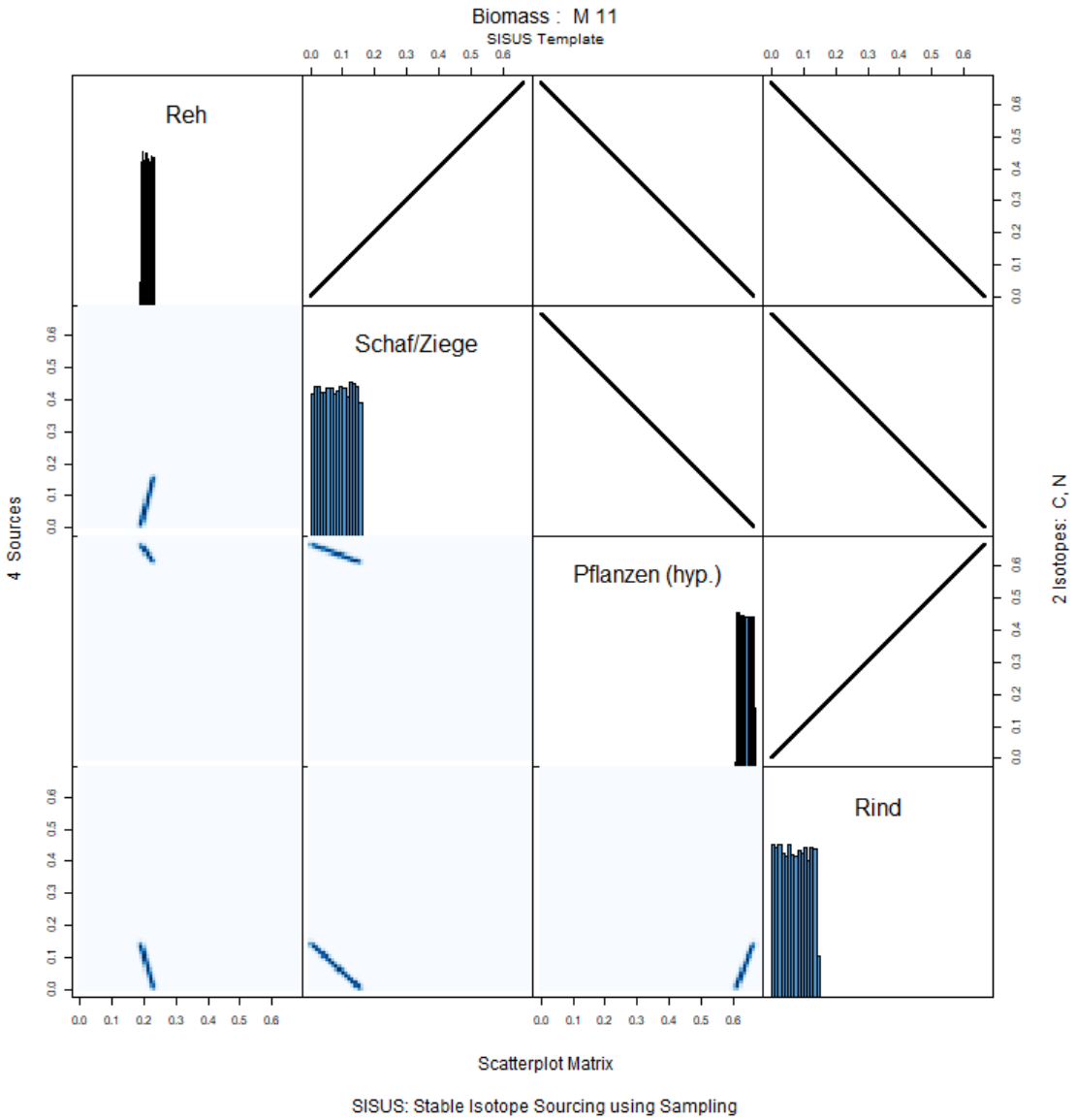


Abbildung 284: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 11. Erstellt mit SISUS.

M14

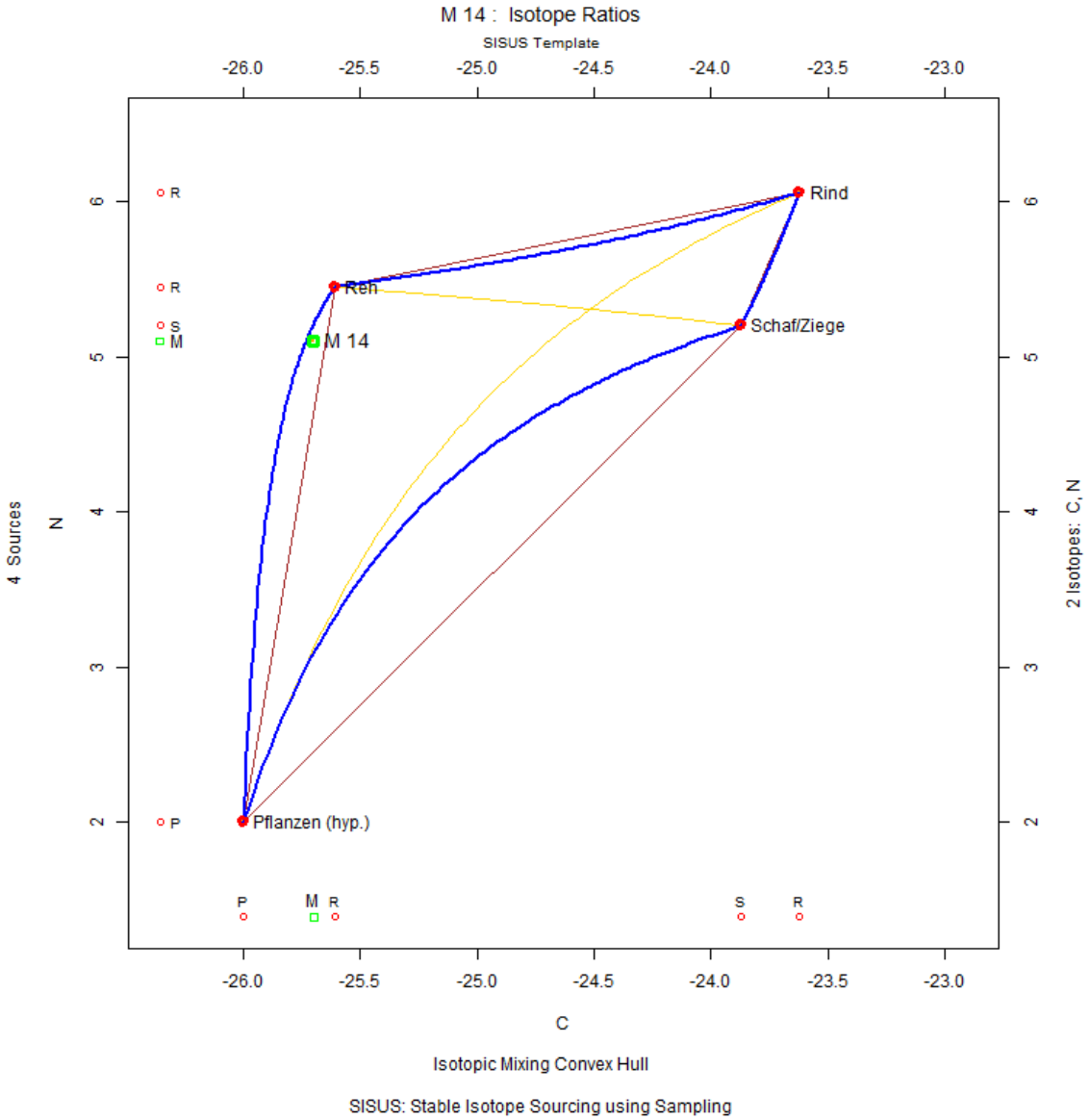


Abbildung 285: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 14. Erstellt mit SISUS.

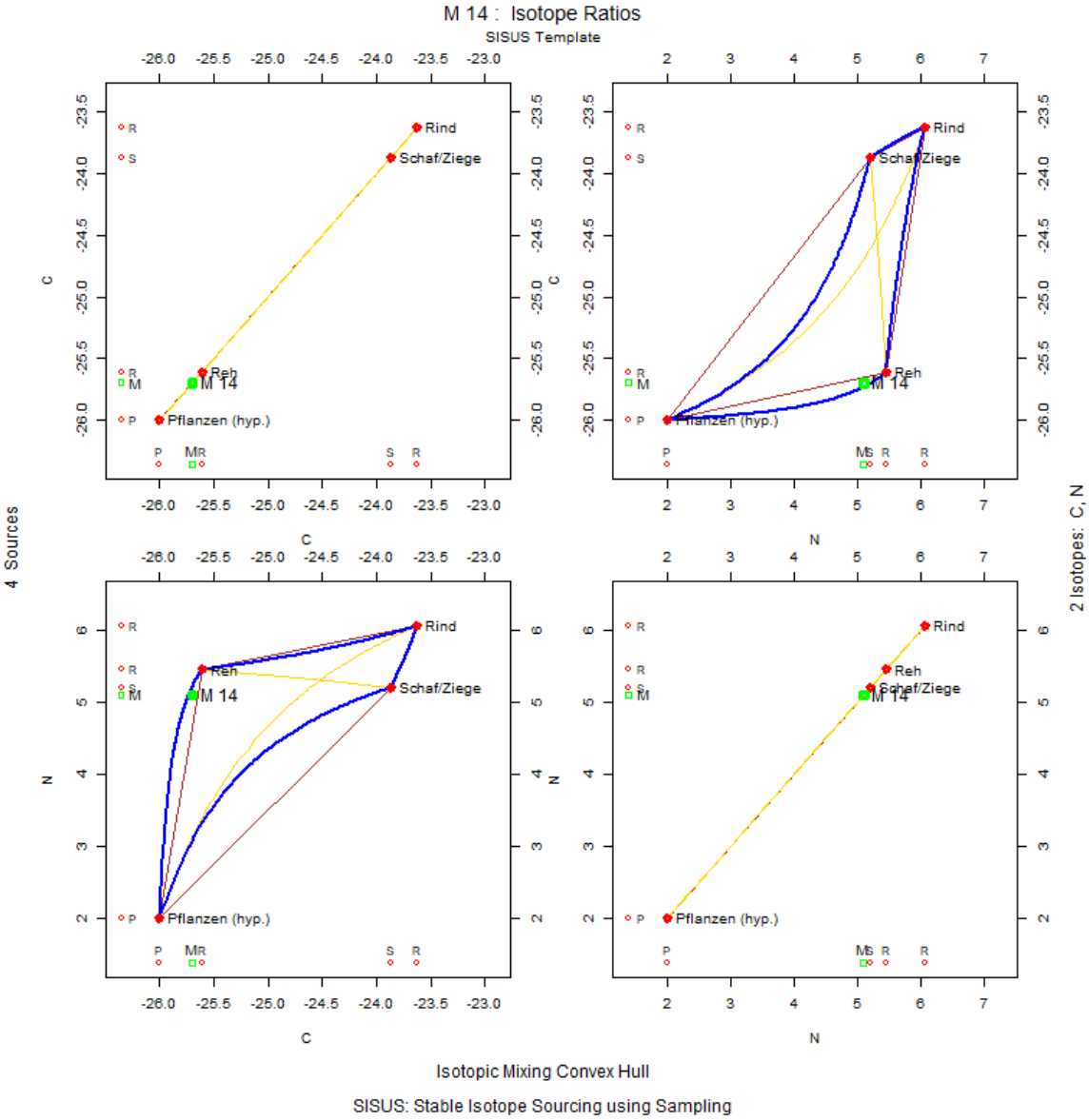


Abbildung 286: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 14 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

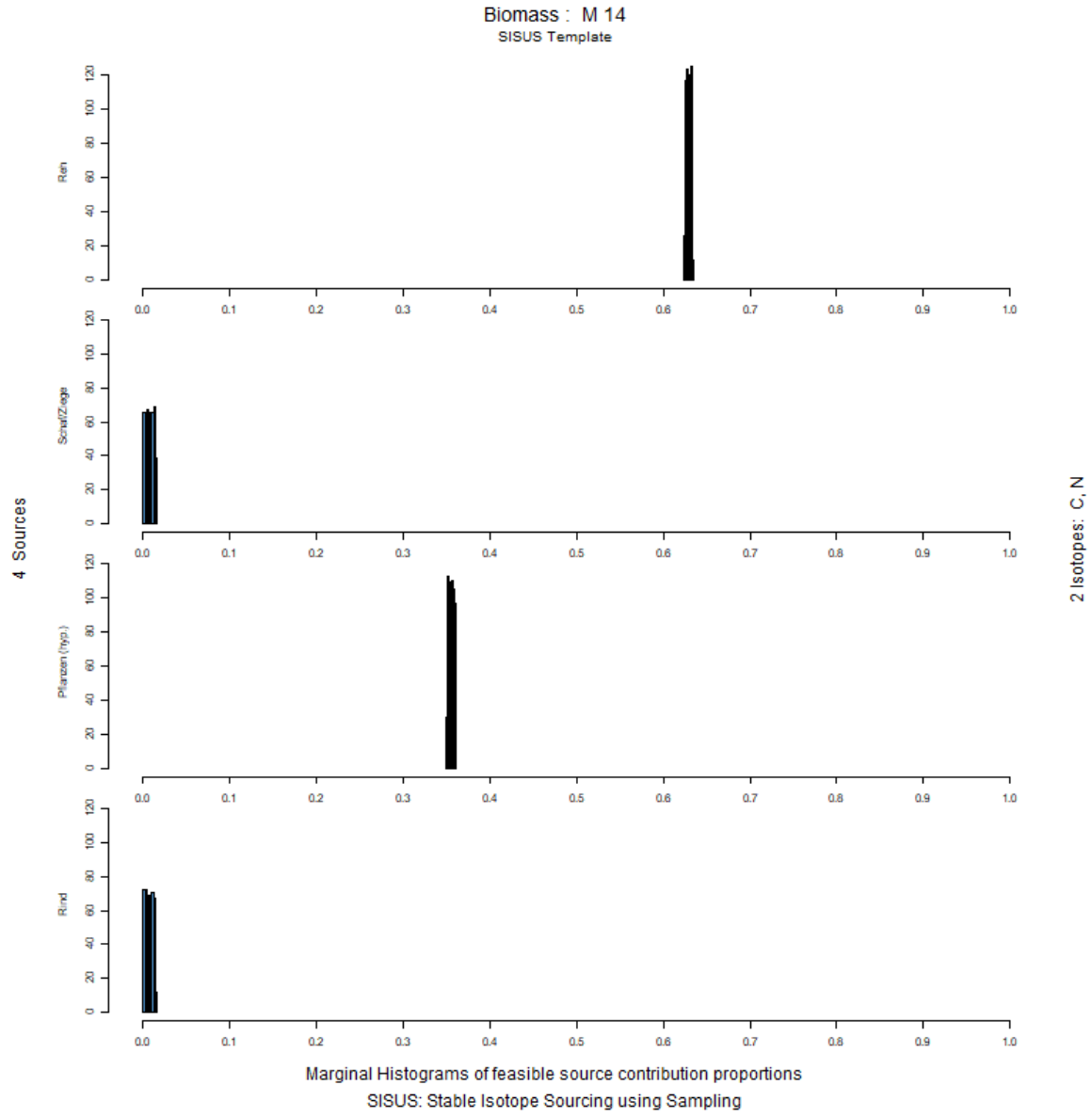


Abbildung 287: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 14. Erstellt mit SISUS.

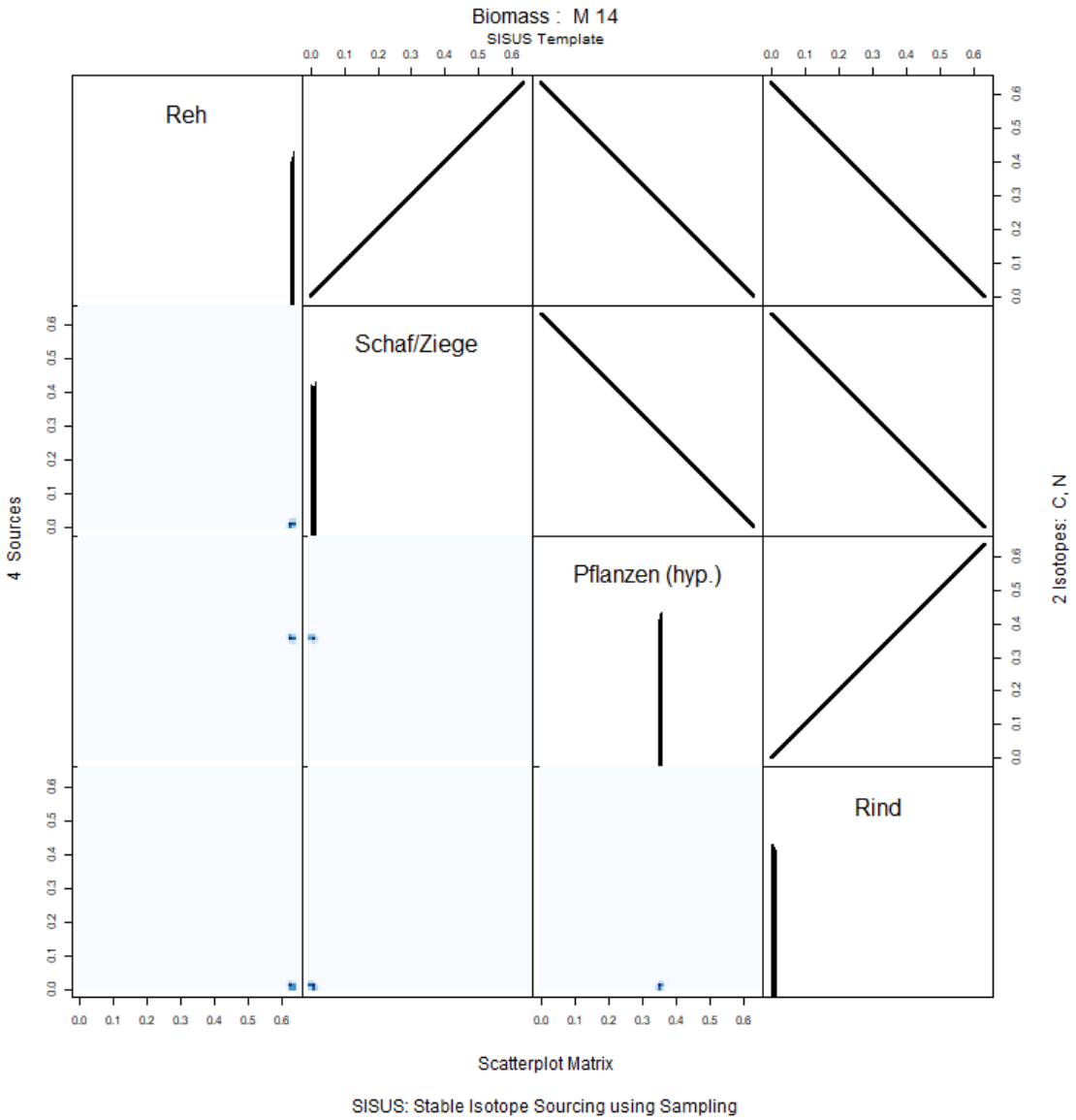


Abbildung 288: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 14. Erstellt mit SISUS.

M16

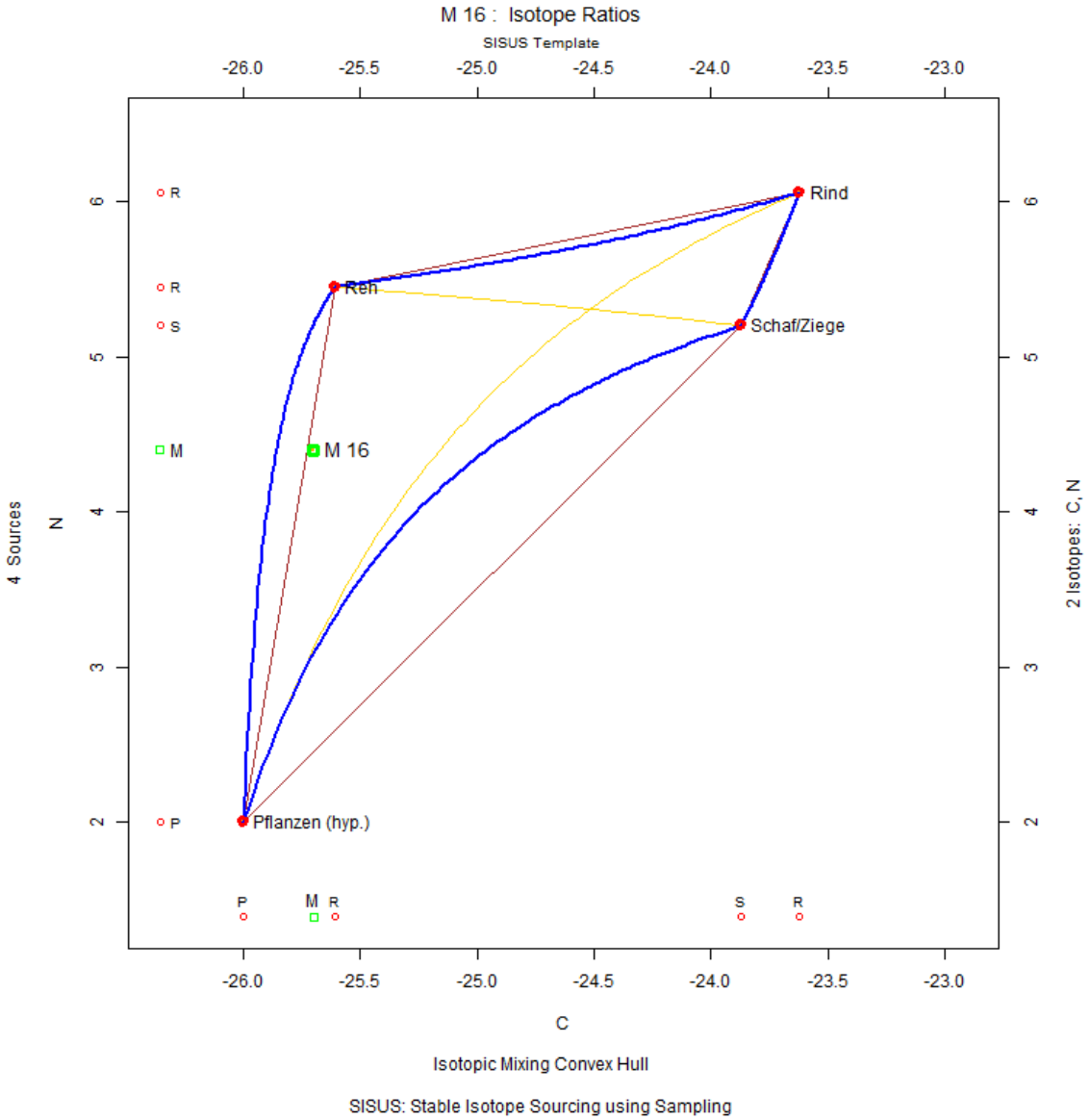


Abbildung 289: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 16. Erstellt mit SISUS.

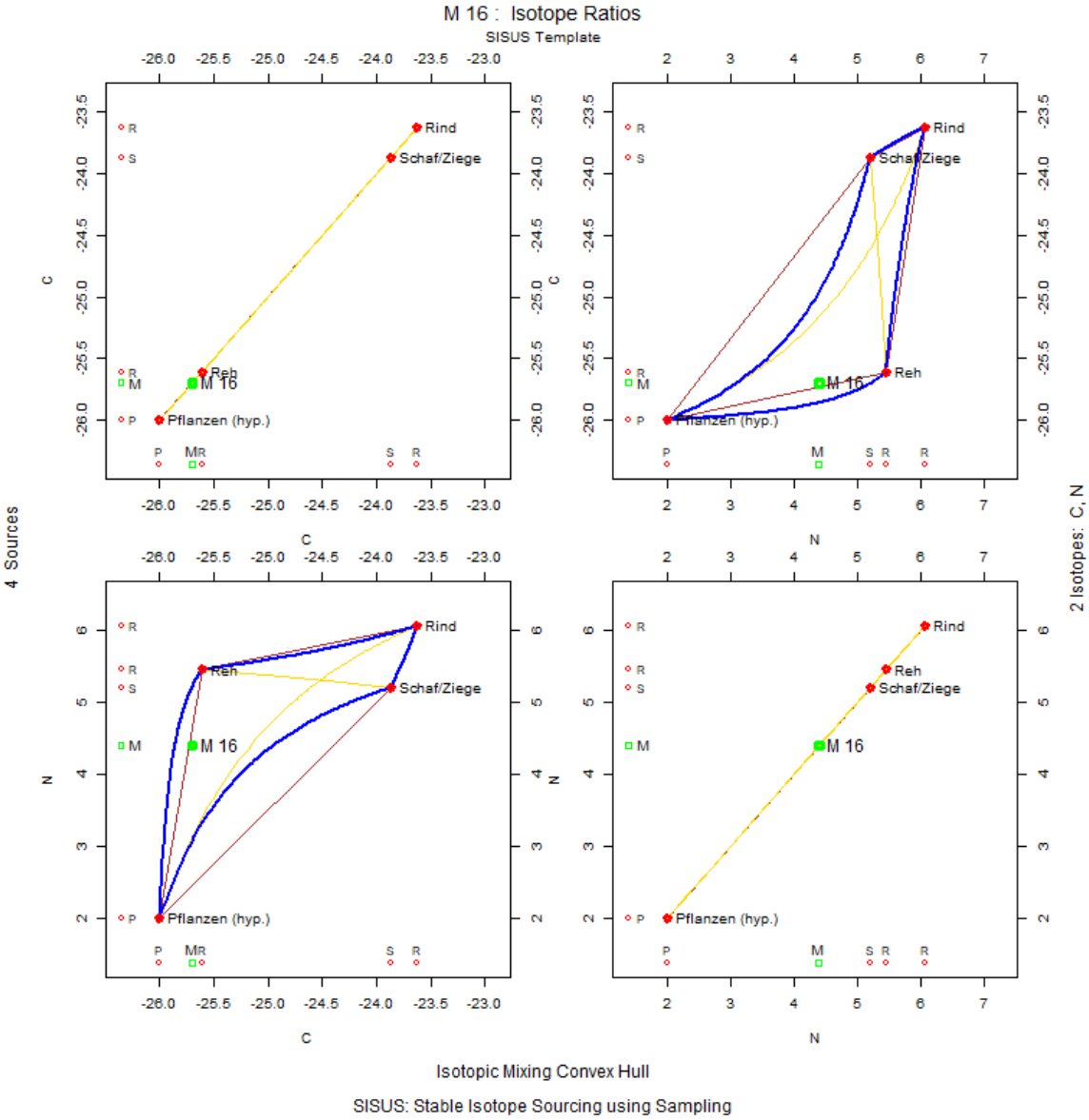


Abbildung 290: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 16 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

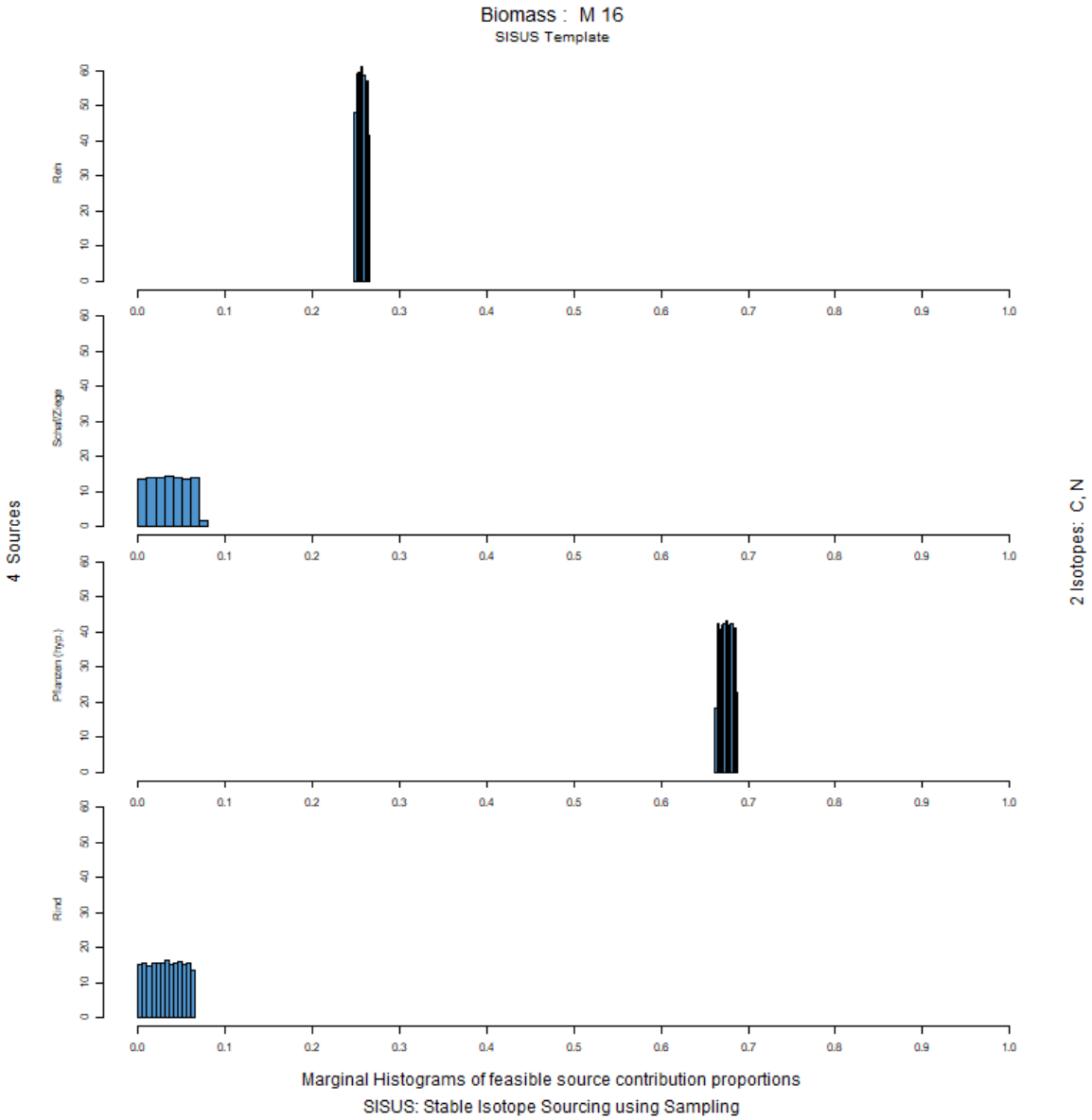


Abbildung 291: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 16. Erstellt mit SISUS.

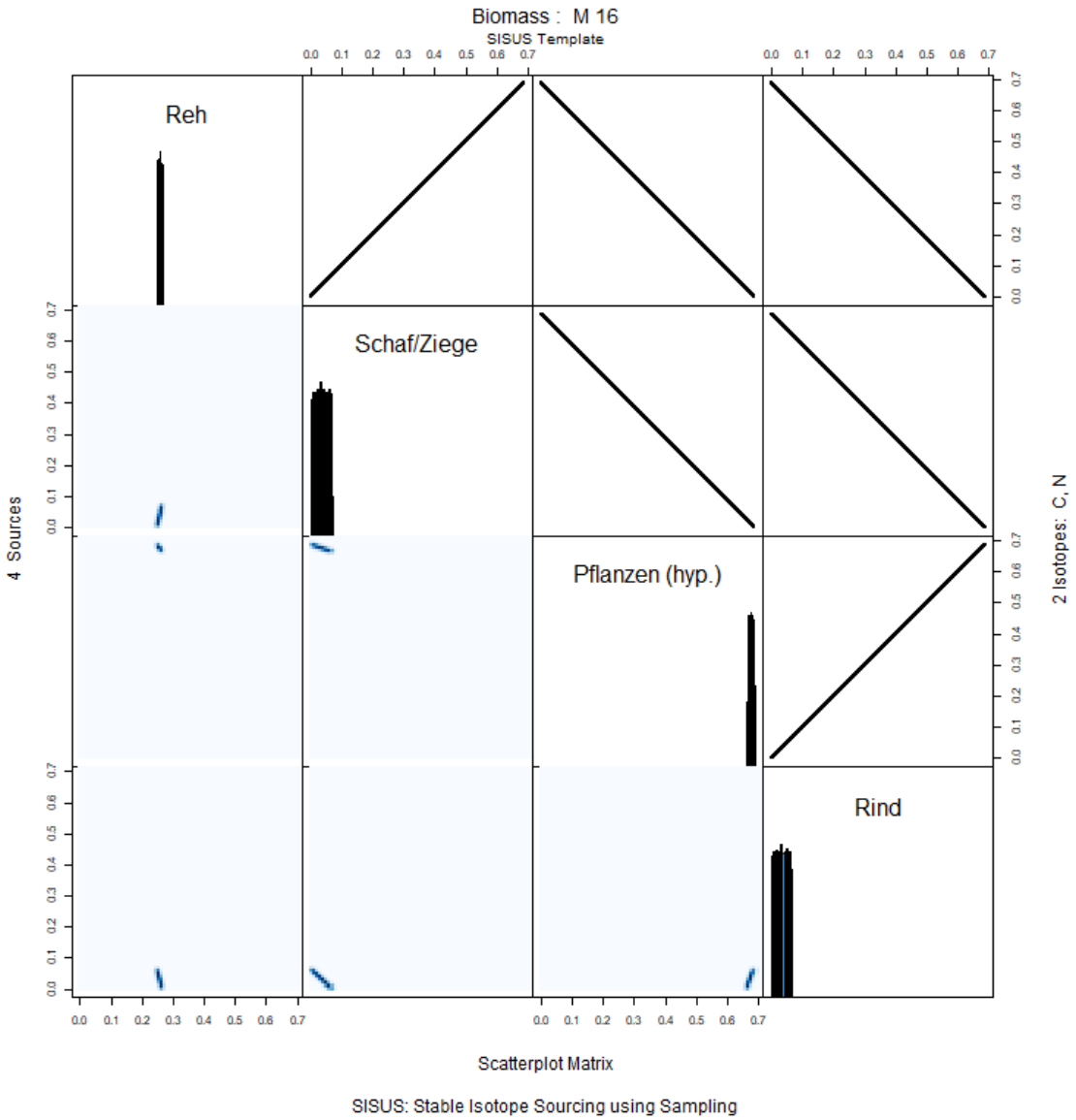


Abbildung 292: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 16. Erstellt mit SISUS.

M17

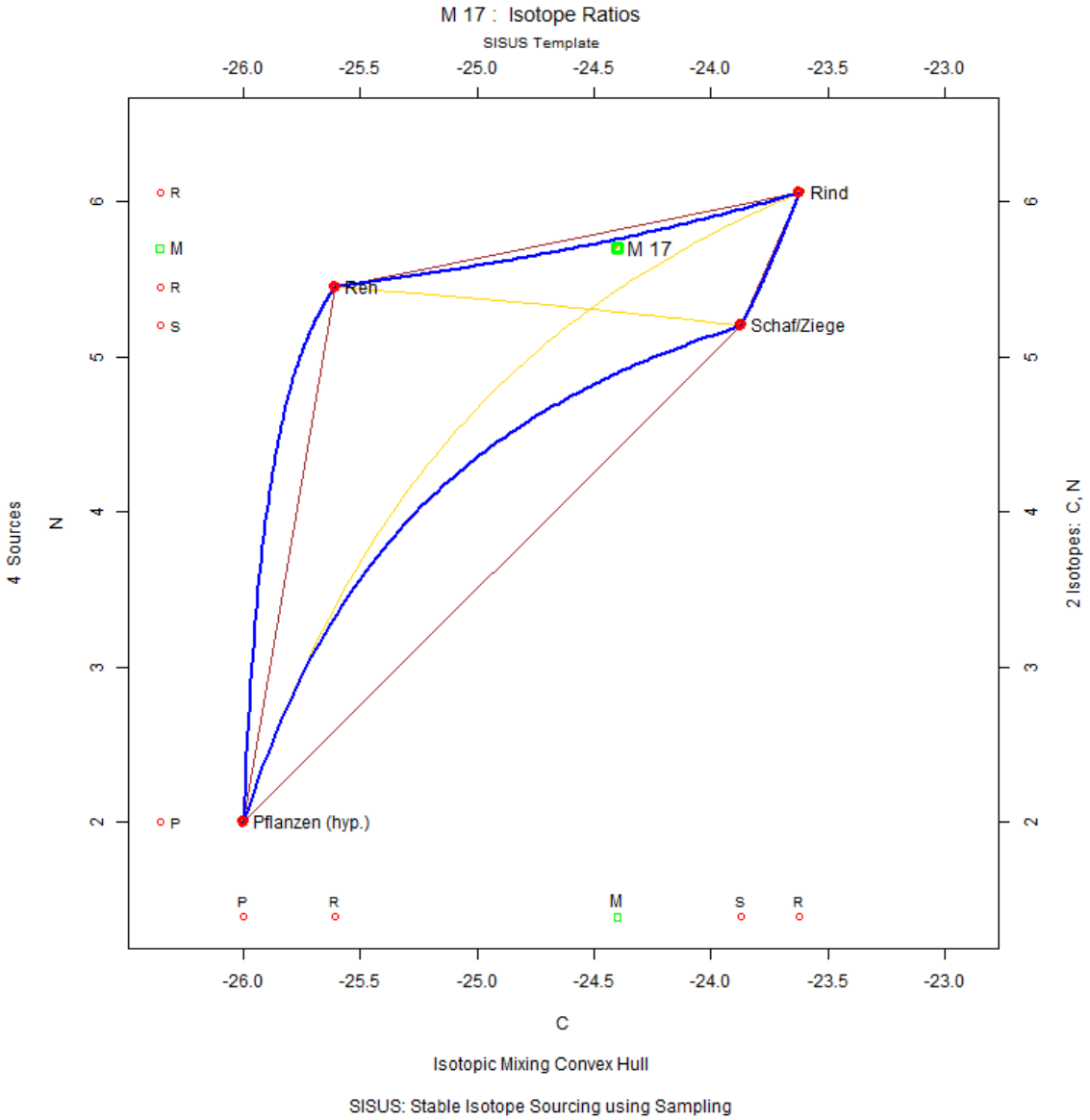


Abbildung 293: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 17. Erstellt mit SISUS.

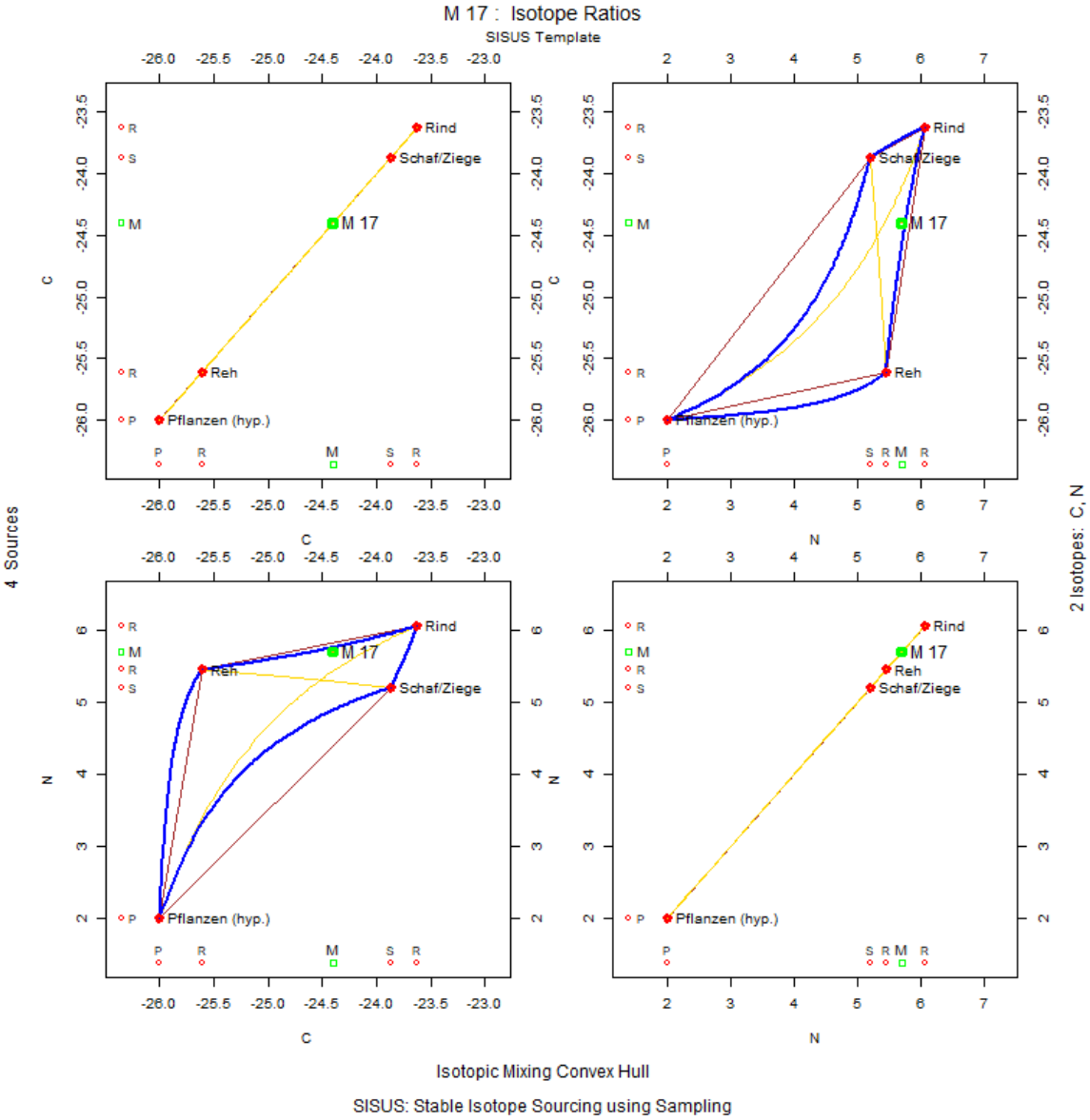


Abbildung 294: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Mavropigi (M) 17 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

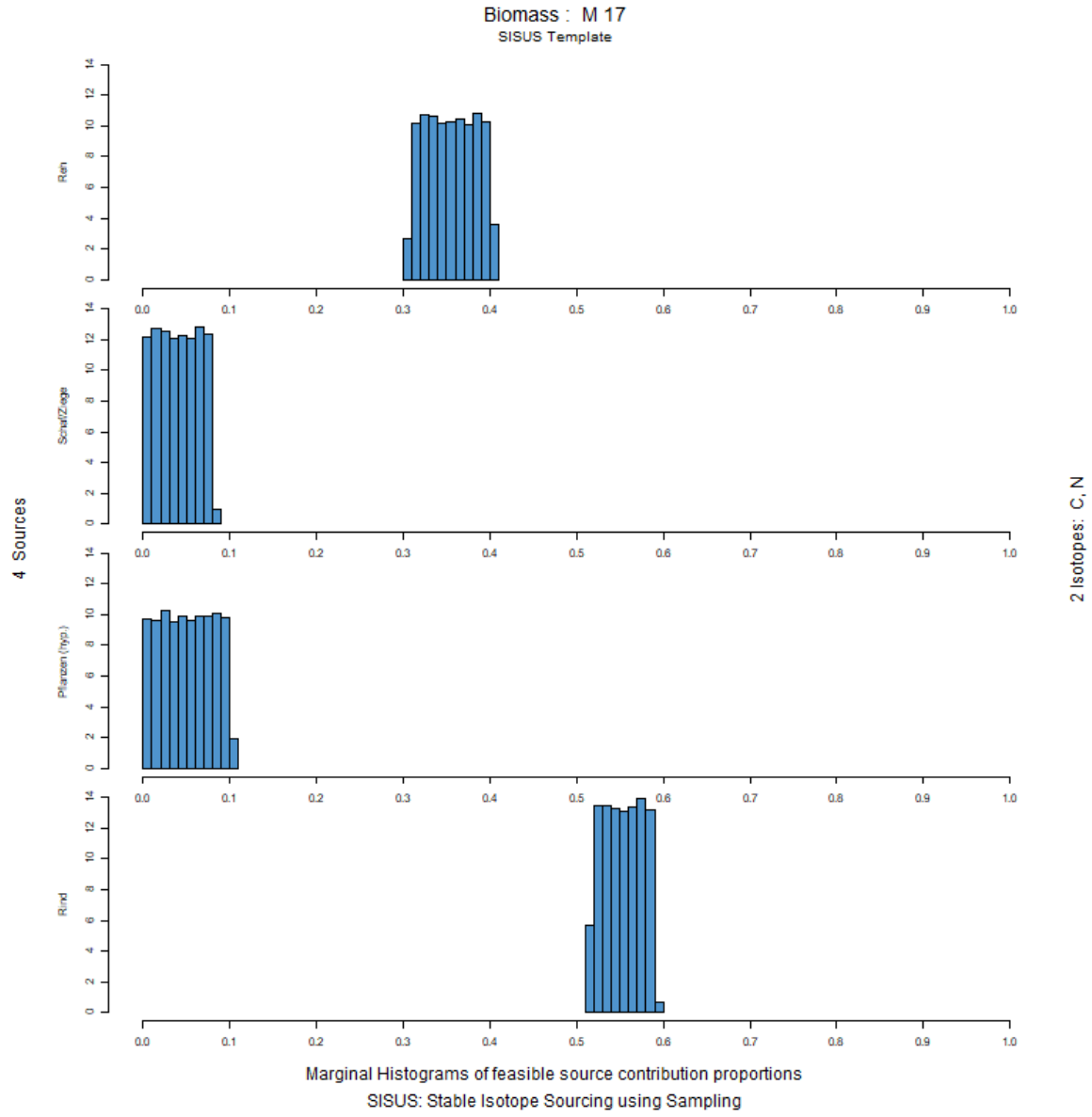


Abbildung 295: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 17. Erstellt mit SISUS.

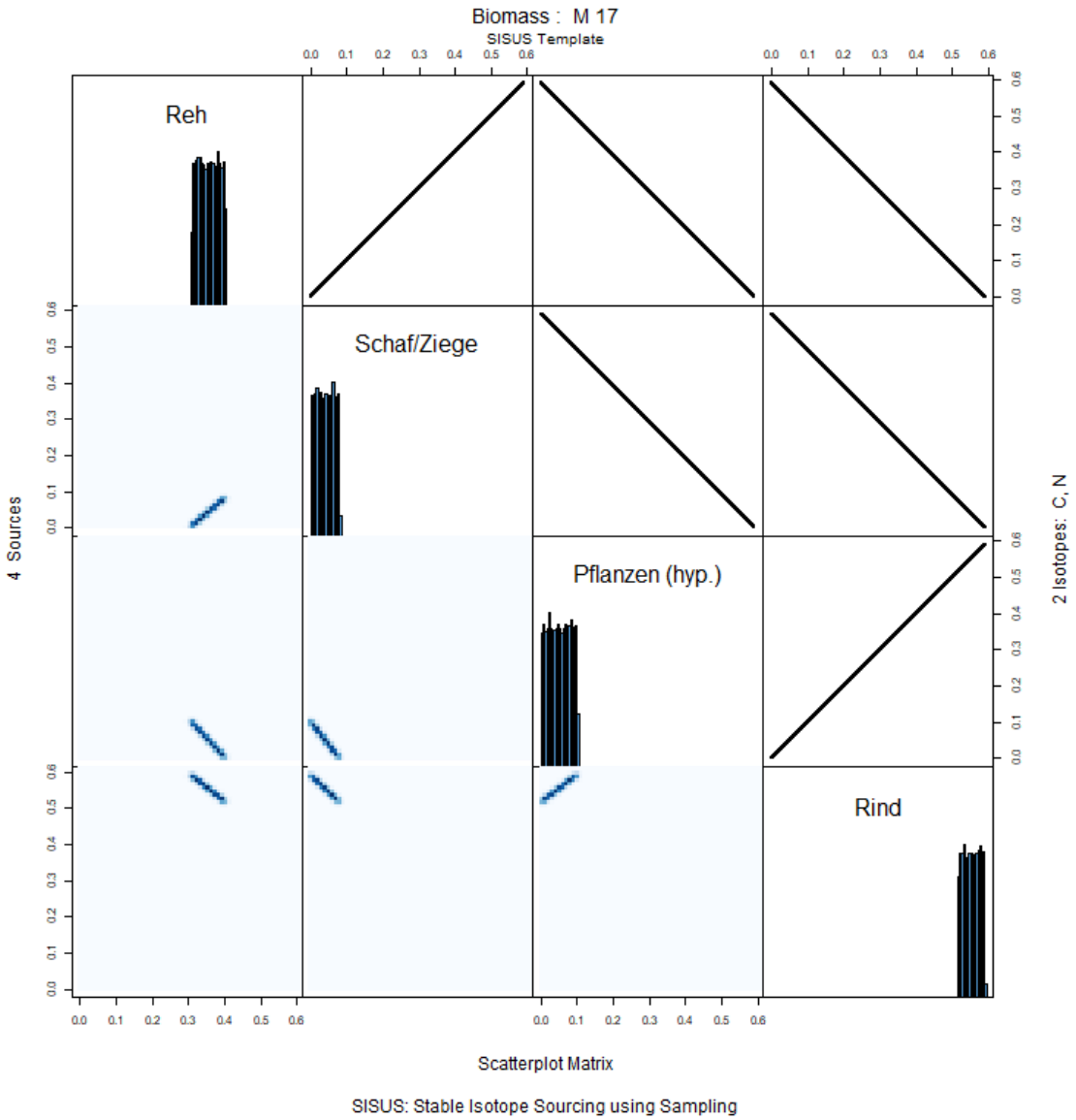


Abbildung 296: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Mavropigi (M) 17. Erstellt mit SISUS.

M18

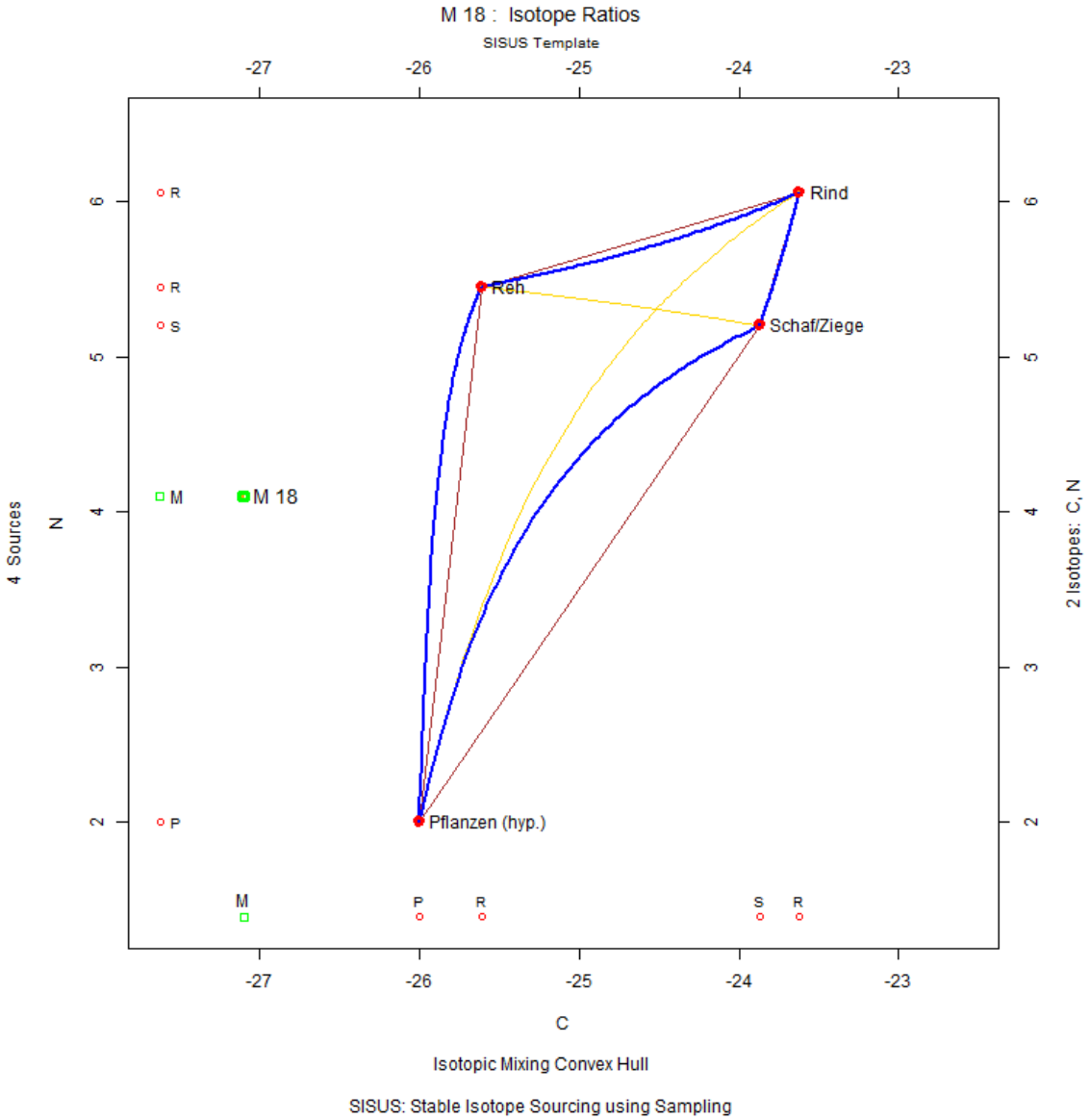


Abbildung 297: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Mavropigi (M) 18. Erstellt mit SISUS.

4.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 14: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version A: 4-Quellen) für die Individuen aus Mavropigi (M). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version A: 4 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
M3	Pflanzen	65,9	68,1	1,3	68,1	70,4	4,5
	Reh	0,0	1,4	0,8	1,4	2,8	2,8
	Rind	0,0	6,8	3,9	6,8	13,6	13,6
	Schaf/Ziege	16,0	23,6	4,4	23,7	31,3	15,3
M5	Pflanzen	86,0	86,1	0,1	86,1	86,3	1,4
	Reh	12,2	12,3	0,04	12,3	12,4	0,1
	Rind	0,0	0,7	0,4	0,7	1,4	1,4
	Schaf/Ziege	0,0	0,8	0,5	0,8	1,6	1,6
M7	Pflanzen	91,6	91,9	0,1	91,9	92,1	0,4
	Reh	5,5	5,6	0,02	5,6	5,6	0,1
	Rind	0,0	1,2	0,7	1,2	2,4	2,4
	Schaf/Ziege	0,0	1,4	0,8	1,4	2,7	2,7
M8	Pflanzen	15,7	18,9	1,8	18,9	22,1	6,3
	Reh	69,8	72,8	1,7	72,8	75,8	6,0
	Rind	0,0	4,1	2,3	4,1	8,1	8,1
	Schaf/Ziege	0,0	4,2	2,5	4,2	8,5	8,5
M9	Pflanzen	62,2	63,7	0,9	63,7	65,3	3,2
	Reh	0,0	1,0	0,6	1,0	2,0	2,0
	Rind	0,0	4,5	2,6	4,4	8,9	8,9
	Schaf/Ziege	25,8	30,8	2,9	30,8	35,8	10,0
M10	Pflanzen	63,3	67,7	2,5	67,7	72,0	8,7
	Reh	0,0	2,8	1,6	2,8	5,7	5,7
	Rind	0,0	12,4	7,1	12,5	24,7	24,7
	Schaf/Ziege	3,3	17,0	8,0	17,0	31,0	27,7
M11	Pflanzen	61,0	63,8	1,7	63,8	66,7	5,7
	Reh	19,0	21,1	1,2	21,1	23,2	4,2
	Rind	0,0	7,1	4,2	7,1	14,3	14,3
	Schaf/Ziege	0,0	8,0	4,6	8,0	15,9	15,9
M14	Pflanzen	35,1	35,5	0,3	35,5	36,0	0,9
	Reh	62,6	63,0	0,2	63,0	63,4	0,8
	Rind	0,0	0,7	0,4	0,7	1,4	1,4
	Schaf/Ziege	0,0	0,8	0,4	0,8	1,5	1,5
M16	Pflanzen	66,3	67,5	0,7	67,5	68,7	2,4
	Reh	24,8	25,7	0,5	25,7	26,5	1,7
	Rind	0,0	3,2	1,9	3,3	6,5	6,5
	Schaf/Ziege	0,0	3,6	2,0	3,5	7,2	7,2
M17	Pflanzen	0,0	5,1	2,9	5,1	10,2	10,2
	Reh	30,7	35,5	2,8	35,5	40,4	9,6
	Rind	51,6	55,3	2,2	55,3	59,1	7,5
	Schaf/Ziege	0,0	4,0	2,3	4,0	8,1	8,1
M18	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

Tabelle 15: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version B: 5-Quellen) für die Individuen aus Mavropigi (M). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version B: 5 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
M3	Pflanzen	35,1	56,5	7,7	57,6	70,4	35,2
	Reh	0,0	2,4	1,3	2,5	5,6	5,6
	Rotwild	0,0	22,6	13,7	21,5	59,3	59,3
	Rind	0,0	7,0	4,6	6,4	18,2	18,2
	Schaf/Ziege	0,0	11,5	7,5	10,7	31,3	31,3
M5	Pflanzen	84,9	85,7	0,3	85,8	86,3	1,5
	Reh	12,0	12,2	0,1	12,2	12,4	0,4
	Rotwild	0,0	1,0	0,7	0,9	0,3	0,3
	Rind	0,0	0,5	0,3	0,4	1,4	1,4
	Schaf/Ziege	0,0	0,5	0,4	0,5	1,6	1,6
M7	Pflanzen	90,0	91,3	0,4	91,3	92,1	2,0
	Reh	4,6	5,3	0,2	5,3	5,6	1,1
	Rotwild	0,0	1,8	1,3	1,6	5,4	5,4
	Rind	0,0	0,8	0,6	0,7	2,4	2,4
	Schaf/Ziege	0,0	0,9	0,6	0,8	2,7	2,7
M8	Pflanzen	0,5	12,8	4,5	13,3	22,1	21,6
	Reh	69,8	77,3	3,4	77,0	86,2	16,4
	Rotwild	0,0	4,4	3,1	3,9	13,3	13,3
	Rind	0,0	2,7	1,9	2,4	8,1	8,1
	Schaf/Ziege	0,0	2,9	2,0	2,5	8,5	8,5
M9	Pflanzen	25,0	49,1	8,8	50,0	65,3	40,3
	Reh	0,0	2,7	1,7	2,5	7,3	7,3
	Rotwild	0,0	28,1	15,4	27,6	67,6	67,6
	Rind	0,0	6,7	4,4	6,2	18,6	18,6
	Schaf/Ziege	0,0	13,4	8,9	12,4	35,8	35,8
M10	Pflanzen	31,4	55,9	8,8	57,2	72,0	40,6
	Reh	0,0	5,2	2,2	5,2	10,4	10,4
	Rotwild	0,0	19,5	13,6	17,2	58,2	58,2
	Rind	0,0	9,1	6,4	8,1	25,9	25,9
	Schaf/Ziege	0,0	10,4	7,3	9,1	31,0	31,0
M11	Pflanzen	43,3	57,0	5,0	57,7	66,7	23,4
	Reh	19,0	23,4	1,8	23,3	27,9	9,0
	Rotwild	0,0	9,6	6,8	8,5	28,7	28,7
	Rind	0,0	4,8	3,4	4,2	14,3	14,3
	Schaf/Ziege	0,0	5,2	3,7	4,5	15,9	15,9
M14	Pflanzen	32,8	34,6	0,7	34,7	36,0	3,2
	Reh	62,6	63,6	0,5	63,6	64,8	2,2
	Rotwild	0,0	0,8	0,6	0,7	2,4	2,4
	Rind	0,0	0,5	0,3	0,4	1,4	1,4
	Schaf/Ziege	0,0	0,5	0,4	0,4	1,5	1,5
M16	Pflanzen	58,8	64,6	2,1	64,9	68,7	9,9
	Reh	24,8	26,5	0,7	26,5	28,2	3,4
	Rotwild	0,0	4,3	3,1	3,8	12,9	12,9
	Rind	0,0	2,2	1,5	1,9	6,5	6,5
	Schaf/Ziege	0,0	2,4	1,7	2,1	7,2	7,2
M17	Pflanzen	0,0	3,4	2,4	3,0	10,2	10,2
	Reh	30,7	36,8	2,1	37,1	40,4	9,6
	Rotwild	0,0	1,3	0,9	1,1	3,8	3,8
	Rind	51,6	55,9	1,6	56,1	59,1	7,5
	Schaf/Ziege	0,0	2,7	1,9	2,4	8,1	8,1

M18	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

5 Griechenland – Theopetra

5.1 IsoConc: Abbildungen

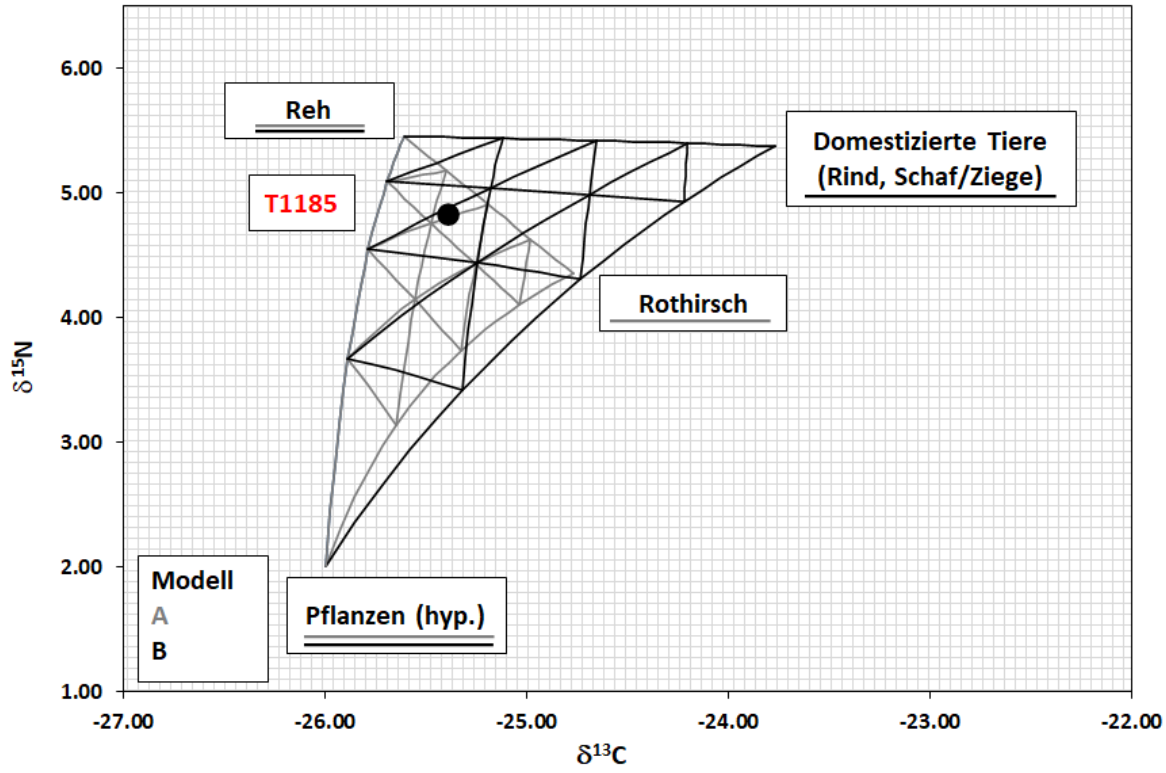


Abbildung 298: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1185. Erstellt mit IsoConc.

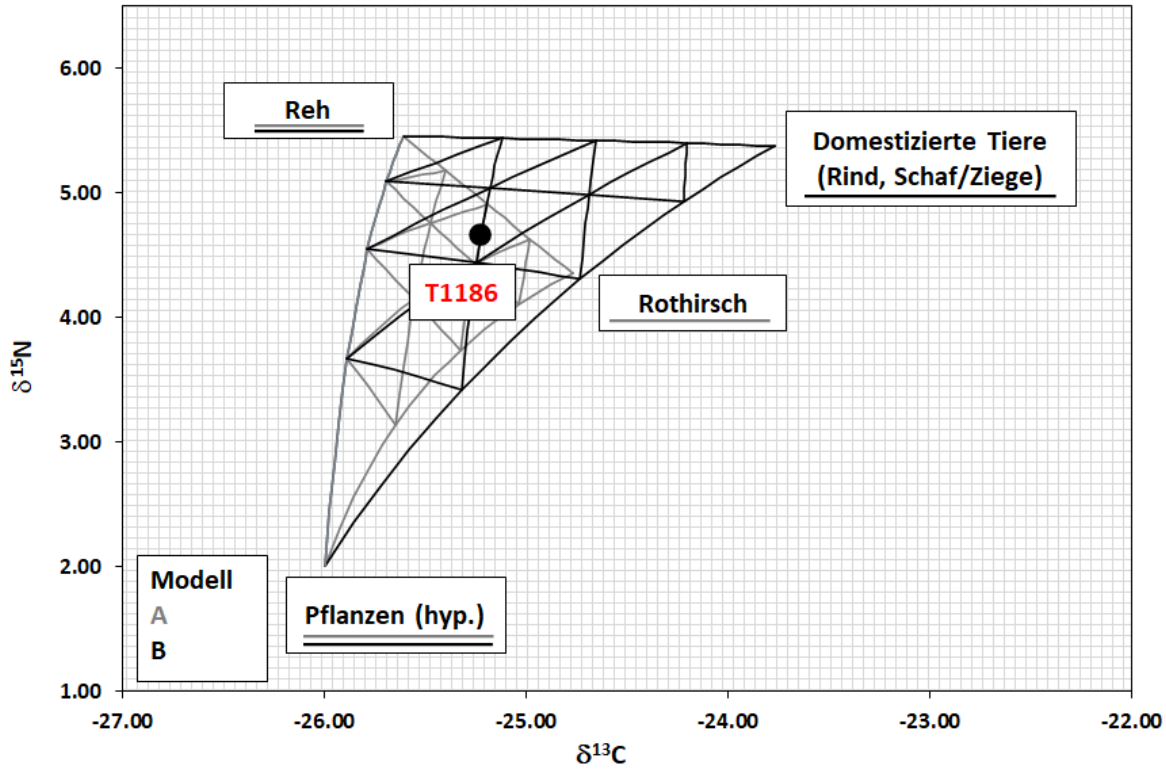


Abbildung 299: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1186. Erstellt mit IsoConc.

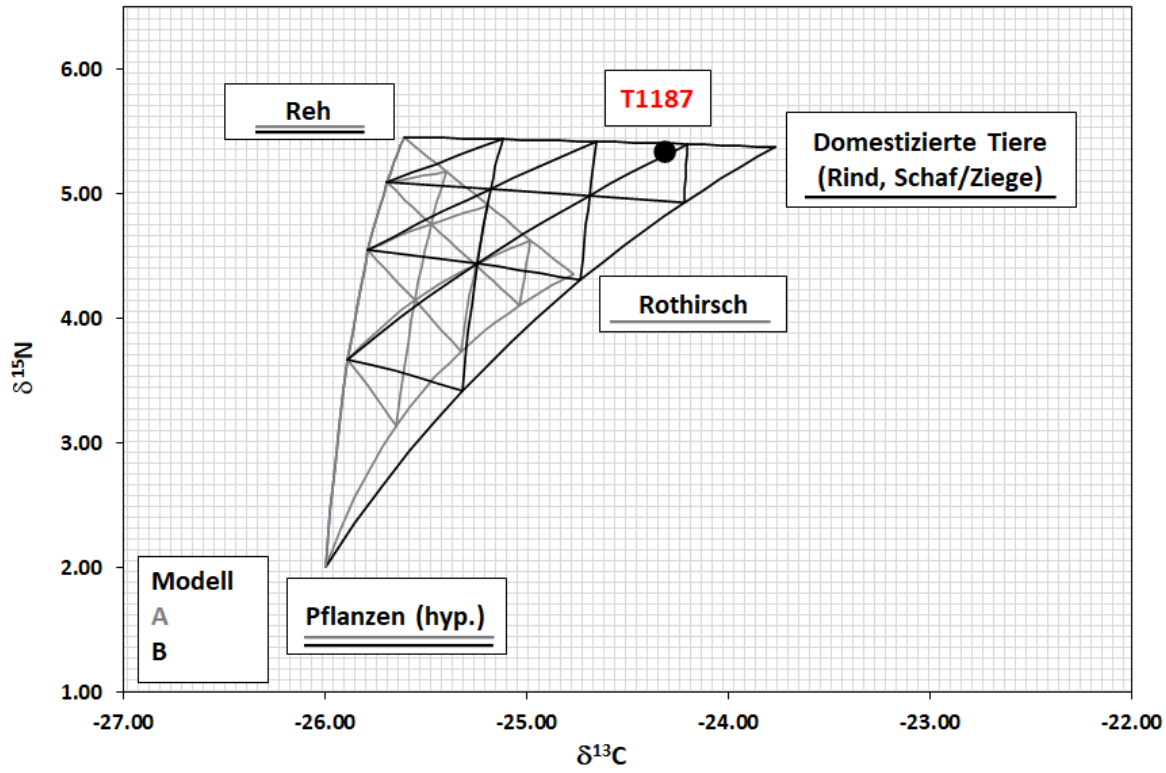


Abbildung 300: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1187. Erstellt mit IsoConc.

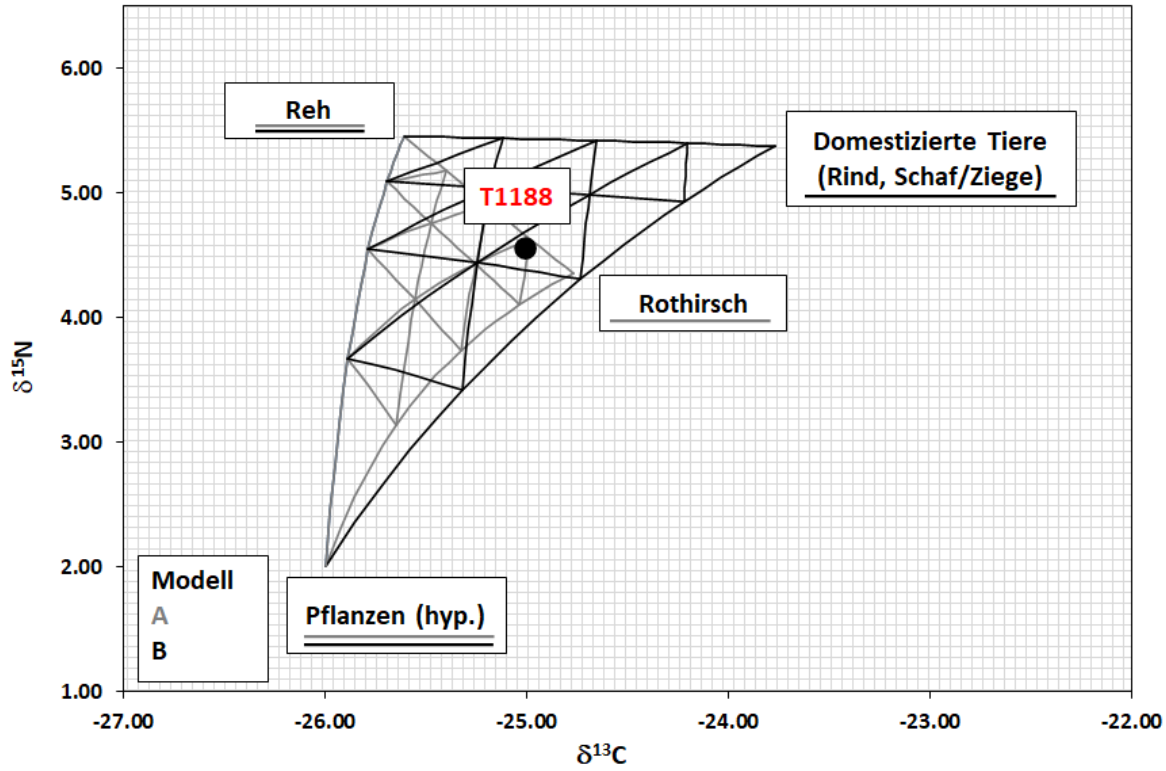


Abbildung 301: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1188. Erstellt mit IsoConc.

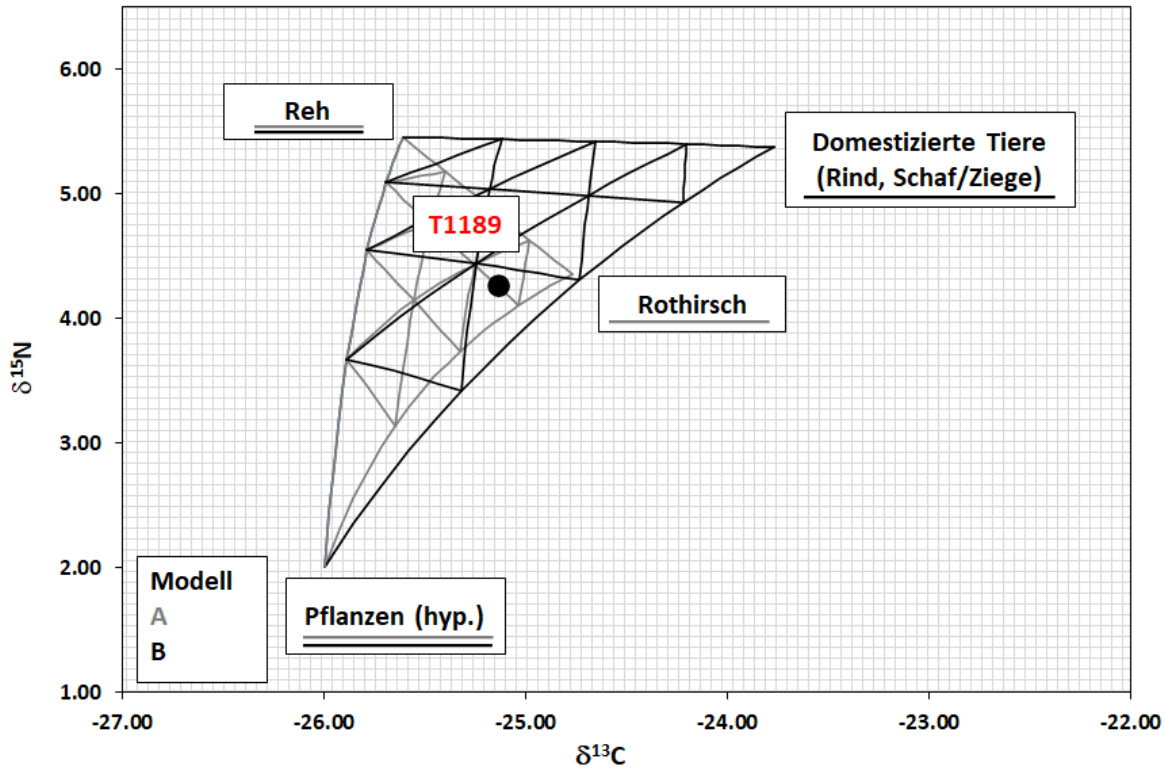


Abbildung 302: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1189. Erstellt mit IsoConc.

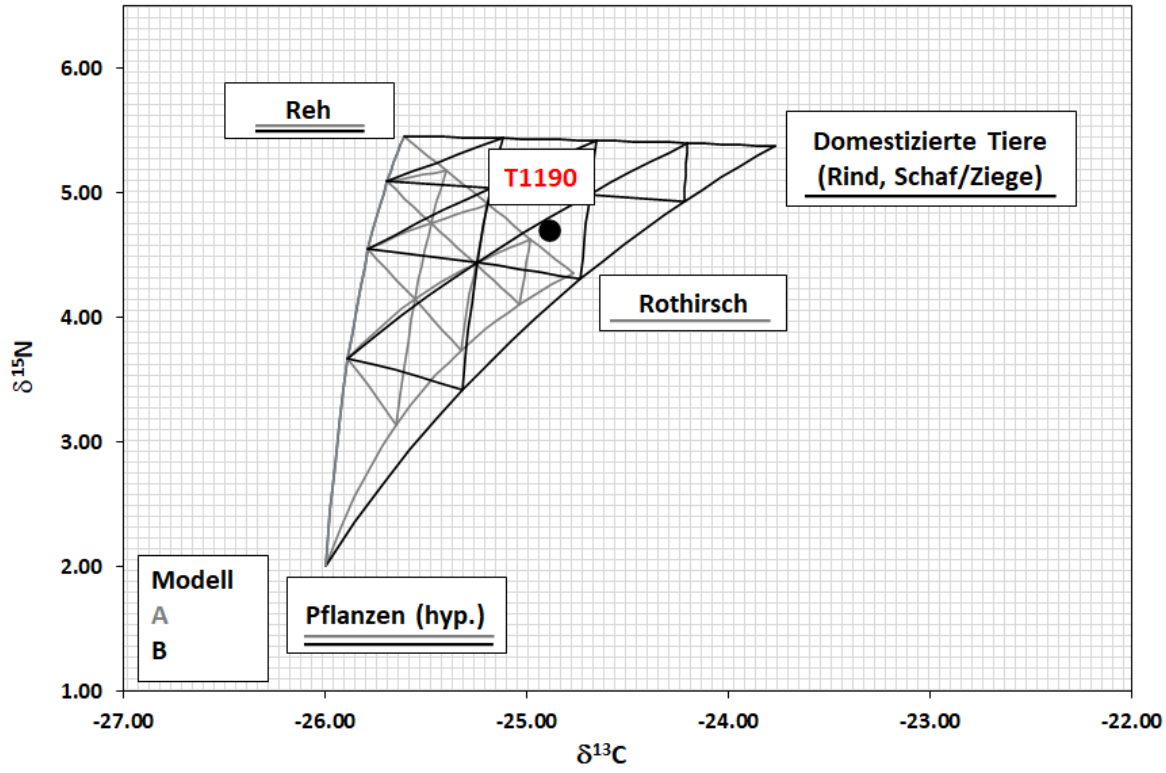


Abbildung 303: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1190. Erstellt mit IsoConc.

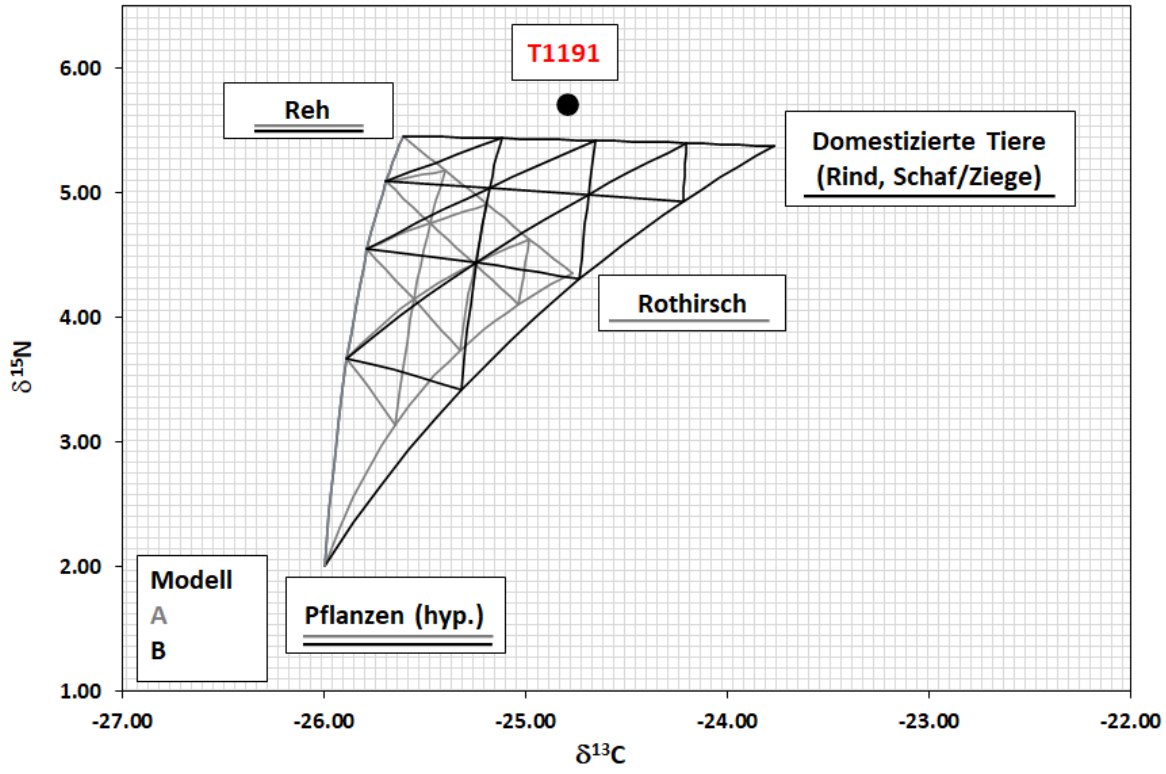


Abbildung 304: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1191. Erstellt mit IsoConc.

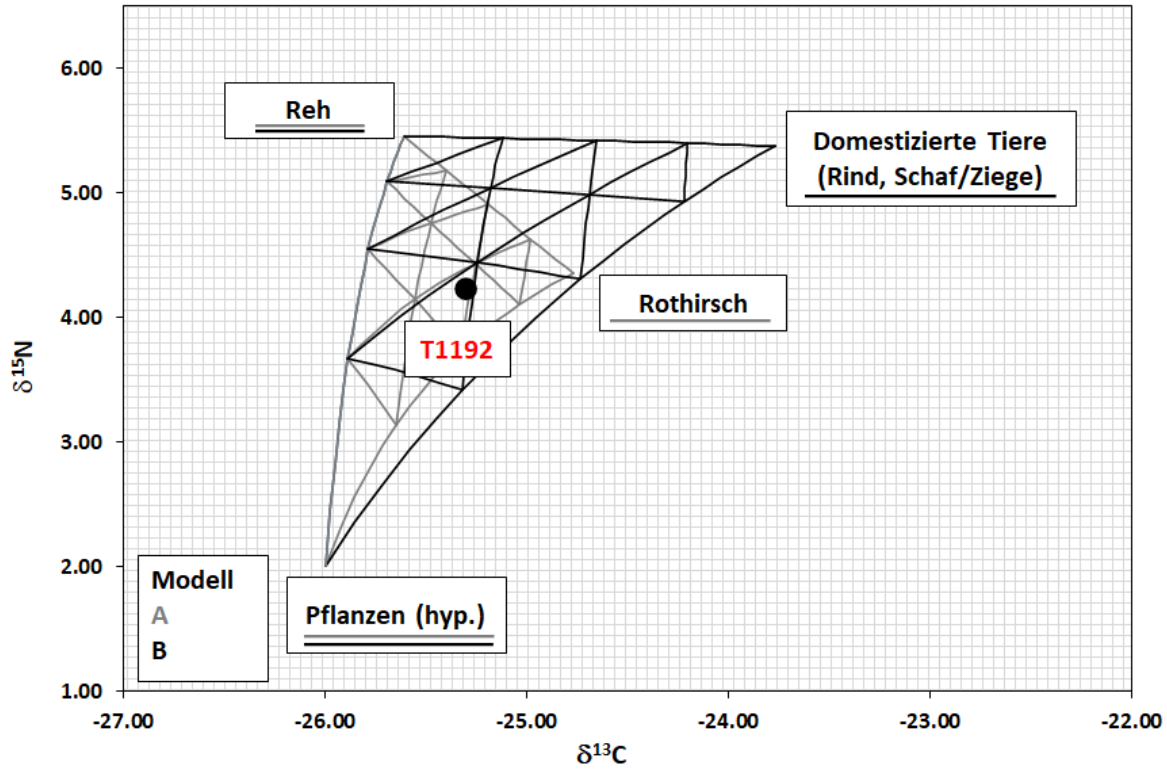


Abbildung 305: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1192. Erstellt mit IsoConc.

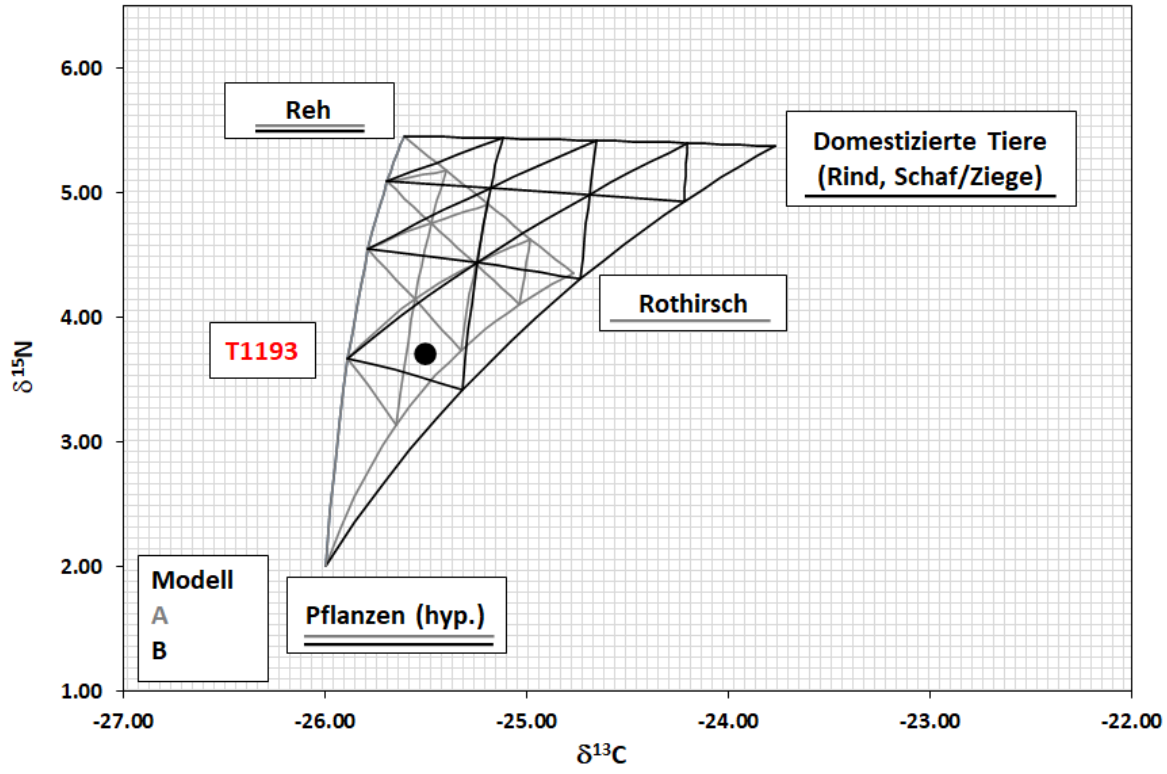


Abbildung 306: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1193. Erstellt mit IsoConc.

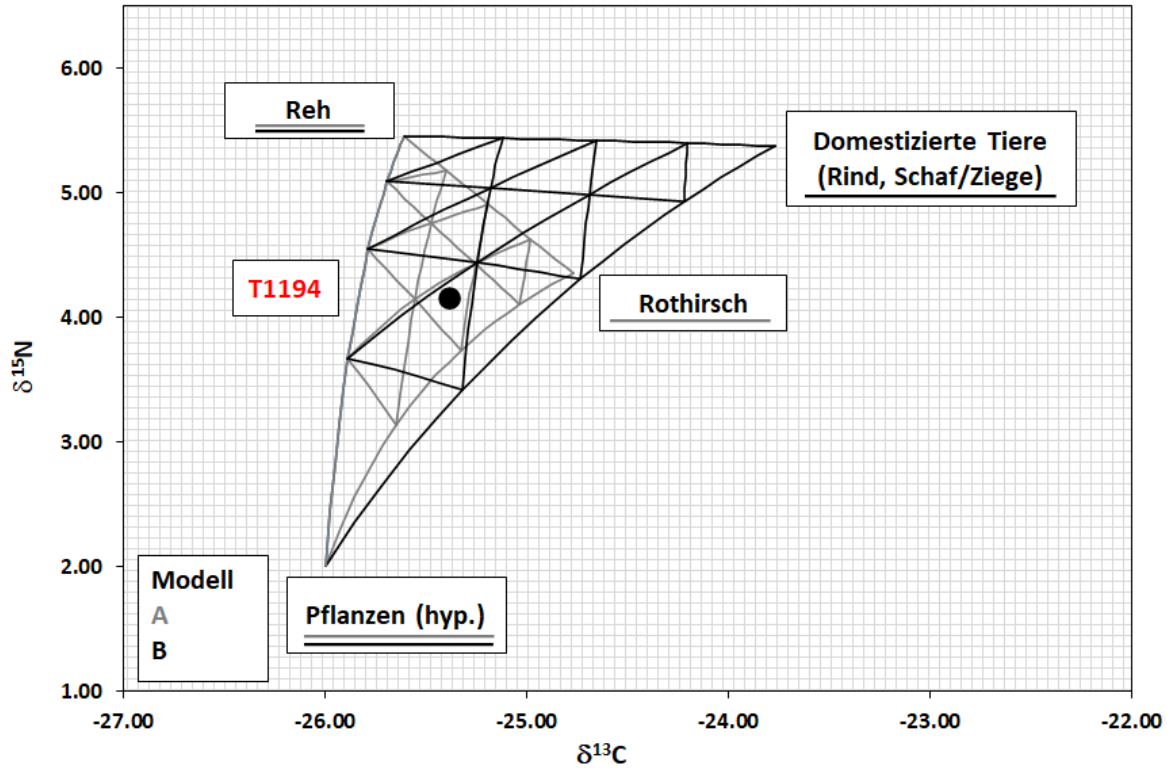


Abbildung 307: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1194. Erstellt mit IsoConc.

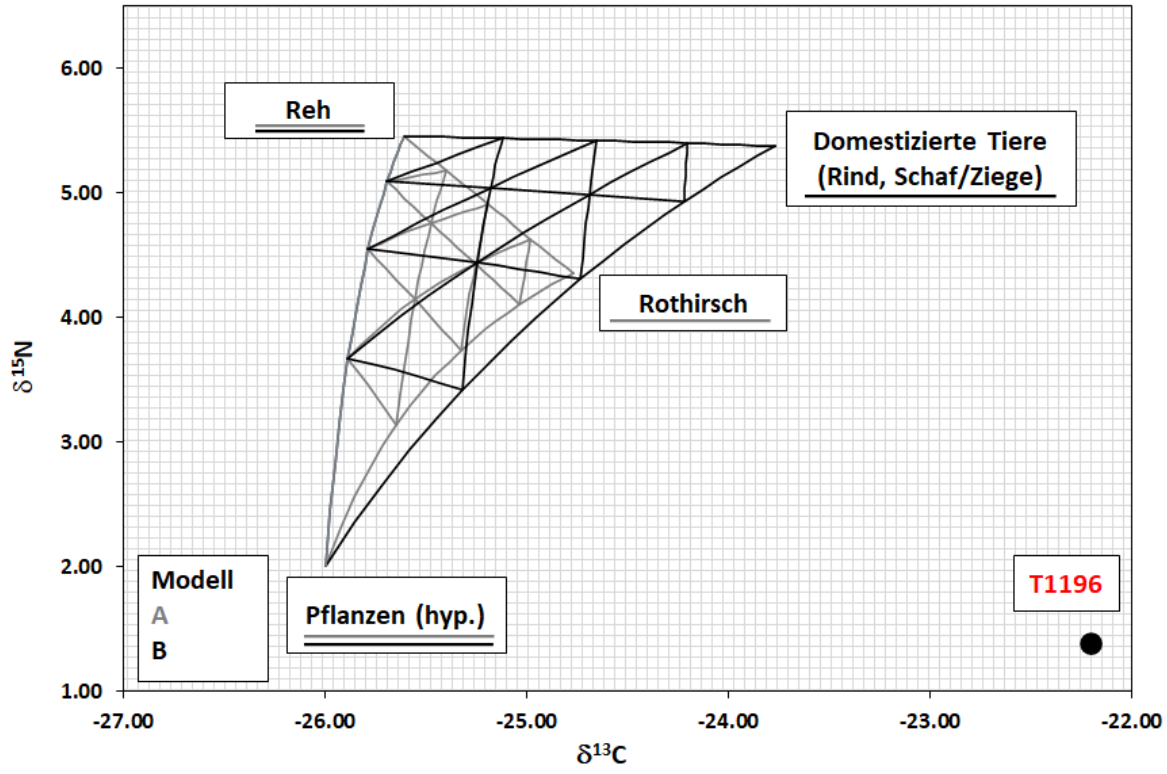


Abbildung 308: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1196. Erstellt mit IsoConc.

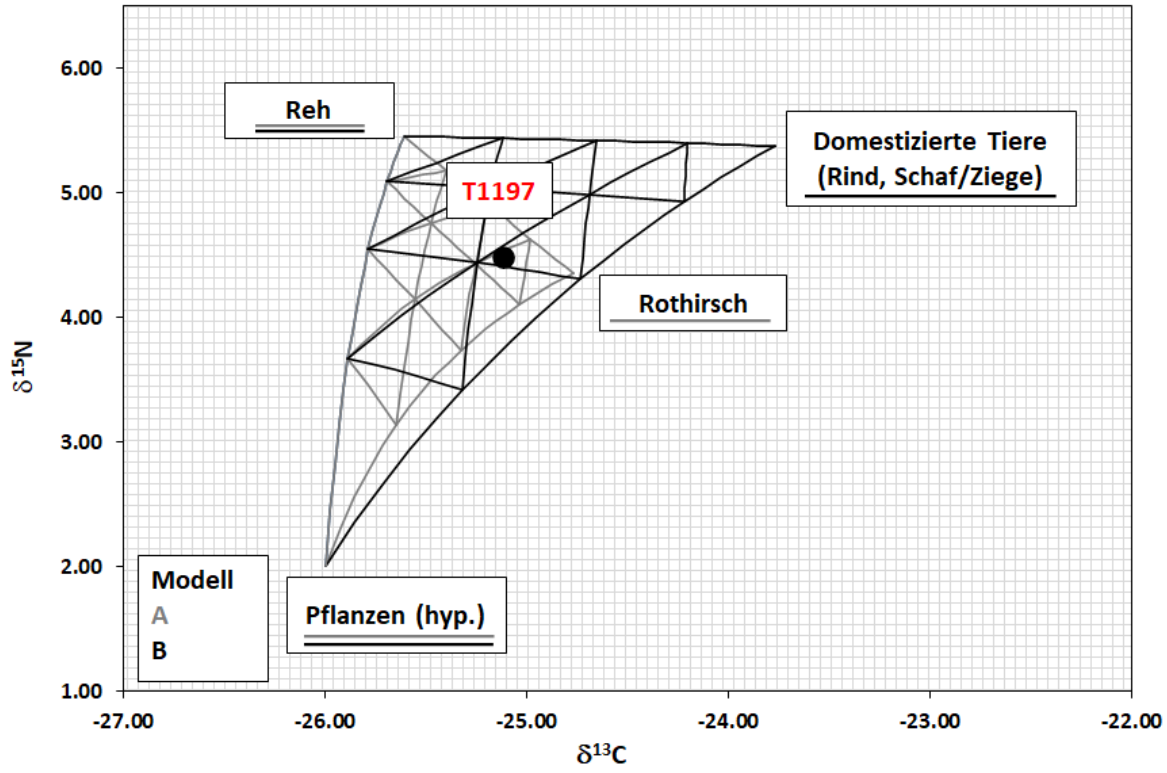


Abbildung 309: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1197. Erstellt mit IsoConc.

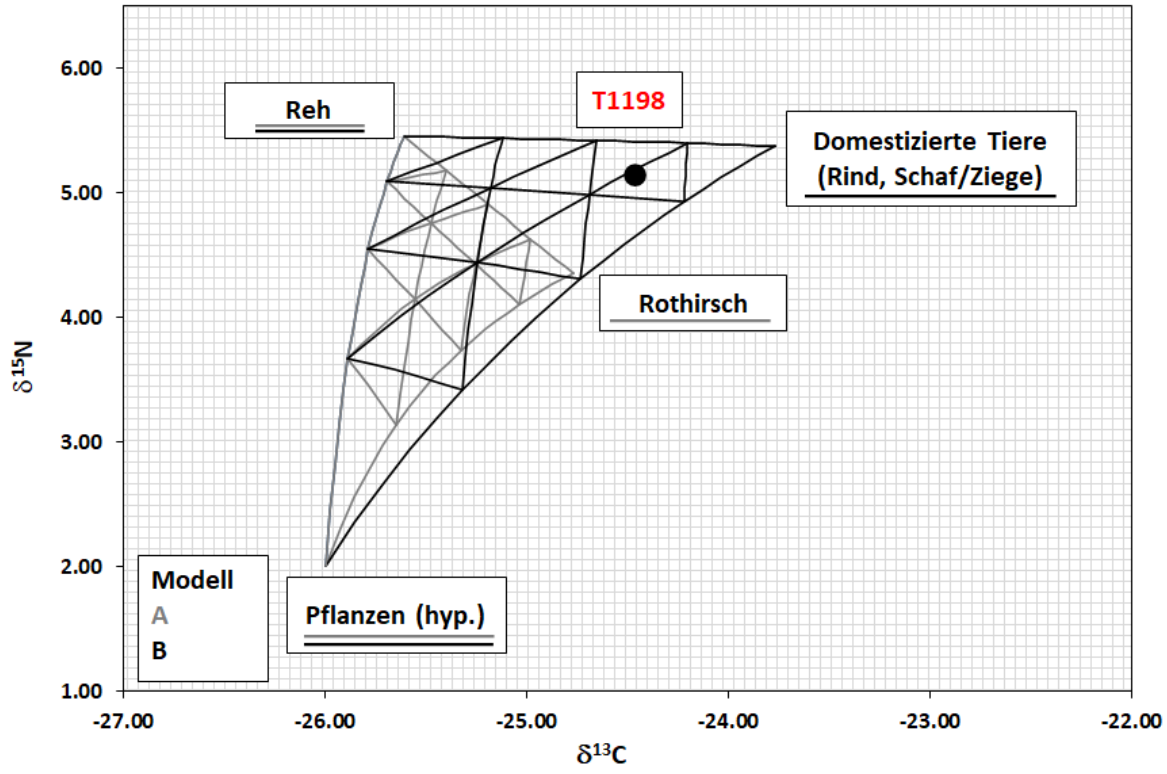


Abbildung 310: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1198. Erstellt mit IsoConc.

5.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 16: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Theopetra (T). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
T1185	Reh	50,4%
	Rothirsch	32,1%
	Pflanzen	17,5%
T1186	Reh	38,1%
	Rothirsch	49,1%
	Pflanzen	12,8%
T1187	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
T1188	Reh	21,7%
	Rothirsch	72,8%
	Pflanzen	5,5%
T1189	Reh	13,9%
	Rothirsch	61,8%
	Pflanzen	24,3%
T1190	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
T1191	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
T1192	Reh	18,1%
	Rothirsch	47,8%
	Pflanzen	34,1%
T1193	Reh	8,3%
	Rothirsch	33,1%
	Pflanzen	58,6%
T1194	Reh	18,3%
	Rothirsch	39,4%
	Pflanzen	42,3%
T1196	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x
T1197	Reh	22,6%
	Rothirsch	61,6%
	Pflanzen	15,8%
T1198	Reh	x
	Rothirsch	x
	Pflanzen	x

IsoConc -Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
T1185	Reh	46,7%
	Schaf/Ziege, Rind	16,4%
	Pflanzen	36,9%
T1186	Reh	34,6%
	Schaf/Ziege, Rind	24,6%
	Pflanzen	40,9%
T1187	Reh	29,0%
	Schaf/Ziege, Rind	68,4%
	Pflanzen	2,6%
T1188	Reh	19,8%
	Schaf/Ziege, Rind	35,7%
	Pflanzen	44,8%
T1189	Reh	16,2%
	Schaf/Ziege, Rind	30,1%
	Pflanzen	53,7%
T1190	Reh	20,0%
	Schaf/Ziege, Rind	41,1%
	Pflanzen	39,0%
T1191	Reh	x
	Schaf/Ziege, Rind	x
	Pflanzen	x
T1192	Reh	20,4%
	Schaf/Ziege, Rind	23,3%
	Pflanzen	56,3%
T1193	Reh	13,2%
	Schaf/Ziege, Rind	15,8%
	Pflanzen	71,0%
T1194	Reh	21,0%
	Schaf/Ziege, Rind	19,2%
	Pflanzen	59,9%
T1196	Reh	x
	Schaf/Ziege, Rind	x
	Pflanzen	x
T1197	Reh	22,0%
	Schaf/Ziege, Rind	30,3%
	Pflanzen	47,7%
T1198	Reh	22,0%
	Schaf/Ziege, Rind	61,5%
	Pflanzen	16,5%

5.3 MixSIAR: Abbildungen

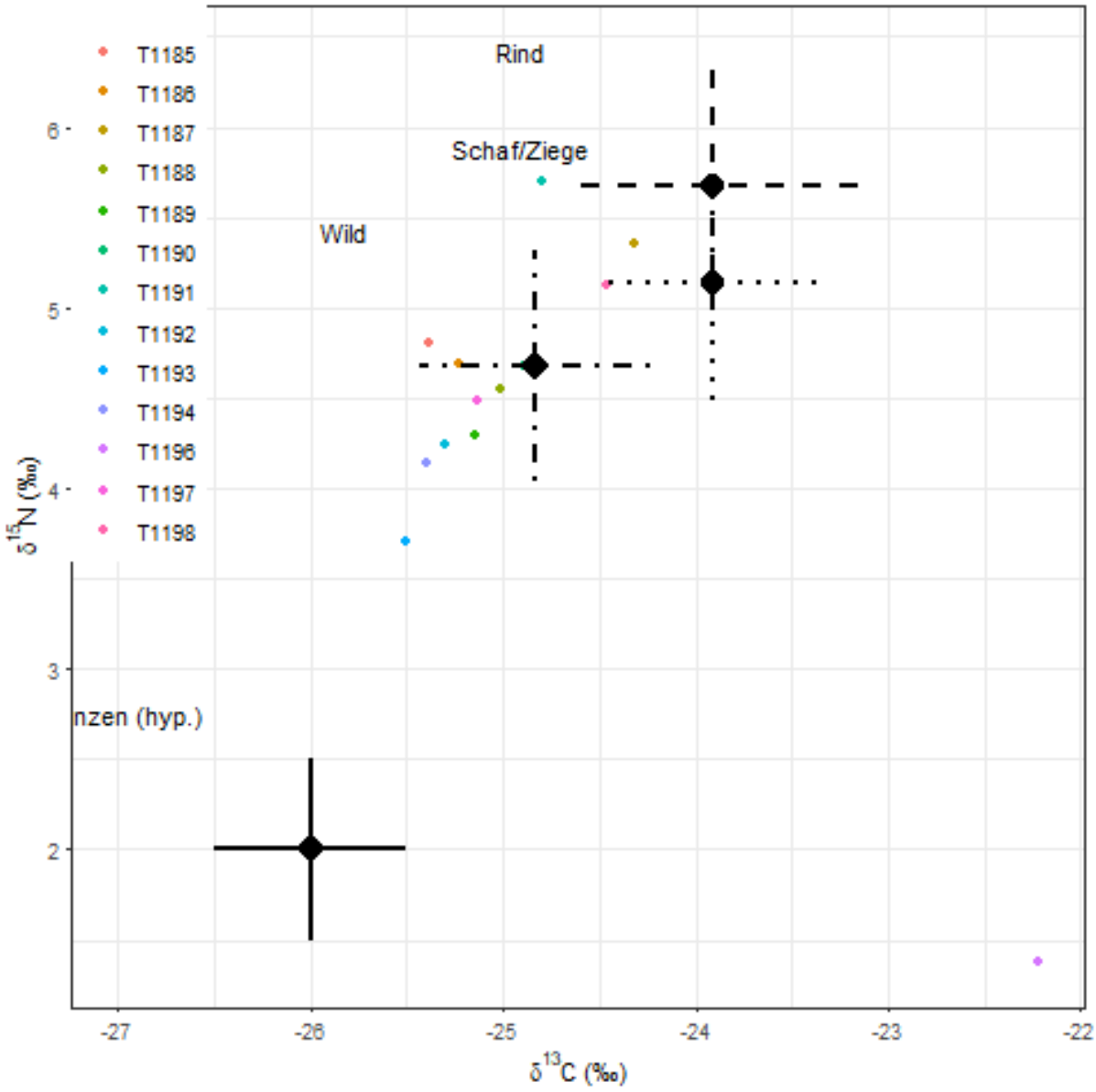


Abbildung 311: Isospace Plot der Individuen aus Theopetra. Erstellt mit MixSIAR.

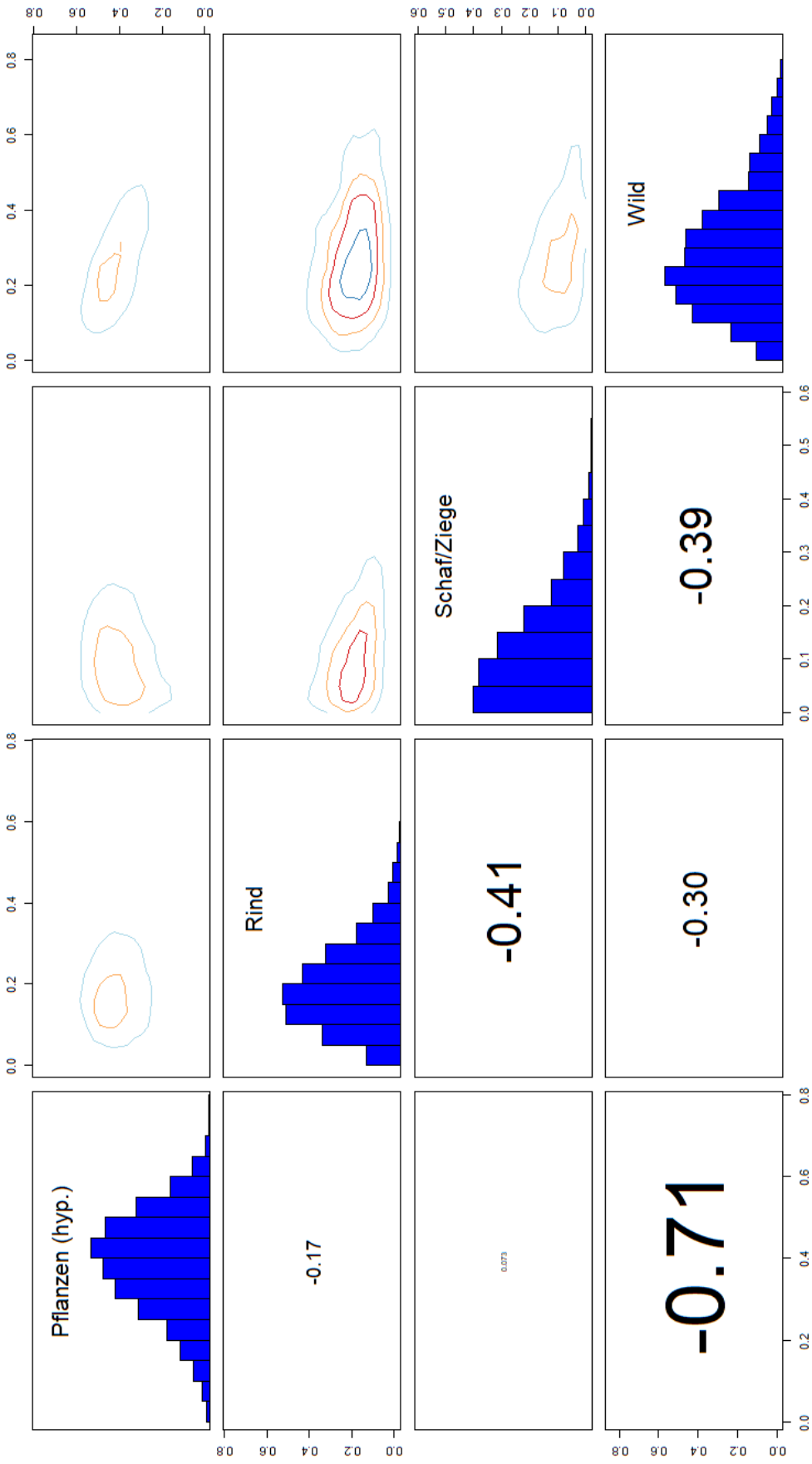


Abbildung 312: Pairs Plot der Population aus Theopetra. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

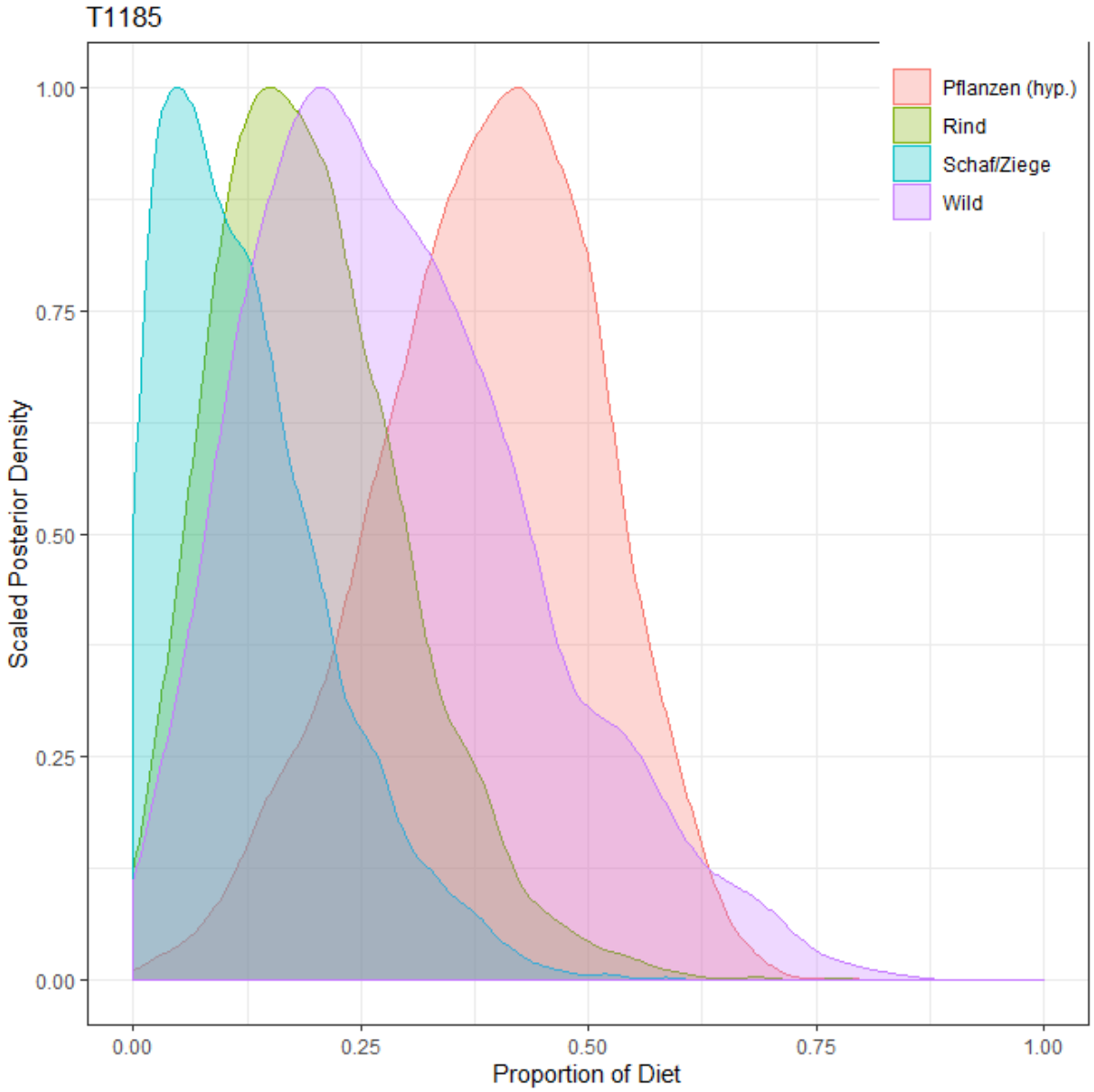


Abbildung 313: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1185. Erstellt mit MixSIAR.

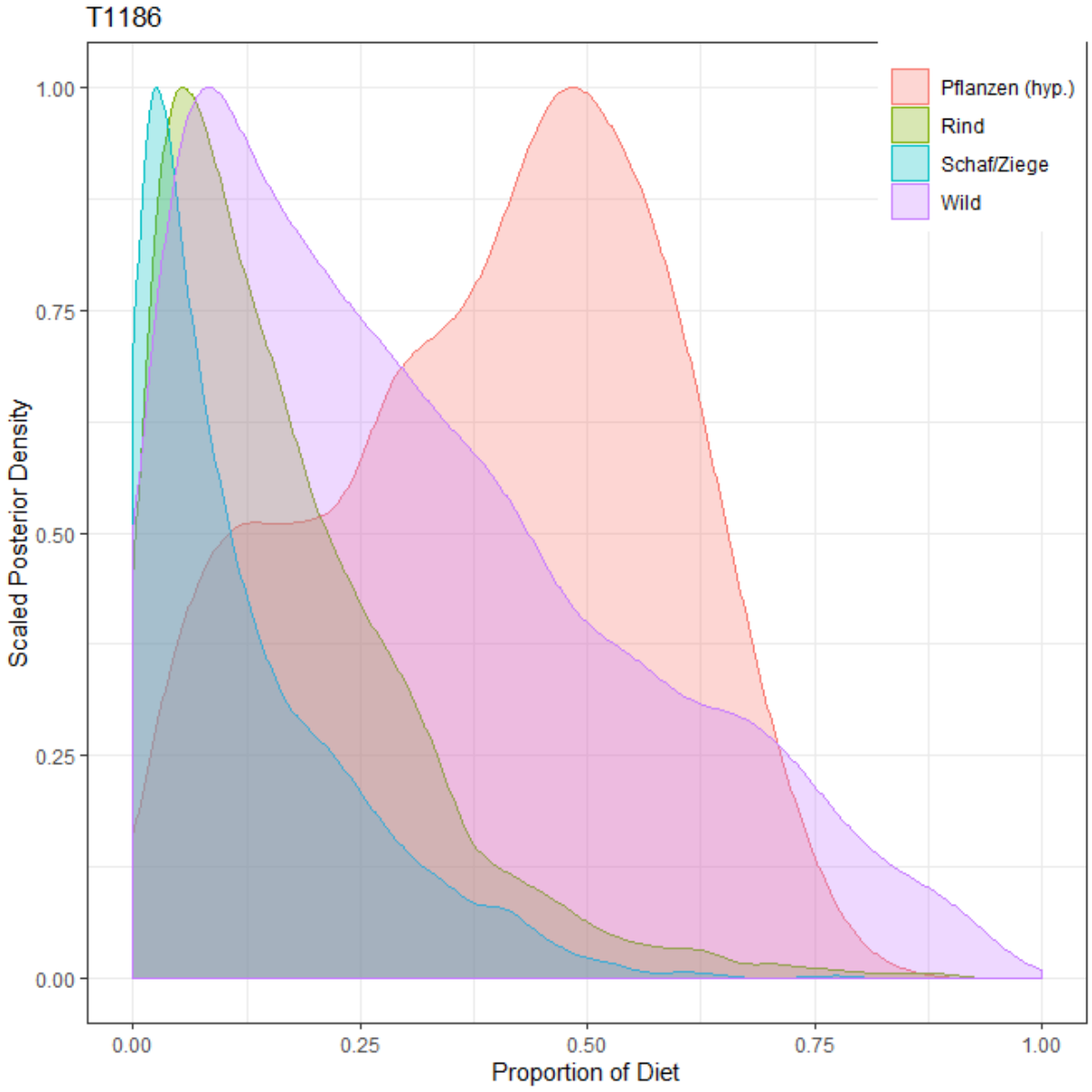


Abbildung 314: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1186. Erstellt mit MixSIAR.

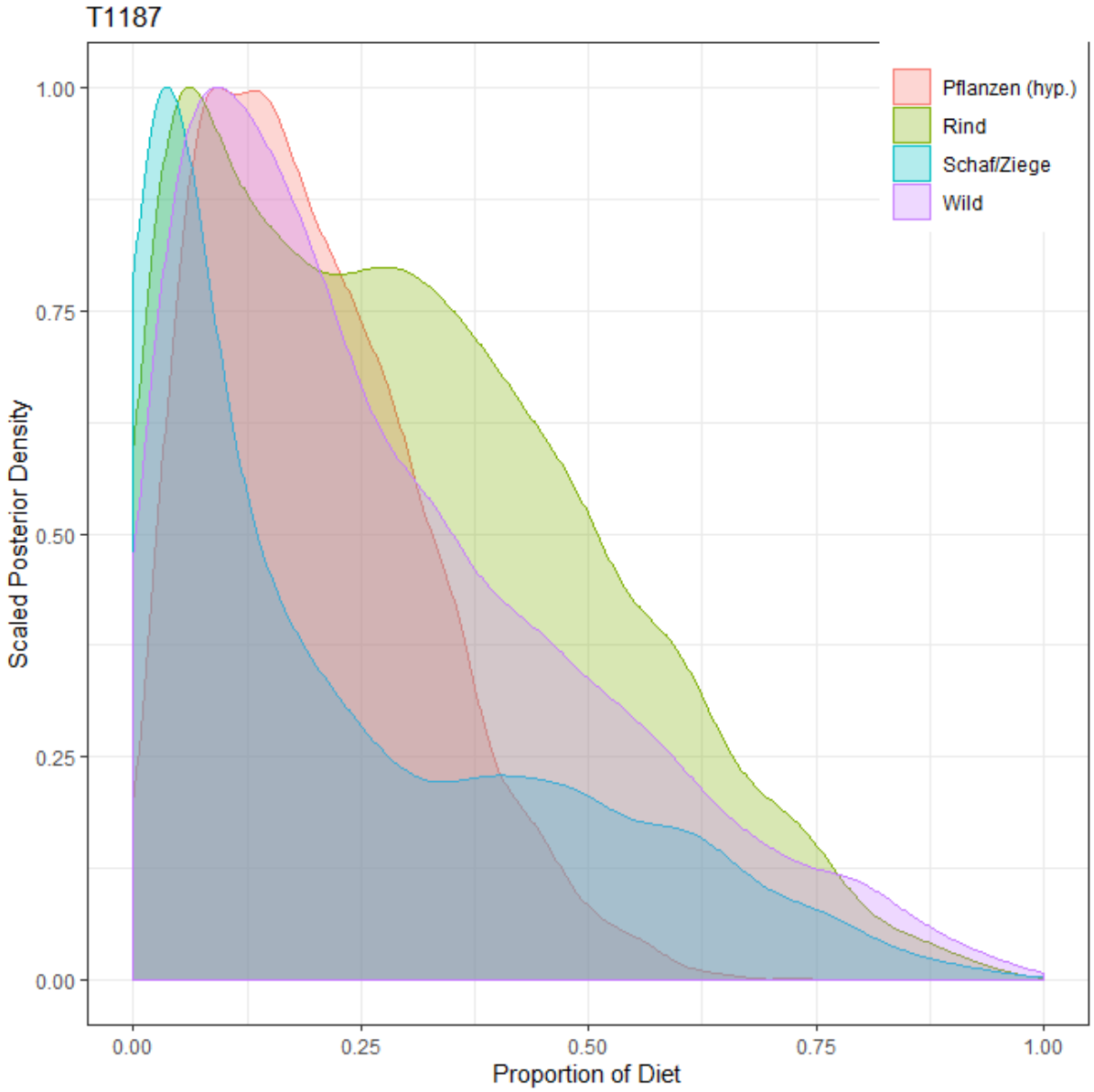


Abbildung 315: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1187. Erstellt mit MixSIAR.

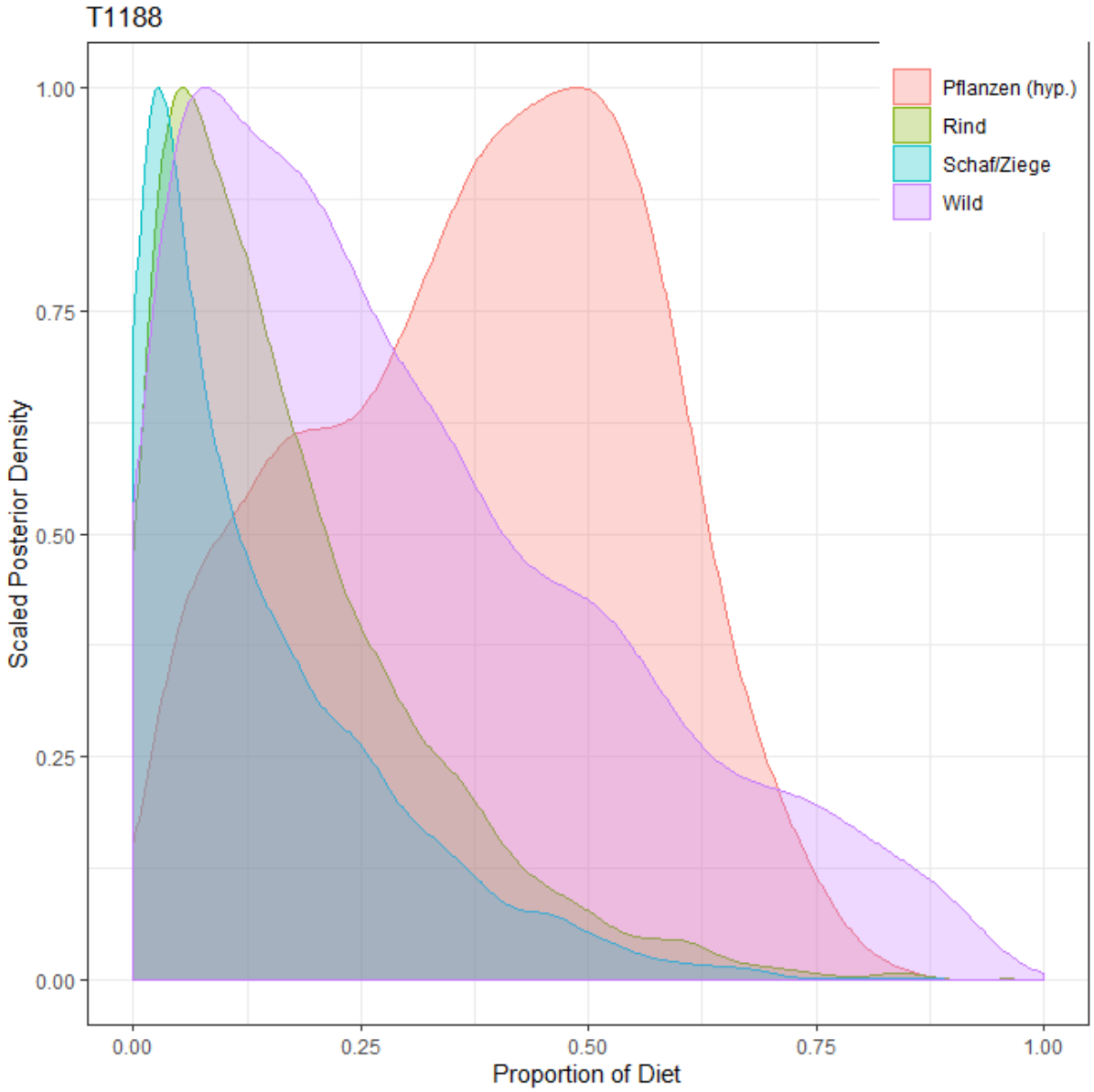


Abbildung 316: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1188. Erstellt mit MixSIAR.

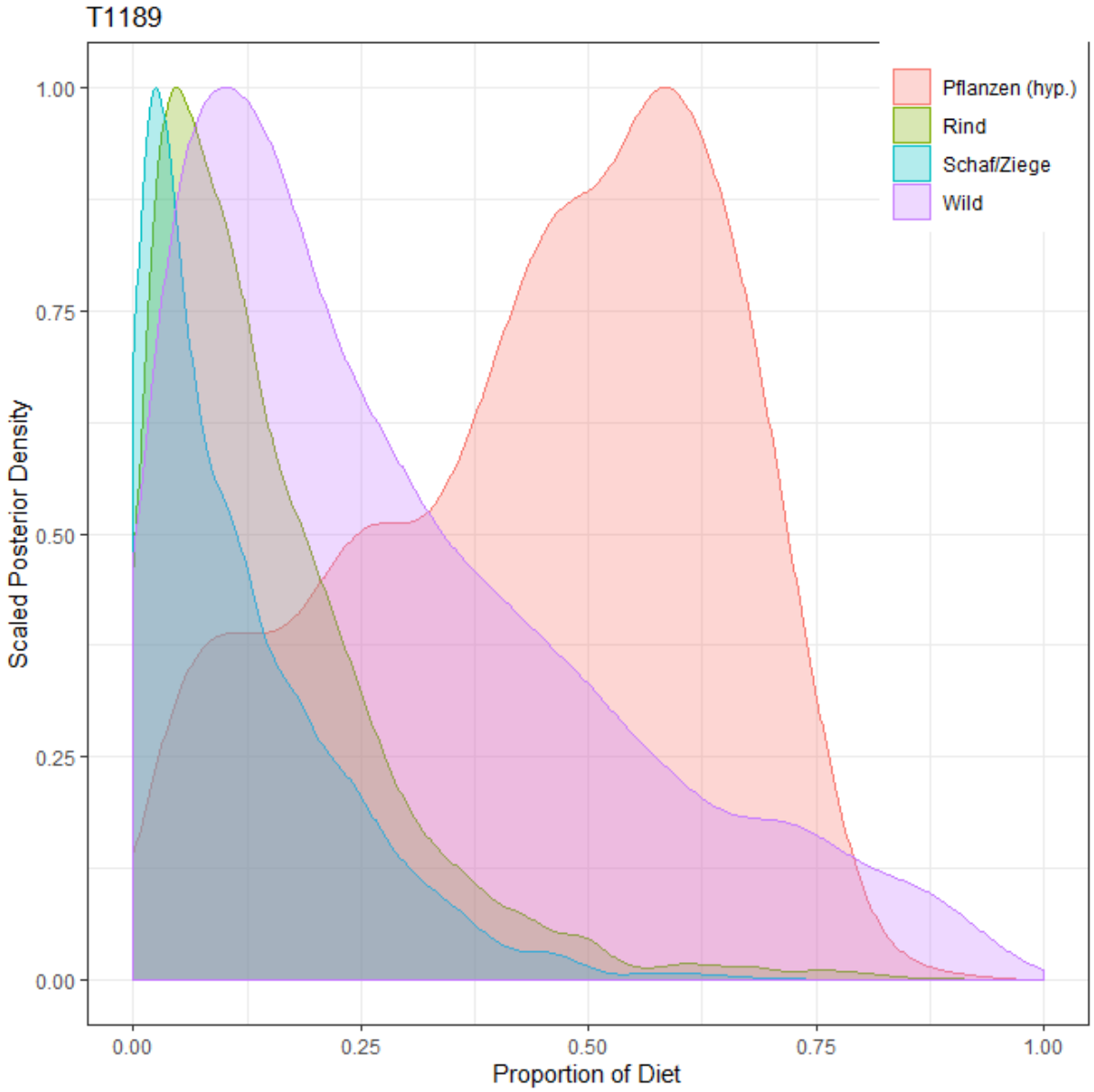


Abbildung 317: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1189. Erstellt mit MixSIAR.

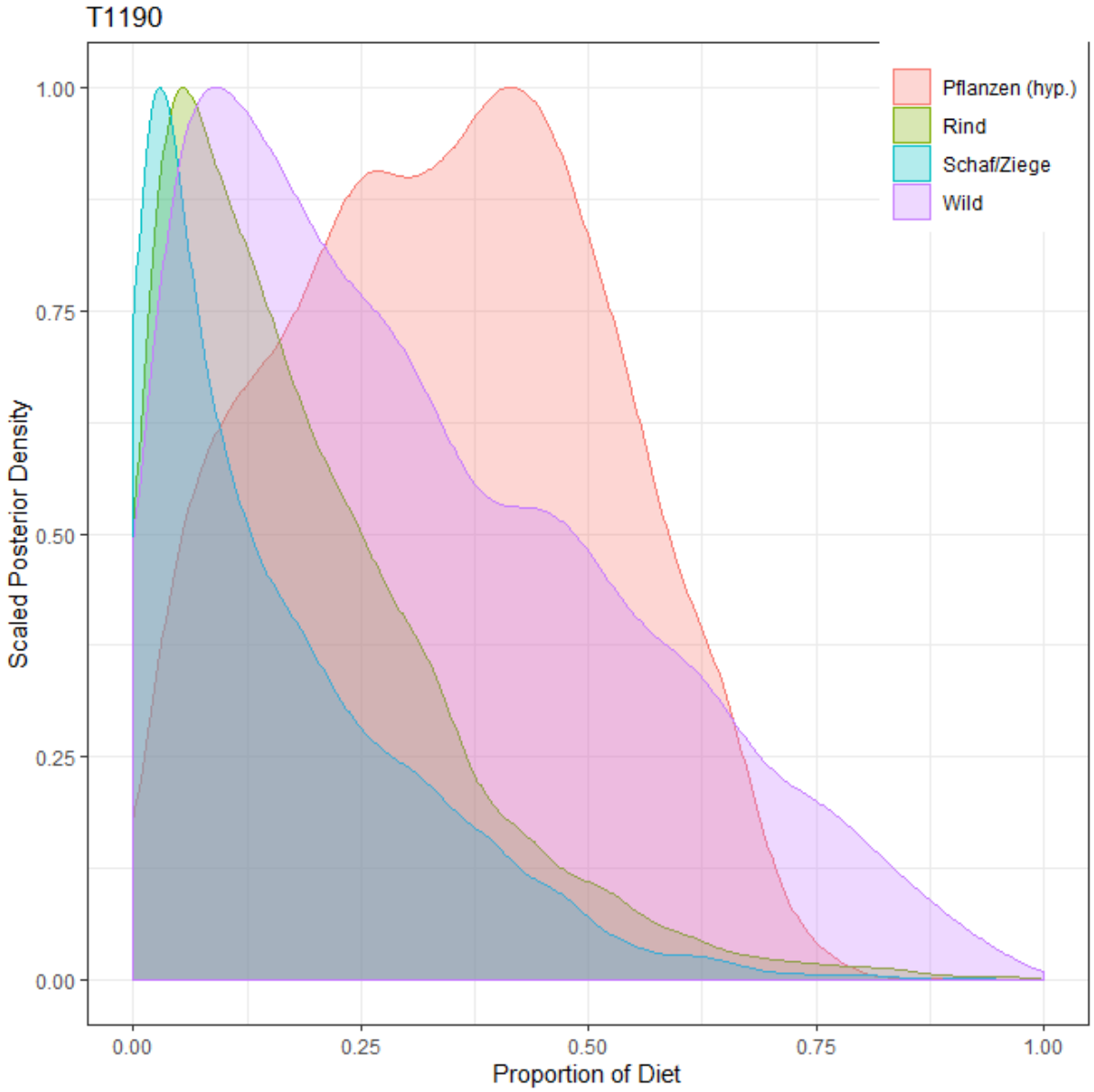


Abbildung 318: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1190. Erstellt mit MixSIAR.

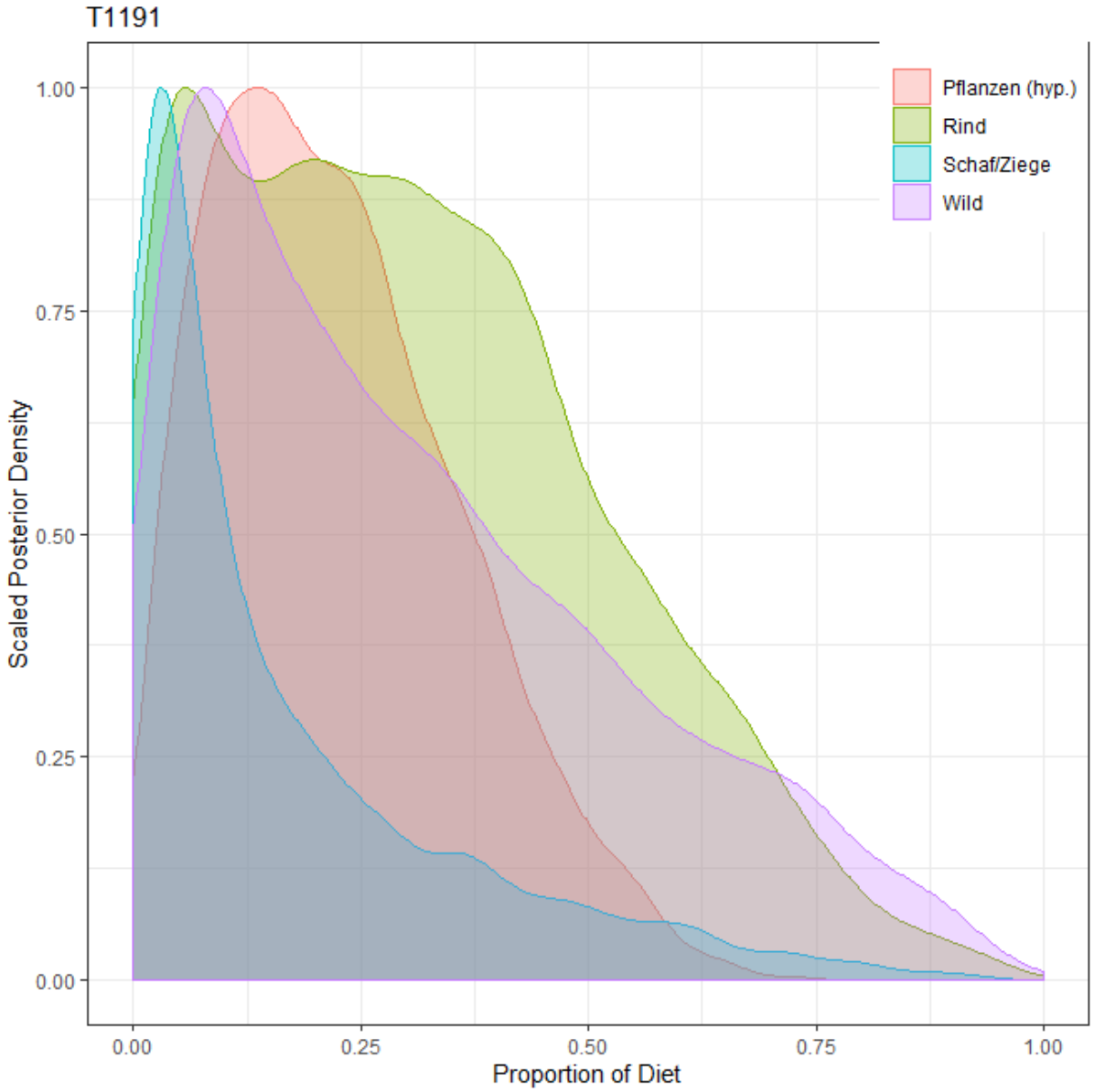


Abbildung 319: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1191. Erstellt mit MixSIAR.

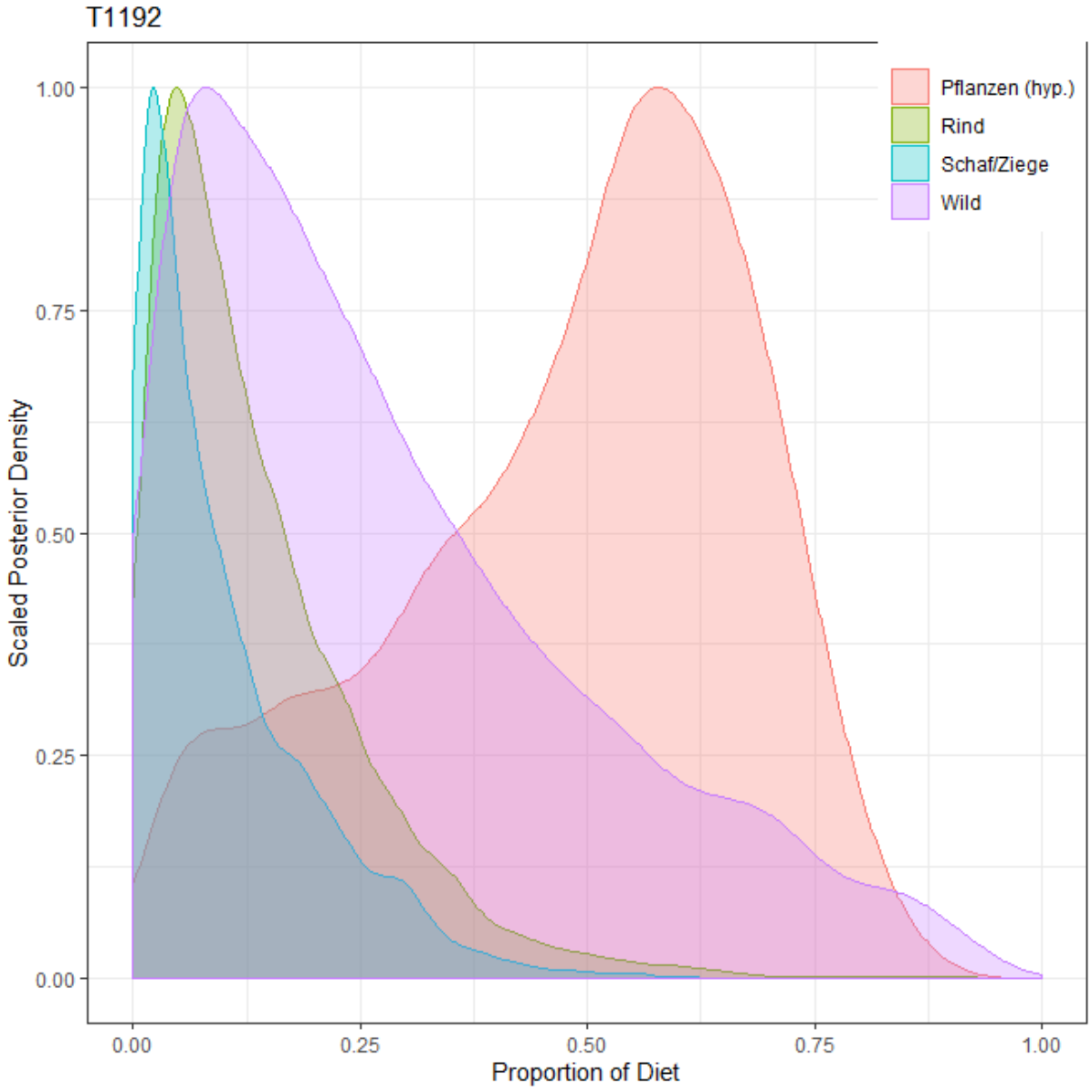


Abbildung 320

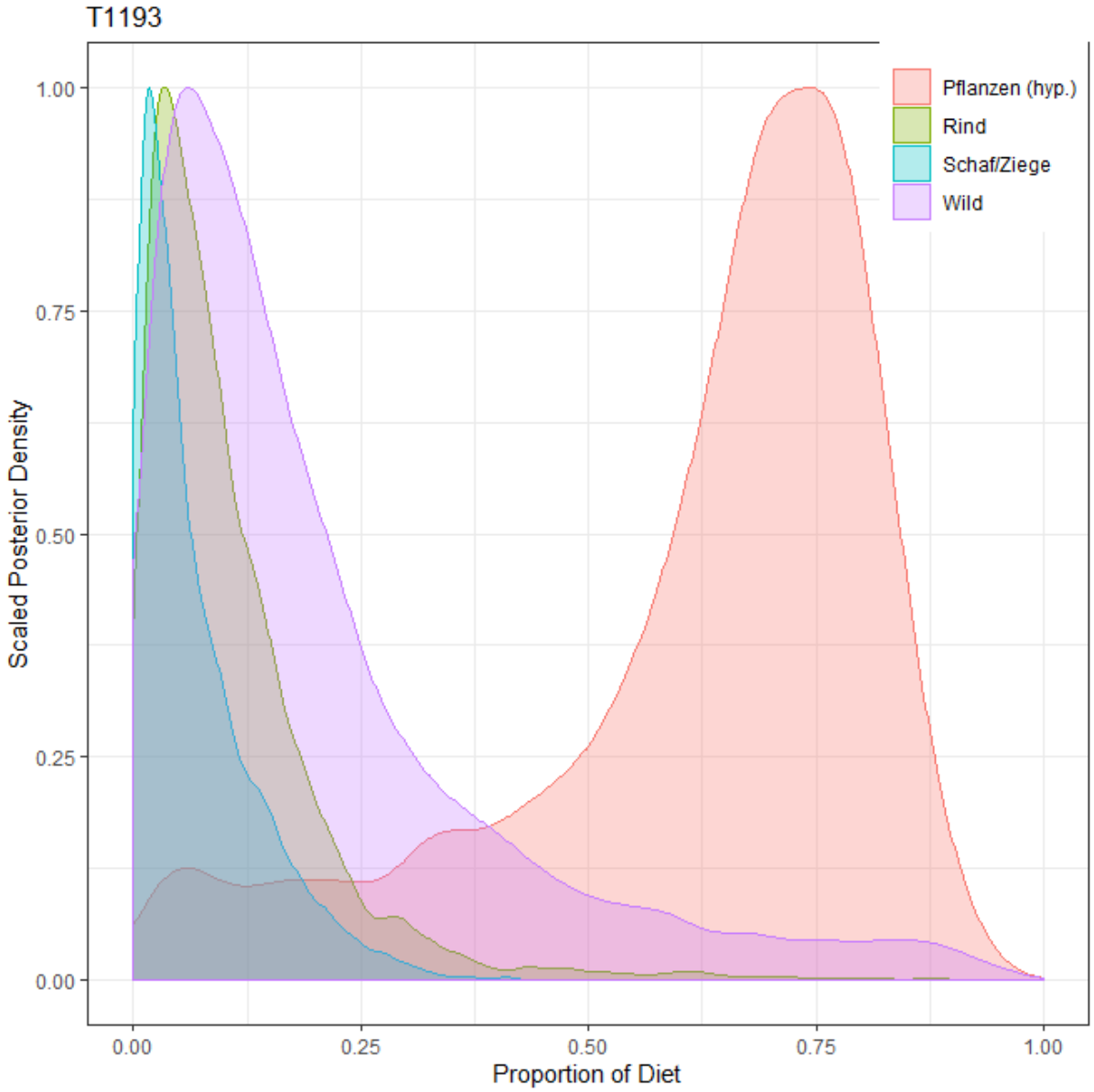
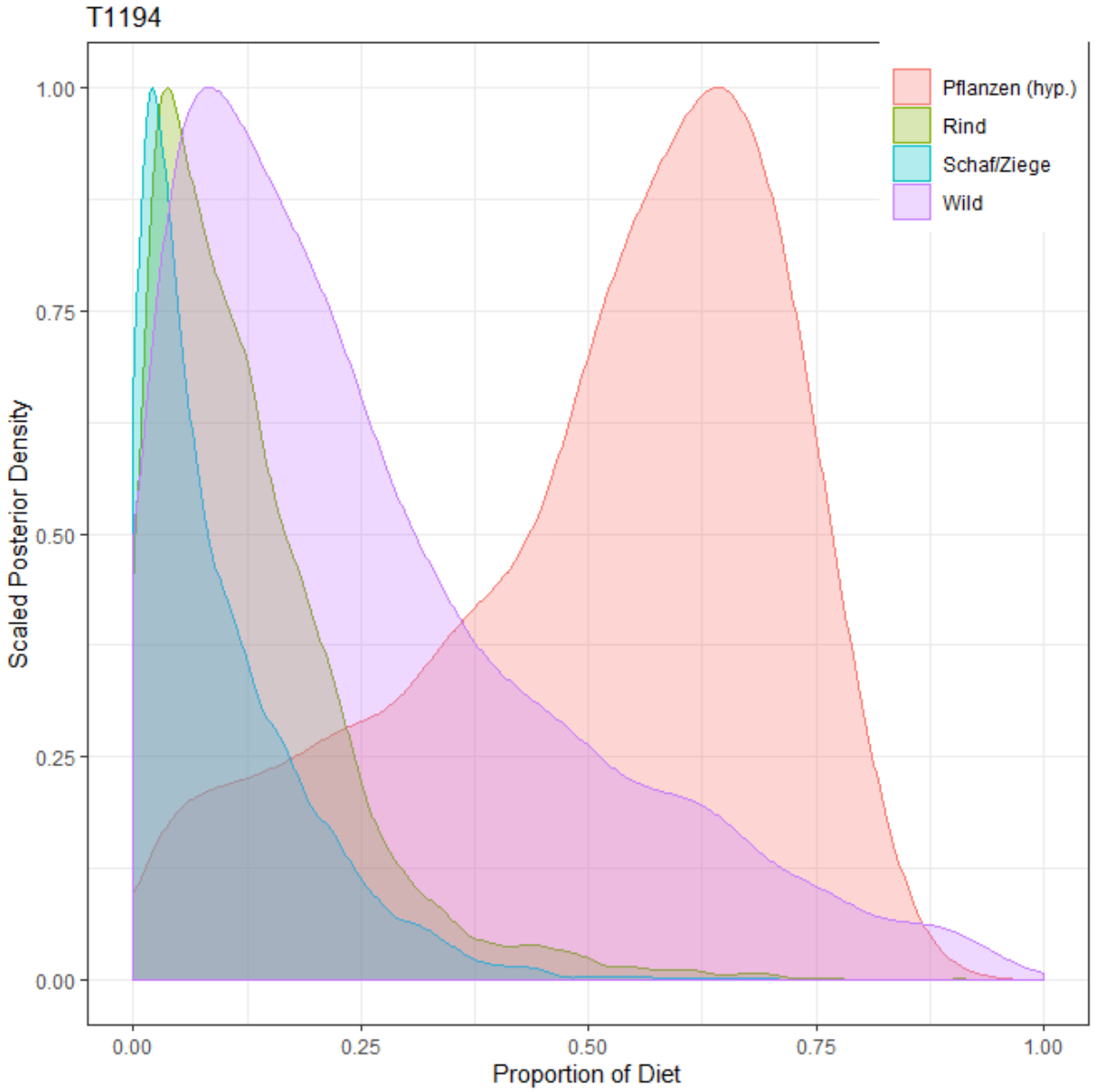


Abbildung 321: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1193. Erstellt mit MixSIAR.



A**bbildung 322**: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1194. Erstellt mit MixSIAR.

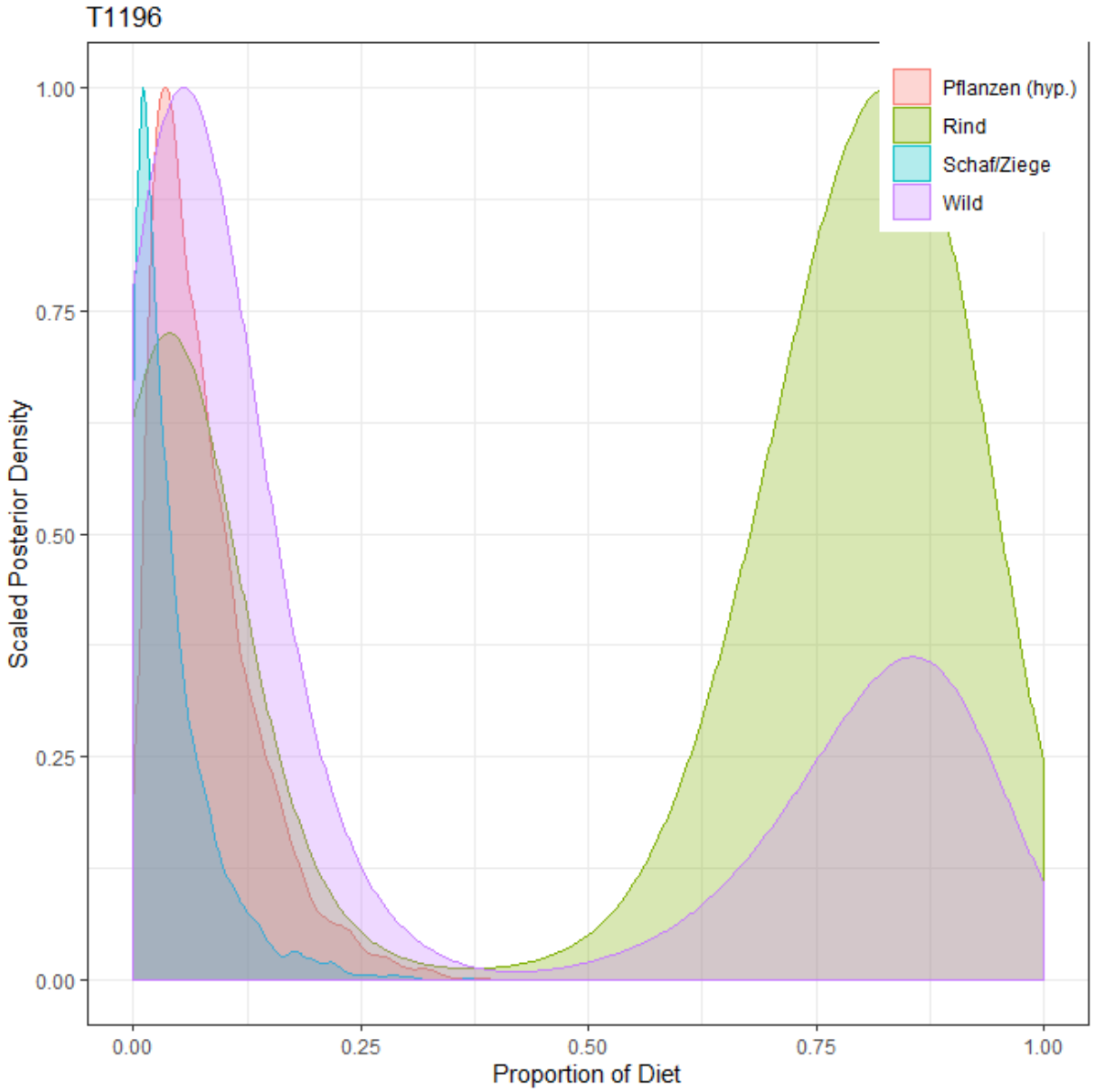


Abbildung 323: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1196. Erstellt mit MixSIAR.

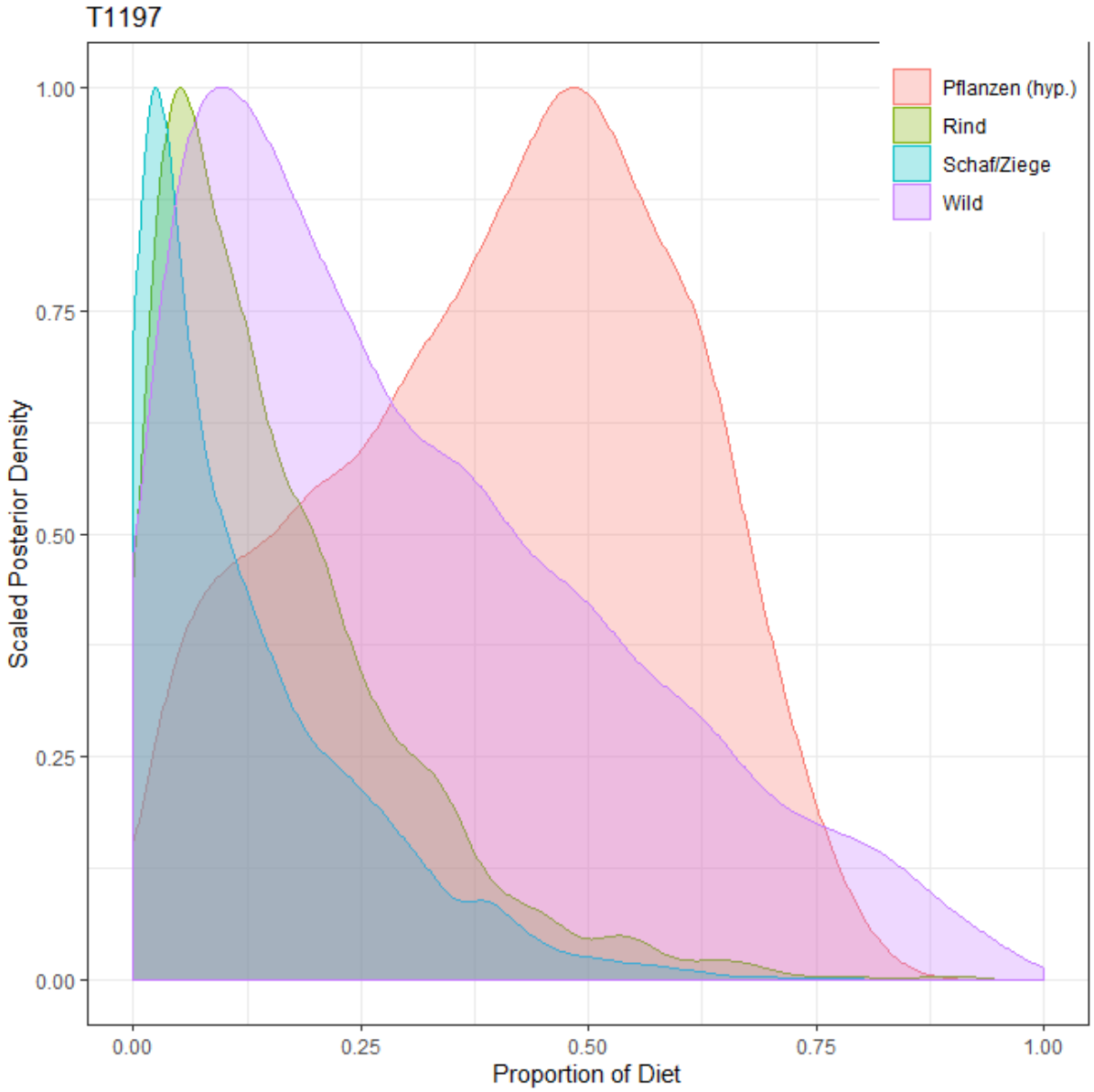


Abbildung 324: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1197. Erstellt mit MixSIAR.

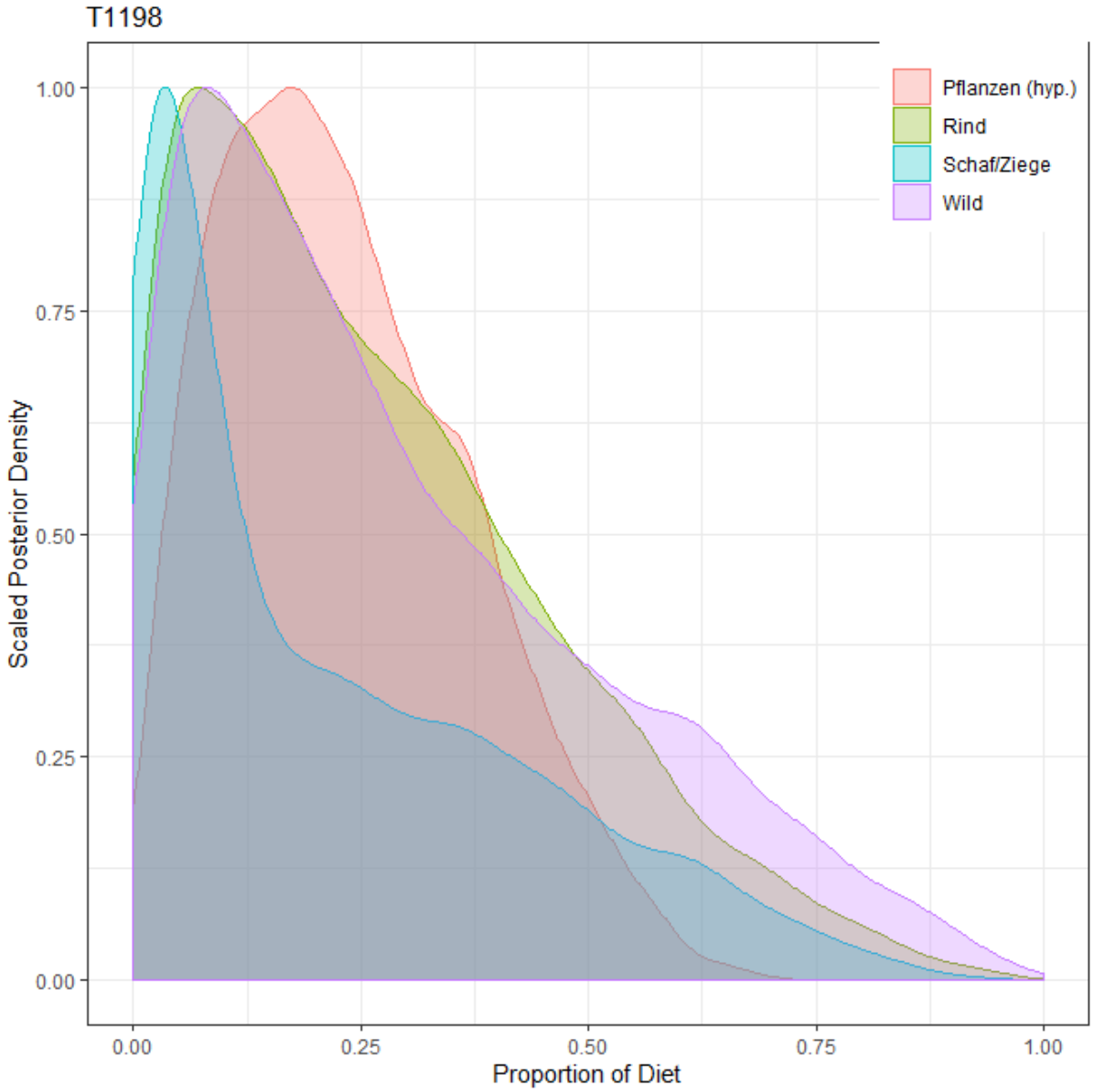


Abbildung 325: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1198. Erstellt mit MixSIAR.

5.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 17: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Theopetra (T). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2.50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97.50%**
T1185	Pflanzen	13,0%	38,8%	12,2%	39,6%	60,6%
	Rind	2,8%	19,7%	10,6%	18,4%	44,4%
	Schaf/Ziege	0,5%	12,6%	9,5%	10,8%	36,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	4,3%	28,9%	15,5%	26,7%	64,9%
T1186	Pflanzen	4,0%	39,5%	18,7%	41,9%	70,8%
	Rind	1,1%	17,1%	14,2%	13,5%	54,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,5%	12,4%	8,3%	43,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,6%	31,0%	23,0%	26,2%	82,7%
T1187	Pflanzen	2,5%	19,9%	12,2%	17,9%	47,6%
	Rind	1,1%	29,7%	20,8%	27,3%	74,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	22,6%	22,6%	13,7%	75,7%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,4%	27,8%	21,5%	22,2%	79,6%
T1188	Pflanzen	4,3%	38,2%	18,1%	39,8%	70,0%
	Rind	1,0%	17,3%	14,5%	13,3%	55,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,3%	14,2%	9,6%	50,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,6%	30,2%	22,8%	24,8%	83,0%
T1189	Pflanzen	4,5%	44,3%	19,8%	47,4%	74,8%
	Rind	0,8%	15,1%	13,2%	11,5%	49,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,8%	11,4%	8,4%	40,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,5%	28,8%	22,7%	22,6%	83,7%
T1190	Pflanzen	4,0%	34,2%	17,2%	34,6%	65,8%
	Rind	1,0%	19,0%	15,8%	15,0%	59,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,7%	15,2%	10,9%	53,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,7%	31,1%	22,6%	26,3%	81,1%
T1191	Pflanzen	2,5%	22,5%	13,5%	20,9%	53,1%
	Rind	1,0%	30,4%	20,9%	28,3%	75,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,7%	18,6%	9,2%	67,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,4%	30,3%	23,1%	24,9%	83,0%
T1192	Pflanzen	5,2%	47,9%	19,9%	52,0%	78,0%
	Rind	0,8%	13,9%	11,9%	10,7%	45,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,3%	10,2%	7,0%	35,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,5%	28,0%	21,8%	22,5%	81,1%
T1193	Pflanzen	6,3%	62,0%	20,7%	68,3%	87,3%
	Rind	0,7%	10,6%	10,3%	7,9%	37,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,0%	6,9%	4,7%	24,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,1%	20,3%	19,4%	14,0%	78,4%
T1194	Pflanzen	5,5%	51,2%	20,1%	55,9%	79,7%
	Rind	0,8%	12,9%	11,1%	10,3%	43,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,6%	9,5%	6,5%	33,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,3%	26,3%	21,4%	20,5%	79,5%
T1196	Pflanzen	1,1%	7,9%	5,9%	6,5%	23,4%
	Rind	0,6%	55,7%	36,3%	74,5%	94,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	4,5%	4,9%	2,9%	18,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	31,8%	36,0%	9,7%	94,1%
T1197	Pflanzen	4,4%	40,6%	19,0%	42,6%	72,5%
	Rind	0,9%	16,2%	13,7%	12,3%	53,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,7%	12,8%	8,6%	45,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,6%	30,5%	22,8%	25,0%	83,5%
T1198	Pflanzen	2,7%	23,3%	13,5%	21,5%	52,7%
	Rind	1,1%	26,2%	19,6%	22,2%	71,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	21,7%	20,9%	14,4%	69,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,3%	28,9%	22,4%	23,3%	80,8%

5.5 SISUS: Abbildungen

T 1185

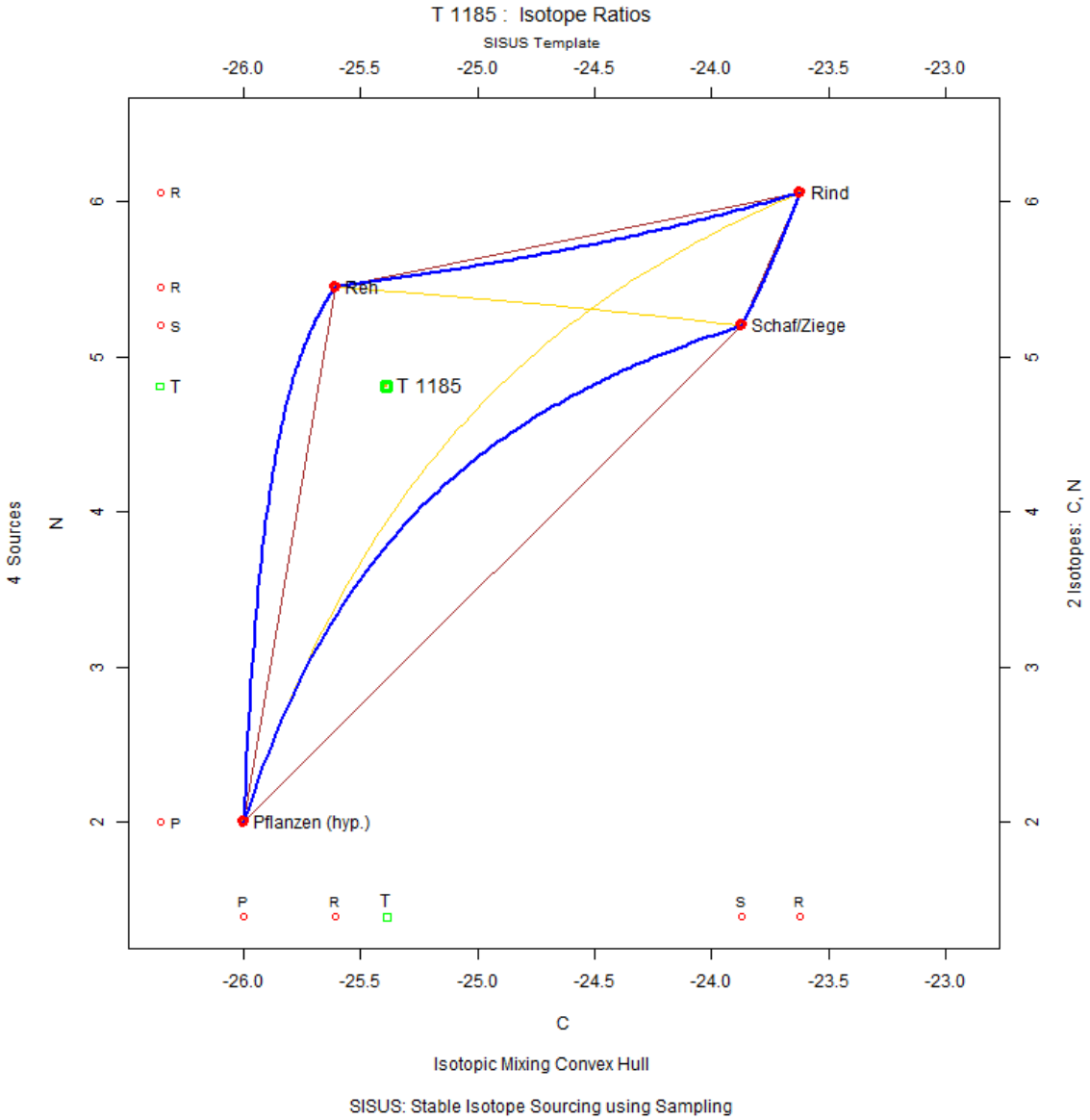


Abbildung 326: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1185. Erstellt mit SISUS.

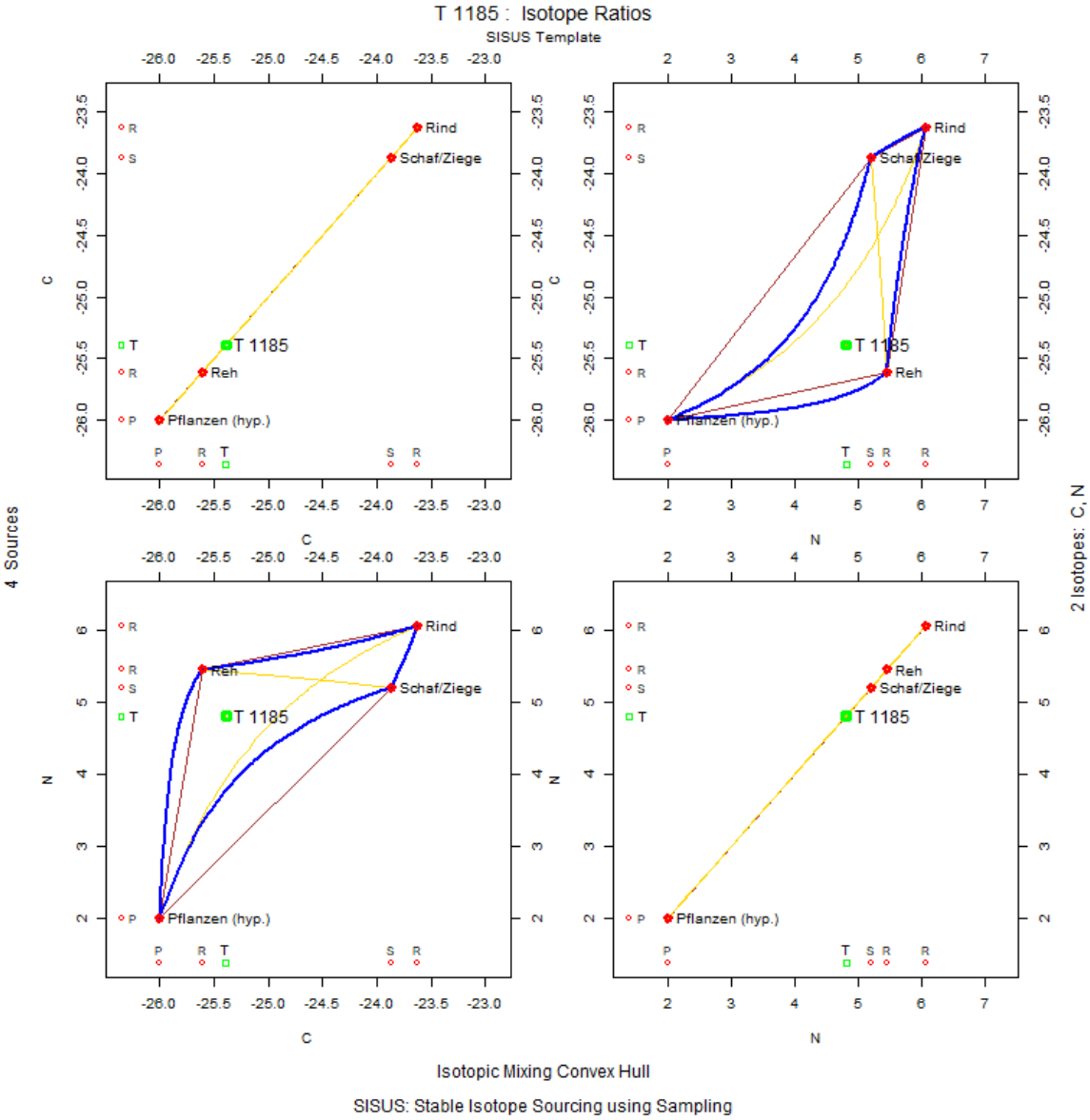


Abbildung 327: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1185 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

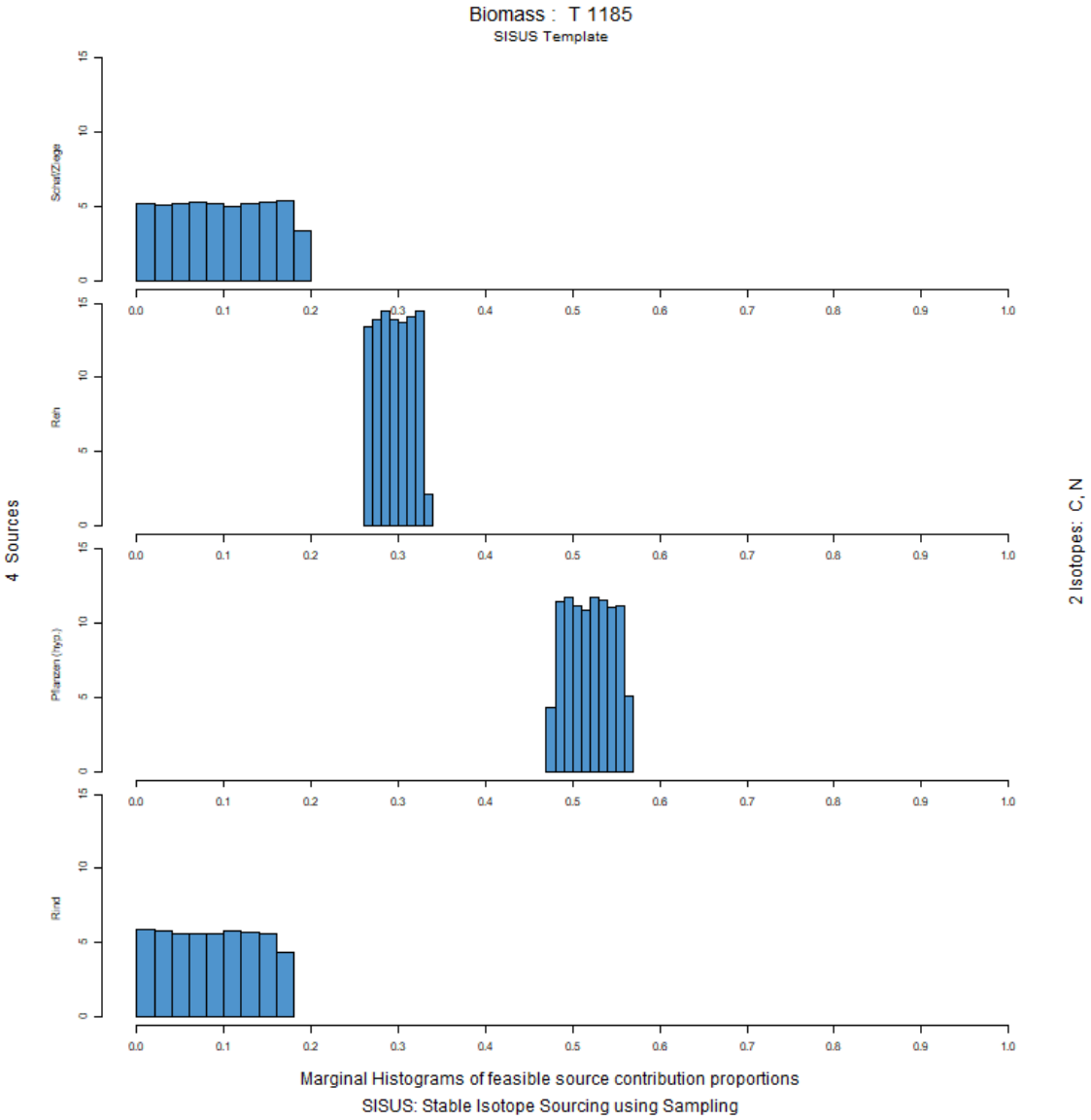


Abbildung 328: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1185. Erstellt mit SISUS.

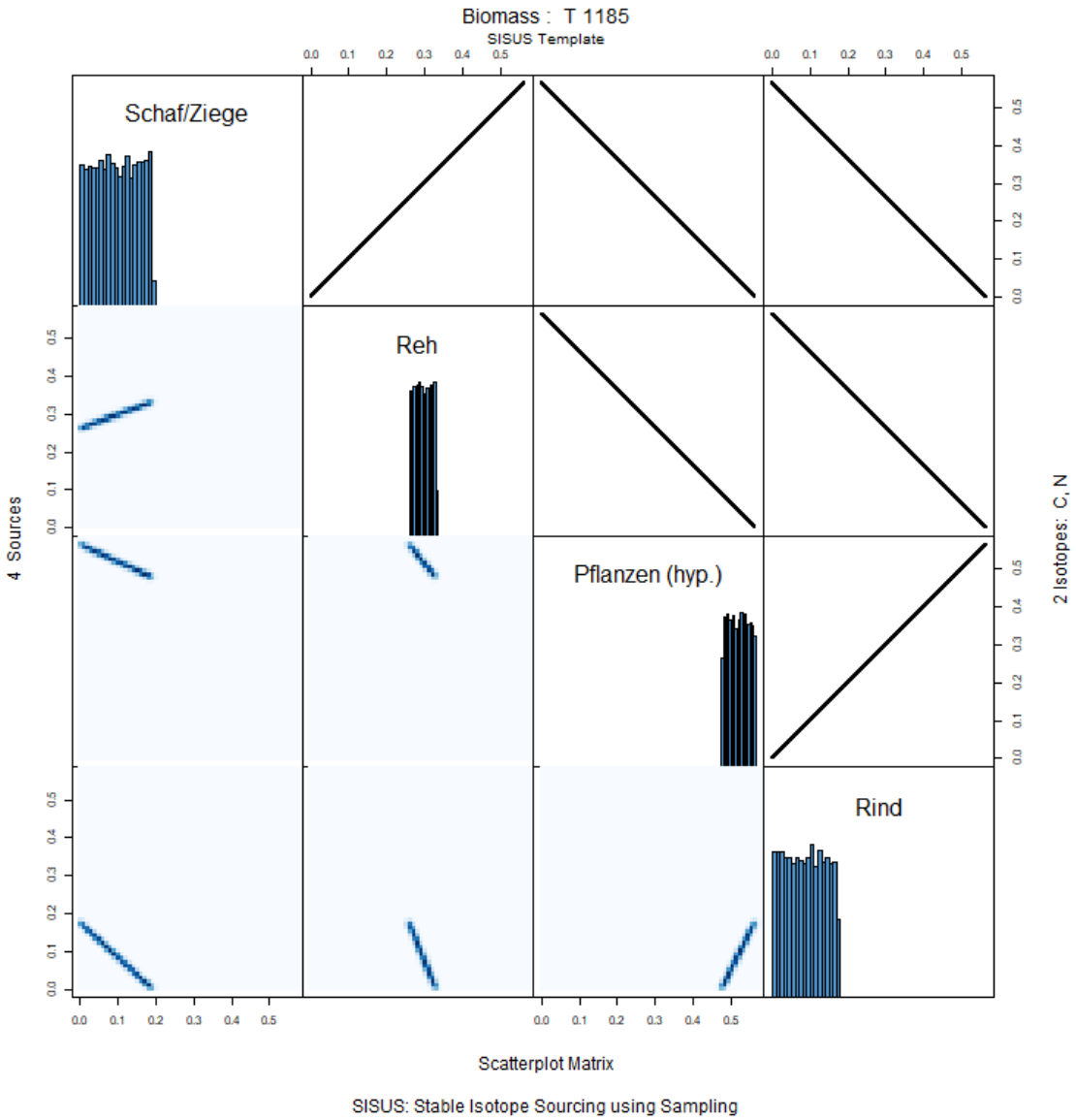


Abbildung 329: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1185. Erstellt mit SISUS.

T 1186

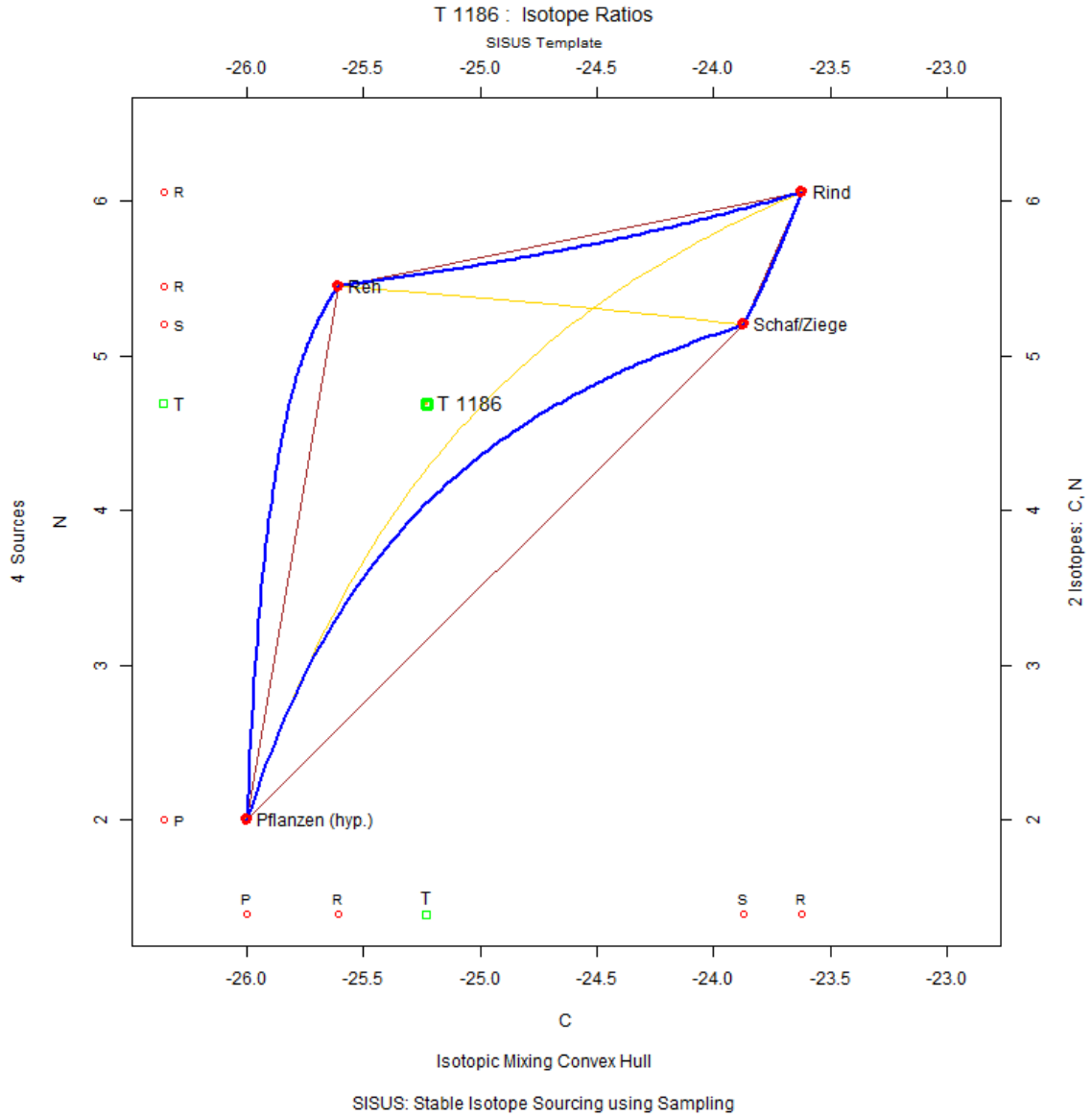


Abbildung 330: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1186. Erstellt mit SISUS.

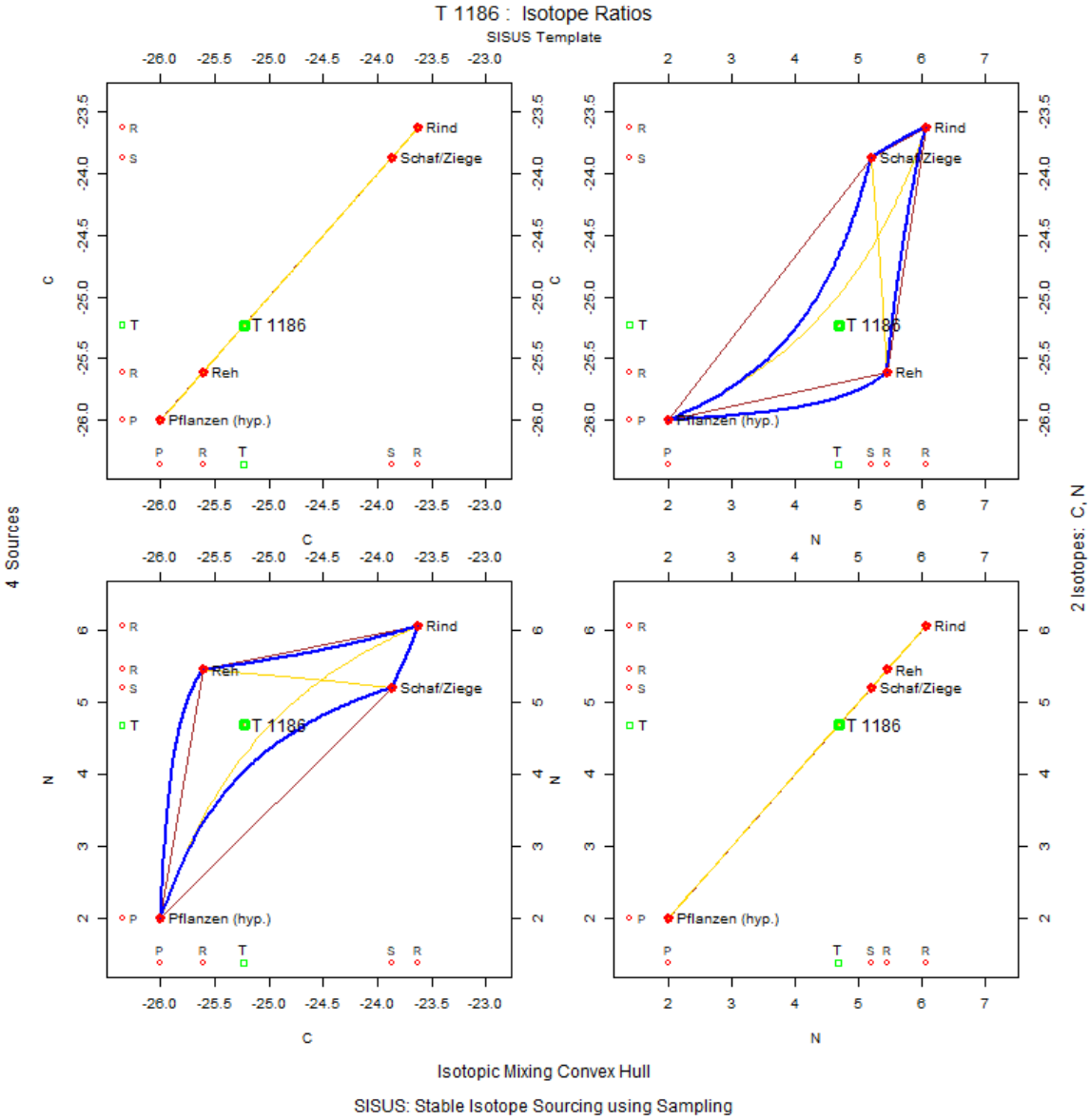


Abbildung 331: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1186 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

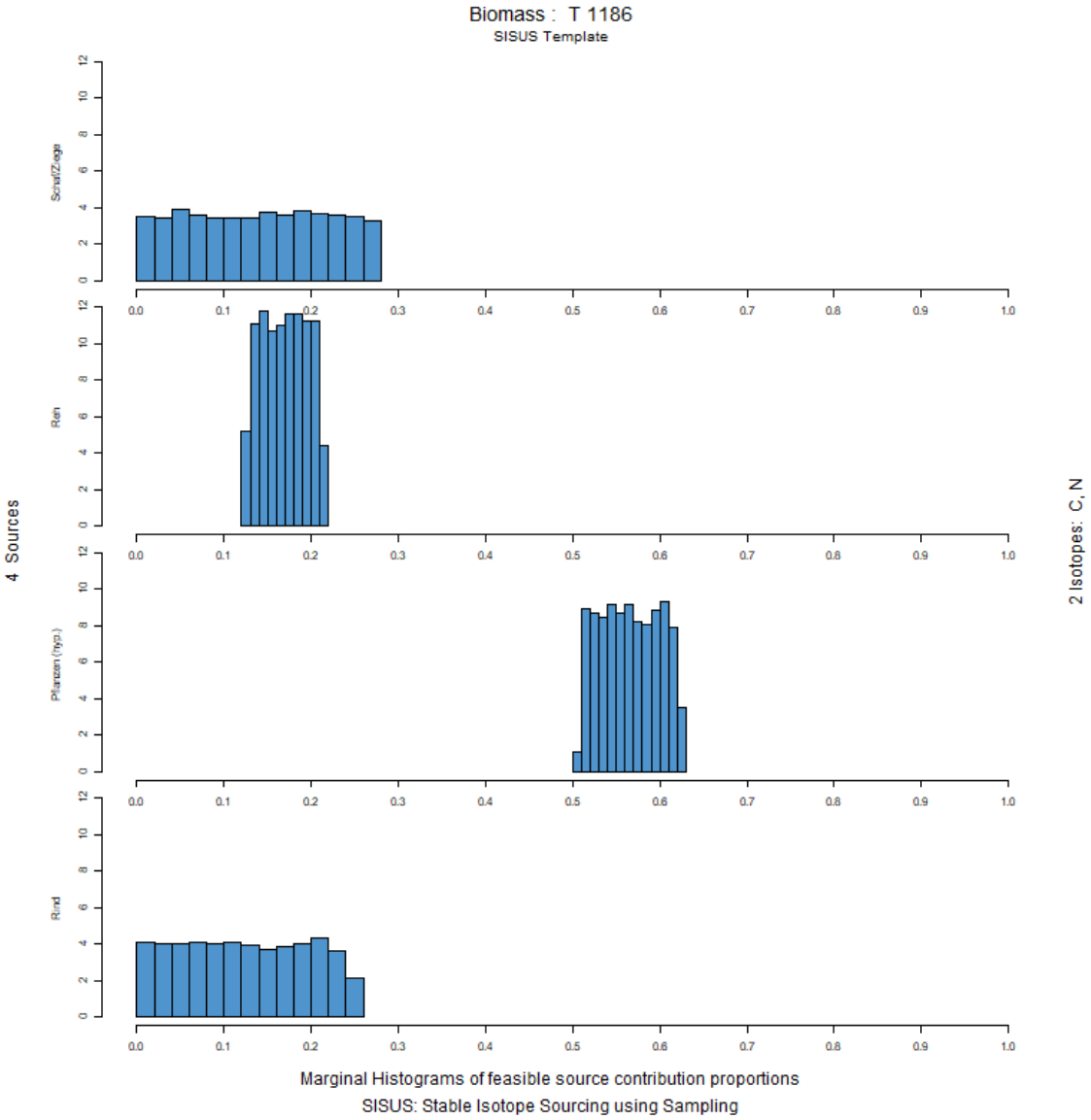


Abbildung 332: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1186. Erstellt mit SISUS.

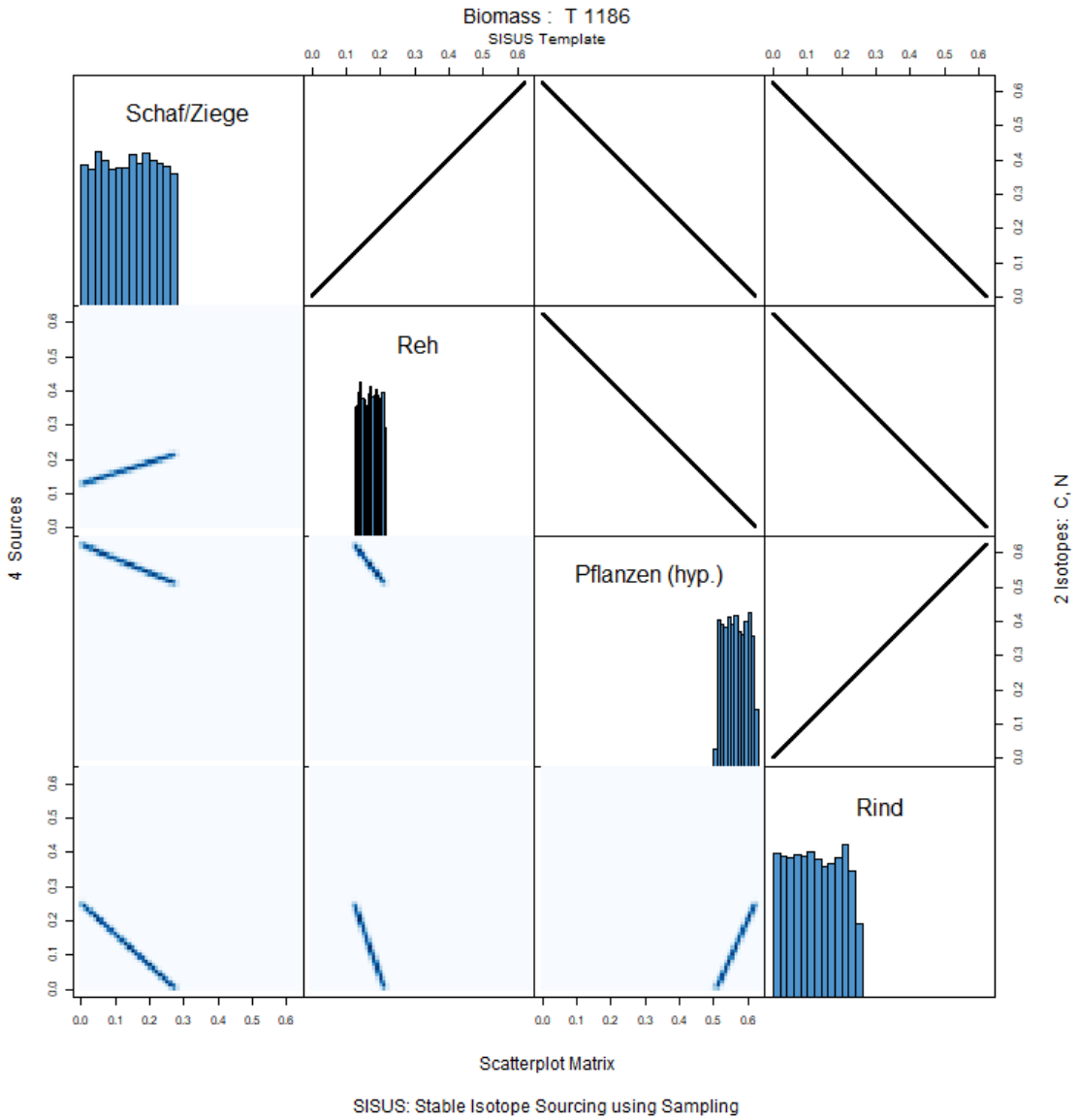


Abbildung 333: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1186. Erstellt mit SISUS.

T 1187

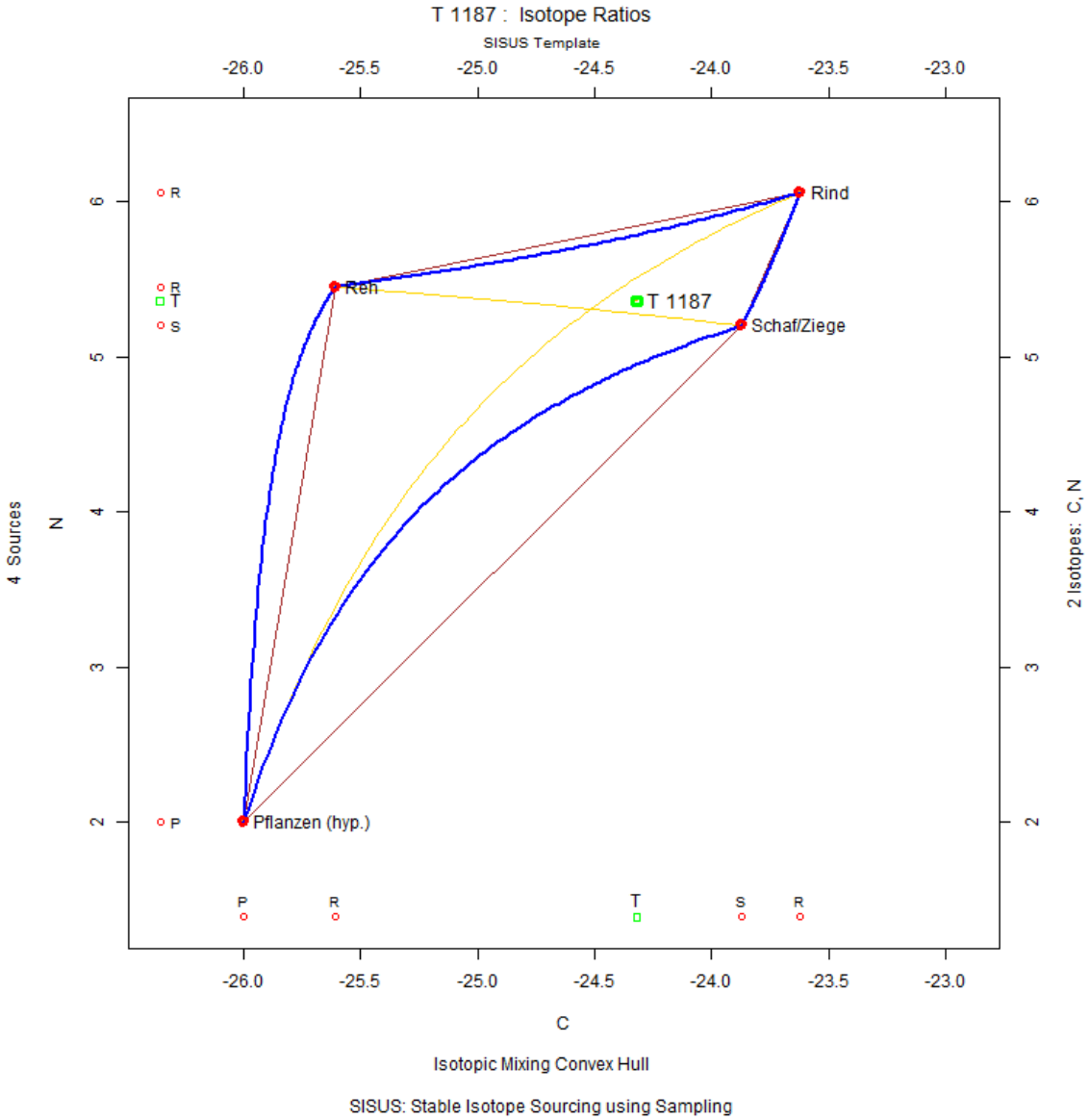


Abbildung 334: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1187. Erstellt mit SISUS.

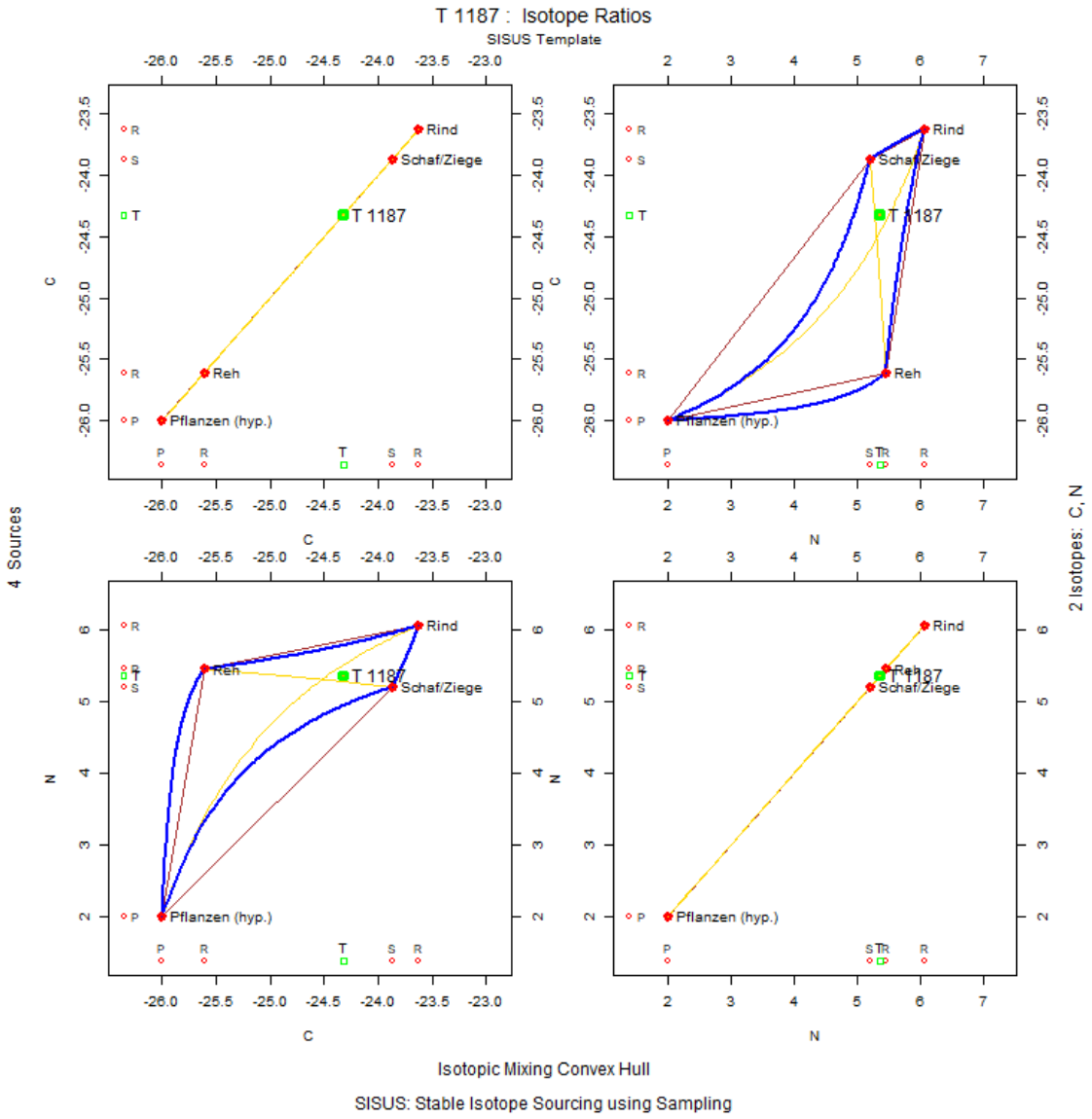


Abbildung 335: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1187 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

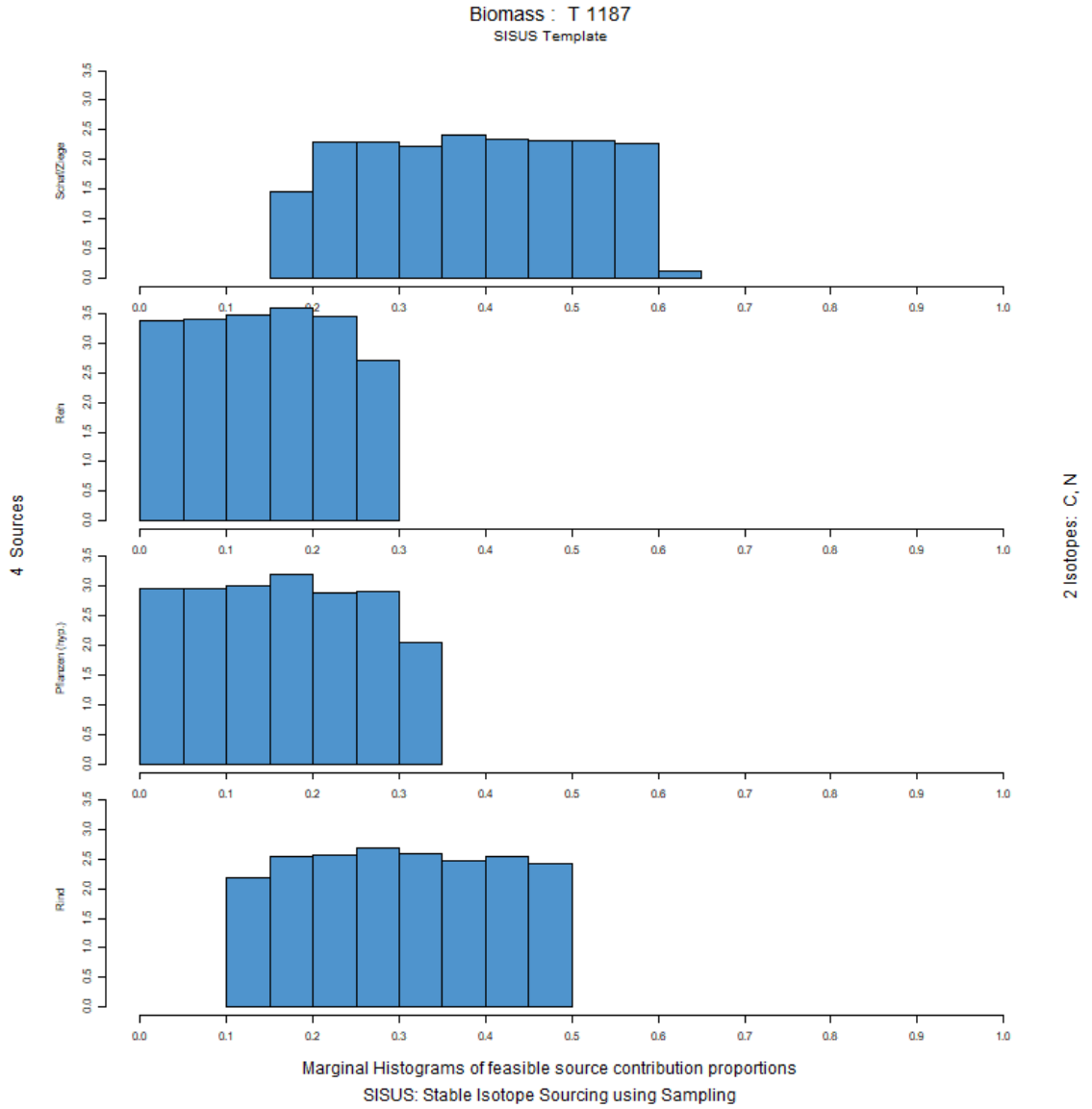


Abbildung 336: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1187. Erstellt mit SISUS.

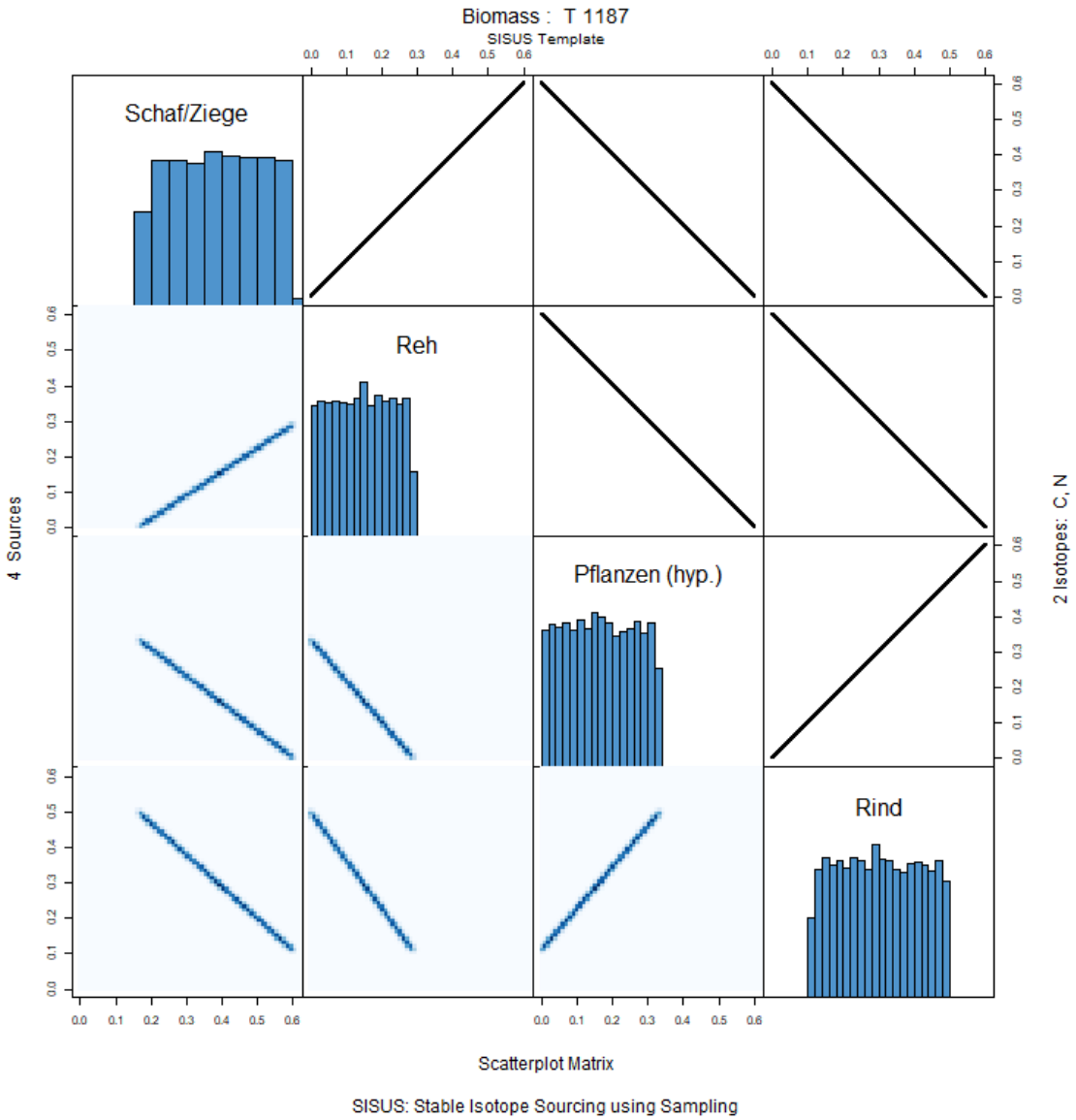


Abbildung 337: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1187. Erstellt mit SISUS.

T 1188

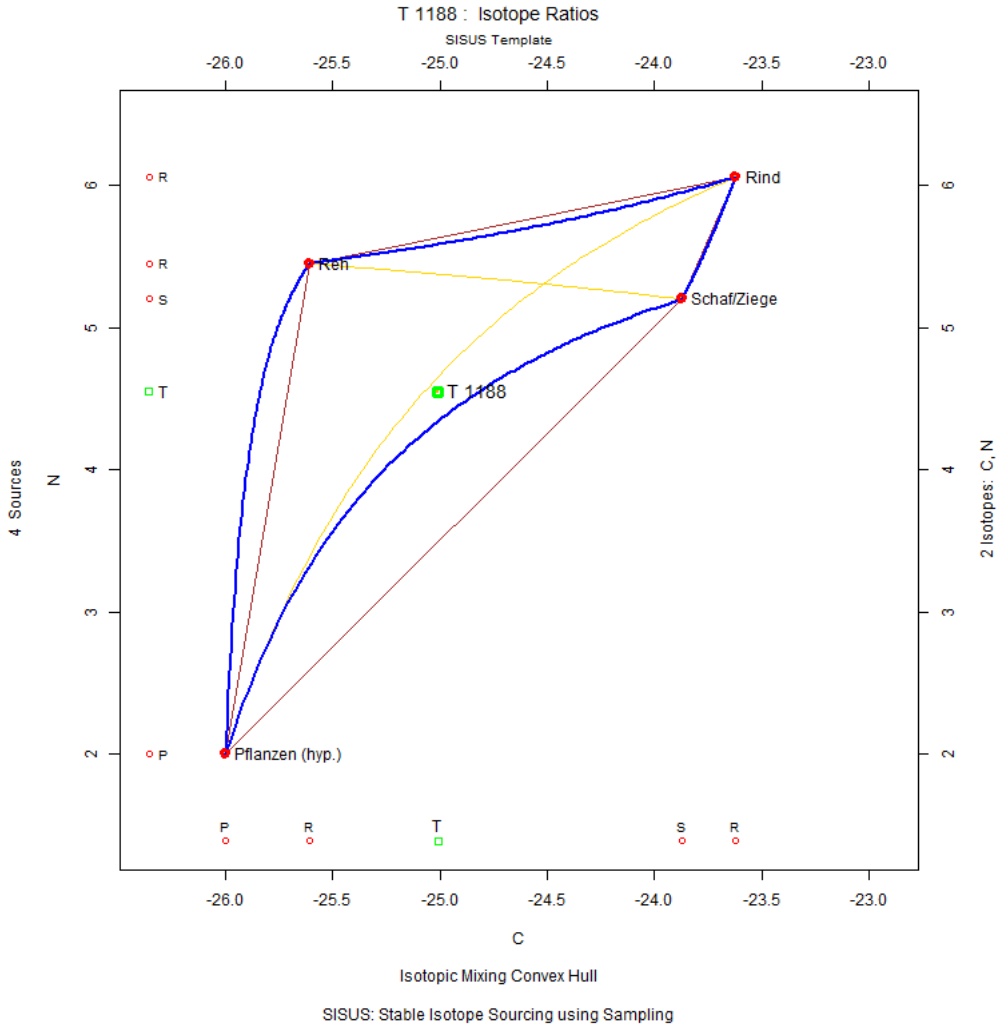


Abbildung 338: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1188. Erstellt mit SISUS.

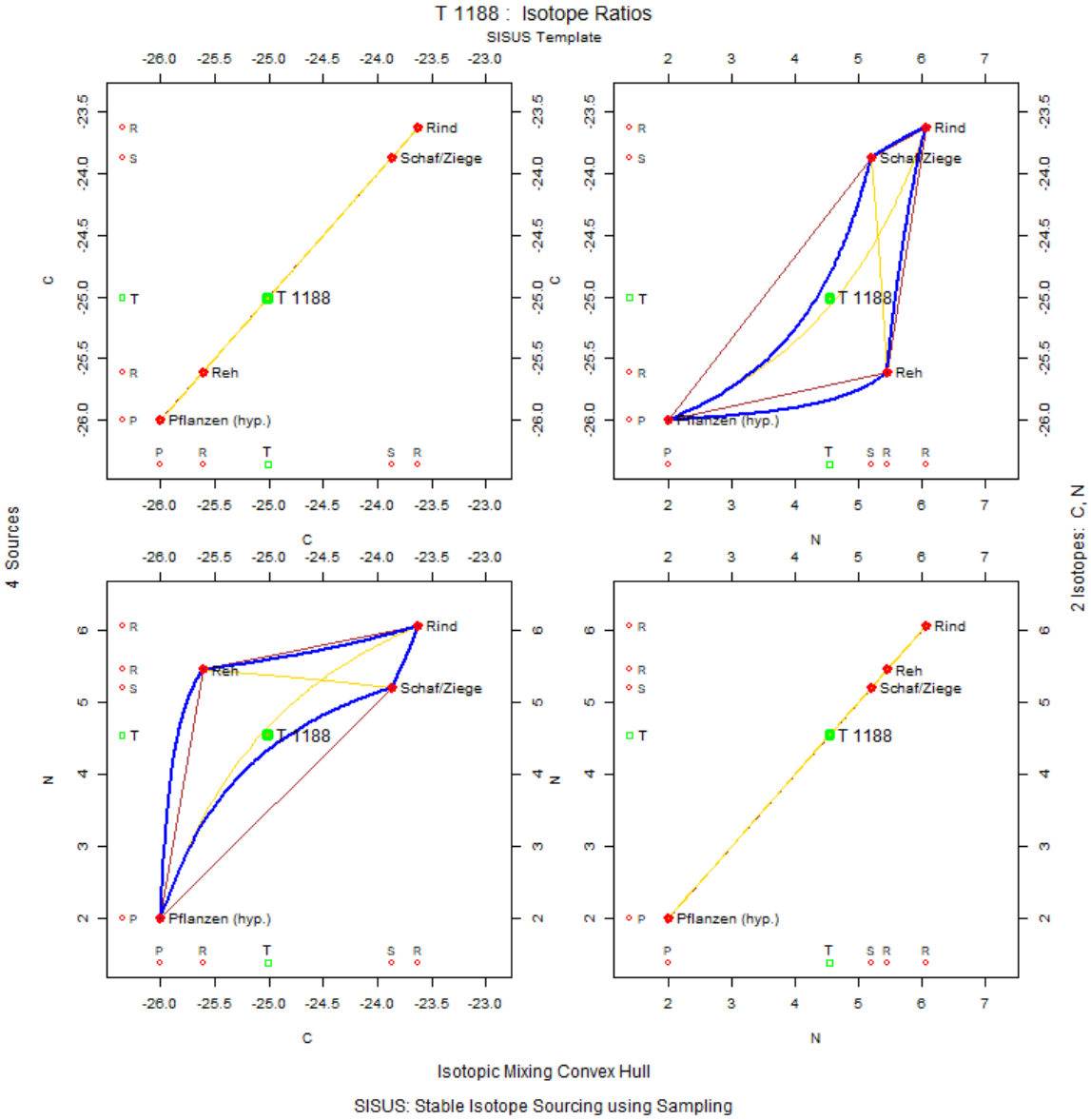


Abbildung 339: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1188 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

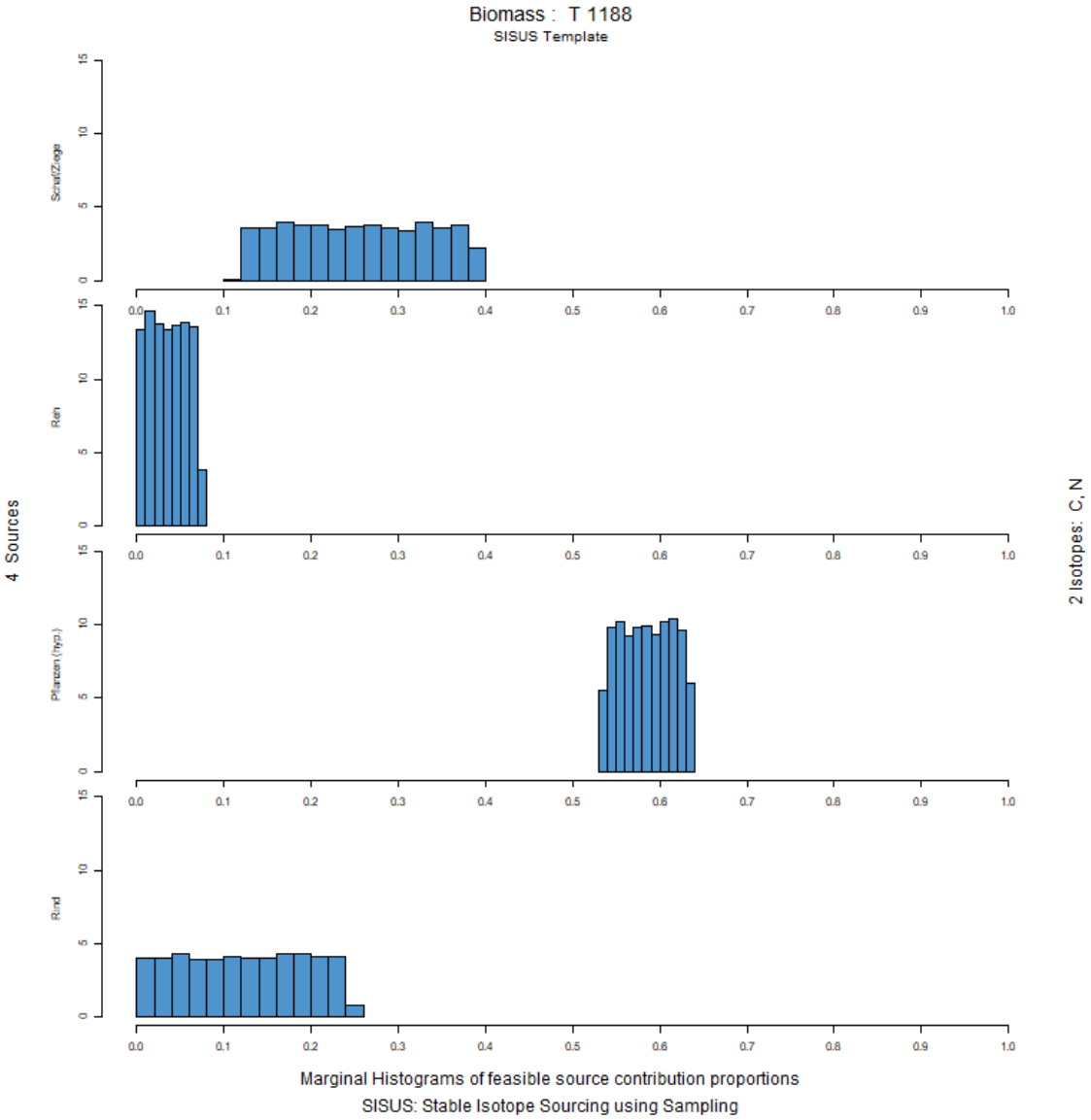


Abbildung 340: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1188. Erstellt mit SISUS.

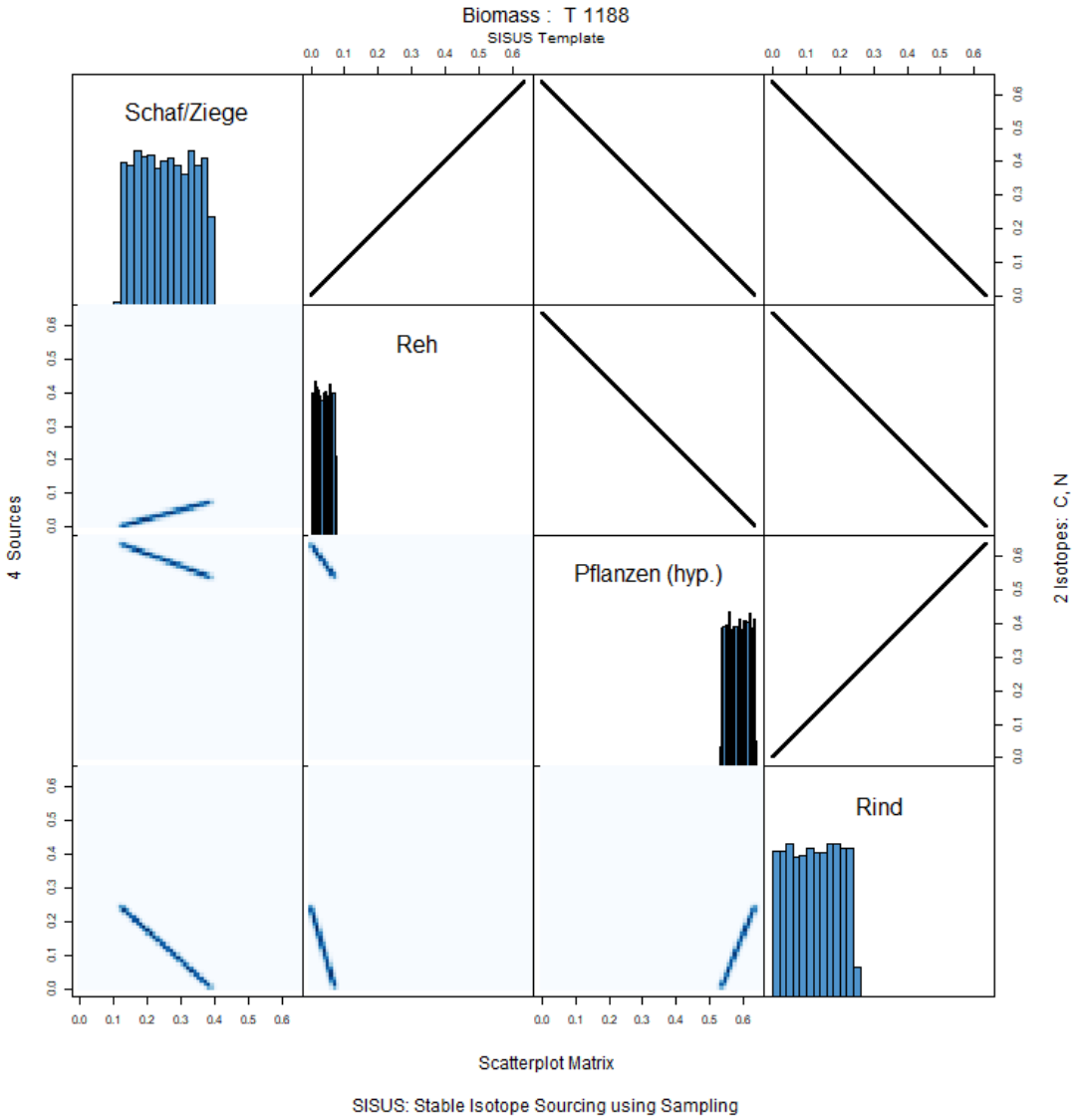


Abbildung 341: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1188. Erstellt mit SISUS.

T1189

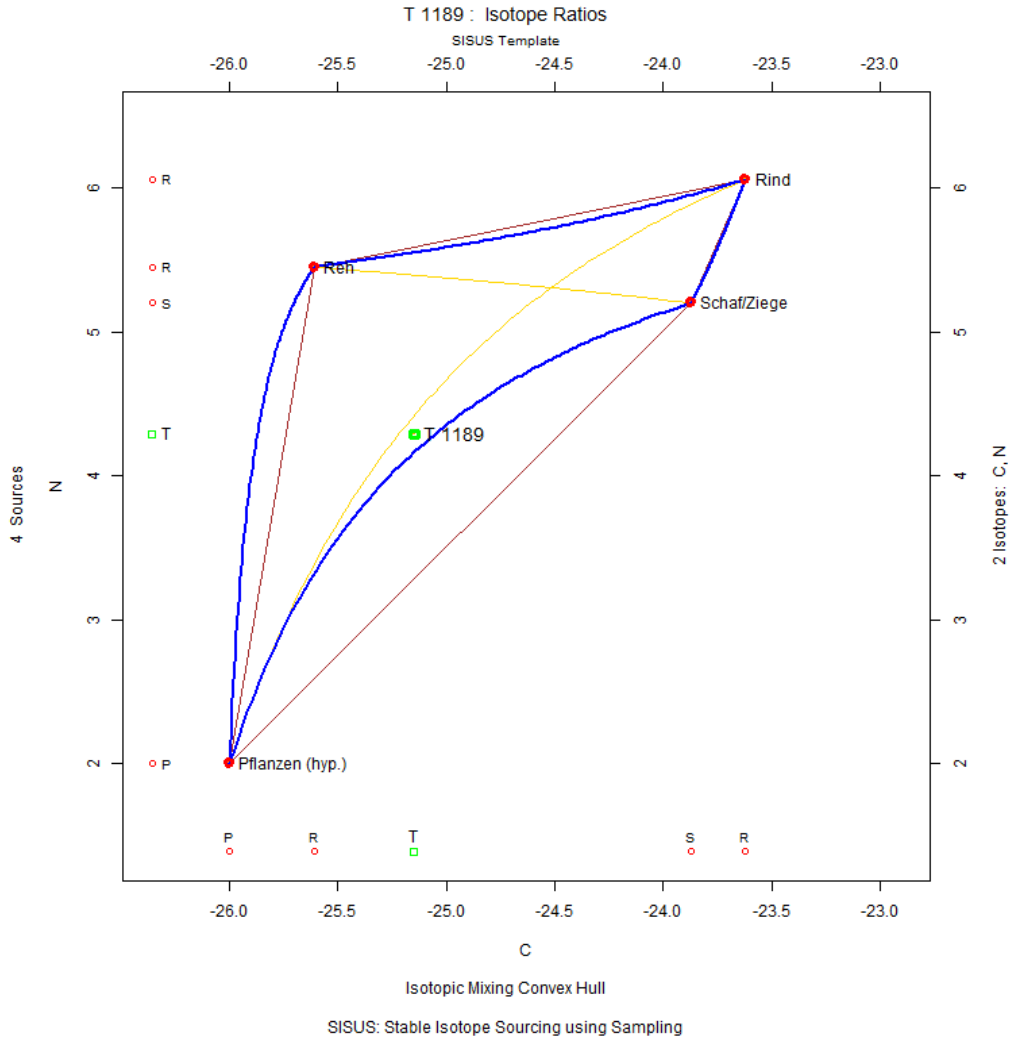


Abbildung 342: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1189. Erstellt mit SISUS.

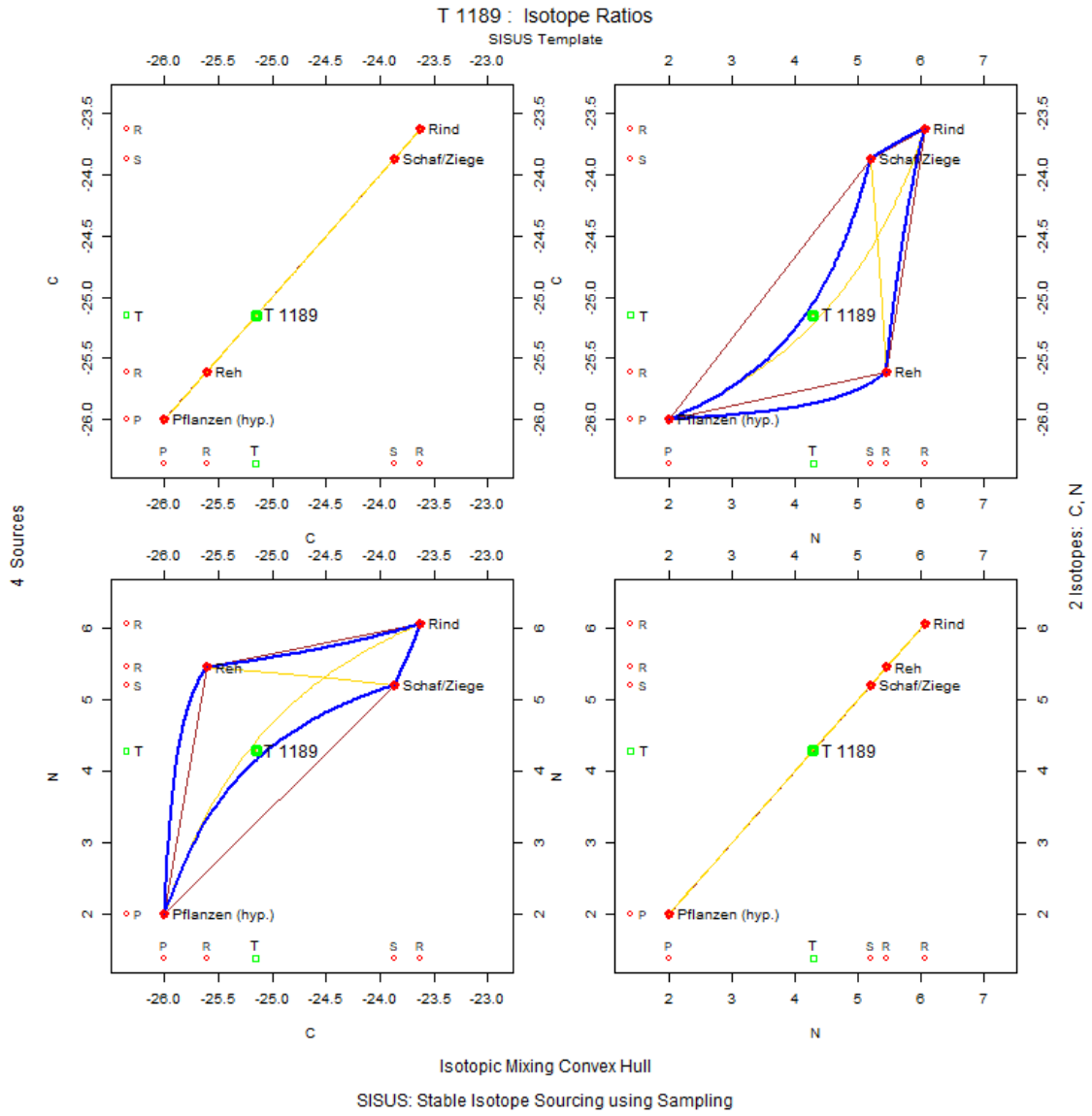


Abbildung 343: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1189 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

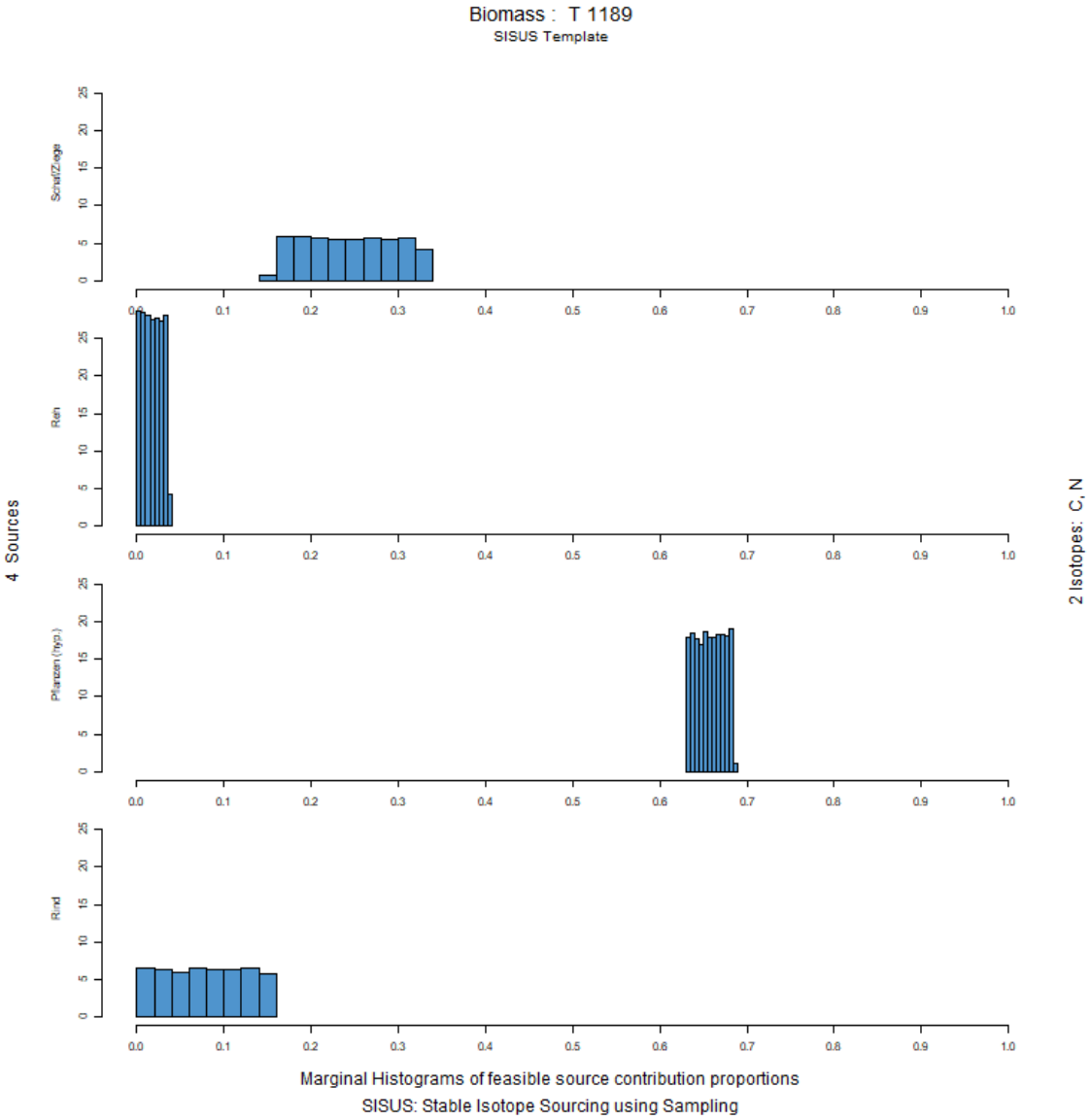


Abbildung 344: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1189. Erstellt mit SISUS.

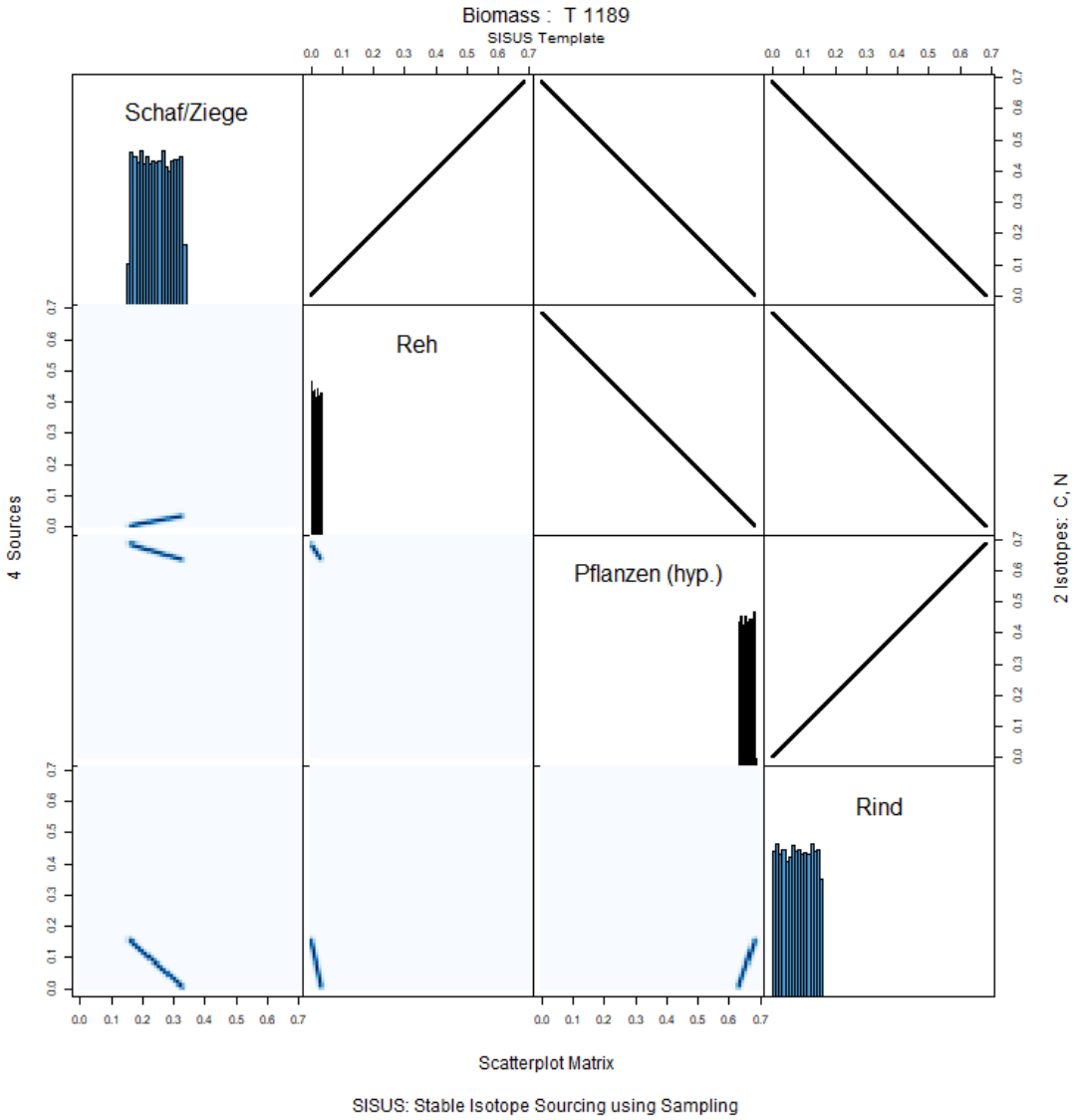


Abbildung 345: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1189. Erstellt mit SISUS.

T1190

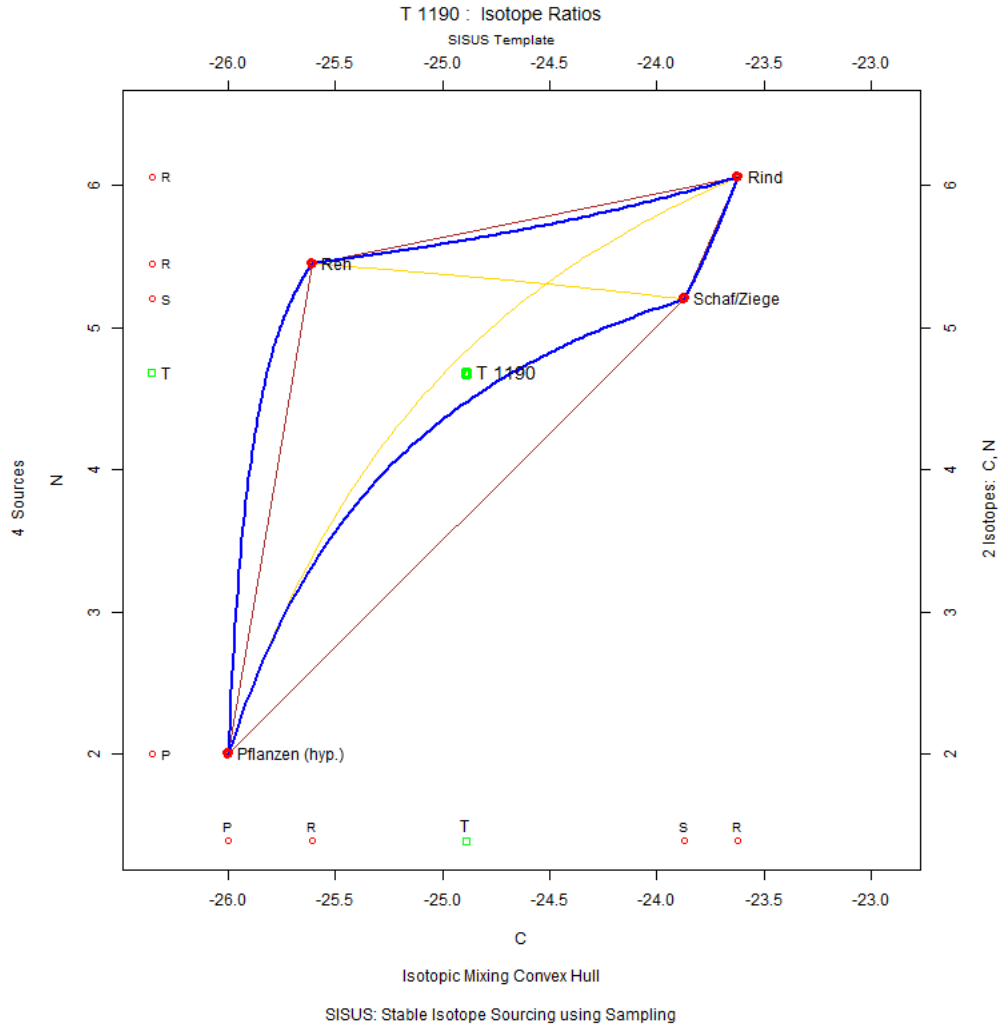


Abbildung 346: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1190. Erstellt mit SISUS.

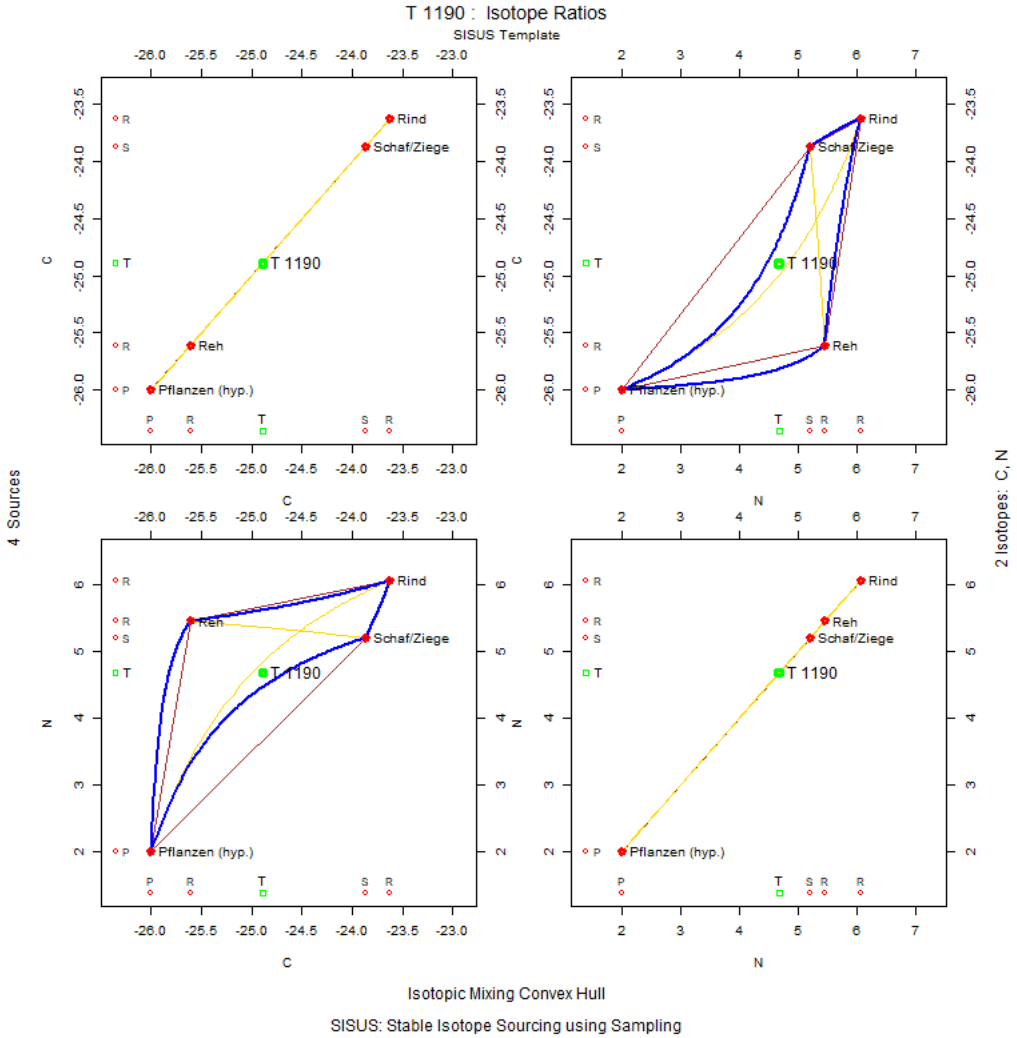


Abbildung 347: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1186 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

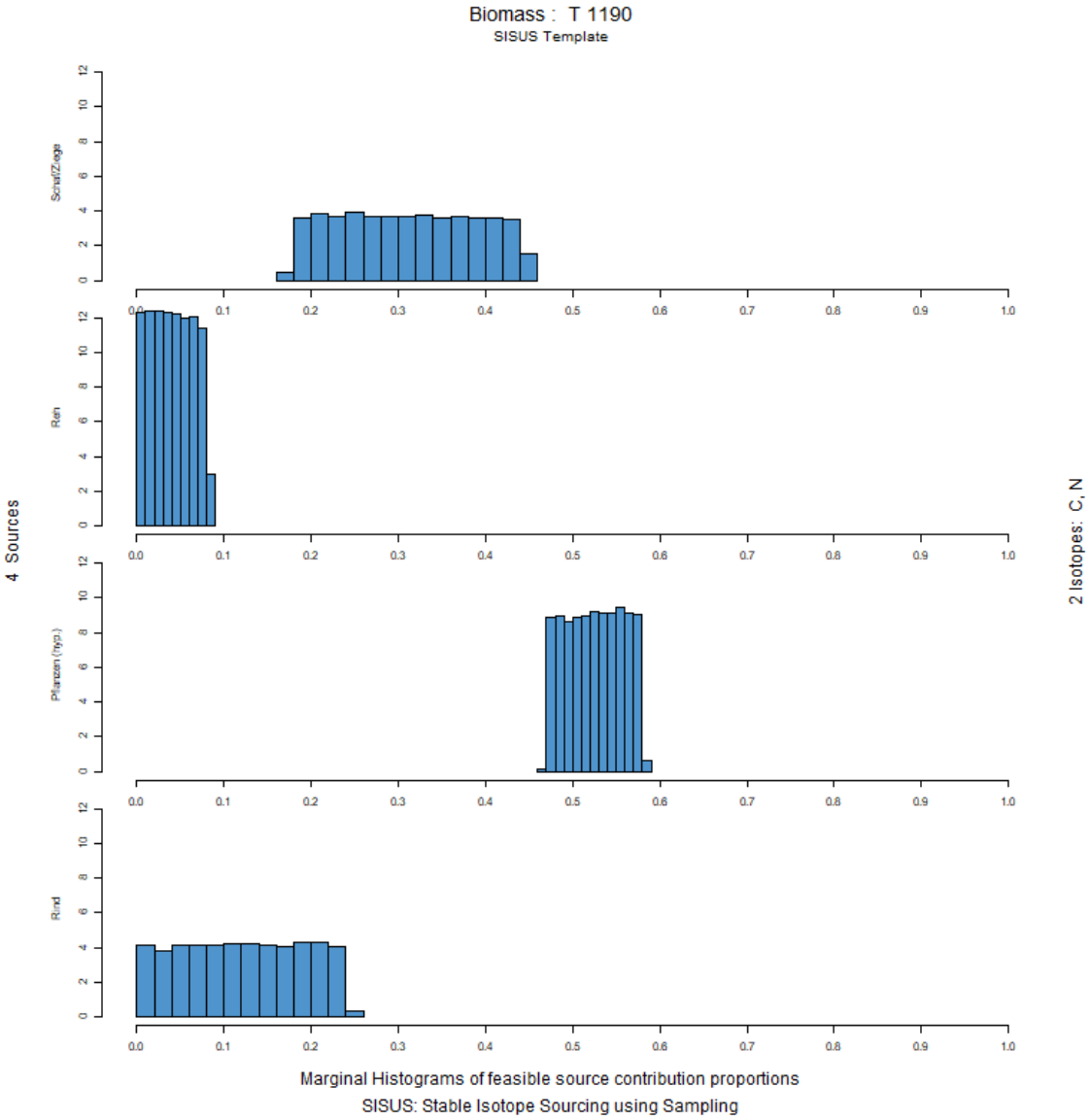


Abbildung 348: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1190. Erstellt mit SISUS.

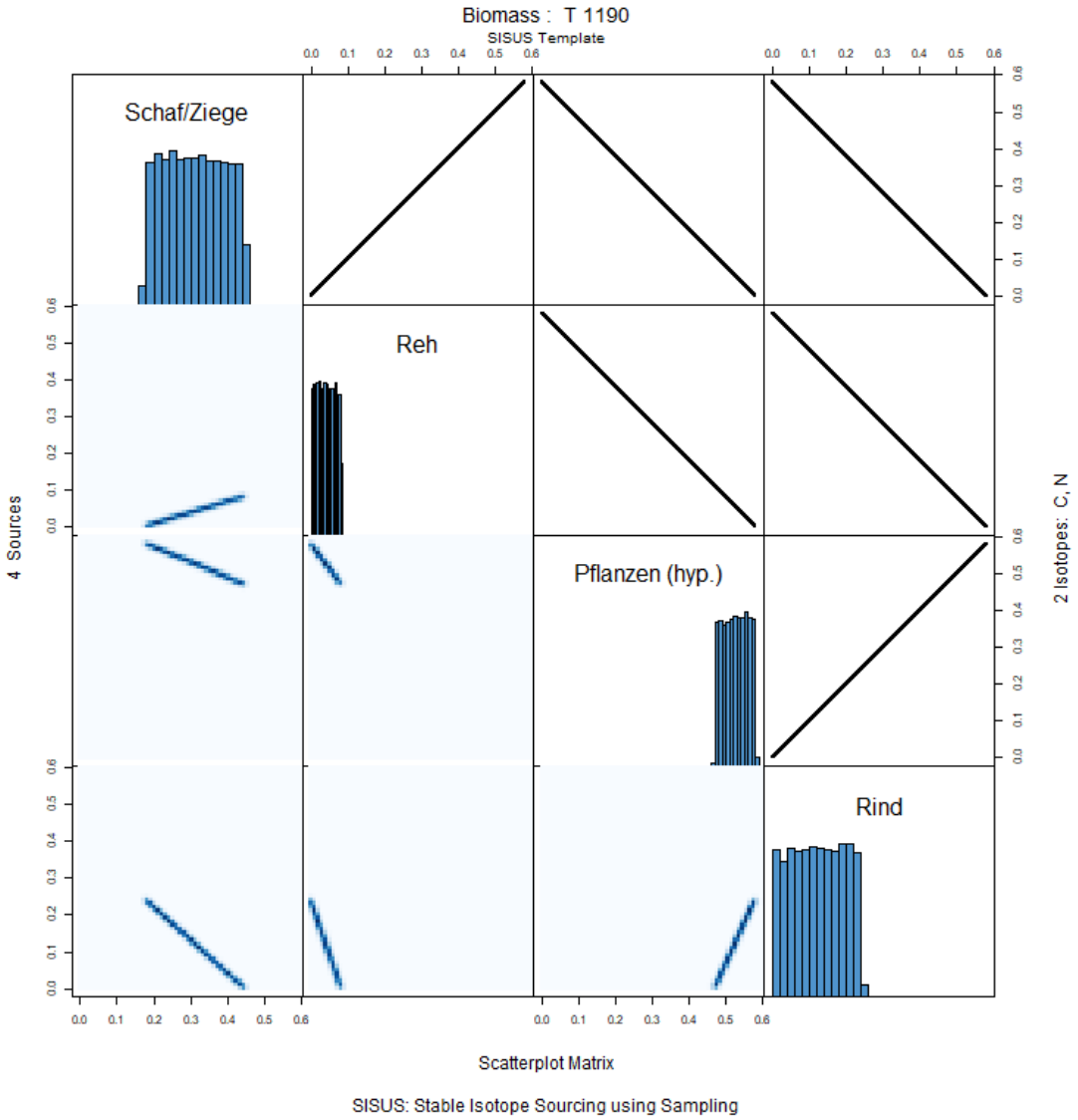


Abbildung 349: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1190. Erstellt mit SISUS.

T1191

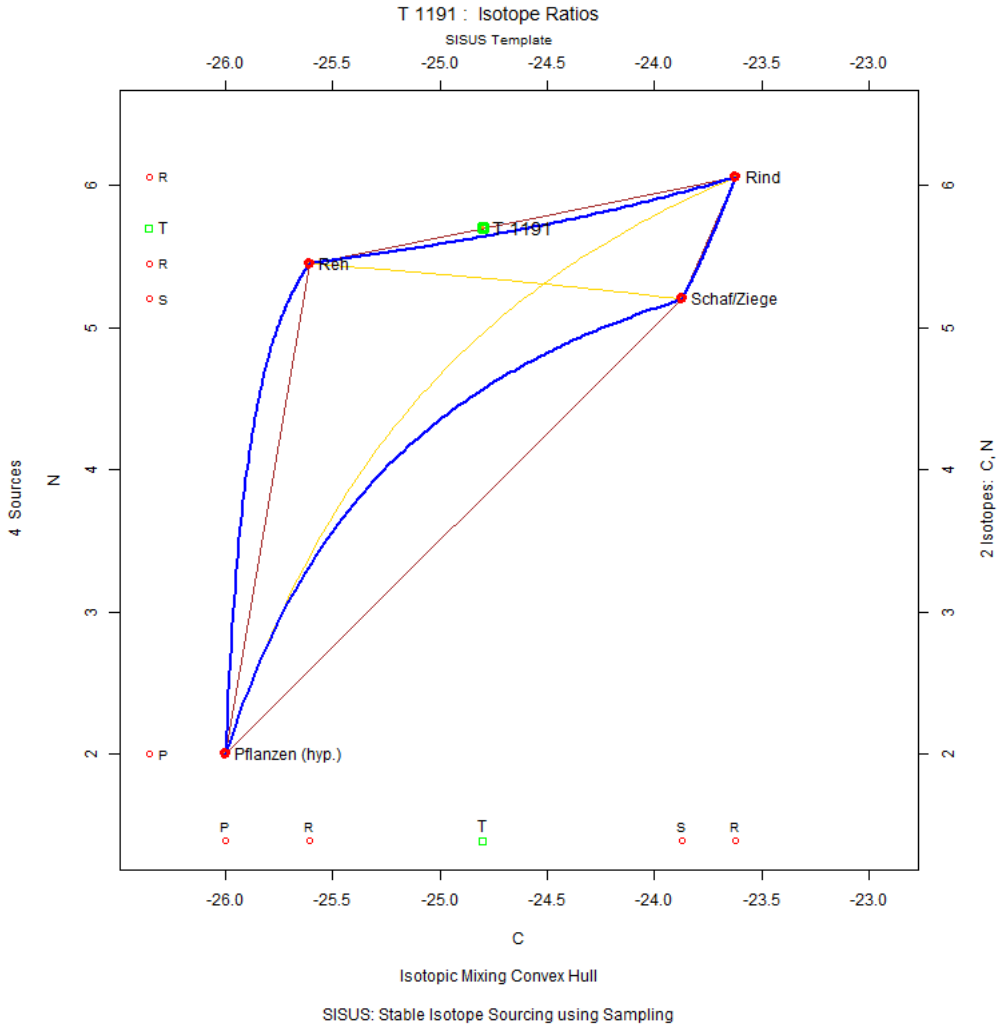


Abbildung 350: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1191. Erstellt mit SISUS.

T1192

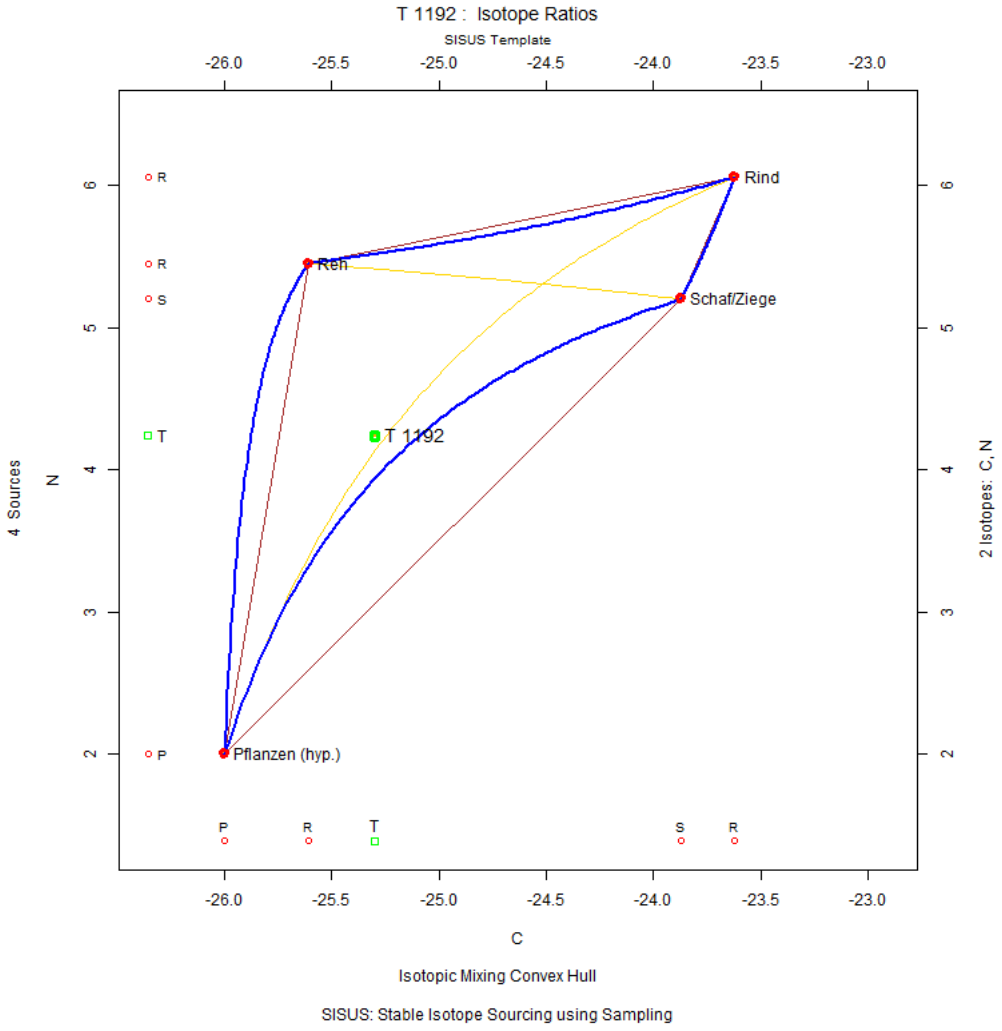


Abbildung 351: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1192. Erstellt mit SISUS.

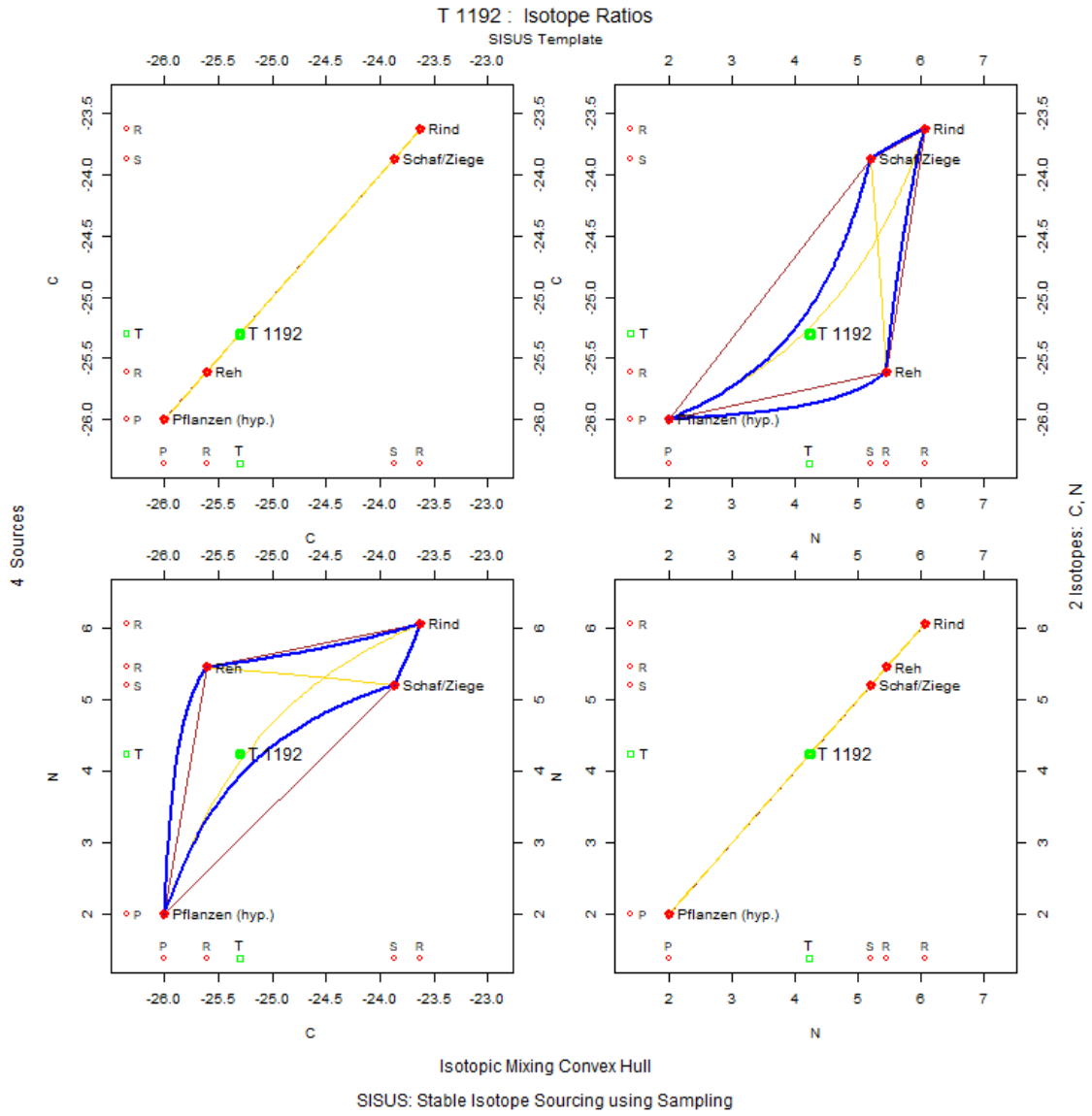


Abbildung 352: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1192 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

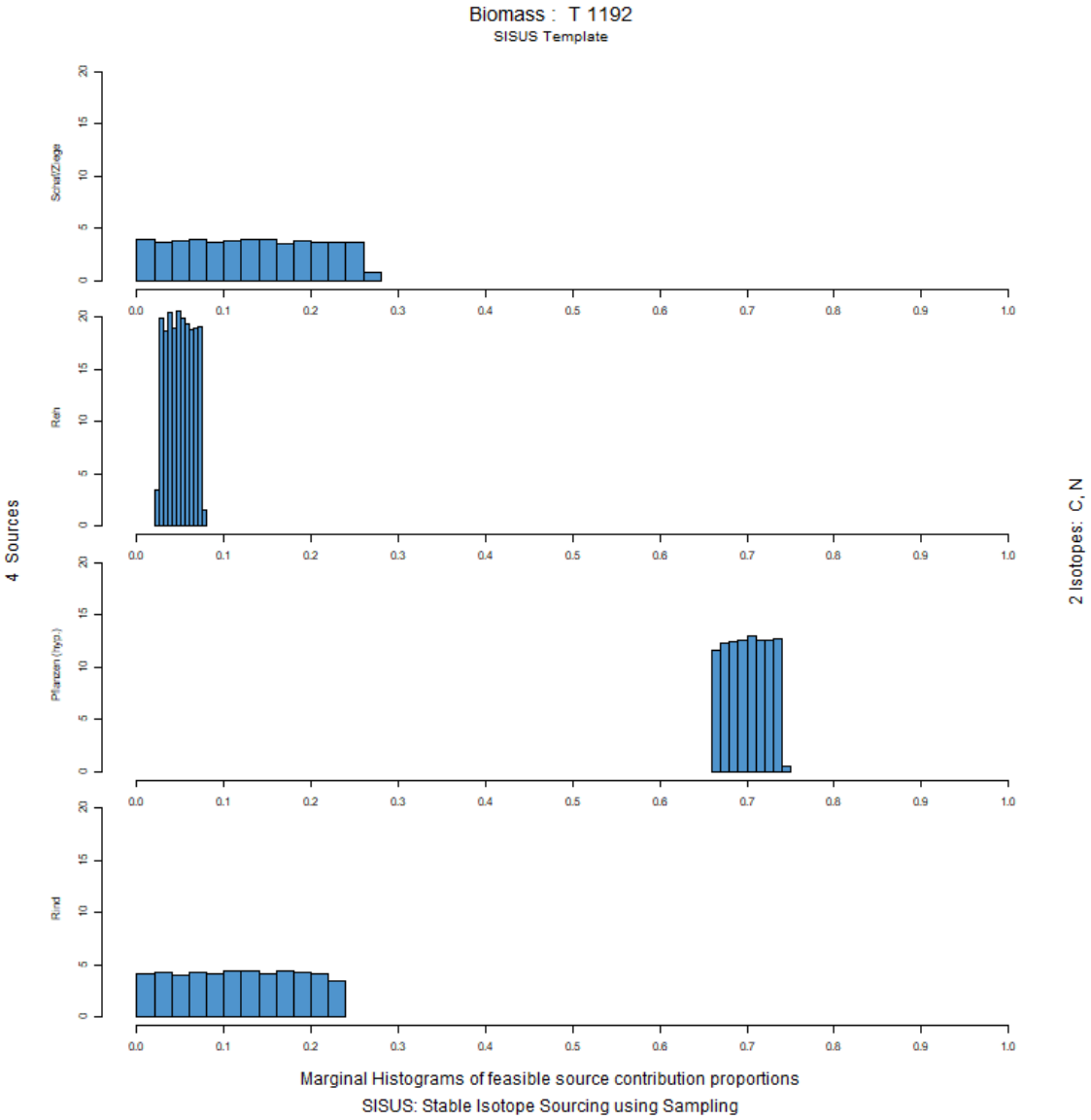


Abbildung 353: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1192. Erstellt mit SISUS.

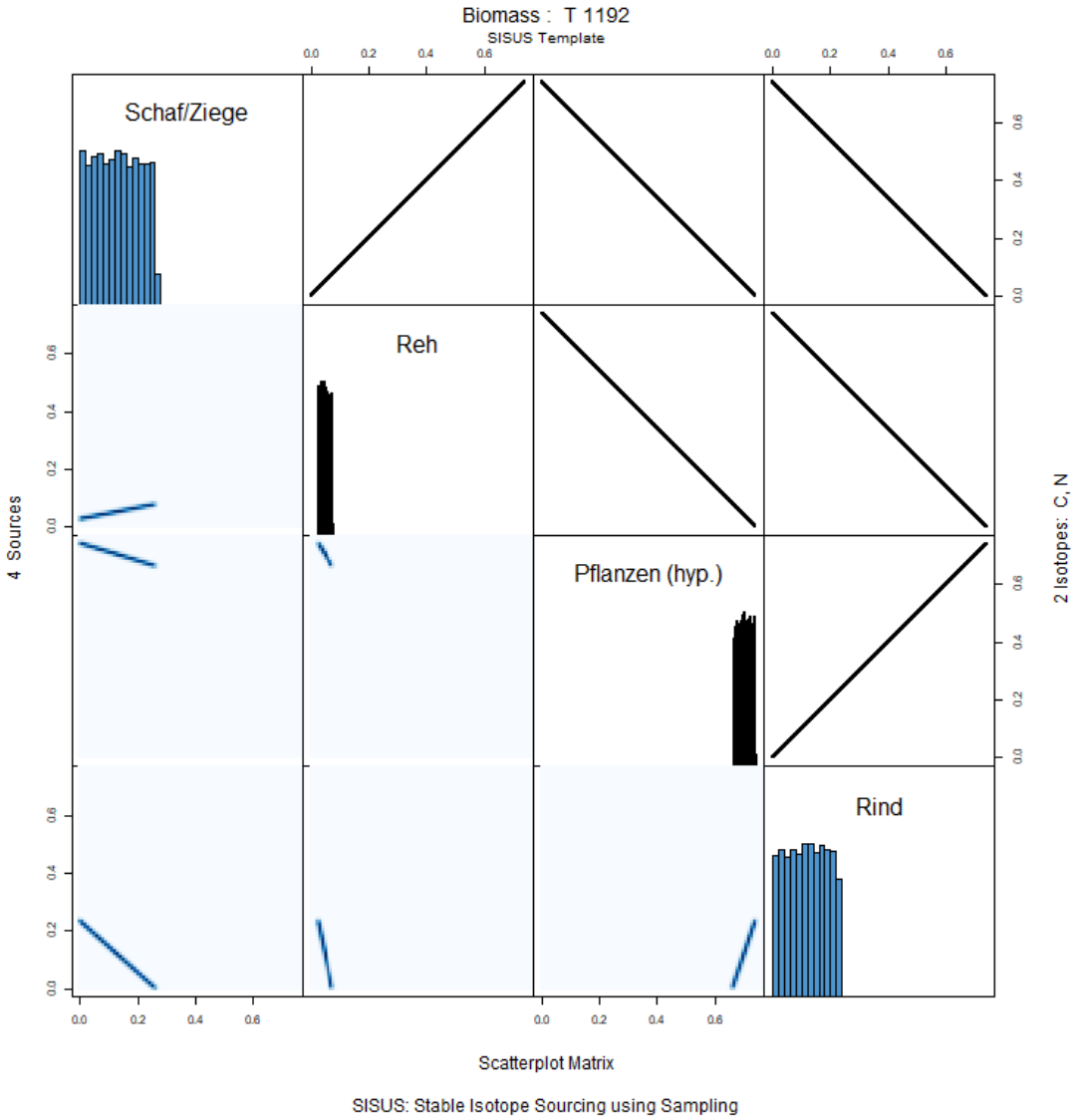


Abbildung 354: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1192. Erstellt mit SISUS.

T1193

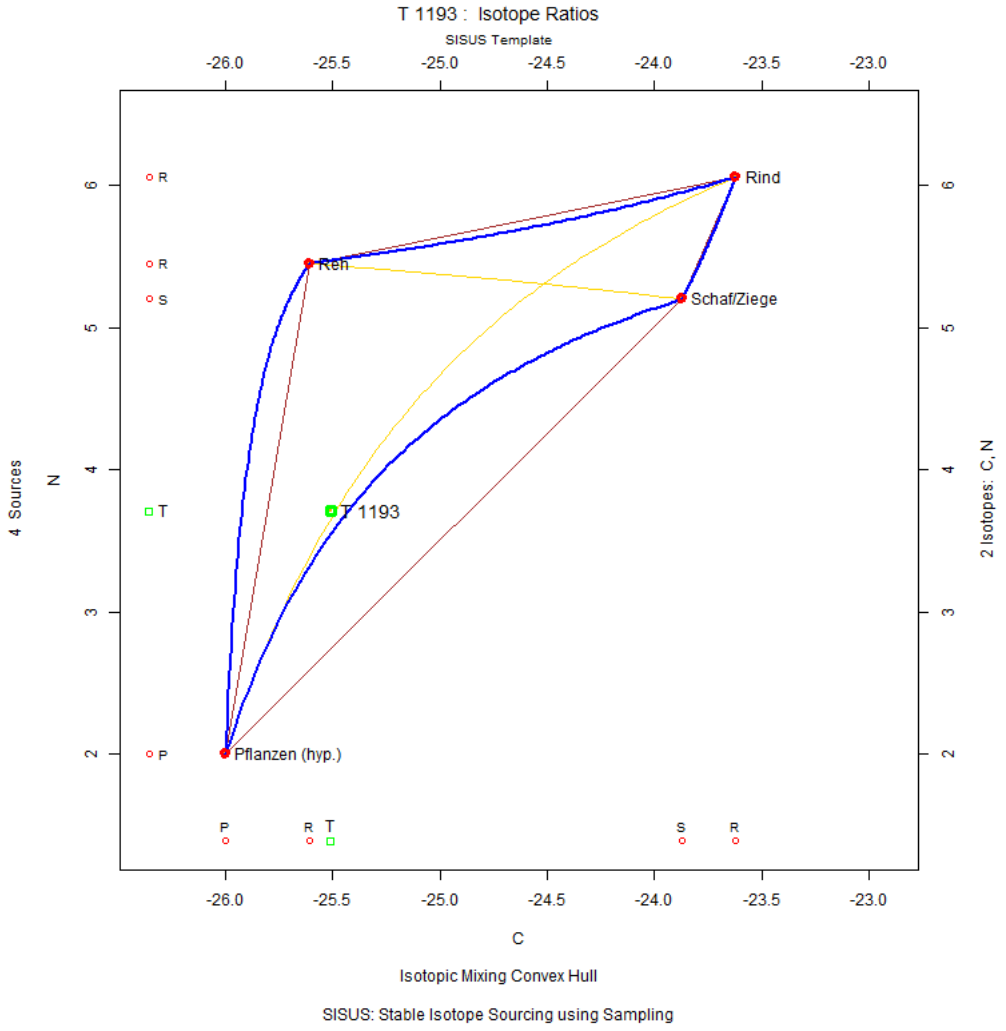


Abbildung 355: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1193. Erstellt mit SISUS.

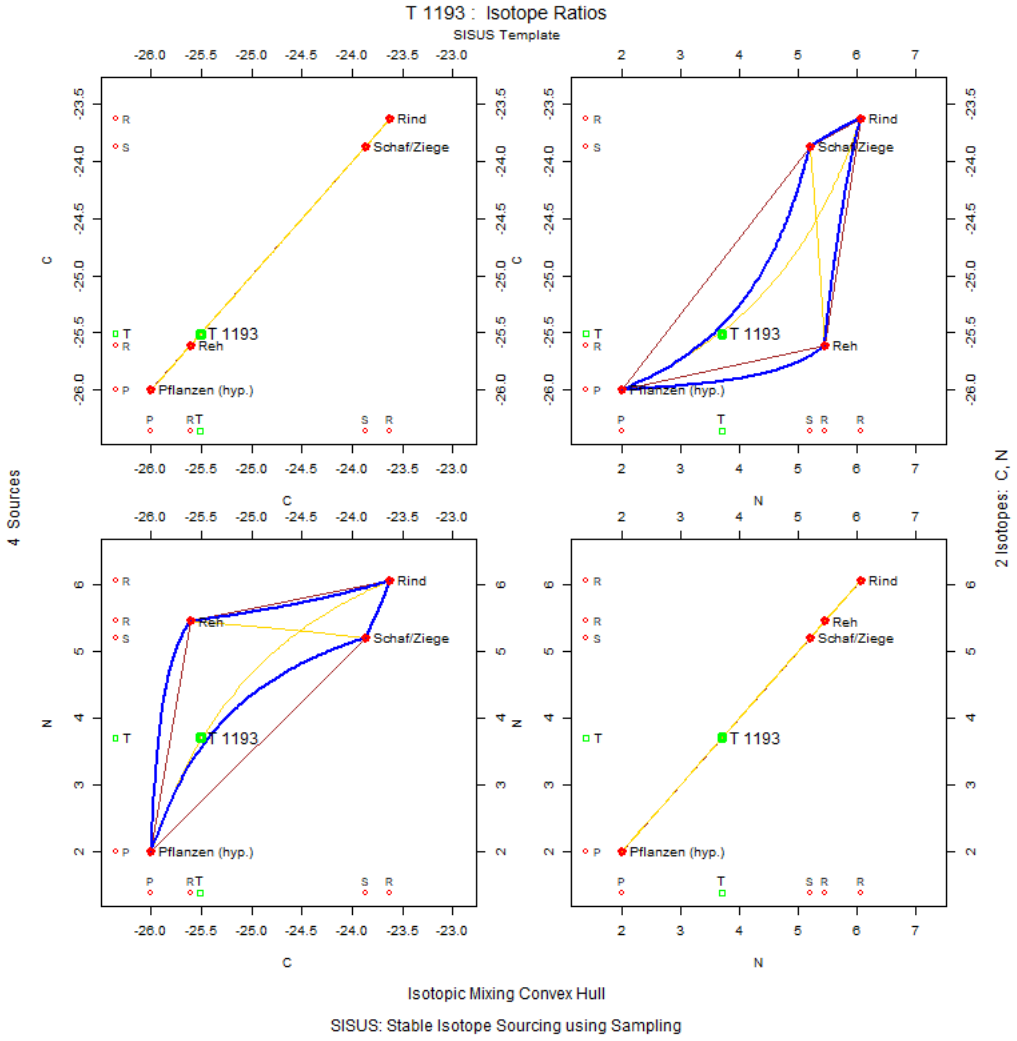


Abbildung 356: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1193 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

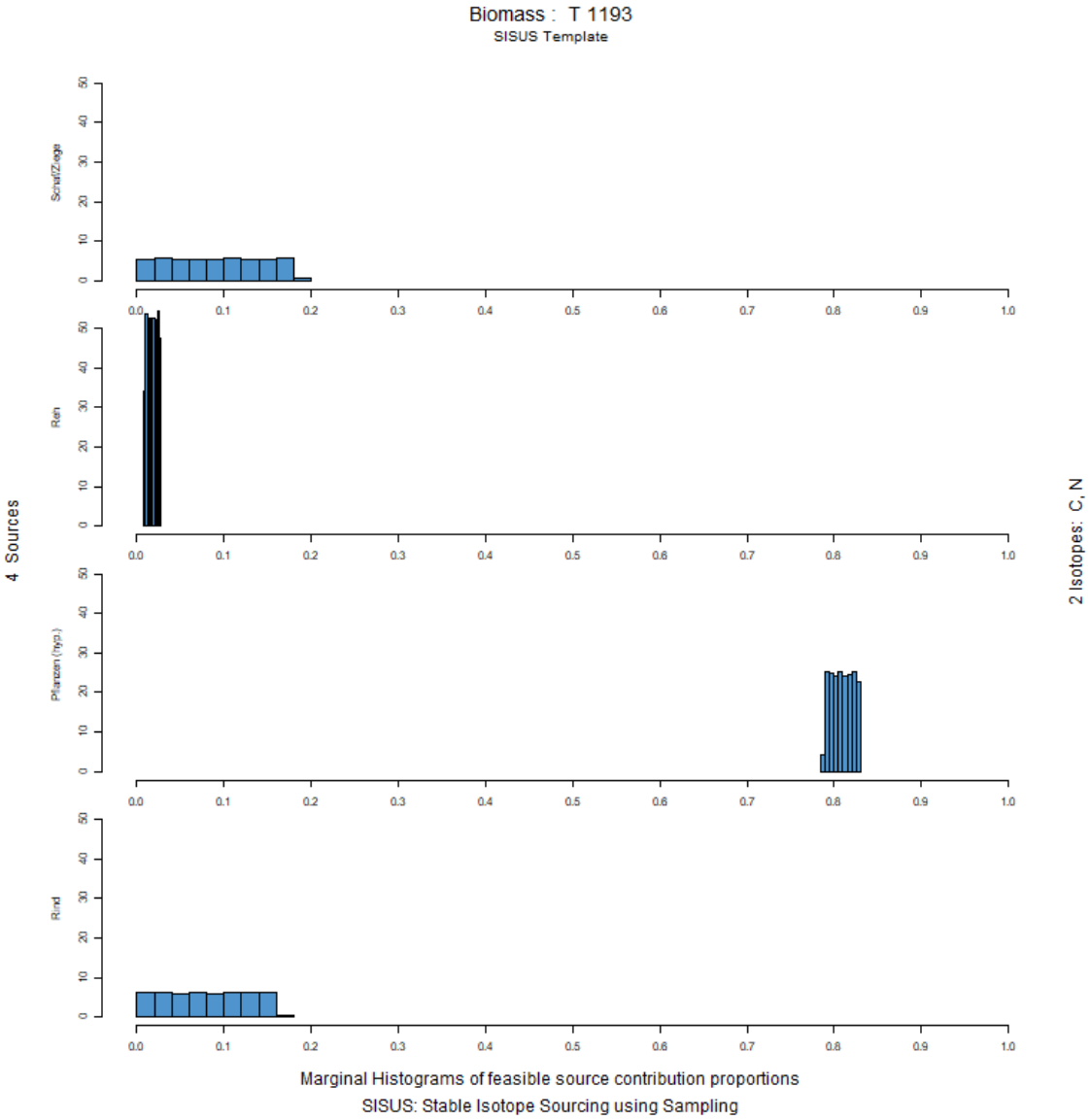


Abbildung 357: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1193. Erstellt mit SISUS.

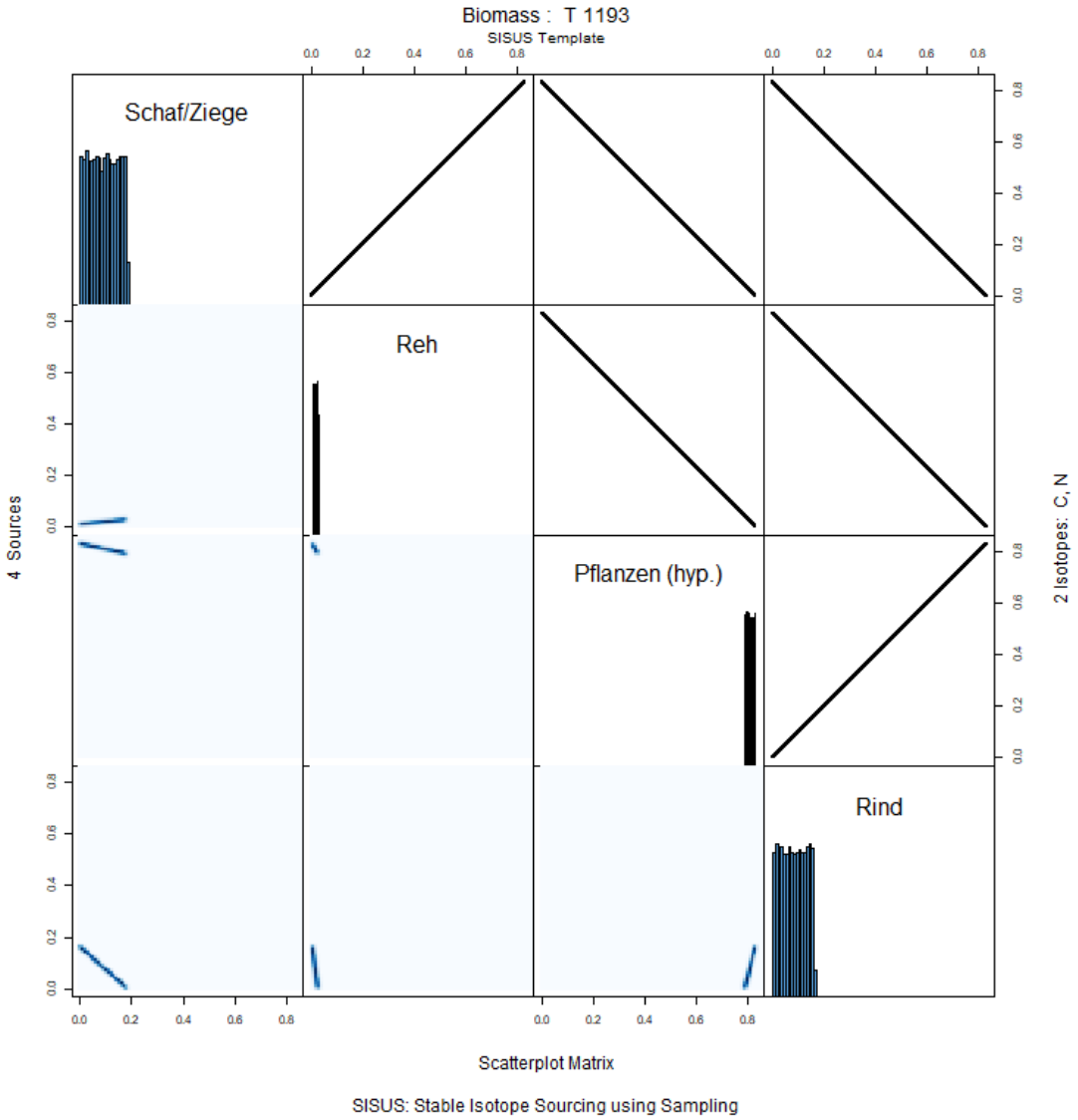


Abbildung 358: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1193. Erstellt mit SISUS.

T1194

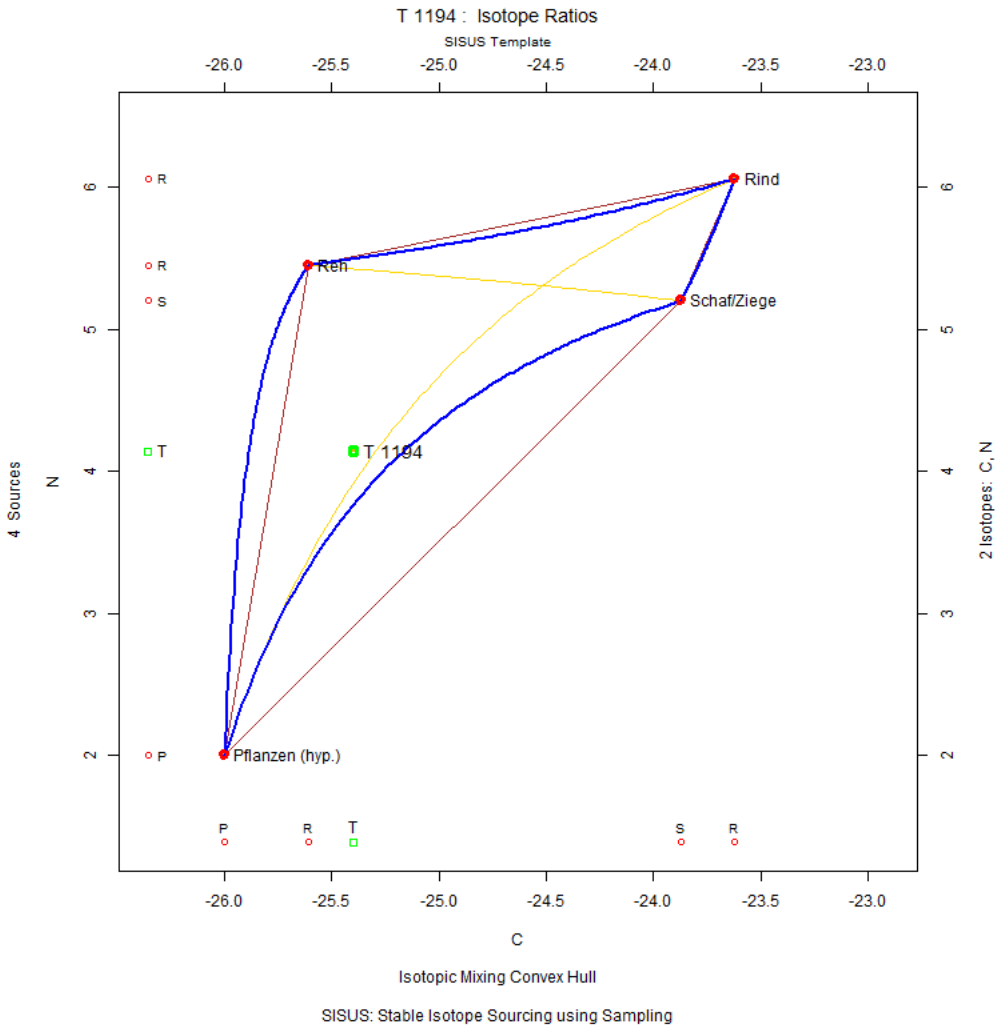


Abbildung 359: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1194. Erstellt mit SISUS.

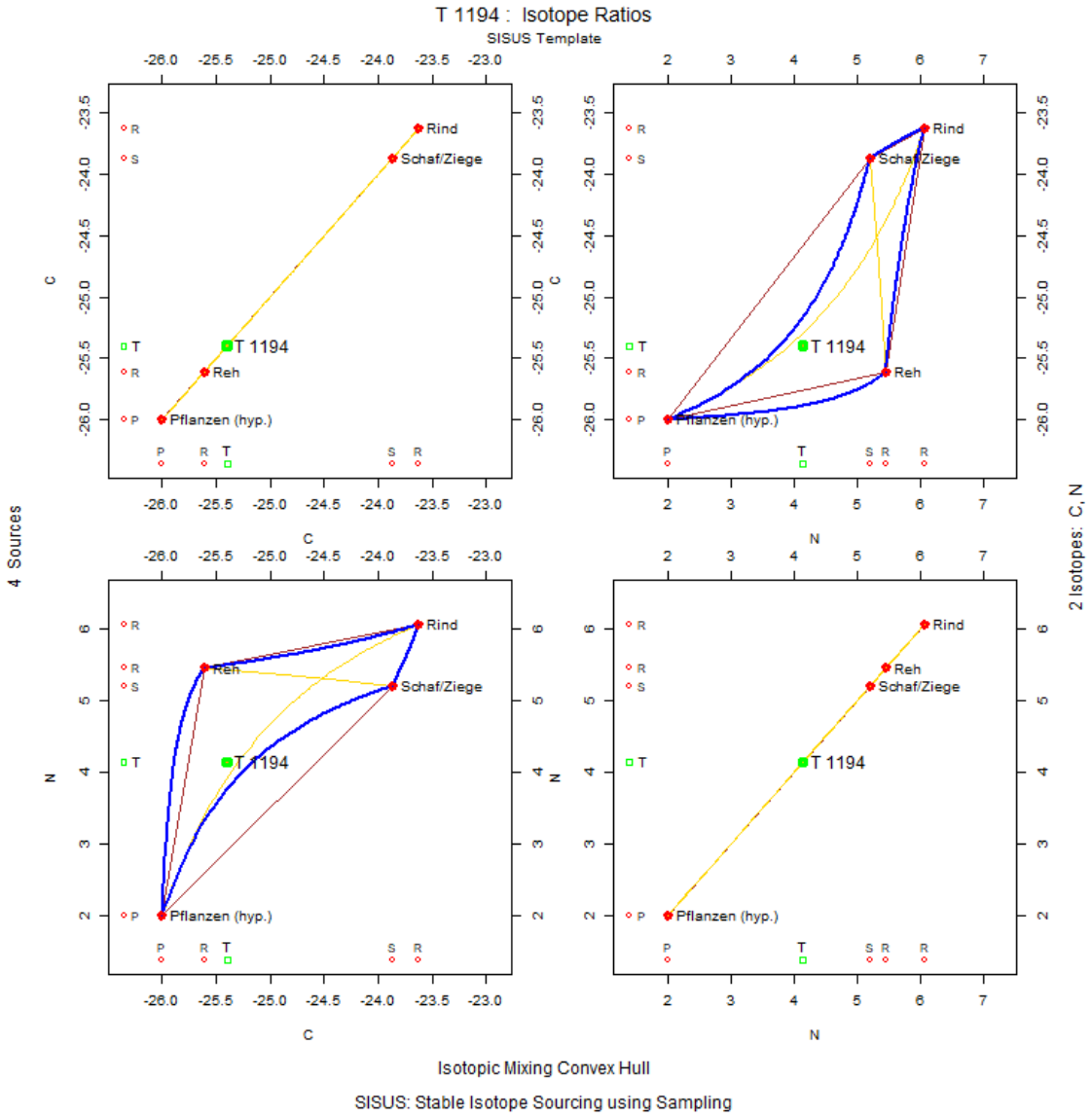


Abbildung 360: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1194 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

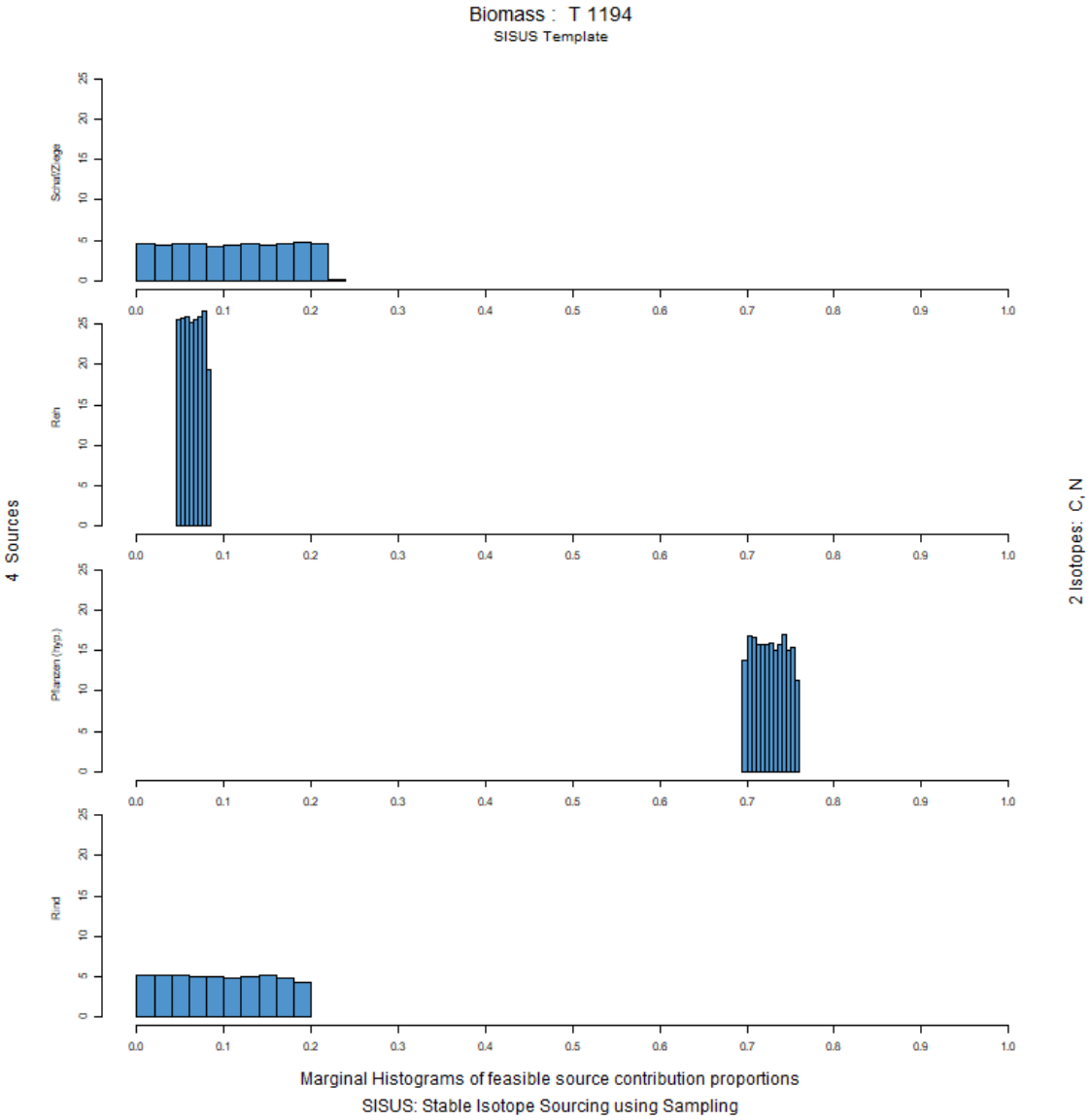


Abbildung 361: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1194. Erstellt mit SISUS.

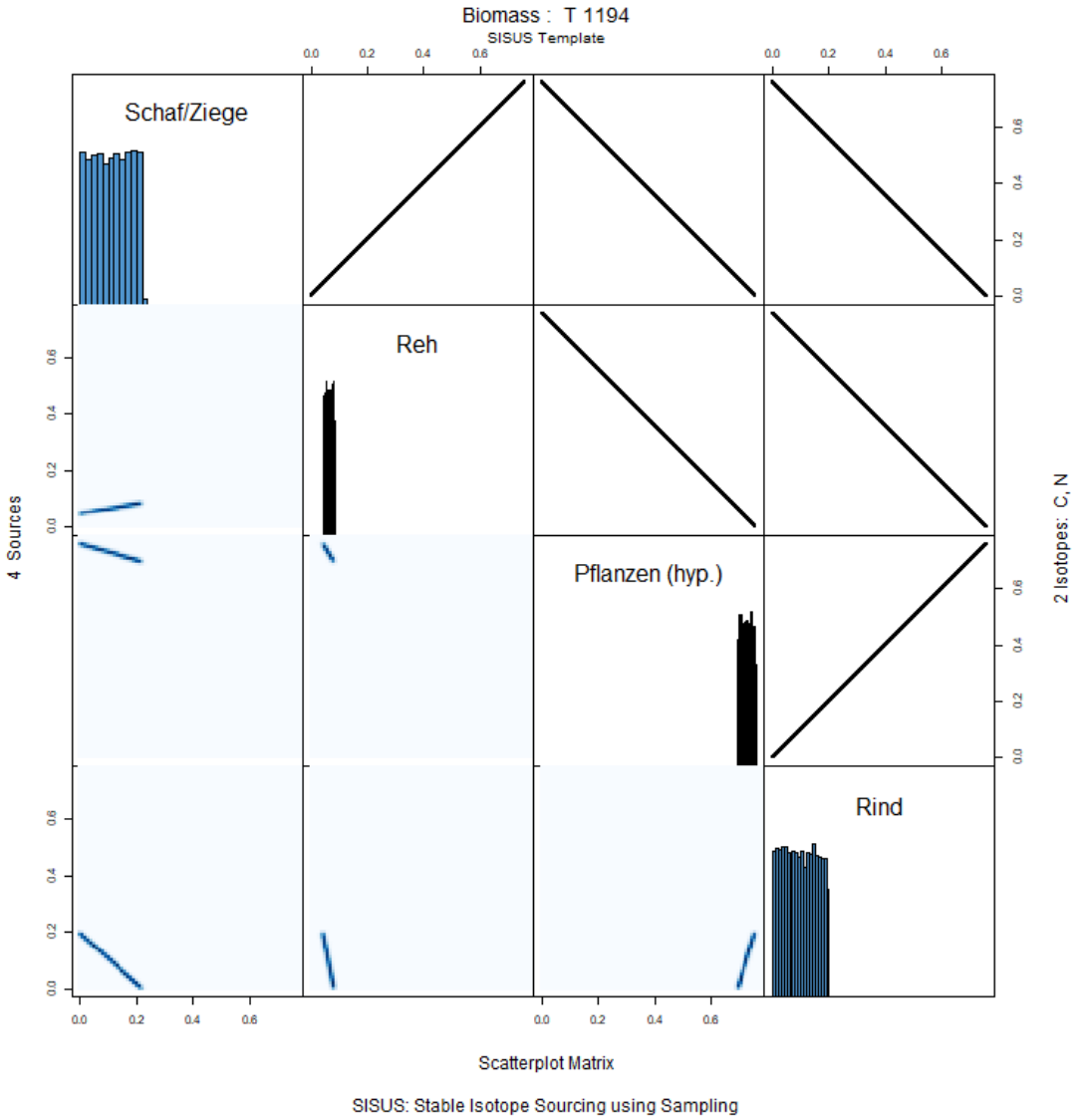


Abbildung 362: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1194. Erstellt mit SISUS.

T1196

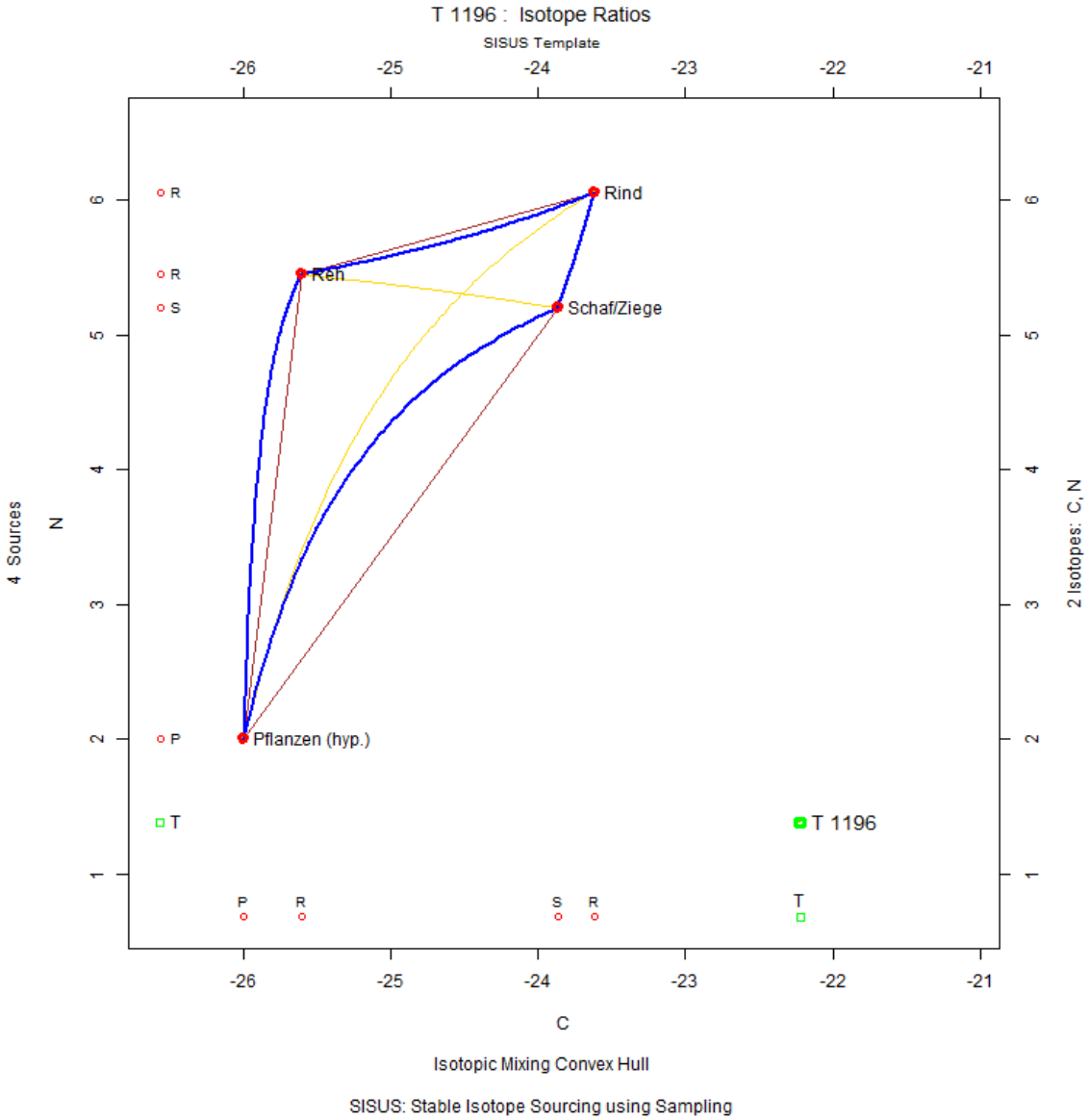


Abbildung 363: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1196. Erstellt mit SISUS.

T1197

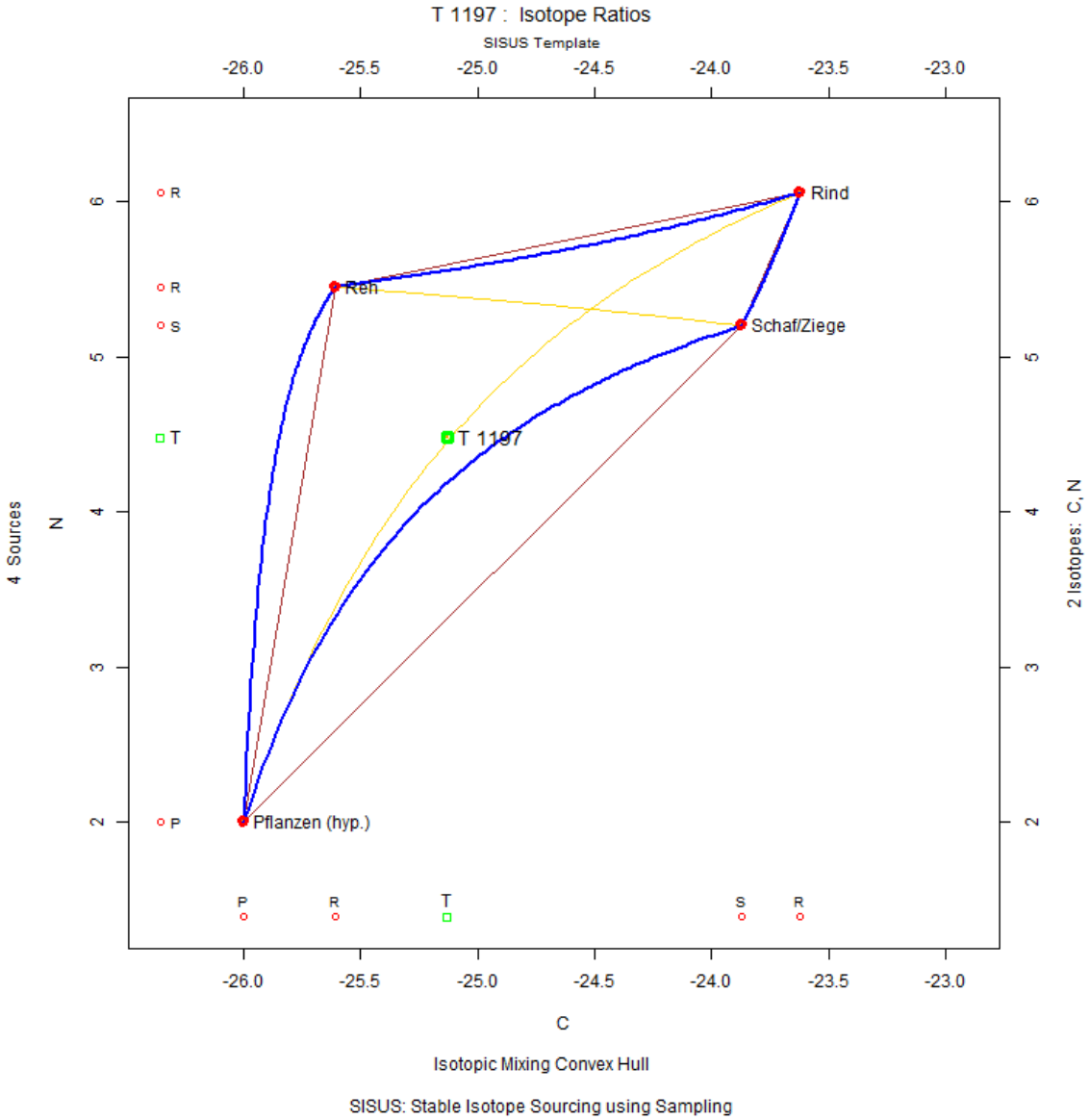


Abbildung 364: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1197. Erstellt mit SISUS.

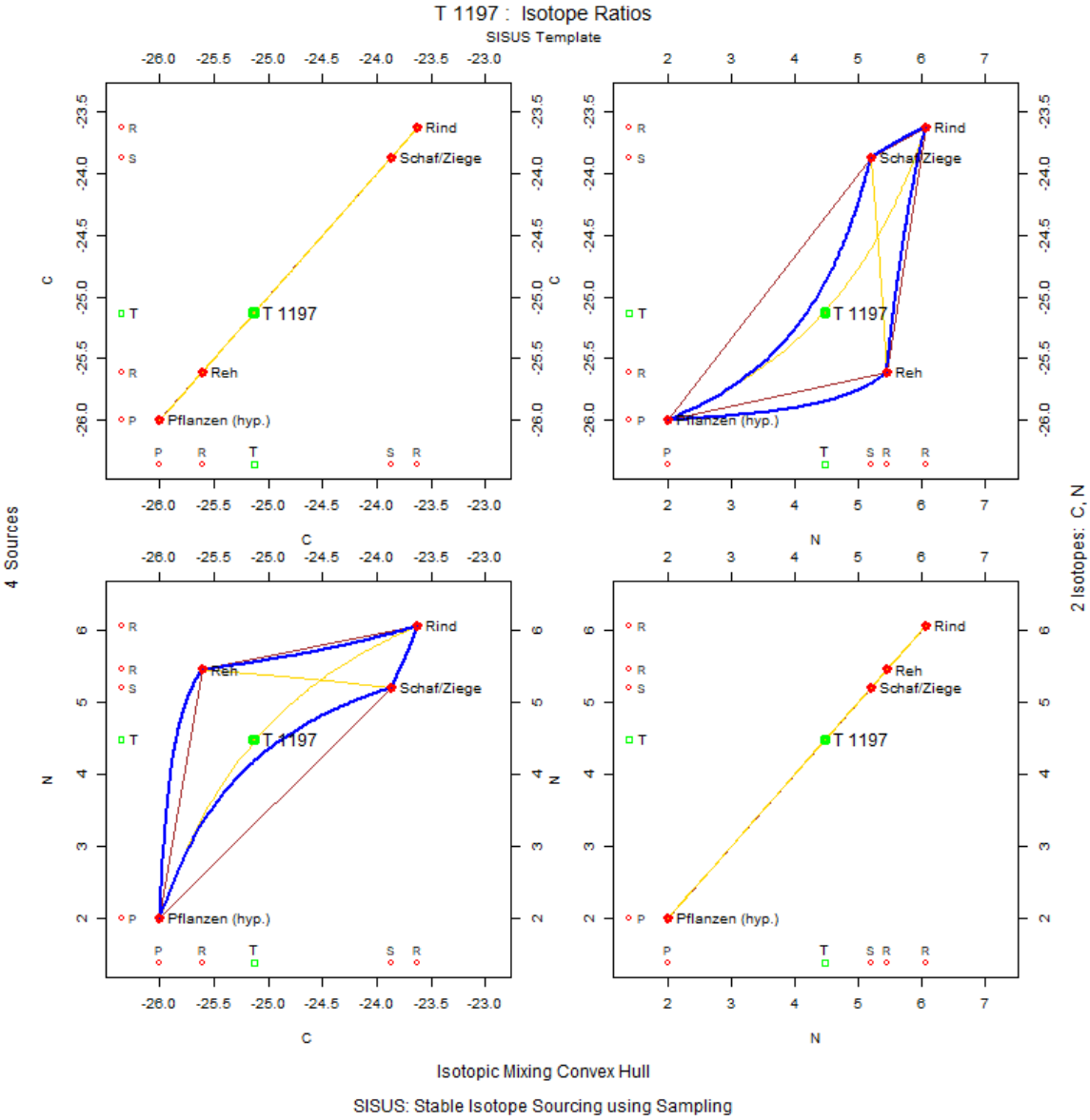


Abbildung 365: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1197 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

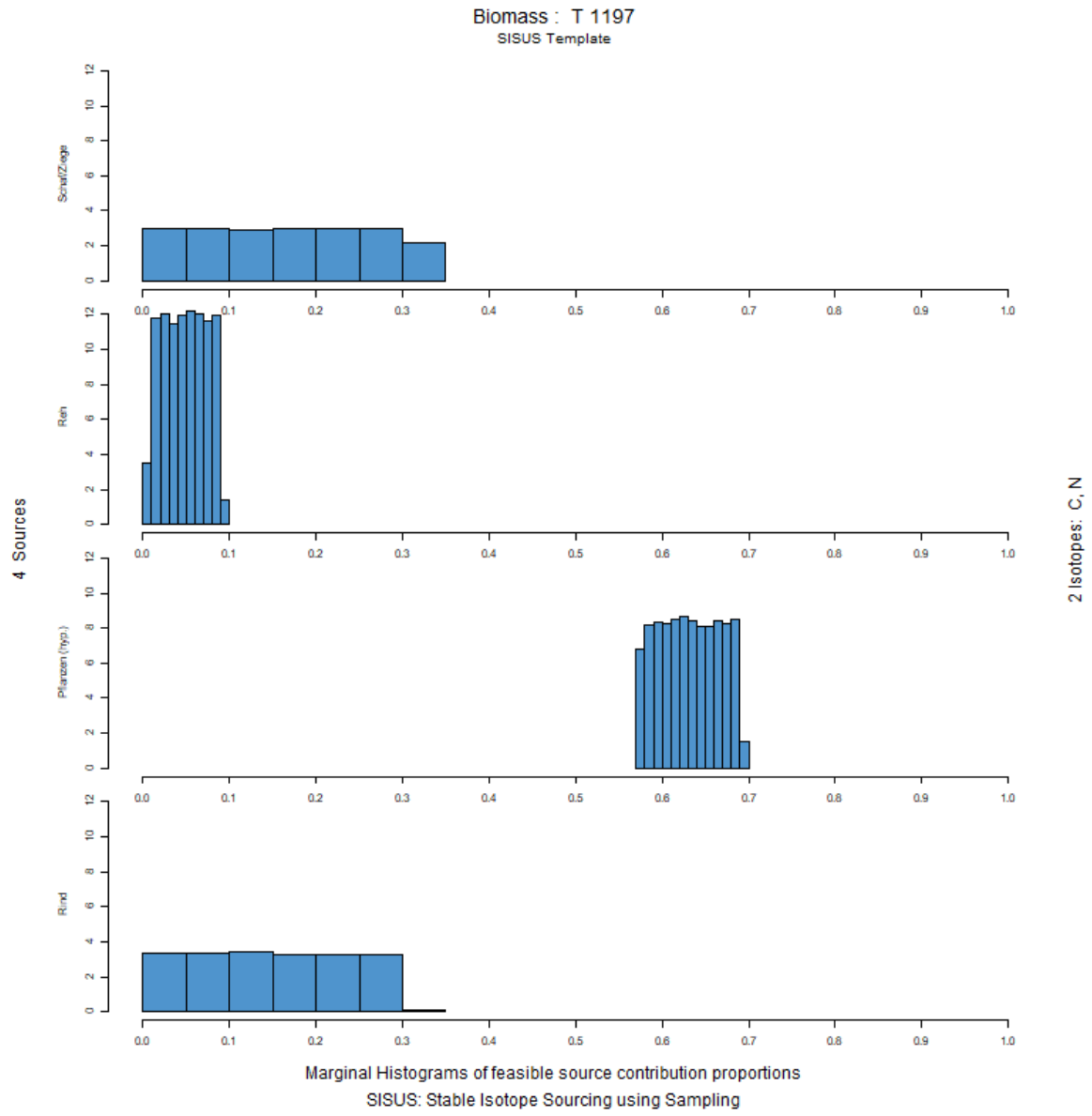


Abbildung 366: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1197. Erstellt mit SISUS.

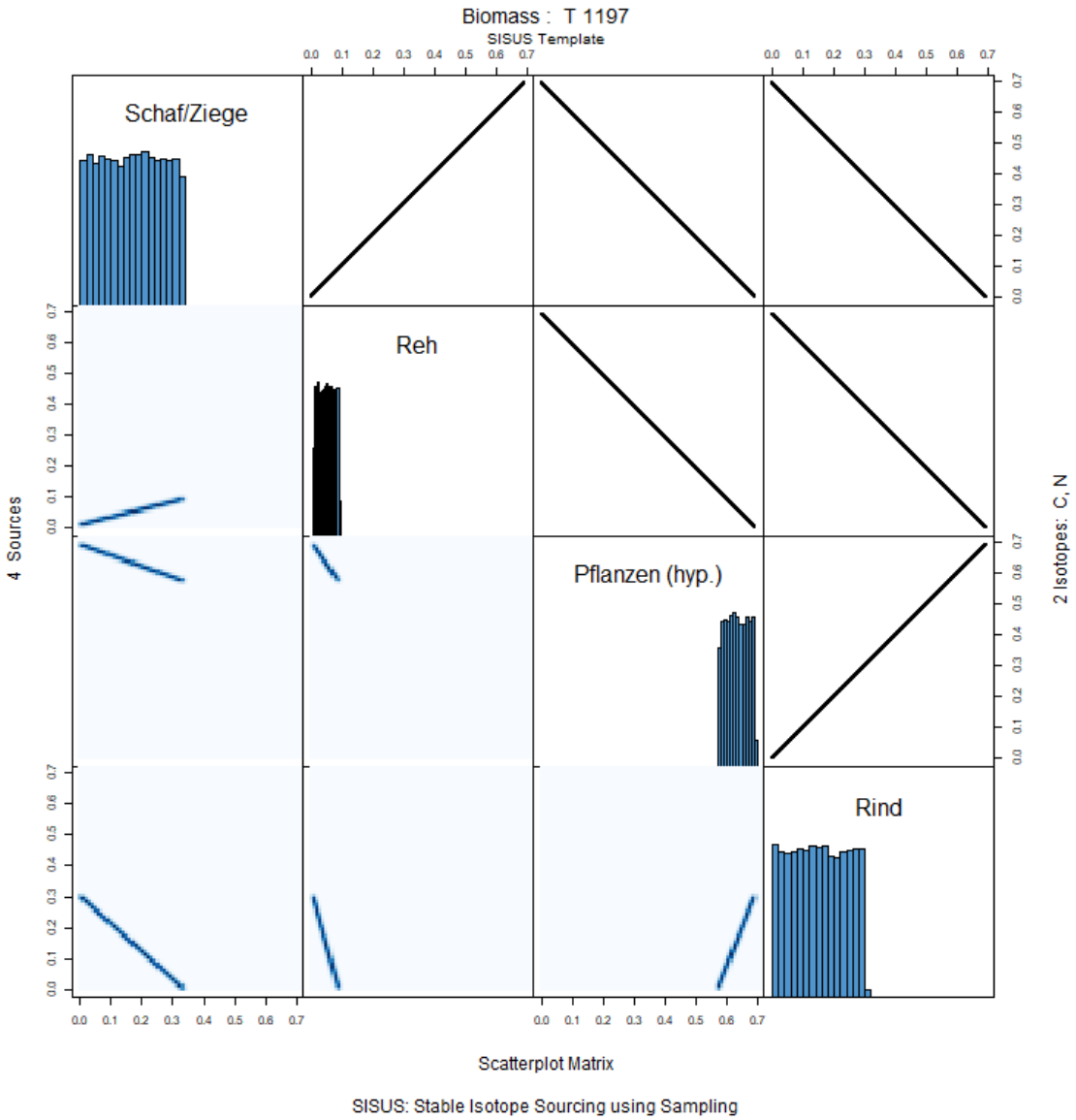


Abbildung 367: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1197. Erstellt mit SISUS.

T1198

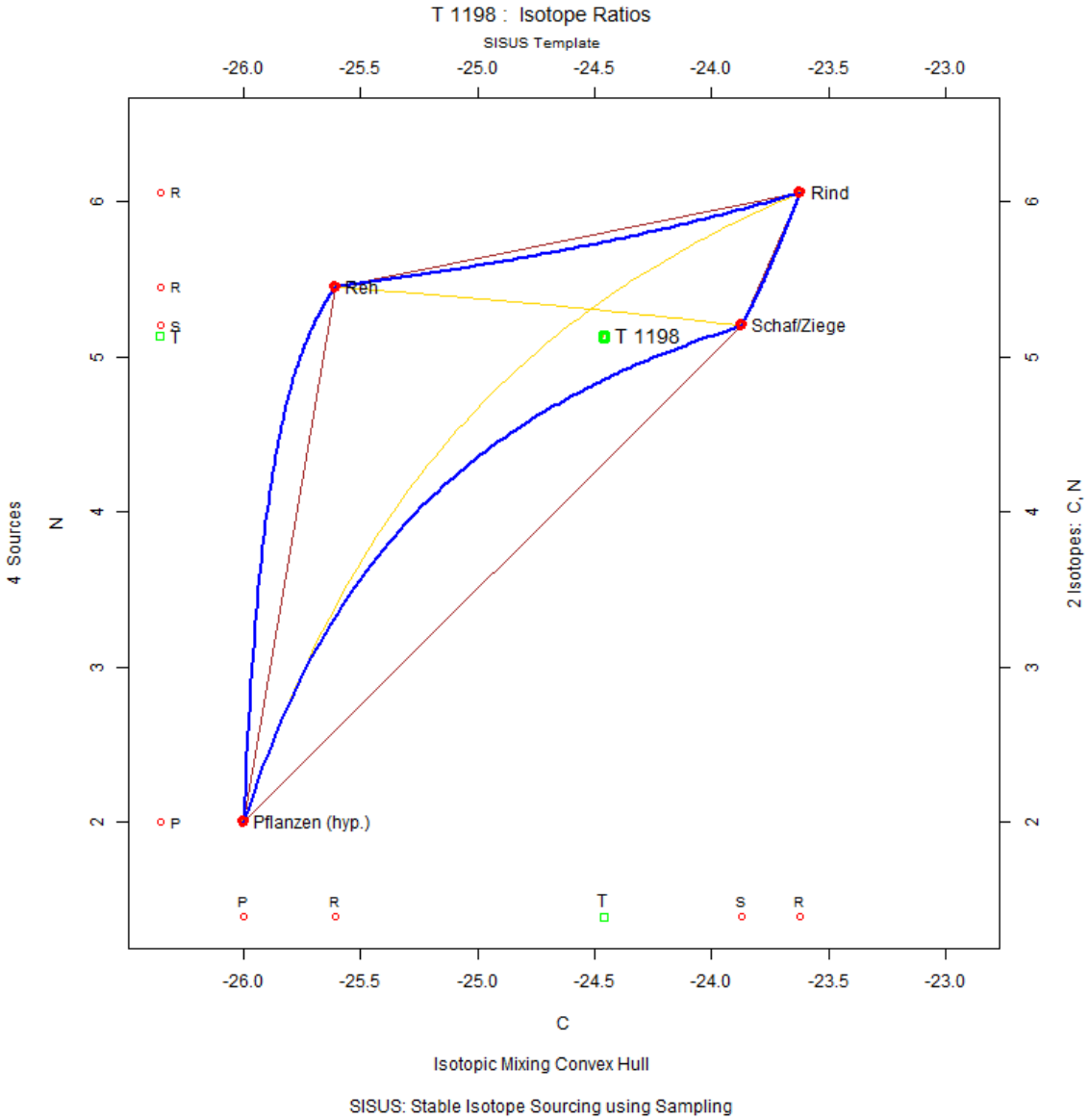


Abbildung 368: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Theopetra (T) 1198. Erstellt mit SISUS.

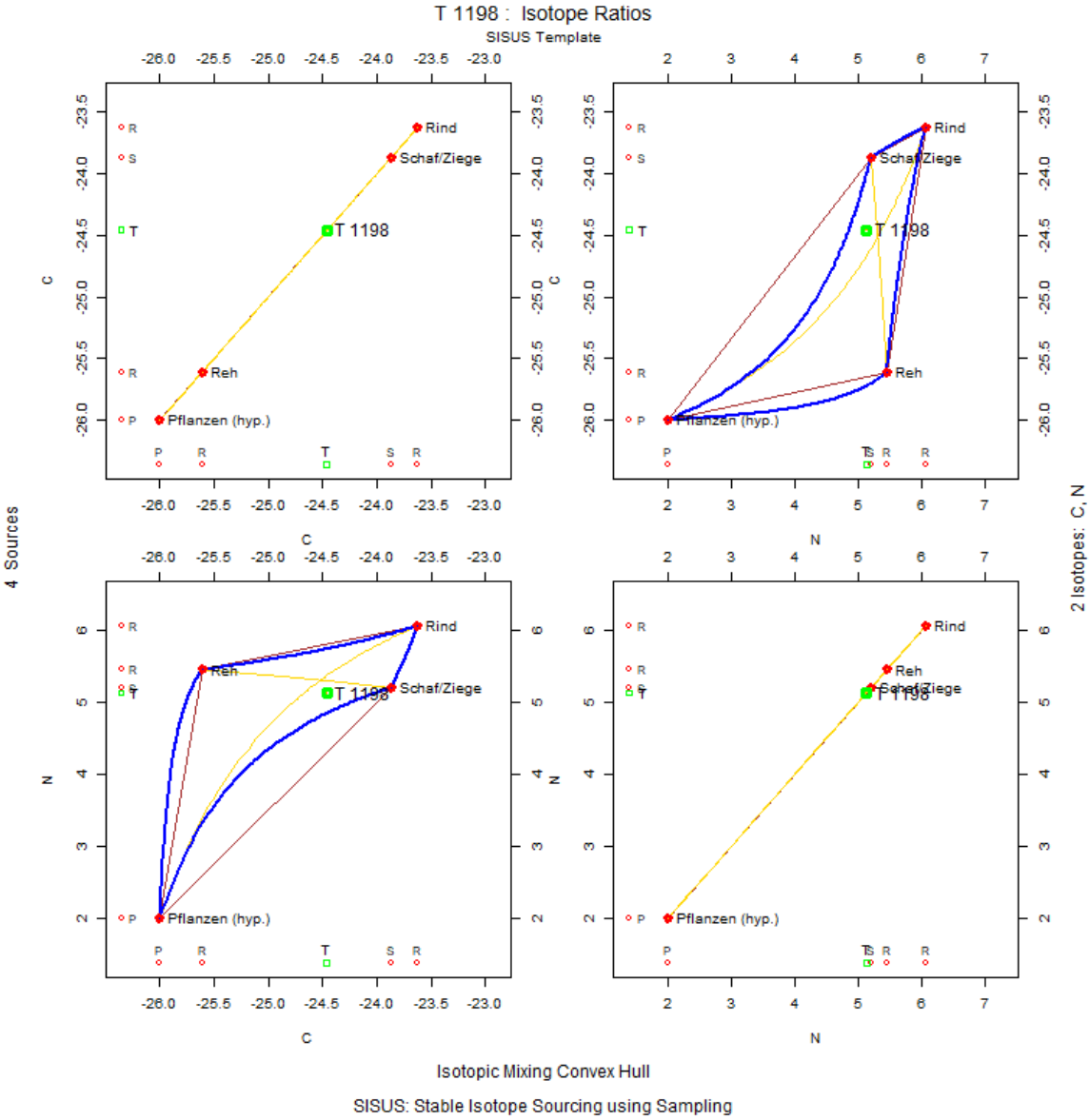


Abbildung 369: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Theopetra (T) 1198 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

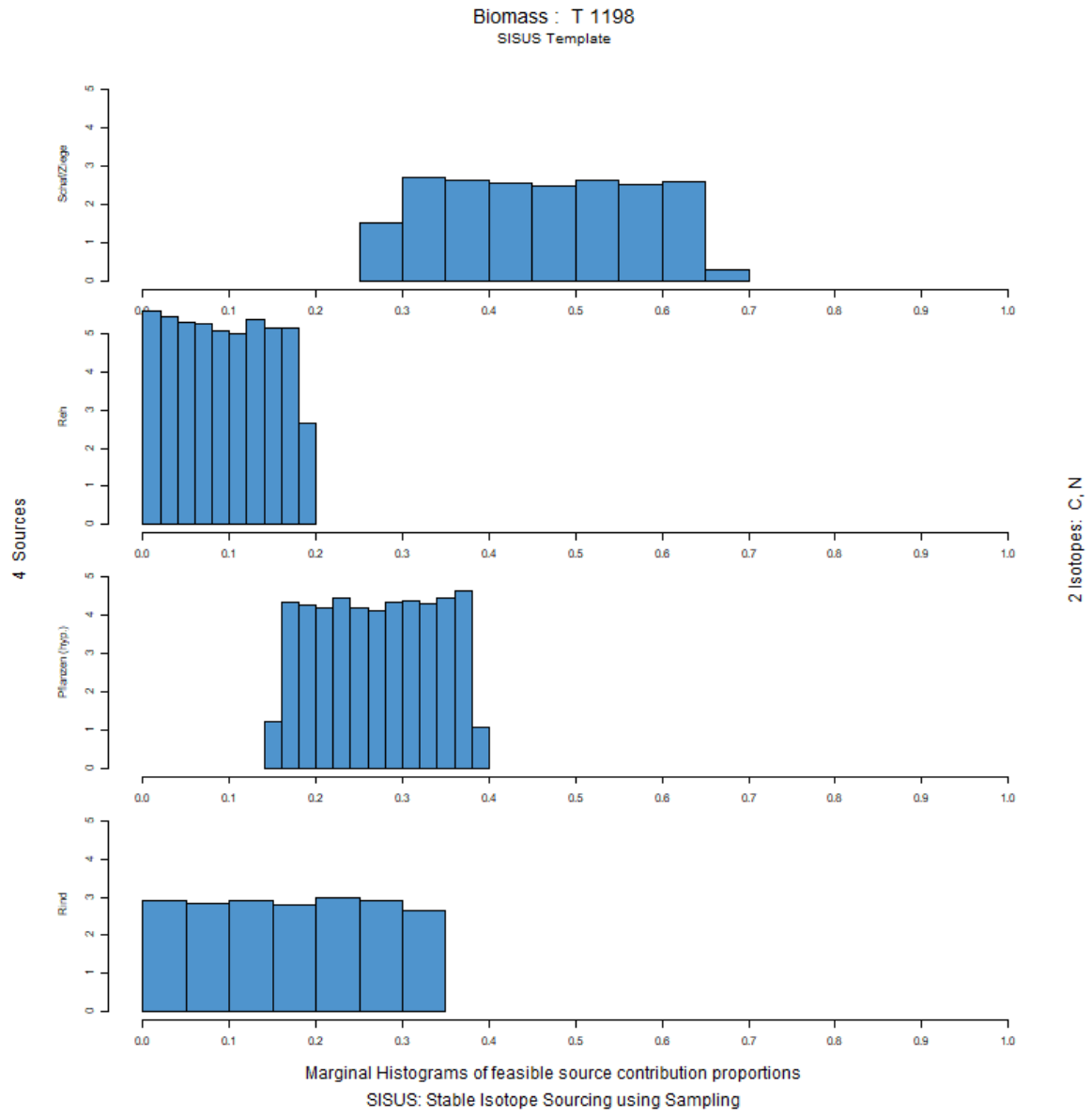


Abbildung 370: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1198. Erstellt mit SISUS.

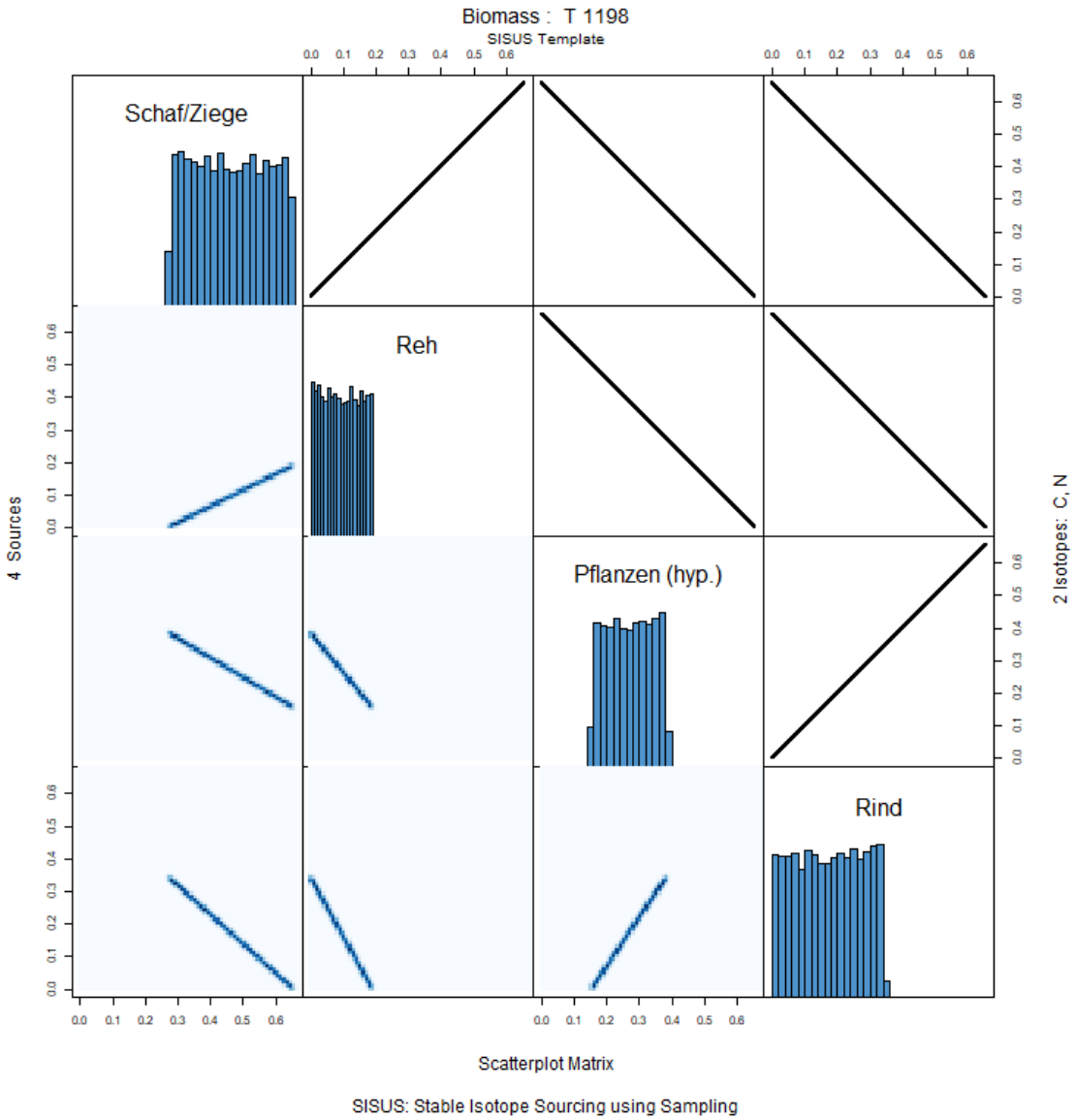


Abbildung 371: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Theopetra (T) 1198. Erstellt mit SISUS.

5.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 18: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version A: 4-Quellen) für die Individuen aus Theopetra (T). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version A: 4 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
T1185	Pflanzen	47,65%	52,02%	2,55%	52,04%	56,45%	8,80%
	Reh	26,01%	29,61%	2,07%	29,59%	33,15%	7,14%
	Rind	0,00%	8,71%	5,08%	8,74%	17,54%	17,54%
	Schaf/Ziege	0,00%	9,67%	5,56%	9,64%	19,20%	19,20%
T1186	Pflanzen	50,88%	56,60%	3,33%	56,54%	62,40%	11,52%
	Reh	12,52%	16,97%	2,56%	17,02%	21,37%	8,85%
	Rind	0,00%	12,46%	7,24%	12,32%	25,08%	25,08%
	Schaf/Ziege	0,00%	13,97%	8,01%	14,12%	27,75%	27,75%
T1187	Pflanzen	0,00%	16,66%	9,60%	16,52%	33,48%	33,48%
	Reh	0,00%	14,54%	8,30%	14,67%	28,96%	28,96%
	Rind	10,77%	30,22%	11,98%	30,05%	49,84%	39,07%
	Schaf/Ziege	16,68%	38,57%	12,49%	38,76%	60,27%	43,59%
T1188	Pflanzen	53,41%	58,53%	2,94%	58,56%	63,61%	10,19%
	Reh	0,00%	3,63%	2,10%	3,61%	7,29%	7,29%
	Rind	0,00%	12,27%	7,05%	12,33%	24,43%	24,43%
	Schaf/Ziege	11,96%	25,57%	7,88%	25,50%	39,29%	27,33%
T1189	Pflanzen	63,01%	65,79%	1,60%	65,79%	68,53%	5,52%
	Reh	0,00%	1,78%	1,04%	1,77%	3,58%	0,36%
	Rind	0,00%	7,92%	4,57%	7,93%	15,73%	15,73%
	Schaf/Ziege	15,75%	24,52%	5,13%	24,50%	33,42%	17,67%
T1190	Pflanzen	46,98%	52,57%	3,20%	52,57%	58,06%	11,08%
	Reh	0,00%	4,08%	2,37%	4,08%	8,23%	8,23%
	Rind	0,00%	12,17%	6,96%	12,18%	24,14%	24,14%
	Schaf/Ziege	17,80%	31,18%	7,78%	31,17%	44,79%	26,98%
T1191	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
T1192	Pflanzen	60,32%	64,34%	2,31%	64,36%	68,33%	8,01%
	Reh	2,70%	5,51%	1,62%	5,50%	8,35%	5,64%
	Rind	0,00%	14,56%	8,34%	14,61%	28,97%	28,97%
	Schaf/Ziege	0,00%	15,59%	9,02%	15,53%	31,34%	31,34%
T1193	Pflanzen	78,91%	80,93%	1,17%	80,93%	82,95%	4,05%
	Reh	0,87%	1,83%	0,55%	1,83%	2,78%	19,12%
	Rind	0,00%	8,11%	4,69%	8,10%	16,18%	16,18%
	Schaf/Ziege	0,00%	9,14%	5,31%	9,14%	18,31%	18,31%
T1194	Pflanzen	69,56%	72,68%	1,82%	72,67%	75,83%	6,27%
	Reh	4,51%	6,45%	1,12%	6,45%	8,36%	3,86%
	Rind	0,00%	9,78%	5,71%	9,74%	19,66%	19,66%
	Schaf/Ziege	0,00%	11,09%	6,41%	11,14%	22,07%	22,07%
T1196	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x

T1197	Pflanzen	57,23%	63,19%	3,46%	63,16%	69,19%	11,96%
	Reh	0,70%	4,92%	2,43%	4,94%	9,11%	8,40%
	Rind	0,00%	15,01%	8,70%	14,93%	30,11%	30,11%
	Schaf/Ziege	0,00%	16,89%	9,73%	16,98%	33,62%	33,66%
T1198	Pflanzen	15,44%	27,08%	6,71%	27,16%	38,47%	23,03%
	Reh	0,00%	9,94%	5,53%	9,32%	18,99%	18,99%
	Rind	0,00%	17,30%	9,98%	17,43%	34,24%	34,24%
	Schaf/Ziege	27,29%	46,23%	11,15%	46,08%	65,57%	38,28%

Tabelle 19: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell (Version B: 5-Quellen) für die Individuen aus Theopetra (T). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS - Version A: 5 Quellen							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
T1185	Pflanzen	22,2	42,1	7.3	43.0	56,5	34,3
	Reh	26.0	34,5	3.8	34,2	44,2	18,2
	Rotwild	0.0	11,3	8.0	9,9	33,7	33,7
	Rind	0.0	5,8	4.1	5,1	17,5	17,5
	Schaf/Ziege	0.0	6,4	4.6	5,6	19,2	19,2
T1186	Pflanzen	15,9	43,1	9.9	44,5	62,4	46,5
	Reh	12,5	22,6	4.4	22,3	34.0	21,5
	Rotwild	0.0	16,6	11.8	14,6	50,1	50,1
	Rind	0.0	8,4	6.0	7,4	25,1	25.0
	Schaf/Ziege	0.0	9,3	6.6	8,2	27,8	25,8
T1187	Pflanzen	0.0	13,2	8.8	12.0	33,5	33,5
	Reh	0.0	14,7	7.1	15,5	29.0	29.0
	Rotwild	0.0	9,9	6.5	9,1	27,7	27,7
	Rind	10,8	40,6	10.8	42,2	60,1	49,4
	Schaf/Ziege	0.0	21,6	14.1	19,6	60,3	60,3
T1188	Pflanzen	6,7	41,7	12.7	43,7	63,6	56,9
	Reh	0.0	8,5	4.5	8,2	20,2	20,2
	Rotwild	0.0	25,5	17.2	22,5	73,2	73,2
	Rind	0.0	10,9	7.5	9,6	30,3	30,3
	Schaf/Ziege	0.0	13,5	9.3	12.0	39,3	39,3
T1189	Pflanzen	28,7	53.0	8.8	54,4	68,5	39,9
	Reh	0.0	3,5	1.9	3,5	8,4	8,4
	Rotwild	0.0	23,5	14.6	21,7	63.0	63.0
	Rind	0.0	8,1	5.4	7,4	21,5	21,5
	Schaf/Ziege	0.0	11,9	8.0	11.0	33,4	33,4
T1190	Pflanzen	0.0	33,2	14.2	35,3	58,1	58,1
	Reh	0.0	10,6	5.8	10.0	24,1	24,1
	Rotwild	0.0	27,9	17.8	25,4	71,2	71,2
	Rind	0.0	12,4	8.2	11,3	33,5	33,5
	Schaf/Ziege	0.0	15,8	10.6	14,3	44,8	44,8
T1191	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
T1192	Pflanzen	39,8	60.0	7.3	61.0	74.0	34,2
	Reh	2,4	6,9	1.7	7.0	10,6	8,2
	Rotwild	0.0	16,5	11.7	14,6	49,6	49,6
	Rind	0.0	7,9	5.5	7.0	23,6	23,6
	Schaf/Ziege	0.0	8,8	6.2	7,7	26,4	26,4

T1193	Pflanzen	64,6	75,5	4.0	76.0	83.0	18,3
	Reh	0.0	1,2	5.7	1,2	2,8	2,8
	Rotwild	0.0	11,9	8.4	10,5	35,3	35,3
	Rind	0.0	5,4	3.8	4,8	16,2	16,2
	Schaf/Ziege	0.0	6.0	4.3	5,2	18,3	18,3
T1194	Pflanzen	48,8	64,7	5.8	65,6	75,8	27,1
	Reh	4,5	7,5	1.1	7,7	9,7	5,2
	Rotwild	0.0	13,8	9.8	12,1	41,6	41,6
	Rind	0.0	6,5	5.2	5,7	19,7	19,7
	Schaf/Ziege	0.0	7,4	4.6	6,5	22,1	22,1
T1196	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Reh	x	x	x	x	x	x
	Rotwild	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
T1197	Pflanzen	19,1	48,5	10.7	50.0	69,2	50,1
	Reh	0,7	9,4	3.6	9,3	18,4	17,7
	Rotwild	0.0	20,9	14.7	18,2	62,5	62,5
	Rind	0.0	10,1	7.9	8,9	30,1	30,1
	Schaf/Ziege	0.0	11,1	7.2	9,6	33,7	33,7
T1198	Pflanzen	0.0	16,2	9.8	15,5	38,5	38,5
	Reh	0.0	13,6	6.7	14,2	27,3	27,3
	Rotwild	0.0	16,6	9.7	16.0	41,6	41,6
	Rind	0.0	25,7	12.4	26,8	50,5	50,5
	Schaf/Ziege	0.0	27,9	16.7	27,1	65,6	65,6

6 Griechenland – Xirolimi

6.1 MixSIAR: Abbildungen

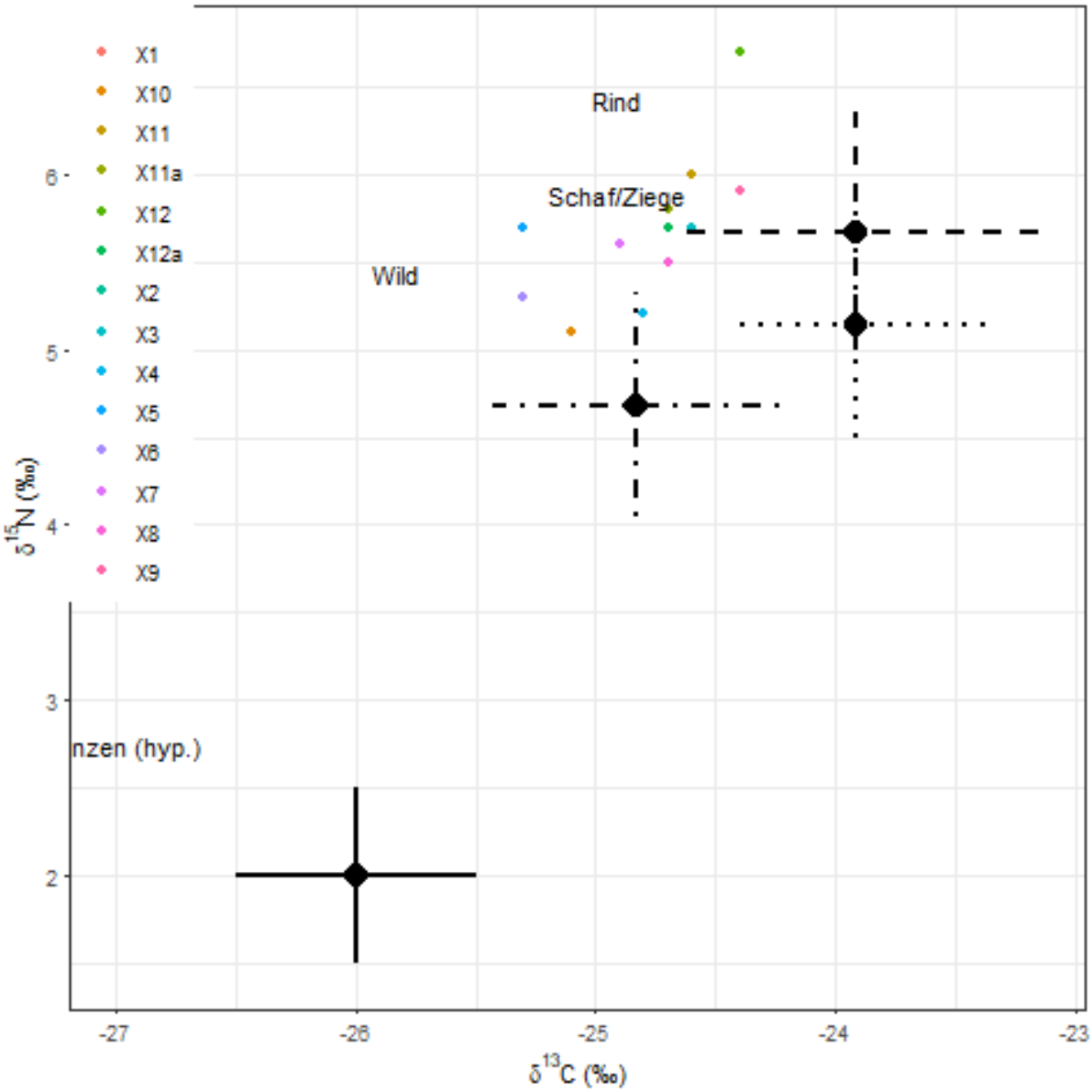


Abbildung 372: Isospace Plot der Individuen aus Xirolimni. Erstellt mit MixSIAR.

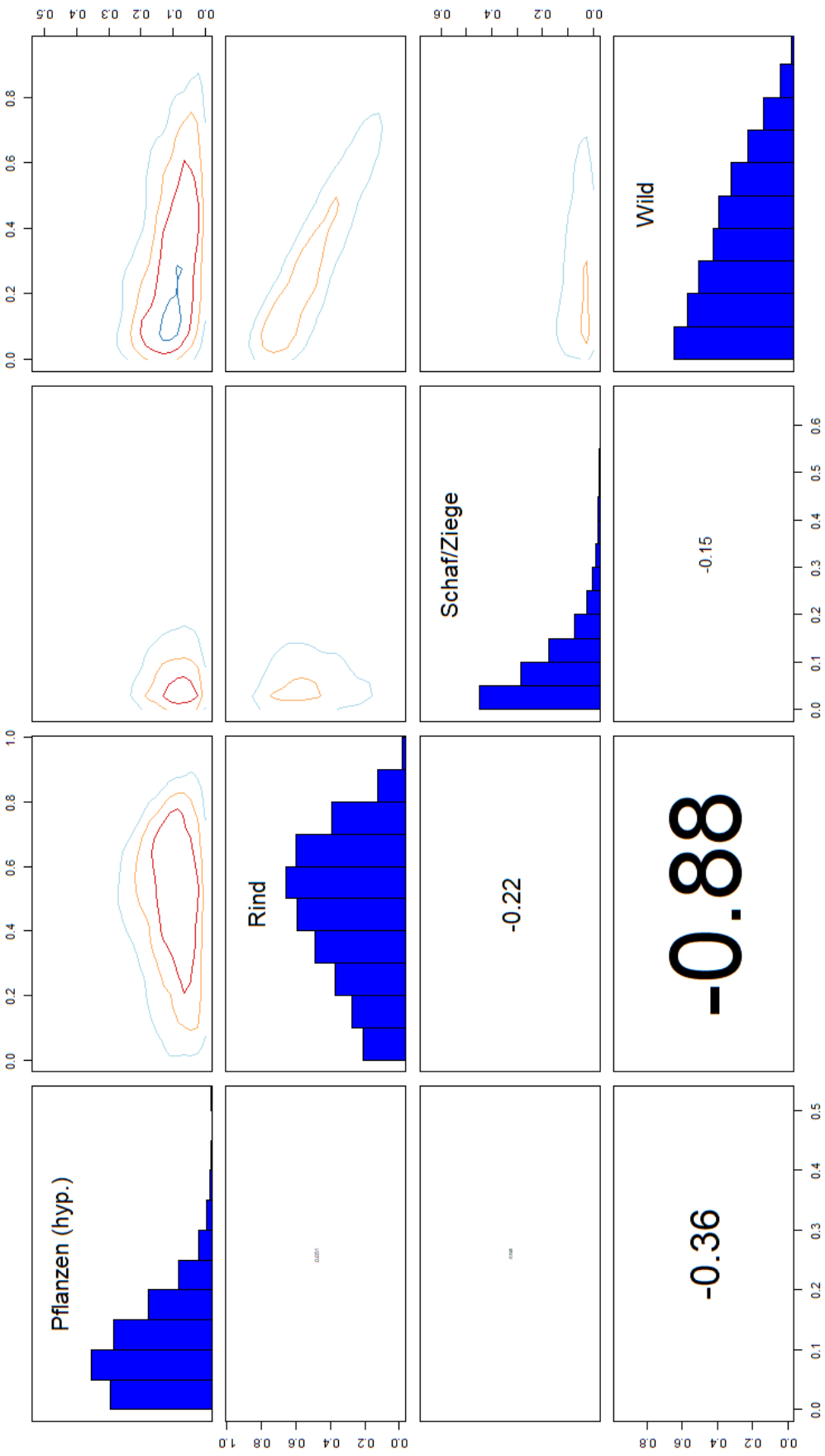


Abbildung 373: Pairs Plot der Population aus Xirolimni. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

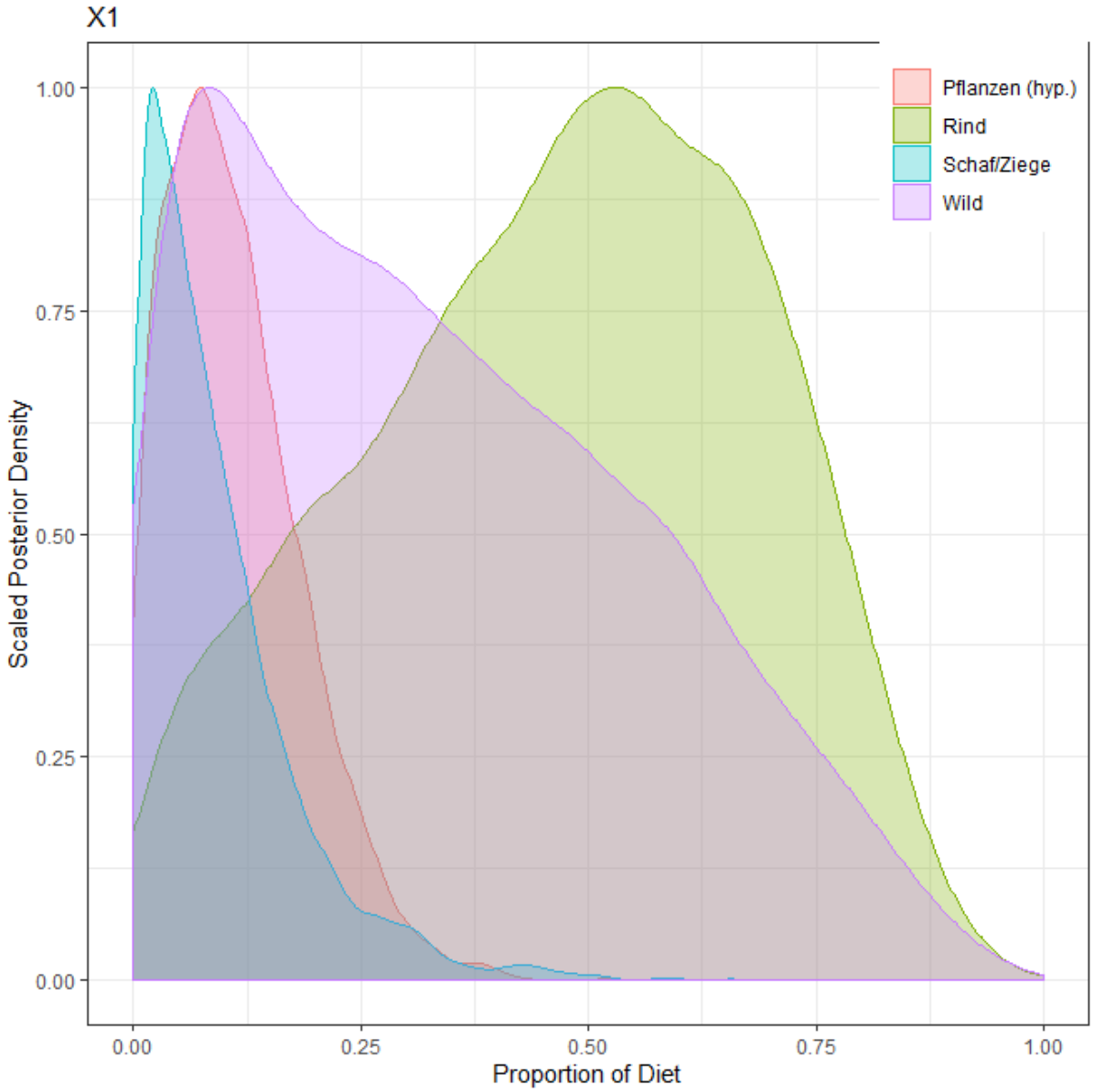


Abbildung 374: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 1. Erstellt mit MixSIAR.

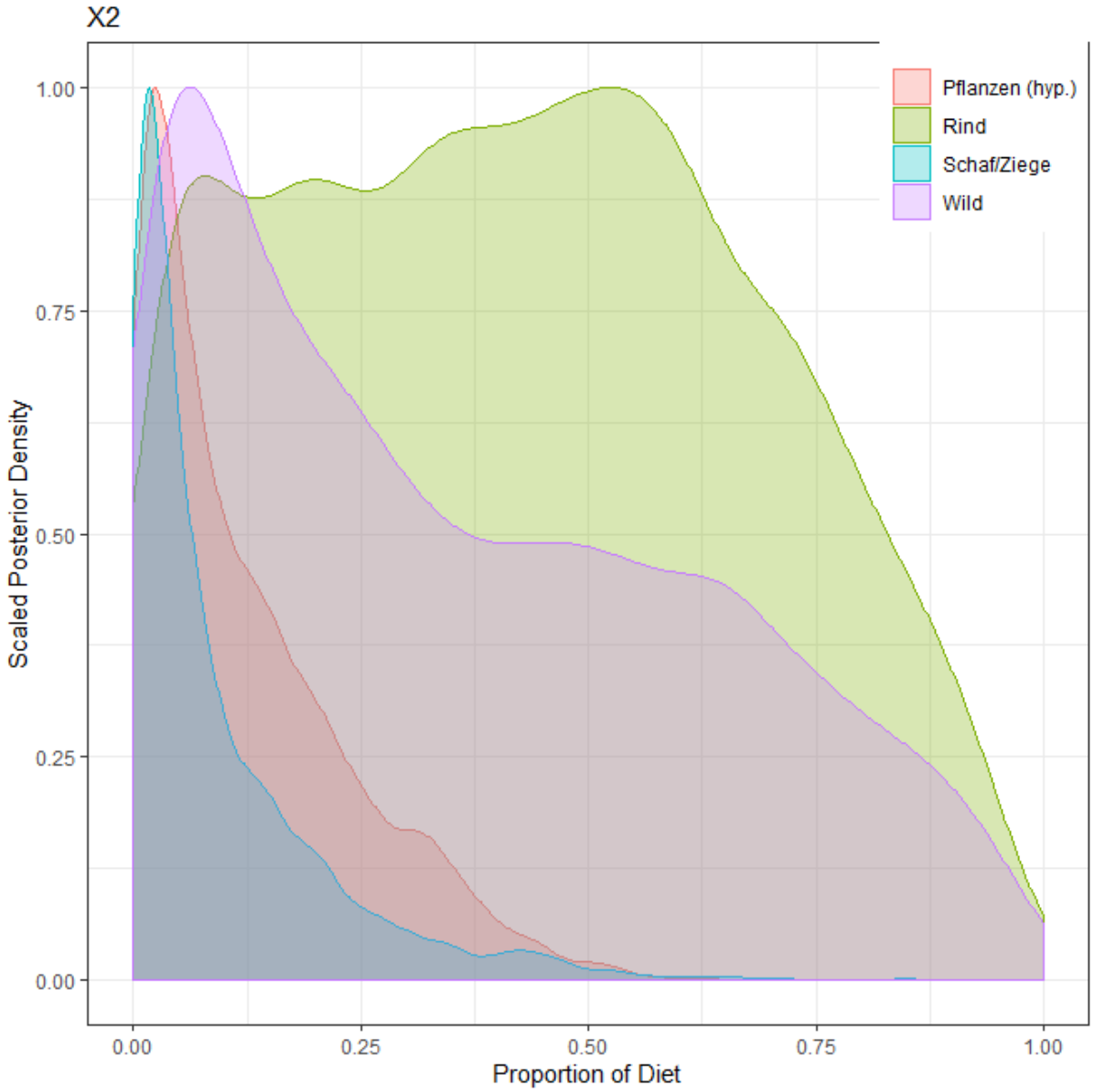


Abbildung 375: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 2. Erstellt mit MixSIAR.

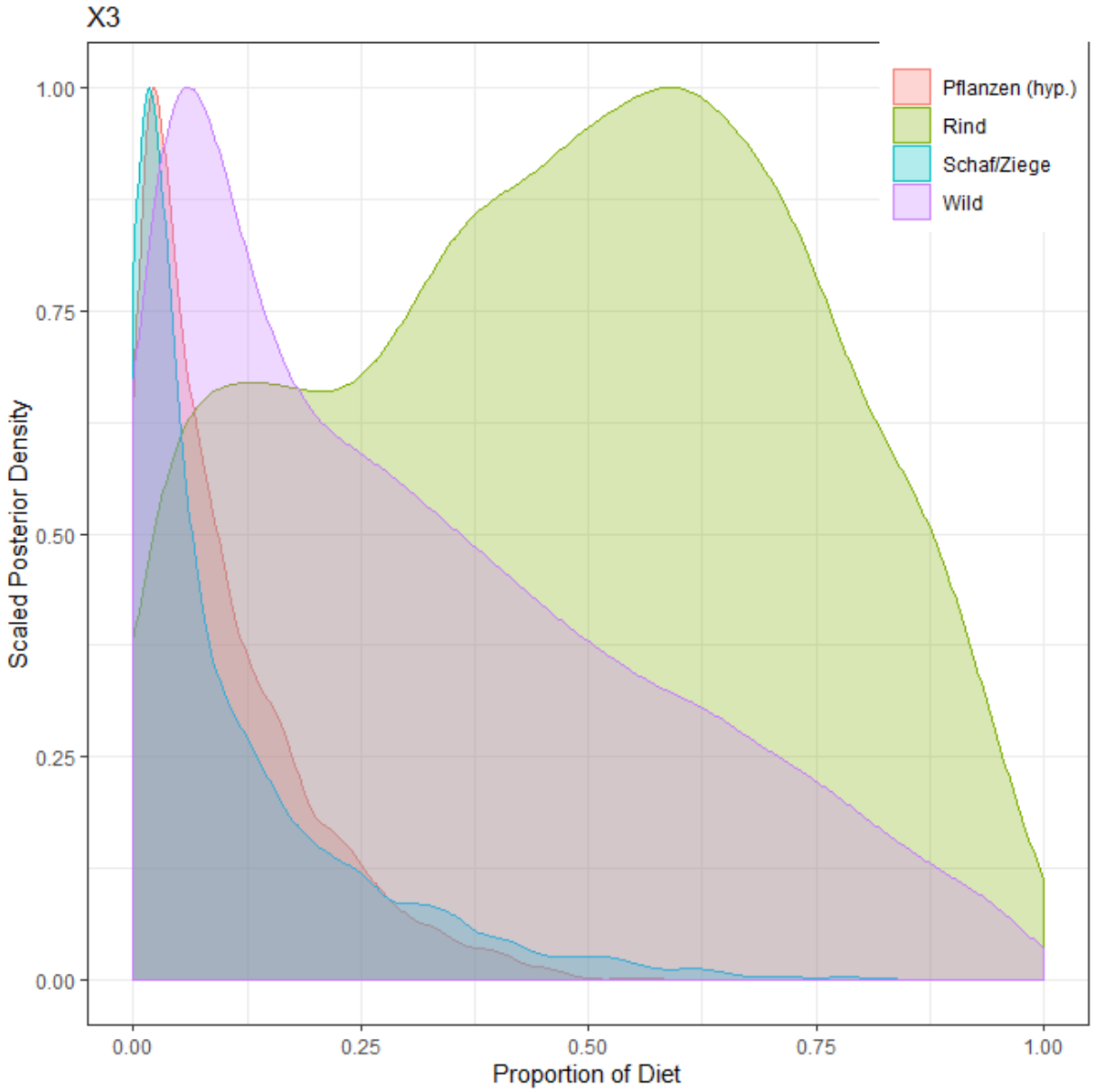


Abbildung 376: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 3. Erstellt mit MixSIAR.

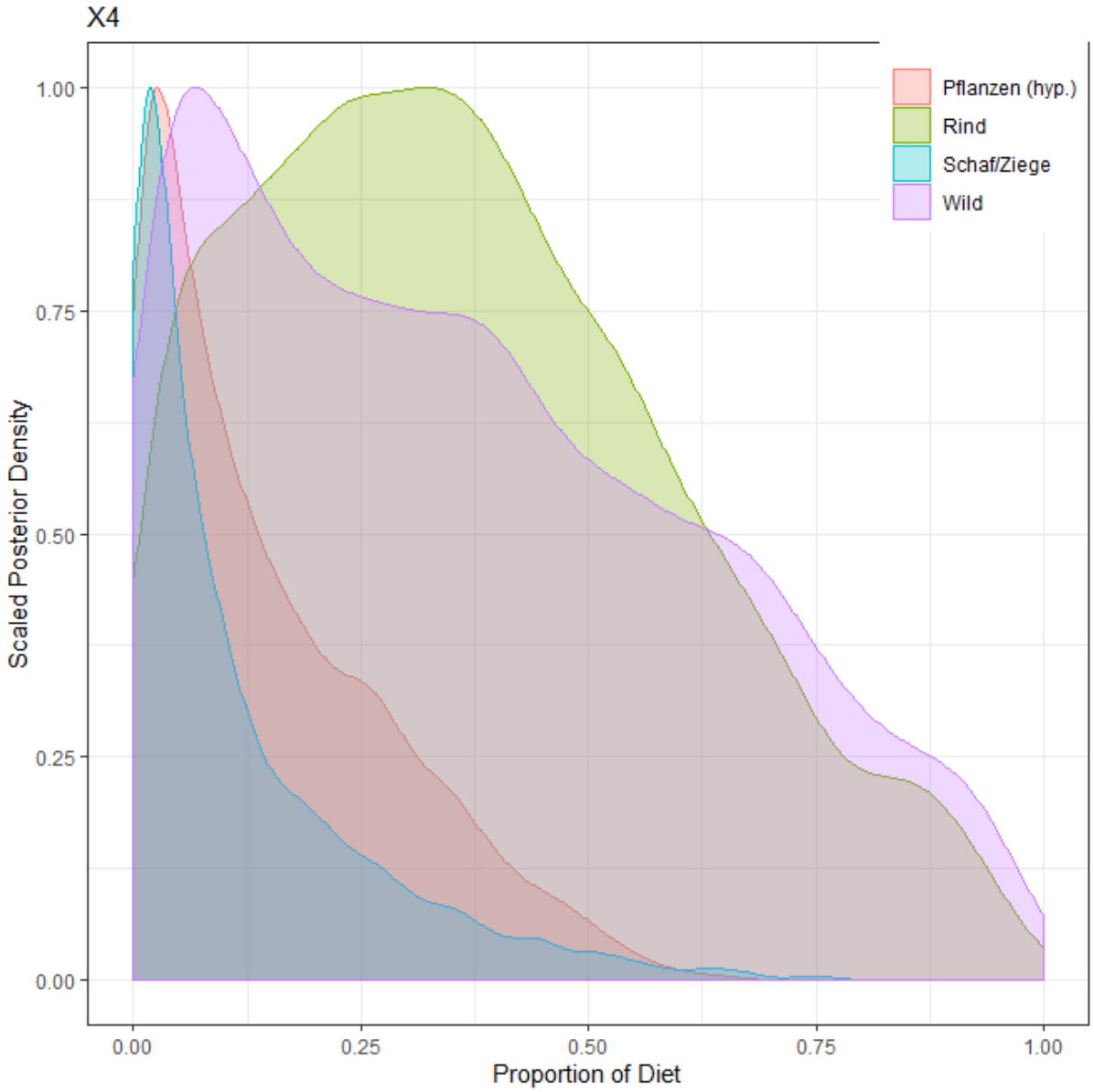


Abbildung 377: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 4. Erstellt mit MixSIAR.

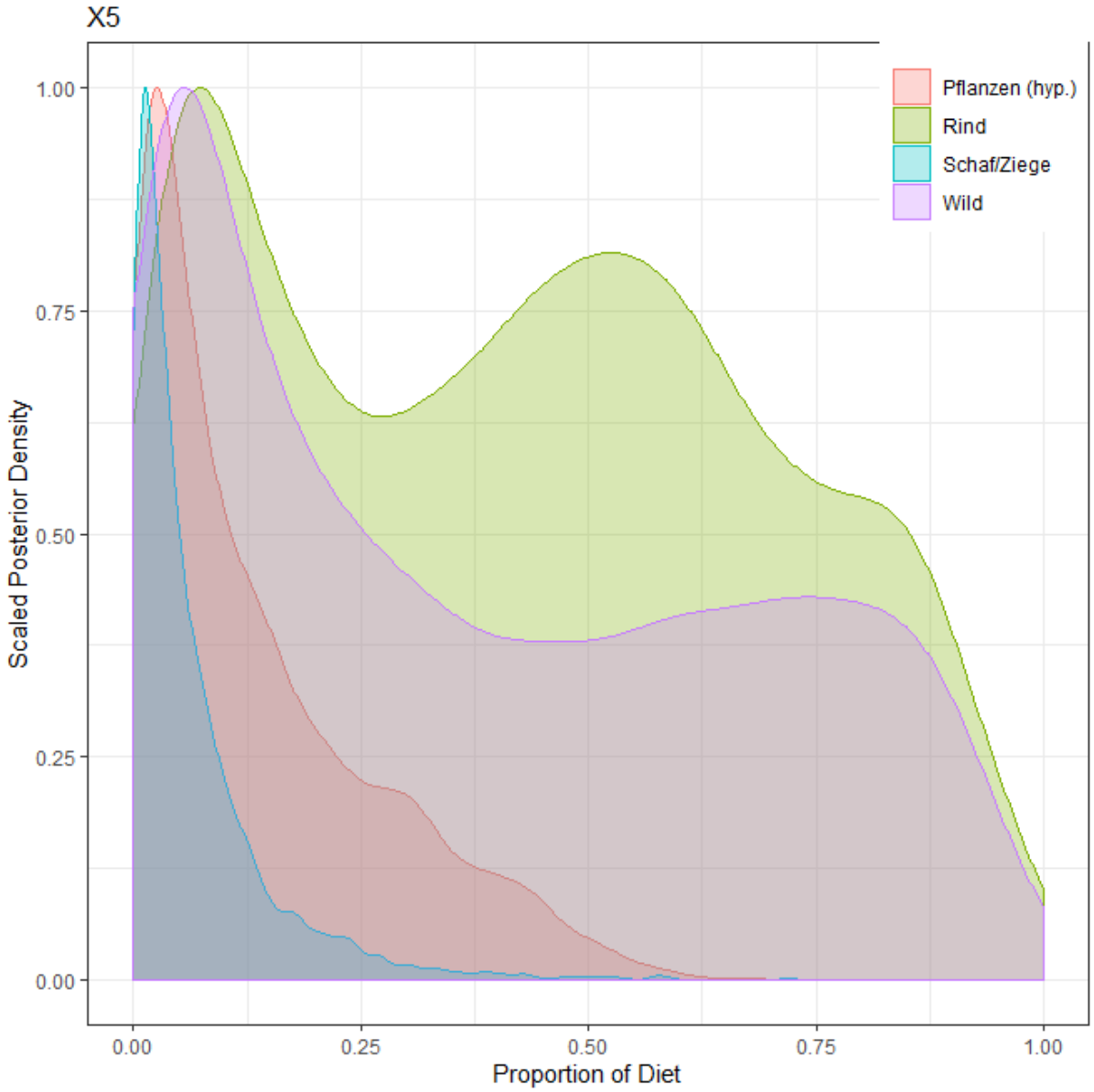


Abbildung 378: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 5. Erstellt mit MixSIAR.

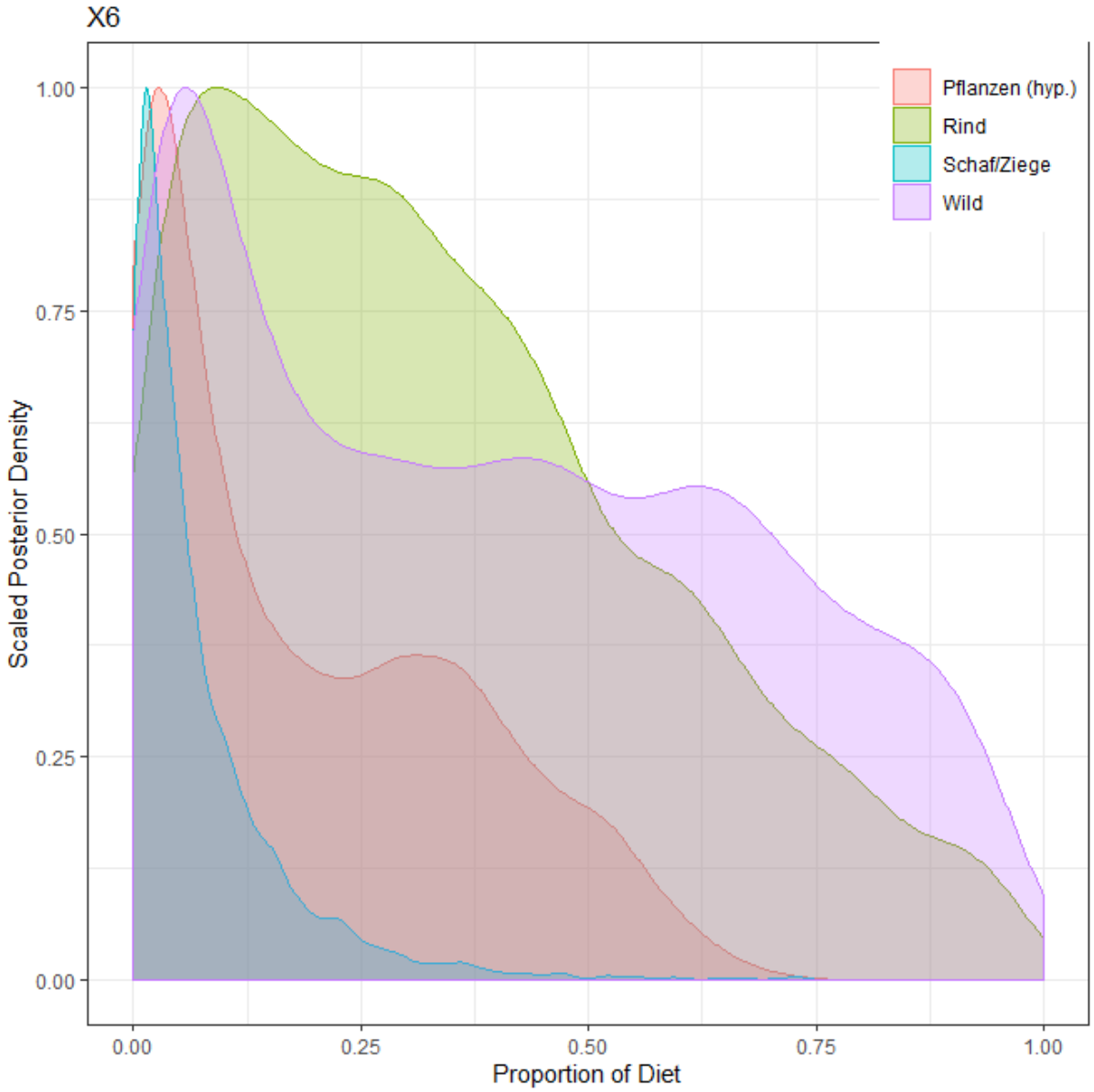


Abbildung 379: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 6. Erstellt mit MixSIAR.

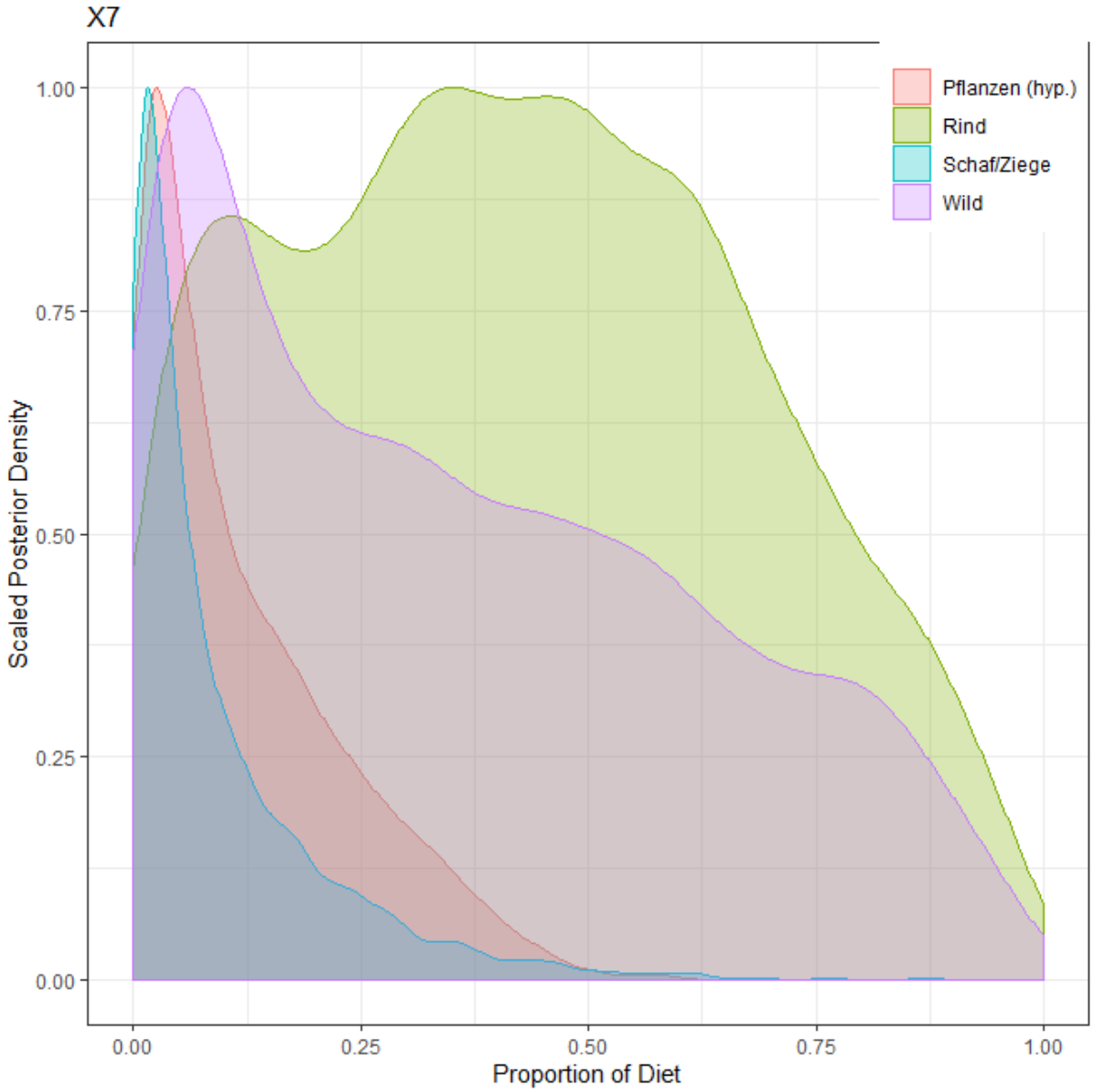


Abbildung 380: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 7. Erstellt mit MixSIAR.

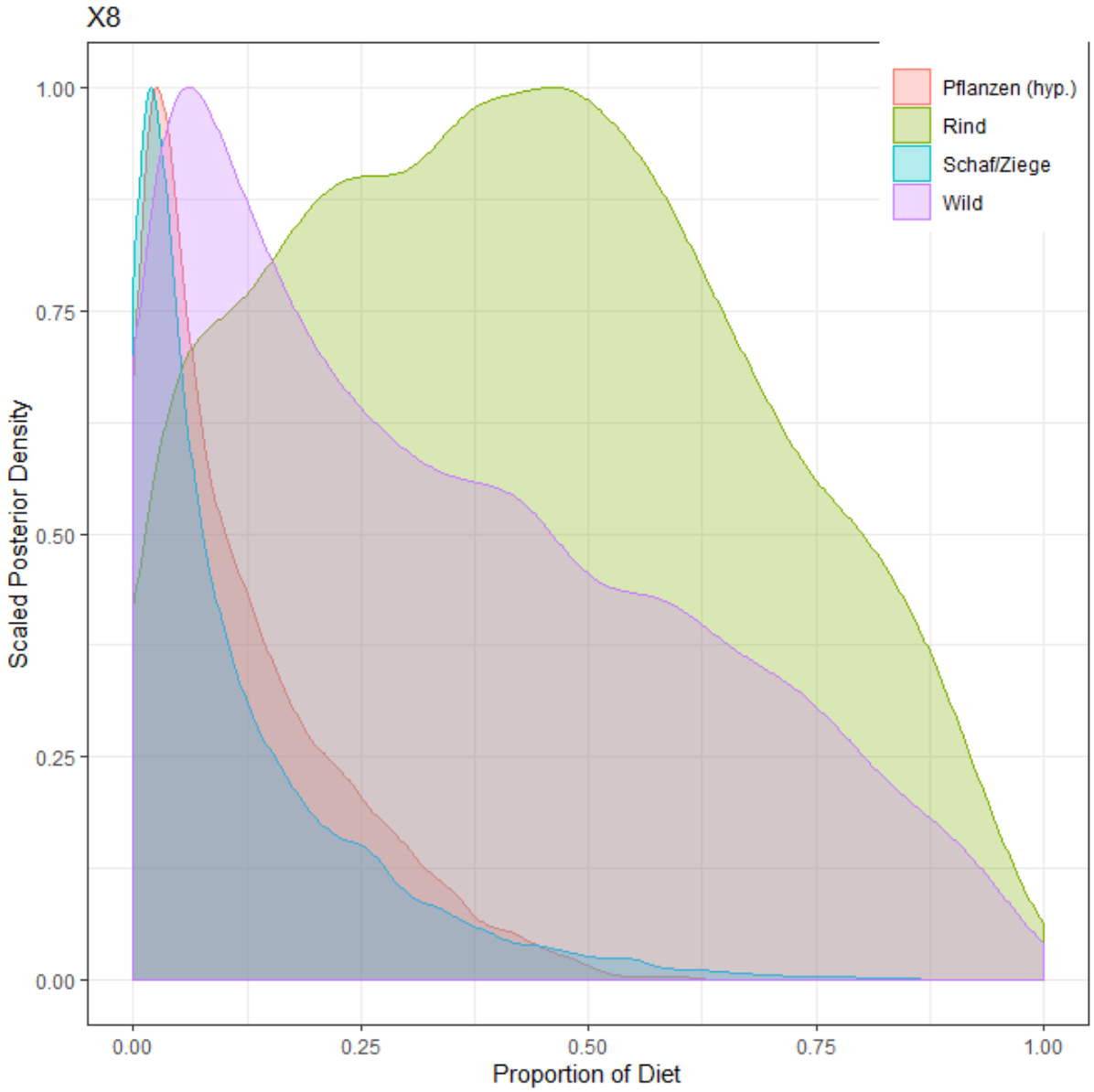


Abbildung 381: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 8. Erstellt mit MixSIAR.

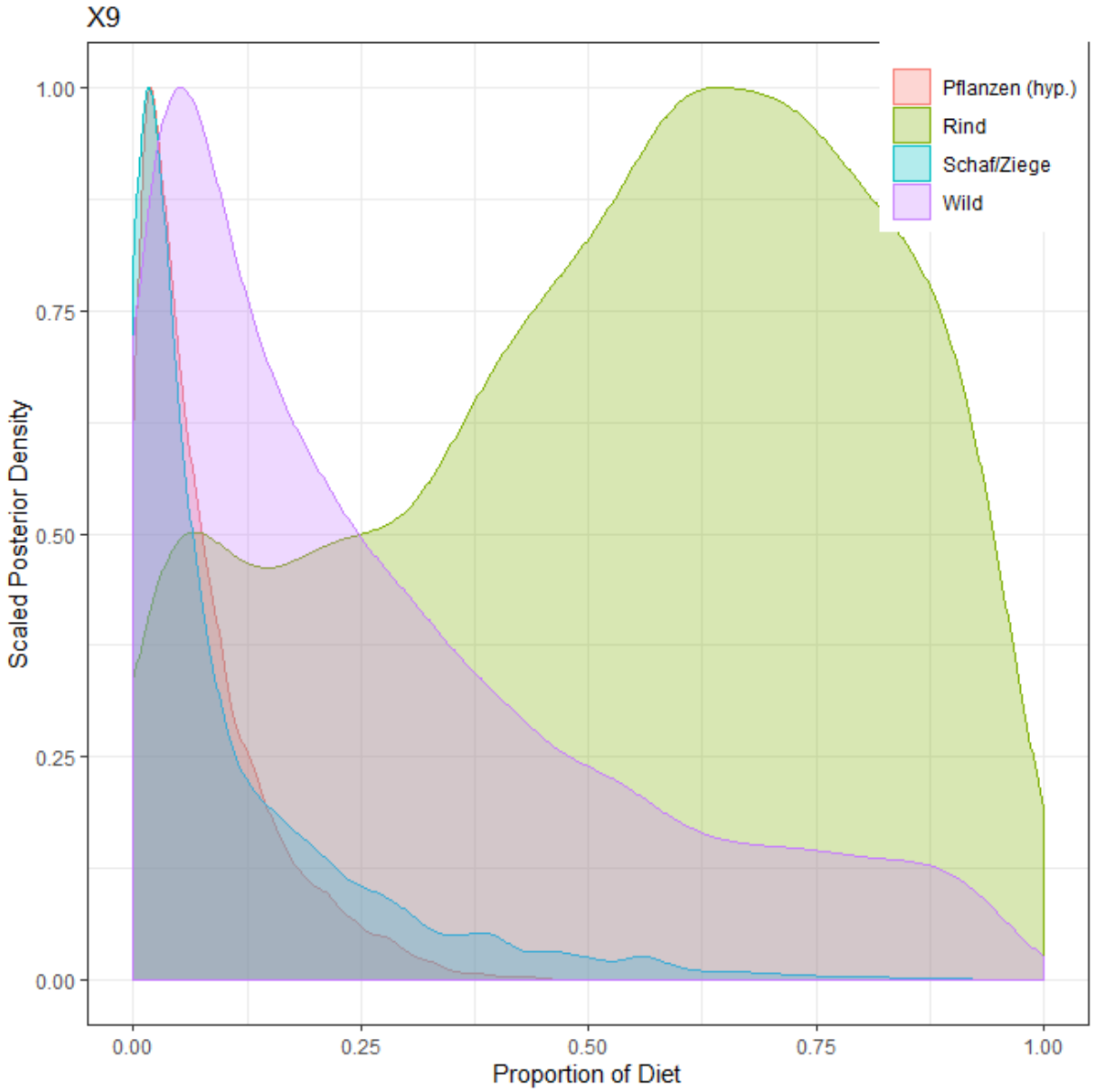


Abbildung 382: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 9. Erstellt mit MixSIAR.

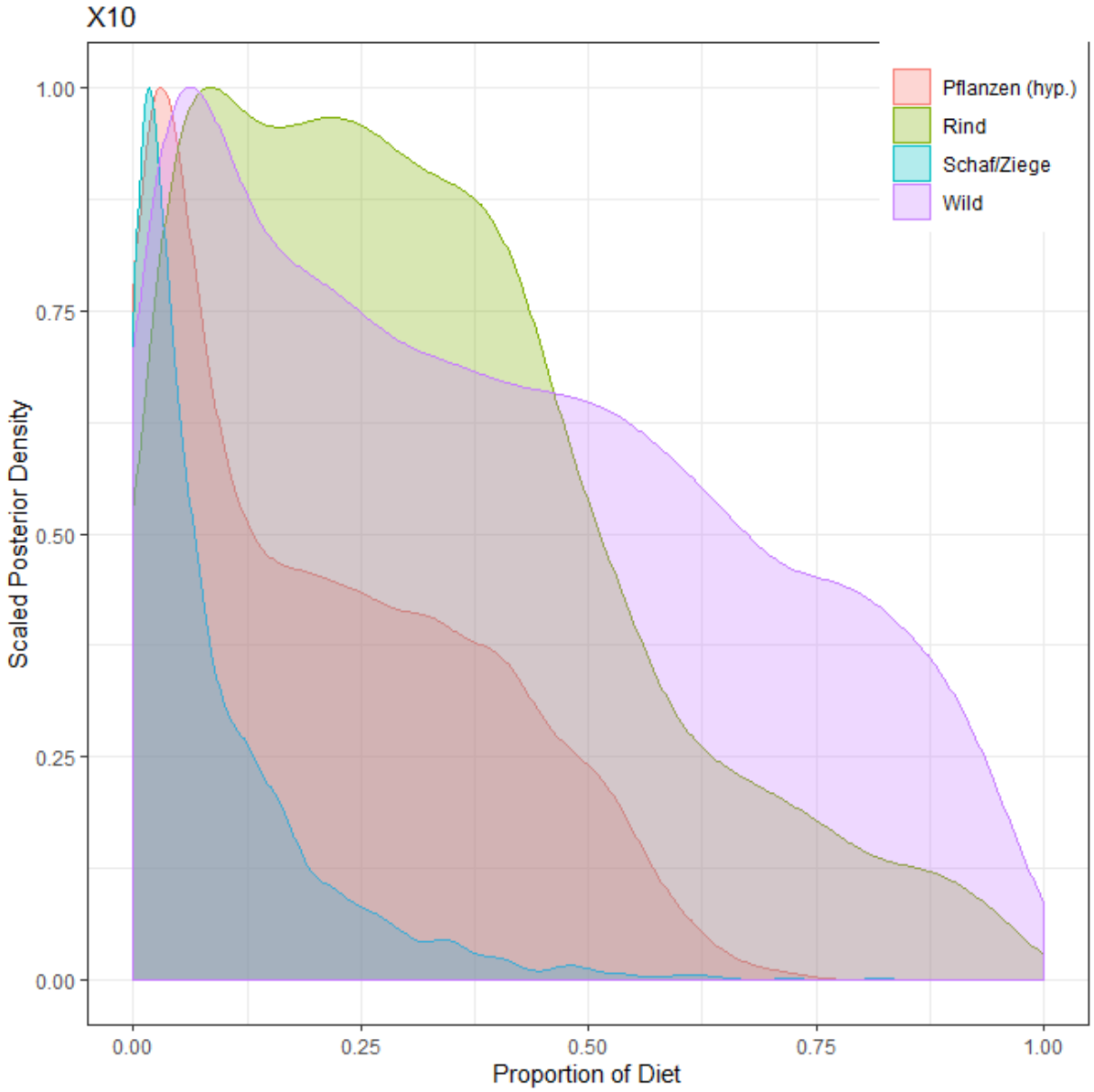


Abbildung 383: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 10. Erstellt mit MixSIAR.

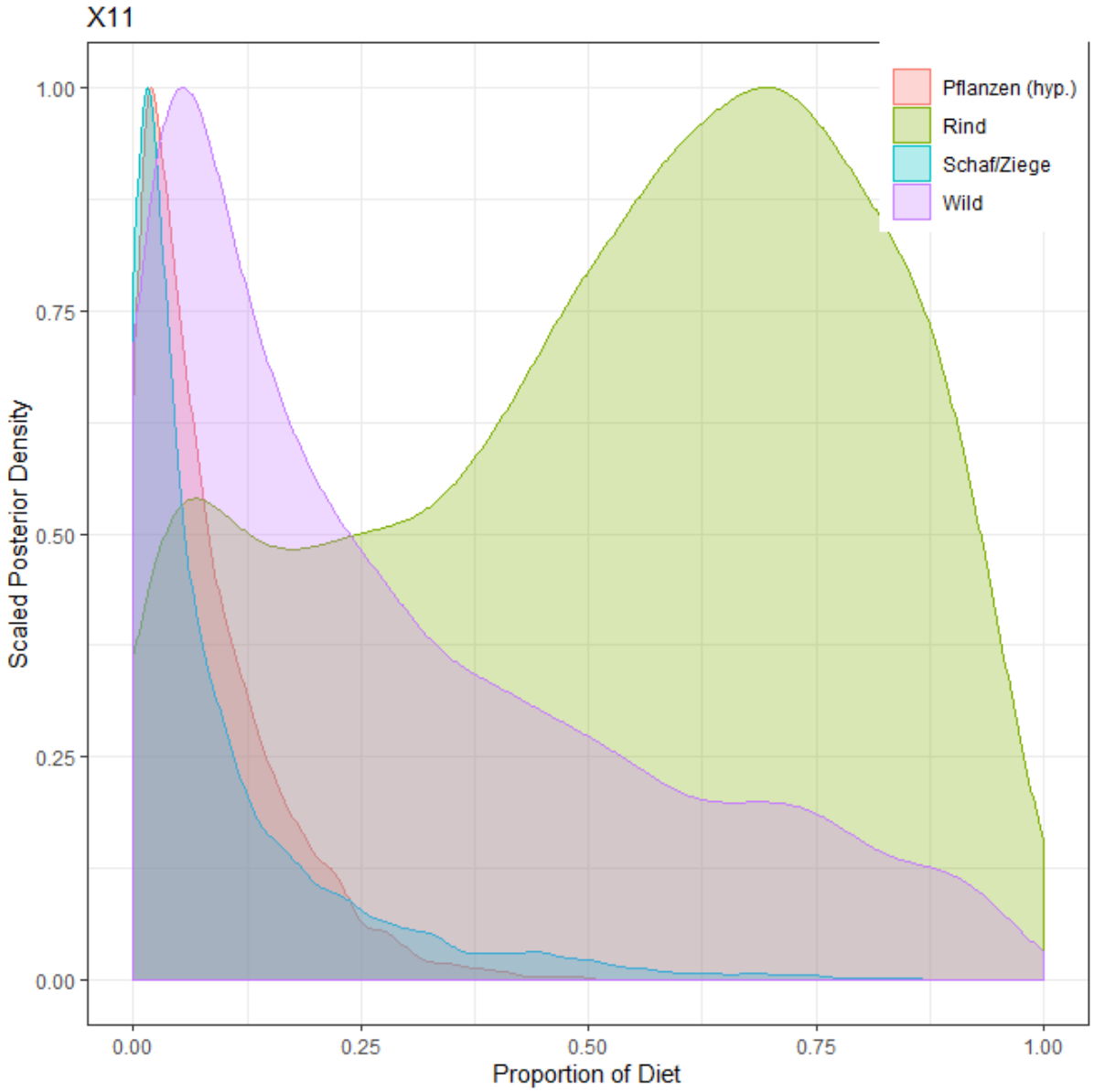


Abbildung 384: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 11. Erstellt mit MixSIAR.

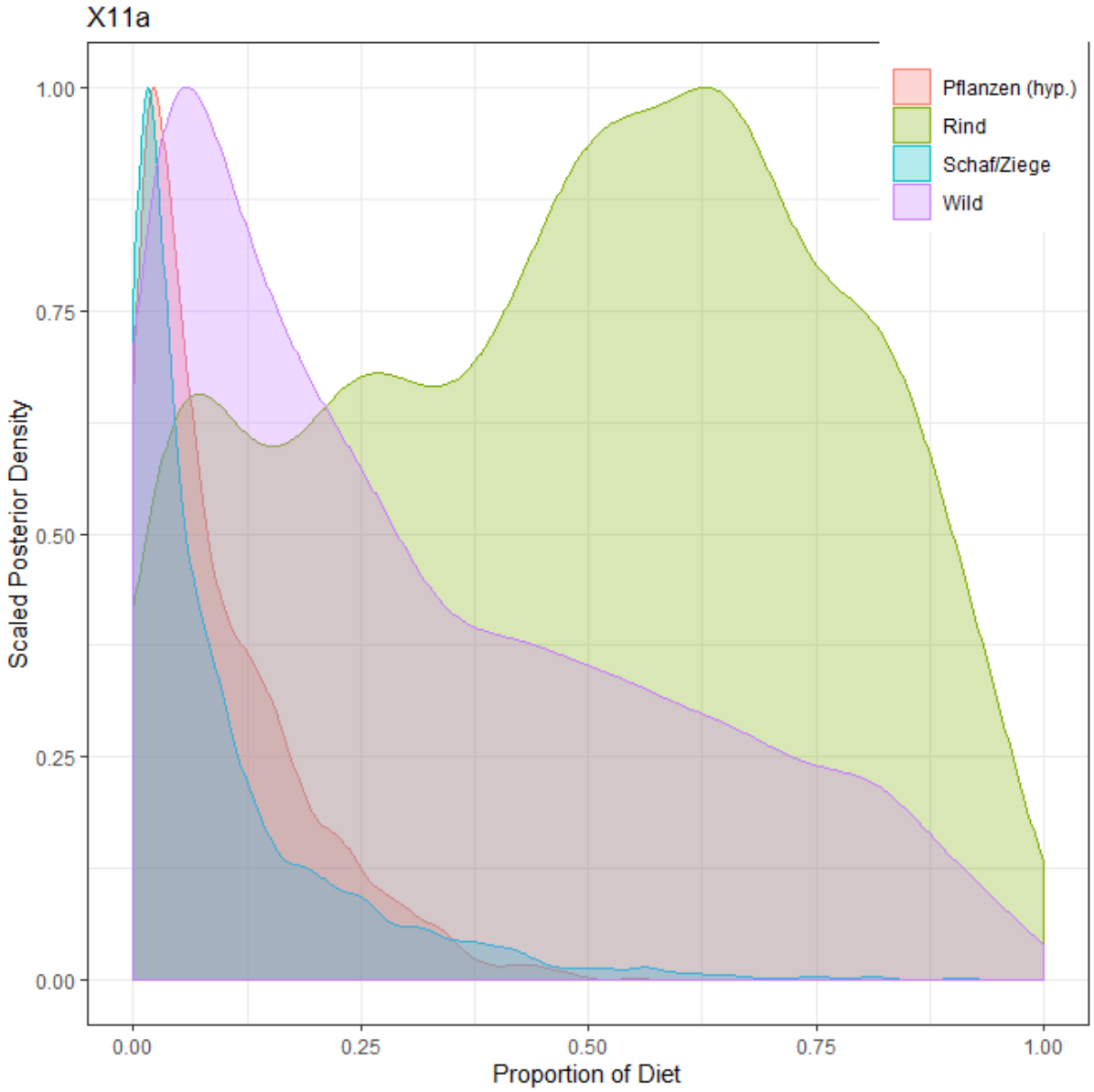


Abbildung 385: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 11a. Erstellt mit MixSIAR.

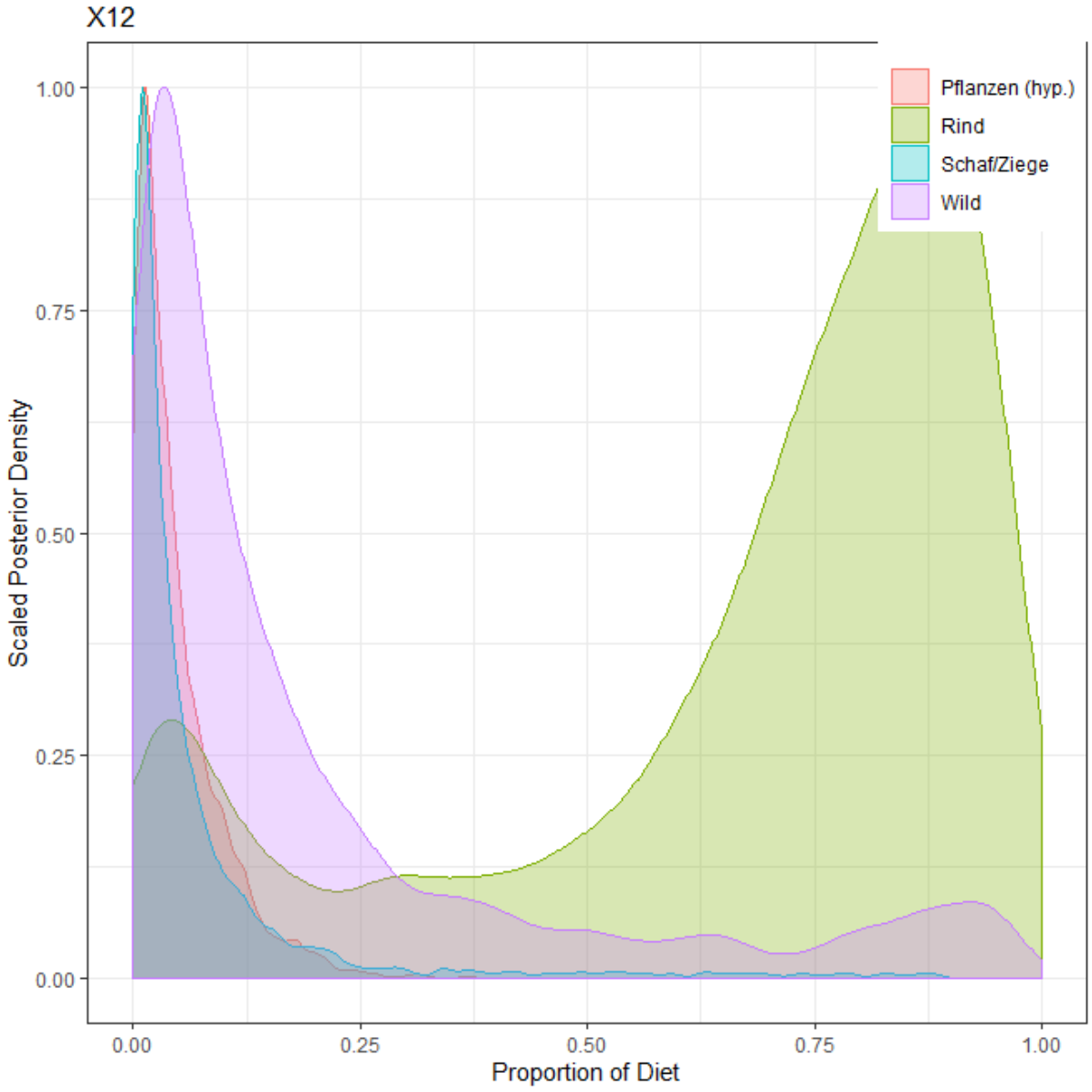


Abbildung 386: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 12. Erstellt mit MixSIAR.

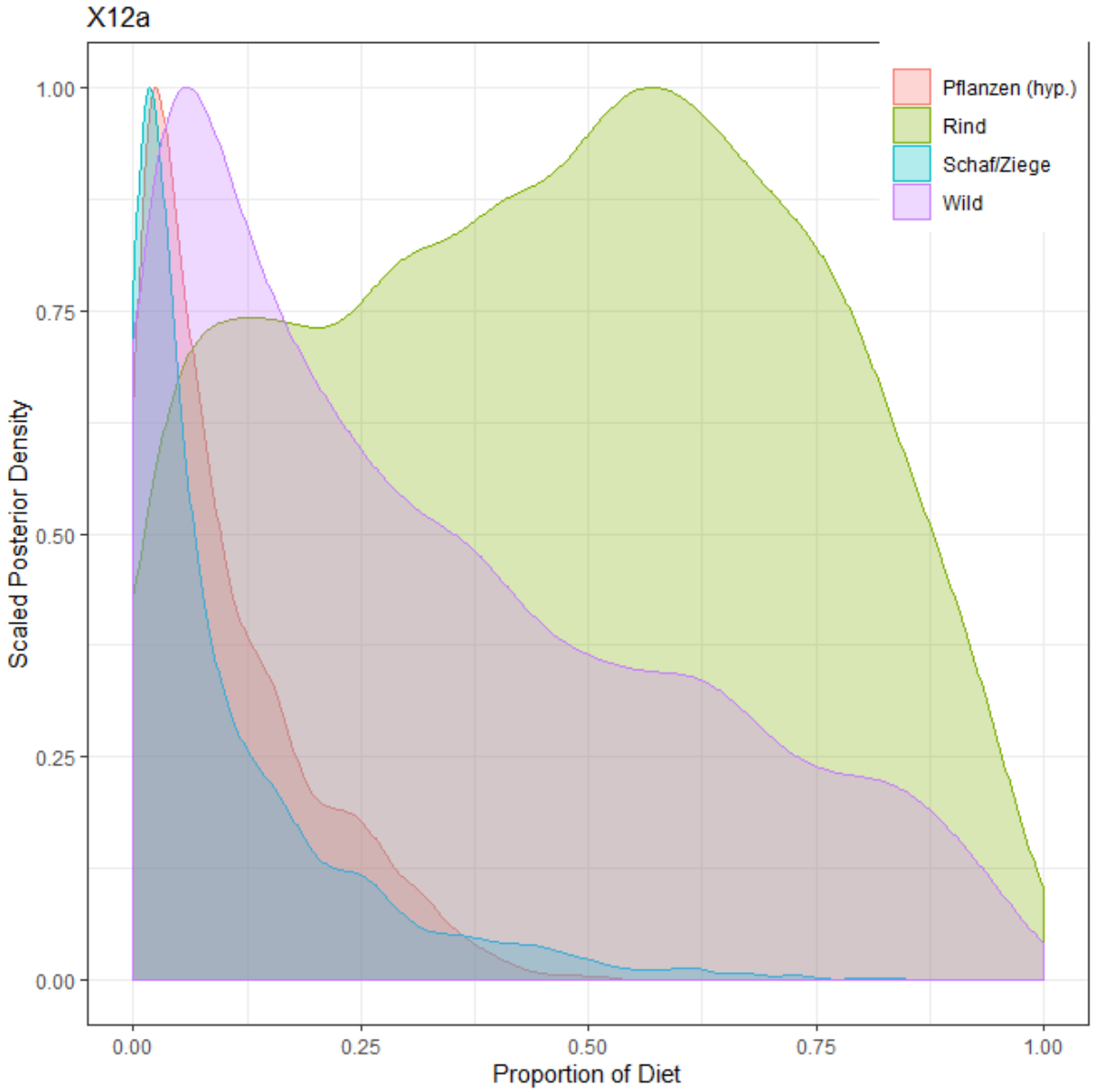


Abbildung 387: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Xirolimni (X) 12a. Erstellt mit MixSIAR.

6.2 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 20: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Xirolimni (X). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2.50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97.50%**
X1	Pflanzen	0,6%	11,1%	7,4%	9,9%	27,9%
	Rind	4,6%	46,8%	21,4%	48,5%	82,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,2%	8,5%	6,9%	31,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,6%	33,0%	22,7%	29,6%	80,3%
X2	Pflanzen	0,3%	12,5%	11,6%	8,9%	40,8%
	Rind	2,1%	42,5%	25,5%	42,3%	90,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,6%	11,5%	5,2%	43,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	35,3%	27,3%	29,8%	91,0%
X3	Pflanzen	0,3%	9,9%	9,5%	7,0%	35,3%
	Rind	2,0%	47,5%	25,6%	48,9%	91,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,3%	13,7%	5,7%	50,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	31,2%	25,3%	25,6%	87,8%
X4	Pflanzen	0,2%	15,2%	13,6%	11,2%	47,7%
	Rind	1,9%	36,6%	23,2%	34,3%	87,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,8%	13,7%	6,5%	50,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	36,4%	26,2%	32,9%	91,0%
X5	Pflanzen	0,2%	13,8%	13,3%	9,1%	45,9%
	Rind	1,4%	42,0%	27,5%	42,4%	91,7%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,8%	8,5%	3,8%	30,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	37,4%	29,9%	31,2%	91,5%
X6	Pflanzen	0,2%	19,7%	17,4%	15,0%	56,7%
	Rind	1,3%	33,7%	23,9%	29,6%	88,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,7%	9,4%	4,5%	34,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	38,9%	28,4%	36,5%	92,5%
X7	Pflanzen	0,3%	12,4%	11,4%	8,8%	39,8%
	Rind	2,0%	42,5%	25,1%	41,8%	90,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,7%	11,7%	5,1%	42,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	35,4%	27,0%	31,0%	89,5%
X8	Pflanzen	0,3%	12,0%	11,2%	8,3%	40,8%
	Rind	2,1%	42,7%	24,6%	42,0%	89,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,8%	13,6%	6,6%	49,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	33,6%	26,0%	28,5%	88,3%
X9	Pflanzen	0,2%	7,6%	7,4%	5,3%	27,8%
	Rind	2,2%	53,6%	26,6%	57,4%	94,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	11,4%	14,6%	5,4%	55,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	27,4%	25,2%	19,3%	88,8%
X10	Pflanzen	0,2%	20,9%	17,3%	17,7%	56,3%
	Rind	1,6%	31,3%	21,9%	28,2%	85,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,3%	11,0%	5,4%	40,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	38,5%	27,5%	35,3%	91,8%
X11	Pflanzen	0,2%	8,3%	7,8%	5,8%	28,6%
	Rind	1,9%	52,7%	26,9%	57,1%	93,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,3%	13,5%	4,9%	50,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,5%	28,7%	25,9%	20,3%	89,3%
X11a	Pflanzen	0,2%	9,8%	9,3%	6,6%	33,8%
	Rind	2,0%	48,7%	26,5%	51,2%	92,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,2%	13,0%	5,2%	46,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,5%	31,3%	26,4%	23,9%	87,8%

X12	Pflanzen	0,2%	4,9%	5,0%	3,3%	18,4%
	Rind	1,6%	67,2%	28,3%	77,3%	96,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,7%	14,0%	2,8%	59,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,3%	20,2%	25,6%	9,4%	92,5%
X12a	Pflanzen	0,3%	10,5%	9,7%	7,4%	34,4%
	Rind	1,8%	46,5%	26,0%	48,1%	91,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,9%	13,3%	5,7%	48,7%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,5%	32,1%	26,4%	25,7%	88,9%

7 Serbien – Lepenski Vir

7.1 IsoConc: Abbildungen

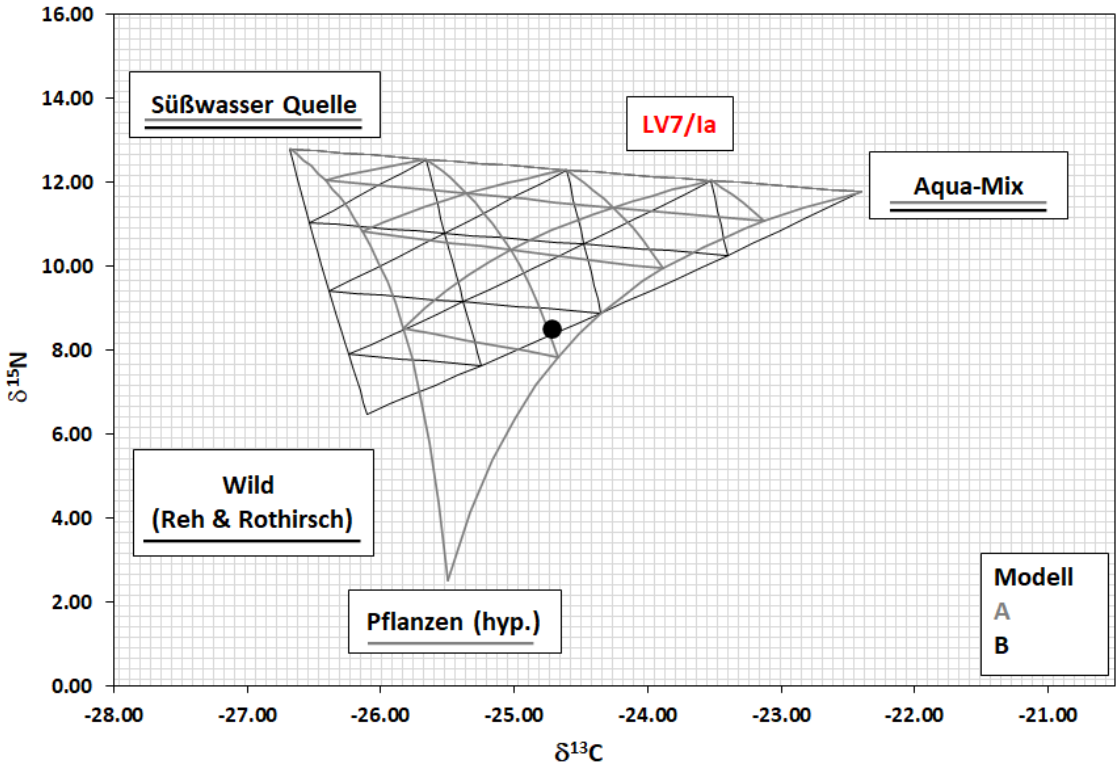


Abbildung 388: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 7/Ia. Erstellt mit IsoConc.

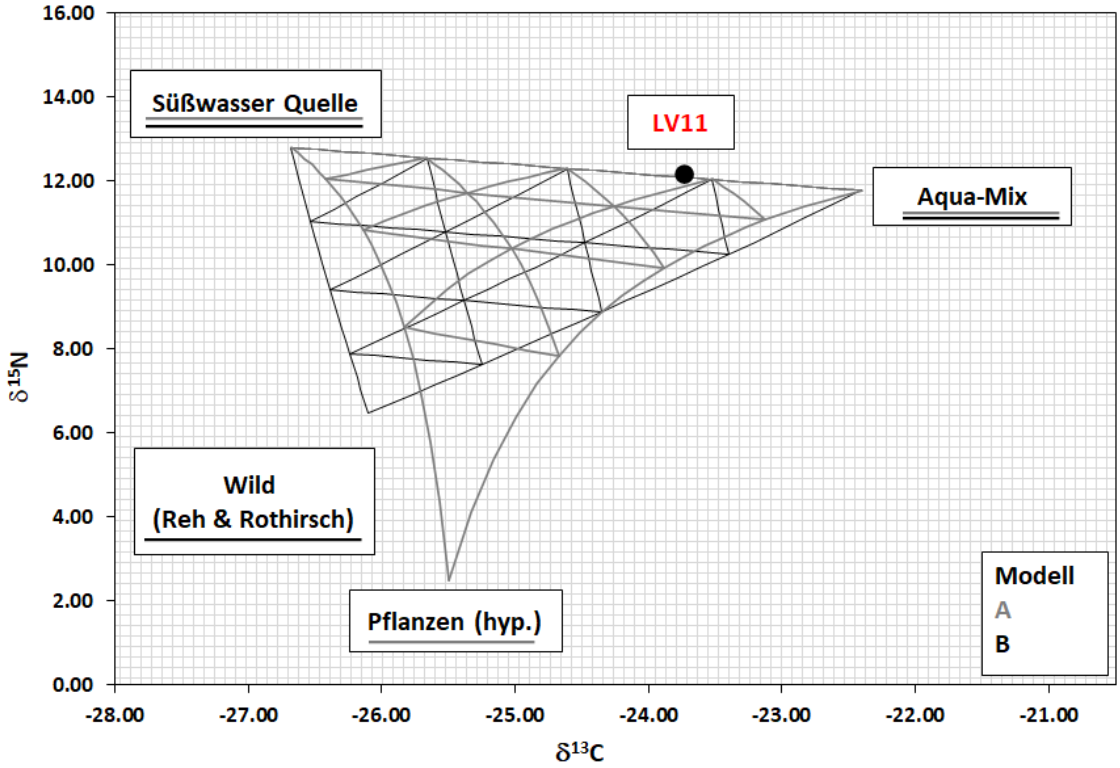


Abbildung 389: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 11. Erstellt mit IsoConc.

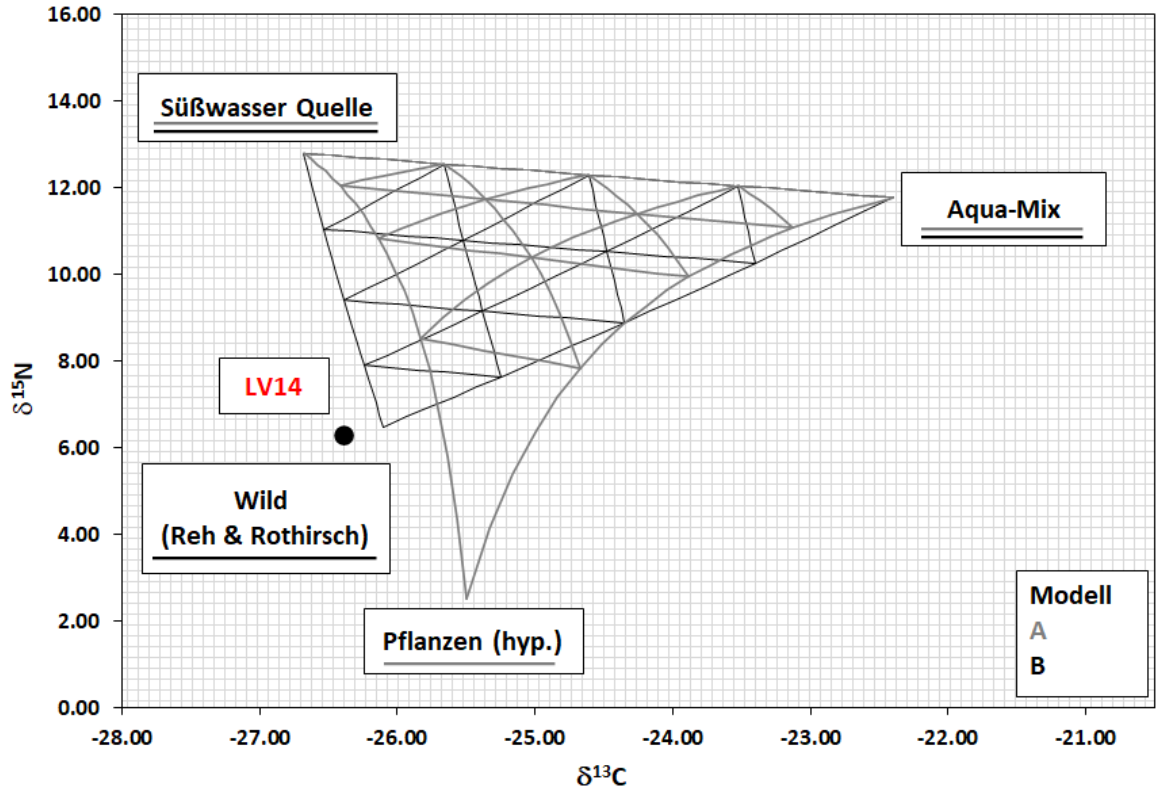


Abbildung 390: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 14. Erstellt mit IsoConc.

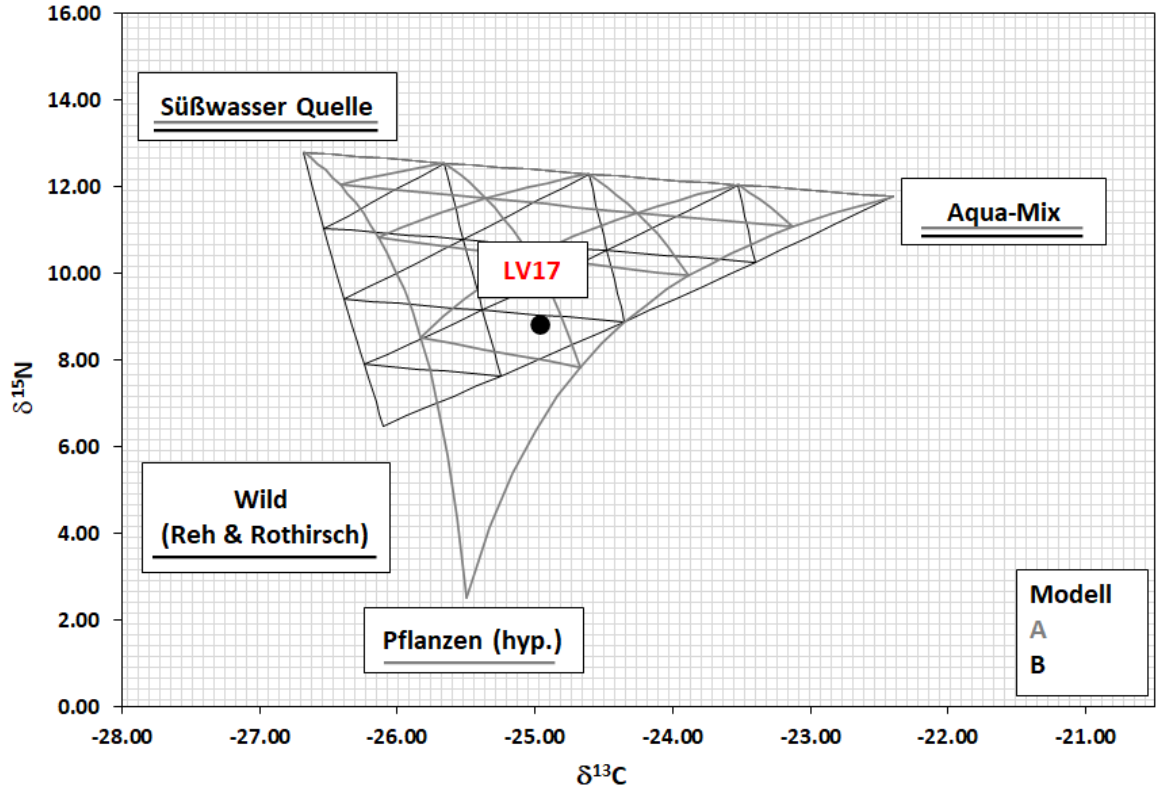


Abbildung 391: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 17. Erstellt mit IsoConc.

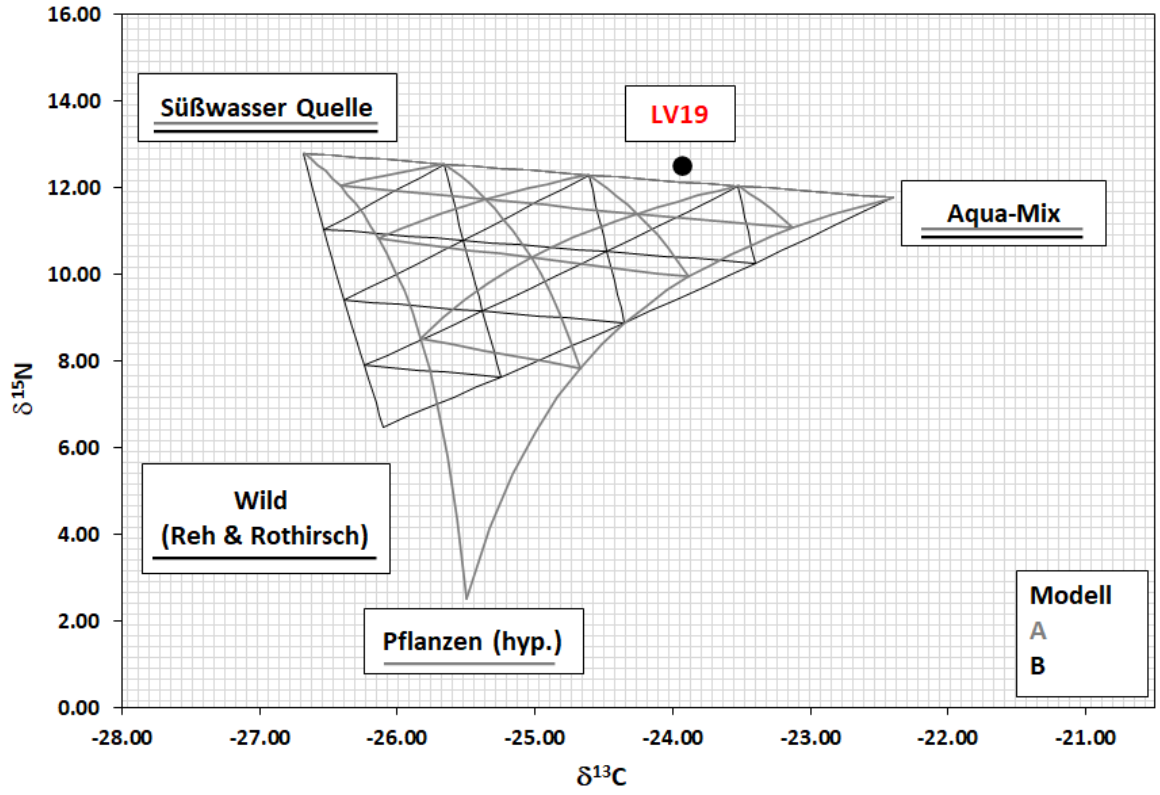


Abbildung 392: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 19. Erstellt mit IsoConc.

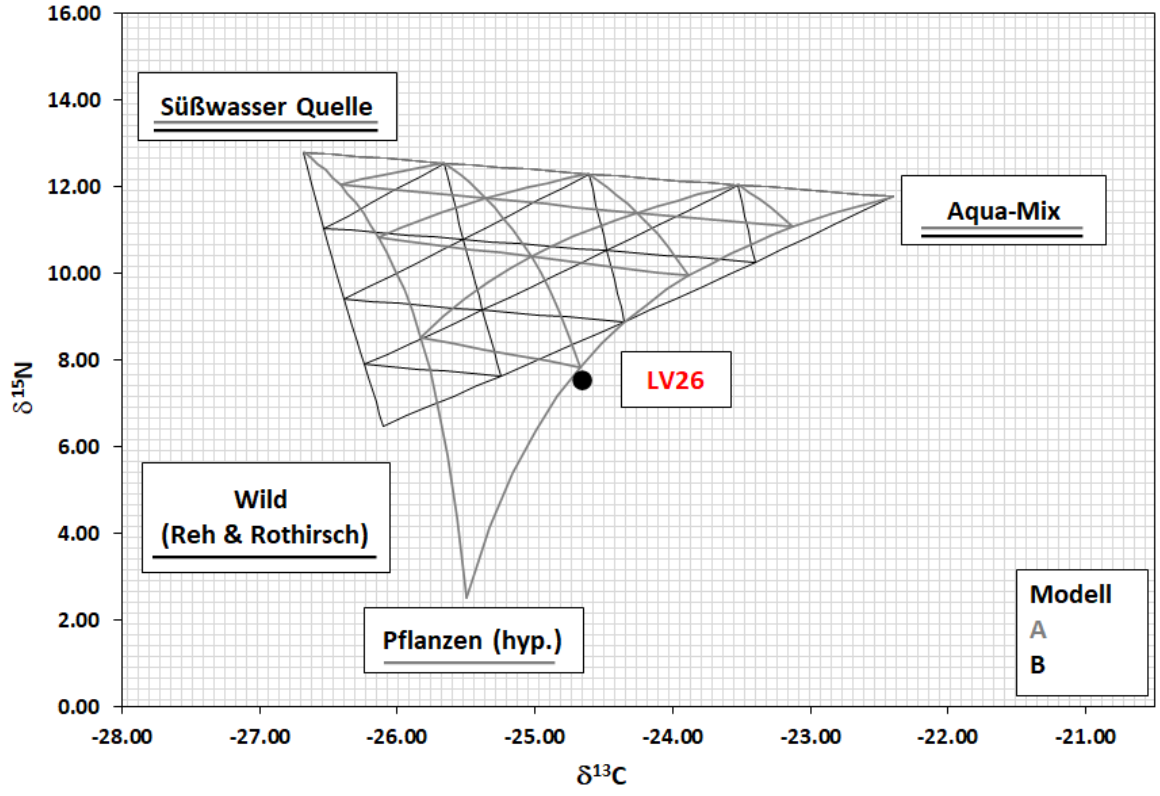


Abbildung 393: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 26. Erstellt mit IsoConc.

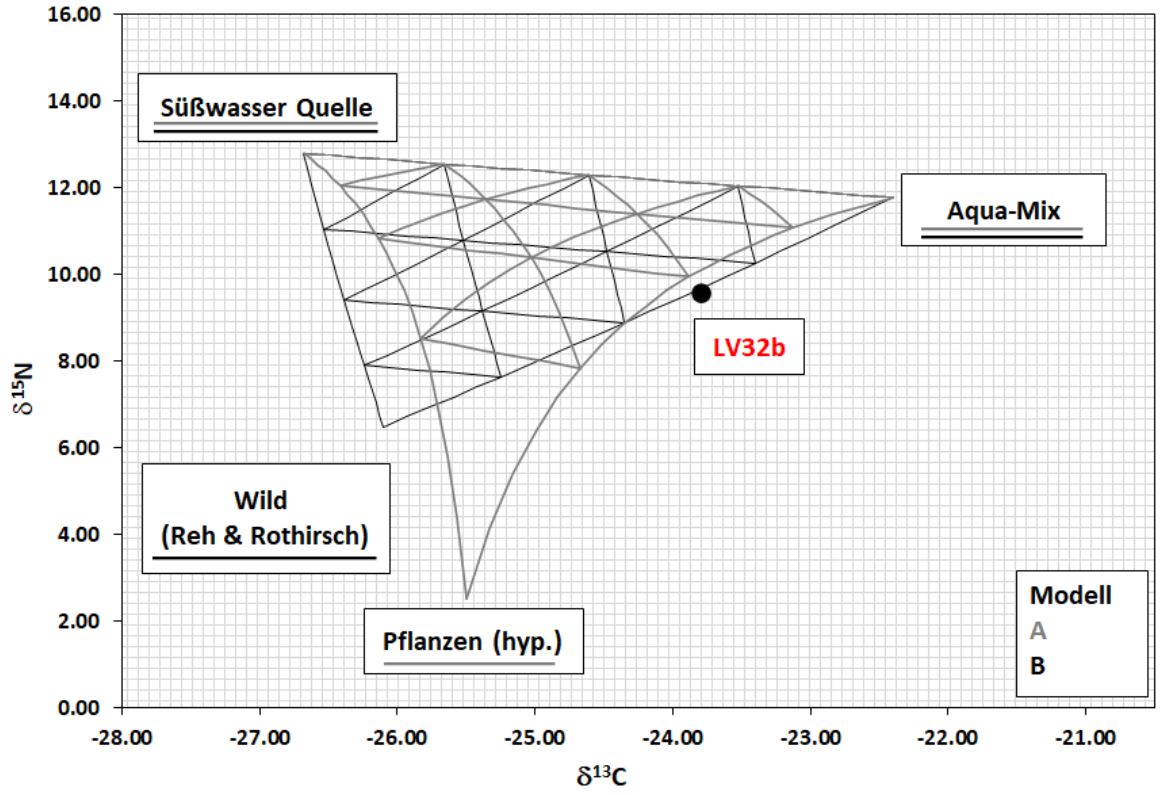


Abbildung 394: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 32b. Erstellt mit IsoConc.

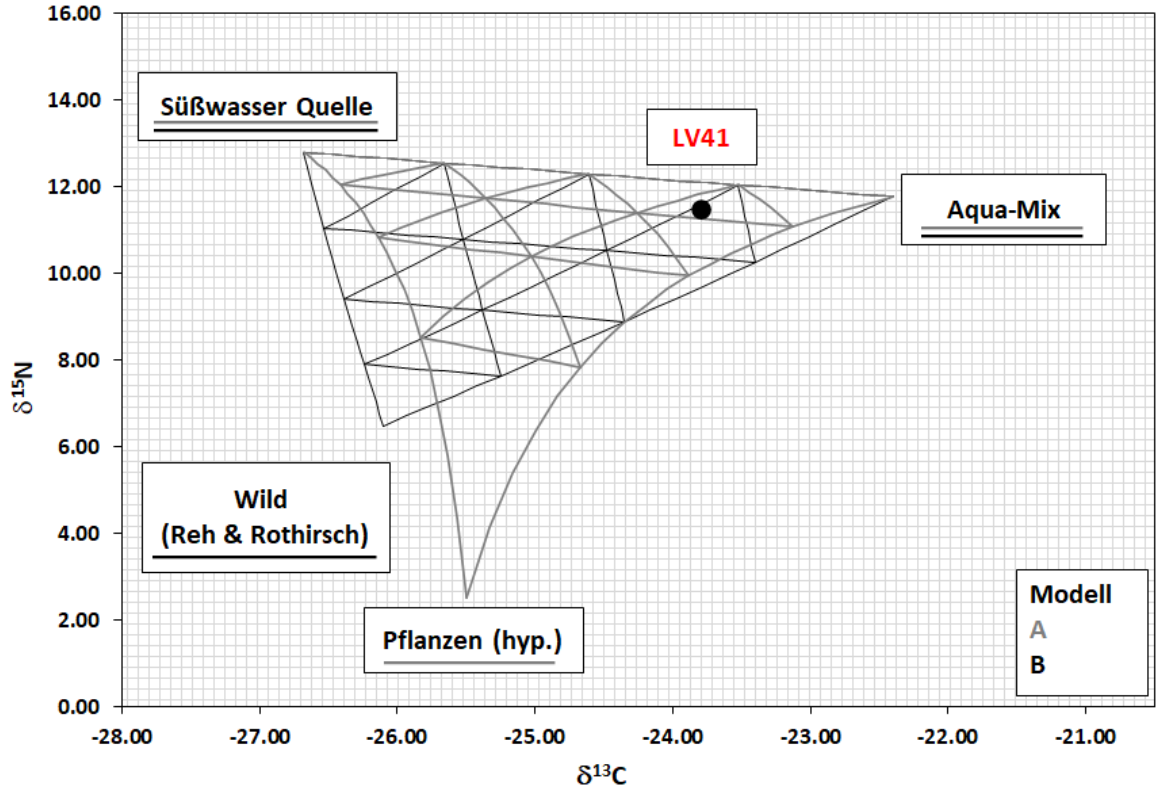


Abbildung 395: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 41. Erstellt mit IsoConc.

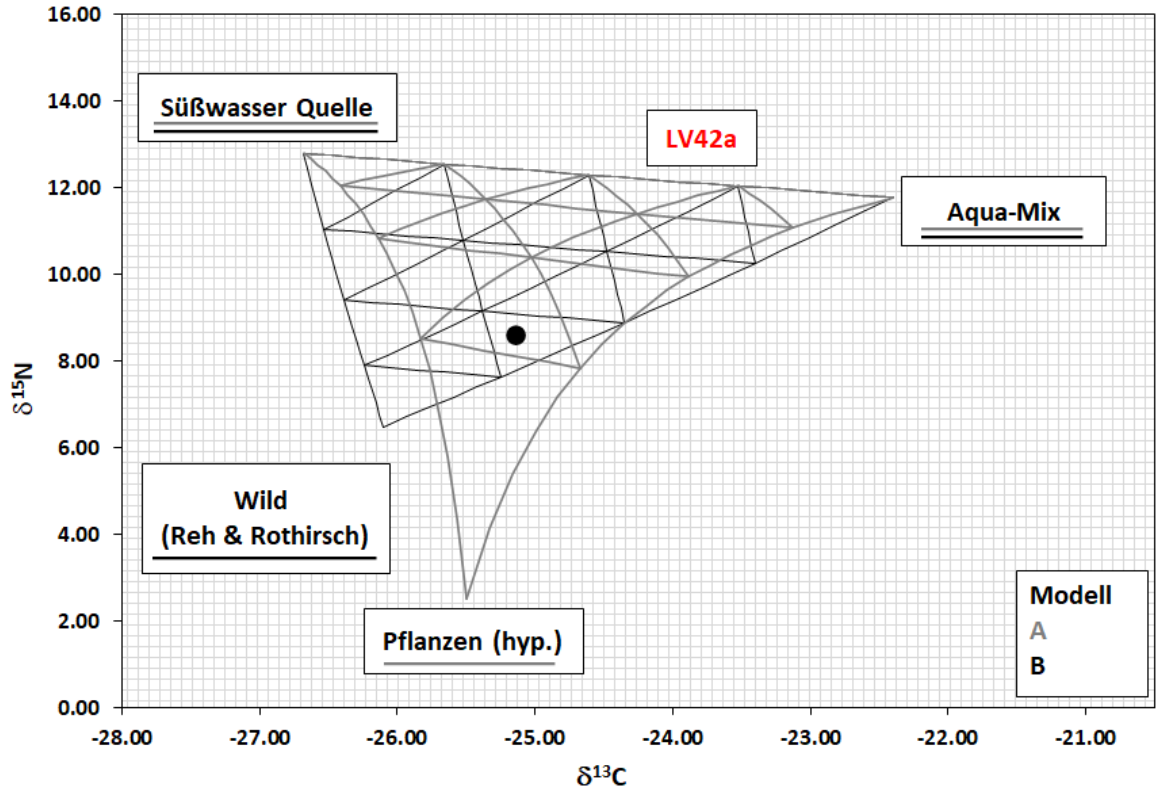


Abbildung 396: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 42a. Erstellt mit IsoConc.

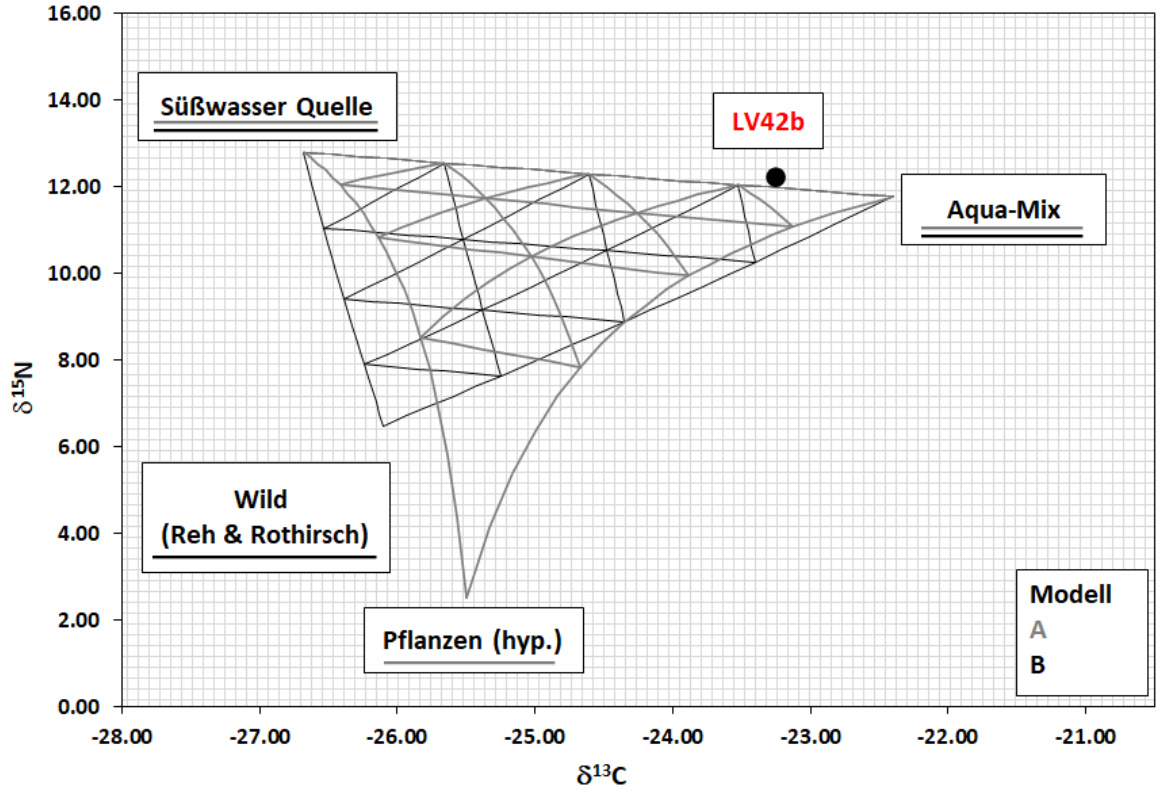


Abbildung 397: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 42b. Erstellt mit IsoConc.

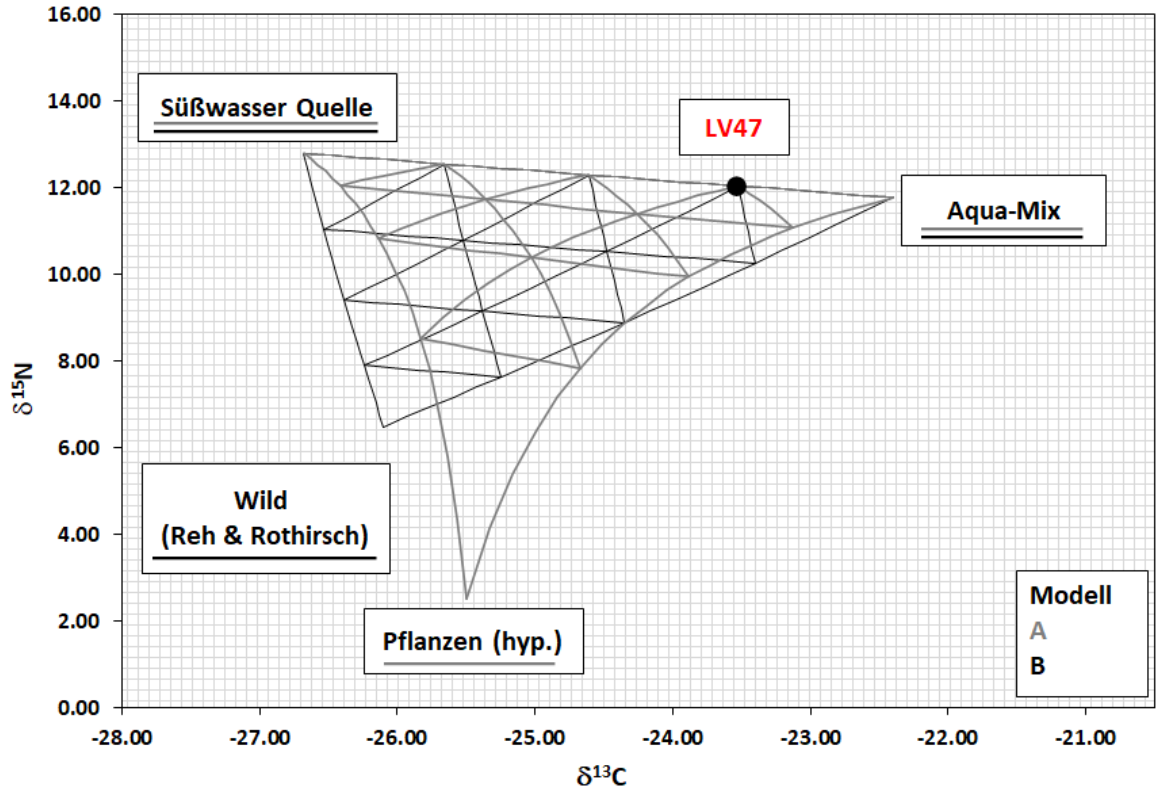


Abbildung 398: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 47. Erstellt mit IsoConc.

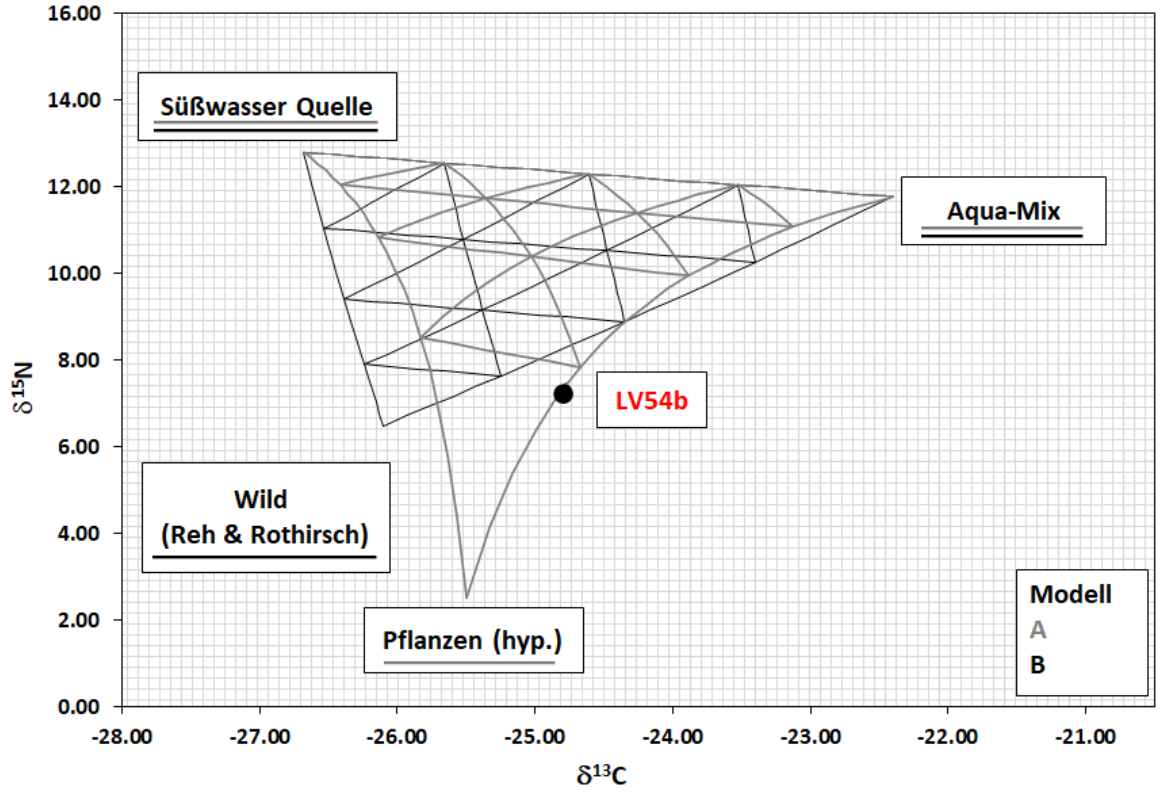


Abbildung 399: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 54b. Erstellt mit IsoConc.

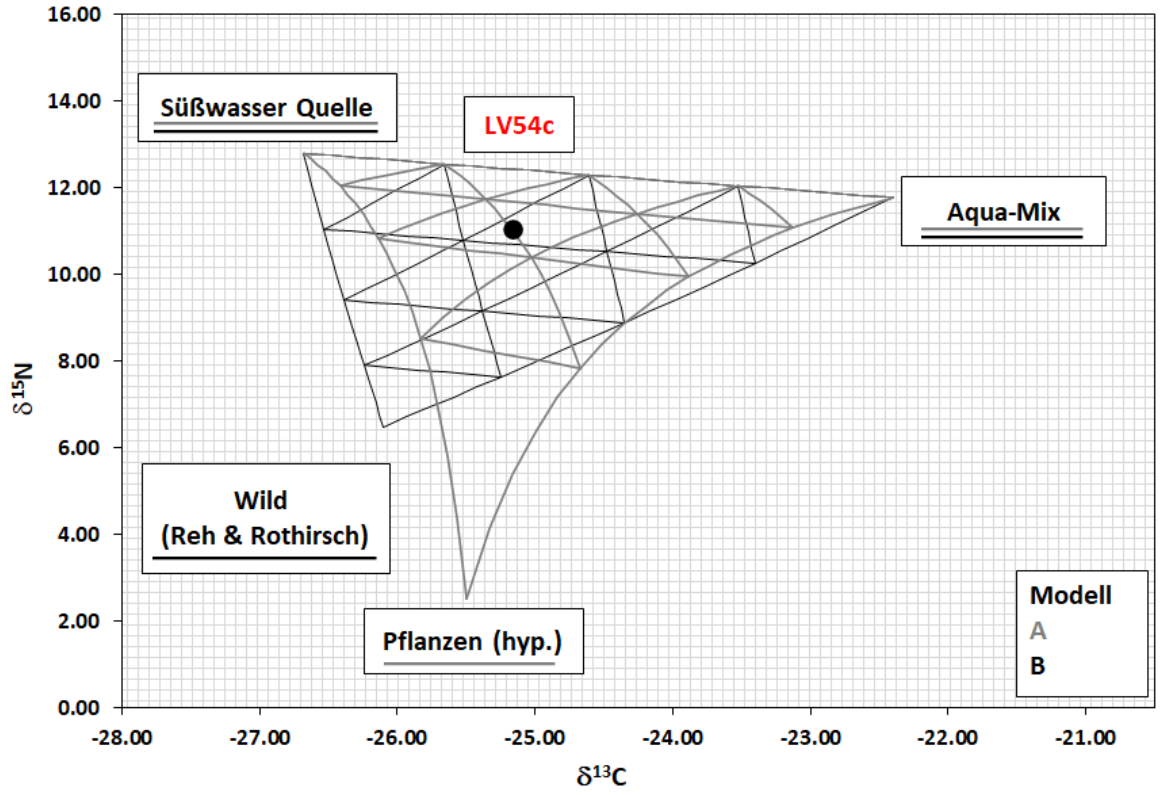


Abbildung 400: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 54c. Erstellt mit IsoConc.

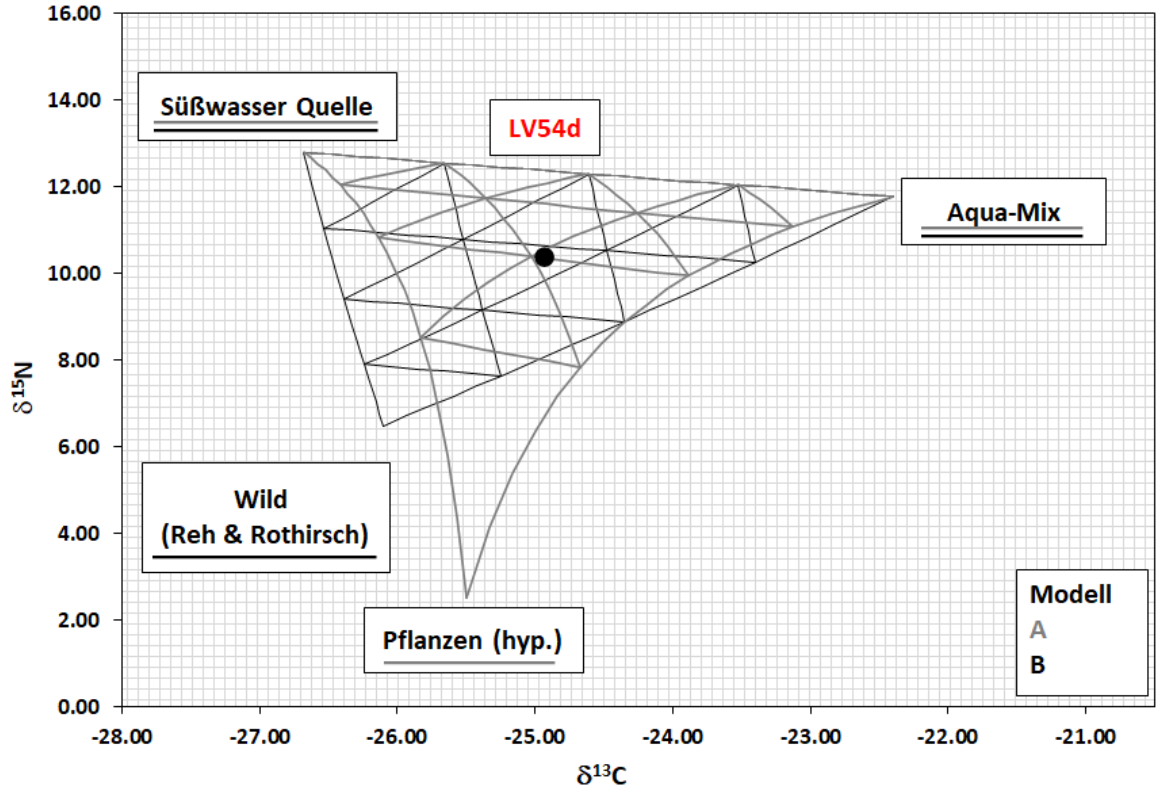


Abbildung 401: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 54d. Erstellt mit IsoConc.

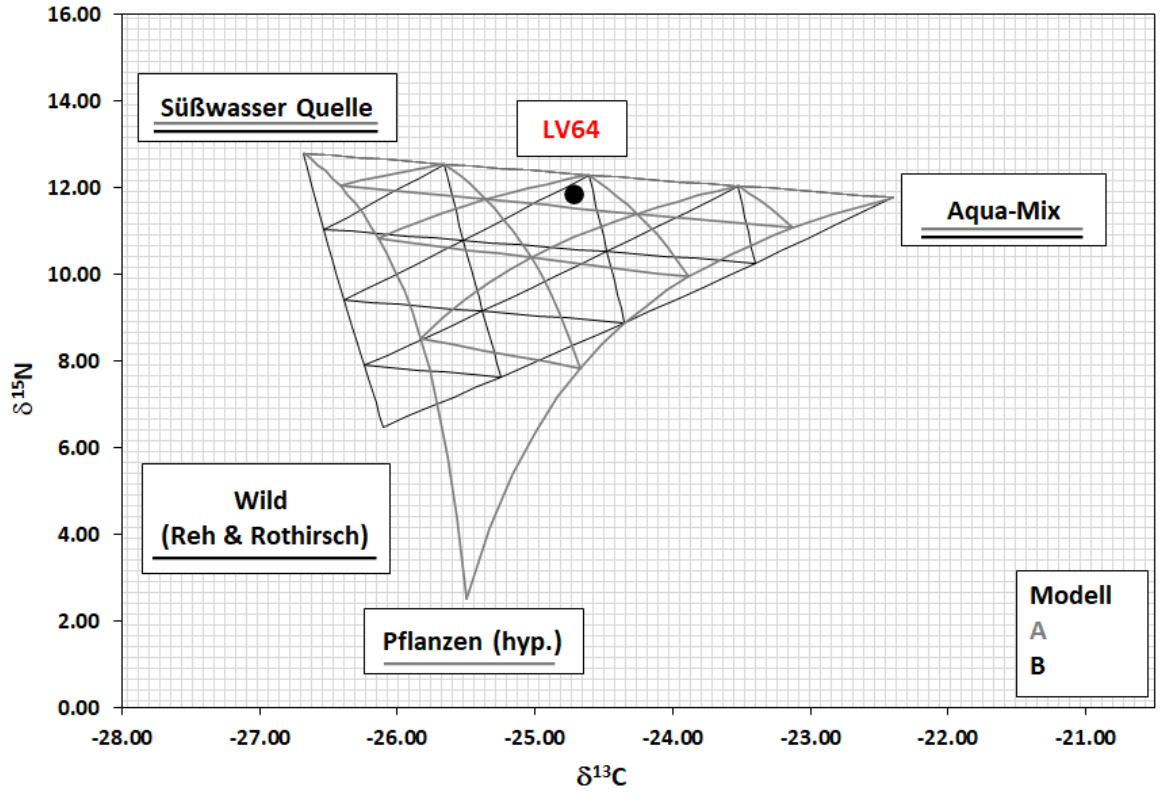


Abbildung 402: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 64. Erstellt mit IsoConc.

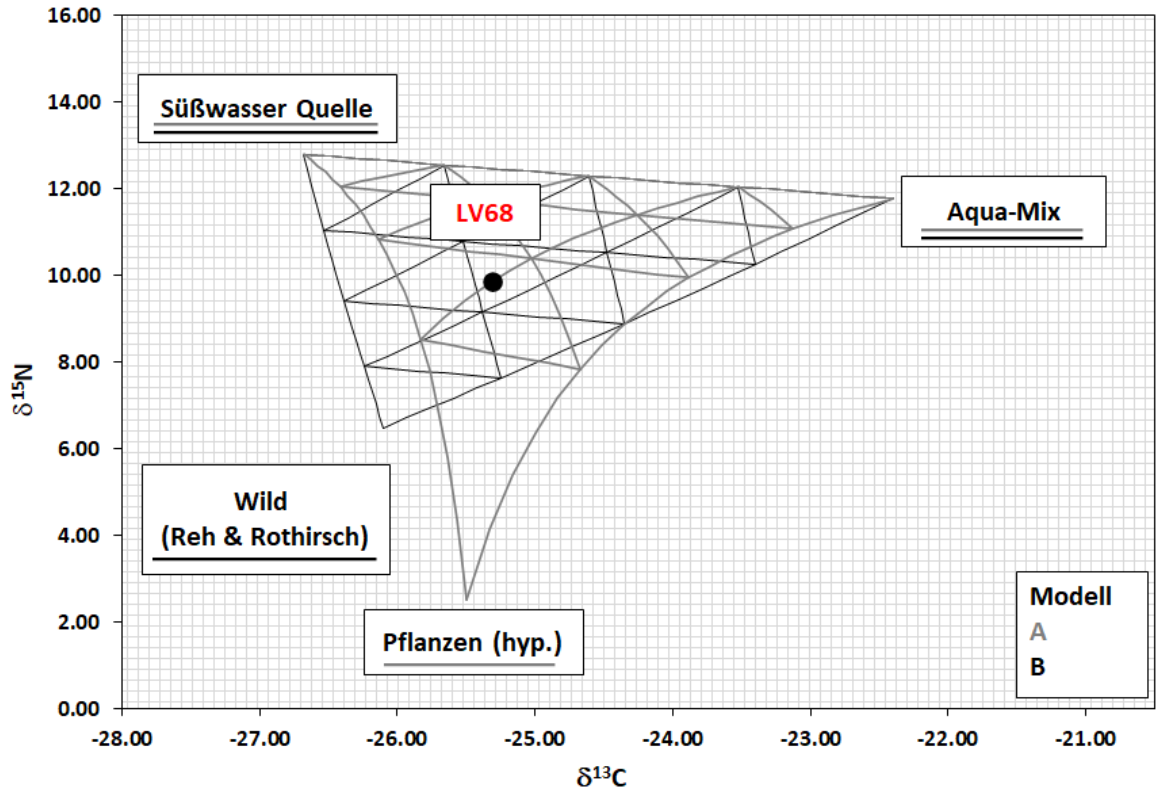


Abbildung 403: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 68. Erstellt mit IsoConc.

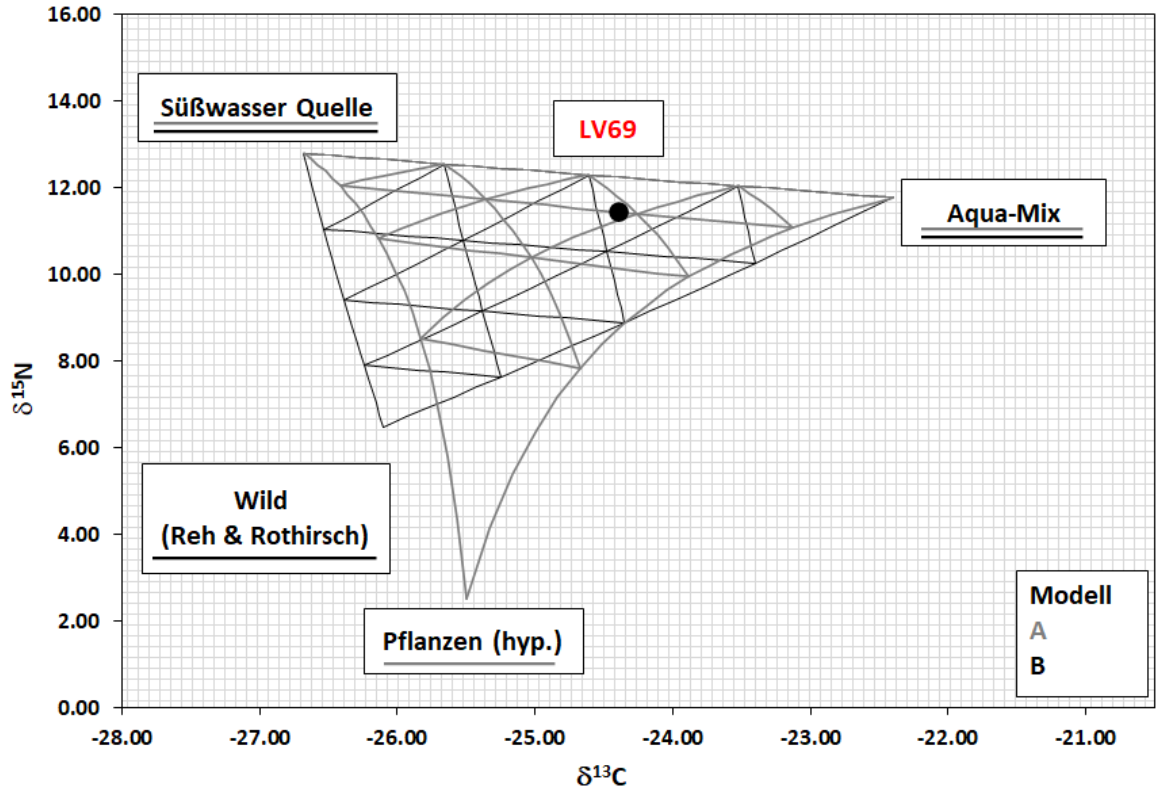


Abbildung 404: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 69. Erstellt mit IsoConc.

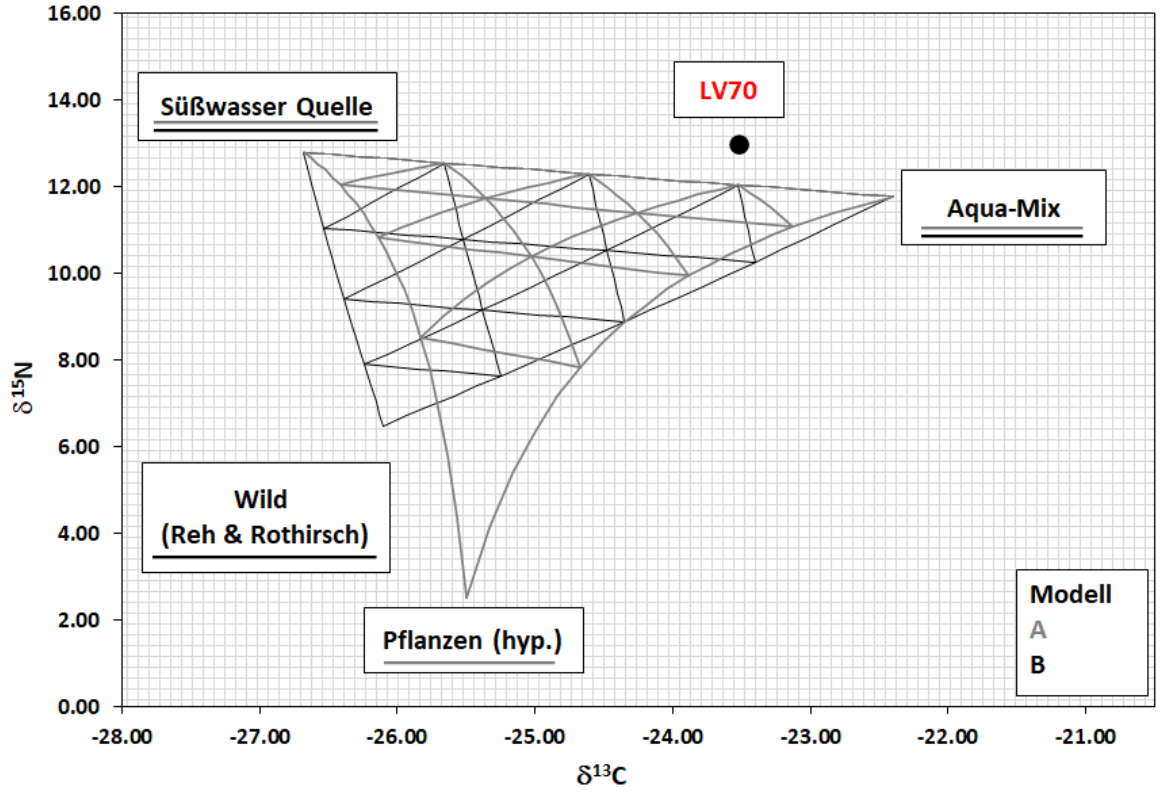


Abbildung 405: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 70. Erstellt mit IsoConc.

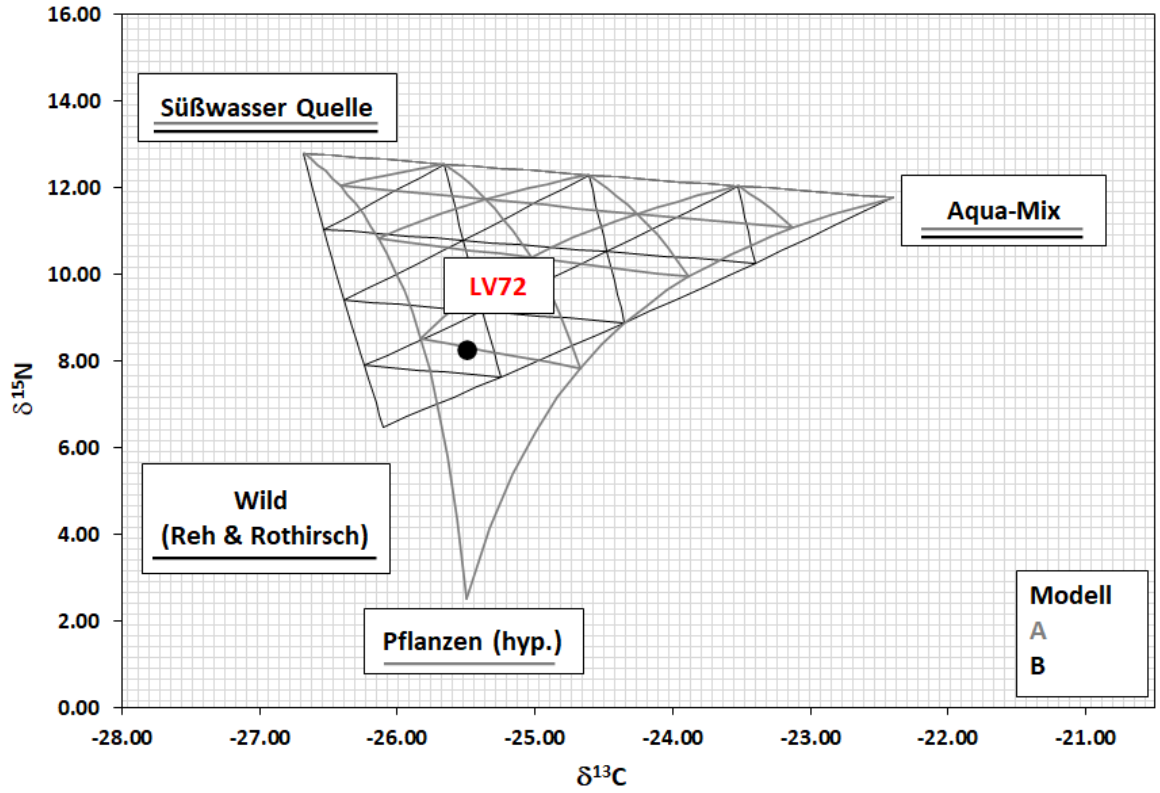


Abbildung 406: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 72. Erstellt mit IsoConc.

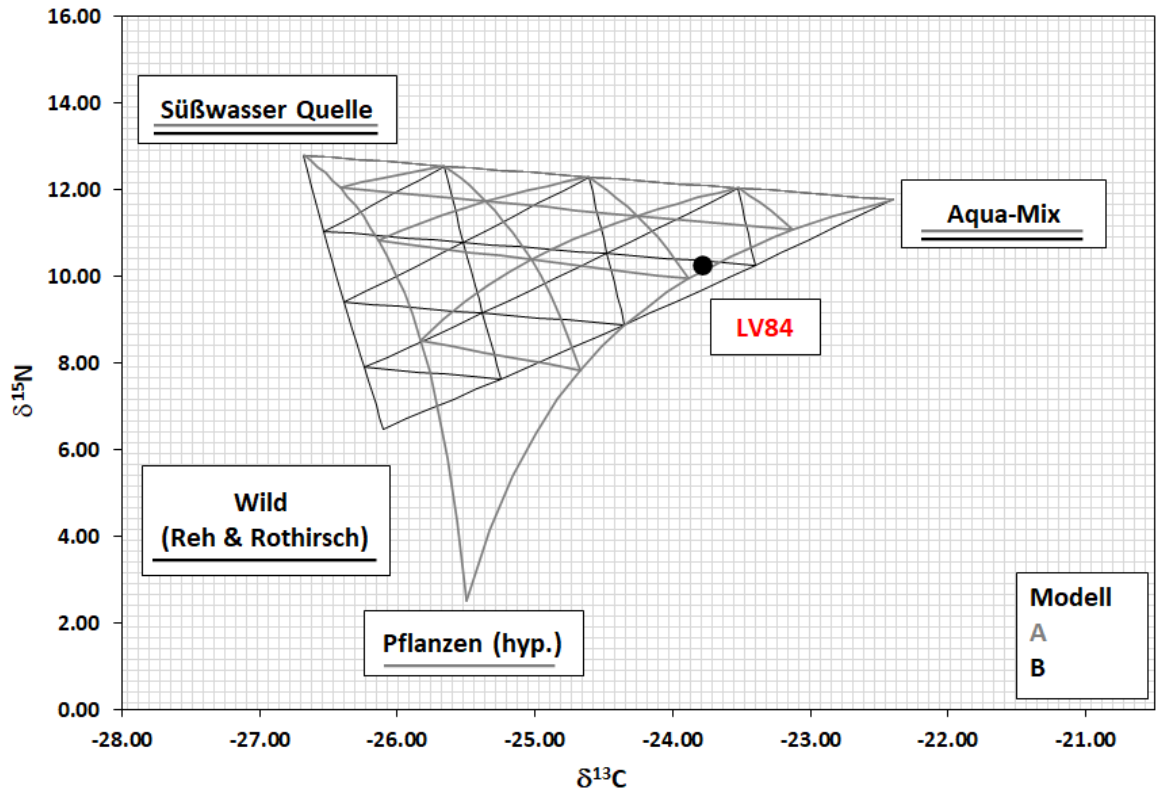


Abbildung 407: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 84. Erstellt mit IsoConc.

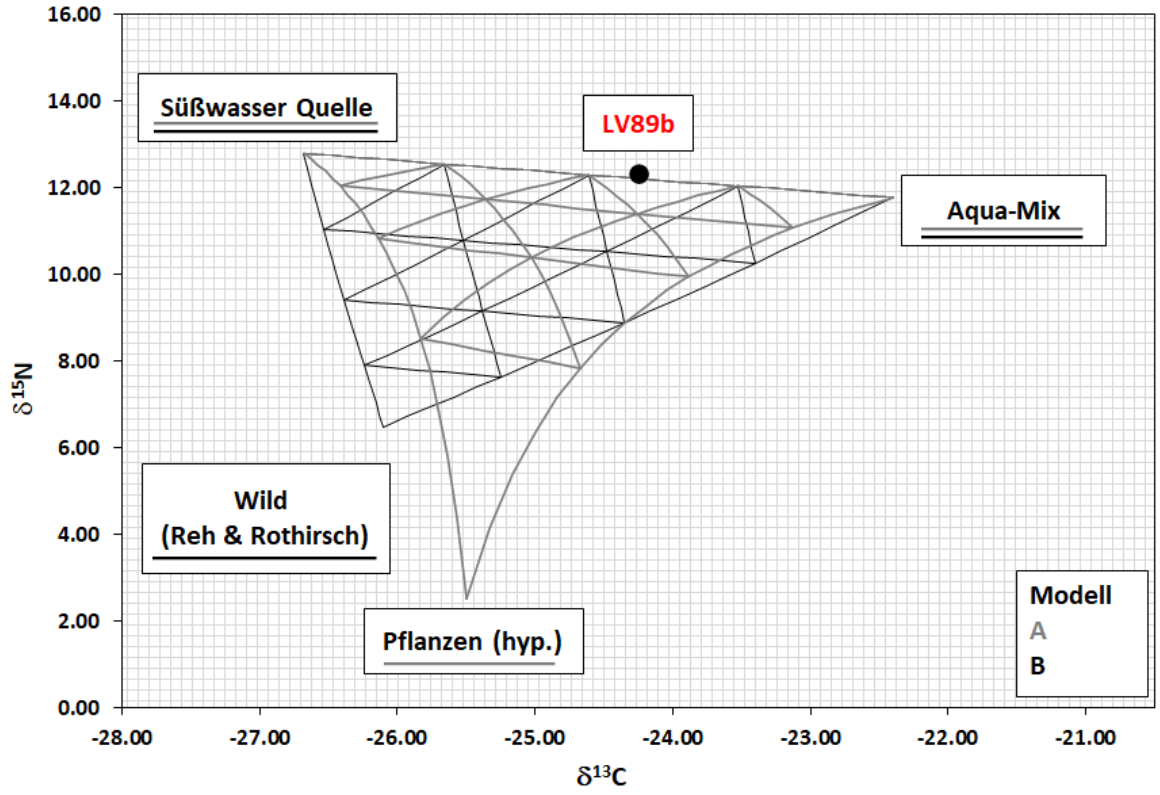


Abbildung 408: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 89b. Erstellt mit IsoConc.

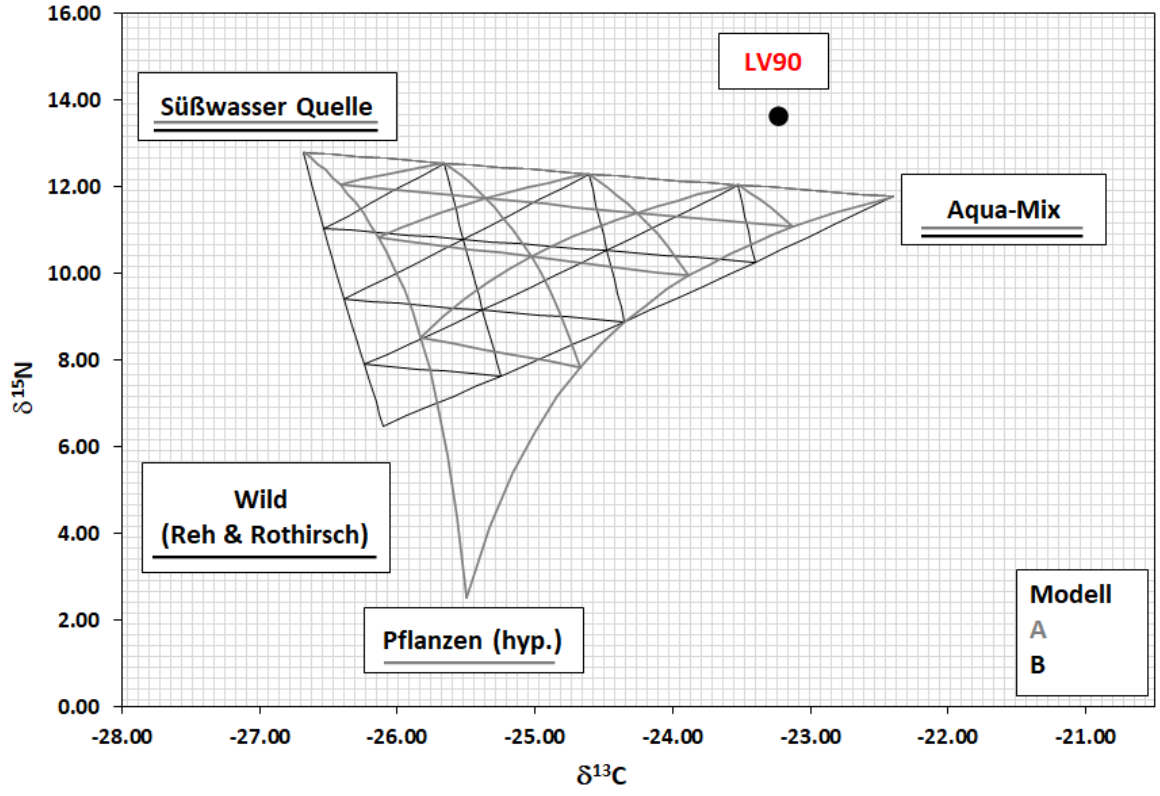


Abbildung 409: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 90. Erstellt mit IsoConc.

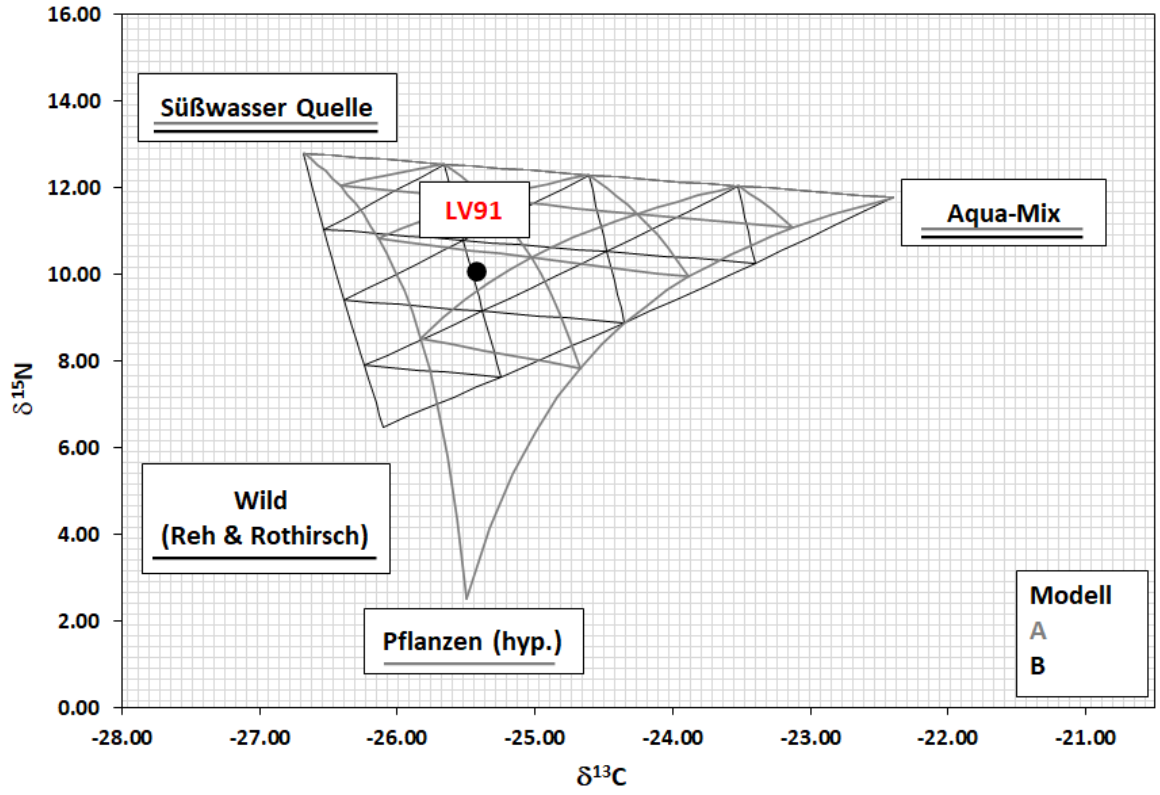


Abbildung 410: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 91. Erstellt mit IsoConc.

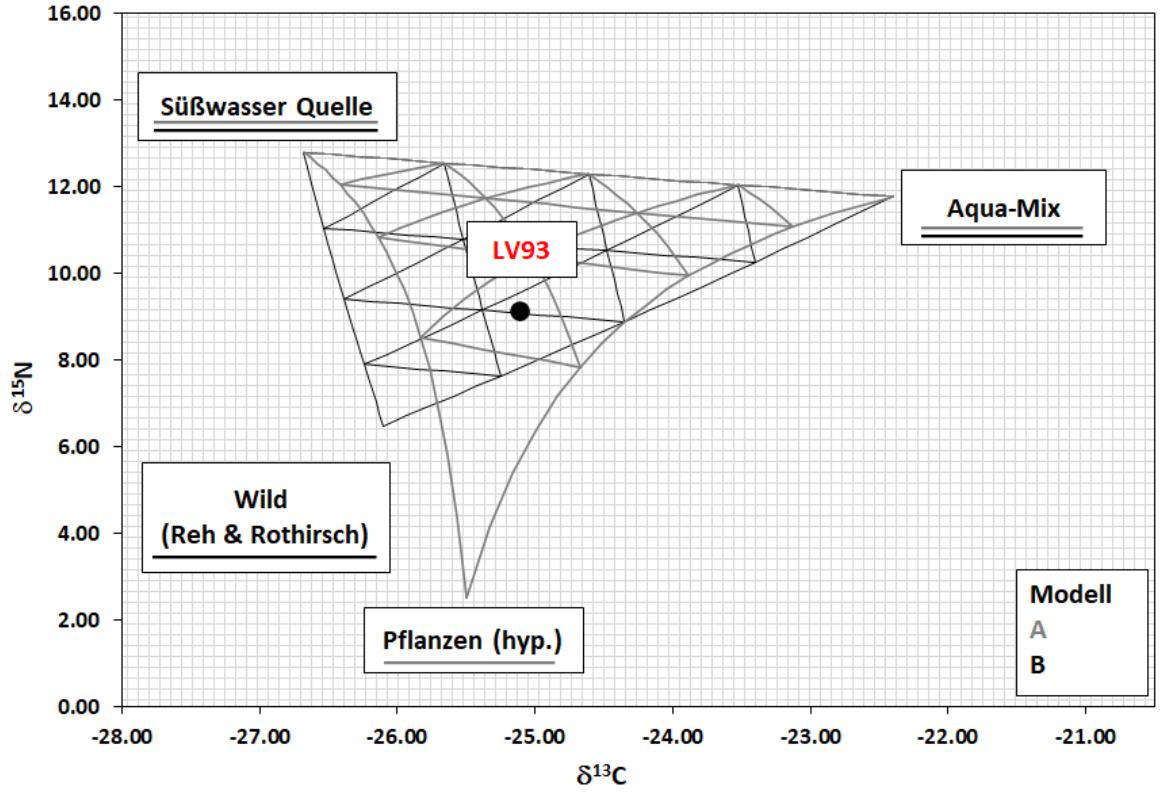


Abbildung 411: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 93. Erstellt mit IsoConc.

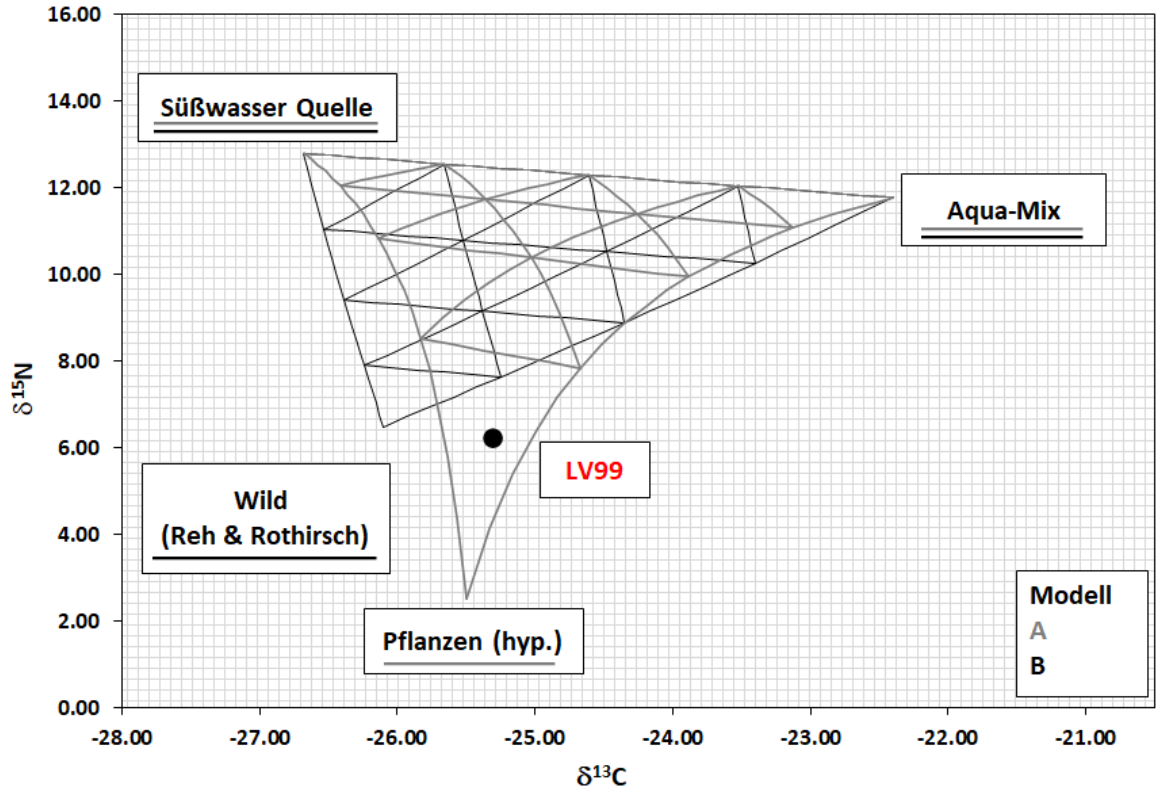


Abbildung 412: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 99. Erstellt mit IsoConc.

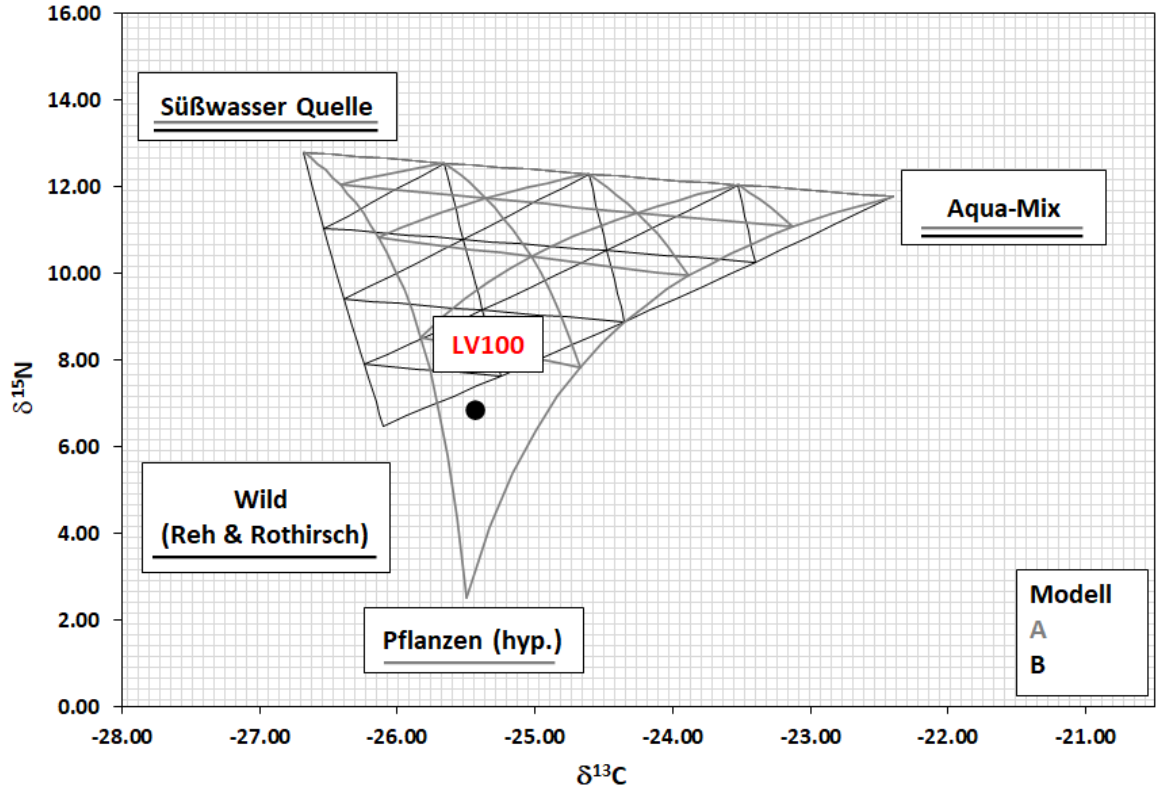


Abbildung 413: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (LV) 100. Erstellt mit IsoConc.

7.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 21: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Lepenski Vir (L). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
L/7Ia	Süßwasser	4,0
	Aqua-Mix	26,0
	Pflanzen	70,0
L11	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L14	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L17	Süßwasser	10,9
	Aqua-Mix	20,4
	Pflanzen	68,7
L19	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L26	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L32b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L41	Süßwasser	16,7
	Aqua-Mix	61,9
	Pflanzen	21,4
L42a	Süßwasser	13,2
	Aqua-Mix	16,1
	Pflanzen	70,7
L42b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L47	Süßwasser	24,8
	Aqua-Mix	74,3
	Pflanzen	1
L54b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L54c	Süßwasser	35,9
	Aqua-Mix	25,4
	Pflanzen	38,7
L54d	Süßwasser	23,4
	Aqua-Mix	27,5
	Pflanzen	49,1

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
L/7Ia	Süßwasser	58,0
	Aqua-Mix	40,6
	Wild (Rotwild + Reh)	1,5
L11	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L14	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L17	Süßwasser	11,5
	Aqua-Mix	34,3
	Wild (Rotwild + Reh)	54,2
L19	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L26	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L32b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L41	Süßwasser	22,3
	Aqua-Mix	68,0
	Wild (Rotwild + Reh)	9,7
L42a	Süßwasser	13,0
	Aqua-Mix	29,7
	Wild (Rotwild + Reh)	57,2
L42b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L47	Süßwasser	25,1
	Aqua-Mix	74,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,4
L54b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L54c	Süßwasser	46,2
	Aqua-Mix	34,5
	Wild (Rotwild + Reh)	19,3
L54d	Süßwasser	32,7
	Aqua-Mix	38,8
	Wild (Rotwild + Reh)	28,5

L64	Süßwasser	42,2
	Aqua-Mix	43,0
	Pflanzen	14,8
L68	Süßwasser	25,4
	Aqua-Mix	16,3
	Pflanzen	58,3
L69	Süßwasser	28,0
	Aqua-Mix	46,8
	Pflanzen	25,2
L70	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L72	Süßwasser	17,6
	Aqua-Mix	7,4
	Pflanzen	75,0
L84	Süßwasser	1,2
	Aqua-Mix	53,0
	Pflanzen	45,8
L89b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L90	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
L91	Süßwasser	28,0
	Aqua-Mix	13,9
	Pflanzen	58,1
L93	Süßwasser	16,4
	Aqua-Mix	18,1
	Pflanzen	65,5
L99	Süßwasser	5,0
	Aqua-Mix	7,7
	Pflanzen	87,2
L100	Süßwasser	9,5
	Aqua-Mix	6
	Pflanzen	84,5

L64	Süßwasser	47,2
	Aqua-Mix	46,9
	Wild (Rotwild + Reh)	5,9
L68	Süßwasser	34,0
	Aqua-Mix	28,4
	Wild (Rotwild + Reh)	37,6
L69	Süßwasser	35,1
	Aqua-Mix	53,5
	Wild (Rotwild + Reh)	11,4
L70	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L72	Süßwasser	23,9
	Aqua-Mix	43,7
	Wild (Rotwild + Reh)	32,5
L84	Süßwasser	7,2
	Aqua-Mix	65,3
	Wild (Rotwild + Reh)	27,5
L89b	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L90	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L91	Süßwasser	37,2
	Aqua-Mix	25,8
	Wild (Rotwild + Reh)	37,0
L93	Süßwasser	20,4
	Aqua-Mix	31,4
	Wild (Rotwild + Reh)	48,2
L99	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
L100	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x

7.3 MixSIAR: Abbildungen

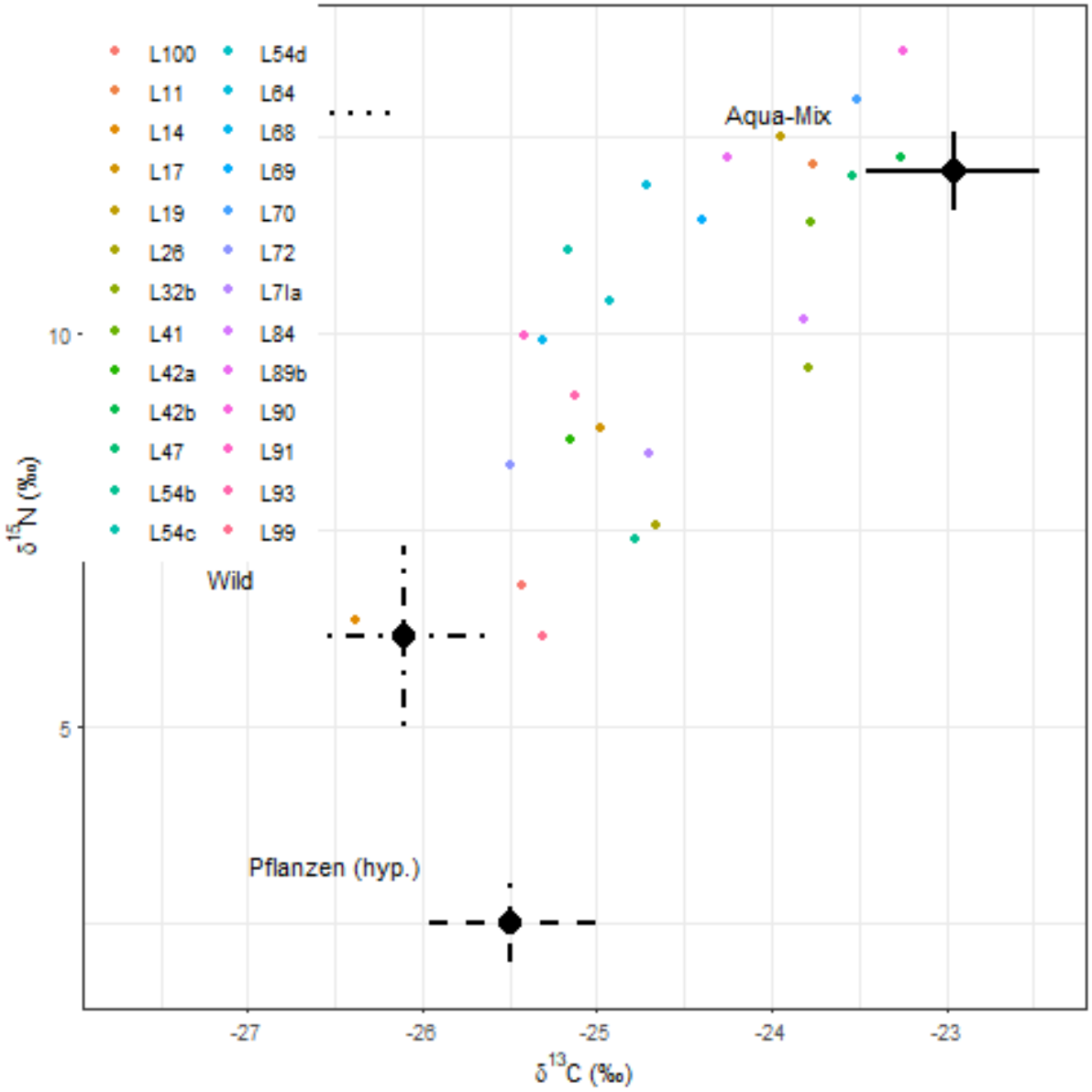


Abbildung 414: Isospace Plot der Individuen aus Lepenski Vir. Erstellt mit MixSIAR.

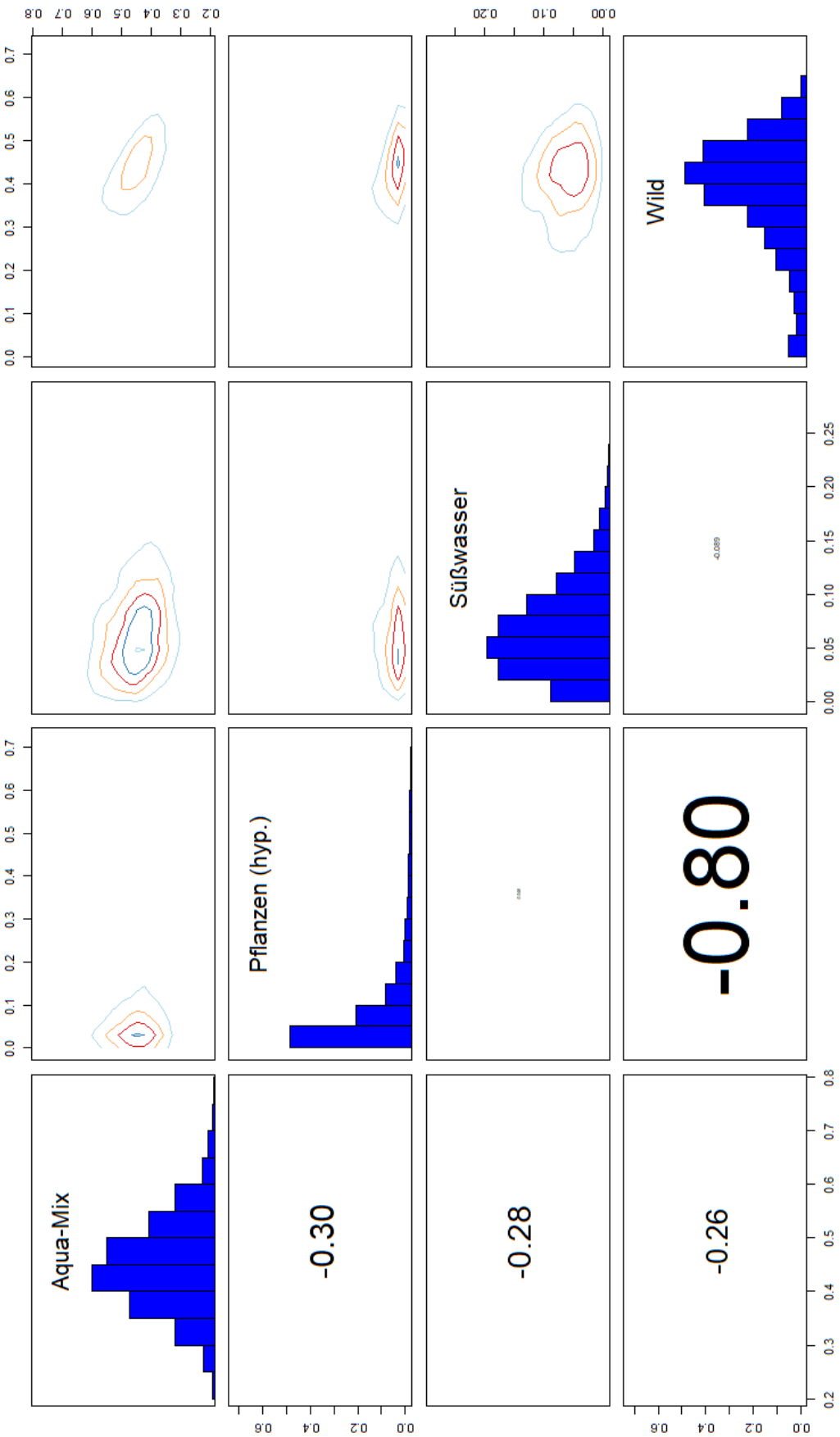


Abbildung 415: Pairs Plot der Population aus Lepenski Vir. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

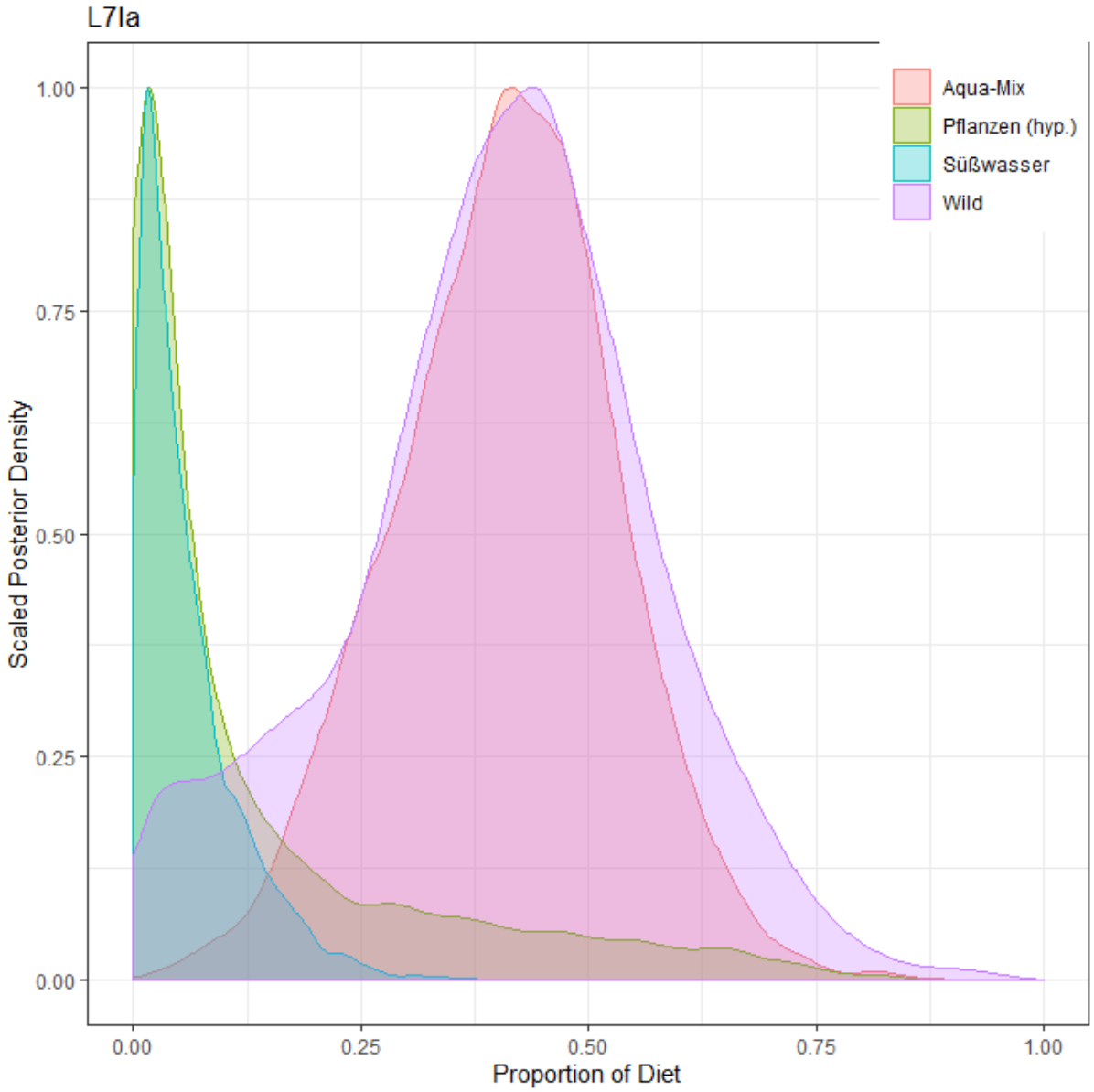


Abbildung 416: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 7Ia. Erstellt mit MixSIAR.

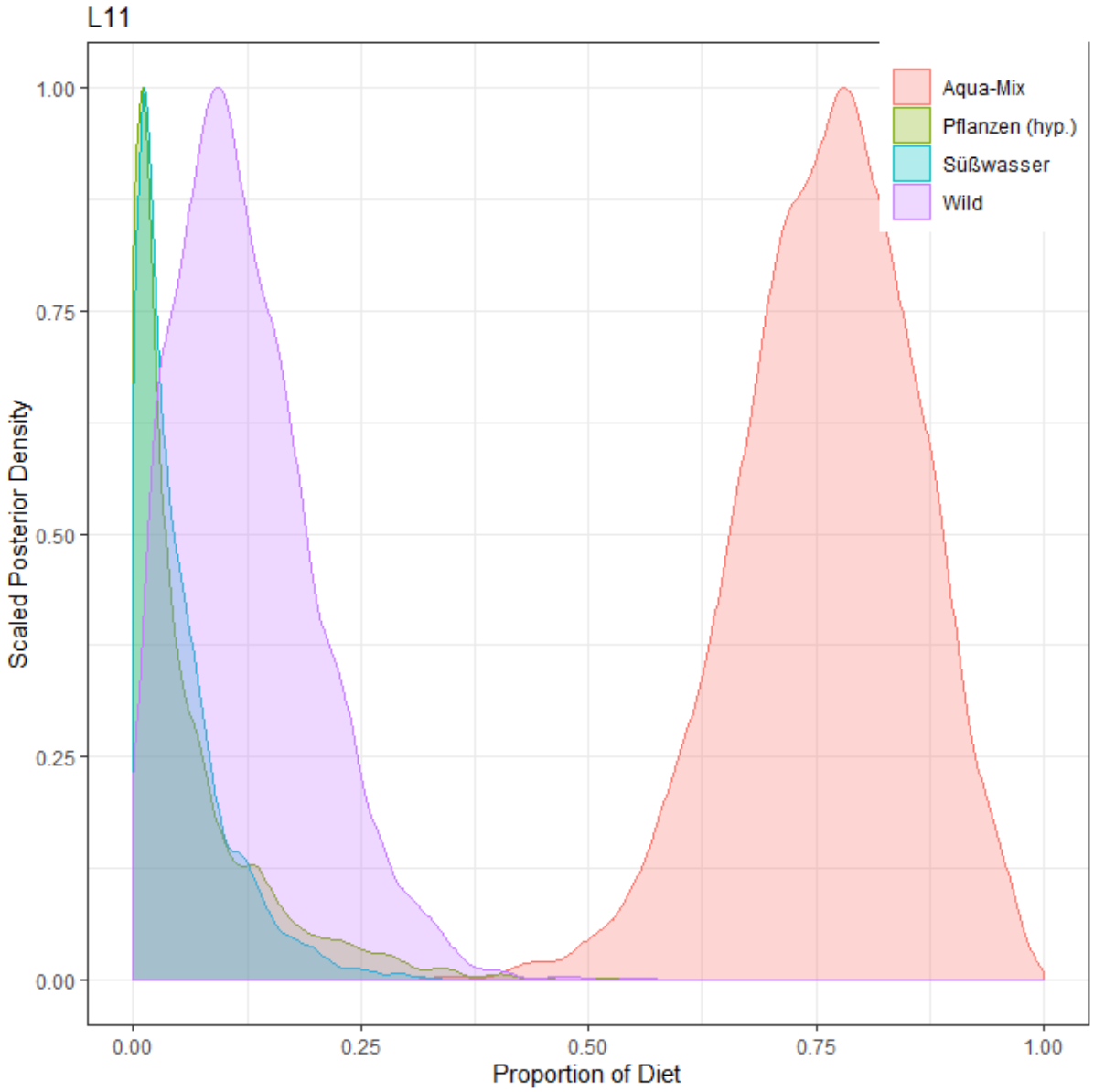


Abbildung 417: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 11. Erstellt mit MixSIAR.

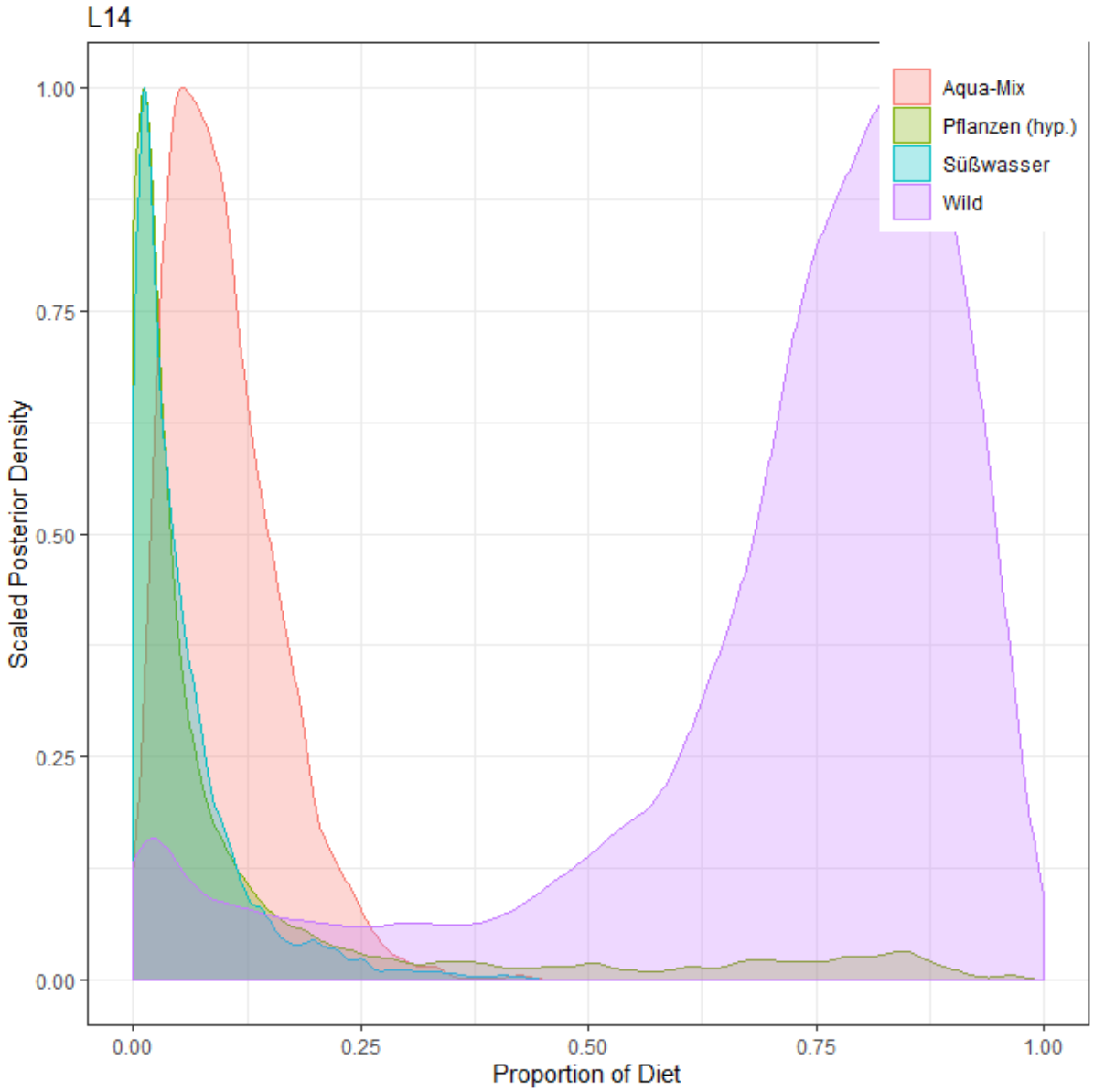


Abbildung 418: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 14. Erstellt mit MixSIAR.

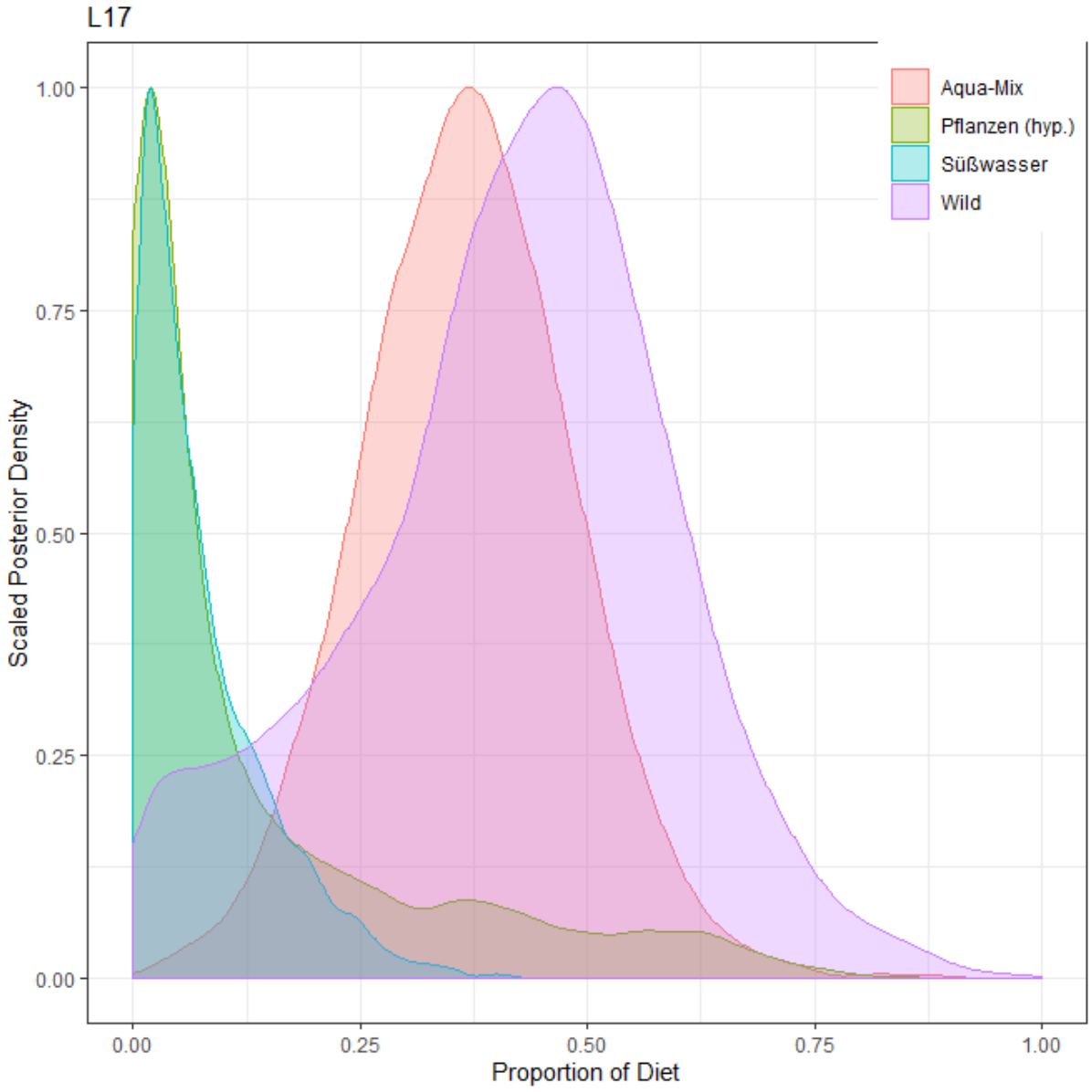


Abbildung 419: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 17. Erstellt mit MixSIAR.

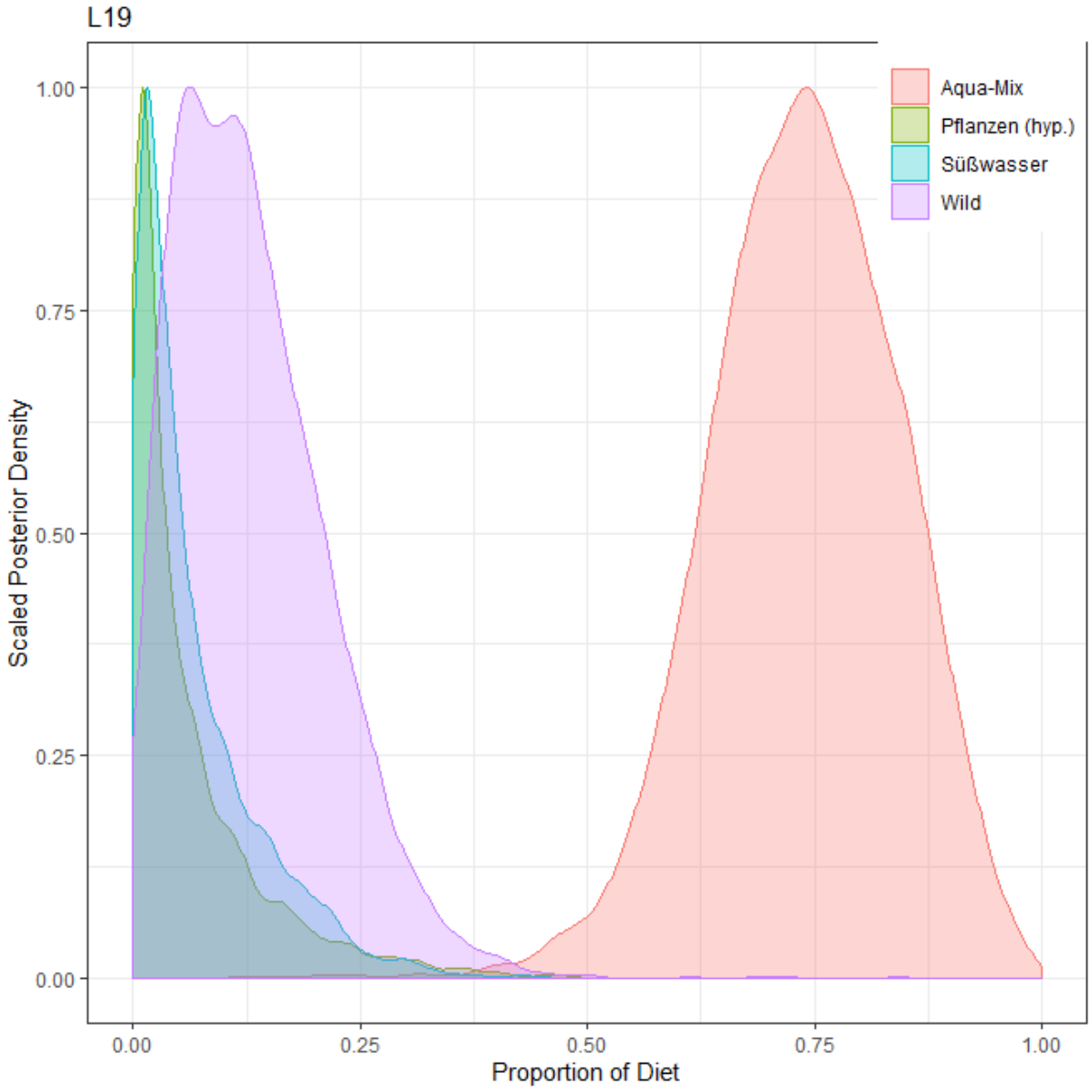


Abbildung 420: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 19. Erstellt mit MixSIAR.

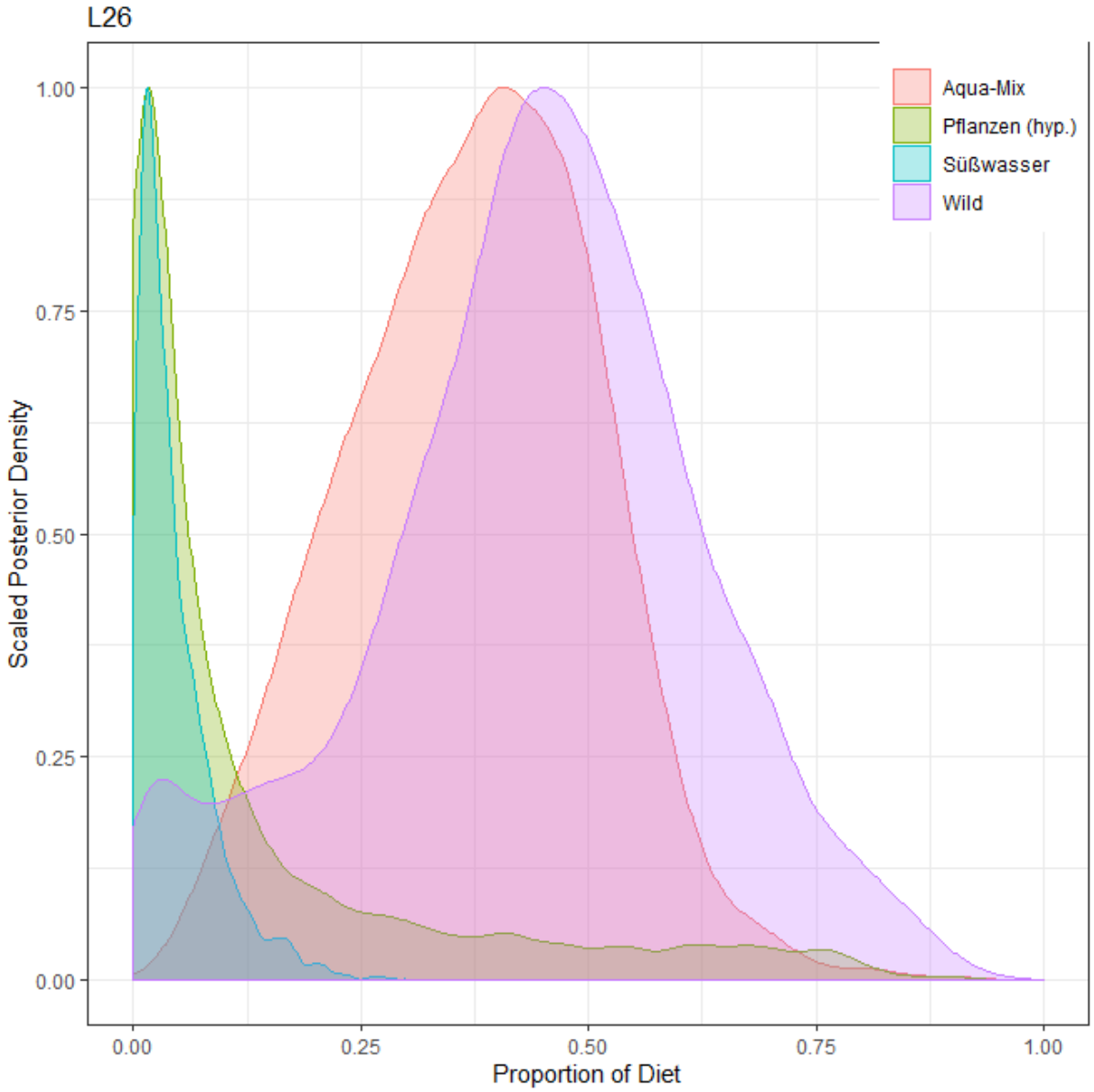


Abbildung 421: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 26. Erstellt mit MixSIAR.

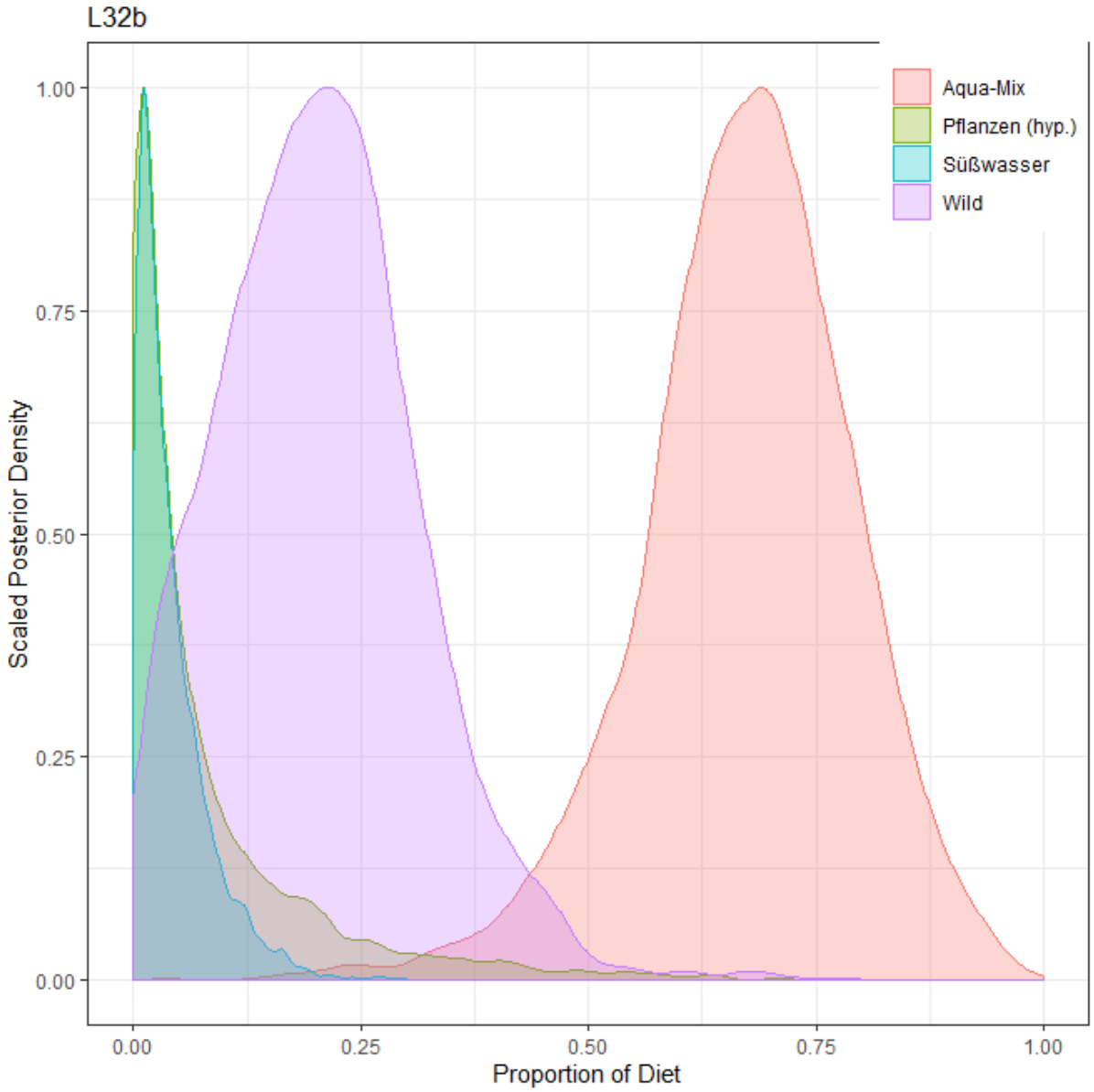


Abbildung 422: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 32b. Erstellt mit MixSIAR.

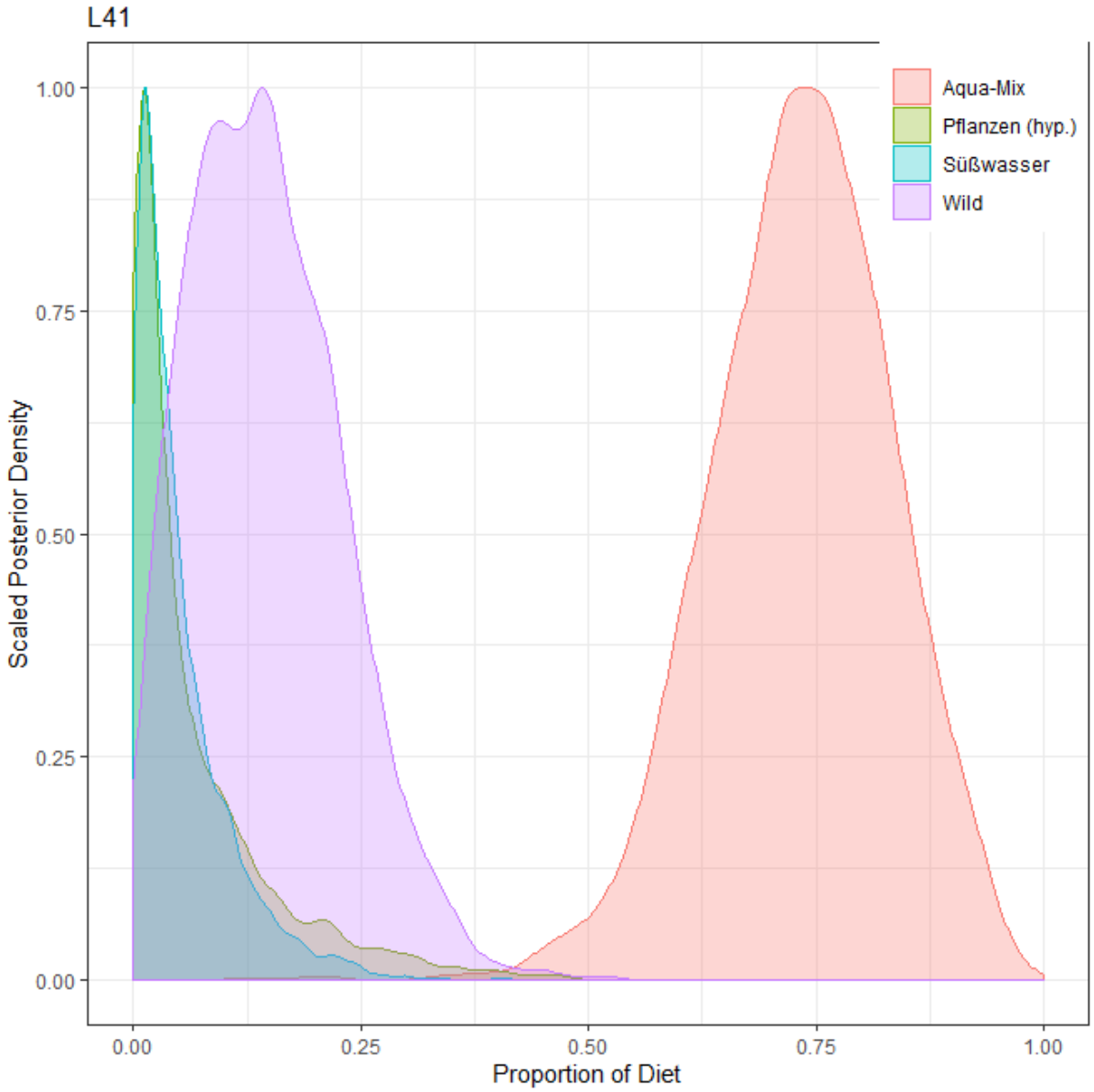
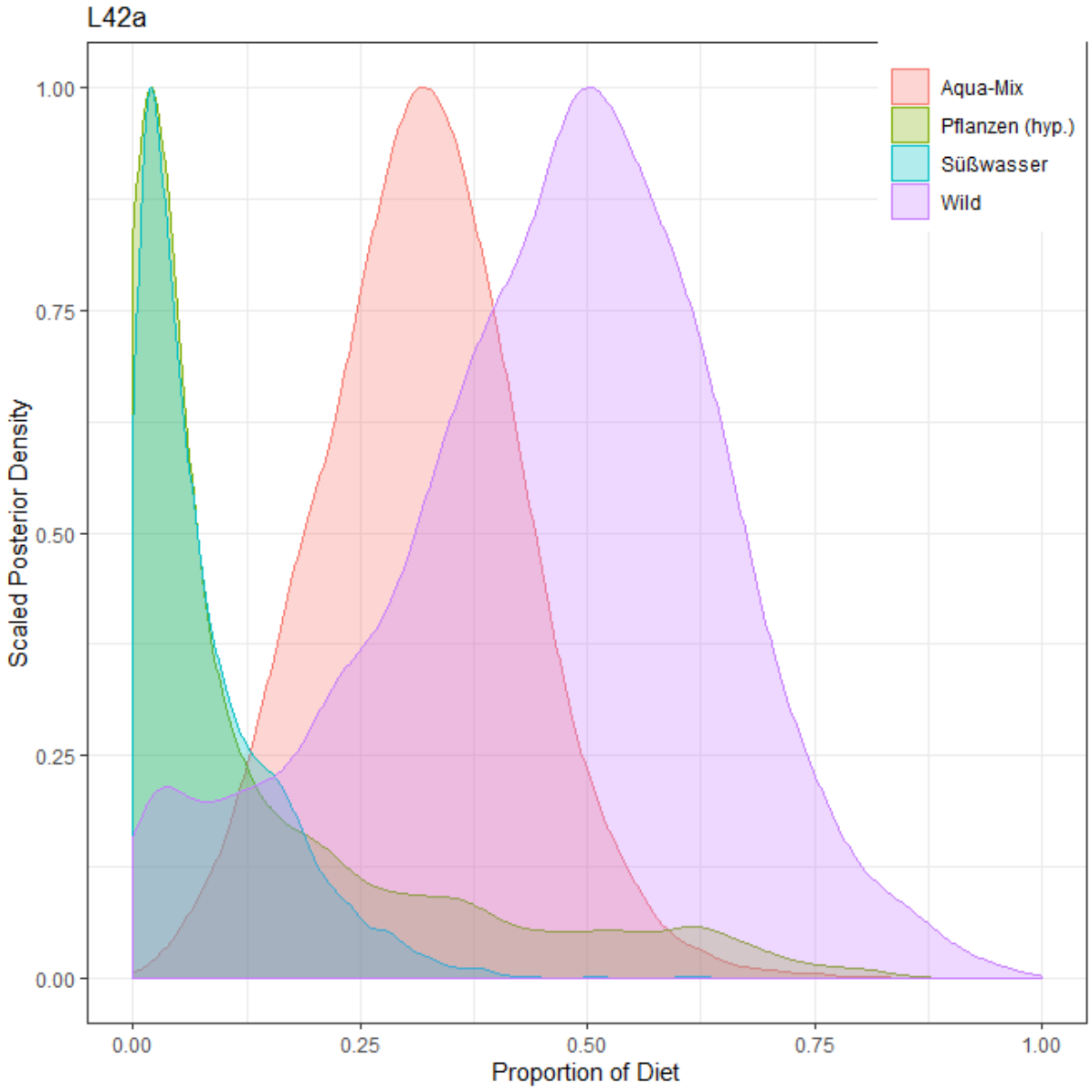


Abbildung 423: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 41. Erstellt mit MixSIAR.



A**bbildung 424**: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 42a. Erstellt mit MixSIAR.

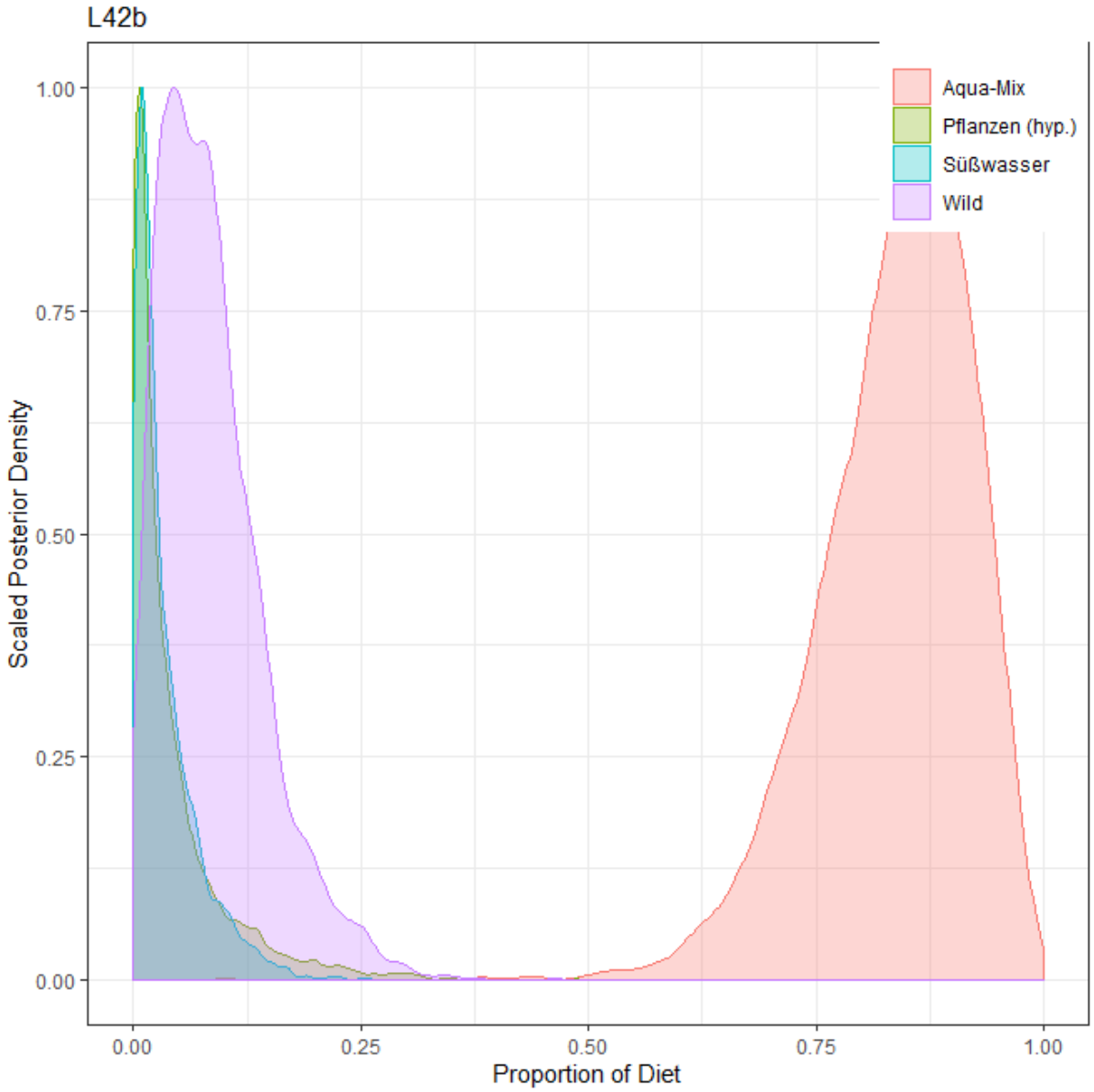


Abbildung 425: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 42b. Erstellt mit MixSIAR.

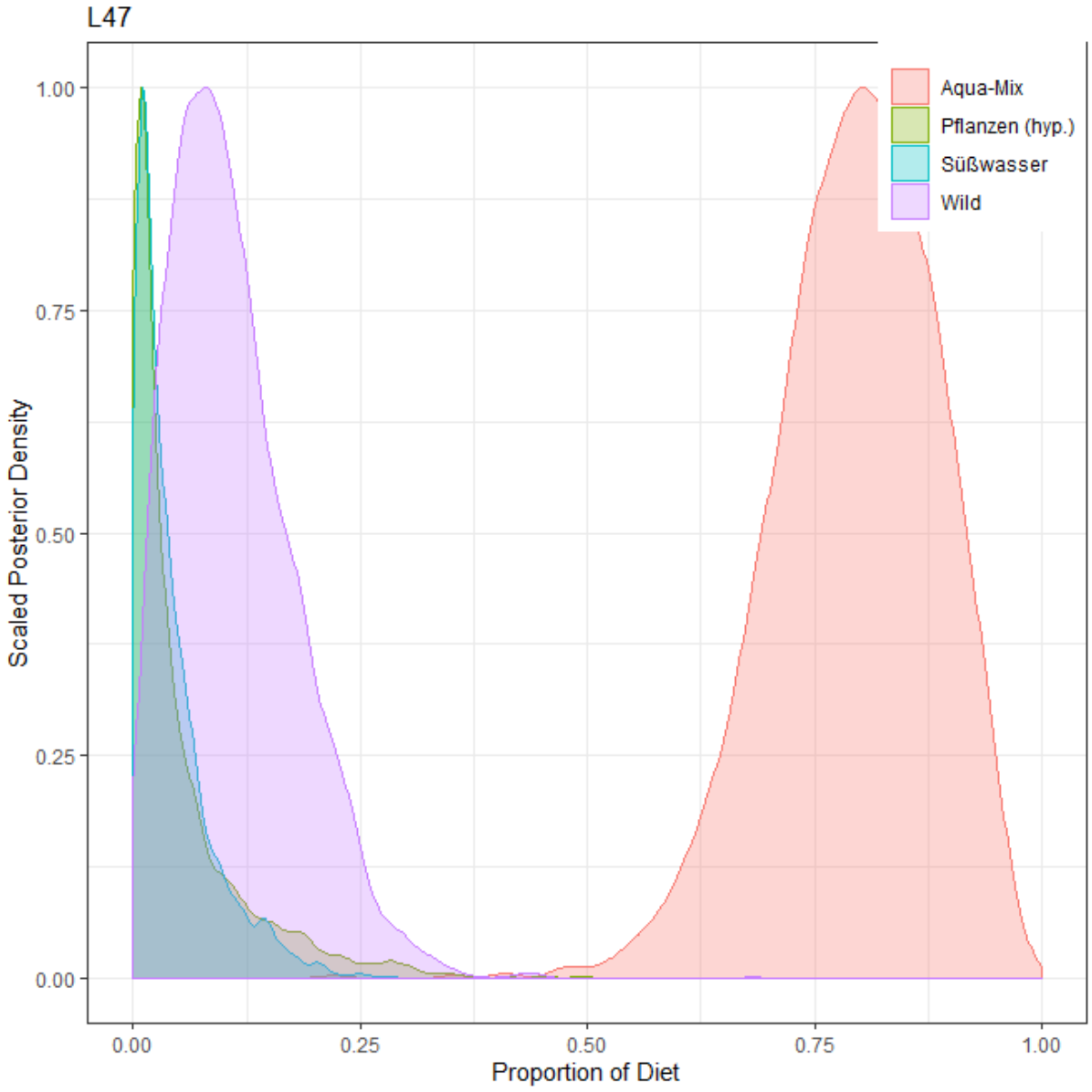


Abbildung 426: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 47. Erstellt mit MixSIAR.

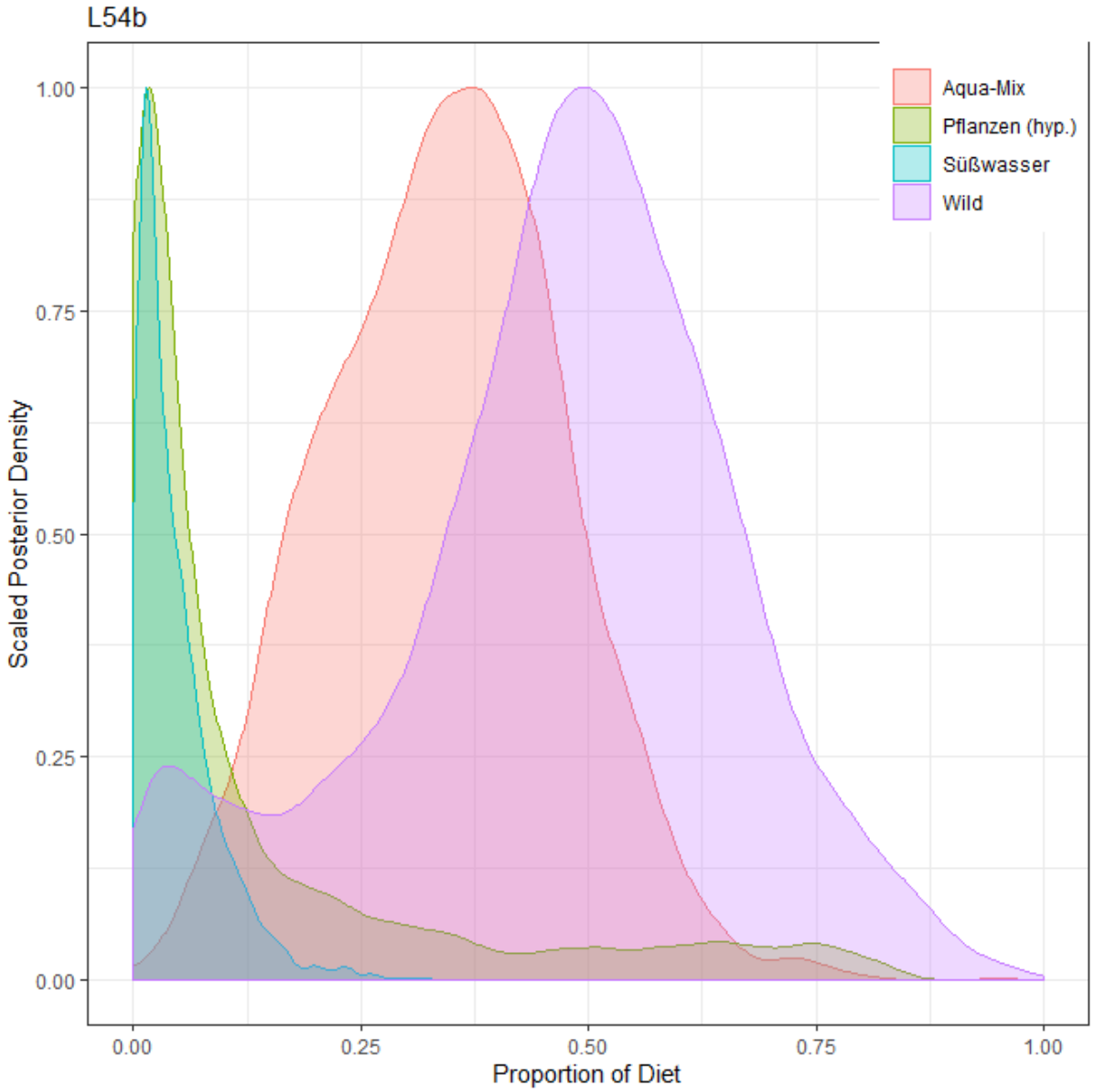


Abbildung 427: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54b. Erstellt mit MixSIAR.

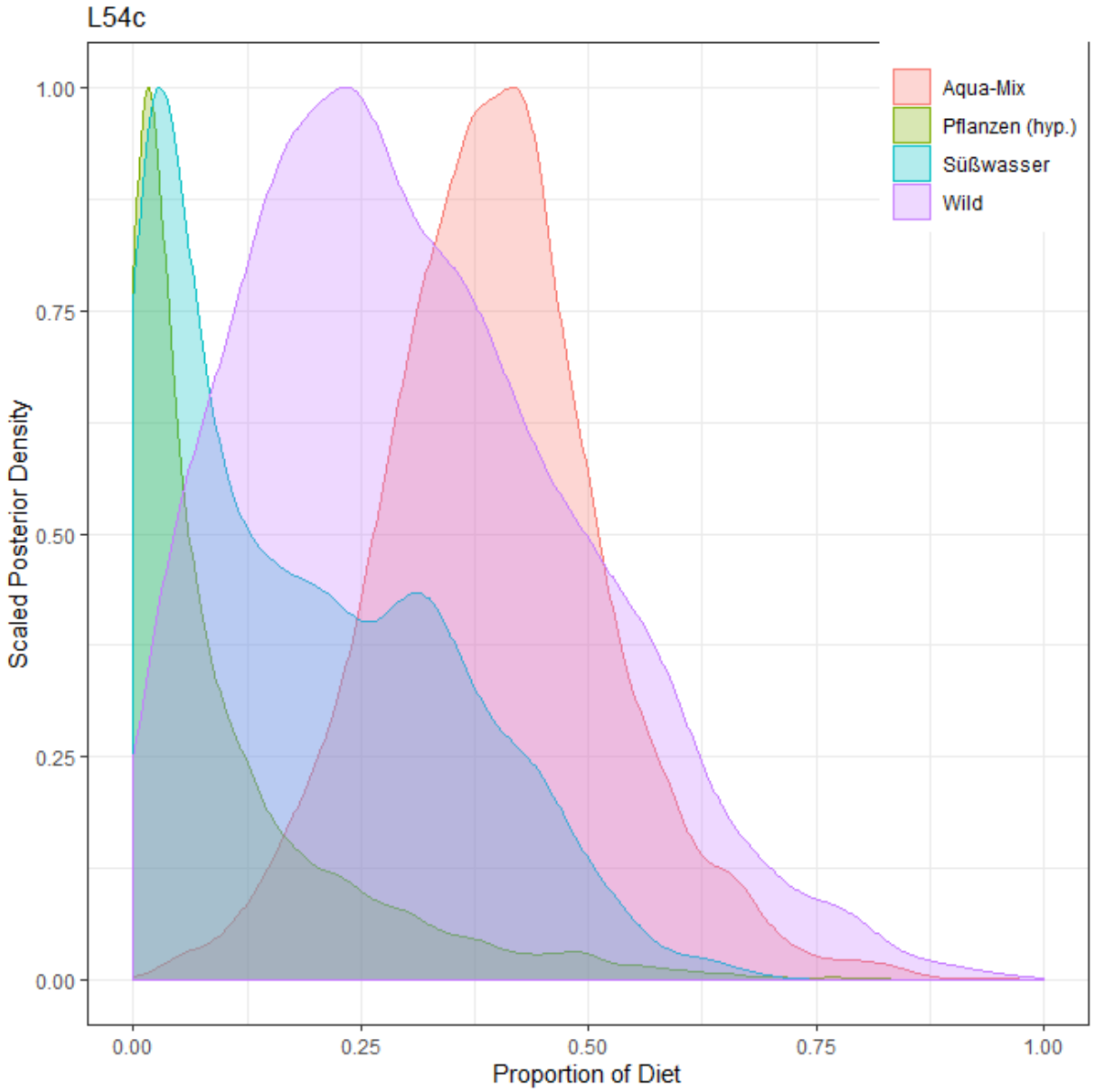


Abbildung 428: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54c. Erstellt mit MixSIAR.

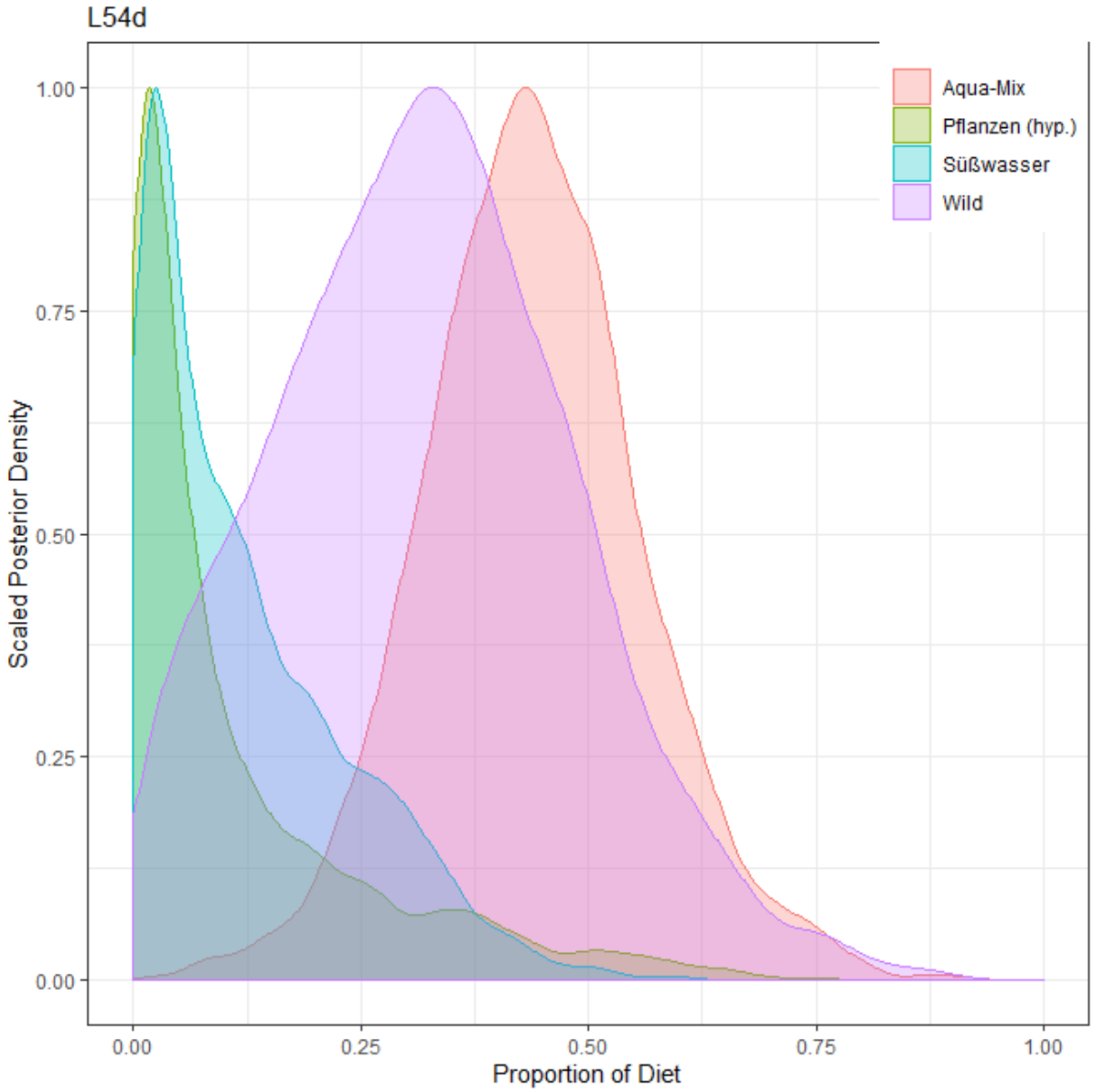


Abbildung 429: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54d. Erstellt mit MixSIAR.

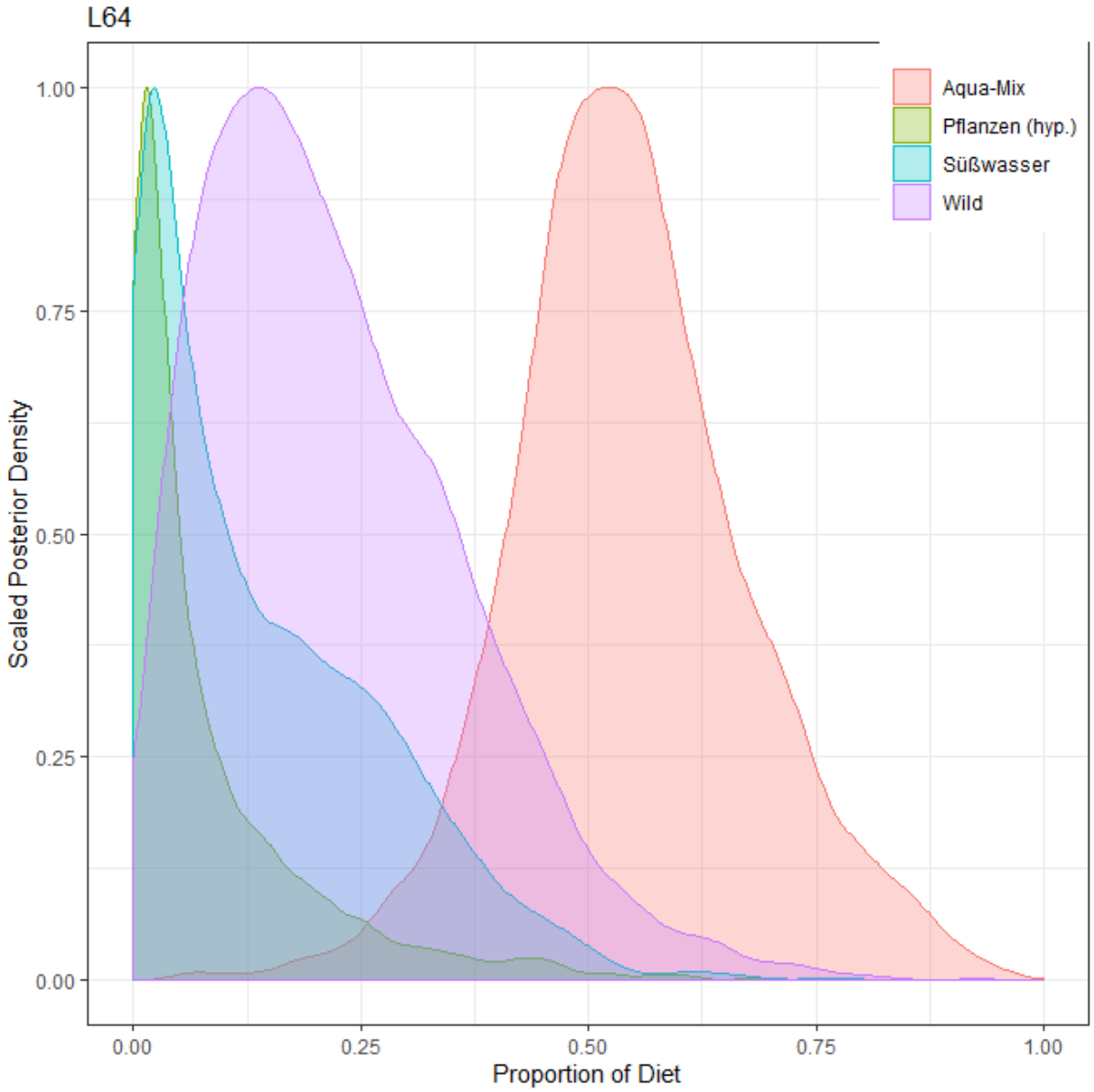


Abbildung 430: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 64. Erstellt mit MixSIAR.

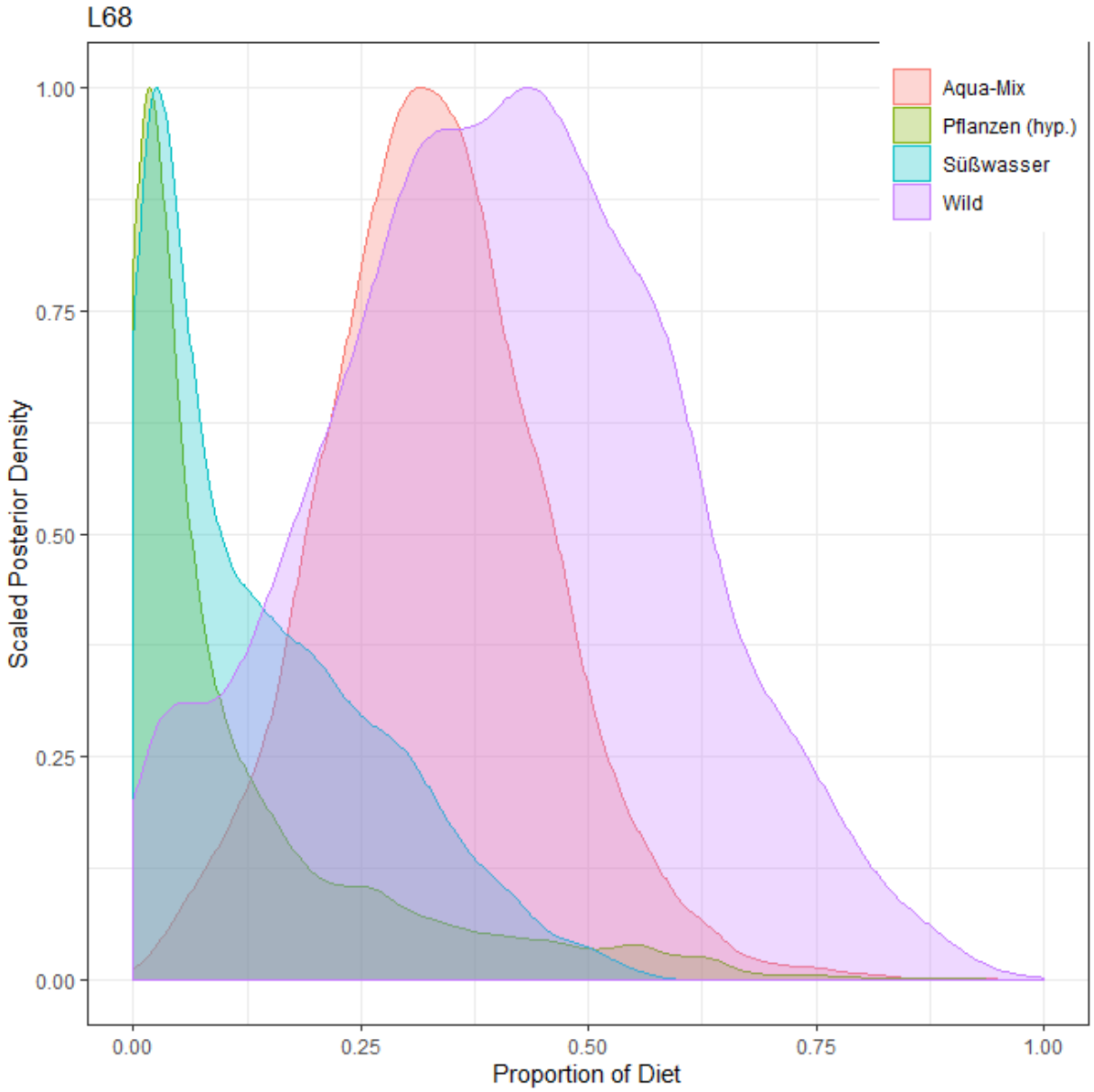


Abbildung 431: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 68. Erstellt mit MixSIAR.

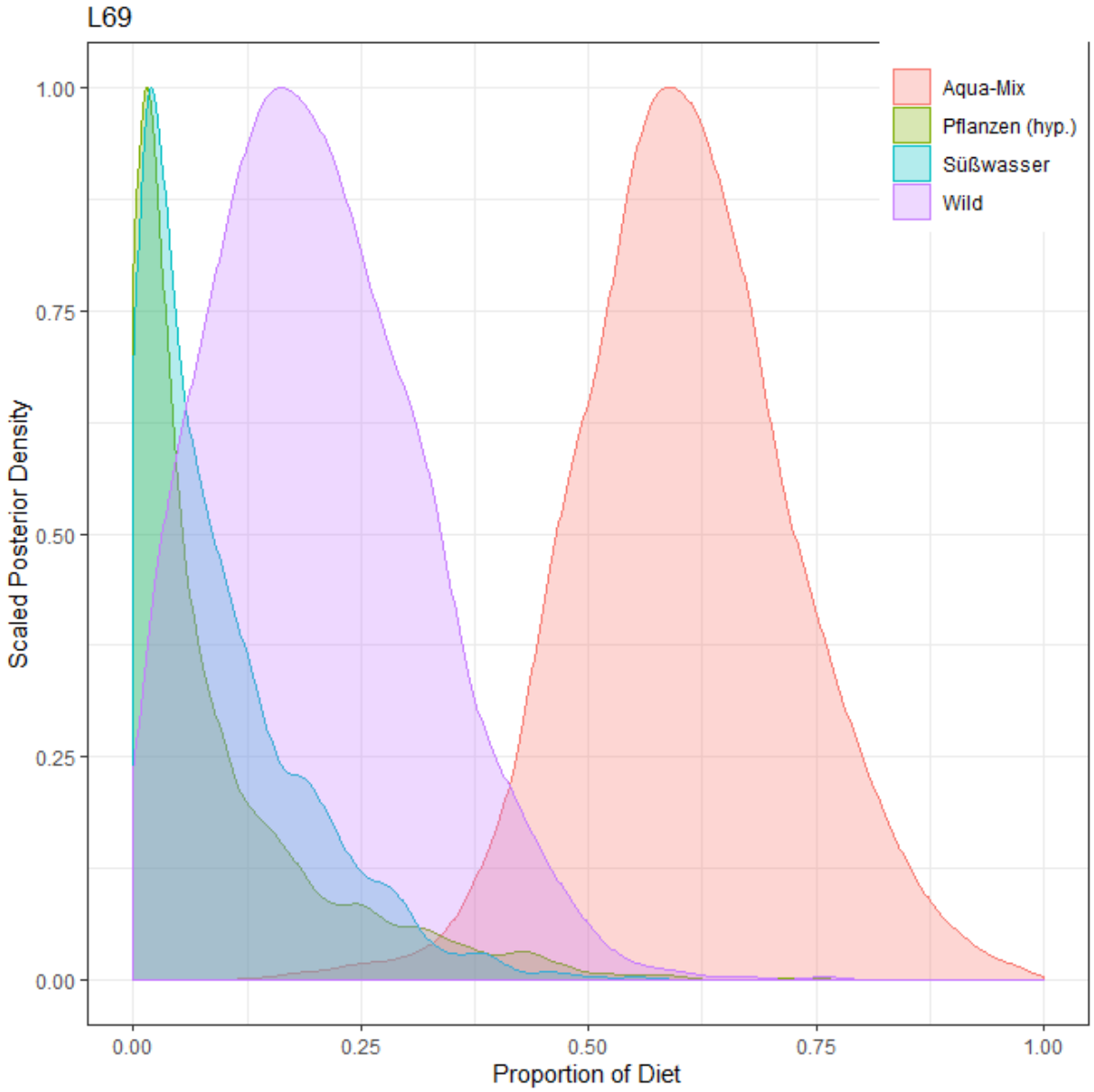


Abbildung 432: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 69. Erstellt mit MixSIAR.

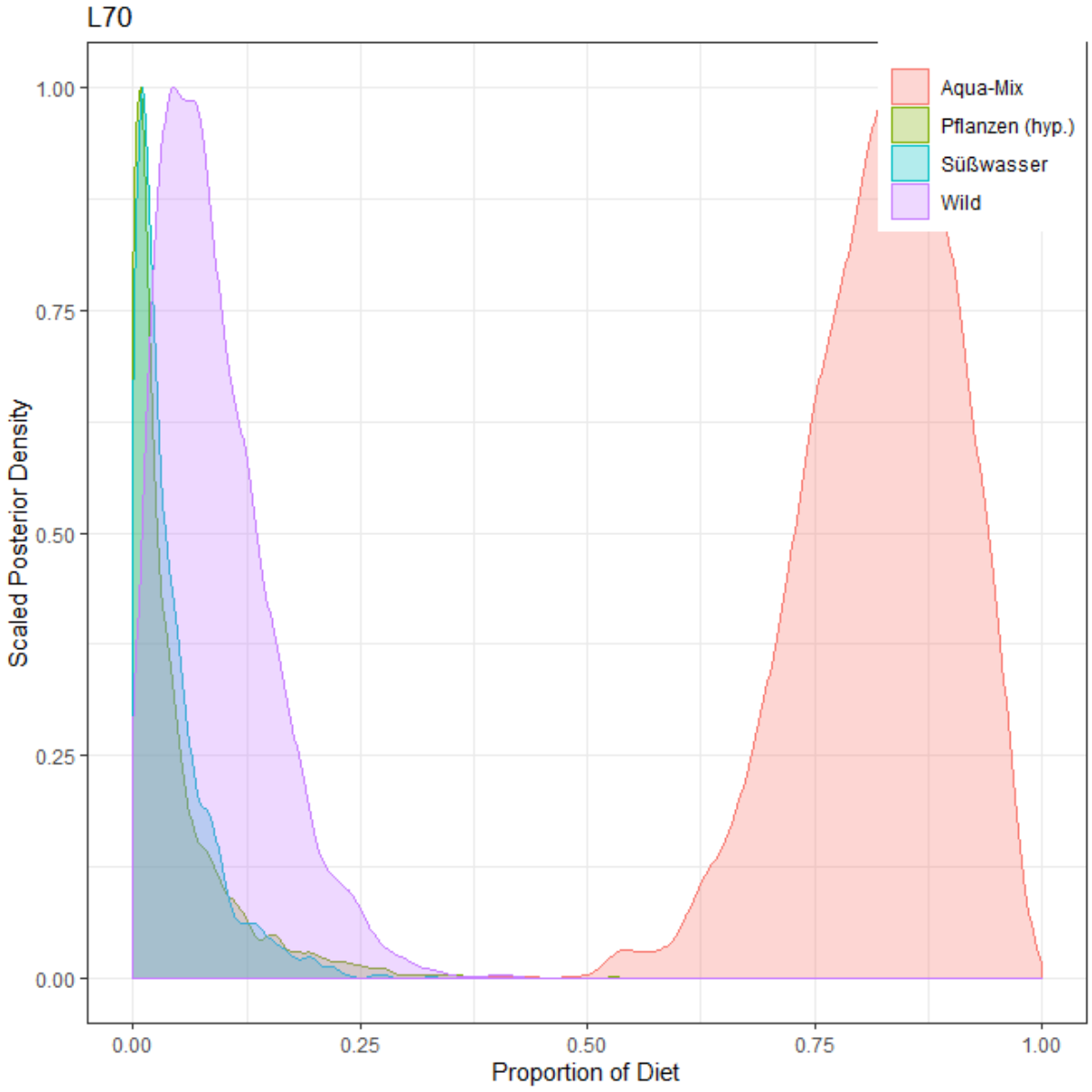


Abbildung 433: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 70. Erstellt mit MixSIAR.

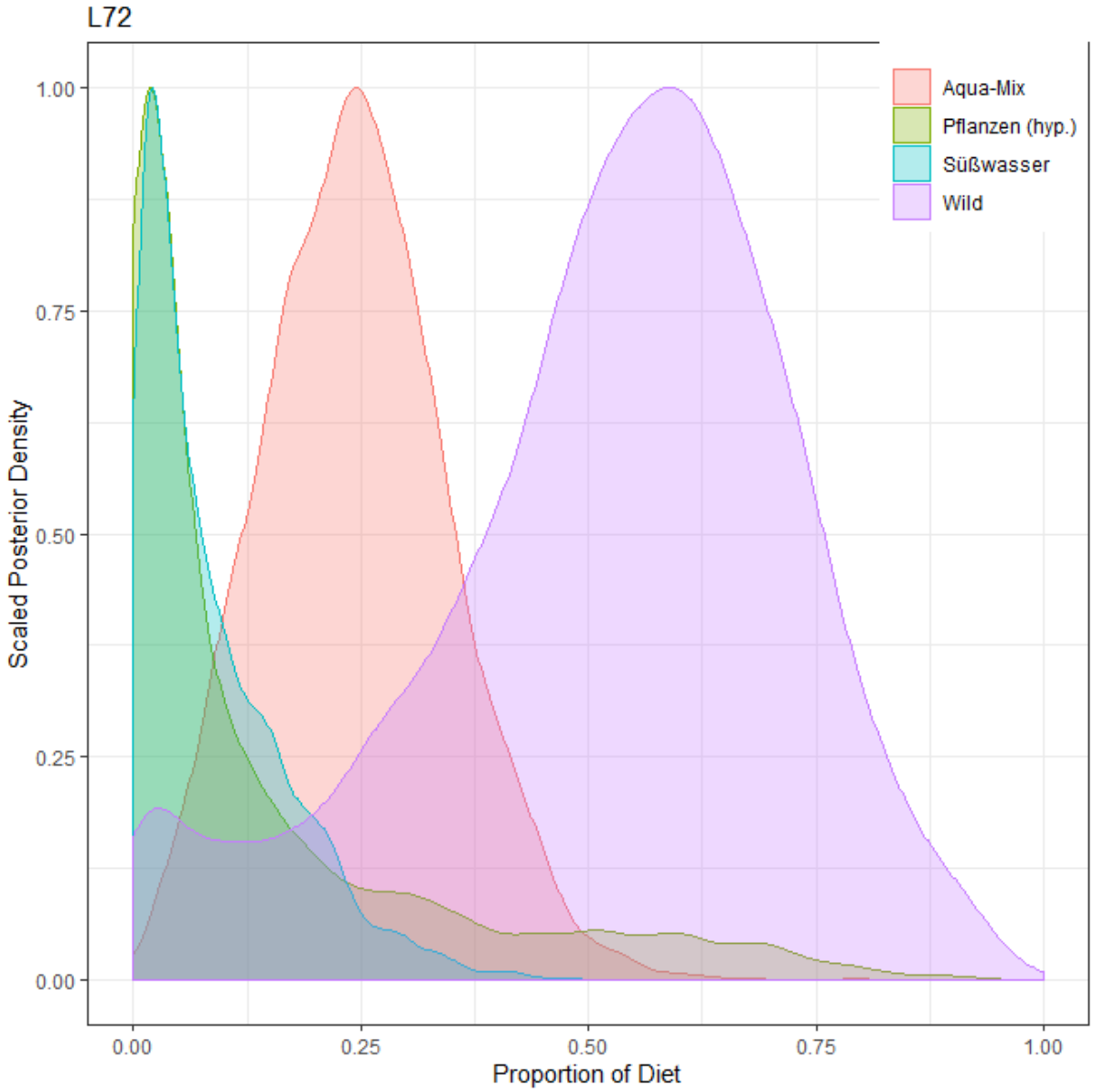


Abbildung 434: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 72. Erstellt mit MixSIAR.

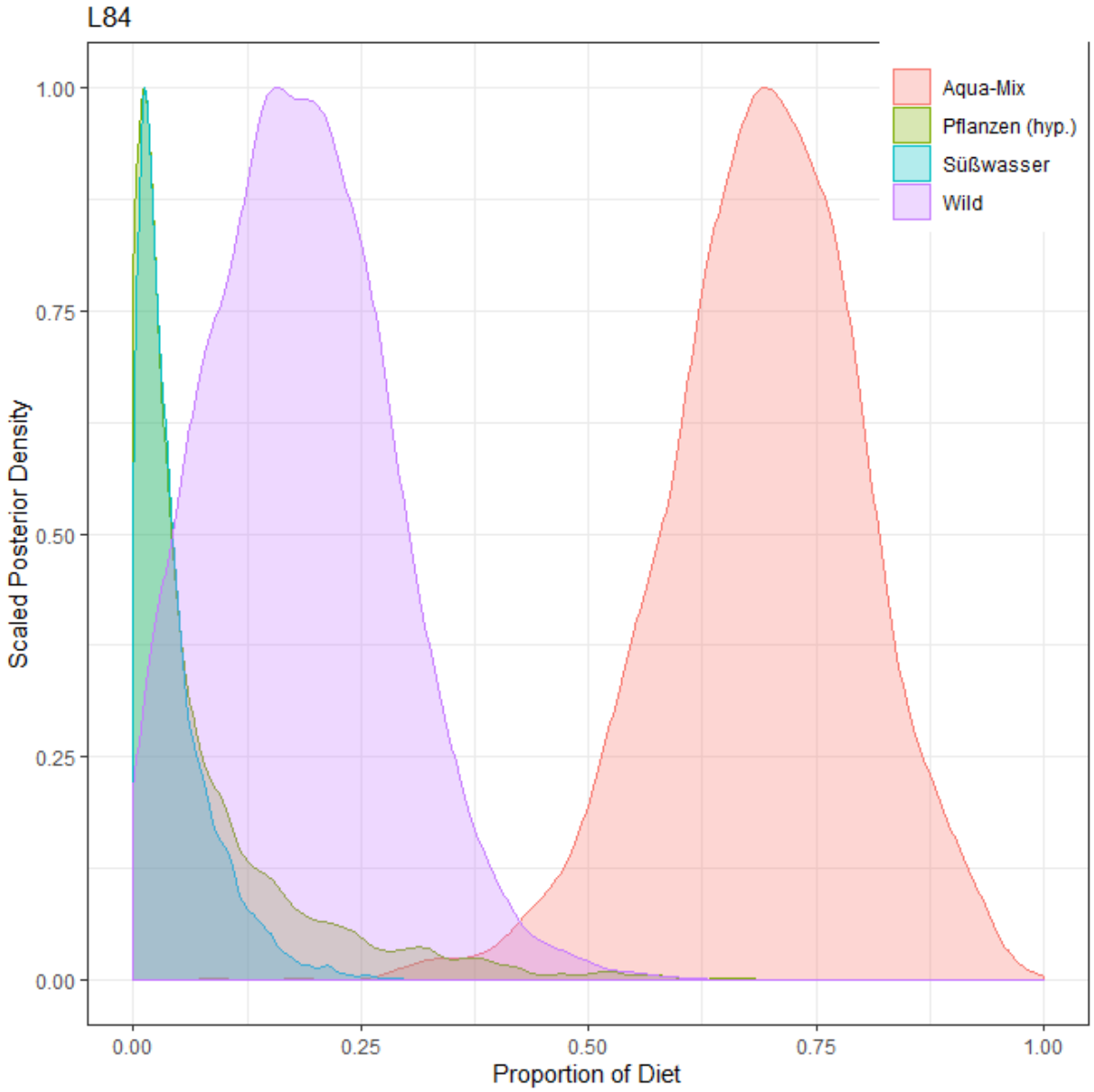


Abbildung 435: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 84. Erstellt mit MixSIAR.

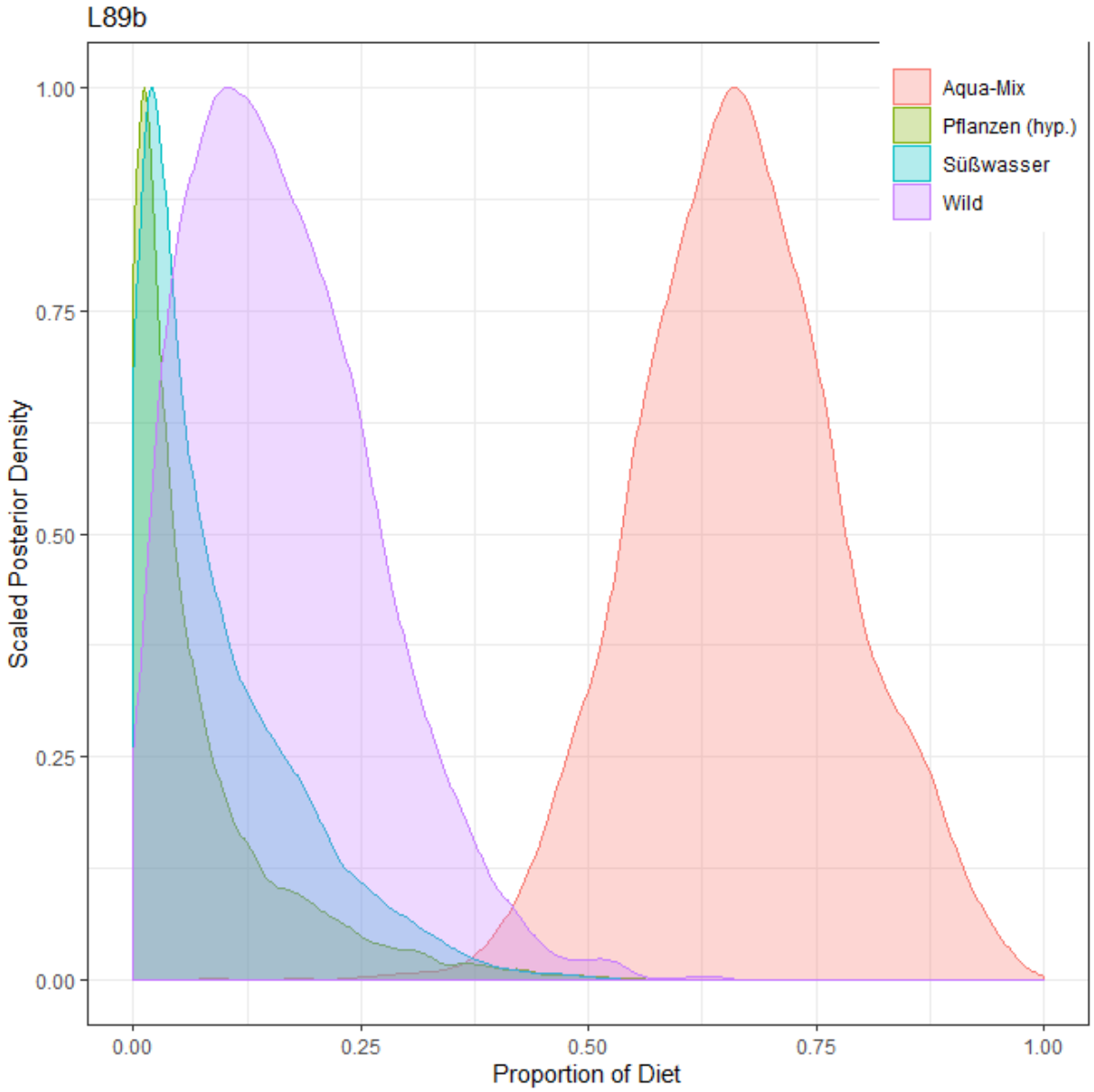


Abbildung 436: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 89b. Erstellt mit MixSIAR.

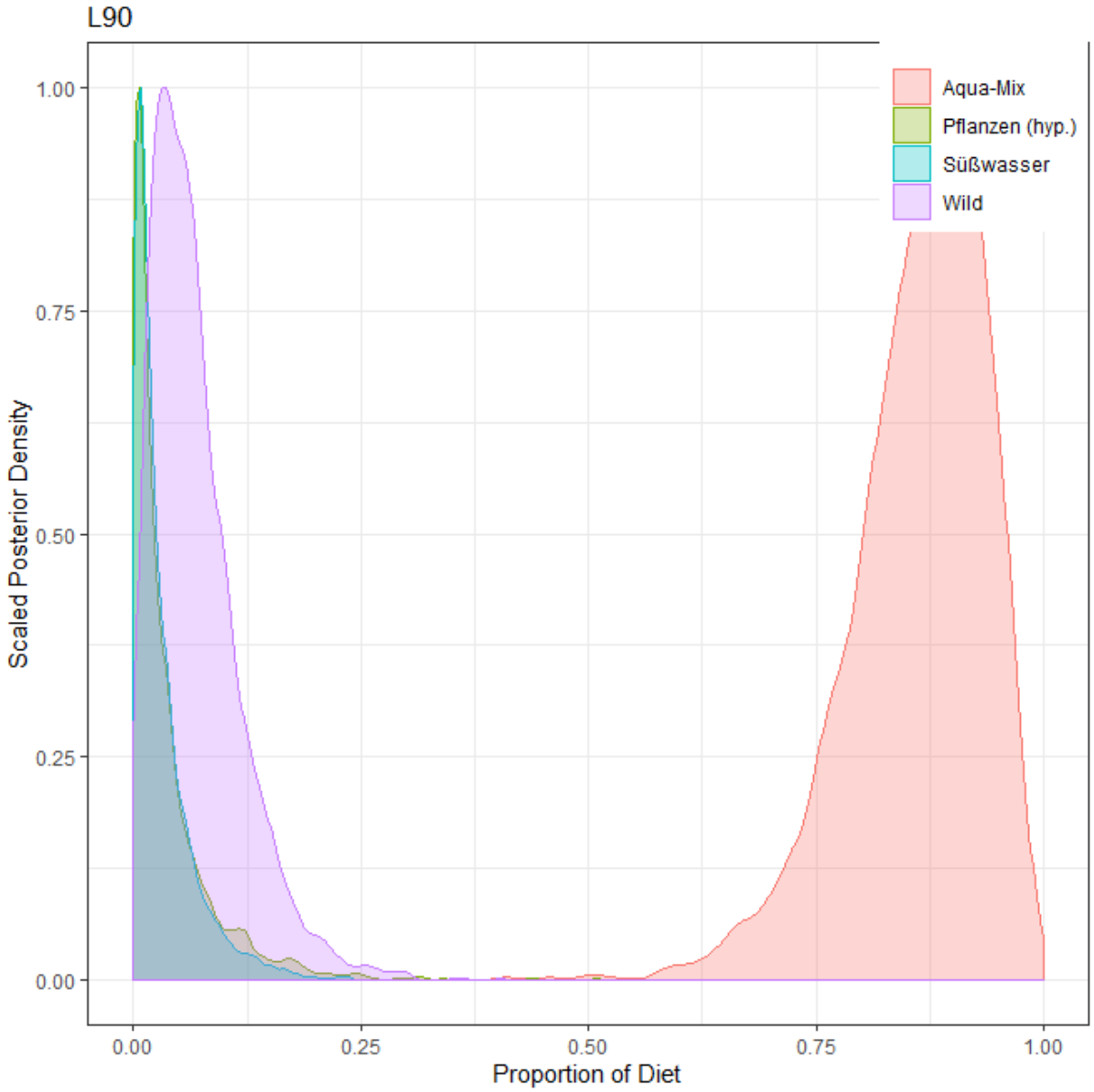


Abbildung 437: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 90. Erstellt mit MixSIAR.

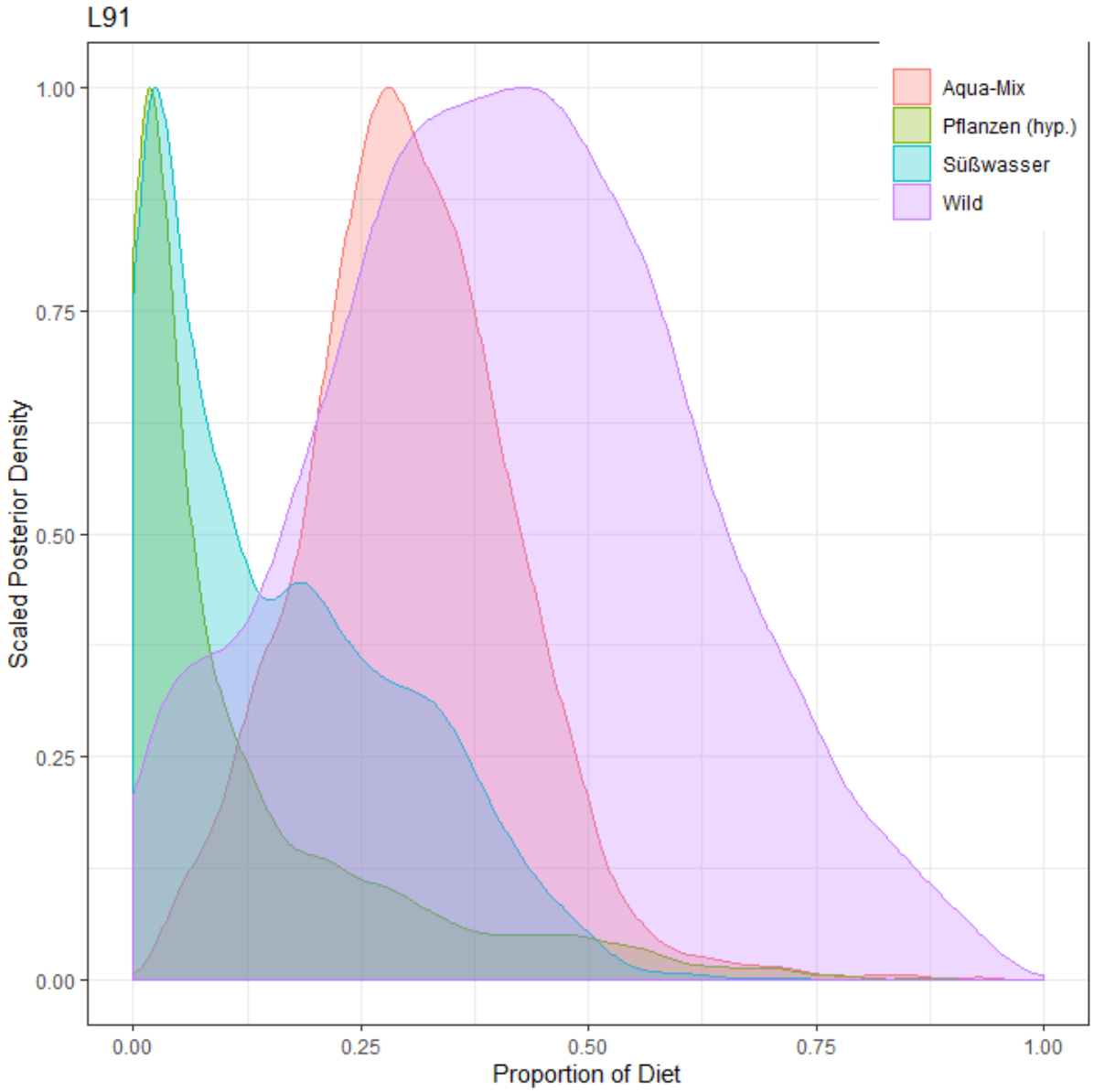


Abbildung 438: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 91. Erstellt mit MixSIAR.

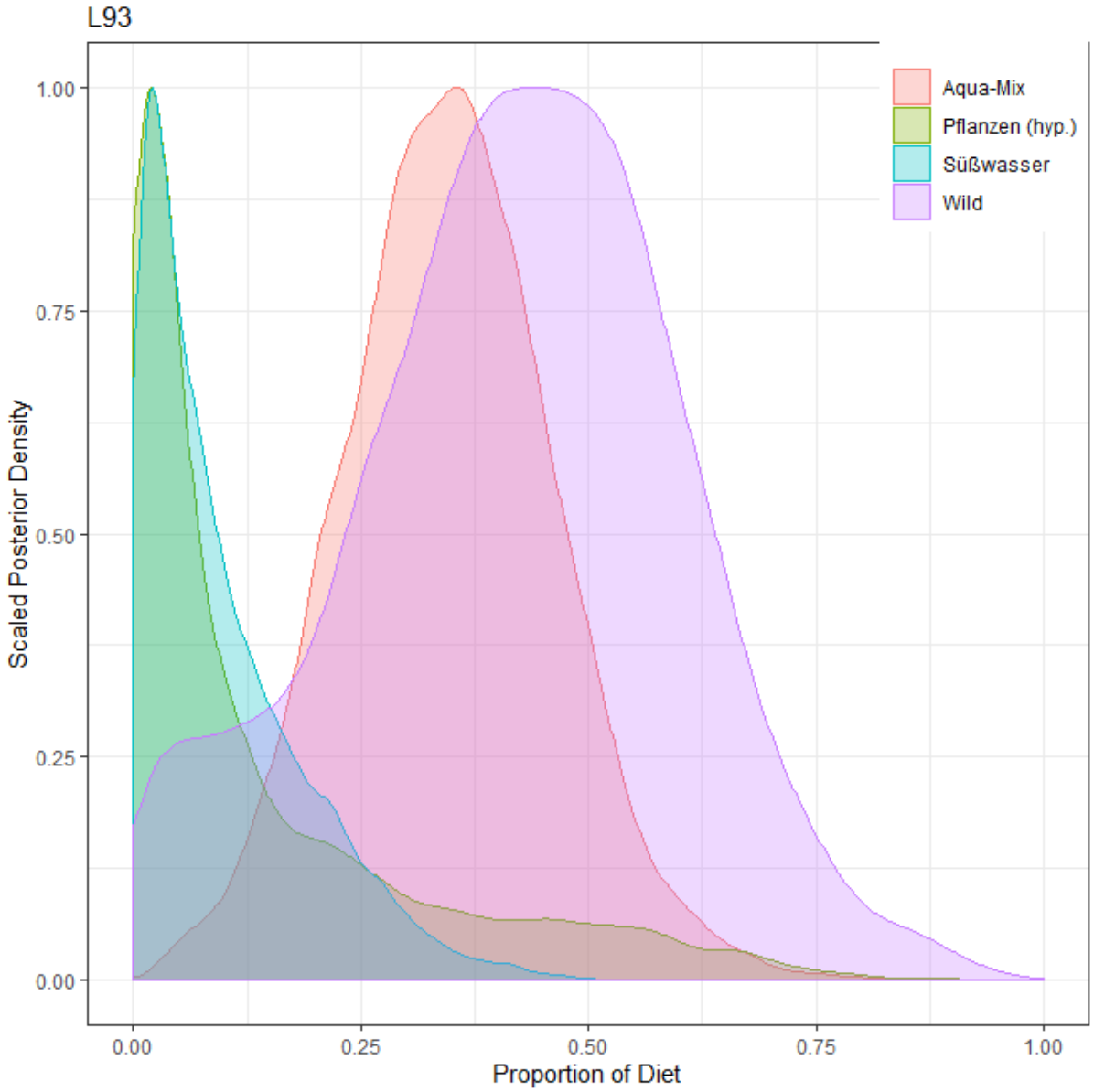


Abbildung 439: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 93. Erstellt mit MixSIAR.

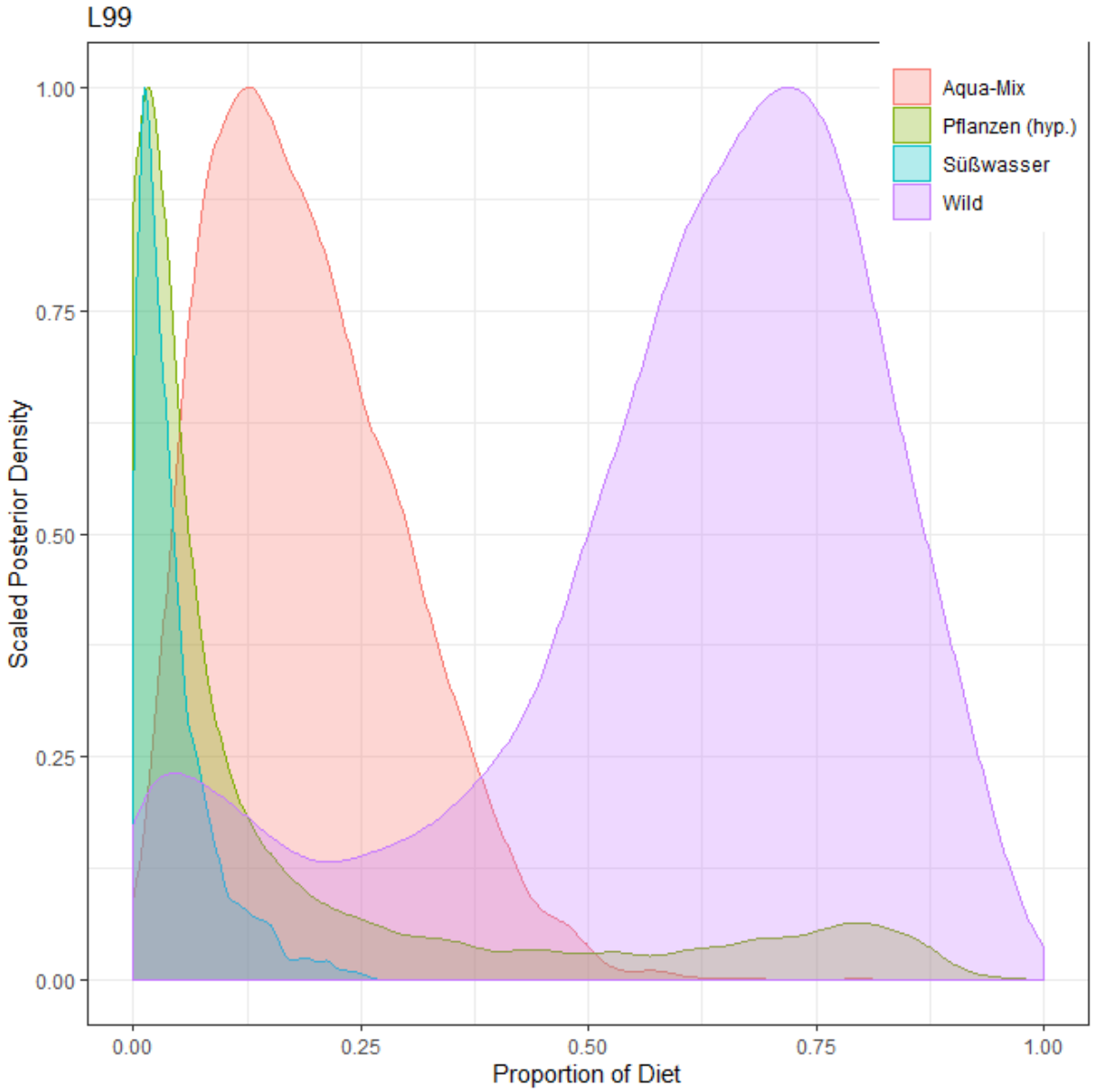


Abbildung 440: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 99. Erstellt mit MixSIAR.

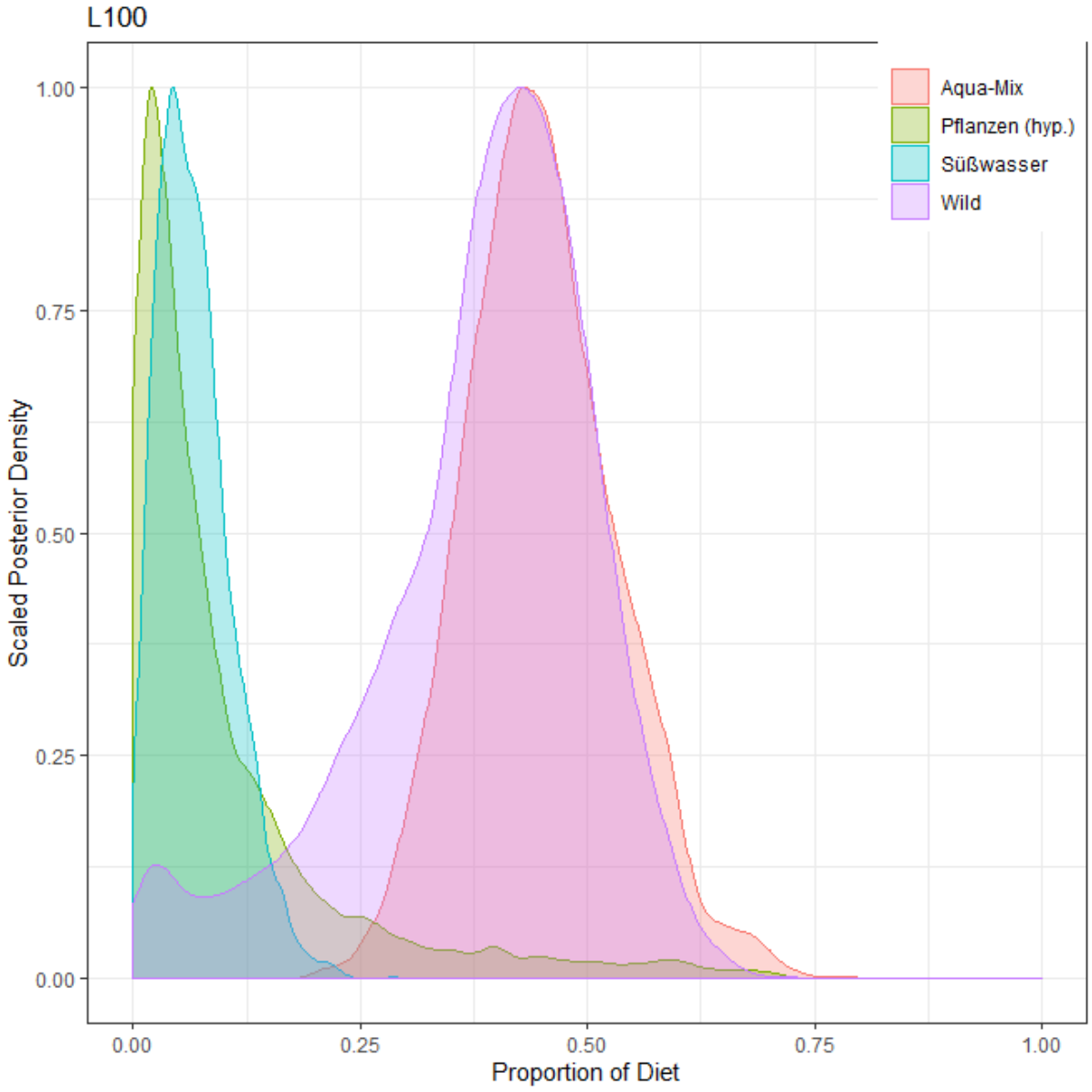


Abbildung 441: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 100. Erstellt mit MixSIAR.

7.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 22: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Lepenski Vir (L). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
L7/Ia	Aqua-Mix	16,5%	40,8%	12,3%	41,3%	64,4%
	Pflanzen	0,1%	13,5%	17,9%	5,2%	65,0%
	Süßwasser	0,2%	5,9%	5,6%	4,2%	20,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	3,3%	39,8%	17,0%	41,0%	71,5%
L11	Aqua-Mix	55,5%	76,1%	9,8%	76,8%	93,5%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,8%	3,2%	28,1%
	Süßwasser	0,2%	5,2%	5,3%	3,5%	19,7%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,3%	12,5%	7,7%	11,3%	30,4%
L14	Aqua-Mix	1,7%	10,0%	6,1%	8,9%	24,4%
	Pflanzen	0,1%	13,2%	22,4%	3,3%	83,8%
	Süßwasser	0,2%	5,6%	6,6%	3,4%	25,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,4%	71,2%	23,2%	78,0%	95,7%
L17	Aqua-Mix	14,0%	36,8%	11,7%	36,8%	60,1%
	Pflanzen	0,1%	14,2%	18,2%	5,7%	63,7%
	Süßwasser	0,3%	7,6%	7,1%	5,3%	25,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	3,1%	41,4%	17,8%	43,2%	73,8%
L19	Aqua-Mix	52,5%	73,7%	10,5%	74,0%	92,4%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,8%	3,2%	29,6%
	Süßwasser	0,2%	6,9%	7,3%	4,3%	25,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,3%	13,1%	8,5%	11,8%	32,0%
L26	Aqua-Mix	10,9%	37,4%	13,6%	38,2%	62,7%
	Pflanzen	0,1%	14,1%	19,9%	4,9%	72,1%
	Süßwasser	0,2%	4,6%	4,4%	3,3%	16,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,3%	43,8%	18,5%	45,0%	78,9%
L32b	Aqua-Mix	41,1%	67,2%	11,9%	68,0%	88,6%
	Pflanzen	0,1%	8,2%	11,5%	3,6%	42,9%
	Süßwasser	0,2%	4,2%	4,1%	2,9%	15,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,8%	20,4%	11,0%	20,0%	43,7%
L41	Aqua-Mix	52,2%	73,2%	10,2%	73,7%	91,8%
	Pflanzen	0,1%	6,9%	8,7%	3,3%	31,4%
	Süßwasser	0,2%	5,3%	5,5%	3,5%	20,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,4%	14,6%	8,3%	14,0%	32,7%
L42a	Aqua-Mix	11,0%	31,9%	11,2%	31,8%	54,4%
	Pflanzen	0,1%	14,5%	18,7%	5,5%	65,9%
	Süßwasser	0,3%	8,1%	8,0%	5,4%	28,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,8%	45,4%	18,9%	47,7%	78,9%
L42b	Aqua-Mix	64,9%	83,7%	8,4%	84,9%	96,2%
	Pflanzen	0,0%	4,3%	5,7%	2,1%	21,2%
	Süßwasser	0,1%	3,5%	3,9%	2,2%	13,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	8,5%	5,8%	7,6%	23,2%
L47	Aqua-Mix	60,1%	79,3%	9,1%	79,9%	94,4%
	Pflanzen	0,1%	5,3%	6,9%	2,6%	25,9%
	Süßwasser	0,1%	4,4%	4,7%	2,9%	16,7%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,2%	11,0%	6,9%	9,9%	26,3%
L54b	Aqua-Mix	9,6%	34,4%	13,0%	34,5%	59,5%
	Pflanzen	0,1%	14,3%	20,5%	4,8%	74,4%
	Süßwasser	0,3%	4,8%	4,6%	3,3%	16,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,6%	46,6%	19,4%	48,5%	81,5%

L54c	Aqua-Mix	15,1%	39,6%	12,6%	39,4%	66,8%
	Pflanzen	0,1%	10,8%	13,4%	5,5%	49,5%
	Süßwasser	0,3%	18,8%	15,7%	15,5%	51,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,2%	30,9%	18,3%	28,3%	71,9%
L54d	Aqua-Mix	20,6%	43,9%	12,1%	43,6%	69,5%
	Pflanzen	0,1%	11,7%	14,5%	5,6%	53,4%
	Süßwasser	0,3%	12,4%	11,2%	9,3%	39,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,8%	32,1%	16,4%	31,8%	65,9%
L64	Aqua-Mix	29,4%	54,6%	13,0%	53,8%	83,1%
	Pflanzen	0,1%	8,7%	11,0%	4,2%	42,3%
	Süßwasser	0,3%	14,4%	13,2%	10,6%	45,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,1%	22,3%	14,2%	19,8%	55,2%
L68	Aqua-Mix	9,7%	33,2%	12,3%	32,9%	58,6%
	Pflanzen	0,1%	12,3%	15,8%	5,4%	57,6%
	Süßwasser	0,3%	14,1%	12,7%	10,5%	43,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	3,0%	40,3%	19,1%	40,7%	78,0%
L69	Aqua-Mix	38,4%	60,6%	11,8%	60,4%	84,9%
	Pflanzen	0,1%	9,3%	11,4%	4,7%	42,0%
	Süßwasser	0,2%	9,7%	9,3%	6,8%	33,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,8%	20,4%	11,6%	19,2%	45,1%
L70	Aqua-Mix	63,0%	82,0%	8,5%	82,9%	95,6%
	Pflanzen	0,1%	4,6%	6,0%	2,3%	22,6%
	Süßwasser	0,1%	4,3%	4,5%	2,7%	16,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,8%	9,1%	6,2%	7,8%	24,4%
L72	Aqua-Mix	5,9%	24,5%	10,2%	24,3%	45,1%
	Pflanzen	0,1%	14,8%	19,5%	5,6%	69,4%
	Süßwasser	0,2%	8,7%	8,2%	6,0%	29,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,6%	52,0%	20,2%	54,9%	85,4%
L84	Aqua-Mix	45,7%	69,0%	11,0%	69,4%	89,4%
	Pflanzen	0,1%	7,9%	10,5%	3,6%	38,7%
	Süßwasser	0,2%	4,5%	4,6%	3,1%	16,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,6%	18,6%	9,9%	18,2%	39,2%
L89b	Aqua-Mix	44,9%	66,6%	11,4%	66,4%	89,1%
	Pflanzen	0,1%	7,5%	9,2%	3,9%	33,7%
	Süßwasser	0,2%	9,4%	9,2%	6,3%	33,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	1,7%	16,6%	10,2%	15,2%	39,5%
L90	Aqua-Mix	68,2%	86,2%	7,5%	87,4%	97,0%
	Pflanzen	0,0%	3,7%	5,2%	1,9%	17,7%
	Süßwasser	0,1%	3,2%	3,6%	1,9%	13,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,7%	6,9%	5,0%	5,8%	19,6%
L91	Aqua-Mix	8,8%	30,5%	11,7%	29,9%	53,8%
	Pflanzen	0,1%	12,5%	15,8%	5,5%	56,6%
	Süßwasser	0,3%	16,0%	13,7%	12,4%	45,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,8%	41,1%	20,1%	40,8%	81,7%
L93	Aqua-Mix	12,7%	34,7%	11,5%	34,6%	58,3%
	Pflanzen	0,1%	14,1%	17,7%	6,0%	62,7%
	Süßwasser	0,3%	9,7%	9,0%	6,9%	32,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	3,1%	41,5%	18,2%	42,5%	75,4%
L99	Aqua-Mix	3,2%	19,1%	10,7%	17,6%	42,4%
	Pflanzen	0,1%	16,6%	24,6%	4,7%	83,1%
	Süßwasser	0,2%	4,5%	4,7%	3,0%	17,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	2,3%	59,7%	23,1%	65,0%	91,4%
L100	Aqua-Mix	30,0%	44,9%	8,3%	44,4%	62,1%
	Pflanzen	0,2%	10,1%	12,8%	5,4%	51,5%
	Süßwasser	0,7%	6,8%	4,1%	6,2%	16,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	4,3%	38,2%	12,8%	40,5%	58,0%

7.5 SISUS: Abbildungen

7.5.1 Datierung: vor 6300 v. Chr.

LV41

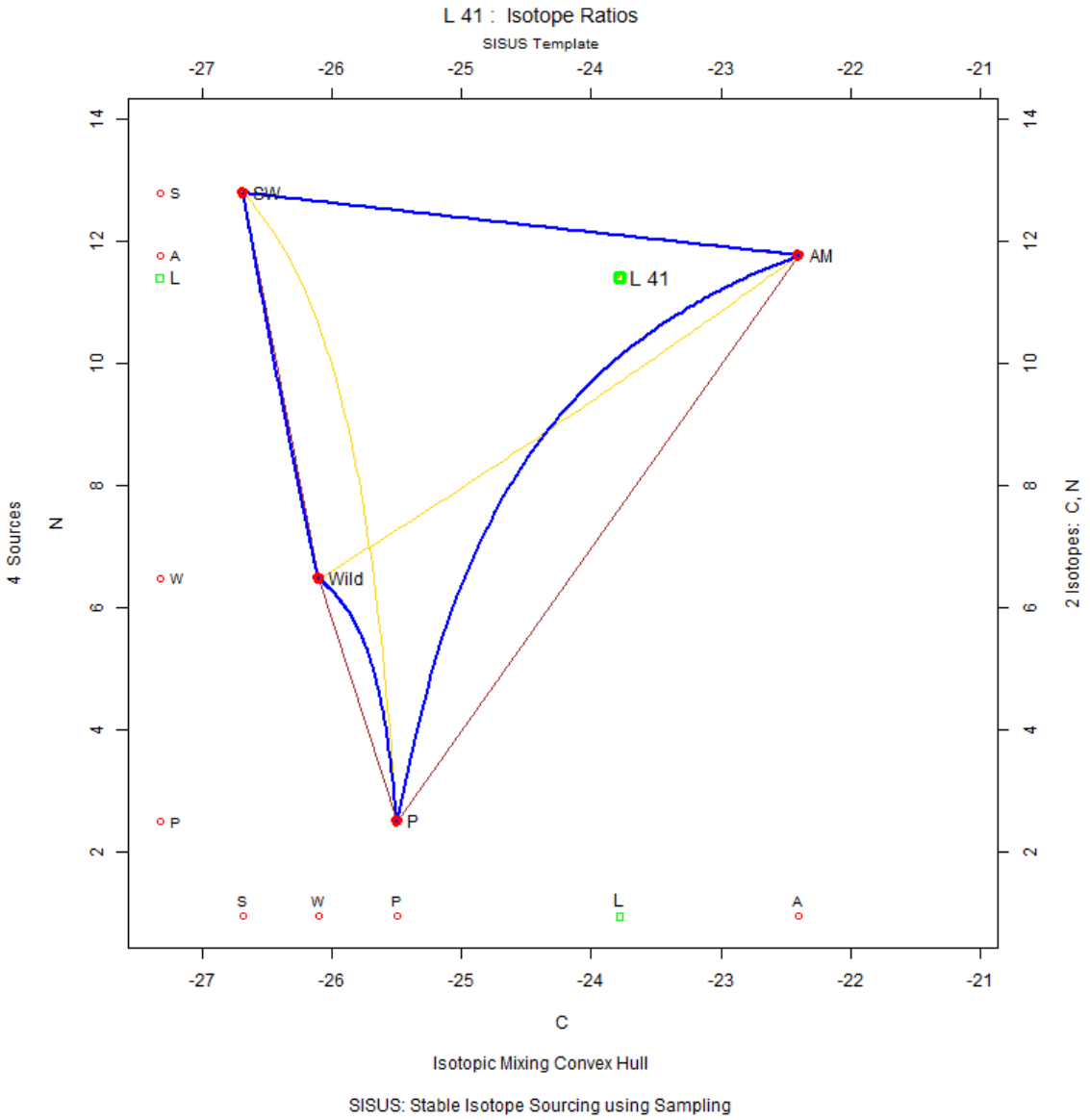


Abbildung 442: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 41. Erstellt mit SISUS.

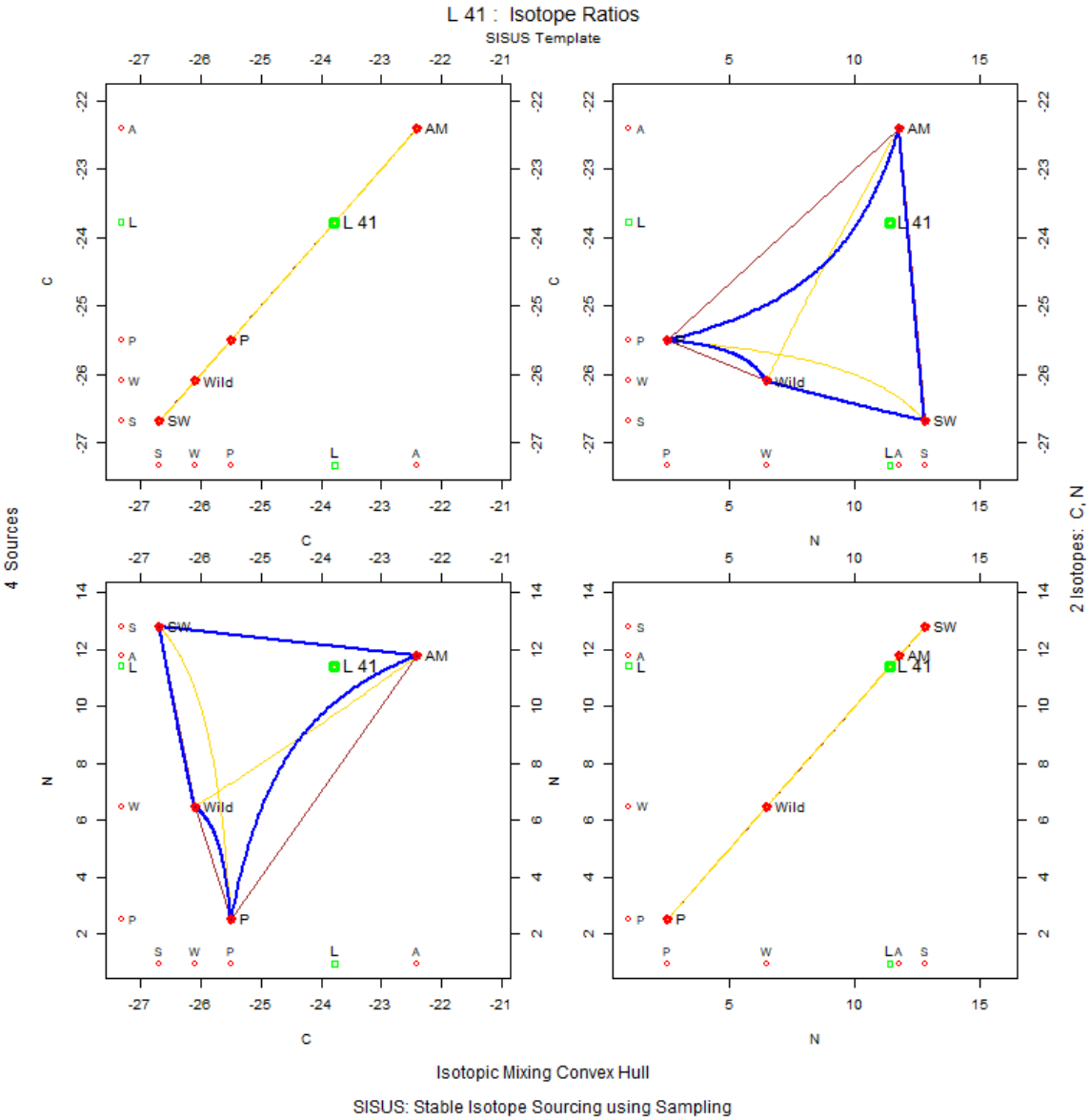


Abbildung 443: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 41 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

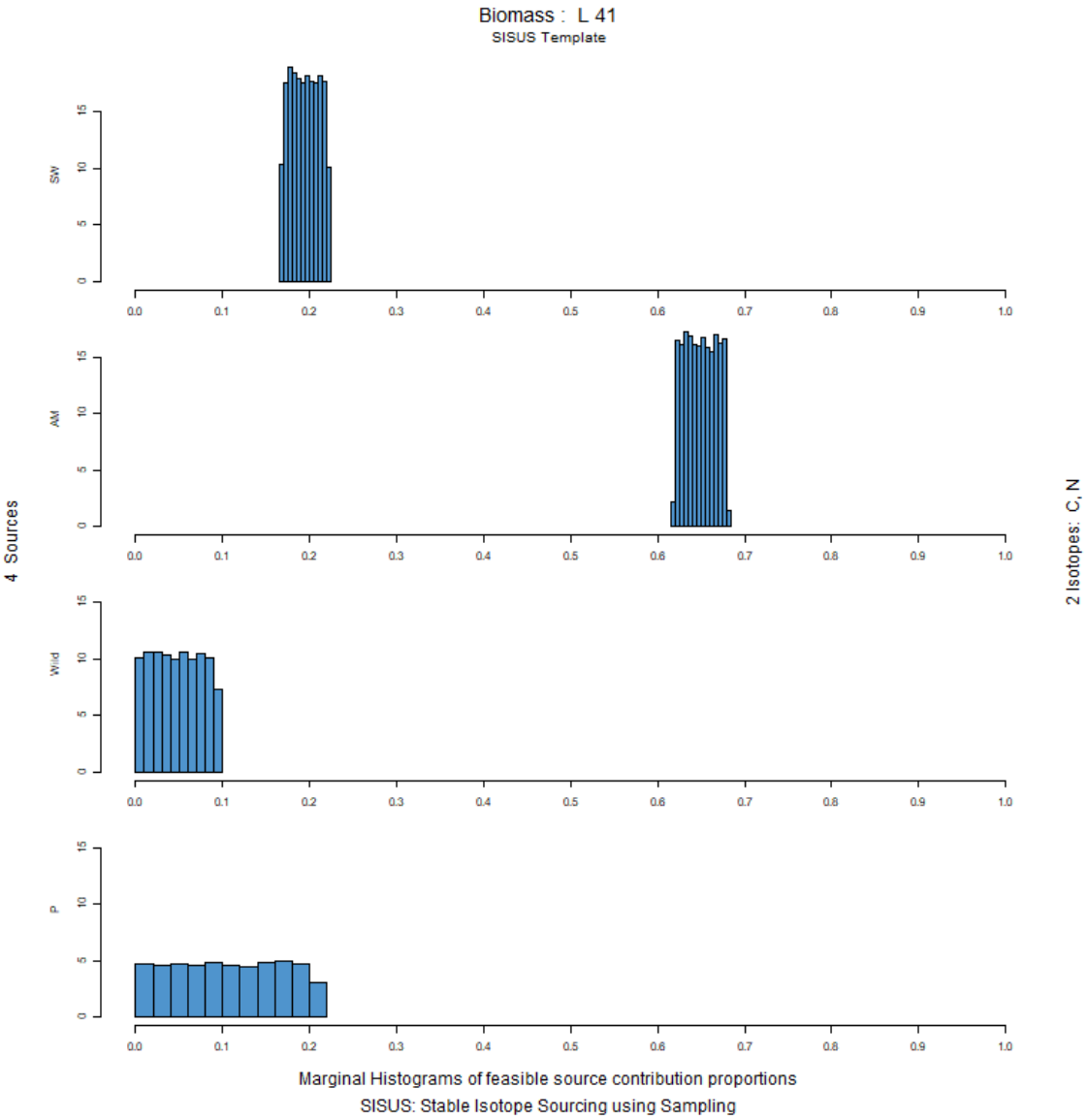


Abbildung 444: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 41. Erstellt mit SISUS.

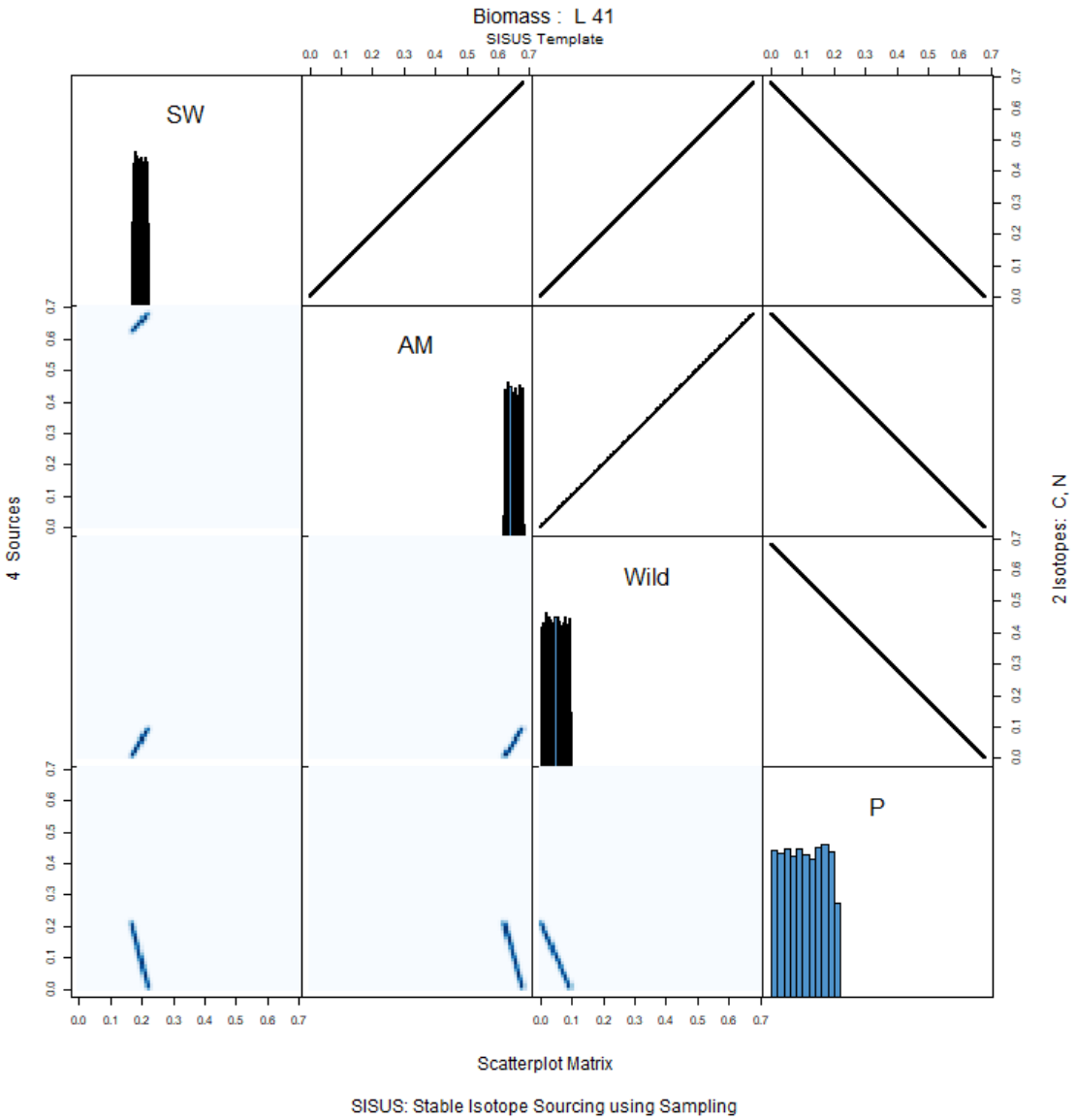


Abbildung 445: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 41. Erstellt mit SISUS.

LV47

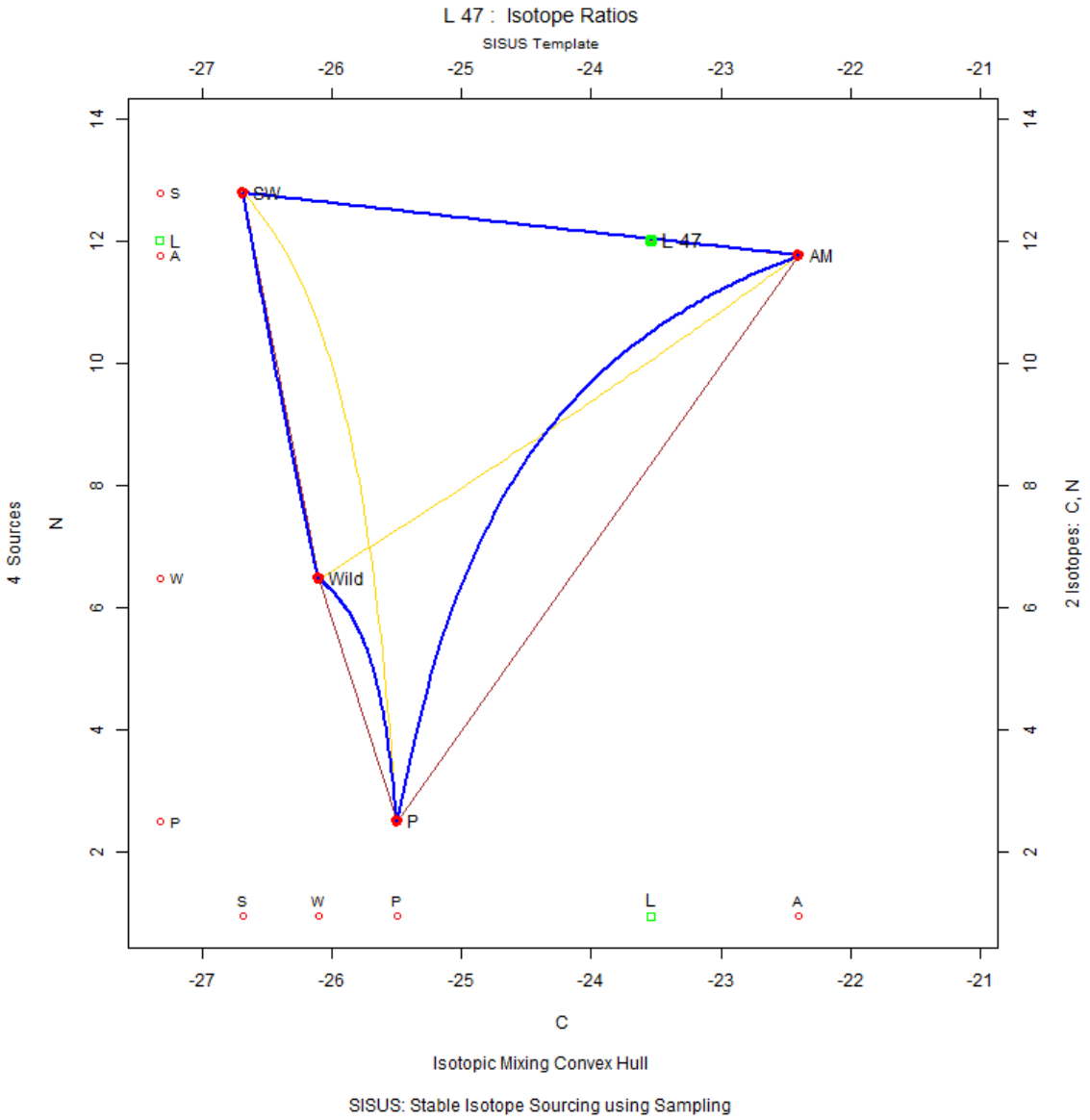


Abbildung 446: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 47. Erstellt mit SISUS.

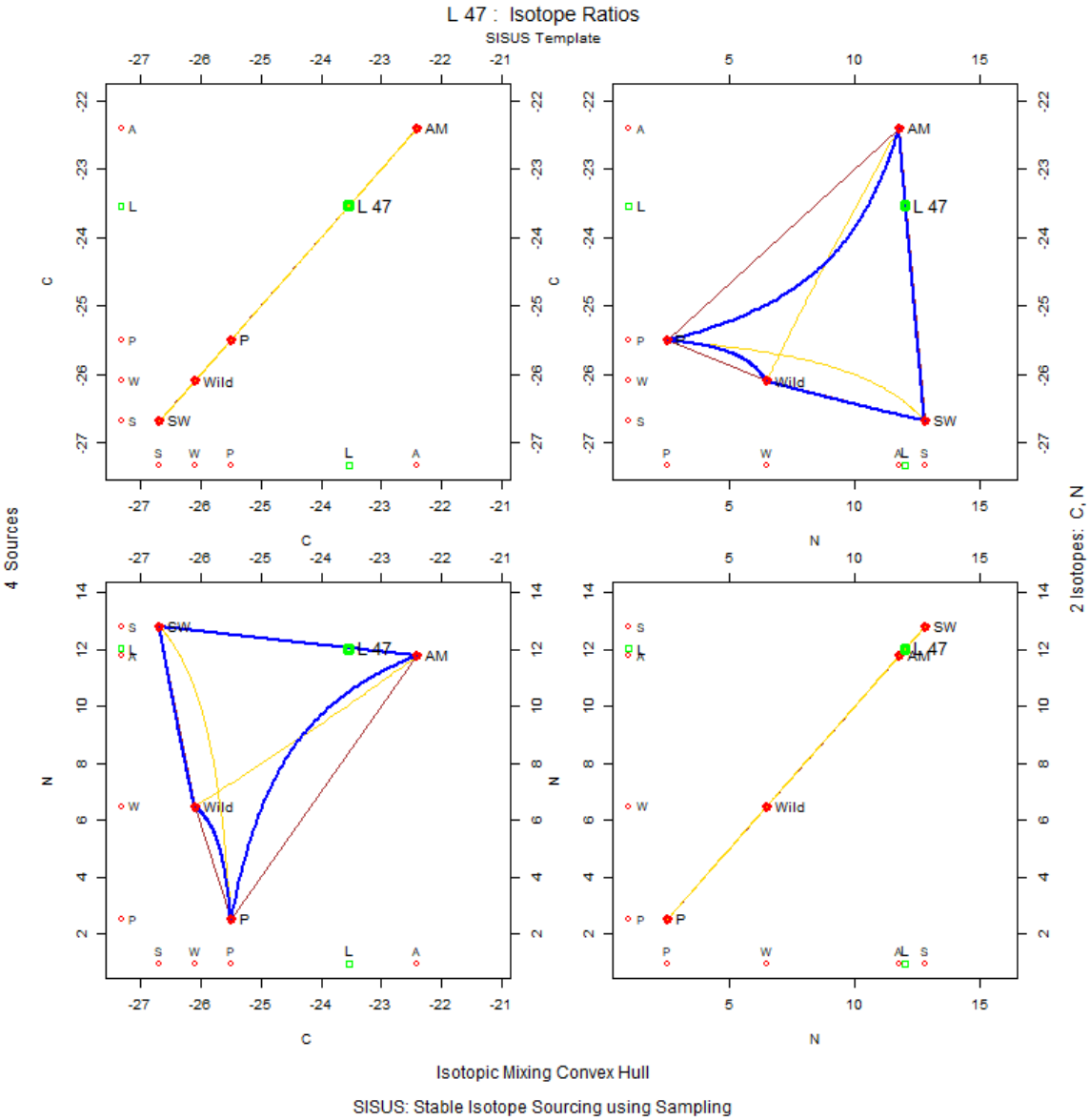


Abbildung 447: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 47 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

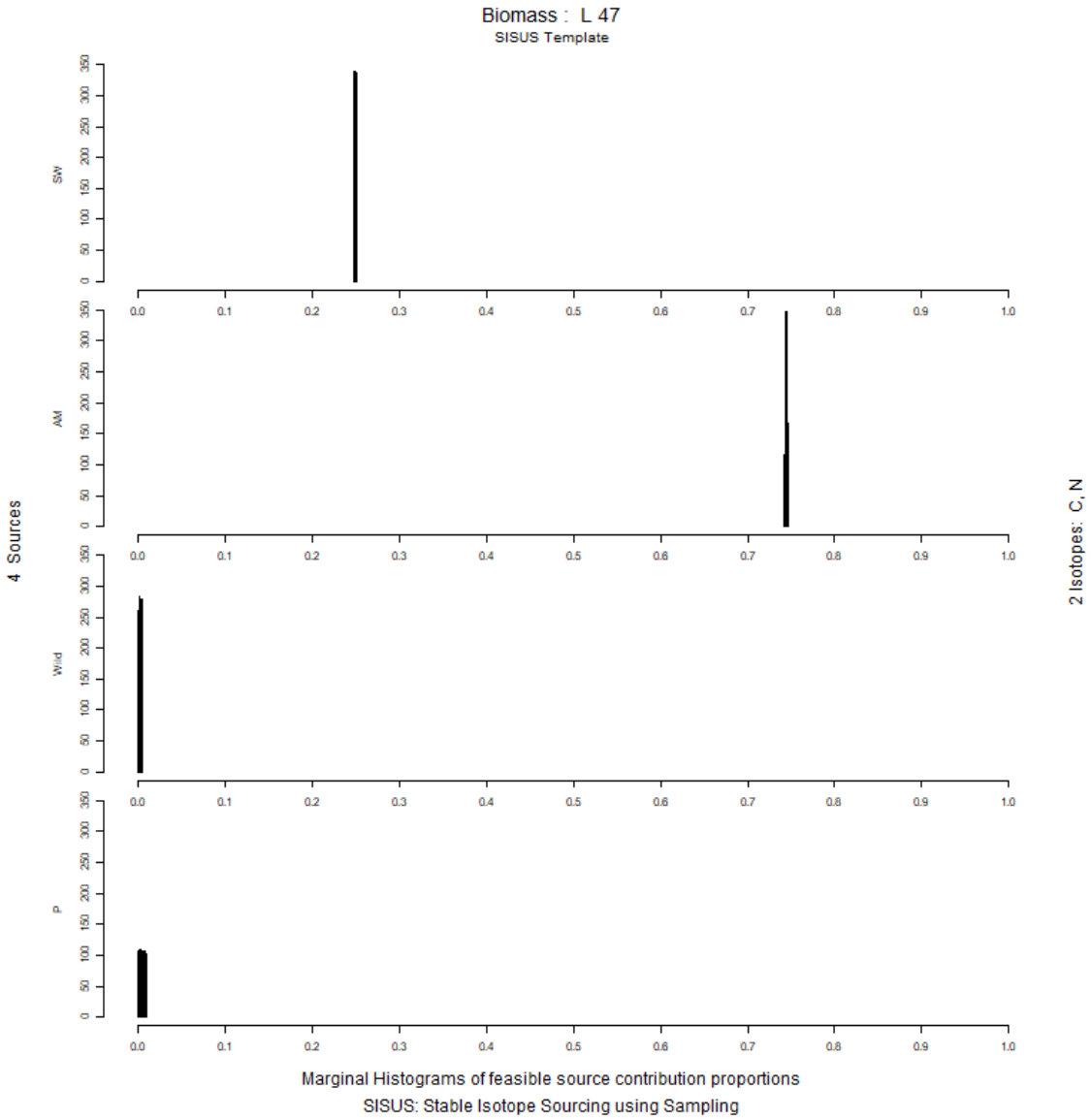


Abbildung 448: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 47. Erstellt mit SISUS.

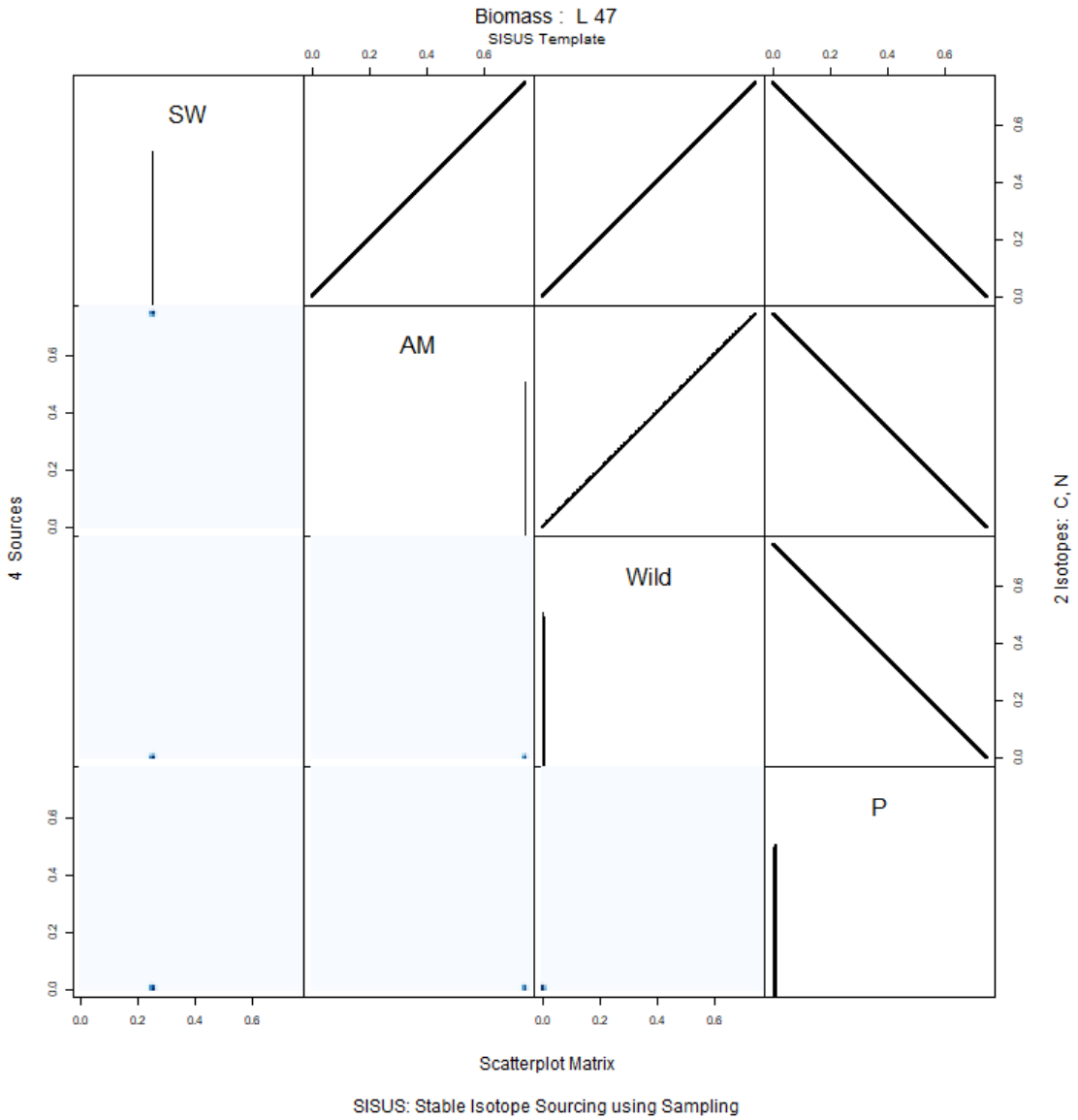


Abbildung 449: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 47. Erstellt mit SISUS.

LV68

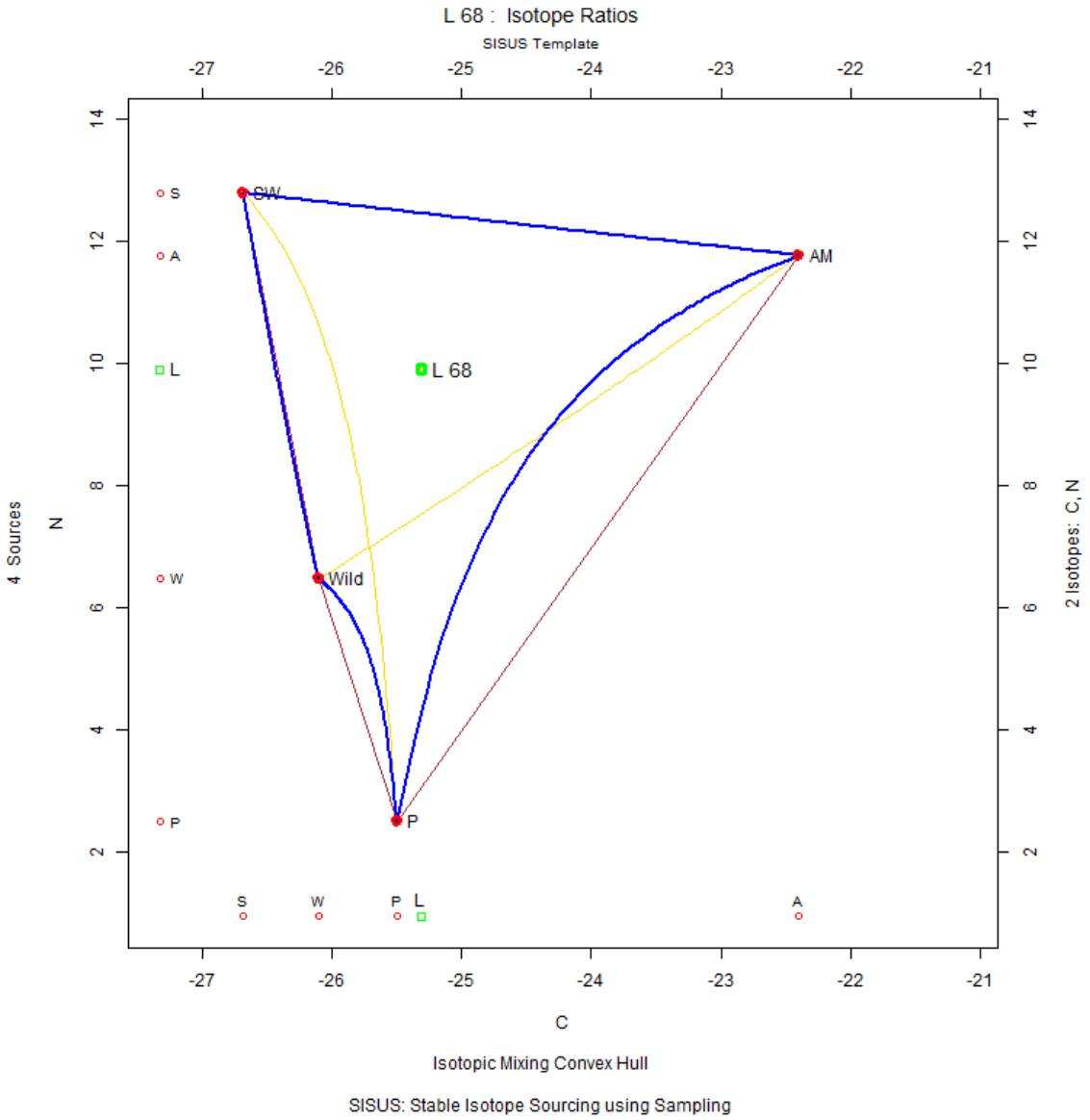


Abbildung 450: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 68. Erstellt mit SISUS.

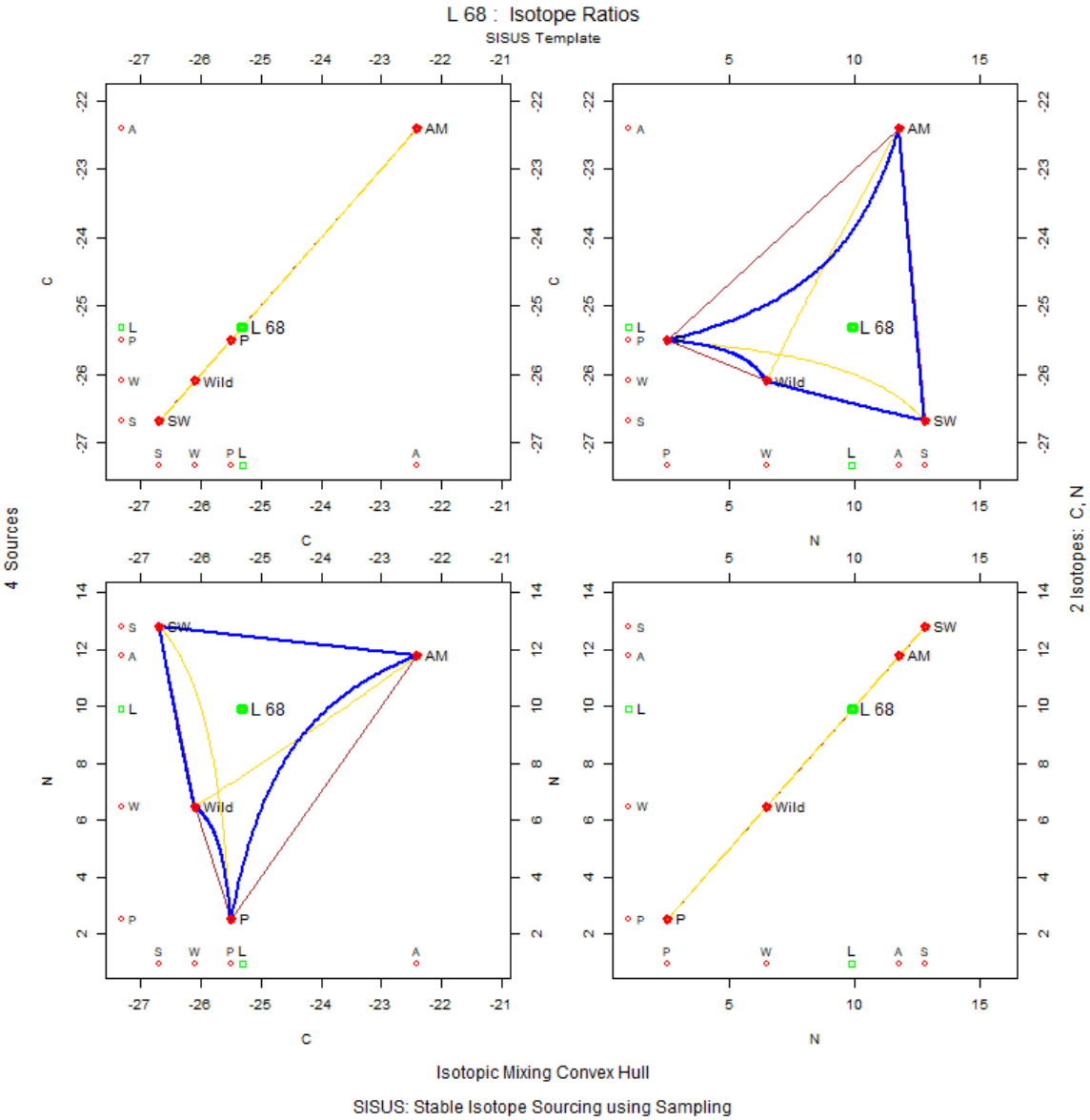


Abbildung 451: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 68 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

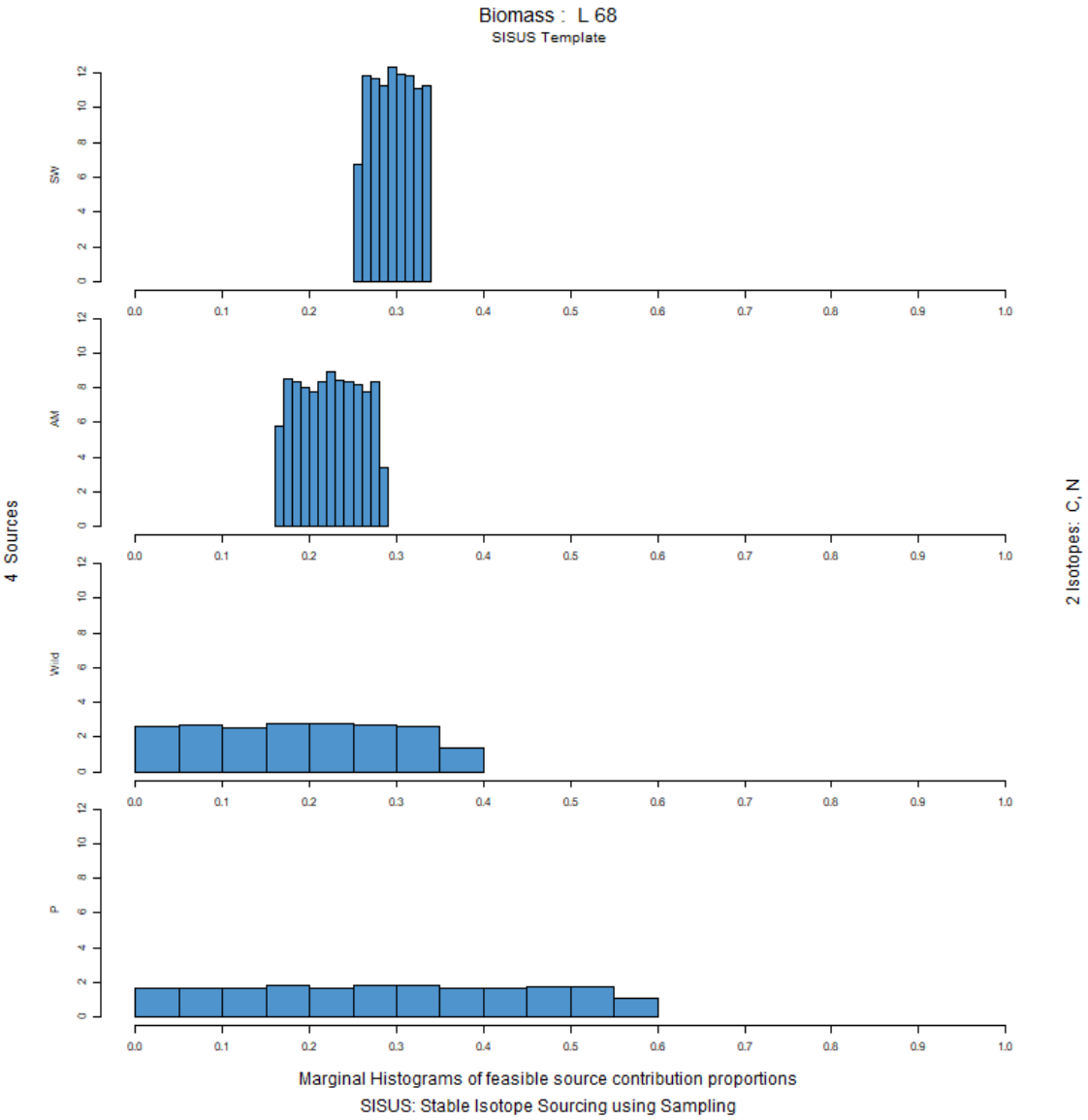


Abbildung 452: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 68. Erstellt mit SISUS.

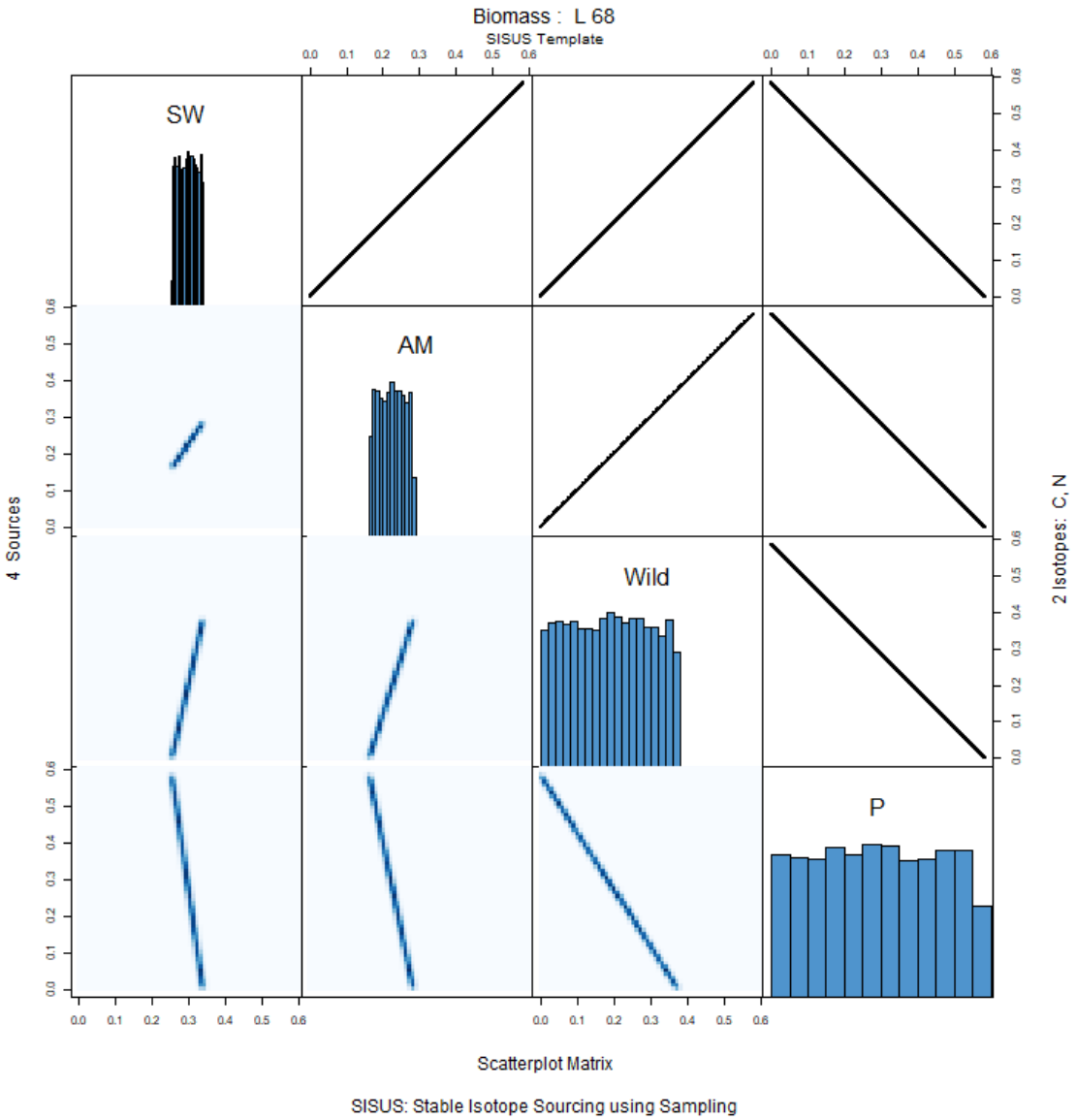


Abbildung 453: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 68. Erstellt mit SISUS.

LV69

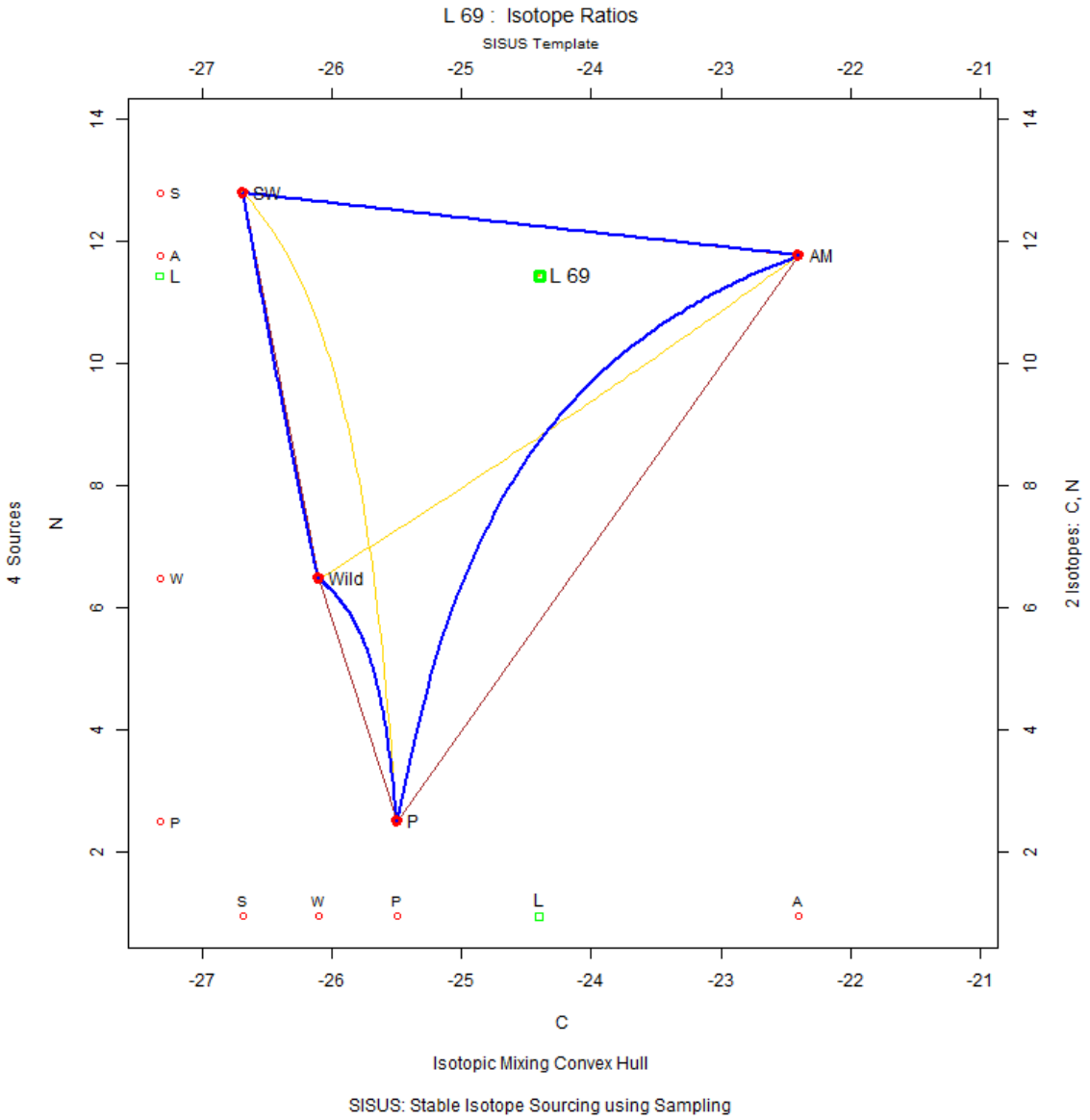


Abbildung 454: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 69. Erstellt mit SISUS.

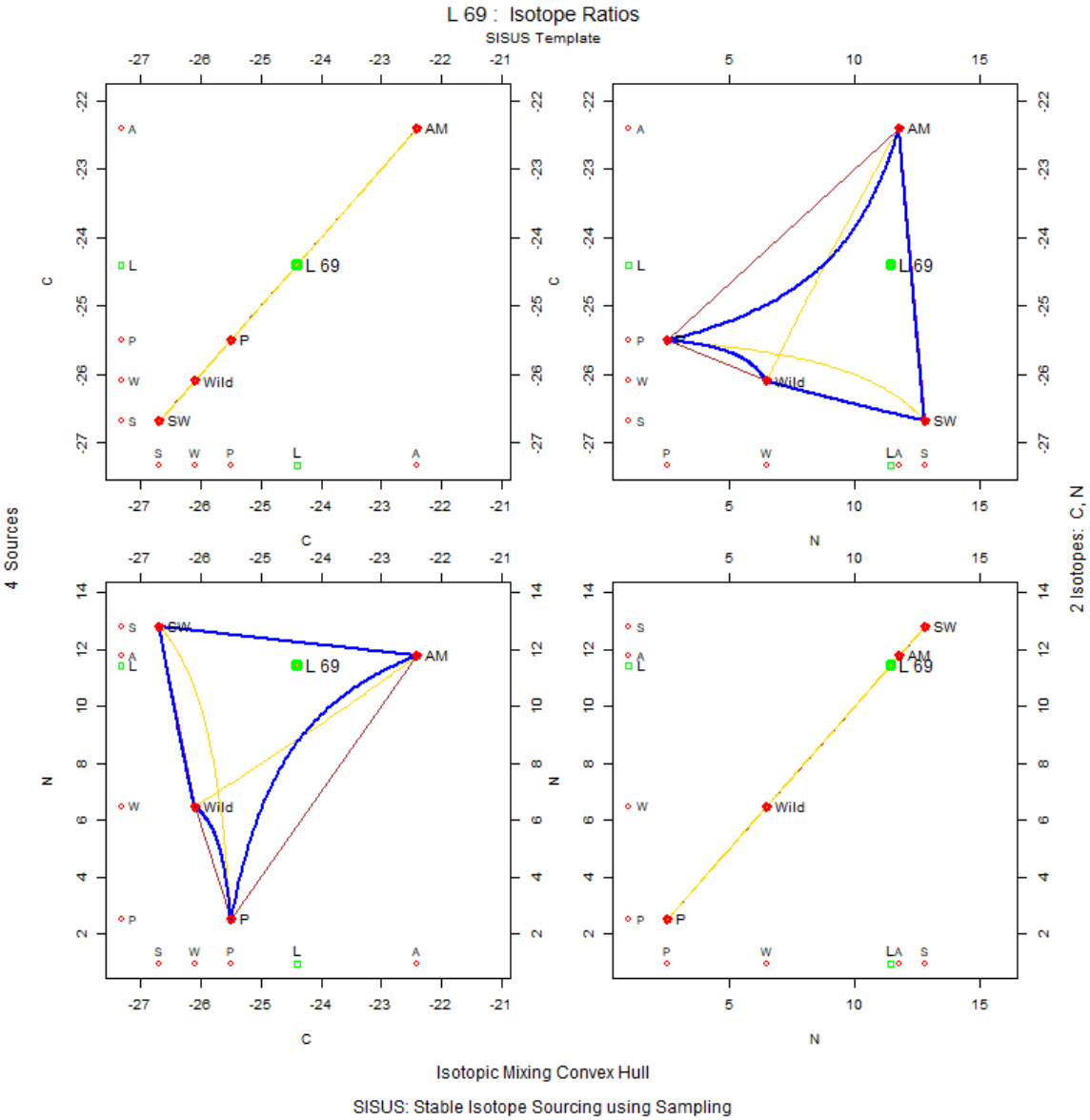


Abbildung 455: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 69 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

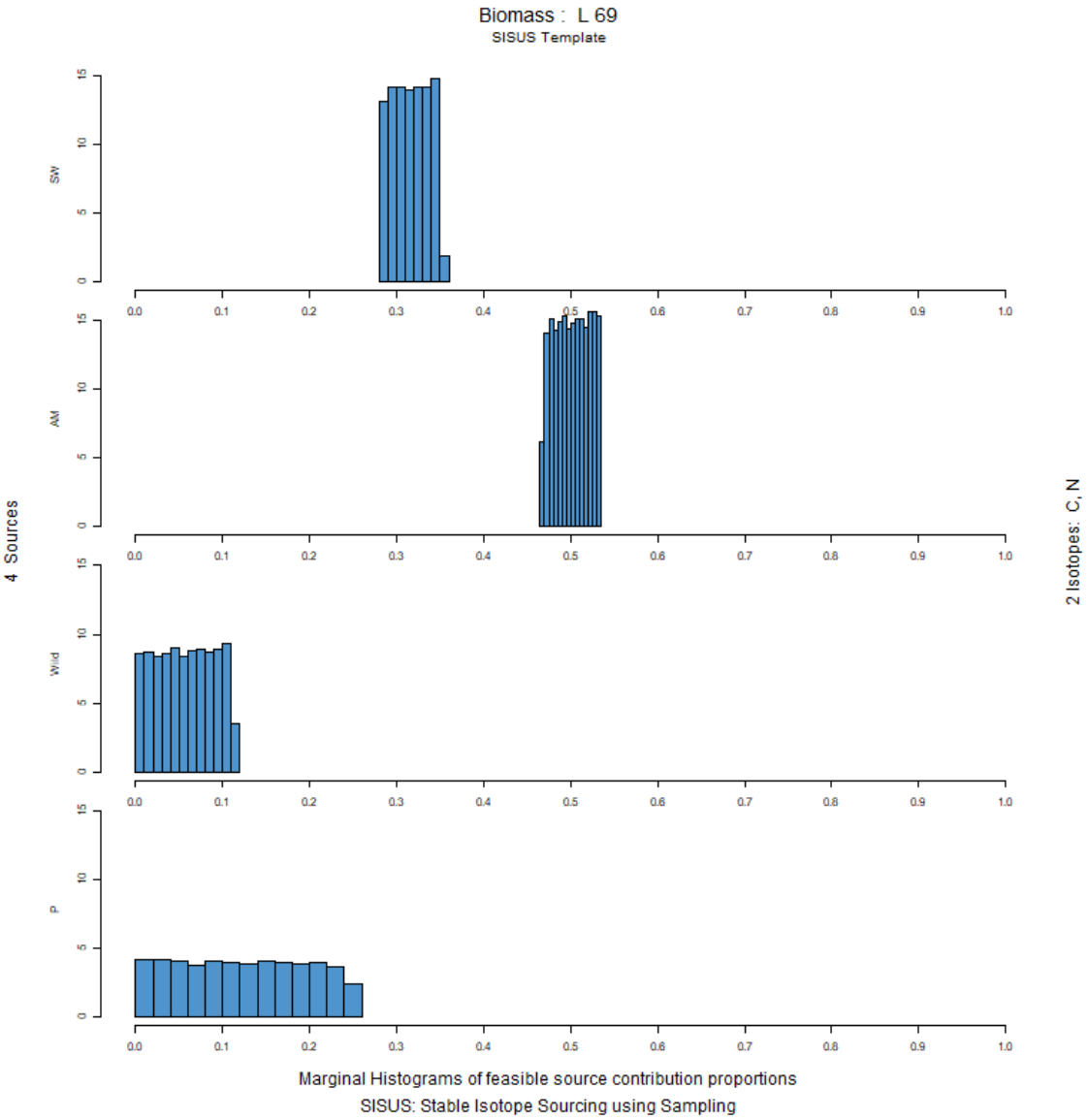


Abbildung 456: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 69. Erstellt mit SISUS.

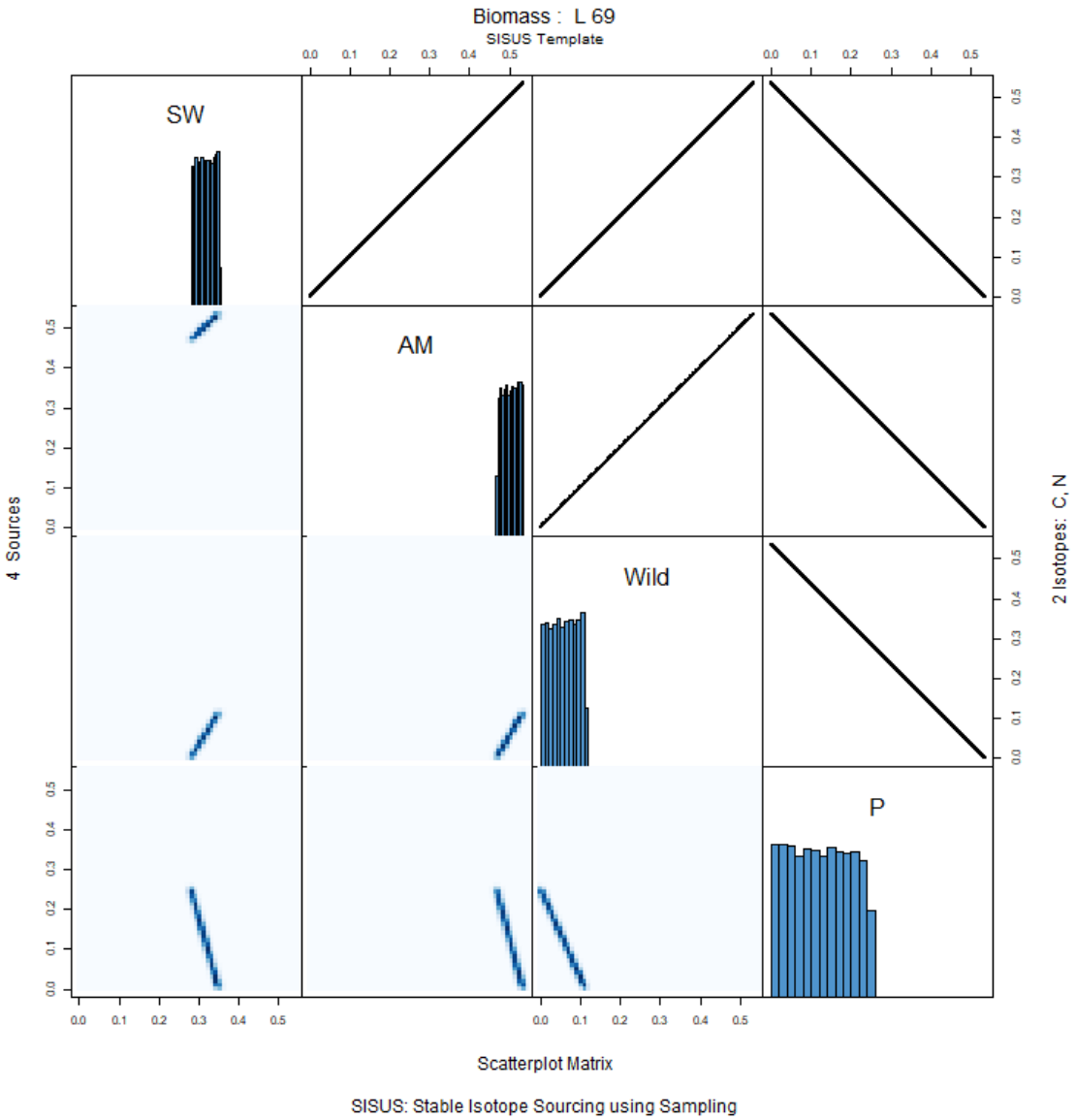


Abbildung 457: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 69. Erstellt mit SISUS.

LV90

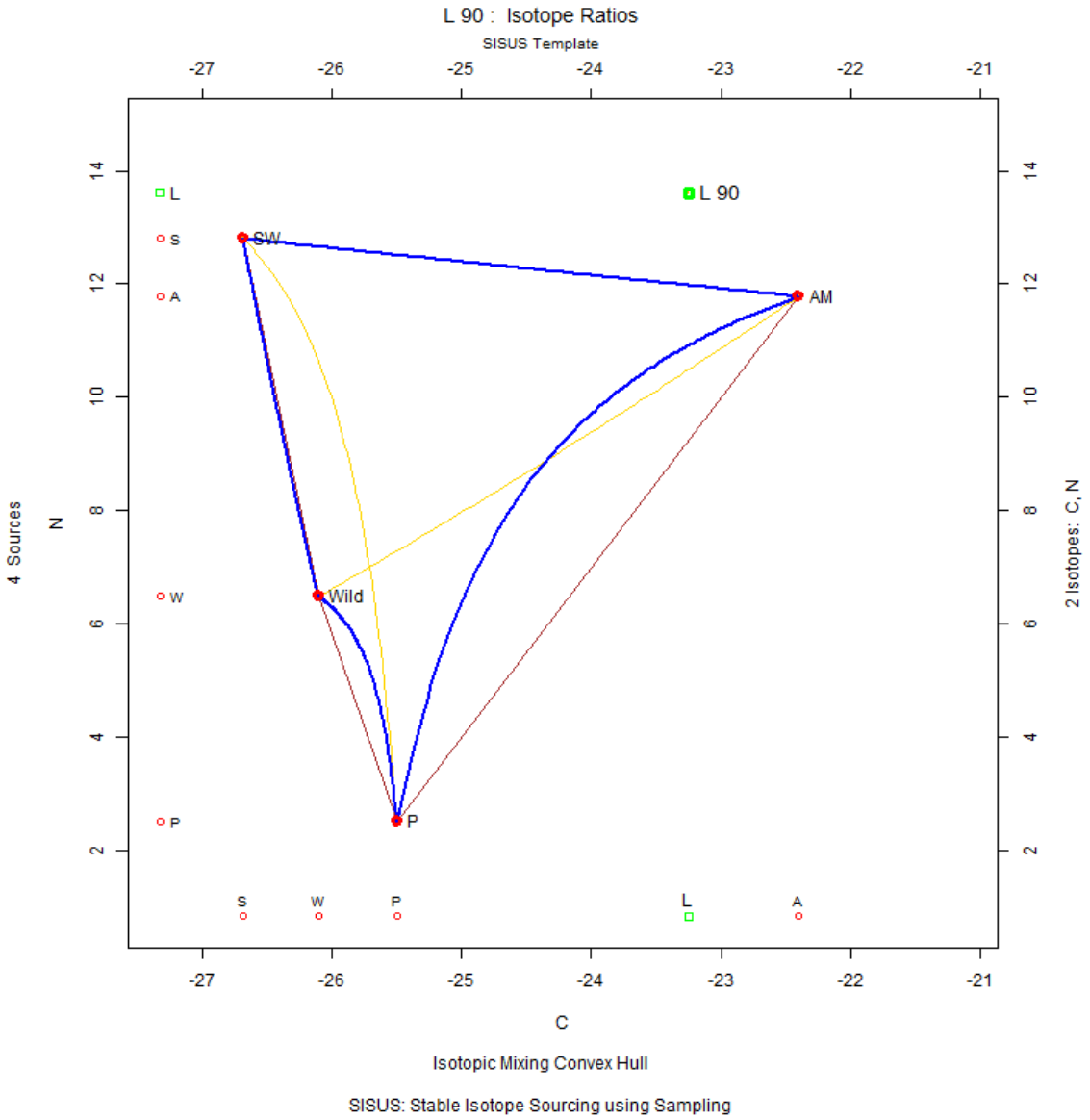


Abbildung 458: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 90. Erstellt mit SISUS.

7.5.2 Datierung: nach 6300 v. Chr.

LV7/Ia

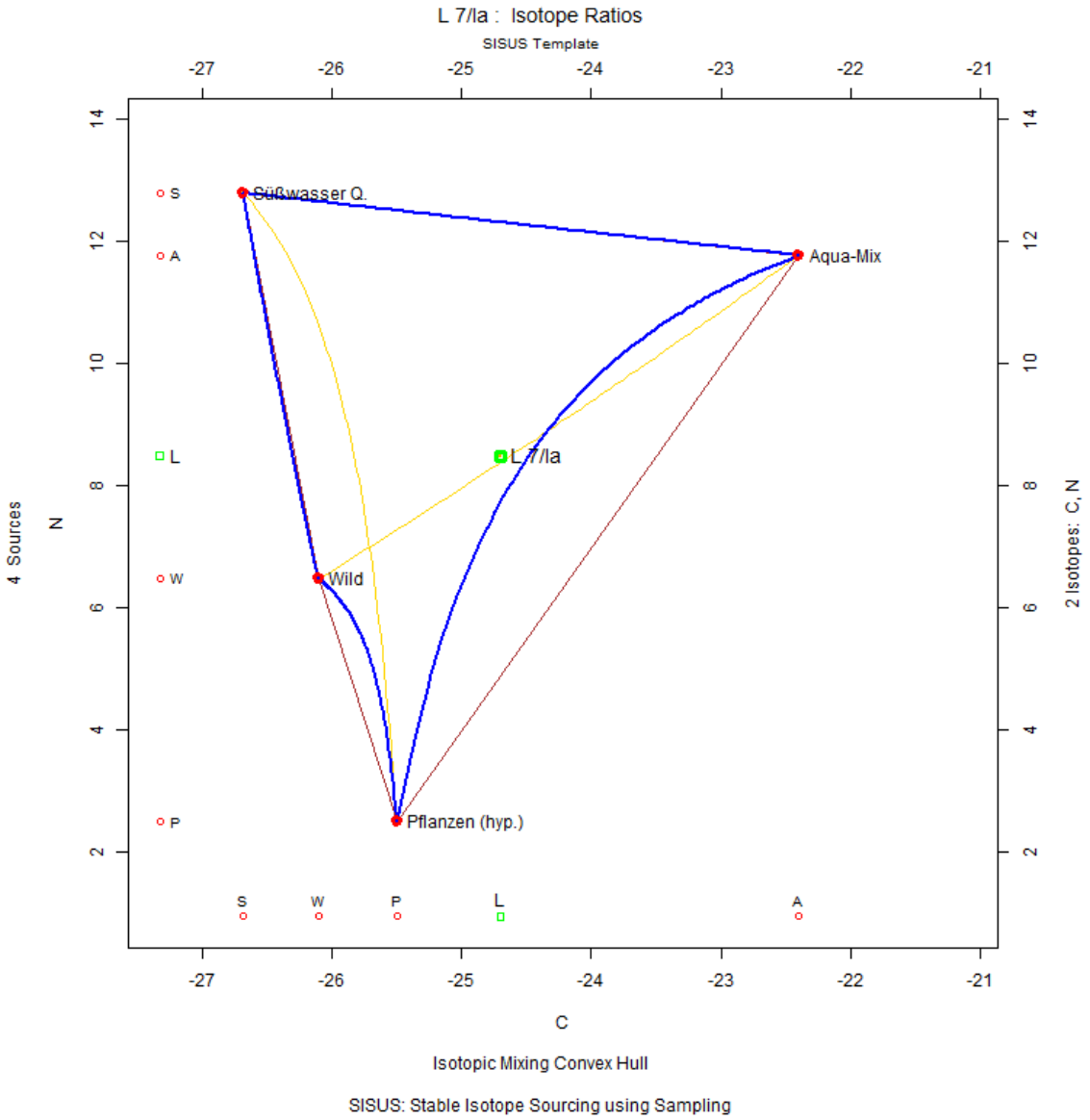


Abbildung 459: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 7/Ia. Erstellt mit SISUS.

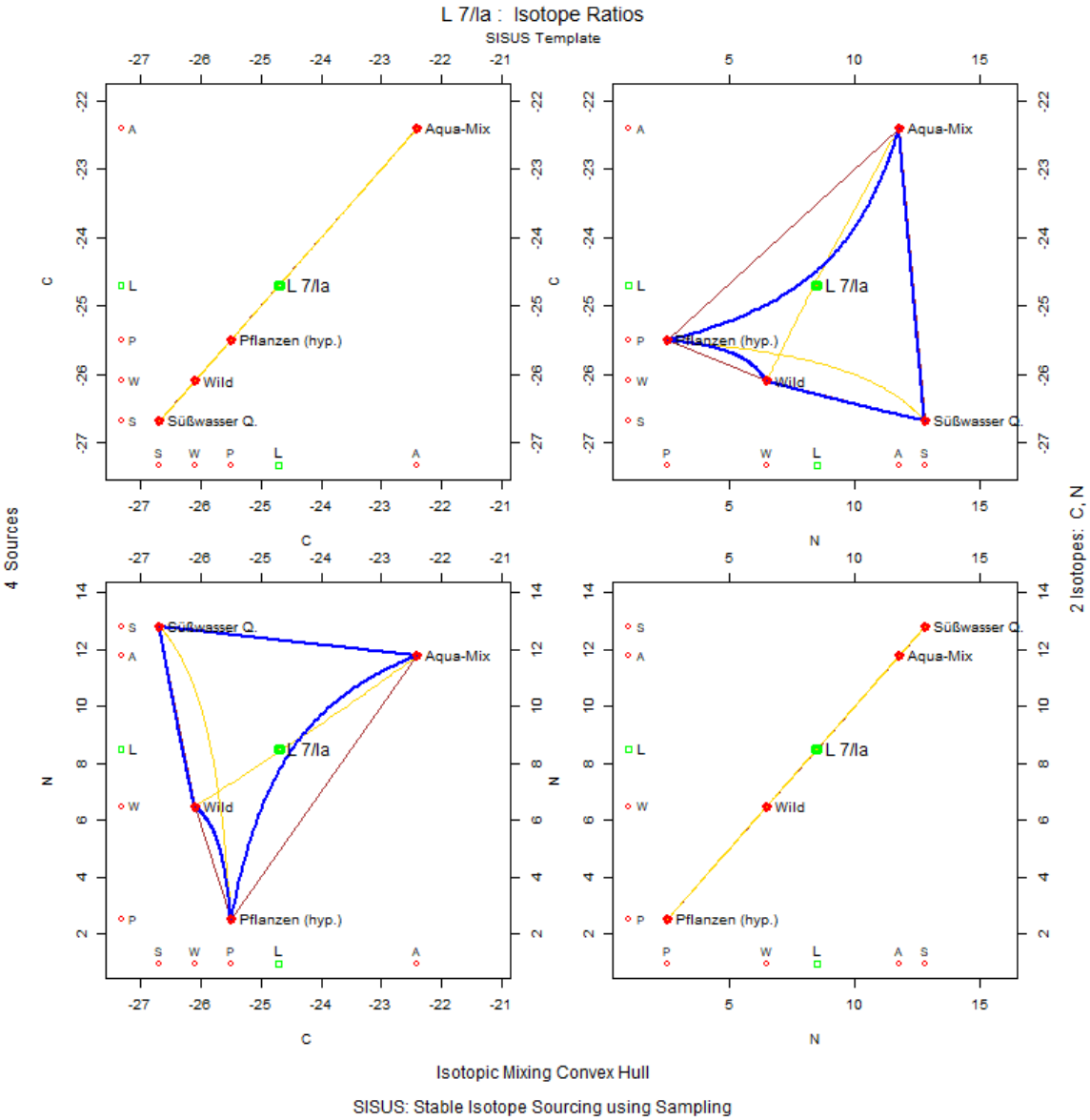


Abbildung 460: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 7/la in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

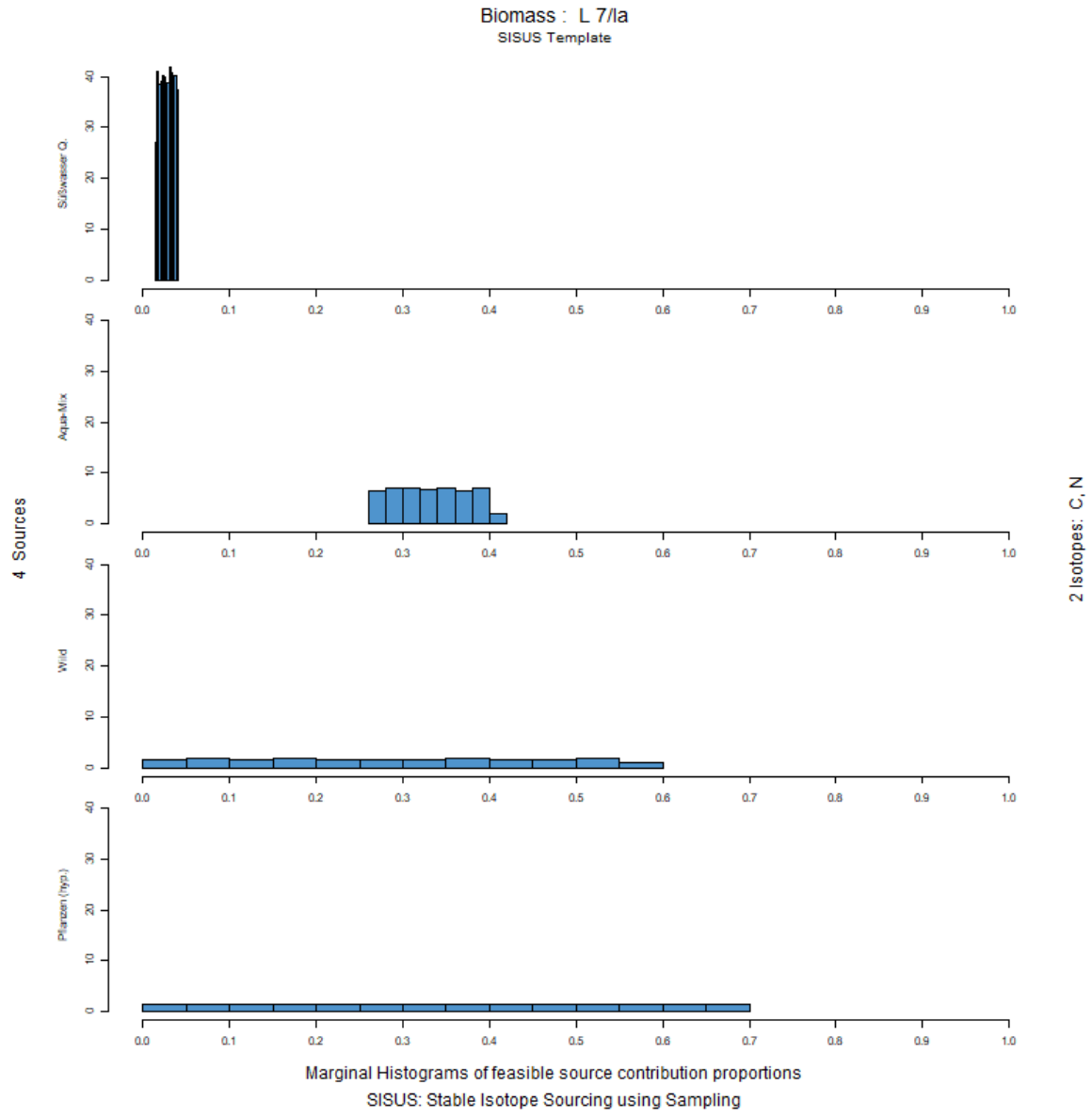


Abbildung 461: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 7/la. Erstellt mit SISUS.

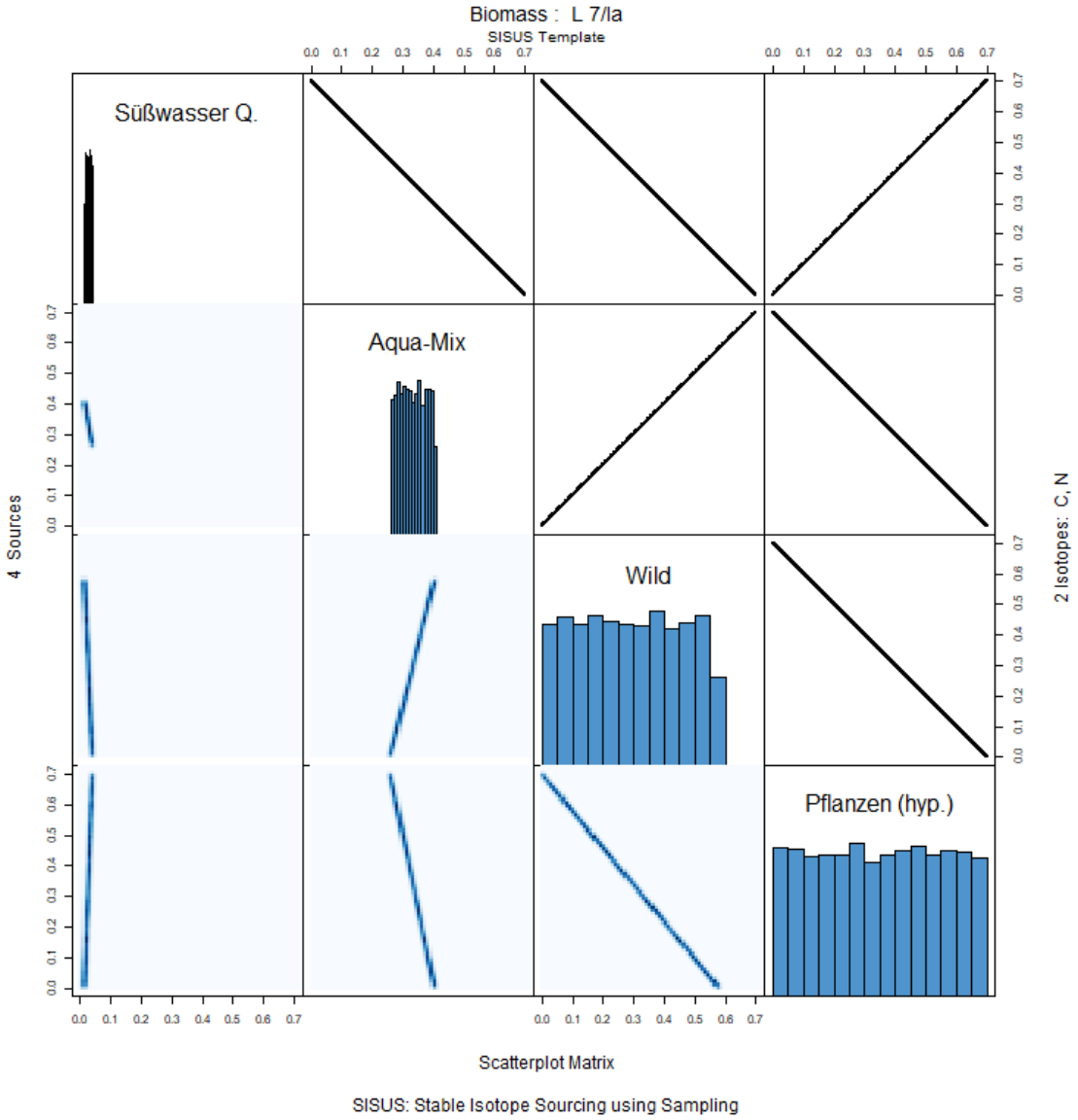


Abbildung 462: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 7/la. Erstellt mit SISUS.

LV11

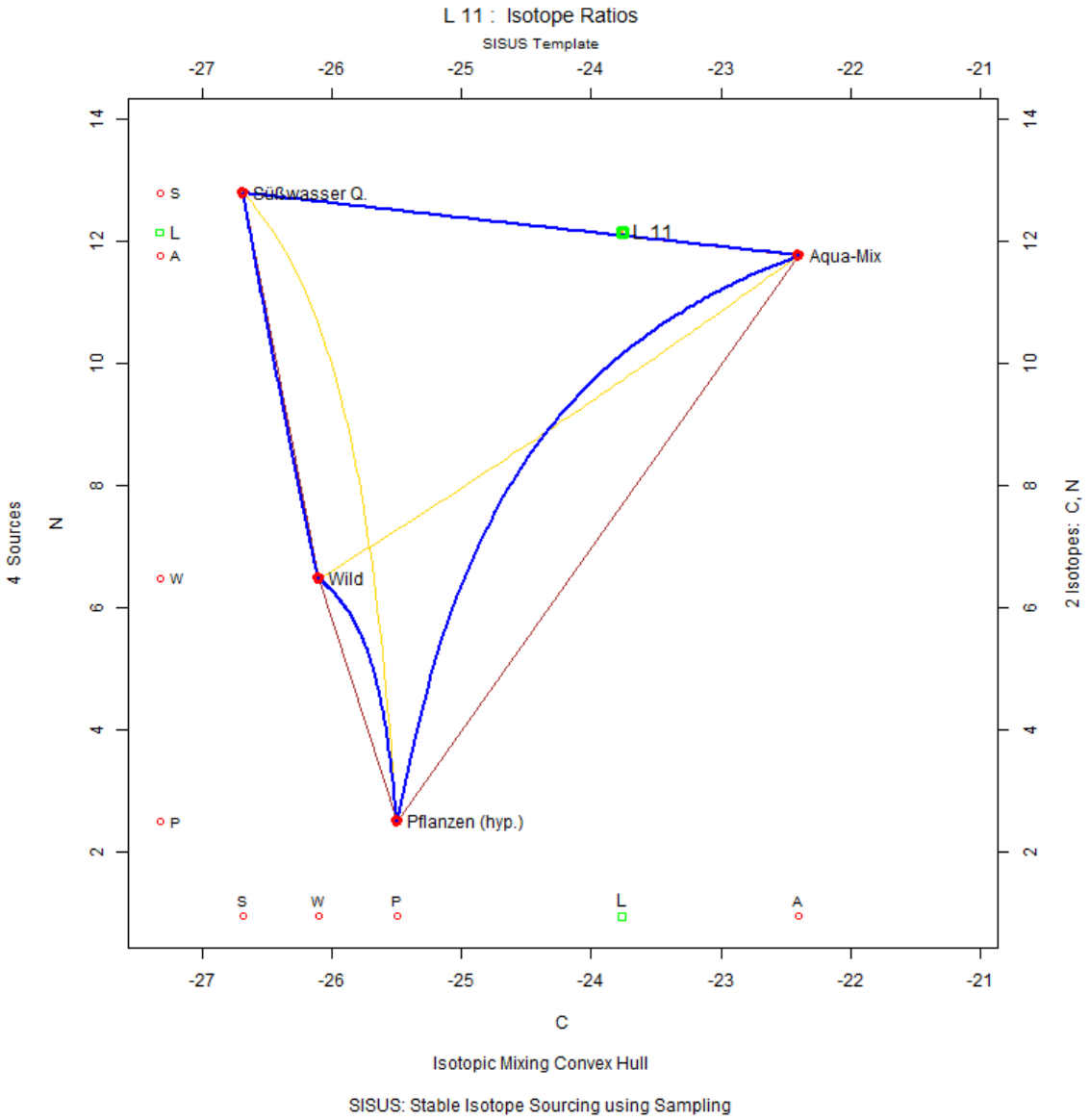


Abbildung 463: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 11. Erstellt mit SISUS.

LV14

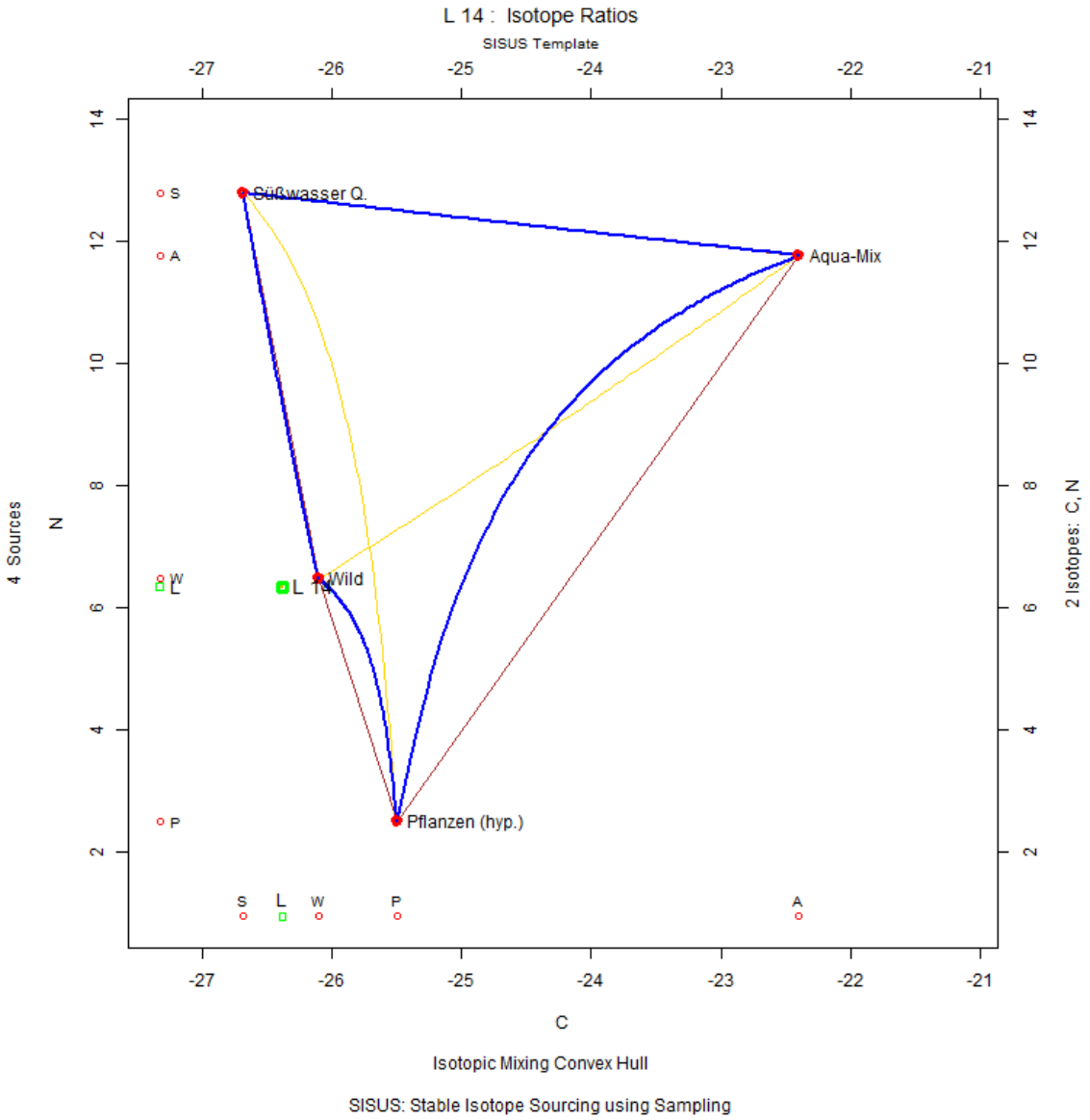


Abbildung 464: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 14. Erstellt mit SISUS.

LV17

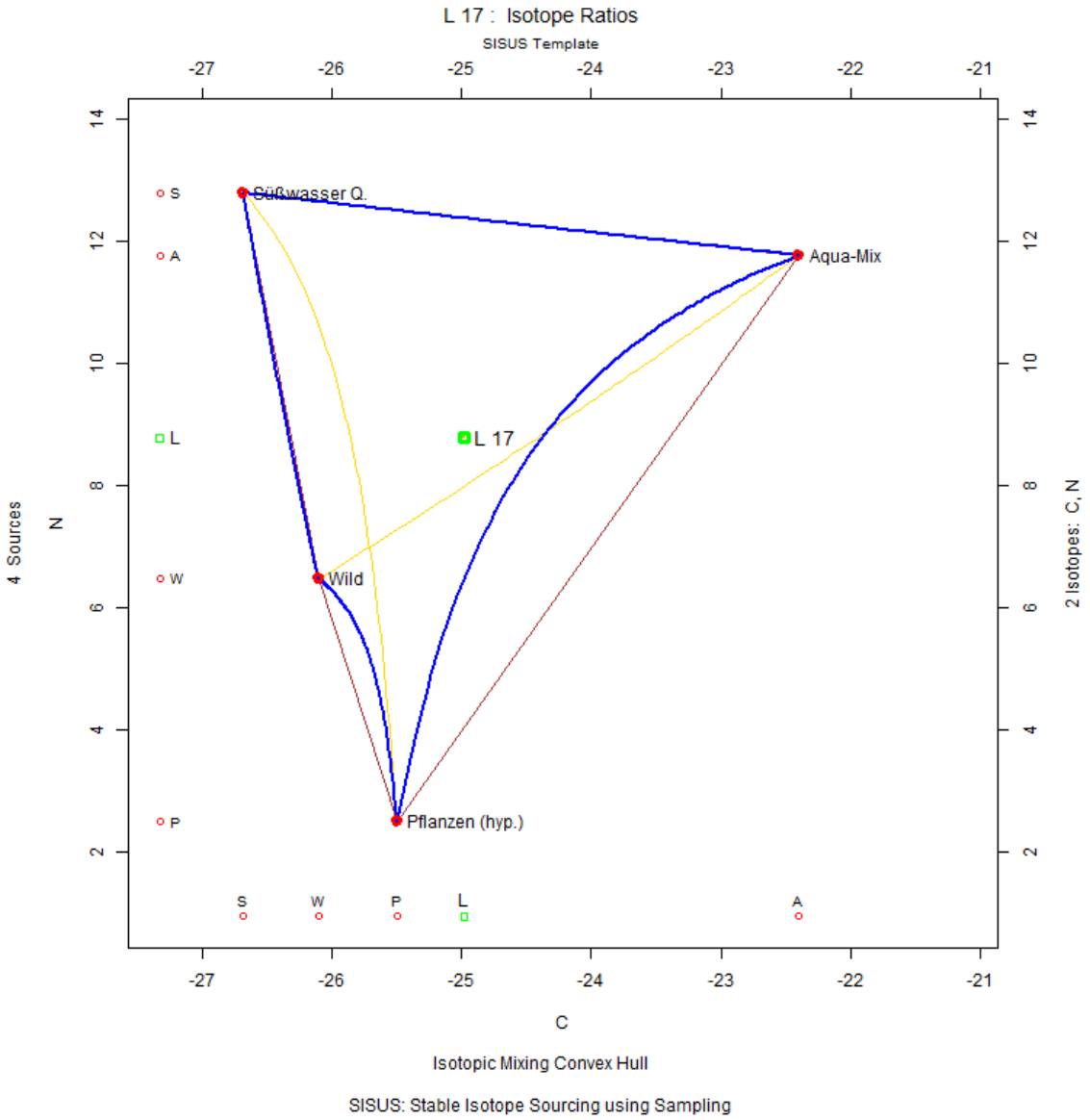


Abbildung 465: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 17. Erstellt mit SISUS.

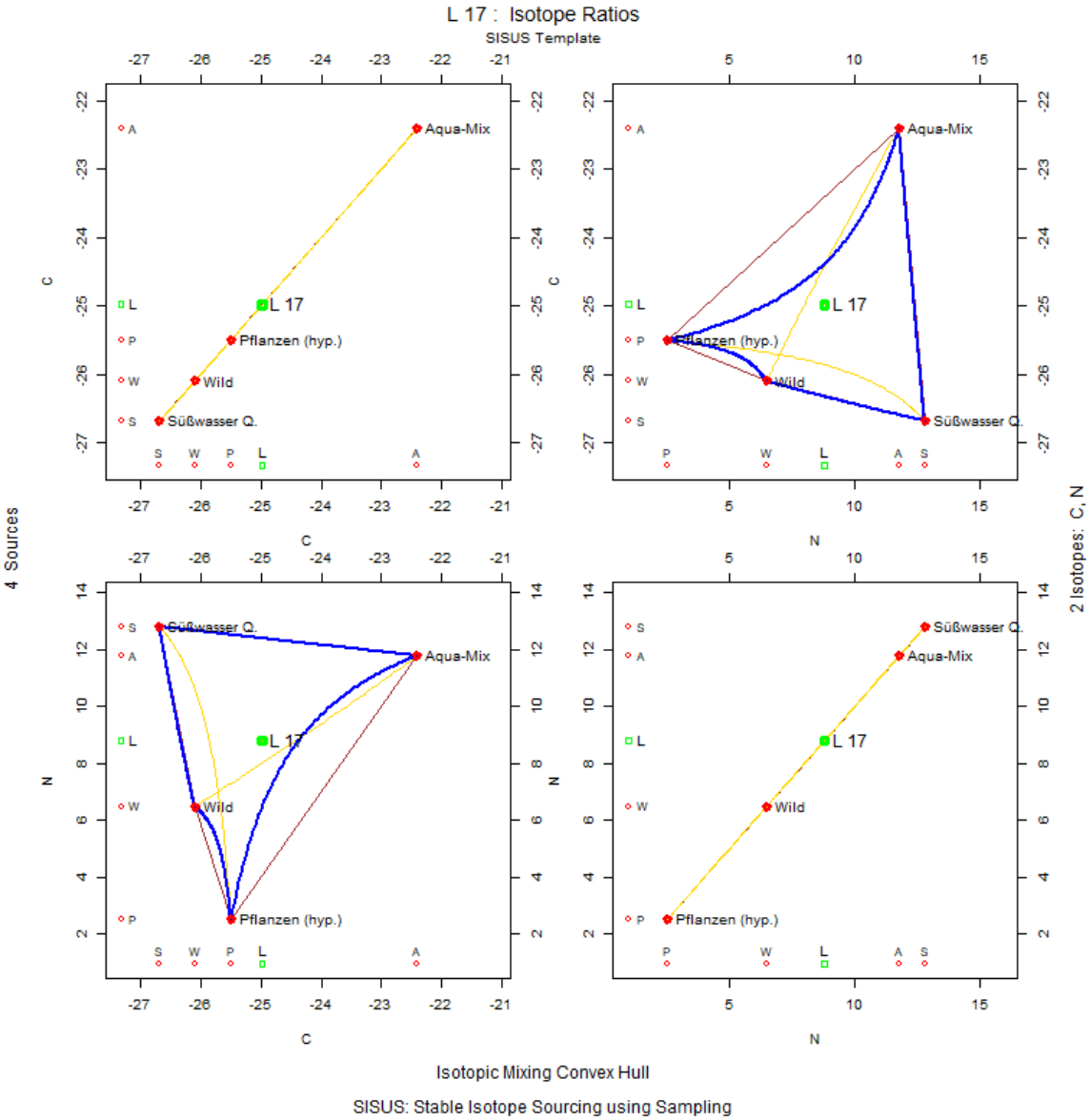


Abbildung 466: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 17 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

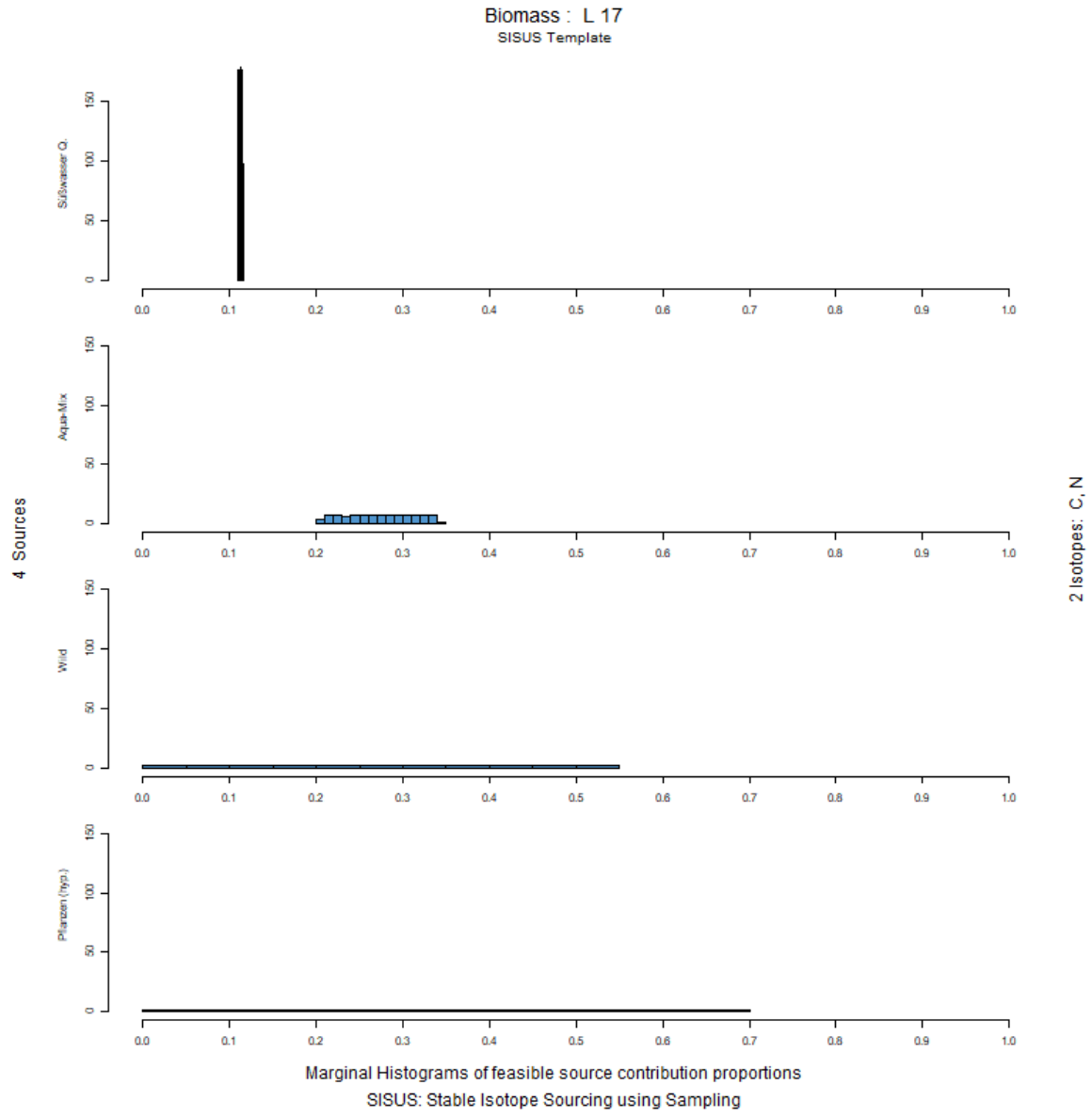


Abbildung 467: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 17. Erstellt mit SISUS.

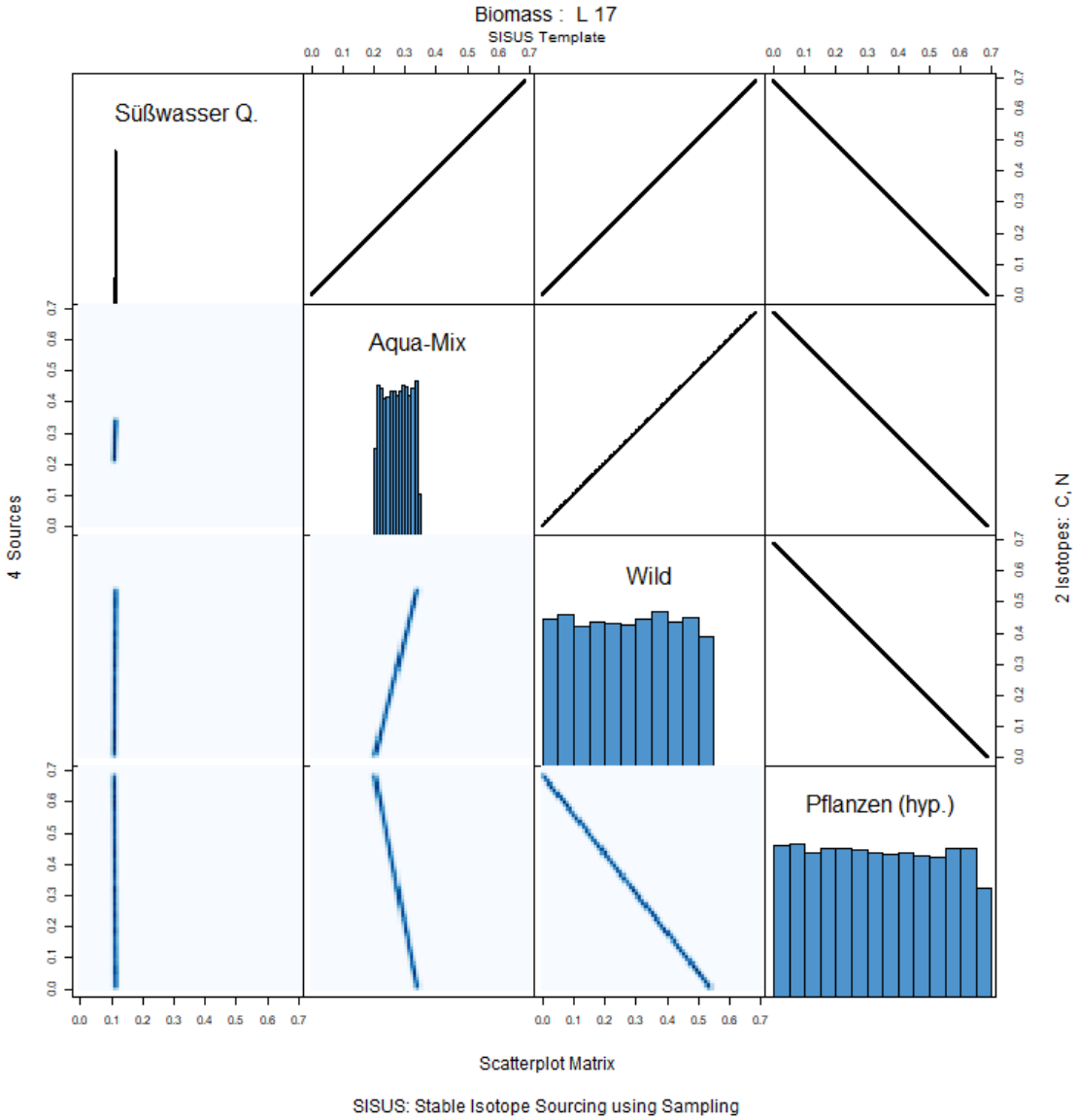


Abbildung 468: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 17. Erstellt mit SISUS.

LV19

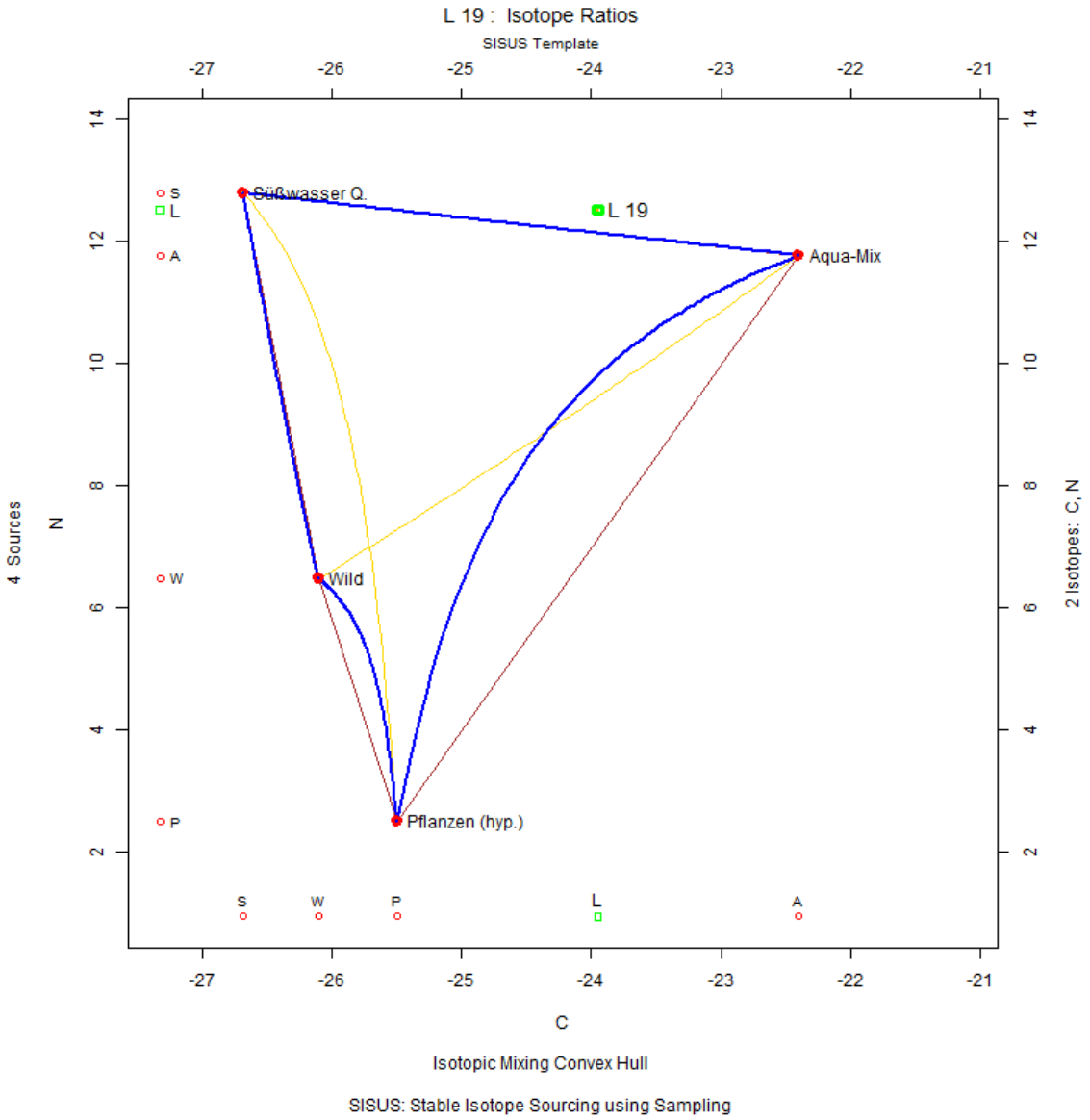


Abbildung 469: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 19. Erstellt mit SISUS.

LV26

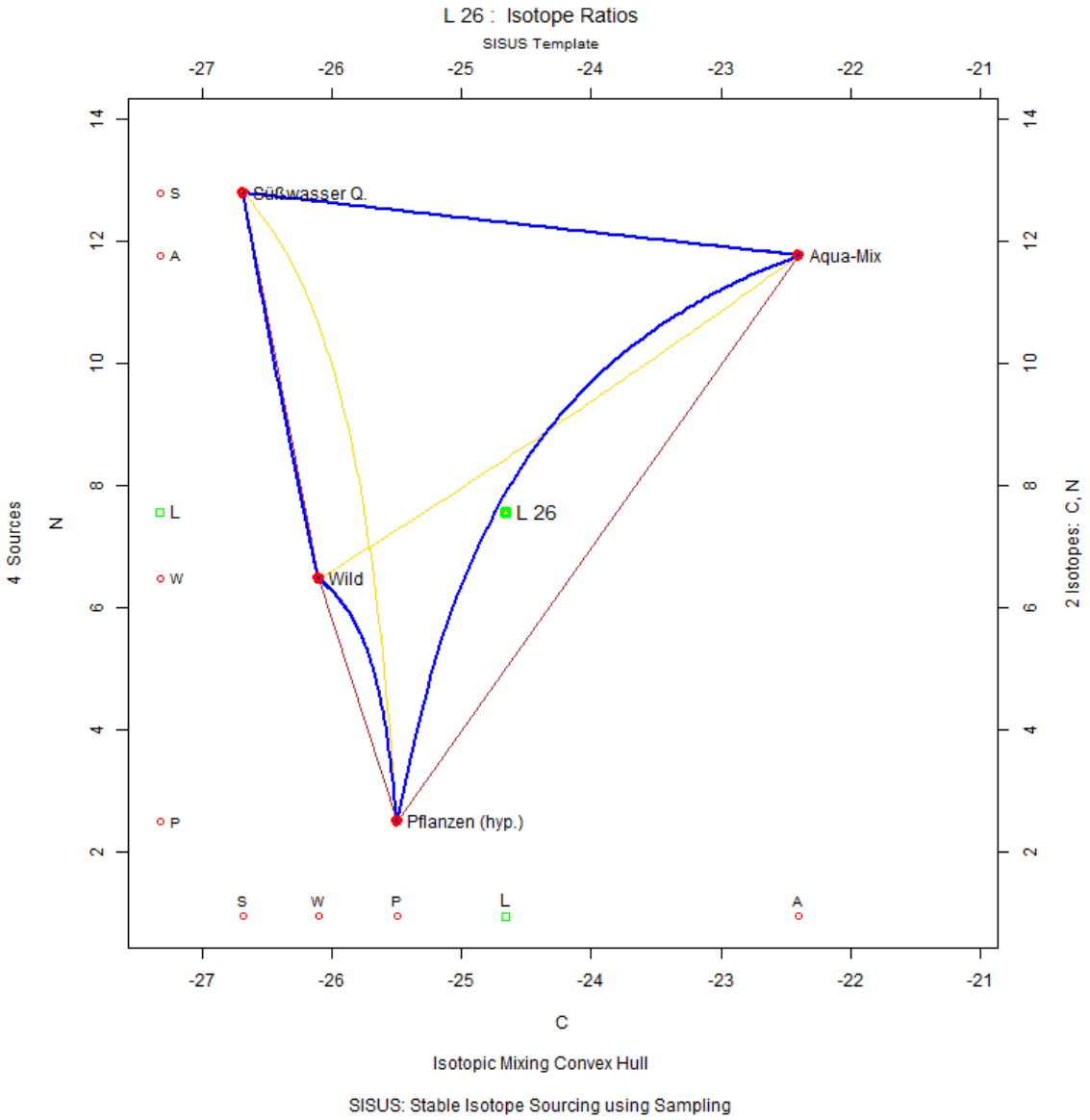


Abbildung 470: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 26. Erstellt mit SISUS.

LV32b

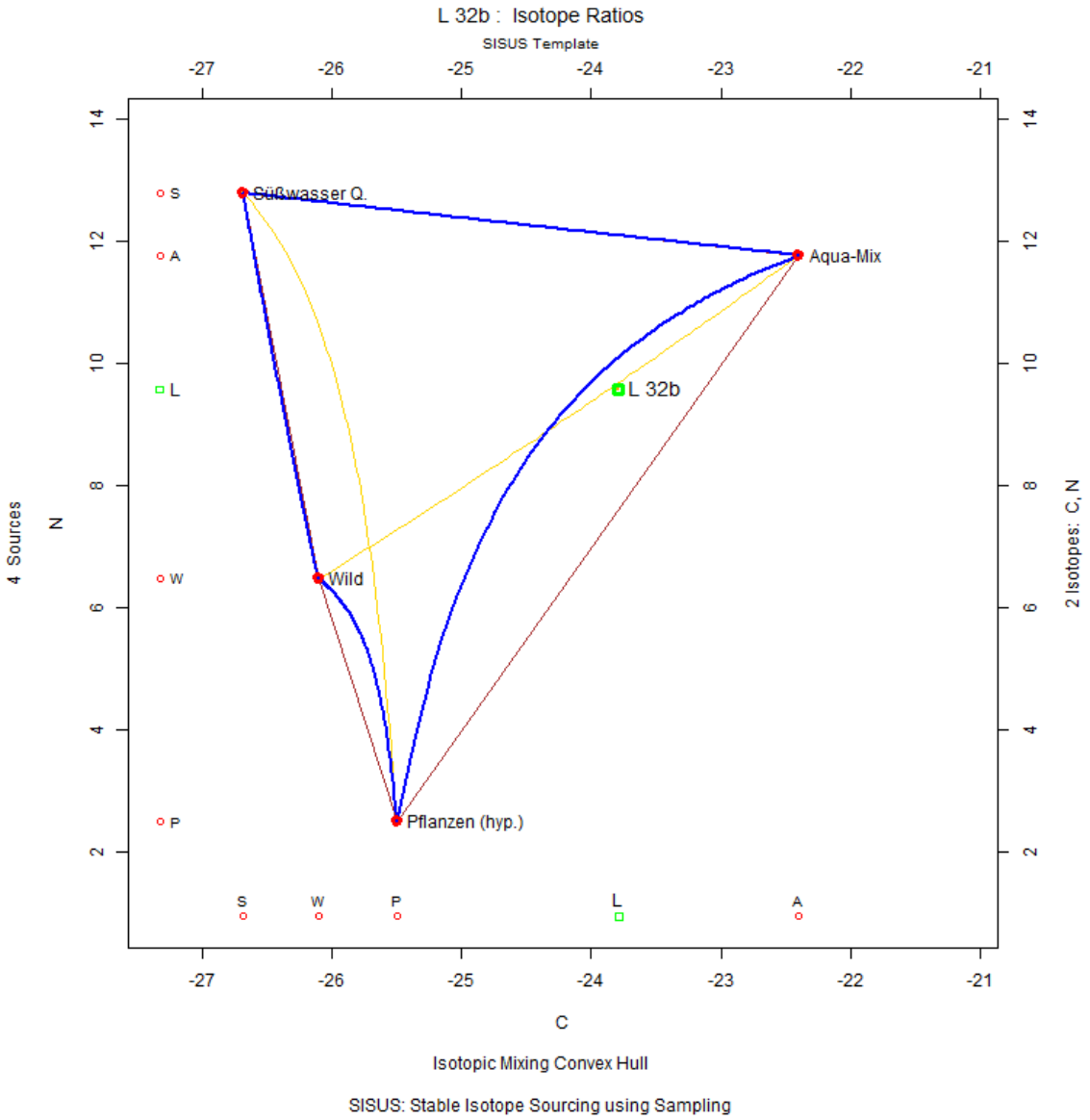


Abbildung 471: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 32b. Erstellt mit SISUS.

LV42a

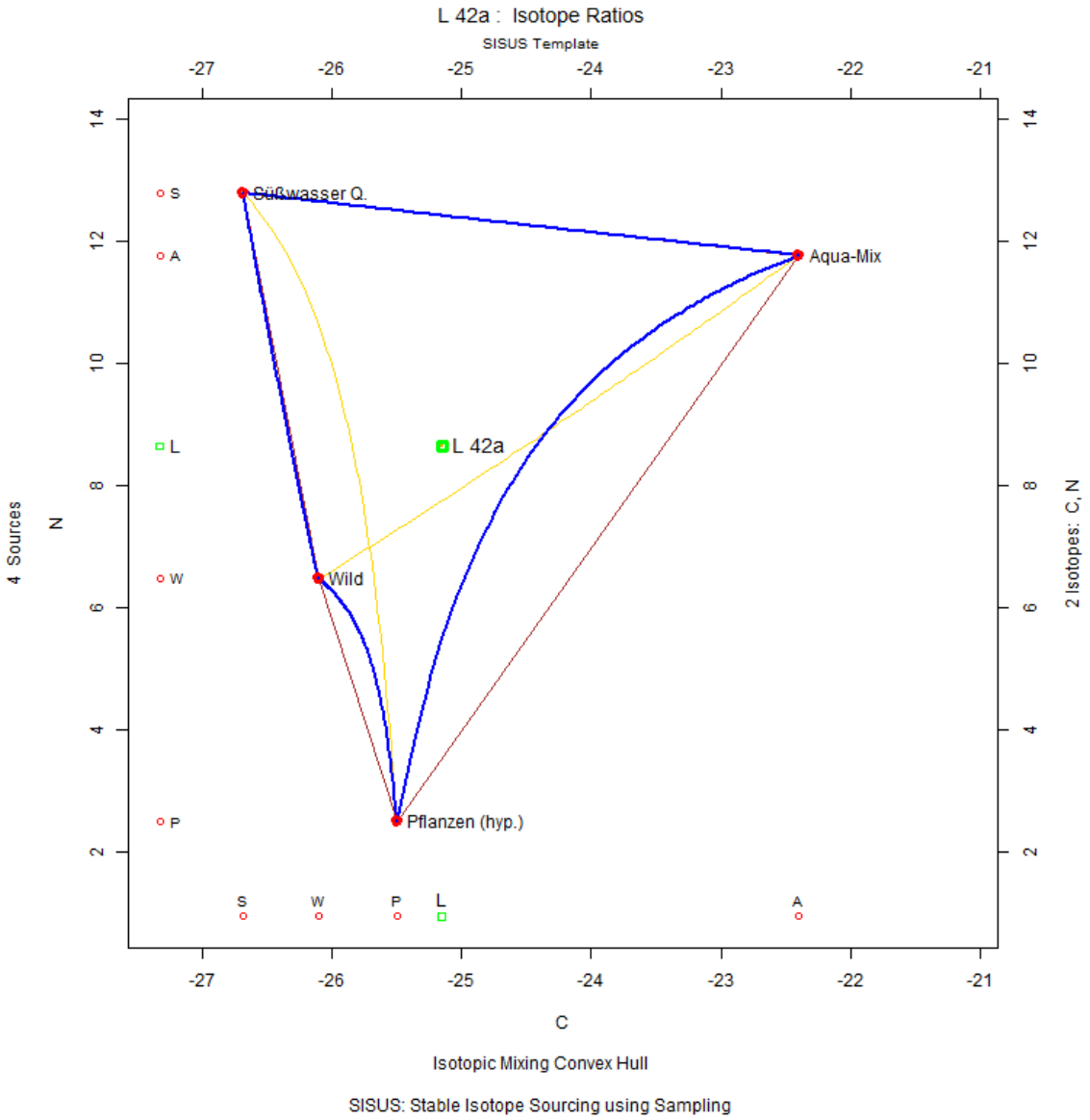


Abbildung 472: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 42a. Erstellt mit SISUS.

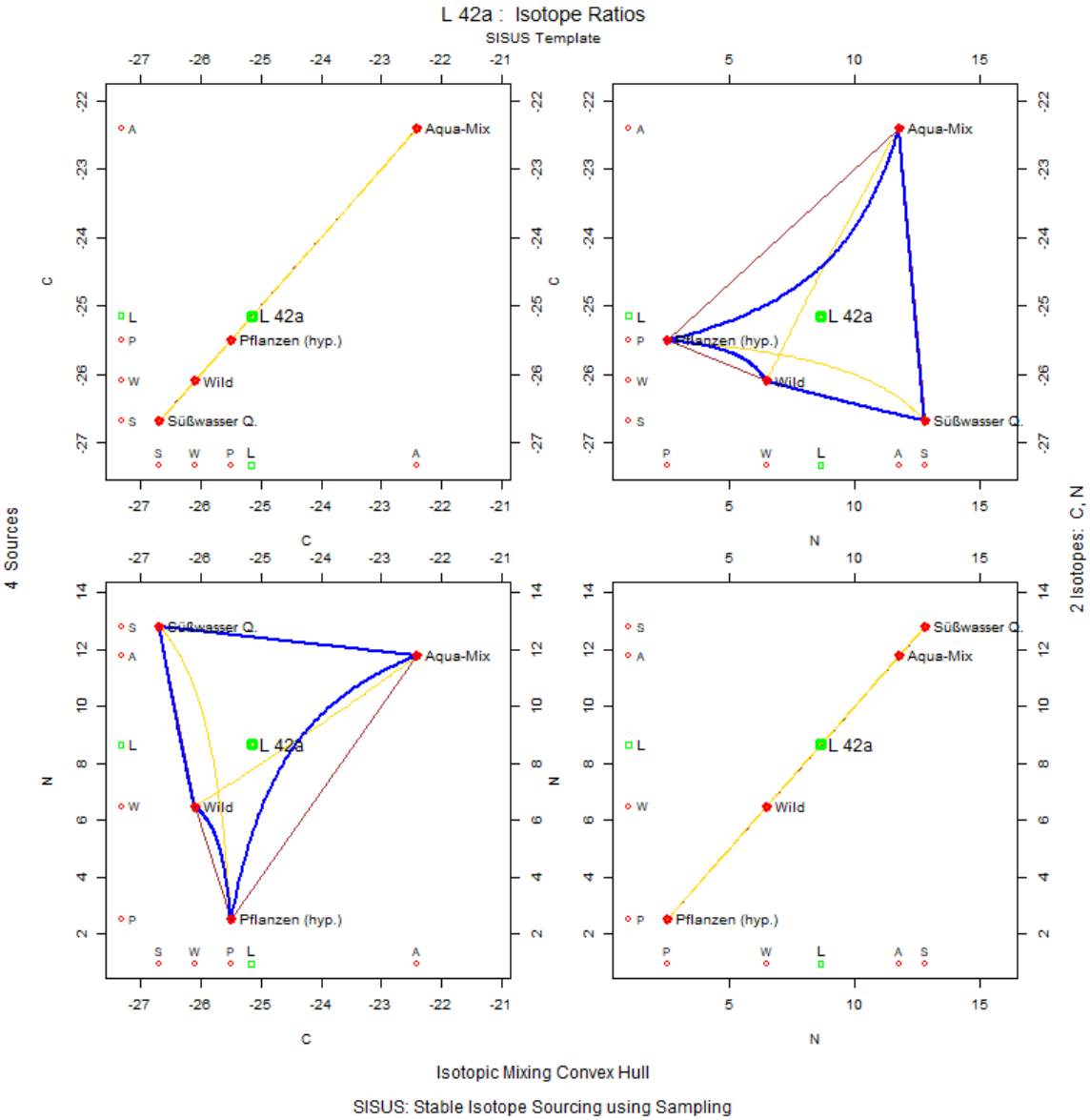


Abbildung 473: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 42a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

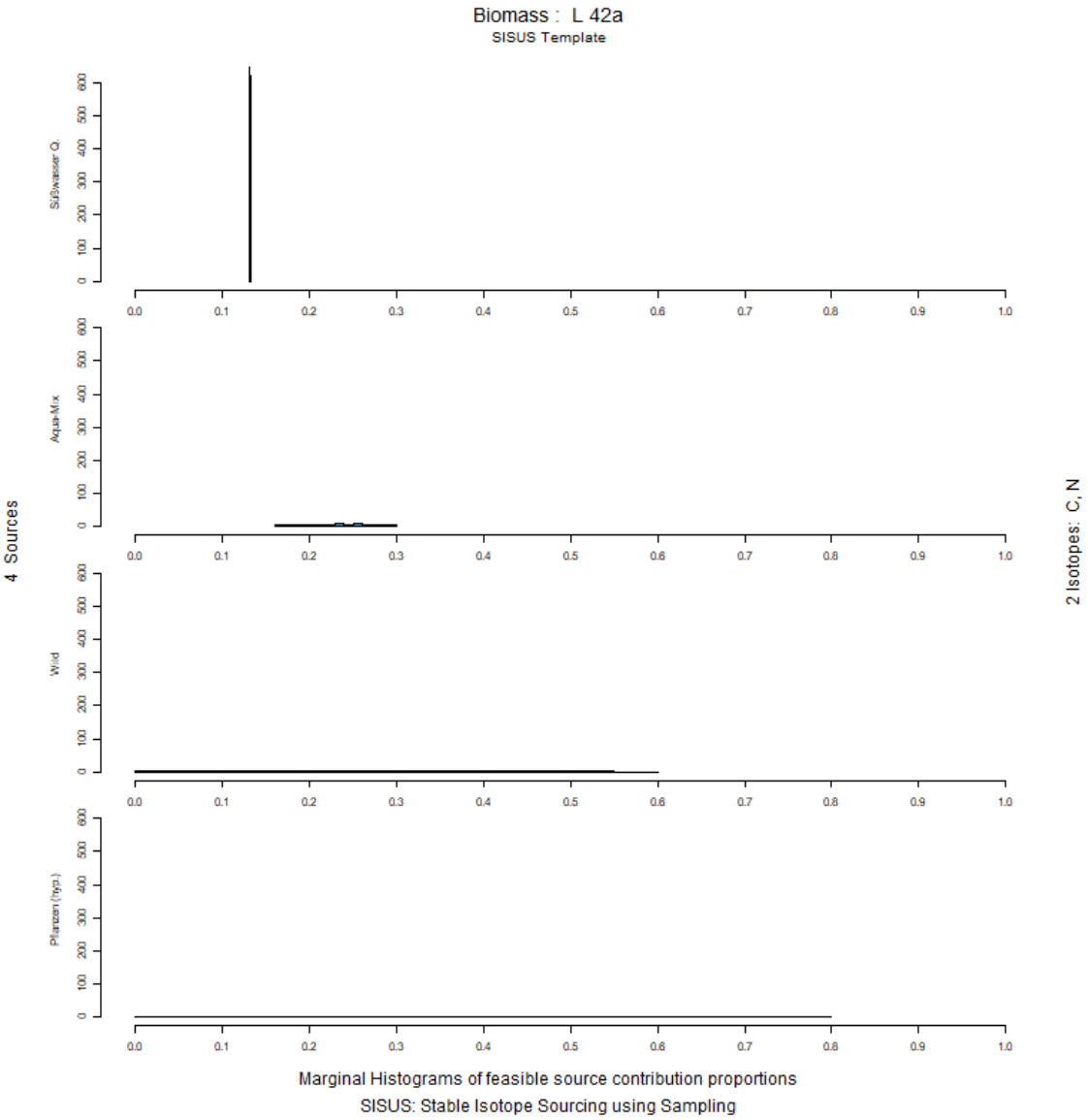


Abbildung 474: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 42a. Erstellt mit SISUS.

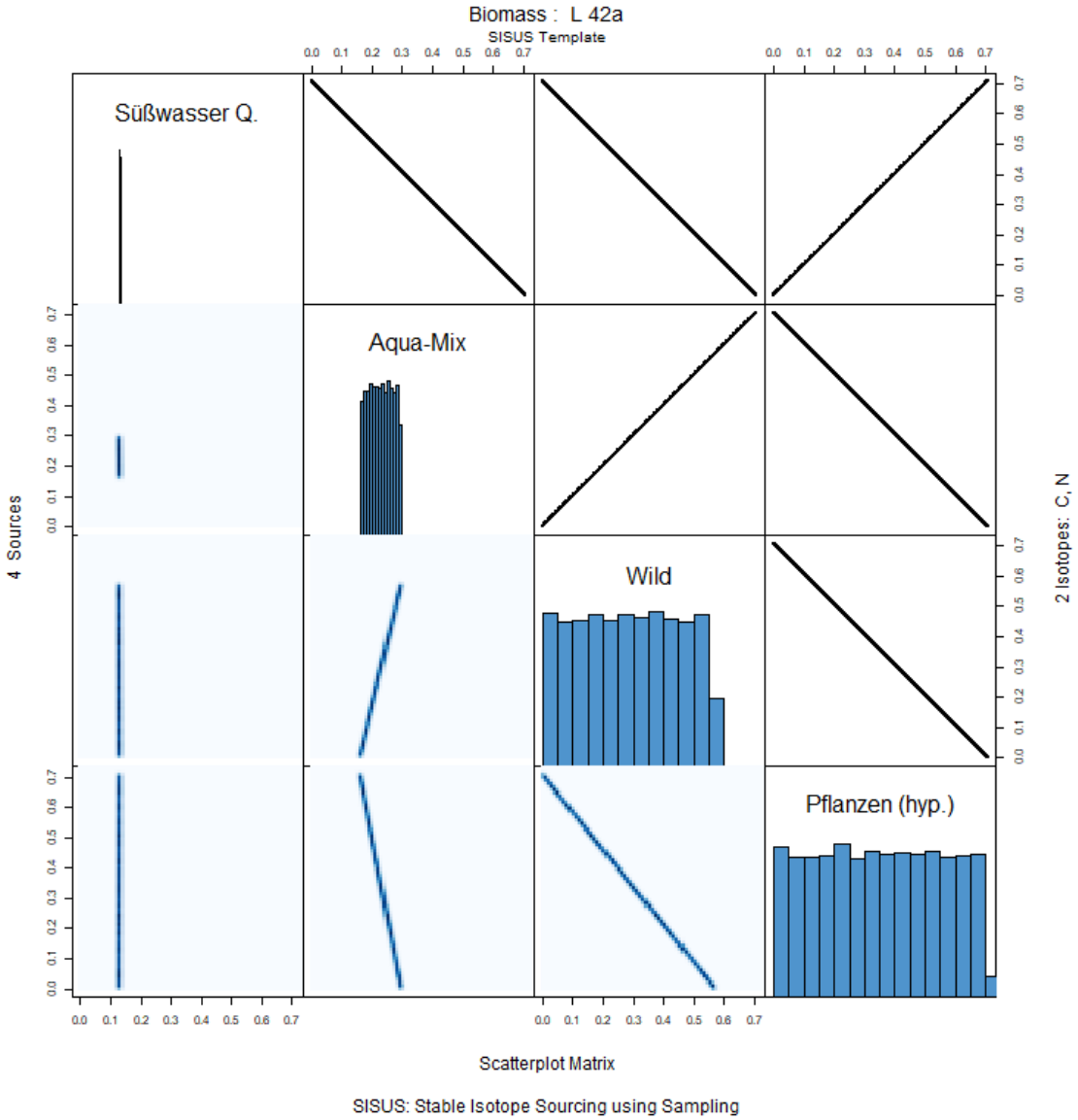


Abbildung 475: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 42a. Erstellt mit SISUS.

LV54b

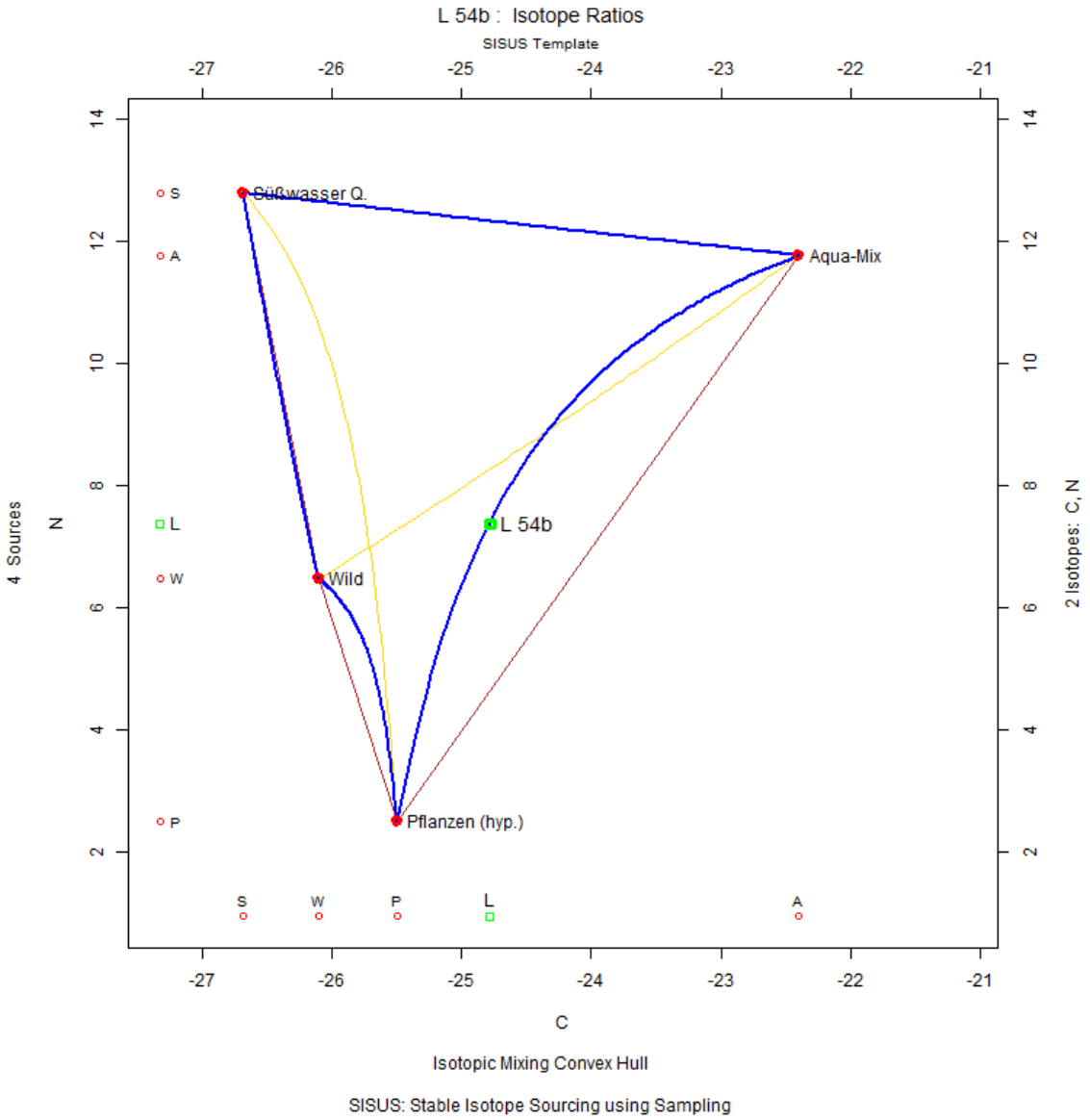


Abbildung 476: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54b. Erstellt mit SISUS.

LV54c

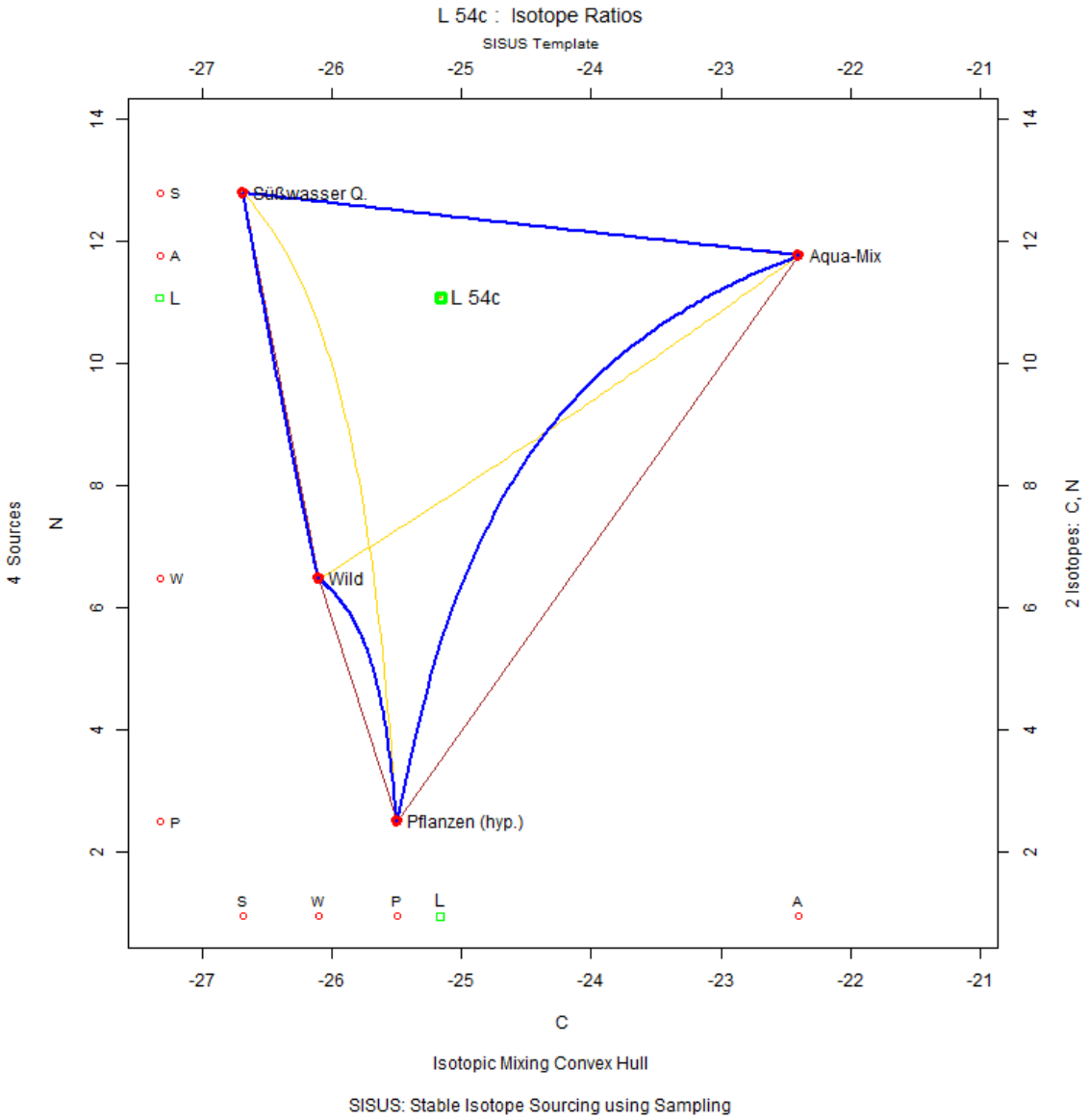


Abbildung 477: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54c. Erstellt mit SISUS.

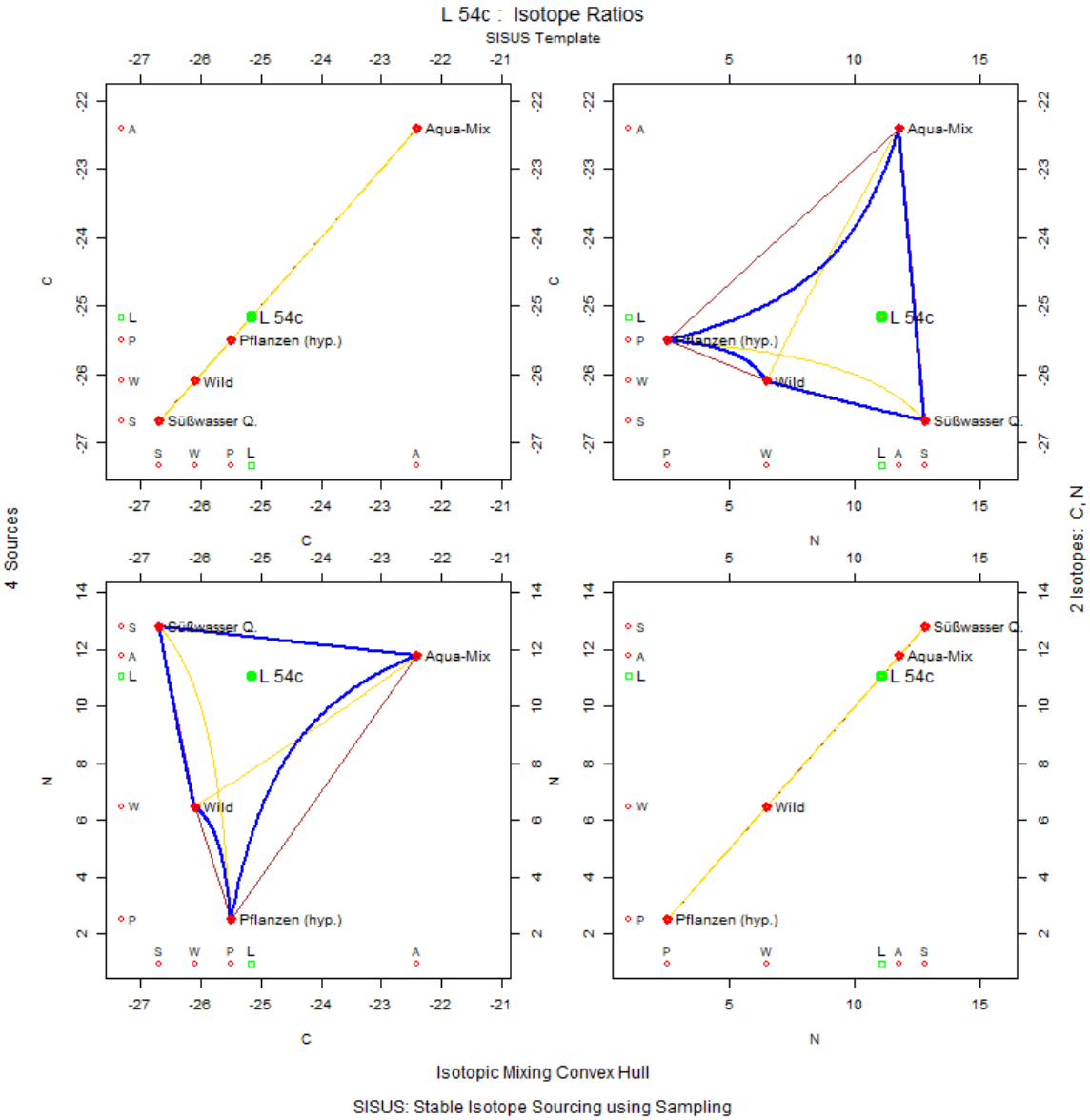


Abbildung 478: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 54c in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

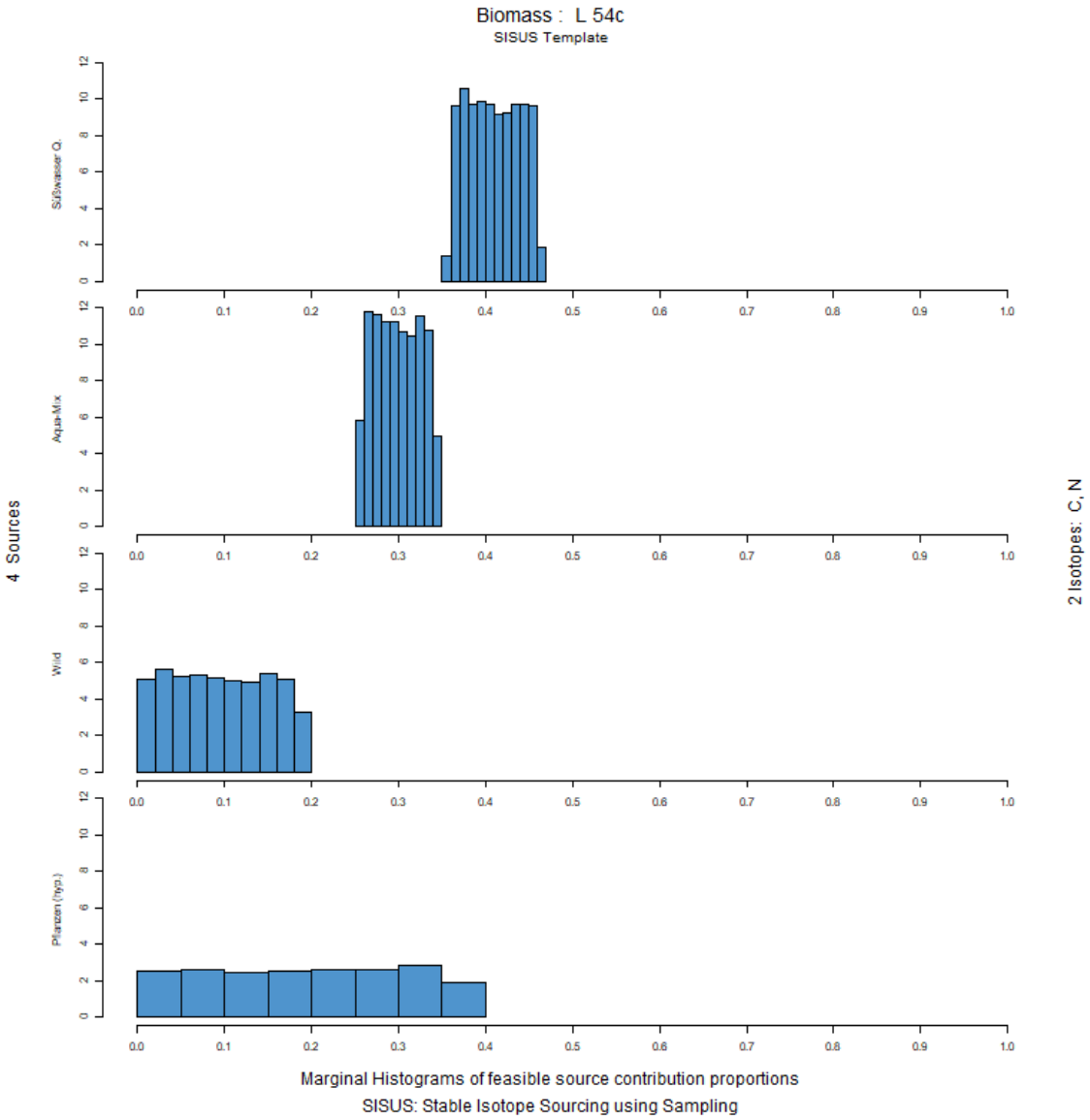


Abbildung 479: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 54c. Erstellt mit SISUS.

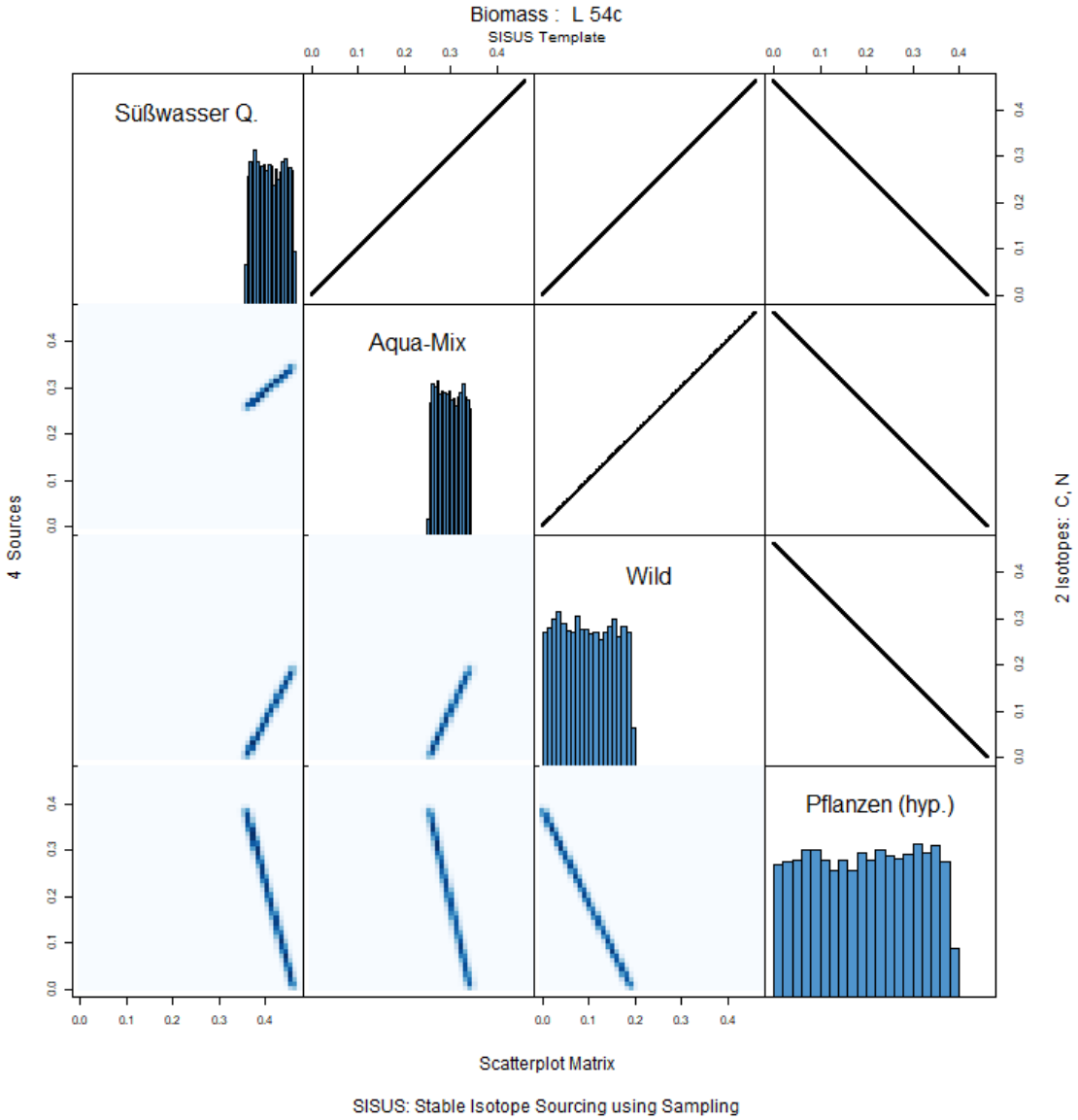


Abbildung 480: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 54c. Erstellt mit SISUS.

LV54d

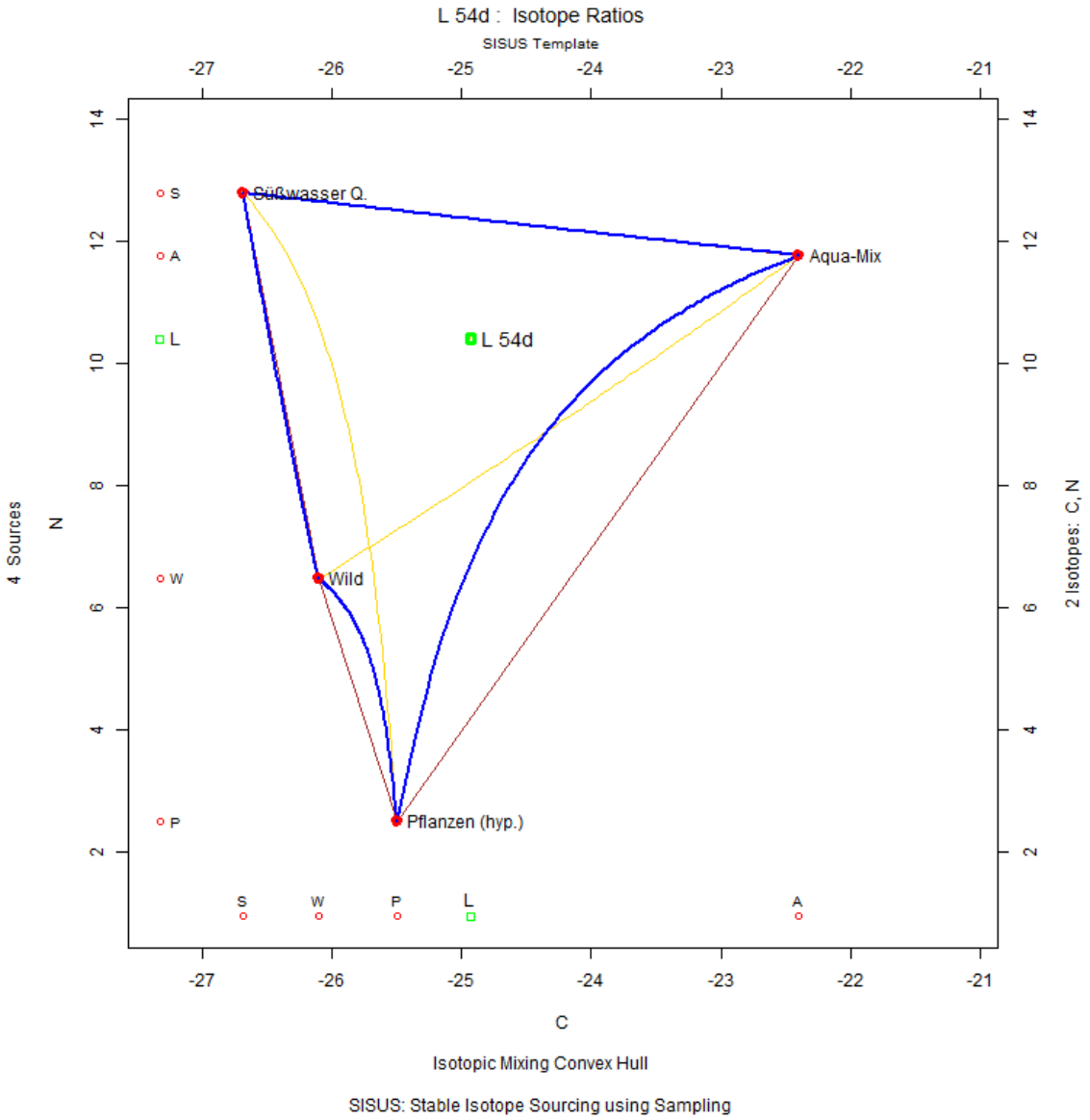


Abbildung 481: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 54d. Erstellt mit SISUS.

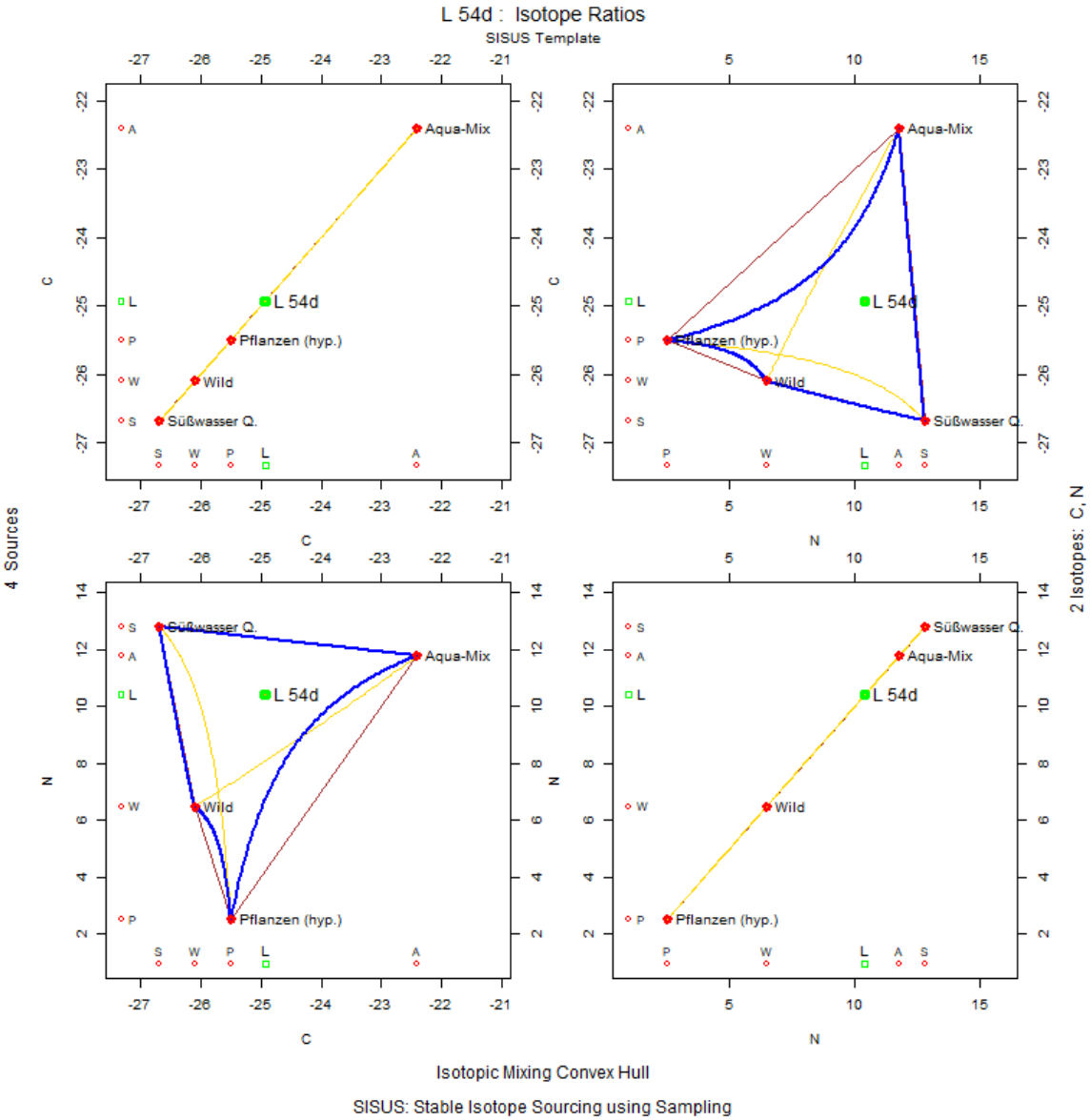


Abbildung 482: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 54d in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

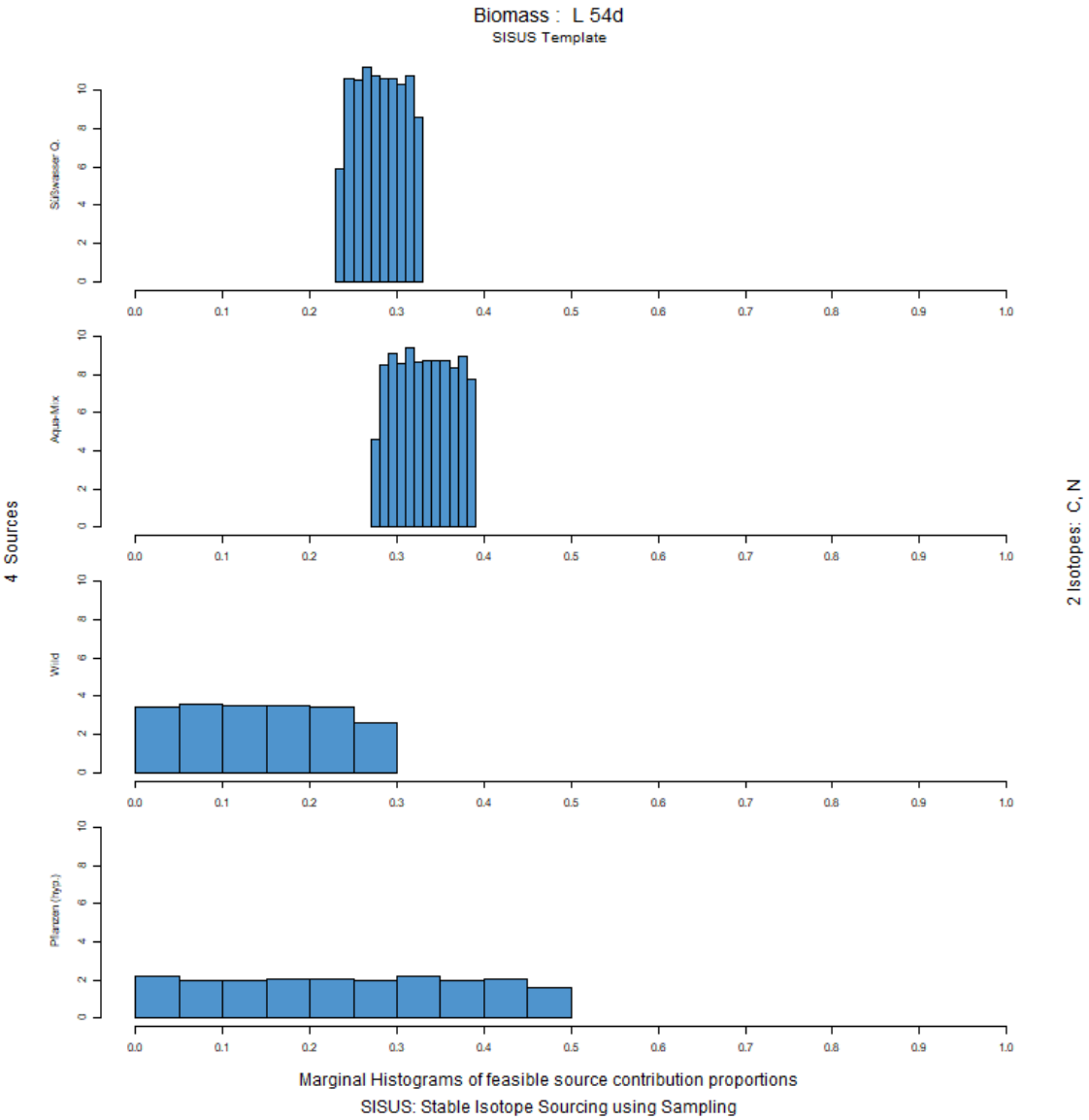


Abbildung 483: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 54d. Erstellt mit SISUS.

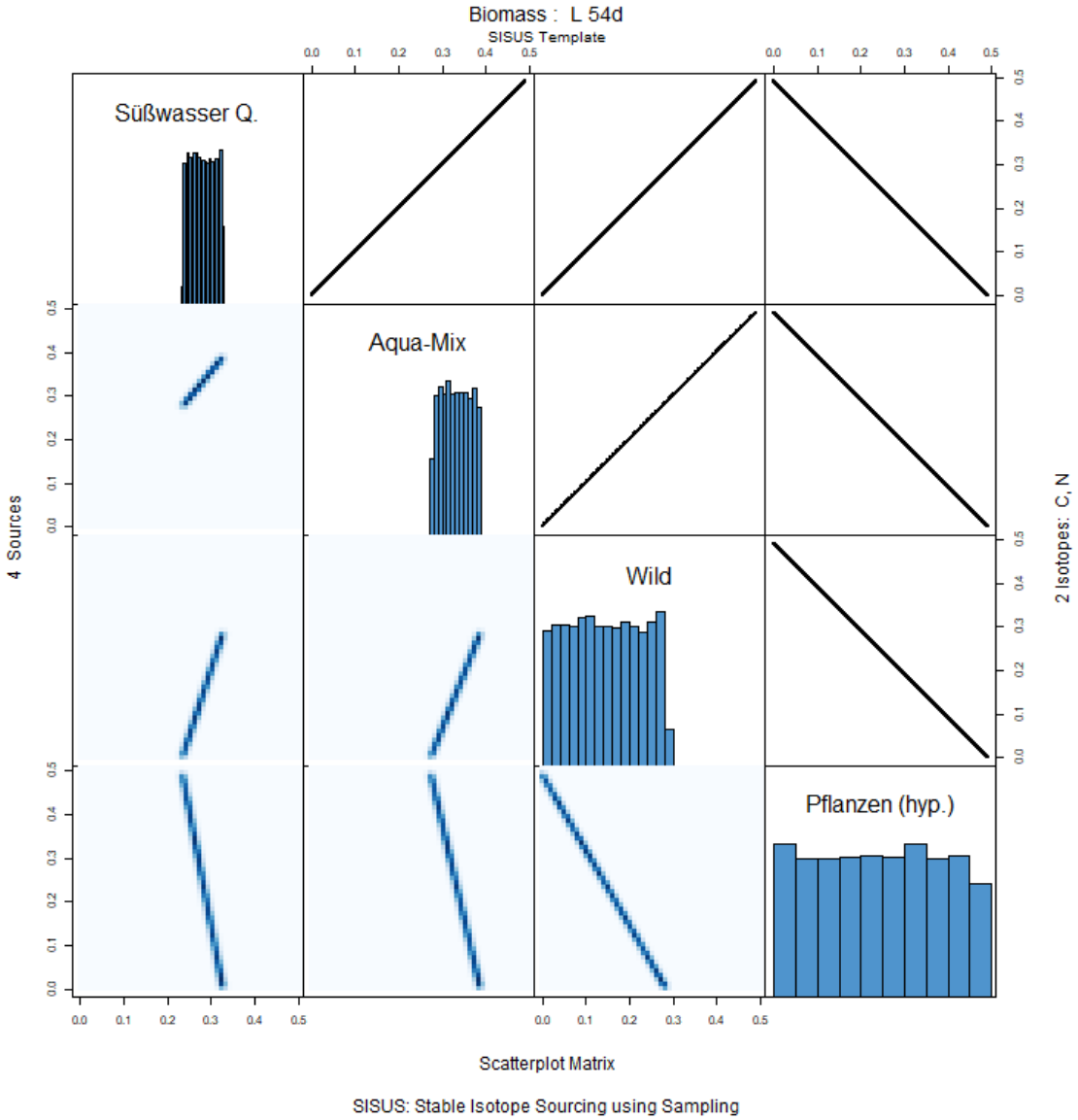


Abbildung 484: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 54d. Erstellt mit SISUS.

LV64

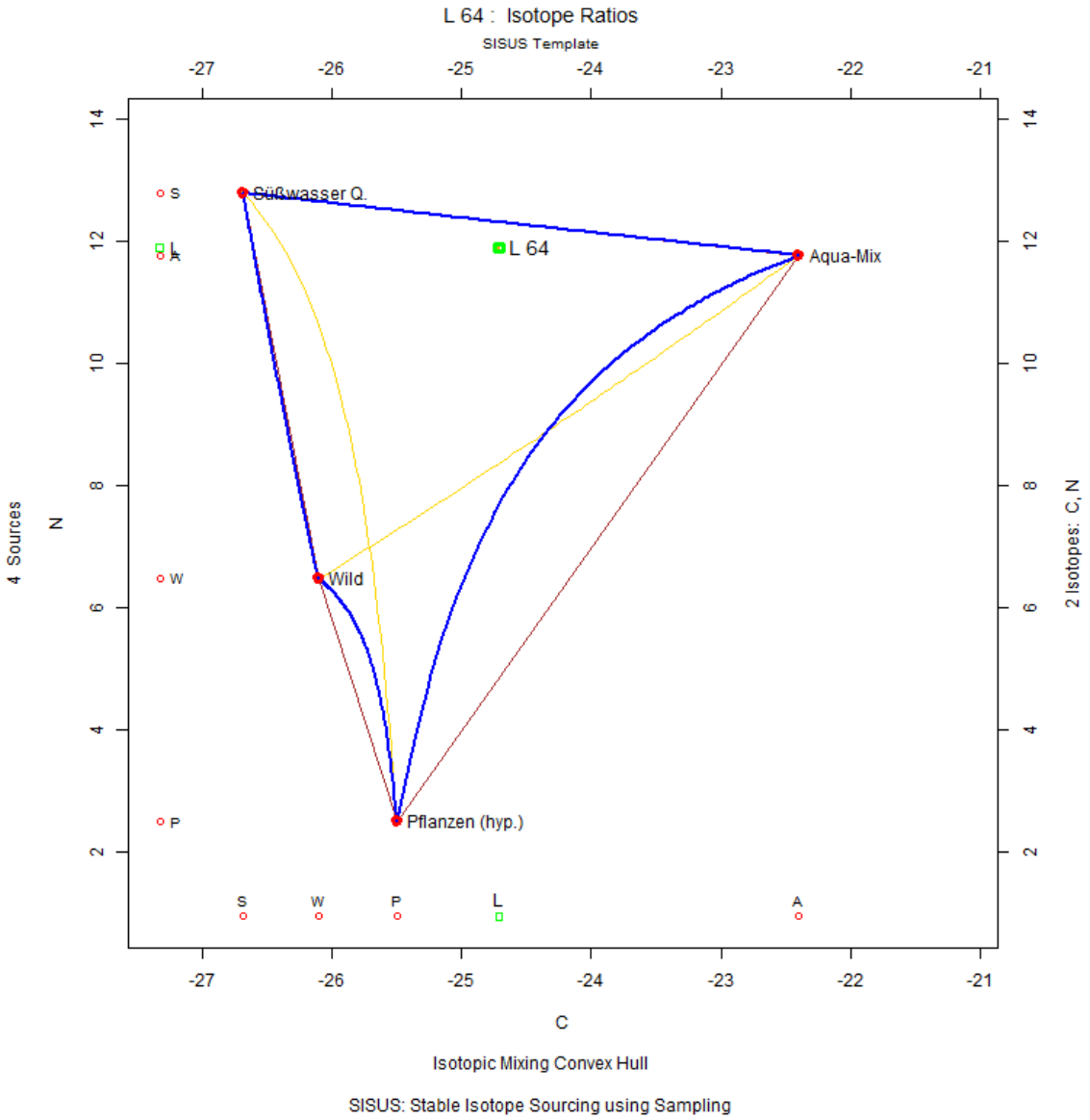


Abbildung 485: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 64. Erstellt mit SISUS.

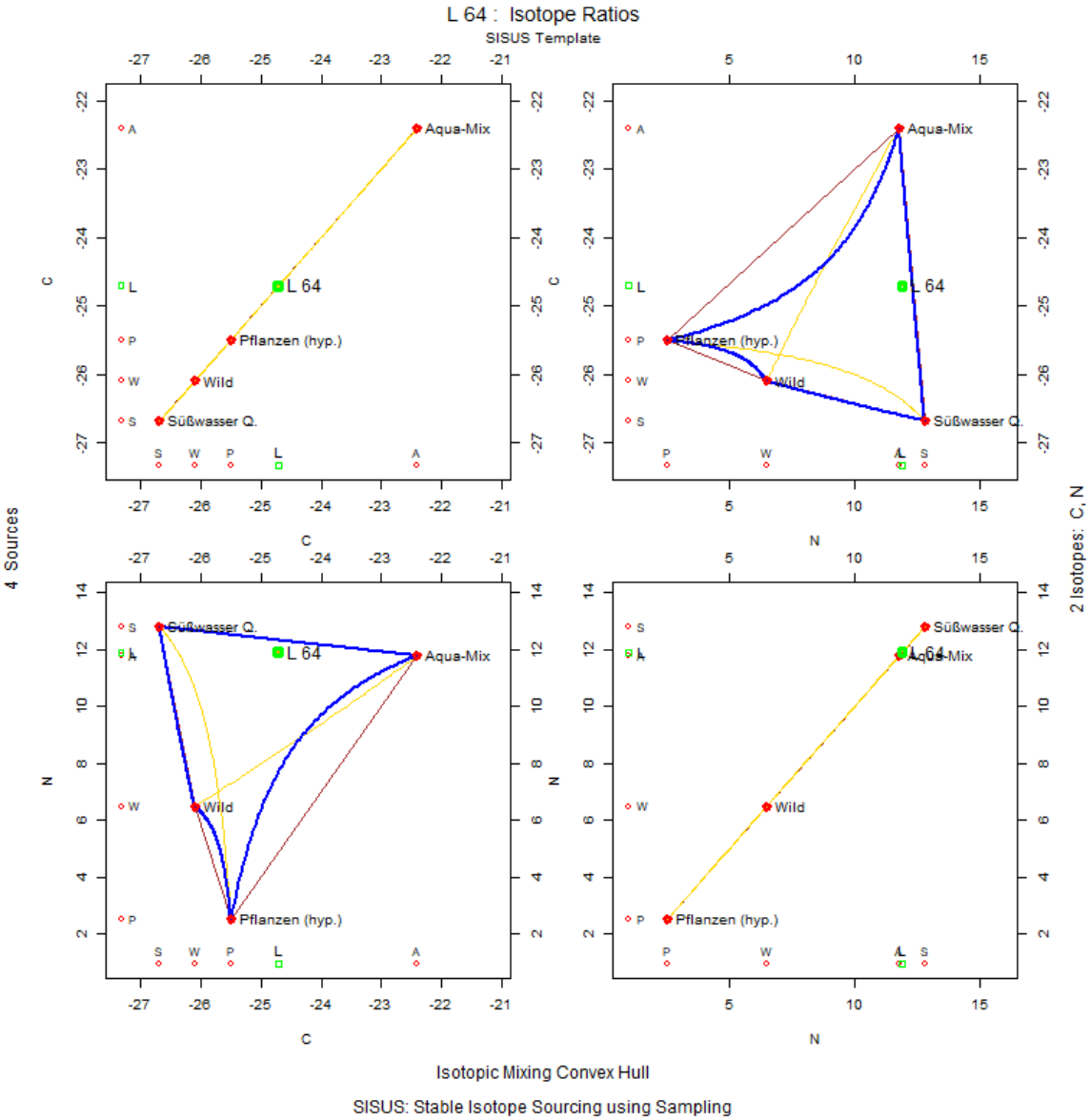


Abbildung 486: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 64 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

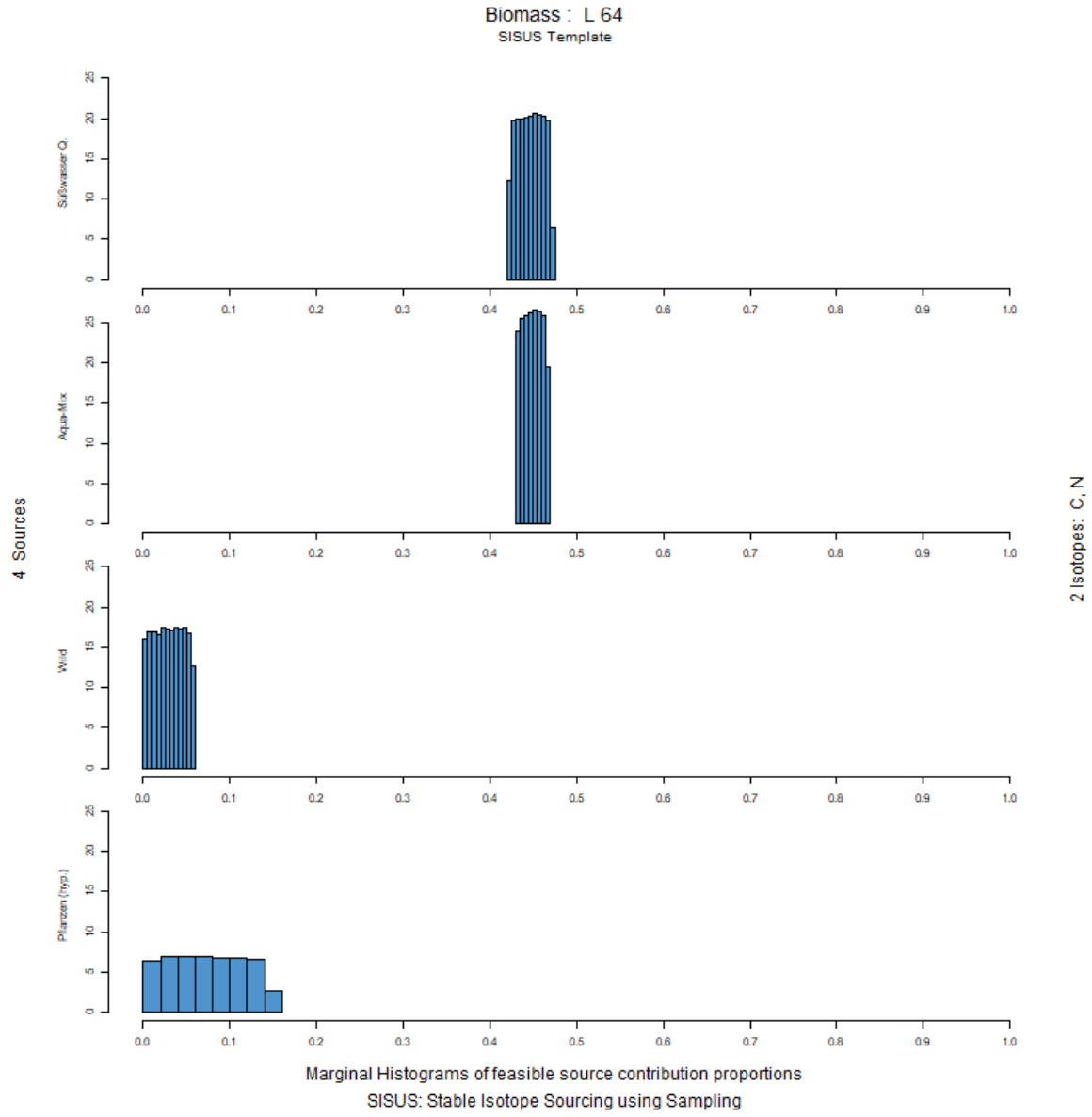


Abbildung 487: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 64. Erstellt mit SISUS.

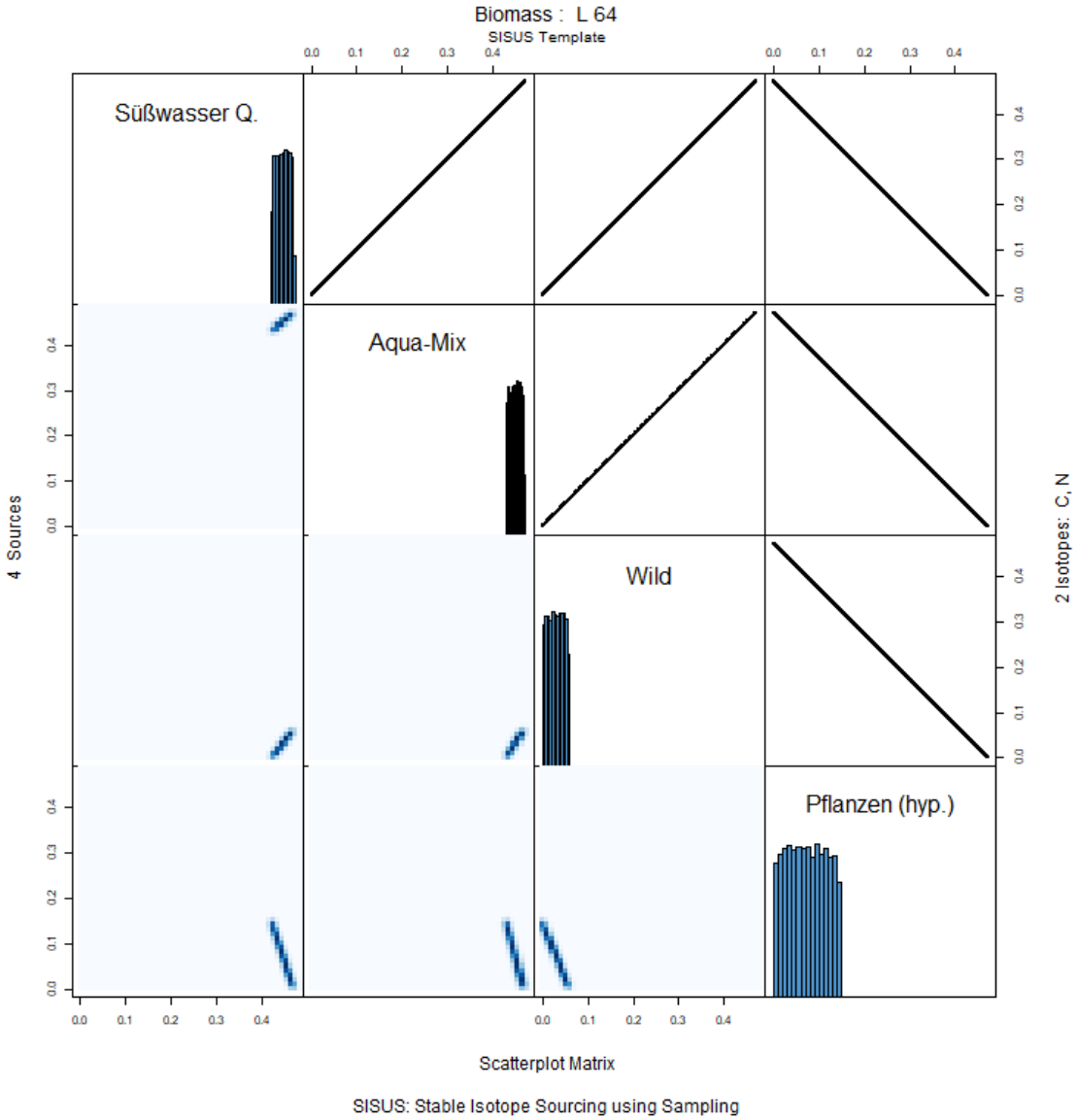


Abbildung 488: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 64. Erstellt mit SISUS.

LV89b

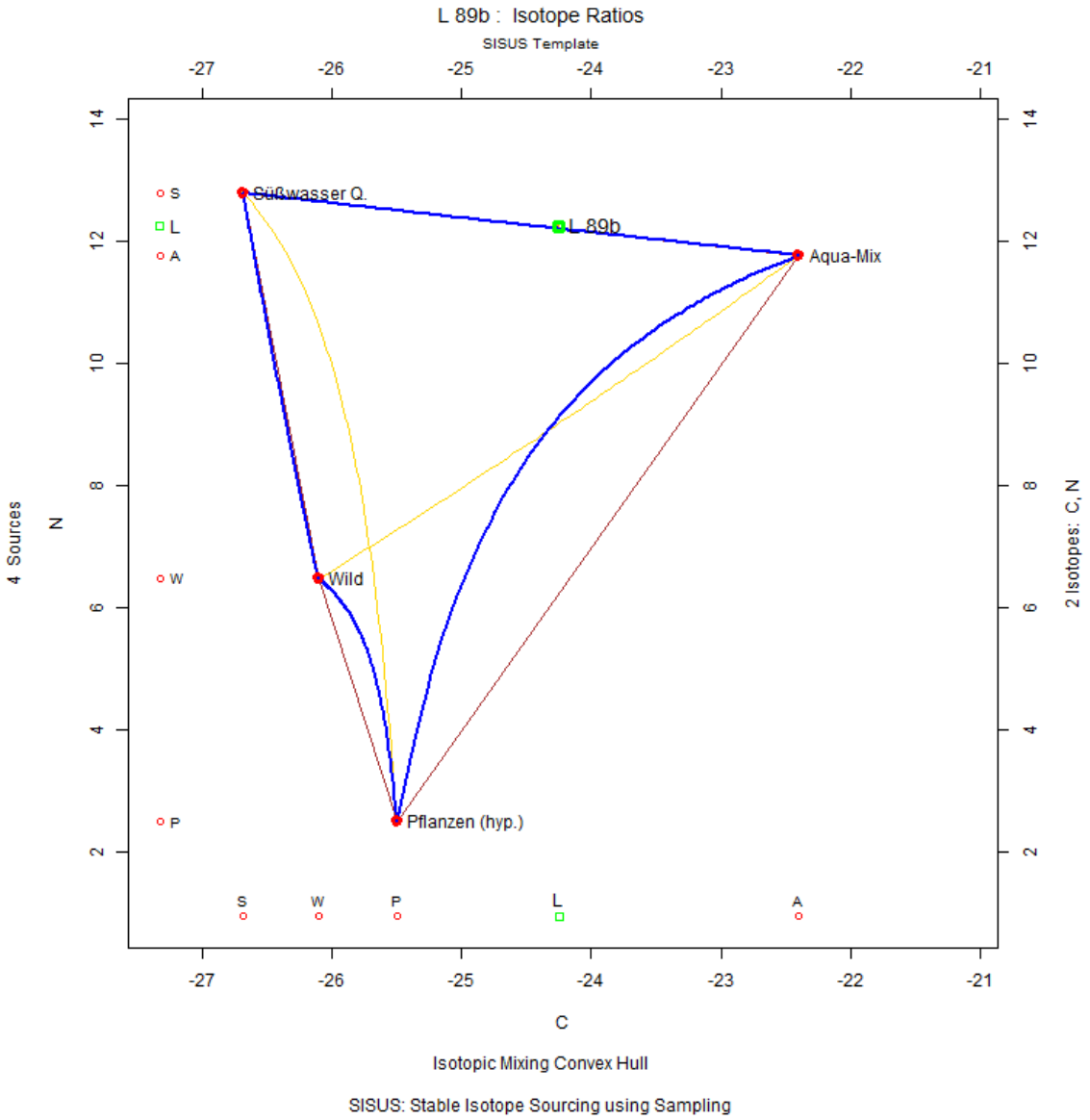


Abbildung 489: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 89b. Erstellt mit SISUS.

LV91

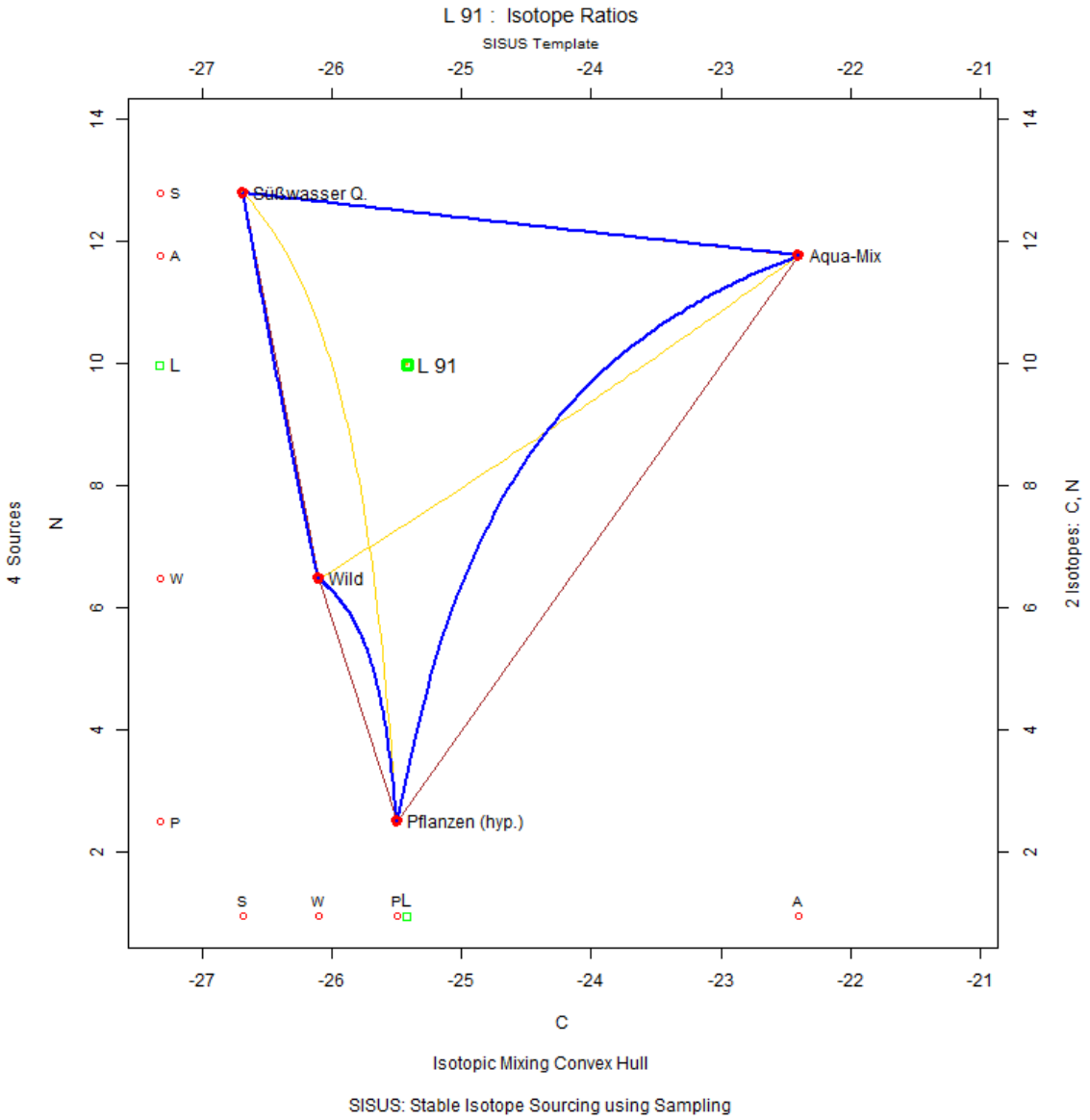


Abbildung 490: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 91. Erstellt mit SISUS.

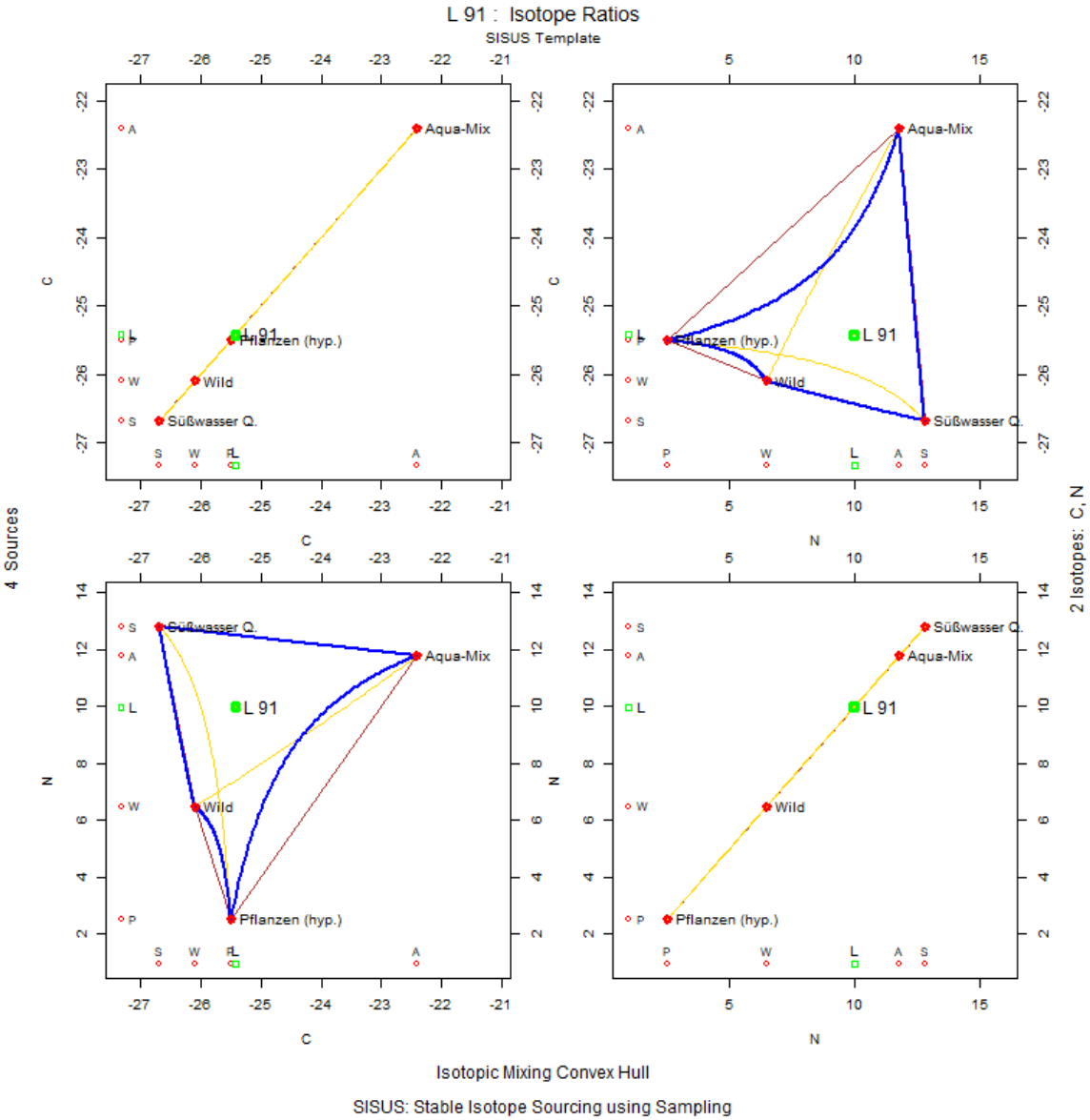


Abbildung 491: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 91 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

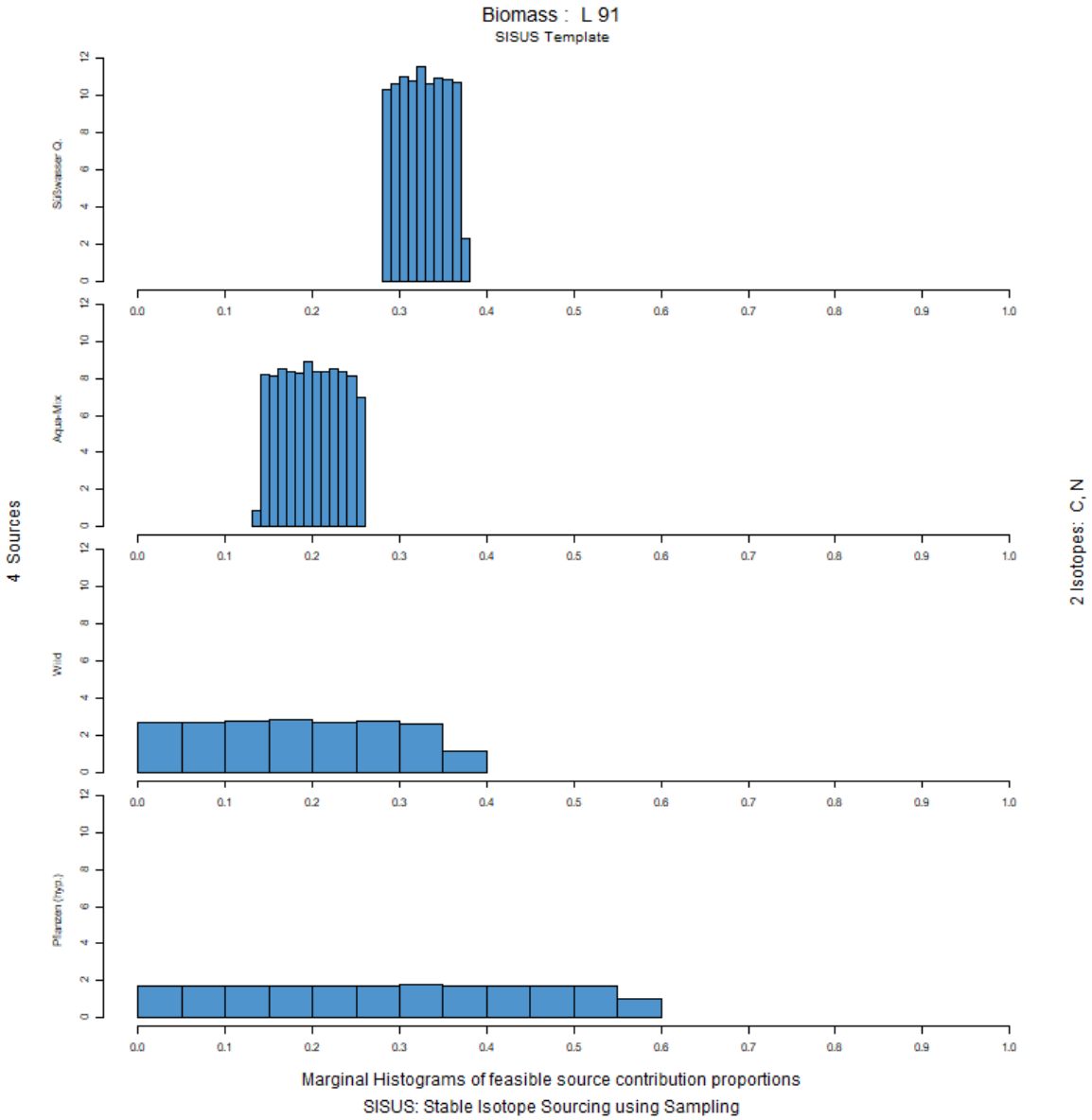


Abbildung 492: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 91. Erstellt mit SISUS.

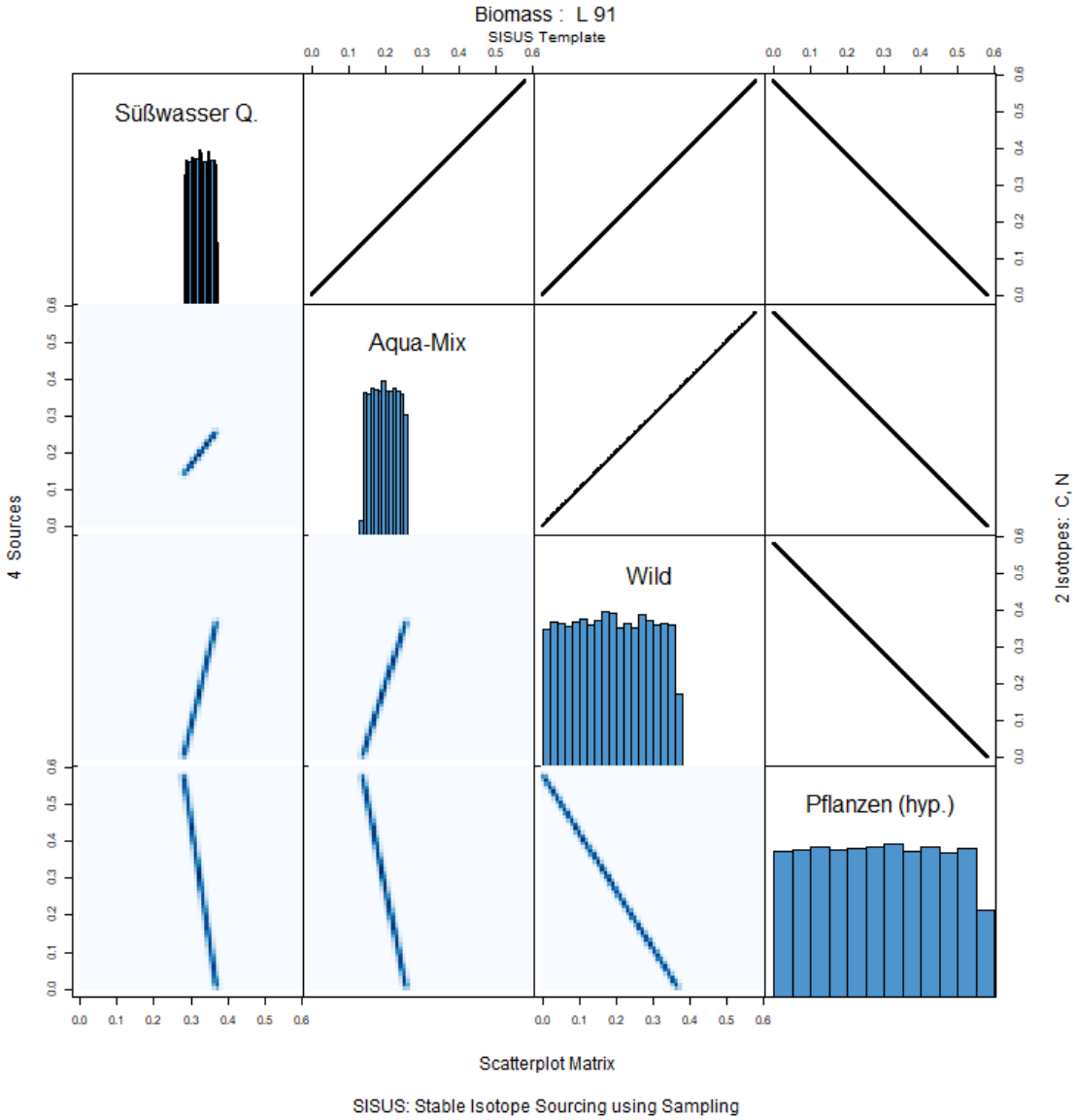


Abbildung 493: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 91. Erstellt mit SISUS.

LV93

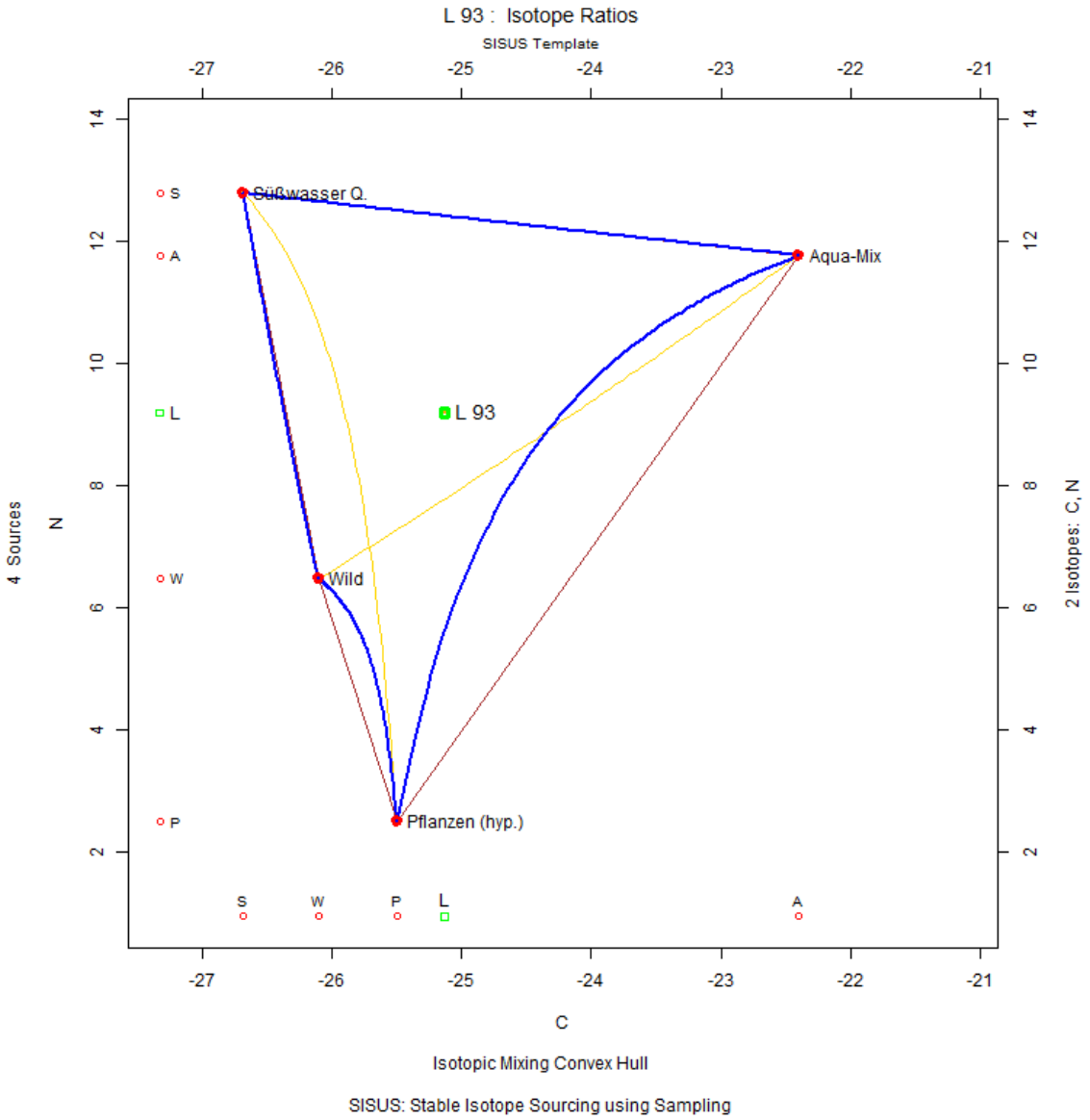


Abbildung 494: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 93. Erstellt mit SISUS.

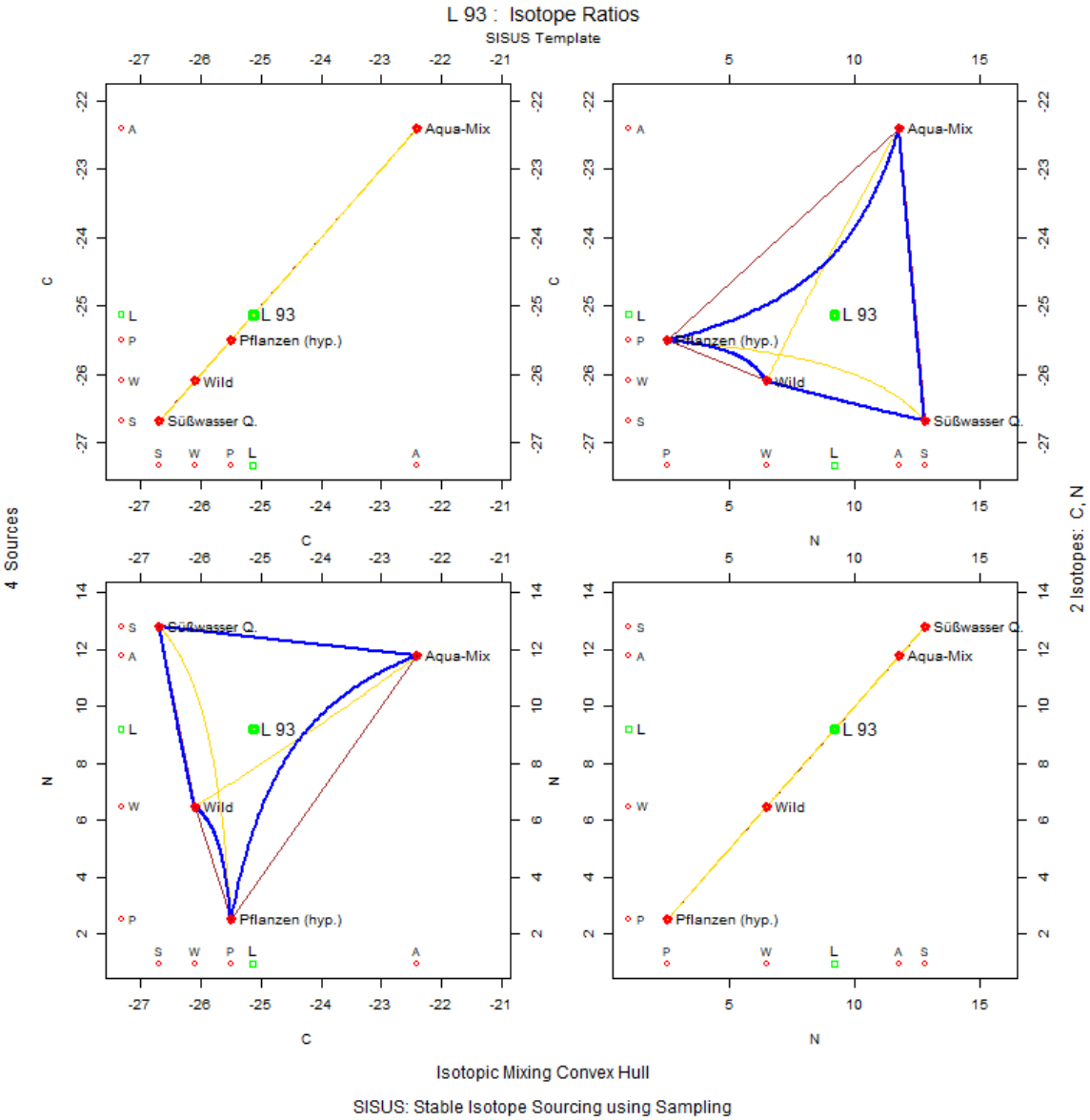


Abbildung 495: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 93 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

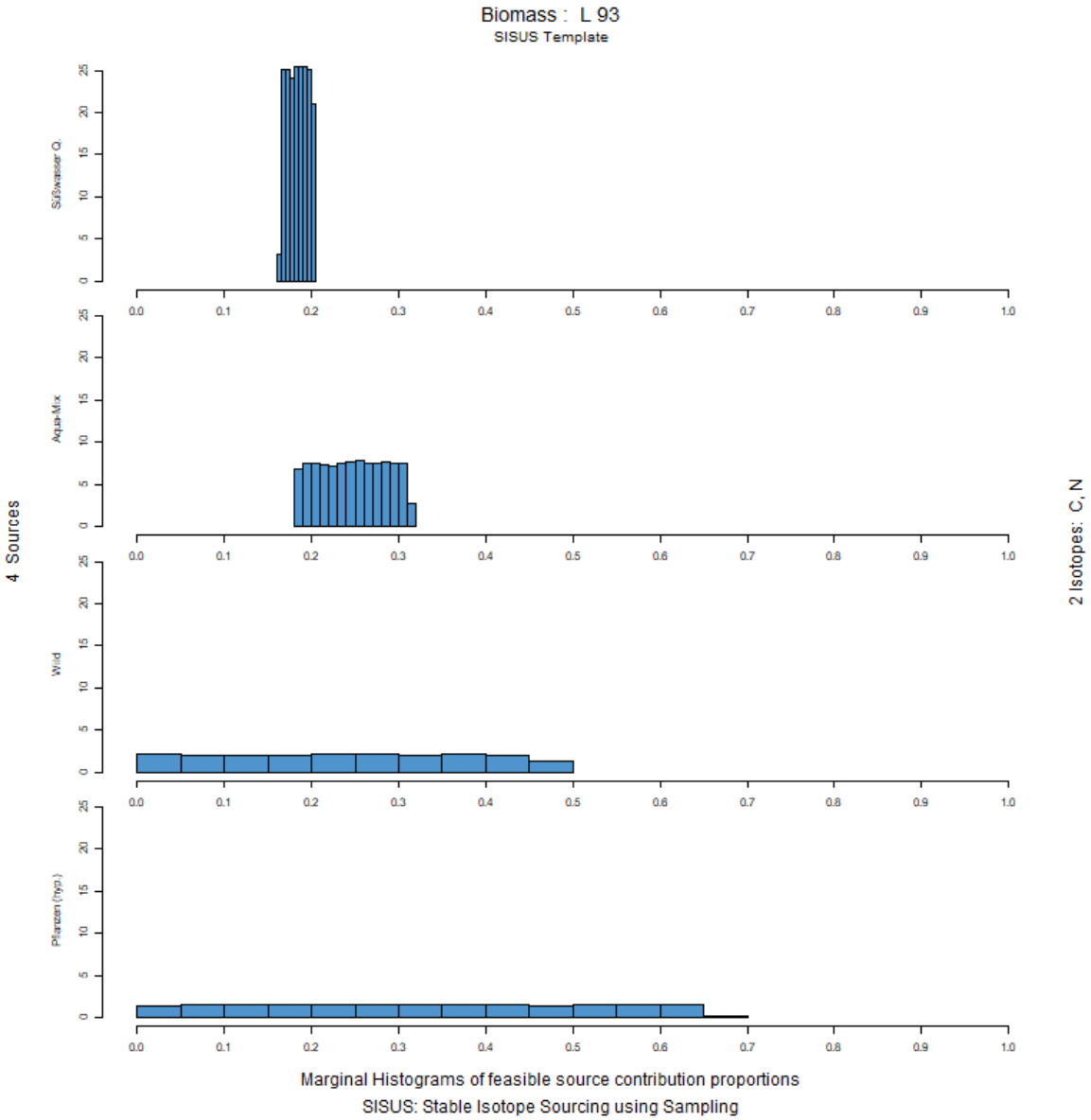


Abbildung 496: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 93. Erstellt mit SISUS.

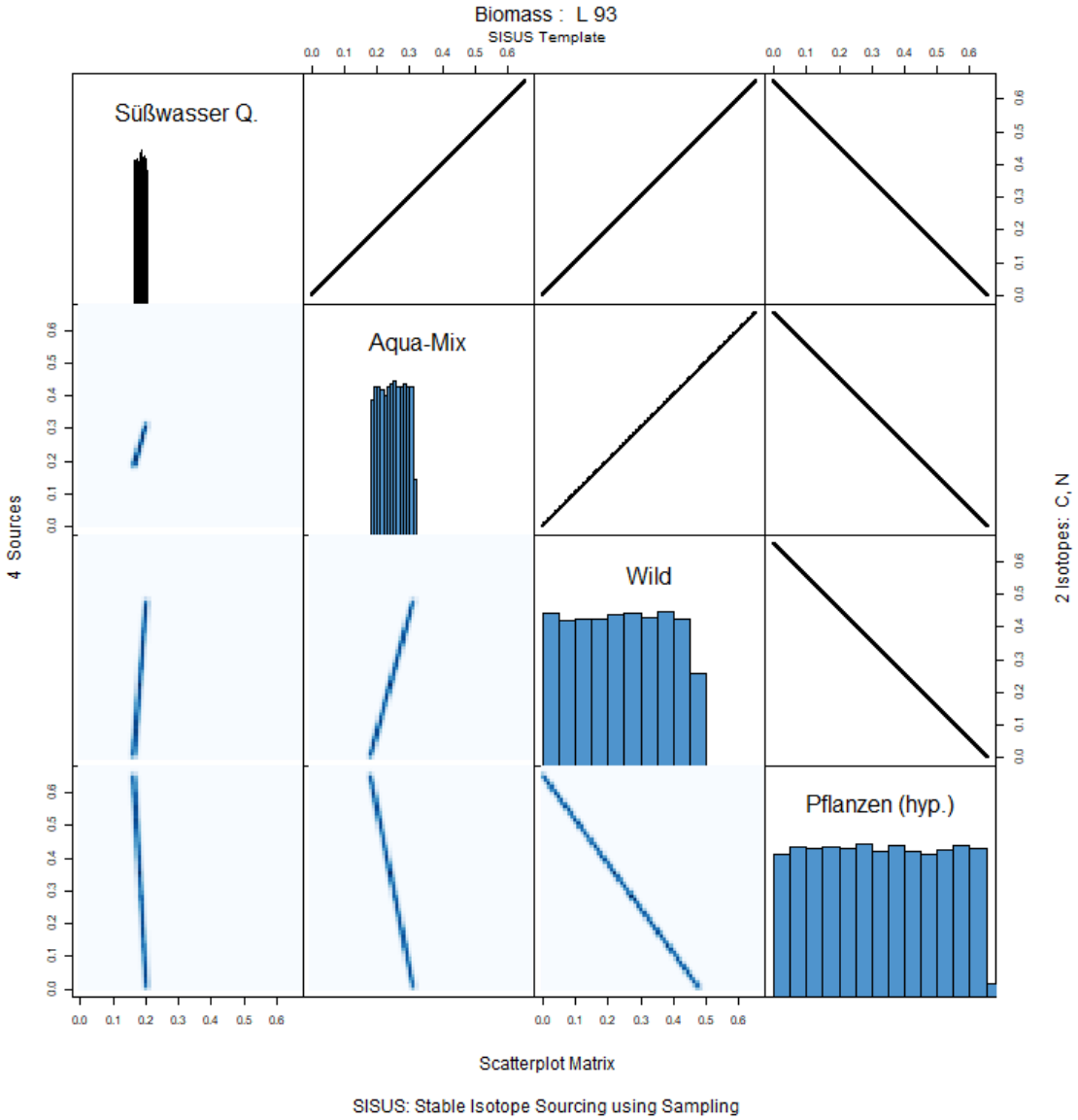


Abbildung 497: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 93. Erstellt mit SISUS.

7.5.3 Datierung: nicht datierbar/nicht datiert

LV42b

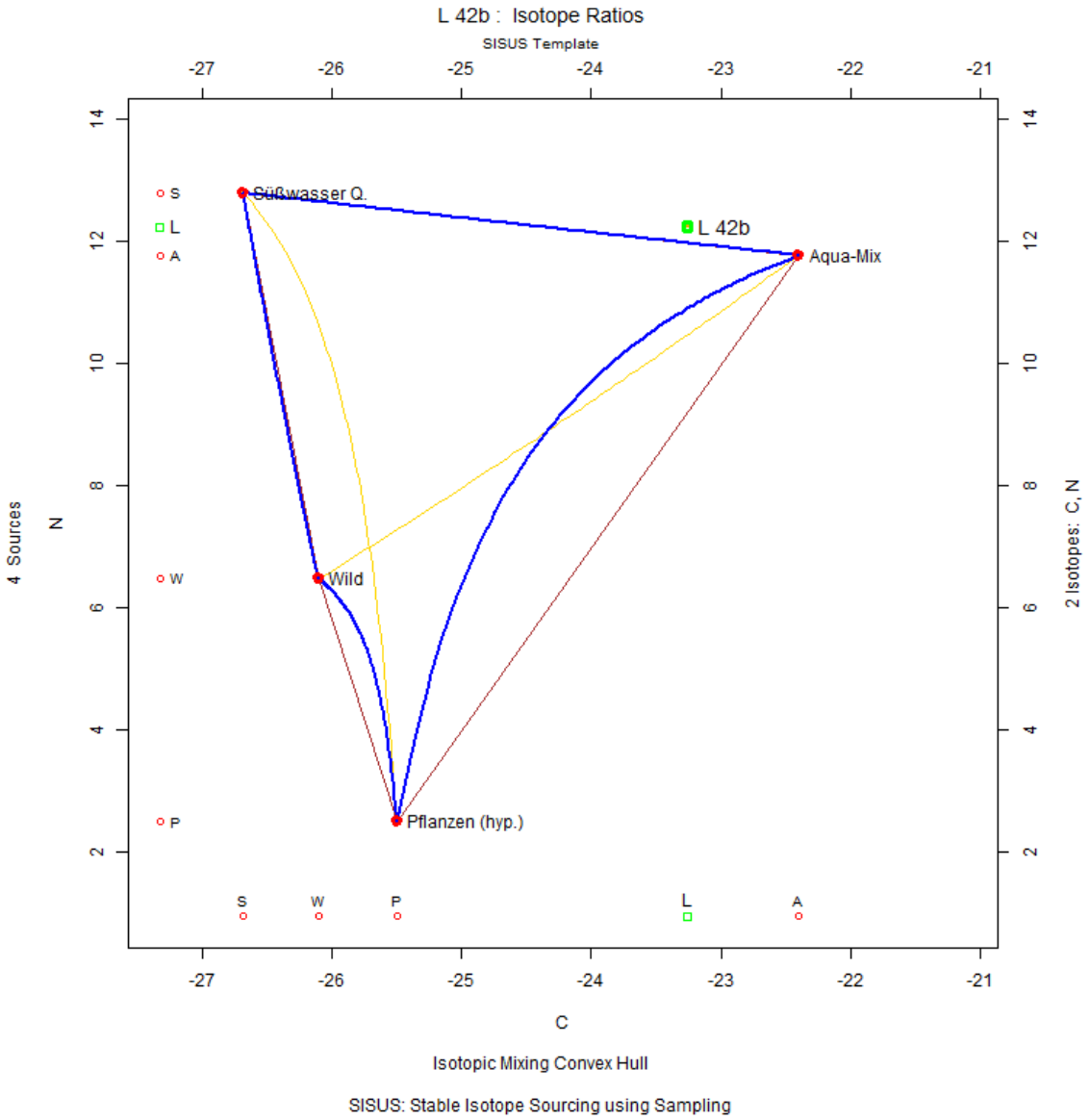


Abbildung 498: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 42b. Erstellt mit SISUS.

LV70

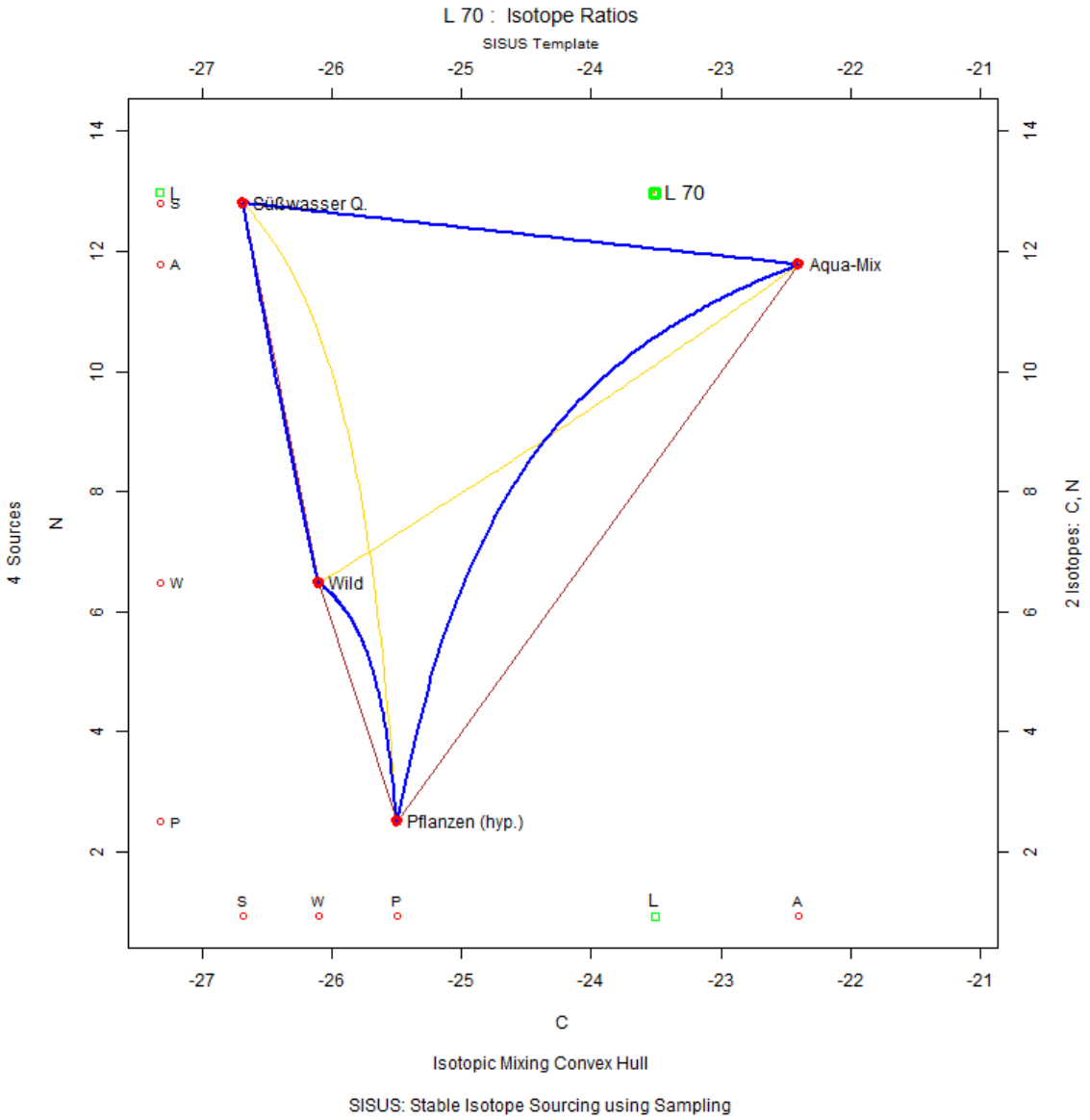


Abbildung 499: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 70. Erstellt mit SISUS.

LV72

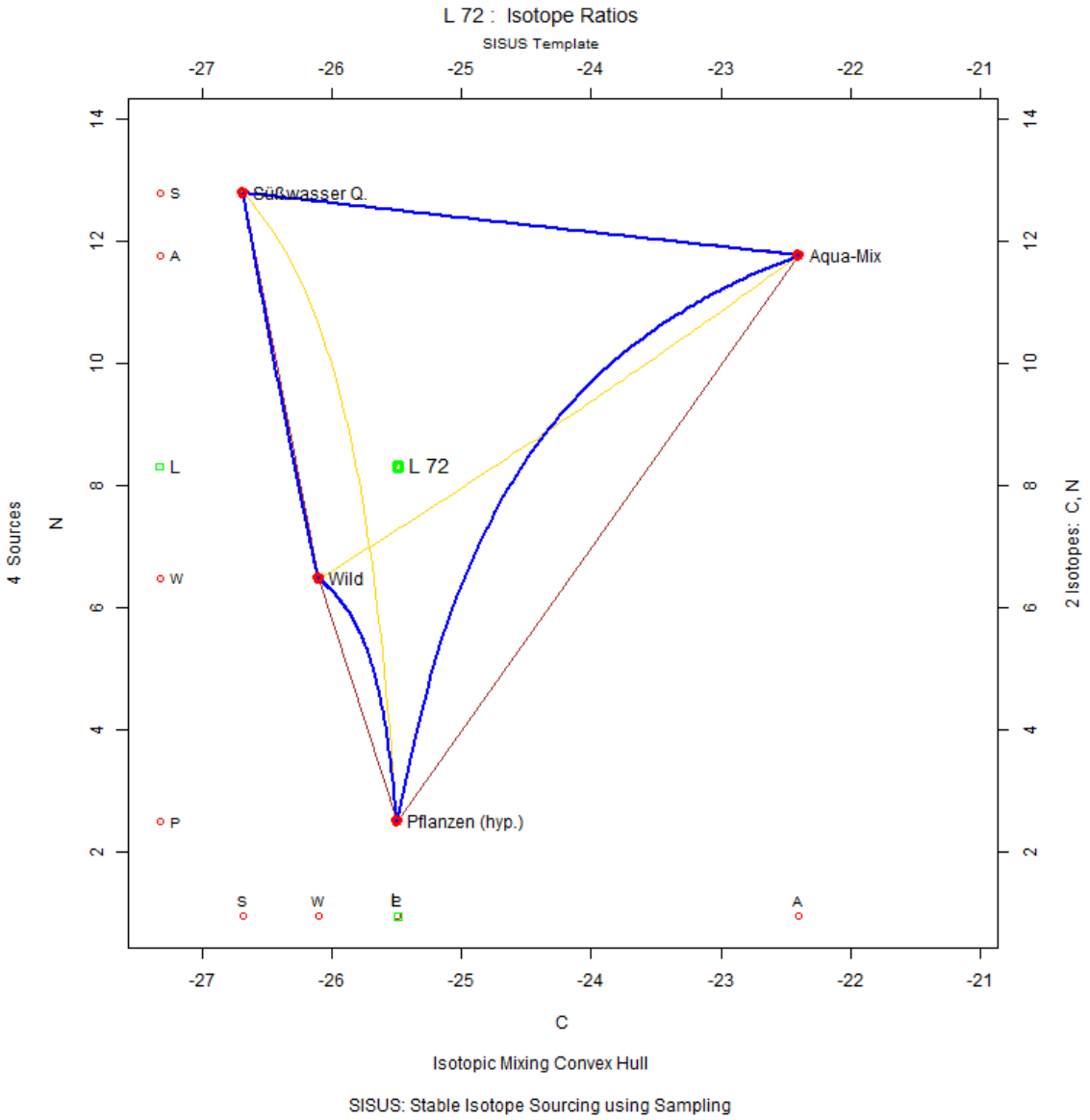


Abbildung 500: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 72. Erstellt mit SISUS.

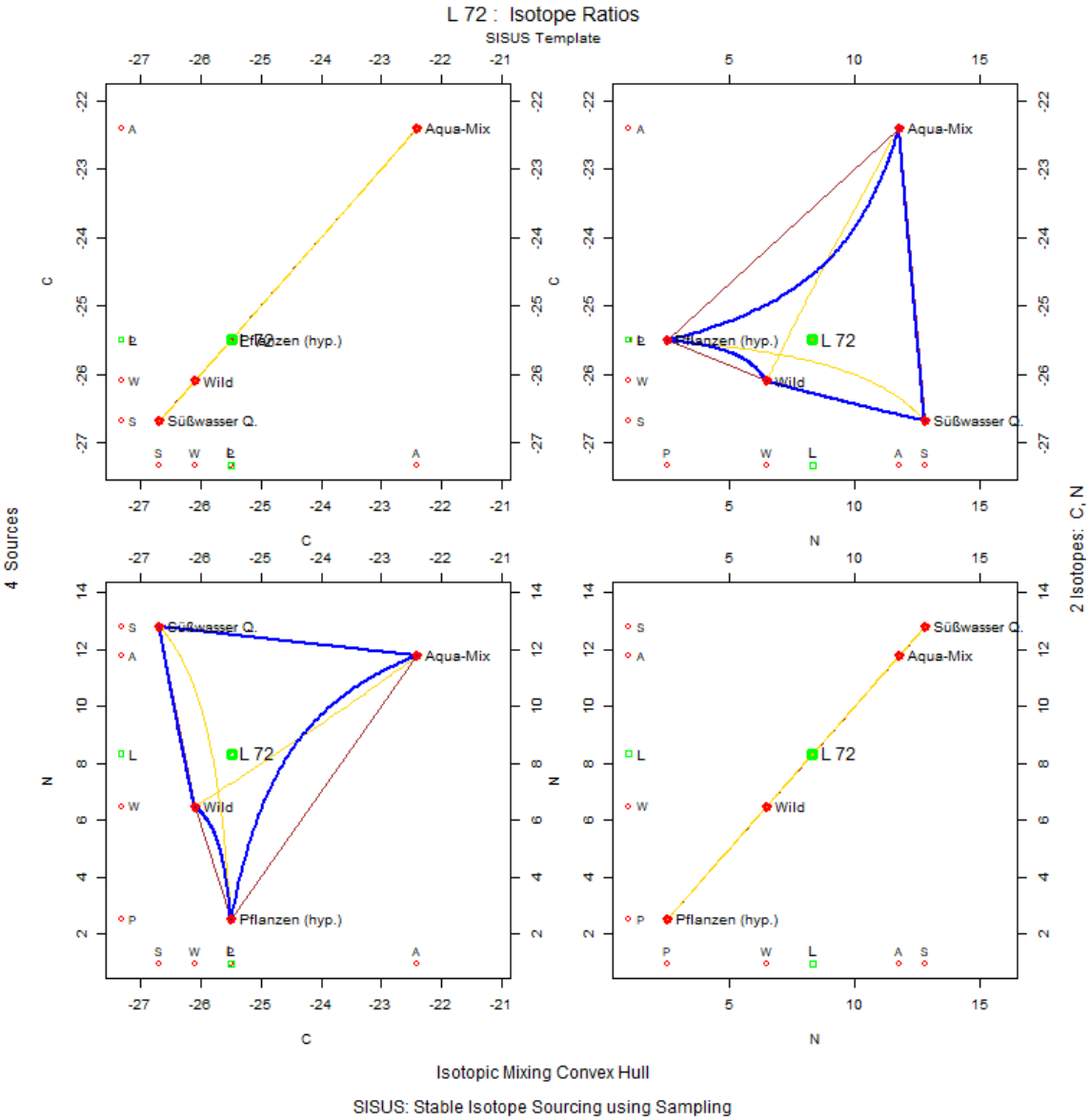


Abbildung 501: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 72 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

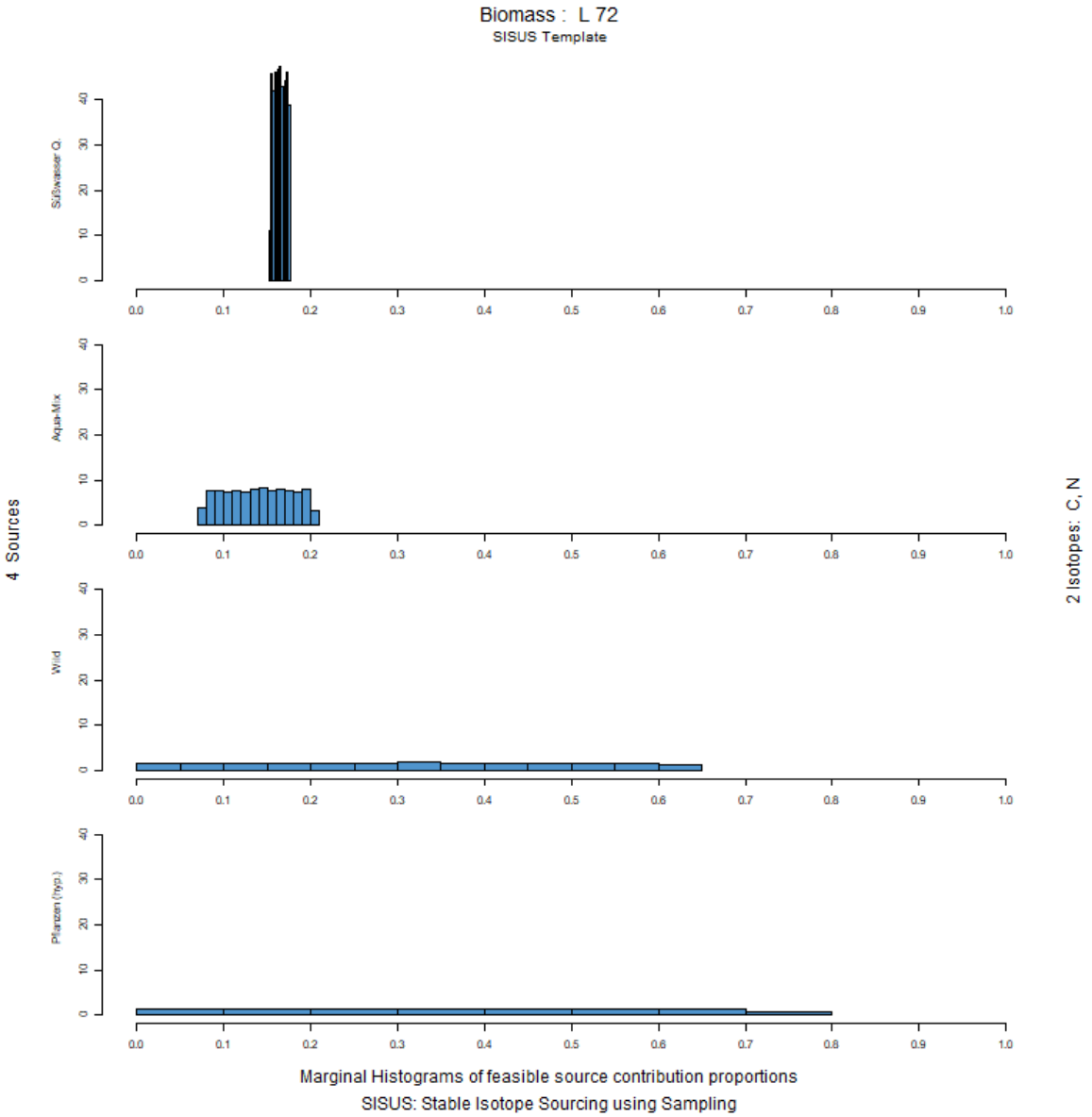


Abbildung 502: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 72. Erstellt mit SISUS.

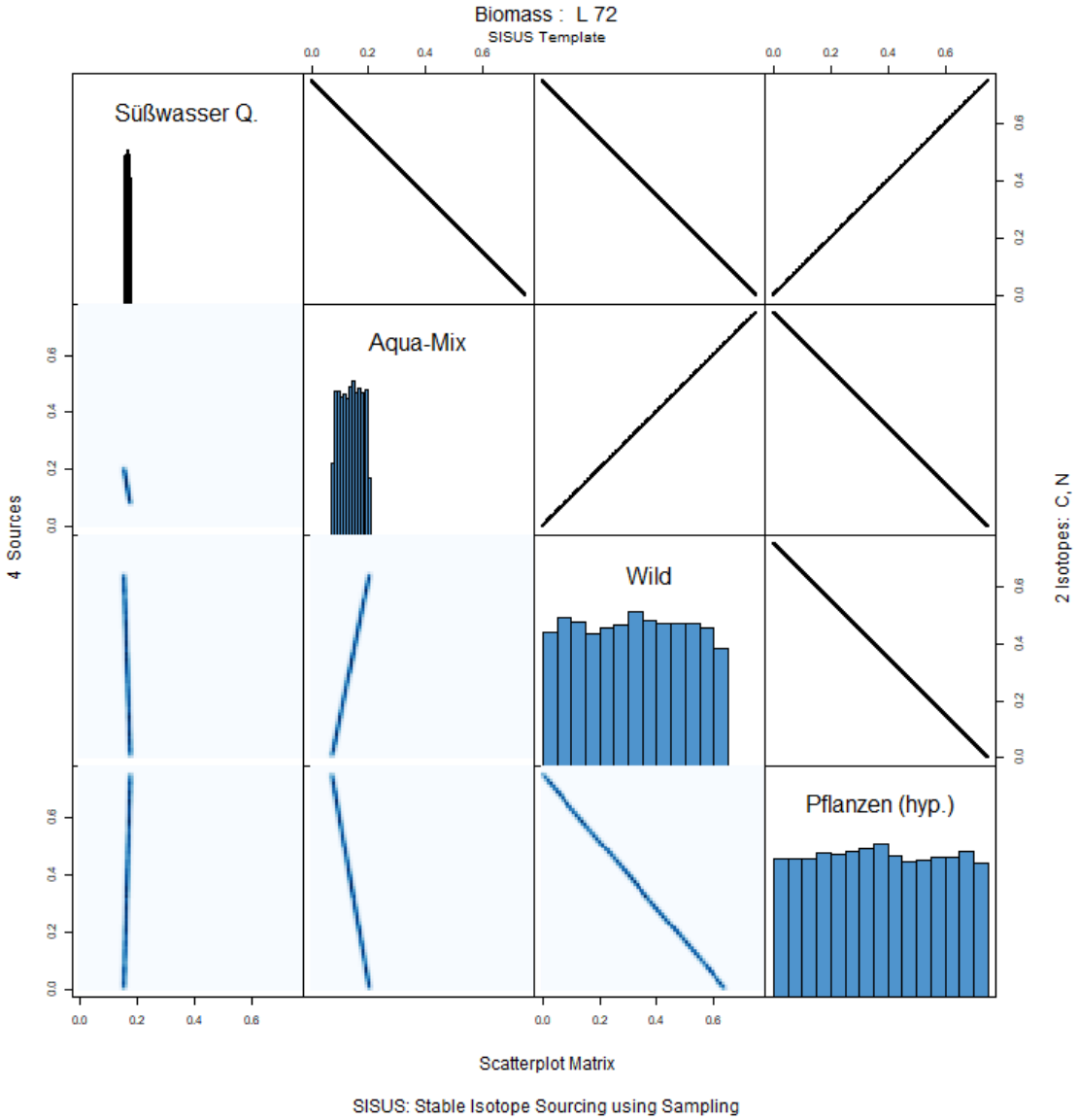


Abbildung 503: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 72. Erstellt mit SISUS.

LV84

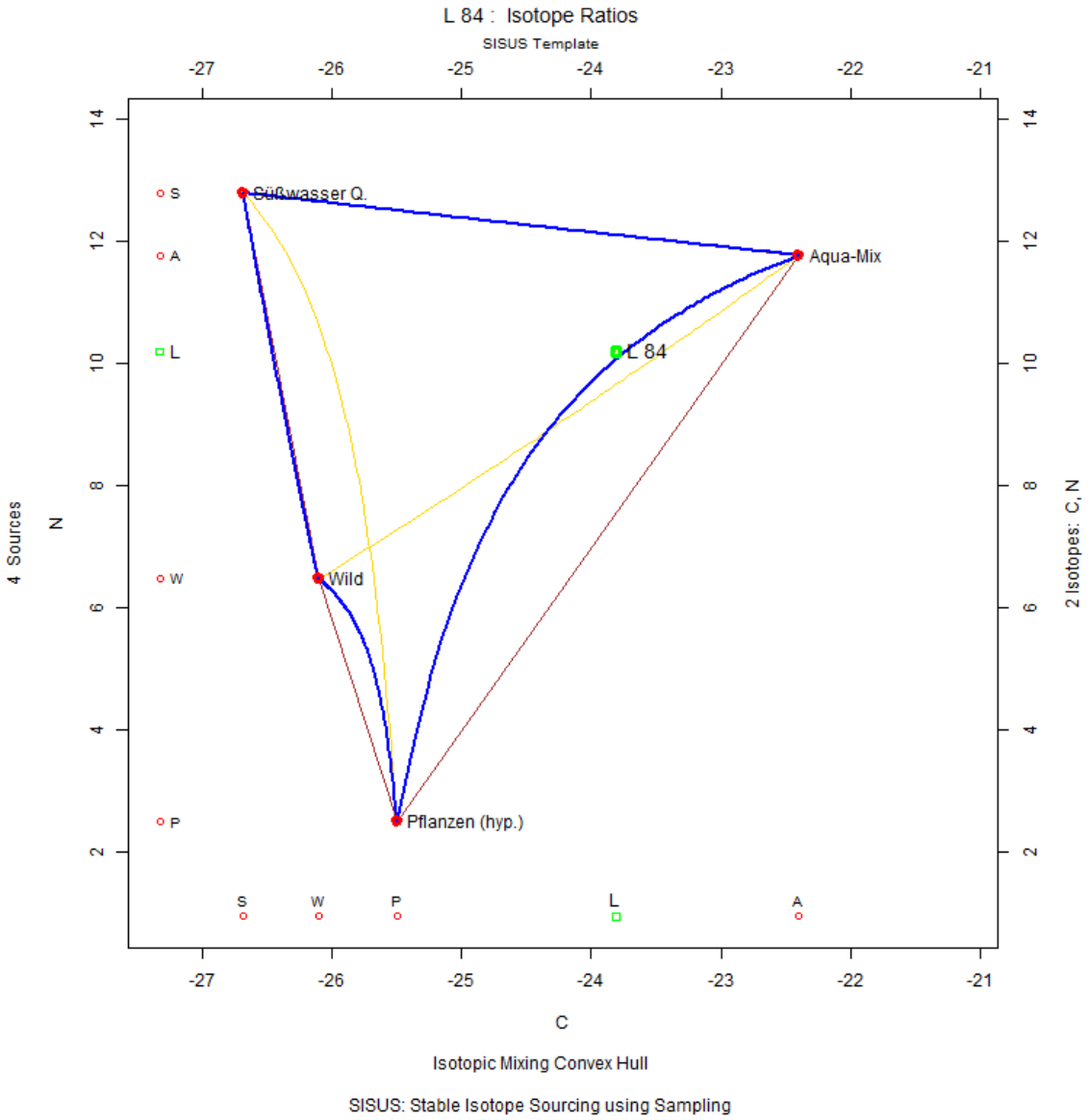


Abbildung 504: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 84. Erstellt mit SISUS.

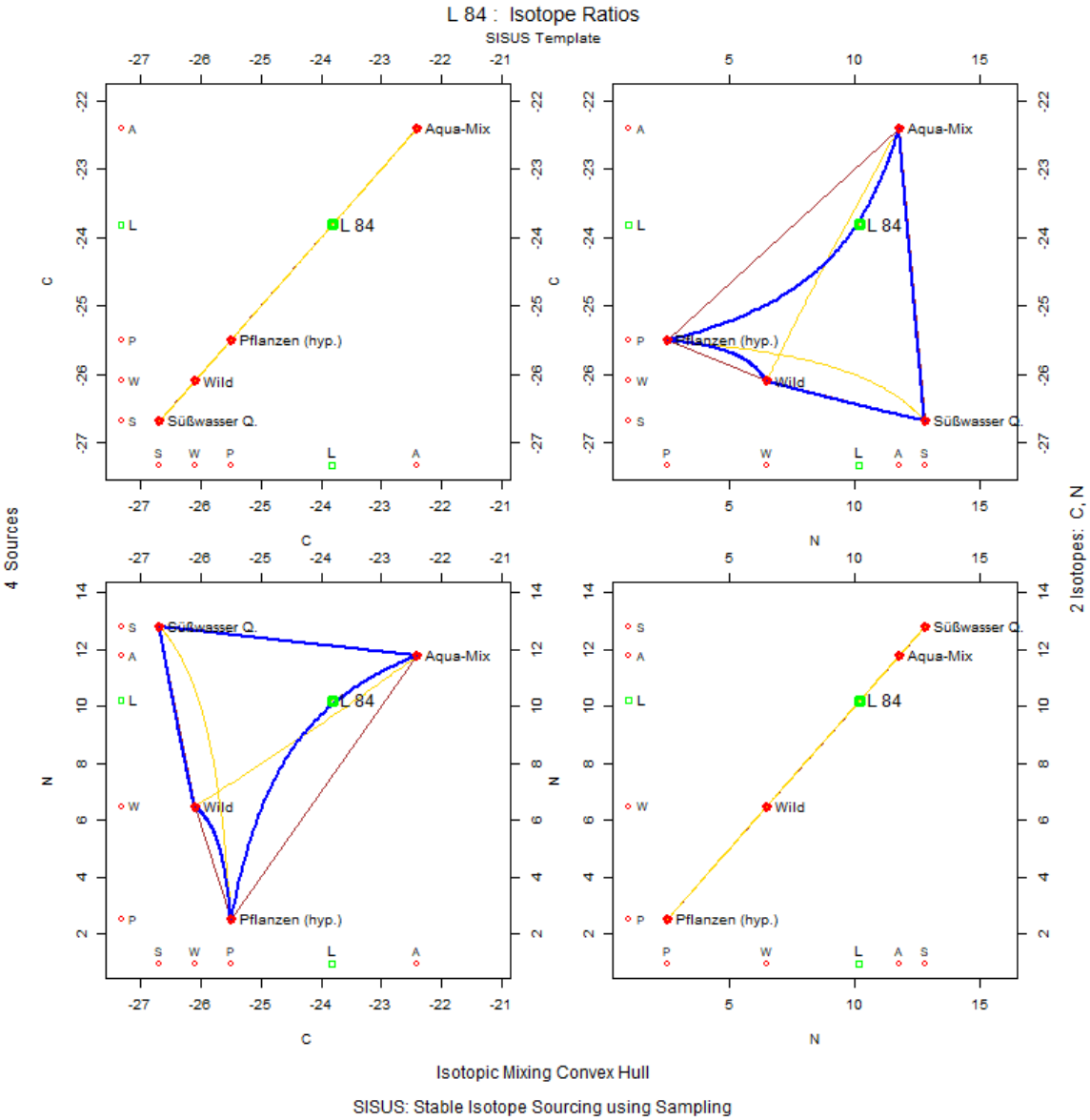


Abbildung 505: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 84 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

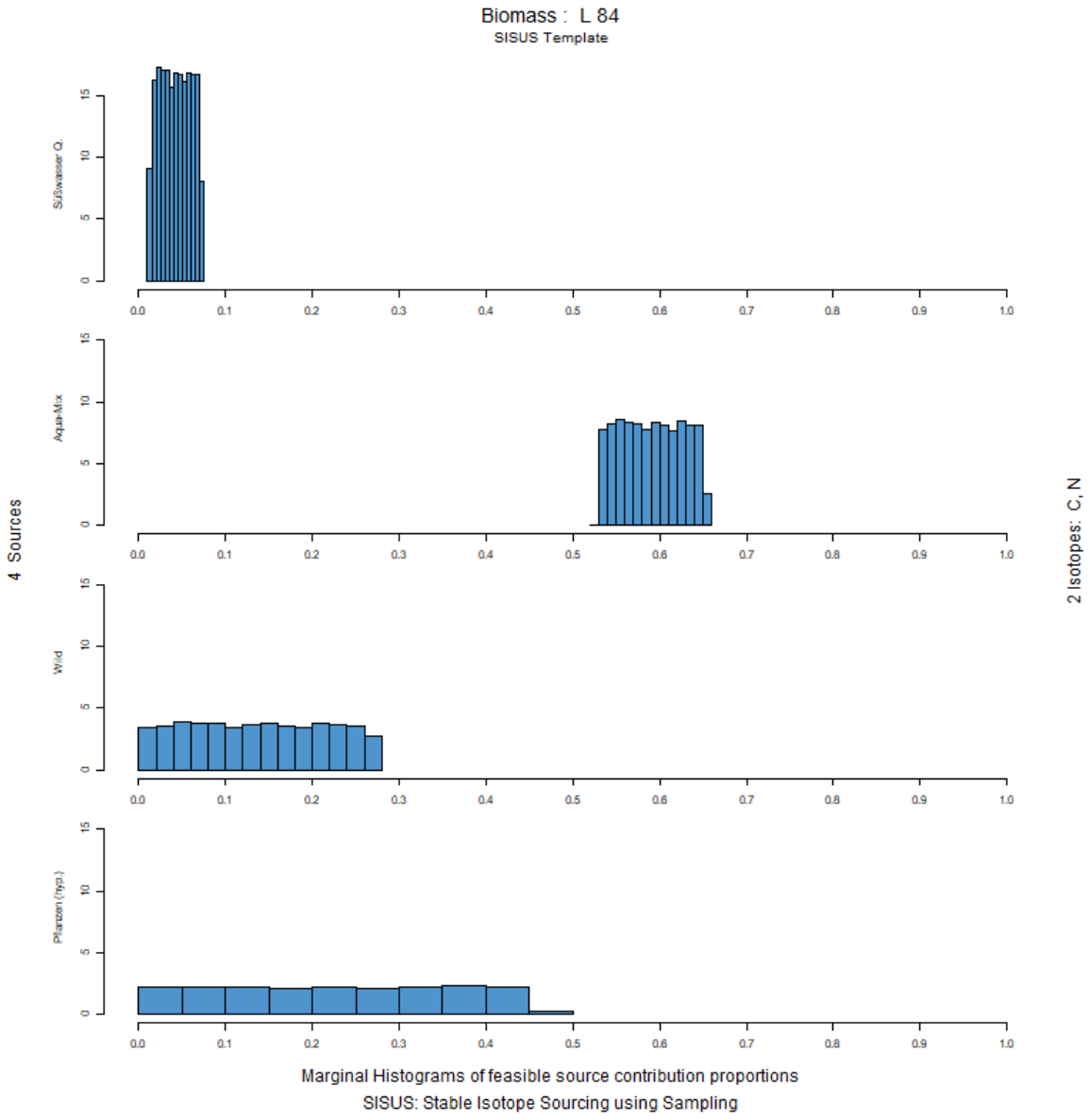


Abbildung 506: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 84. Erstellt mit SISUS.

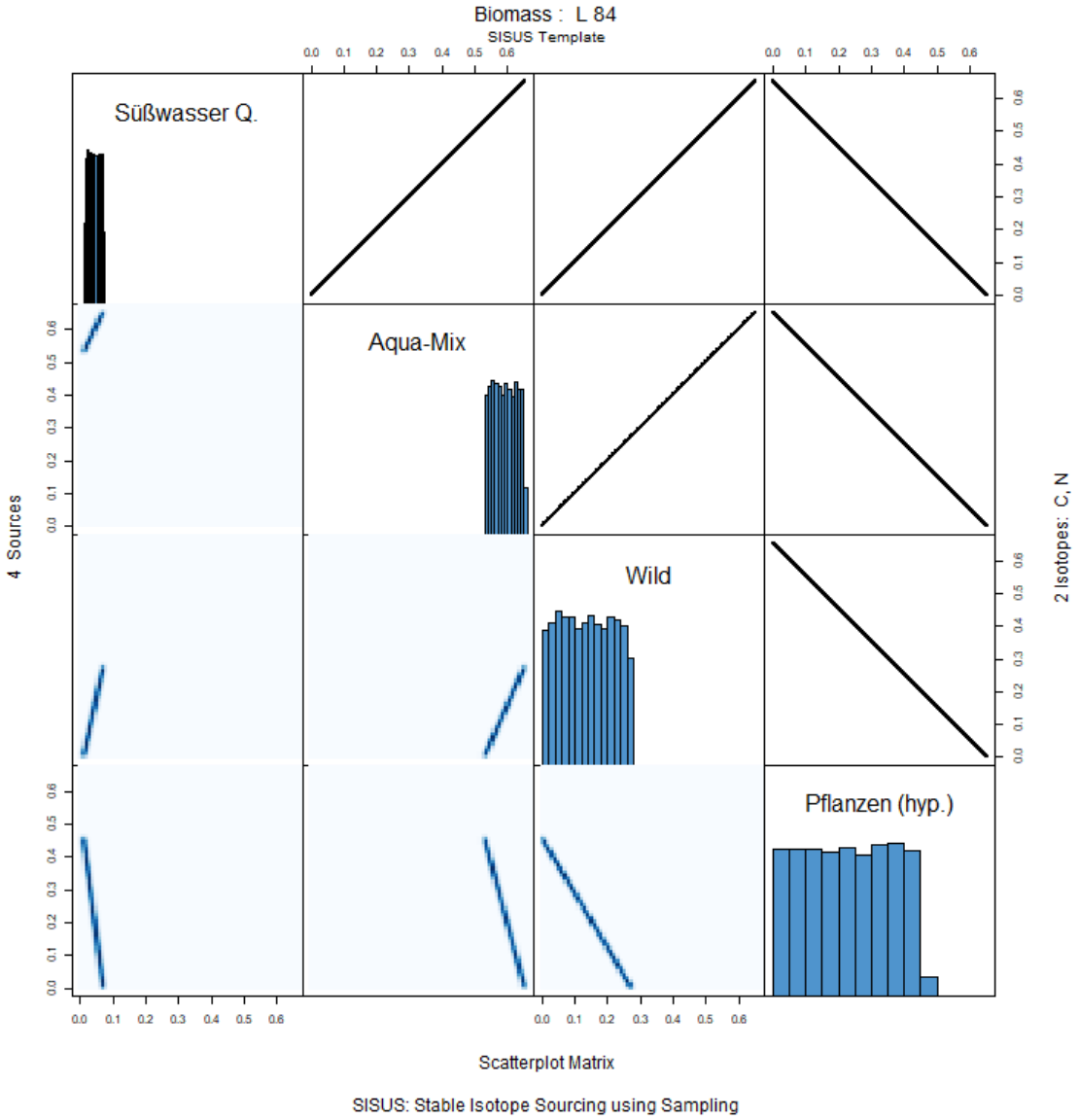


Abbildung 507: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 84. Erstellt mit SISUS.

LV99

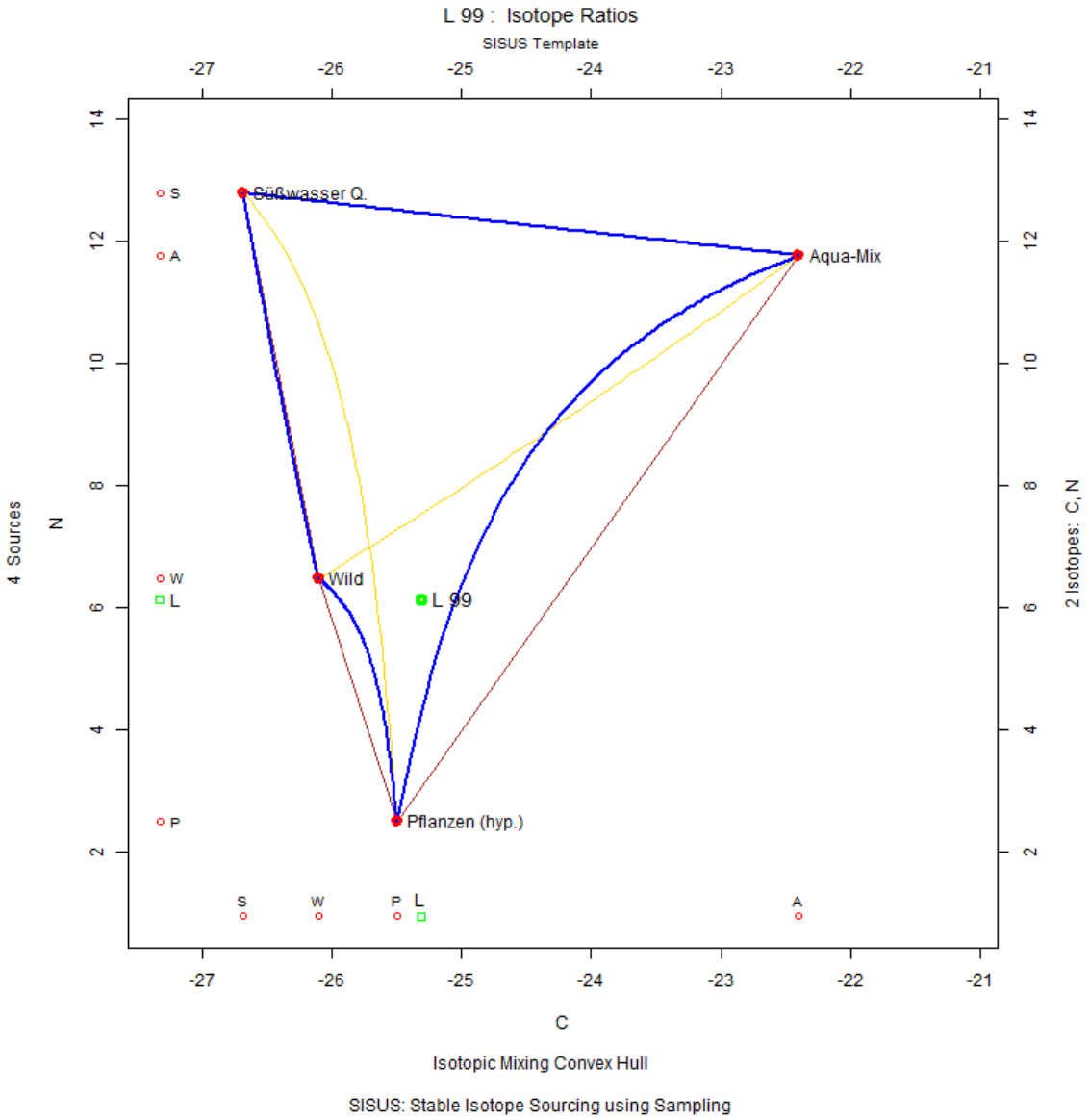


Abbildung 508: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 99. Erstellt mit SISUS.

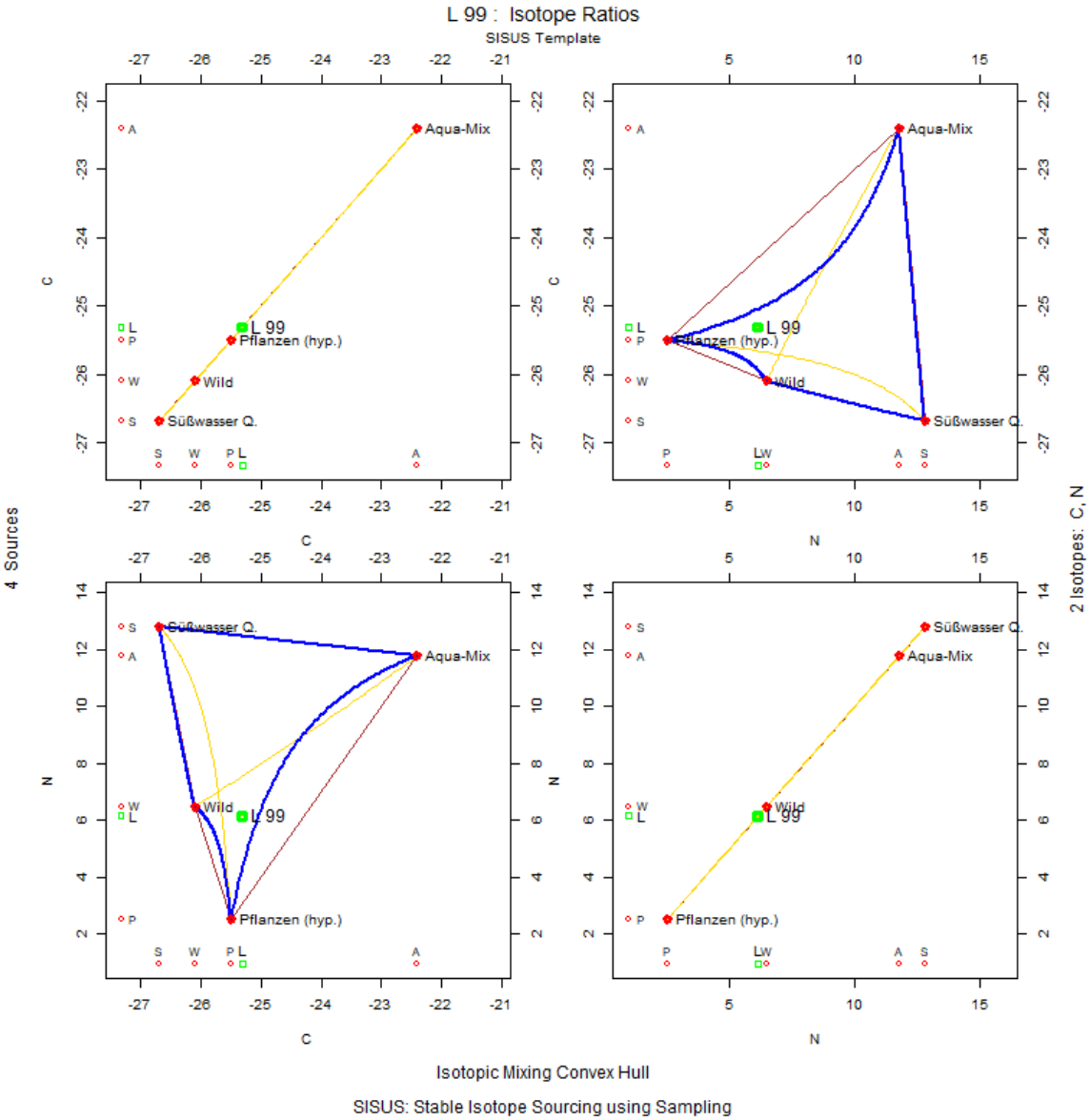


Abbildung 509: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 99 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

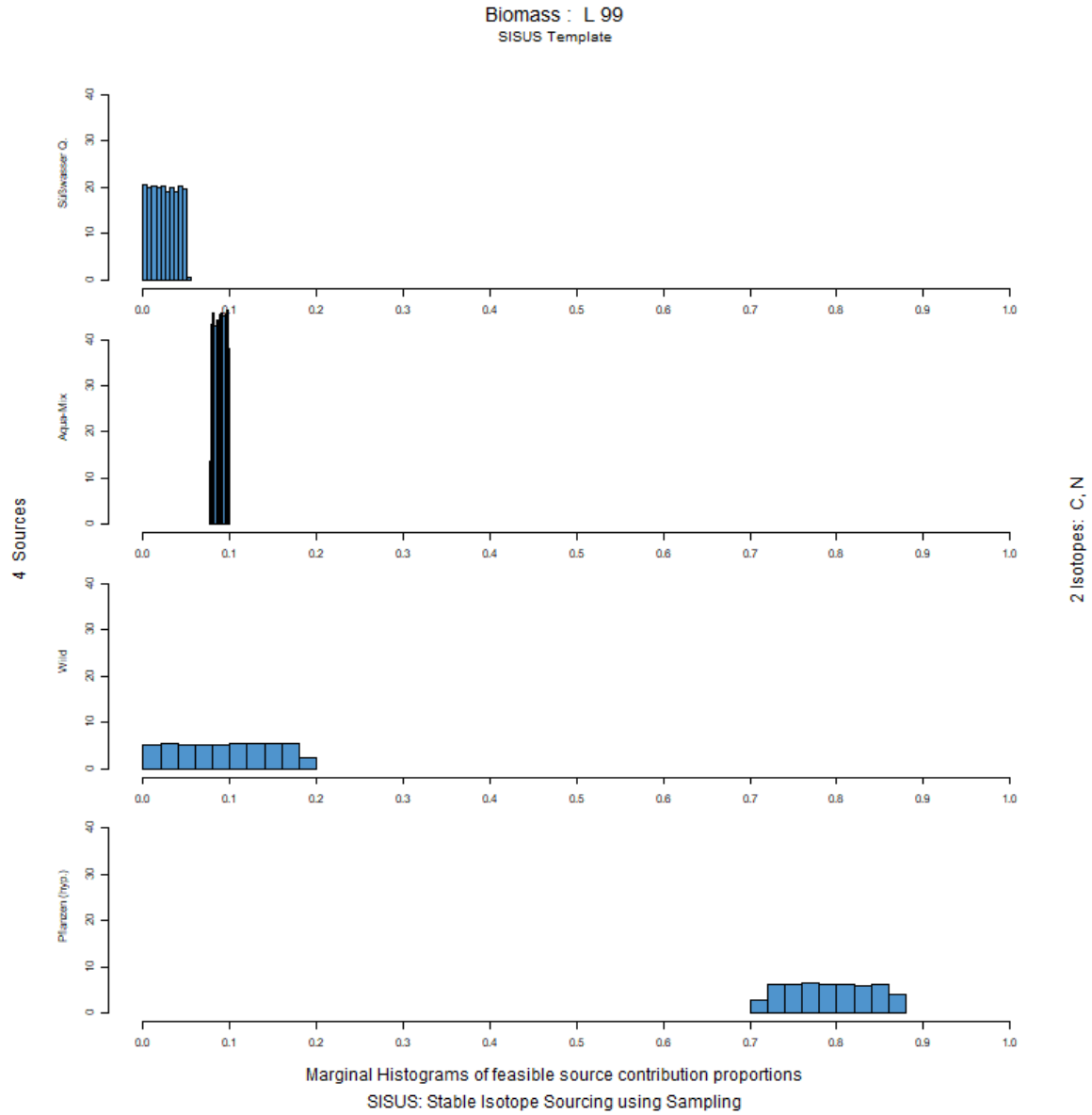


Abbildung 510: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 99. Erstellt mit SISUS.

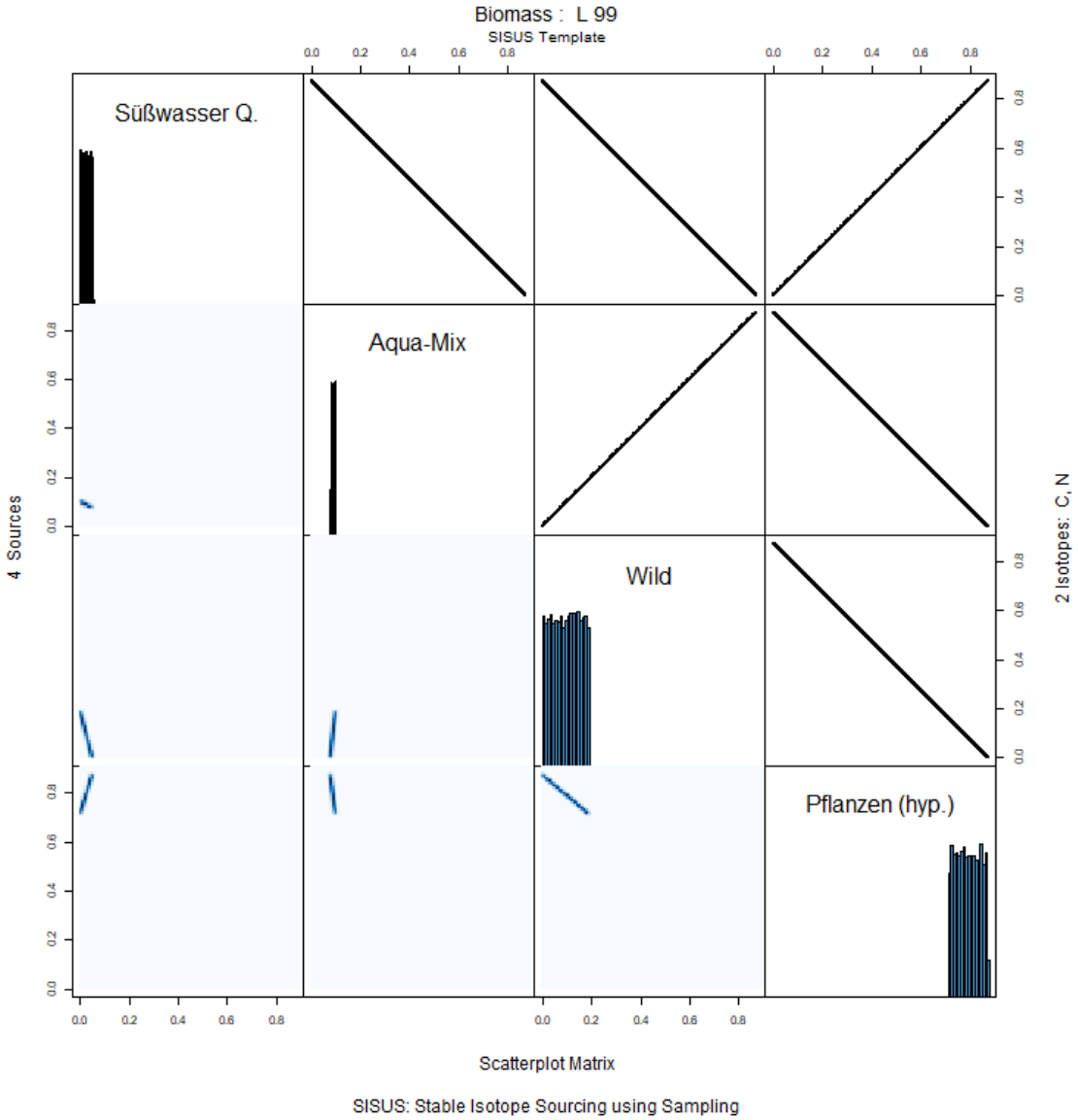


Abbildung 511: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 99. Erstellt mit SISUS.

LV100

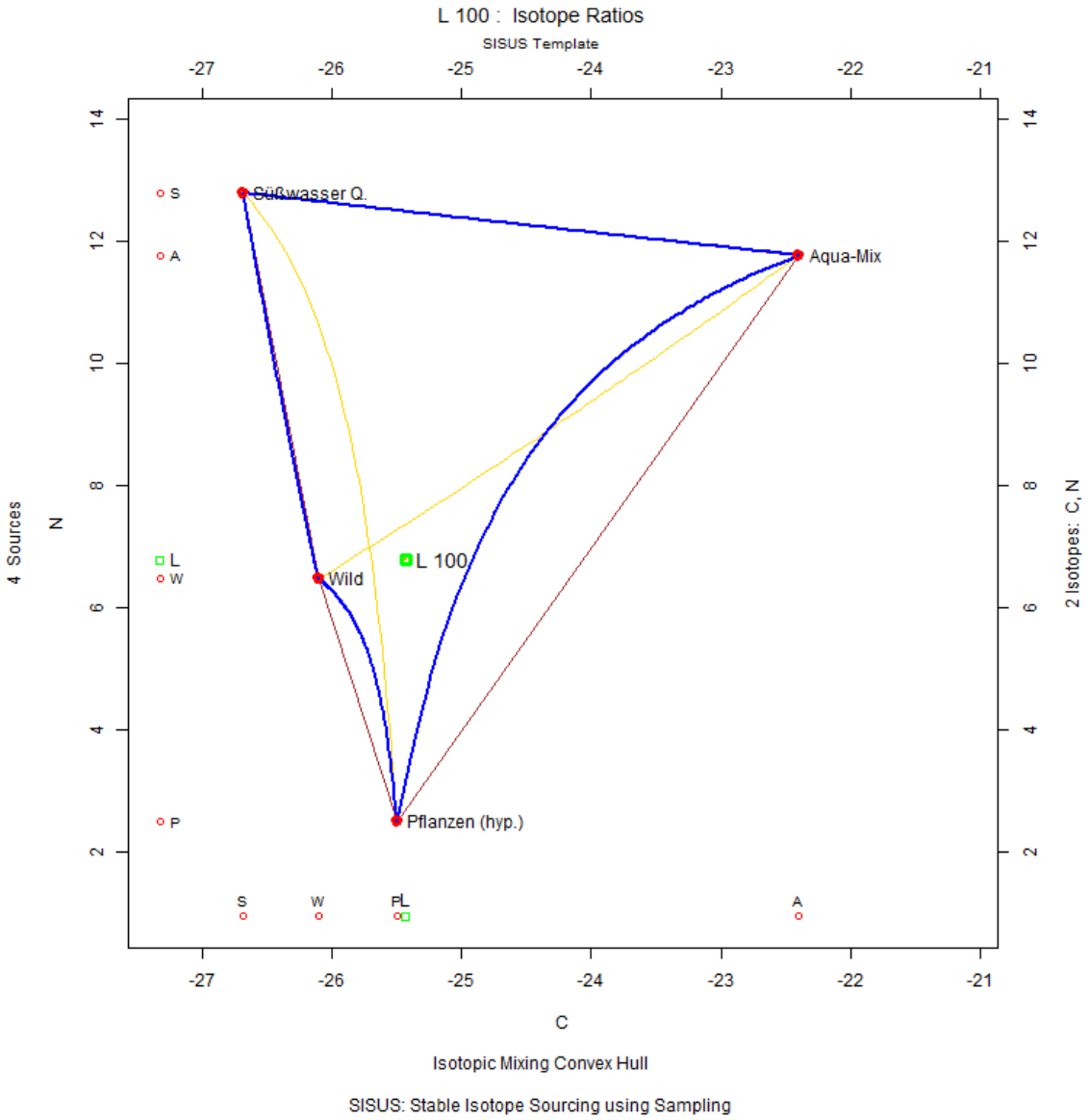


Abbildung 512: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Lepenski Vir (L) 100. Erstellt mit SISUS.

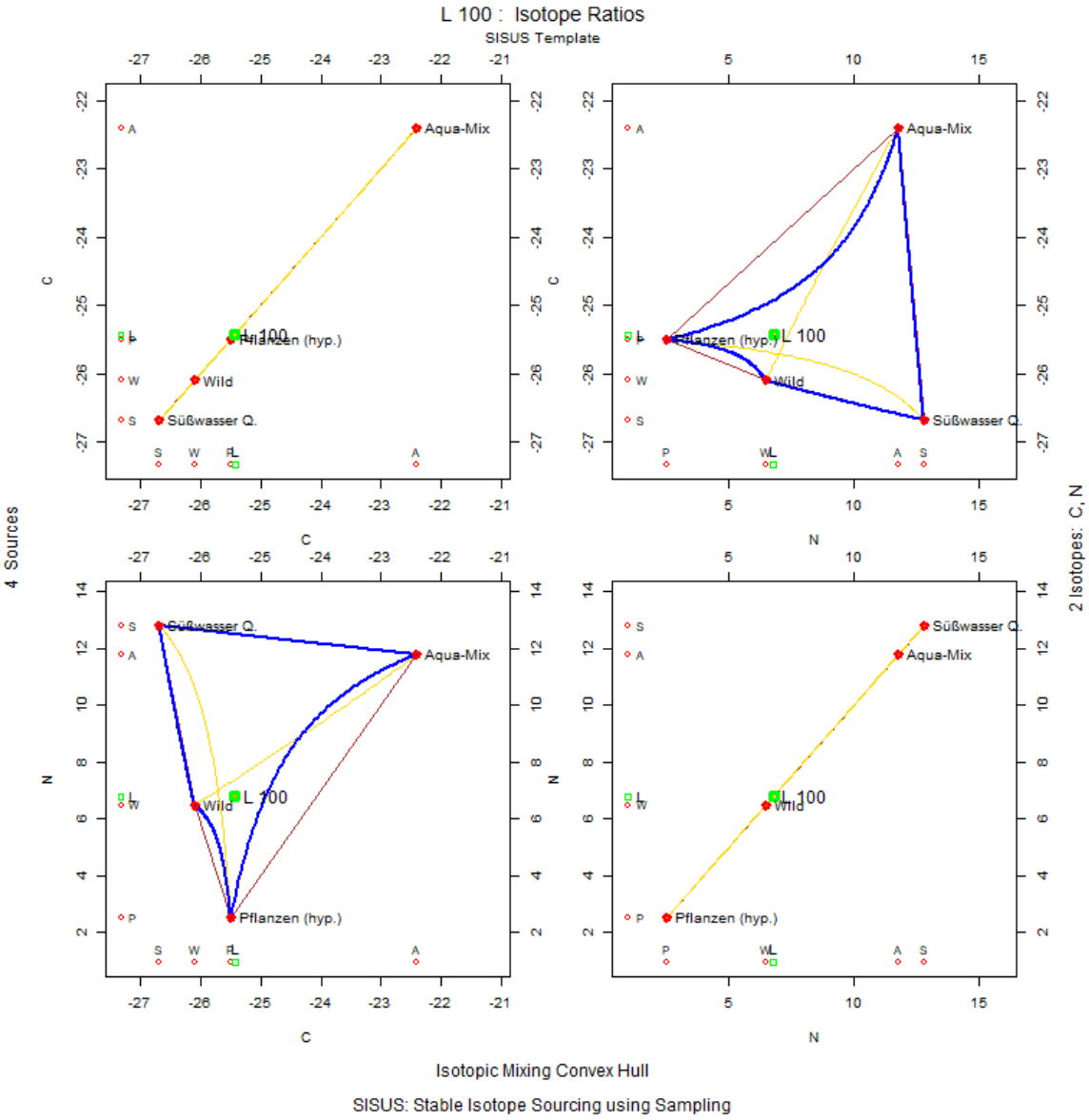


Abbildung 513: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Lepenski Vir (L) 100 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

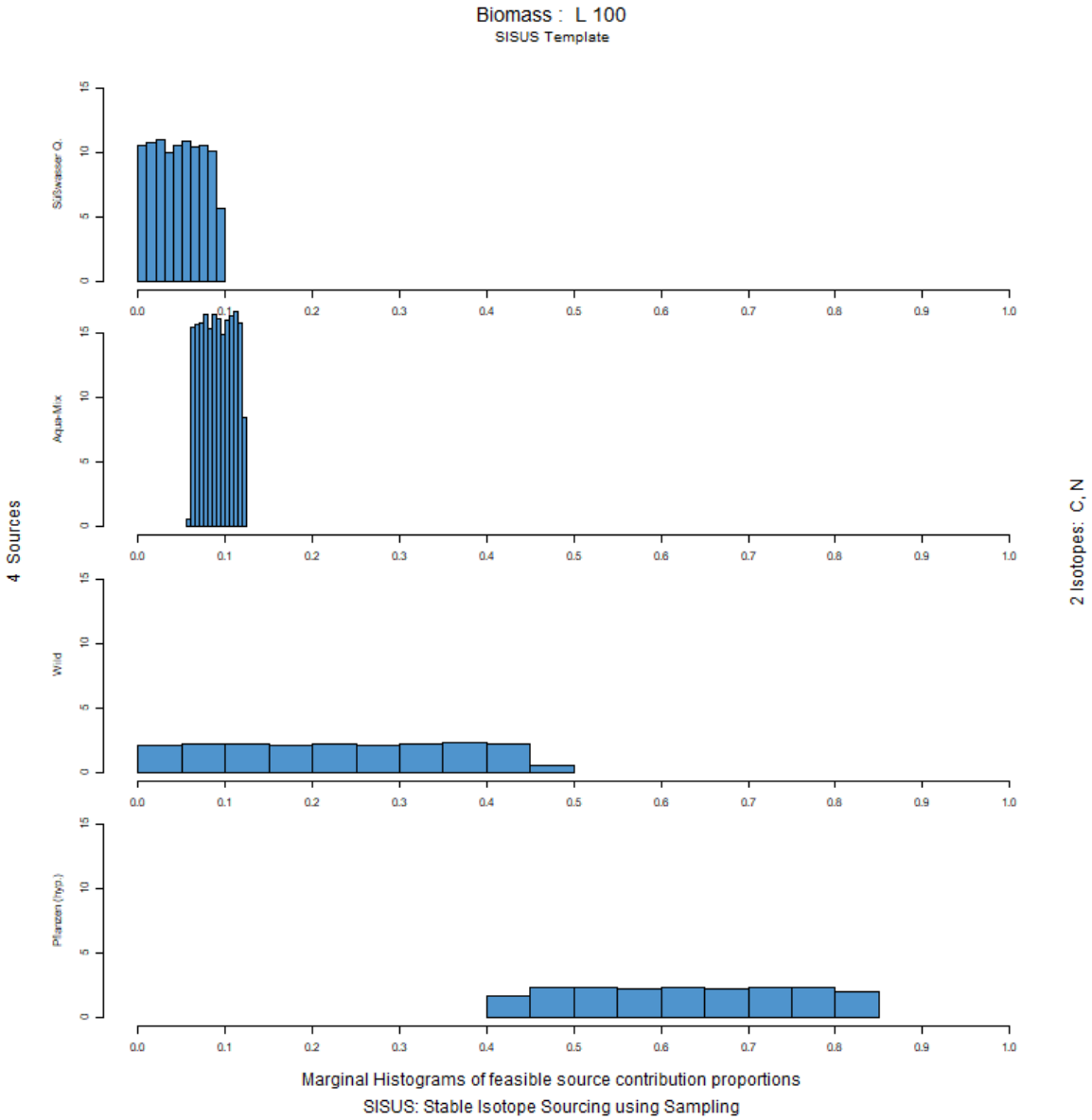


Abbildung 514: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 100. Erstellt mit SISUS.

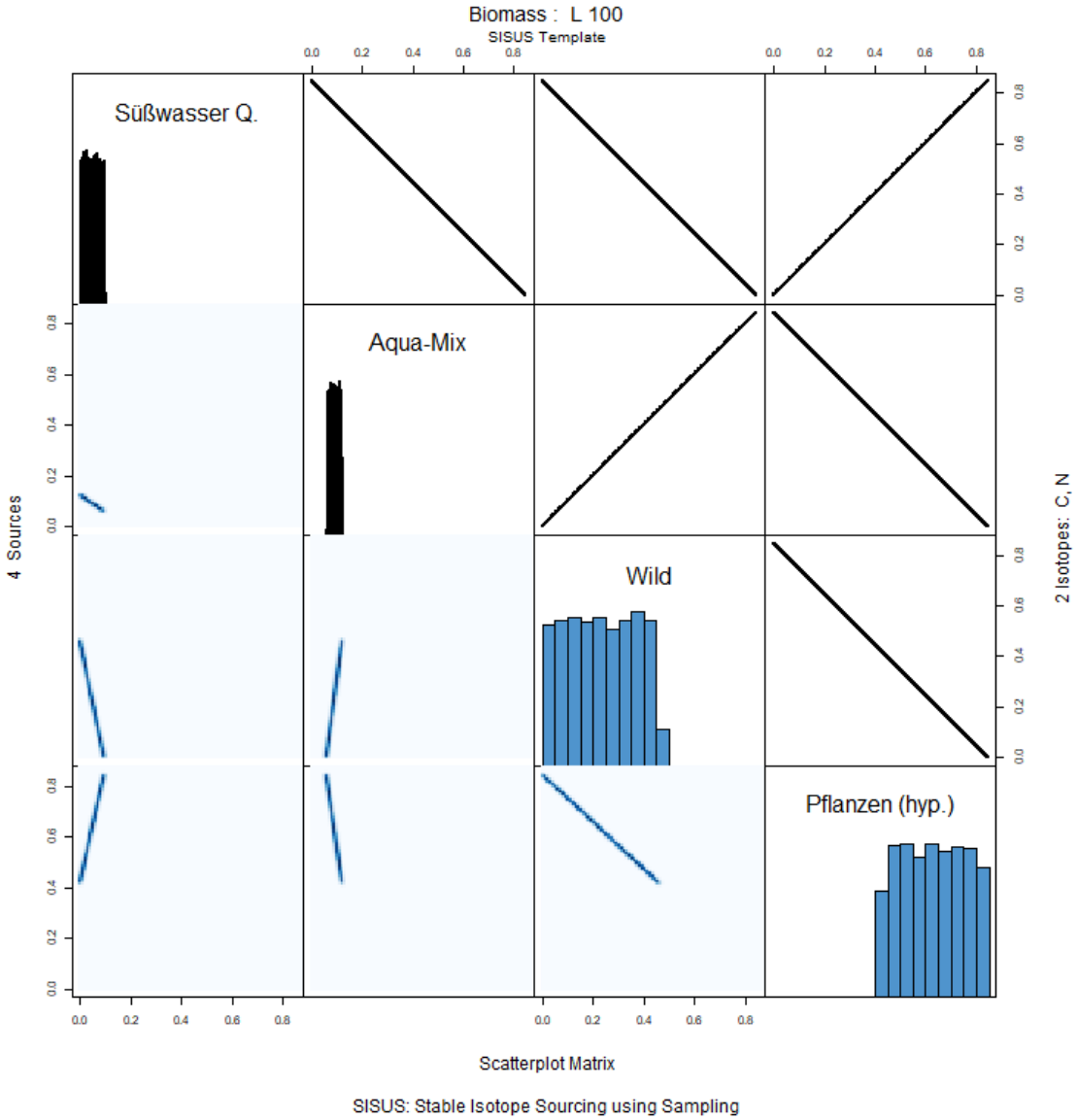


Abbildung 515: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Lepenski Vir (L) 100. Erstellt mit SISUS.

7.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 23: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Lepenski Vir (L). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
L7/Ia	Pflanzen	0,0	34,8	20,1	34,4	70,0	70,0
	Aqua-Mix	26,0	33,3	4,2	33,4	40,6	14,6
	Süßwasser	1,5	2,7	0,7	2,7	4,0	2,5
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	29,1	16,7	29,5	58,0	58,0
L11	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L14	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L17	Pflanzen	0,0	34,4	19,7	34,6	68,7	68,7
	Aqua-Mix	20,4	27,3	4,0	27,3	34,3	13,9
	Süßwasser	10,9	11,2	0,2	11,2	11,5	0,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	27,1	15,5	26,9	54,2	54,2
L19	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L26	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L32b	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L41	Pflanzen	0,0	10,7	6,2	10,6	21,4	21,4
	Aqua-Mix	61,9	65,0	1,8	65,0	68,0	6,1
	Süßwasser	16,7	19,5	1,6	19,5	22,3	5,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	4,8	2,8	4,9	9,7	9,7
L42a	Pflanzen	0,0	35,4	20,4	35,3	70,7	70,7
	Aqua-Mix	16,1	22,9	3,9	22,9	29,7	13,6
	Süßwasser	13,0	13,1	0,05	13,1	13,2	0,2
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	28,5	16,5	28,7	57,2	57,2
L42b	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L47	Pflanzen	0,0	0,5	0,3	0,7	1,0	1,0
	Aqua-Mix	74,3	74,4	0,1	74,4	74,6	0,3
	Süßwasser	24,8	24,9	0,1	24,9	25,1	0,3
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	0,2	0,1	0,2	0,4	
L54b	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x

L54c	Pflanzen	0,0	19,2	11,2	19,2	38,7	38,7
	Aqua-Mix	25,5	30,0	2,6	30,0	34,5	9,0
	Süßwasser	35,9	41,1	3,0	41,1	46,2	10,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	9,7	5,6	9,7	19,3	19,3
L54d	Pflanzen	0,0	24,7	14,2	24,6	49,1	49,1
	Aqua-Mix	27,5	33,1	3,3	33,1	38,8	11,3
	Süßwasser	23,4	28,1	2,7	28,1	32,7	9,3
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	14,2	8,2	14,2	28,5	28,5
L64	Pflanzen	0,0	7,4	4,2	7,3	14,8	14,8
	Aqua-Mix	43,0	45,0	1,1	45,0	46,9	3,9
	Süßwasser	42,2	44,7	1,4	44,7	7,2	5,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	3,0	1,7	3,0	5,9	59,1
L68	Pflanzen	0,0	29,3	16,9	29,3	58,4	58,4
	Aqua-Mix	16,3	22,3	3,5	22,3	28,4	12,2
	Süßwasser	25,4	29,7	2,5	29,7	34,0	8,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	18,7	10,9	18,8	37,6	37,6
L69	Pflanzen	0,0	12,5	7,2	12,4	25,2	25,2
	Aqua-Mix	46,8	50,2	1,9	50,2	53,5	6,7
	Süßwasser	28,0	31,6	2,0	31,6	35,1	7,1
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	5,7	3,3	5,8	11,4	11,4
L70	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L72	Pflanzen	0,0	37,1	21,7	37,0	75,0	75,0
	Aqua-Mix	7,4	14,0	3,8	14,0	20,4	13,0
	Süßwasser	15,3	16,5	0,6	16,5	17,6	2,2
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	32,4	18,6	32,5	64,2	64,2
L84	Pflanzen	0,0	22,7	13,2	22,7	45,8	45,8
	Aqua-Mix	53,0	59,2	3,6	59,2	65,3	12,3
	Süßwasser	1,2	4,3	1,7	4,3	7,2	6,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	13,8	7,9	13,9	27,5	27,4
L89b	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L90	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
L91	Pflanzen	0,0	29,1	16,8	29,2	58,1	58,1
	Aqua-Mix	13,9	19,8	3,4	19,8	25,8	11,9
	Süßwasser	28,0	32,6	2,6	32,6	37,2	9,2
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	18,4	10,7	18,4	37,0	37,0
L93	Pflanzen	0,0	32,4	19,0	32,2	65,5	65,5
	Aqua-Mix	18,1	24,8	3,9	24,9	31,4	13,3
	Süßwasser	16,4	18,5	1,2	18,5	20,4	4,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	24,3	13,9	24,4	48,2	48,2
L99	Pflanzen	71,149	79,3	4,7	79,3	87,2	16,1
	Aqua-Mix	7,7	8,8	0,6	8,8	10,0	2,2
	Süßwasser	0,0	2,5	1,4	2,5	5,0	5,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	9,4	5,5	9,3	18,9	18,9
L100	Pflanzen	41,5	63,0	12,5	68,9	84,5	43,0
	Aqua-Mix	6,0	9,1	1,8	9,1	12,3	6,3
	Süßwasser	0,0	4,8	2,8	4,7	9,5	9,5
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	23,1	13,4	23,2	46,3	46,3

8 Serbien – Vlasac

8.1 IsoConc: Abbildungen

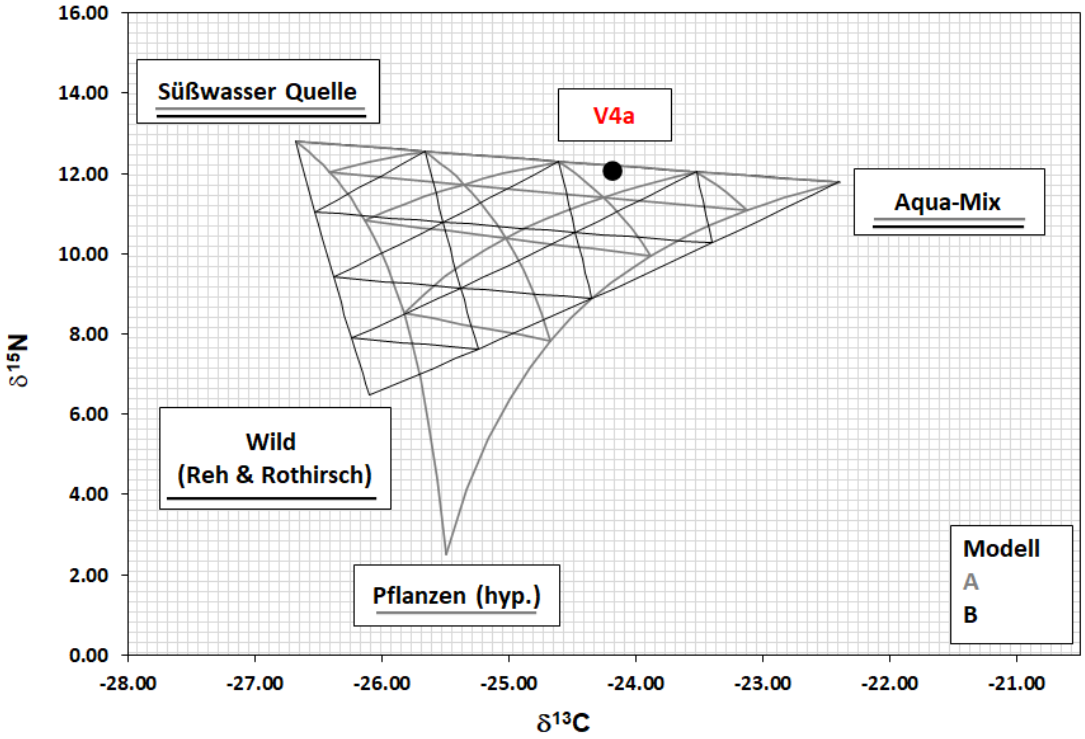


Abbildung 516: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4a. Erstellt mit IsoConc.

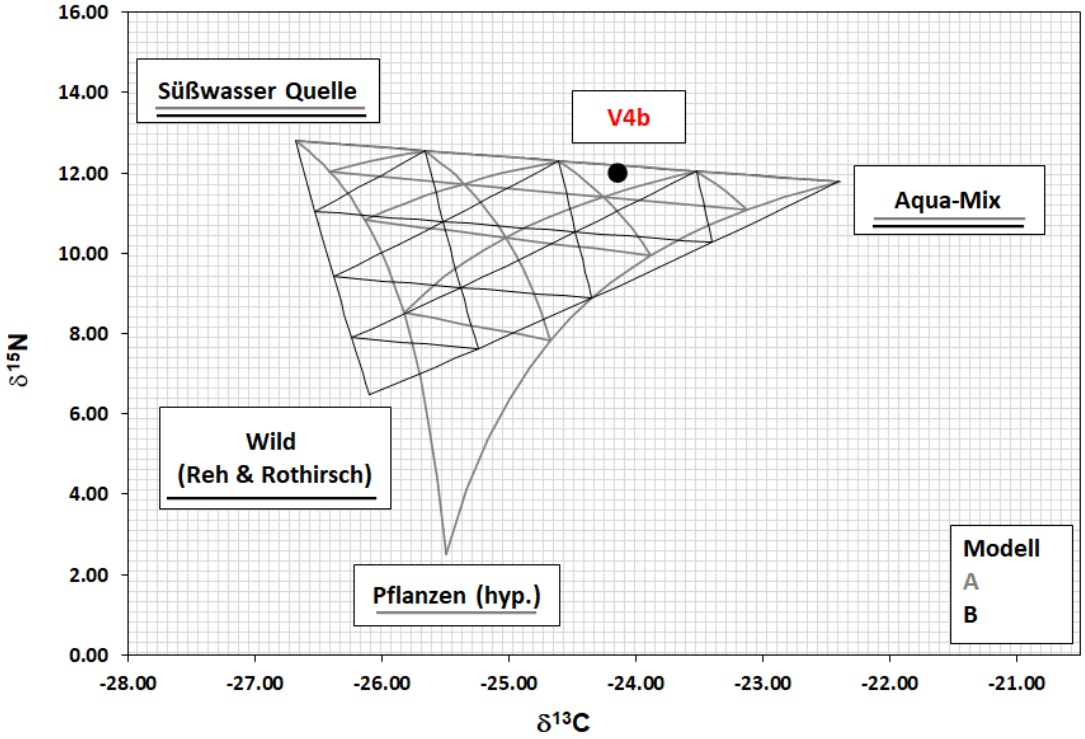


Abbildung 517: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4b. Erstellt mit IsoConc.

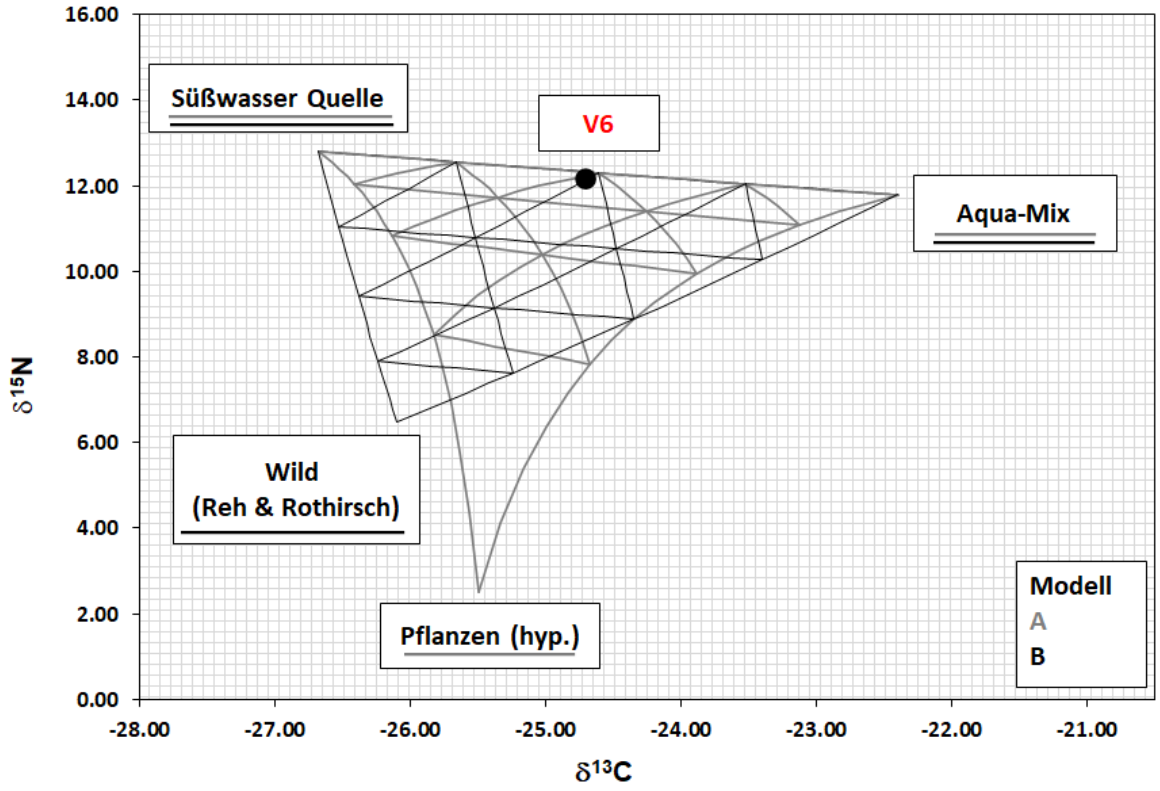


Abbildung 518: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 6. Erstellt mit IsoConc.

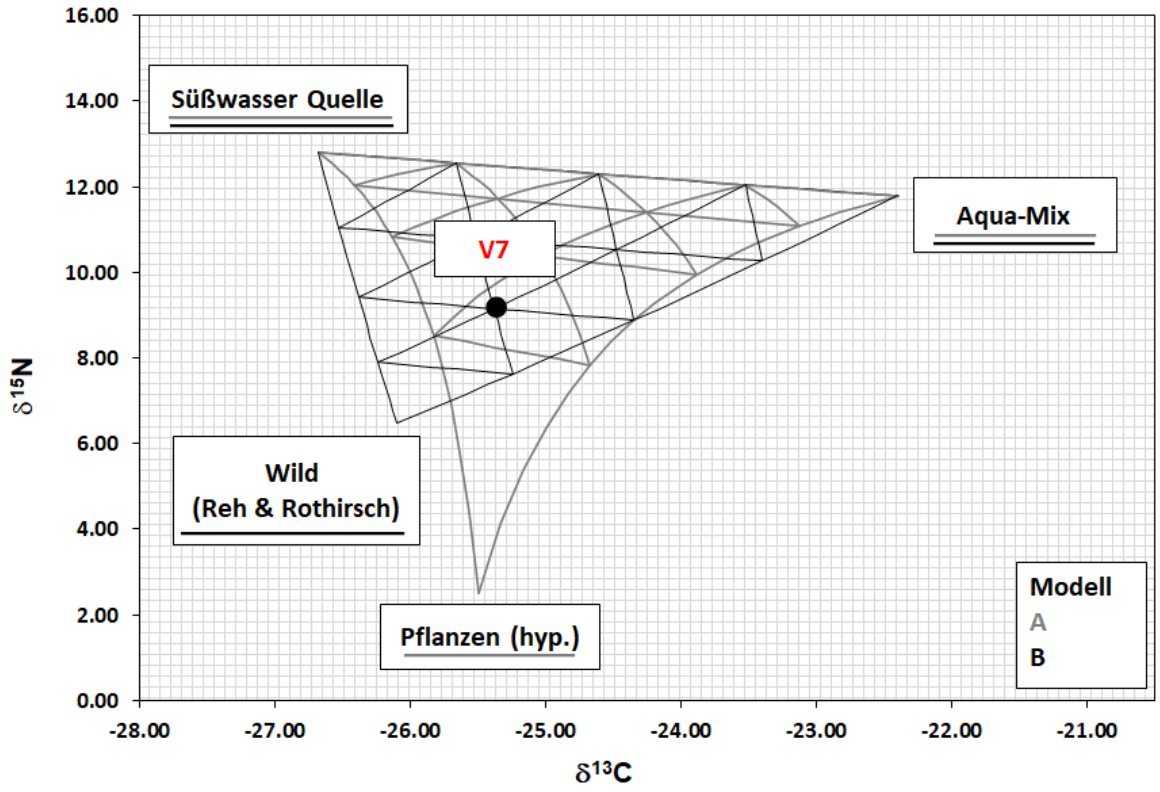


Abbildung 519: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 7. Erstellt mit IsoConc.

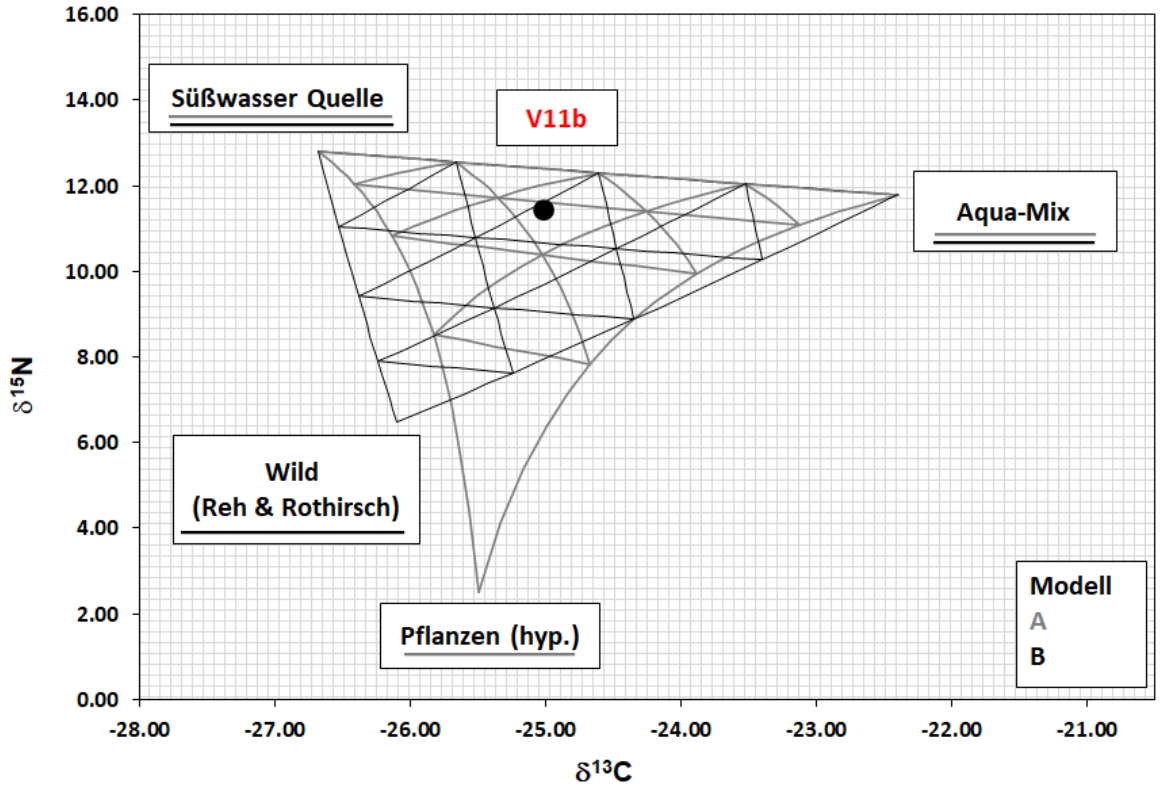


Abbildung 520: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 11b. Erstellt mit IsoConc.

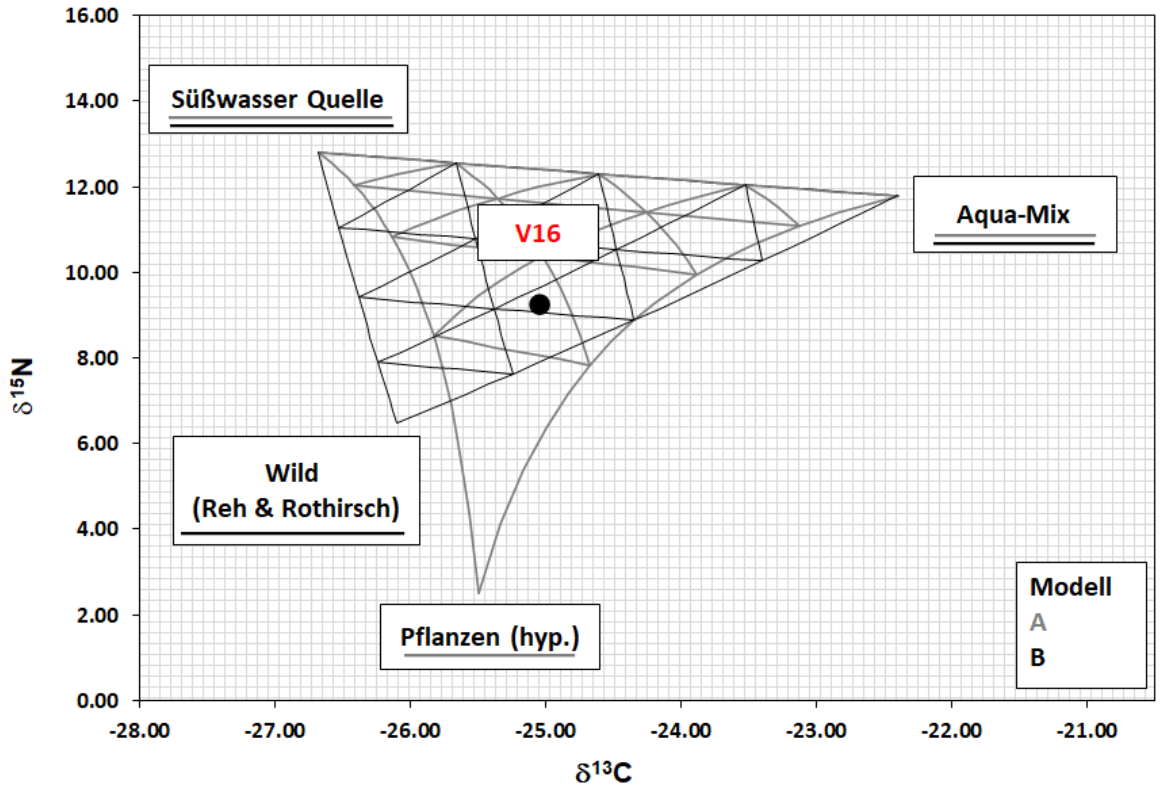


Abbildung 521: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 16. Erstellt mit IsoConc.

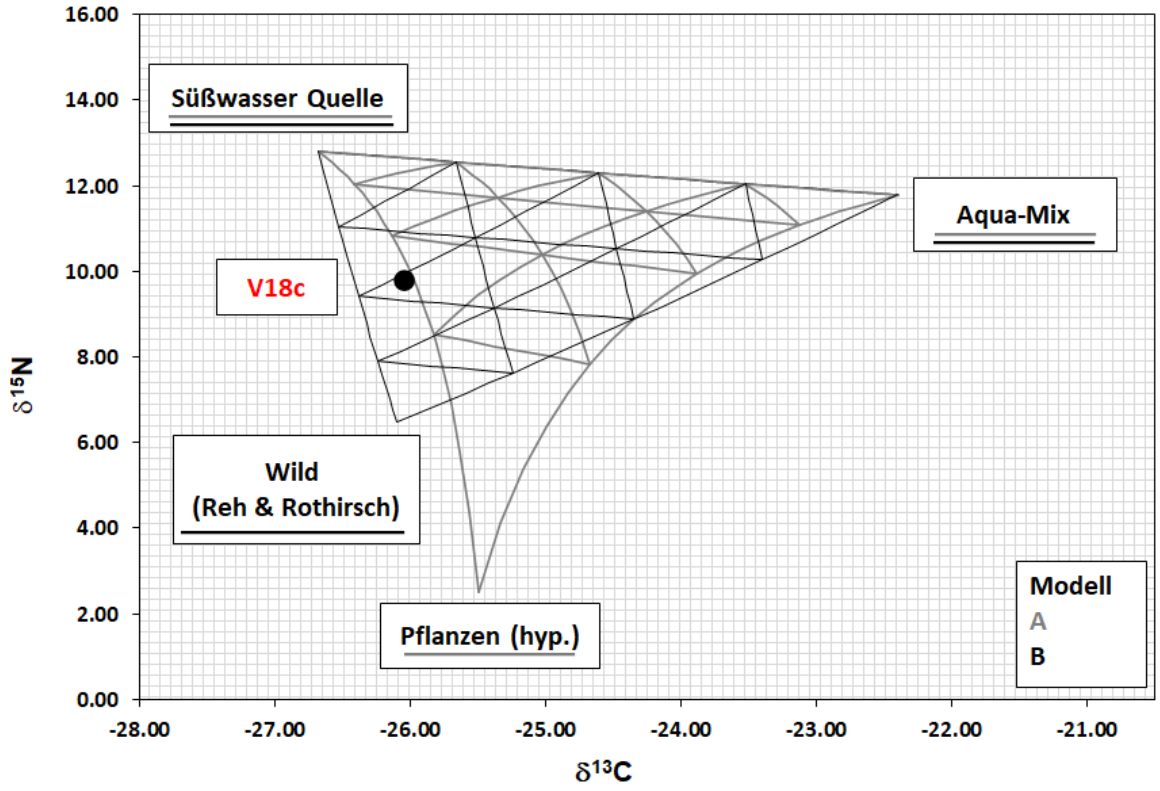


Abbildung 522: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 18c. Erstellt mit IsoConc.

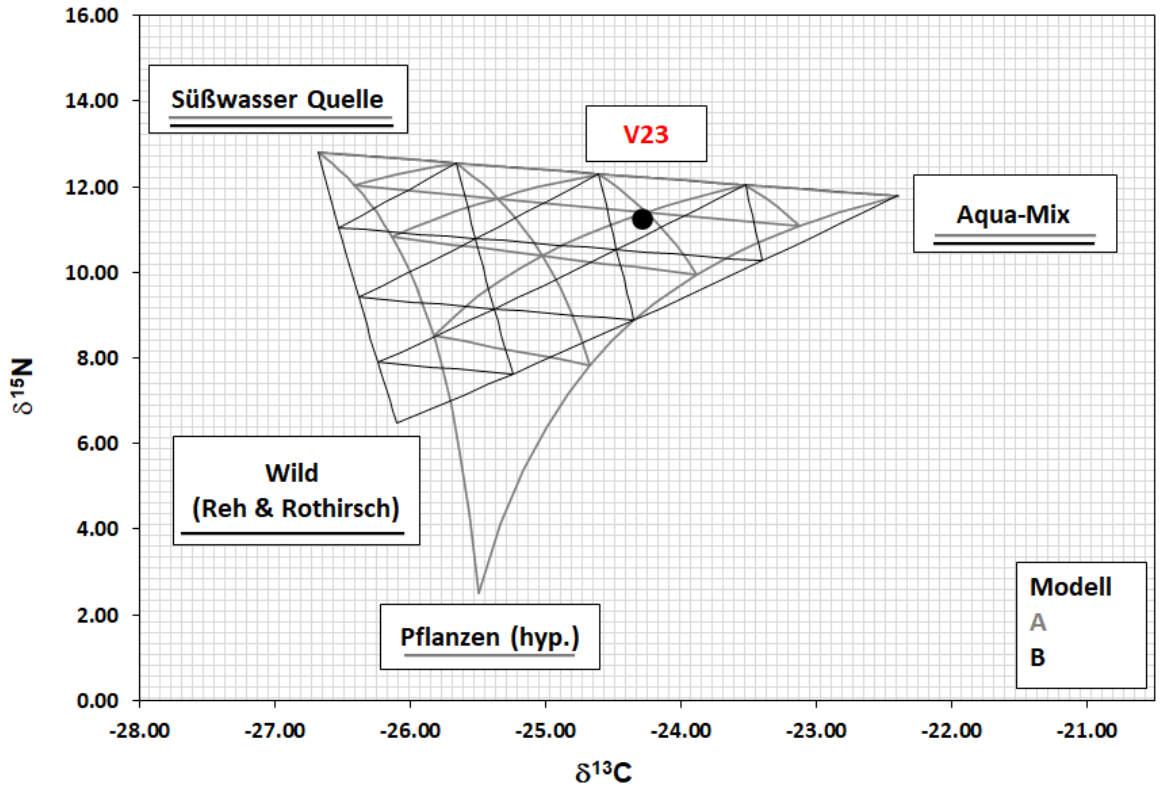


Abbildung 523: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 23. Erstellt mit IsoConc.

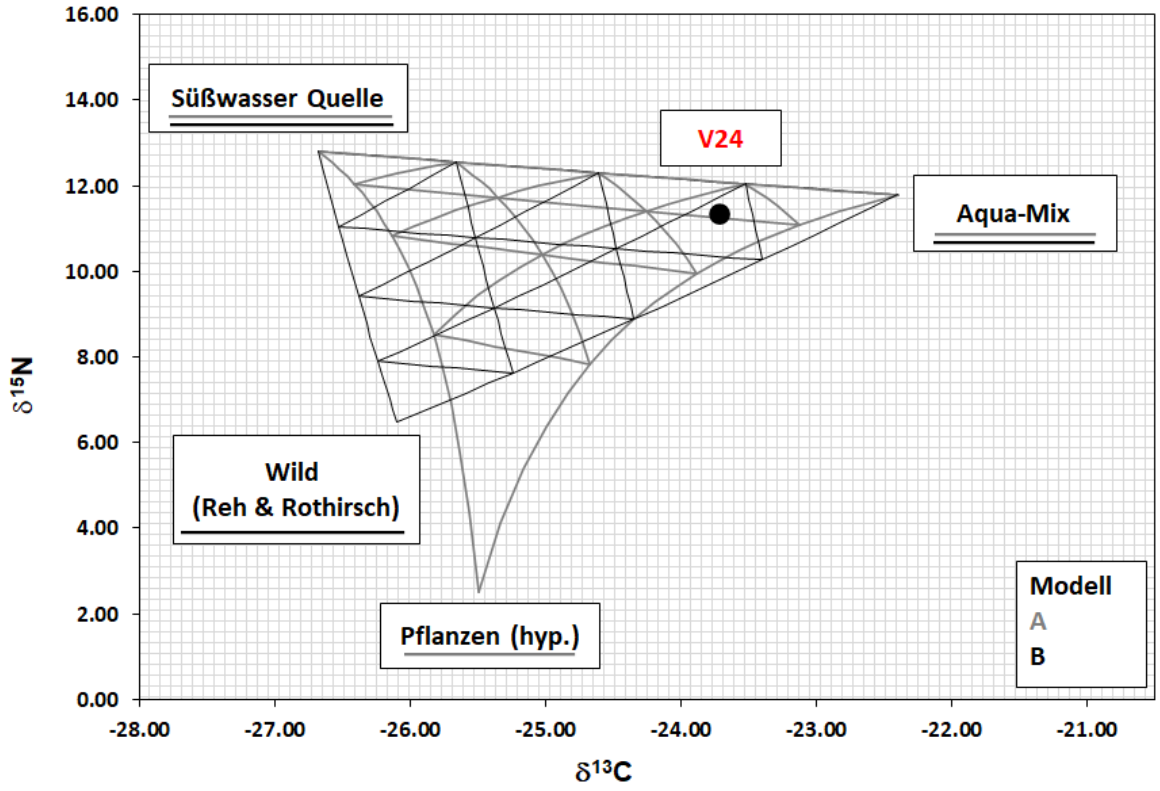


Abbildung 524: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 24. Erstellt mit IsoConc.

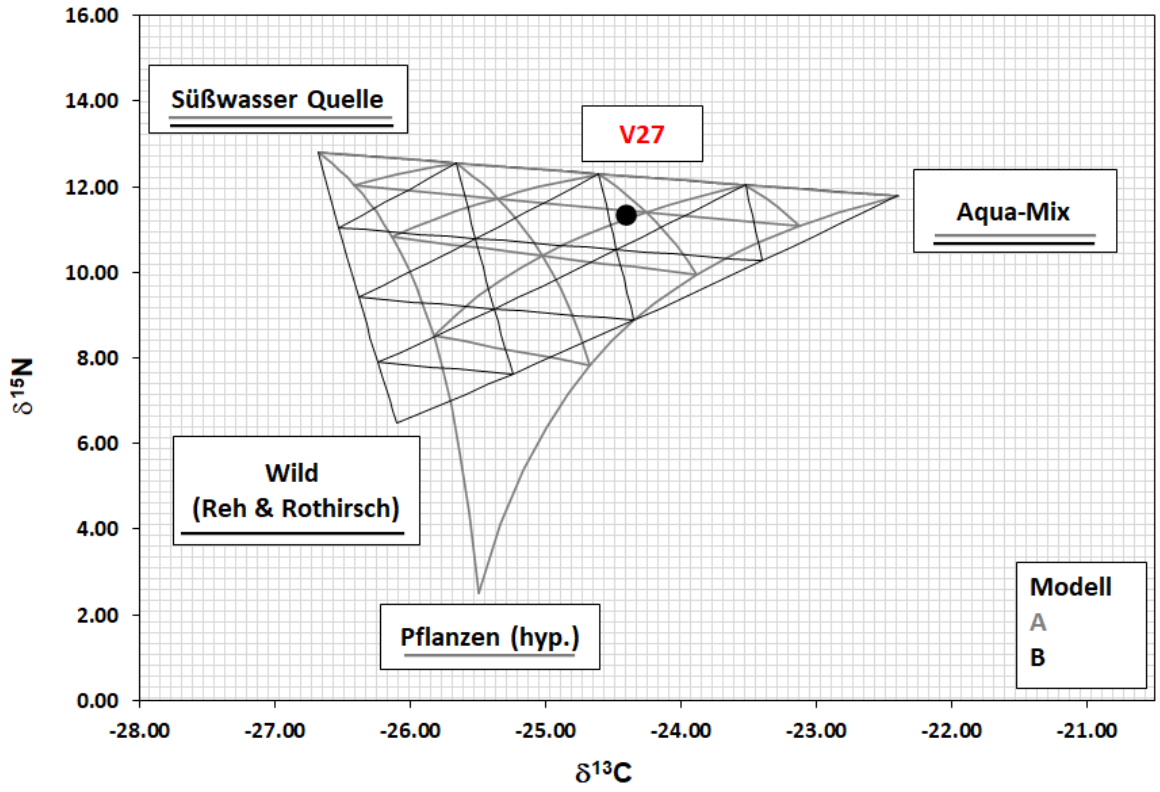


Abbildung 525: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 27. Erstellt mit IsoConc.

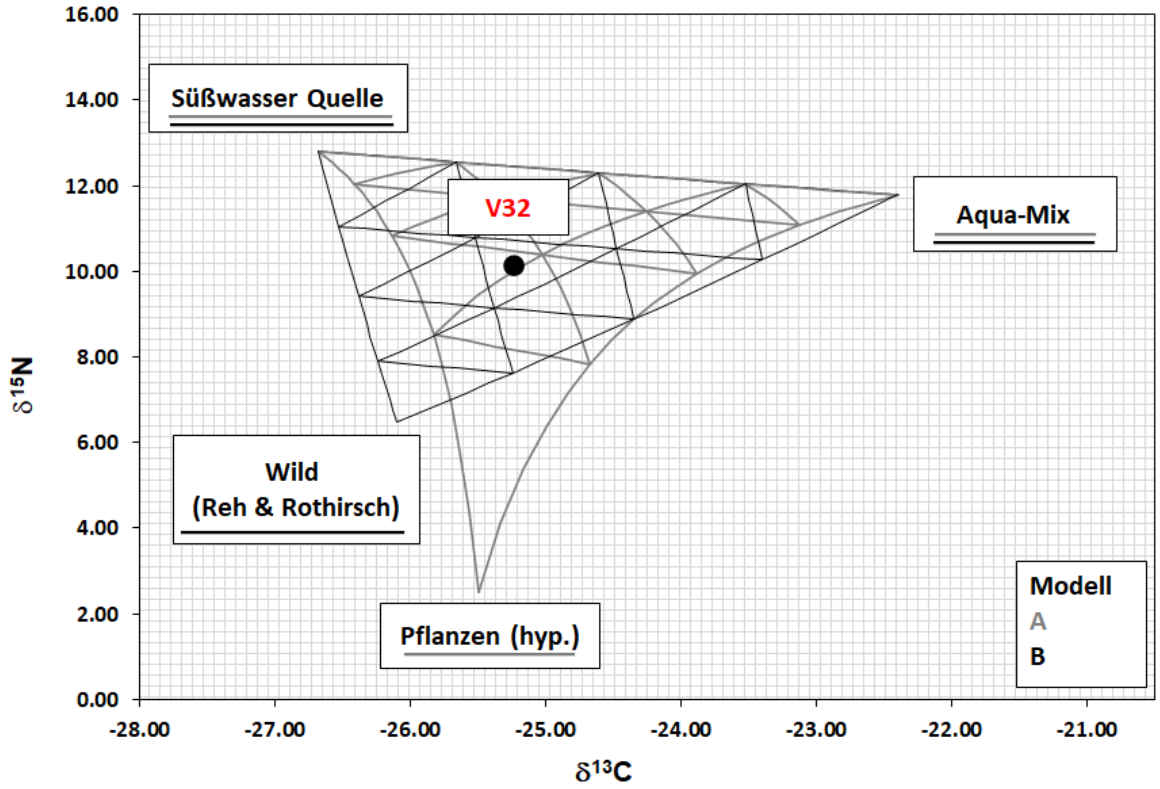


Abbildung 526: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 32. Erstellt mit IsoConc.

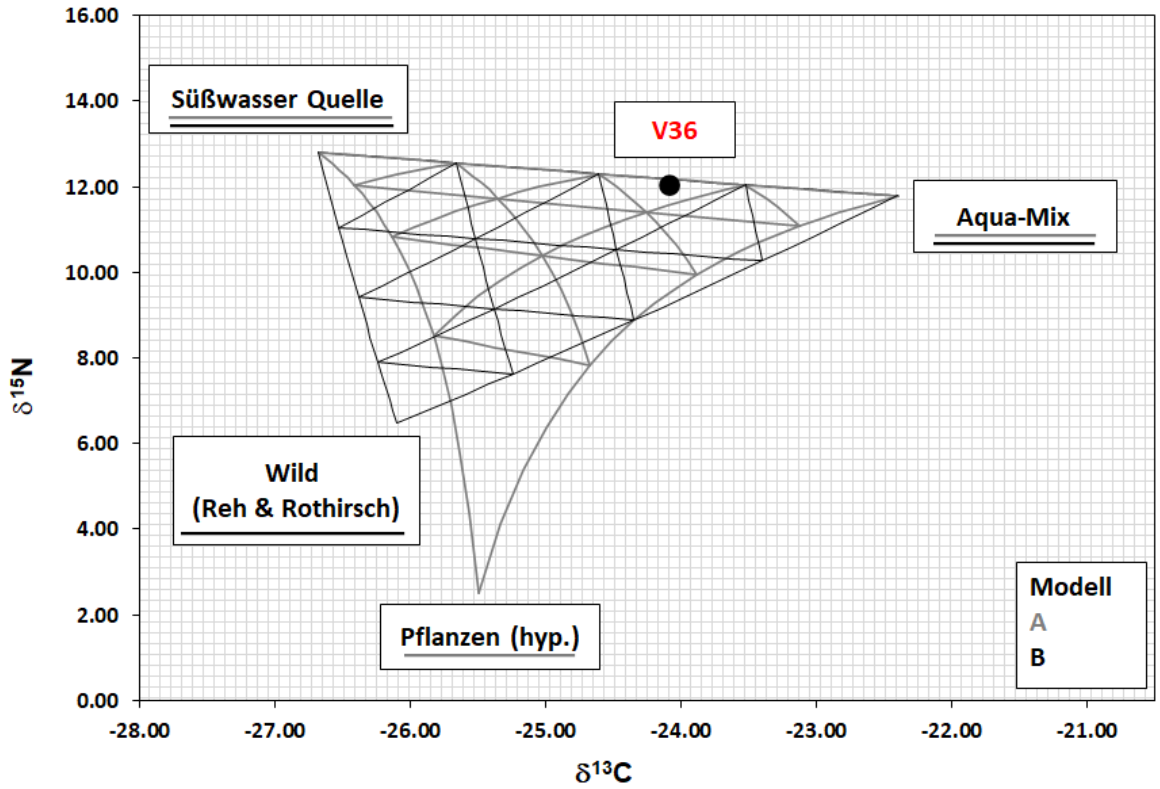


Abbildung 527: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 36. Erstellt mit IsoConc.

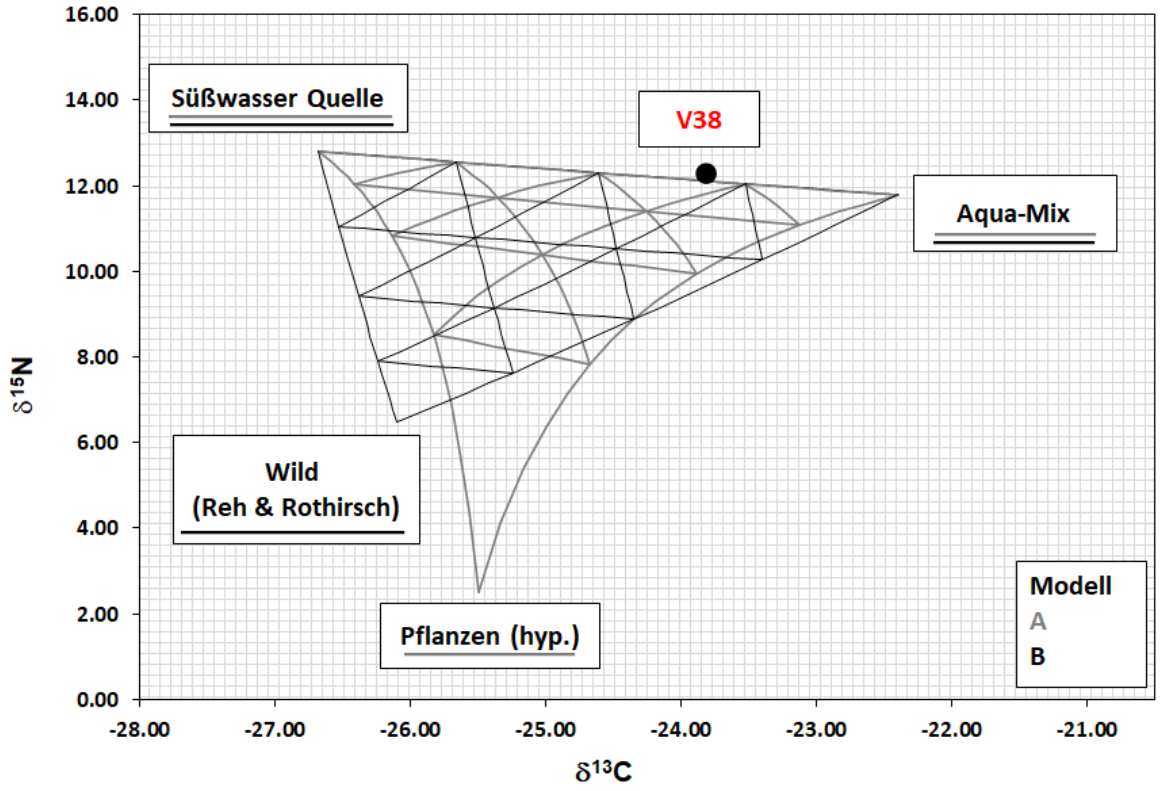


Abbildung 528: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 38. Erstellt mit IsoConc.

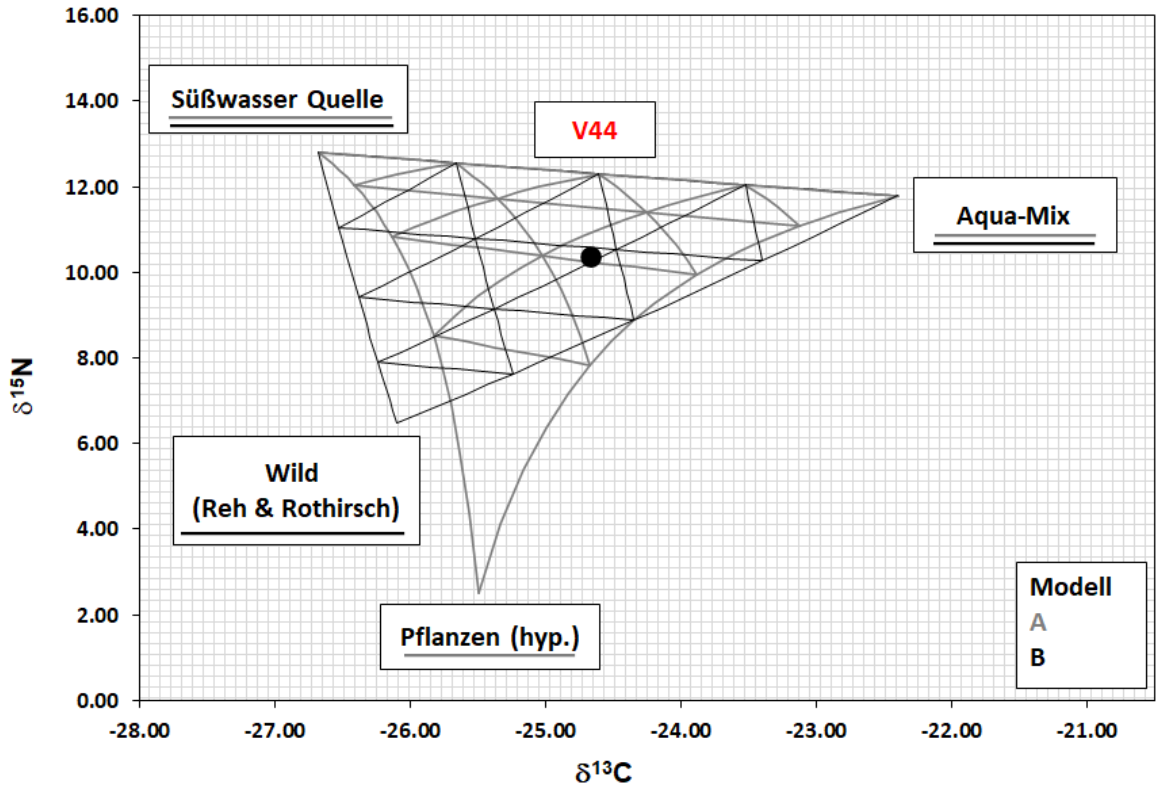


Abbildung 529: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 44. Erstellt mit IsoConc.

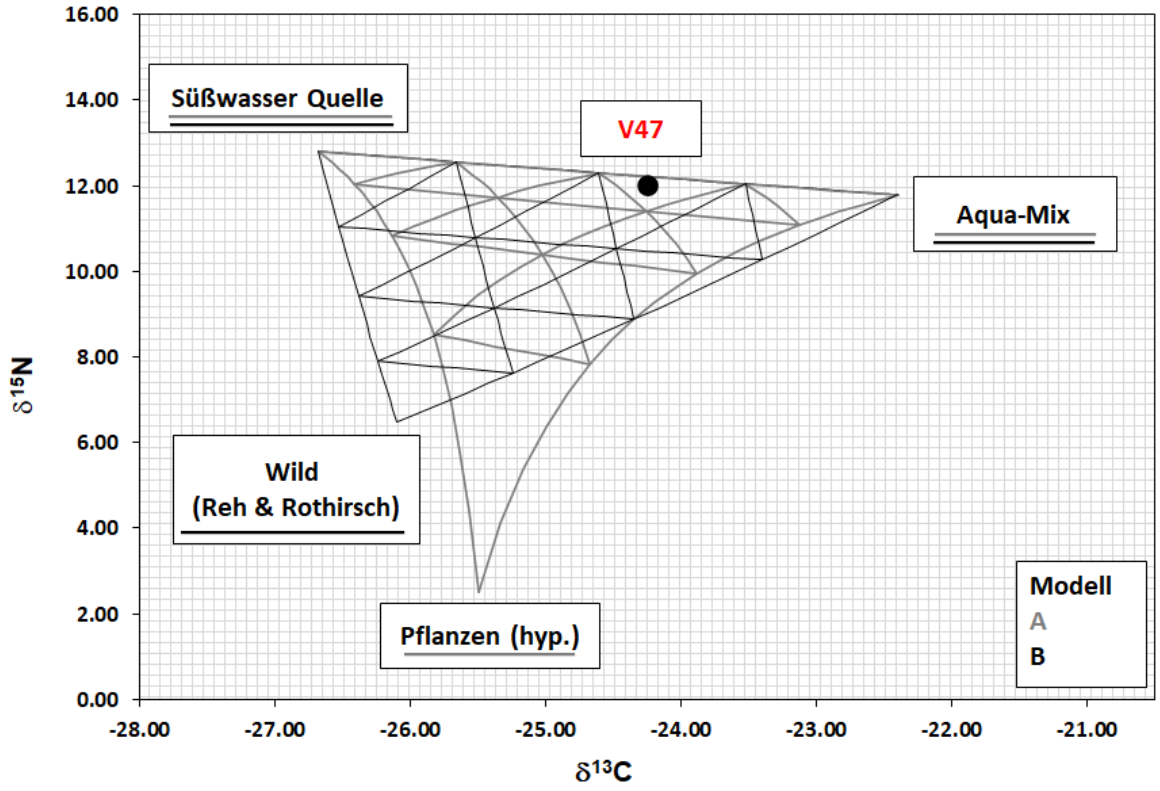


Abbildung 530: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 47. Erstellt mit IsoConc.

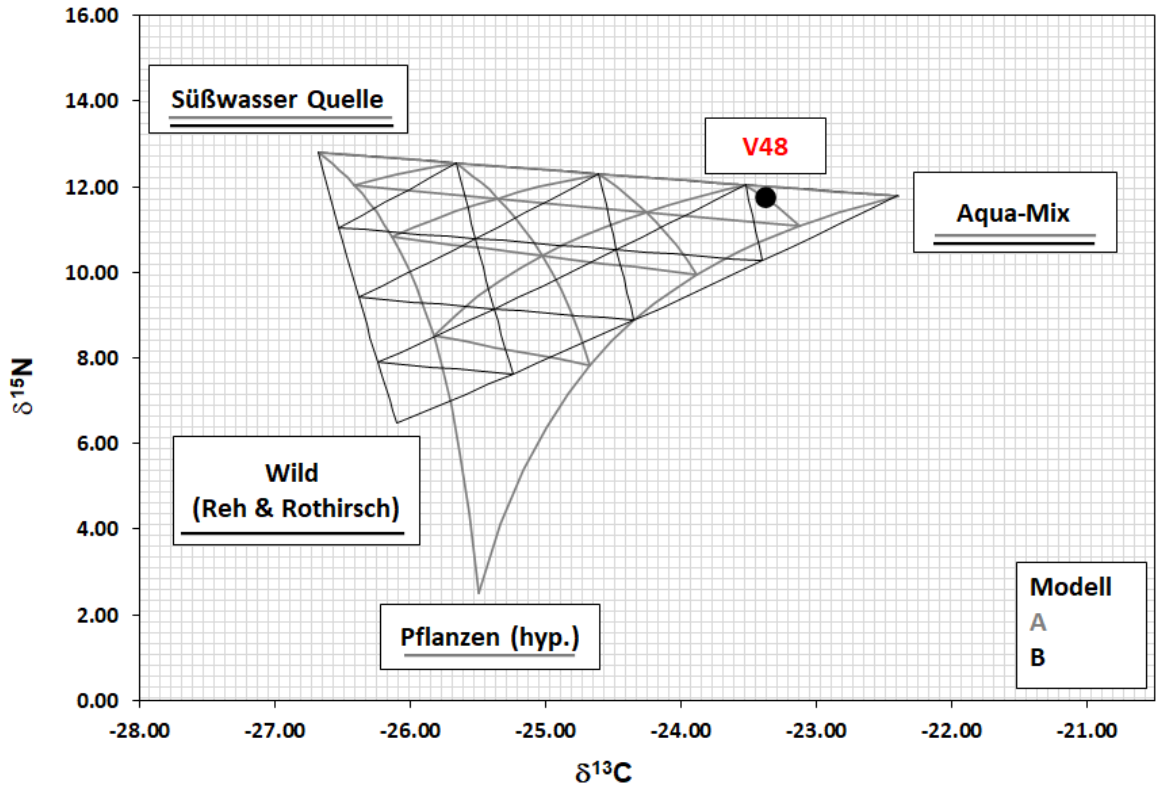


Abbildung 531: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 48. Erstellt mit IsoConc.

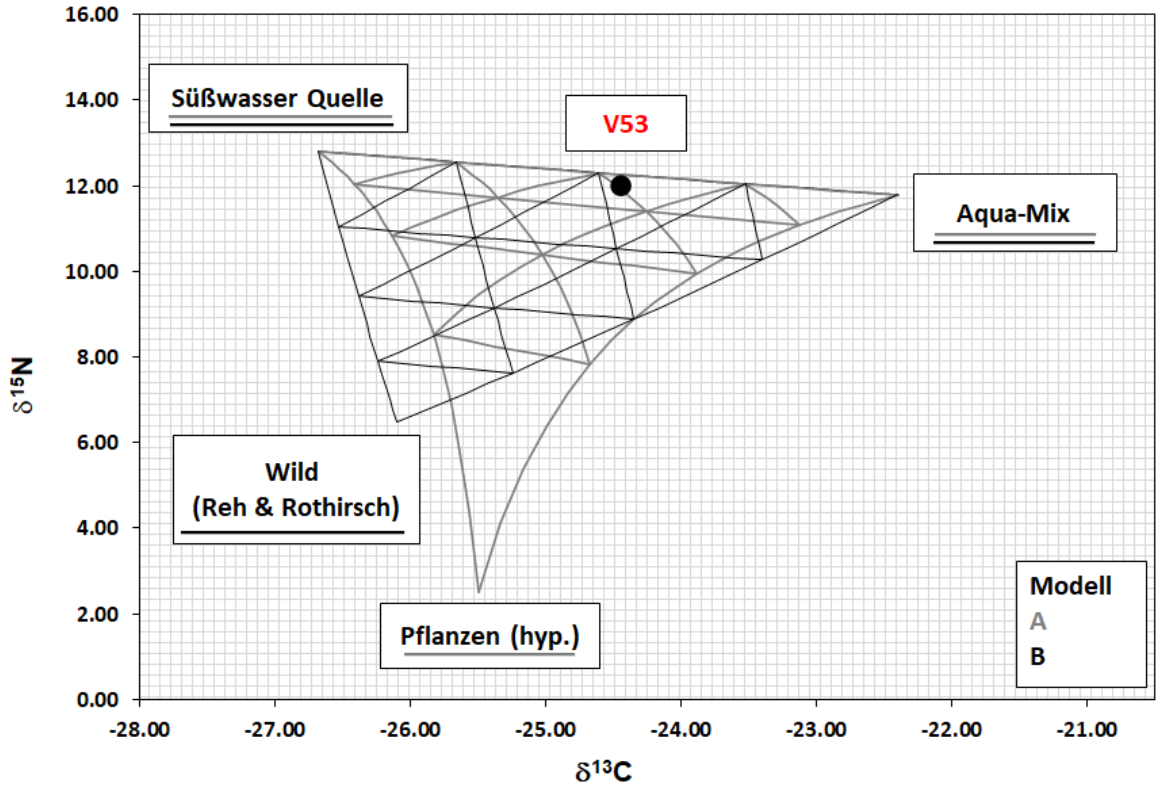


Abbildung 532: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 53. Erstellt mit IsoConc.

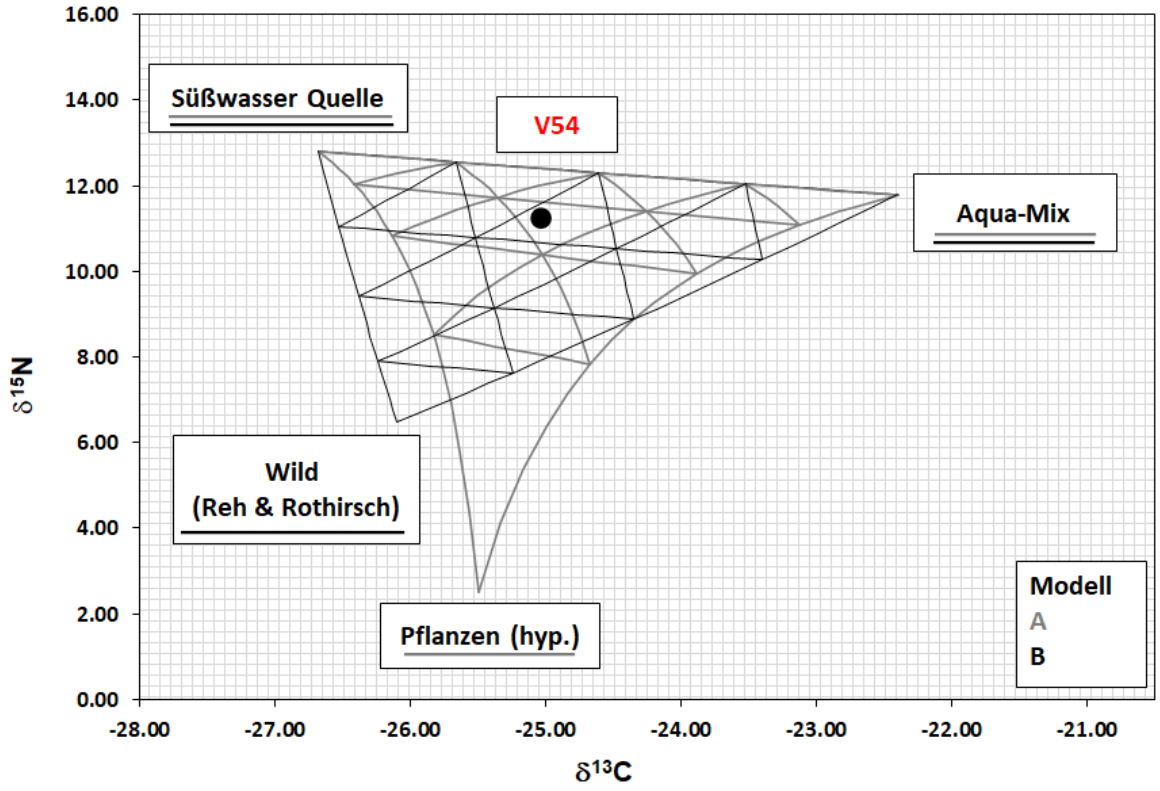


Abbildung 533: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 54. Erstellt mit IsoConc.

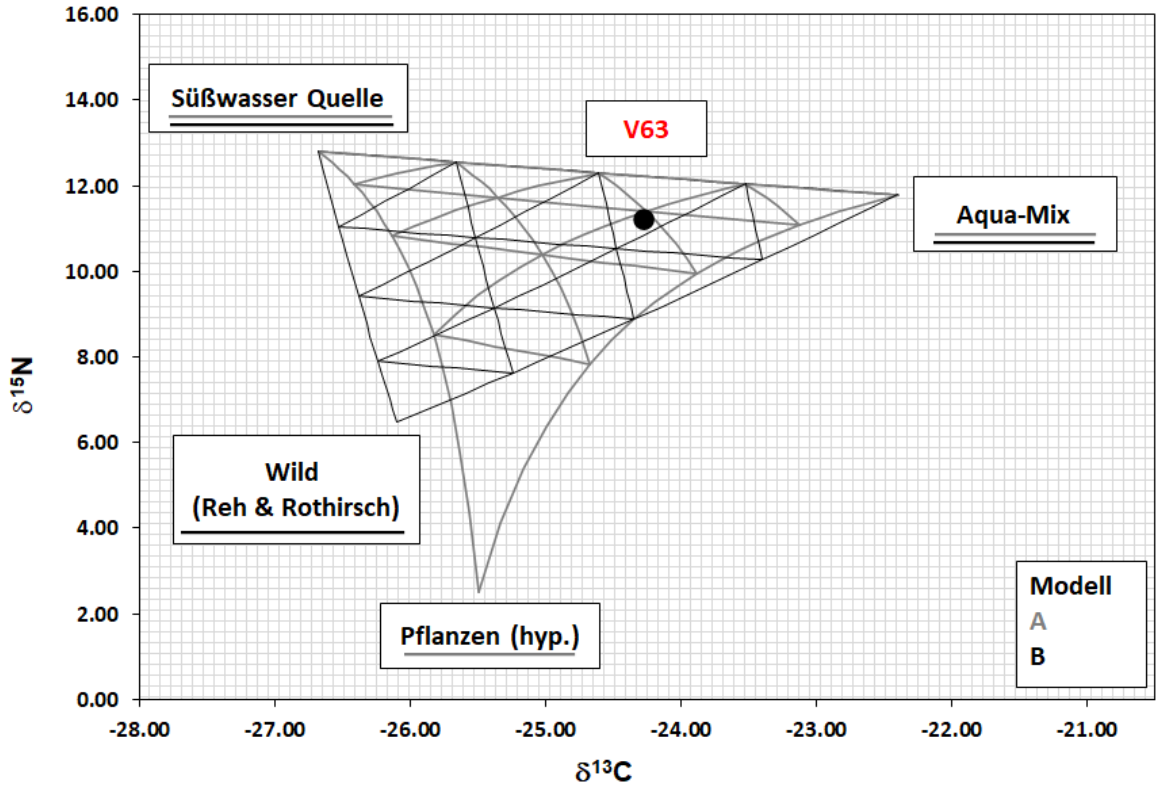


Abbildung 534: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 63. Erstellt mit IsoConc.

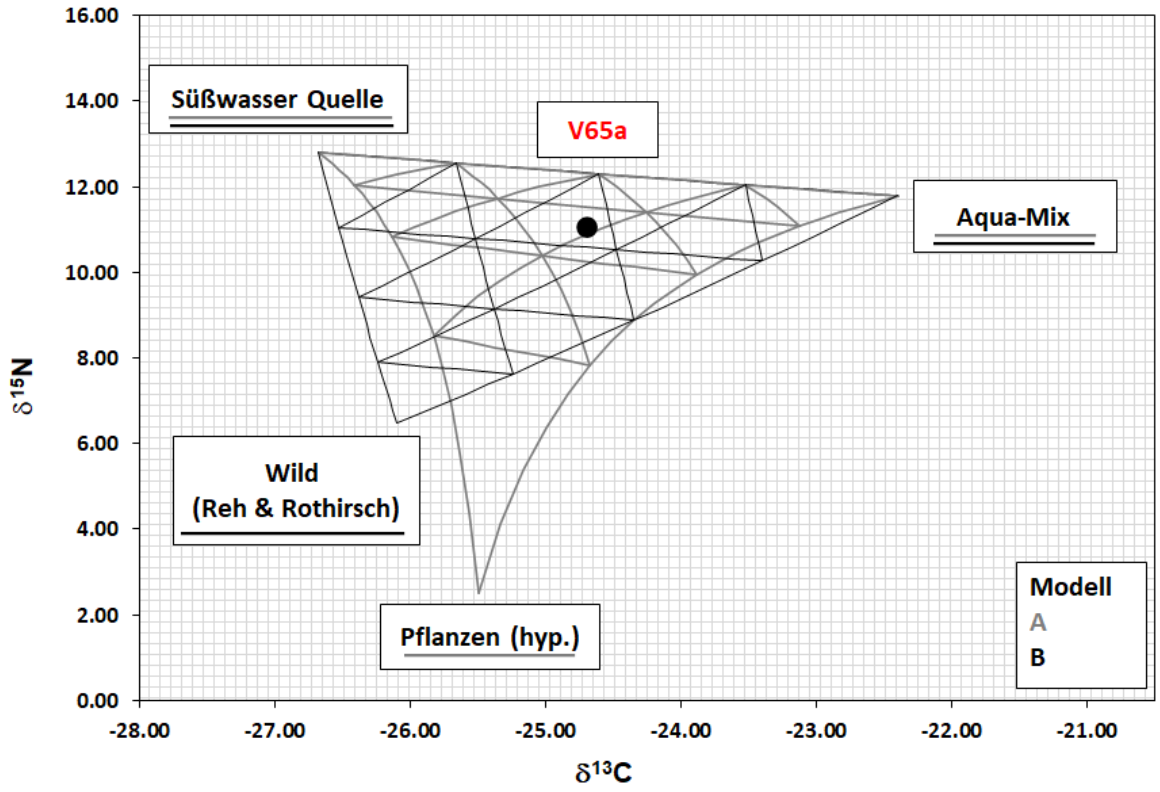


Abbildung 535: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 65a. Erstellt mit IsoConc.

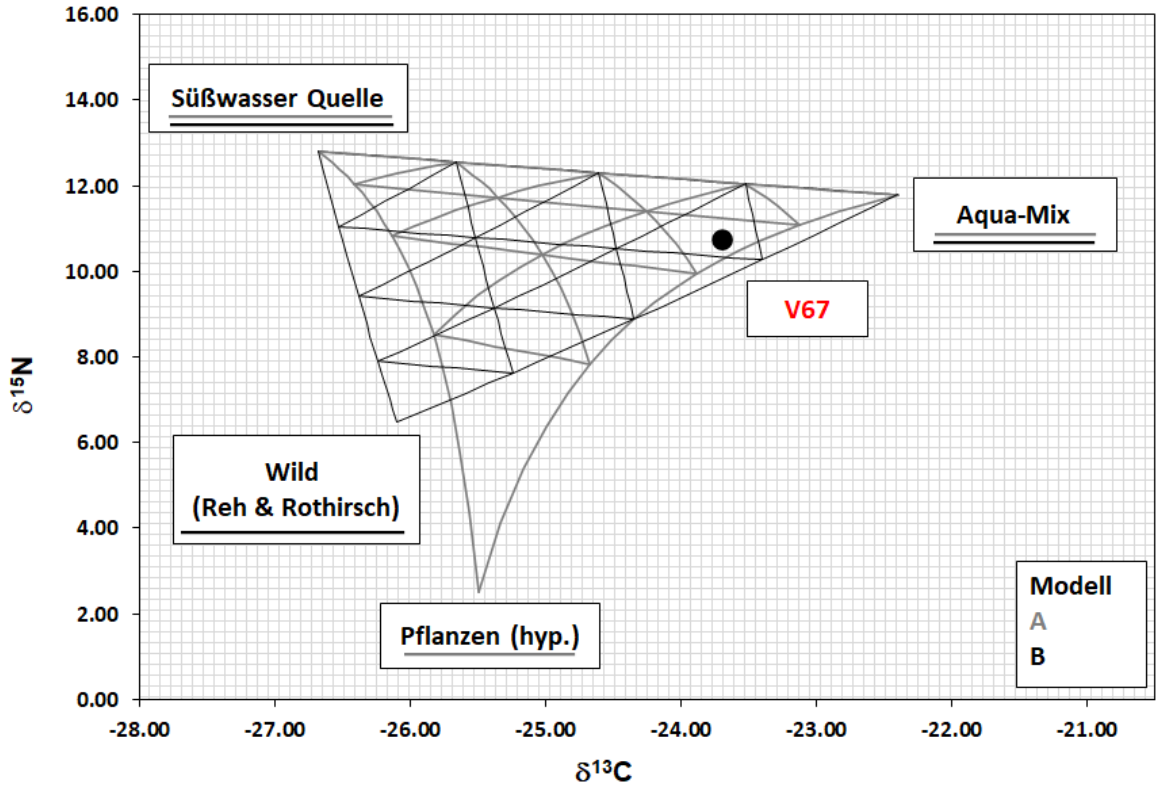


Abbildung 536: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 67. Erstellt mit IsoConc.

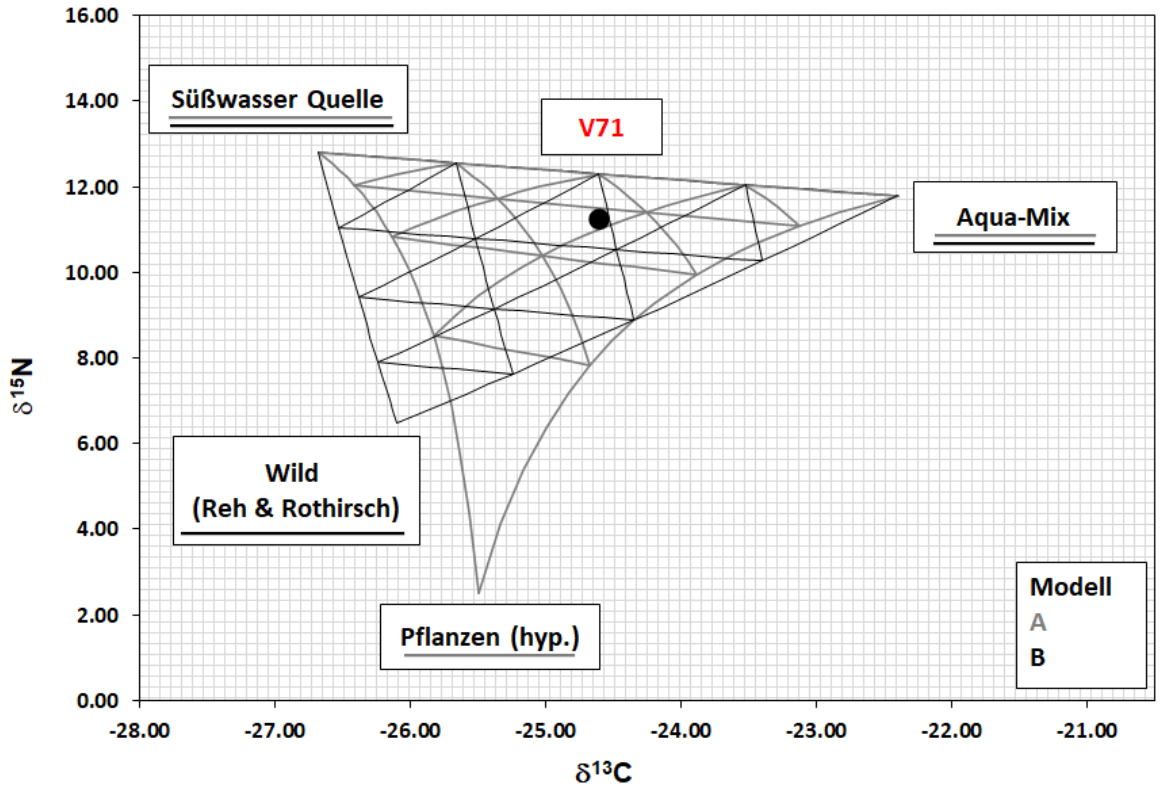


Abbildung 537: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 71. Erstellt mit IsoConc.

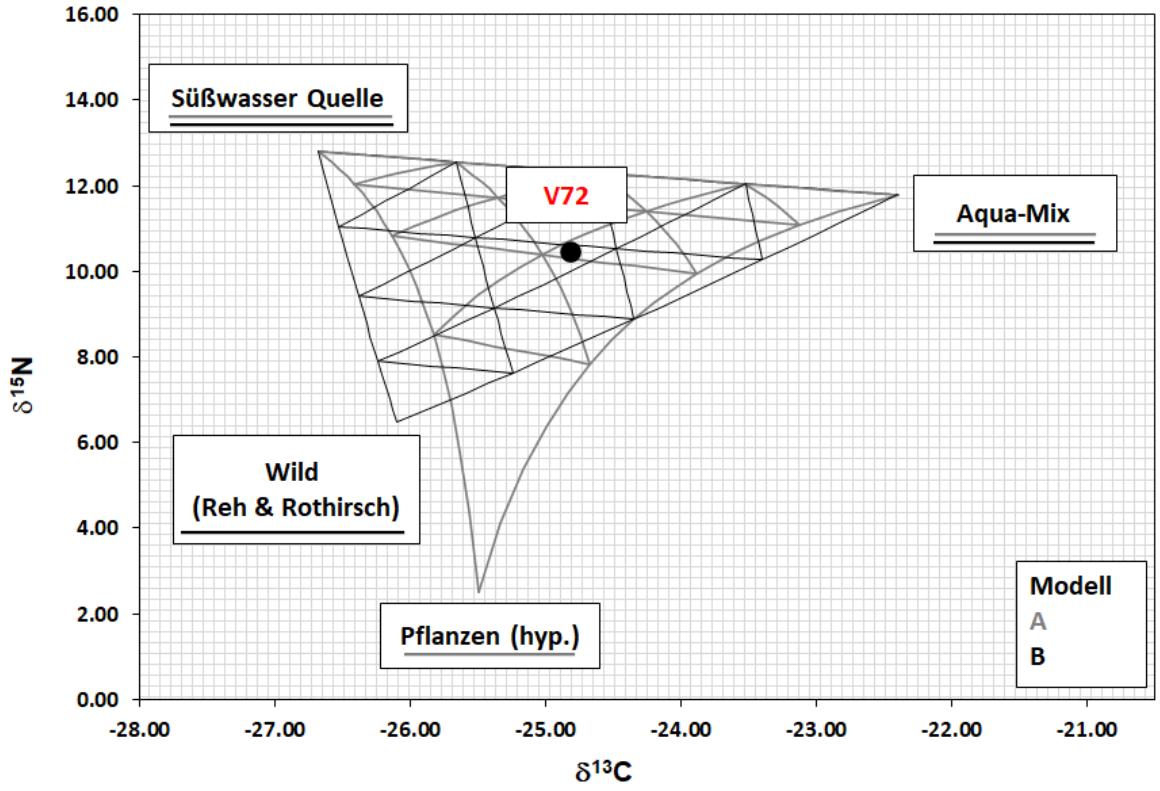


Abbildung 538: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 72. Erstellt mit IsoConc.

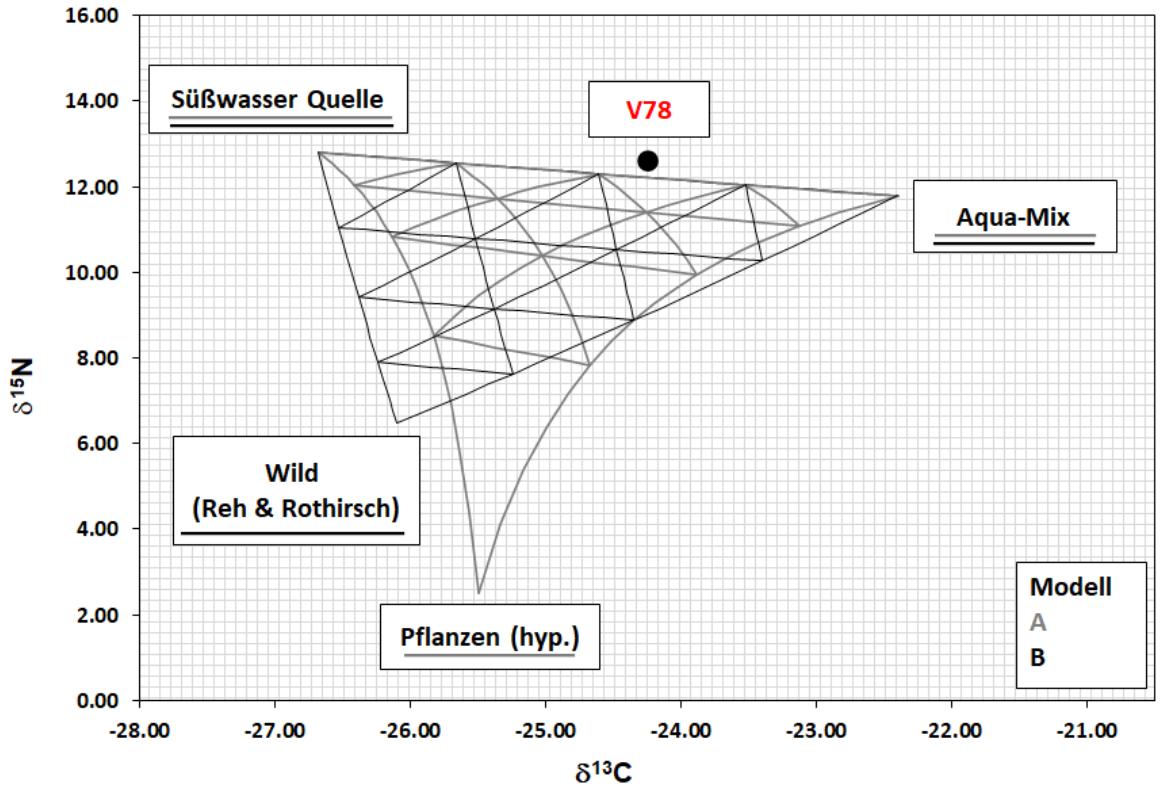


Abbildung 539: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 78. Erstellt mit IsoConc.

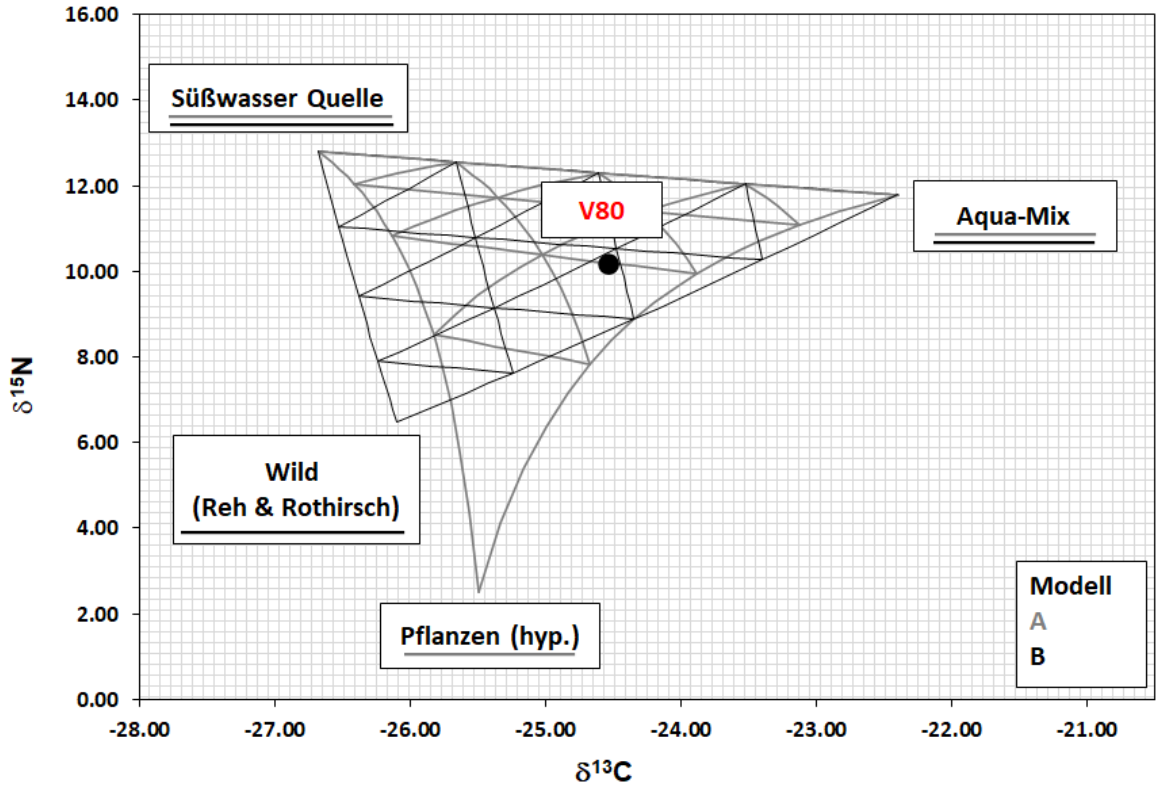


Abbildung 540: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80. Erstellt mit IsoConc.

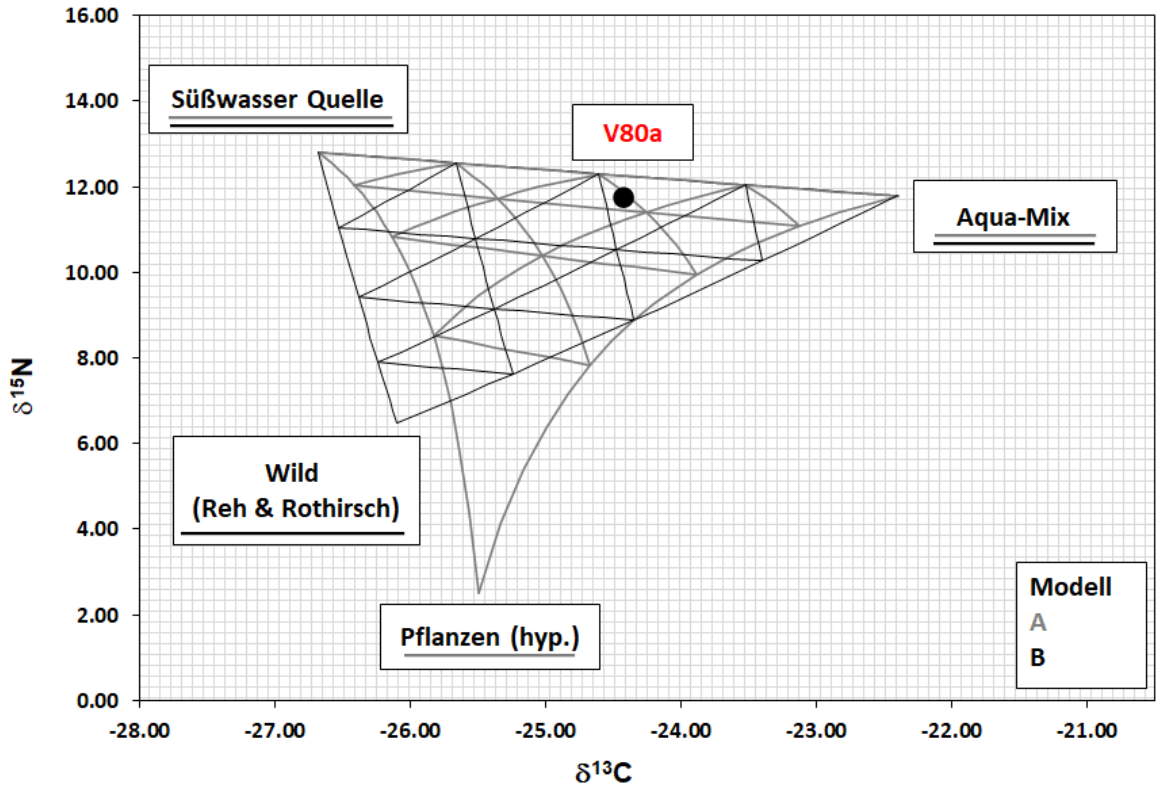


Abbildung 541: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80a. Erstellt mit IsoConc.

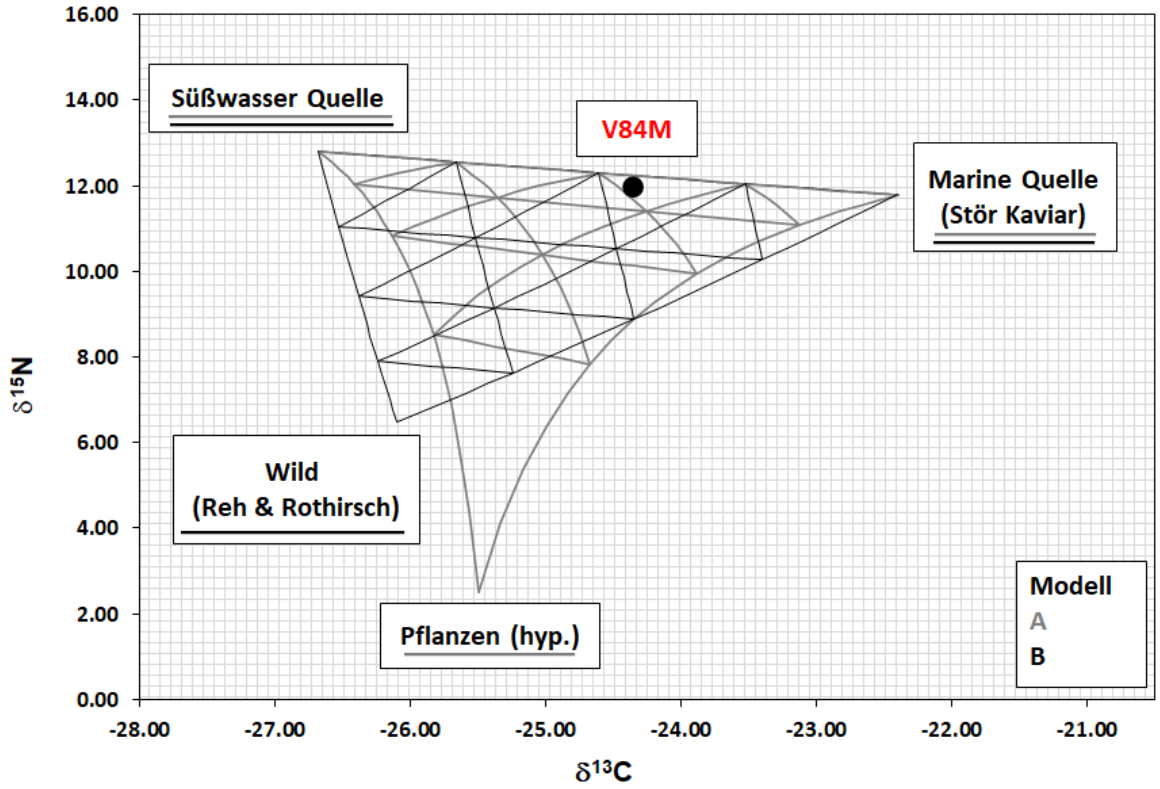


Abbildung 542: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 84M. Erstellt mit IsoConc.

8.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 24: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Vlasac (V). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
V4a	Süßwasser	37,0
	Aqua-Mix	58,2
	Pflanzen	4,8
Vb	Süßwasser	35,5
	Aqua-Mix	59,5
	Pflanzen	5,0
V6	Süßwasser	47,9
	Aqua-Mix	45,6
	Pflanzen	6,5
V7	Süßwasser	20,2
	Aqua-Mix	13,2
	Pflanzen	66,6
V11b	Süßwasser	39,9
	Aqua-Mix	32,1
	Pflanzen	28,0
V16	Süßwasser	15,2
	Aqua-Mix	20,4
	Pflanzen	64,4
V18c	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
V23	Süßwasser	23,0
	Aqua-Mix	47,4
	Pflanzen	29,6
V24	Süßwasser	15,5
	Aqua-Mix	63,0
	Pflanzen	21,5
V27	Süßwasser	26,0
	Aqua-Mix	45,9
	Pflanzen	28,1
V32	Süßwasser	26,7
	Aqua-Mix	19,6
	Pflanzen	53,7
V36	Süßwasser	33
	Aqua-Mix	59,6
	Pflanzen	7,4
V38	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
V44	Süßwasser	17,7
	Aqua-Mix	33,5
	Pflanzen	48,7

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
V4a	Süßwasser	38,7
	Aqua-Mix	59,5
	Wild (Rotwild + Reh)	1,8
Vb	Süßwasser	37,2
	Aqua-Mix	60,9
	Wild (Rotwild + Reh)	1,9
V6	Süßwasser	50,3
	Aqua-Mix	47,3
	Wild (Rotwild + Reh)	2,4
V7	Süßwasser	24,7
	Aqua-Mix	26,1
	Wild (Rotwild + Reh)	49,2
V11b	Süßwasser	48,5
	Aqua-Mix	39
	Wild (Rotwild + Reh)	12,5
V16	Süßwasser	19,4
	Aqua-Mix	33,8
	Wild (Rotwild + Reh)	46,8
V18c	Süßwasser	48,5
	Aqua-Mix	10,2
	Wild (Rotwild + Reh)	41,3
V23	Süßwasser	30,7
	Aqua-Mix	55,3
	Wild (Rotwild + Reh)	14,1
V24	Süßwasser	21,0
	Aqua-Mix	69,2
	Wild (Rotwild + Reh)	9,8
V27	Süßwasser	33,6
	Aqua-Mix	53,3
	Wild (Rotwild + Reh)	13,1
V32	Süßwasser	36,2
	Aqua-Mix	31,3
	Wild (Rotwild + Reh)	32,5
V36	Süßwasser	35,4
	Aqua-Mix	61,7
	Wild (Rotwild + Reh)	2,9
V38	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
V44	Süßwasser	26,1
	Aqua-Mix	45,2
	Wild (Rotwild + Reh)	28,7

V47	Süßwasser	37,3
	Aqua-Mix	55,9
	Pflanzen	6,8
V48	Süßwasser	15,7
	Aqua-Mix	74,6
	Pflanzen	9,7
V53	Süßwasser	40,0
	Aqua-Mix	51,4
	Pflanzen	8,6
V54	Süßwasser	35,8
	Aqua-Mix	29,3
	Pflanzen	34,9
V63	Süßwasser	22,6
	Aqua-Mix	48,9
	Pflanzen	28,5
V65a	Süßwasser	27,2
	Aqua-Mix	36,9
	Pflanzen	35,9
V67	Süßwasser	6,4
	Aqua-Mix	59,6
	Pflanzen	34,0
V71	Süßwasser	28,5
	Aqua-Mix	40,4
	Pflanzen	31,1
V72	Süßwasser	22,1
	Aqua-Mix	31,6
	Pflanzen	46,3
V78	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Pflanzen	x
V80	Süßwasser	13,1
	Aqua-Mix	36,2
	Pflanzen	50,7
V80a	Süßwasser	35,8
	Aqua-Mix	48,8
	Pflanzen	15,4
V84M	Süßwasser	38,1
	Aqua-Mix	52,6
	Pflanzen	9,4

V47	Süßwasser	39,6
	Aqua-Mix	57,8
	Wild (Rotwild + Reh)	2,6
V48	Süßwasser	18,4
	Aqua-Mix	77,6
	Wild (Rotwild + Reh)	4,0
V53	Süßwasser	42,9
	Aqua-Mix	53,8
	Wild (Rotwild + Reh)	3,3
V54	Süßwasser	45,5
	Aqua-Mix	37,7
	Wild (Rotwild + Reh)	16,8
V63	Süßwasser	30,0
	Aqua-Mix	56,5
	Wild (Rotwild + Reh)	13,5
V65a	Süßwasser	36,2
	Aqua-Mix	45,9
	Wild (Rotwild + Reh)	17,9
V67	Süßwasser	13,1
	Aqua-Mix	69,2
	Wild (Rotwild + Reh)	17,7
V71	Süßwasser	36,8
	Aqua-Mix	48,4
	Wild (Rotwild + Reh)	14,8
V72	Süßwasser	31,2
	Aqua-Mix	42,7
	Wild (Rotwild + Reh)	26,1
V78	Süßwasser	x
	Aqua-Mix	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x
V80	Süßwasser	20,5
	Aqua-Mix	48,5
	Wild (Rotwild + Reh)	31,0
V80a	Süßwasser	40,8
	Aqua-Mix	52,9
	Wild (Rotwild + Reh)	6,3
V84M	Süßwasser	41,2
	Aqua-Mix	55,1
	Wild (Rotwild + Reh)	3,6

8.3 MixSIAR: Abbildungen

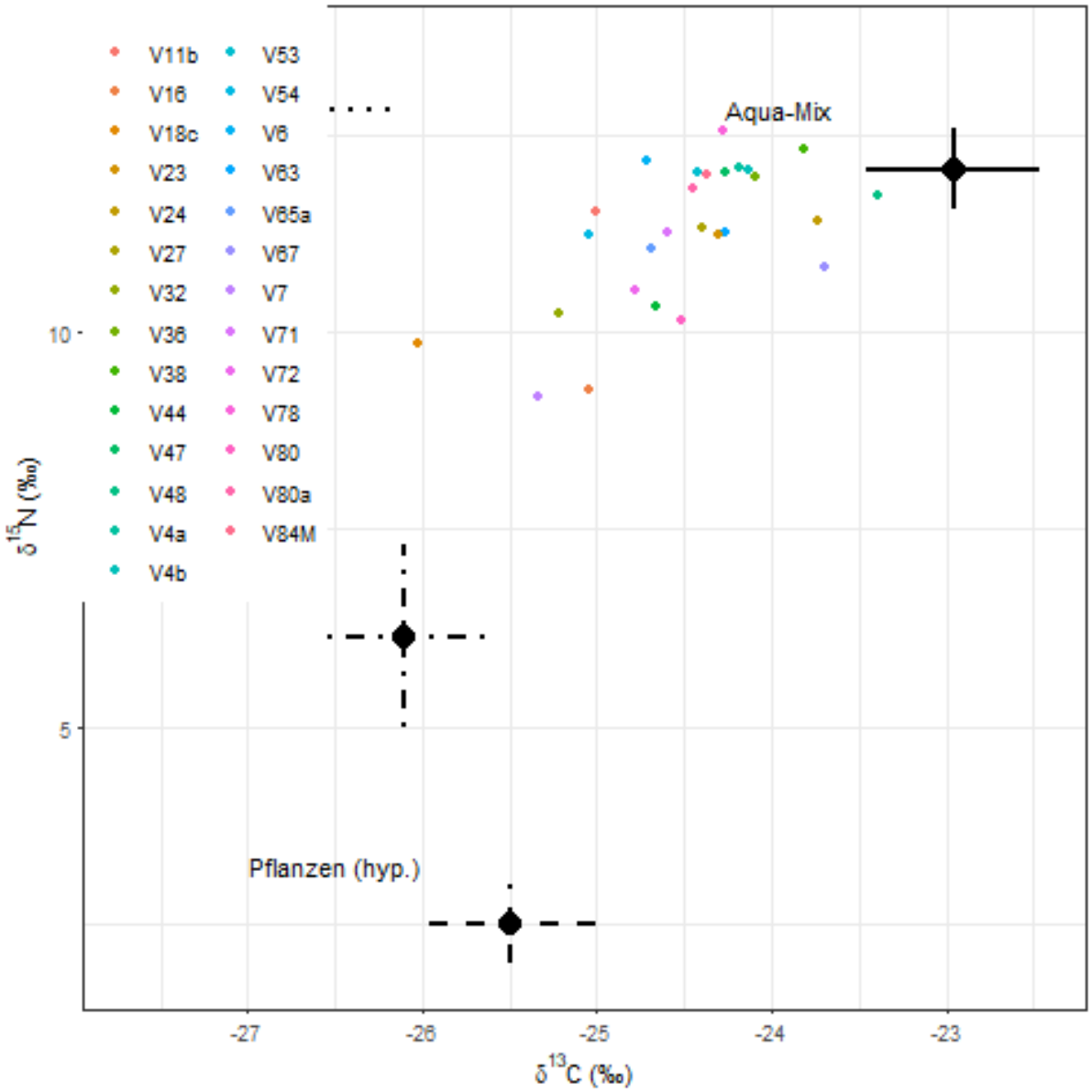


Abbildung 543: Isospace Plot der Individuen aus Vlasac. Erstellt mit MixSIAR.

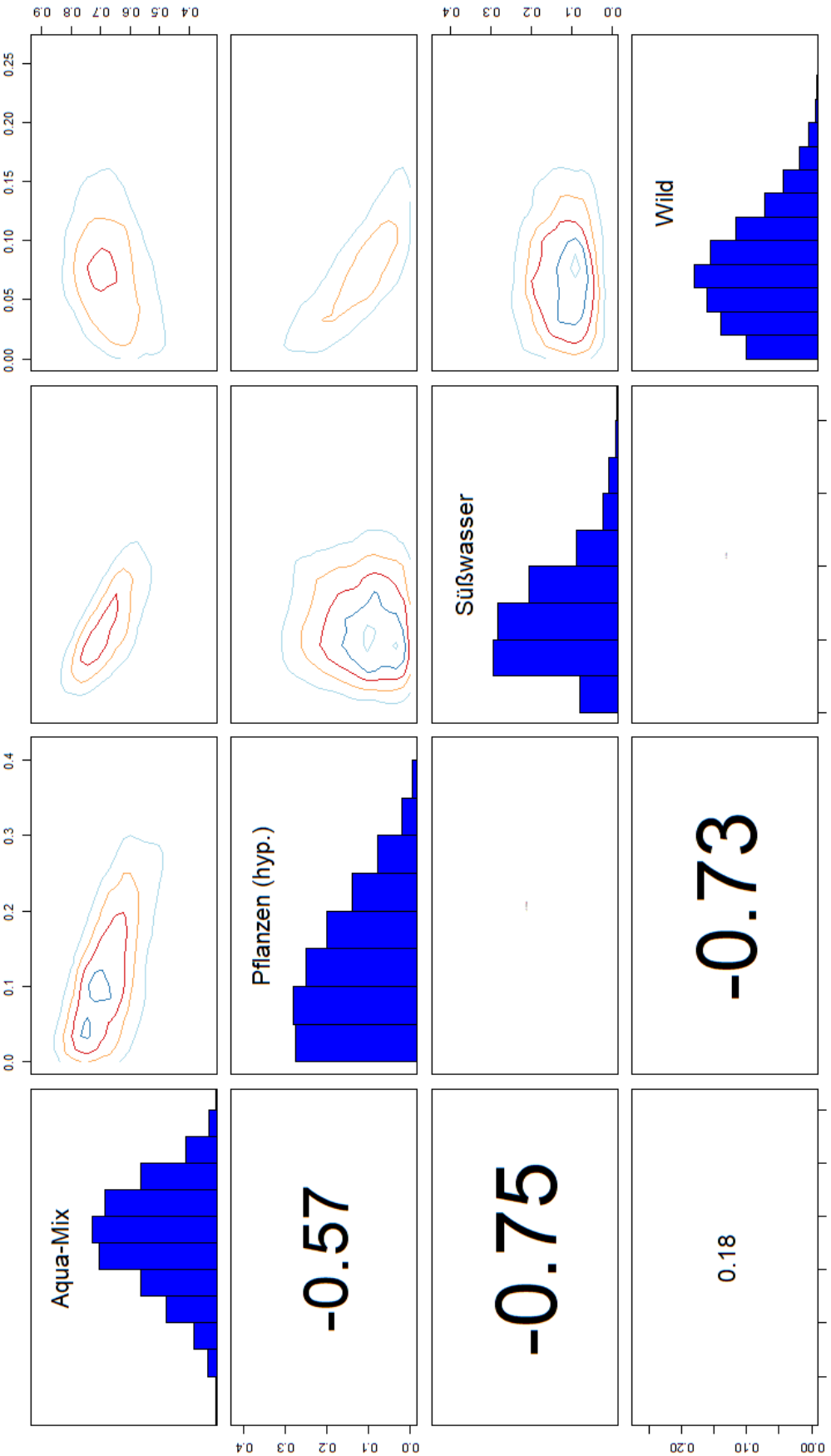


Abbildung 544: Pairs Plot der Population aus Vlasac. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

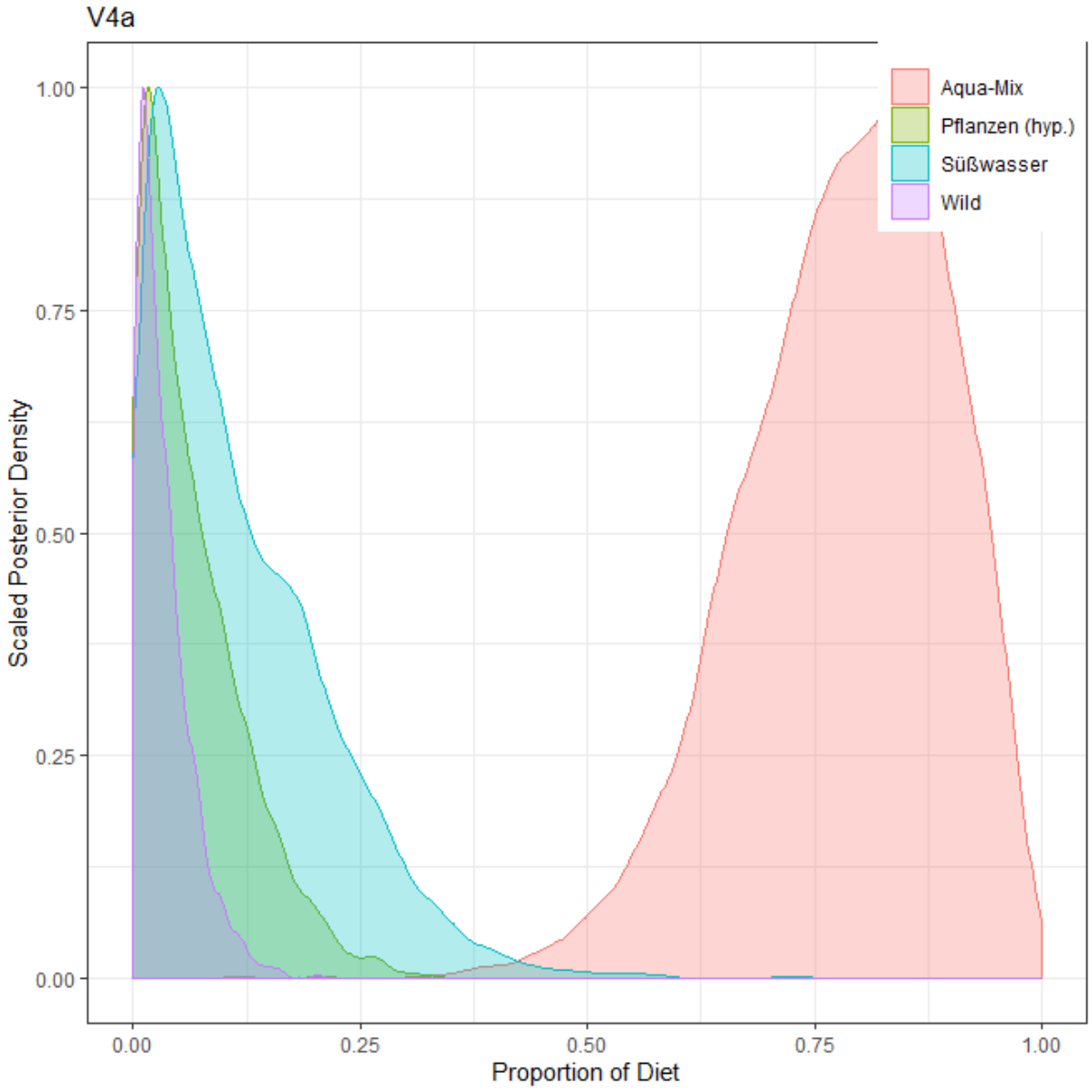


Abbildung 545: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4a. Erstellt mit MixSIAR.

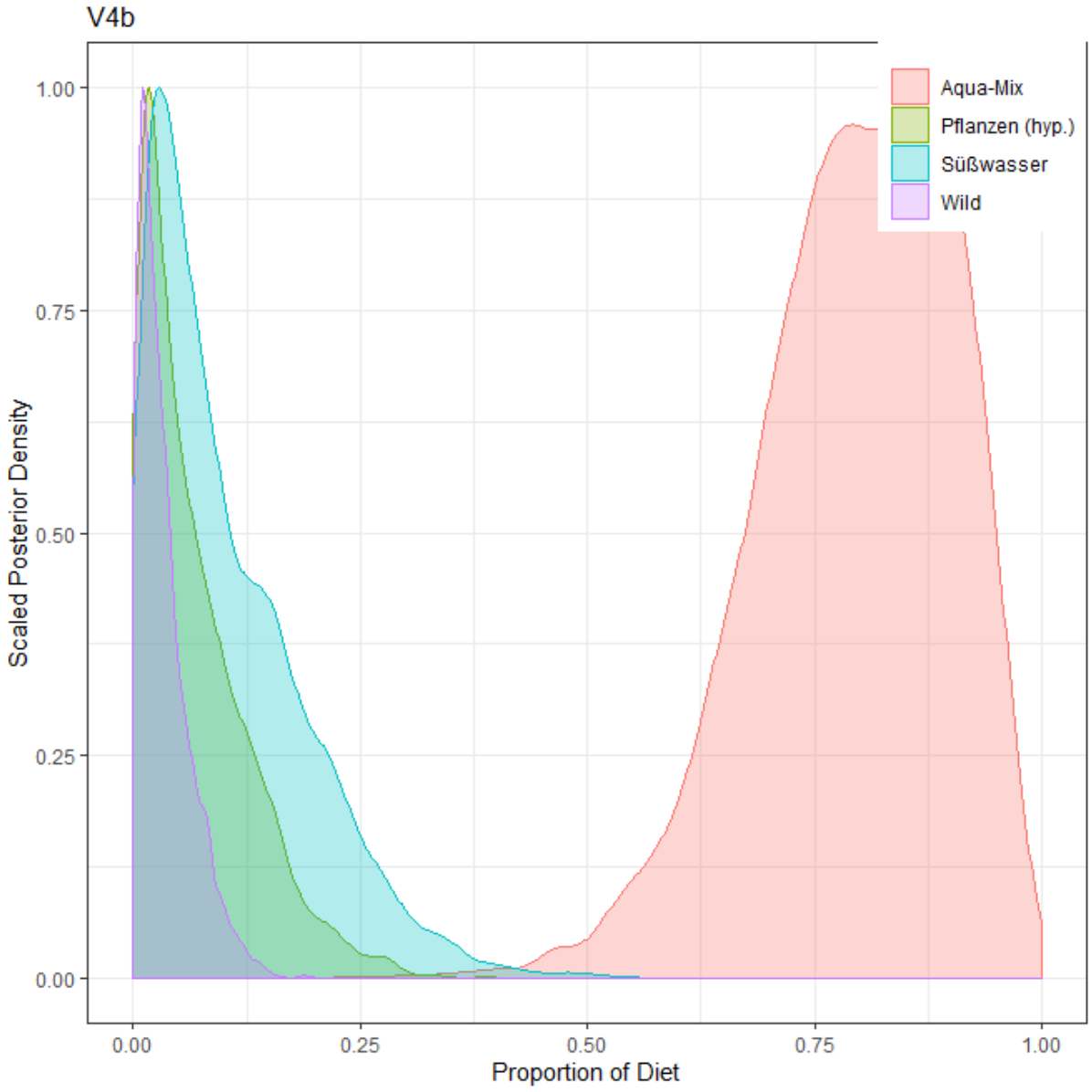


Abbildung 546: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4b. Erstellt mit MixSIAR.

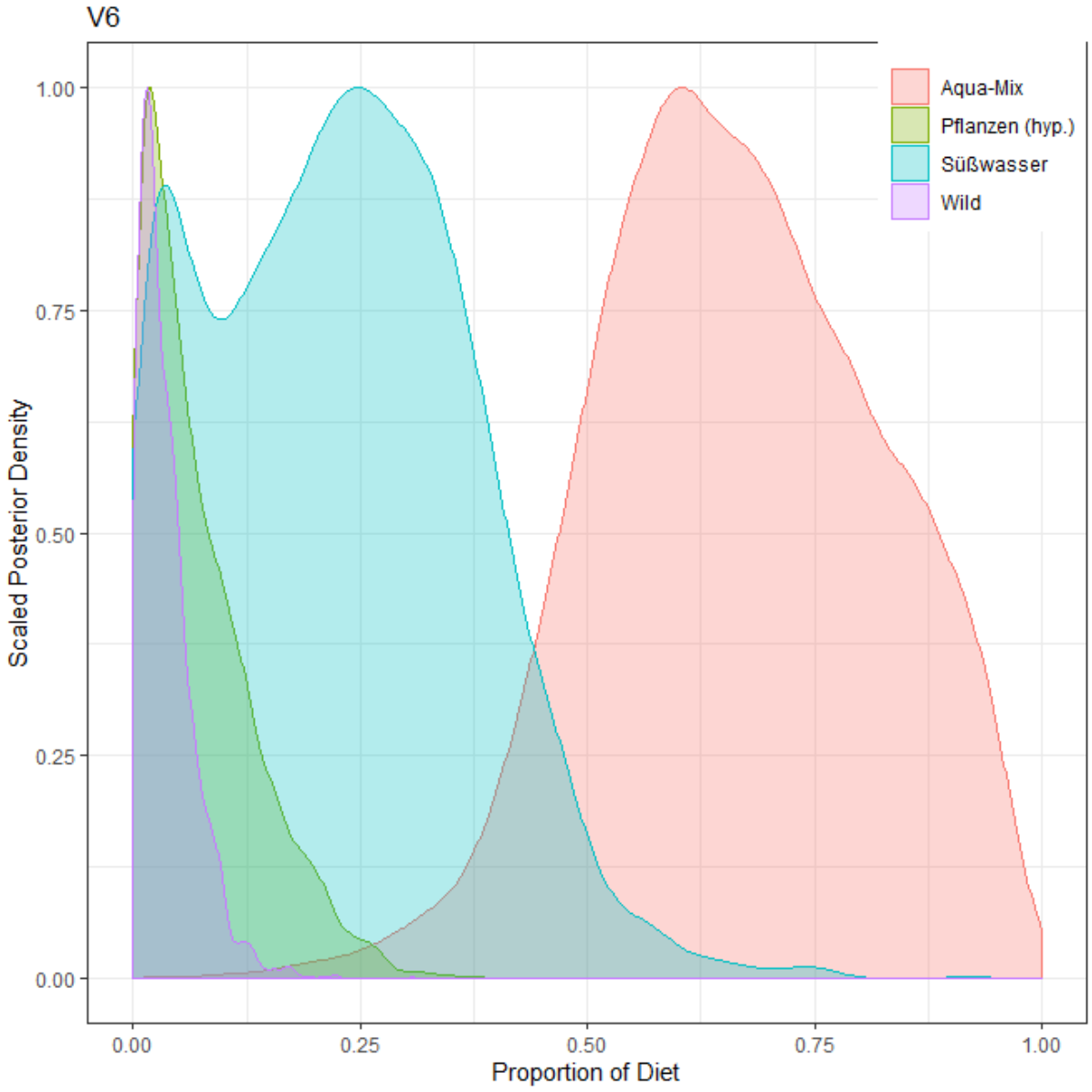


Abbildung 547: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 6. Erstellt mit MixSIAR.

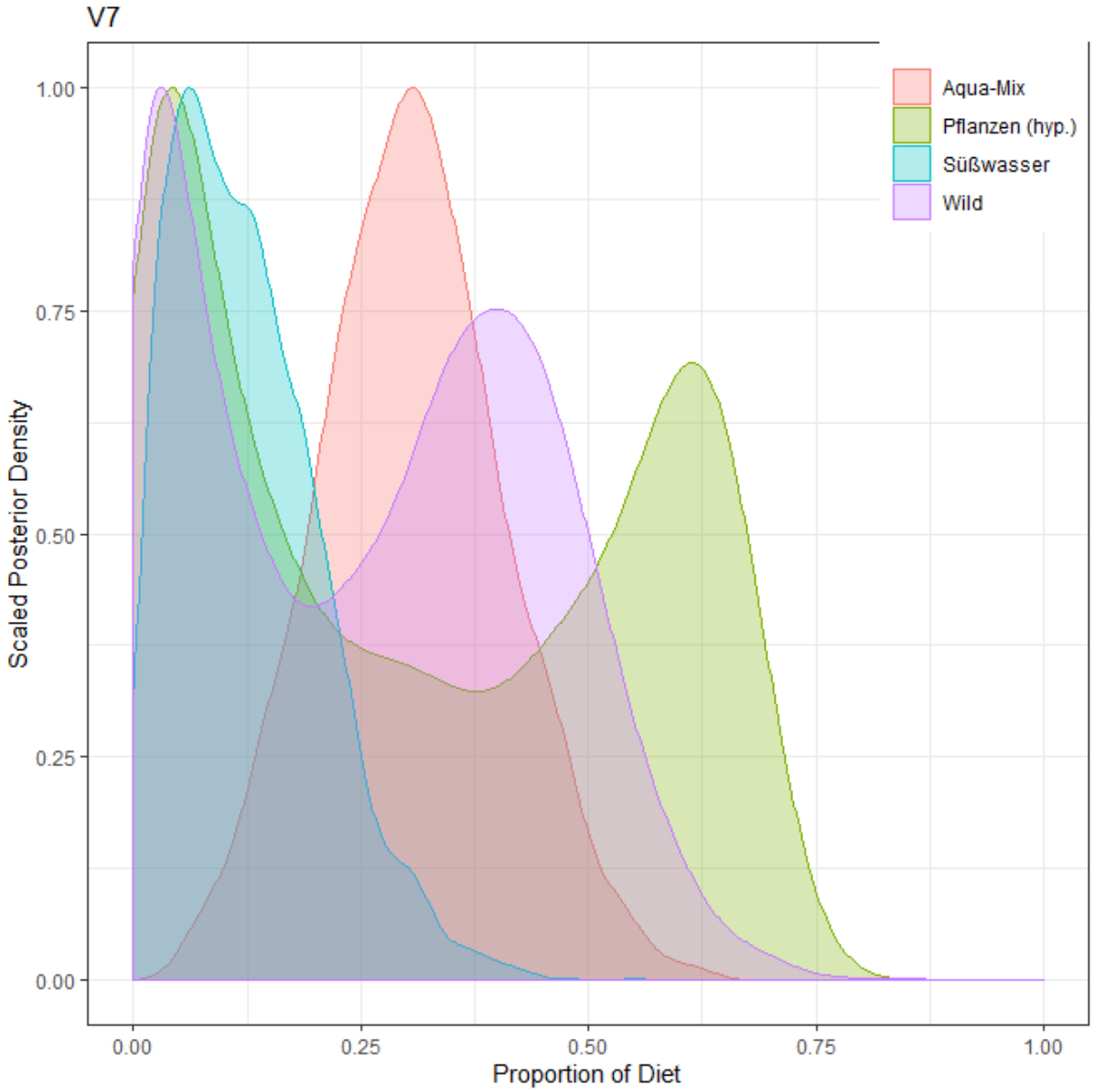


Abbildung 548: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 7. Erstellt mit MixSIAR.

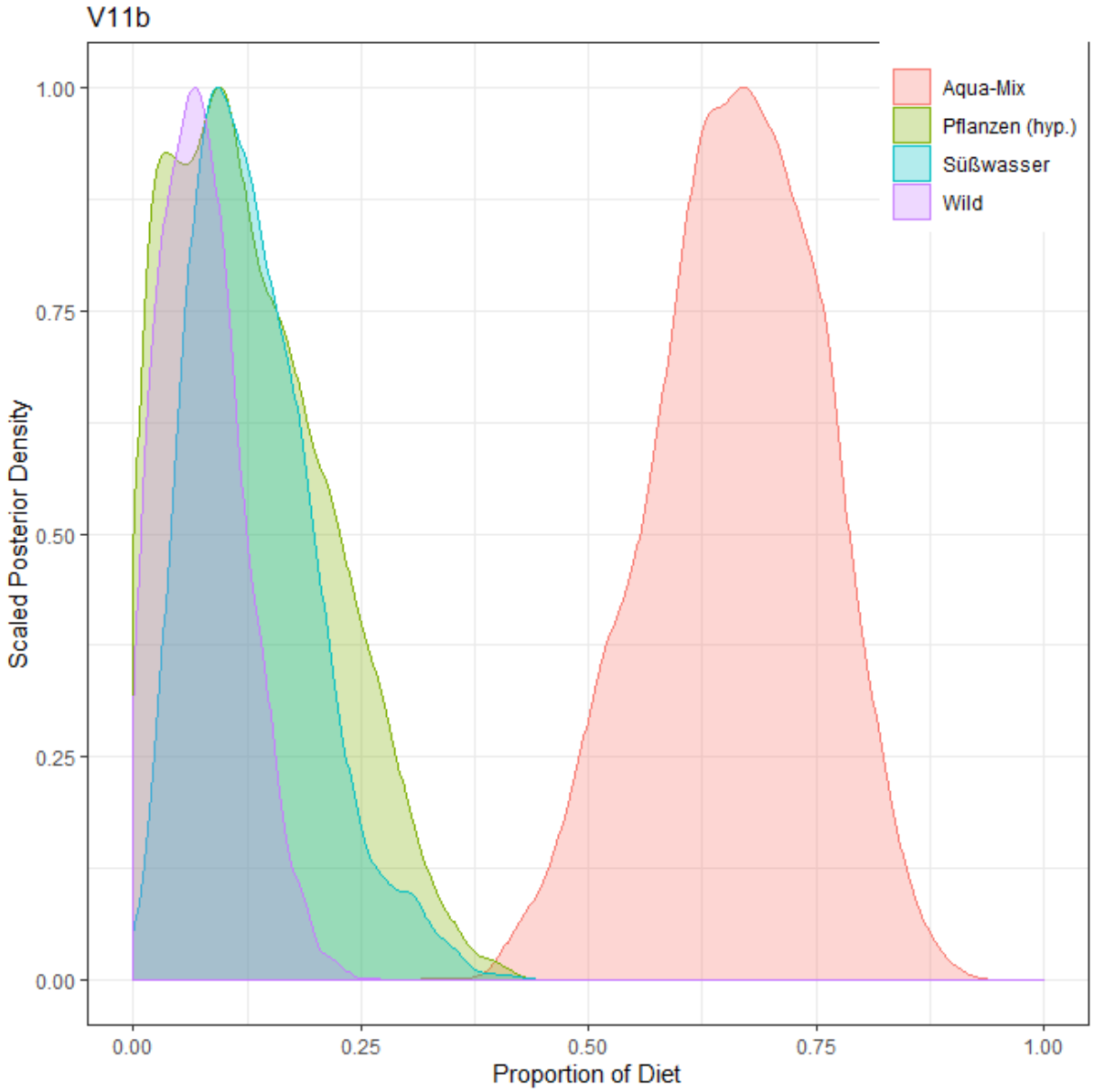


Abbildung 549: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 11b. Erstellt mit MixSIAR.

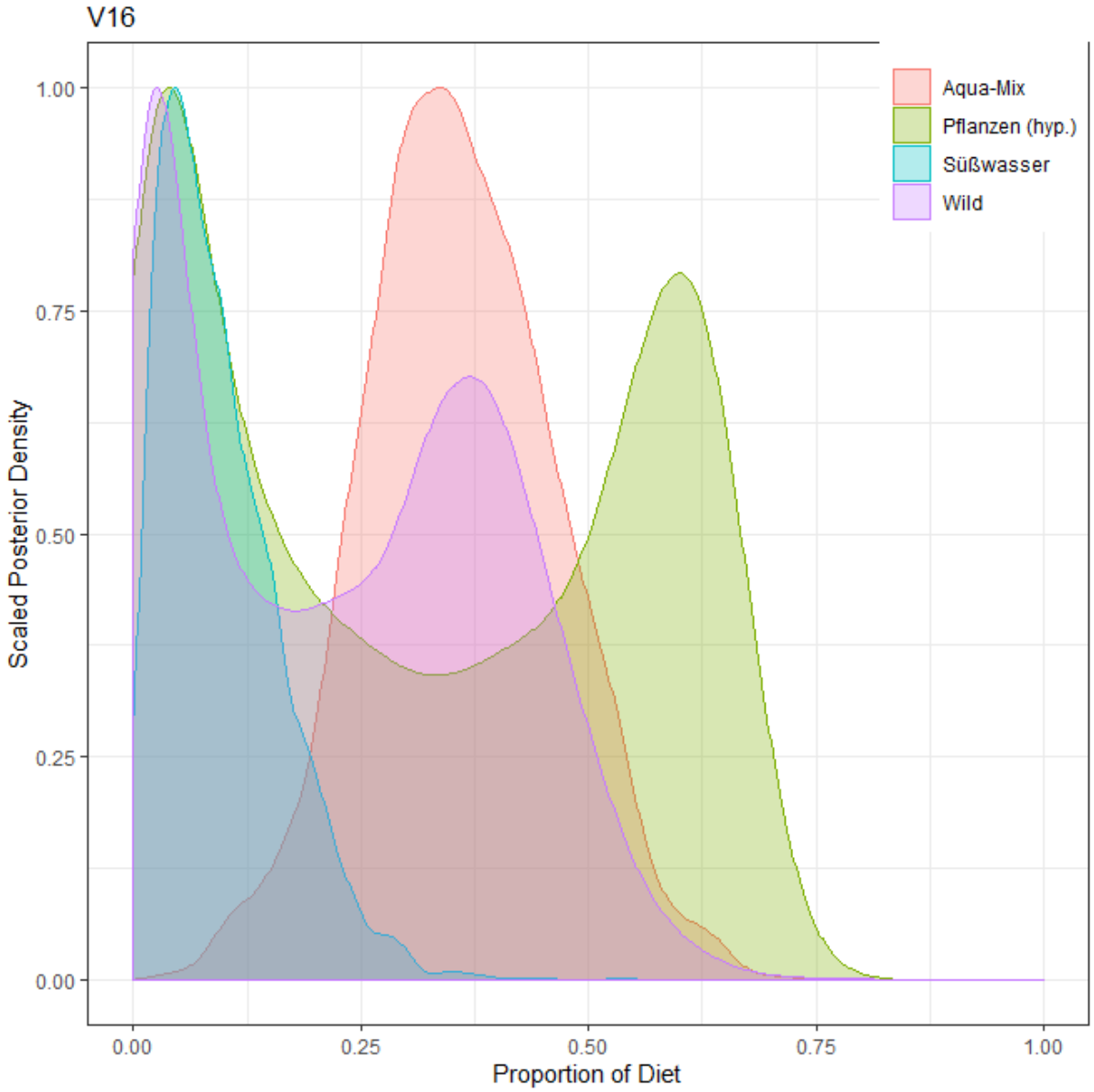


Abbildung 550: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 16. Erstellt mit MixSIAR.

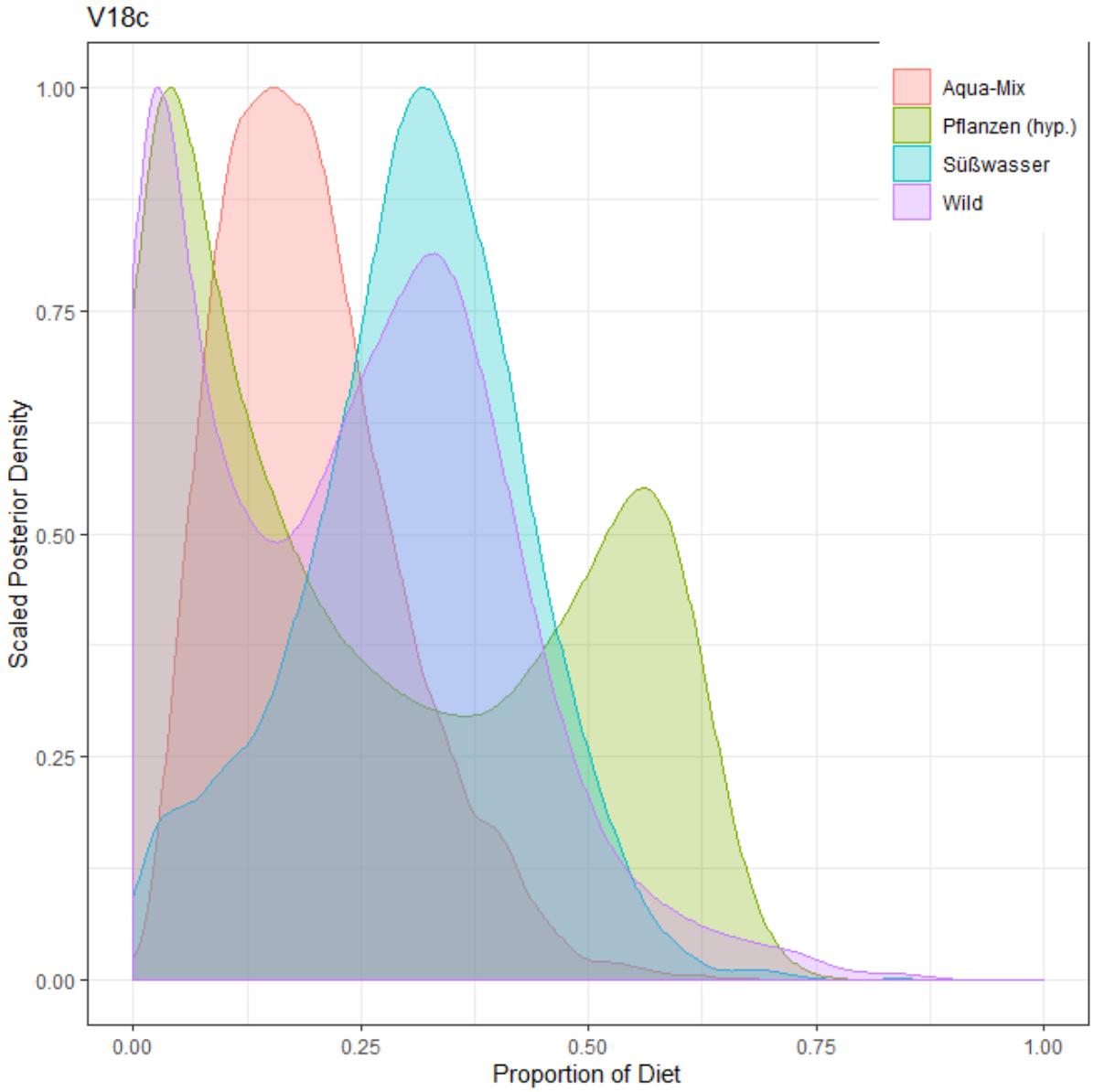


Abbildung 551: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 18c. Erstellt mit MixSIAR.

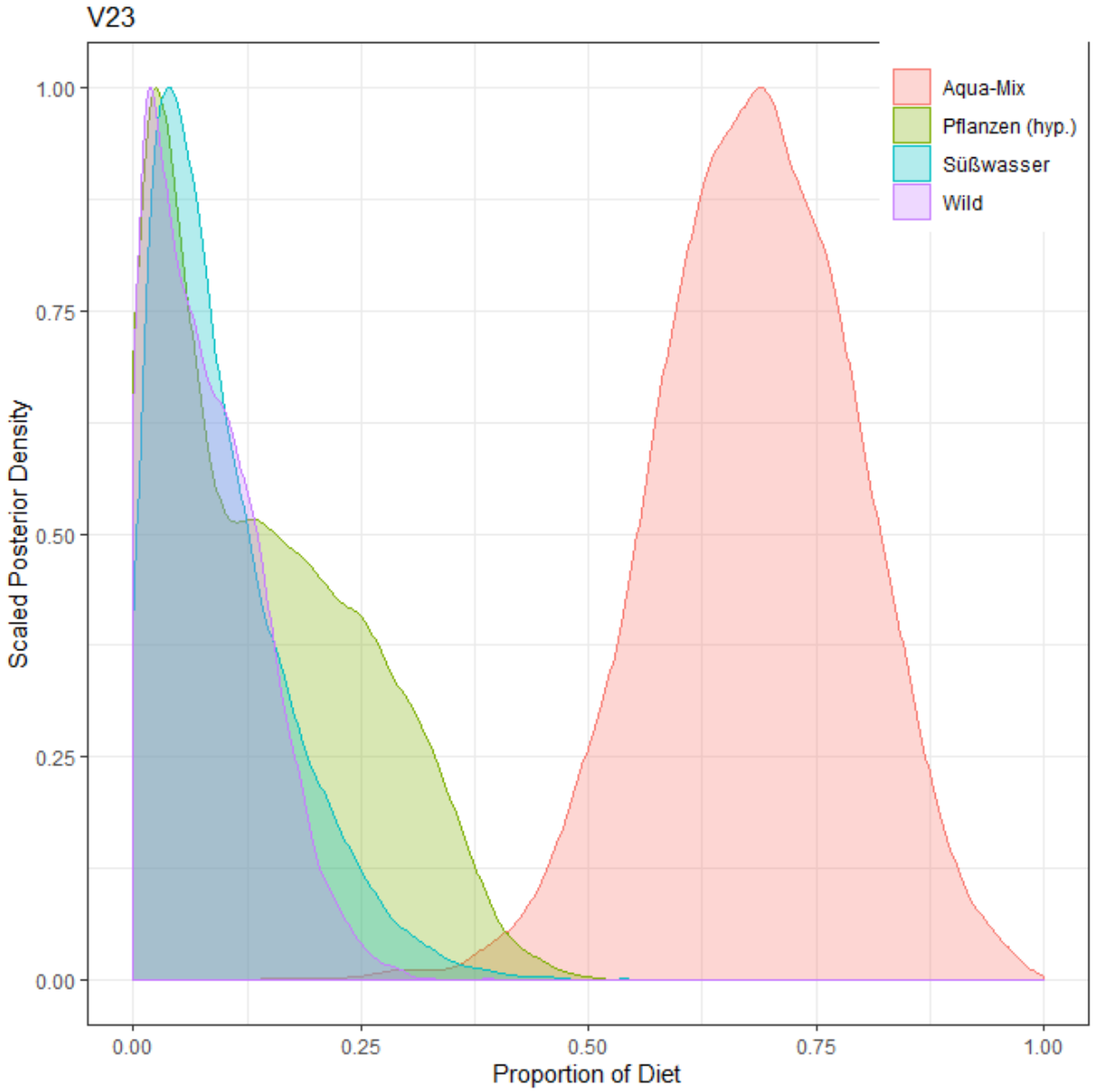


Abbildung 552: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 23. Erstellt mit MixSIAR.

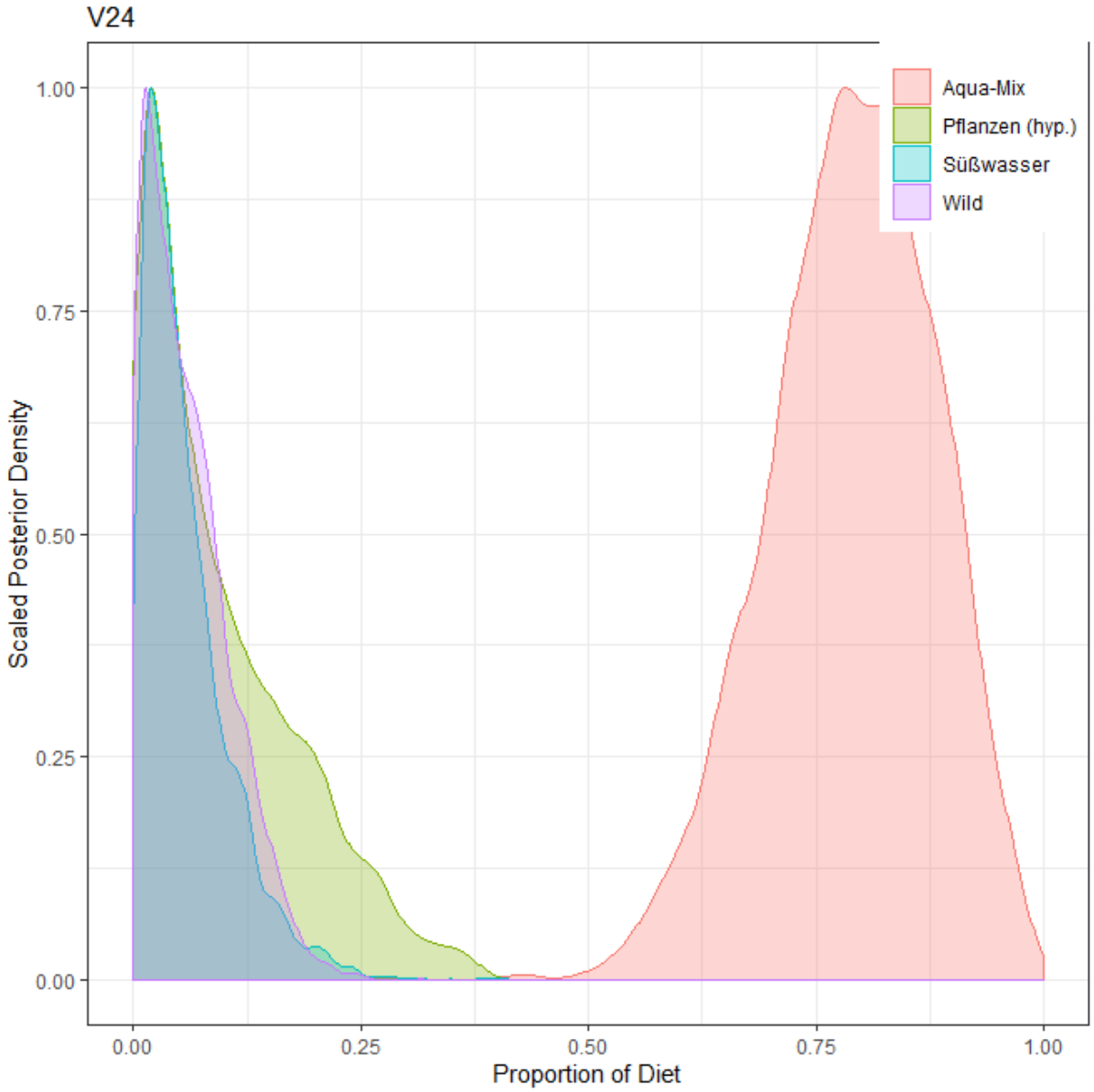


Abbildung 553: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 24. Erstellt mit MixSIAR.

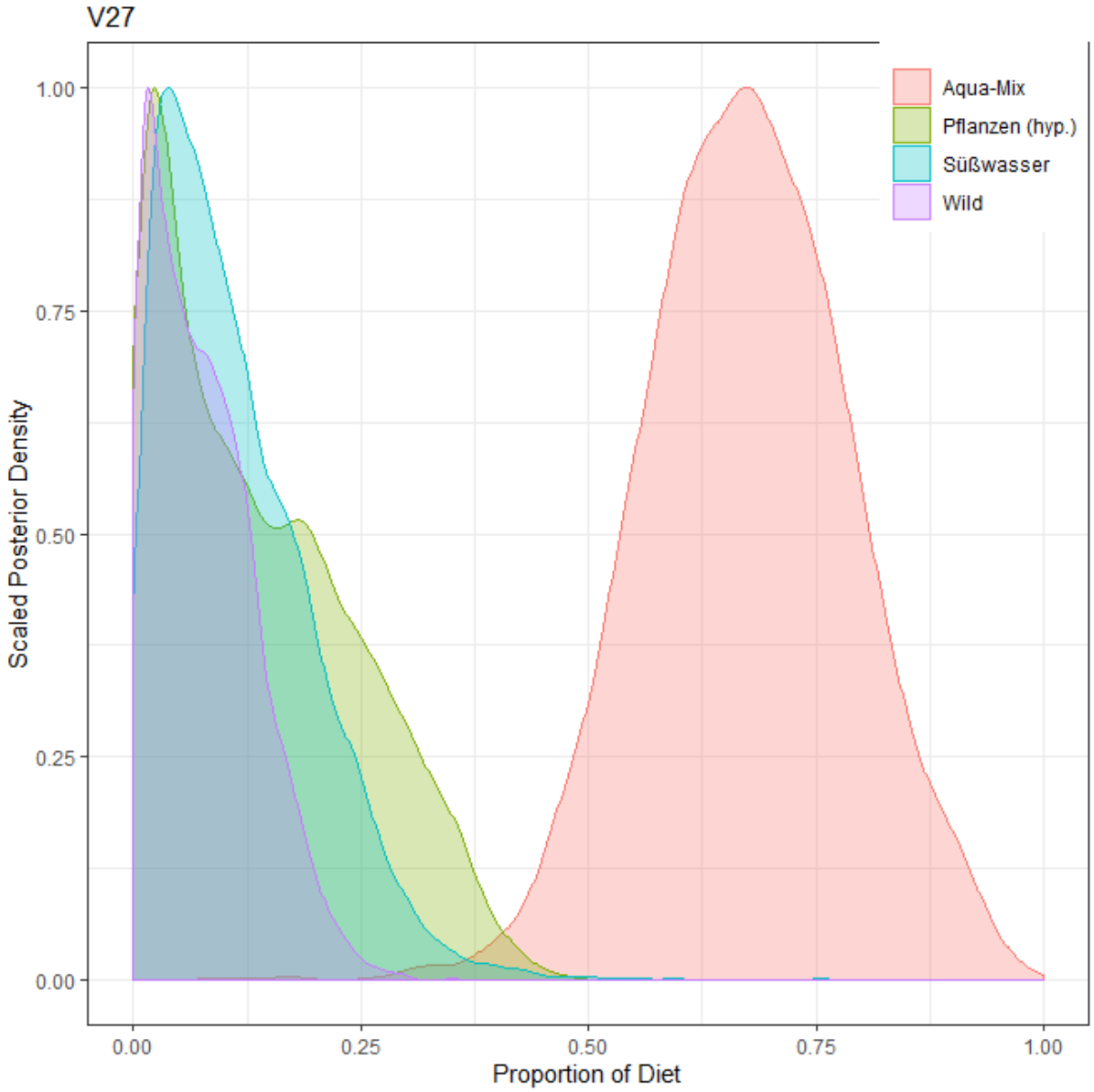


Abbildung 554: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 27. Erstellt mit MixSIAR.

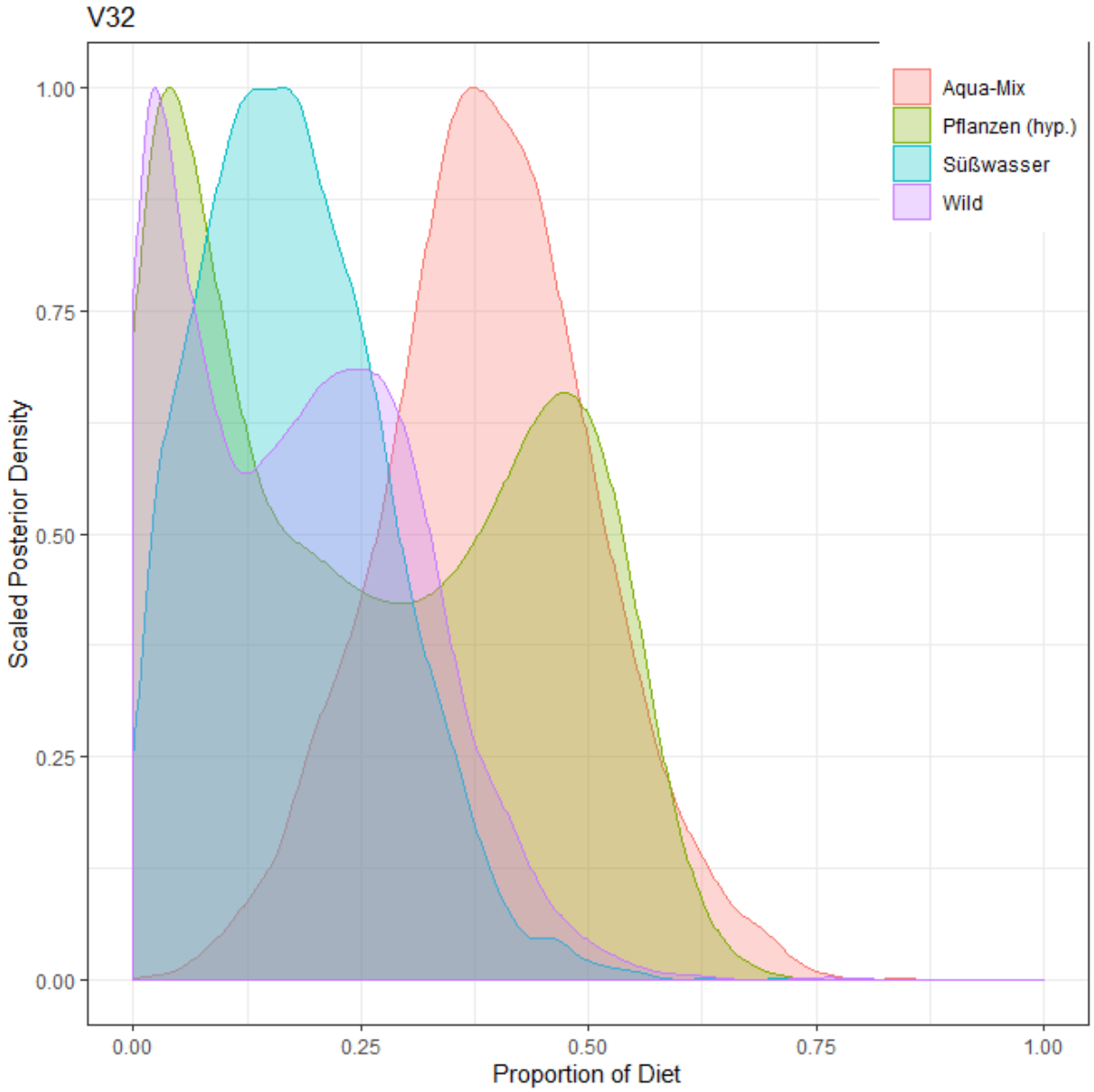


Abbildung 555: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 32. Erstellt mit MixSIAR.

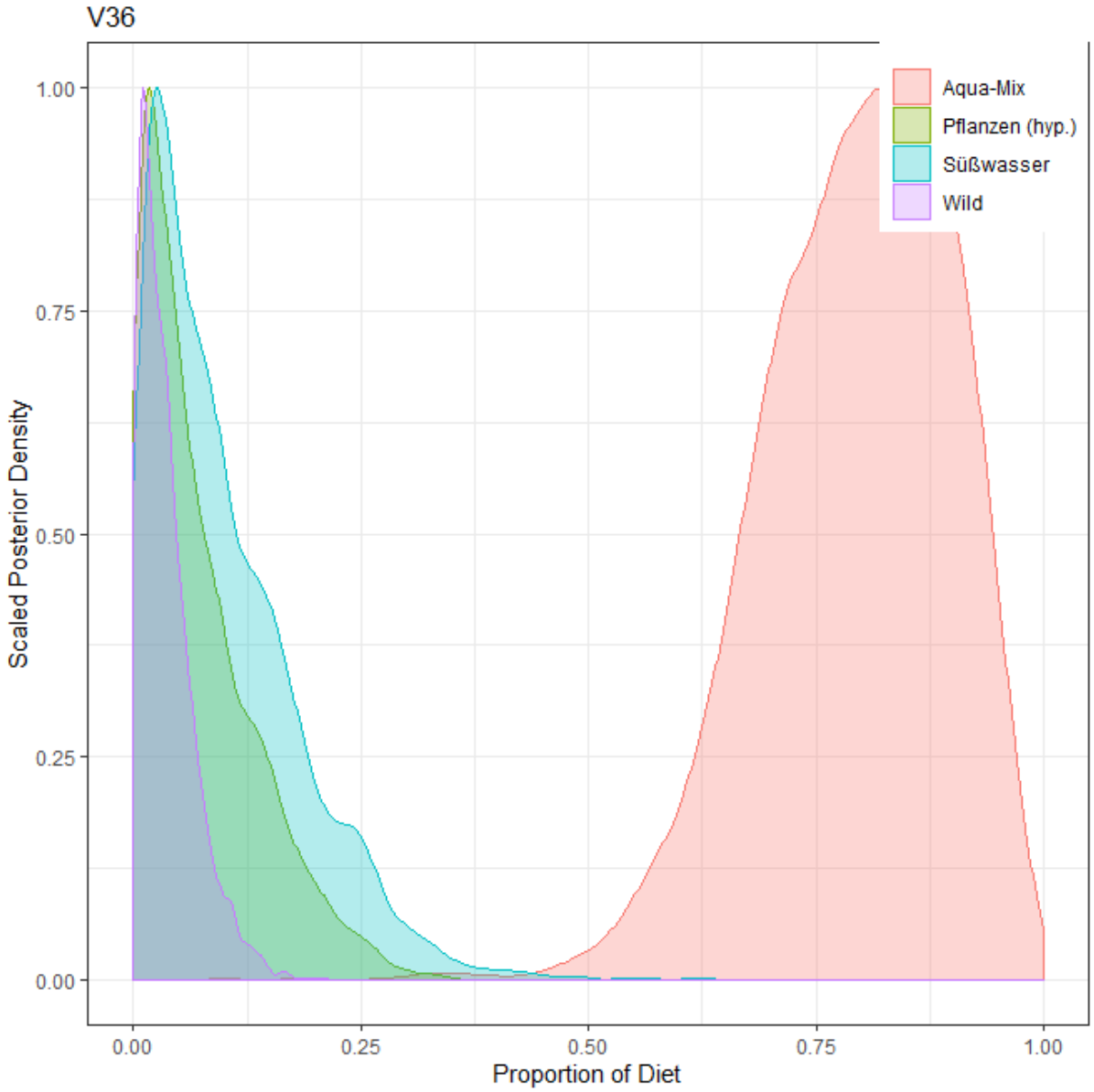


Abbildung 556: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 36. Erstellt mit MixSIAR.

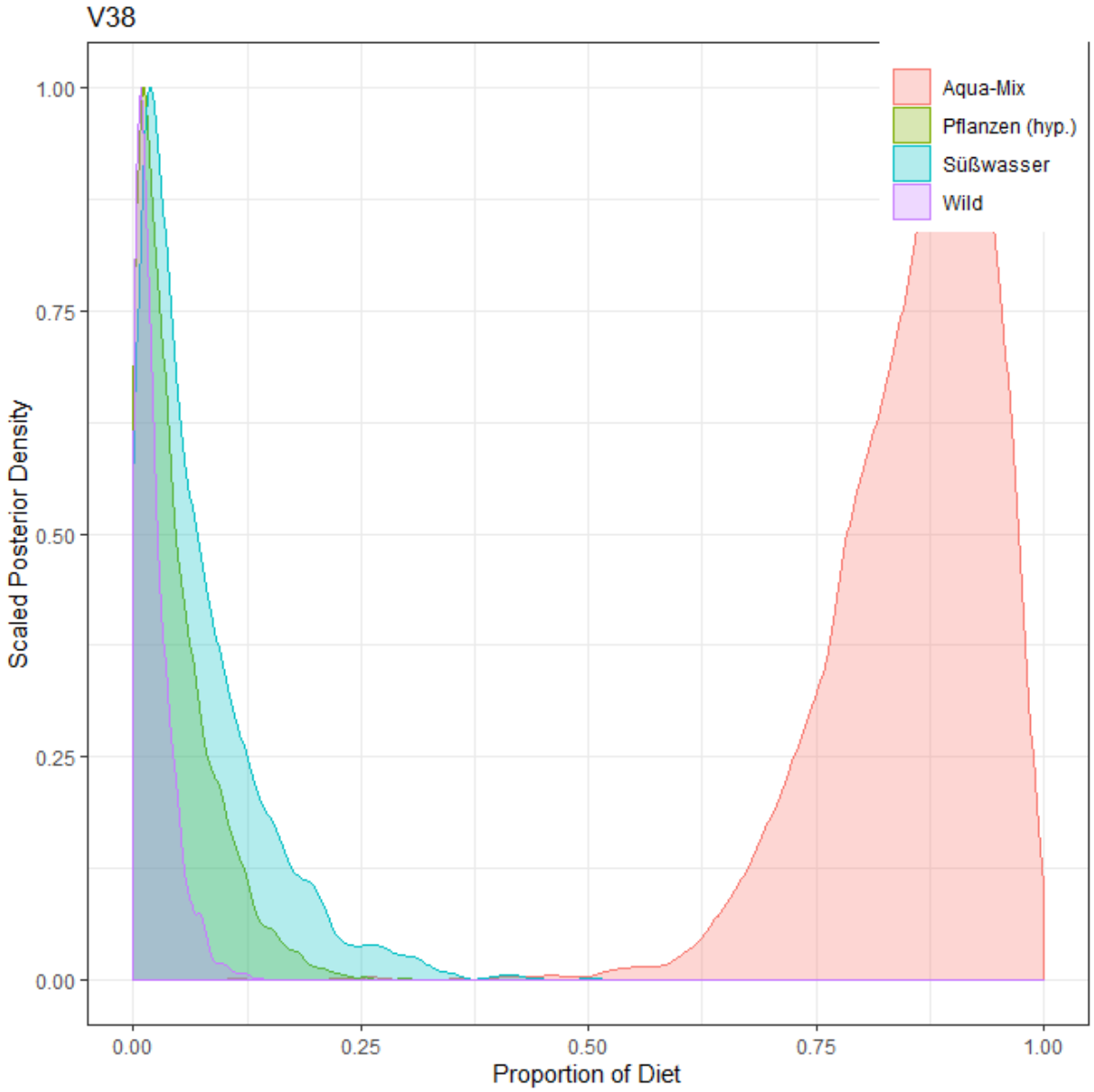


Abbildung 557: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 38. Erstellt mit MixSIAR.

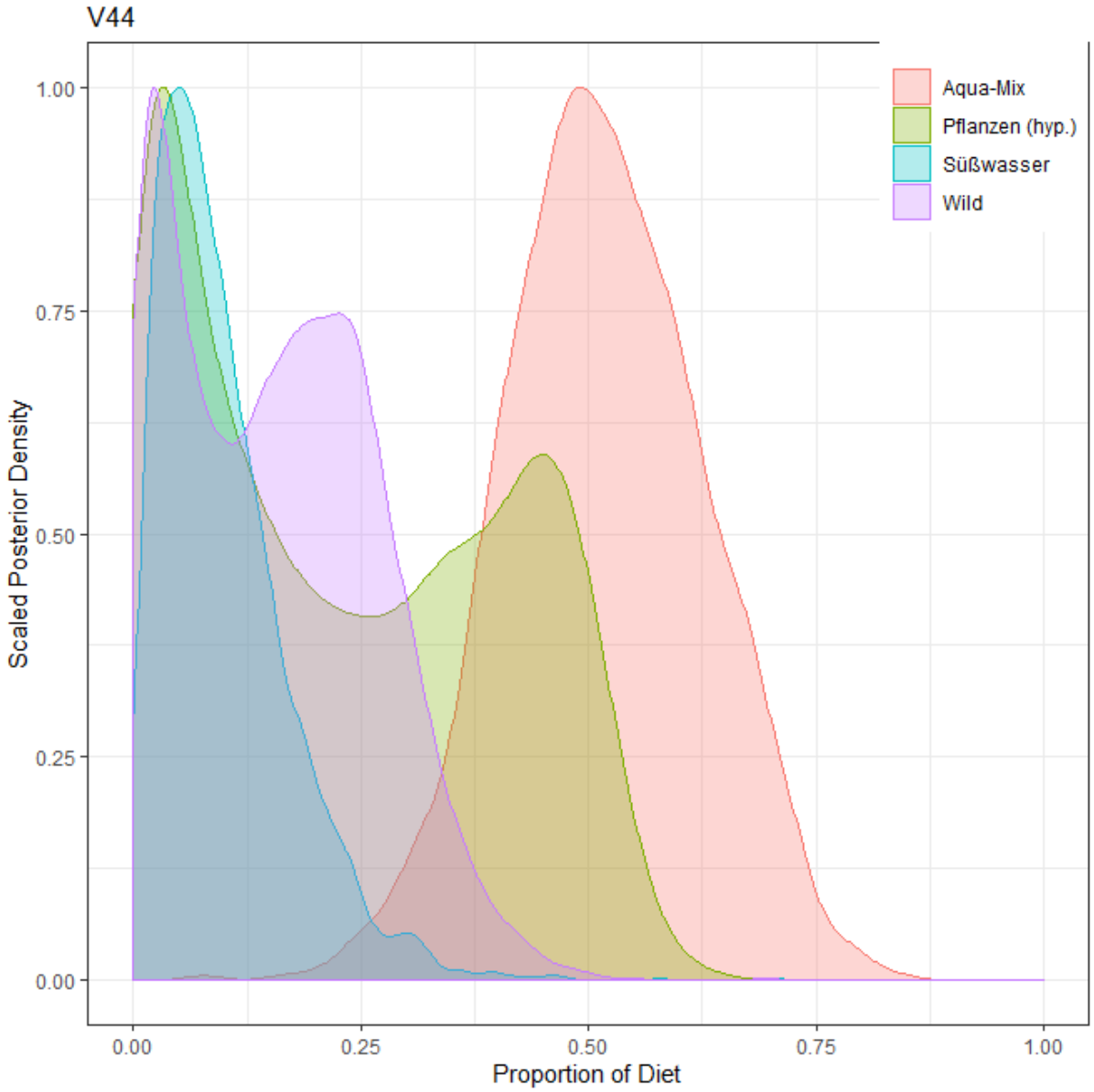


Abbildung 558: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 44. Erstellt mit MixSIAR.

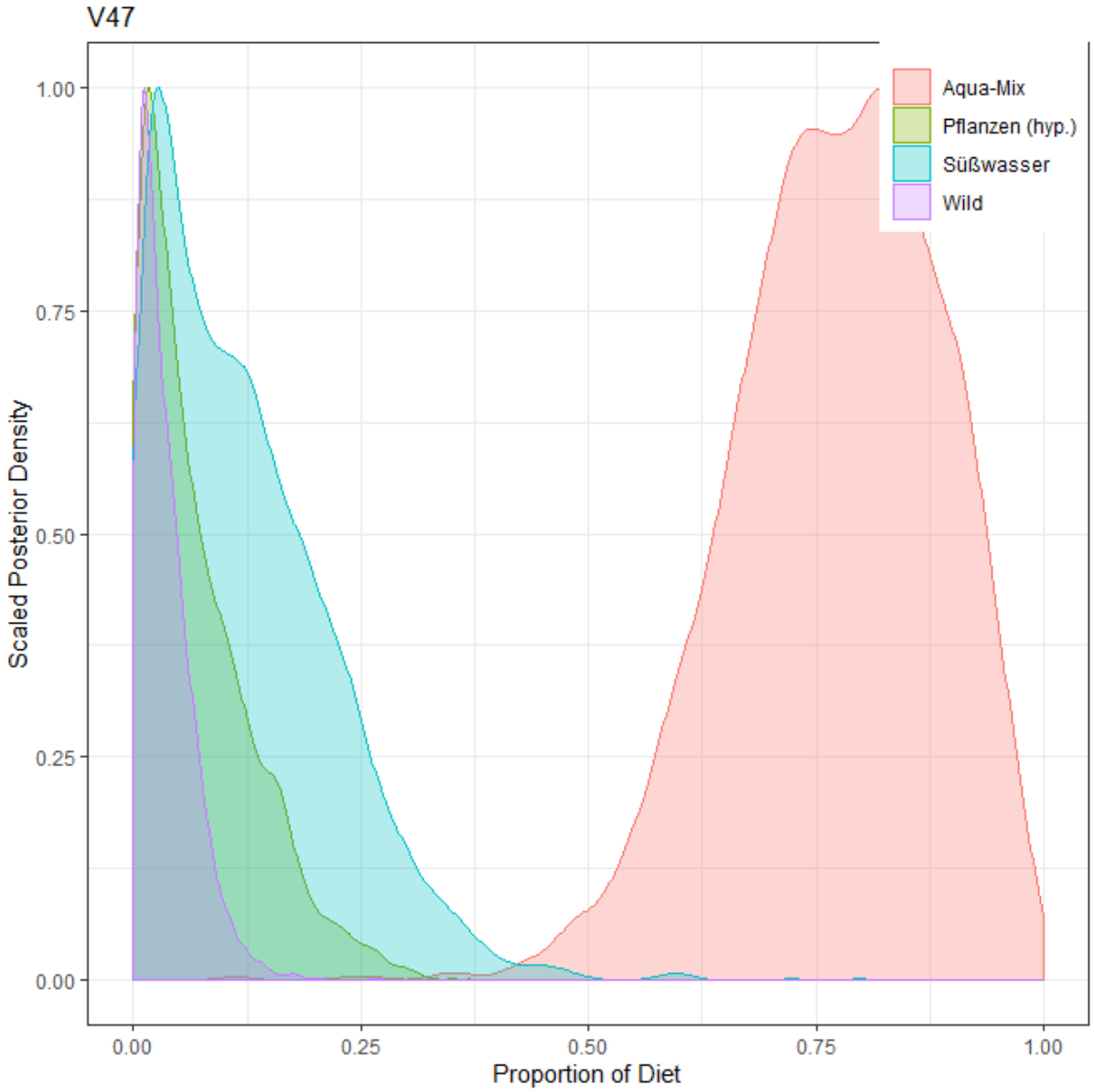


Abbildung 559: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 47. Erstellt mit MixSIAR.

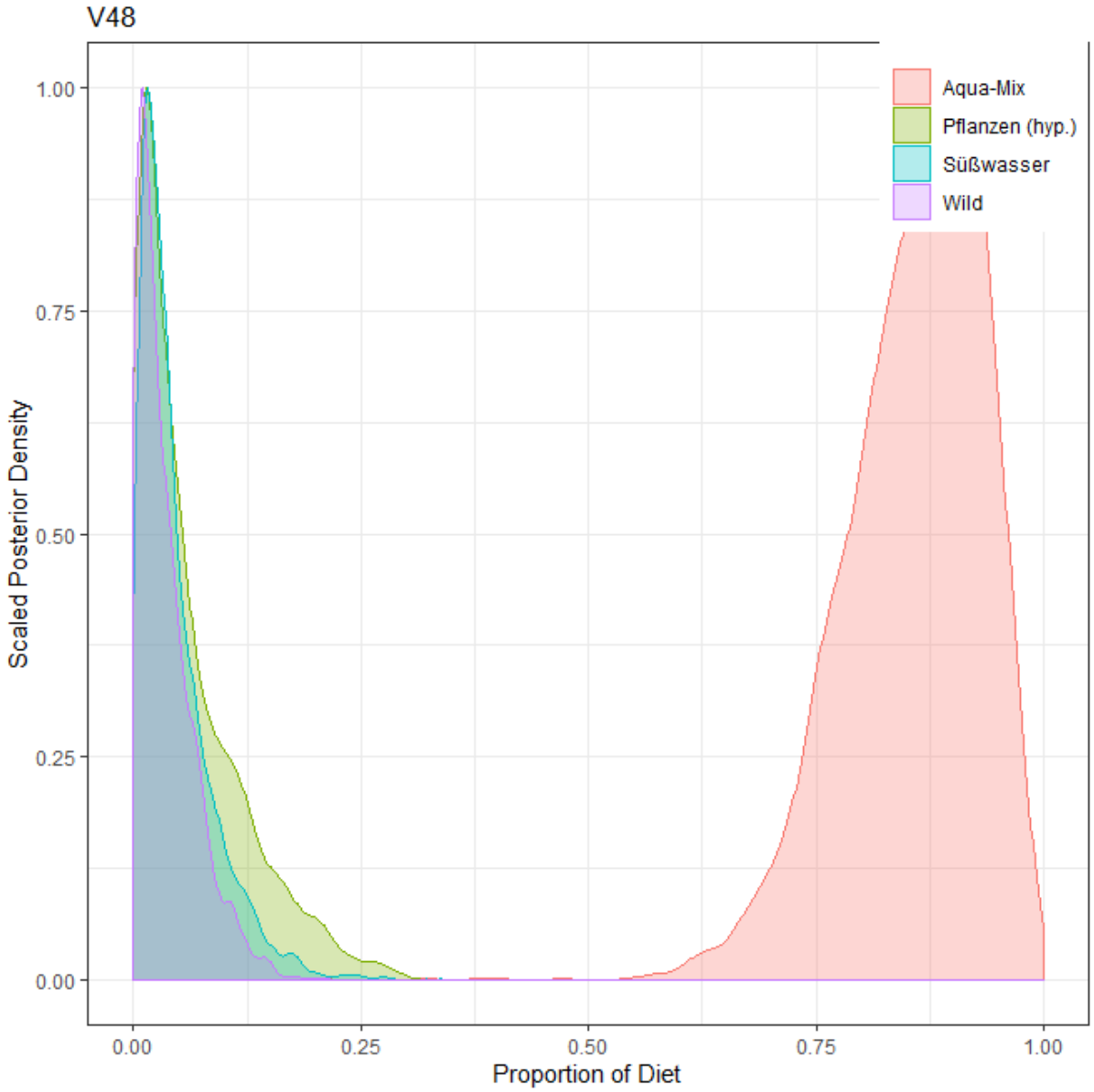


Abbildung 560: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 48. Erstellt mit MixSIAR.

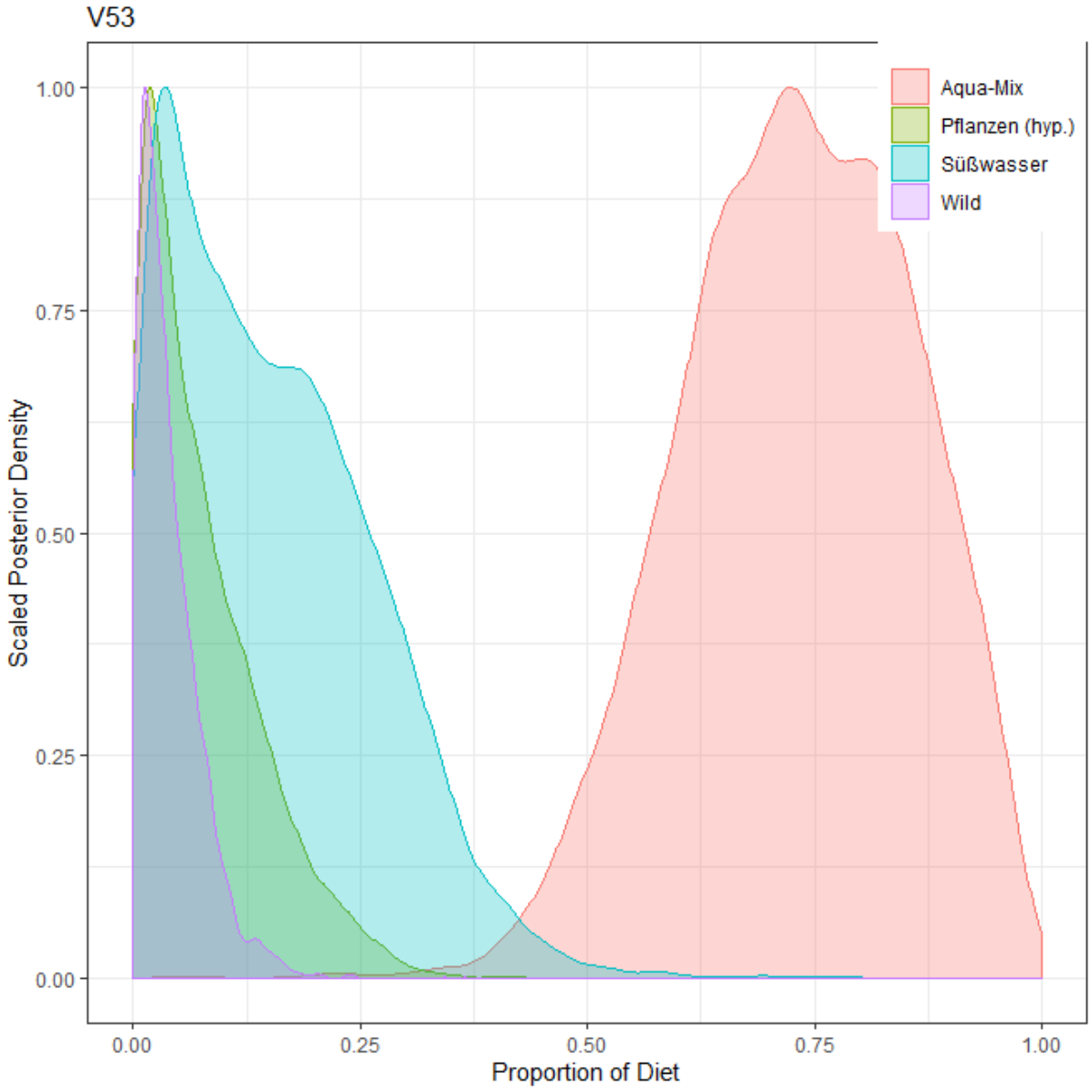


Abbildung 561: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 53. Erstellt mit MixSIAR.

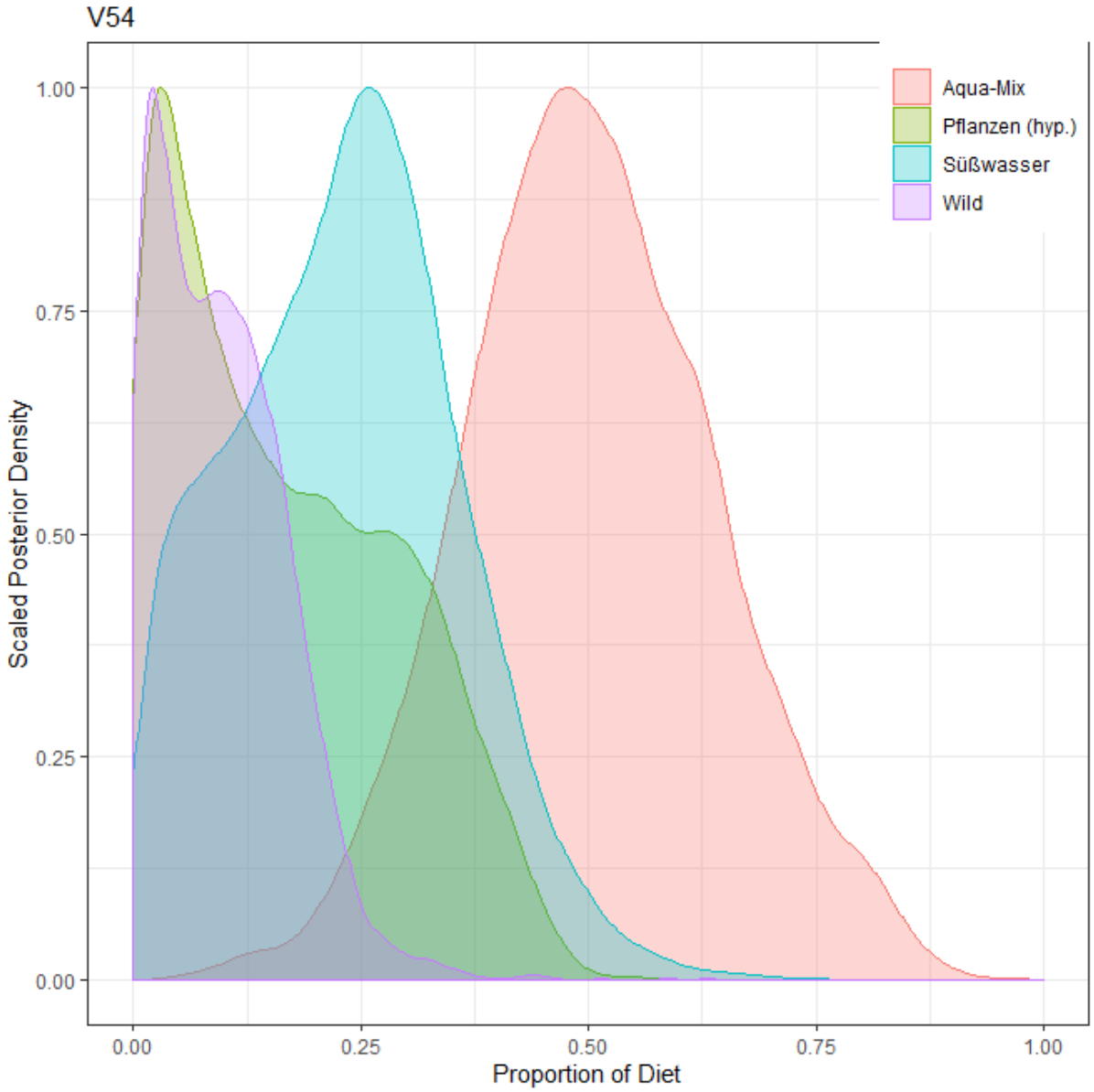


Abbildung 562: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 54. Erstellt mit MixSIAR.

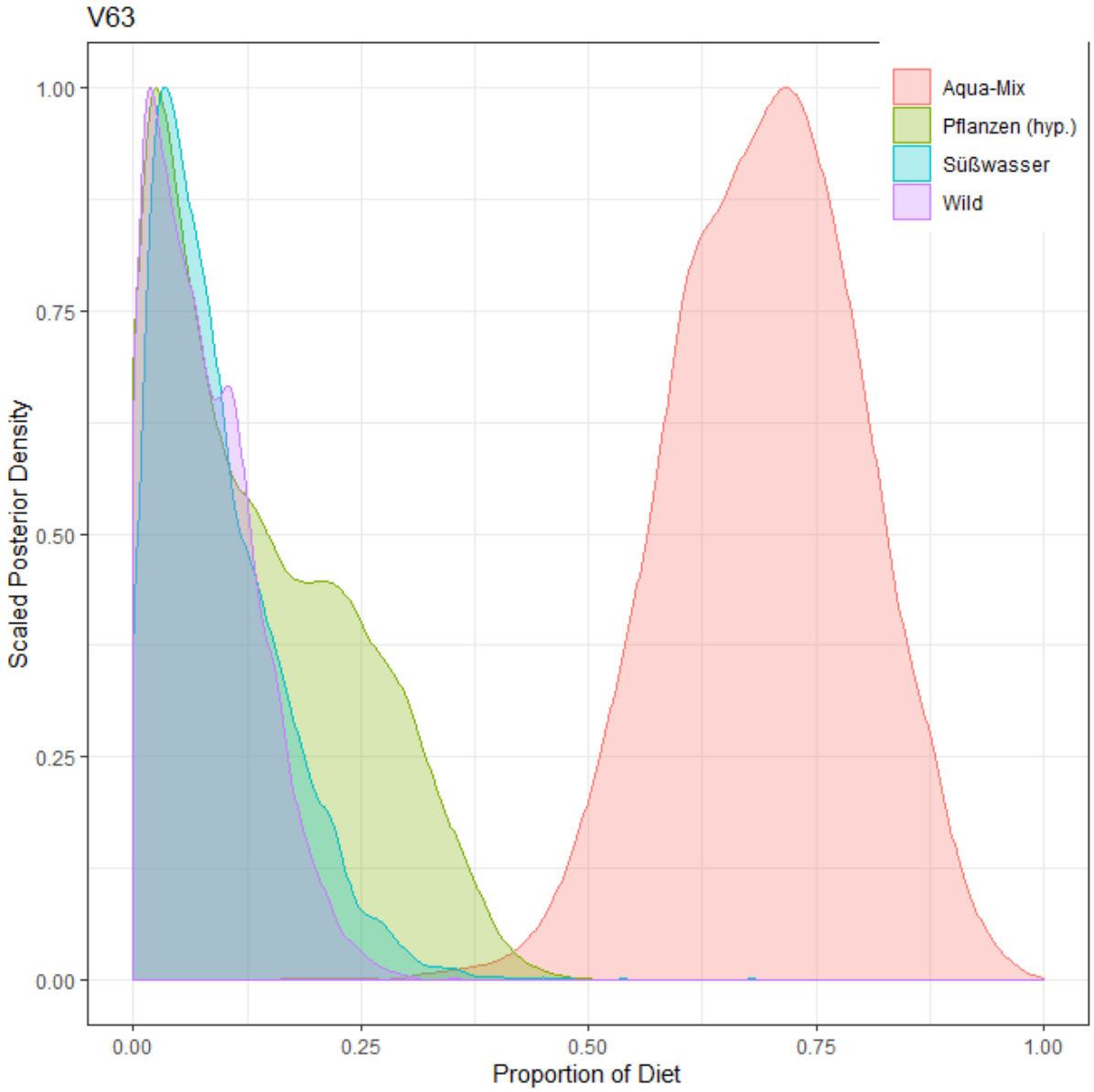


Abbildung 563: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 63. Erstellt mit MixSIAR.

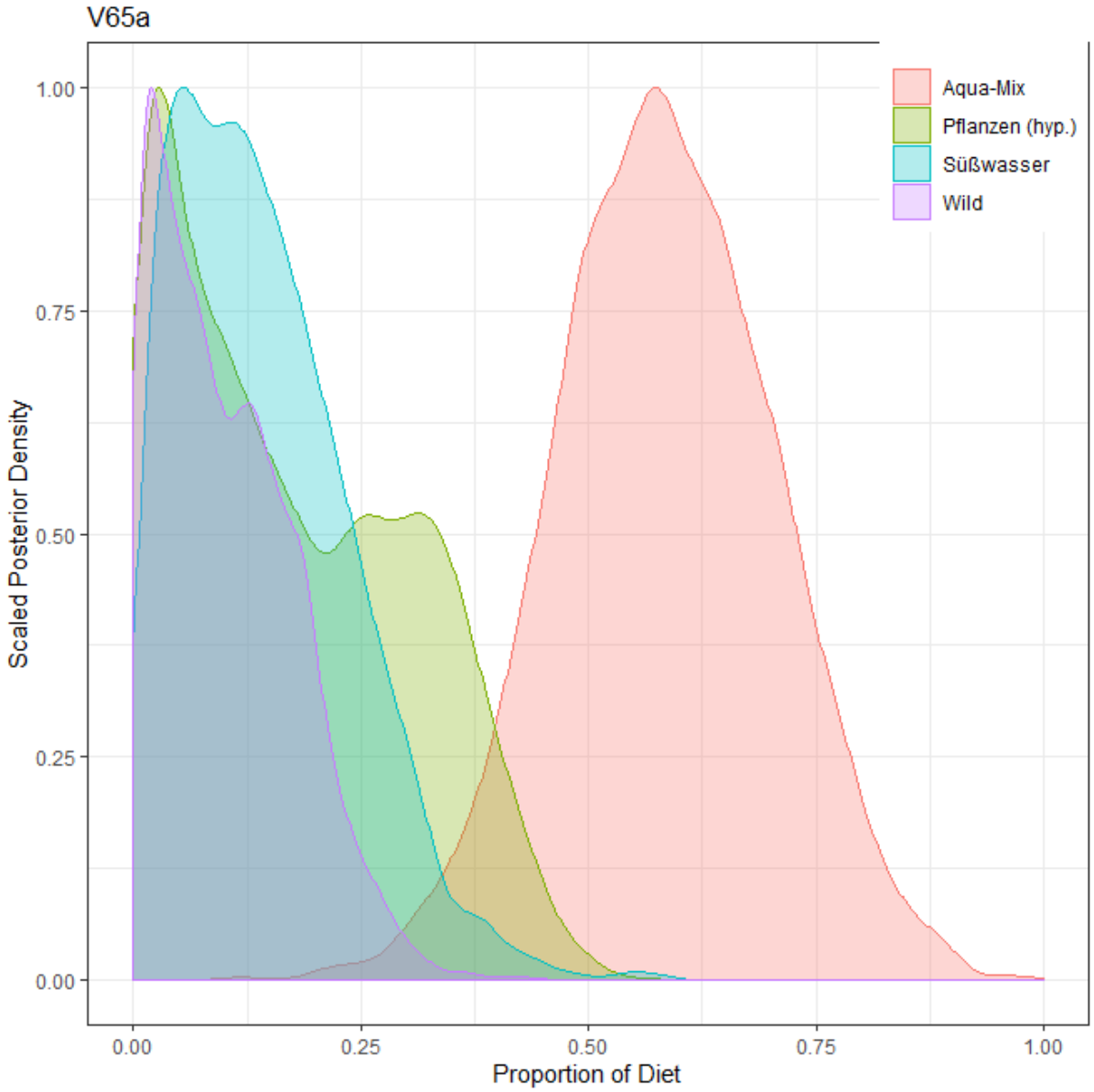


Abbildung 564: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 65a. Erstellt mit MixSIAR.

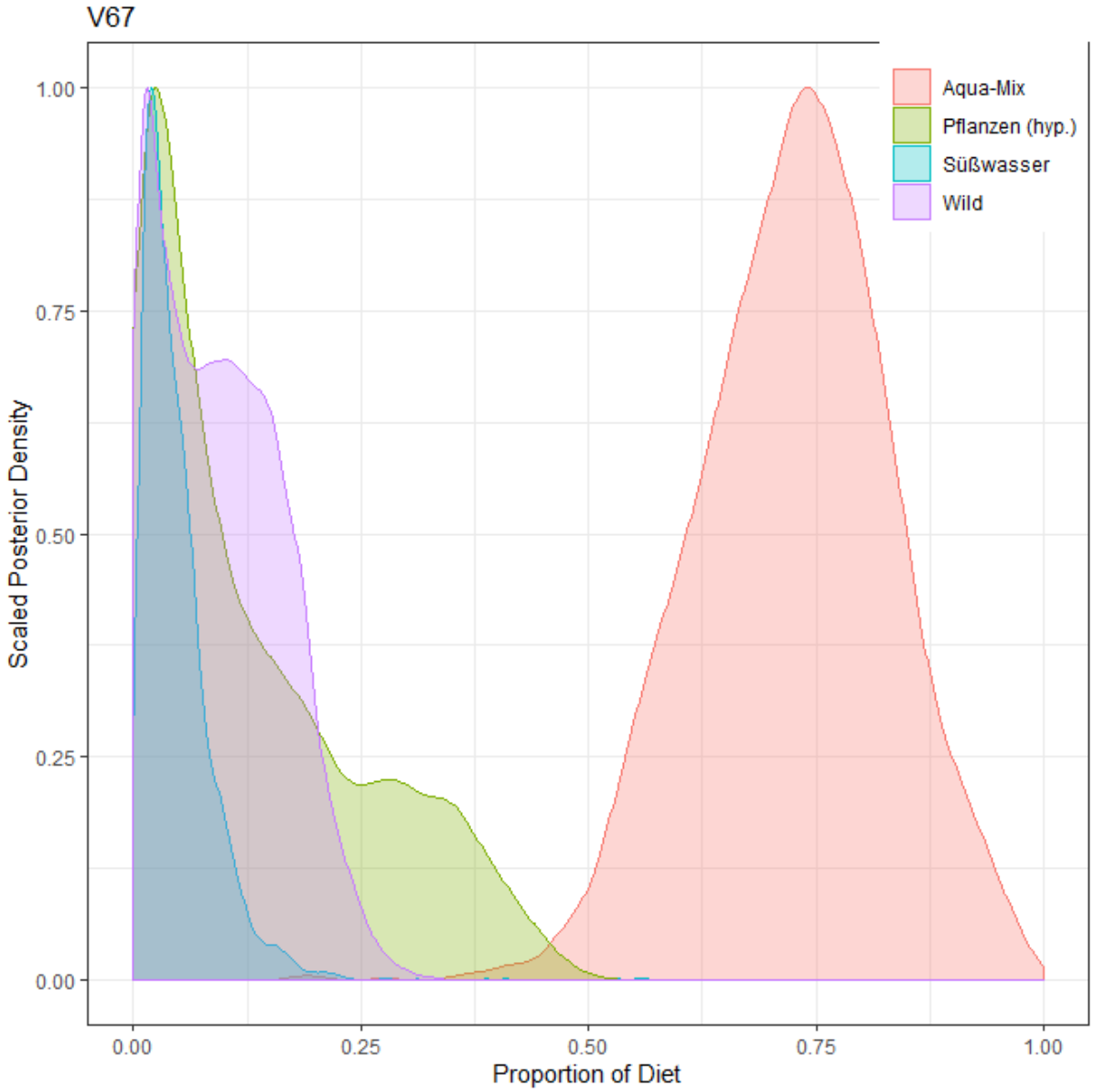


Abbildung 565: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 67. Erstellt mit MixSIAR.

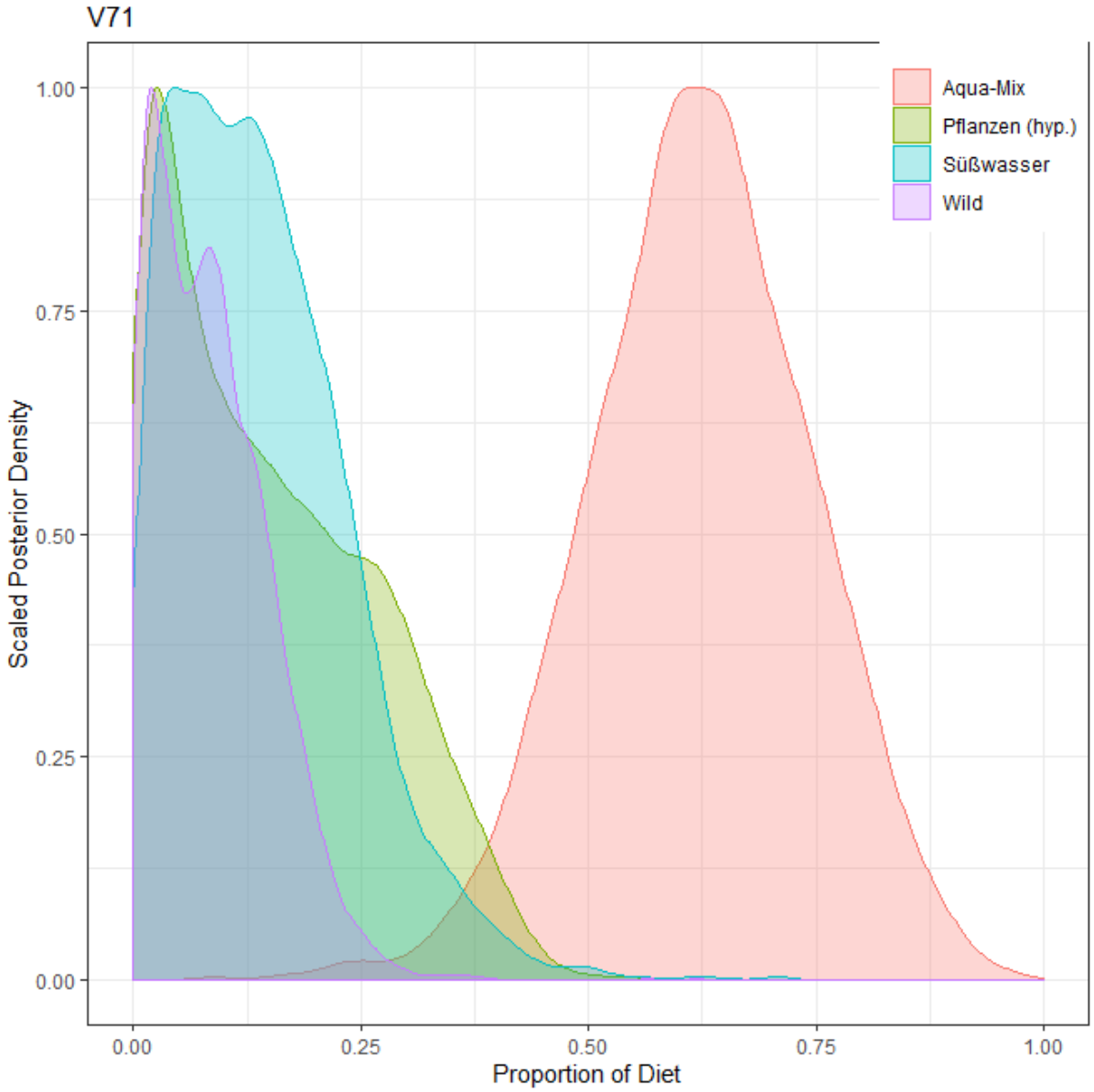


Abbildung 566: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 71. Erstellt mit MixSIAR.

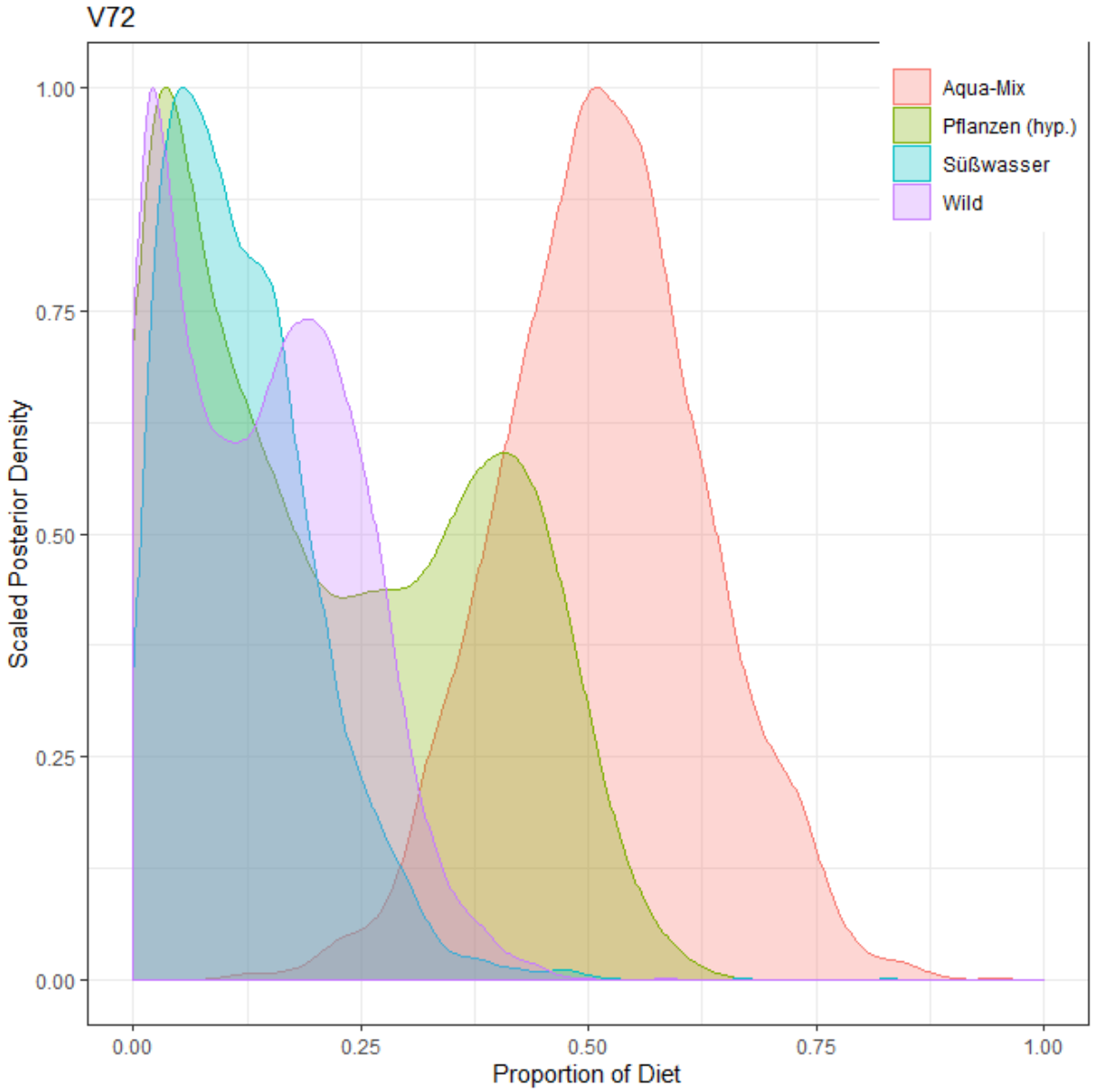


Abbildung 567: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 72. Erstellt mit MixSIAR.

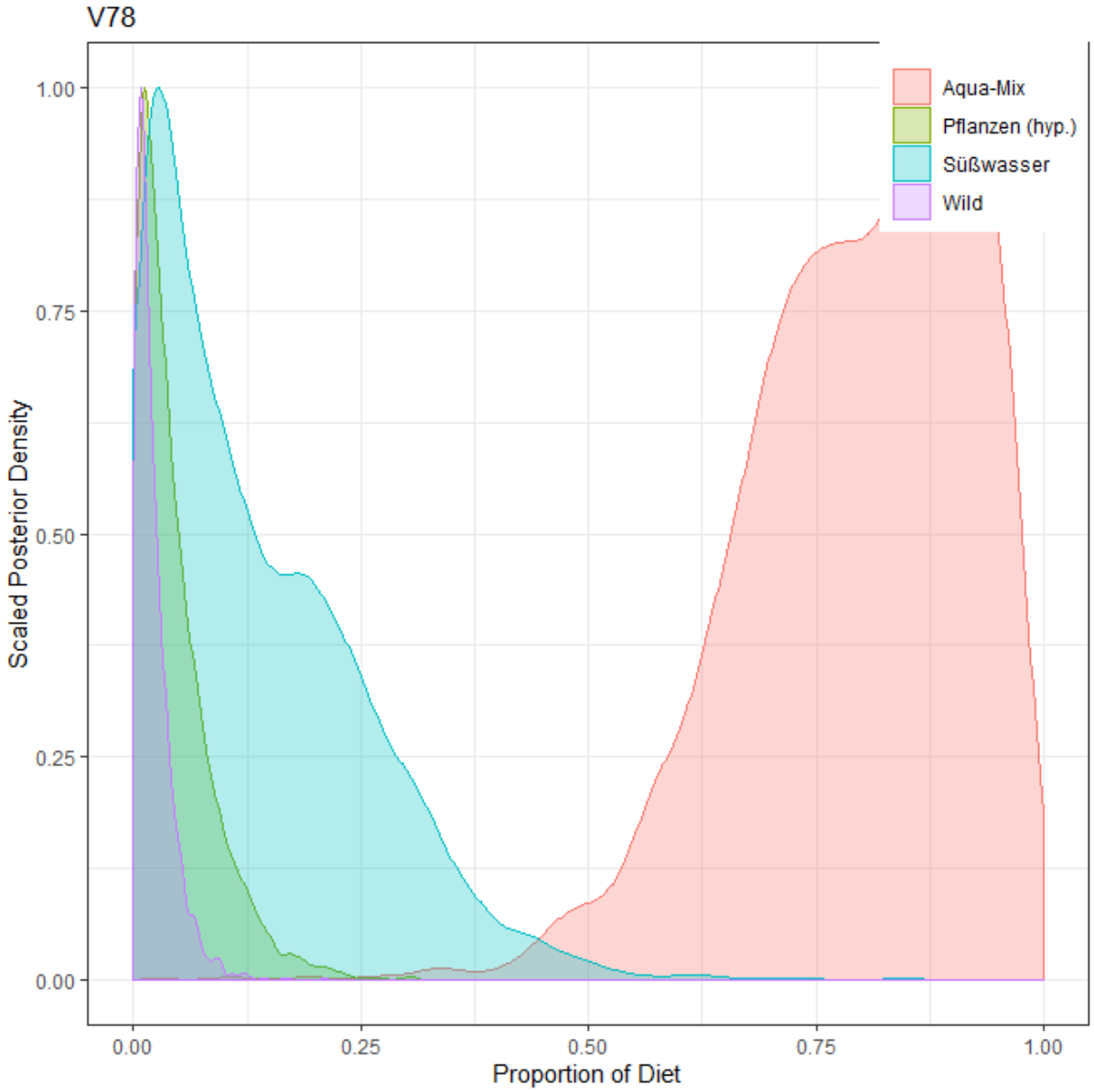


Abbildung 568: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 78. Erstellt mit MixSIAR.

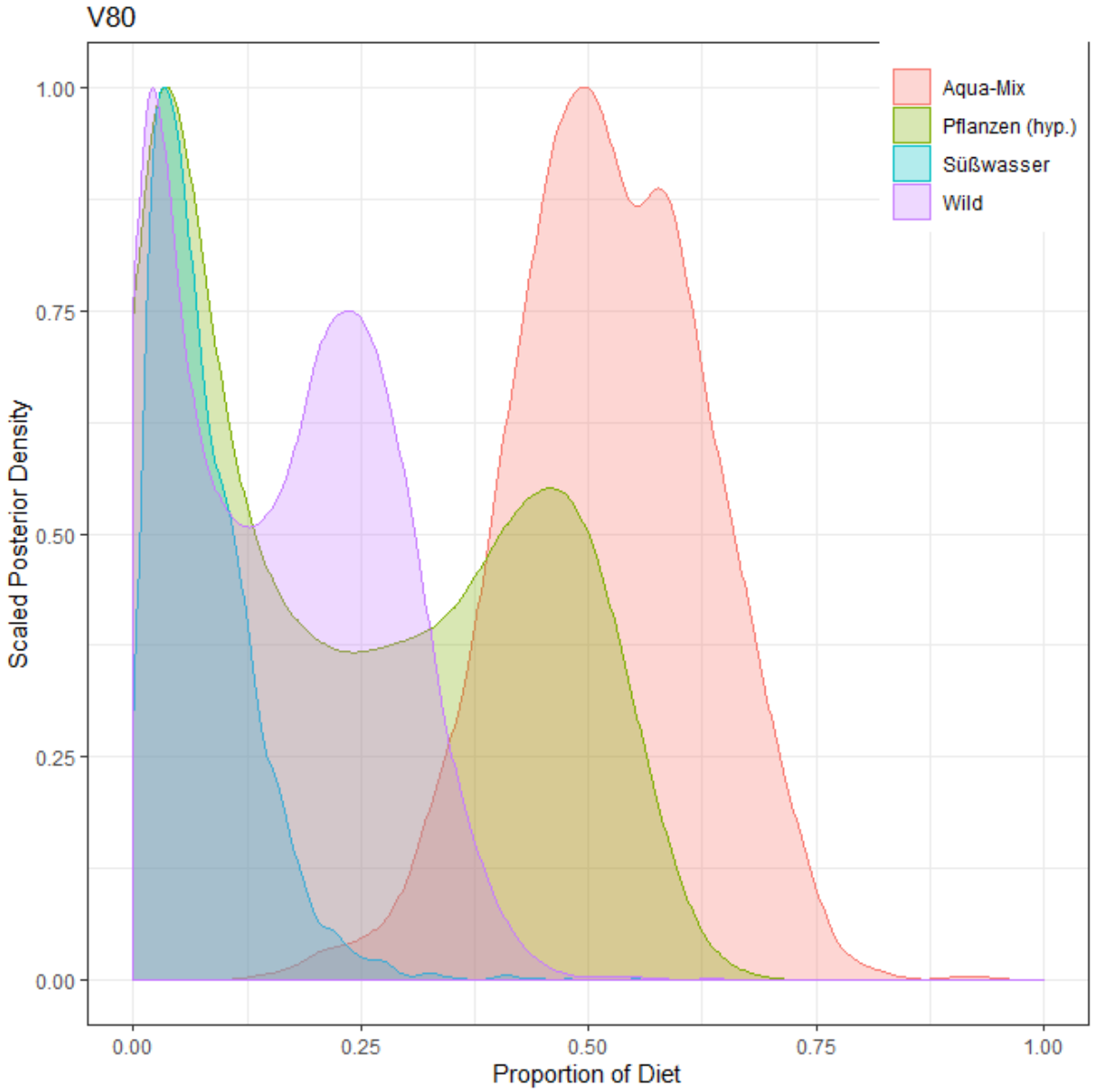


Abbildung 569: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80. Erstellt mit MixSIAR.

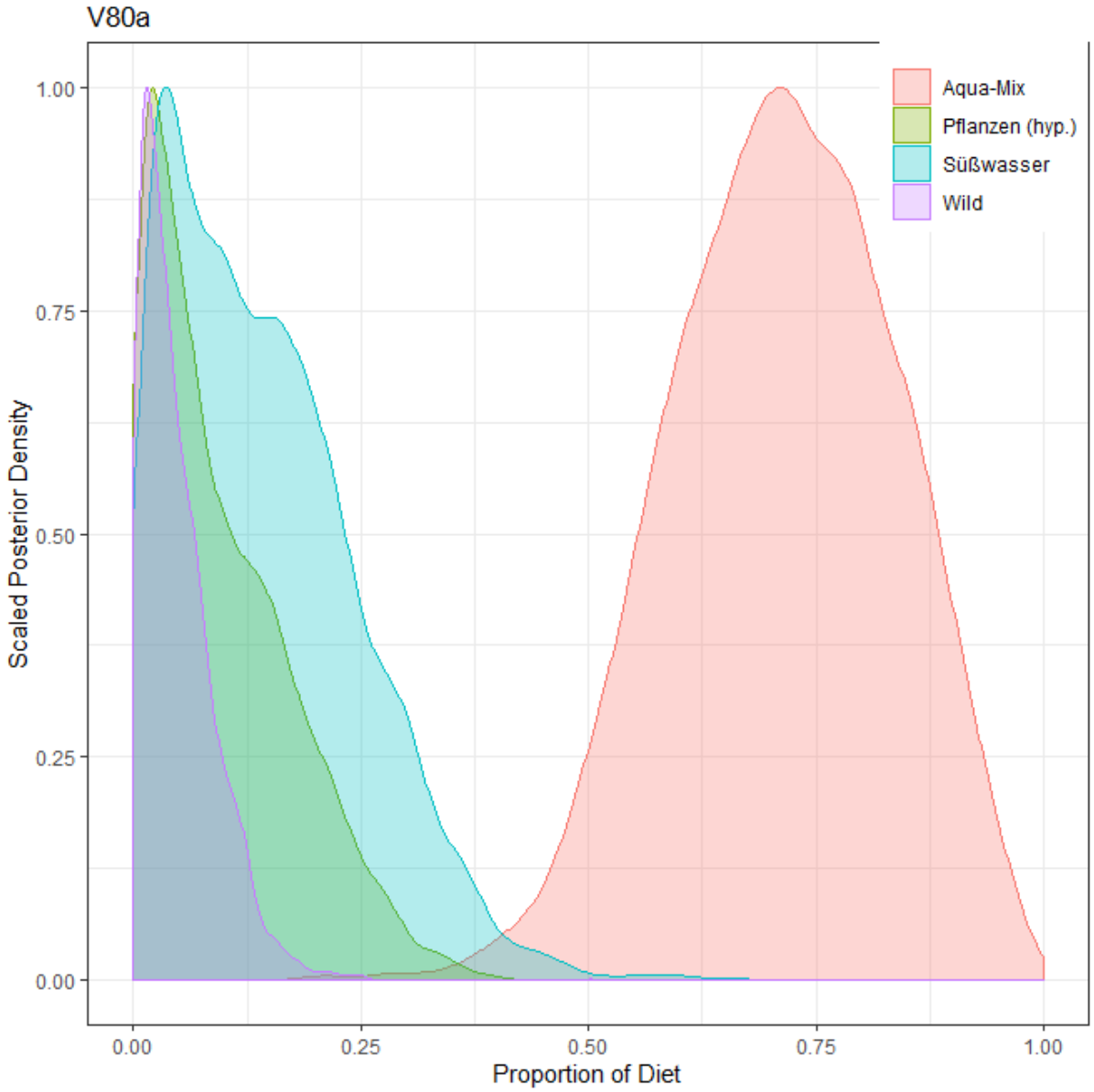


Abbildung 570: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80a. Erstellt mit MixSIAR.

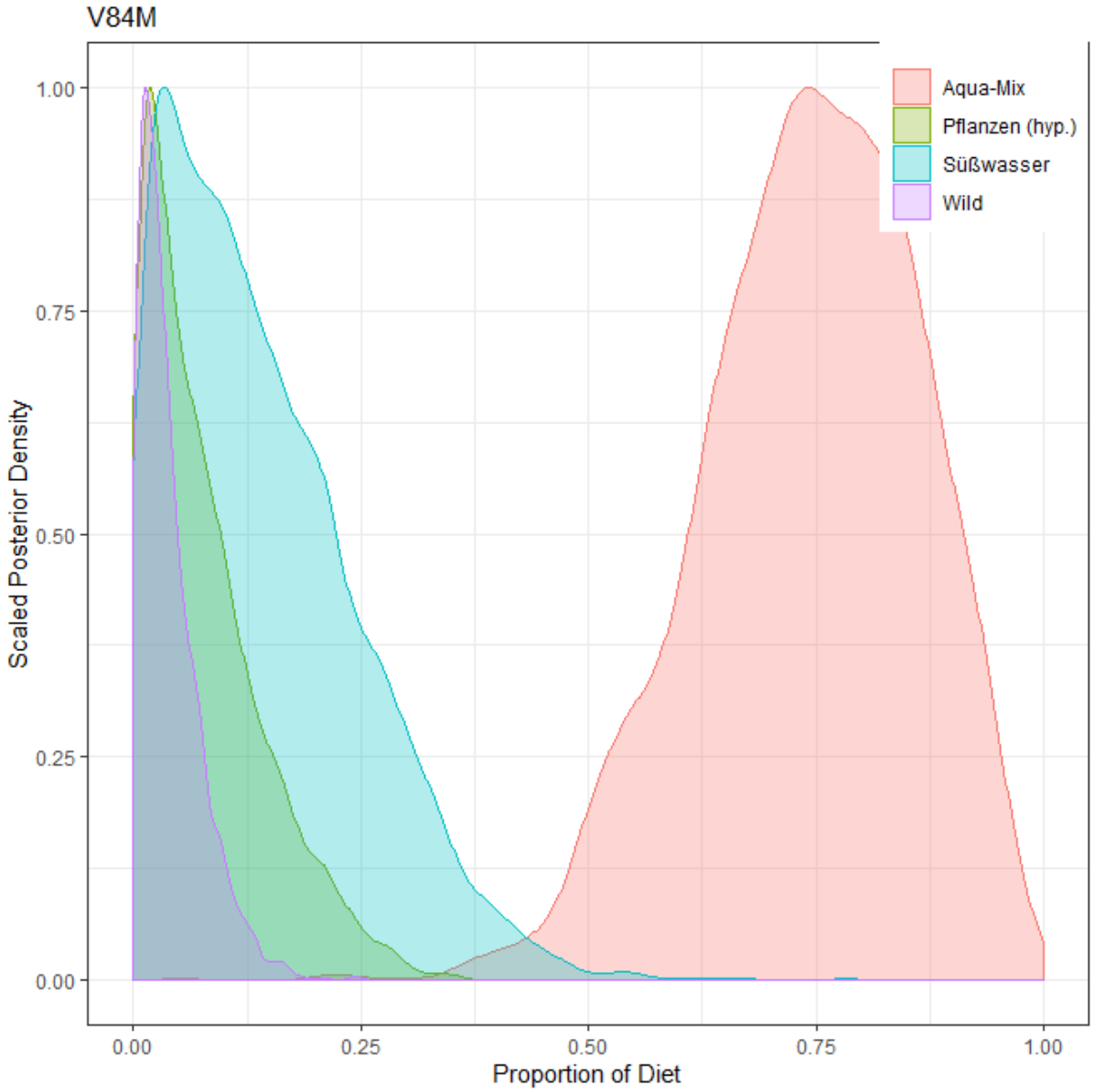


Abbildung 571: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 84M. Erstellt mit MixSIAR.

8.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 25: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Vlasac (V). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
V4a	Aqua-Mix	53,6%	78,3%	11,3%	79,5%	95,8%
	Pflanzen	0,2%	6,7%	5,8%	5,1%	21,2%
	Süßwasser	0,6%	11,6%	9,8%	9,1%	34,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,1%	3,5%	3,0%	2,6%	11,5%
V4b	Aqua-Mix	55,4%	79,3%	10,8%	80,3%	95,9%
	Pflanzen	0,2%	6,8%	6,1%	5,0%	22,4%
	Süßwasser	0,5%	10,4%	8,8%	7,9%	32,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	3,5%	3,0%	2,6%	11,1%
V6	Aqua-Mix	37,2%	66,3%	15,3%	65,8%	93,8%
	Pflanzen	0,2%	7,3%	6,3%	5,5%	23,1%
	Süßwasser	0,8%	22,7%	14,2%	22,5%	50,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	3,7%	3,1%	2,9%	11,8%
V7	Aqua-Mix	11,4%	30,7%	10,0%	30,5%	51,0%
	Pflanzen	0,4%	31,1%	24,0%	27,9%	68,6%
	Süßwasser	1,0%	12,5%	8,1%	11,3%	31,3%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	25,8%	18,4%	26,8%	58,3%
V11b	Aqua-Mix	47,2%	66,1%	9,3%	66,6%	82,9%
	Pflanzen	0,7%	12,9%	8,6%	11,6%	31,4%
	Süßwasser	2,9%	13,3%	6,9%	12,3%	30,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,6%	7,6%	4,5%	7,3%	17,7%
V16	Aqua-Mix	15,6%	35,9%	10,5%	35,4%	56,8%
	Pflanzen	0,4%	31,4%	23,6%	29,6%	66,9%
	Süßwasser	1,0%	9,6%	6,7%	8,2%	25,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	23,1%	17,1%	23,1%	53,4%
V18c	Aqua-Mix	4,9%	19,6%	9,9%	18,3%	42,4%
	Pflanzen	0,5%	26,5%	21,4%	20,7%	62,8%
	Süßwasser	3,7%	30,6%	12,4%	31,4%	53,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,3%	23,3%	16,9%	24,0%	58,6%
V23	Aqua-Mix	45,8%	68,1%	11,1%	68,5%	88,5%
	Pflanzen	0,3%	14,1%	11,1%	12,1%	37,0%
	Süßwasser	0,7%	9,8%	7,7%	7,9%	28,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	8,0%	6,1%	7,0%	21,8%
V24	Aqua-Mix	59,6%	78,8%	9,2%	79,2%	94,9%
	Pflanzen	0,2%	9,5%	8,5%	6,9%	30,0%
	Süßwasser	0,5%	5,8%	4,9%	4,5%	18,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	5,9%	4,7%	4,9%	16,7%
V27	Aqua-Mix	45,8%	67,3%	11,3%	67,4%	89,4%
	Pflanzen	0,3%	13,7%	10,8%	11,7%	36,3%
	Süßwasser	0,8%	11,3%	8,4%	9,6%	30,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	7,6%	5,7%	6,8%	20,5%
V32	Aqua-Mix	15,9%	39,1%	11,7%	39,1%	62,8%
	Pflanzen	0,5%	25,6%	18,9%	23,8%	56,9%
	Süßwasser	1,7%	17,6%	10,1%	16,8%	39,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,3%	17,6%	12,9%	17,0%	43,6%
V36	Aqua-Mix	56,9%	79,1%	10,6%	80,1%	95,7%
	Pflanzen	0,2%	7,2%	6,4%	5,3%	23,3%
	Süßwasser	0,5%	10,0%	8,5%	7,8%	30,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,1%	3,7%	3,1%	2,9%	11,5%
V38	Aqua-Mix	65,3%	85,6%	9,0%	87,3%	97,6%
	Pflanzen	0,1%	4,6%	4,3%	3,3%	16,0%
	Süßwasser	0,3%	7,4%	7,4%	5,1%	26,7%

	Wild (Rotwild + Reh)	0,1%	2,4%	2,1%	1,8%	8,0%
V44	Aqua-Mix	30,4%	51,6%	10,8%	51,3%	72,3%
	Pflanzen	0,4%	23,1%	17,4%	20,6%	52,8%
	Süßwasser	1,0%	9,9%	7,2%	8,3%	27,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,3%	15,5%	10,9%	15,2%	36,9%
V47	Aqua-Mix	53,6%	77,0%	11,4%	77,8%	95,8%
	Pflanzen	0,2%	7,0%	6,2%	5,2%	23,0%
	Süßwasser	0,5%	12,3%	9,7%	10,6%	34,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	3,6%	3,1%	2,8%	11,2%
V48	Aqua-Mix	68,7%	85,7%	7,7%	86,9%	97,0%
	Pflanzen	0,2%	6,1%	5,9%	4,1%	21,2%
	Süßwasser	0,3%	4,6%	4,4%	3,3%	15,4%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,1%	3,6%	3,2%	2,6%	11,9%
V53	Aqua-Mix	47,7%	72,9%	12,7%	73,2%	94,7%
	Pflanzen	0,2%	7,6%	6,6%	5,9%	24,2%
	Süßwasser	0,8%	15,4%	11,2%	13,9%	39,9%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	4,0%	3,5%	3,1%	13,1%
V54	Aqua-Mix	24,1%	50,3%	13,8%	49,8%	79,1%
	Pflanzen	0,5%	16,7%	12,4%	14,6%	41,5%
	Süßwasser	1,9%	23,3%	12,3%	23,7%	48,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	9,7%	7,2%	8,9%	24,7%
V63	Aqua-Mix	48,6%	69,3%	10,5%	69,7%	88,4%
	Pflanzen	0,3%	13,6%	10,7%	11,5%	36,2%
	Süßwasser	0,7%	9,3%	7,1%	7,6%	26,5%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	7,8%	5,8%	6,8%	20,9%
V65a	Aqua-Mix	35,1%	58,4%	11,9%	58,1%	81,6%
	Pflanzen	0,4%	17,3%	13,0%	15,0%	42,4%
	Süßwasser	1,1%	14,2%	9,4%	12,8%	35,6%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	10,0%	7,5%	8,8%	26,5%
V67	Aqua-Mix	52,0%	72,5%	10,6%	73,0%	92,6%
	Pflanzen	0,3%	13,3%	12,2%	9,0%	40,6%
	Süßwasser	0,5%	4,8%	4,2%	3,8%	15,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	9,4%	6,7%	8,8%	23,2%
V71	Aqua-Mix	37,6%	62,1%	12,2%	62,3%	85,3%
	Pflanzen	0,4%	15,1%	11,5%	13,2%	38,7%
	Süßwasser	1,1%	14,1%	9,6%	12,9%	36,0%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	8,6%	6,5%	7,9%	22,8%
V72	Aqua-Mix	30,0%	51,7%	11,4%	51,5%	74,0%
	Pflanzen	0,4%	22,1%	16,5%	19,2%	51,3%
	Süßwasser	1,0%	12,1%	8,3%	10,7%	30,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	14,2%	10,0%	14,0%	34,0%
V78	Aqua-Mix	50,9%	79,5%	12,7%	81,1%	97,2%
	Pflanzen	0,2%	4,6%	4,4%	3,3%	16,3%
	Süßwasser	0,4%	13,7%	11,9%	10,7%	41,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,1%	2,3%	2,1%	1,7%	7,8%
V80	Aqua-Mix	31,1%	52,1%	10,8%	52,0%	72,2%
	Pflanzen	0,4%	24,0%	18,6%	21,1%	56,0%
	Süßwasser	0,8%	7,7%	5,8%	6,4%	22,1%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	16,2%	11,4%	16,3%	37,0%
V80a	Aqua-Mix	47,3%	71,2%	12,3%	71,5%	93,1%
	Pflanzen	0,3%	9,6%	7,9%	7,5%	28,2%
	Süßwasser	0,8%	14,3%	10,3%	12,8%	37,2%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	4,9%	4,1%	3,9%	15,0%
V84M	Aqua-Mix	49,3%	74,1%	12,1%	74,8%	94,3%
	Pflanzen	0,2%	7,7%	6,7%	6,0%	24,3%
	Süßwasser	0,6%	14,1%	10,6%	12,0%	38,8%
	Wild (Rotwild + Reh)	0,2%	4,0%	3,4%	3,0%	12,8%

8.5 SISUS: Abbildungen

8.5.1 Datierung: vor 7600 v. Chr.

V7

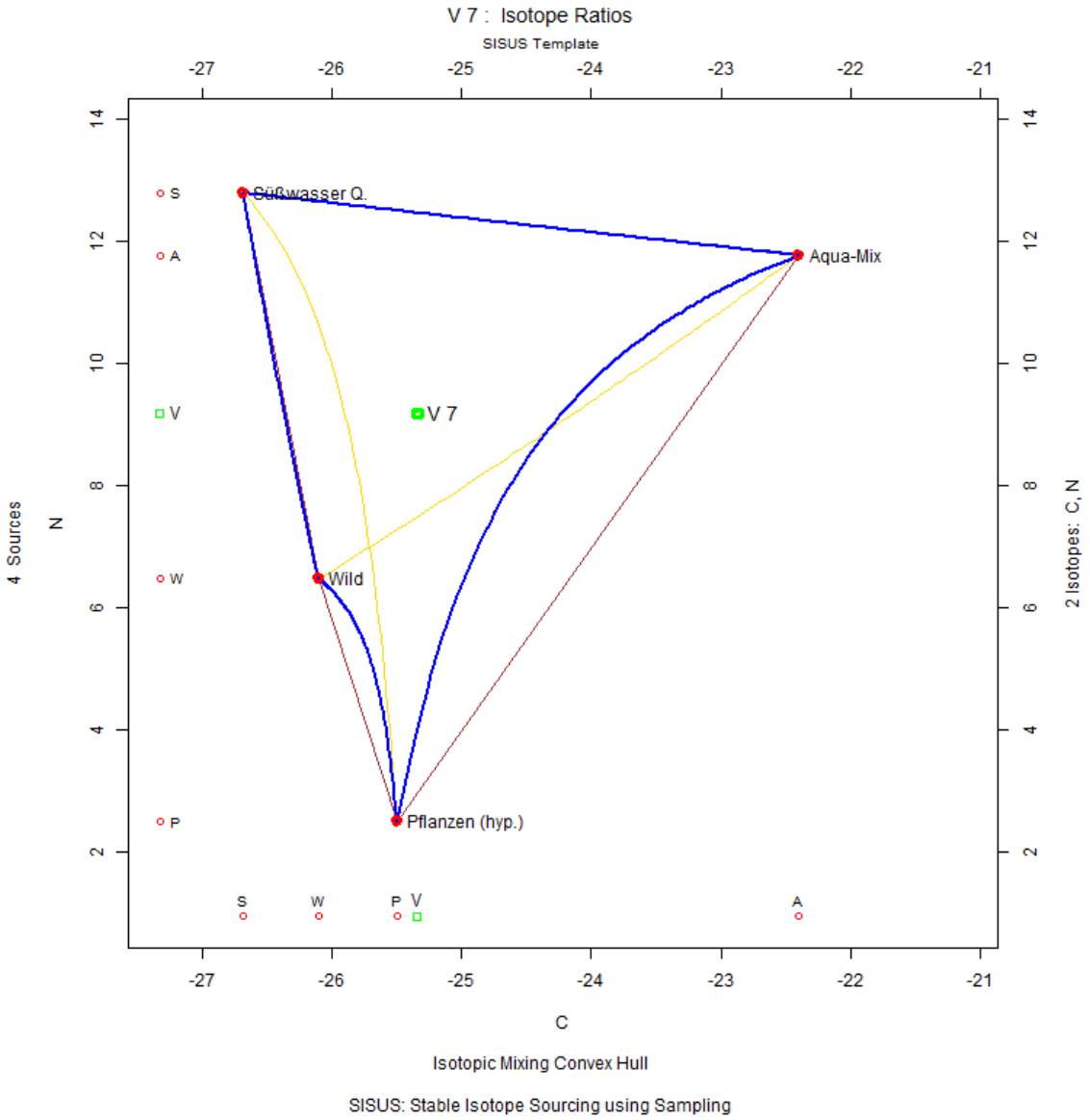


Abbildung 572: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 7. Erstellt mit SISUS.

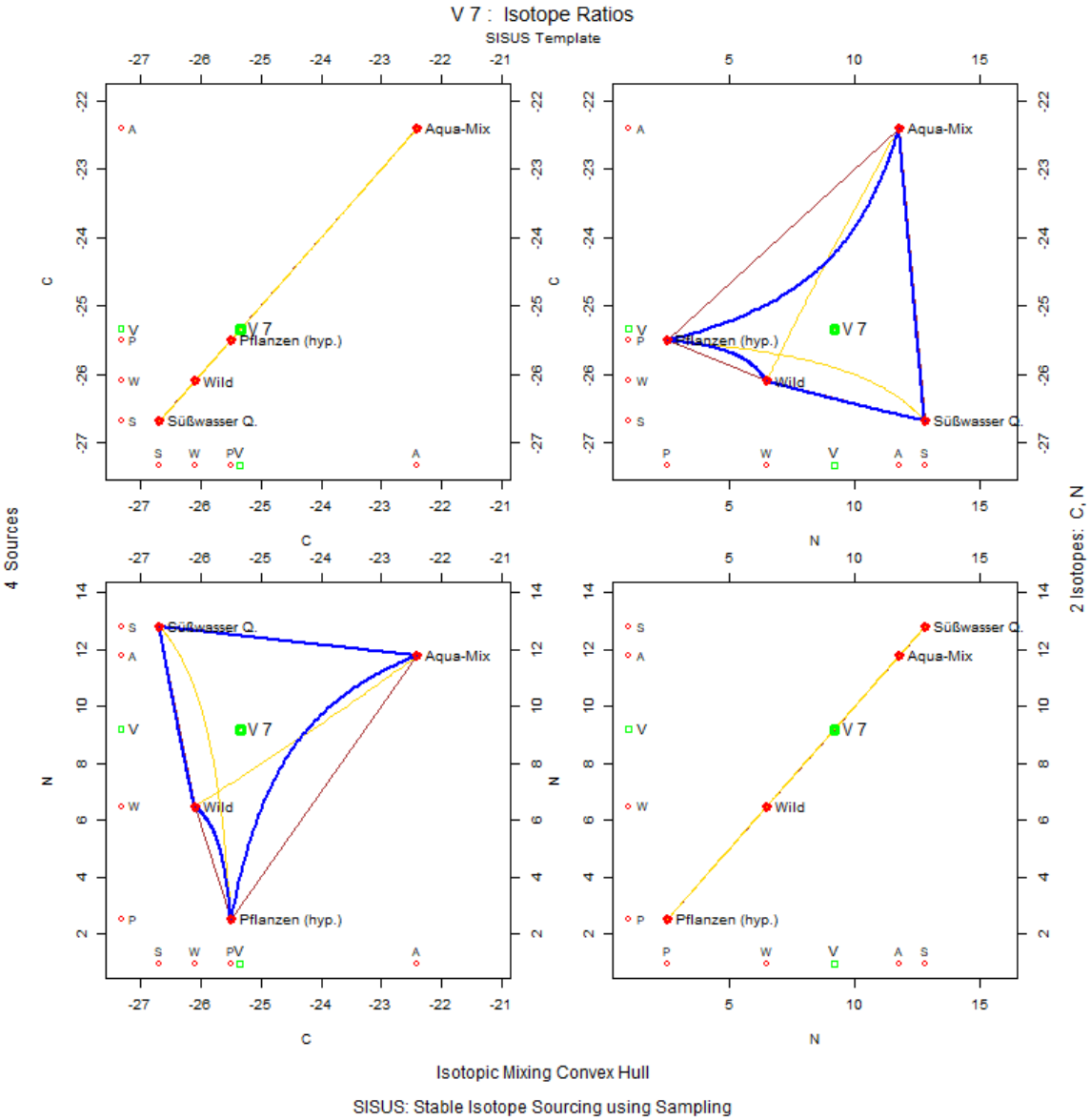


Abbildung 573: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 7 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

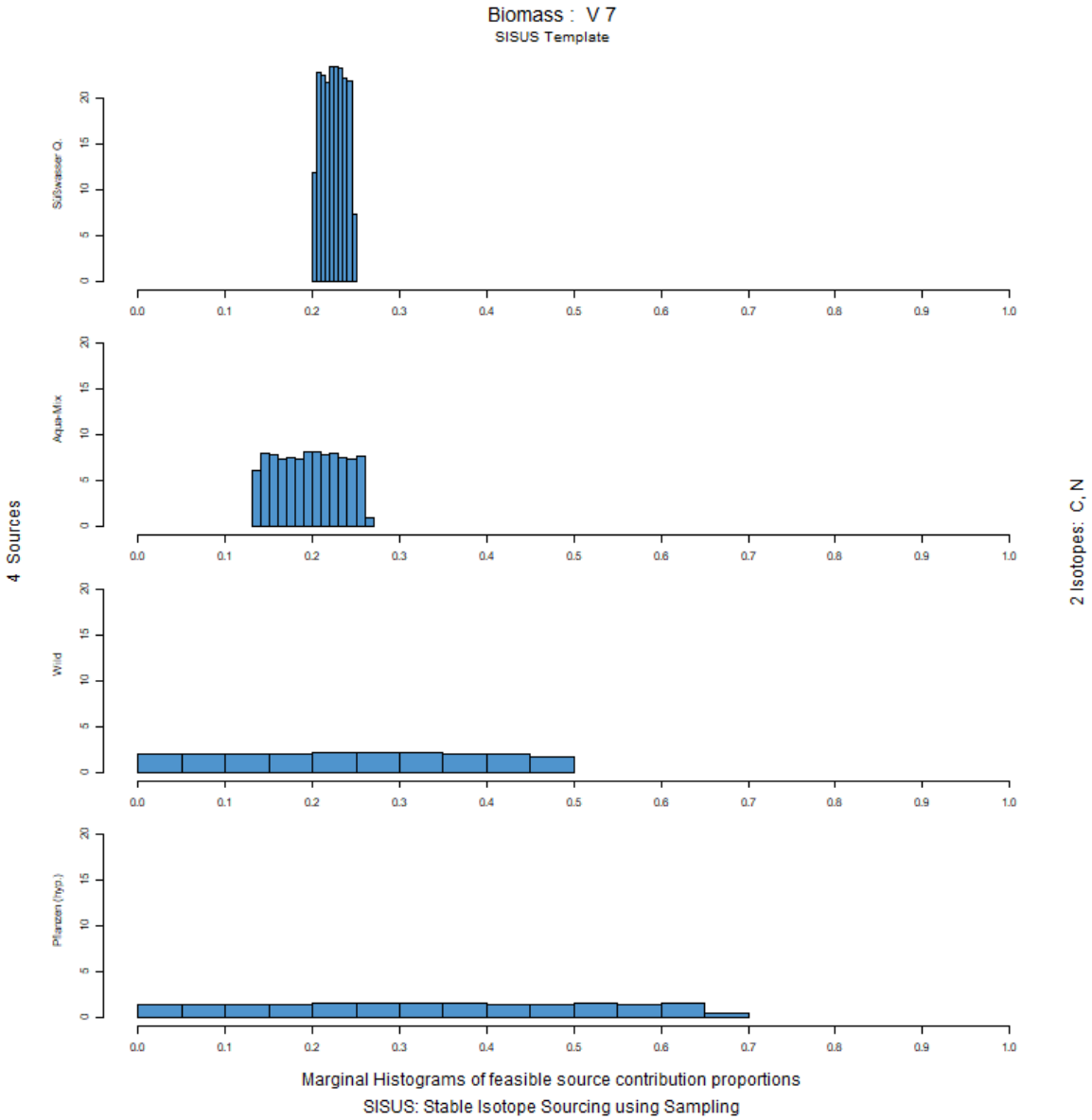


Abbildung 574: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 7. Erstellt mit SISUS.

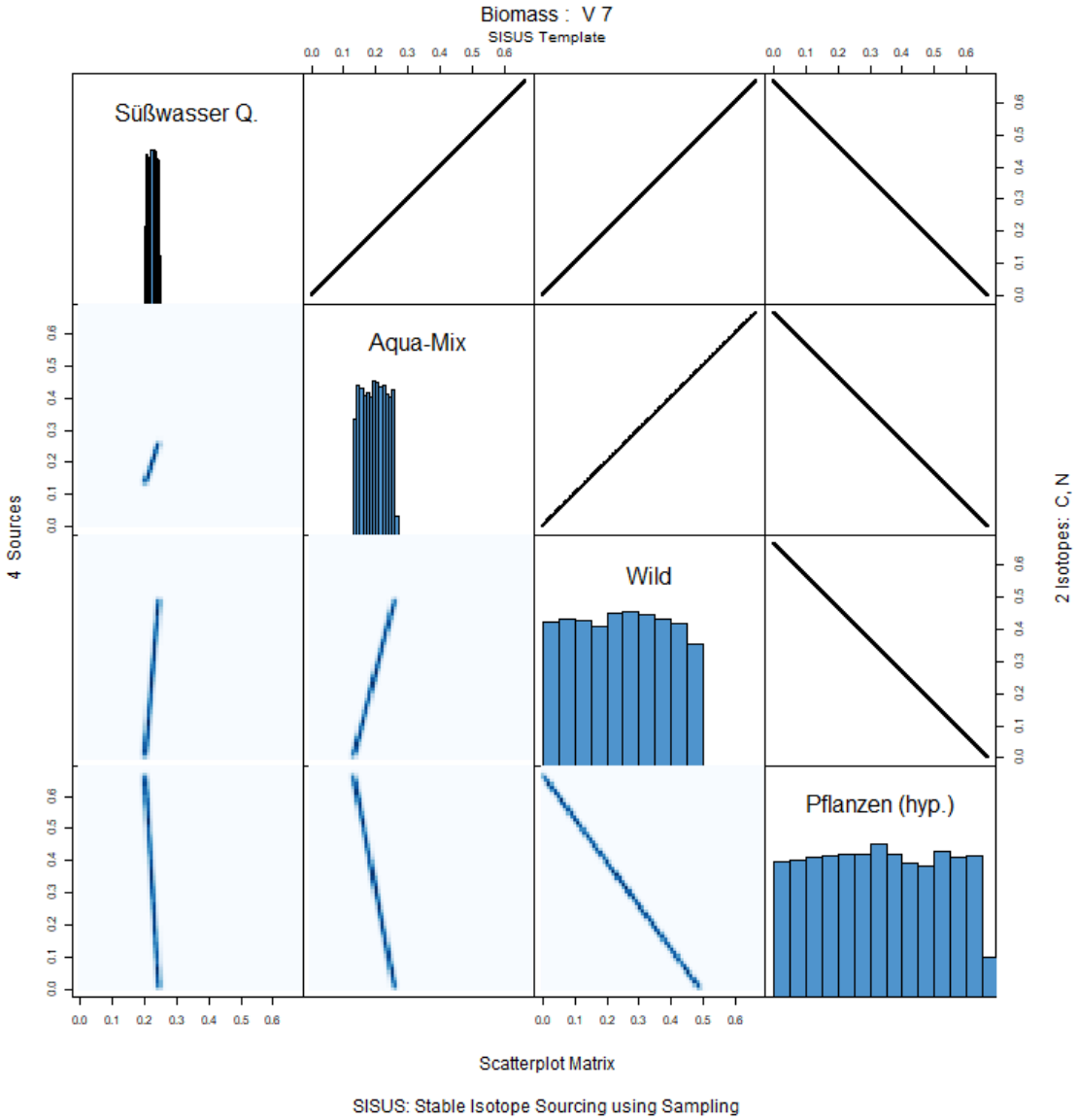


Abbildung 575: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 7. Erstellt mit SISUS.

V18

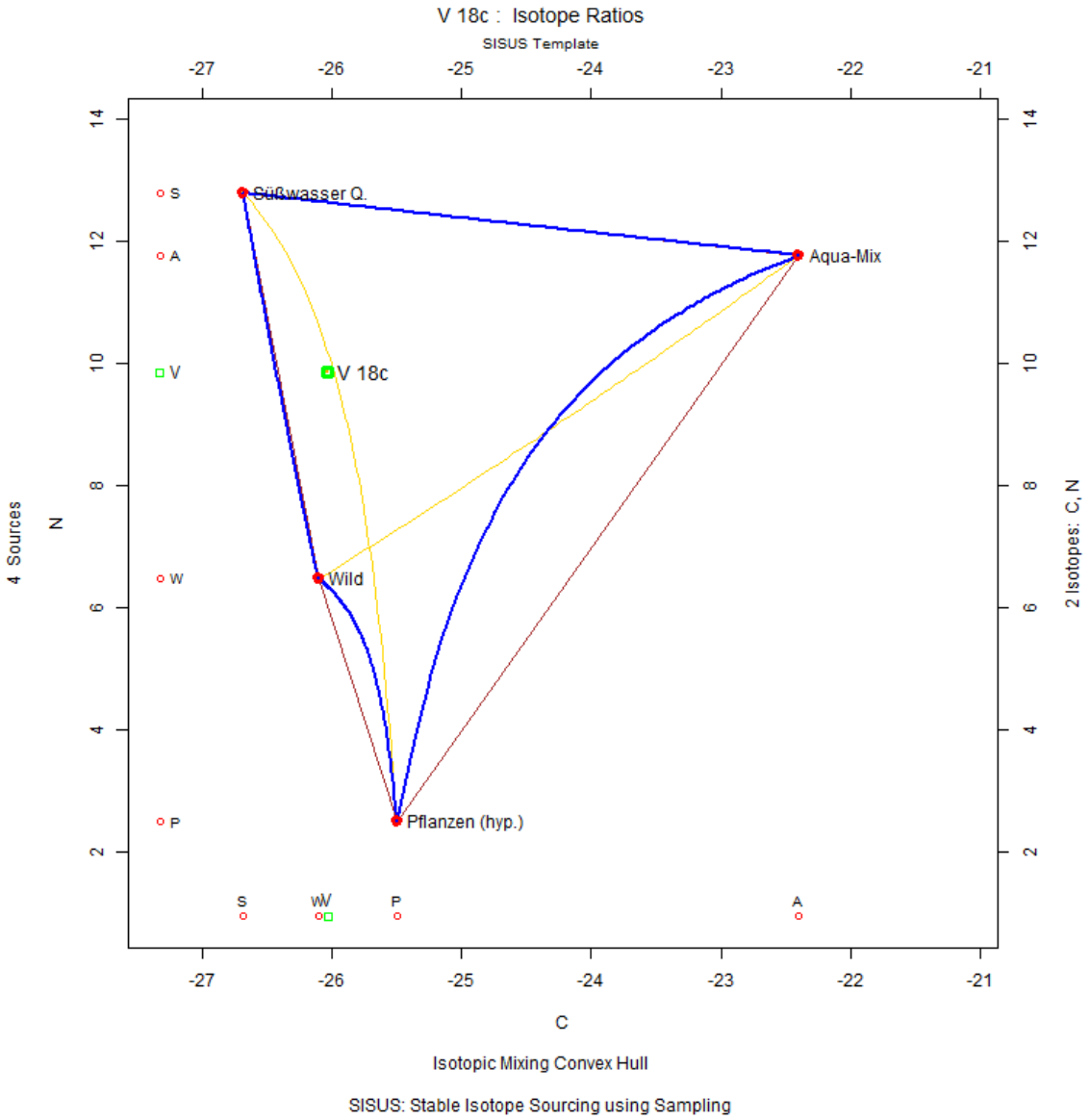


Abbildung 576: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 18c. Erstellt mit SISUS.

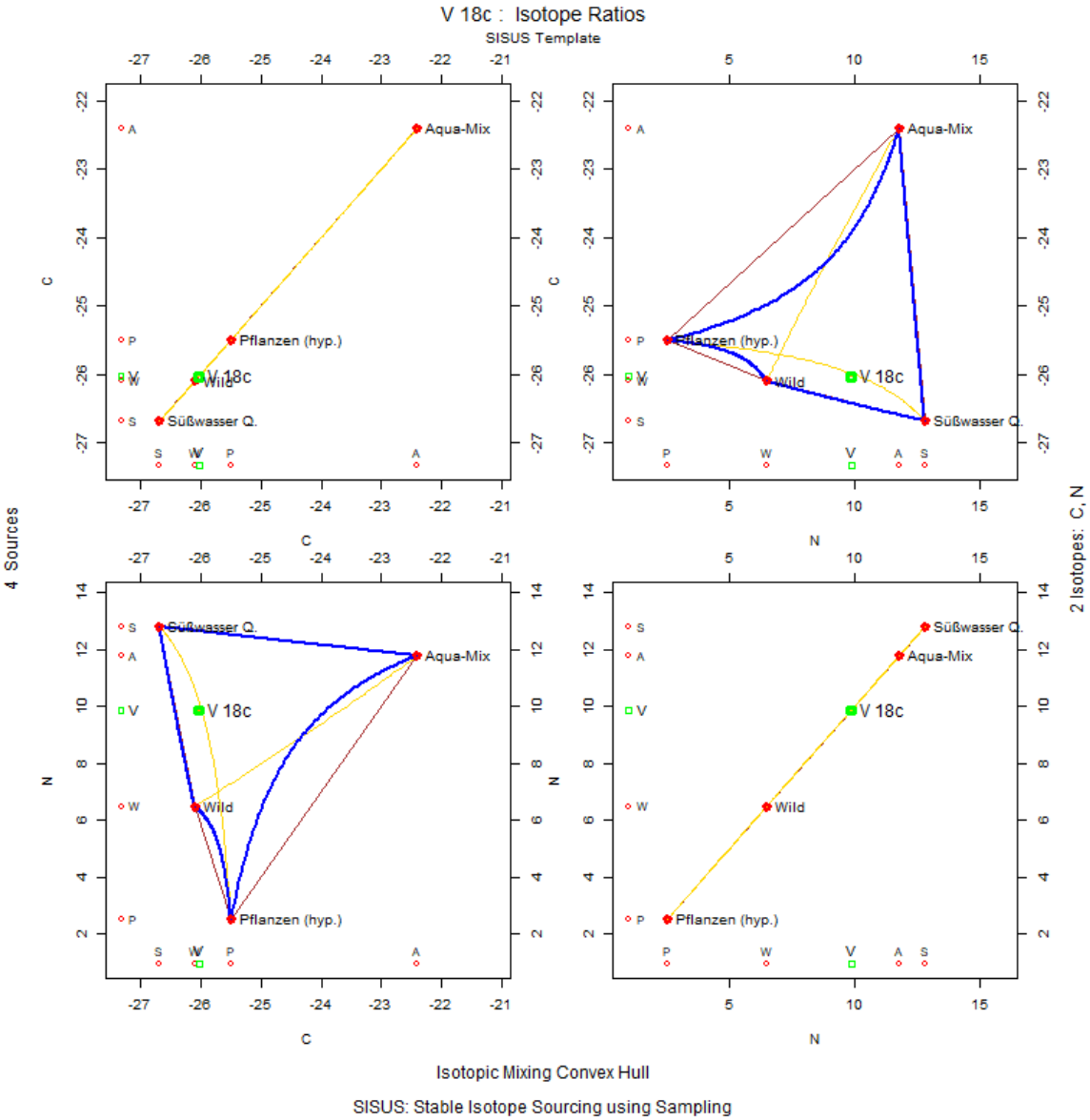


Abbildung 577: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 18c in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

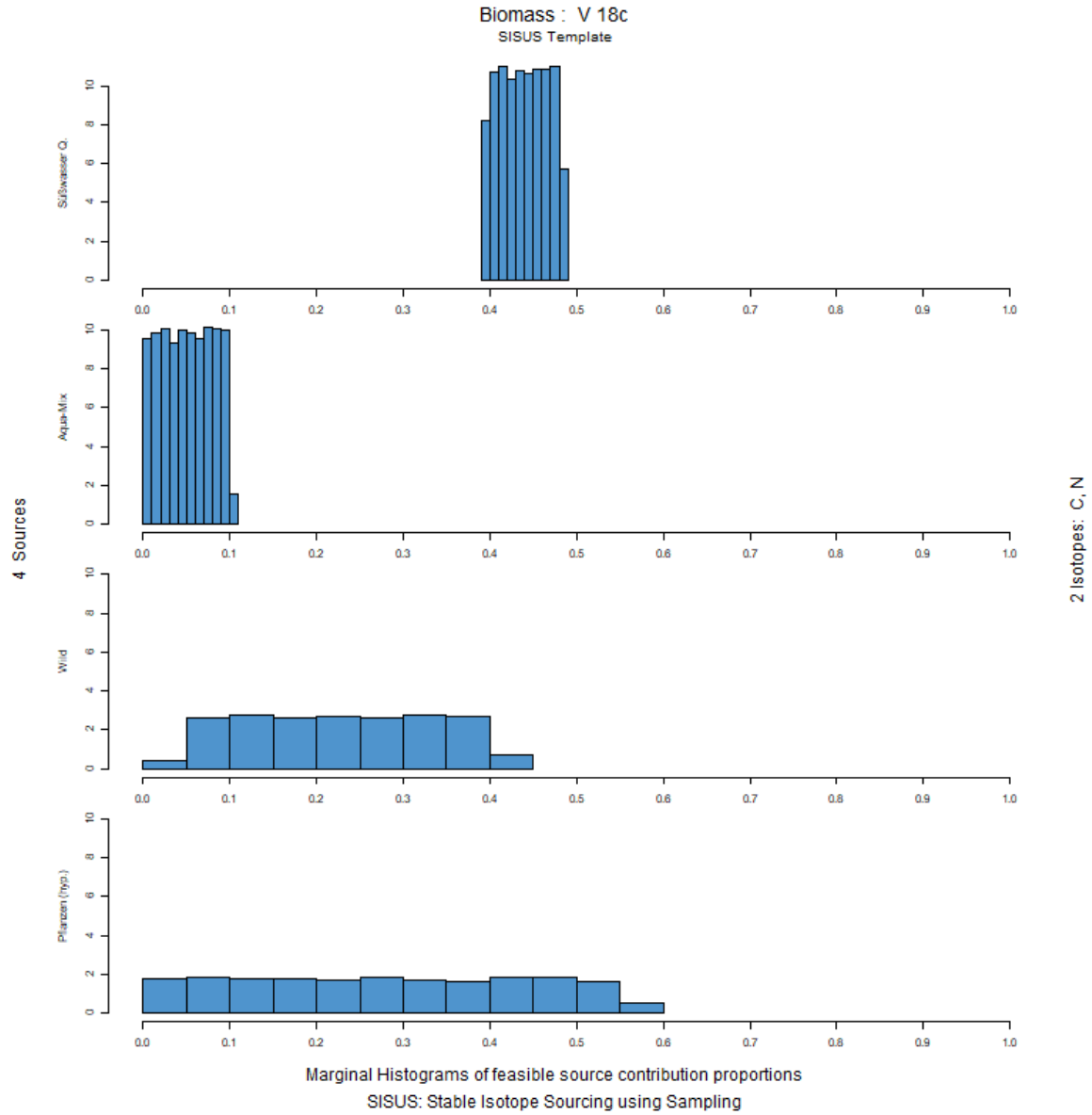


Abbildung 578: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 18c. Erstellt mit SISUS.

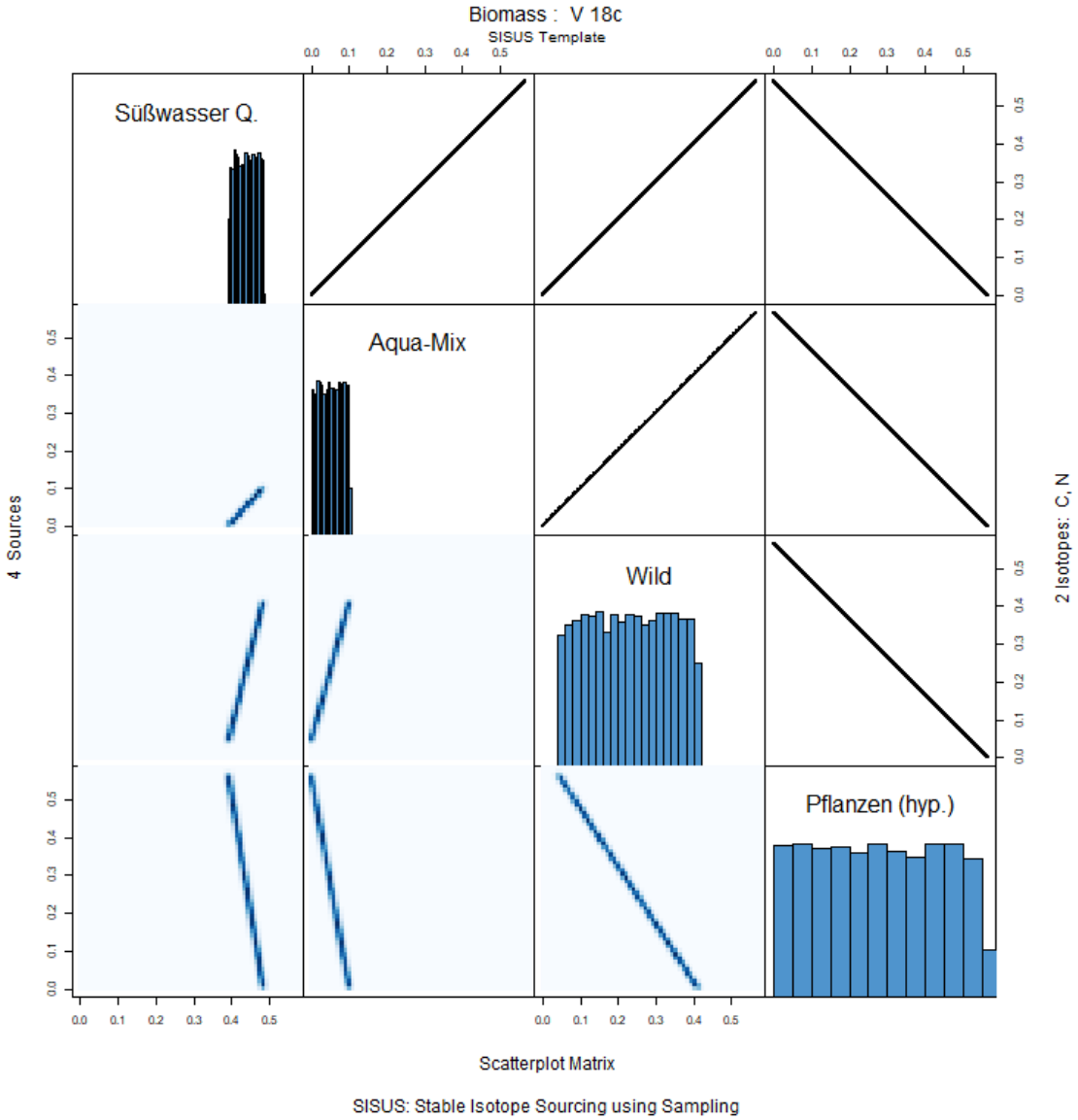


Abbildung 579: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 18c. Erstellt mit SISUS.

V24

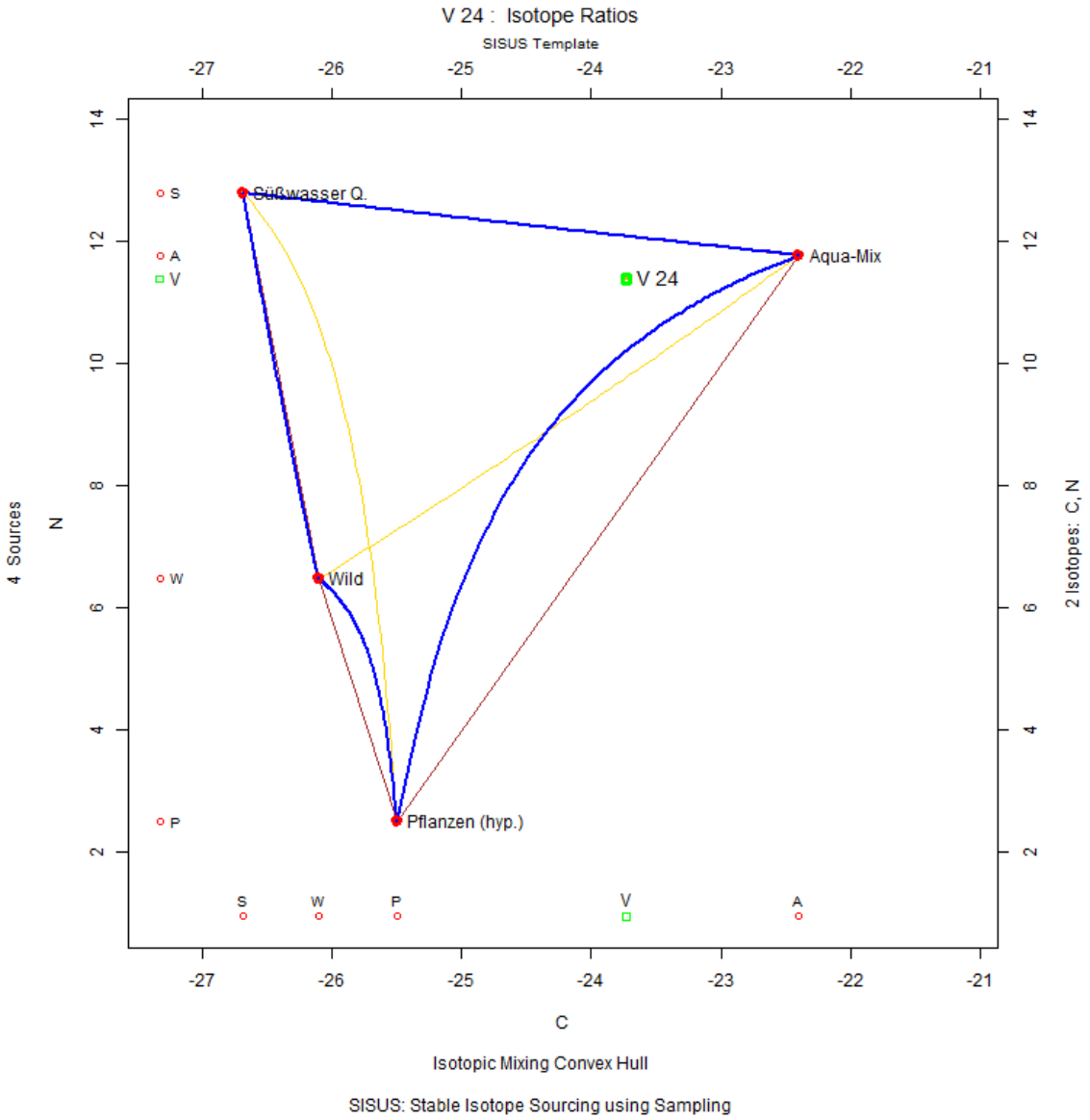


Abbildung 580: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 24. Erstellt mit SISUS.

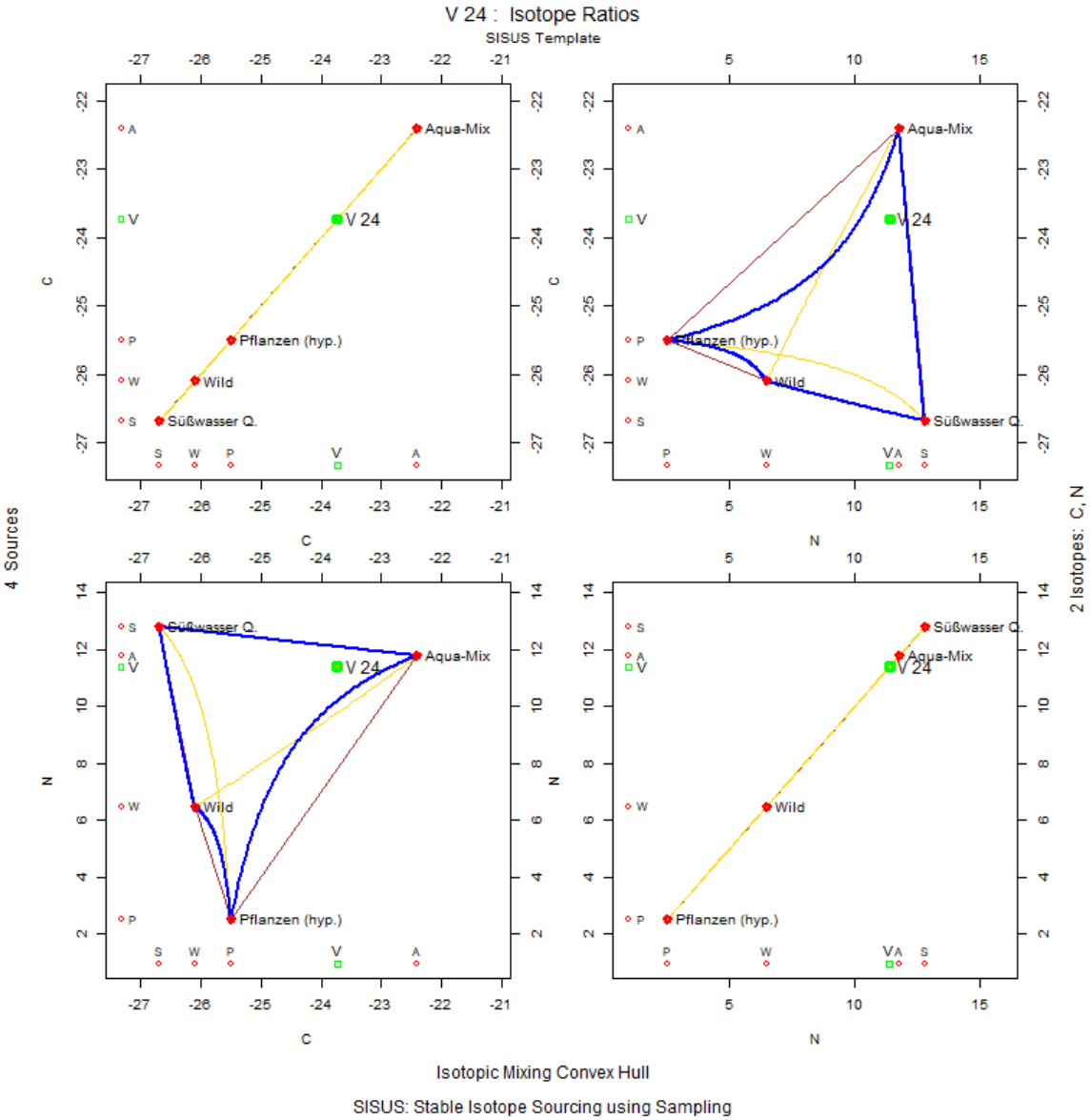


Abbildung 581: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 24 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

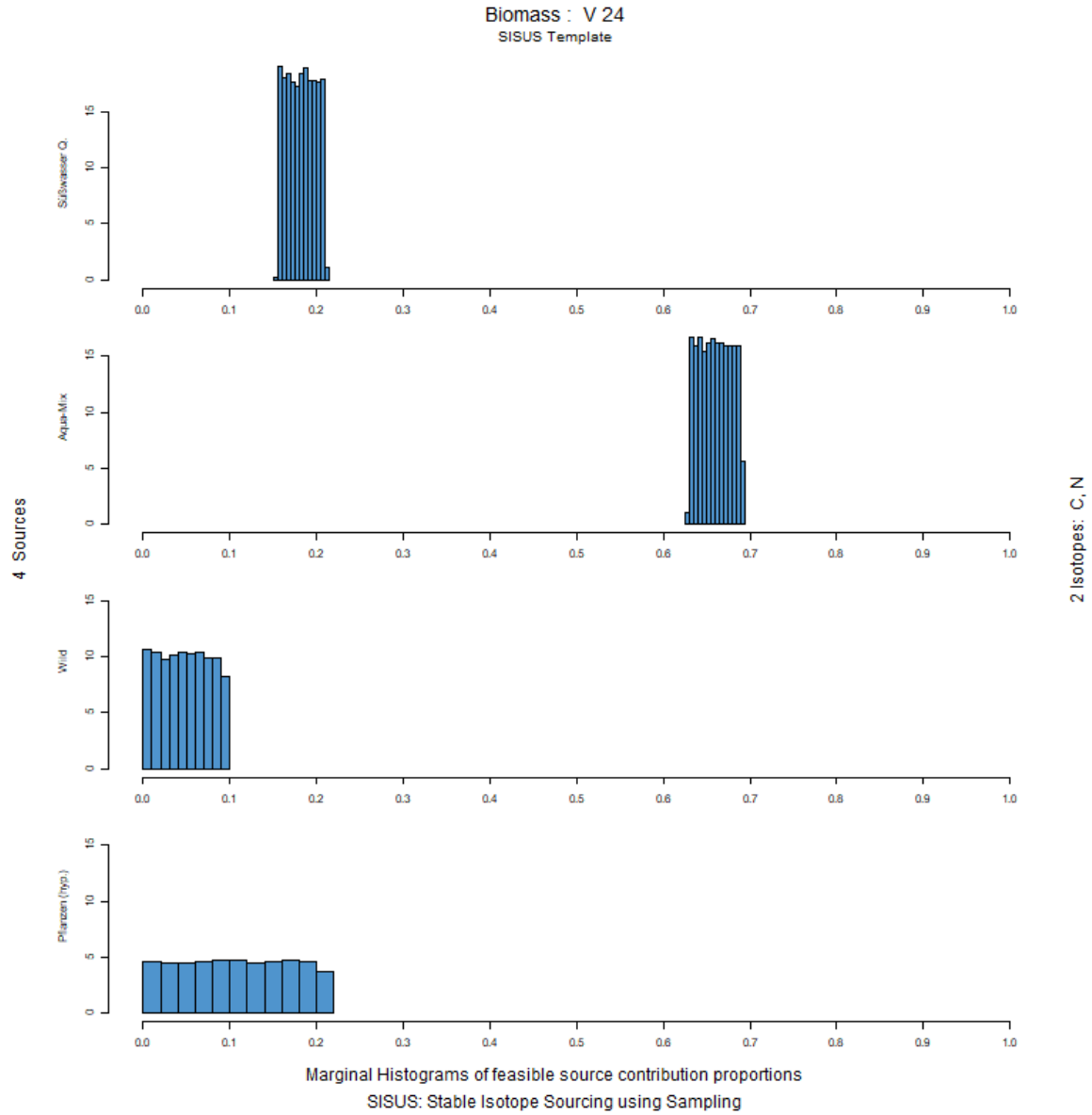


Abbildung 582: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 24. Erstellt mit SISUS.

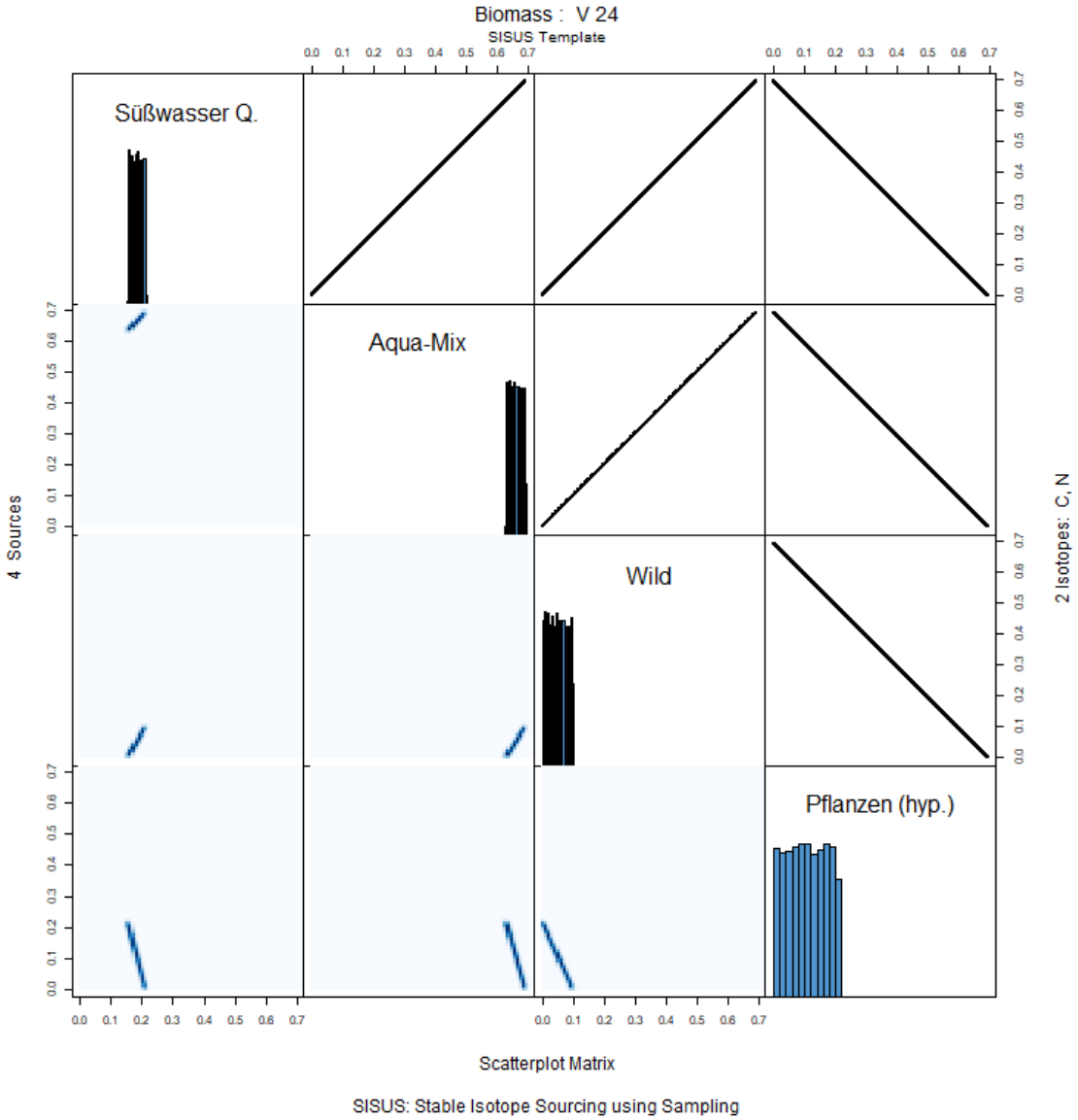


Abbildung 583: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 24. Erstellt mit SISUS.

V32

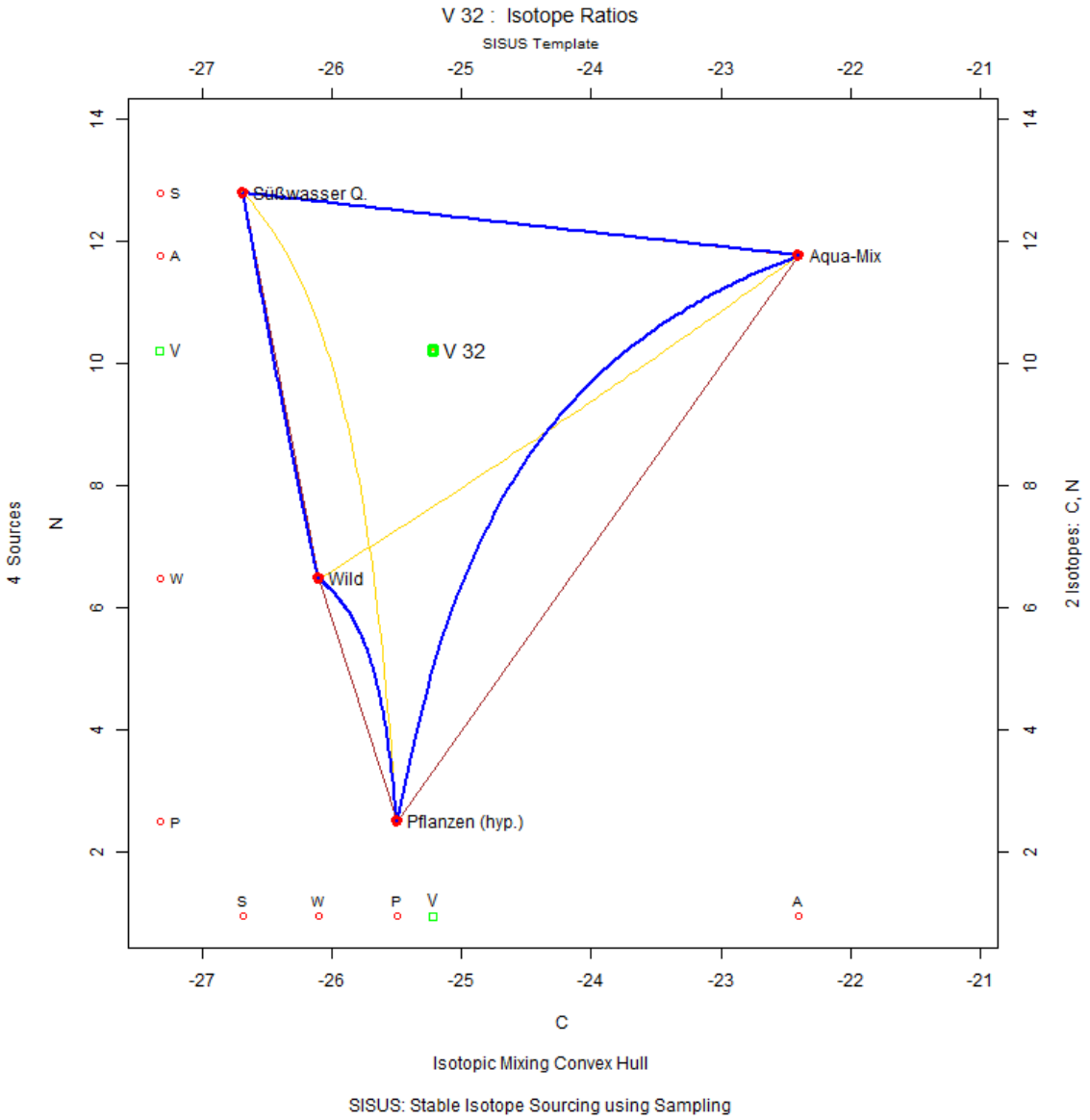


Abbildung 584: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 32. Erstellt mit SISUS.

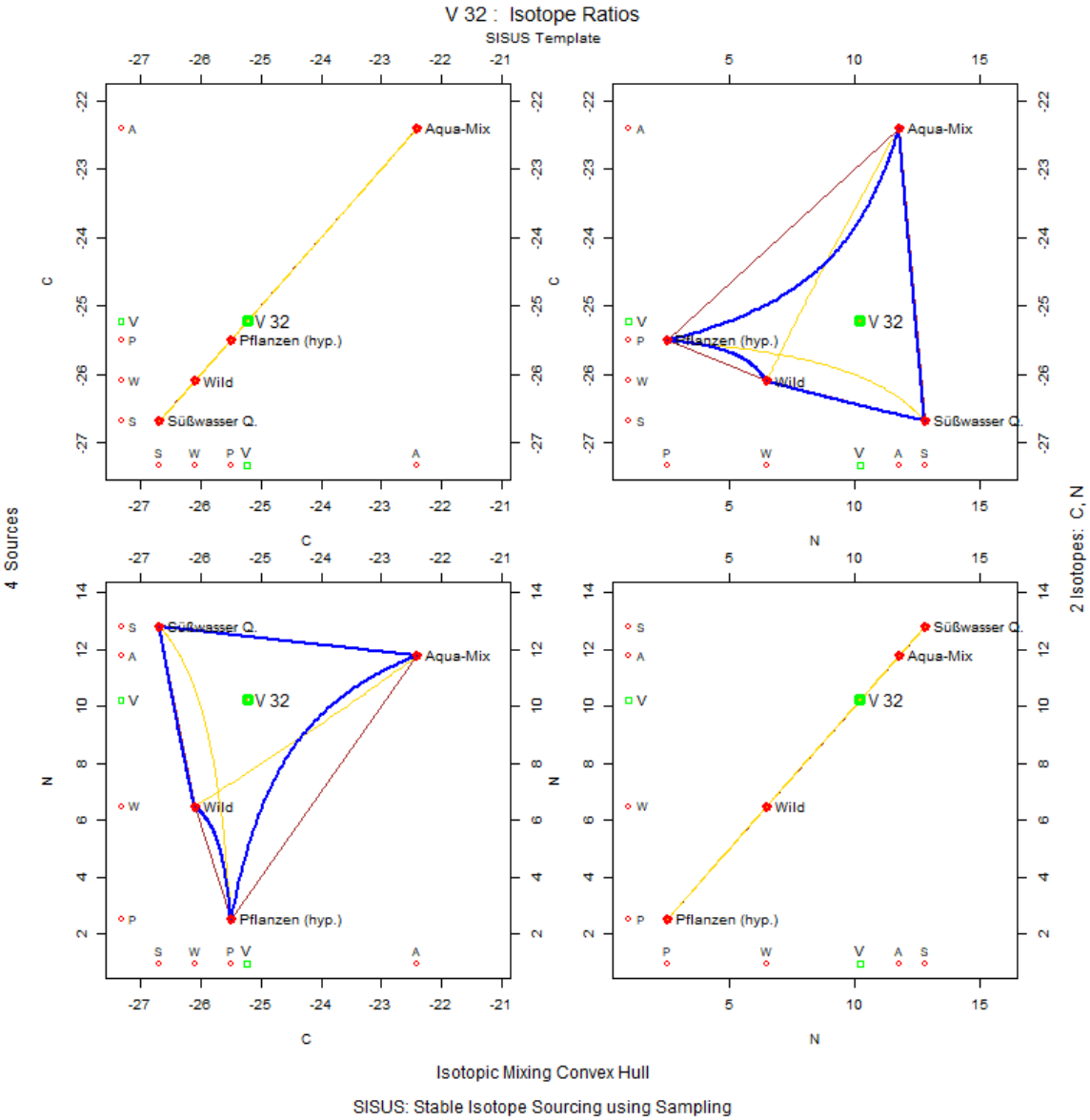


Abbildung 585: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 32 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

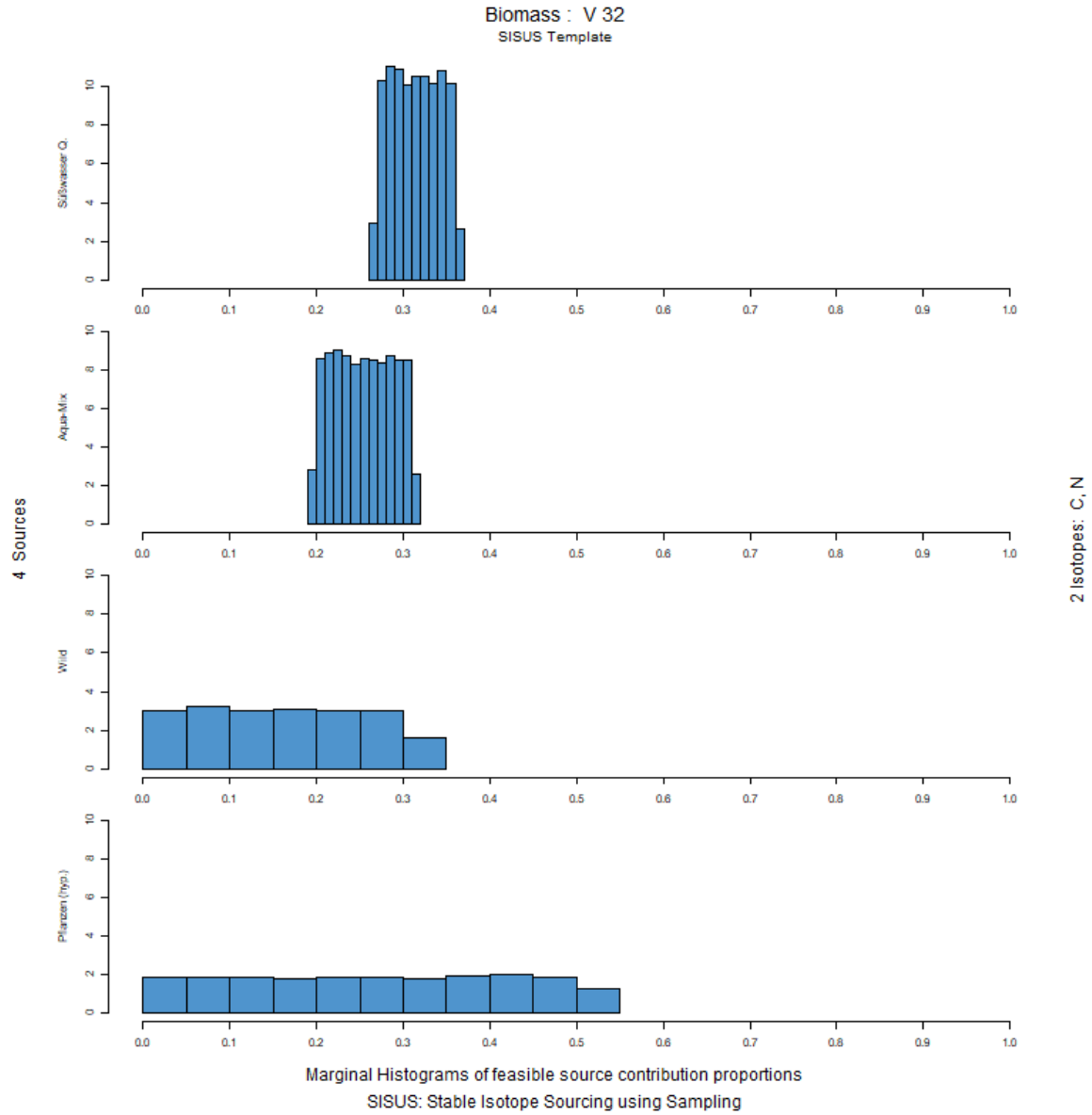


Abbildung 586: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 32. Erstellt mit SISUS.

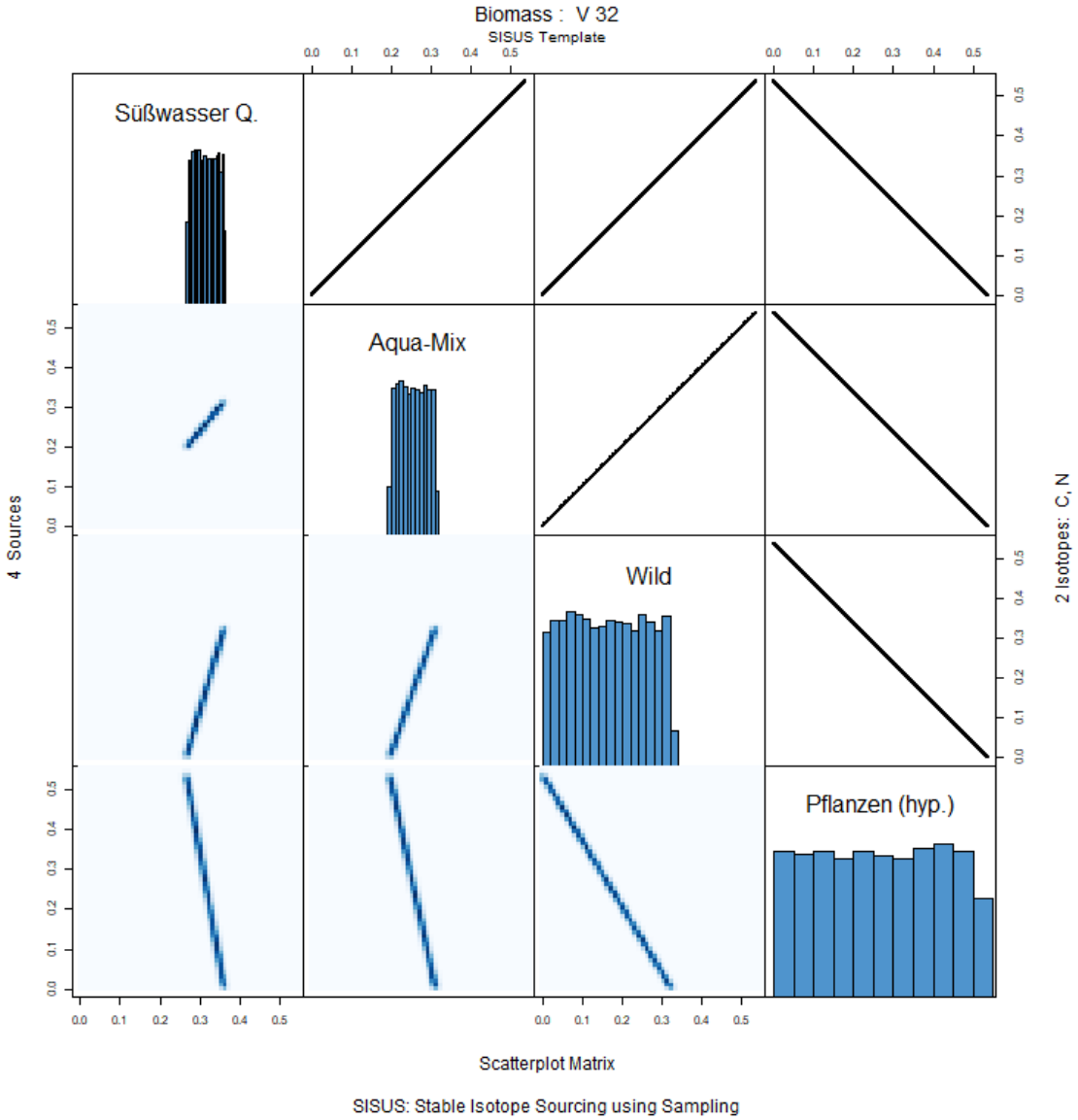


Abbildung 587: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 32. Erstellt mit SISUS.

V38

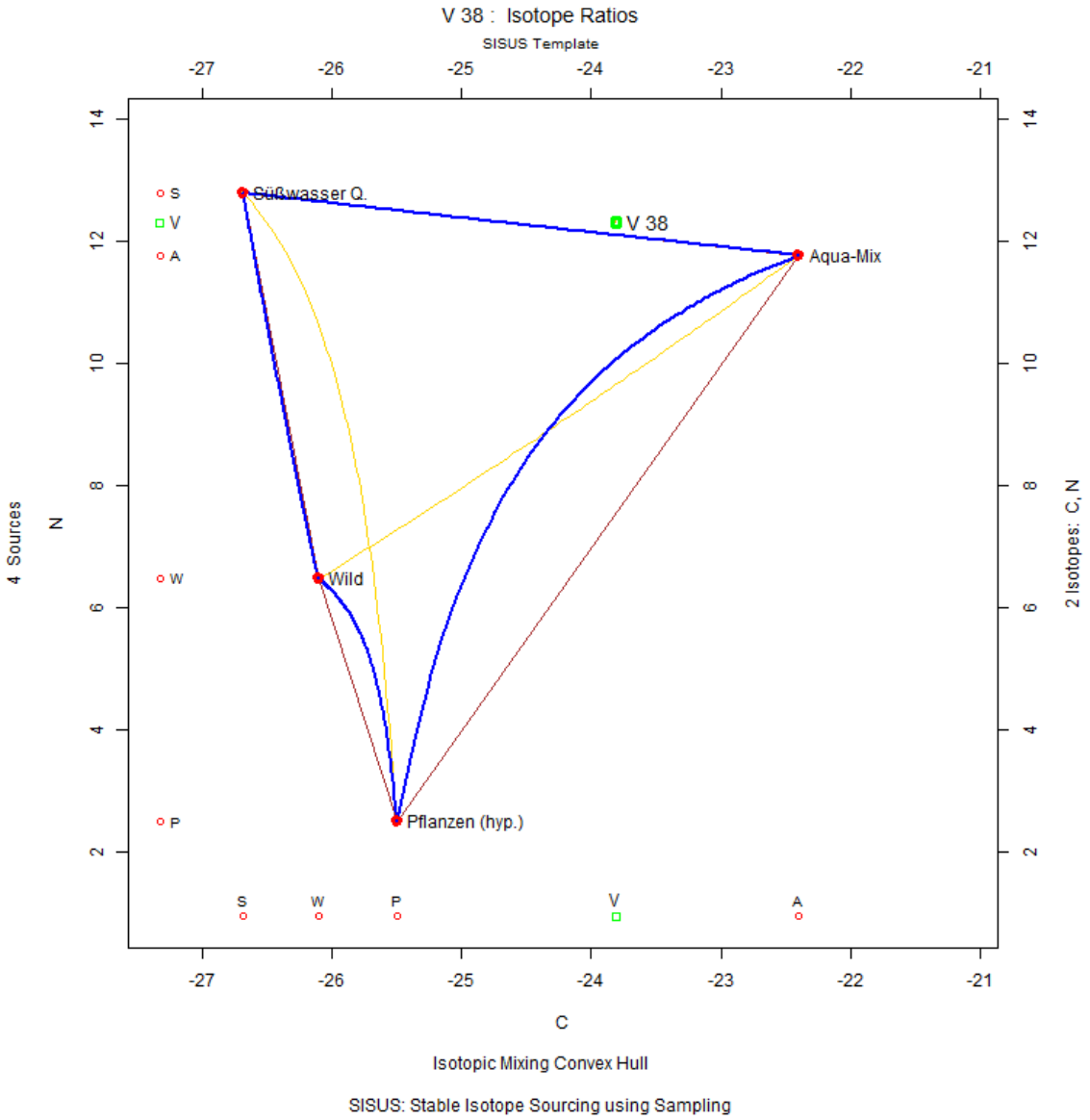


Abbildung 588: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 38. Erstellt mit SISUS.

V47

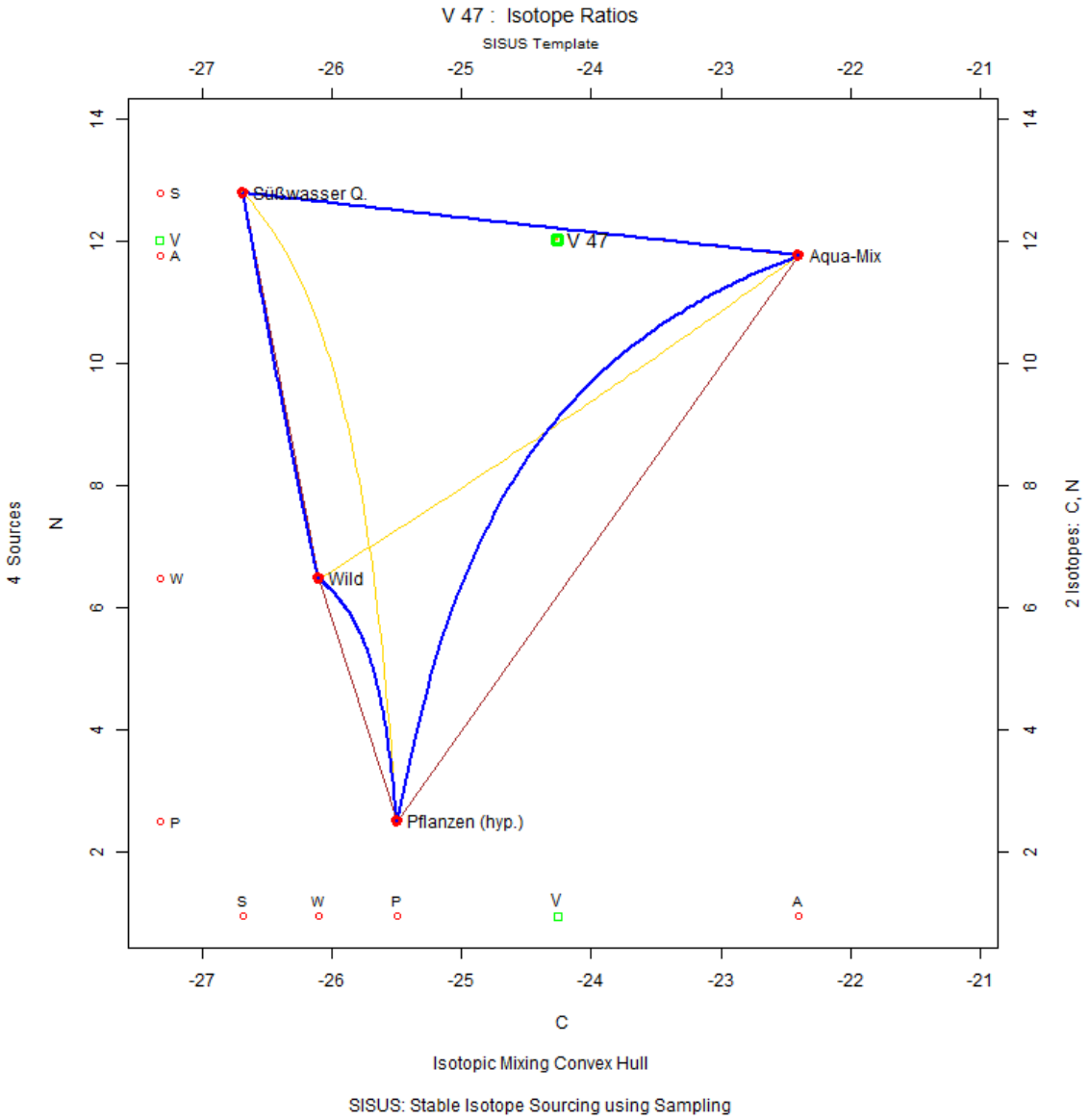


Abbildung 589: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 47. Erstellt mit SISUS.

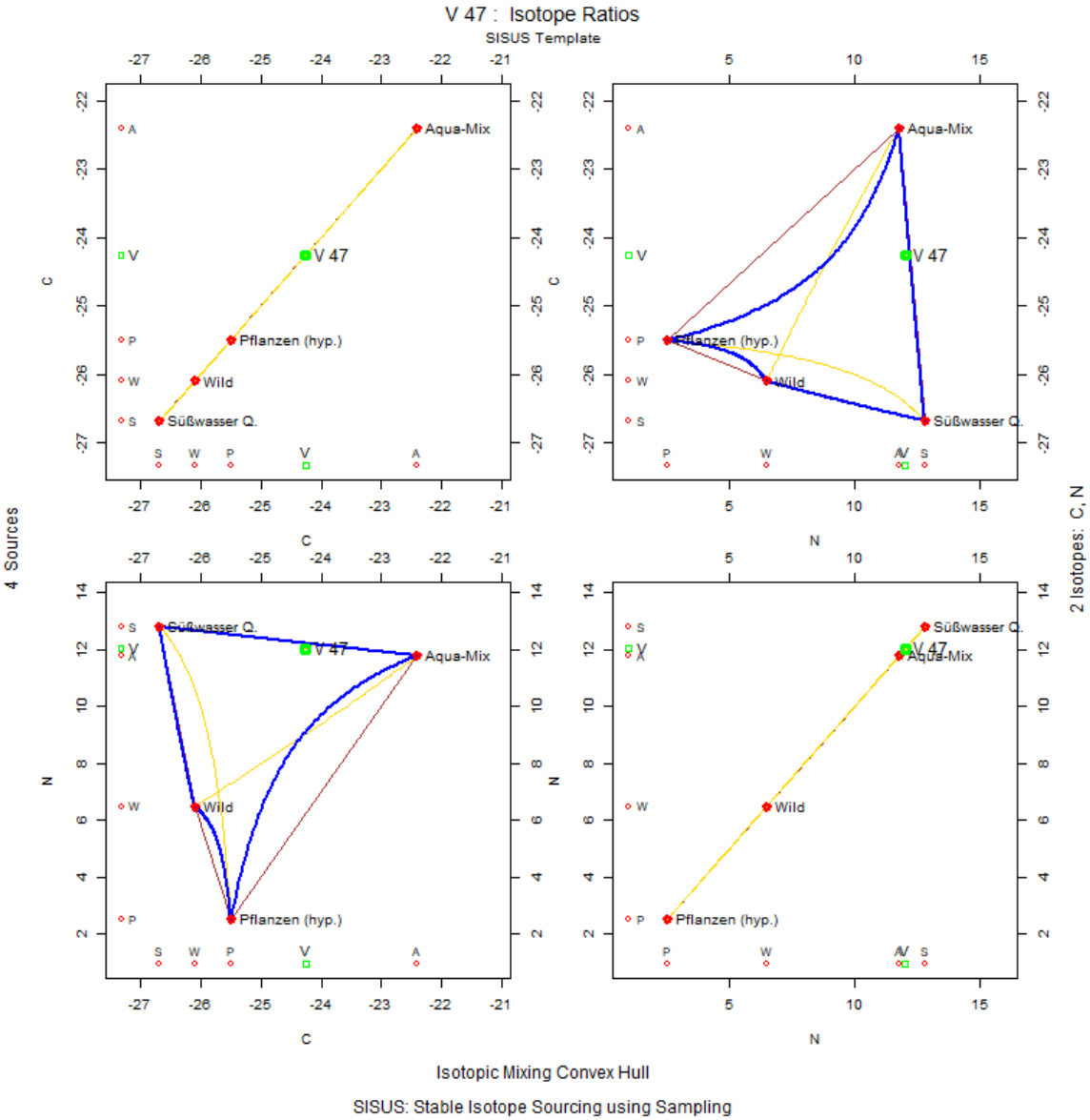


Abbildung 590: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 47 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

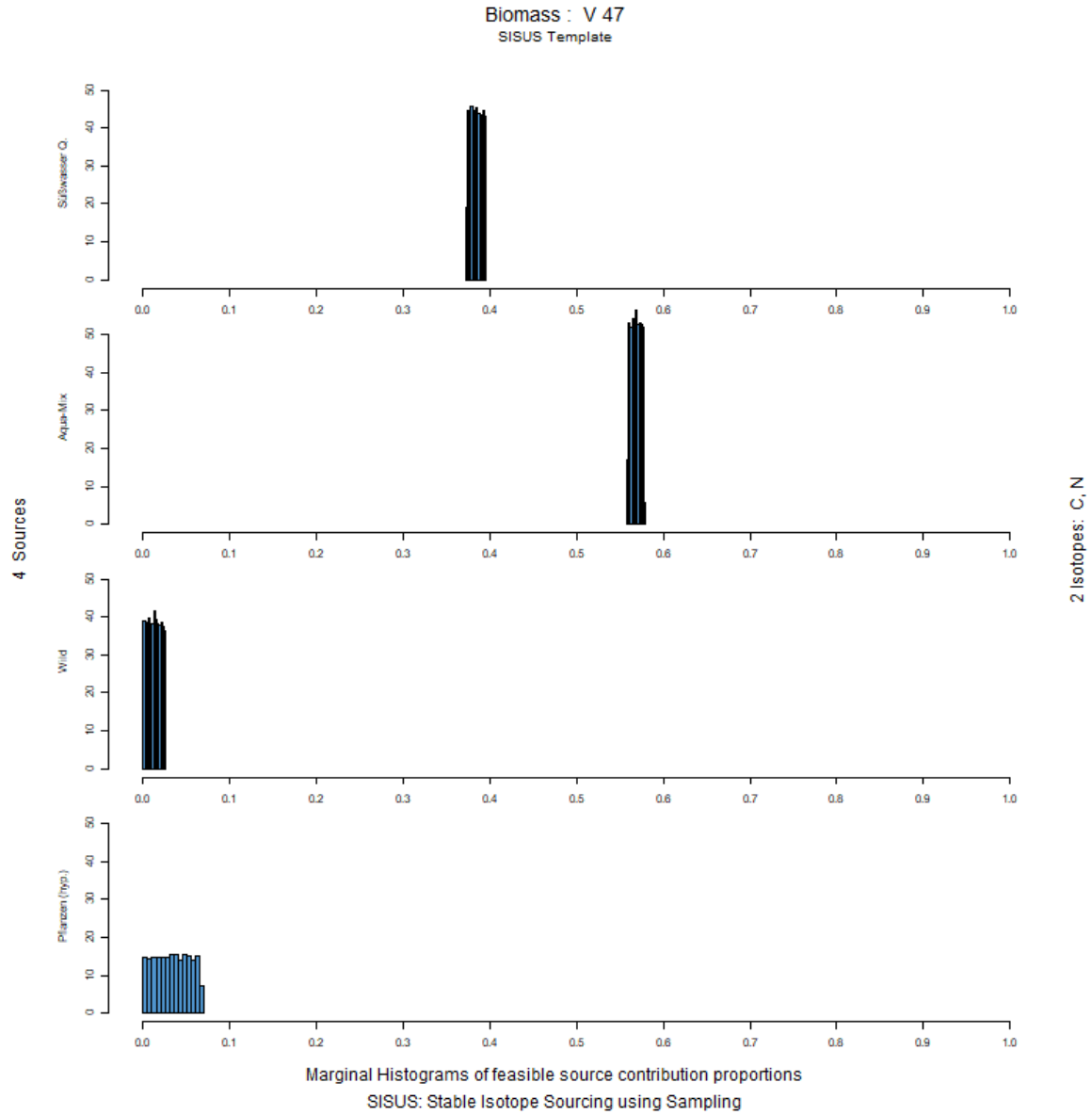


Abbildung 591: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 47. Erstellt mit SISUS.

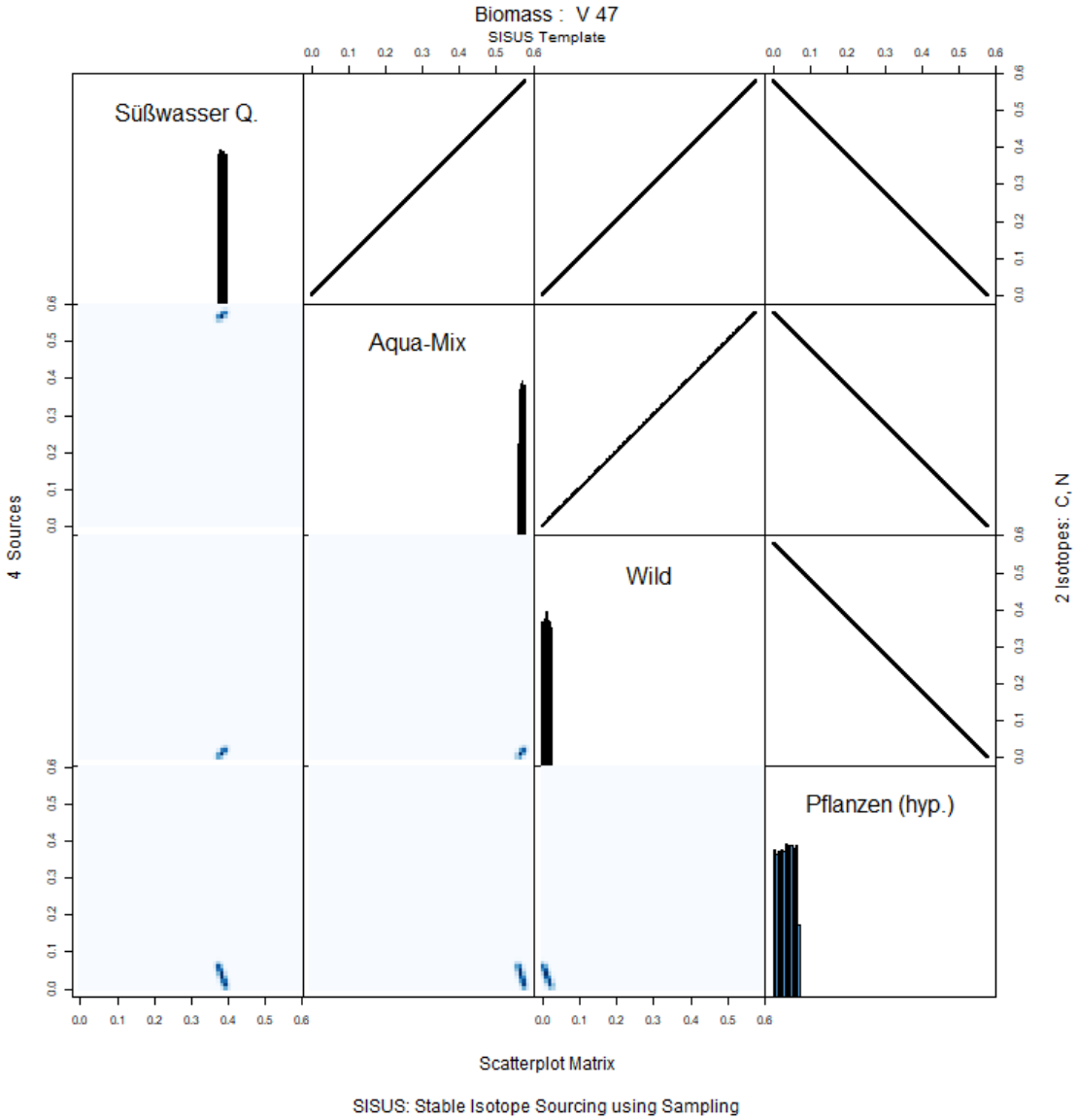


Abbildung 592: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 47. Erstellt mit SISUS.

V48

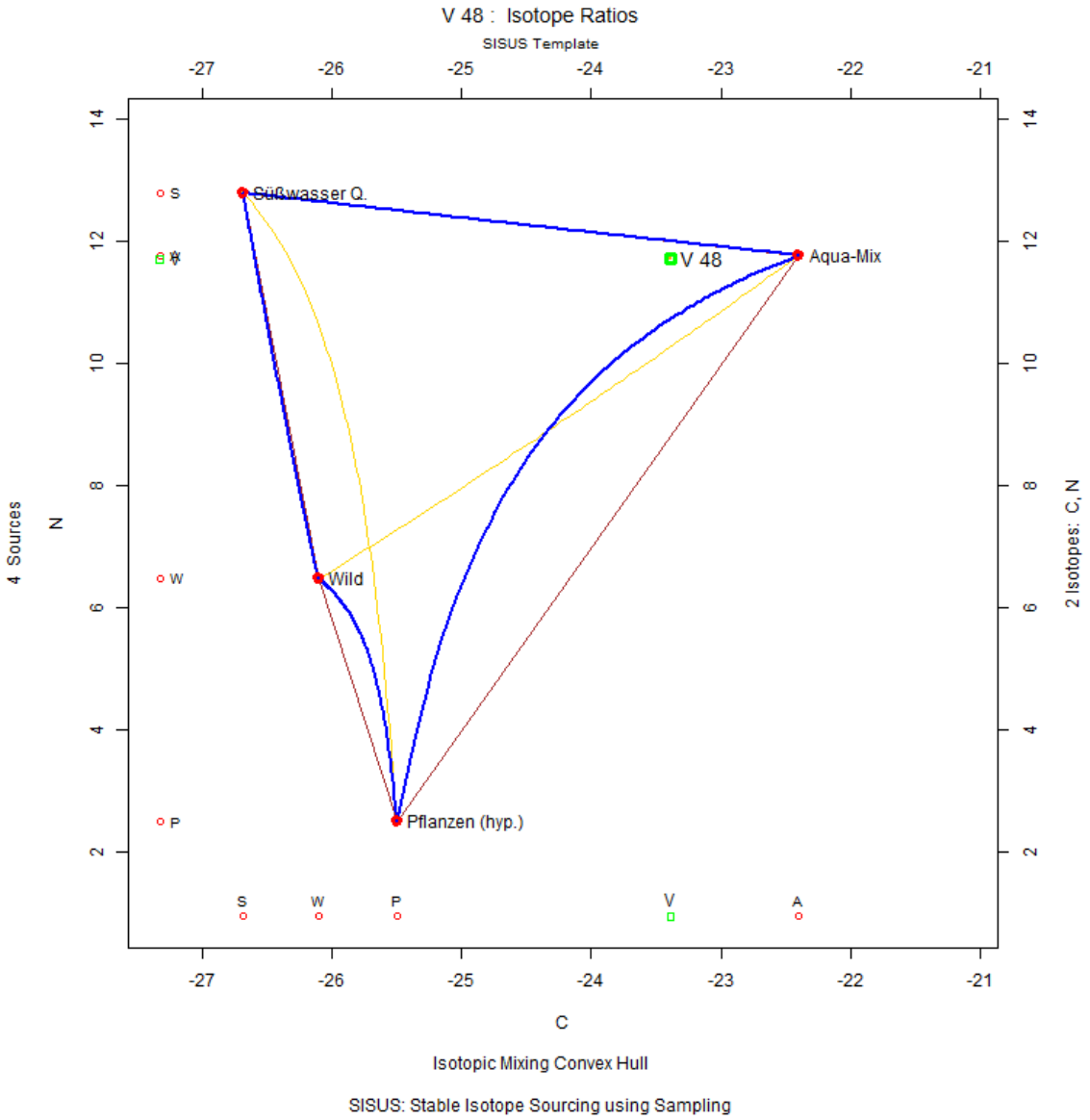


Abbildung 593: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 48. Erstellt mit SISUS.

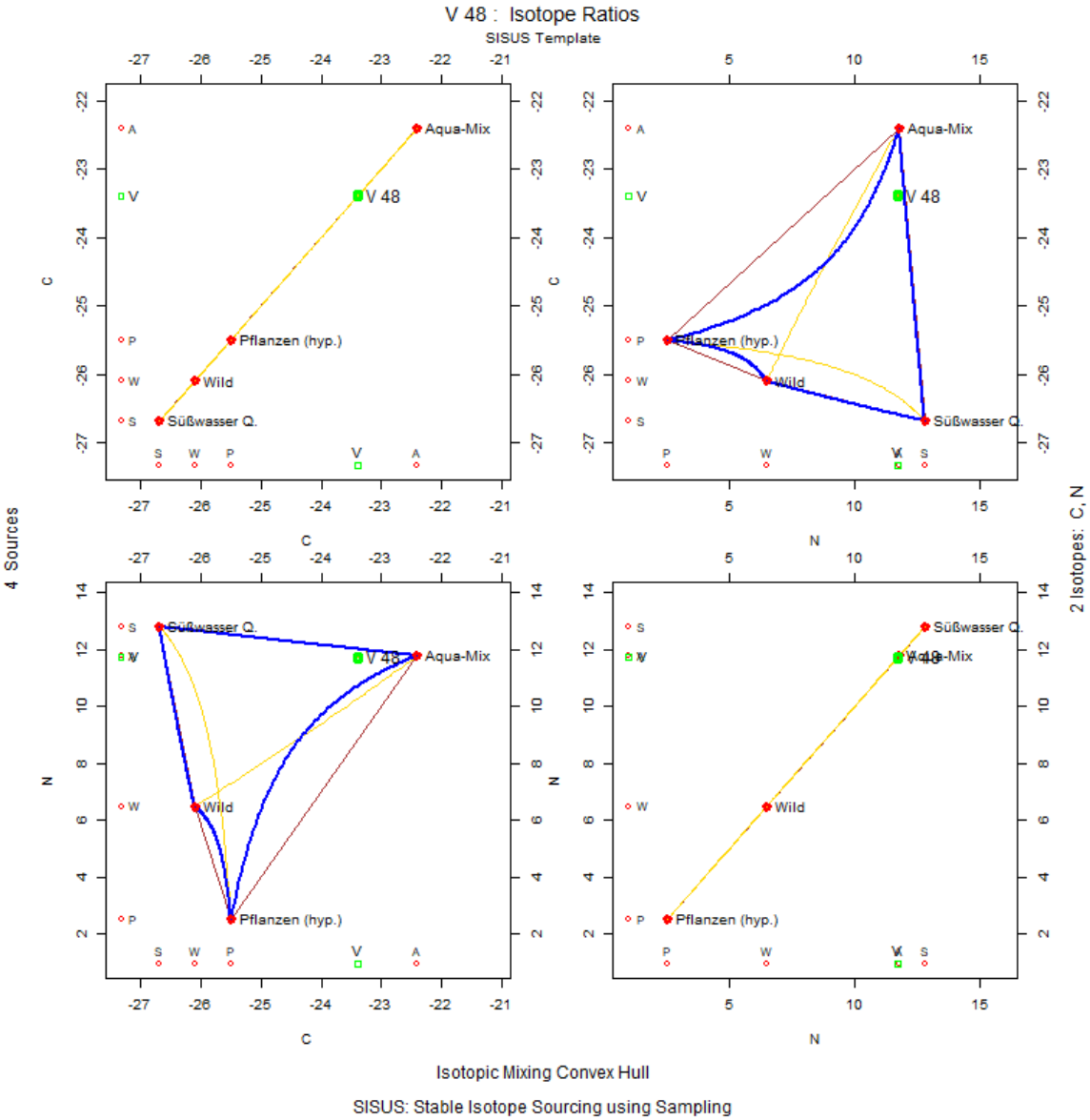


Abbildung 594: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 18c in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

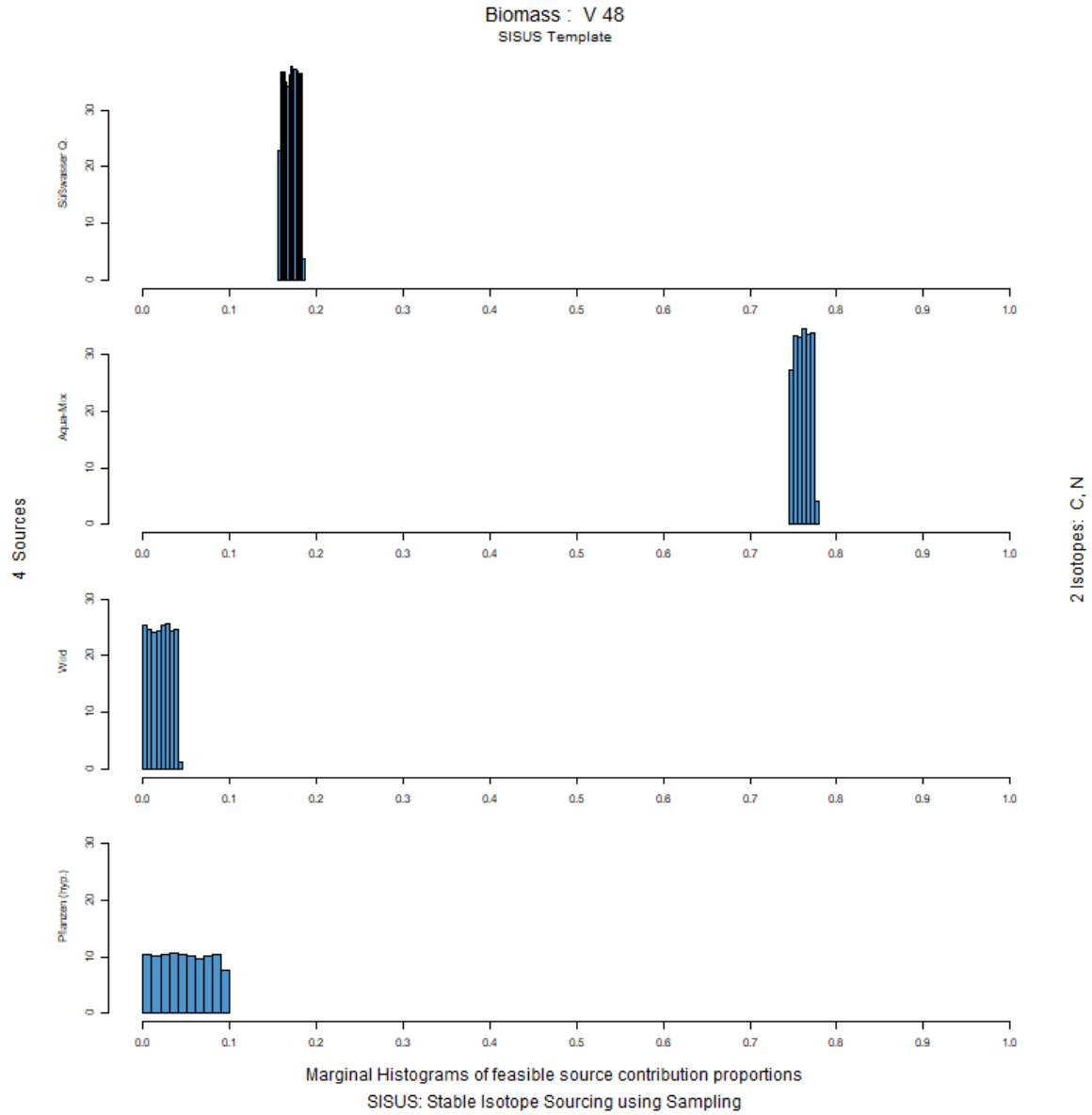


Abbildung 595: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 48. Erstellt mit SISUS.

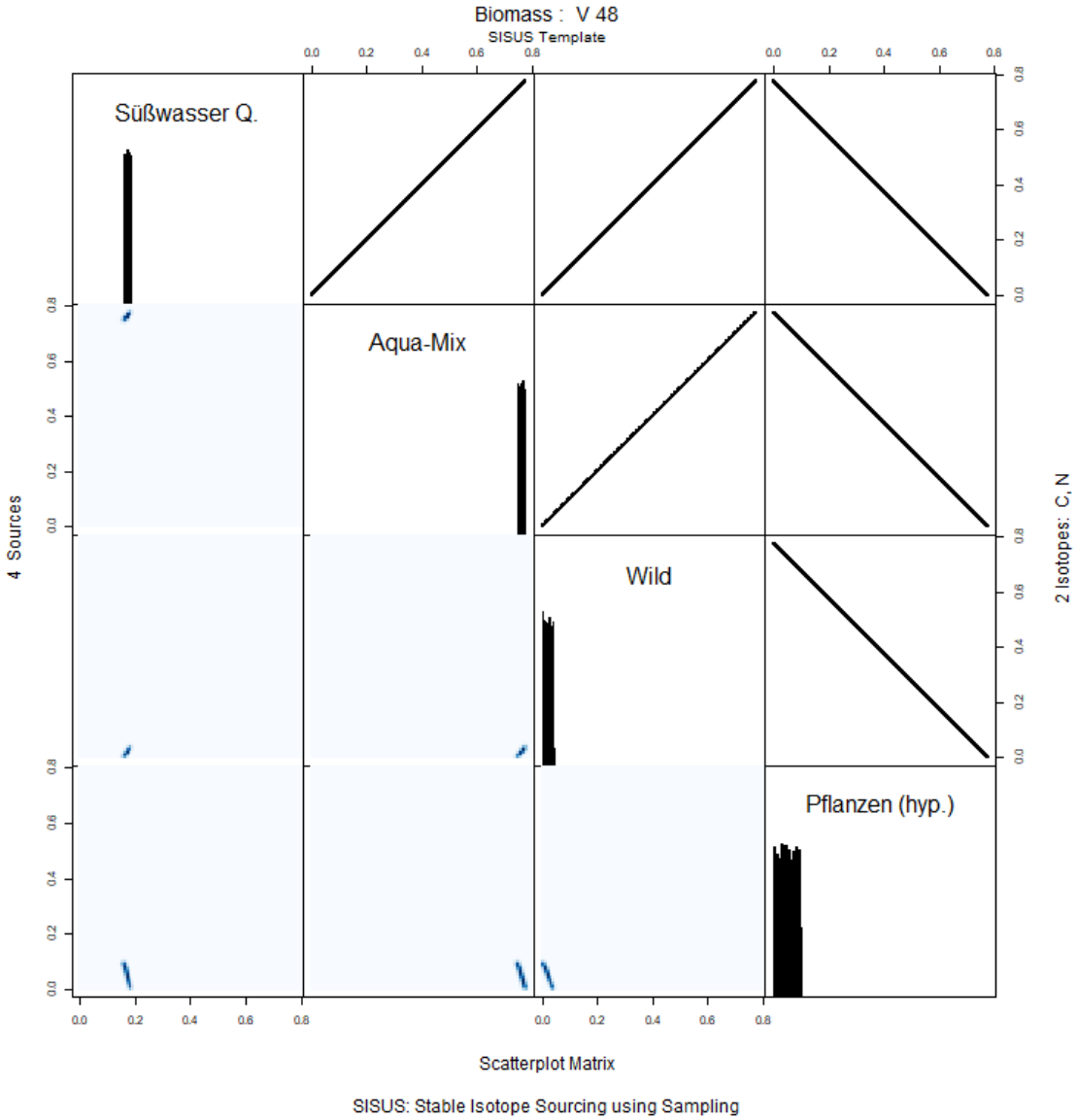


Abbildung 596: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 48. Erstellt mit SISUS.

V53

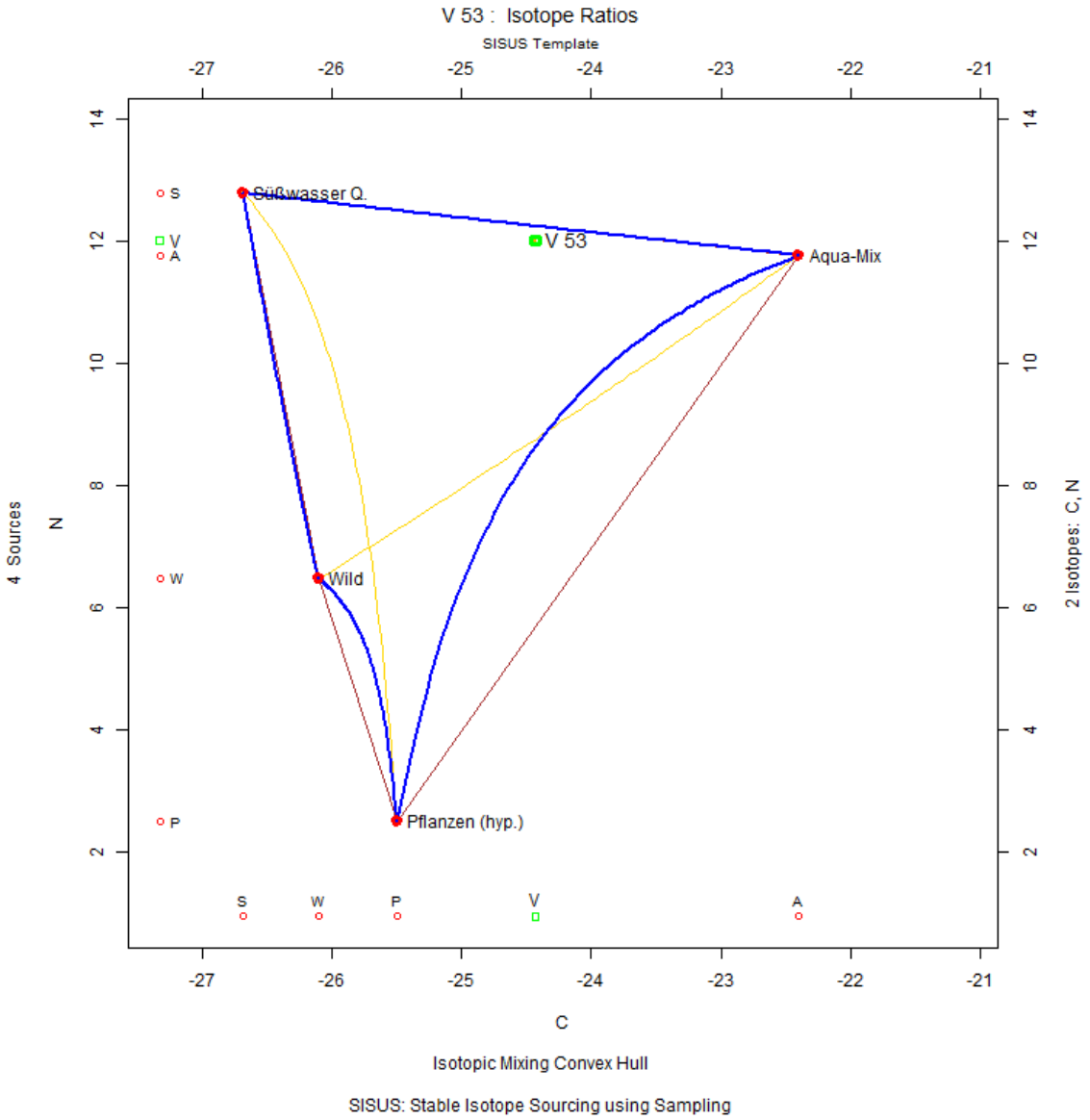


Abbildung 597: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 53. Erstellt mit SISUS.

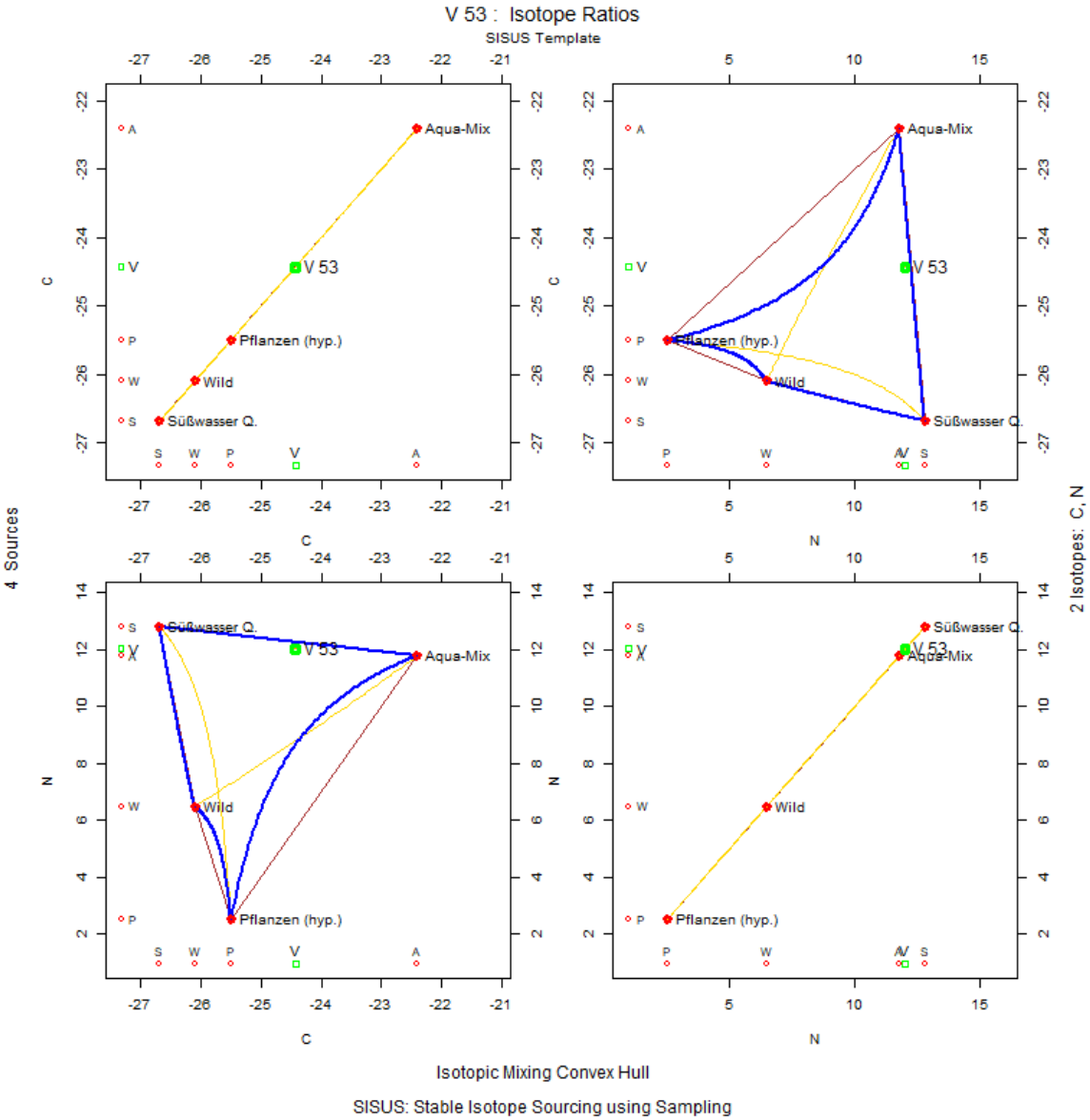


Abbildung 598: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 53 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

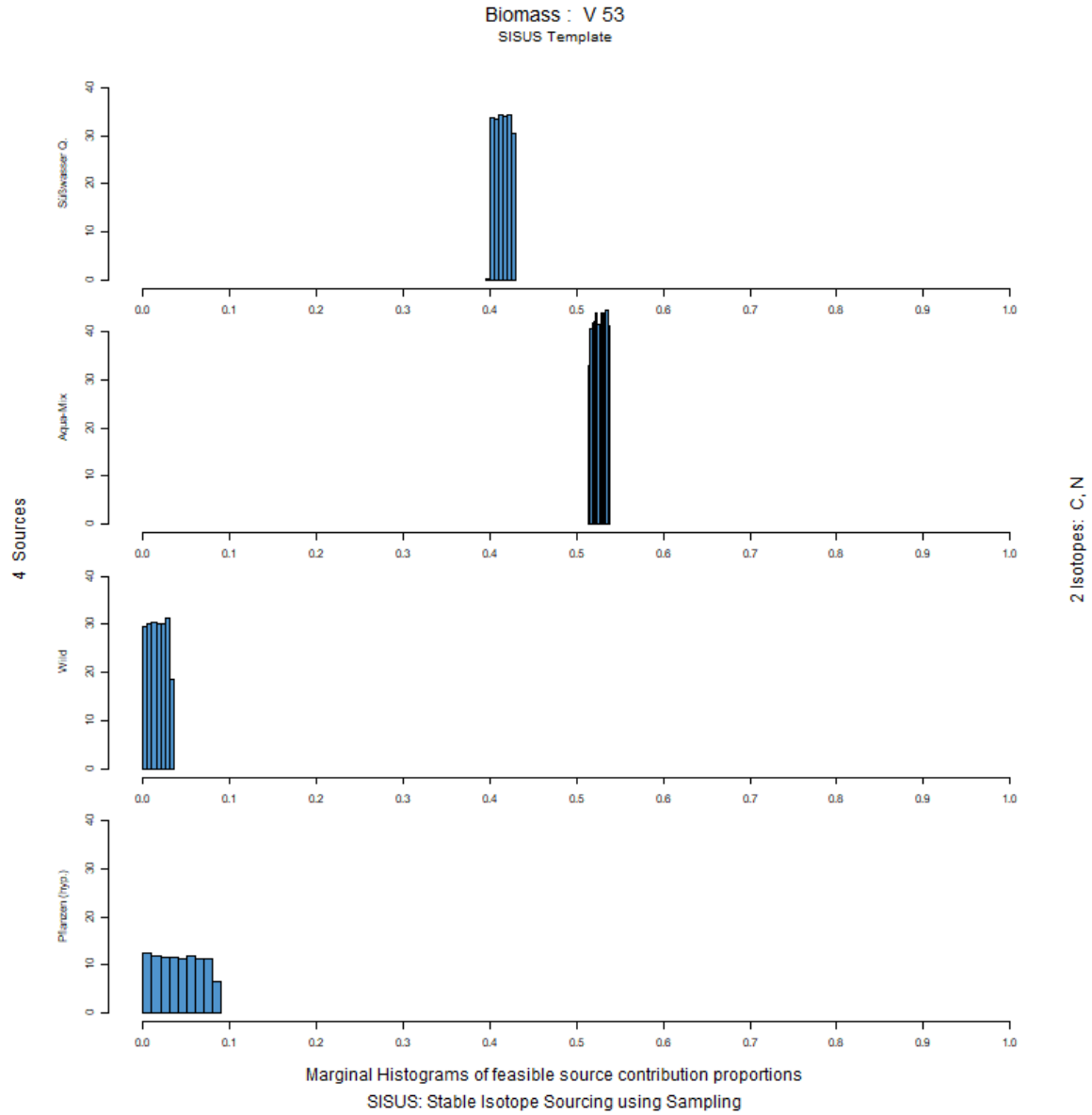


Abbildung 599: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 53. Erstellt mit SISUS.

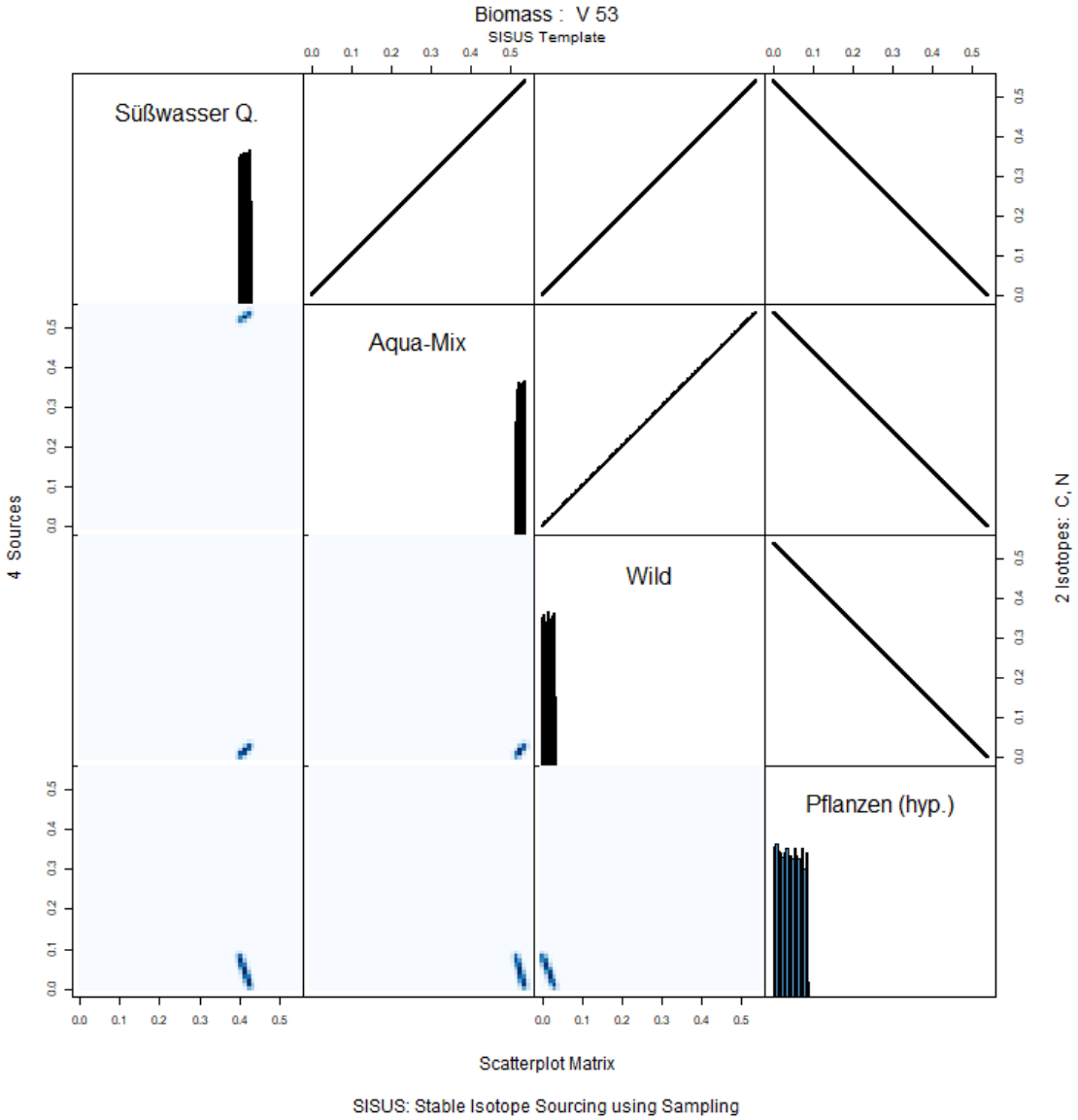


Abbildung 600: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 53. Erstellt mit SISUS.

V54

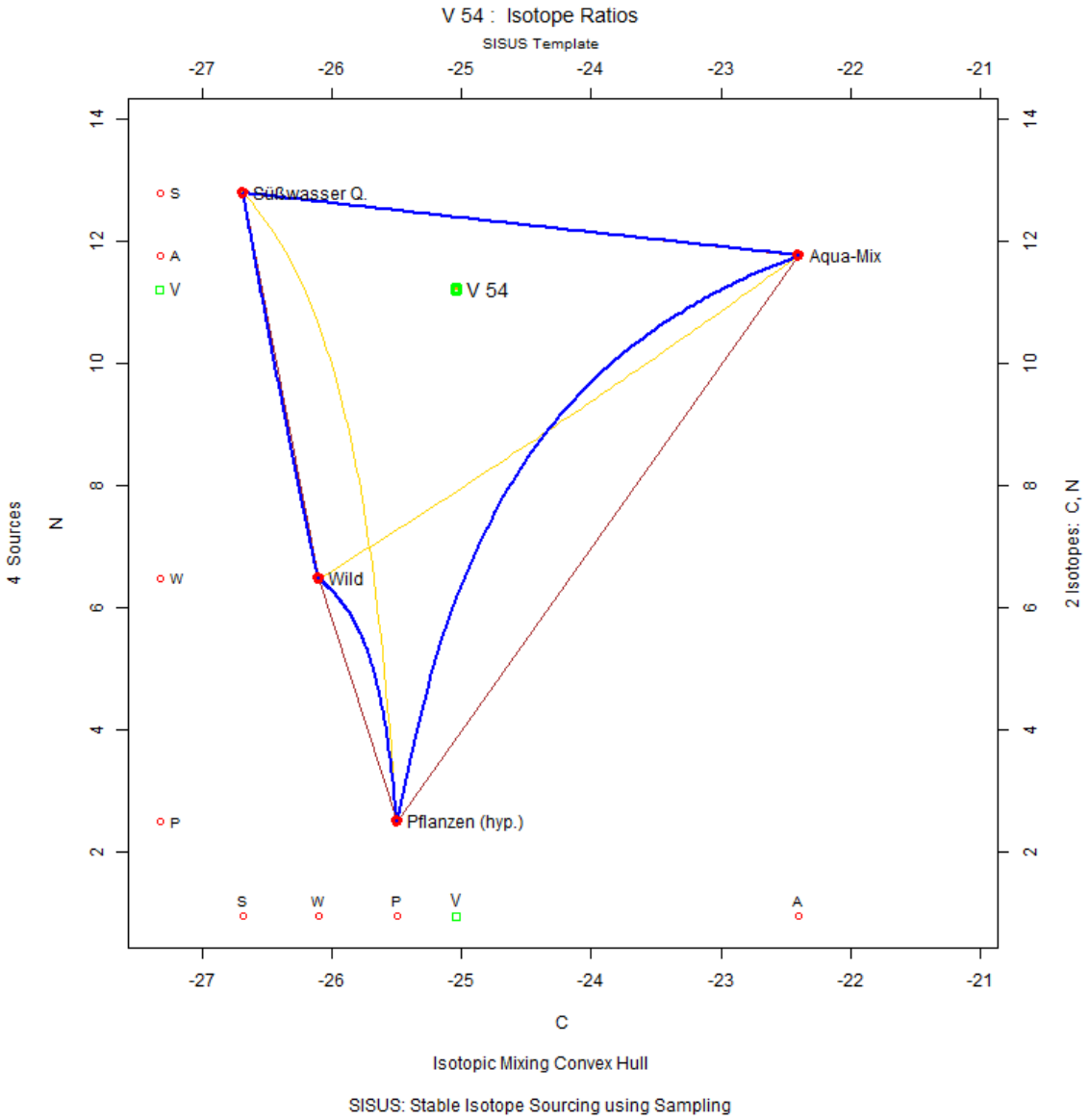


Abbildung 601: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 54. Erstellt mit SISUS.

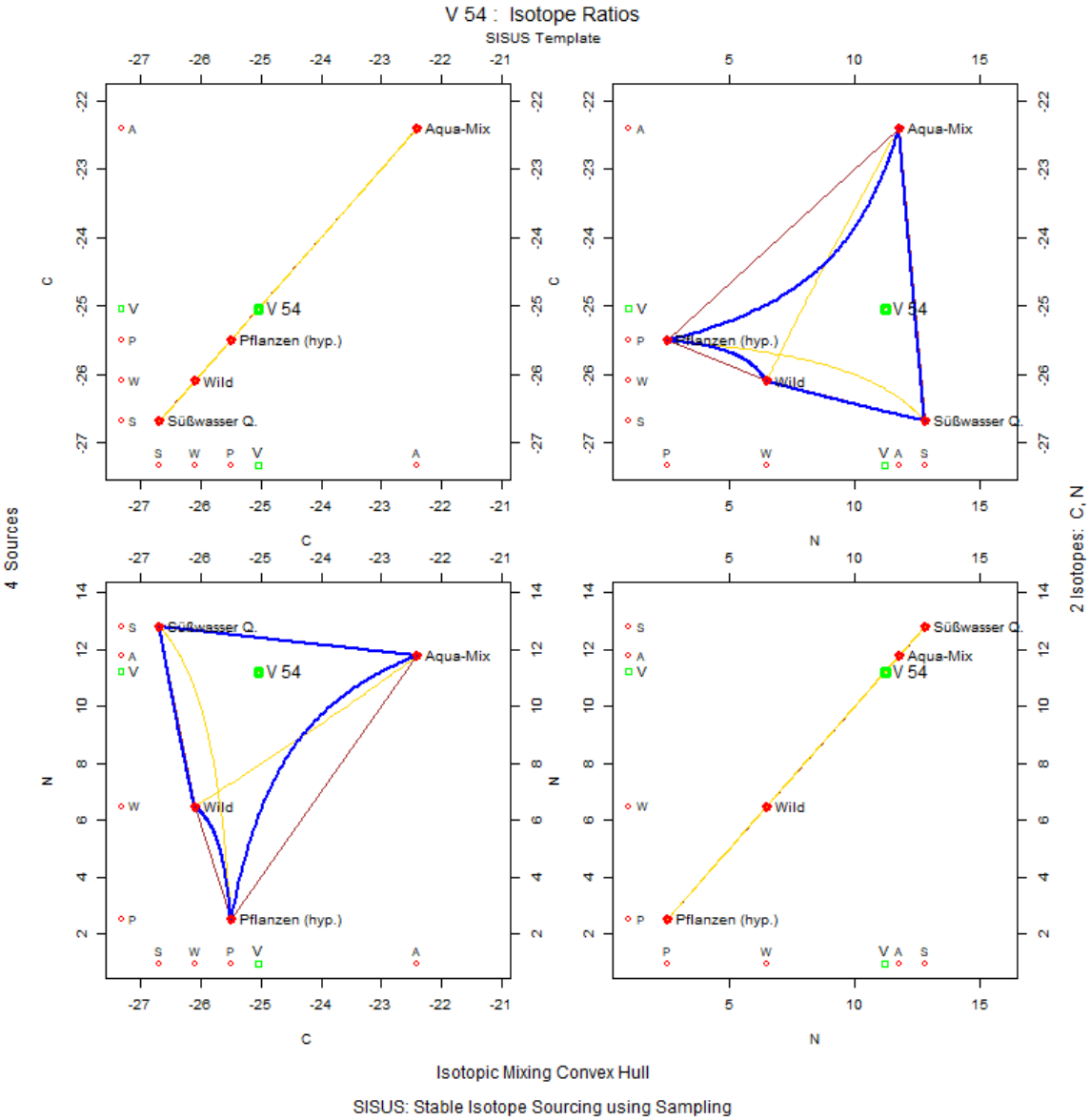


Abbildung 602: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 54 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

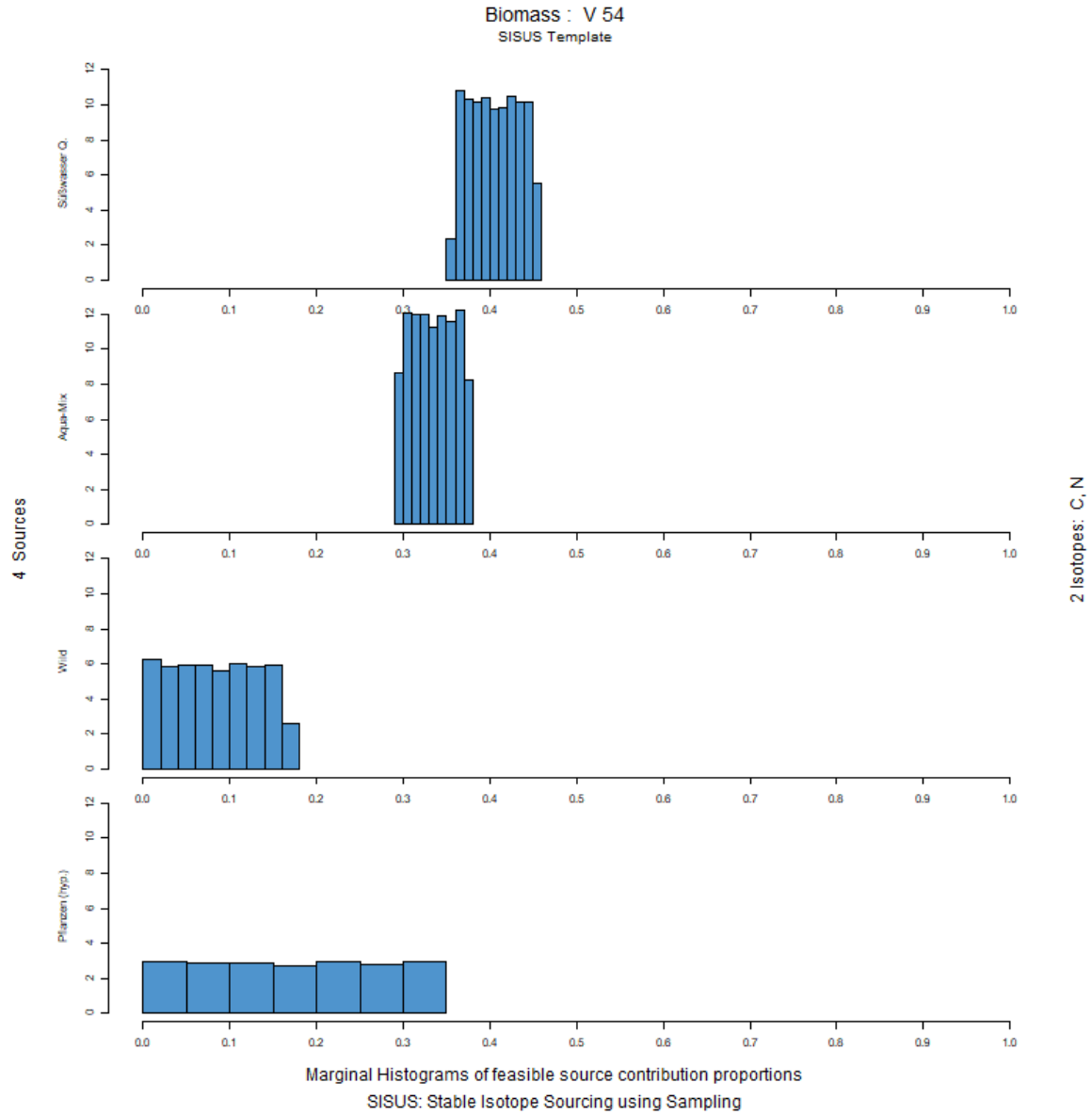


Abbildung 603: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 54. Erstellt mit SISUS.

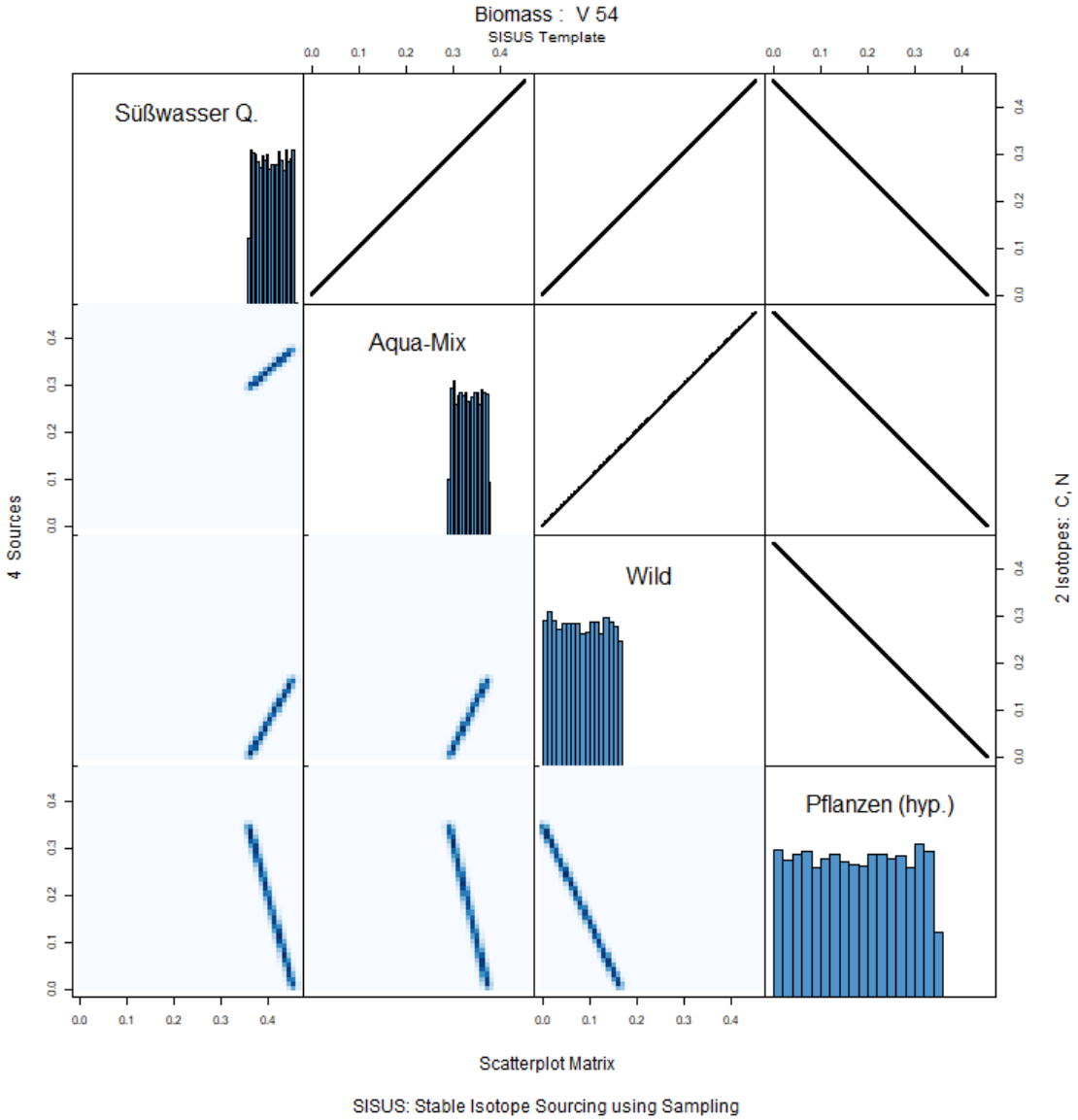


Abbildung 604: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 54. Erstellt mit SISUS.

V63

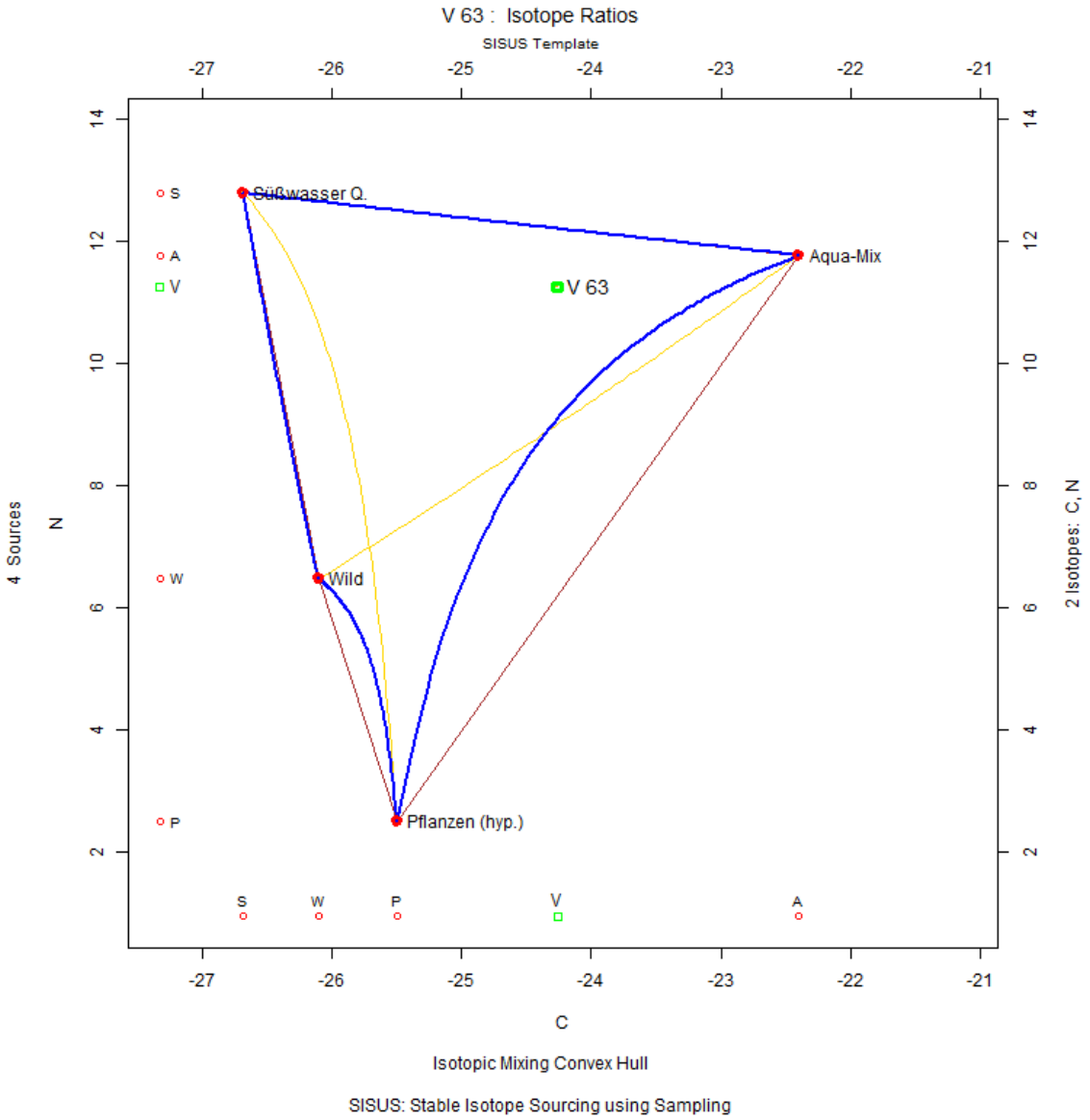


Abbildung 605: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 63. Erstellt mit SISUS.

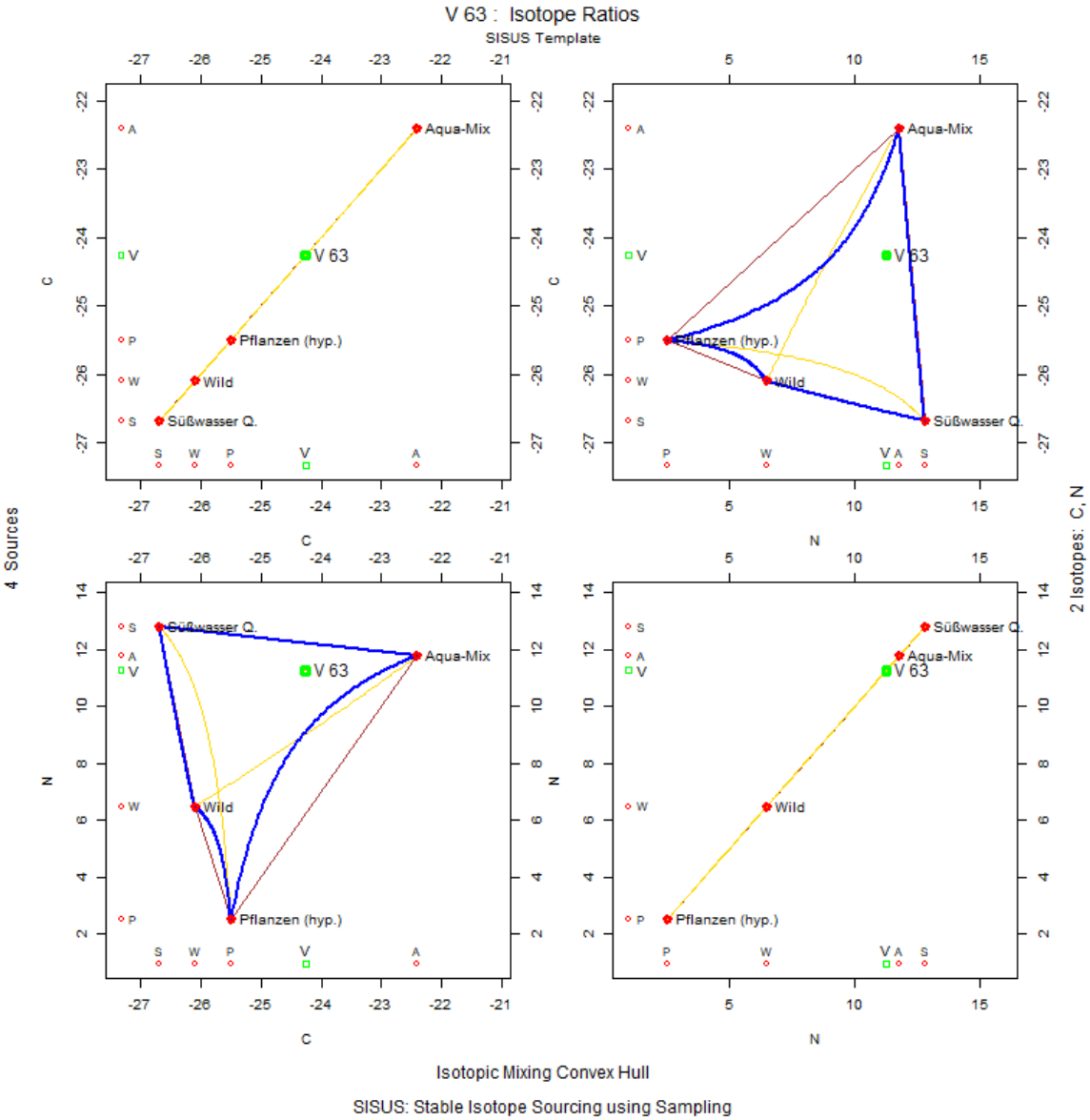


Abbildung 606: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 63 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

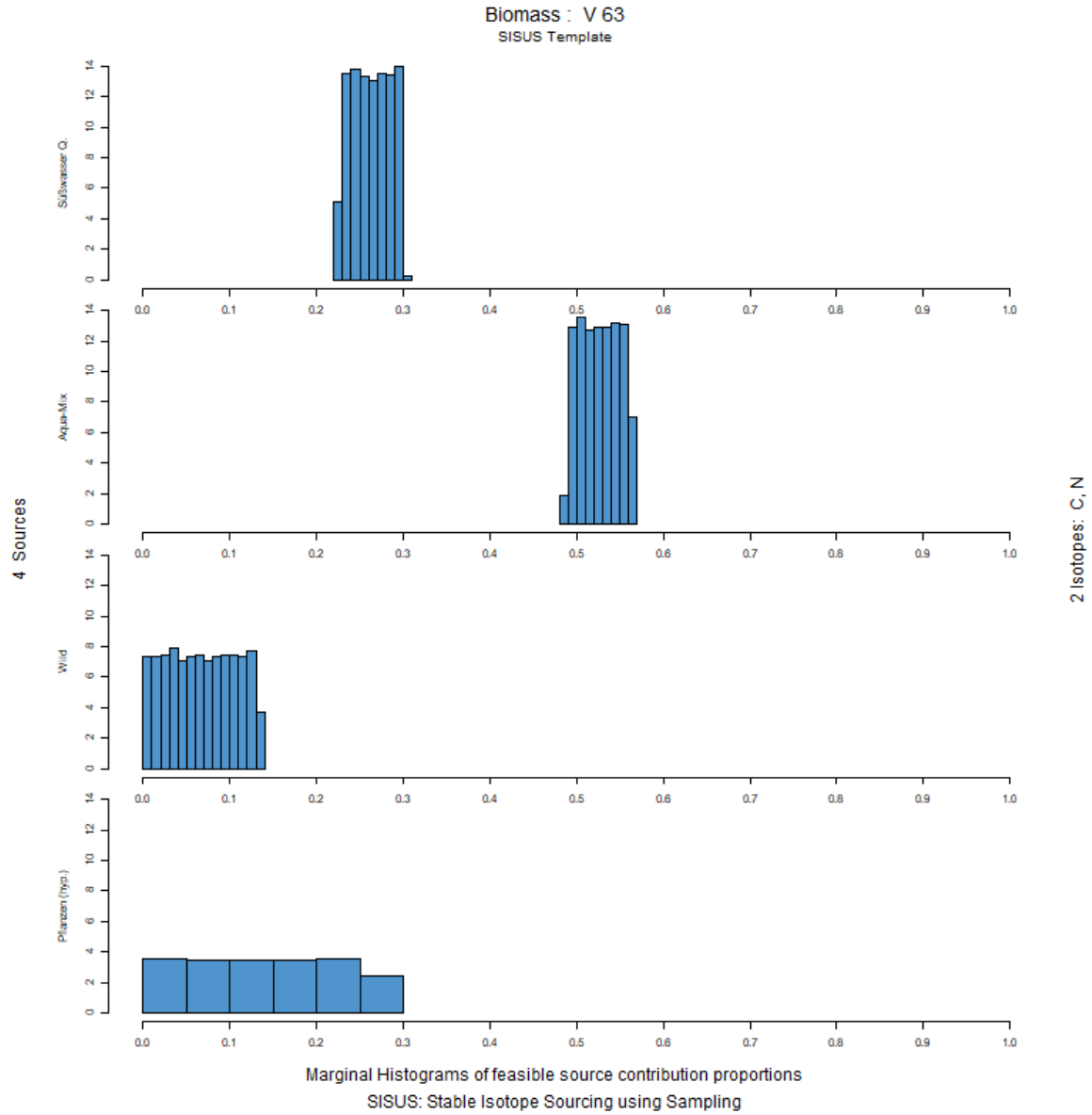


Abbildung 607: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 63. Erstellt mit SISUS.

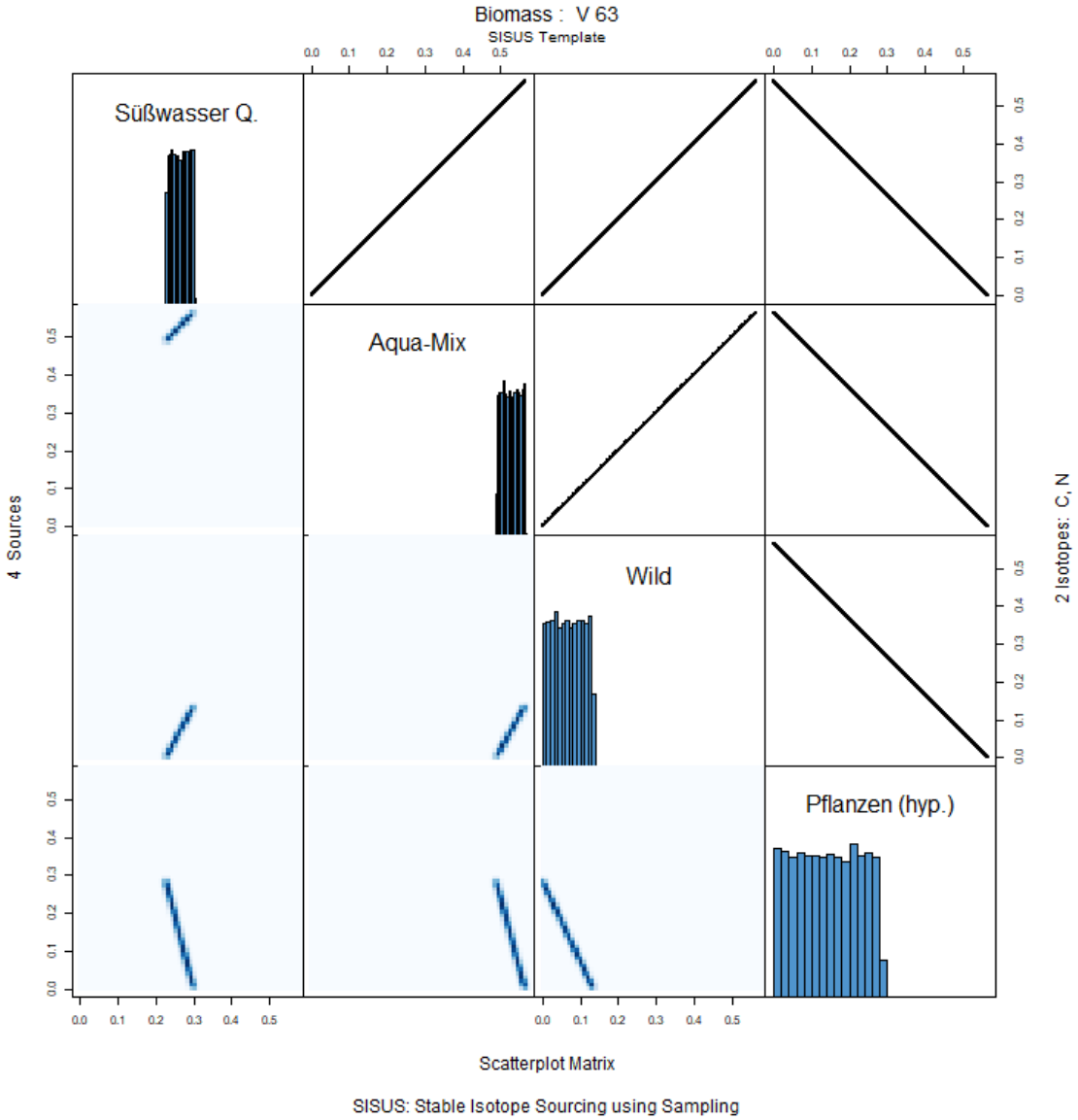


Abbildung 608: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 63. Erstellt mit SISUS.

V67

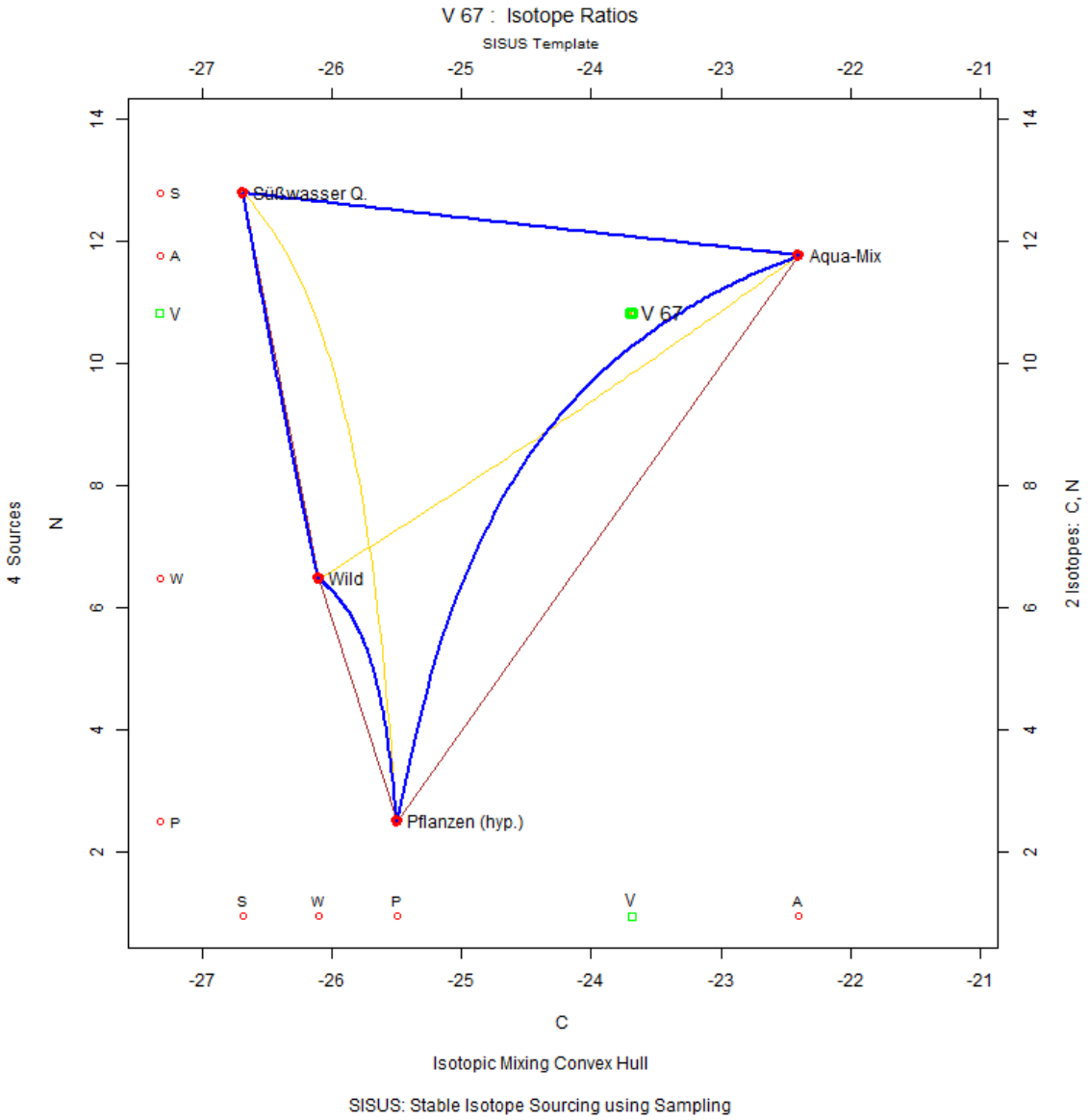


Abbildung 609: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 67. Erstellt mit SISUS.

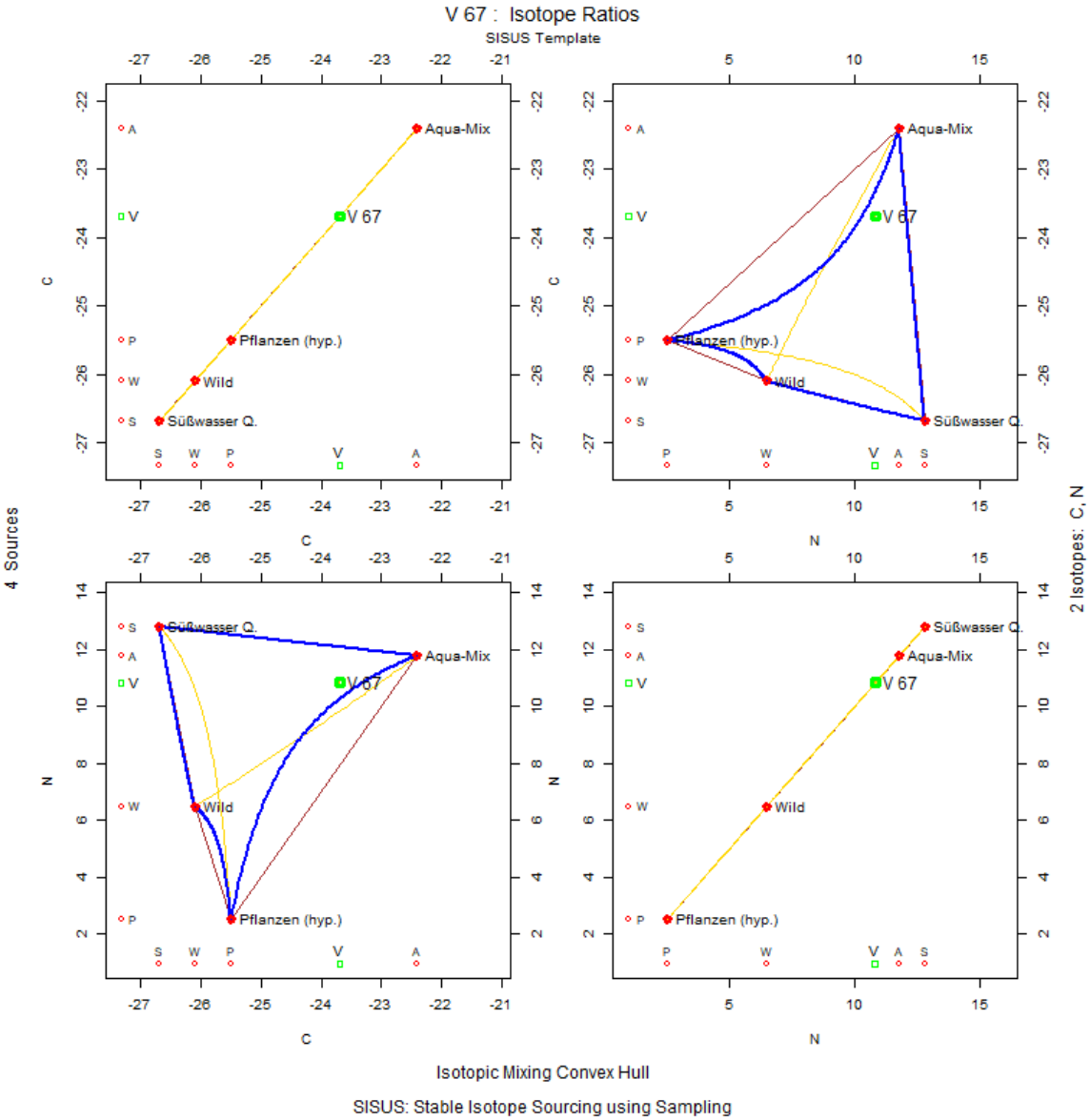


Abbildung 610: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 57 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

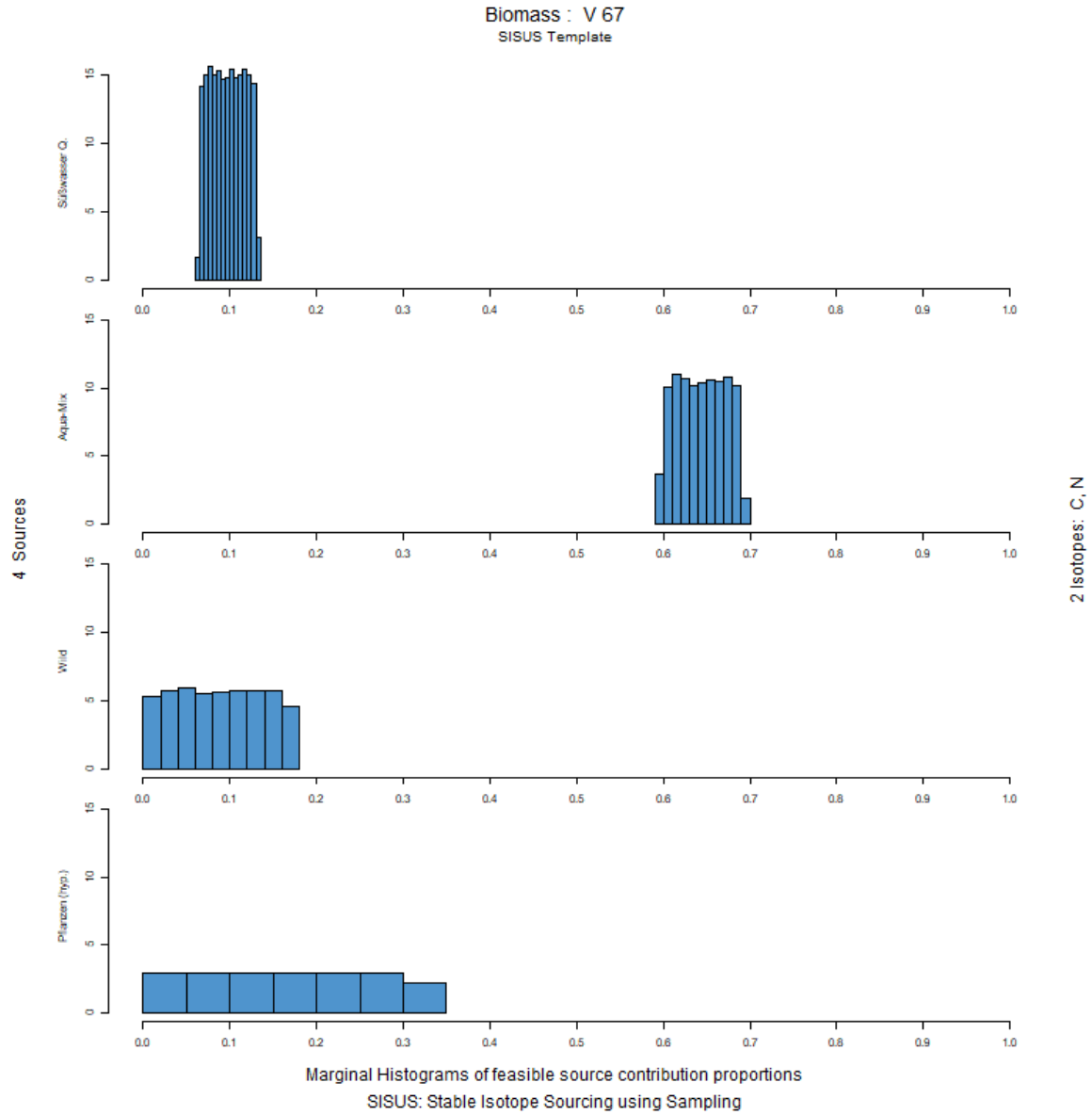


Abbildung 611: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 67. Erstellt mit SISUS.

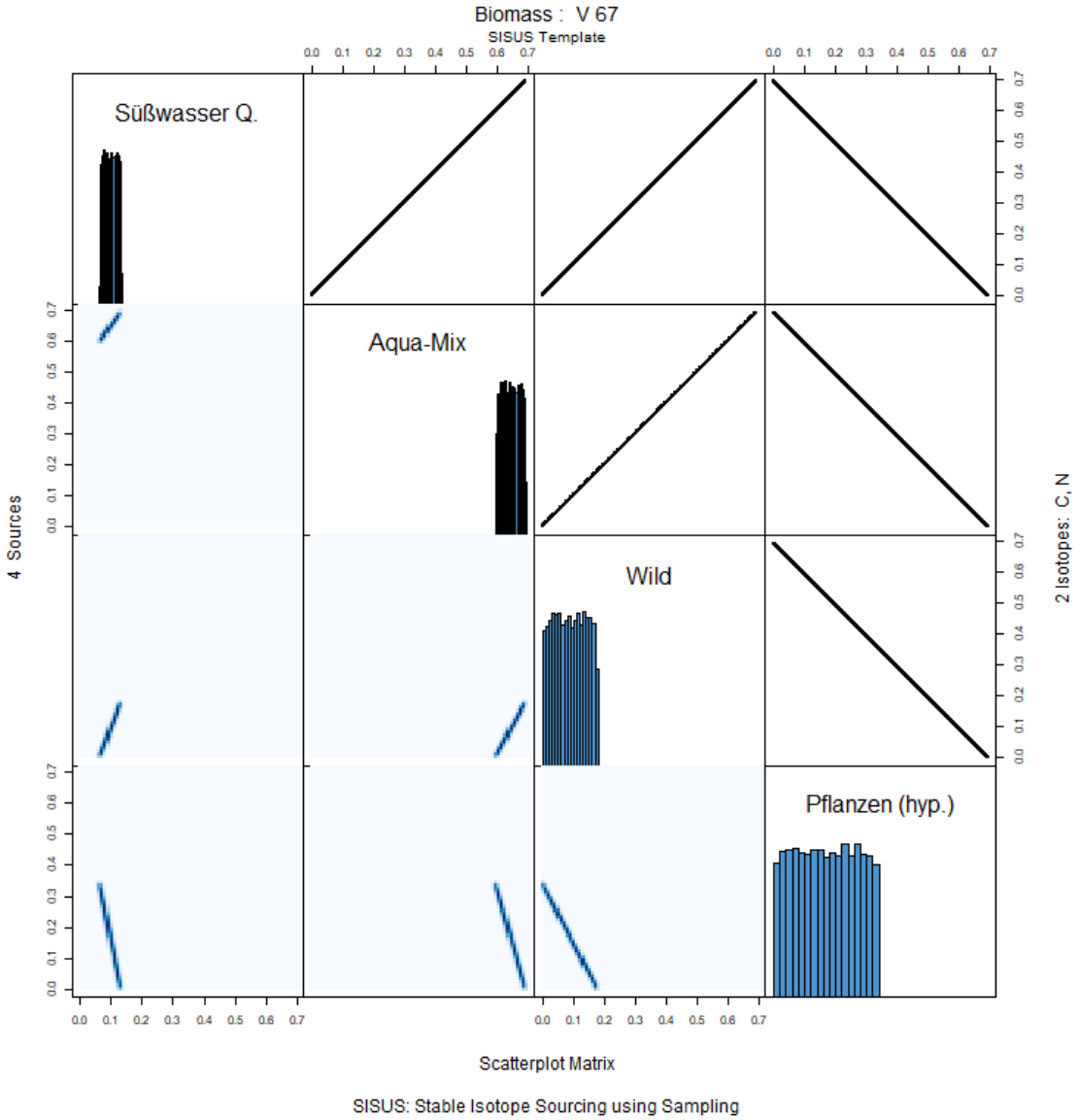


Abbildung 612: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 67. Erstellt mit SISUS.

V71

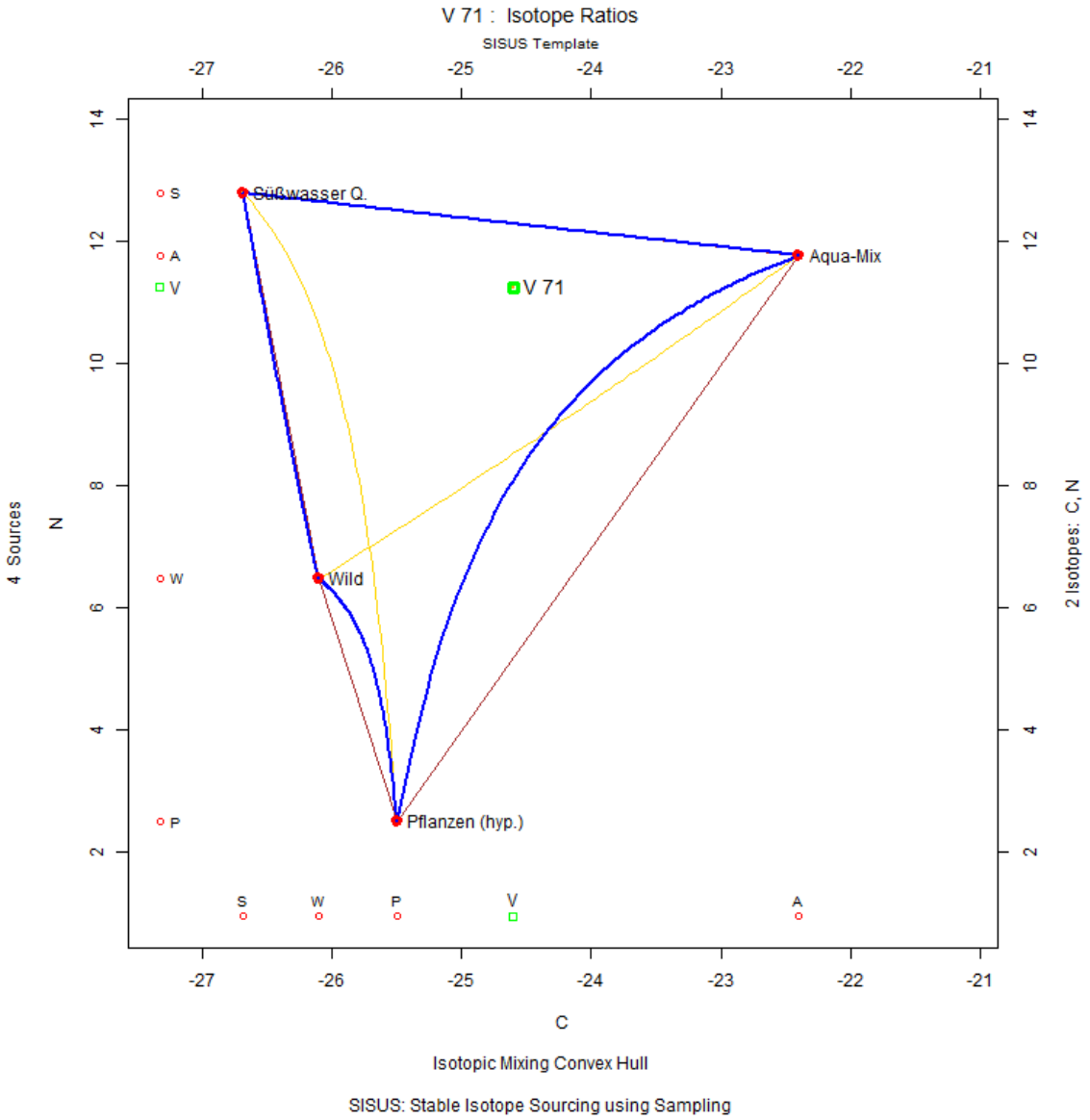


Abbildung 613: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 71. Erstellt mit SISUS.

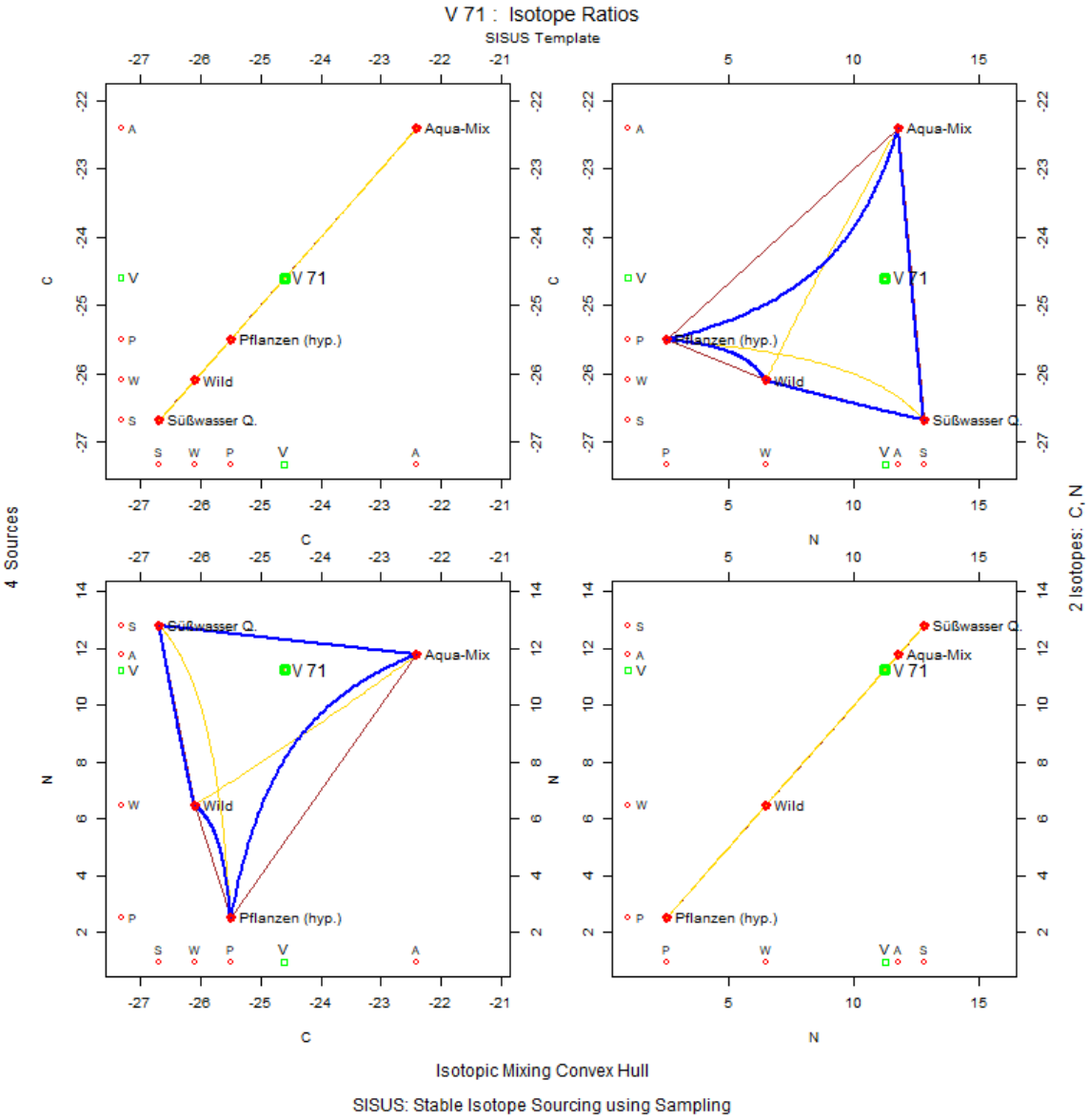


Abbildung 614: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 71 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

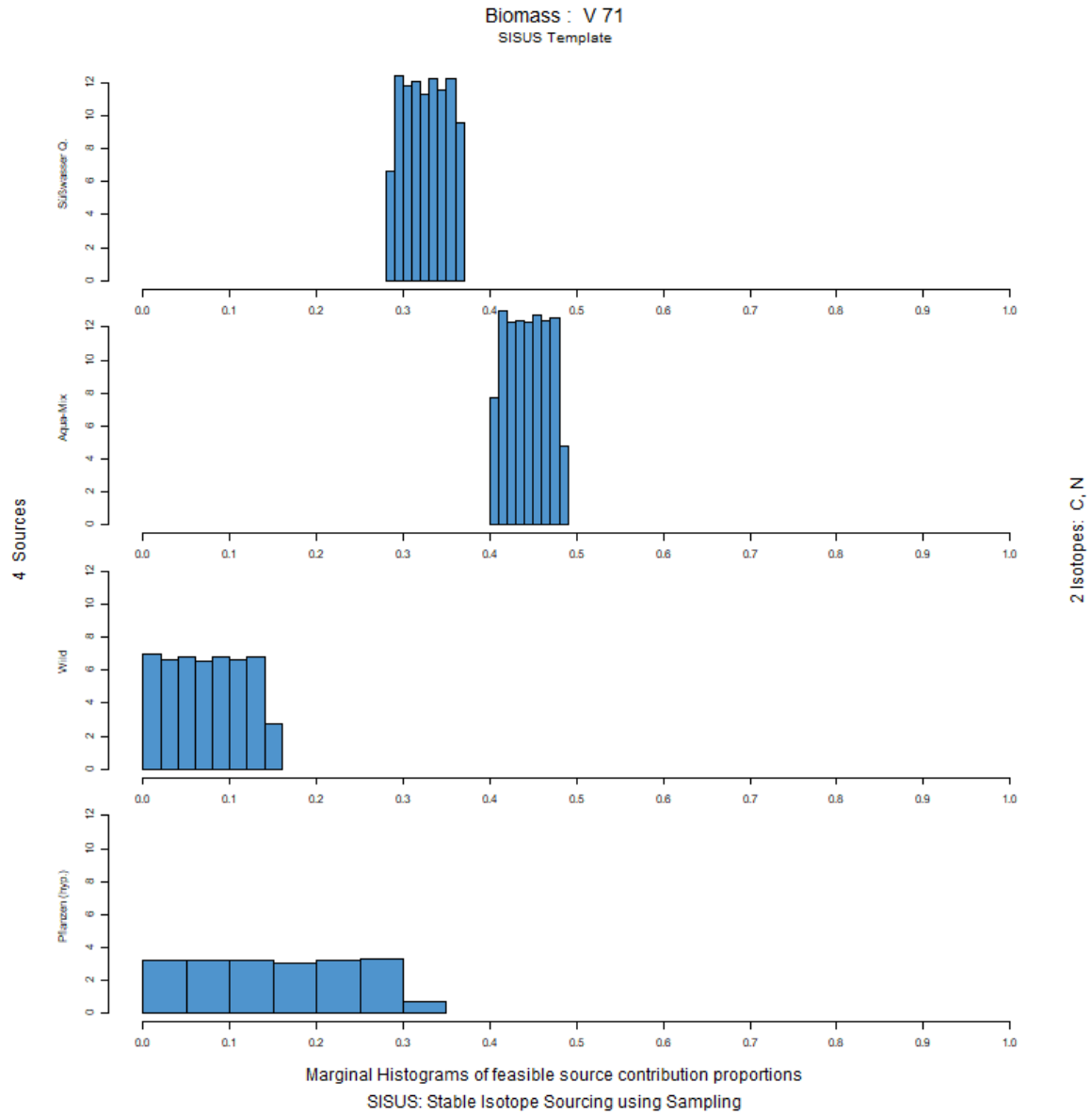


Abbildung 615: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 71. Erstellt mit SISUS.

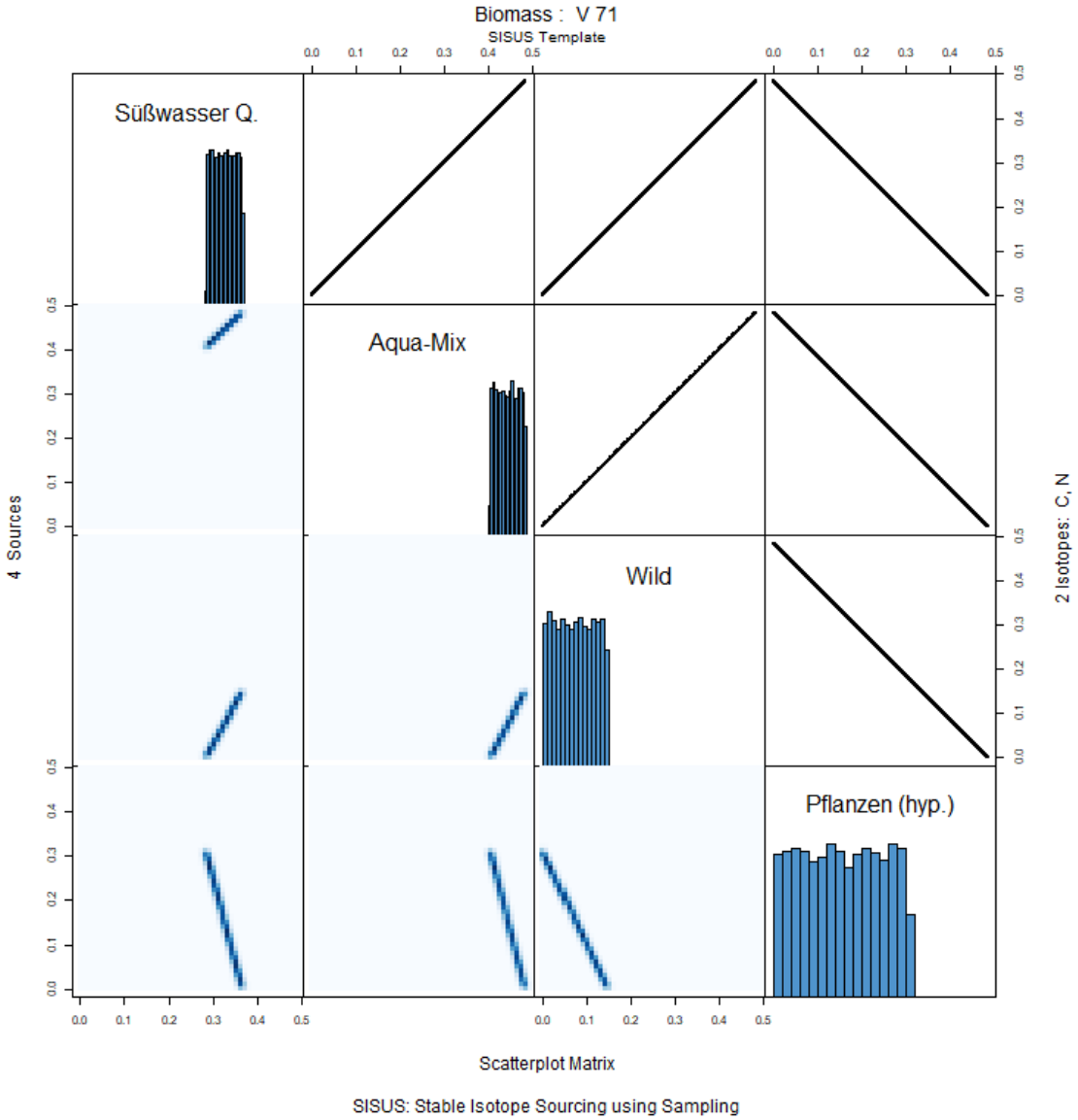


Abbildung 616: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 71. Erstellt mit SISUS.

V72

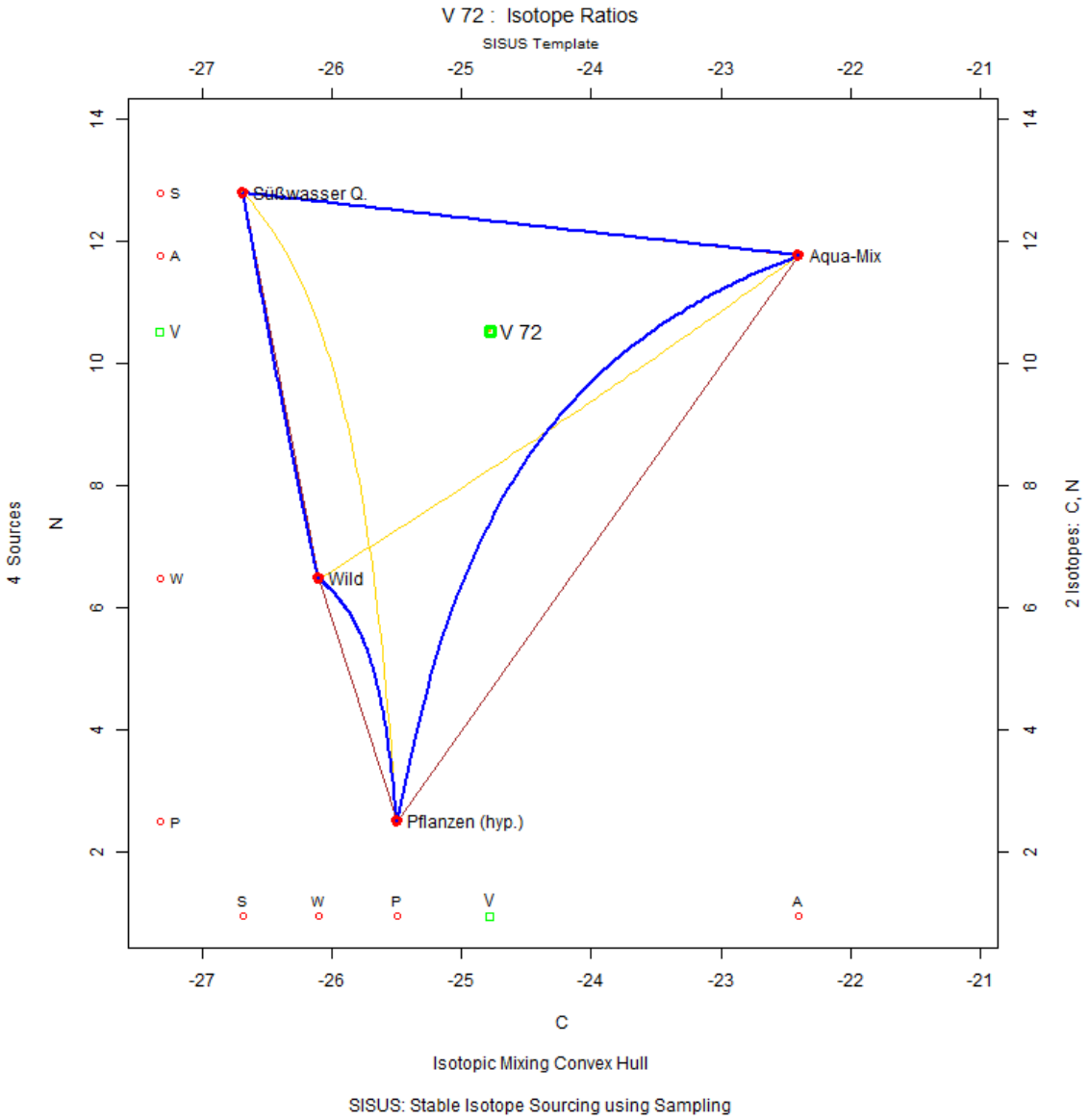


Abbildung 617: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 72. Erstellt mit SISUS.

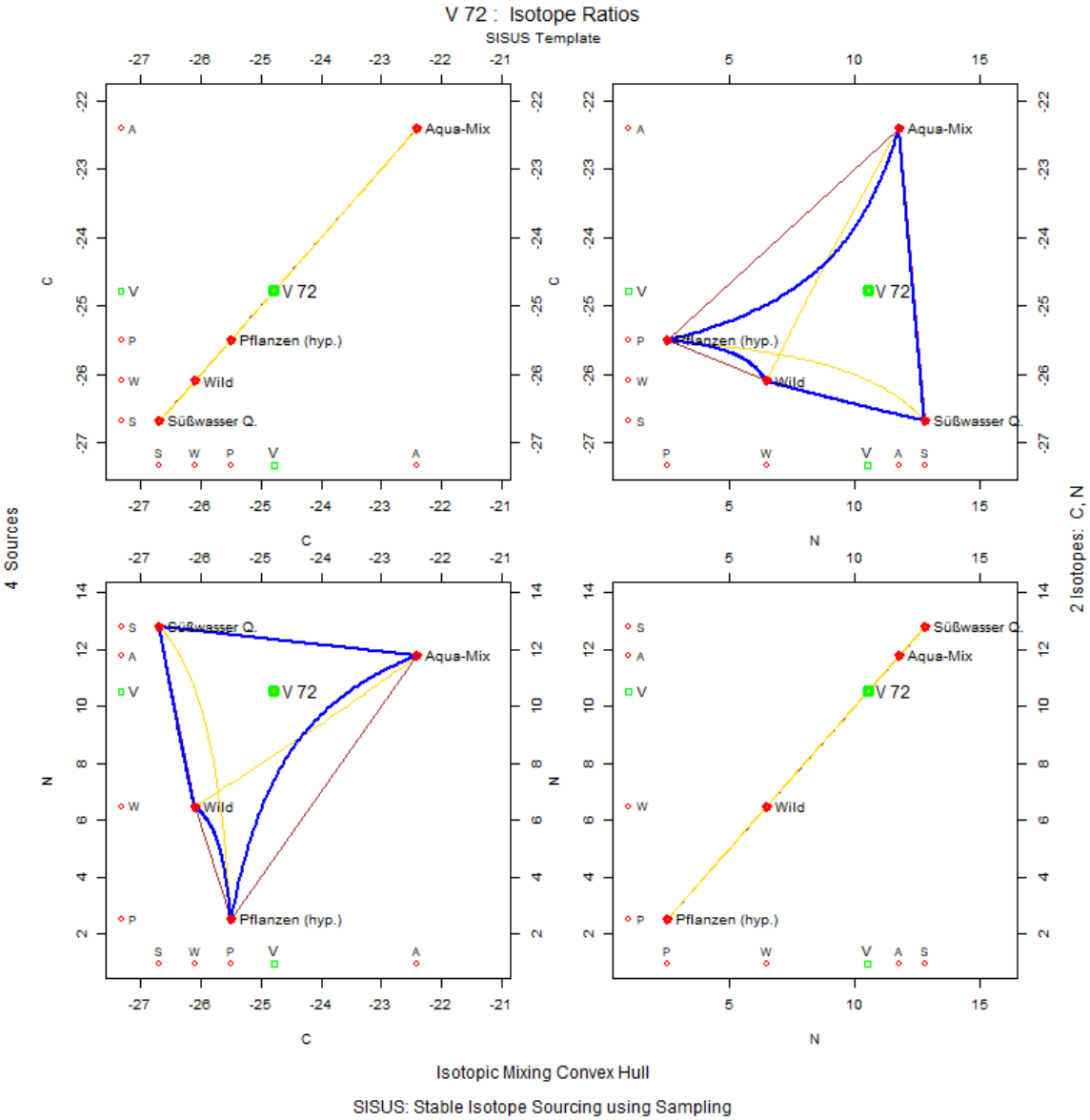


Abbildung 618: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 72 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

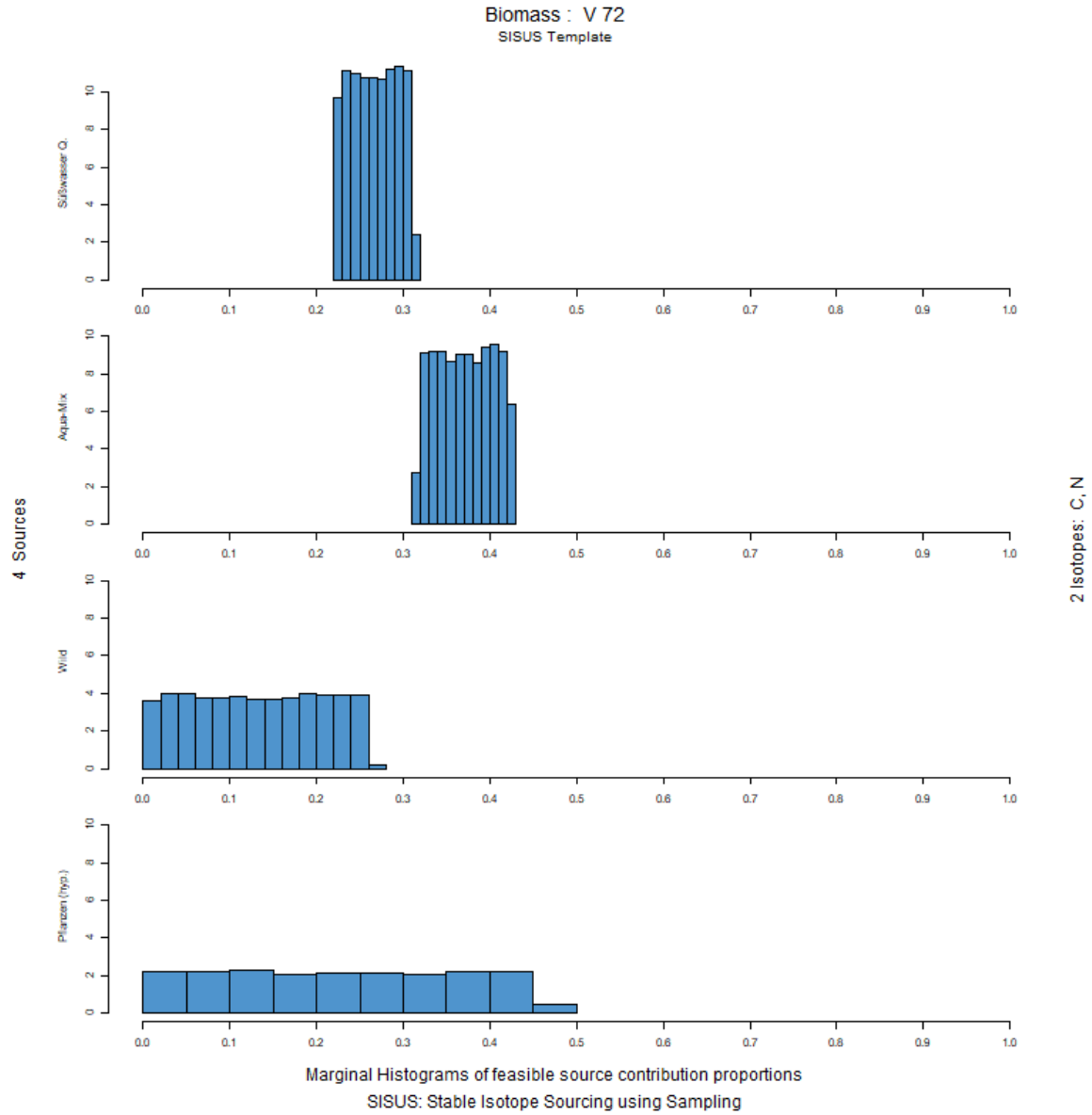


Abbildung 619: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 72. Erstellt mit SISUS.

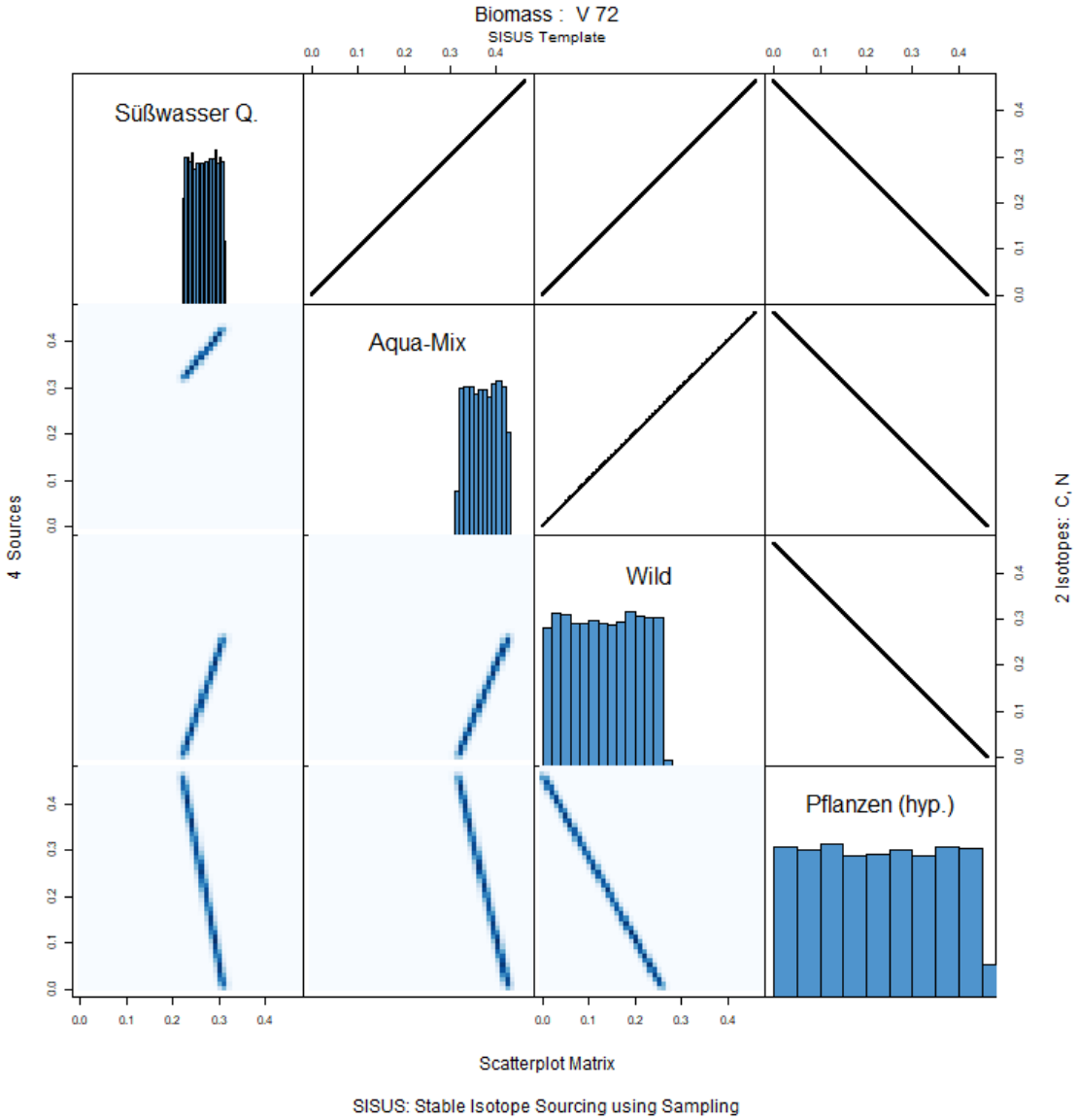


Abbildung 620: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 72. Erstellt mit SISUS.

V78

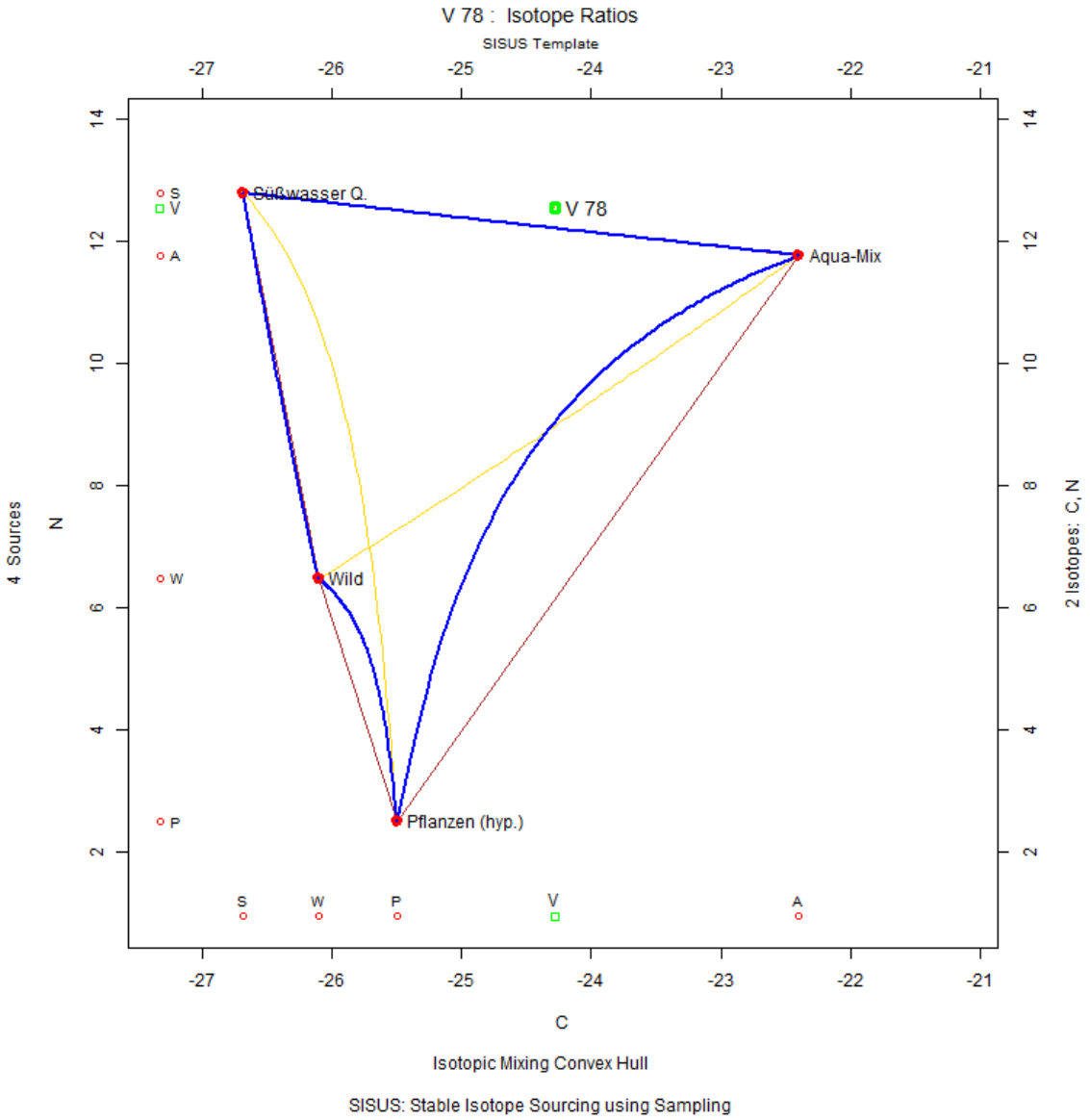


Abbildung 621: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 78. Erstellt mit SISUS.

8.5.2 Datierung: nach 7600 v. Chr.

V4a

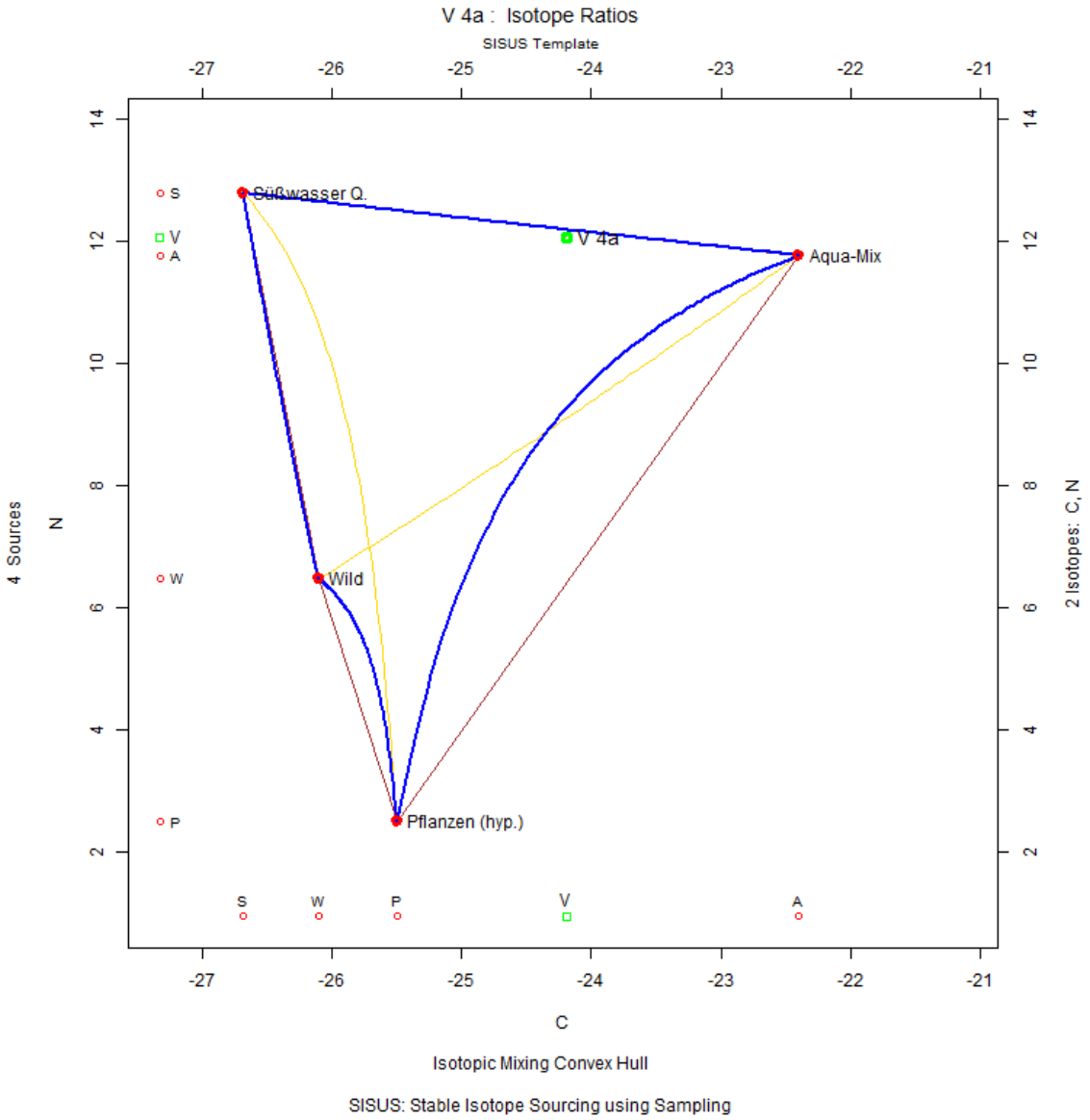


Abbildung 622: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4a. Erstellt mit SISUS.

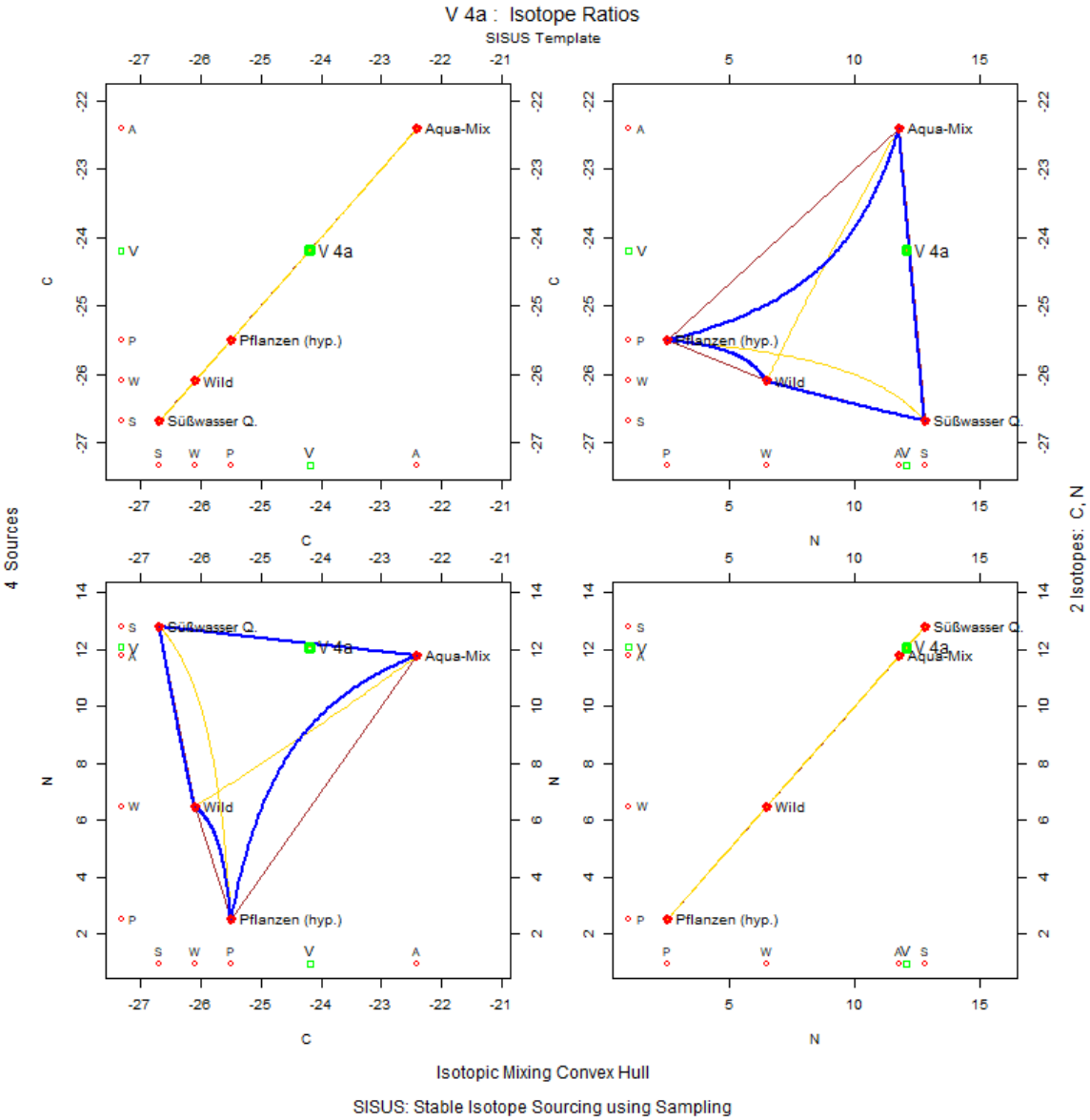


Abbildung 623: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 4a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

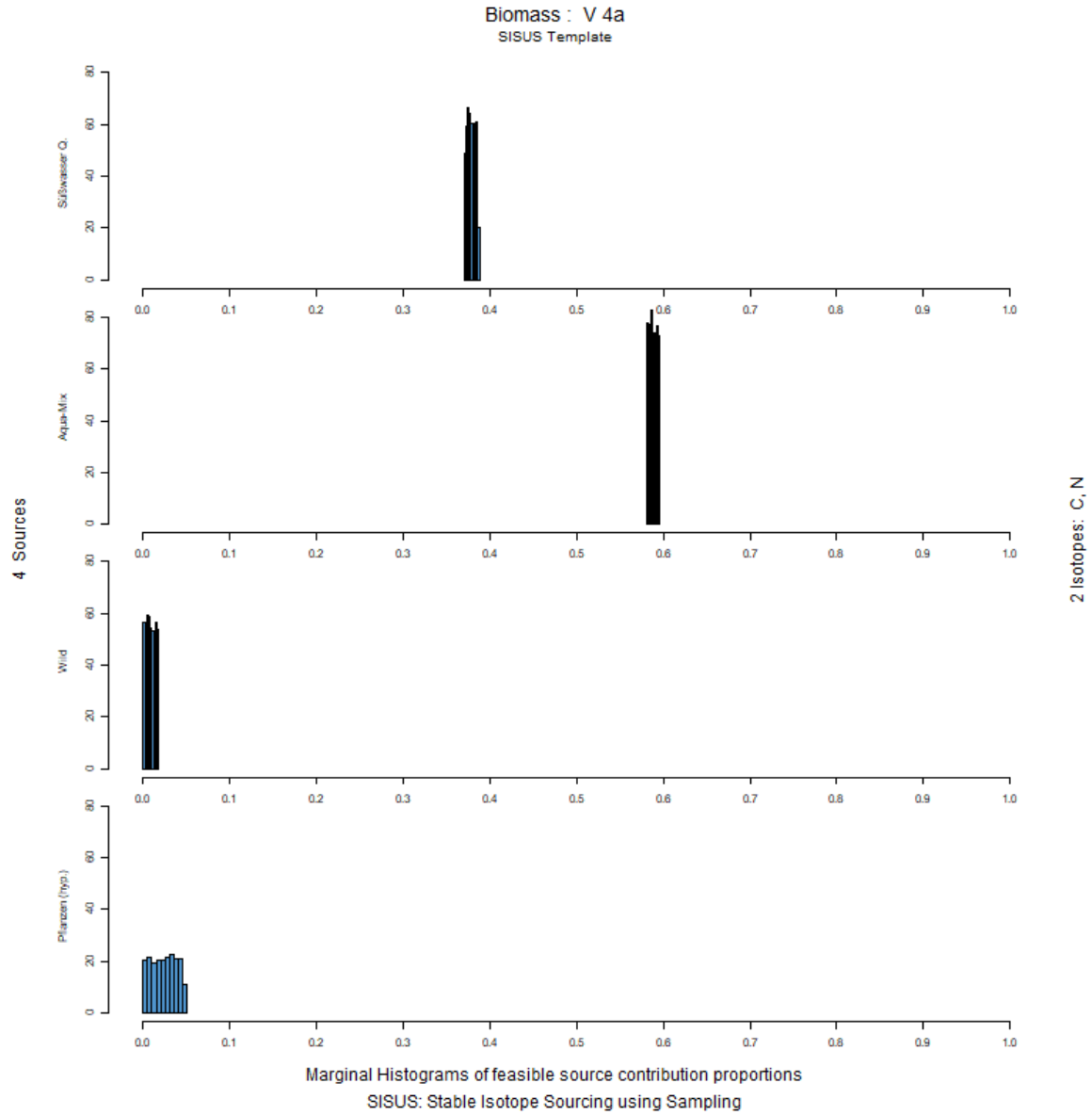


Abbildung 624: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 4a. Erstellt mit SISUS.

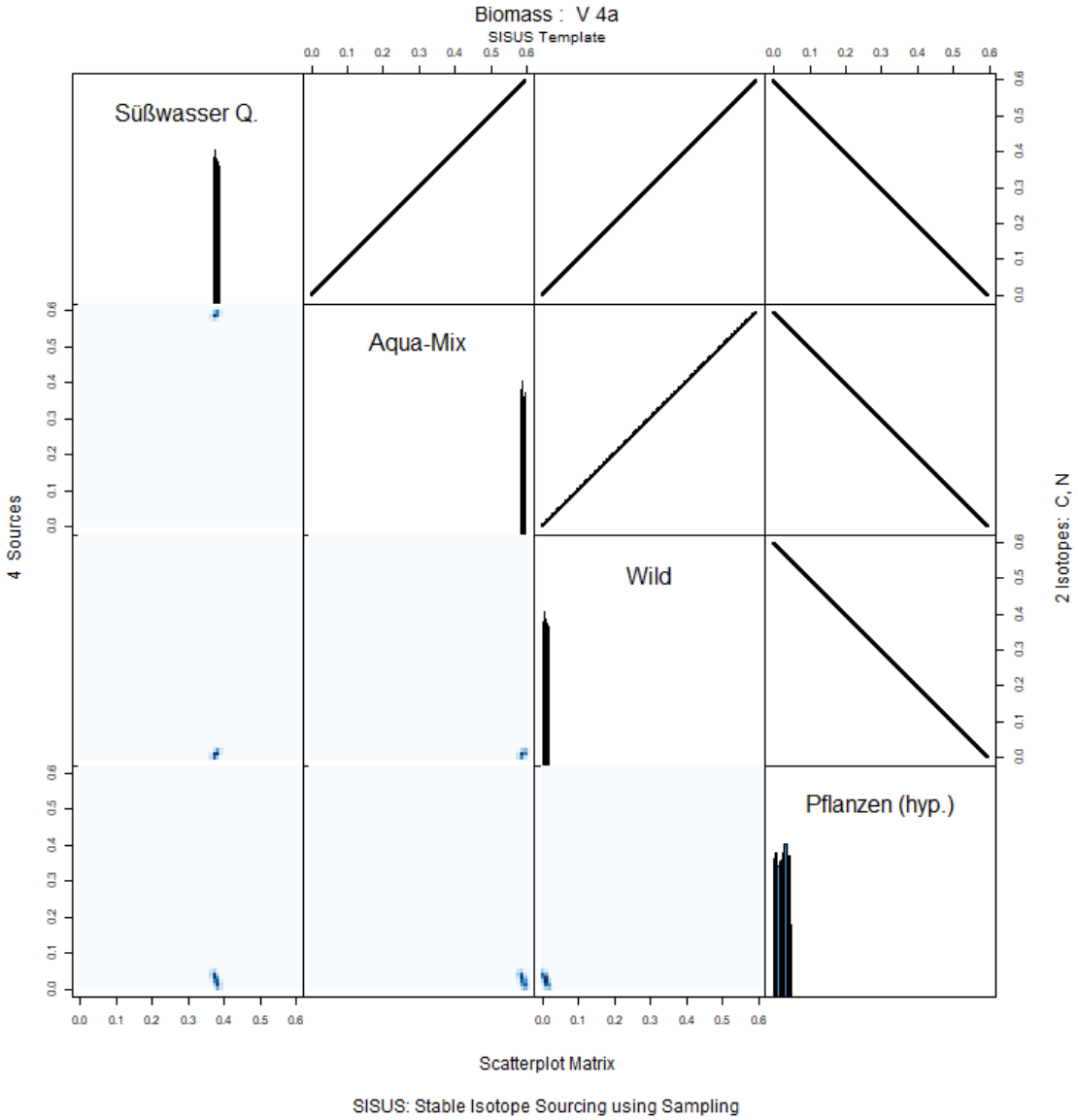


Abbildung 625: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 4a. Erstellt mit SISUS.

V6

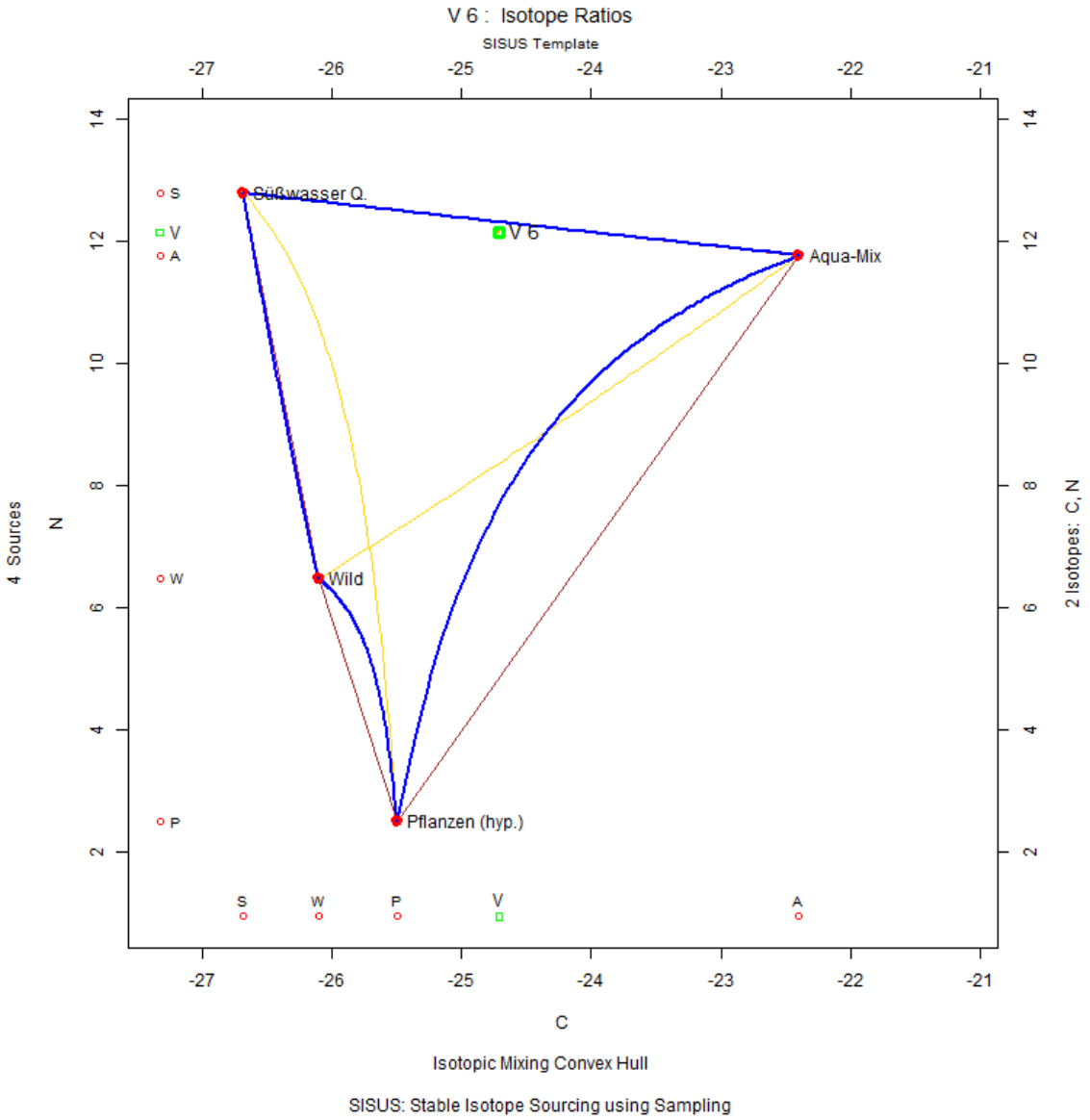


Abbildung 626: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 6. Erstellt mit SISUS.

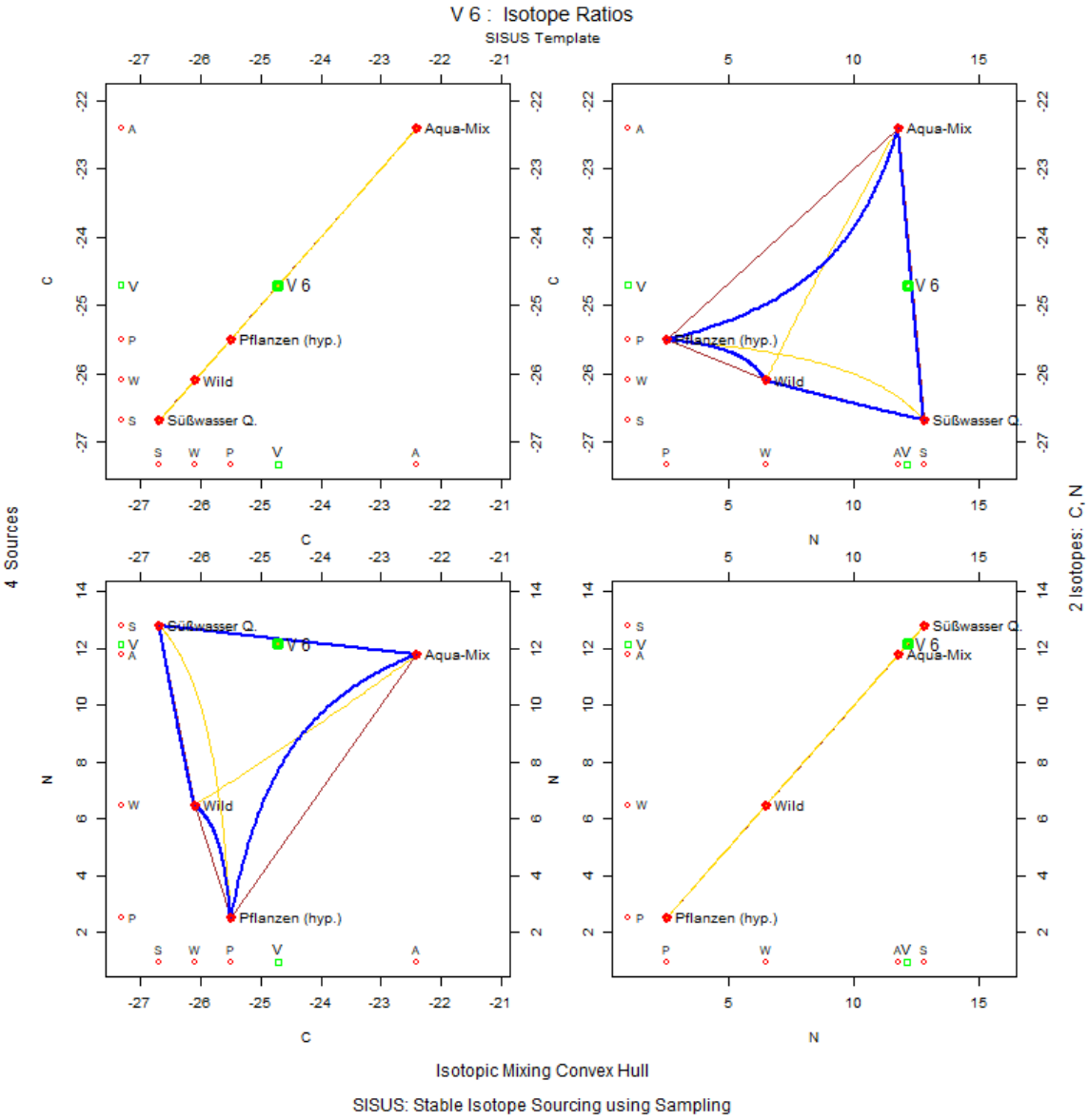


Abbildung 627: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 6 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

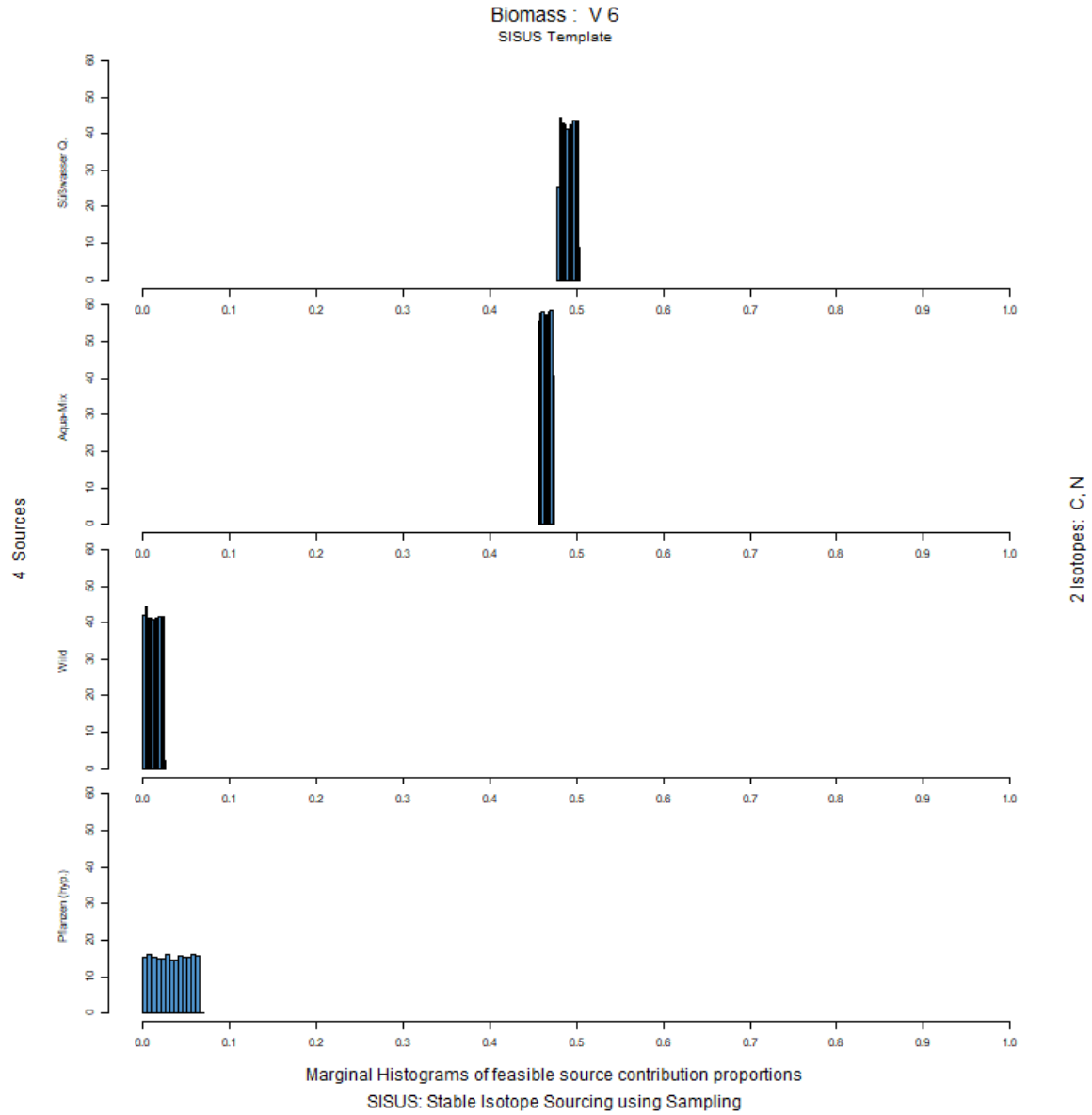


Abbildung 628: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 6. Erstellt mit SISUS.

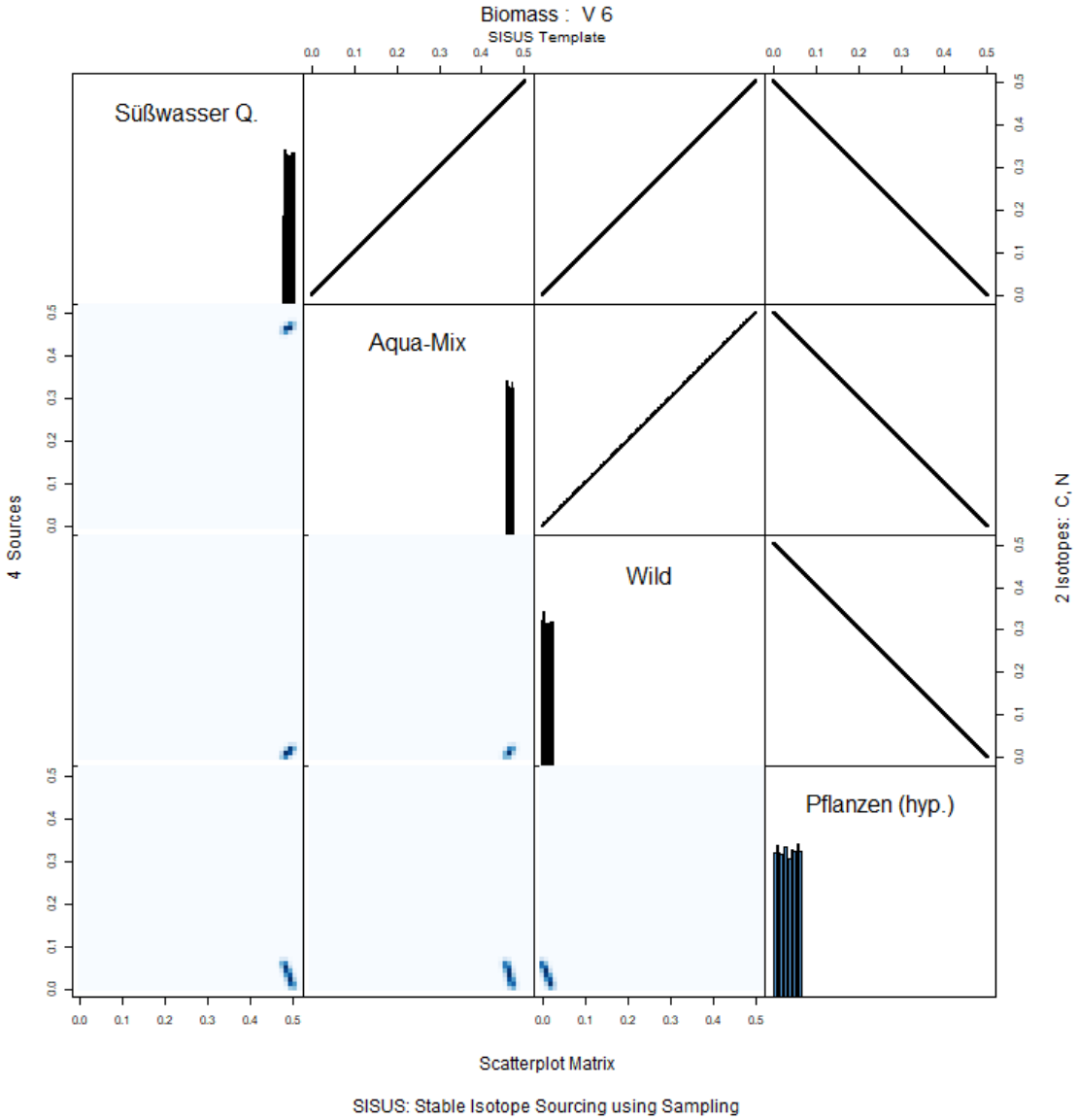


Abbildung 629: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 6. Erstellt mit SISUS.

V11b

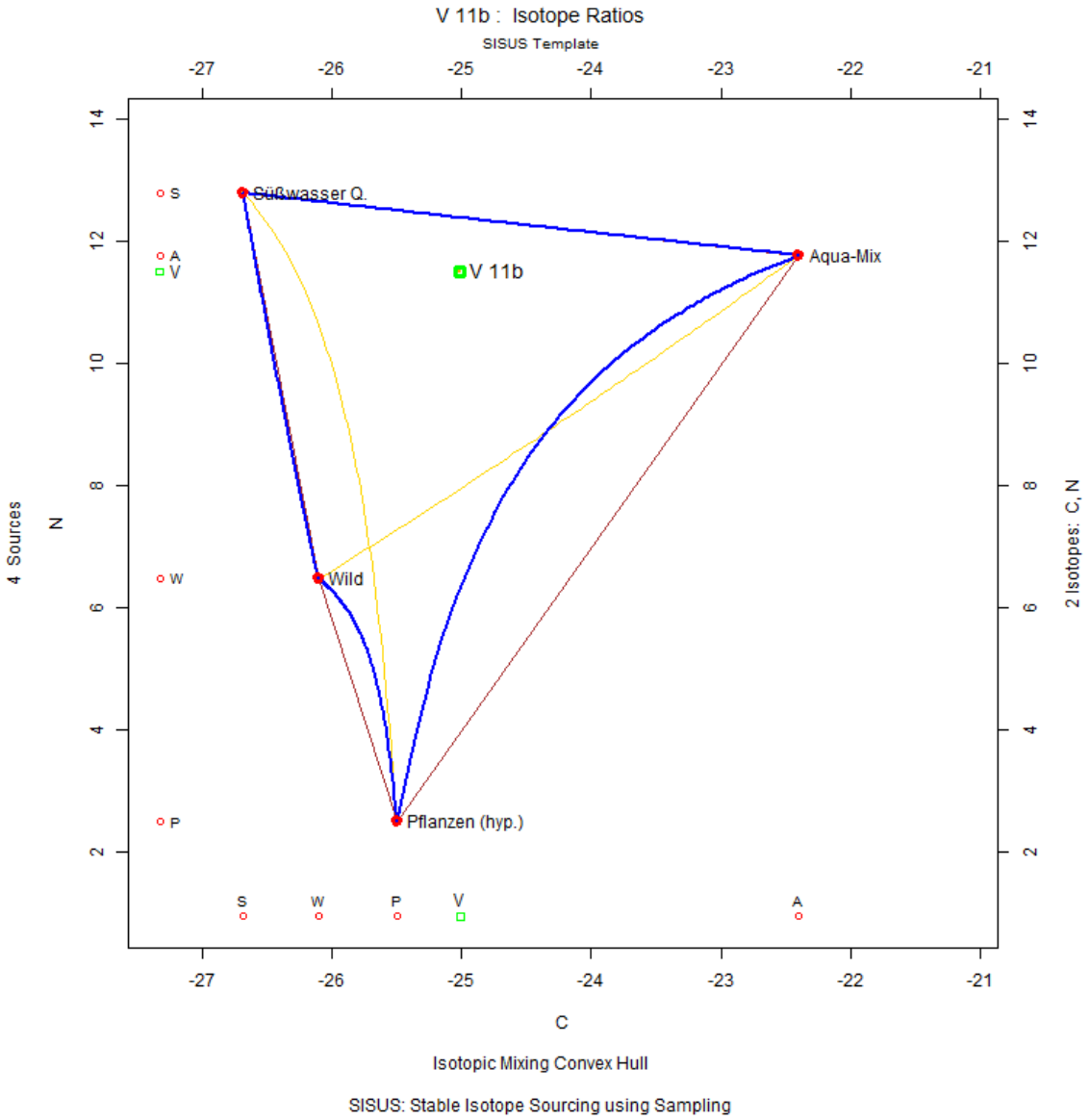


Abbildung 630: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 11b. Erstellt mit SISUS.

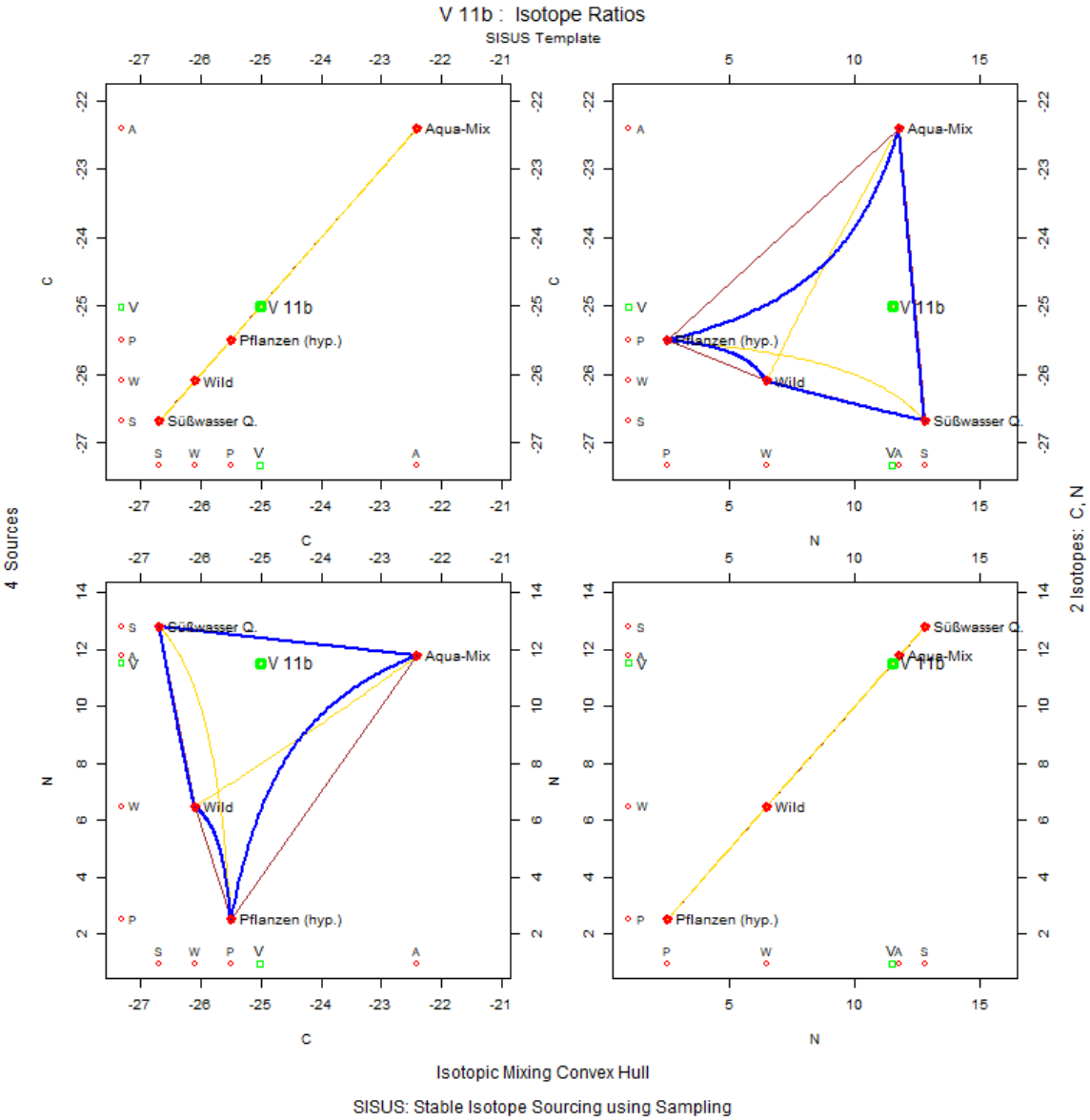


Abbildung 631: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 11b in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

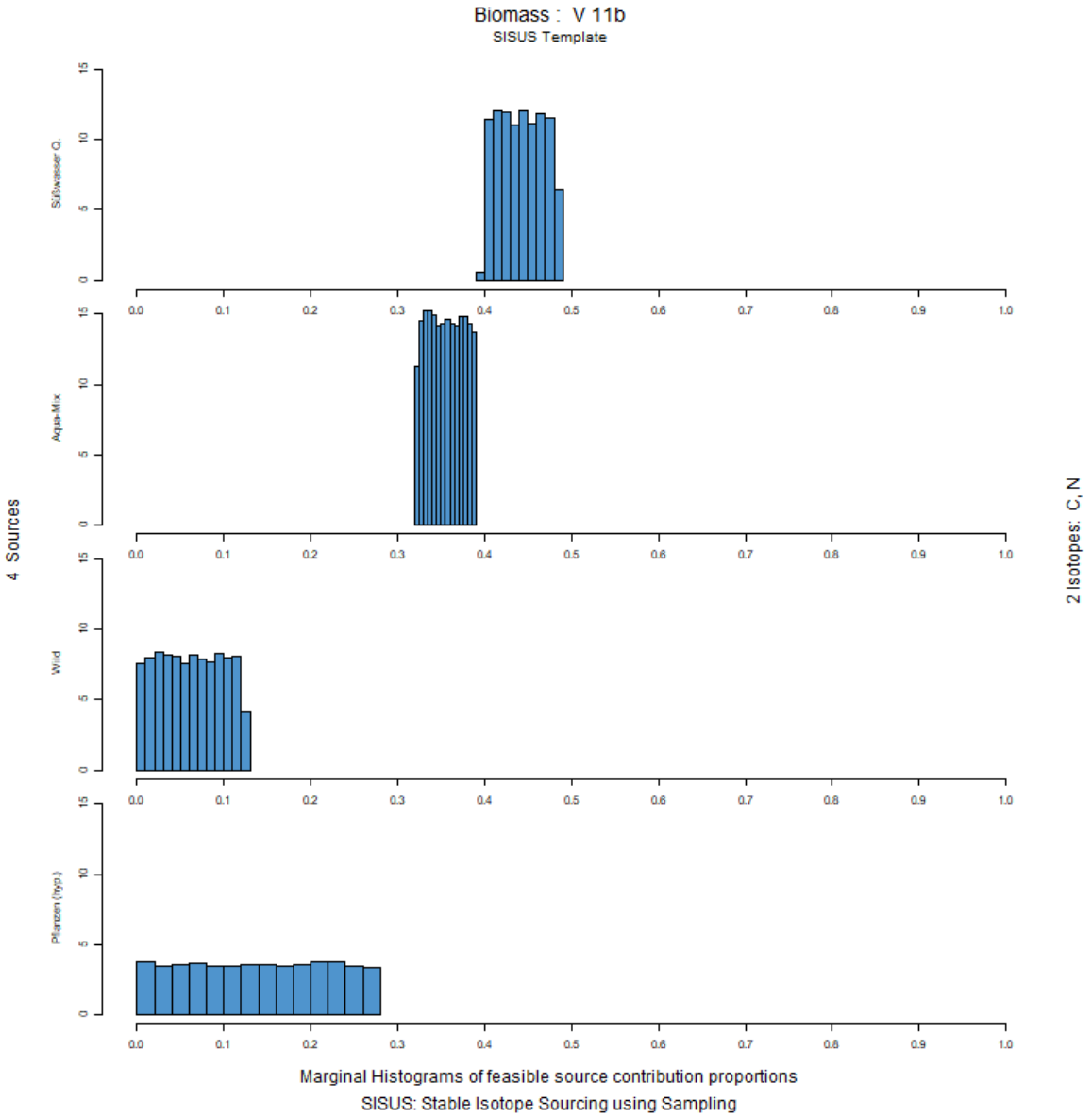


Abbildung 632: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 11b. Erstellt mit SISUS.

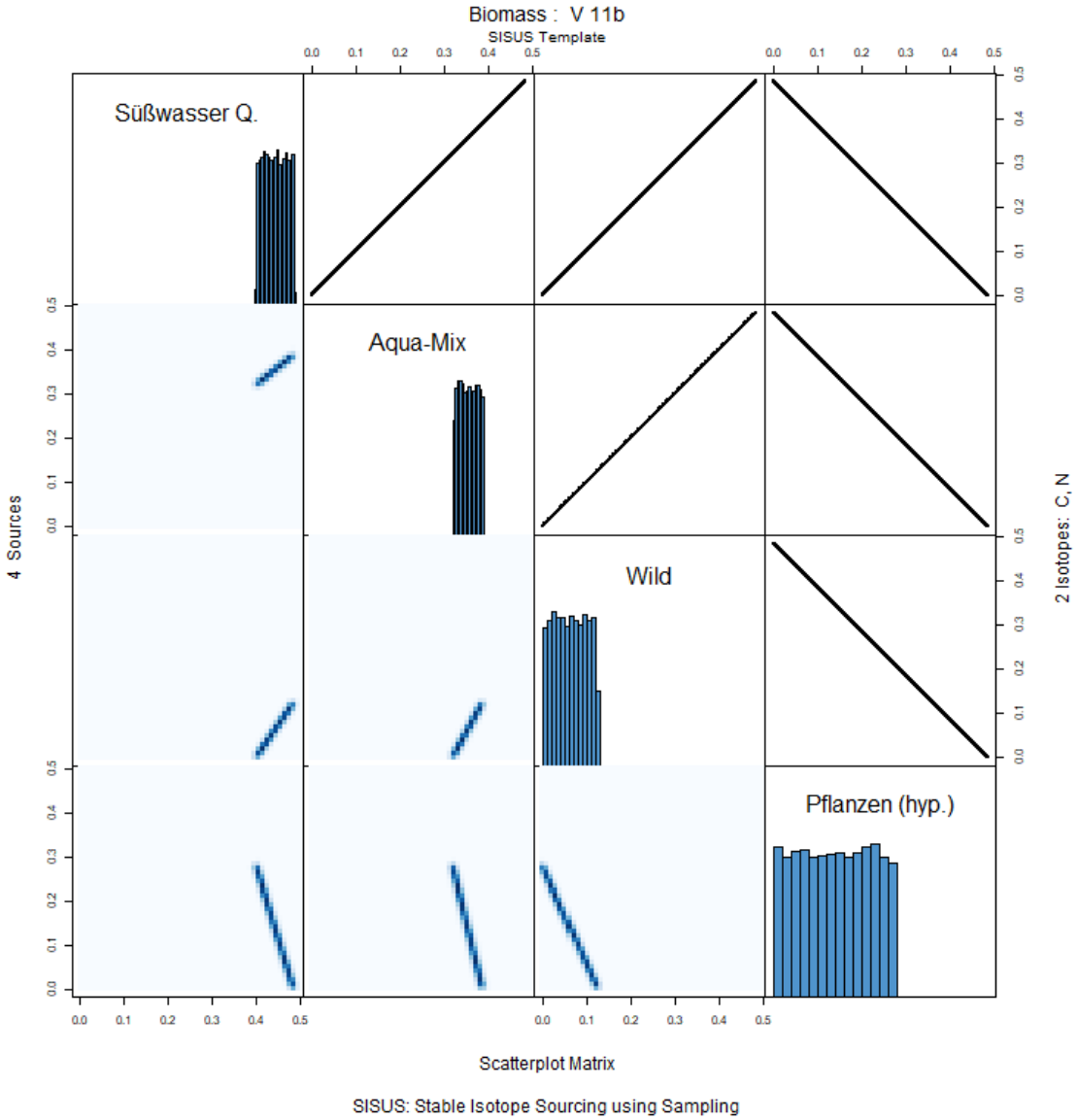


Abbildung 633: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 11b. Erstellt mit SISUS.

V23

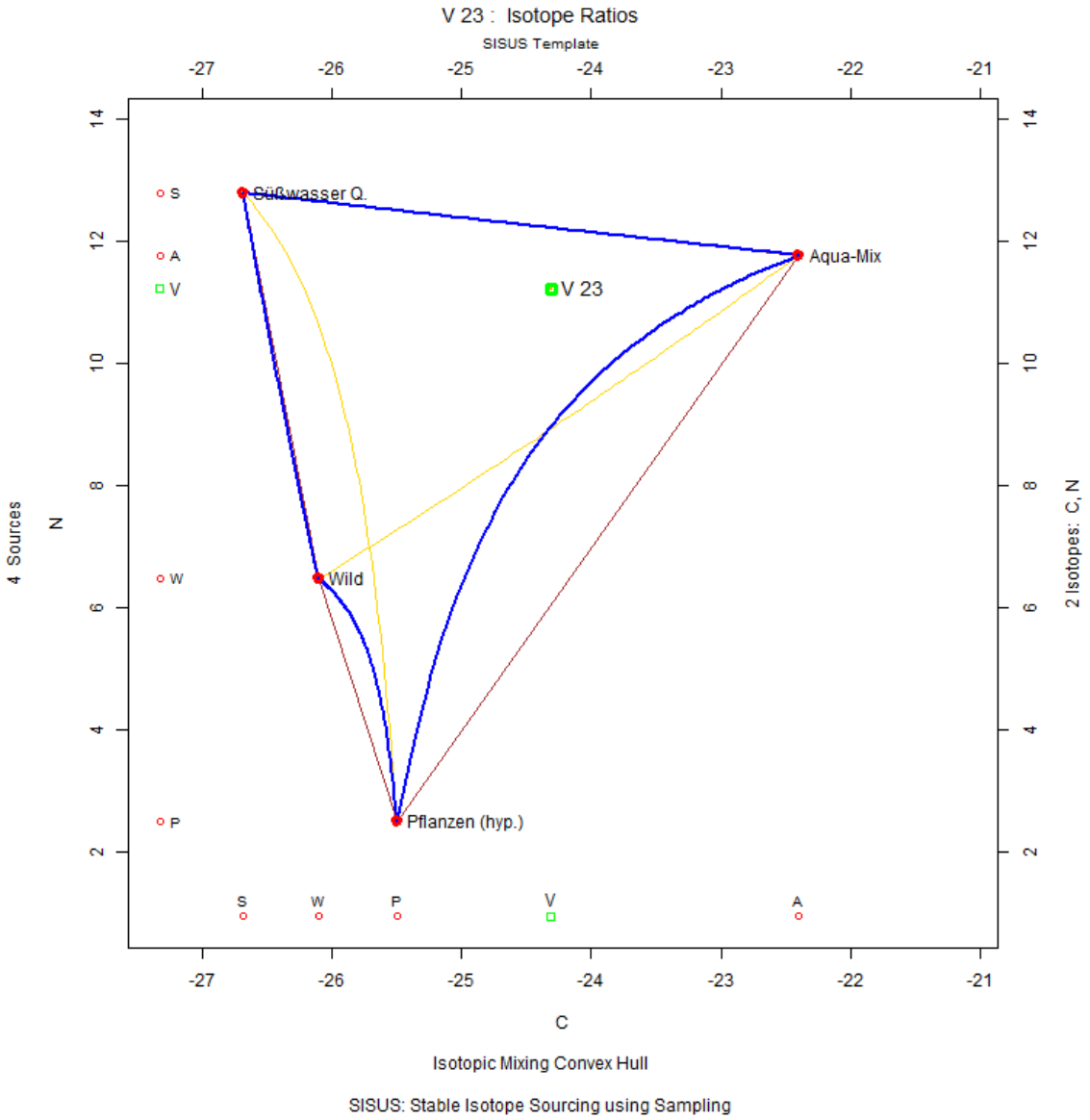


Abbildung 634: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 23. Erstellt mit SISUS.

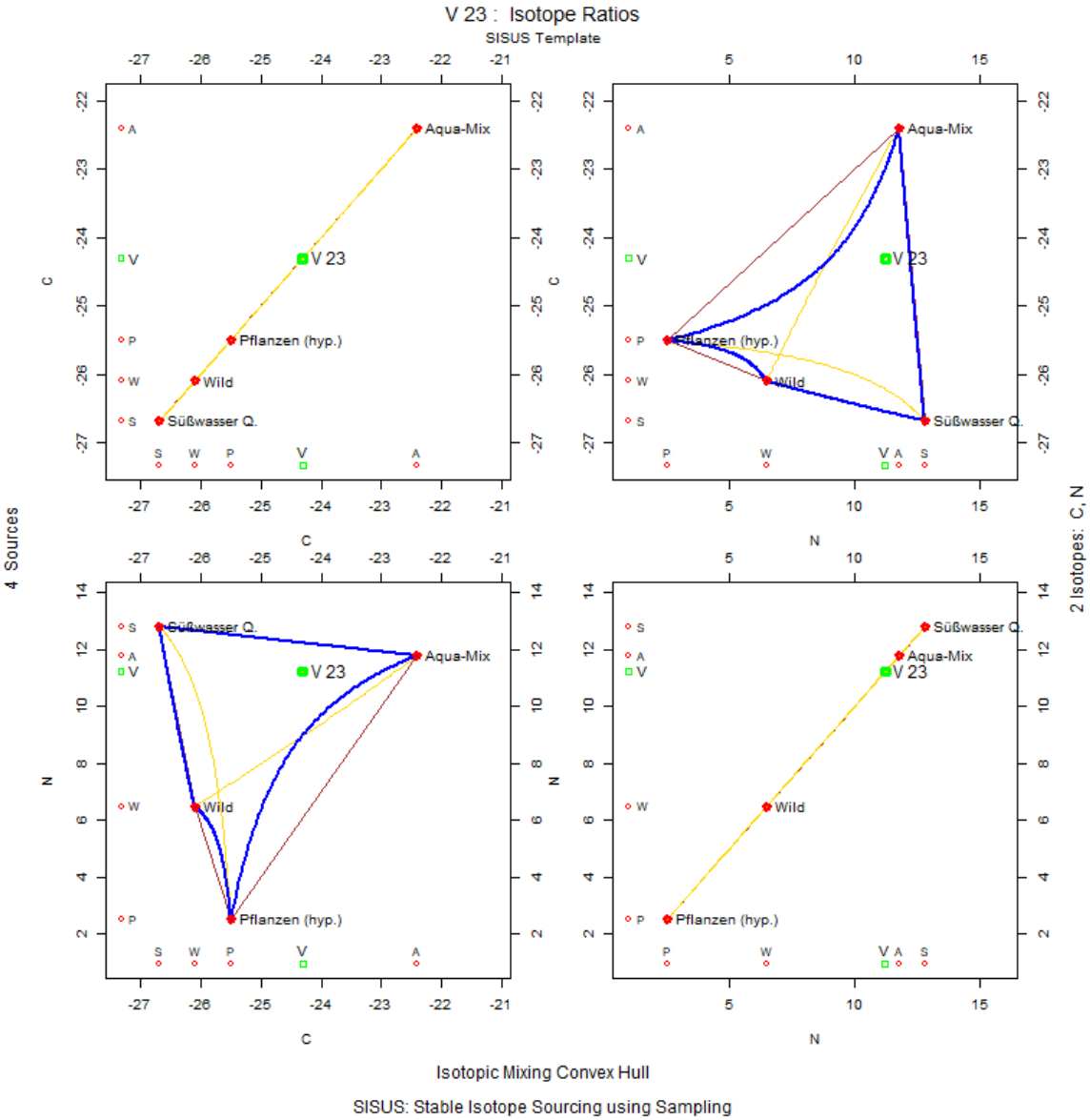


Abbildung 635: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 23 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

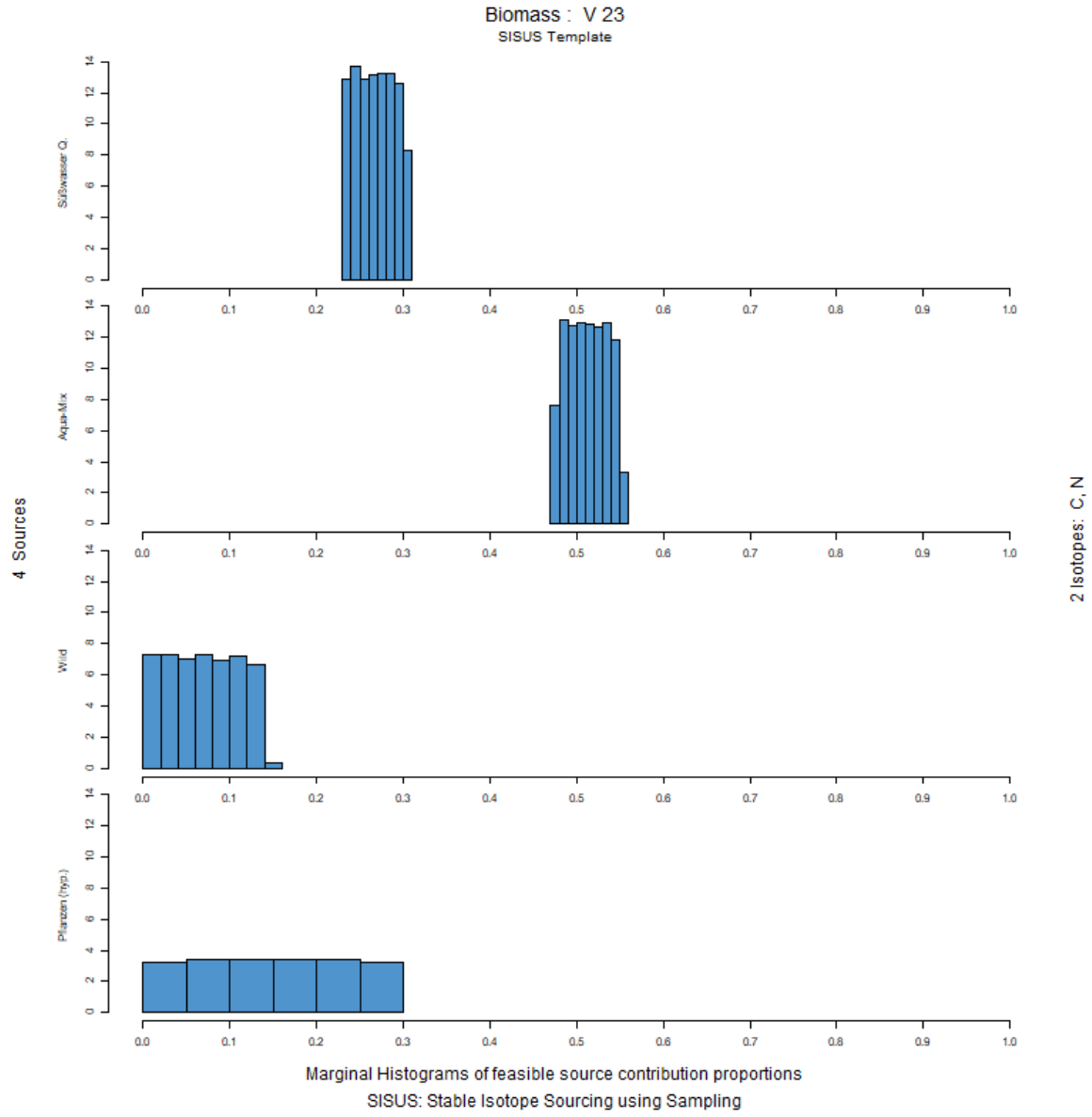


Abbildung 636: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 23. Erstellt mit SISUS.

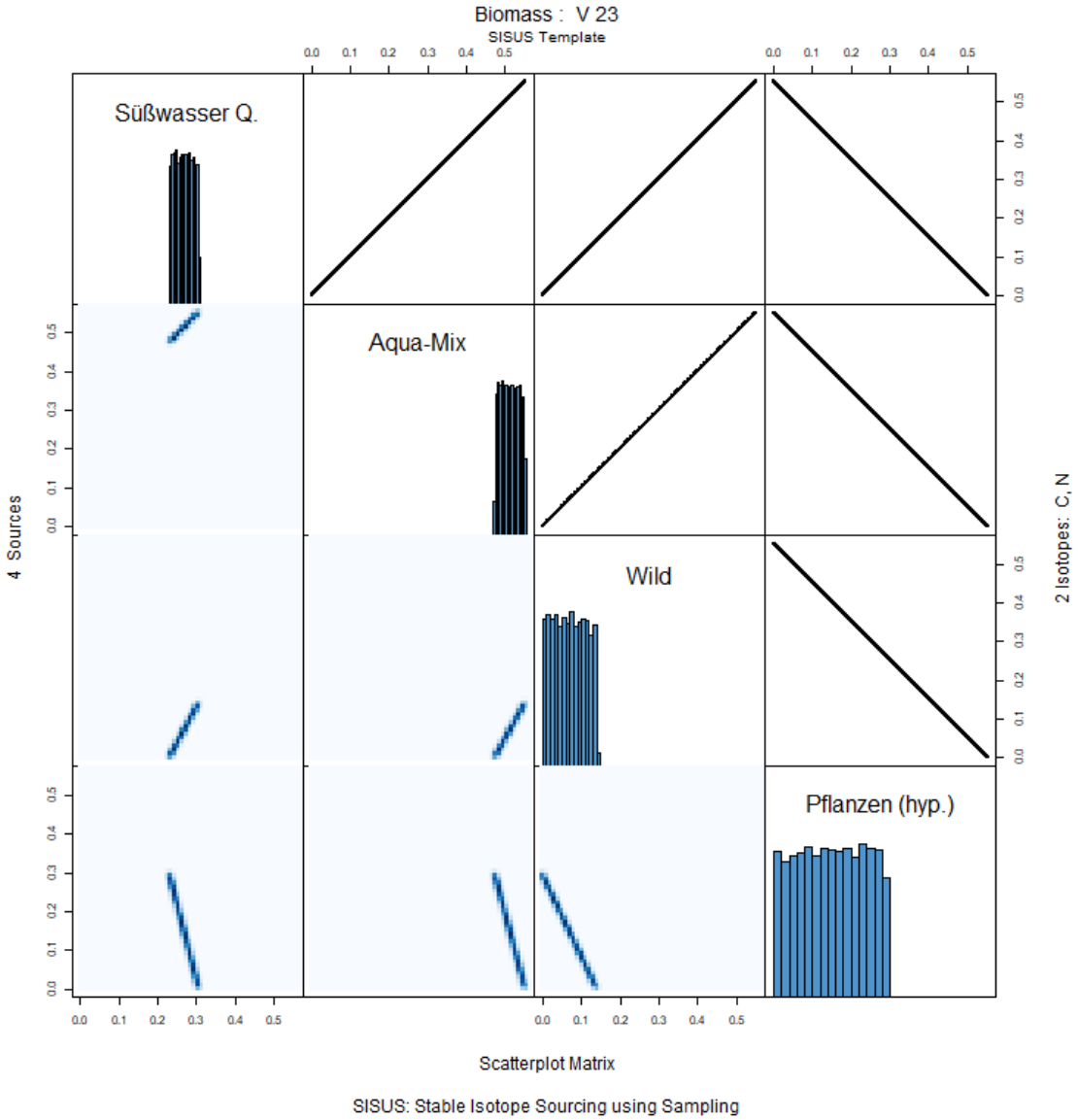


Abbildung 637: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 23. Erstellt mit SISUS.

V27

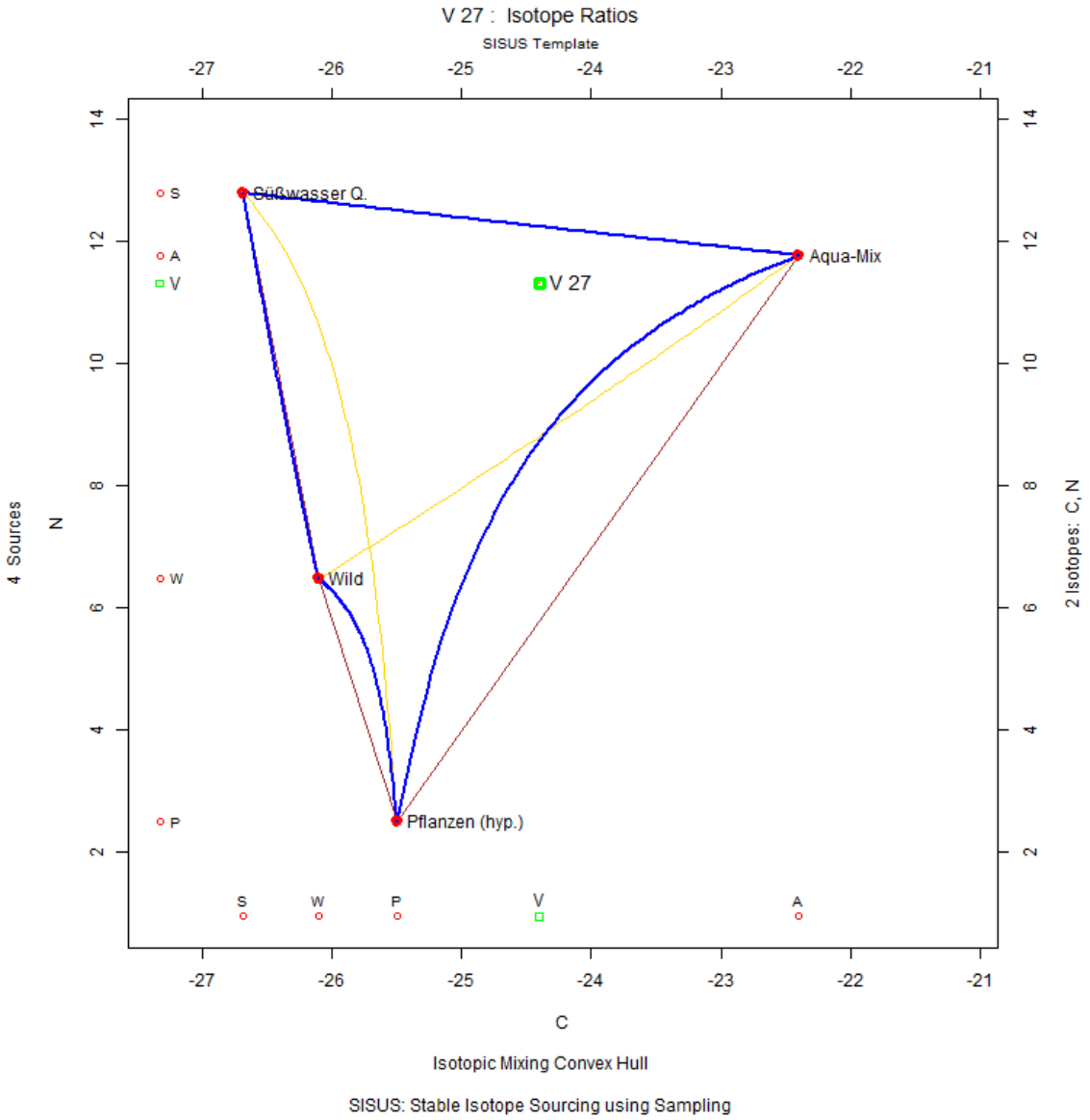


Abbildung 638: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 27. Erstellt mit SISUS.

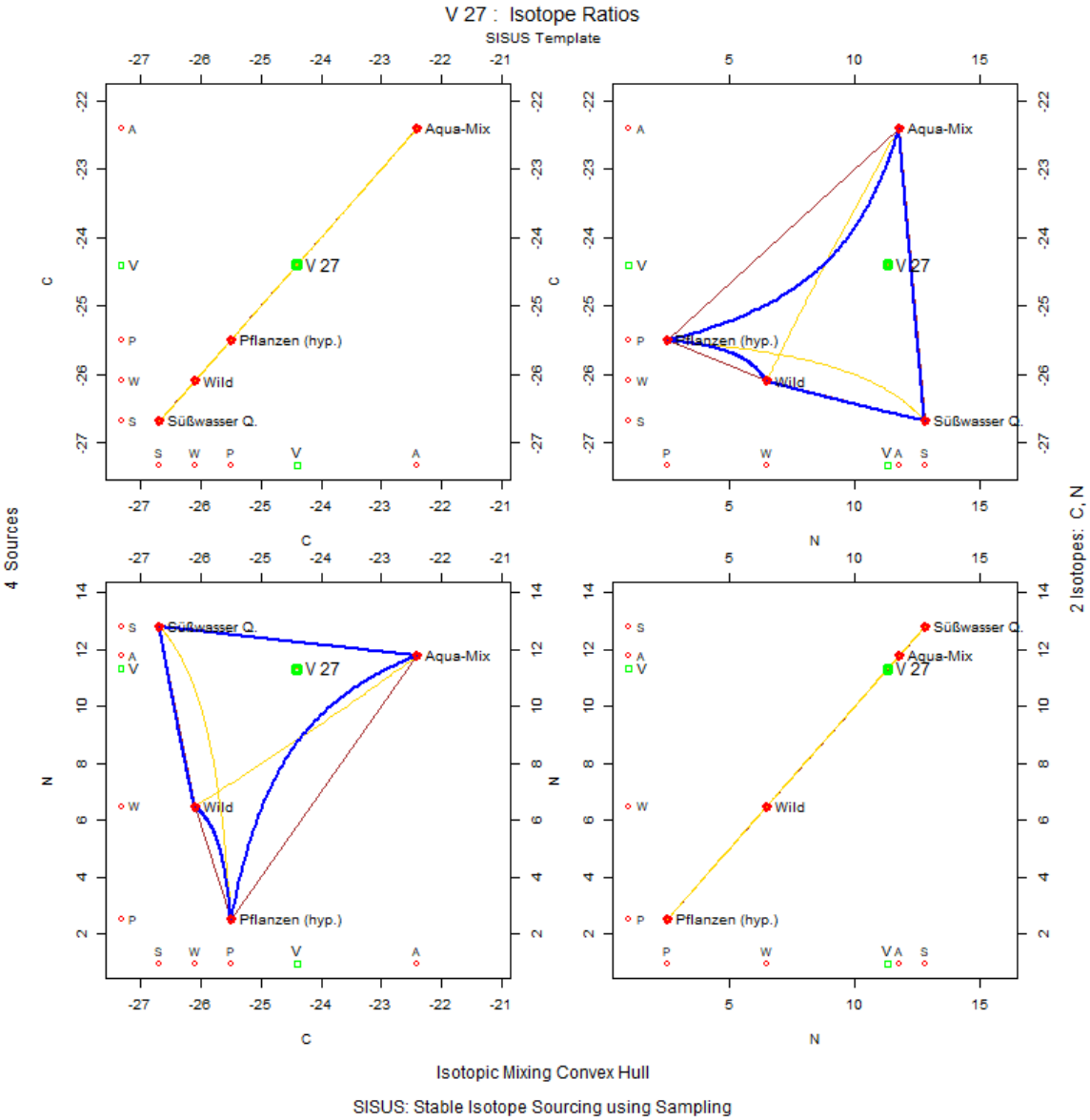


Abbildung 639: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 27 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

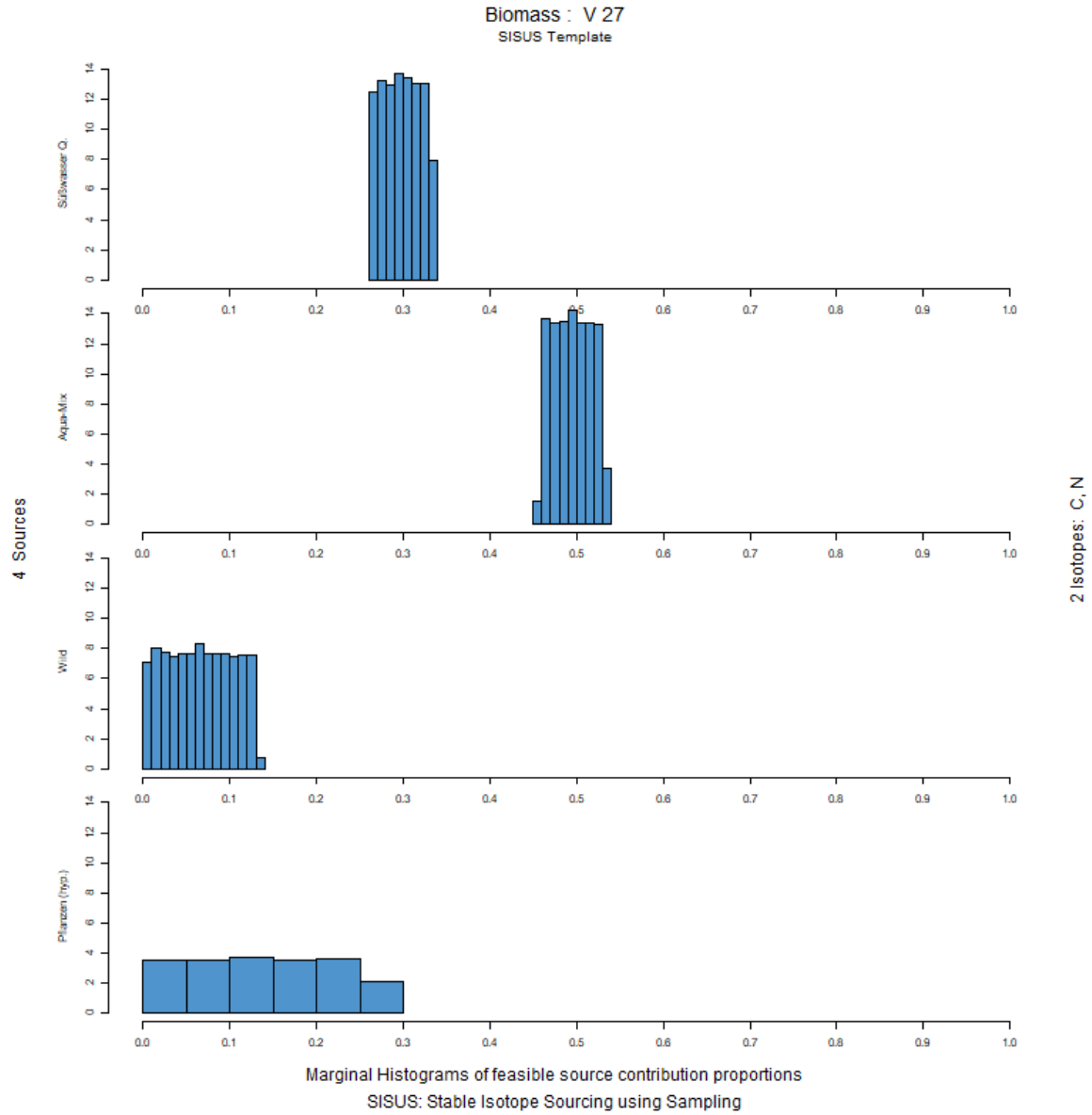


Abbildung 640: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 27. Erstellt mit SISUS.

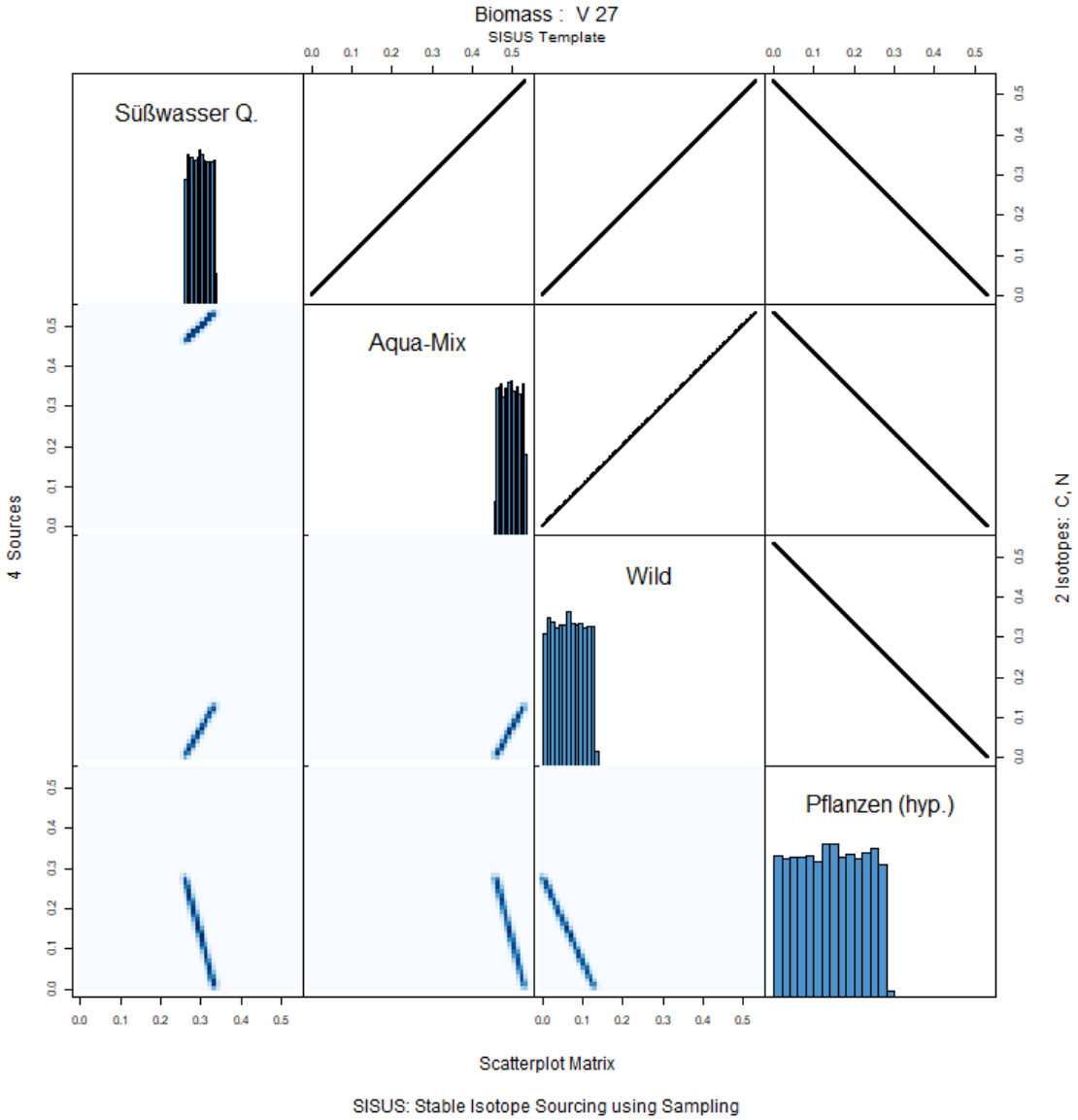


Abbildung 641: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 27. Erstellt mit SISUS.

V44

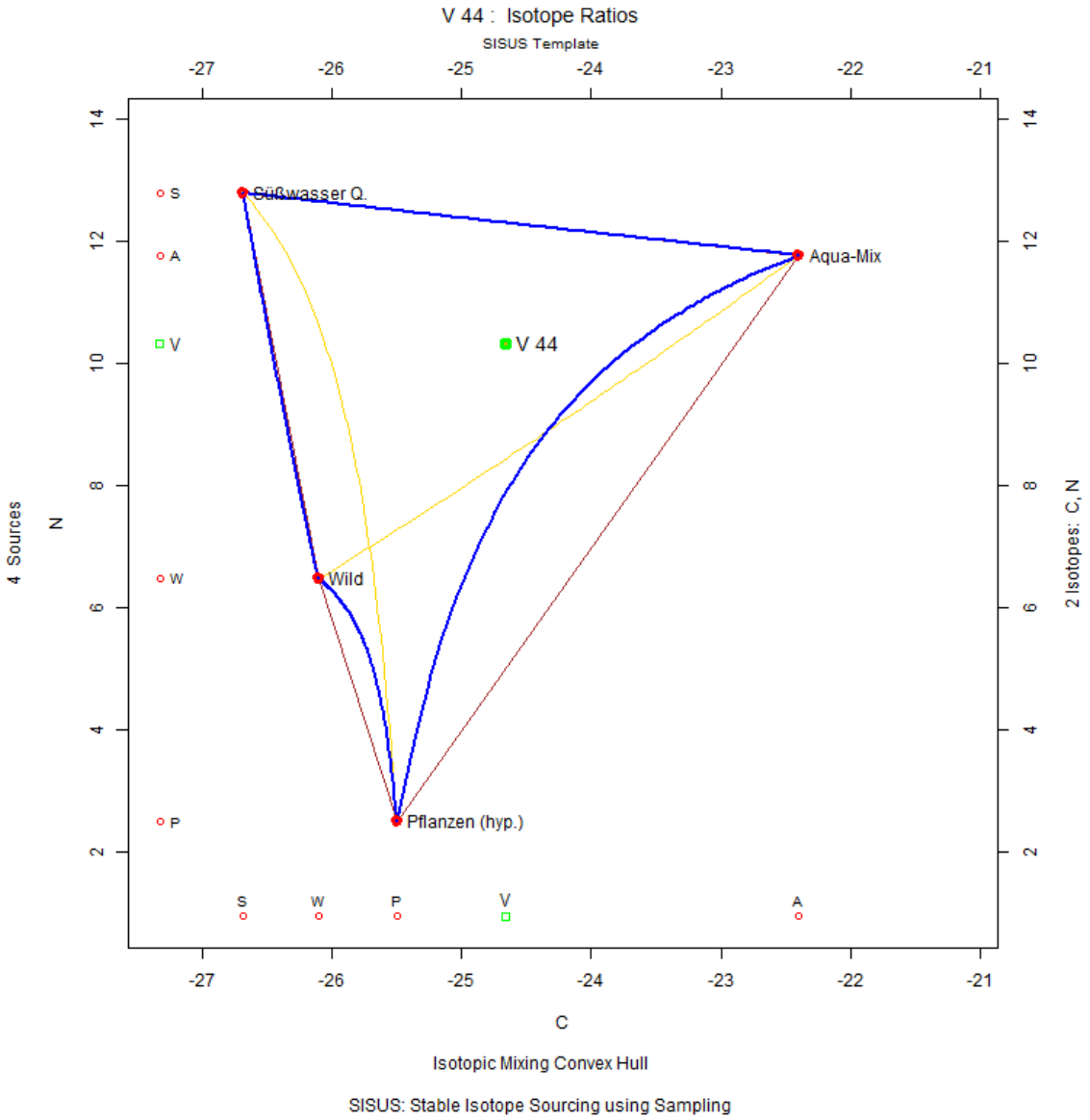


Abbildung 642: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 44. Erstellt mit SISUS.

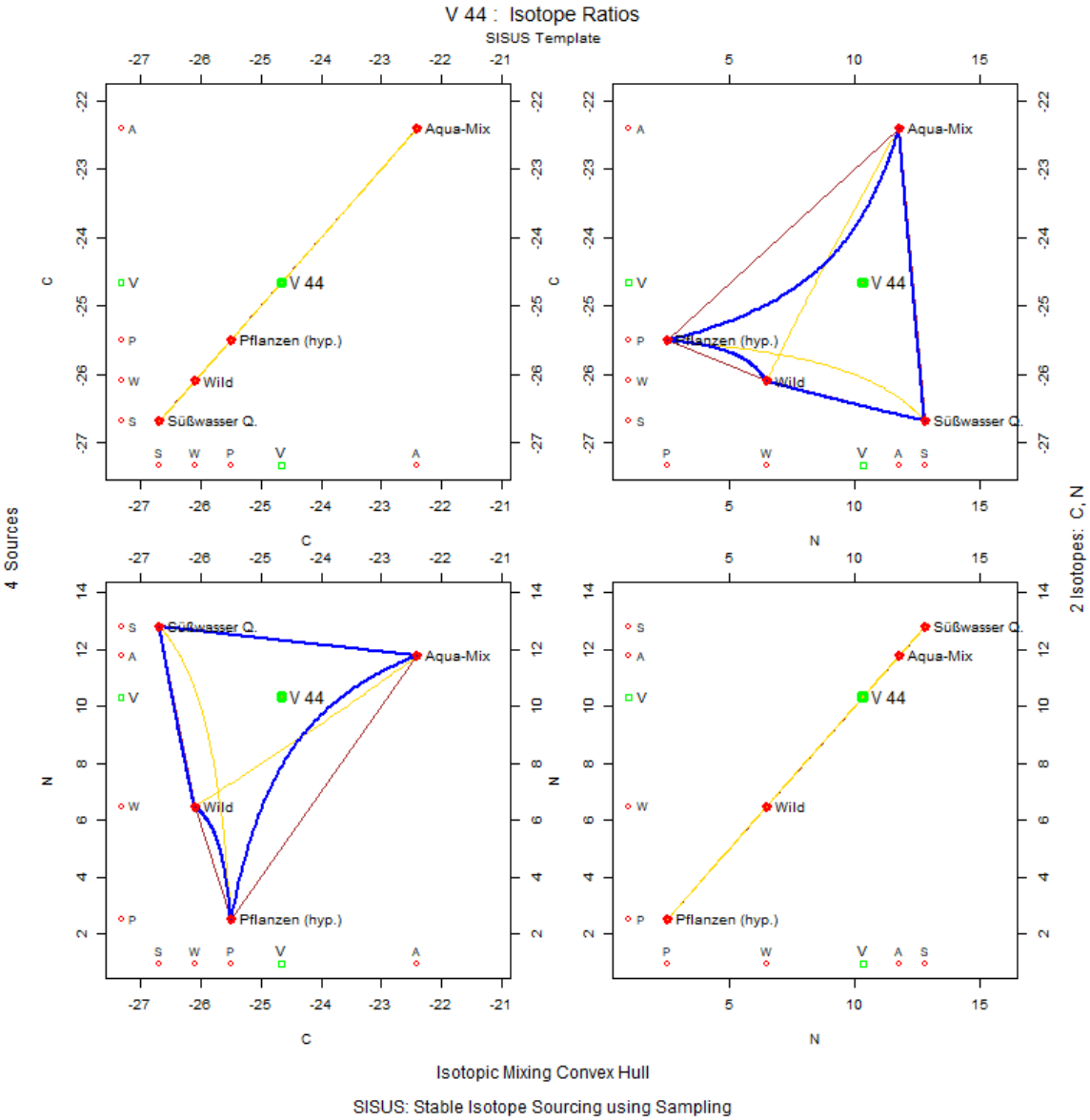


Abbildung 643: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 44 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

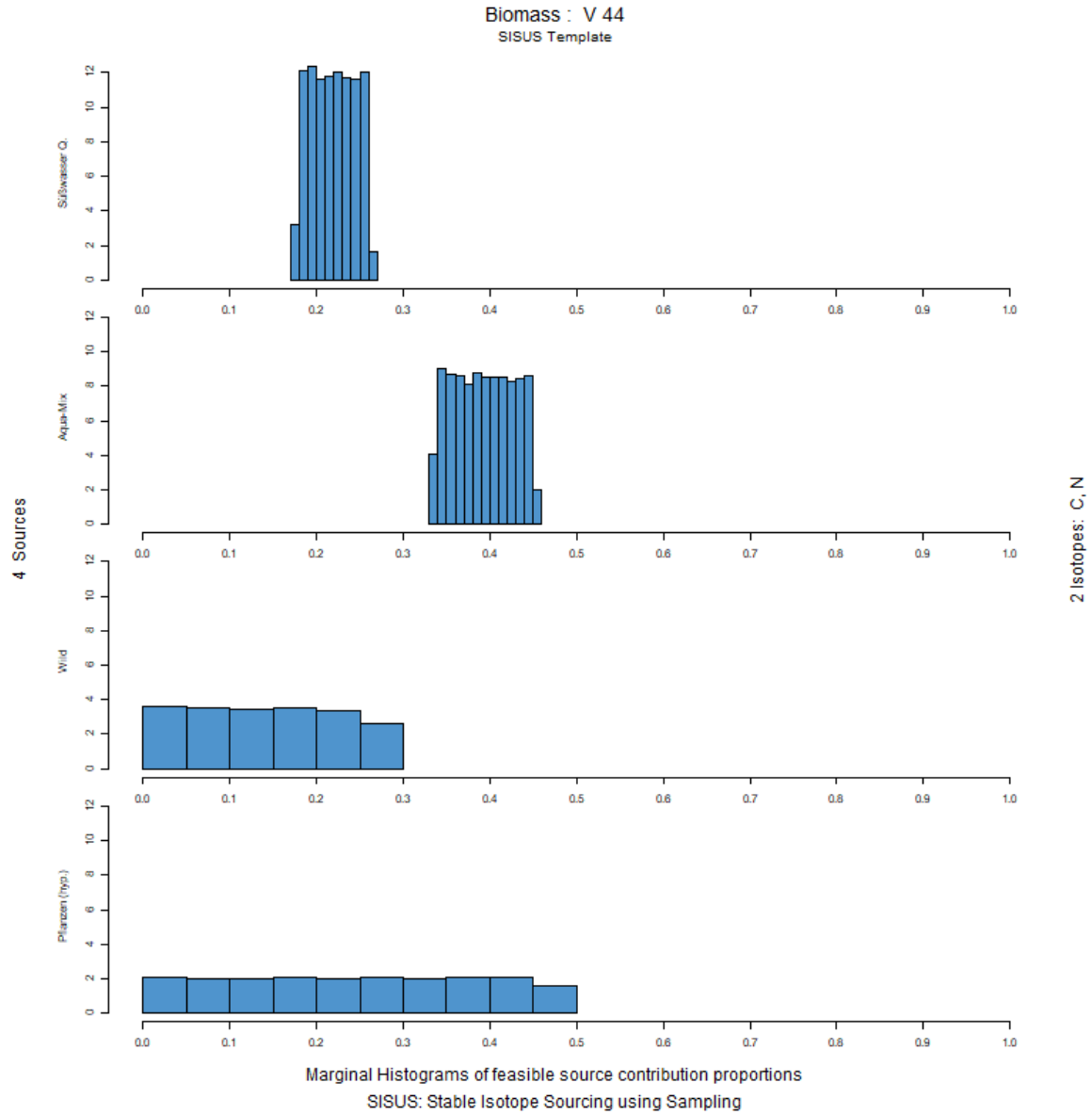


Abbildung 644: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 44. Erstellt mit SISUS.

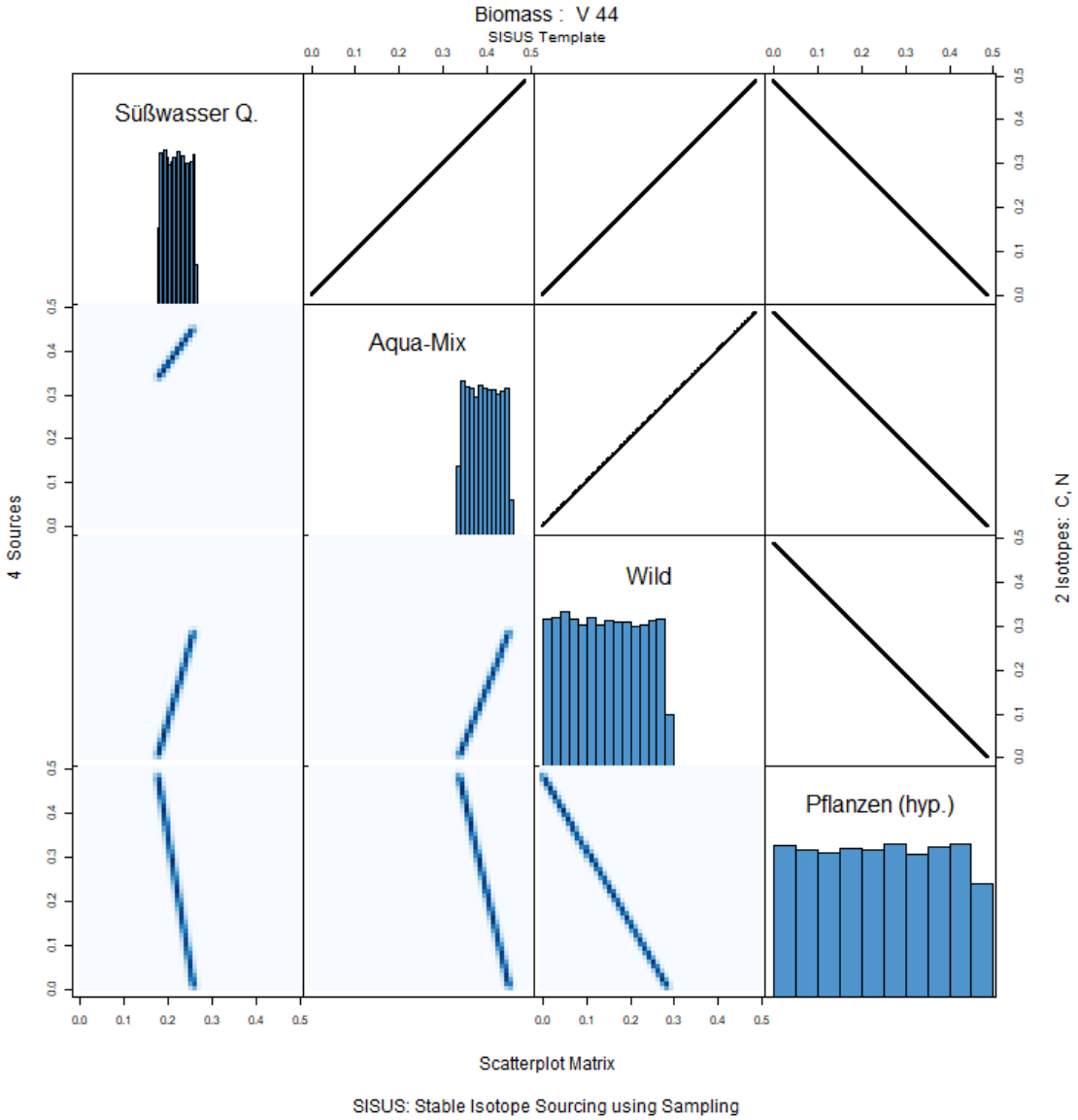


Abbildung 645: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 44. Erstellt mit SISUS.

V 80

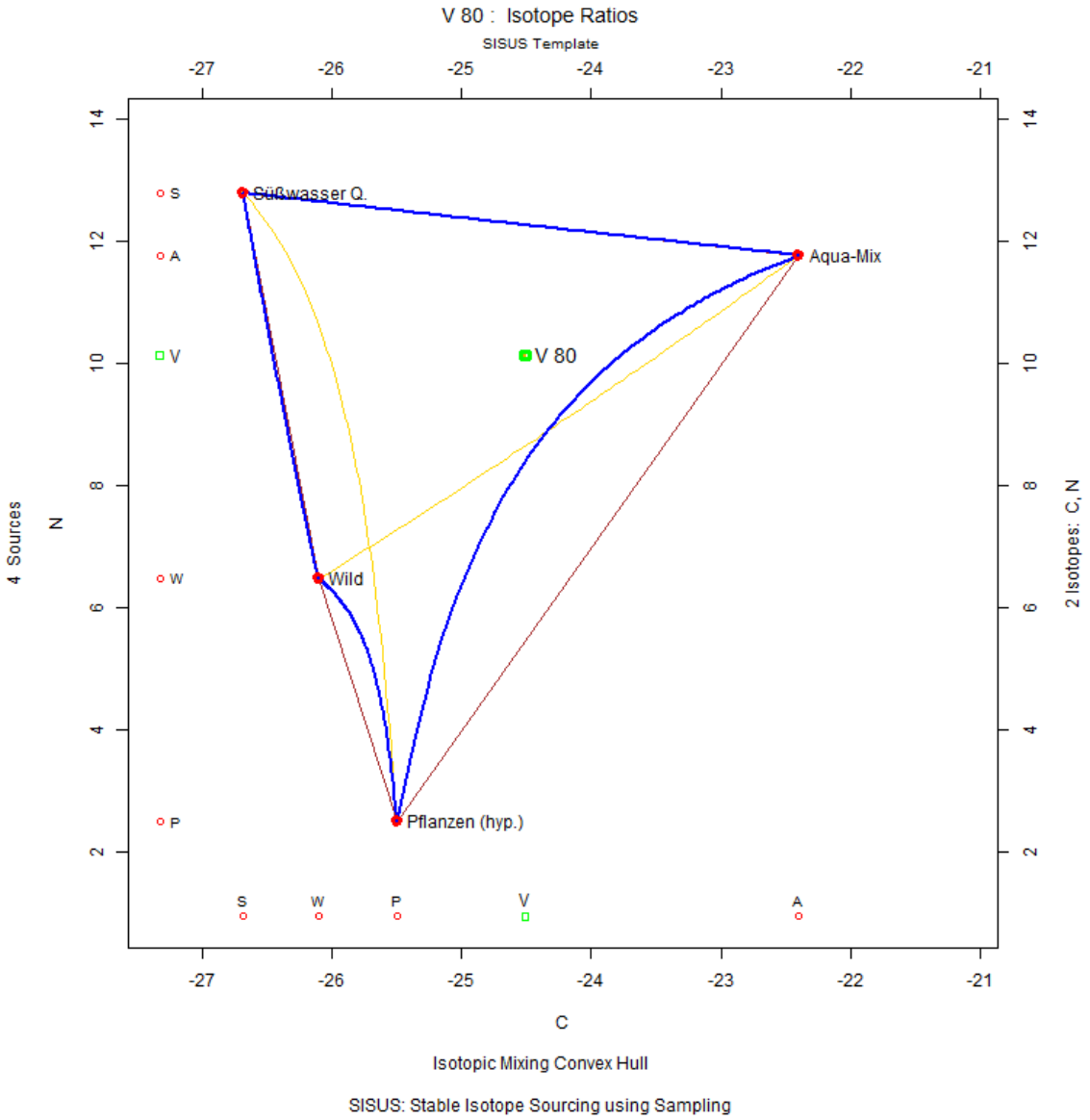


Abbildung 646: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80. Erstellt mit SISUS.

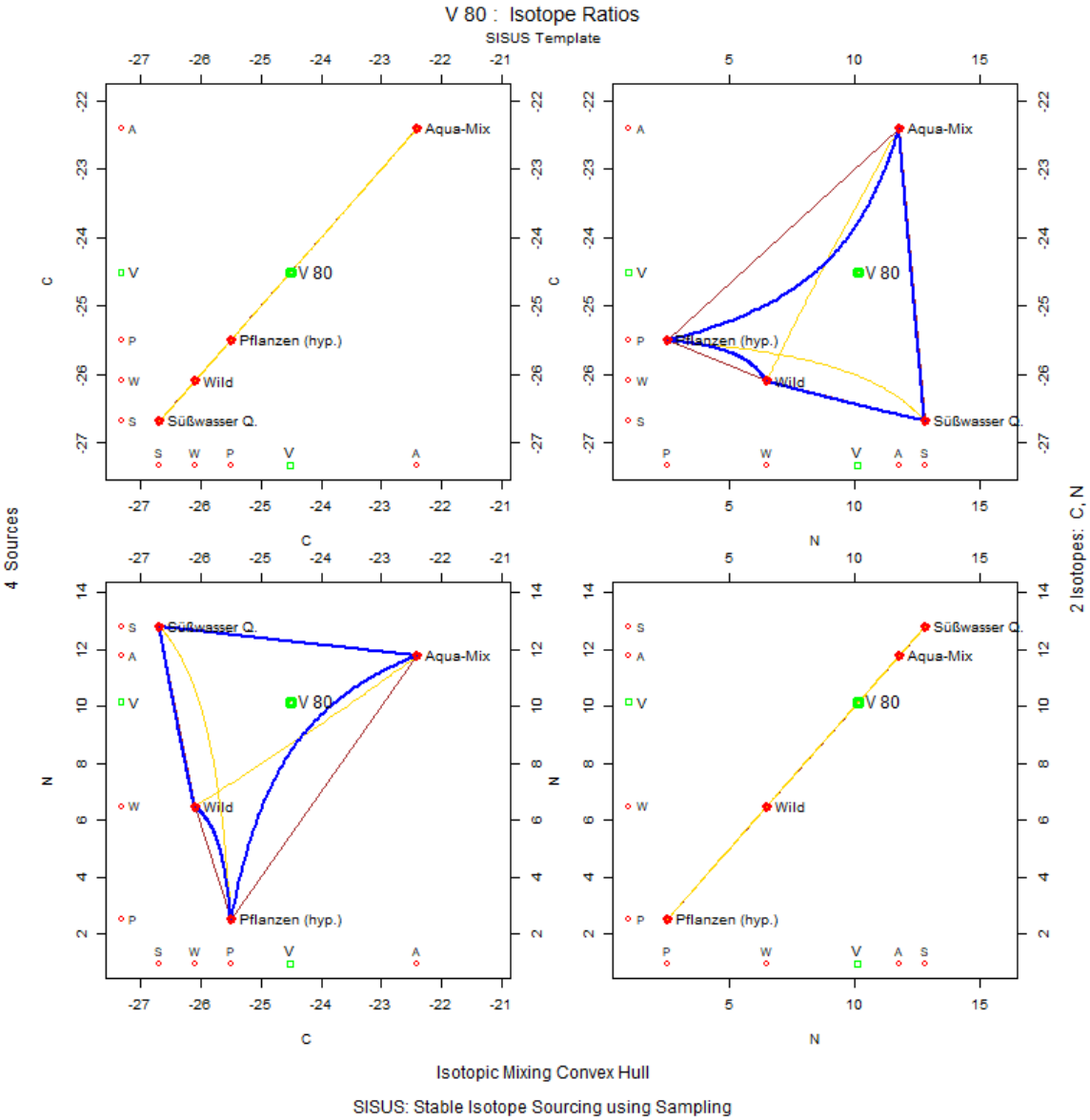


Abbildung 647: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 80 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

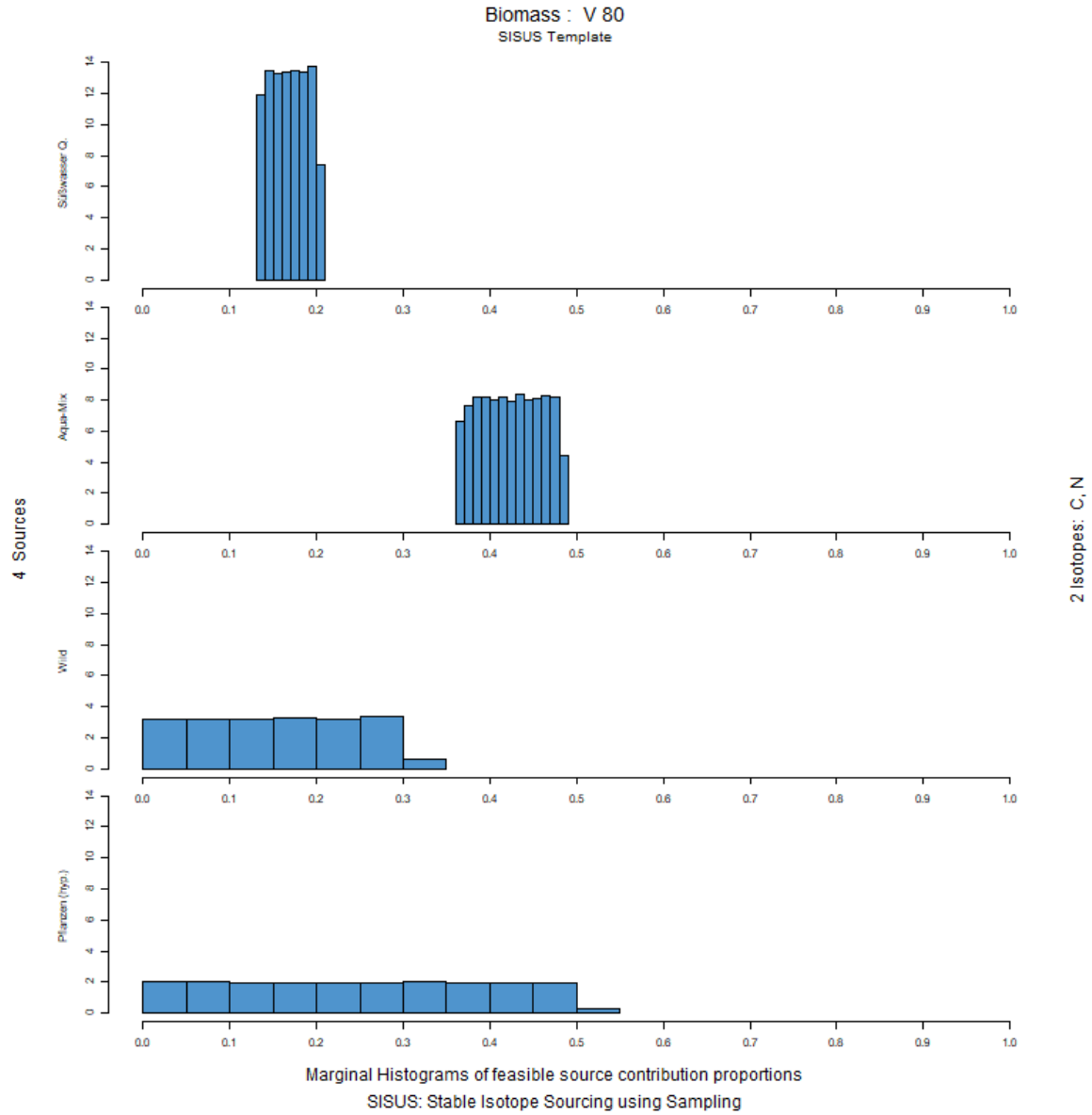


Abbildung 648: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 80. Erstellt mit SISUS.

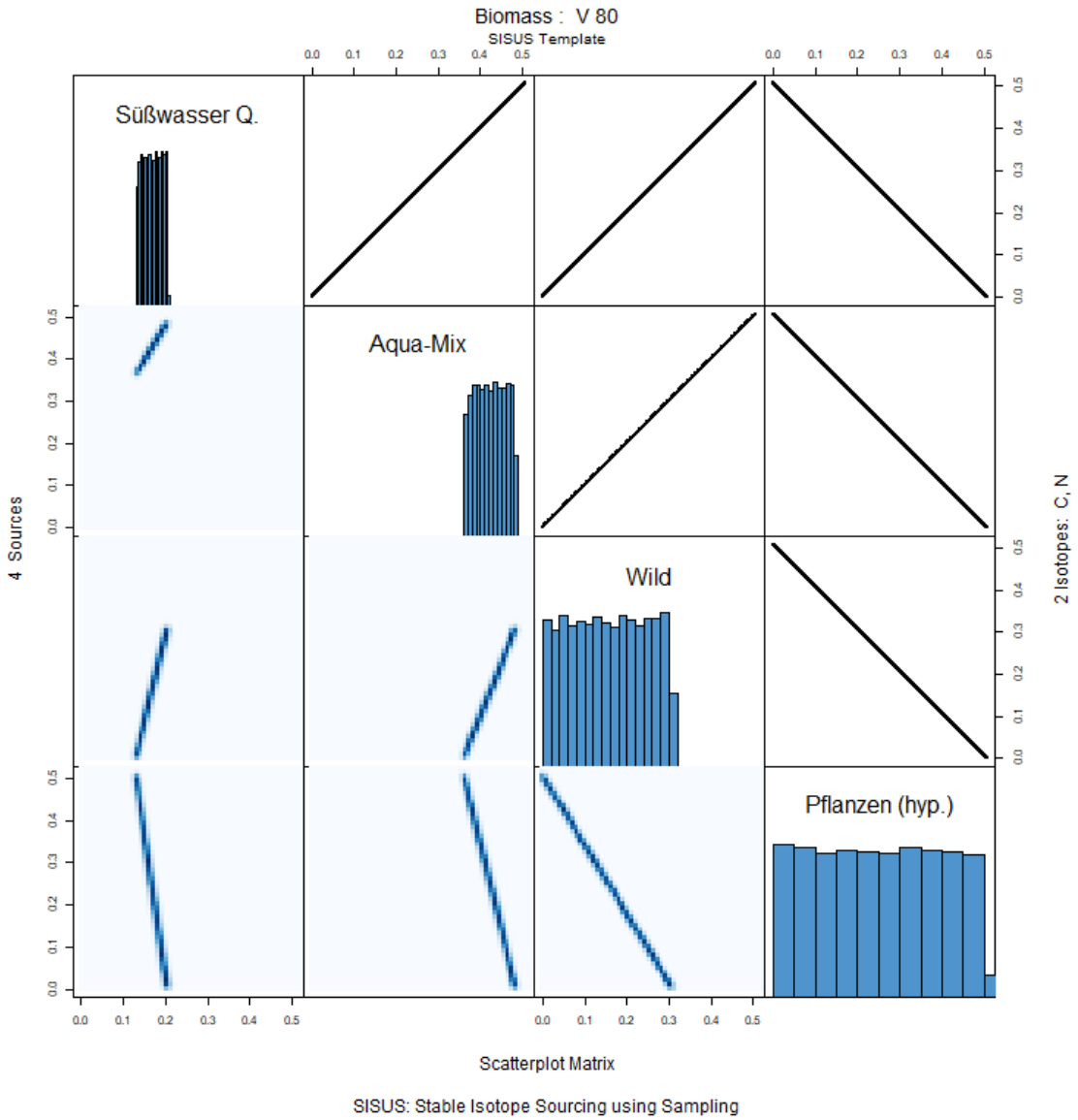


Abbildung 649: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 80. Erstellt mit SISUS.

V80a

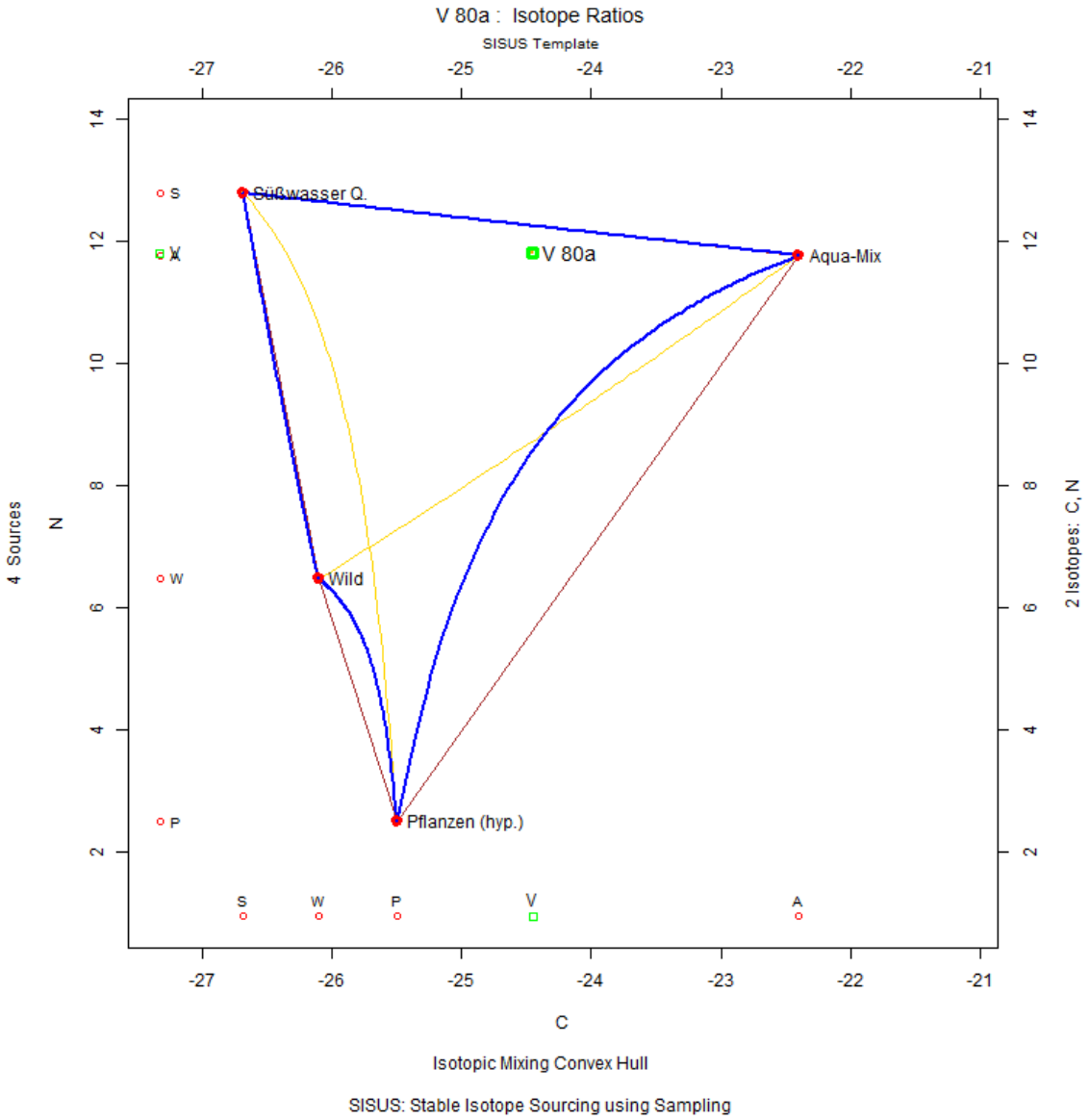


Abbildung 650: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 80a. Erstellt mit SISUS.

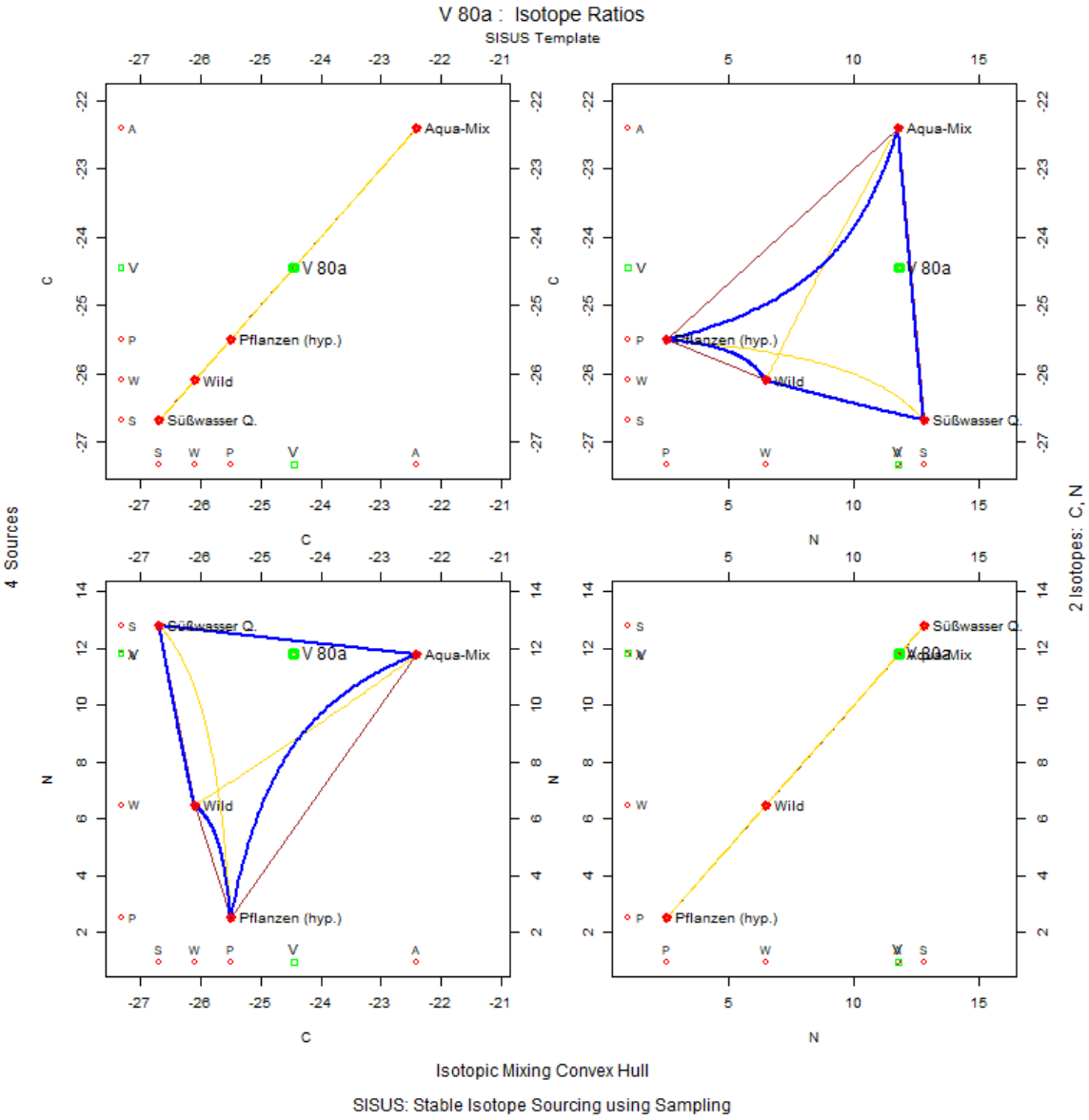


Abbildung 651: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 80a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

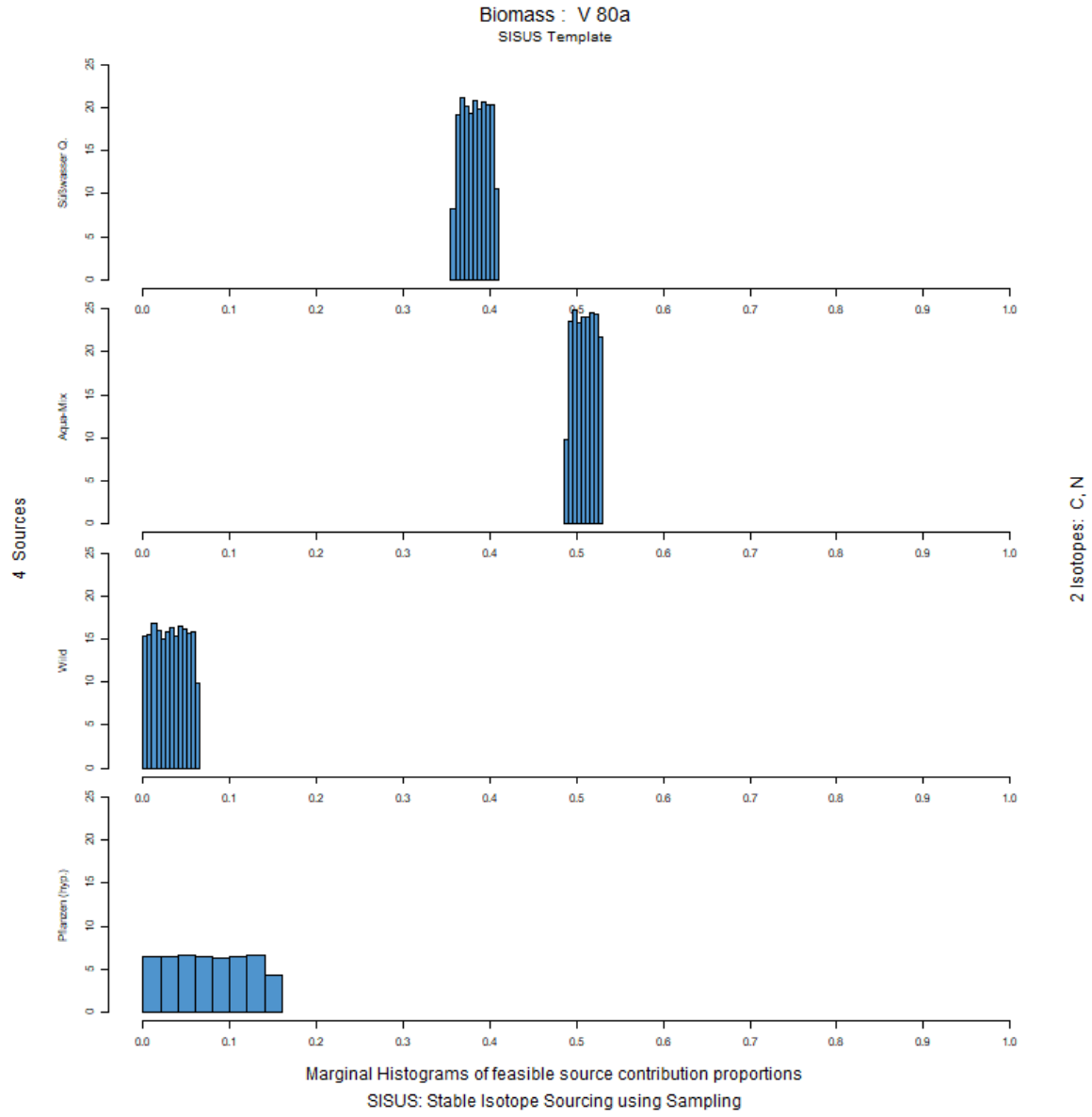


Abbildung 652: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 80a. Erstellt mit SISUS.

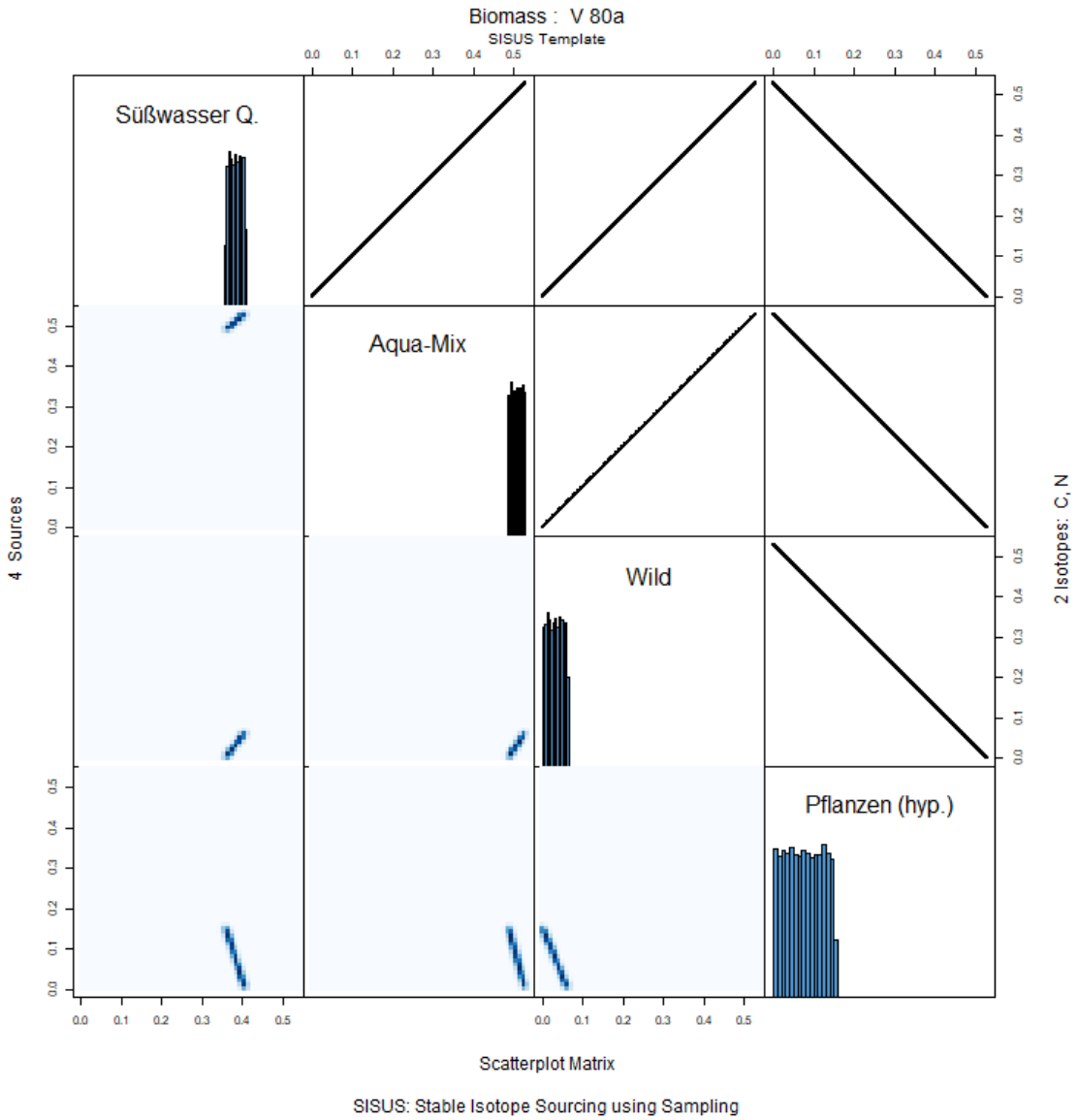


Abbildung 653: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 80a. Erstellt mit SISUS.

8.5.3 Datierung: nicht datierbar/nicht datiert

V4b

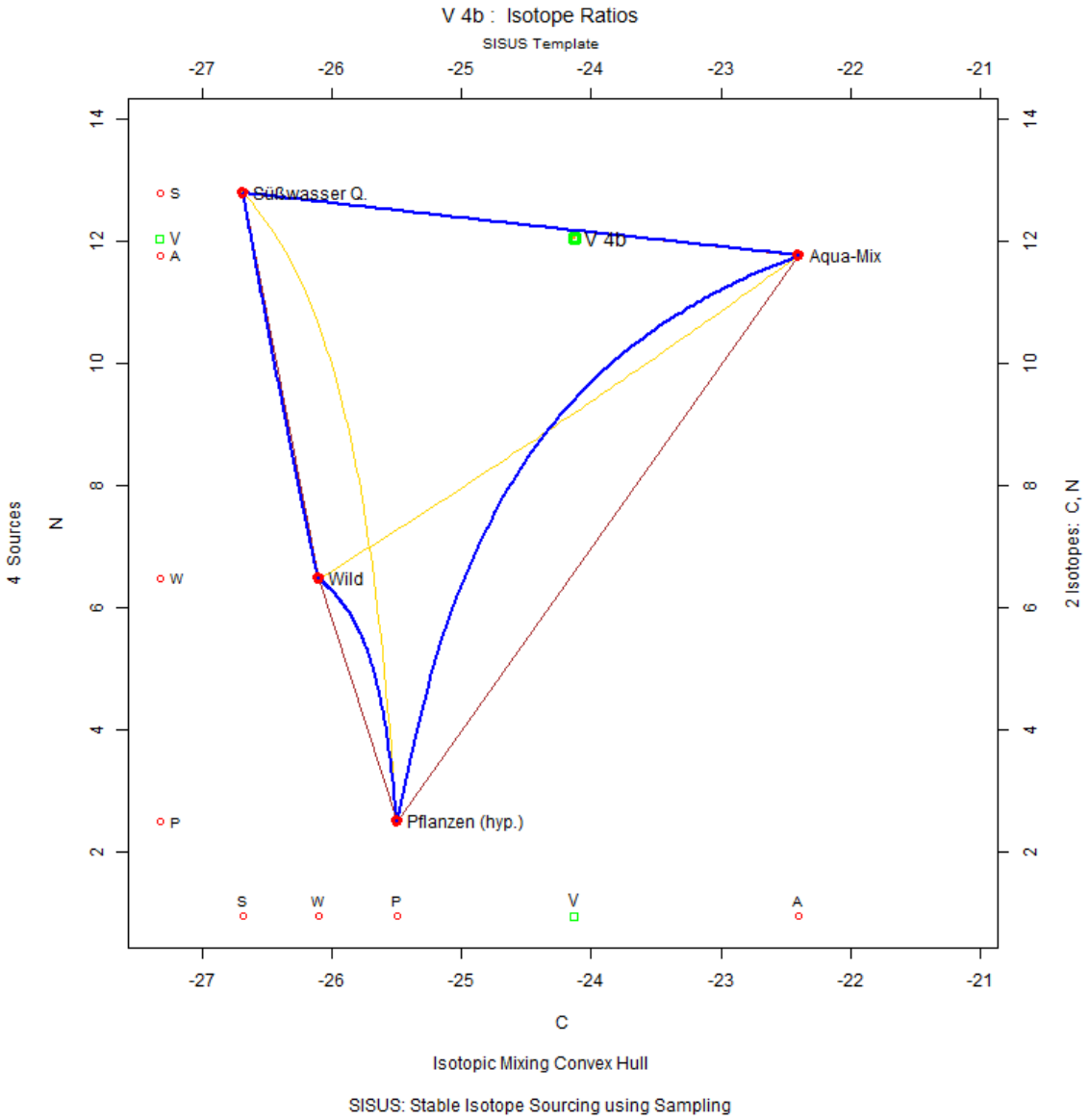


Abbildung 654: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 4b. Erstellt mit SISUS.

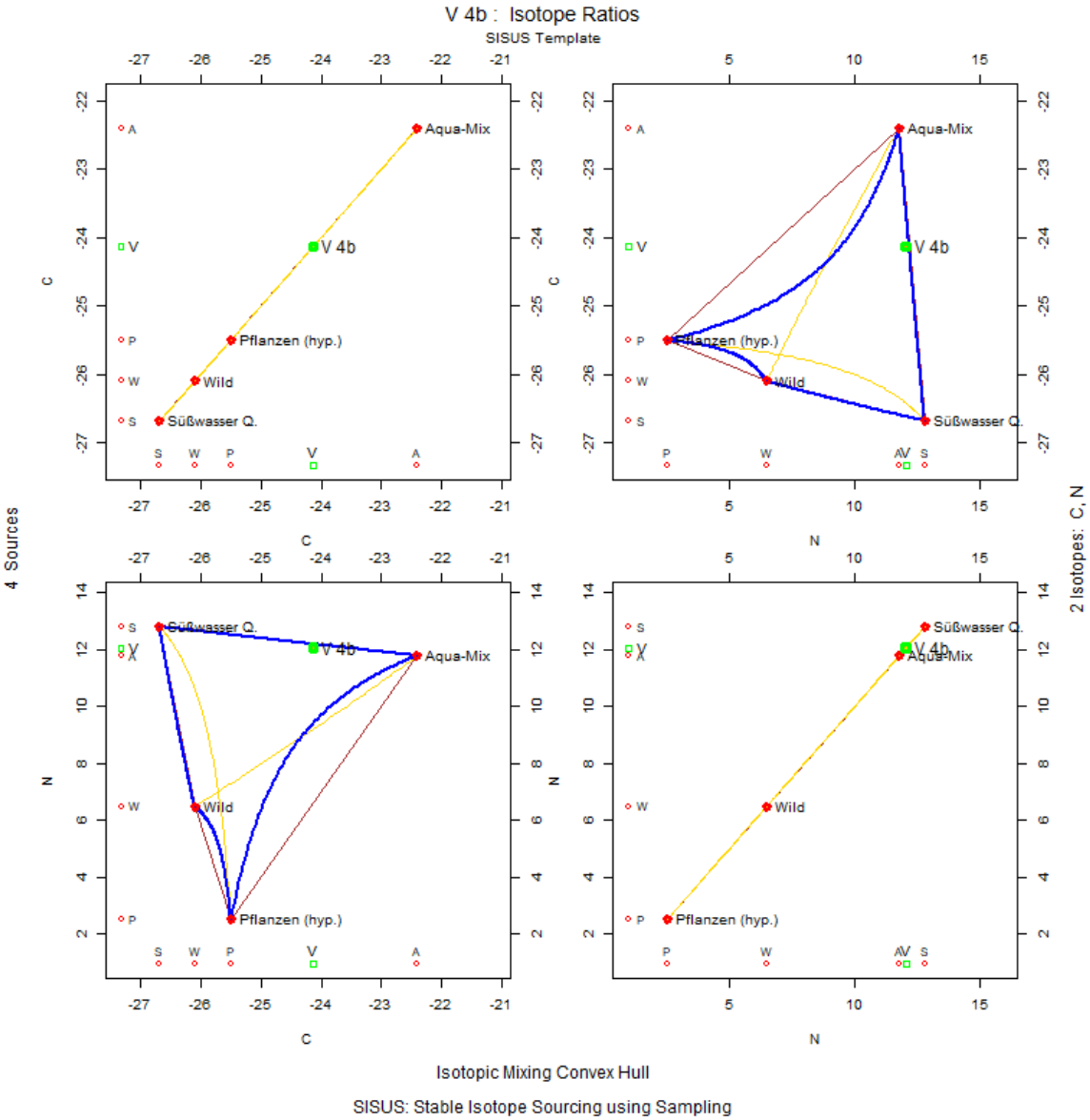


Abbildung 655: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 4b in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

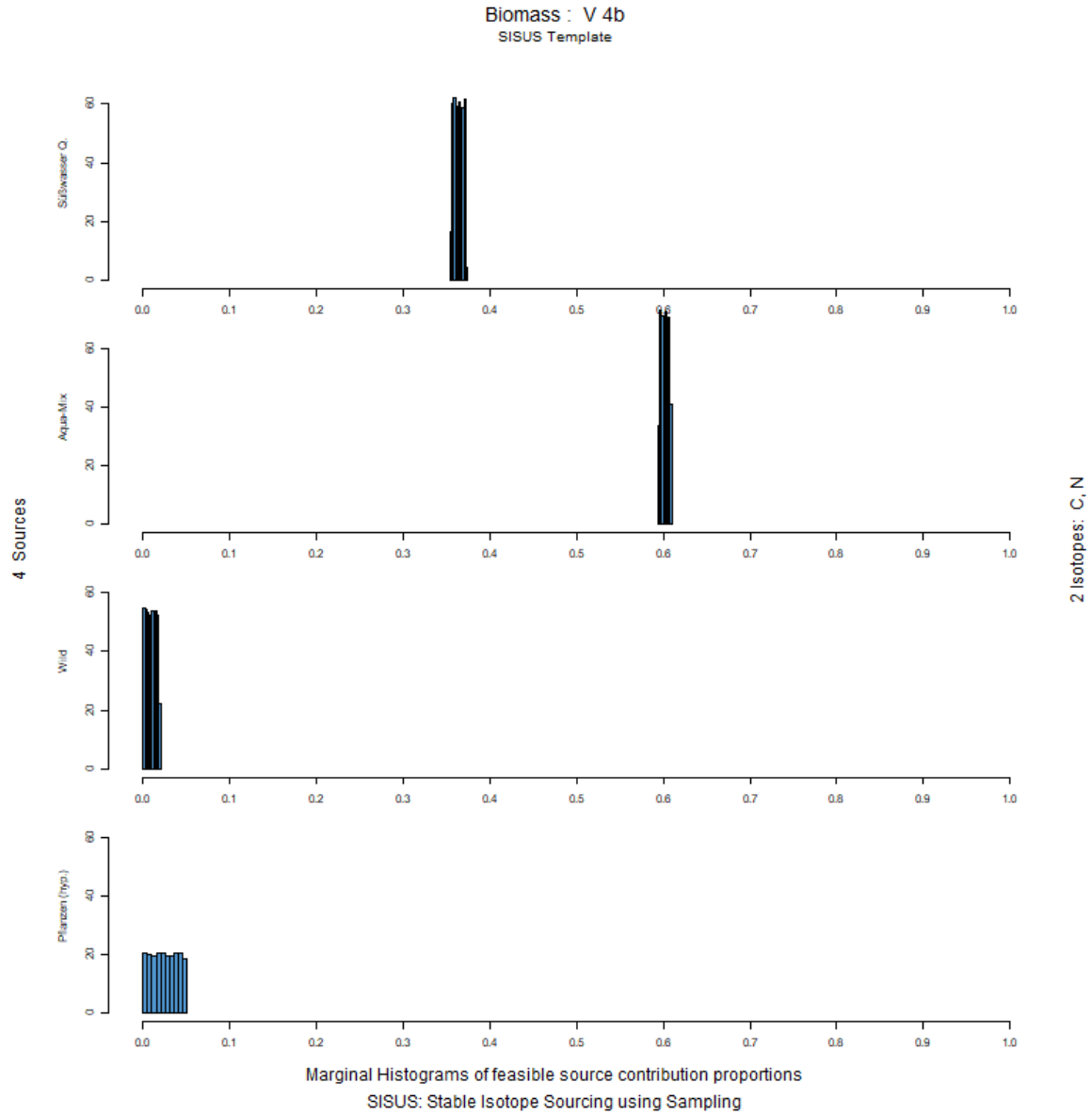


Abbildung 656: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 4b. Erstellt mit SISUS.

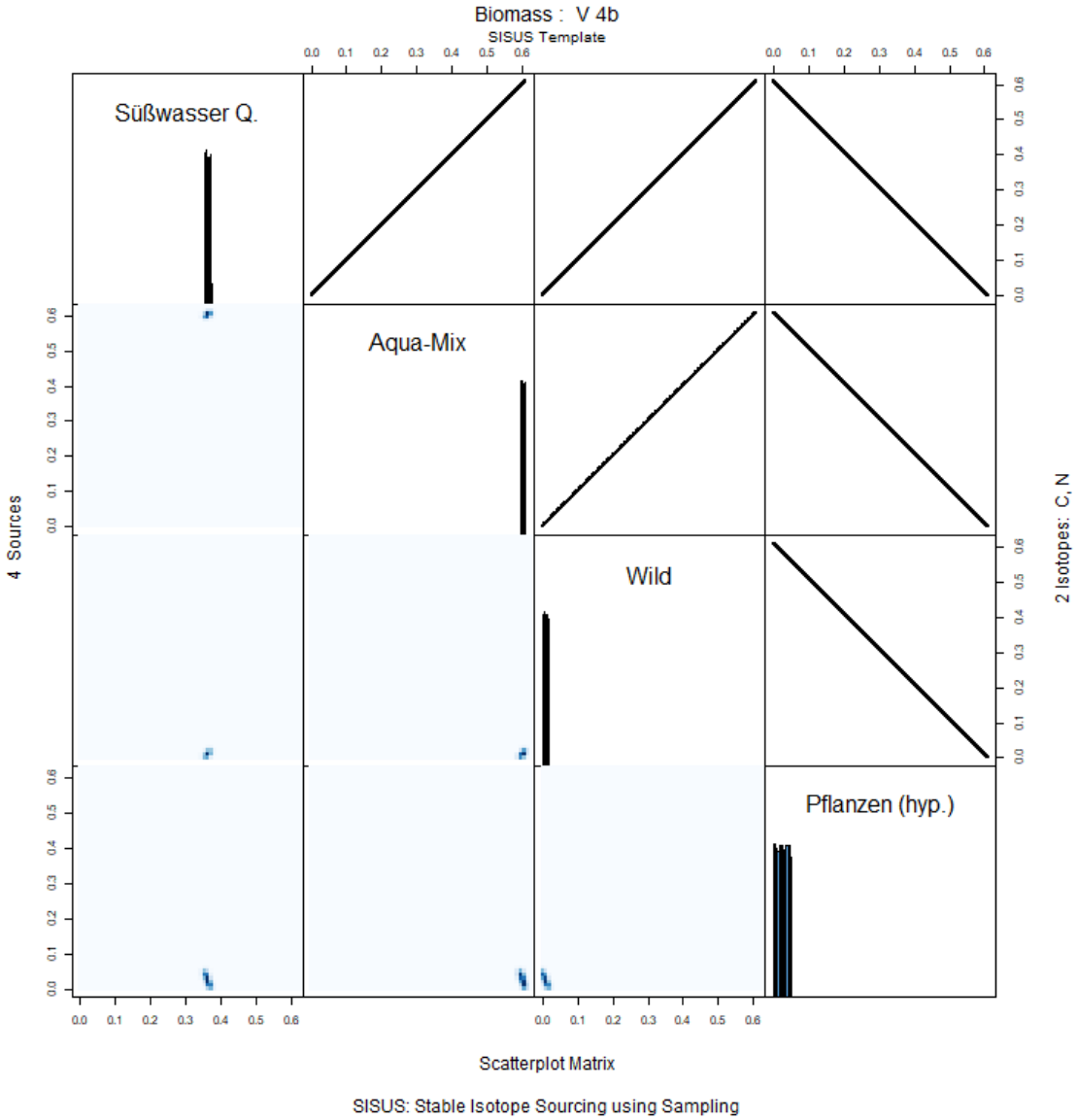


Abbildung 657: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 4b. Erstellt mit SISUS.

V16

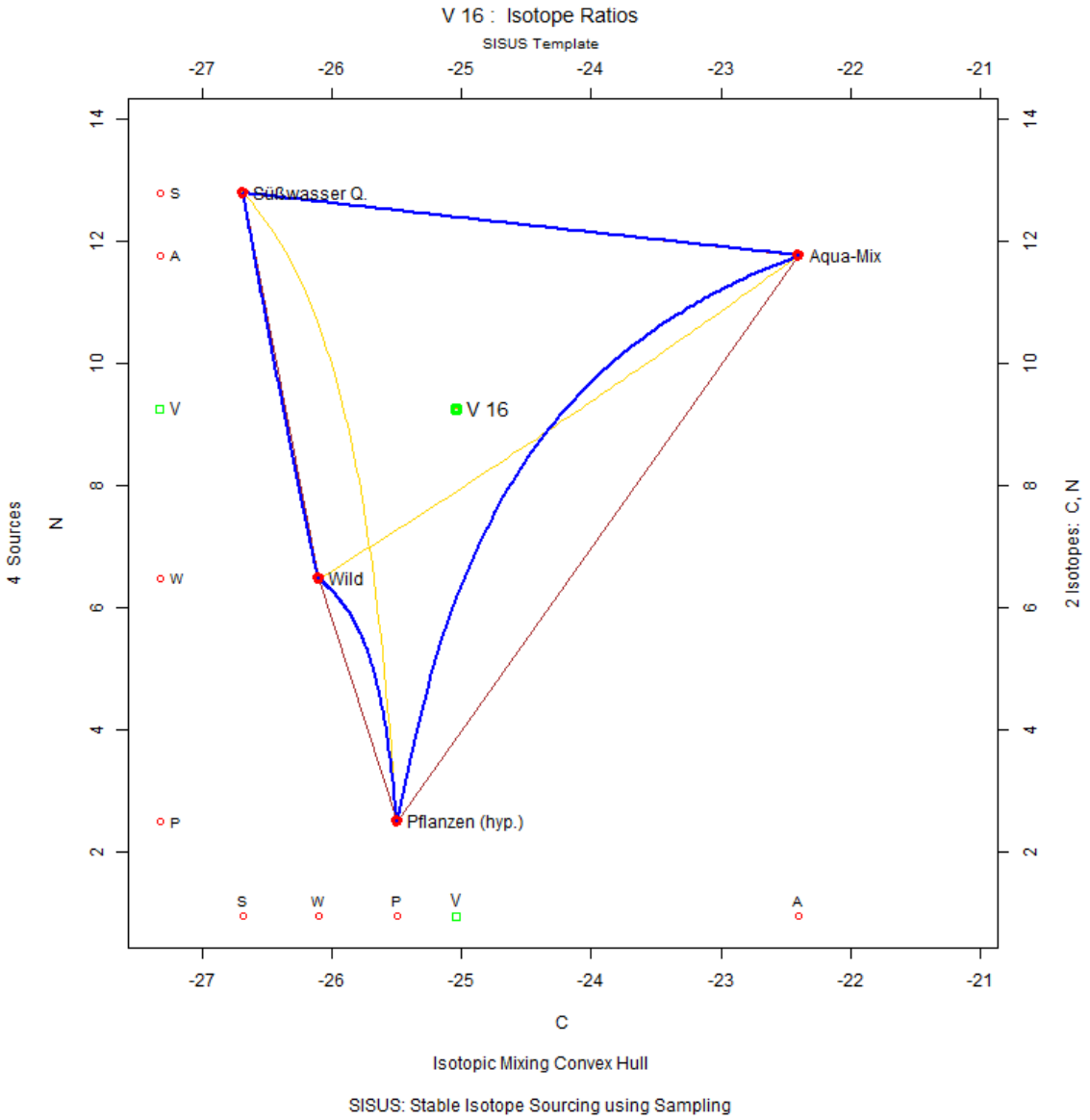


Abbildung 658: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 16. Erstellt mit SISUS.

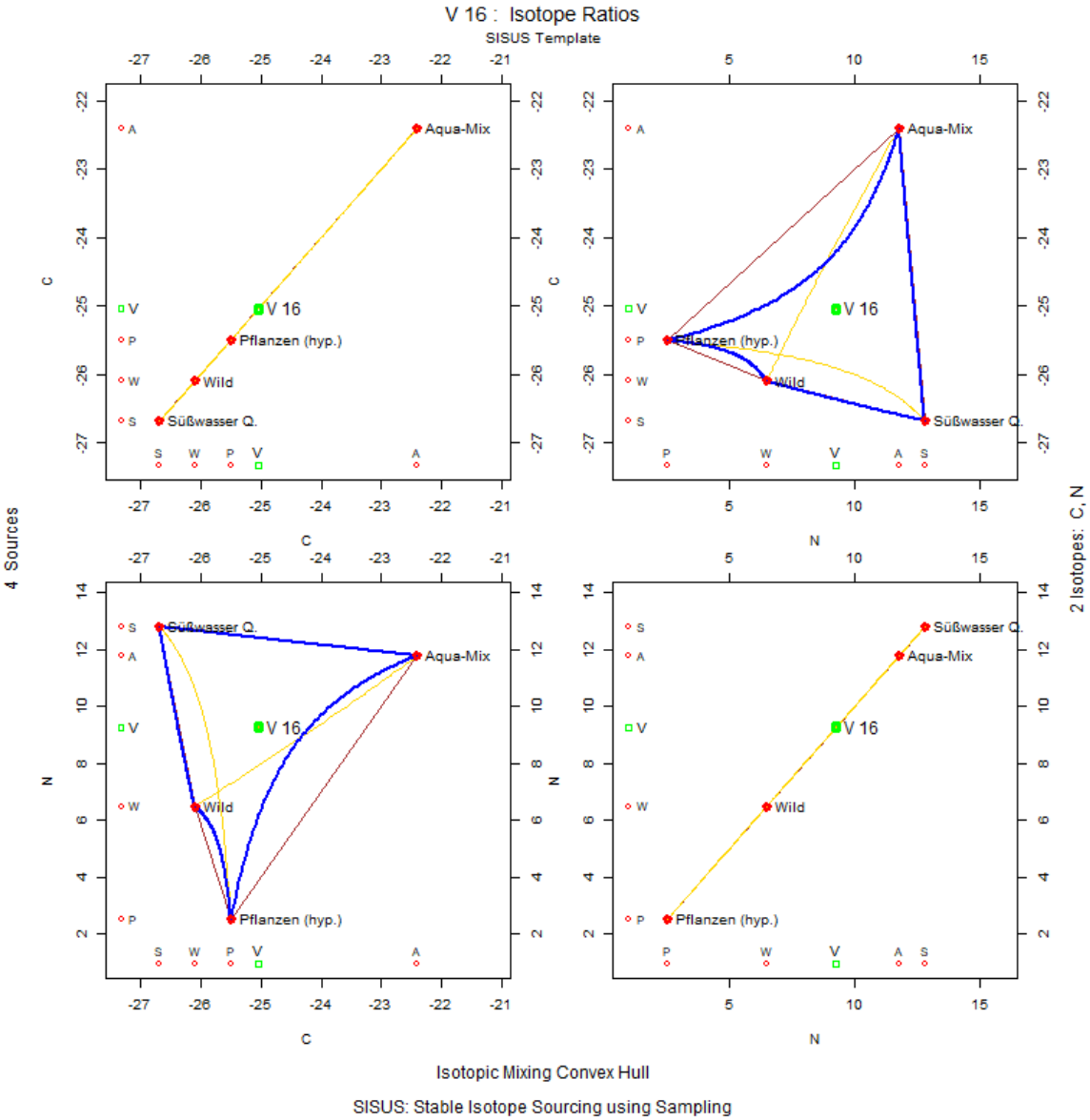


Abbildung 659: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 16 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

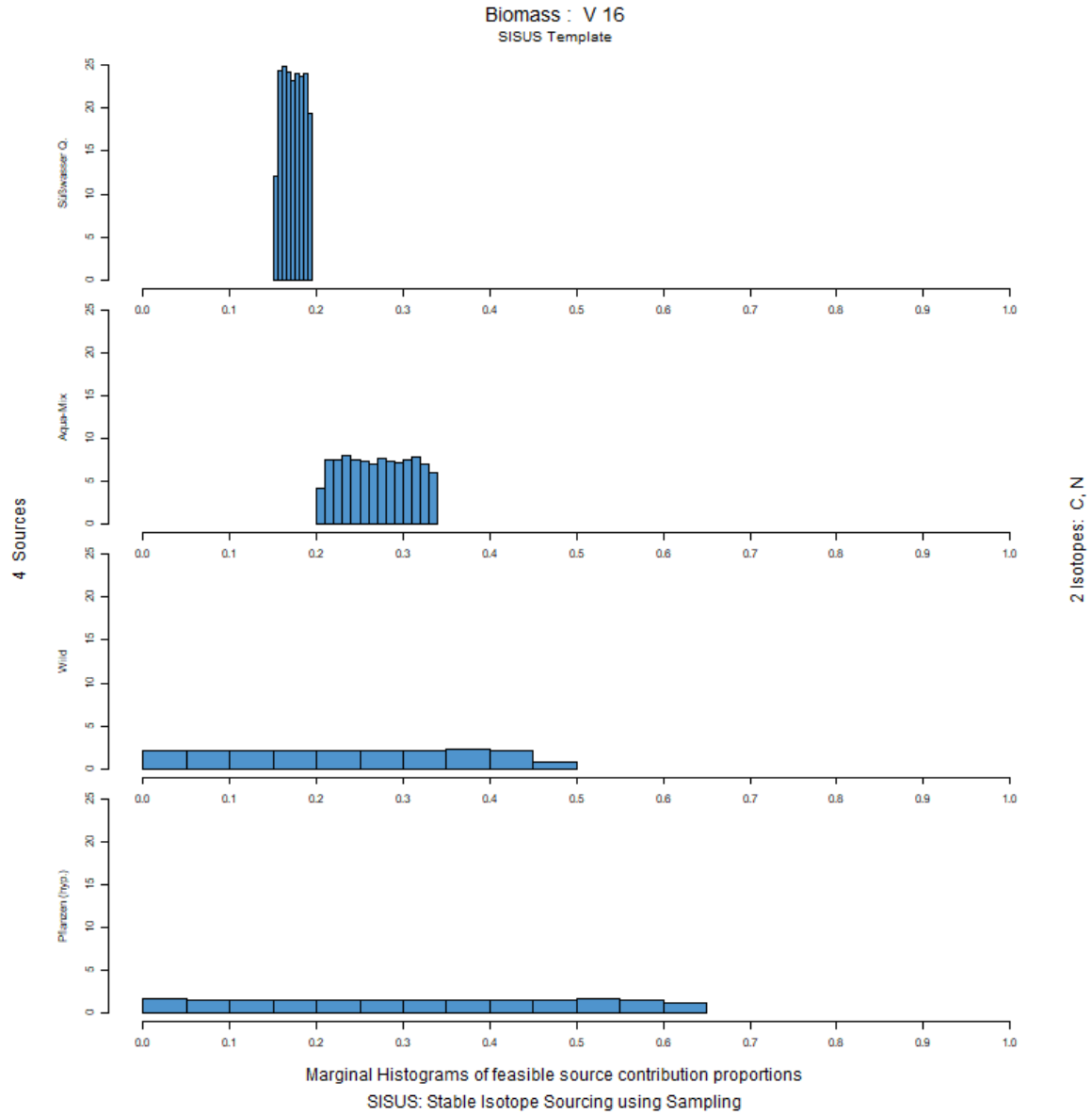


Abbildung 660: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 16. Erstellt mit SISUS.

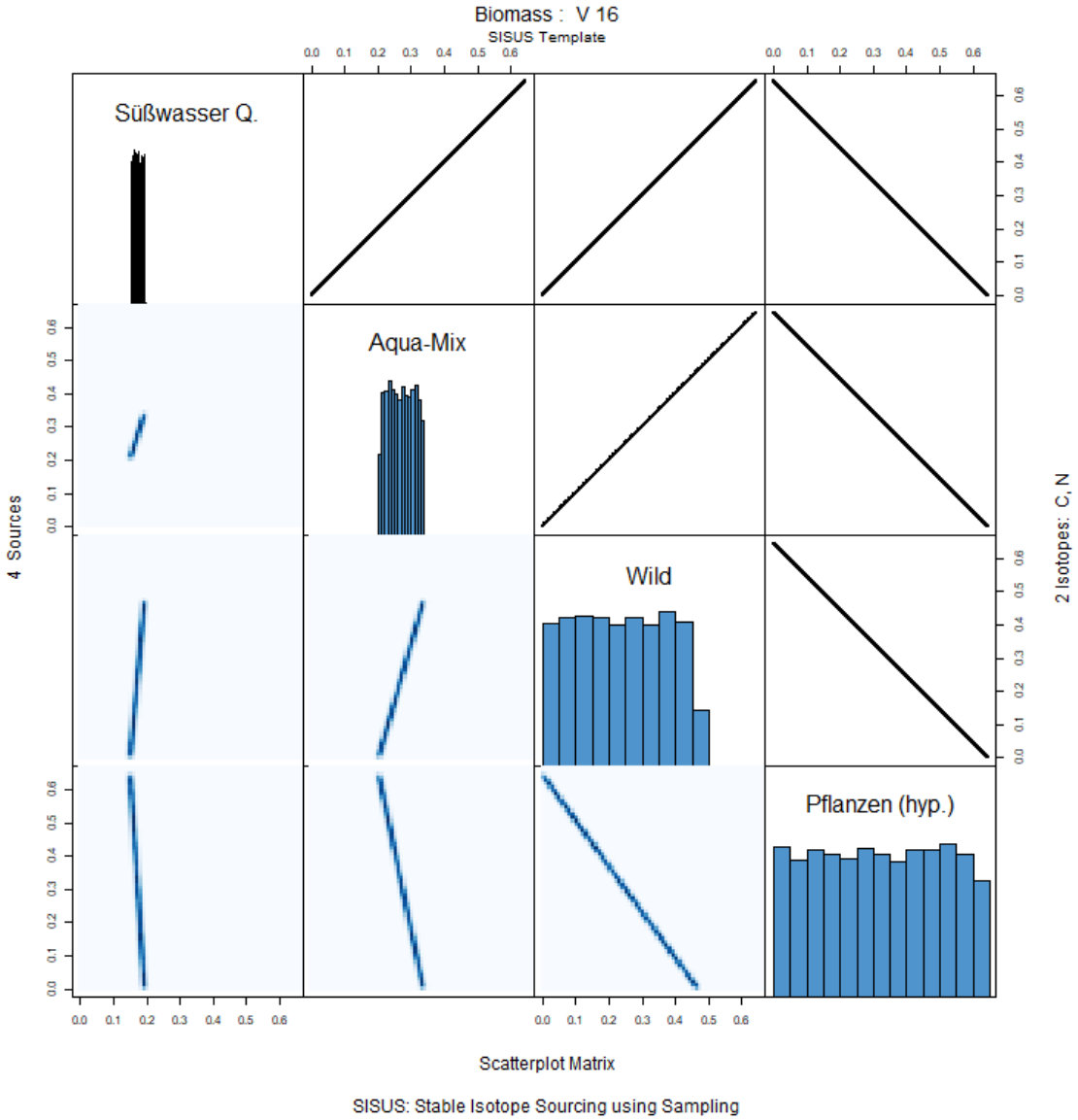


Abbildung 661: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 16. Erstellt mit SISUS.

V36

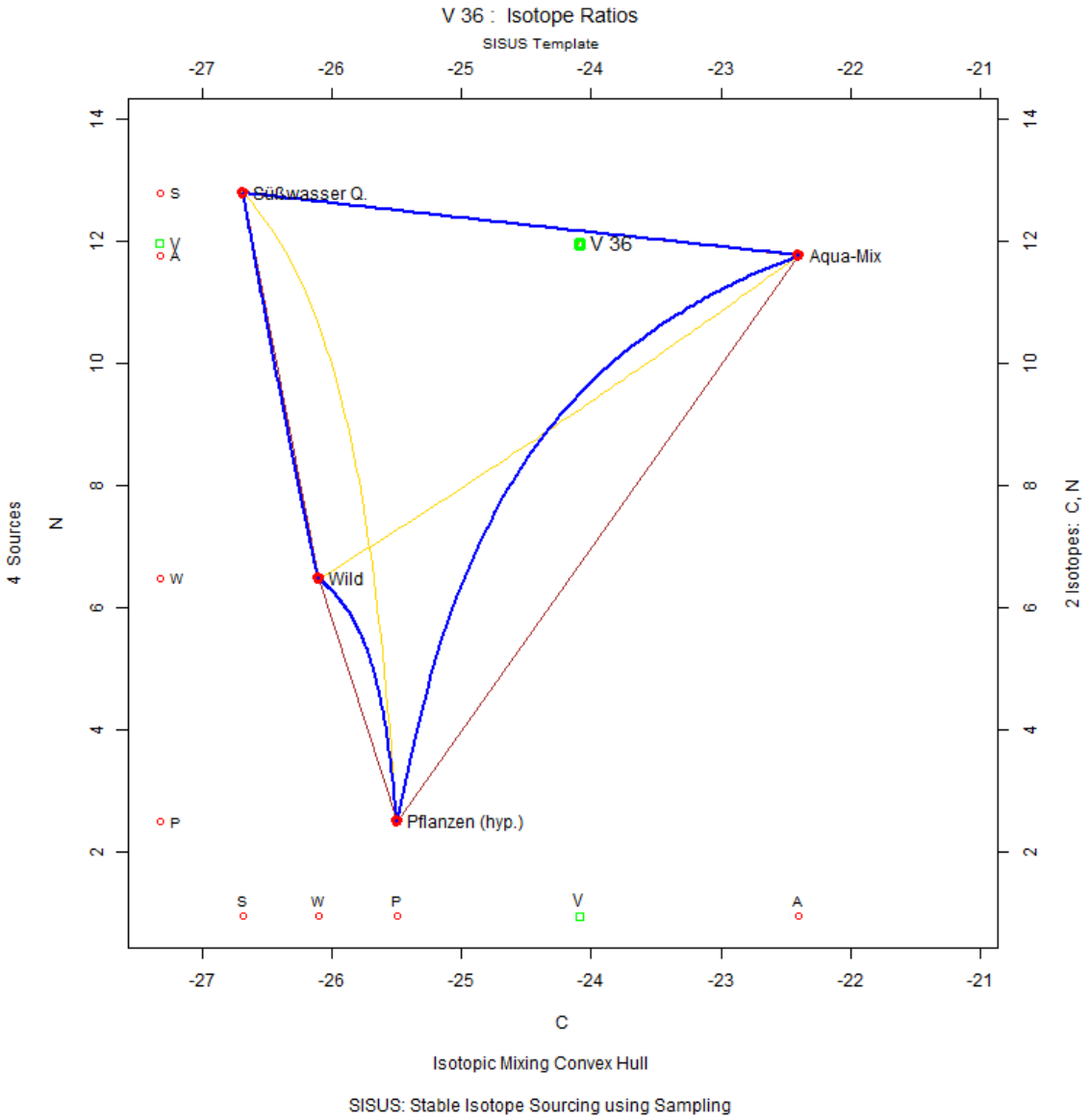


Abbildung 662: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 36. Erstellt mit SISUS.

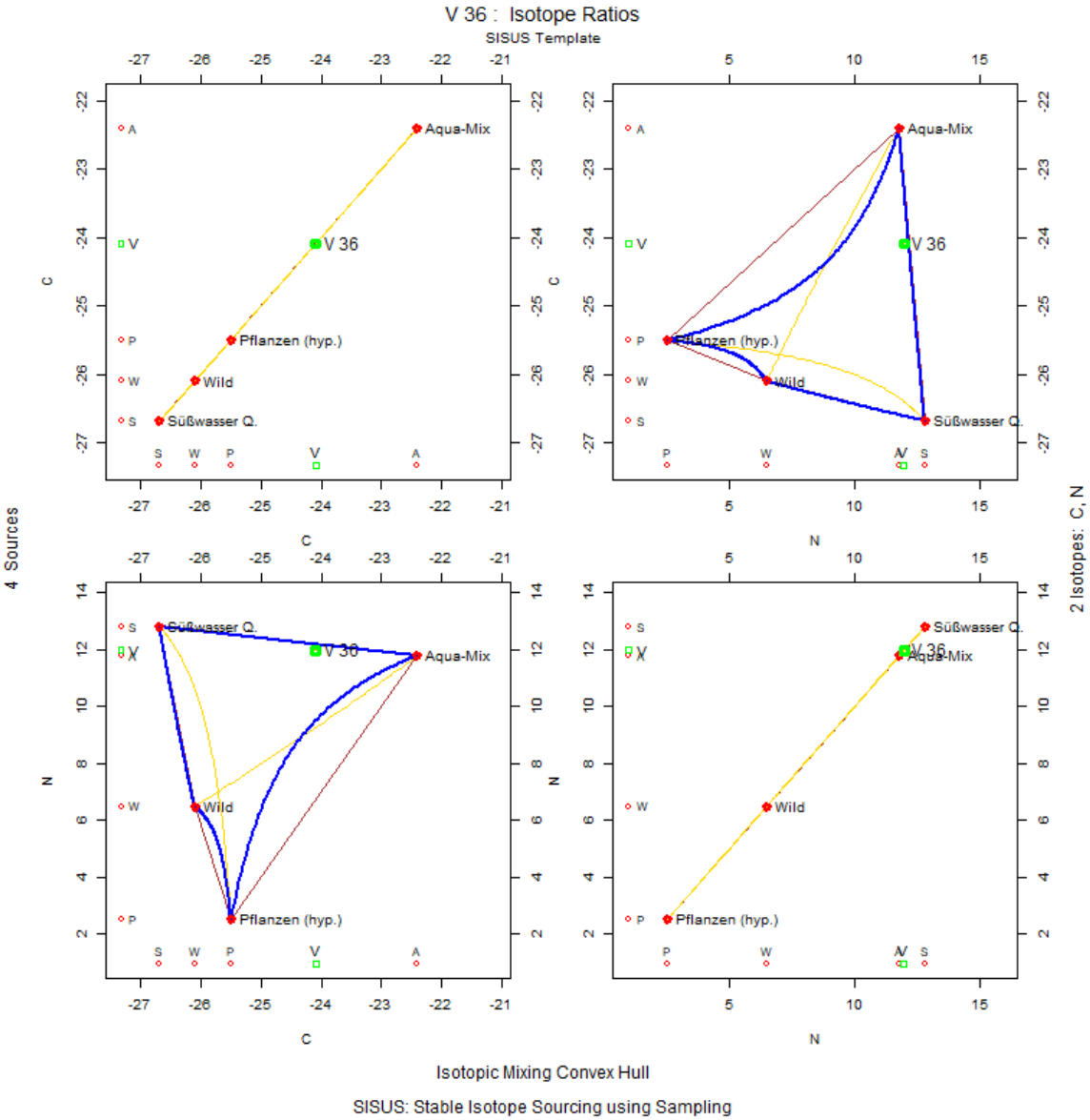


Abbildung 663: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 36 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

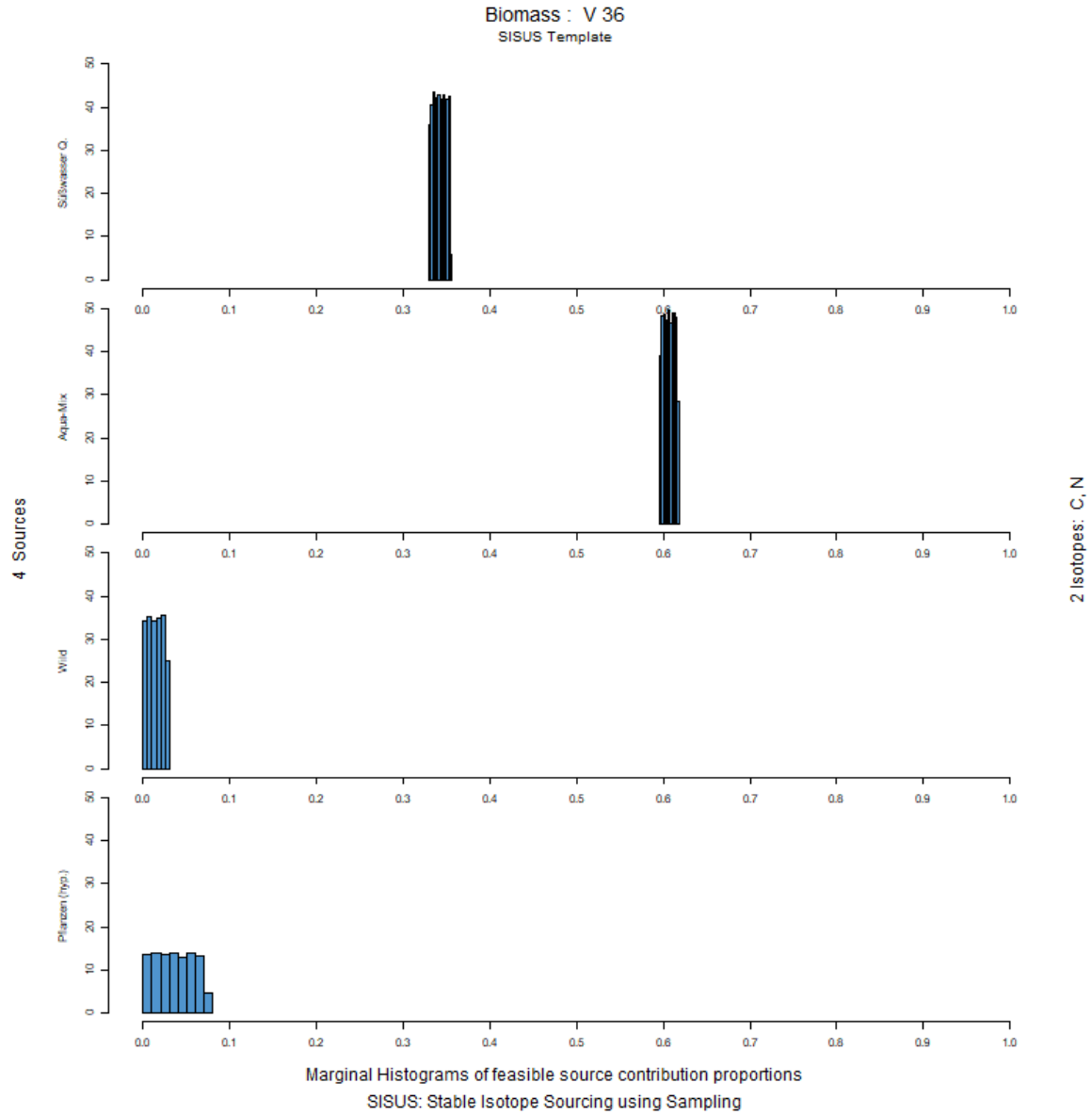


Abbildung 664: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 36. Erstellt mit SISUS.

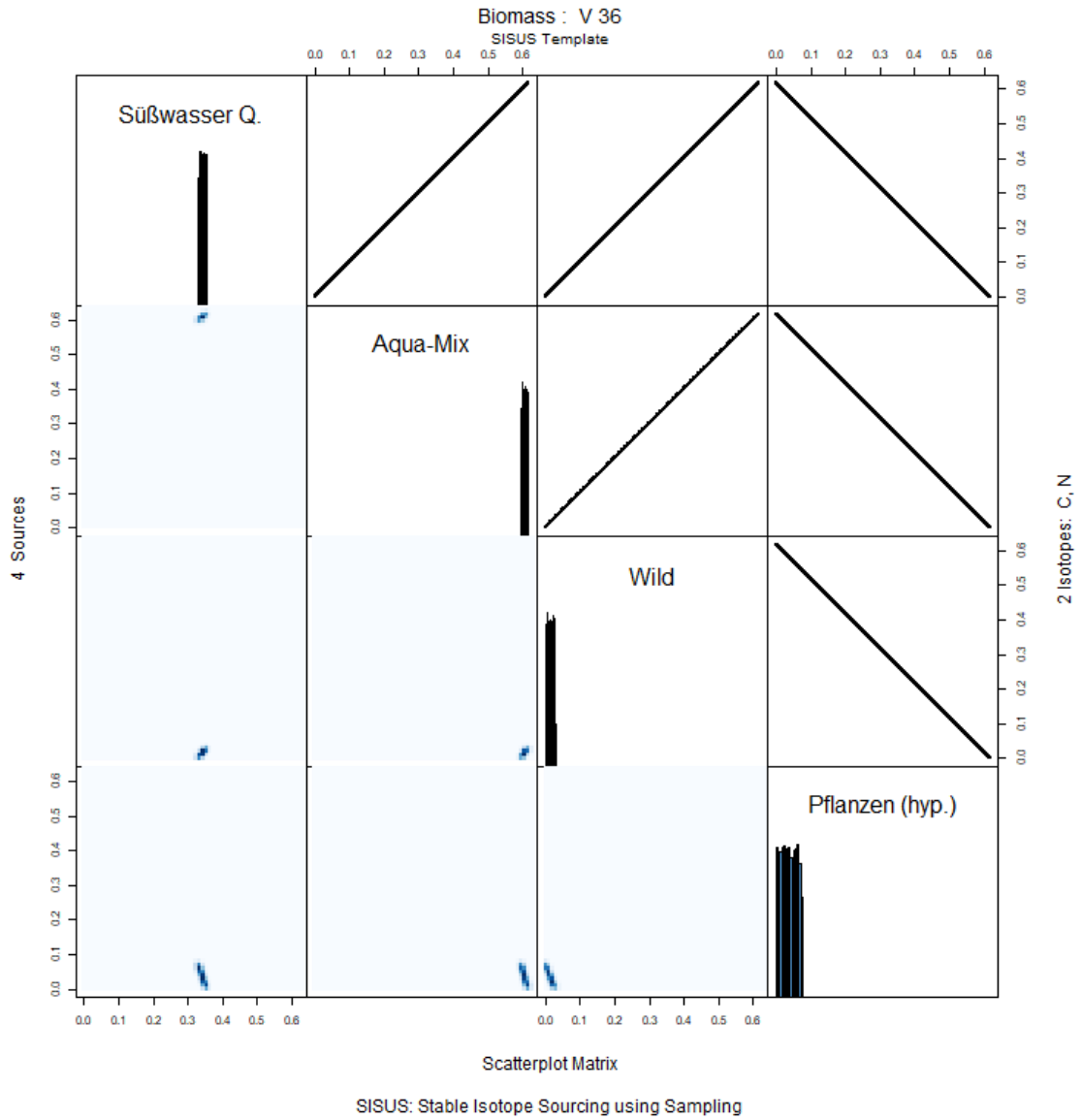


Abbildung 665: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 36. Erstellt mit SISUS.

V65a

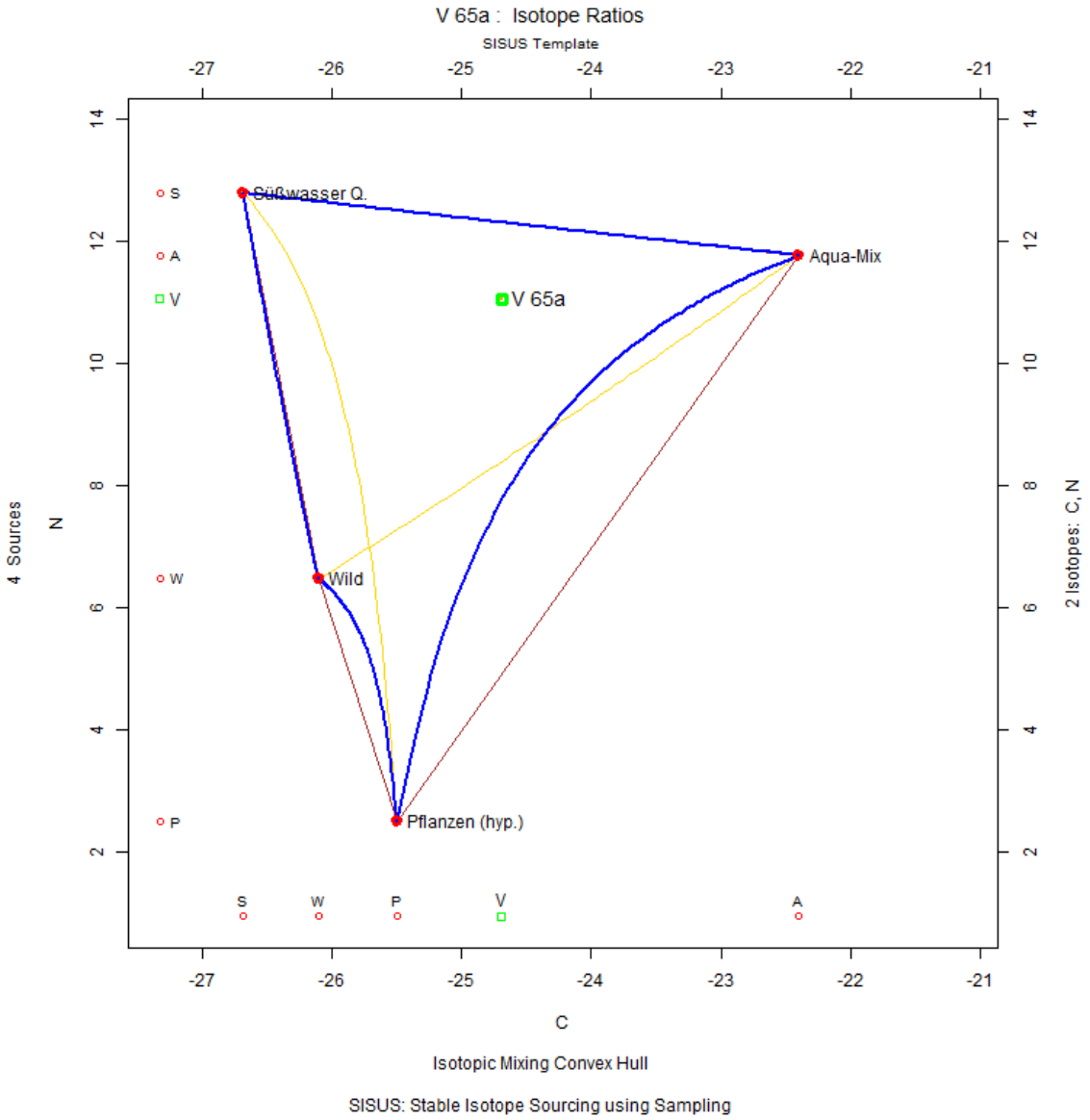


Abbildung 666: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 65a. Erstellt mit SISUS.

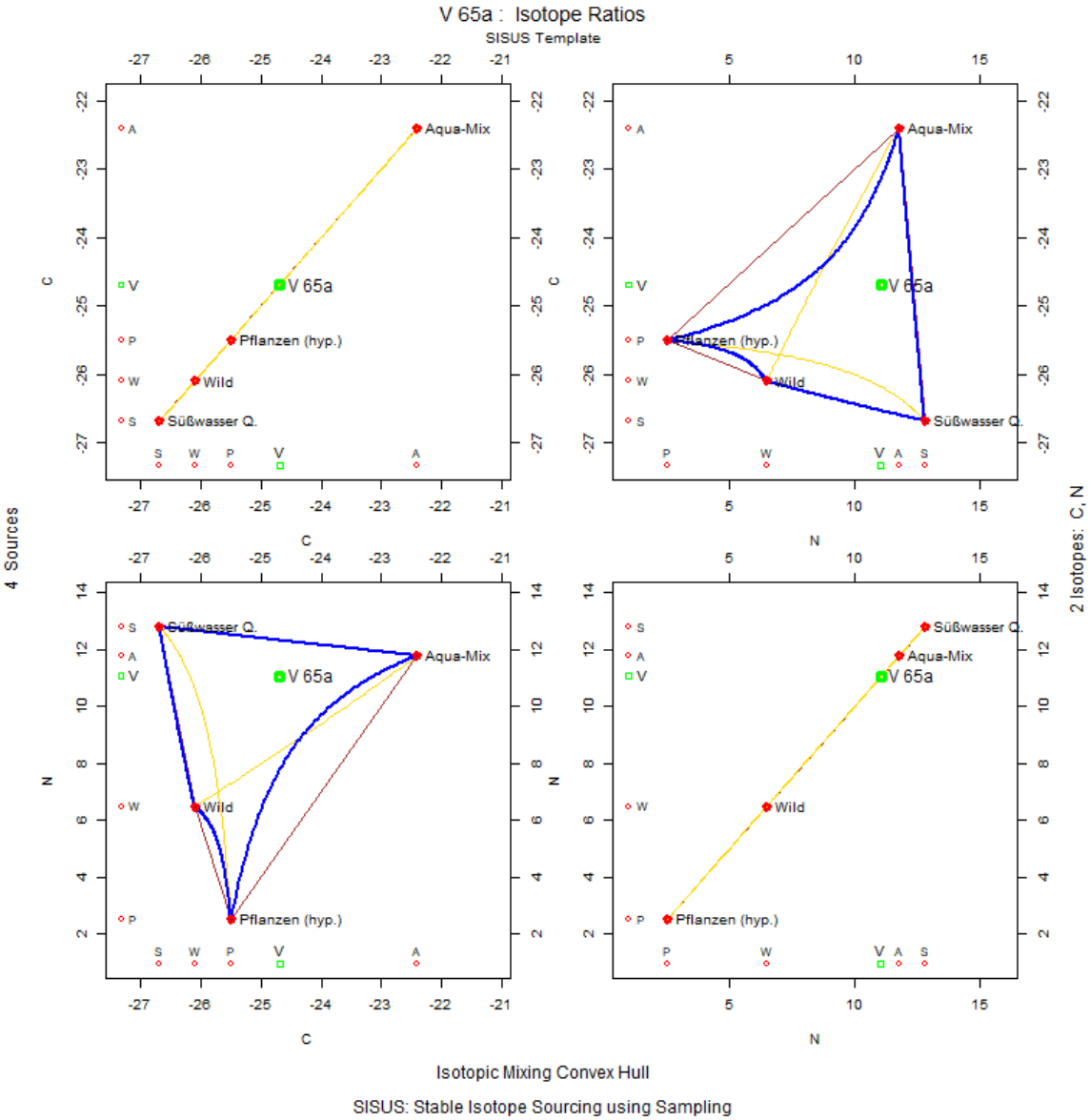


Abbildung 667: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 65a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

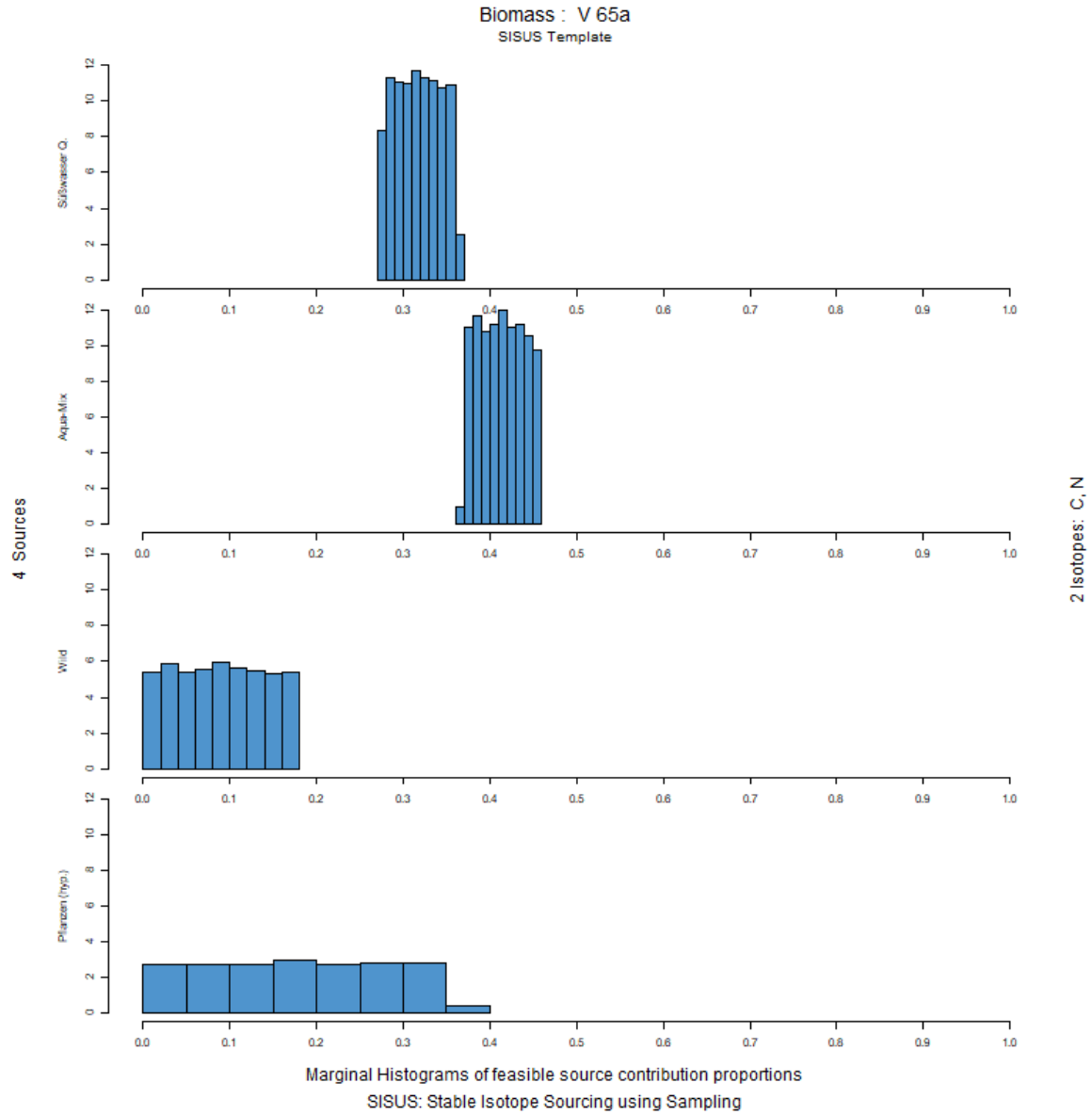


Abbildung 668: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 65a. Erstellt mit SISUS.

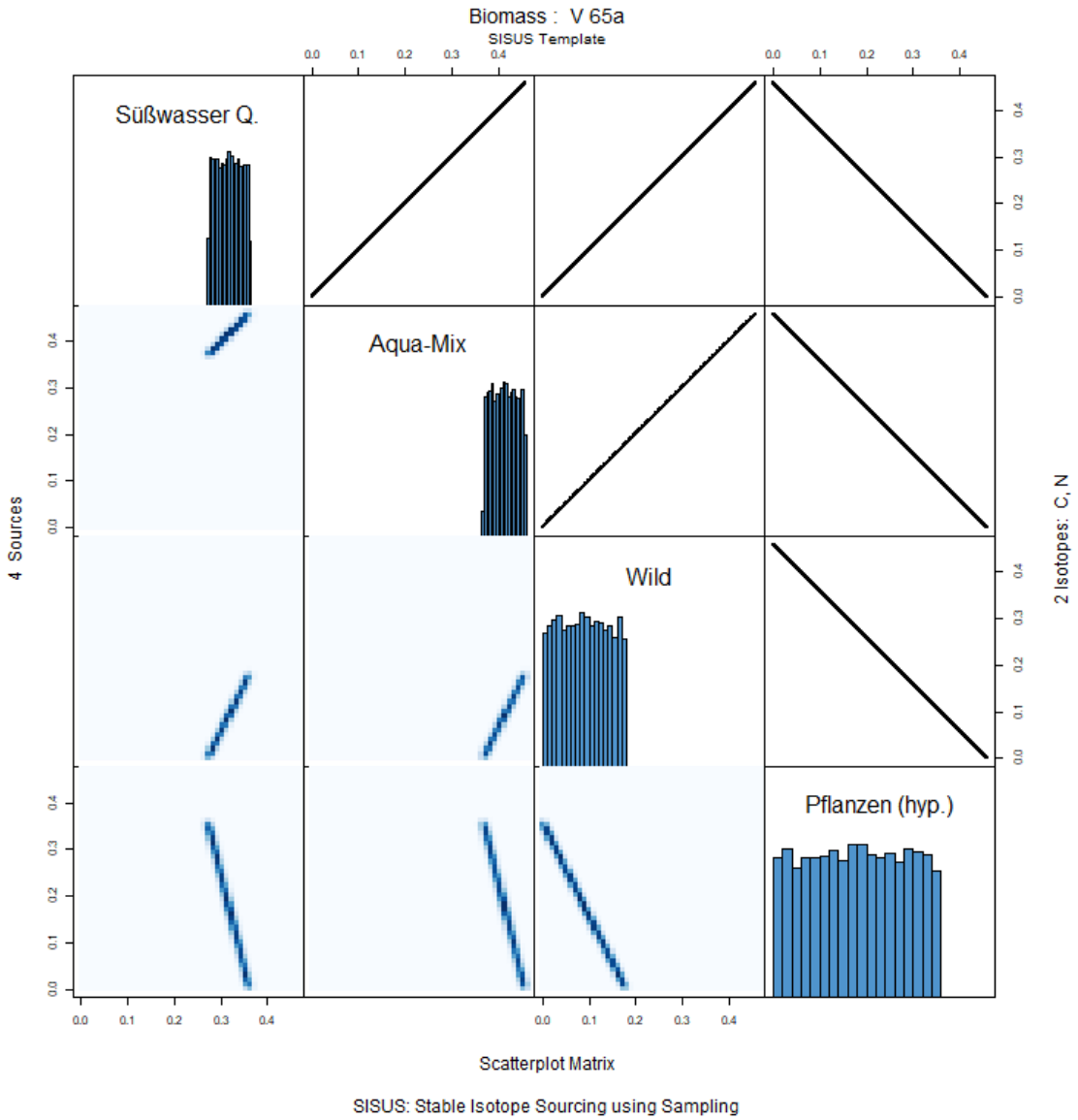


Abbildung 669: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 65a. Erstellt mit SISUS.

V84M

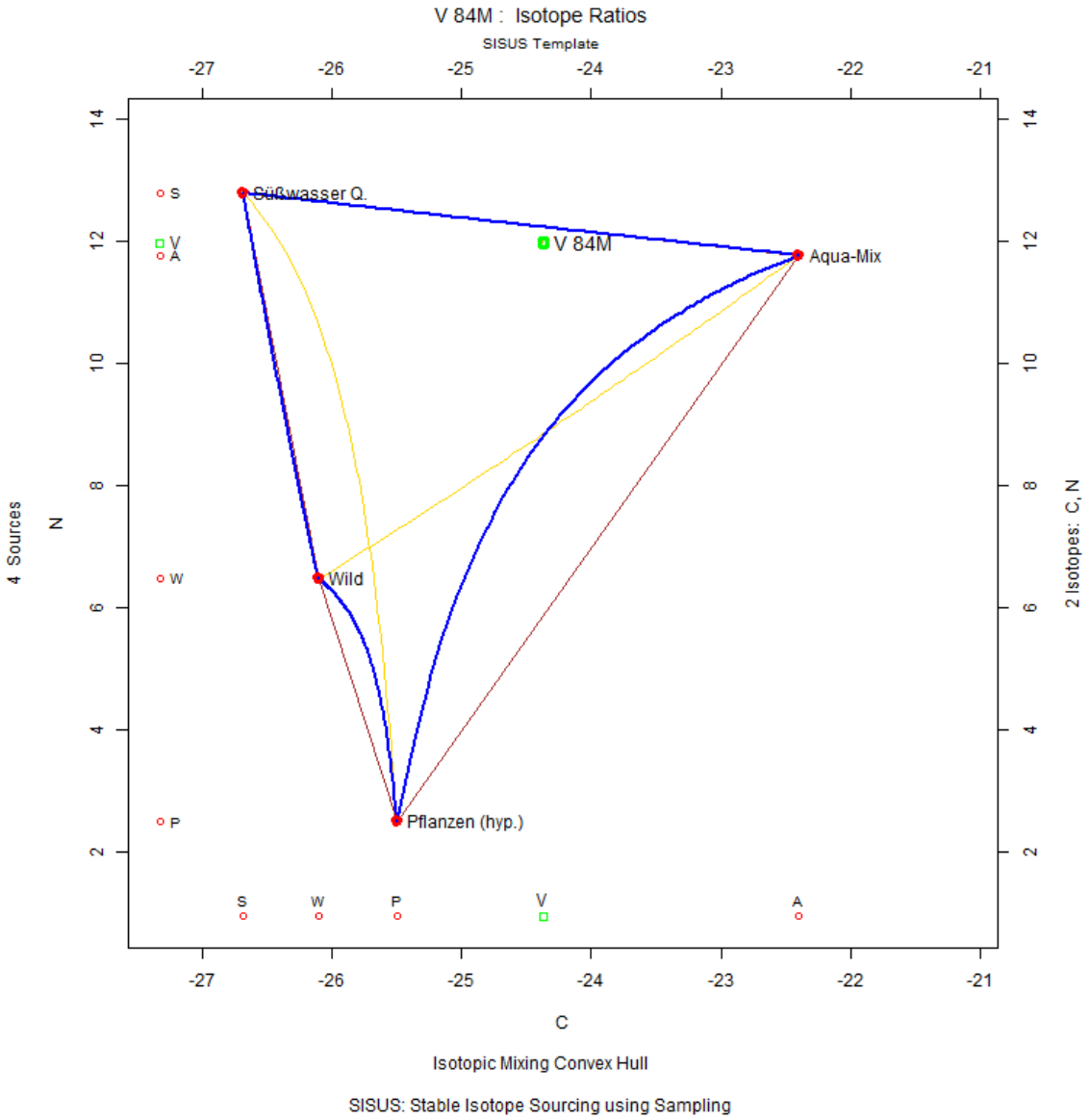


Abbildung 670: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Vlasac (V) 84M. Erstellt mit SISUS.

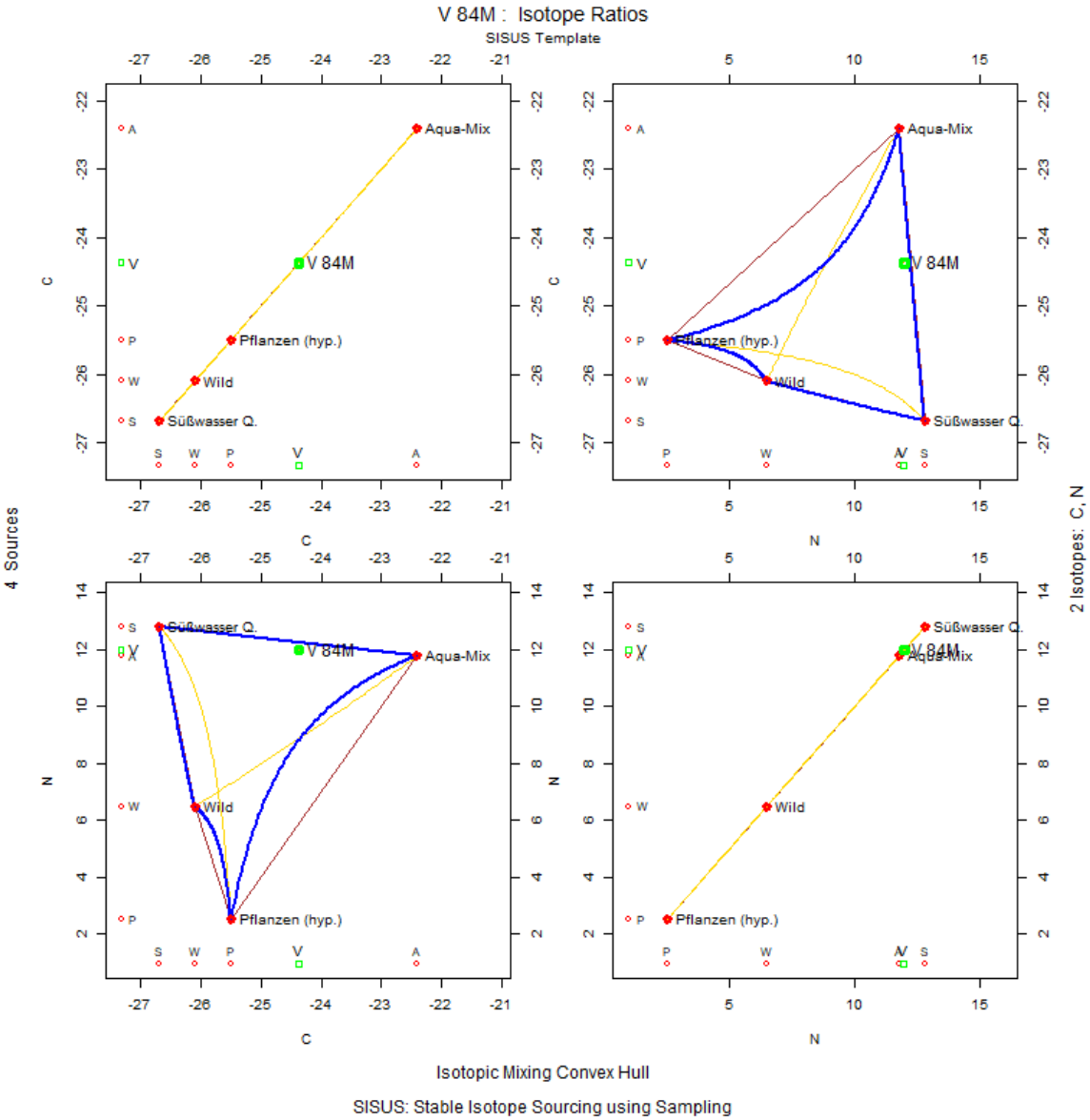


Abbildung 671: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Vlasac (V) 84M in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

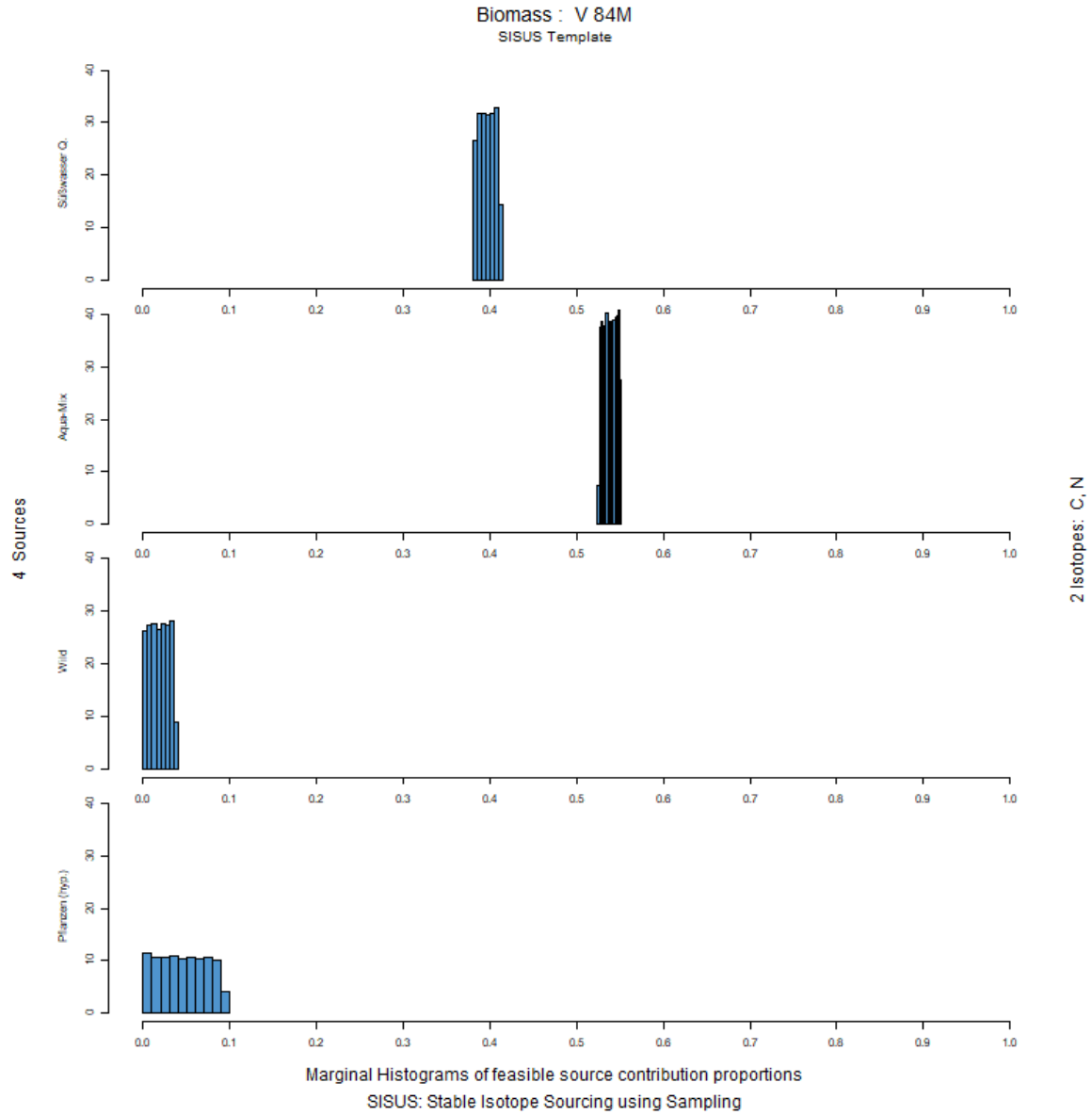


Abbildung 672: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 84M. Erstellt mit SISUS.

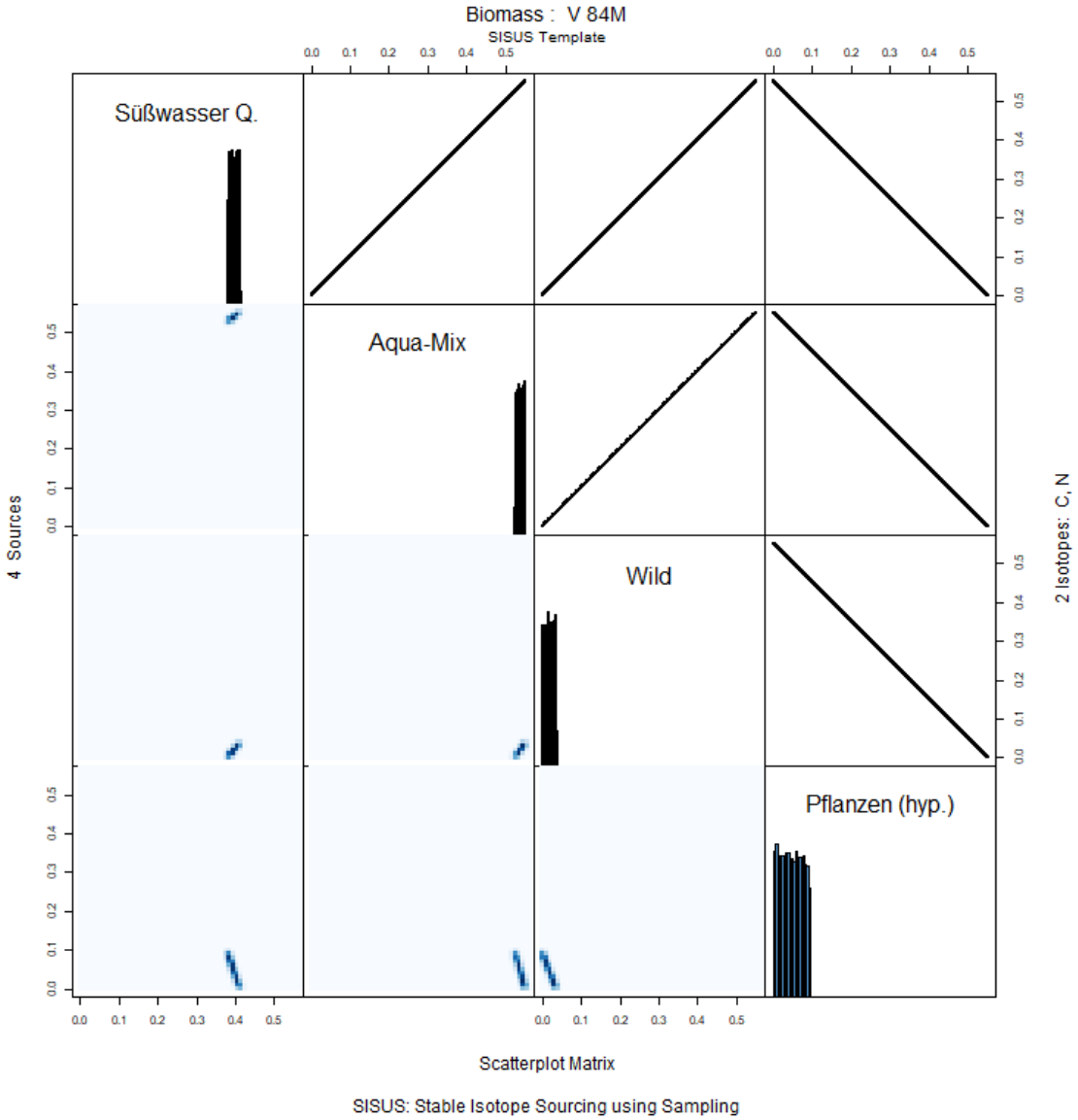


Abbildung 673: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Vlasac (V) 84M. Erstellt mit SISUS.

8.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 26: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Vlasac (V). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
V4a	Pflanzen	0,0	2,4	1,4	2,4	4,8	4,8
	Aqua-Mix	58,2	58,9	0,4	58,9	59,5	1,3
	Süßwasser	37,0	37,9	0,5	37,9	38,7	1,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	0,9	0,5	0,9	1,8	1,8
V4b	Pflanzen	0,0	2,5	1,4	2,4	4,9	4,9
	Aqua-Mix	59,5	60,2	0,4	60,2	60,9	1,4
	Süßwasser	35,5	36,4	0,5	36,4	37,2	1,7
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	0,9	0,5	1,0	1,9	1,9
V6	Pflanzen	0,0	3,2	1,9	3,3	6,5	6,5
	Aqua-Mix	45,6	46,5	0,5	46,5	47,3	1,7
	Süßwasser	47,9	49,1	0,7	49,1	50,2	2,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	1,2	0,7	1,2	2,4	2,4
V7	Pflanzen	0,0	33,2	19,3	33,4	66,6	66,6
	Aqua-Mix	13,2	19,6	3,8	19,6	26,1	13,0
	Süßwasser	20,2	22,4	1,3	22,4	24,7	4,5
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	24,7	14,3	24,5	49,2	49,2
V11b	Pflanzen	0,0	14,0	8,1	14,0	28,0	28,0
	Aqua-Mix	32,1	35,5	2,0	35,5	39,0	6,9
	Süßwasser	39,9	44,2	2,5	44,2	48,5	8,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	6,3	3,6	6,2	12,5	12,5
V16	Pflanzen	0,0	32,2	18,5	32,3	64,4	64,4
	Aqua-Mix	20,4	27,1	3,9	27,1	33,8	13,4
	Süßwasser	15,2	17,3	1,2	17,3	19,4	4,2
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	23,4	13,5	23,3	6,8	46,8
V18c	Pflanzen	0,0	28,3	16,4	28,0	56,6	56,6
	Aqua-Mix	0,0	5,1	3,0	5,1	10,2	10,2
	Süßwasser	39,2	43,9	2,7	43,9	48,5	9,3
	Wild (Rotwild + Reh)	4,2	22,8	10,8	22,9	41,3	37,1
V23	Pflanzen	0,0	7,0	4,1	7,1	14,1	14,1
	Aqua-Mix	47,4	51,3	2,3	51,4	55,3	7,9
	Süßwasser	23,0	26,8	2,2	26,9	30,7	7,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	7,0	4,1	7,1	14,1	14,1
V24	Pflanzen	0,0	10,8	6,2	10,9	21,5	21,5
	Aqua-Mix	63,0	66,1	1,8	66,0	69,2	6,2
	Süßwasser	15,5	18,2	1,6	18,2	21,0	5,5
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	4,9	2,8	4,8	9,8	9,8
V27	Pflanzen	0,0	14,0	8,1	14,1	28,1	28,1
	Aqua-Mix	45,9	49,6	2,1	49,6	53,3	7,4
	Süßwasser	26,0	29,8	2,2	29,8	33,6	7,6
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	6,6	3,8	6,5	13,1	13,1
V32	Pflanzen	0,0	27,2	15,5	27,3	53,7	53,7
	Aqua-Mix	19,6	25,4	3,4	25,4	31,3	11,7
	Süßwasser	26,7	31,4	2,8	31,4	36,2	9,5
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	16,0	9,4	16,0	32,5	32,5
V36	Pflanzen	0,0	3,7	2,1	3,7	7,3	7,3
	Aqua-Mix	59,6	60,7	0,6	60,7	61,7	2,1
	Süßwasser	33,0	34,2	0,7	34,2	35,4	2,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	1,4	0,8	1,4	2,9	2,9
V38	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x

	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
V44	Pflanzen	0,0	24,2	14,0	24,0	48,7	48,7
	Aqua-Mix	33,5	39,4	3,4	39,5	45,2	11,7
	Süßwasser	17,7	22,0	2,4	22,0	26,1	8,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	14,4	8,2	14,5	28,7	28,7
V47	Pflanzen	0,0	3,4	1,948	3,3	6,8	6,8
	Aqua-Mix	55,9	56,9	0,5	56,9	57,8	1,9
	Süßwasser	37,3	38,5	0,7	38,5	39,6	2,3
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	1,3	0,7	1,3	2,6	2,6
V48	Pflanzen	0,0	4,8	2,8	4,8	9,7	9,7
	Aqua-Mix	74,6	76,1	0,857	76,1	77,6	3,0
	Süßwasser	15,7	17,1	0,8	17,1	18,4	2,7
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	2,0	1,2	2,0	4,0	4,0
V53	Pflanzen	0,0	4,3	2,5	4,3	8,6	8,6
	Aqua-Mix	51,4	52,6	0,7	52,6	53,8	2,3
	Süßwasser	40,0	41,5	0,9	41,5	42,9	2,9
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	1,6	1,0	1,6	3,3	3,3
V54	Pflanzen	0,0	17,4	10,1	17,4	34,9	34,9
	Aqua-Mix	29,3	33,5	2,4	33,5	37,7	8,4
	Süßwasser	35,8	40,7	2,8	4,6	45,5	9,7
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	8,4	4,9	8,4	16,8	16,8
V63	Pflanzen	0,0	14,3	8,2	14,2	28,5	28,5
	Aqua-Mix	48,9	52,7	2,2	52,7	56,5	7,6
	Süßwasser	22,6	26,3	2,1	26,3	30,0	7,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	6,7	3,9	6,8	13,5	13,5
V65a	Pflanzen	0,0	18,0	10,4	17,9	35,9	35,9
	Aqua-Mix	36,9	41,4	2,6	41,4	45,9	9,0
	Süßwasser	27,2	31,7	2,6	31,7	36,2	9,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	8,9	5,2	9,0	17,9	17,9
V67	Pflanzen	0,0	16,9	9,8	16,9	34,0	34,0
	Aqua-Mix	59,6	64,4	2,8	64,4	69,2	9,6
	Süßwasser	6,4	9,8	1,9	9,8	13,1	6,7
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	8,9	5,1	8,9	17,7	17,7
V71	Pflanzen	0,0	15,5	9,0	15,4	31,1	31,1
	Aqua-Mix	40,4	44,4	2,3	44,4	48,4	8,0
	Süßwasser	28,4	32,6	2,4	32,7	36,8	8,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	7,4	4,3	7,5	14,8	14,8
V72	Pflanzen	0,0	23,1	13,3	23,1	46,3	46,3
	Aqua-Mix	31,7	37,2	3,2	37,2	42,7	11,0
	Süßwasser	22,1	26,7	2,2	26,7	331,2	9,1
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	13,1	7,5	13,1	26,1	26,1
V78	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Aqua-Mix	x	x	x	x	x	x
	Süßwasser	x	x	x	x	x	x
	Wild (Rotwild + Reh)	x	x	x	x	x	x
V80	Pflanzen	0,0	25,1	14,7	25,0	50,7	50,7
	Aqua-Mix	36,2	42,4	3,6	42,4	48,5	12,3
	Süßwasser	13,1	16,8	2,1	16,9	20,5	7,4
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	15,6	9,0	15,7	31,0	31,0
V80a	Pflanzen	0,0	7,7	4,4	7,7	15,4	15,4
	Aqua-Mix	48,8	50,9	1,2	50,9	52,9	4,1
	Süßwasser	35,8	38,3	1,4	38,3	40,8	5,0
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	3,2	1,8	3,2	6,3	6,3
V84M	Pflanzen	0,0	4,6	2,7	4,6	9,4	9,4
	Aqua-Mix	52,6	53,9	0,7	53,9	55,1	2,6
	Süßwasser	38,1	39,7	0,9	39,7	41,2	3,2
	Wild (Rotwild + Reh)	0,0	1,8	1,1	1,8	3,6	3,6

9 Deutschland (Spätantike) – Klettham

9.1 IsoConc: Abbildungen

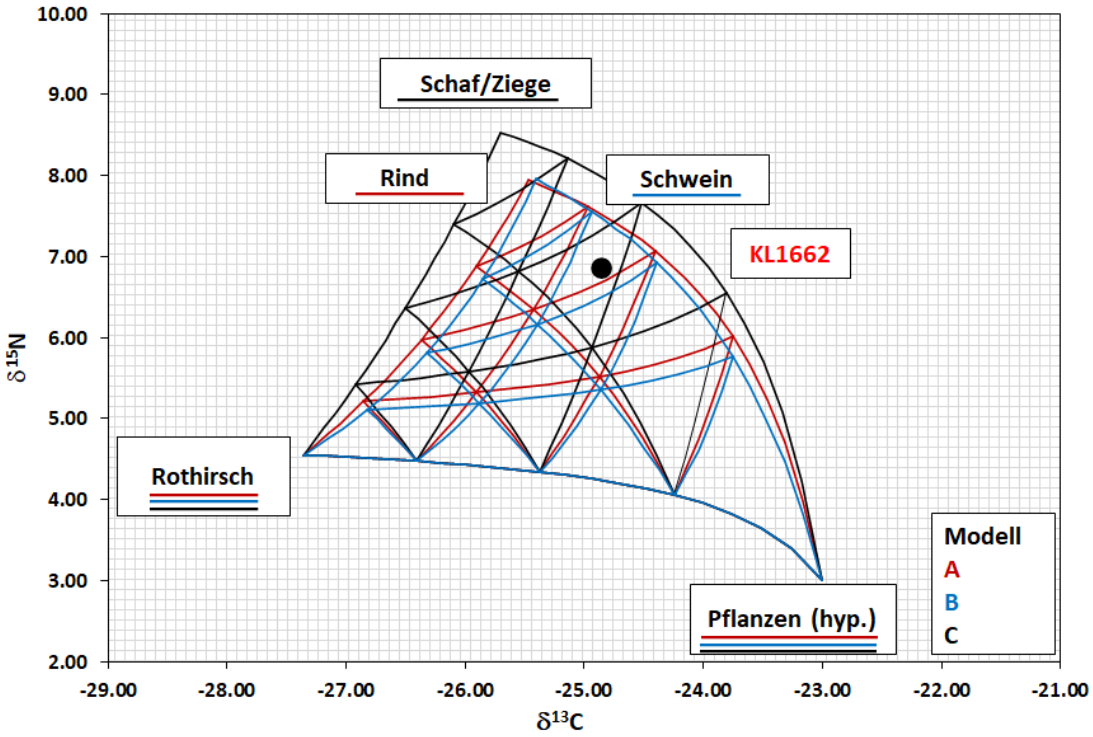


Abbildung 674: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1662. Erstellt mit IsoConc.

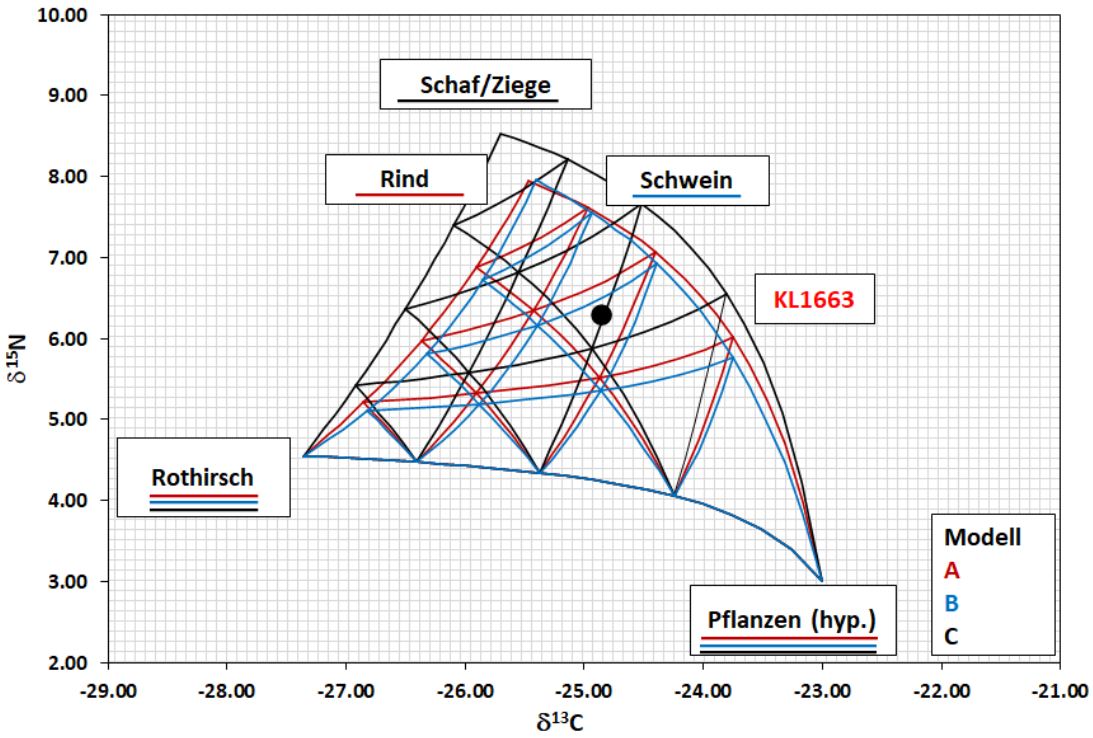


Abbildung 675: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1663. Erstellt mit IsoConc.

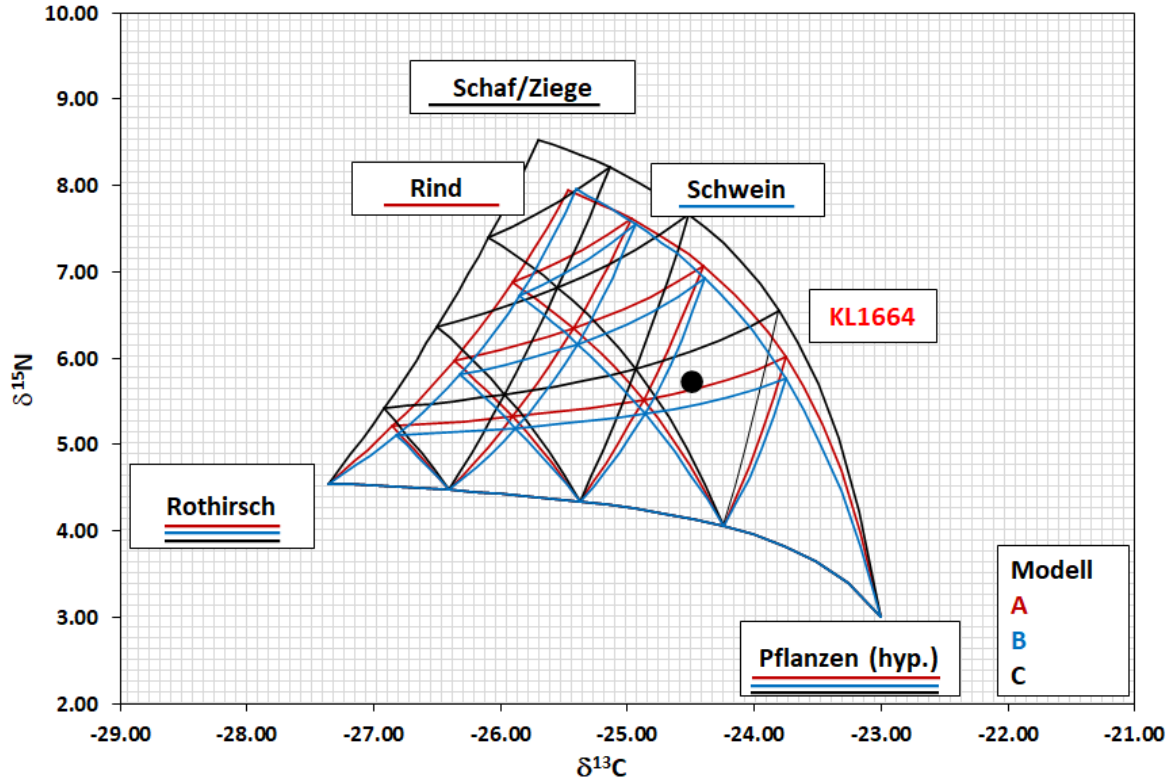


Abbildung 676: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1664. Erstellt mit IsoConc.

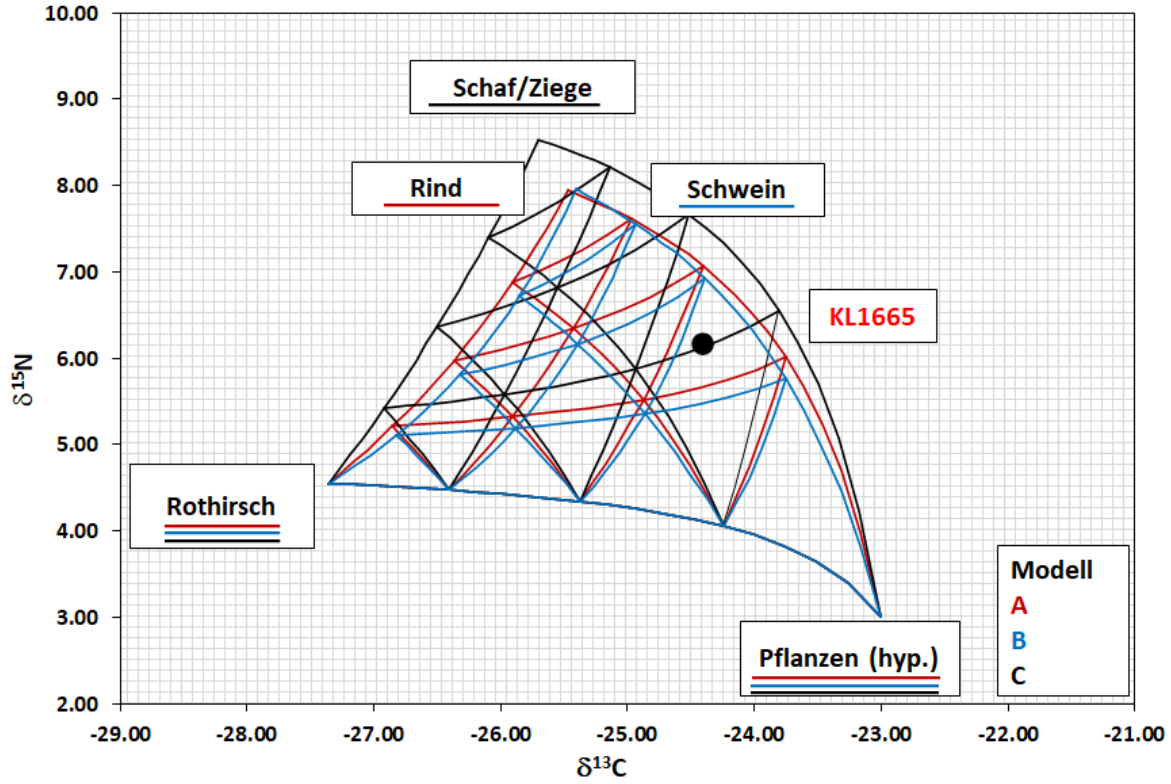


Abbildung 677: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1665. Erstellt mit IsoConc.

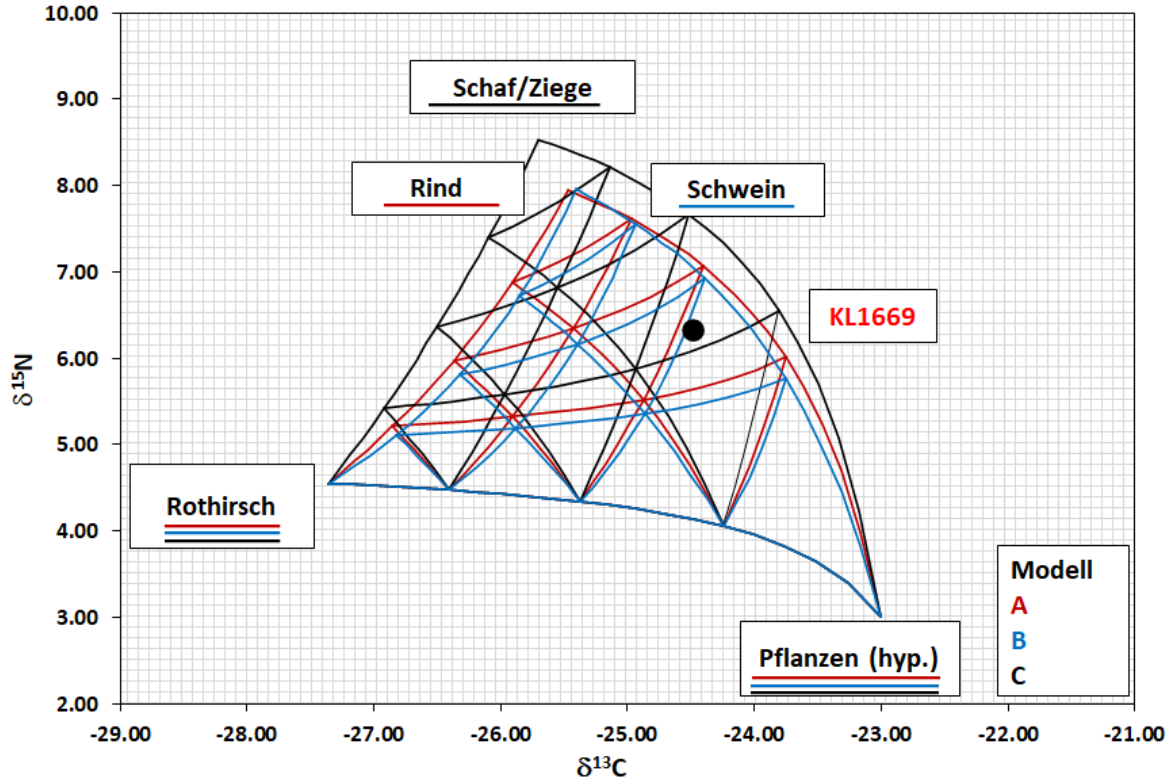


Abbildung 678: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1669. Erstellt mit IsoConc.

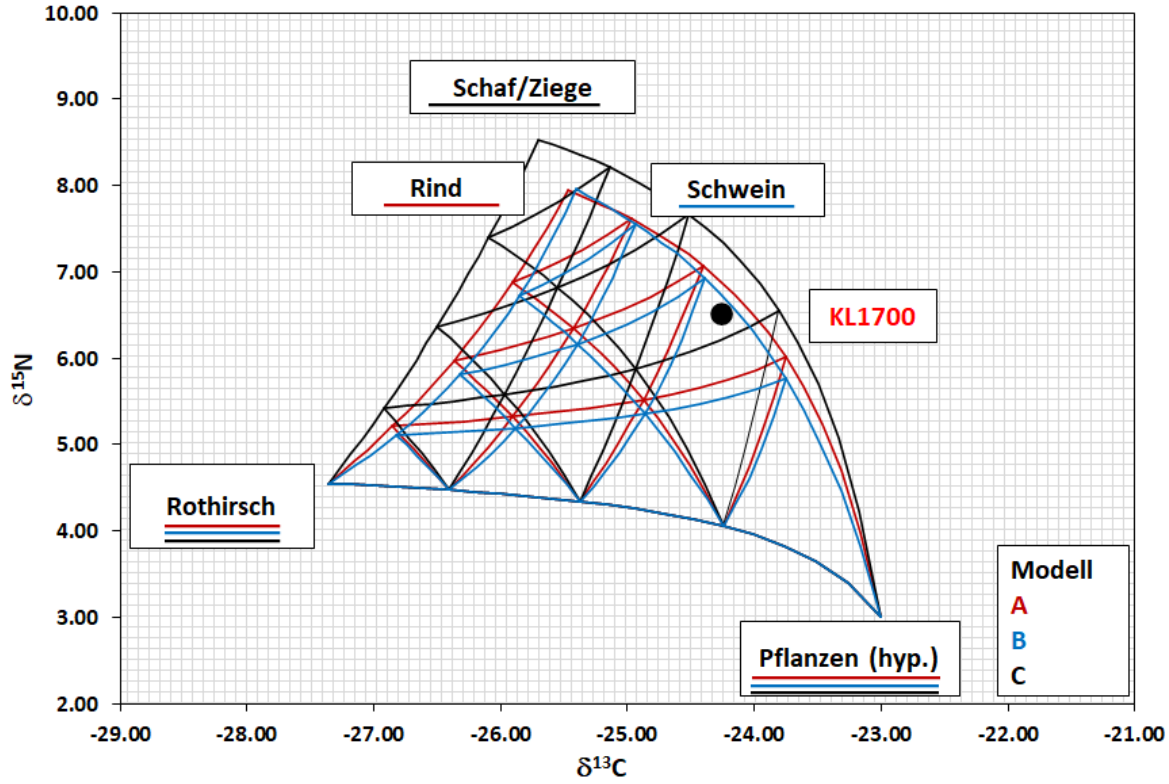


Abbildung 679: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1700. Erstellt mit IsoConc.

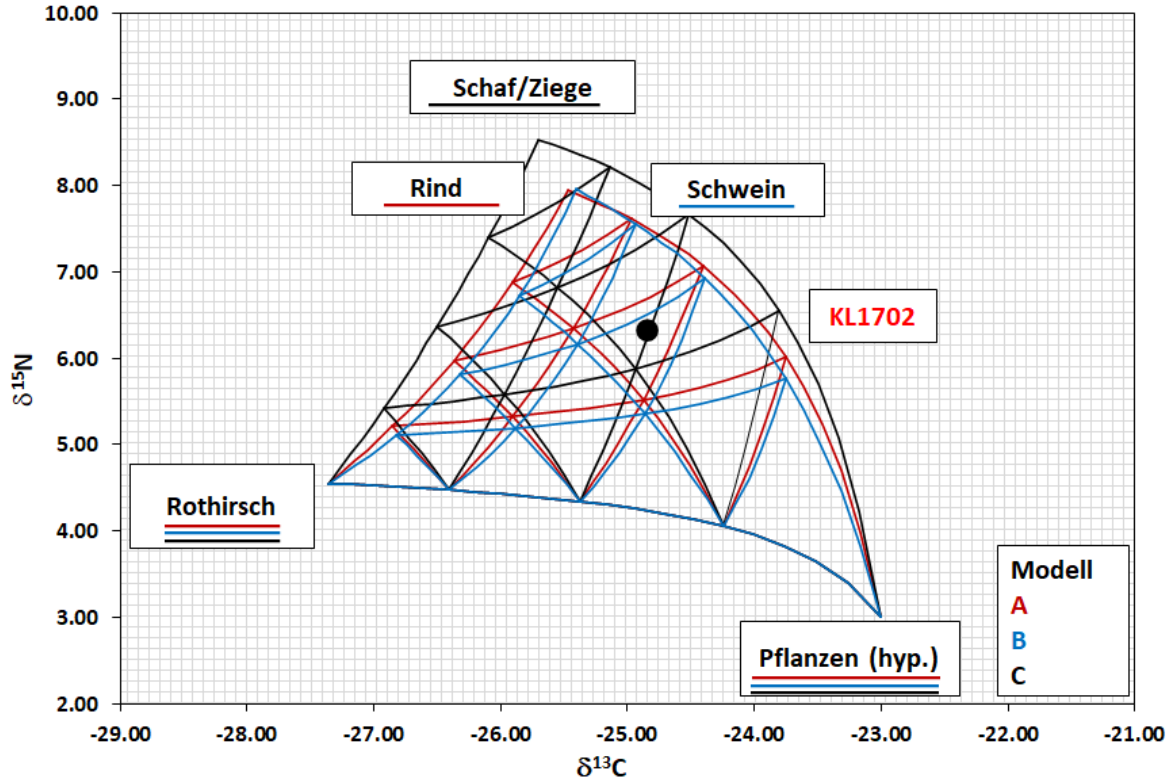


Abbildung 680: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1702. Erstellt mit IsoConc.

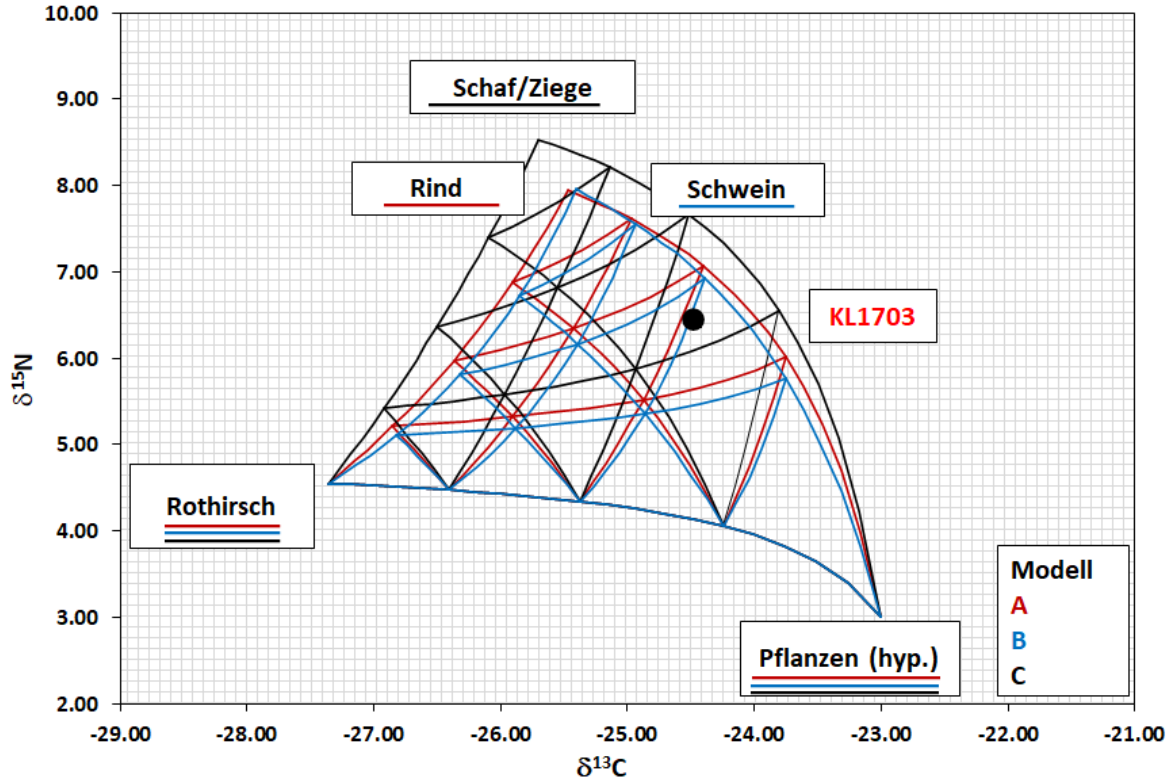


Abbildung 681: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1703. Erstellt mit IsoConc.

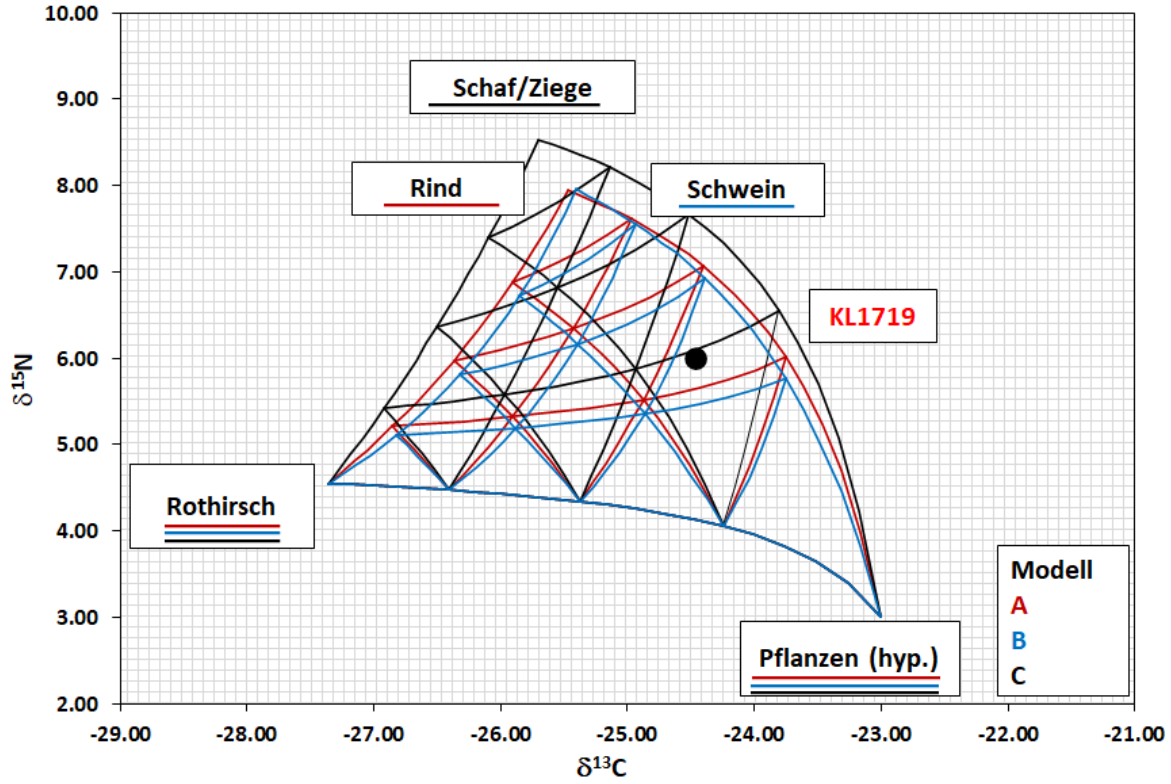


Abbildung 682: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1719. Erstellt mit IsoConc.

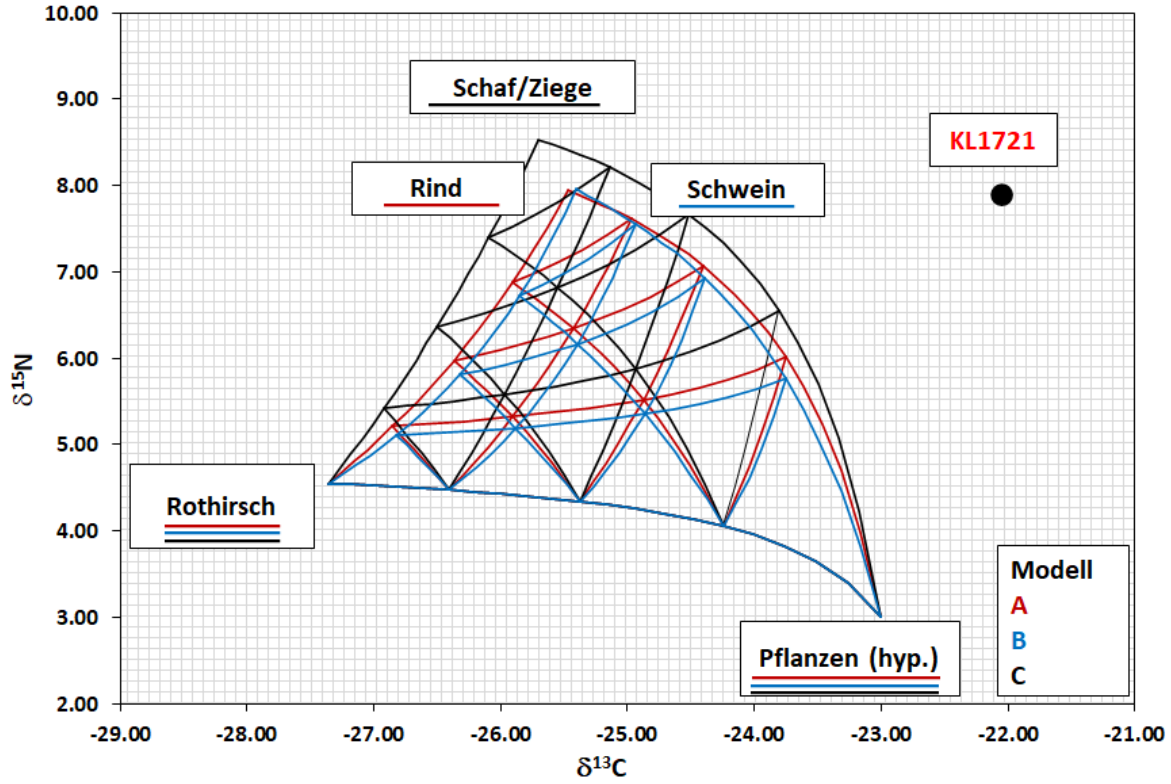


Abbildung 683: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1721. Erstellt mit IsoConc.

9.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 27: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Klettham (KL). Indi.: Individuum; EM: Endmember. Linke Spalte: Modell A, Mittlere Spalte: Modell B, Rechte Spalte: Modell C.

IsoConc - -Modell A			IsoConc - Modell B			IsoConc - Modell C		
Indi.	**EM**	**Anteil**	**Indi.**	**EM**	**Anteil**	**Indi.**	**EM**	**Anteil**
	Pflanzen	36,70%		Pflanzen	34,30%		Pflanzen	44,80%
KL1662	Rothirsch	9,10%	KL1662	Rothirsch	7,60%	KL1662	Rothirsch	13,70%
	Rind	54,20%		Schwein	58,10%		Schaf/Ziege	41,40%
	Pflanzen	44,00%		Pflanzen	41,60%		Pflanzen	50,10%
KL1663	Rothirsch	15,40%	KL1663	Rothirsch	13,40%	KL1663	Rothirsch	19,00%
	Rind	40,60%		Schwein	45,00%		Schaf/Ziege	30,90%
	Pflanzen	57,50%		Pflanzen	55,70%		Pflanzen	61,50%
KL1664	Rothirsch	15,00%	KL1664	Rothirsch	13,00%	KL1664	Rothirsch	17,60%
	Rind	27,50%		Schwein	31,30%		Schaf/Ziege	20,90%
	Pflanzen	56,60%		Pflanzen	54,80%		Pflanzen	61,40%
KL1665	Rothirsch	9,60%	KL1665	Rothirsch	7,70%	KL1665	Rothirsch	12,80%
	Rind	33,70%		Schwein	37,50%		Schaf/Ziege	25,70%
	Pflanzen	53,90%		Pflanzen	52,00%		Pflanzen	59,20%
KL1669	Rothirsch	8,70%	KL1669	Rothirsch	6,80%	KL1669	Rothirsch	12,20%
	Rind	37,40%		Schwein	41,10%		Schaf/Ziege	28,60%
	Pflanzen	57,90%		Pflanzen	56,30%		Pflanzen	63,20%
KL1700	Rothirsch	3,80%	KL1700	Rothirsch	2,10%	KL1700	Rothirsch	7,40%
	Rind	38,30%		Schwein	41,60%		Schaf/Ziege	29,40%
	Pflanzen	43,70%		Pflanzen	41,20%		Pflanzen	49,90%
KL1702	Rothirsch	14,90%	KL1702	Rothirsch	12,90%	KL1702	Rothirsch	18,60%
	Rind	41,50%		Schwein	45,80%		Schaf/Ziege	31,60%
	Pflanzen	53,90%		Pflanzen	52,10%		Pflanzen	59,40%
KL1703	Rothirsch	7,70%	KL1703	Rothirsch	5,80%	KL1703	Rothirsch	11,20%
	Rind	38,40%		Schwein	42,10%		Schaf/Ziege	29,40%
	Pflanzen	56,30%		Pflanzen	54,50%		Pflanzen	60,90%
KL1719	Rothirsch	11,90%	KL1719	Rothirsch	9,90%	KL1719	Rothirsch	14,90%
	Rind	31,70%		Schwein	35,60%		Schaf/Ziege	24,20%
	Pflanzen	-		Pflanzen	-		Pflanzen	-
KL1720	Rothirsch	-	**KL1720**	Rothirsch	-	**KL1720**	Rothirsch	-
	Rind	-		Schwein	-		Schaf/Ziege	-
	Pflanzen	x		Pflanzen	x		Pflanzen	x
KL1721	Rothirsch	x	KL1721	Rothirsch	x	KL1721	Rothirsch	x
	Rind	x		Schwein	x		Schaf/Ziege	x

9.3 MixSIAR: Abbildungen

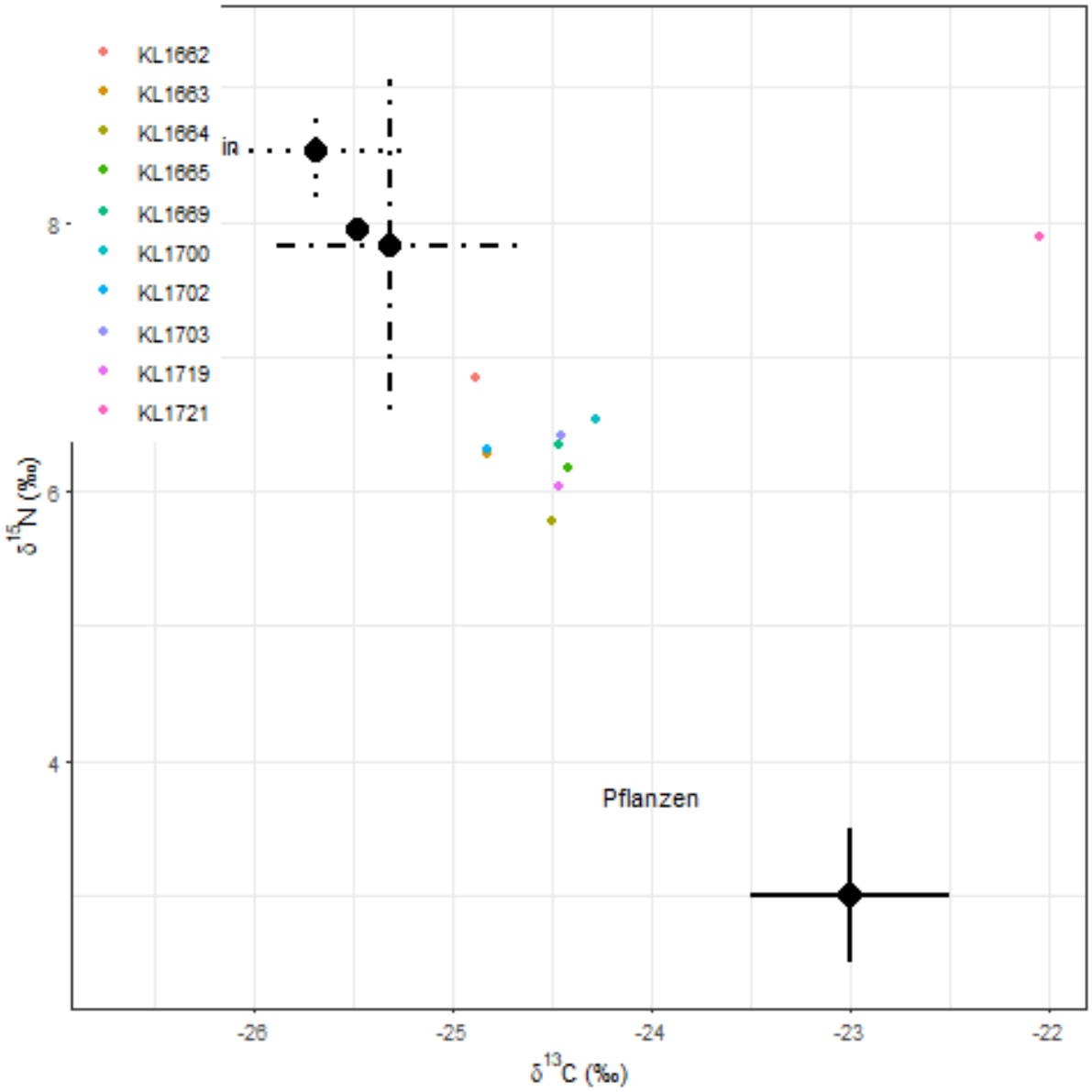


Abbildung 684: Isospace Plot der Individuen aus Erding-Klettham. Erstellt mit MixSIAR.

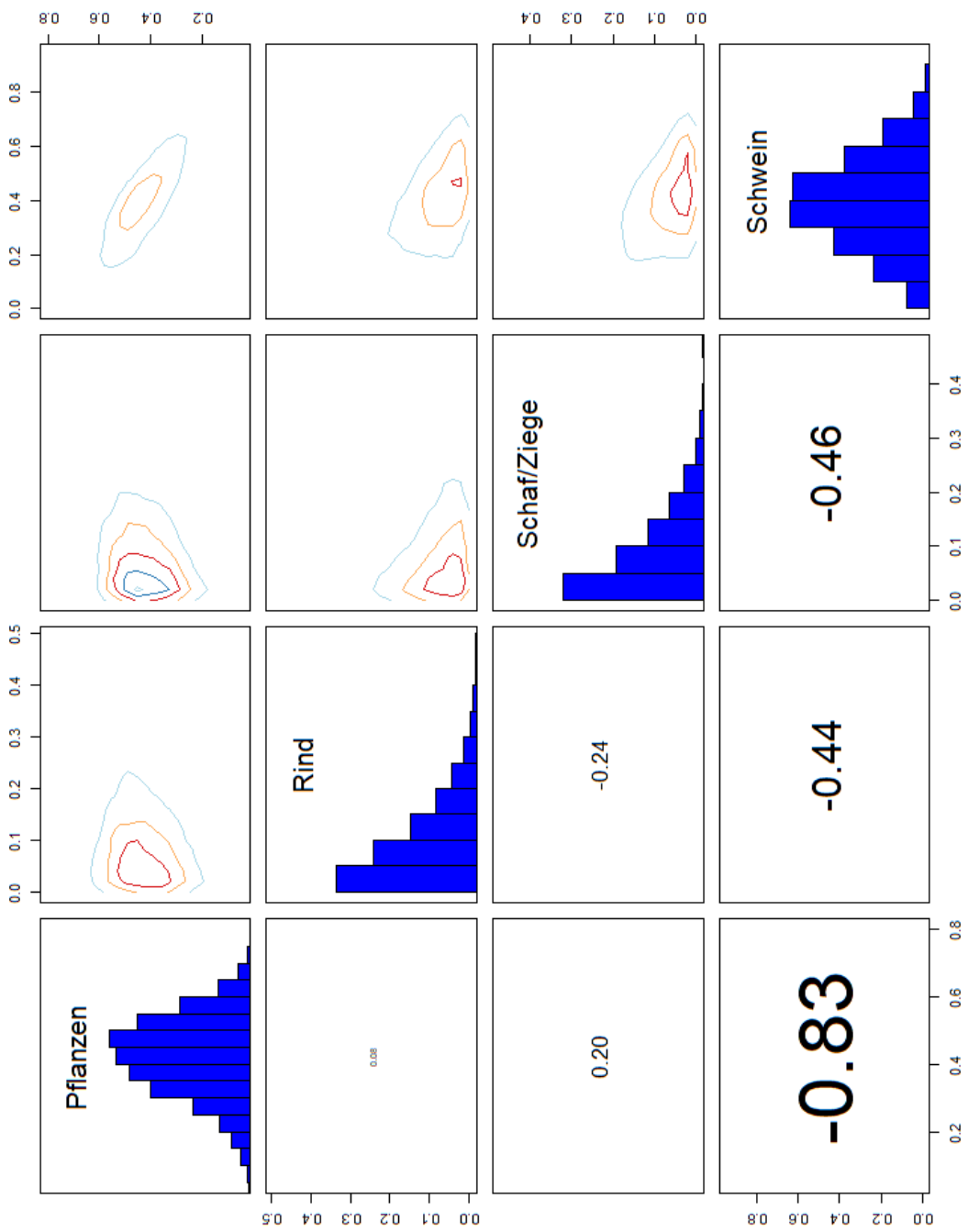


Abbildung 685: Pairs Plot der Population aus Erding-Klettham. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

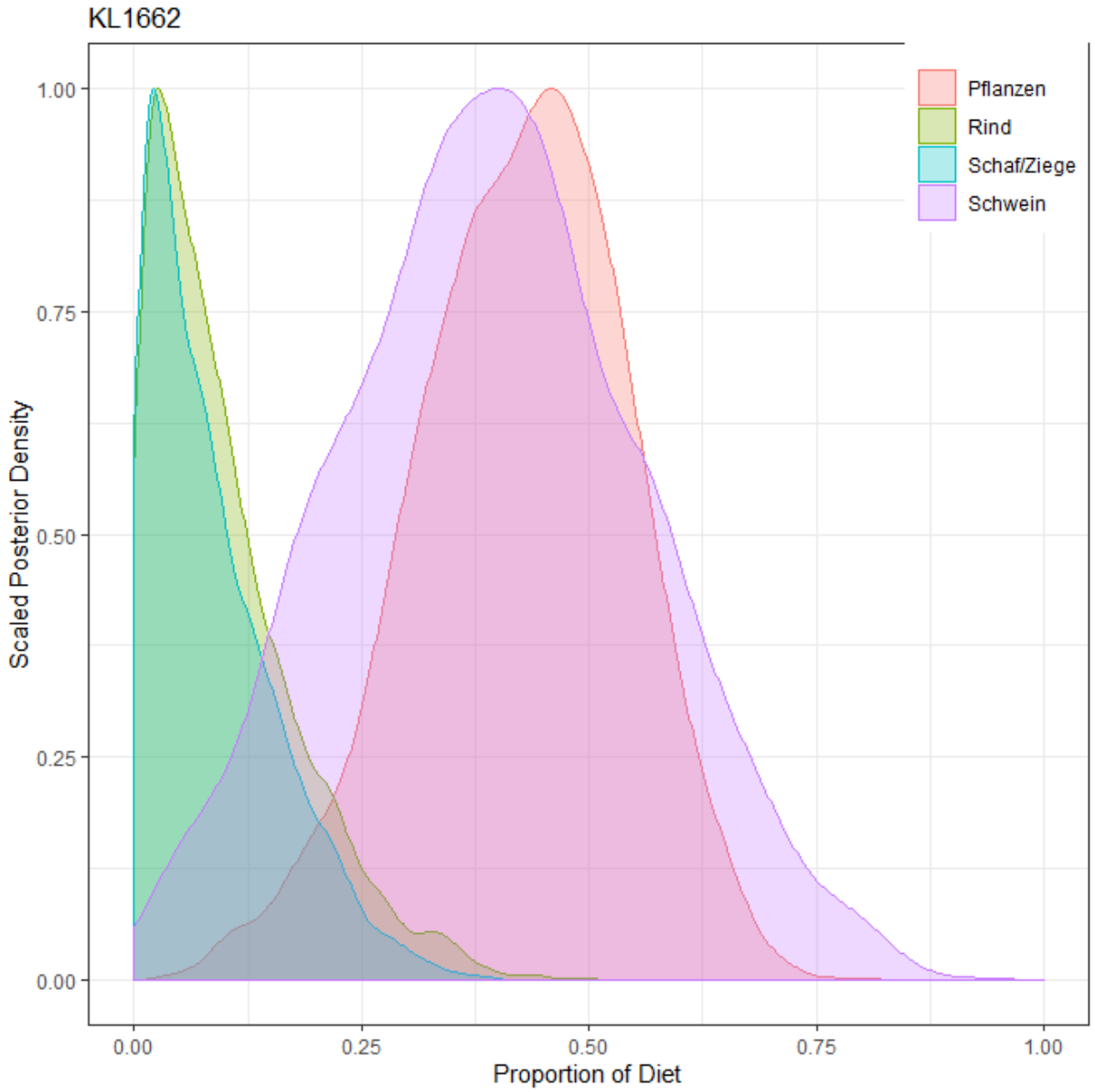


Abbildung 686: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1662. Erstellt mit MixSIAR.

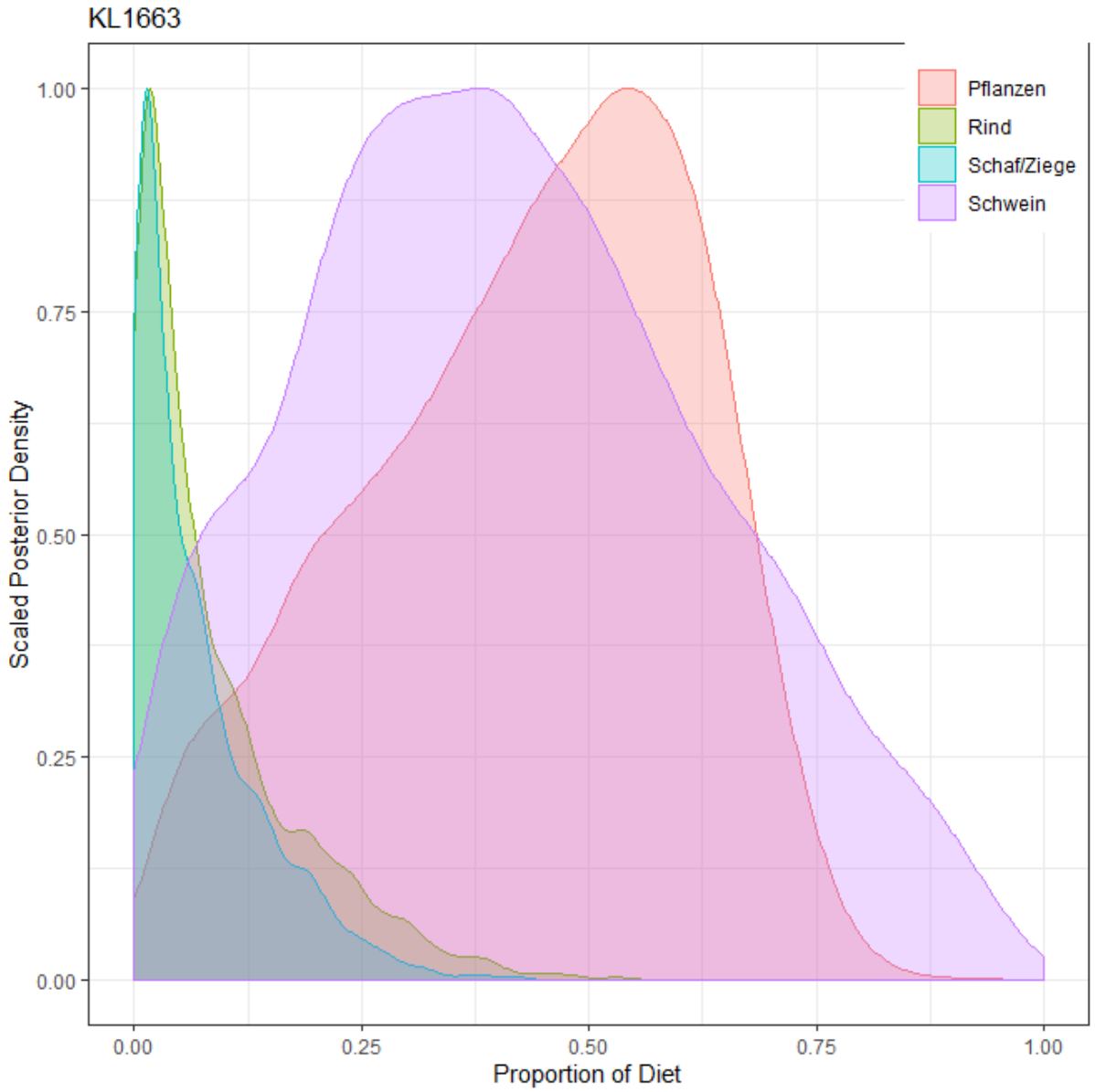


Abbildung 687: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1663. Erstellt mit MixSIAR.

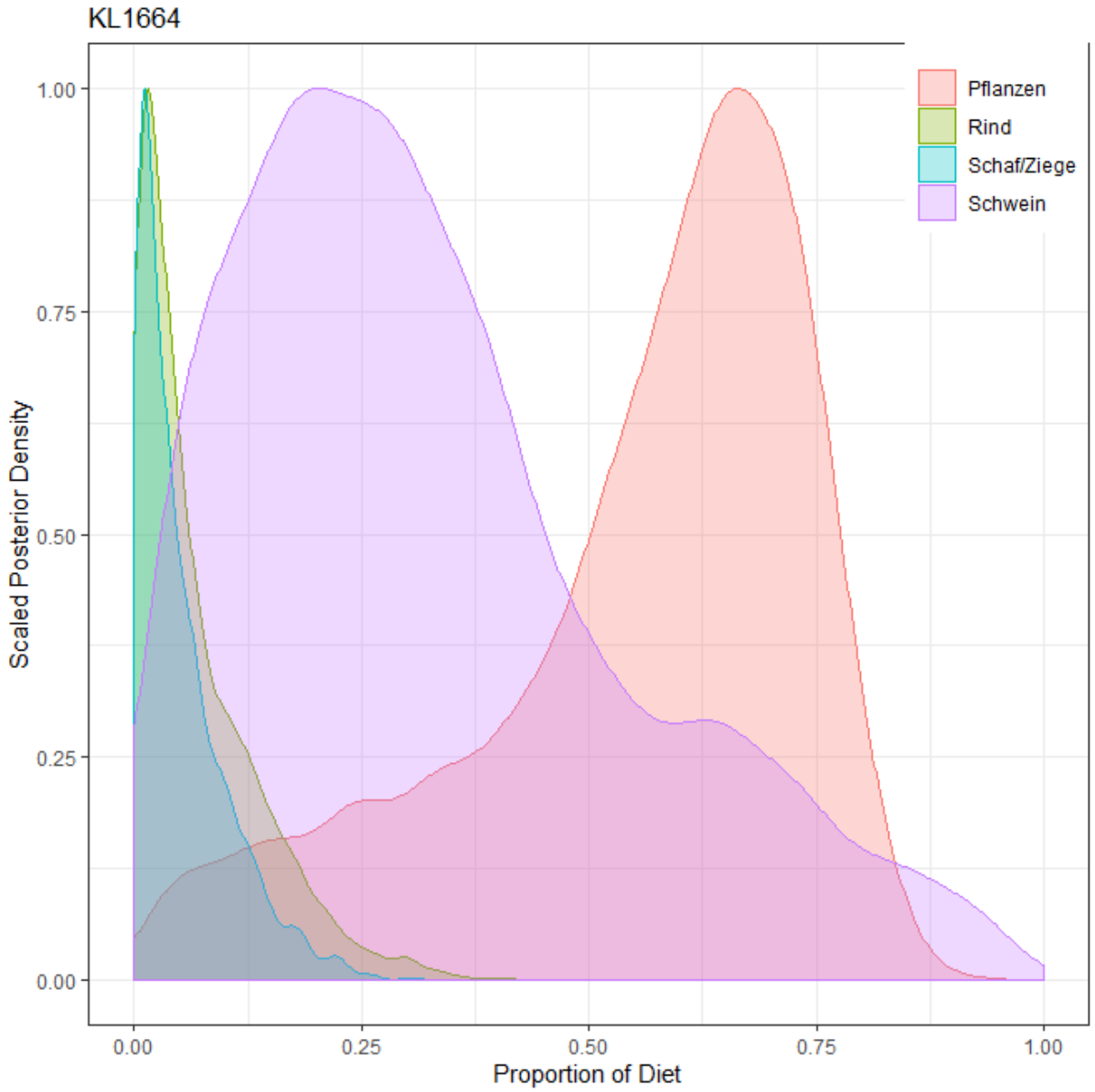


Abbildung 688: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1664. Erstellt mit MixSIAR.

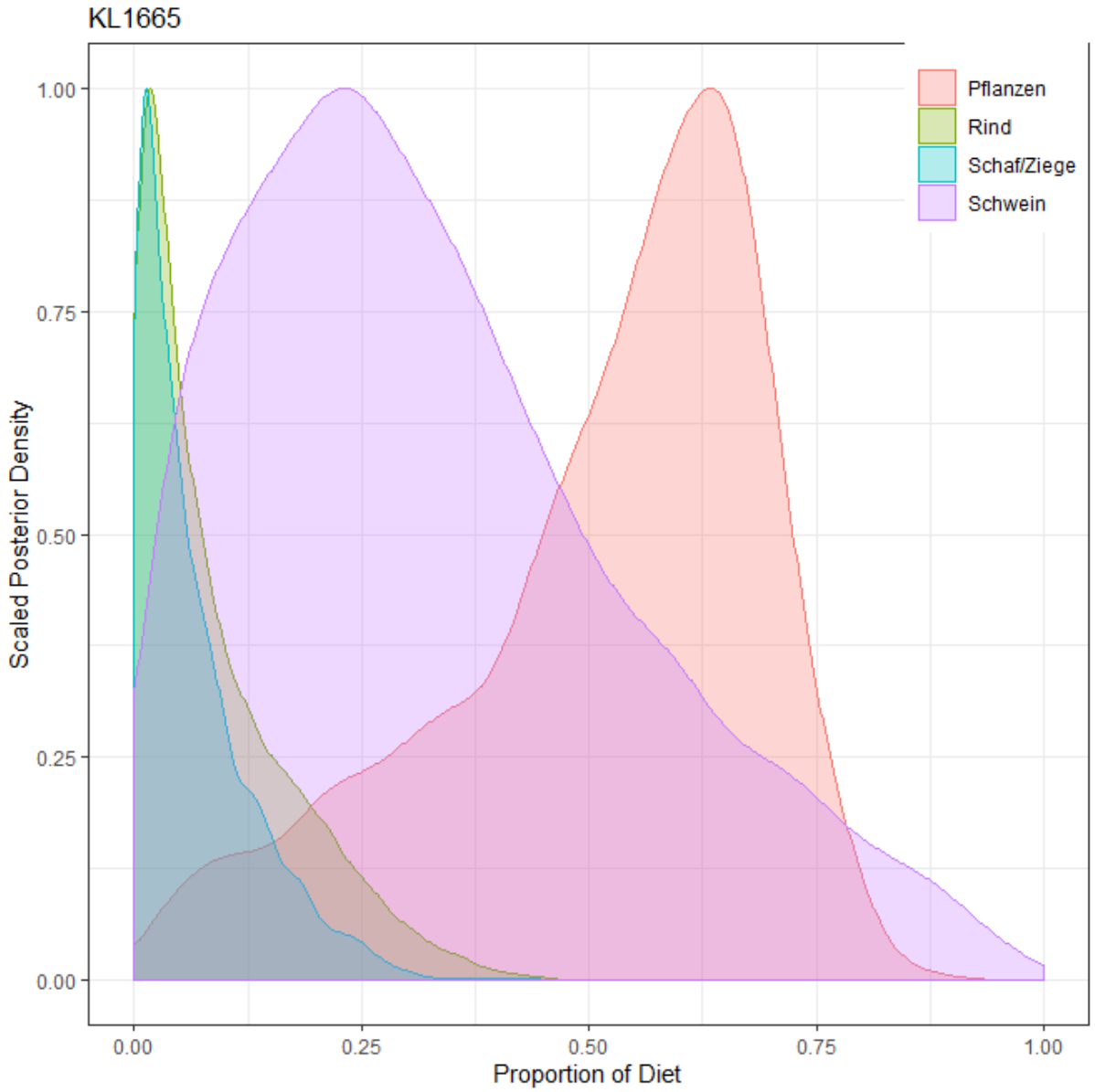


Abbildung 689: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1665. Erstellt mit MixSIAR.

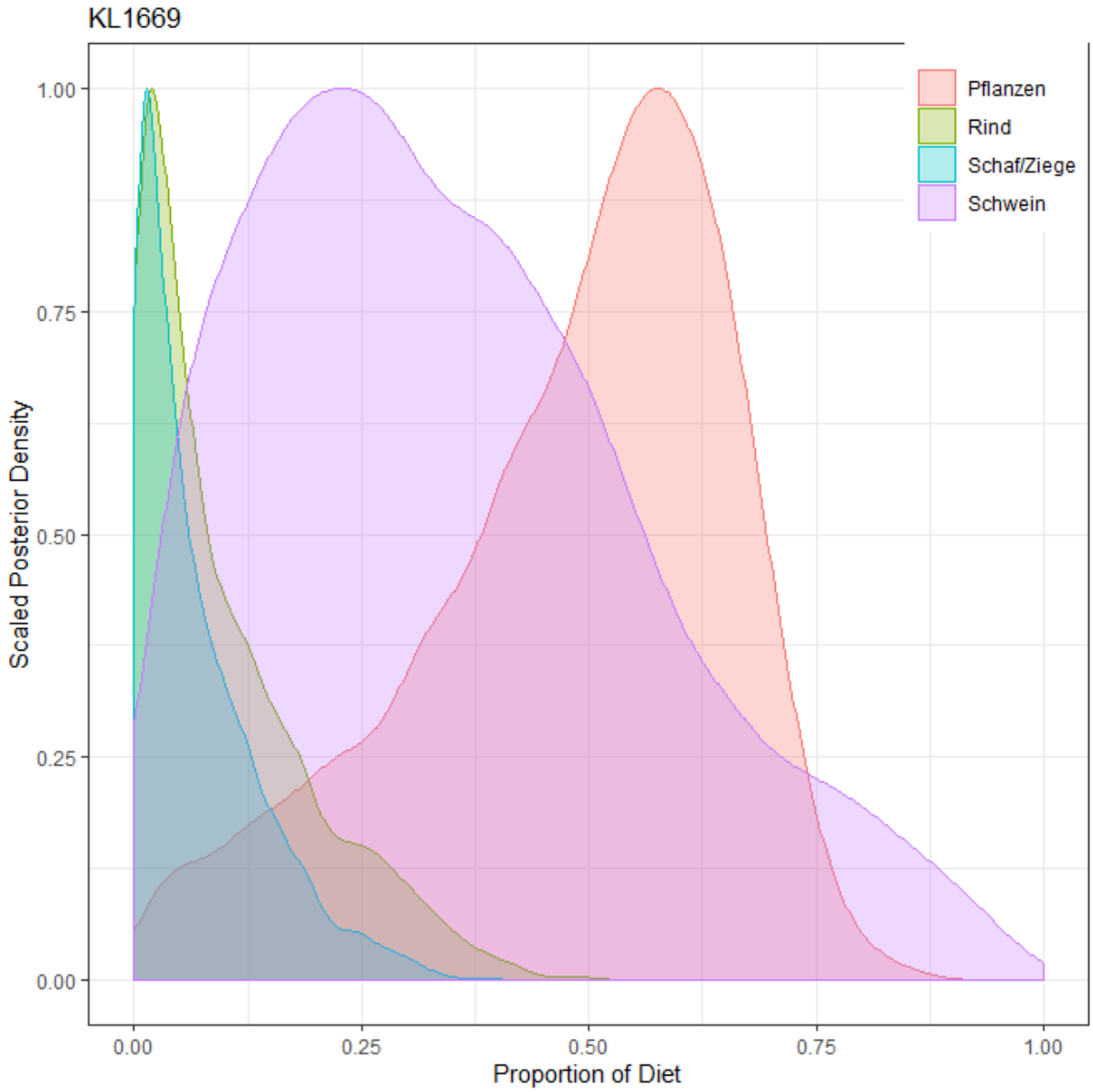


Abbildung 690: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1669. Erstellt mit MixSIAR.

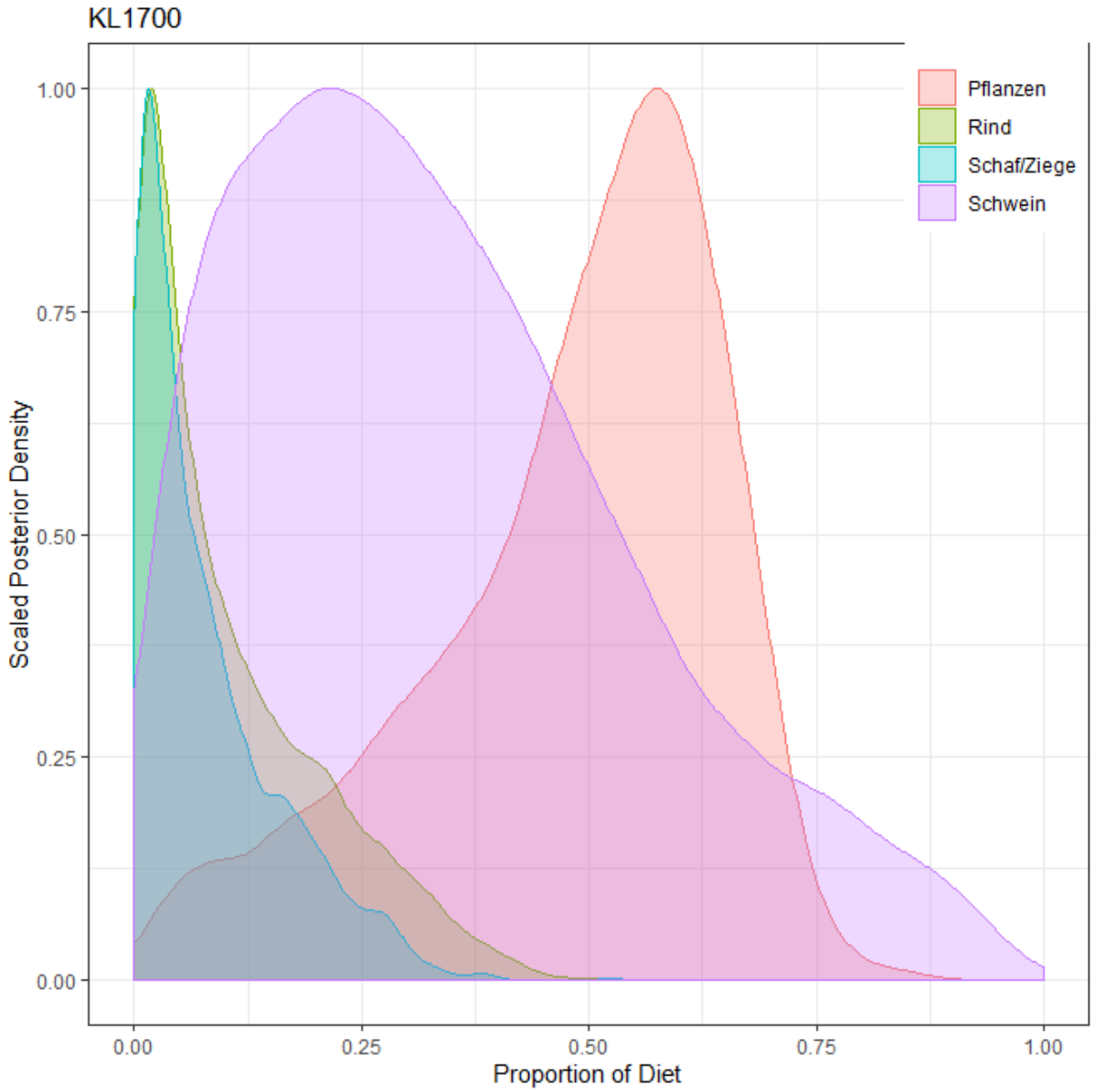


Abbildung 691: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1700. Erstellt mit MixSIAR.

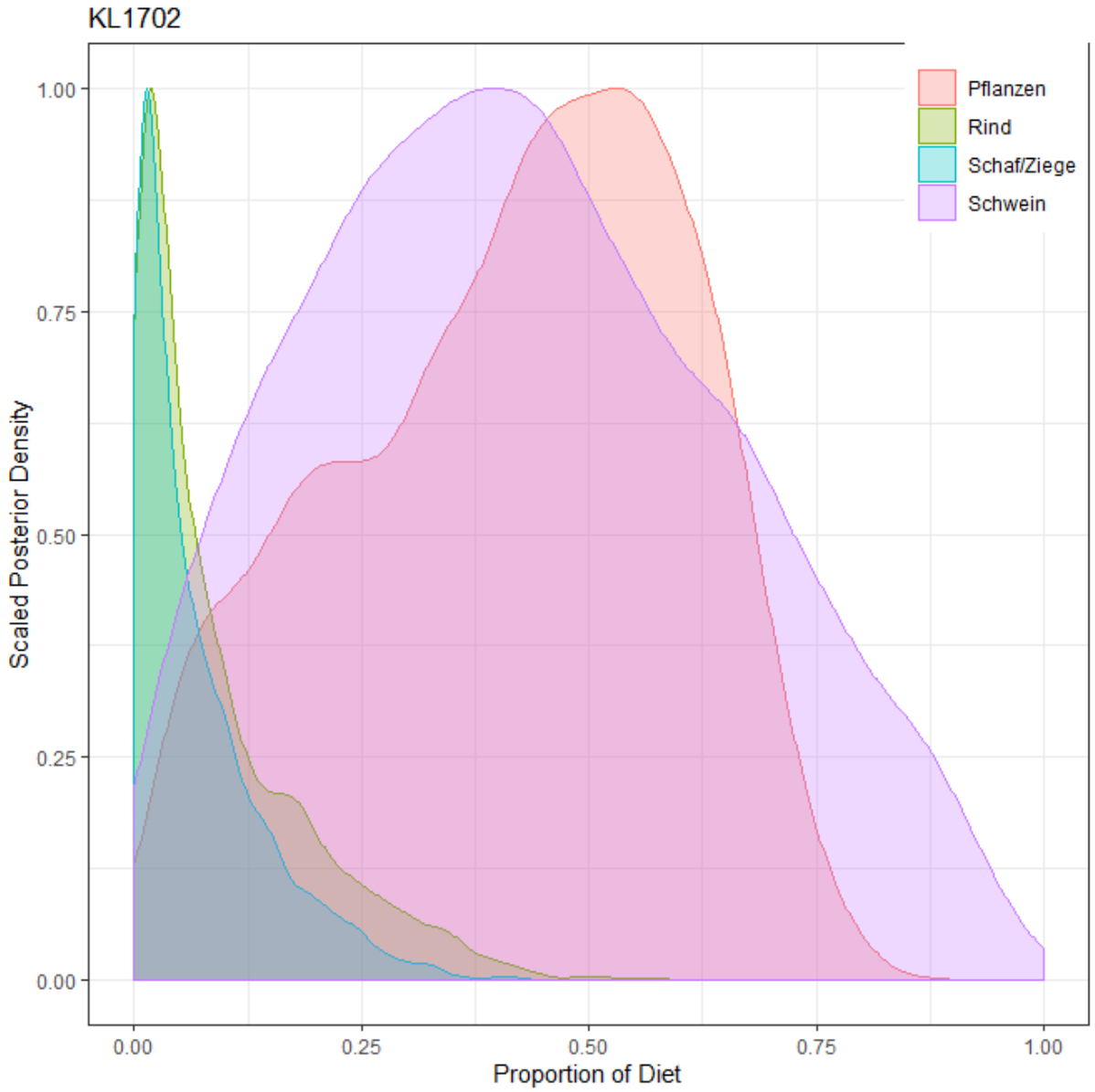


Abbildung 692: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1702. Erstellt mit MixSIAR.

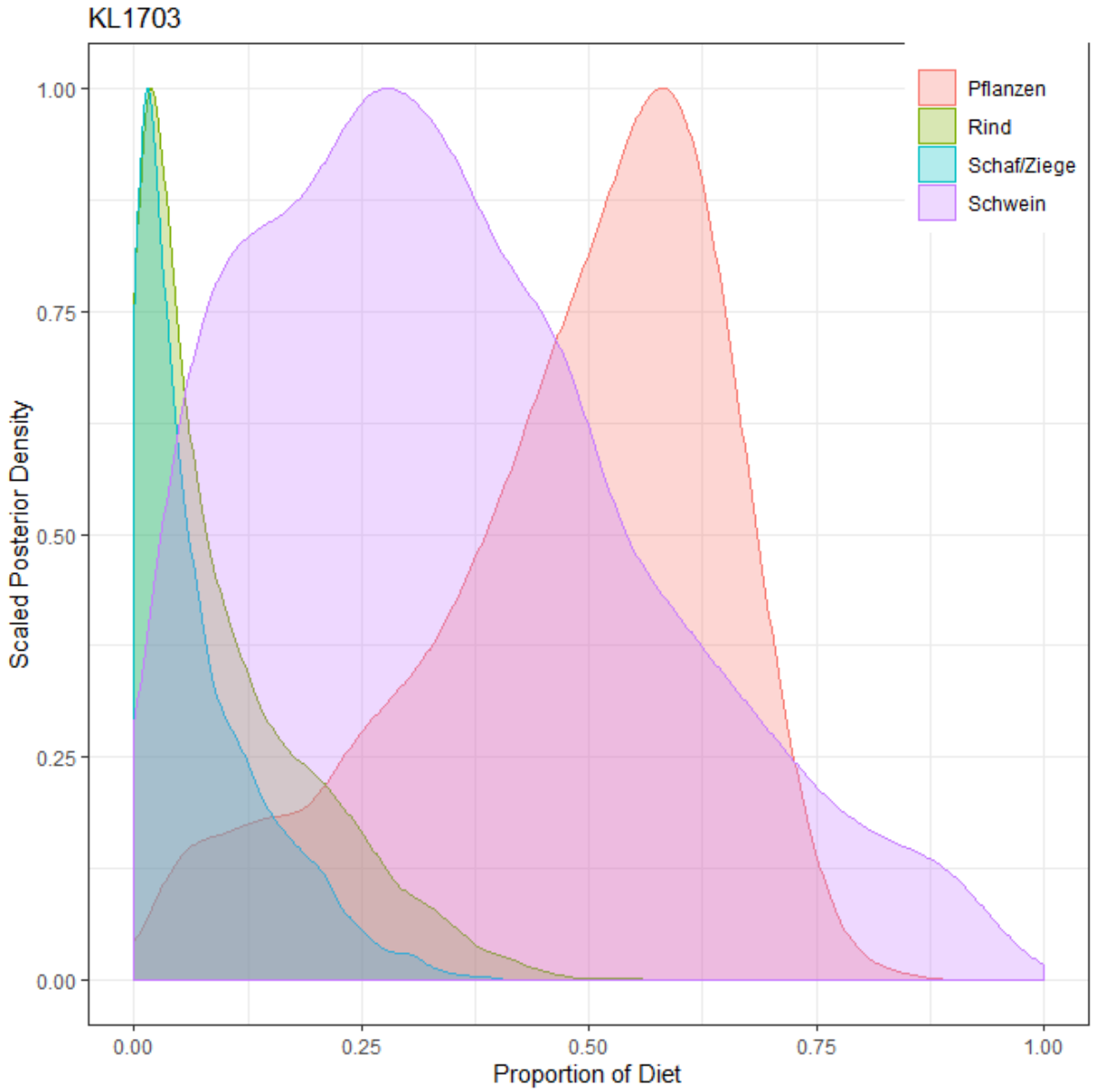


Abbildung 693: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1703. Erstellt mit MixSIAR.

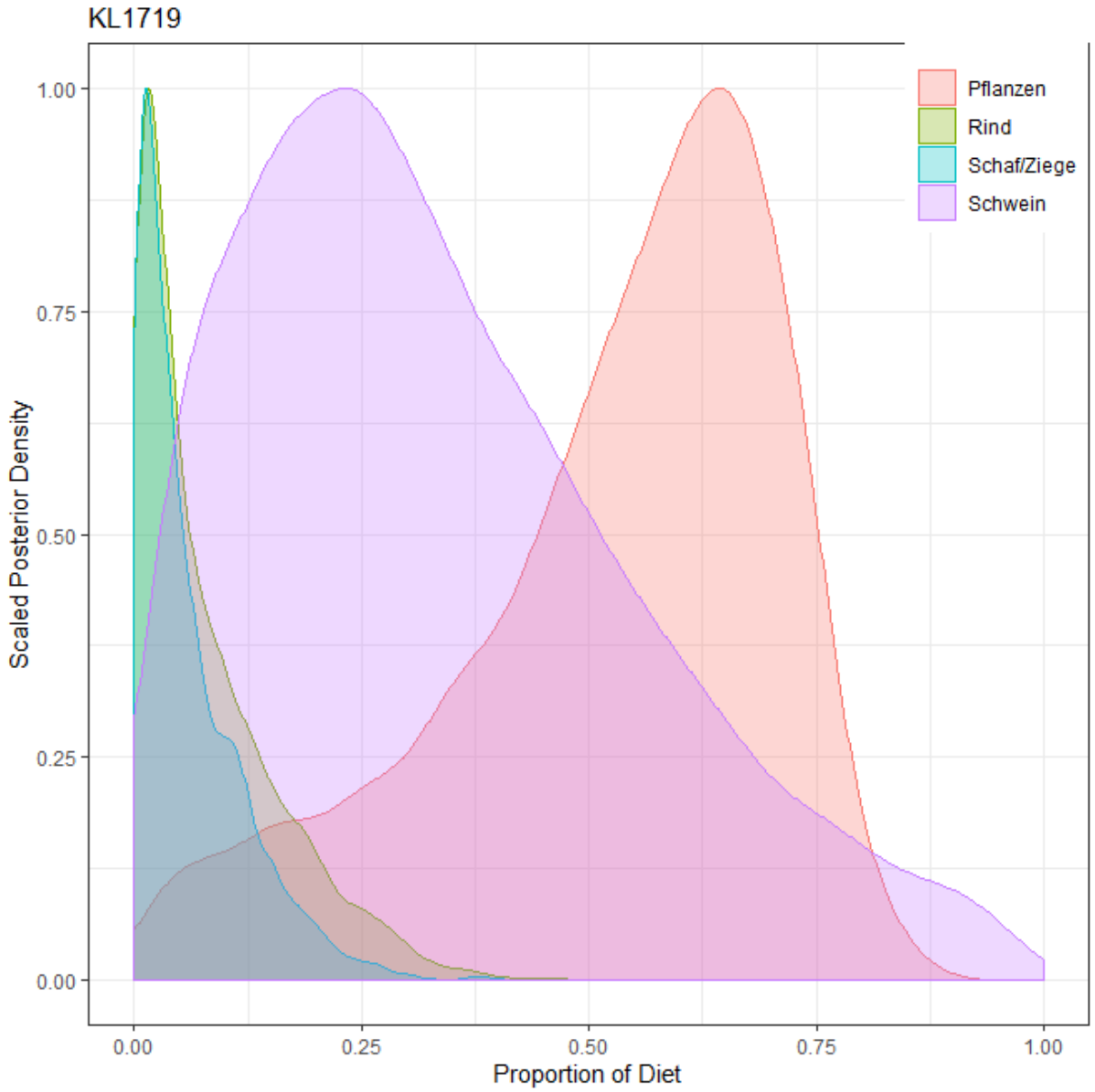


Abbildung 694: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1719. Erstellt mit MixSIAR.

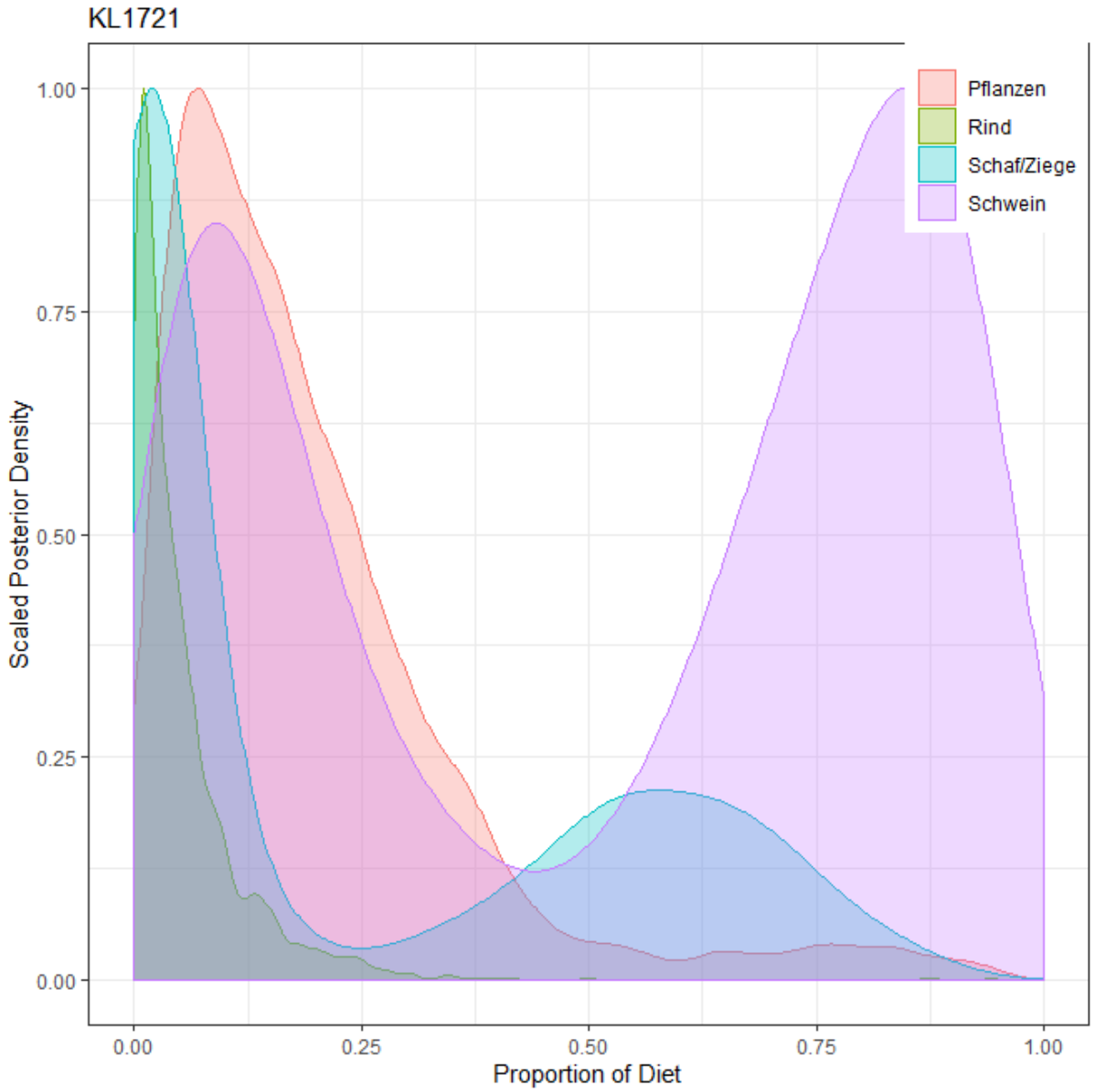


Abbildung 695: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Klettham (KL) 1721. Erstellt mit MixSIAR.

9.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 28: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Klettham (KL). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR Version A: 4 Quellen						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
KL1662	Pflanzen	17,8%	42,5%	11,6%	43,2%	63,6%
	Rind	0,3%	9,8%	8,2%	7,7%	31,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,5%	7,2%	6,8%	26,0%
	Schwein	7,4%	39,3%	16,5%	39,2%	72,0%
KL1663	Pflanzen	5,6%	42,9%	18,1%	45,3%	71,9%
	Rind	0,1%	8,9%	9,3%	5,6%	33,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,1%	7,2%	4,7%	25,7%
	Schwein	3,5%	41,1%	22,1%	39,6%	86,8%
KL1664	Pflanzen	7,9%	55,1%	19,1%	60,4%	79,8%
	Rind	0,1%	7,0%	6,9%	4,7%	24,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,2%	5,1%	3,6%	18,6%
	Schwein	2,7%	32,7%	21,6%	28,6%	84,6%
KL1665	Pflanzen	8,5%	51,4%	17,8%	56,0%	76,5%
	Rind	0,1%	8,9%	8,6%	6,0%	30,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,6%	6,5%	4,5%	23,6%
	Schwein	2,3%	33,1%	21,5%	29,4%	83,0%
KL1669	Pflanzen	7,4%	48,0%	17,2%	51,7%	73,2%
	Rind	0,1%	10,0%	9,6%	6,7%	33,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,1%	6,9%	4,8%	25,4%
	Schwein	3,0%	34,9%	21,6%	31,8%	84,6%
KL1700	Pflanzen	8,2%	48,0%	16,5%	51,8%	71,2%
	Rind	0,2%	10,5%	10,1%	7,0%	34,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	8,0%	7,9%	5,3%	27,9%
	Schwein	2,7%	33,5%	21,6%	30,1%	83,9%
KL1702	Pflanzen	5,0%	41,3%	18,7%	43,7%	71,2%
	Rind	0,1%	9,3%	9,7%	5,6%	34,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,0%	7,2%	4,5%	25,9%
	Schwein	3,6%	42,5%	22,7%	41,2%	87,8%
KL1703	Pflanzen	7,1%	47,5%	16,8%	51,1%	71,8%
	Rind	0,1%	10,2%	9,9%	6,8%	35,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,3%	7,4%	4,8%	26,0%
	Schwein	3,0%	35,0%	21,6%	32,2%	85,1%
KL1719	Pflanzen	7,6%	52,5%	18,4%	56,8%	77,4%
	Rind	0,1%	8,0%	7,9%	5,2%	28,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,0%	6,0%	4,1%	21,2%
	Schwein	2,8%	33,5%	21,6%	29,6%	84,4%
KL1720	Pflanzen	-	-	-	-	-
	Rind	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-
	Schwein	-	-	-	-	-
KL1721	Pflanzen	1,8%	19,3%	16,8%	15,2%	75,1%
	Rind	0,1%	5,6%	7,7%	3,2%	24,1%
	Schaf/Ziege	0,1%	22,8%	27,9%	4,3%	78,4%
	Schwein	1,8%	52,3%	34,2%	66,1%	95,8%

9.5 SISUS: Abbildungen

KL1662

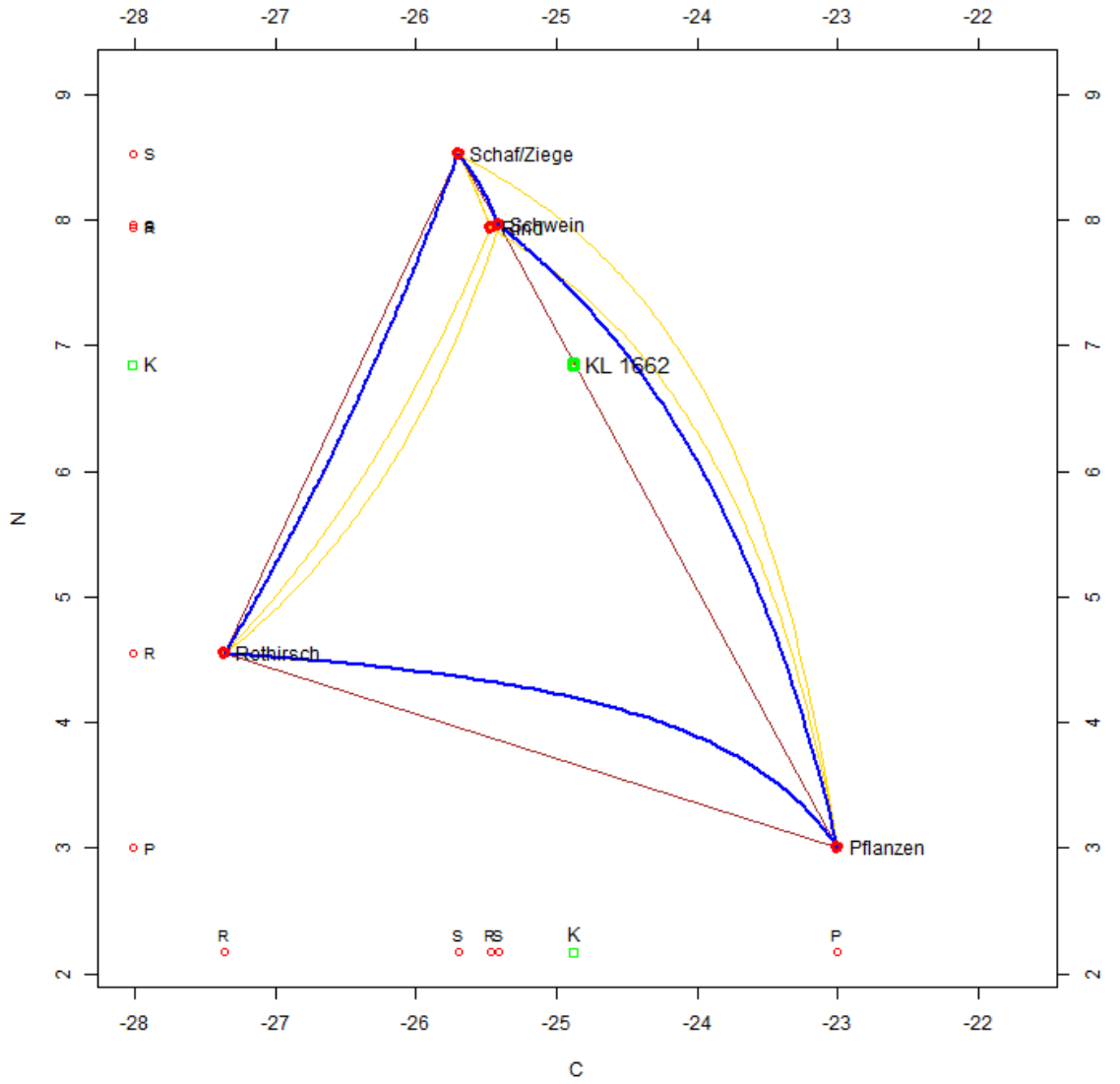


Abbildung 696: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1662. Erstellt mit SISUS.

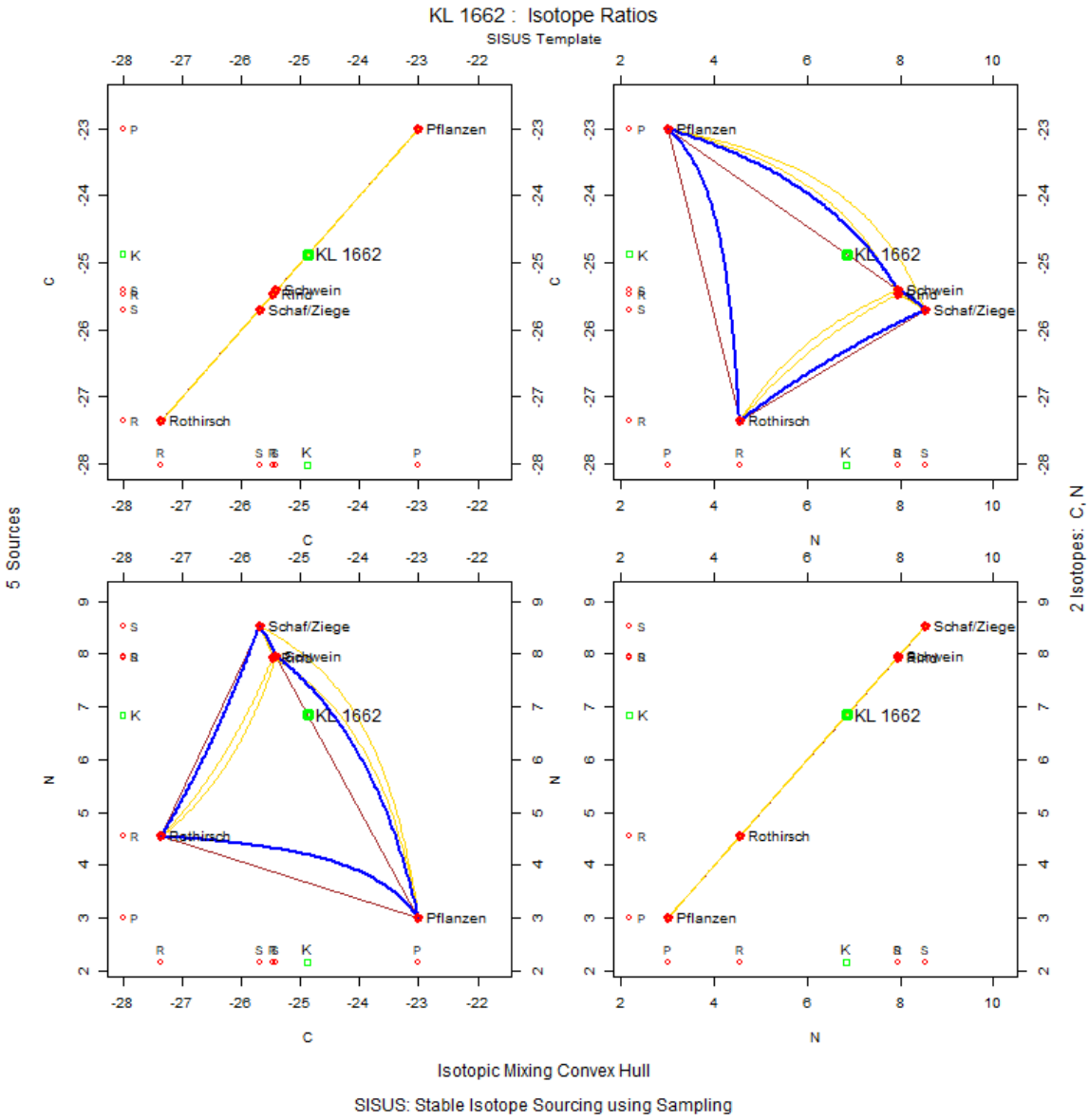


Abbildung 697: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1662 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

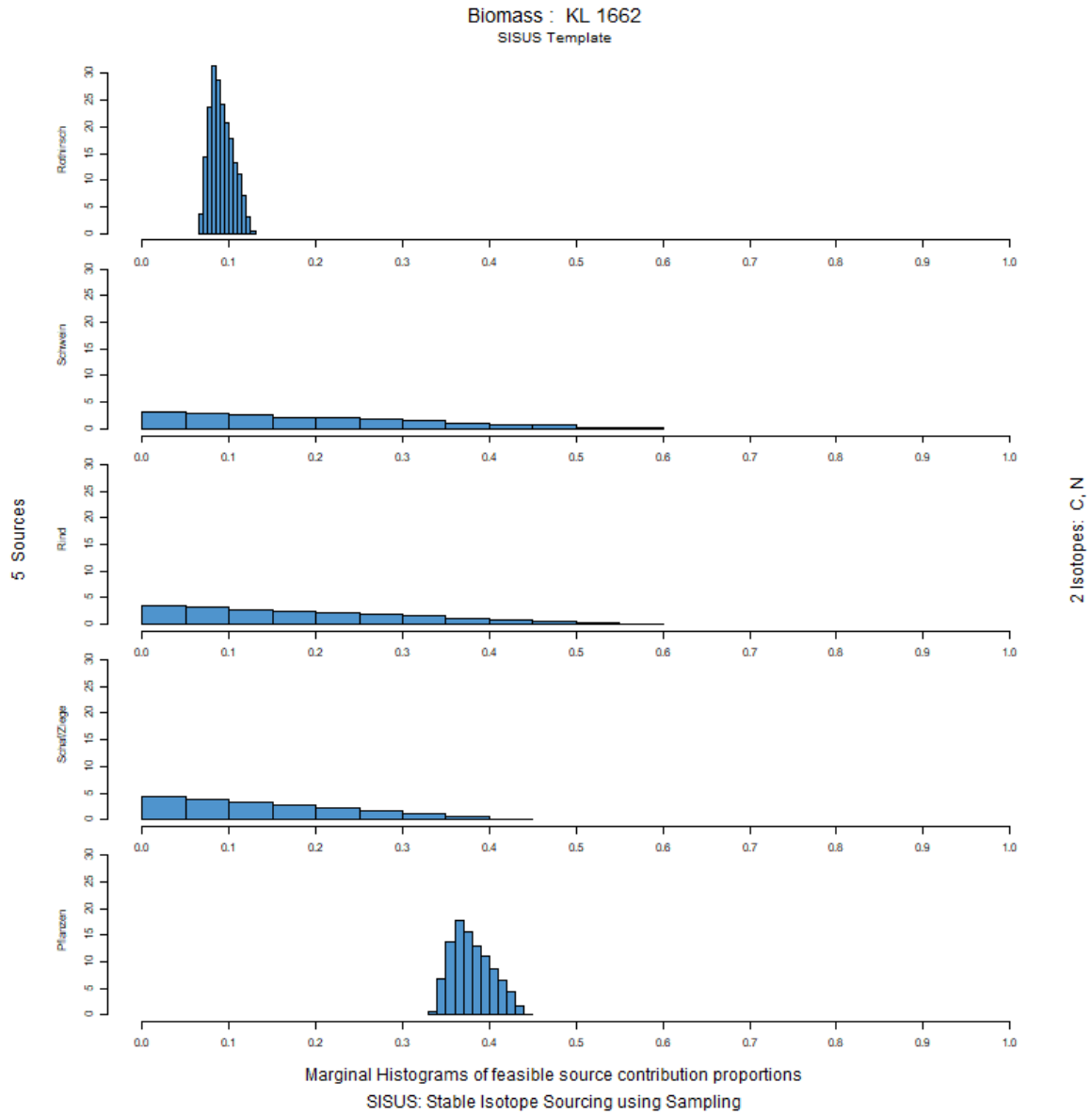


Abbildung 698: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1662. Erstellt mit SISUS.

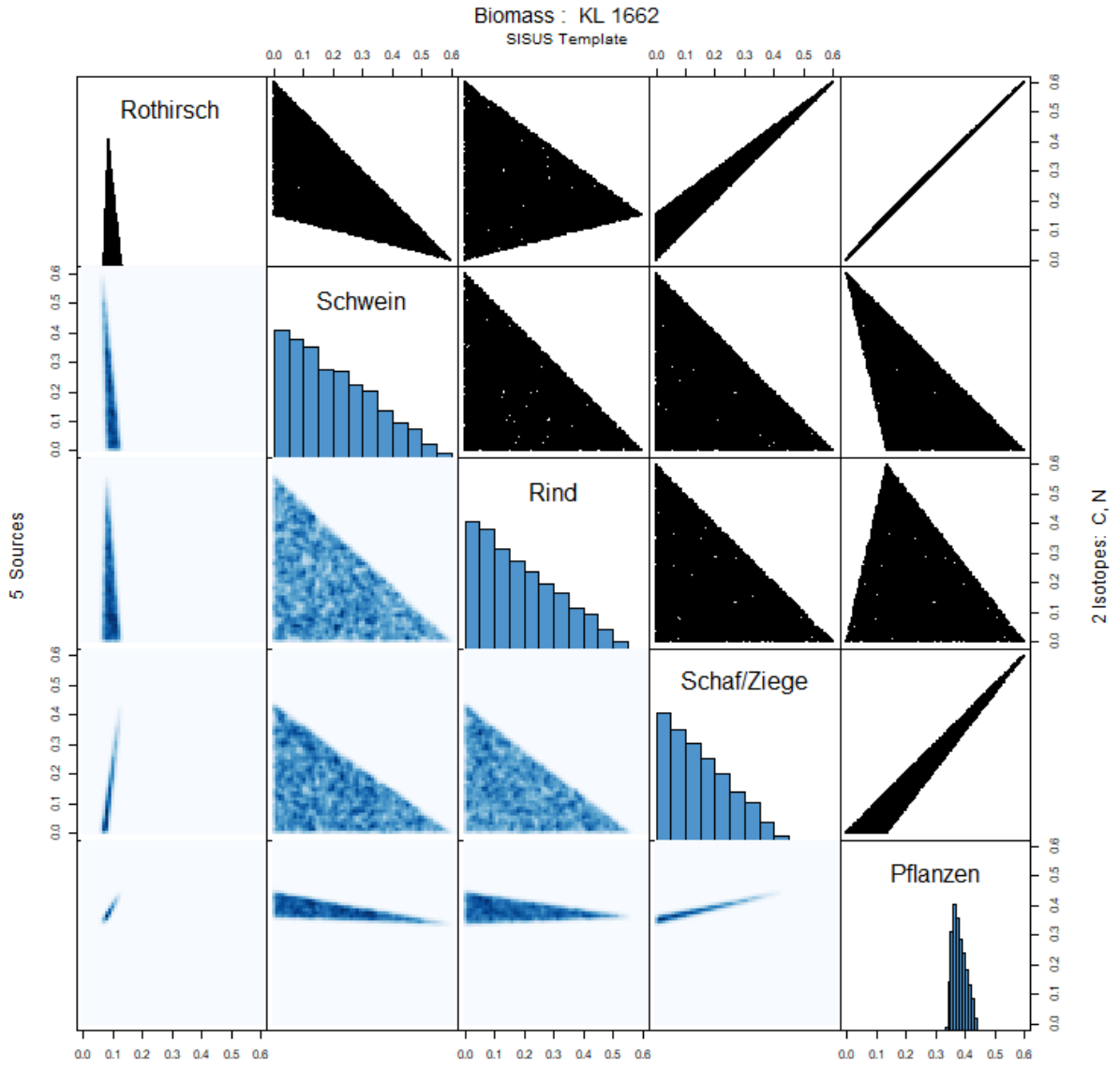


Abbildung 699: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1662. Erstellt mit SISUS.

KL 1663

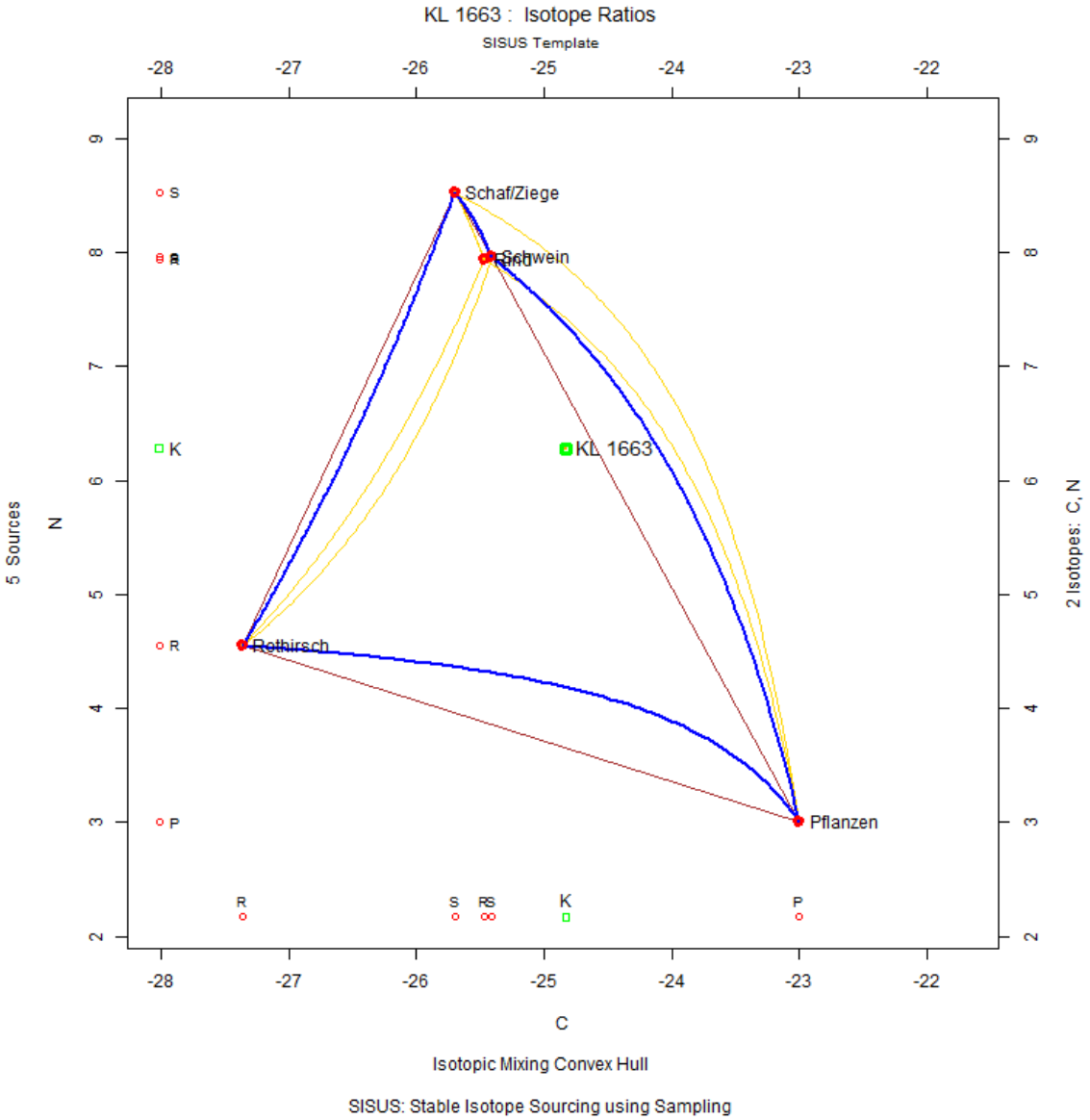


Abbildung 700: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1663. Erstellt mit SISUS.

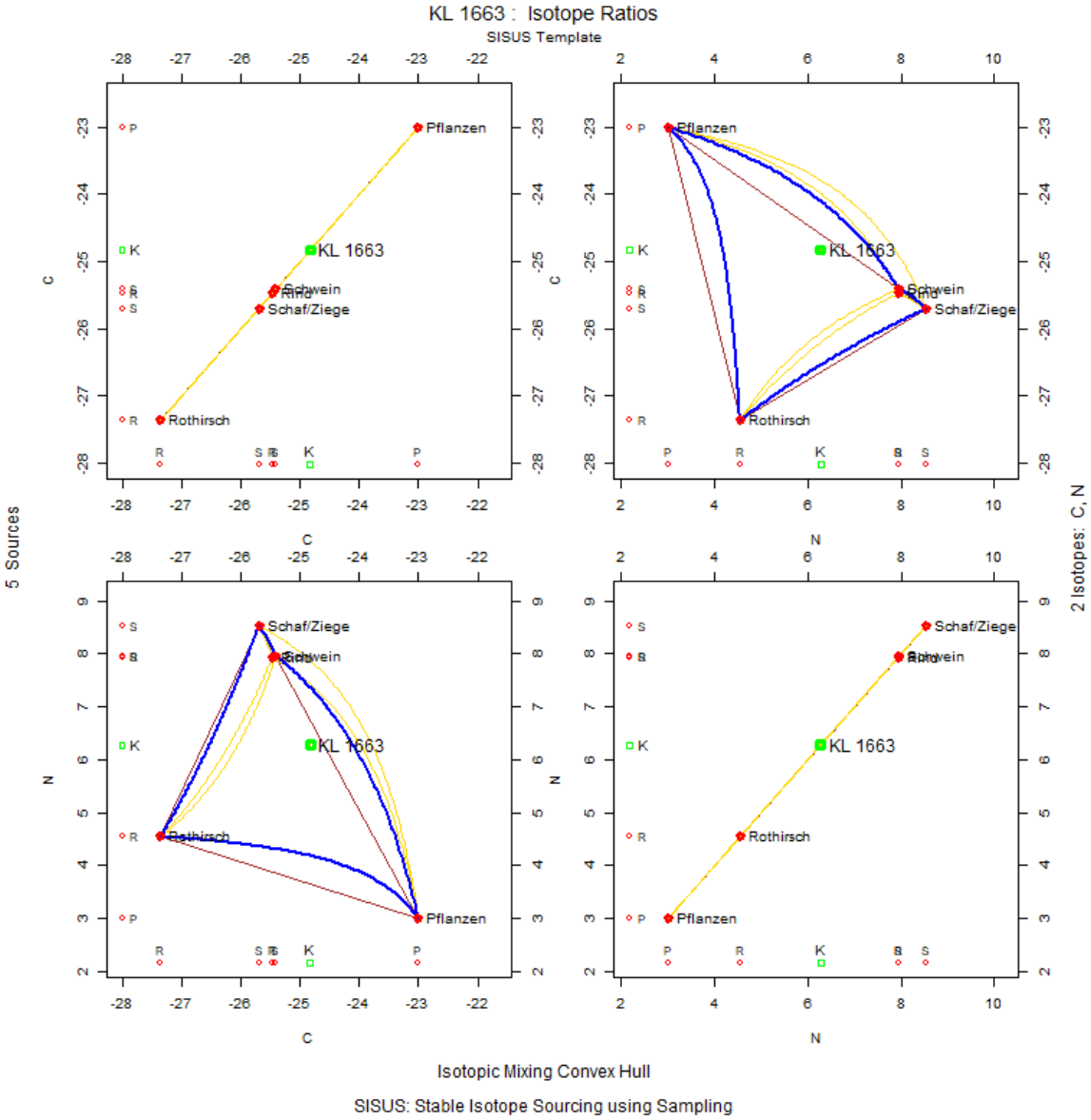


Abbildung 701: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1663 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

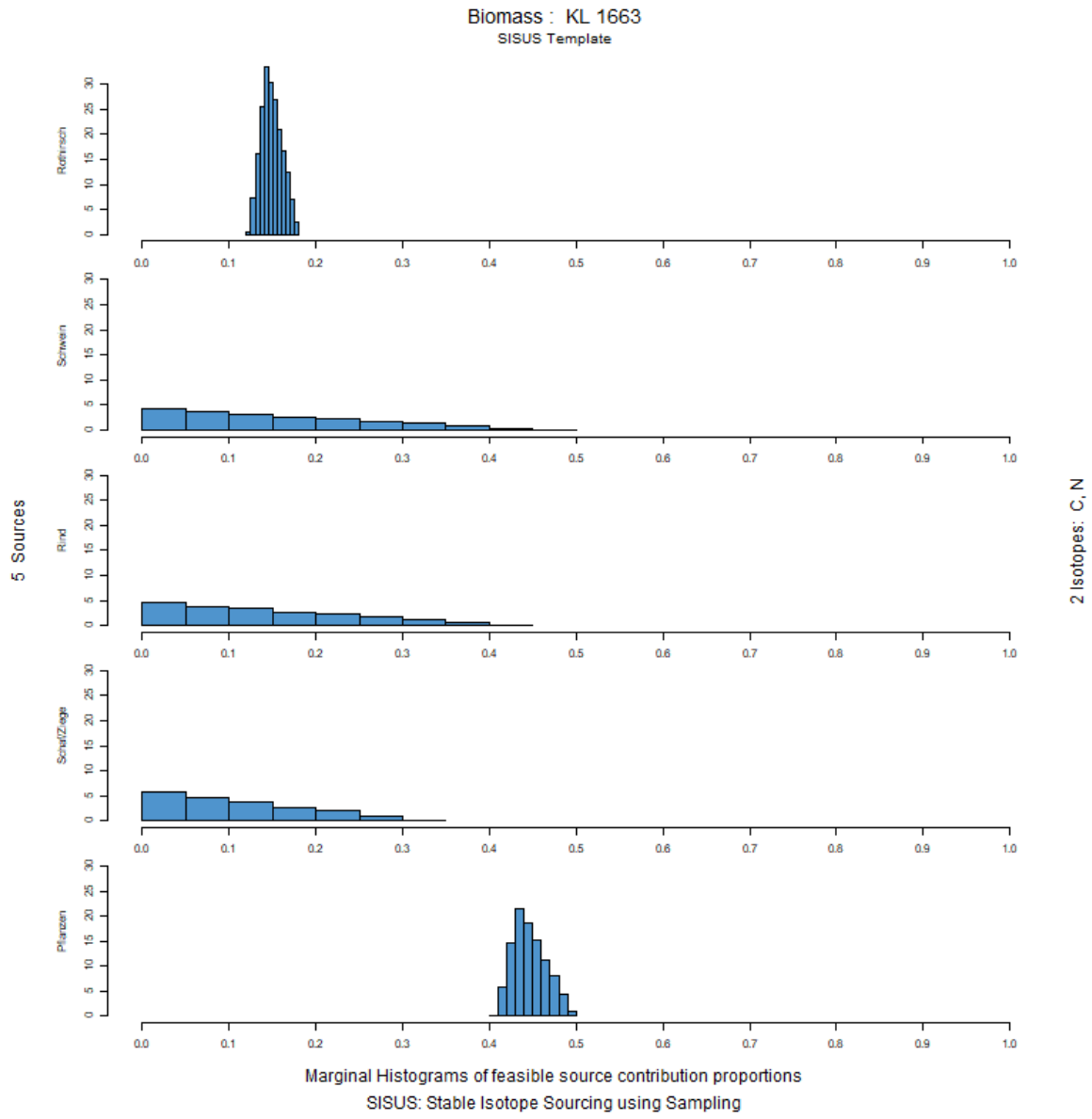


Abbildung 702: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1663. Erstellt mit SISUS.

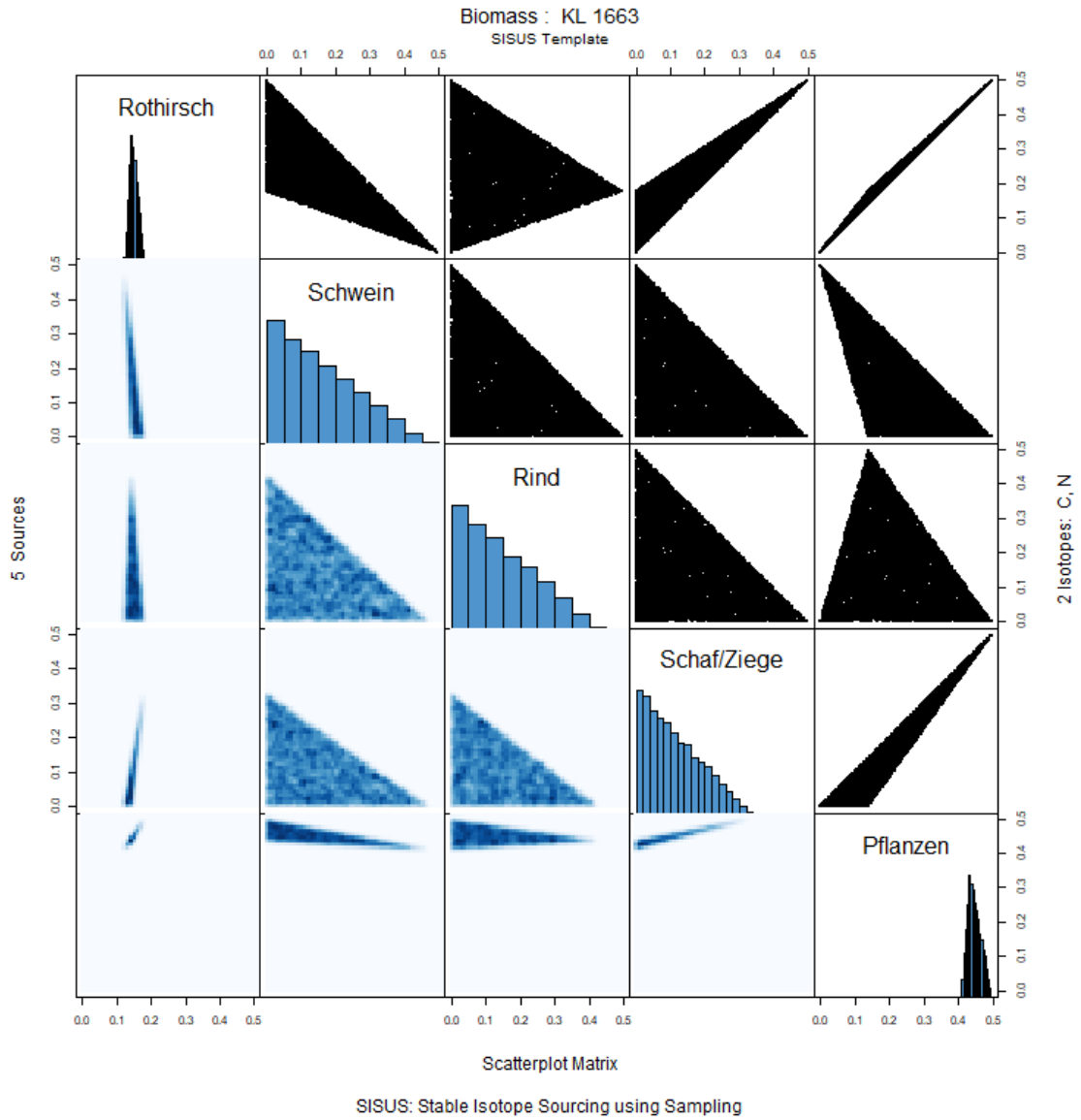


Abbildung 703: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1663. Erstellt mit SISUS.

KL 1664

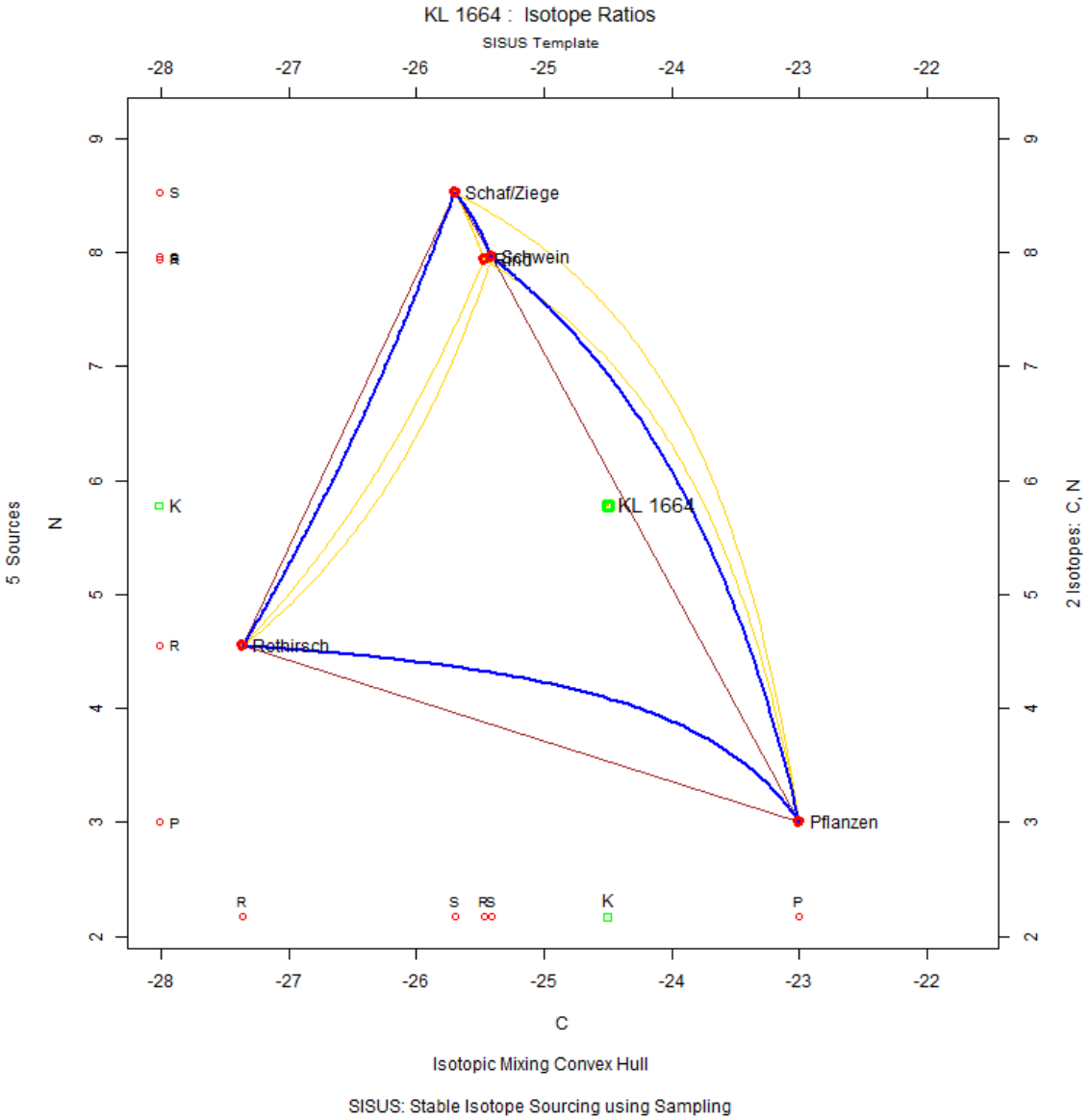


Abbildung 704: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1664. Erstellt mit SISUS.

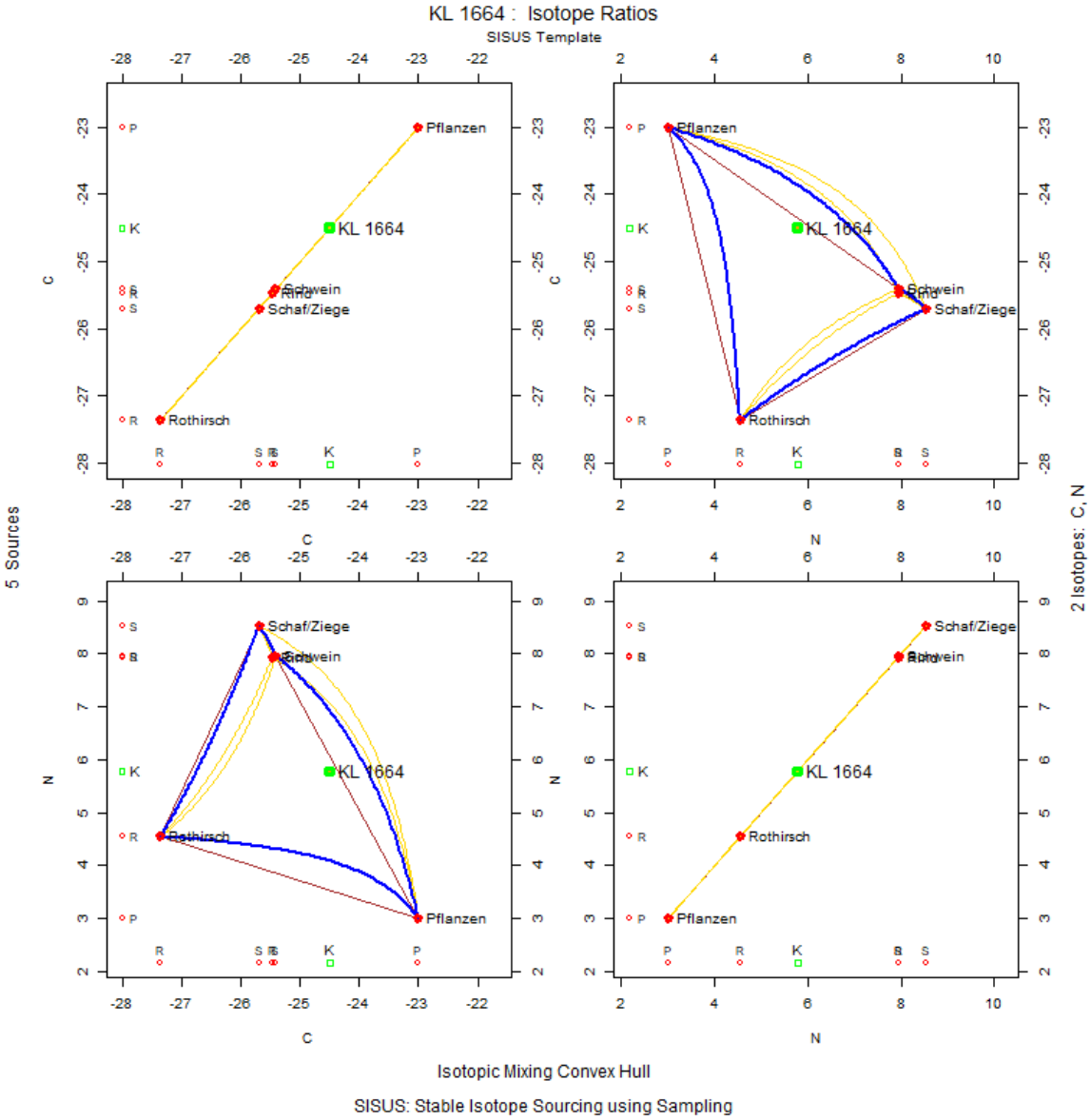


Abbildung 705: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1664 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

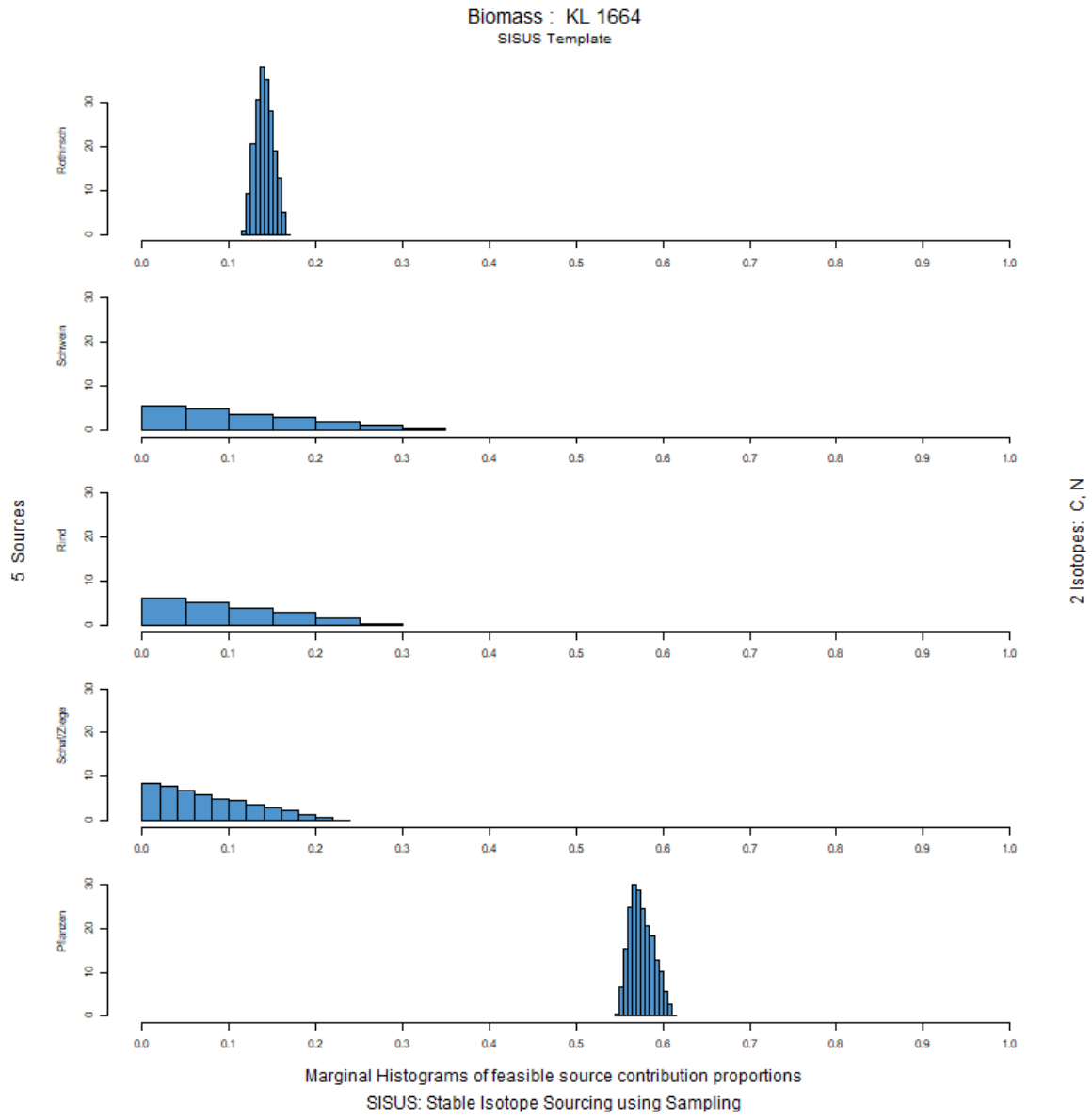


Abbildung 706: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1664. Erstellt mit SISUS.

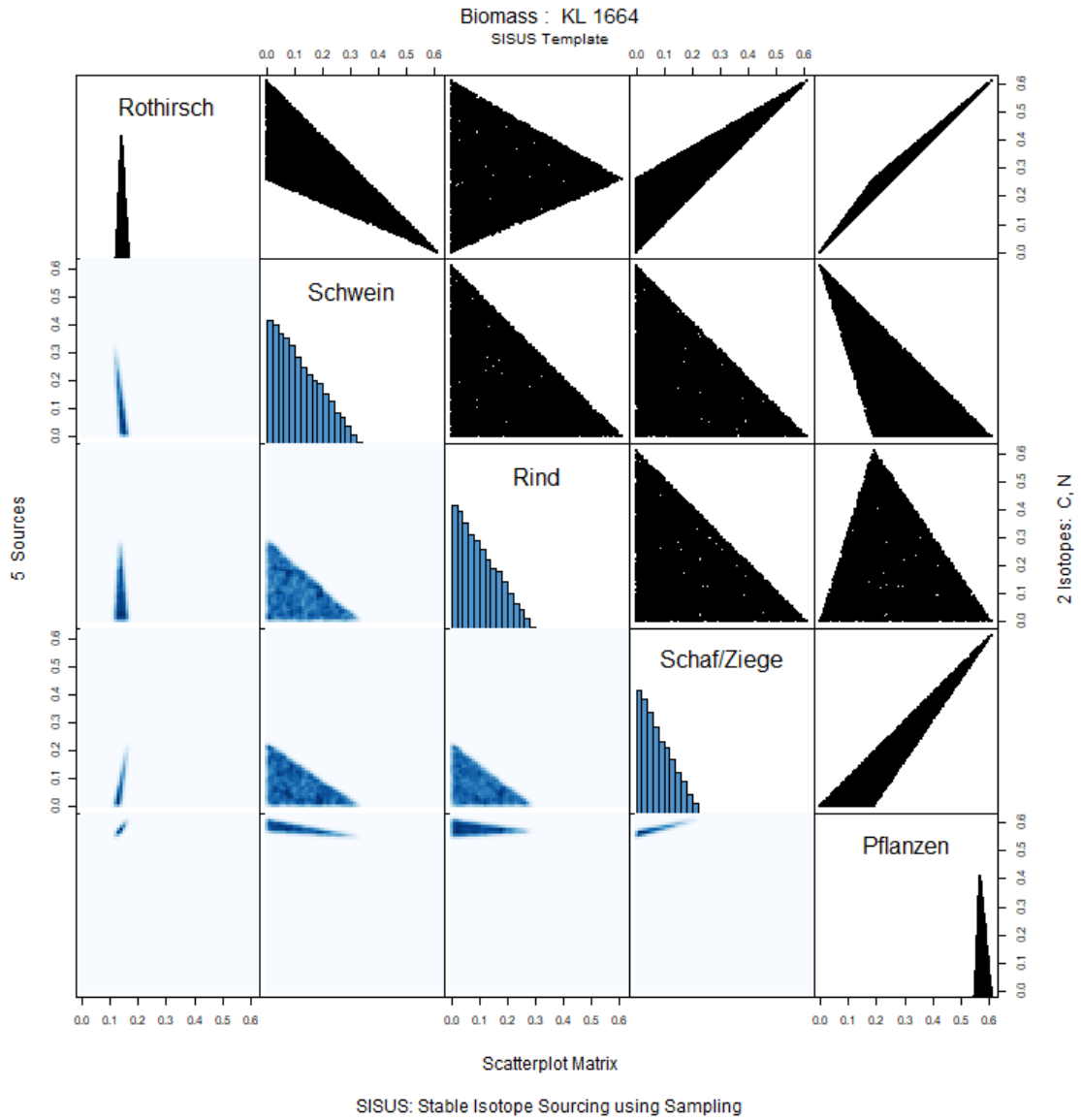


Abbildung 707: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1664. Erstellt mit SISUS.

KL 1665

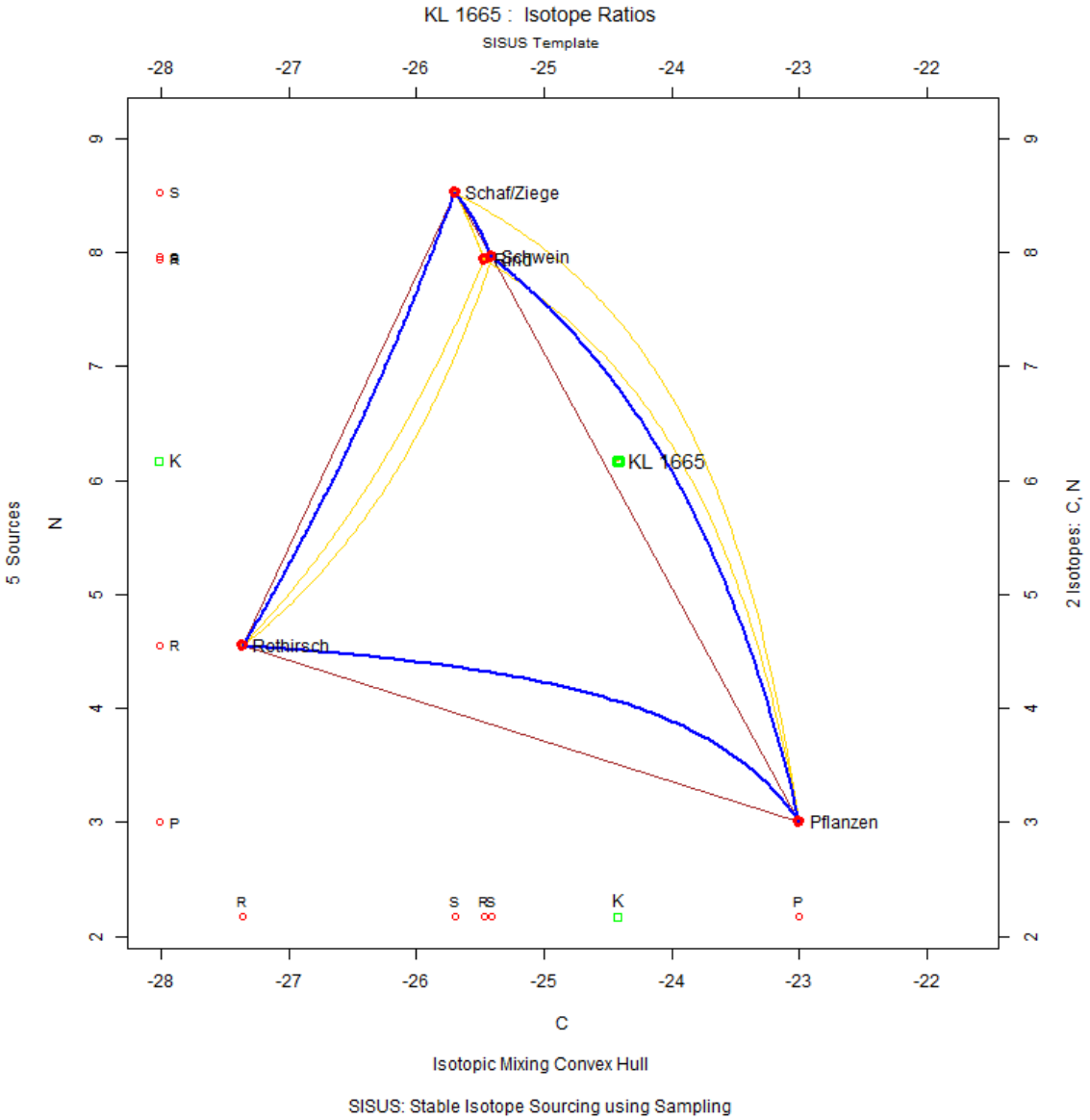


Abbildung 708: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1665. Erstellt mit SISUS.

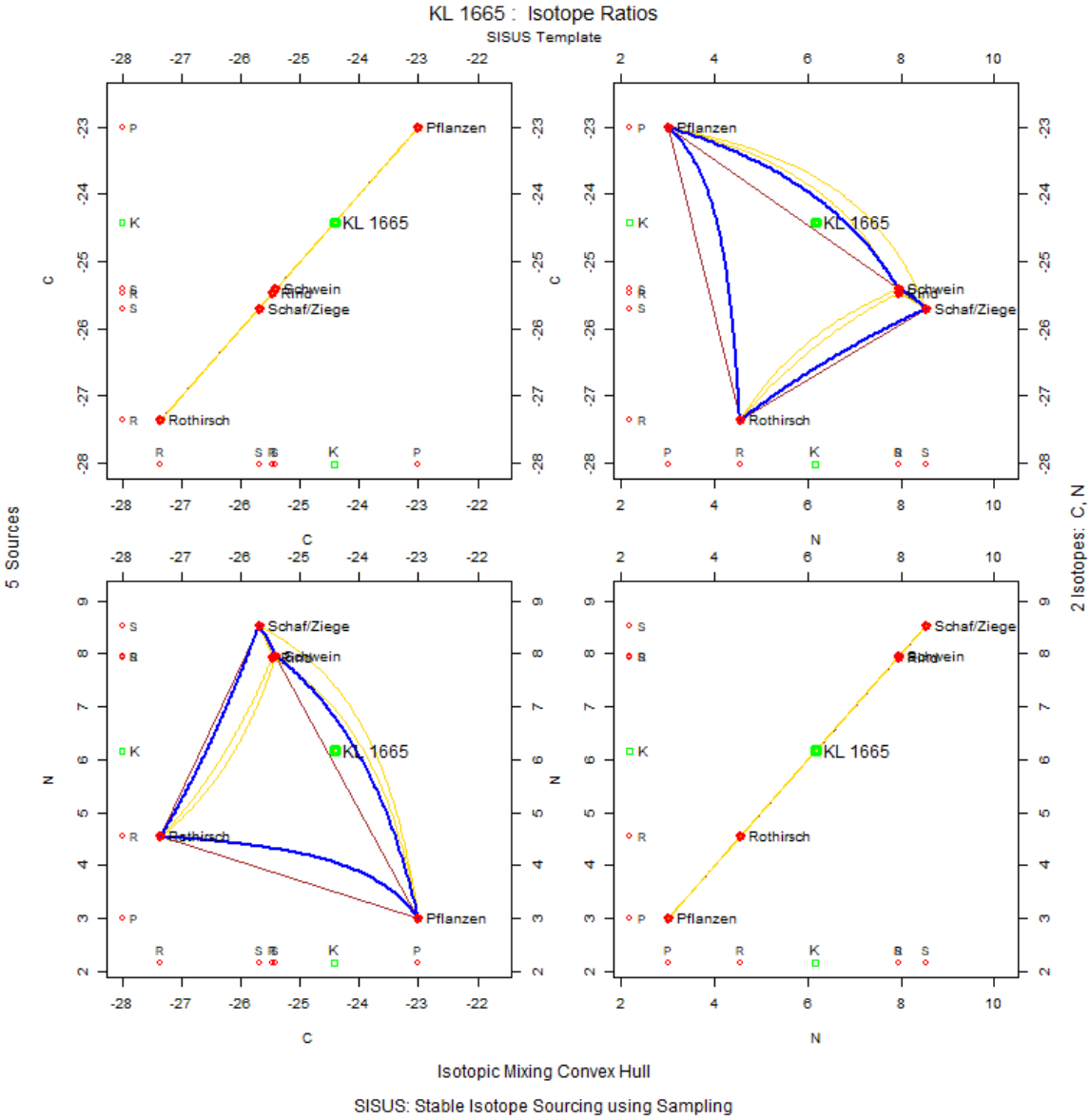


Abbildung 709: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1665 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

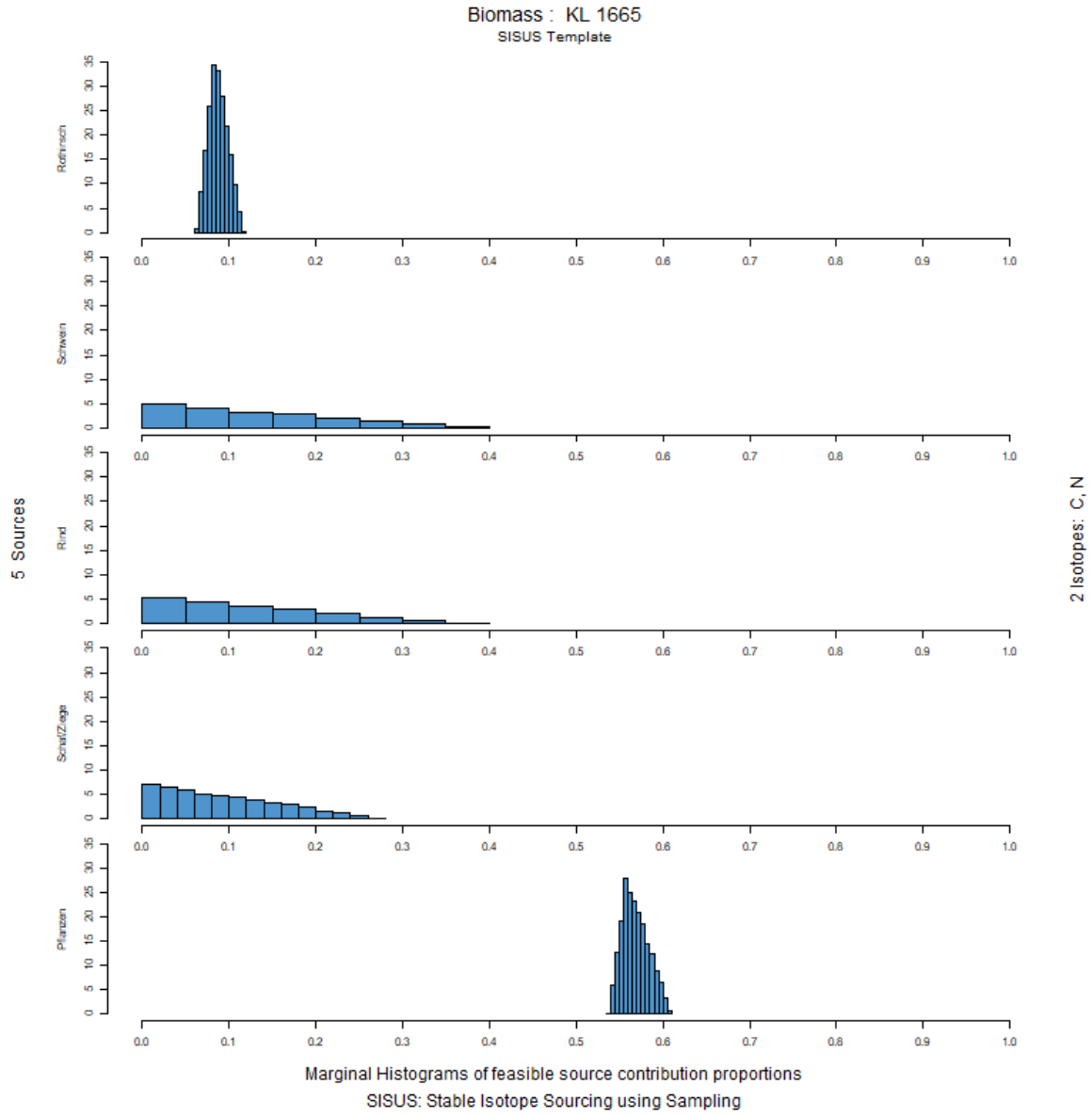


Abbildung 710: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1665. Erstellt mit SISUS.

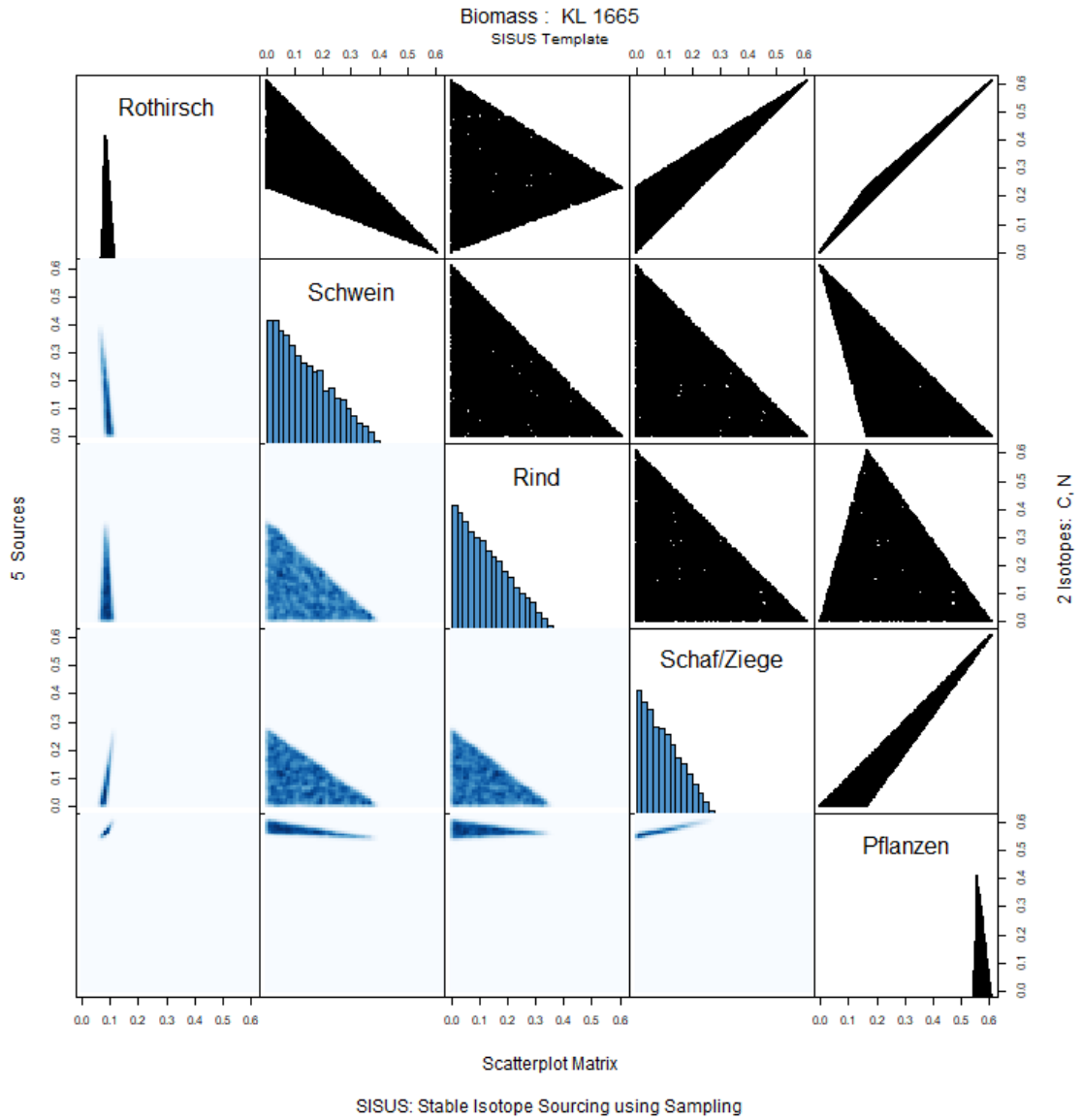


Abbildung 711: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1665. Erstellt mit SISUS.

KL1669

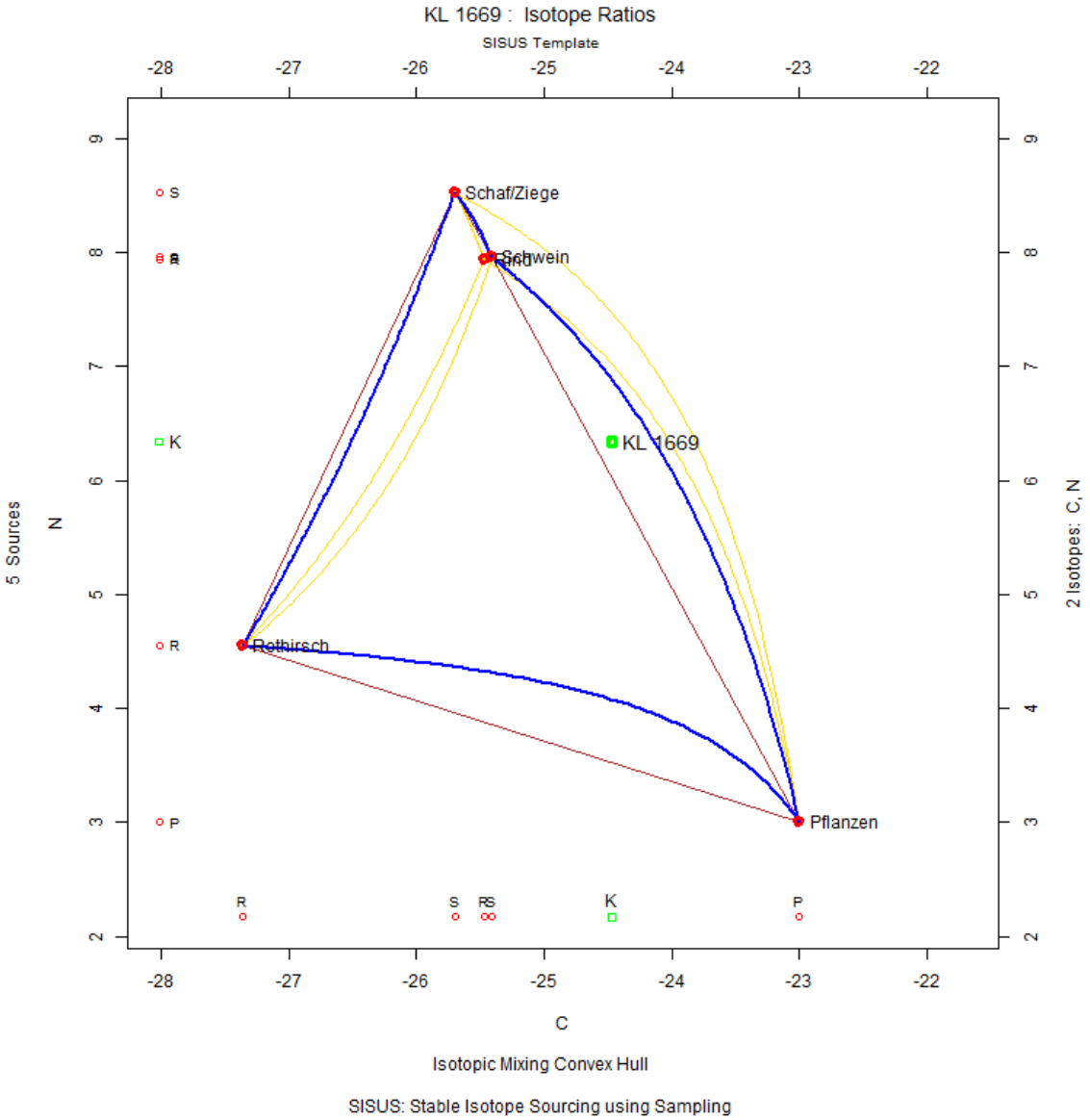


Abbildung 712: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1669. Erstellt mit SISUS.

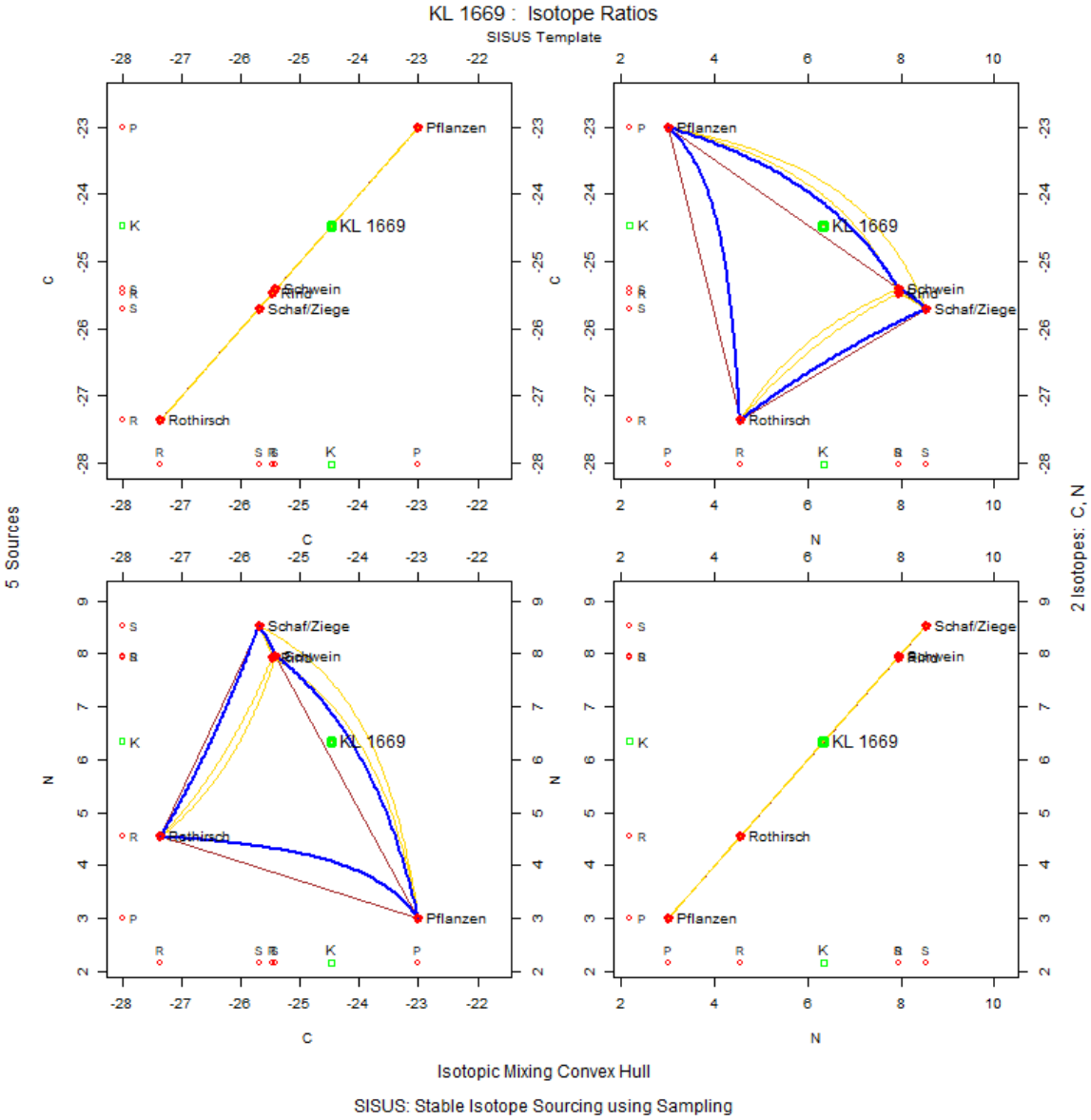


Abbildung 713: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1669 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

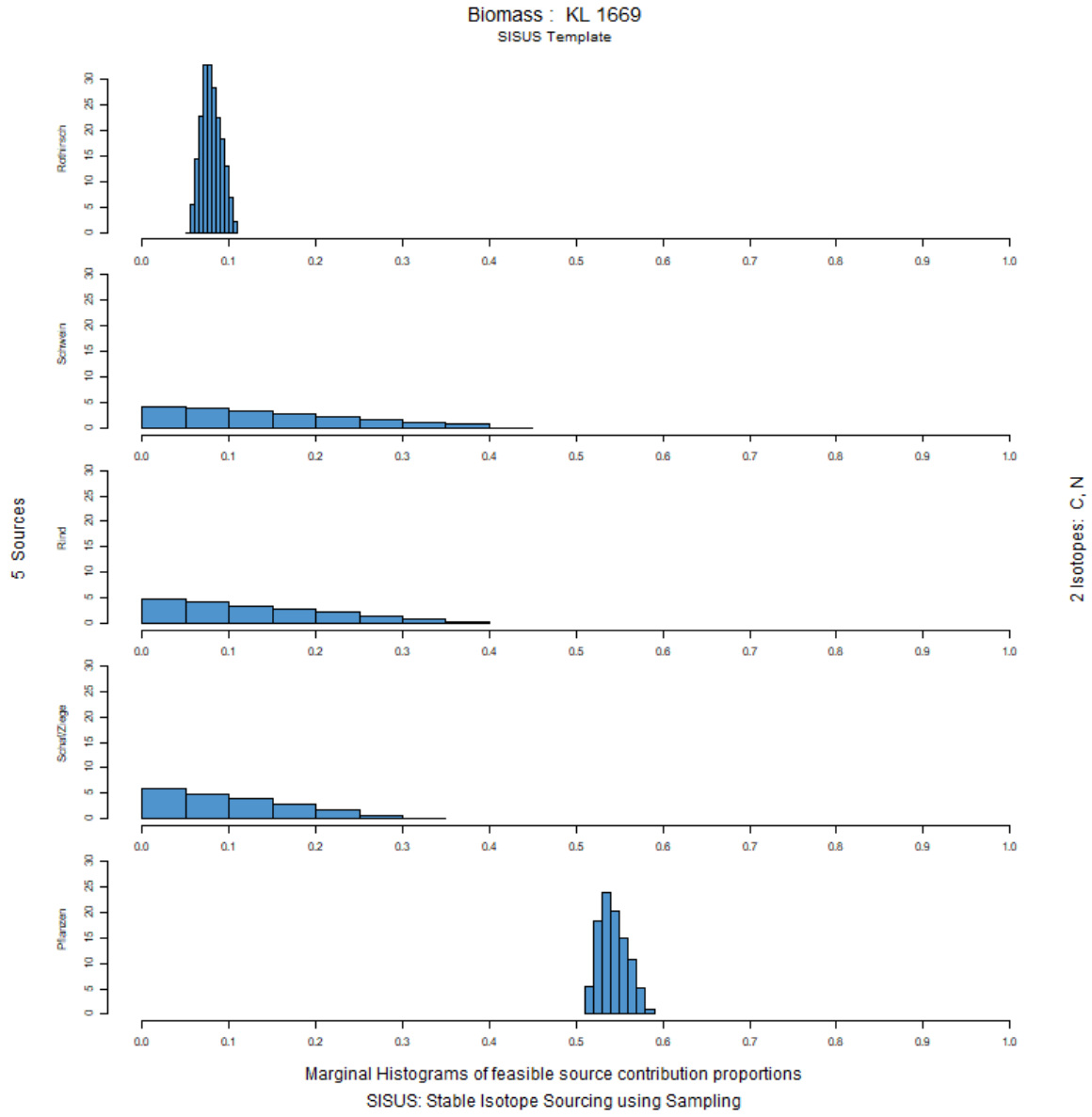


Abbildung 714: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1669. Erstellt mit SISUS.

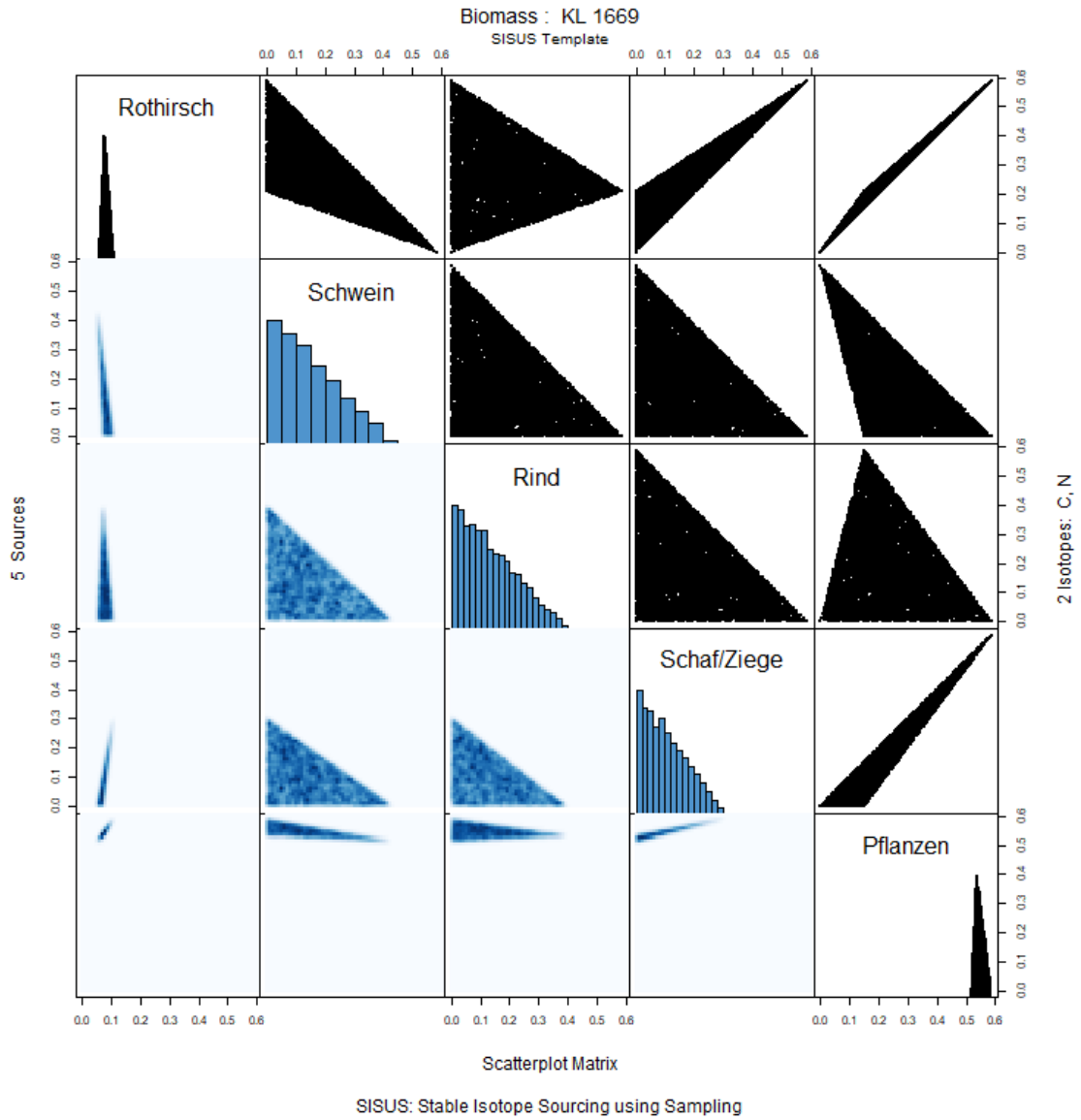


Abbildung 715: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1669. Erstellt mit SISUS.

KL1700

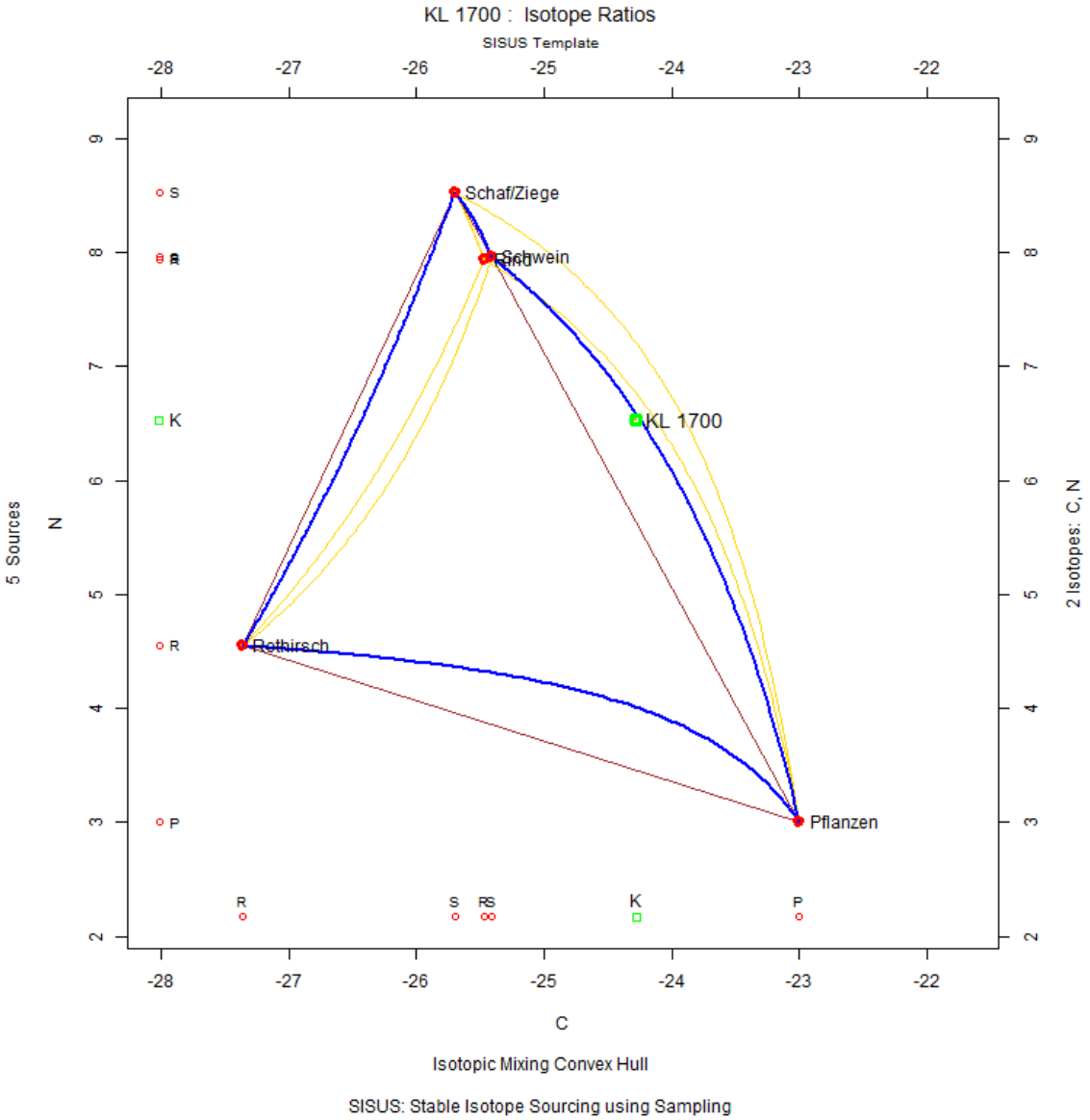


Abbildung 716: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1700. Erstellt mit SISUS.

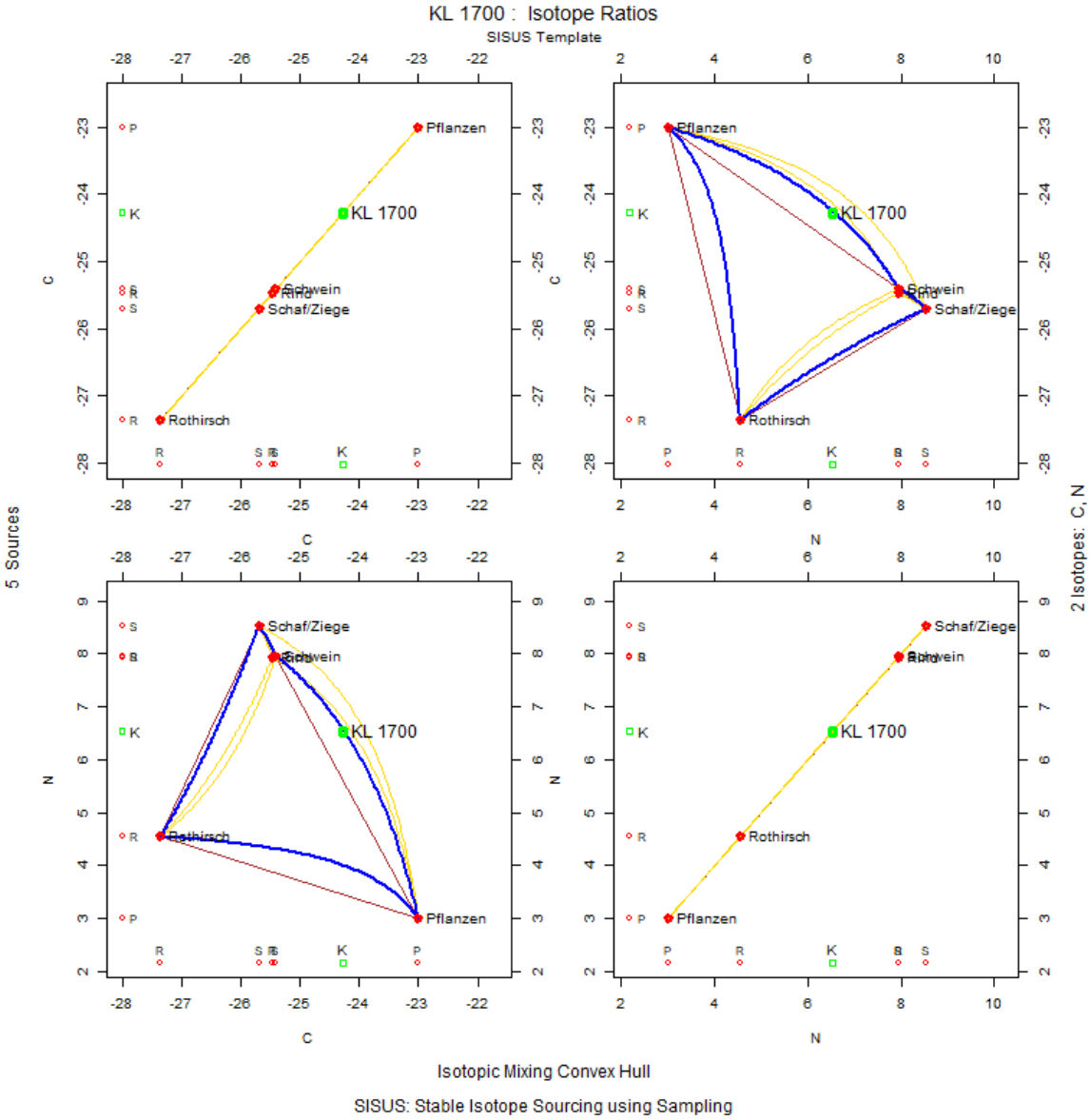


Abbildung 717: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1700 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

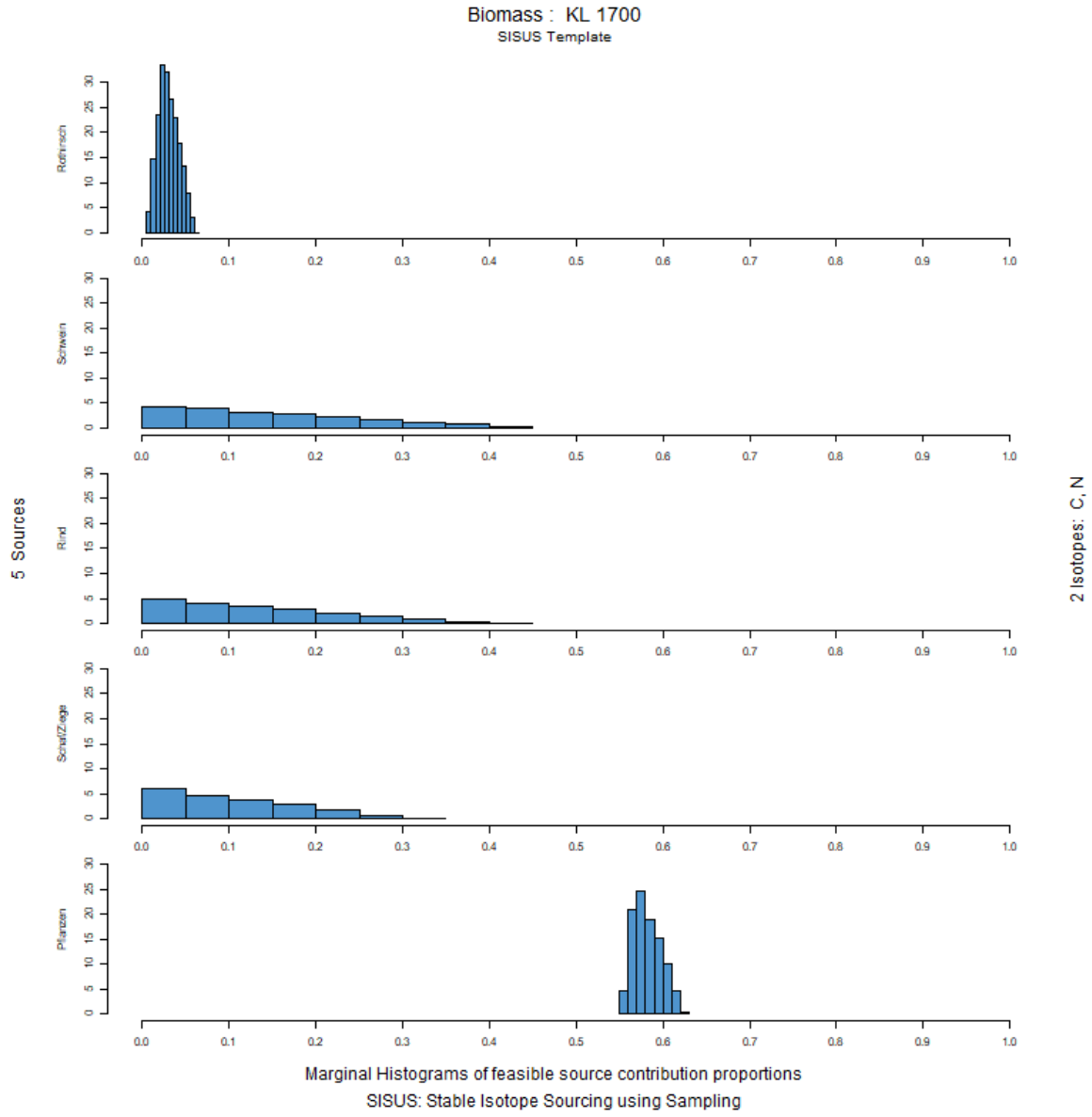


Abbildung 718: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1700. Erstellt mit SISUS.

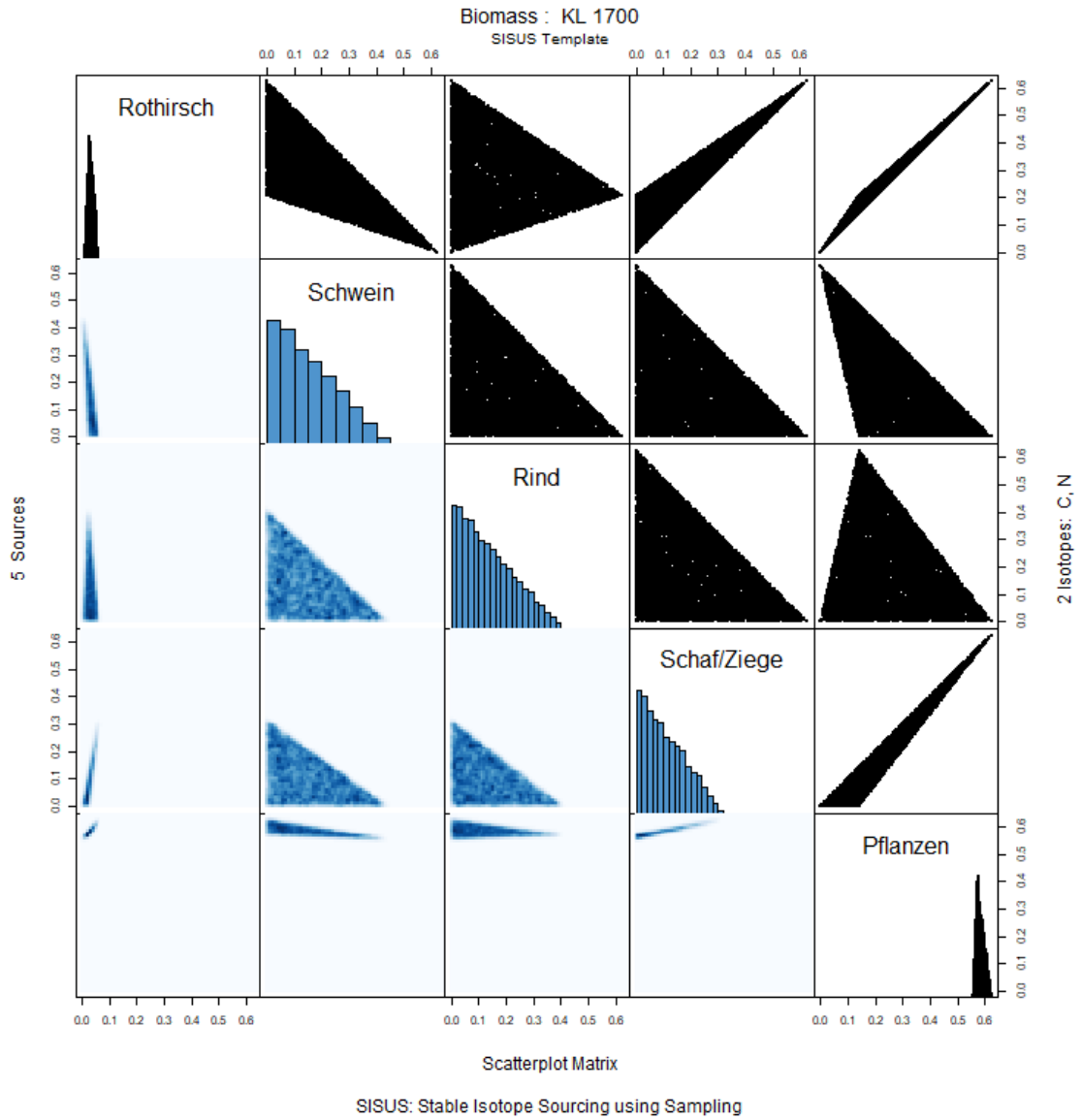


Abbildung 719: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1700. Erstellt mit SISUS.

KL1702

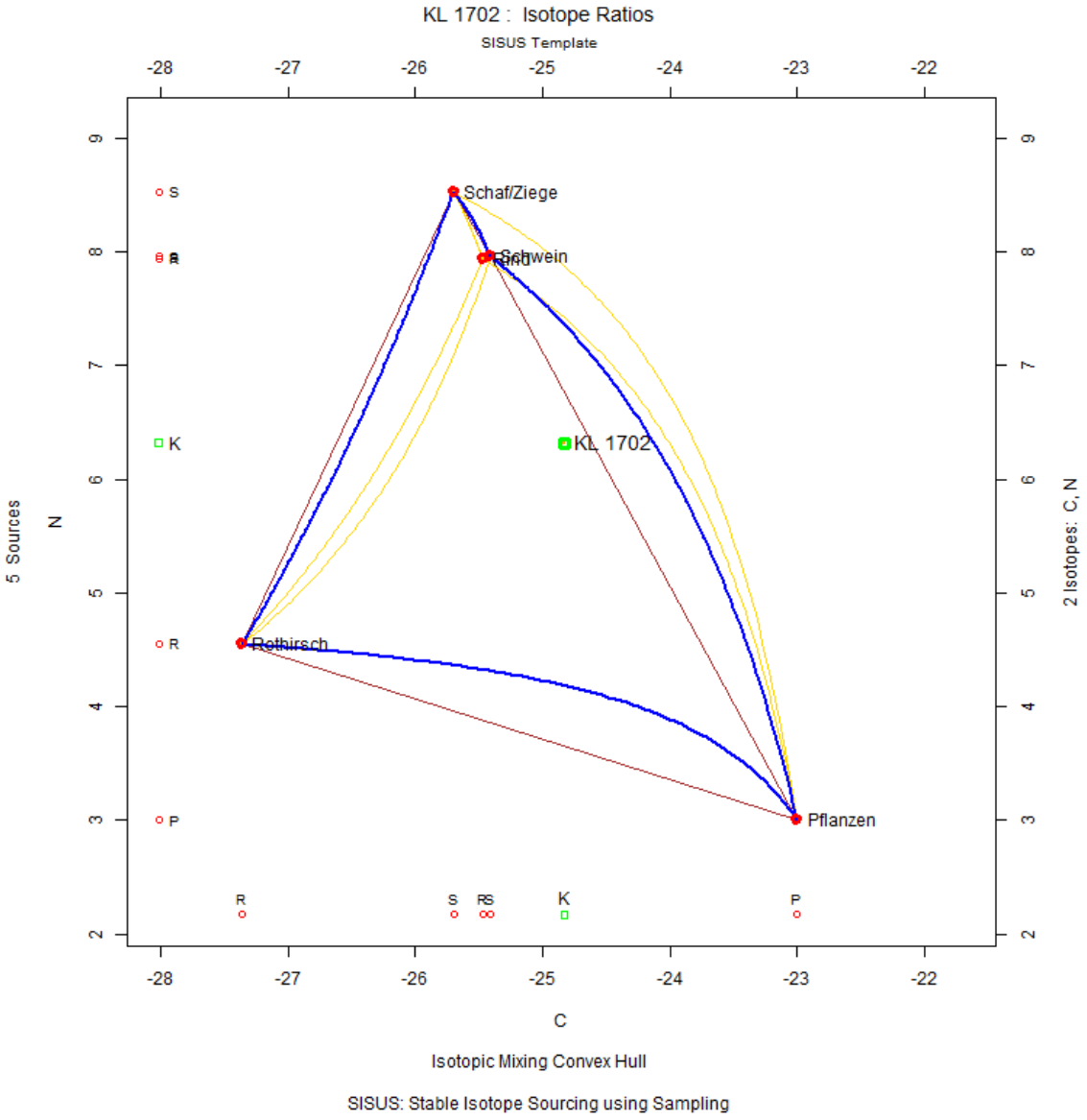


Abbildung 720: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1702. Erstellt mit SISUS.

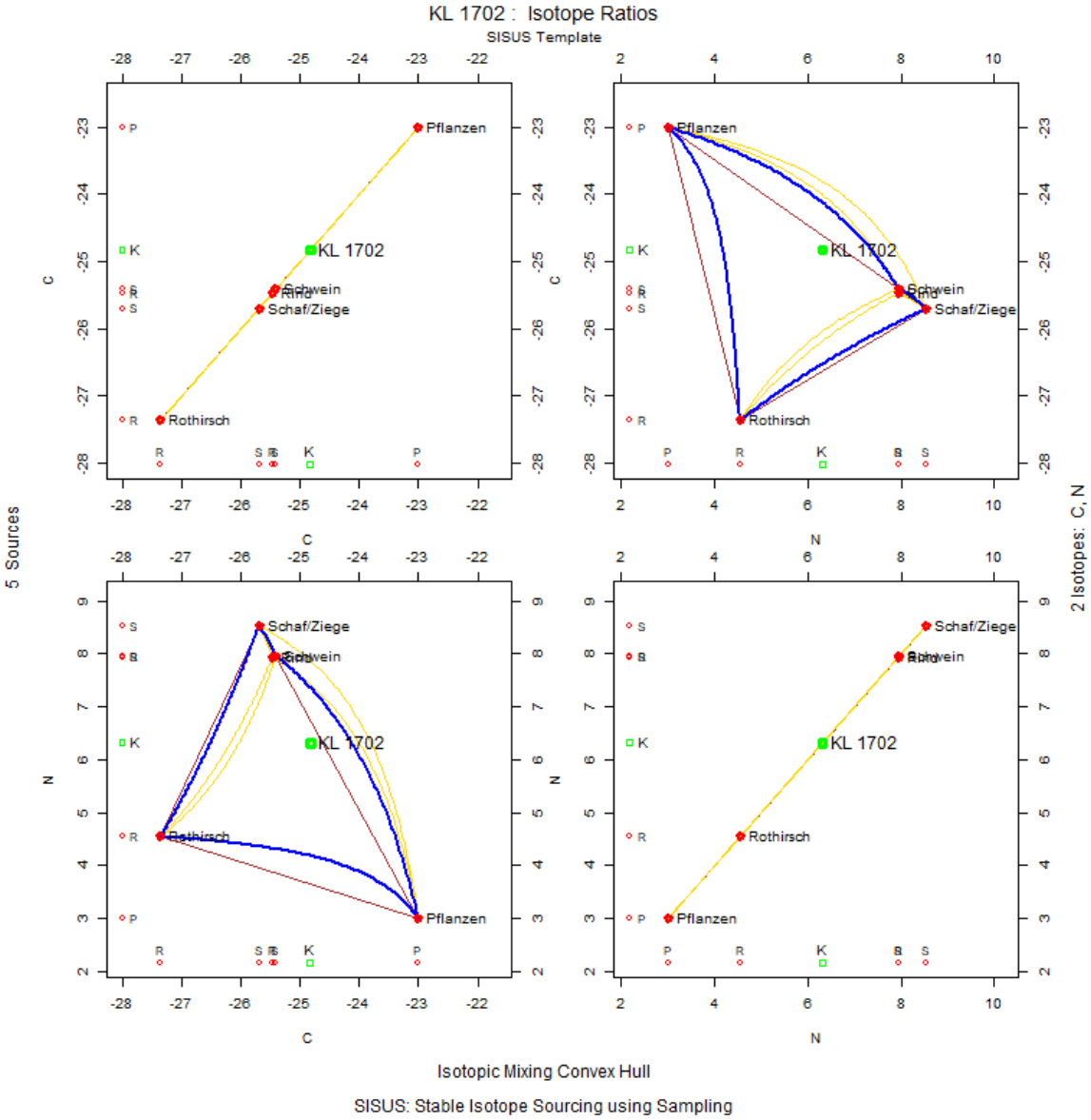


Abbildung 721: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1702 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

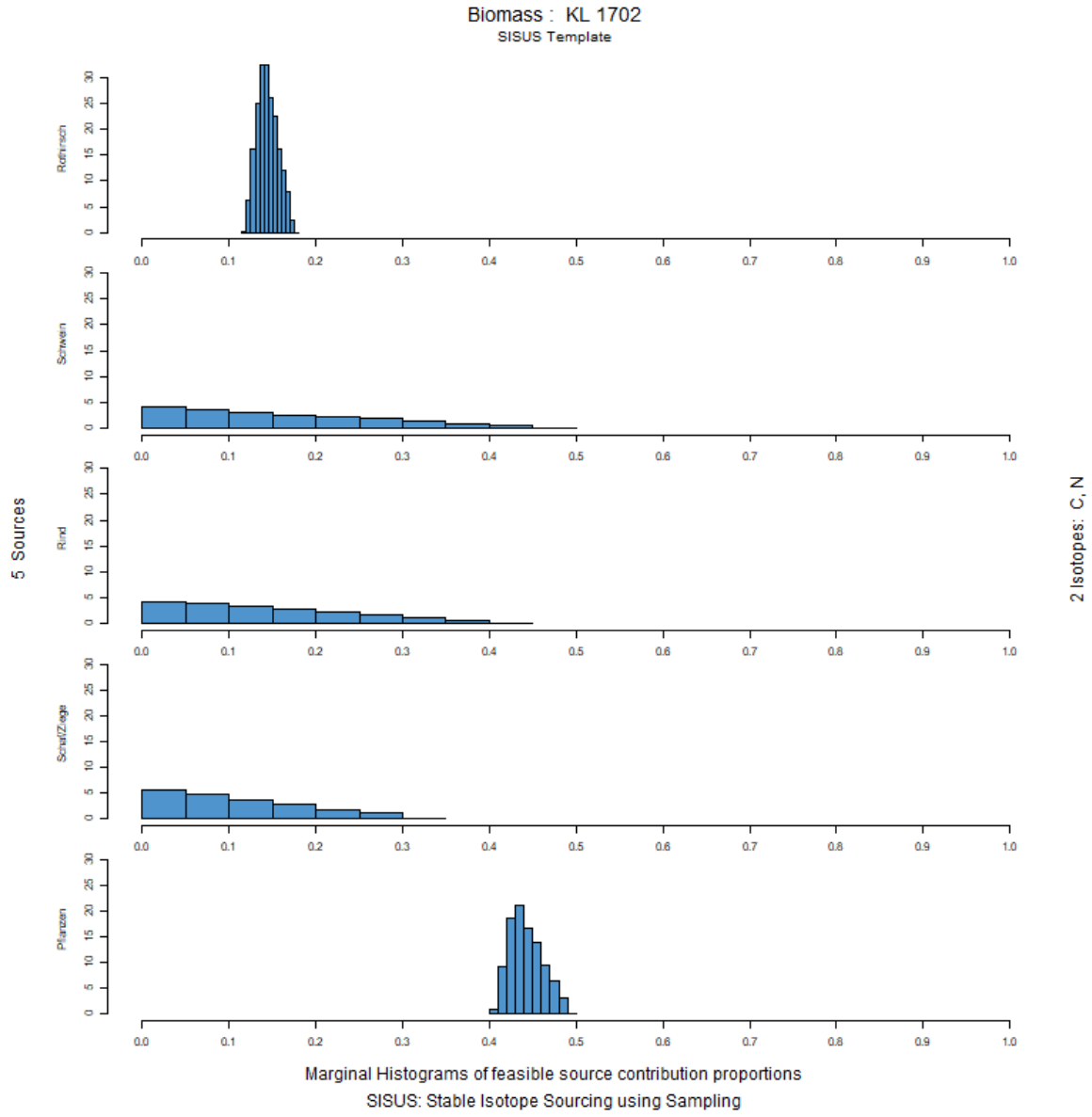


Abbildung 722: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1702. Erstellt mit SISUS.

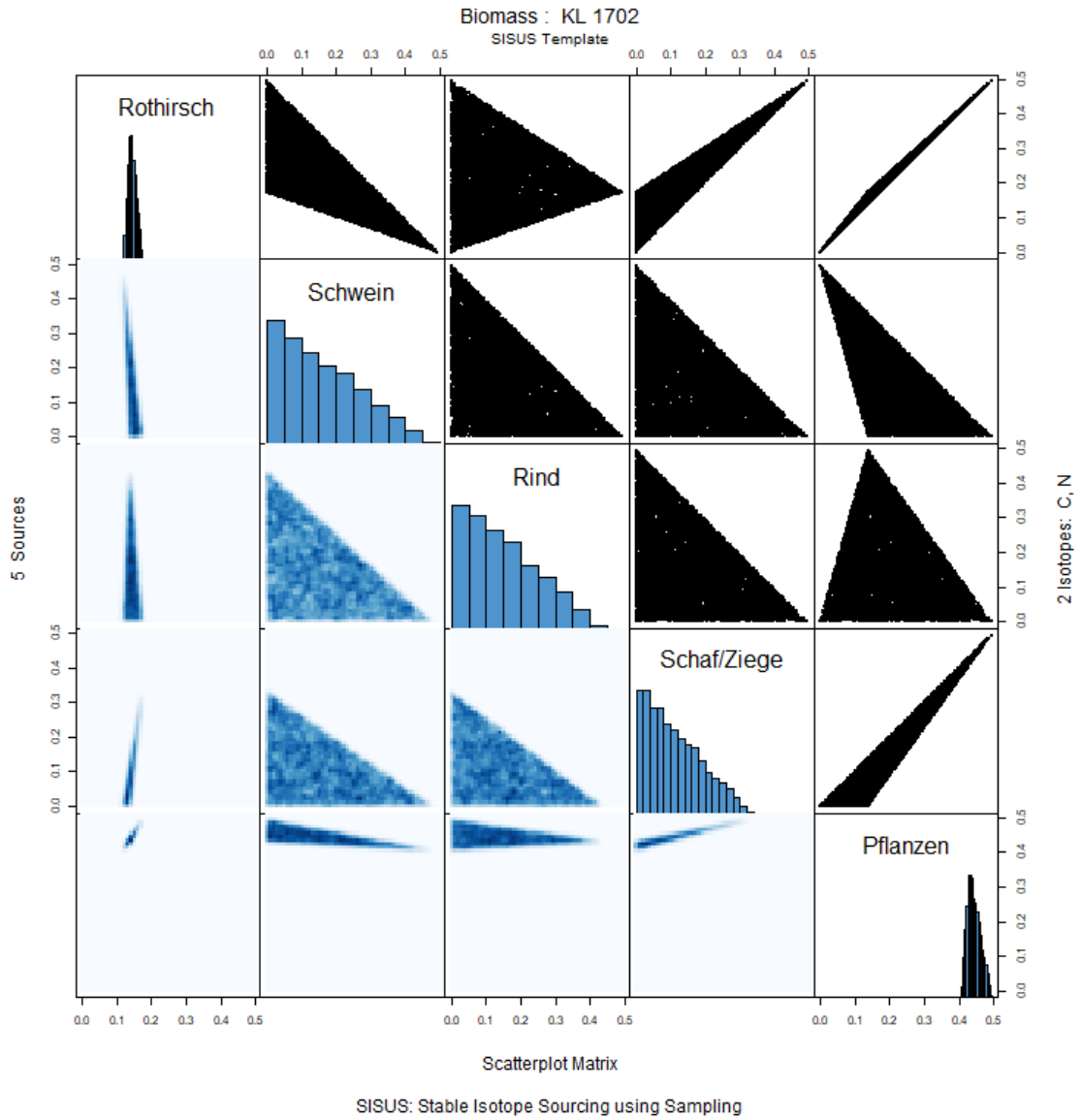


Abbildung 723: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1702. Erstellt mit SISUS.

KL1703

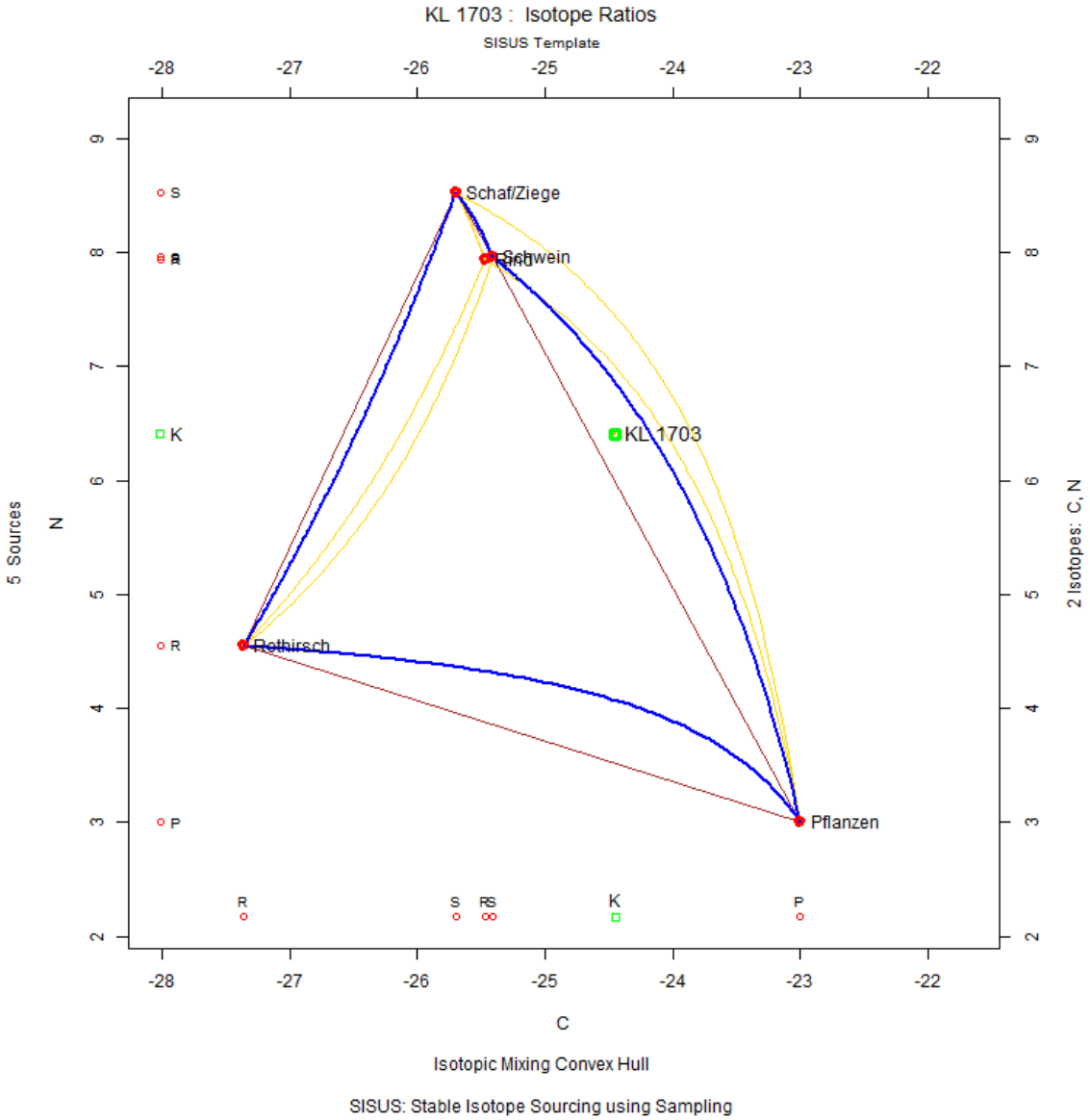


Abbildung 724: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1703. Erstellt mit SISUS.

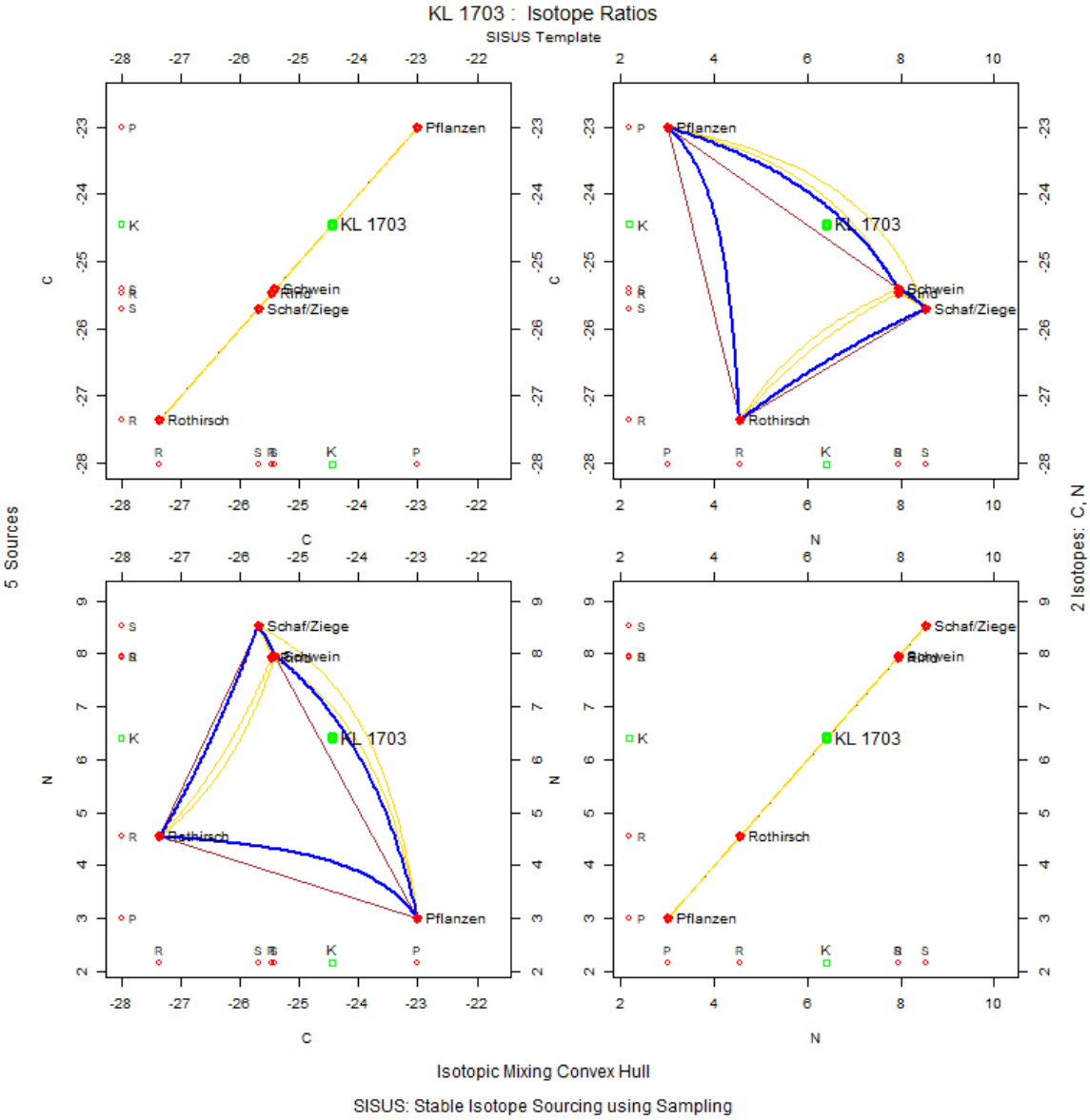


Abbildung 725: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1703 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

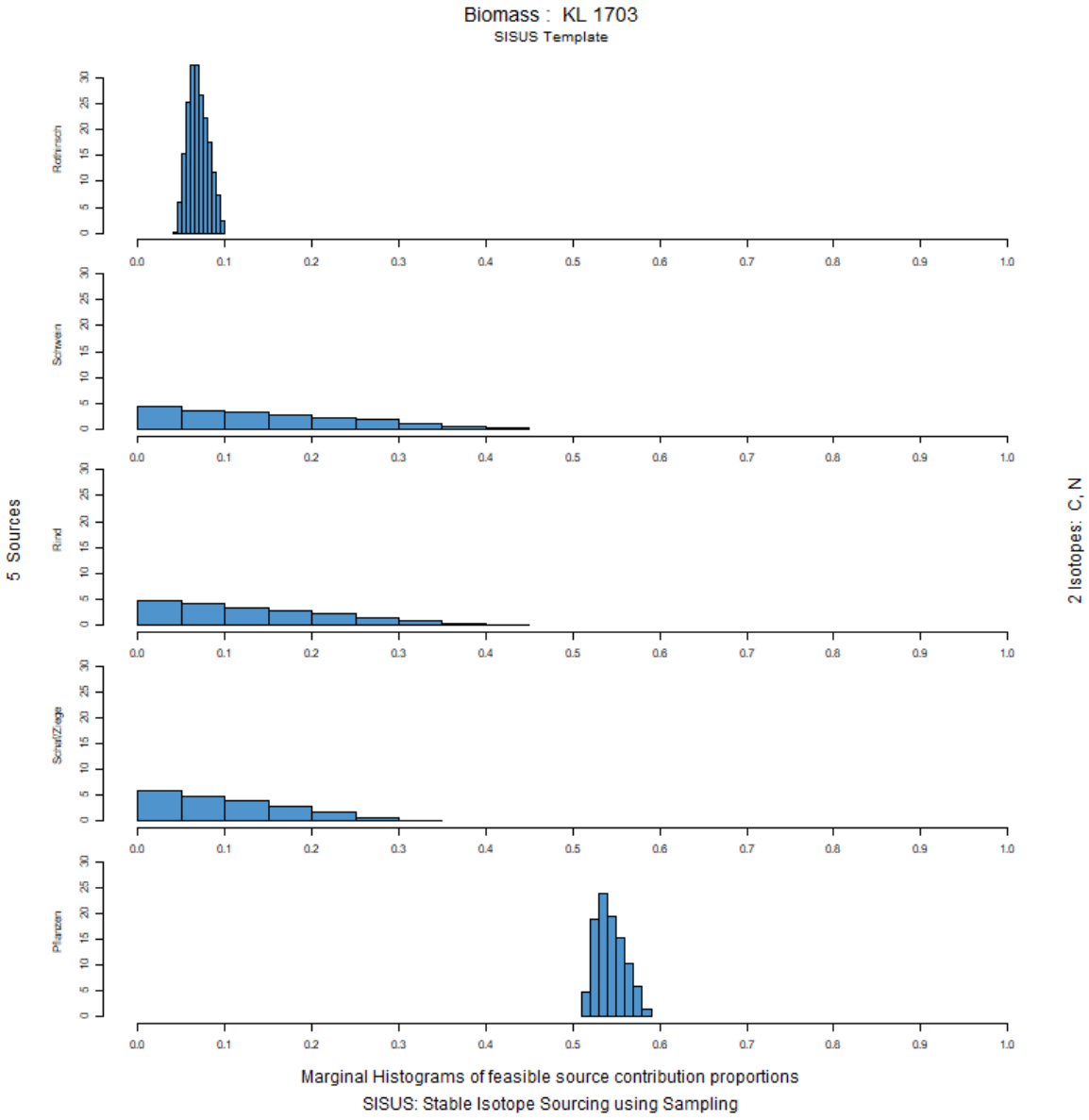


Abbildung 726: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1703. Erstellt mit SISUS.

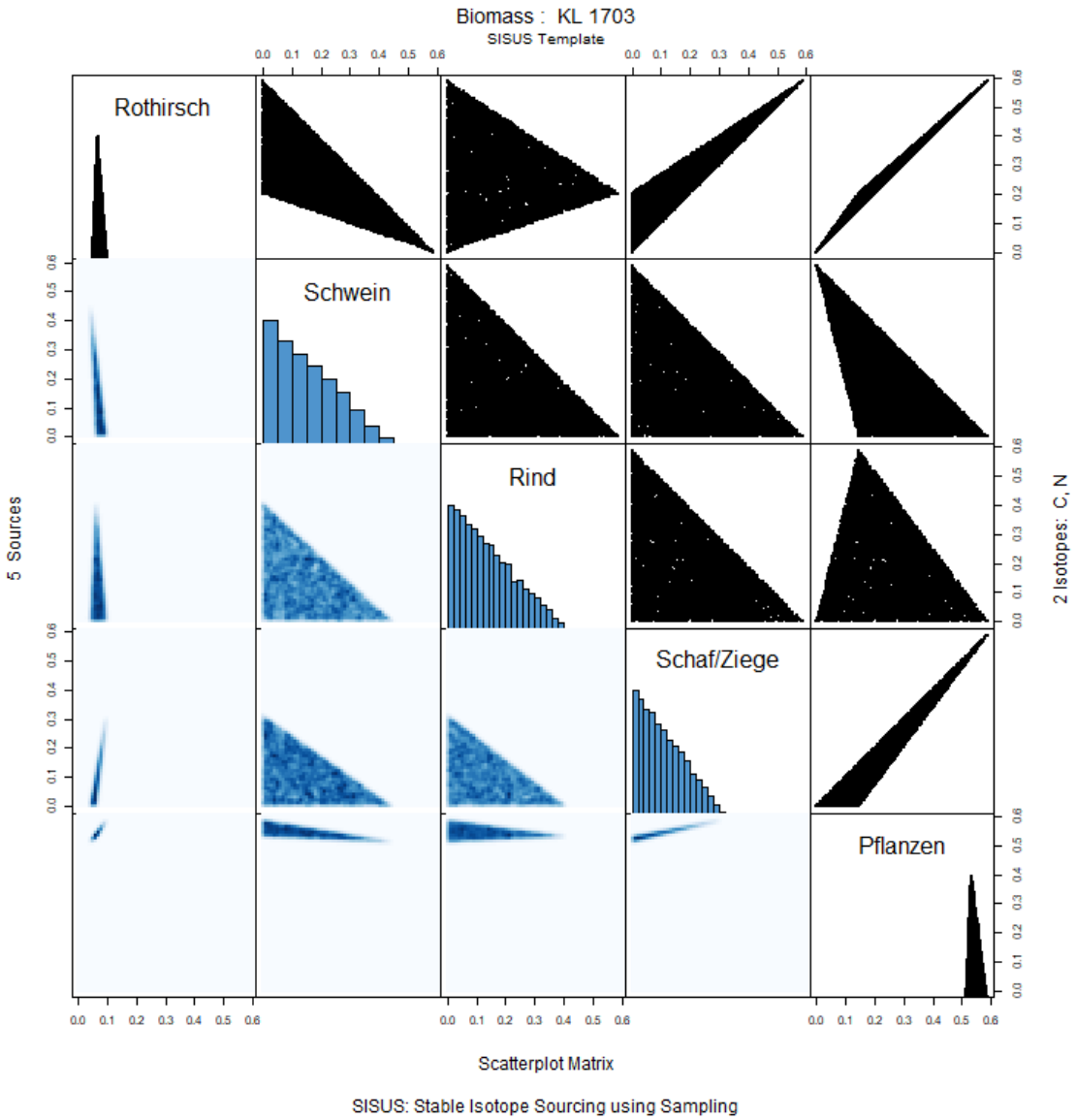


Abbildung 727: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1703. Erstellt mit SISUS.

KL1719

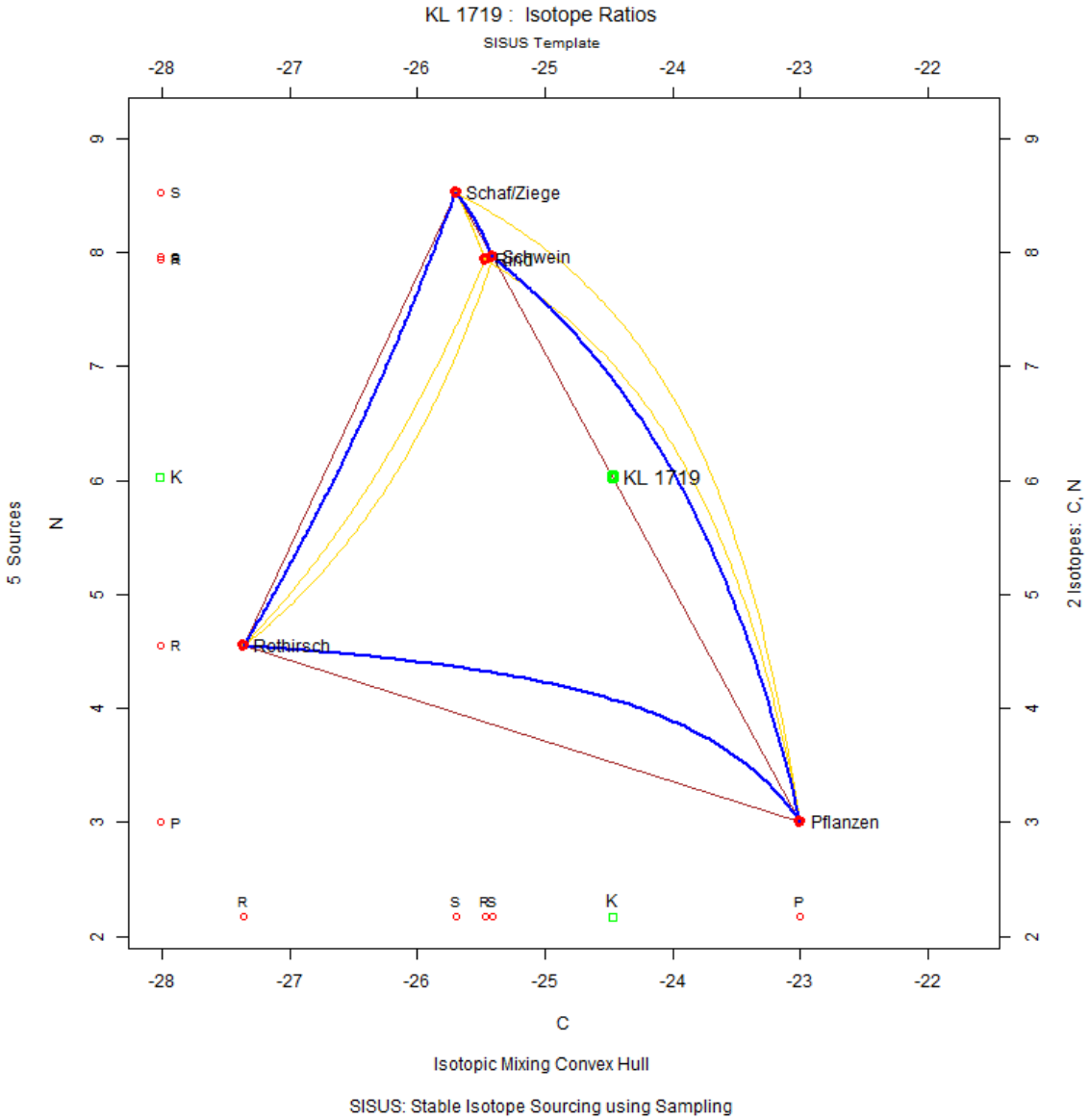


Abbildung 728: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1719. Erstellt mit SISUS.

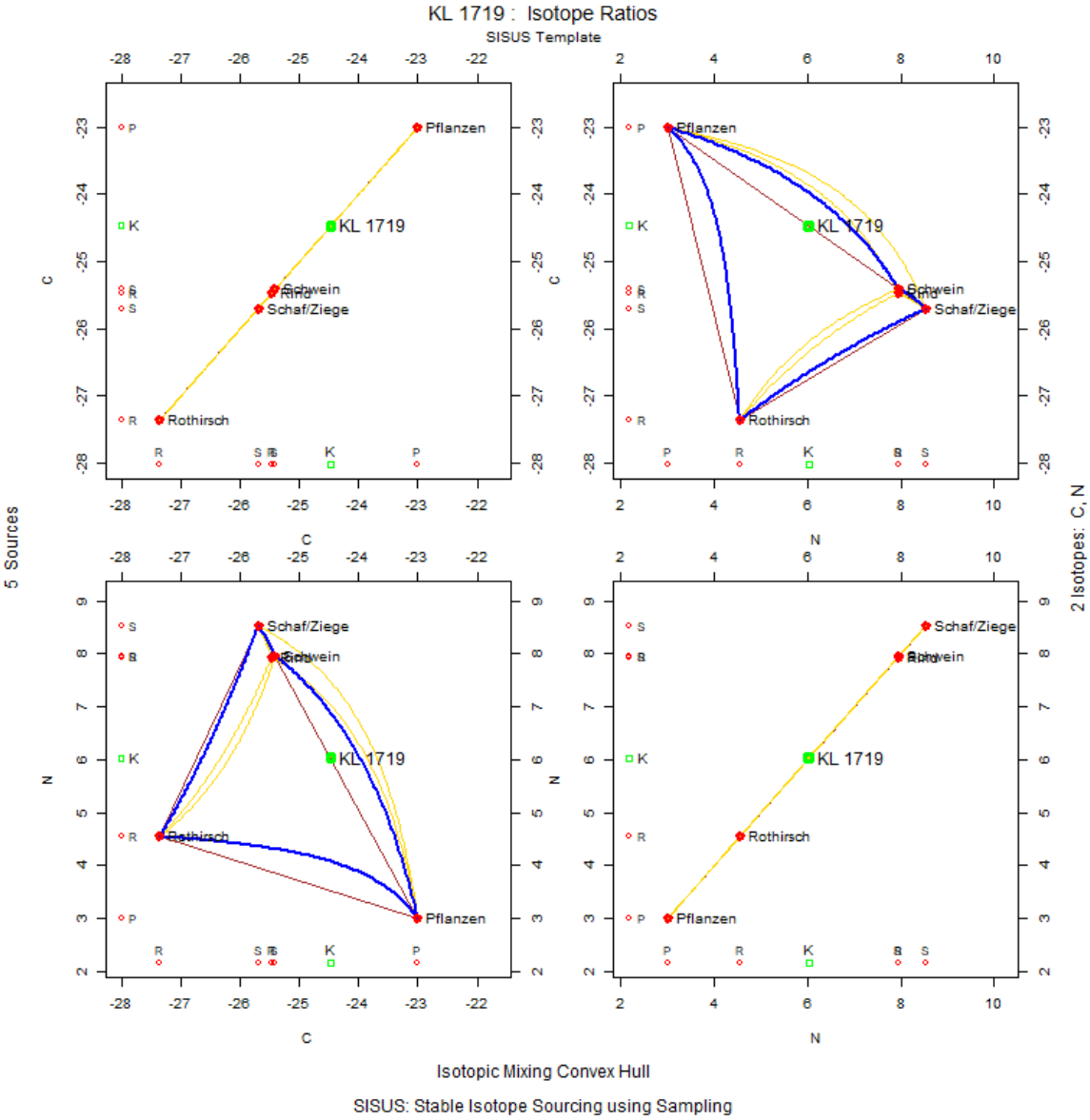


Abbildung 729: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Klettham (KL) 1719 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

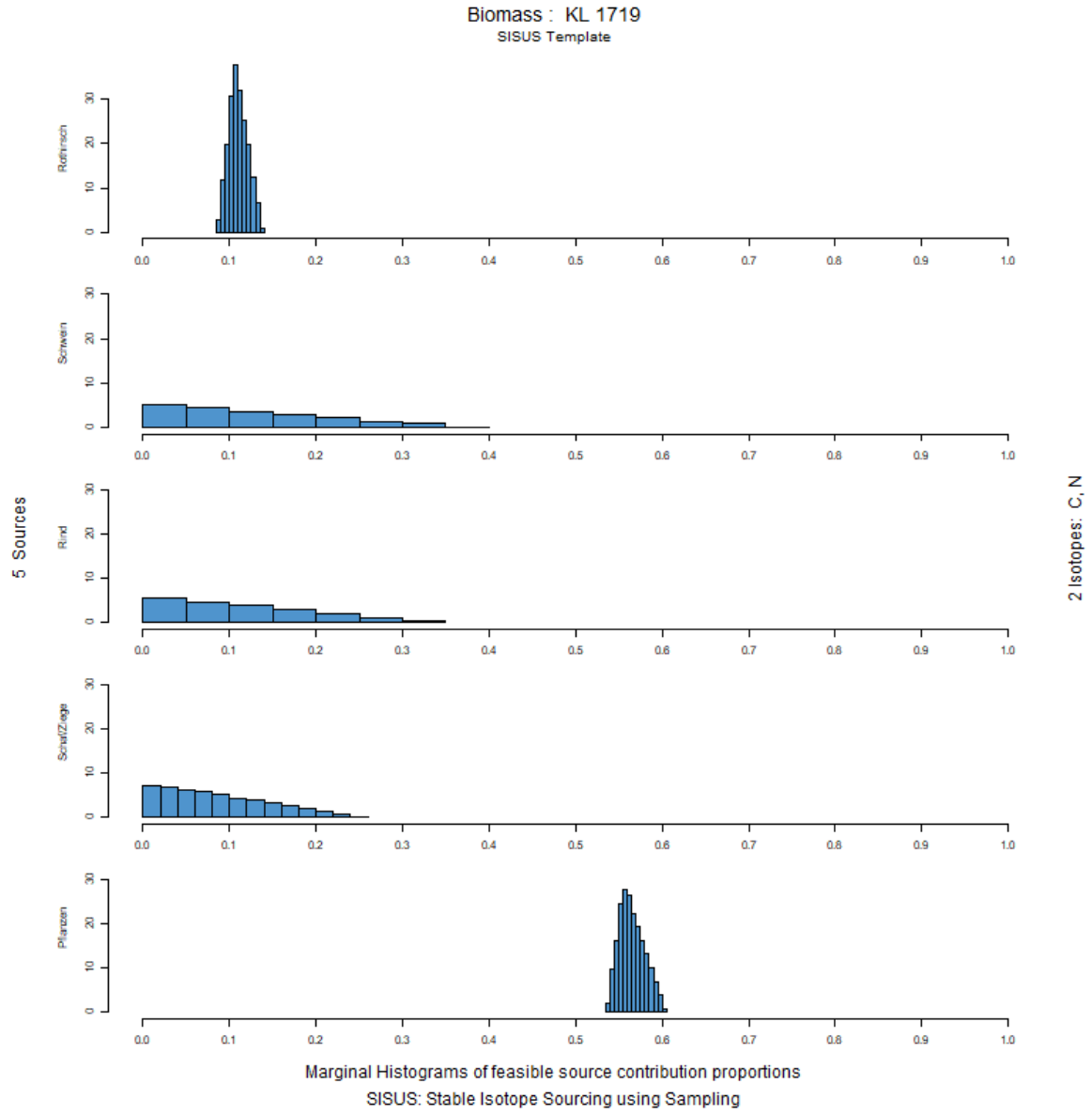


Abbildung 730: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1719. Erstellt mit SISUS.

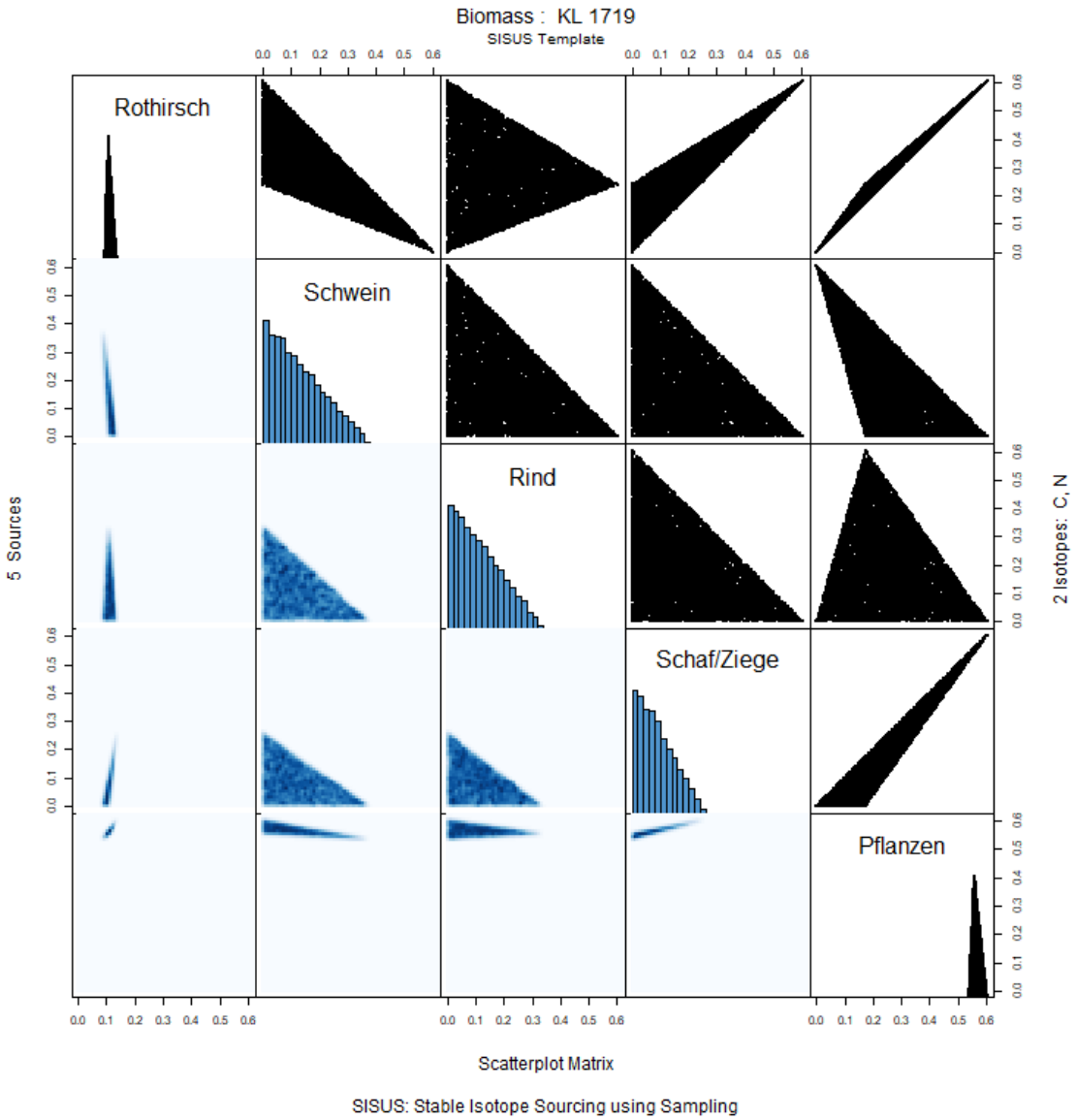


Abbildung 731: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Klettham (KL) 1719. Erstellt mit SISUS.

KL1721

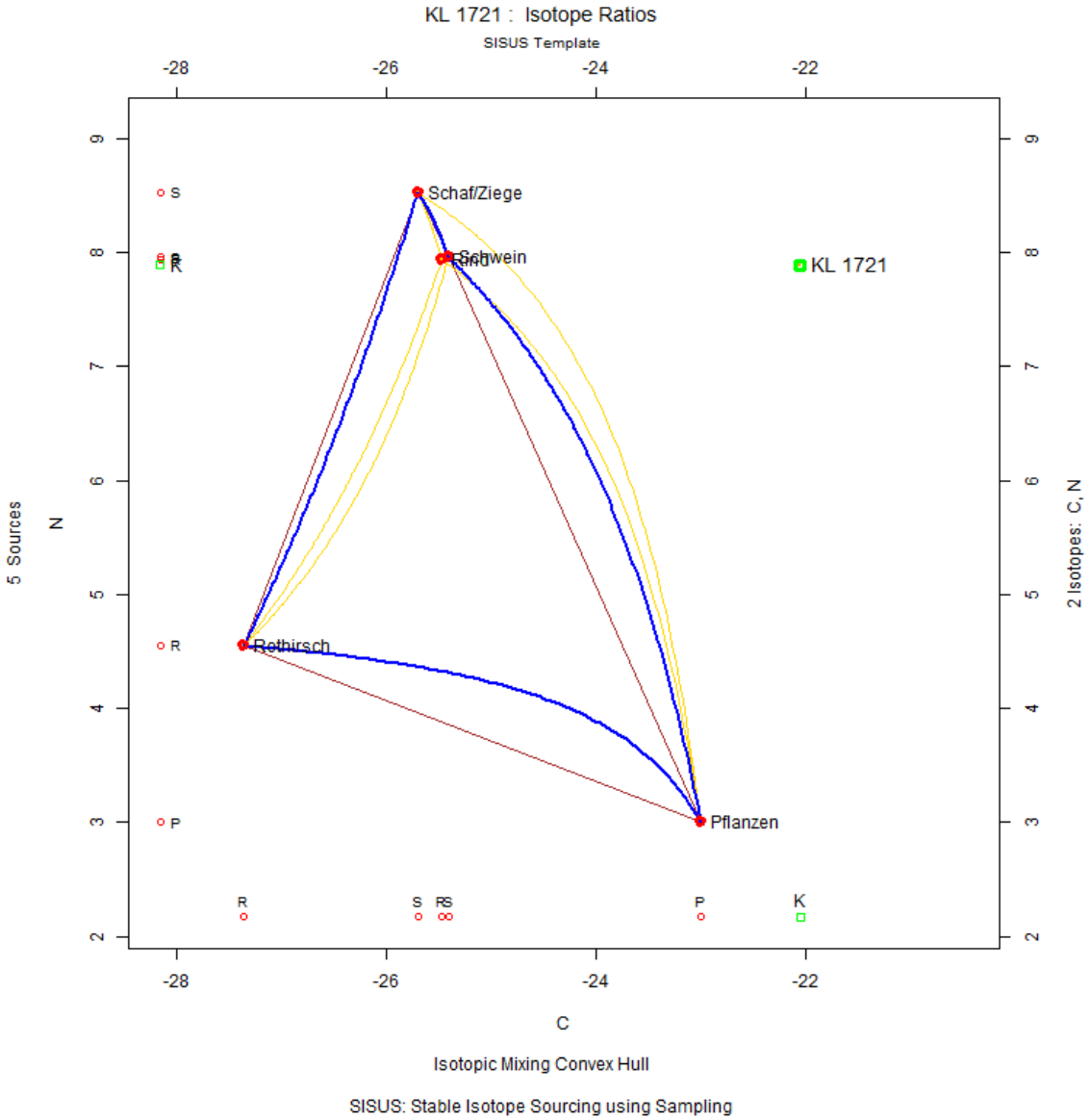


Abbildung 732: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Klettham (KL) 1721. Erstellt mit SISUS.

9.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 29: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Klettha (KL). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
KL1662	Rothirsch	6,6%	9,1%	1,3%	9,0%	12,7%	6,1%
	Schwein	0,0%	19,7%	13,9%	17,4%	59,8%	59,8%
	Rind	0,0%	18,5%	13,2%	16,1%	55,8%	55,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,5%	10,2%	12,8%	43,0%	43,0%
	Pflanzen	33,6%	38,0%	2,3%	37,6%	44,3%	10,7%
KL1663	Rothirsch	12,3%	14,8%	1,2%	14,7%	18,0%	5,6%
	Schwein	0,0%	15,5%	11,0%	13,5%	46,7%	46,7%
	Rind	0,0%	14,2%	10,0%	12,4%	42,3%	42,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,8%	7,7%	9,4%	32,3%	32,3%
	Pflanzen	40,9%	44,7%	1,9%	44,4%	8,7%	8,8%
KL1664	Rothirsch	11,8%	14,1%	1,0%	14,0%	16,5%	4,7%
	Schwein	0,0%	11,2%	7,8%	9,7%	33,3%	33,3%
	Rind	0,0%	9,7%	6,9%	8,5%	29,4%	29,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,4%	5,3%	6,5%	22,4%	22,4%
	Pflanzen	54,8%	57,6%	1,3%	57,4%	61,0%	6,2%
KL1665	Rothirsch	6,3%	8,7%	1,0%	8,6%	11,6%	5,2%
	Schwein	0,0%	13,2%	9,4%	11,6%	39,7%	39,7%
	Rind	0,0%	11,8%	8,4%	10,4%	35,8%	35,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,1%	6,5%	8,1%	27,5%	27,5%
	Pflanzen	53,9%	56,8%	1,5%	56,6%	60,8%	6,9%
KL1669	Rothirsch	5,4%	7,9%	1,1%	7,8%	10,9%	5,5%
	Schwein	0,0%	14,4%	10,2%	12,5%	43,4%	43,4%
	Rind	0,0%	13,2%	9,3%	11,4%	39,5%	39,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,1%	7,2%	8,9%	30,3%	30,3%
	Pflanzen	51,1%	54,2%	1,5%	54,0%	58,6%	7,5%
KL1700	Rothirsch	0,6%	3,0%	1,2%	2,9%	6,1%	5,5%
	Schwein	0,0%	15,0%	10,5%	13,2%	44,2%	44,2%
	Rind	0,0%	13,3%	9,5%	11,6%	40,7%	40,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,5%	7,4%	9,2%	31,4%	31,4%
	Pflanzen	55,3%	58,2%	1,6%	58,0%	62,5%	7,2%
KL1702	Rothirsch	11,9%	14,1%	1,2%	14,3%	17,5%	5,7%
	Schwein	0,0%	15,8%	11,2%	13,9%	47,6%	47,6%
	Rind	0,0%	14,7%	10,2%	13,0%	43,2%	43,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,9%	7,8%	9,5%	33,1%	33,1%
	Pflanzen	40,5%	44,3%	1,9%	44,0%	49,4%	8,9%
KL1703	Rothirsch	4,4%	6,9%	1,2%	6,8%	10,0%	5,6%
	Schwein	0,0%	14,8%	10,5%	13,2%	44,4%	44,1%
	Rind	0,0%	13,5%	9,6%	11,8%	40,6%	40,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,4%	7,4%	9,2%	31,2%	31,2%
	Pflanzen	51,2%	54,3%	1,6%	54,1%	58,8%	7,6%
KL1719	Rothirsch	8,6%	11,0%	1,1%	11,0%	13,8%	5,1%
	Schwein	0,0%	12,5%	8,9%	18,7%	37,7%	37,7%
	Rind	0,0%	11,3%	7,9%	16,9%	33,8%	33,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,6%	6,1%	12,9%	25,8%	25,8%
	Pflanzen	53,6%	56,5%	1,4%	57,5%	60,4%	6,8%

KL1720	Rothirsch	-	-	-	-	-	-
	Schwein	-	-	-	-	-	-
	Rind	-	-	-	-	-	-
	Schaf/Ziege	-	-	-	-	-	-
	Pflanzen	-	-	-	-	-	-
KL1721	Rothirsch	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x

10 Deutschland (Frühmittelalter) – Bruckmühl

10.1 IsoConc: Abbildungen

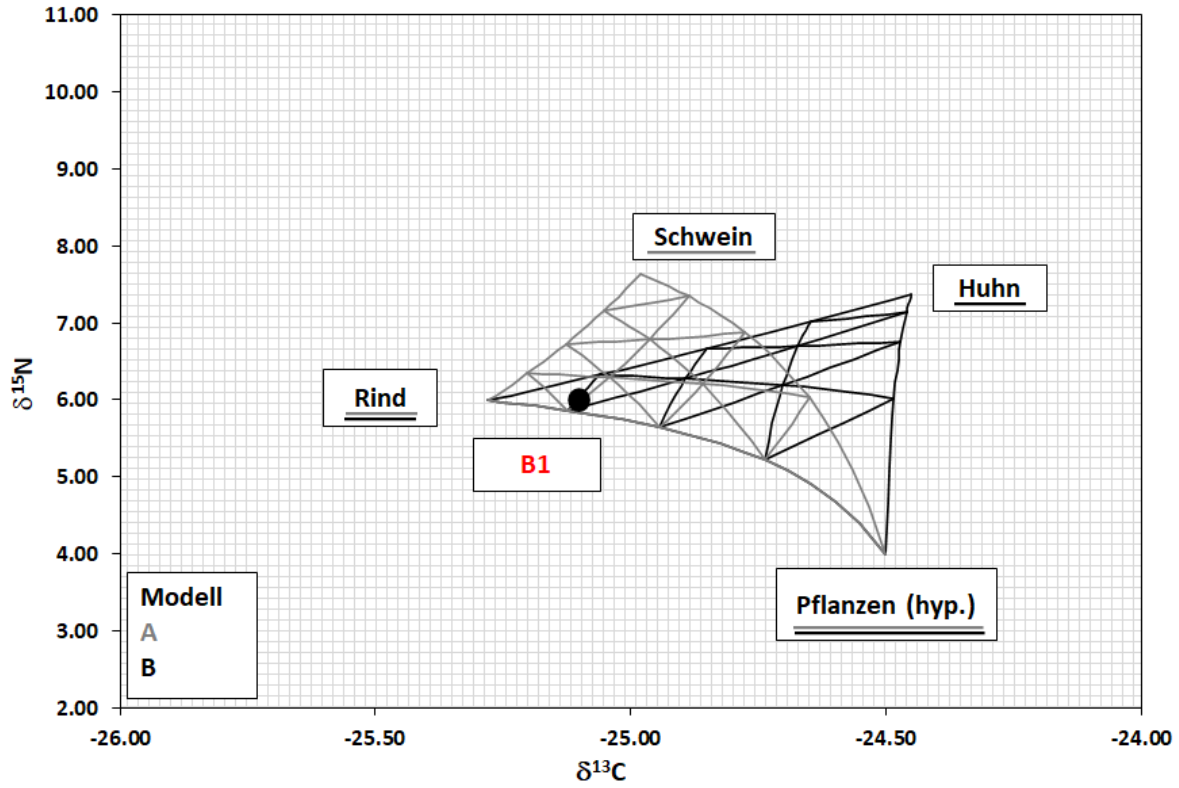


Abbildung 733: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 1. Erstellt mit IsoConc.

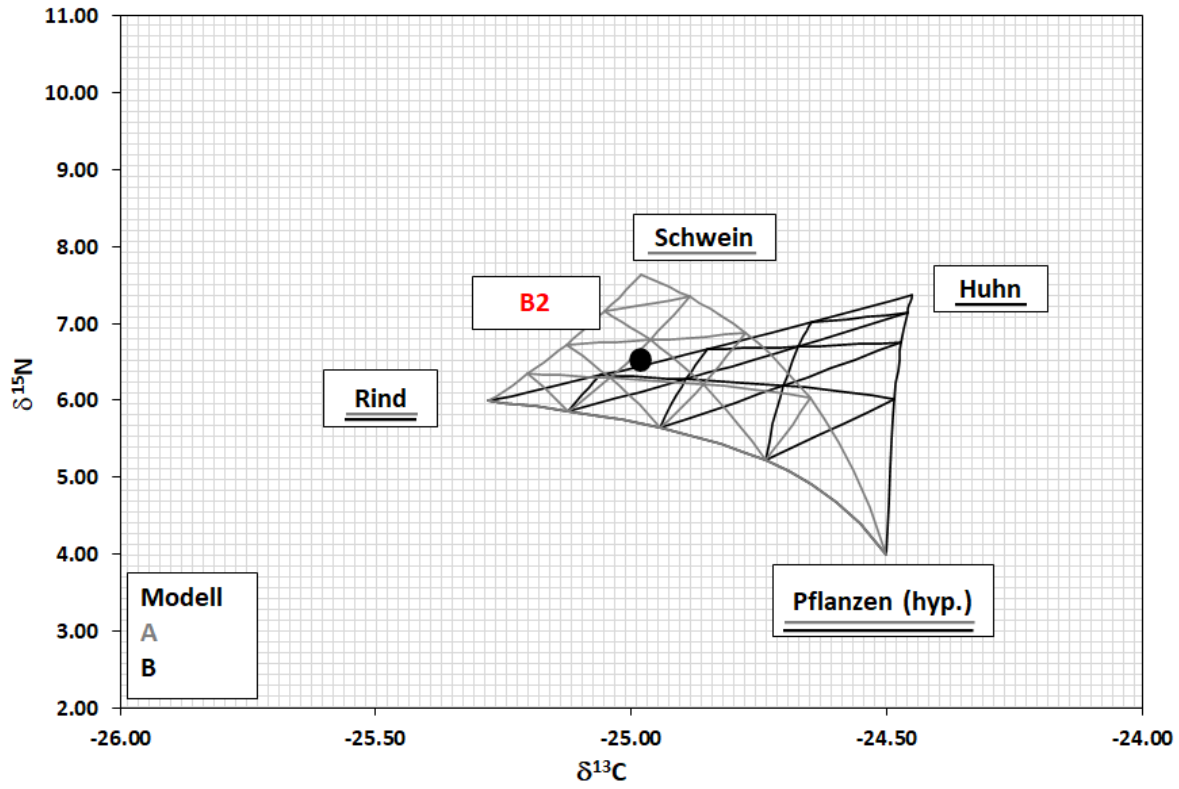


Abbildung 734: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 2. Erstellt mit IsoConc.

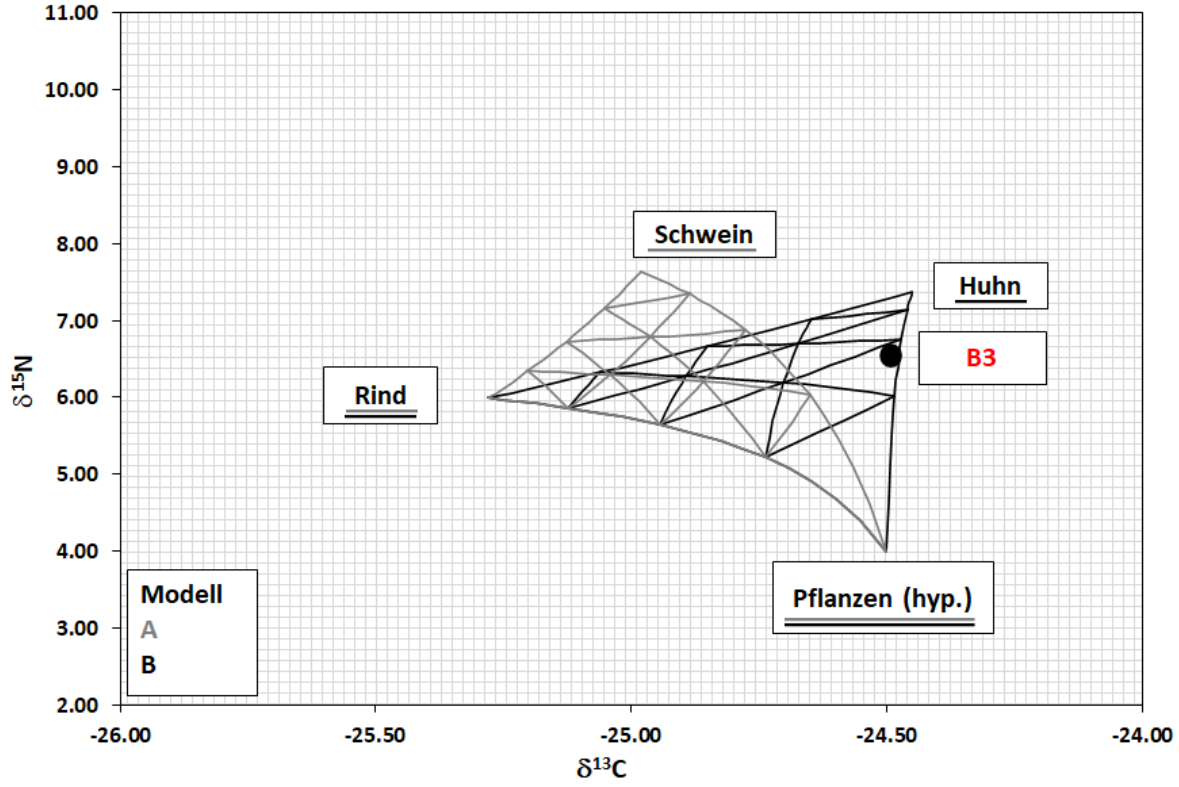


Abbildung 735: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 3. Erstellt mit IsoConc.

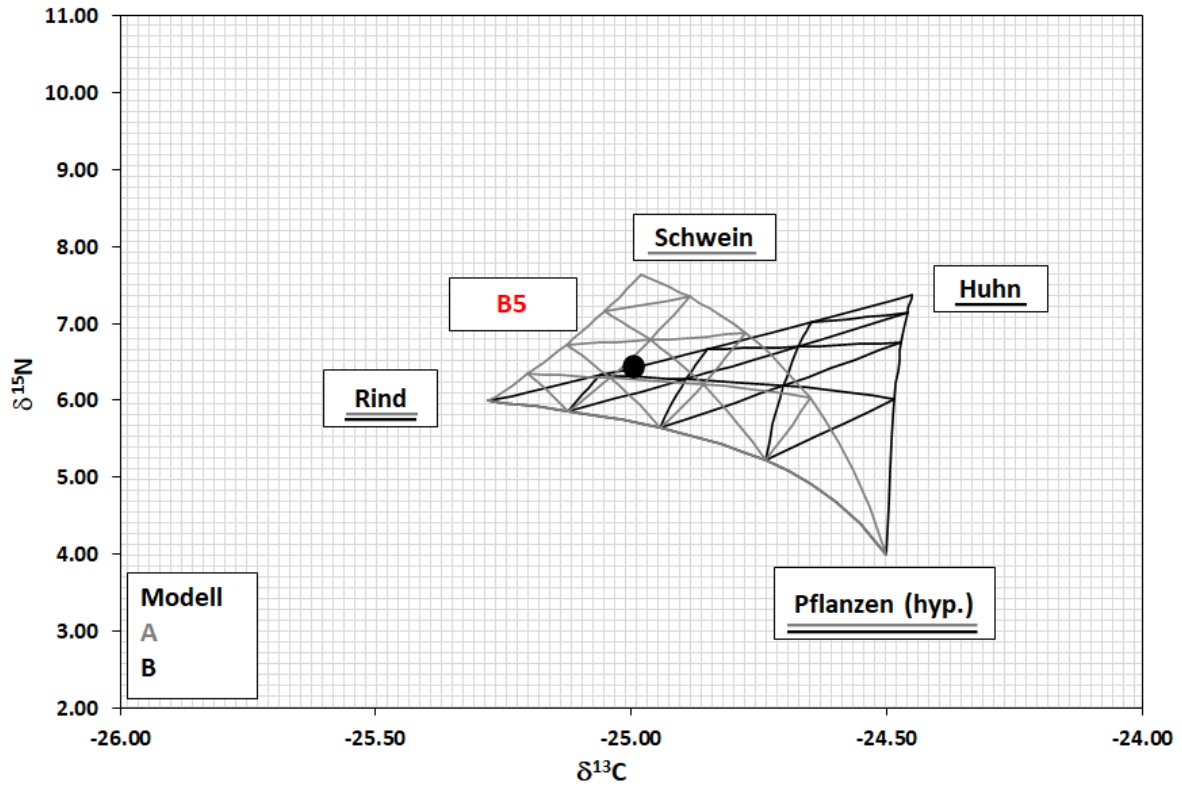


Abbildung 736: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 5. Erstellt mit IsoConc.

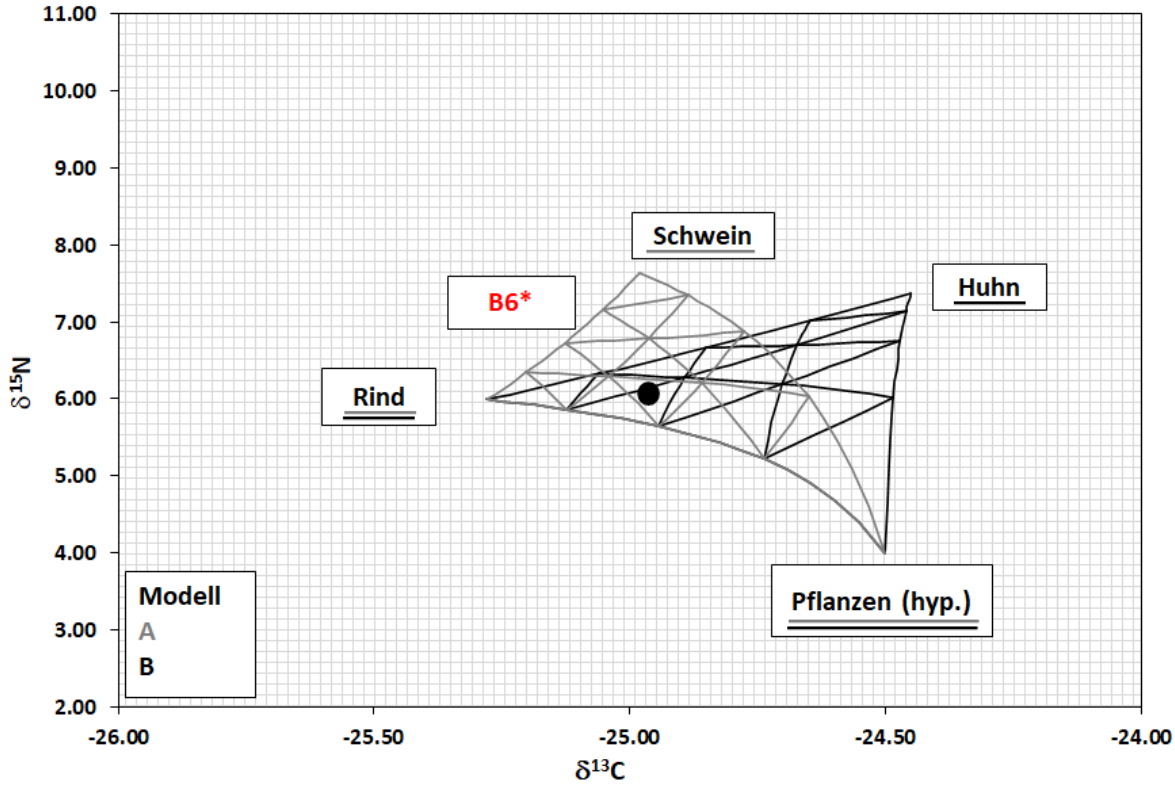


Abbildung 737: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 6*. Erstellt mit IsoConc.

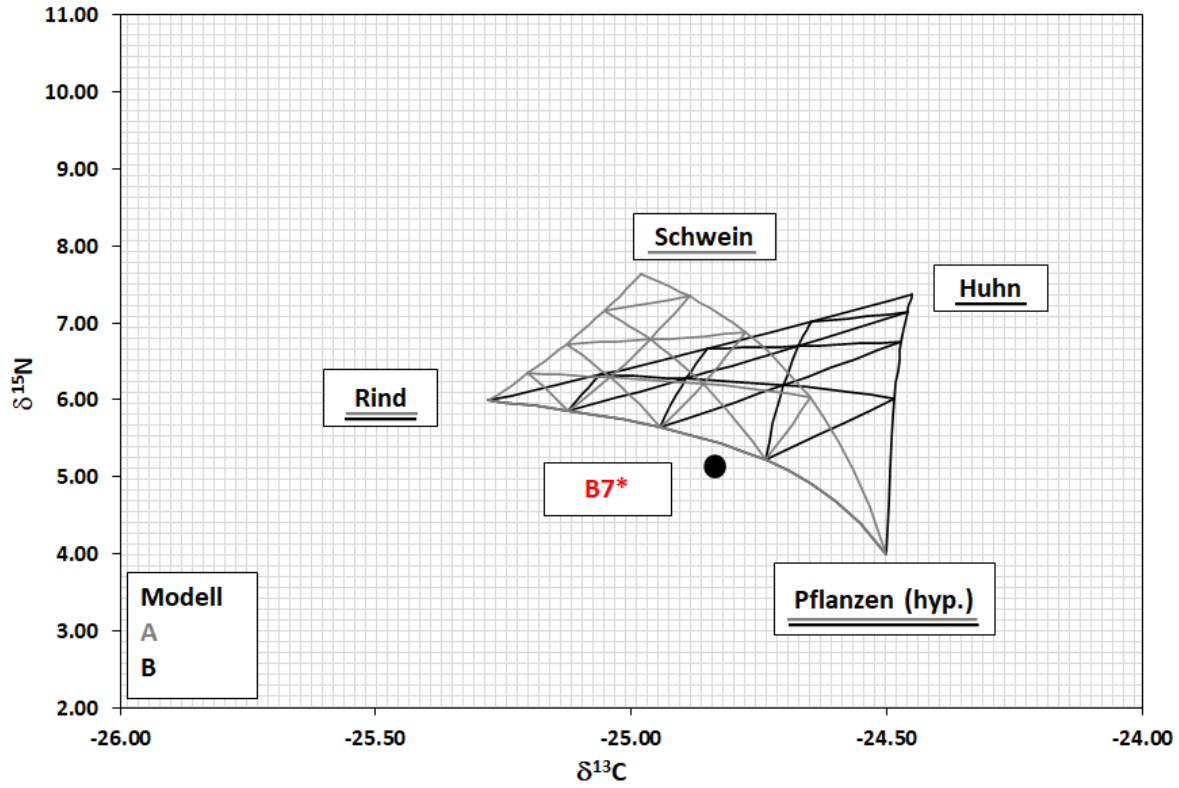


Abbildung 738: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 7*. Erstellt mit IsoConc.

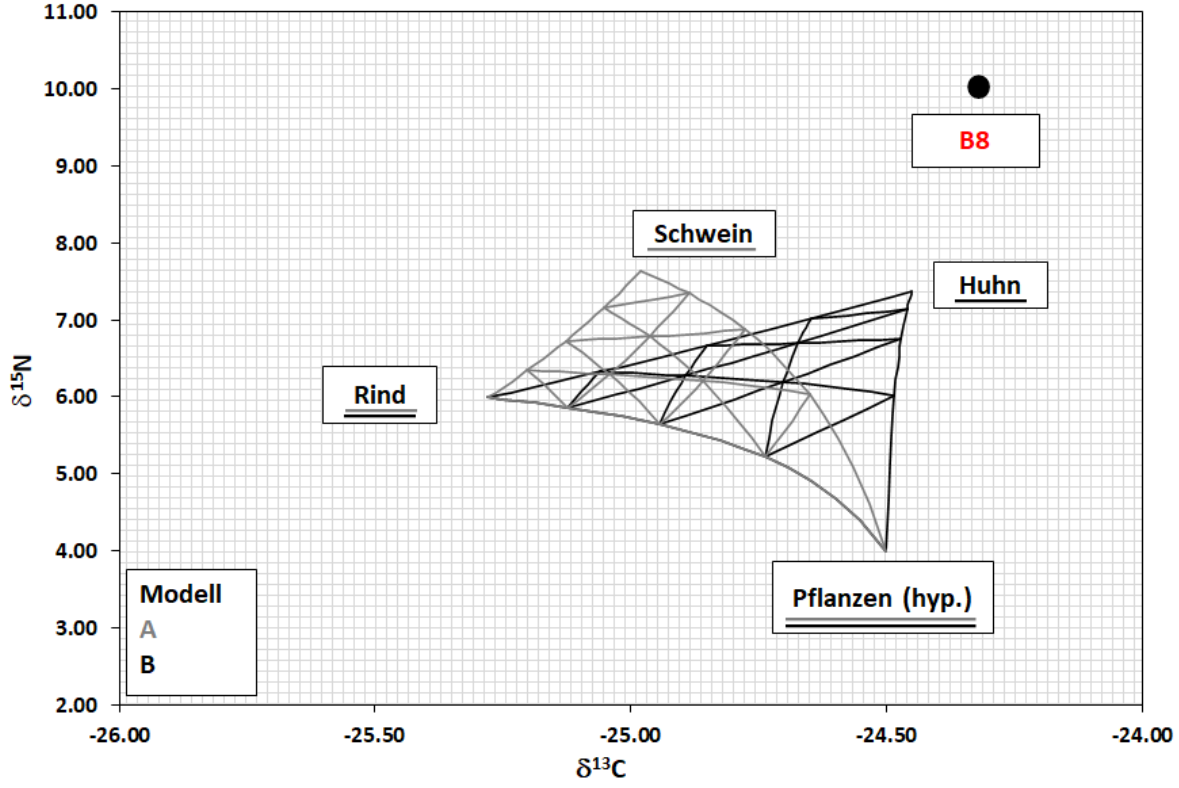


Abbildung 739: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit IsoConc.

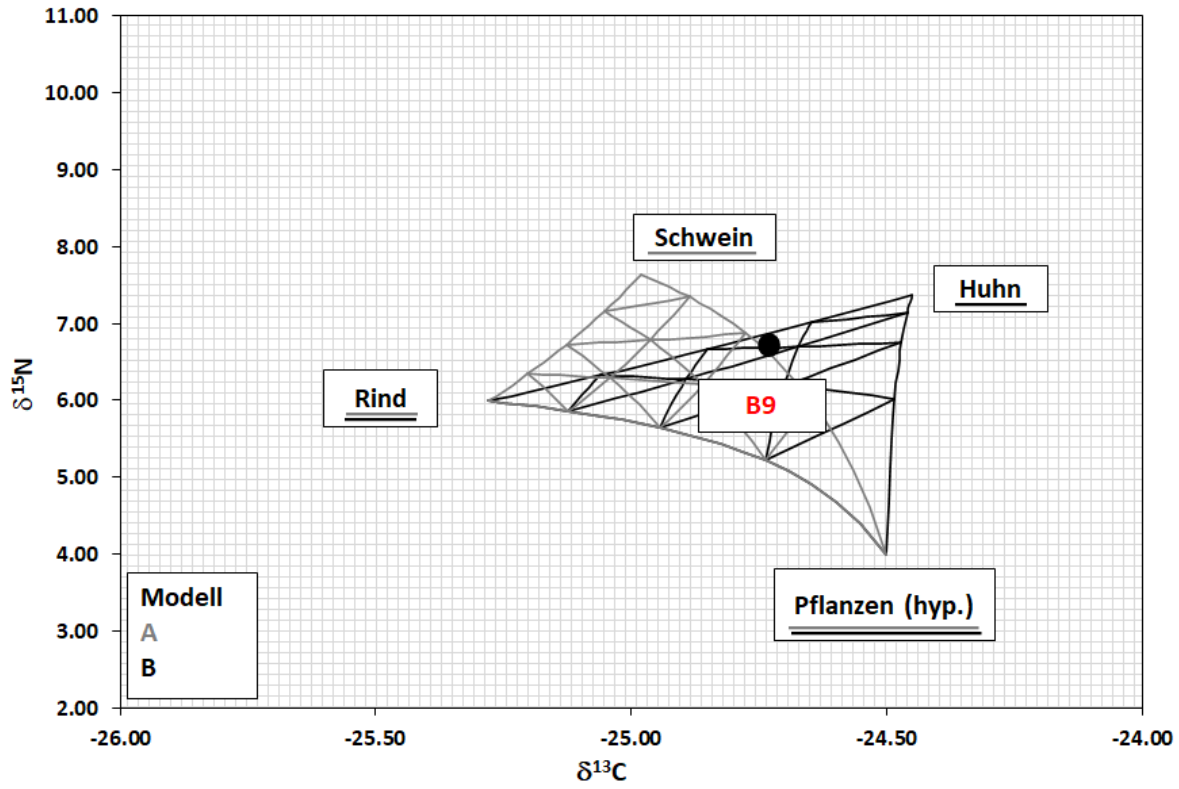


Abbildung 740: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit IsoConc.

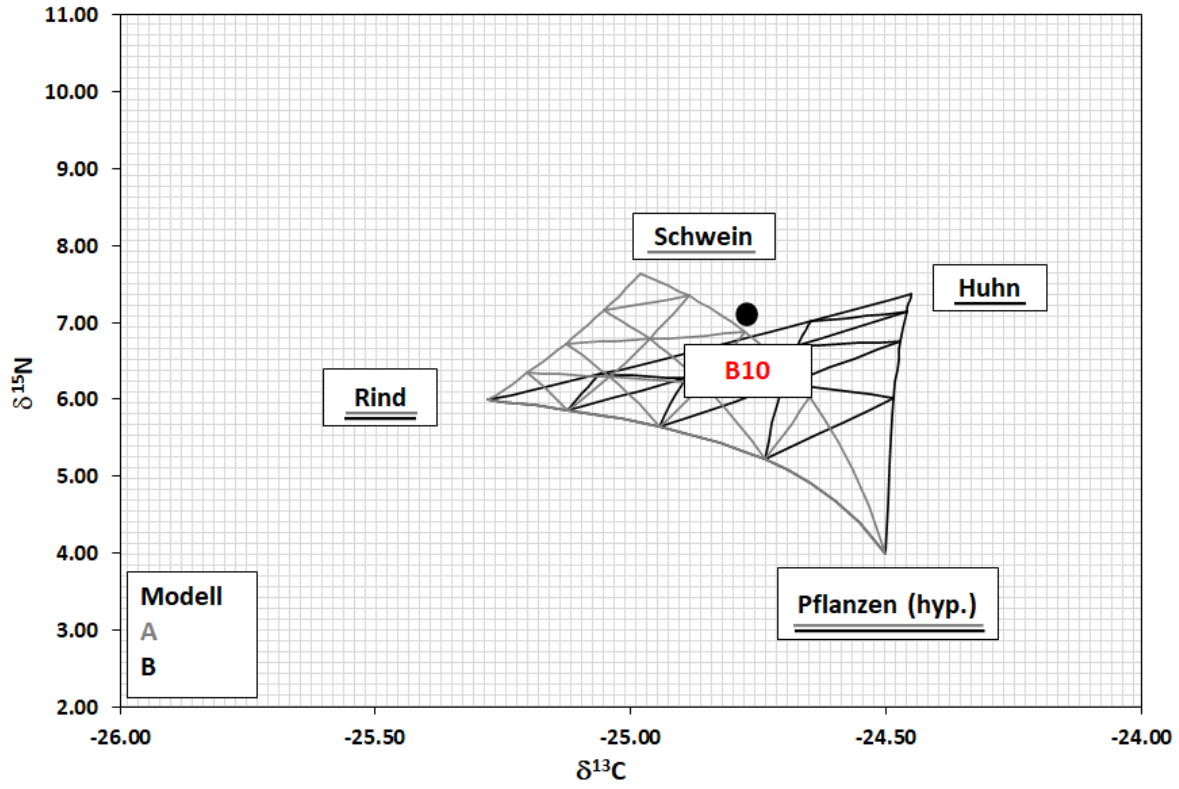


Abbildung 741: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 10. Erstellt mit IsoConc.

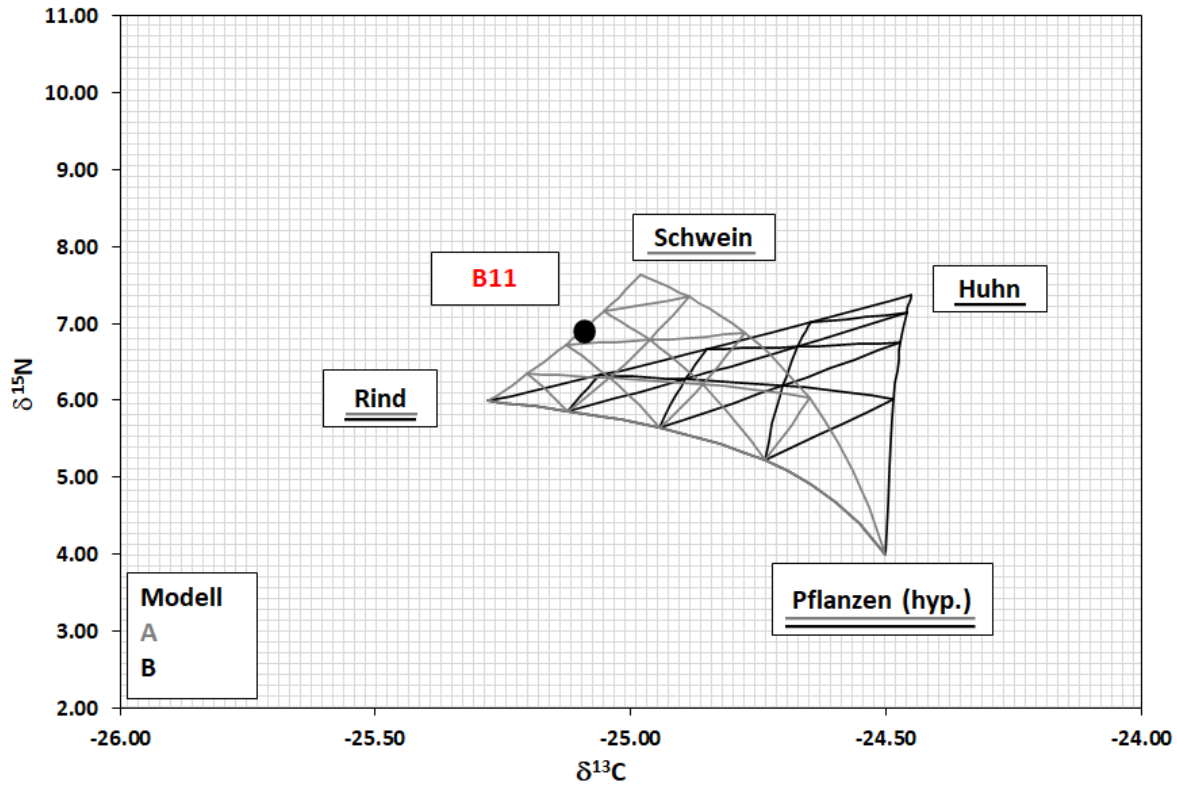


Abbildung 742: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 11. Erstellt mit IsoConc.

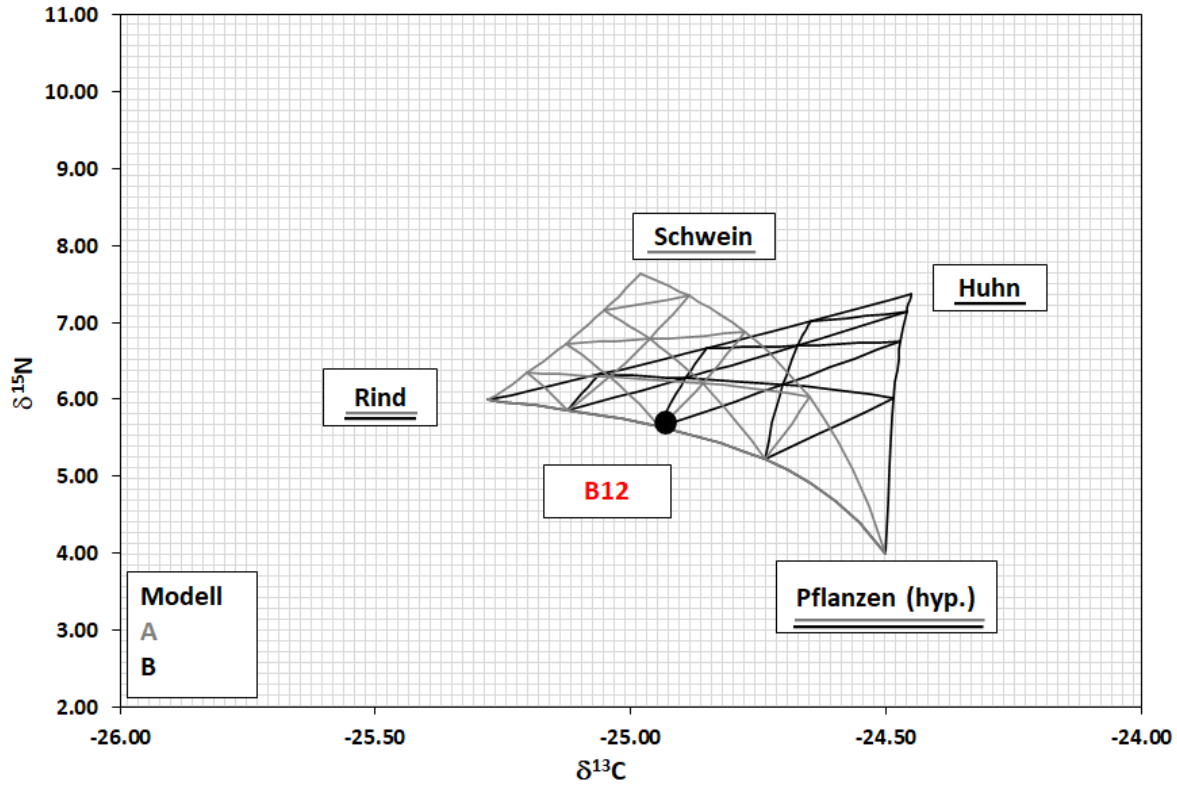


Abbildung 743: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 12. Erstellt mit IsoConc.

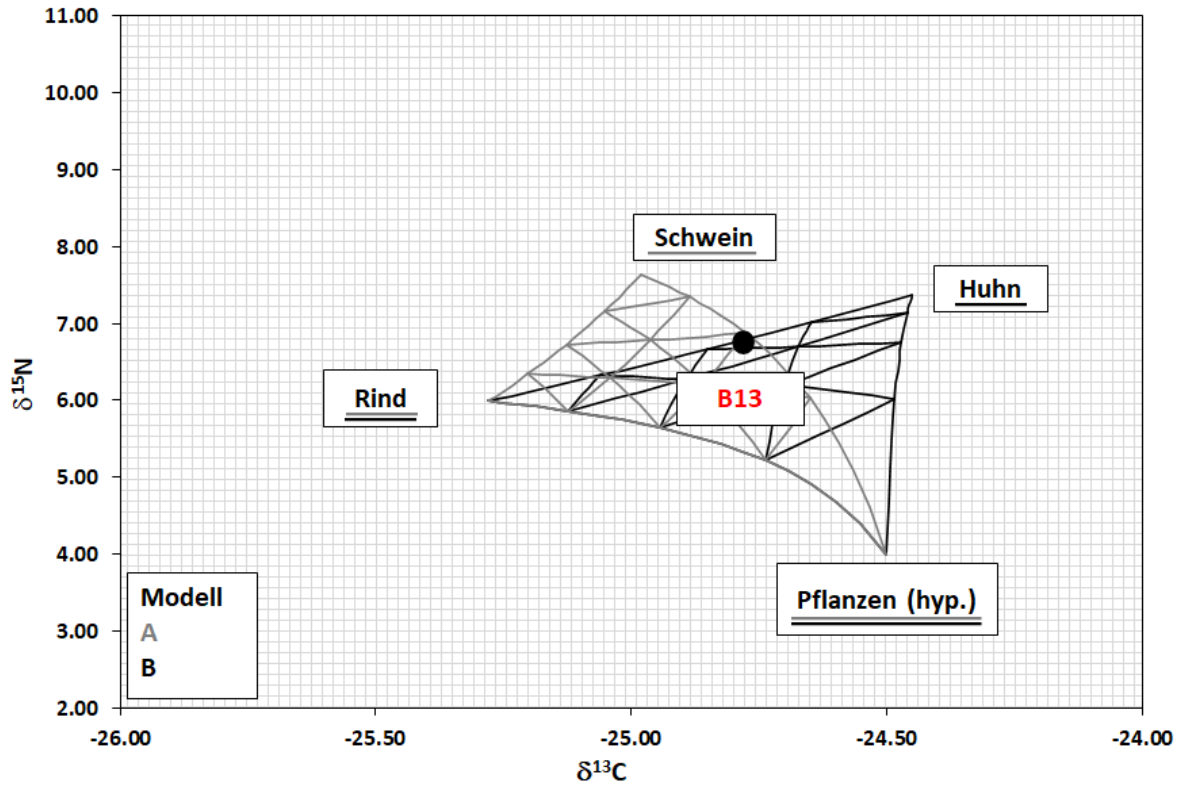


Abbildung 744: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 13. Erstellt mit IsoConc.

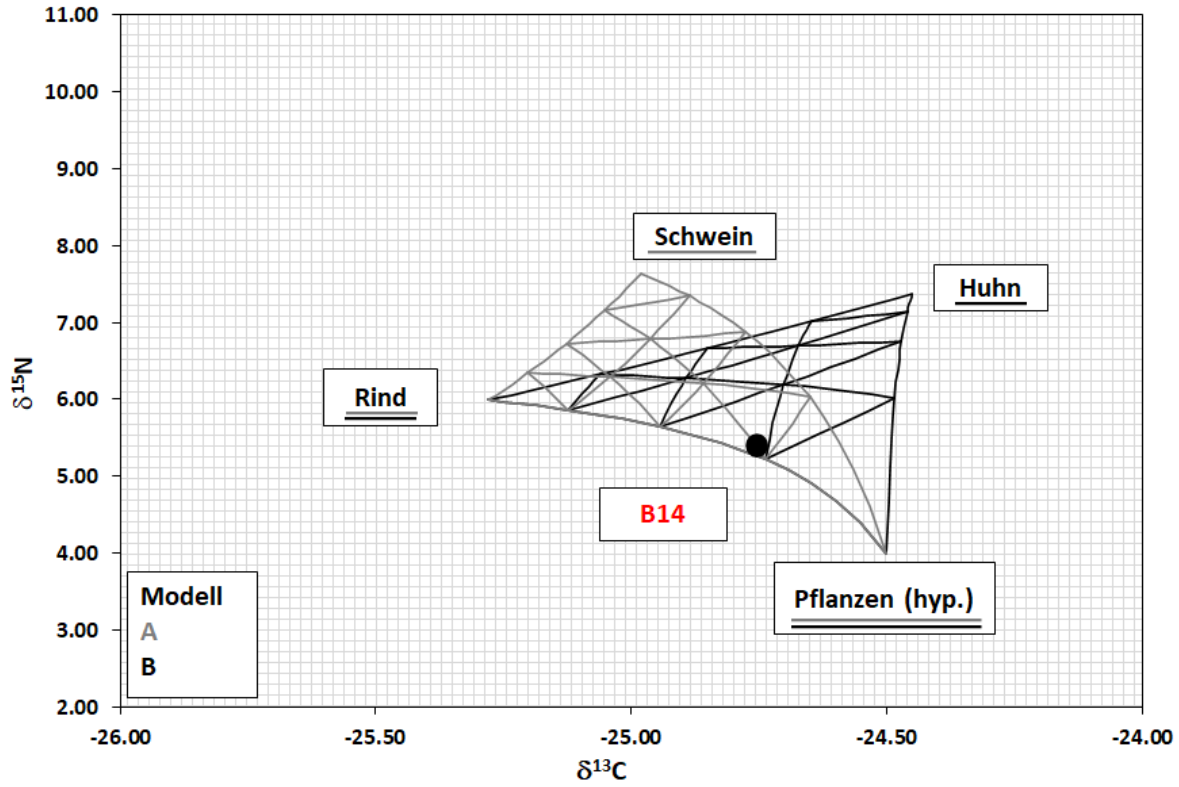


Abbildung 745: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 14. Erstellt mit IsoConc.

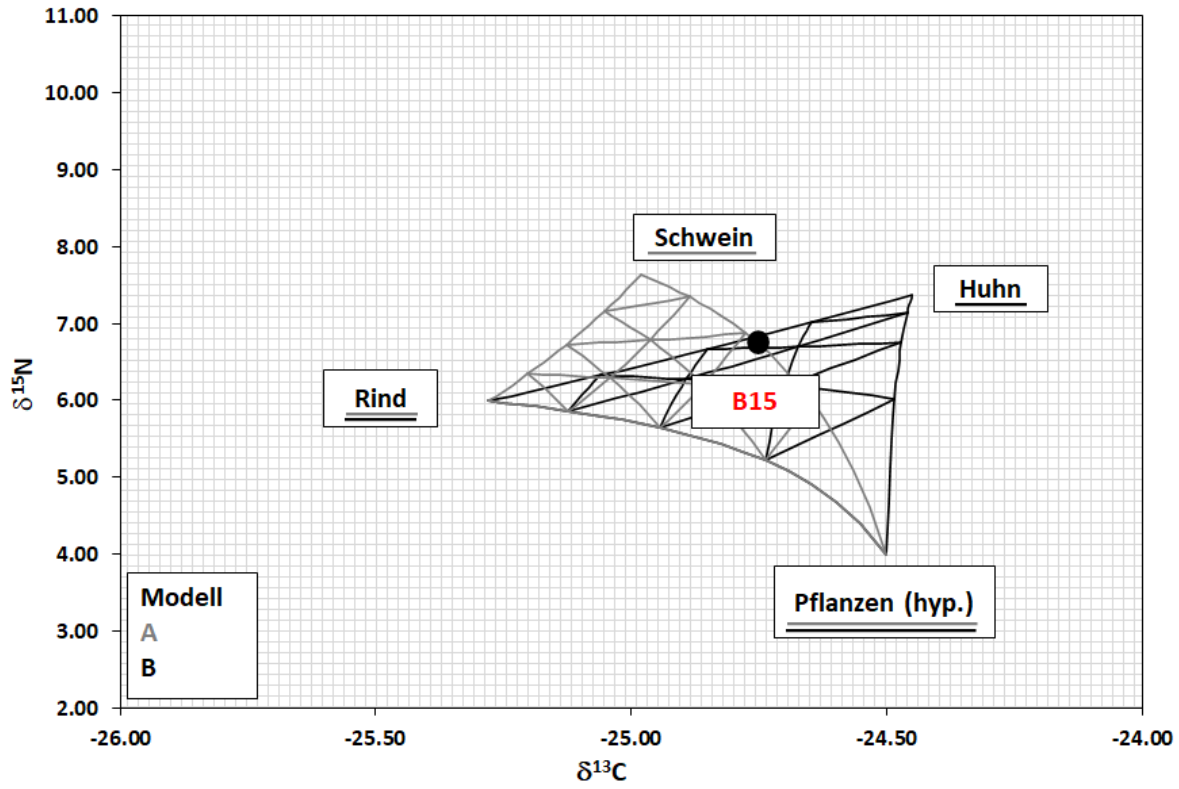


Abbildung 746: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 15. Erstellt mit IsoConc.

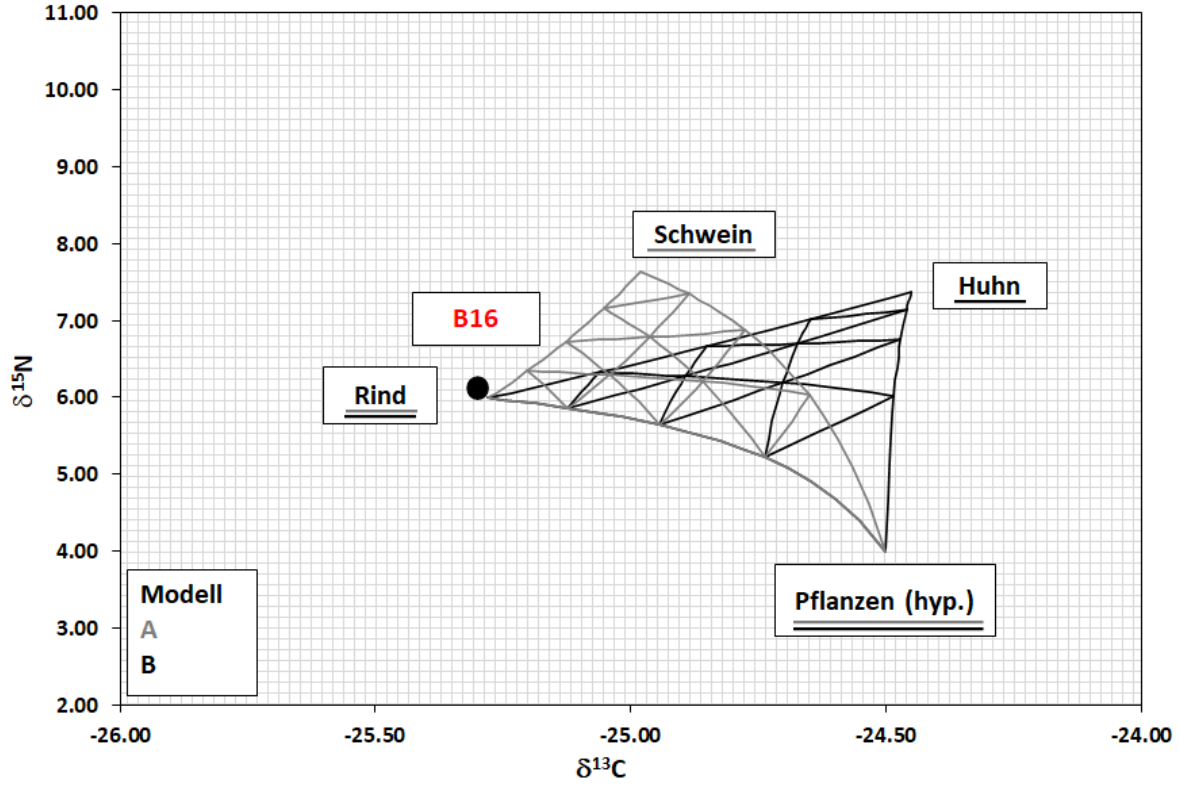


Abbildung 747: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 16. Erstellt mit IsoConc.

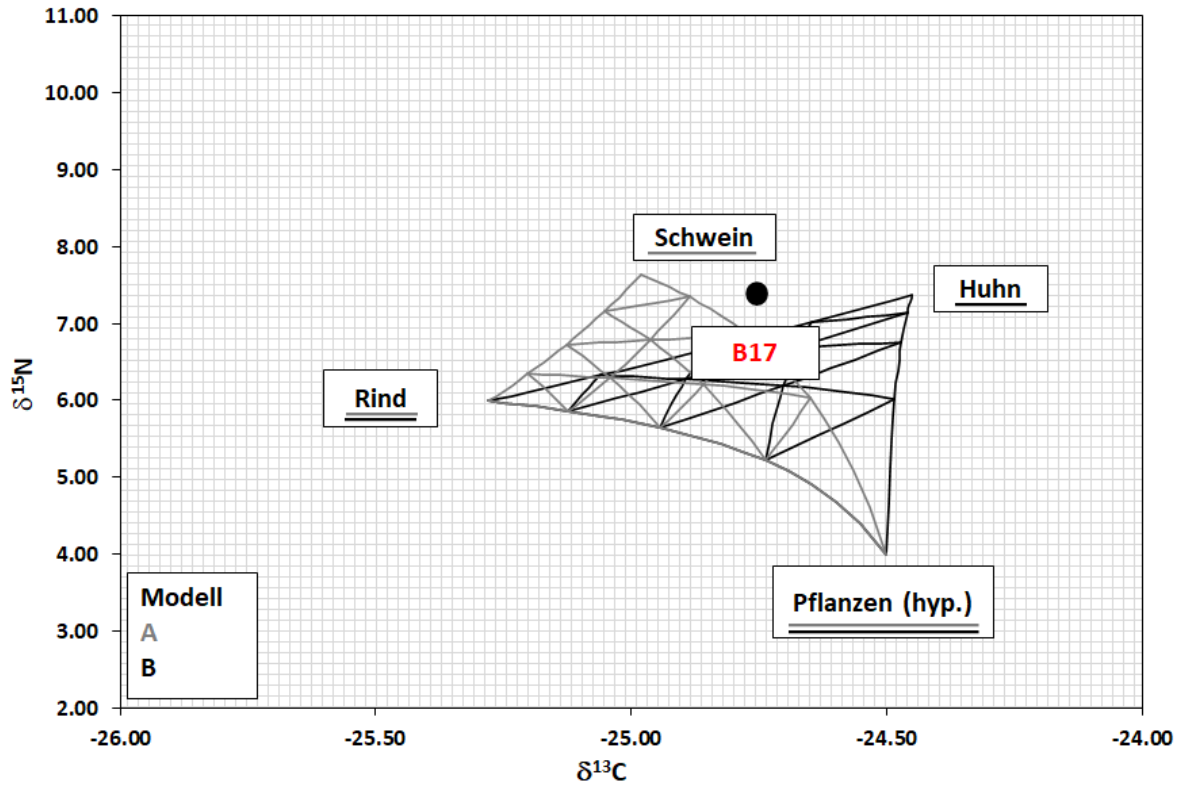


Abbildung 748: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 17. Erstellt mit IsoConc.

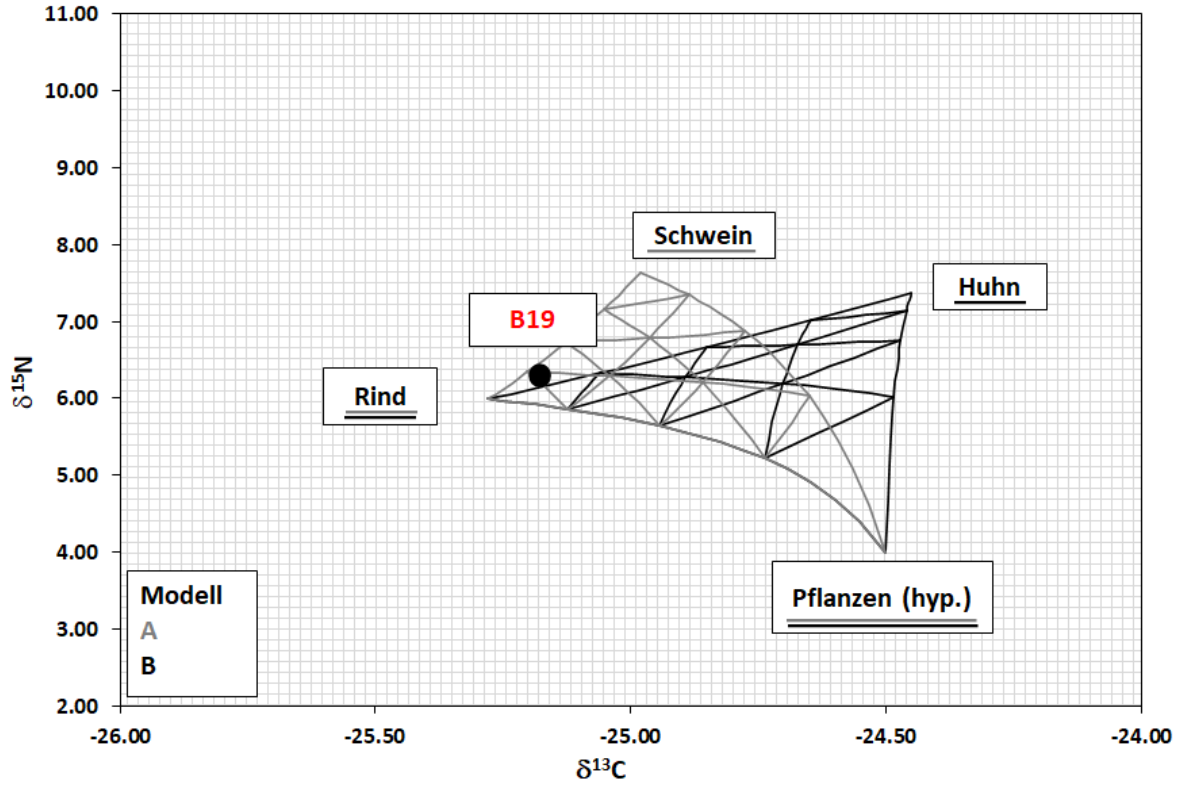


Abbildung 749: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 19. Erstellt mit IsoConc.

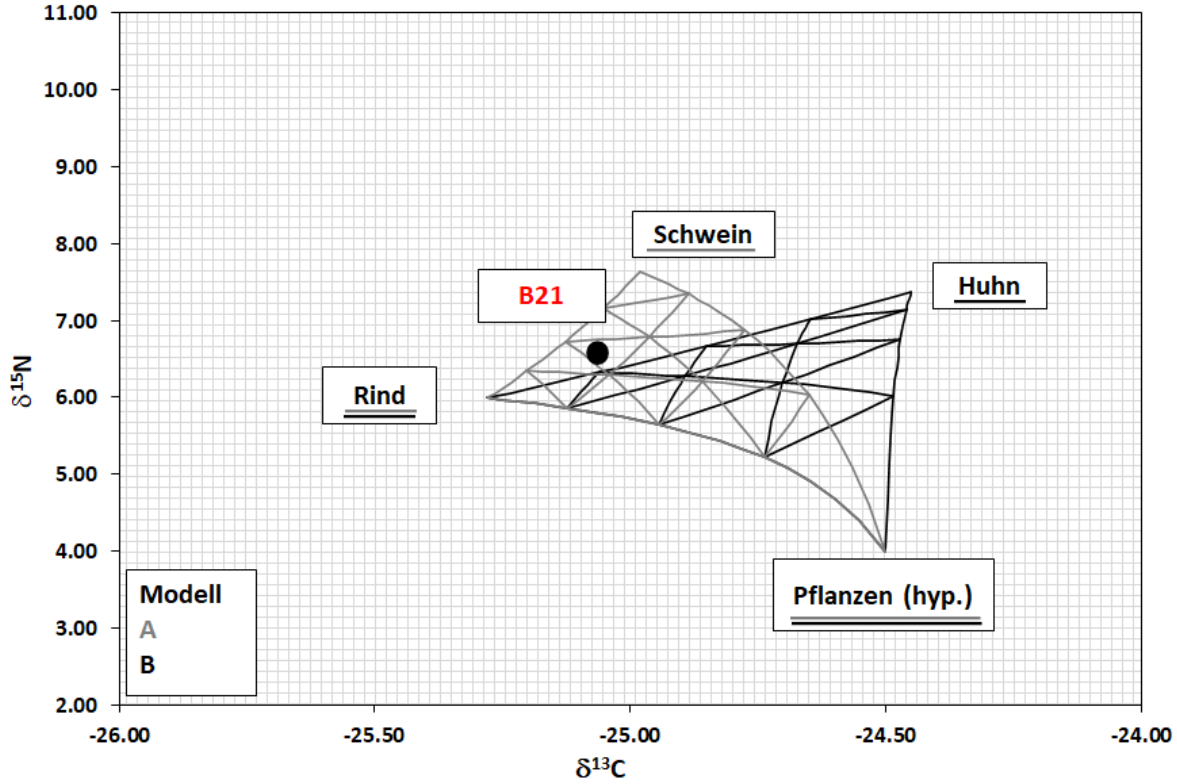


Abbildung 750: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 21. Erstellt mit IsoConc.

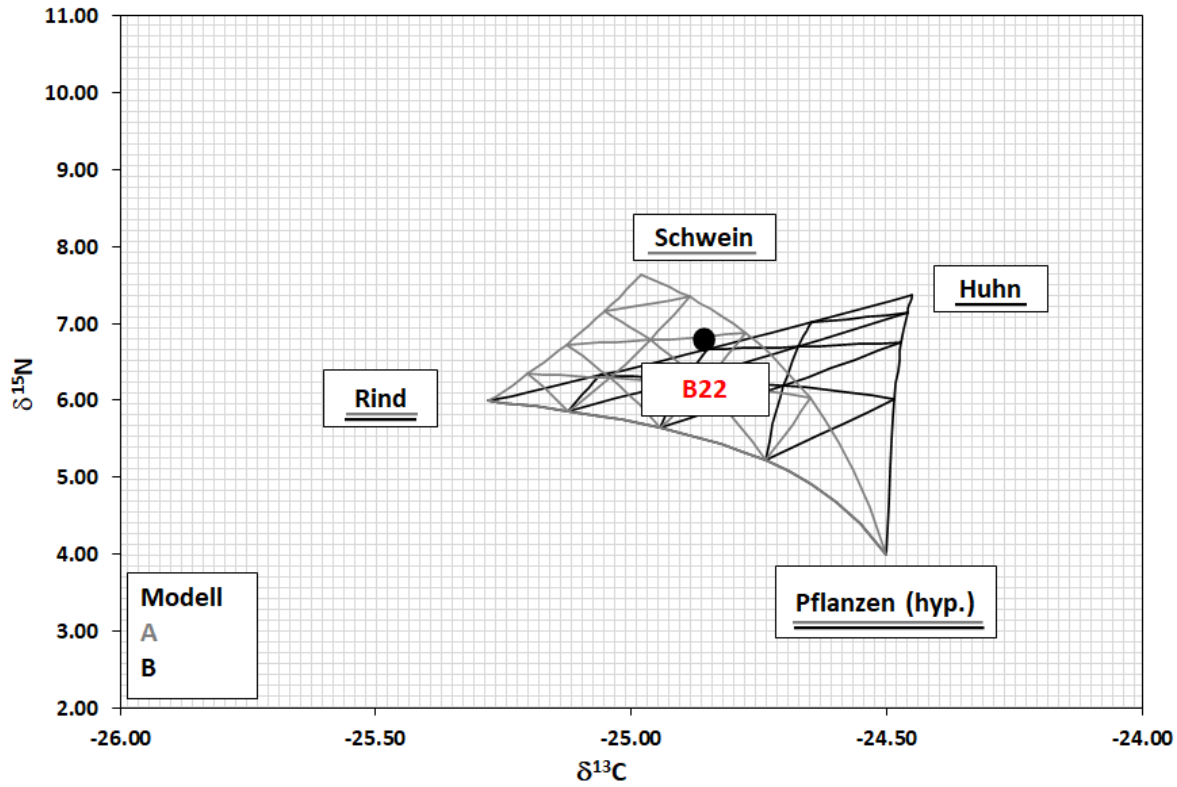


Abbildung 751: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 22. Erstellt mit IsoConc.

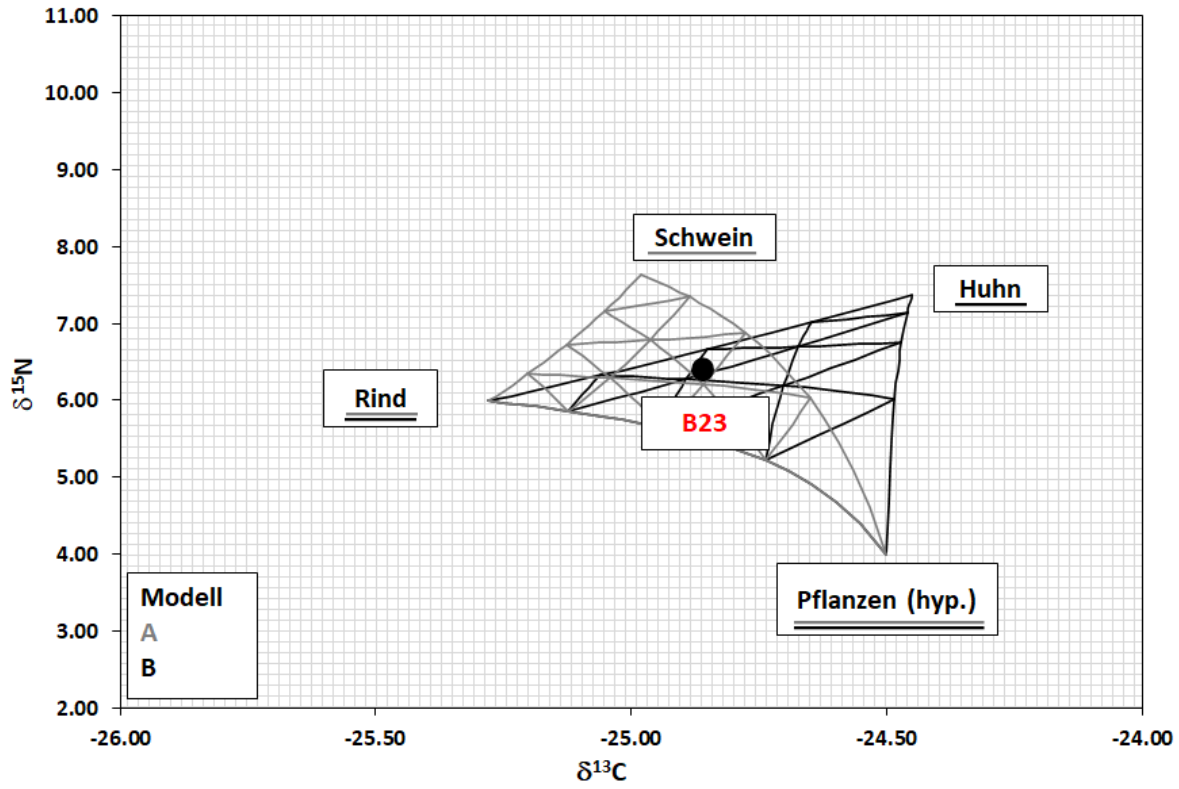


Abbildung 752: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 23. Erstellt mit IsoConc.

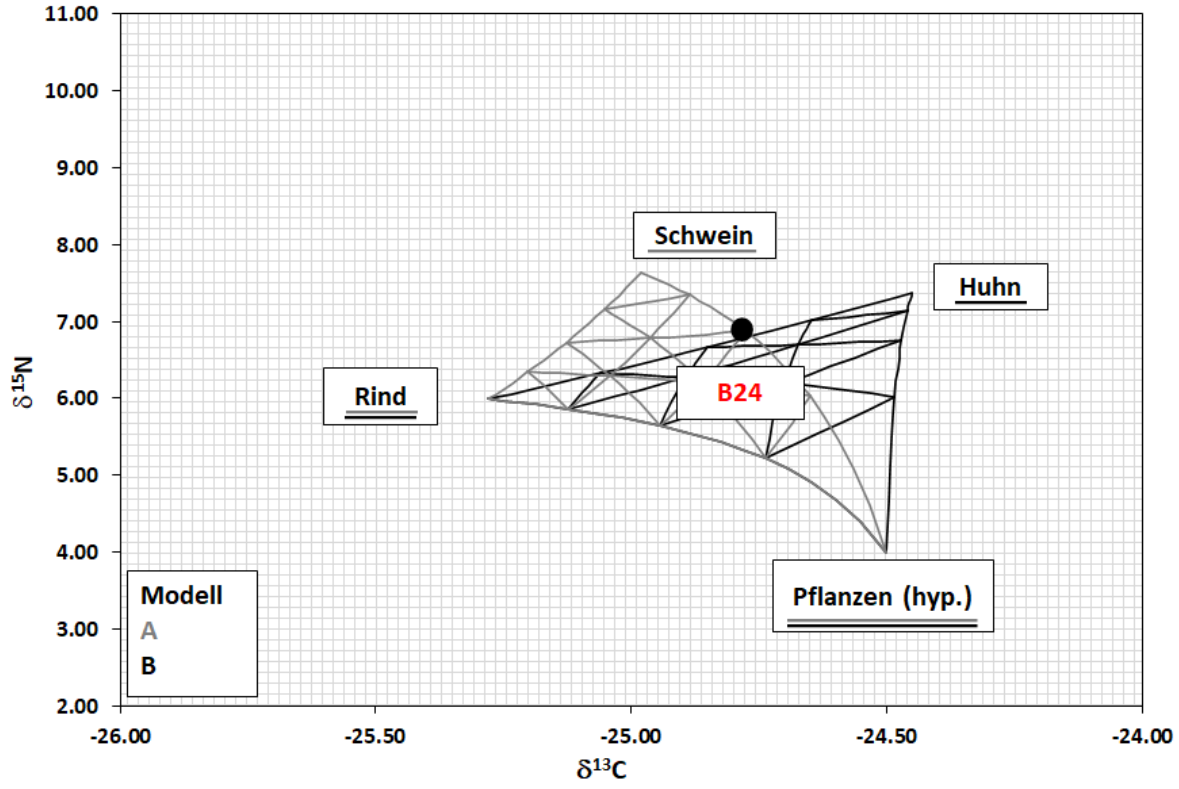


Abbildung 753: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 24. Erstellt mit IsoConc.

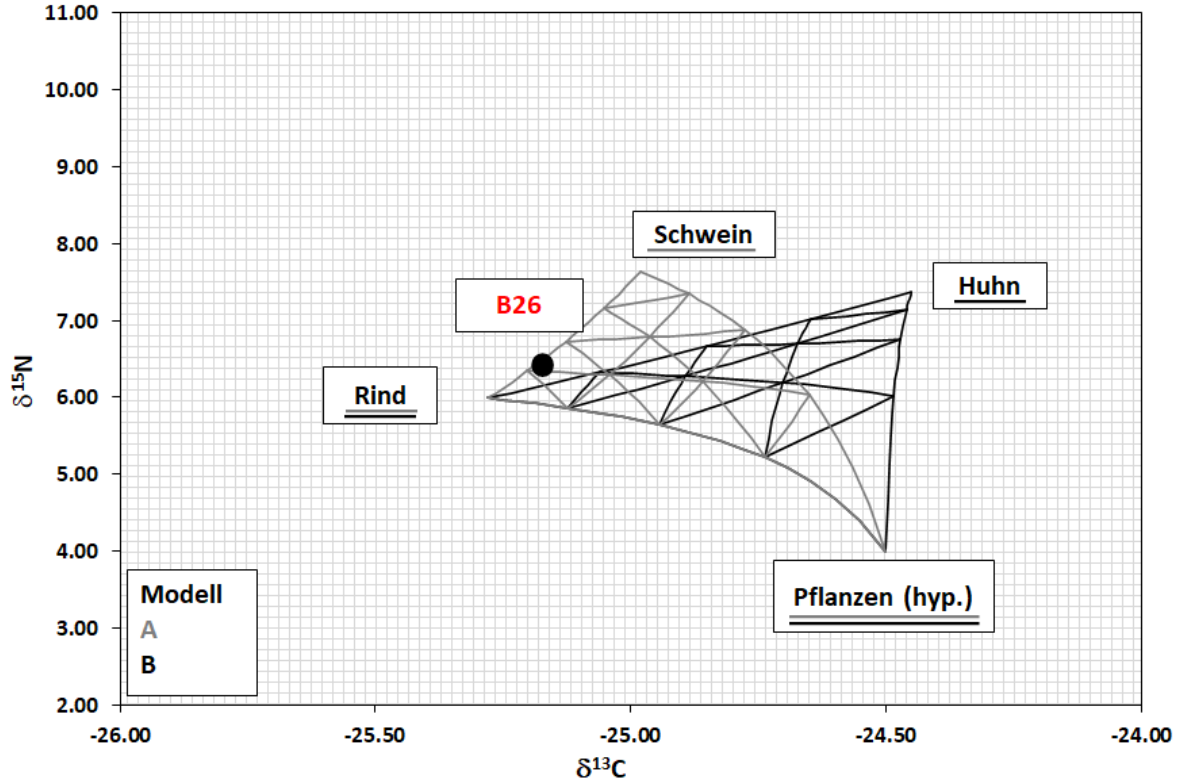


Abbildung 754: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 26. Erstellt mit IsoConc.

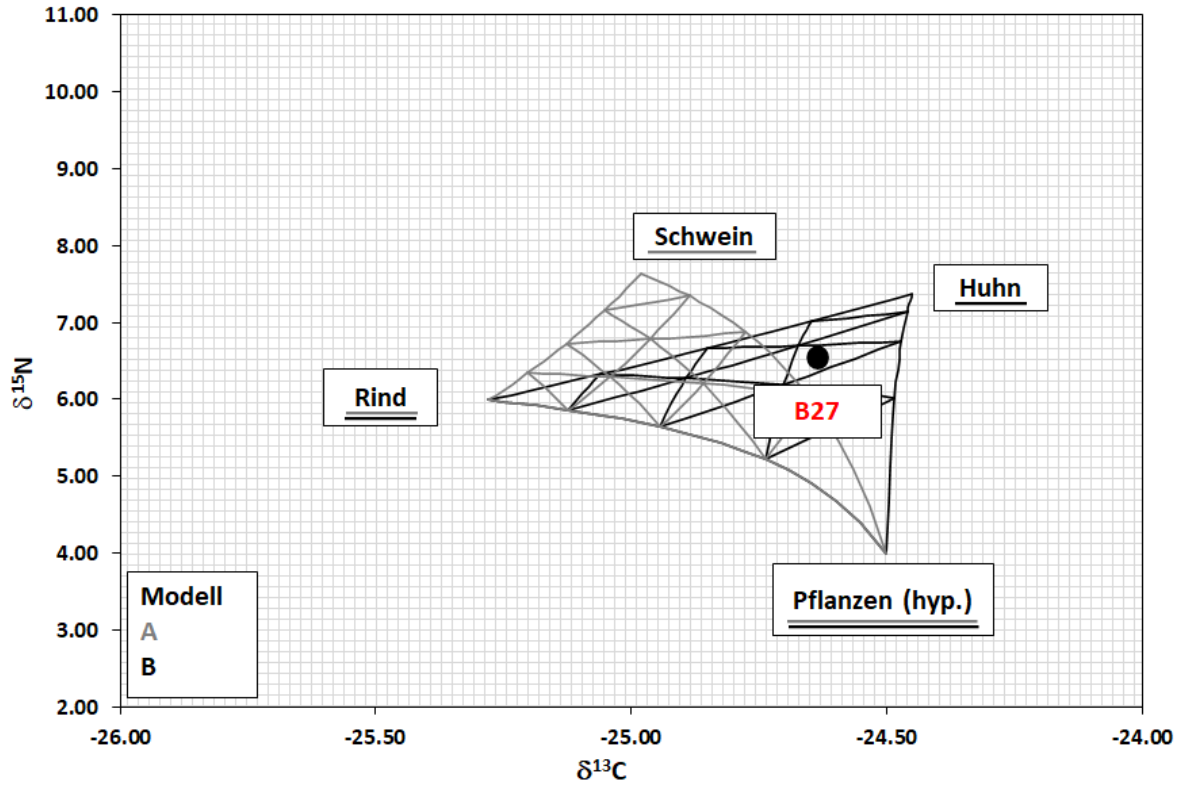


Abbildung 755: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 27. Erstellt mit IsoConc.

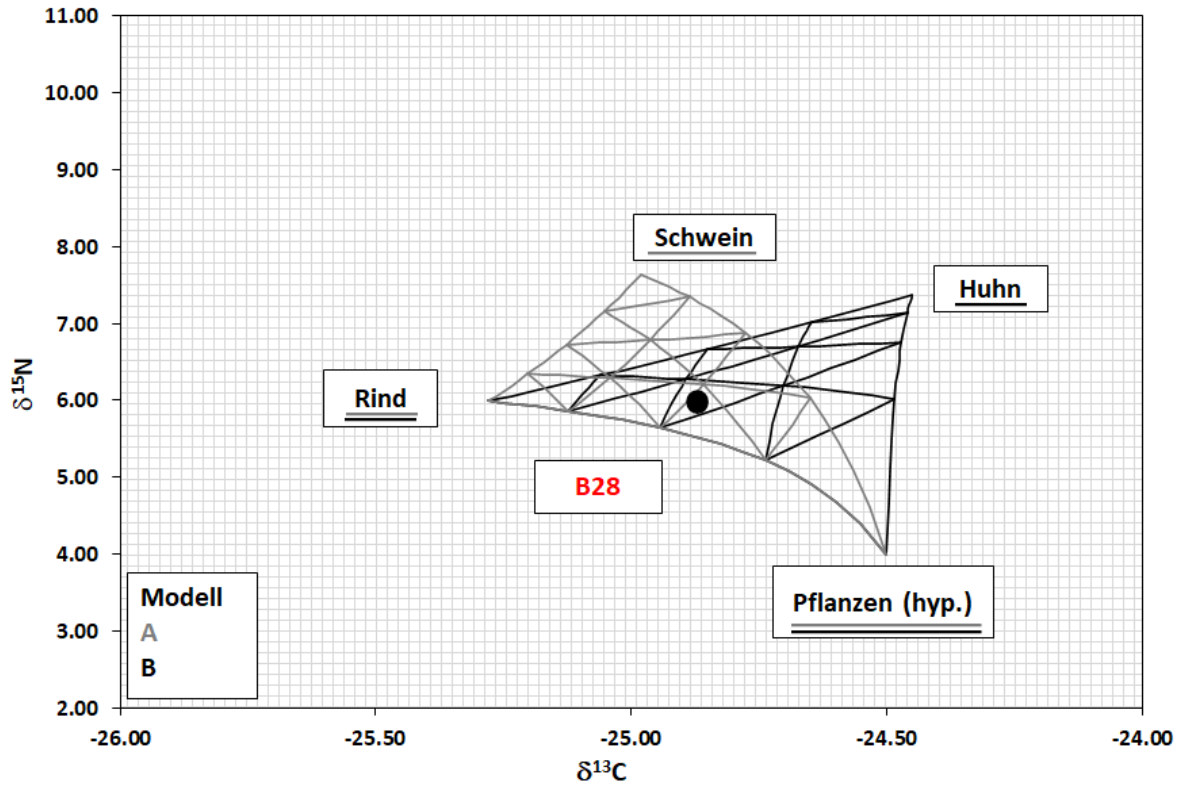


Abbildung 756: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 28. Erstellt mit IsoConc.

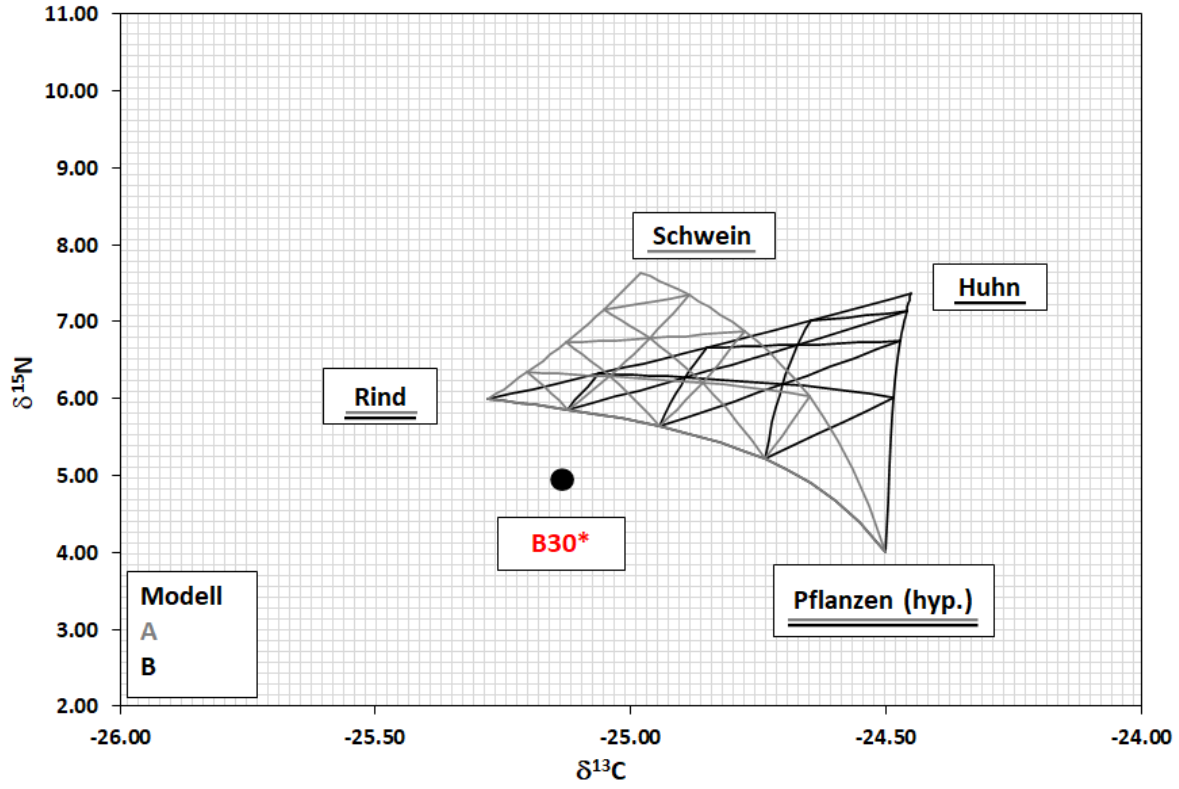


Abbildung 757: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 30*. Erstellt mit IsoConc.

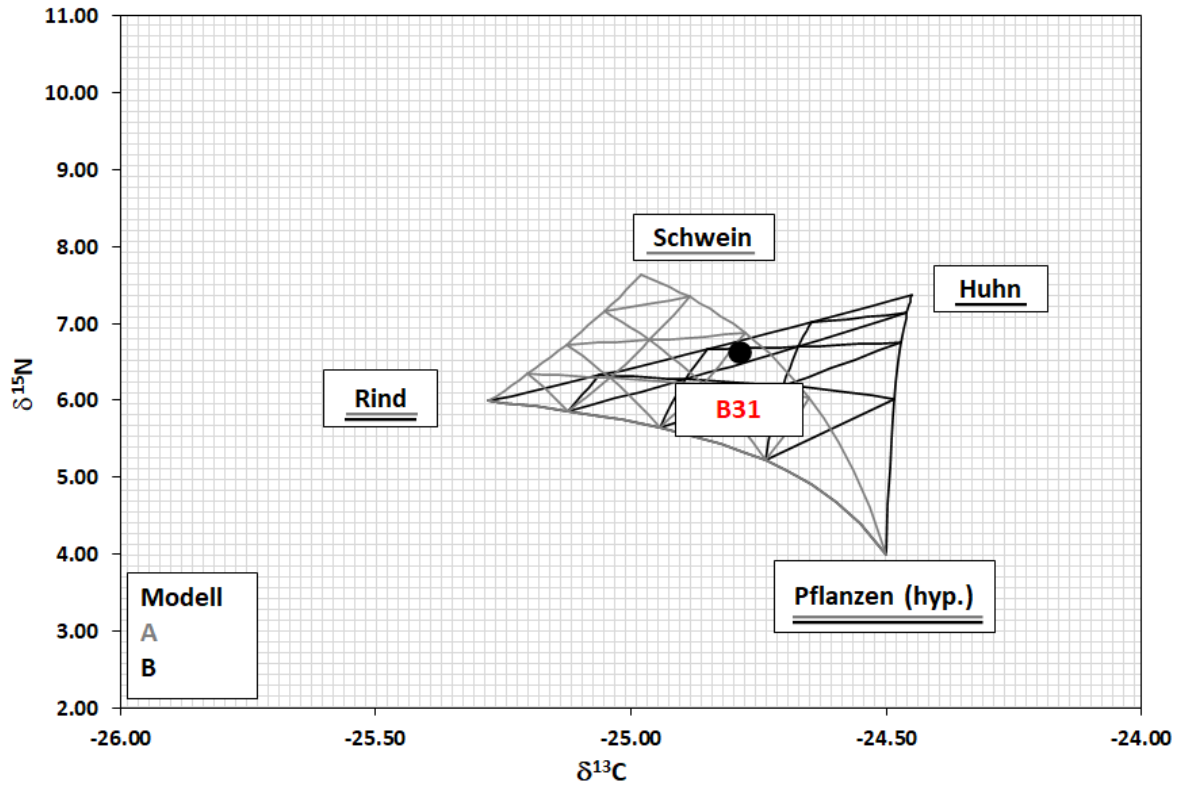


Abbildung 758: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 31. Erstellt mit IsoConc.

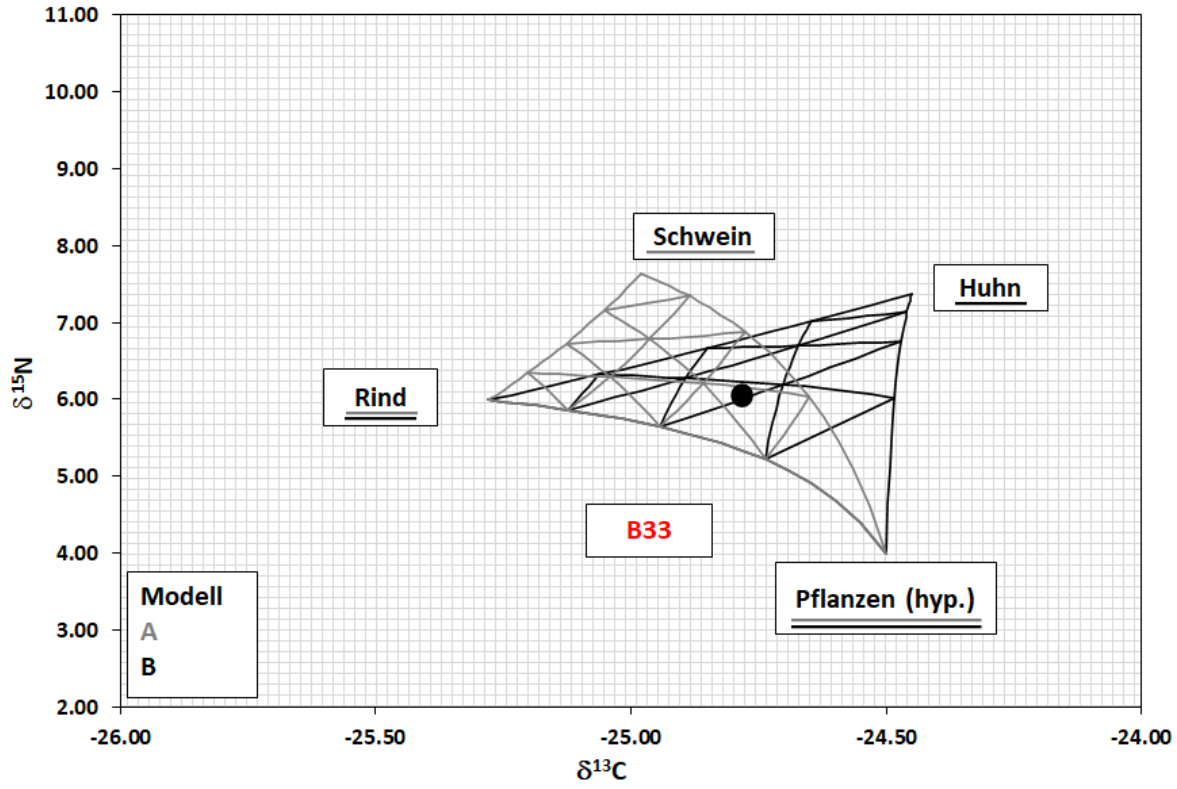


Abbildung 759: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 33. Erstellt mit IsoConc.

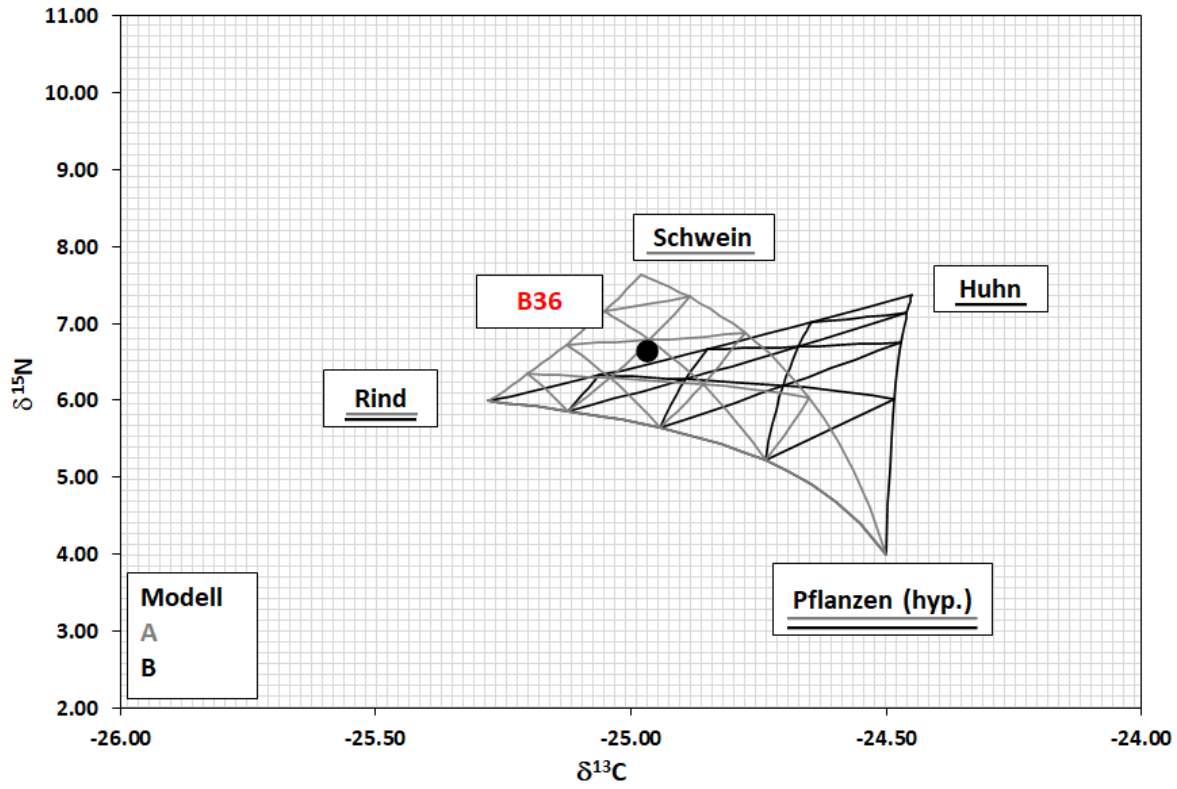


Abbildung 760: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 36. Erstellt mit IsoConc.

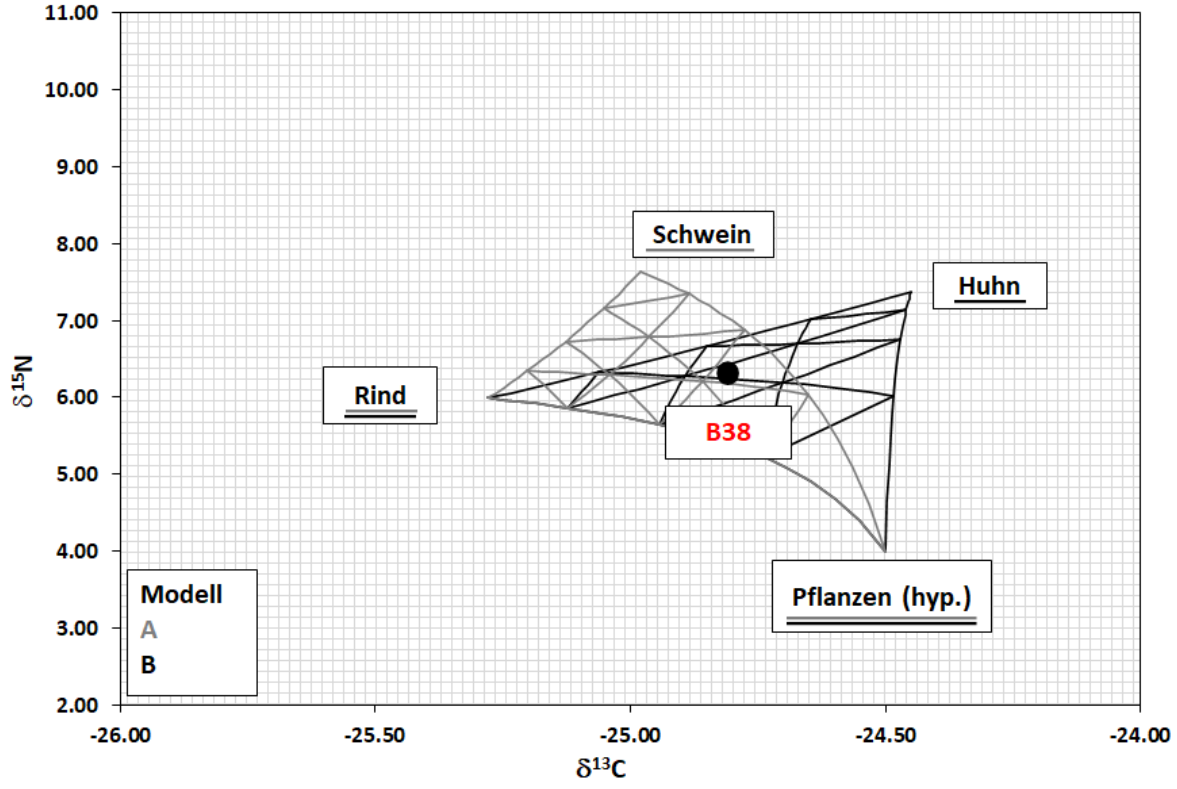


Abbildung 761: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 38. Erstellt mit IsoConc.

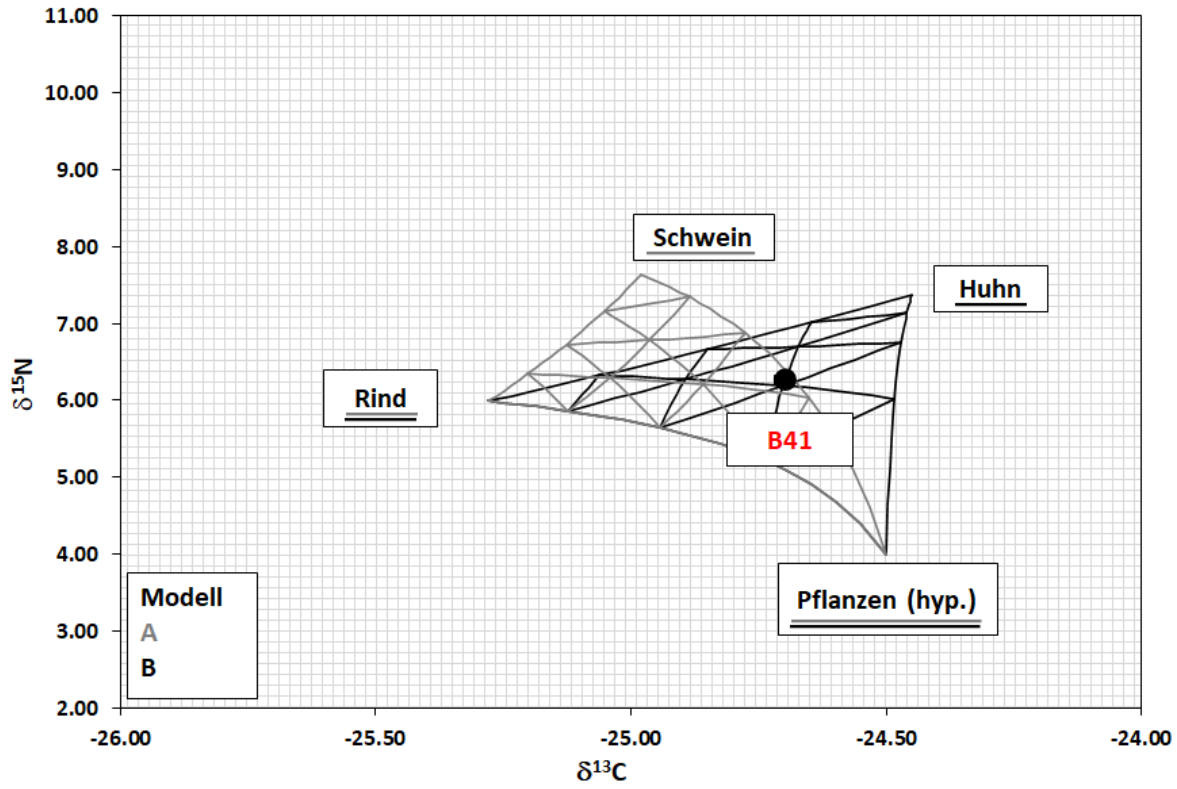


Abbildung 762: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 41. Erstellt mit IsoConc.

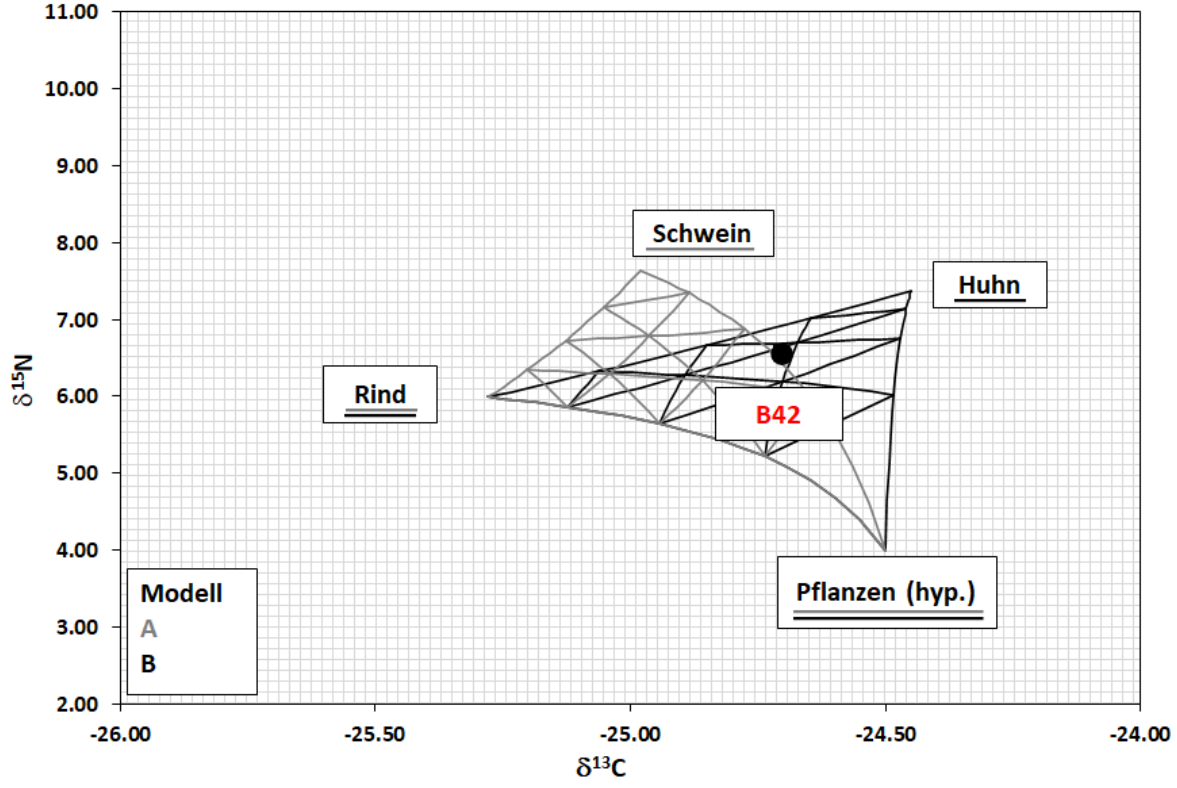


Abbildung 763: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 42. Erstellt mit IsoConc.

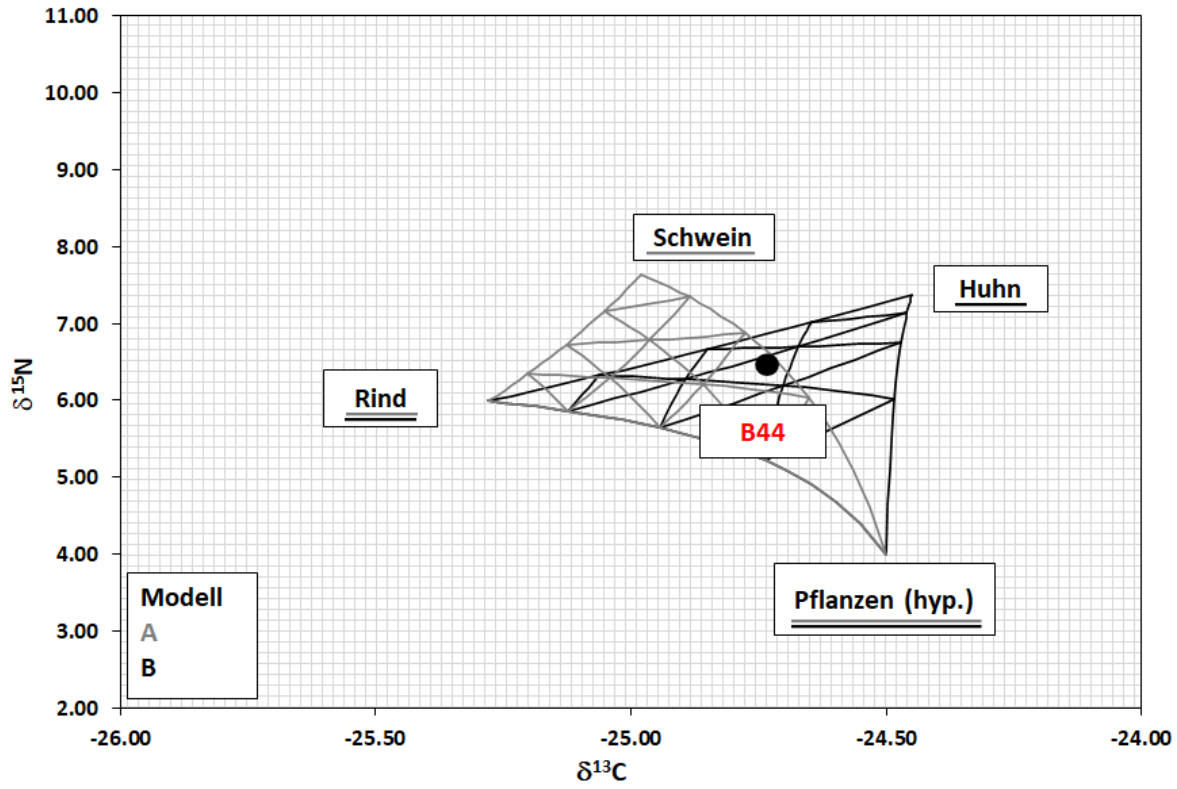


Abbildung 764: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 44. Erstellt mit IsoConc.

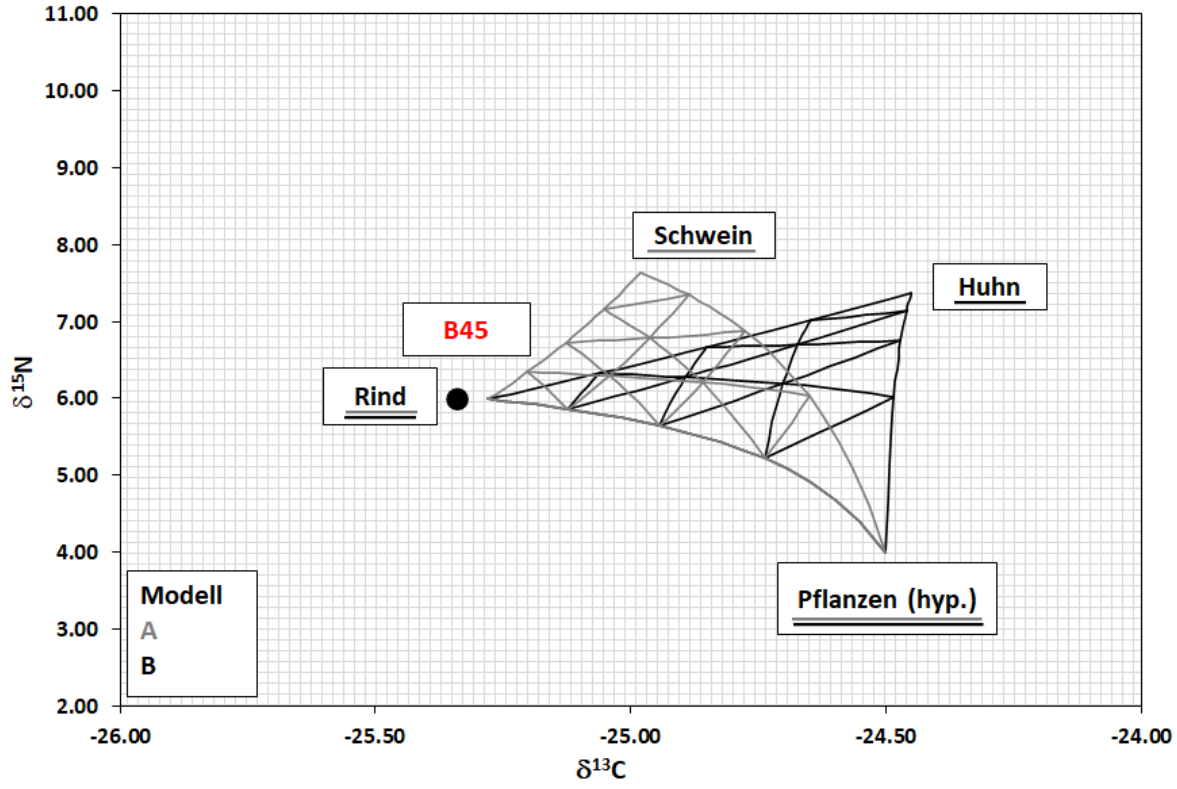


Abbildung 765: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 45. Erstellt mit IsoConc.

10.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 30 Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Bruckmühl (B). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
B1	Pflanzen	23,8%
	Schwein	9,3%
	Rind	66,9%
B2	Pflanzen	27,7%
	Schwein	38,5%
	Rind	33,8%
B3	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B5	Pflanzen	27,4%
	Schwein	33,0%
	Rind	39,6%
B6*	Pflanzen	39,4%
	Schwein	18,8%
	Rind	41,8%
B7*	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B8	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B9	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B10	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B11	Pflanzen	2,0%
	Schwein	58,2%
	Rind	39,8%
B12	Pflanzen	50,4%
	Schwein	2,9%
	Rind	46,7%
B13	Pflanzen	52,2%
	Schwein	43,9%
	Rind	4,0%
B14	Pflanzen	72,2%
	Schwein	3,5%
	Rind	24,3%
B15	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B16	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B17	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
B1	Pflanzen	17,9%
	Huhn	7,5%
	Rind	74,6%
B2	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B3	Pflanzen	58,6%
	Huhn	40,1%
	Rind	1,6%
B5	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B6*	Pflanzen	26,8%
	Huhn	16,2%
	Rind	57,0%
B7*	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B8	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B9	Pflanzen	12,8%
	Huhn	53,8%
	Rind	33,5%
B10	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B11	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B12	Pflanzen	48,9%
	Huhn	2,1%
	Rind	48,9%
B13	Pflanzen	7,3%
	Huhn	52,4%
	Rind	40,3%
B14	Pflanzen	70,9%
	Huhn	2,3%
	Rind	26,8%
B15	Pflanzen	8,6%
	Huhn	55,0%
	Rind	36,5%
B16	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B17	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

B19	Pflanzen	6,9%
	Schwein	21,7%
	Rind	71,3%
B21	Pflanzen	16,2%
	Schwein	38,1%
	Rind	45,8%
B22	Pflanzen	40,0%
	Schwein	48,3%
	Rind	11,7%
B23	Pflanzen	47,1%
	Schwein	31,6%
	Rind	21,3%
B24	Pflanzen	48,3%
	Schwein	50,3%
	Rind	1,4%
B26	Pflanzen	2,6%
	Schwein	30,4%
	Rind	66,9%
B27	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B28	Pflanzen	52,7%
	Schwein	15,5%
	Rind	31,9%
B30*	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B31	Pflanzen	53,3%
	Schwein	41,0%
	Rind	5,6%
B33	Pflanzen	61,0%
	Schwein	22,3%
	Rind	16,7%
B36	Pflanzen	27,4%
	Schwein	42,4%
	Rind	30,2%
B38	Pflanzen	53,1%
	Schwein	32,5%
	Rind	14,4%
B41	Pflanzen	66,3%
	Schwein	29,9%
	Rind	3,8%
B42	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
B44	Pflanzen	61,9%
	Schwein	35,1%
	Rind	3,1%
B45	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x

B19	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B21	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B22	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B23	Pflanzen	22,1%
	Huhn	31,0%
	Rind	46,9%
B24	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B26	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B27	Pflanzen	41,1%
	Huhn	40,6%
	Rind	18,3%
B28	Pflanzen	43,8%
	Huhn	12,5%
	Rind	43,8%
B30	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B31	Pflanzen	14,4%
	Huhn	46,5%
	Rind	39,1%
B33	Pflanzen	47,5%
	Huhn	18,9%
	Rind	33,6%
B36	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
B38	Pflanzen	27,7%
	Huhn	32,1%
	Rind	40,3%
B41	Pflanzen	45,6%
	Huhn	27,9%
	Rind	26,5%
B42	Pflanzen	24,7%
	Huhn	45,9%
	Rind	29,4%
B44	Pflanzen	33,9%
	Huhn	35,8%
	Rind	30,3%
B45	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

10.3 MixSIAR: Abbildungen

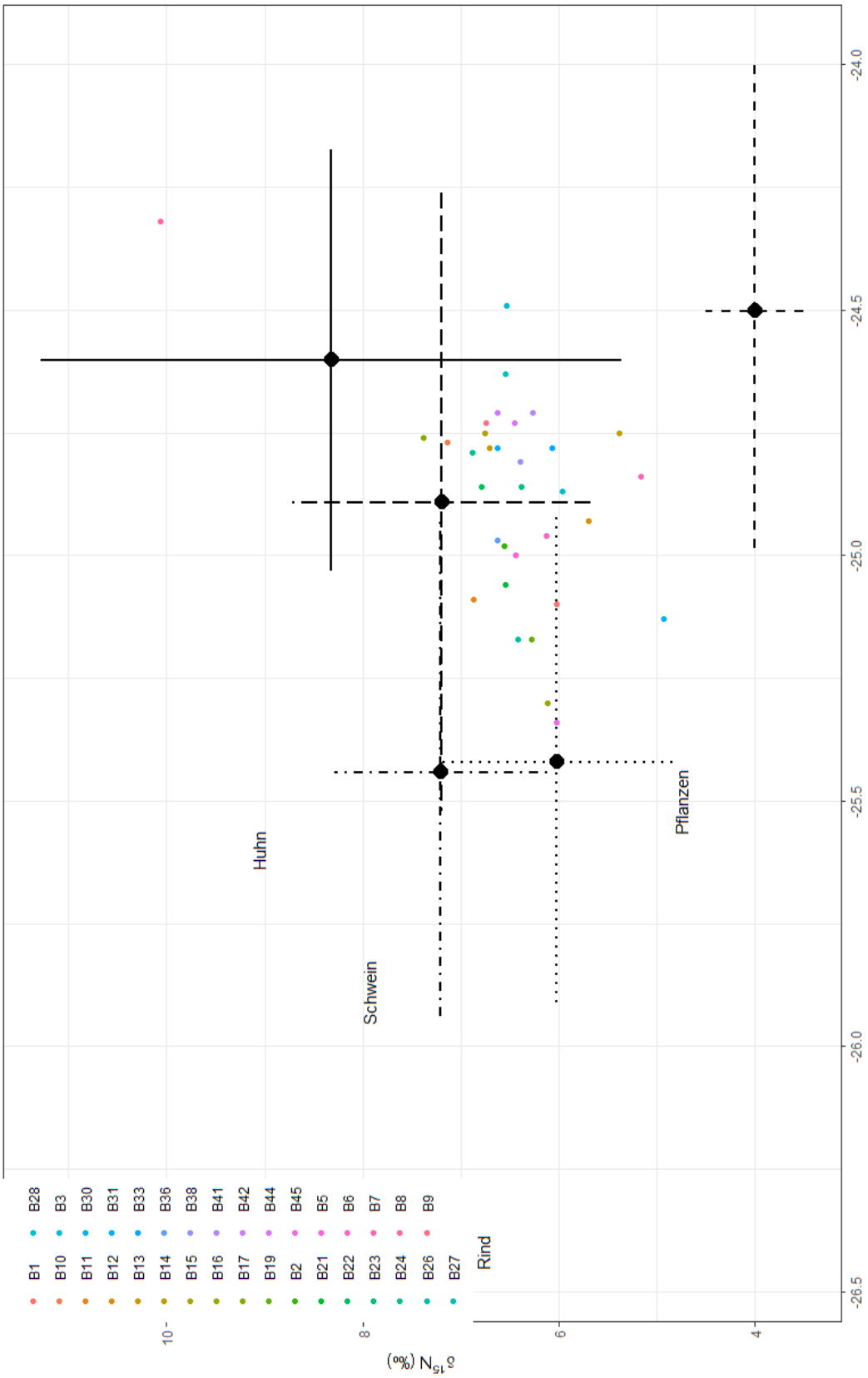


Abbildung 766: Isospace Plot der Individuen aus Bruckmühl. Erstellt mit MixSIAR.

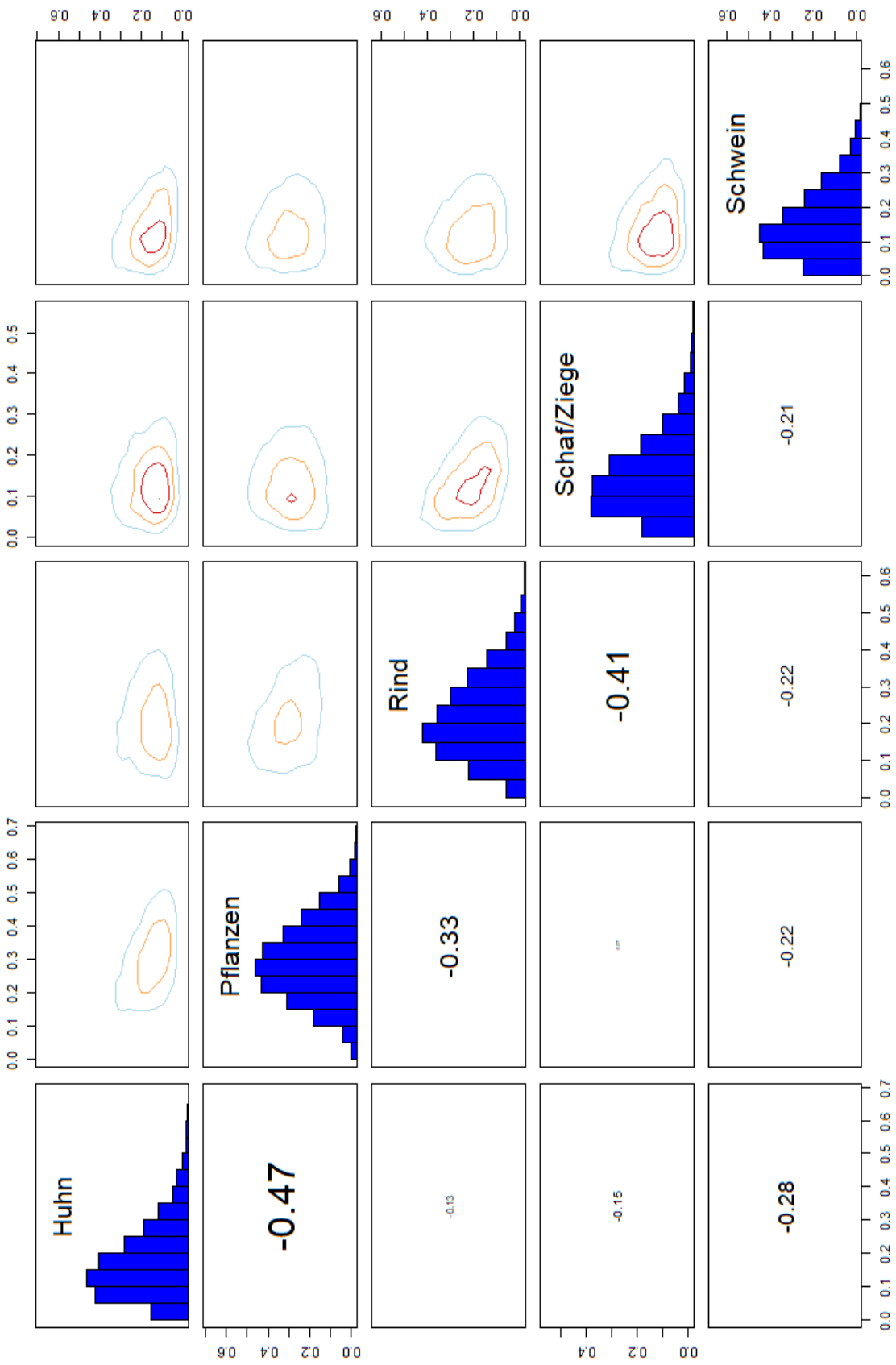


Abbildung 767: Pairs Plot der Population aus Bruckmühl. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

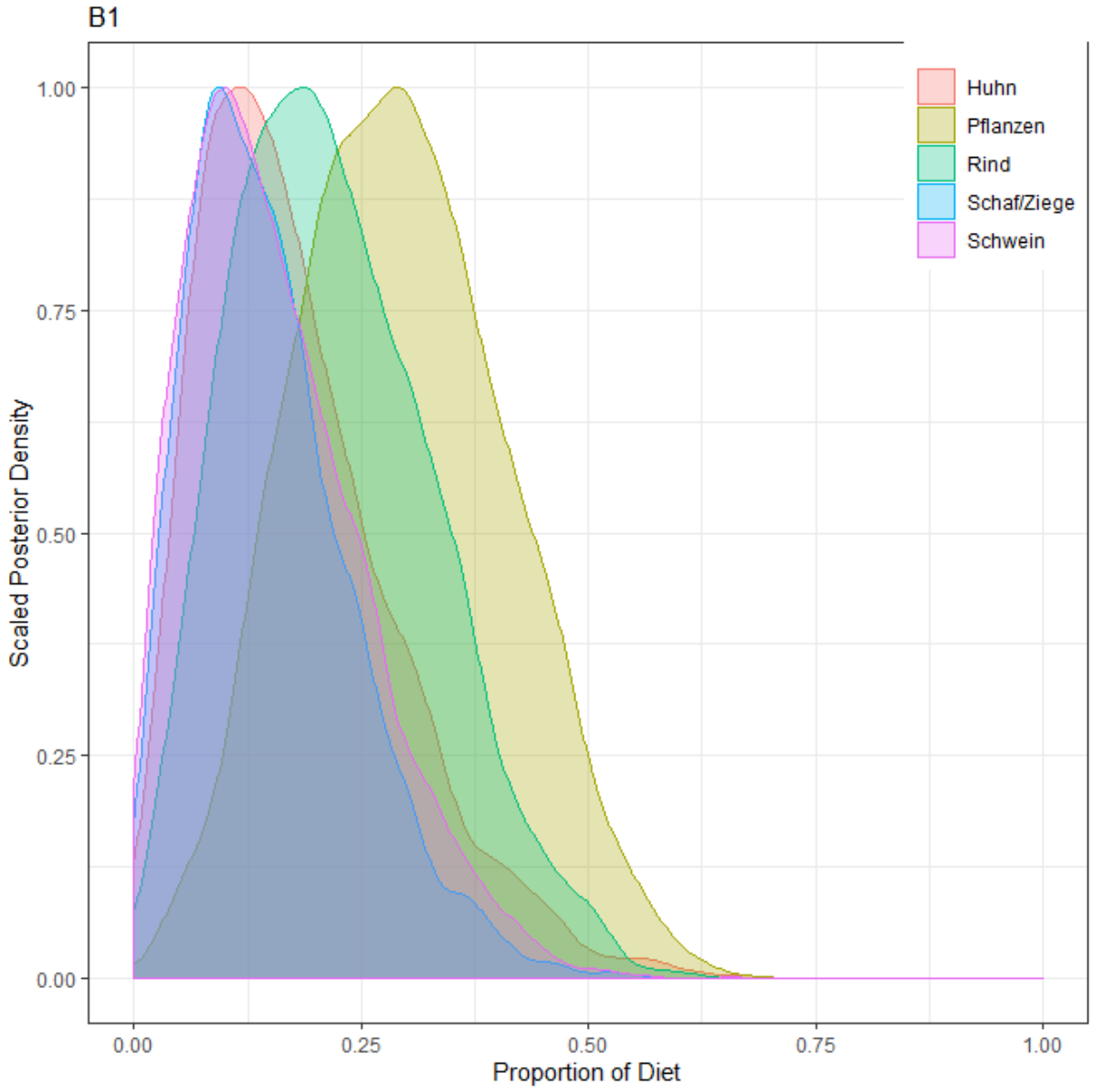


Abbildung 768: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 1. Erstellt mit MixSIAR.

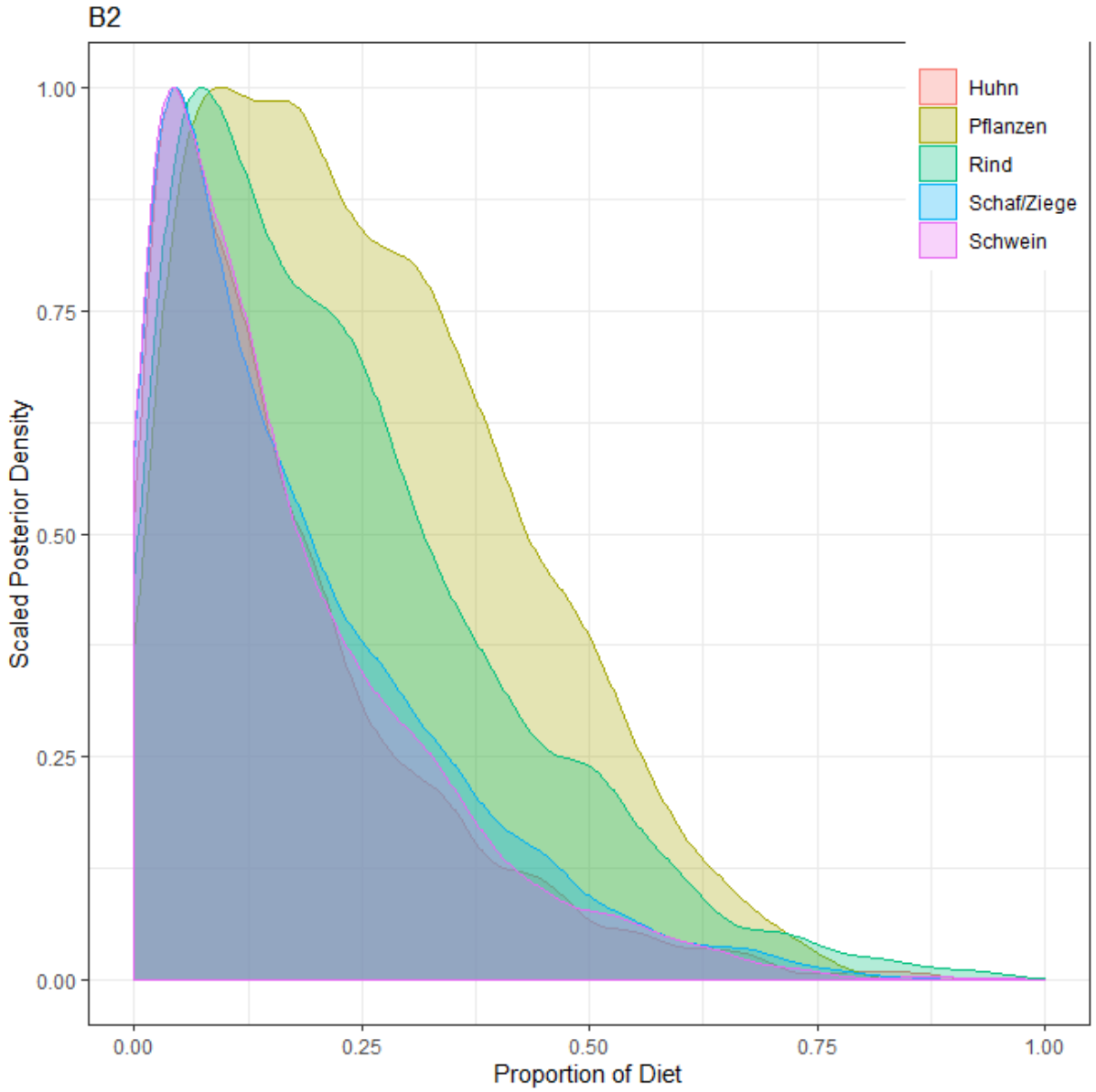


Abbildung 769: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 2. Erstellt mit MixSIAR.

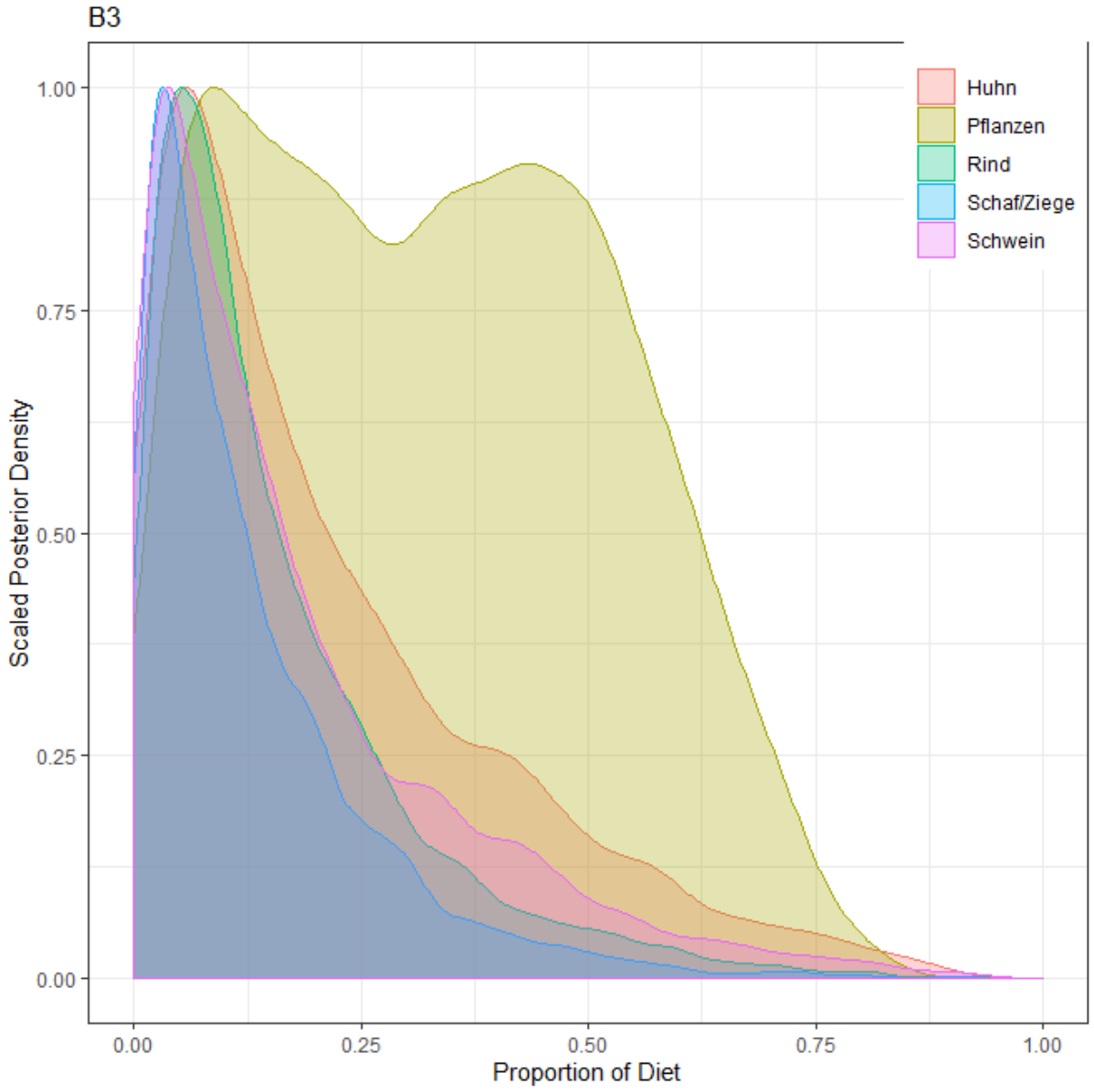


Abbildung 770: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 3. Erstellt mit MixSIAR.

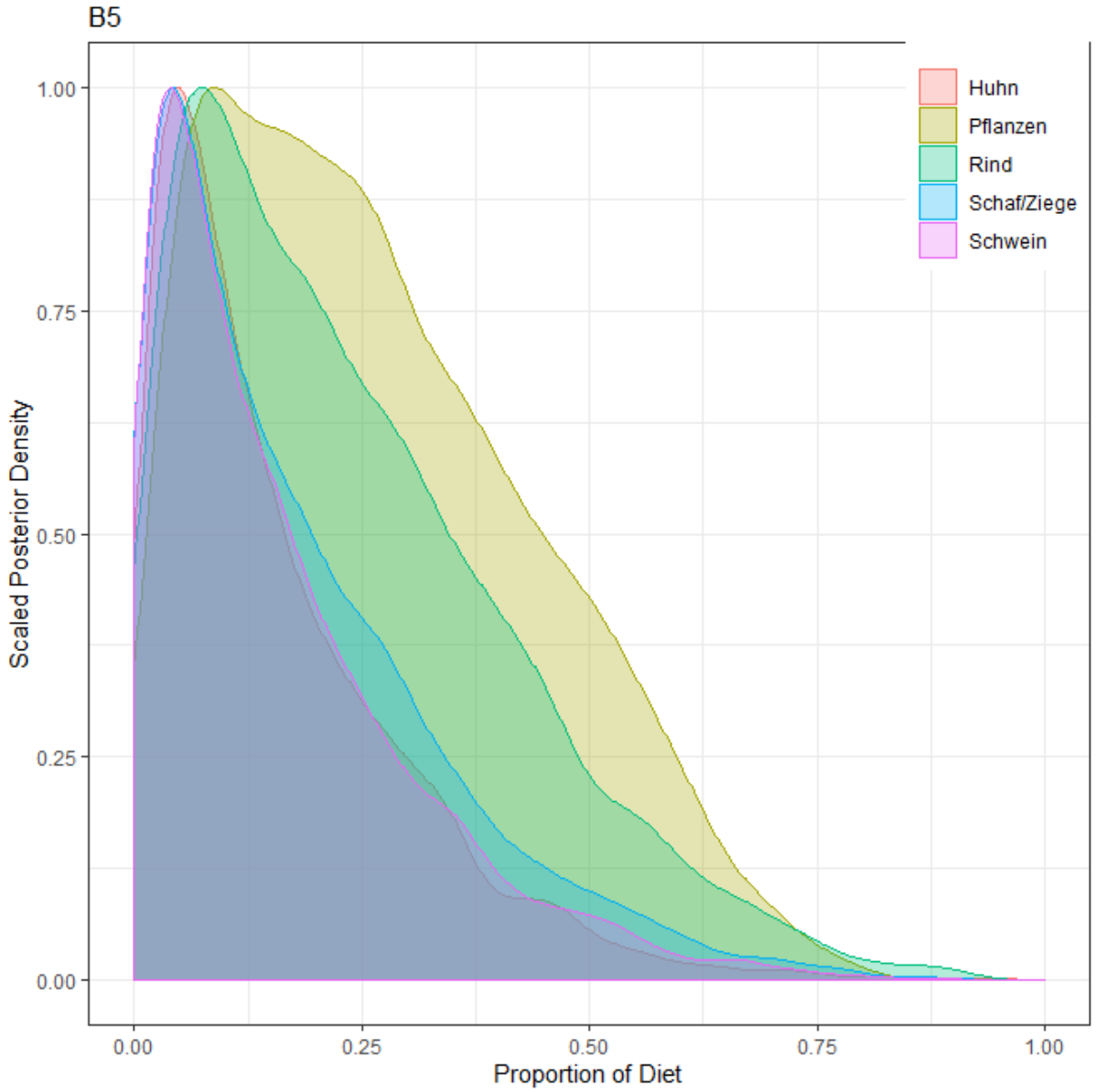


Abbildung 771: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 5. Erstellt mit MixSIAR.

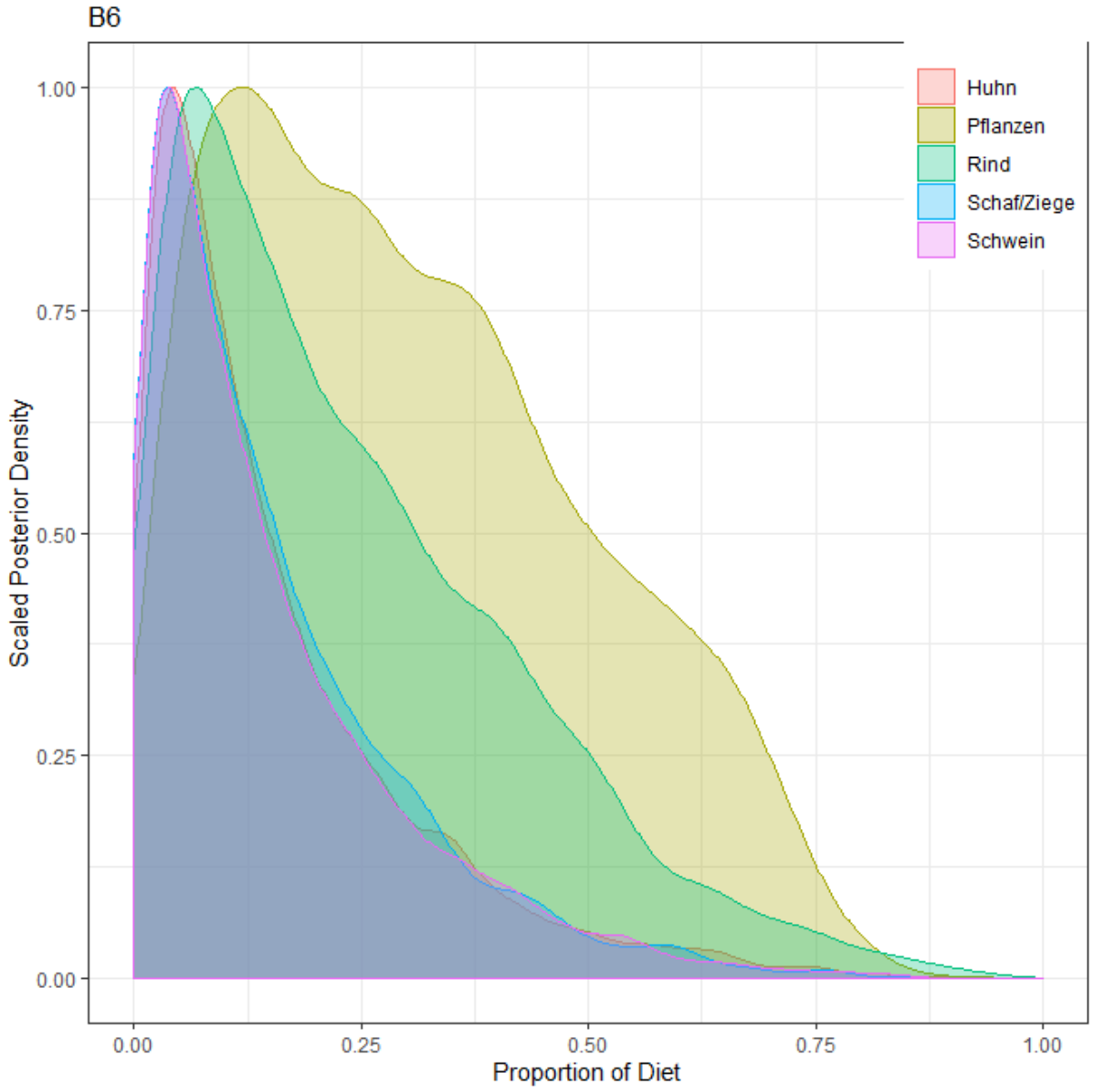


Abbildung 772: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 6. Erstellt mit MixSIAR.

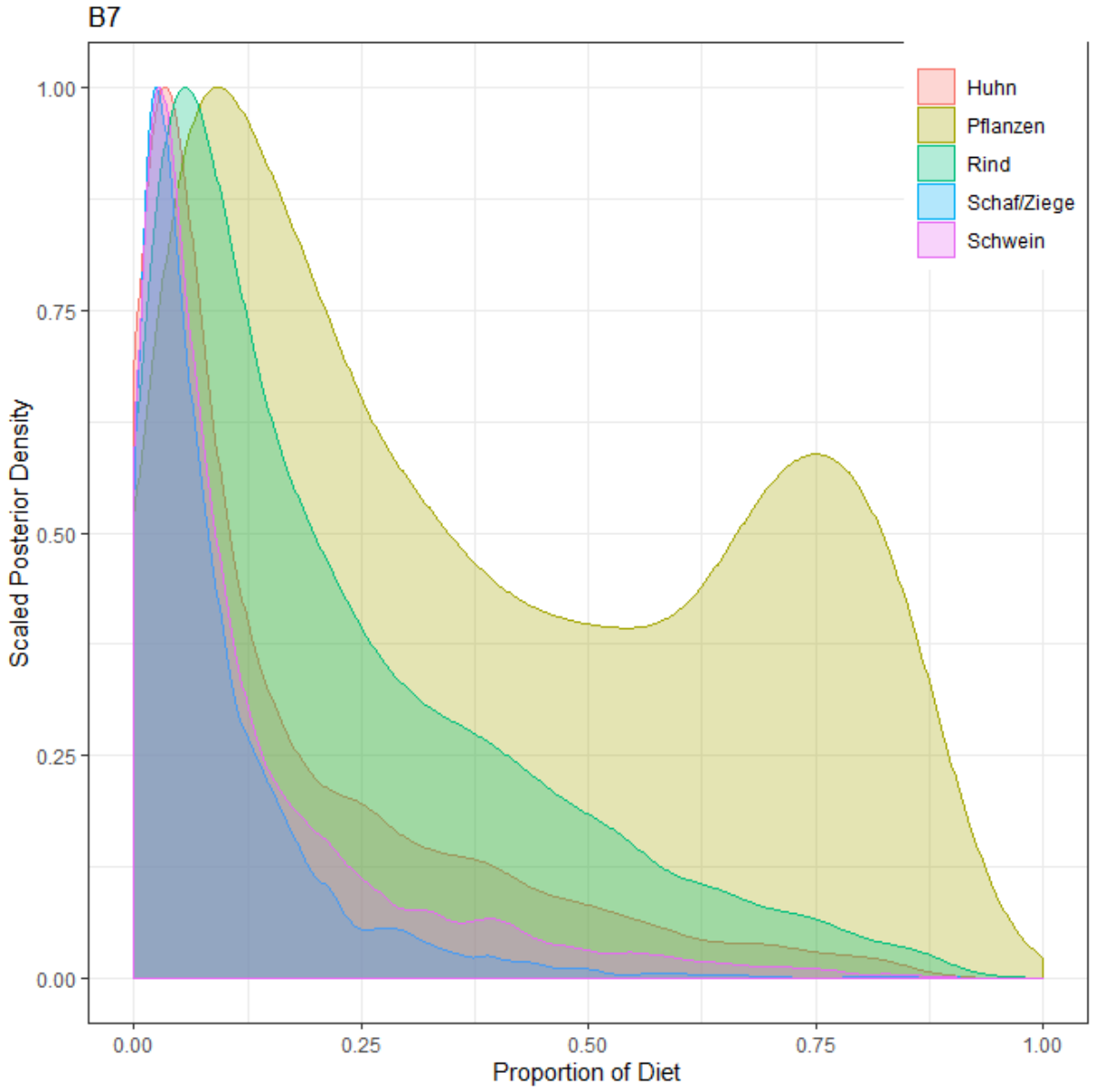


Abbildung 773: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 7. Erstellt mit MixSIAR.

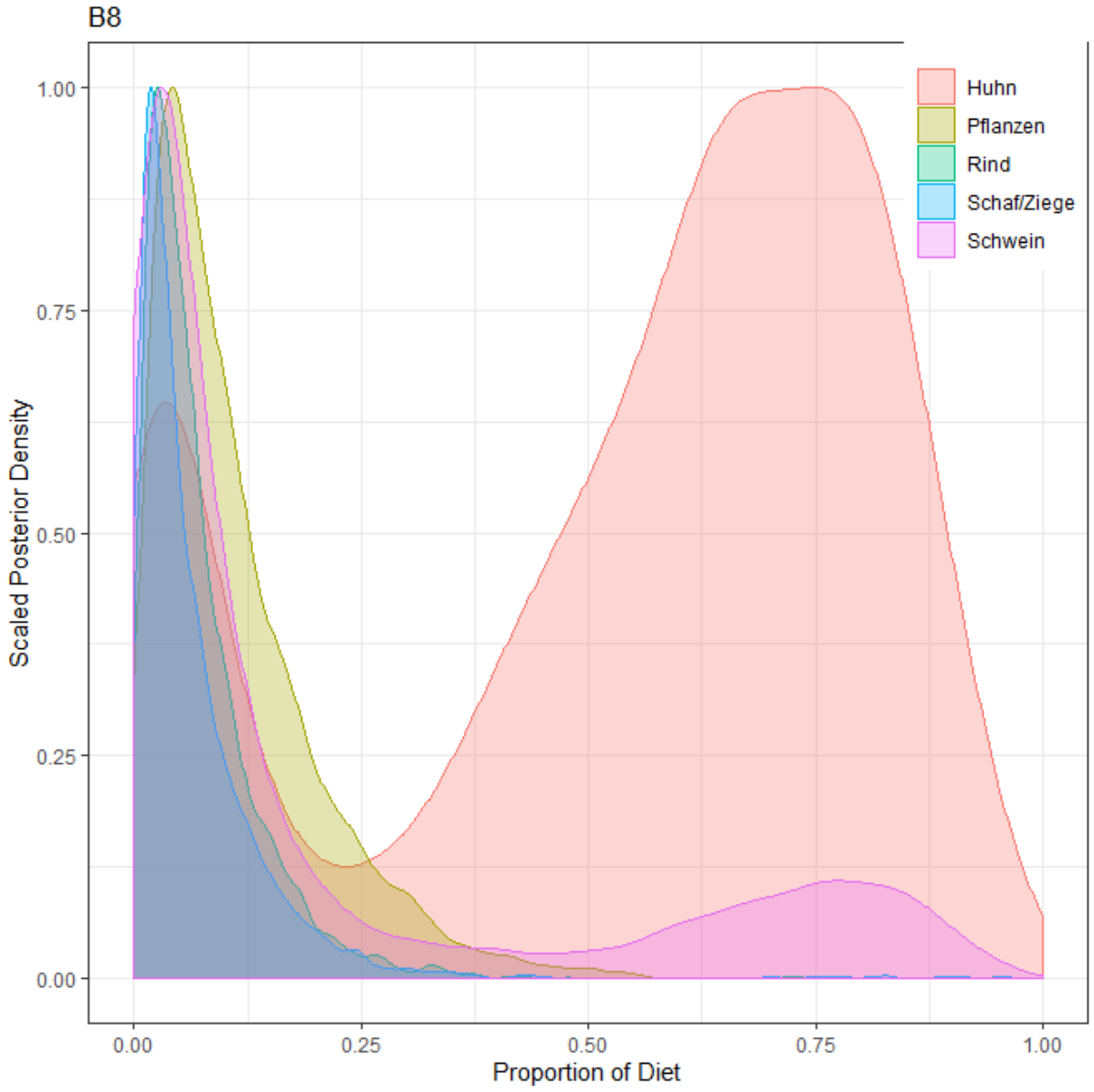


Abbildung 774: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 8. Erstellt mit MixSIAR.

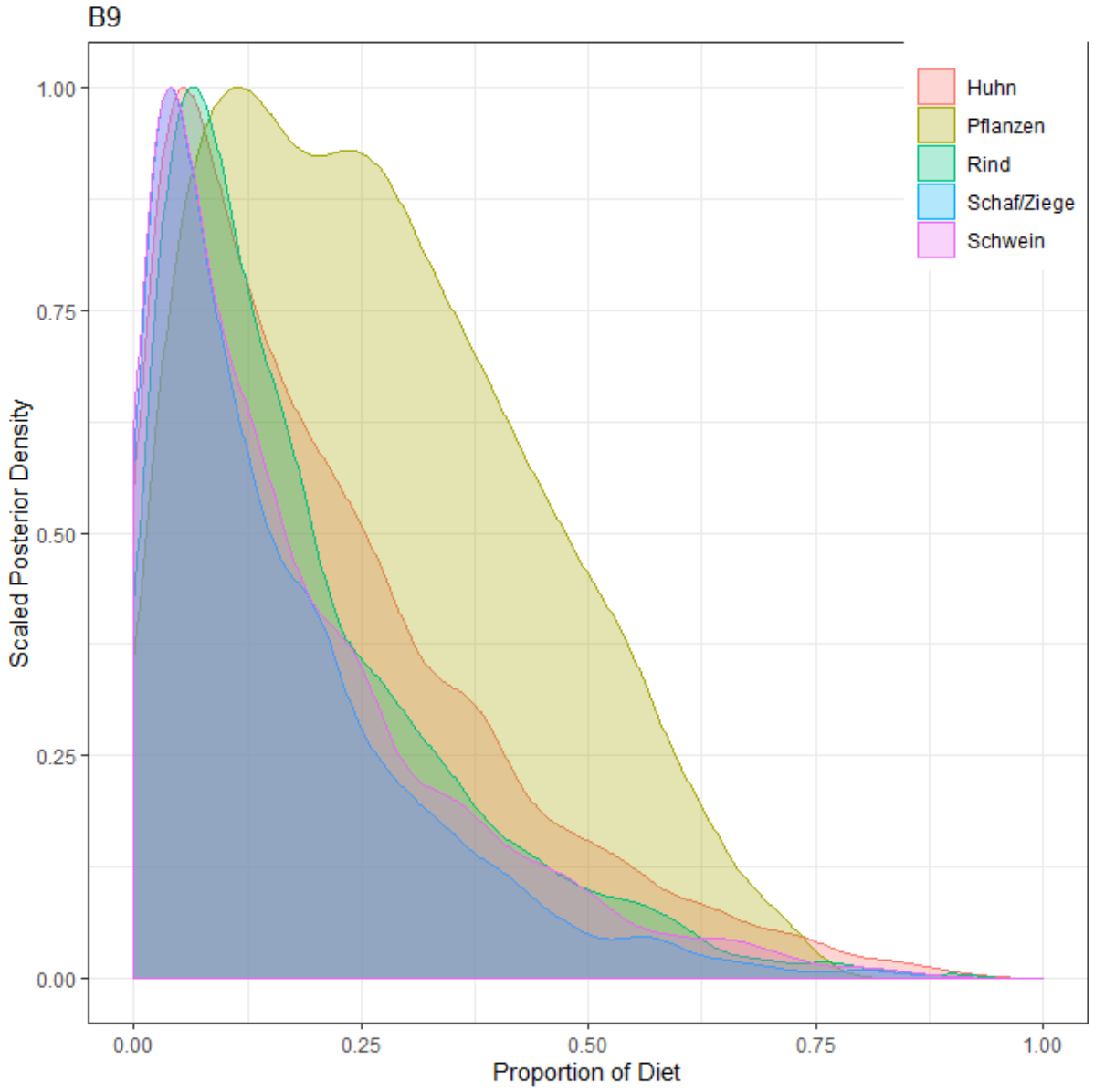


Abbildung 775: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit MixSIAR.

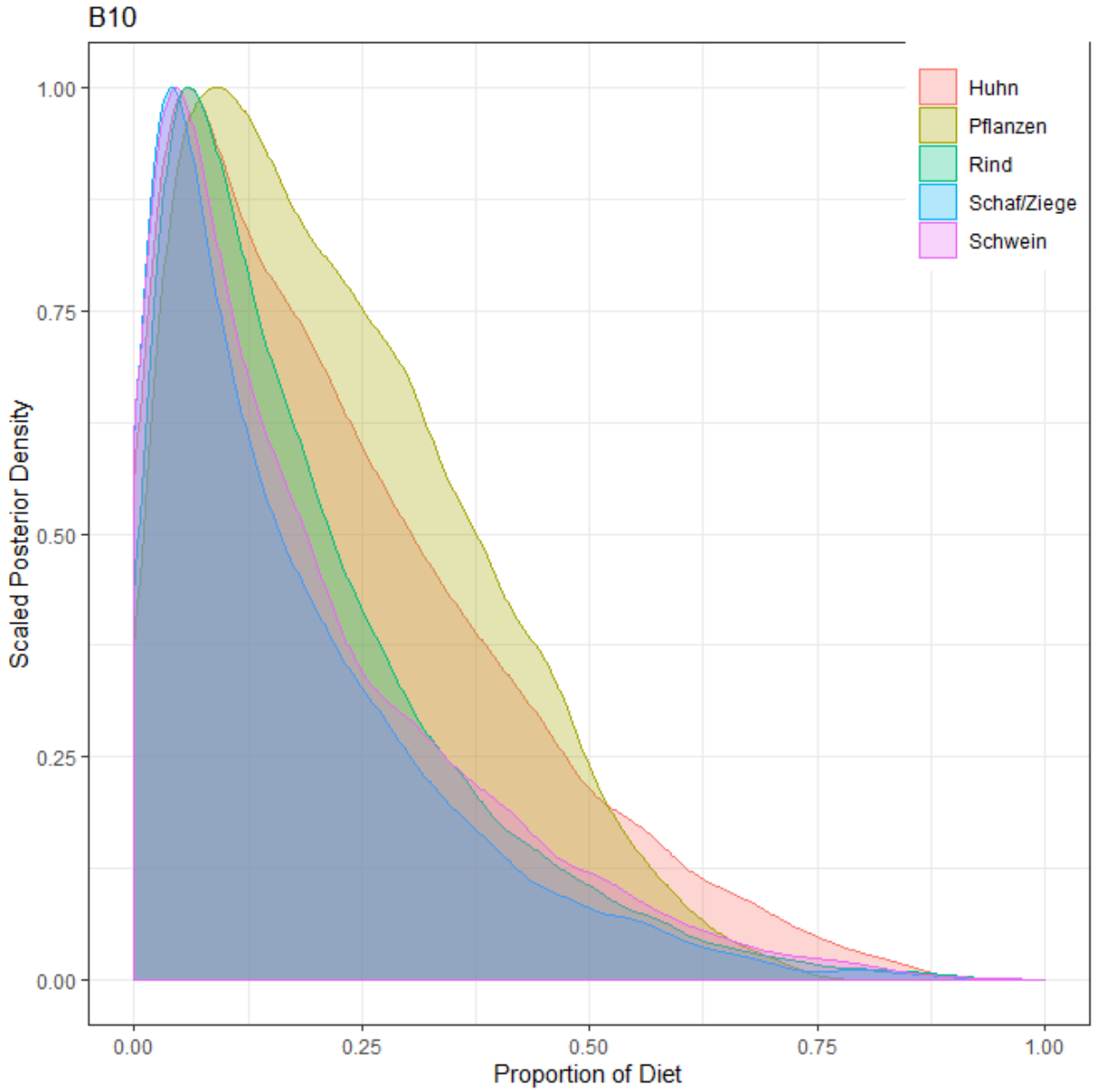


Abbildung 776: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 10. Erstellt mit MixSIAR.

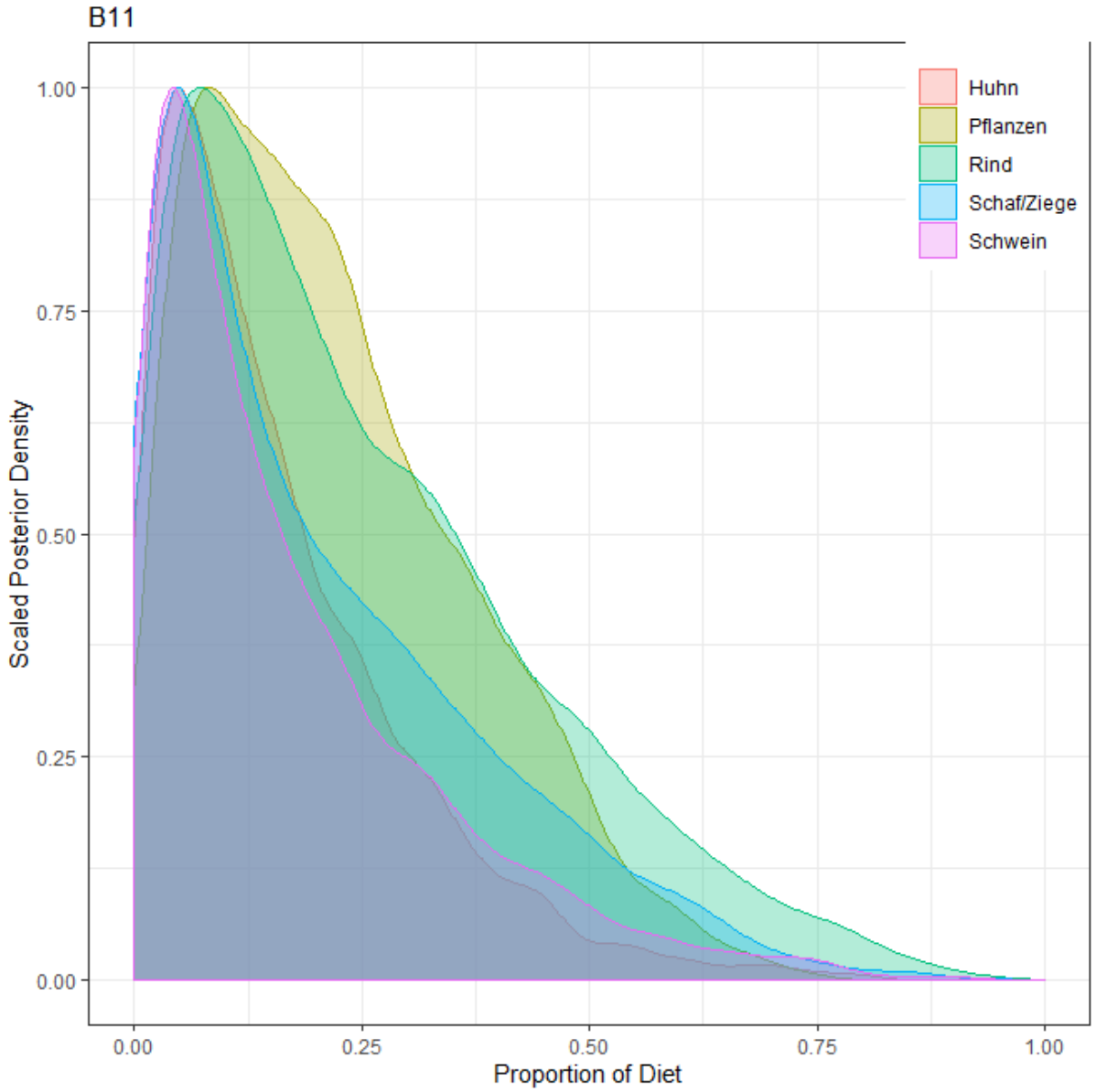


Abbildung 777: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 11. Erstellt mit MixSIAR.

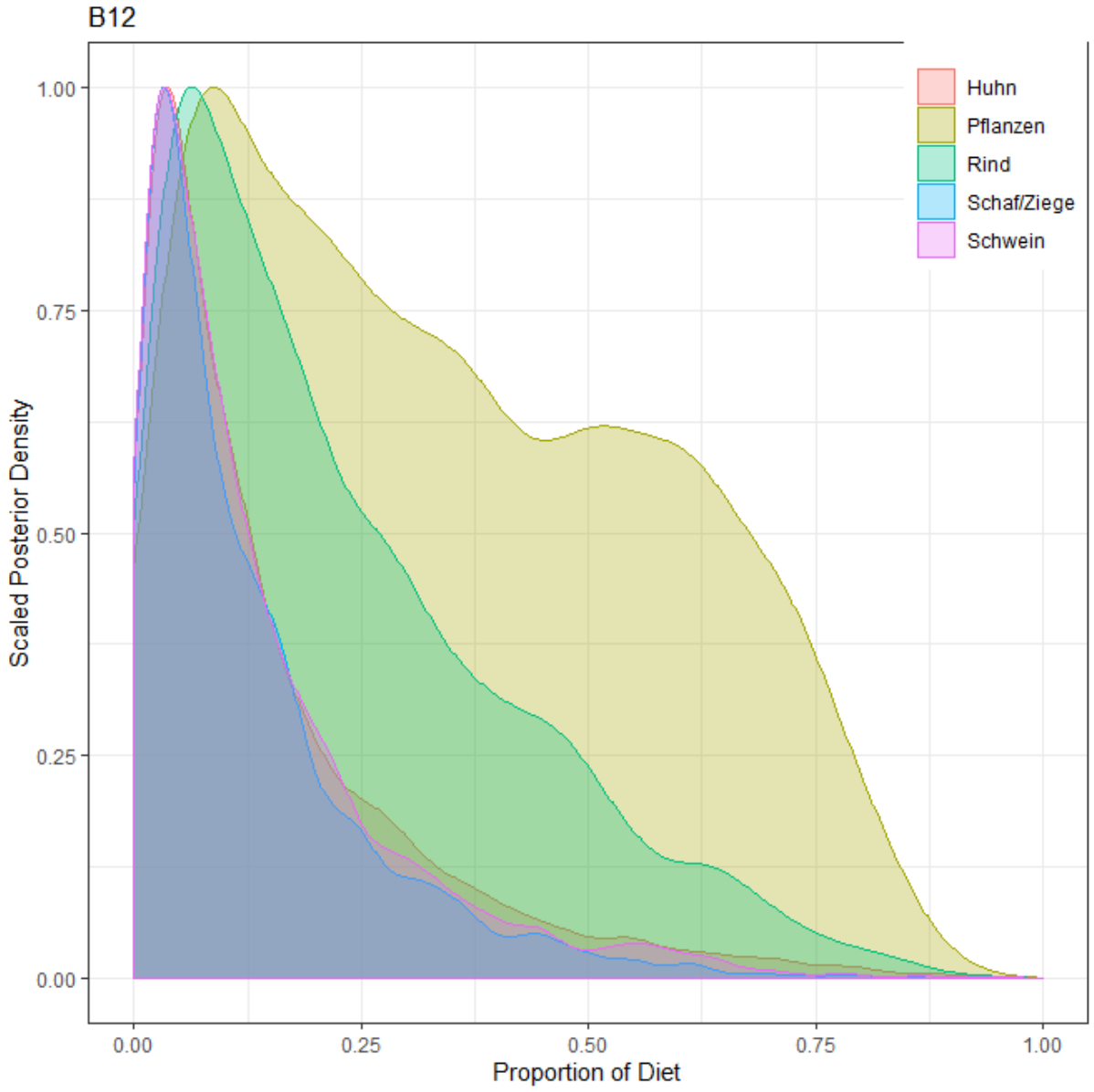


Abbildung 778: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 12. Erstellt mit MixSIAR.

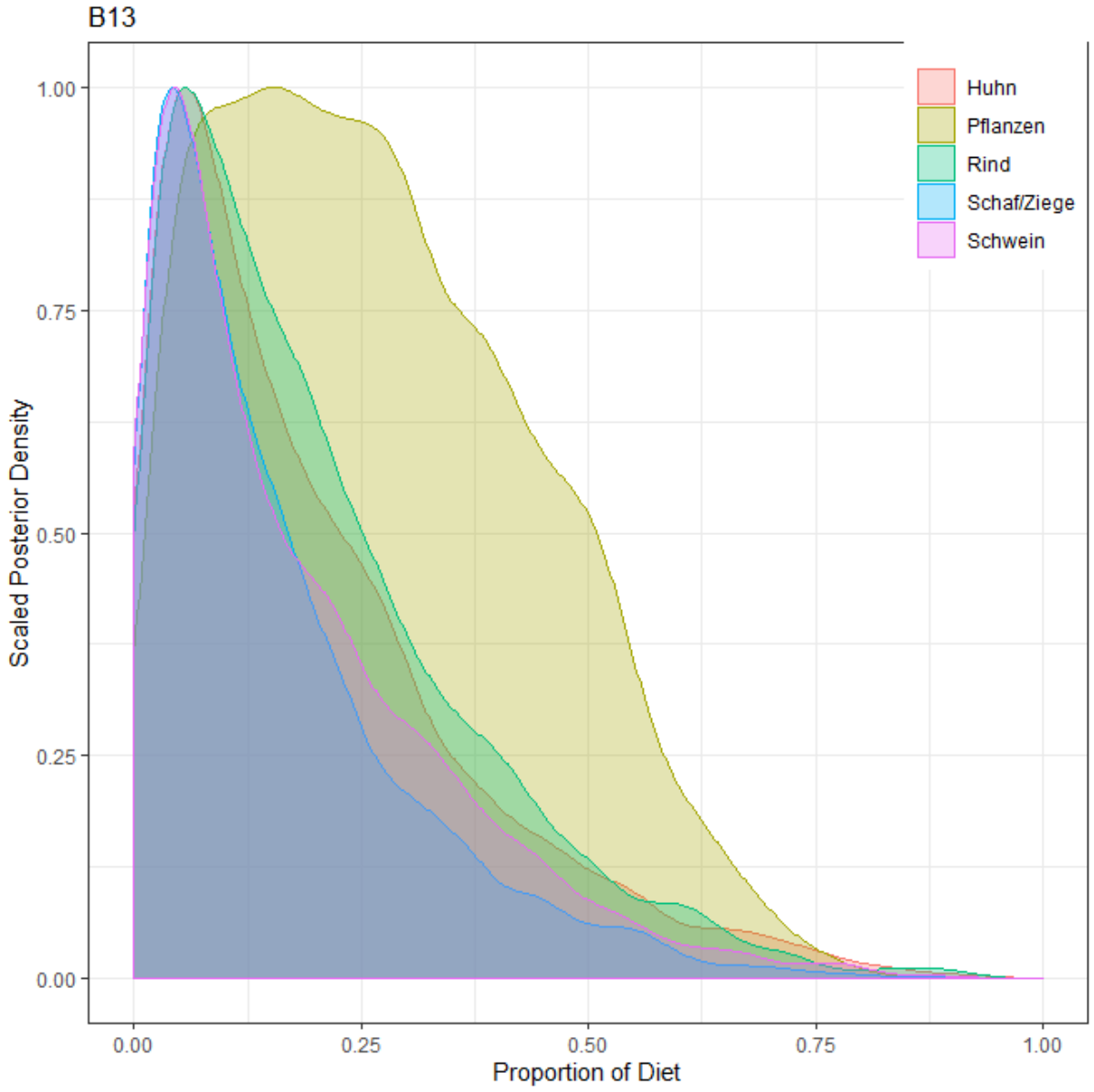


Abbildung 779: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 13. Erstellt mit MixSIAR.

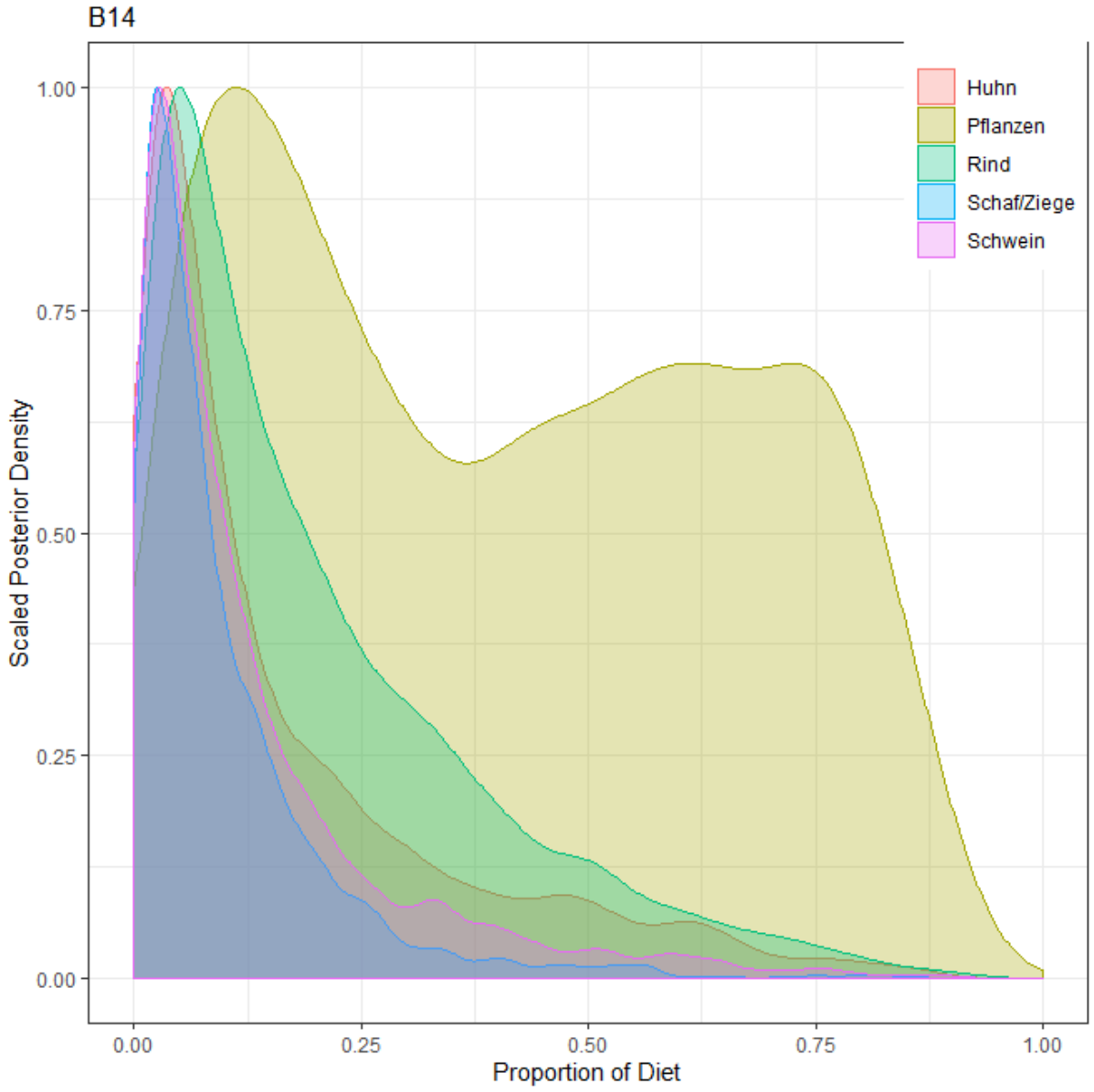


Abbildung 780: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 14. Erstellt mit MixSIAR.

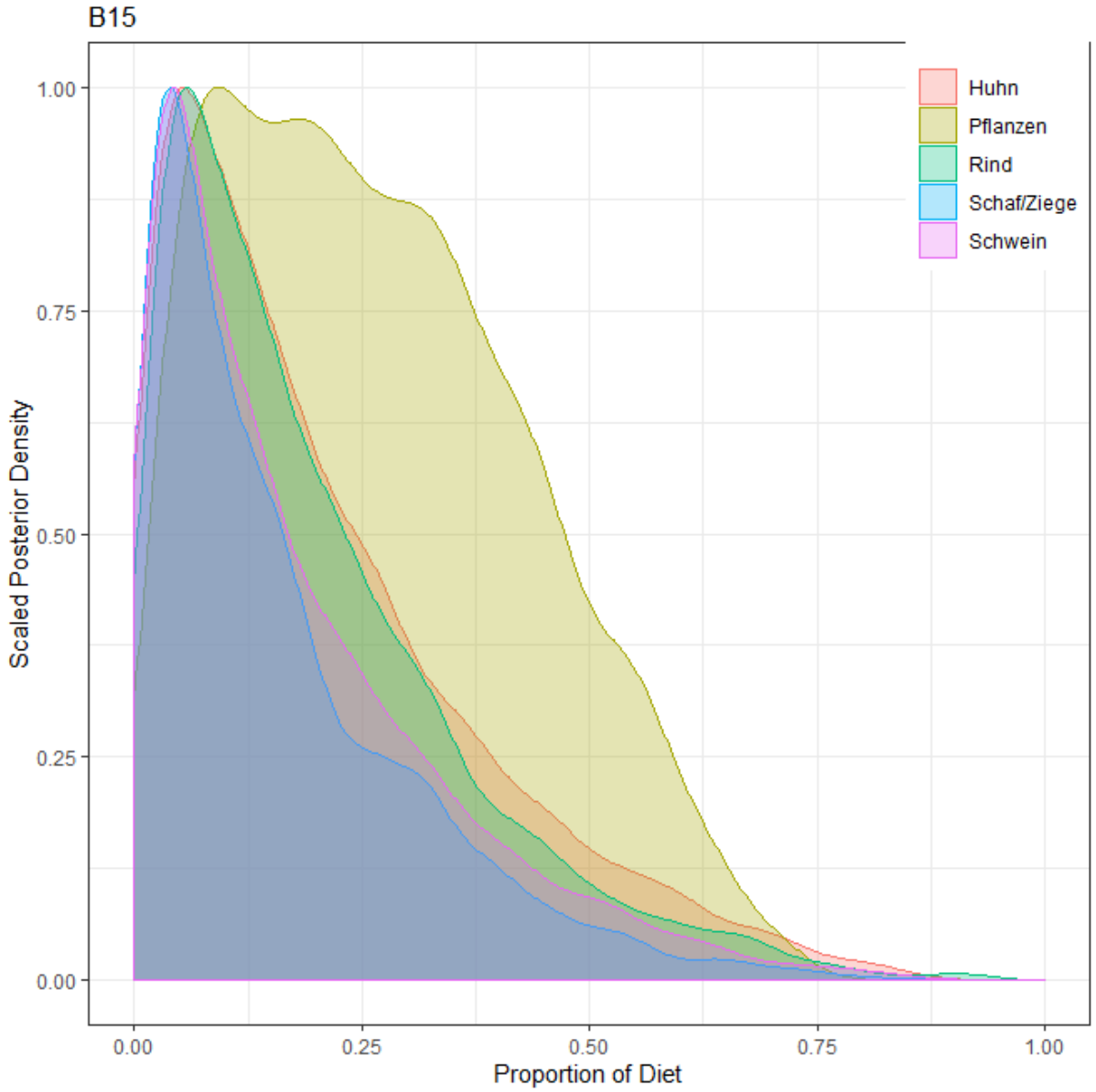


Abbildung 781: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 15. Erstellt mit MixSIAR.

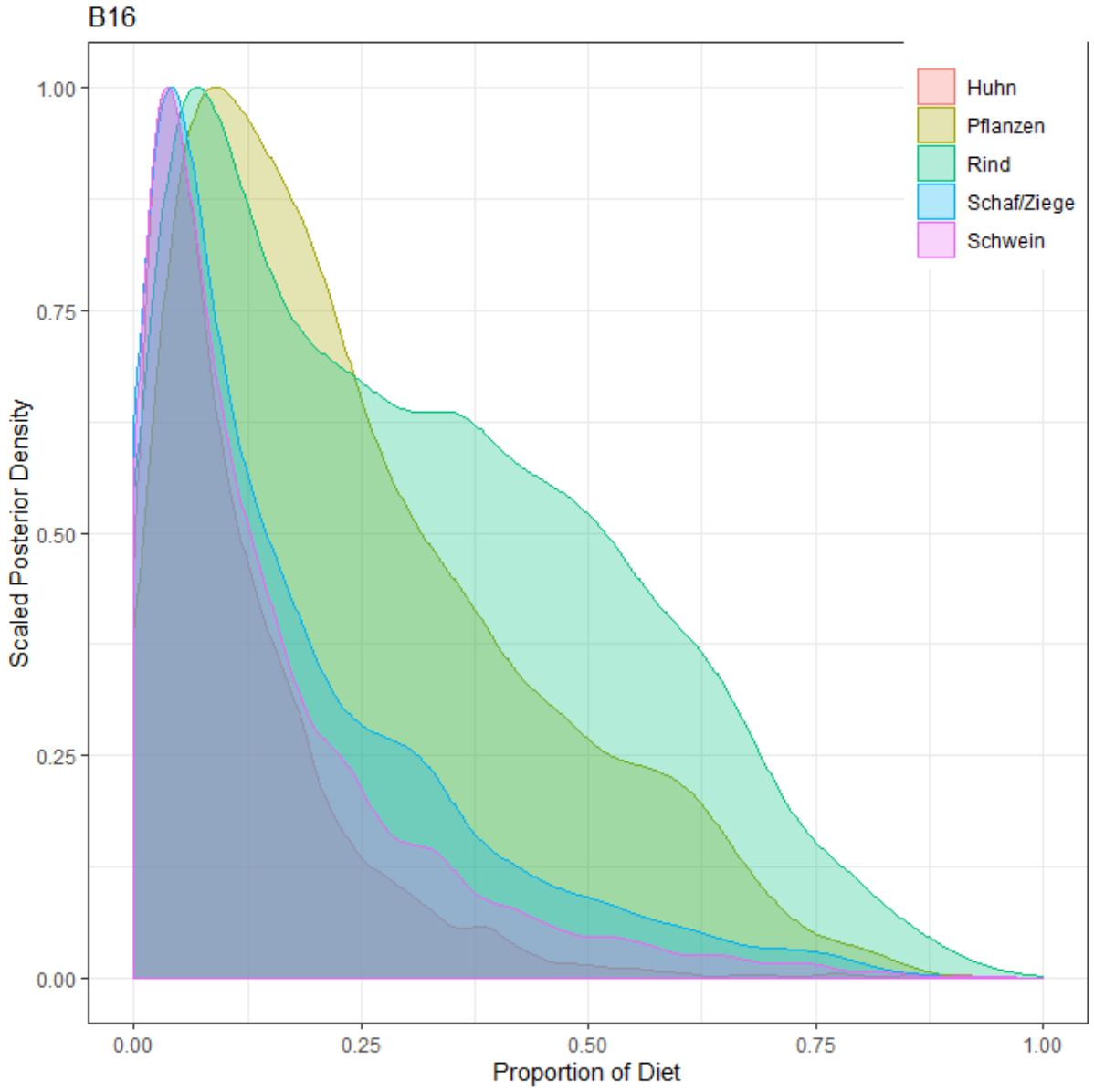


Abbildung 782: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 16. Erstellt mit MixSIAR.

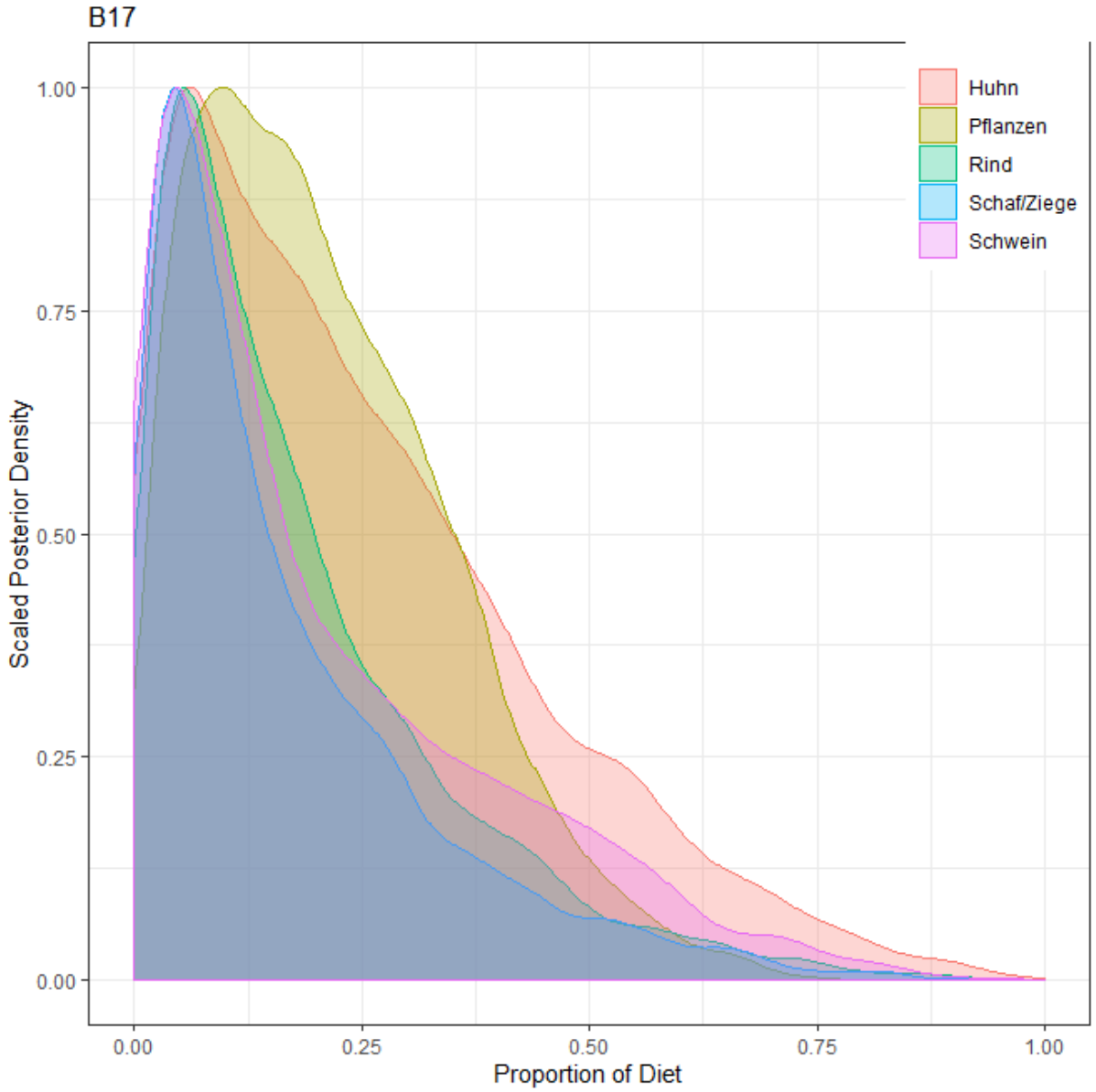


Abbildung 783: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 17. Erstellt mit MixSIAR.

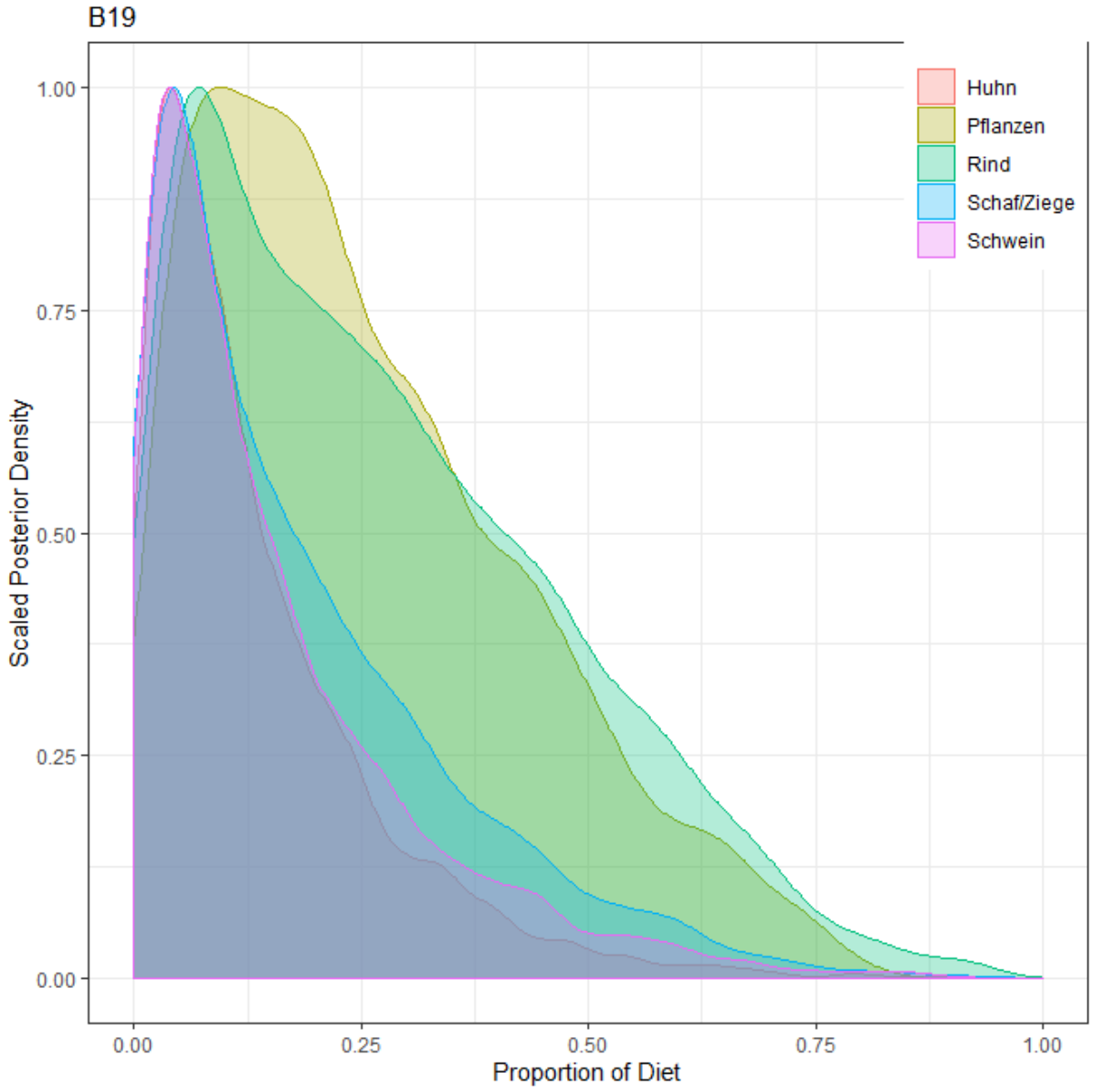


Abbildung 784: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 19. Erstellt mit MixSIAR.

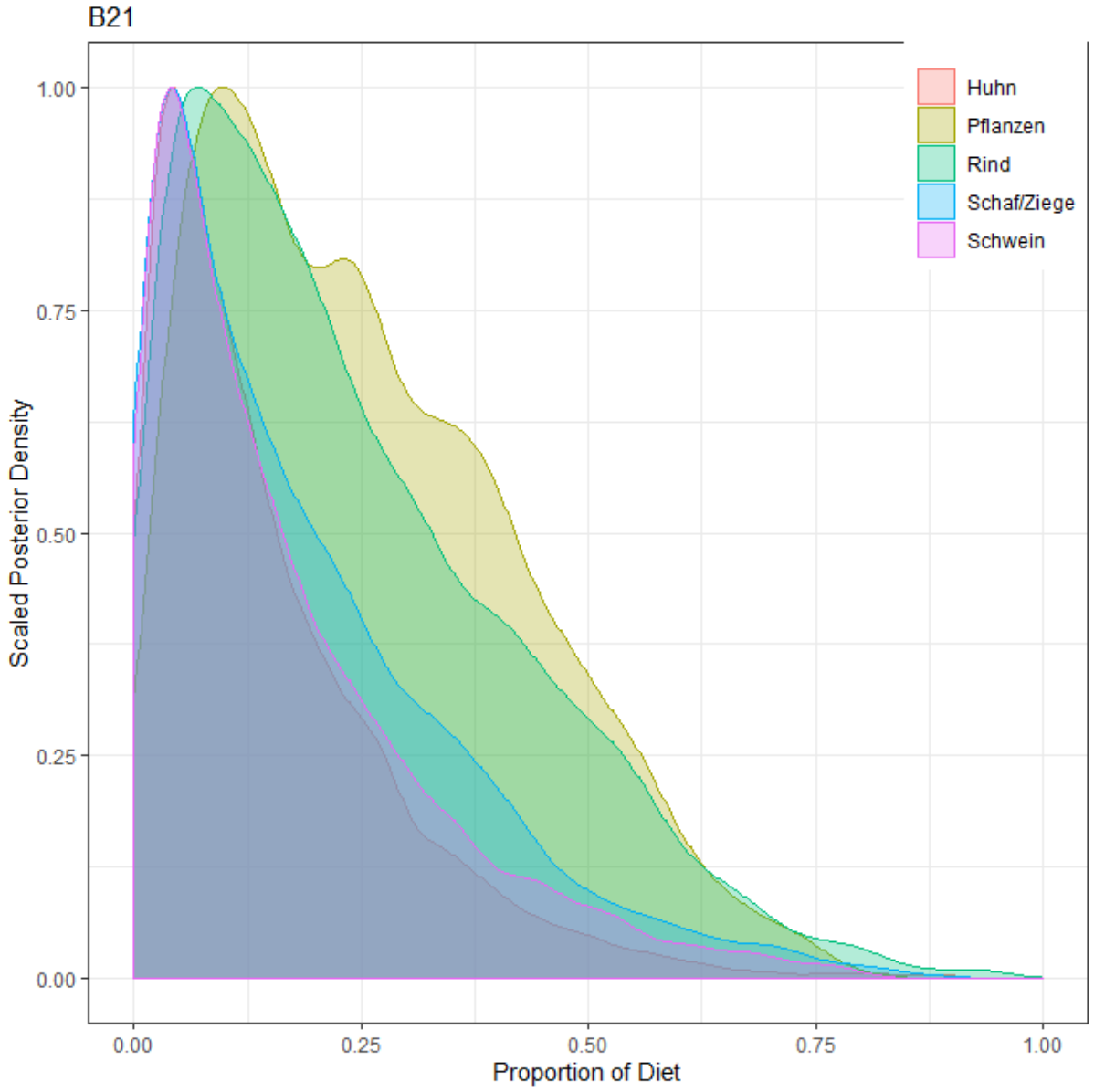


Abbildung 785: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 21. Erstellt mit MixSIAR.

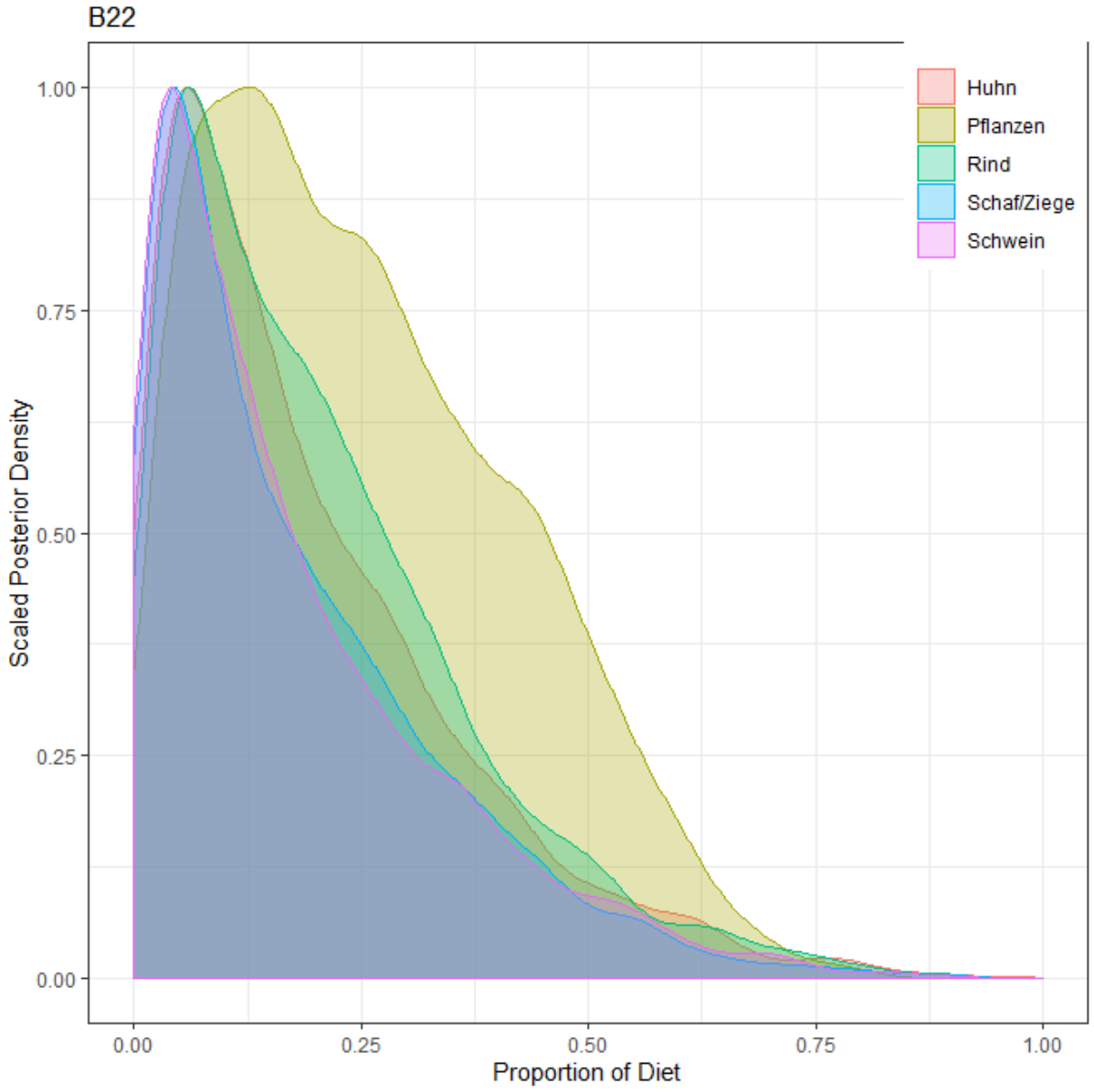


Abbildung 786: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 22. Erstellt mit MixSIAR.

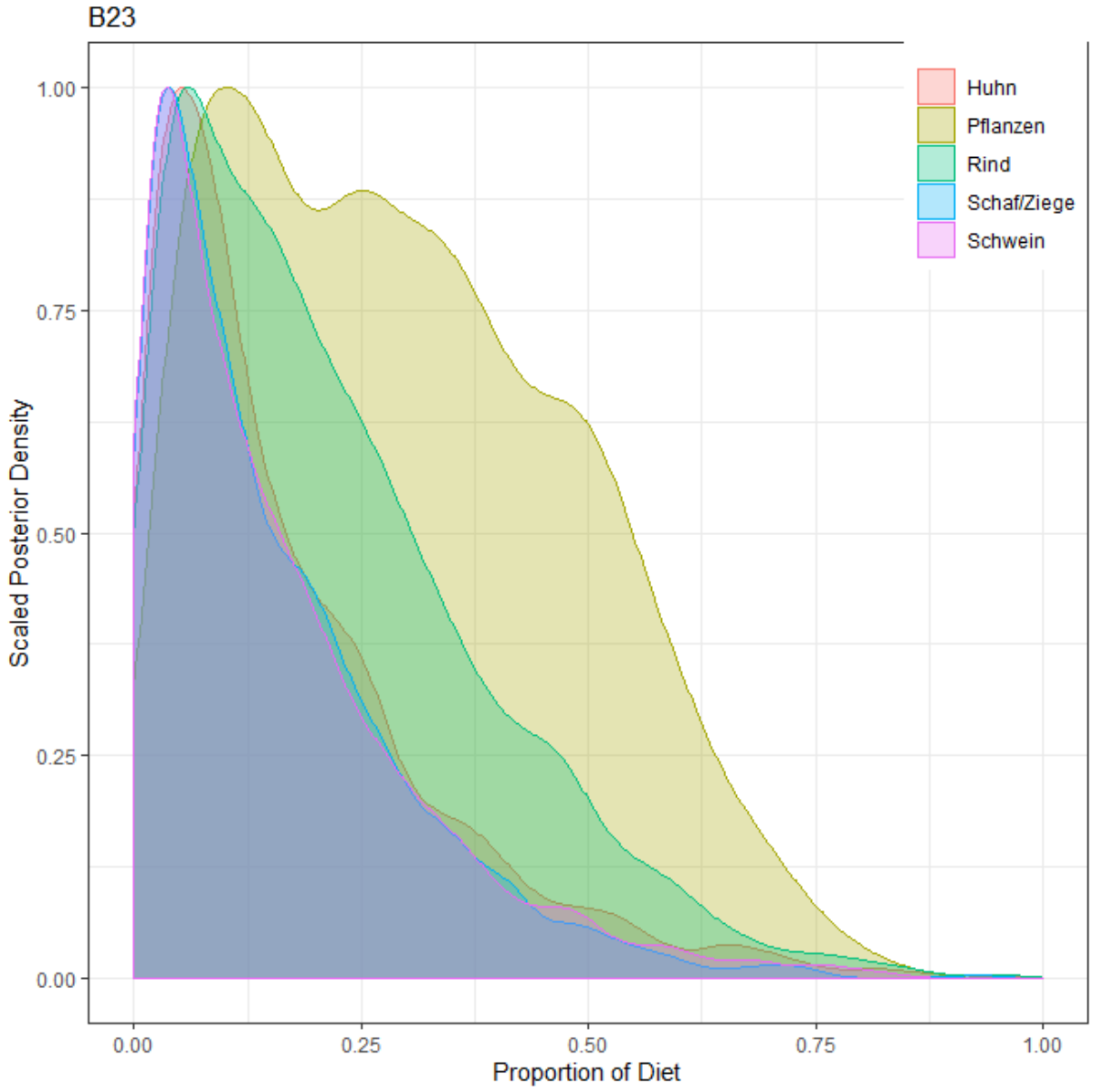


Abbildung 787: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 23. Erstellt mit MixSIAR.

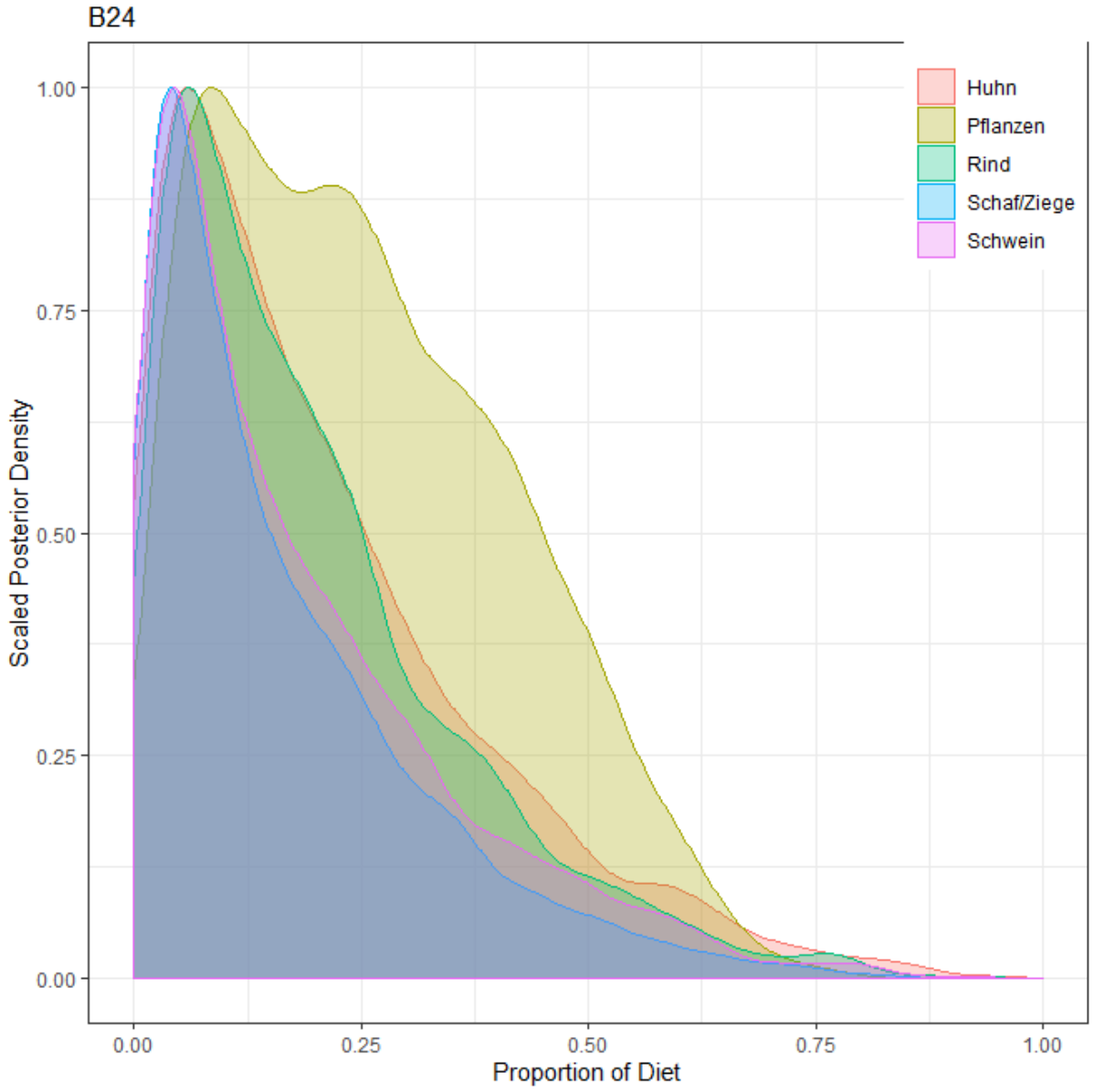


Abbildung 788: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 24. Erstellt mit MixSIAR.

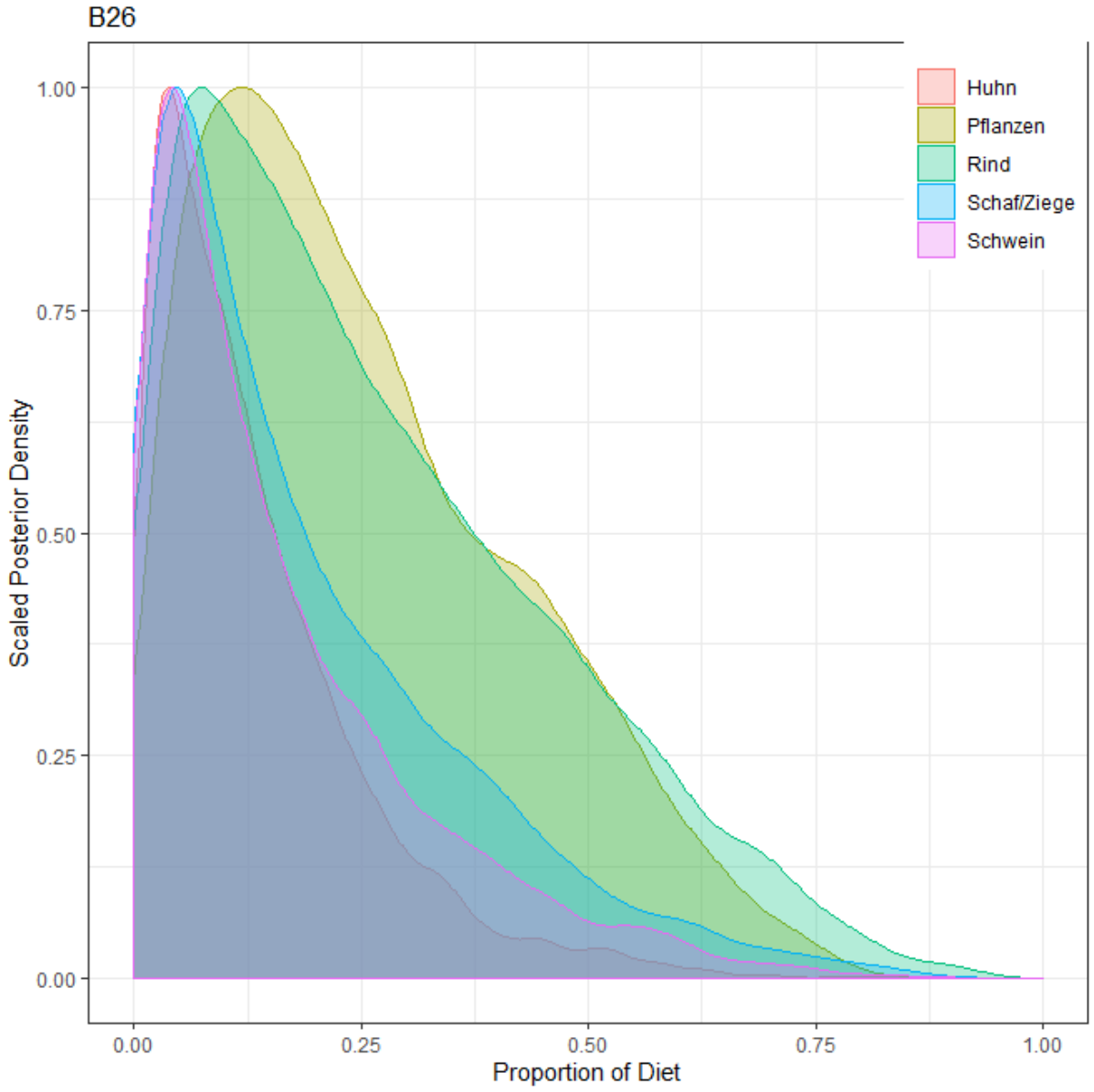


Abbildung 789: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 26. Erstellt mit MixSIAR.

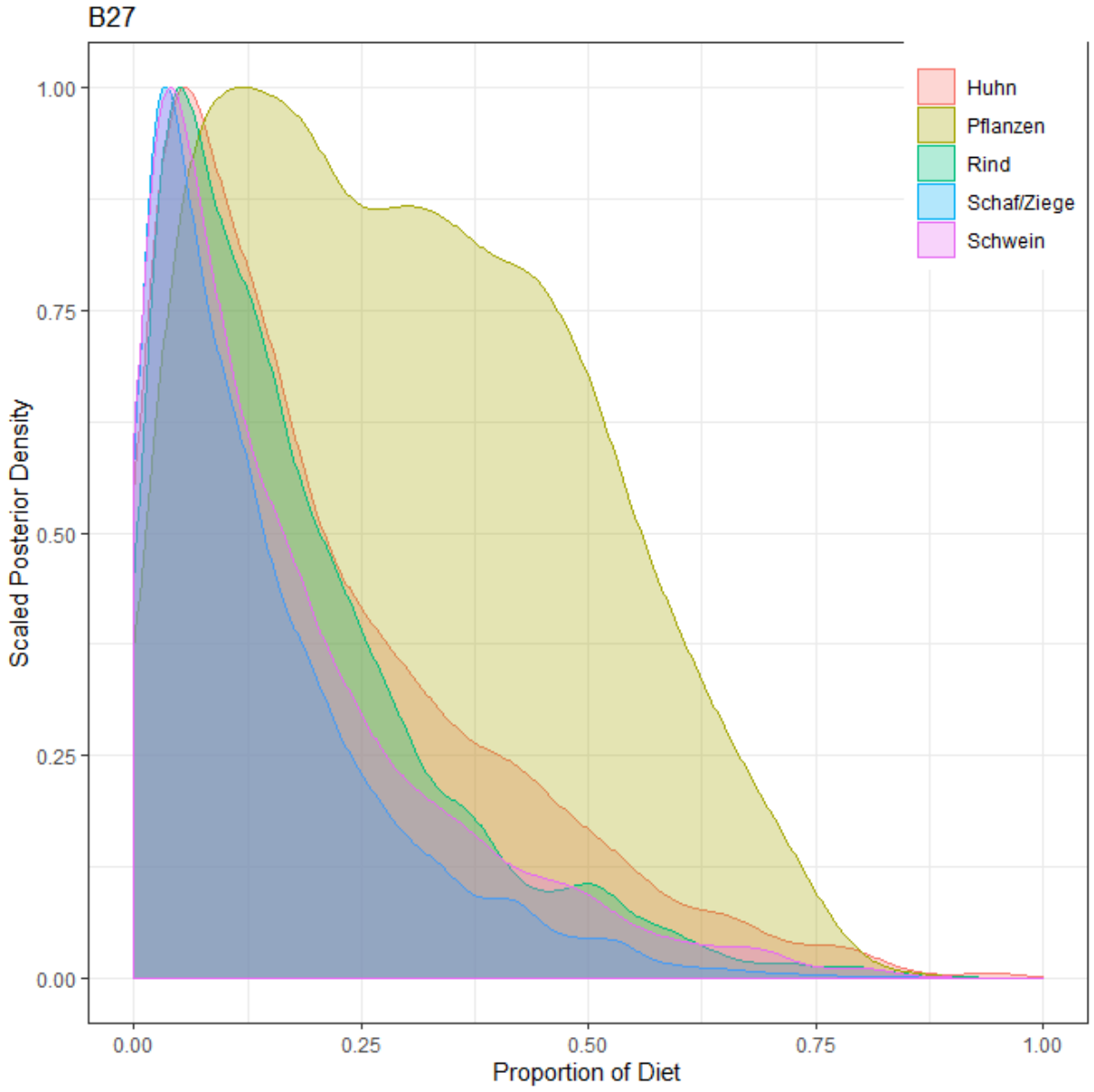


Abbildung 790: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 27. Erstellt mit MixSIAR.

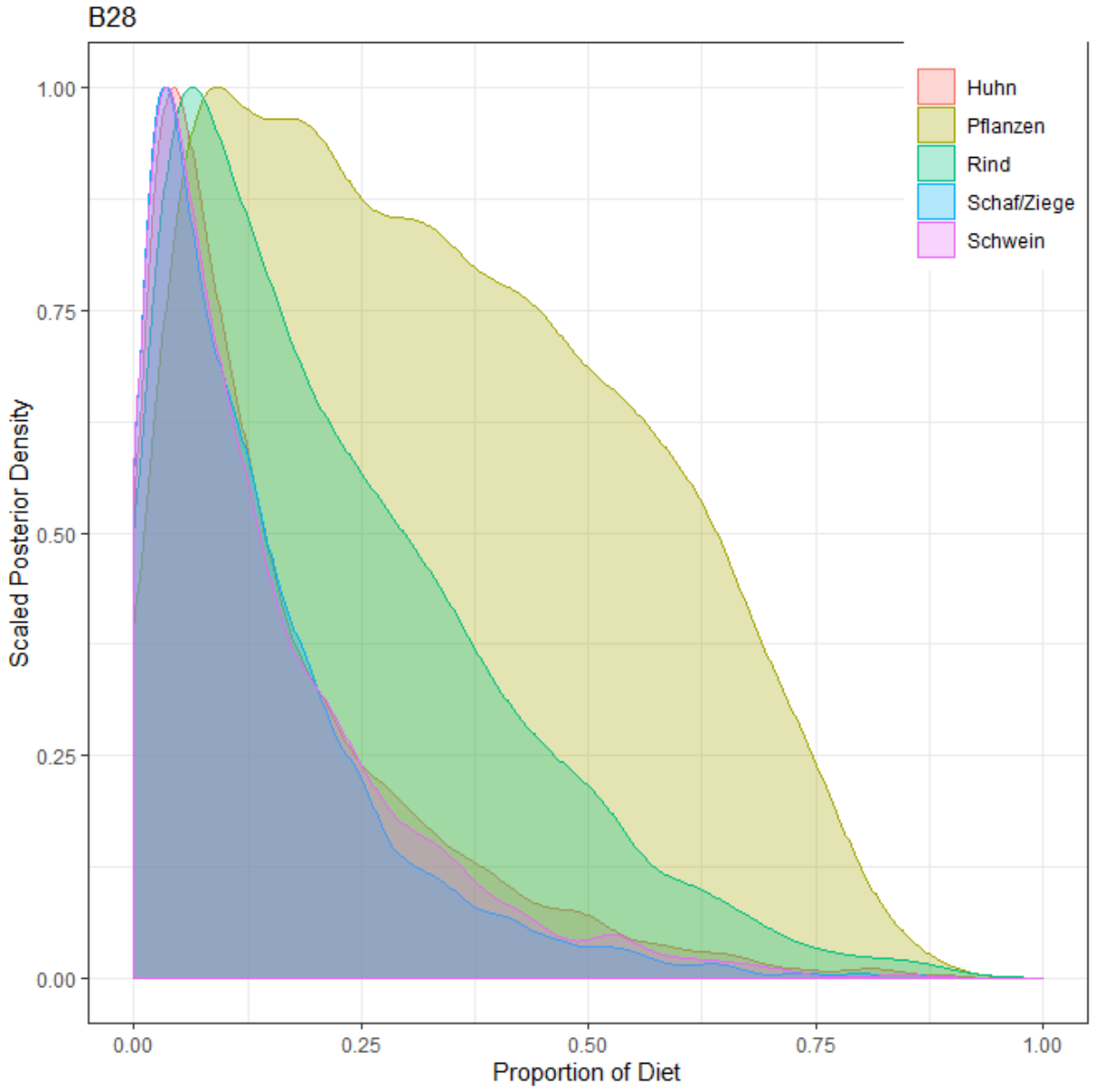


Abbildung 791: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 28. Erstellt mit MixSIAR.

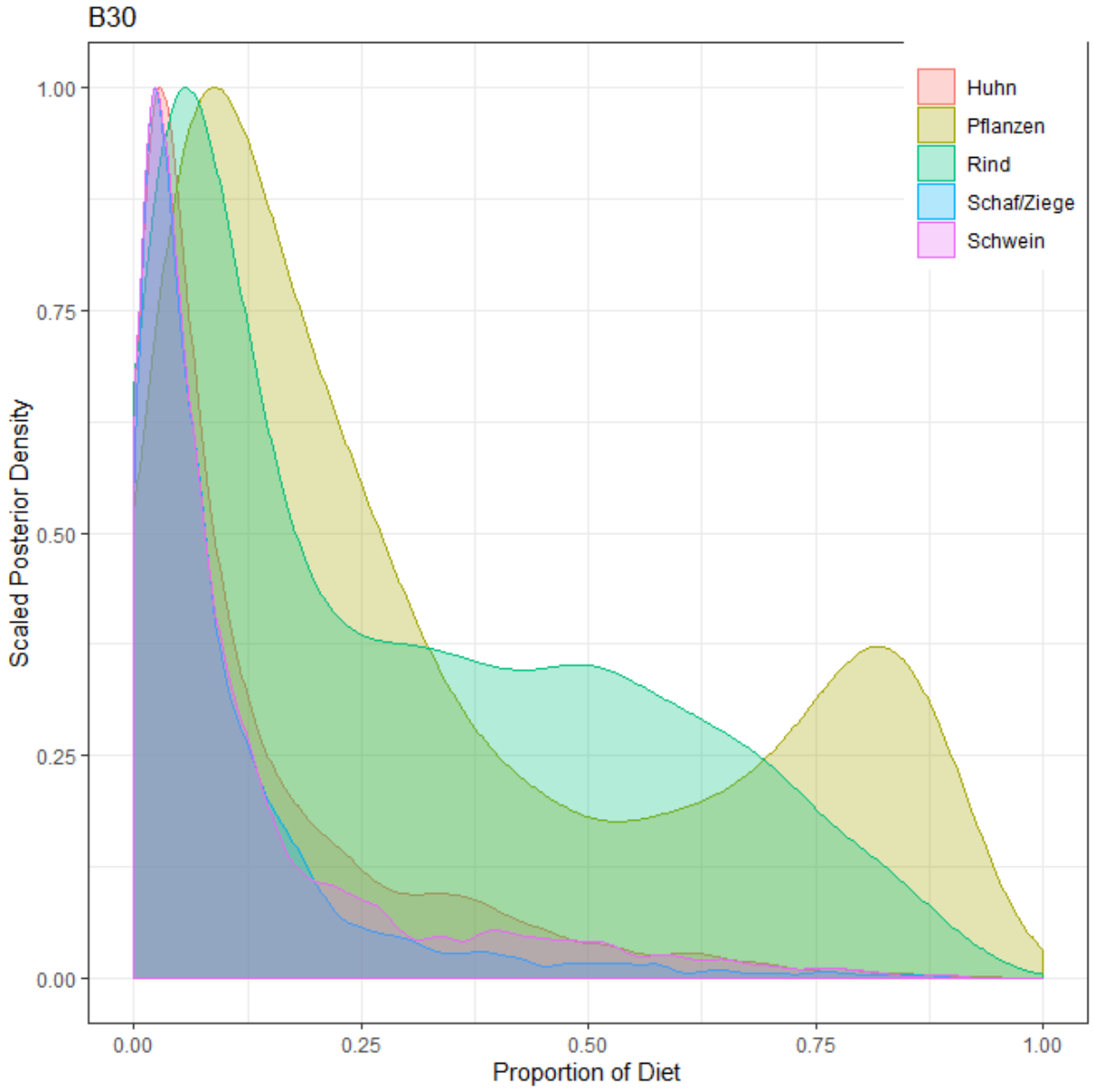


Abbildung 792: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 30. Erstellt mit MixSIAR.

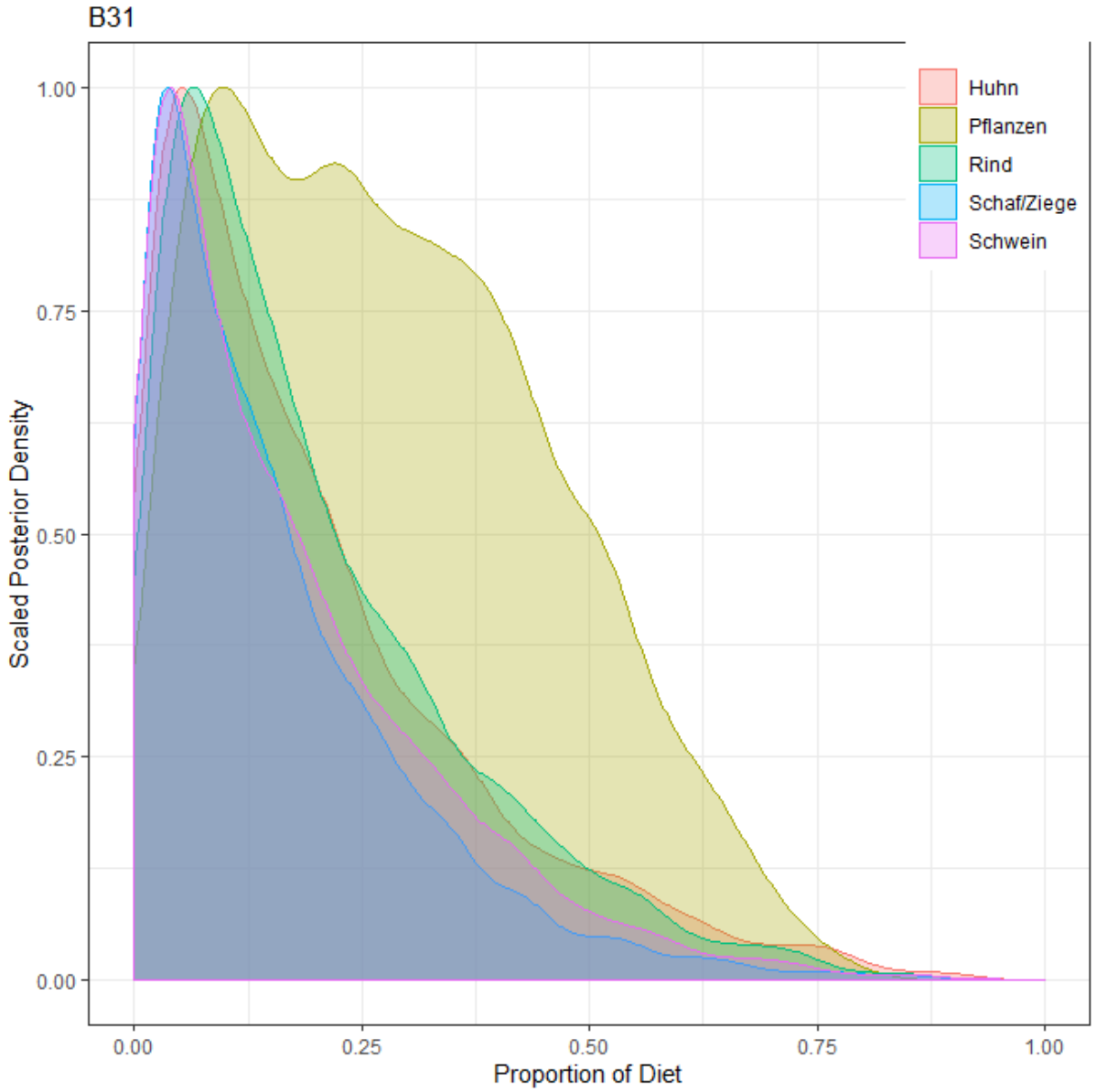


Abbildung 793: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 31. Erstellt mit MixSIAR.

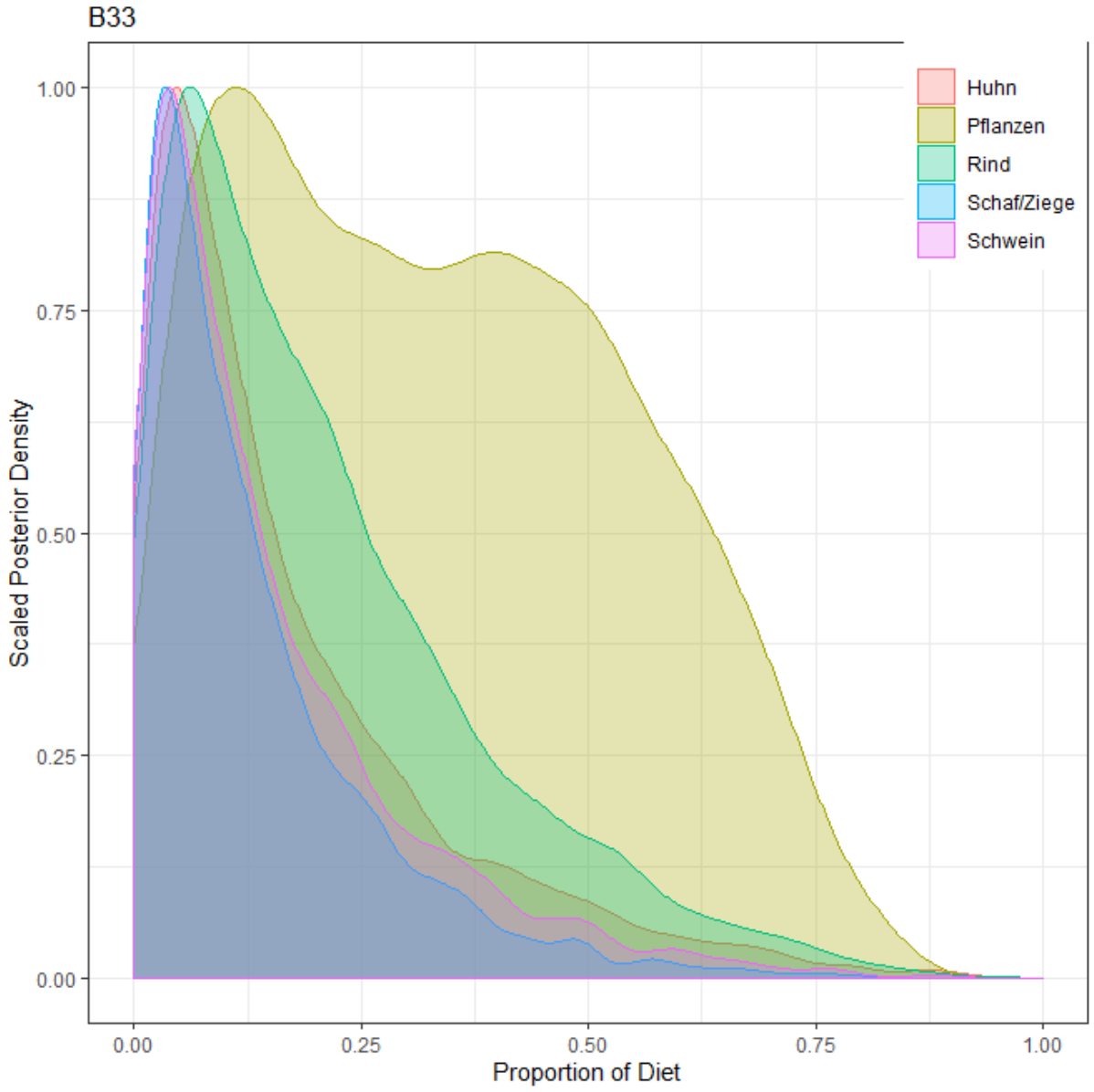


Abbildung 794: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 33. Erstellt mit MixSIAR.

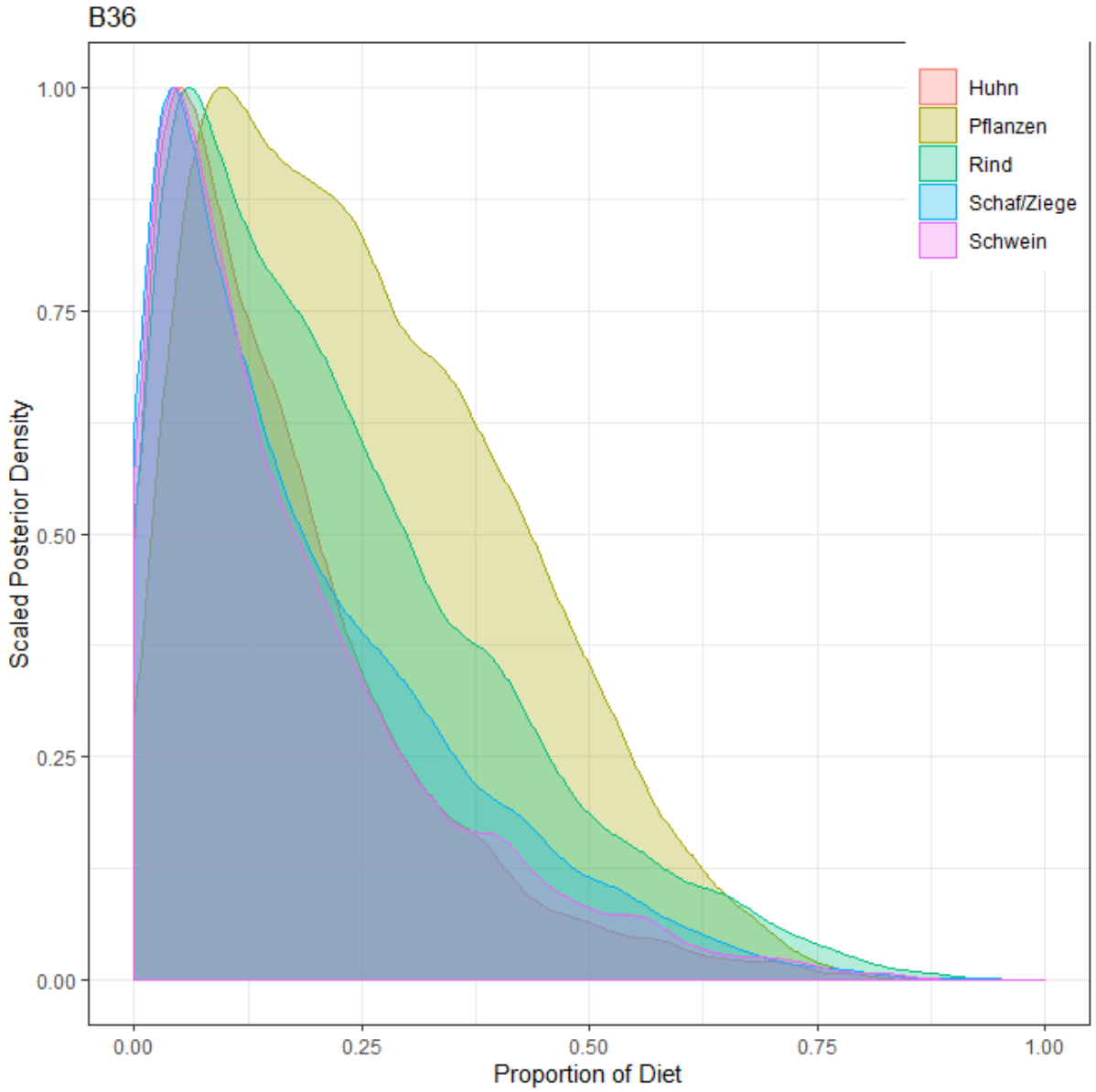


Abbildung 795: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 36. Erstellt mit MixSIAR.

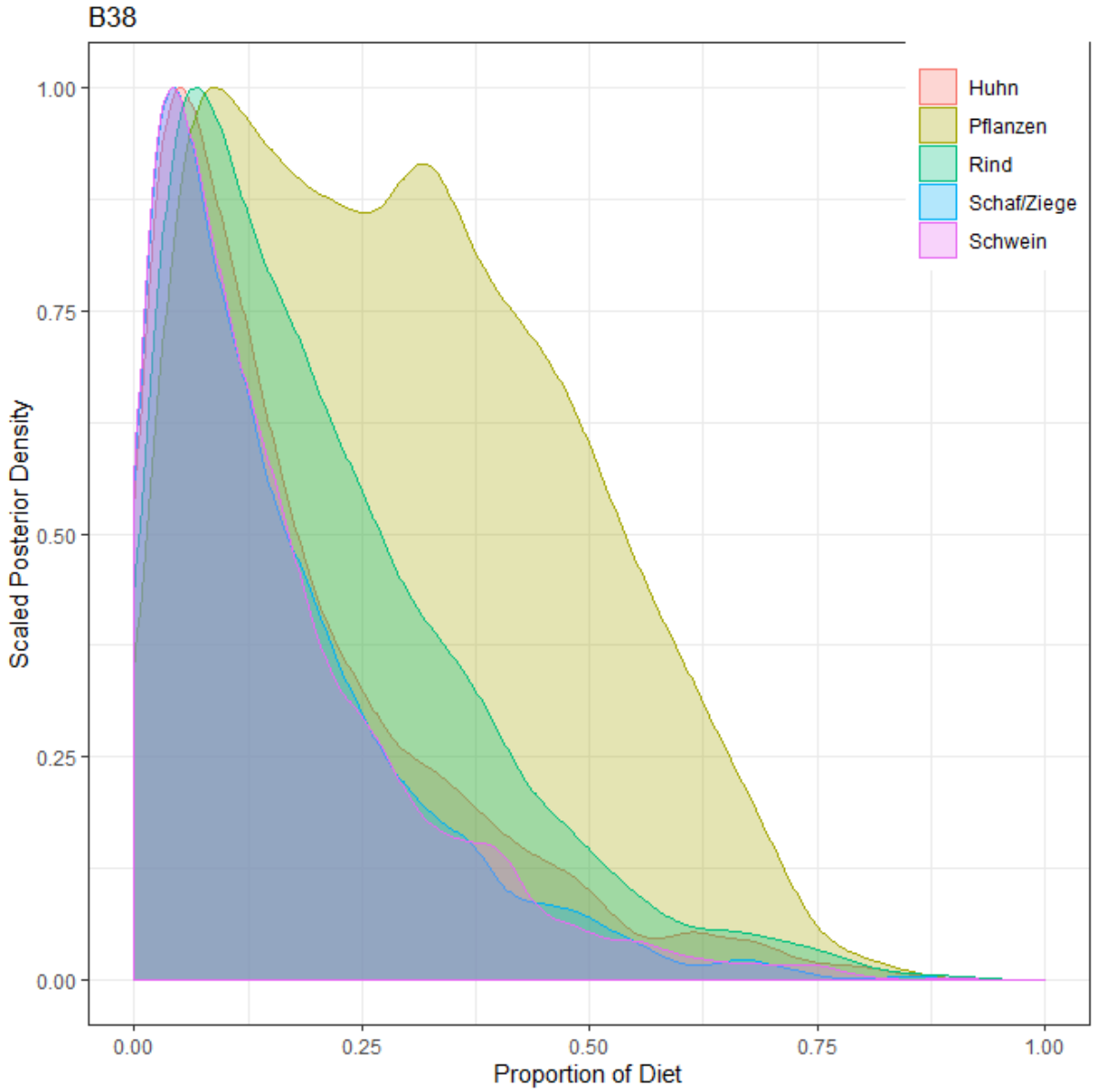


Abbildung 796: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 38. Erstellt mit MixSIAR.

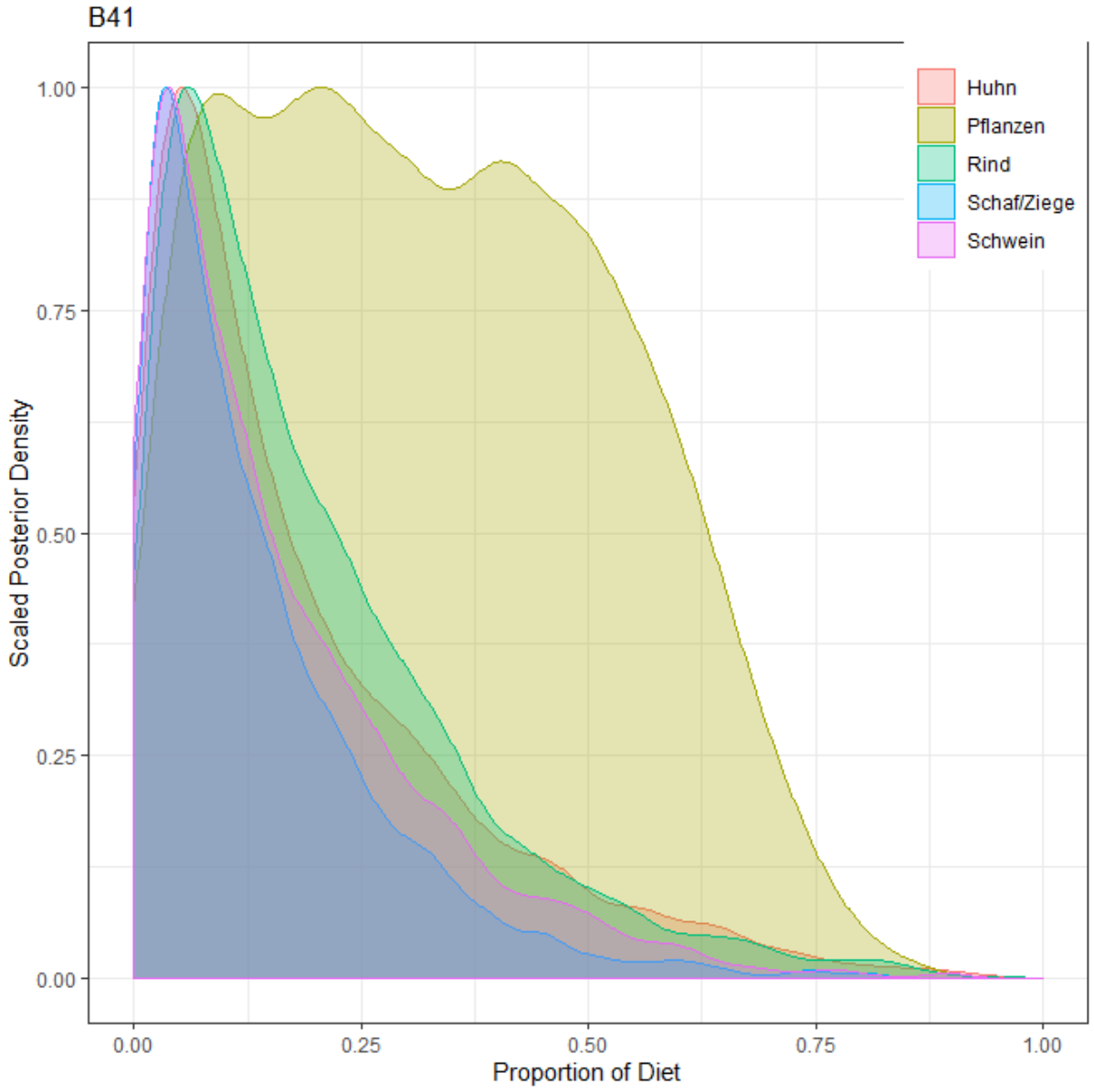


Abbildung 797: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 41. Erstellt mit MixSIAR.

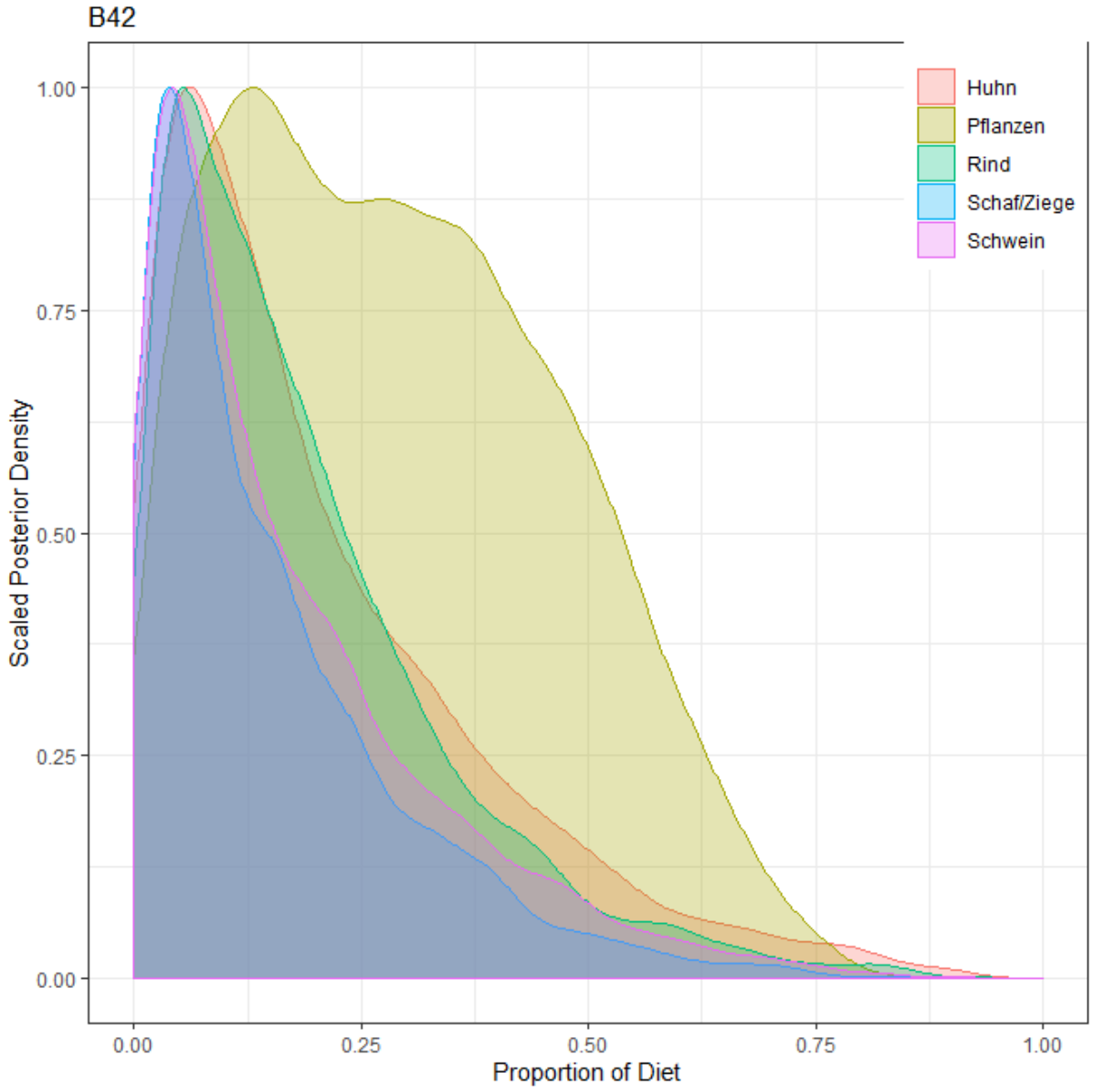


Abbildung 798: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 42. Erstellt mit MixSIAR.

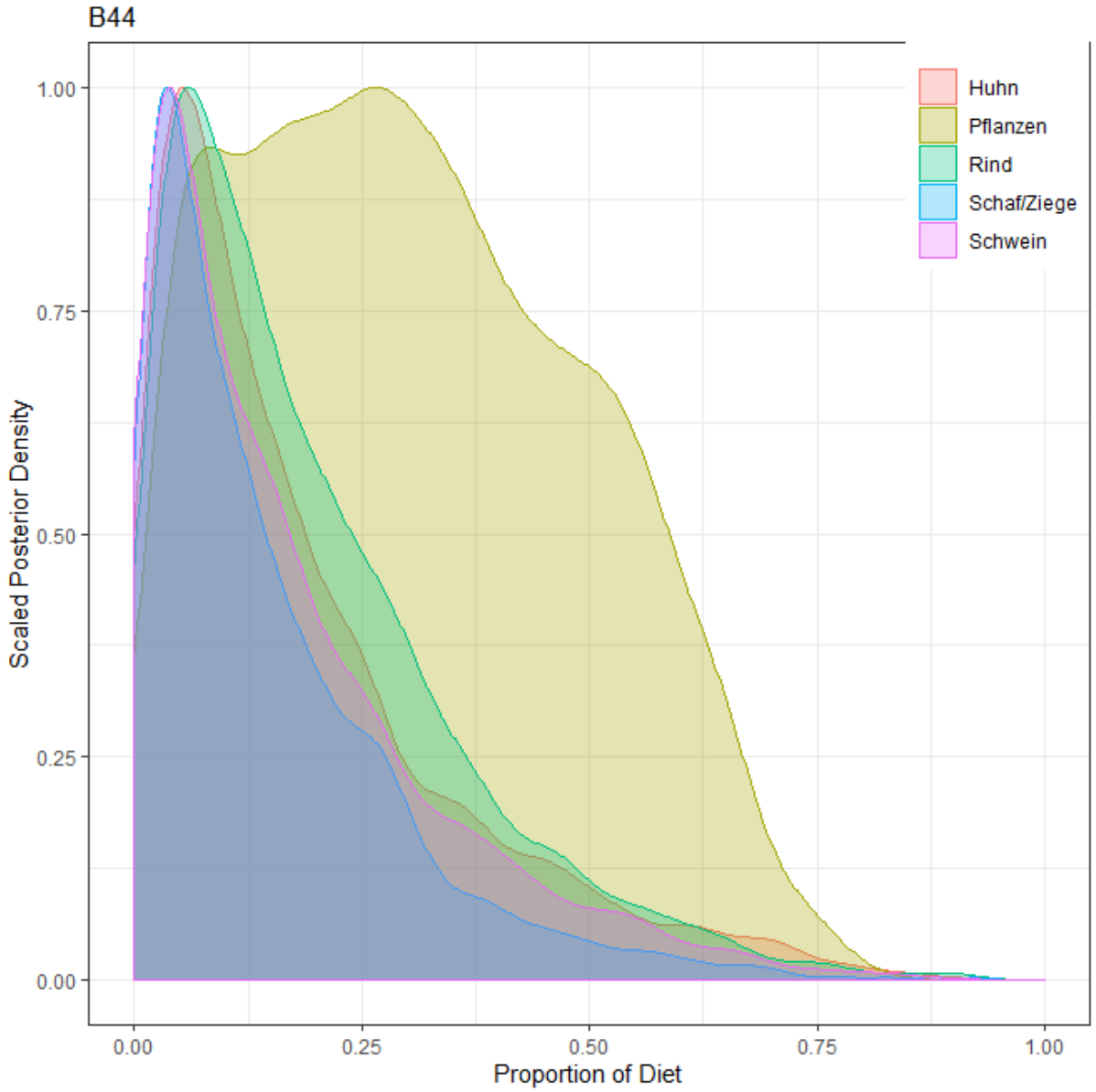


Abbildung 799: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 44. Erstellt mit MixSIAR.

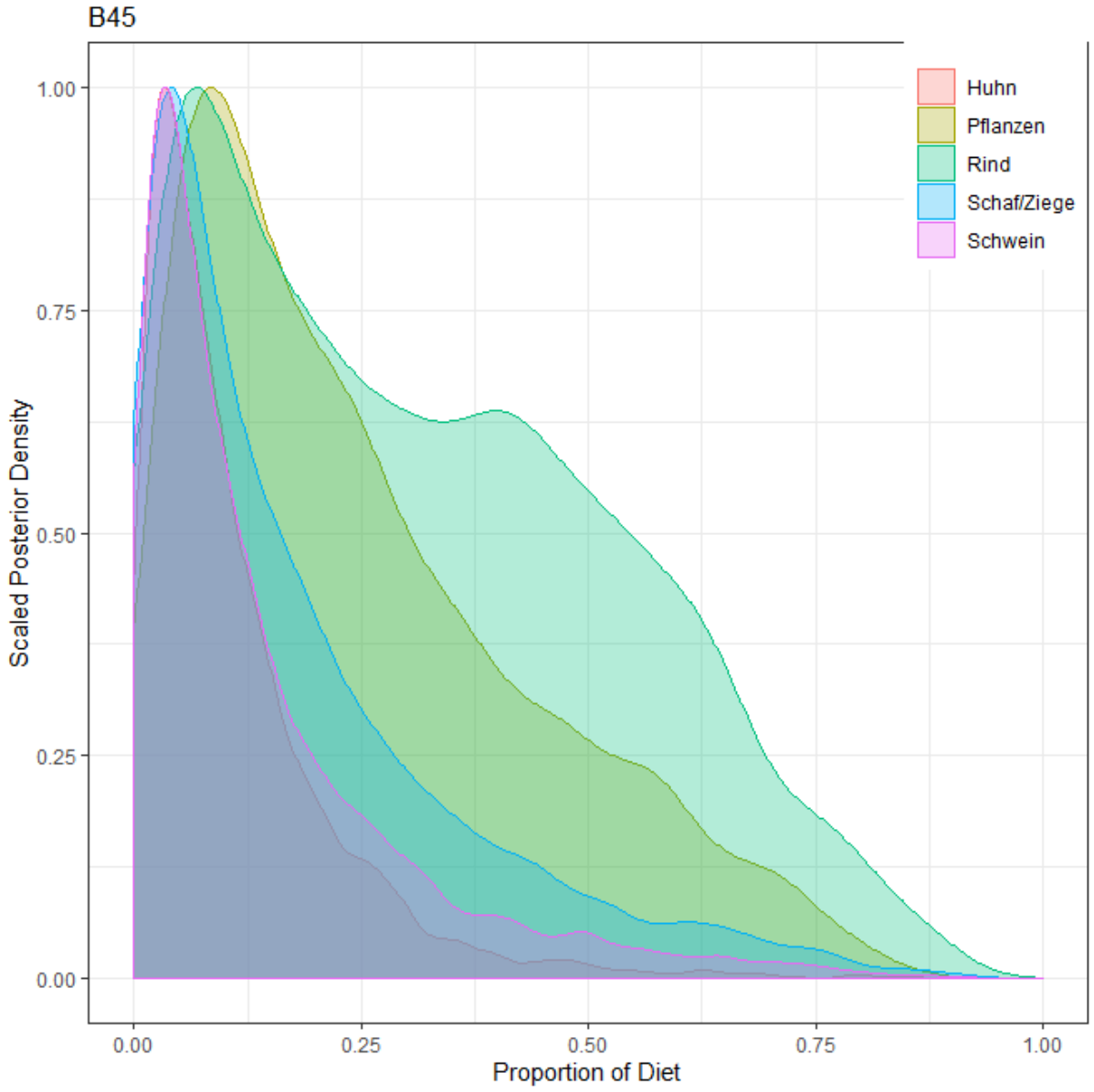


Abbildung 800: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 45. Erstellt mit MixSIAR.

10.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 31: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Brückmühl (B). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
B1	Huhn	2,6%	17,9%	10,9%	15,9%	44,5%
	Pflanzen	8,6%	29,5%	11,5%	29,1%	52,9%
	Rind	4,1%	22,0%	10,9%	20,8%	46,0%
	Schaf/Ziege	1,8%	14,9%	9,0%	13,5%	36,4%
	Schwein	1,8%	15,7%	9,8%	14,0%	38,3%
B2	Huhn	0,8%	16,8%	15,3%	12,3%	57,7%
	Pflanzen	2,2%	25,5%	16,6%	23,1%	62,4%
	Rind	1,5%	23,0%	17,6%	19,3%	65,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	17,8%	15,7%	13,2%	58,6%
	Schwein	0,5%	16,8%	15,1%	12,2%	56,1%
B3	Huhn	0,9%	21,3%	18,8%	15,5%	69,8%
	Pflanzen	2,6%	32,8%	19,6%	32,4%	69,9%
	Rind	1,0%	15,5%	14,3%	10,9%	55,5%
	Schaf/Ziege	0,5%	12,8%	12,8%	8,8%	48,1%
	Schwein	0,5%	17,6%	17,3%	12,0%	64,7%
B5	Huhn	0,9%	15,7%	13,9%	11,5%	51,3%
	Pflanzen	2,3%	26,7%	17,4%	24,2%	63,4%
	Rind	1,3%	23,8%	17,8%	19,9%	66,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	17,8%	15,8%	13,5%	58,0%
	Schwein	0,5%	16,0%	14,7%	11,7%	53,9%
B6*	Huhn	0,8%	15,5%	14,8%	10,7%	57,3%
	Pflanzen	2,7%	30,6%	19,5%	27,7%	70,8%
	Rind	1,3%	23,7%	18,4%	19,2%	68,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,2%	14,1%	10,9%	53,5%
	Schwein	0,6%	15,1%	14,4%	10,5%	53,7%
B7*	Huhn	0,5%	16,9%	18,8%	8,7%	69,0%
	Pflanzen	1,8%	38,4%	27,8%	32,2%	87,0%
	Rind	1,0%	22,3%	20,1%	15,6%	73,6%
	Schaf/Ziege	0,4%	9,4%	10,8%	5,8%	39,8%
	Schwein	0,5%	12,9%	15,3%	7,1%	58,6%
B8	Huhn	0,8%	54,0%	28,3%	62,3%	91,1%
	Pflanzen	0,9%	11,1%	9,2%	8,5%	35,4%
	Rind	0,6%	7,0%	6,5%	5,2%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,7%	8,5%	4,3%	24,8%
	Schwein	0,3%	21,1%	28,1%	6,9%	87,1%
B9	Huhn	0,9%	21,1%	17,9%	16,1%	67,1%
	Pflanzen	2,0%	27,1%	17,0%	25,0%	63,0%
	Rind	1,1%	18,5%	15,9%	13,8%	59,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,8%	14,9%	11,2%	56,3%
	Schwein	0,6%	17,6%	16,5%	12,5%	62,2%
B10	Huhn	0,9%	22,9%	18,2%	18,7%	66,9%
	Pflanzen	1,9%	22,7%	15,2%	20,3%	56,6%
	Rind	1,2%	18,7%	15,9%	14,2%	59,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,9%	15,9%	11,9%	58,5%
	Schwein	0,6%	18,7%	17,1%	13,4%	62,8%
B11	Huhn	0,8%	16,0%	13,8%	12,1%	52,0%
	Pflanzen	2,0%	22,1%	14,8%	19,5%	55,9%
	Rind	1,3%	24,6%	19,0%	20,1%	70,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	20,2%	17,5%	15,0%	62,7%
	Schwein	0,6%	17,1%	16,1%	12,0%	60,4%

B12	Huhn	0,7%	15,4%	16,1%	9,8%	62,1%
	Pflanzen	1,9%	34,8%	23,0%	31,8%	78,5%
	Rind	1,2%	23,2%	18,8%	18,1%	68,6%
	Schaf/Ziege	0,4%	12,8%	12,9%	8,5%	48,7%
	Schwein	0,5%	13,9%	14,4%	9,0%	55,9%
B13	Huhn	0,8%	19,6%	17,0%	14,7%	65,3%
	Pflanzen	2,3%	27,1%	17,0%	25,3%	62,9%
	Rind	1,2%	20,0%	16,5%	15,8%	61,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,6%	14,4%	11,3%	54,2%
	Schwein	0,7%	17,6%	15,9%	12,6%	58,5%
B14	Huhn	0,6%	16,9%	18,5%	9,2%	66,4%
	Pflanzen	2,5%	40,5%	26,0%	39,4%	85,6%
	Rind	0,8%	19,8%	18,0%	13,9%	67,7%
	Schaf/Ziege	0,4%	9,9%	11,1%	6,3%	42,3%
	Schwein	0,4%	12,9%	14,9%	7,6%	58,6%
B15	Huhn	0,9%	20,4%	17,3%	15,6%	64,9%
	Pflanzen	2,6%	26,9%	16,6%	25,1%	61,7%
	Rind	1,4%	19,4%	16,2%	14,9%	62,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,8%	14,7%	11,3%	54,2%
	Schwein	0,6%	17,5%	16,0%	12,5%	58,8%
B16	Huhn	0,7%	11,9%	11,8%	8,2%	42,2%
	Pflanzen	1,9%	25,0%	18,5%	20,2%	67,4%
	Rind	1,3%	30,5%	21,8%	27,4%	76,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	17,7%	17,3%	11,7%	64,5%
	Schwein	0,5%	15,0%	15,4%	9,6%	58,4%
B17	Huhn	1,1%	24,6%	19,3%	20,2%	70,9%
	Pflanzen	2,1%	21,0%	13,8%	18,6%	52,7%
	Rind	1,0%	18,0%	15,9%	13,2%	60,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	16,4%	15,8%	11,0%	59,9%
	Schwein	0,5%	20,0%	18,5%	13,2%	65,9%
B19	Huhn	0,7%	13,8%	13,0%	9,9%	48,9%
	Pflanzen	2,1%	25,5%	17,7%	21,8%	66,3%
	Rind	1,6%	27,2%	19,8%	23,5%	71,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	18,0%	16,4%	13,2%	59,9%
	Schwein	0,6%	15,5%	15,1%	10,4%	57,2%
B21	Huhn	0,8%	15,0%	13,7%	11,0%	51,3%
	Pflanzen	2,4%	25,6%	16,9%	23,1%	62,8%
	Rind	1,3%	24,1%	18,3%	19,7%	66,7%
	Schaf/Ziege	0,5%	18,6%	16,6%	13,8%	62,4%
	Schwein	0,6%	16,6%	15,6%	11,7%	59,1%
B22	Huhn	0,9%	19,3%	16,3%	14,7%	61,7%
	Pflanzen	2,3%	25,5%	16,5%	23,2%	60,4%
	Rind	1,3%	20,2%	16,0%	16,7%	61,7%
	Schaf/Ziege	0,7%	17,5%	15,7%	12,6%	57,0%
	Schwein	0,7%	17,4%	16,0%	12,5%	58,4%
B23	Huhn	0,8%	17,2%	15,8%	12,0%	60,9%
	Pflanzen	2,6%	29,8%	18,6%	27,9%	68,1%
	Rind	1,4%	21,8%	16,9%	17,9%	61,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,4%	14,1%	11,1%	52,2%
	Schwein	0,6%	15,9%	15,0%	11,3%	56,9%
B34	Huhn	0,9%	20,7%	17,4%	15,8%	64,7%
	Pflanzen	2,4%	25,5%	16,2%	23,4%	59,4%
	Rind	1,3%	19,5%	16,0%	15,6%	60,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,3%	15,1%	11,4%	56,9%
	Schwein	0,7%	18,0%	16,5%	12,9%	60,4%
B26	Huhn	0,7%	13,4%	12,0%	10,1%	46,3%
	Pflanzen	2,3%	25,5%	17,2%	21,9%	63,8%

	Rind	1,3%	26,2%	19,5%	21,8%	70,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	18,8%	16,9%	13,7%	62,2%
	Schwein	0,5%	16,1%	15,2%	11,2%	56,9%
B27	Huhn	0,9%	20,8%	18,1%	15,2%	66,7%
	Pflanzen	2,3%	30,4%	18,7%	28,8%	68,3%
	Rind	1,1%	17,8%	15,2%	13,5%	57,7%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,1%	13,3%	10,0%	50,0%
	Schwein	0,6%	17,0%	16,1%	11,7%	60,0%
B28	Huhn	0,7%	15,9%	15,4%	10,7%	57,9%
	Pflanzen	2,6%	33,3%	21,0%	31,3%	74,7%
	Rind	1,2%	22,5%	17,8%	18,0%	66,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,7%	13,2%	9,8%	50,9%
	Schwein	0,5%	14,6%	14,1%	10,0%	53,4%
B30*	Huhn	0,4%	13,8%	16,3%	7,2%	61,5%
	Pflanzen	1,7%	33,4%	28,8%	22,2%	89,5%
	Rind	0,8%	29,6%	24,9%	22,9%	82,1%
	Schaf/Ziege	0,4%	10,4%	13,2%	5,9%	53,0%
	Schwein	0,4%	12,8%	16,4%	6,2%	62,6%
B31	Huhn	0,8%	19,6%	17,3%	14,6%	64,6%
	Pflanzen	2,2%	28,3%	17,6%	26,4%	65,1%
	Rind	1,1%	19,5%	16,1%	14,9%	60,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,6%	14,4%	11,5%	54,4%
	Schwein	0,6%	17,1%	15,6%	12,5%	57,8%
B33	Huhn	0,8%	17,3%	16,6%	11,6%	63,6%
	Pflanzen	2,7%	33,6%	20,7%	32,1%	73,5%
	Rind	1,2%	20,8%	17,1%	16,4%	65,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,2%	12,9%	9,2%	48,9%
	Schwein	0,6%	15,1%	14,8%	10,1%	56,3%
B36	Huhn	0,8%	16,5%	14,4%	12,7%	56,1%
	Pflanzen	2,5%	25,6%	16,3%	23,3%	61,2%
	Rind	1,3%	22,4%	17,5%	18,4%	65,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	18,4%	16,3%	13,4%	59,3%
	Schwein	0,6%	17,1%	15,7%	12,0%	58,0%
B38	Huhn	0,8%	18,0%	16,4%	12,6%	62,8%
	Pflanzen	2,7%	29,7%	18,4%	28,5%	67,1%
	Rind	1,3%	20,9%	16,5%	16,8%	64,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,7%	14,3%	11,5%	53,0%
	Schwein	0,6%	15,8%	14,6%	11,3%	55,2%
B41	Huhn	0,8%	18,6%	17,4%	12,8%	65,0%
	Pflanzen	2,2%	32,7%	19,7%	31,3%	70,3%
	Rind	1,1%	19,1%	16,4%	14,5%	63,1%
	Schaf/Ziege	0,6%	13,7%	12,9%	9,7%	48,5%
	Schwein	0,6%	15,9%	14,9%	11,3%	55,1%
B42	Huhn	0,9%	20,4%	17,8%	15,0%	68,1%
	Pflanzen	2,4%	29,1%	17,8%	27,6%	65,4%
	Rind	1,2%	18,6%	15,5%	14,6%	60,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,0%	14,1%	10,4%	52,6%
	Schwein	0,6%	16,9%	15,7%	11,9%	58,4%
B44	Huhn	0,9%	18,6%	16,9%	13,2%	65,0%
	Pflanzen	2,7%	30,7%	18,4%	29,1%	66,2%
	Rind	1,0%	19,3%	16,0%	14,9%	60,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,6%	13,9%	10,4%	53,0%
	Schwein	0,6%	16,9%	15,9%	12,0%	58,8%
B45	Huhn	0,7%	11,2%	11,0%	7,9%	41,4%
	Pflanzen	1,7%	25,3%	19,2%	20,4%	71,0%
	Rind	1,2%	31,2%	22,2%	28,4%	77,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	18,0%	17,7%	12,1%	66,2%
	Schwein	0,5%	14,3%	15,4%	8,8%	59,7%

10.5 SISUS: Abbildungen

B1

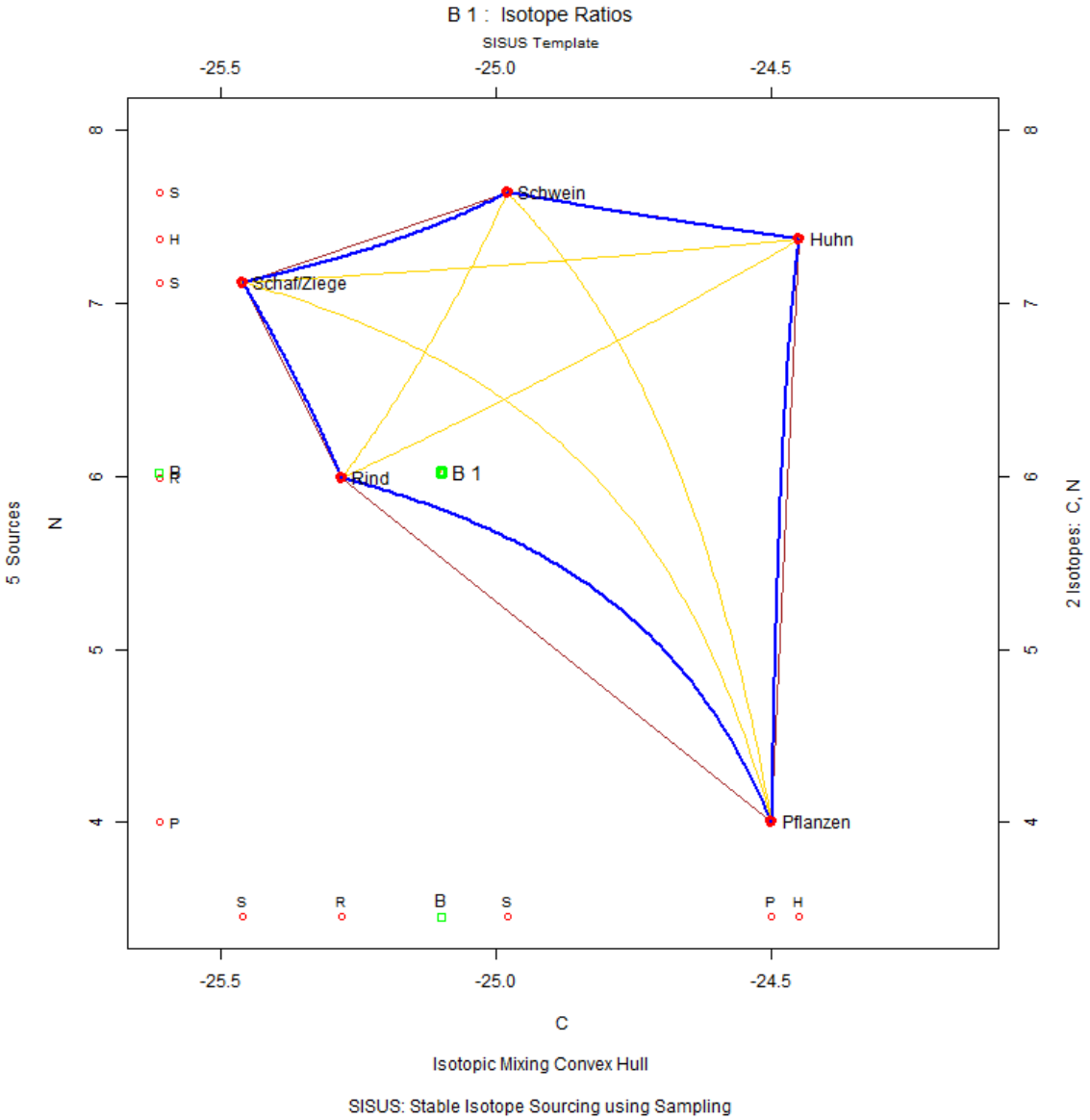


Abbildung 801: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 1. Erstellt mit SISUS.

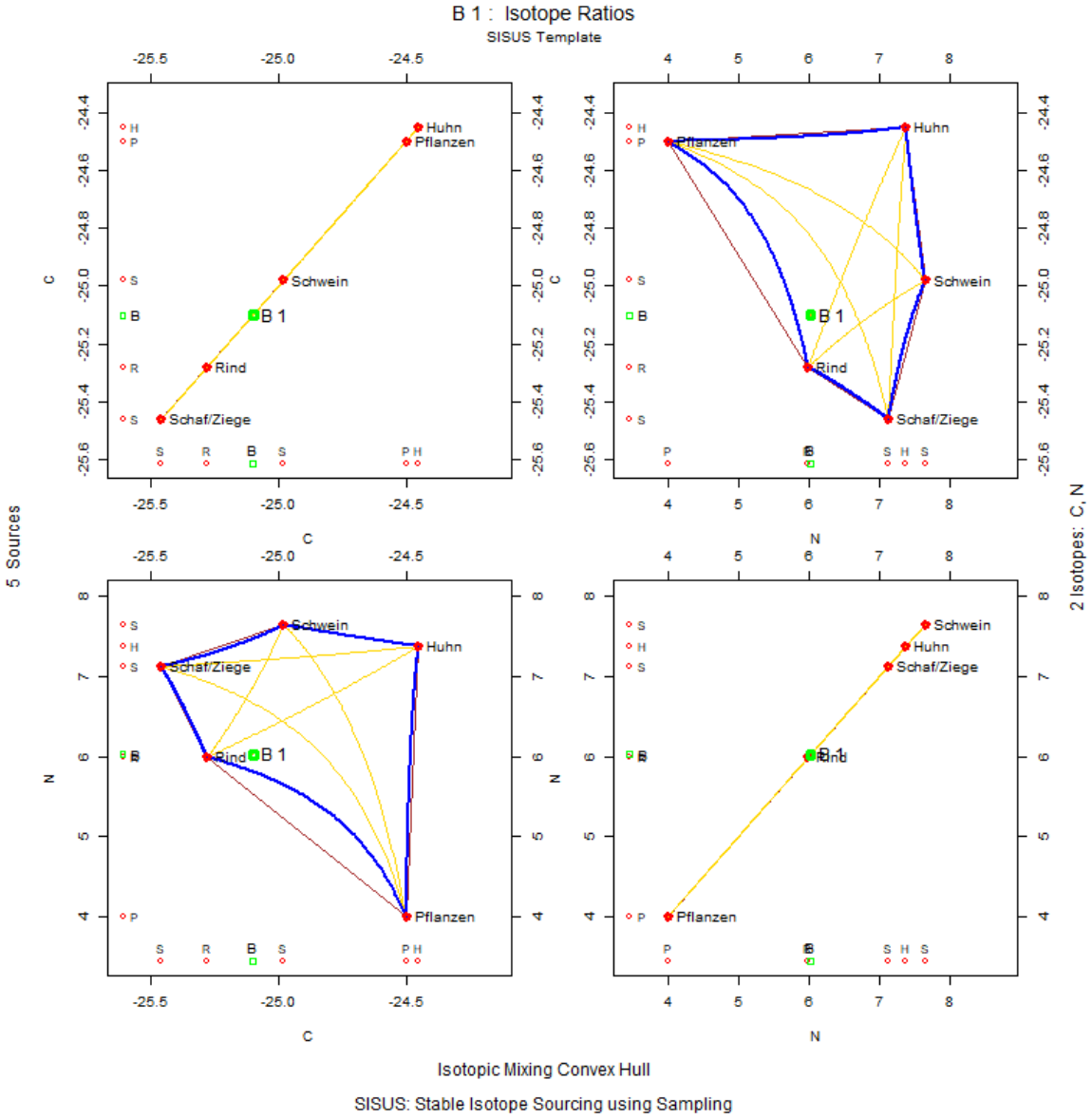


Abbildung 802: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 1 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

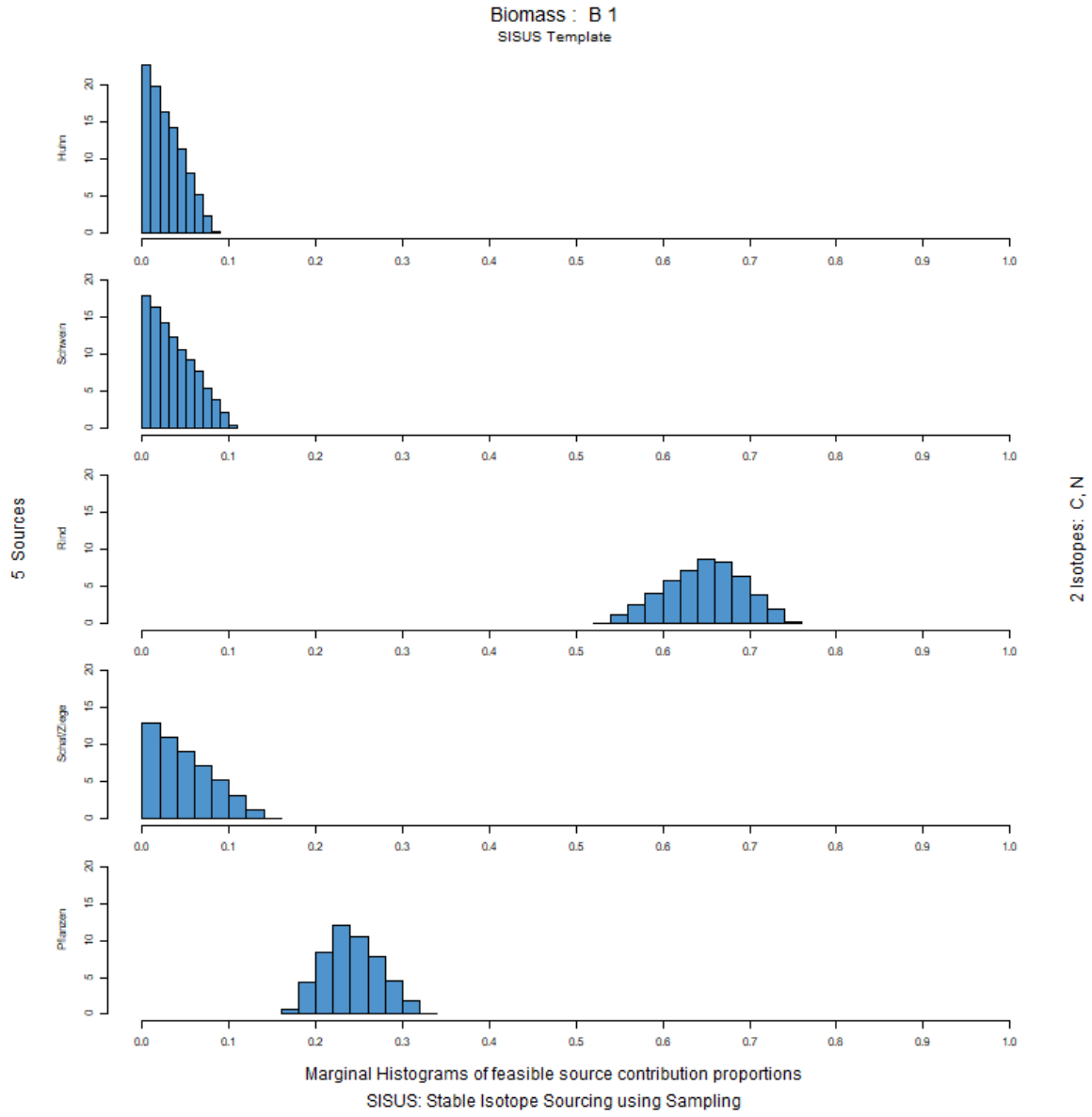


Abbildung 803: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 1. Erstellt mit SISUS.

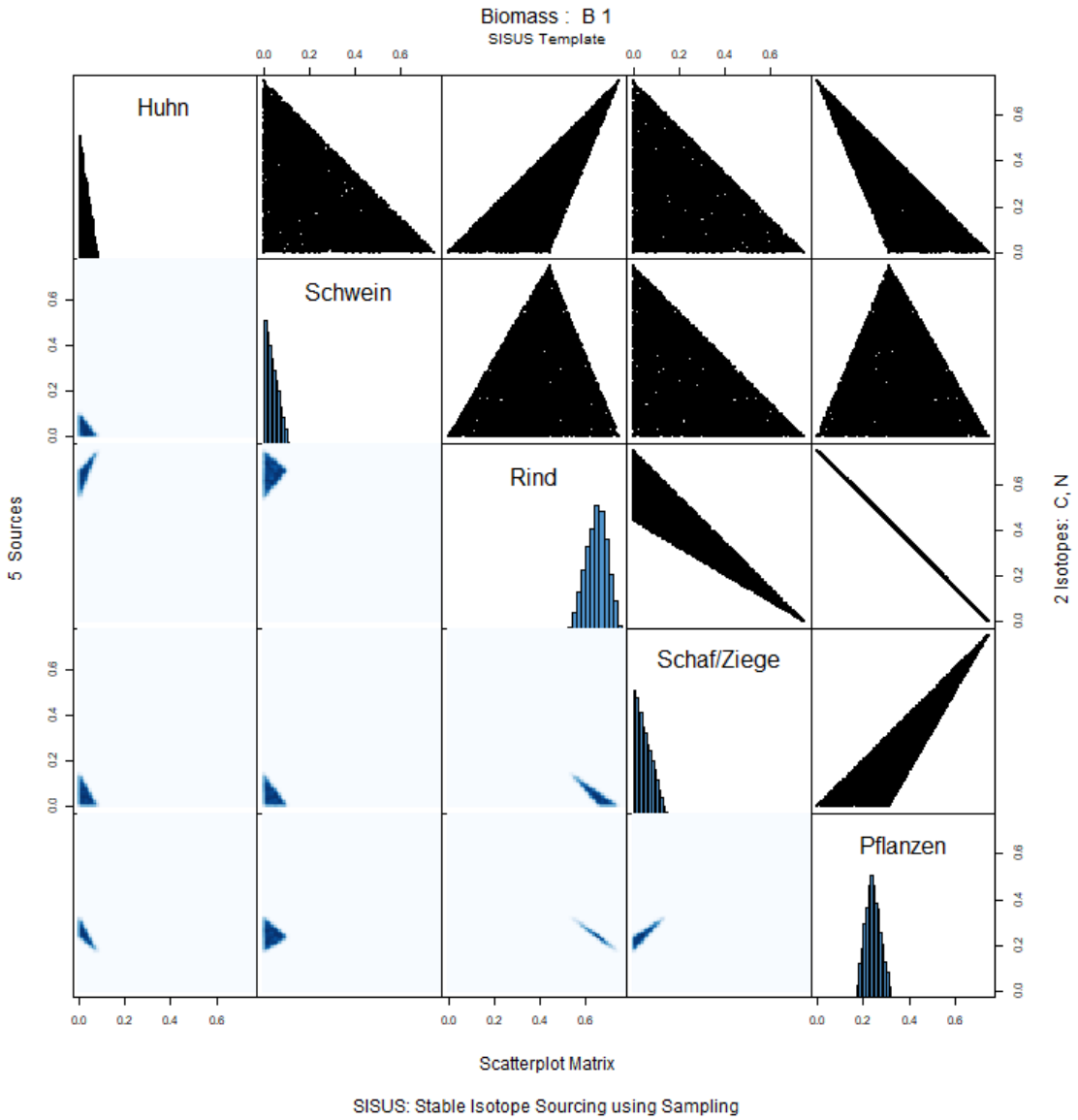


Abbildung 804: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 1. Erstellt mit SISUS.

B2

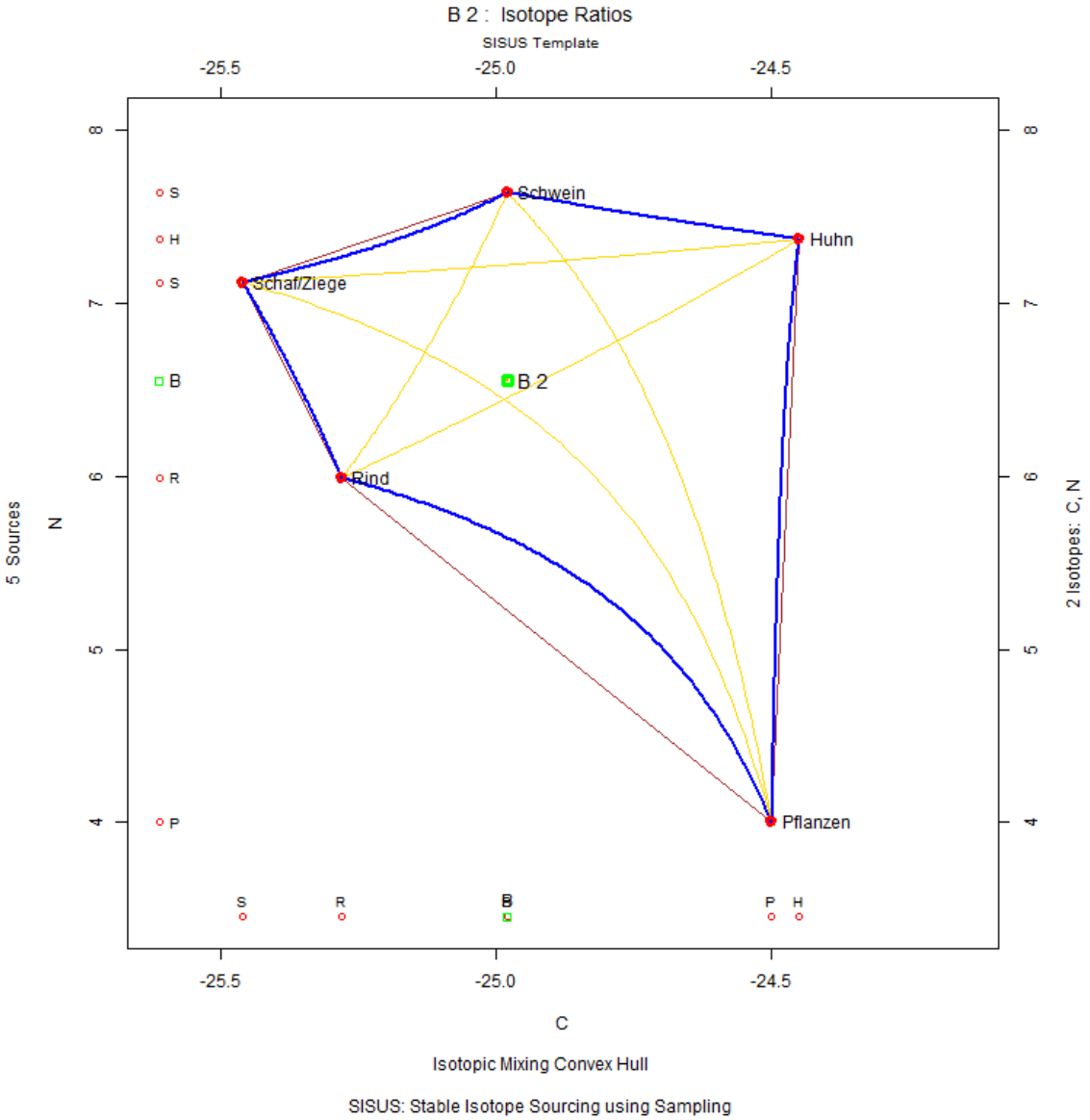


Abbildung 805: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 2. Erstellt mit SISUS.

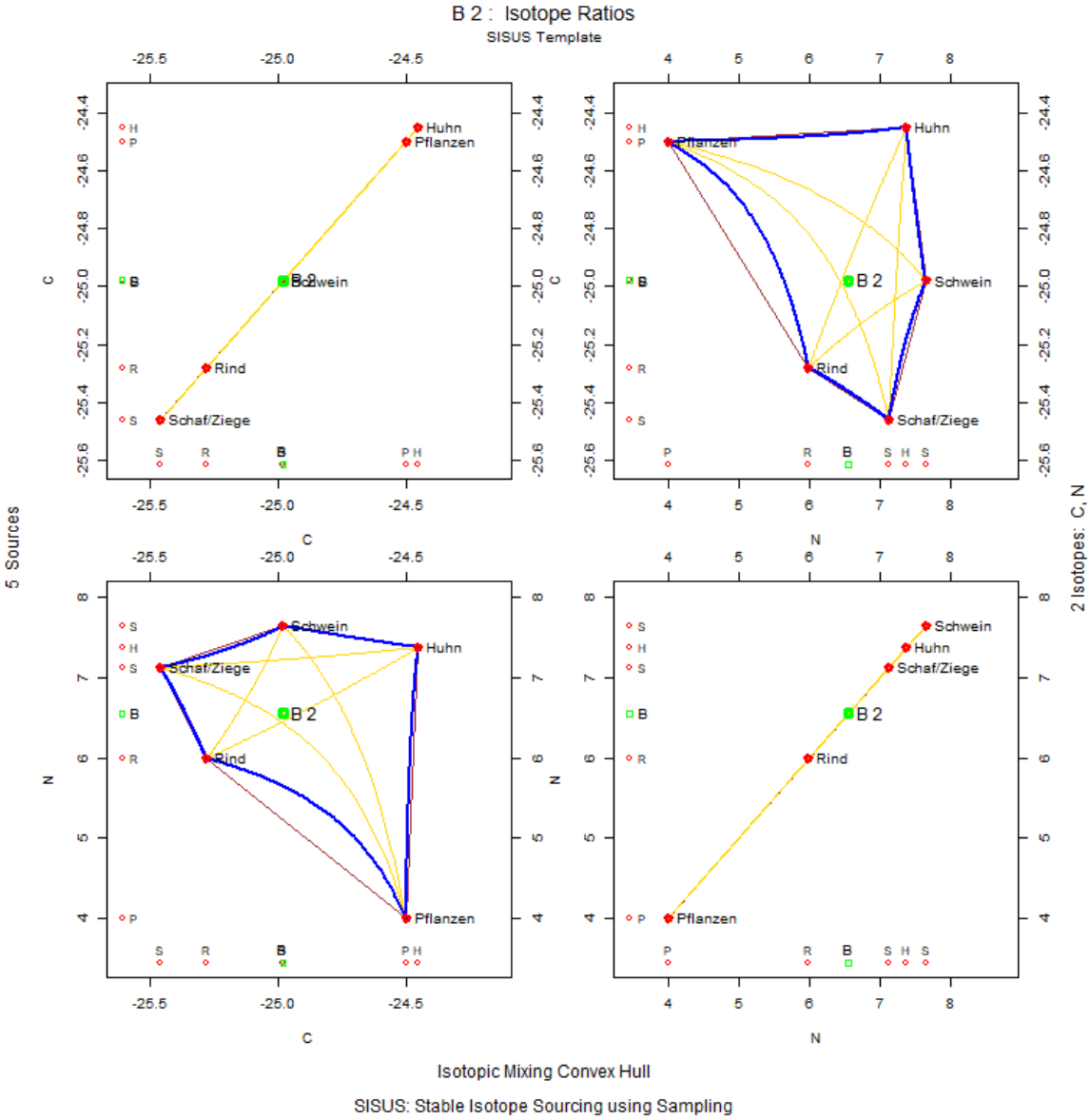


Abbildung 806: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 2 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

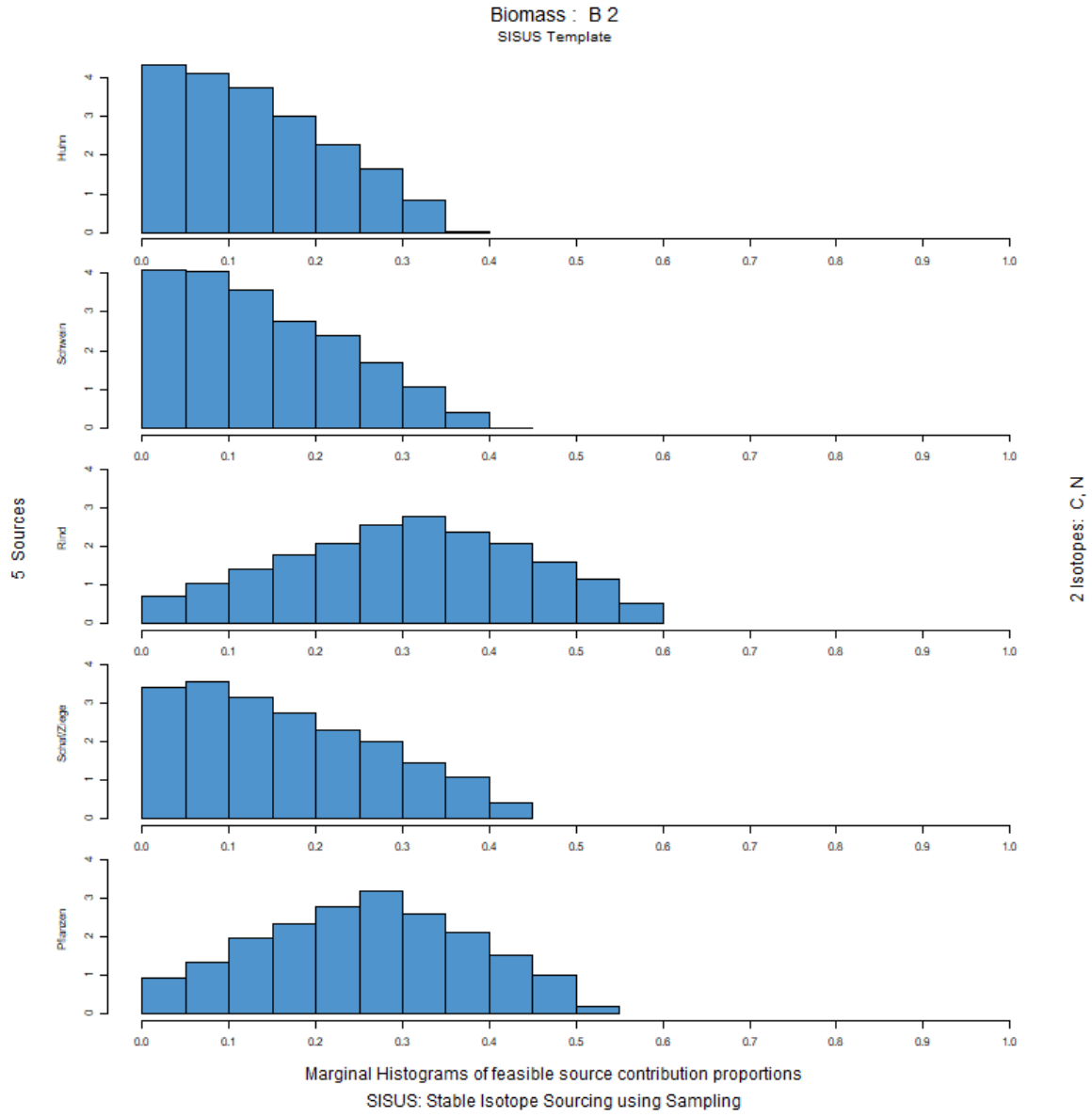


Abbildung 807: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 2. Erstellt mit SISUS.

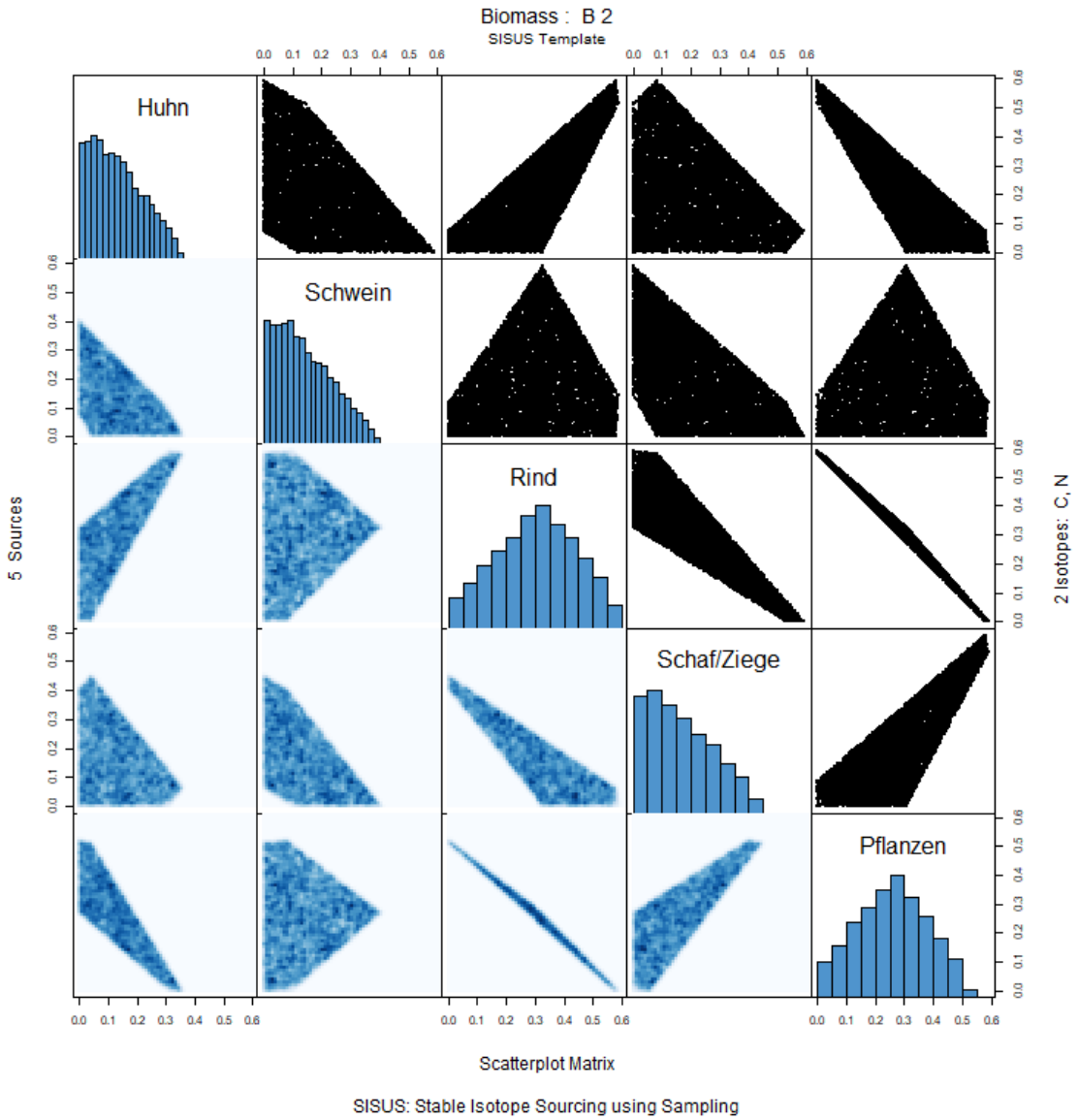


Abbildung 808: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 2. Erstellt mit SISUS.

B3

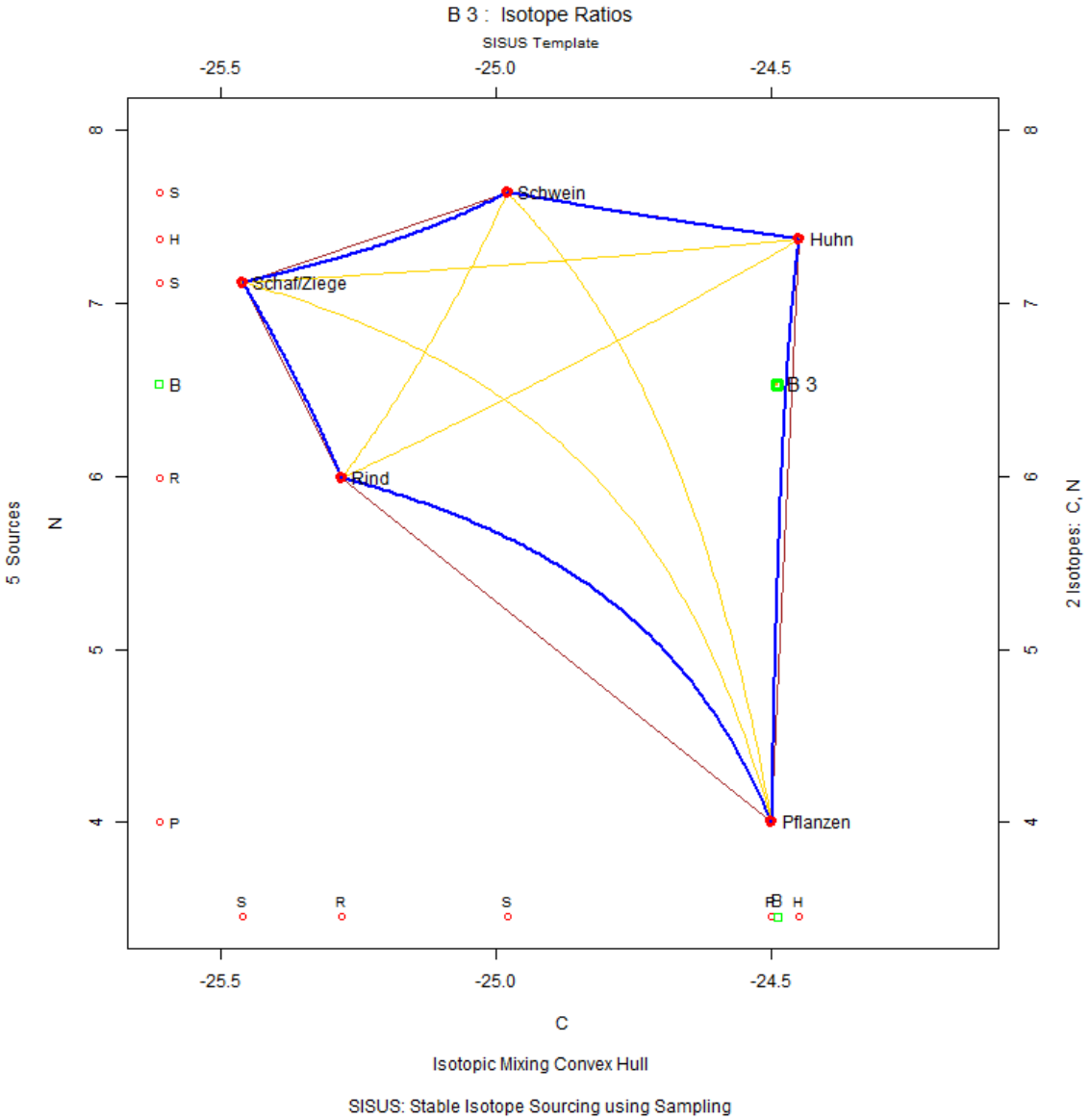


Abbildung 809: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 3. Erstellt mit SISUS.

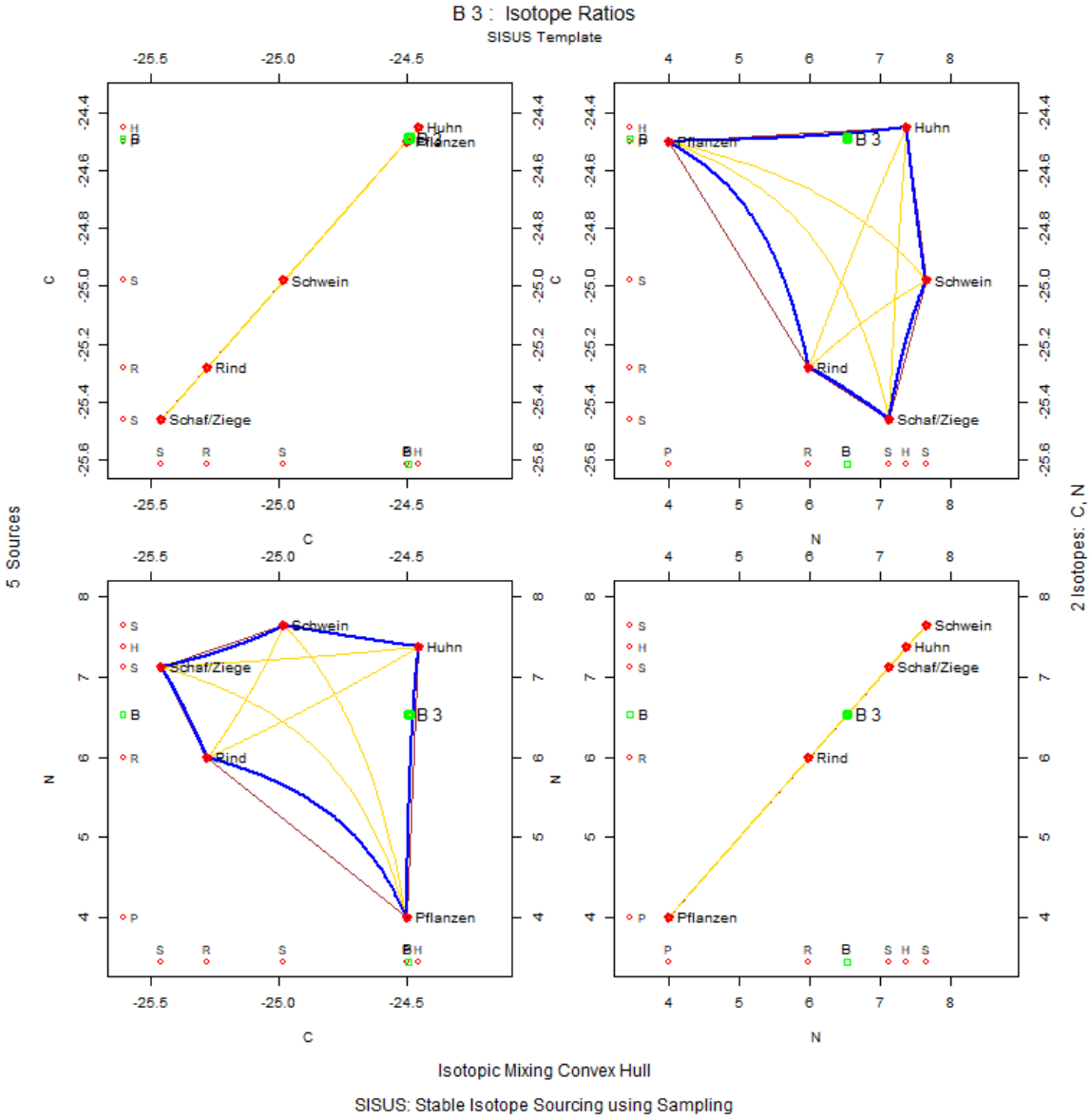


Abbildung 810: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

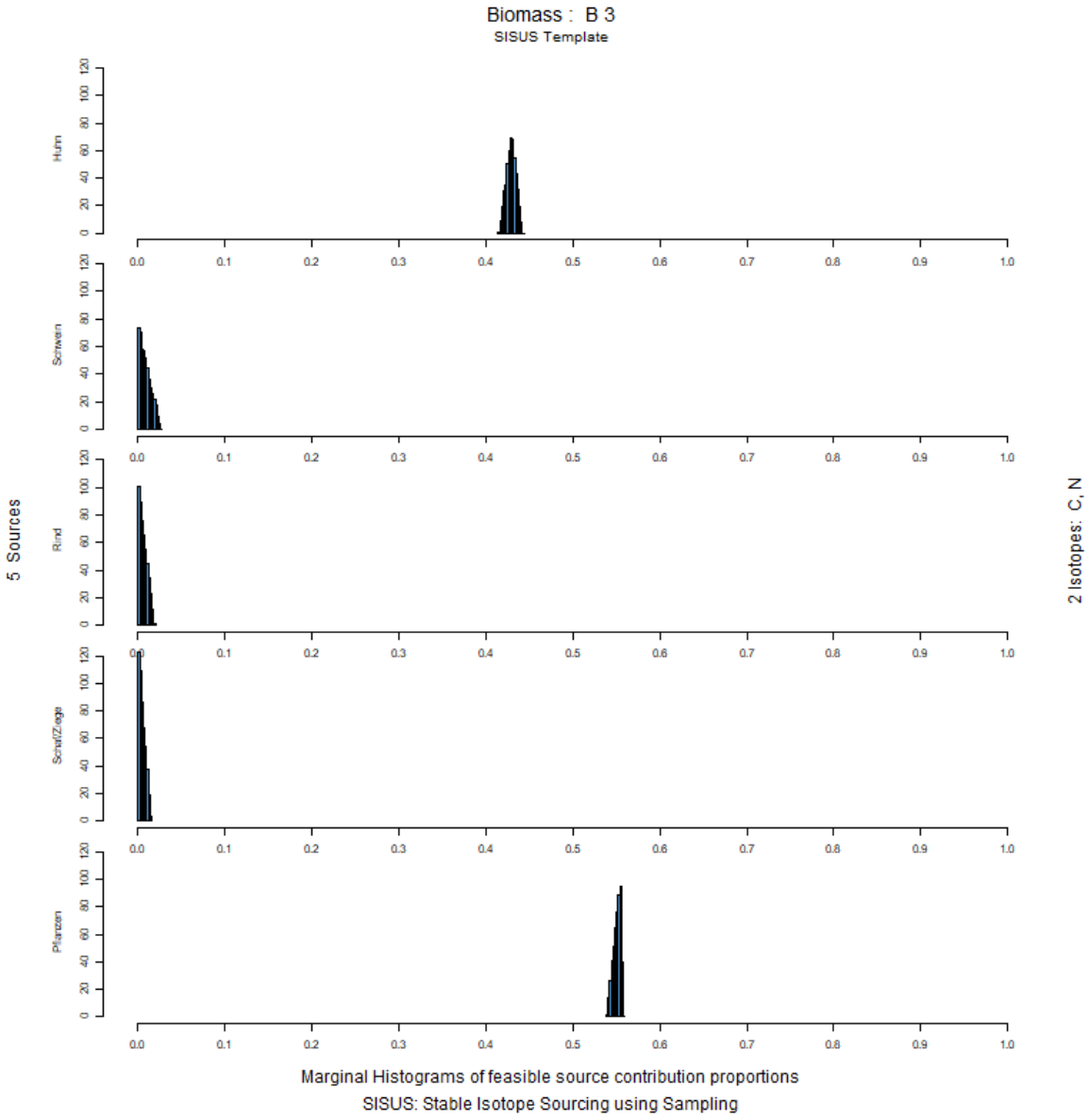


Abbildung 811: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 3. Erstellt mit SISUS.

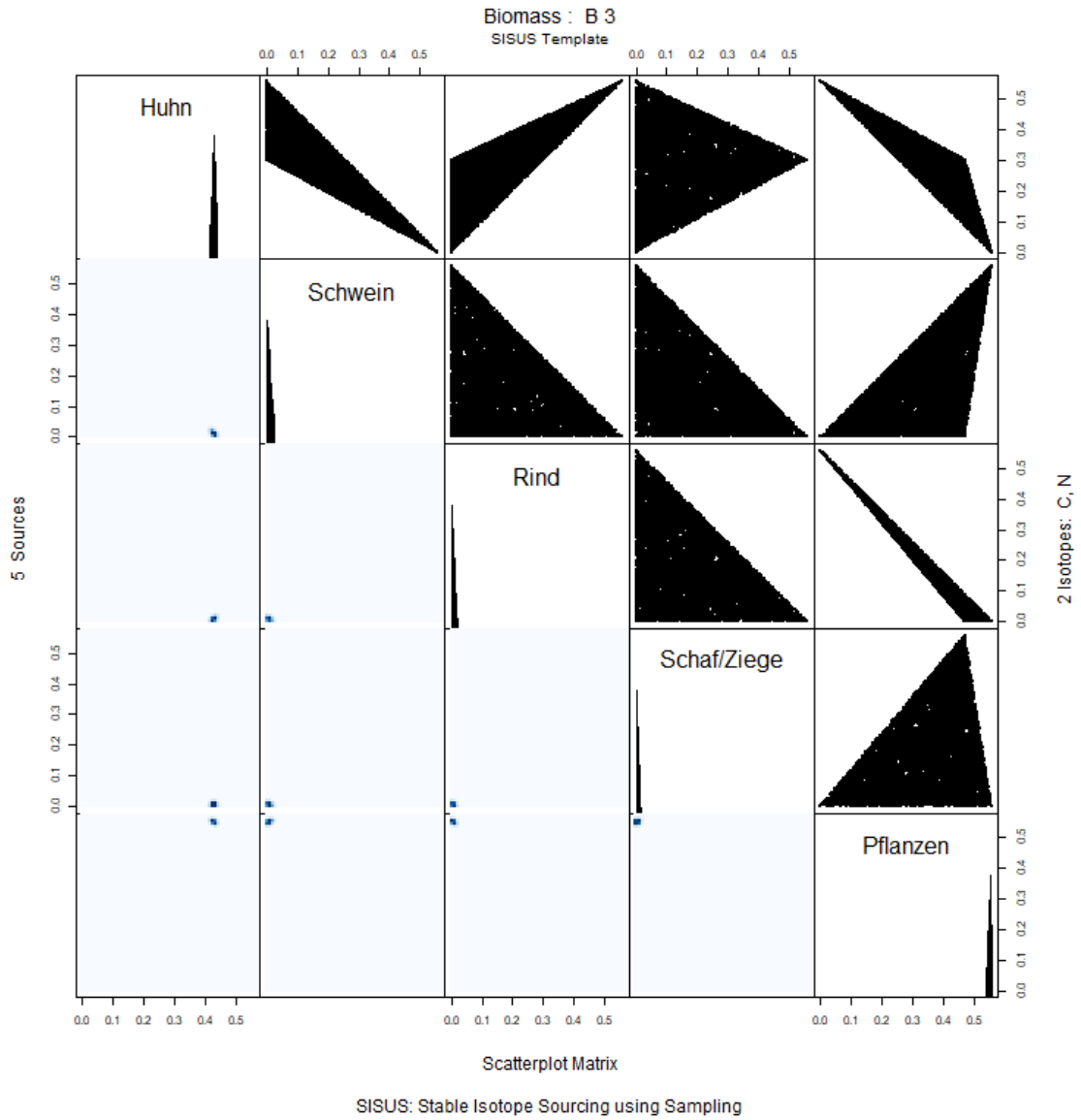


Abbildung 812: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 3. Erstellt mit SISUS.

B5

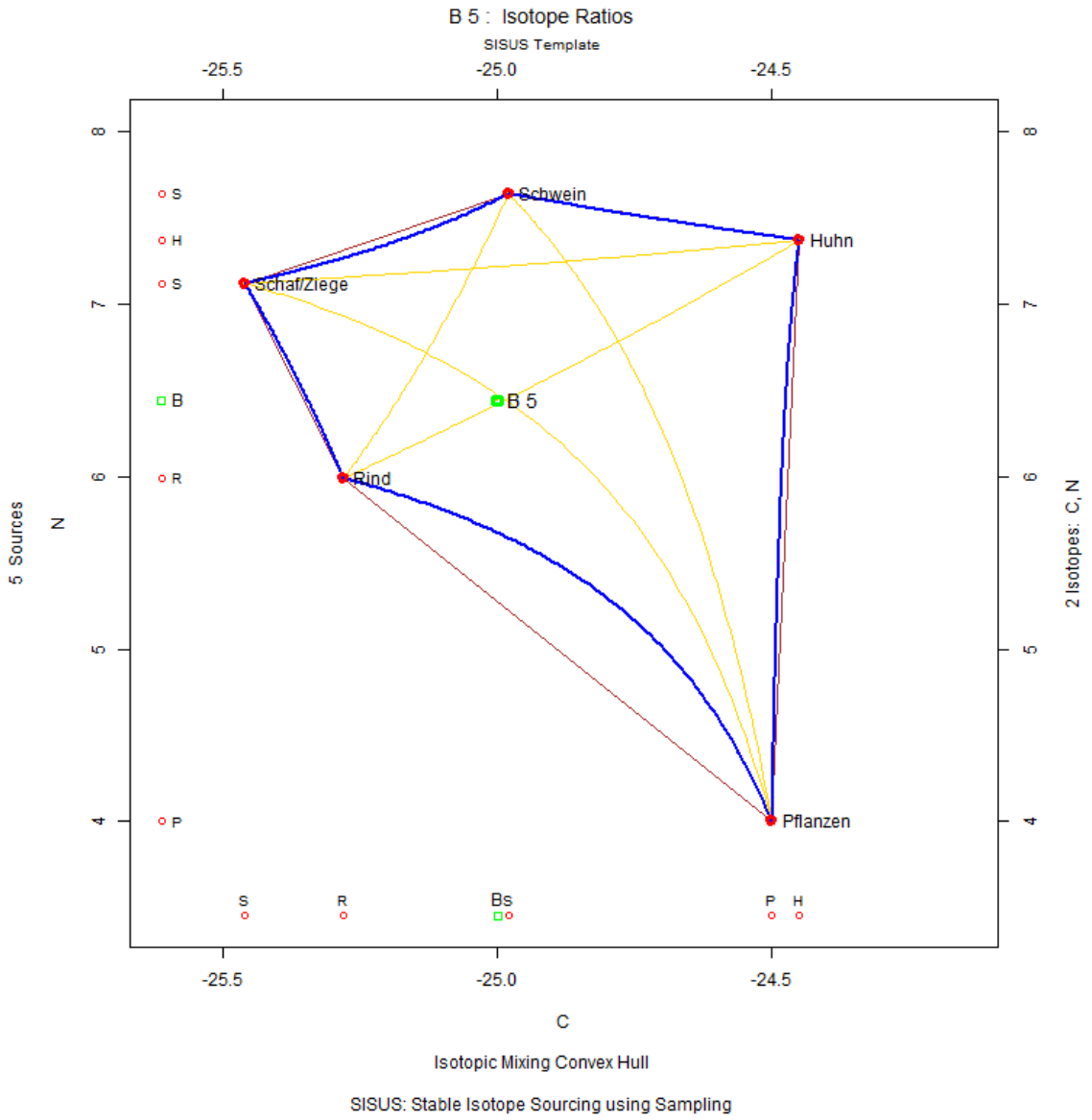


Abbildung 813: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 5. Erstellt mit SISUS.

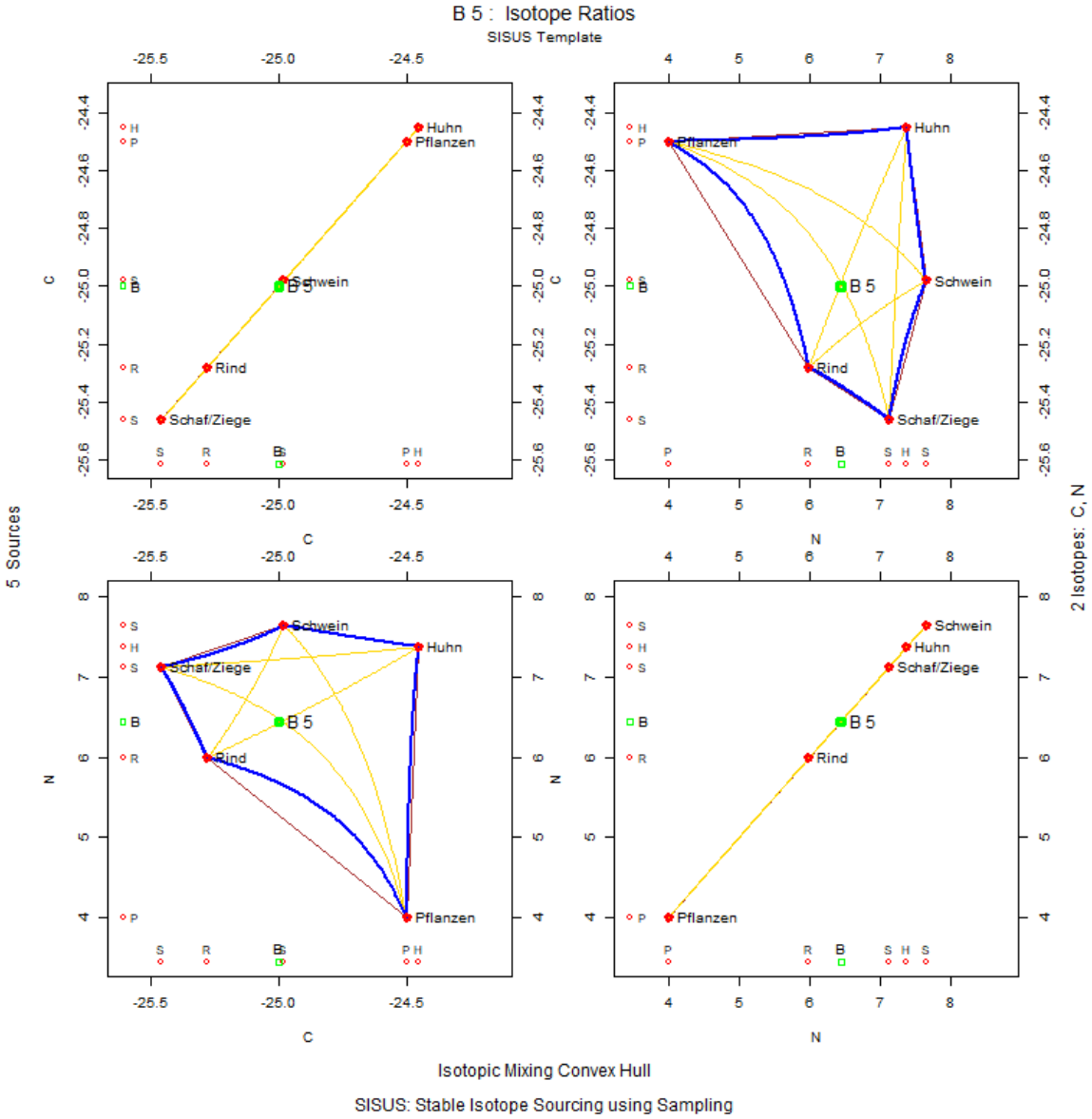


Abbildung 814: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 5 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

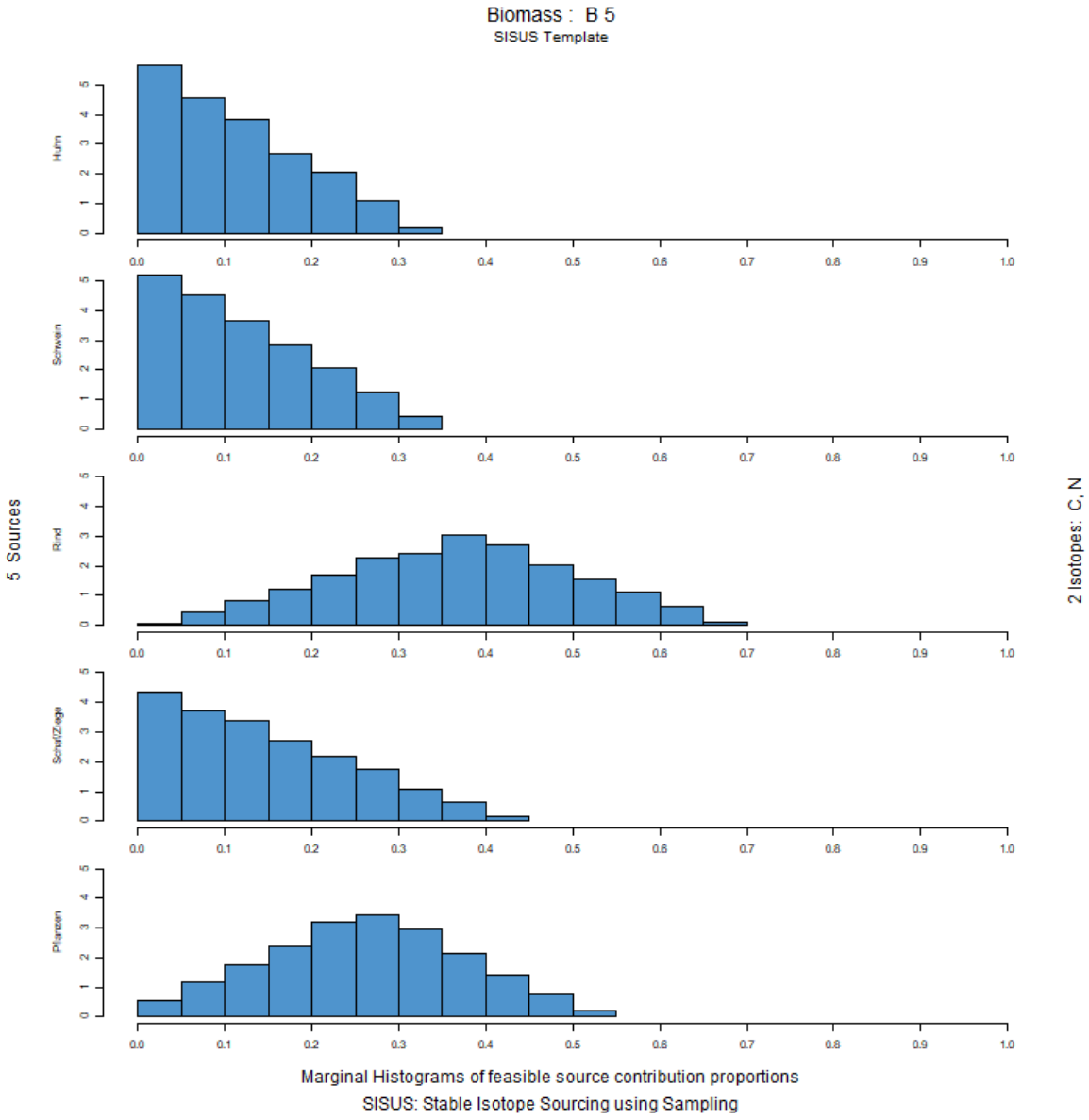


Abbildung 815: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 5. Erstellt mit SISUS.

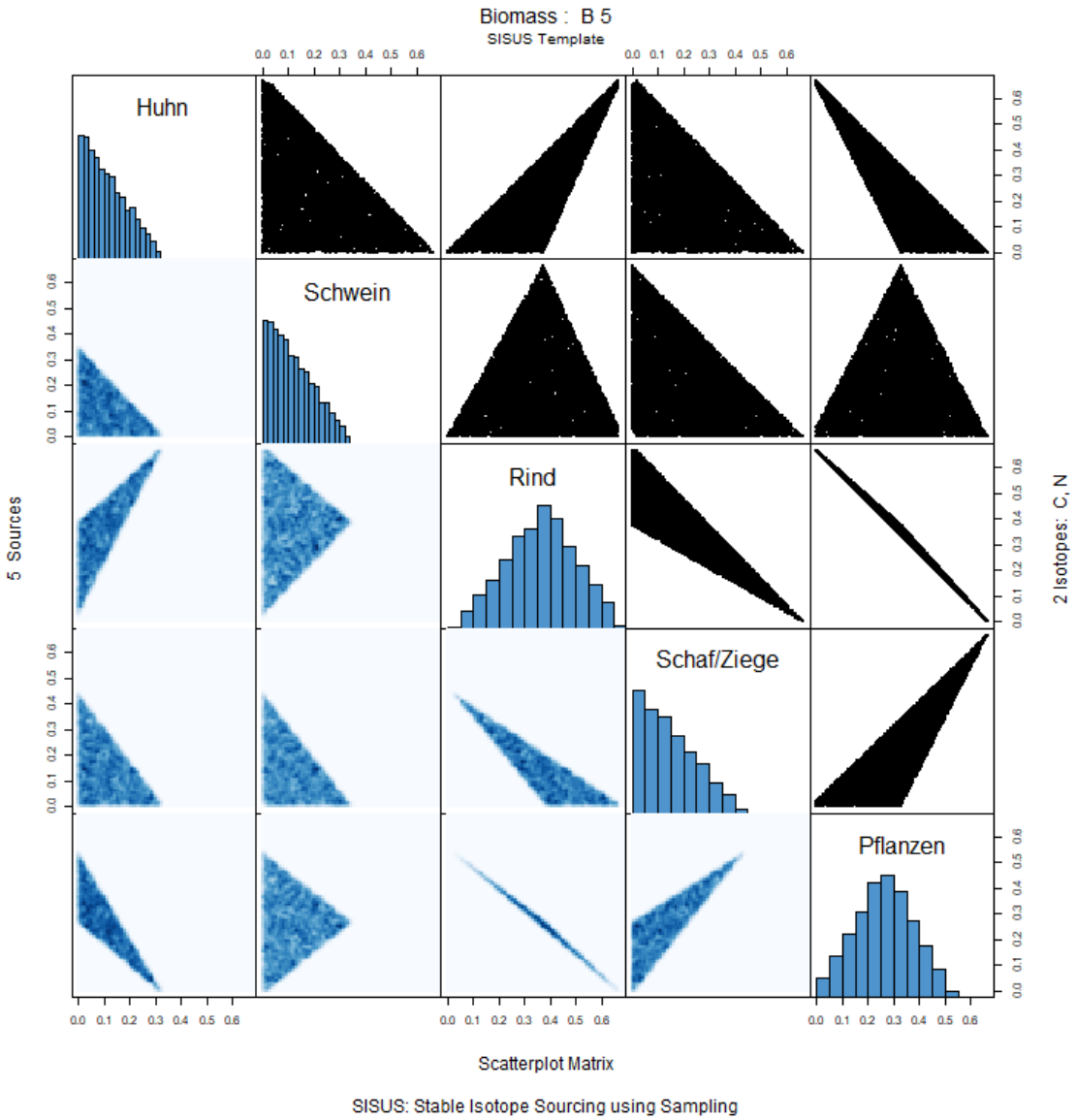


Abbildung 816: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 5. Erstellt mit SISUS.

B6

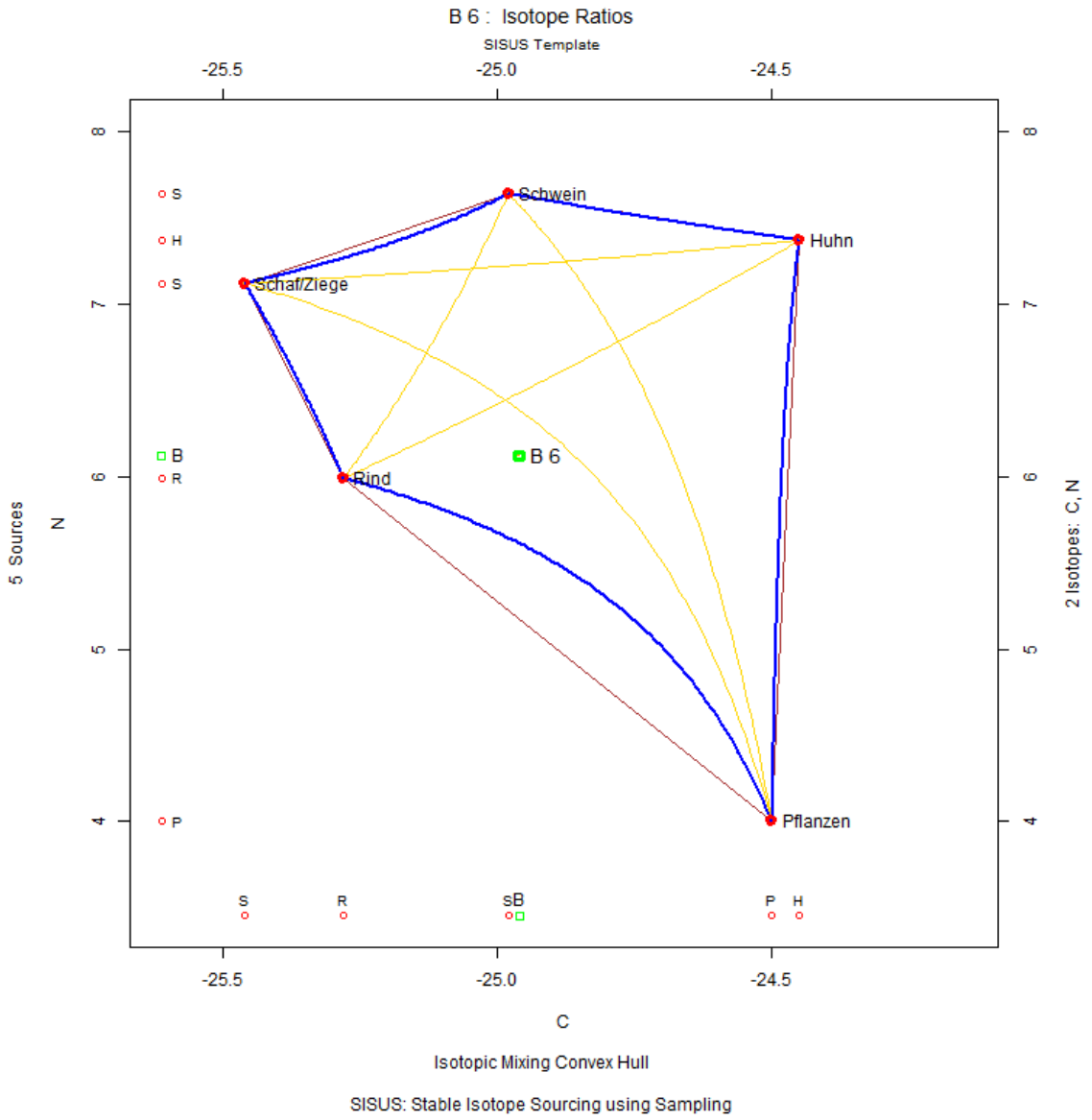


Abbildung 817: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 6. Erstellt mit SISUS.

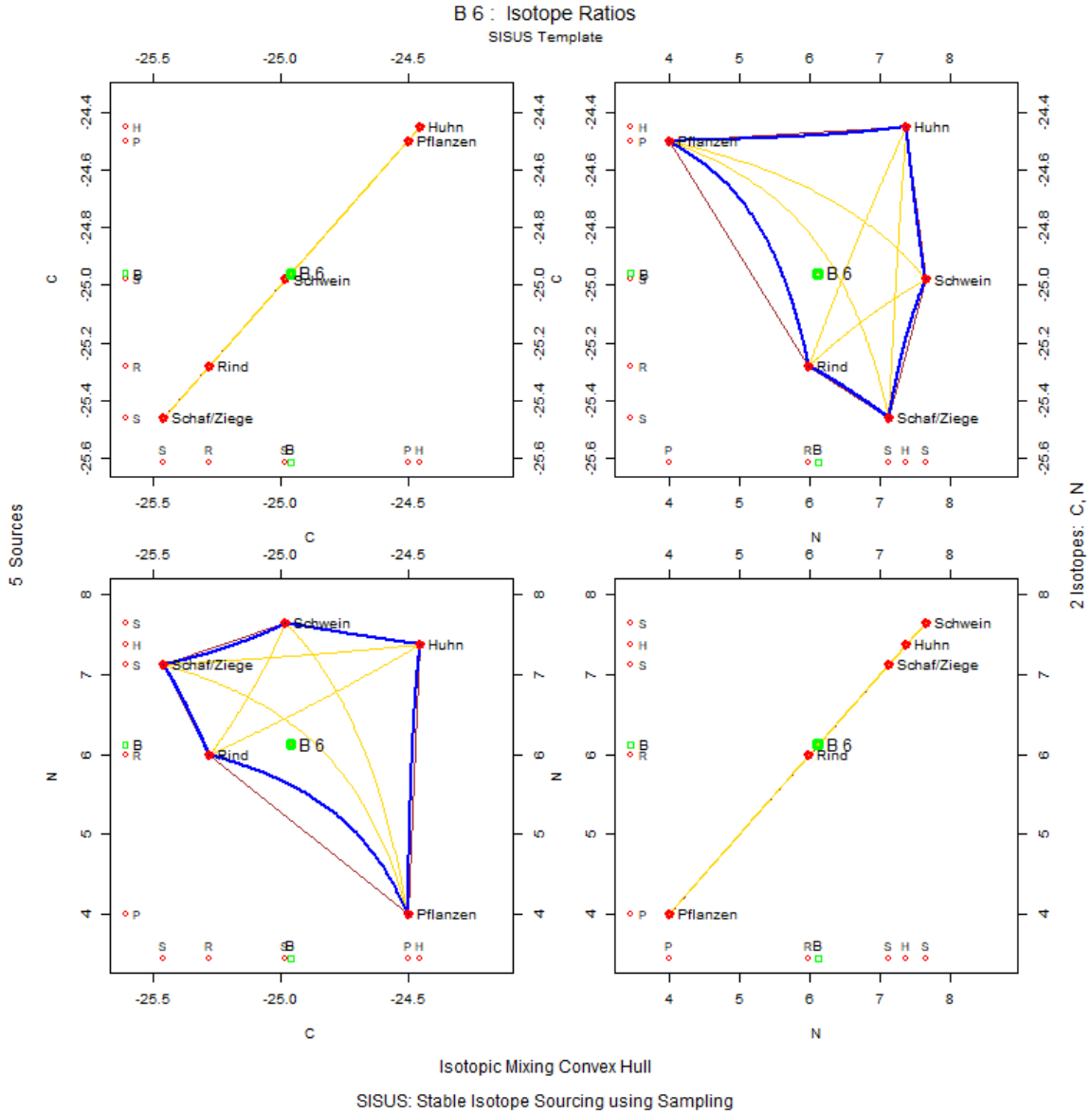


Abbildung 818: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 6 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

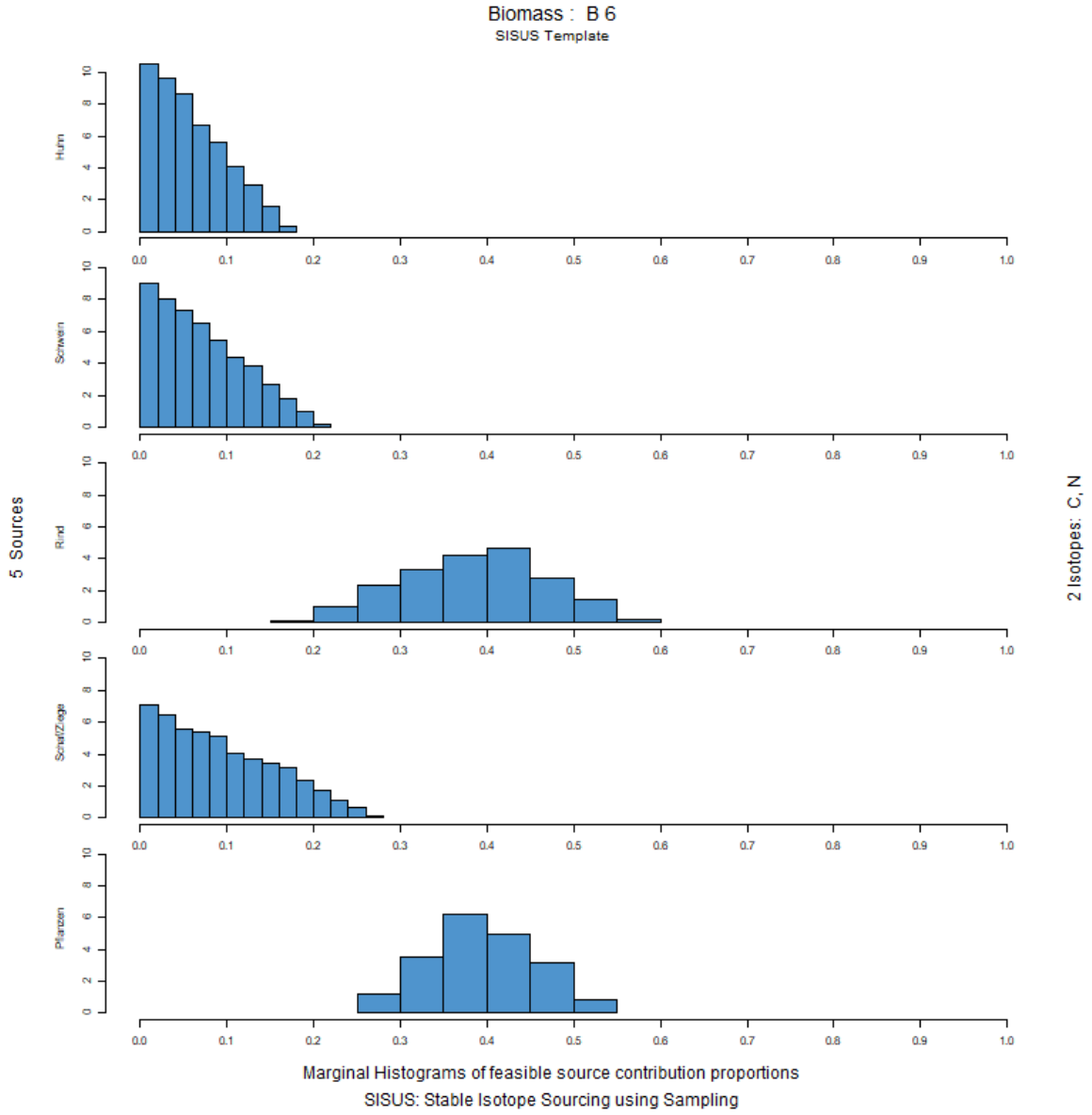


Abbildung 819: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 6. Erstellt mit SISUS.

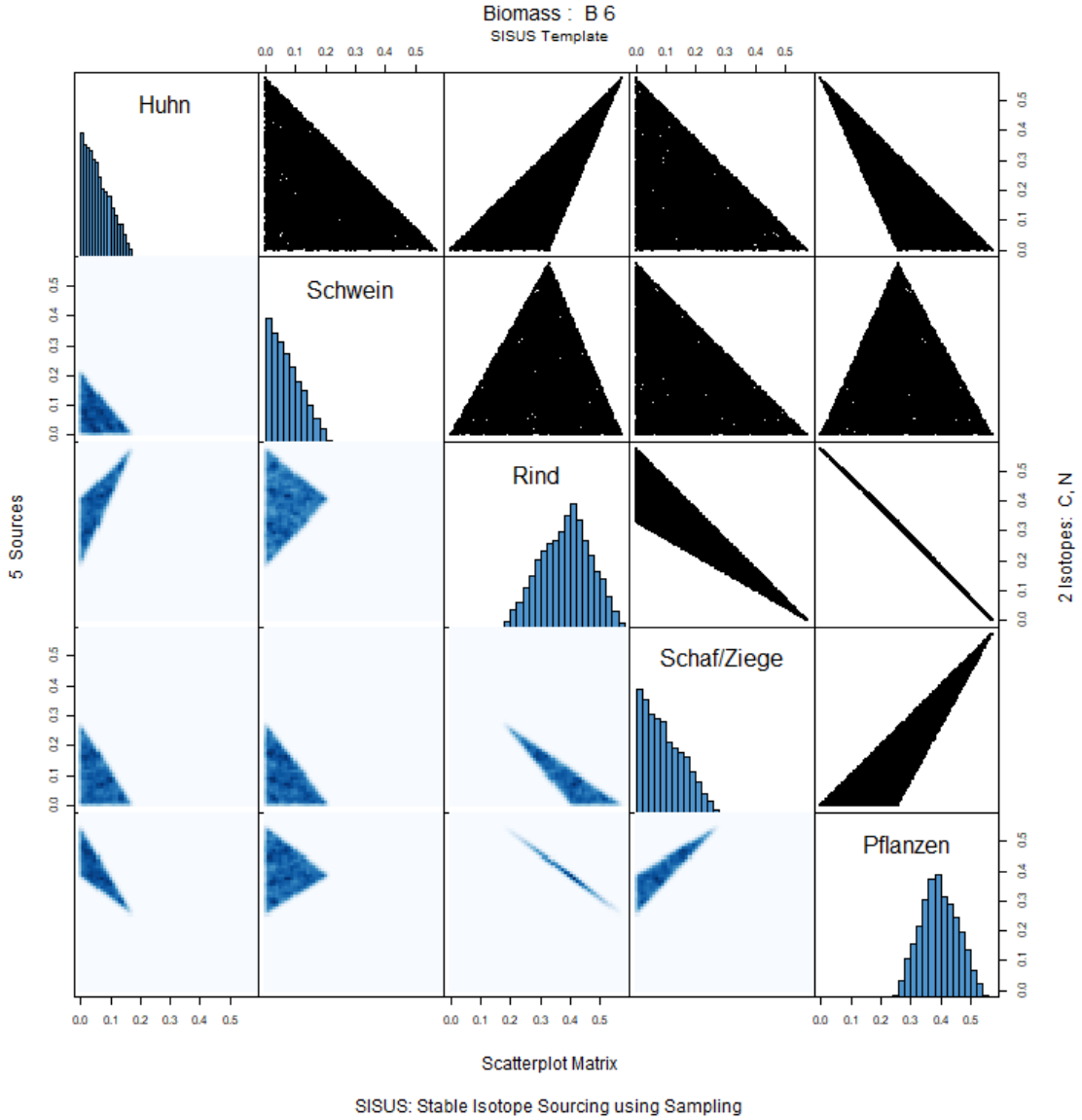


Abbildung 820: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 6. Erstellt mit SISUS.

B7

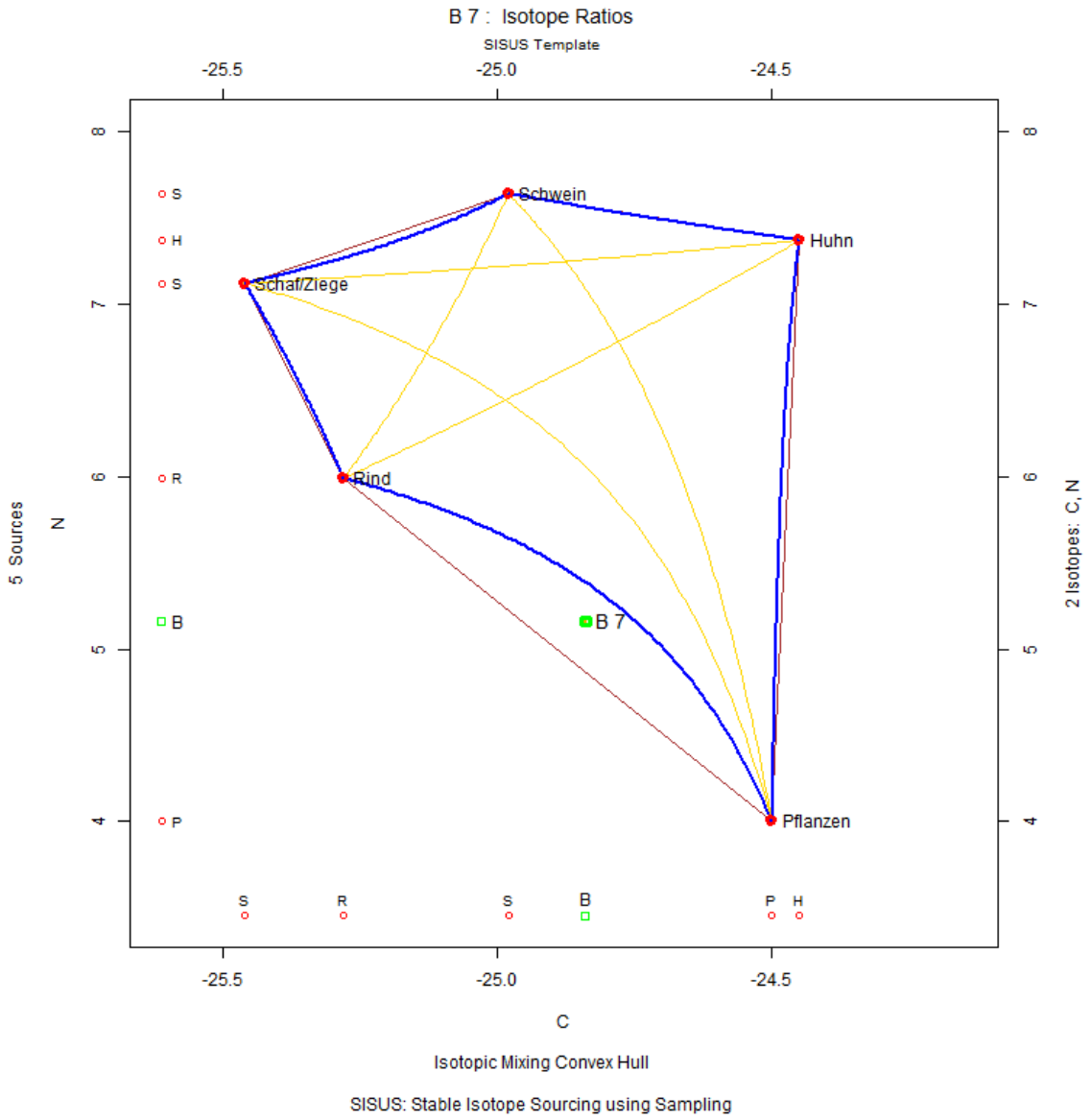


Abbildung 821: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 7. Erstellt mit SISUS.

B8

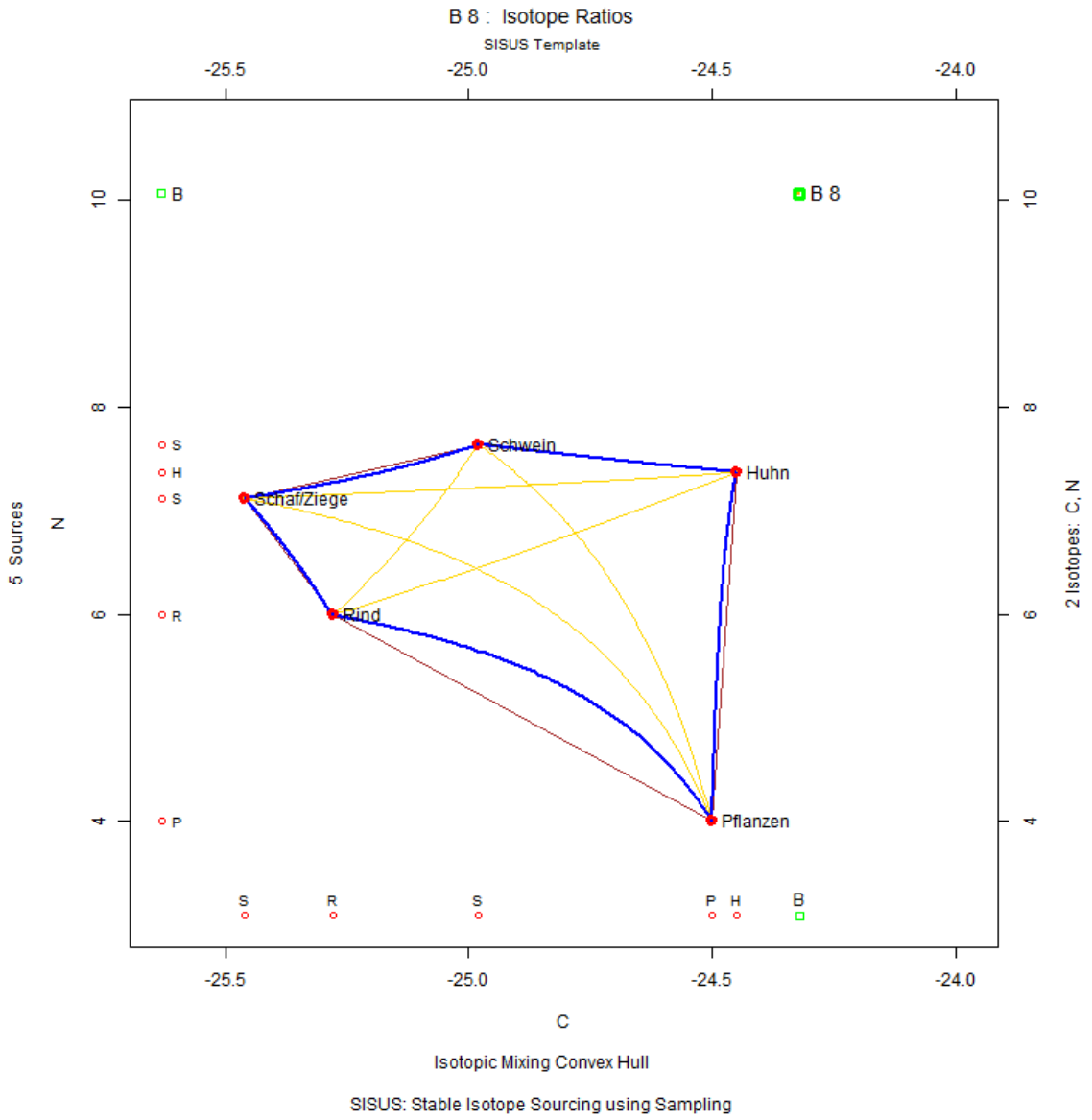


Abbildung 822: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 8. Erstellt mit SISUS.

B9

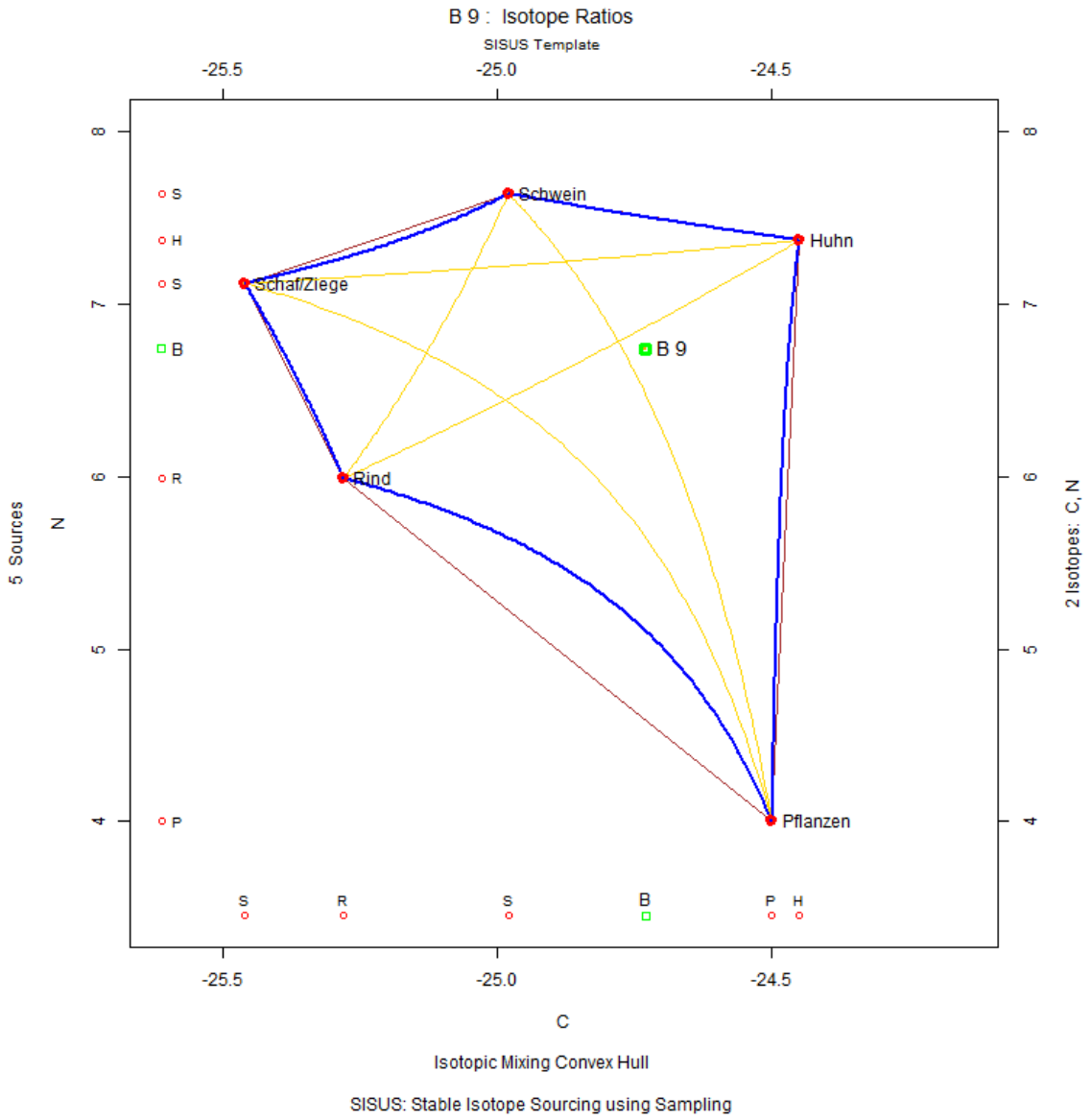


Abbildung 823: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit SISUS.

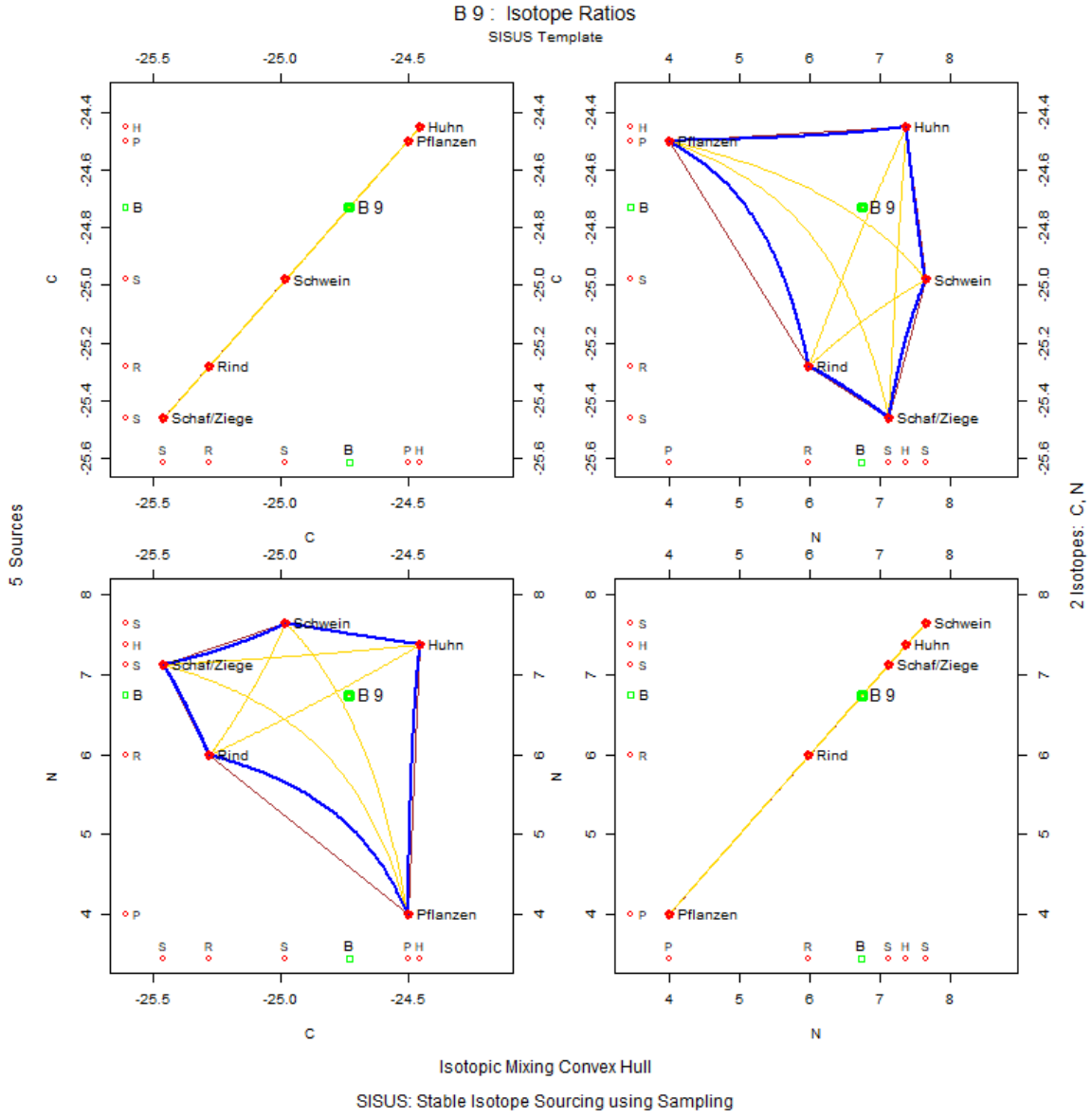


Abbildung 824: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 9 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

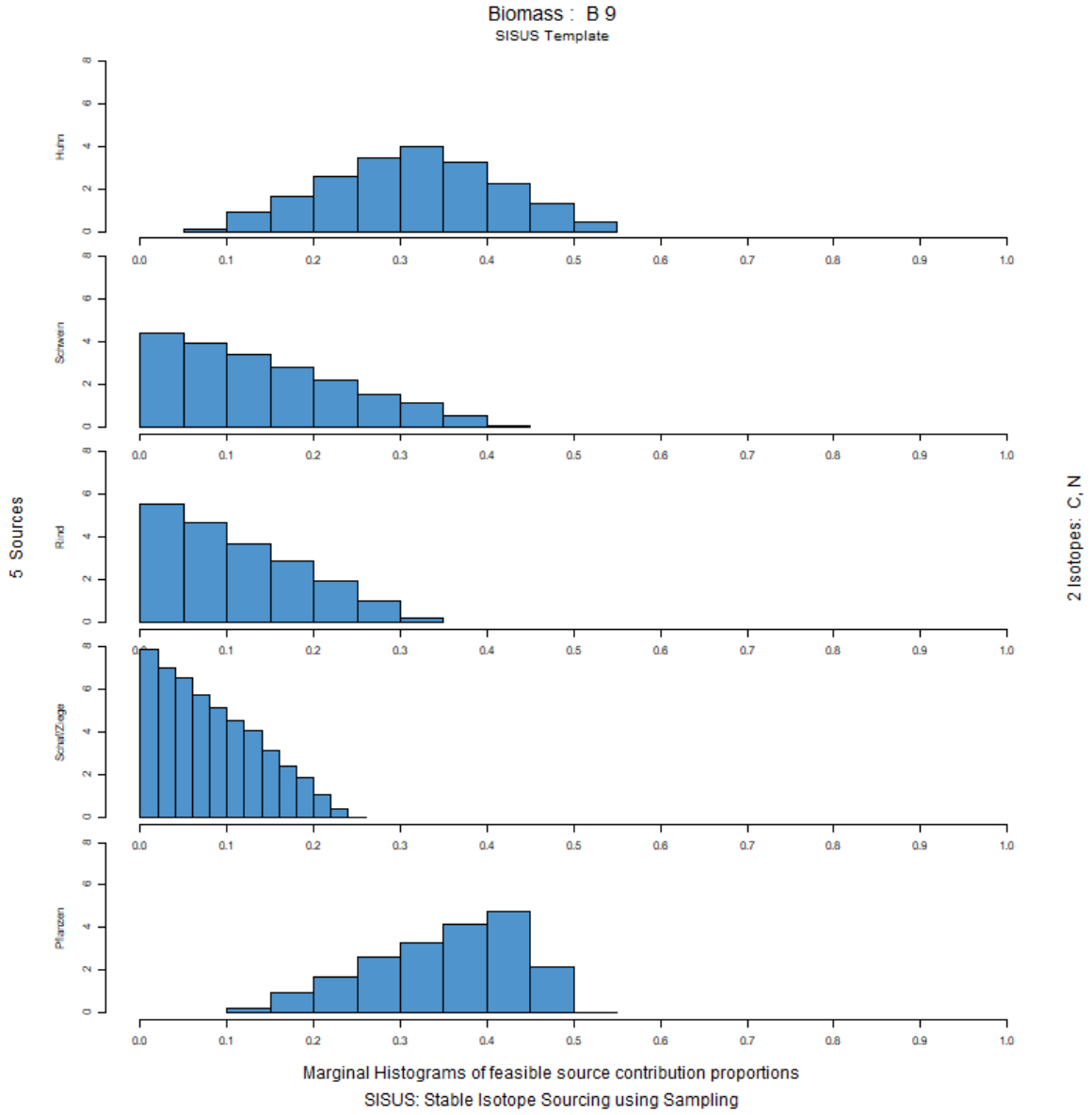


Abbildung 825: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit SISUS.

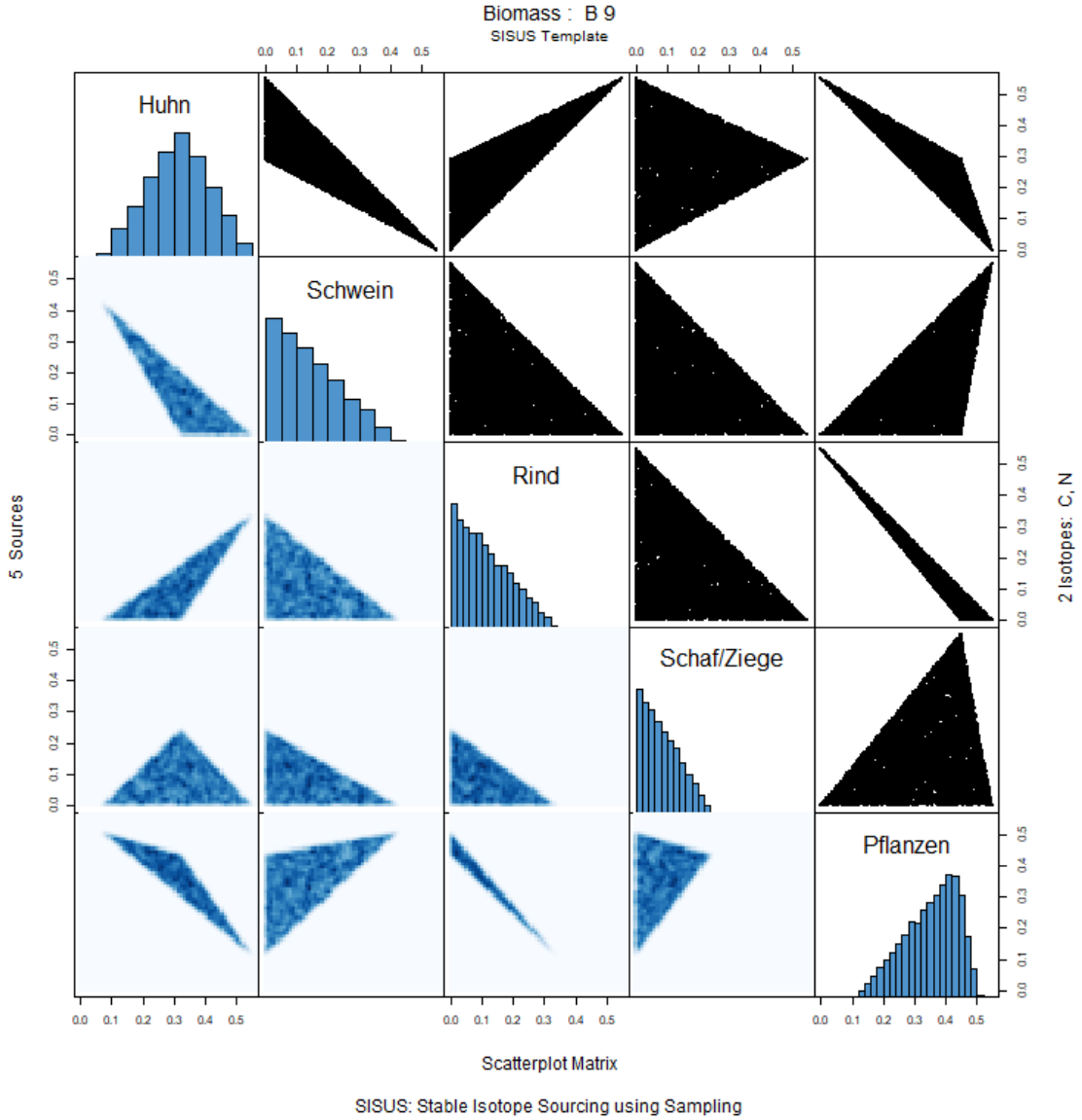


Abbildung 826: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 9. Erstellt mit SISUS.

B10

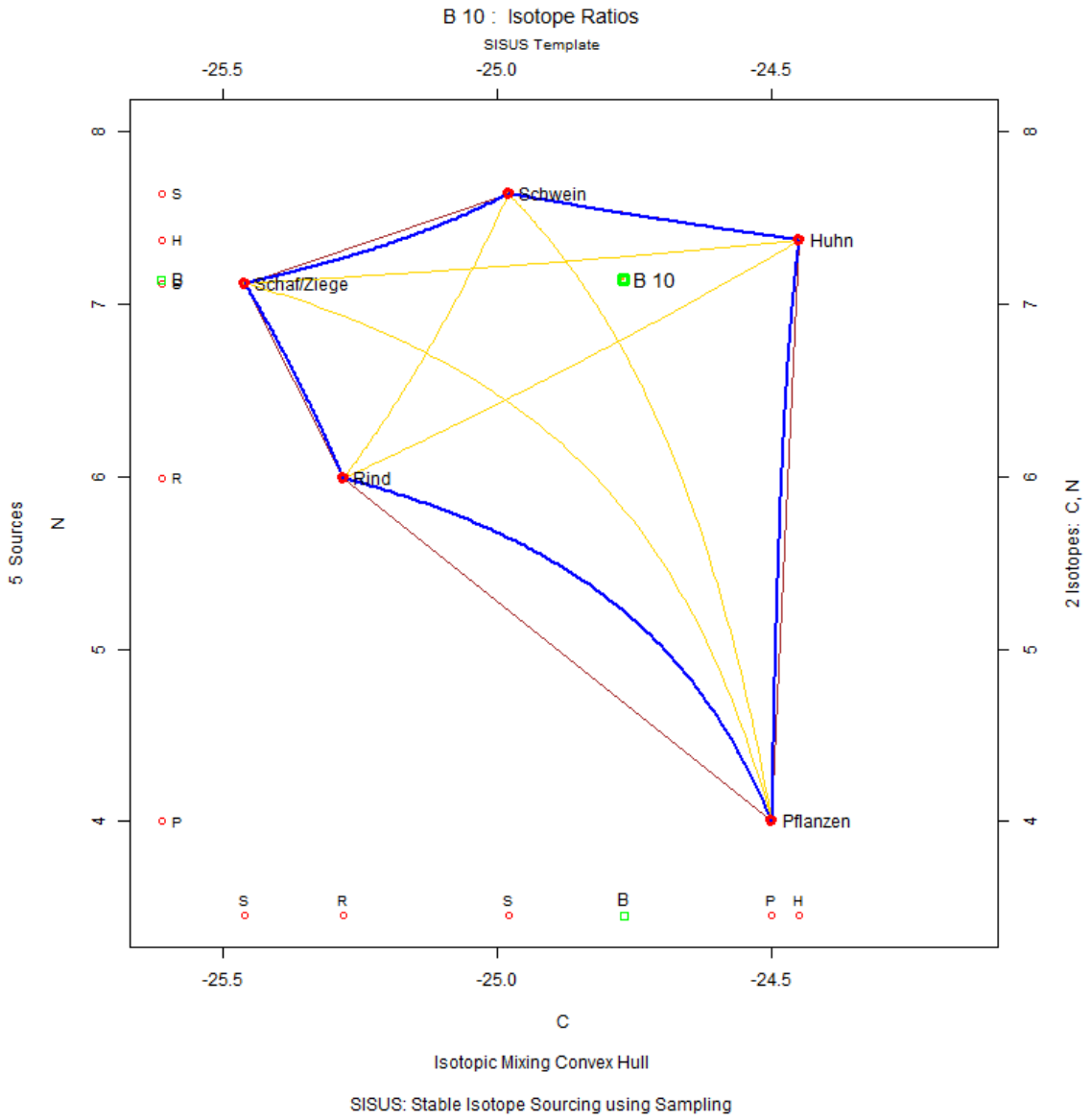


Abbildung 827: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 10. Erstellt mit SISUS.

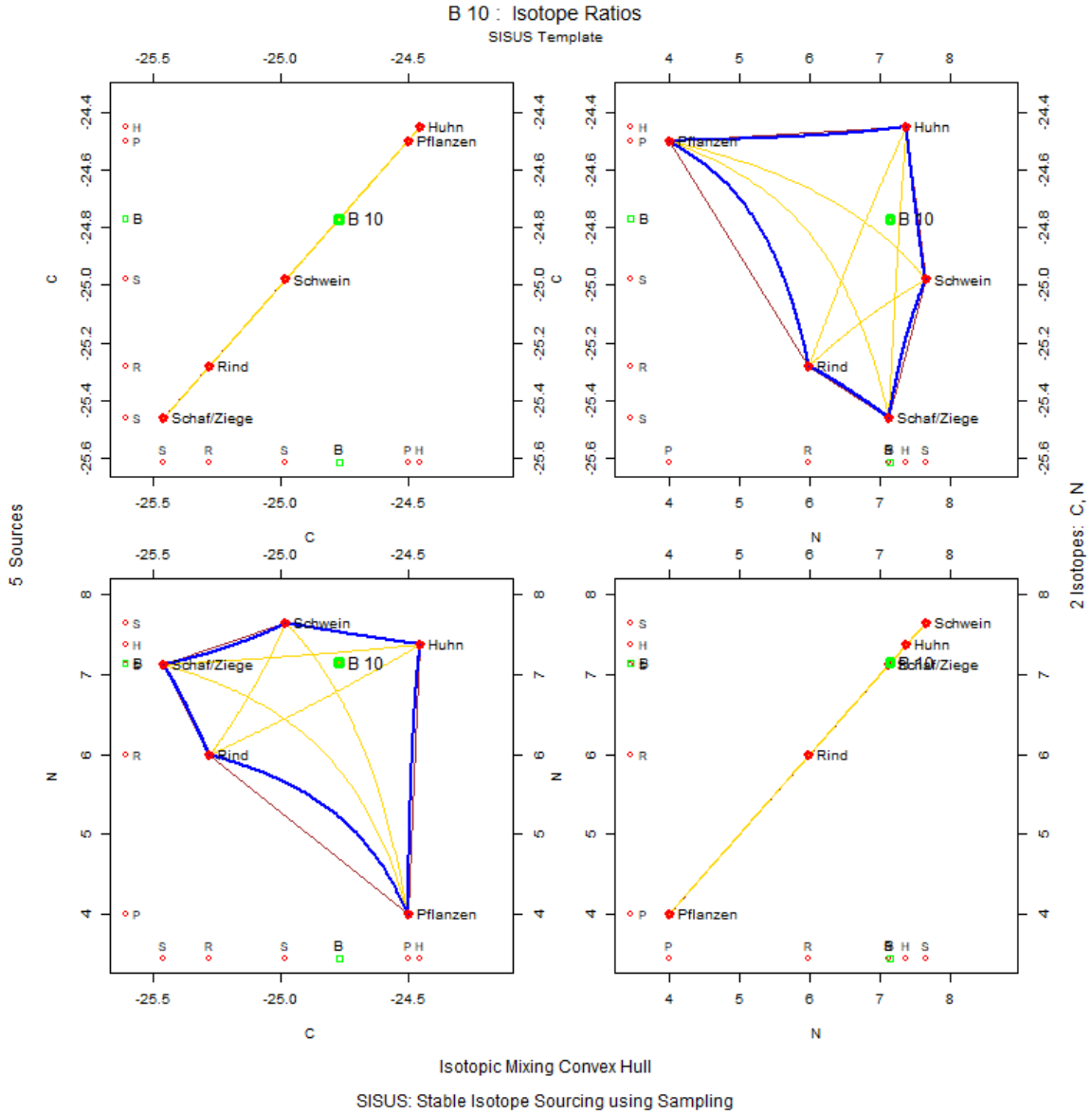


Abbildung 828: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 10 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

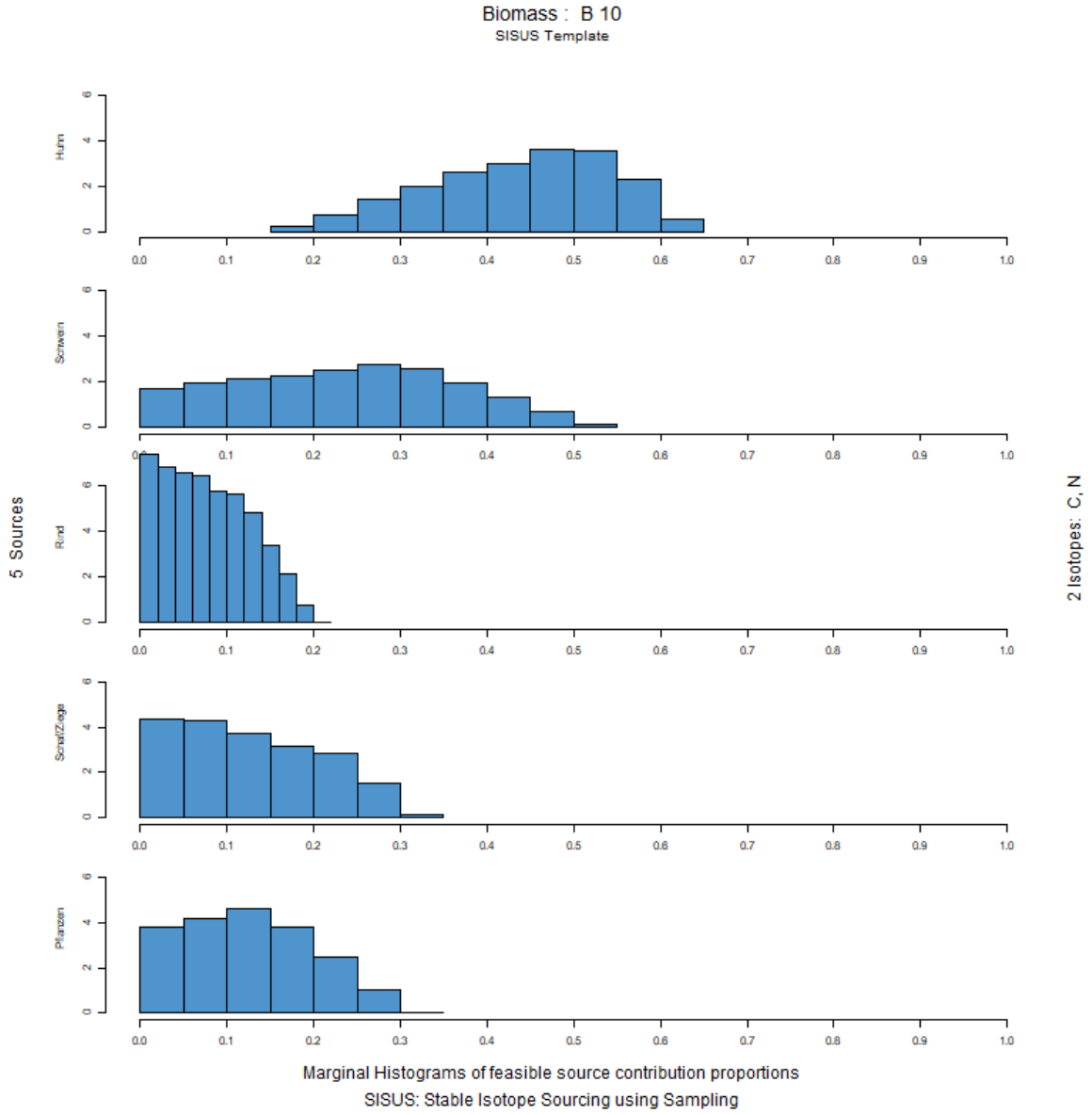


Abbildung 829: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 10. Erstellt mit SISUS.

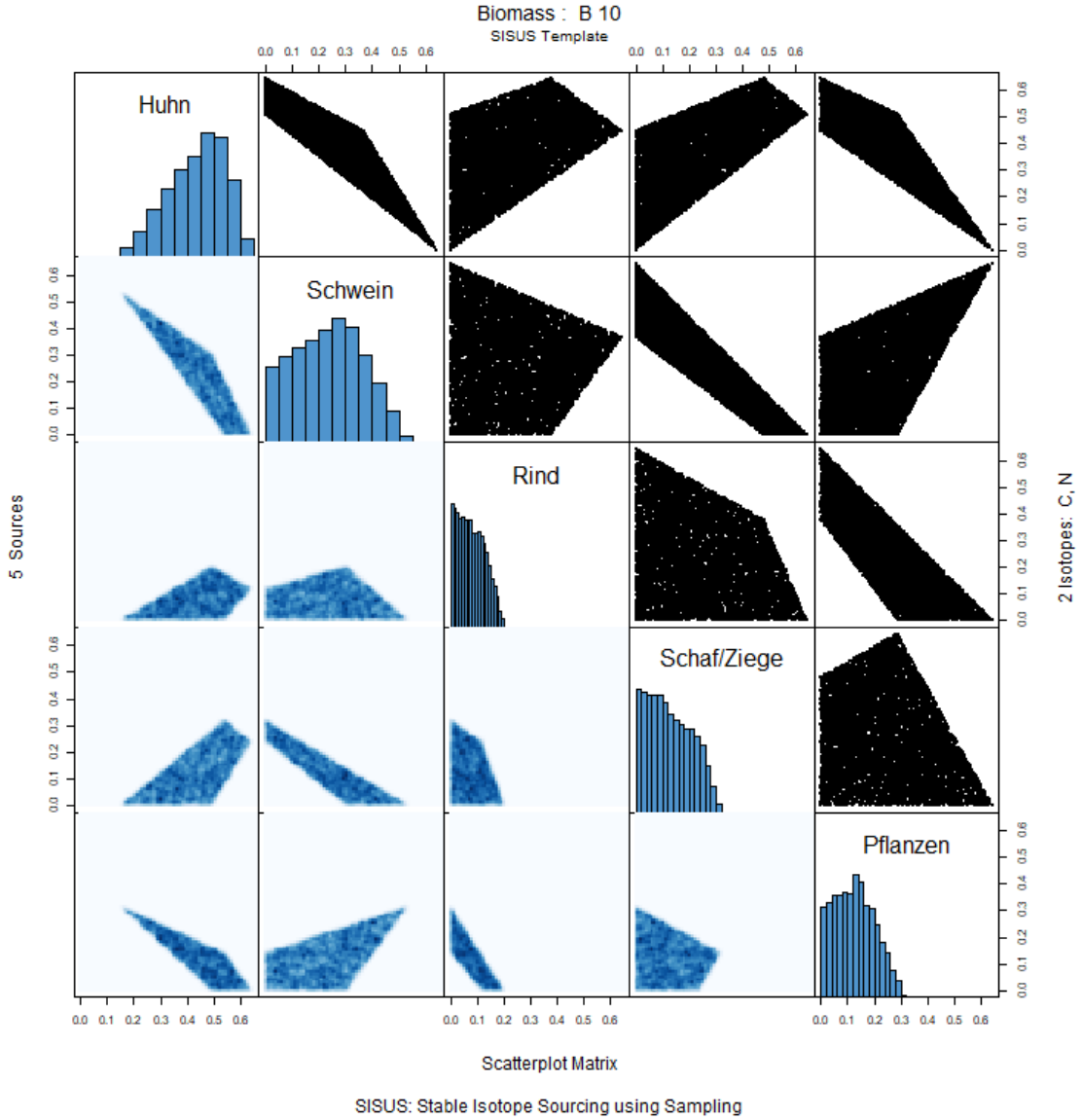


Abbildung 830: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 10. Erstellt mit SISUS.

B11

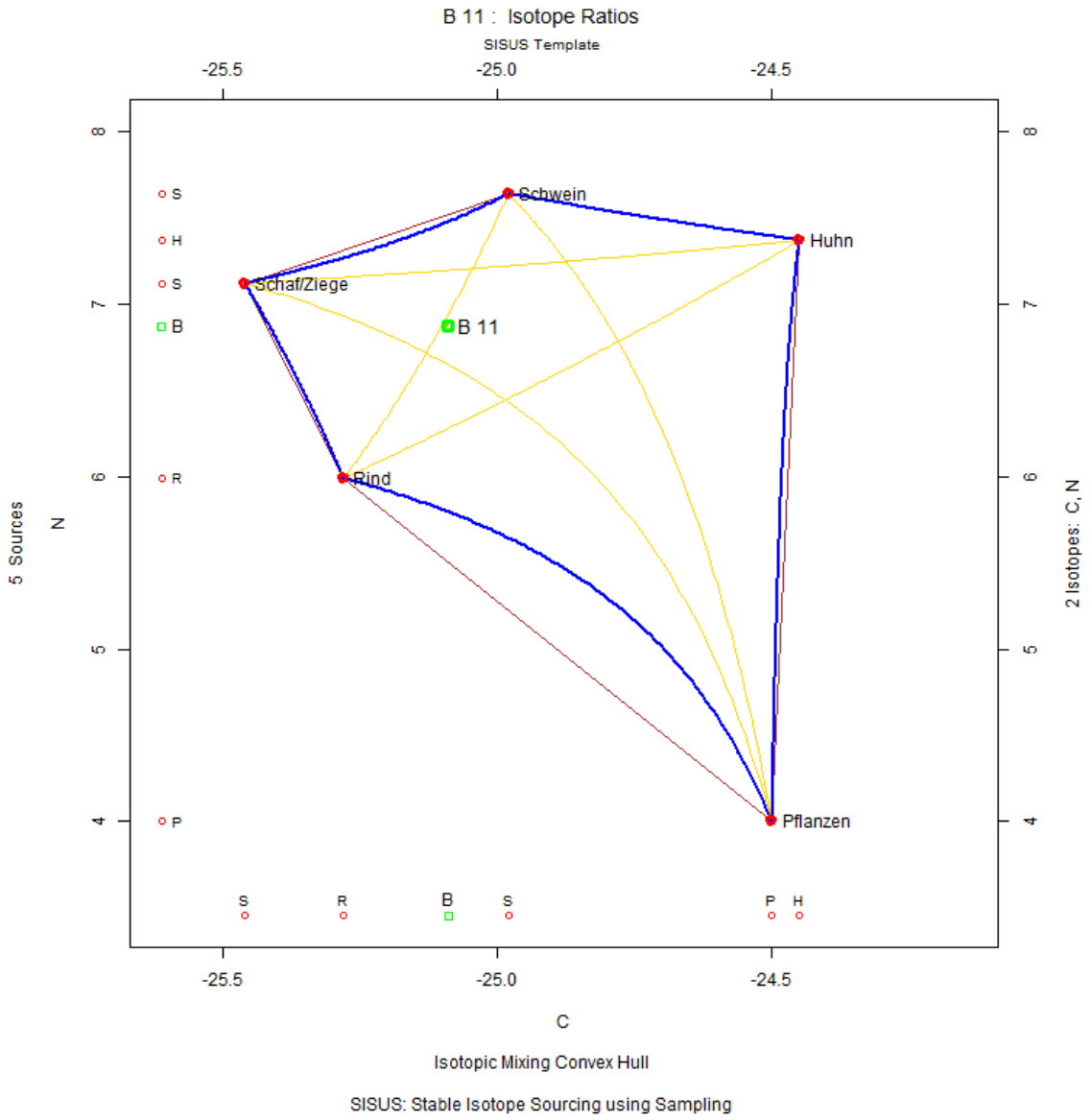


Abbildung 831: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 11. Erstellt mit SISUS.

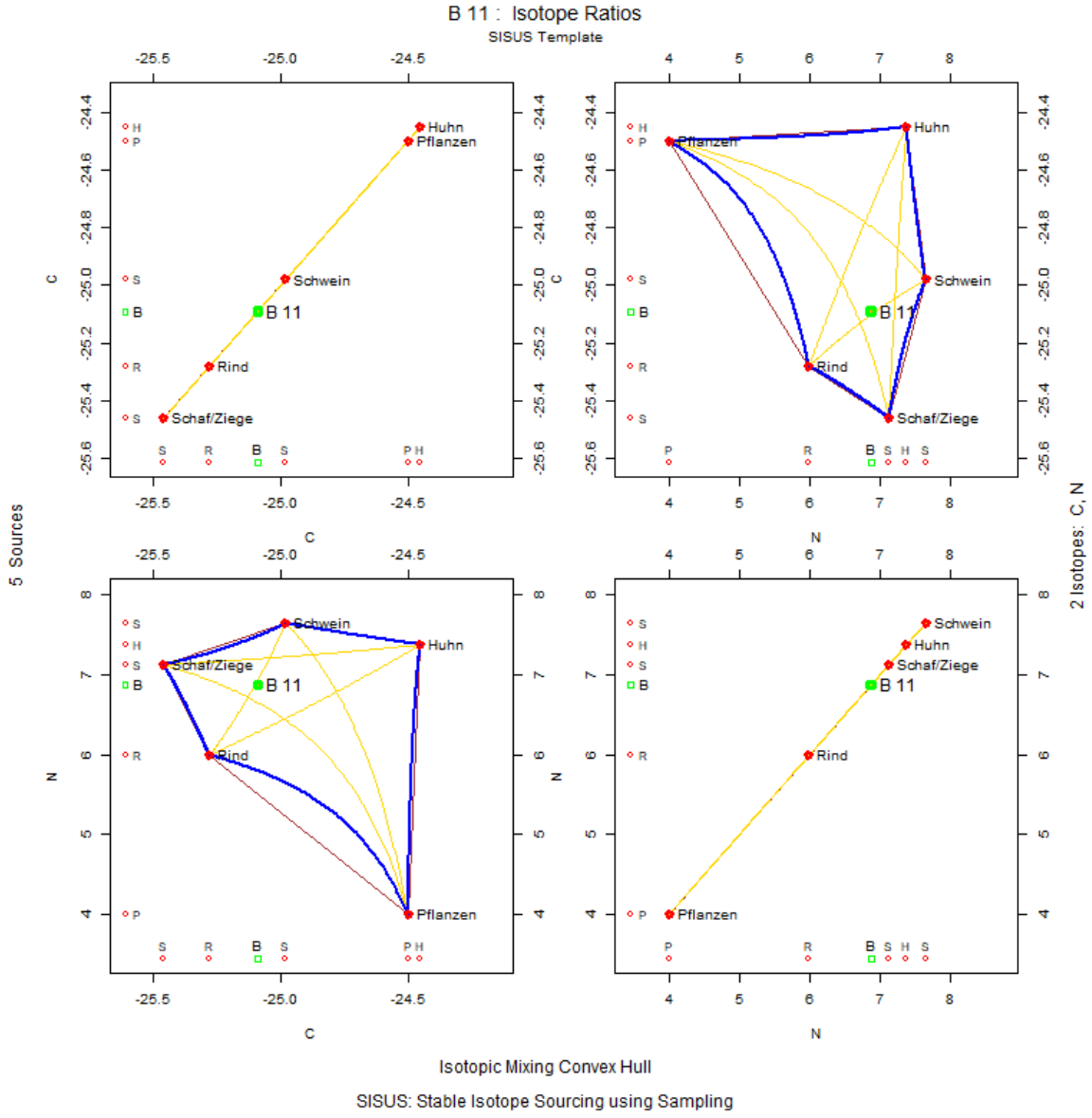


Abbildung 832: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 11 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

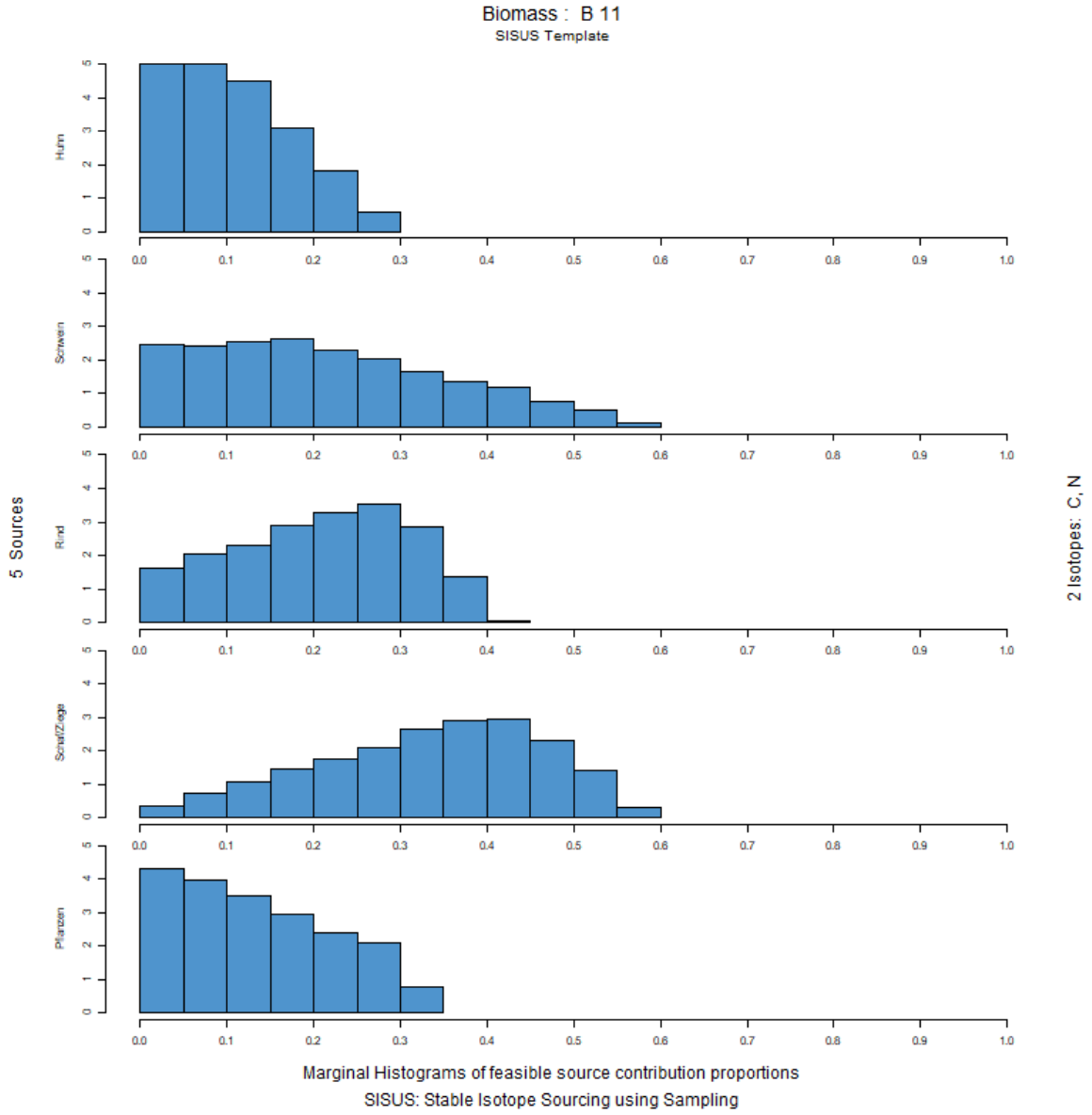


Abbildung 833: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 11. Erstellt mit SISUS.

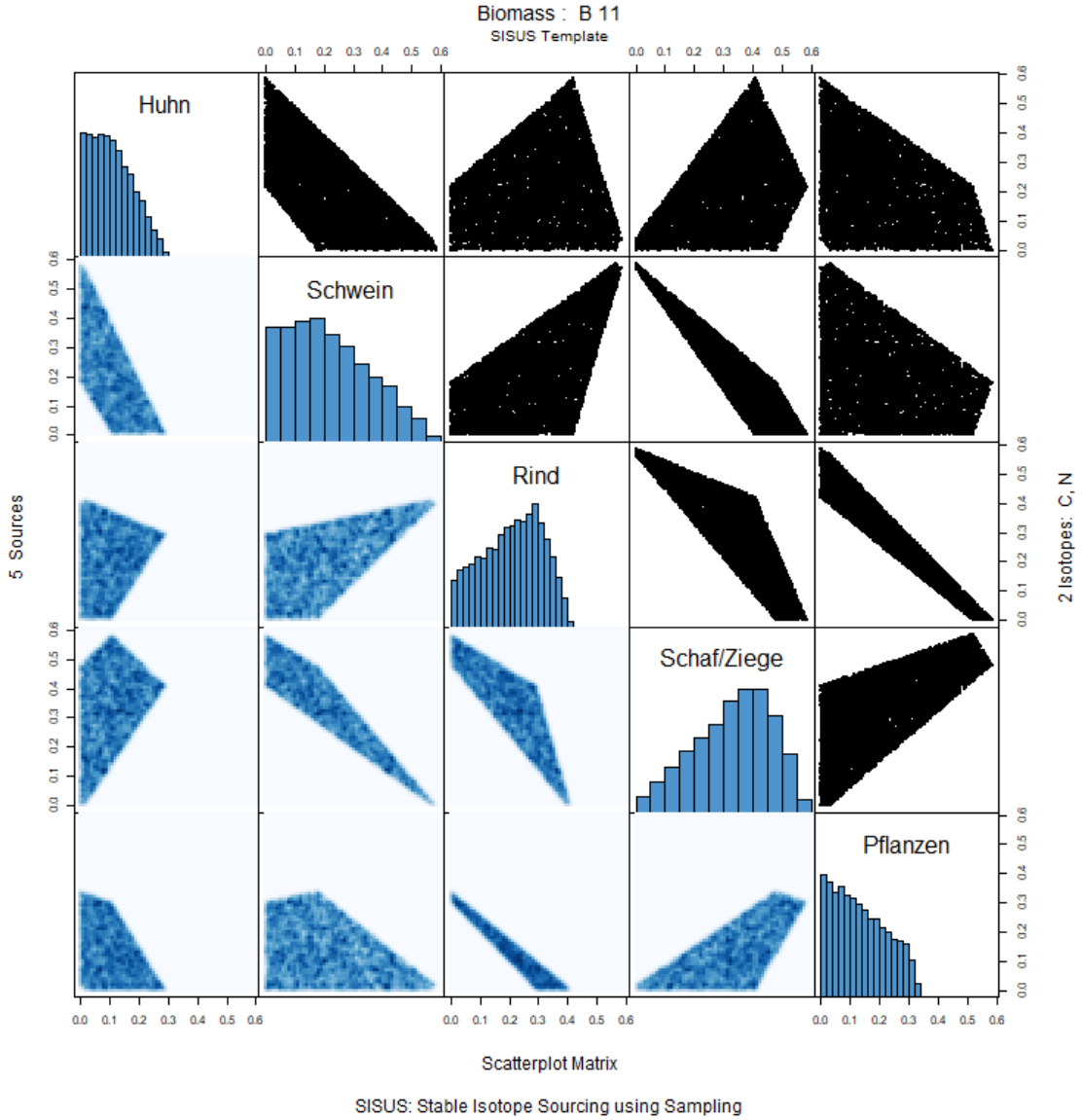


Abbildung 834: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 11. Erstellt mit SISUS.

B12

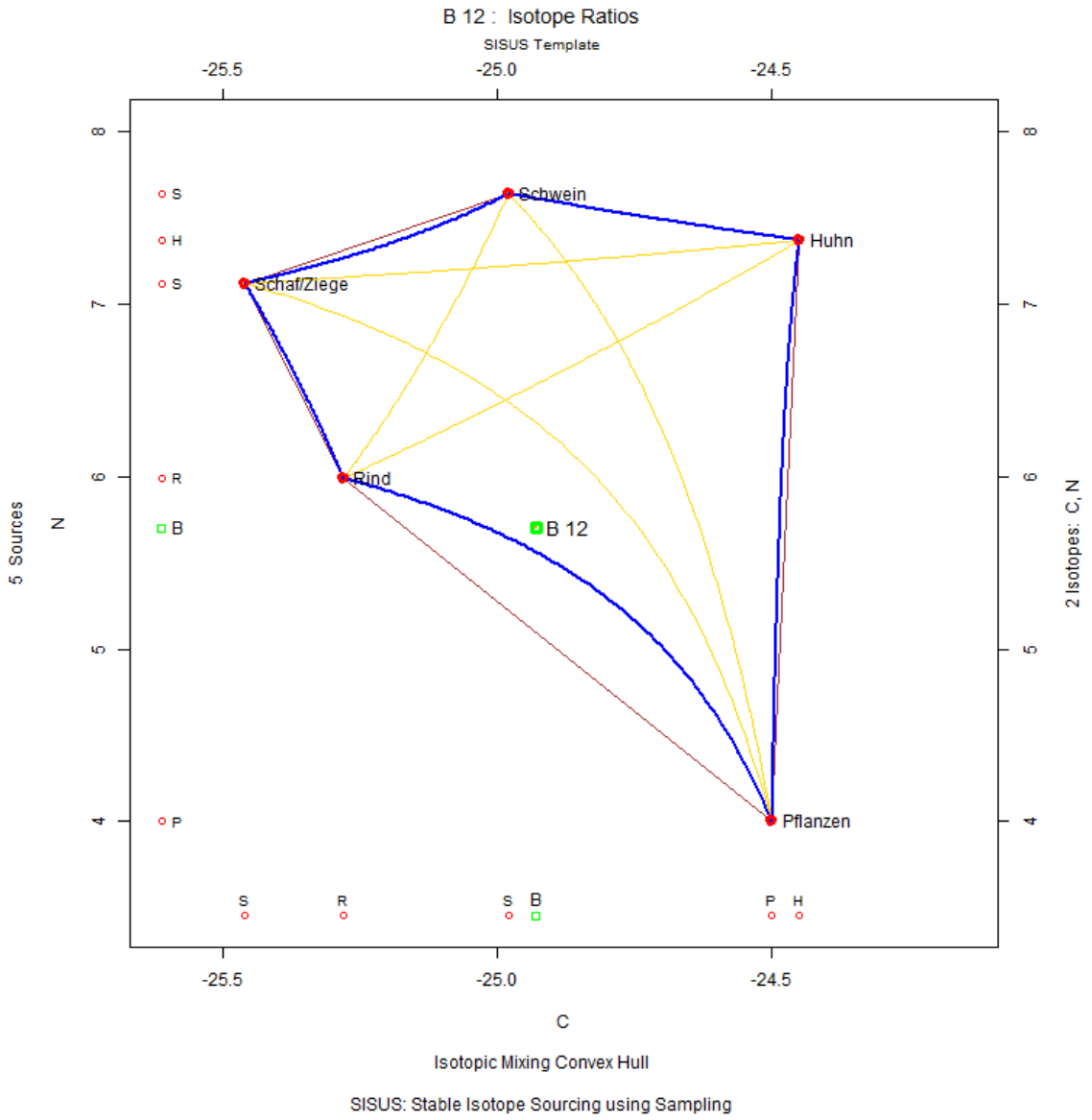


Abbildung 835: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 12. Erstellt mit SISUS.

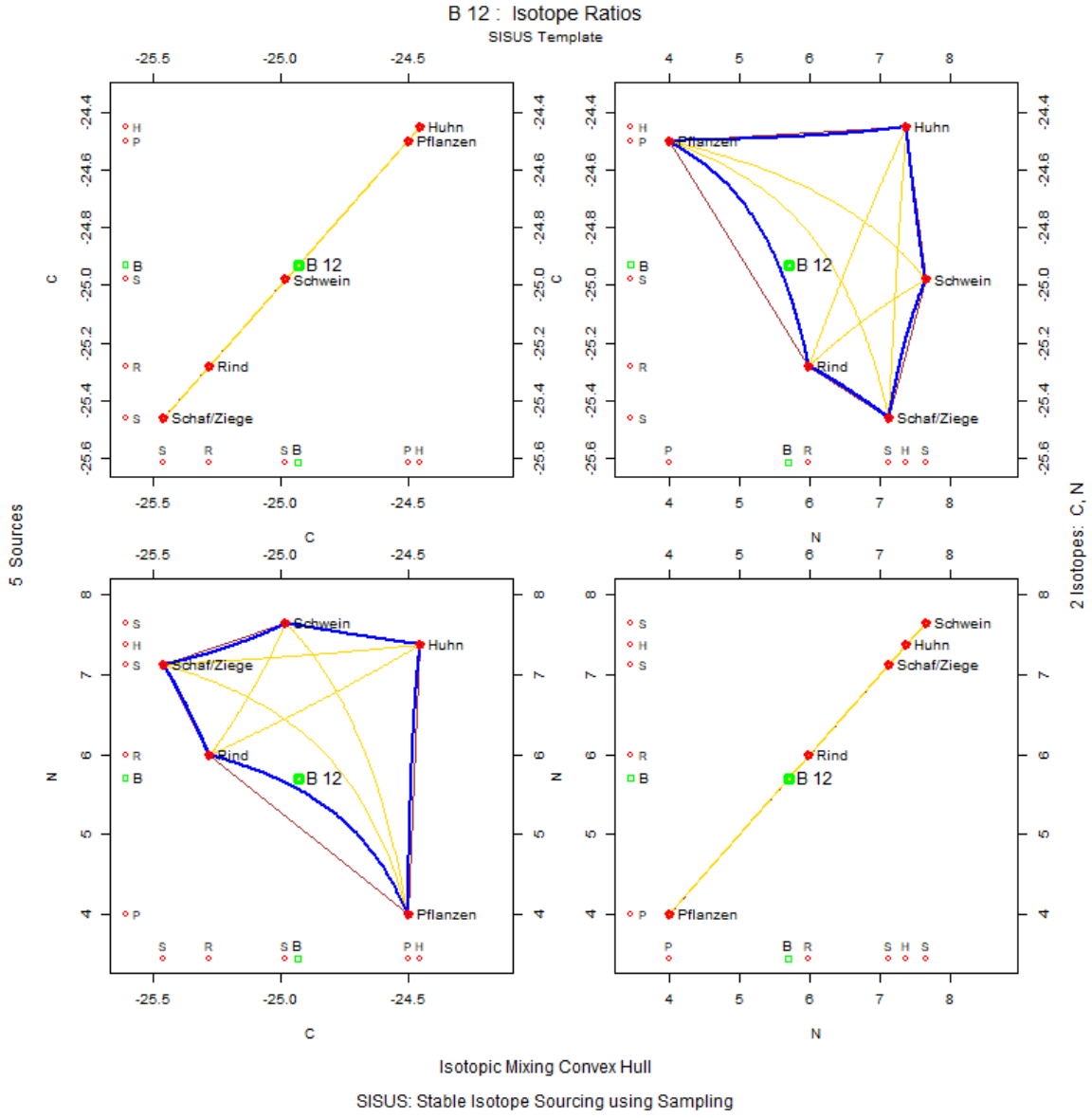


Abbildung 836: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 12 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

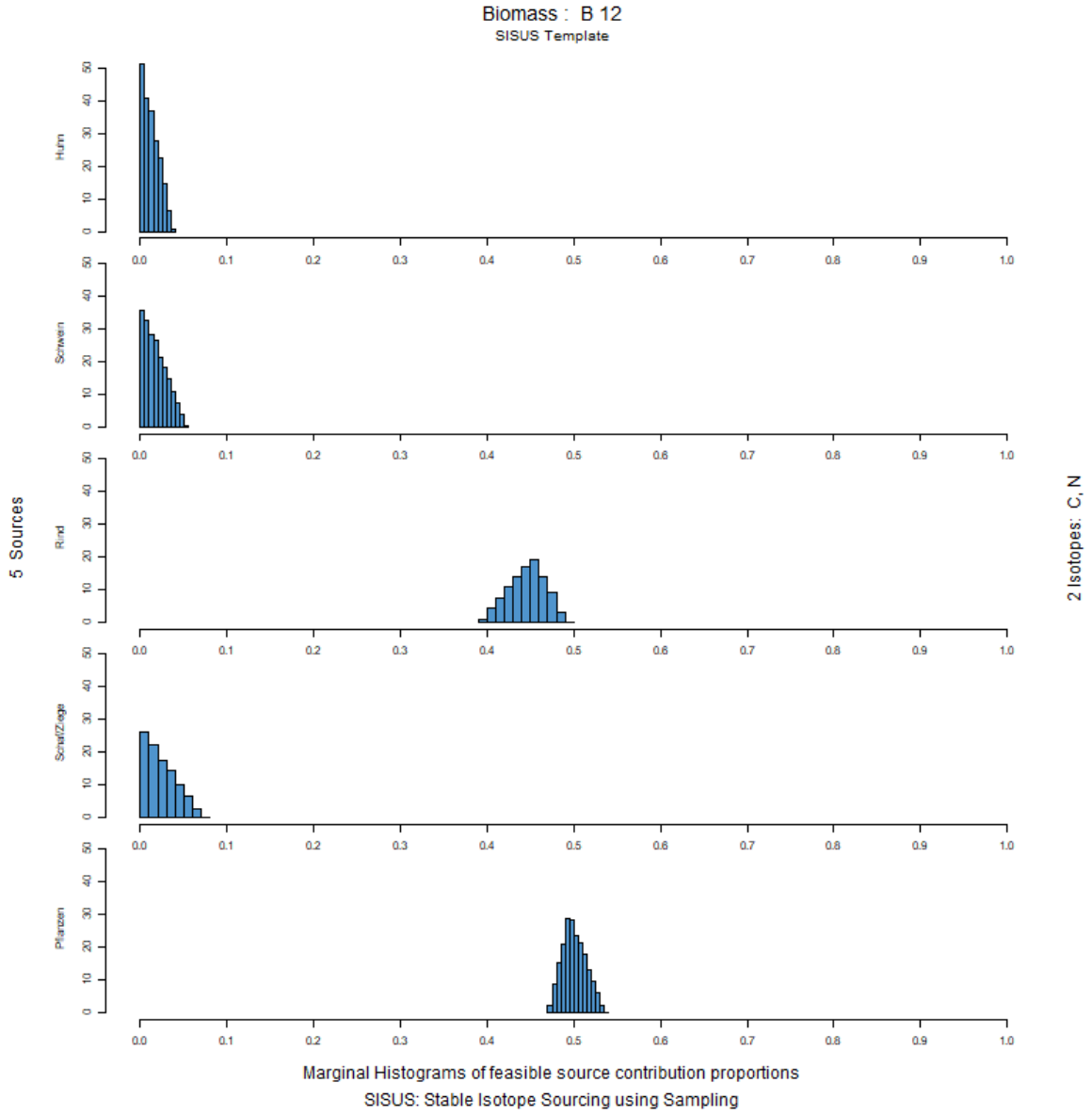


Abbildung 837: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 12. Erstellt mit SISUS.

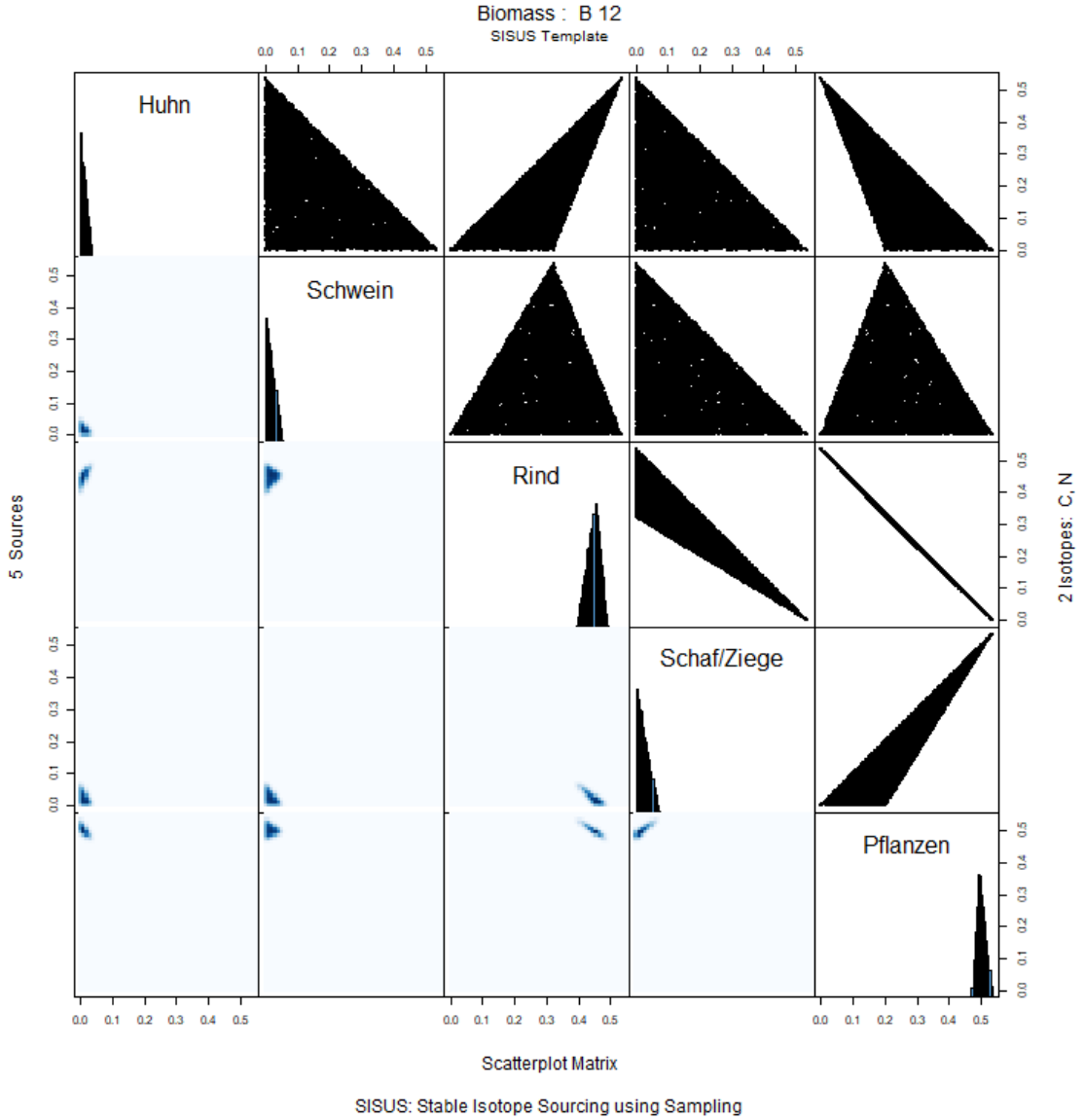


Abbildung 838: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 12. Erstellt mit SISUS.

B13

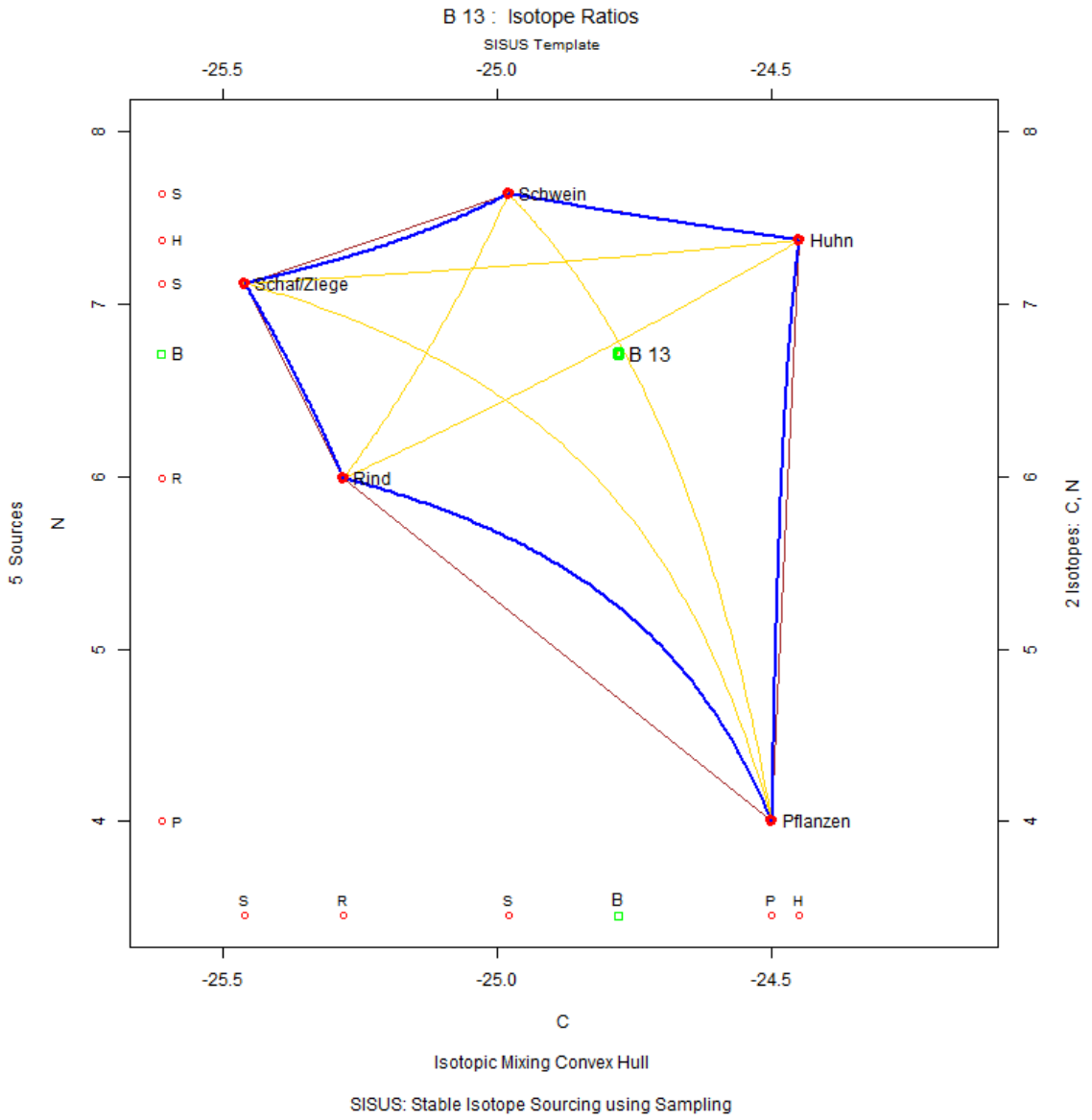


Abbildung 839: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 13. Erstellt mit SISUS.

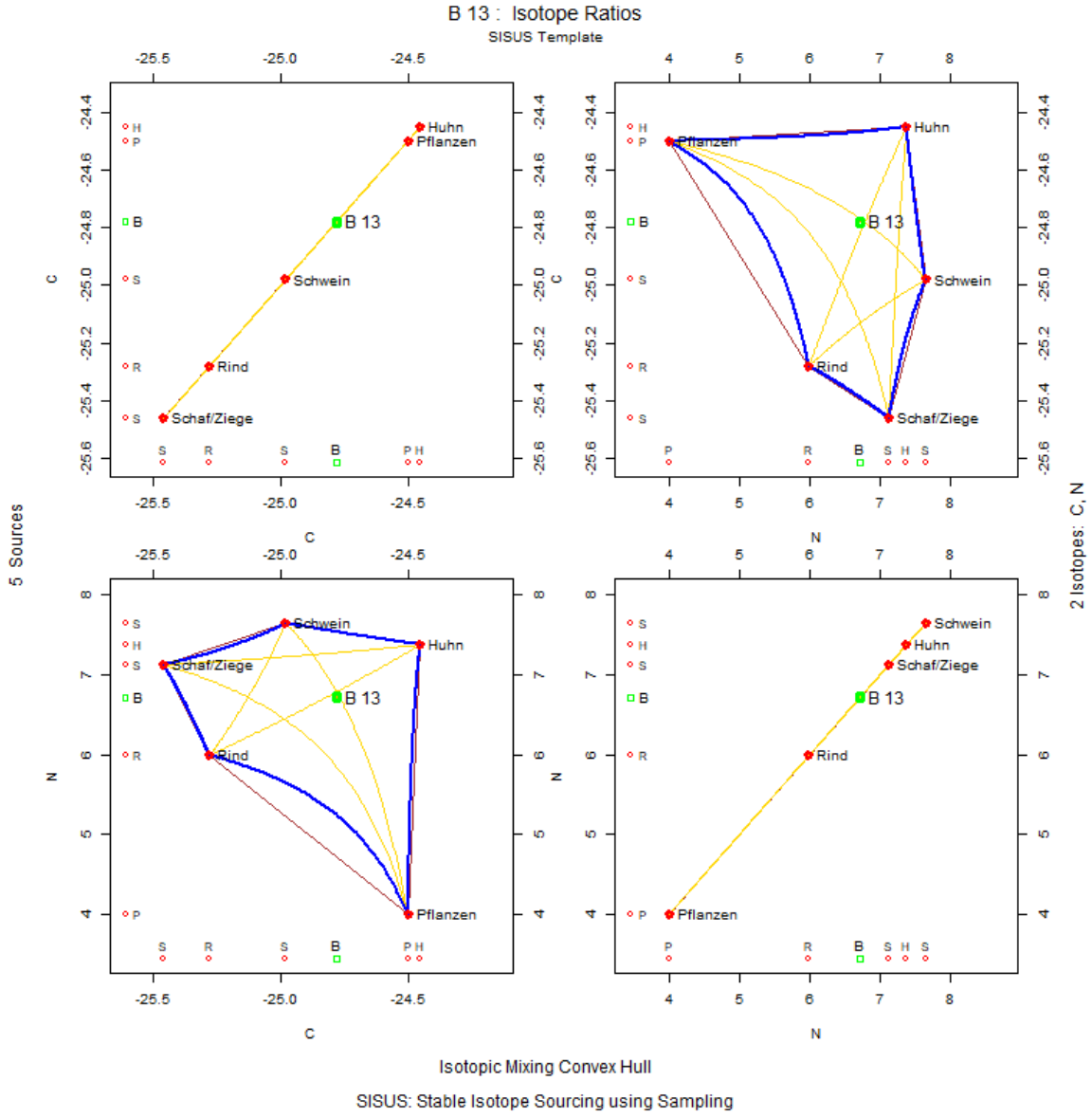


Abbildung 840: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 13 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

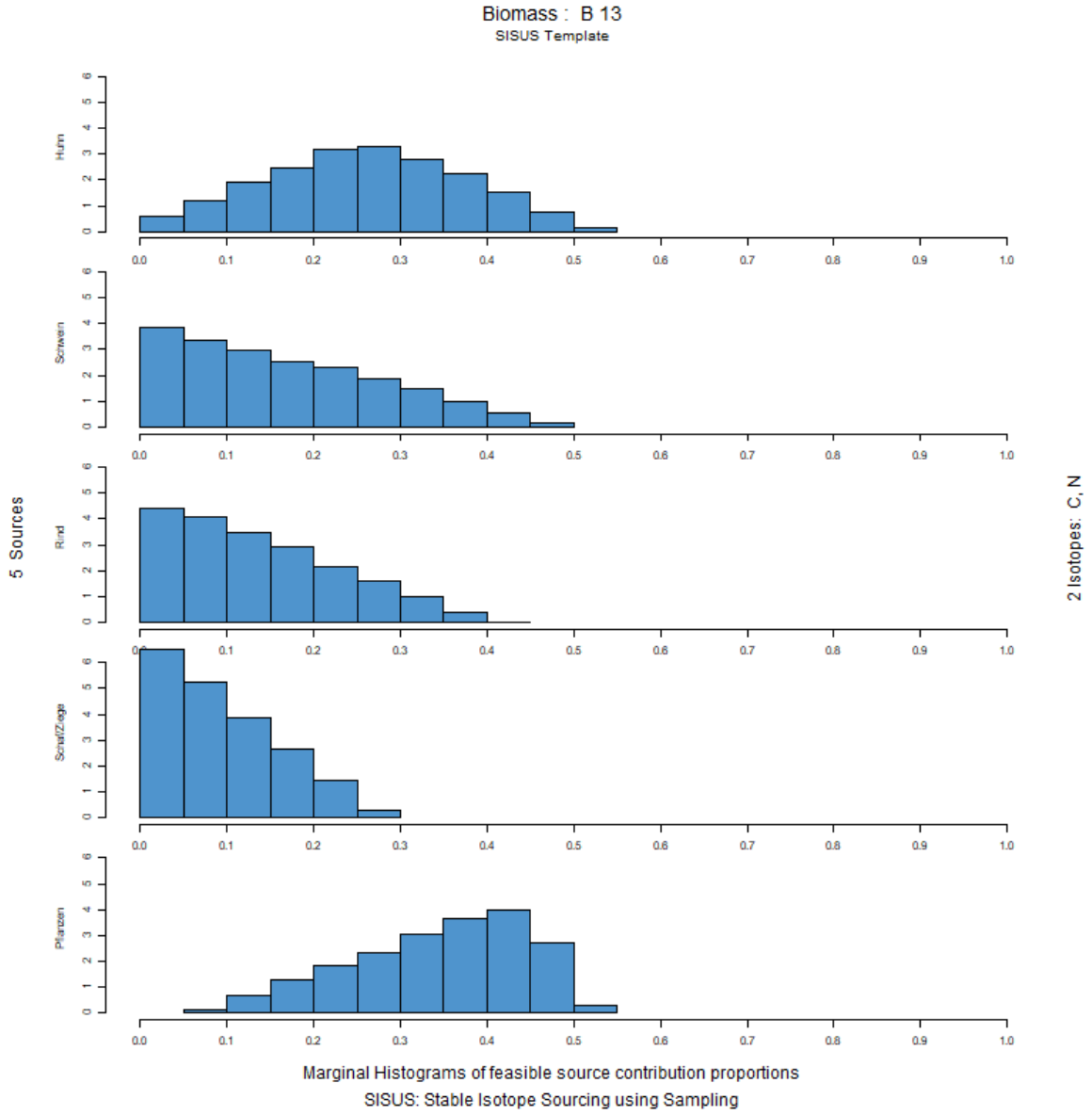


Abbildung 841: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 13. Erstellt mit SISUS.

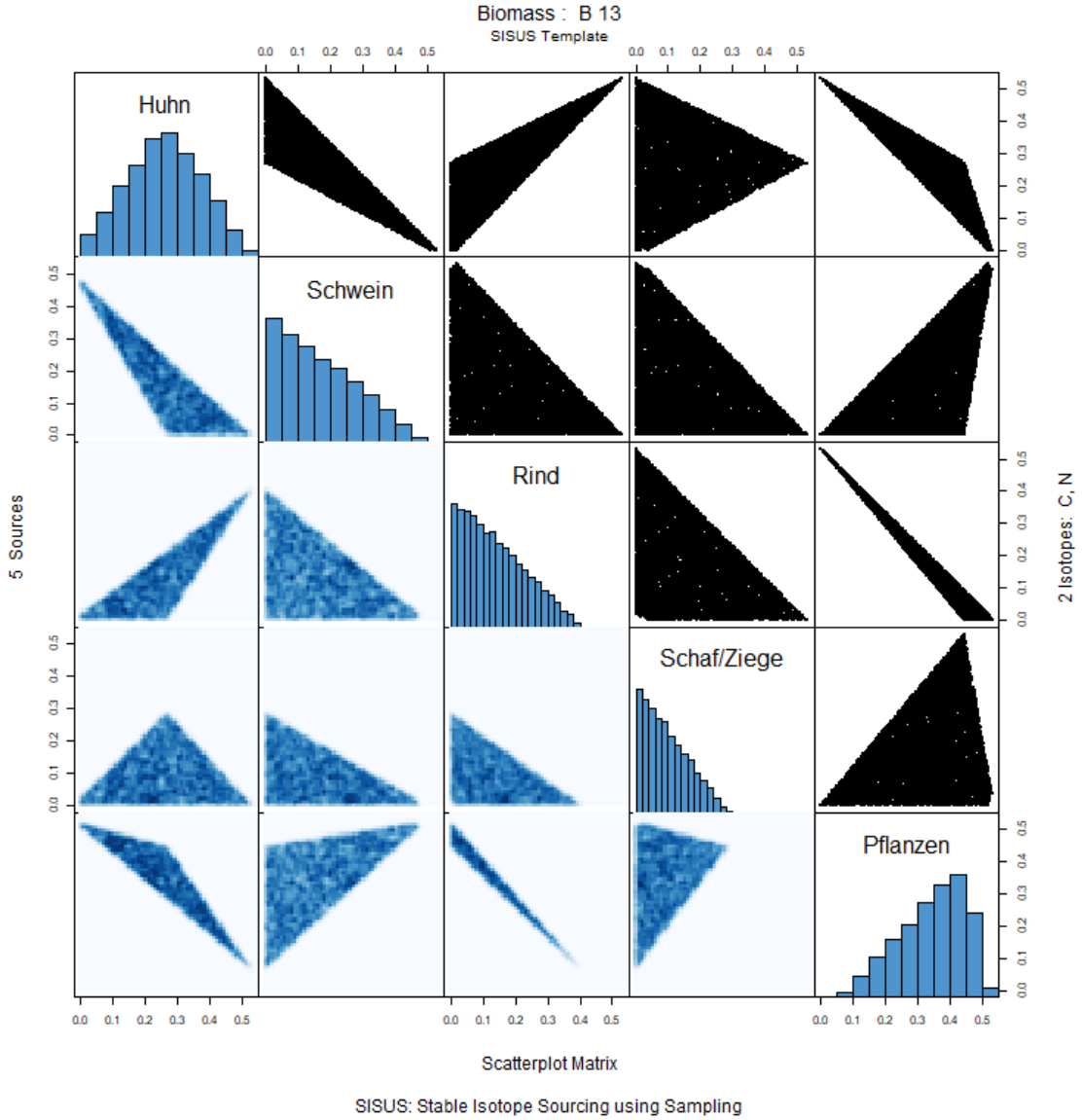


Abbildung 842: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 13. Erstellt mit SISUS.

B14

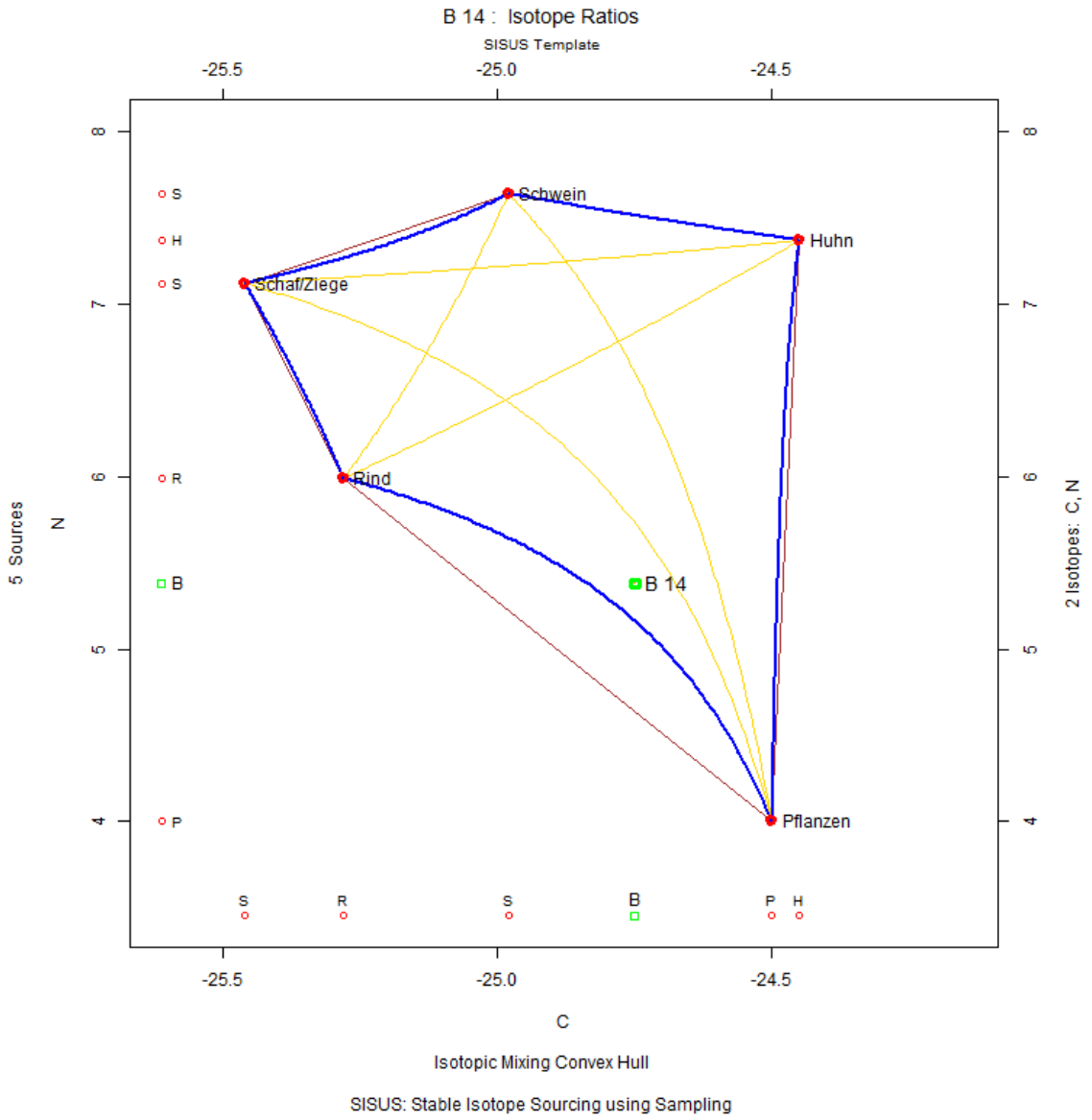


Abbildung 843: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 14. Erstellt mit SISUS.

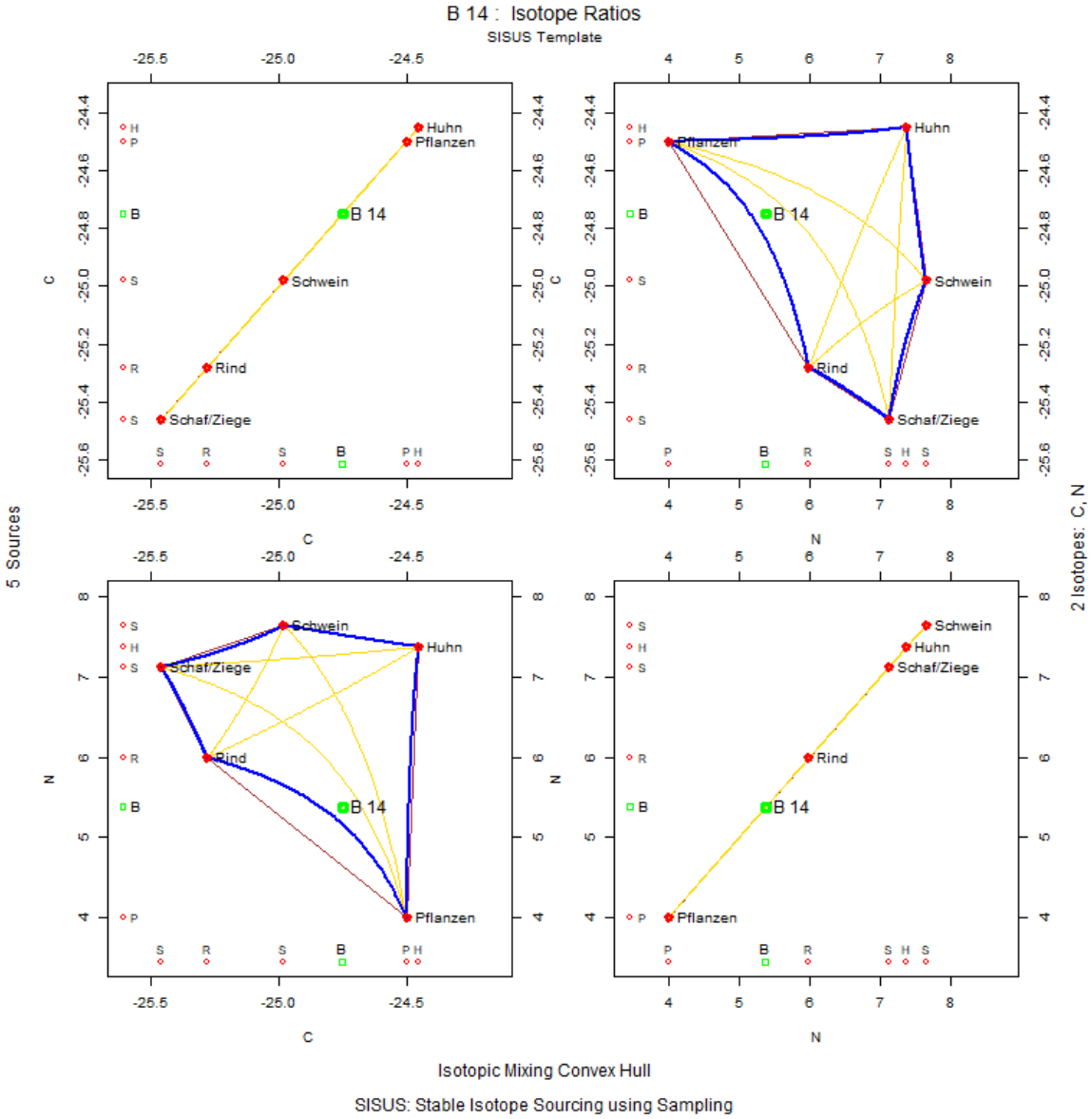


Abbildung 844: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 14 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

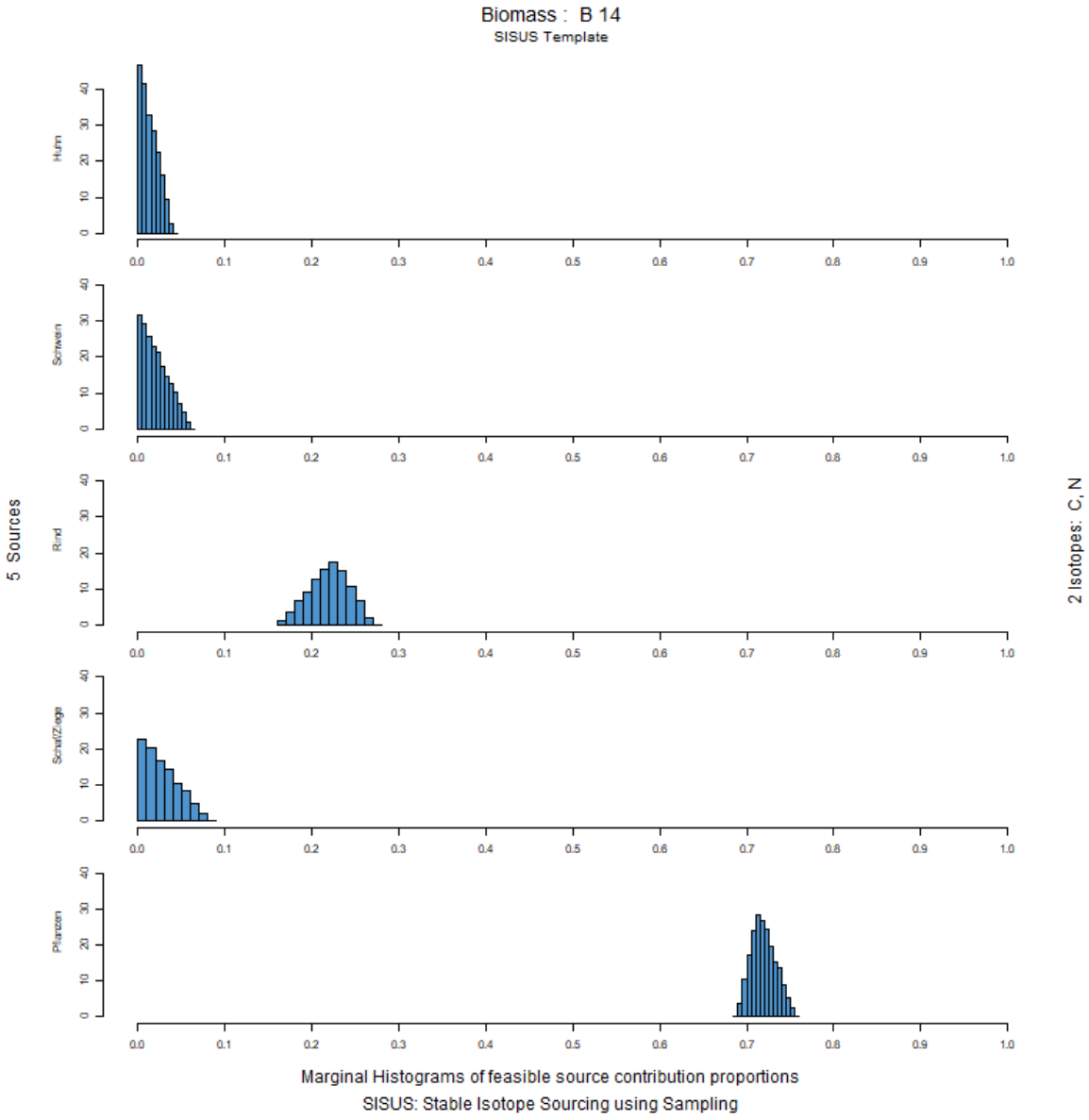


Abbildung 845: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 14. Erstellt mit SISUS.

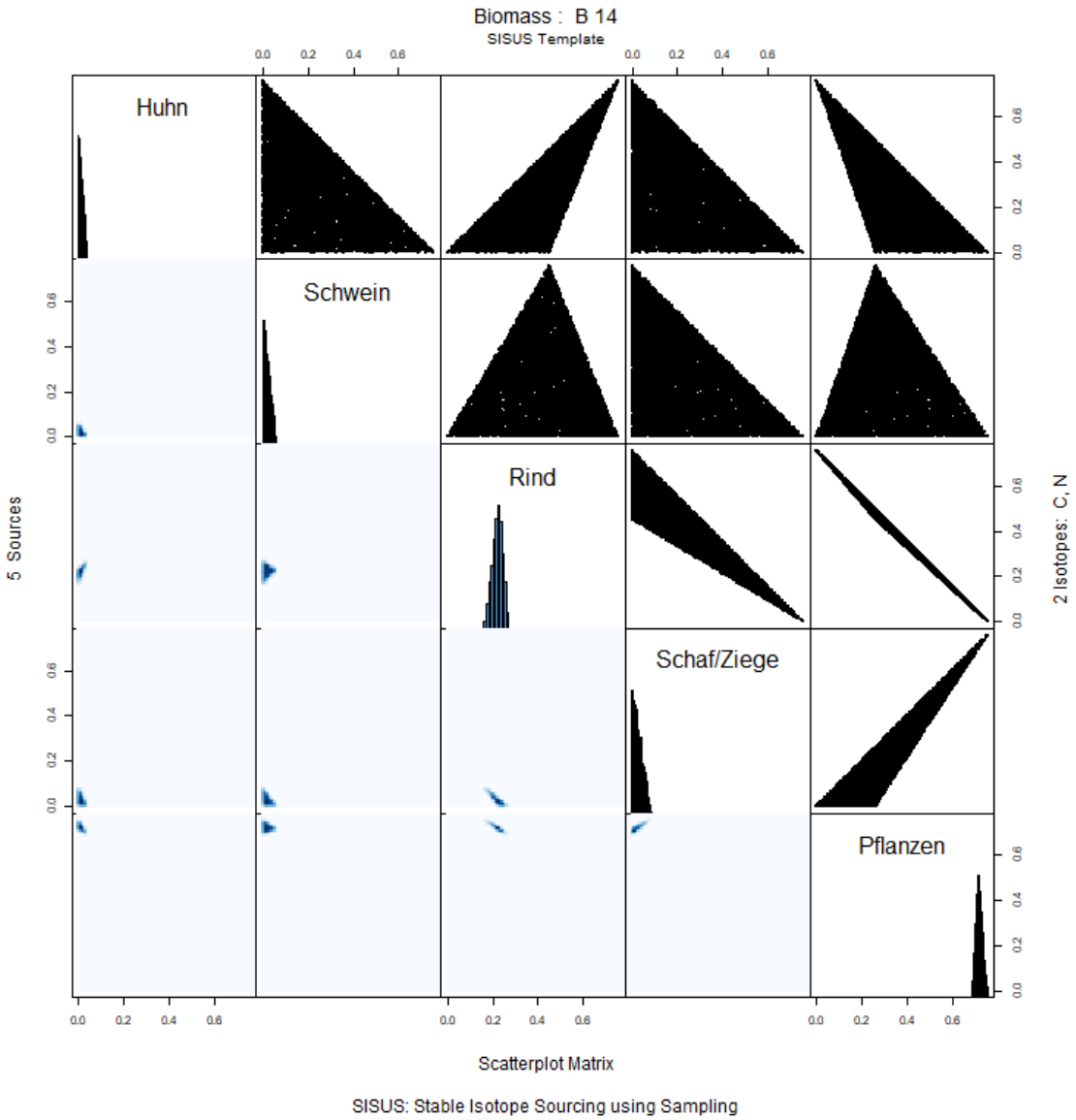


Abbildung 846: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 14. Erstellt mit SISUS.

B15

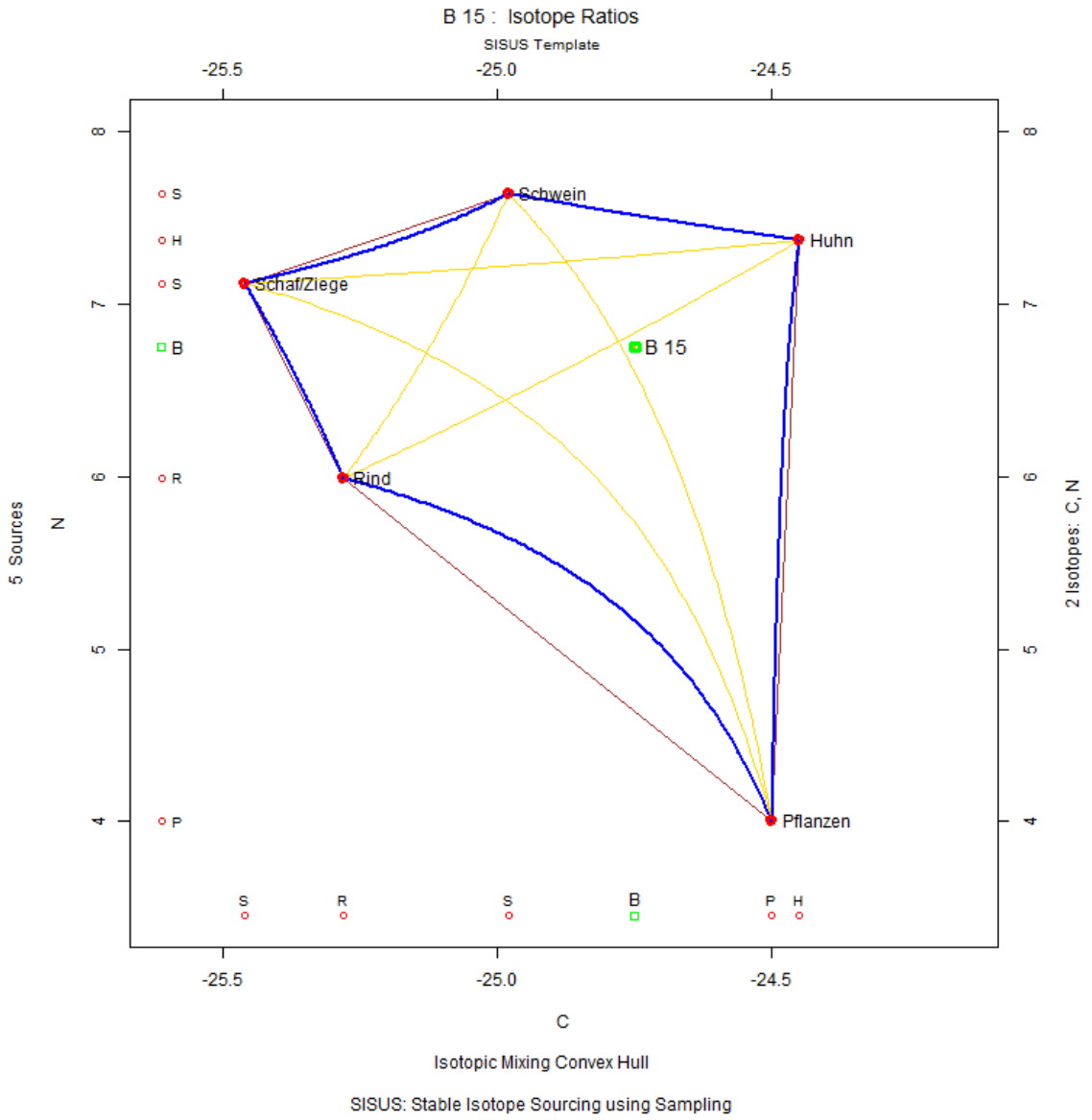


Abbildung 847: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 15. Erstellt mit SISUS.

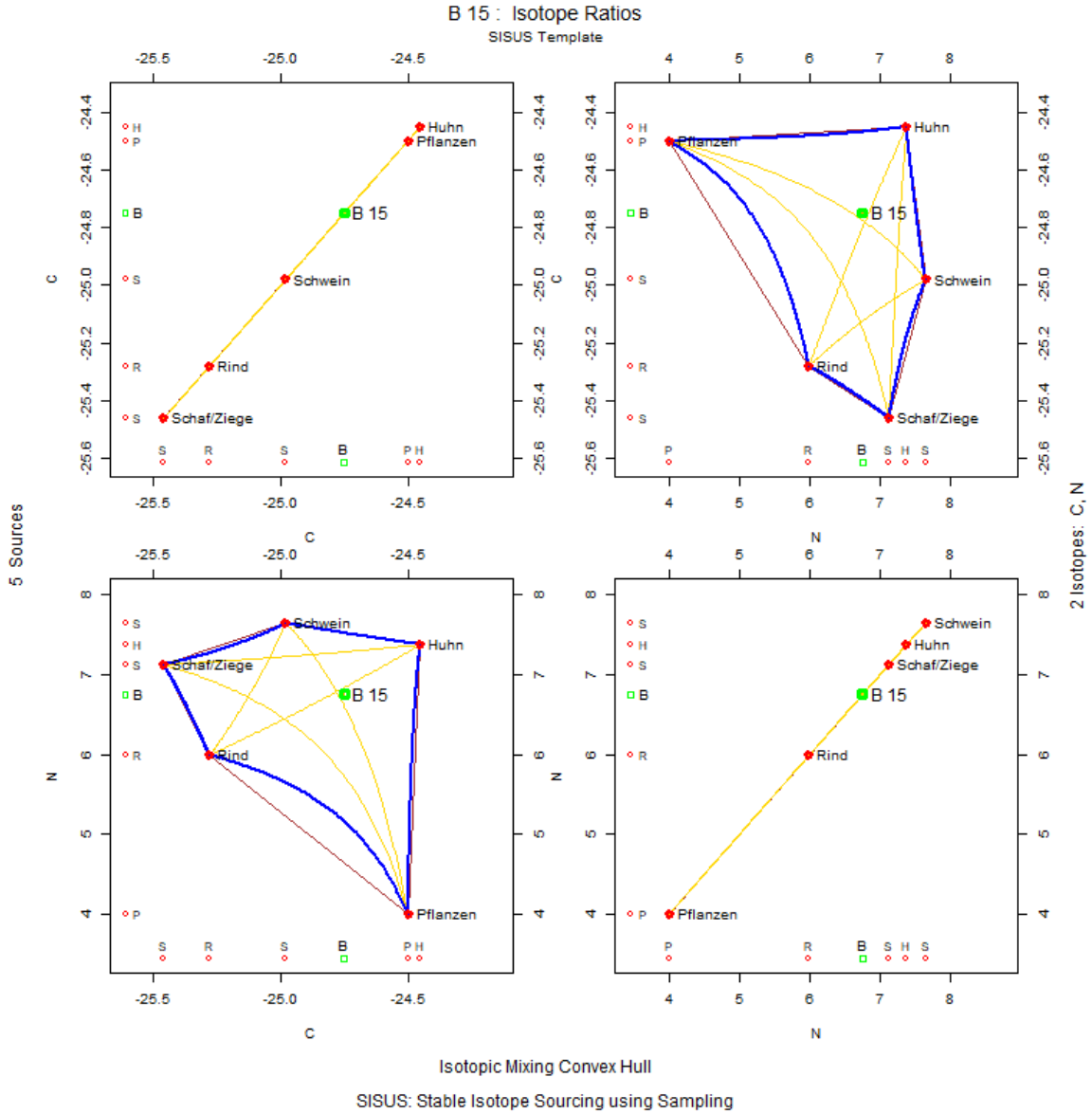


Abbildung 848: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 15 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

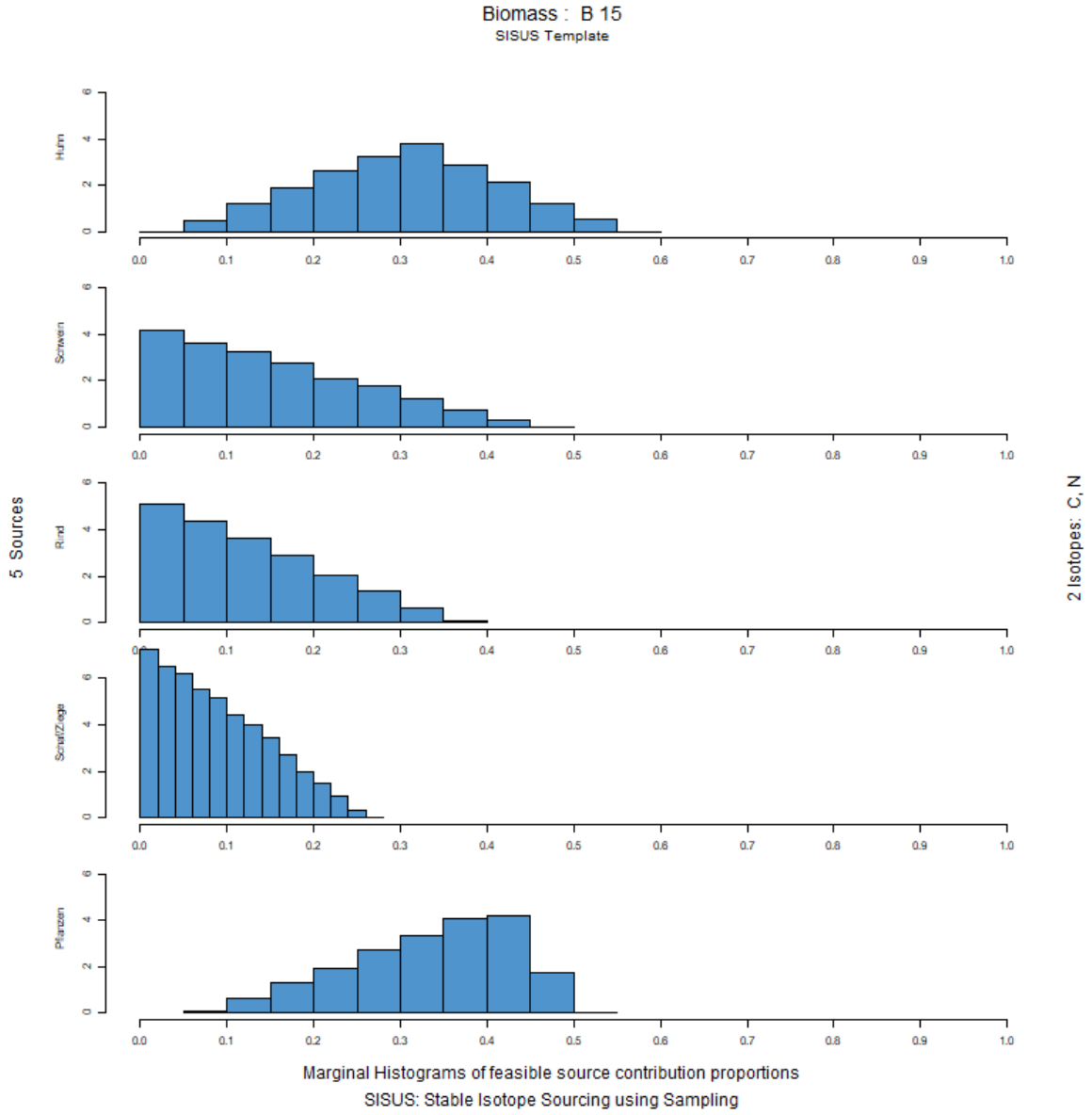


Abbildung 849: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 15. Erstellt mit SISUS.

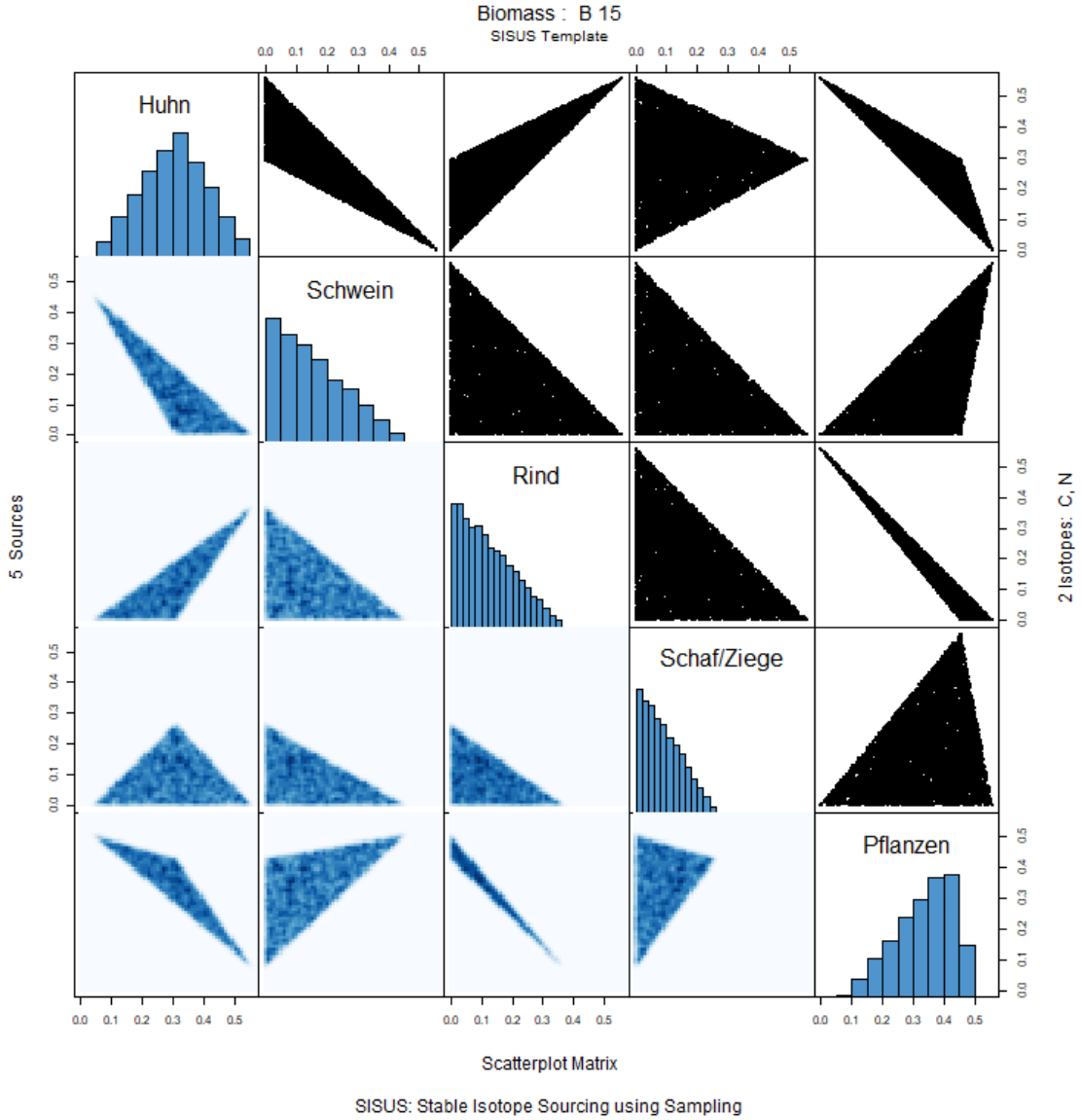


Abbildung 850: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 15. Erstellt mit SISUS.

B16

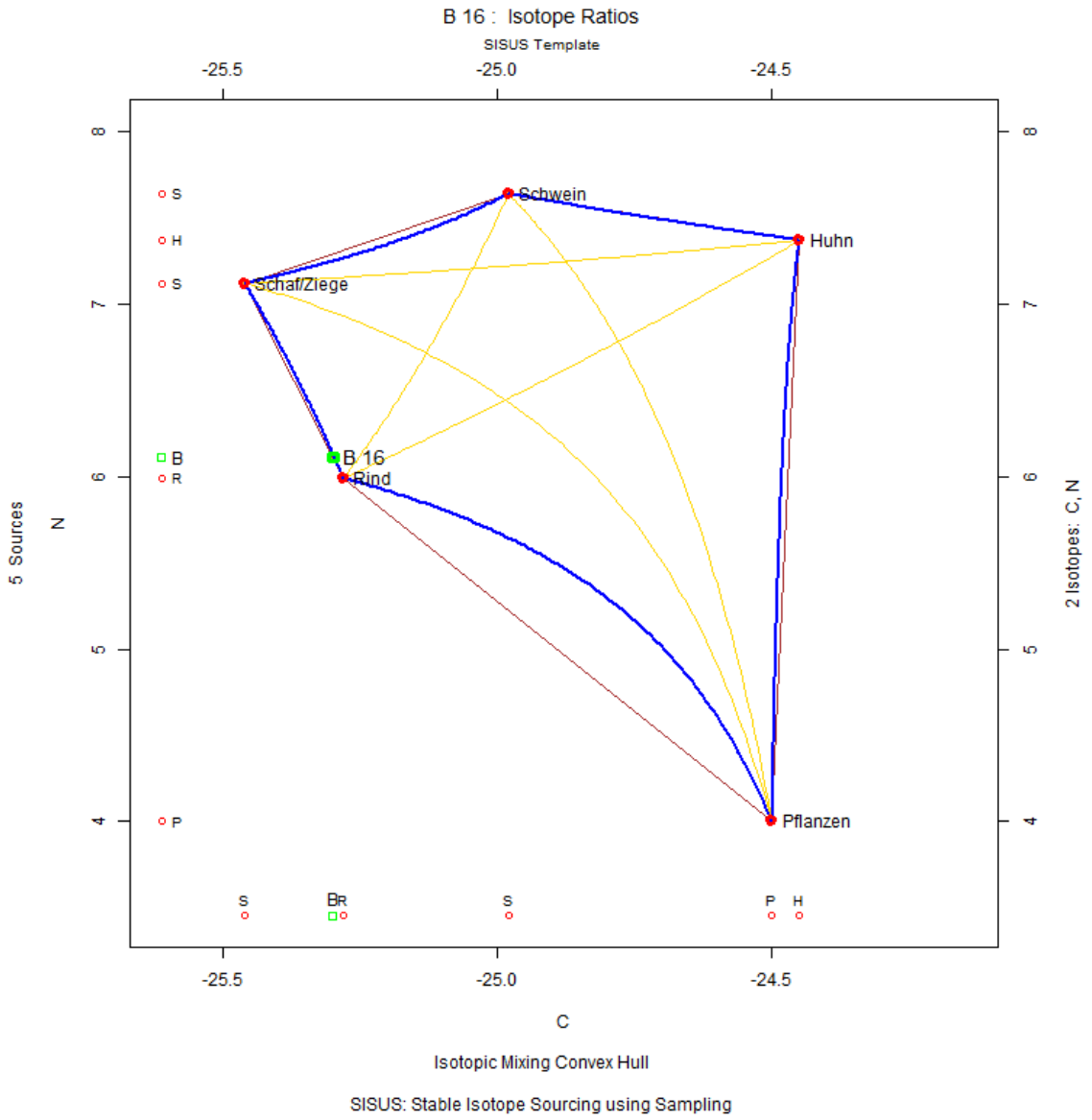


Abbildung 851: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 16. Erstellt mit SISUS.

B17

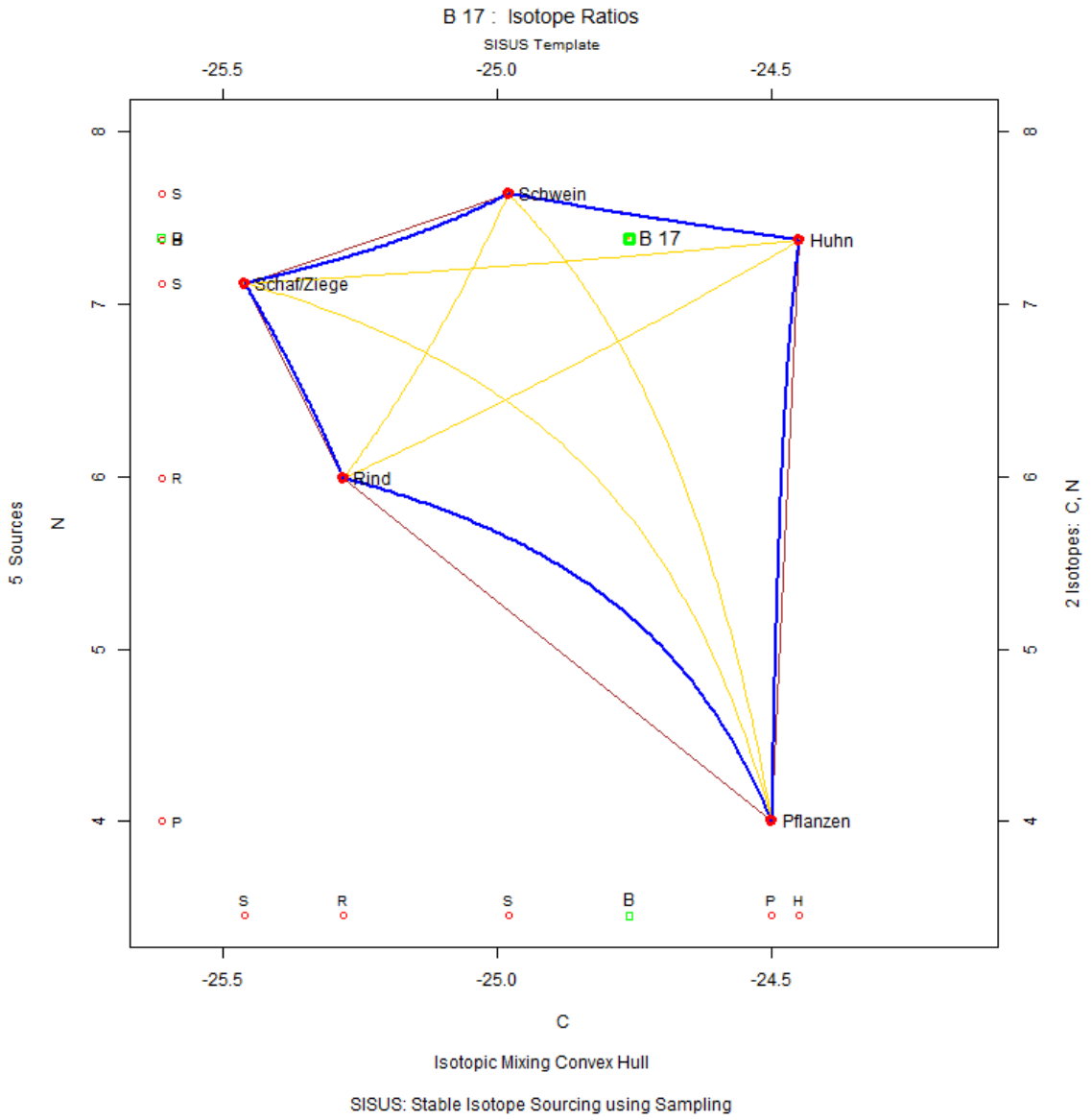


Abbildung 852: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 17. Erstellt mit SISUS.

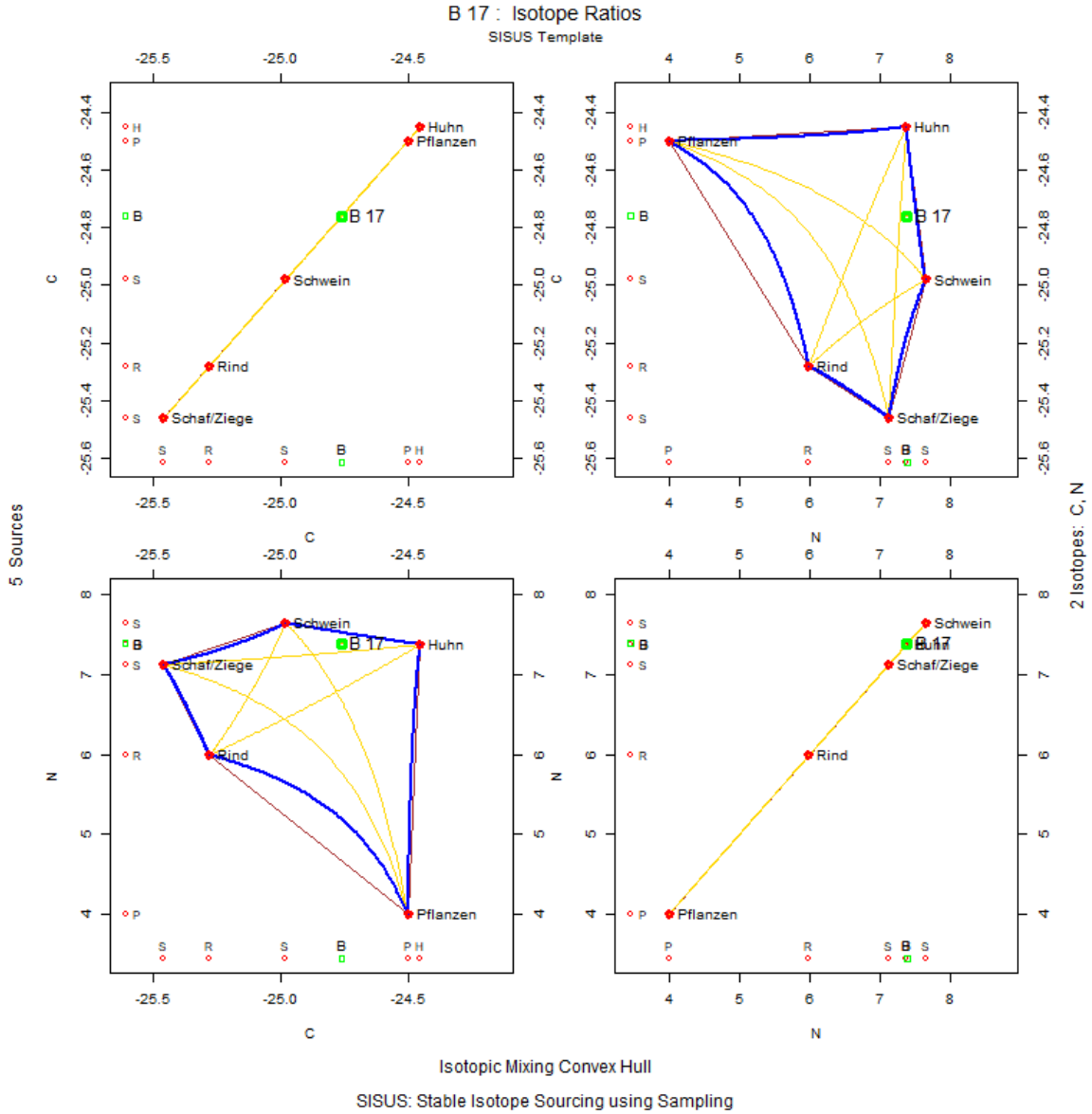


Abbildung 853: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 17 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

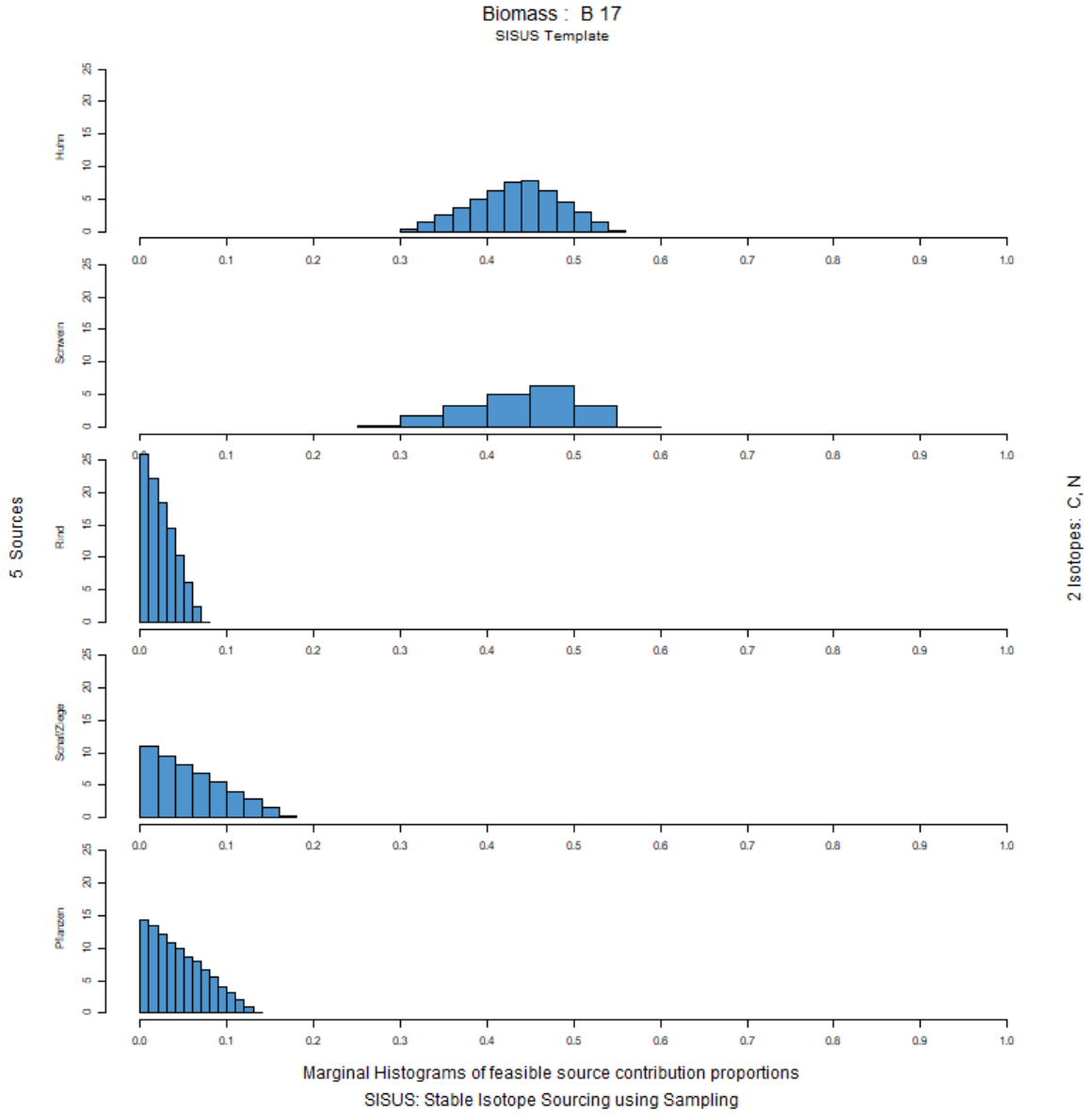


Abbildung 854: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 17. Erstellt mit SISUS.

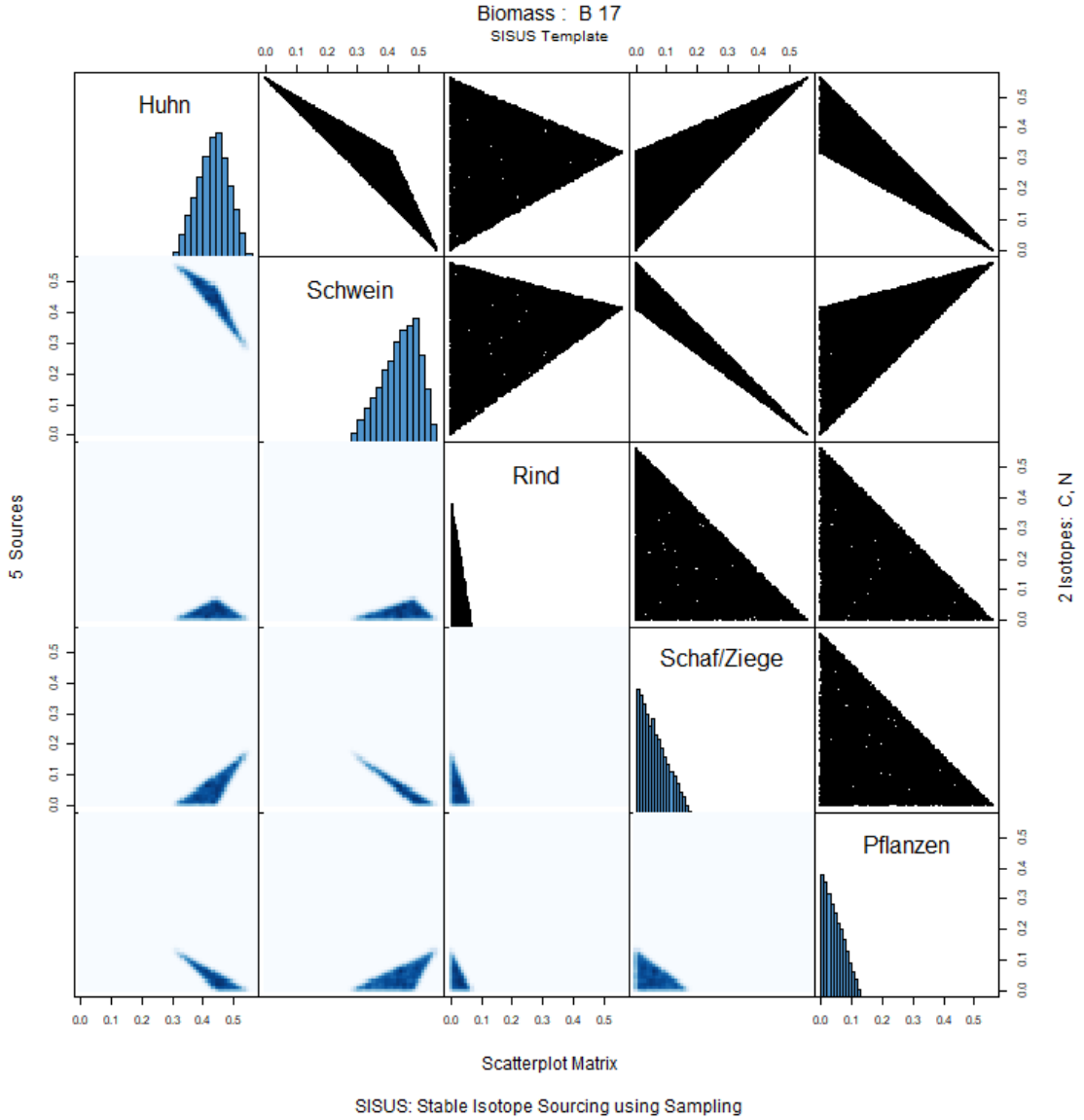


Abbildung 855: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 17. Erstellt mit SISUS.

B19

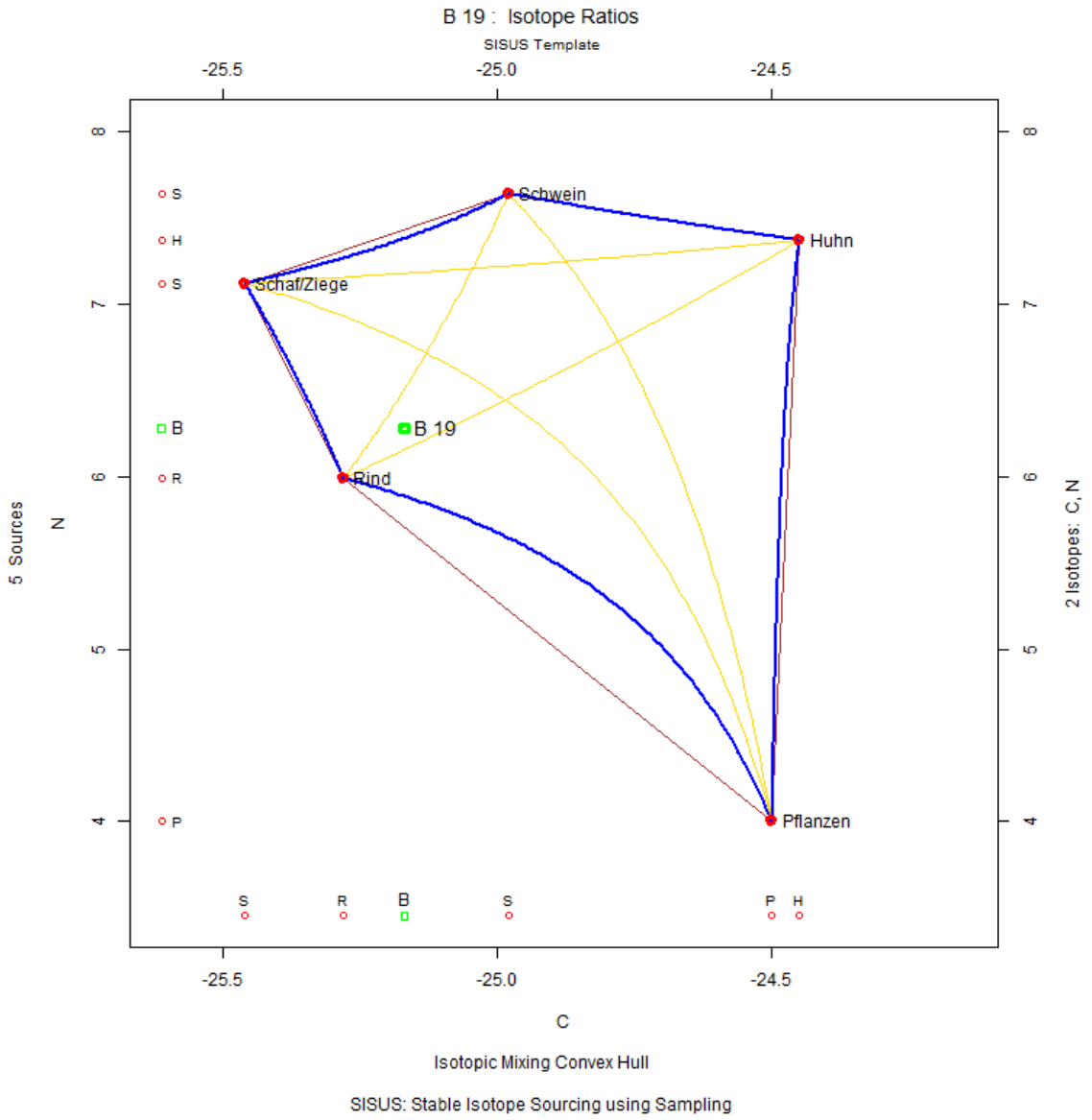


Abbildung 856: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 19. Erstellt mit SISUS.

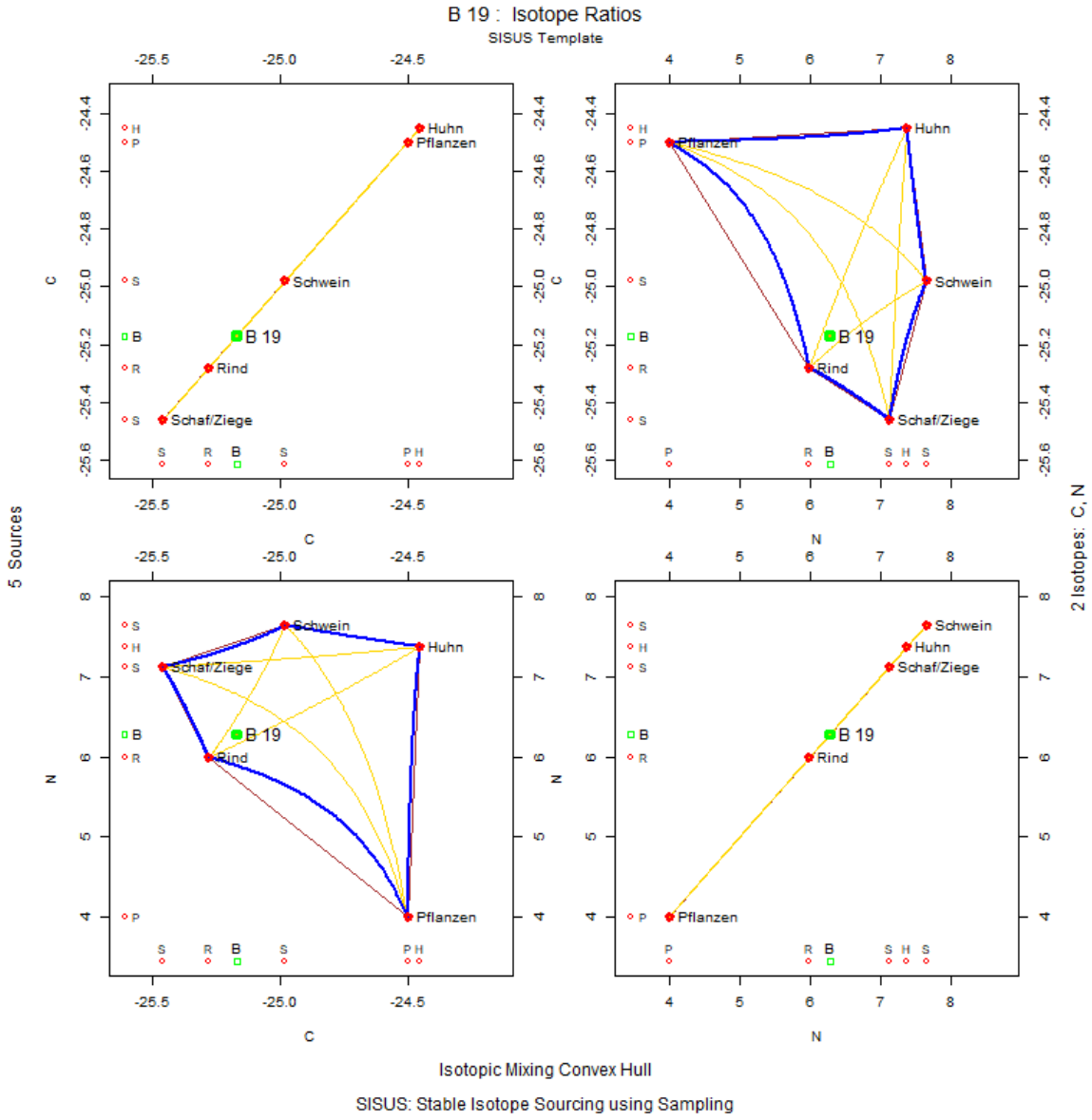


Abbildung 857: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 19 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

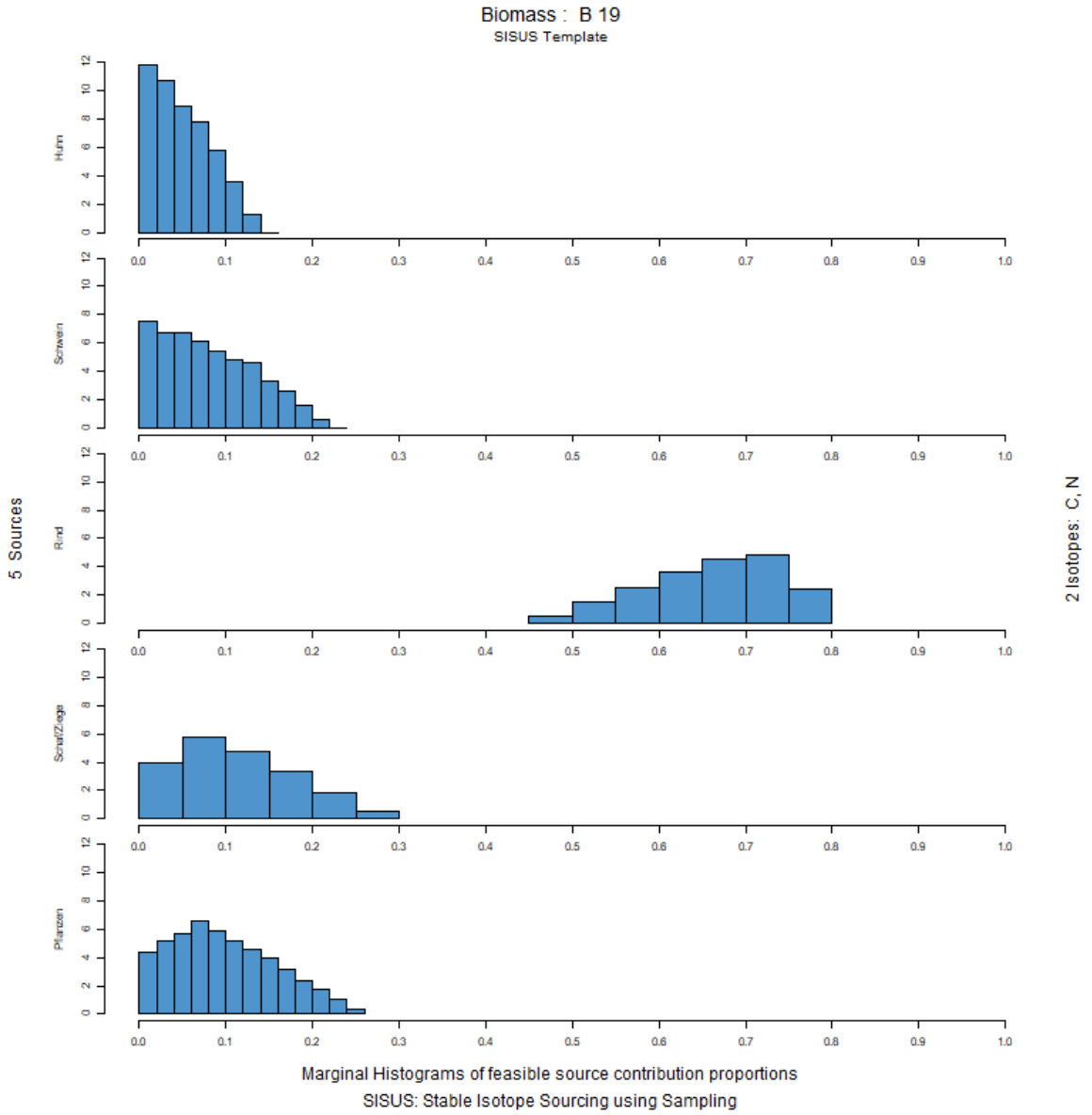


Abbildung 858: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 19. Erstellt mit SISUS.

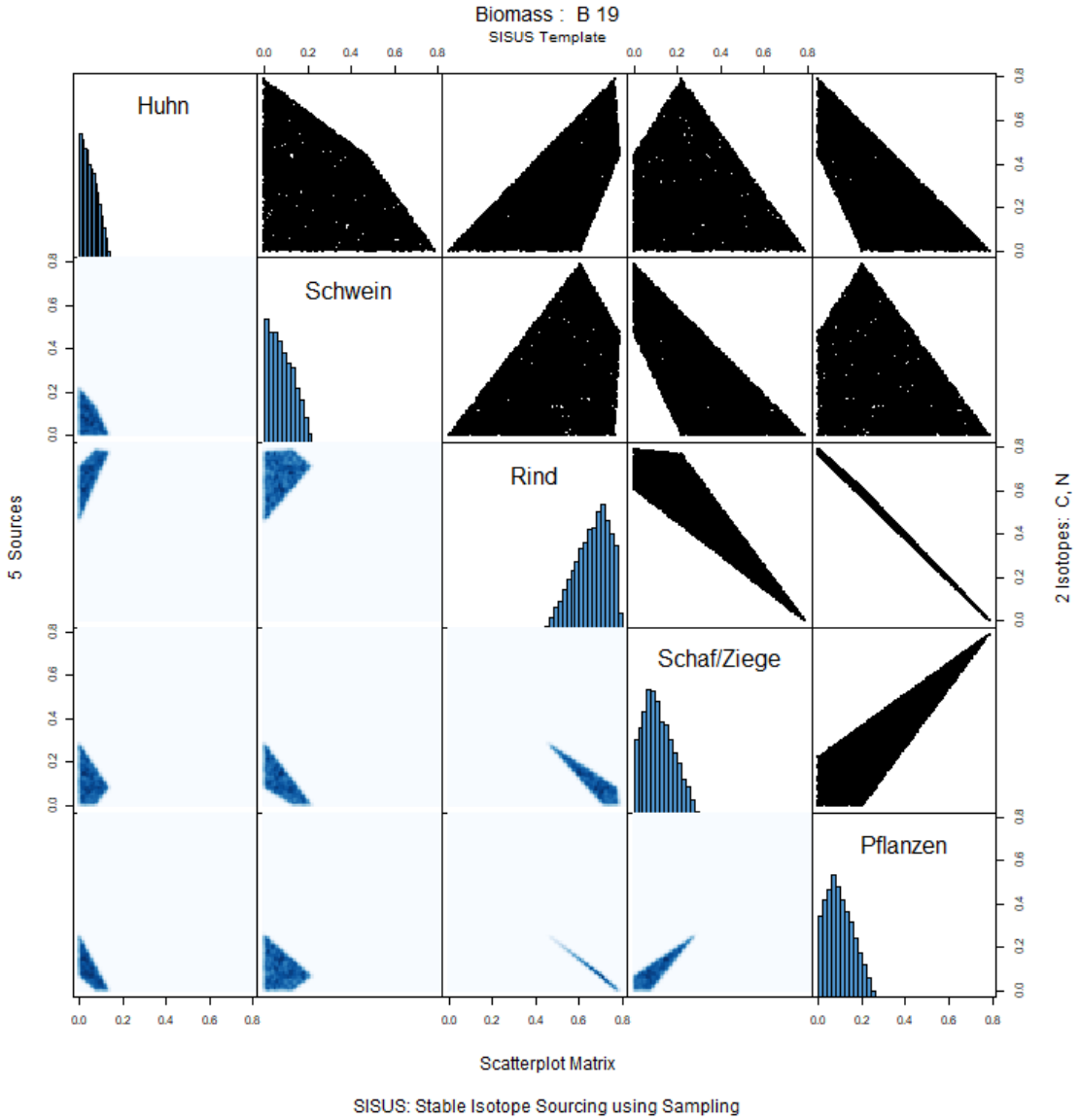


Abbildung 859: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 19. Erstellt mit SISUS.

B21

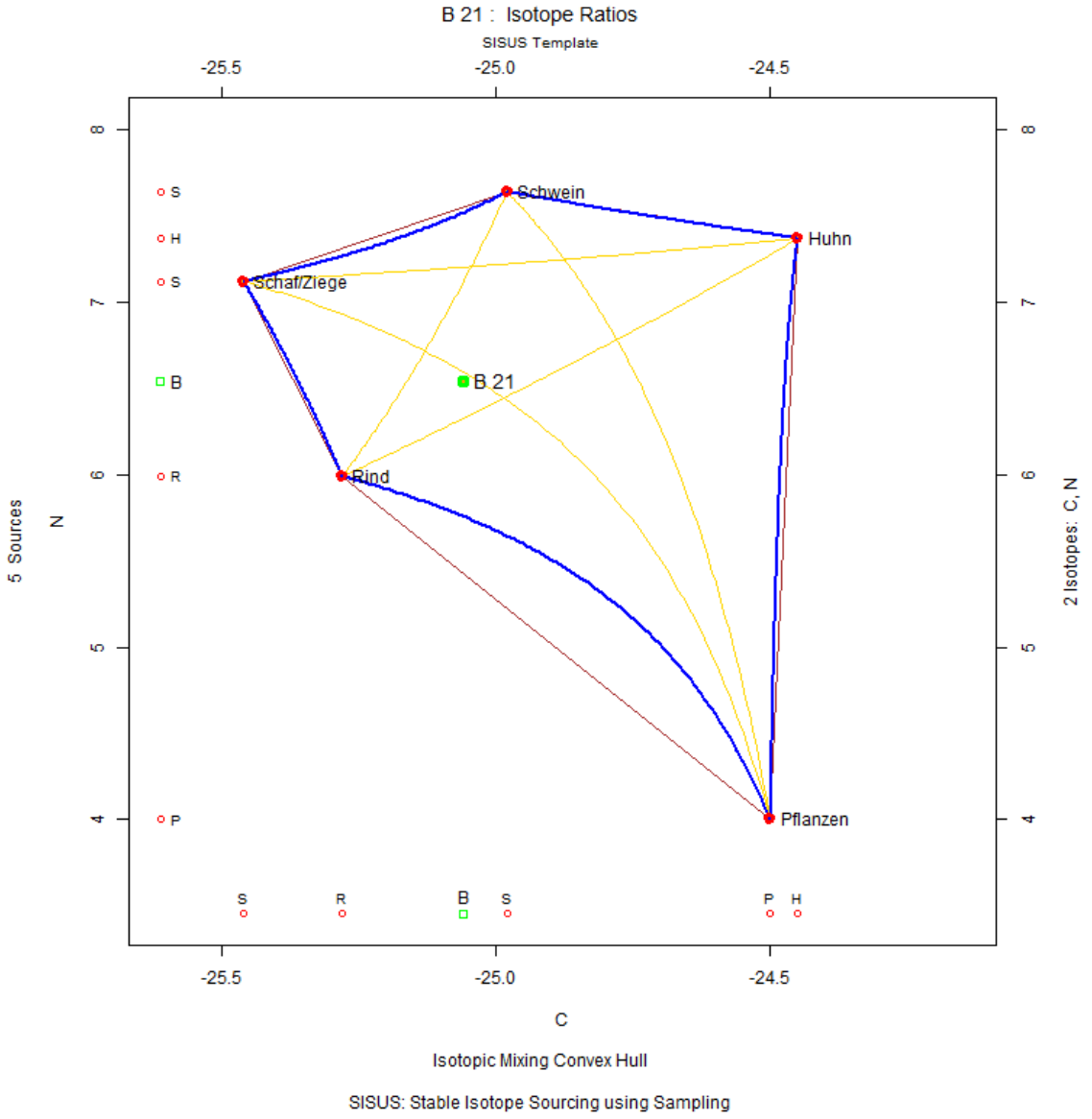


Abbildung 860: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 21. Erstellt mit SISUS.

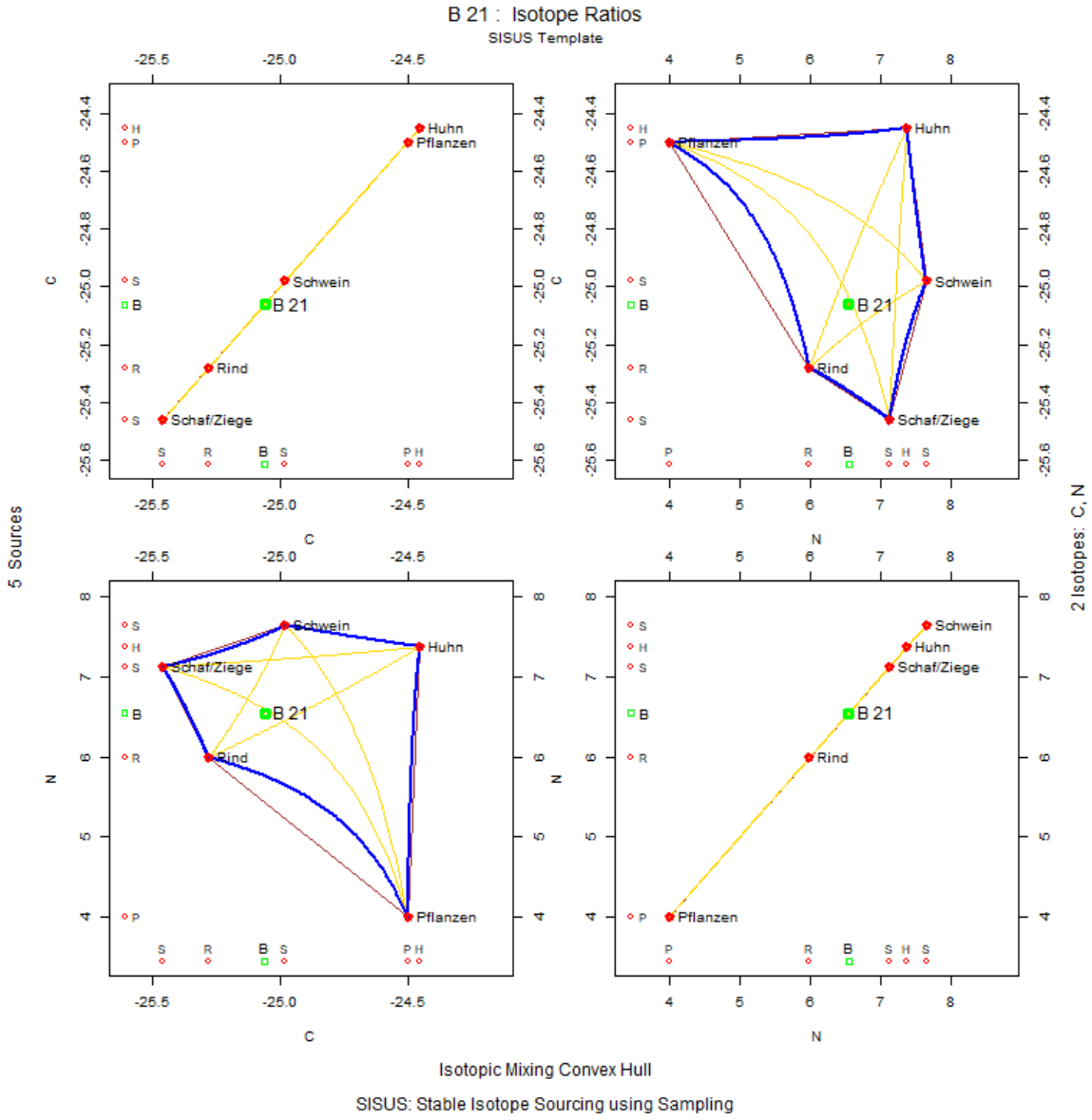


Abbildung 861: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 21 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

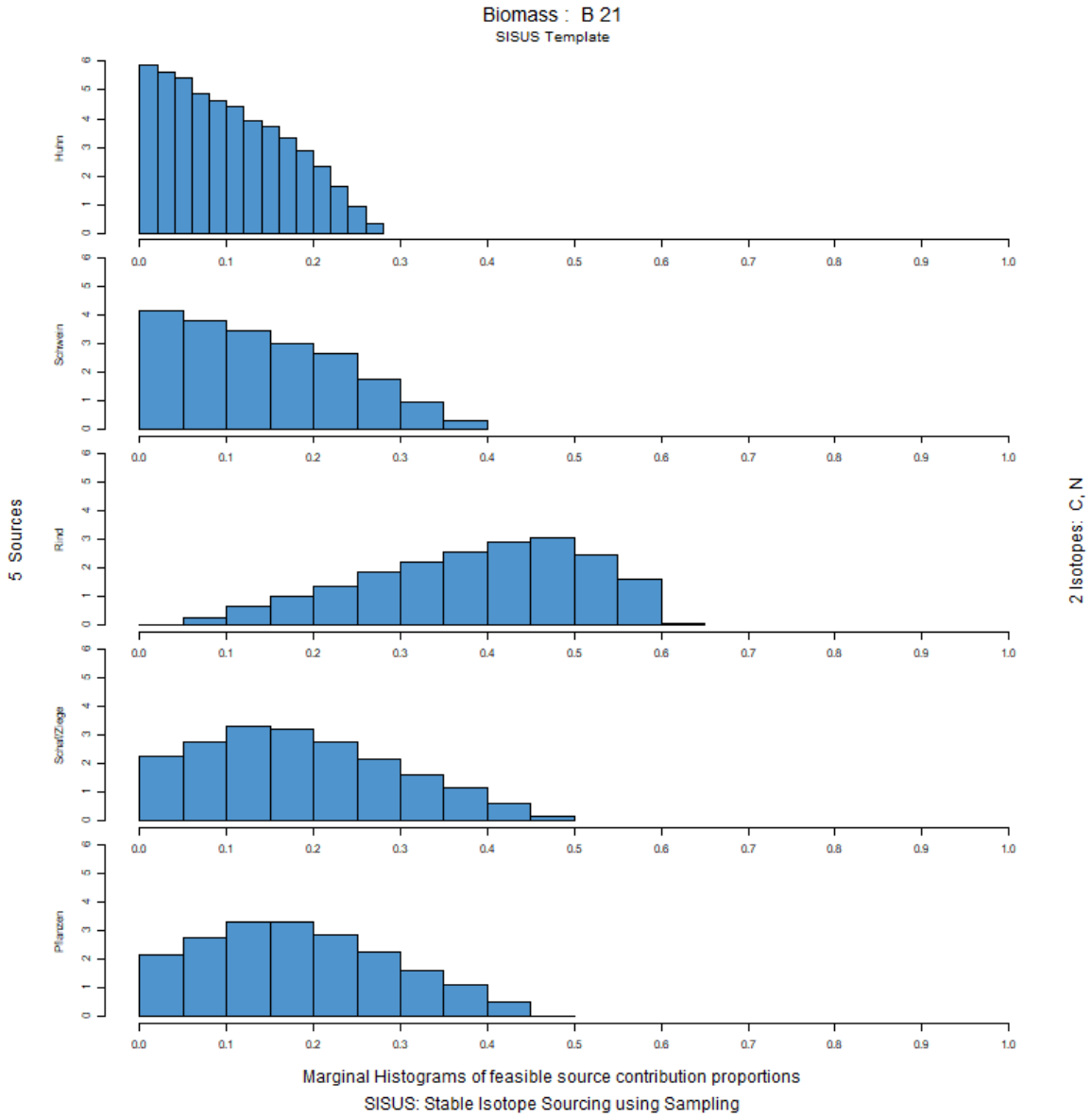


Abbildung 862: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 21. Erstellt mit SISUS.

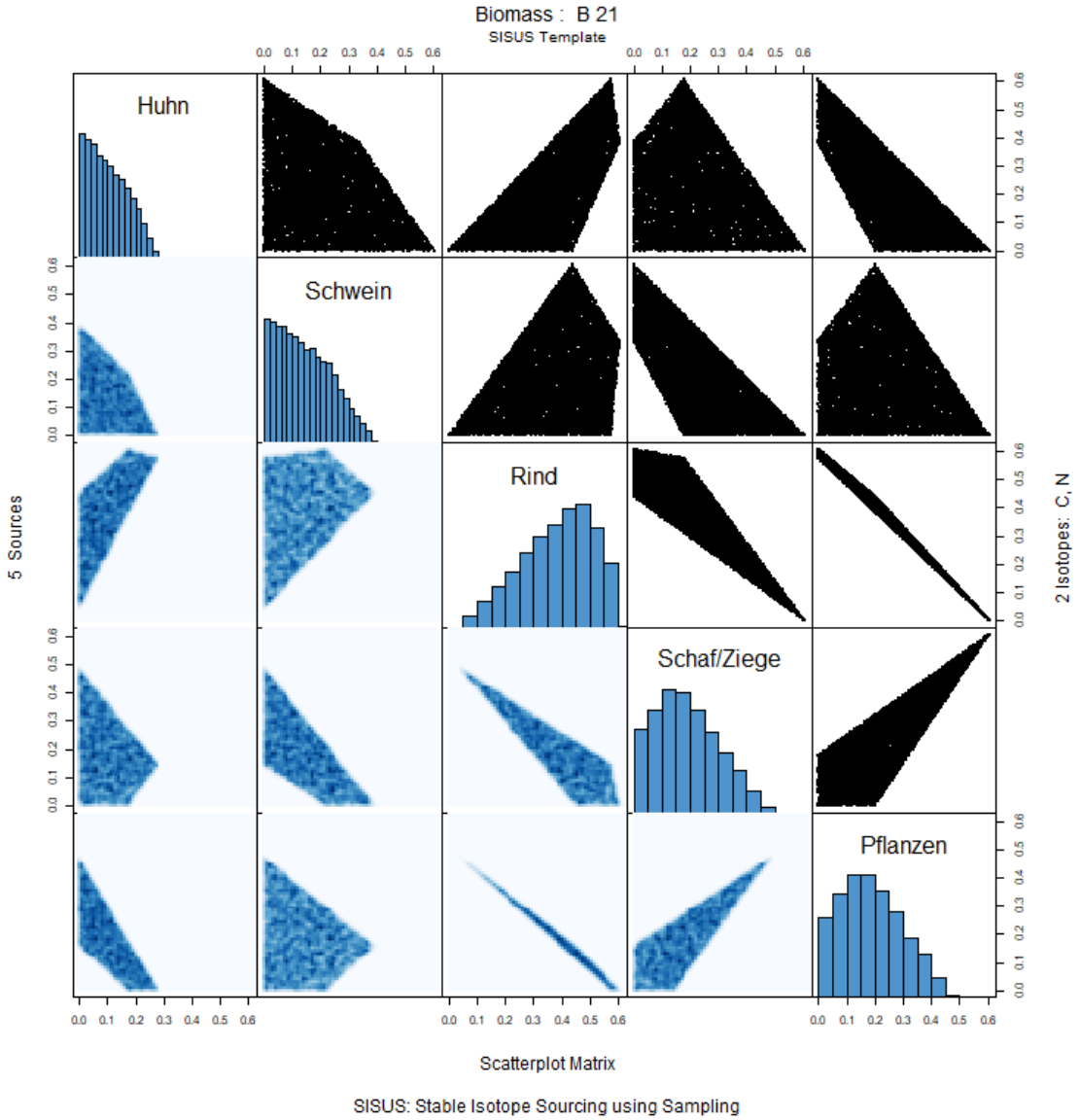


Abbildung 863: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 21. Erstellt mit SISUS.

B22

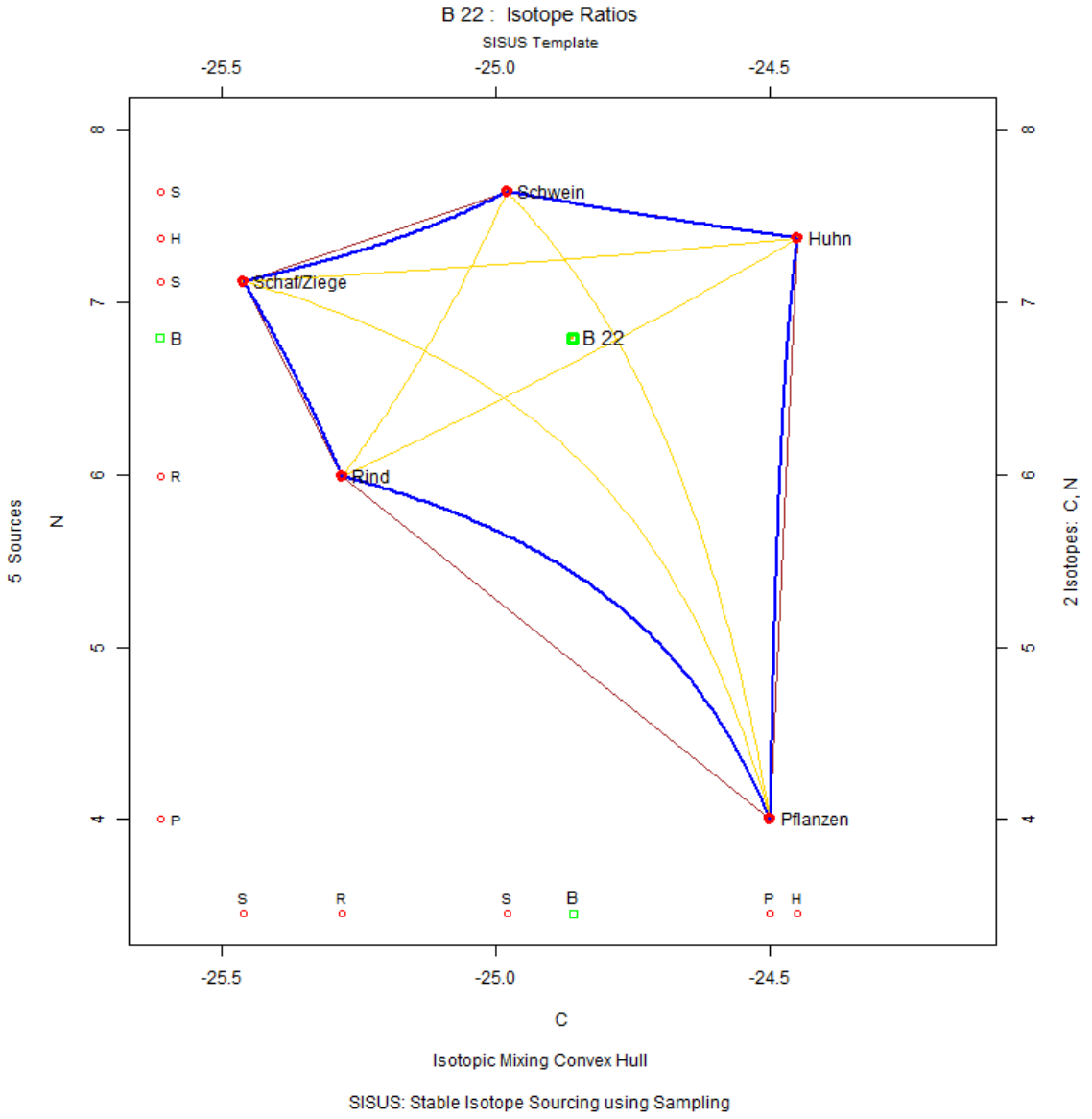


Abbildung 864: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 22. Erstellt mit SISUS.

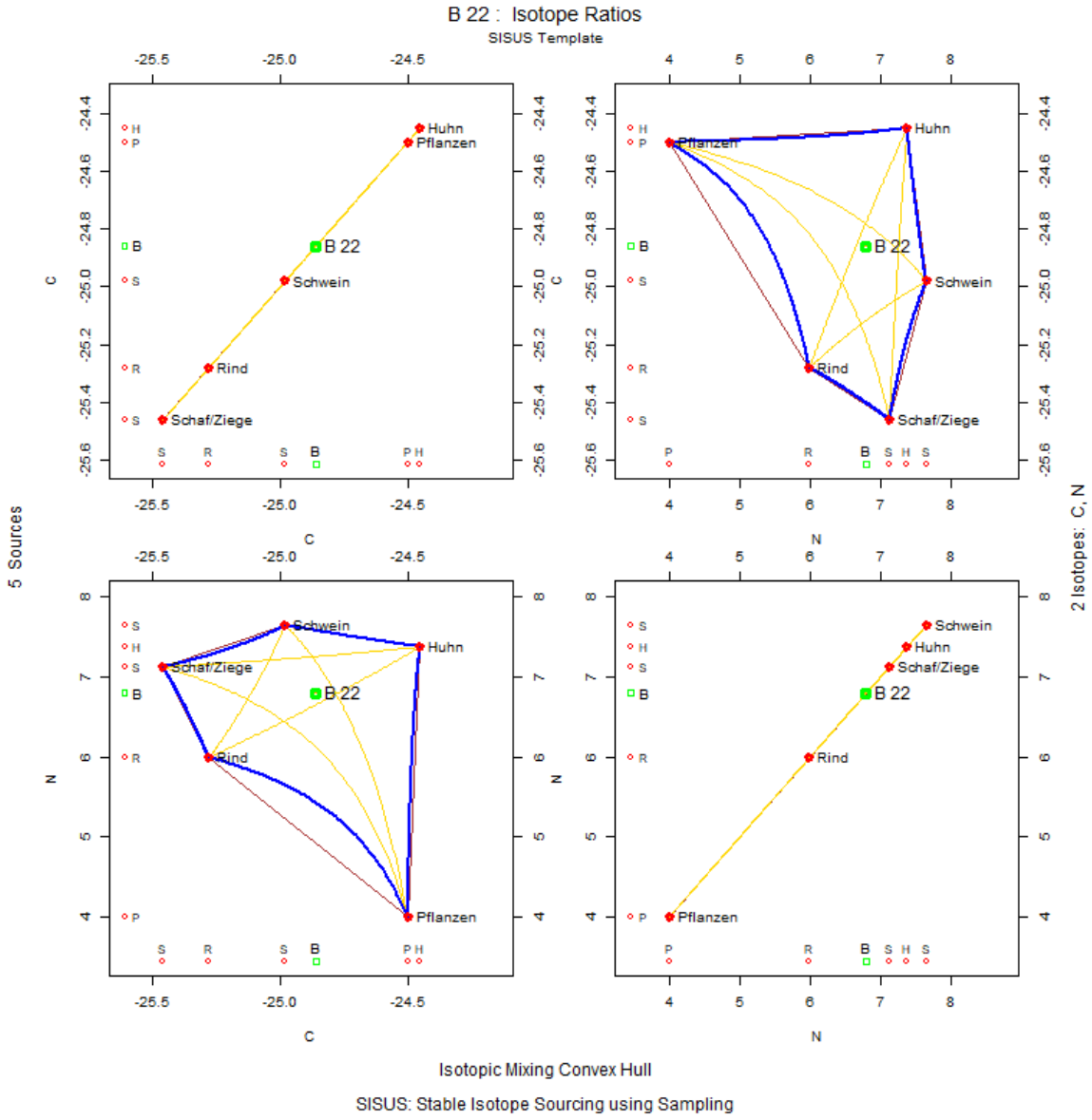


Abbildung 865: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 22 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

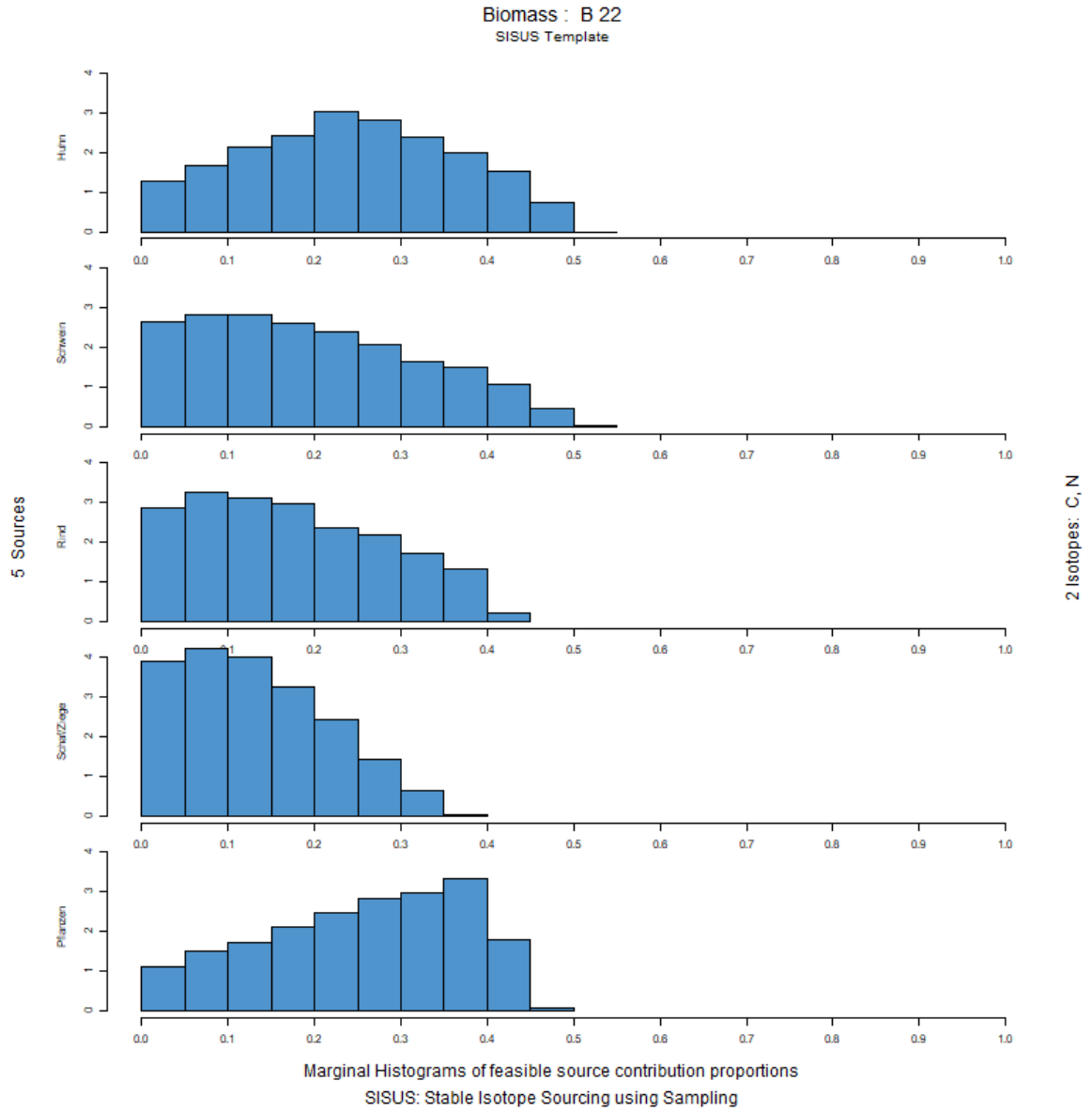


Abbildung 866: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 22. Erstellt mit SISUS.

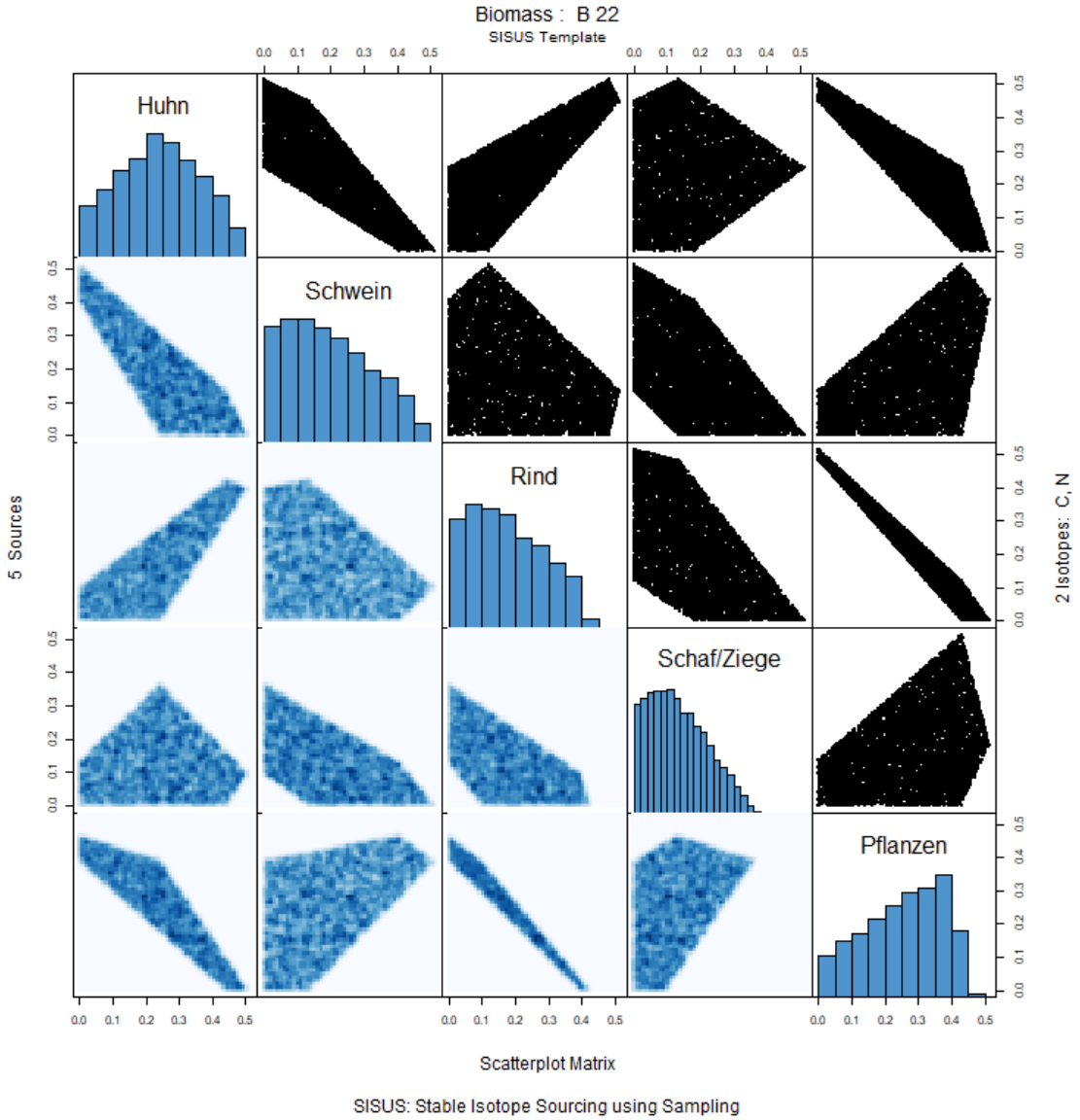


Abbildung 867: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 22. Erstellt mit SISUS.

B23

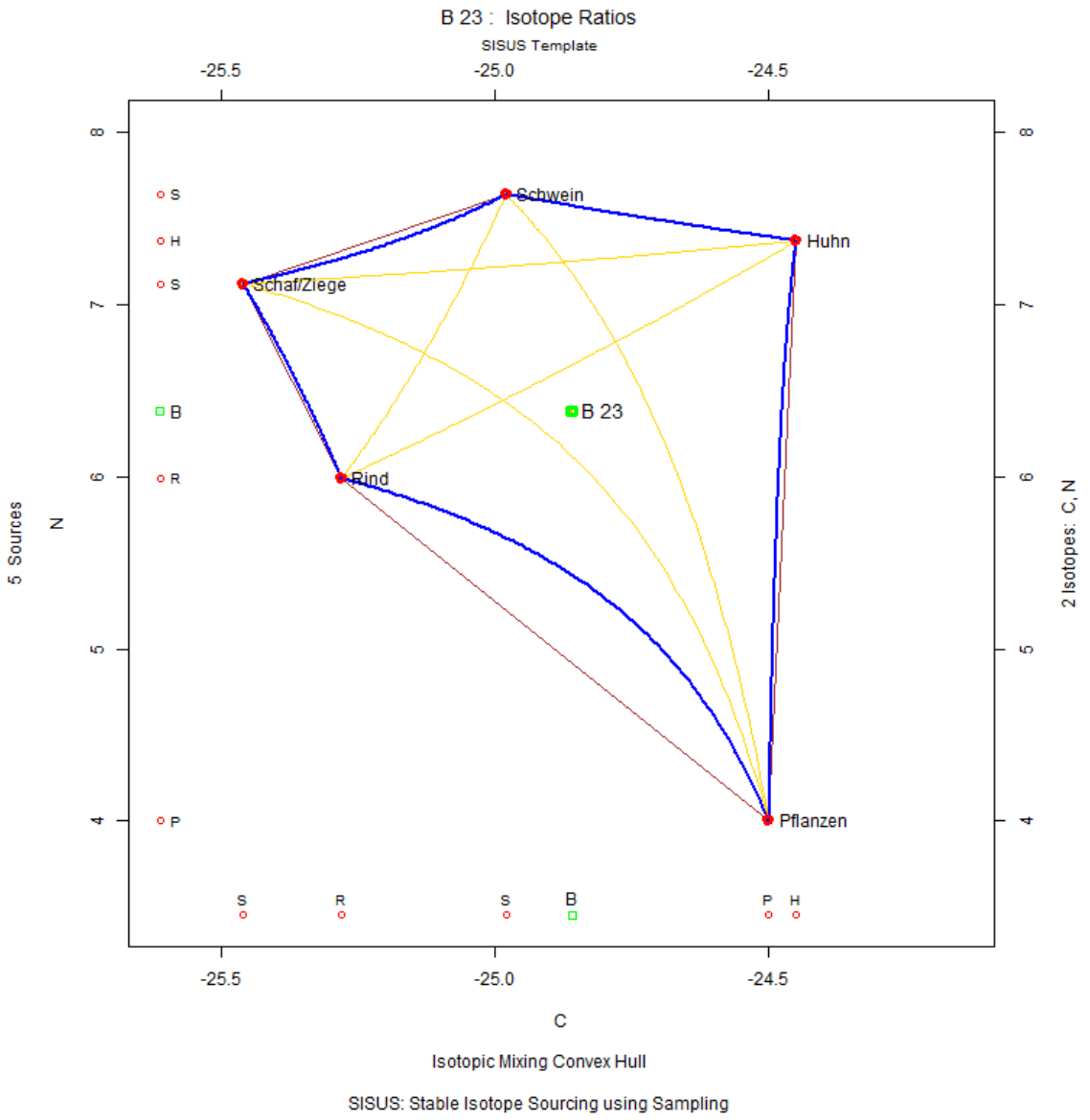


Abbildung 868: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 23. Erstellt mit SISUS.

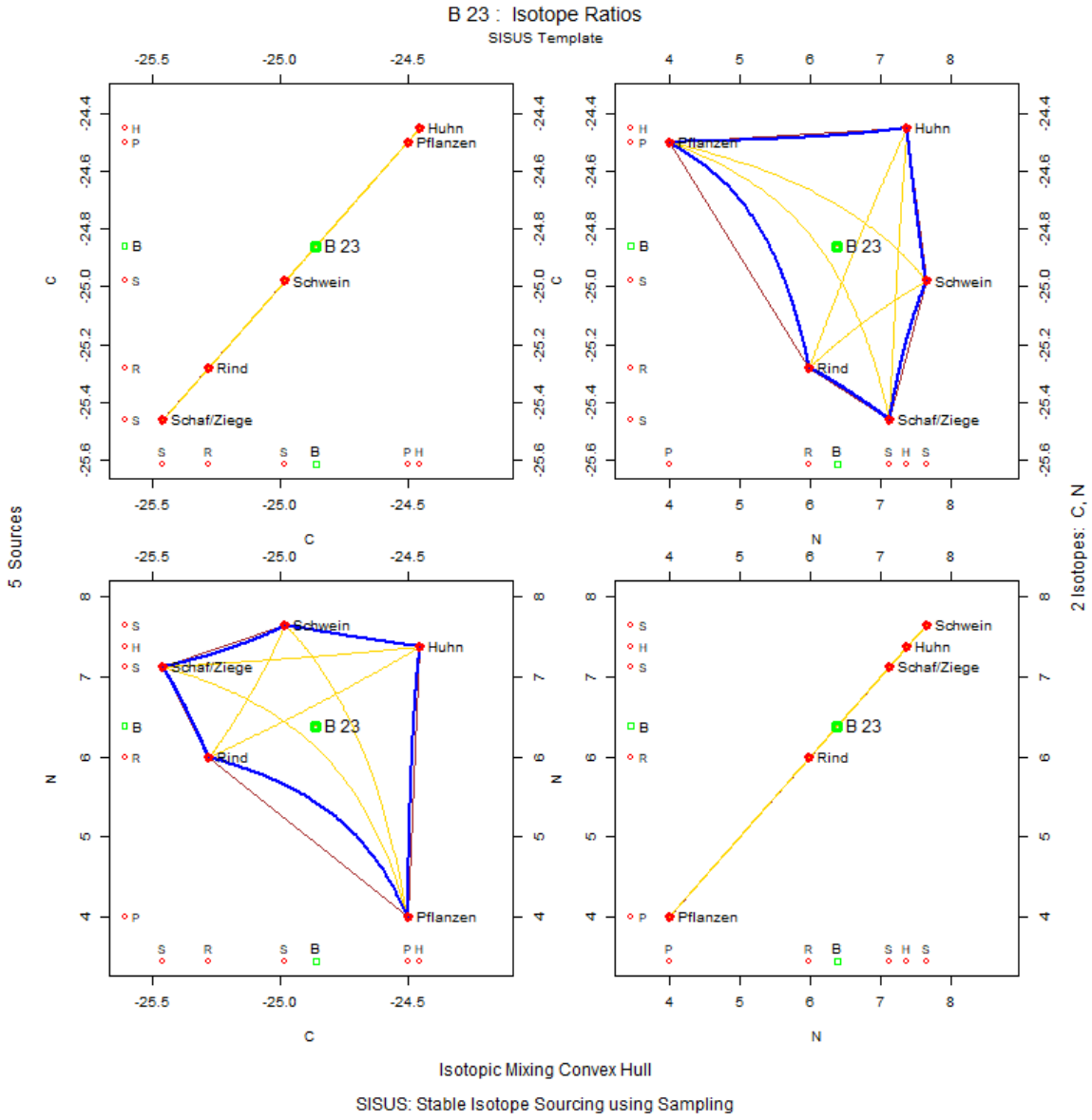


Abbildung 869: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 23 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

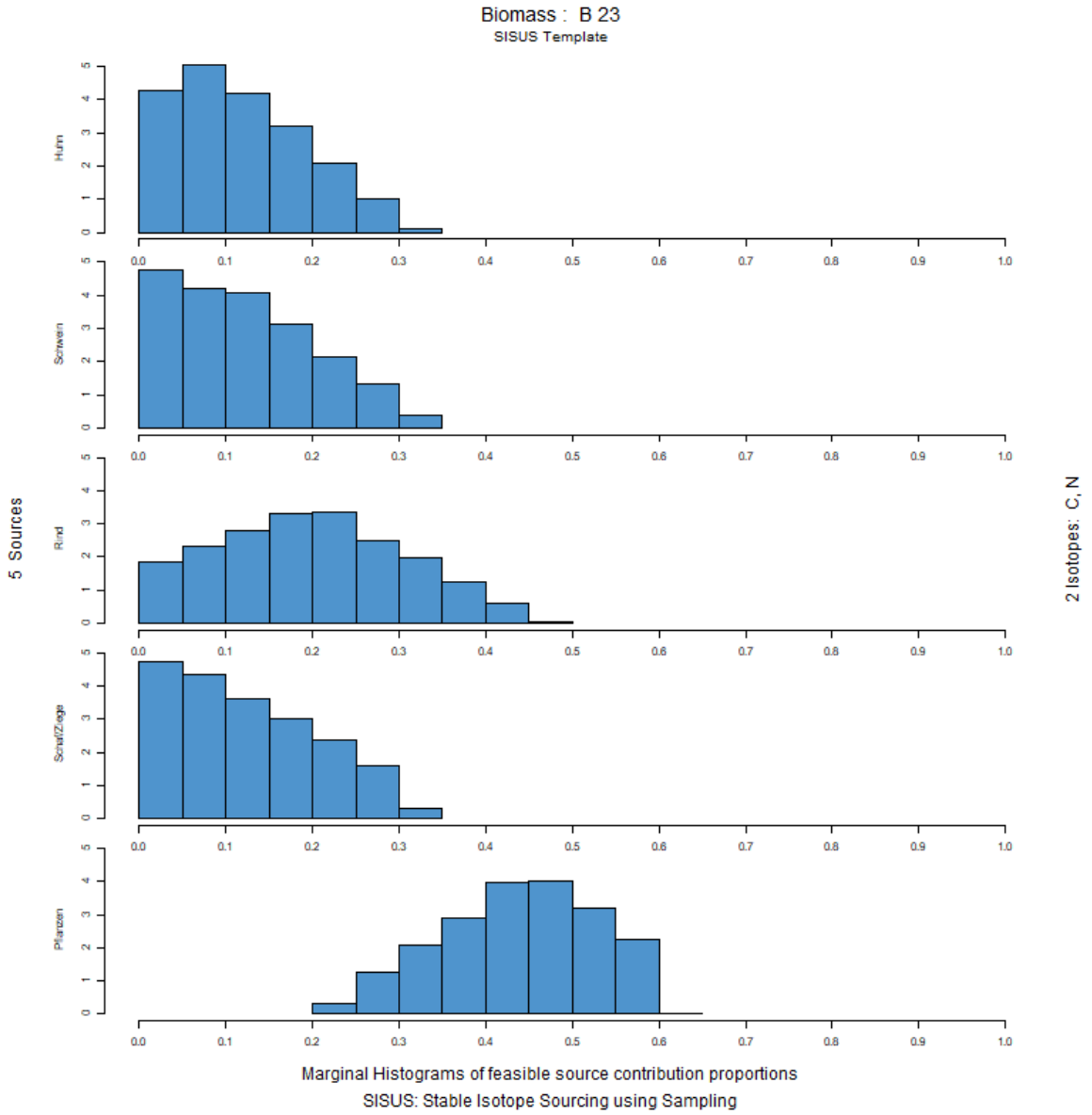


Abbildung 870: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 23. Erstellt mit SISUS.

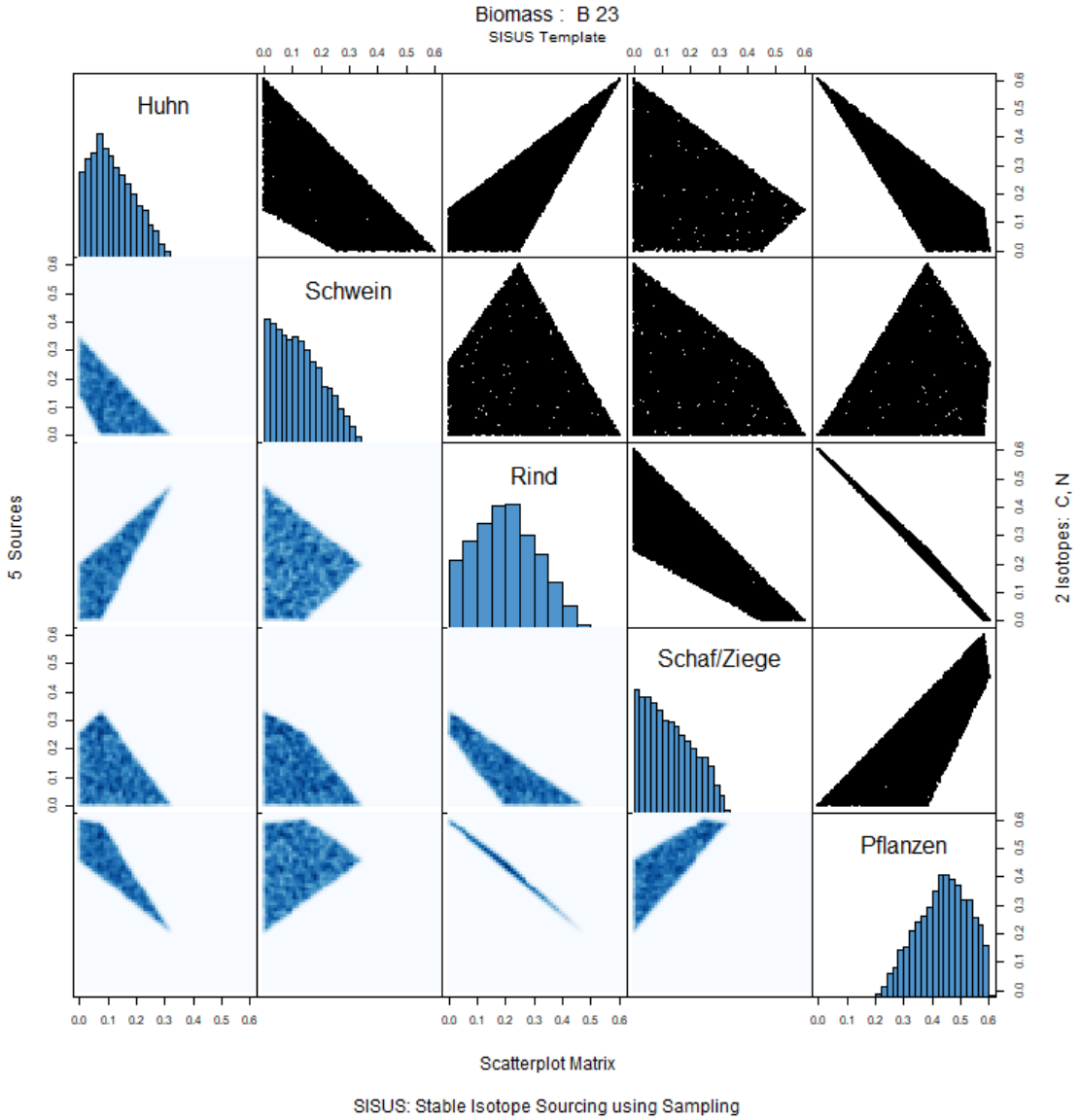


Abbildung 871: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 23. Erstellt mit SISUS.

B24

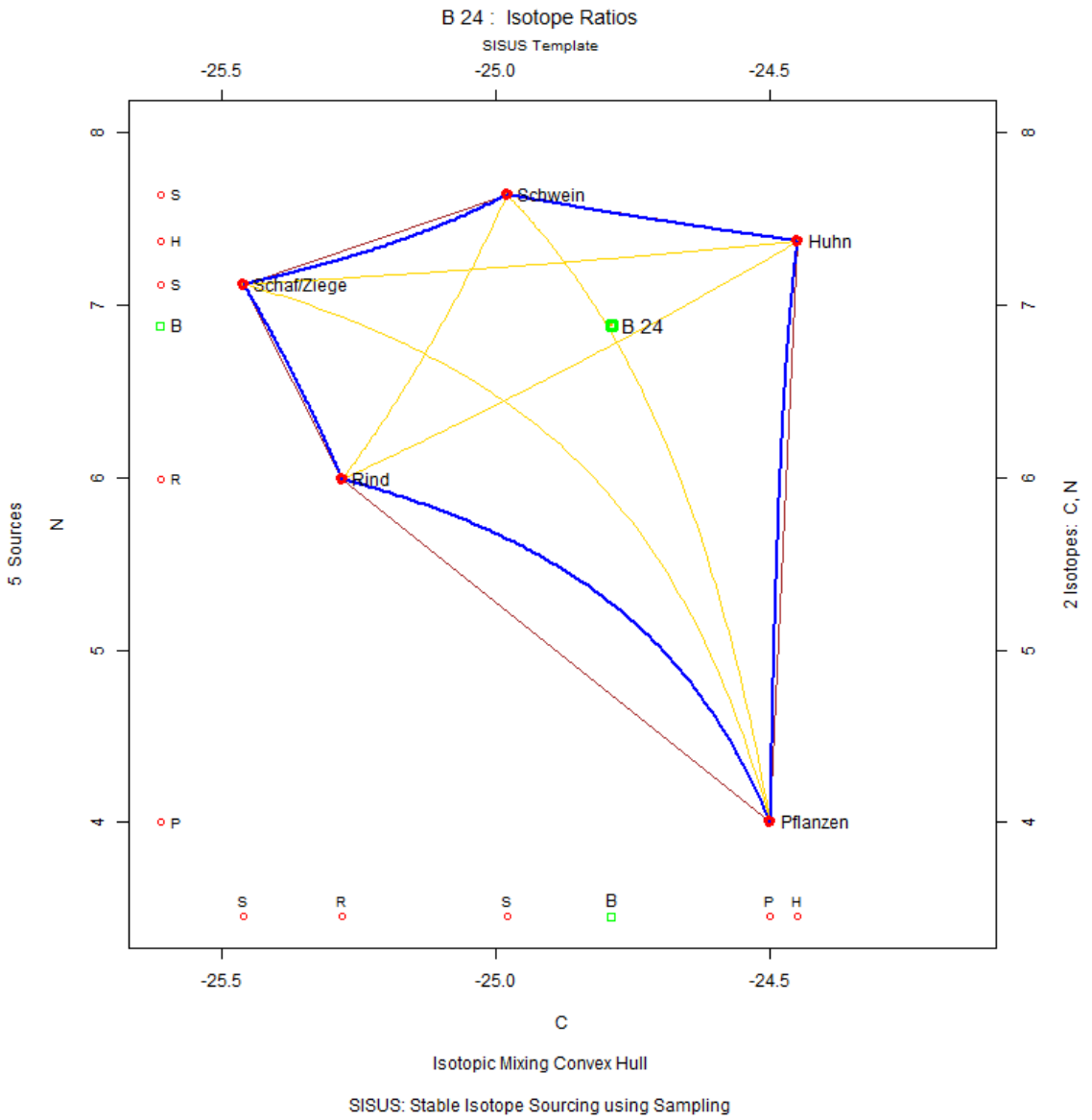


Abbildung 872: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 24. Erstellt mit SISUS.

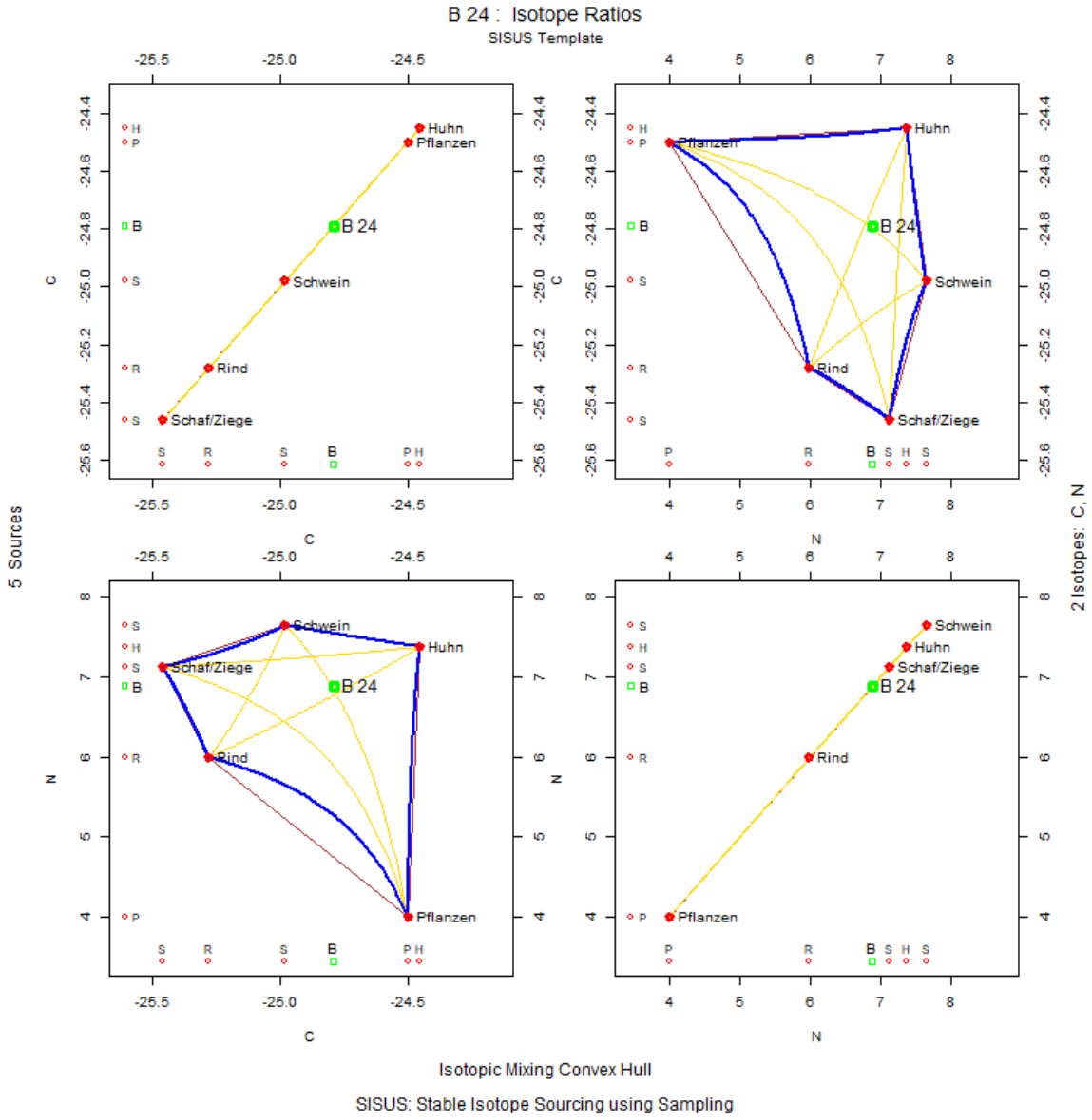


Abbildung 873: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 24 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

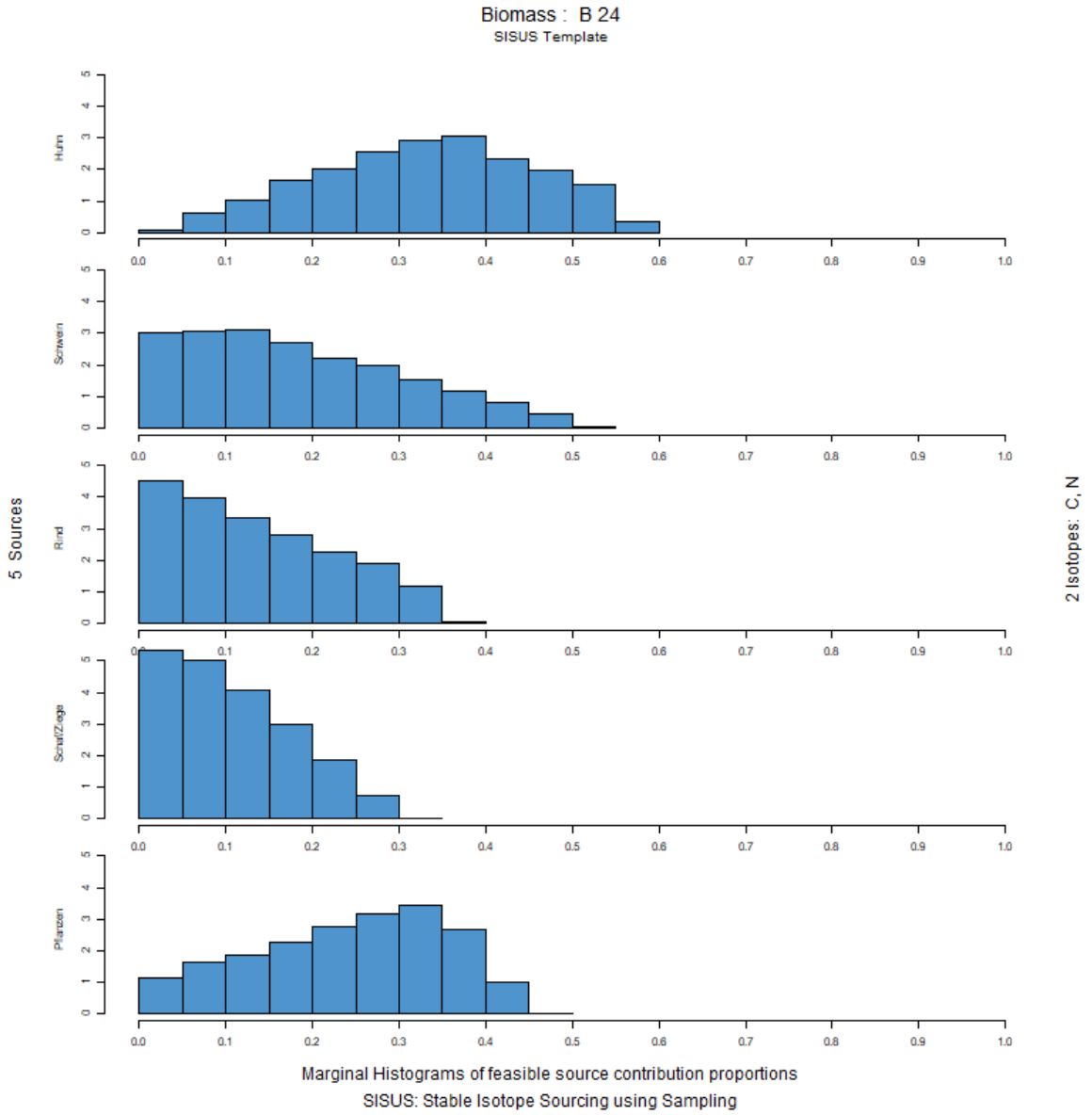


Abbildung 874: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 24. Erstellt mit SISUS.

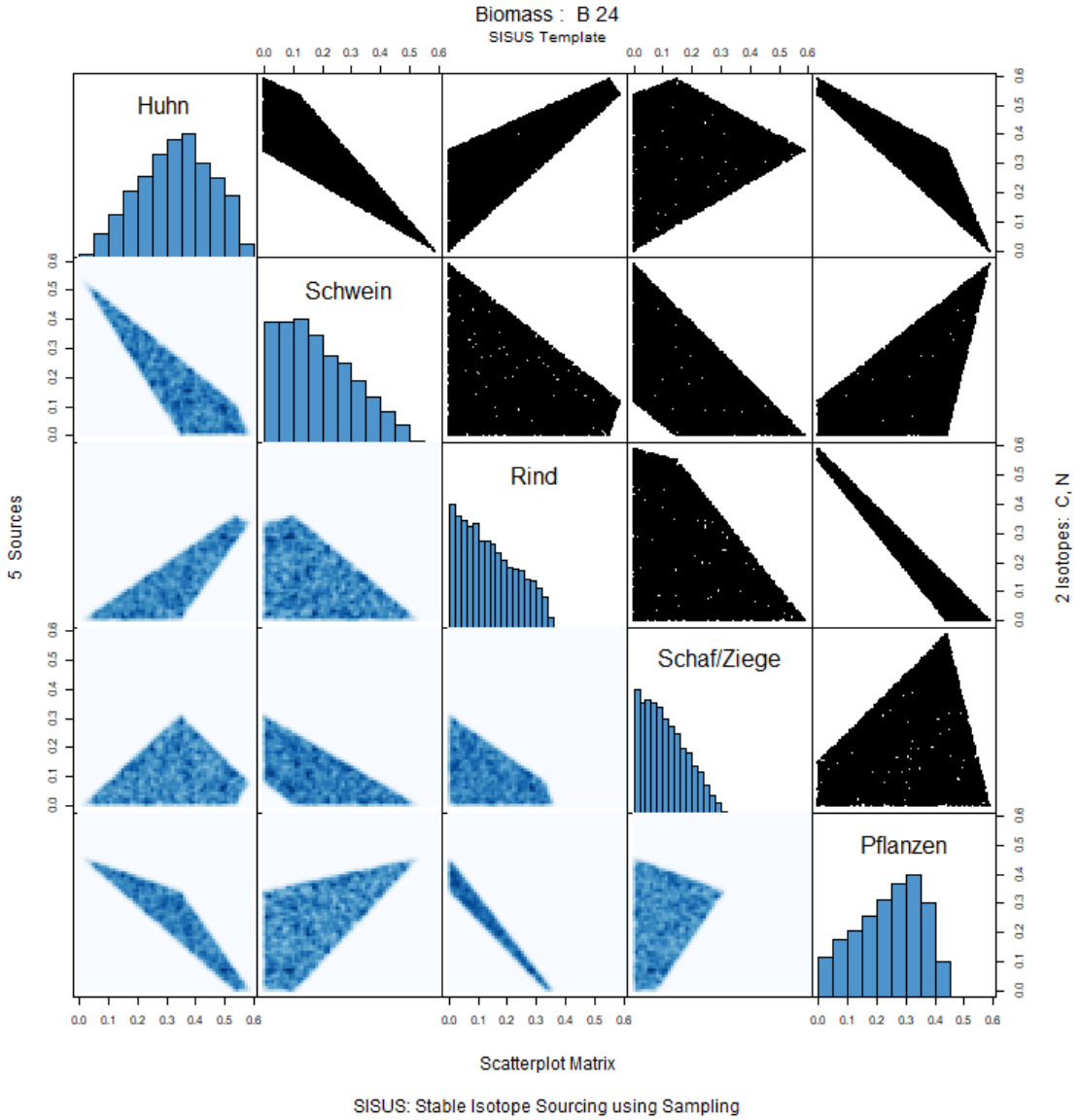


Abbildung 875: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 24. Erstellt mit SISUS.

B26

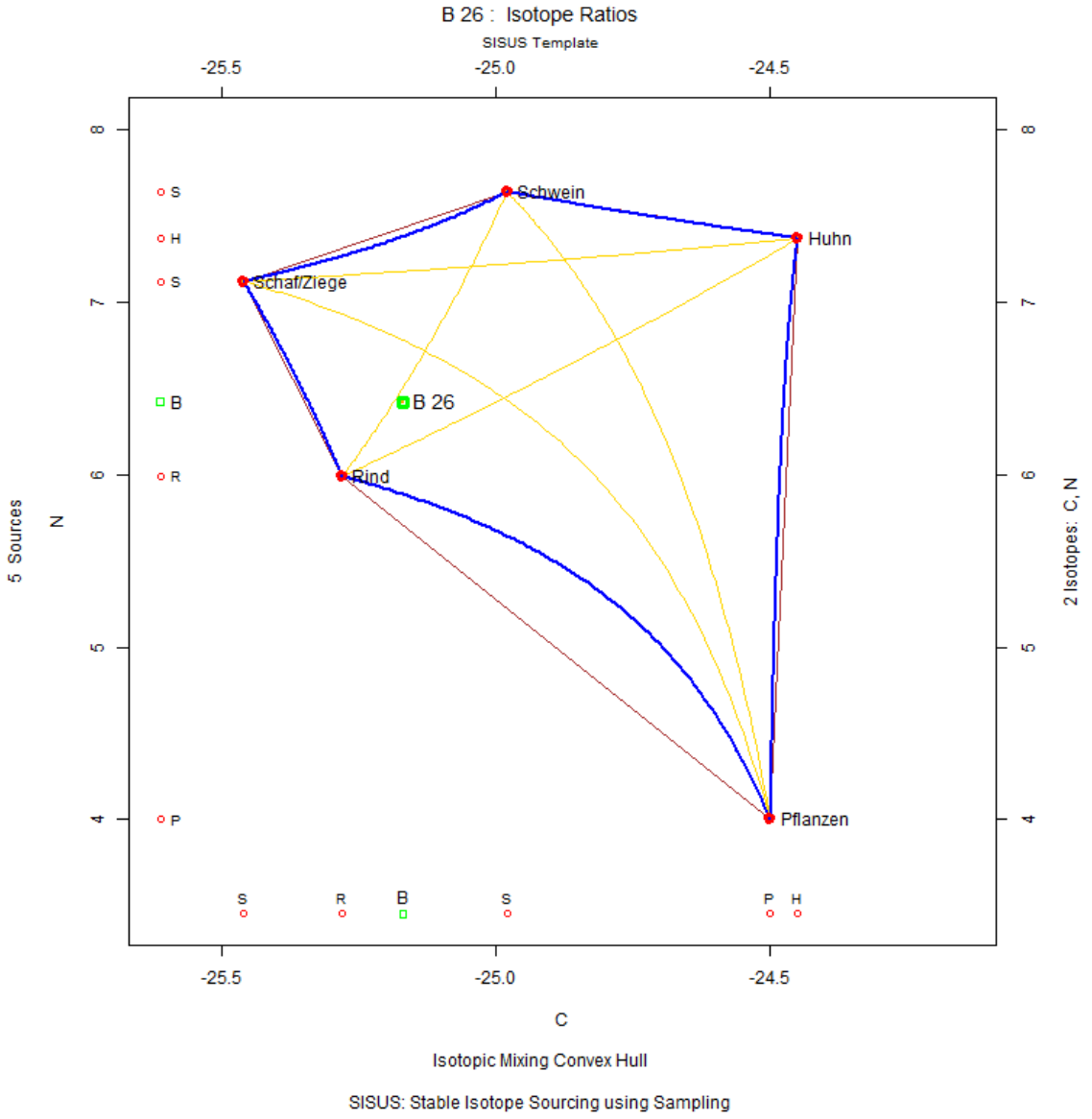


Abbildung 876: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 26. Erstellt mit SISUS.

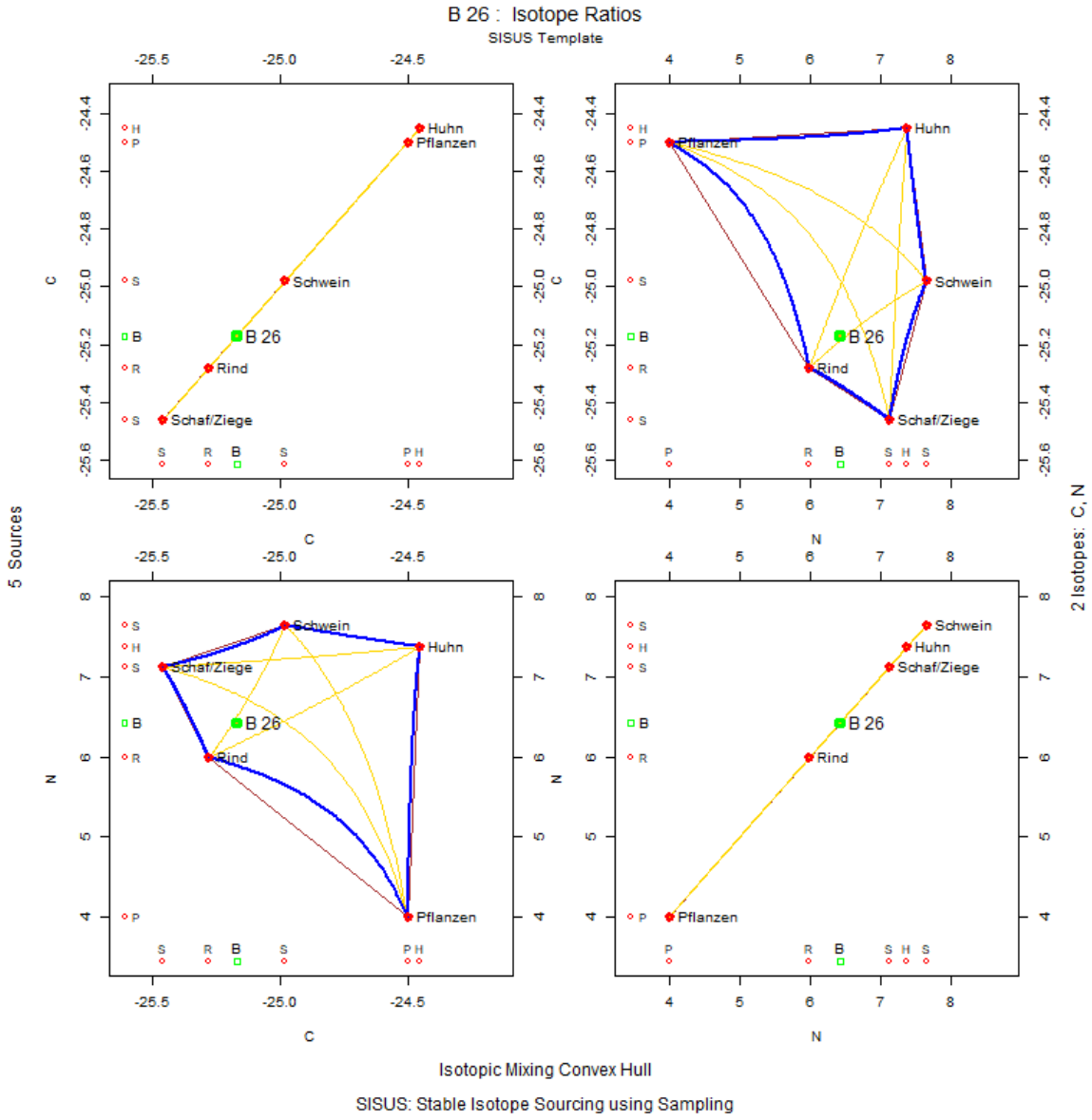


Abbildung 877: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 26 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

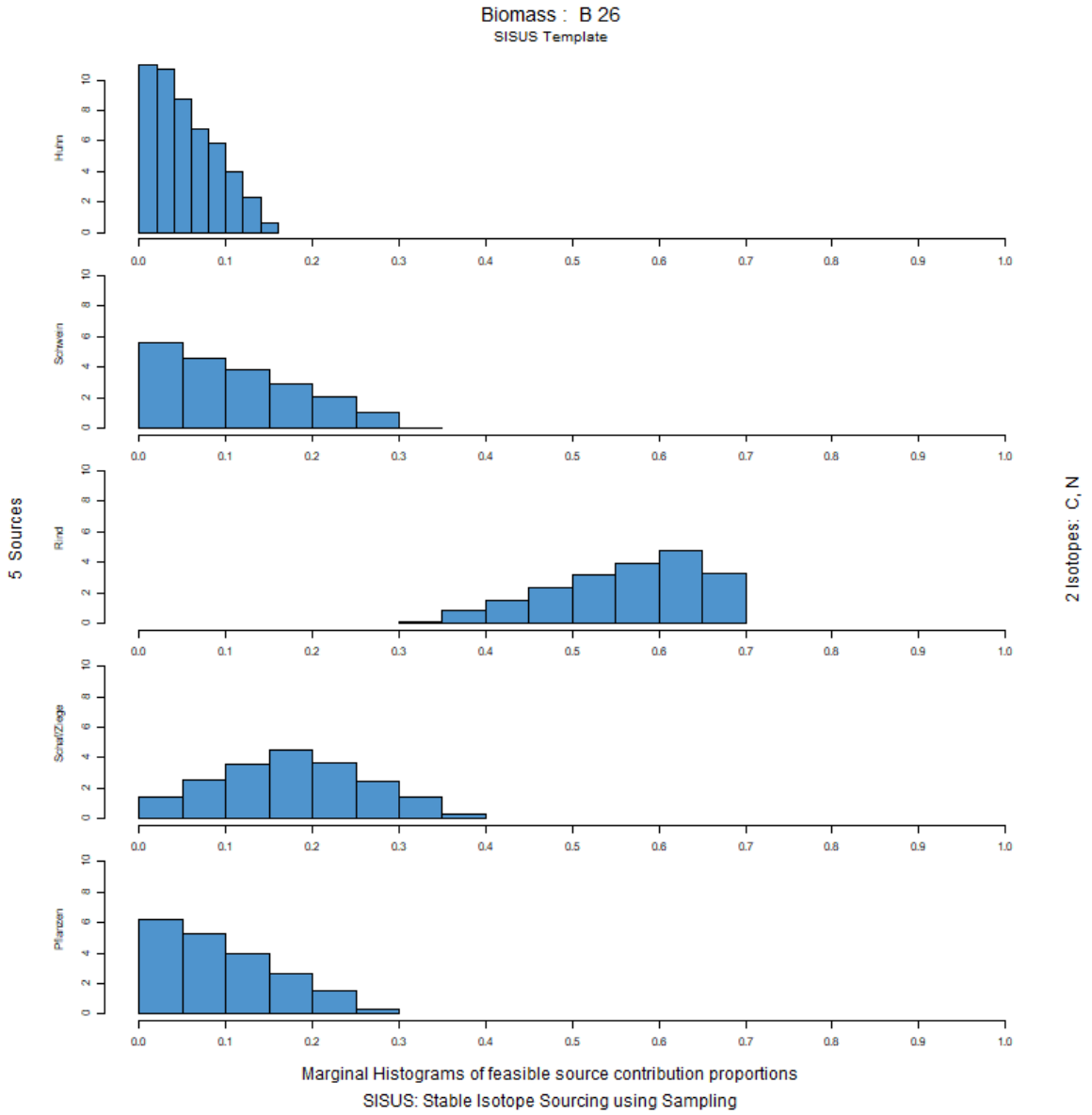


Abbildung 878: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 26. Erstellt mit SISUS.

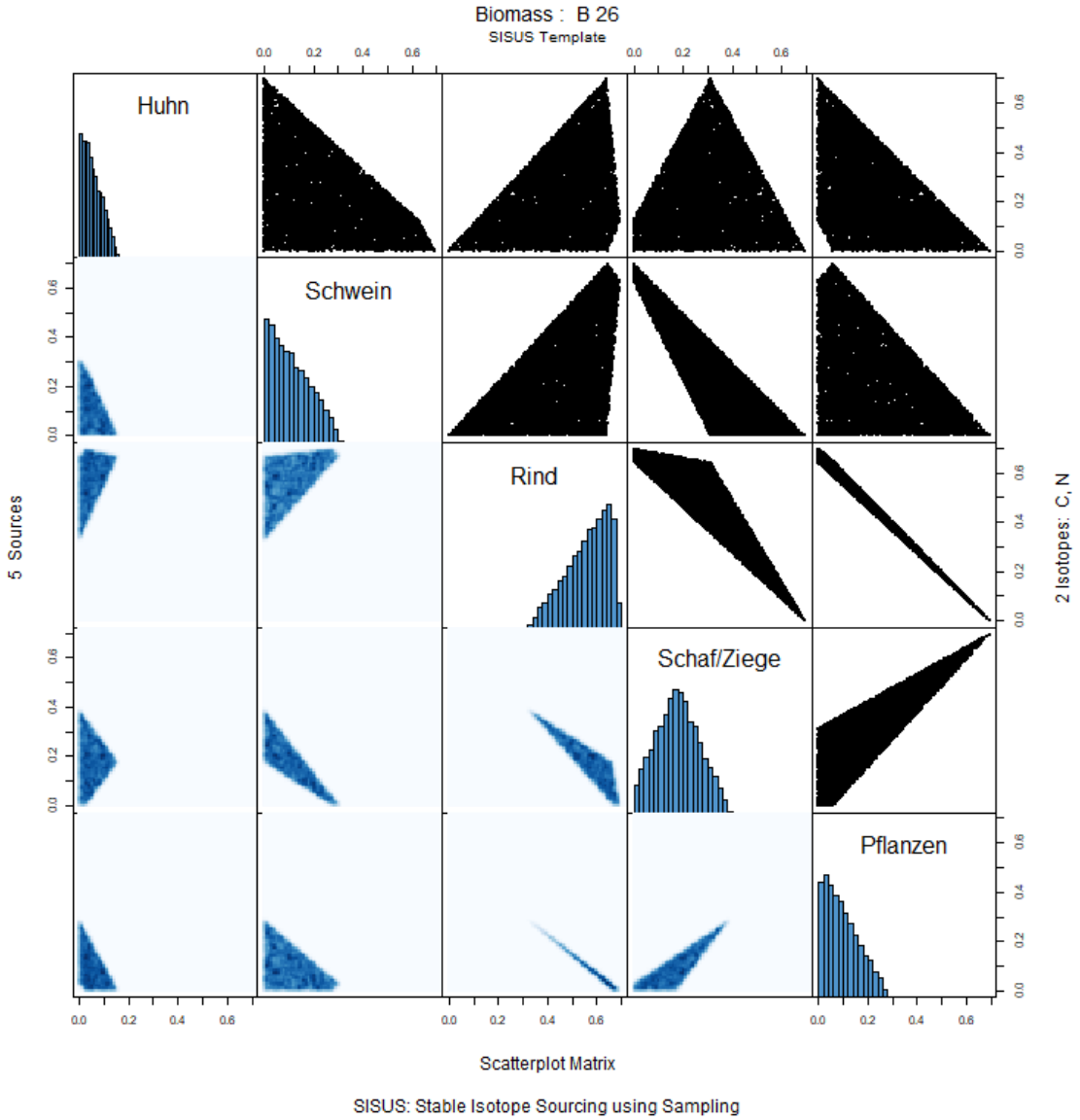


Abbildung 879: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 26. Erstellt mit SISUS.

B27

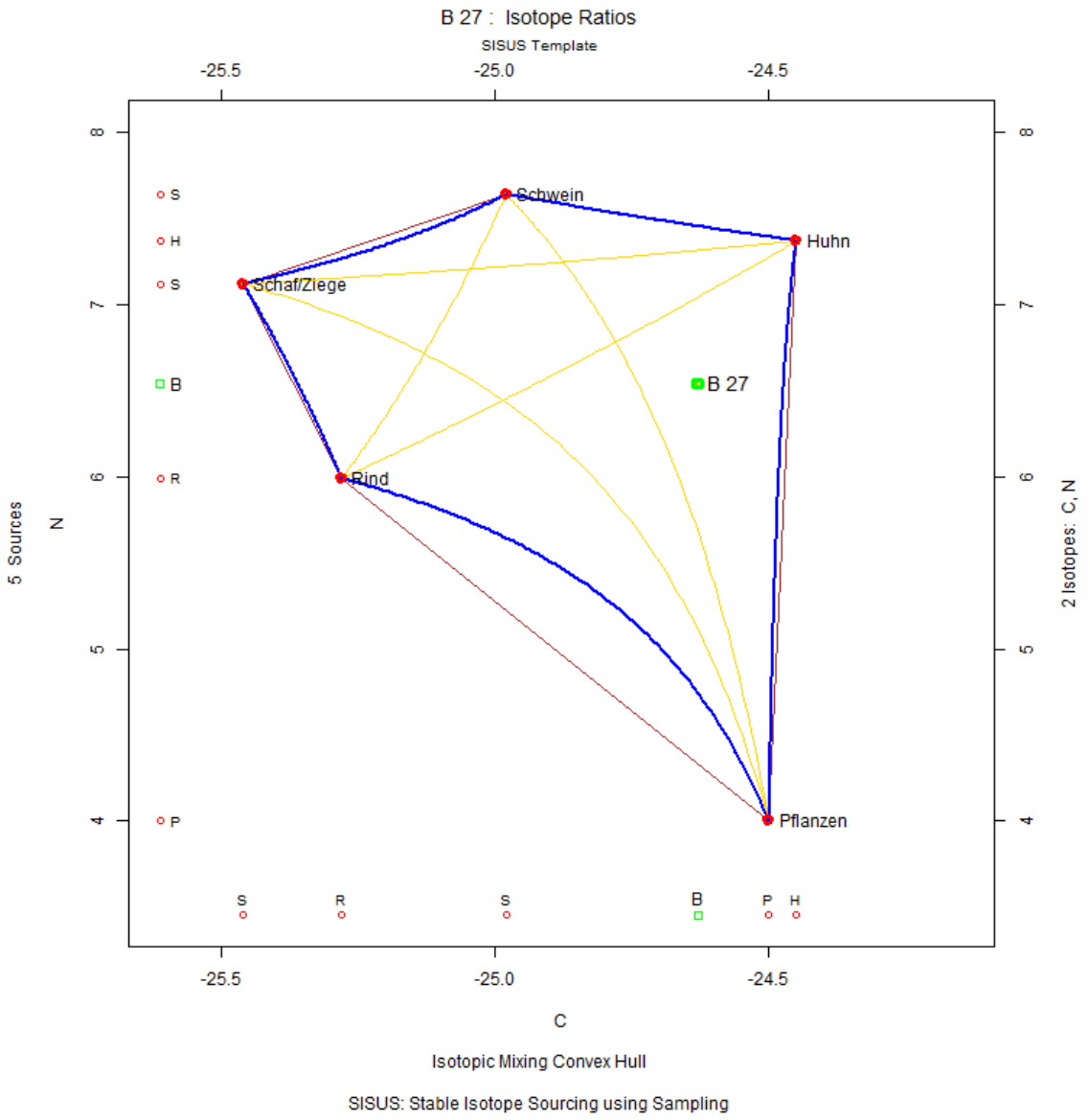


Abbildung 880: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 27. Erstellt mit SISUS.

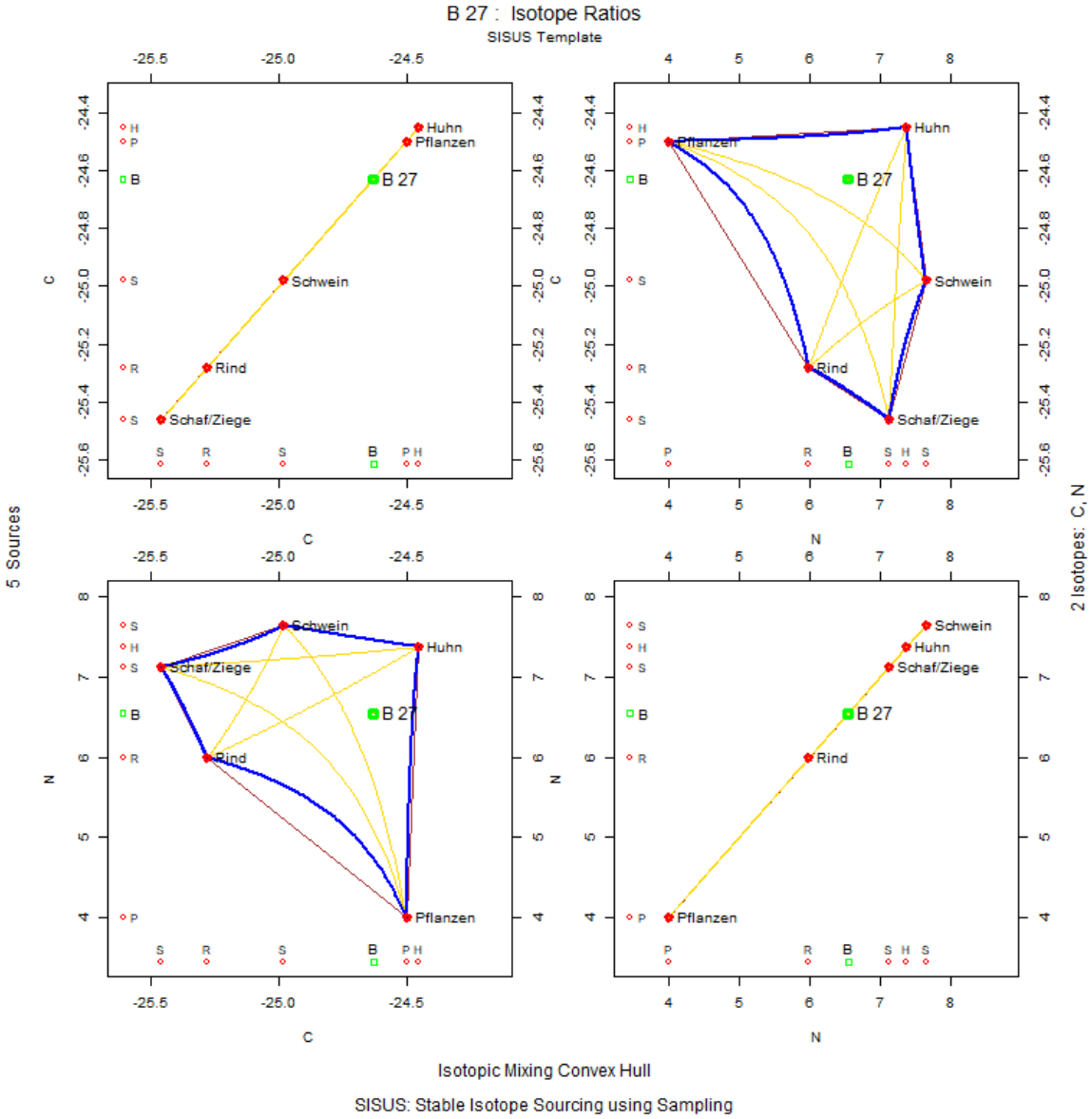


Abbildung 881: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 27 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

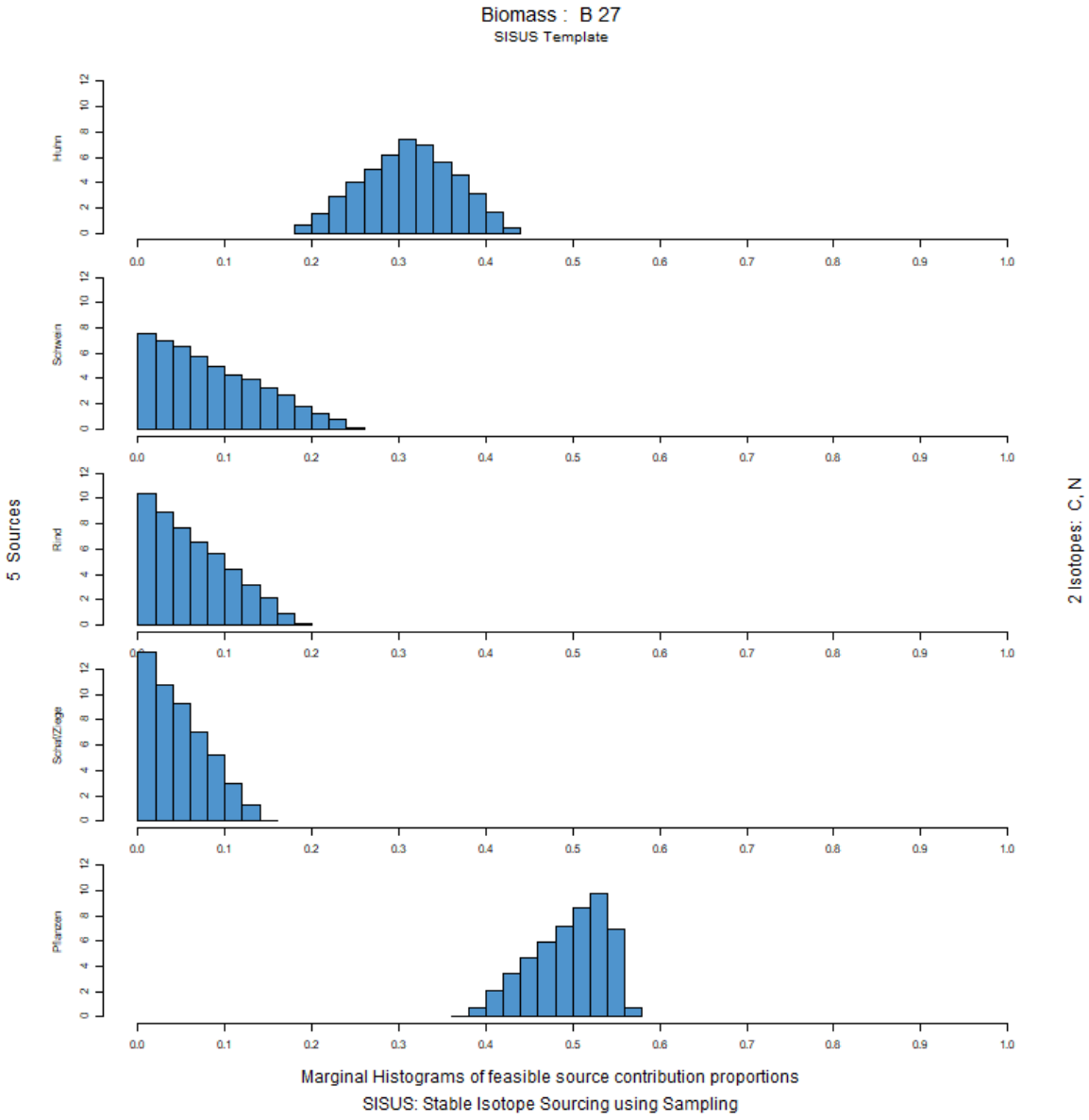


Abbildung 882: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 27. Erstellt mit SISUS.

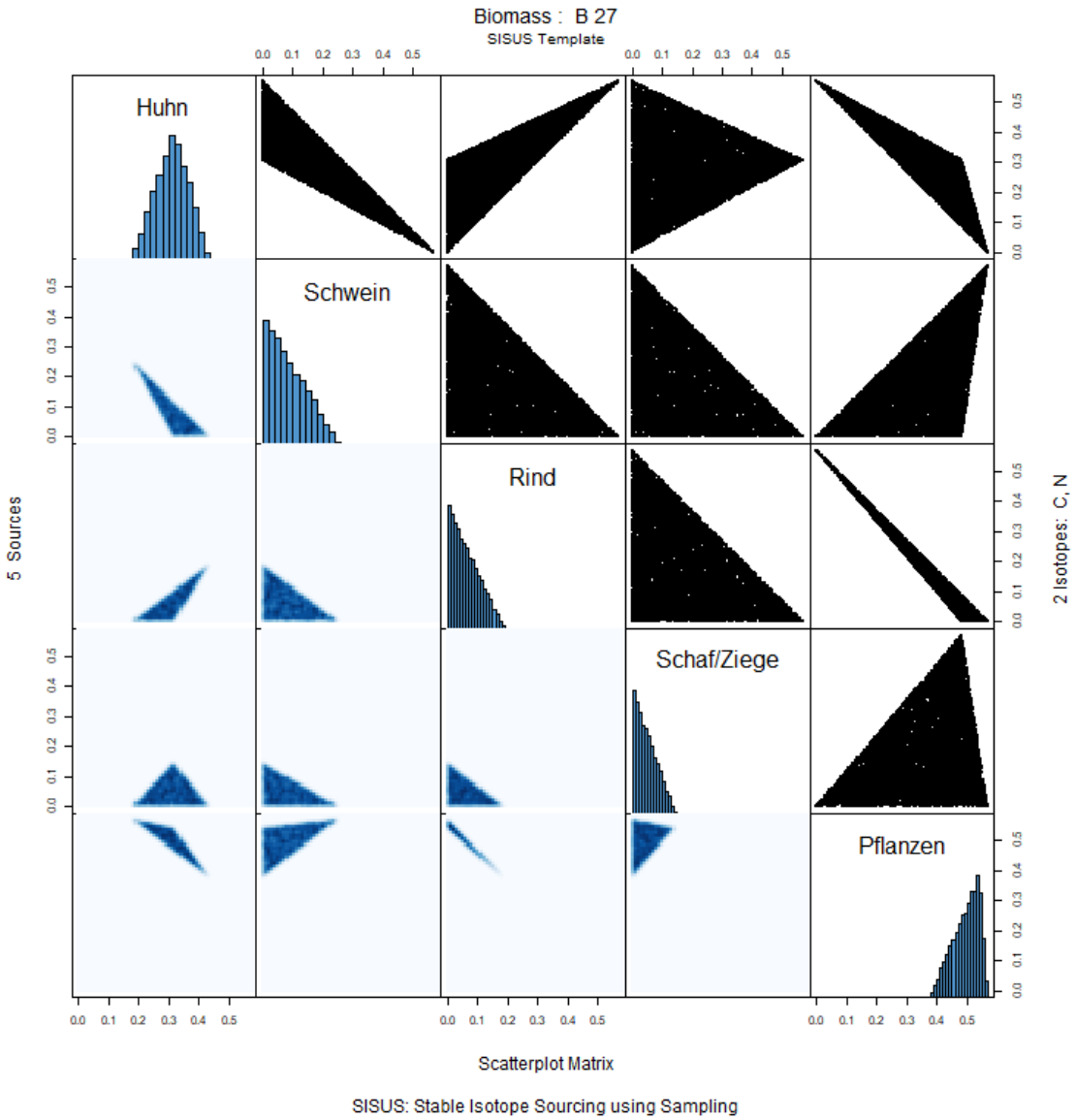


Abbildung 883: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 27. Erstellt mit SISUS.

B28

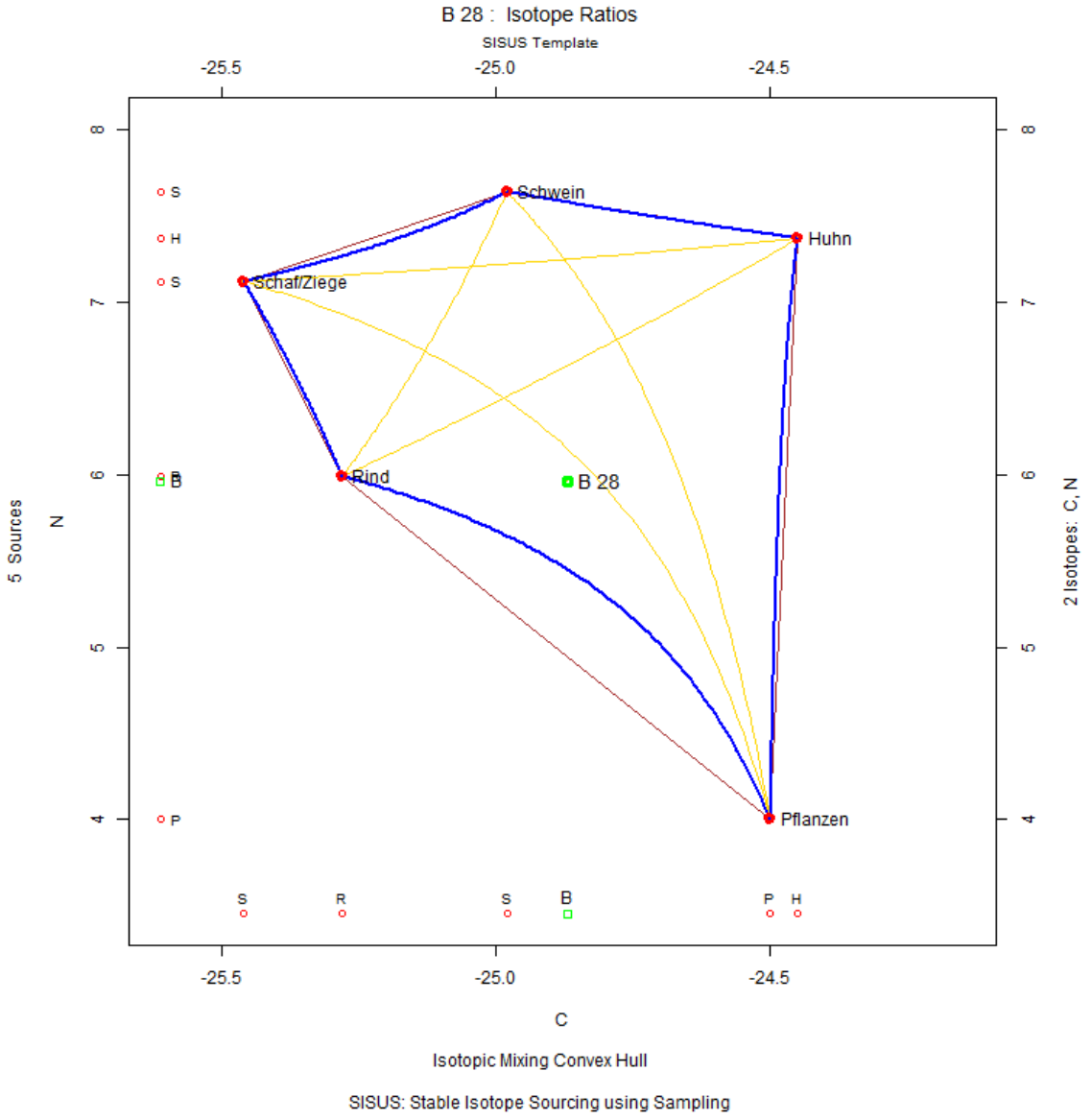


Abbildung 884: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 28. Erstellt mit SISUS.

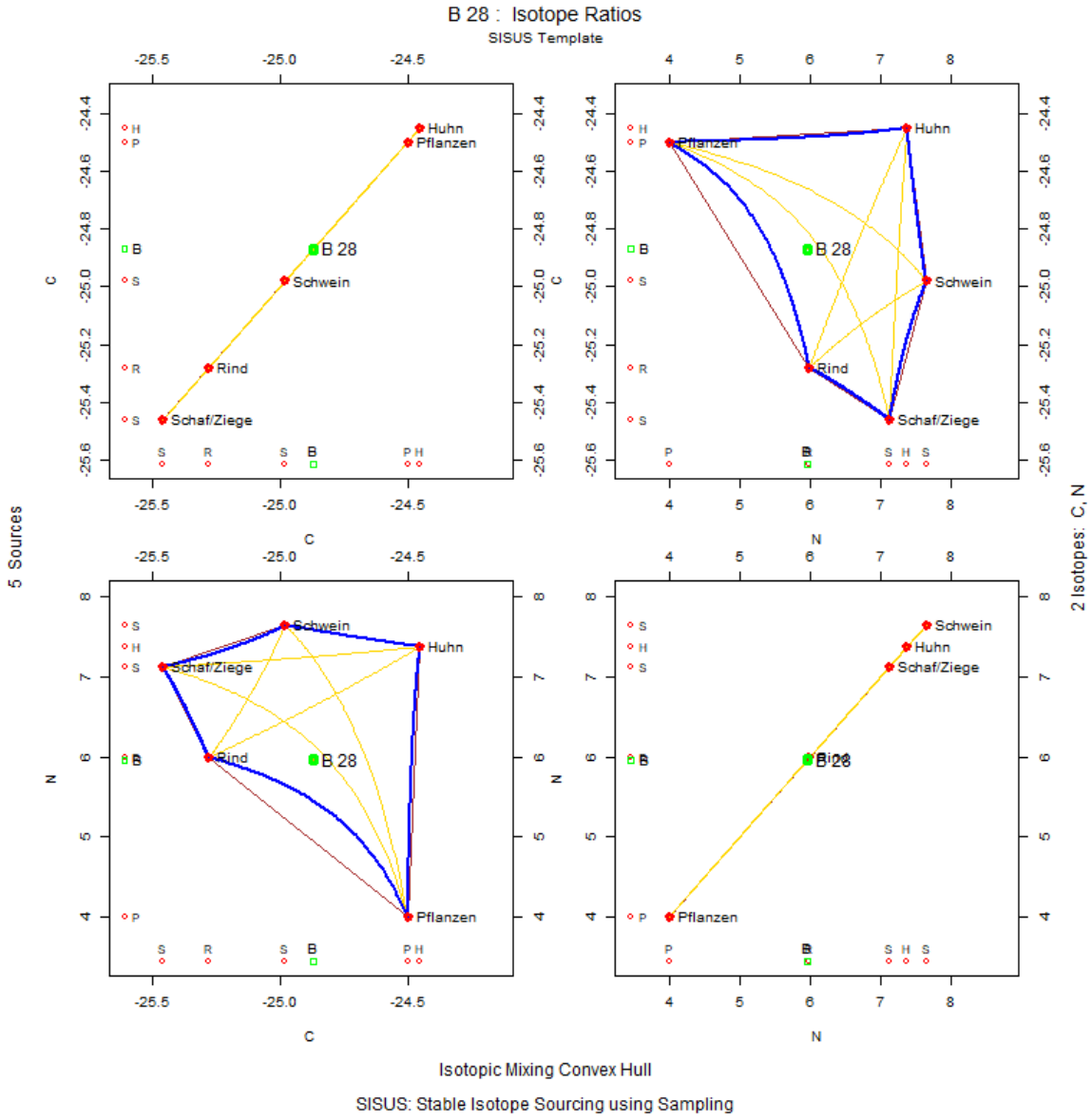


Abbildung 885: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 28 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

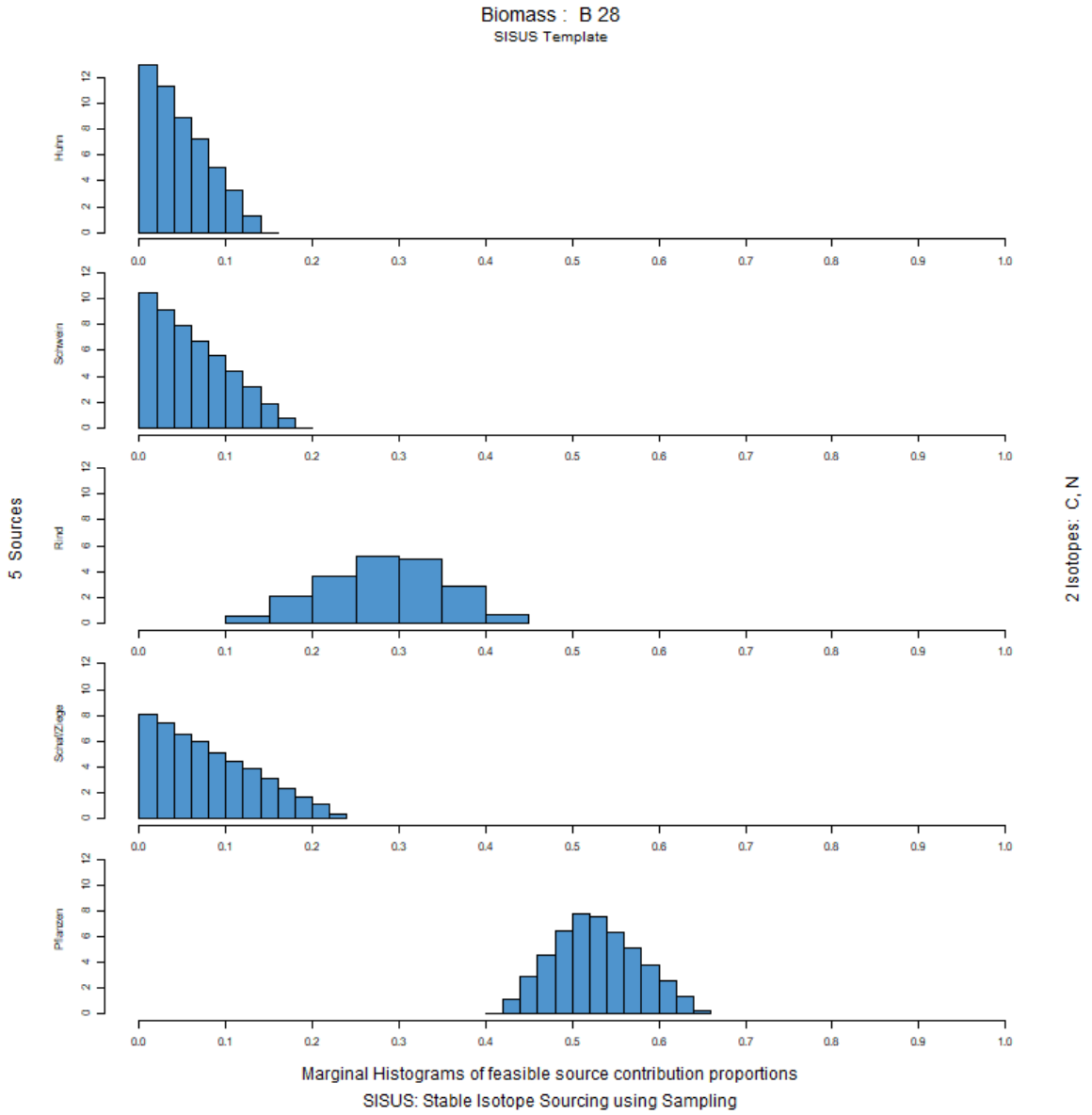


Abbildung 886: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 28. Erstellt mit SISUS.

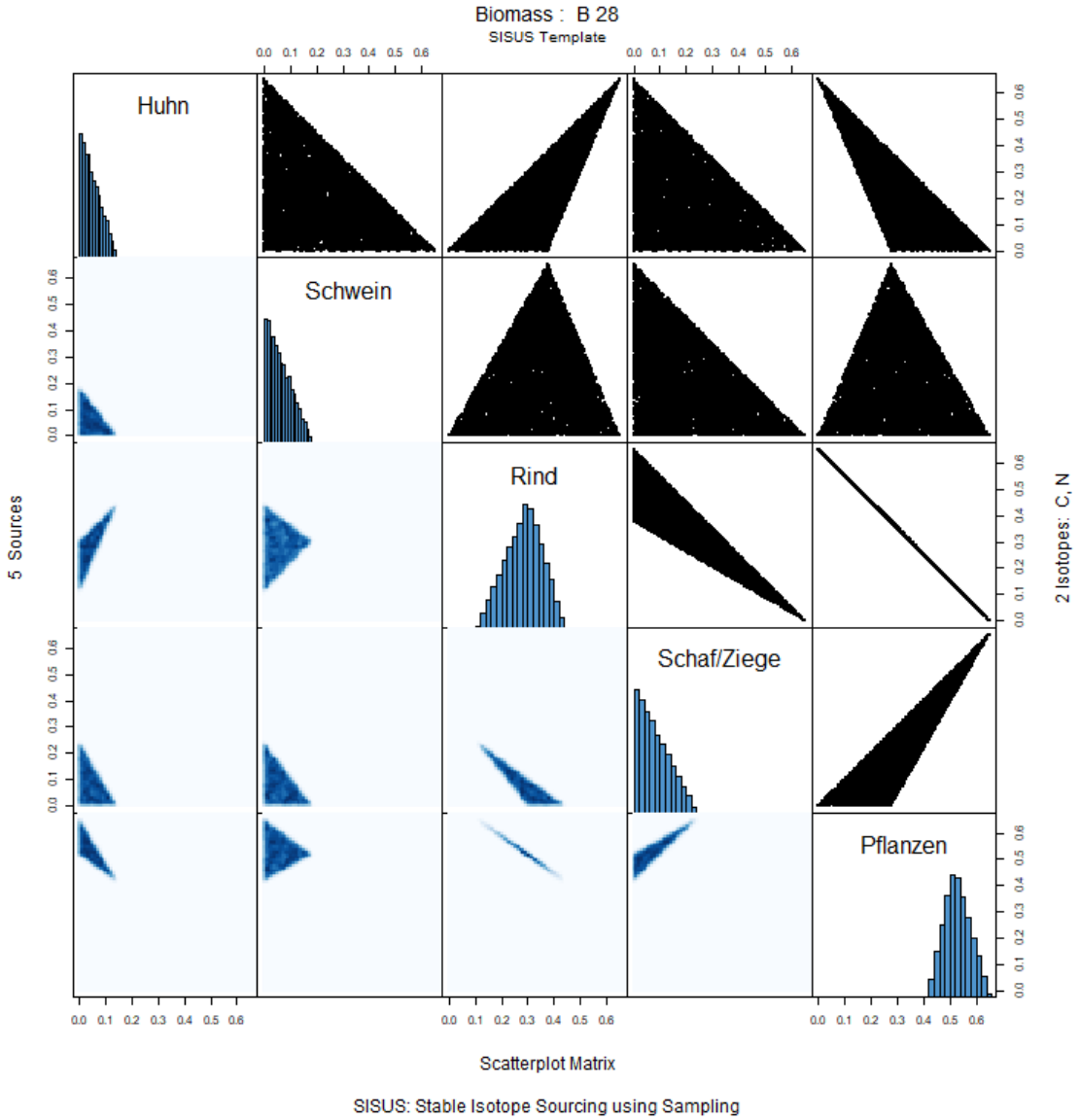


Abbildung 887: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 28. Erstellt mit SISUS.

B30

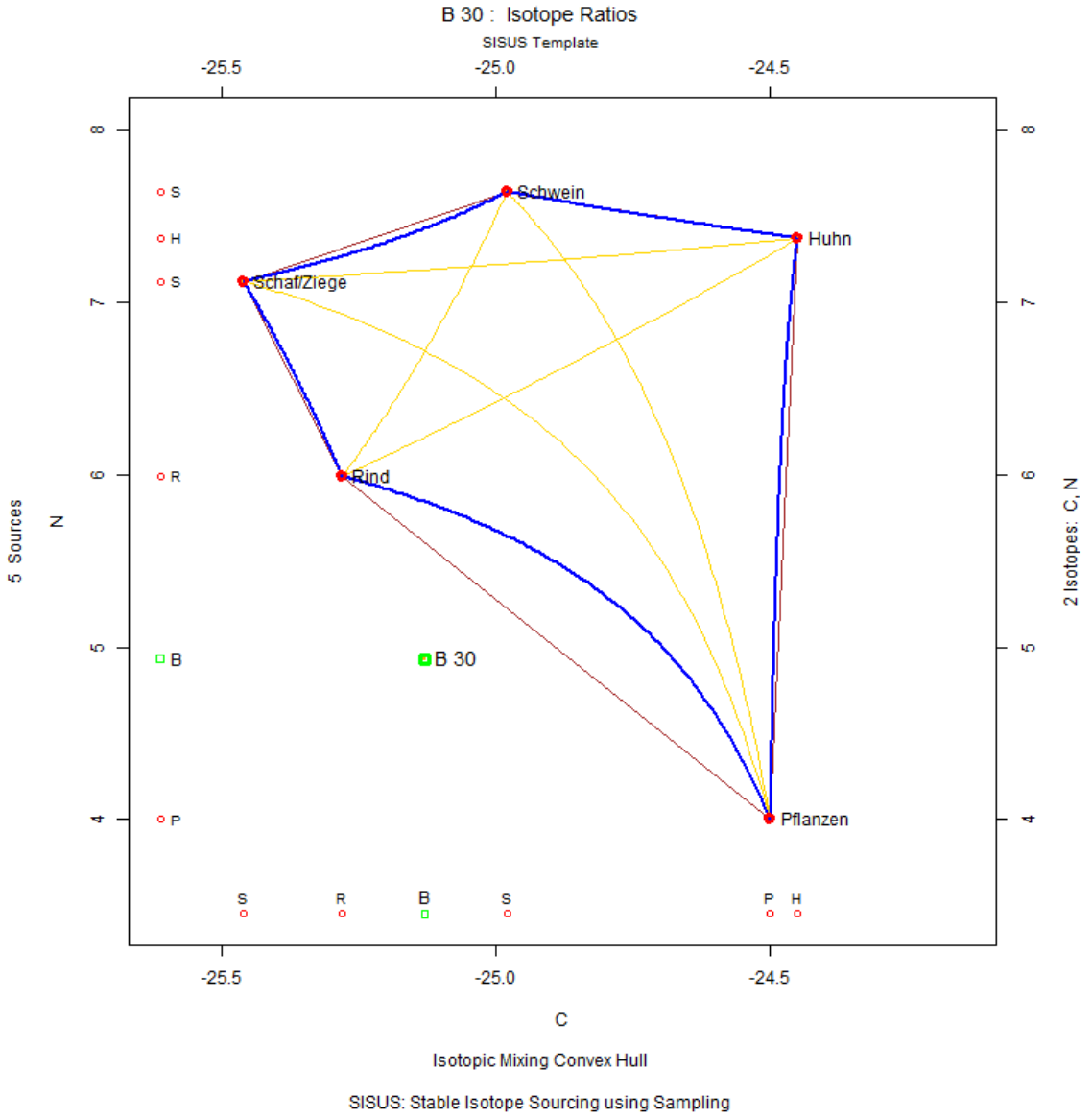


Abbildung 888: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 30. Erstellt mit SISUS.

B31

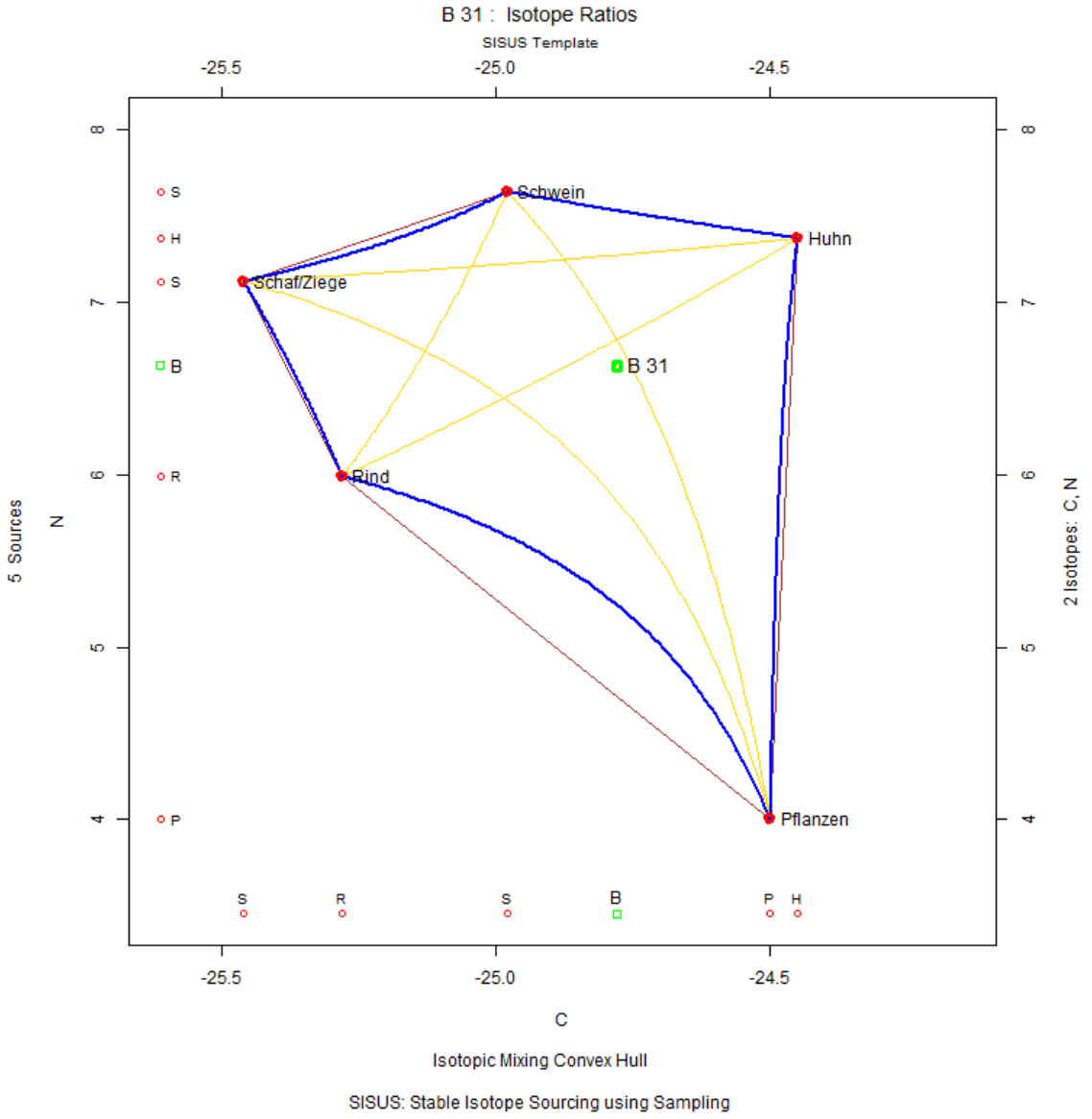


Abbildung 889: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 31. Erstellt mit SISUS.

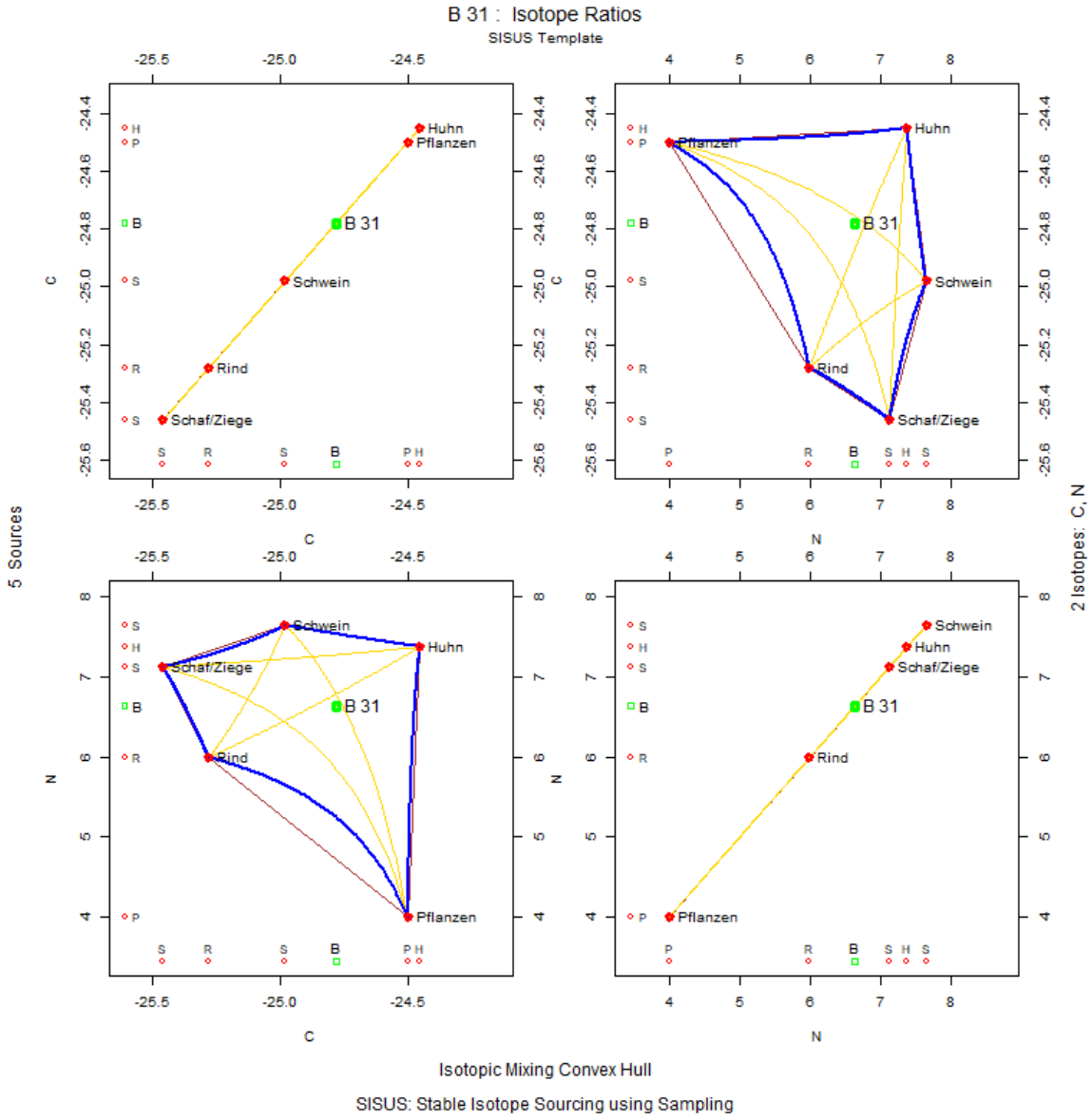


Abbildung 890: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 31 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

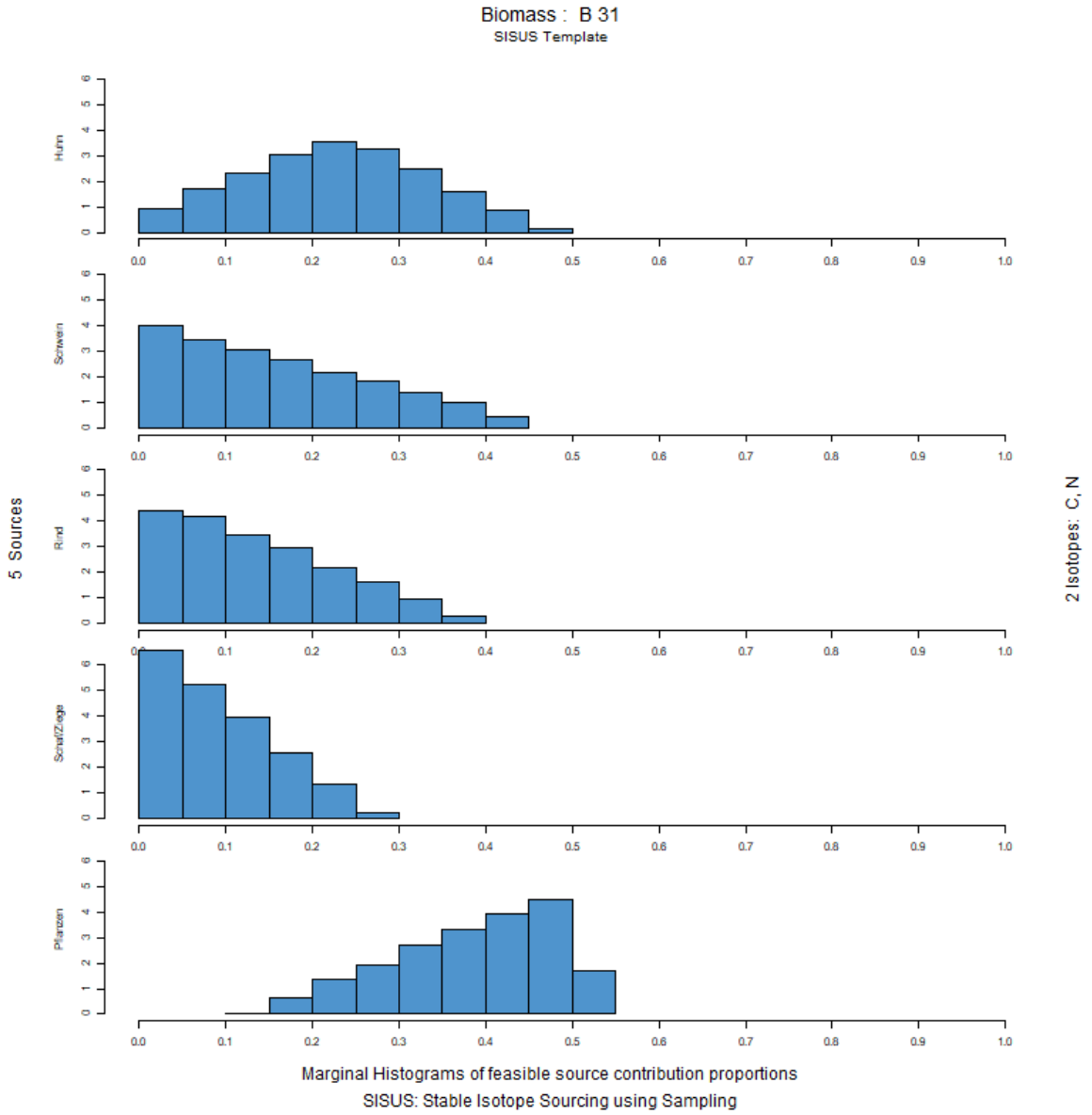


Abbildung 891: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 31. Erstellt mit SISUS.

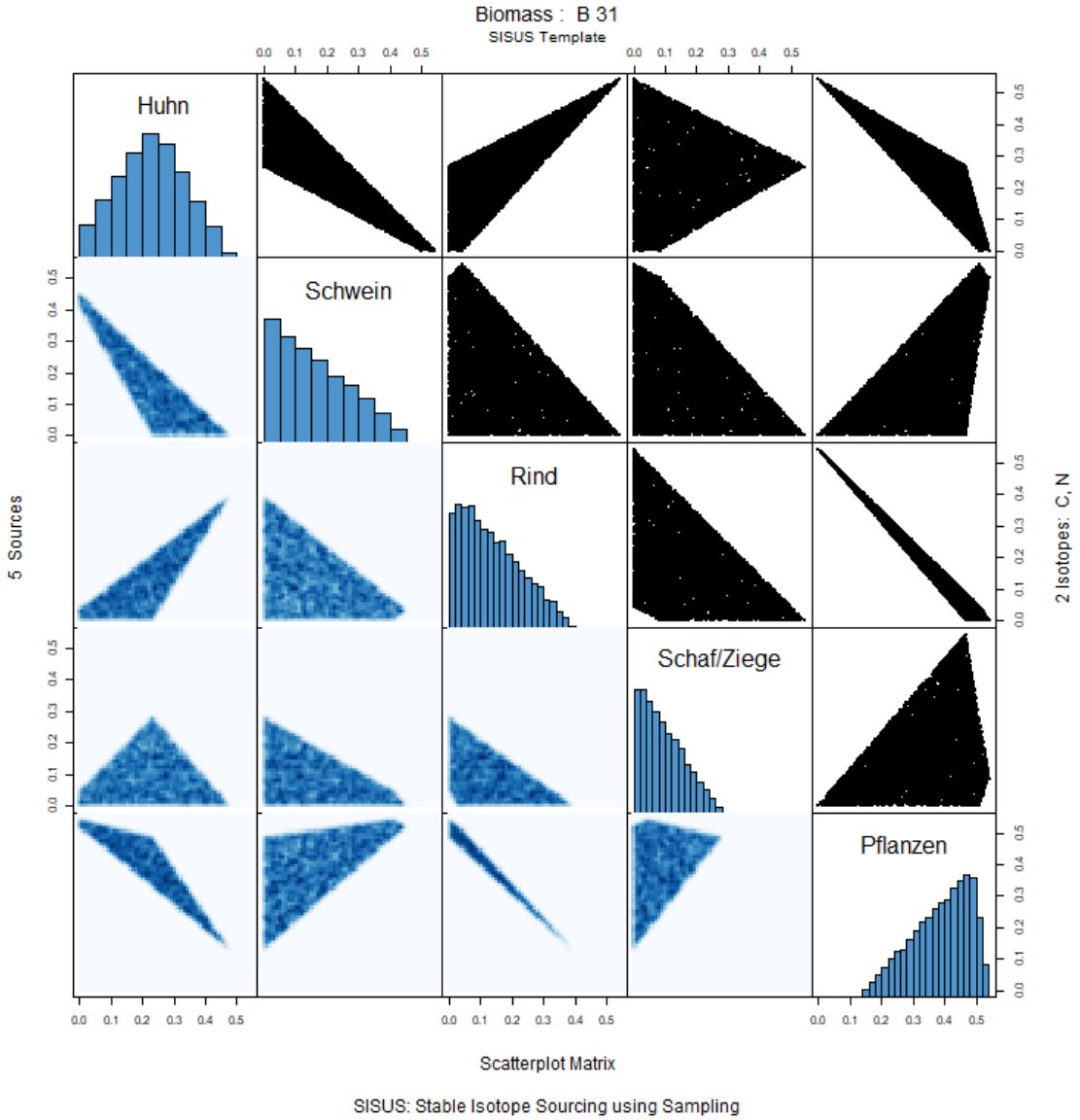


Abbildung 892: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 31. Erstellt mit SISUS.

B33

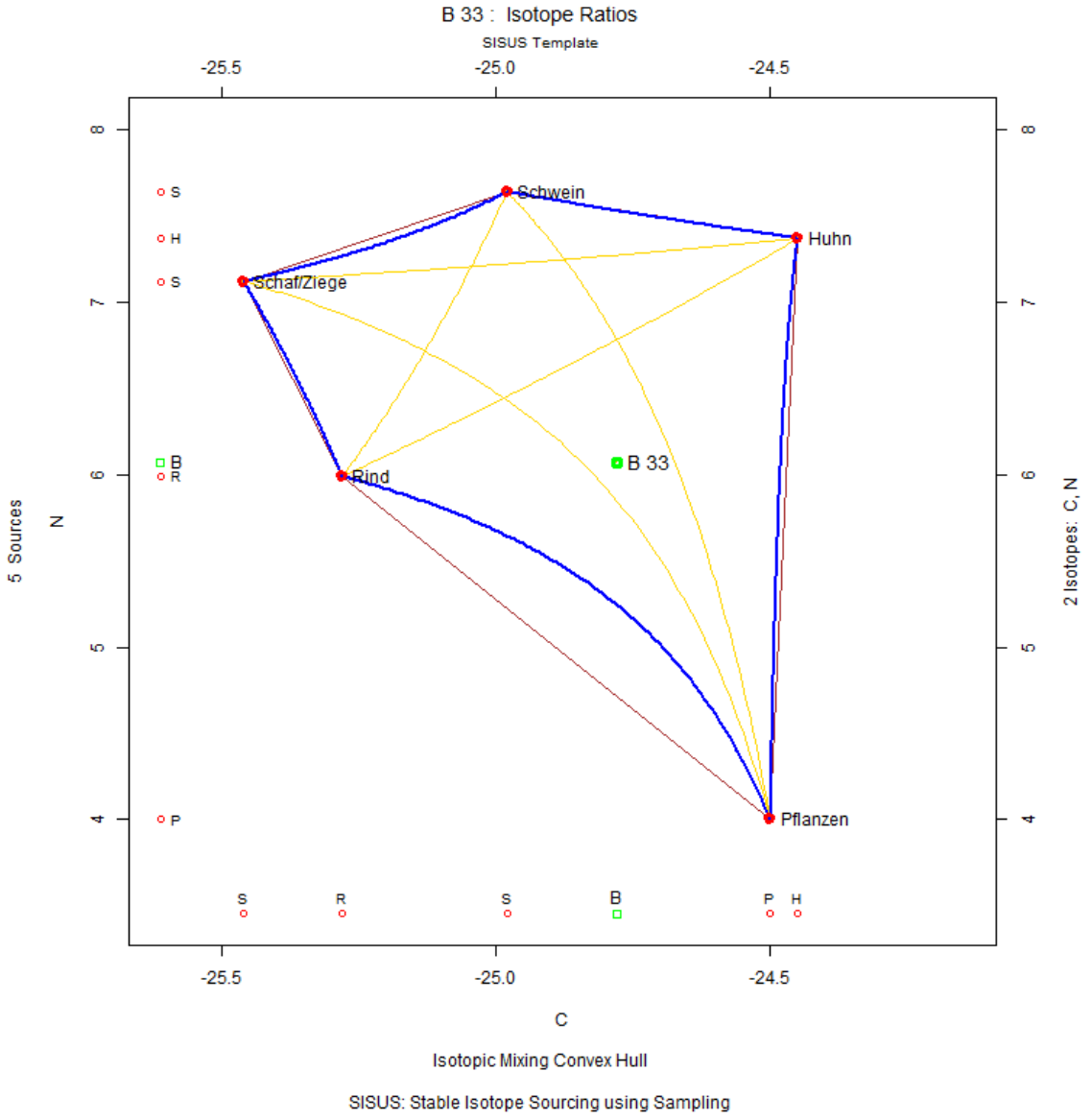


Abbildung 893: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 33. Erstellt mit SISUS.

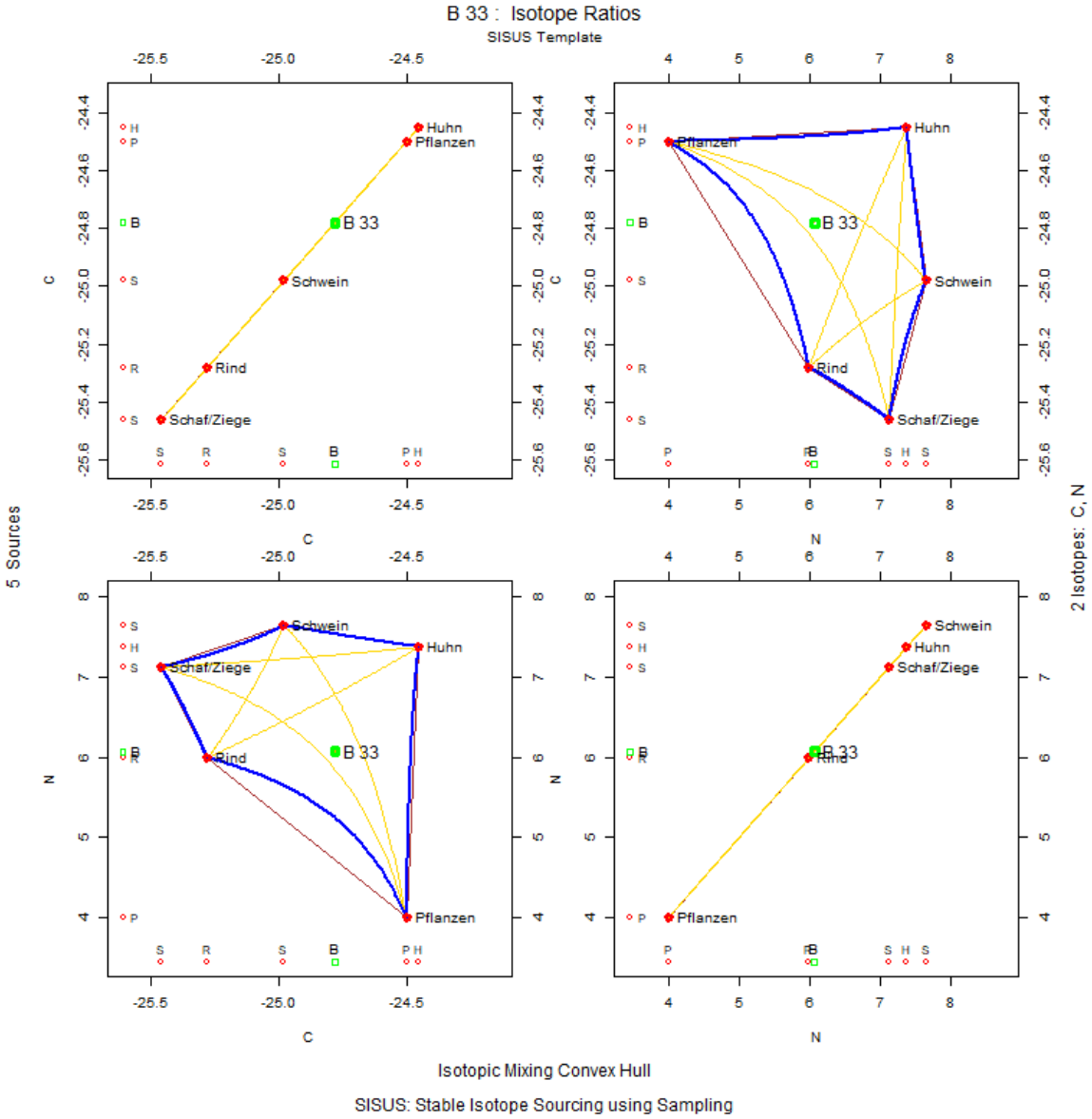


Abbildung 894: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 33 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

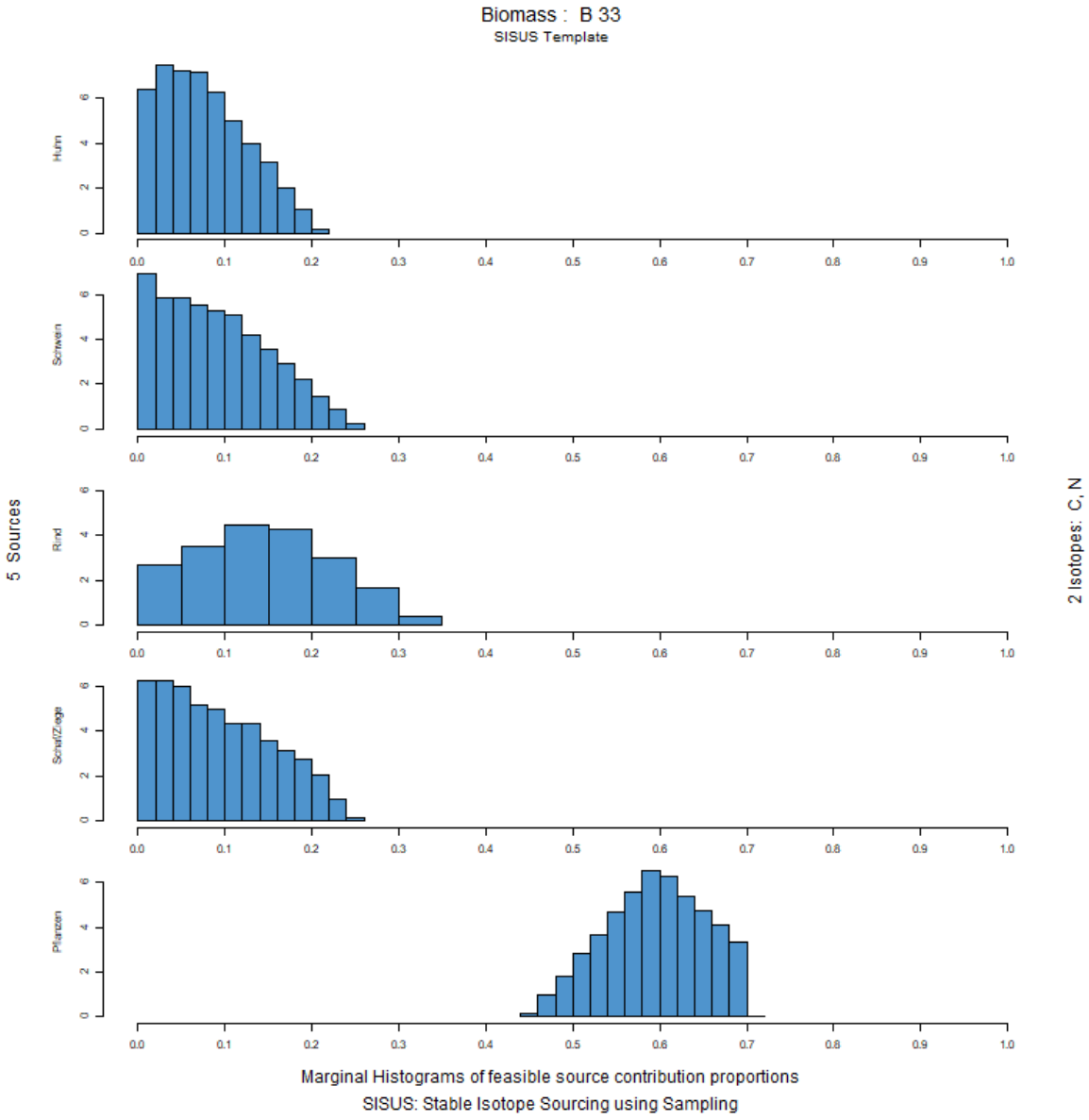


Abbildung 895: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 33. Erstellt mit SISUS.

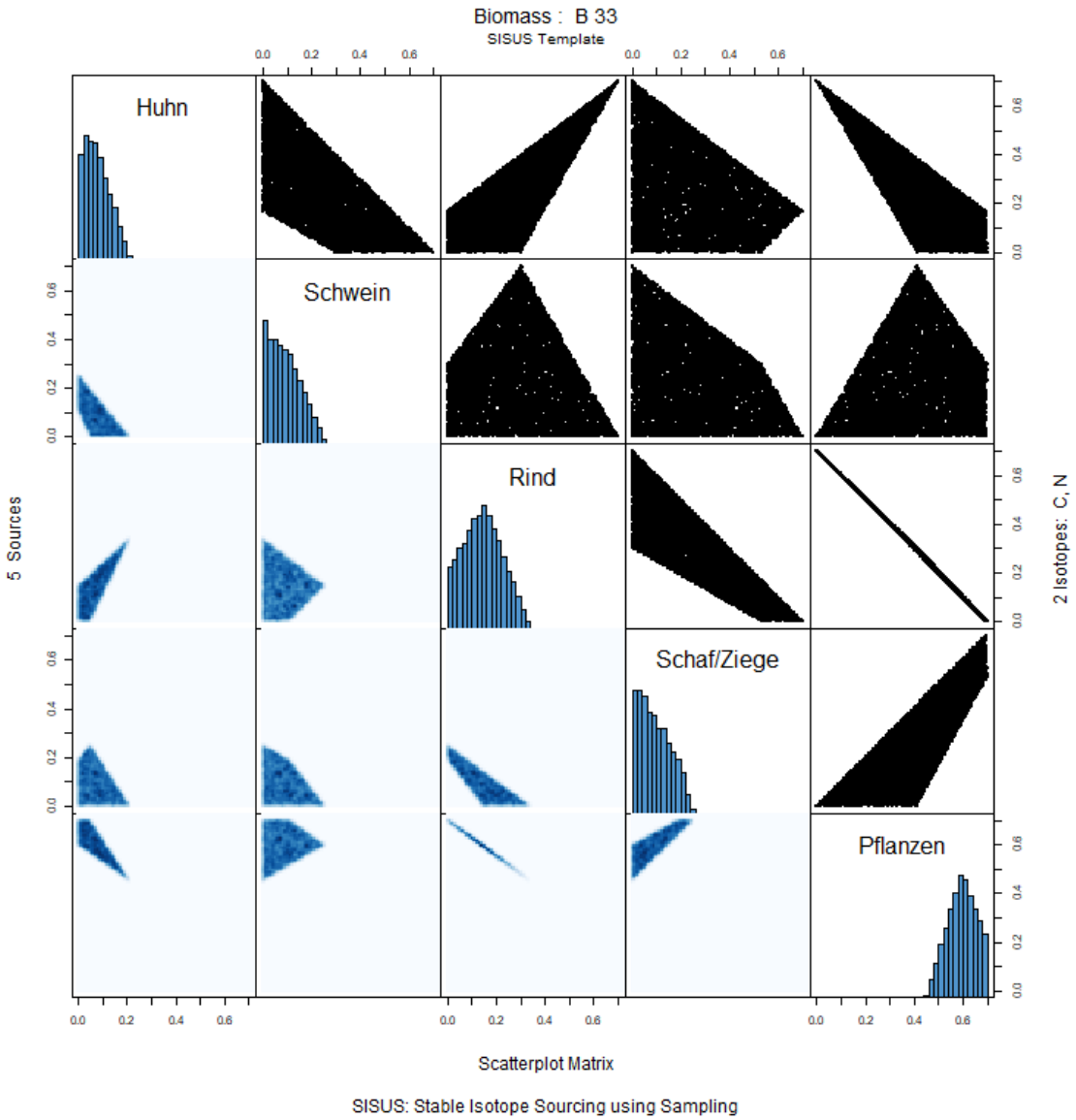


Abbildung 896: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 33. Erstellt mit SISUS.

B36

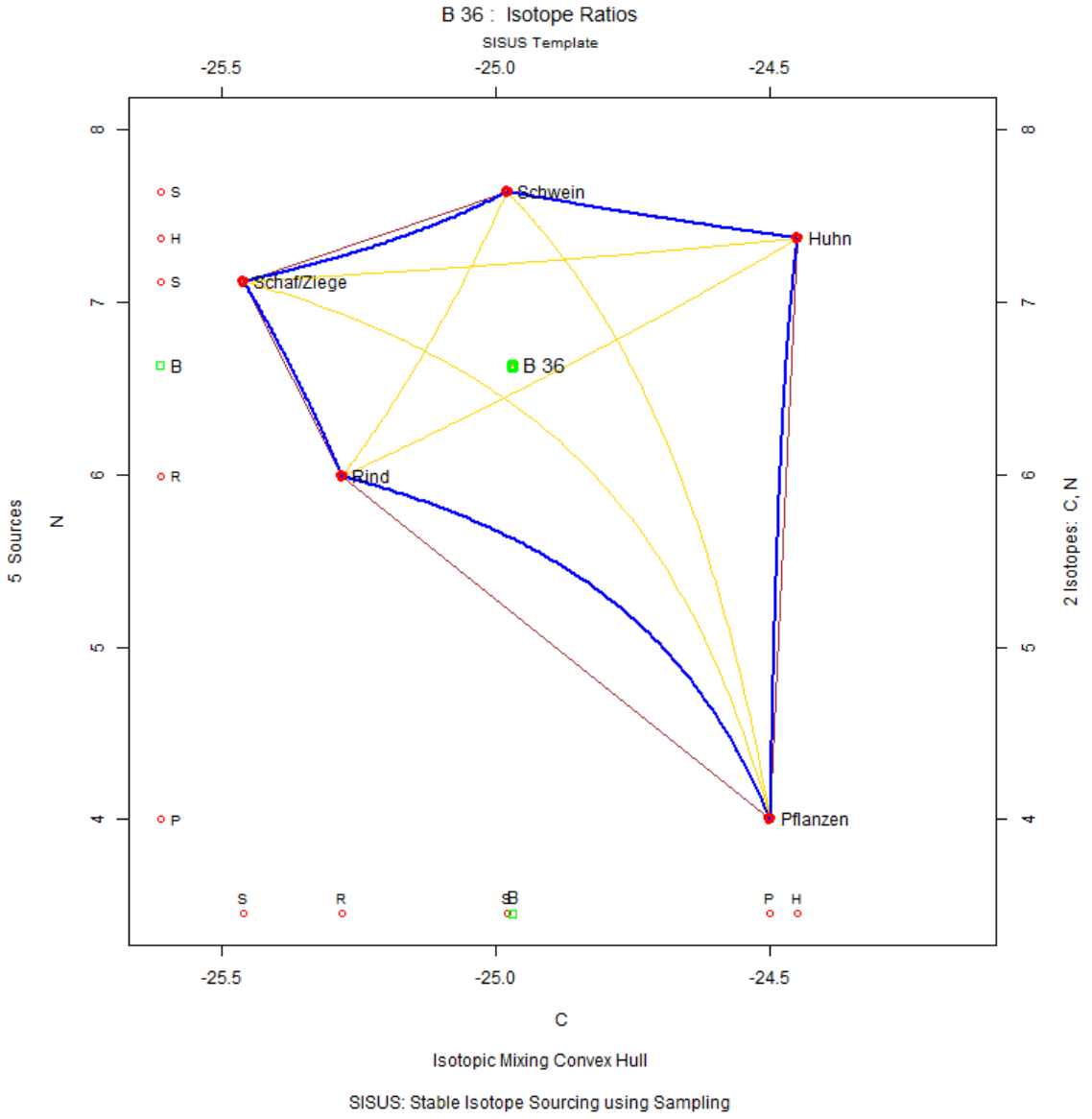


Abbildung 897: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 36. Erstellt mit SISUS.

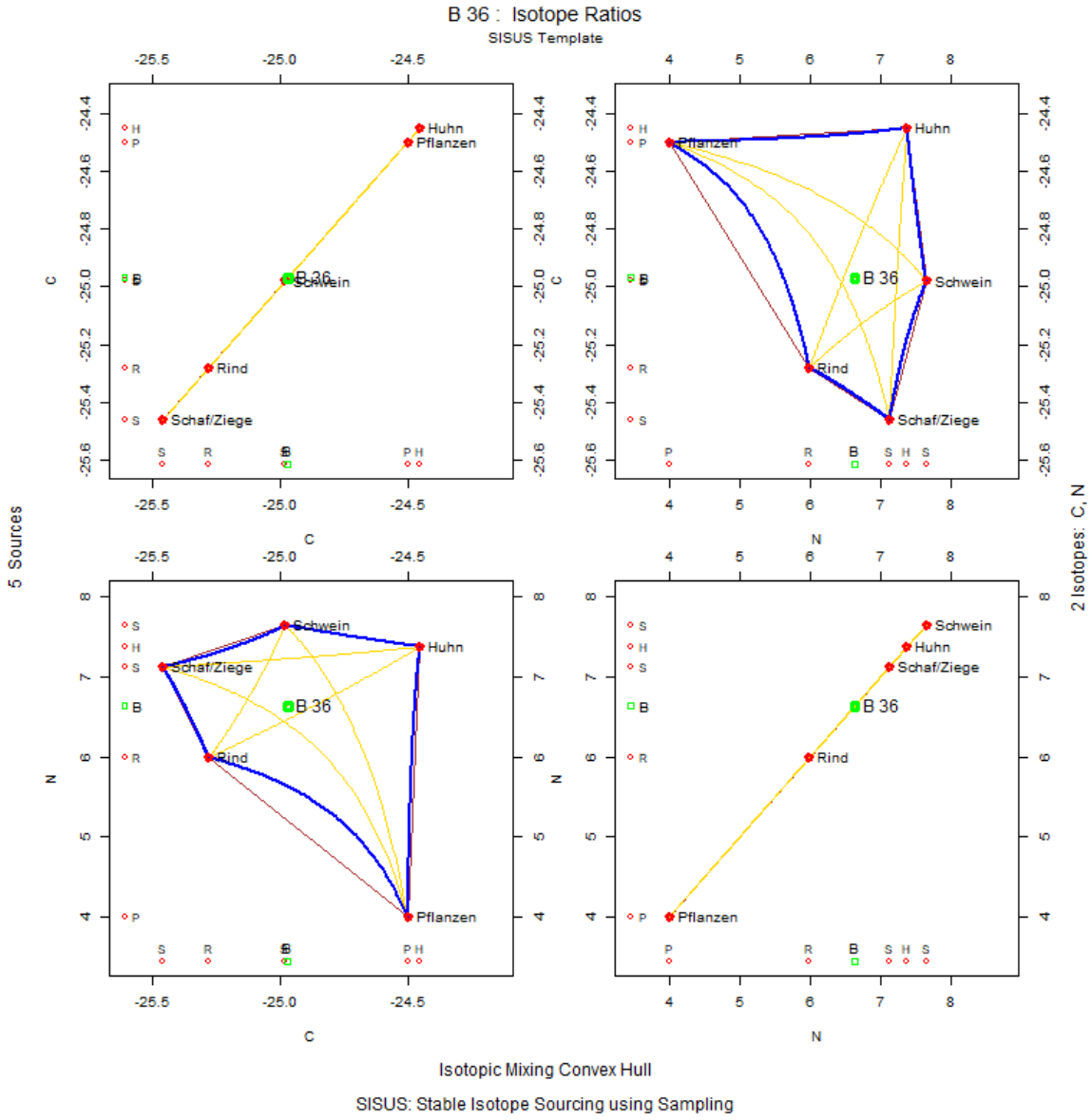


Abbildung 898: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 36 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

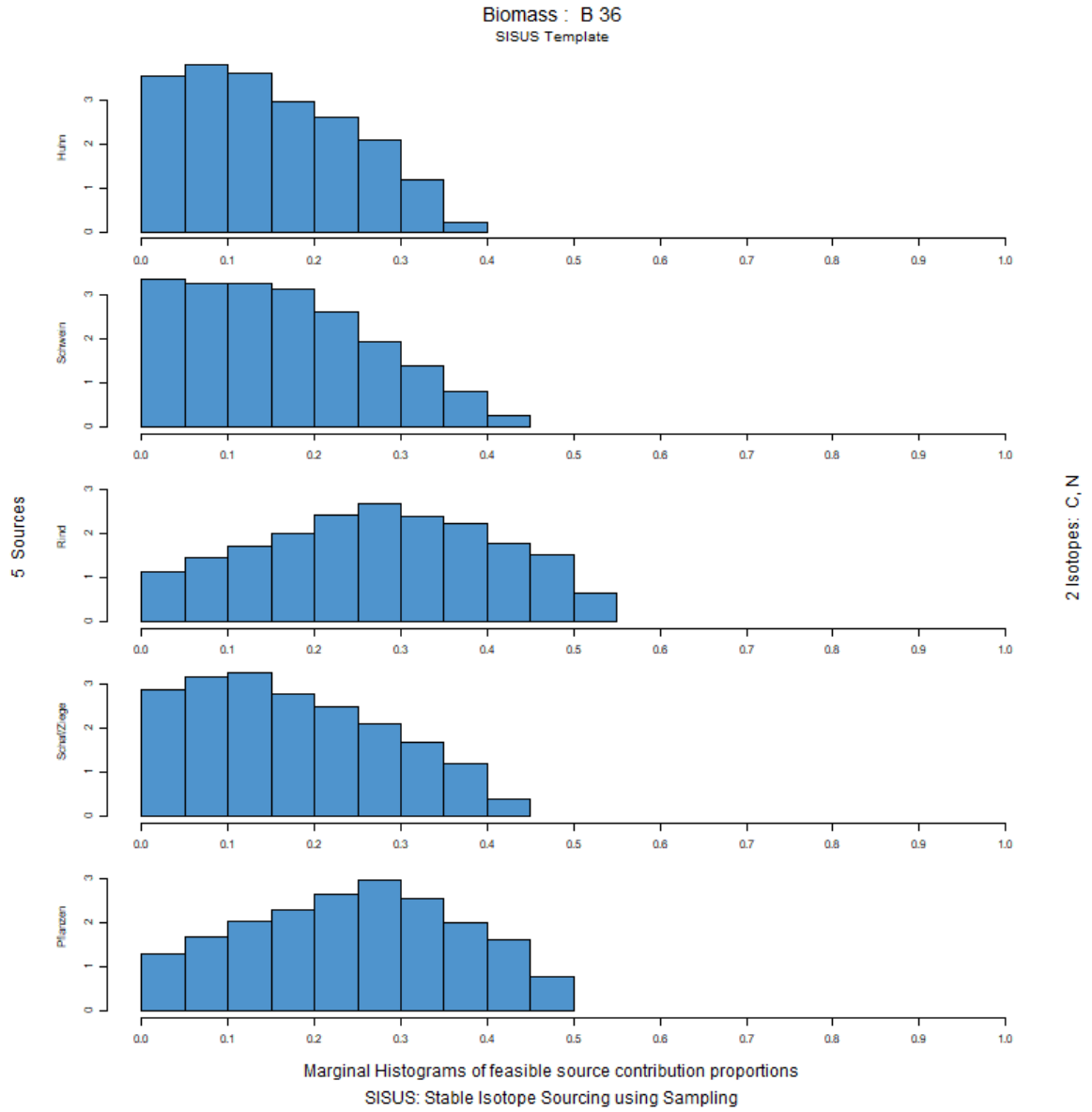


Abbildung 899: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 36. Erstellt mit SISUS.

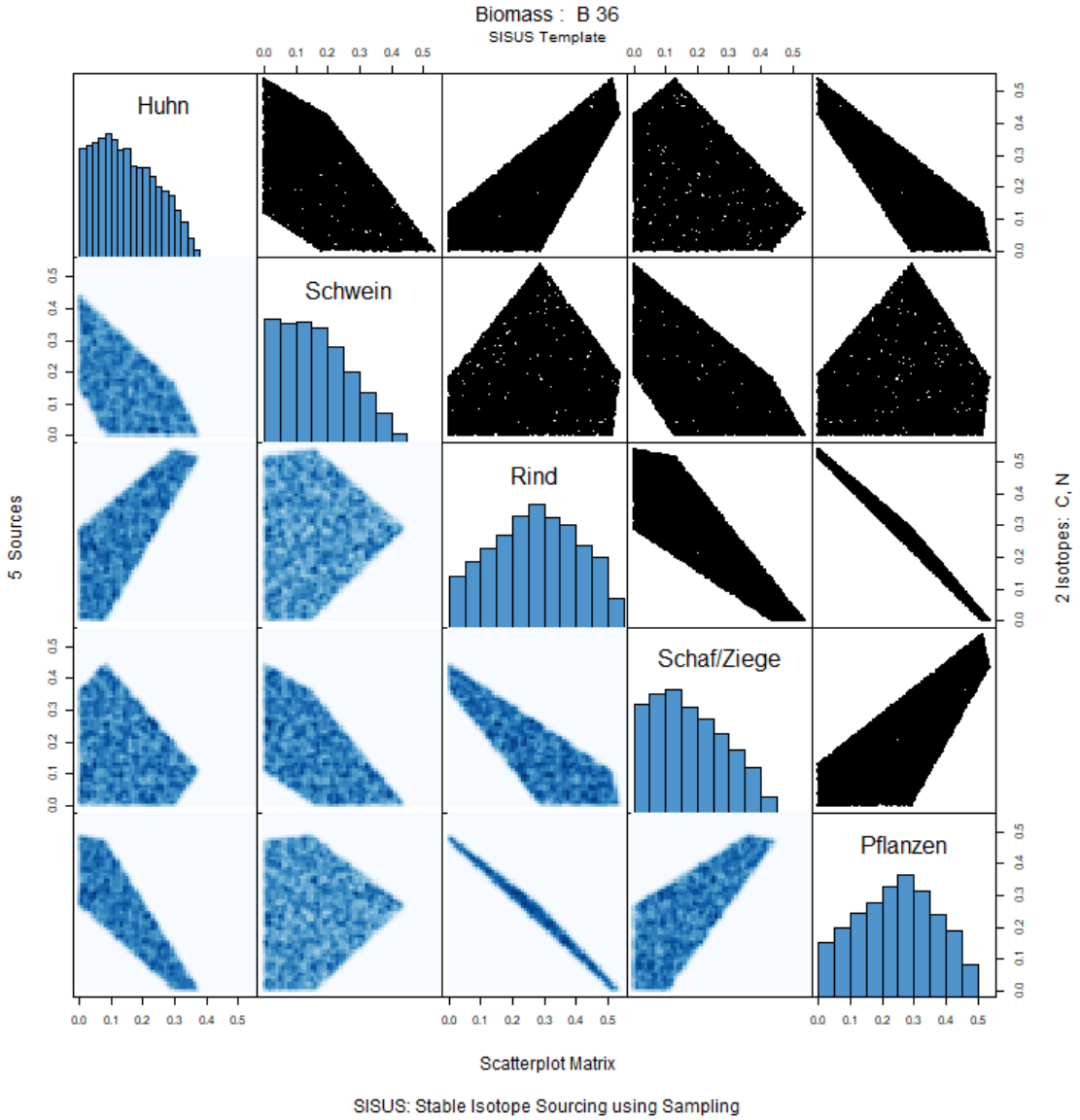


Abbildung 900: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 36. Erstellt mit SISUS.

B38

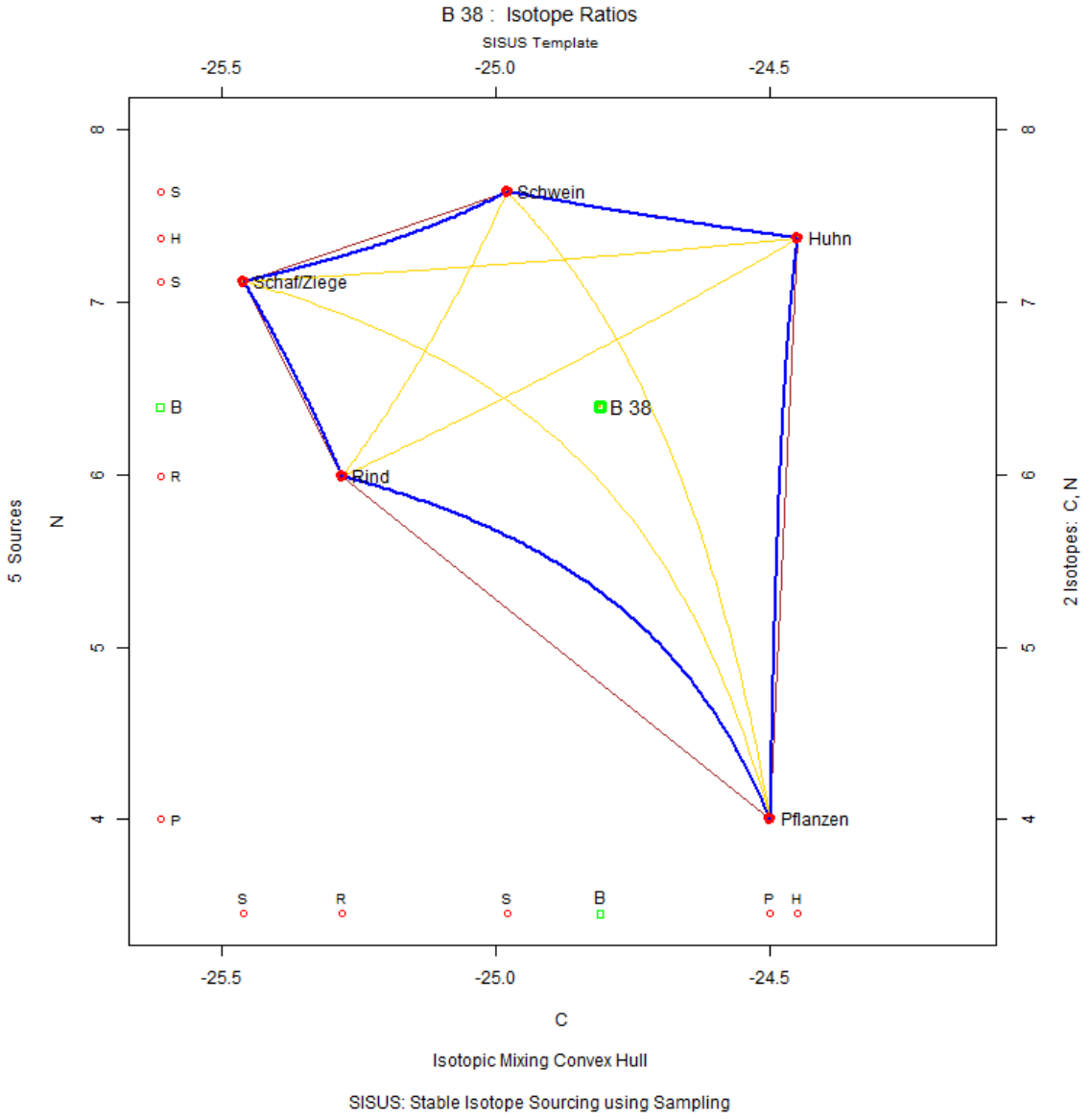


Abbildung 901: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 38. Erstellt mit SISUS.

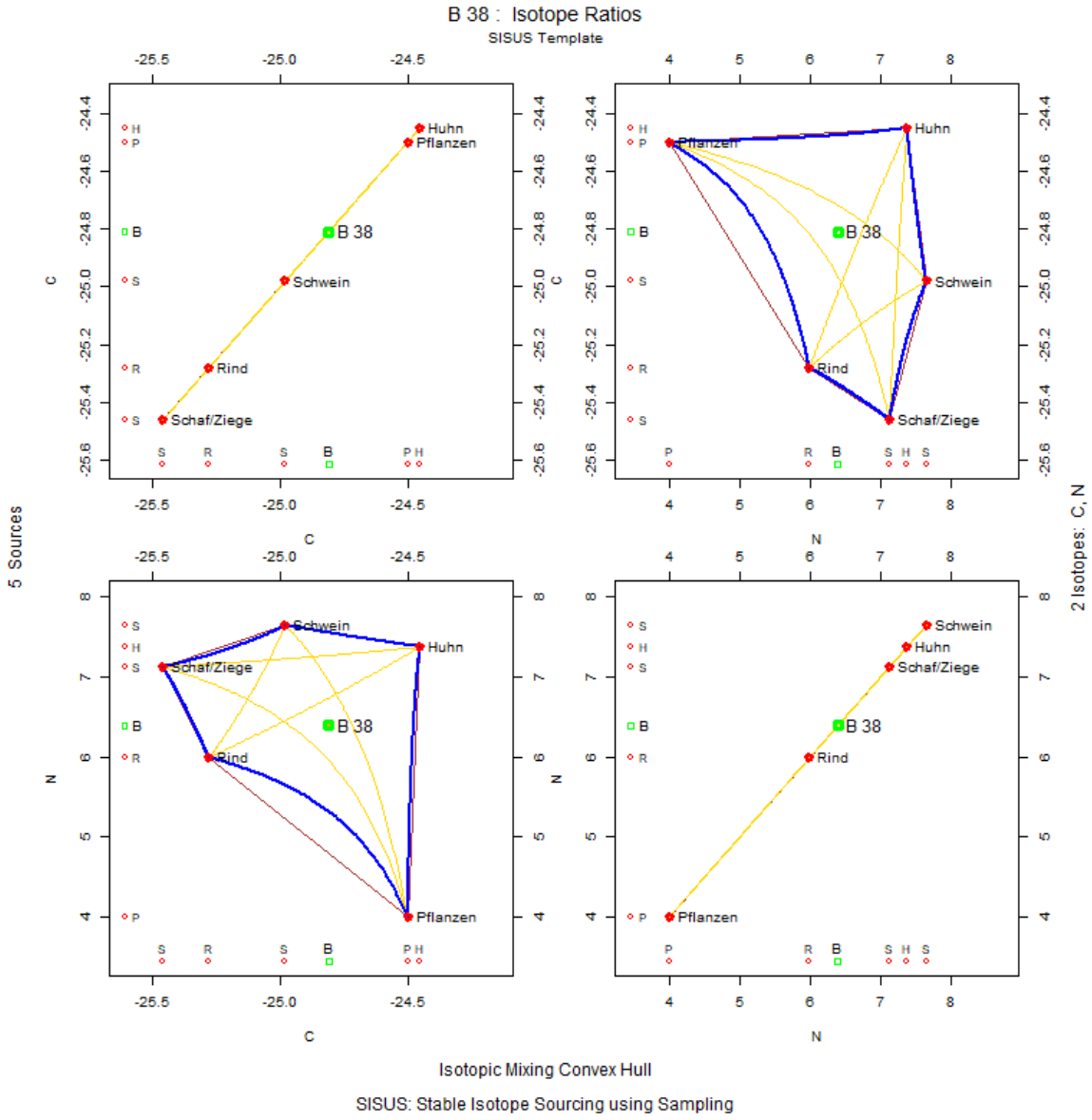


Abbildung 902: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 41 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

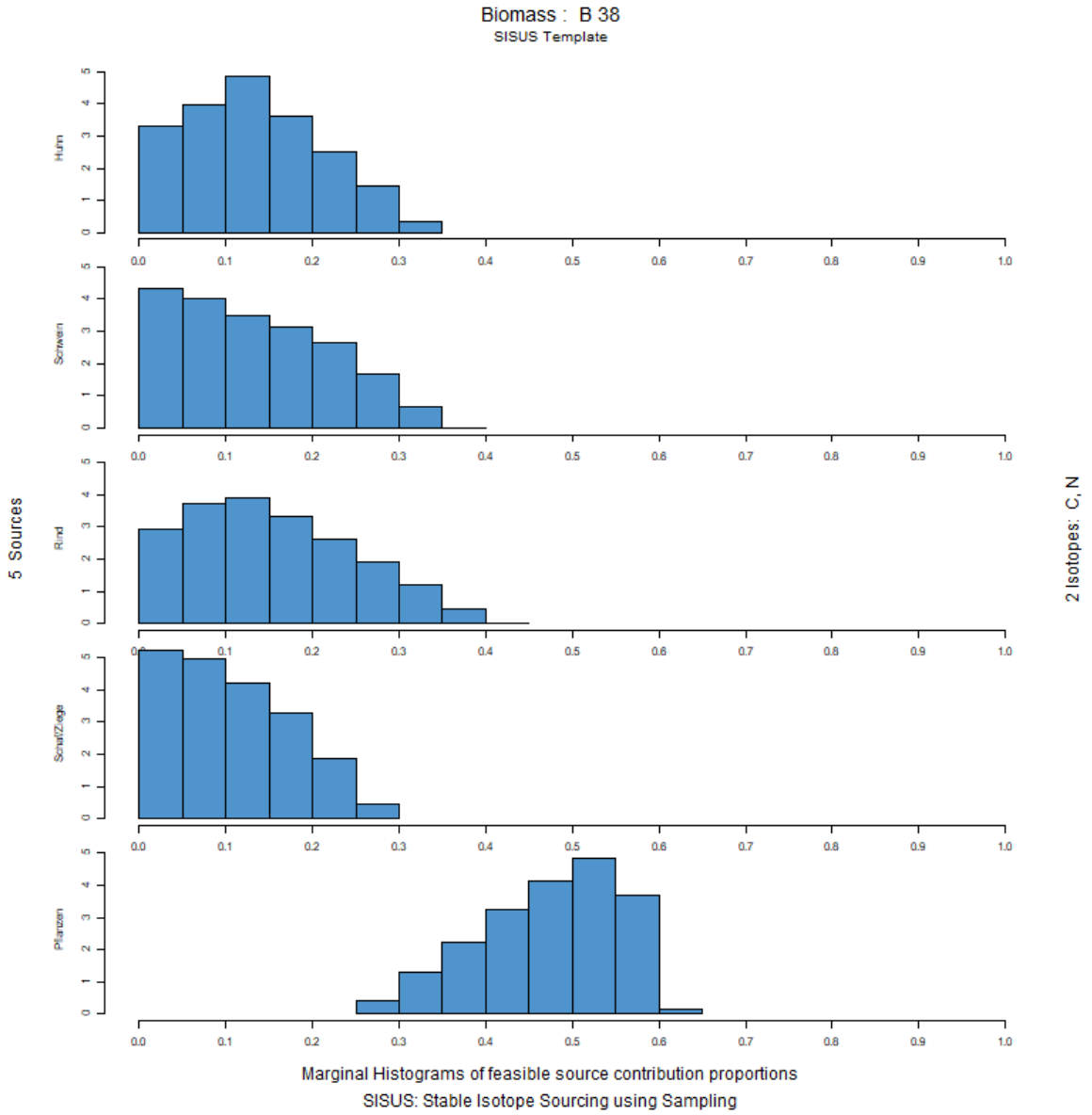


Abbildung 903: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 38. Erstellt mit SISUS.

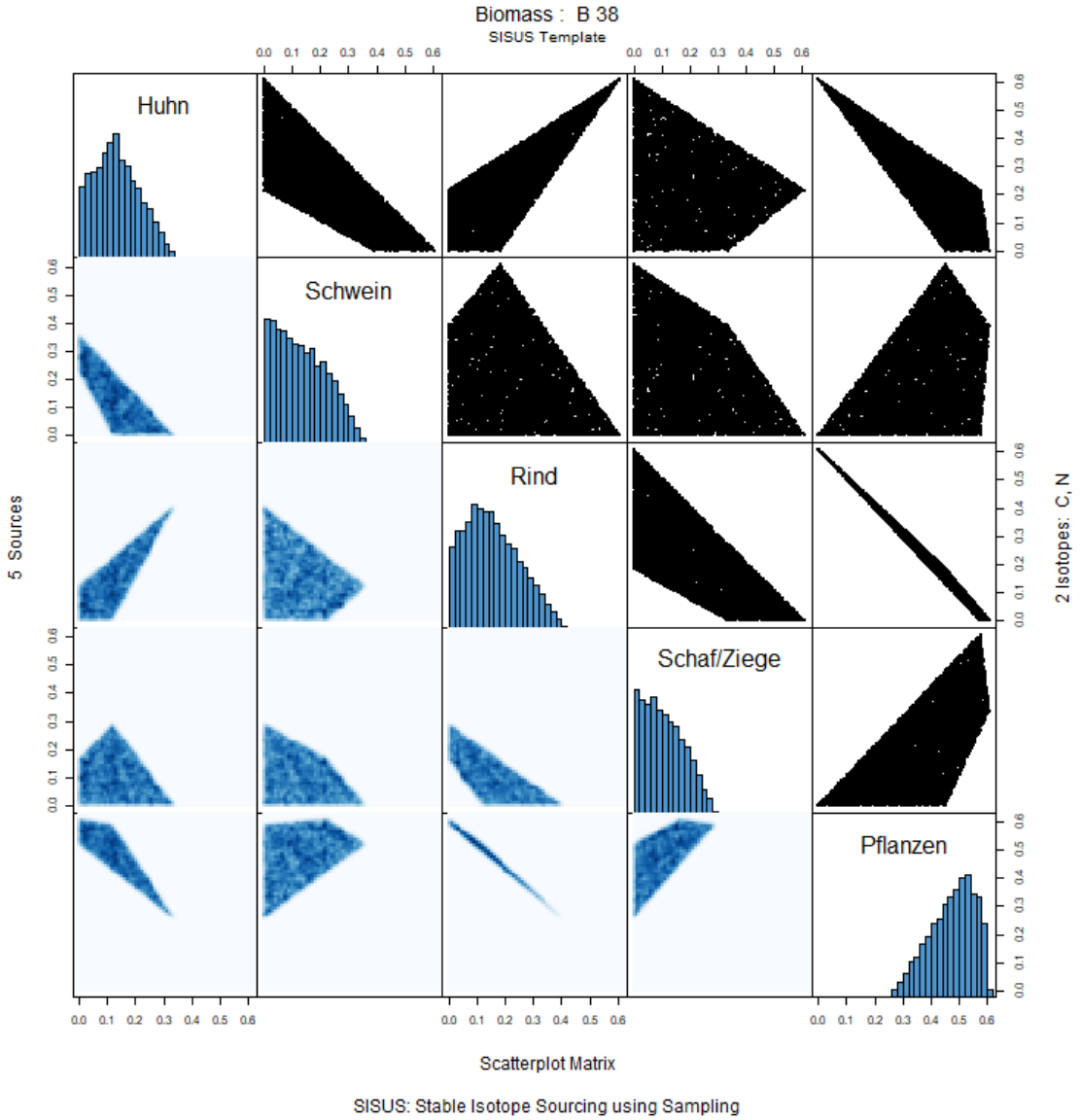


Abbildung 904: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 38. Erstellt mit SISUS.

B41

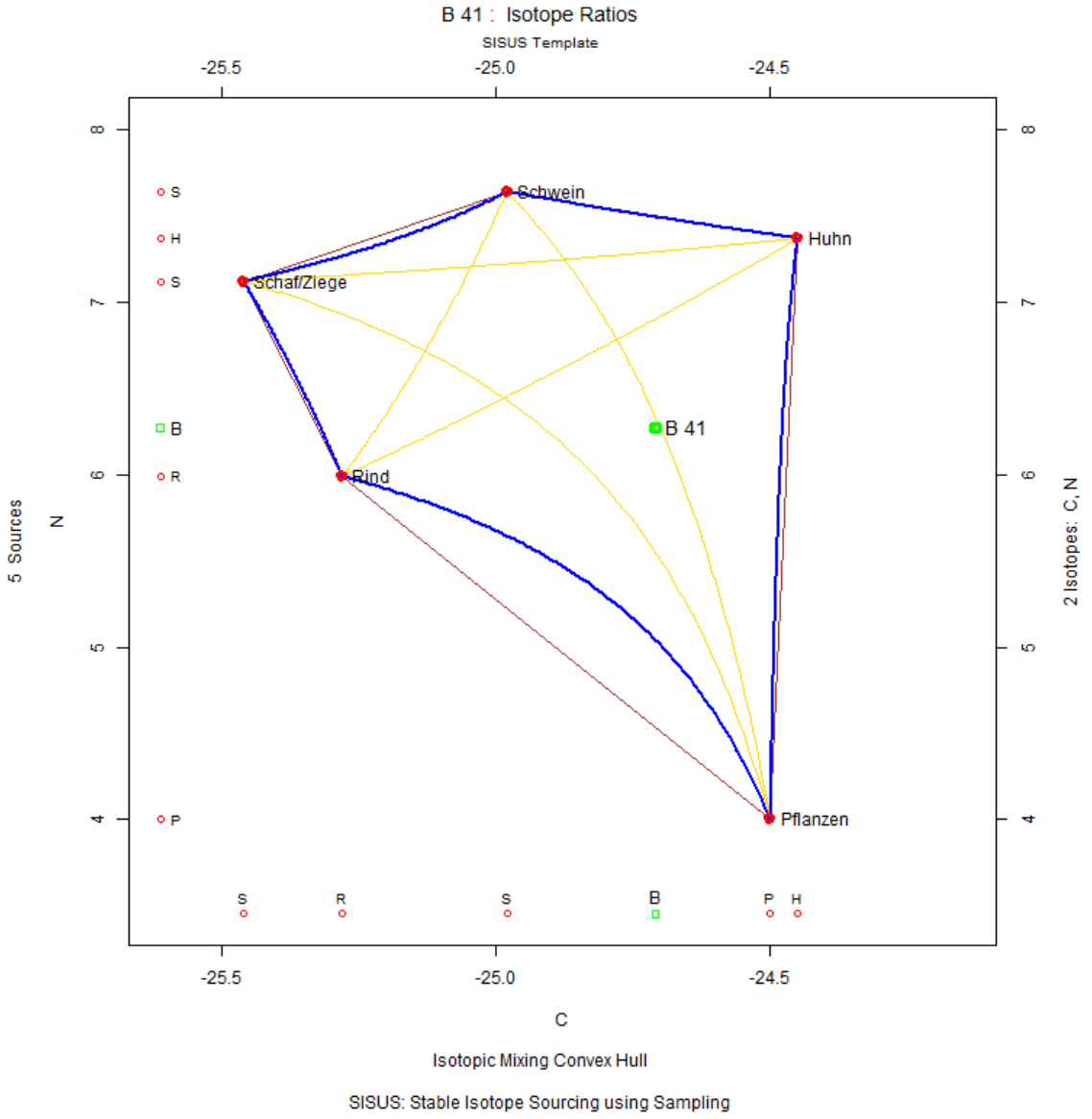


Abbildung 905: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 41. Erstellt mit SISUS.

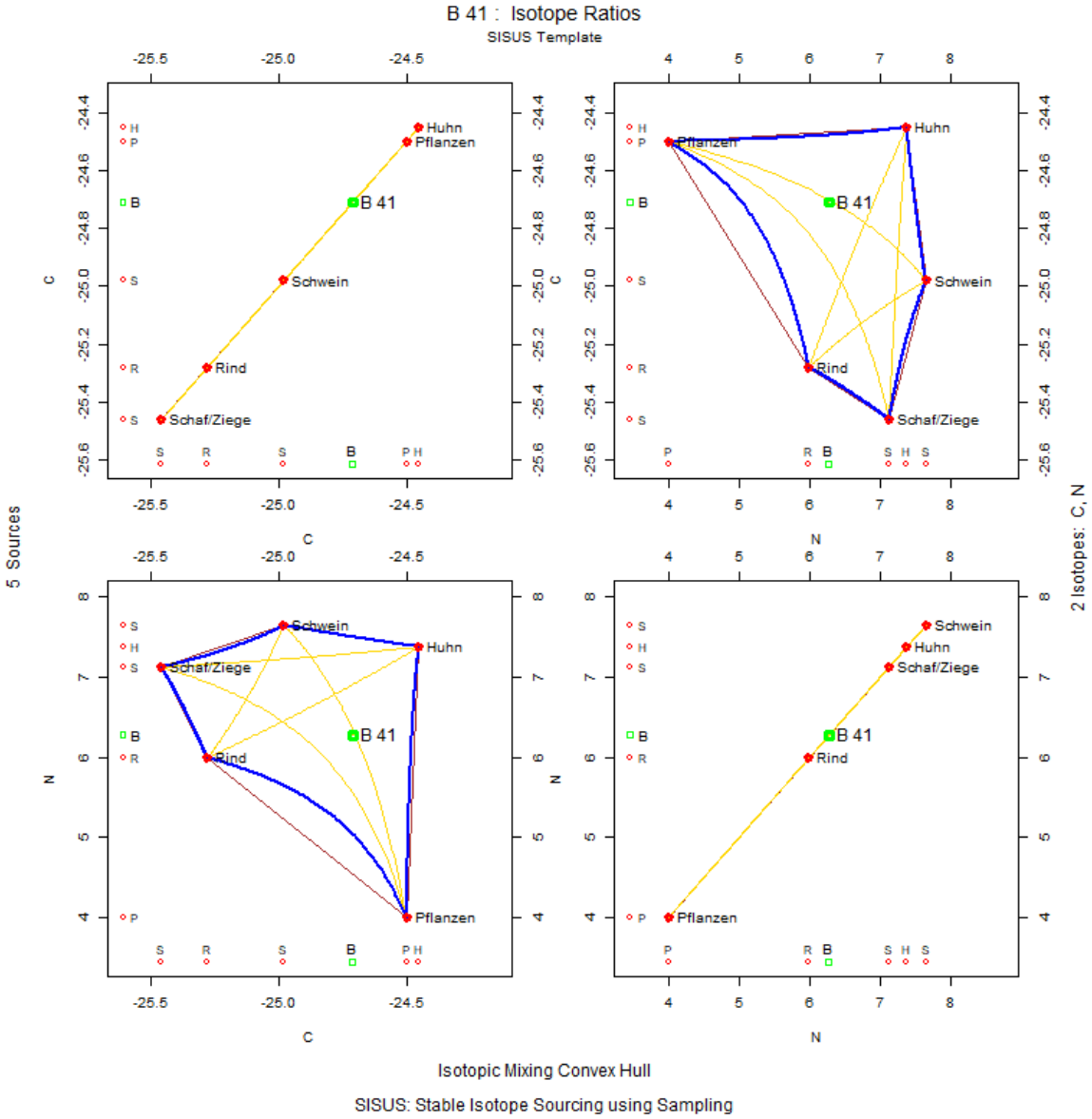


Abbildung 906: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 41 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

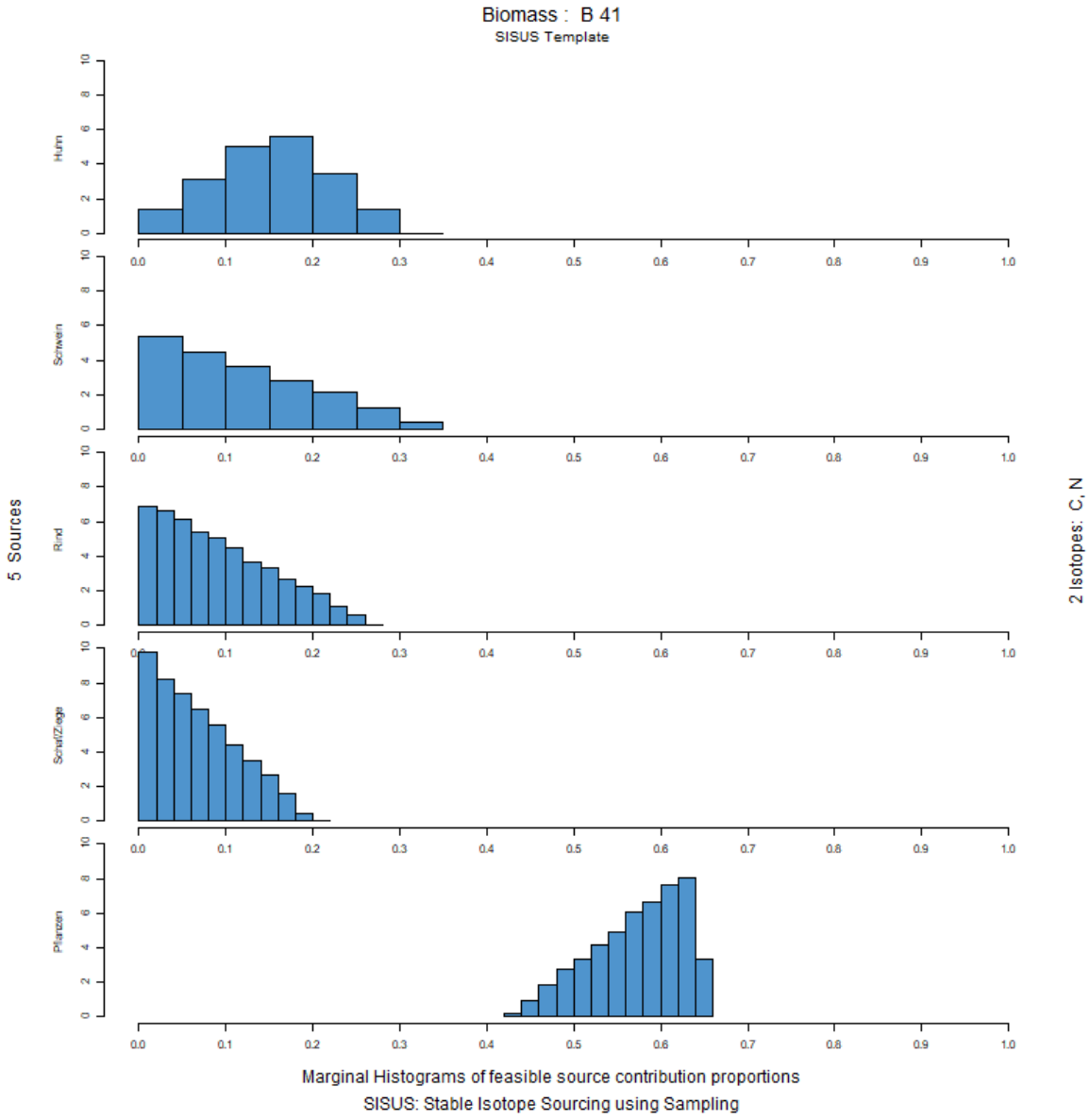


Abbildung 907: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 41. Erstellt mit SISUS.

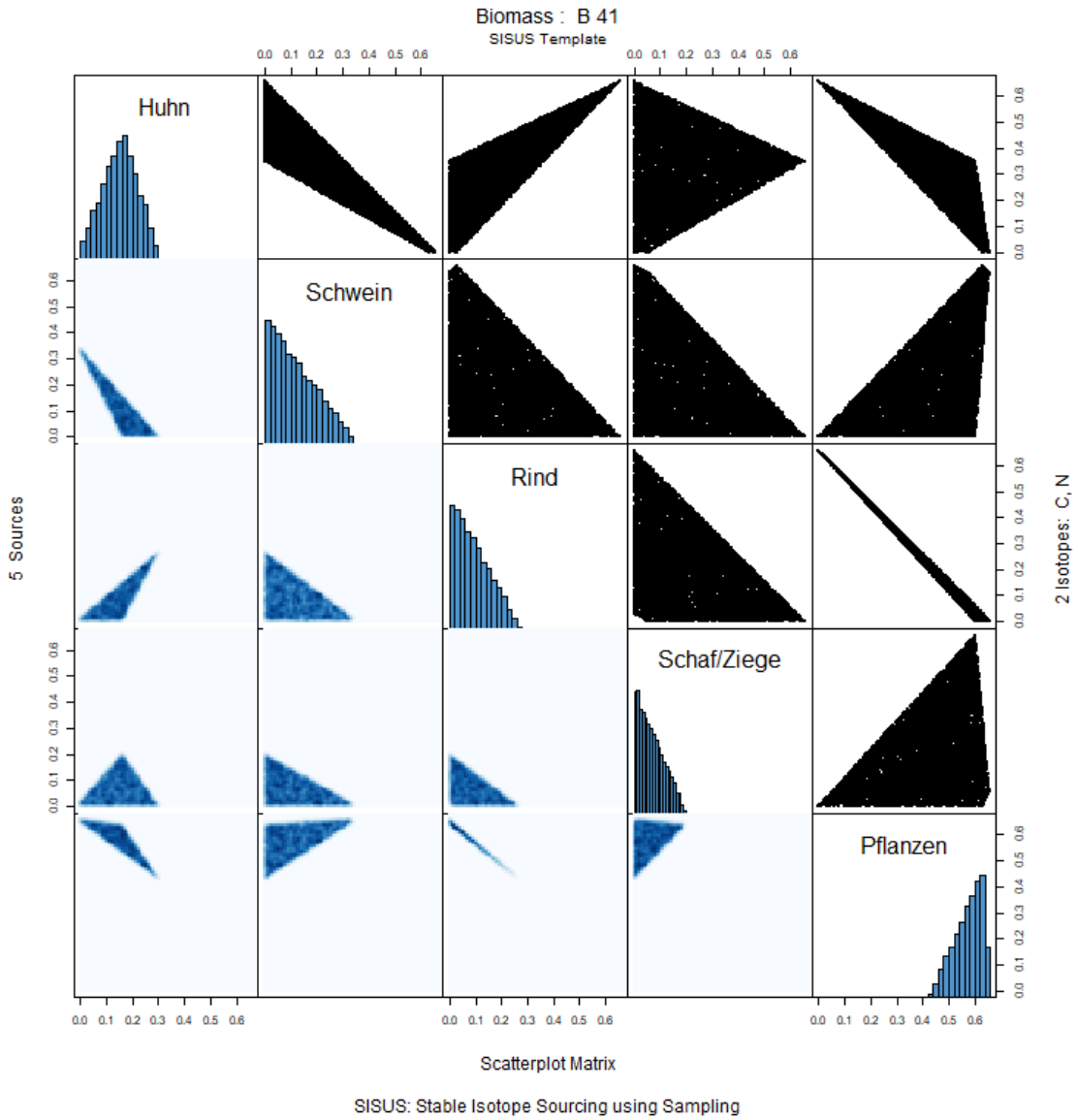


Abbildung 908: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 41. Erstellt mit SISUS.

B42

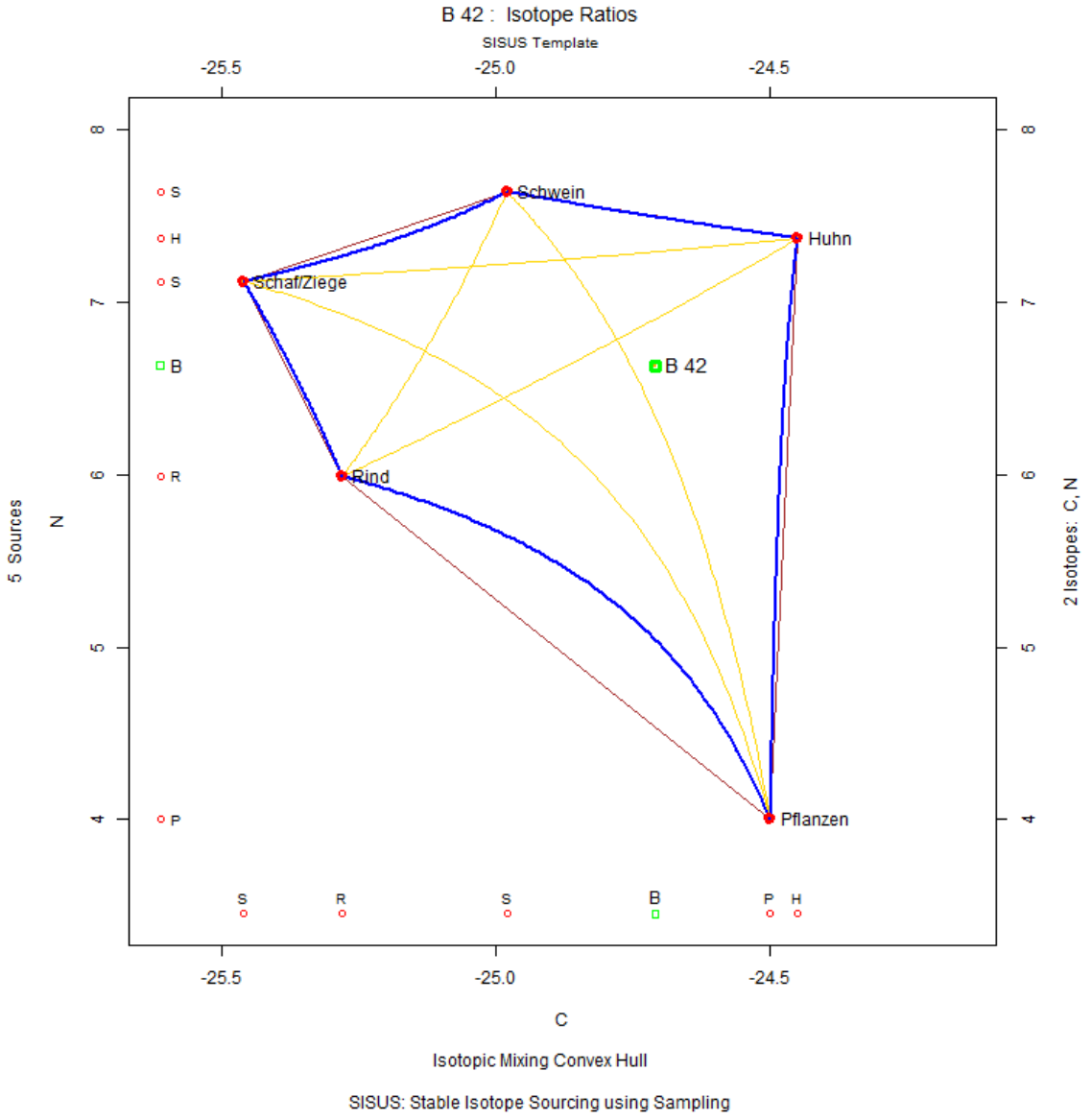


Abbildung 909: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 42. Erstellt mit SISUS.

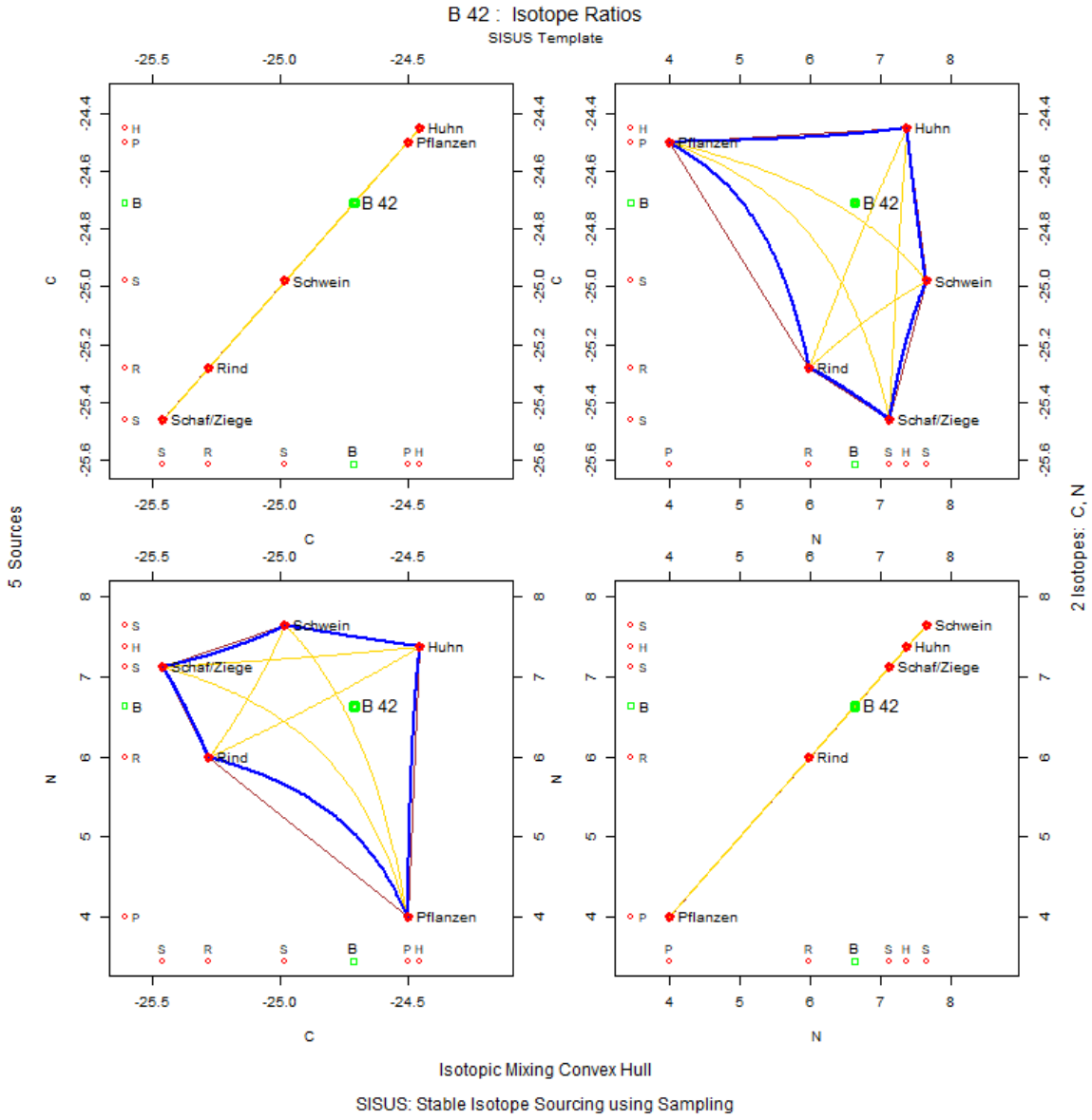


Abbildung 910: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 42 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

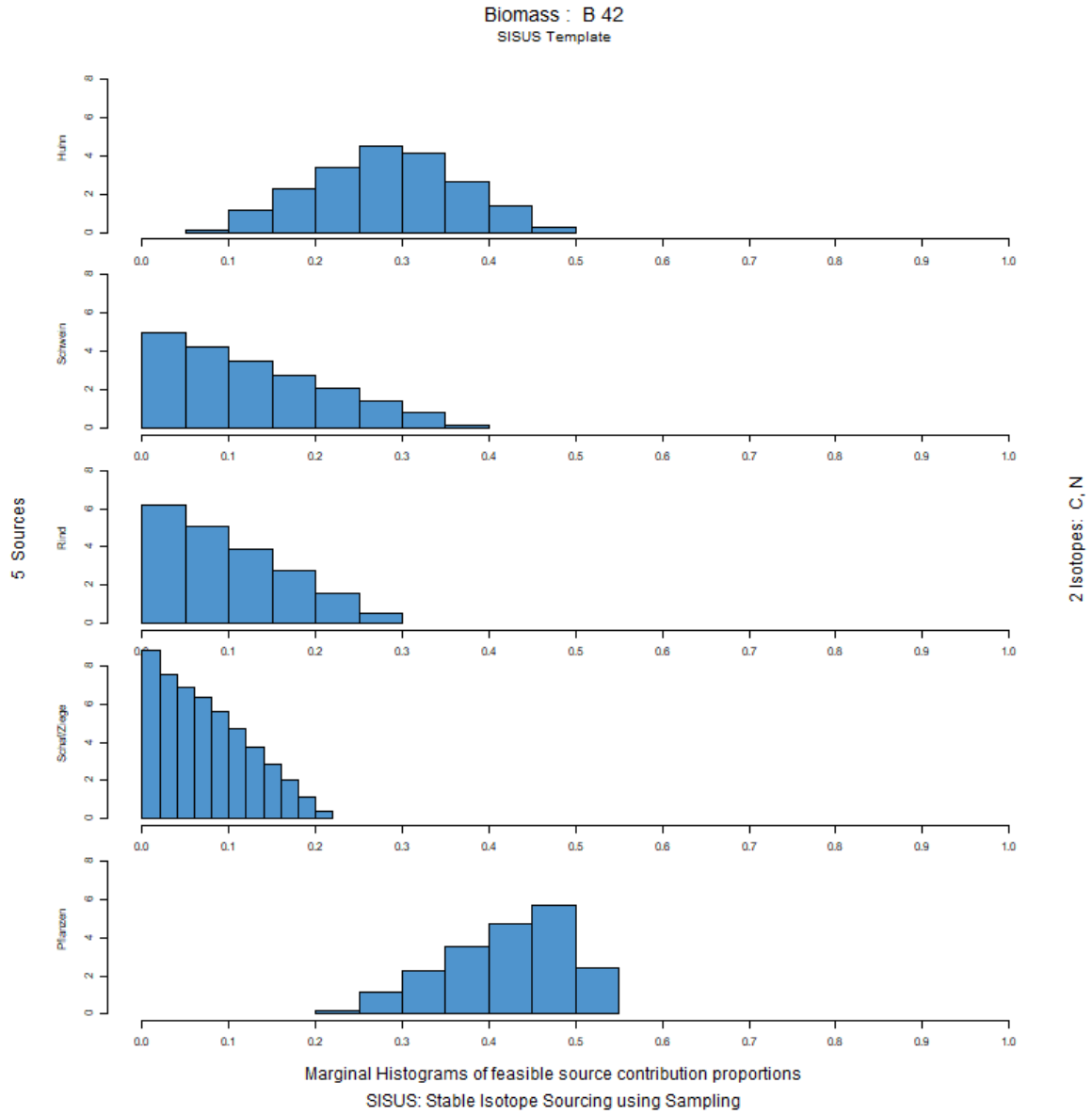


Abbildung 911: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 42. Erstellt mit SISUS.

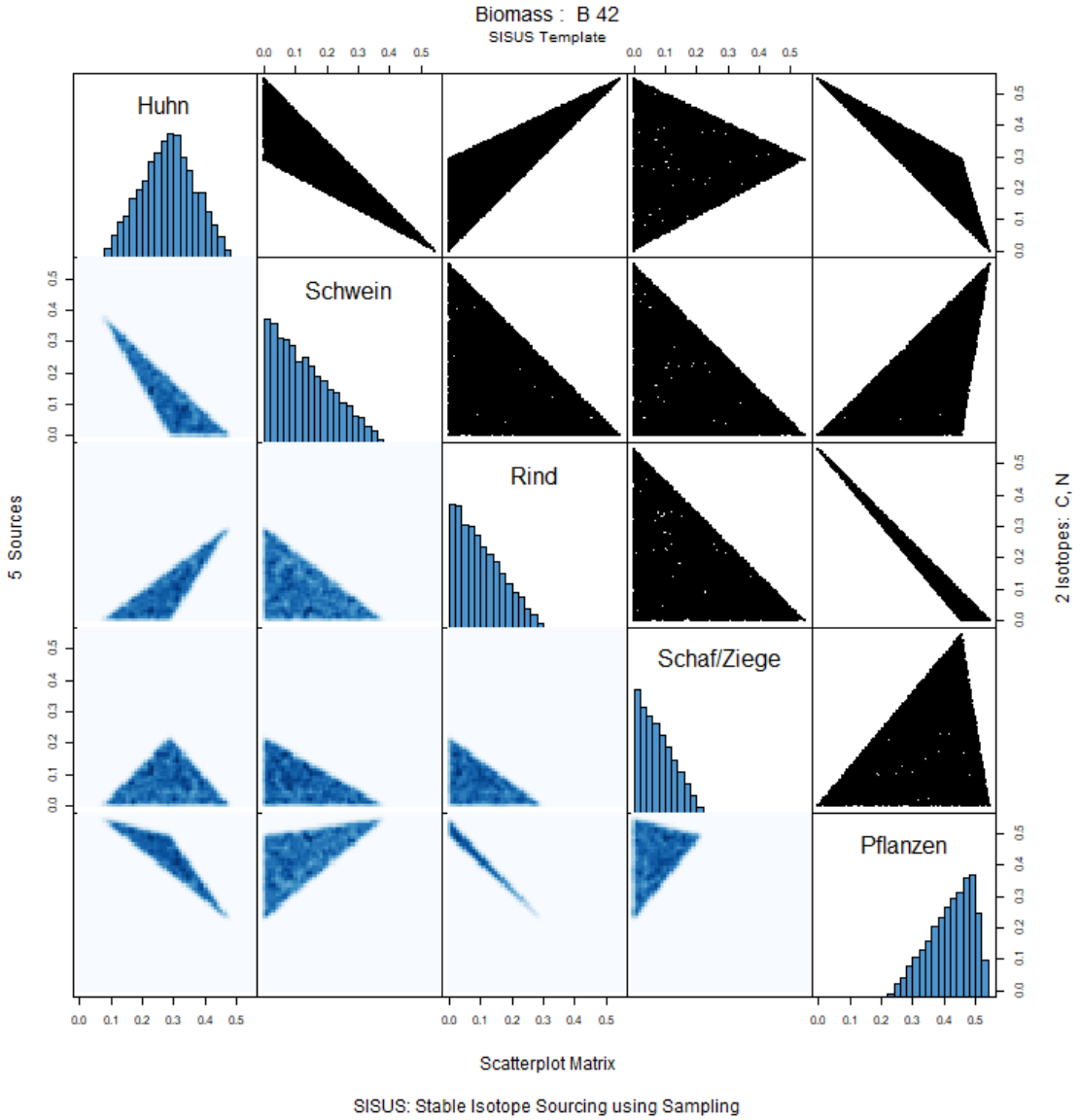


Abbildung 912: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 42. Erstellt mit SISUS.

B44

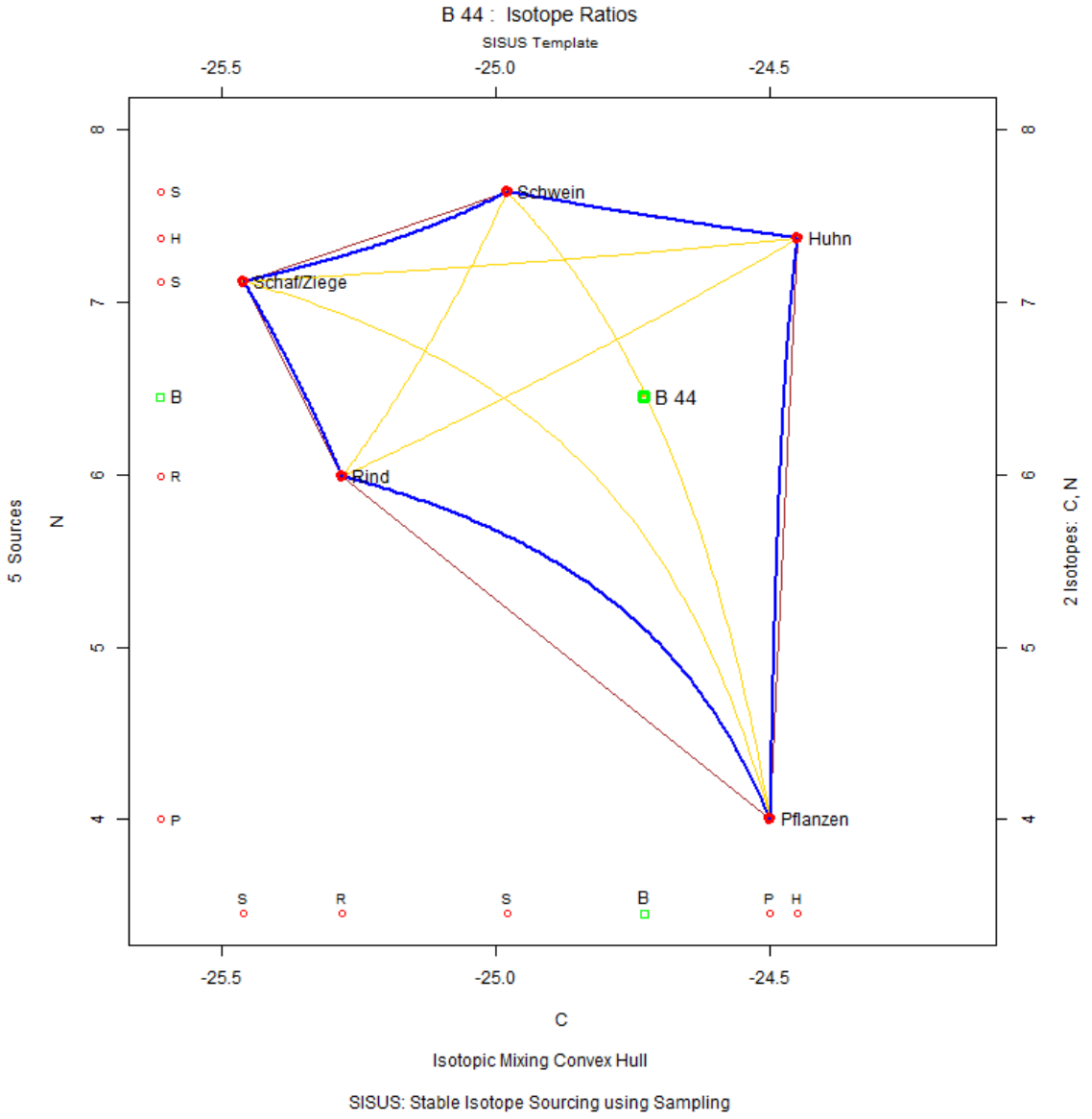


Abbildung 913: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 44. Erstellt mit SISUS.

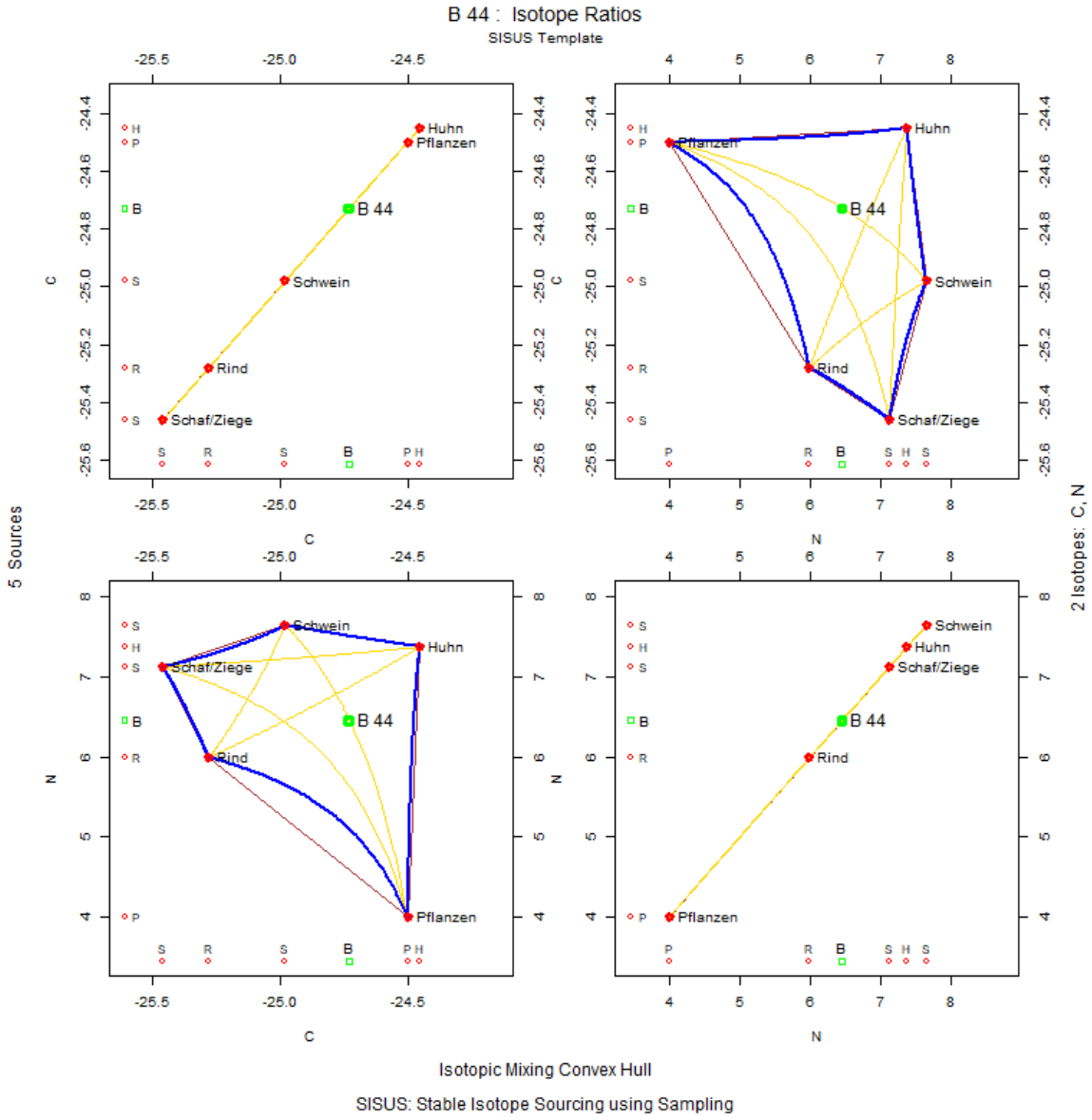


Abbildung 914: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Bruckmühl (B) 44 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

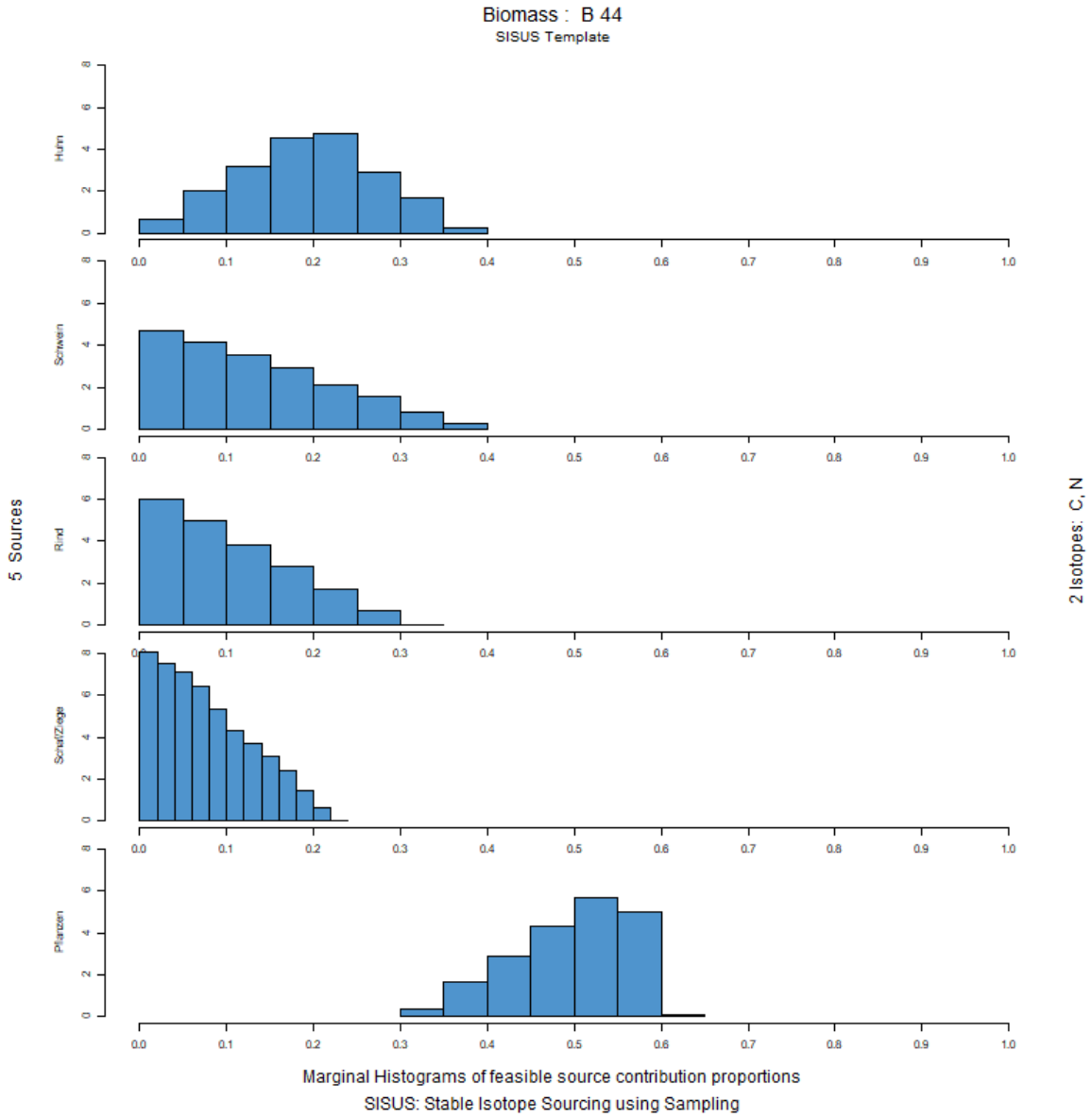


Abbildung 915: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 44. Erstellt mit SISUS.

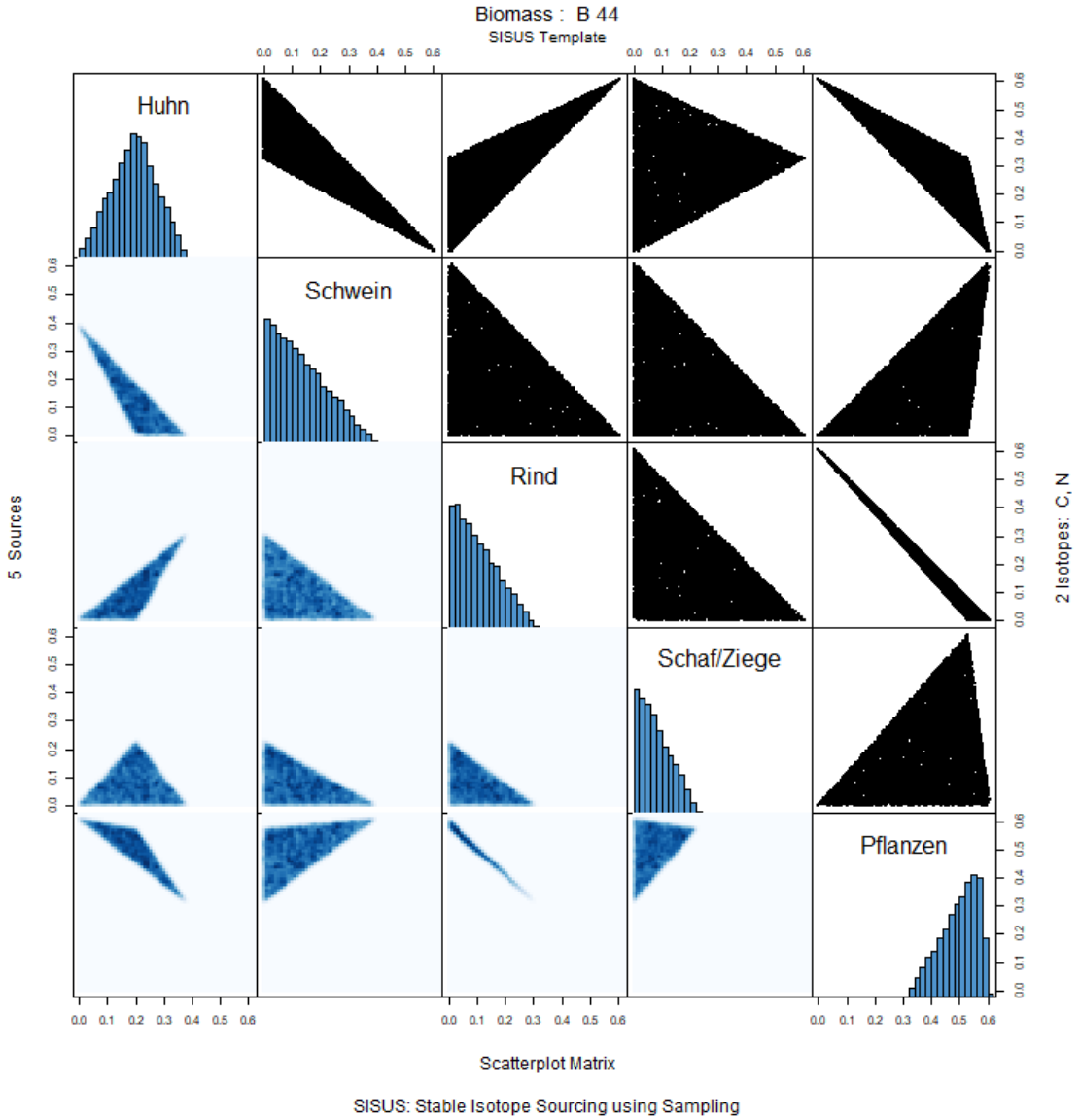


Abbildung 916: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Bruckmühl (B) 44. Erstellt mit SISUS.

B45

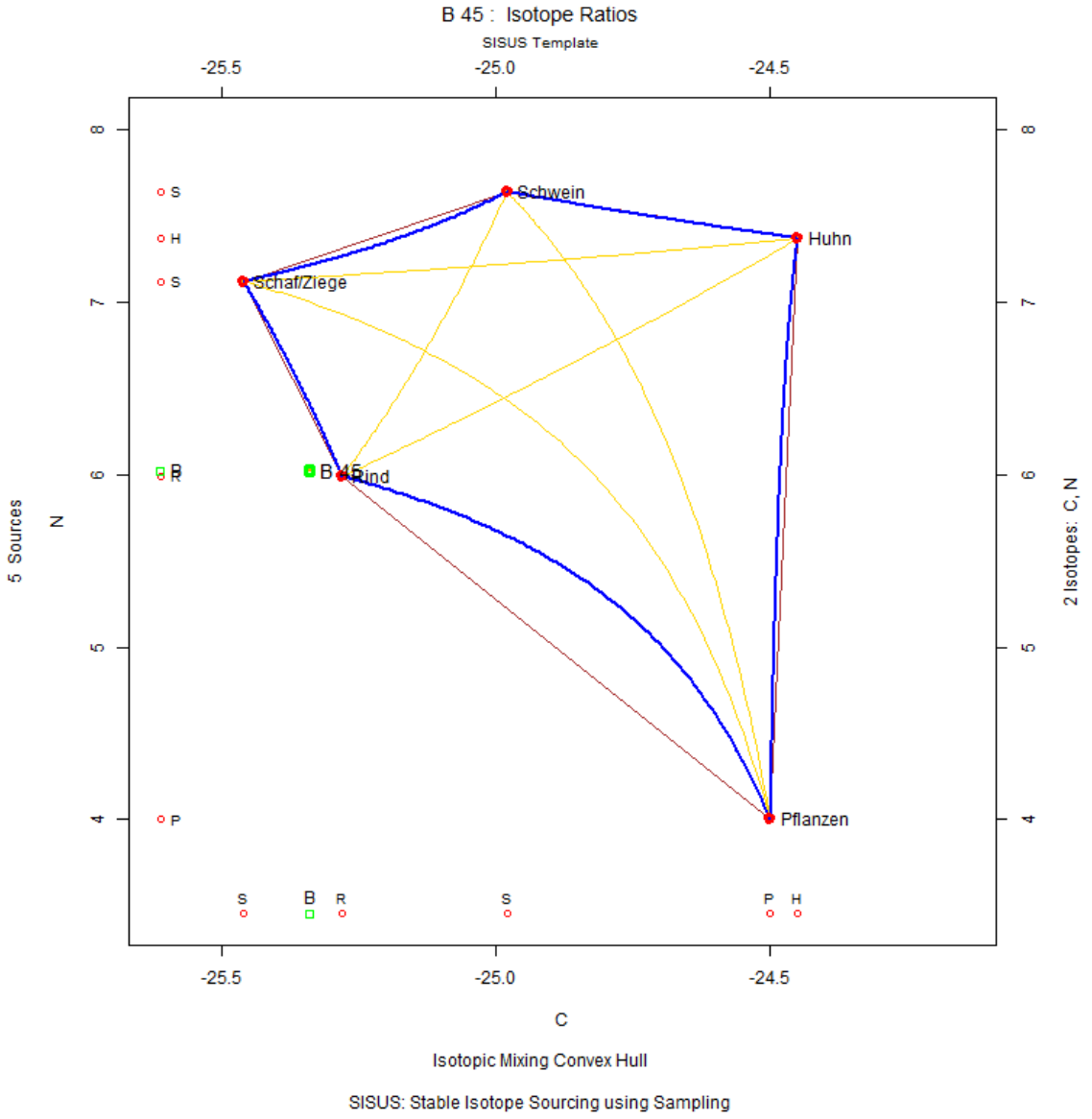


Abbildung 917: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Bruckmühl (B) 45. Erstellt mit SISUS.

10.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 32: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Bruckmühl (B). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
B1	Huhn	0,0%	2,8%	2,0%	2,4%	8,4%	8,4%
	Pflanzen	16,8%	24,1%	3,1%	24,0%	32,2%	15,5%
	Rind	53,5%	64,8%	4,4%	65,0%	74,8%	21,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,8%	3,4%	4,2%	14,3%	14,3%
	Schwein	0,0%	3,6%	2,5%	3,1%	10,6%	10,6%
B2	Huhn	0,0%	13,2%	8,8%	12,0%	35,8%	35,8%
	Pflanzen	0,0%	25,8%	12,1%	26,1%	51,8%	51,8%
	Rind	0,0%	30,4%	13,8%	30,8%	59,1%	59,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,6%	11,1%	14,9%	44,8%	44,8%
	Schwein	0,0%	14,1%	9,6%	12,6%	40,5%	40,5%
B3	Huhn	41,5%	42,9%	0,6%	42,9%	44,2%	2,7%
	Pflanzen	53,9%	55,1%	0,4%	55,1%	55,8%	1,9%
	Rind	0,0%	0,6%	0,5%	0,6%	1,9%	1,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,5%	0,4%	0,4%	1,5%	1,5%
	Schwein	0,0%	0,9%	0,6%	0,8%	2,7%	2,7%
B5	Huhn	0,0%	11,0%	7,8%	9,7%	32,4%	32,4%
	Pflanzen	0,0%	26,3%	11,2%	26,2%	53,7%	53,7%
	Rind	2,5%	36,4%	13,3%	37,0%	66,6%	64,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,5%	10,3%	12,9%	43,8%	43,8%
	Schwein	0,0%	11,8%	8,2%	10,3%	34,9%	34,9%
B6*	Huhn	0,0%	5,8%	4,1%	5,1%	17,5%	17,5%
	Pflanzen	25,2%	39,5%	6,0%	39,2%	54,8%	29,6%
	Rind	17,7%	38,4%	8,1%	38,9%	57,3%	39,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,2%	6,5%	8,2%	27,5%	27,5%
	Schwein	0,0%	7,0%	5,0%	6,2%	21,1%	21,1%
B7*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
B8	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
B9	Huhn	7,3%	31,5%	9,7%	31,7%	54,9%	47,6%
	Pflanzen	11,4%	35,2%	8,5%	36,5%	50,5%	39,1%
	Rind	0,0%	11,1%	7,9%	9,7%	33,7%	33,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,1%	5,7%	7,2%	24,3%	24,3%
	Schwein	0,0%	14,1%	9,9%	12,5%	42,2%	42,2%
B10	Huhn	15,3%	43,6%	10,4%	45,0%	64,3%	48,9%
	Pflanzen	0,0%	12,5%	7,3%	12,3%	31,3%	31,3%
	Rind	0,0%	7,7%	4,9%	7,3%	20,2%	20,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	23,5%	12,7%	23,9%	53,4%	53,4%
	Schwein	0,0%	12,6%	8,1%	11,6%	31,9%	31,9%
B11	Huhn	0,0%	10,7%	7,0%	10,0%	29,6%	29,6%
	Pflanzen	0,0%	13,5%	9,0%	12,3%	34,2%	34,2%
	Rind	0,0%	20,9%	10,1%	21,8%	41,2%	41,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	33,1%	13,0%	34,7%	58,6%	58,6%
	Schwein	0,0%	21,7%	14,0%	19,9%	58,4%	58,4%
B12	Huhn	0,0%	1,2%	0,9%	1,1%	3,7%	3,7%

	Pflanzen	47,0%	50,0%	1,3%	49,9%	53,6%	6,6%
	Rind	39,3%	44,6%	2,0%	44,7%	49,2%	10,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,2%	7,2%
	Schwein	0,0%	1,8%	1,2%	1,6%	5,3%	5,3%
B13	Huhn	0,0%	26,0%	11,2%	26,1%	53,1%	53,1%
	Pflanzen	6,5%	34,3%	10,0%	35,9%	51,8%	45,3%
	Rind	0,0%	13,6%	9,5%	12,1%	40,4%	40,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,4%	6,7%	8,3%	28,6%	28,6%
	Schwein	0,0%	16,6%	11,6%	14,8%	47,8%	47,8%
B14	Huhn	0,0%	1,3%	0,9%	1,2%	4,0%	4,0%
	Pflanzen	69,0%	71,9%	1,4%	71,8%	75,6%	6,6%
	Rind	16,2%	22,0%	2,2%	22,1%	27,0%	10,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,8%	1,9%	2,4%	8,3%	8,3%
	Schwein	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	6,1%	6,1%
B15	Huhn	4,2%	30,4%	10,5%	30,7%	55,8%	51,6%
	Pflanzen	7,6%	33,6%	9,3%	35,0%	50,4%	42,8%
	Rind	0,0%	12,2%	8,6%	10,6%	36,6%	36,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,8%	6,1%	7,8%	26,2%	26,2%
	Schwein	0,0%	15,1%	10,7%	13,3%	45,4%	45,4%
B16	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
B17	Huhn	30,6%	43,3%	4,9%	43,6%	54,9%	24,3%
	Pflanzen	0,0%	4,4%	3,1%	3,9%	13,4%	13,4%
	Rind	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,0%	7,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,8%	4,1%	5,2%	17,5%	17,5%
	Schwein	17,5%	44,1%	6,0%	44,8%	56,0%	28,4%
B19	Huhn	0,0%	5,0%	3,4%	4,5%	14,0%	14,0%
	Pflanzen	0,0%	9,8%	5,9%	9,1%	25,9%	25,9%
	Rind	45,1%	66,0%	7,6%	67,1%	78,8%	33,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,1%	6,6%	10,3%	29,0%	29,0%
	Schwein	0,0%	8,0%	5,4%	7,3%	22,3%	22,3%
B21	Huhn	0,0%	10,2%	6,8%	9,3%	27,9%	27,9%
	Pflanzen	0,0%	18,6%	10,7%	17,7%	47,0%	47,0%
	Rind	4,2%	38,5%	12,6%	40,1%	60,6%	56,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,6%	11,1%	17,4%	48,7%	48,7%
	Schwein	0,0%	14,1%	9,3%	12,9%	39,3%	39,3%
B22	Huhn	0,0%	24,1%	12,1%	24,1%	50,7%	50,7%
	Pflanzen	0,0%	25,4%	11,7%	26,9%	46,4%	46,4%
	Rind	0,0%	17,5%	10,9%	16,2%	42,3%	42,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,2%	8,5%	12,2%	36,6%	36,6%
	Schwein	0,0%	19,7%	12,6%	18,3%	51,4%	51,4%
B23	Huhn	0,0%	11,8%	7,4%	10,7%	32,4%	32,4%
	Pflanzen	20,4%	43,8%	8,9%	44,4%	60,3%	39,8%
	Rind	0,0%	19,9%	10,7%	19,6%	47,2%	47,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,4%	8,3%	11,2%	33,3%	33,3%
	Schwein	0,0%	12,2%	8,2%	11,2%	34,7%	34,7%
B24	Huhn	1,4%	33,0%	12,3%	33,6%	58,8%	57,4%
	Pflanzen	0,0%	24,1%	11,0%	25,6%	45,5%	45,5%
	Rind	0,0%	13,7%	9,4%	12,3%	35,7%	35,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,7%	7,3%	9,7%	31,0%	31,0%
	Schwein	0,0%	18,4%	12,4%	16,5%	53,1%	53,1%
B26	Huhn	0,0%	5,4%	3,7%	4,7%	15,9%	15,9%
	Pflanzen	0,0%	9,6%	6,7%	8,5%	28,7%	28,7%
	Rind	32,2%	56,2%	8,4%	57,7%	69,5%	37,2%

	Schaf/Ziege	0,0%	17,8%	8,5%	17,7%	39,0%	39,0%
	Schwein	0,0%	11,0%	7,6%	9,8%	30,7%	30,7%
B27	Huhn	18,2%	31,1%	5,2%	31,3%	43,5%	25,4%
	Pflanzen	37,8%	49,6%	4,2%	50,3%	56,9%	19,1%
	Rind	0,0%	6,2%	4,4%	5,4%	18,7%	18,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,7%	3,4%	4,2%	14,2%	14,2%
	Schwein	0,0%	8,4%	5,9%	7,3%	25,0%	25,0%
B28	Huhn	0,0%	4,8%	3,4%	4,1%	14,3%	14,3%
	Pflanzen	41,6%	52,8%	4,8%	52,5%	65,2%	23,6%
	Rind	10,9%	28,4%	6,8%	28,8%	44,1%	33,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,0%	5,7%	7,0%	24,0%	24,0%
	Schwein	0,0%	6,1%	4,3%	5,3%	18,2%	18,2%
B30*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
B31	Huhn	0,0%	22,7%	10,4%	22,8%	47,7%	47,7%
	Pflanzen	13,0%	38,6%	9,2%	40,1%	54,3%	41,3%
	Rind	0,0%	13,5%	9,3%	11,9%	39,3%	39,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,3%	6,6%	8,1%	28,0%	28,0%
	Schwein	0,0%	16,0%	11,2%	14,0%	44,9%	44,9%
B33	Huhn	0,0%	7,7%	4,9%	7,0%	21,1%	21,1%
	Pflanzen	44,9%	59,5%	5,7%	59,7%	70,1%	25,2%
	Rind	0,0%	14,5%	7,7%	14,3%	34,0%	34,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,4%	6,3%	8,5%	25,1%	25,1%
	Schwein	0,0%	9,1%	6,1%	8,3%	25,7%	25,7%
B36	Huhn	0,0%	14,8%	9,3%	13,7%	37,8%	37,8%
	Pflanzen	0,0%	24,4%	12,2%	24,9%	48,9%	48,9%
	Rind	0,0%	27,1%	13,4%	27,4%	53,8%	53,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,5%	11,0%	16,1%	44,7%	44,7%
	Schwein	0,0%	16,2%	10,4%	15,2%	44,5%	44,5%
B38	Huhn	0,0%	13,4%	7,7%	12,7%	33,8%	33,8%
	Pflanzen	25,6%	47,4%	7,9%	48,4%	60,8%	35,2%
	Rind	0,0%	15,4%	9,3%	14,3%	40,6%	40,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,6%	6,9%	9,8%	29,1%	29,1%
	Schwein	0,0%	13,3%	8,7%	12,3%	35,9%	35,9%
B41	Huhn	0,0%	15,2%	6,5%	15,5%	30,5%	30,5%
	Pflanzen	42,7%	57,3%	5,2%	58,2%	65,6%	22,9%
	Rind	0,0%	9,1%	6,4%	8,0%	26,8%	26,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,7%	4,8%	5,9%	20,0%	20,0%
	Schwein	0,0%	11,7%	8,3%	10,3%	34,0%	34,0%
B42	Huhn	7,4%	28,1%	8,3%	28,3%	47,9%	40,5%
	Pflanzen	22,4%	42,0%	7,0%	43,2%	54,5%	32,1%
	Rind	0,0%	9,9%	7,0%	8,7%	29,7%	29,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,3%	5,1%	6,5%	21,8%	21,8%
	Schwein	0,0%	12,6%	9,0%	11,0%	38,1%	38,1%
B44	Huhn	0,0%	19,4%	7,8%	19,6%	38,0%	38,0%
	Pflanzen	31,3%	49,7%	6,5%	50,8%	60,7%	29,4%
	Rind	0,0%	10,2%	7,2%	8,9%	30,7%	30,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,6%	5,3%	6,7%	22,6%	22,6%
	Schwein	0,0%	13,1%	9,2%	11,5%	39,2%	39,2%
B45	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

11 Deutschland (Frühmittelalter) – Erding - Altenerding

11.1 IsoConc: Abbildungen

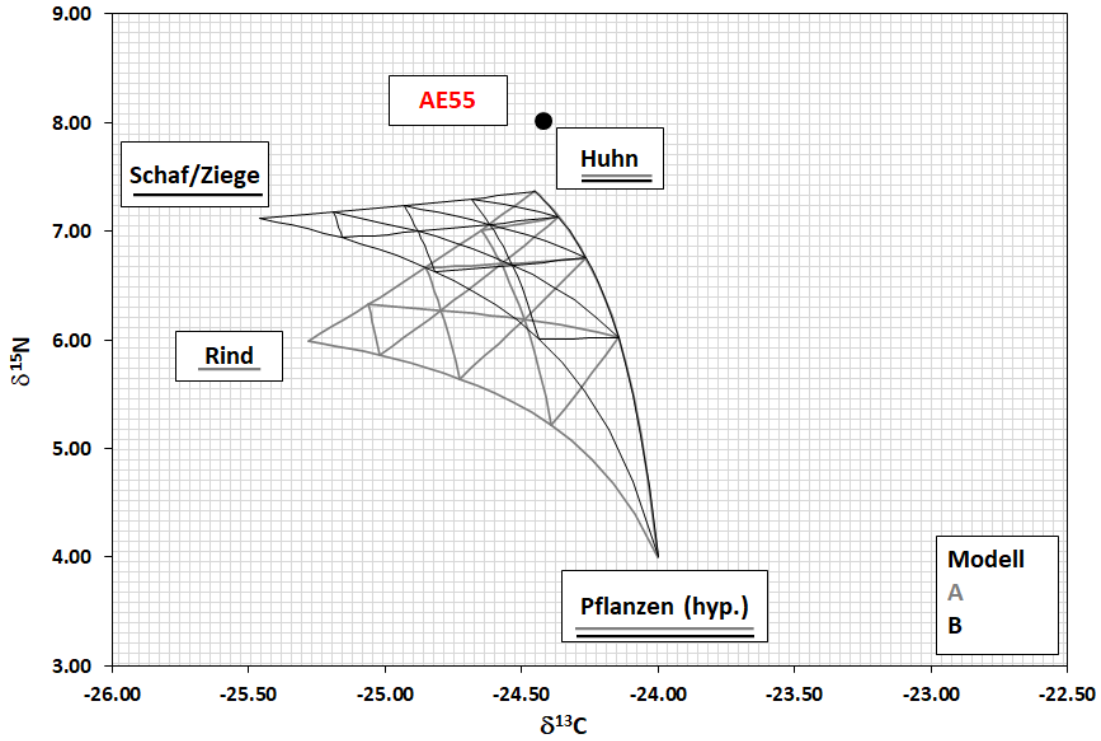


Abbildung 918: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 55. Erstellt mit IsoConc.

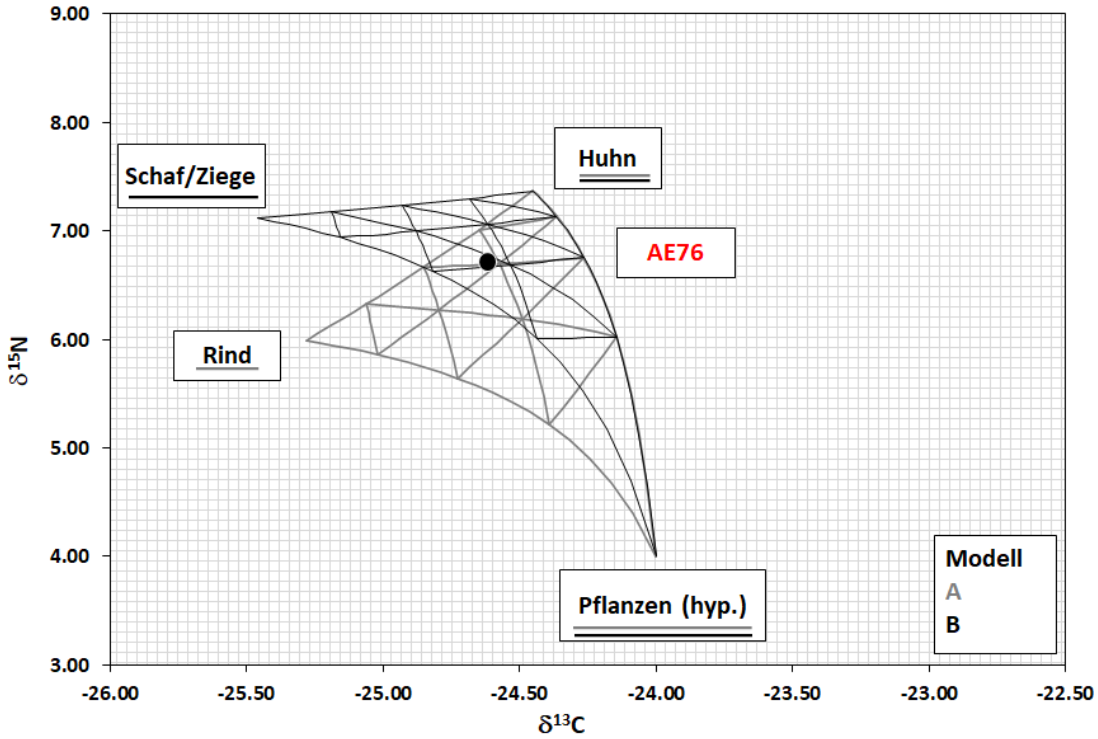


Abbildung 919: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 76. Erstellt mit IsoConc.

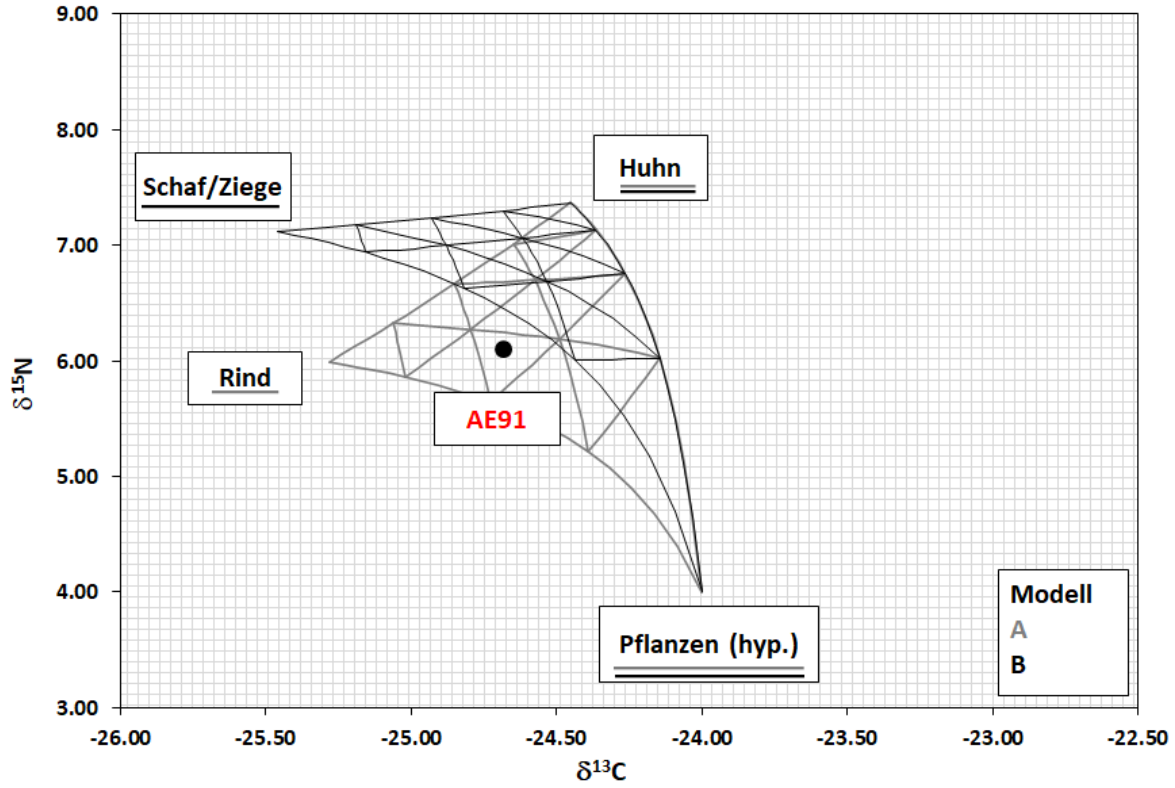


Abbildung 920: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 91. Erstellt mit IsoConc.

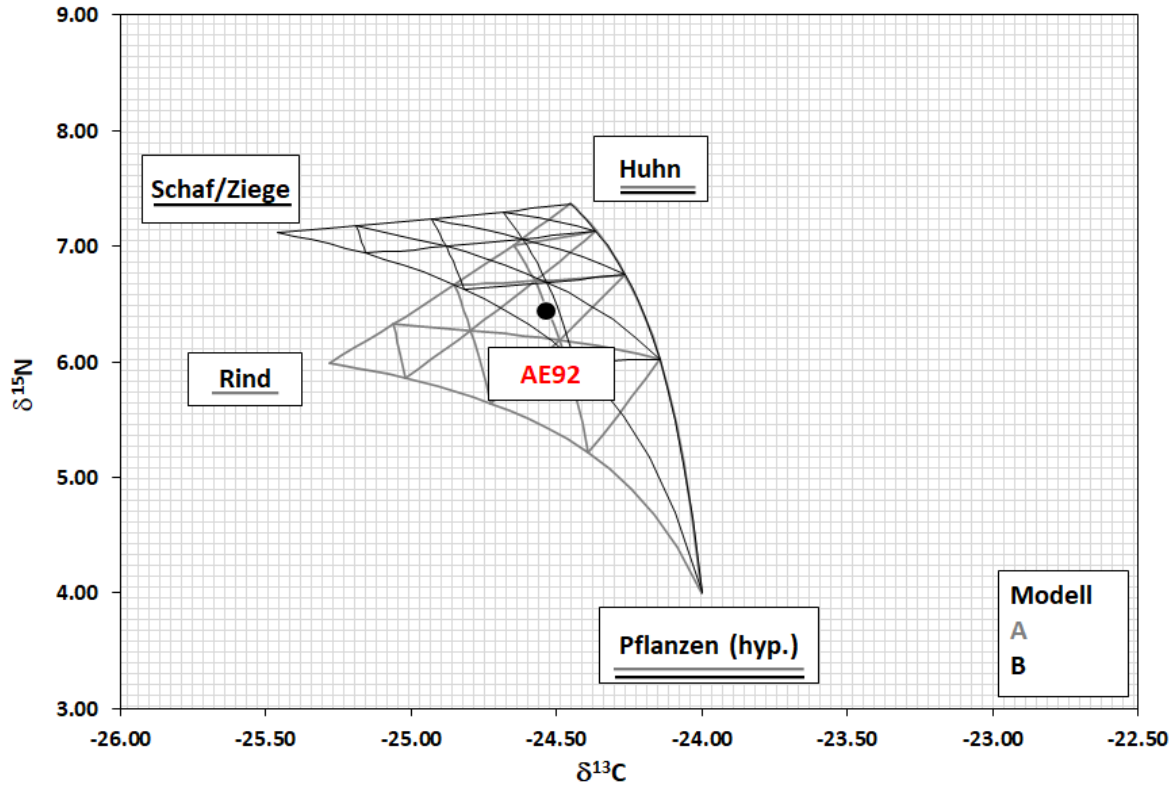


Abbildung 921: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 92. Erstellt mit IsoConc.

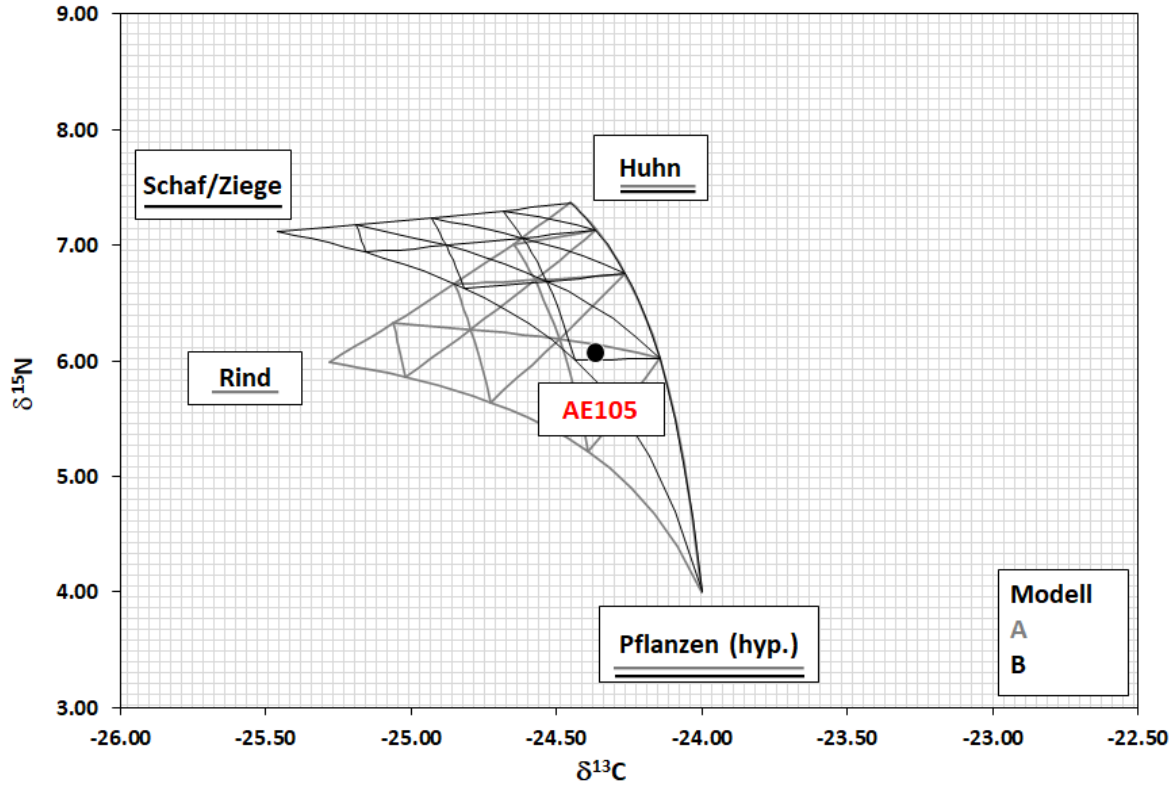


Abbildung 922: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 105. Erstellt mit IsoConc.

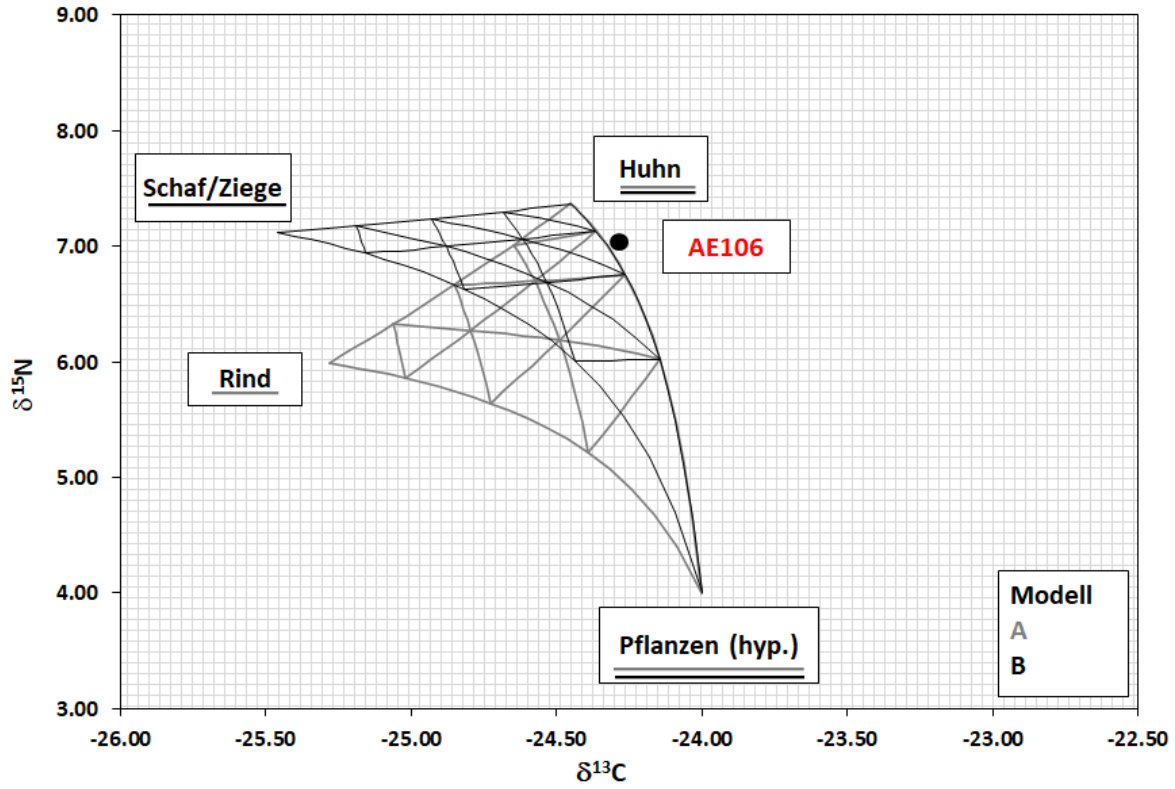


Abbildung 923: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 106. Erstellt mit IsoConc.

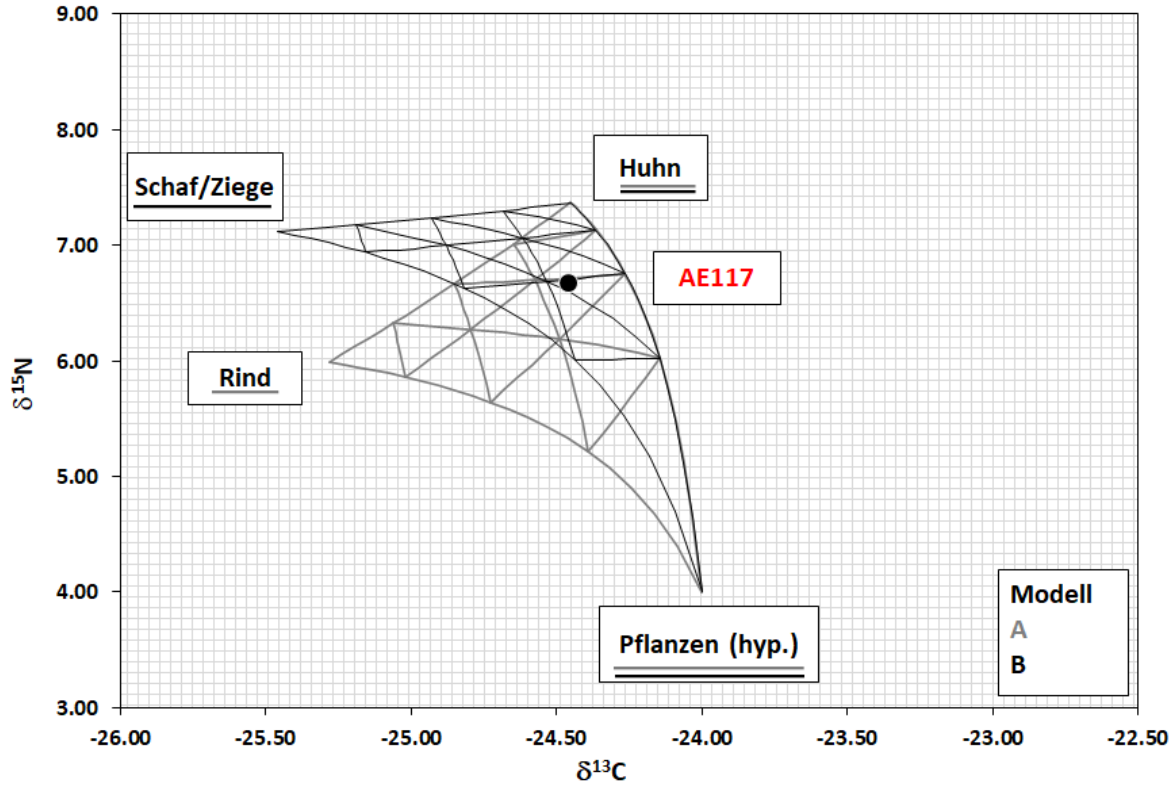


Abbildung 924: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 117. Erstellt mit IsoConc.

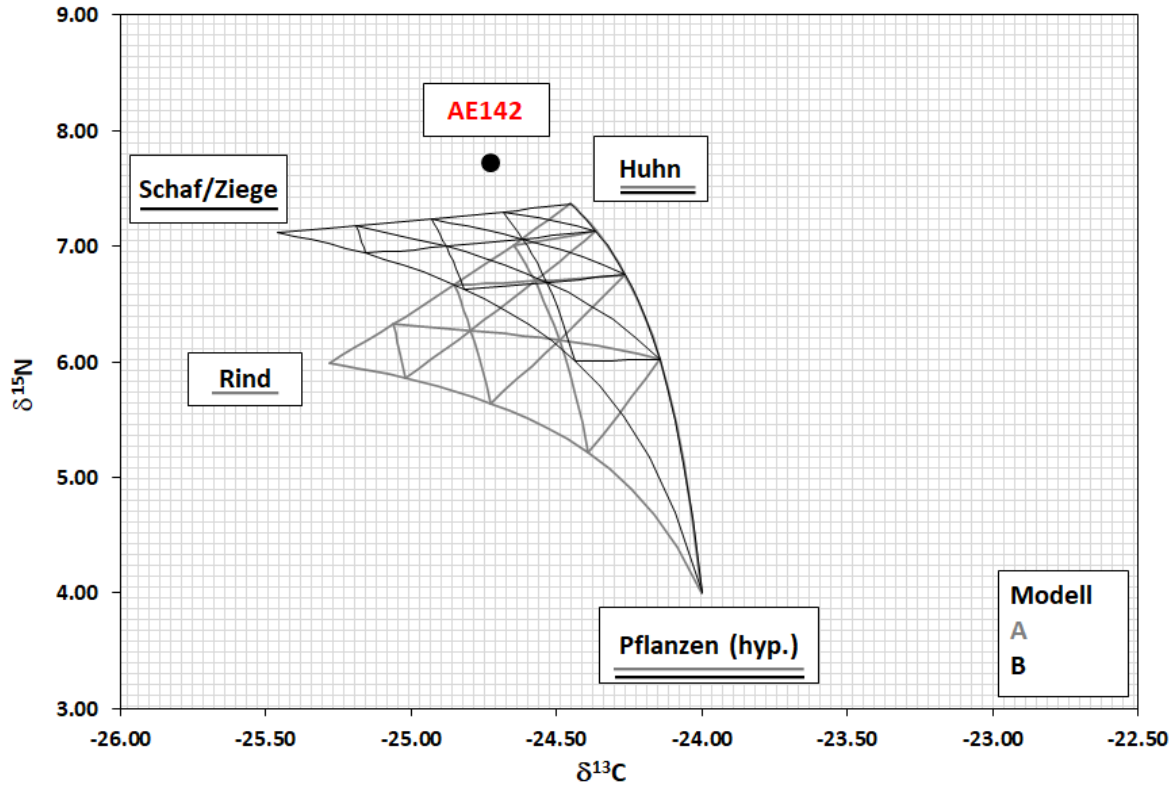


Abbildung 925: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 142. Erstellt mit IsoConc.

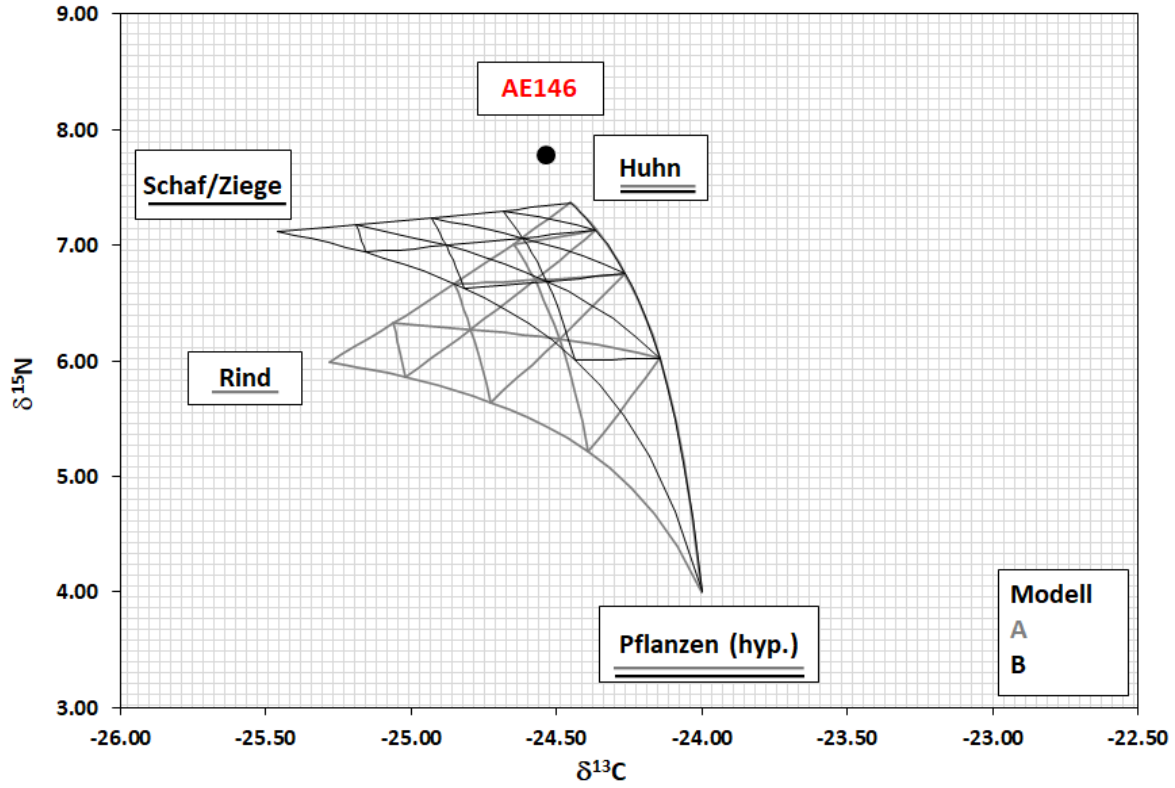


Abbildung 926: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 146. Erstellt mit IsoConc.

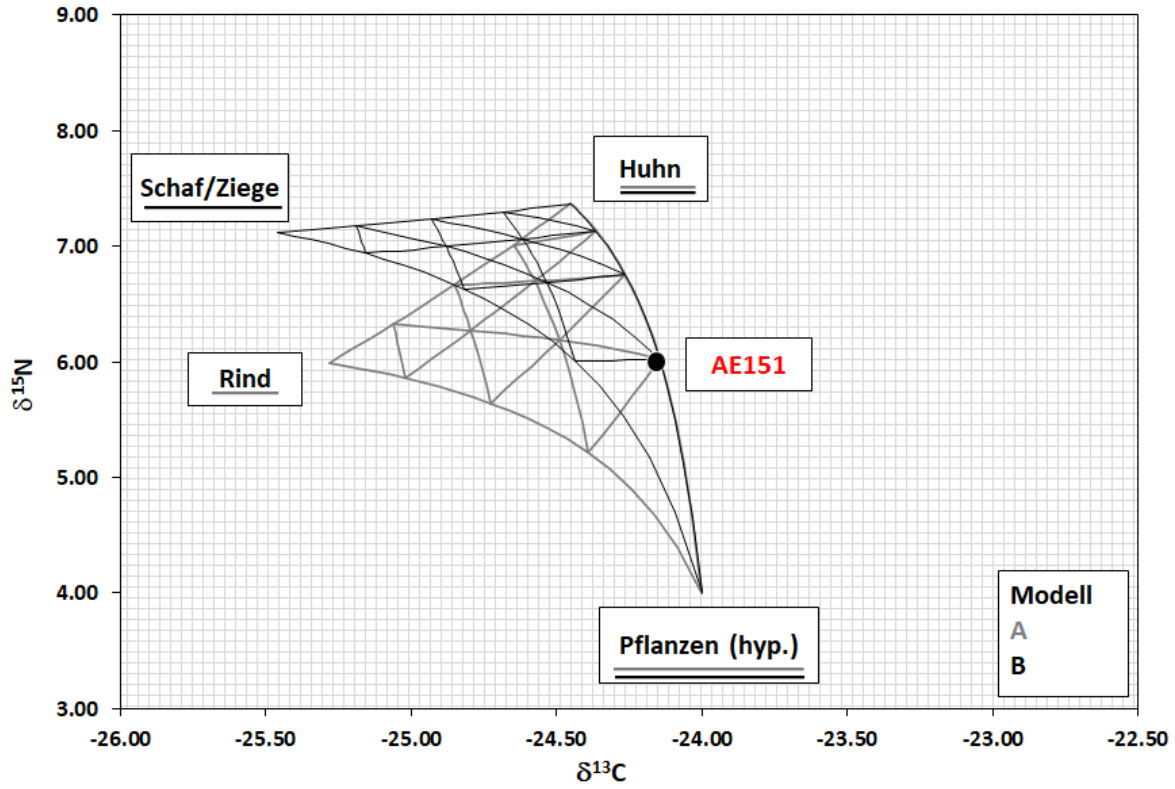


Abbildung 927: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 151. Erstellt mit IsoConc.

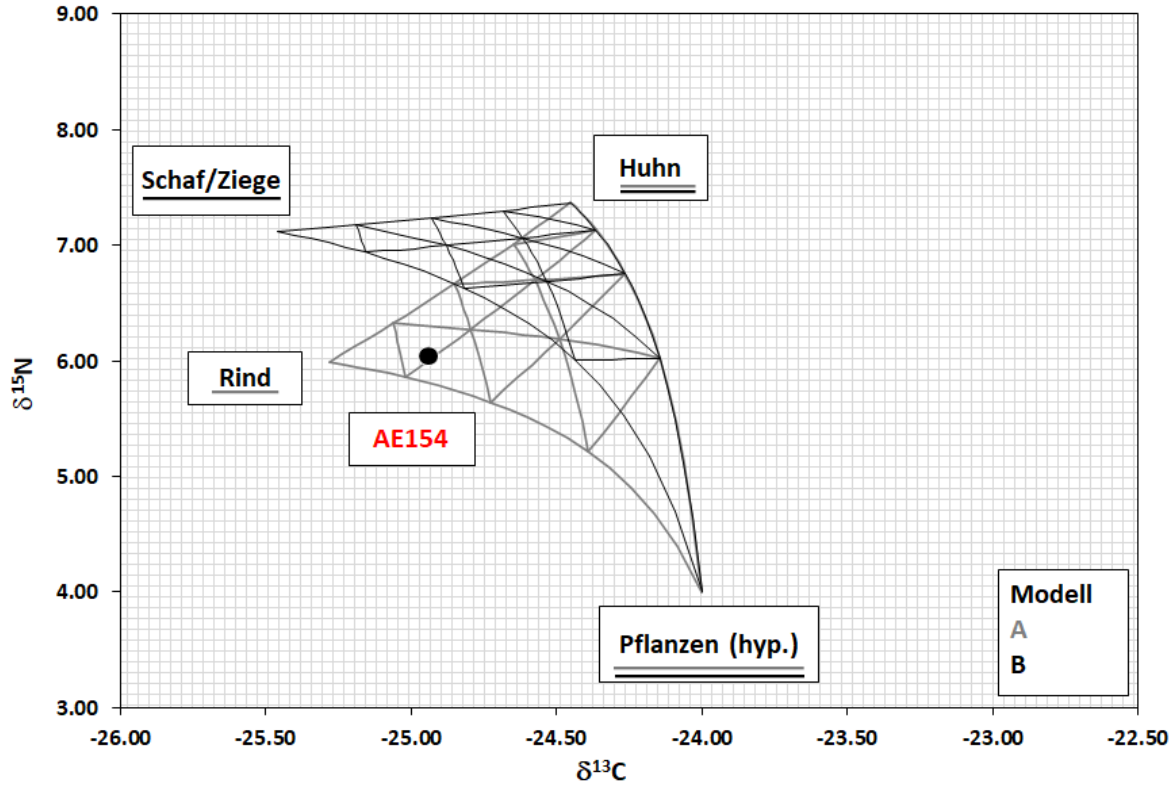


Abbildung 928: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 154. Erstellt mit IsoConc.

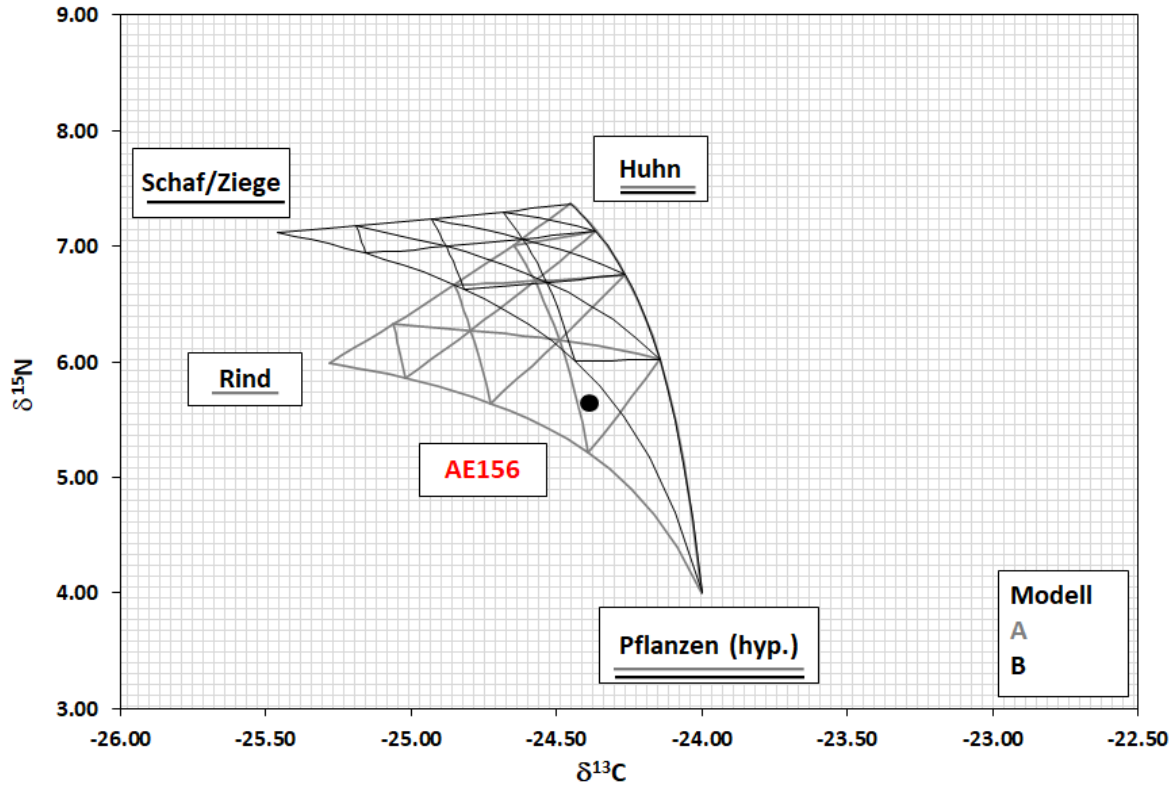


Abbildung 929: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 156. Erstellt mit IsoConc.

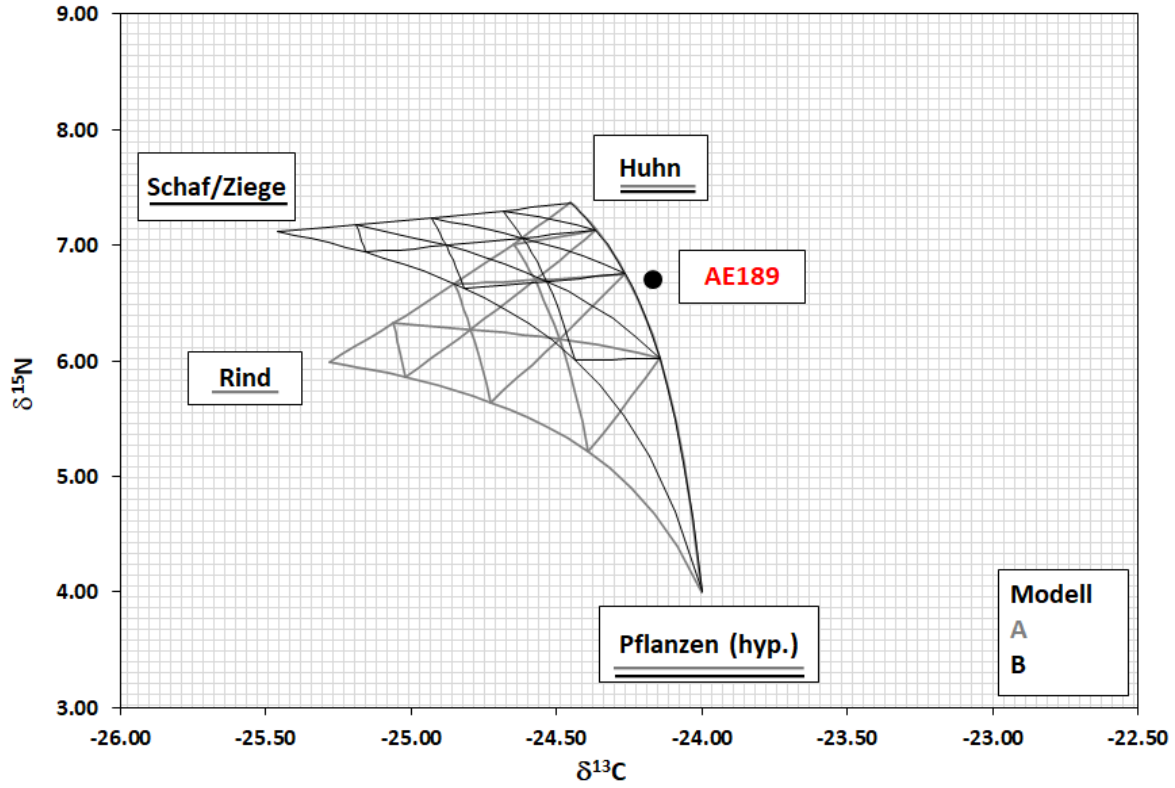


Abbildung 930: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 189. Erstellt mit IsoConc.

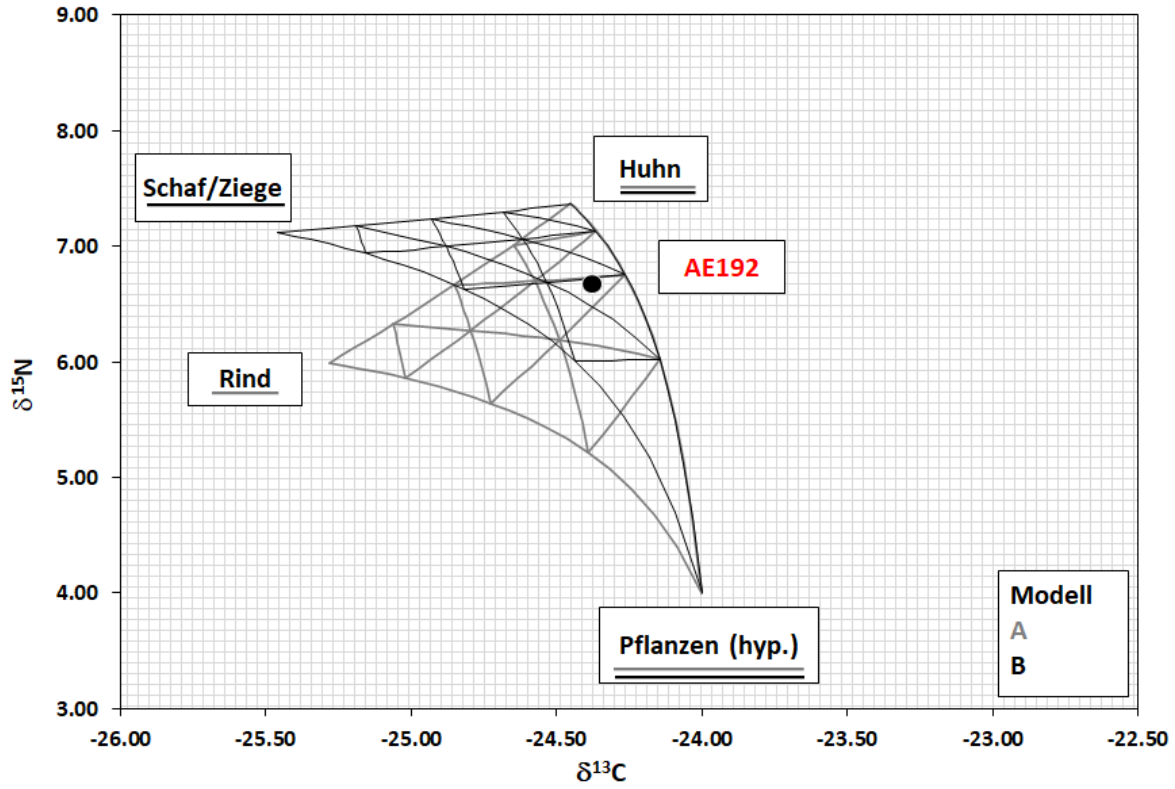


Abbildung 931: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 192. Erstellt mit IsoConc.

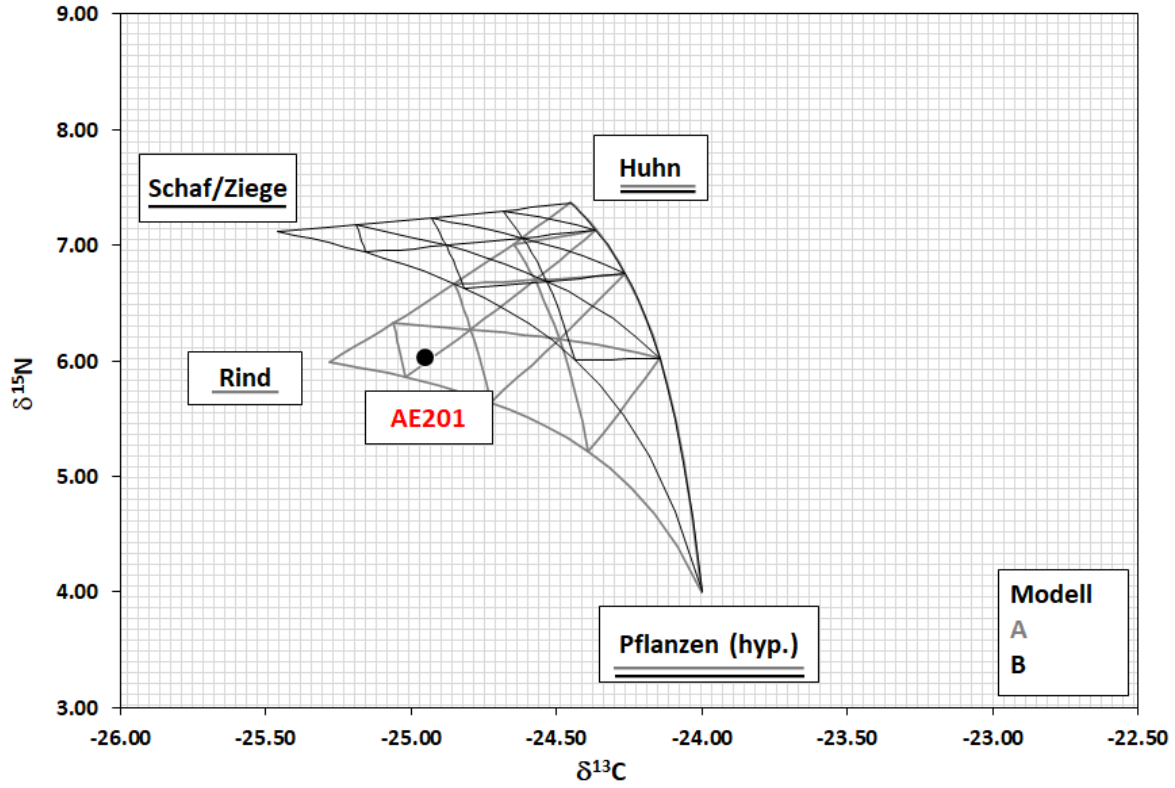


Abbildung 932: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 201. Erstellt mit IsoConc.

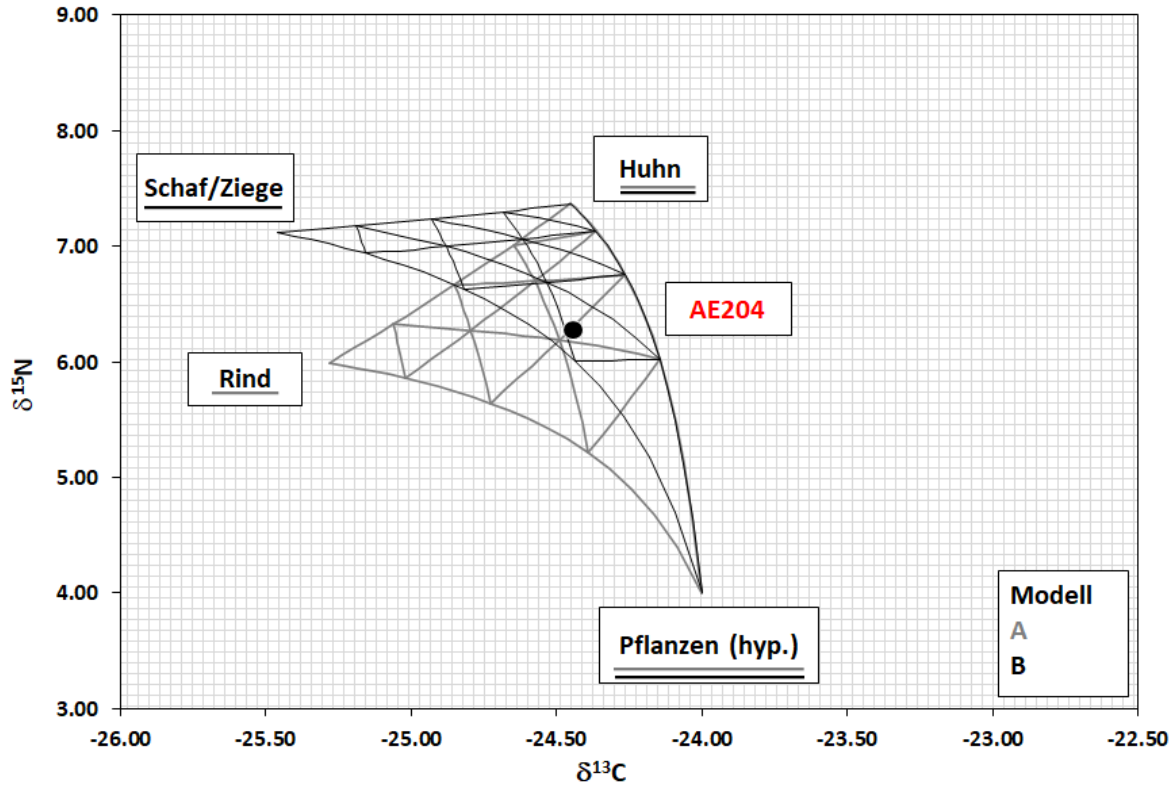


Abbildung 933: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 204. Erstellt mit IsoConc.

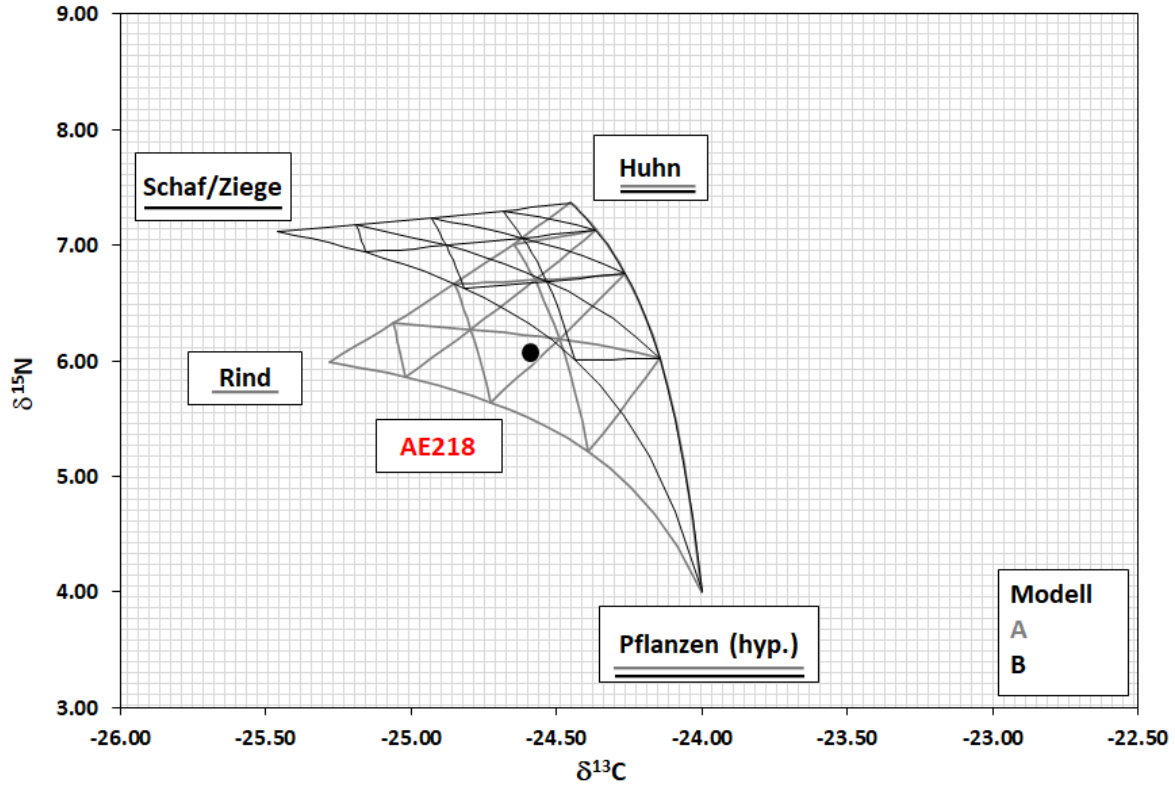


Abbildung 934: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 218. Erstellt mit IsoConc.

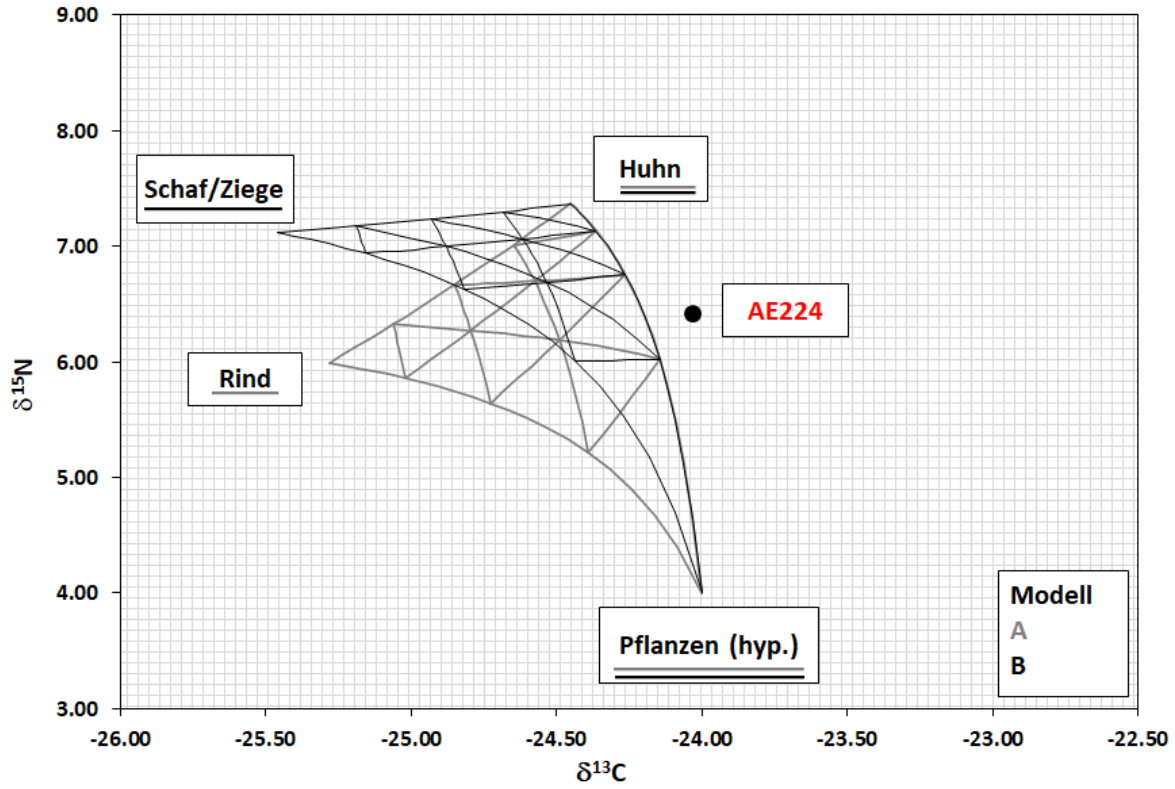


Abbildung 935: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 224. Erstellt mit IsoConc.

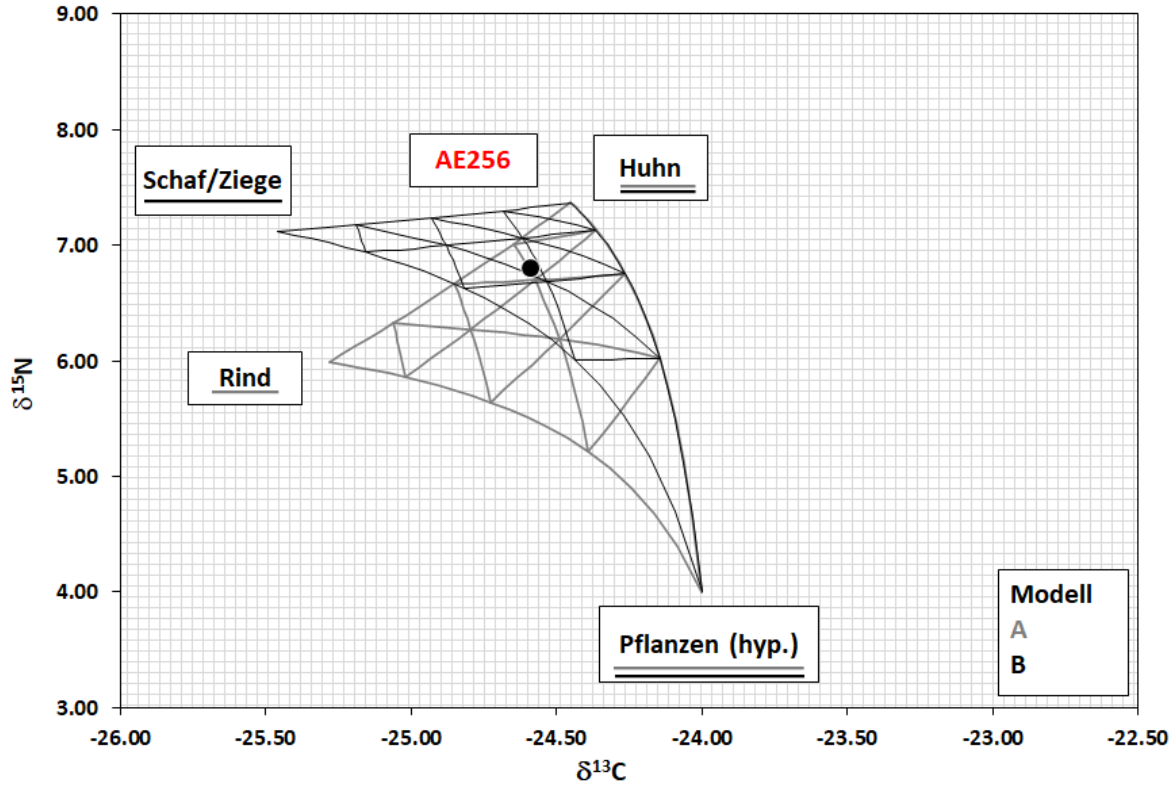


Abbildung 936: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 256. Erstellt mit IsoConc.

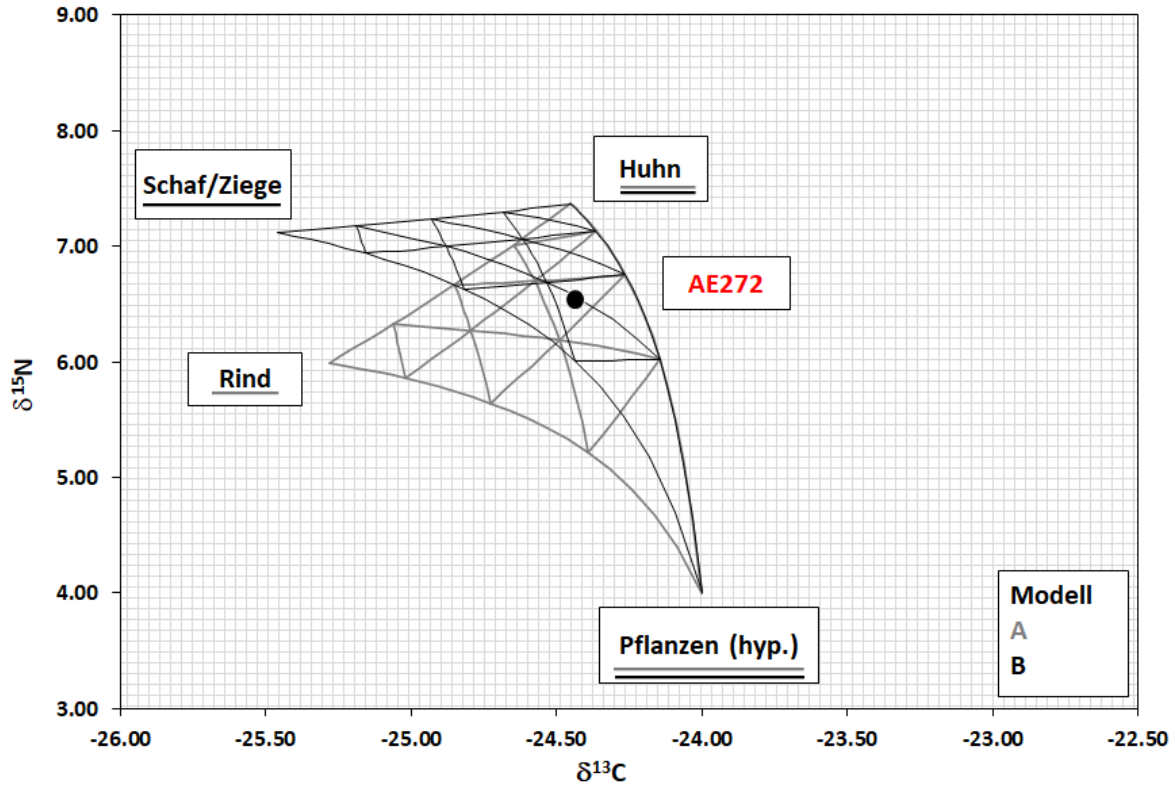


Abbildung 937: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 272. Erstellt mit IsoConc.

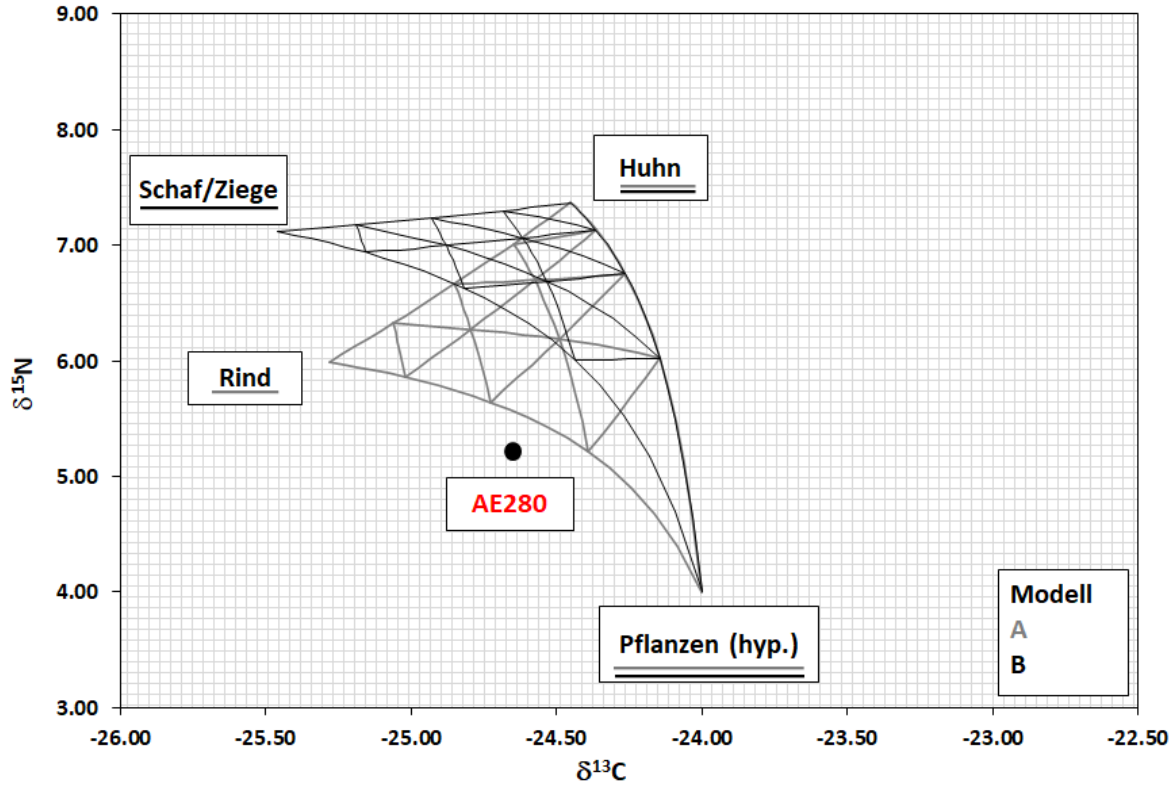


Abbildung 938: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 280. Erstellt mit IsoConc.

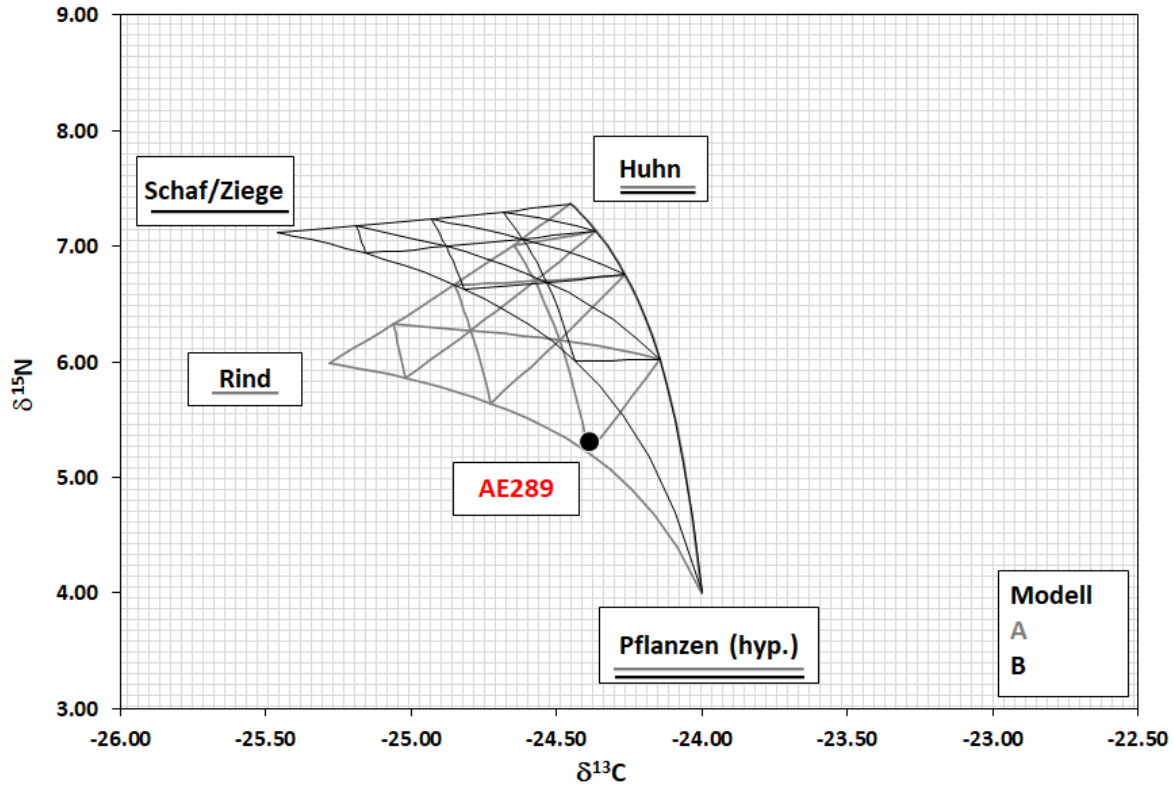


Abbildung 939: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 289. Erstellt mit IsoConc.

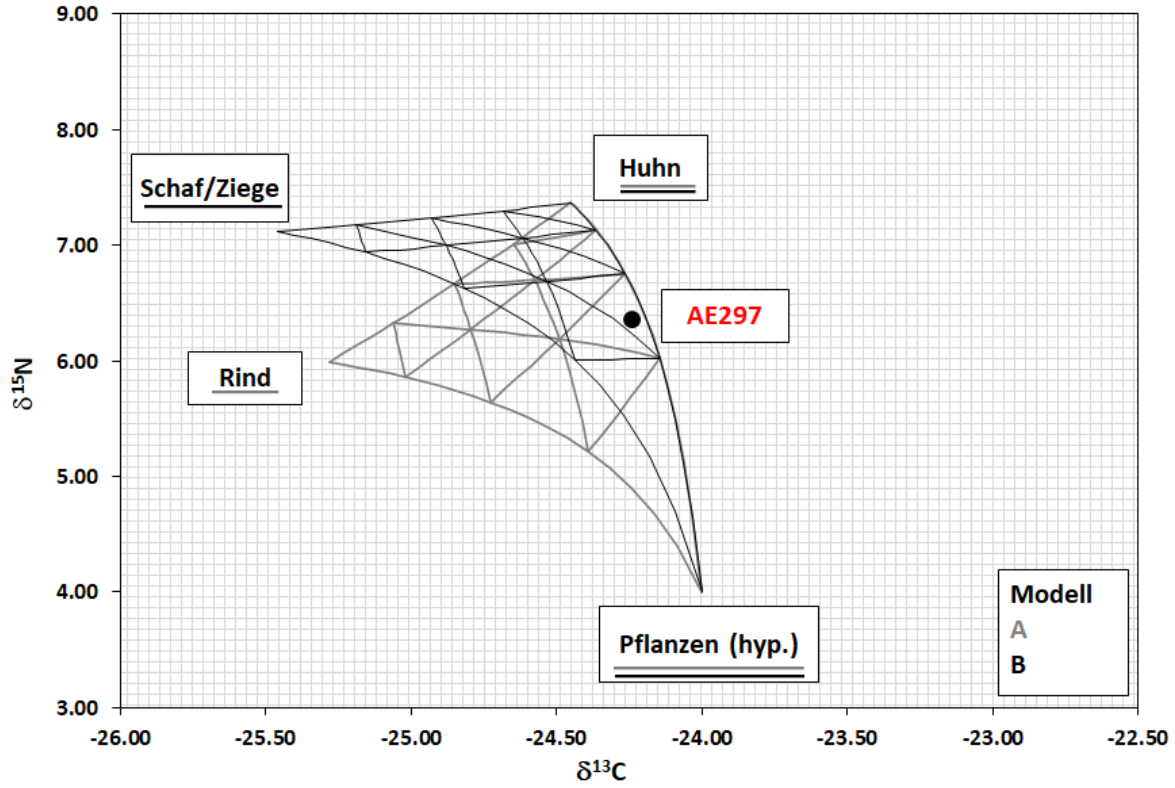


Abbildung 940: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 297. Erstellt mit IsoConc.

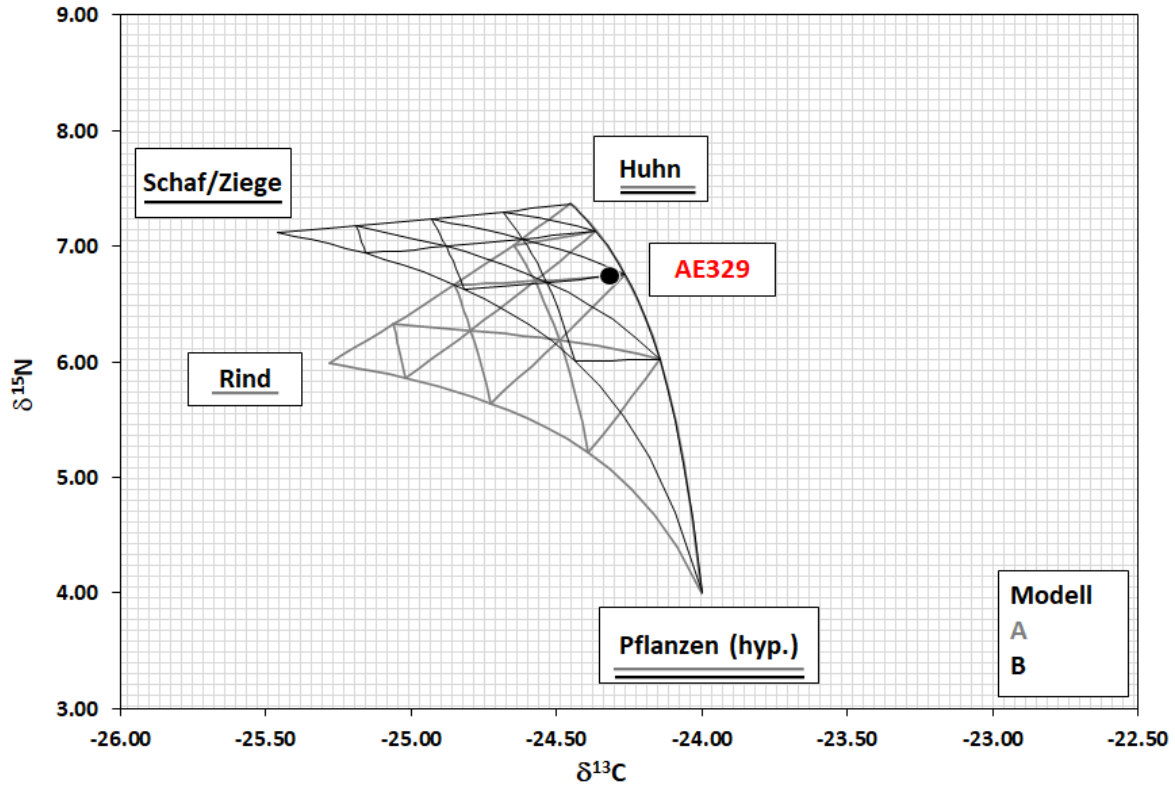


Abbildung 941: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 329. Erstellt mit IsoConc.

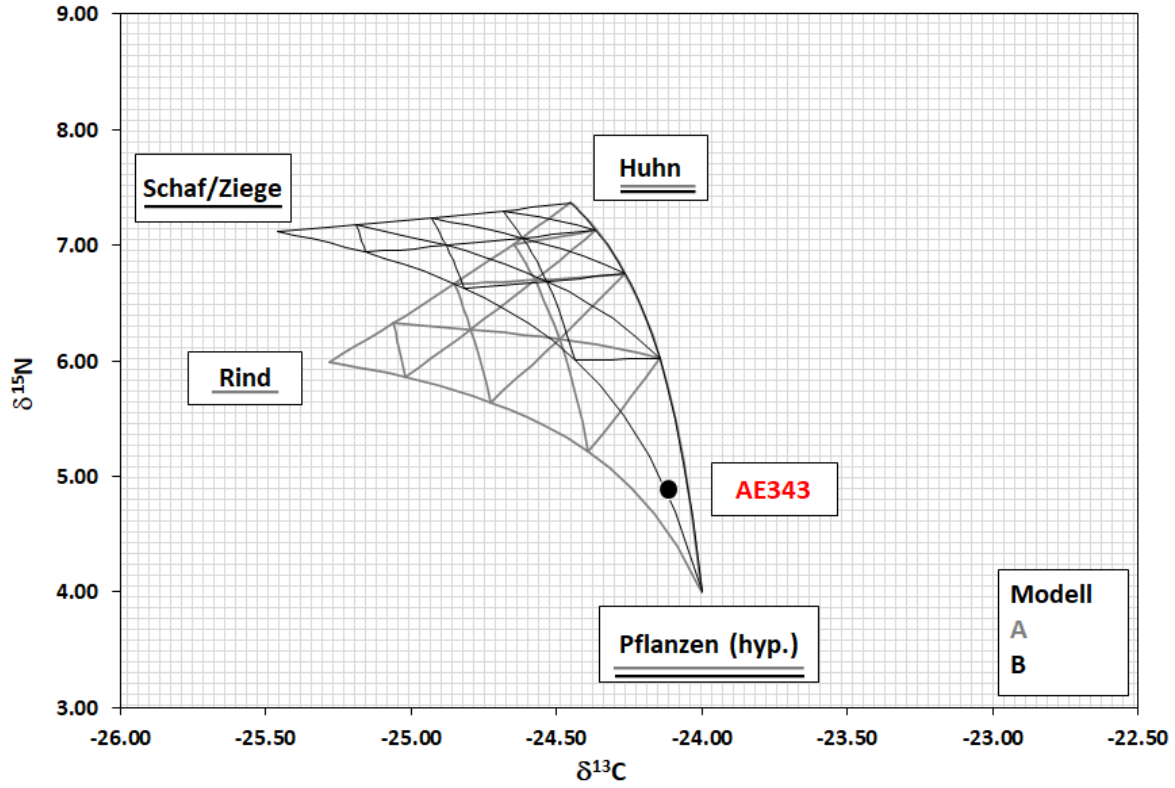


Abbildung 942: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 343. Erstellt mit IsoConc.

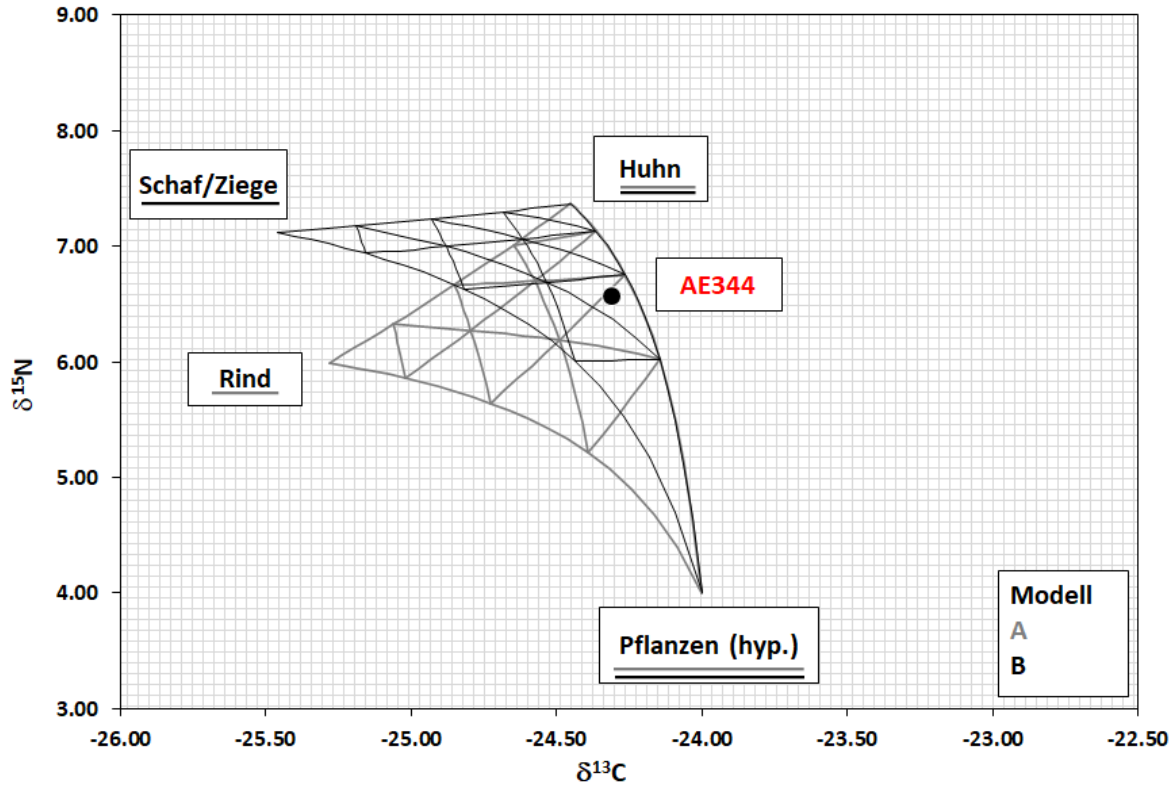


Abbildung 943: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 344. Erstellt mit IsoConc.

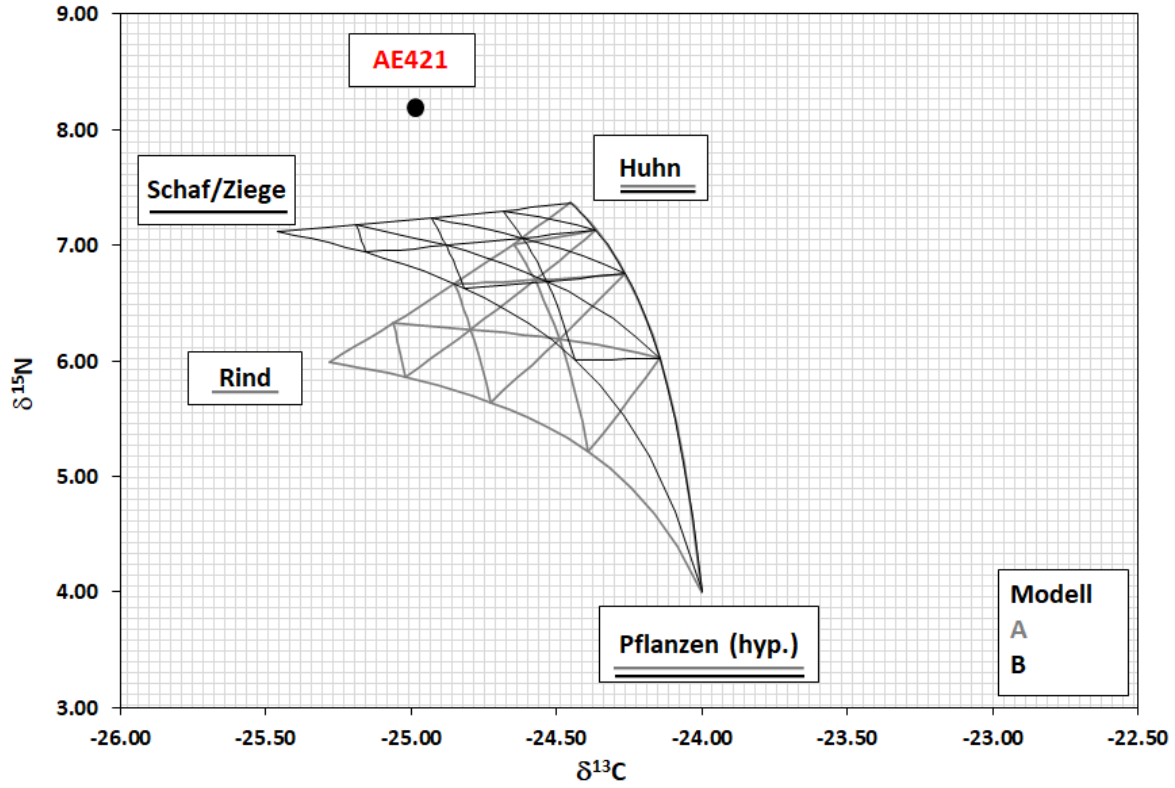


Abbildung 944: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 421. Erstellt mit IsoConc.

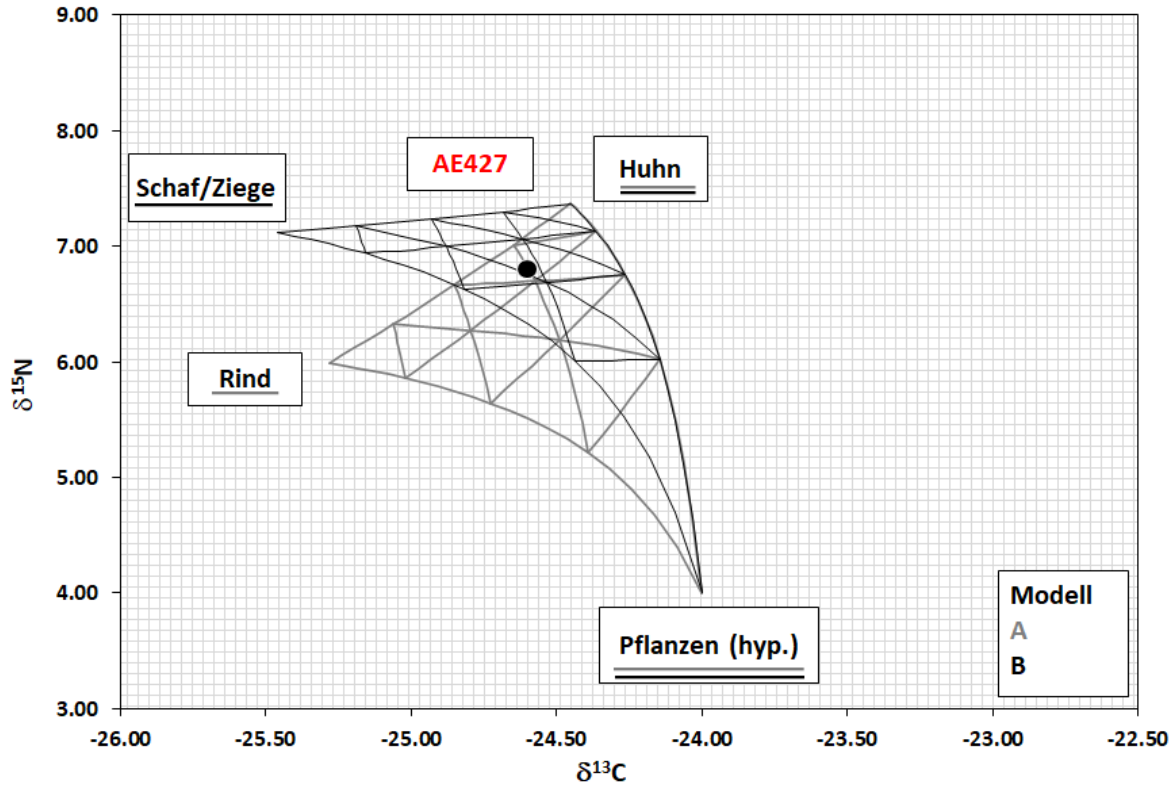


Abbildung 945: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 427. Erstellt mit IsoConc.

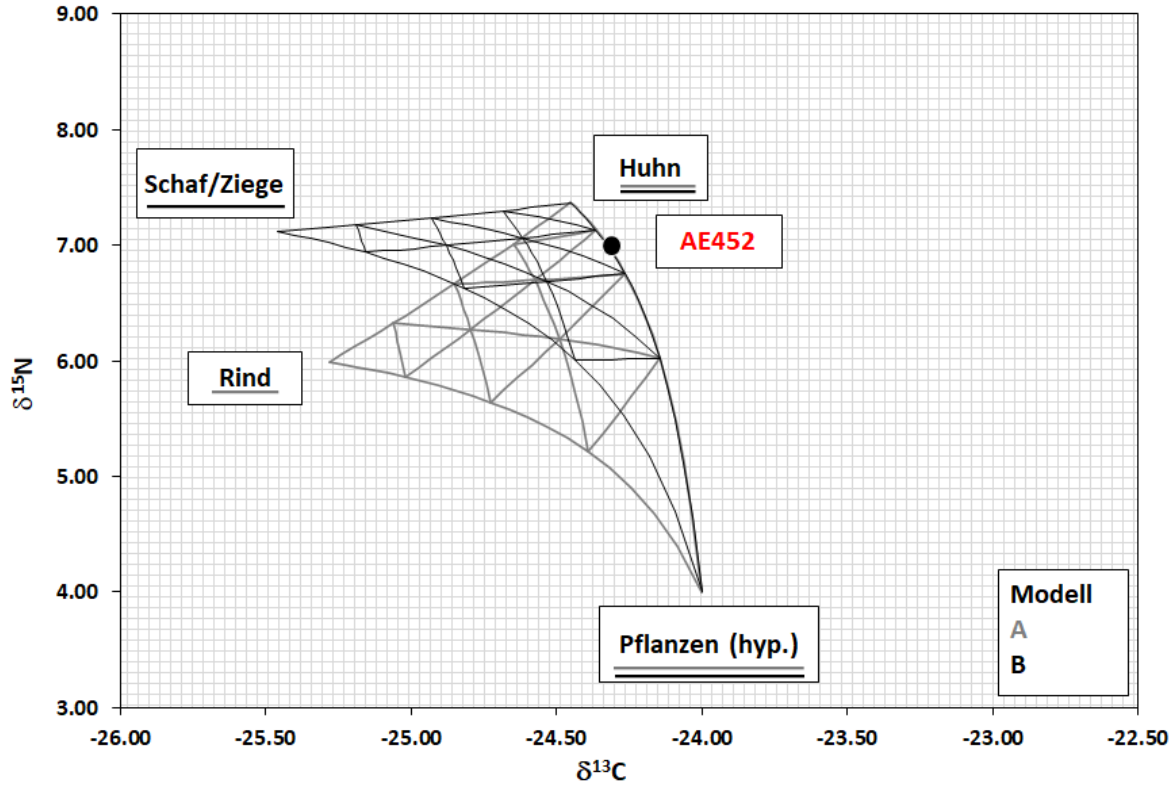


Abbildung 946: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 52. Erstellt mit IsoConc.

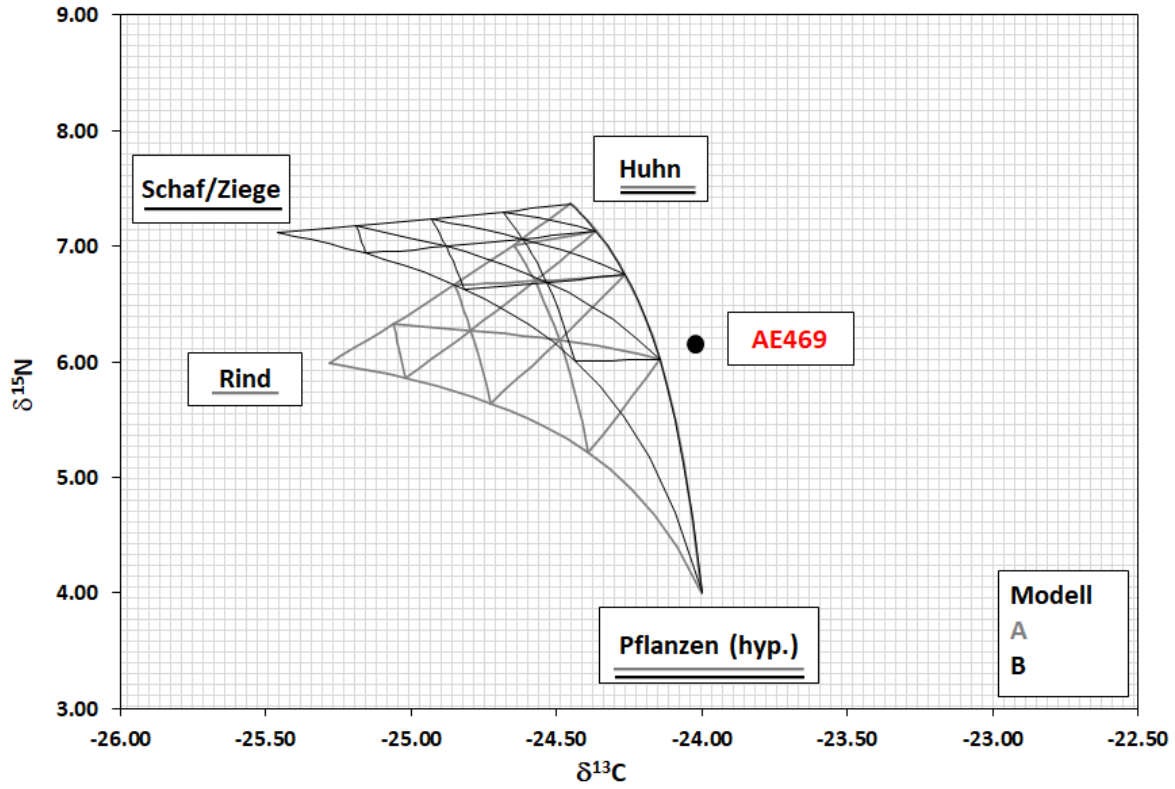


Abbildung 947: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 469. Erstellt mit IsoConc.

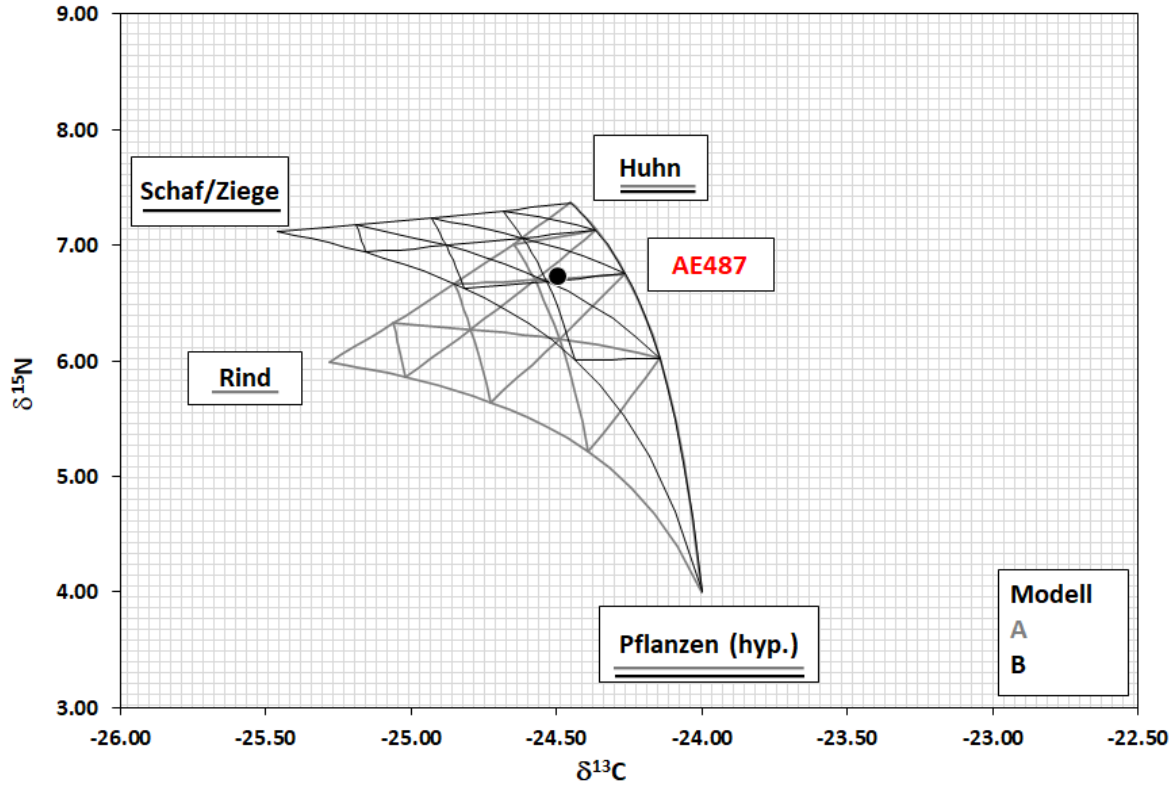


Abbildung 948: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 487. Erstellt mit IsoConc.

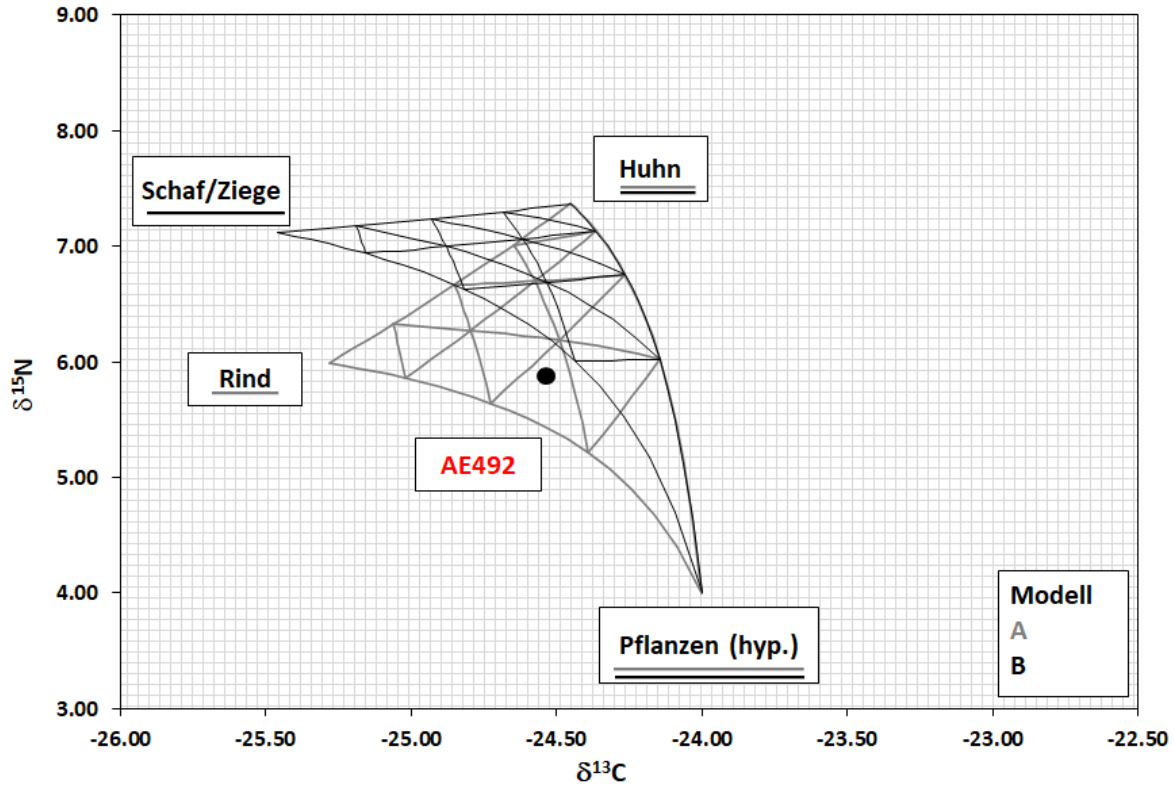


Abbildung 949: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 492. Erstellt mit IsoConc.

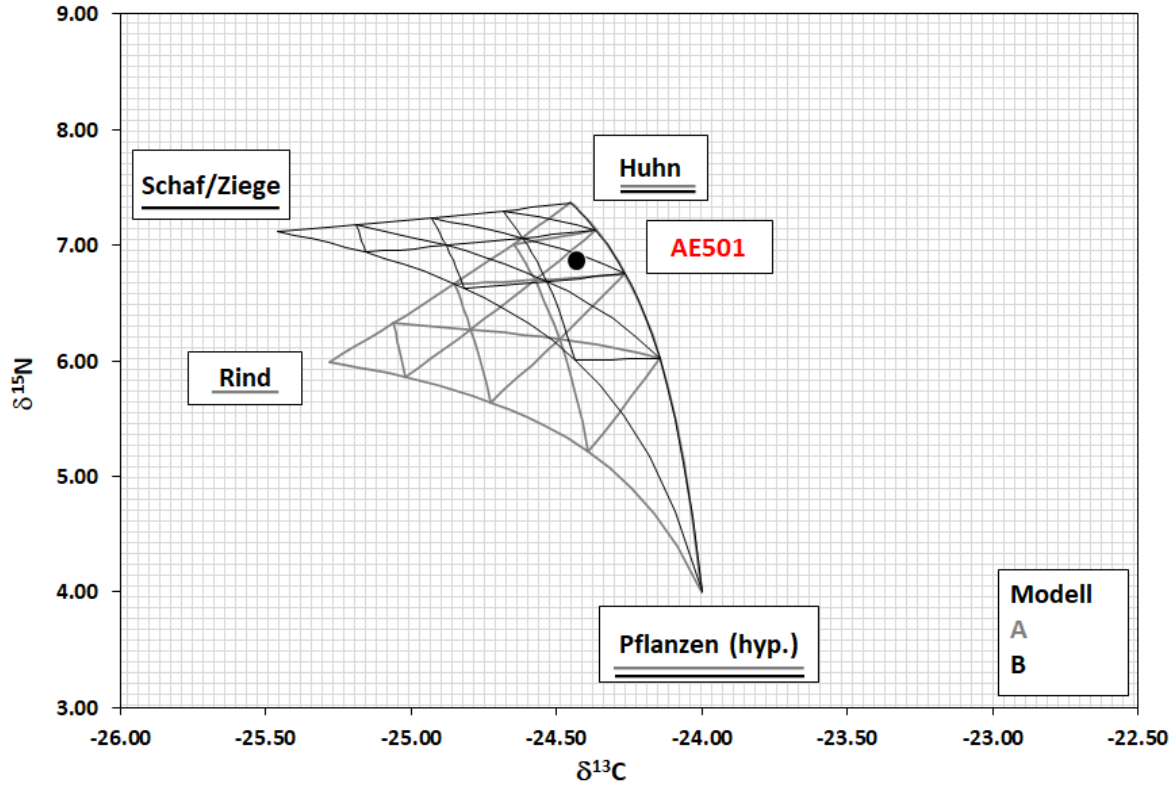


Abbildung 950: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 501. Erstellt mit IsoConc.

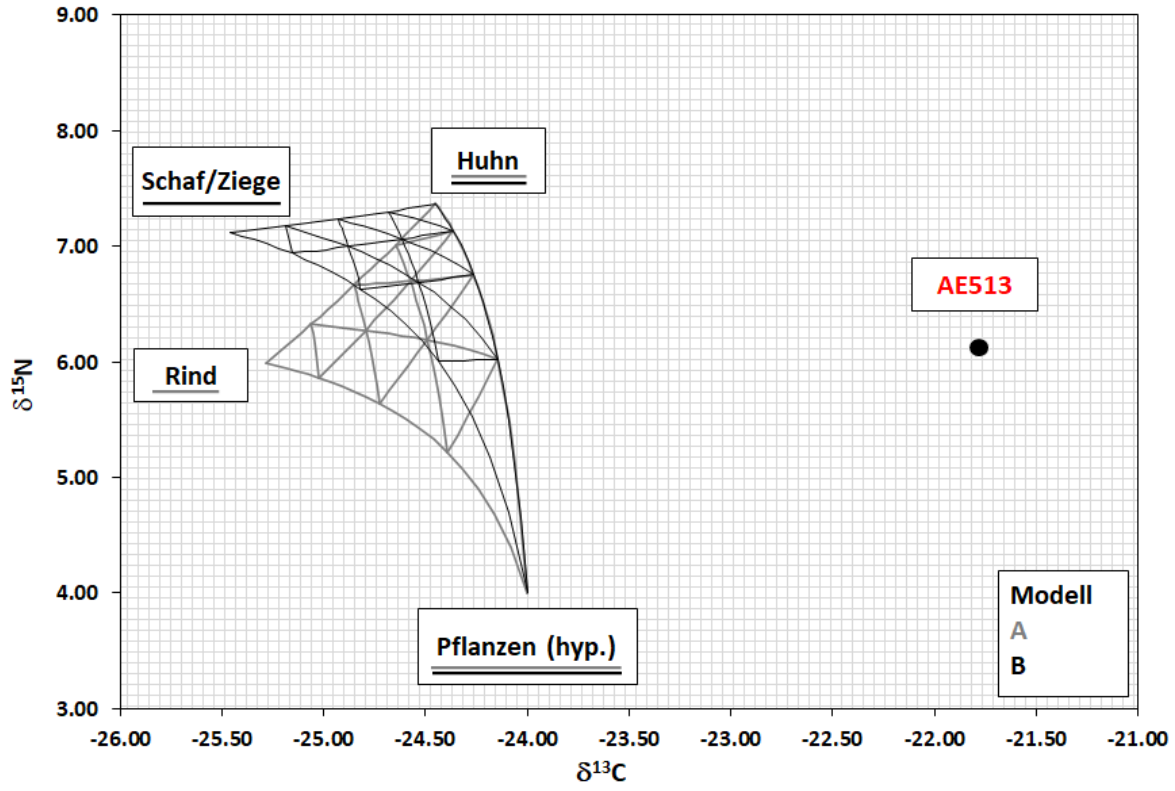


Abbildung 951: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 513. Erstellt mit IsoConc.

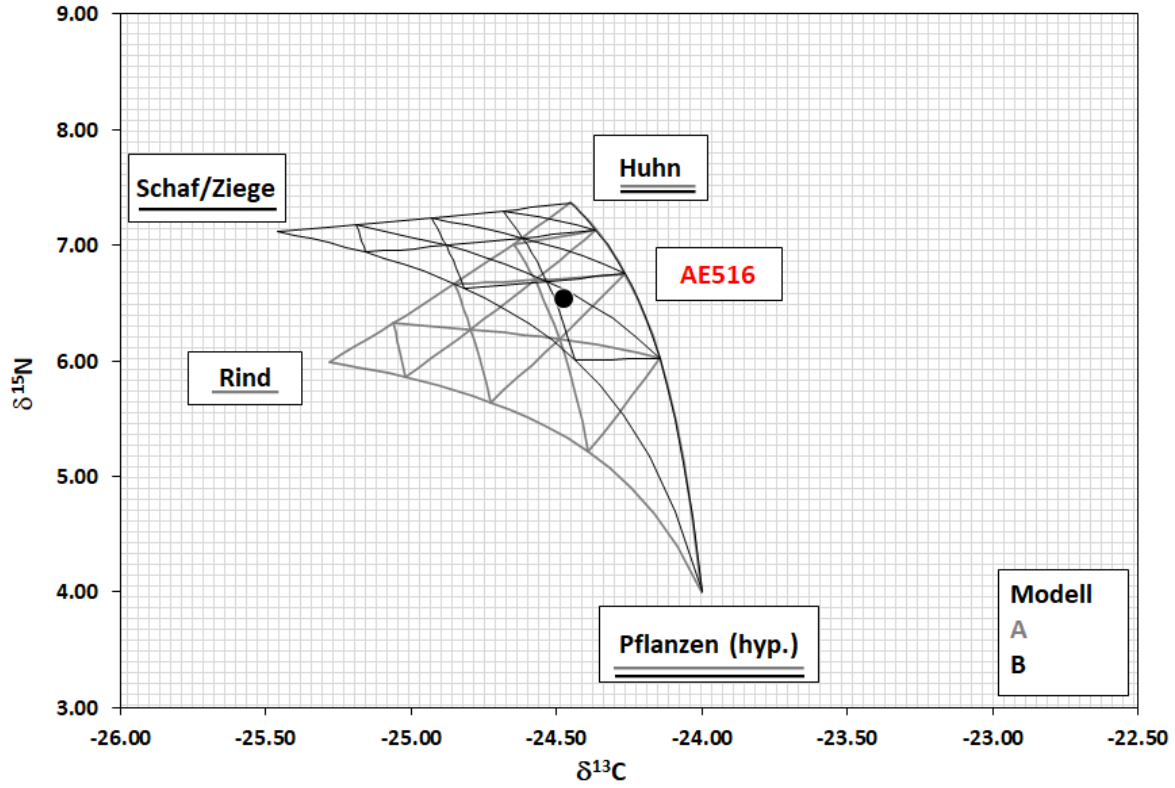


Abbildung 952: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 516. Erstellt mit IsoConc.

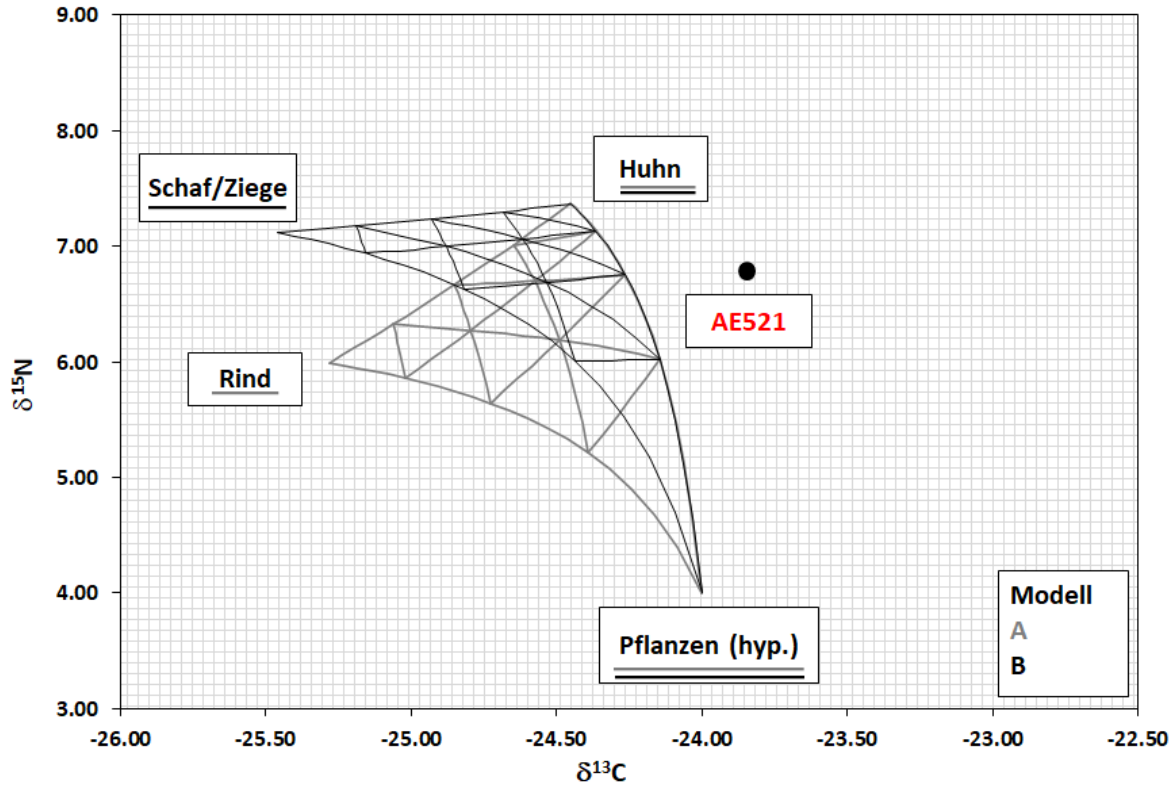


Abbildung 953: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 521. Erstellt mit IsoConc.

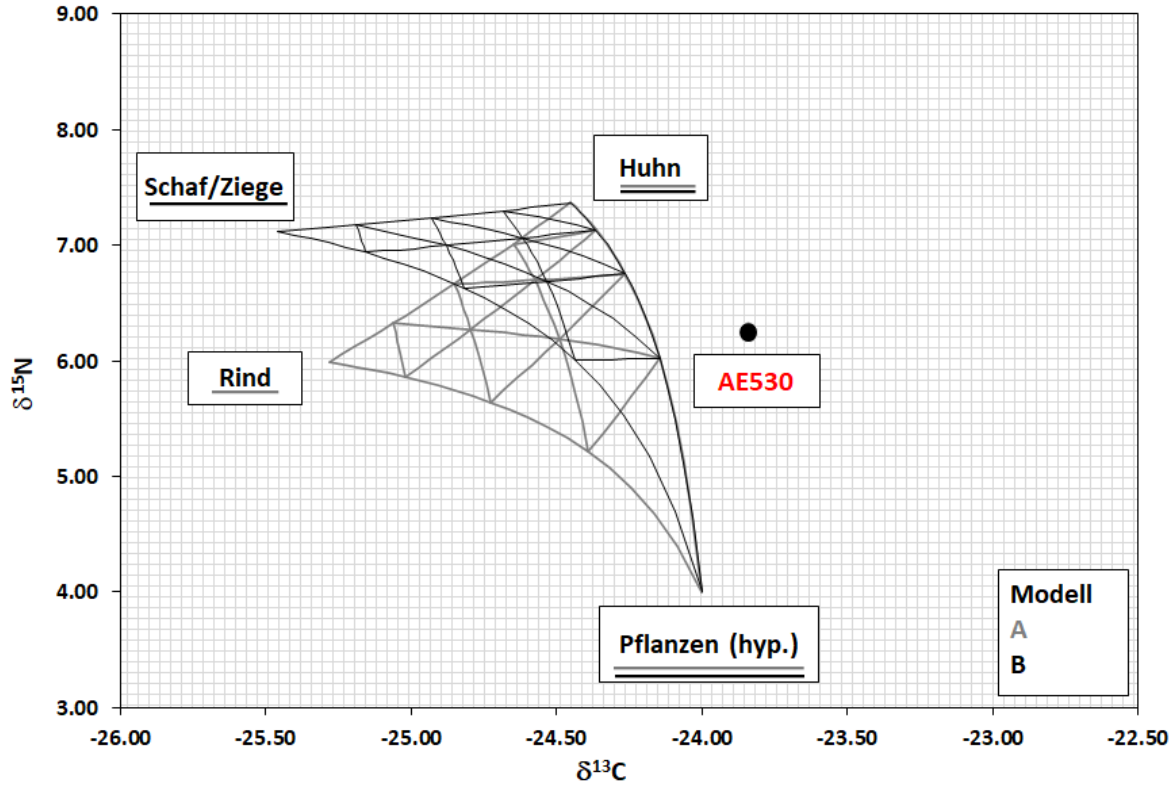


Abbildung 954: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 530. Erstellt mit IsoConc.

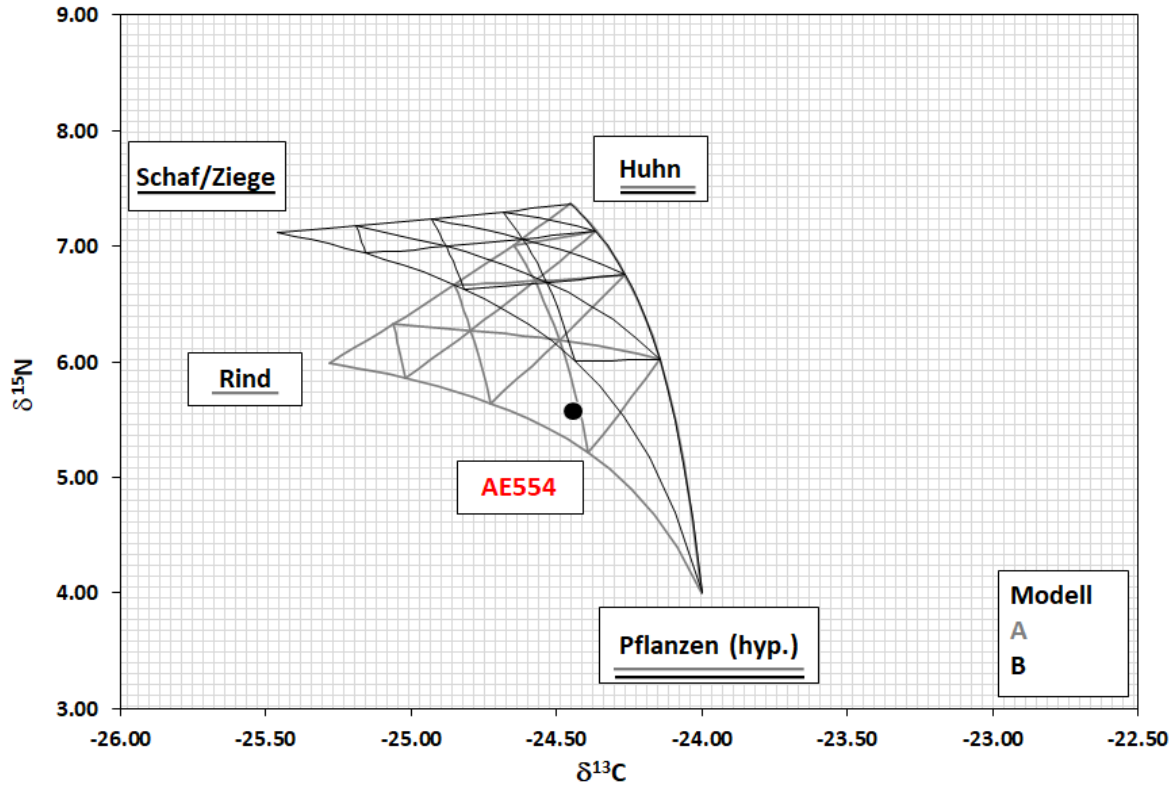


Abbildung 955: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 554. Erstellt mit IsoConc.

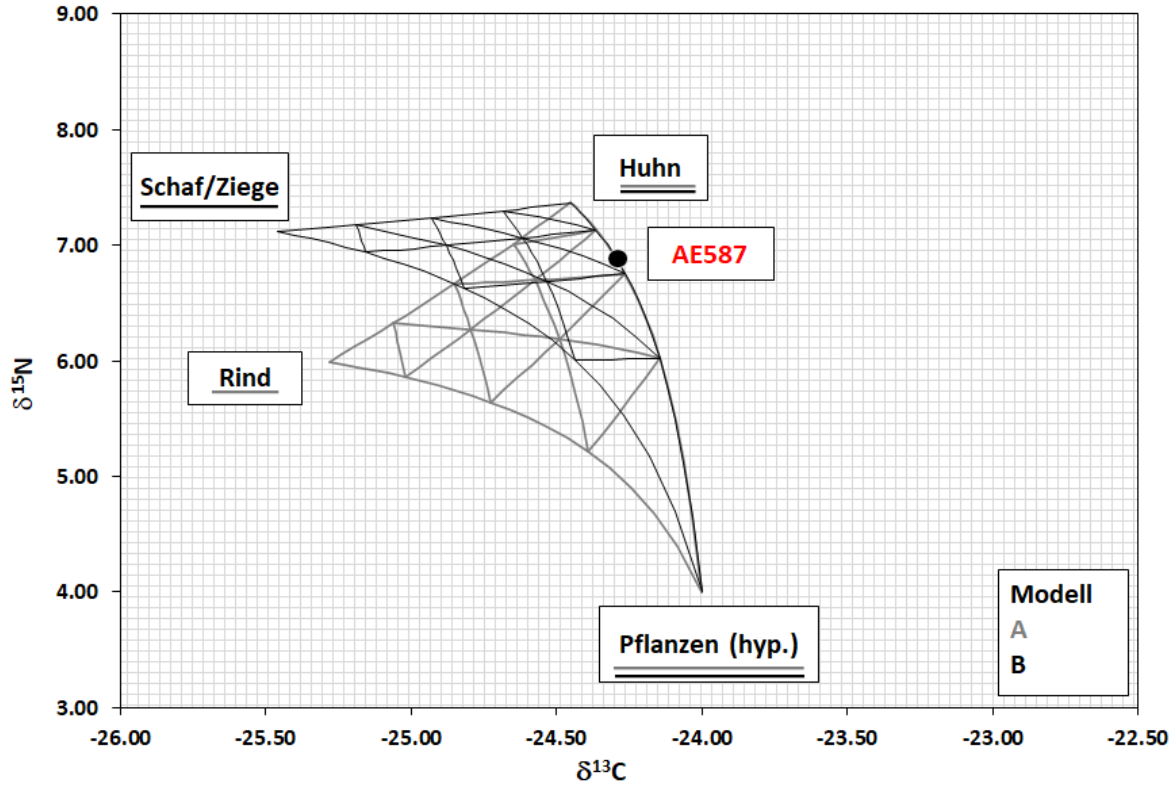


Abbildung 956: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 587. Erstellt mit IsoConc.

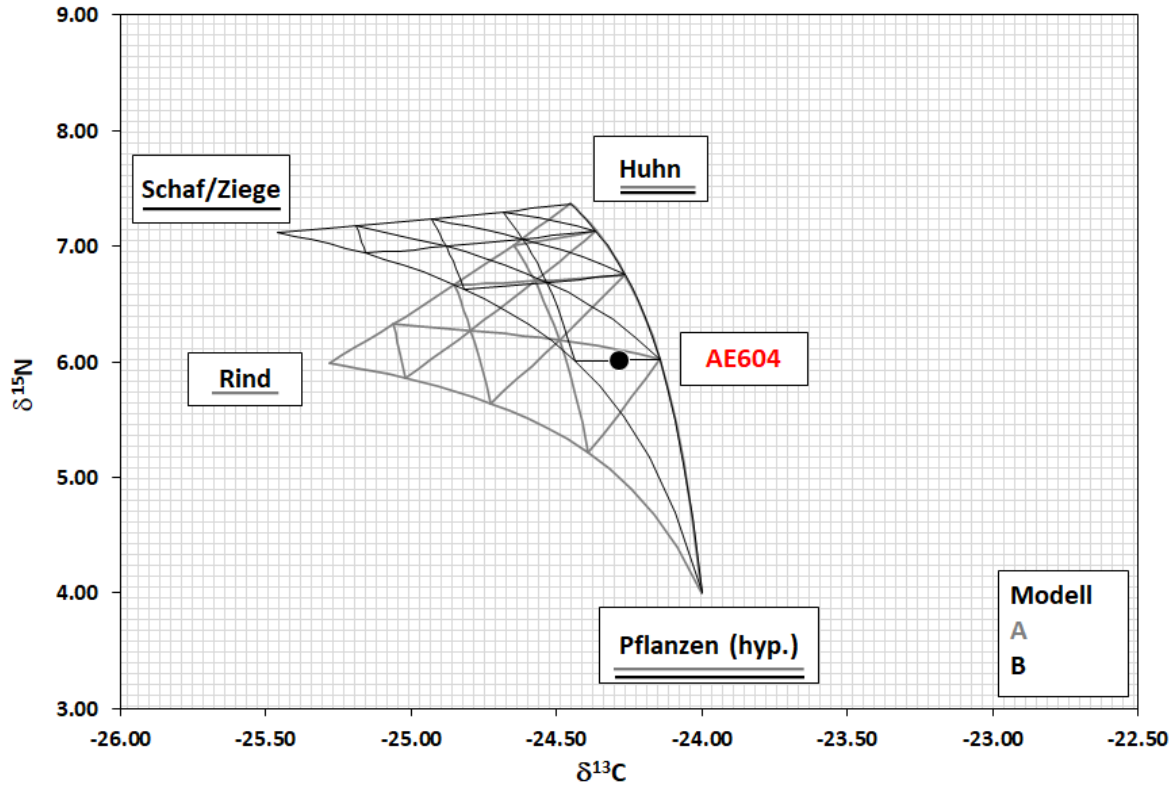


Abbildung 957: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 604. Erstellt mit IsoConc.

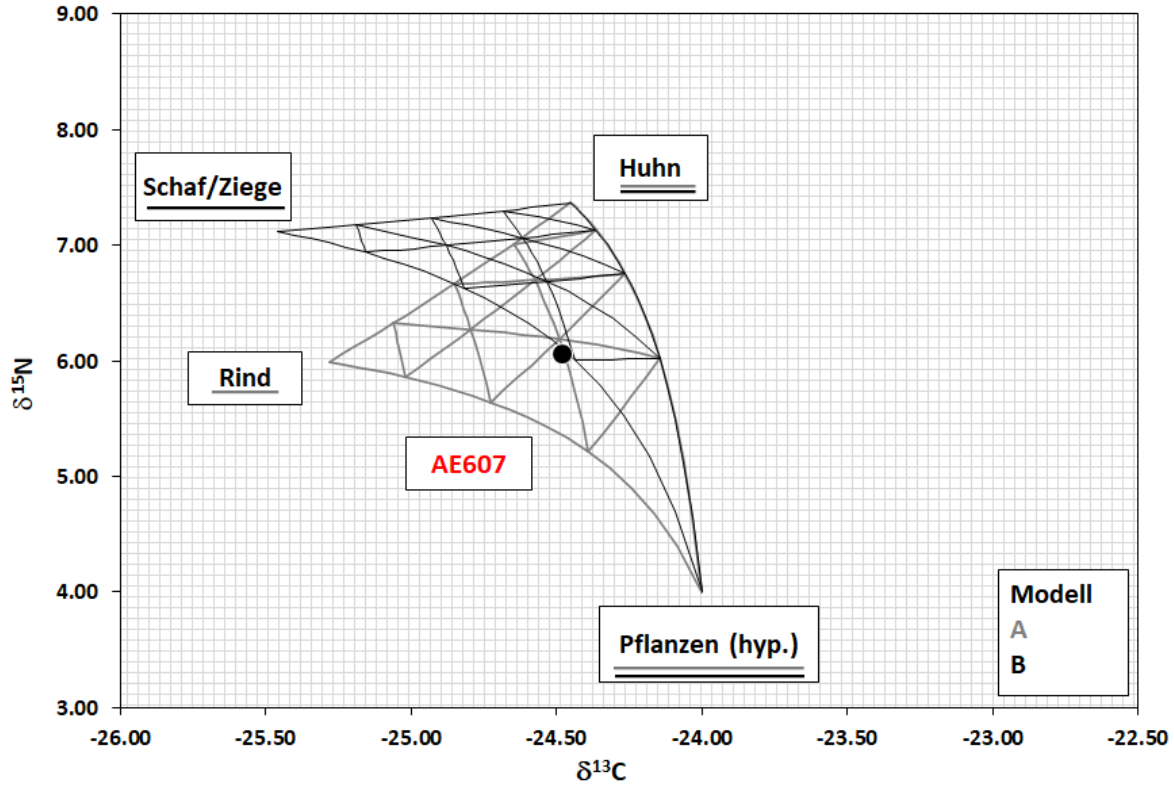


Abbildung 958: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 607. Erstellt mit IsoConc.

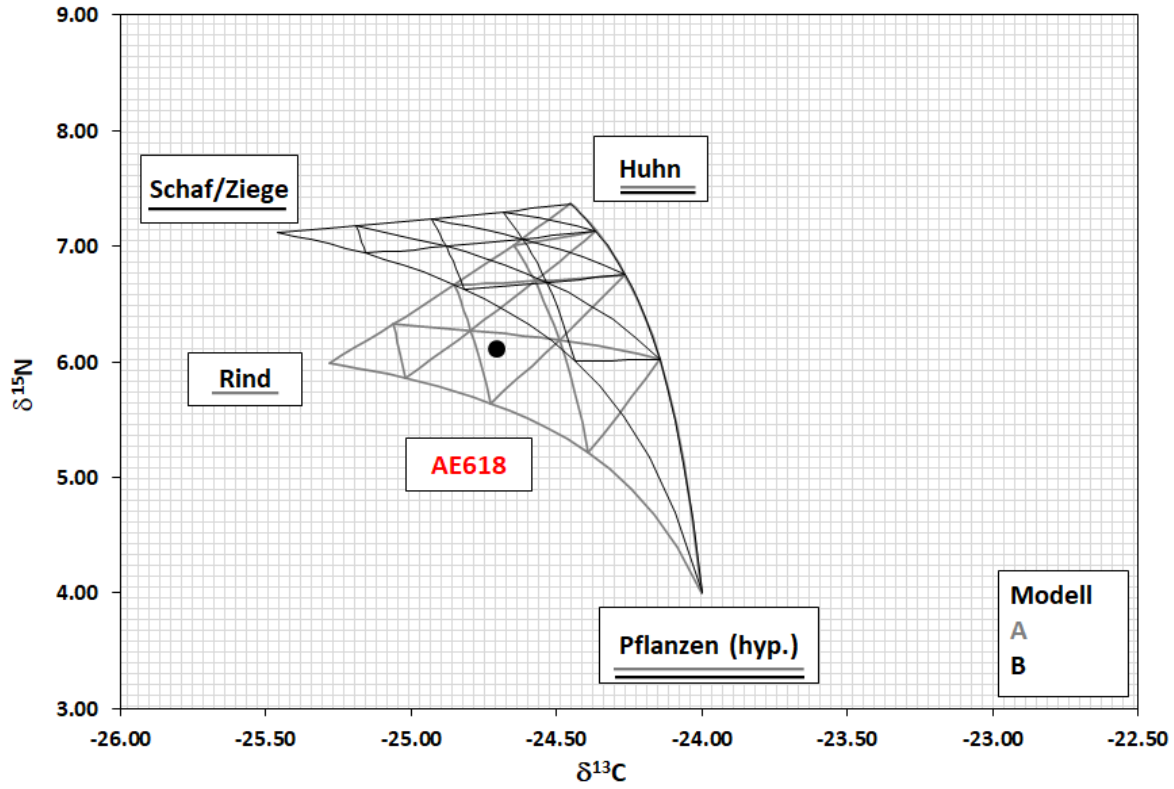


Abbildung 959: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 618. Erstellt mit IsoConc.

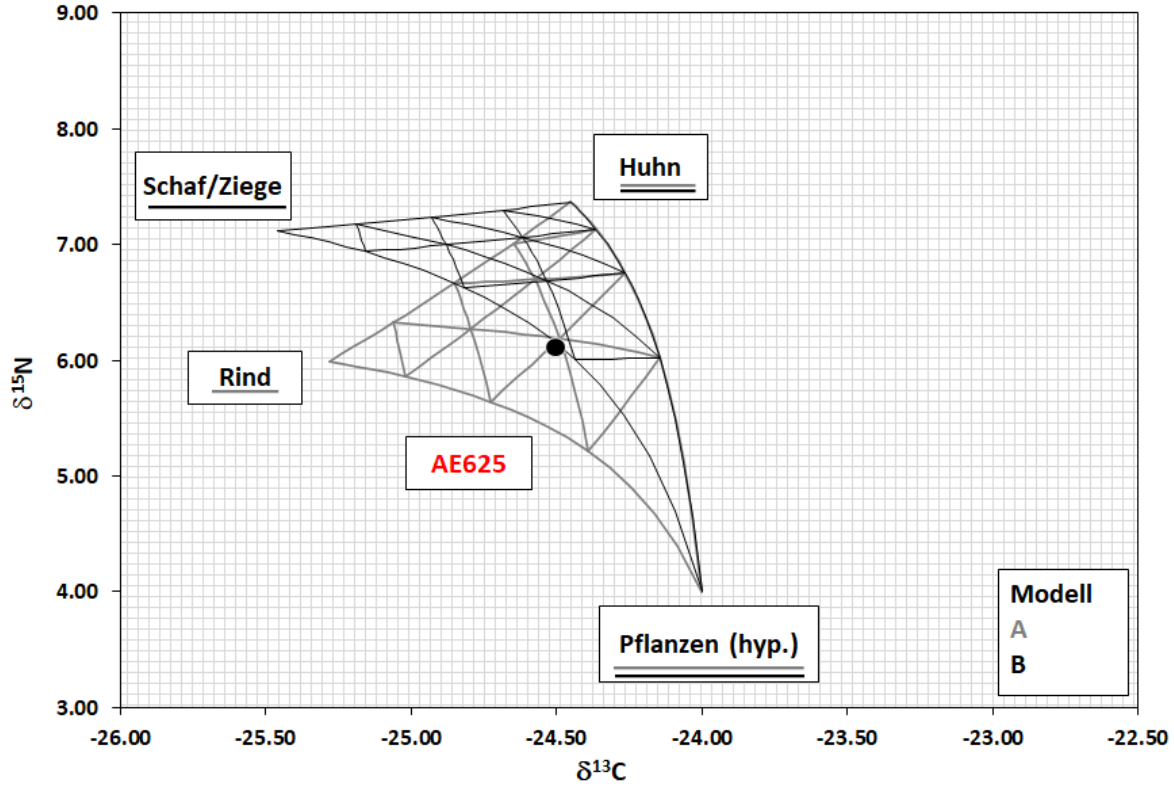


Abbildung 960: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 625. Erstellt mit IsoConc.

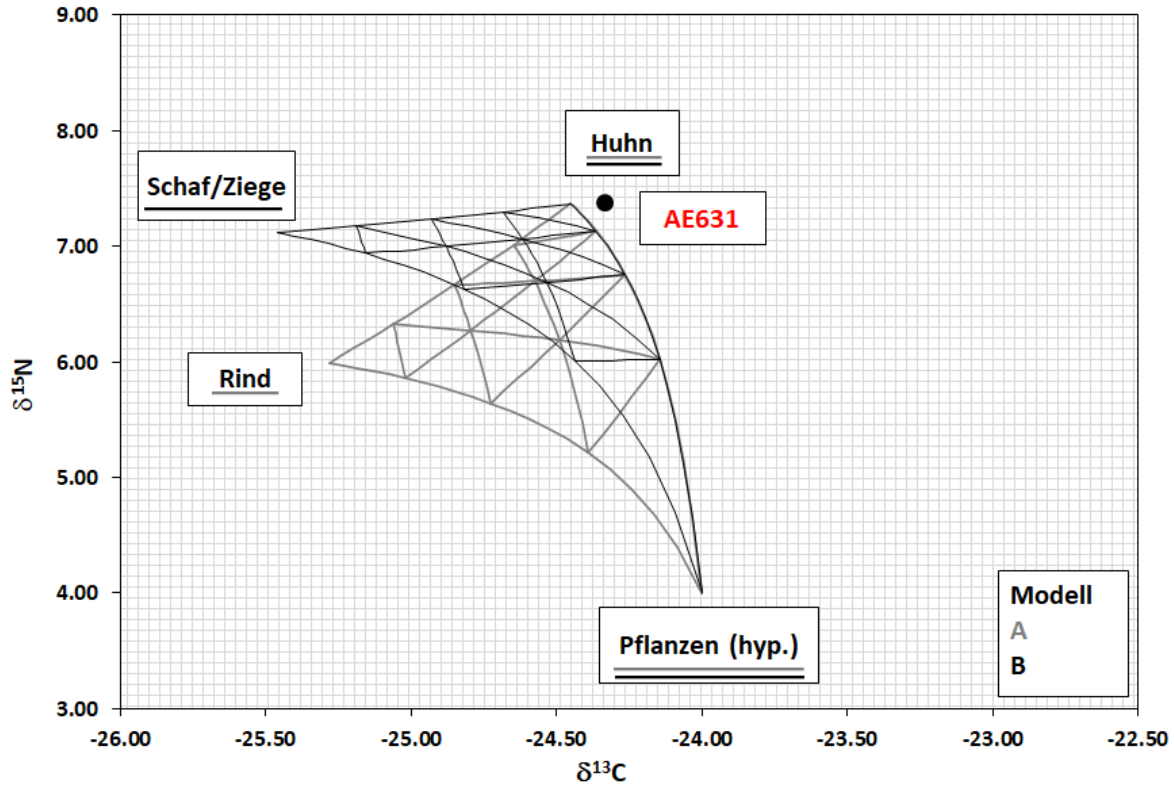


Abbildung 961: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 631. Erstellt mit IsoConc.

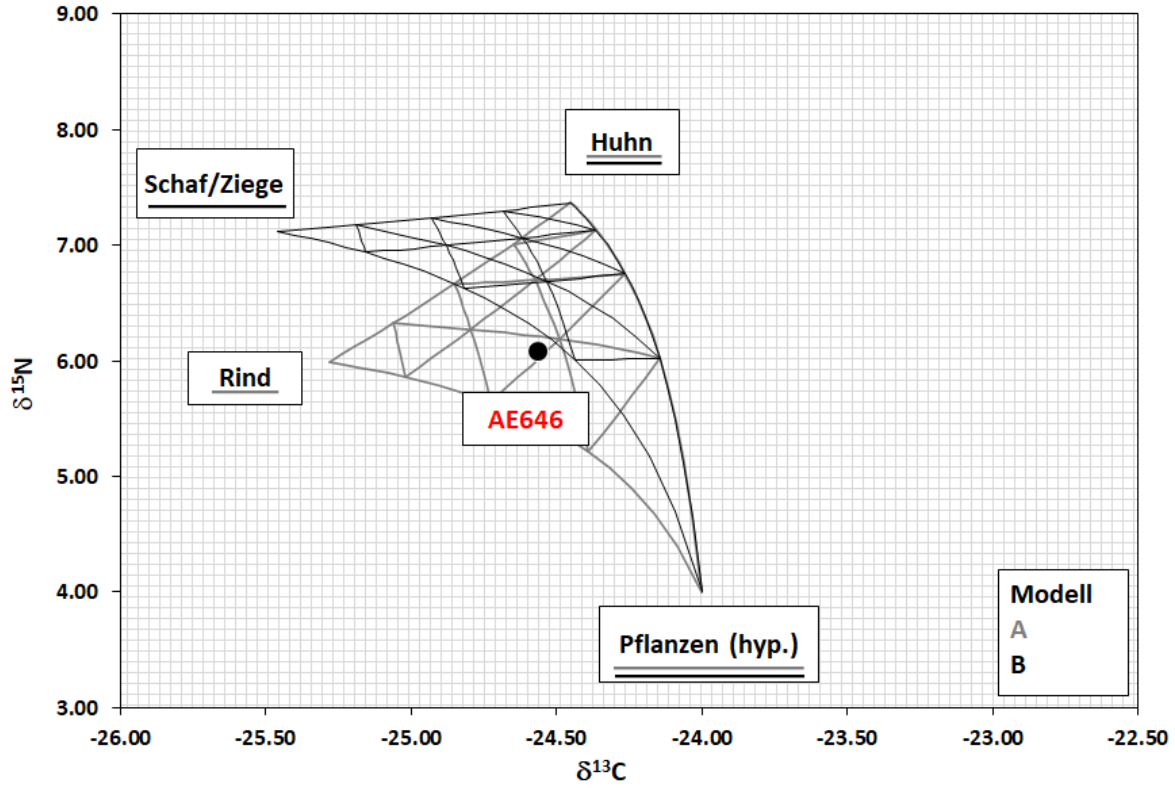


Abbildung 962: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 646. Erstellt mit IsoConc.

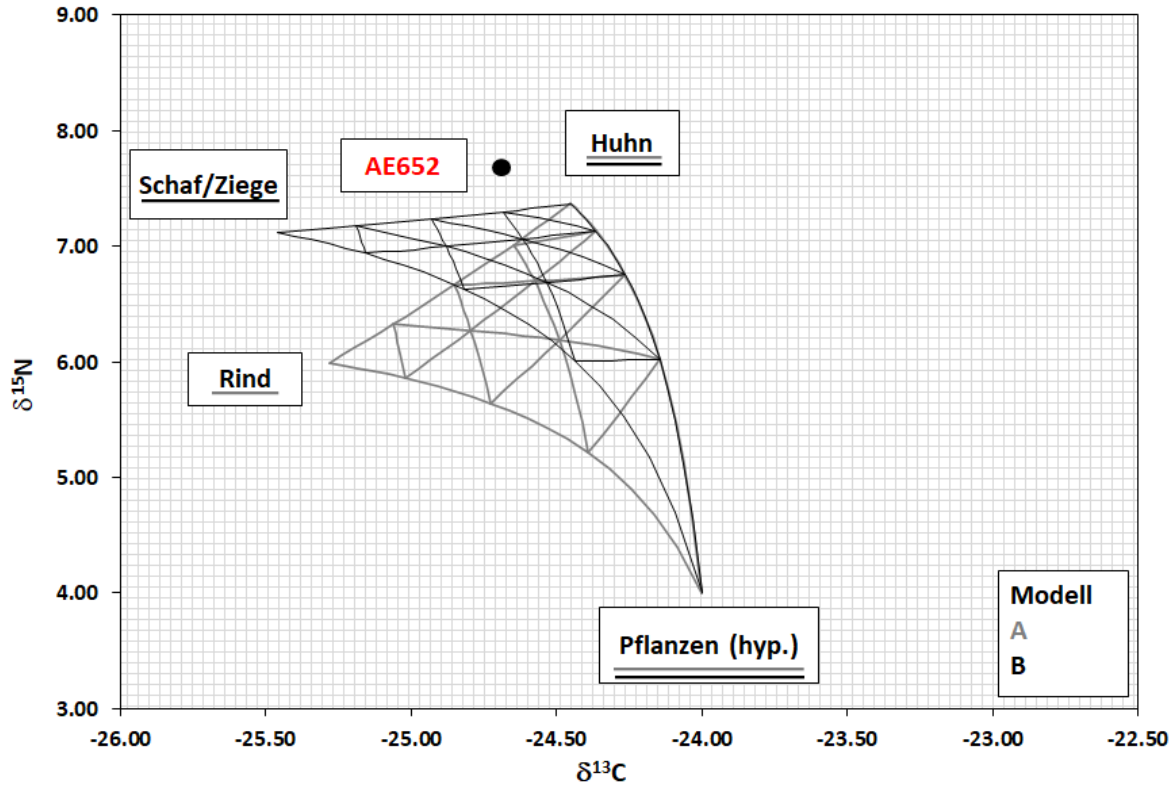


Abbildung 963: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 652. Erstellt mit IsoConc.

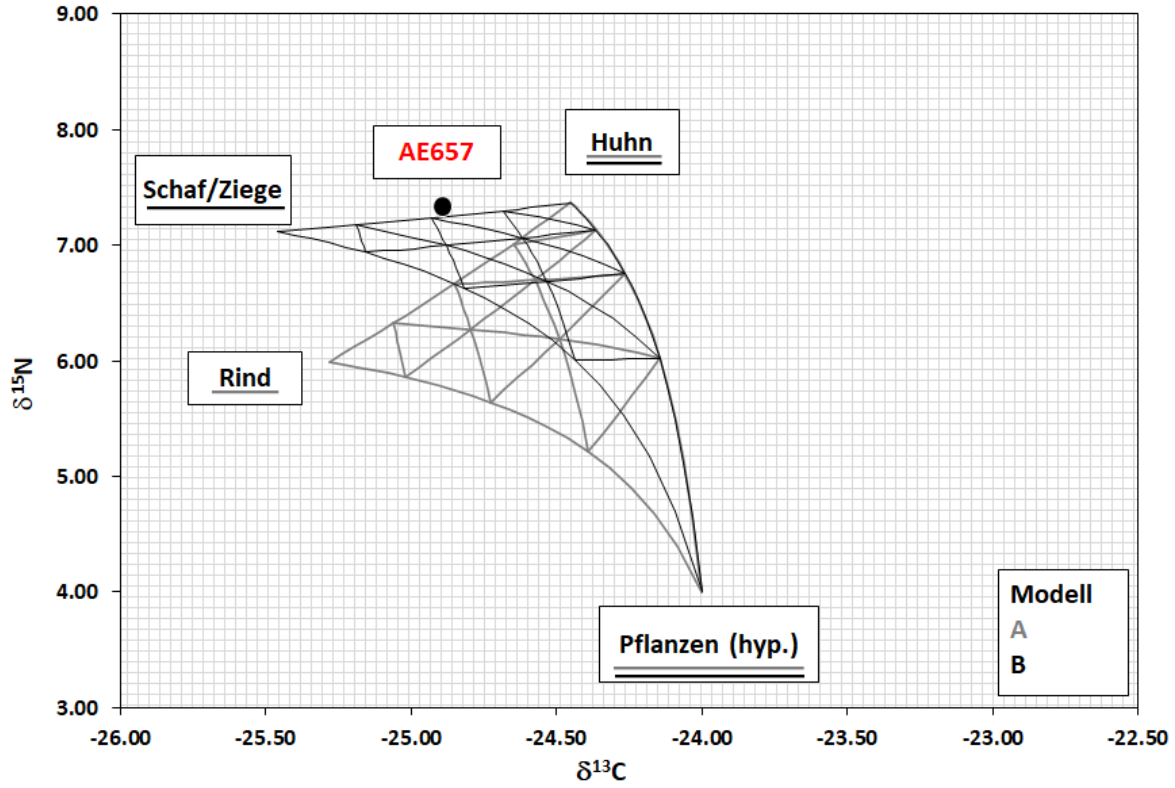


Abbildung 964: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 657. Erstellt mit IsoConc.

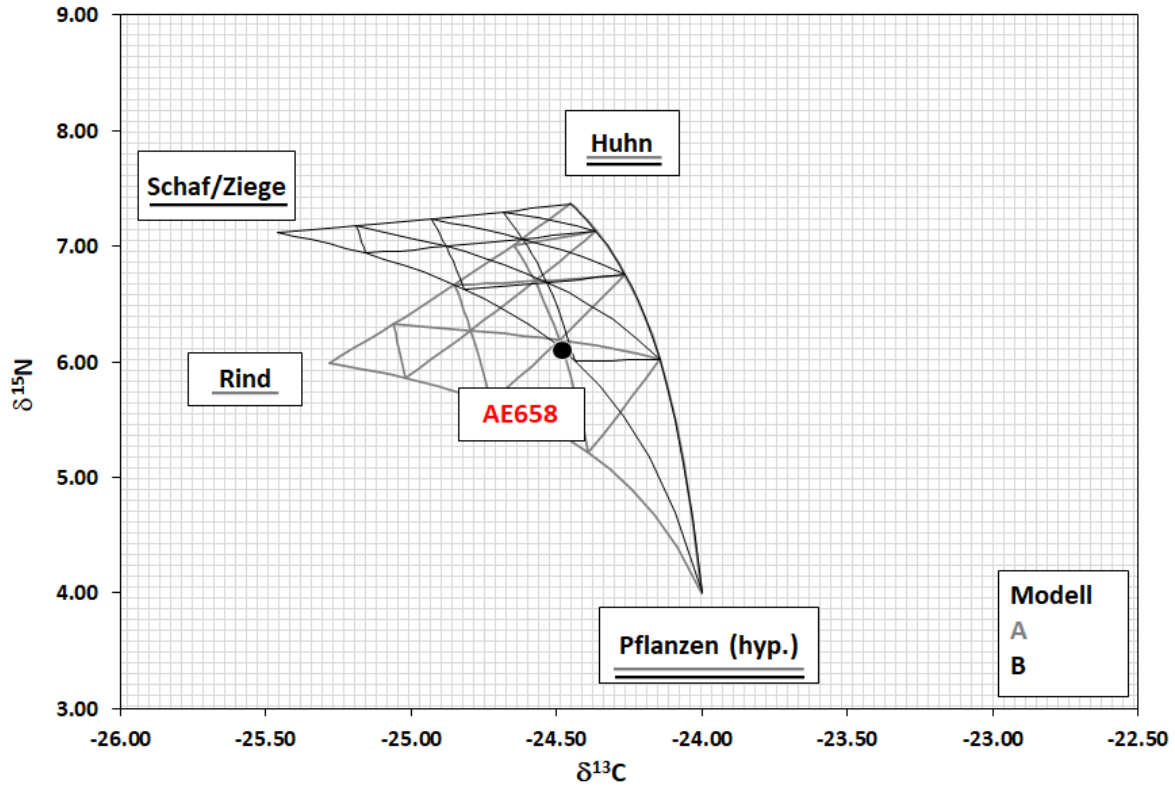


Abbildung 965: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 658. Erstellt mit IsoConc.

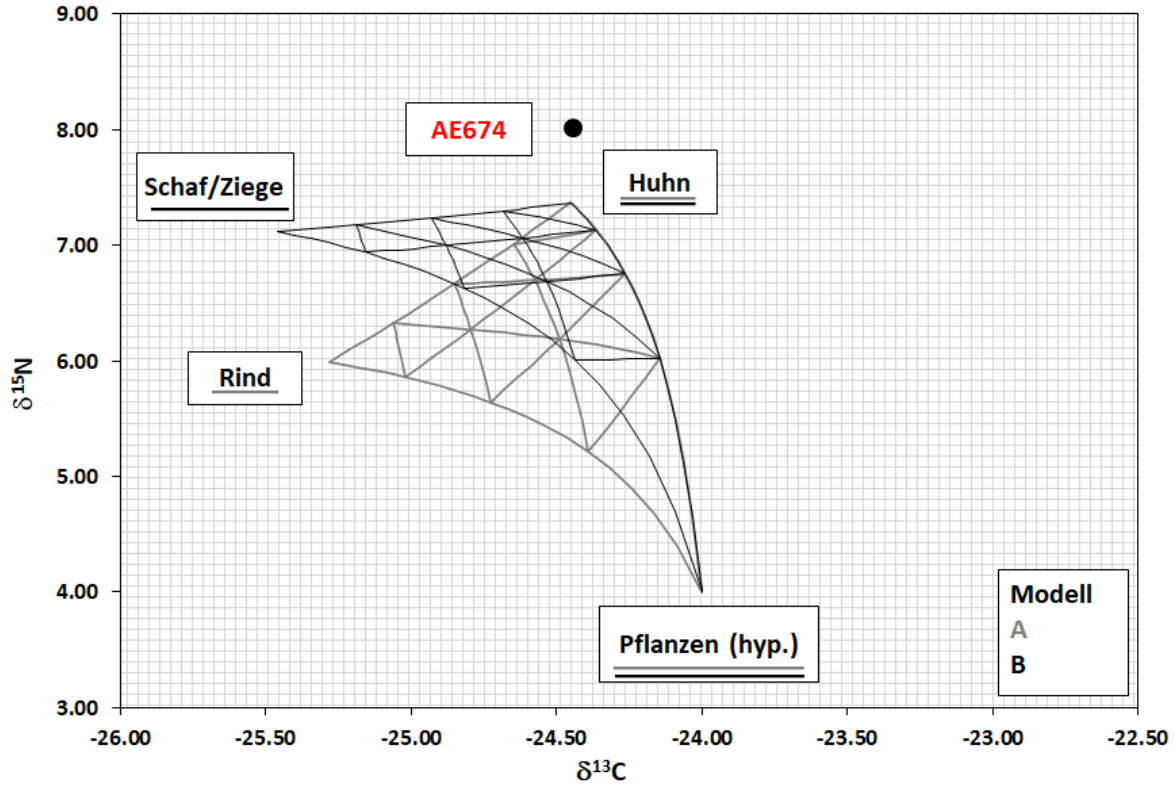


Abbildung 966: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 674. Erstellt mit IsoConc.

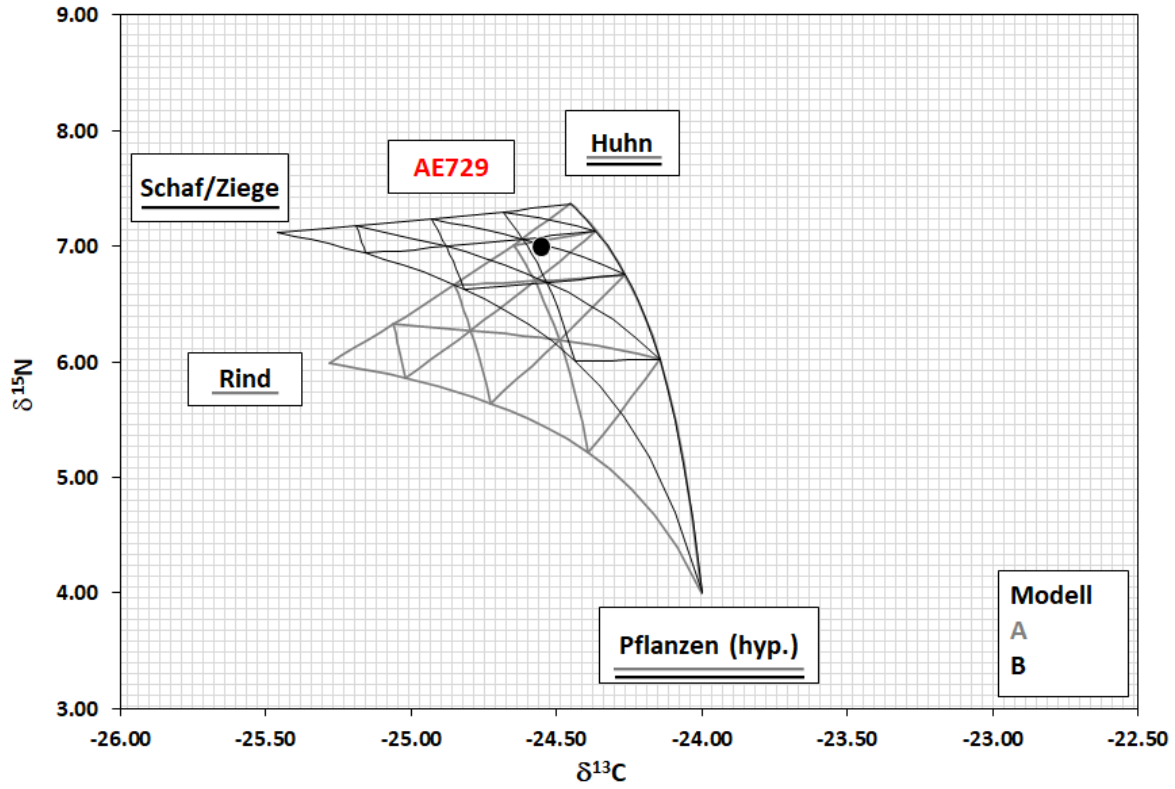


Abbildung 967: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 729. Erstellt mit IsoConc.

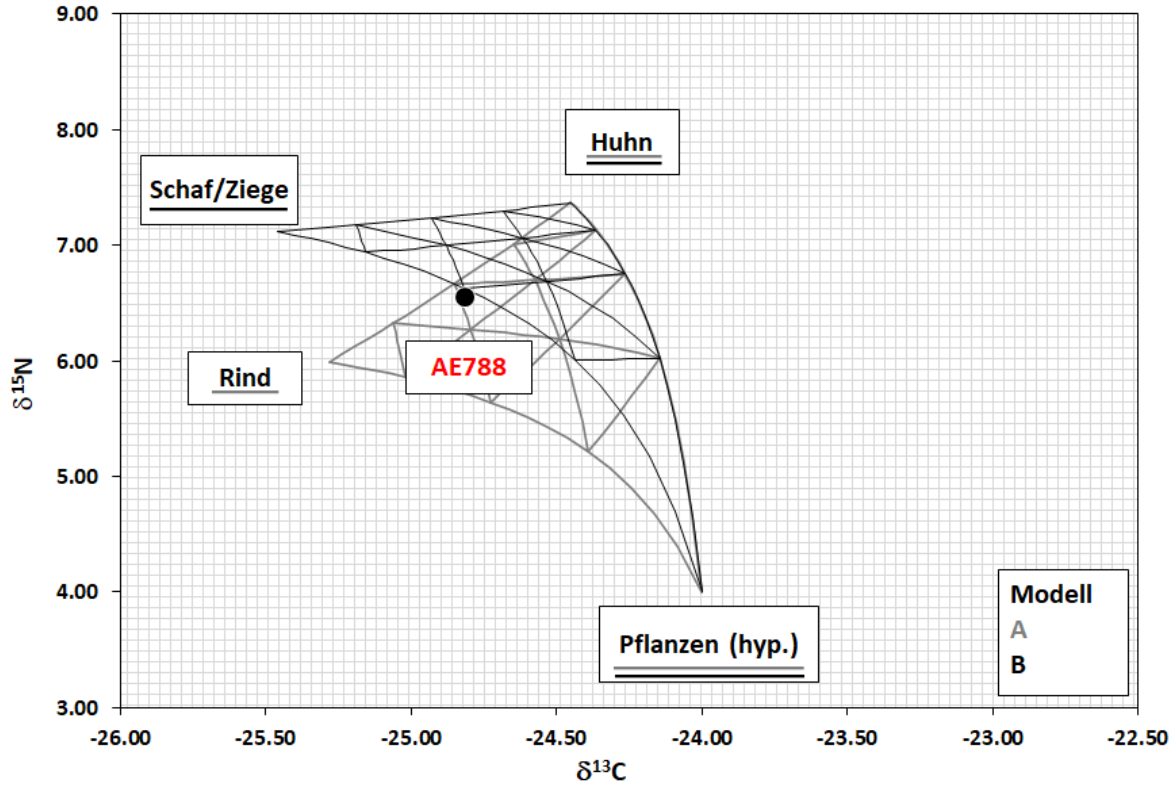


Abbildung 968: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 788. Erstellt mit IsoConc.

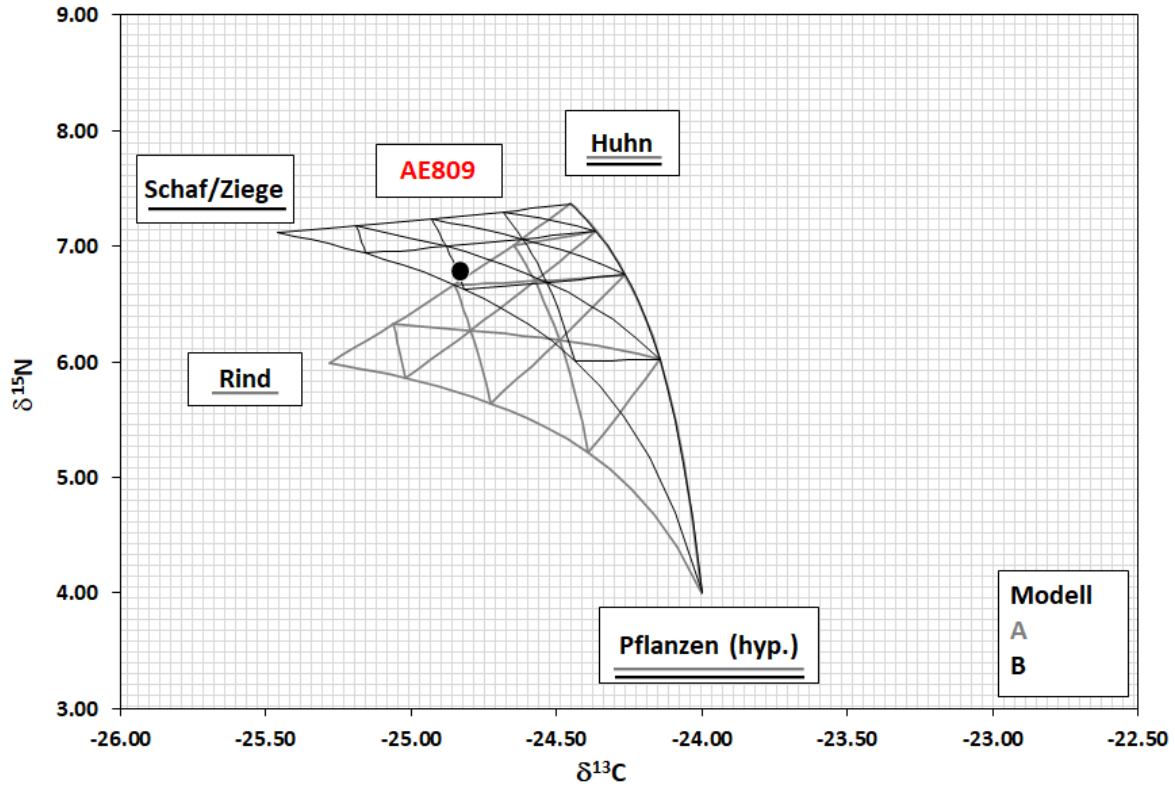


Abbildung 969: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 809. Erstellt mit IsoConc.

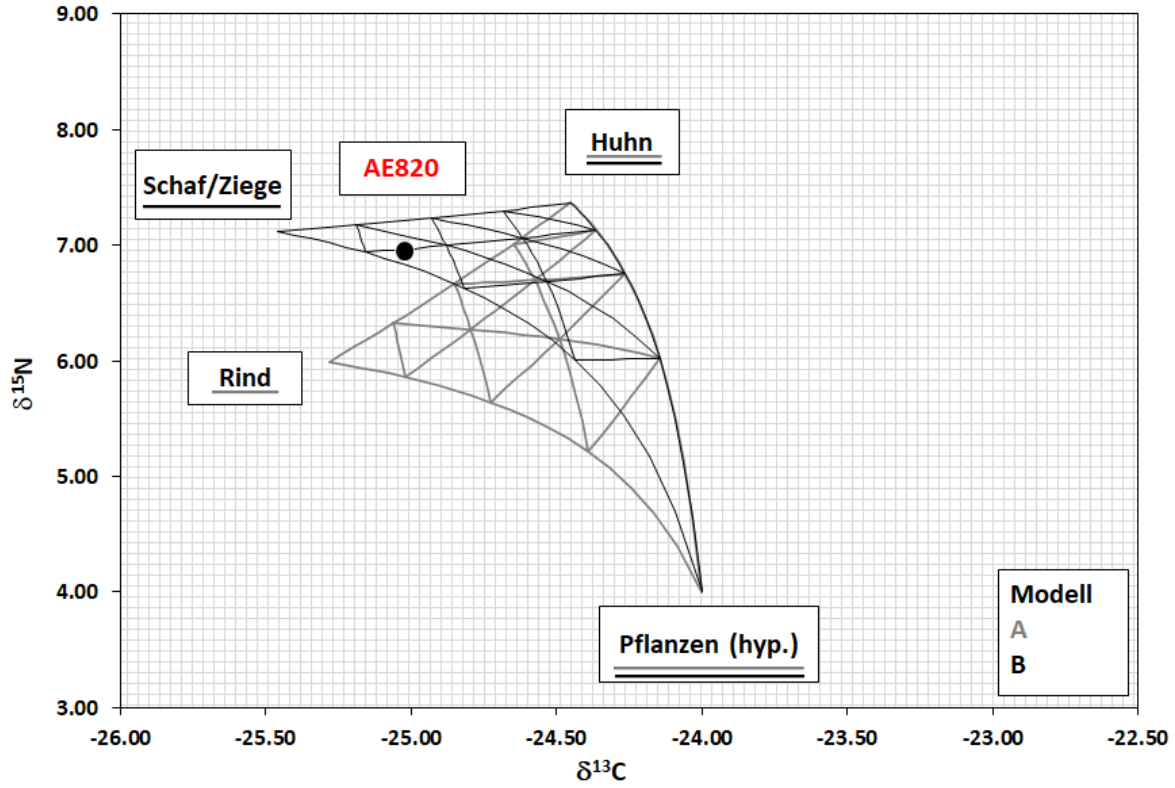


Abbildung 970: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 802. Erstellt mit IsoConc.

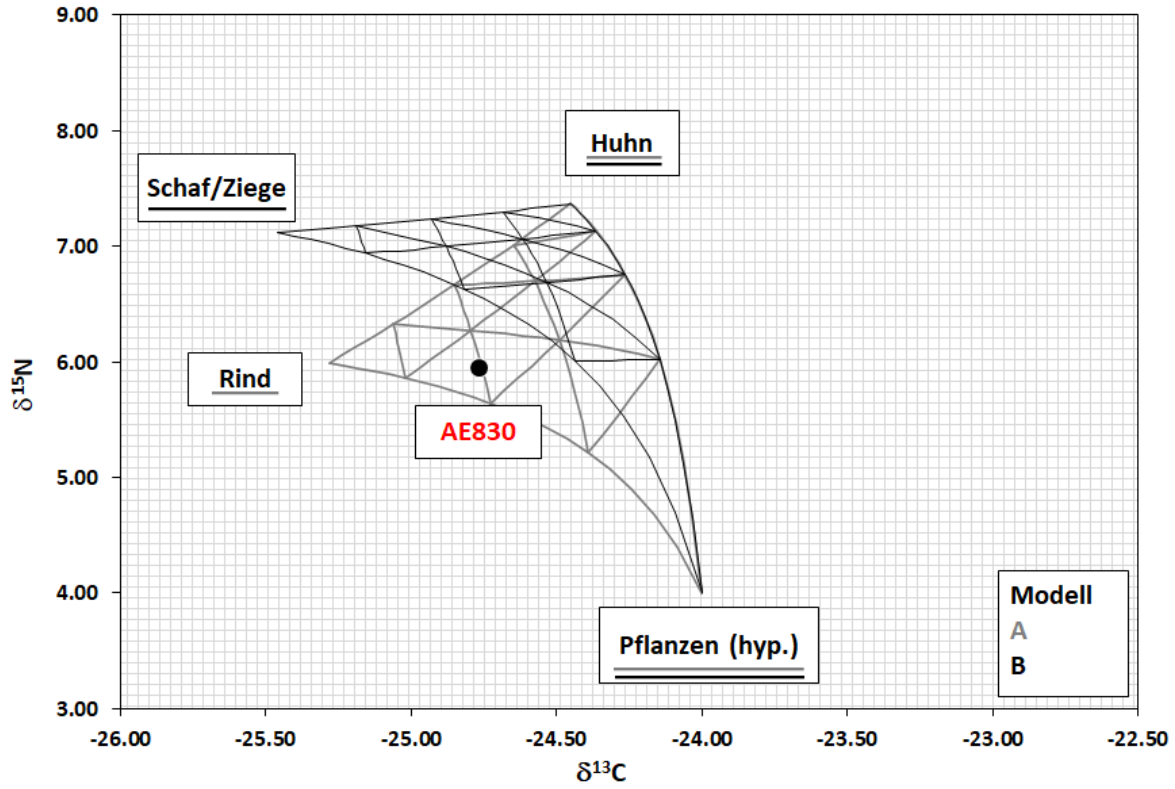


Abbildung 971: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 830. Erstellt mit IsoConc.

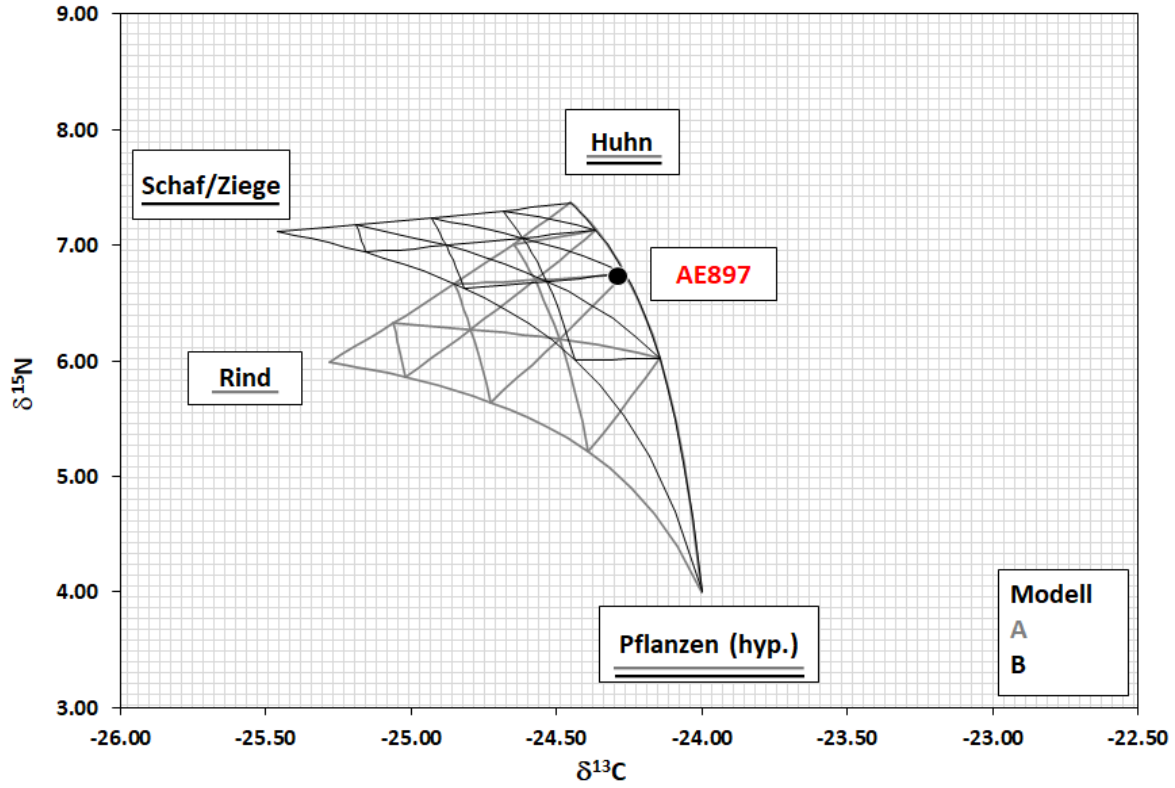


Abbildung 972: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 897. Erstellt mit IsoConc.

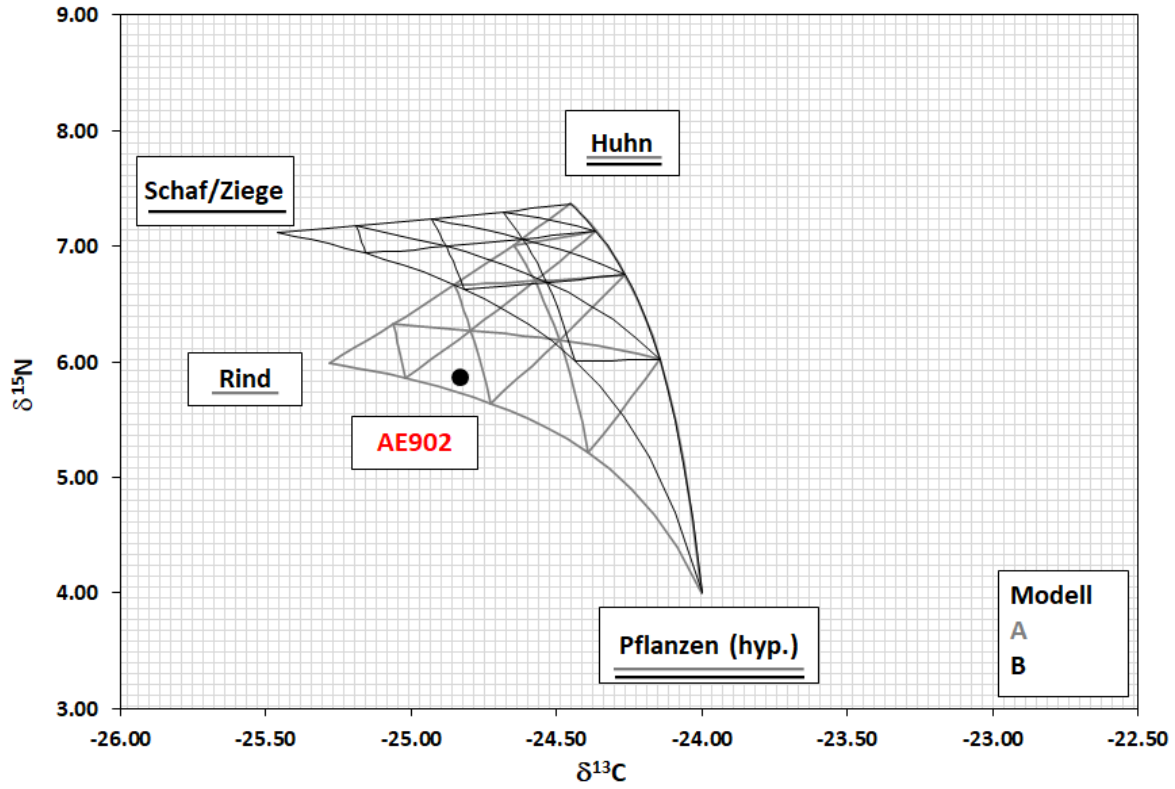


Abbildung 973: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 902. Erstellt mit IsoConc.

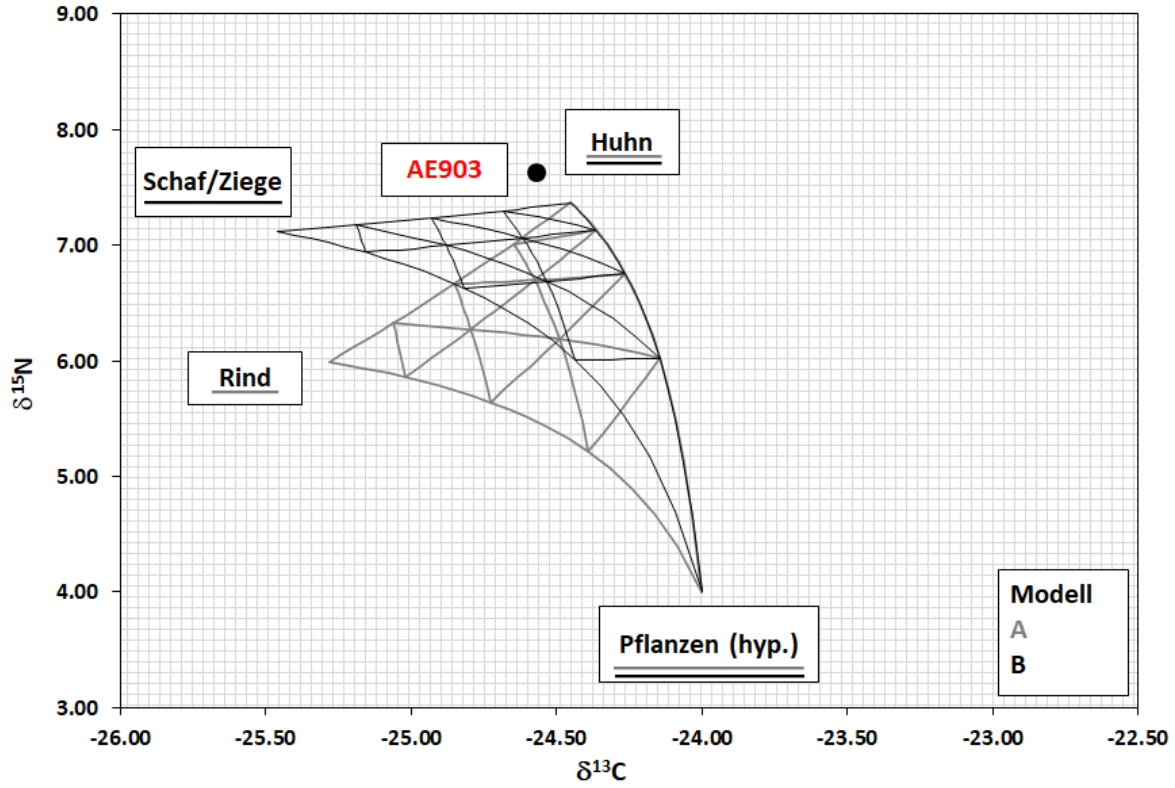


Abbildung 974: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 903. Erstellt mit IsoConc.

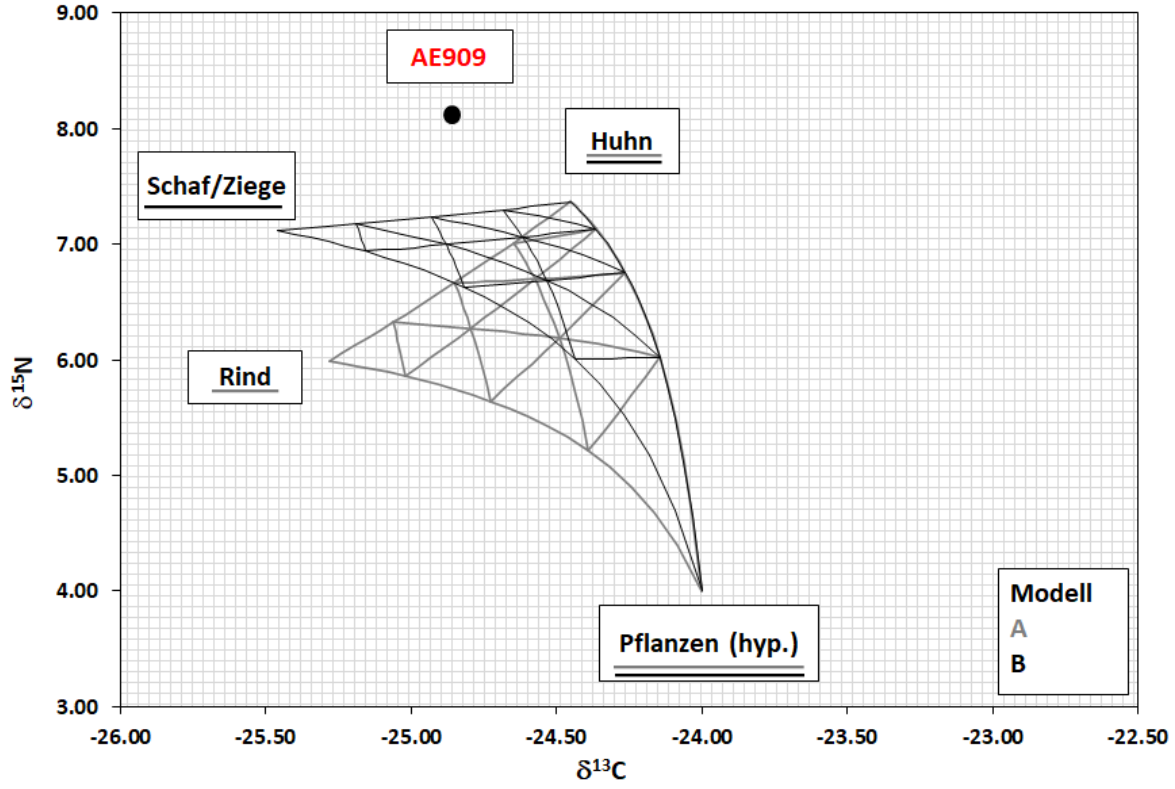


Abbildung 975: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 909. Erstellt mit IsoConc.

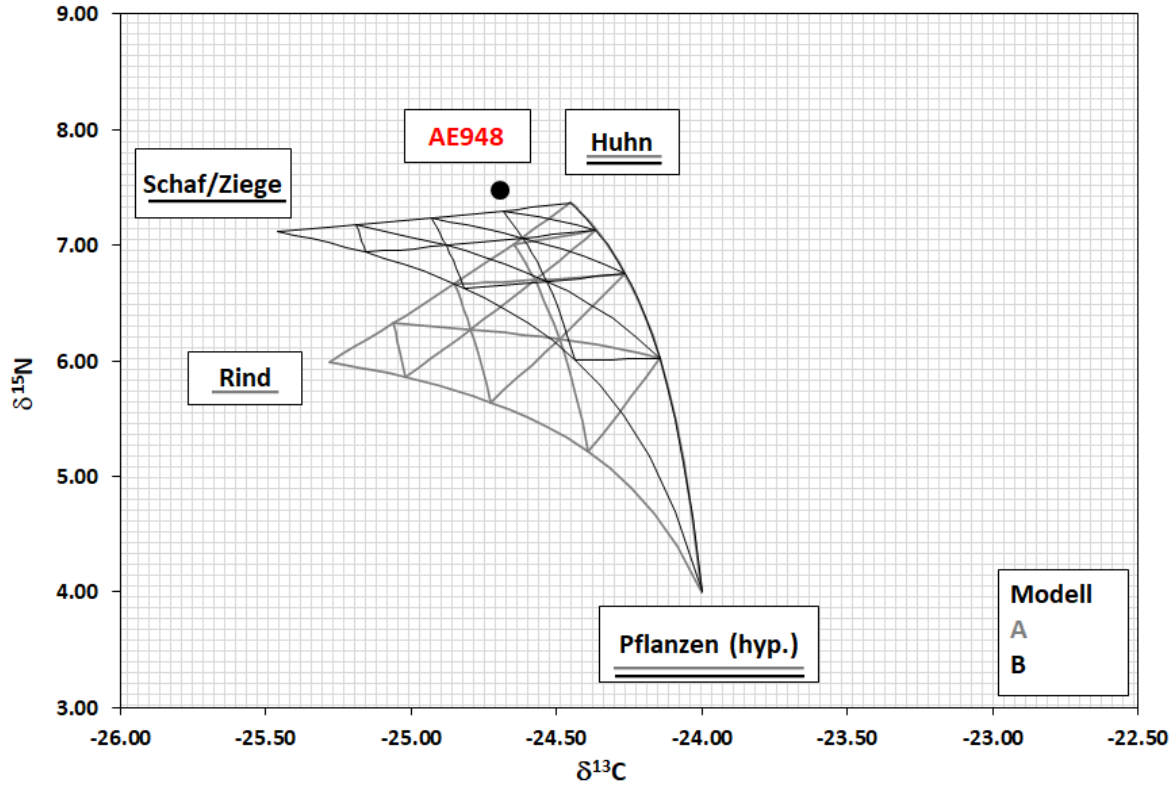


Abbildung 976: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 948. Erstellt mit IsoConc.

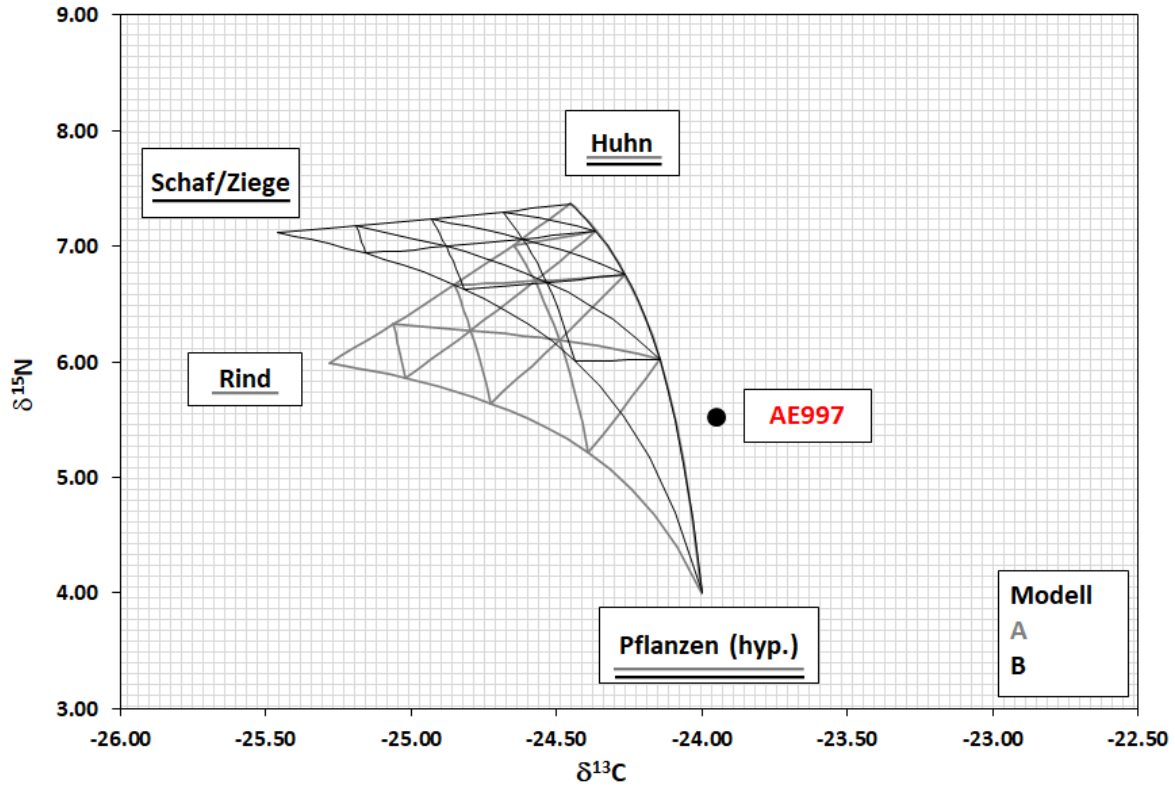


Abbildung 977: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 997. Erstellt mit IsoConc.

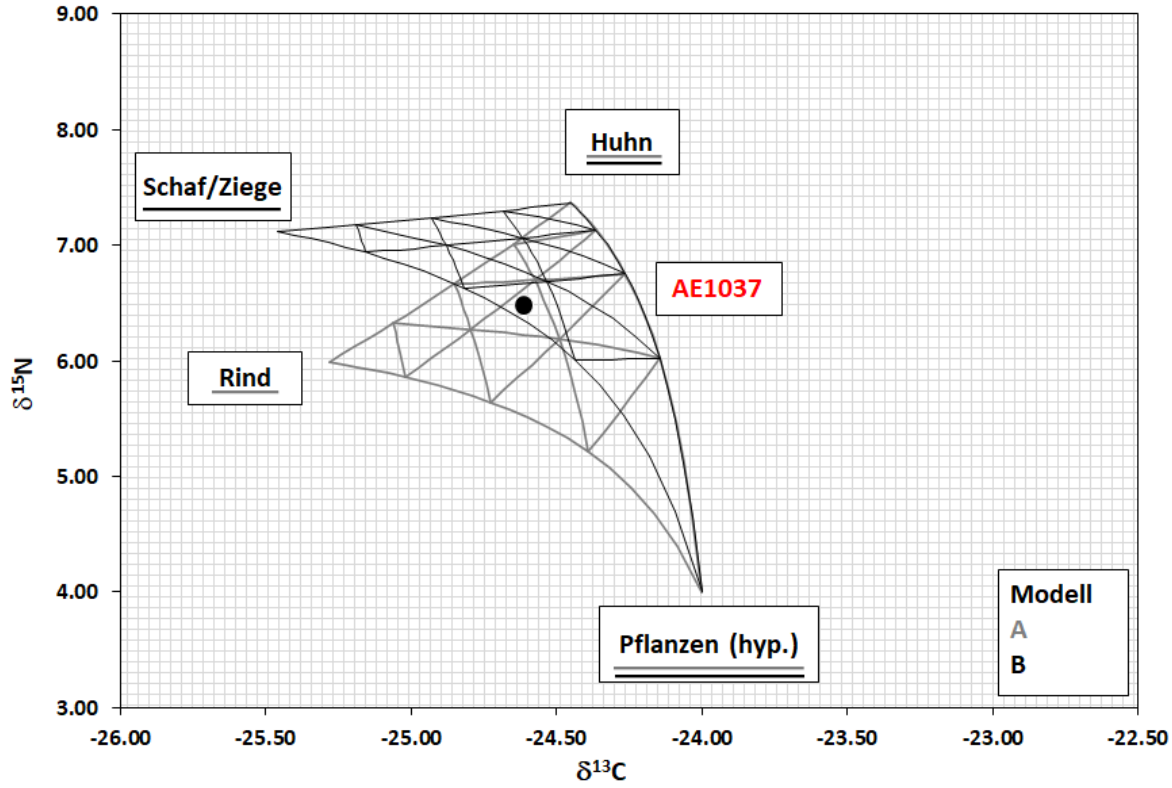


Abbildung 979: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1037. Erstellt mit IsoConc.

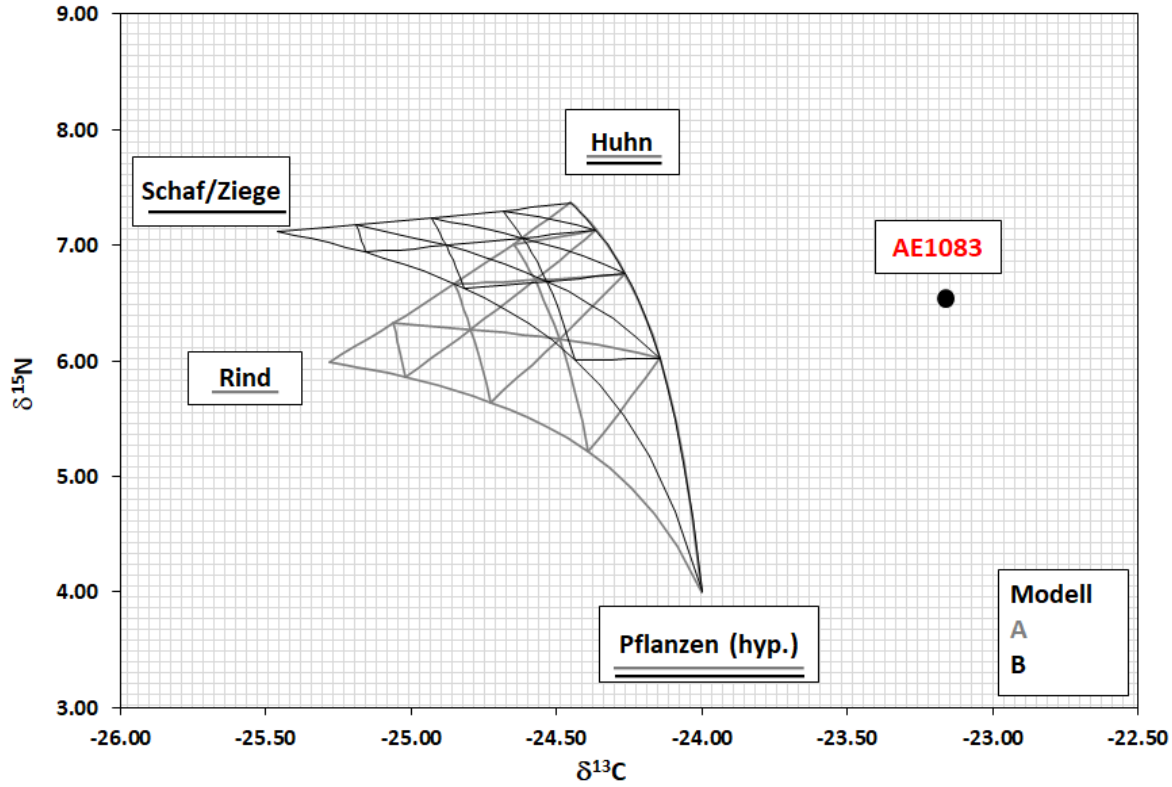


Abbildung 978: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1083. Erstellt mit IsoConc.

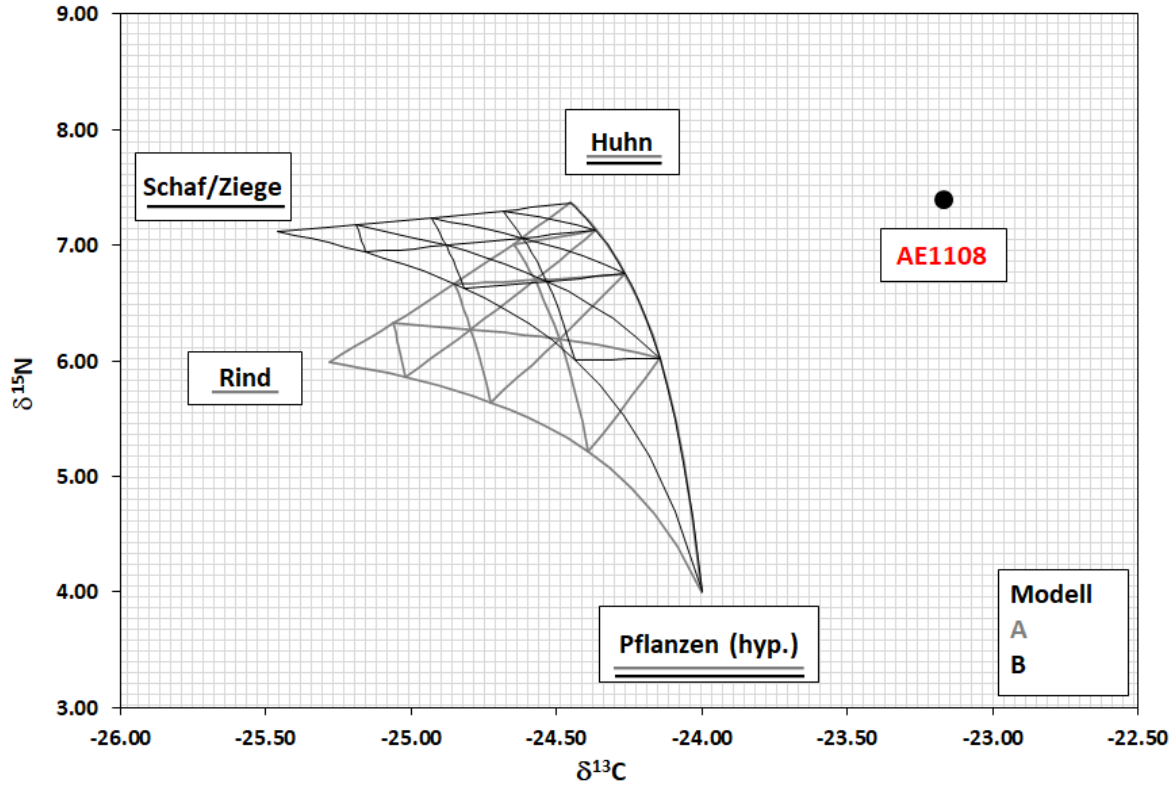


Abbildung 981: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1108. Erstellt mit IsoConc.

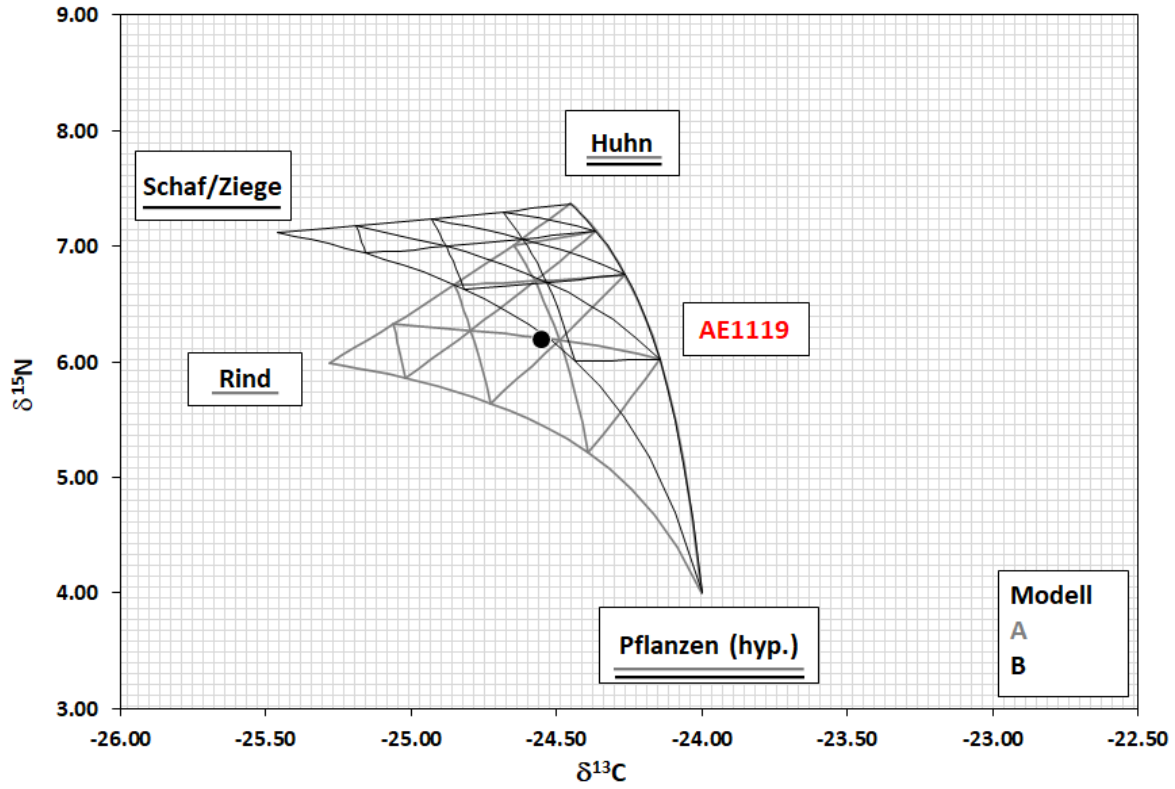


Abbildung 980: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1119. Erstellt mit IsoConc.

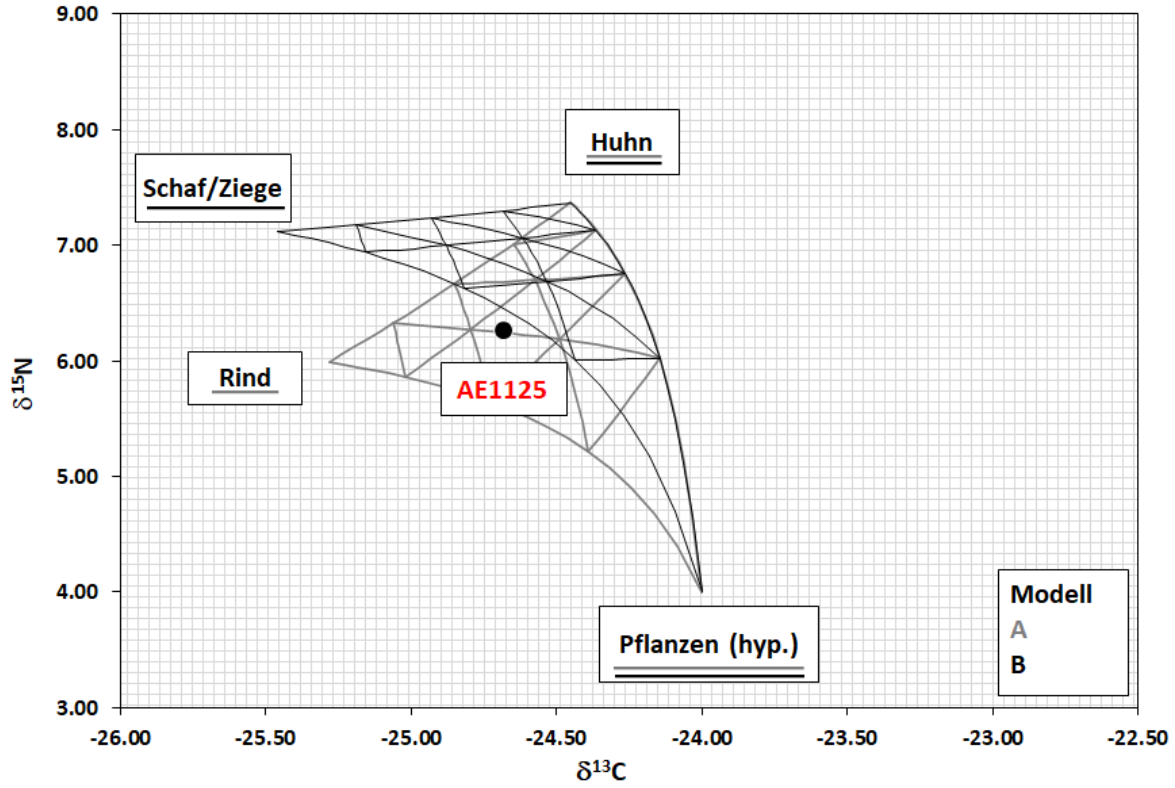


Abbildung 982: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1125. Erstellt mit IsoConc.

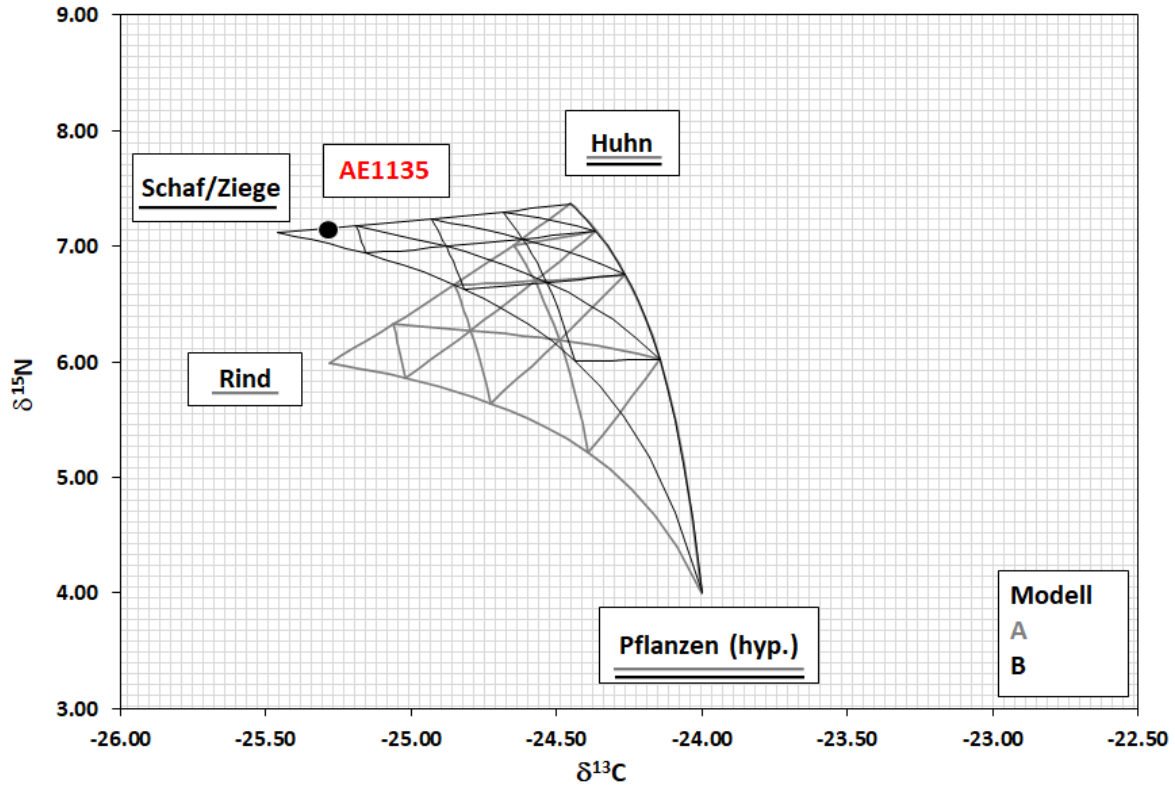


Abbildung 983: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1135. Erstellt mit IsoConc.

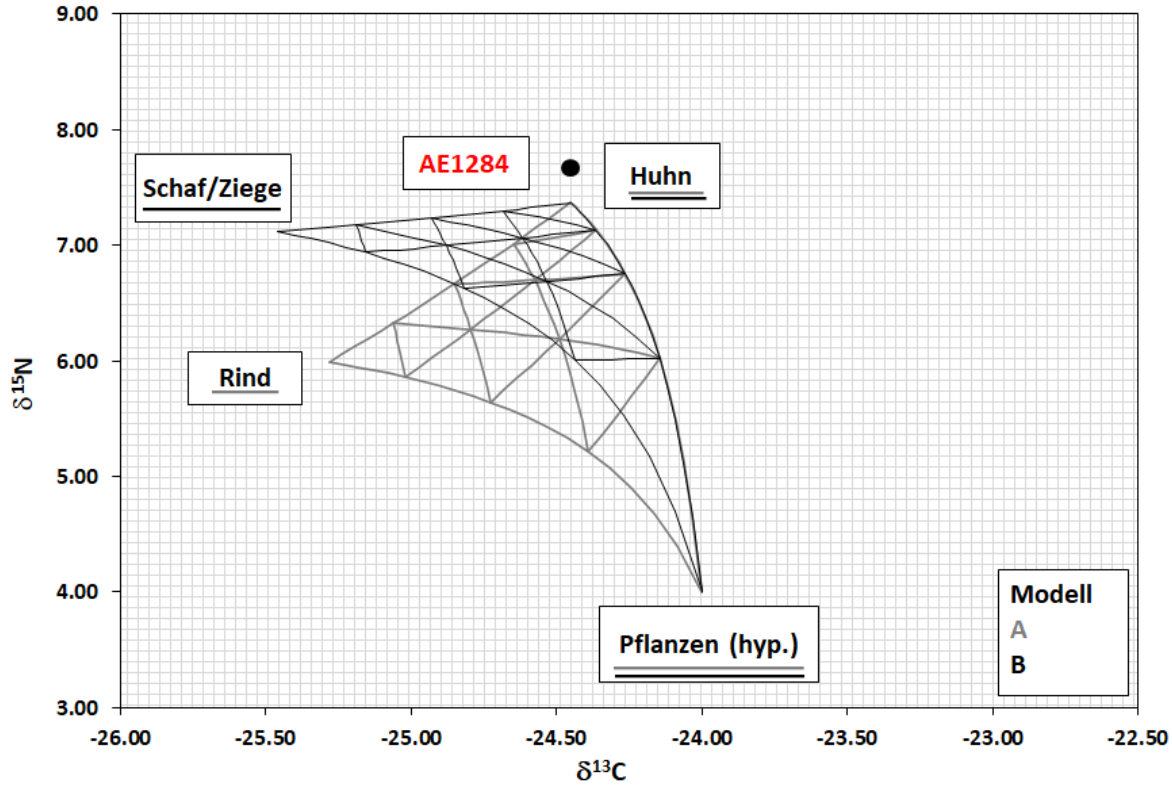


Abbildung 984: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1284. Erstellt mit IsoConc.

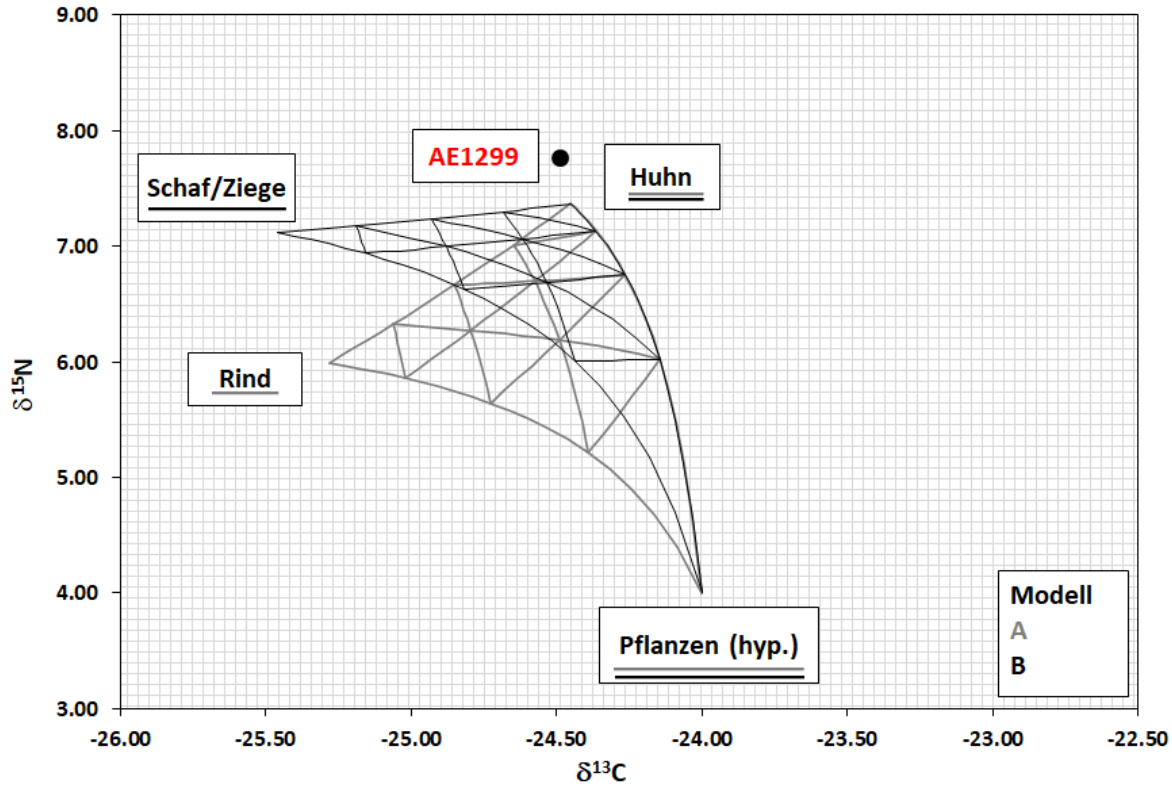


Abbildung 985: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1299. Erstellt mit IsoConc.

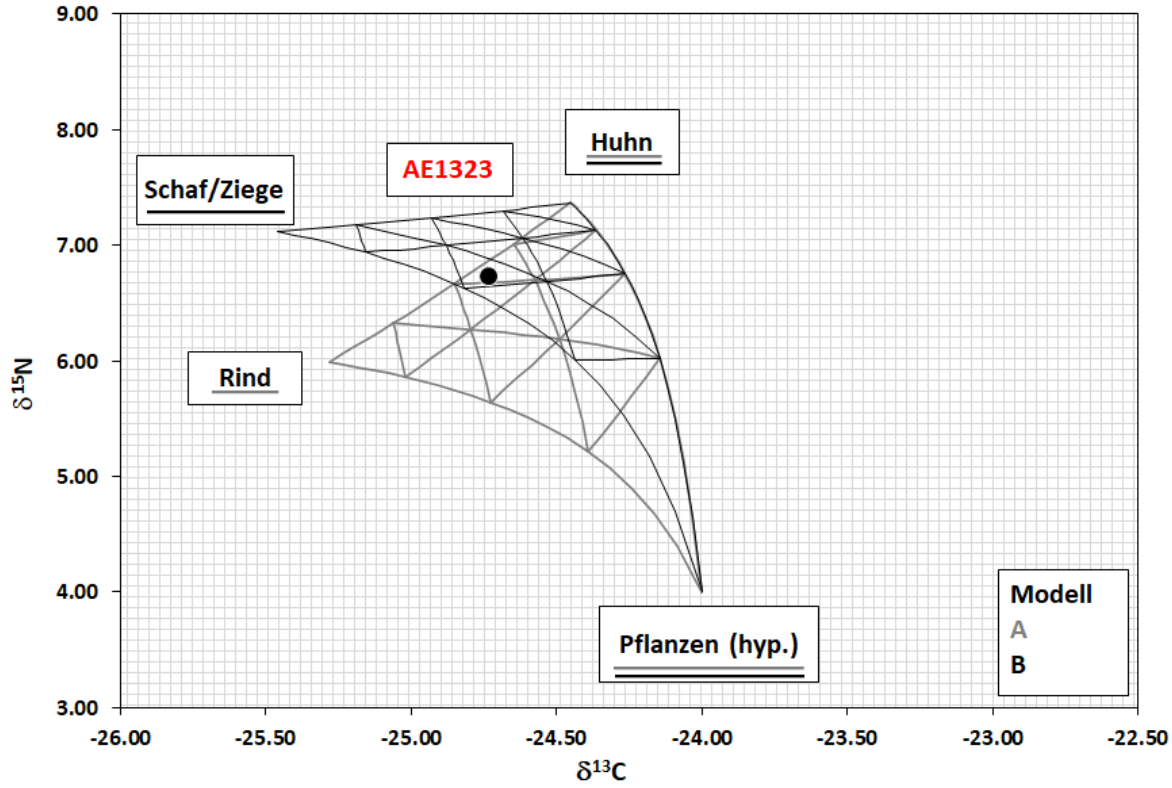


Abbildung 986: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1323. Erstellt mit IsoConc.

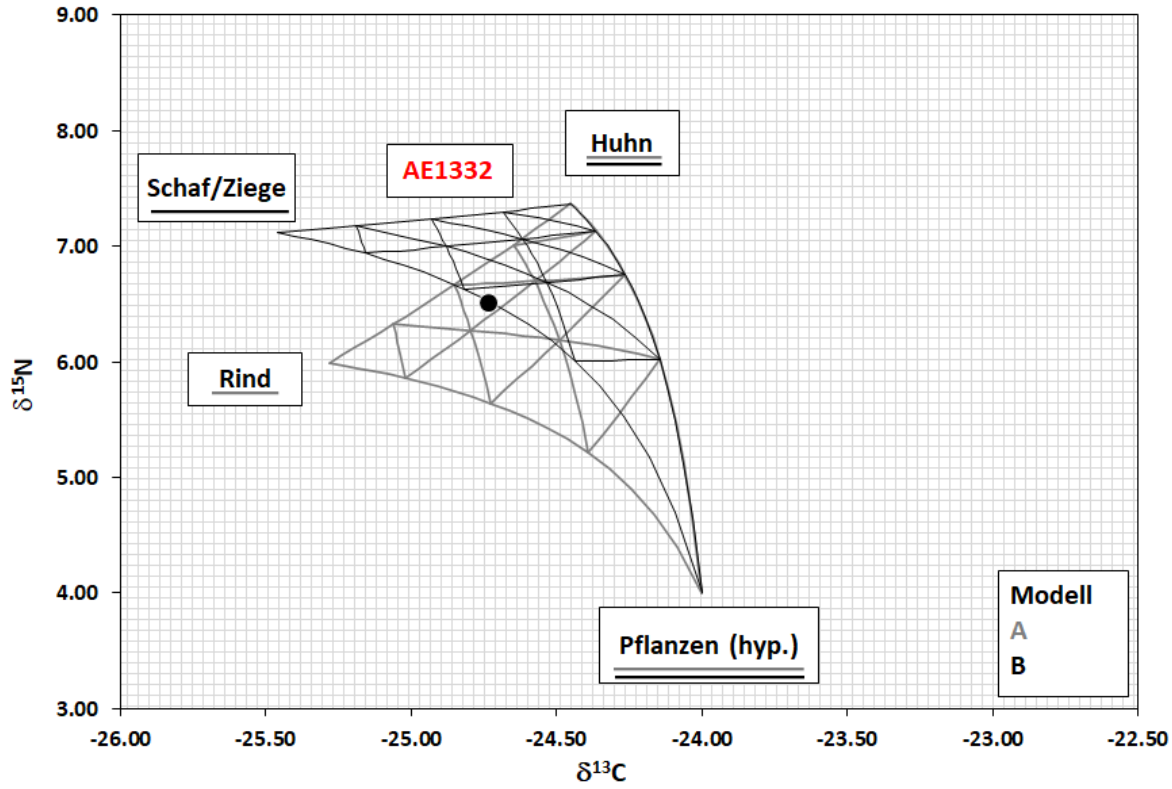


Abbildung 987: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1332. Erstellt mit IsoConc.

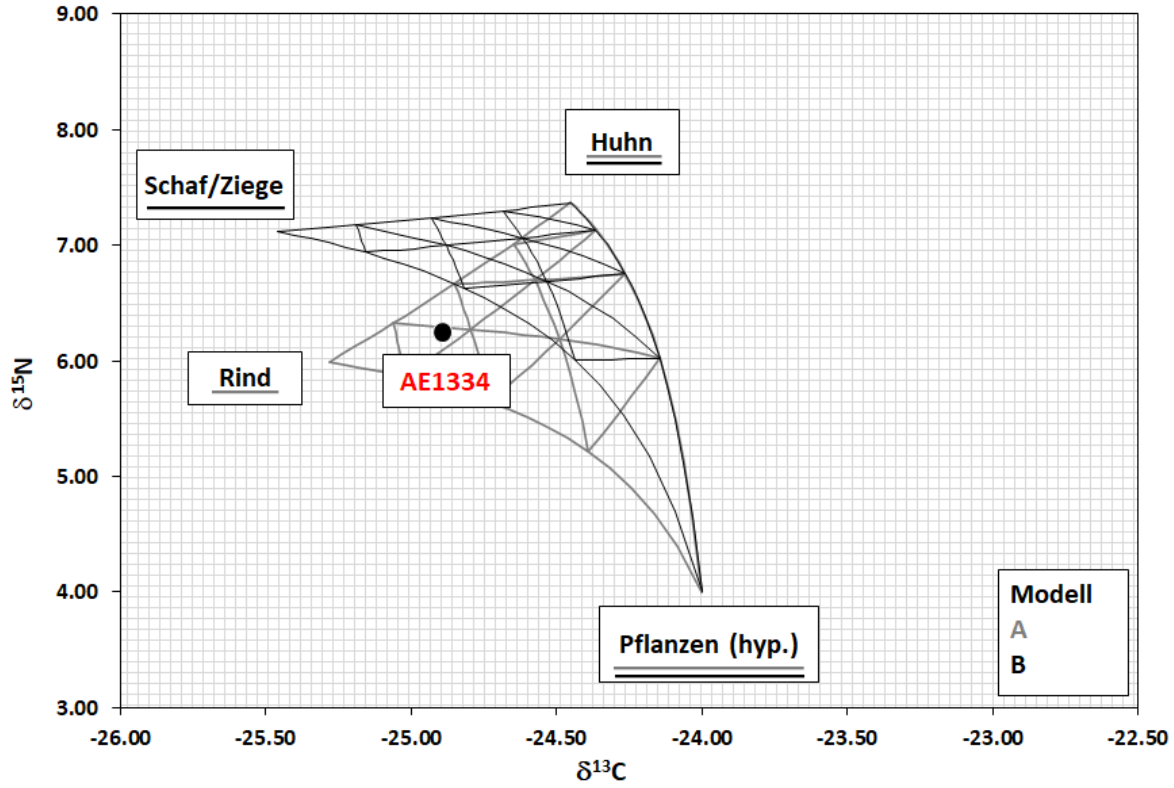


Abbildung 989: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1334. Erstellt mit IsoConc.

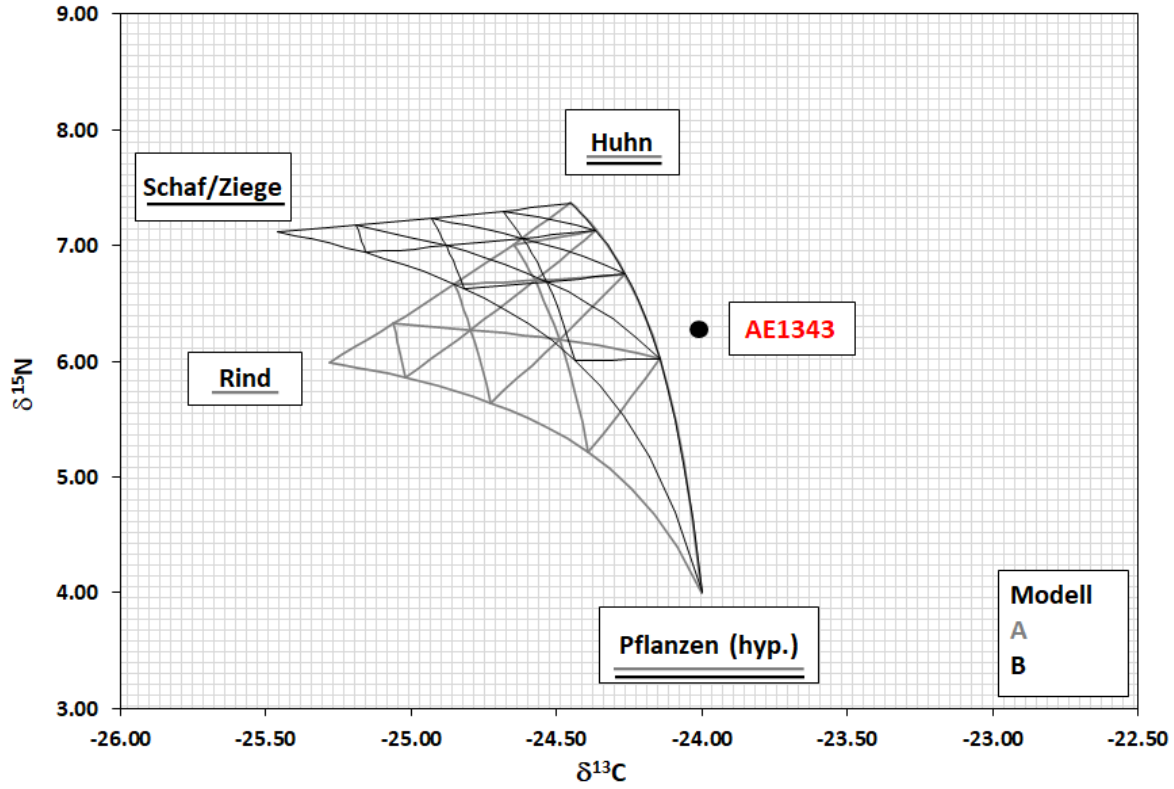


Abbildung 988: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1343. Erstellt mit IsoConc.

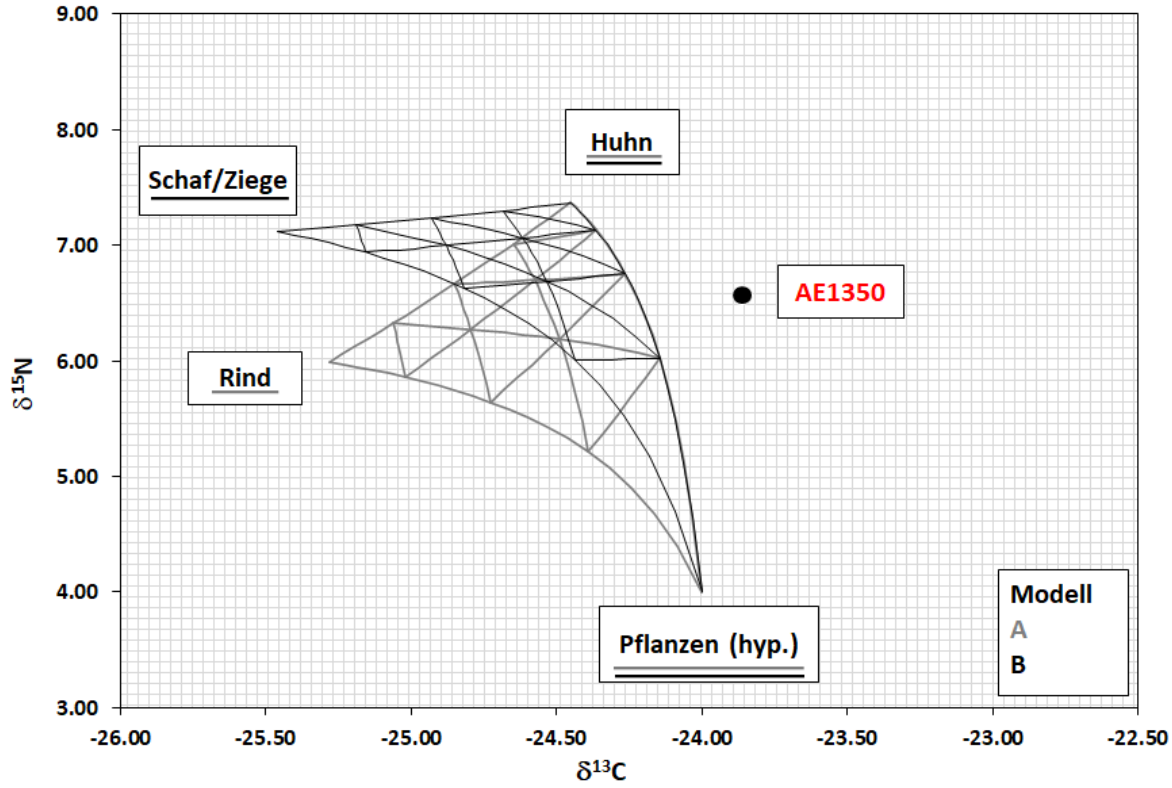


Abbildung 990: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1350. Erstellt mit IsoConc.

11.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 33 Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Altenerding (AE). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
AE55	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE76	Pflanzen	20,8%
	Huhn	50,4%
	Rind	28,8%
AE91	Pflanzen	38,1%
	Huhn	19,5%
	Rind	42,4%
AE92	Pflanzen	38,9%
	Huhn	36,0%
	Rind	25,1%
AE105	Pflanzen	59,2%
	Huhn	23,7%
	Rind	17,0%
AE106	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE117	Pflanzen	36,9%
	Huhn	46,8%
	Rind	16,4%
AE142	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE146	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE151	Pflanzen	74,3%
	Huhn	24,4%
	Rind	1,3%
AE154	Pflanzen	21,5%
	Huhn	13,0%
	Rind	65,4%
AE156	Pflanzen	68,2%
	Huhn	9,7%
	Rind	22,1%
AE189	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE192	Pflanzen	42,2%
	Huhn	48,3%
	Rind	9,5%
AE201	Pflanzen	22,9%
	Huhn	10,3%
	Rind	66,8%
AE204	Pflanzen	50,3%
	Huhn	30,0%
	Rind	19,7%

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
AE55	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE76	Pflanzen	48,6%
	Huhn	19,1%
	Schaf/Ziege	32,3%
AE91	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE92	Pflanzen	60,6%
	Huhn	11,2%
	Schaf/Ziege	28,1%
AE105	Pflanzen	72,4%
	Huhn	8,3%
	Schaf/Ziege	19,3%
AE106	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE117	Pflanzen	52,3%
	Huhn	28,6%
	Schaf/Ziege	19,1%
AE142	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE146	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE151	Pflanzen	75,2%
	Huhn	23,2%
	Schaf/Ziege	1,5%
AE154	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE156	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE189	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE192	Pflanzen	51,3%
	Huhn	37,3%
	Schaf/Ziege	11,4%
AE201	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE204	Pflanzen	66,5%
	Huhn	11,2%
	Schaf/Ziege	22,3%

AE218	Pflanzen	46,2%
	Huhn	19,5%
	Rind	34,3%
AE224	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE256	Pflanzen	18,7%
	Huhn	58,0%
	Rind	23,3%
AE272	Pflanzen	42,9%
	Huhn	40,6%
	Rind	16,6%
AE280	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE289	Pflanzen	73,3%
	Huhn	2,4%
	Rind	24,3%
AE297	Pflanzen	62,0%
	Huhn	34,6%
	Rind	3,4%
AE329	Pflanzen	44,5%
	Huhn	51,8%
	Rind	3,7%
AE343	Pflanzen	90,0%
	Huhn	5,2%
	Rind	4,8%
AE344	Pflanzen	52,5%
	Huhn	42,2%
	Rind	5,3%
AE421	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE427	Pflanzen	15,1%
	Huhn	60,5%
	Rind	24,5%
AE452	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE469	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE487	Pflanzen	31,4%
	Huhn	51,0%
	Rind	17,6%
AE492	Pflanzen	55,2%
	Huhn	12,5%
	Rind	32,3%
AE501	Pflanzen	29,5%
	Huhn	59,4%
	Rind	11,0%
AE513	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE516	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

AE218	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE224	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE256	Pflanzen	42,4%
	Huhn	30,7%
	Schaf/Ziege	26,9%
AE272	Pflanzen	57,7%
	Huhn	23,1%
	Schaf/Ziege	19,2%
AE280	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE289	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE297	Pflanzen	64,9%
	Huhn	31,0%
	Schaf/Ziege	4,1%
AE329	Pflanzen	48,1%
	Huhn	47,2%
	Schaf/Ziege	4,6%
AE343	Pflanzen	92,8%
	Huhn	1,8%
	Schaf/Ziege	5,4%
AE344	Pflanzen	57,3%
	Huhn	36,3%
	Schaf/Ziege	6,4%
AE421	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE427	Pflanzen	40,3%
	Huhn	31,6%
	Schaf/Ziege	28,1%
AE452	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE469	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE487	Pflanzen	48,5%
	Huhn	30,9%
	Schaf/Ziege	20,6%
AE492	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE501	Pflanzen	41,0%
	Huhn	45,7%
	Schaf/Ziege	13,3%
AE513	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE516	Pflanzen	56,9%
	Huhn	20,5%
	Schaf/Ziege	22,5%

AE521	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE530	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE554	Pflanzen	66,1%
	Huhn	6,7%
	Rind	27,2%
AE587	Pflanzen	43,9%
	Huhn	56,1%
	Rind	0,0%
AE604	Pflanzen	66,0%
	Huhn	23,3%
	Rind	10,7%
AE607	Pflanzen	53,0%
	Huhn	20,9%
	Rind	26,1%
AE618	Pflanzen	37,1%
	Huhn	19,7%
	Rind	43,2%
AE625	Pflanzen	50,1%
	Huhn	22,8%
	Rind	27,1%
AE631	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE646	Pflanzen	47,3%
	Huhn	21,2%
	Rind	31,5%
AE652	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE657	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE658	Pflanzen	51,8%
	Huhn	23,6%
	Rind	24,6%
AE674	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE729	Pflanzen	10,8%
	Huhn	72,3%
	Rind	16,8%
AE788	Pflanzen	10,1%
	Huhn	42,1%
	Rind	47,8%
AE809	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE820	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE830	Pflanzen	39,3%
	Huhn	10,4%
	Rind	50,3%

AE521	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE530	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE554	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE587	Pflanzen	43,9%
	Huhn	56,0%
	Schaf/Ziege	0,1%
AE604	Pflanzen	74,1%
	Huhn	13,6%
	Schaf/Ziege	12,3%
AE607	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE618	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE625	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE631	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE646	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE652	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE657	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE658	Pflanzen	71,0%
	Huhn	1,7%
	Schaf/Ziege	27,3%
AE674	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE729	Pflanzen	29,7%
	Huhn	50,1%
	Schaf/Ziege	20,2%
AE788	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE809	Pflanzen	40,2%
	Huhn	10,9%
	Schaf/Ziege	48,8%
AE820	Pflanzen	25,6%
	Huhn	11,5%
	Schaf/Ziege	63,0%
AE830	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x

AE897	Pflanzen	48,0%
	Huhn	49,9%
	Rind	2,0%
AE902	Pflanzen	37,0%
	Huhn	5,9%
	Rind	57,2%
AE903	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE909	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE948	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE997	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1037	Pflanzen	31,4%
	Huhn	37,3%
	Rind	31,3%
AE1083	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1108	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1119	Pflanzen	45,0%
	Huhn	25,4%
	Rind	29,6%
AE1125	Pflanzen	33,9%
	Huhn	26,1%
	Rind	40,0%
AE1135	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1284	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1299	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1323	Pflanzen	4,5%
	Huhn	57,6%
	Rind	37,9%
AE1332	Pflanzen	18,9%
	Huhn	40,1%
	Rind	41,0%
AE1334	Pflanzen	16,6%
	Huhn	24,7%
	Rind	58,7%
AE1343	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
AE1350	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

AE897	Pflanzen	50,0%
	Huhn	47,5%
	Schaf/Ziege	2,5%
AE902	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE903	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE909	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE948	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE997	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1037	Pflanzen	58,9%
	Huhn	6,6%
	Schaf/Ziege	34,5%
AE1083	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1108	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1119	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1125	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1135	Pflanzen	1,8%
	Huhn	14,3%
	Schaf/Ziege	83,9%
AE1284	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1299	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1323	Pflanzen	42,6%
	Huhn	15,9%
	Schaf/Ziege	41,4%
AE1332	Pflanzen	55,8%
	Huhn	0,3%
	Schaf/Ziege	43,9%
AE1334	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1343	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
AE1350	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x

11.3 MixSIAR: Abbildungen

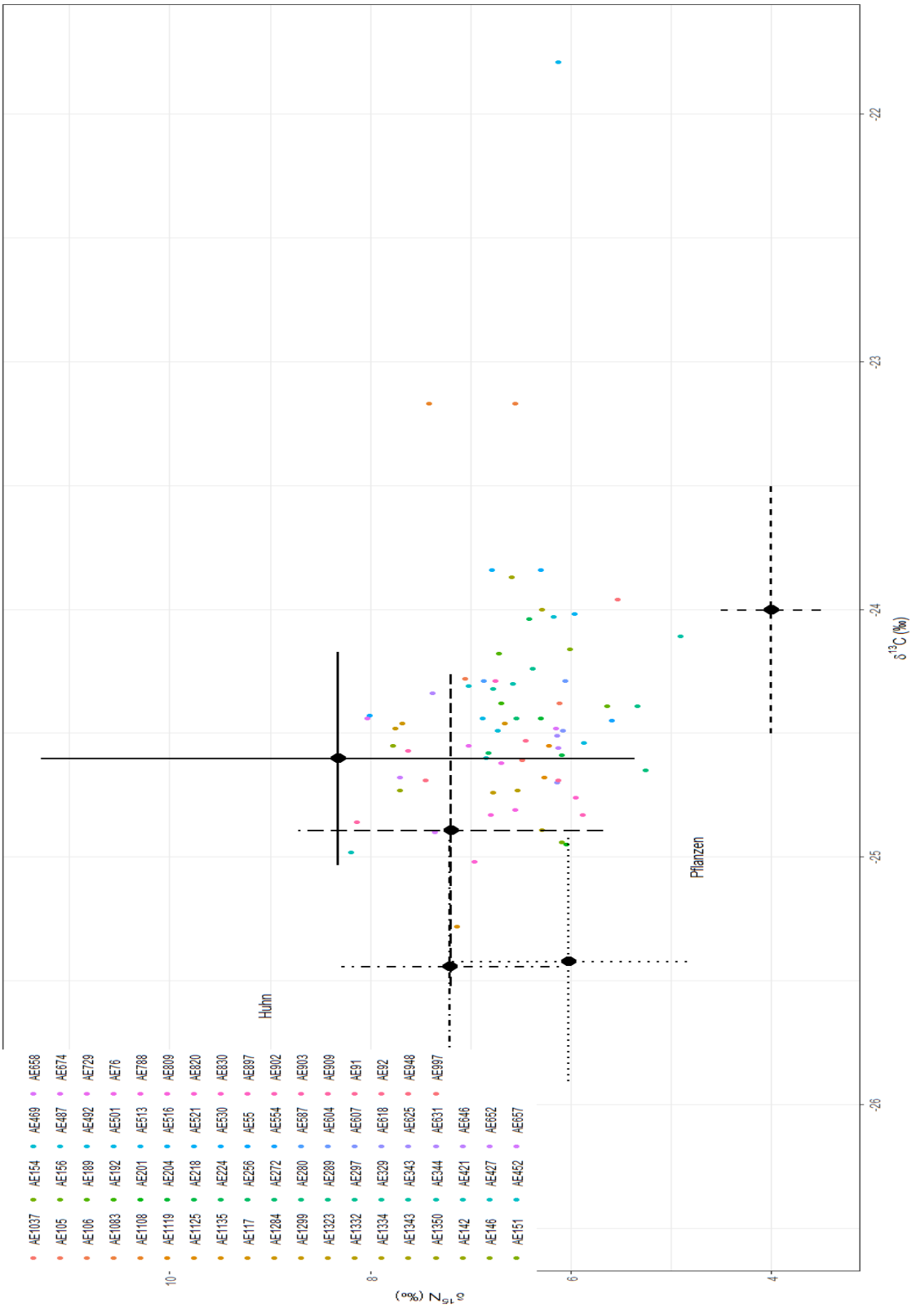


Abbildung 991: Isospace Plot der Individuen aus Erding-Altenerding. Erstellt mit MixSIAR.

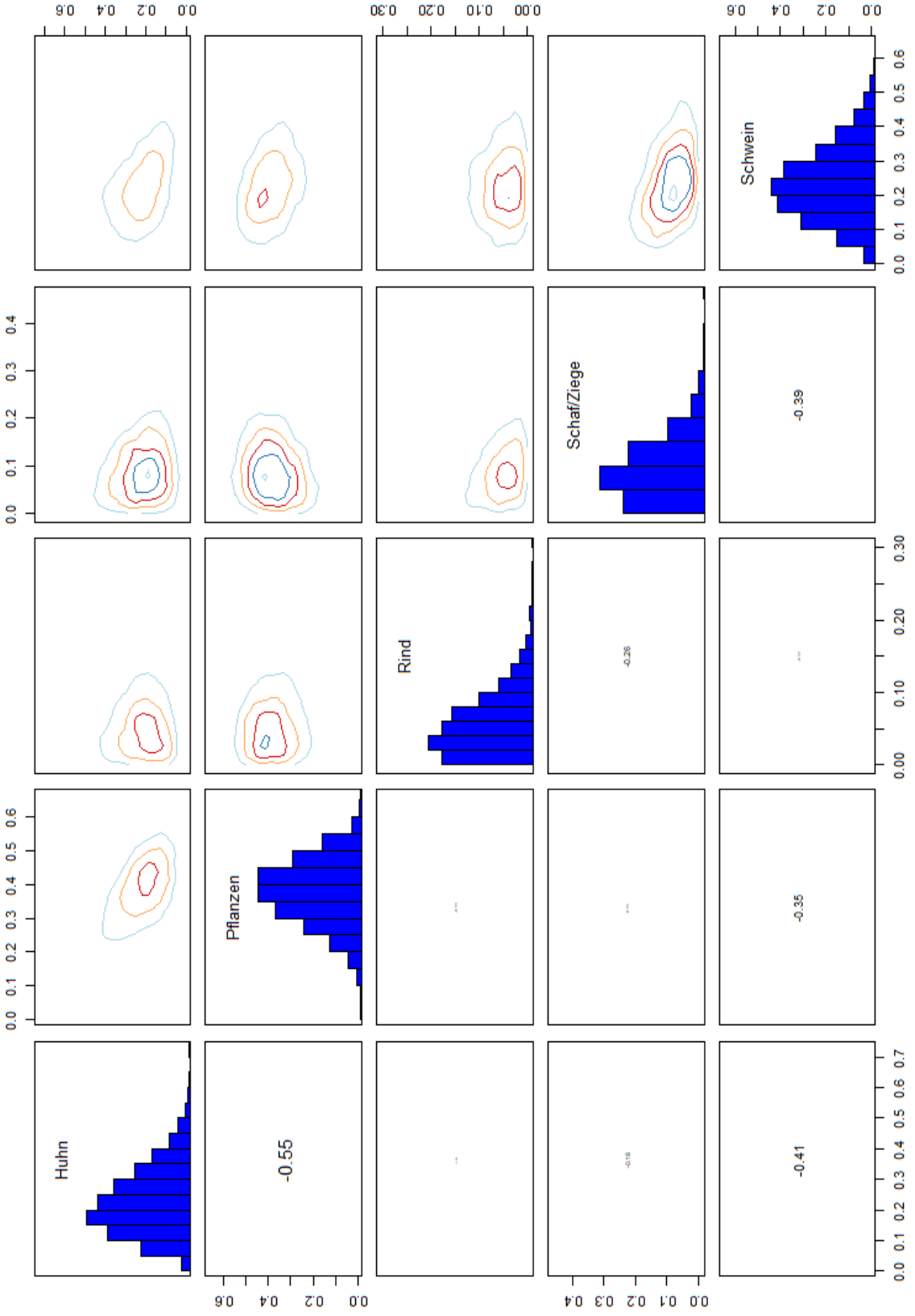


Abbildung 992: Pairs Plot der Population aus Erding-Altenerding. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

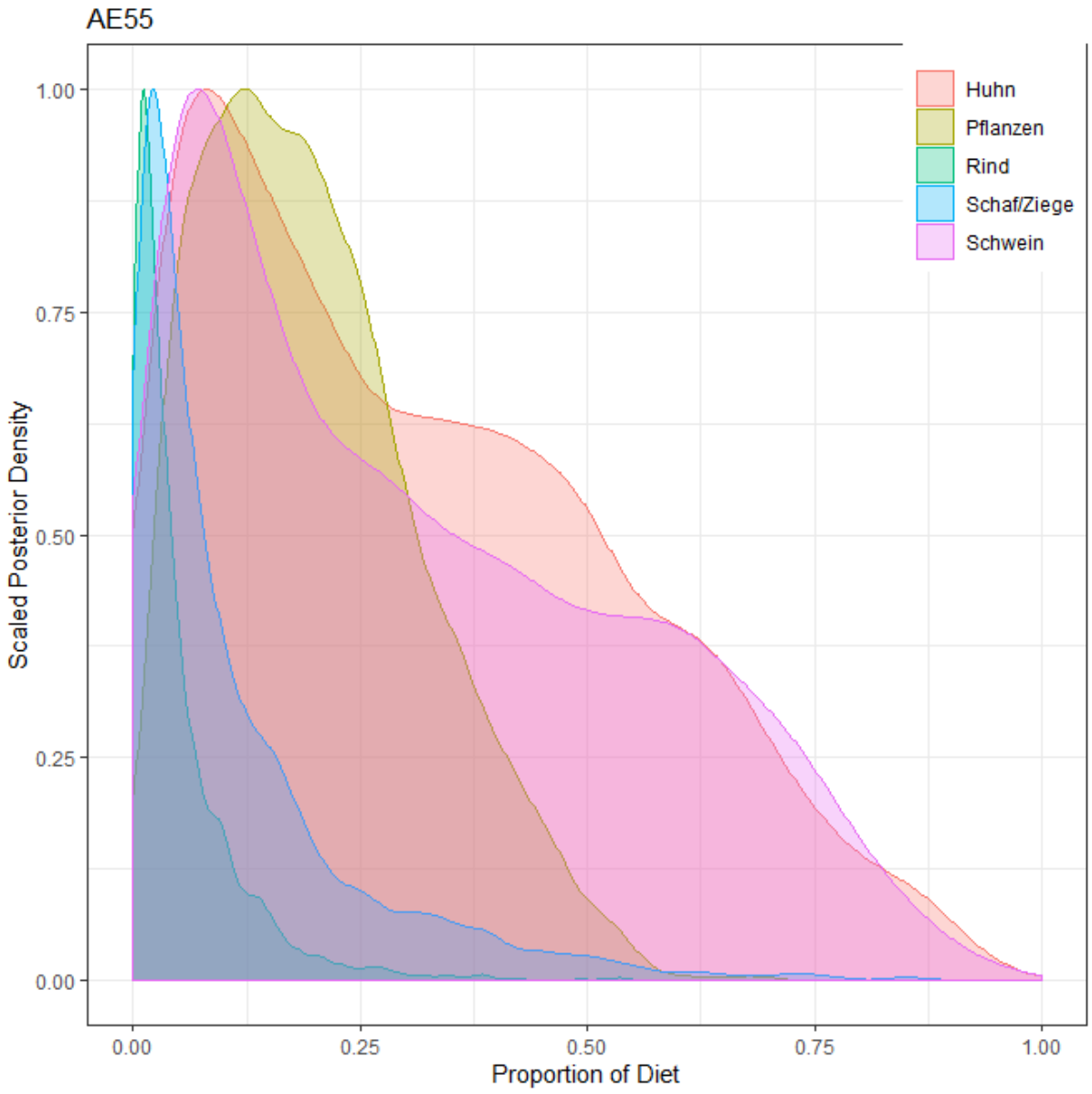


Abbildung 993: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 55. Erstellt mit MixSIAR.

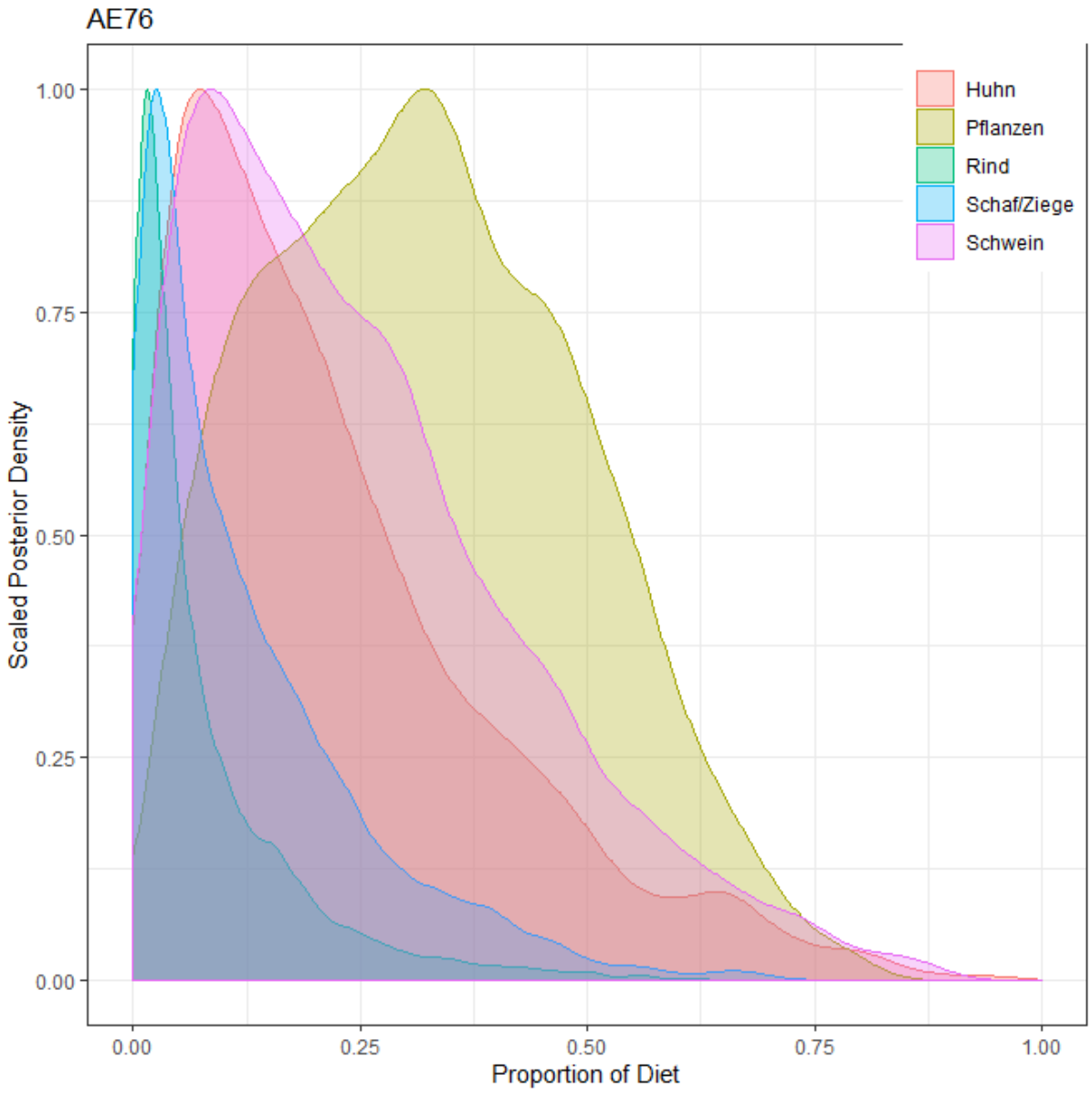


Abbildung 994: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 76. Erstellt mit MixSIAR.

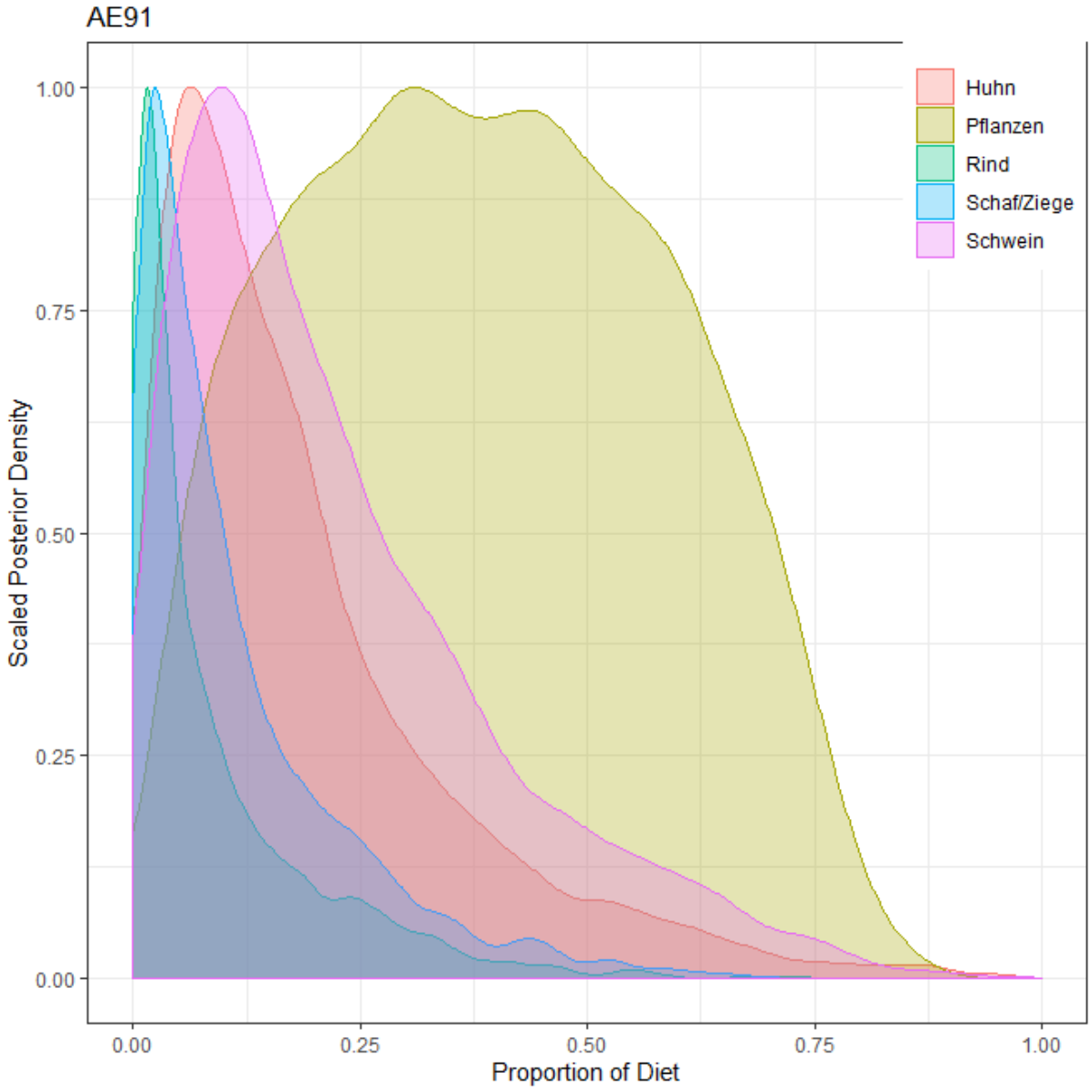


Abbildung 995: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 91. Erstellt mit MixSIAR.

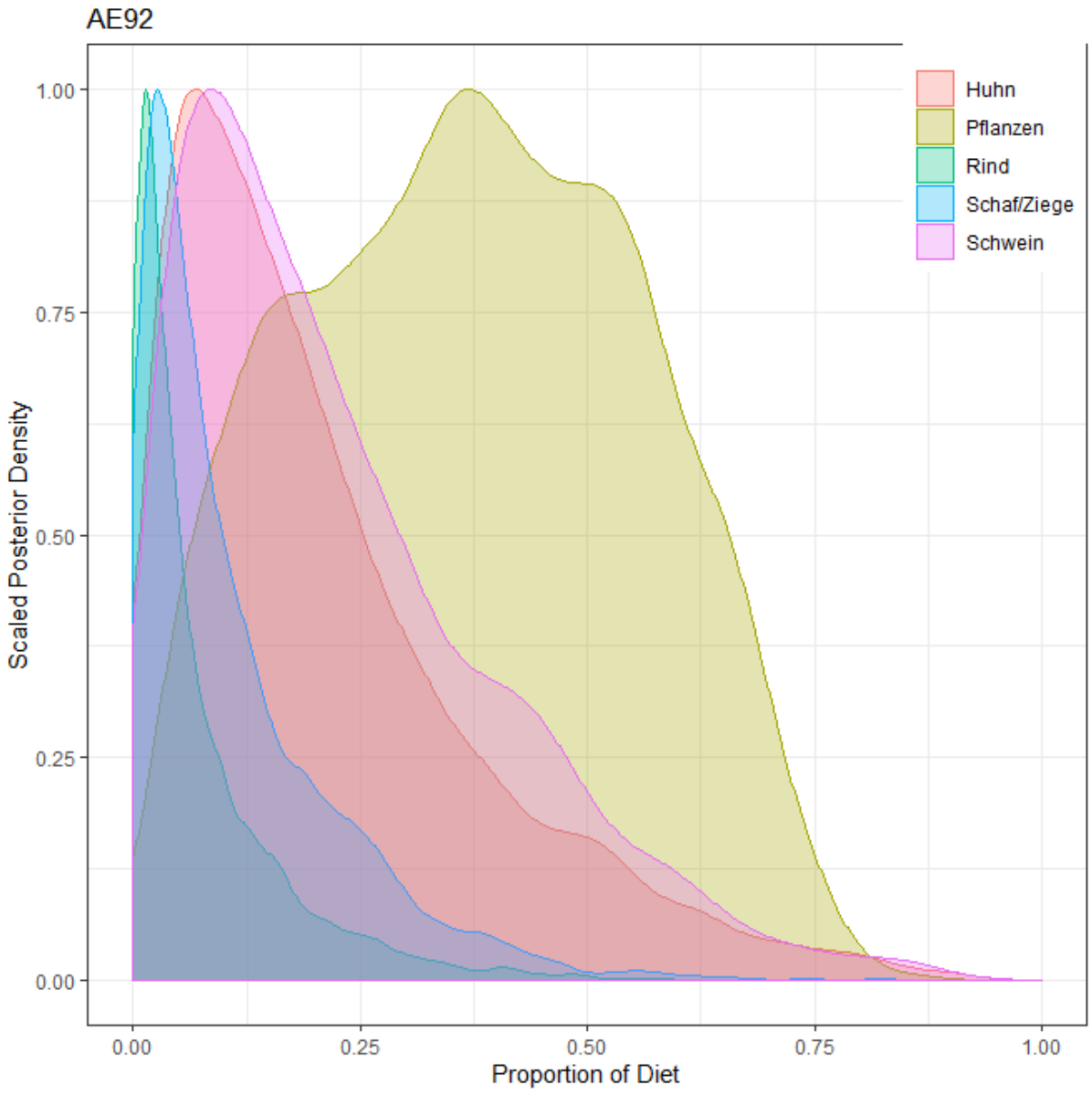


Abbildung 996: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 92. Erstellt mit MixSIAR.

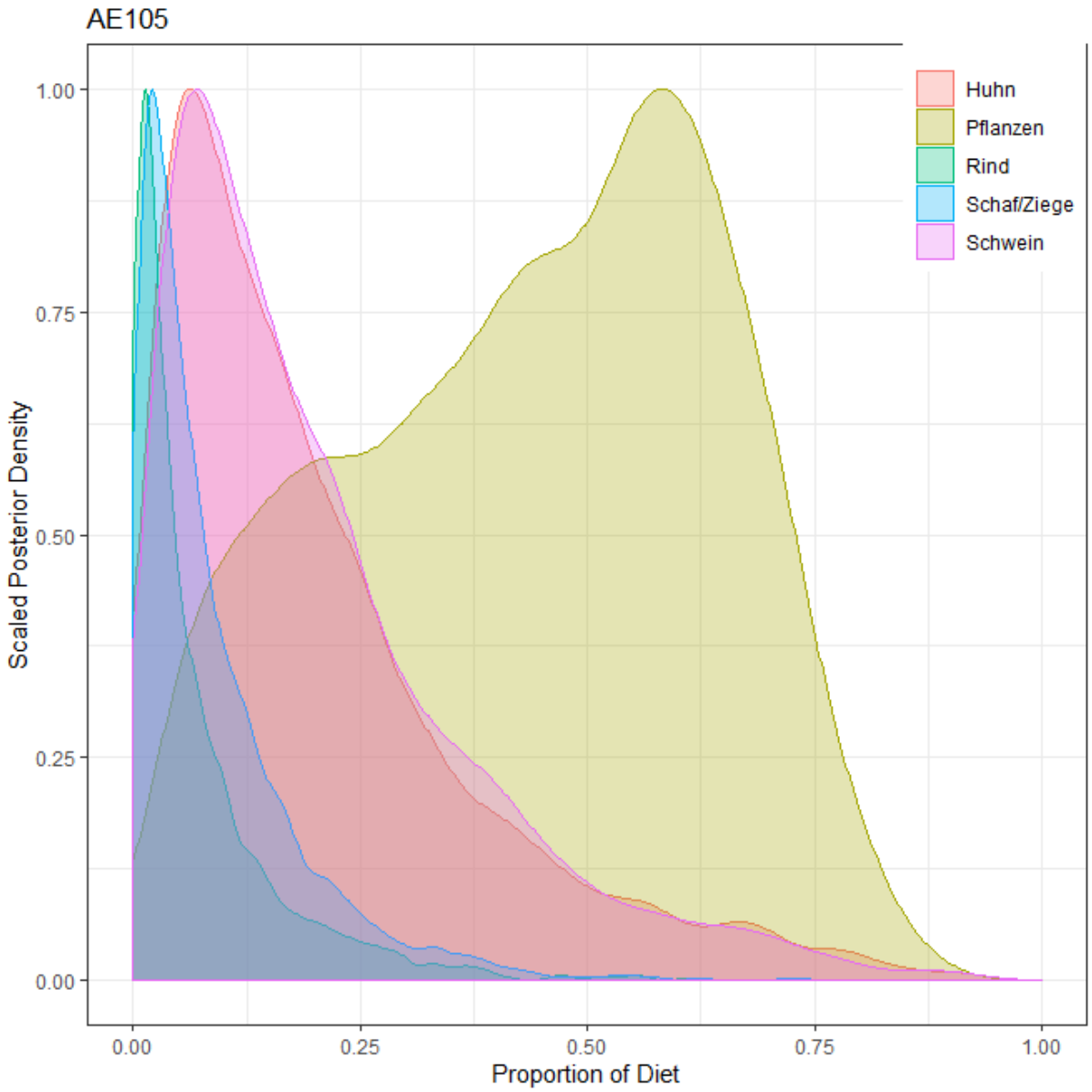


Abbildung 997: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 105. Erstellt mit MixSIAR.

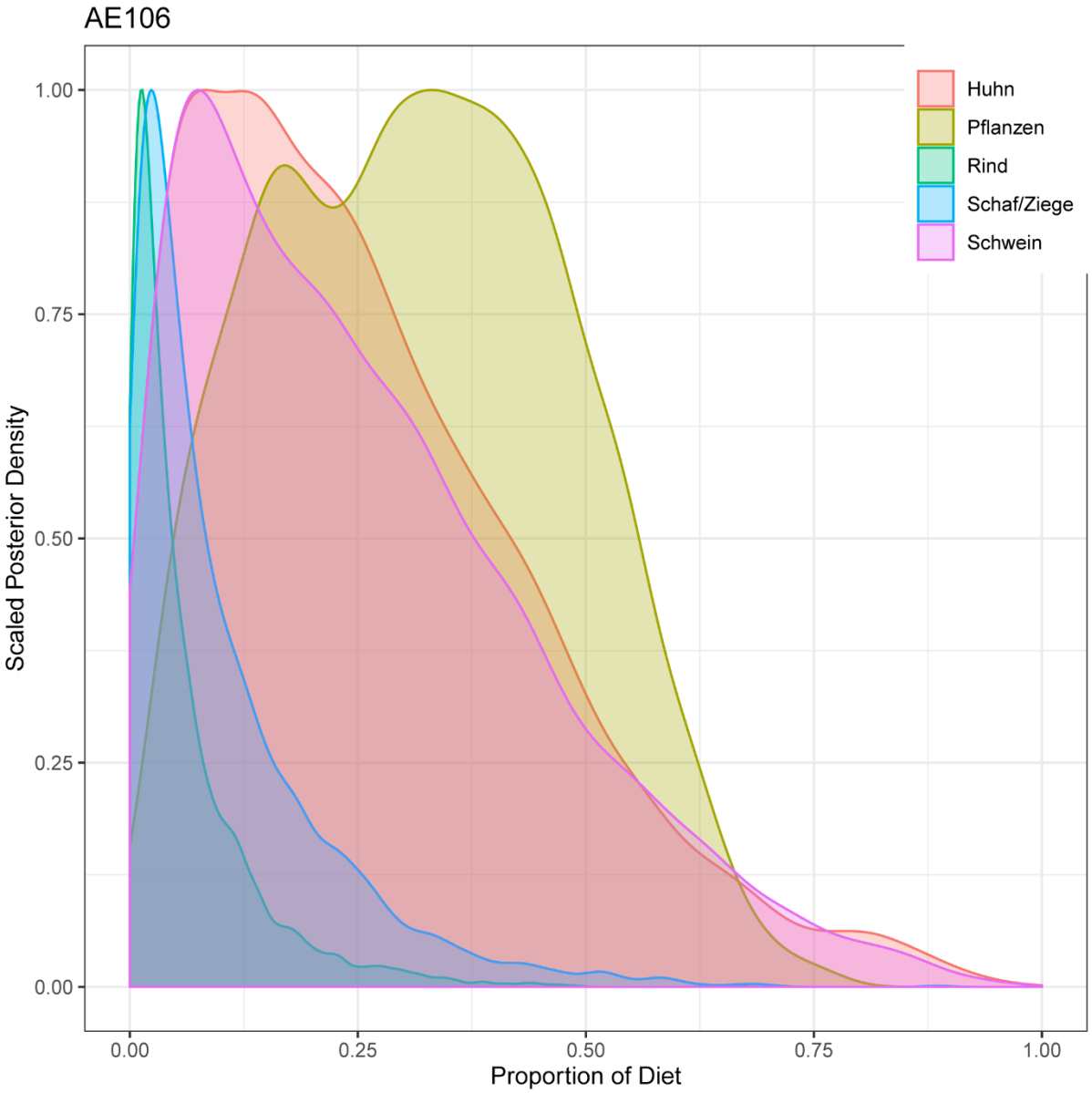


Abbildung 998: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 106. Erstellt mit MixSIAR.

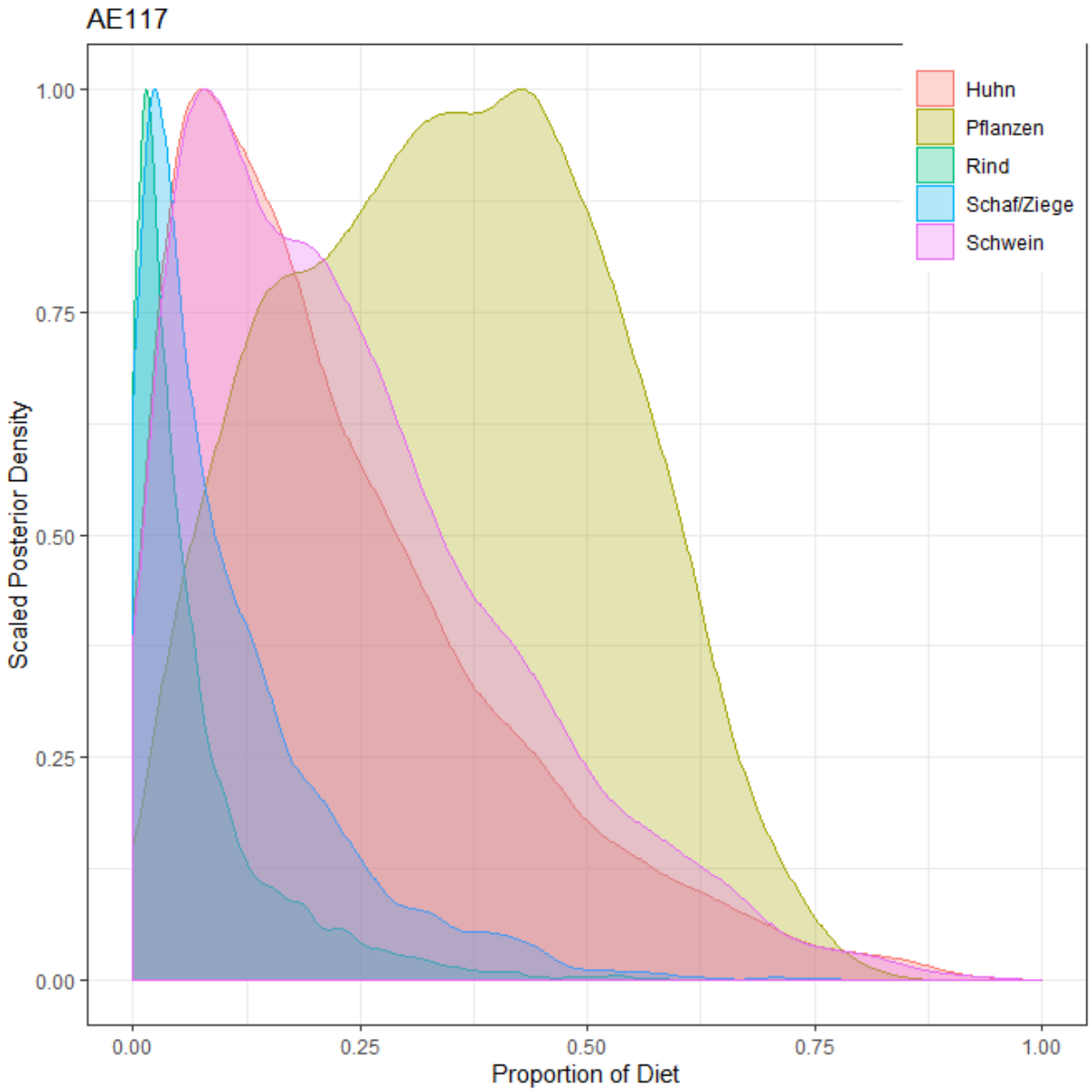


Abbildung 999: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 117. Erstellt mit MixSIAR.

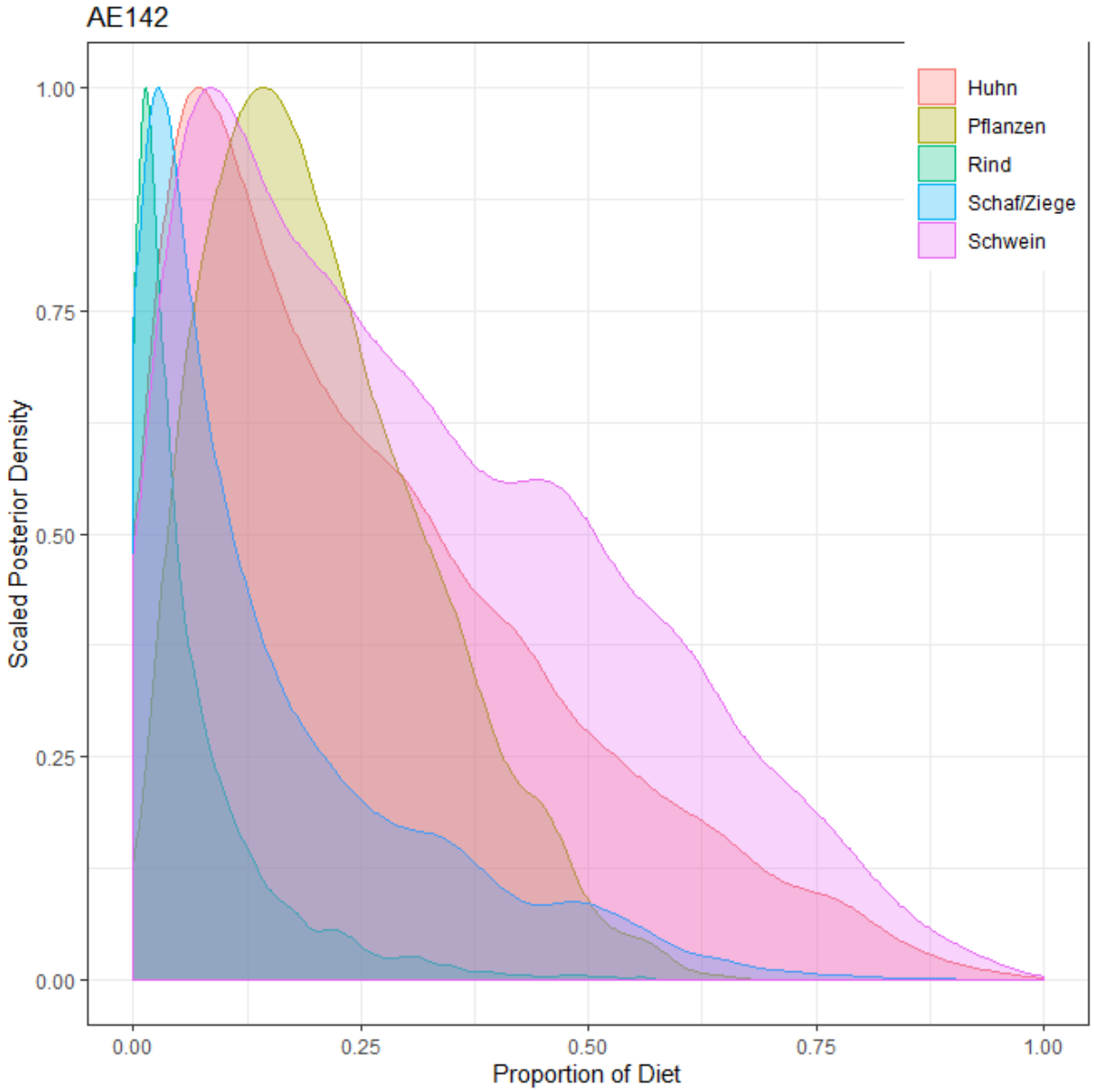


Abbildung 1000: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 142. Erstellt mit MixSIAR.

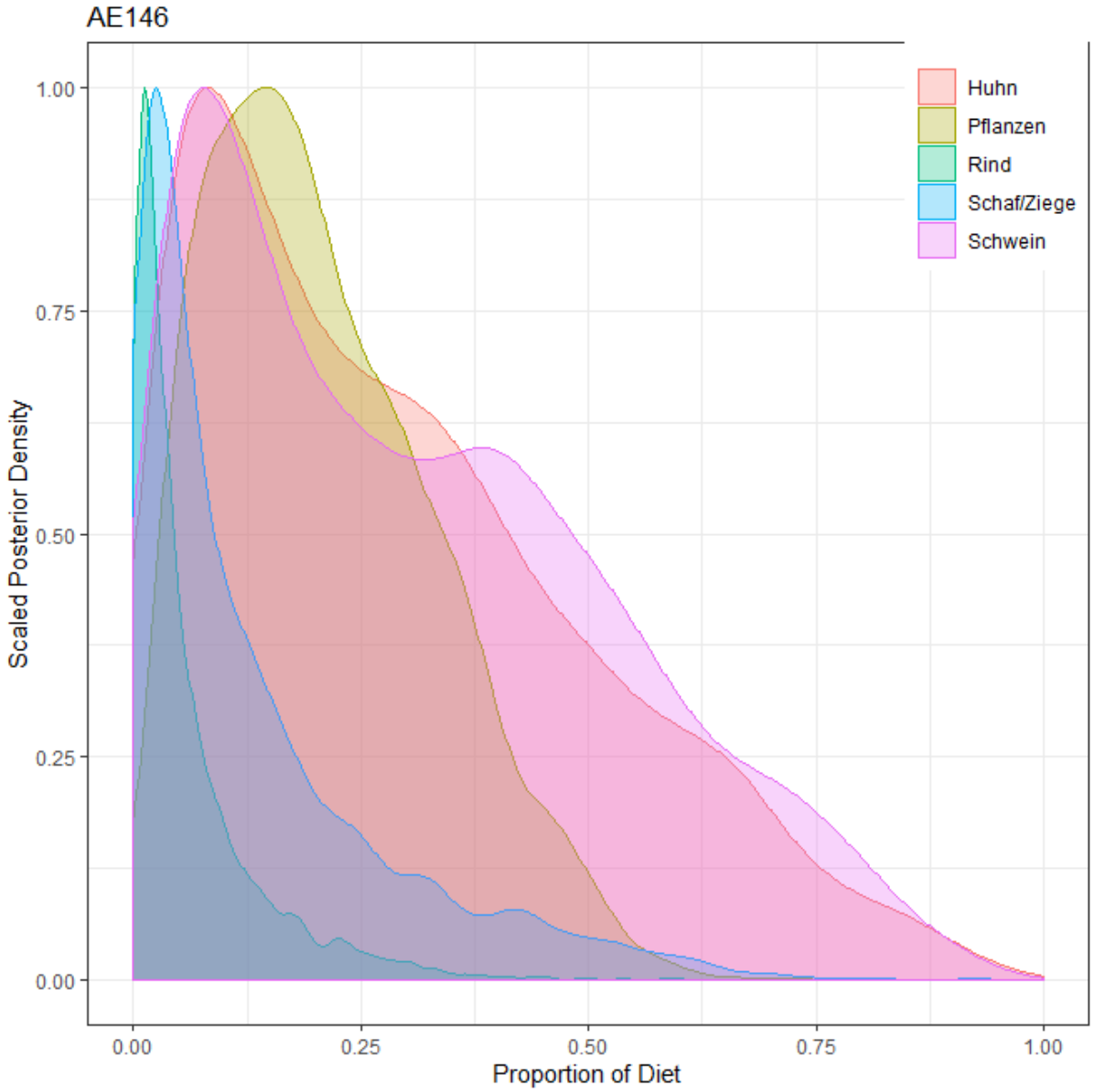


Abbildung 1001: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 146. Erstellt mit MixSIAR.

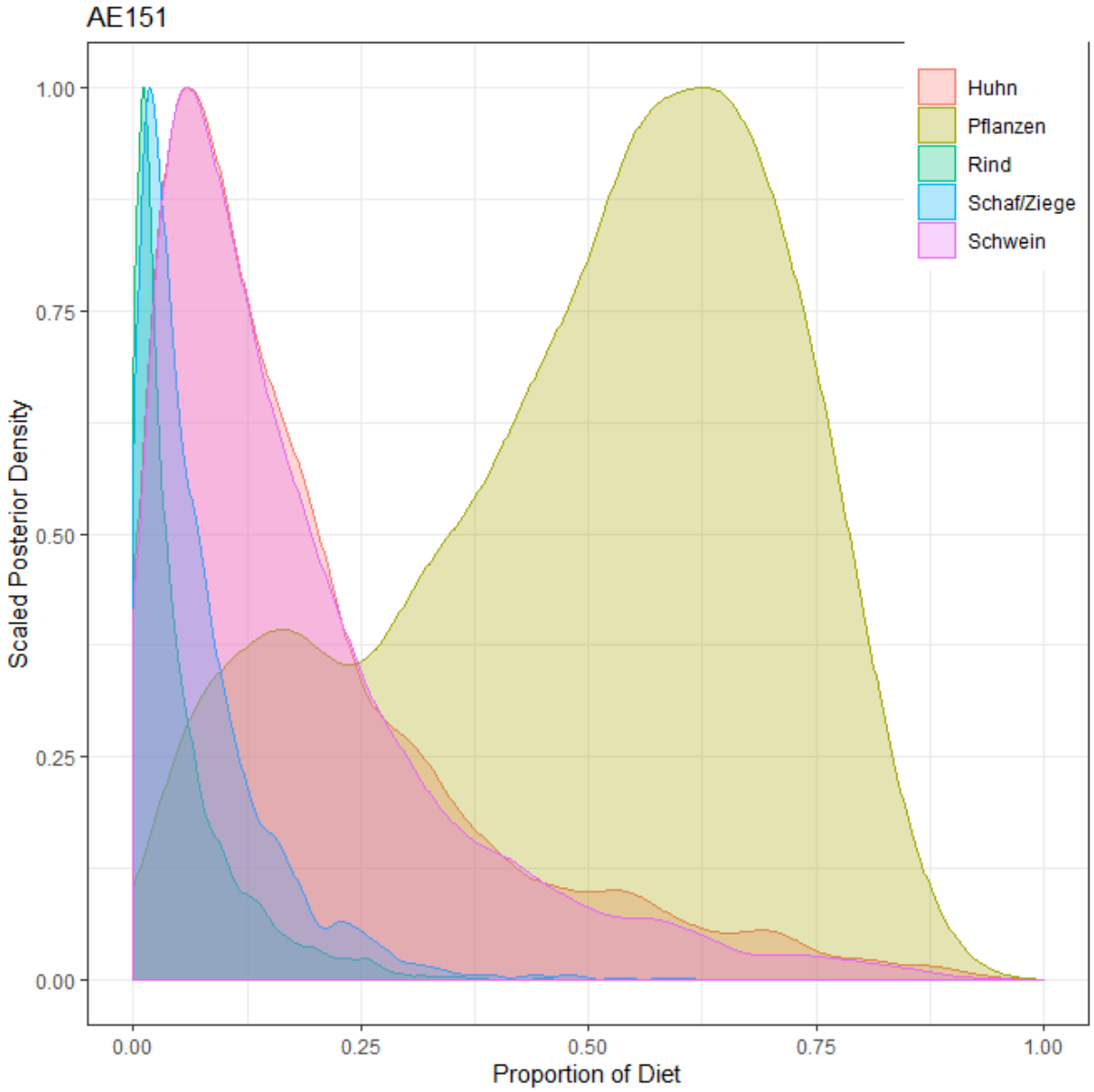


Abbildung 1002: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 151. Erstellt mit MixSIAR.

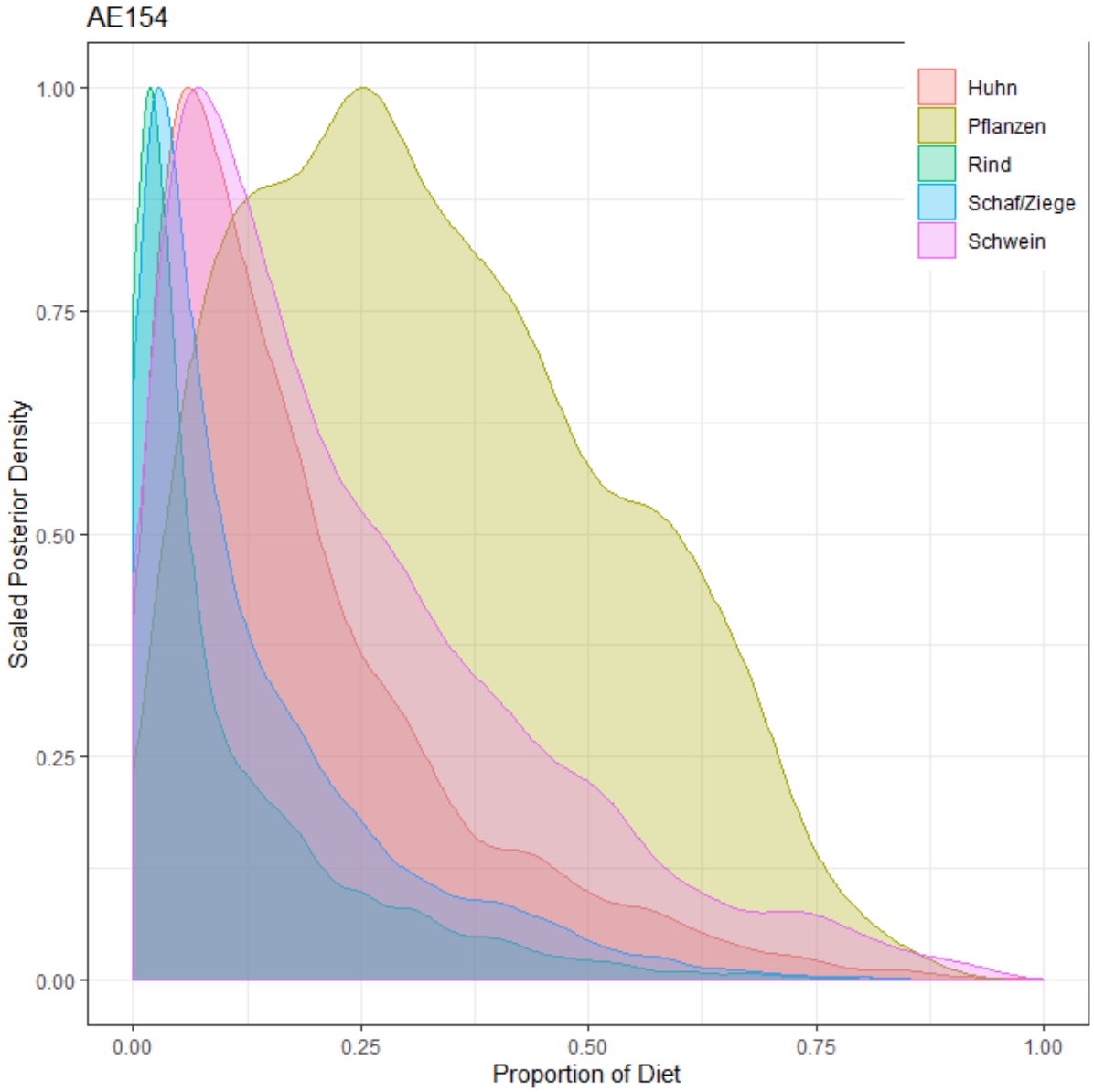


Abbildung 1003: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 154. Erstellt mit MixSIAR.

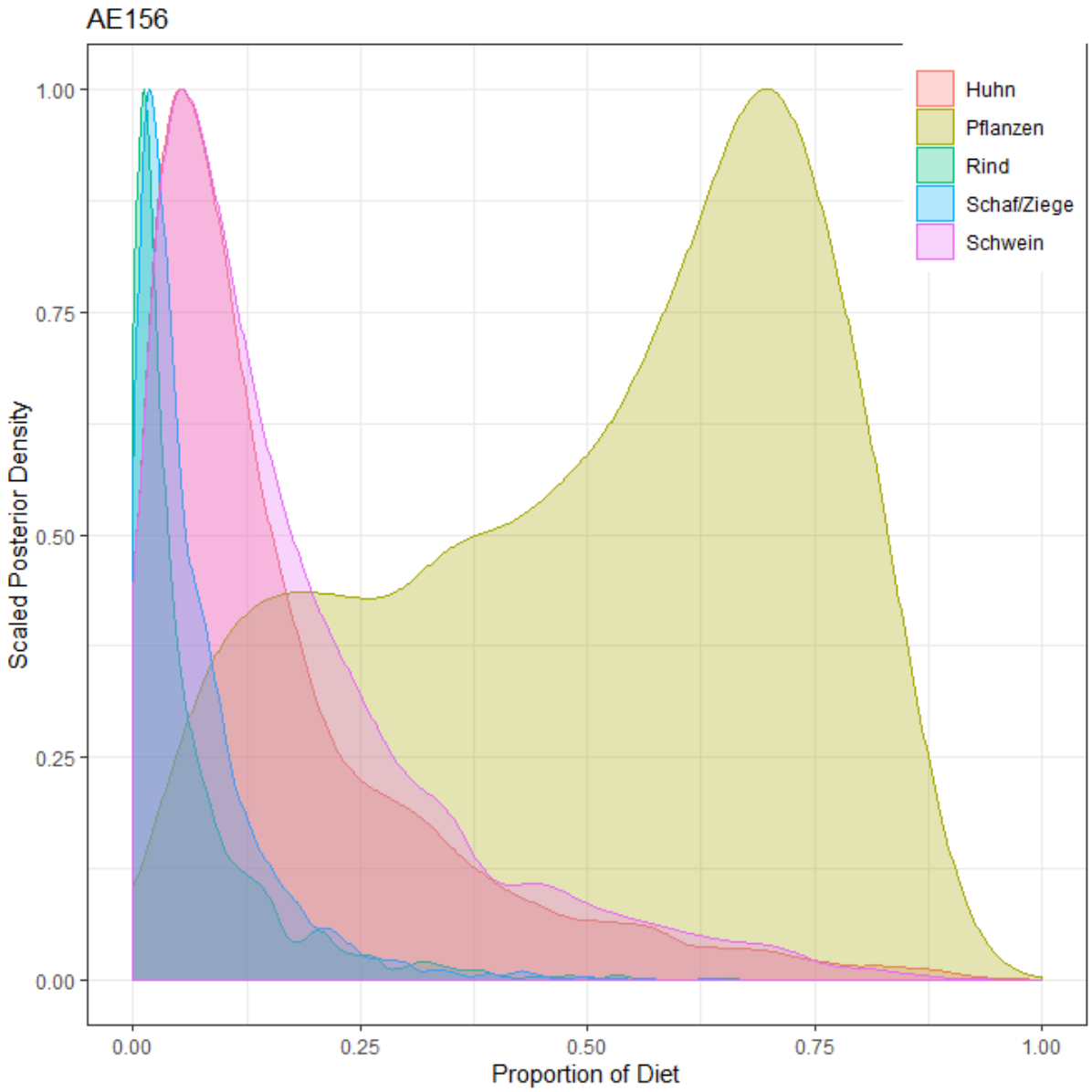


Abbildung 1004: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 156. Erstellt mit MixSIAR.

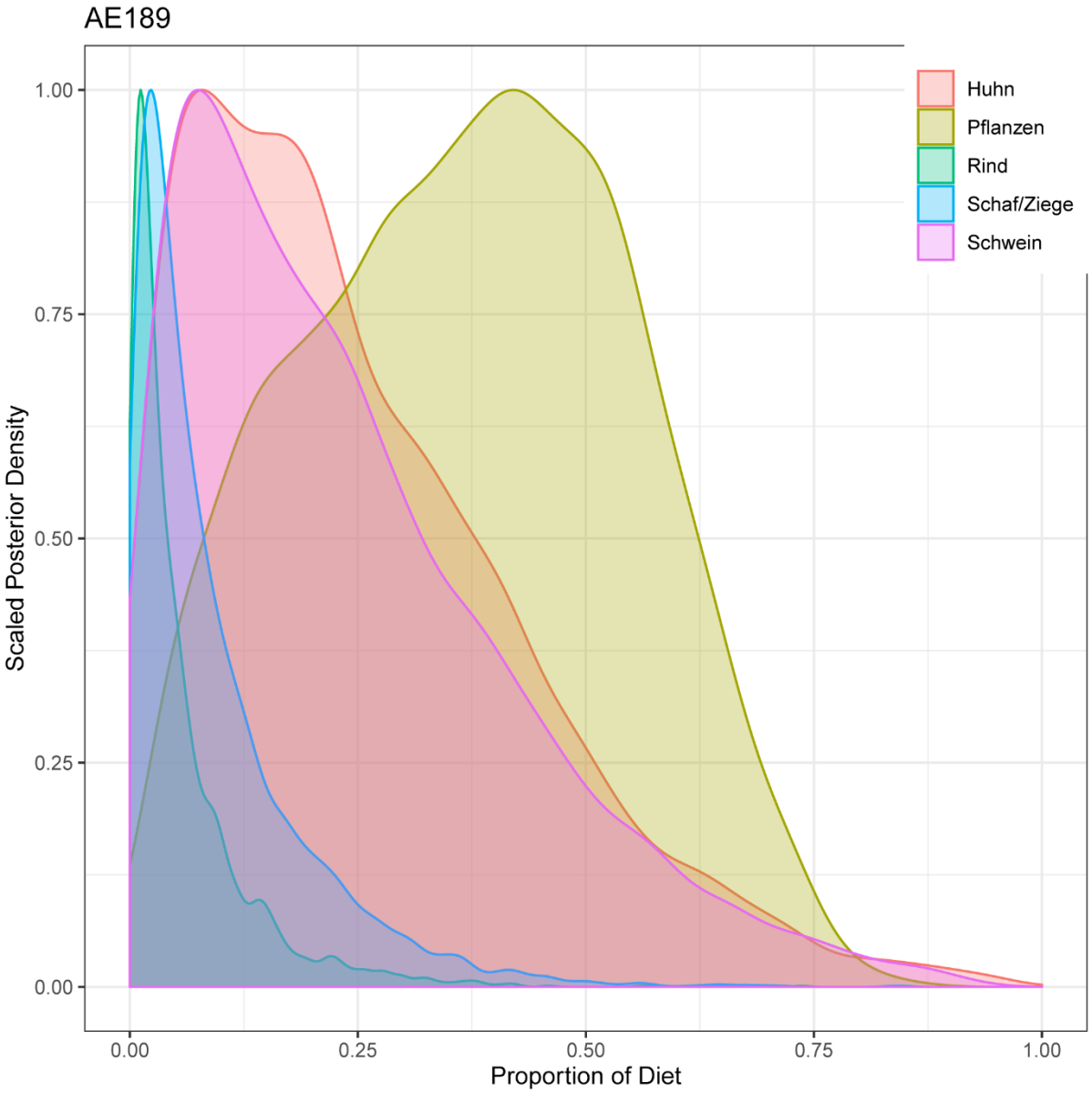


Abbildung 1005: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 189. Erstellt mit MixSIAR.

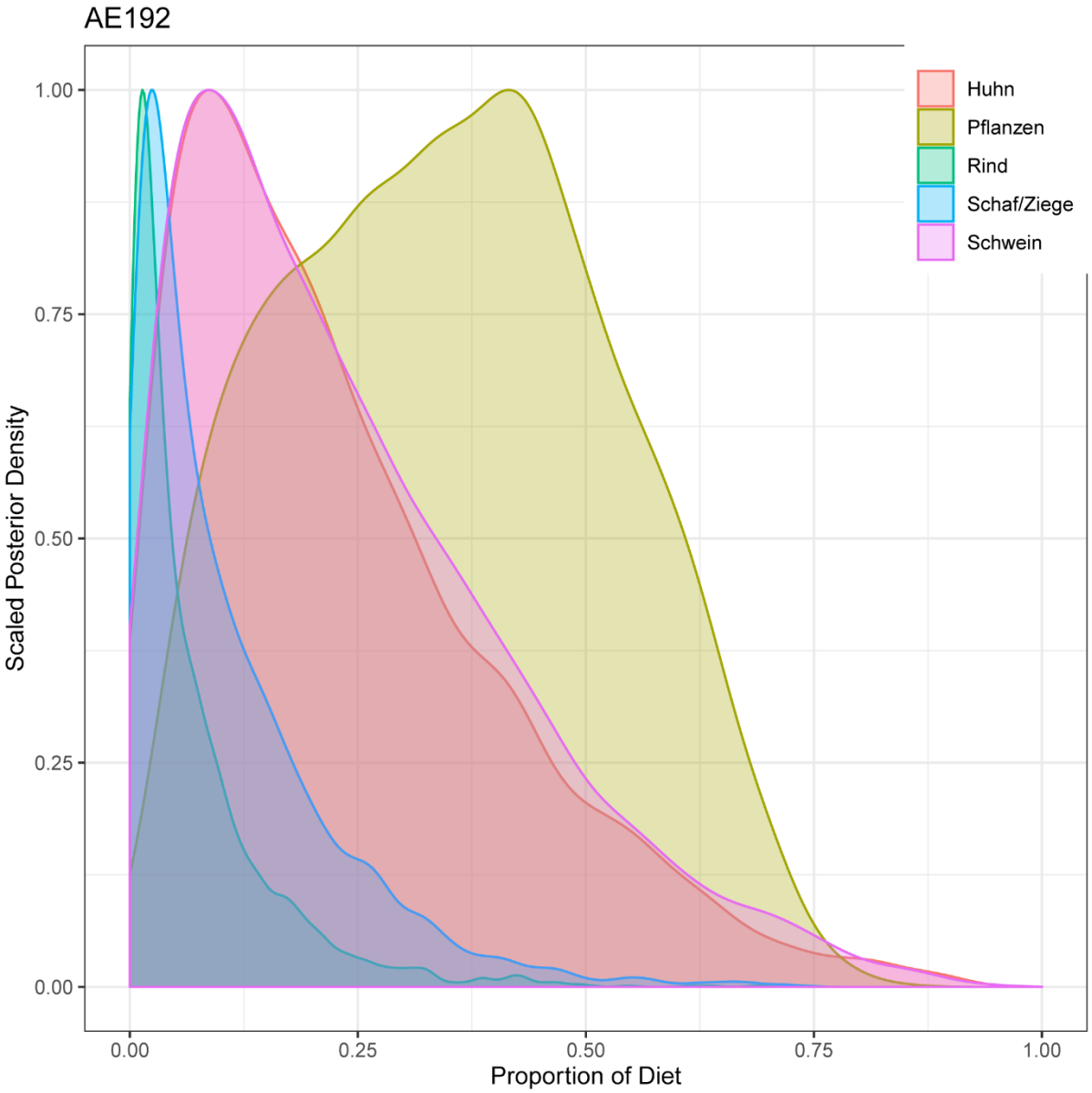


Abbildung 1006: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 192. Erstellt mit MixSIAR.

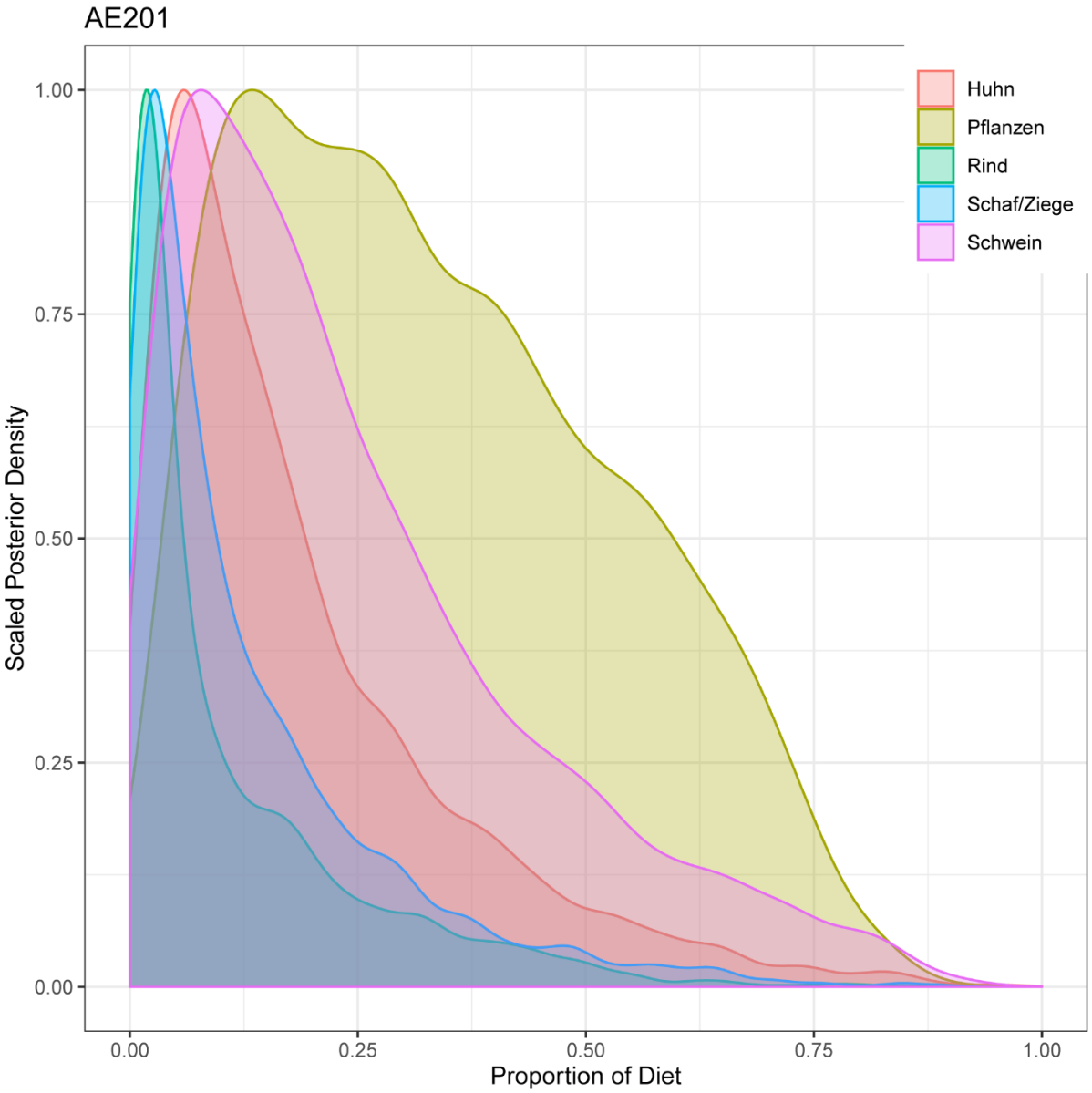


Abbildung 1007: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 201. Erstellt mit MixSIAR.

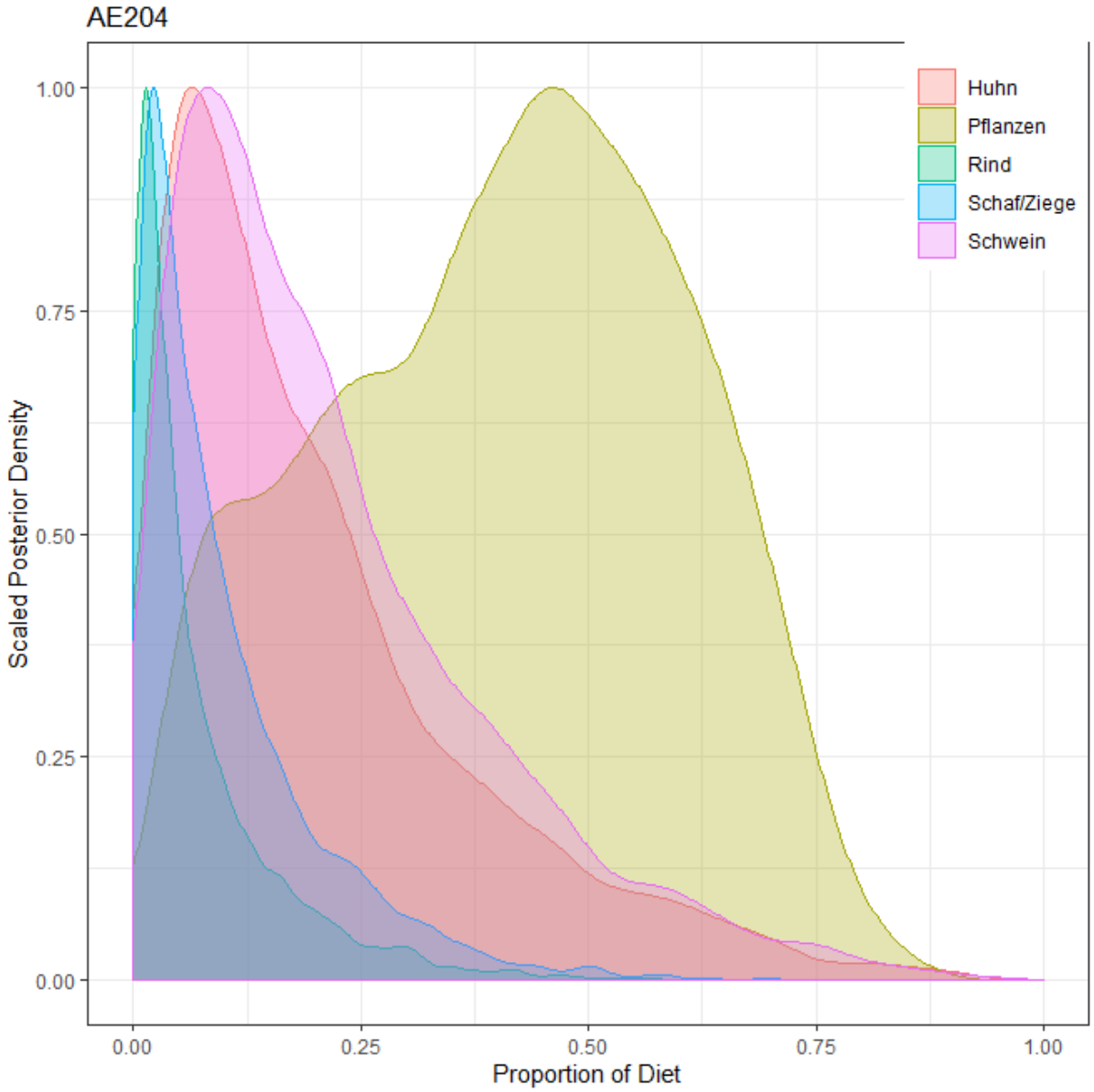


Abbildung 1008: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 204. Erstellt mit MixSIAR.

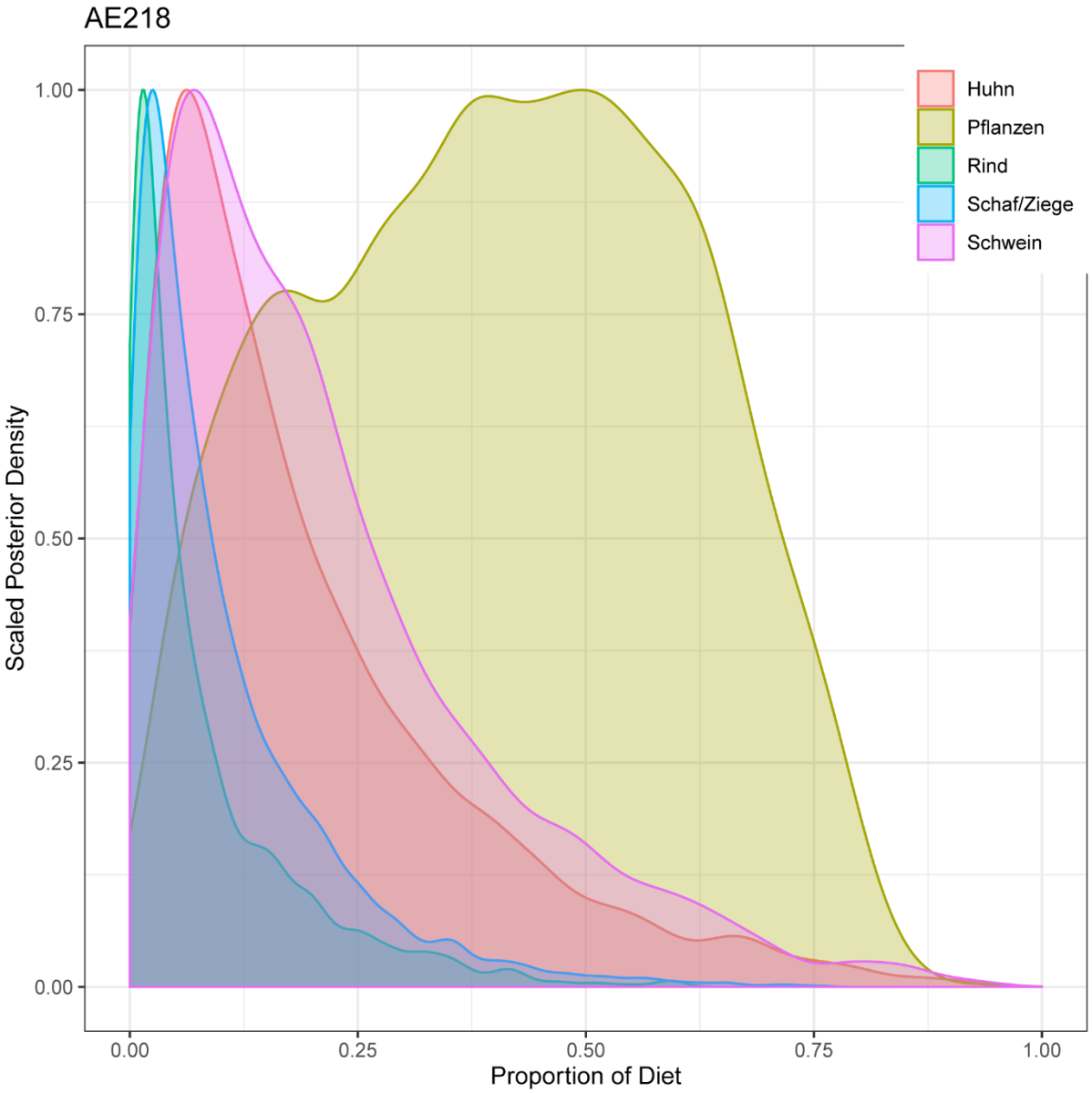


Abbildung 1009: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 218. Erstellt mit MixSIAR.

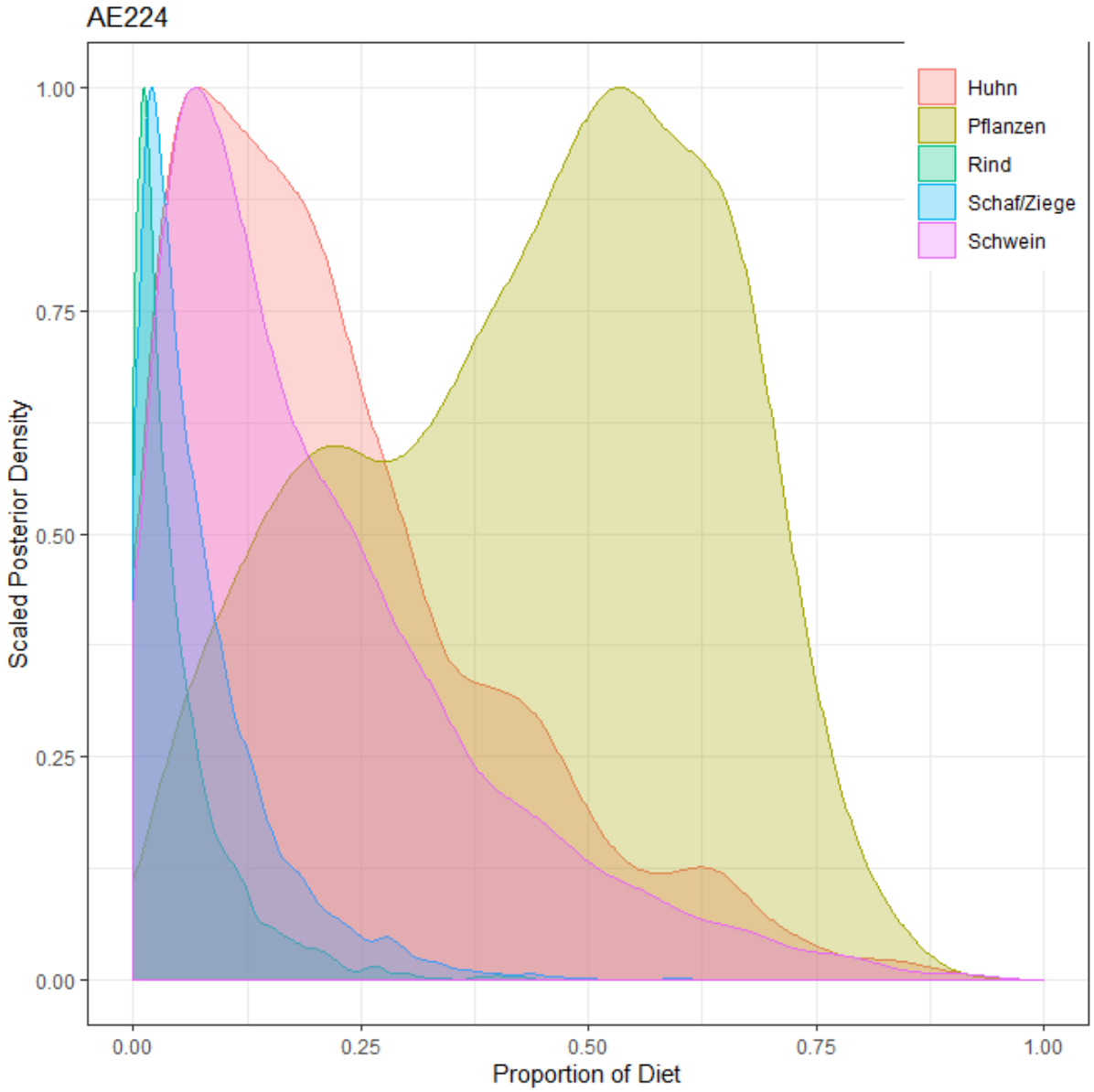


Abbildung 1010: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 224. Erstellt mit MixSIAR.

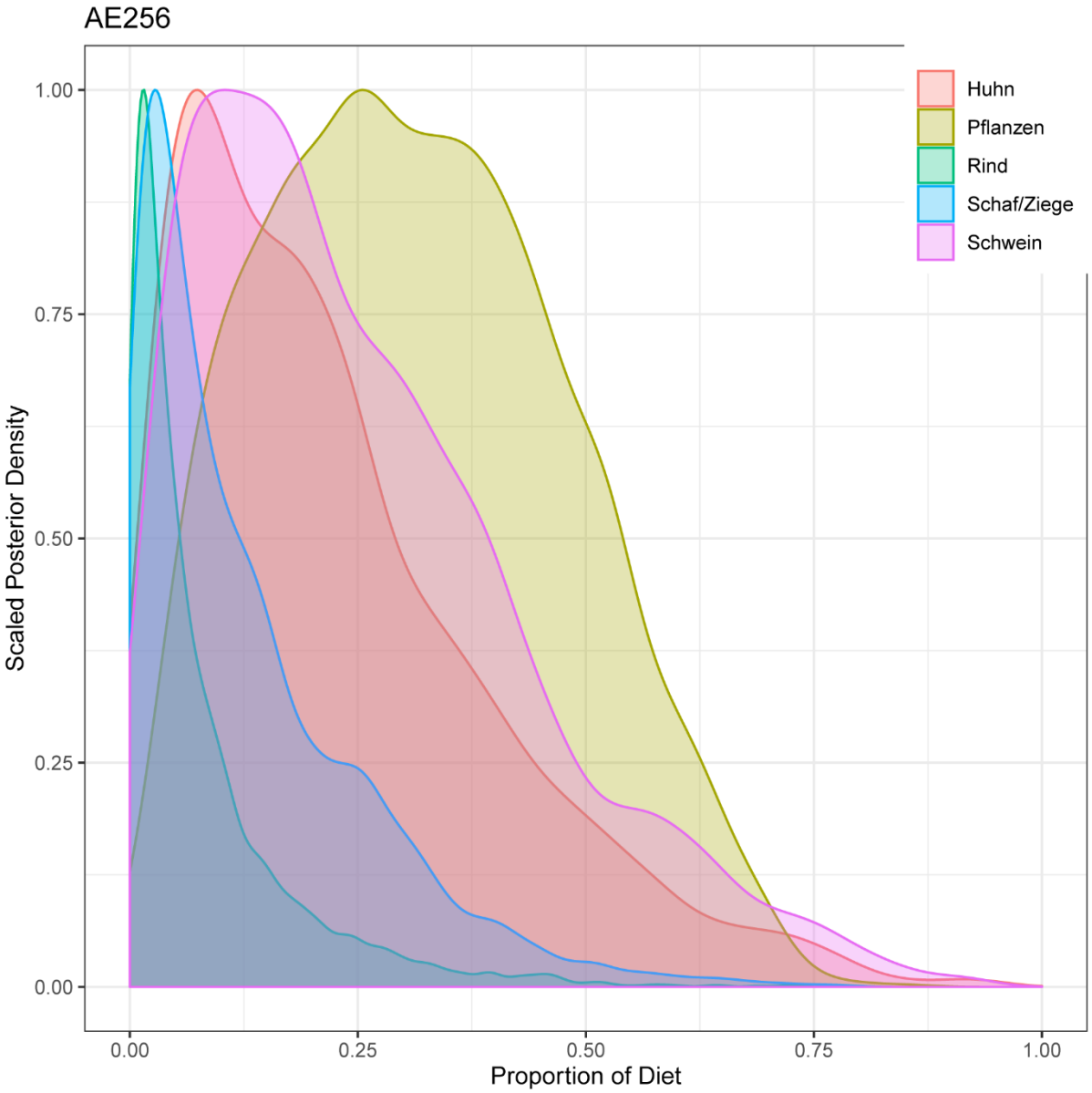


Abbildung 1011: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 256. Erstellt mit MixSIAR.

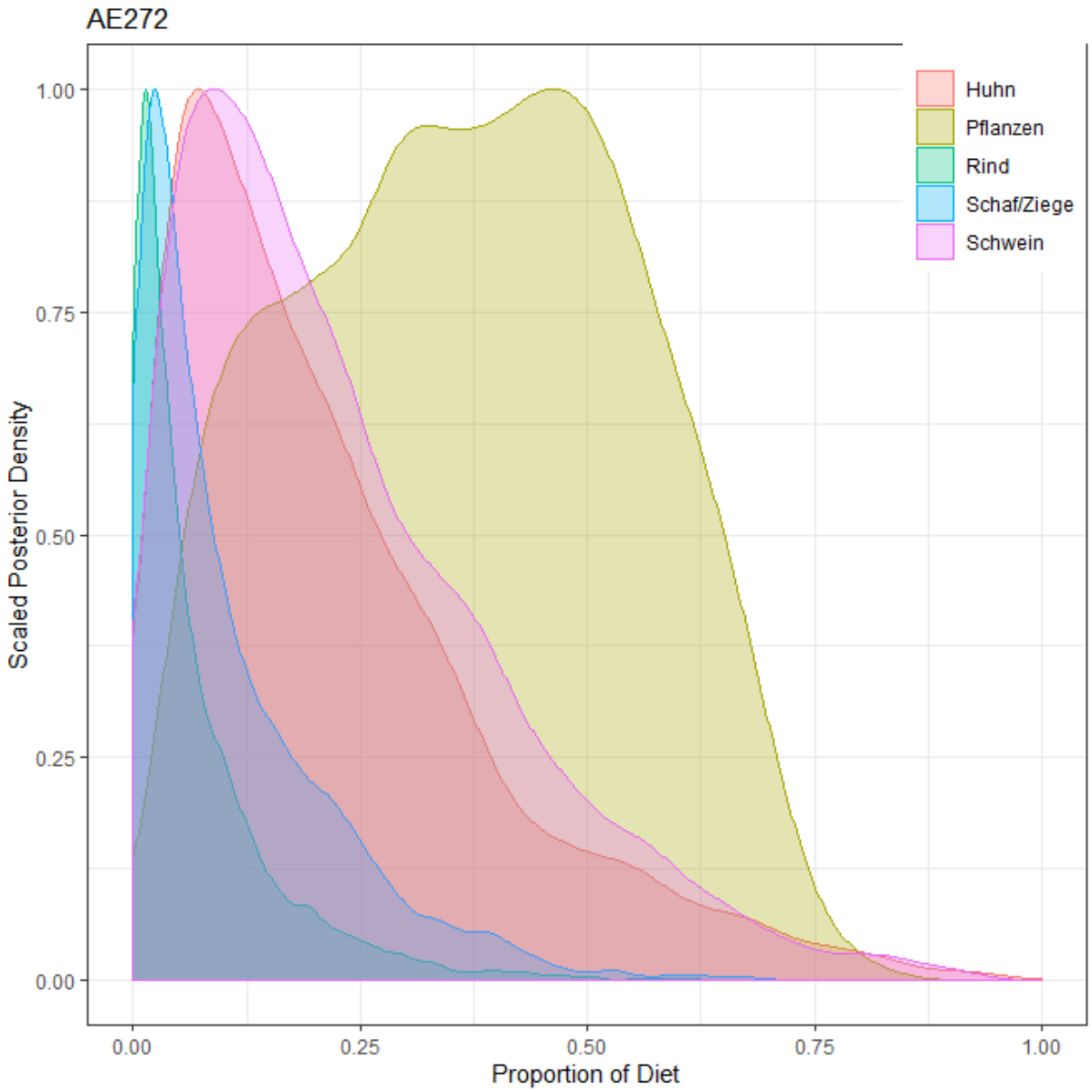


Abbildung 1012: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 272. Erstellt mit MixSIAR.

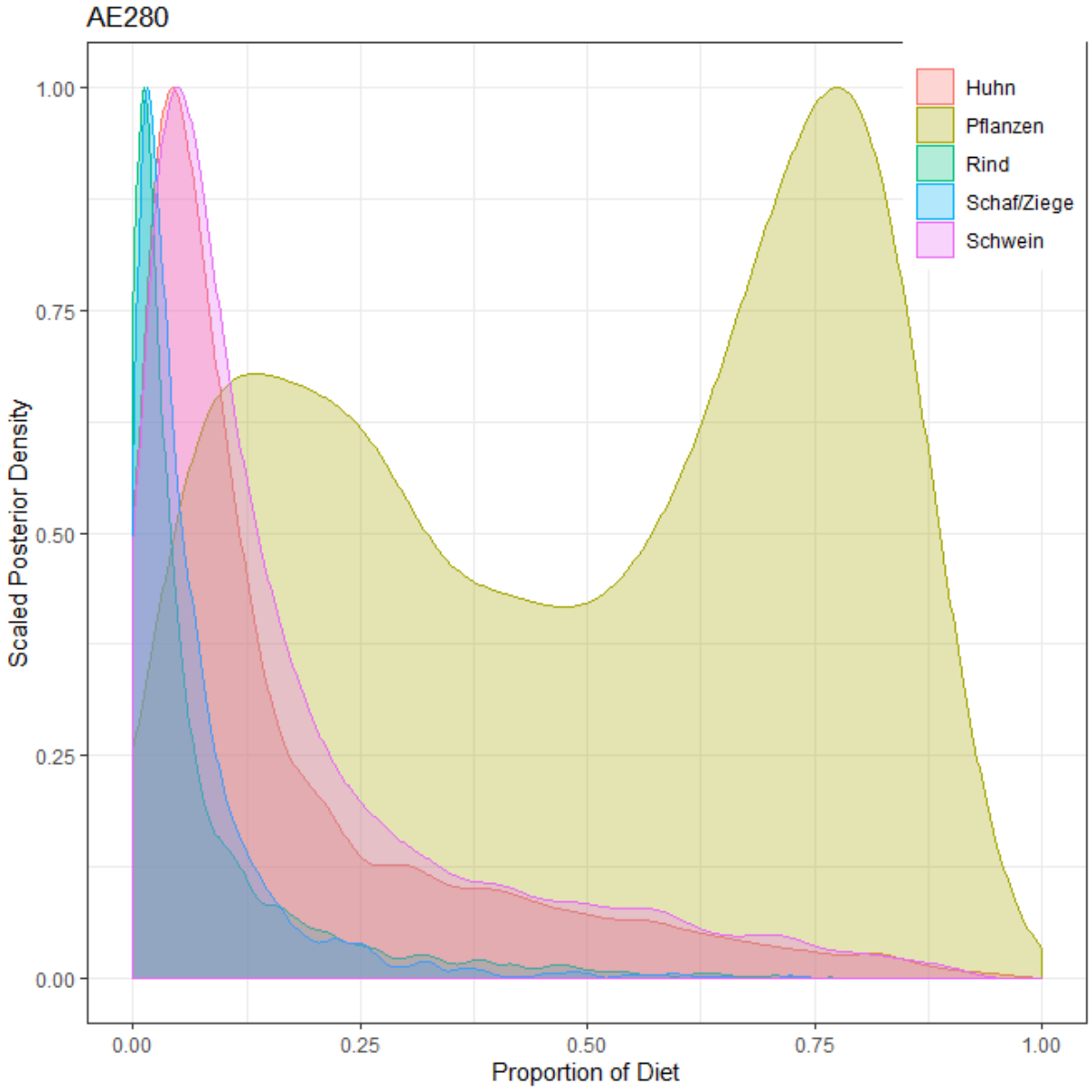


Abbildung 1013: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 289. Erstellt mit MixSIAR.

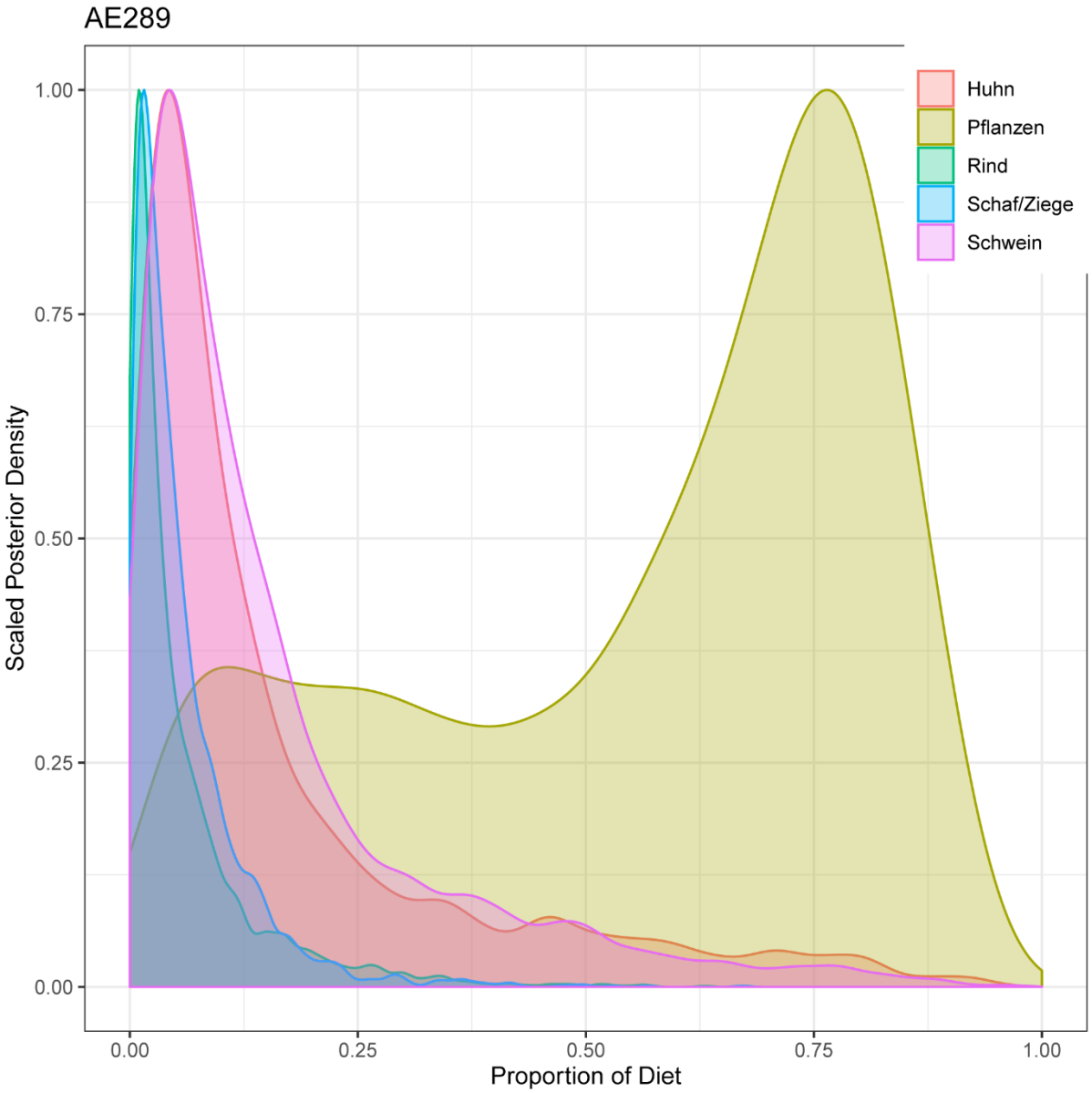


Abbildung 1014: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 289. Erstellt mit MixSIAR.

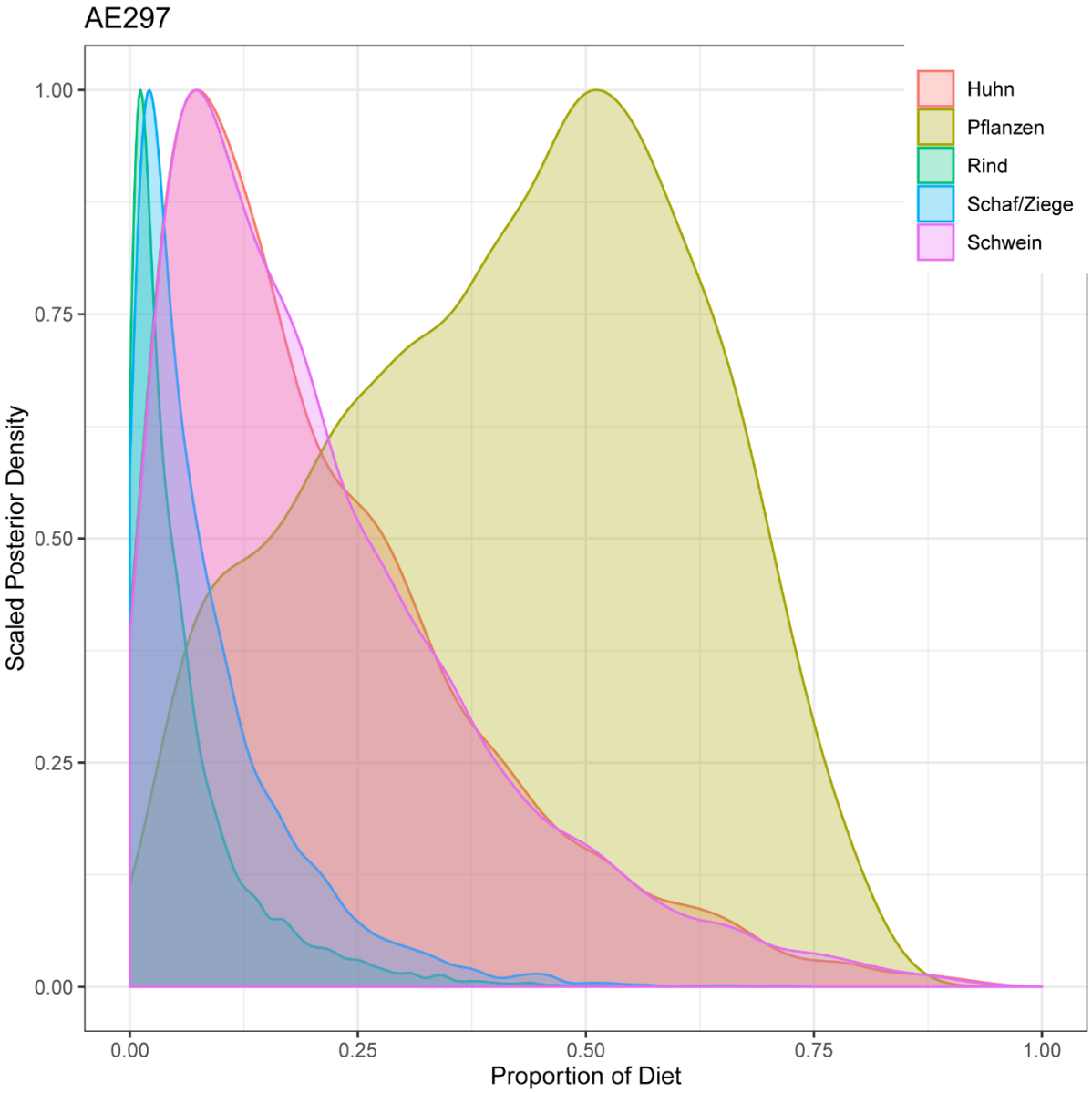


Abbildung 1015: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 297. Erstellt mit MixSIAR.

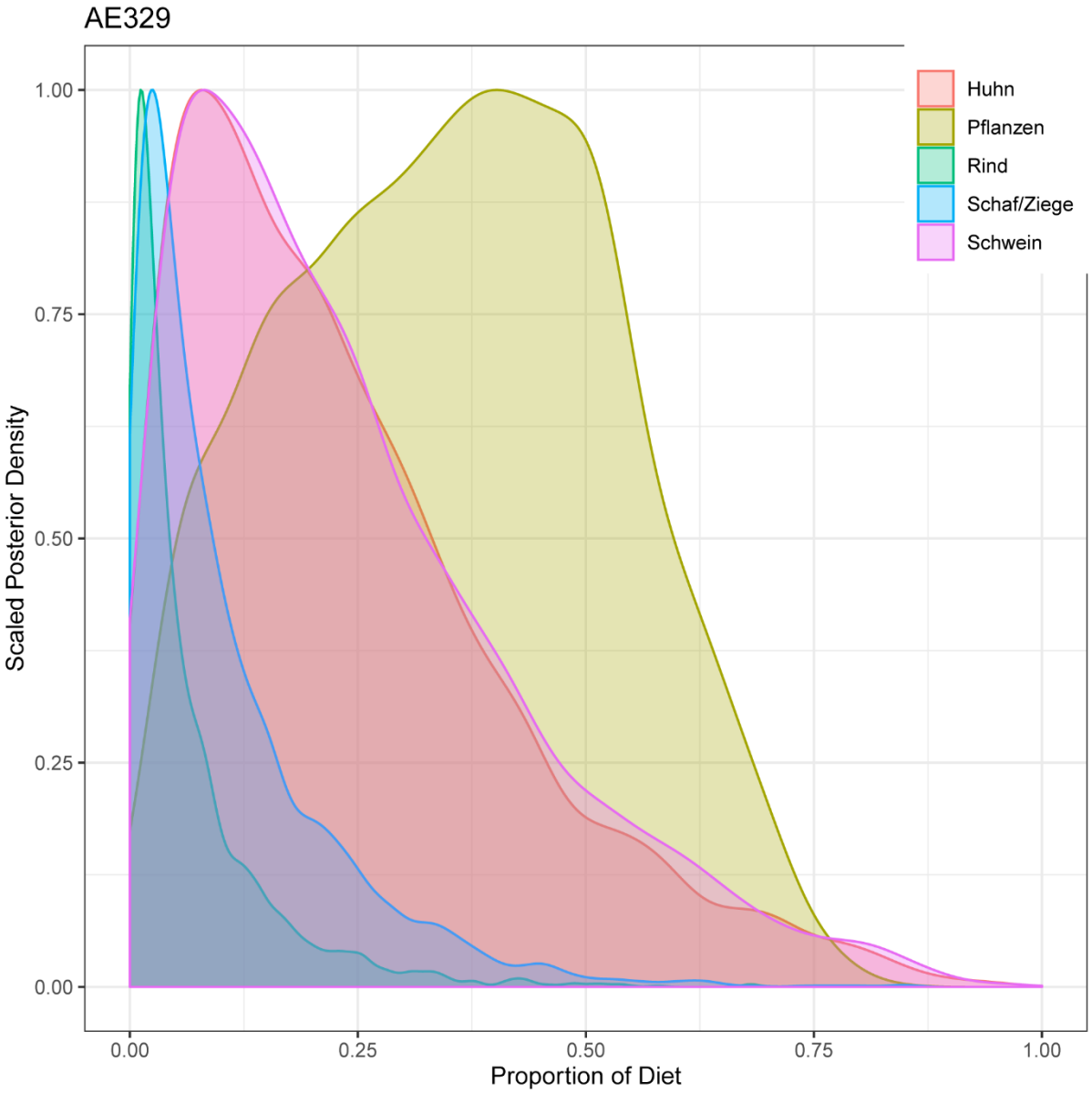


Abbildung 1016: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 329. Erstellt mit MixSIAR.

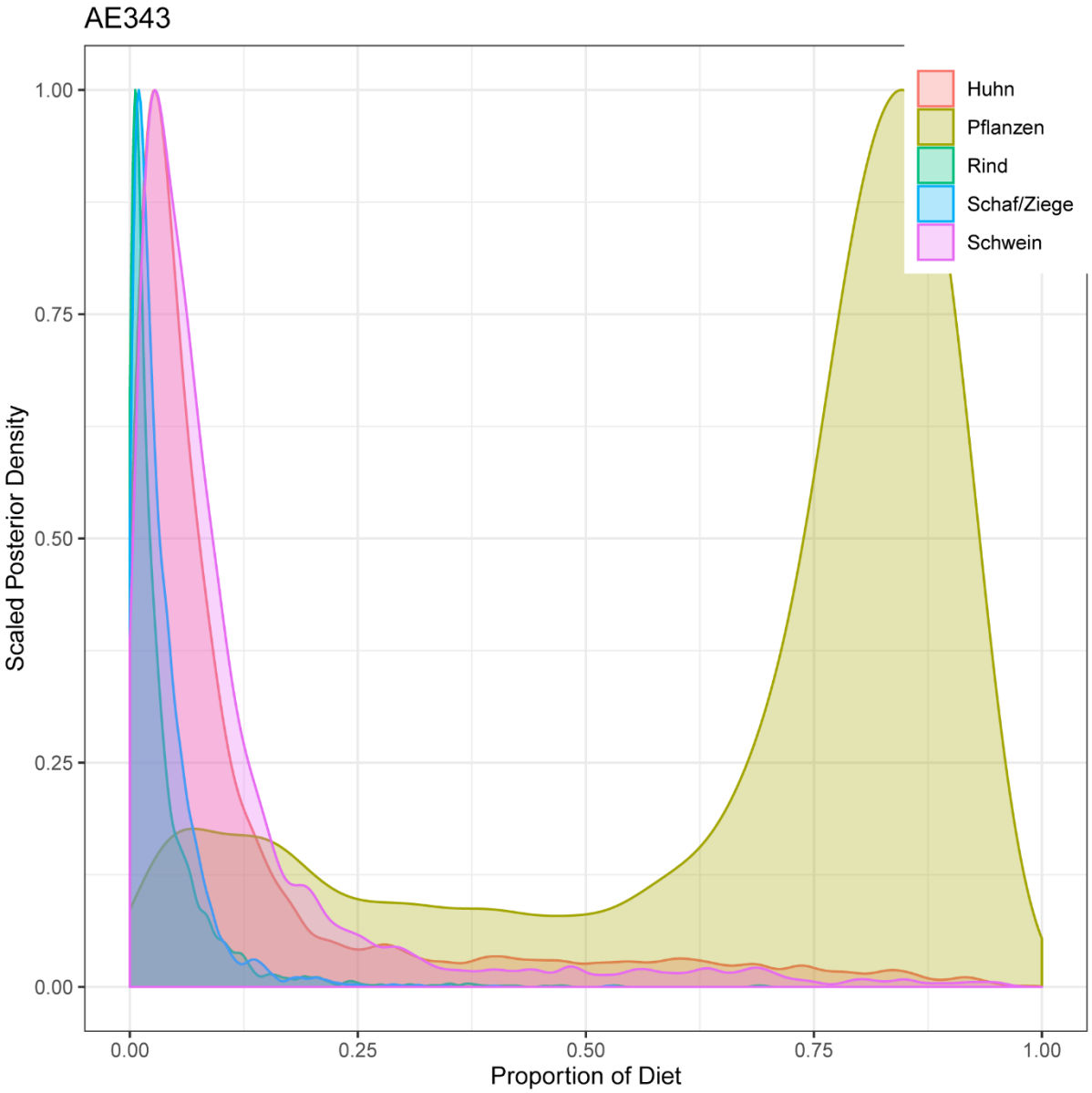


Abbildung 1017: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 343. Erstellt mit MixSIAR.

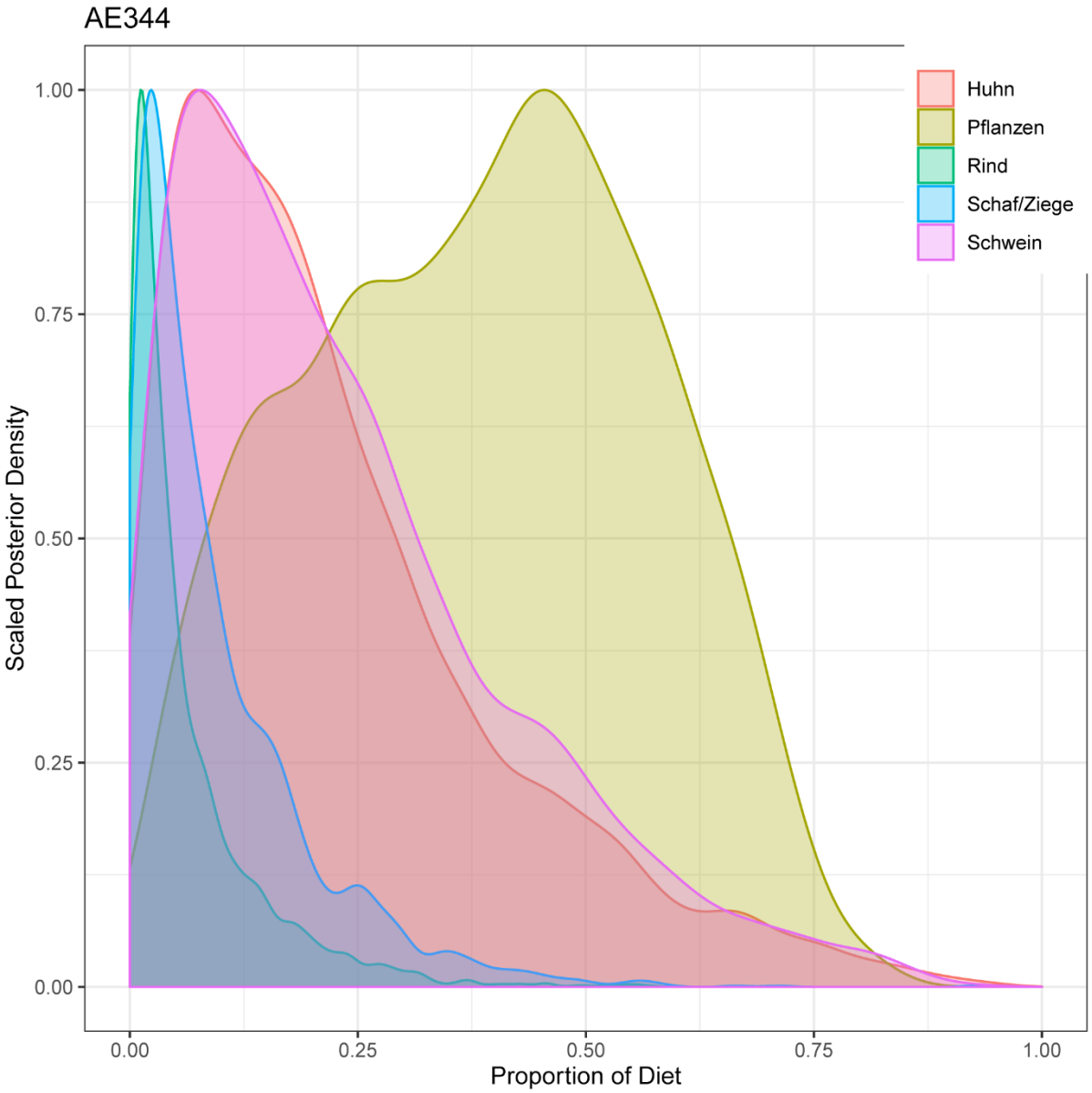


Abbildung 1018: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 344. Erstellt mit MixSIAR.

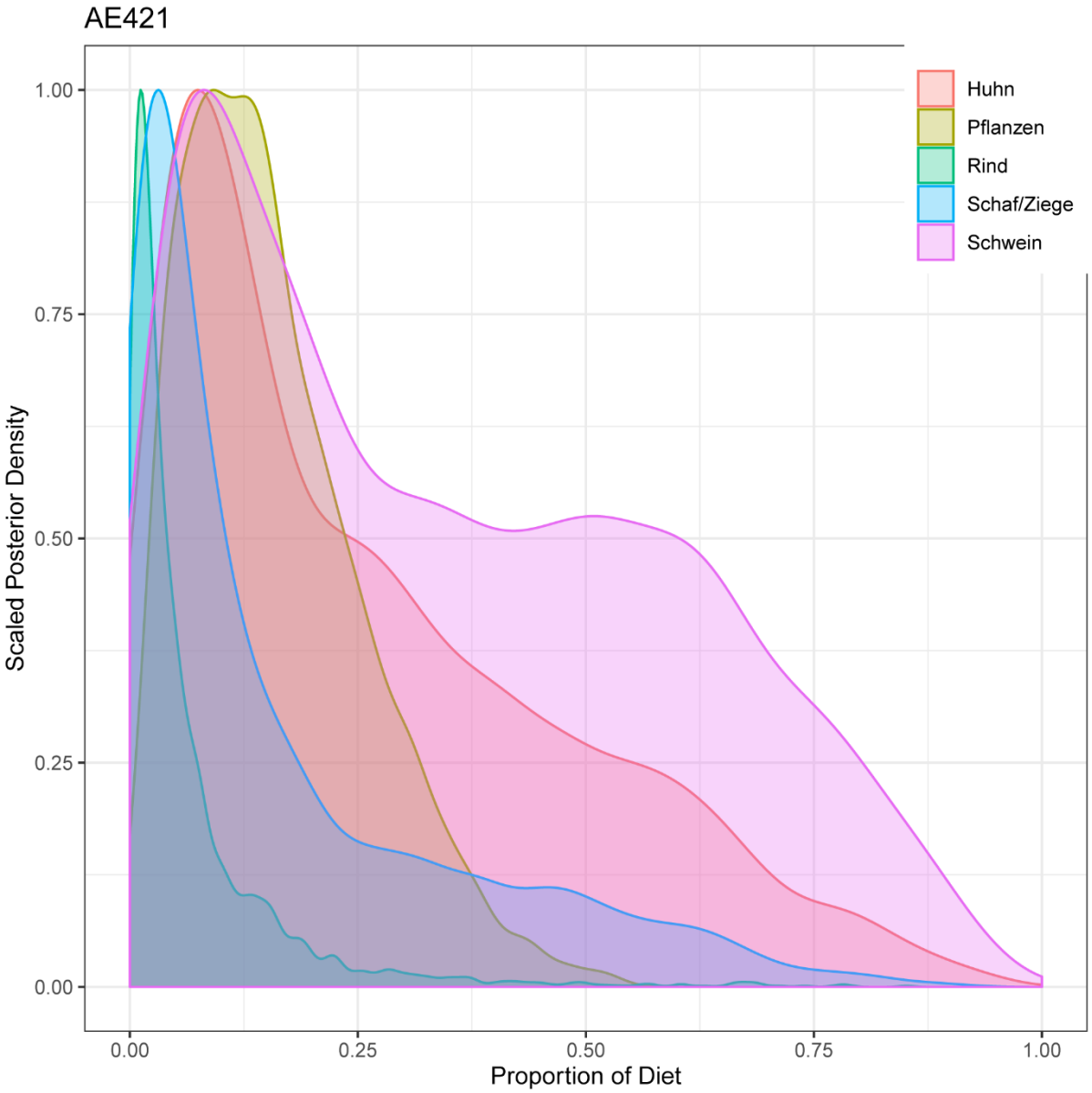


Abbildung 1019: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 421. Erstellt mit MixSIAR.

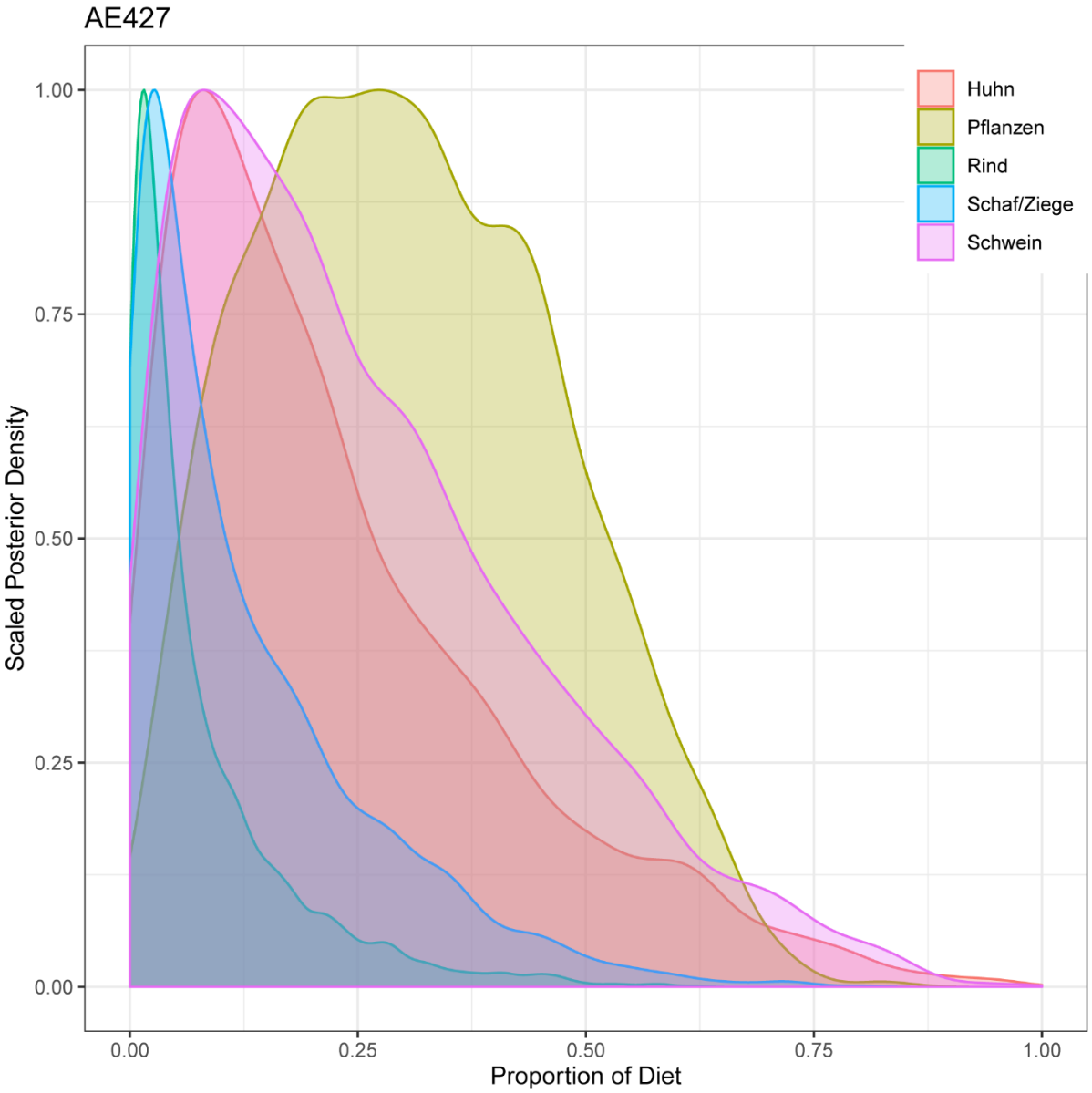


Abbildung 1020: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 427. Erstellt mit MixSIAR.

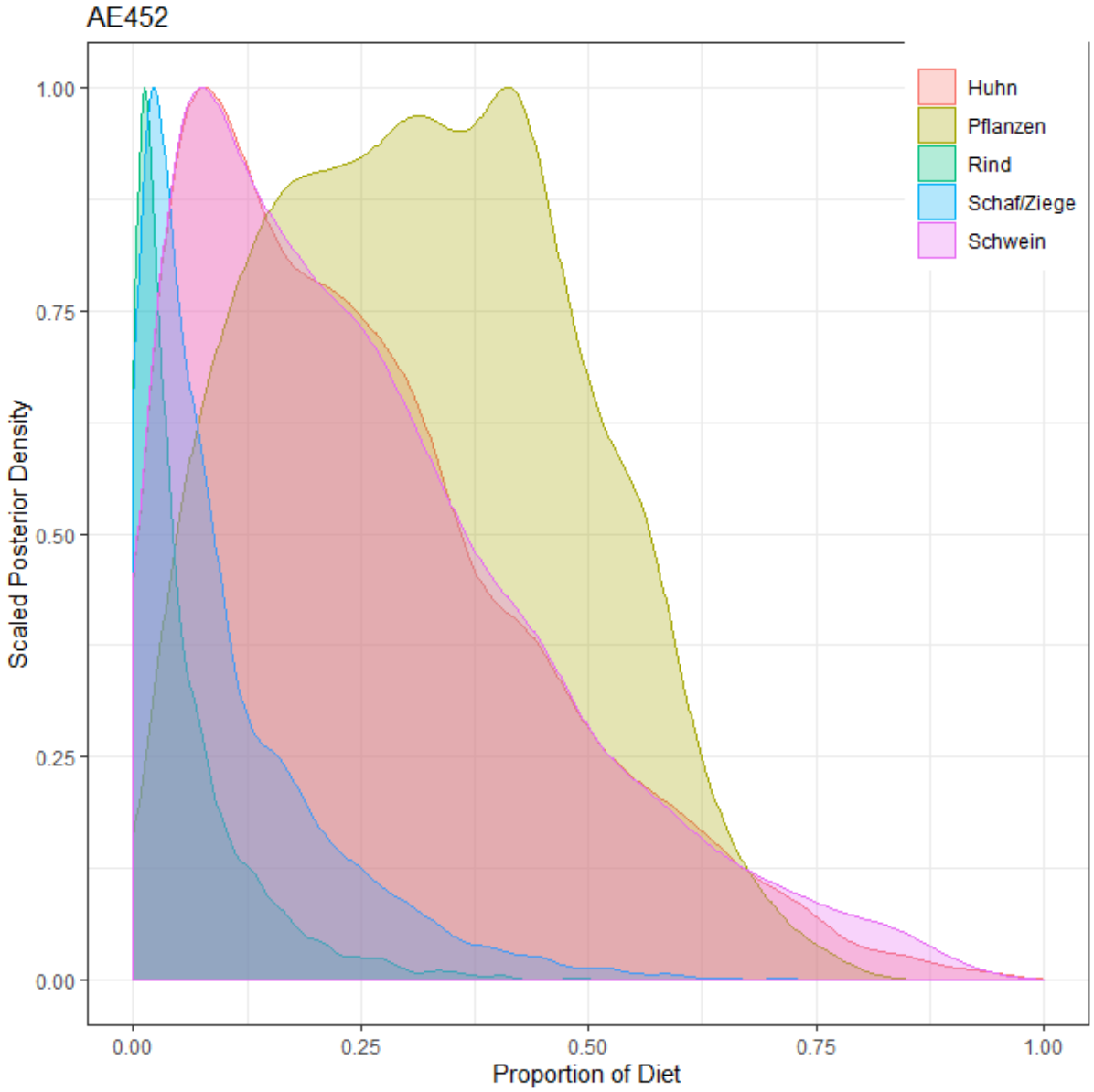


Abbildung 1021: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 452. Erstellt mit MixSIAR.

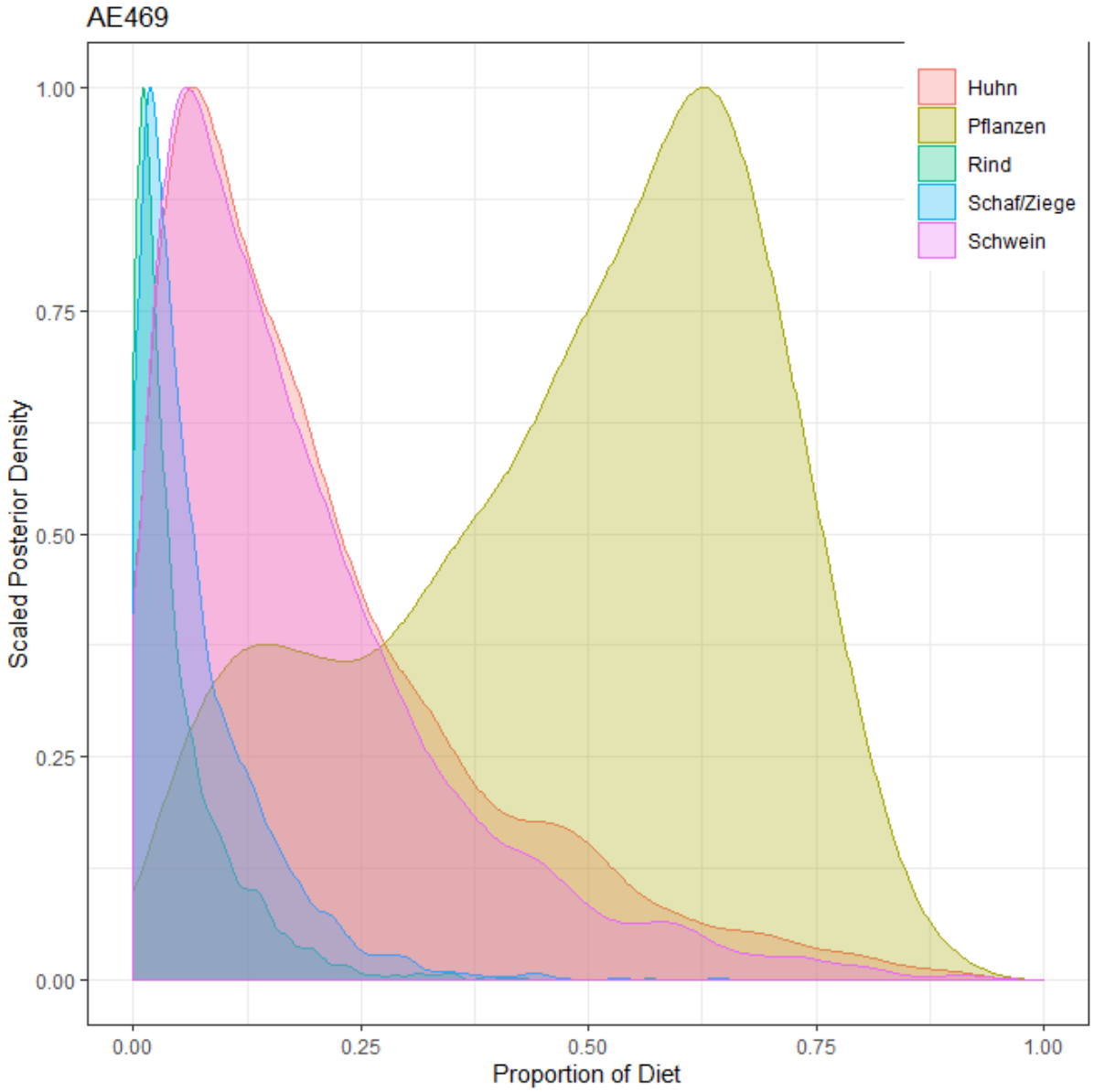


Abbildung 1022: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 469. Erstellt mit MixSIAR.

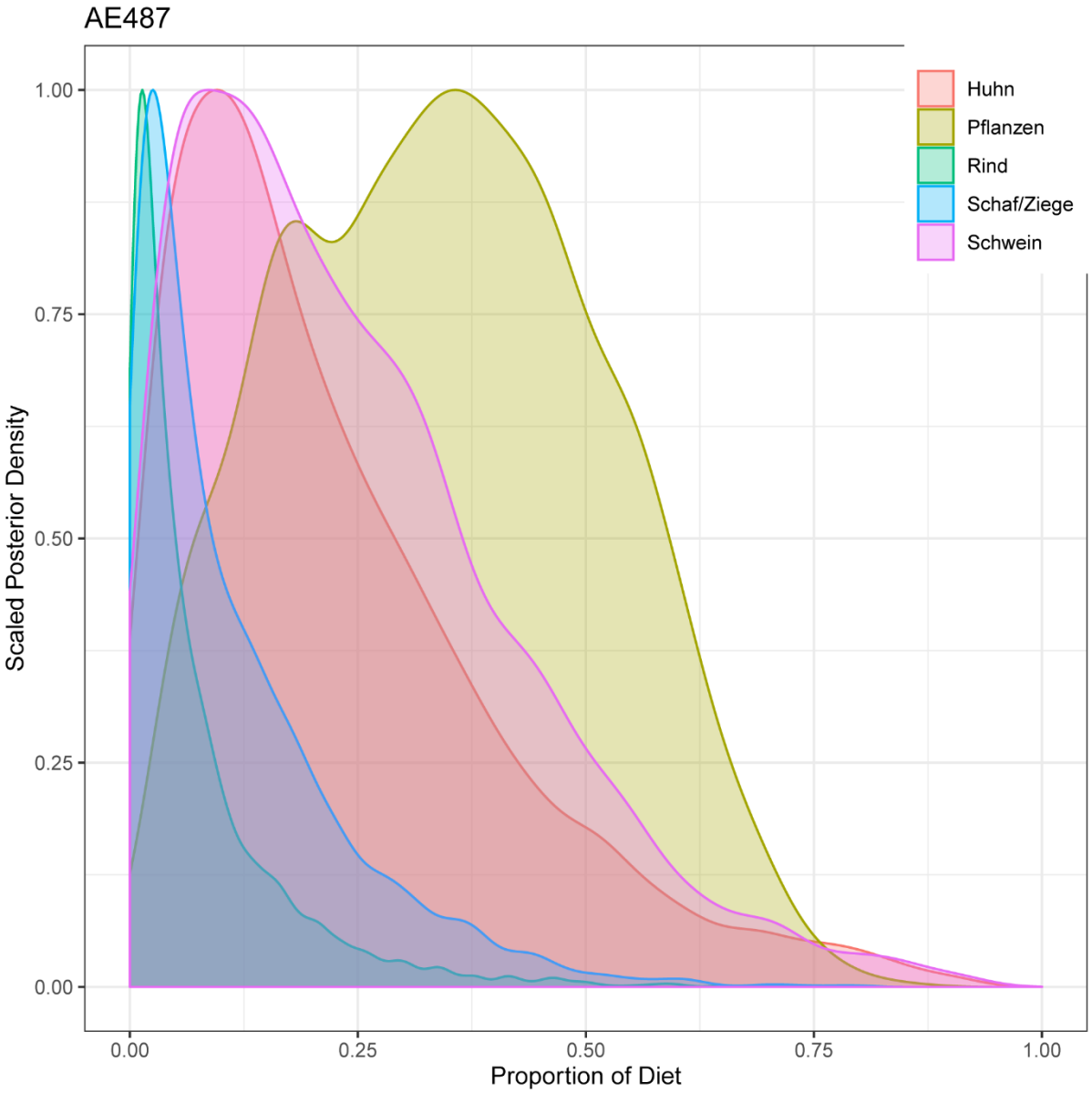


Abbildung 1023: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 487. Erstellt mit MixSIAR.

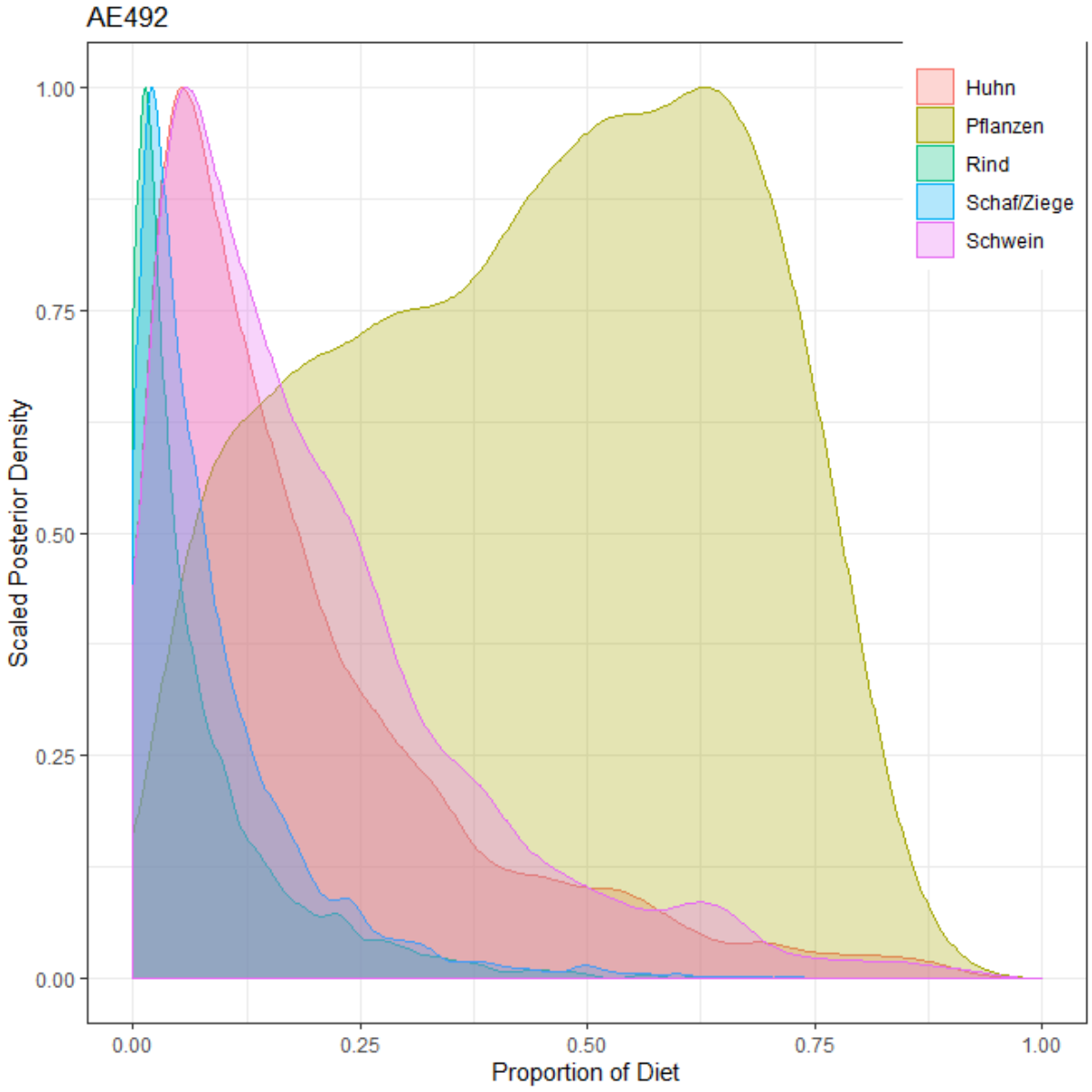


Abbildung 1024: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 492. Erstellt mit MixSIAR.

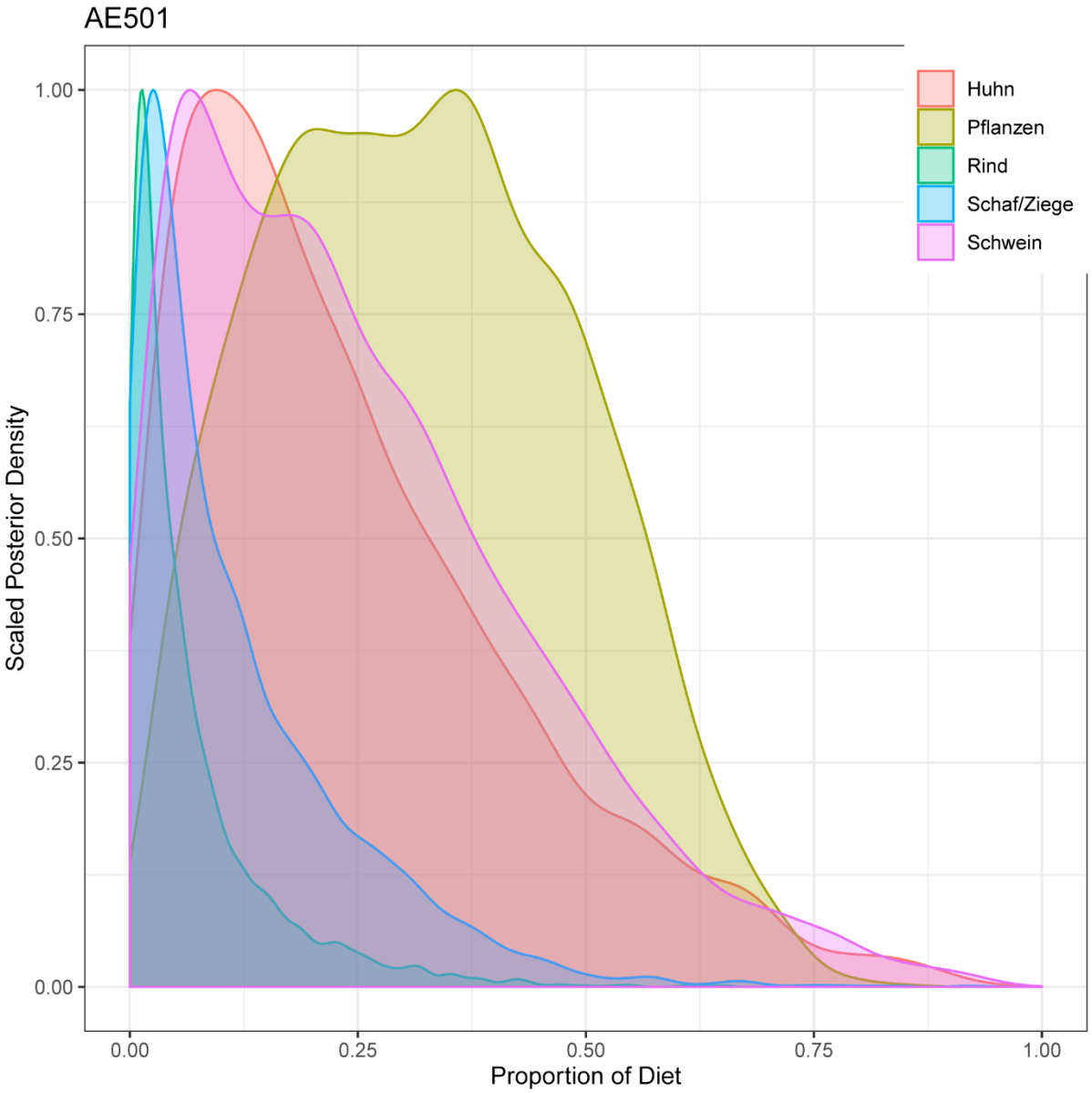


Abbildung 1025: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 501. Erstellt mit MixSIAR.

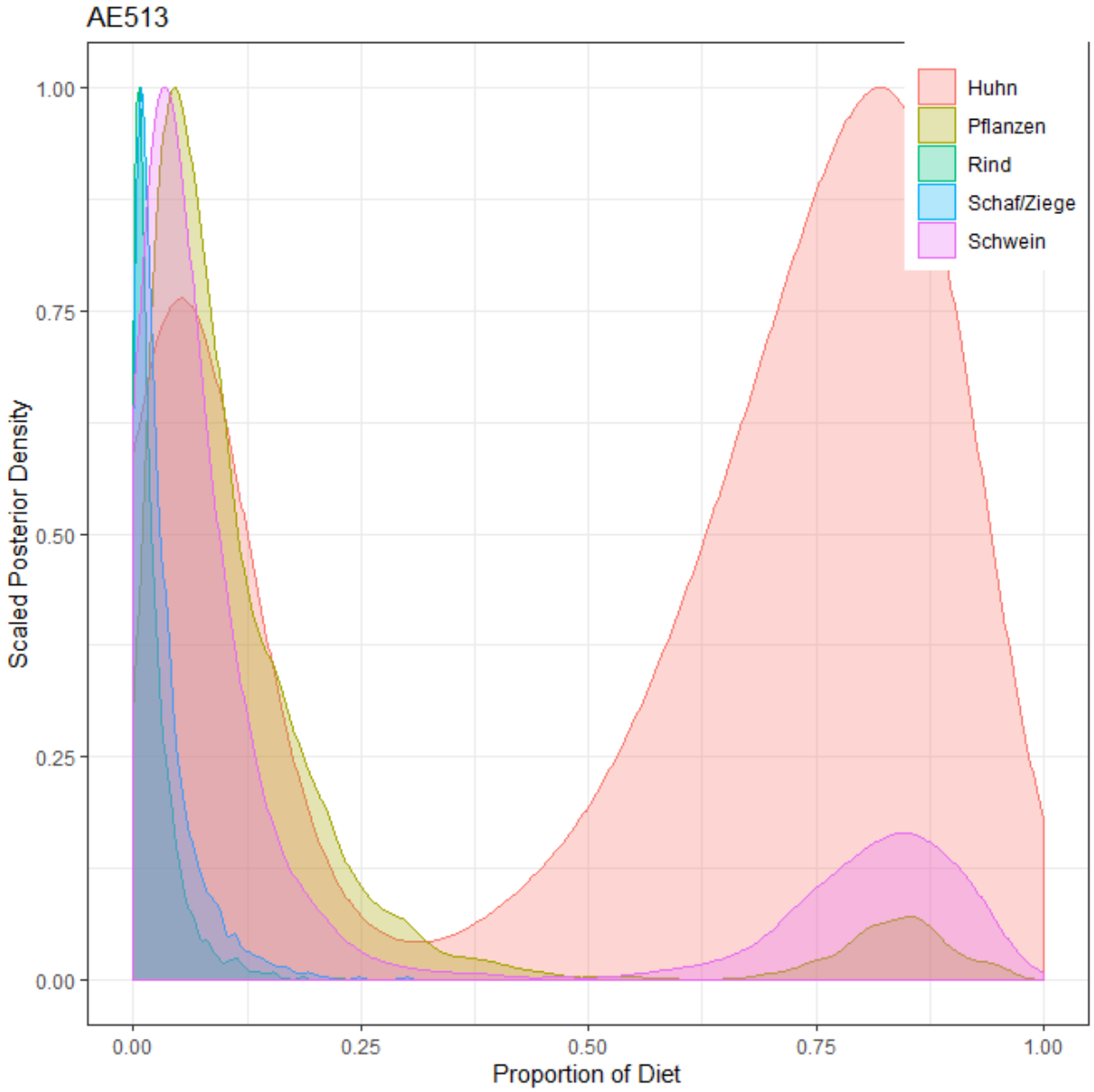


Abbildung 1026: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 513. Erstellt mit MixSIAR.

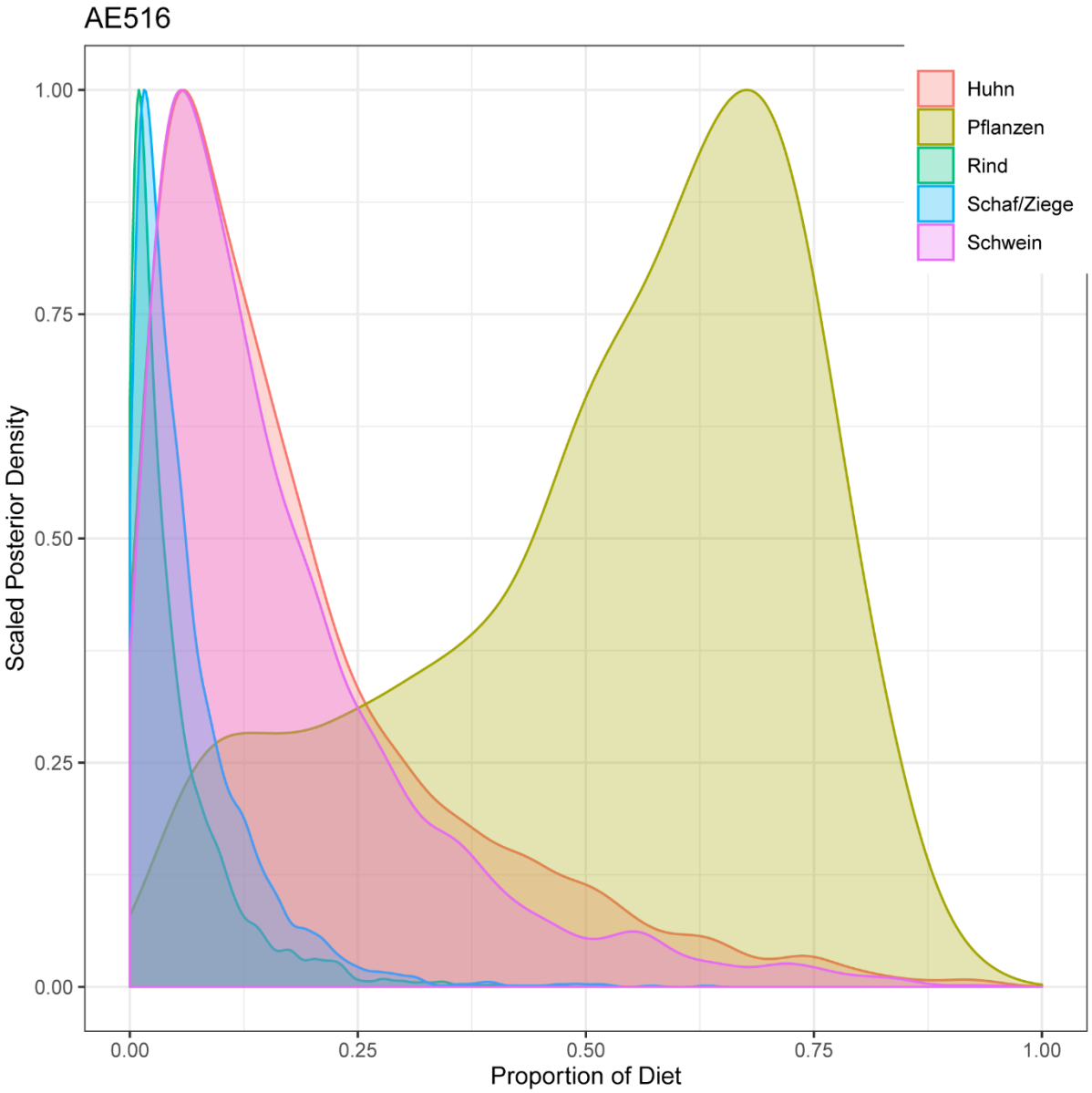


Abbildung 1027: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 516. Erstellt mit MixSIAR.

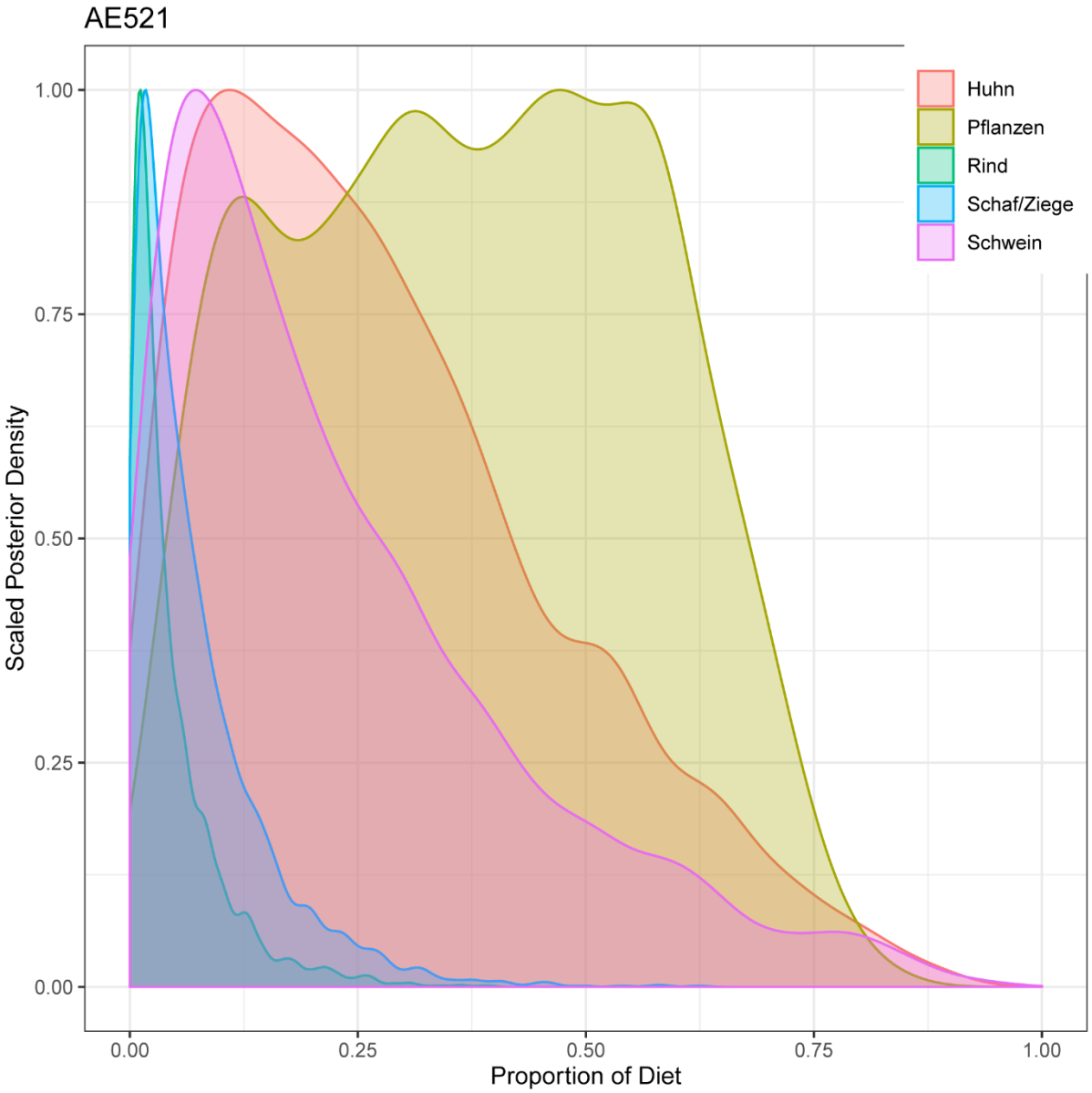


Abbildung 1028: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 521. Erstellt mit MixSIAR.

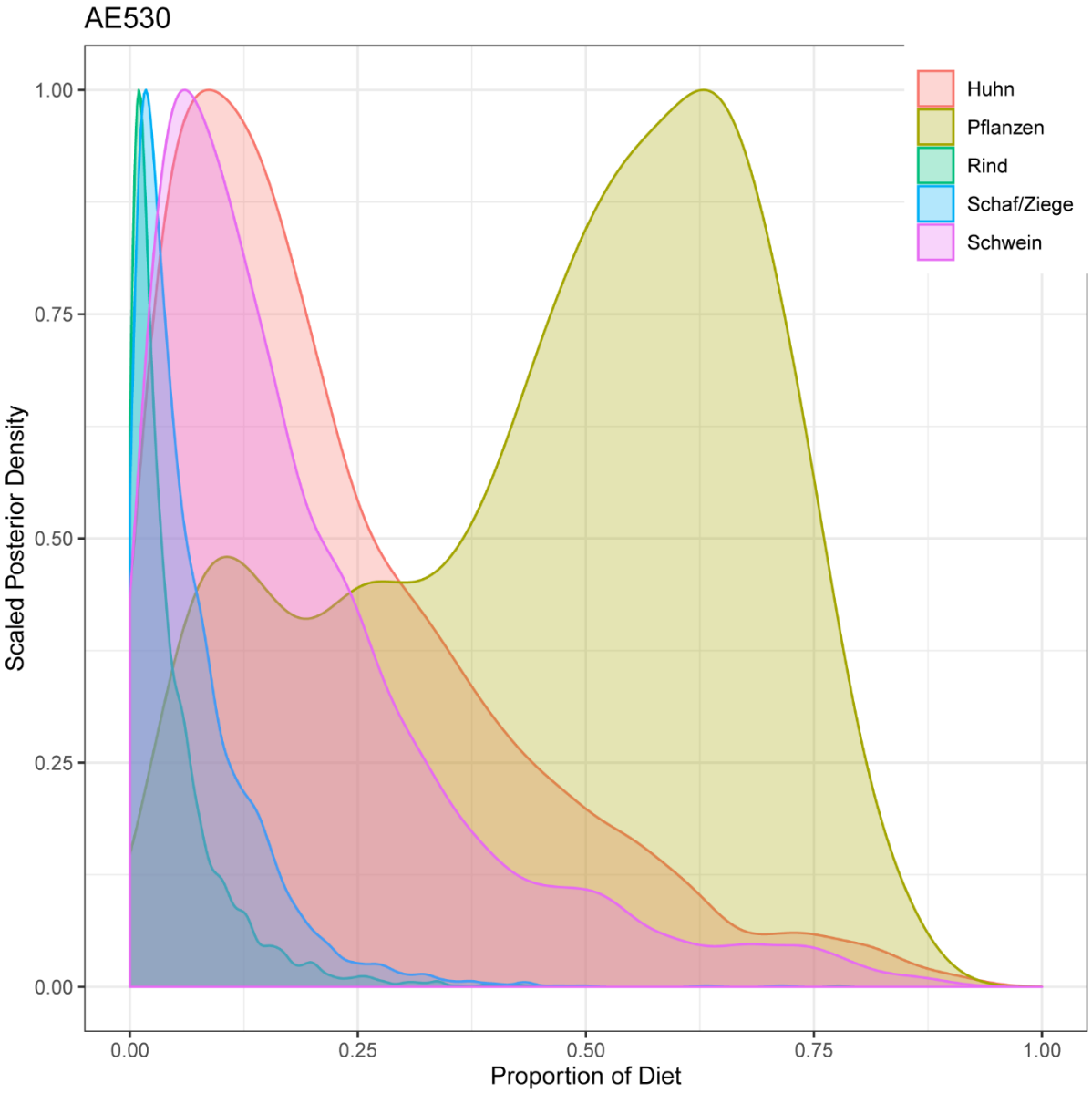


Abbildung 1029: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 530. Erstellt mit MixSIAR.

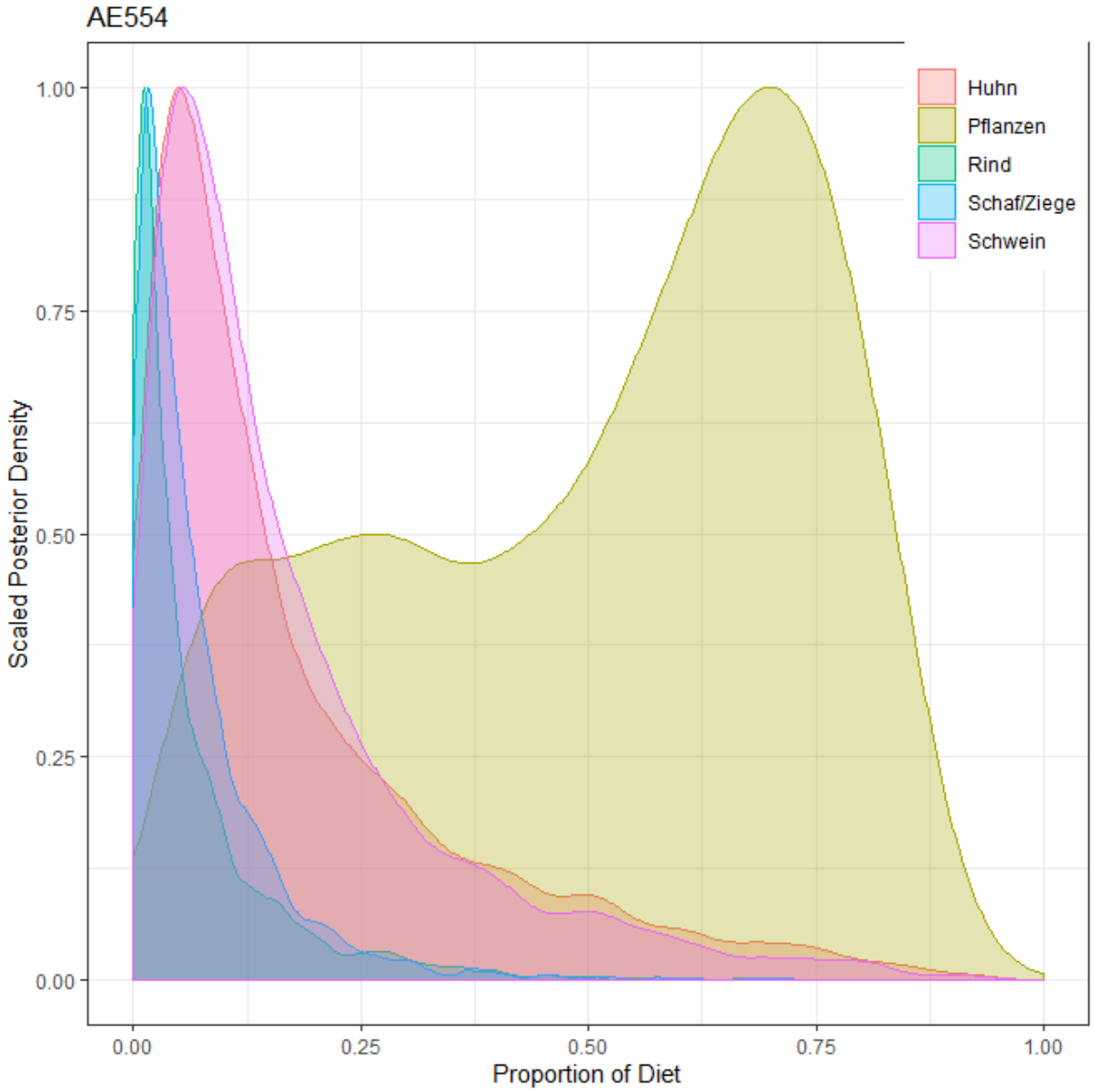


Abbildung 1030: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 554. Erstellt mit MixSIAR.

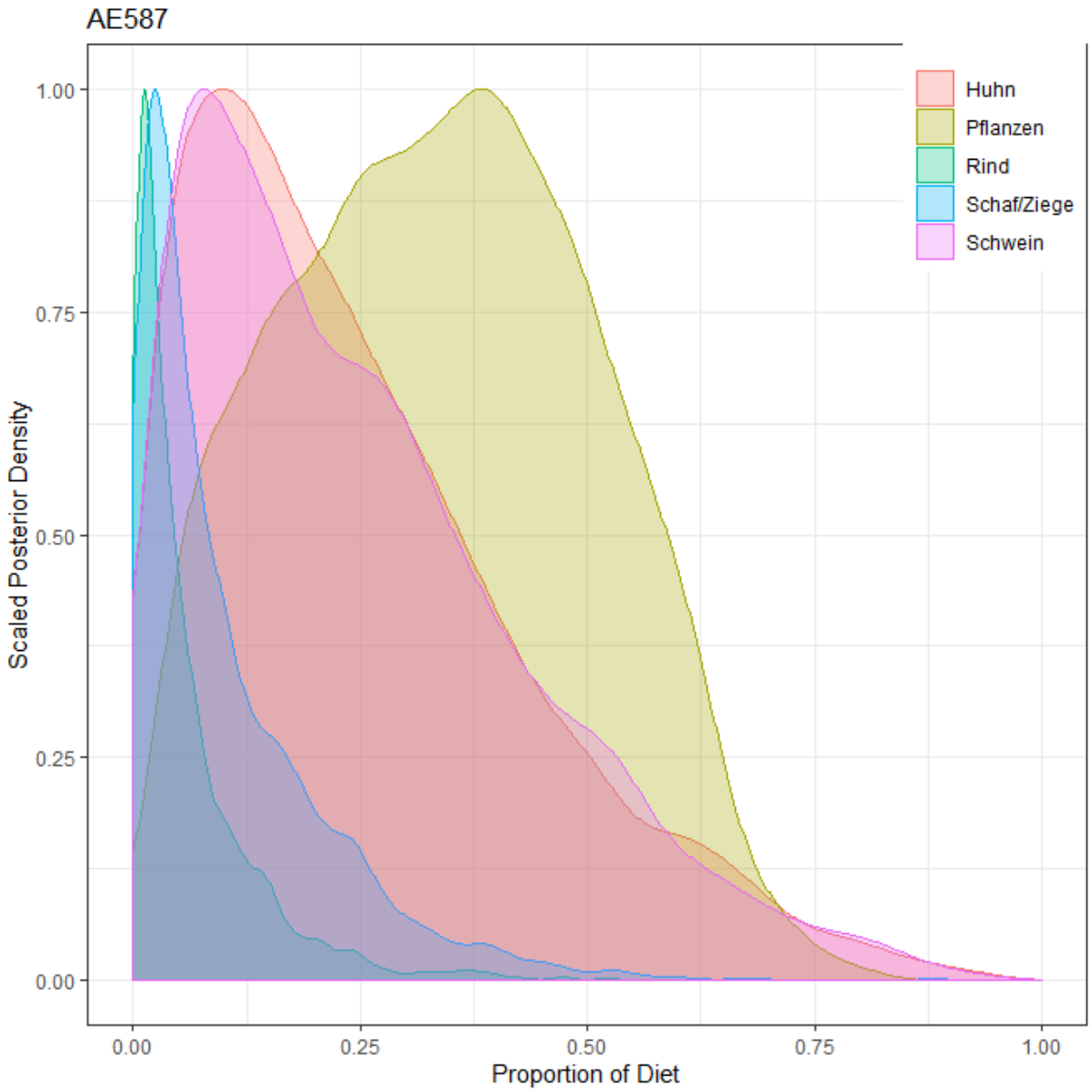


Abbildung 1031: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 587. Erstellt mit MixSIAR.

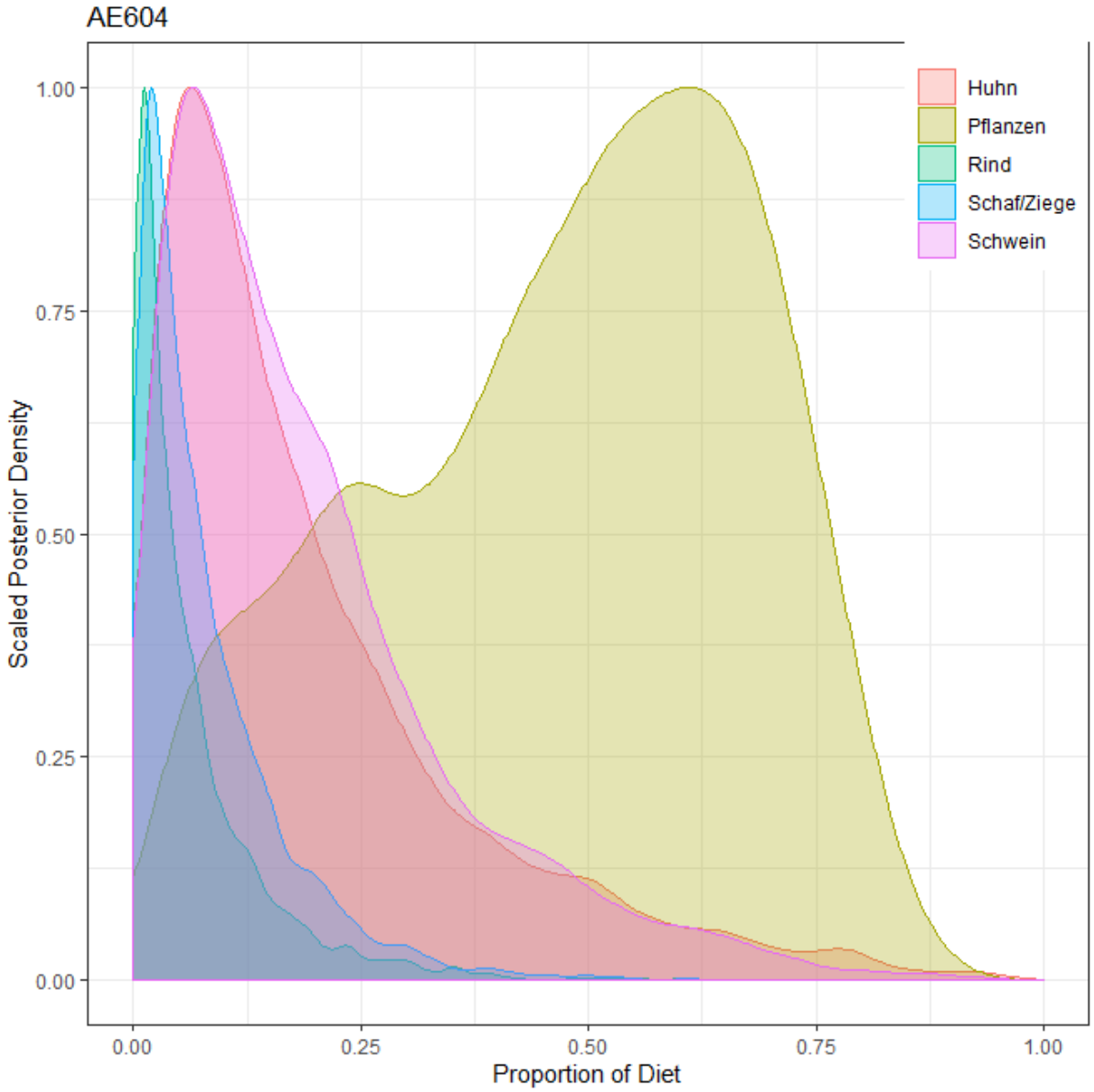


Abbildung 1032: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 604. Erstellt mit MixSIAR.

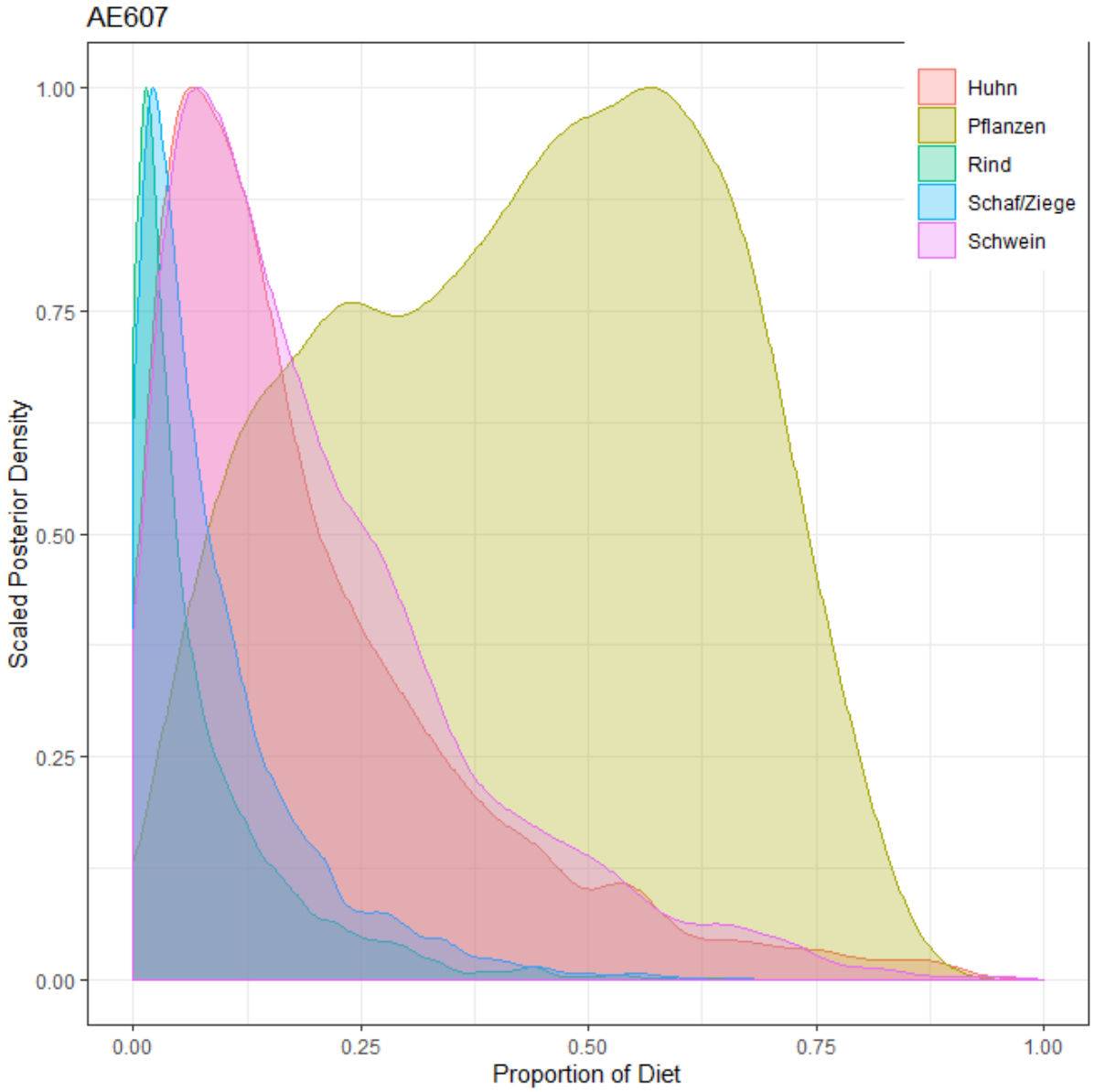


Abbildung 1033: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 607. Erstellt mit MixSIAR.

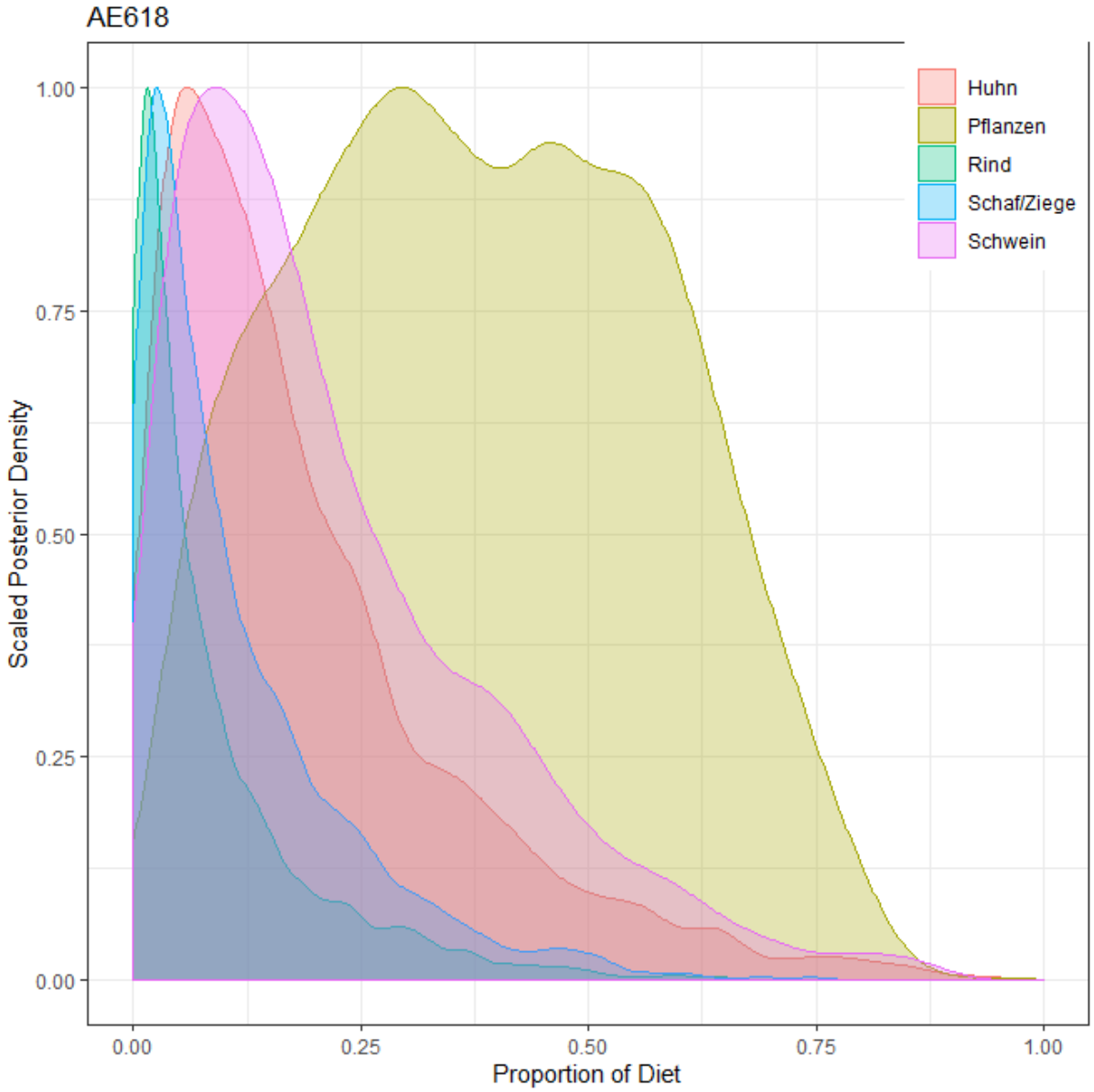


Abbildung 1034: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 618. Erstellt mit MixSIAR.

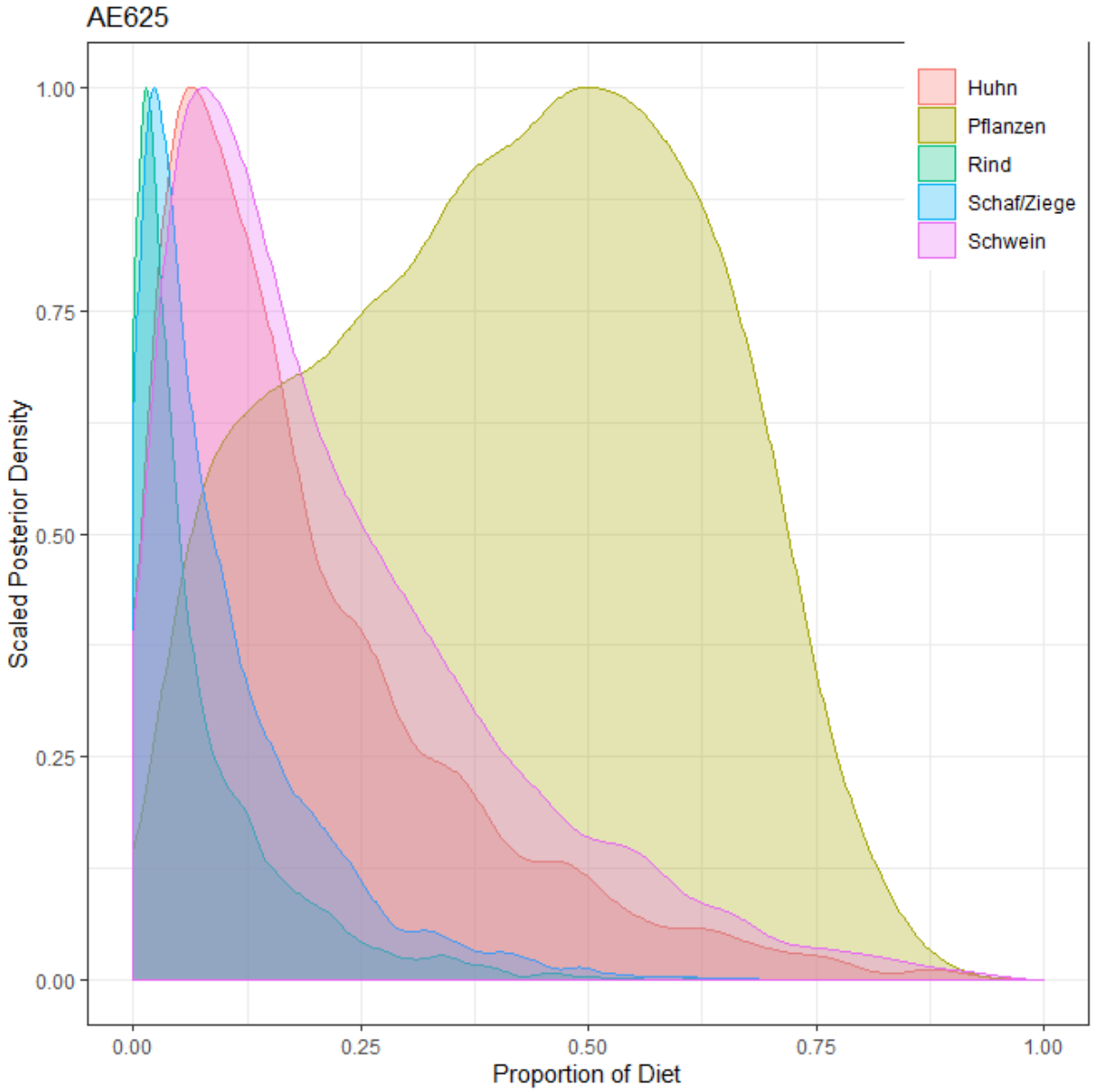


Abbildung 1035: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 625. Erstellt mit MixSIAR.

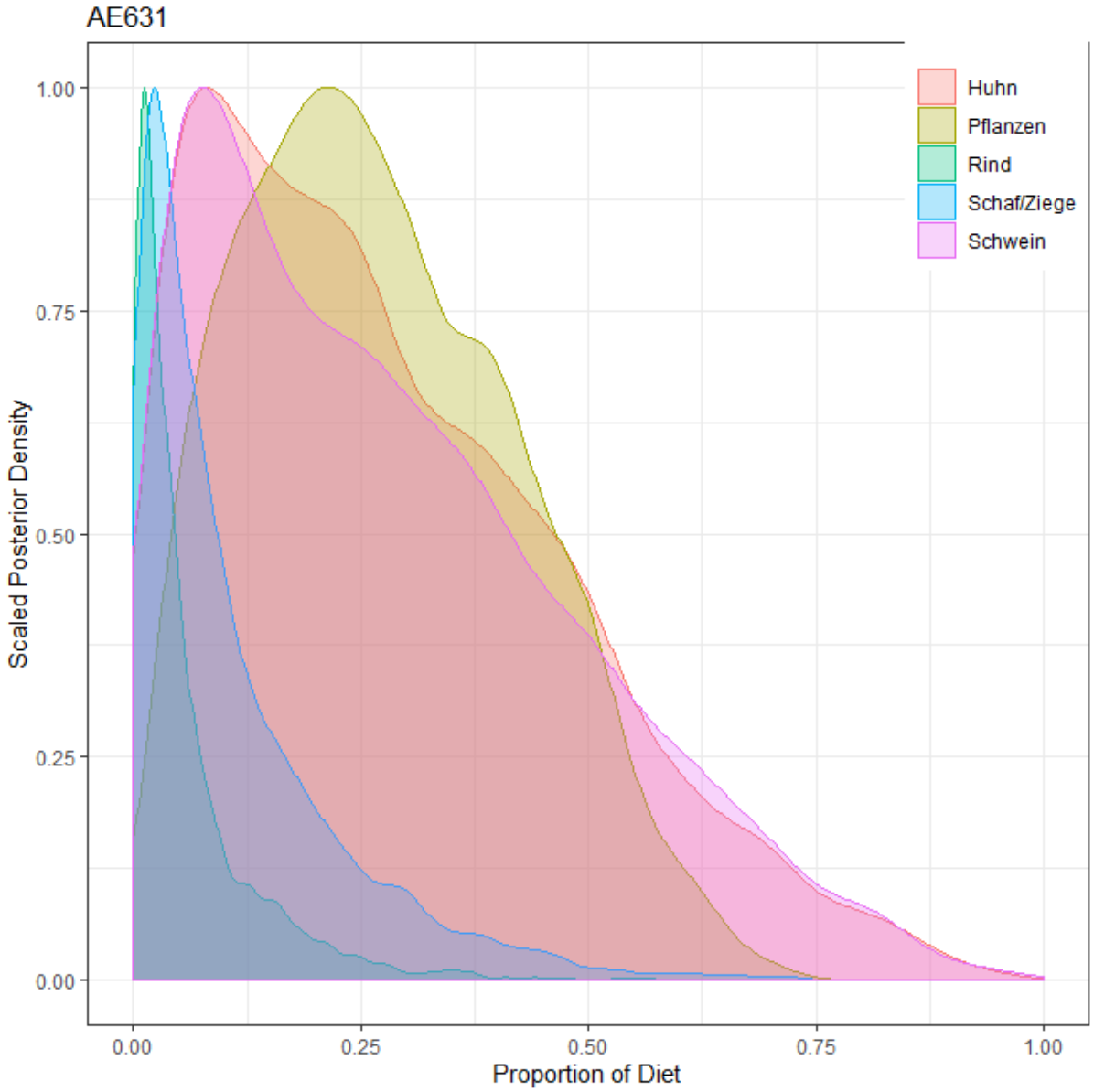


Abbildung 1036: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 631. Erstellt mit MixSIAR.

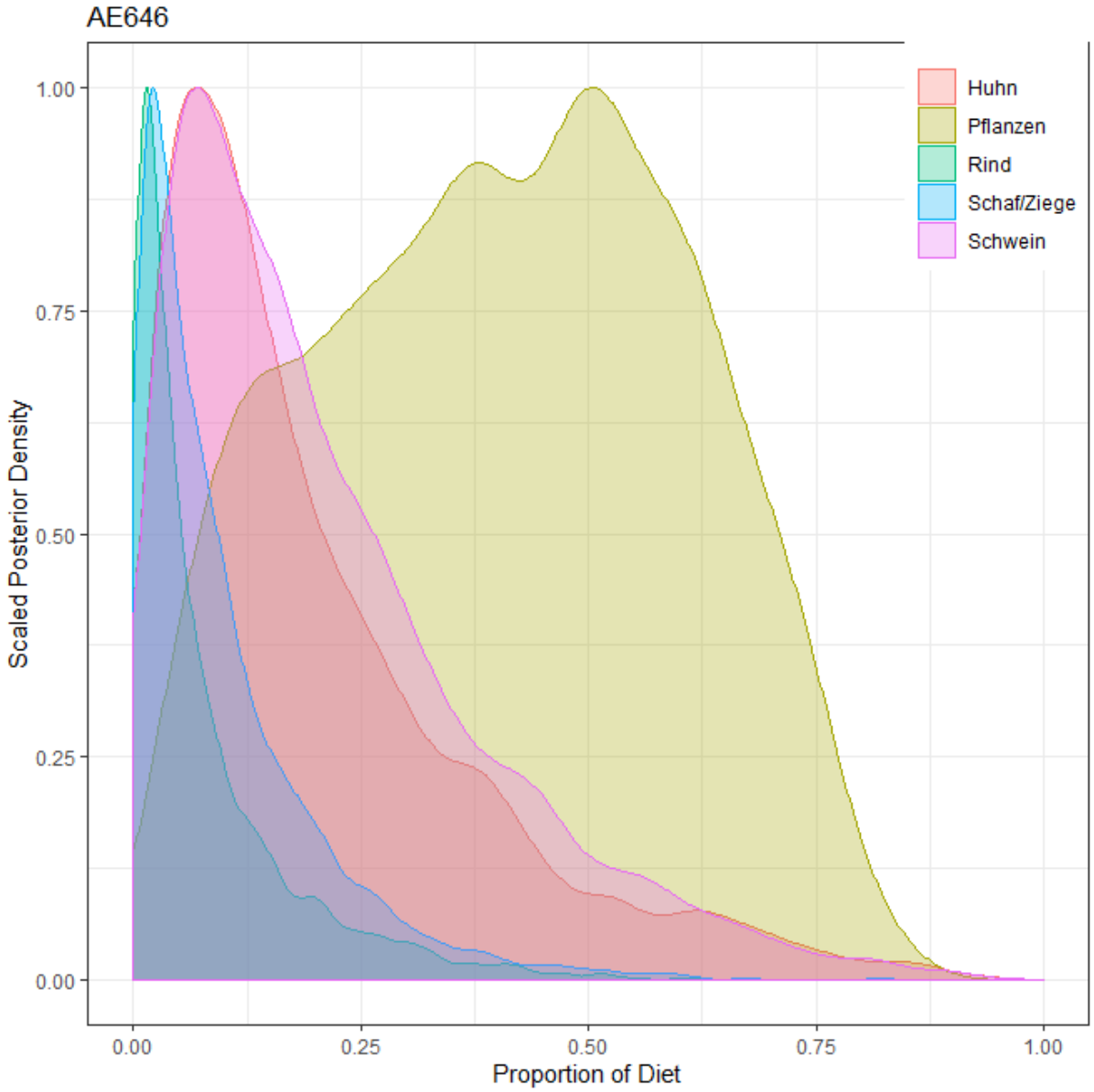


Abbildung 1037: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 646. Erstellt mit MixSIAR.

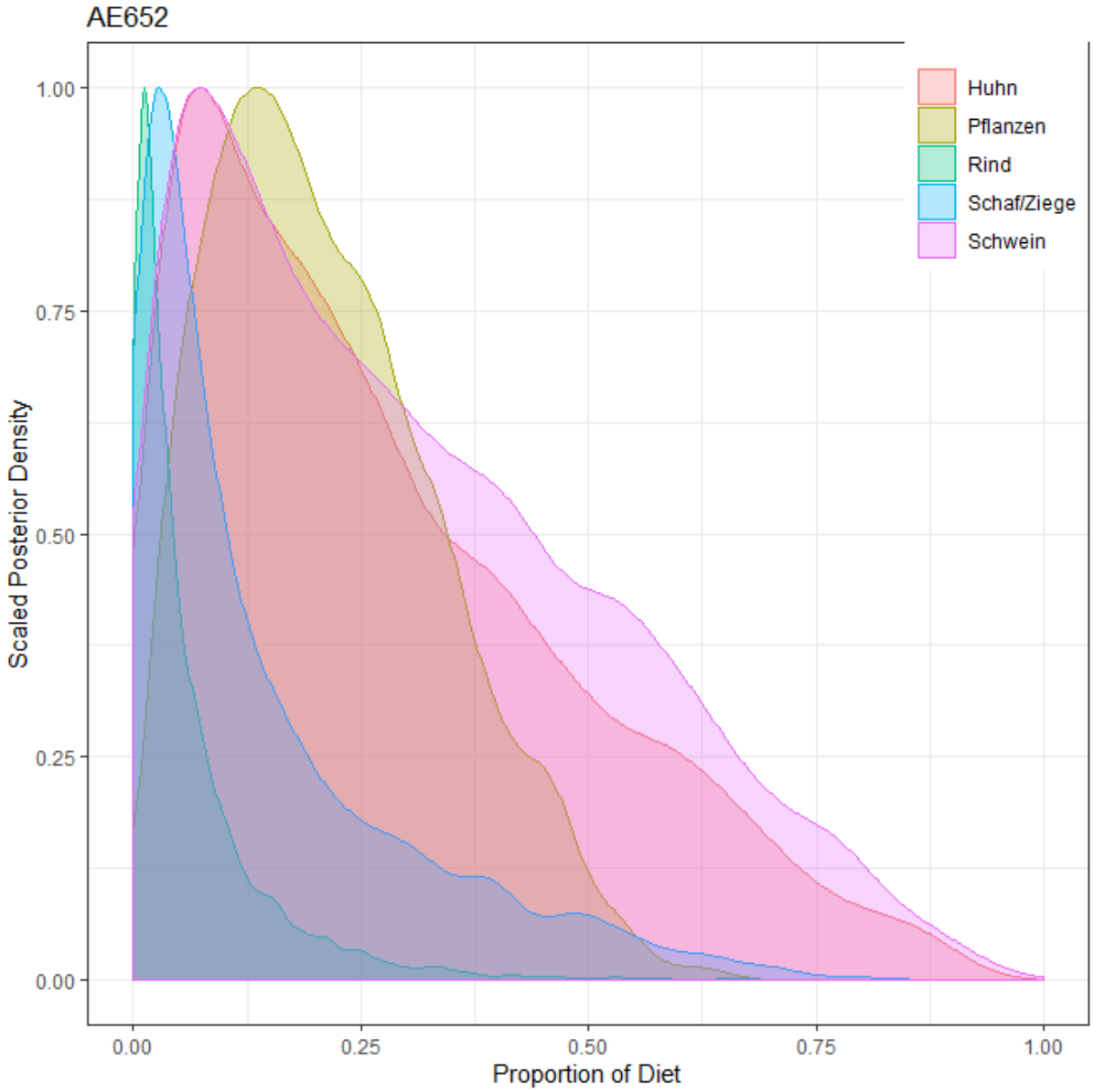


Abbildung 1038: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 652. Erstellt mit MixSIAR.

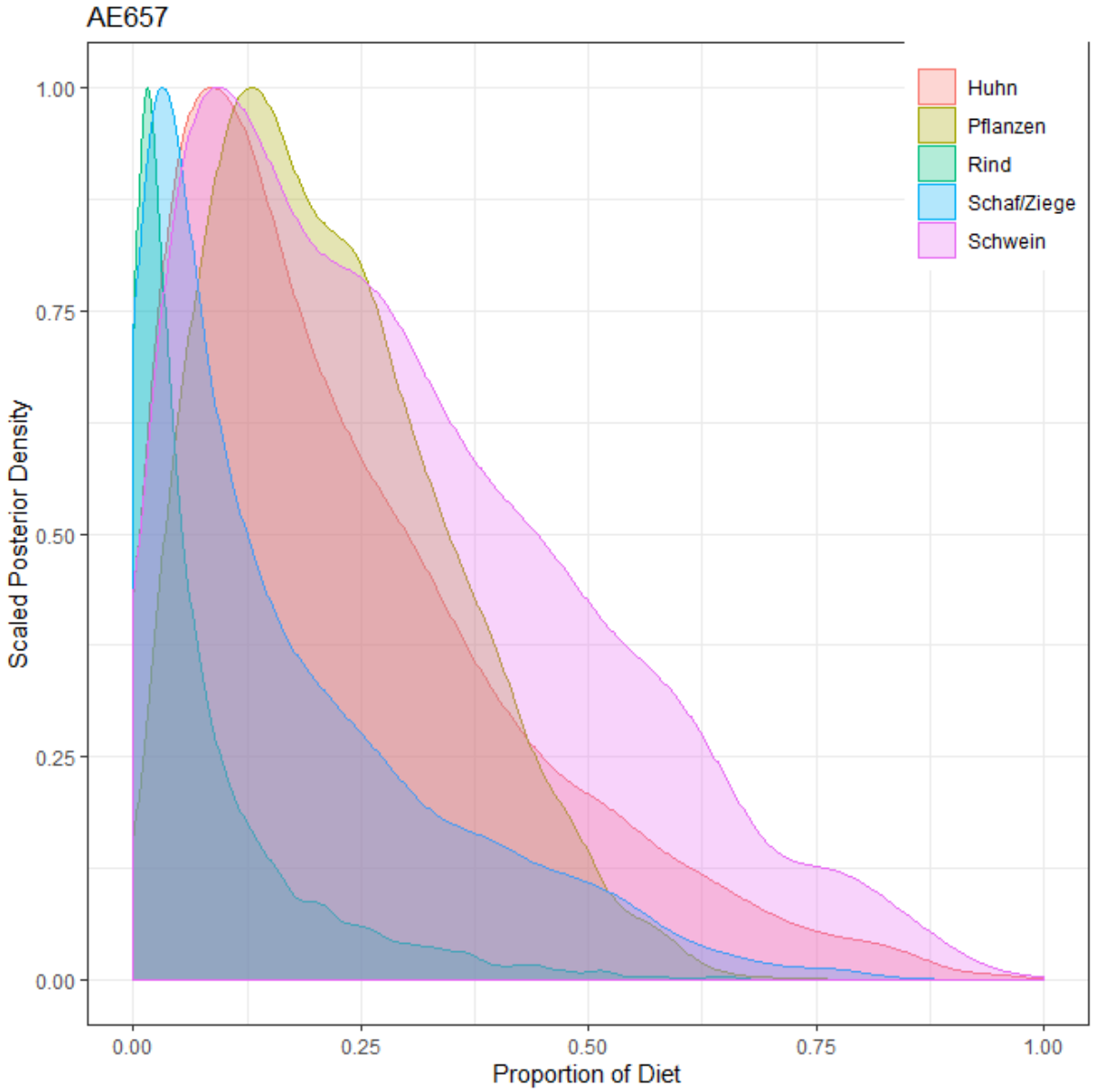


Abbildung 1039: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 657. Erstellt mit MixSIAR.

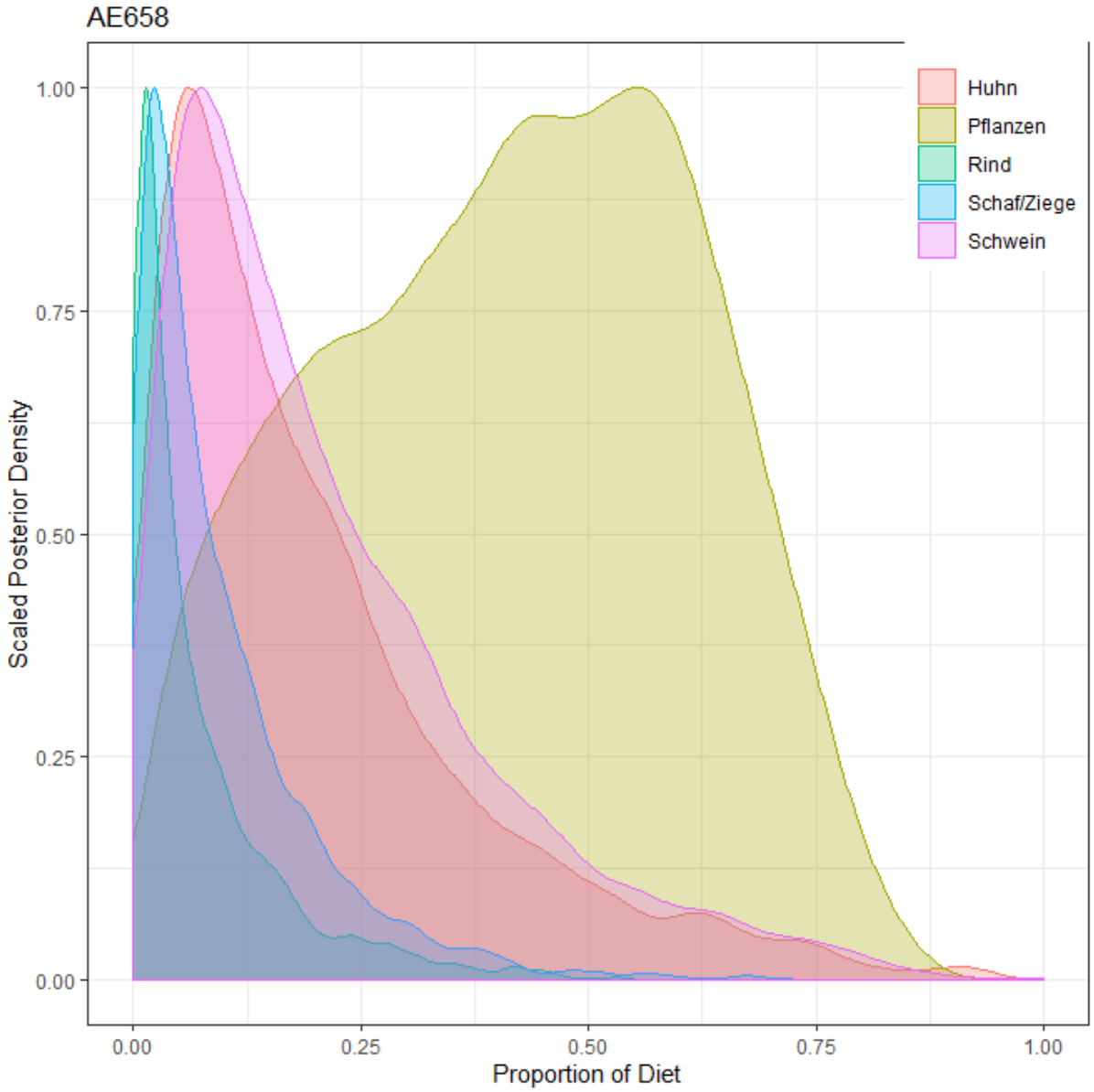


Abbildung 1040: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 658. Erstellt mit MixSIAR.

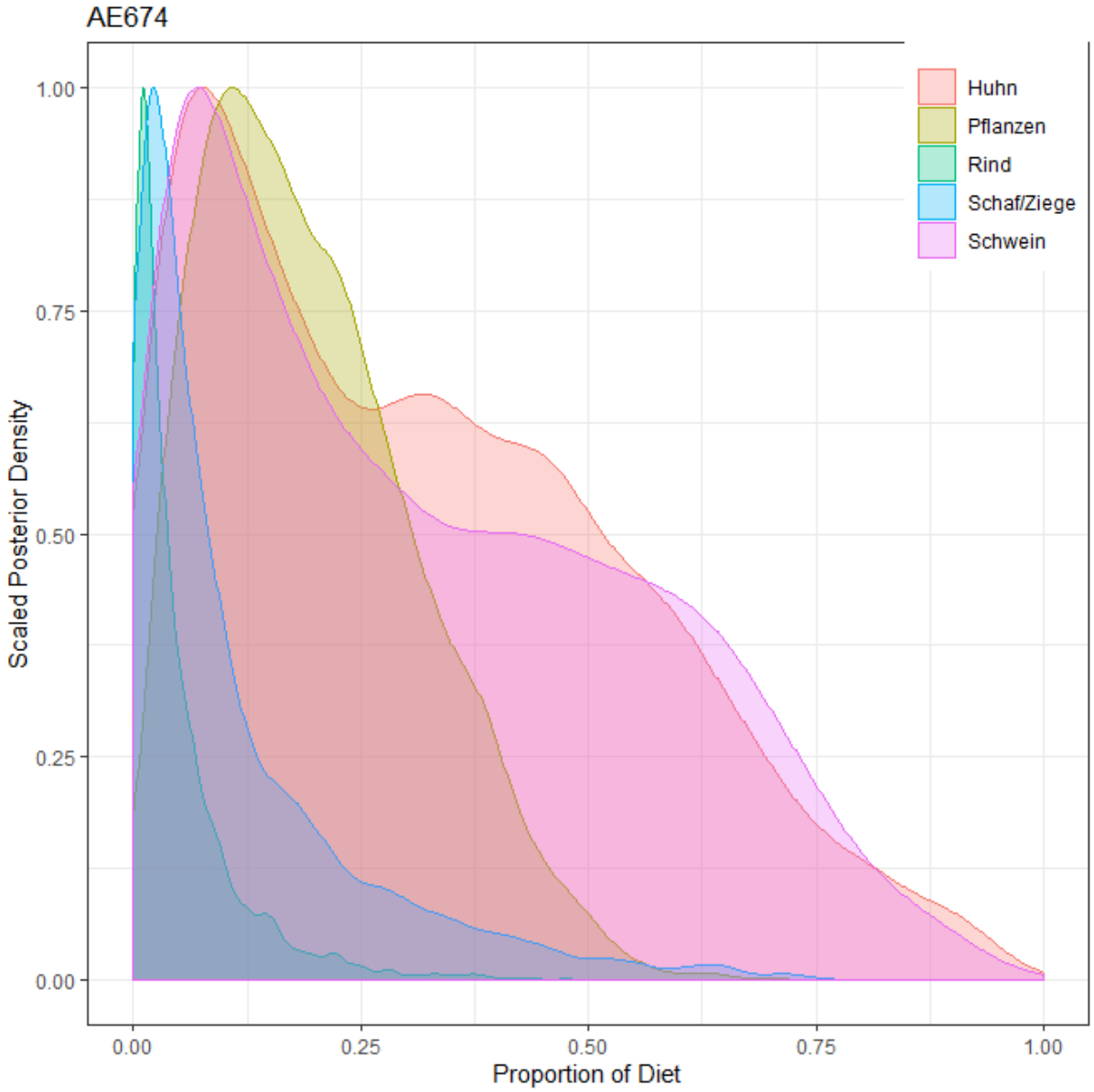


Abbildung 1041: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 674. Erstellt mit MixSIAR.

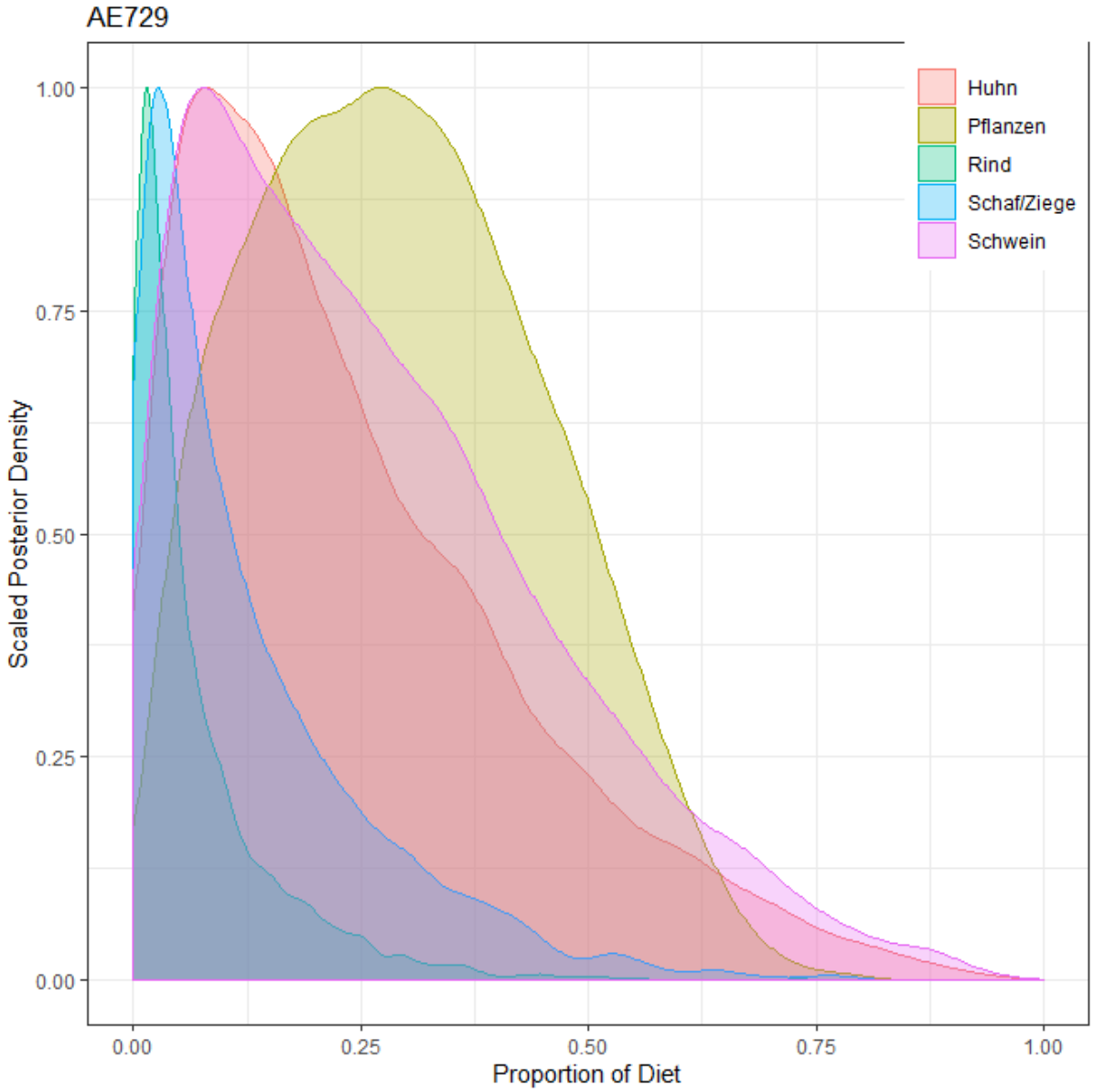


Abbildung 1042: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 729. Erstellt mit MixSIAR.

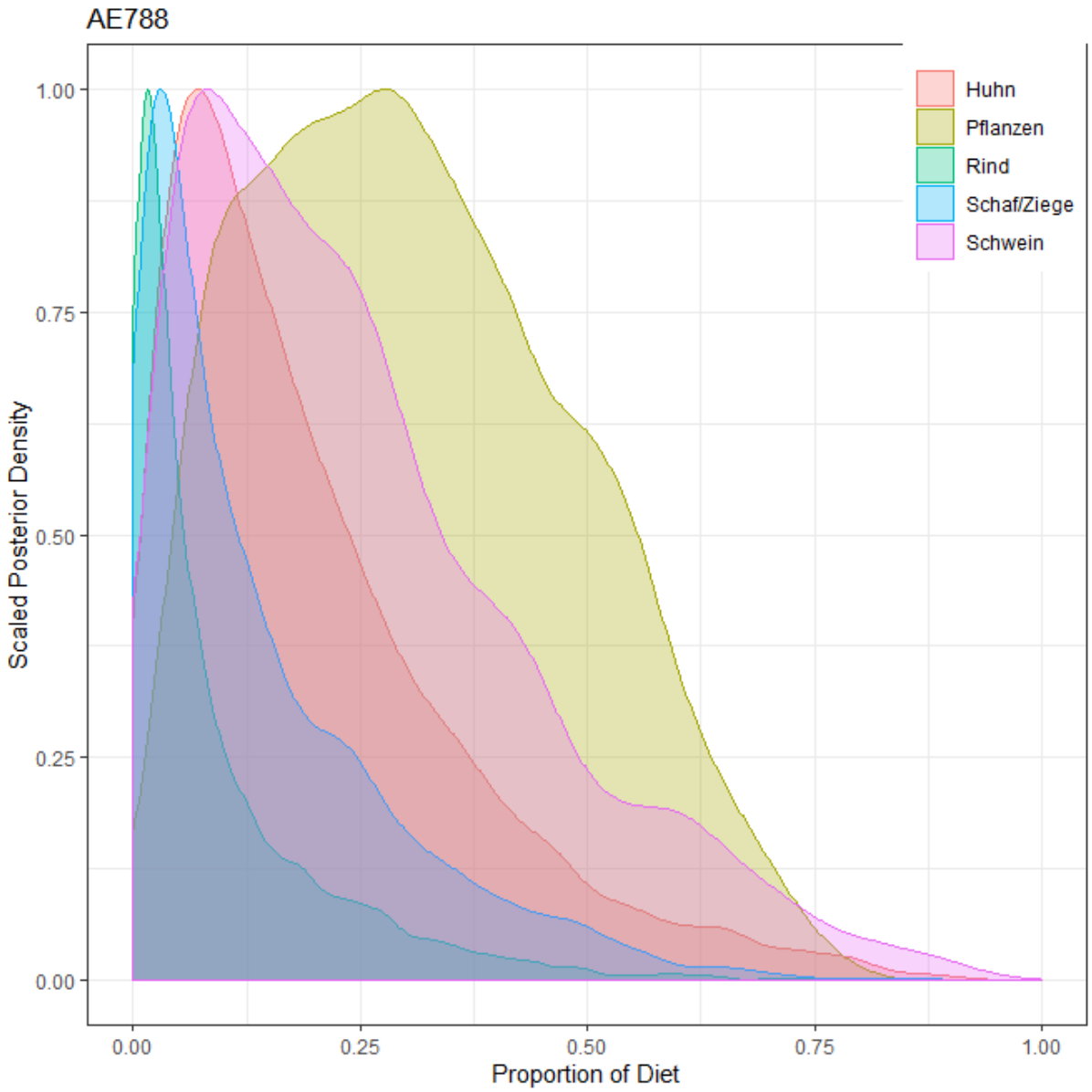


Abbildung 1043: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 788. Erstellt mit MixSIAR.

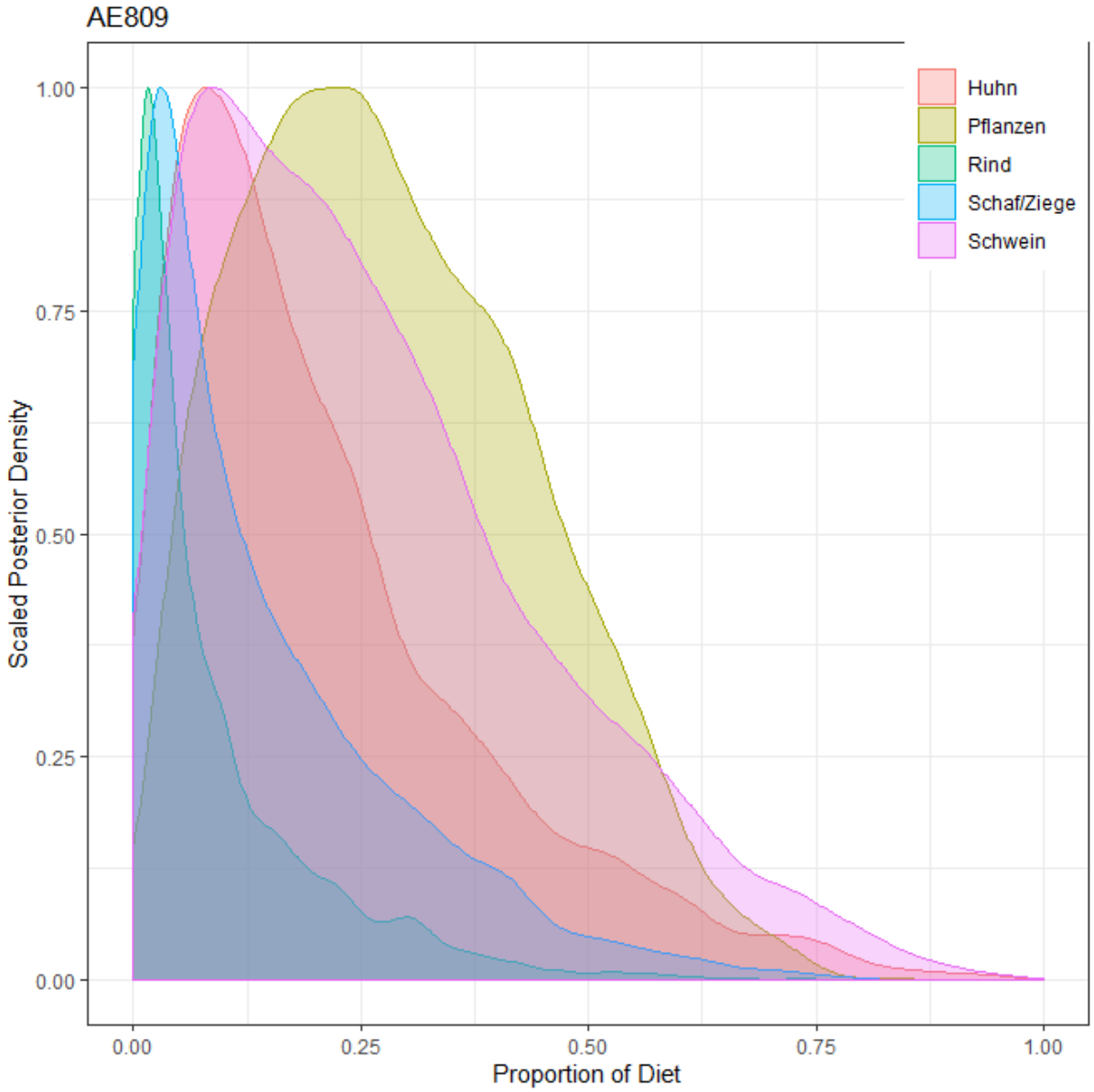


Abbildung 1044: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 809. Erstellt mit MixSIAR.

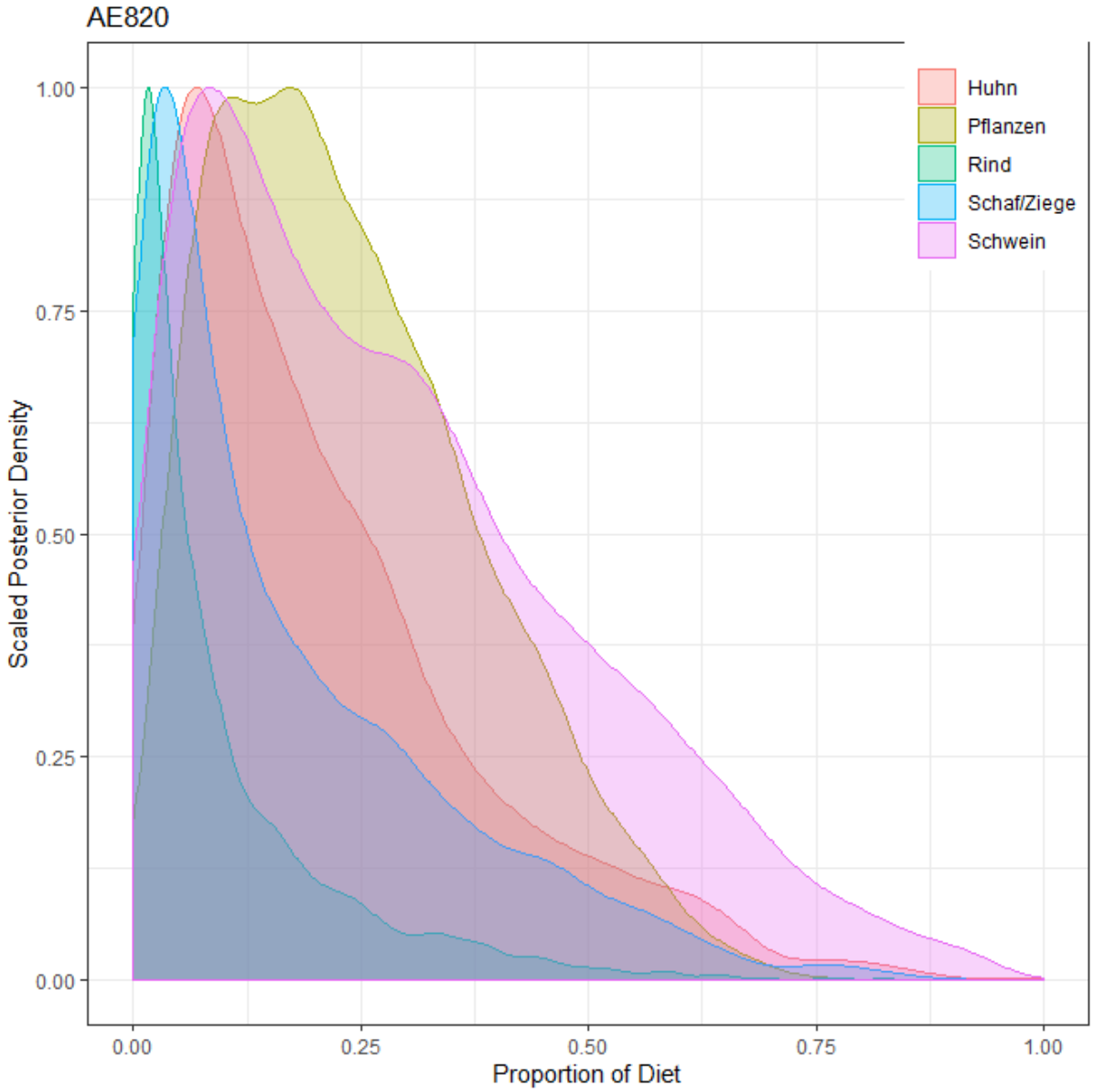


Abbildung 1045: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 820. Erstellt mit MixSIAR.

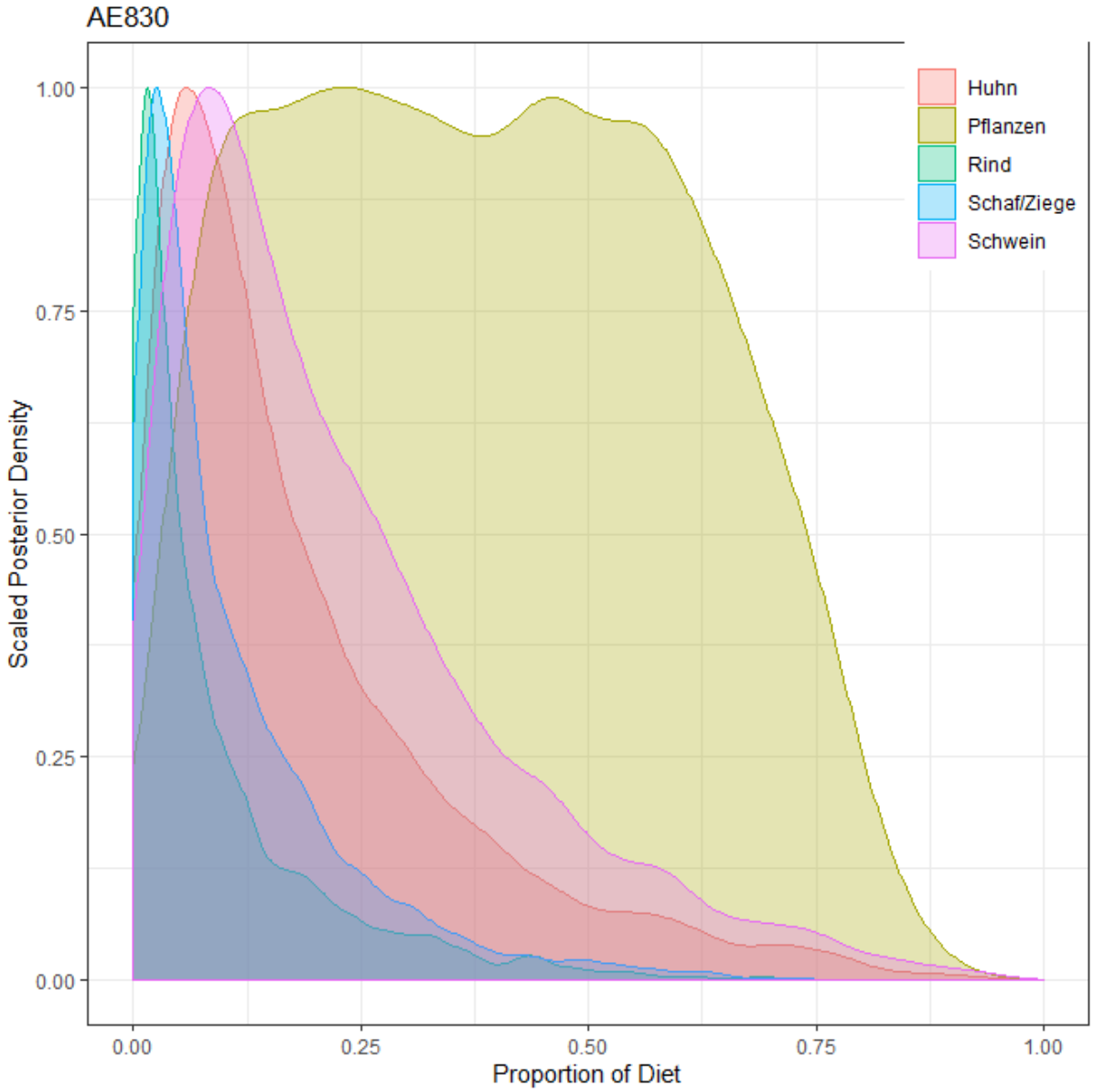


Abbildung 1046: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 830. Erstellt mit MixSIAR.

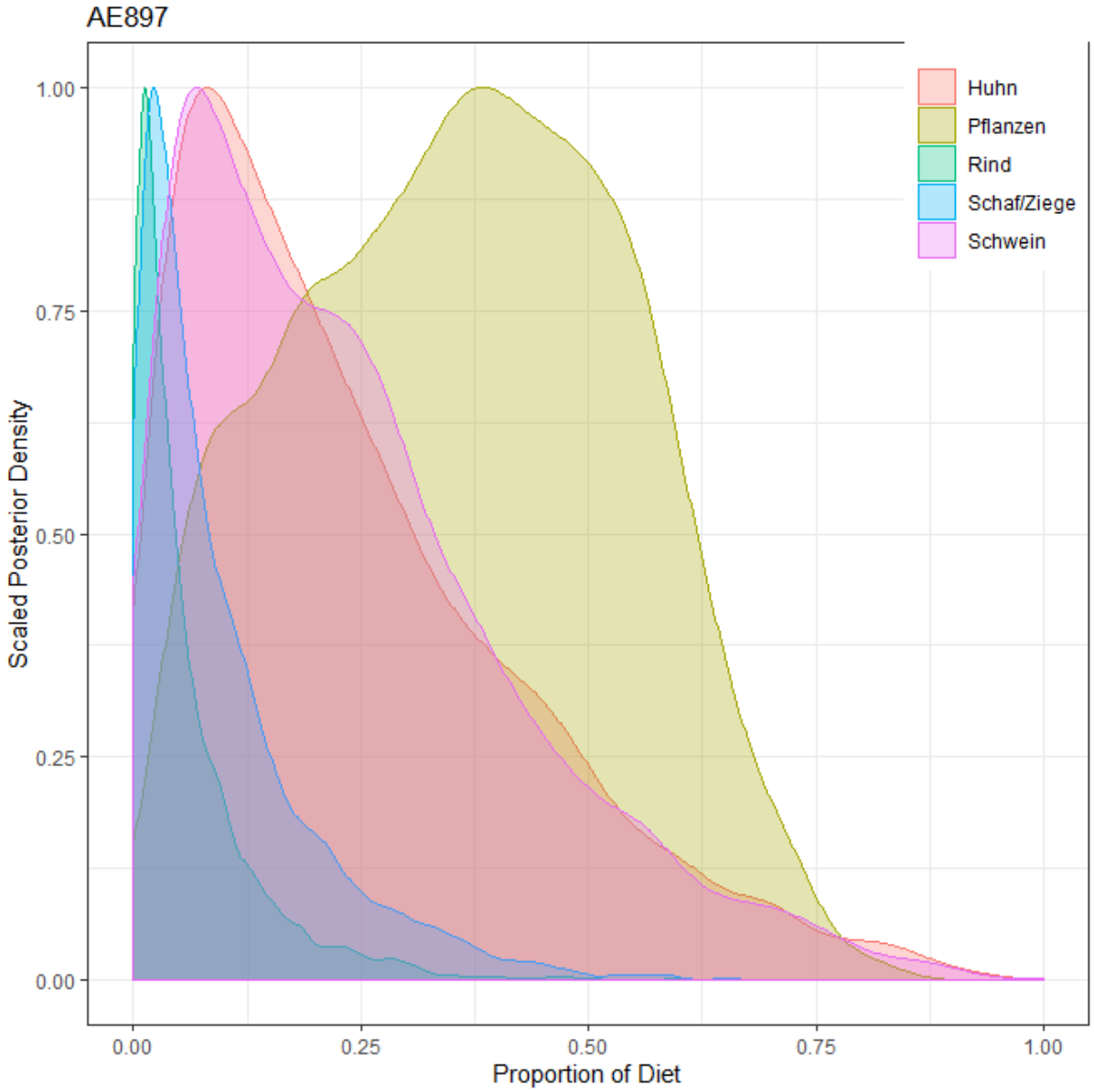


Abbildung 1047: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 897. Erstellt mit MixSIAR.

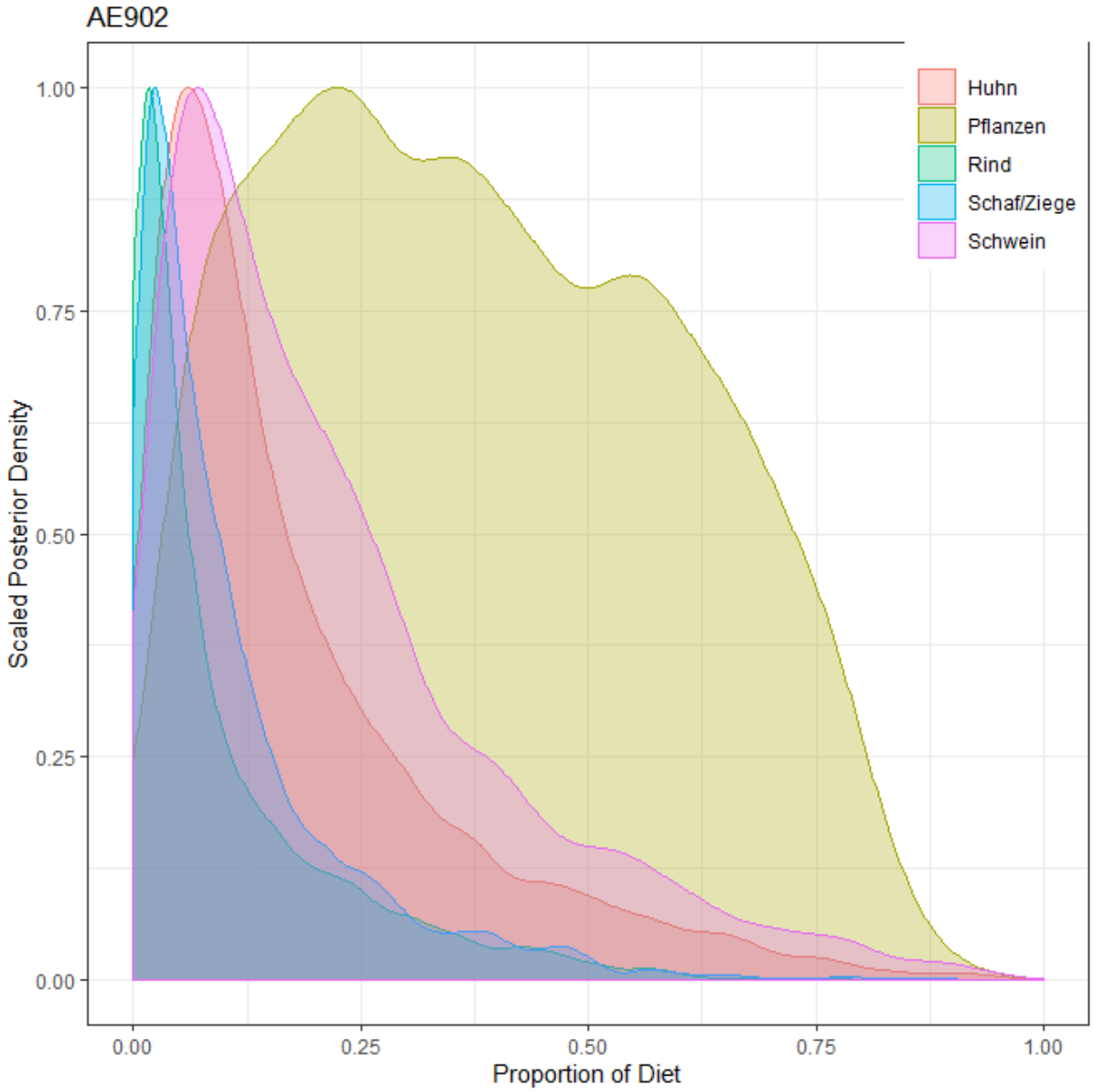


Abbildung 1048: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 902. Erstellt mit MixSIAR.

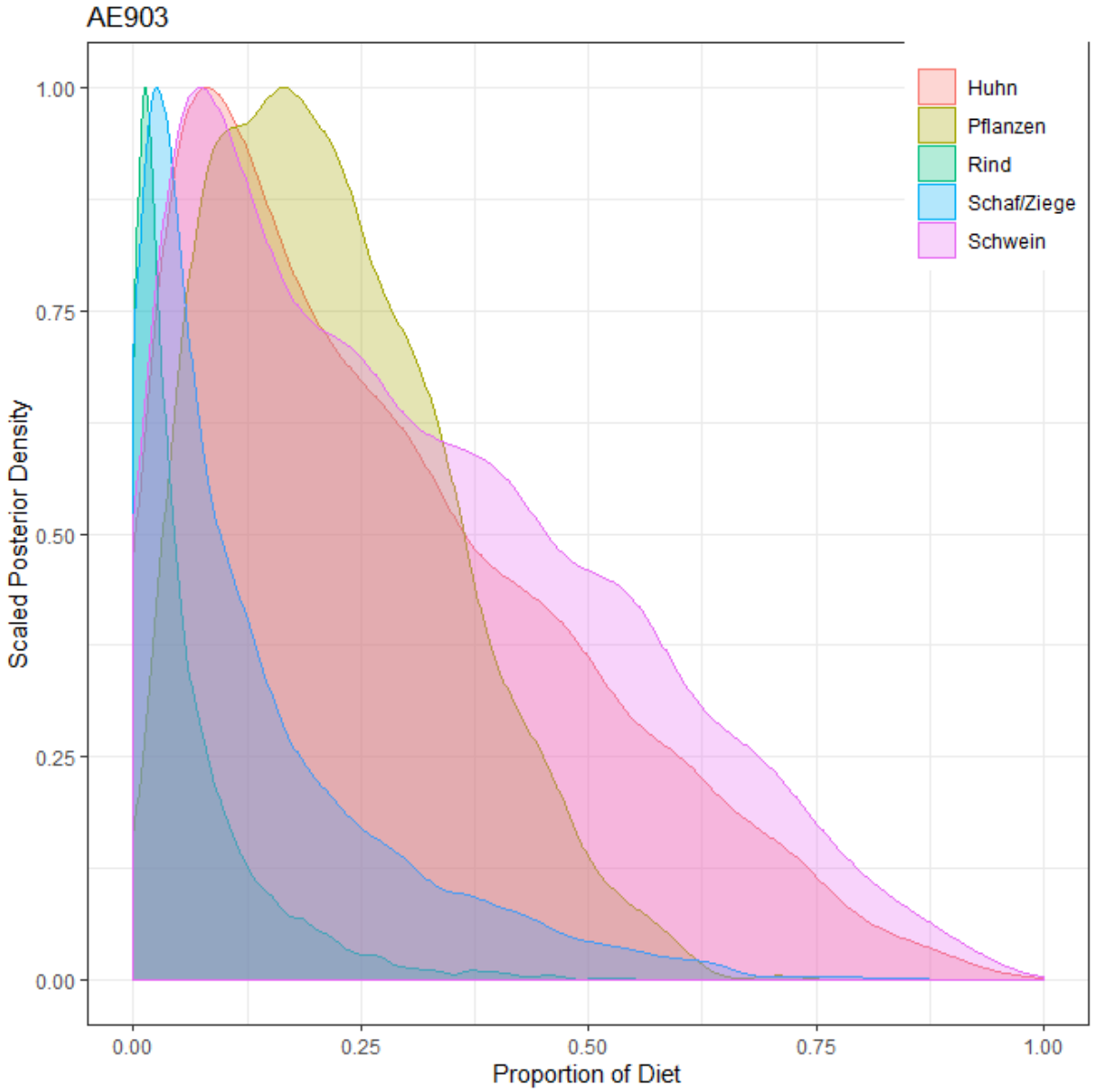


Abbildung 1049: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 903. Erstellt mit MixSIAR.

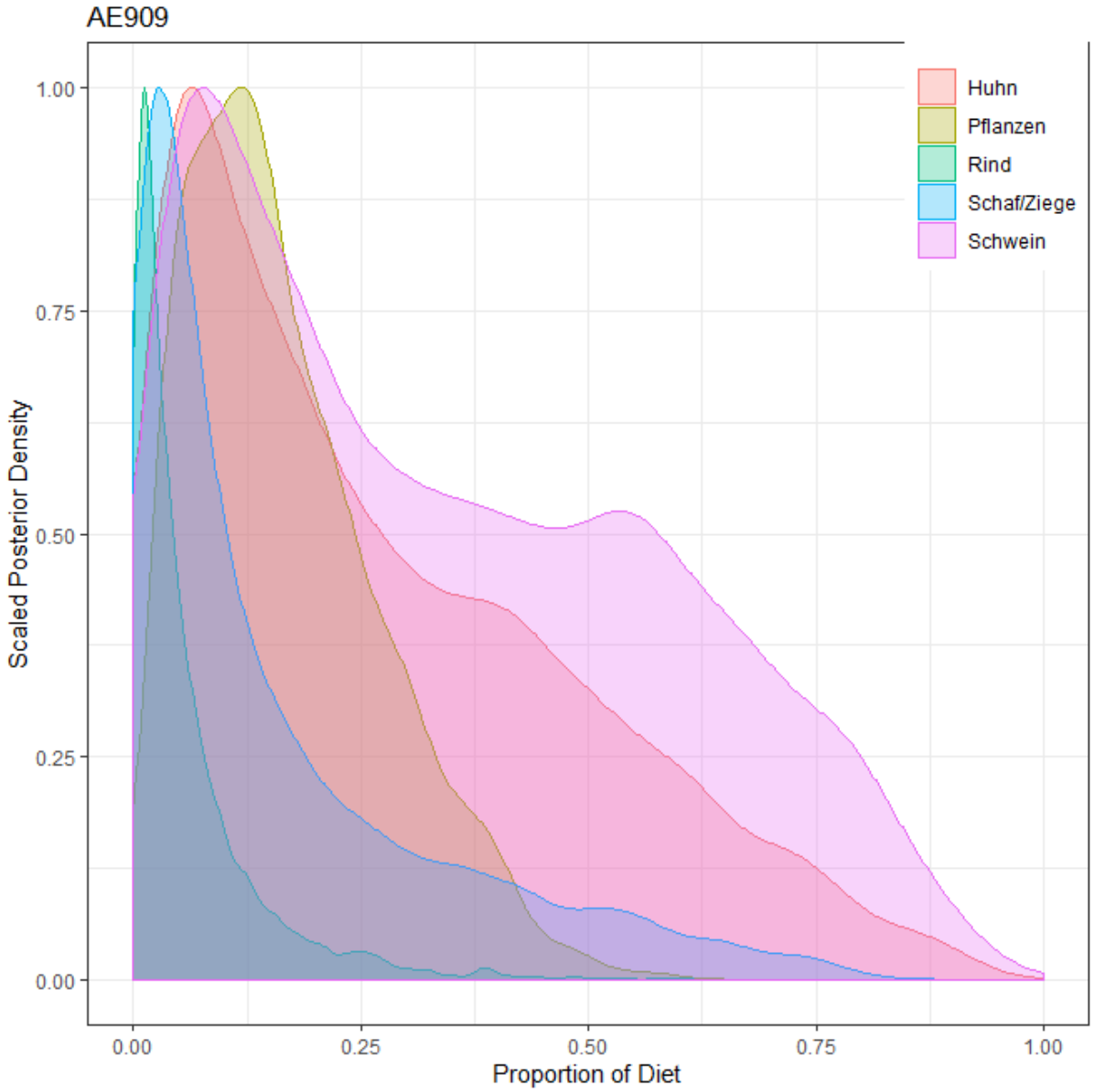


Abbildung 1050: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 909. Erstellt mit MixSIAR.

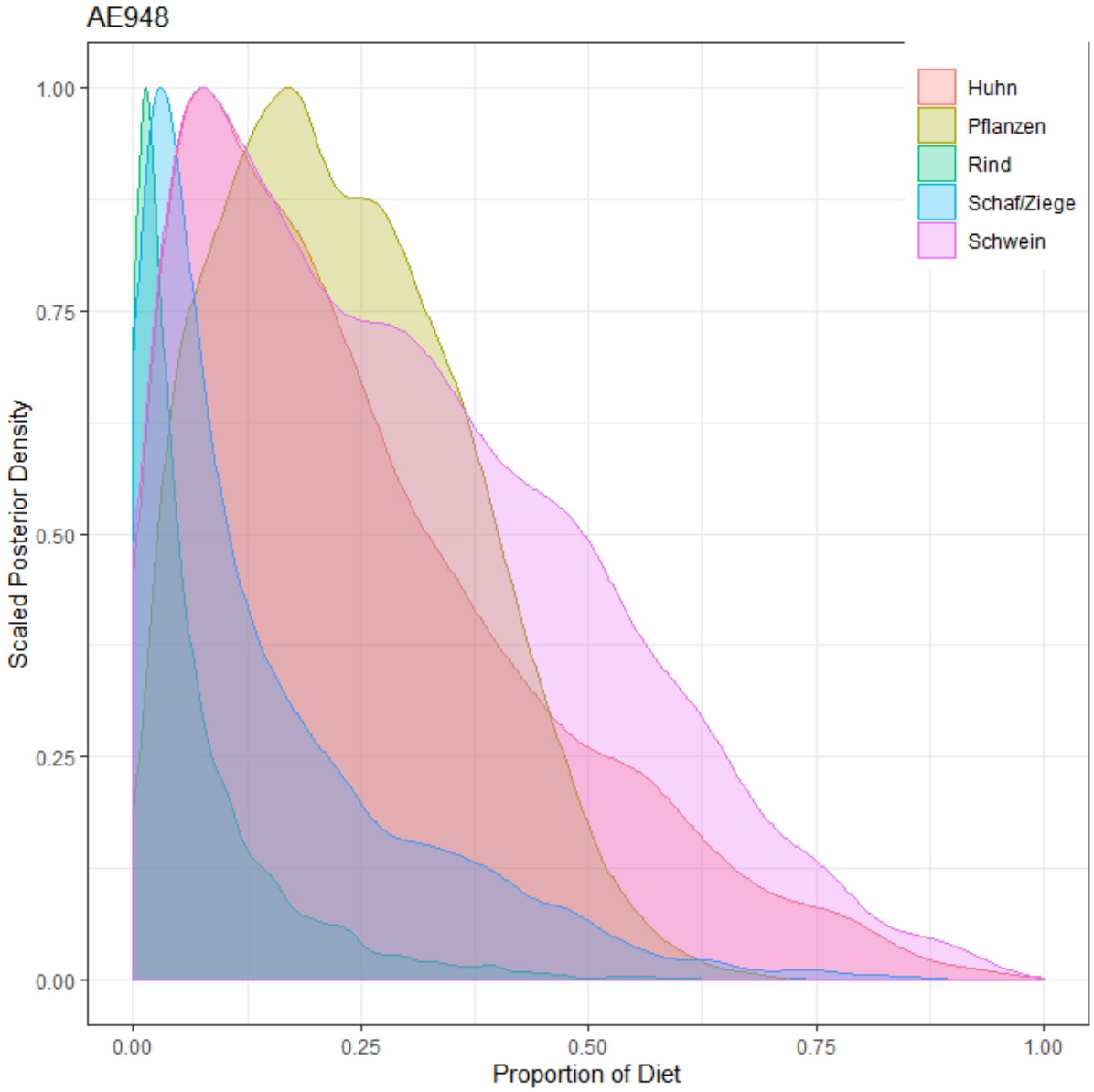


Abbildung 1051: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 948. Erstellt mit MixSIAR.

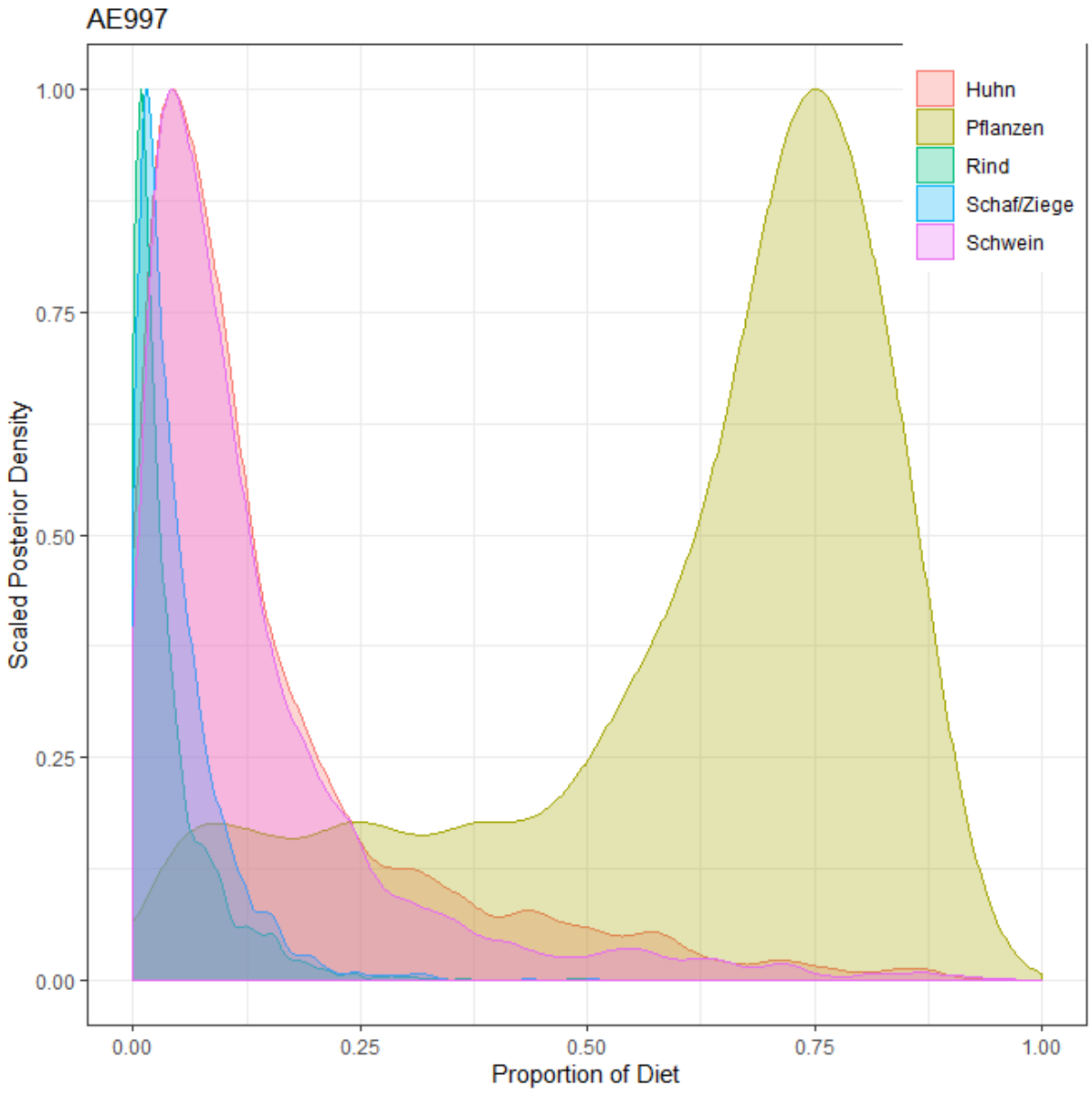


Abbildung 1052: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 997. Erstellt mit MixSIAR.

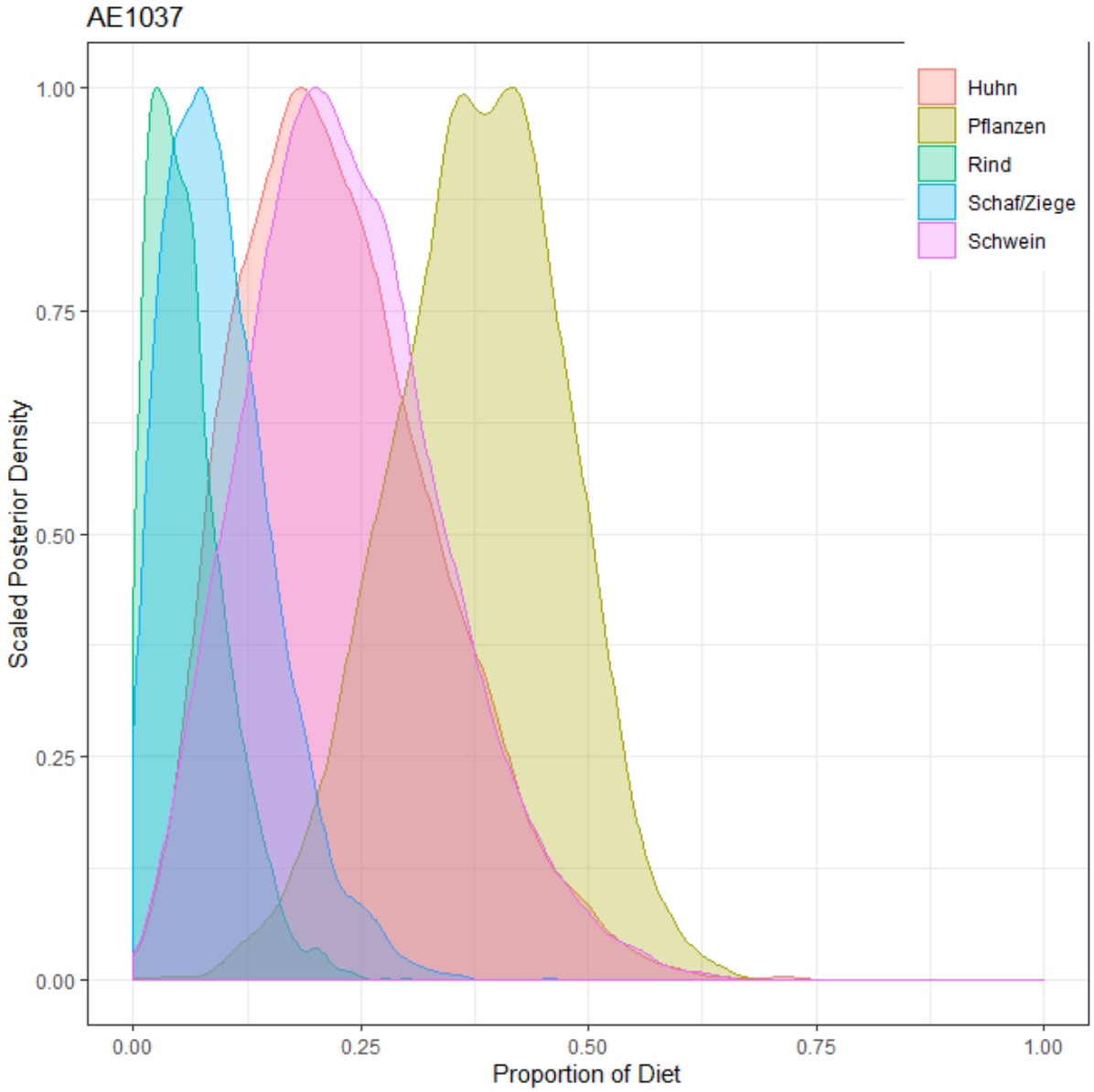


Abbildung 1053: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1037. Erstellt mit MixSIAR.

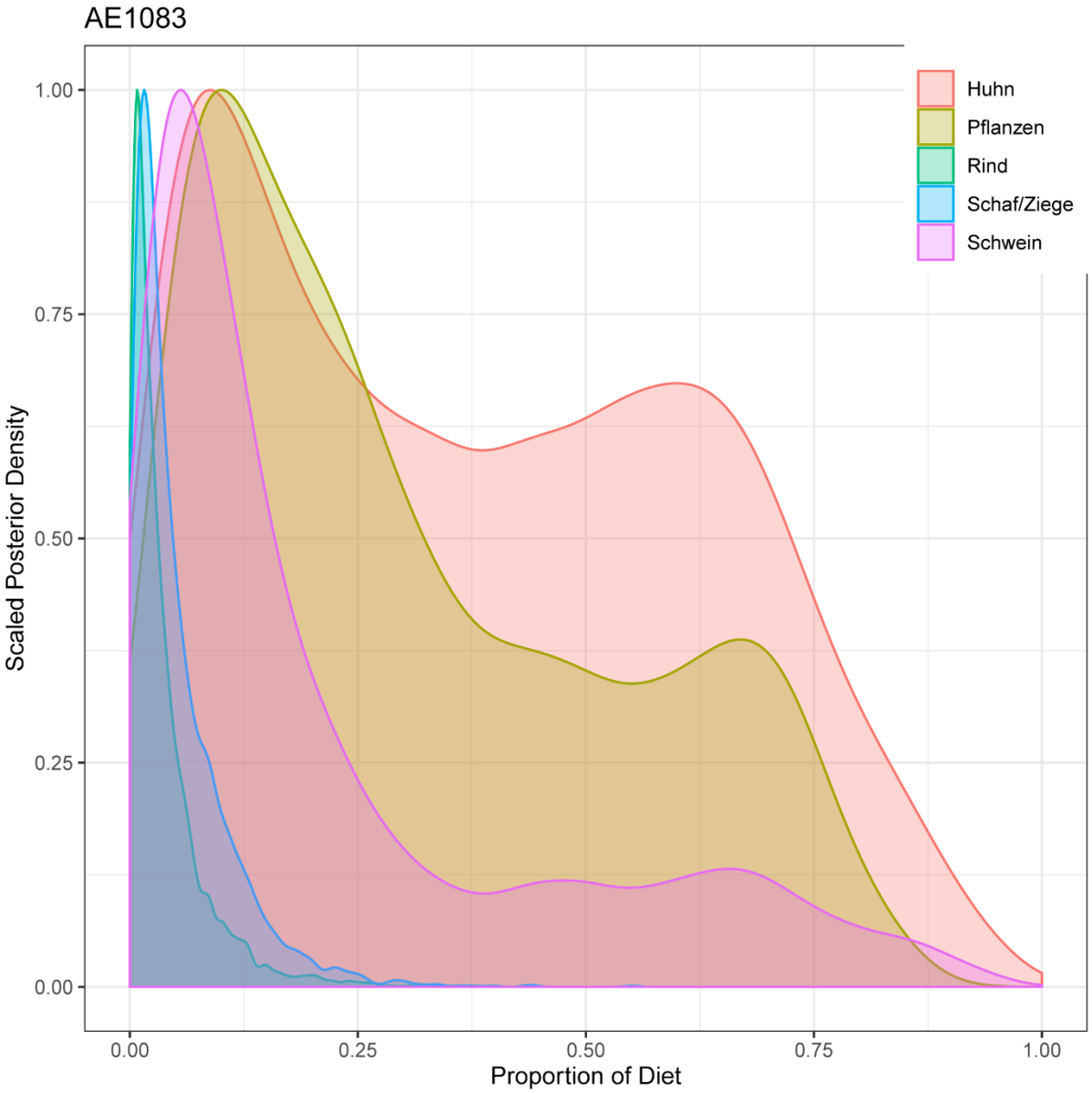


Abbildung 1054: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1083. Erstellt mit MixSIAR.

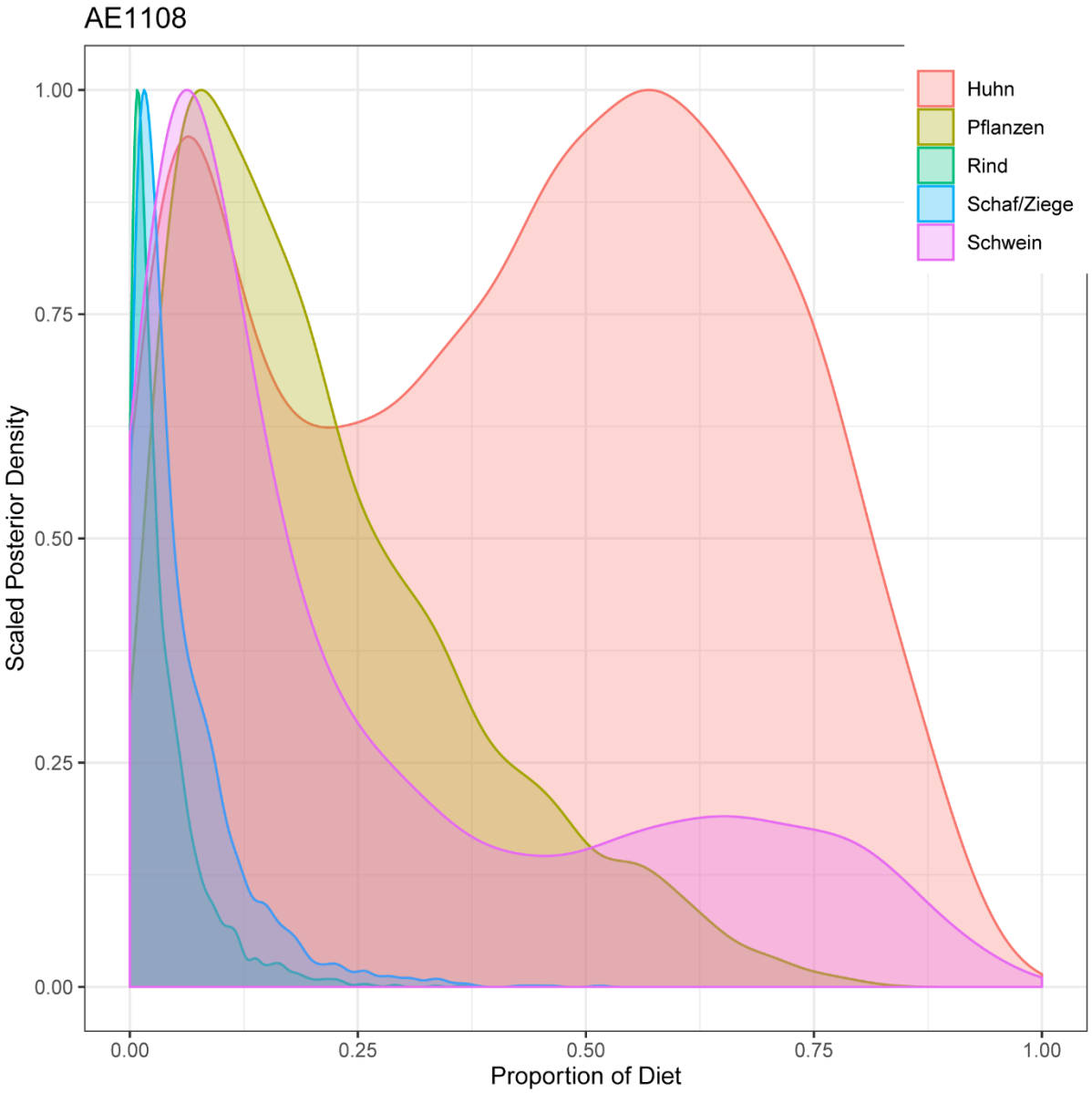


Abbildung 1055: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1108. Erstellt mit MixSIAR.

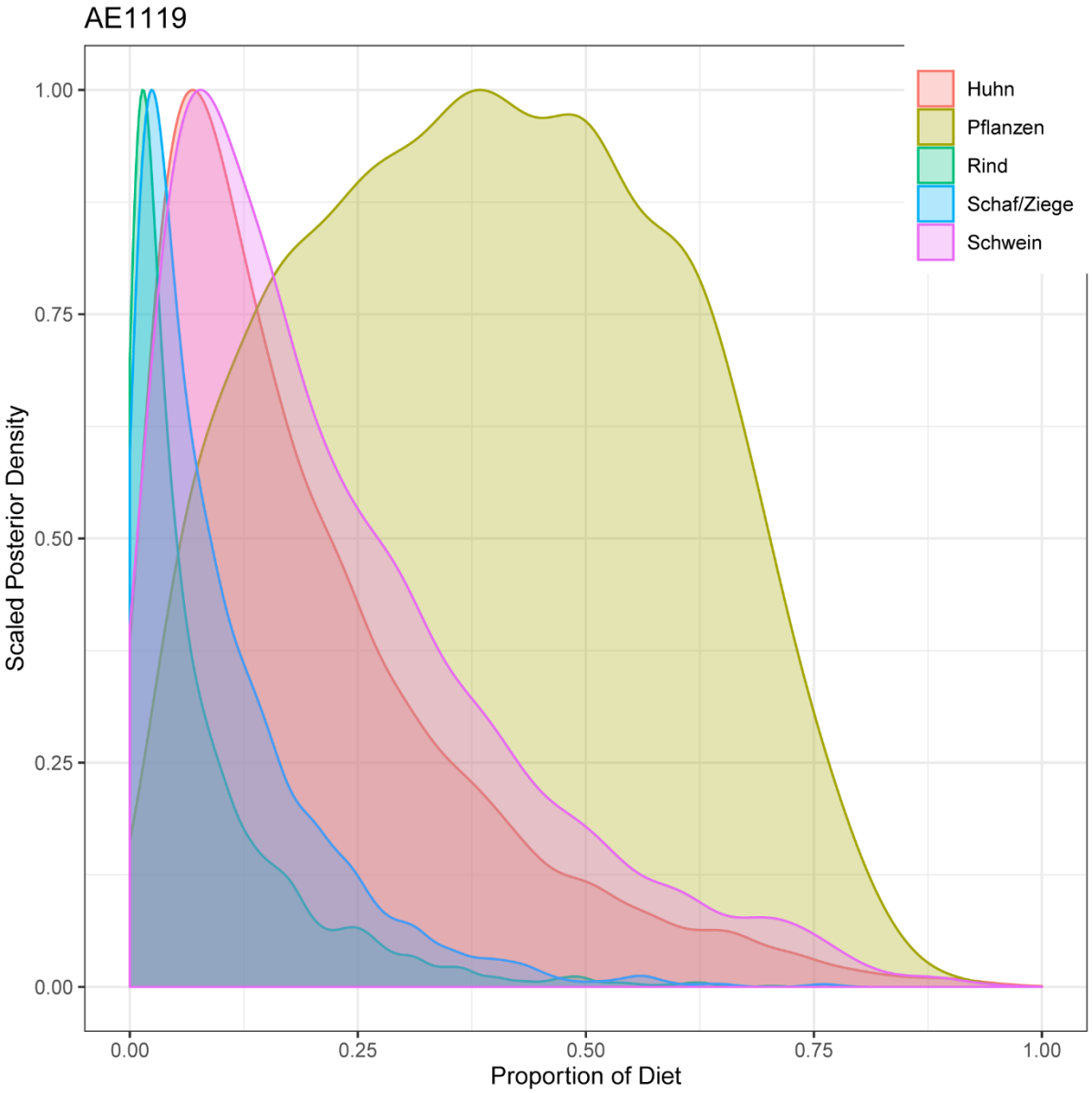


Abbildung 1056: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1119. Erstellt mit MixSIAR.

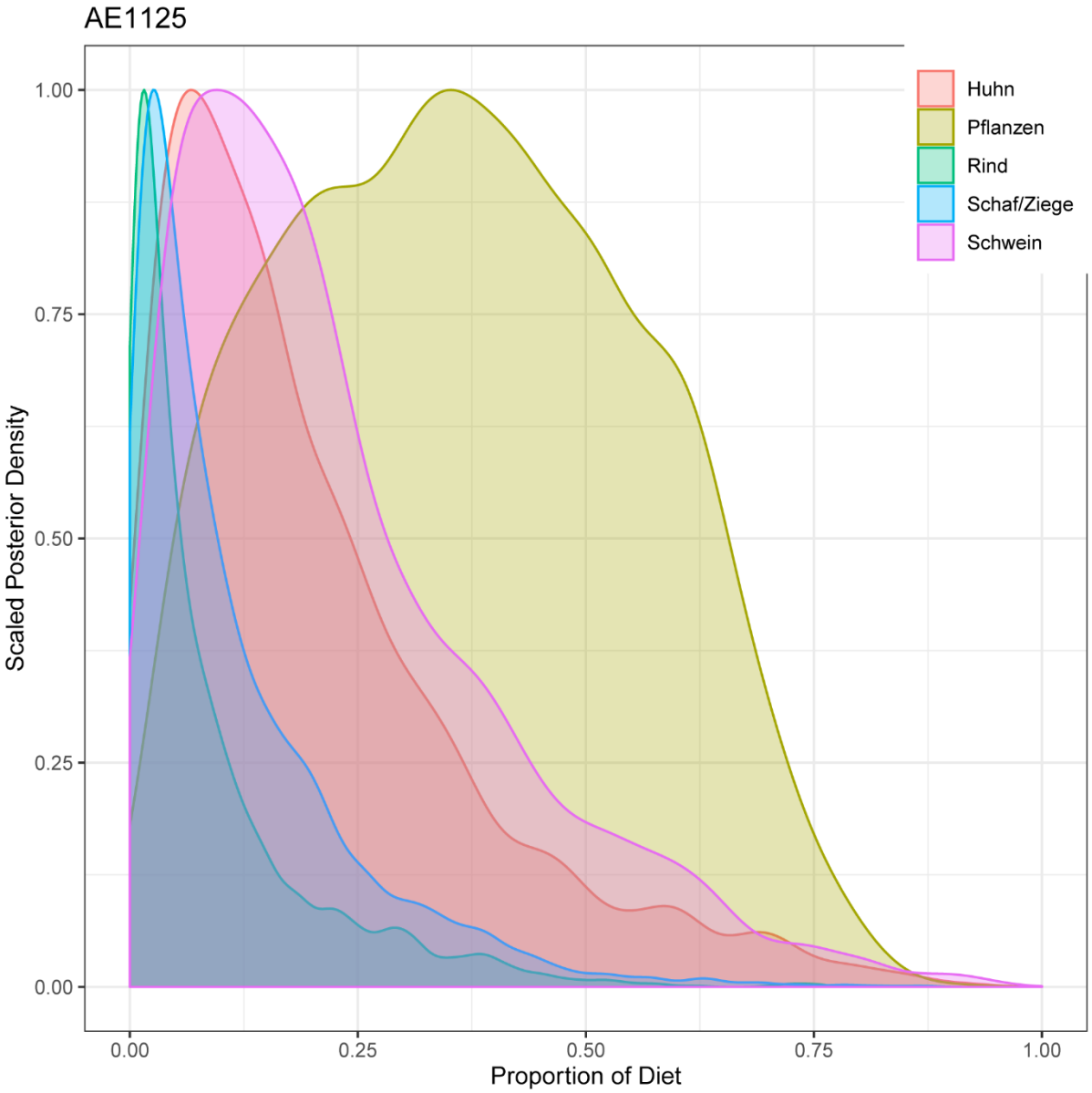


Abbildung 1057: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1125. Erstellt mit MixSIAR.

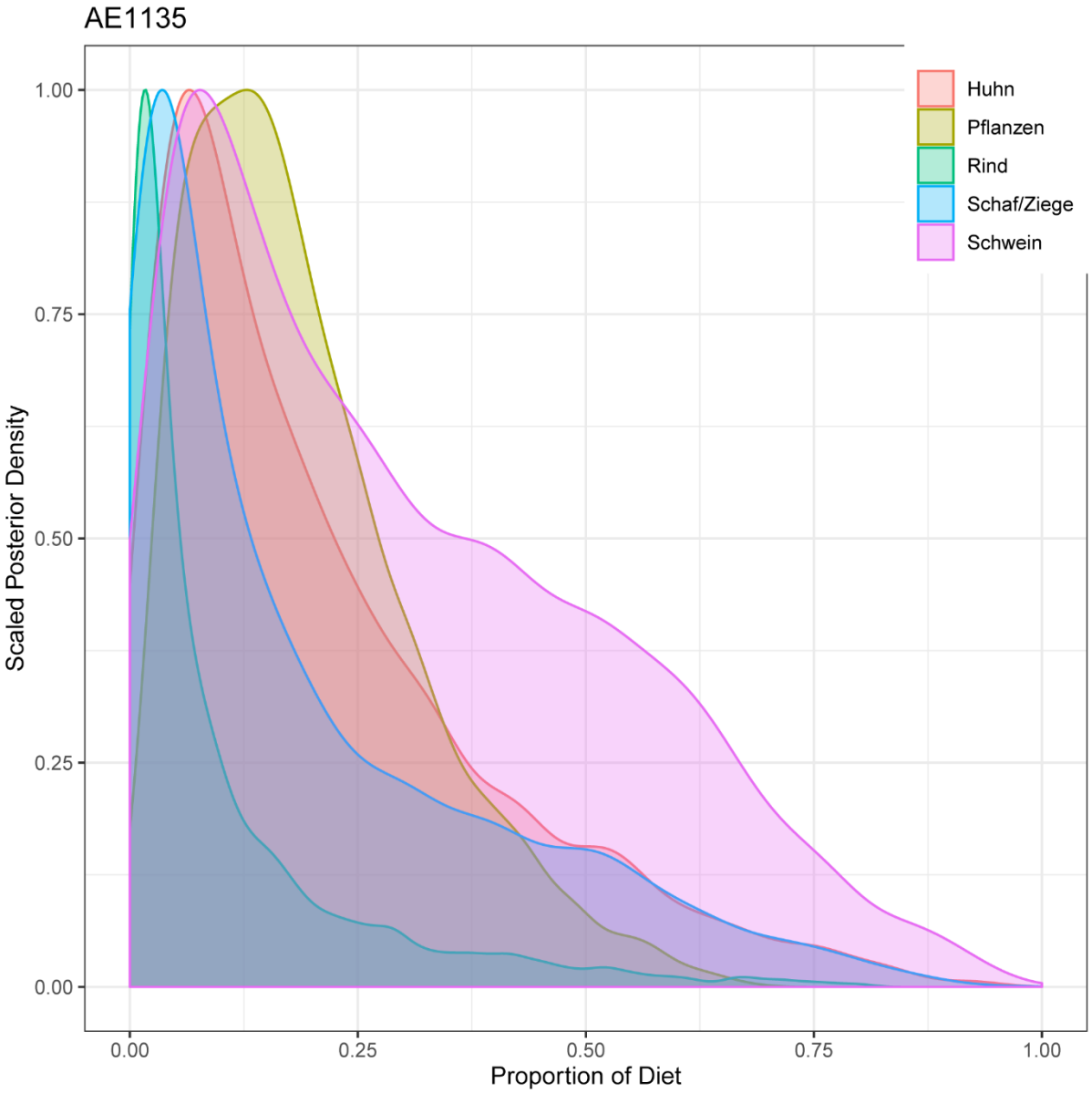


Abbildung 1058: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1135. Erstellt mit MixSIAR.

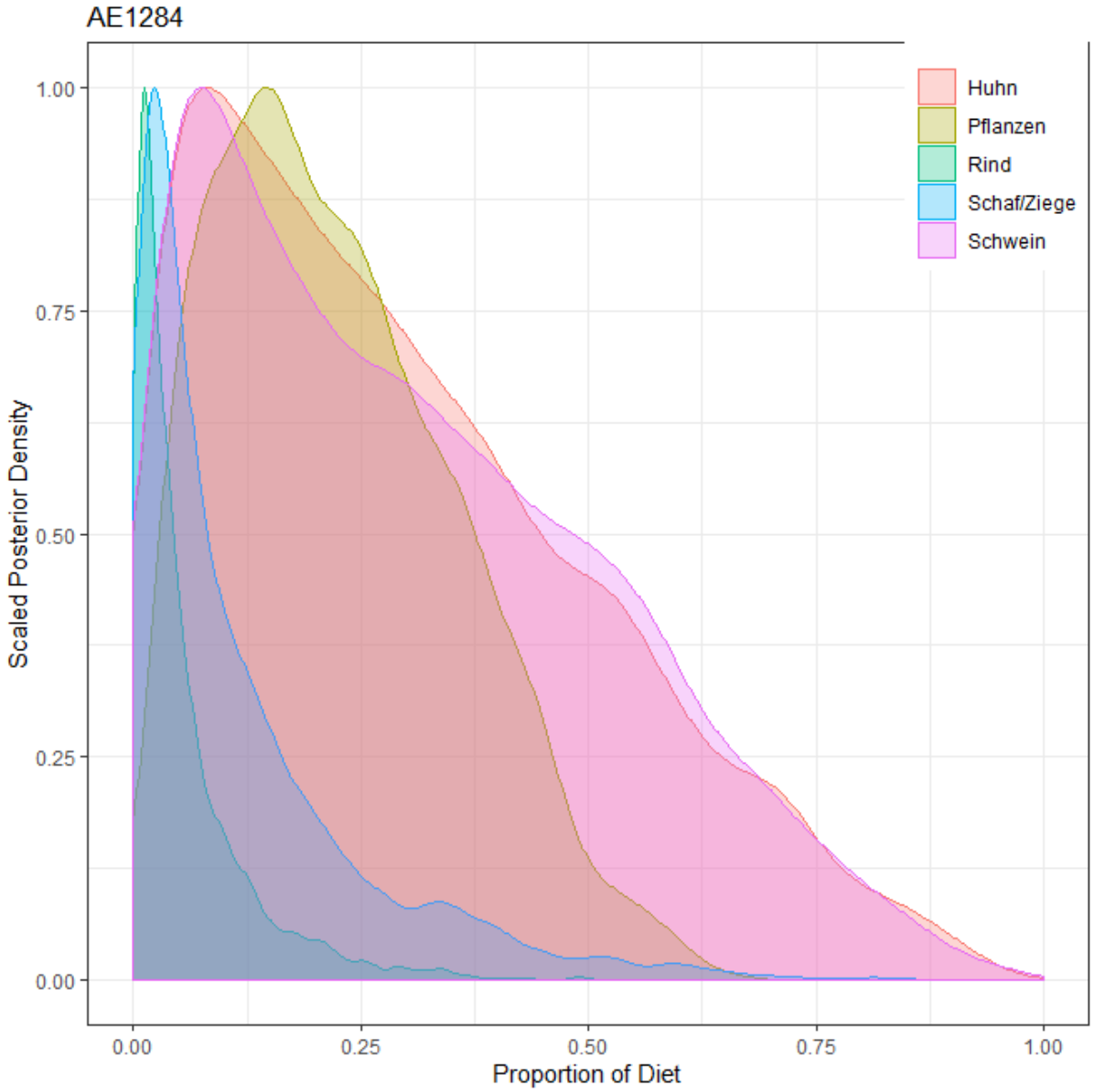


Abbildung 1059: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1284. Erstellt mit MixSIAR.

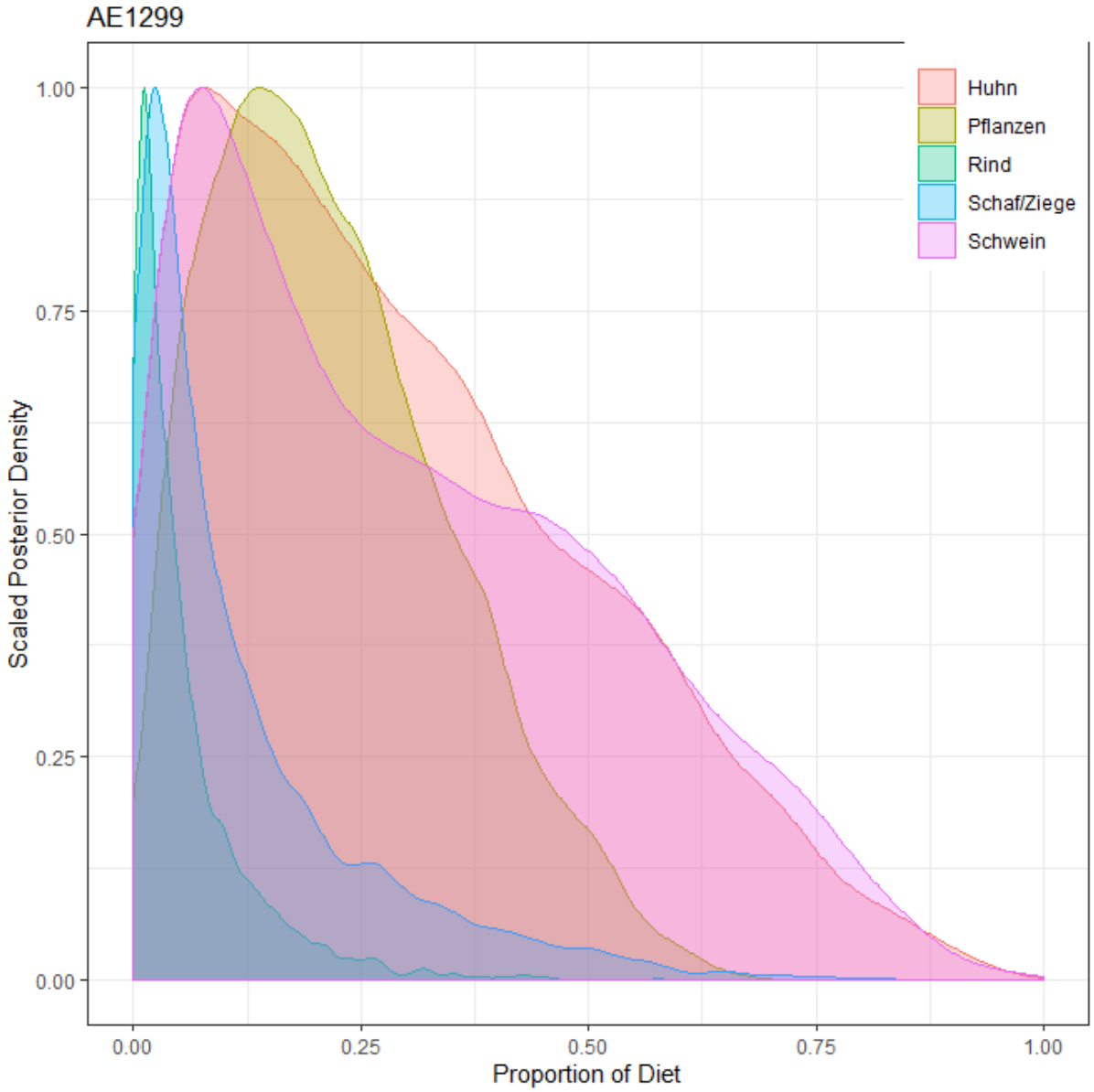


Abbildung 1060: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1299. Erstellt mit MixSIAR.

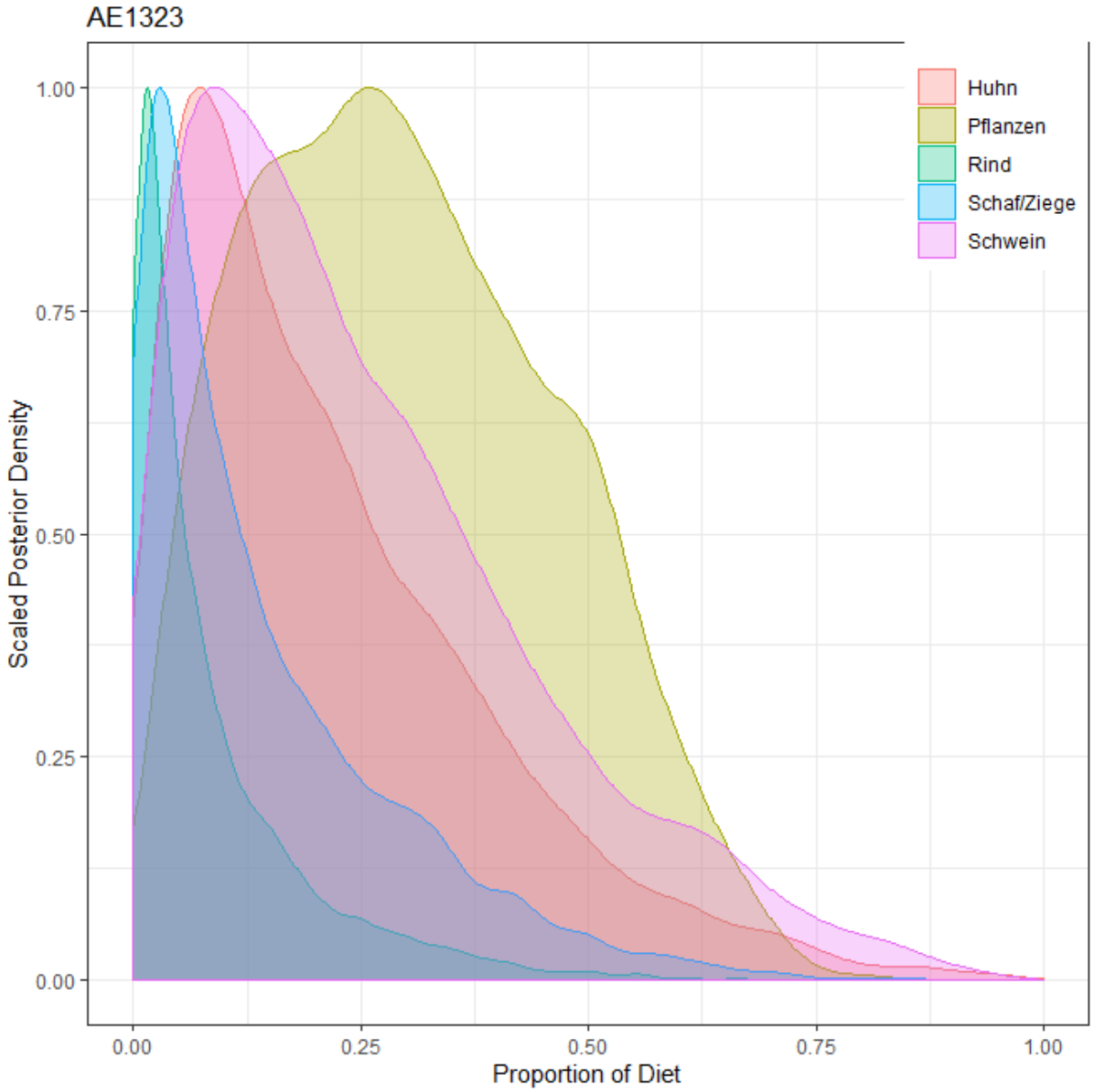


Abbildung 1061: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1323. Erstellt mit MixSIAR.

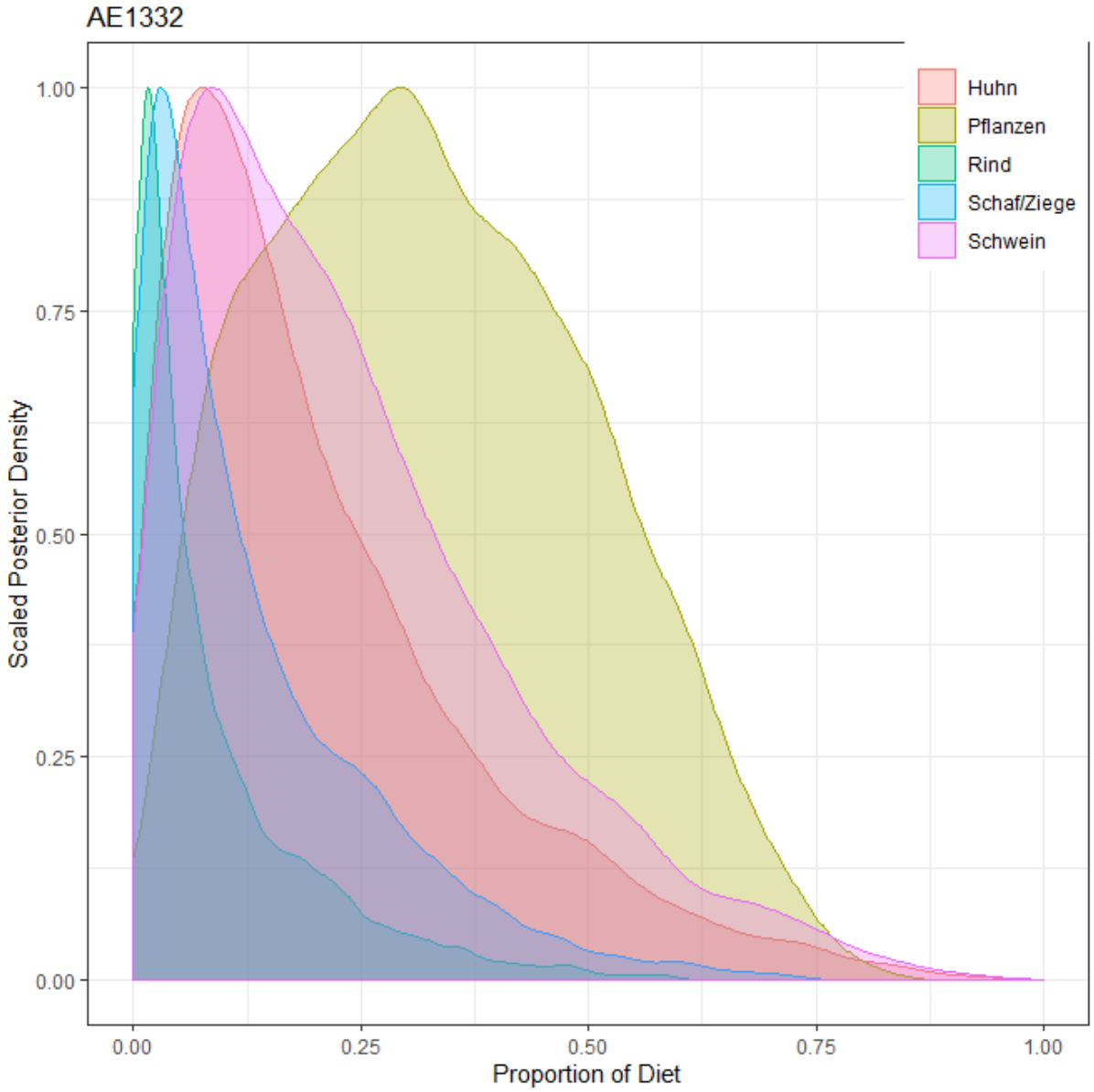


Abbildung 1062: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1332. Erstellt mit MixSIAR.

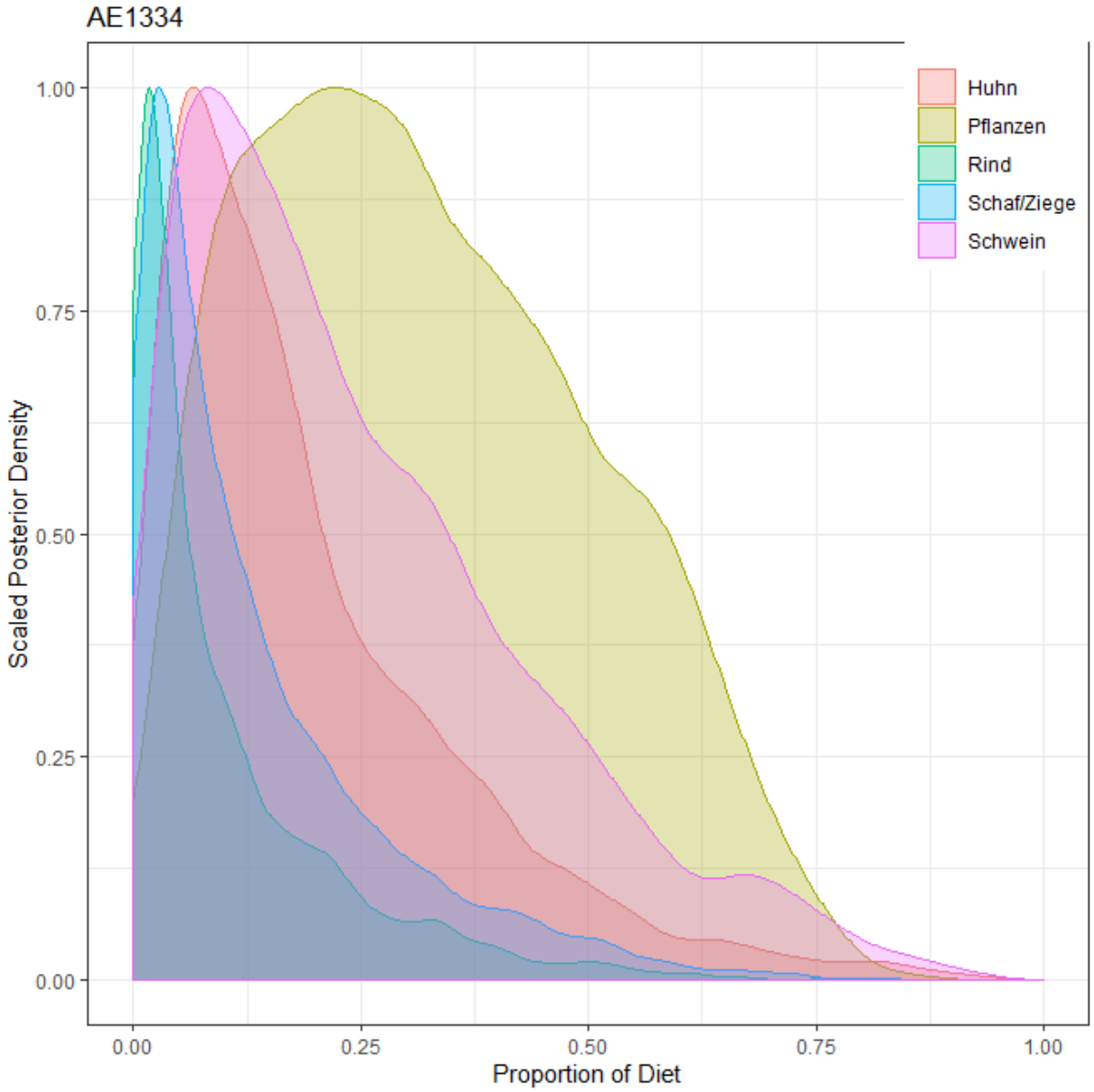


Abbildung 1063: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1334. Erstellt mit MixSIAR.

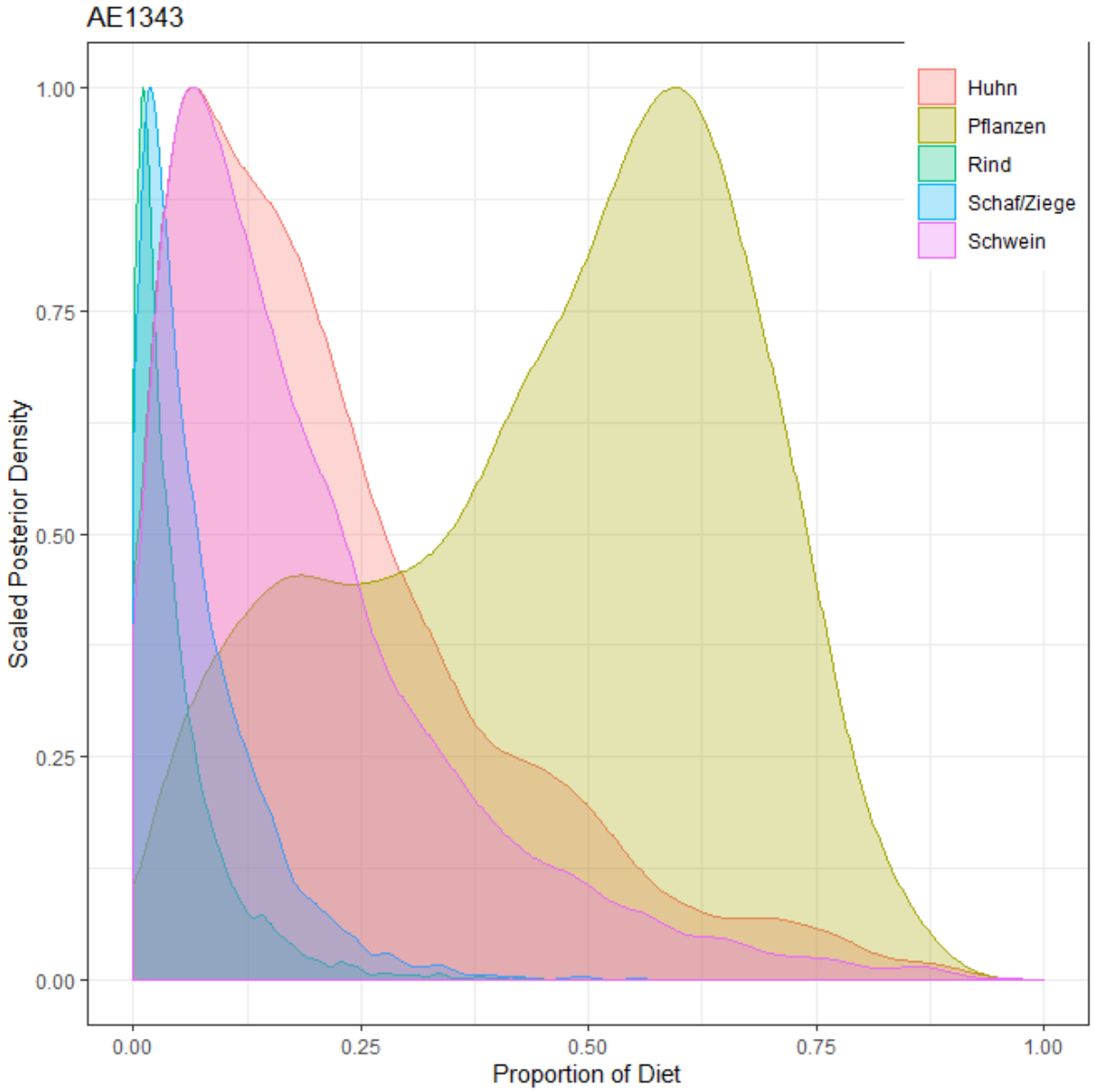


Abbildung 1064: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1343. Erstellt mit MixSIAR.

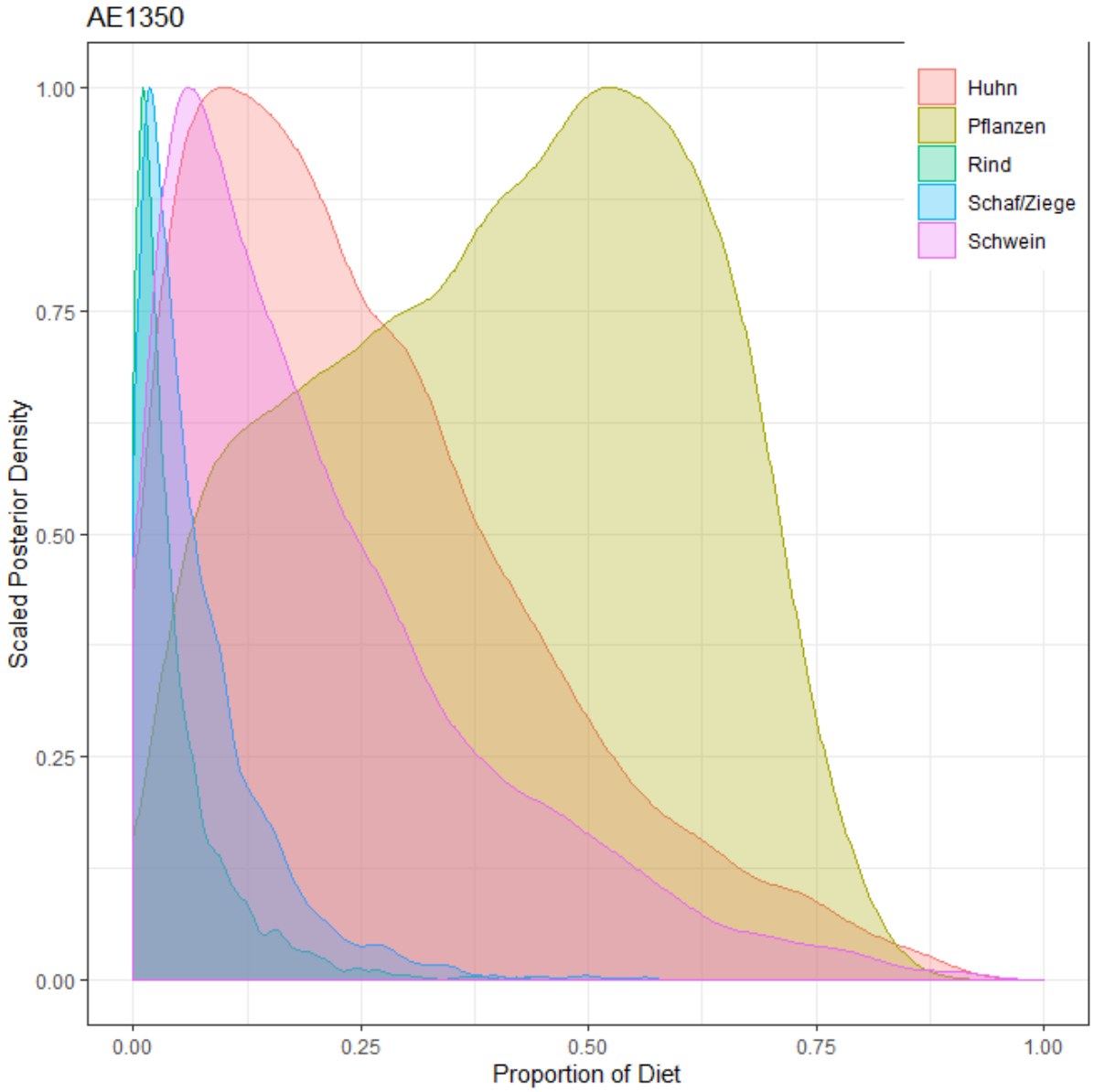


Abbildung 1065: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenderding (AE) 1350. Erstellt mit MixSIAR.

11.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 34: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Altenerding (AE). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
AE55	Huhn	1,7%	31,7%	22,6%	28,0%	80,5%
	Pflanzen	2,5%	19,9%	12,0%	18,3%	46,8%
	Rind	0,1%	5,4%	6,9%	3,1%	24,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,5%	13,5%	6,4%	50,0%
	Schwein	1,7%	31,4%	23,6%	26,7%	79,6%
AE76	Huhn	1,5%	22,2%	17,6%	17,8%	67,1%
	Pflanzen	4,7%	32,2%	16,9%	31,4%	66,7%
	Rind	0,1%	8,1%	9,9%	4,3%	37,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,7%	12,6%	8,6%	45,7%
	Schwein	1,8%	24,8%	18,0%	21,3%	68,5%
AE91	Huhn	1,4%	18,8%	16,5%	14,0%	63,6%
	Pflanzen	5,0%	38,5%	19,8%	38,1%	74,6%
	Rind	0,1%	9,0%	11,0%	4,4%	39,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,4%	11,9%	7,3%	44,6%
	Schwein	1,5%	22,3%	17,4%	17,6%	66,2%
AE92	Huhn	1,5%	21,0%	17,3%	16,4%	65,7%
	Pflanzen	4,8%	37,1%	18,4%	37,2%	70,1%
	Rind	0,1%	7,6%	9,3%	4,2%	33,8%
	Schaf/Ziege	0,4%	11,3%	11,4%	7,4%	40,9%
	Schwein	1,6%	22,9%	17,5%	18,5%	65,5%
AE105	Huhn	1,4%	20,2%	17,4%	15,3%	68,2%
	Pflanzen	5,5%	43,5%	20,5%	45,6%	77,0%
	Rind	0,1%	7,1%	8,7%	3,8%	32,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,8%	9,3%	5,8%	34,3%
	Schwein	1,5%	20,3%	16,9%	15,4%	66,5%
AE106	Huhn	1,7%	25,9%	18,7%	22,4%	71,2%
	Pflanzen	4,1%	31,7%	16,2%	31,7%	62,1%
	Rind	0,1%	6,2%	7,2%	3,6%	27,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,5%	11,1%	6,6%	41,8%
	Schwein	1,7%	25,8%	19,1%	22,1%	71,1%
AE117	Huhn	1,7%	22,5%	17,6%	17,9%	67,4%
	Pflanzen	4,5%	34,9%	17,3%	35,1%	67,1%
	Rind	0,1%	7,2%	8,7%	4,0%	32,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,2%	11,5%	7,4%	42,4%
	Schwein	1,9%	24,1%	17,5%	20,5%	65,8%
AE142	Huhn	1,6%	26,0%	20,3%	21,2%	75,4%
	Pflanzen	3,1%	20,8%	12,1%	18,8%	47,7%
	Rind	0,1%	7,1%	8,8%	3,8%	32,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,2%	16,0%	9,3%	56,1%
	Schwein	1,8%	30,9%	21,9%	27,1%	77,8%
AE146	Huhn	1,8%	29,0%	21,4%	24,8%	78,1%
	Pflanzen	2,7%	20,8%	12,4%	18,8%	48,3%
	Rind	0,1%	6,4%	8,1%	3,5%	28,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,4%	14,7%	7,7%	53,6%
	Schwein	1,5%	30,4%	22,2%	26,6%	79,3%

AE151	Huhn	1,3%	19,3%	17,7%	13,7%	69,2%
	Pflanzen	6,0%	49,5%	21,1%	53,6%	81,5%
	Rind	0,1%	5,4%	6,5%	3,0%	23,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,4%	7,7%	5,0%	27,6%
	Schwein	1,2%	18,3%	16,5%	13,2%	63,6%
AE154	Huhn	1,3%	18,8%	16,3%	13,7%	62,3%
	Pflanzen	3,6%	33,2%	19,4%	30,6%	71,8%
	Rind	0,1%	10,9%	13,4%	5,2%	48,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,5%	14,3%	8,2%	52,1%
	Schwein	1,6%	23,6%	19,4%	18,0%	74,0%
AE156	Huhn	1,1%	17,2%	17,1%	11,0%	66,5%
	Pflanzen	6,2%	51,3%	23,1%	56,1%	84,5%
	Rind	0,1%	6,6%	8,9%	3,2%	32,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,0%	7,7%	4,5%	28,1%
	Schwein	1,2%	17,9%	16,5%	12,5%	64,4%
AE189	Huhn	1,6%	24,5%	18,1%	20,7%	68,8%
	Pflanzen	4,6%	36,8%	17,7%	37,4%	69,3%
	Rind	0,2%	5,7%	6,7%	3,3%	25,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,3%	9,7%	6,0%	35,6%
	Schwein	1,6%	23,7%	18,1%	19,7%	68,4%
AE192	Huhn	1,7%	23,3%	17,6%	19,2%	66,2%
	Pflanzen	5,1%	34,9%	17,4%	35,0%	67,8%
	Rind	0,2%	6,9%	8,1%	3,9%	30,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,9%	11,1%	7,2%	40,5%
	Schwein	1,7%	24,0%	18,0%	19,9%	68,8%
AE201	Huhn	1,4%	18,5%	16,4%	13,5%	63,3%
	Pflanzen	4,2%	33,2%	19,8%	30,5%	73,2%
	Rind	0,1%	11,0%	13,5%	5,0%	48,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,1%	14,2%	7,9%	54,2%
	Schwein	1,6%	24,2%	19,2%	19,0%	72,9%
AE204	Huhn	1,4%	20,3%	17,2%	15,3%	65,6%
	Pflanzen	5,6%	40,7%	19,3%	42,4%	73,6%
	Rind	0,1%	7,3%	8,8%	4,0%	31,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,0%	10,2%	6,7%	37,1%
	Schwein	1,6%	21,6%	17,1%	17,4%	65,7%
AE218	Huhn	1,4%	19,5%	17,2%	14,0%	66,8%
	Pflanzen	5,1%	40,3%	20,1%	40,9%	76,1%
	Rind	0,1%	8,2%	9,9%	4,3%	36,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,4%	10,9%	6,7%	40,9%
	Schwein	1,4%	21,5%	17,5%	17,1%	66,3%
AE224	Huhn	1,5%	22,6%	17,6%	18,5%	66,4%
	Pflanzen	5,9%	43,7%	19,8%	46,3%	75,8%
	Rind	0,1%	5,3%	6,4%	3,1%	22,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,8%	8,0%	5,3%	29,2%
	Schwein	1,5%	20,6%	17,2%	15,7%	65,8%
AE256	Huhn	1,6%	22,5%	17,3%	18,6%	67,2%
	Pflanzen	4,7%	31,4%	16,3%	30,5%	63,9%
	Rind	0,1%	7,9%	9,5%	4,4%	35,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,0%	12,6%	8,9%	45,3%
	Schwein	1,9%	25,3%	18,1%	21,2%	69,8%

AE272	Huhn	1,5%	21,9%	17,7%	17,4%	68,6%
	Pflanzen	5,3%	36,7%	18,2%	37,1%	69,0%
	Rind	0,1%	7,3%	8,9%	4,2%	32,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,0%	11,2%	7,0%	40,0%
	Schwein	1,6%	23,1%	17,5%	18,9%	65,7%
AE280	Huhn	0,9%	17,5%	19,6%	9,2%	73,3%
	Pflanzen	4,0%	49,3%	27,7%	53,6%	88,6%
	Rind	0,1%	7,9%	11,6%	3,3%	45,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,0%	9,1%	4,0%	32,3%
	Schwein	1,0%	18,3%	19,2%	10,6%	72,2%
AE289	Huhn	0,9%	17,0%	19,5%	8,9%	74,9%
	Pflanzen	4,3%	55,4%	26,0%	64,0%	88,8%
	Rind	0,1%	5,8%	7,9%	2,9%	29,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	5,8%	6,4%	3,8%	22,5%
	Schwein	0,9%	16,0%	16,9%	9,9%	66,1%
AE297	Huhn	1,4%	21,5%	17,2%	16,6%	65,5%
	Pflanzen	5,6%	42,1%	19,4%	44,0%	75,1%
	Rind	0,1%	6,1%	7,4%	3,5%	27,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,8%	9,0%	5,8%	33,5%
	Schwein	1,6%	21,5%	17,2%	17,2%	66,4%
AE329	Huhn	1,7%	23,6%	18,0%	19,6%	70,1%
	Pflanzen	4,3%	35,0%	17,6%	35,6%	67,9%
	Rind	0,1%	6,6%	8,2%	3,5%	30,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,7%	11,2%	7,0%	40,4%
	Schwein	1,8%	24,1%	18,4%	19,8%	70,5%
AE343	Huhn	0,6%	13,7%	19,5%	5,7%	74,9%
	Pflanzen	4,3%	67,8%	27,0%	79,5%	93,6%
	Rind	0,1%	3,6%	5,5%	1,8%	18,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,6%	4,0%	2,3%	14,1%
	Schwein	0,7%	11,3%	15,1%	6,3%	63,8%
AE344	Huhn	1,7%	22,5%	17,7%	17,9%	68,5%
	Pflanzen	4,9%	38,3%	18,5%	39,4%	71,0%
	Rind	0,1%	6,3%	7,5%	3,5%	27,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,6%	9,7%	6,3%	36,1%
	Schwein	1,8%	23,4%	17,9%	19,1%	68,5%
AE421	Huhn	1,5%	26,5%	21,6%	20,4%	77,2%
	Pflanzen	2,2%	15,7%	9,8%	13,9%	38,8%
	Rind	0,1%	6,6%	9,5%	3,3%	33,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,7%	18,7%	8,7%	65,3%
	Schwein	1,5%	34,5%	24,9%	30,5%	84,2%
AE427	Huhn	1,7%	22,9%	18,4%	17,9%	69,8%
	Pflanzen	4,2%	30,6%	16,0%	29,6%	63,1%
	Rind	0,1%	7,9%	9,4%	4,3%	35,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,2%	13,1%	8,6%	47,3%
	Schwein	1,8%	25,3%	18,8%	21,0%	70,6%
AE452	Huhn	1,6%	25,5%	18,8%	21,6%	70,7%
	Pflanzen	4,1%	31,9%	16,5%	31,5%	63,5%
	Rind	0,1%	6,0%	7,1%	3,5%	26,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,5%	11,0%	6,7%	40,7%
	Schwein	1,7%	26,0%	19,6%	22,1%	74,4%

AE469	Huhn	1,4%	20,6%	17,5%	15,5%	67,4%
	Pflanzen	5,7%	48,4%	20,8%	52,4%	79,9%
	Rind	0,1%	5,2%	6,2%	3,0%	20,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,3%	7,7%	4,8%	27,5%
	Schwein	1,3%	18,6%	15,8%	14,1%	60,9%
AE487	Huhn	1,7%	22,5%	17,7%	17,7%	69,8%
	Pflanzen	4,9%	34,3%	17,0%	34,2%	66,4%
	Rind	0,2%	7,4%	9,1%	4,1%	33,8%
	Schaf/Ziege	0,4%	11,6%	11,7%	7,6%	42,9%
	Schwein	1,5%	24,2%	17,8%	20,6%	68,3%
AE492	Huhn	1,4%	19,1%	17,8%	13,2%	69,3%
	Pflanzen	5,4%	44,4%	21,7%	46,1%	79,7%
	Rind	0,1%	7,6%	9,4%	4,0%	34,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,9%	9,8%	5,8%	36,5%
	Schwein	1,2%	20,0%	17,2%	15,1%	65,9%
AE501	Huhn	1,8%	24,2%	18,2%	19,6%	68,5%
	Pflanzen	4,4%	32,2%	16,5%	31,7%	64,5%
	Rind	0,1%	6,8%	8,3%	3,8%	30,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,8%	11,9%	7,7%	42,4%
	Schwein	1,7%	25,1%	18,5%	21,4%	70,2%
AE513	Huhn	1,2%	54,8%	33,8%	69,8%	93,6%
	Pflanzen	1,1%	15,4%	20,4%	8,5%	86,0%
	Rind	0,1%	2,5%	3,0%	1,5%	11,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,4%	3,8%	2,2%	14,0%
	Schwein	0,5%	24,0%	32,5%	6,6%	91,9%
AE516	Huhn	1,2%	19,0%	17,1%	13,5%	65,1%
	Pflanzen	6,8%	52,6%	21,3%	57,4%	83,1%
	Rind	0,1%	5,0%	5,9%	2,9%	21,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,4%	6,7%	4,3%	23,4%
	Schwein	1,2%	17,0%	15,3%	12,3%	59,9%
AE521	Huhn	2,1%	27,9%	19,2%	24,5%	72,2%
	Pflanzen	4,4%	37,1%	19,4%	37,2%	71,3%
	Rind	0,1%	4,6%	5,4%	2,8%	20,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,3%	7,5%	4,9%	27,4%
	Schwein	1,4%	23,0%	19,2%	17,5%	73,5%
AE530	Huhn	1,5%	22,8%	18,4%	17,6%	71,5%
	Pflanzen	4,8%	46,5%	21,6%	51,0%	78,8%
	Rind	0,1%	4,7%	5,7%	2,7%	20,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,8%	6,9%	4,6%	25,4%
	Schwein	1,1%	19,0%	16,9%	14,0%	68,1%
AE554	Huhn	1,1%	18,2%	18,3%	11,3%	69,8%
	Pflanzen	5,5%	50,6%	24,0%	56,1%	85,2%
	Rind	0,1%	6,8%	9,0%	3,3%	33,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,2%	8,3%	4,5%	29,7%
	Schwein	1,2%	17,2%	16,5%	11,6%	63,8%
AE587	Huhn	1,7%	24,8%	18,4%	20,8%	69,5%
	Pflanzen	4,6%	33,7%	16,8%	33,7%	64,2%
	Rind	0,1%	6,2%	7,5%	3,6%	26,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,4%	10,8%	6,6%	39,5%
	Schwein	1,8%	24,9%	18,6%	20,9%	69,9%
AE604	Huhn	1,5%	19,5%	17,5%	13,9%	68,2%
	Pflanzen	6,0%	46,8%	20,8%	50,0%	79,2%
	Rind	0,1%	6,4%	7,8%	3,6%	29,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,2%	8,3%	5,5%	30,8%
	Schwein	1,4%	19,1%	15,8%	14,9%	61,5%

AE607	Huhn	1,4%	19,8%	17,4%	14,3%	67,9%
	Pflanzen	5,8%	42,8%	20,5%	44,4%	77,2%
	Rind	0,1%	7,6%	9,3%	4,1%	33,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,4%	9,9%	6,1%	36,6%
	Schwein	1,5%	20,4%	16,6%	15,9%	64,9%
AE618	Huhn	1,4%	19,2%	16,6%	14,2%	64,3%
	Pflanzen	5,0%	38,2%	19,5%	37,7%	73,8%
	Rind	0,2%	8,9%	10,7%	4,8%	39,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,6%	11,9%	7,7%	45,4%
	Schwein	1,6%	22,1%	17,3%	17,2%	65,6%
AE625	Huhn	1,3%	19,2%	16,6%	14,1%	64,3%
	Pflanzen	5,4%	41,3%	20,1%	42,6%	75,4%
	Rind	0,1%	7,5%	9,2%	4,1%	33,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,0%	10,3%	6,5%	39,2%
	Schwein	1,9%	22,1%	17,7%	17,1%	66,8%
AE631	Huhn	1,6%	27,8%	19,9%	24,1%	73,9%
	Pflanzen	3,6%	27,1%	14,8%	25,6%	57,8%
	Rind	0,1%	6,0%	7,3%	3,4%	26,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,1%	11,7%	7,0%	43,6%
	Schwein	1,6%	28,0%	20,6%	24,2%	75,0%
AE646	Huhn	1,4%	20,1%	17,5%	14,6%	68,1%
	Pflanzen	5,0%	40,6%	19,9%	41,0%	75,4%
	Rind	0,1%	8,0%	9,7%	4,3%	35,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,0%	10,5%	6,7%	39,3%
	Schwein	1,4%	21,3%	17,2%	16,5%	65,7%
AE652	Huhn	1,8%	27,4%	20,9%	22,5%	76,7%
	Pflanzen	3,0%	21,3%	12,5%	19,4%	48,6%
	Rind	0,1%	6,6%	8,6%	3,5%	30,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,7%	15,7%	8,5%	56,5%
	Schwein	1,8%	30,0%	22,1%	25,7%	78,1%
AE657	Huhn	1,6%	23,5%	18,6%	18,5%	70,6%
	Pflanzen	3,0%	22,0%	12,9%	20,1%	50,3%
	Rind	0,1%	8,5%	10,6%	4,4%	39,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,8%	16,7%	10,8%	58,2%
	Schwein	1,9%	29,2%	20,8%	25,3%	77,8%
AE658	Huhn	1,4%	20,1%	17,6%	14,9%	67,9%
	Pflanzen	4,7%	41,4%	19,9%	42,7%	75,5%
	Rind	0,2%	7,4%	9,1%	3,9%	34,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,8%	10,2%	6,4%	37,7%
	Schwein	1,6%	21,3%	17,3%	16,4%	67,2%
AE674	Huhn	1,3%	31,6%	22,7%	28,6%	81,0%
	Pflanzen	2,6%	19,6%	11,8%	17,8%	46,1%
	Rind	0,1%	5,4%	6,9%	3,0%	24,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,7%	13,6%	6,5%	51,4%
	Schwein	1,4%	31,7%	23,5%	27,3%	79,7%
AE729	Huhn	1,7%	24,1%	18,4%	19,5%	70,1%
	Pflanzen	3,6%	29,2%	15,6%	28,2%	60,4%
	Rind	0,1%	7,2%	8,7%	3,9%	31,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,9%	13,0%	8,5%	47,2%
	Schwein	1,8%	26,6%	19,3%	22,8%	72,1%
AE788	Huhn	1,4%	19,9%	16,5%	15,4%	64,9%
	Pflanzen	4,2%	31,1%	17,2%	29,4%	66,4%
	Rind	0,1%	9,5%	11,7%	4,8%	42,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,2%	14,3%	9,2%	51,4%
	Schwein	1,7%	25,3%	19,0%	21,3%	71,5%
AE809	Huhn	1,6%	21,3%	17,3%	16,6%	66,9%
	Pflanzen	4,0%	28,2%	15,5%	26,4%	60,1%

	Rind	0,1%	9,3%	11,1%	4,9%	39,8%
	Schaf/Ziege	0,4%	14,8%	14,5%	9,9%	52,9%
	Schwein	2,1%	26,4%	18,9%	22,5%	72,1%
AE820	Huhn	1,6%	20,8%	17,0%	16,2%	63,8%
	Pflanzen	3,2%	23,9%	14,3%	21,6%	56,1%
	Rind	0,1%	9,8%	12,2%	5,1%	44,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	17,2%	17,0%	11,1%	60,0%
	Schwein	1,6%	28,2%	20,7%	24,2%	76,0%
AE830	Huhn	1,3%	18,6%	17,0%	12,9%	65,6%
	Pflanzen	4,4%	38,7%	21,3%	38,1%	77,3%
	Rind	0,1%	9,2%	11,5%	4,7%	43,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,0%	11,9%	6,6%	45,4%
	Schwein	1,6%	22,4%	18,1%	17,3%	69,8%
AE897	Huhn	1,8%	24,2%	18,7%	19,5%	70,7%
	Pflanzen	4,4%	35,9%	17,8%	36,5%	68,7%
	Rind	0,1%	6,2%	7,4%	3,6%	27,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,9%	10,2%	6,4%	37,3%
	Schwein	1,6%	23,8%	18,2%	20,2%	69,8%
AE902	Huhn	1,1%	18,3%	17,1%	12,3%	65,0%
	Pflanzen	4,2%	38,0%	21,6%	36,4%	78,1%
	Rind	0,1%	10,3%	12,6%	5,1%	46,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,2%	12,5%	6,9%	46,9%
	Schwein	1,6%	22,1%	18,6%	16,9%	71,7%
AE903	Huhn	1,6%	27,5%	20,6%	23,0%	74,3%
	Pflanzen	3,1%	22,1%	12,8%	20,5%	50,6%
	Rind	0,1%	6,5%	8,0%	3,6%	29,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,5%	14,5%	8,1%	53,3%
	Schwein	1,7%	30,4%	22,1%	26,1%	78,5%
AE909	Huhn	1,4%	27,2%	21,7%	21,4%	76,9%
	Pflanzen	2,1%	16,7%	10,7%	14,4%	41,2%
	Rind	0,1%	6,3%	8,3%	3,4%	29,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,0%	17,8%	8,5%	64,3%
	Schwein	1,8%	33,7%	24,5%	29,6%	82,5%
AE948	Huhn	1,6%	25,2%	19,5%	20,2%	73,2%
	Pflanzen	2,9%	23,2%	13,1%	22,0%	50,1%
	Rind	0,1%	7,3%	9,2%	3,9%	34,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,8%	15,5%	8,9%	55,0%
	Schwein	1,7%	29,4%	20,8%	26,4%	75,6%
AE997	Huhn	0,8%	15,4%	16,4%	9,5%	61,9%
	Pflanzen	6,2%	61,3%	23,0%	69,3%	88,7%
	Rind	0,1%	4,3%	5,5%	2,4%	18,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	5,1%	5,5%	3,5%	19,0%
	Schwein	1,0%	13,8%	14,8%	8,9%	60,5%
AE1037	Huhn	5,9%	22,9%	10,9%	21,5%	47,6%
	Pflanzen	18,6%	37,9%	9,5%	38,3%	54,9%
	Rind	0,3%	6,0%	4,3%	5,2%	16,4%
	Schaf/Ziege	0,8%	9,7%	6,2%	8,7%	24,7%
	Schwein	5,6%	23,6%	10,6%	22,6%	46,9%
AE1083	Huhn	1,9%	37,4%	25,0%	35,1%	84,5%
	Pflanzen	2,4%	31,3%	22,7%	24,8%	76,6%
	Rind	0,1%	3,7%	4,3%	2,3%	16,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	5,3%	5,4%	3,5%	19,8%
	Schwein	1,1%	22,3%	23,3%	12,1%	80,8%
AE1108	Huhn	1,6%	42,6%	25,3%	45,4%	85,3%
	Pflanzen	2,0%	21,5%	15,9%	17,5%	60,5%
	Rind	0,1%	3,7%	4,2%	2,3%	16,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	5,7%	6,0%	3,6%	22,6%
	Schwein	1,1%	26,6%	26,2%	14,6%	84,6%

AE1119	Huhn	1,4%	20,1%	17,1%	15,0%	66,0%
	Pflanzen	5,0%	39,2%	19,8%	39,1%	75,2%
	Rind	0,1%	8,0%	9,7%	4,3%	35,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,3%	10,5%	6,9%	39,0%
	Schwein	1,6%	22,5%	18,0%	17,2%	69,5%
AE1125	Huhn	1,4%	20,2%	17,0%	15,3%	67,8%
	Pflanzen	4,3%	36,3%	19,0%	35,8%	71,7%
	Rind	0,1%	9,0%	10,9%	4,8%	39,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,6%	12,1%	7,4%	43,8%
	Schwein	1,8%	22,9%	17,7%	18,3%	66,6%
AE1135	Huhn	1,4%	21,4%	18,3%	15,8%	68,1%
	Pflanzen	2,7%	19,0%	12,4%	16,4%	49,4%
	Rind	0,1%	10,5%	14,0%	4,7%	52,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	19,5%	20,1%	11,7%	70,6%
	Schwein	1,7%	29,7%	22,3%	24,9%	77,8%
AE1284	Huhn	1,7%	29,6%	21,3%	25,6%	78,0%
	Pflanzen	3,0%	22,4%	13,1%	20,6%	51,2%
	Rind	0,1%	5,9%	7,6%	3,4%	26,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,0%	13,5%	7,0%	50,4%
	Schwein	1,7%	30,1%	21,7%	26,6%	77,4%
AE1299	Huhn	1,7%	29,5%	20,9%	25,5%	75,3%
	Pflanzen	2,7%	21,9%	13,1%	19,9%	51,2%
	Rind	0,1%	5,9%	7,3%	3,4%	26,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,1%	13,6%	7,0%	50,2%
	Schwein	1,9%	30,5%	22,2%	26,5%	77,5%
AE1323	Huhn	1,7%	21,8%	17,3%	17,5%	66,5%
	Pflanzen	3,9%	29,9%	16,3%	28,5%	62,4%
	Rind	0,1%	8,7%	10,5%	4,8%	38,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,3%	14,2%	9,4%	51,4%
	Schwein	1,6%	25,3%	18,9%	20,9%	71,3%
AE1332	Huhn	1,7%	20,9%	17,1%	15,9%	65,8%
	Pflanzen	4,7%	32,8%	17,3%	31,4%	67,2%
	Rind	0,1%	9,1%	10,6%	4,9%	39,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,4%	13,3%	9,0%	47,8%
	Schwein	1,8%	23,8%	17,7%	19,9%	68,7%
AE1334	Huhn	1,4%	19,4%	16,4%	14,6%	63,9%
	Pflanzen	3,7%	32,0%	18,2%	30,0%	68,4%
	Rind	0,1%	10,3%	12,3%	5,3%	45,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,5%	13,9%	8,6%	51,4%
	Schwein	1,9%	24,8%	18,8%	20,0%	71,5%
AE1343	Huhn	1,5%	22,2%	17,9%	17,6%	70,3%
	Pflanzen	5,6%	46,3%	20,6%	50,2%	78,3%
	Rind	0,1%	5,0%	6,0%	3,0%	22,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,3%	7,2%	5,0%	26,9%
	Schwein	1,3%	19,2%	16,3%	14,5%	63,6%
AE1350	Huhn	1,8%	25,7%	18,7%	21,7%	72,1%
	Pflanzen	4,9%	40,9%	19,9%	42,6%	73,7%
	Rind	0,1%	4,9%	5,8%	2,8%	21,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,4%	7,6%	5,0%	28,3%
	Schwein	1,3%	21,1%	17,7%	16,2%	67,0%
AE902	Huhn	1,7%	31,7%	22,6%	28,0%	80,5%
	Pflanzen	2,5%	19,9%	12,0%	18,3%	46,8%
	Rind	0,1%	5,4%	6,9%	3,1%	24,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,5%	13,5%	6,4%	50,0%
	Schwein	1,7%	31,4%	23,6%	26,7%	79,6%

AE903	Huhn	1,5%	22,2%	17,6%	17,8%	67,1%
	Pflanzen	4,7%	32,2%	16,9%	31,4%	66,7%
	Rind	0,1%	8,1%	9,9%	4,3%	37,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,7%	12,6%	8,6%	45,7%
	Schwein	1,8%	24,8%	18,0%	21,3%	68,5%
AE909	Huhn	1,4%	18,8%	16,5%	14,0%	63,6%
	Pflanzen	5,0%	38,5%	19,8%	38,1%	74,6%
	Rind	0,1%	9,0%	11,0%	4,4%	39,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,4%	11,9%	7,3%	44,6%
	Schwein	1,5%	22,3%	17,4%	17,6%	66,2%
AE948	Huhn	1,5%	21,0%	17,3%	16,4%	65,7%
	Pflanzen	4,8%	37,1%	18,4%	37,2%	70,1%
	Rind	0,1%	7,6%	9,3%	4,2%	33,8%
	Schaf/Ziege	0,4%	11,3%	11,4%	7,4%	40,9%
	Schwein	1,6%	22,9%	17,5%	18,5%	65,5%
AE997	Huhn	1,4%	20,2%	17,4%	15,3%	68,2%
	Pflanzen	5,5%	43,5%	20,5%	45,6%	77,0%
	Rind	0,1%	7,1%	8,7%	3,8%	32,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	8,8%	9,3%	5,8%	34,3%
	Schwein	1,5%	20,3%	16,9%	15,4%	66,5%
AE1037	Huhn	1,7%	25,9%	18,7%	22,4%	71,2%
	Pflanzen	4,1%	31,7%	16,2%	31,7%	62,1%
	Rind	0,1%	6,2%	7,2%	3,6%	27,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,5%	11,1%	6,6%	41,8%
	Schwein	1,7%	25,8%	19,1%	22,1%	71,1%
AE1083	Huhn	1,7%	22,5%	17,6%	17,9%	67,4%
	Pflanzen	4,5%	34,9%	17,3%	35,1%	67,1%
	Rind	0,1%	7,2%	8,7%	4,0%	32,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	11,2%	11,5%	7,4%	42,4%
	Schwein	1,9%	24,1%	17,5%	20,5%	65,8%
AE1108	Huhn	1,6%	26,0%	20,3%	21,2%	75,4%
	Pflanzen	3,1%	20,8%	12,1%	18,8%	47,7%
	Rind	0,1%	7,1%	8,8%	3,8%	32,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,2%	16,0%	9,3%	56,1%
	Schwein	1,8%	30,9%	21,9%	27,1%	77,8%
AE1119	Huhn	1,8%	29,0%	21,4%	24,8%	78,1%
	Pflanzen	2,7%	20,8%	12,4%	18,8%	48,3%
	Rind	0,1%	6,4%	8,1%	3,5%	28,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,4%	14,7%	7,7%	53,6%
	Schwein	1,5%	30,4%	22,2%	26,6%	79,3%
AE1125	Huhn	1,3%	19,3%	17,7%	13,7%	69,2%
	Pflanzen	6,0%	49,5%	21,1%	53,6%	81,5%
	Rind	0,1%	5,4%	6,5%	3,0%	23,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,4%	7,7%	5,0%	27,6%
	Schwein	1,2%	18,3%	16,5%	13,2%	63,6%
AE1135	Huhn	1,3%	18,8%	16,3%	13,7%	62,3%
	Pflanzen	3,6%	33,2%	19,4%	30,6%	71,8%
	Rind	0,1%	10,9%	13,4%	5,2%	48,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,5%	14,3%	8,2%	52,1%
	Schwein	1,6%	23,6%	19,4%	18,0%	74,0%
AE1284	Huhn	1,1%	17,2%	17,1%	11,0%	66,5%
	Pflanzen	6,2%	51,3%	23,1%	56,1%	84,5%
	Rind	0,1%	6,6%	8,9%	3,2%	32,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,0%	7,7%	4,5%	28,1%
	Schwein	1,2%	17,9%	16,5%	12,5%	64,4%

AE1299	Huhn	1,6%	24,5%	18,1%	20,7%	68,8%
	Pflanzen	4,6%	36,8%	17,7%	37,4%	69,3%
	Rind	0,2%	5,7%	6,7%	3,3%	25,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	9,3%	9,7%	6,0%	35,6%
	Schwein	1,6%	23,7%	18,1%	19,7%	68,4%
AE1323	Huhn	1,7%	23,3%	17,6%	19,2%	66,2%
	Pflanzen	5,1%	34,9%	17,4%	35,0%	67,8%
	Rind	0,2%	6,9%	8,1%	3,9%	30,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,9%	11,1%	7,2%	40,5%
	Schwein	1,7%	24,0%	18,0%	19,9%	68,8%
AE1332	Huhn	1,4%	18,5%	16,4%	13,5%	63,3%
	Pflanzen	4,2%	33,2%	19,8%	30,5%	73,2%
	Rind	0,1%	11,0%	13,5%	5,0%	48,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,1%	14,2%	7,9%	54,2%
	Schwein	1,6%	24,2%	19,2%	19,0%	72,9%
AE1334	Huhn	1,4%	20,3%	17,2%	15,3%	65,6%
	Pflanzen	5,6%	40,7%	19,3%	42,4%	73,6%
	Rind	0,1%	7,3%	8,8%	4,0%	31,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,0%	10,2%	6,7%	37,1%
	Schwein	1,6%	21,6%	17,1%	17,4%	65,7%
AE1343	Huhn	1,4%	19,5%	17,2%	14,0%	66,8%
	Pflanzen	5,1%	40,3%	20,1%	40,9%	76,1%
	Rind	0,1%	8,2%	9,9%	4,3%	36,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	10,4%	10,9%	6,7%	40,9%
	Schwein	1,4%	21,5%	17,5%	17,1%	66,3%
AE1350	Huhn	1,5%	22,6%	17,6%	18,5%	66,4%
	Pflanzen	5,9%	43,7%	19,8%	46,3%	75,8%
	Rind	0,1%	5,3%	6,4%	3,1%	22,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,8%	8,0%	5,3%	29,2%
	Schwein	1,5%	20,6%	17,2%	15,7%	65,8%

11.5 SISUS: Abbildungen

AE55

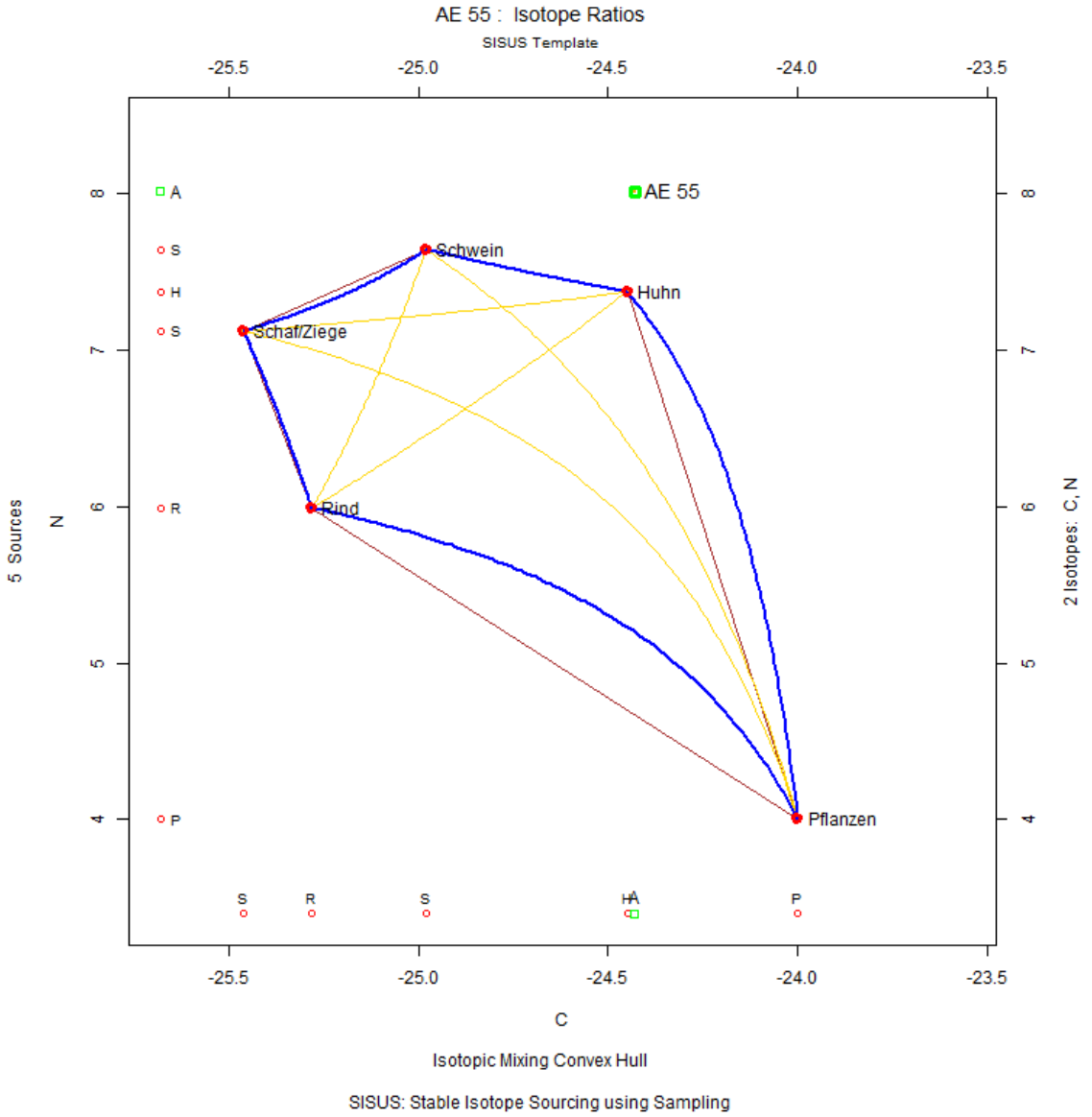


Abbildung 1066: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 55. Erstellt mit SISUS.

AE76

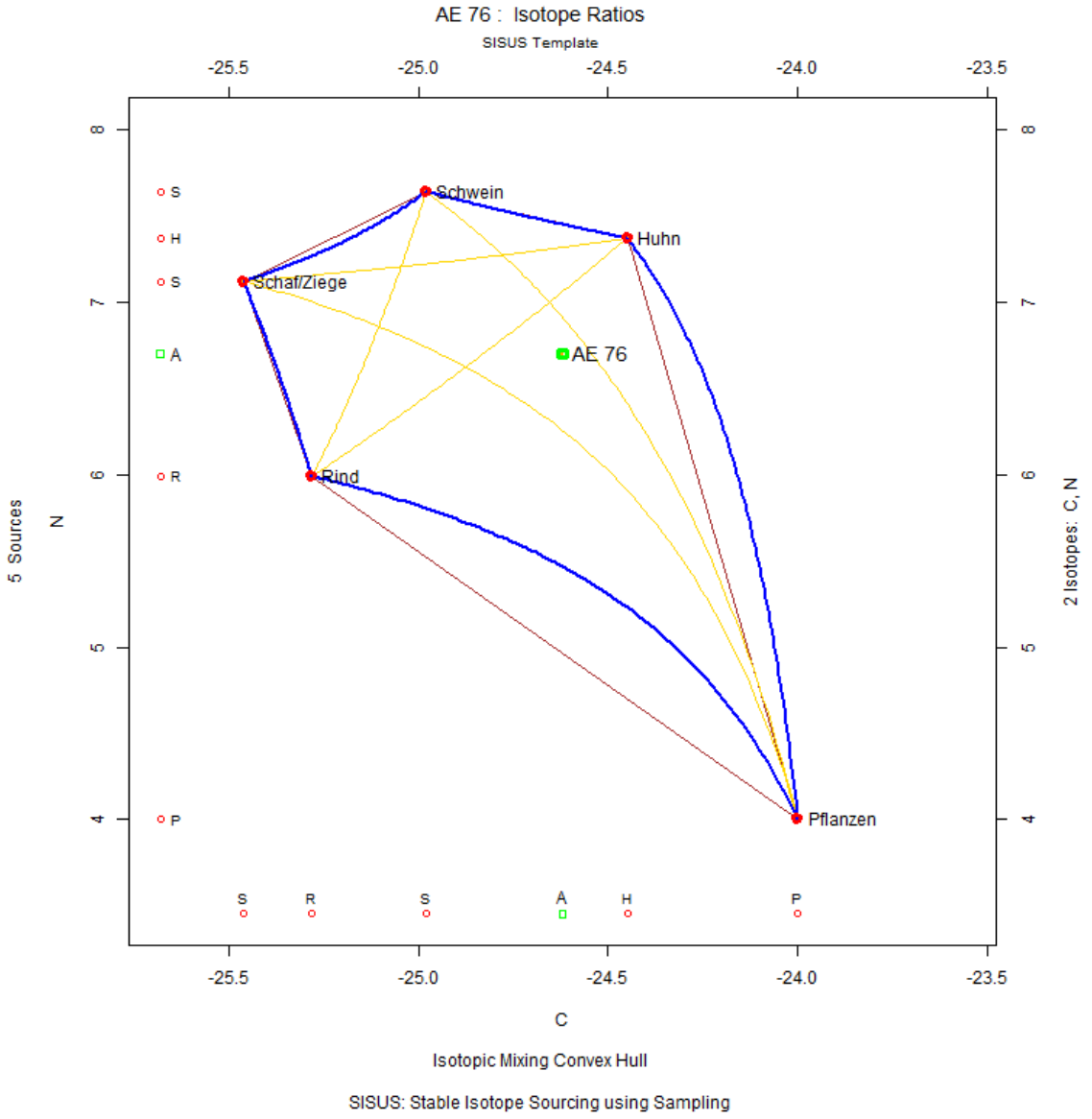


Abbildung 1067: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 76. Erstellt mit SISUS.

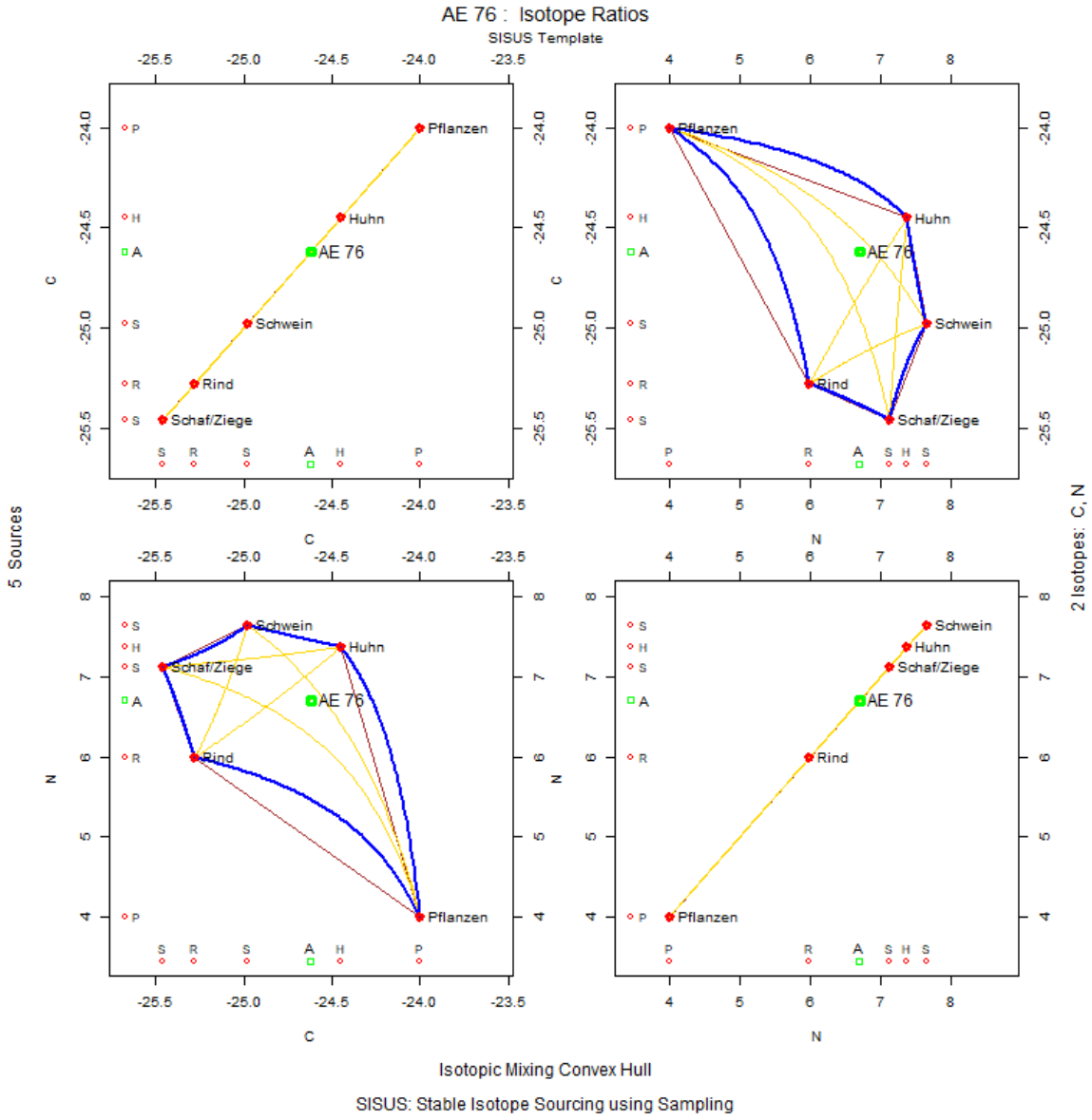


Abbildung 1068: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 76 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

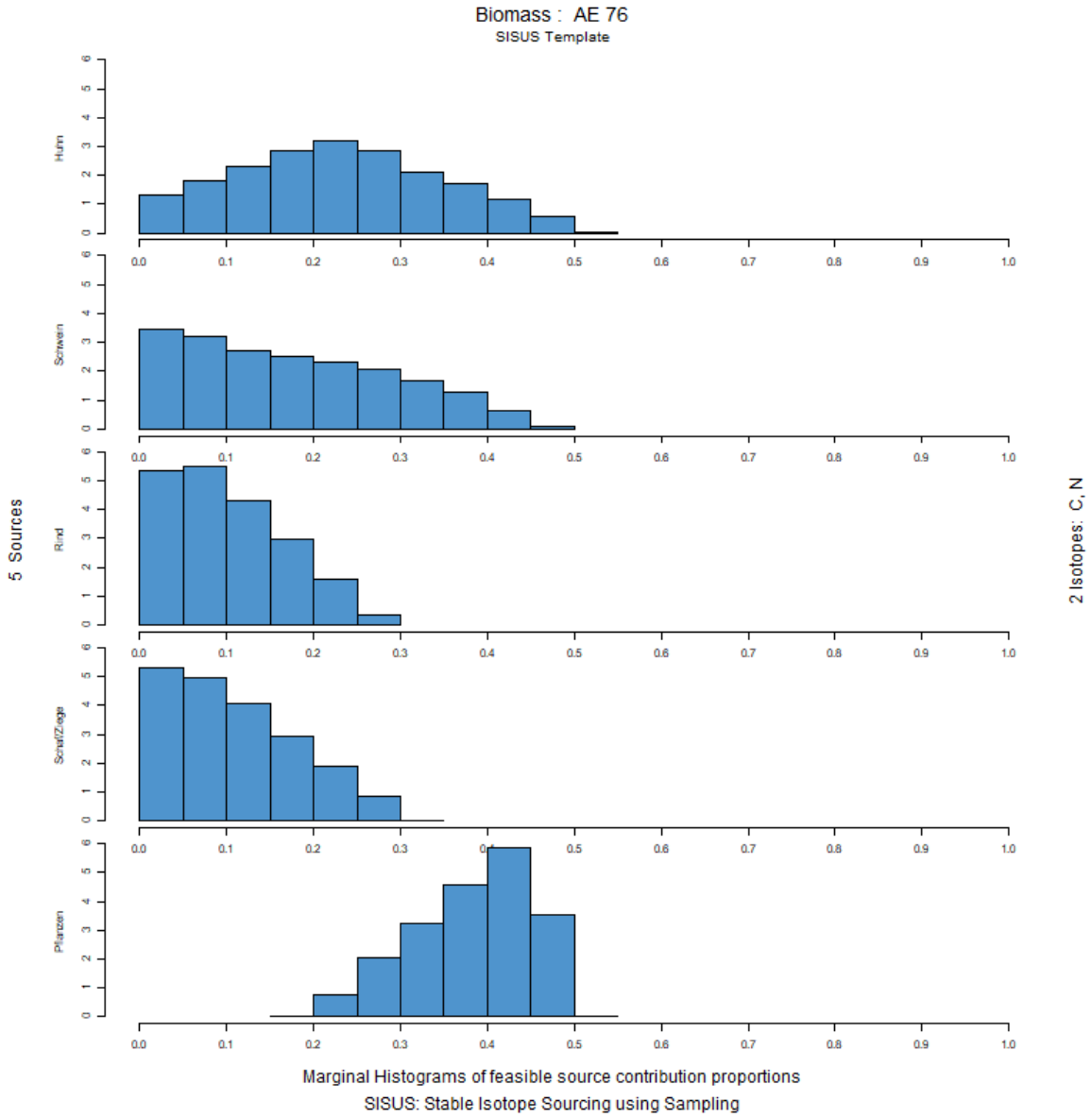


Abbildung 1069: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 76. Erstellt mit SISUS.

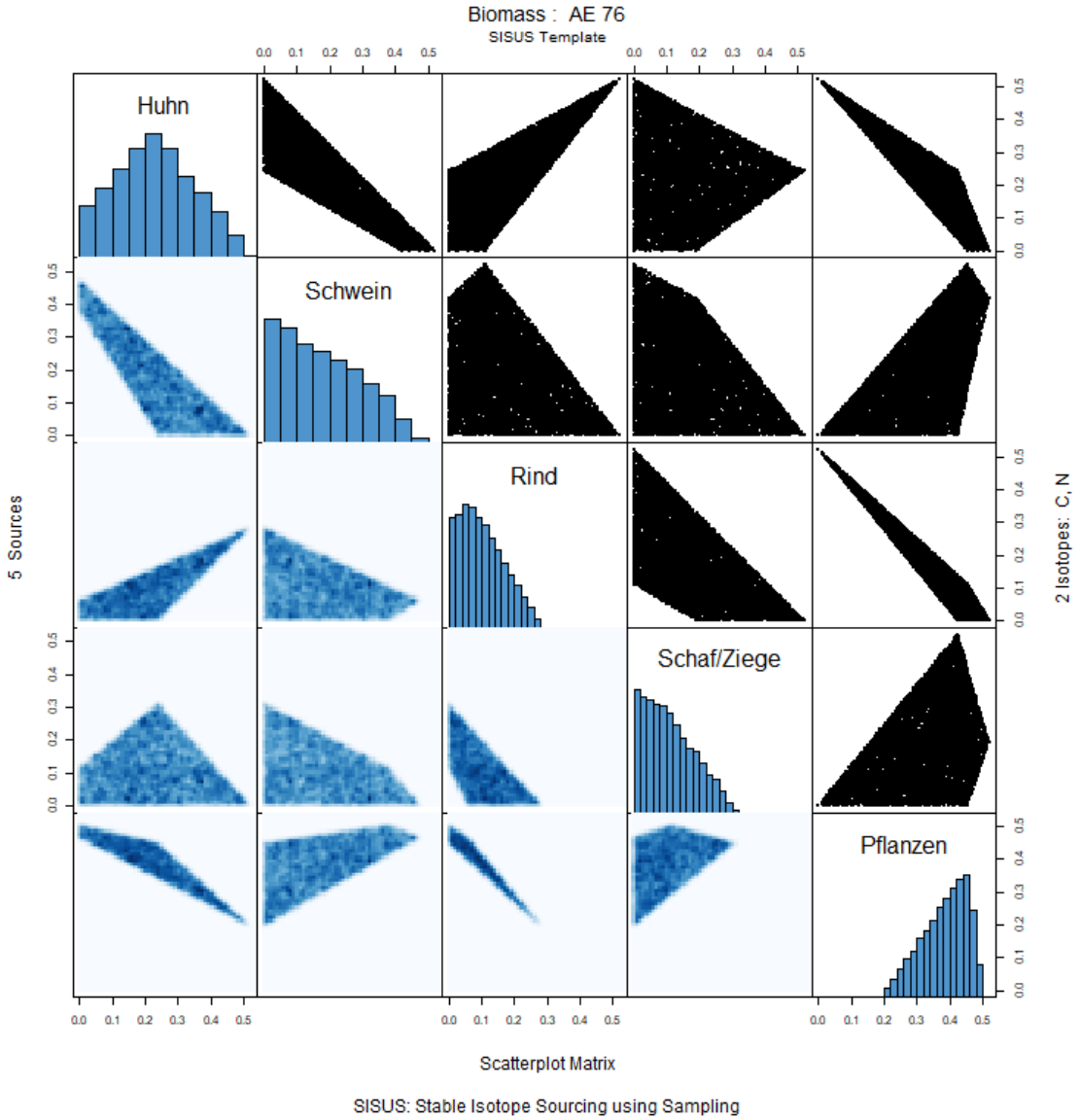


Abbildung 1070: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 76. Erstellt mit SISUS.

AE91

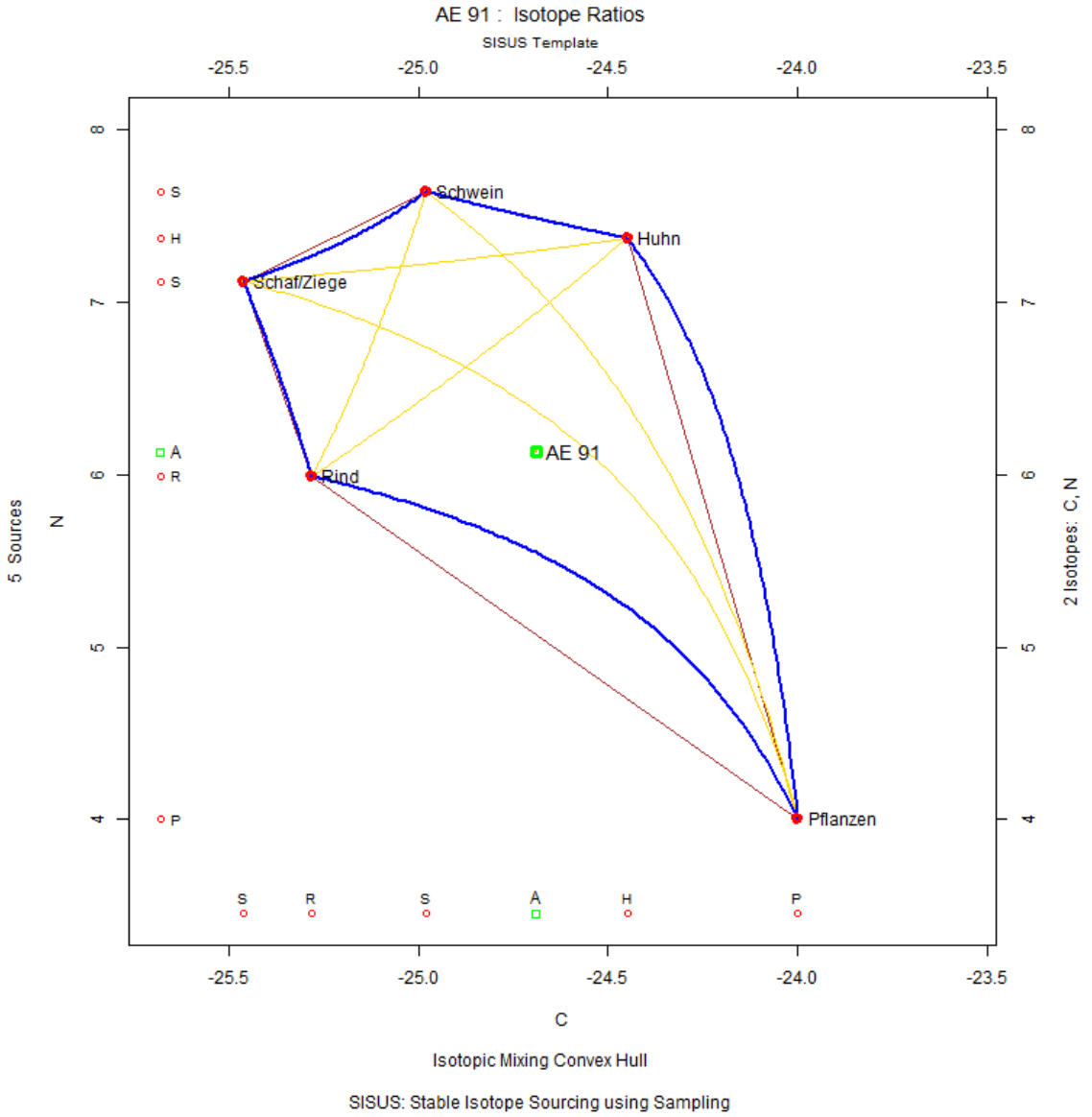


Abbildung 1071: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 91. Erstellt mit SISUS.

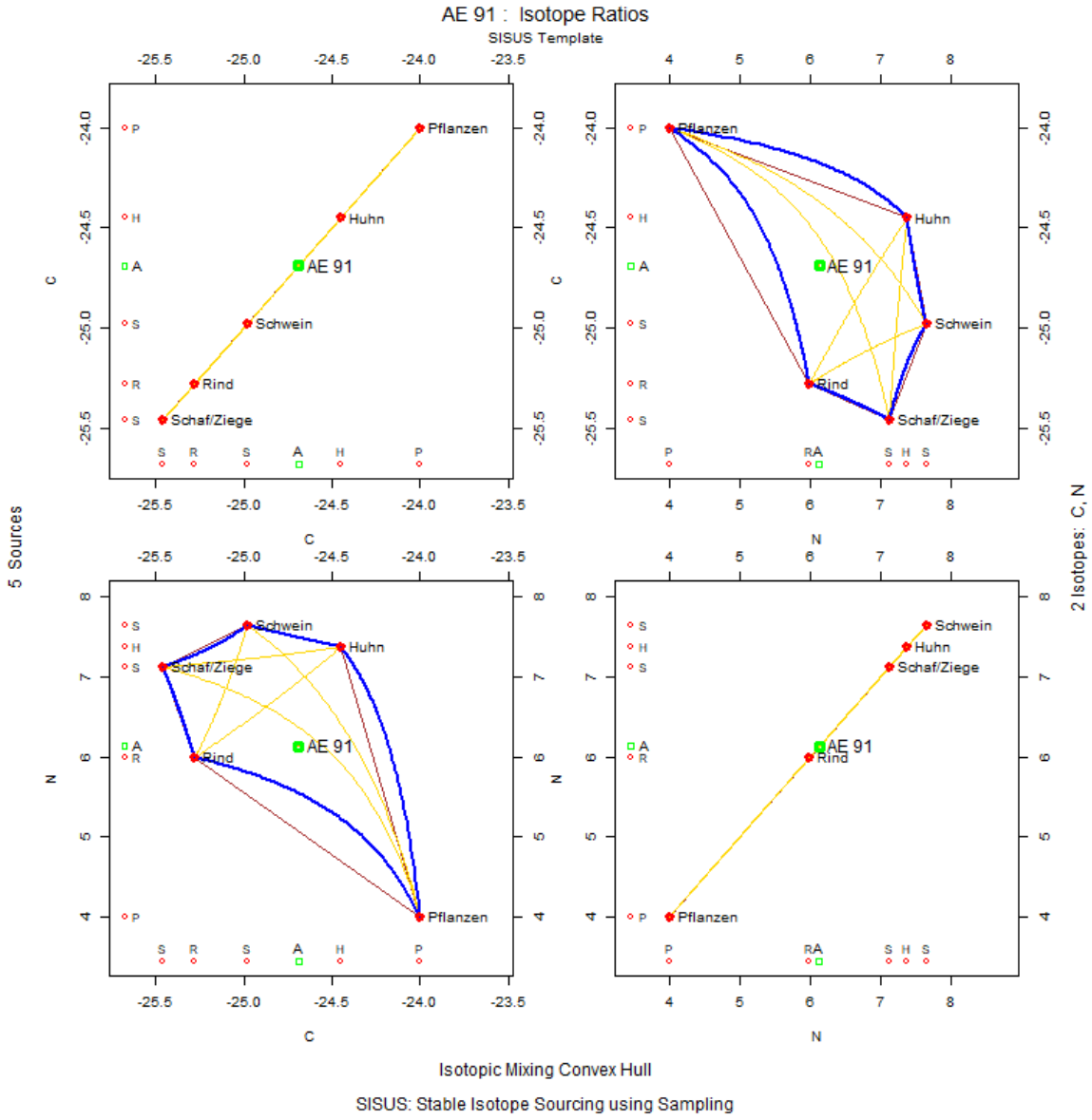


Abbildung 1072: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 91 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

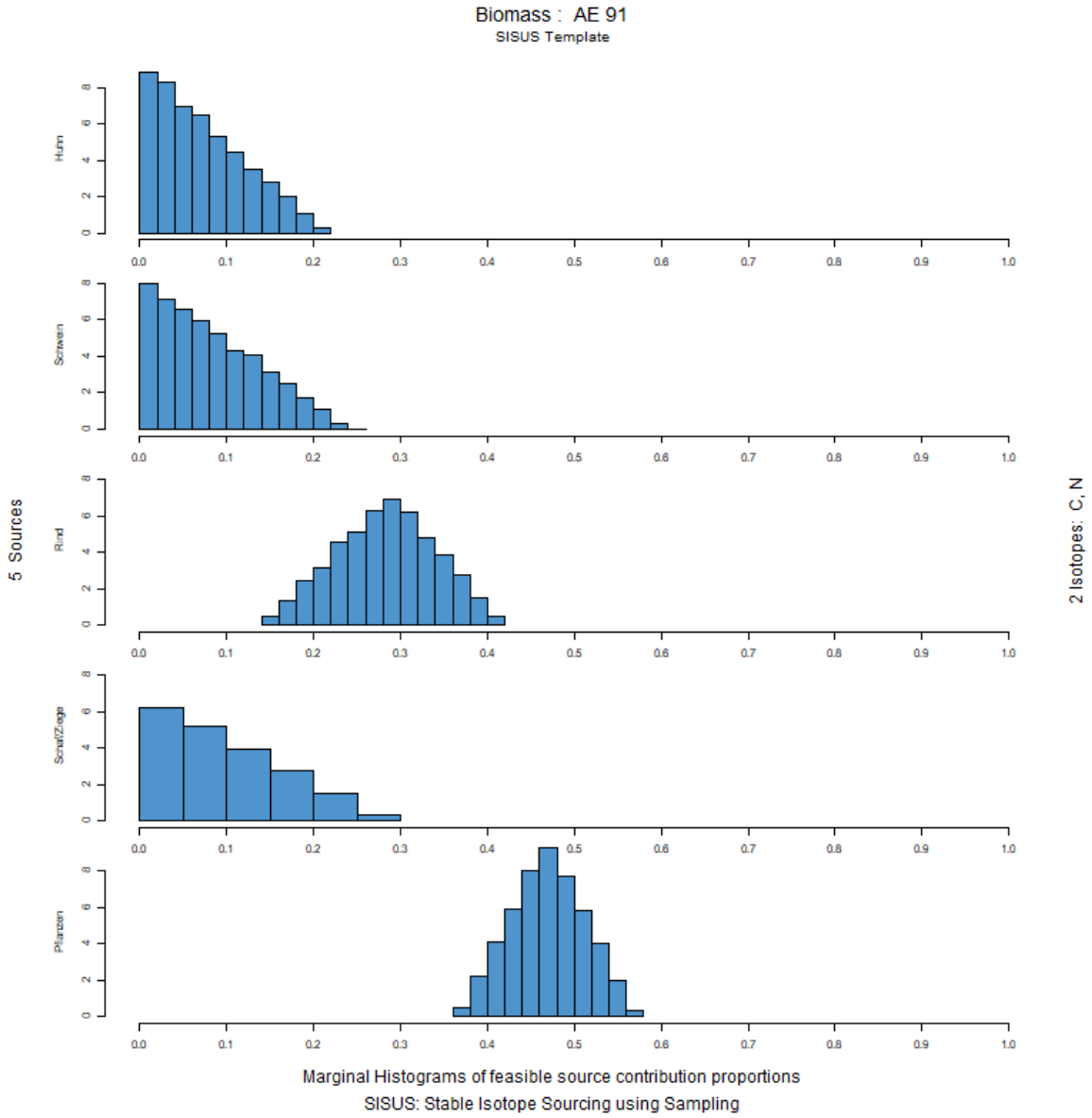


Abbildung 1073: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 91. Erstellt mit SISUS.

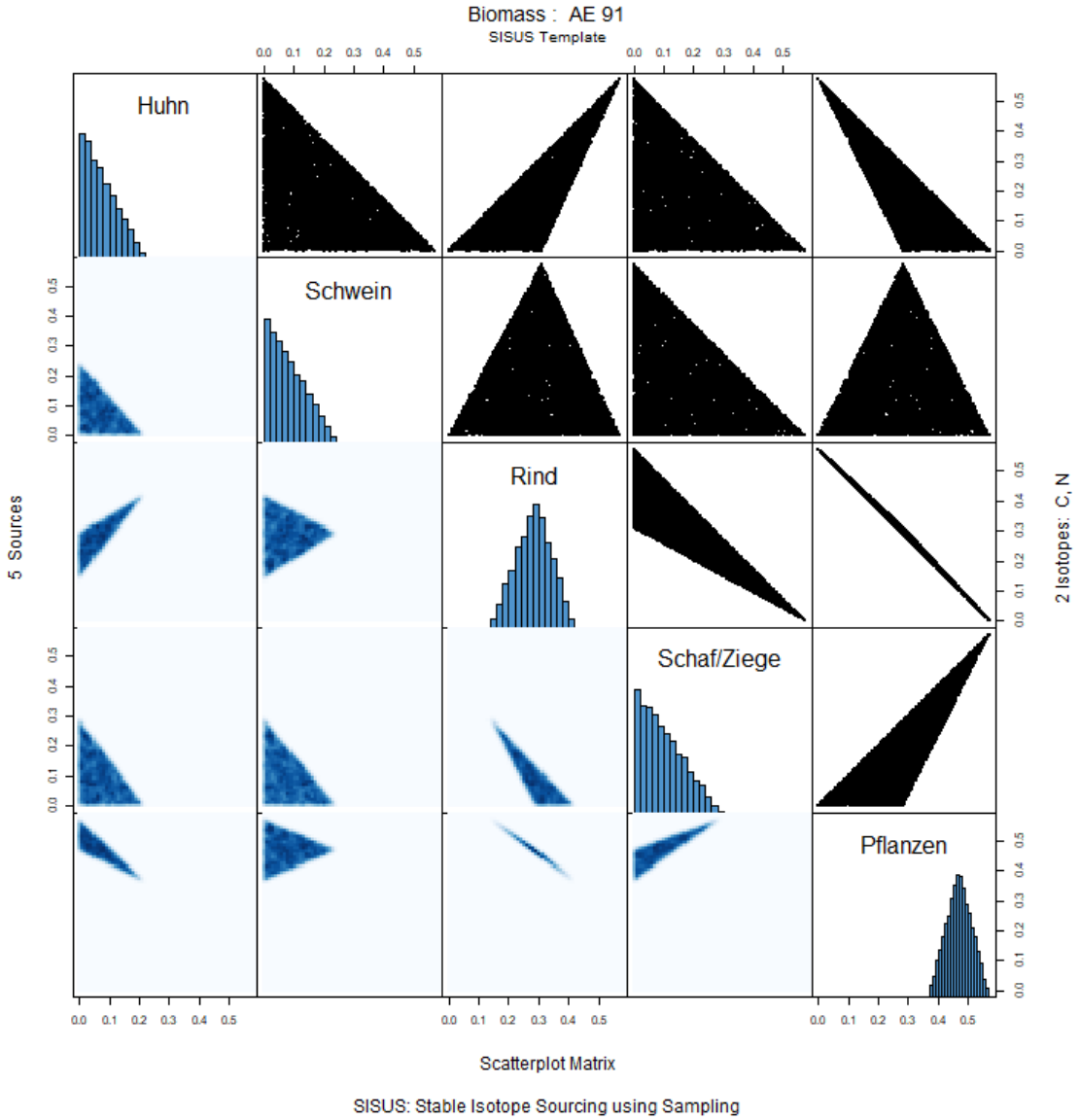


Abbildung 1074: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 91. Erstellt mit SISUS.

AE92

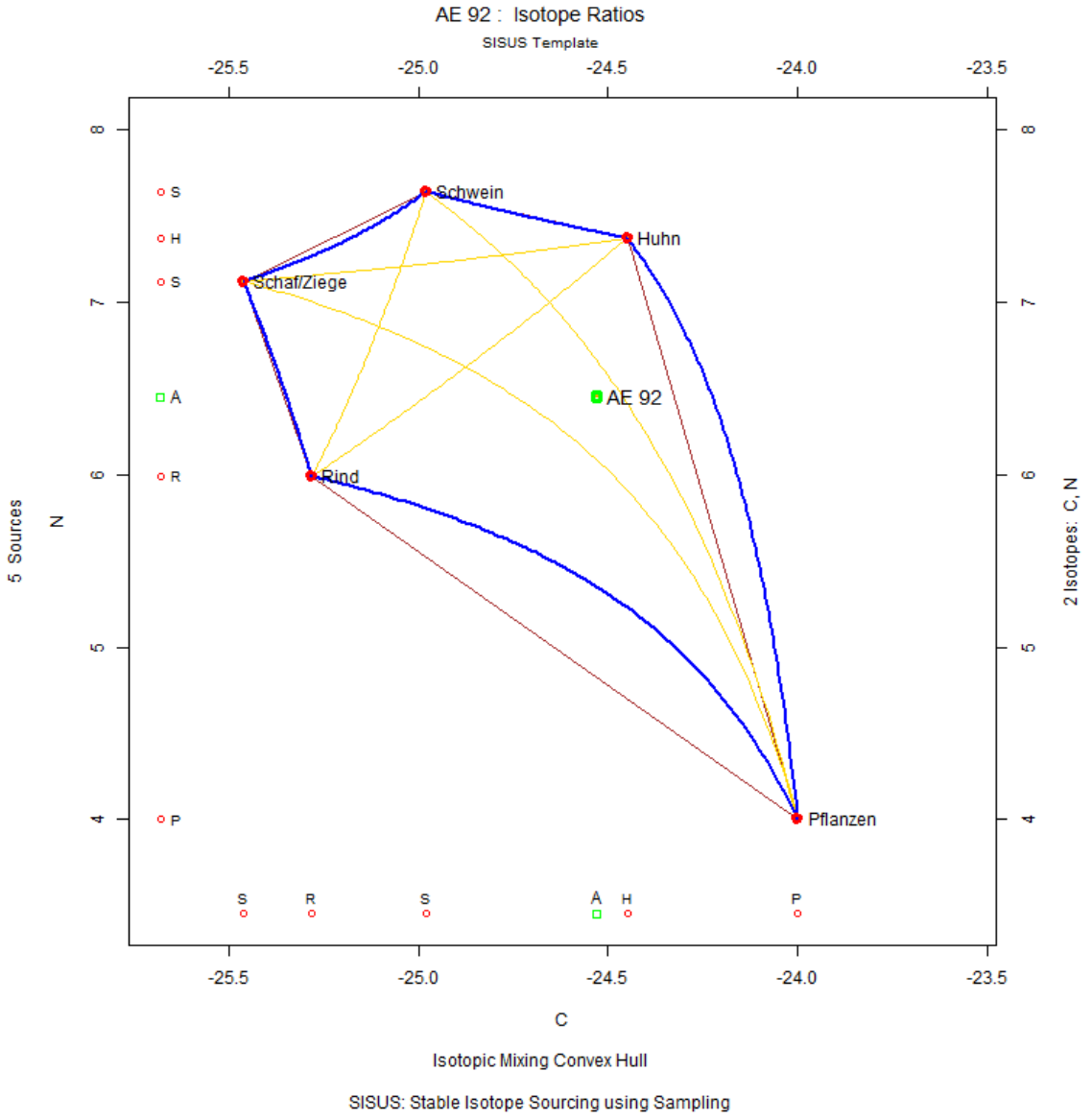


Abbildung 1075: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 92. Erstellt mit SISUS.

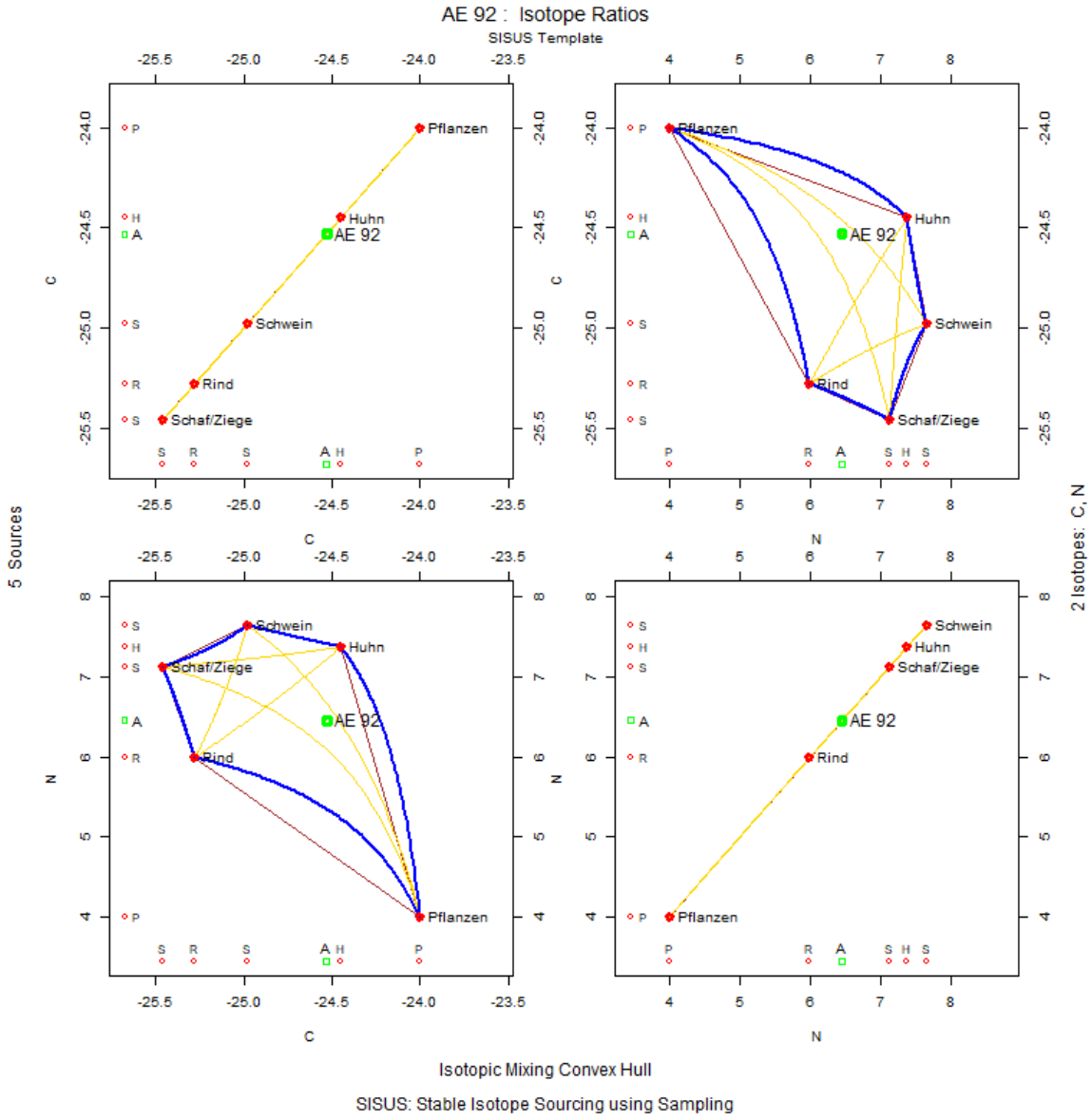


Abbildung 1076: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 92 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

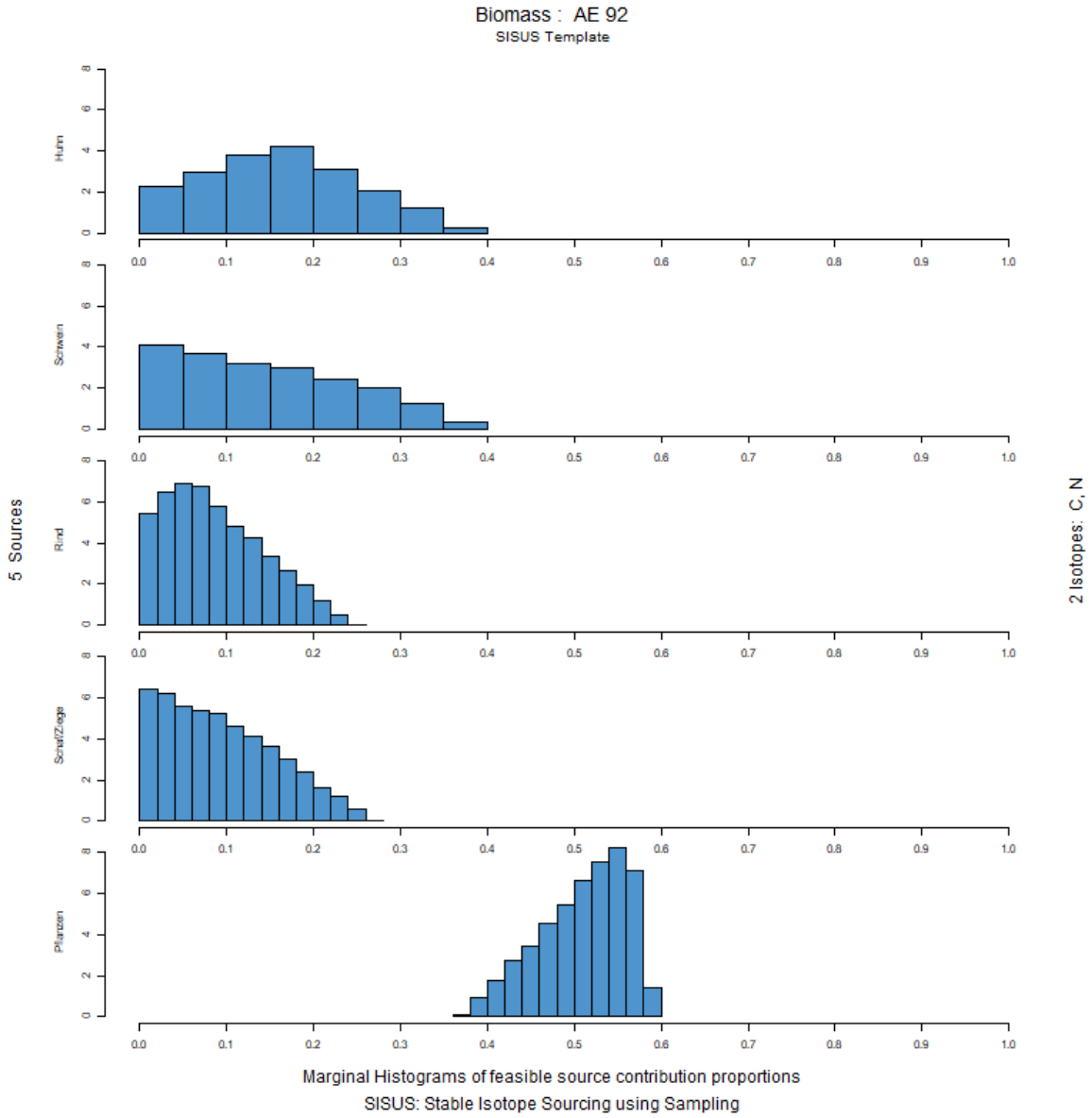


Abbildung 1077: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 92. Erstellt mit SISUS.

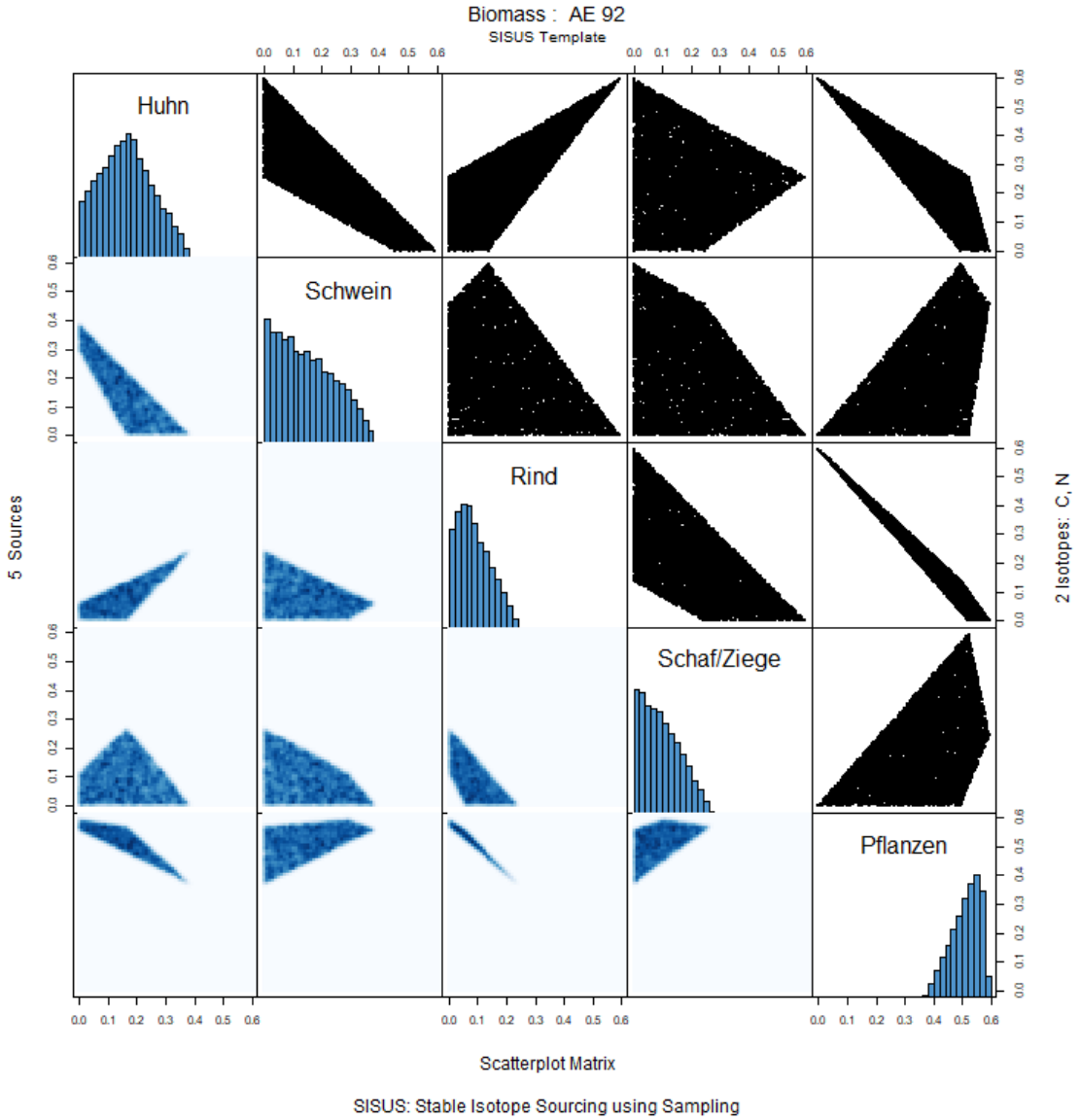


Abbildung 1078: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 92. Erstellt mit SISUS.

AE105

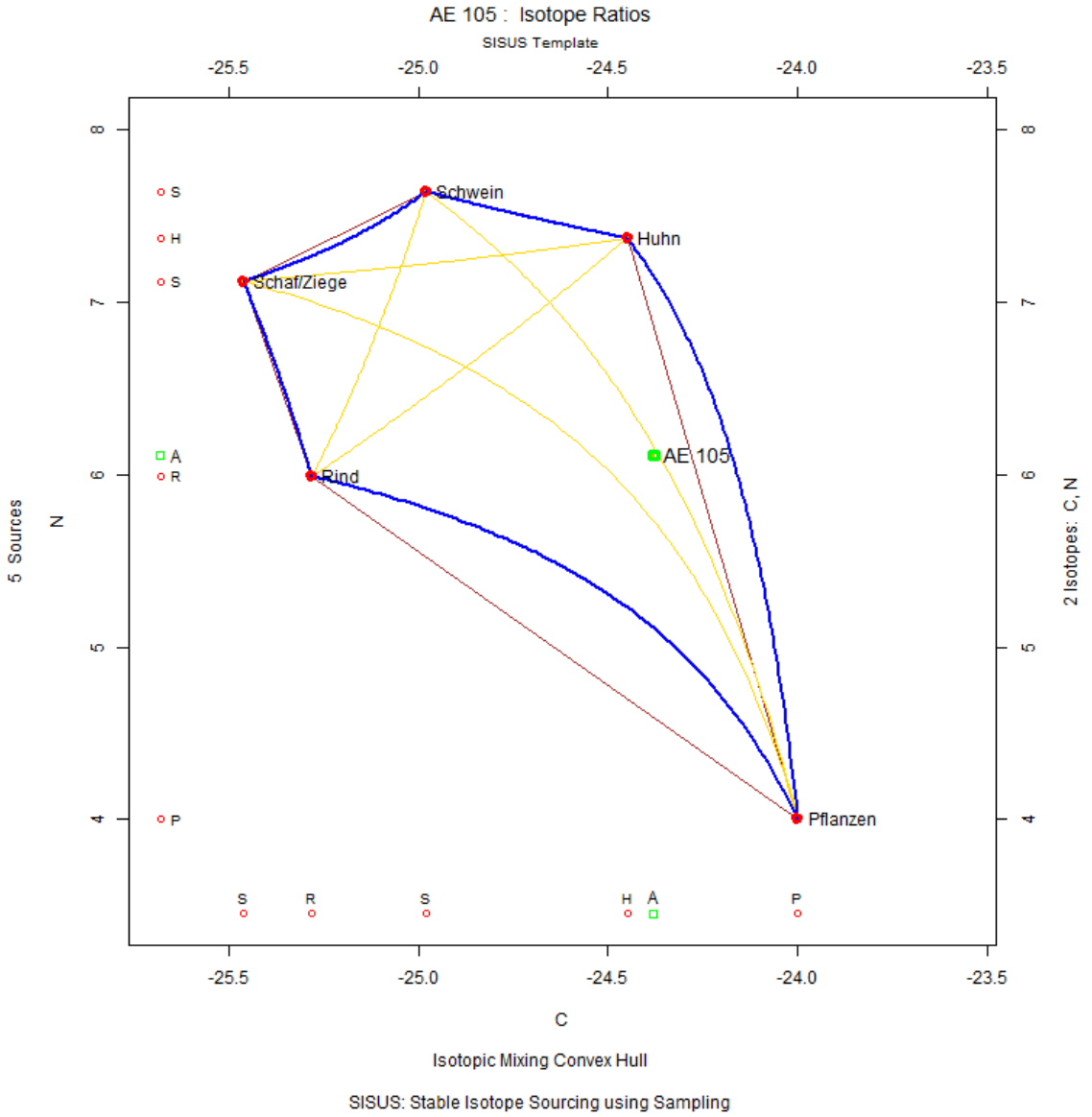


Abbildung 1079: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 105. Erstellt mit SISUS

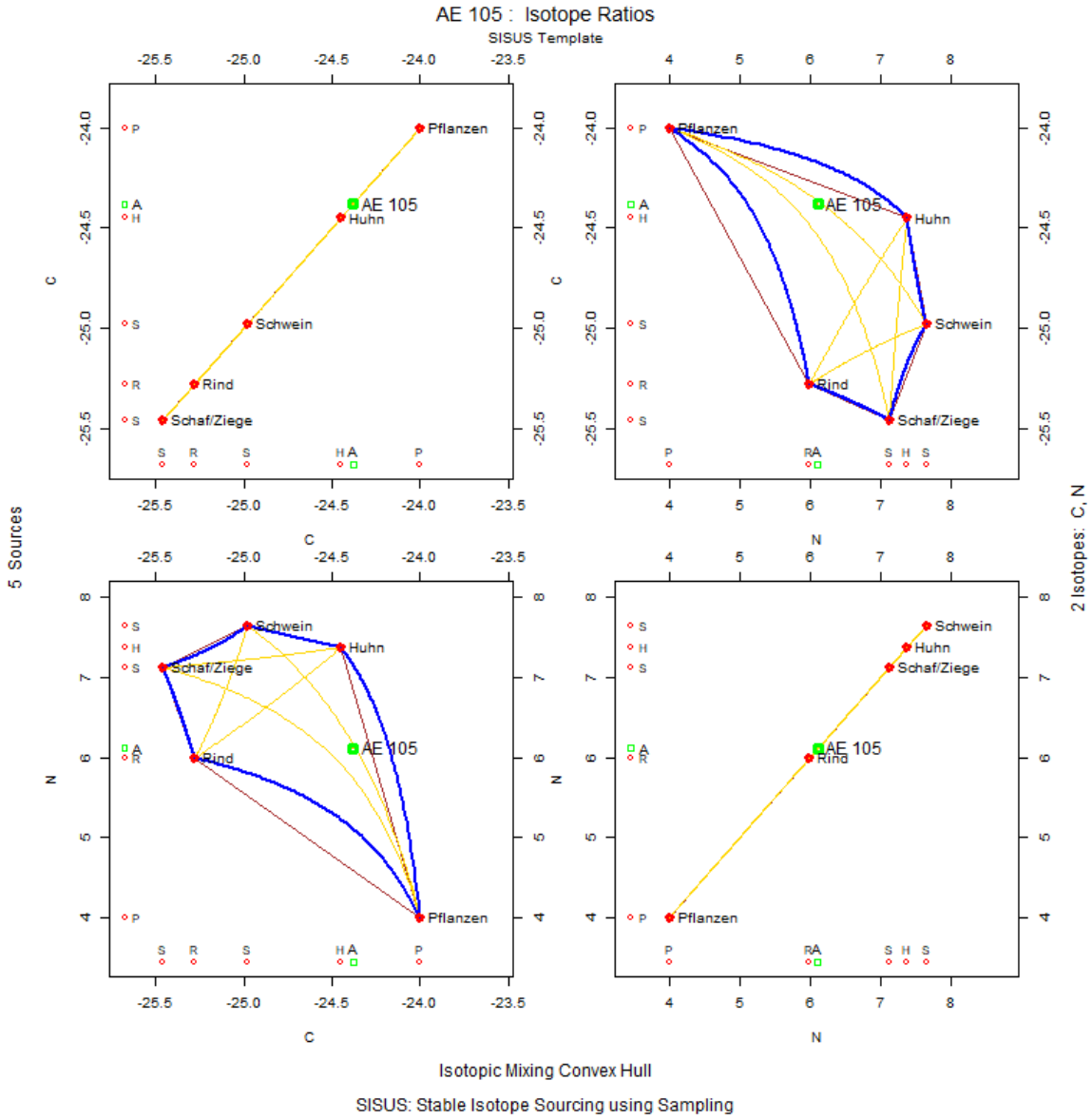


Abbildung 1080: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 105 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

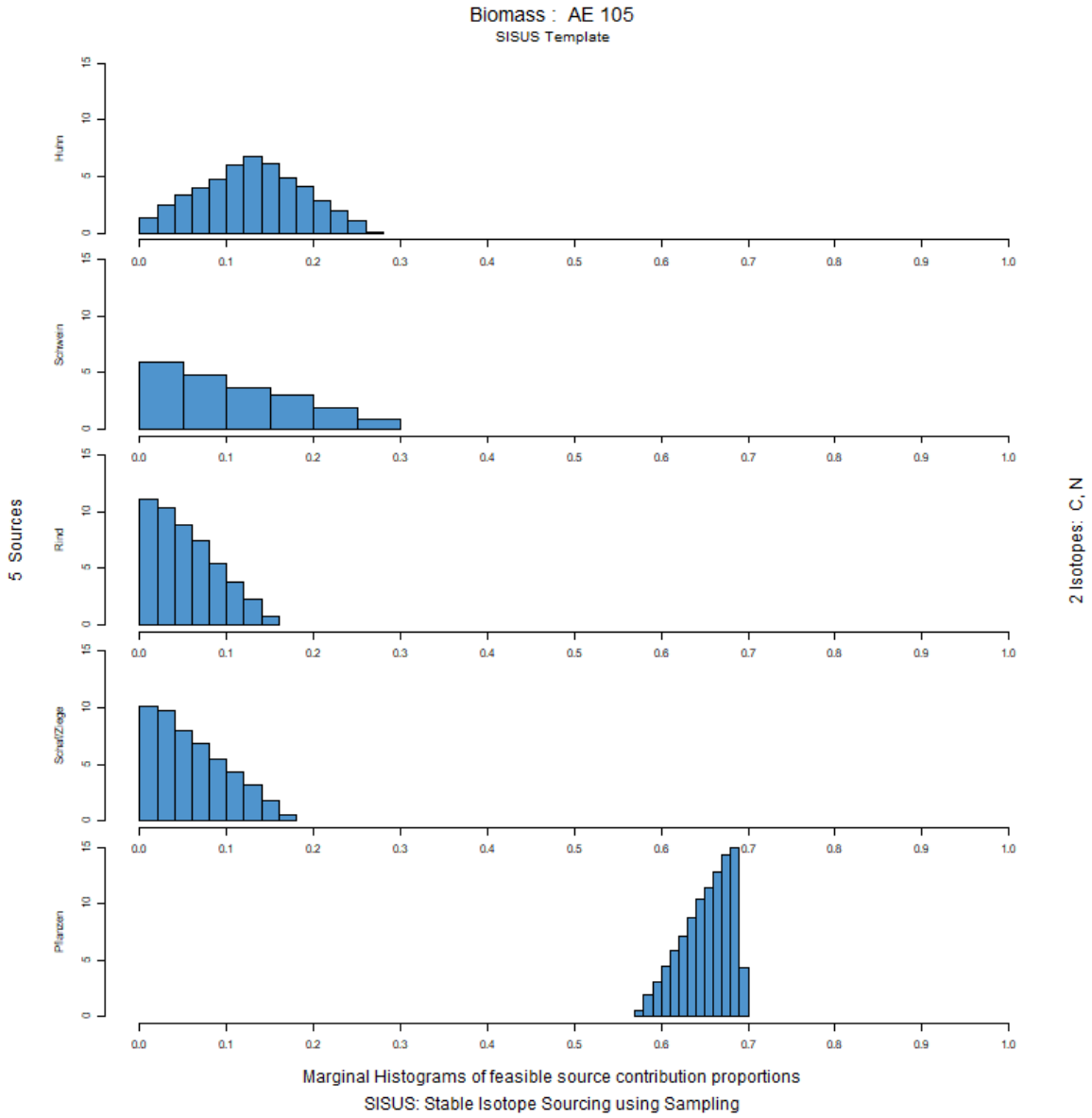


Abbildung 1081: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 105. Erstellt mit SISUS.

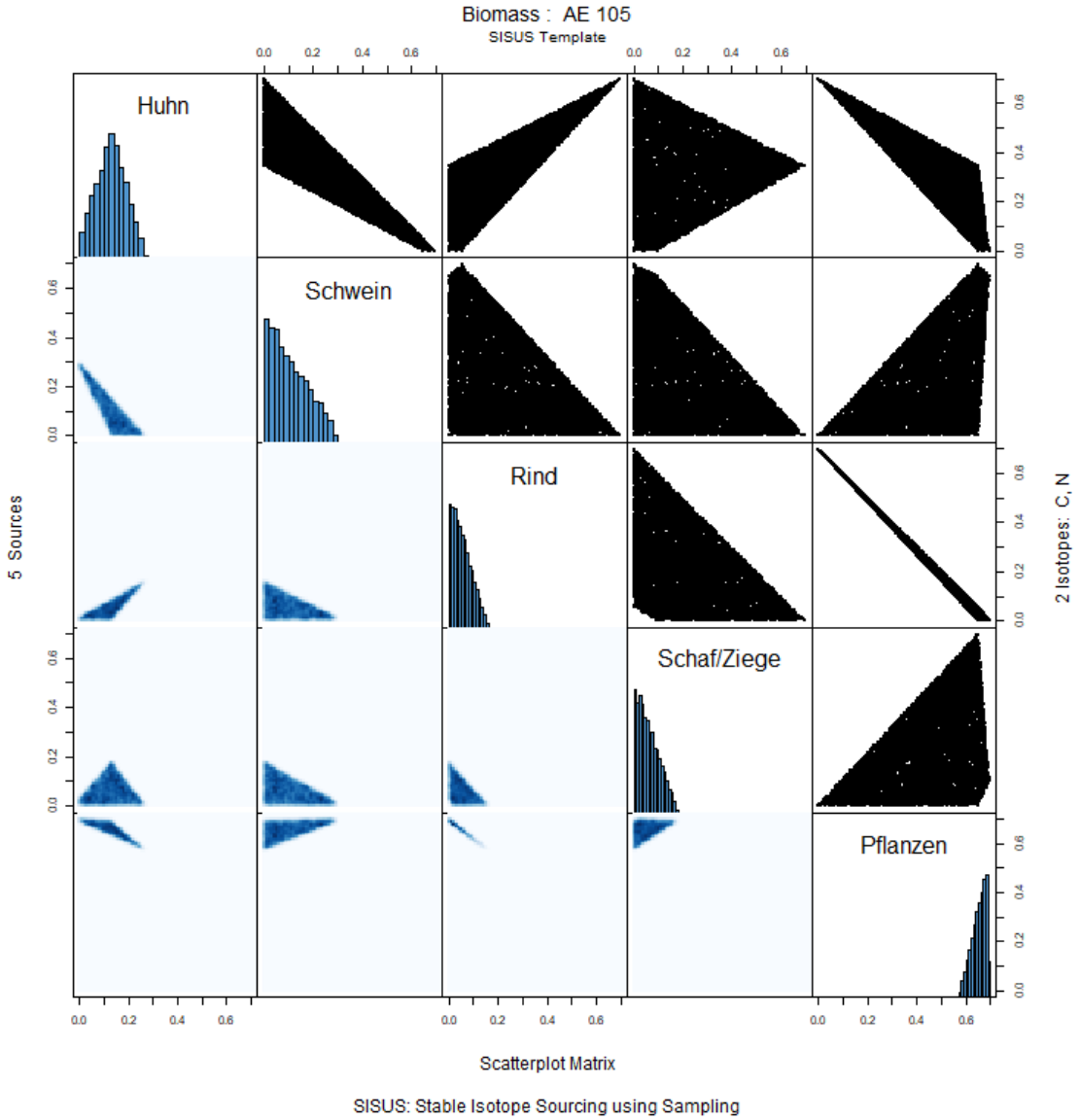


Abbildung 1082: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 105. Erstellt mit SISUS.

AE106

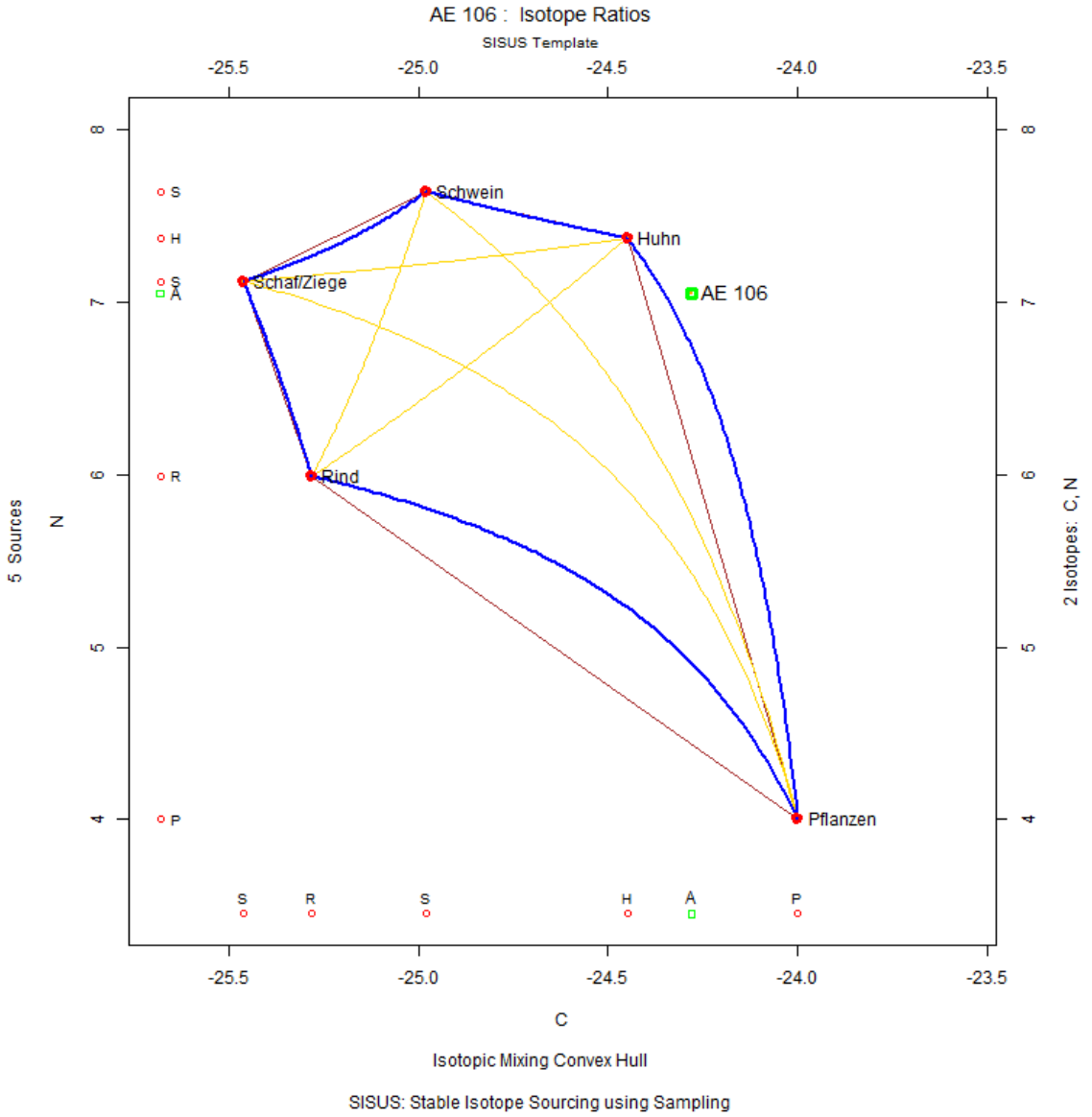


Abbildung 1083: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 106. Erstellt mit SISUS

AE117

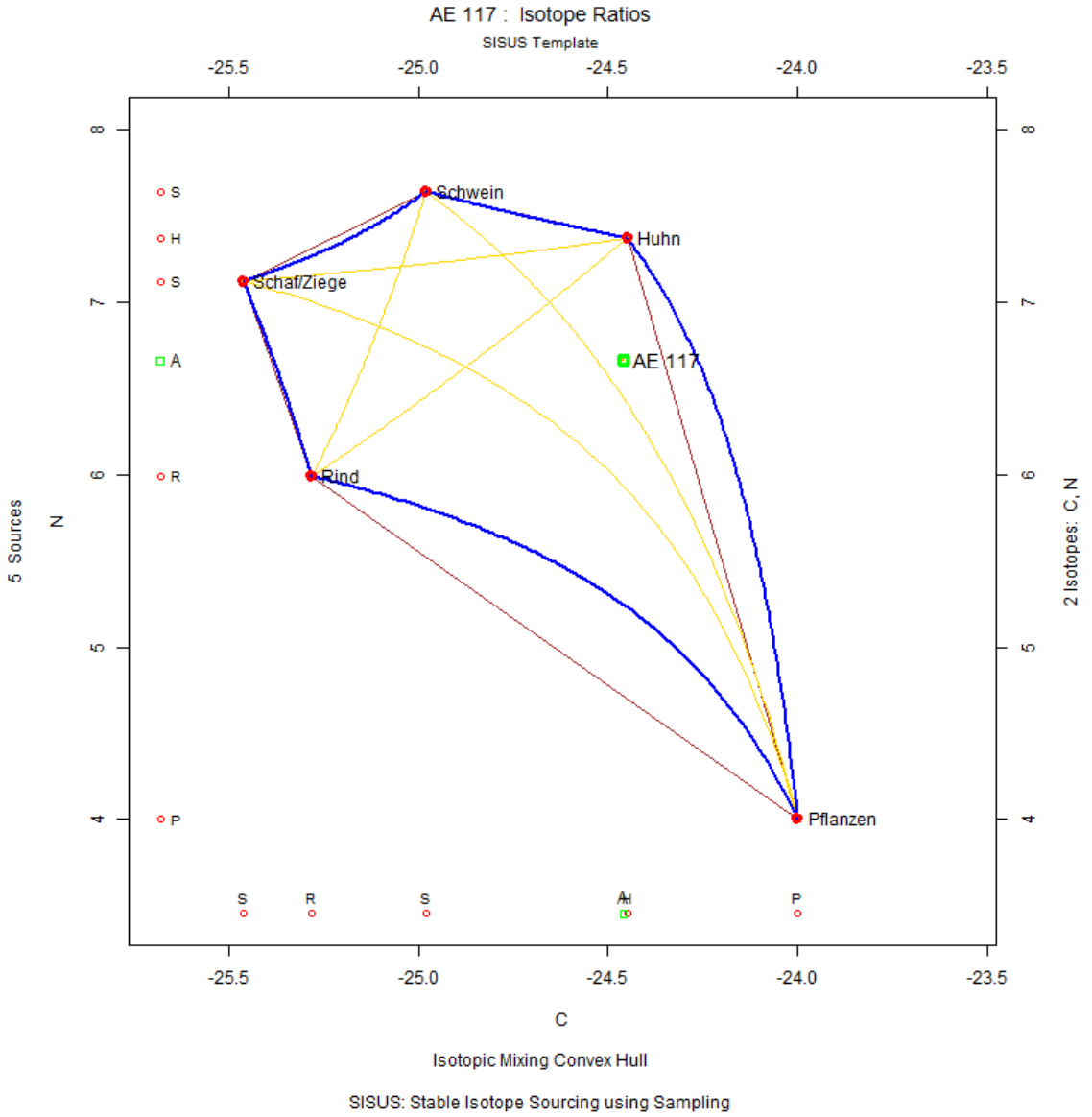


Abbildung 1084: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 117. Erstellt mit SISUS

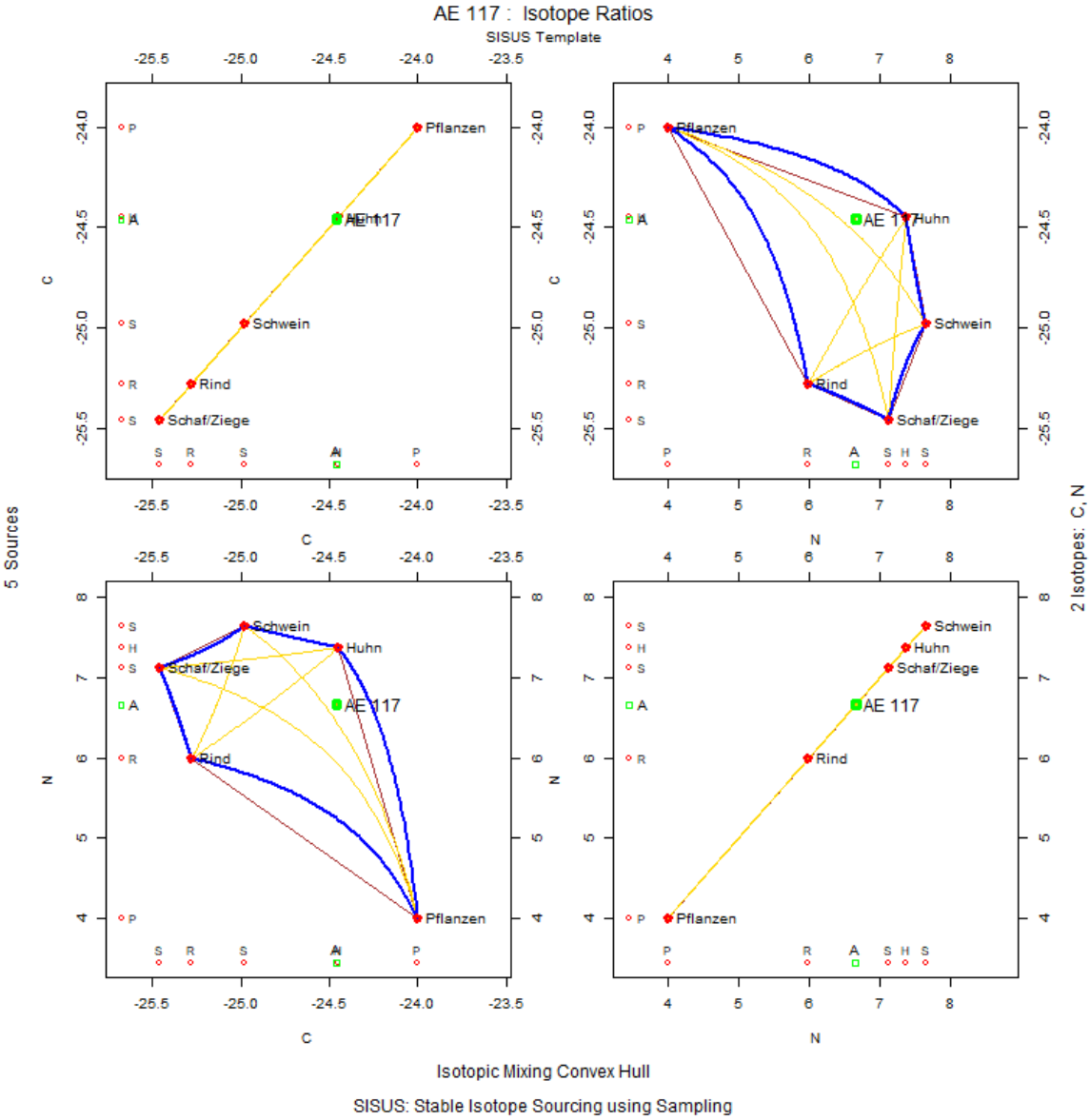


Abbildung 1085: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 117 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

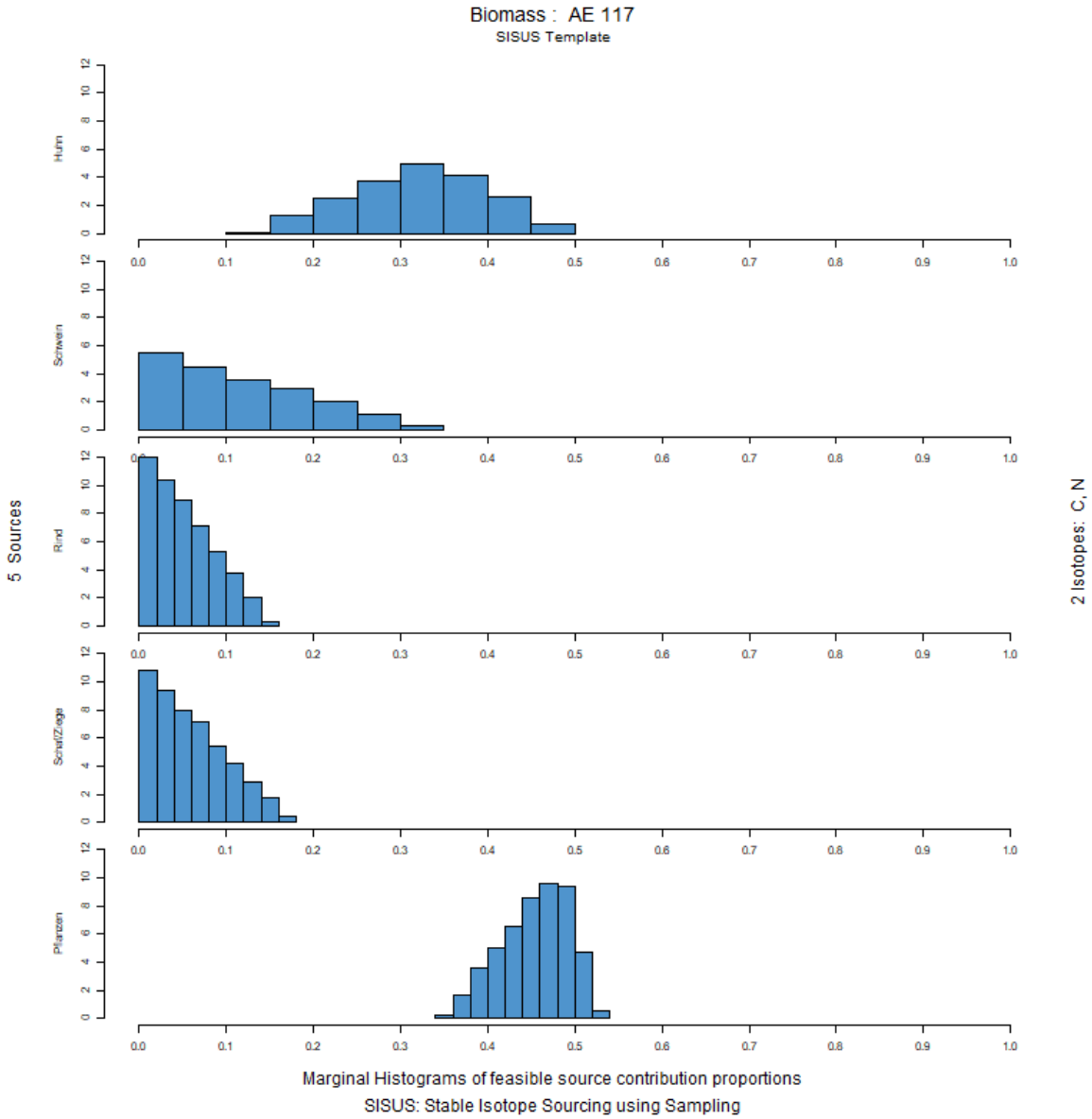


Abbildung 1086: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 117. Erstellt mit SISUS.

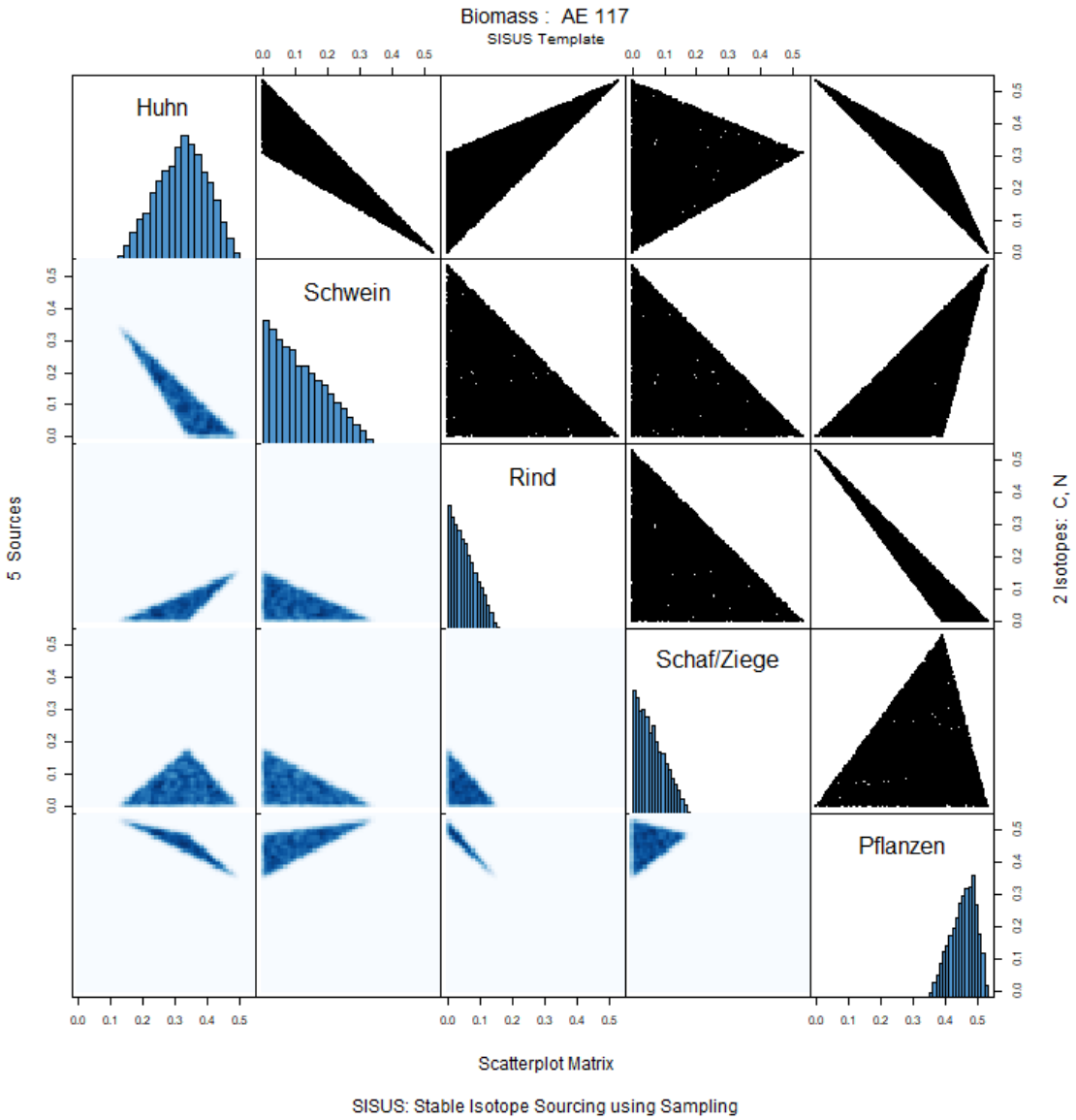


Abbildung 1087: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 117. Erstellt mit SISUS.

AE142

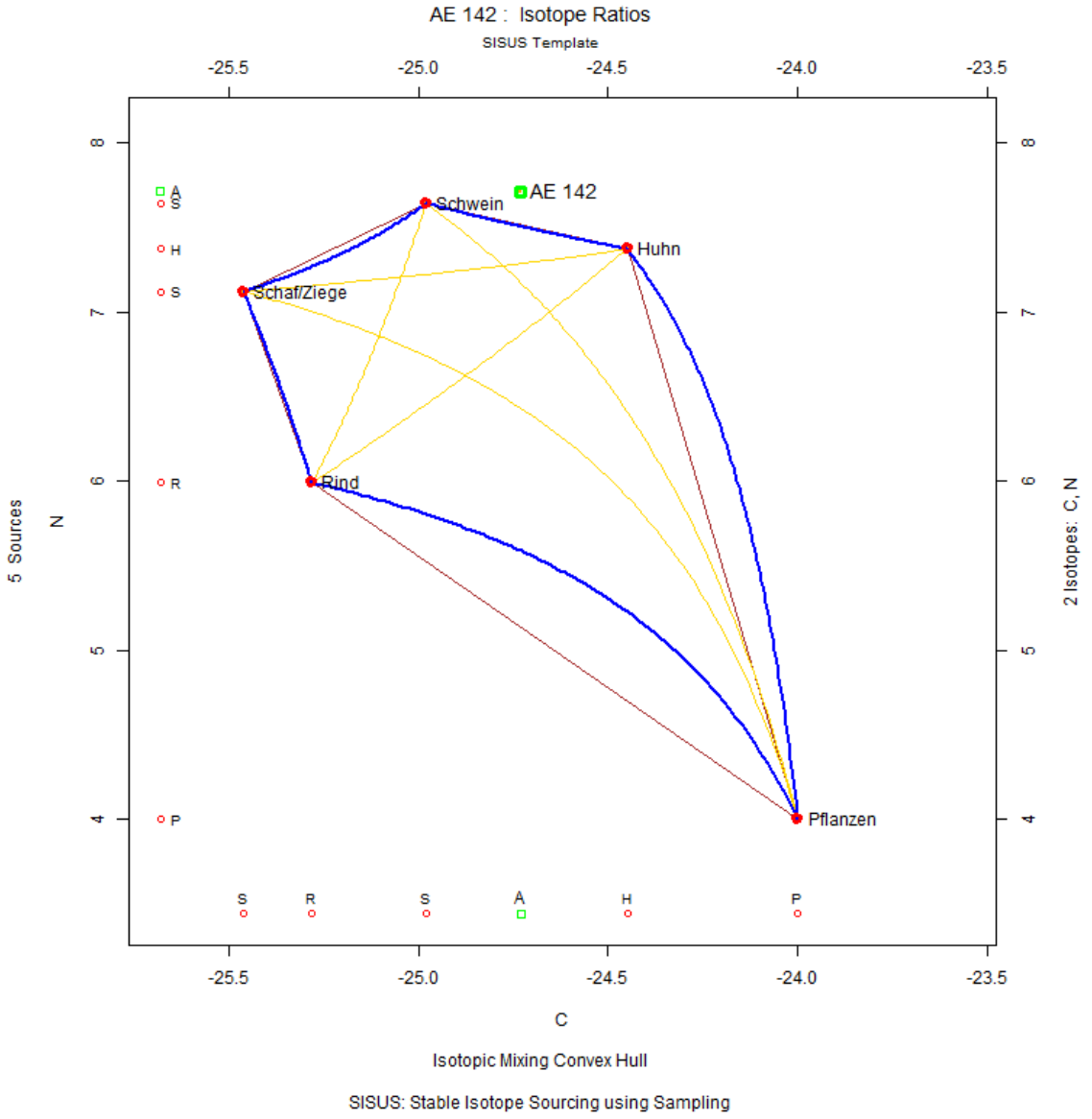


Abbildung 1088: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 142. Erstellt mit SISUS

AE146

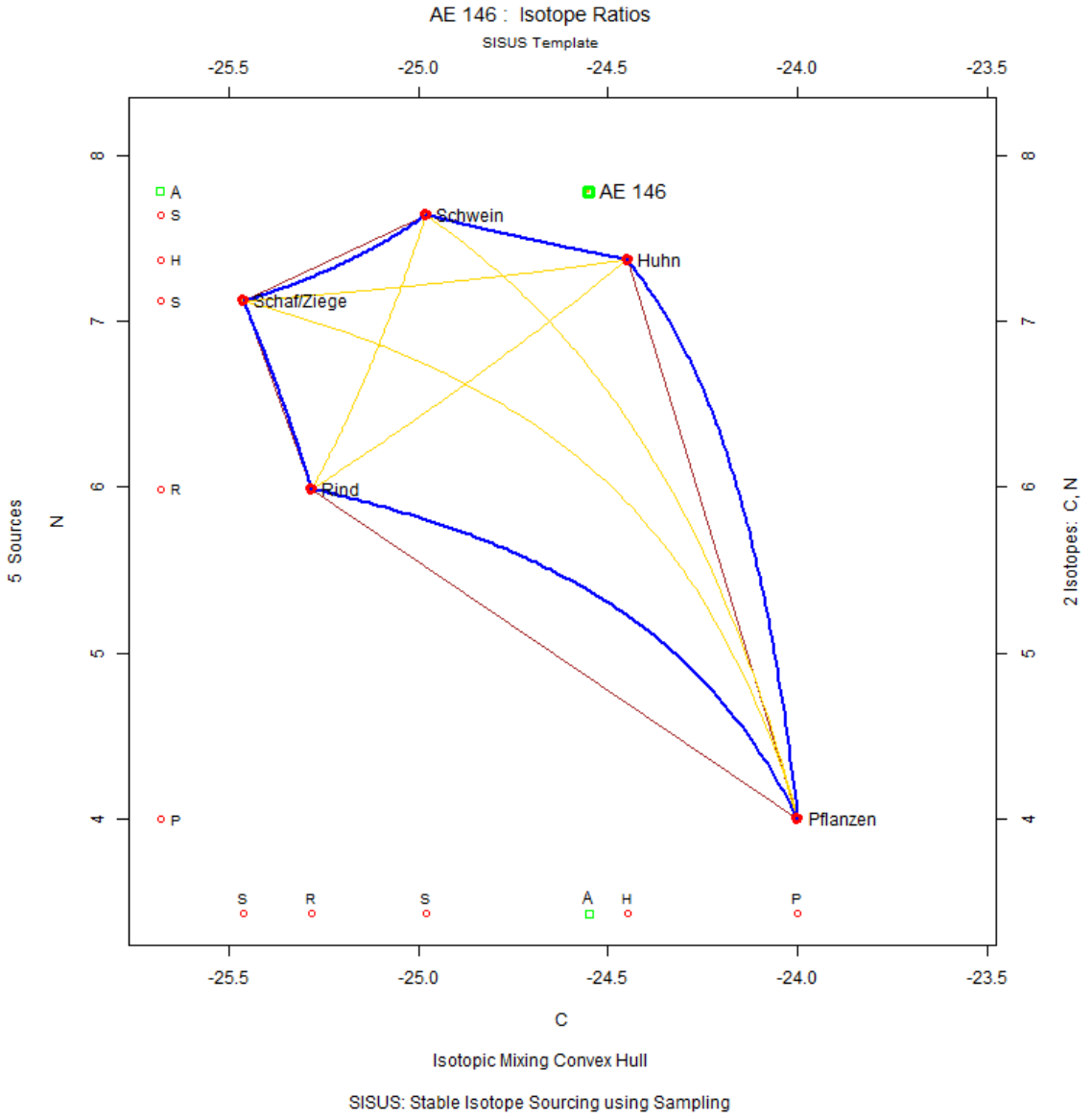


Abbildung 1089: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 146. Erstellt mit SISUS

AE151

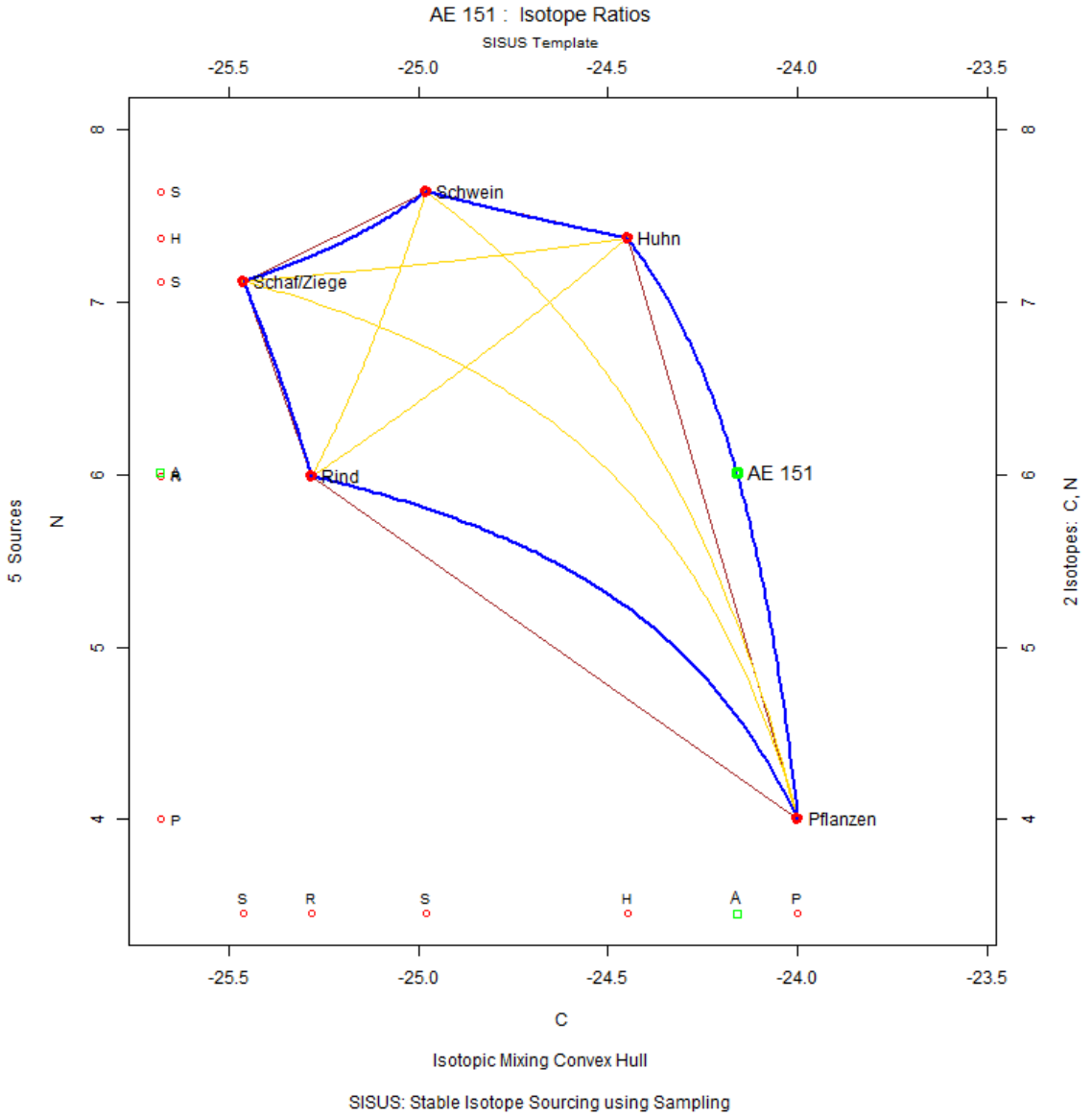


Abbildung 1090: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 151. Erstellt mit SISUS

AE154

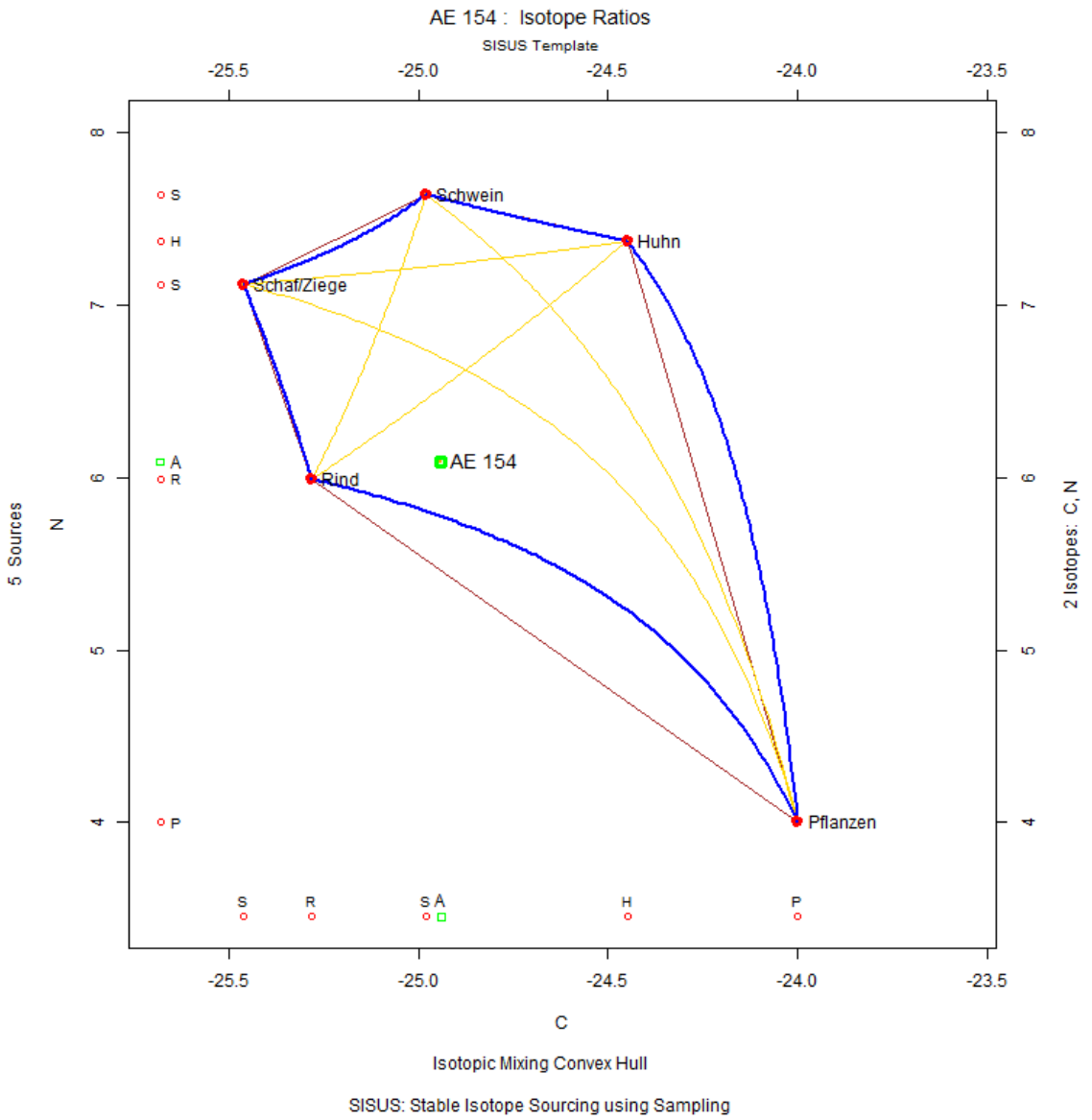


Abbildung 1091: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 154. Erstellt mit SISUS

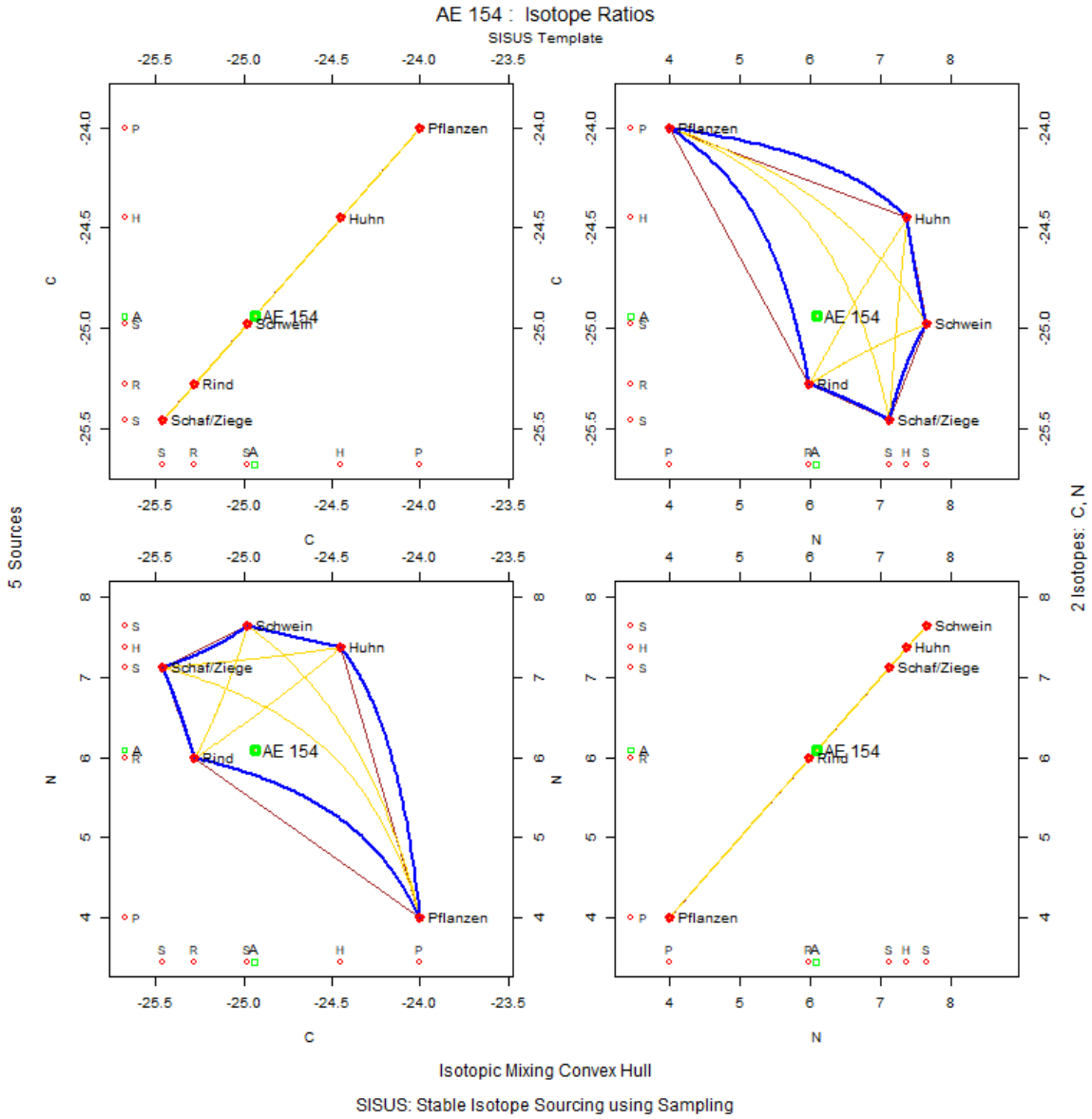


Abbildung 1092: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 154 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

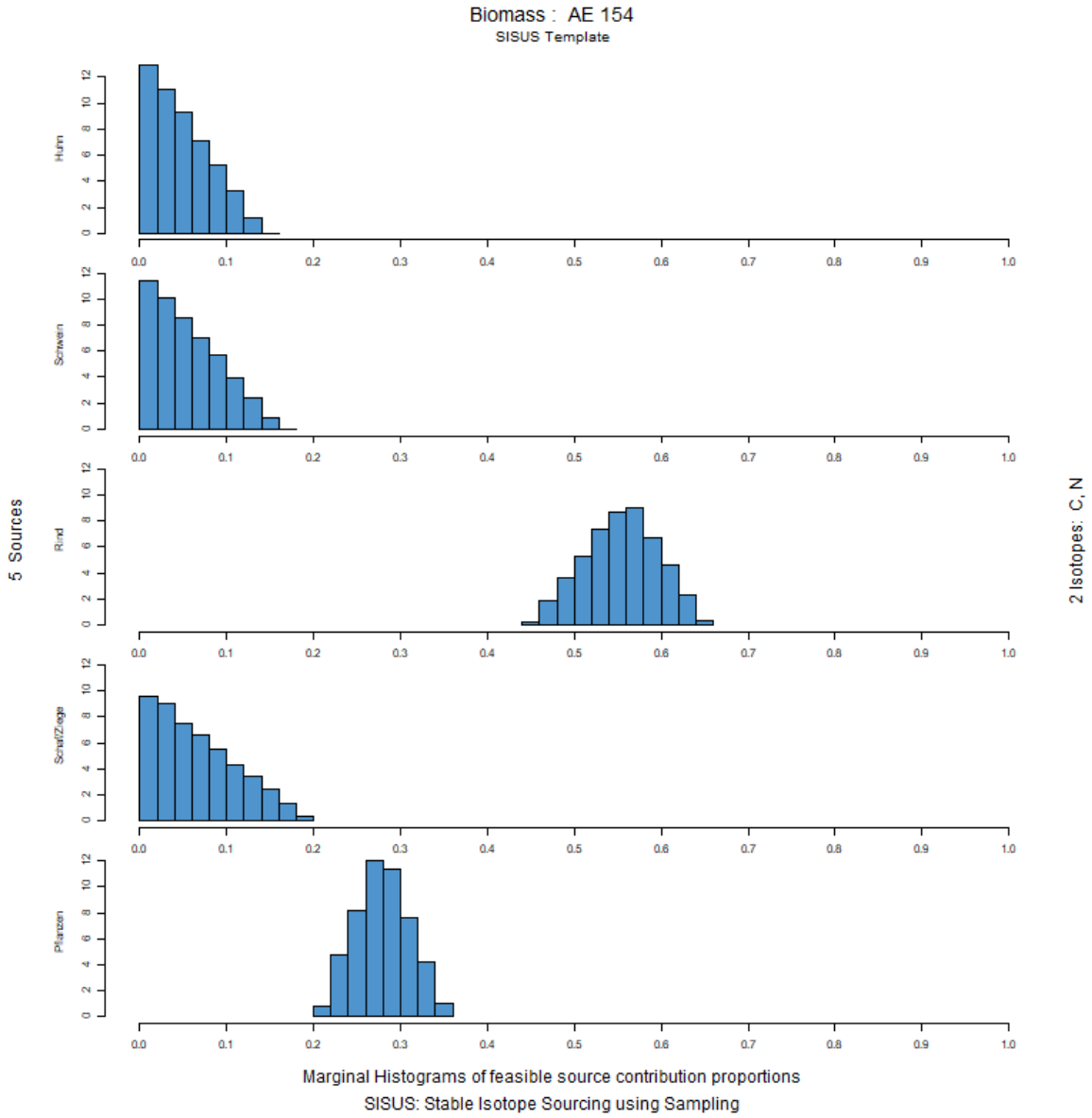


Abbildung 1093: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 154. Erstellt mit SISUS.

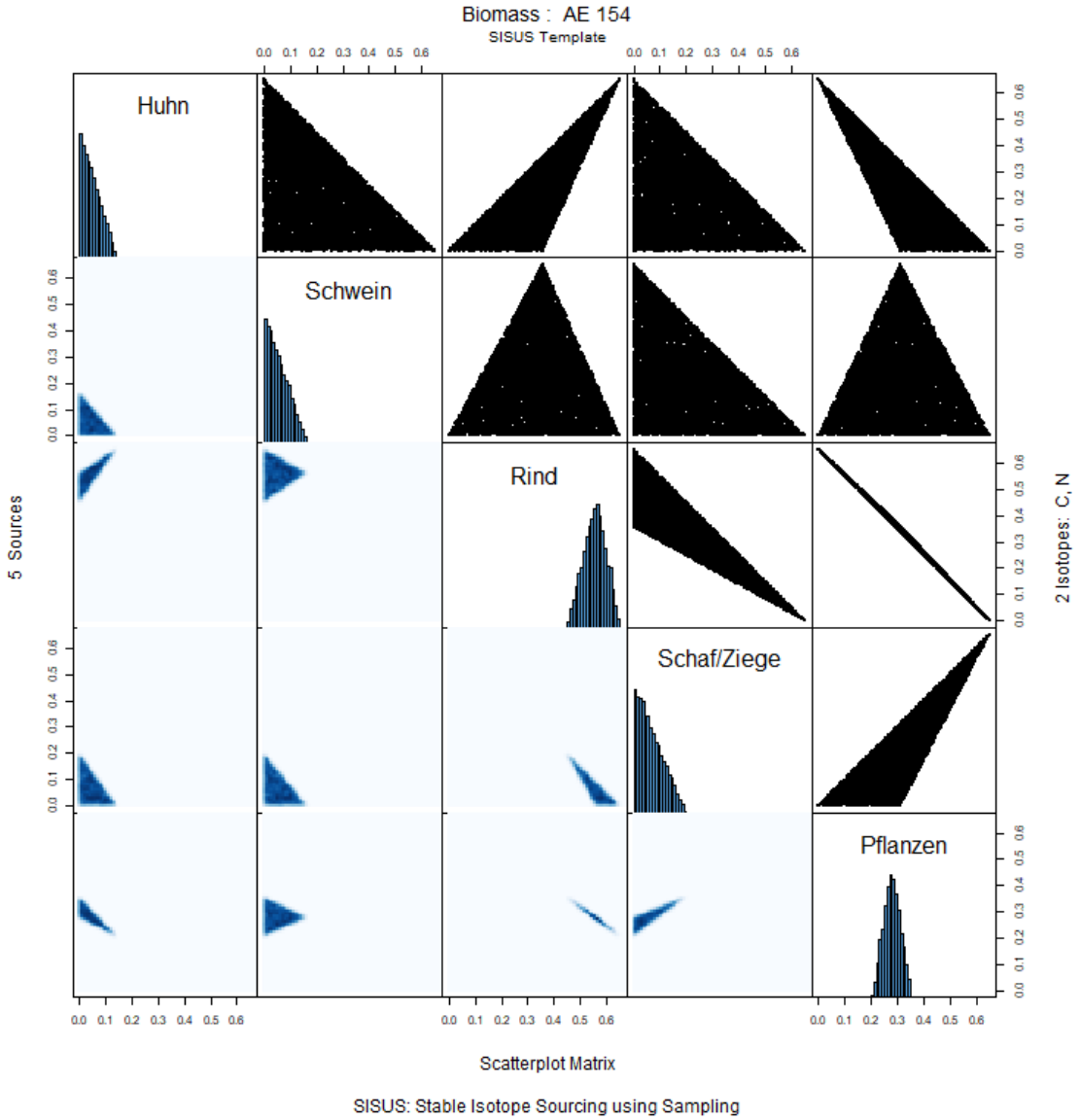


Abbildung 1094: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 154. Erstellt mit SISUS.

AE156

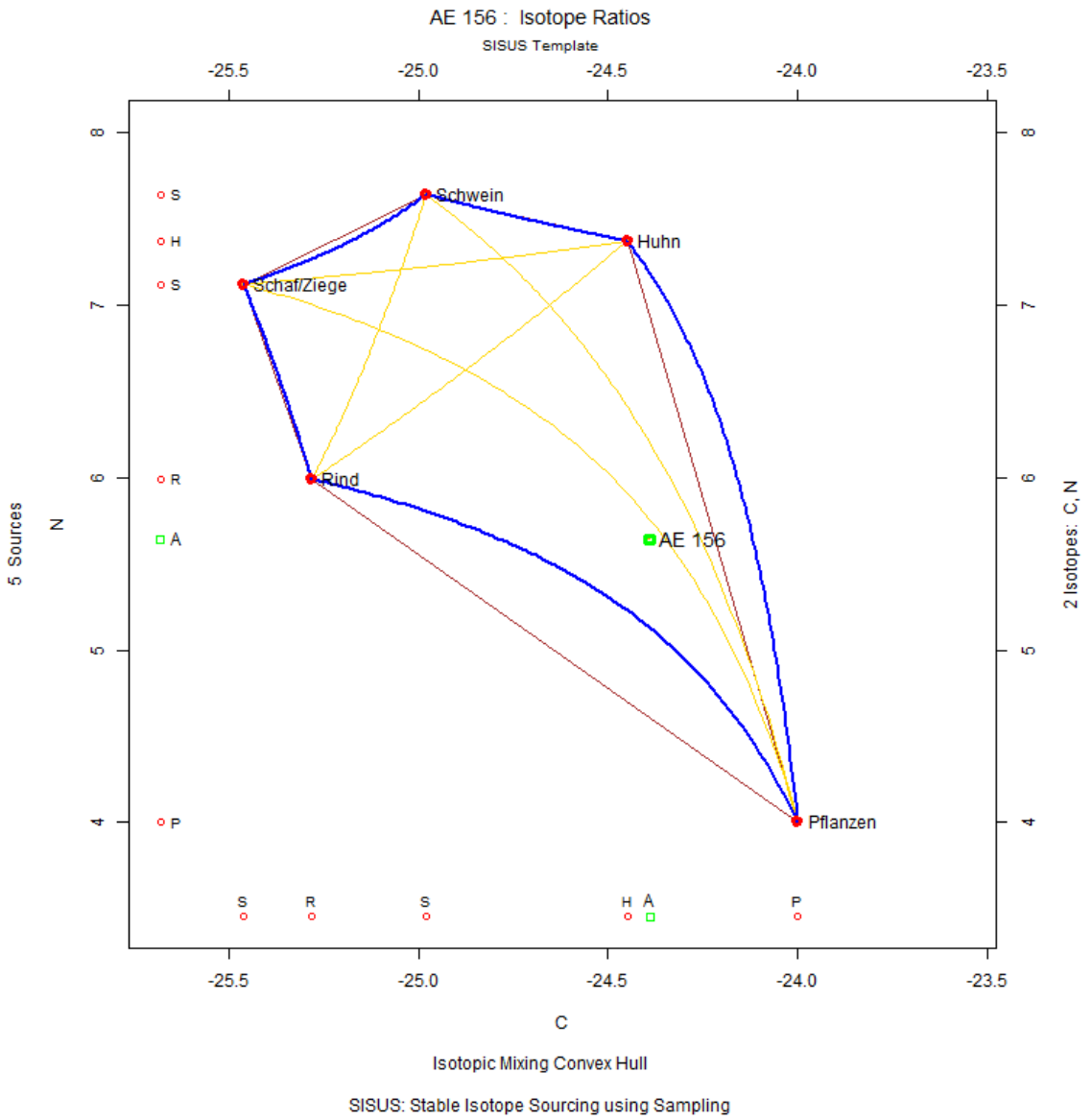


Abbildung 1095: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 156. Erstellt mit SISUS

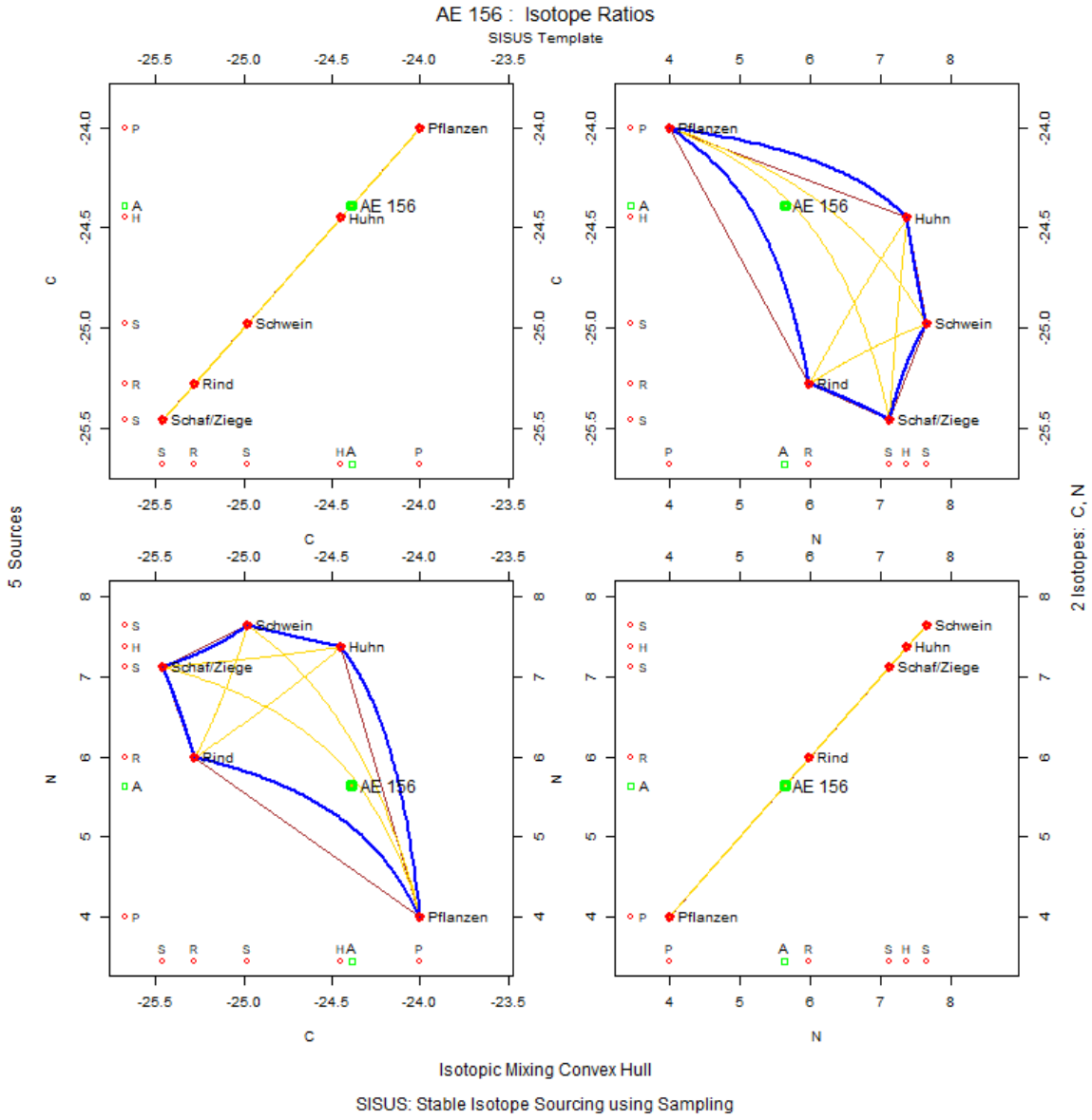


Abbildung 1096: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 156 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

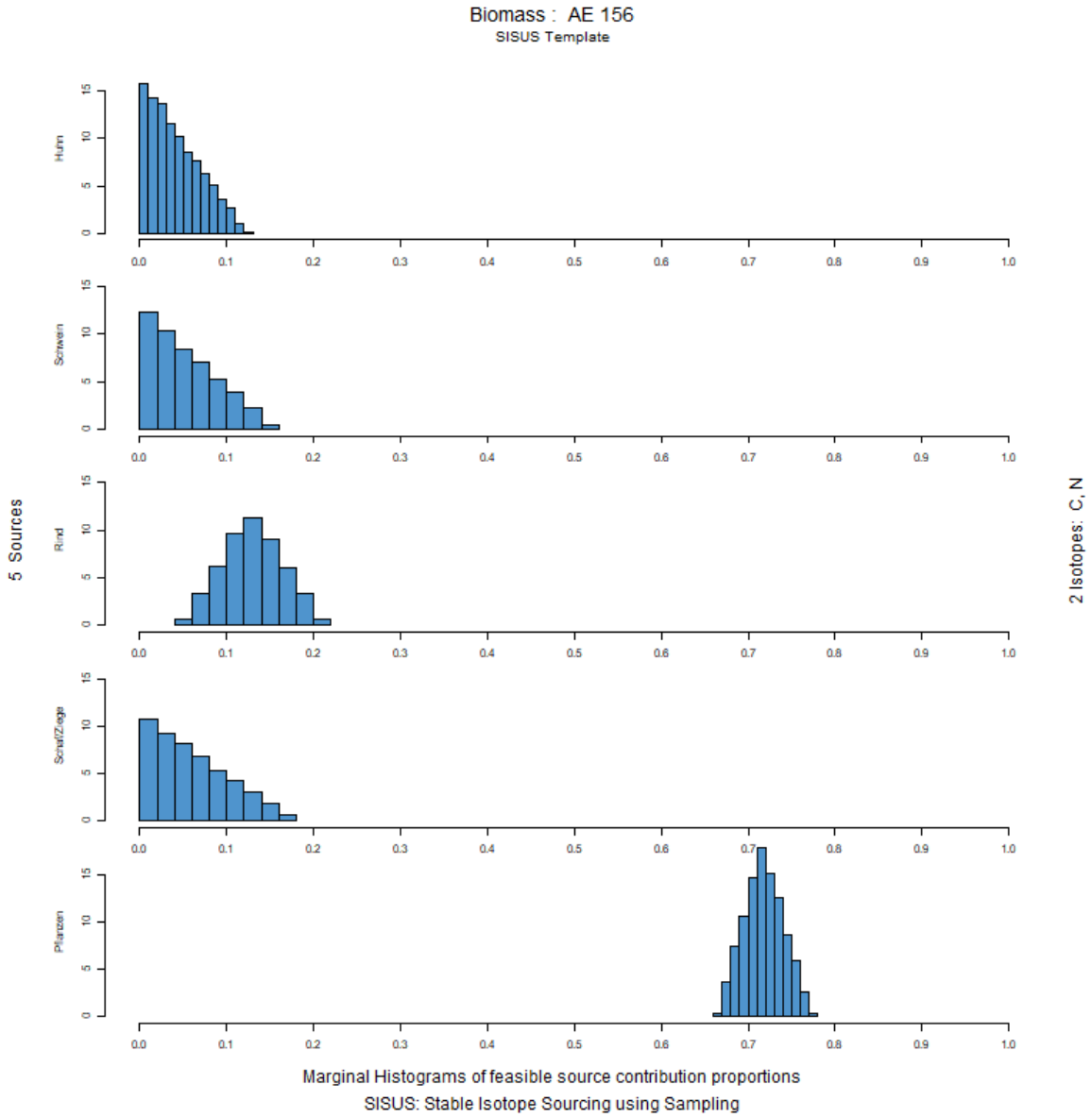


Abbildung 1097: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 156. Erstellt mit SISUS.

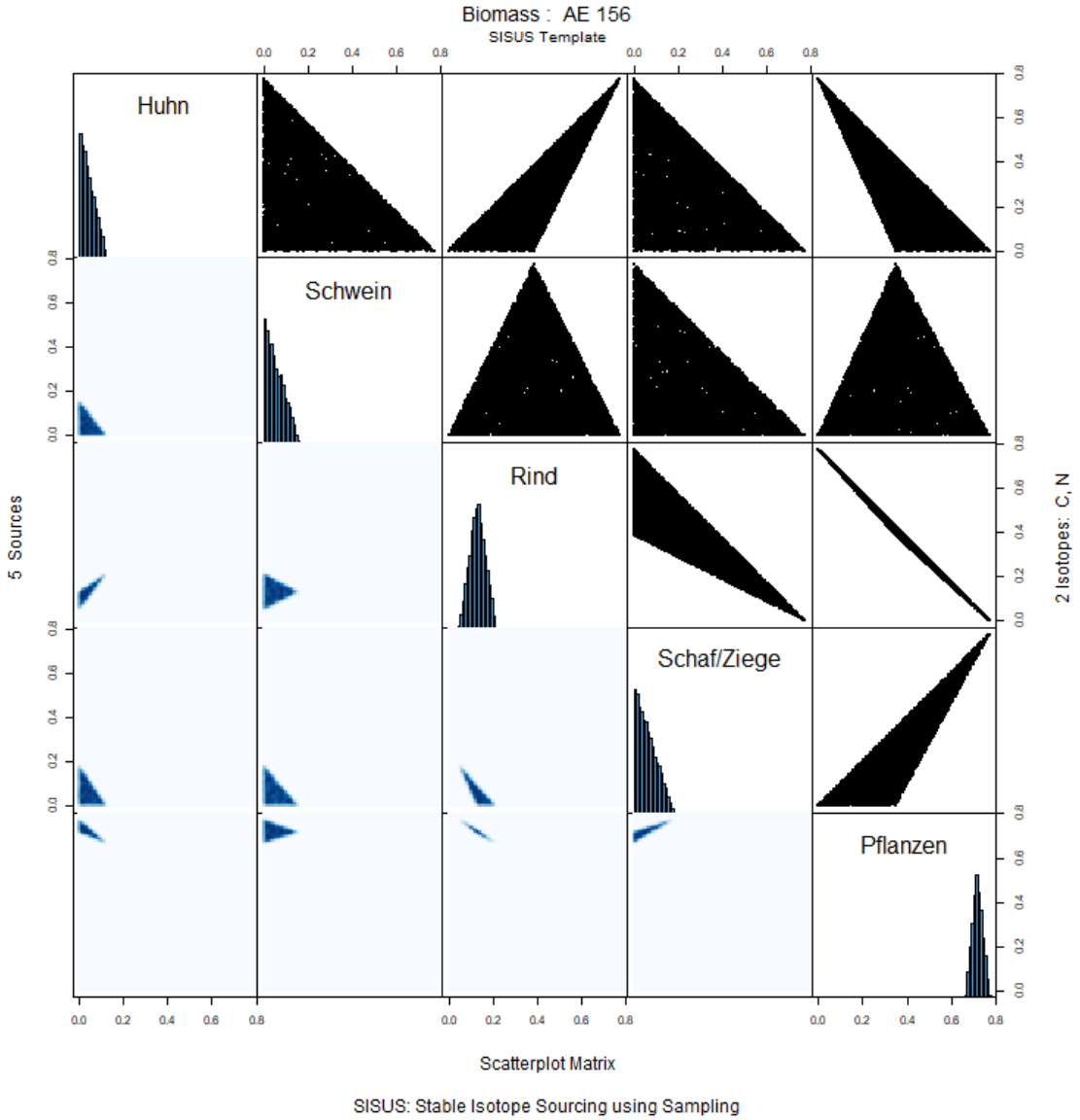


Abbildung 1098: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 156. Erstellt mit SISUS.

AE189

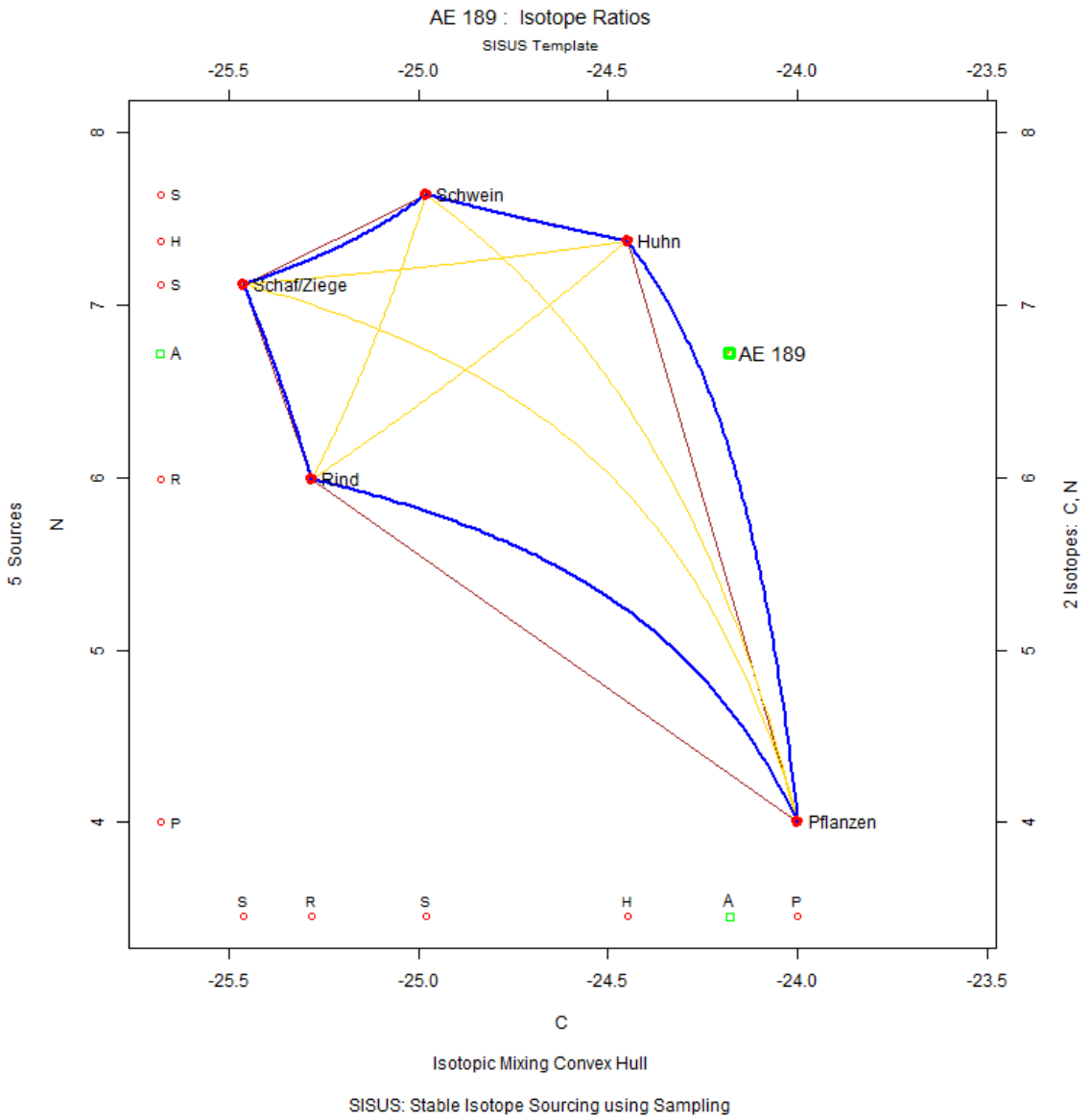


Abbildung 1099: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 189. Erstellt mit SISUS

AE192

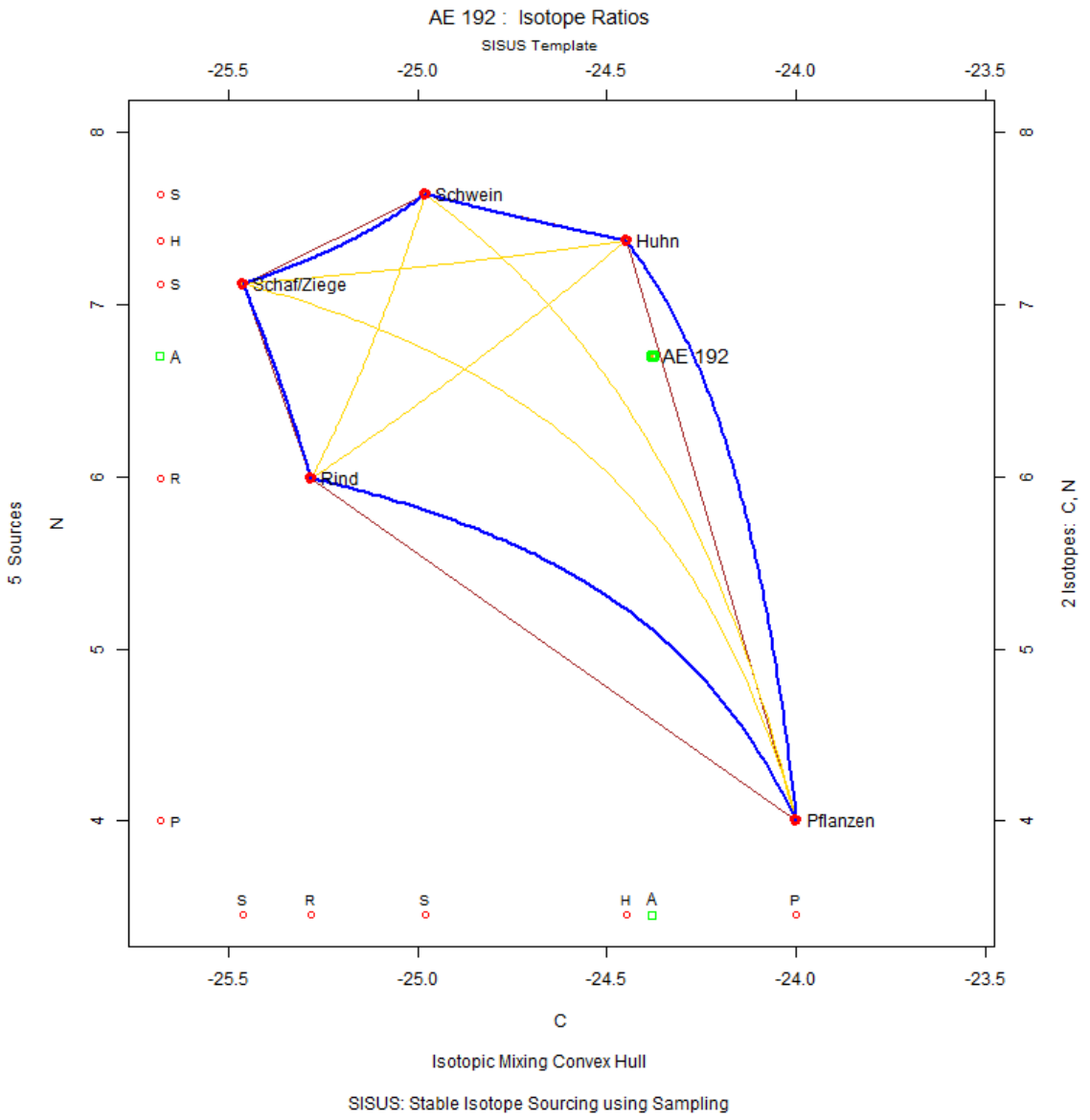


Abbildung 1100: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 192. Erstellt mit SISUS

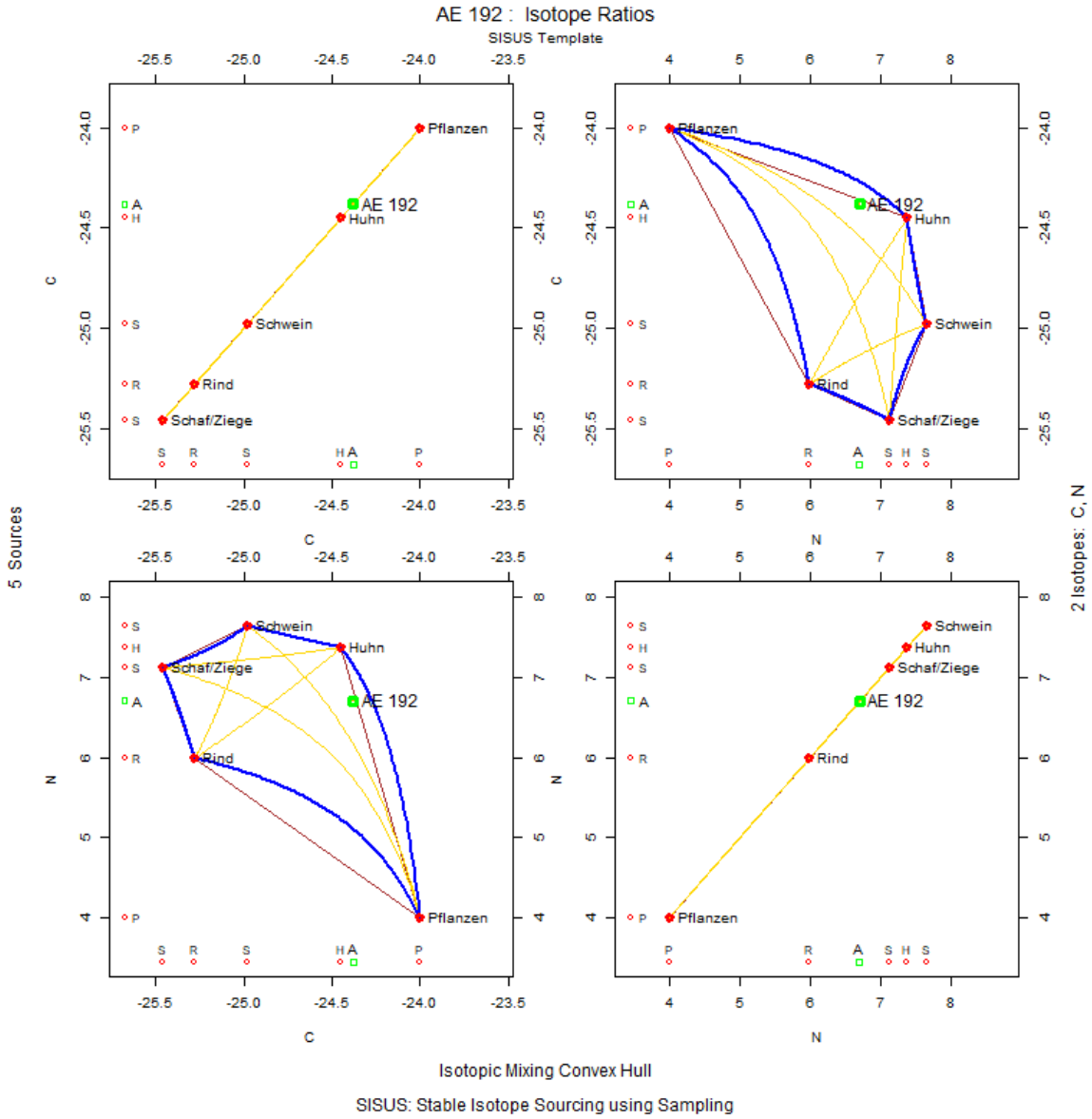


Abbildung 1101: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 192 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

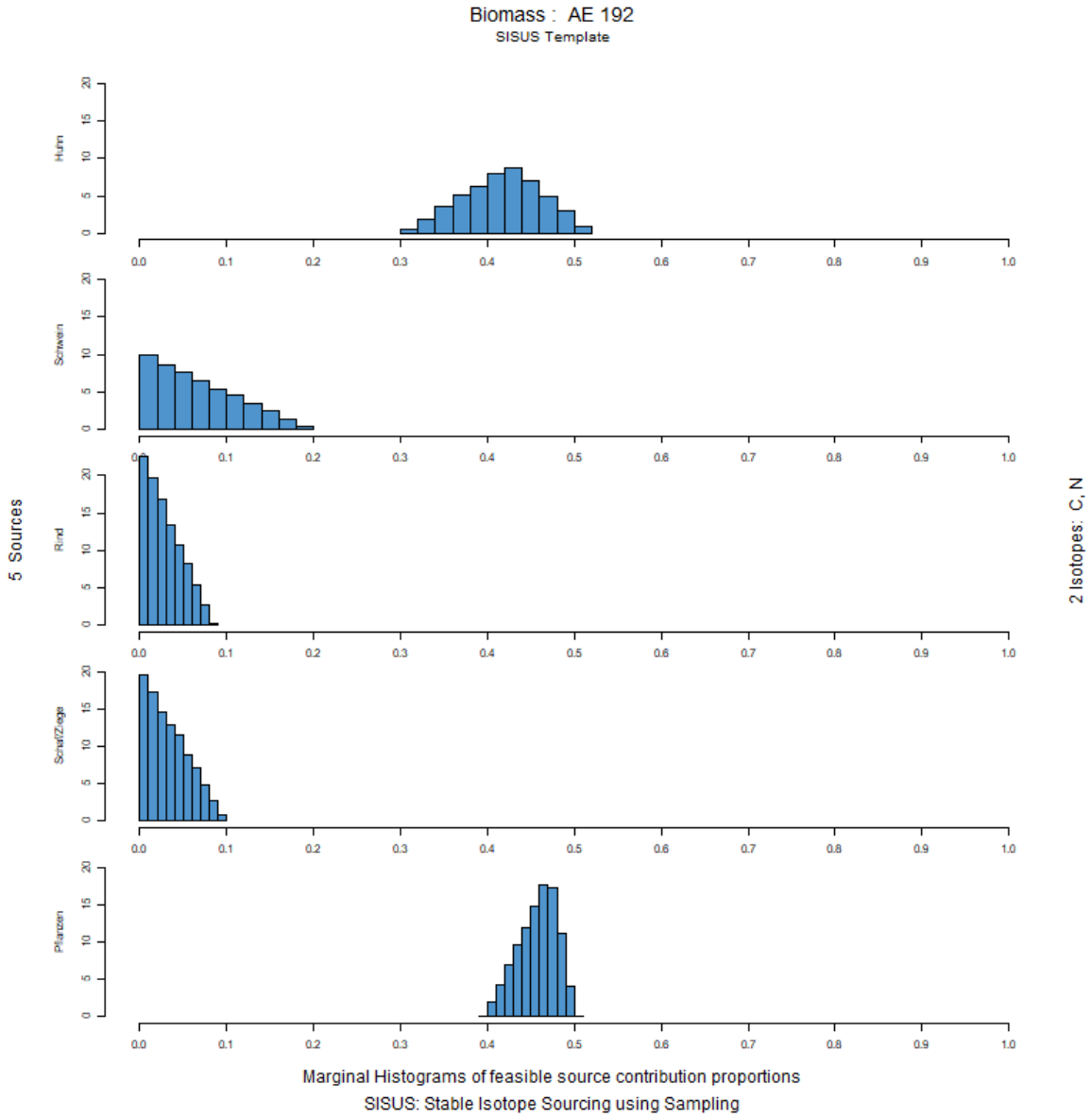


Abbildung 1102: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 192. Erstellt mit SISUS.

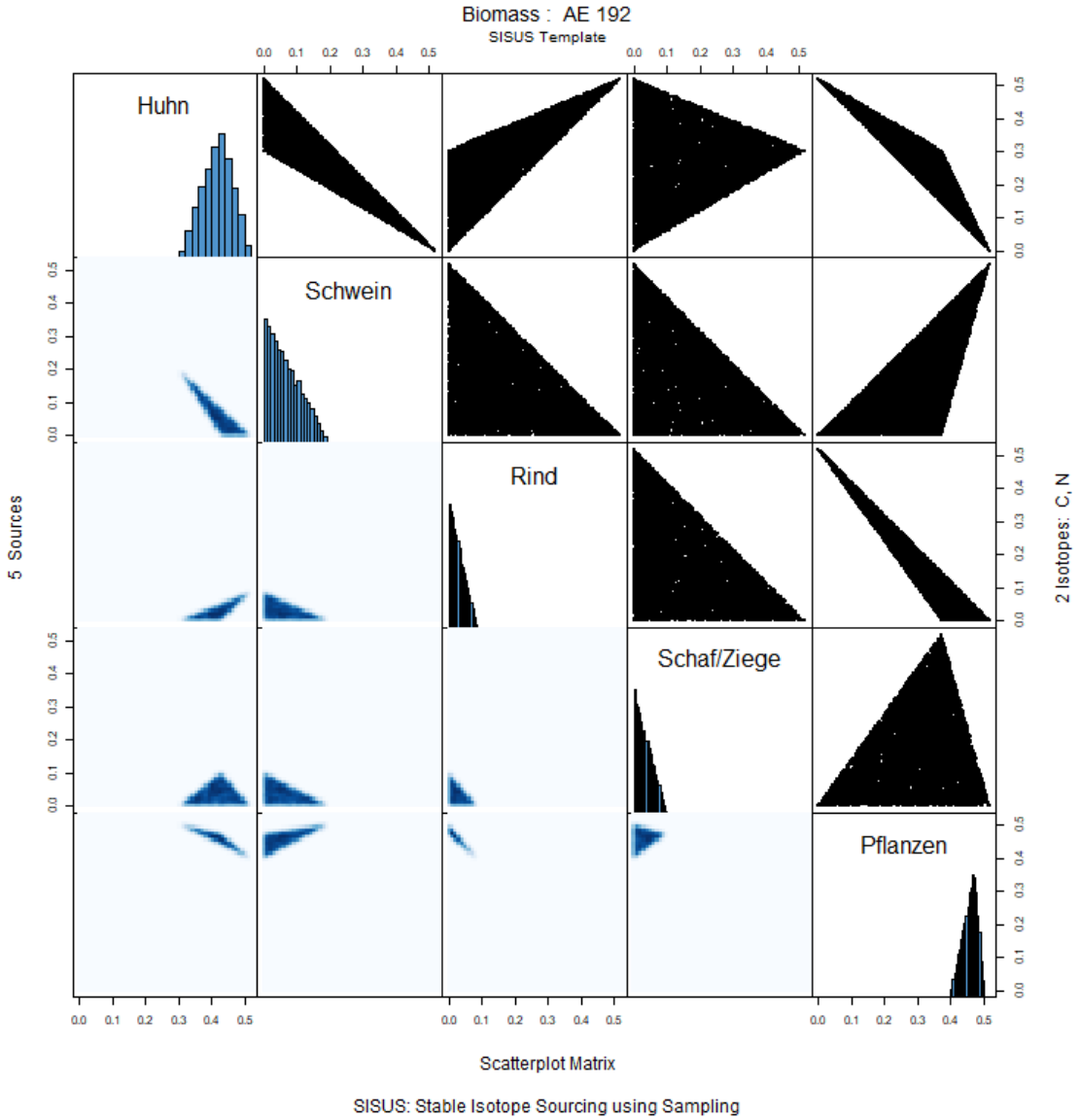


Abbildung 1103: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 192. Erstellt mit SISUS.

AE201

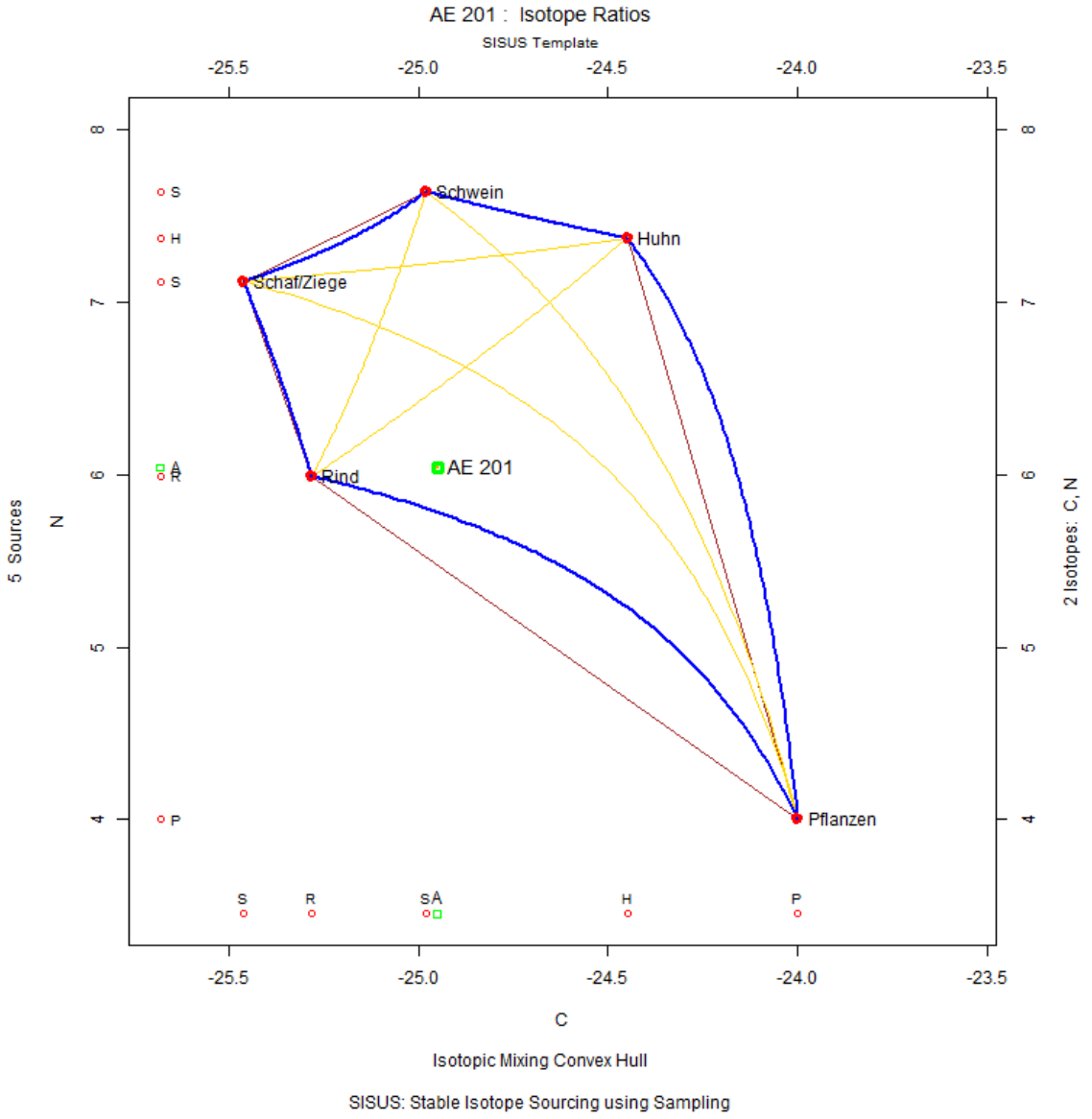


Abbildung 1104: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 201. Erstellt mit SISUS

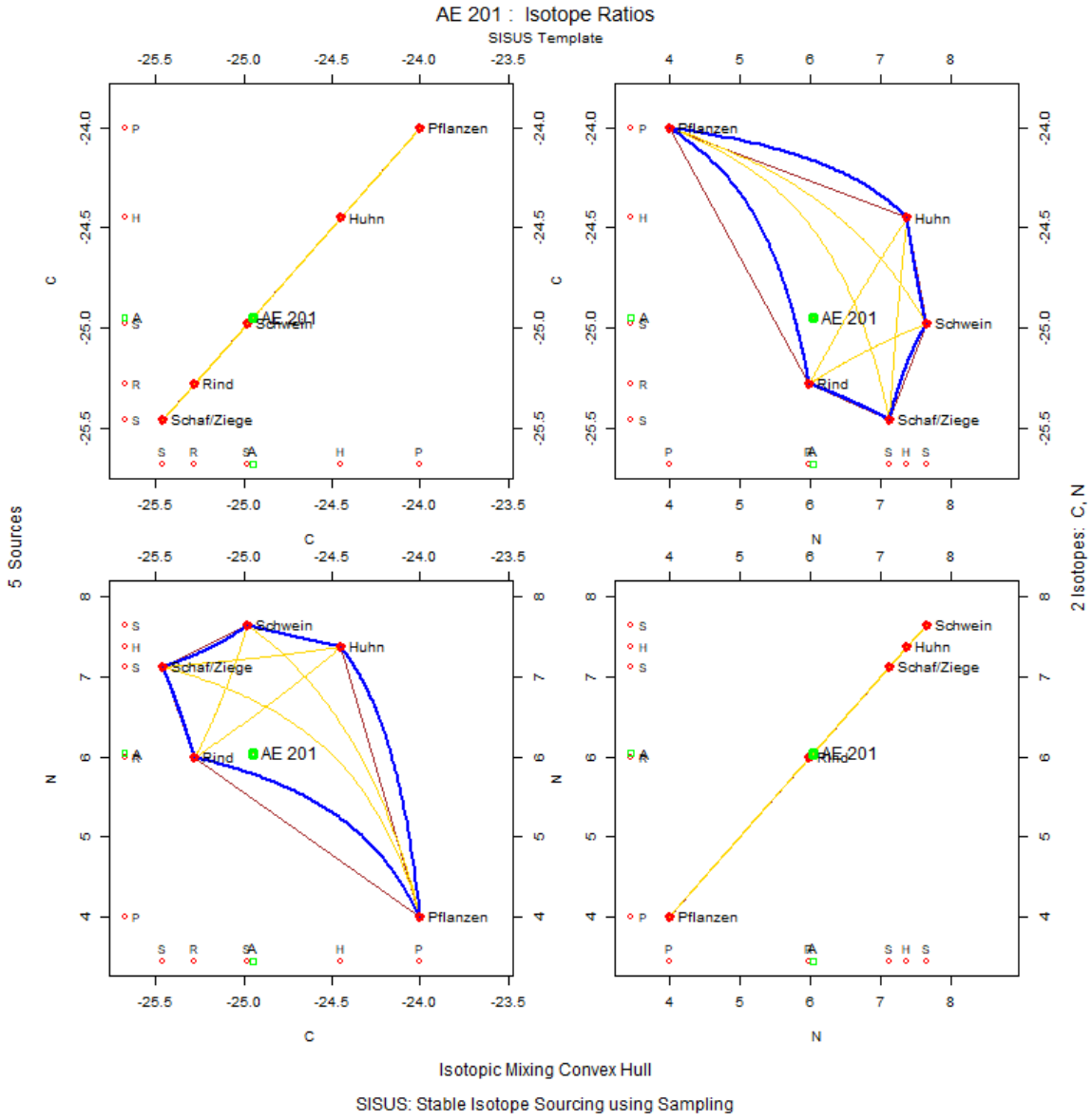


Abbildung 1105: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 201 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

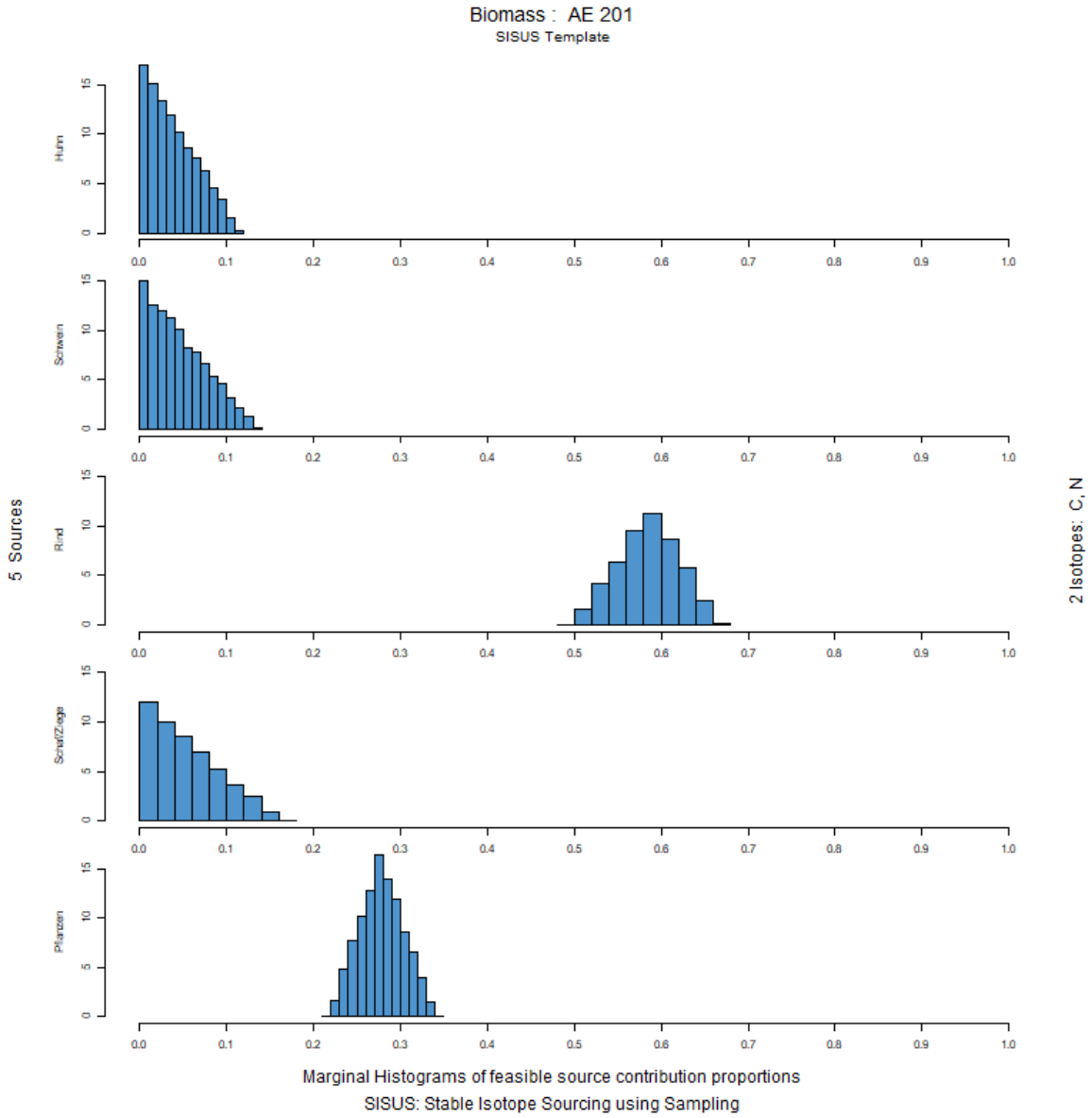


Abbildung 1106: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 201. Erstellt mit SISUS.

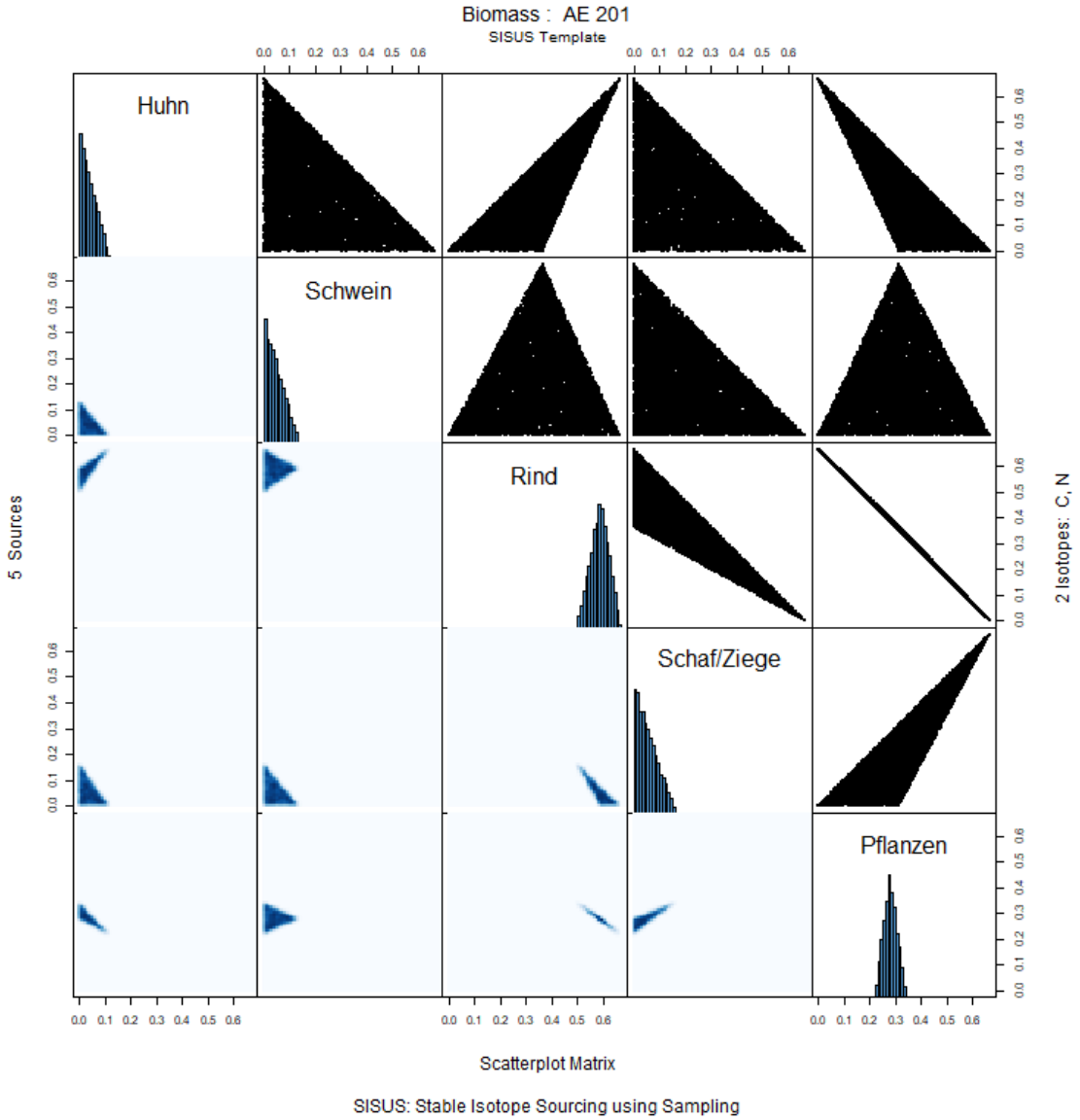


Abbildung 1107: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 201. Erstellt mit SISUS.

AE204

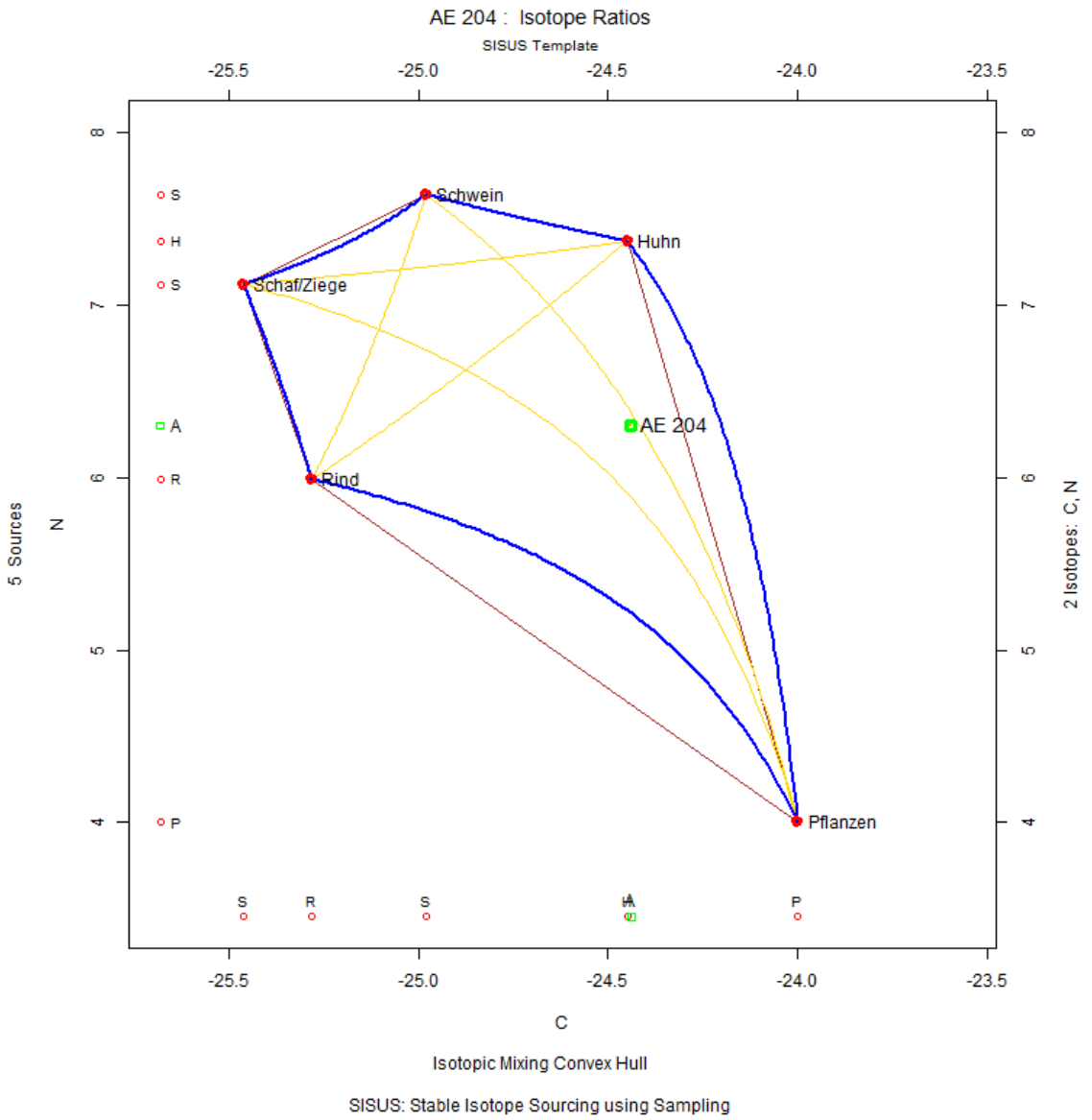


Abbildung 1108: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 204. Erstellt mit SISUS

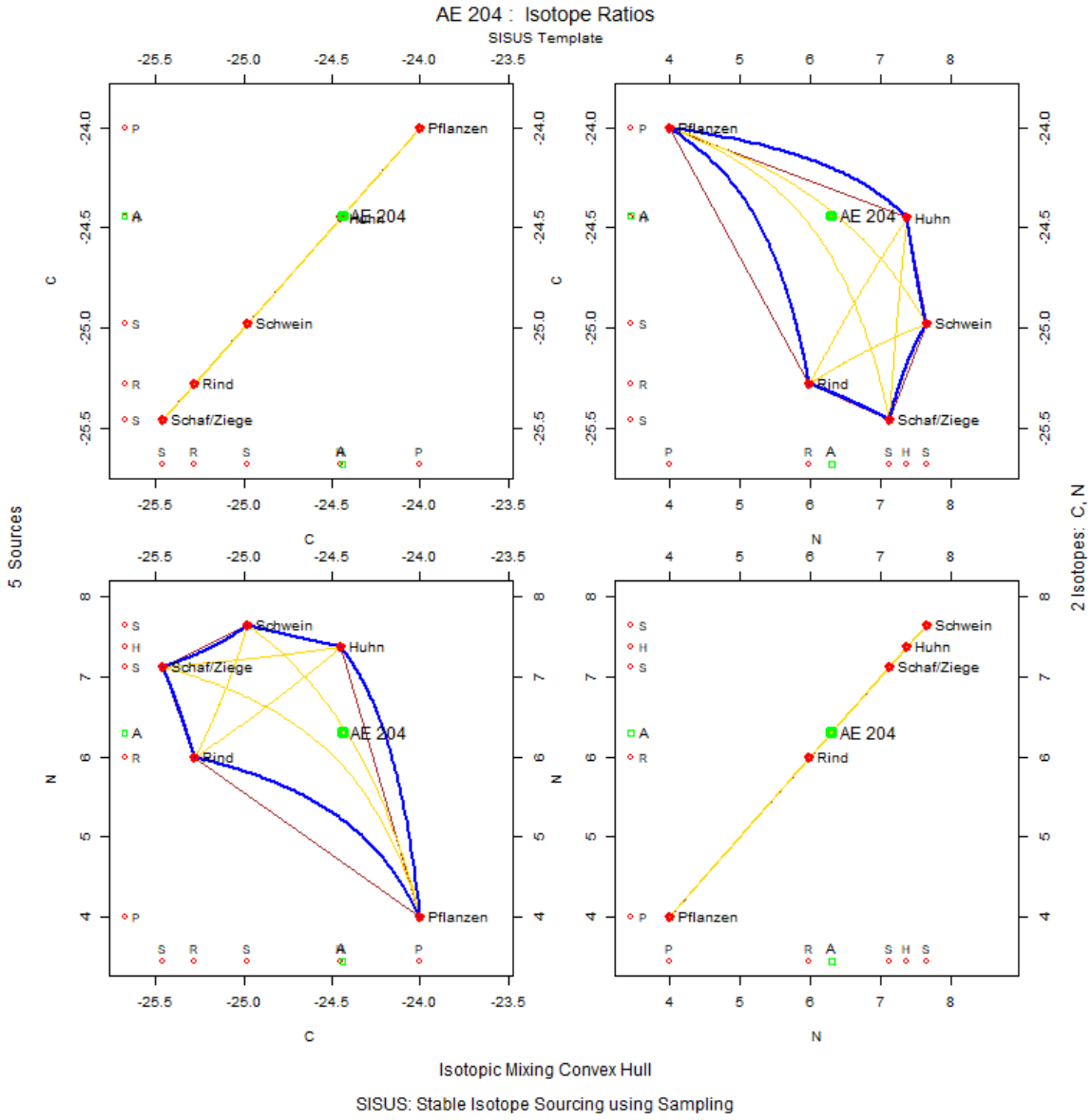


Abbildung 1109: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 204 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

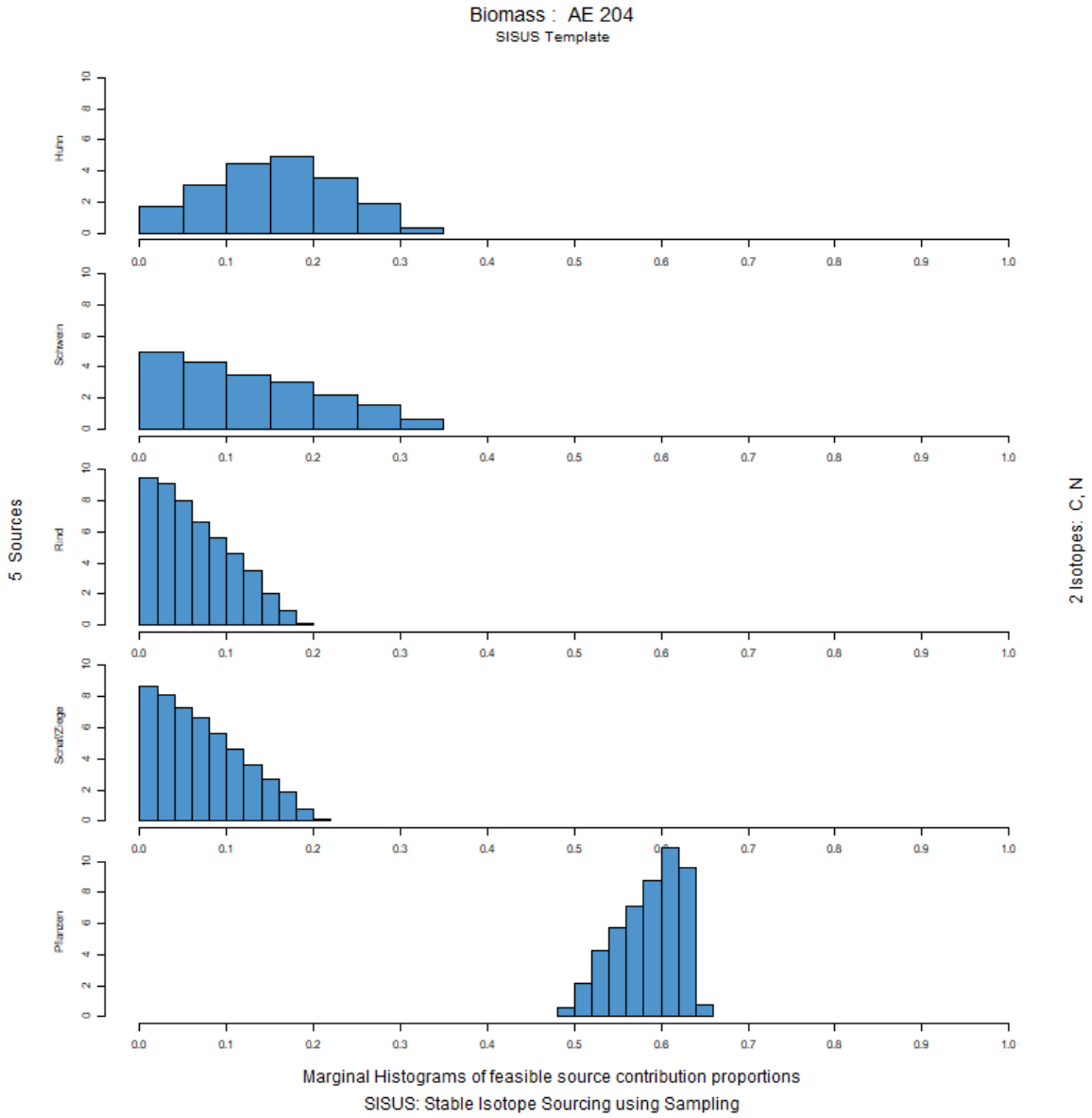


Abbildung 1110: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 204. Erstellt mit SISUS.

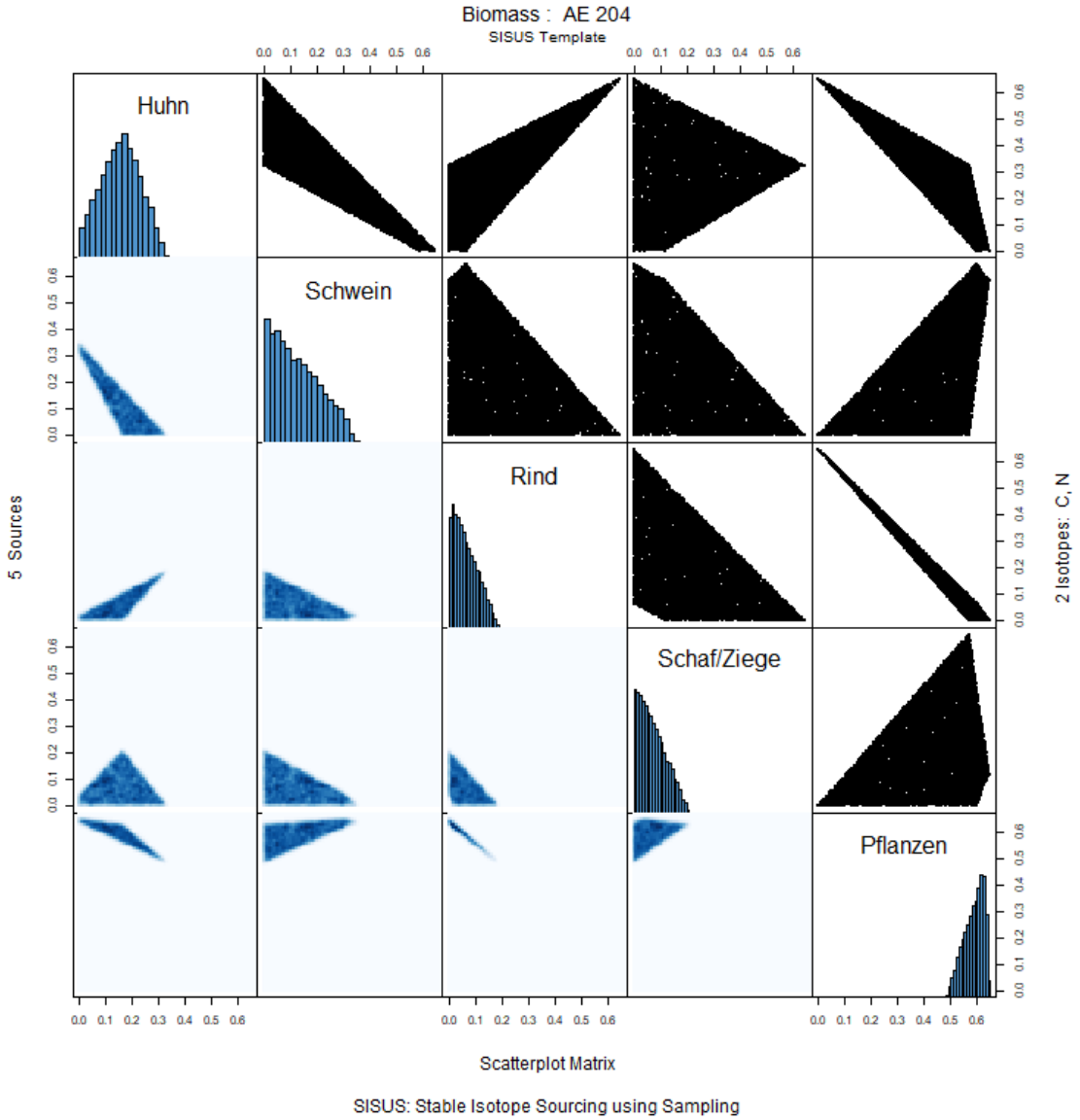


Abbildung 1111: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 204. Erstellt mit SISUS.

AE218

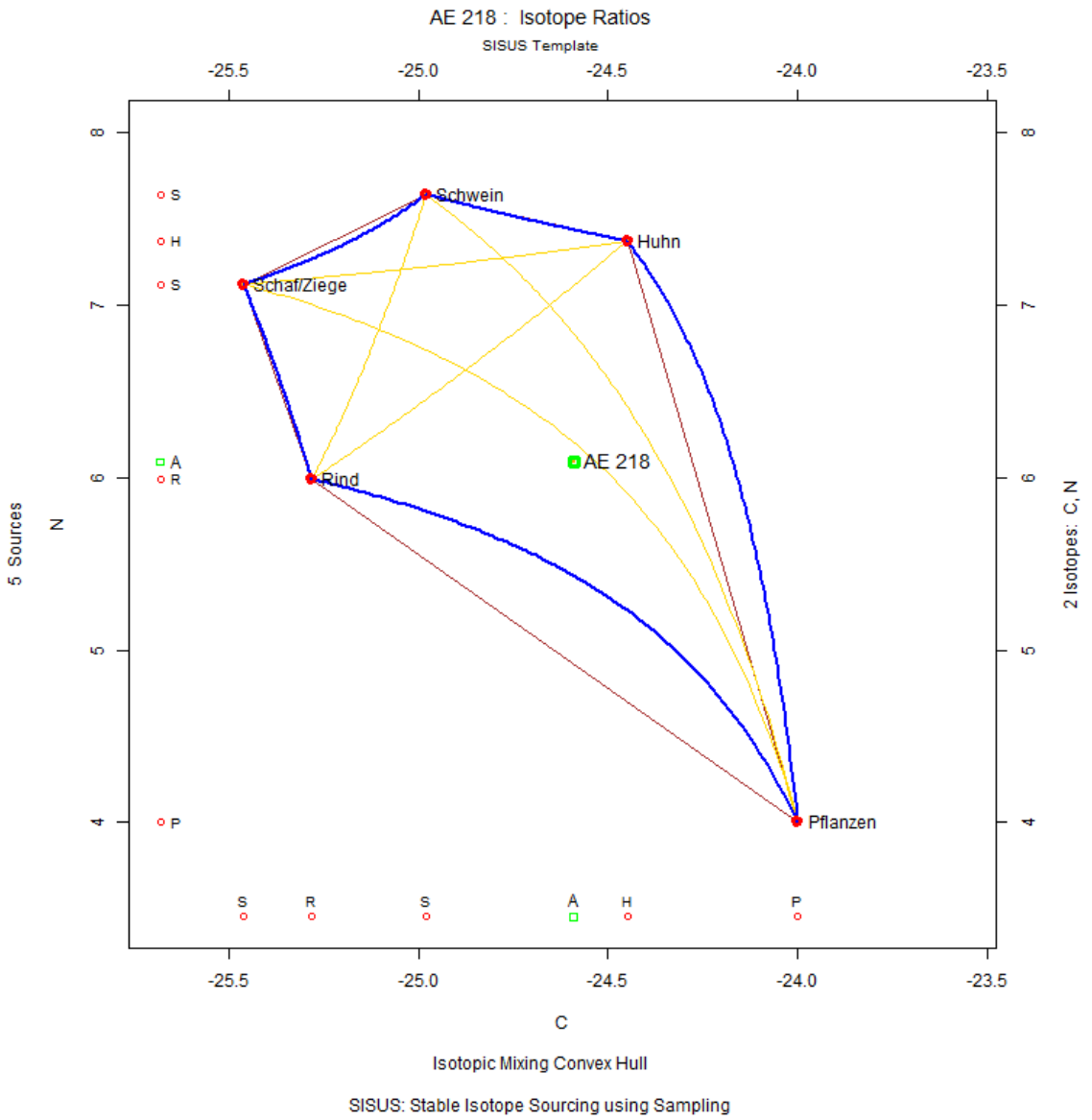


Abbildung 1112: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 218. Erstellt mit SISUS

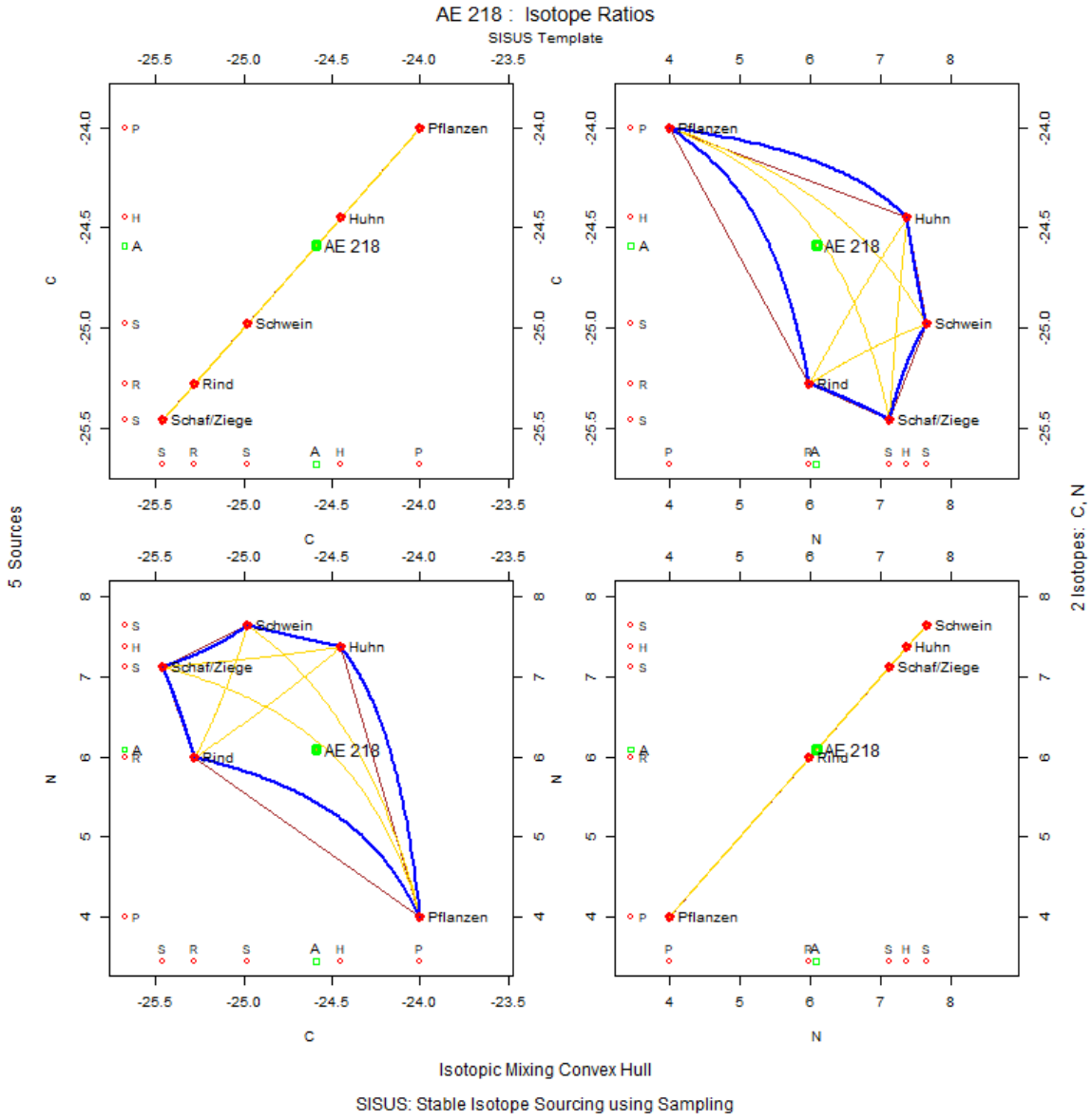


Abbildung 1113: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 218 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

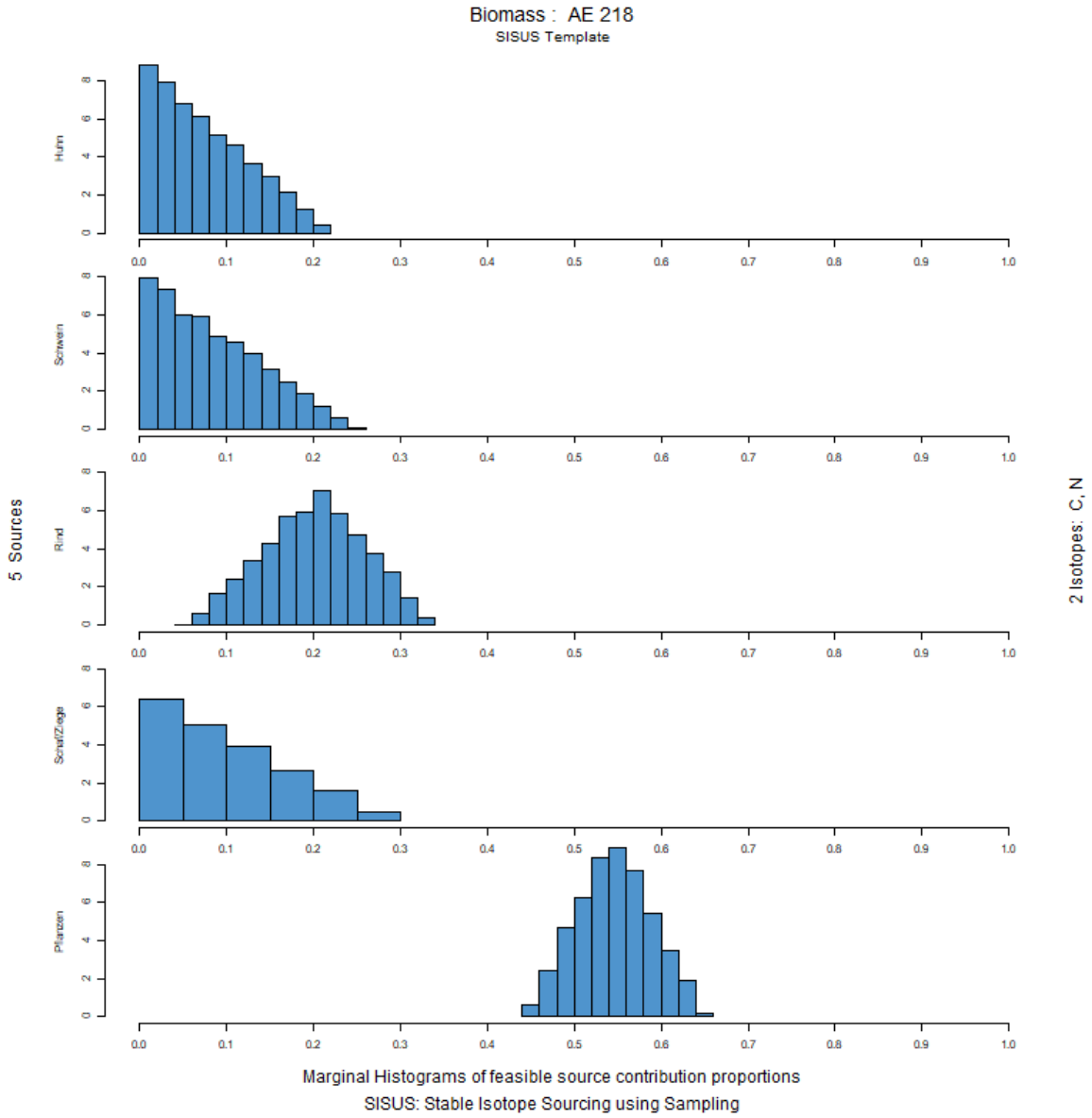


Abbildung 1114: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 218. Erstellt mit SISUS.

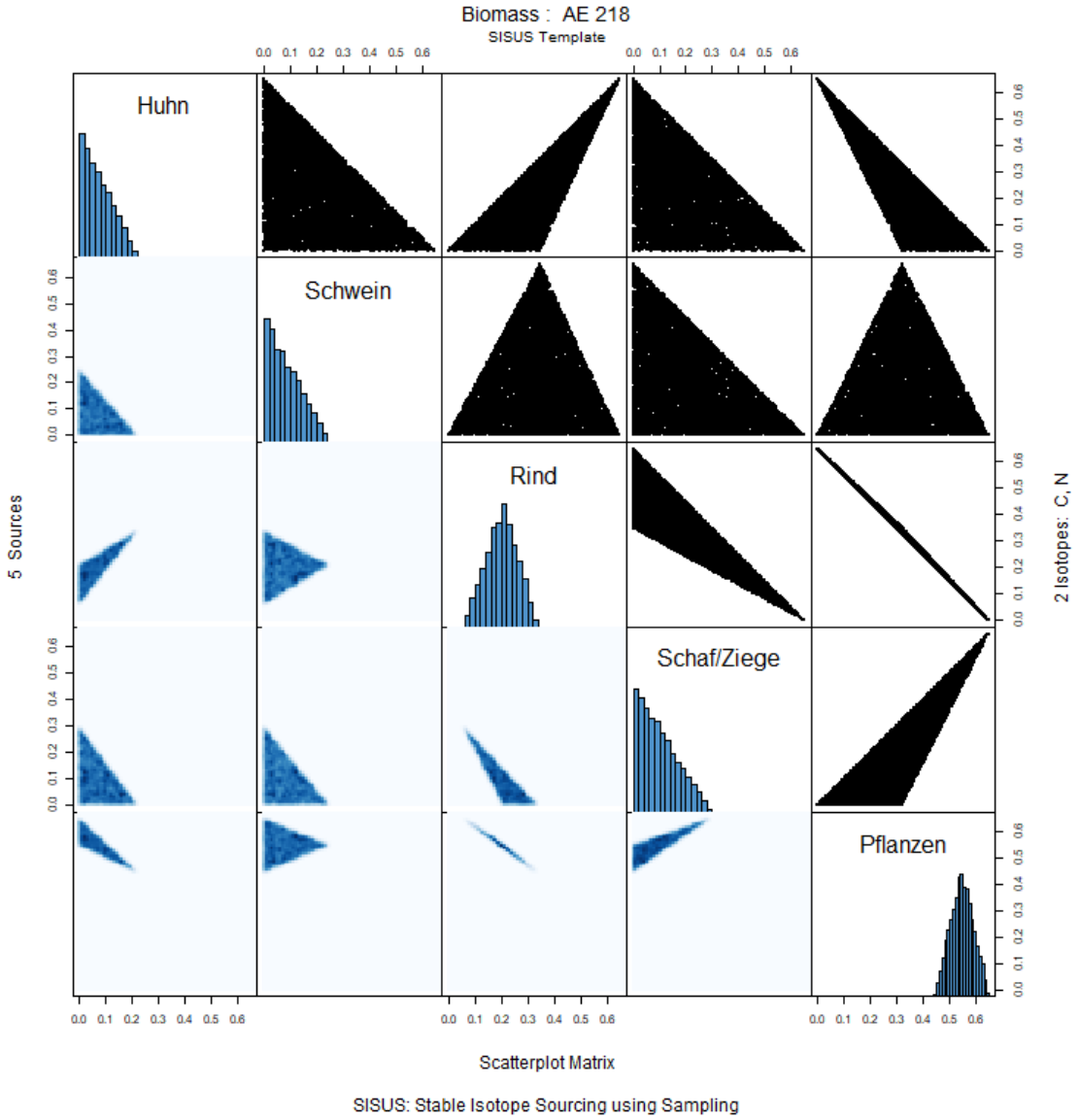


Abbildung 1115: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 218. Erstellt mit SISUS.

AE224

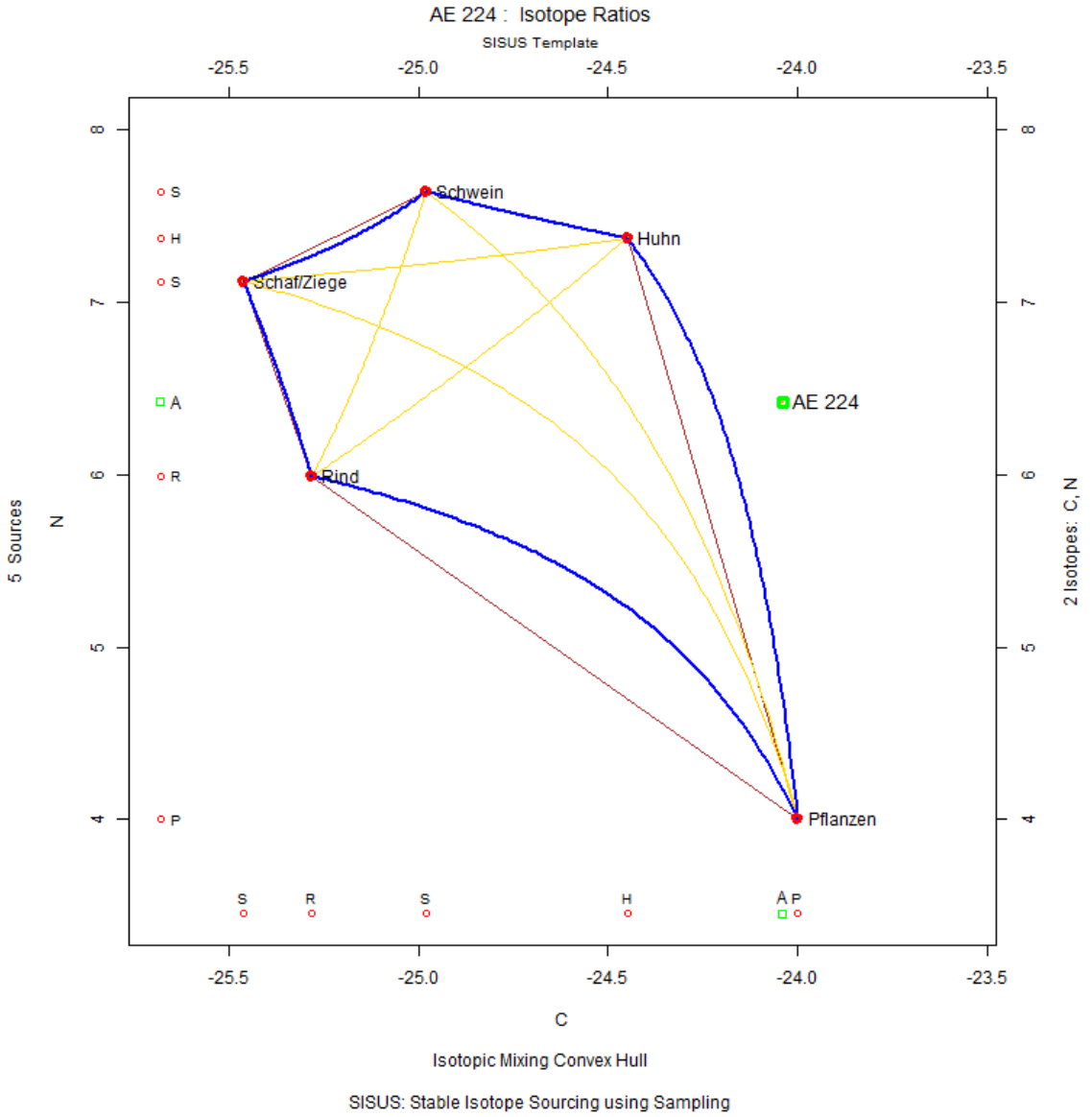


Abbildung 1116: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 224. Erstellt mit SISUS

AE256

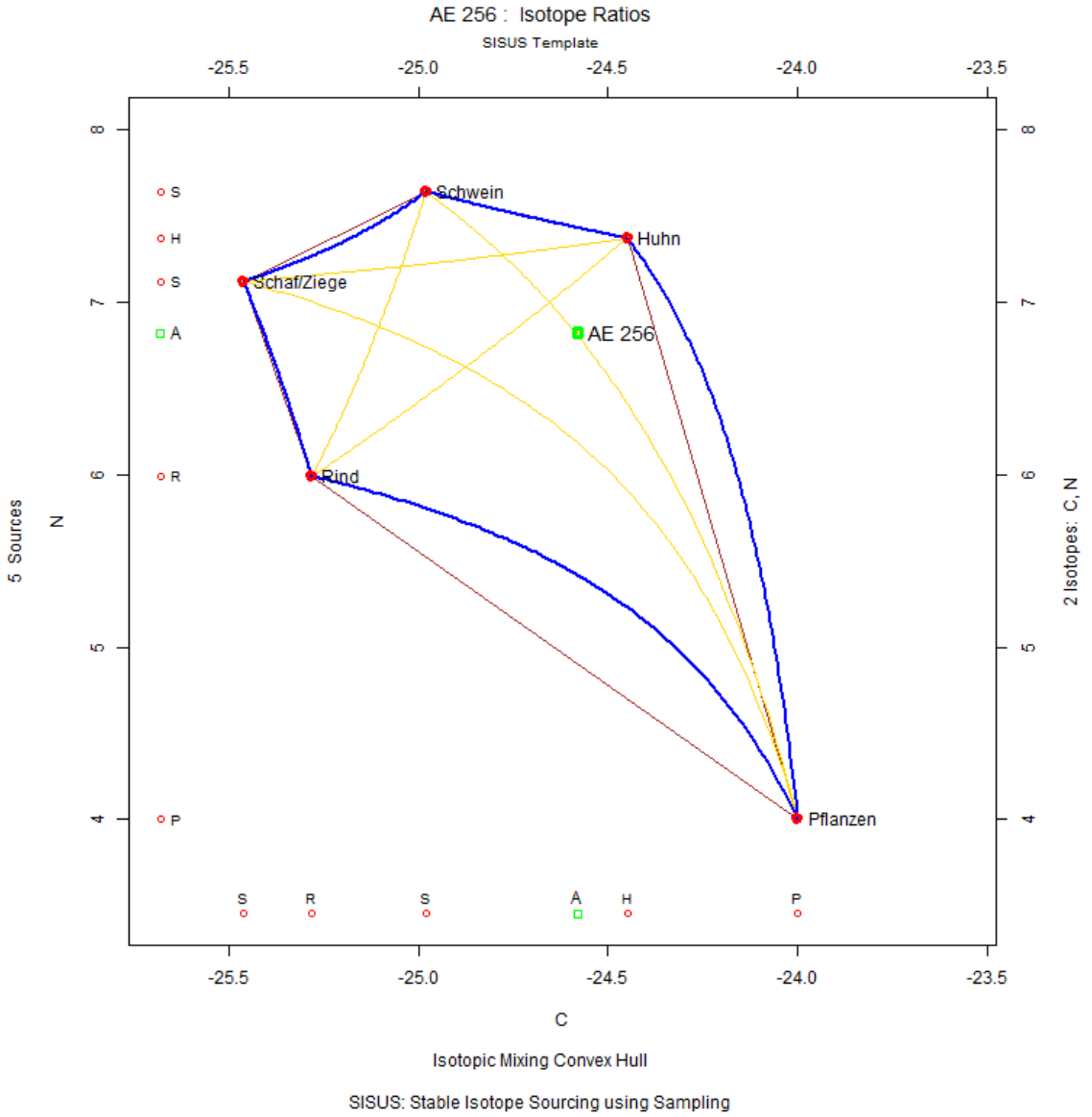


Abbildung 1117: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 256. Erstellt mit SISUS

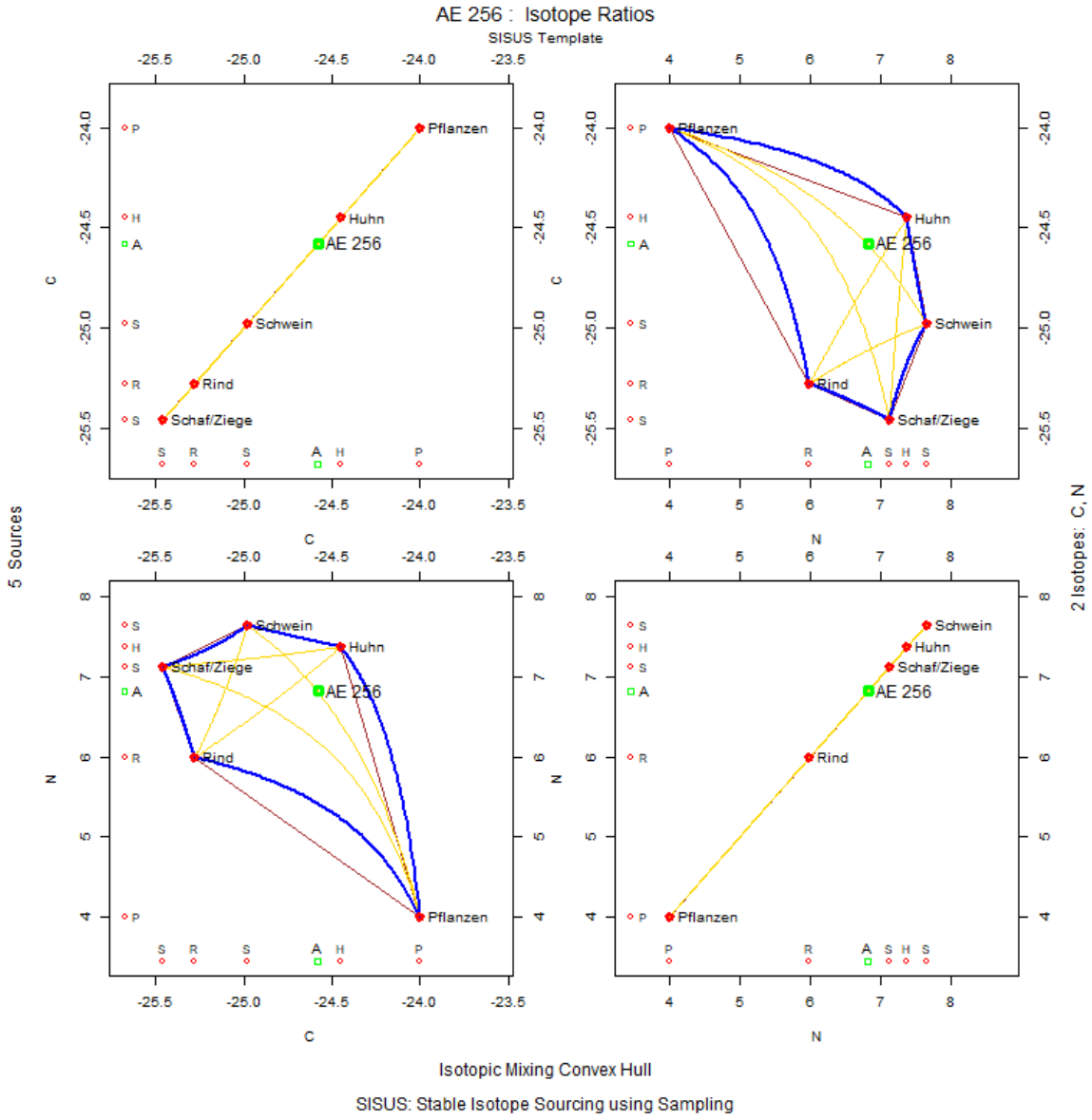


Abbildung 1118: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 256 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

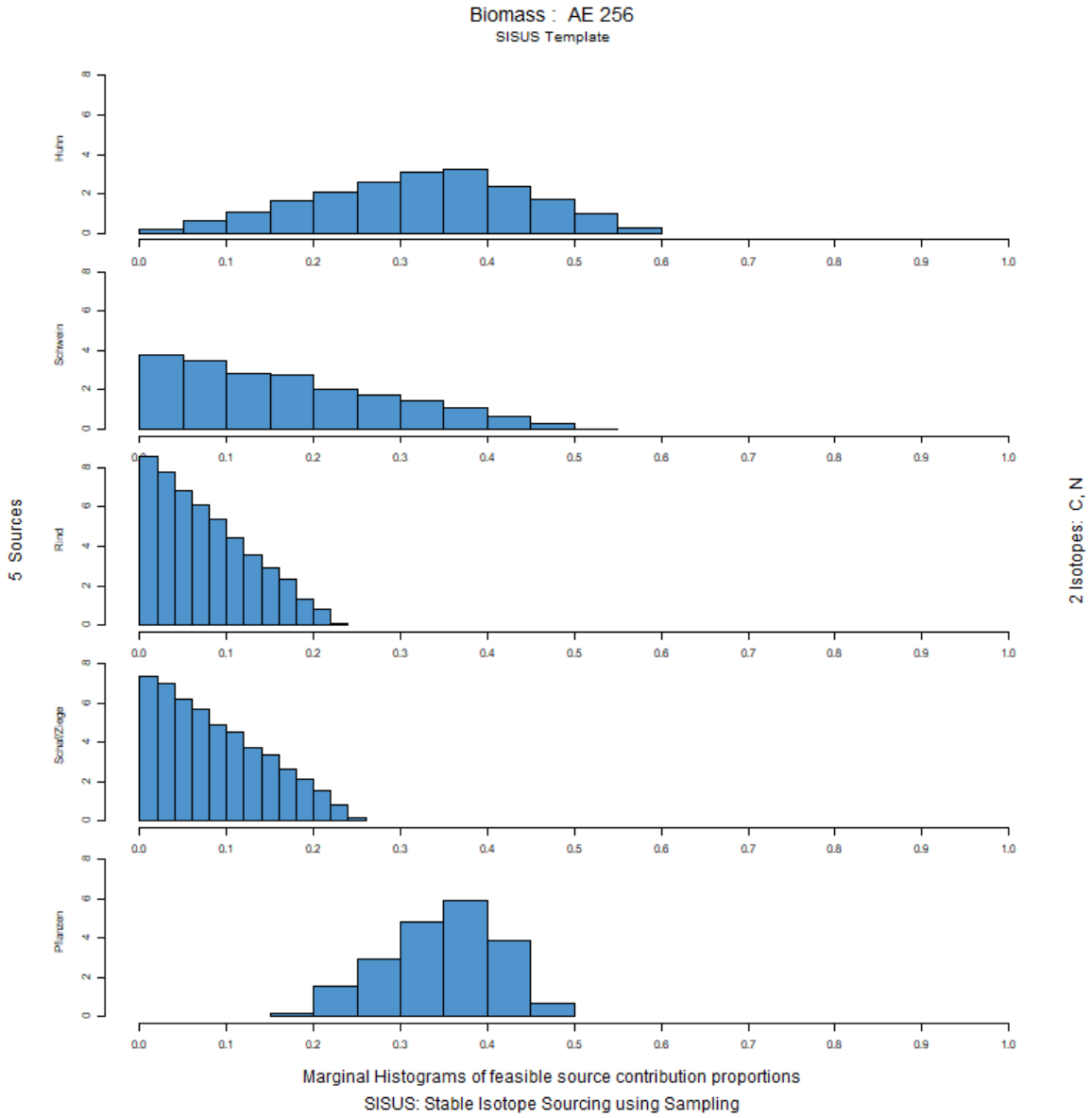


Abbildung 1119: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 256. Erstellt mit SISUS.

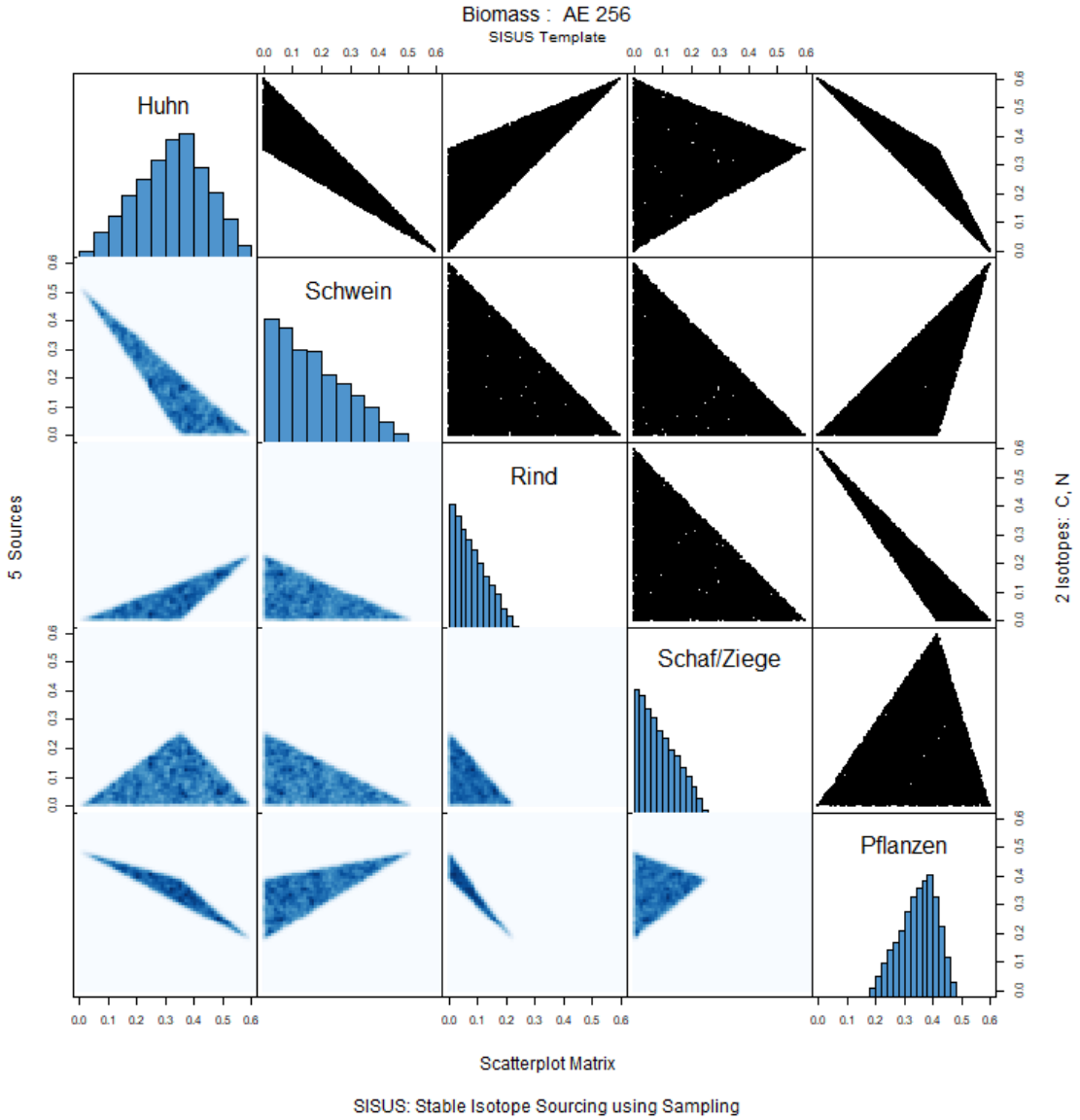


Abbildung 1120: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 256. Erstellt mit SISUS.

AE272

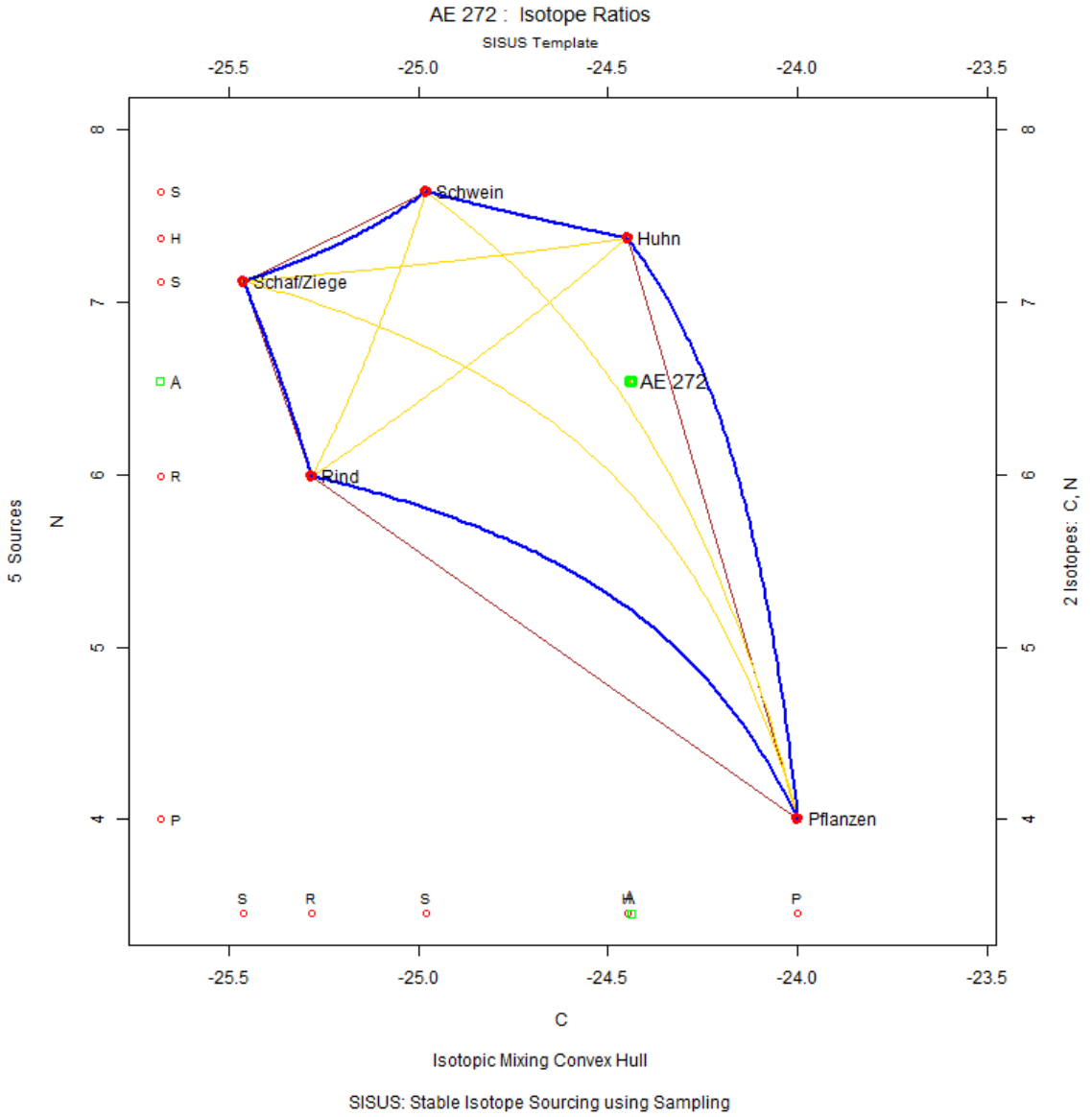


Abbildung 1121: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 272. Erstellt mit SISUS

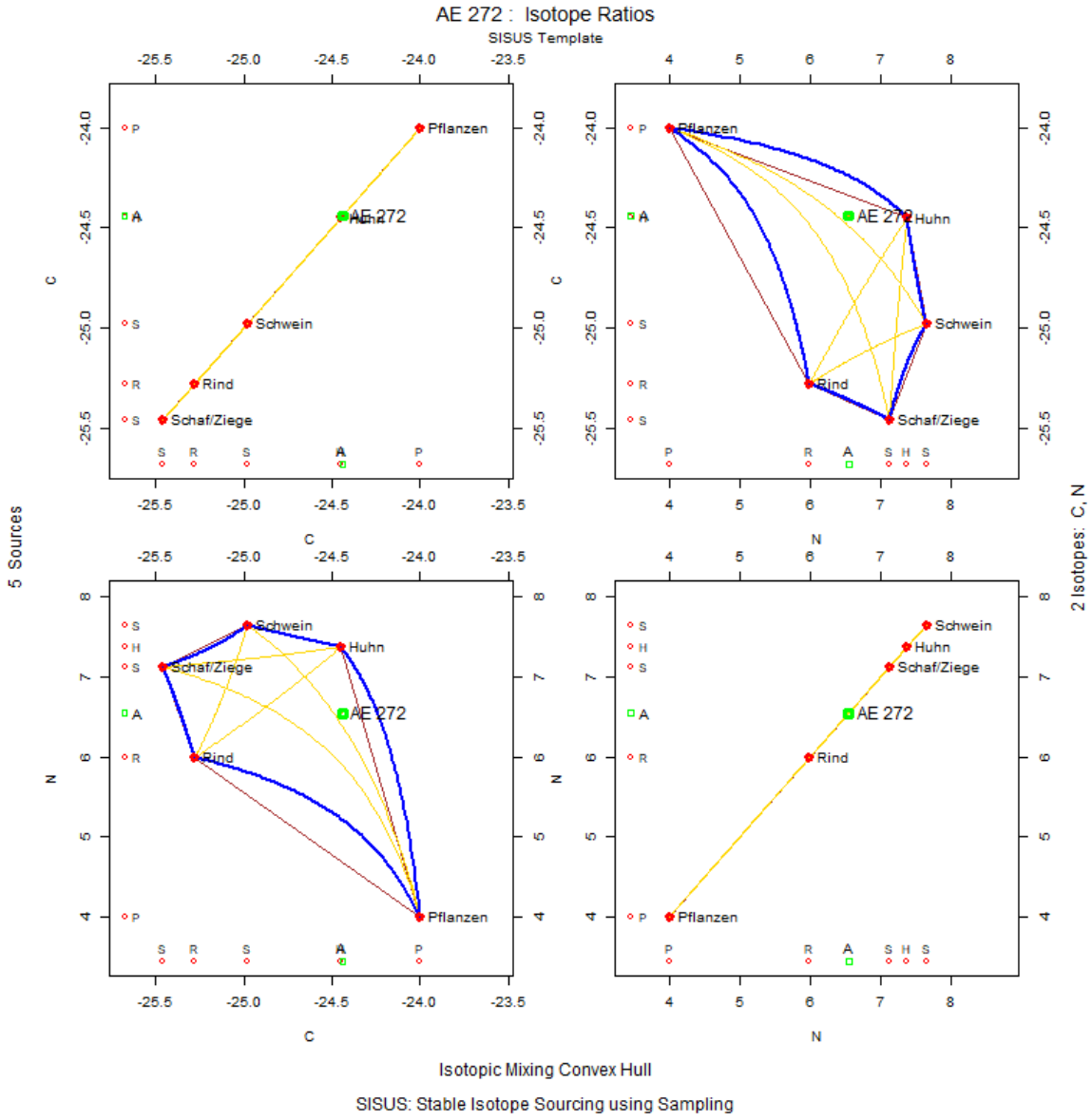


Abbildung 1122: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 272 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

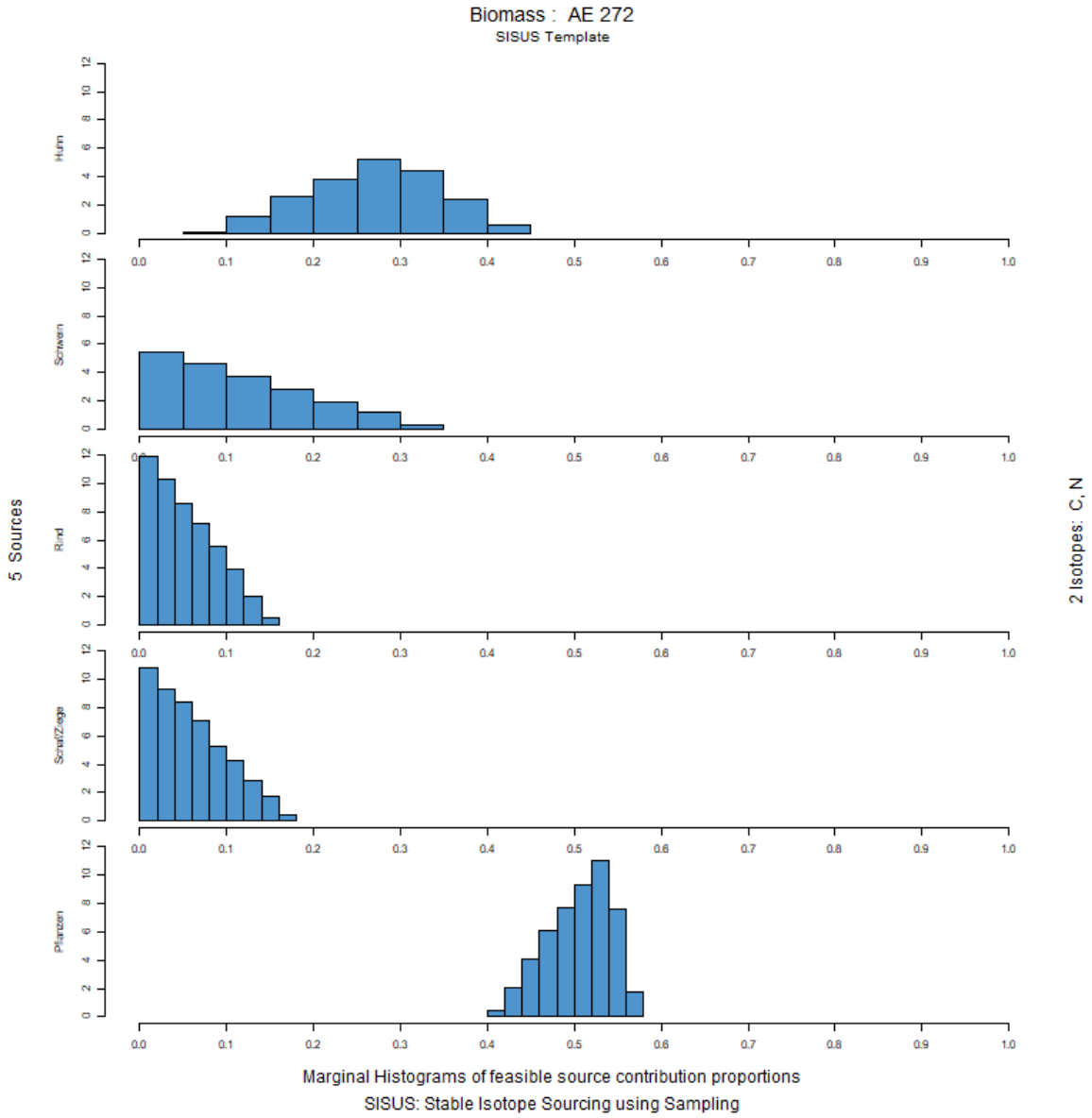


Abbildung 1123: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 272. Erstellt mit SISUS.

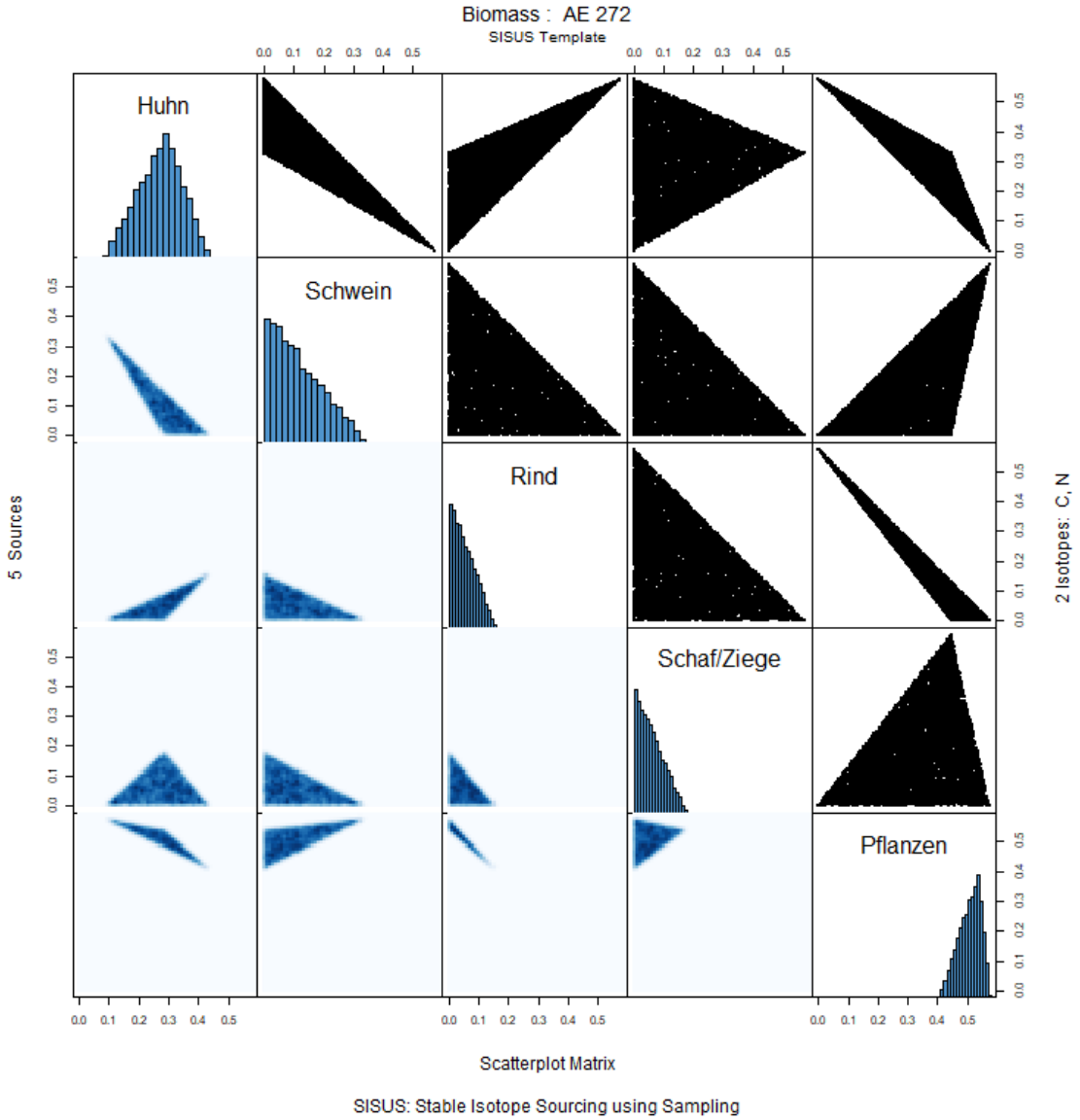


Abbildung 1124: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 272. Erstellt mit SISUS.

AE280

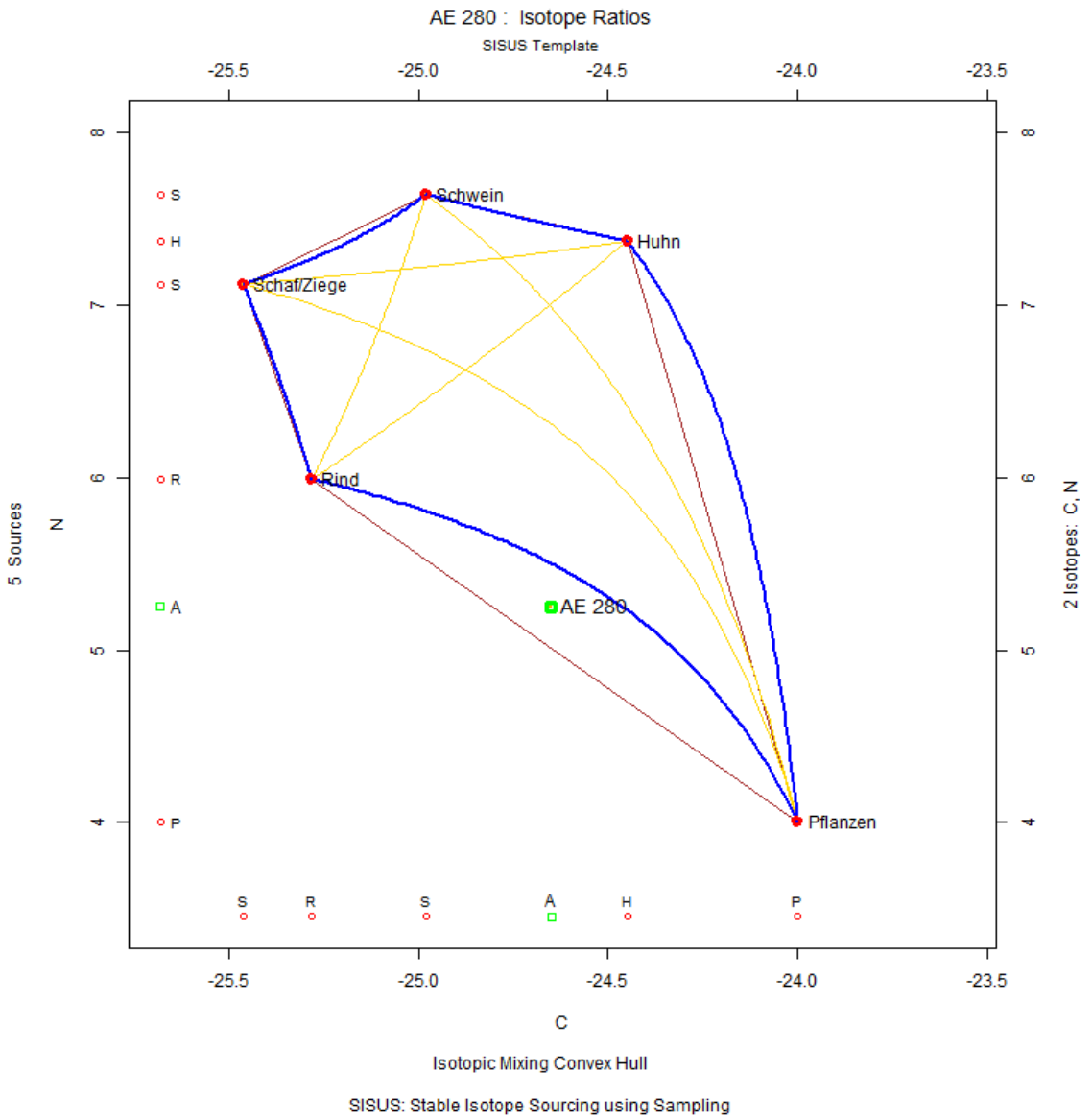


Abbildung 1125: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 280. Erstellt mit SISUS

AE289

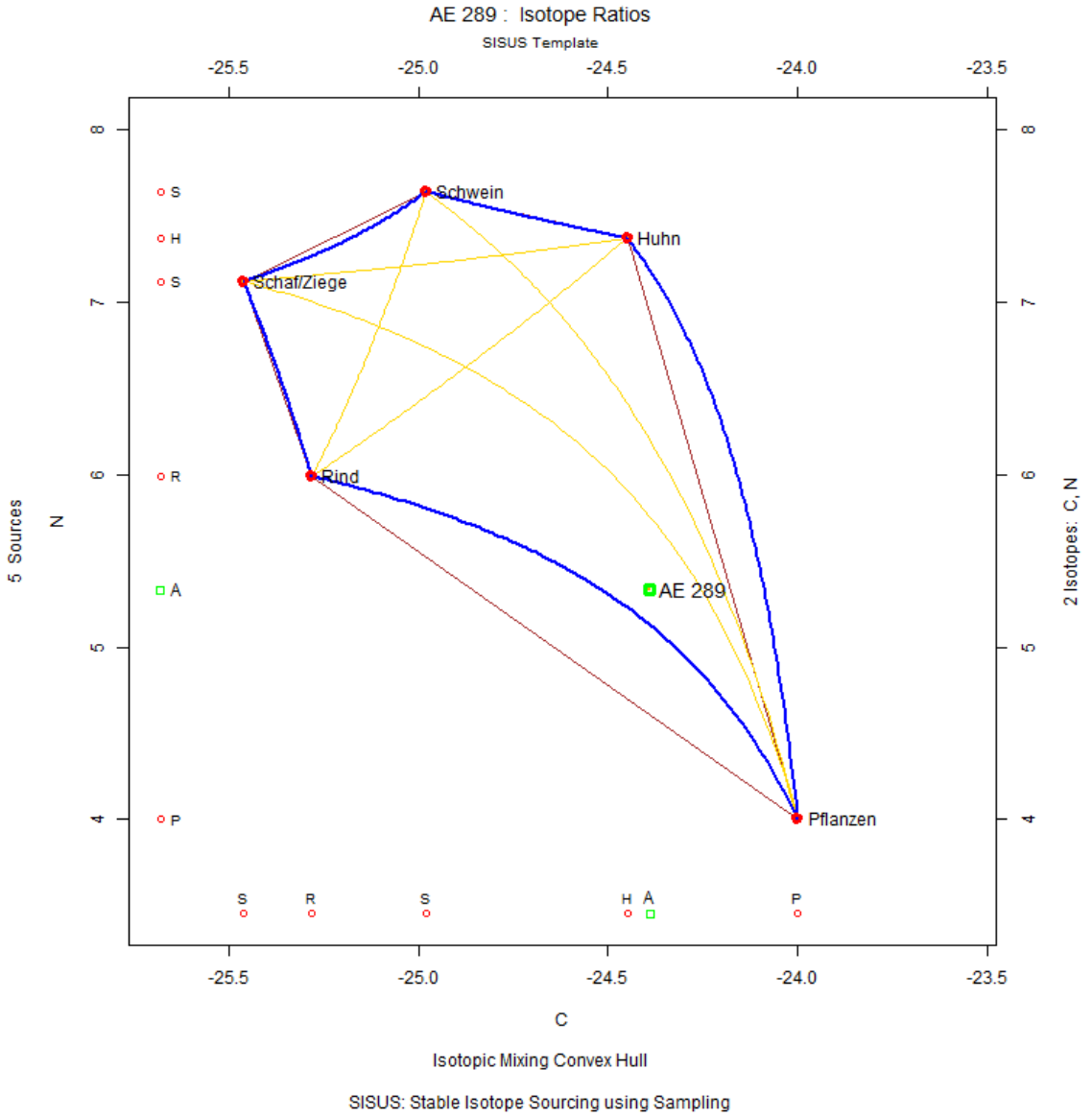


Abbildung 1126: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 289. Erstellt mit SISUS

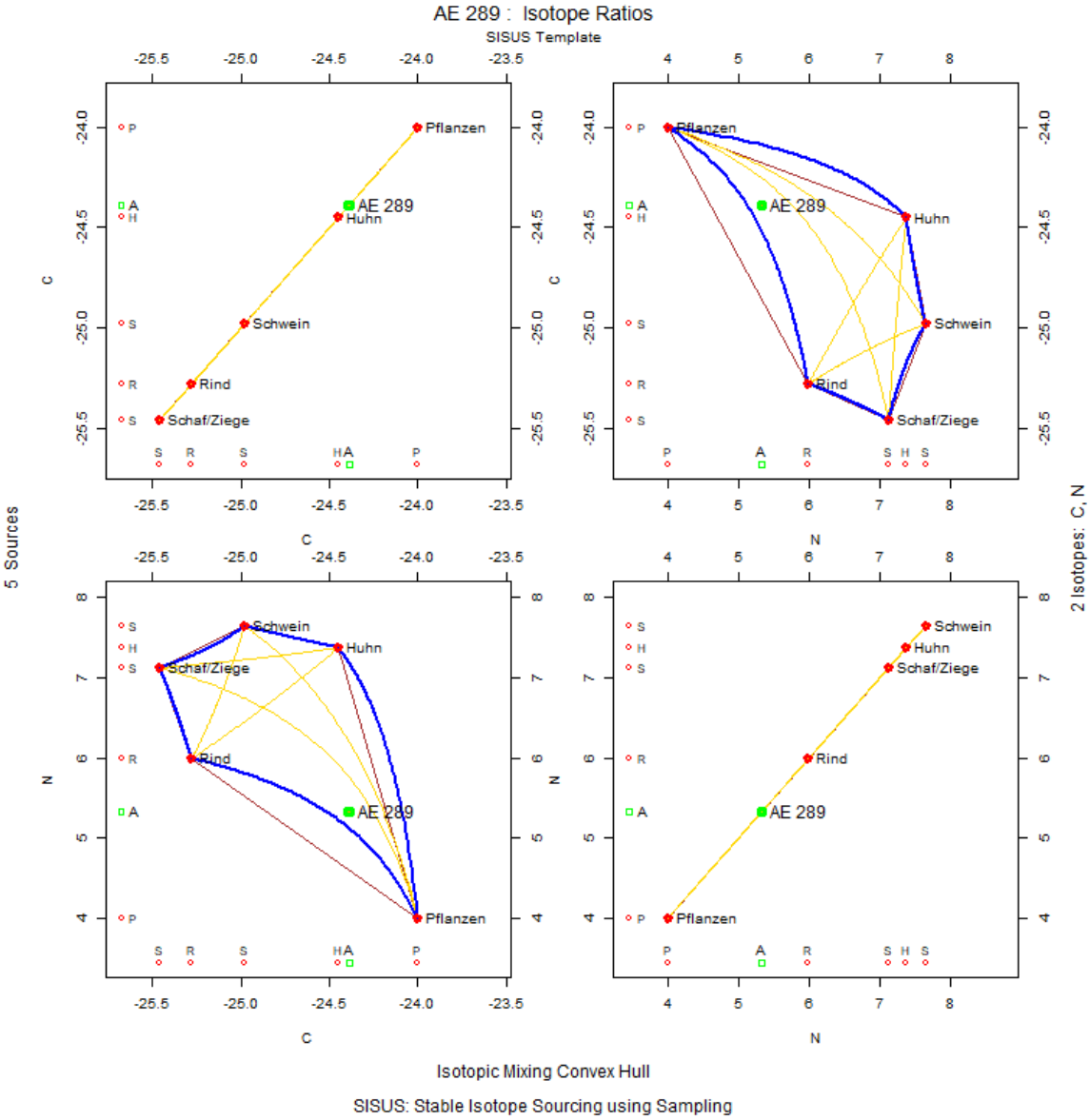


Abbildung 1127: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 289 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

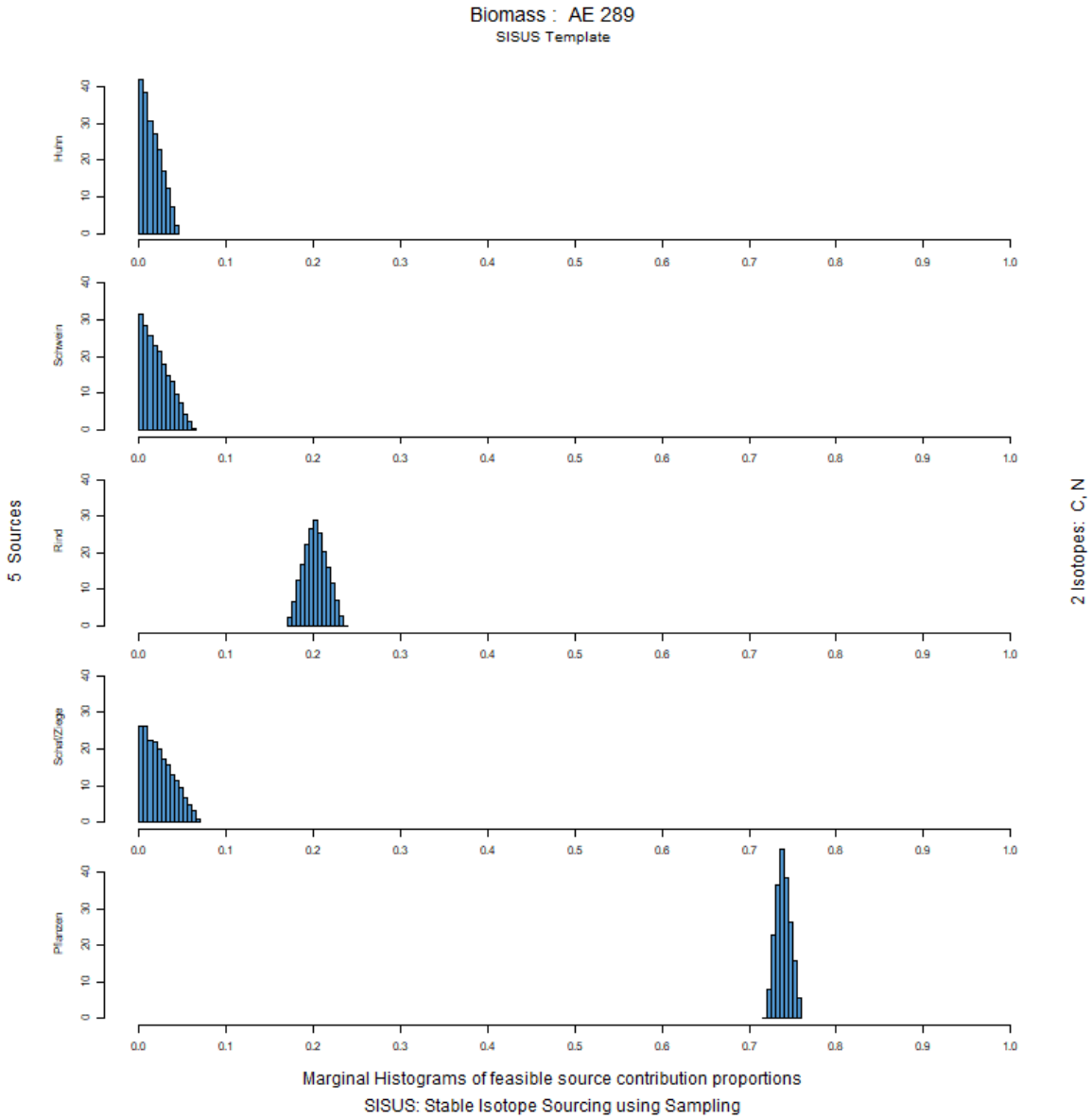


Abbildung 1128: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 289. Erstellt mit SISUS.

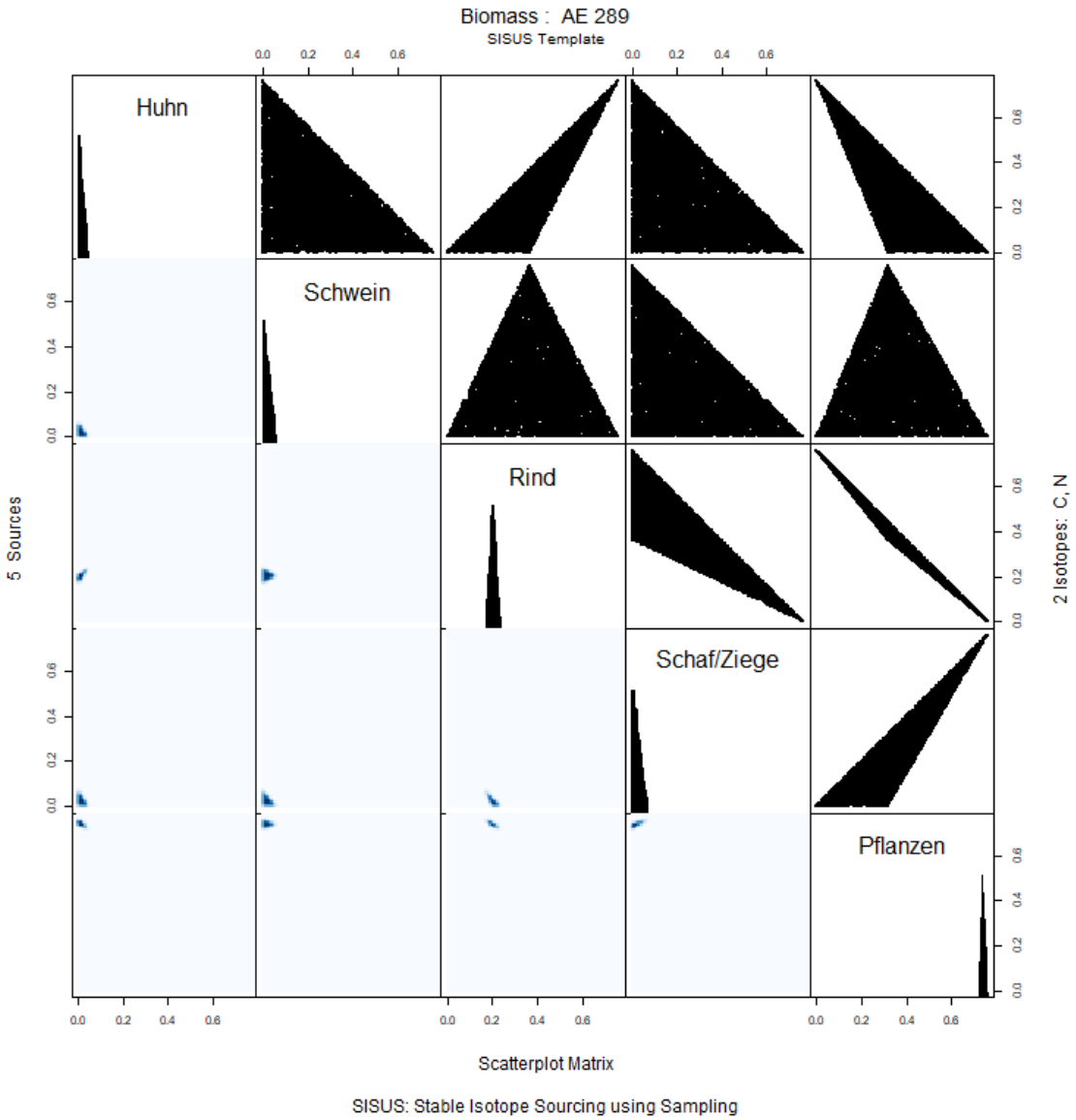


Abbildung 1129: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 289. Erstellt mit SISUS.

AE297

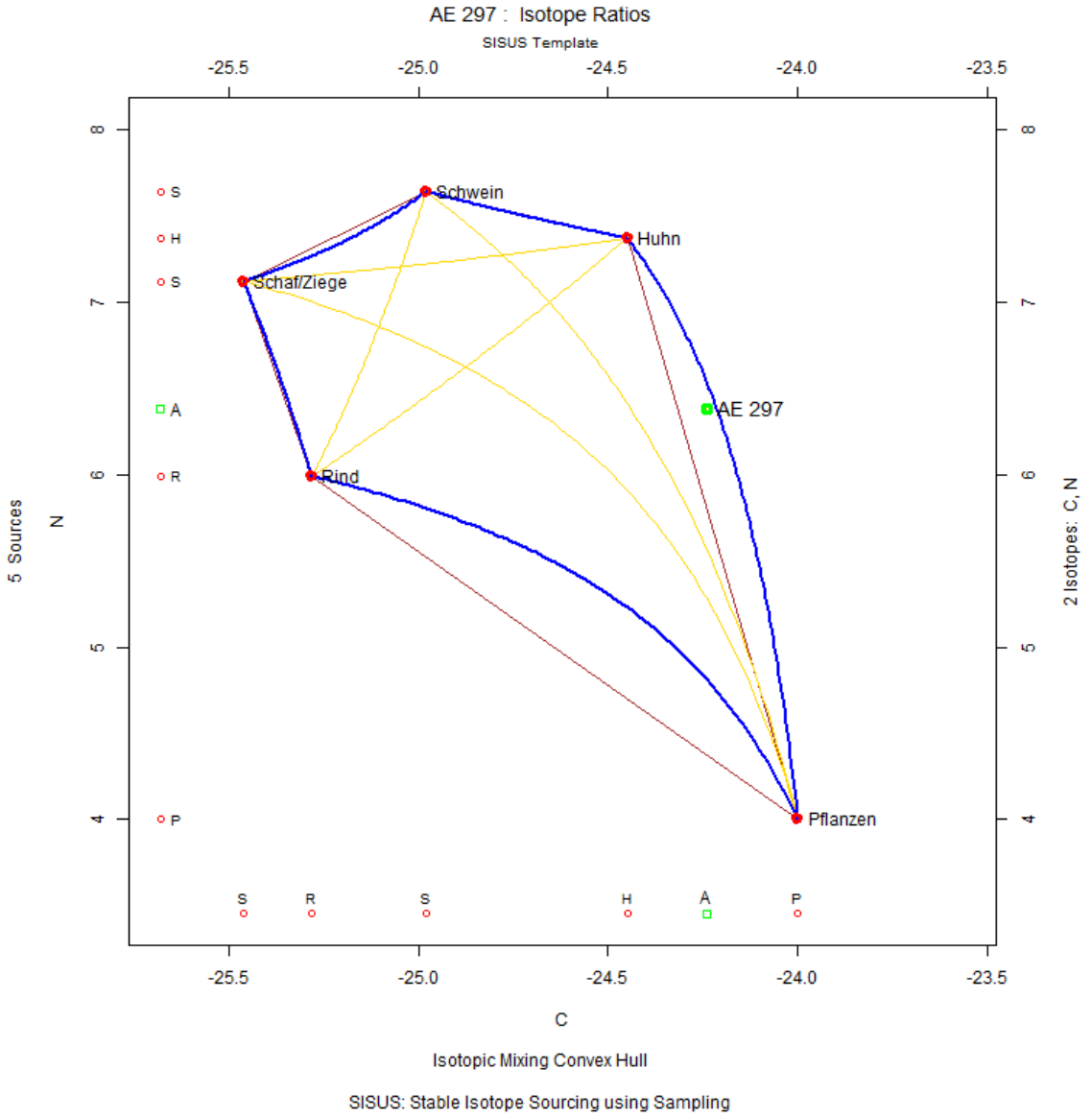


Abbildung 1130: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 297. Erstellt mit SISUS

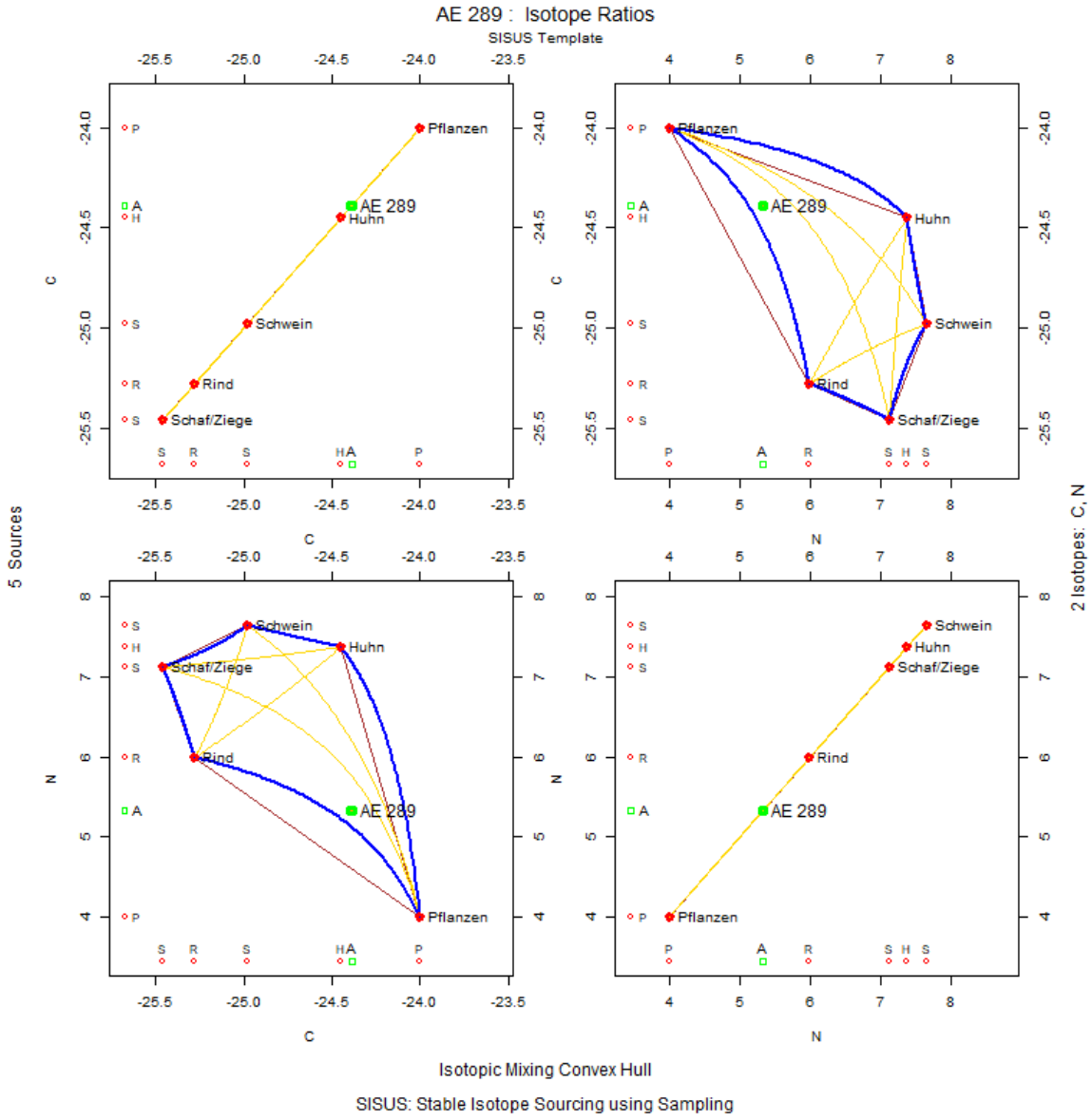


Abbildung 1131: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 297 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

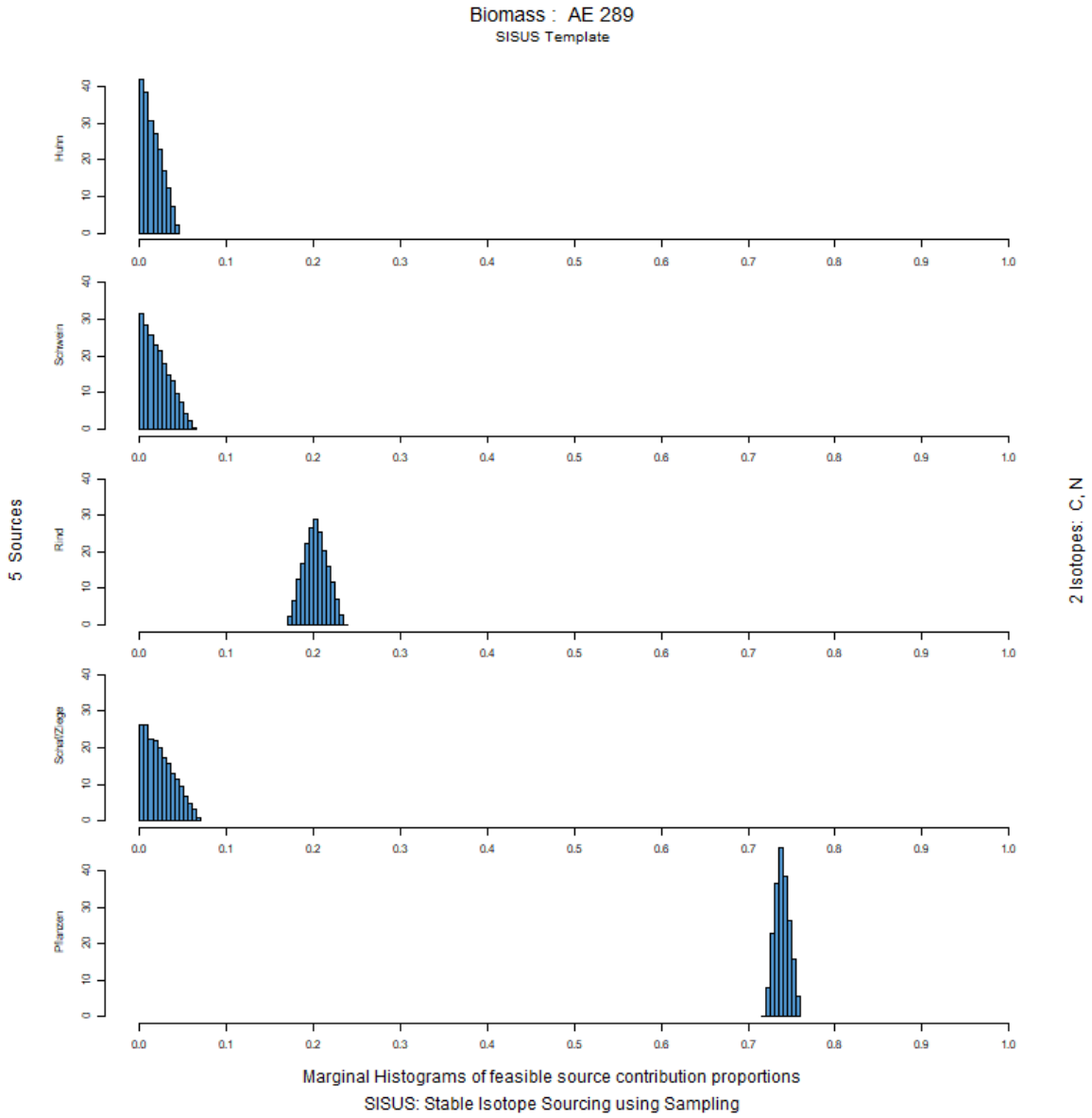


Abbildung 1132: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 297. Erstellt mit SISUS.

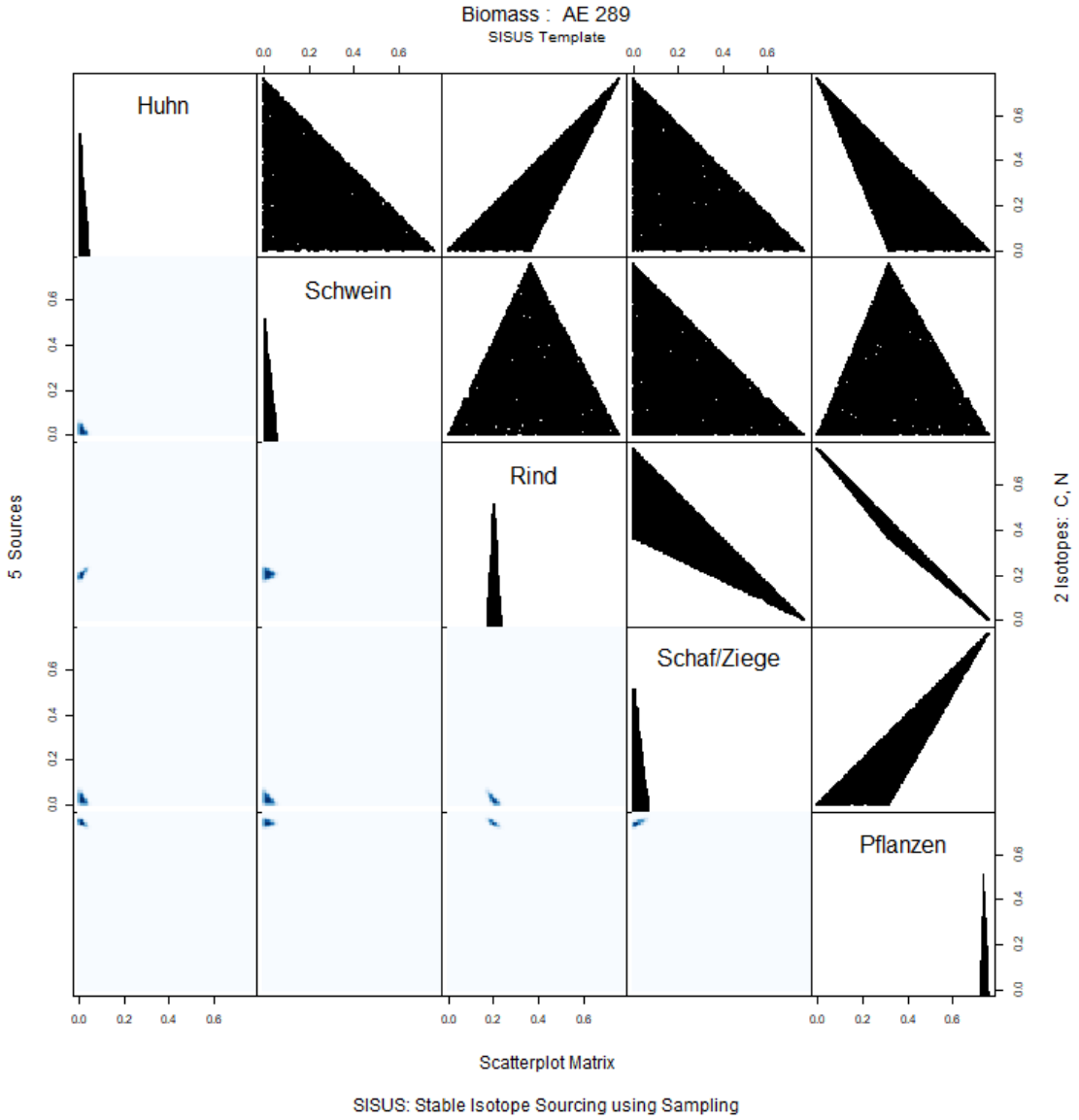


Abbildung 1133: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 297. Erstellt mit SISUS.

AE329

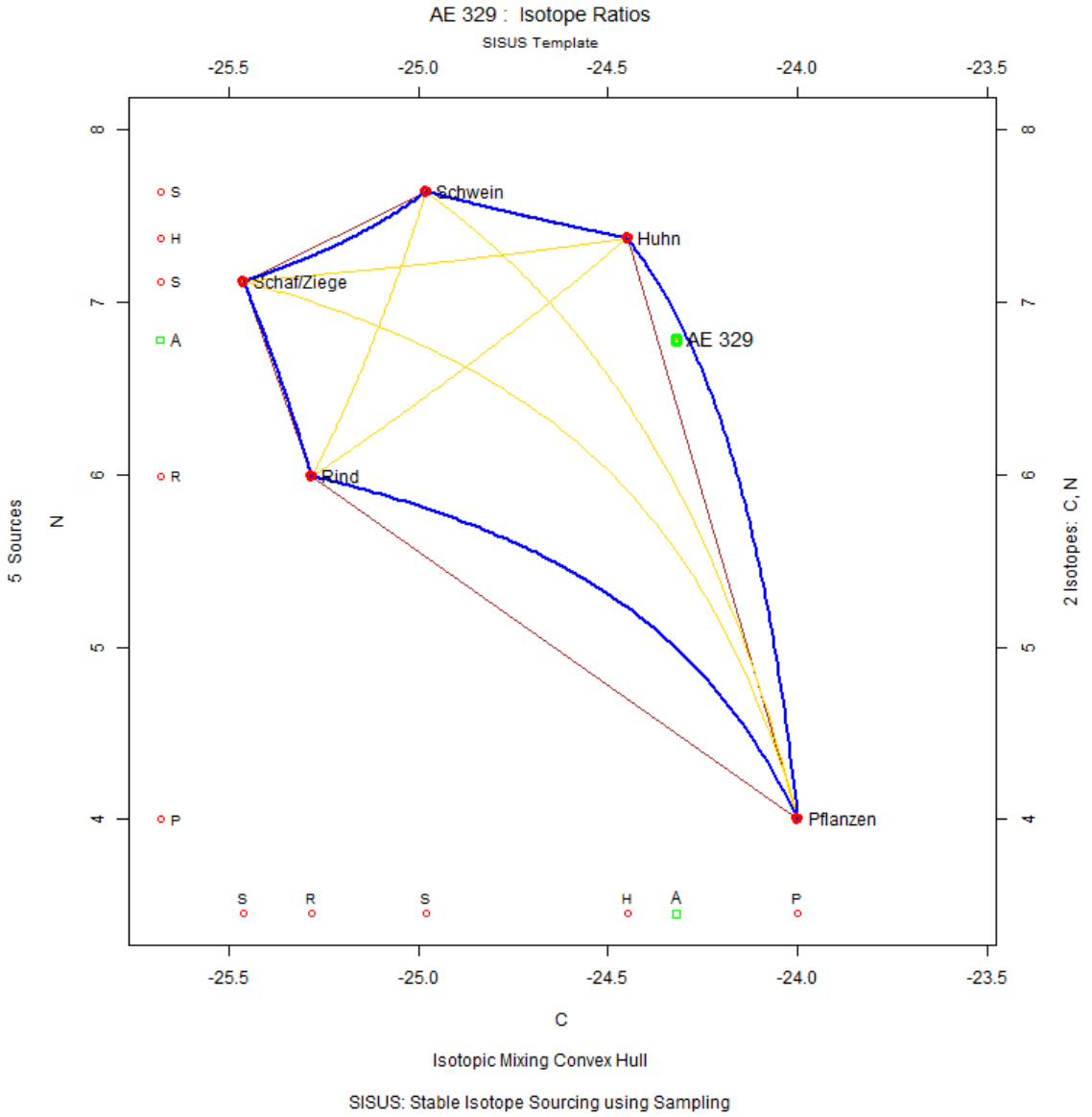


Abbildung 1134: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 329. Erstellt mit SISUS

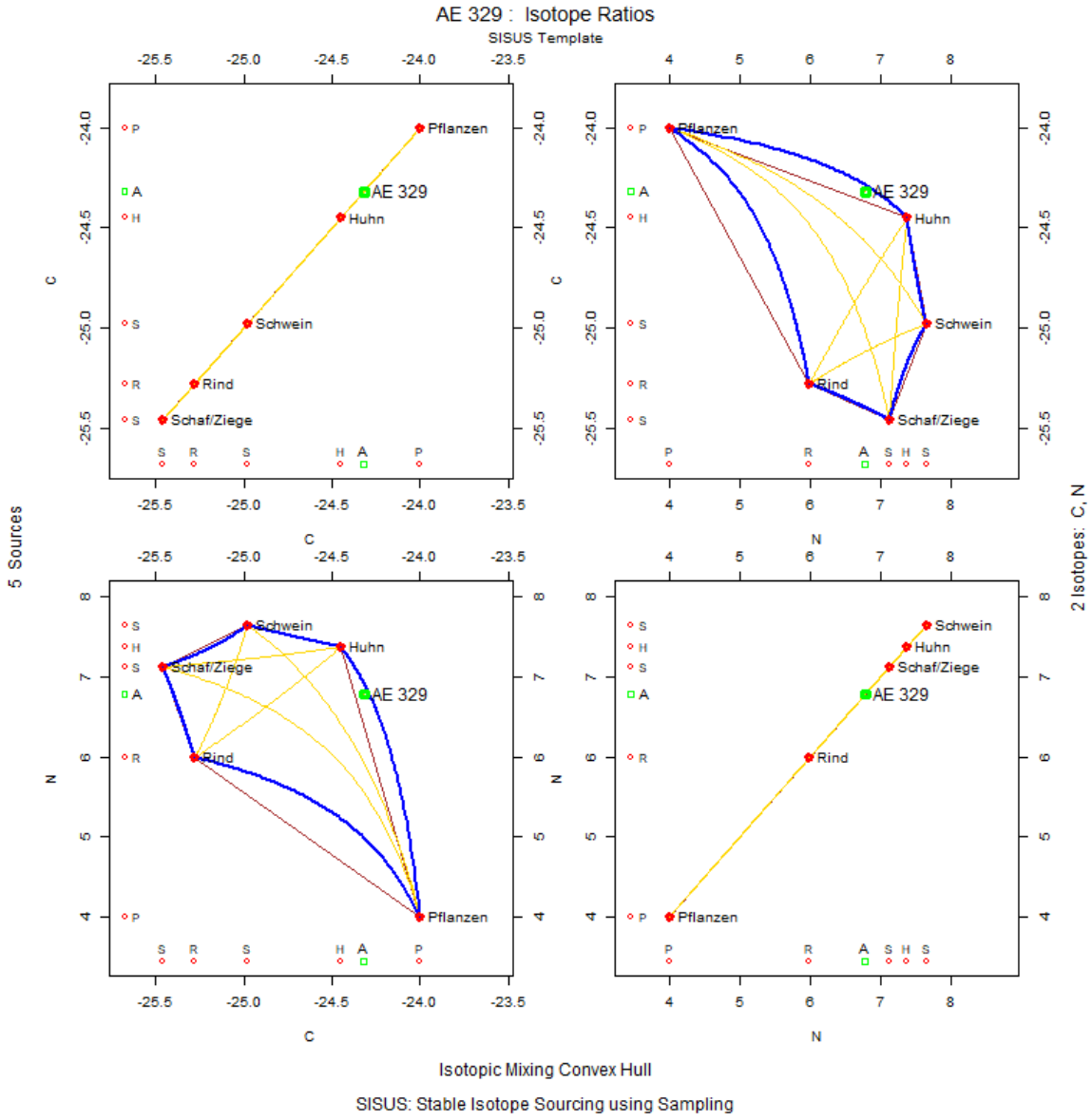


Abbildung 1135: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 329 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

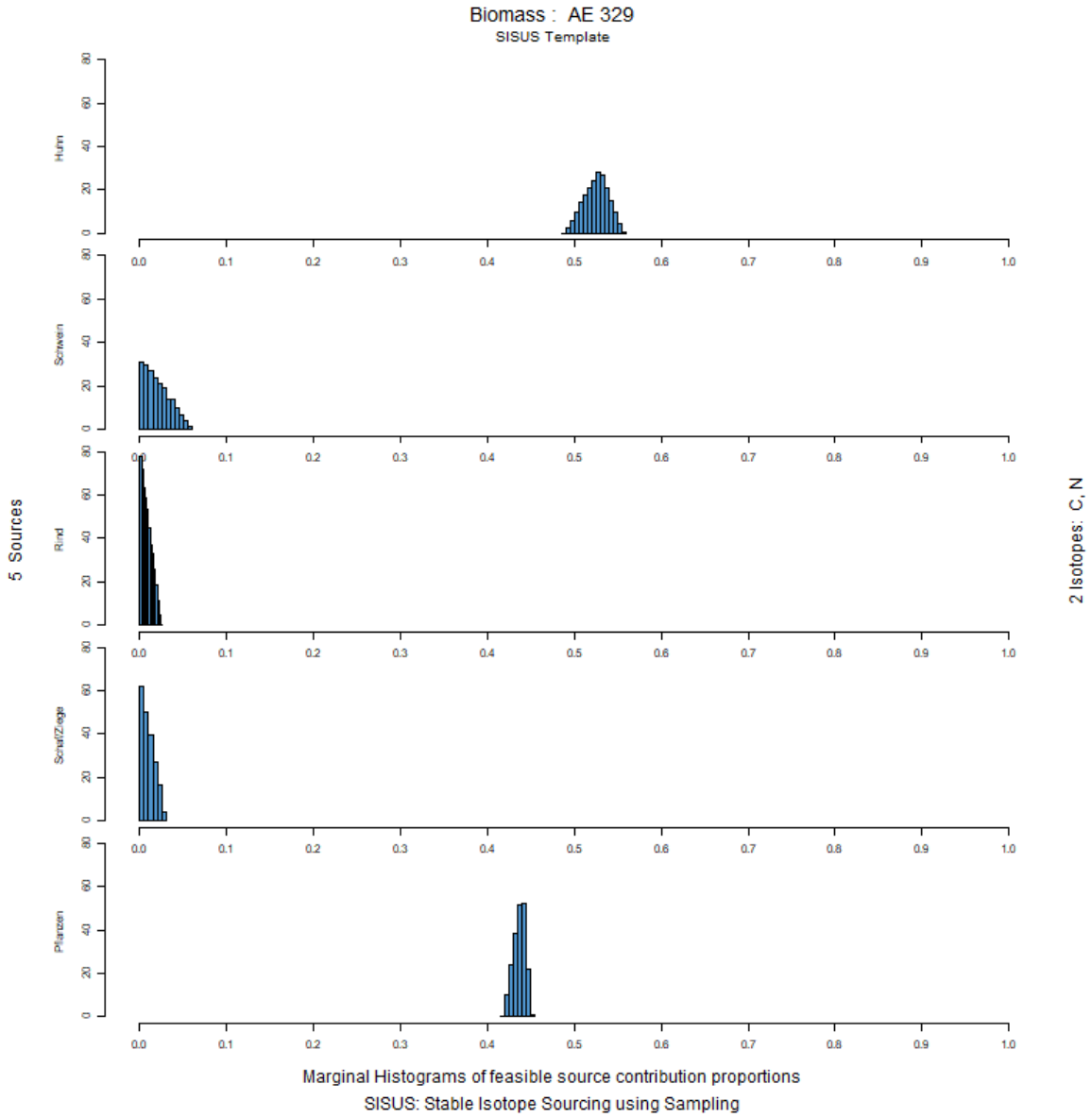


Abbildung 1136: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 329. Erstellt mit SISUS.

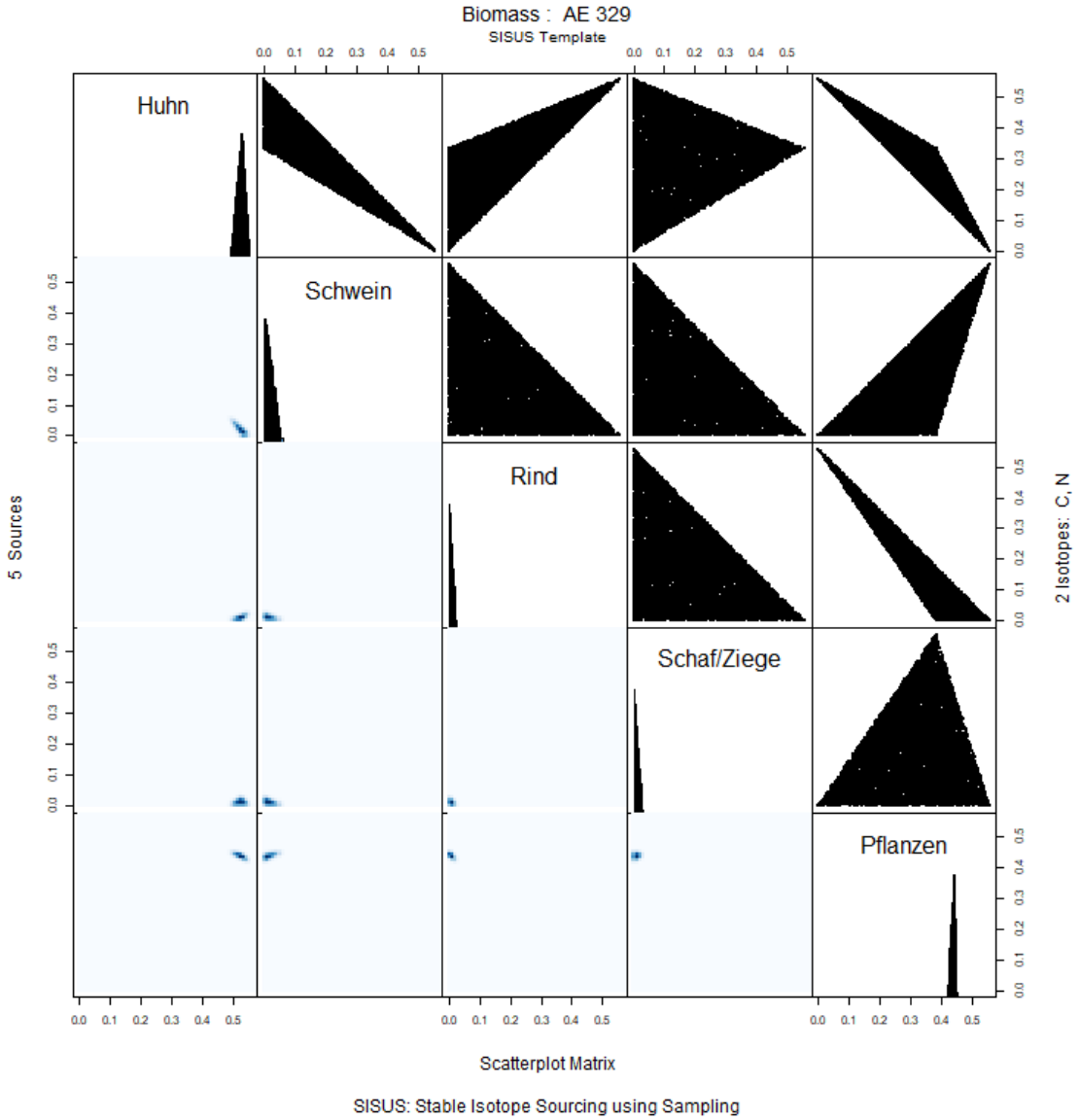


Abbildung 1137: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 329. Erstellt mit SISUS.

AE343

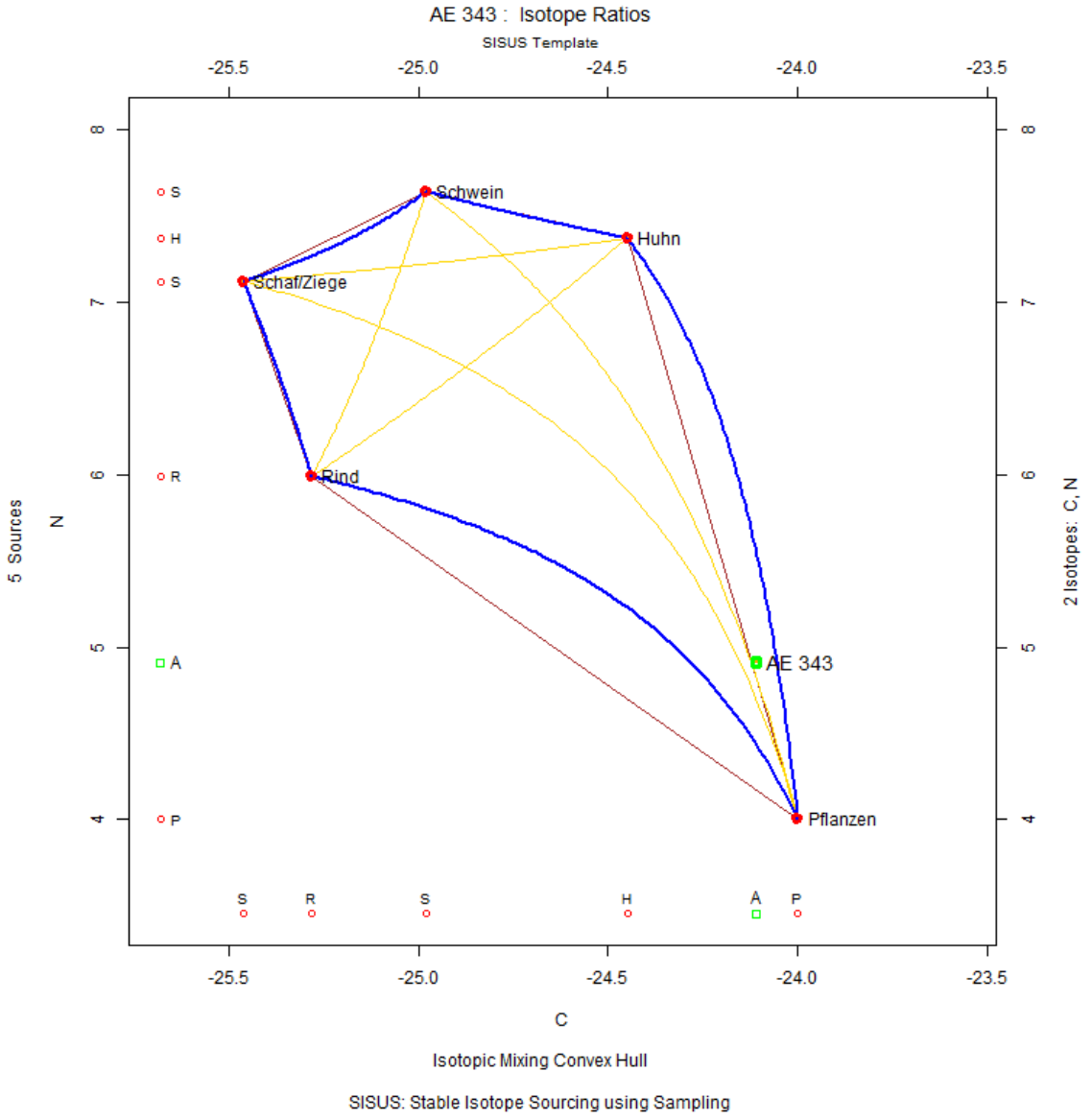


Abbildung 1138: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 343. Erstellt mit SISUS

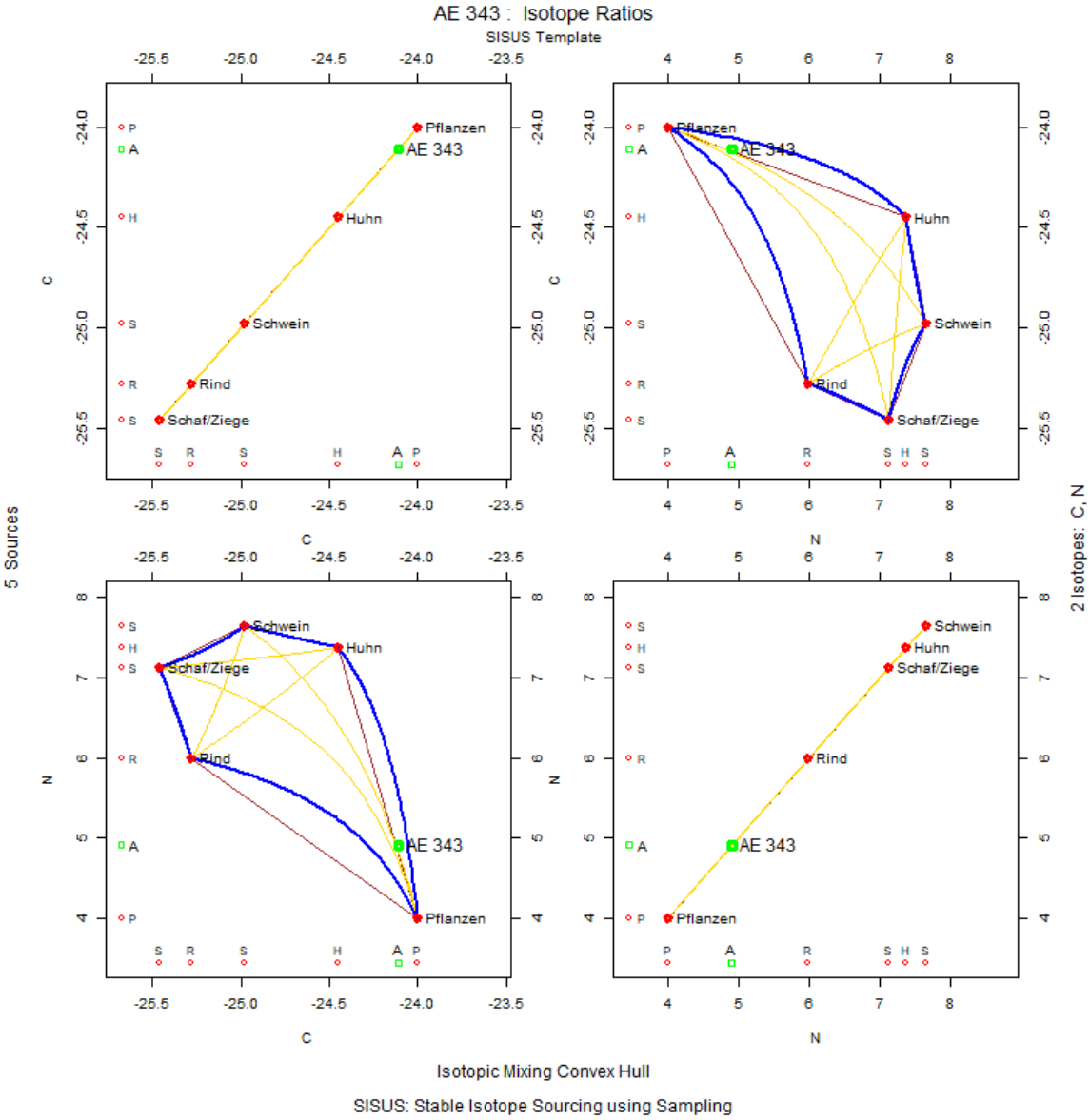


Abbildung 1139: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 343 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

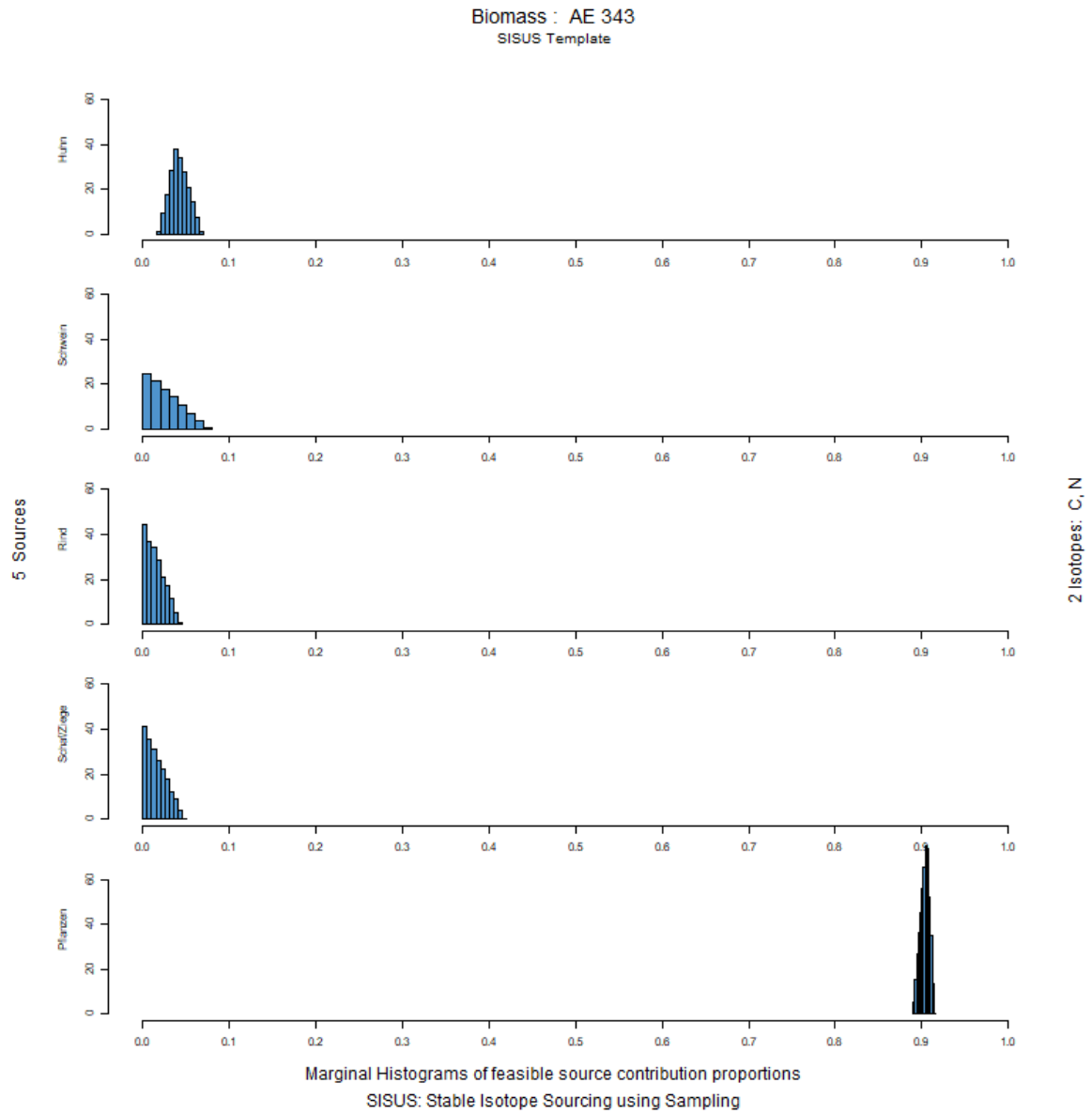


Abbildung 1140: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 343. Erstellt mit SISUS.

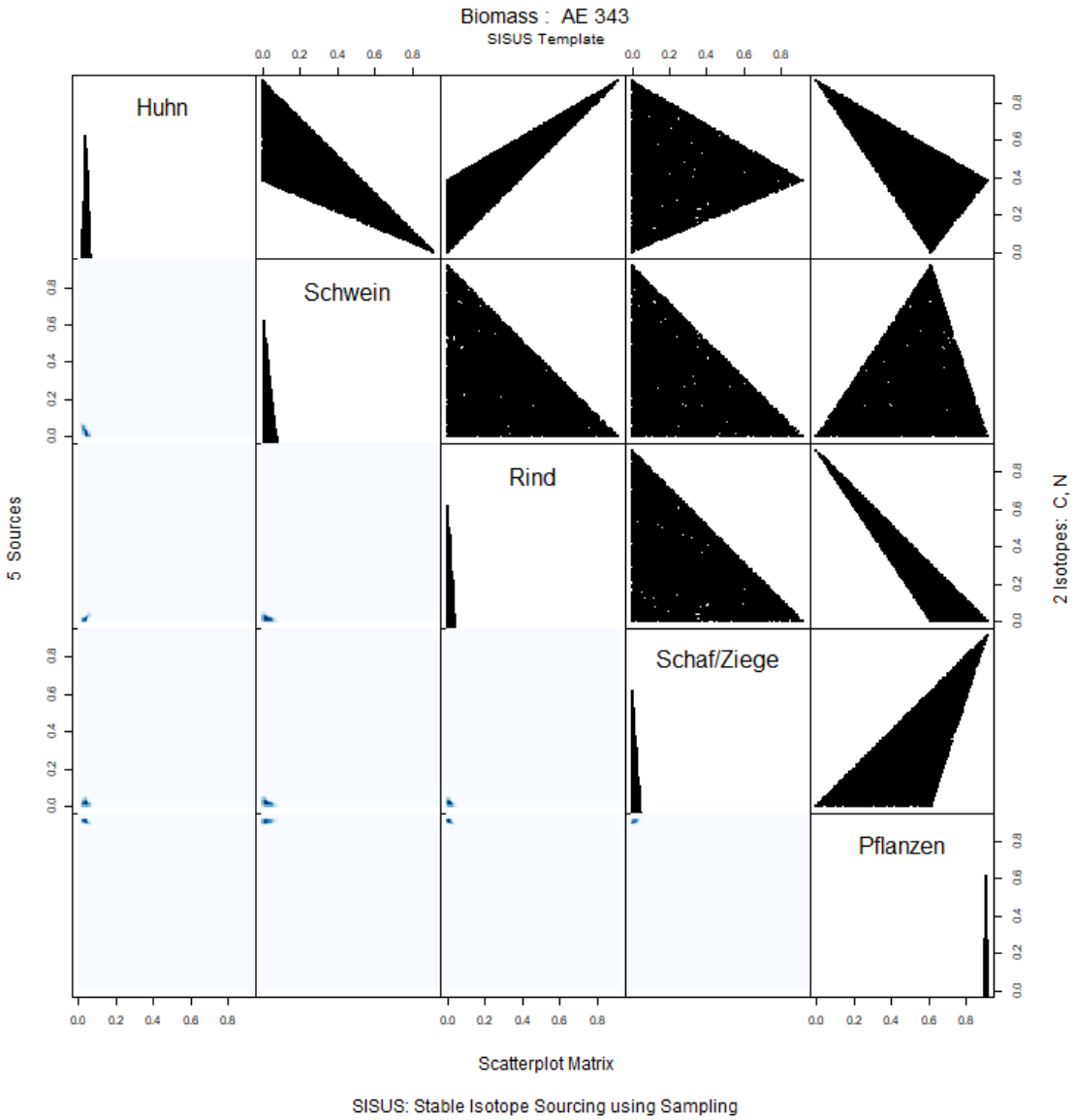


Abbildung 1141: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 343. Erstellt mit SISUS.

AE344

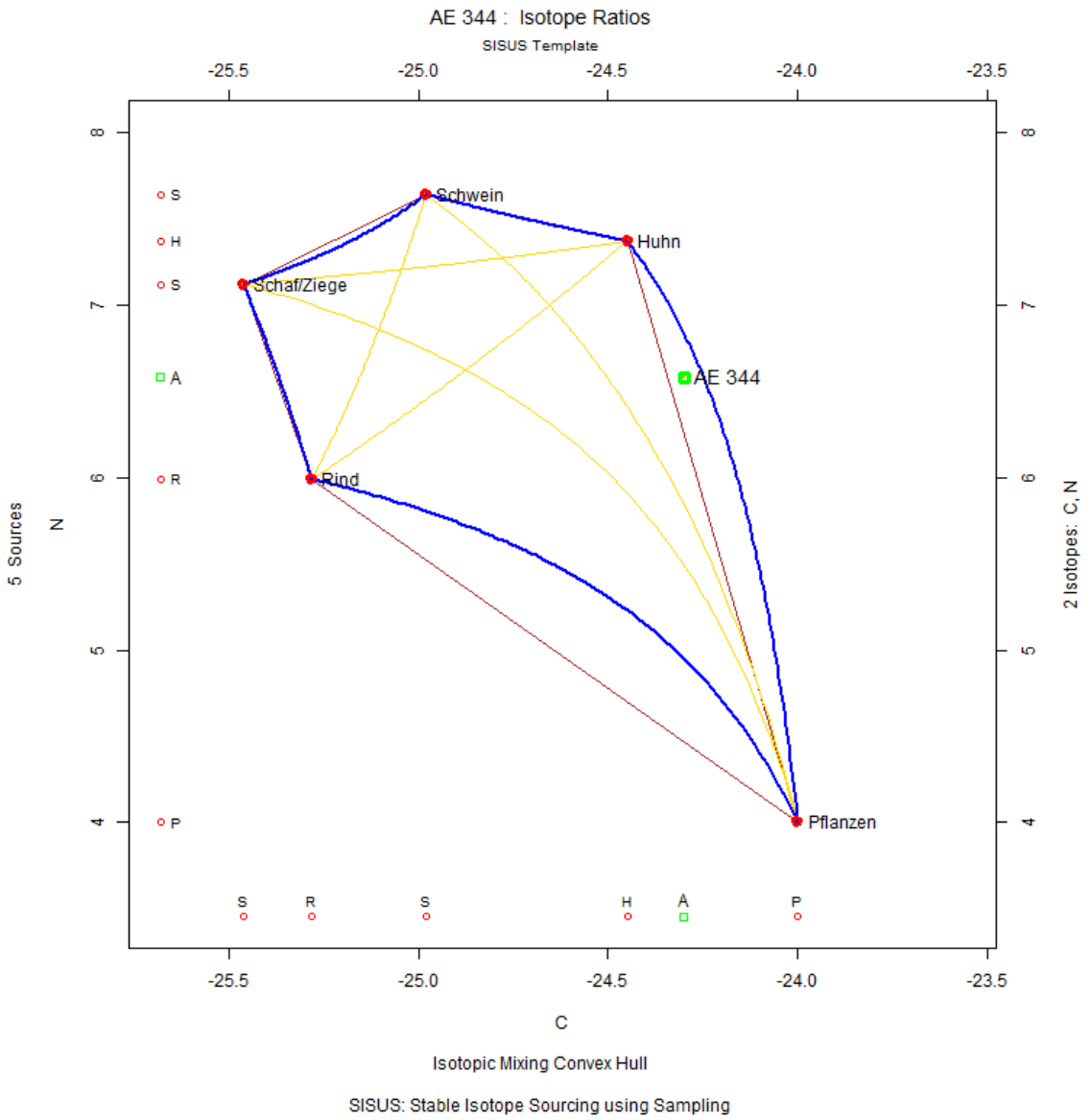


Abbildung 1142: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 344. Erstellt mit SISUS

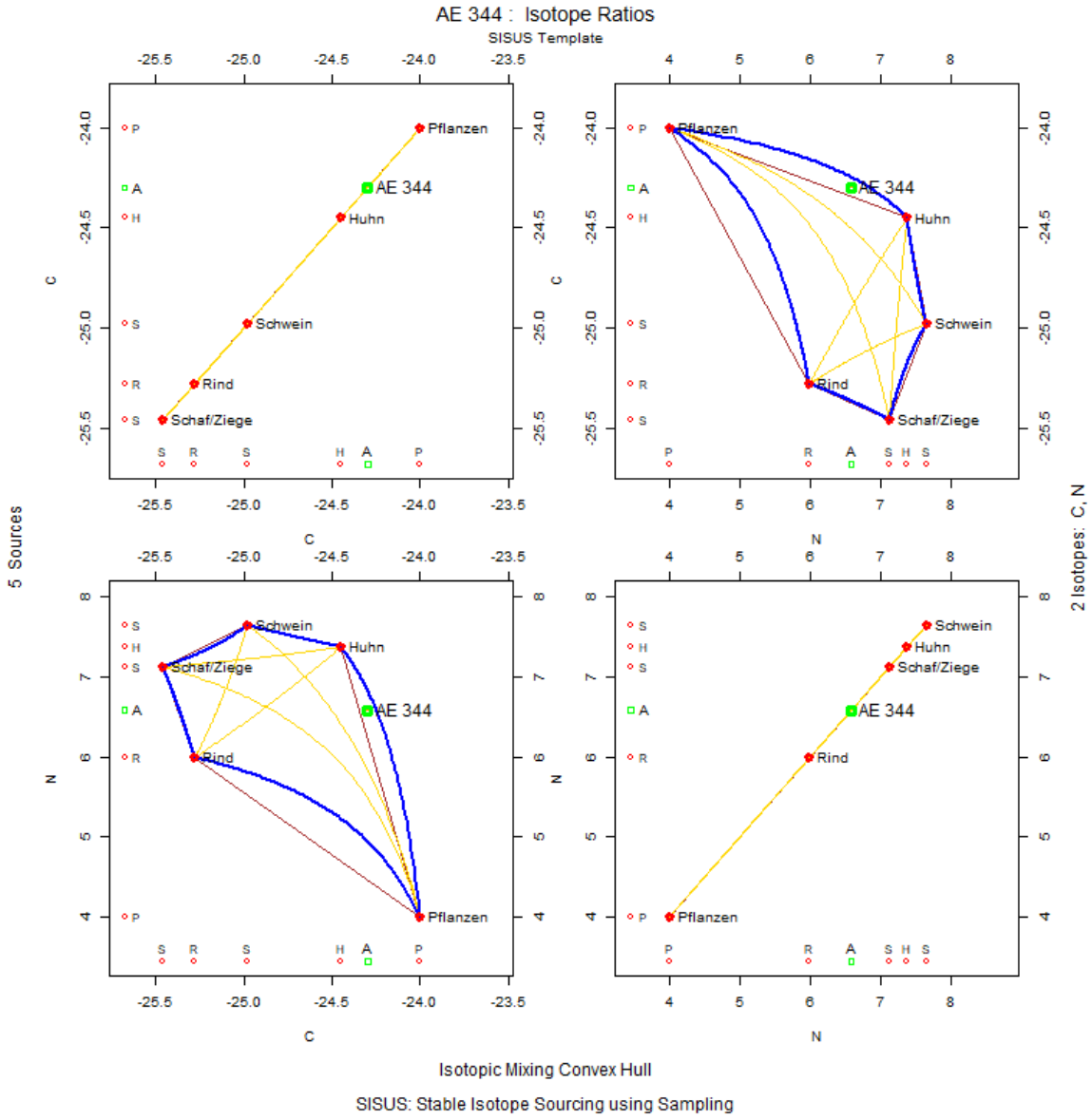


Abbildung 1143: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 344 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

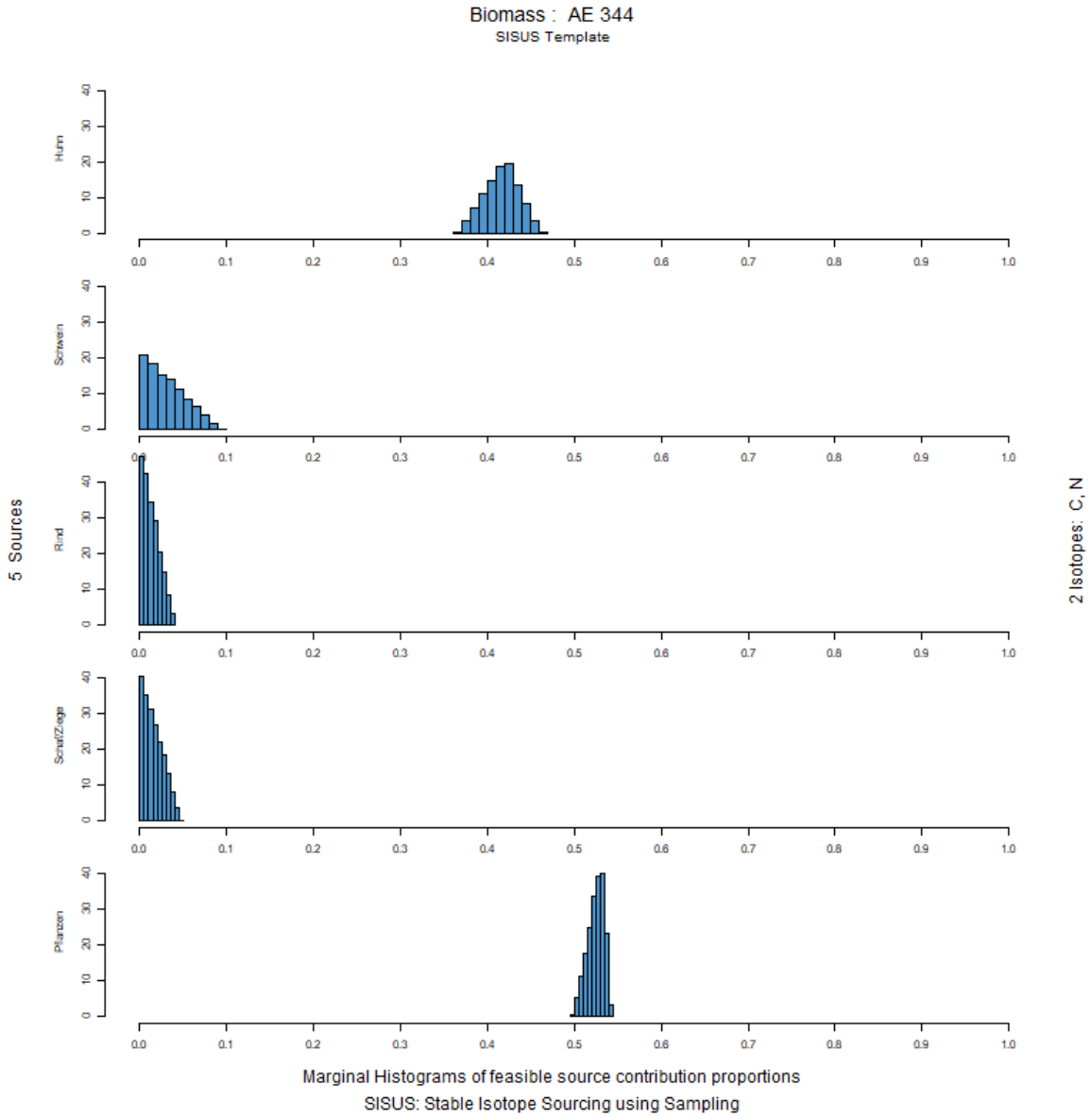


Abbildung 1144: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 344. Erstellt mit SISUS.

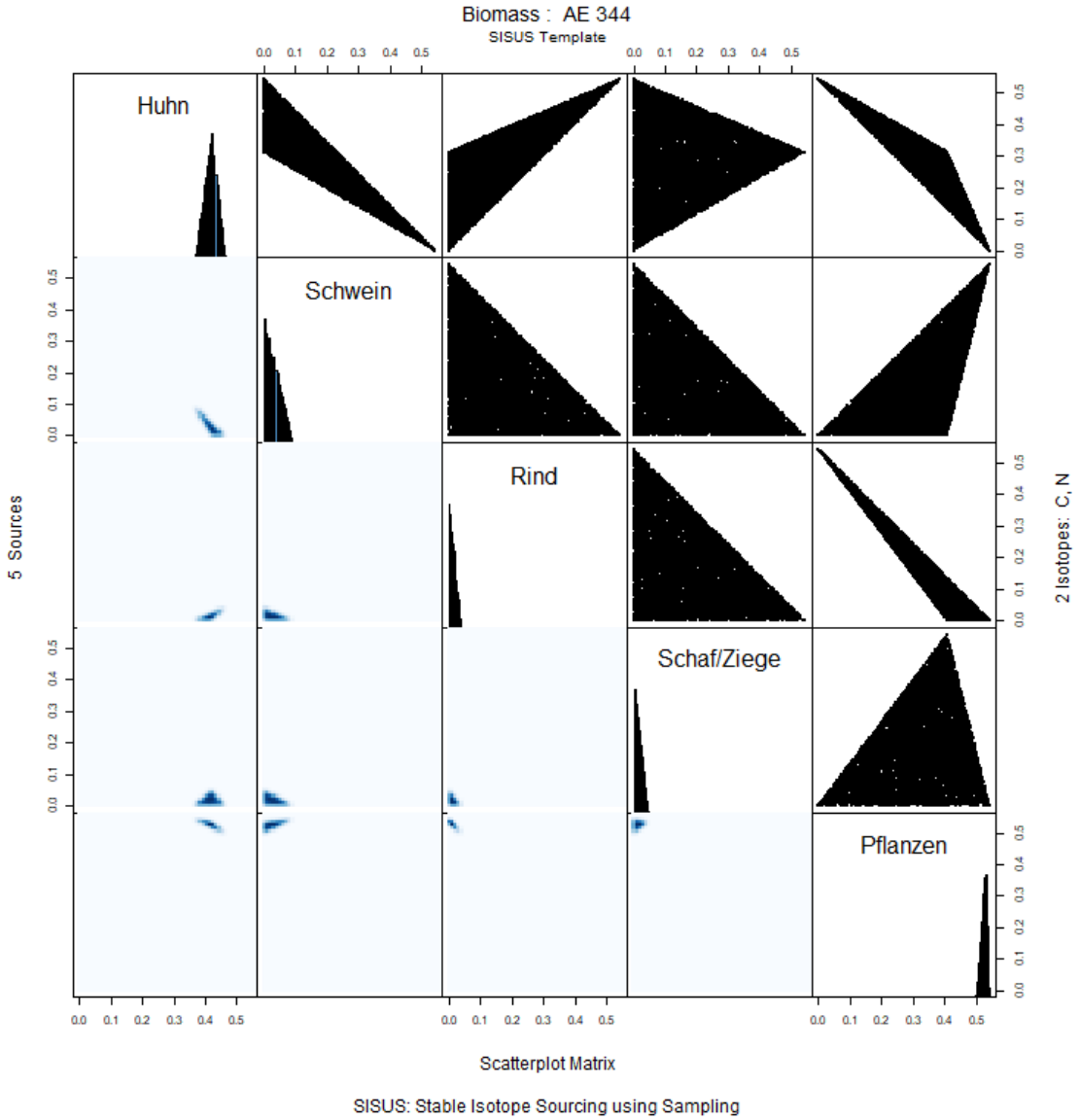


Abbildung 1145: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 344. Erstellt mit SISUS.

AE421

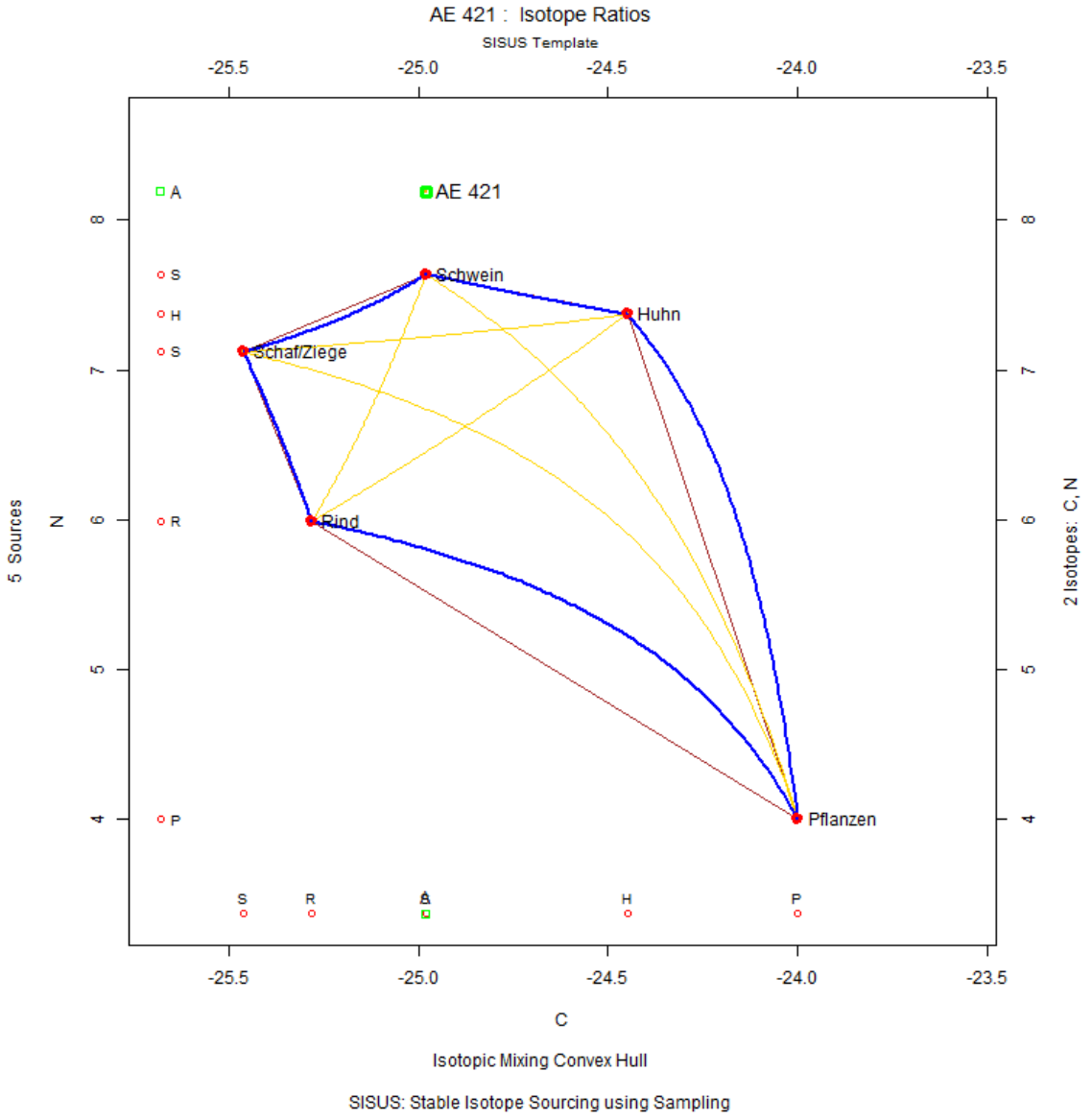


Abbildung 1146: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 421. Erstellt mit SISUS

AE427

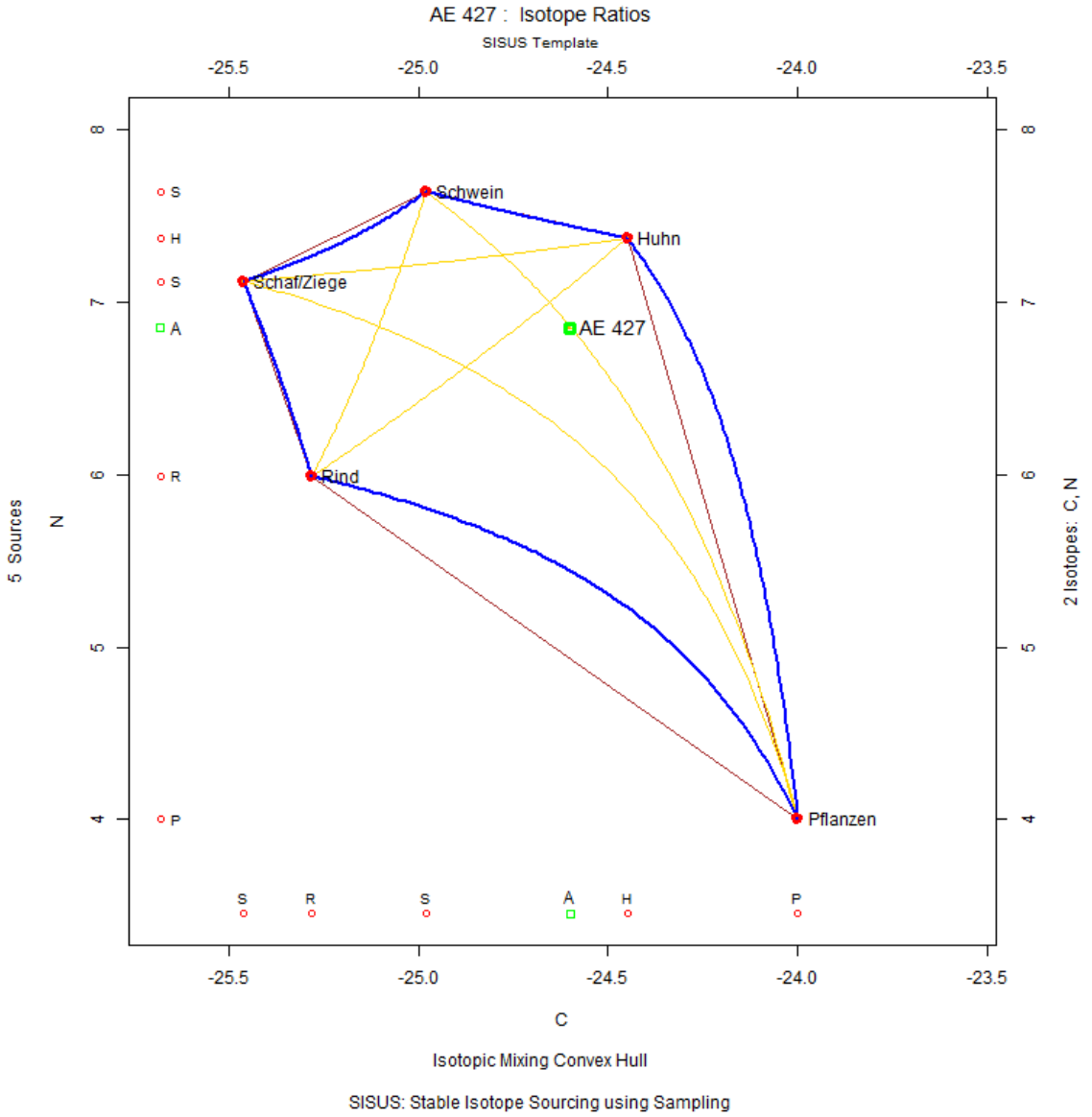


Abbildung 1147: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 427. Erstellt mit SISUS

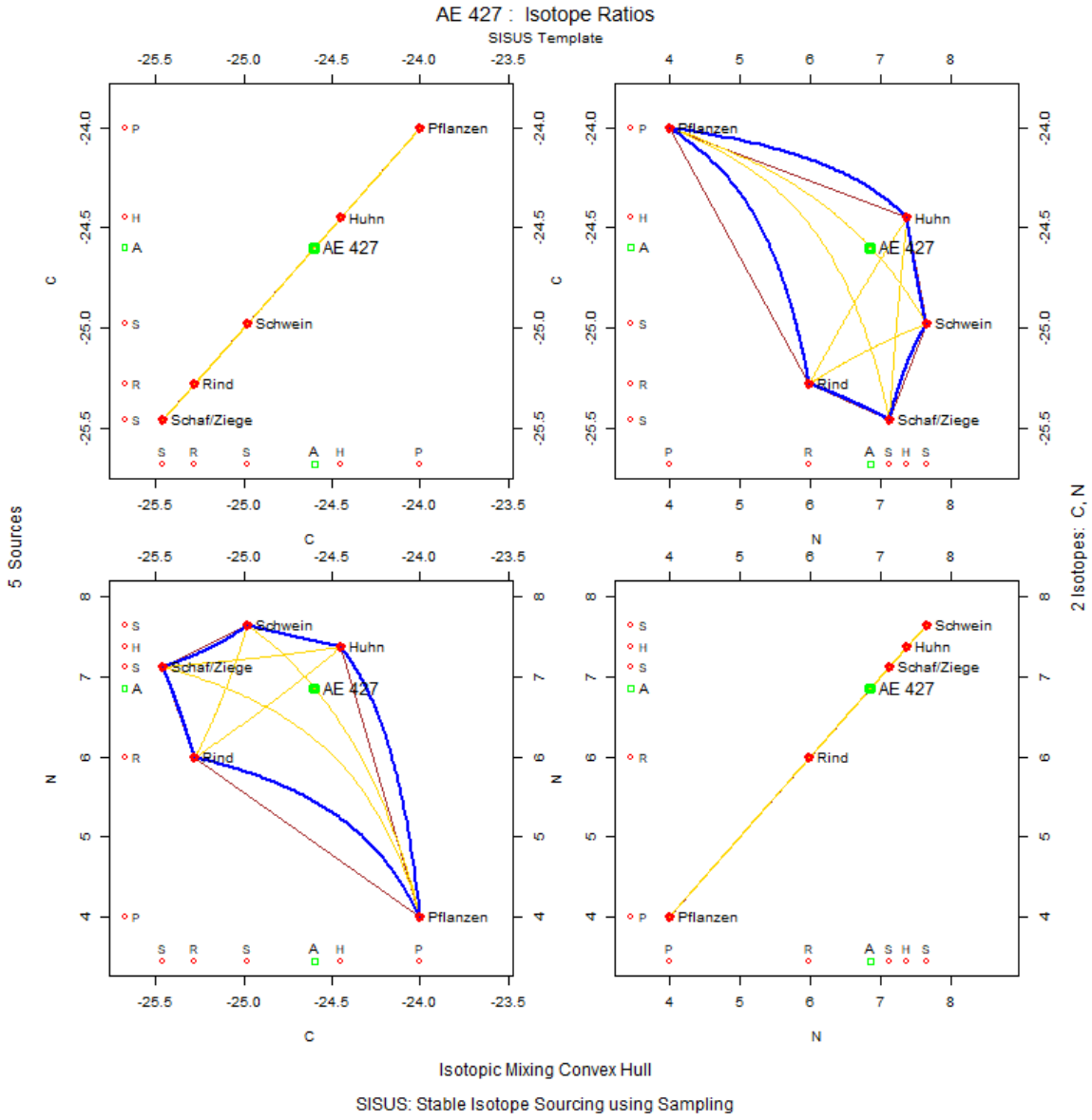


Abbildung 1148: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 427 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

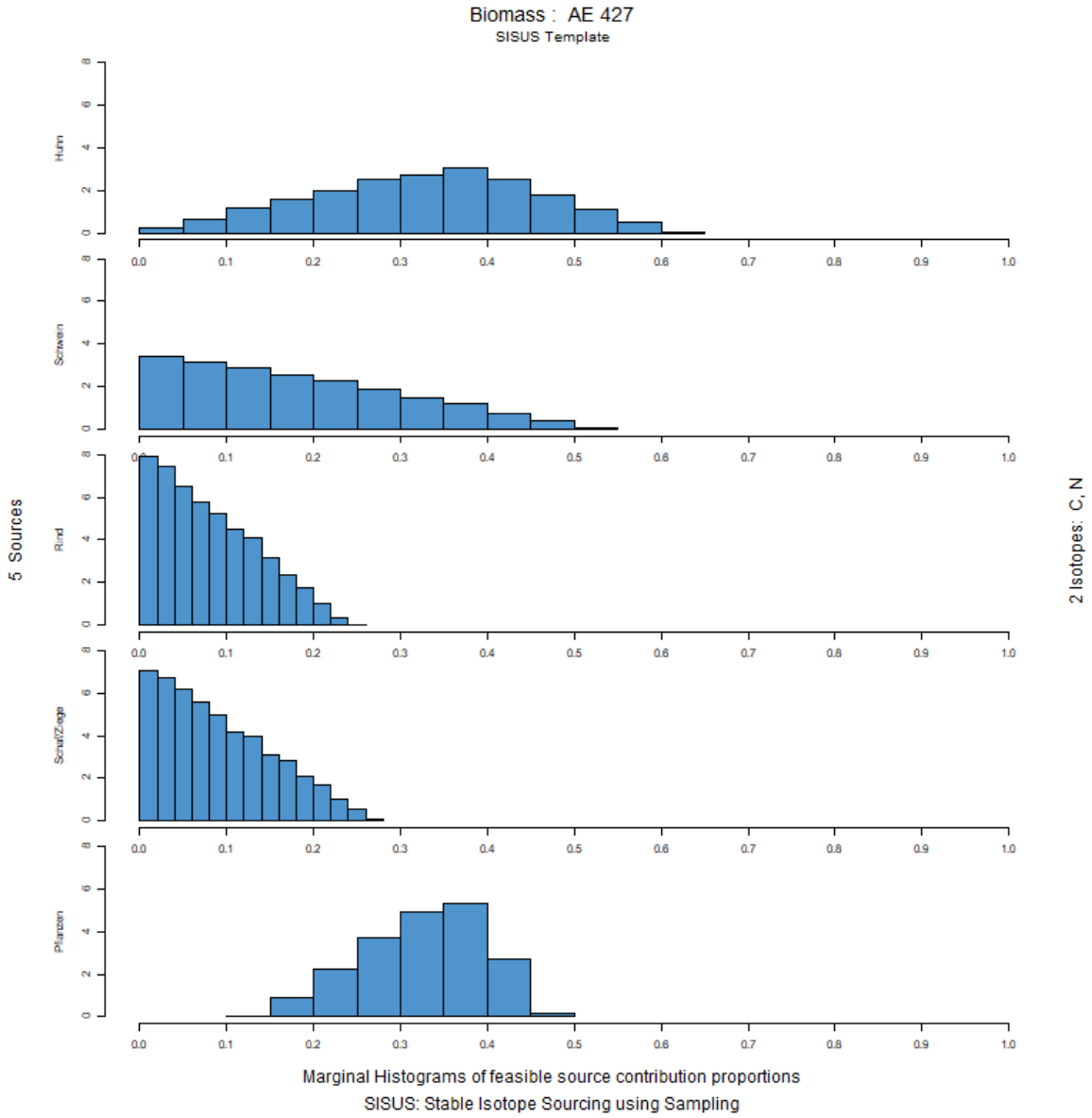


Abbildung 1149: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 427. Erstellt mit SISUS.

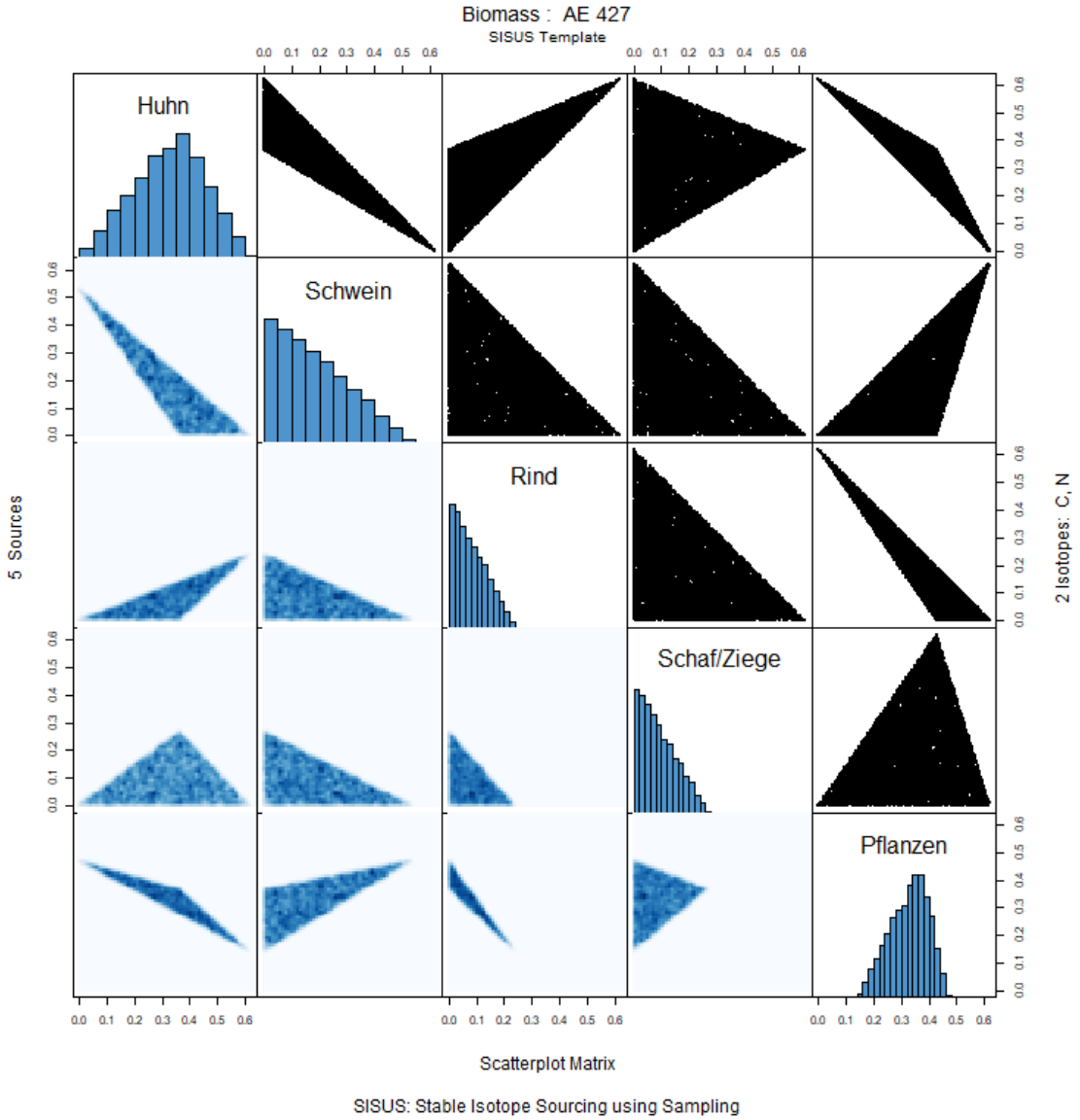


Abbildung 1150: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 427. Erstellt mit SISUS.

AE452

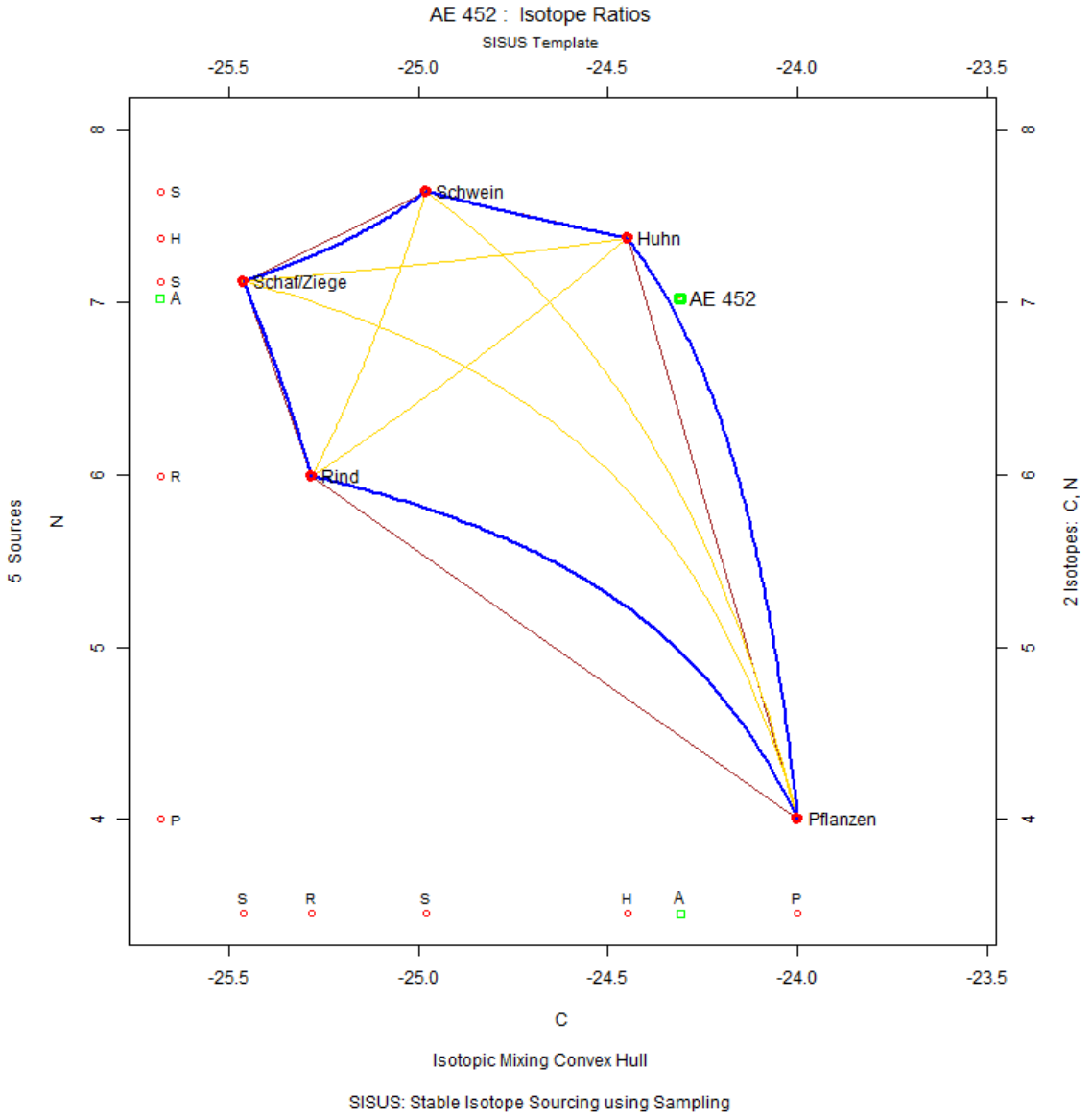


Abbildung 1151: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 452. Erstellt mit SISUS

AE469

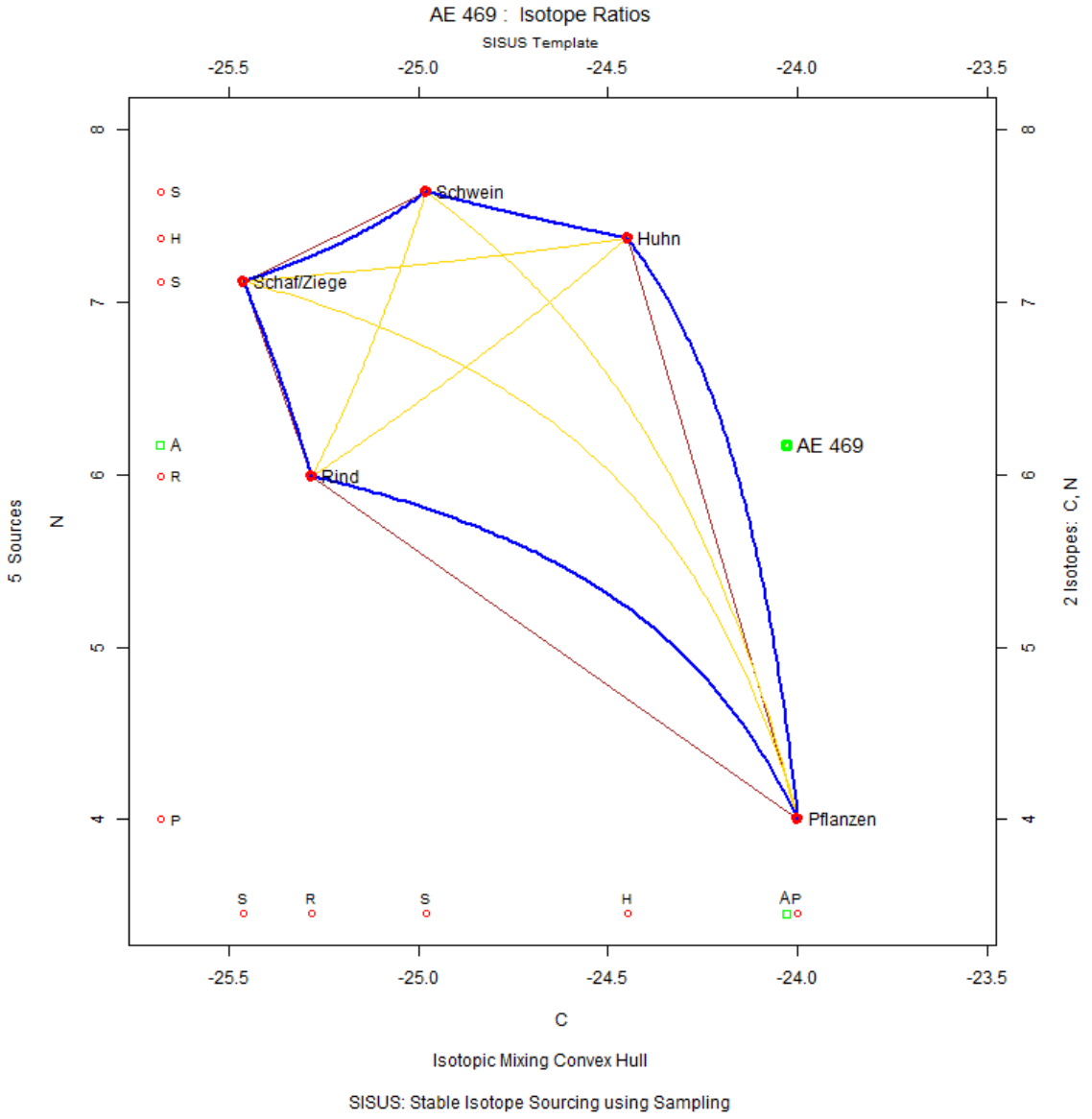


Abbildung 1152: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 469. Erstellt mit SISUS

AE487

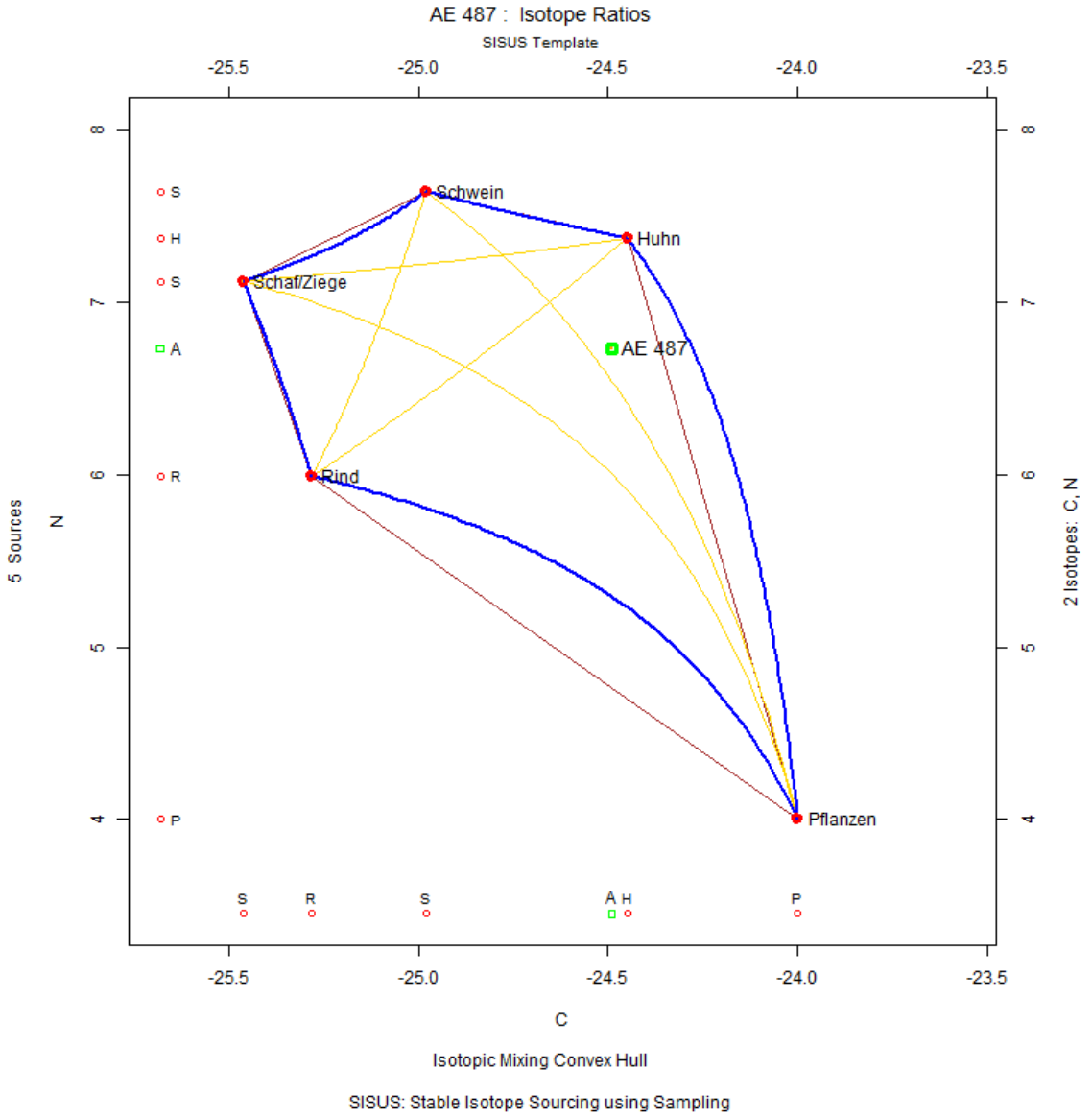


Abbildung 1153: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 487. Erstellt mit SISUS

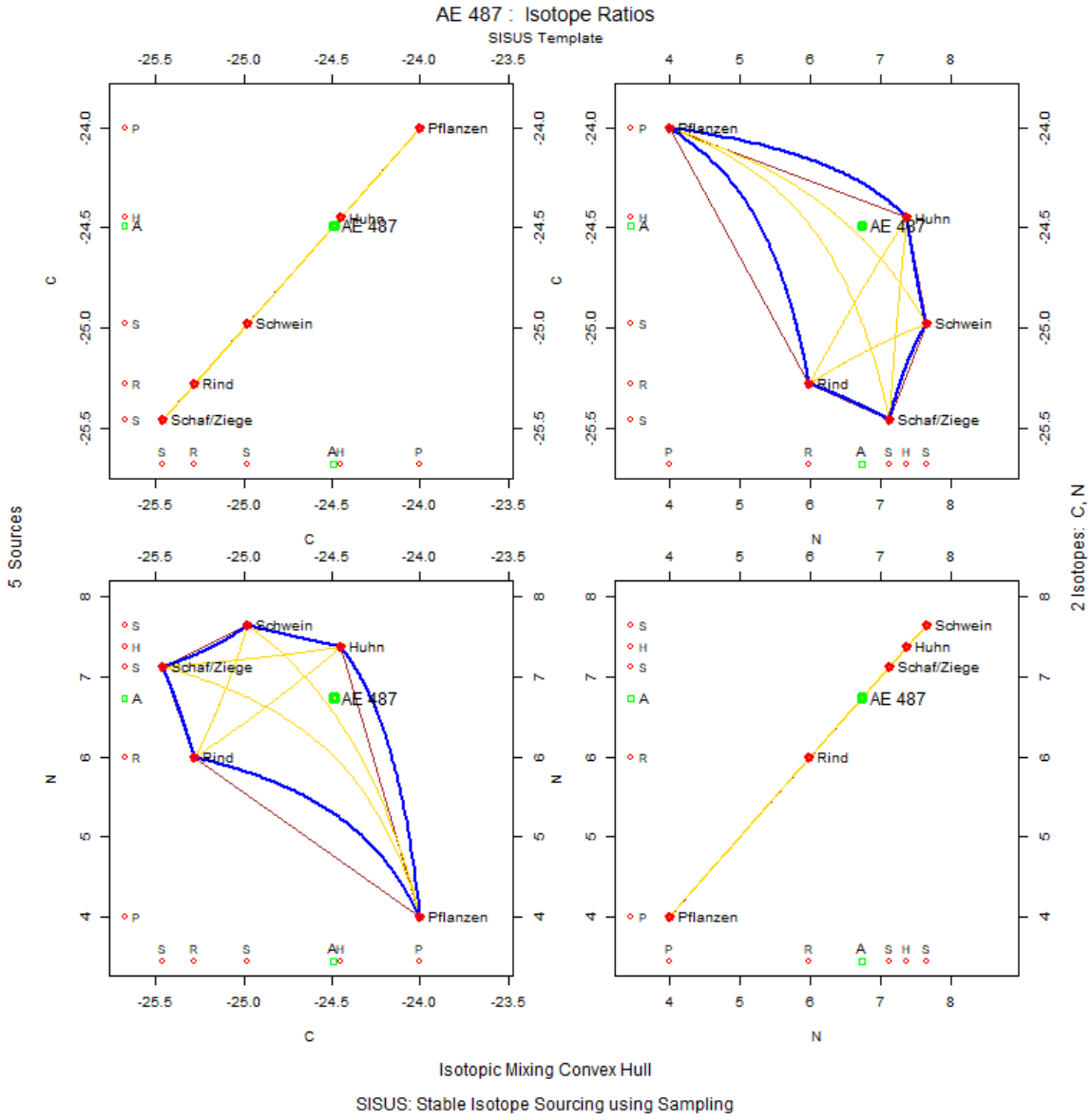


Abbildung 1154: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 487 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

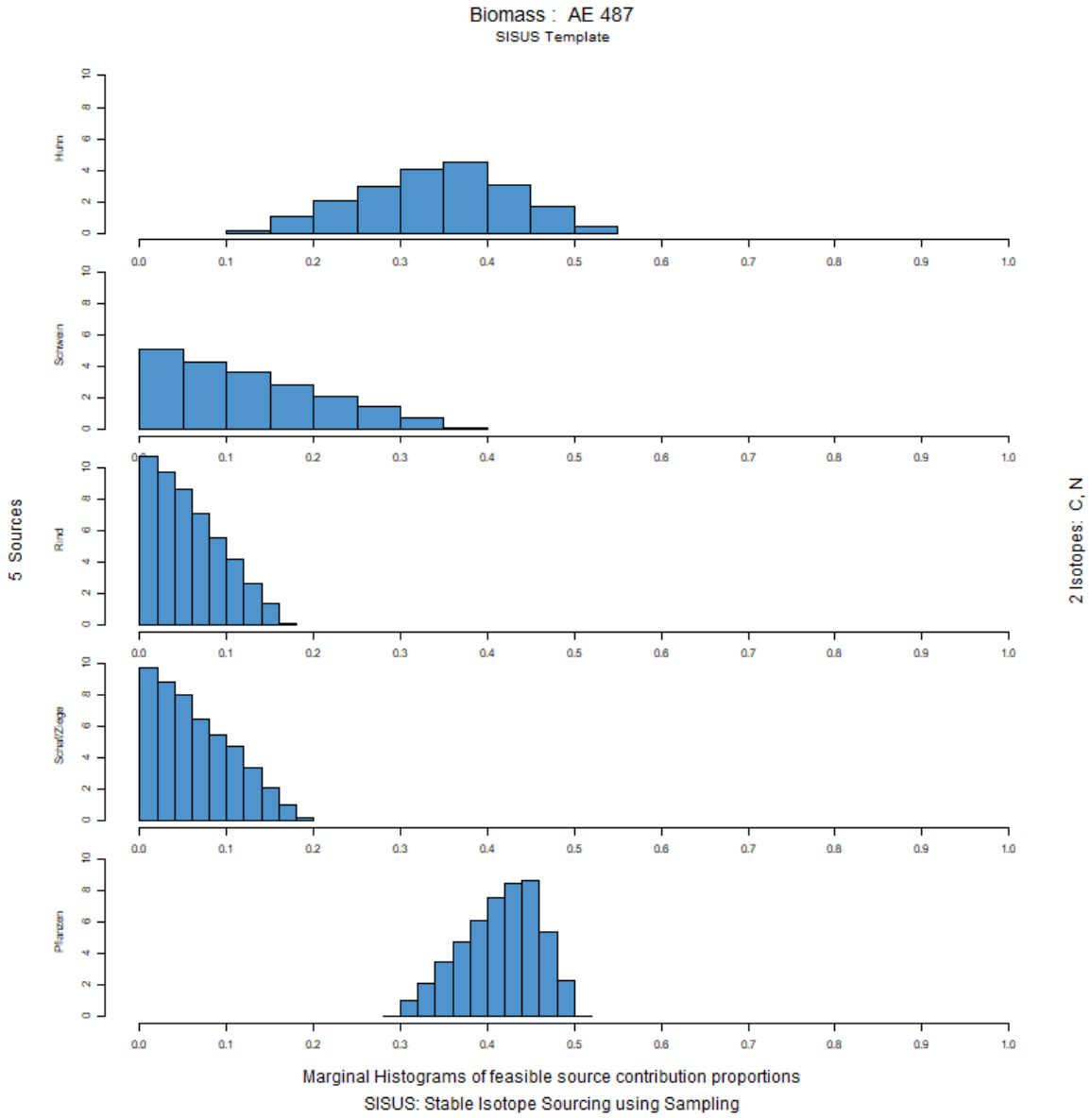


Abbildung 1155: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 487. Erstellt mit SISUS.

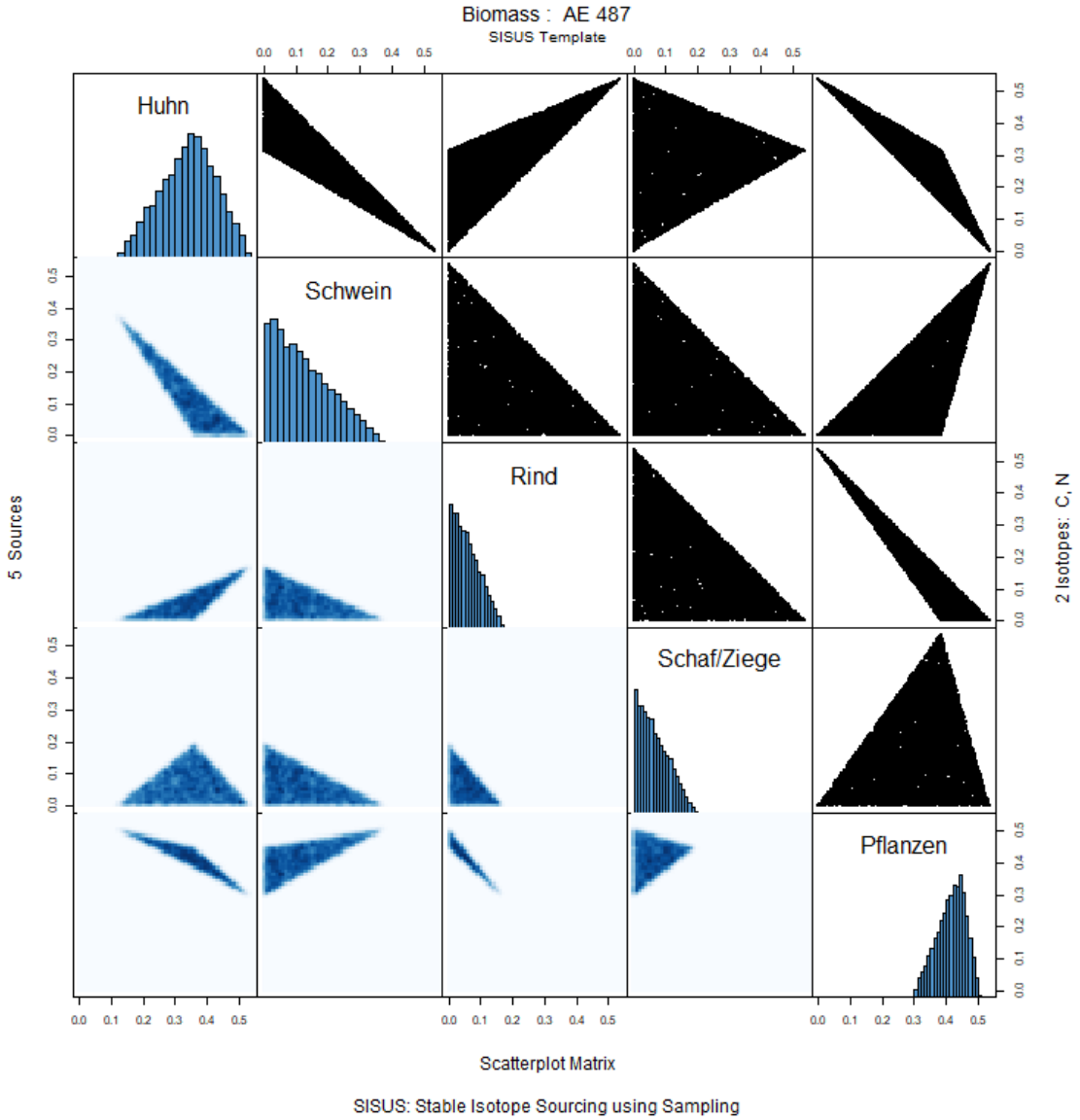


Abbildung 1156: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 487. Erstellt mit SISUS.

AE492

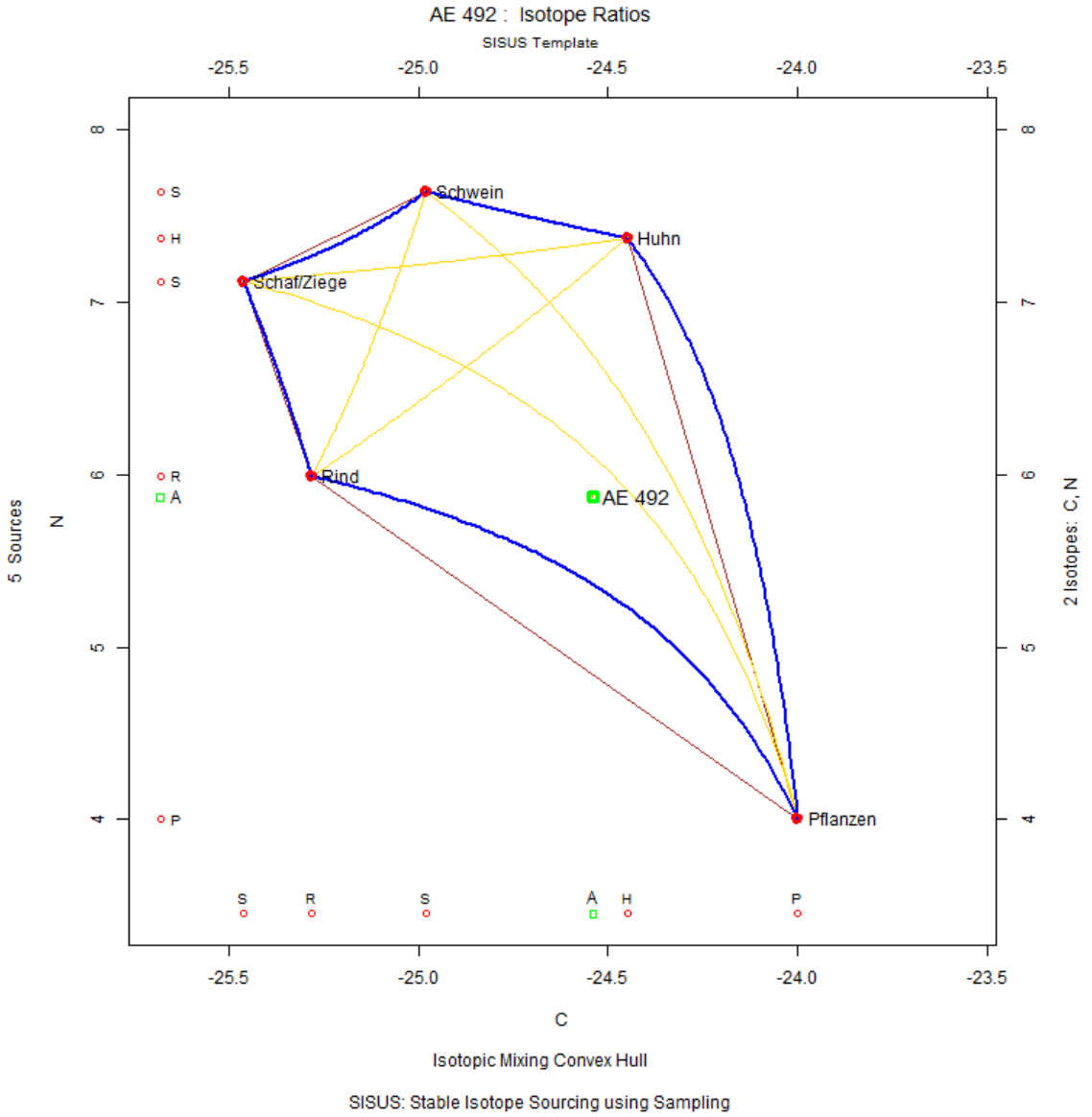


Abbildung 1157: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 492. Erstellt mit SISUS

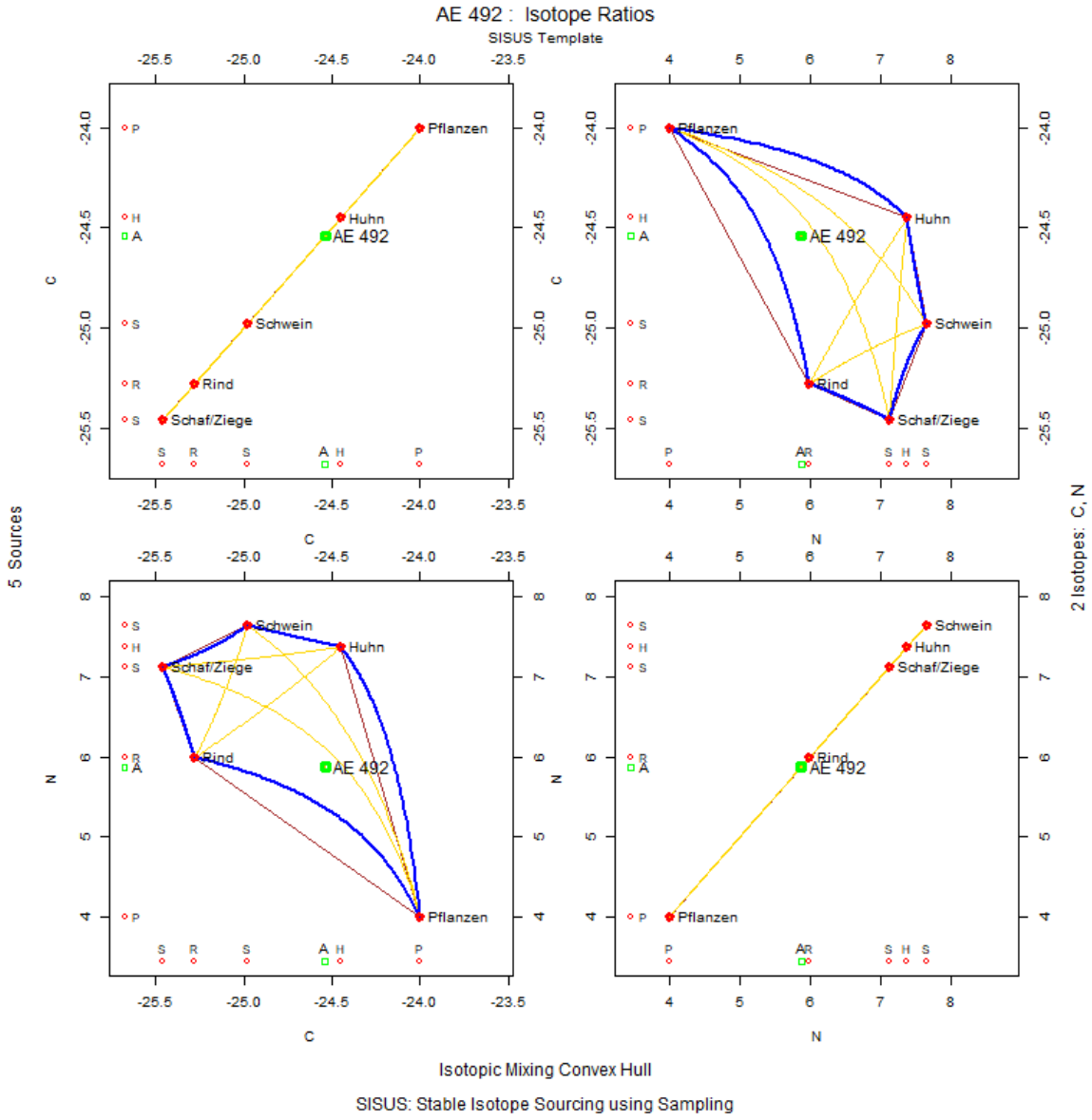


Abbildung 1158: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 492 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

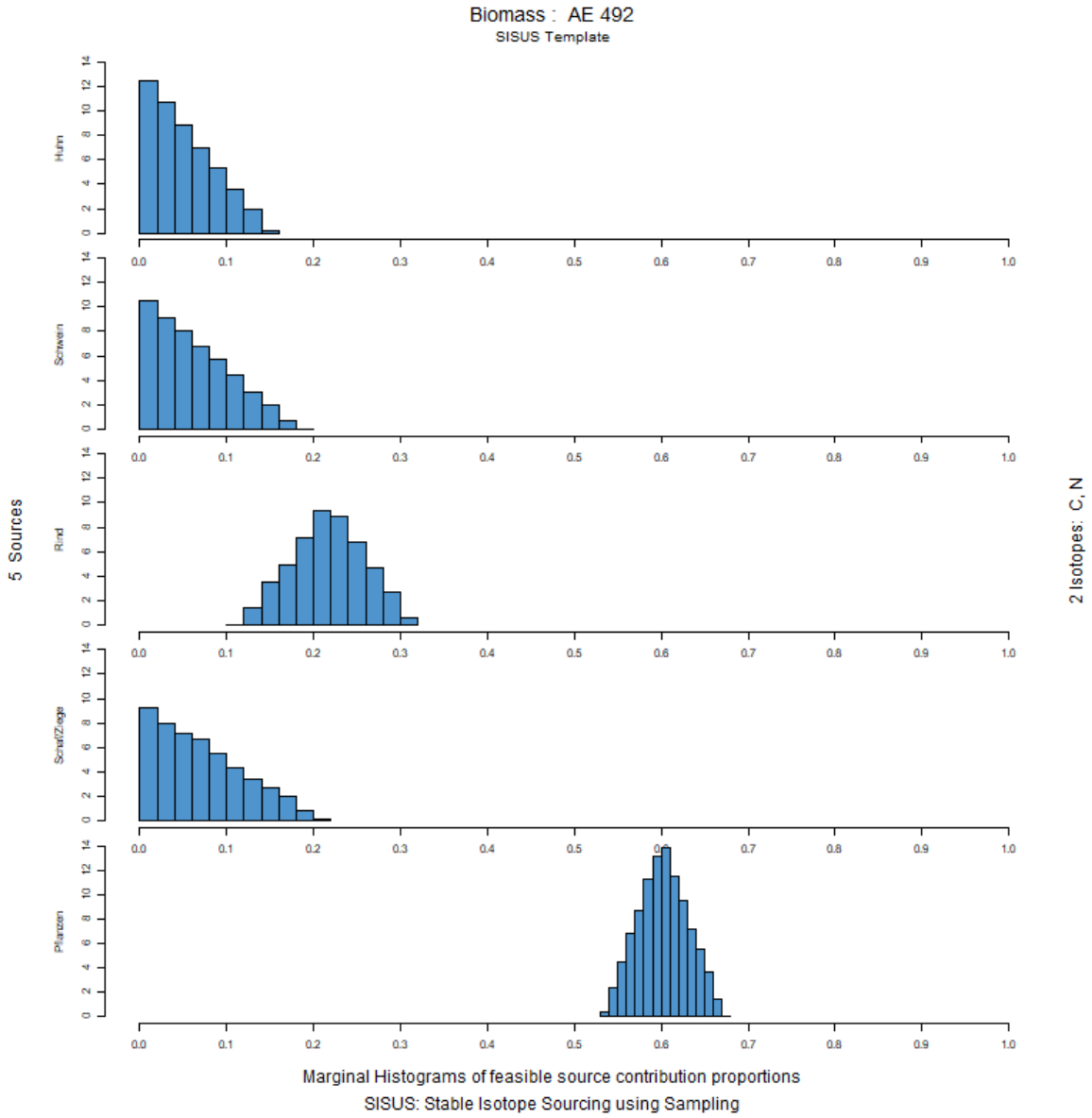


Abbildung 1159: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 492. Erstellt mit SISUS.

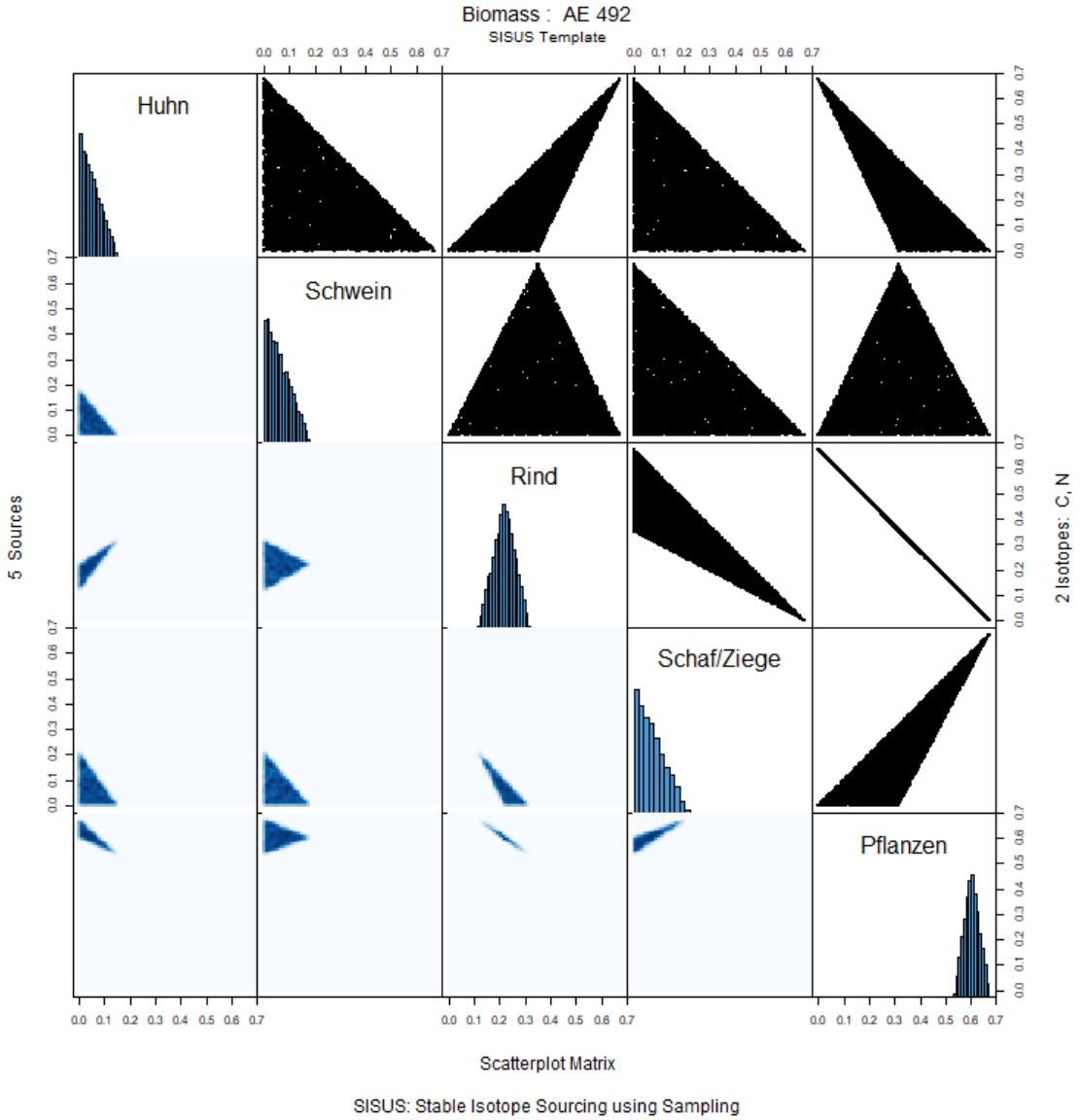


Abbildung 1160: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 492. Erstellt mit SISUS.

AE501

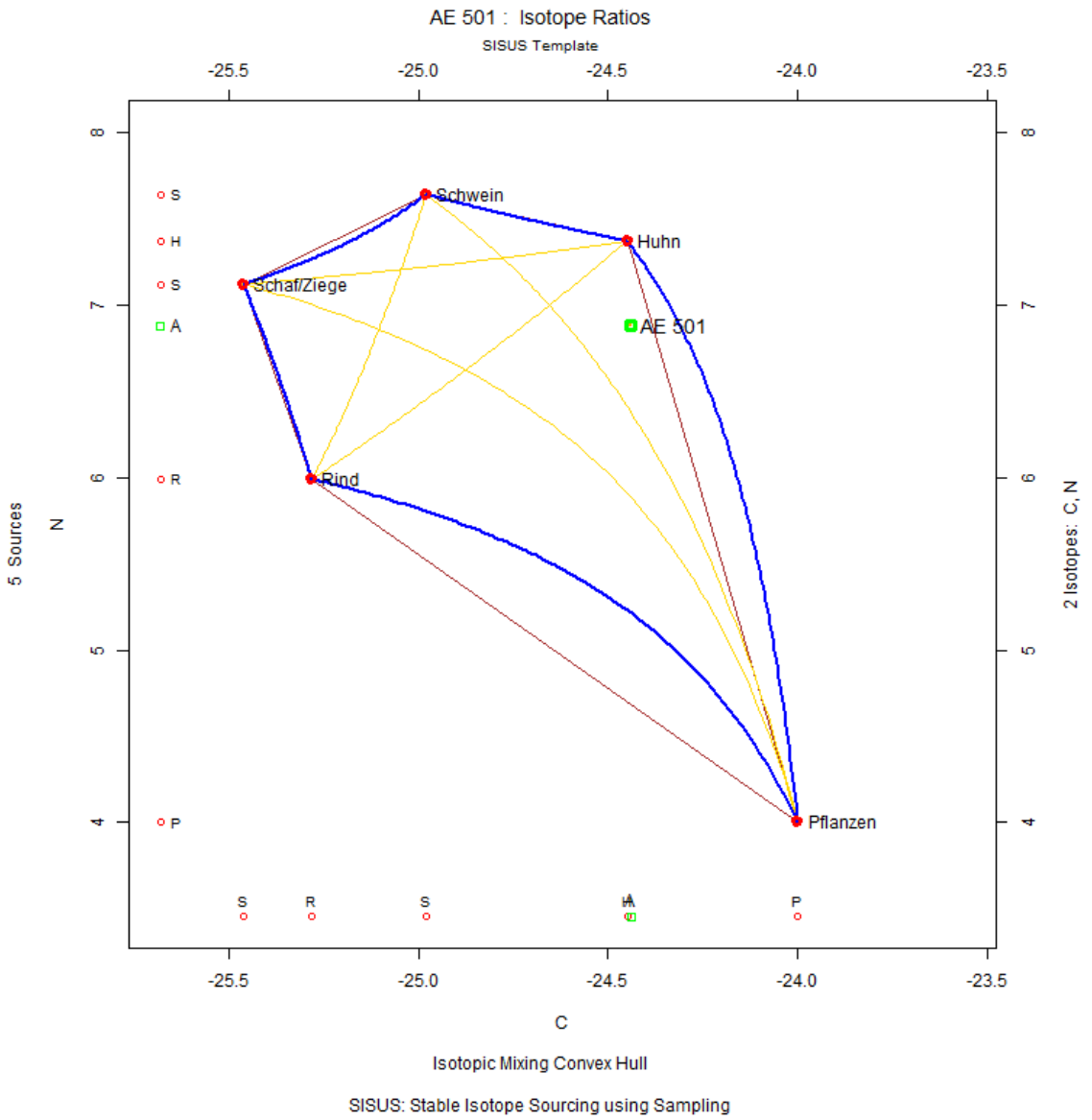


Abbildung 1161: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 501. Erstellt mit SISUS

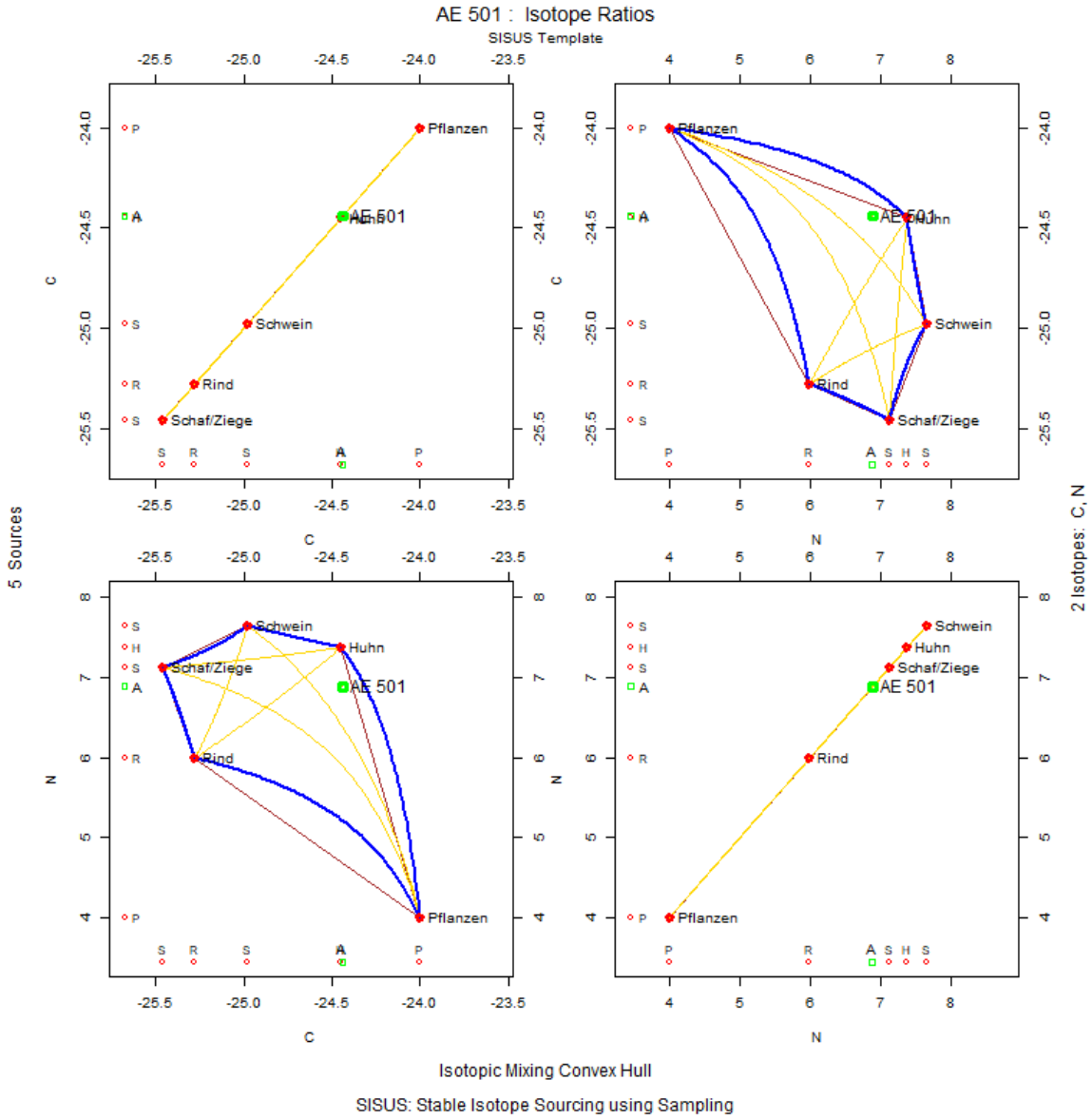


Abbildung 1162: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 501 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

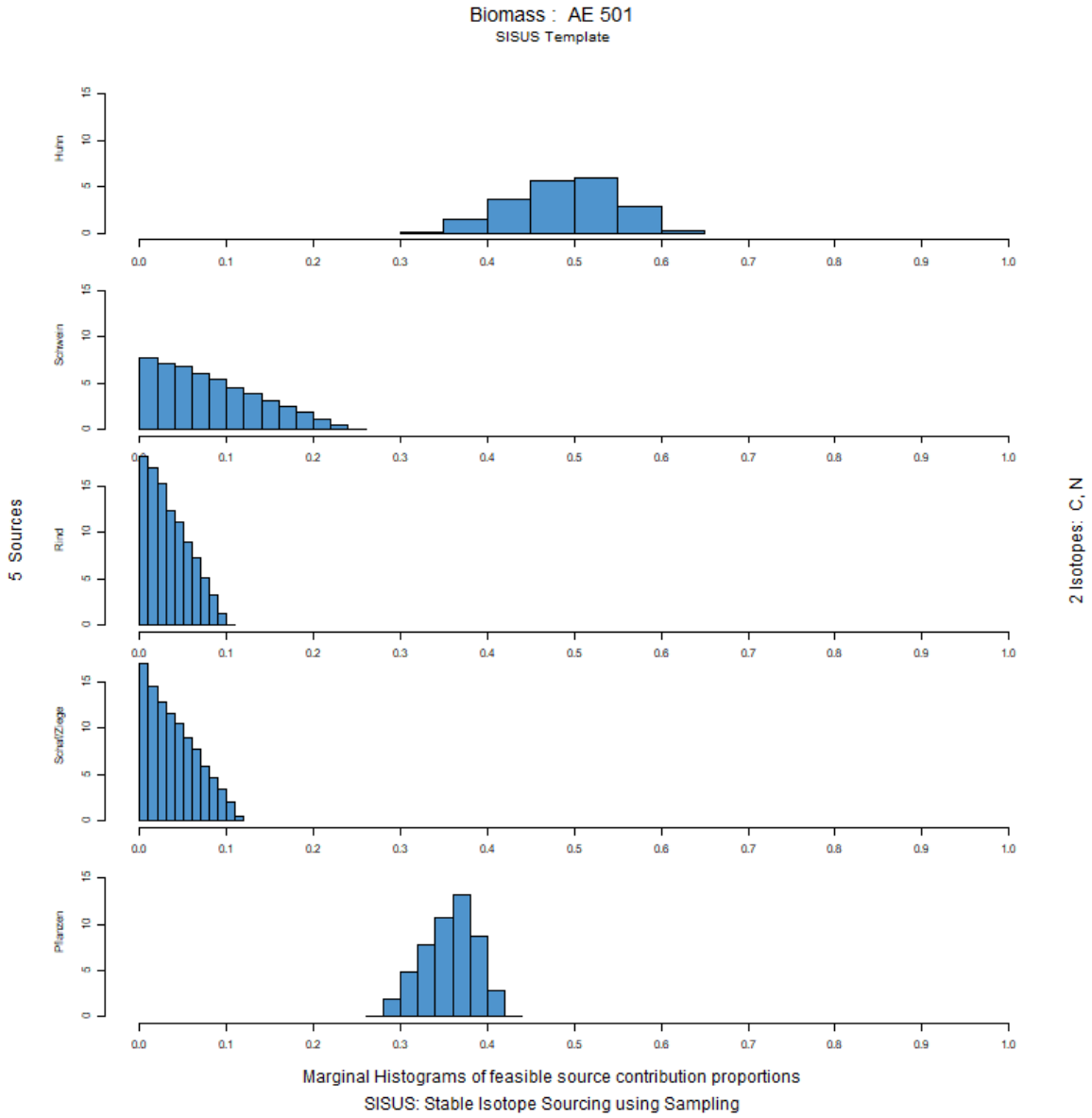


Abbildung 1163: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 501. Erstellt mit SISUS.

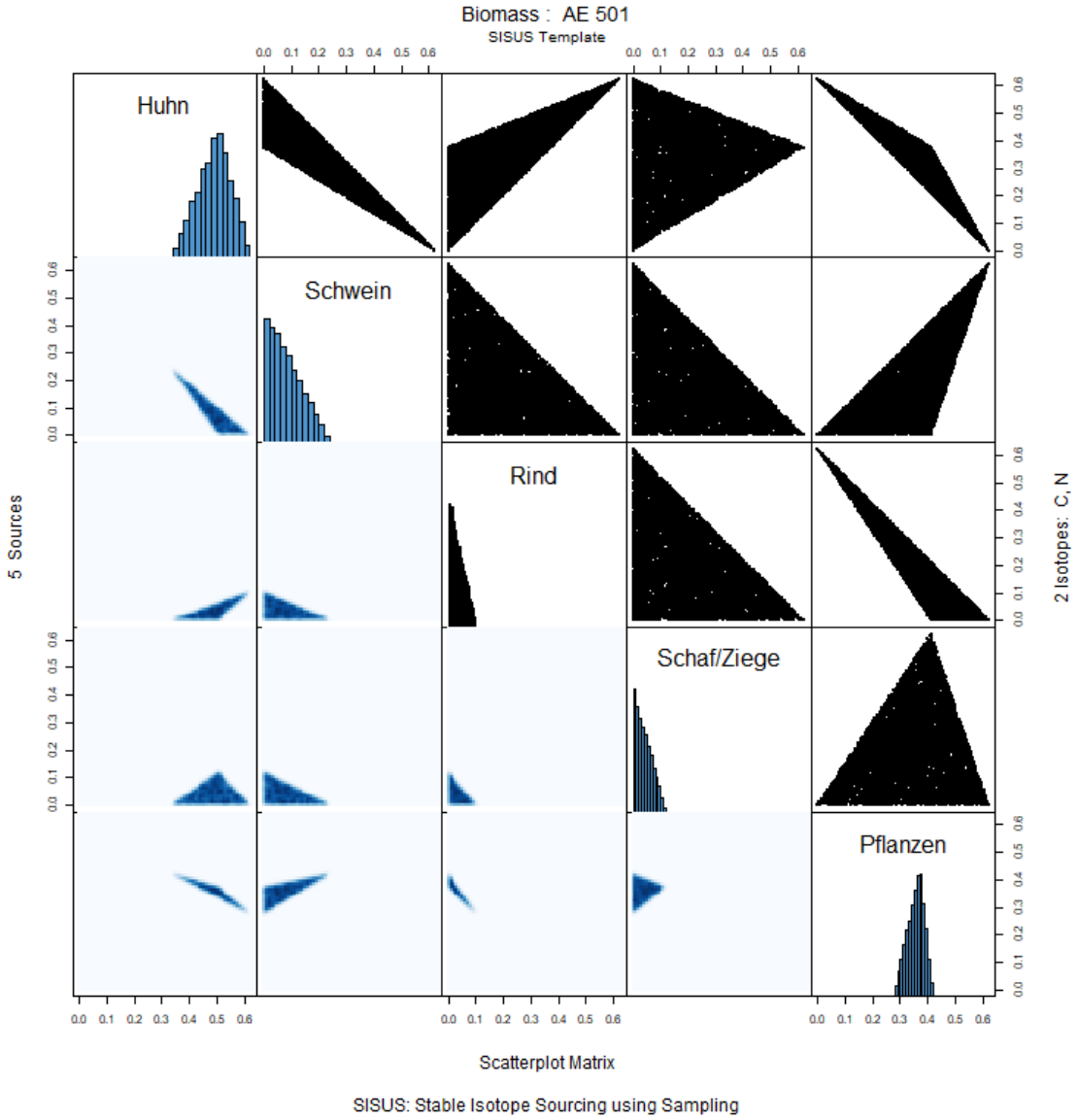


Abbildung 1164: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 501. Erstellt mit SISUS.

AE513

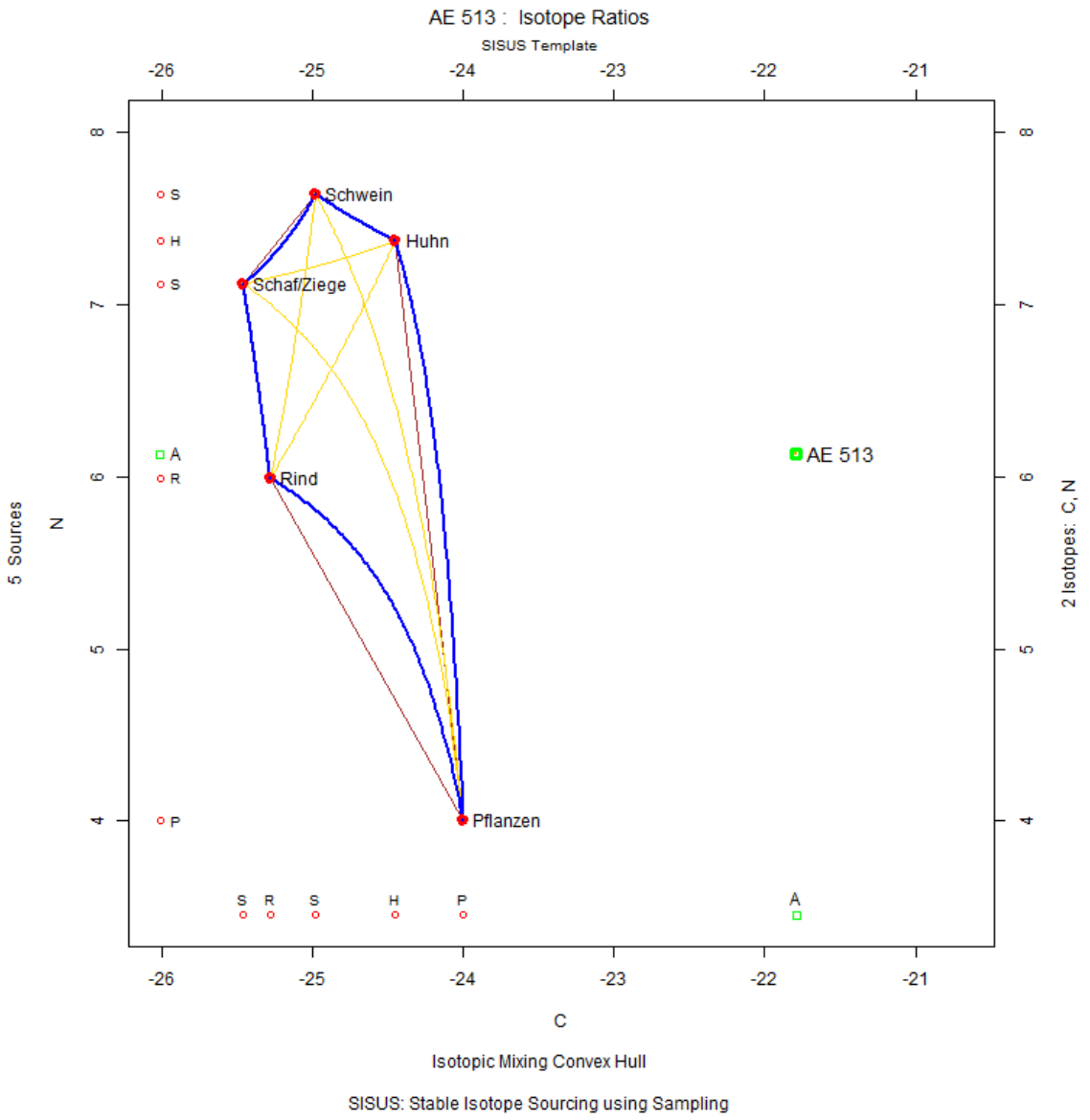


Abbildung 1165: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 513. Erstellt mit SISUS

AE516

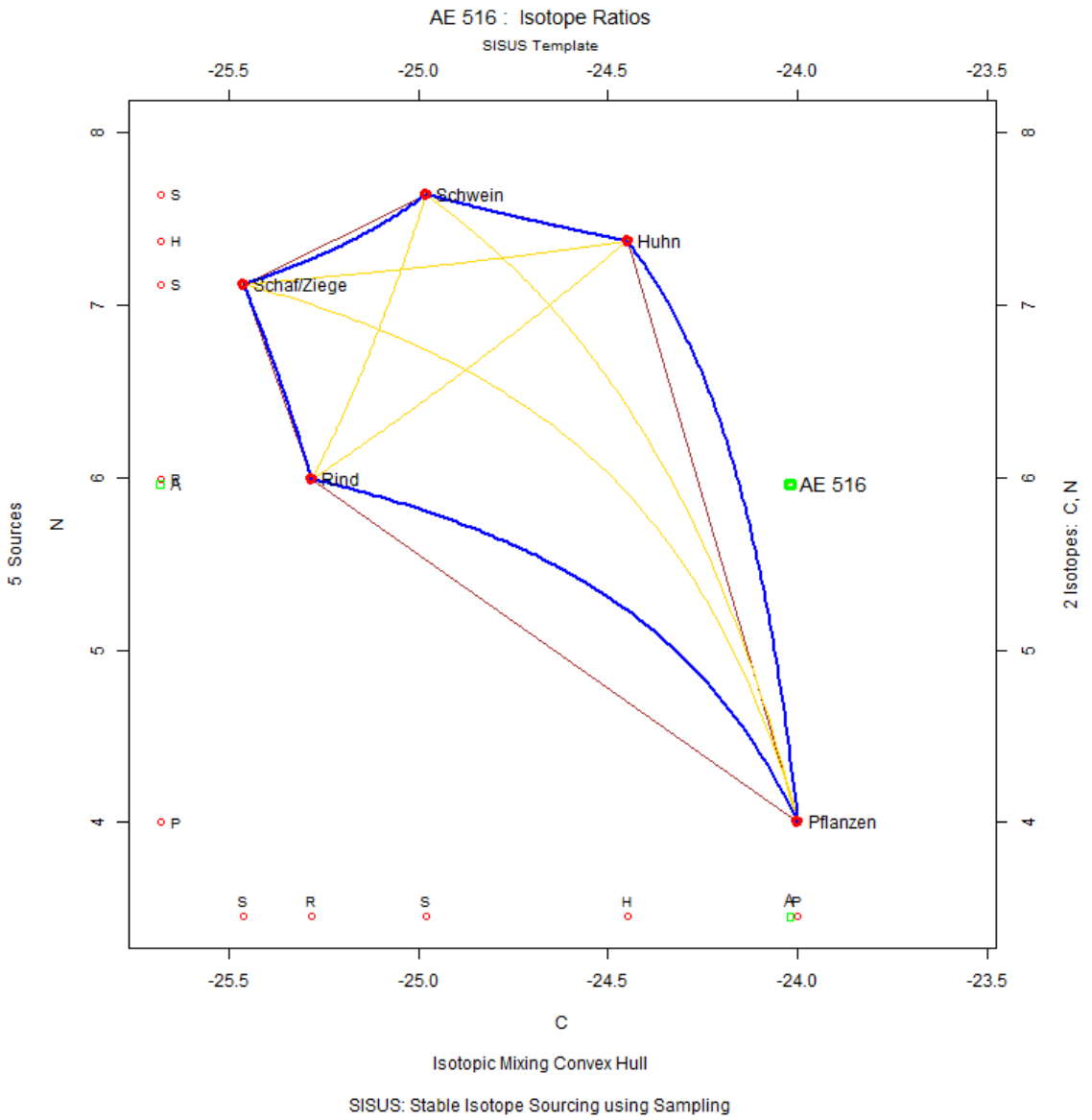


Abbildung 1166: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 516. Erstellt mit SISUS

AE521

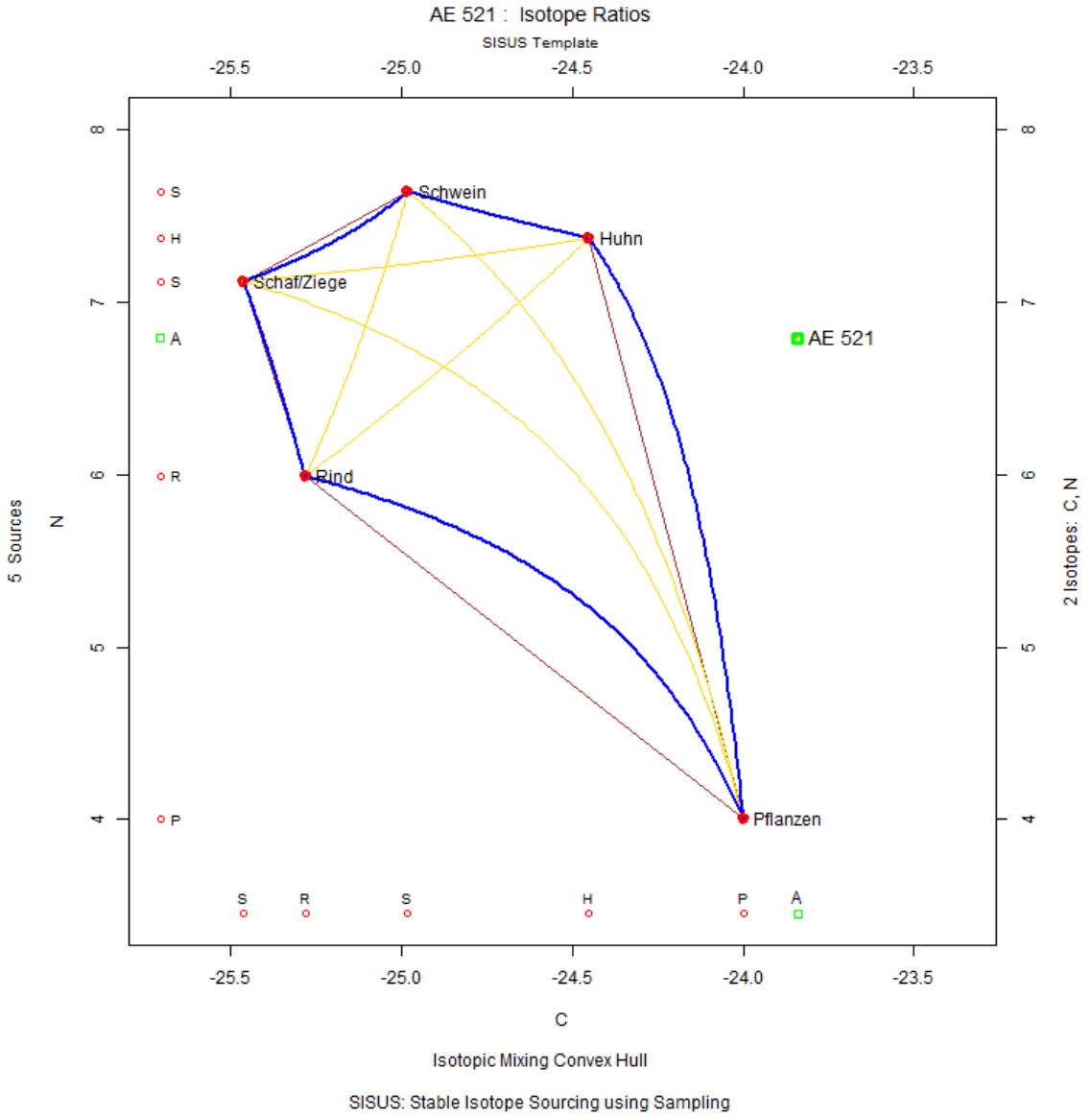


Abbildung 1167: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 521. Erstellt mit SISUS

AE530

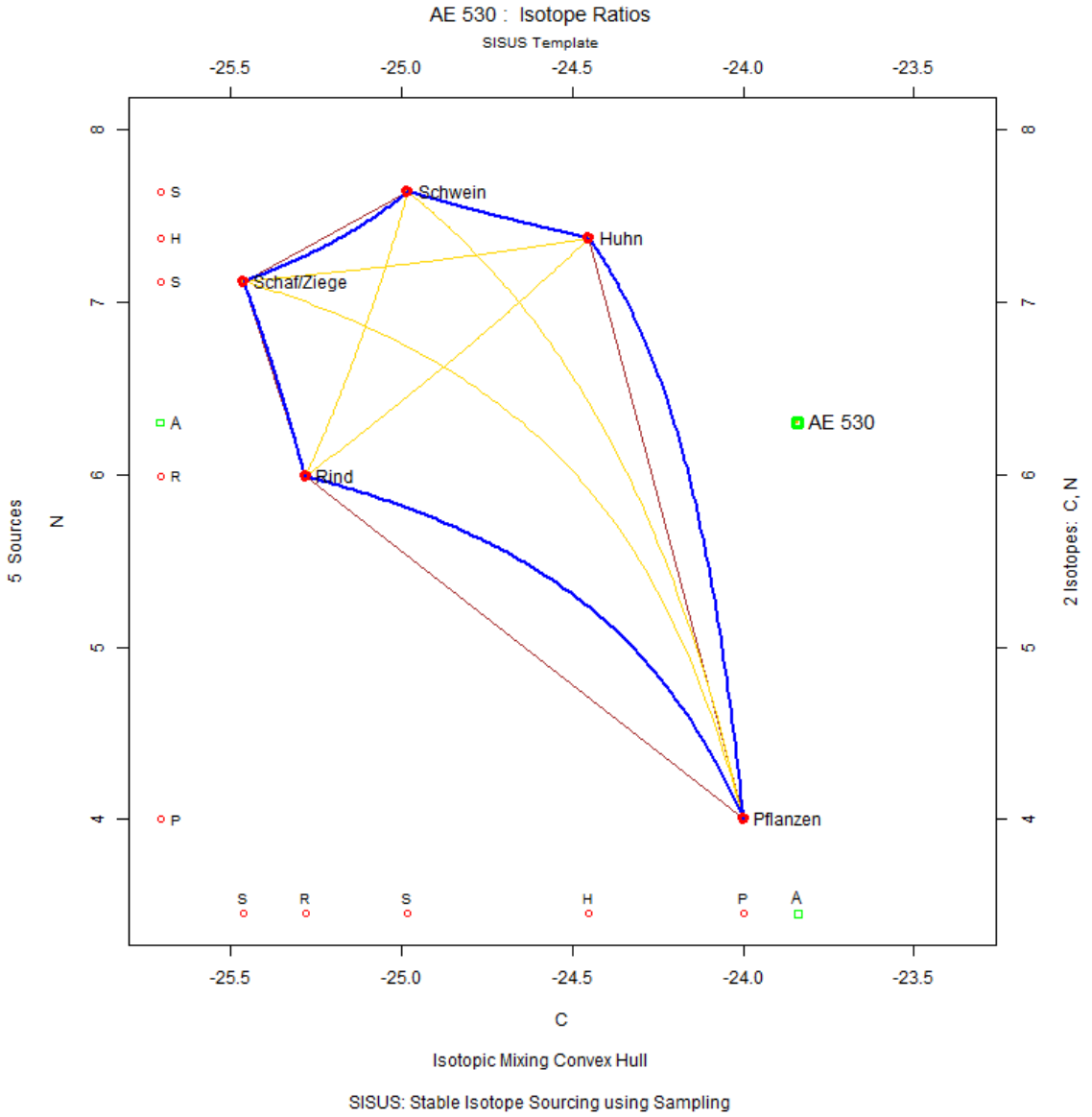


Abbildung 1168: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 630. Erstellt mit SISUS

AE554

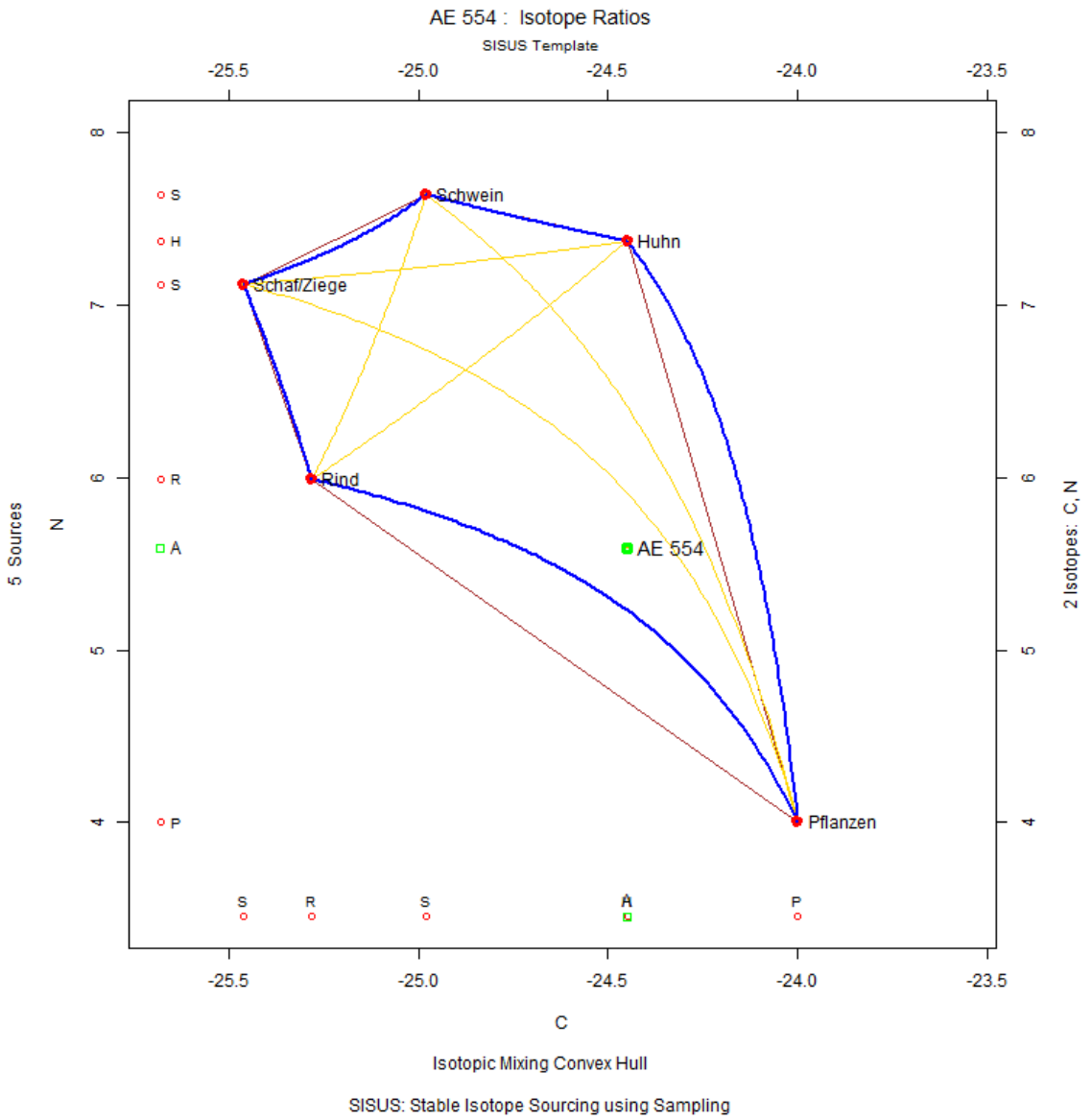


Abbildung 1169: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 554. Erstellt mit SISUS

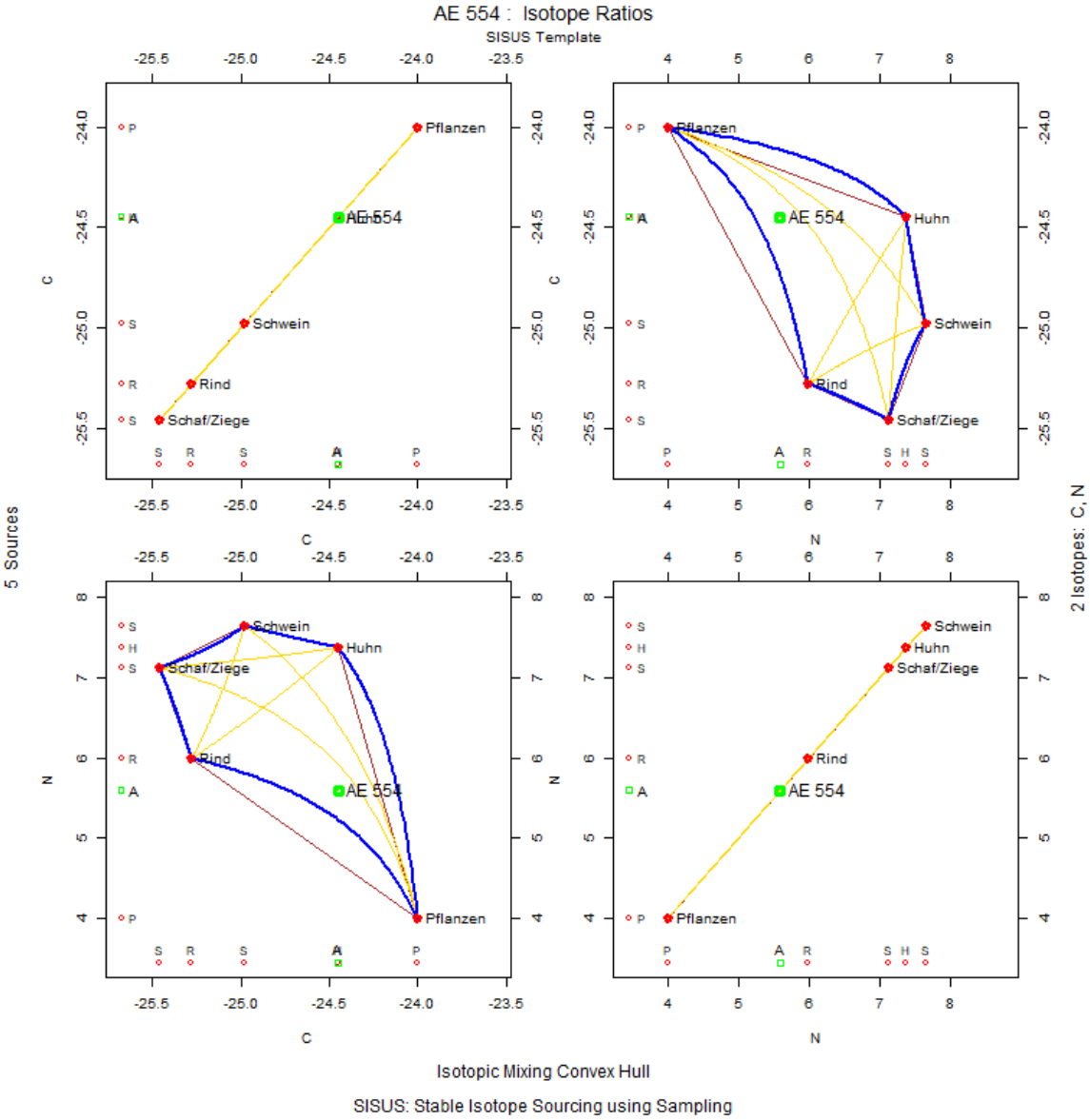


Abbildung 1170: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 554 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

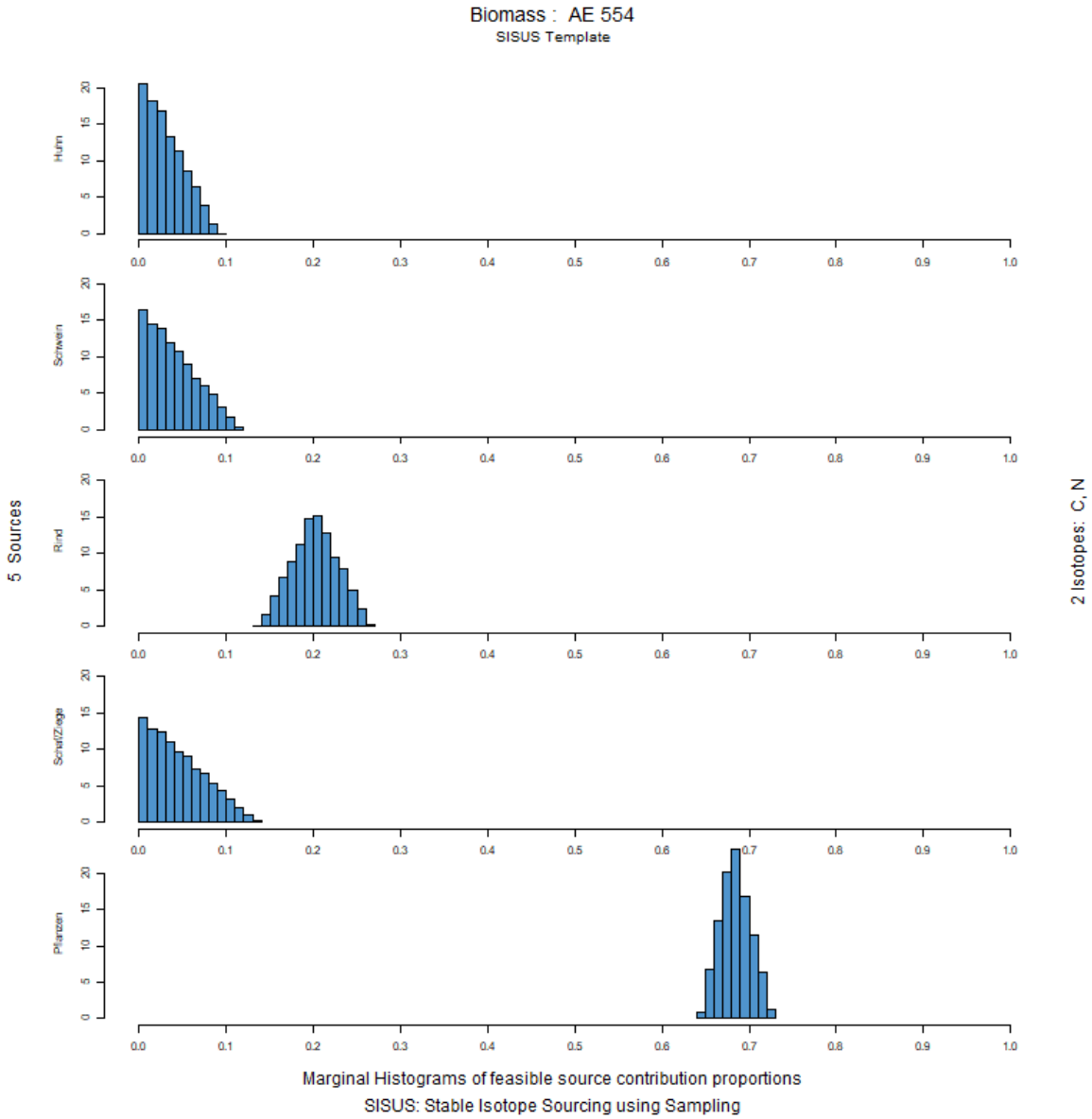


Abbildung 1171: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 554. Erstellt mit SISUS.

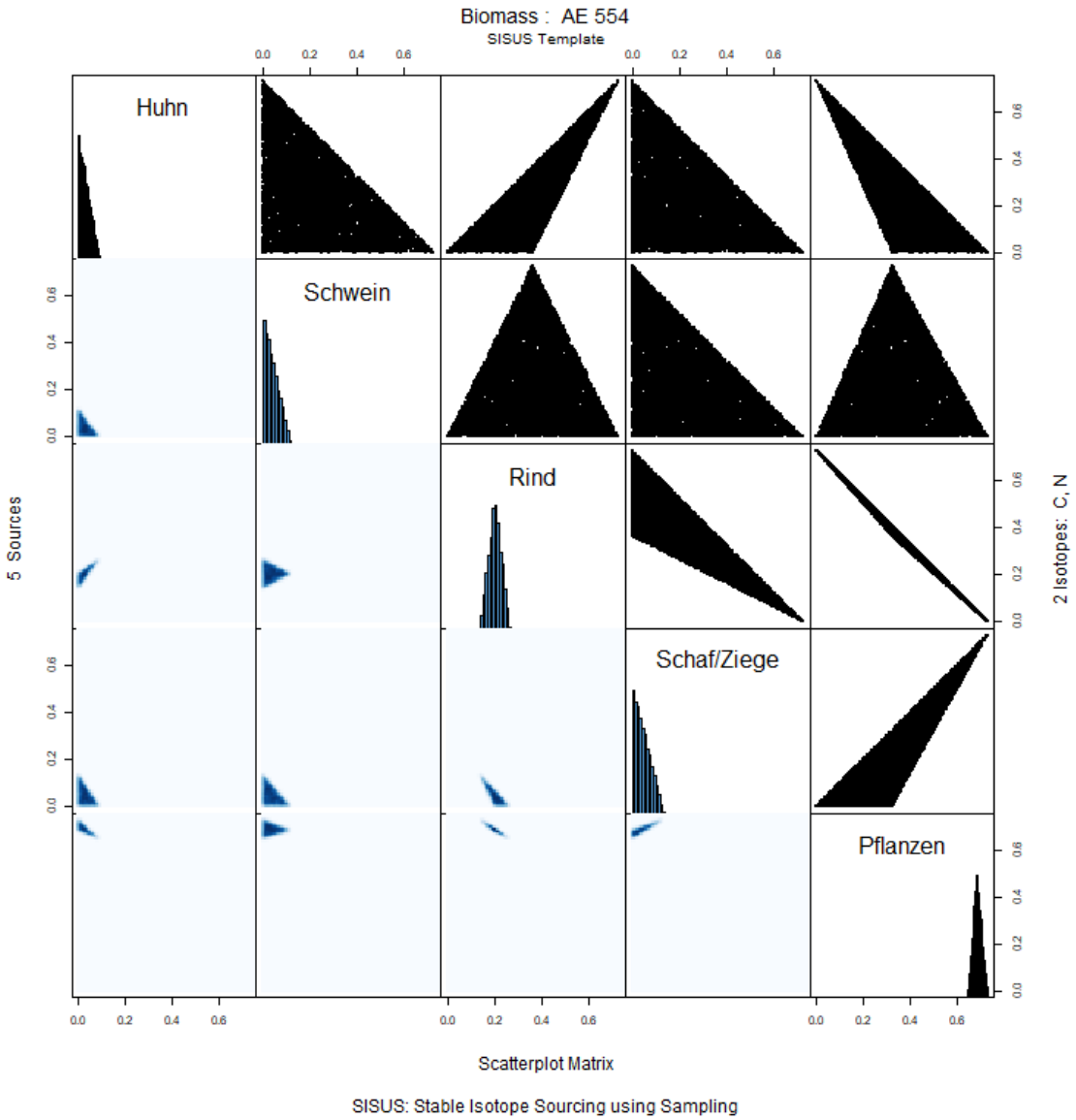


Abbildung 1172: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 554. Erstellt mit SISUS.

AE587

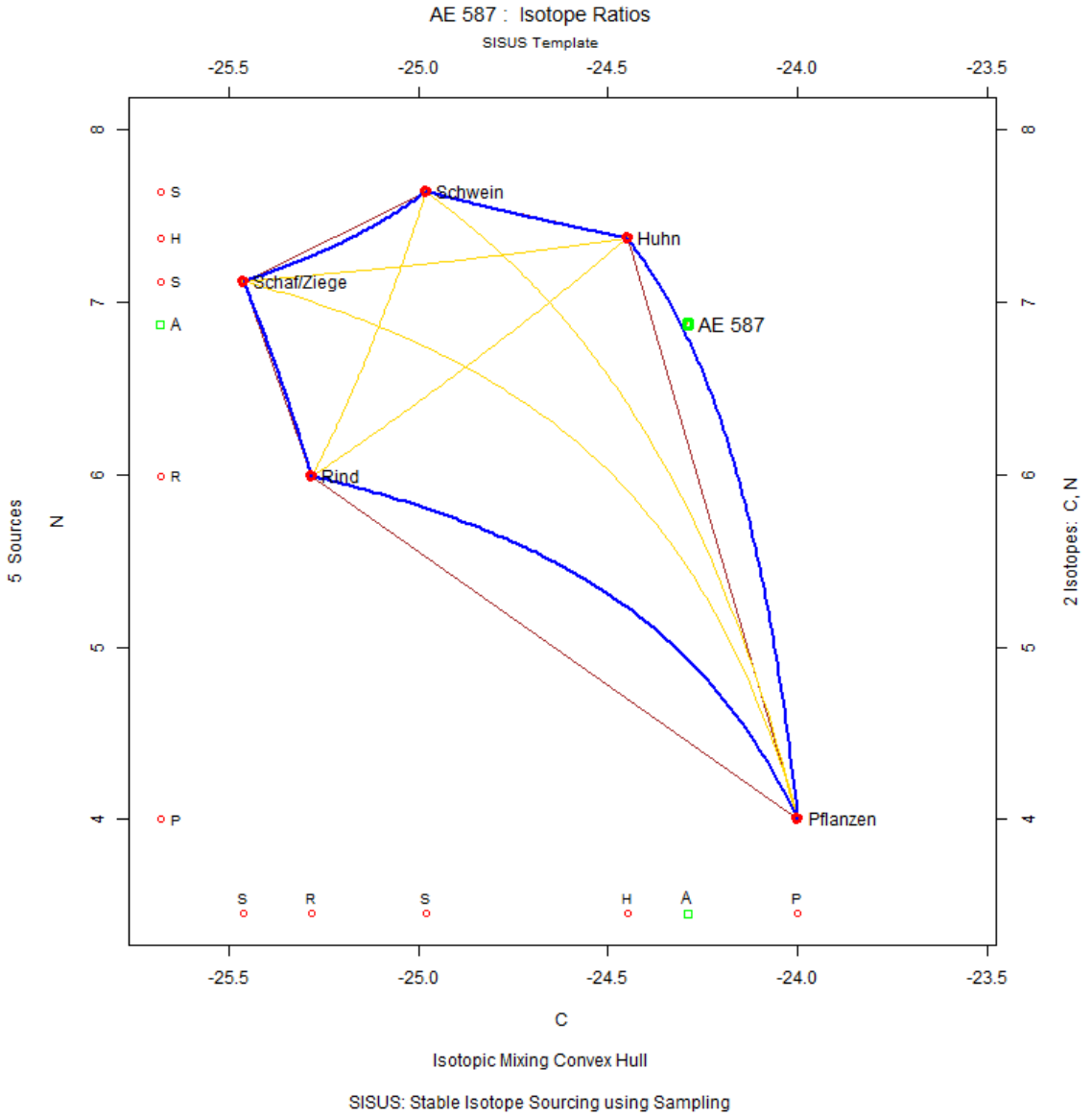


Abbildung 1173: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 587. Erstellt mit SISUS

AE604

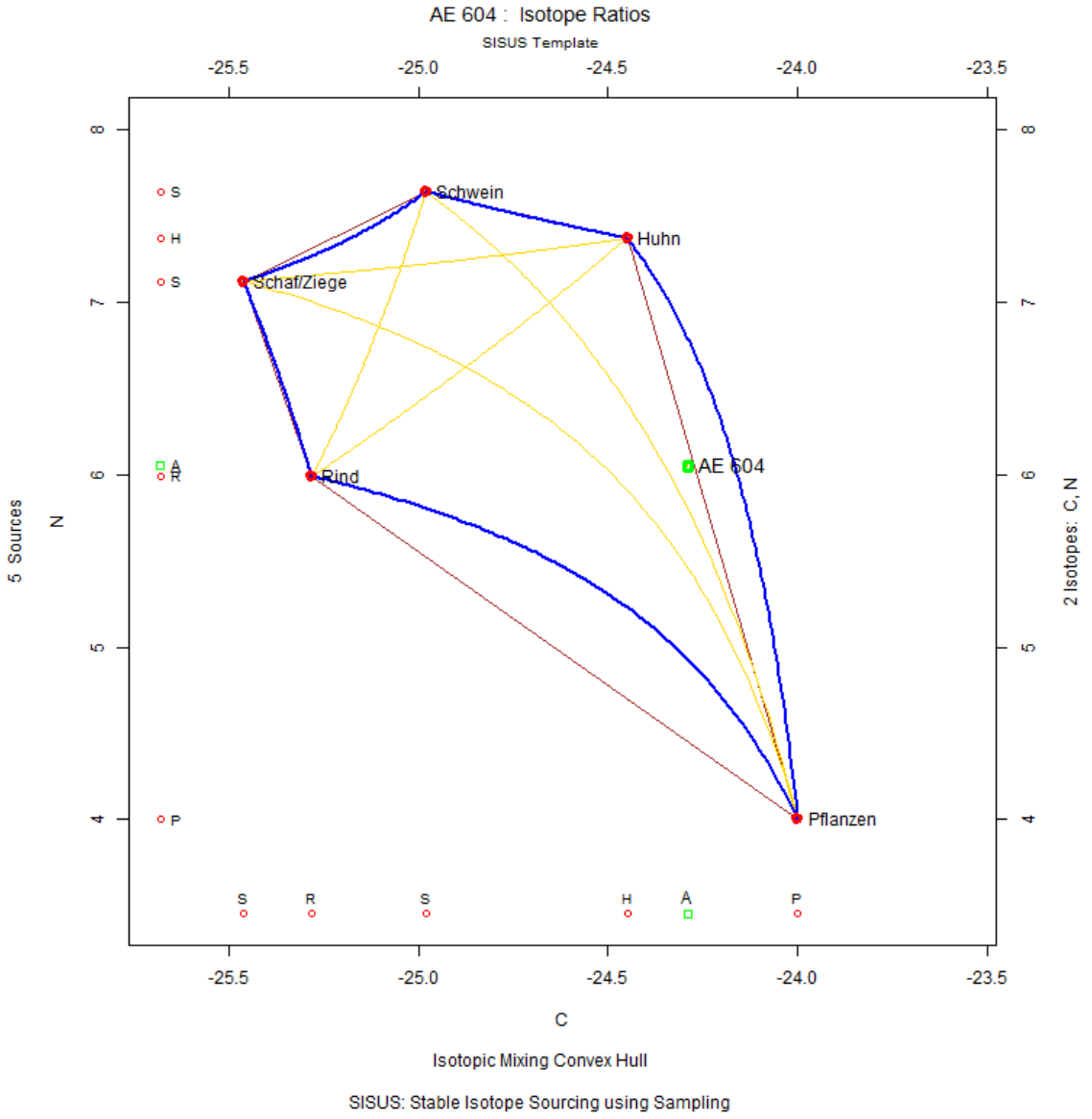


Abbildung 1174: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 604. Erstellt mit SISUS

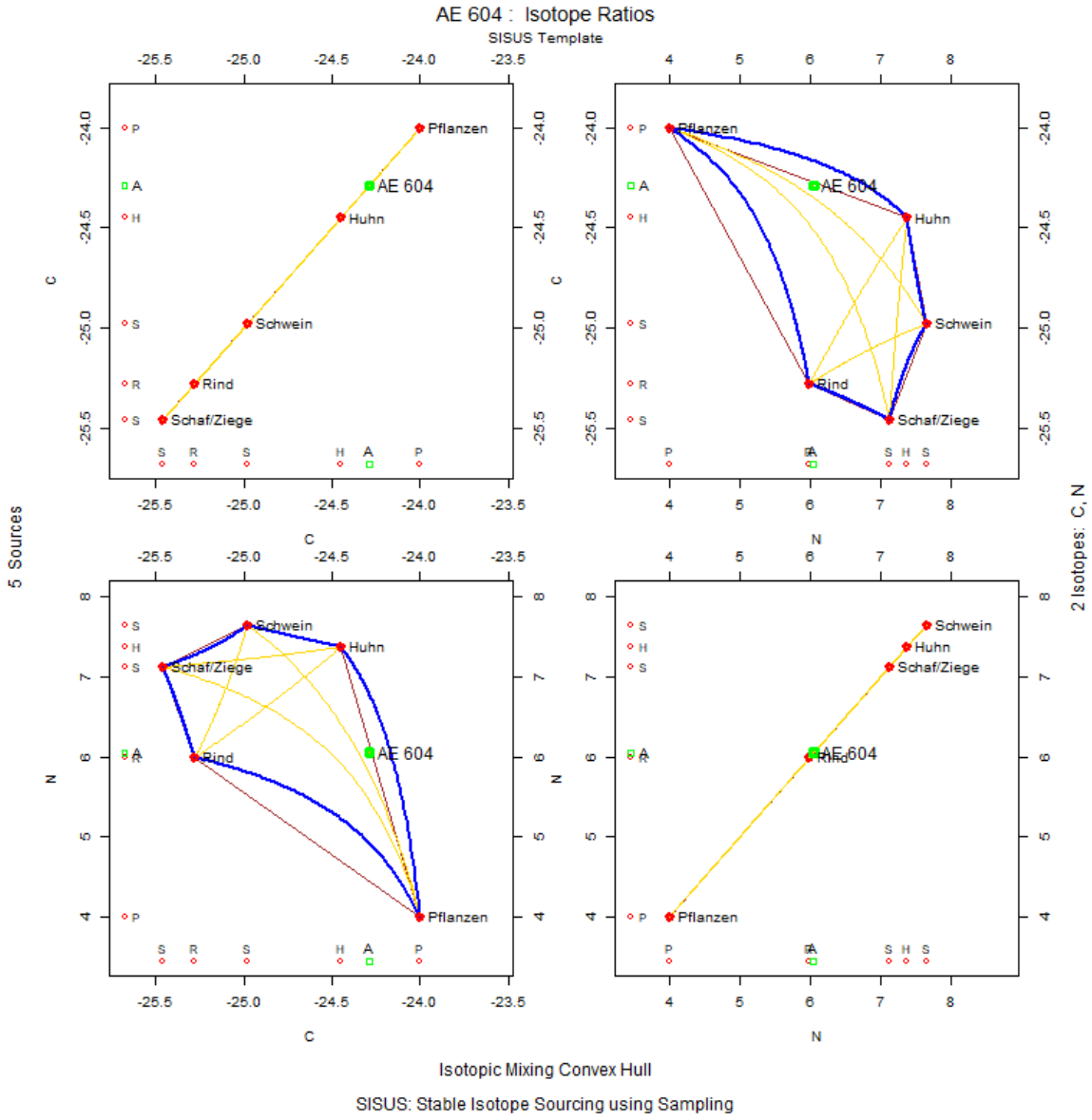


Abbildung 1175: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 604 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

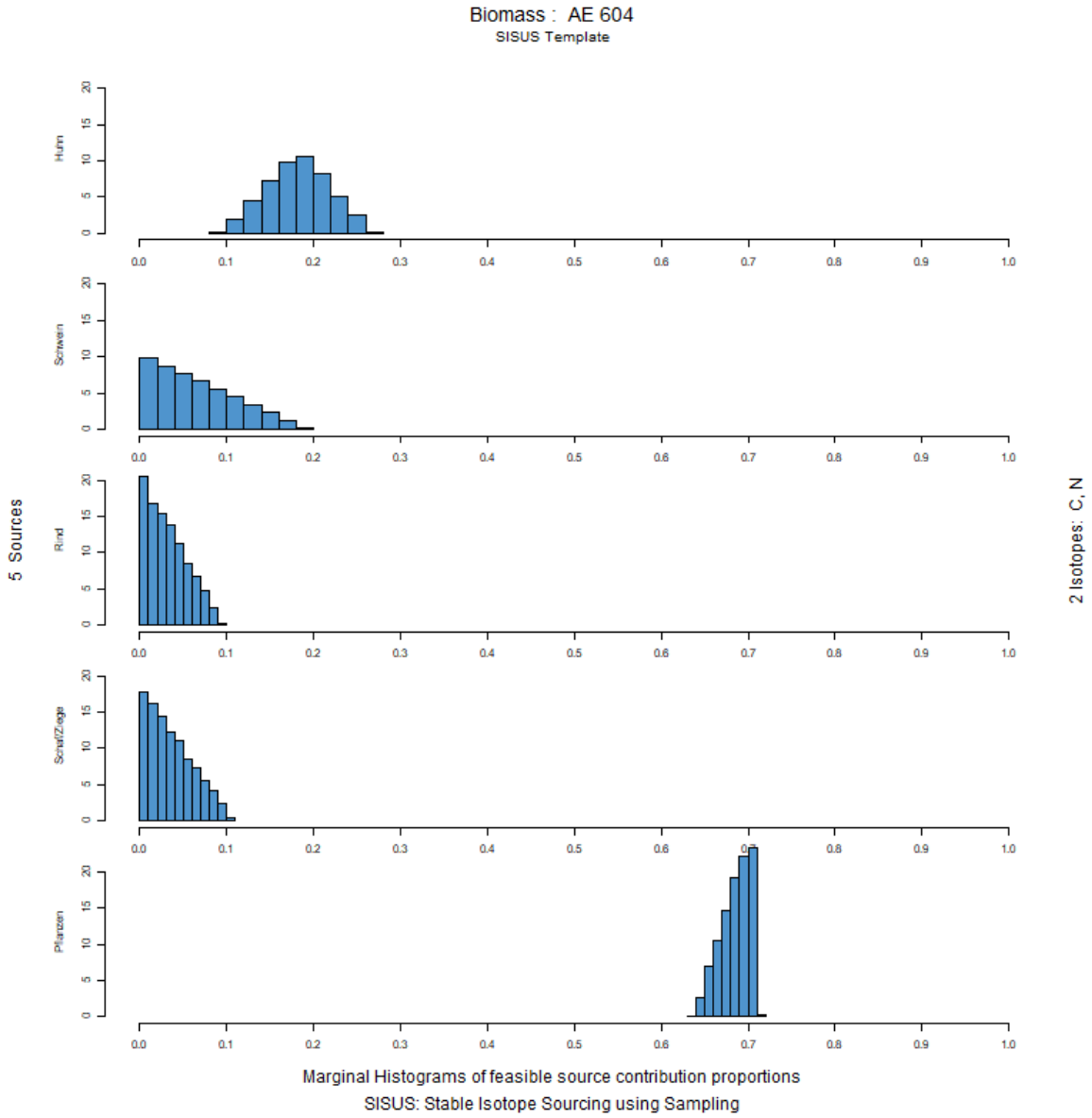


Abbildung 1176: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 604. Erstellt mit SISUS.

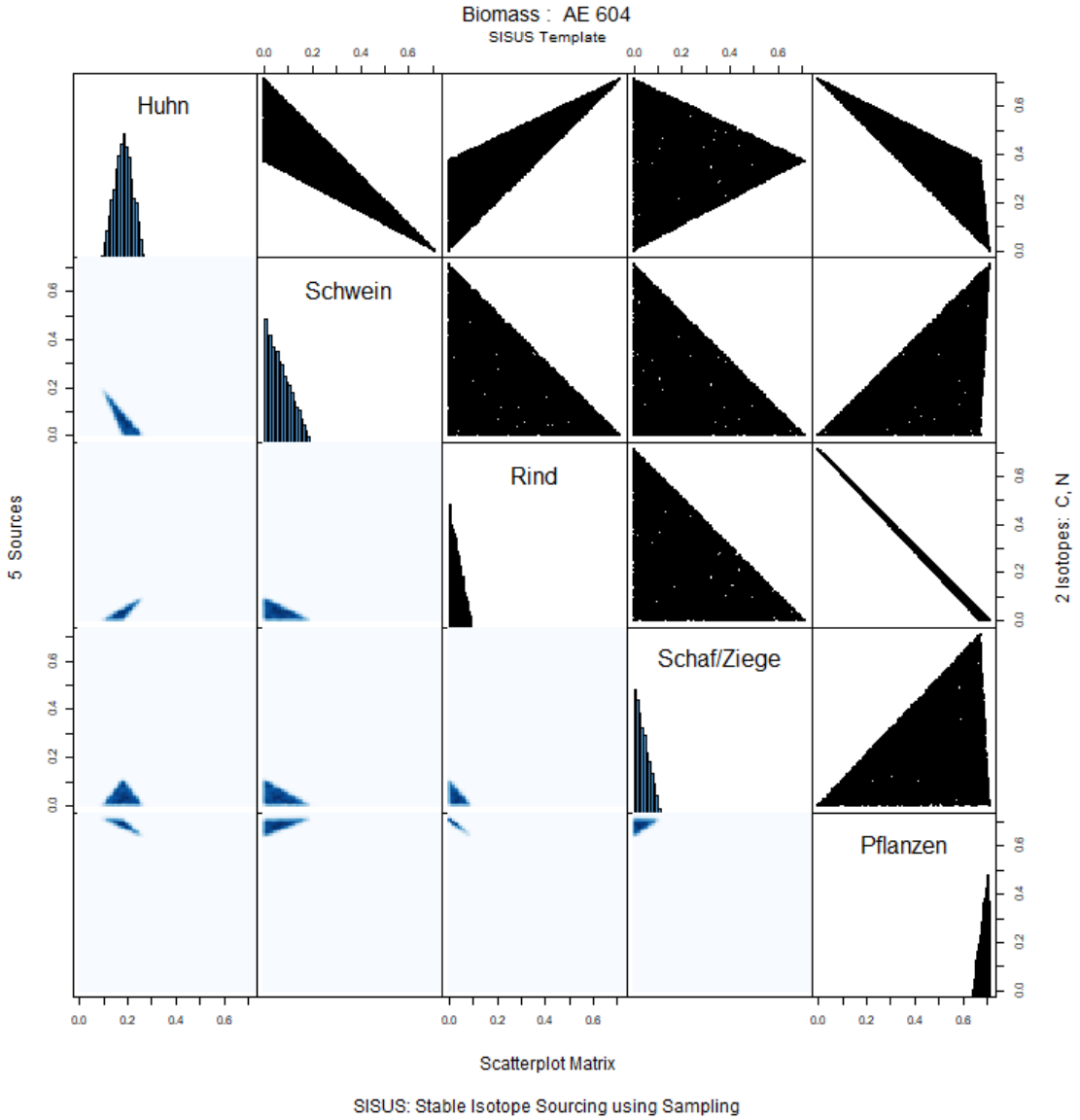


Abbildung 1177: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 604. Erstellt mit SISUS.

AE607

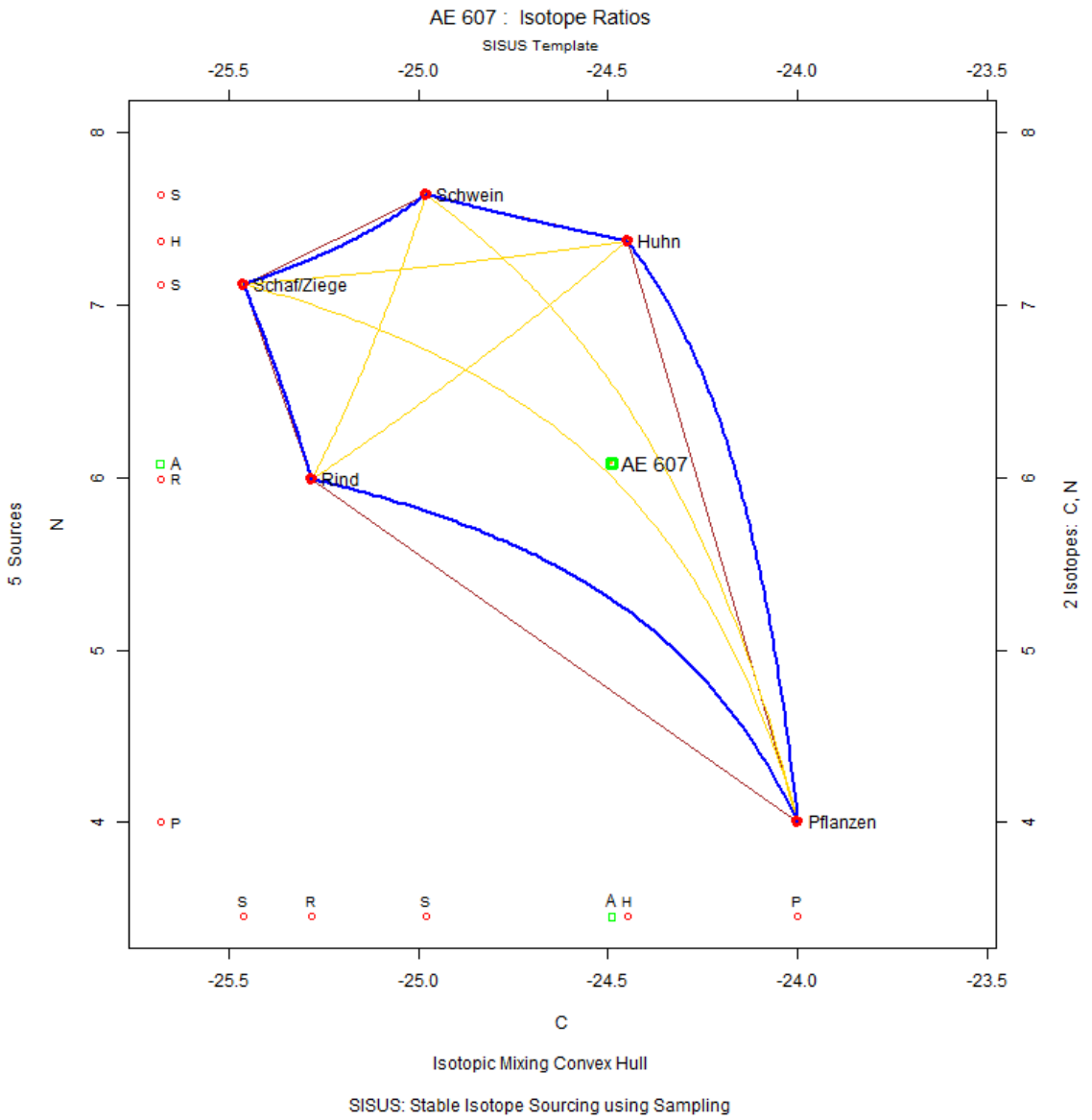


Abbildung 1178: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 607. Erstellt mit SISUS

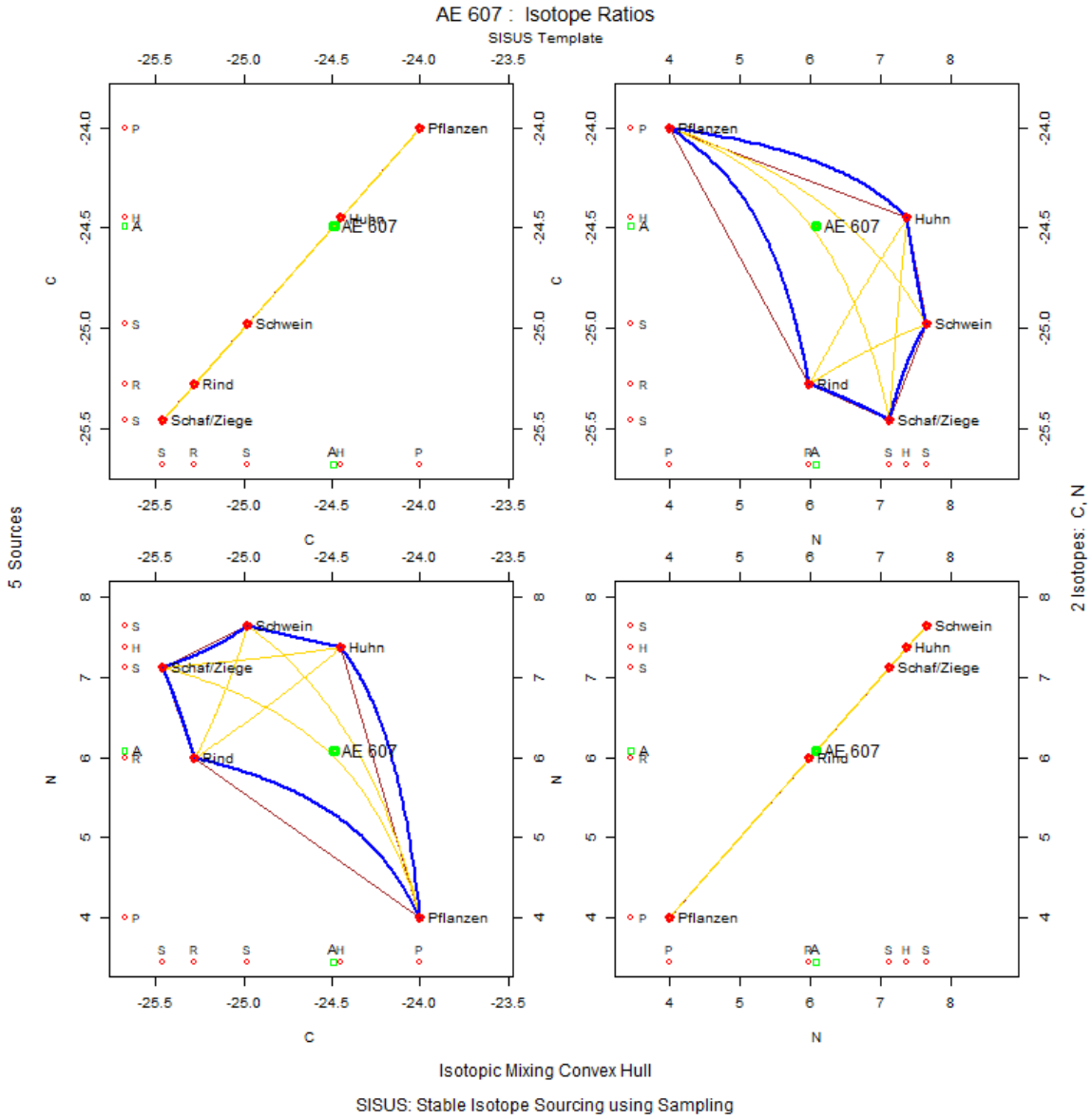


Abbildung 1179: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 607 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

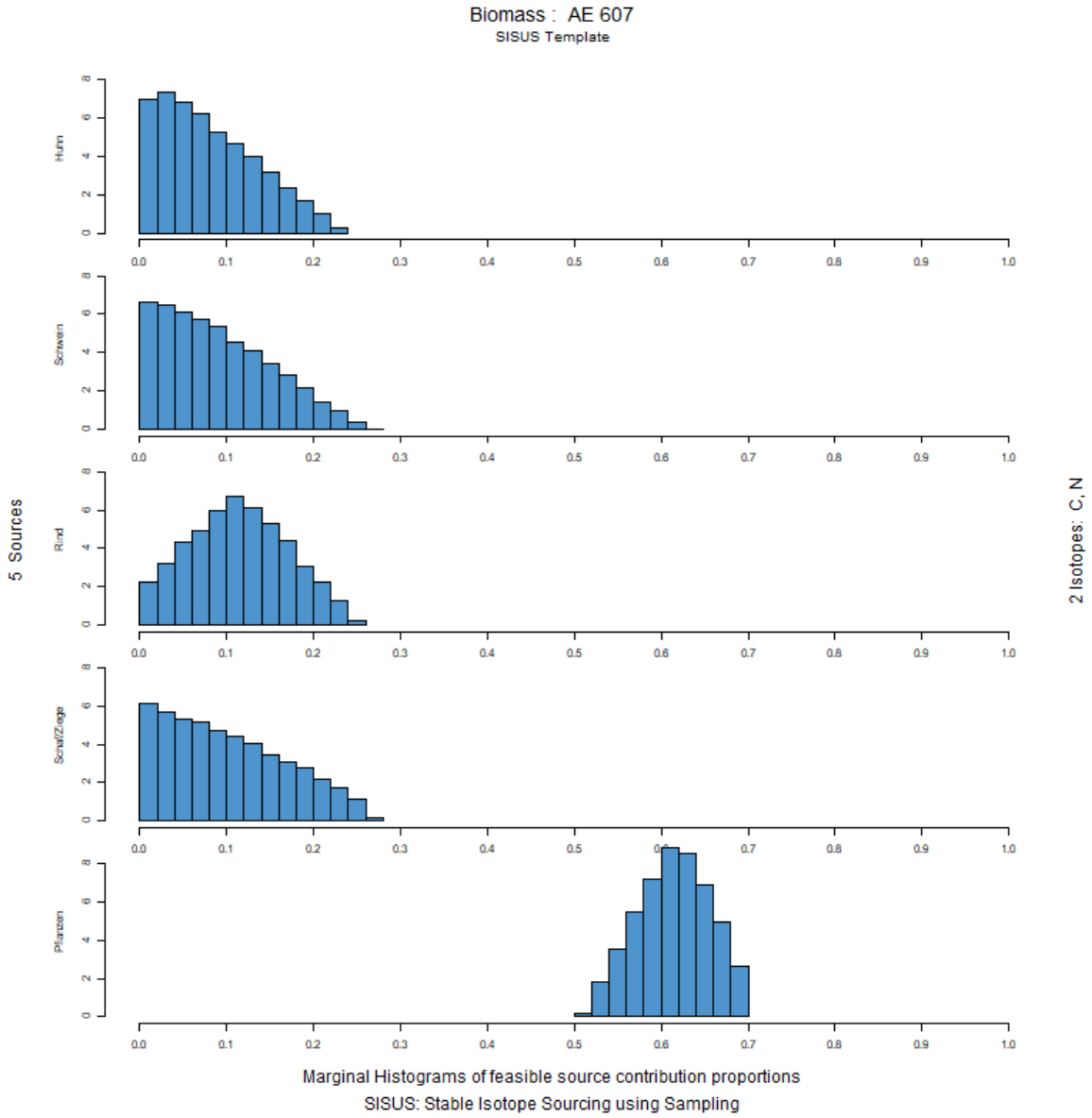


Abbildung 1180: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 607. Erstellt mit SISUS.

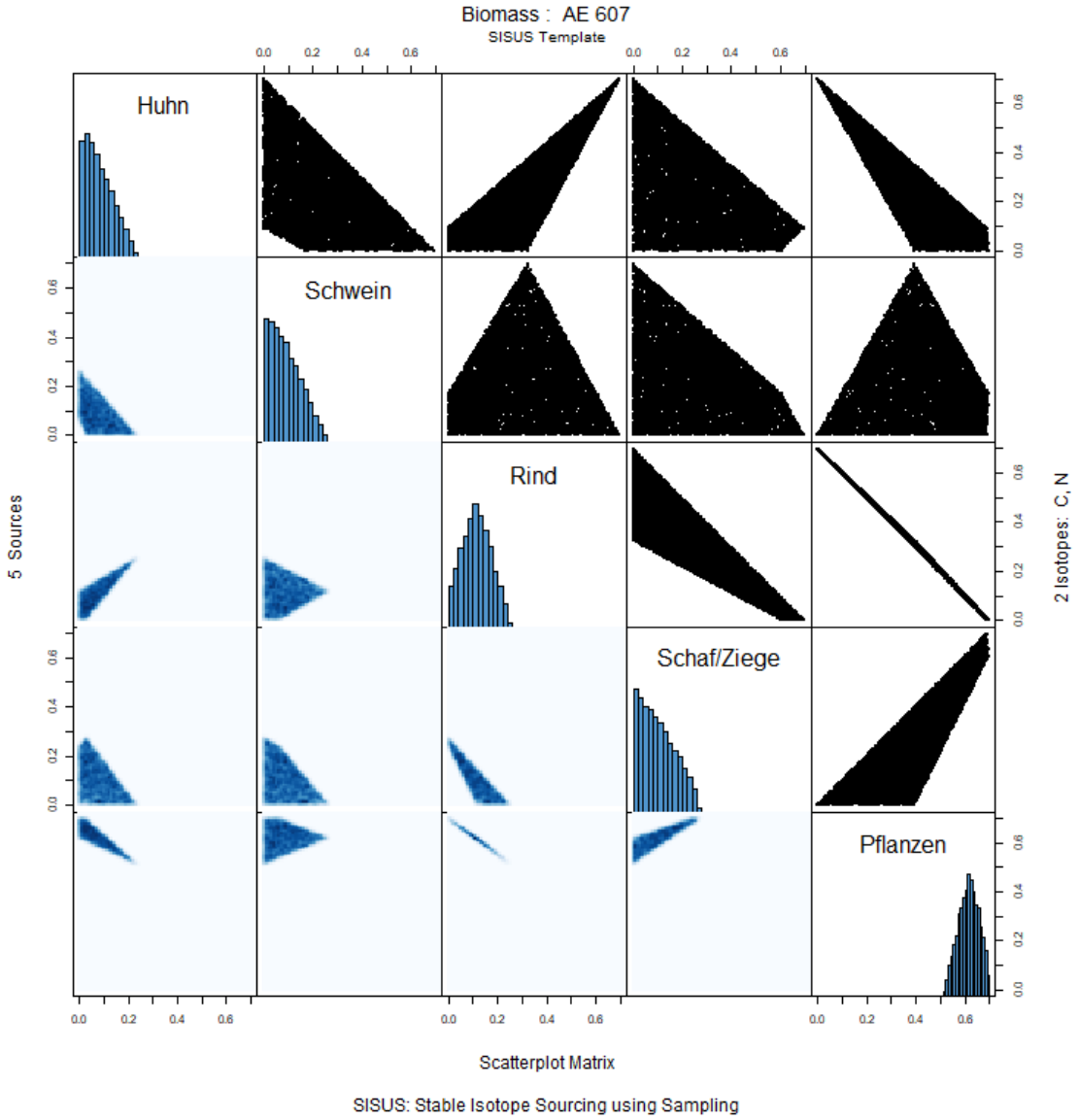


Abbildung 1181: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 607. Erstellt mit SISUS.

AE618

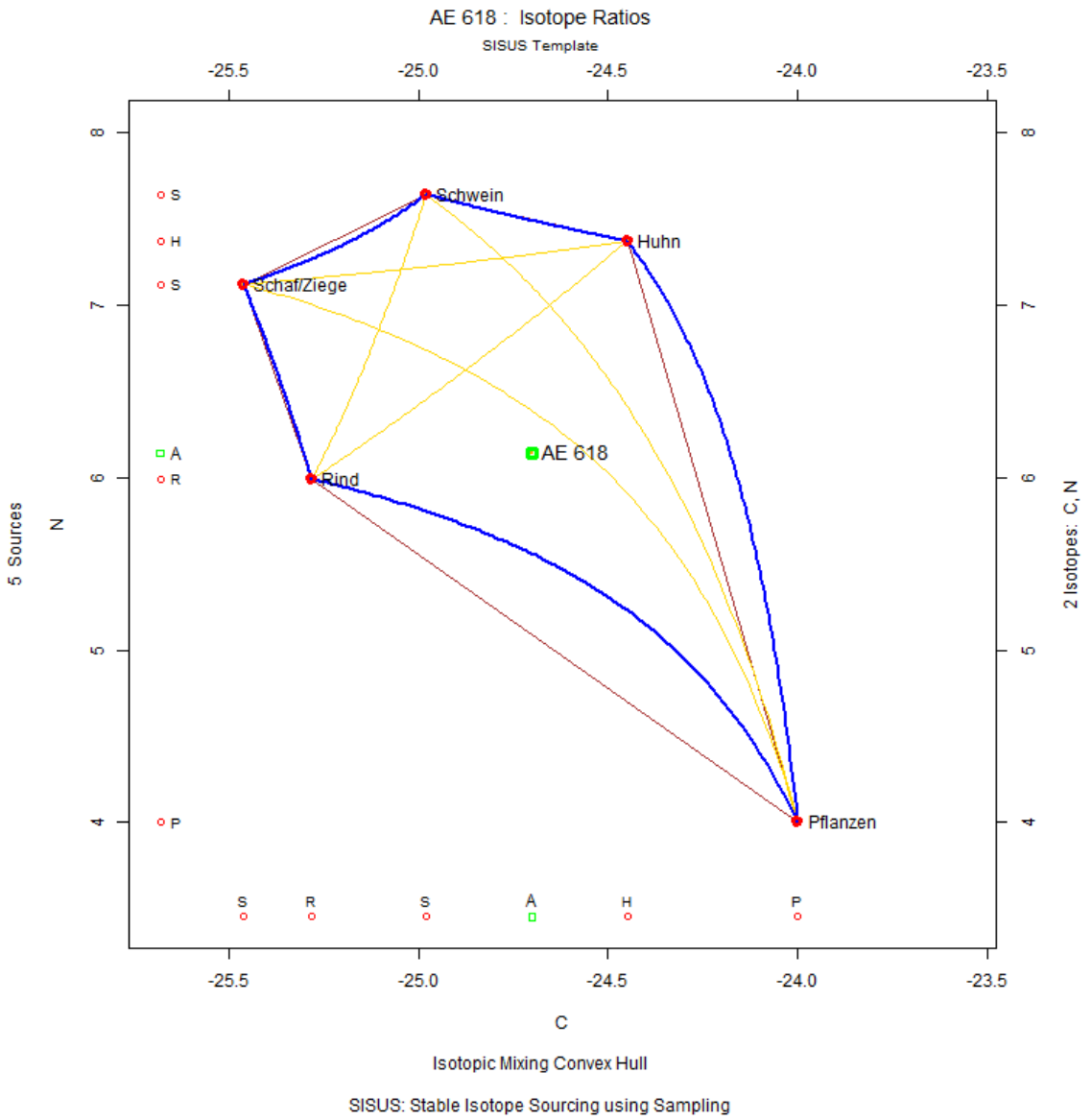


Abbildung 1182: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 618. Erstellt mit SISUS

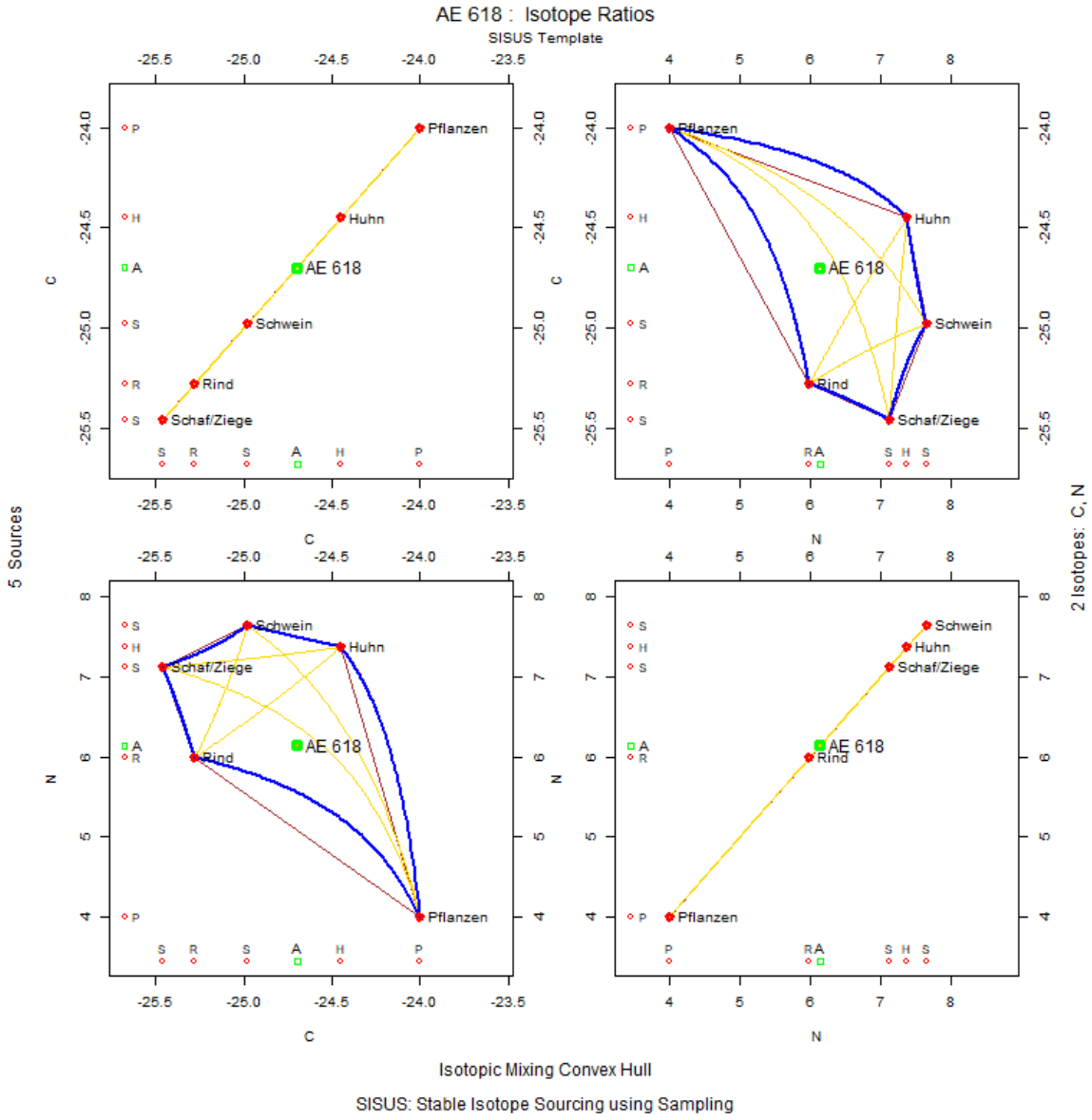


Abbildung 1183: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 618 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

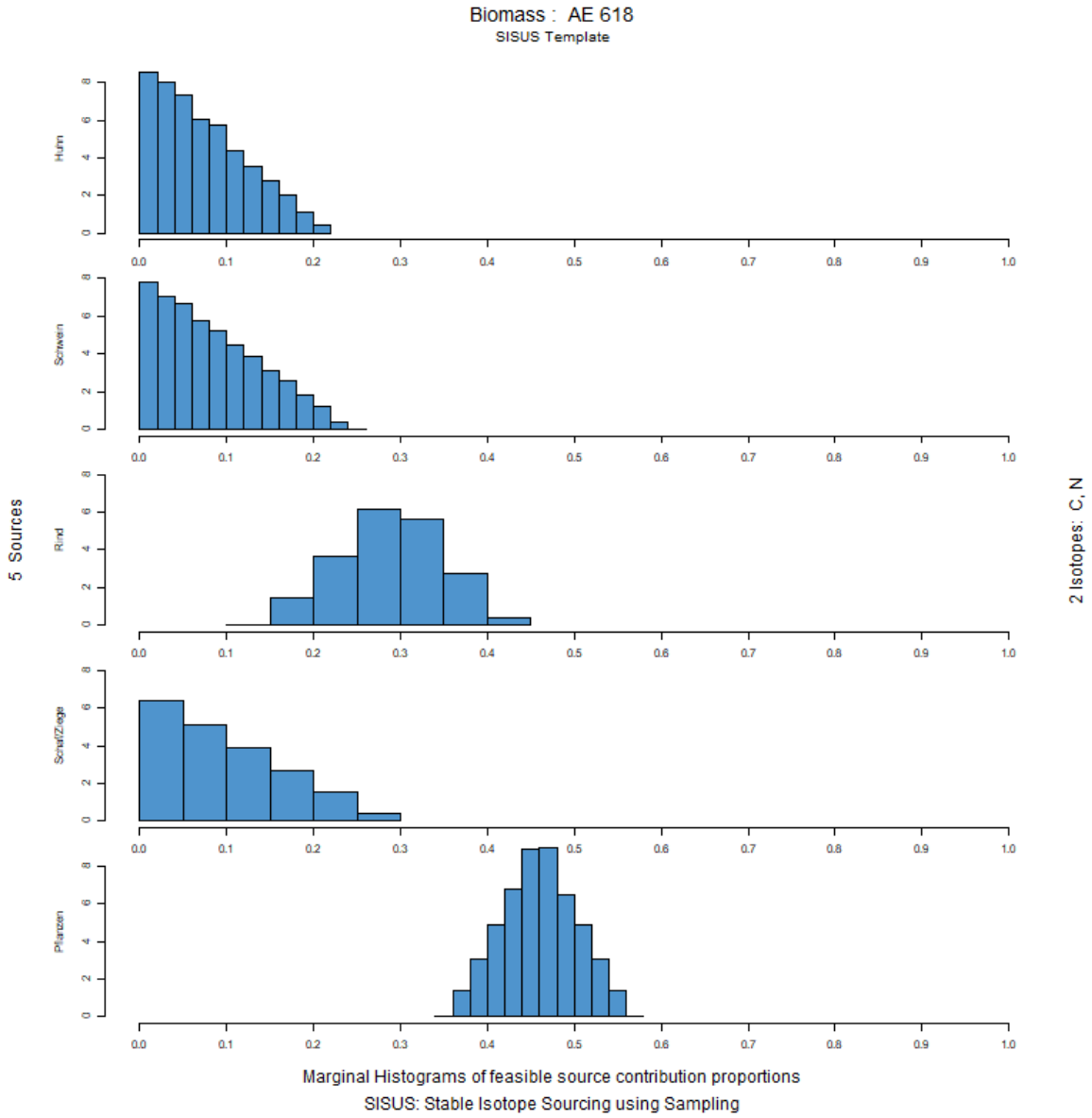


Abbildung 1184: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 618. Erstellt mit SISUS.

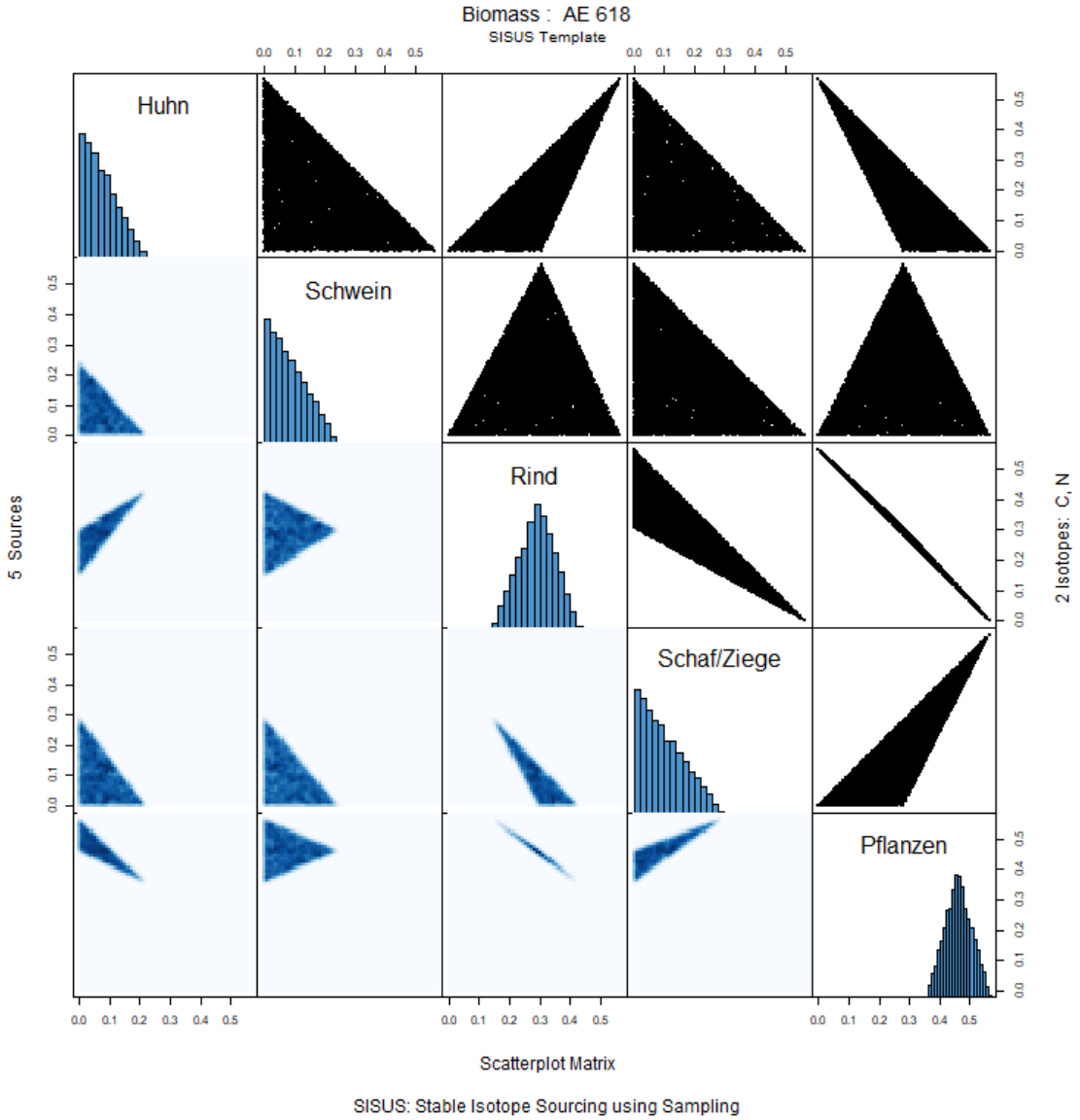


Abbildung 1185: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 618. Erstellt mit SISUS.

AE625

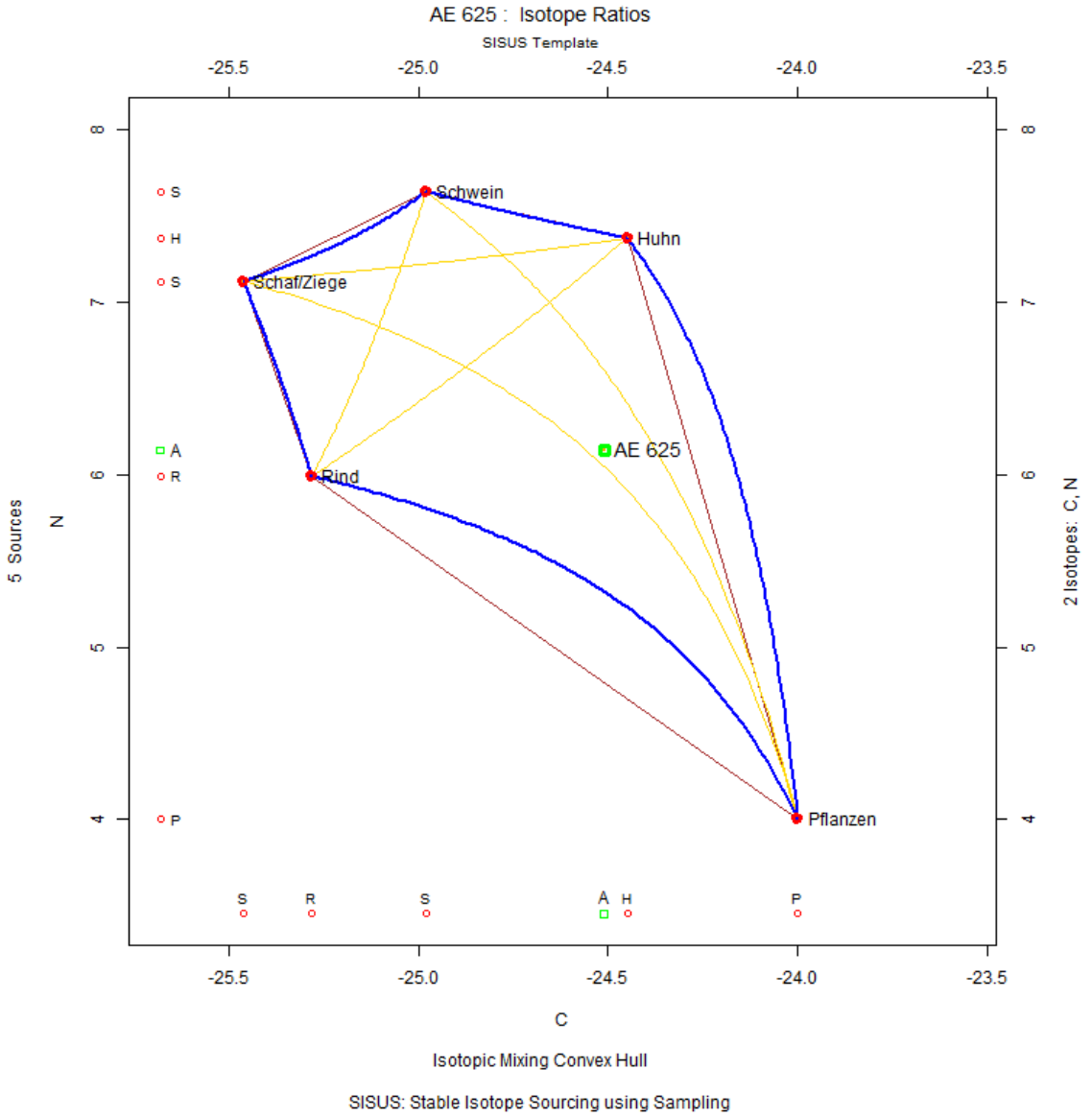


Abbildung 1186: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 625. Erstellt mit SISUS

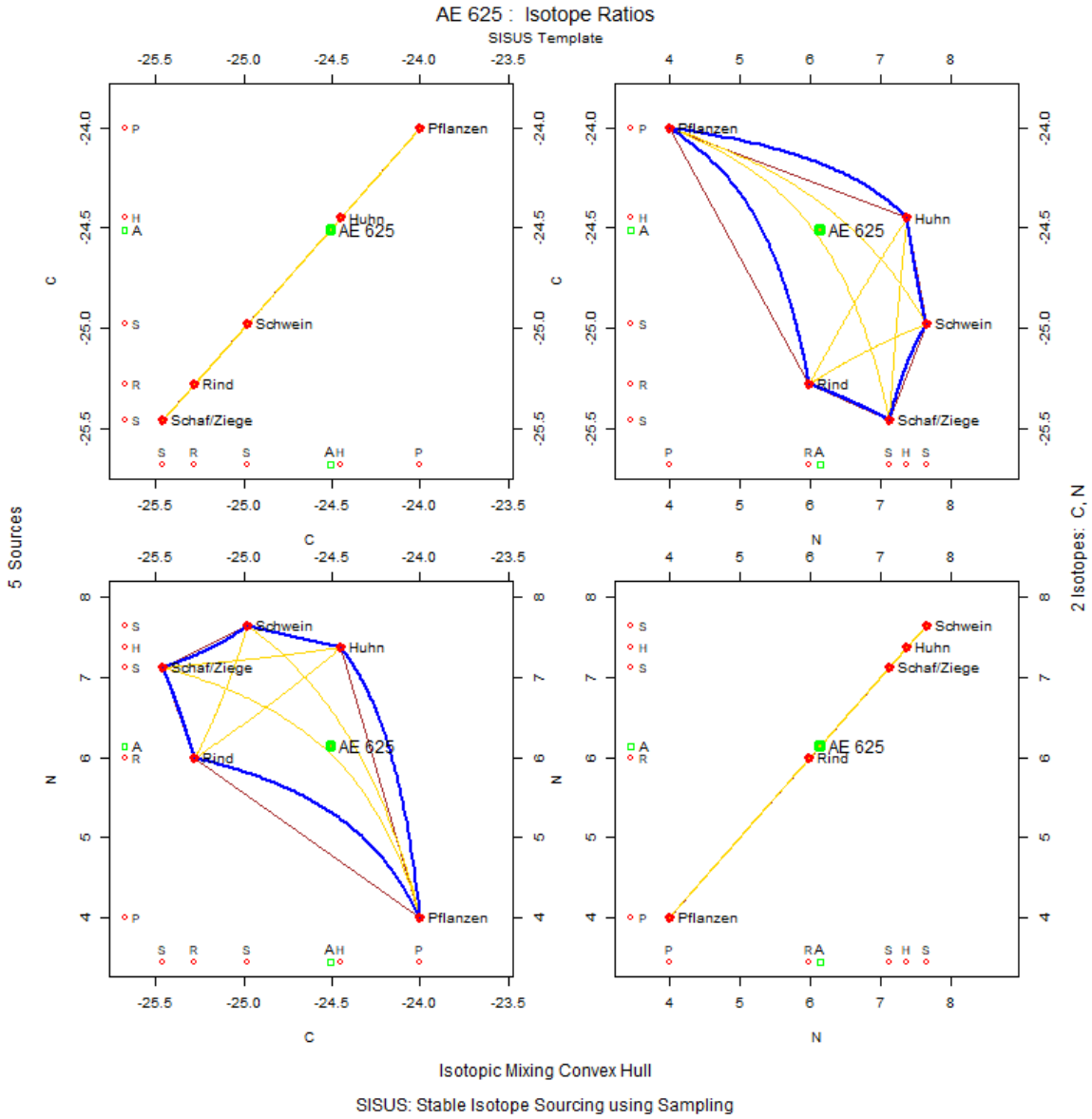


Abbildung 1187: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 625 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

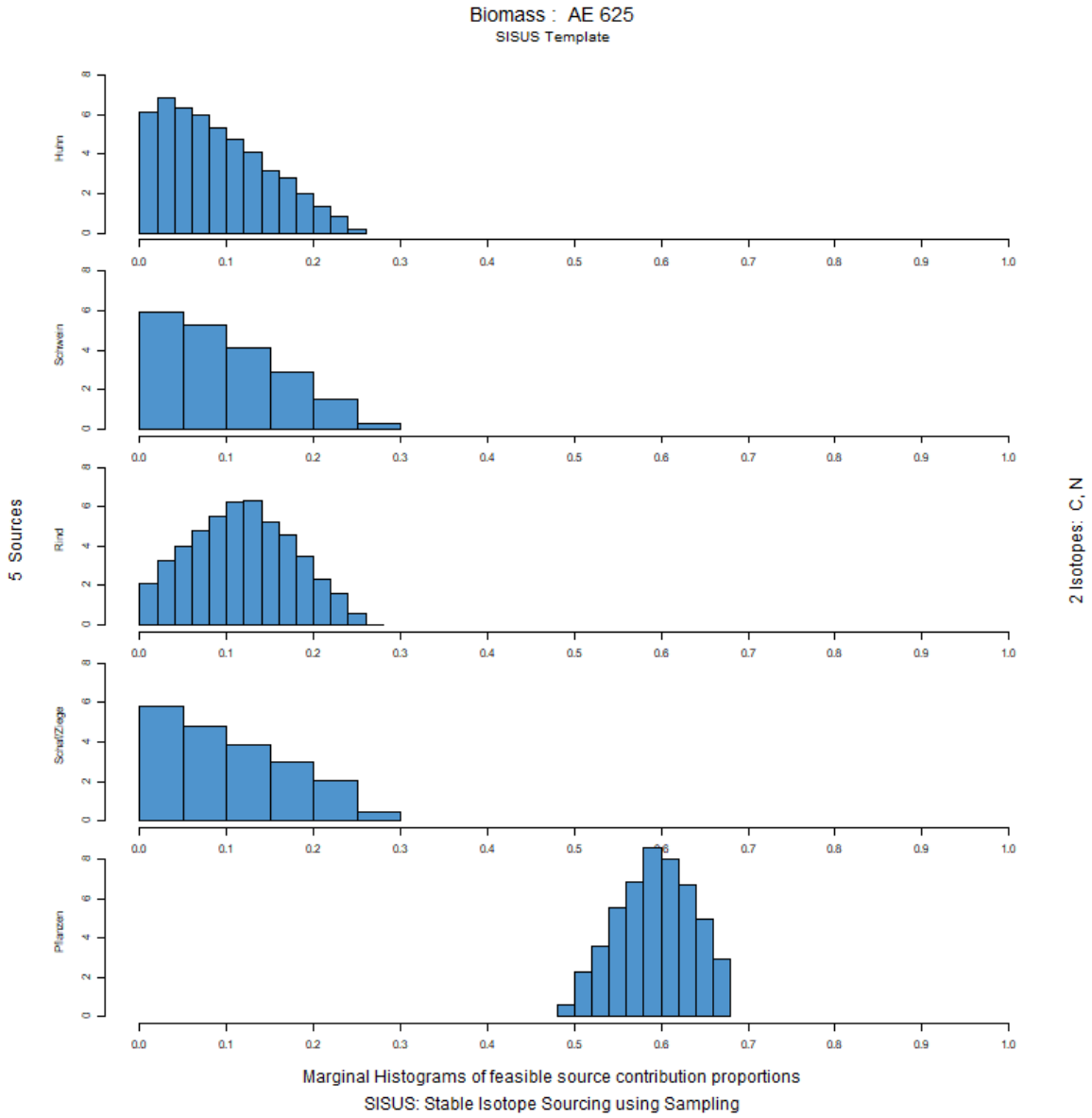


Abbildung 1188: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 625. Erstellt mit SISUS.

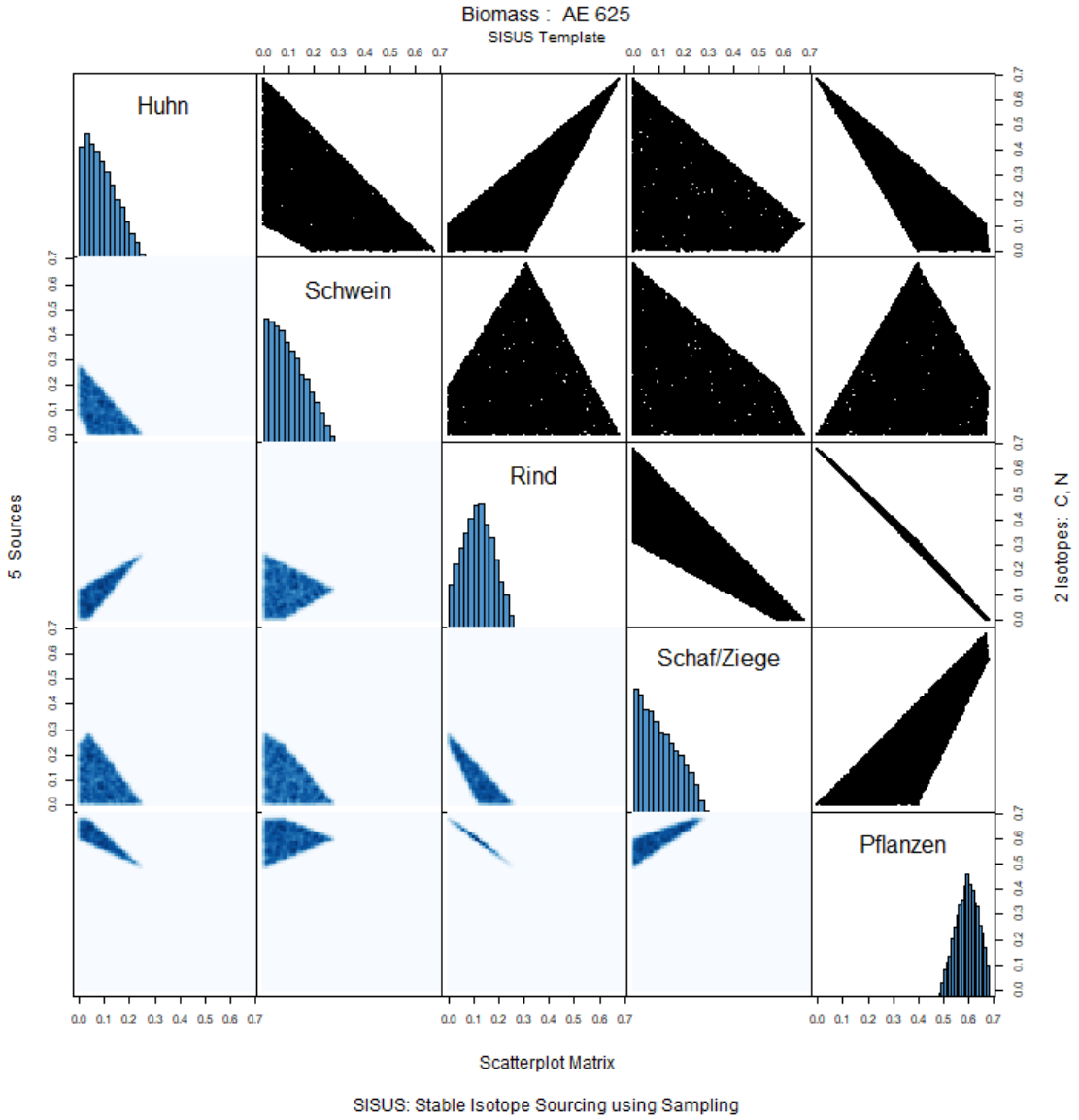


Abbildung 1189: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 625. Erstellt mit SISUS.

AE631

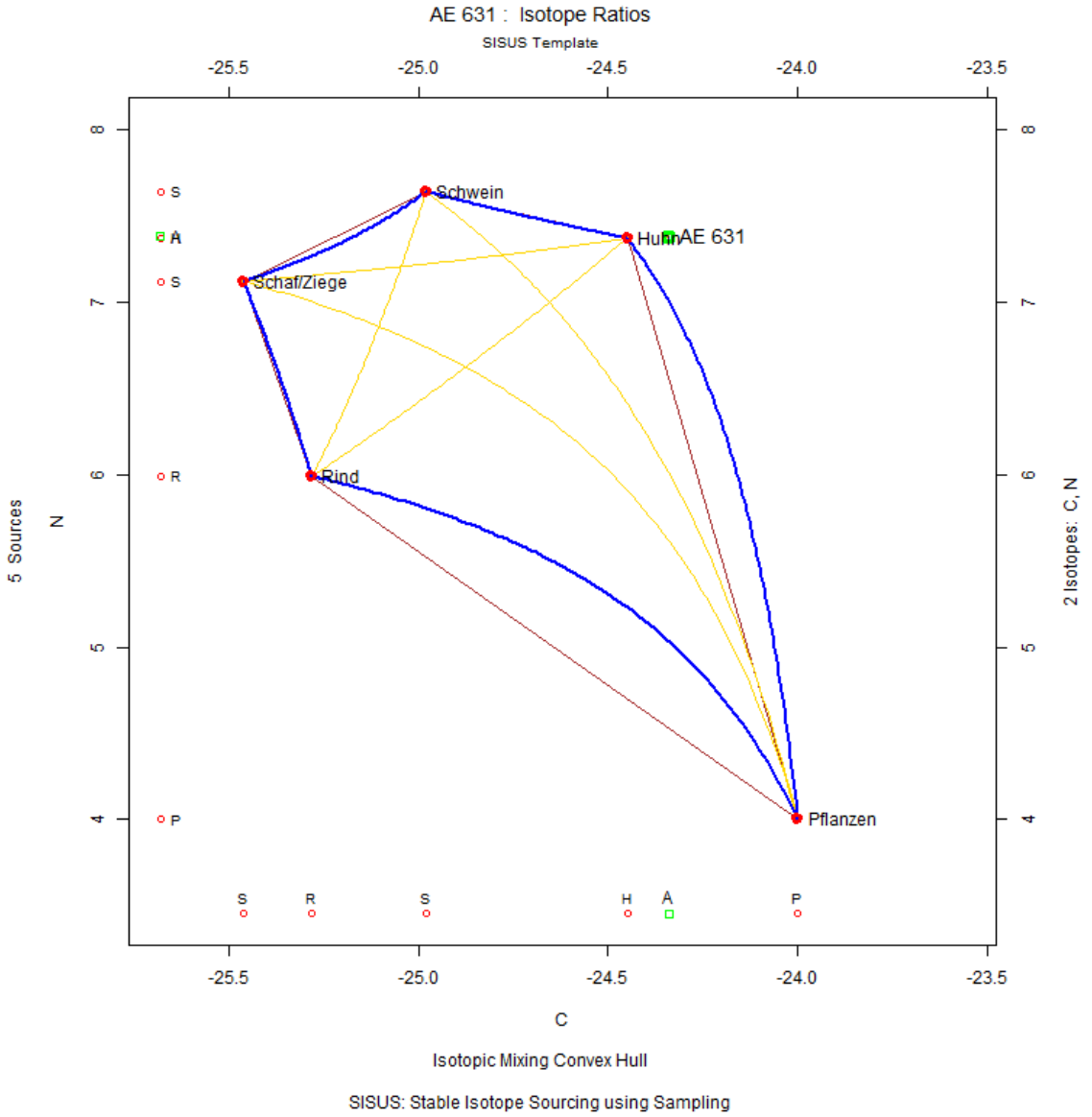


Abbildung 1190: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 631. Erstellt mit SISUS

AE646

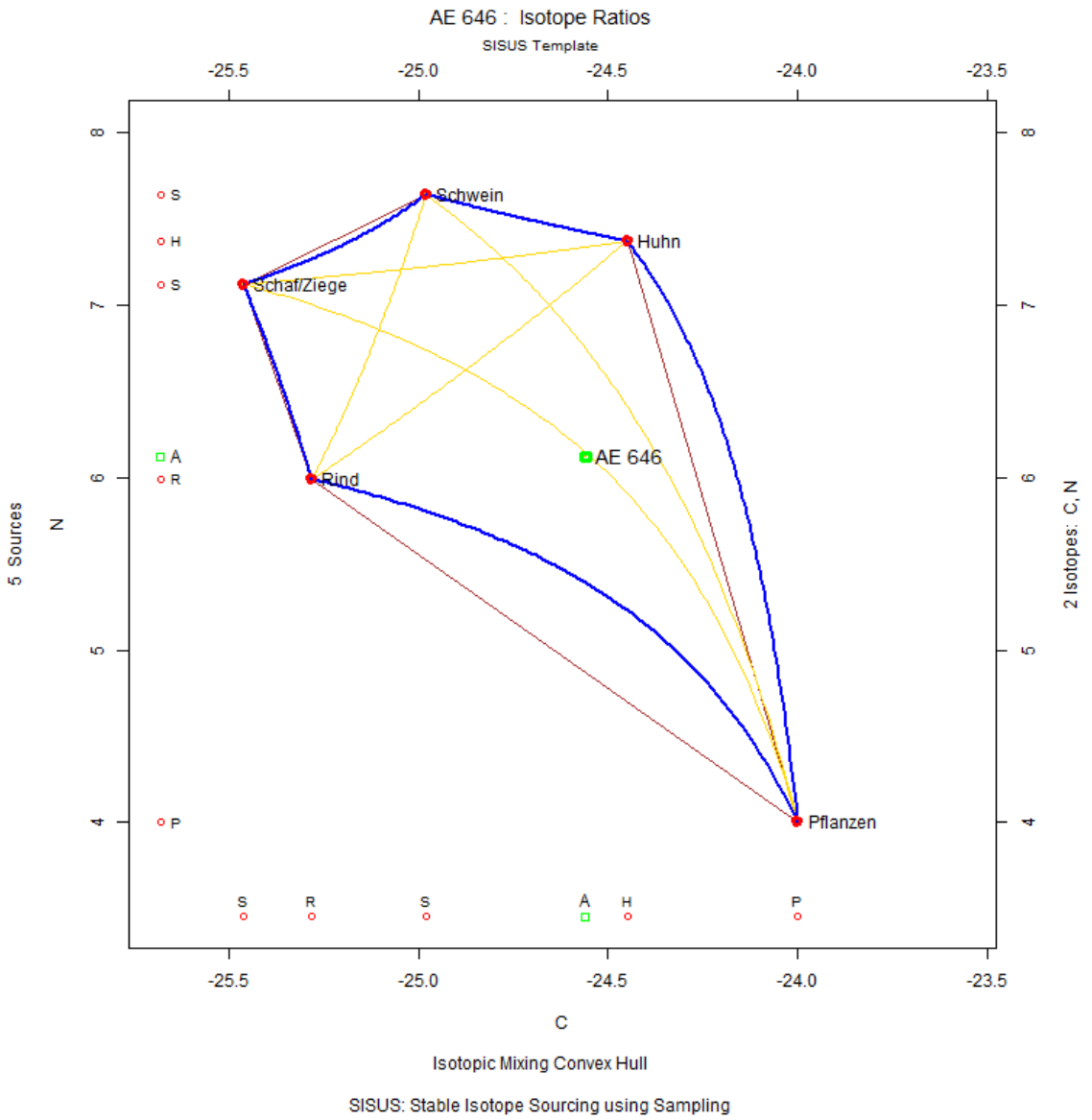


Abbildung 1191: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 646. Erstellt mit SISUS

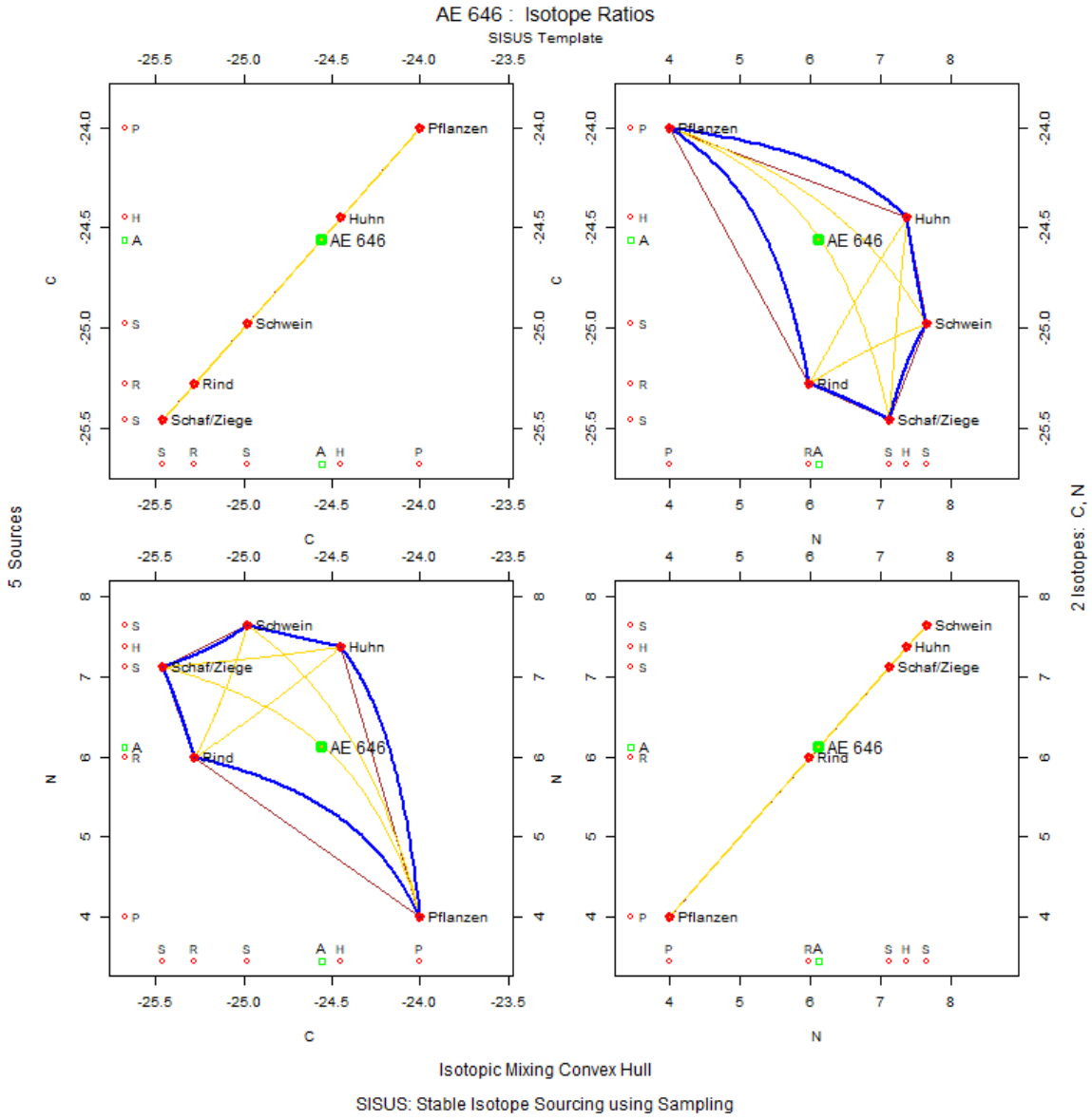


Abbildung 1192: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 646 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

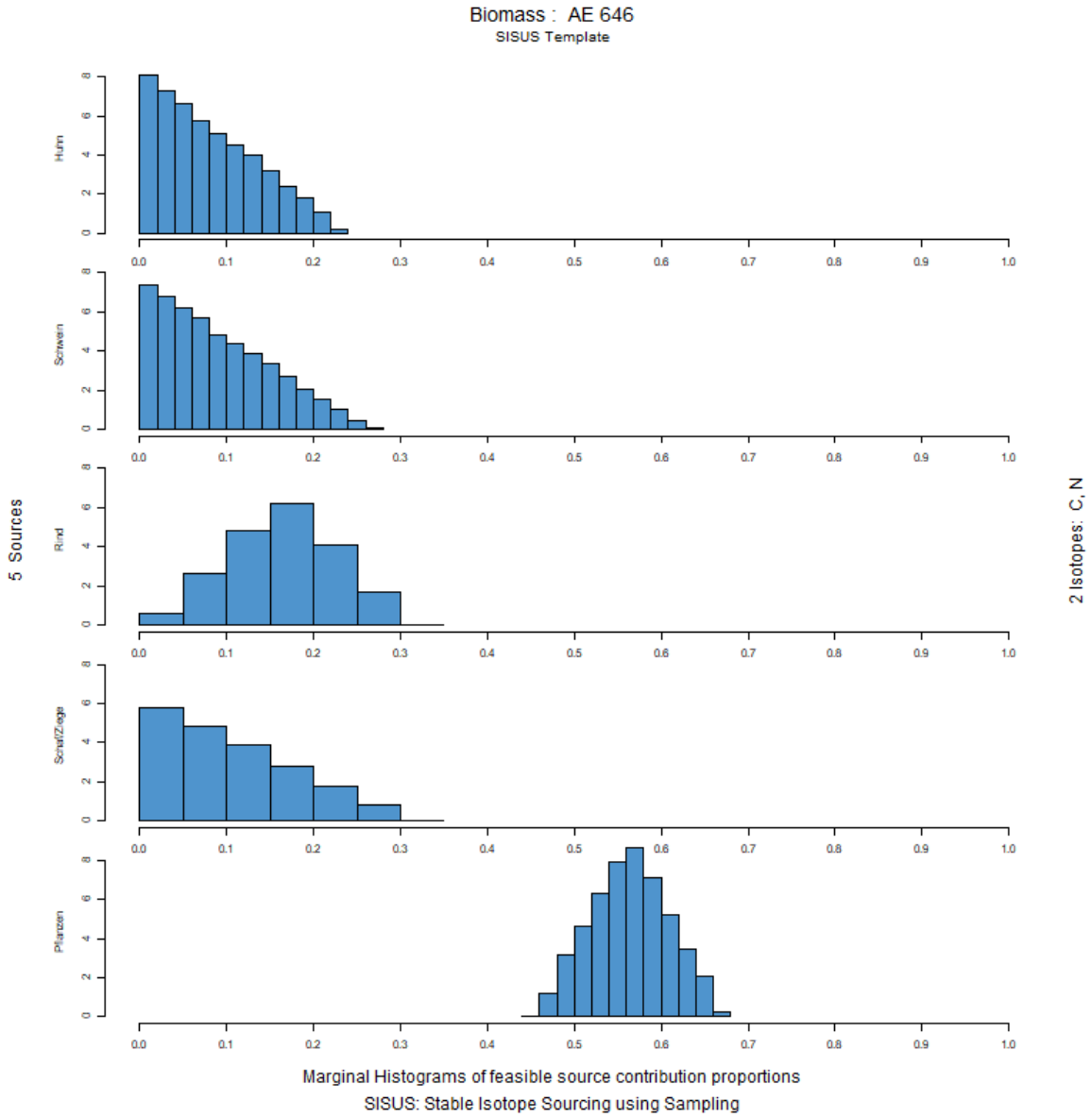


Abbildung 1193: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 646. Erstellt mit SISUS.

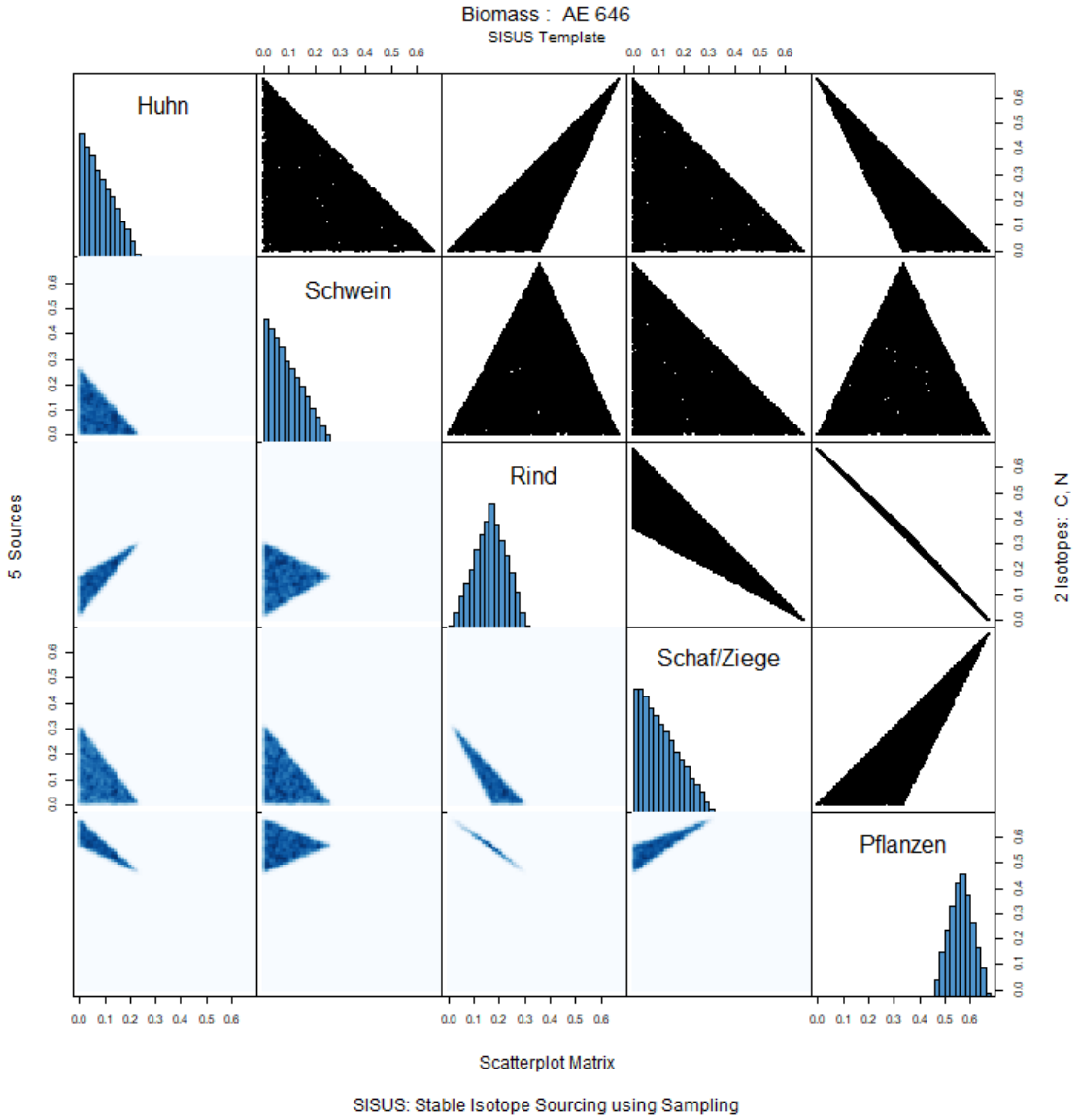


Abbildung 1194: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 646. Erstellt mit SISUS.

AE652

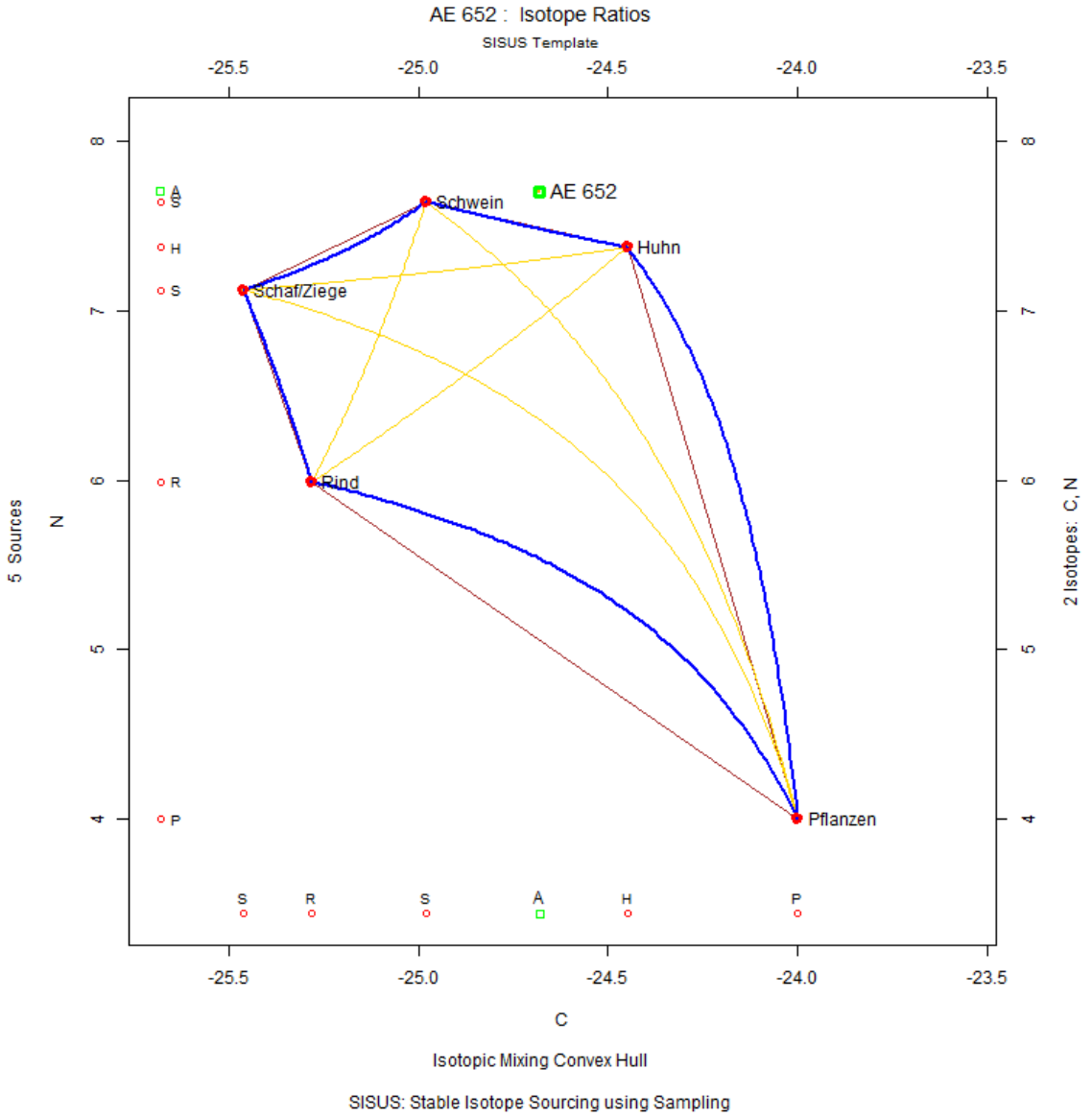


Abbildung 1195: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 652. Erstellt mit SISUS

AE657

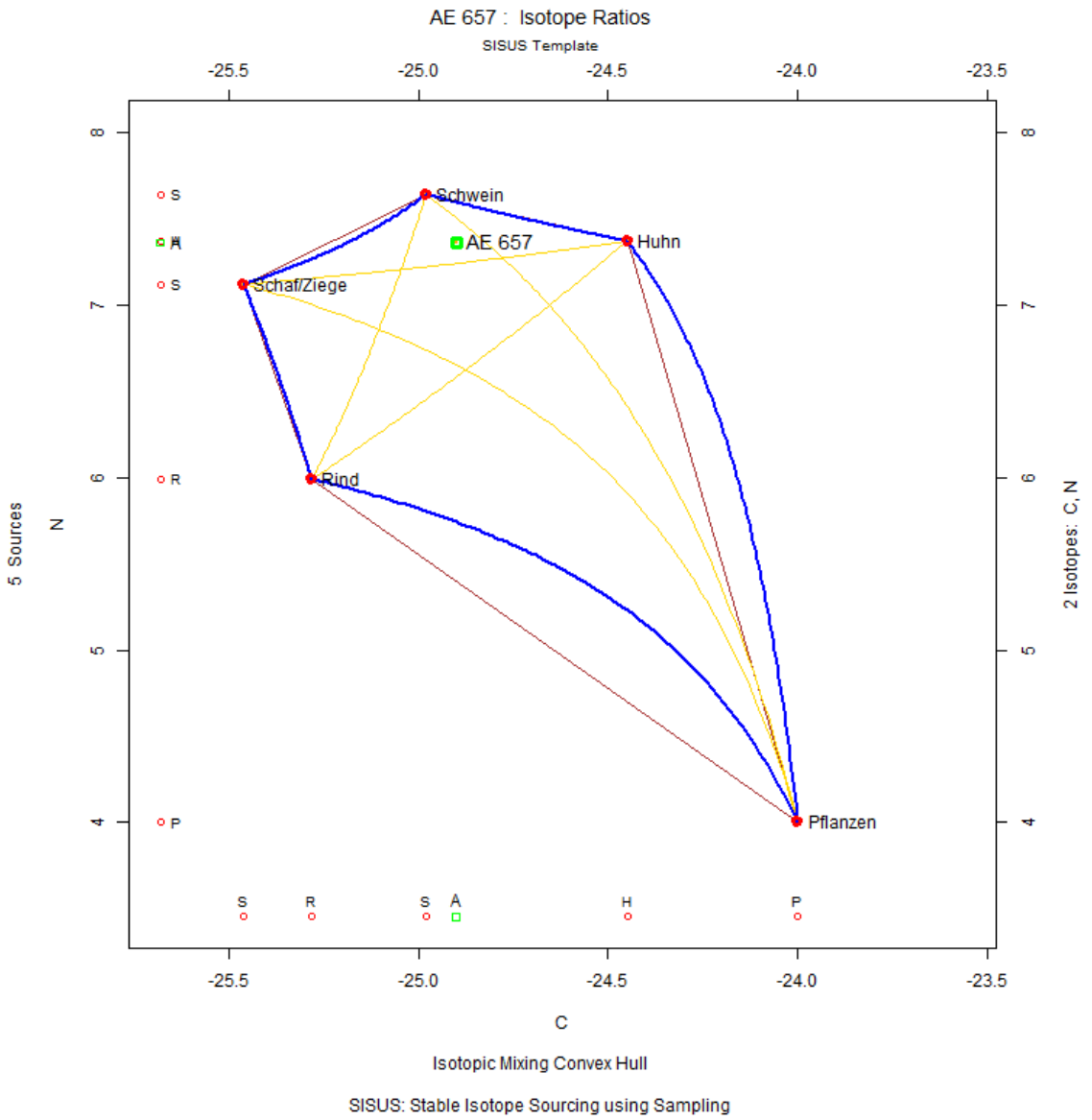


Abbildung 1196: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 657. Erstellt mit SISUS

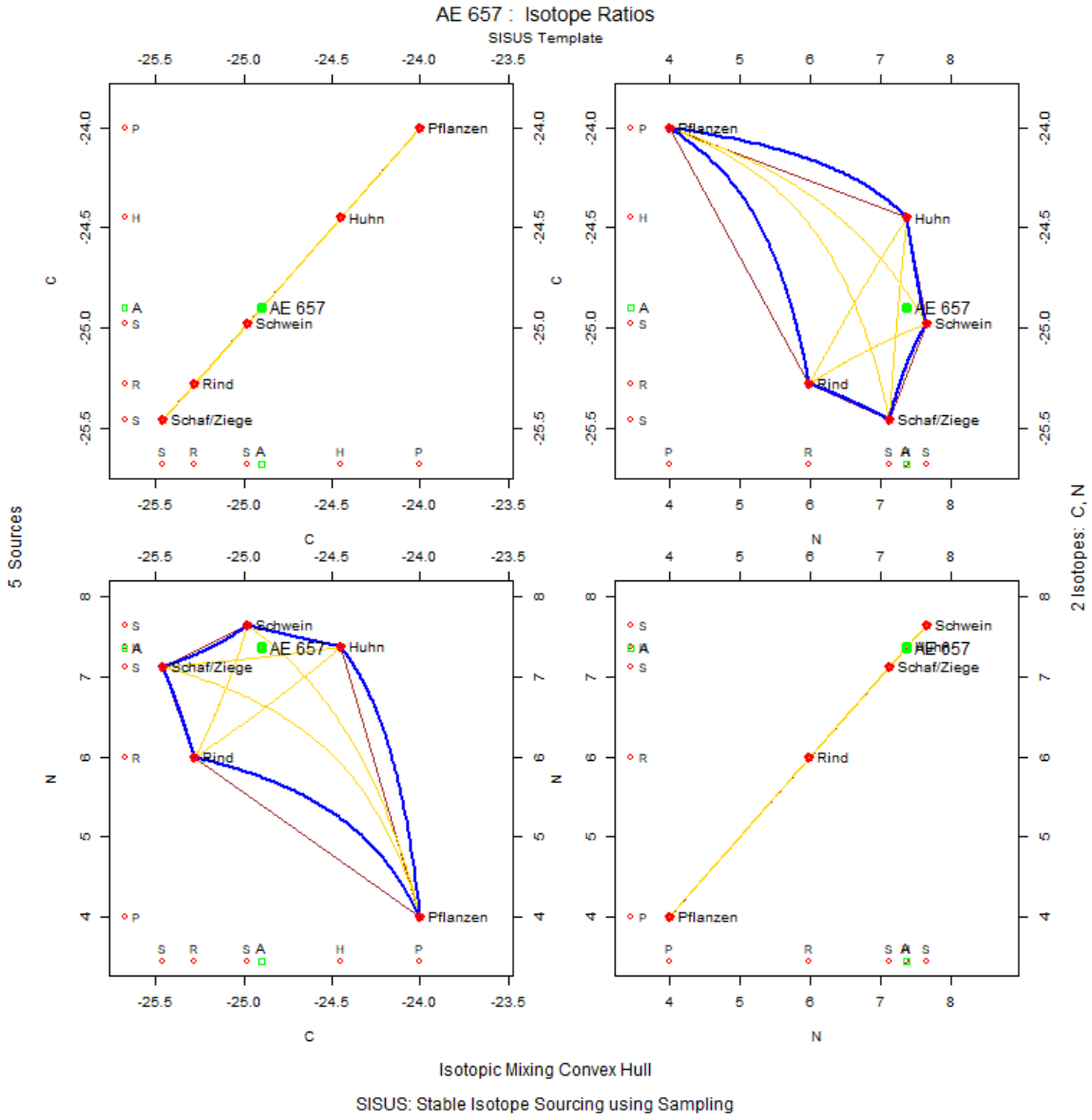


Abbildung 1197: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 657 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

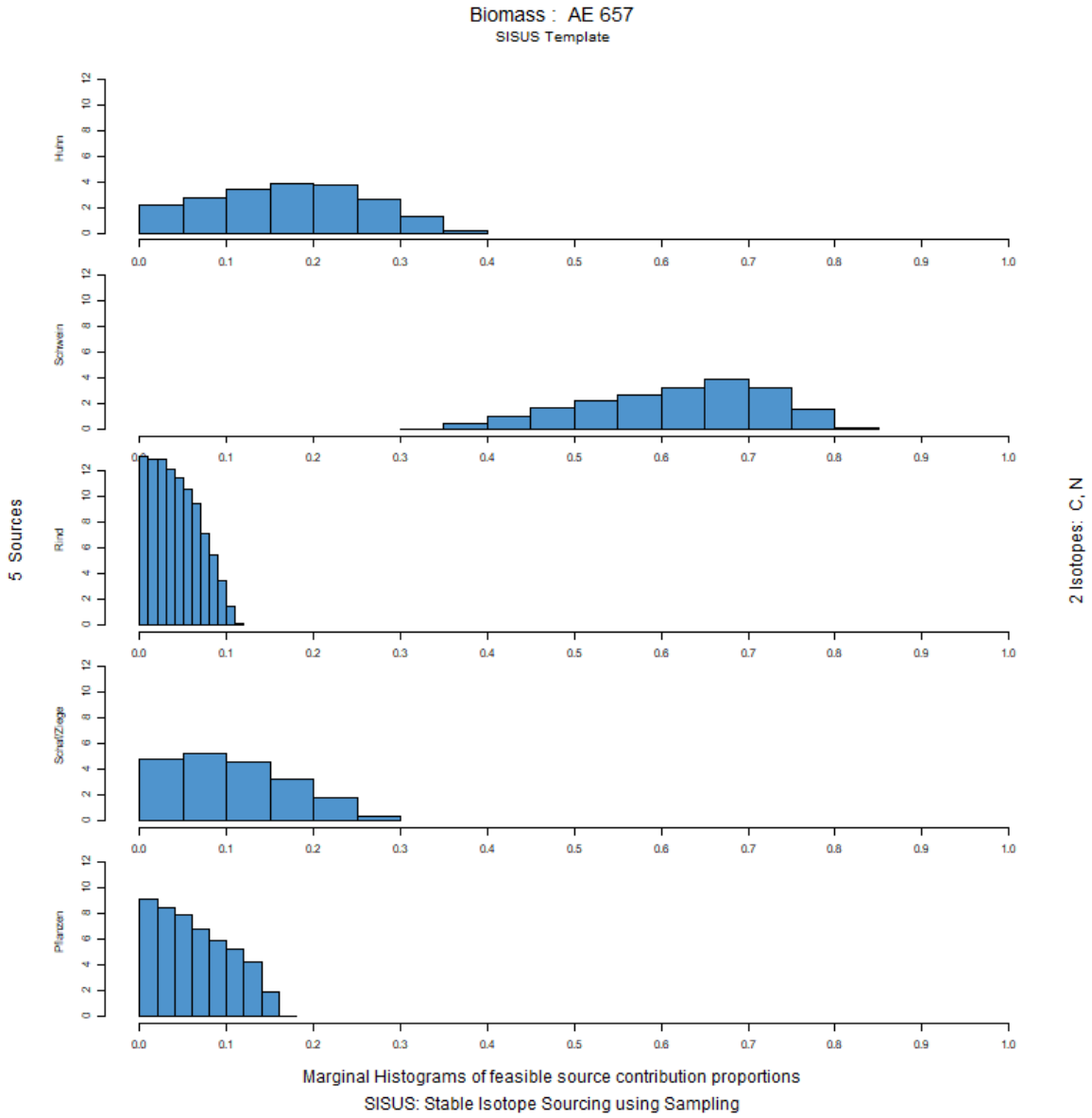


Abbildung 1198: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 657. Erstellt mit SISUS.

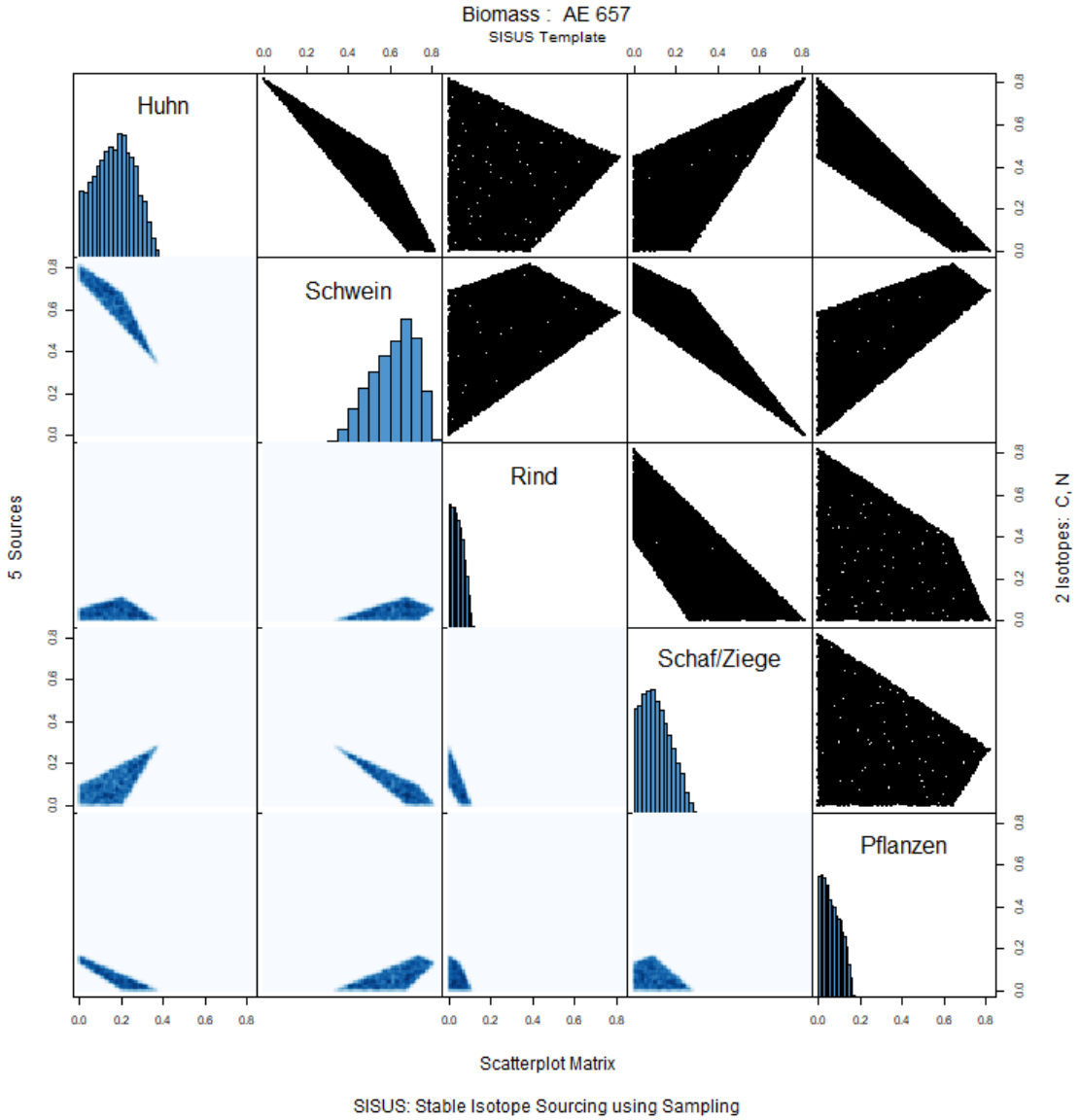


Abbildung 1199: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 657. Erstellt mit SISUS.

AE658

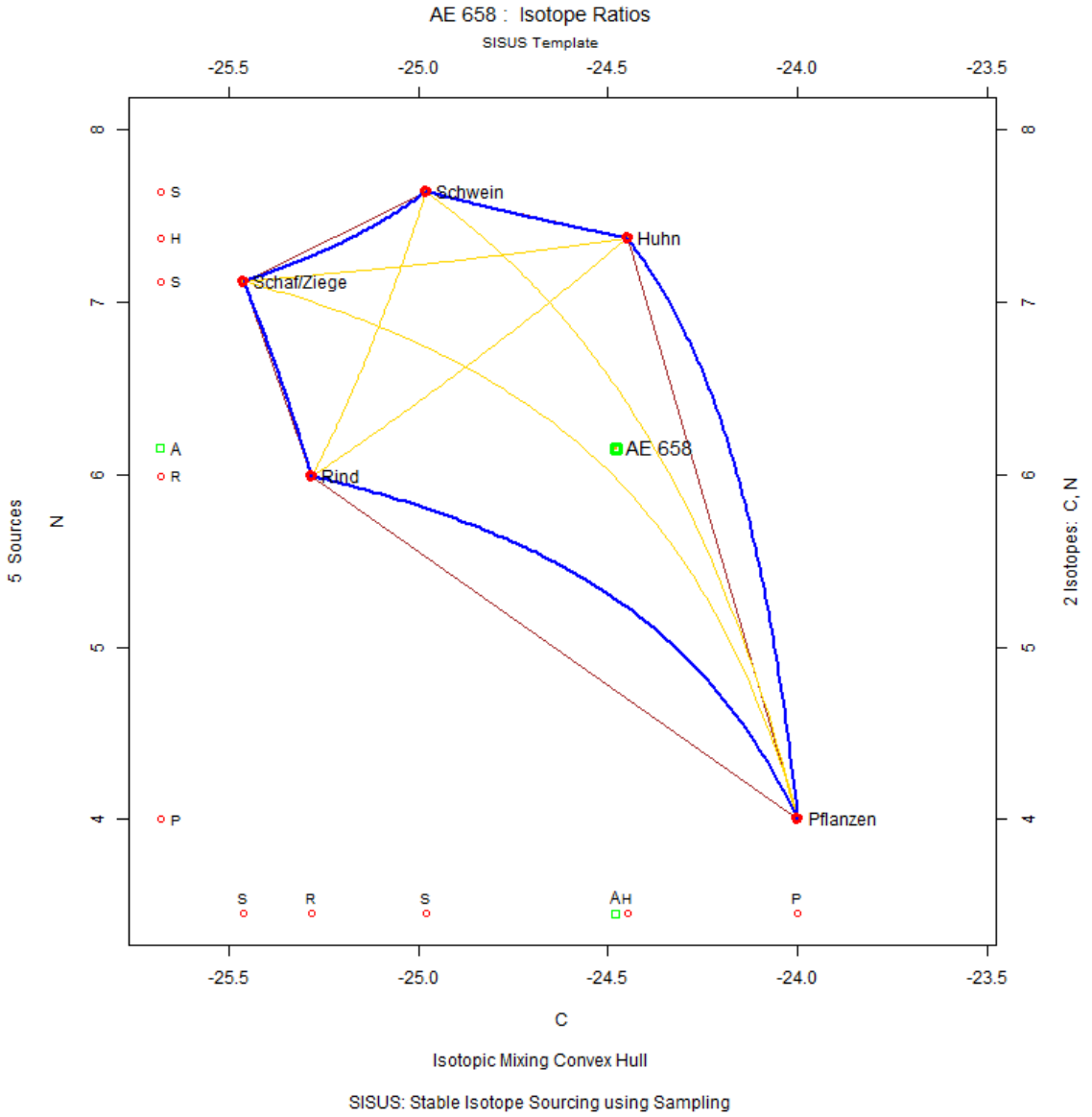


Abbildung 1200: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 658. Erstellt mit SISUS

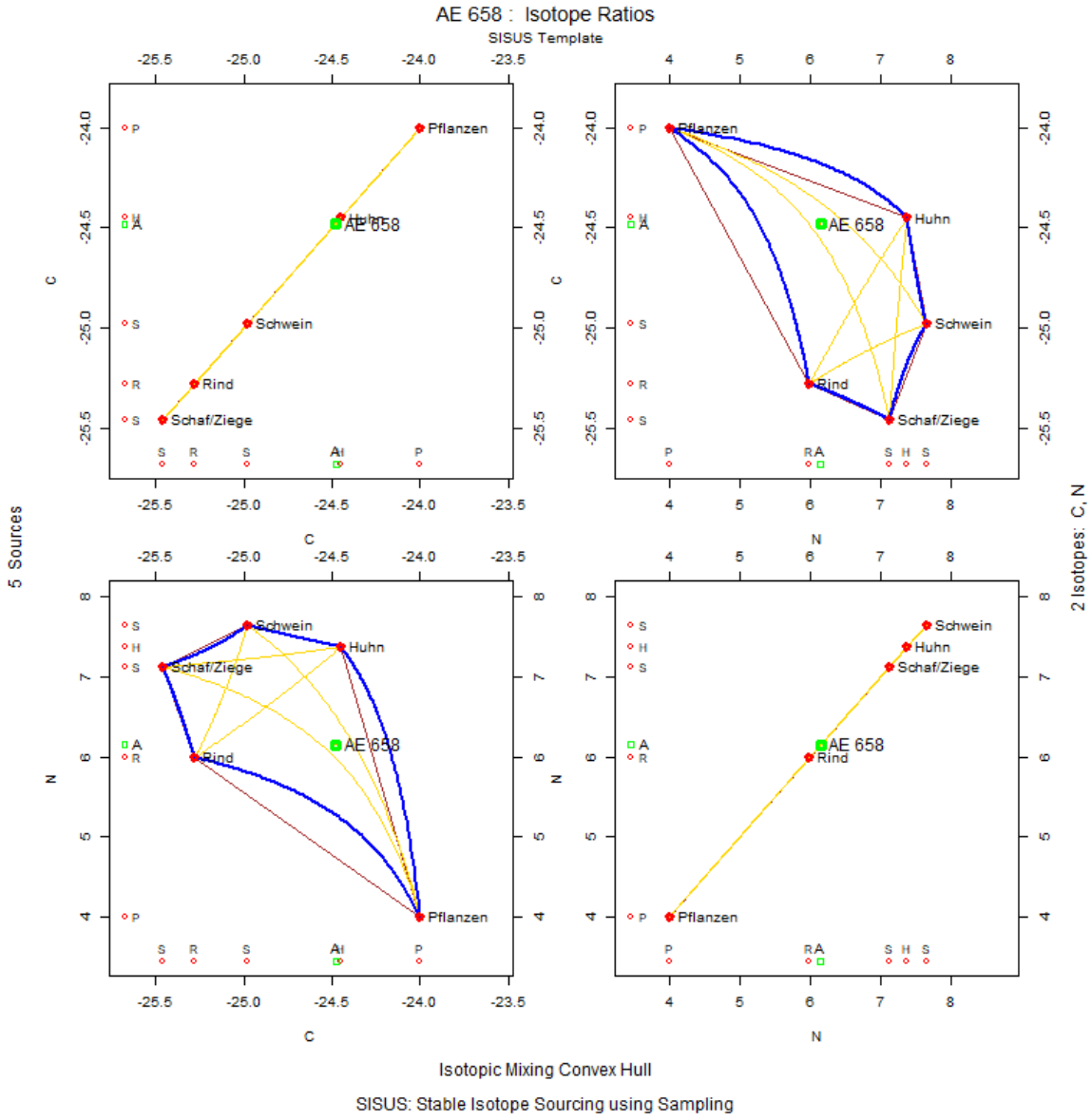


Abbildung 1201: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 658 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

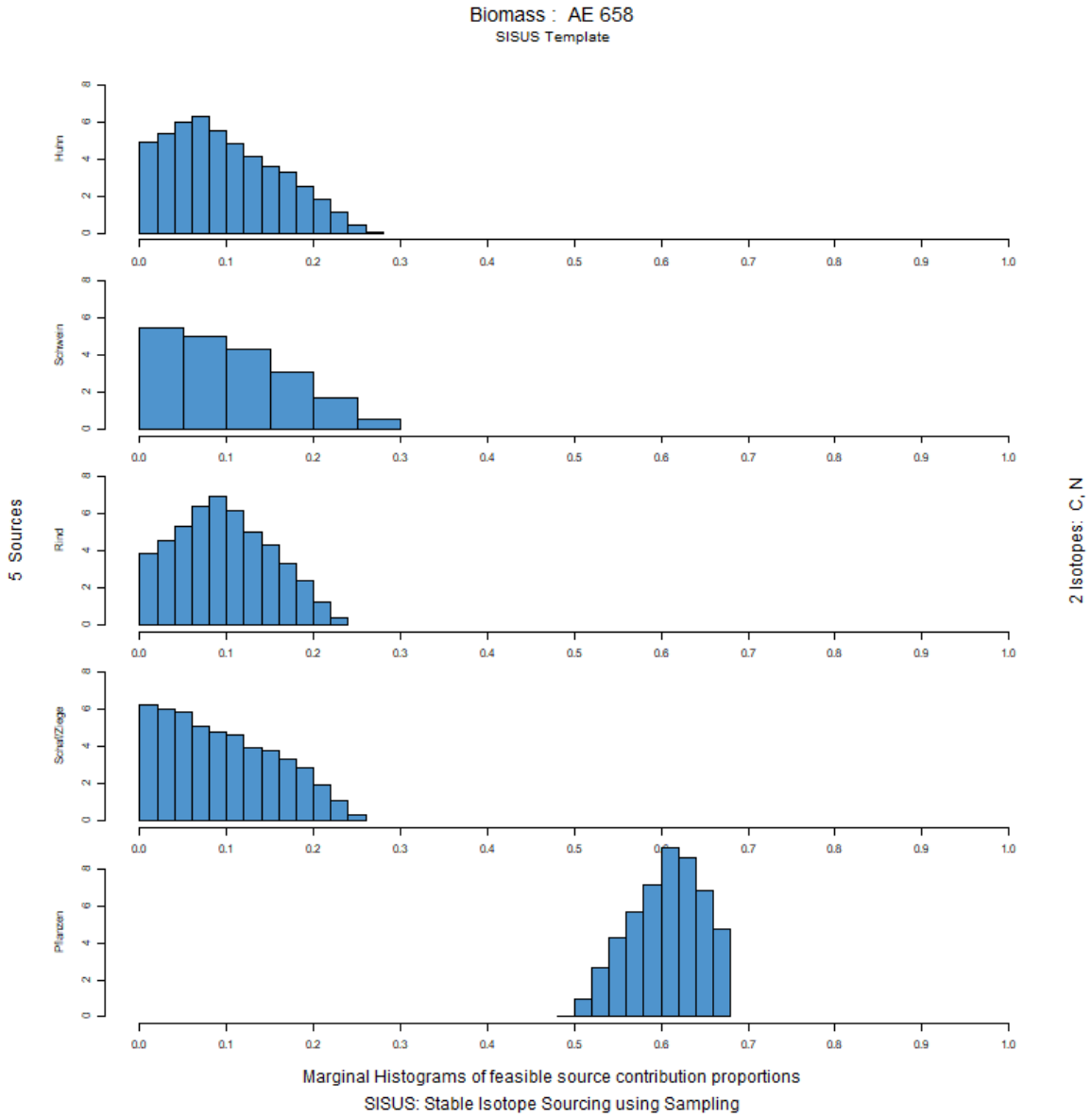


Abbildung 1202: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 658. Erstellt mit SISUS.

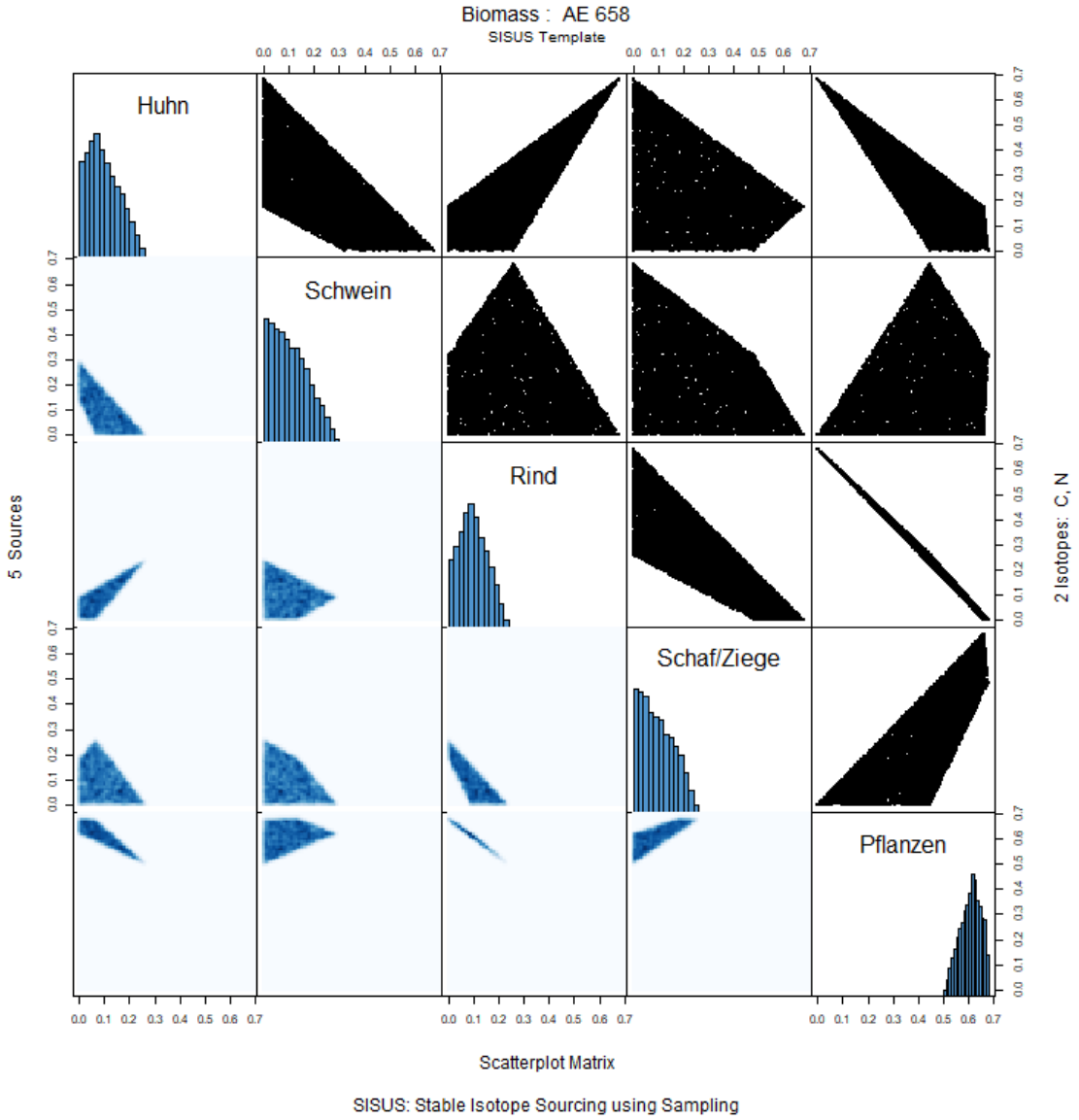


Abbildung 1203: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 658. Erstellt mit SISUS.

AE674

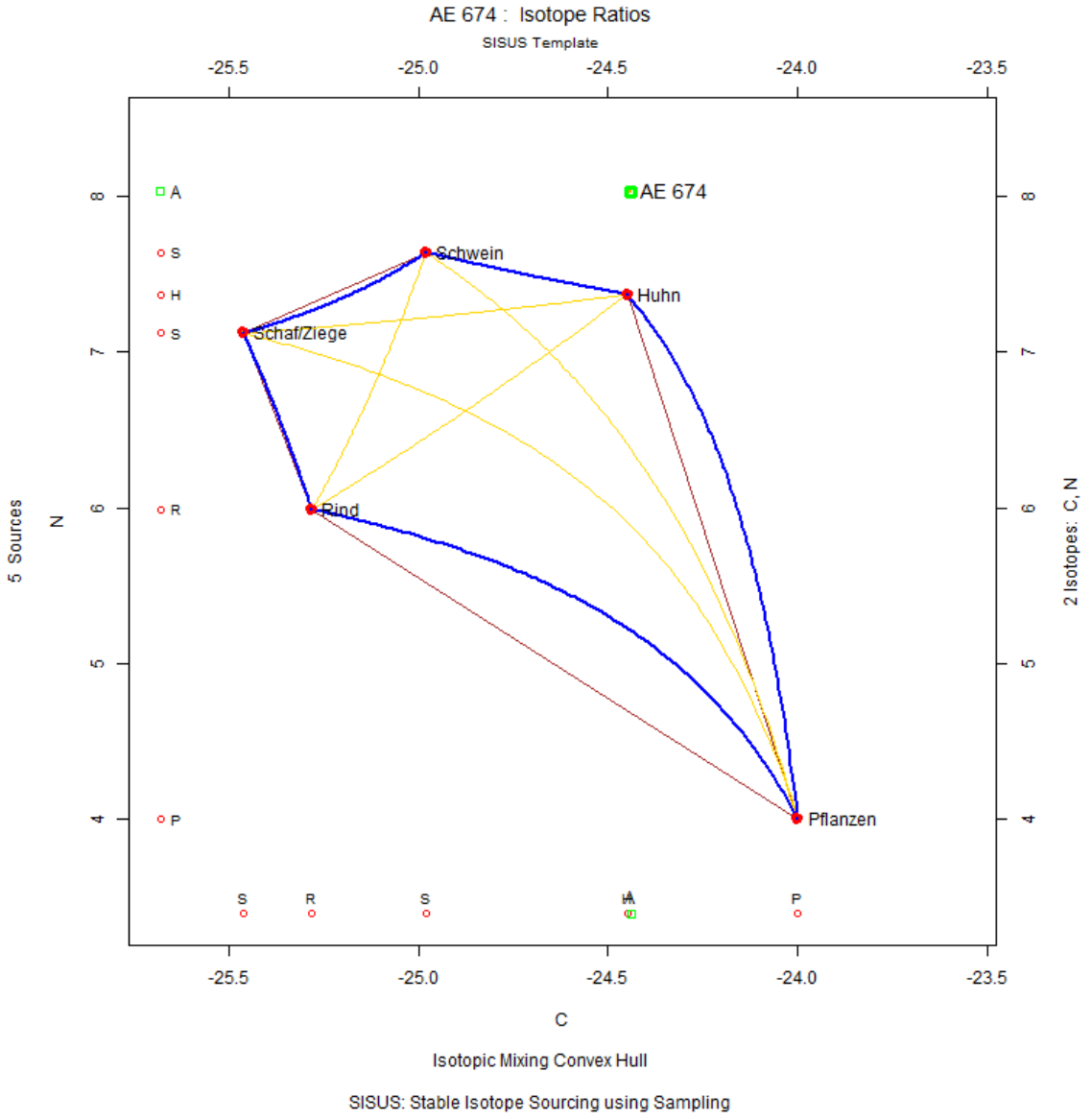


Abbildung 1204: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 674. Erstellt mit SISUS

AE729

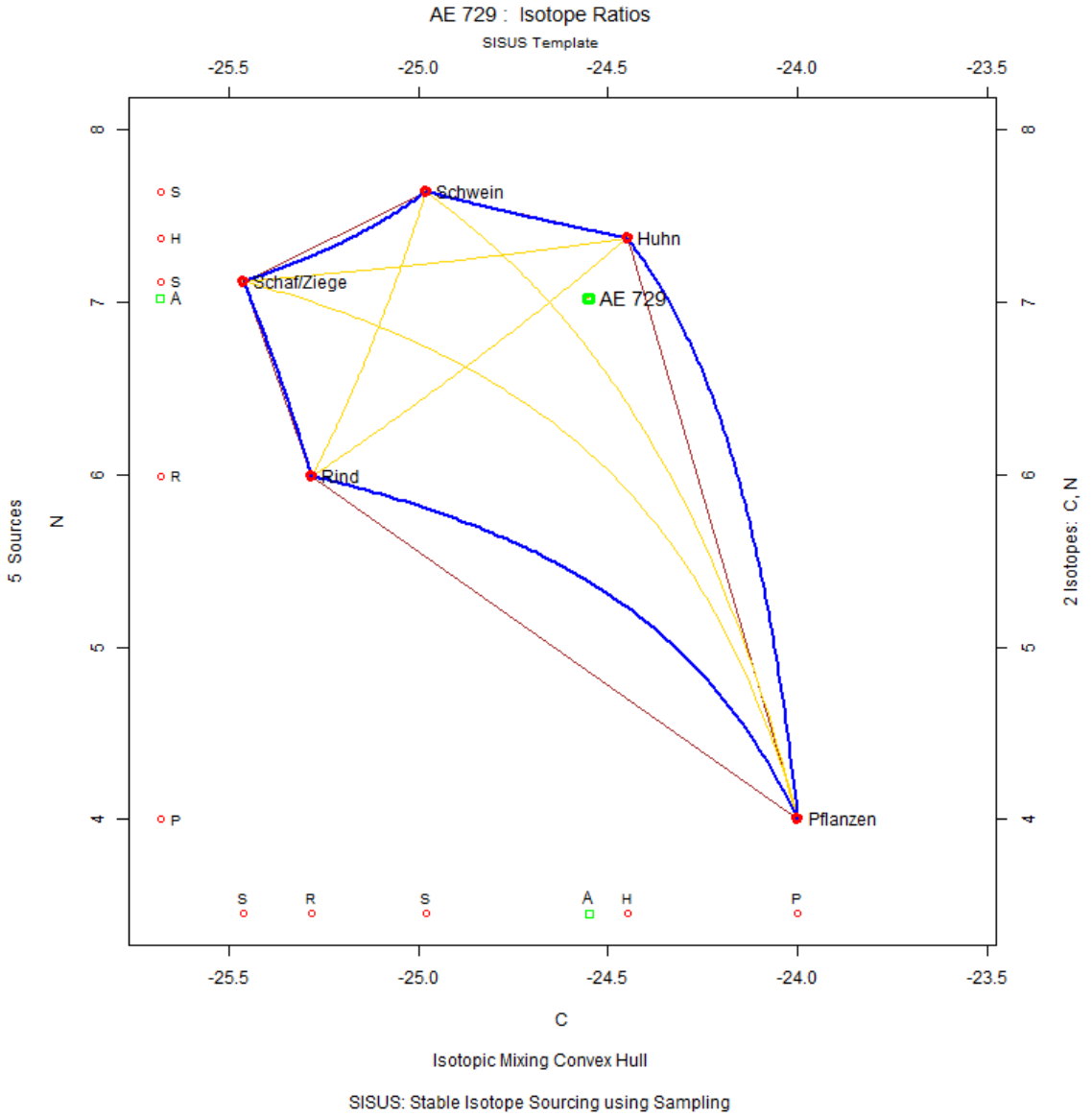


Abbildung 1205: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 729. Erstellt mit SISUS

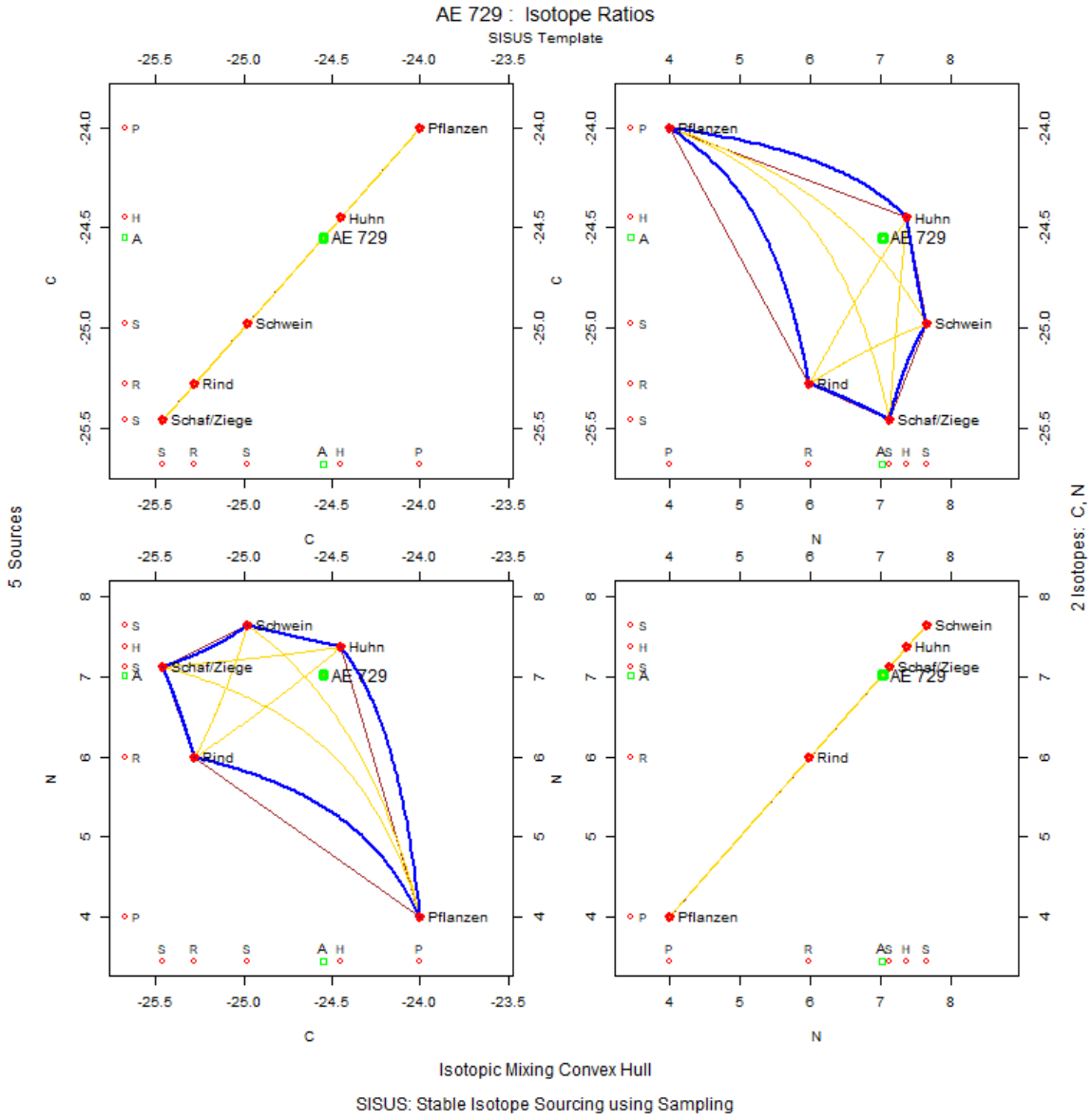


Abbildung 1206: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 729 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

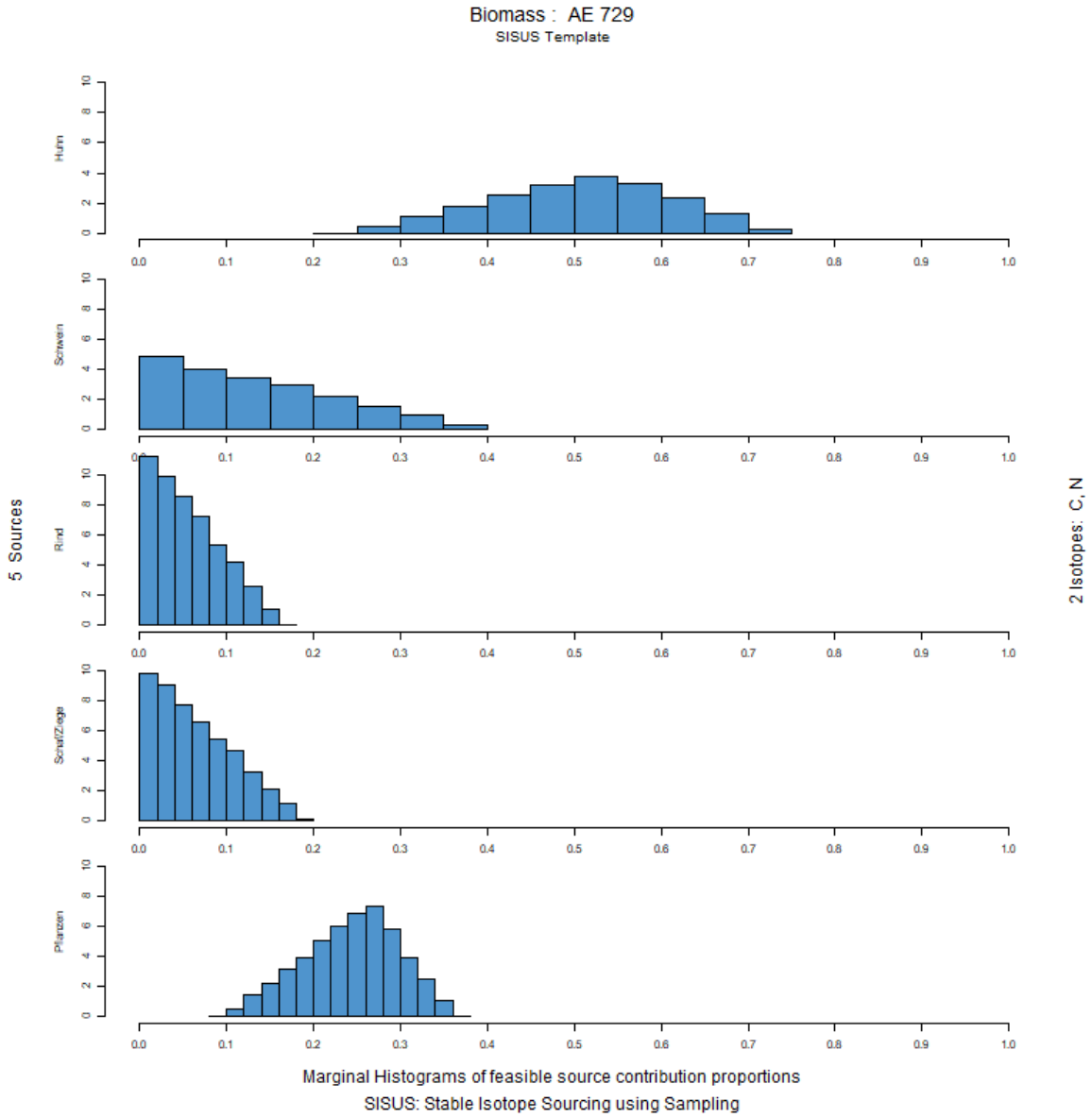


Abbildung 1207: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 729. Erstellt mit SISUS.

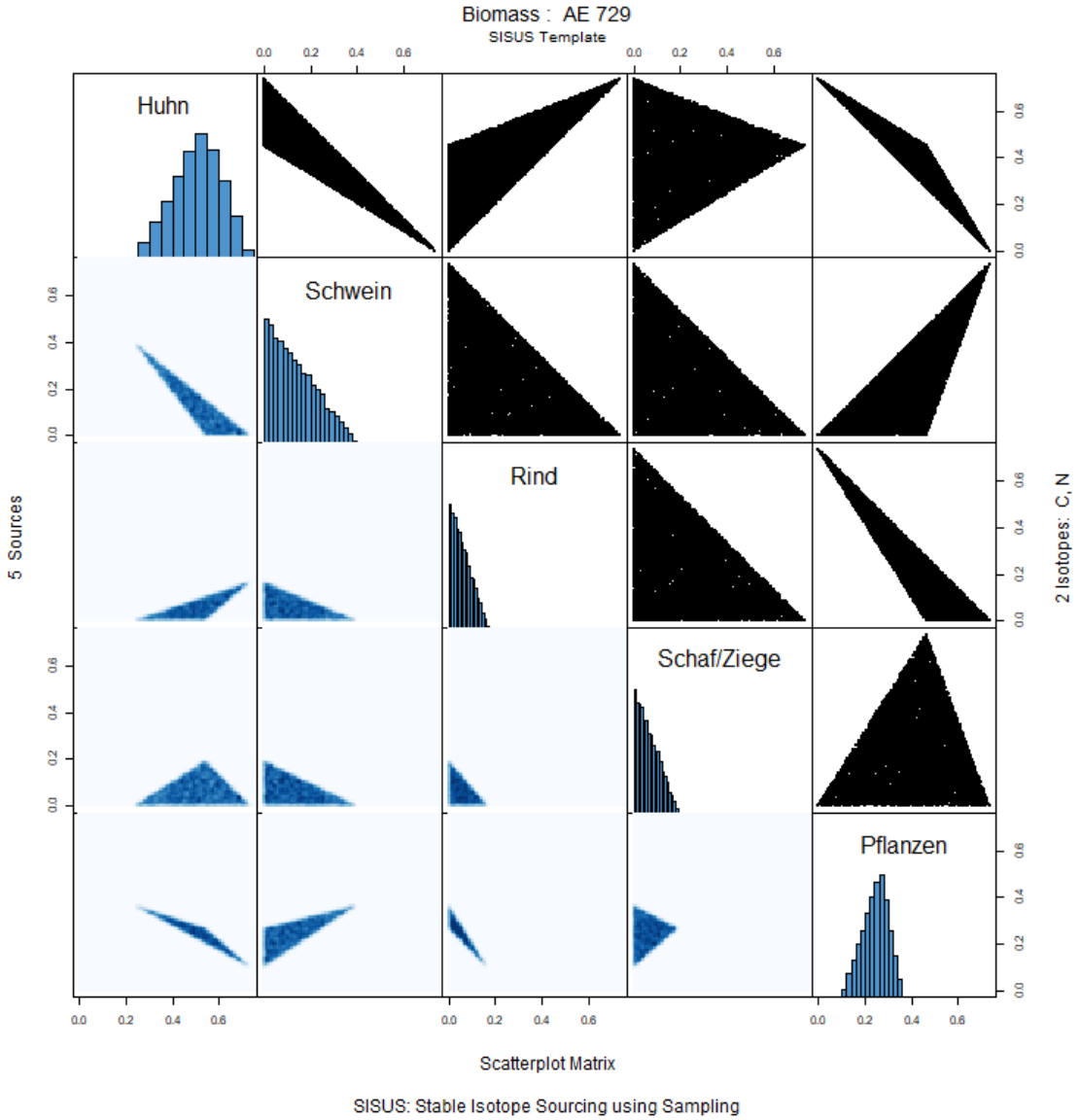


Abbildung 1208: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 729. Erstellt mit SISUS.

AE788

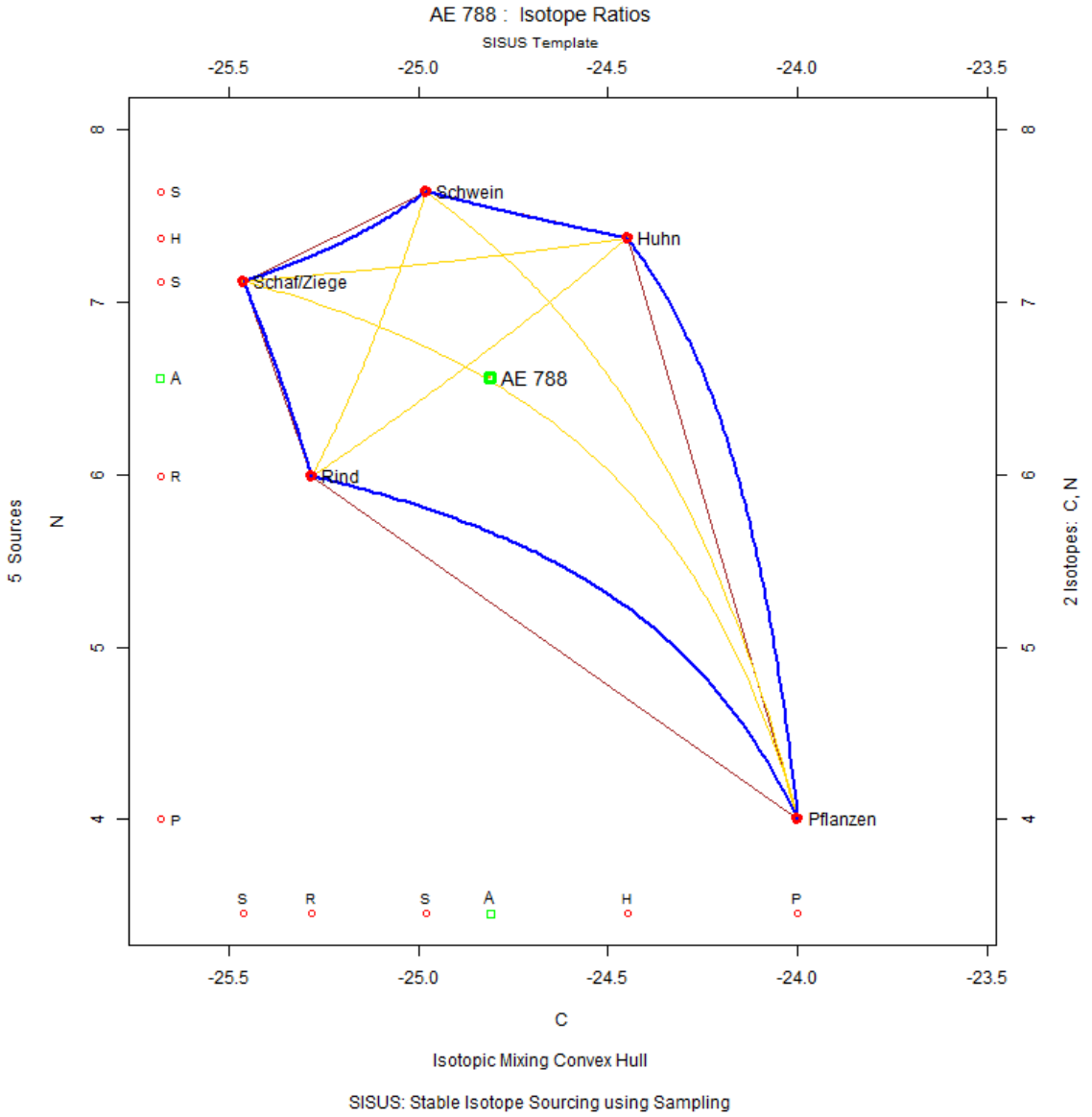


Abbildung 1209: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 788. Erstellt mit SISUS

AE809

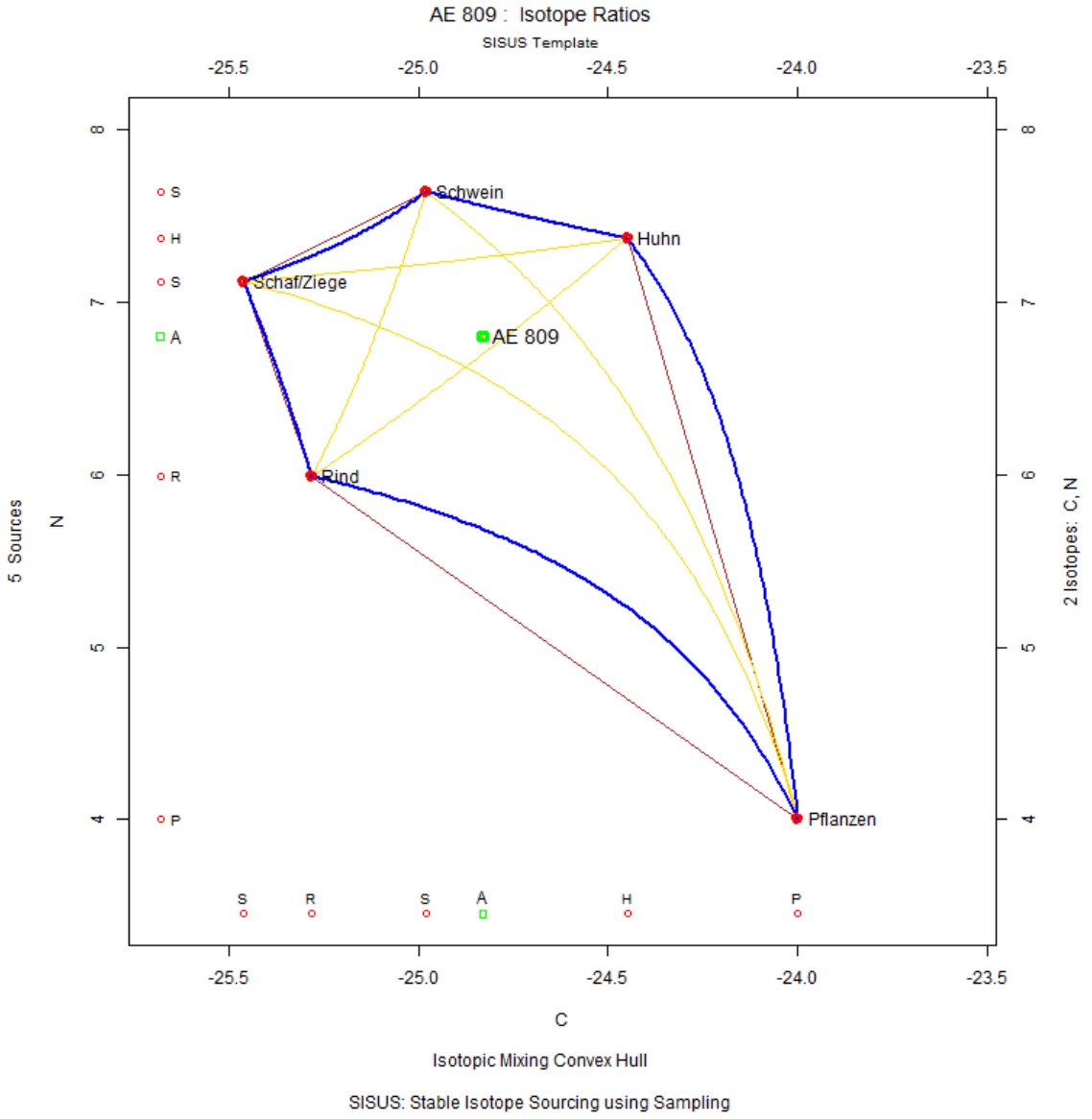


Abbildung 1210: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 809. Erstellt mit SISUS

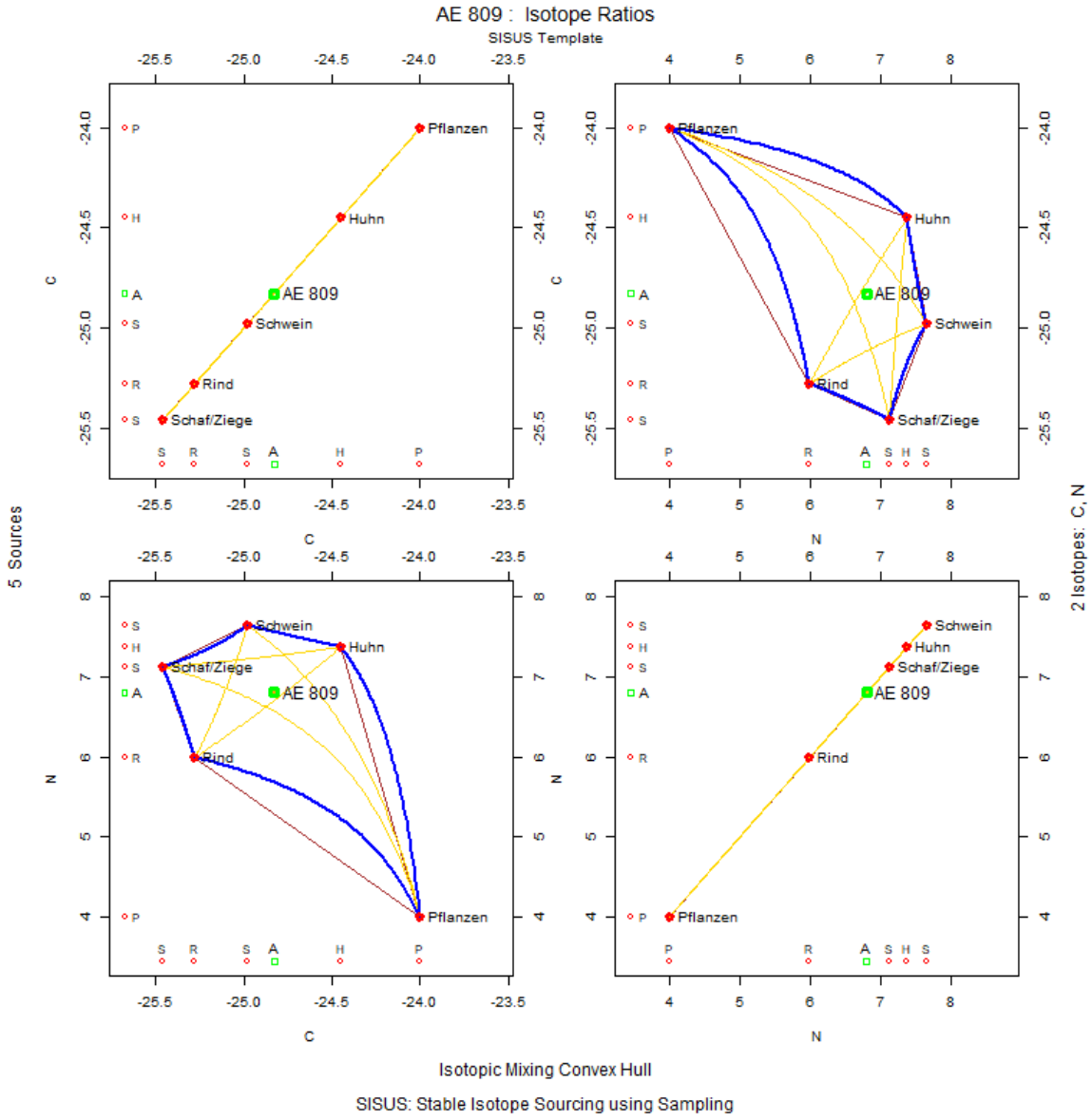


Abbildung 1211: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 809 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

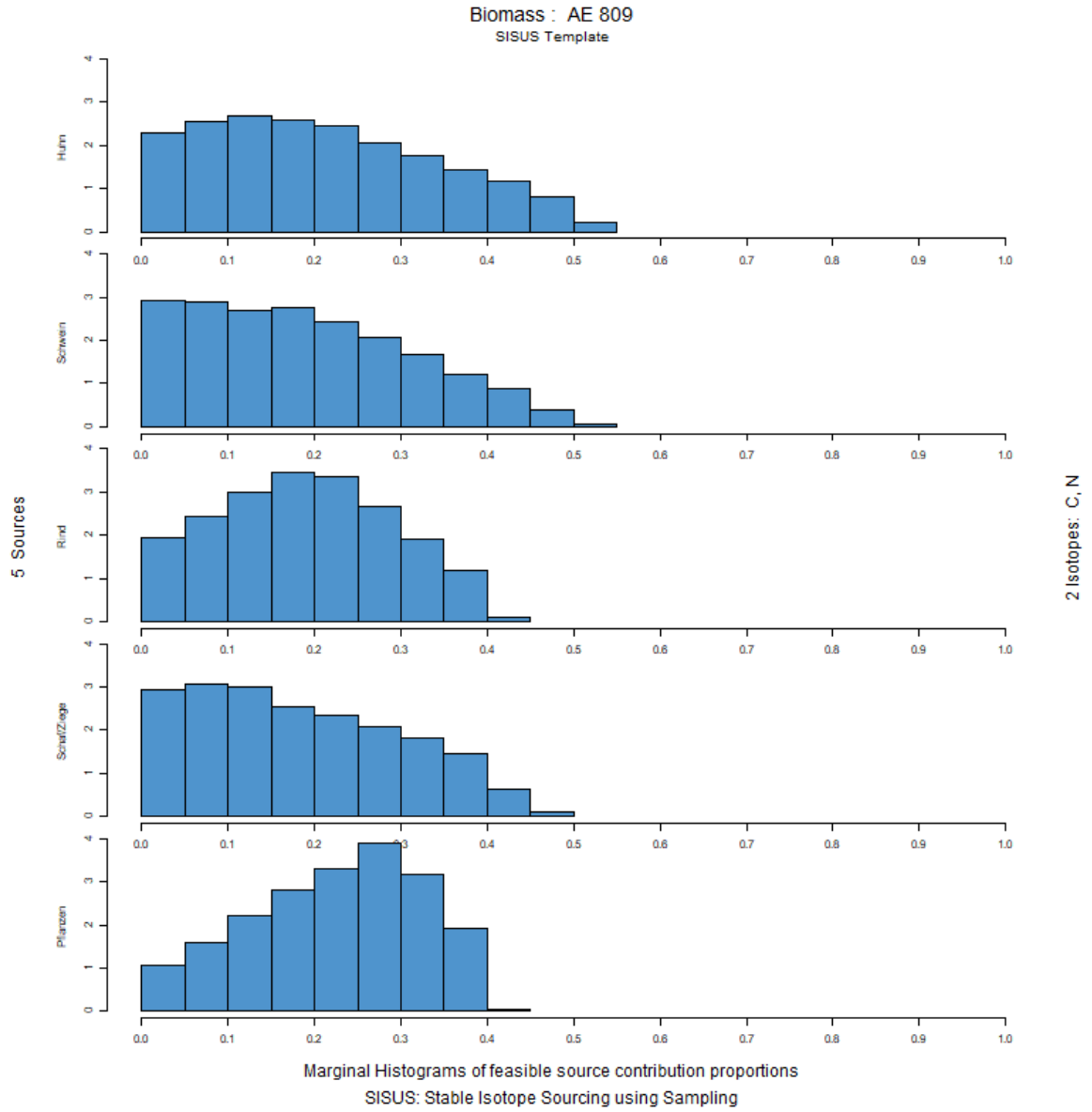


Abbildung 1212: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 809. Erstellt mit SISUS.

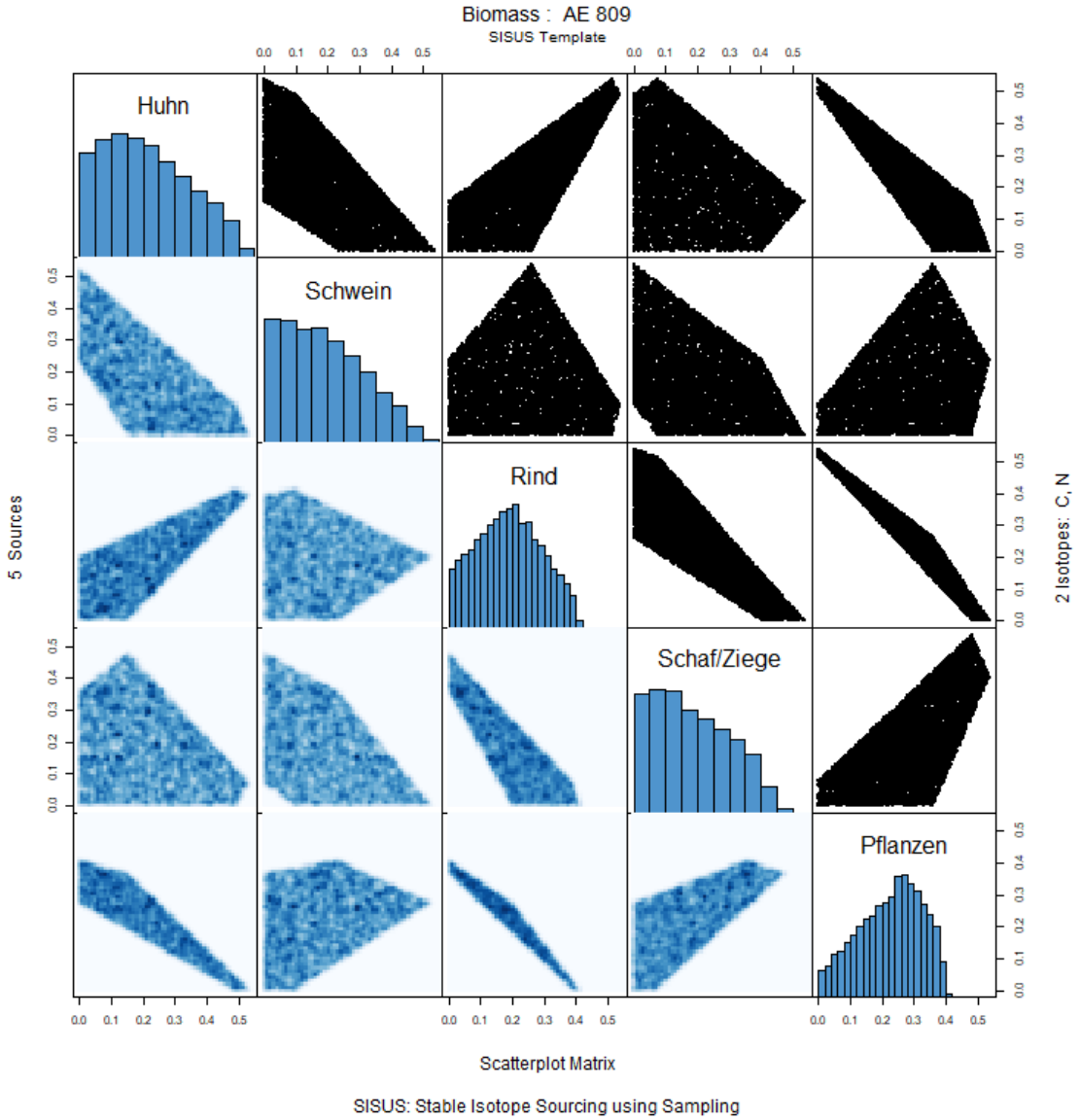


Abbildung 1213: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 809. Erstellt mit SISUS.

AE820

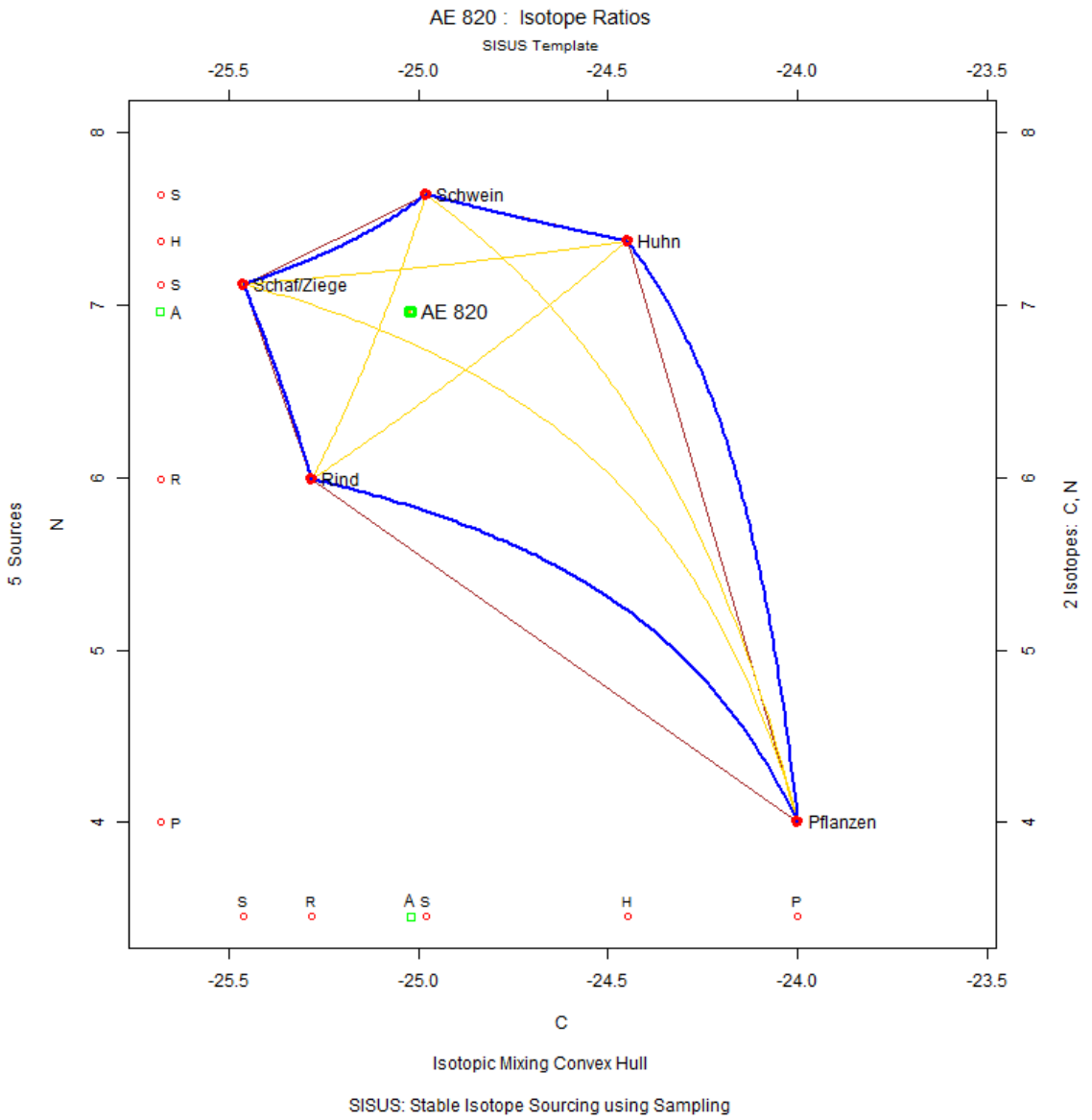


Abbildung 1214: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 820. Erstellt mit SISUS

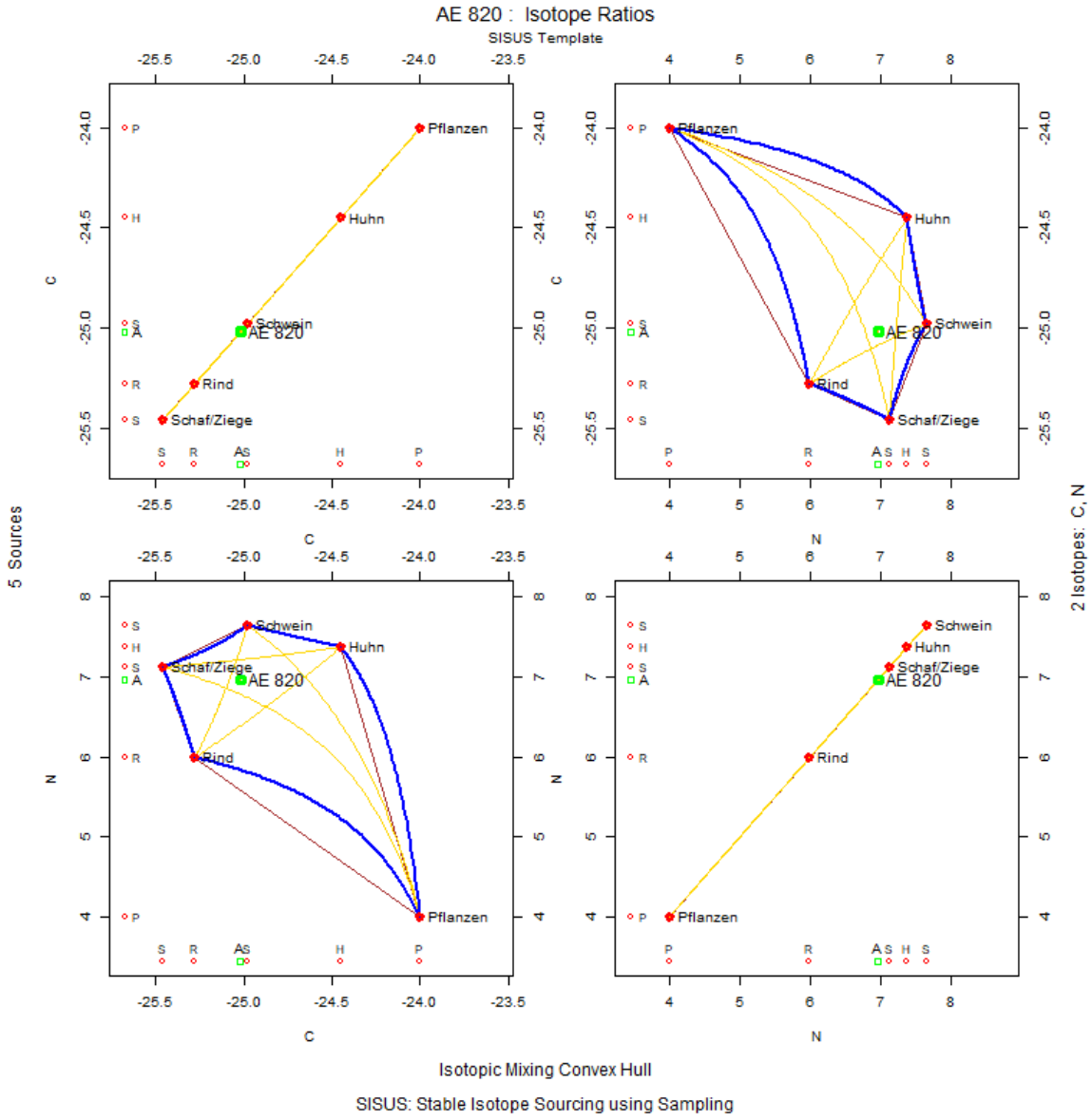


Abbildung 1215: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 820 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

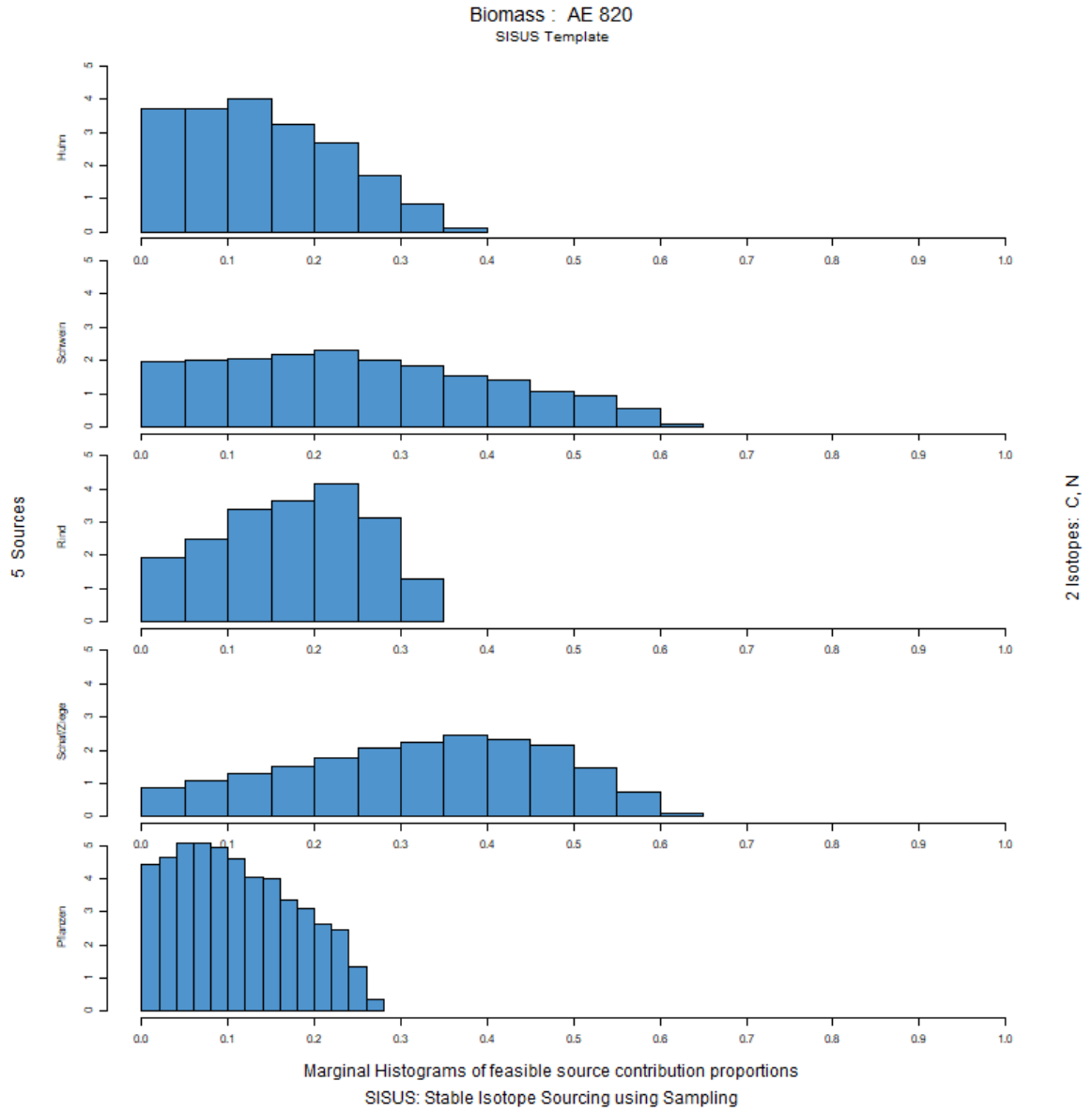


Abbildung 1216: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 820. Erstellt mit SISUS.

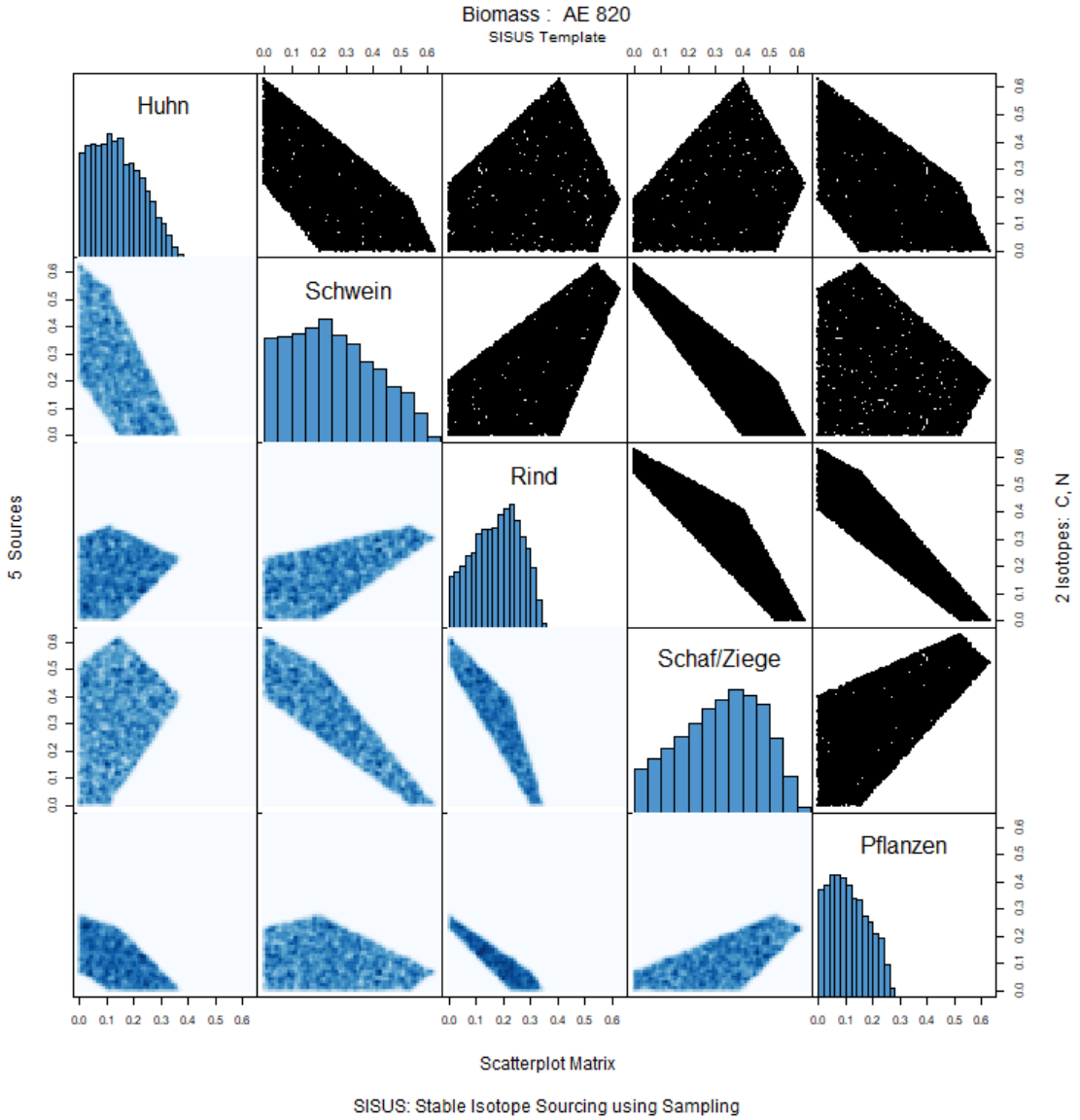


Abbildung 1217: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 820. Erstellt mit SISUS.

AE830

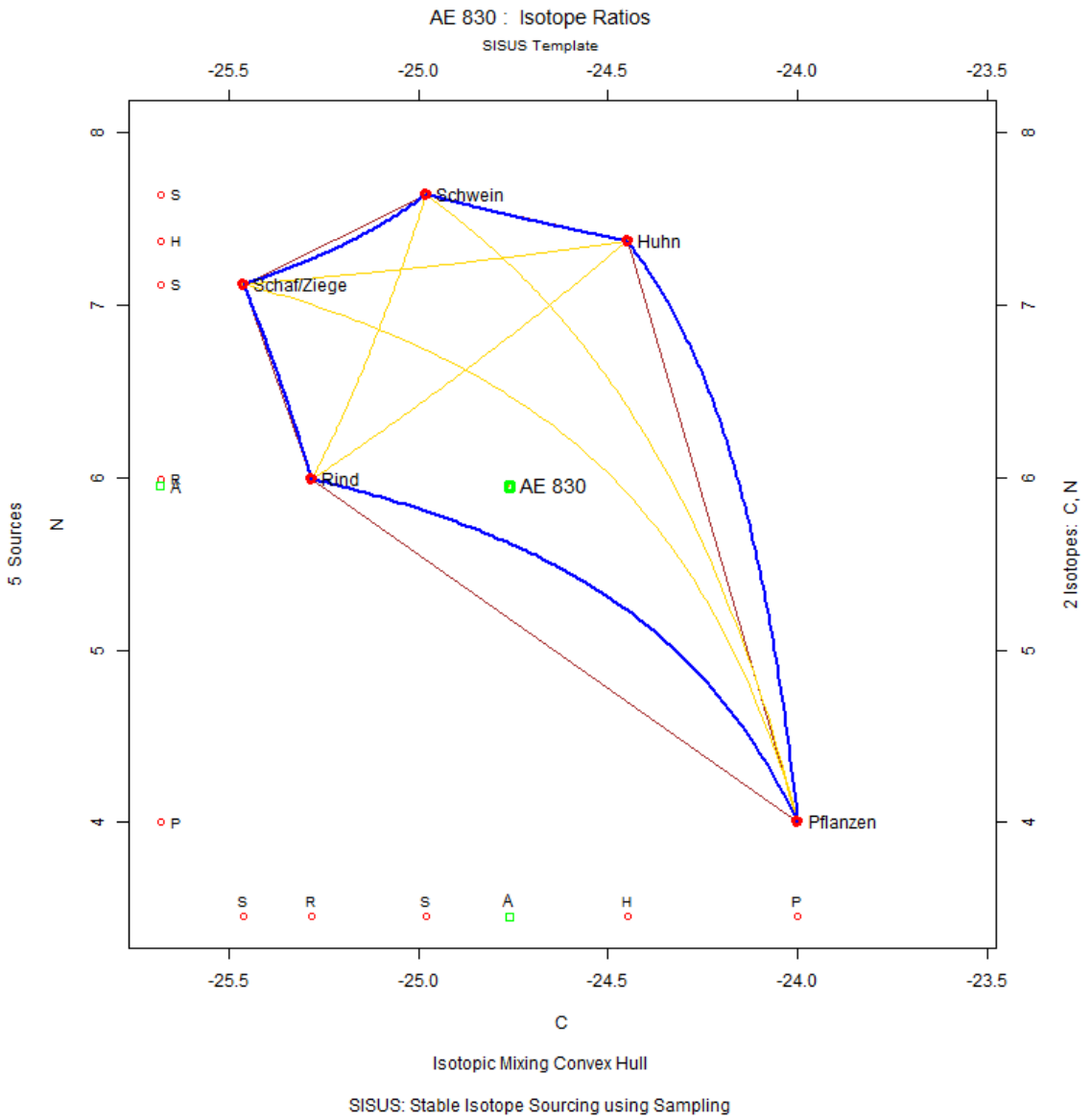


Abbildung 1218: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 830. Erstellt mit SISUS

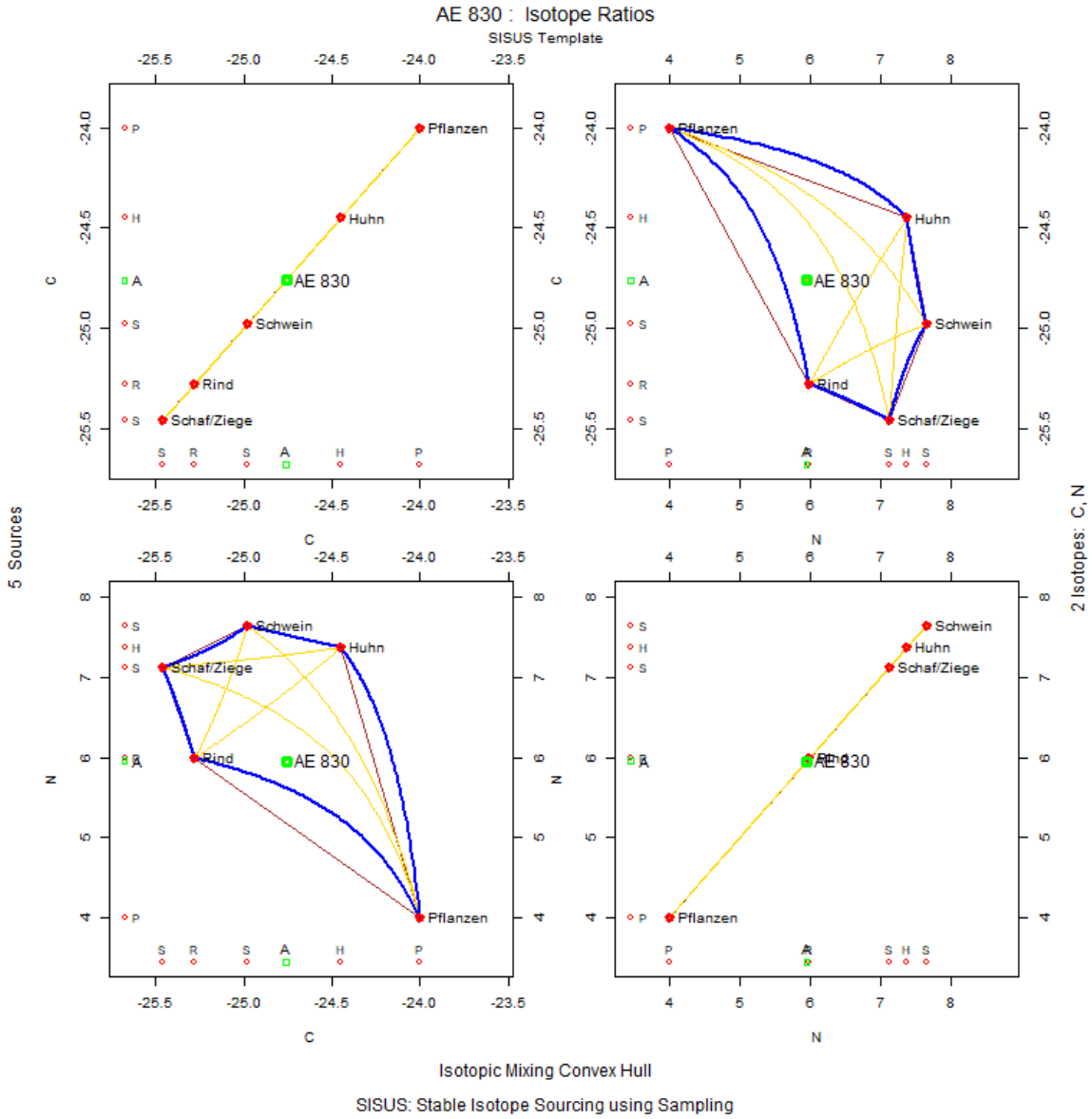


Abbildung 1219: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 830 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

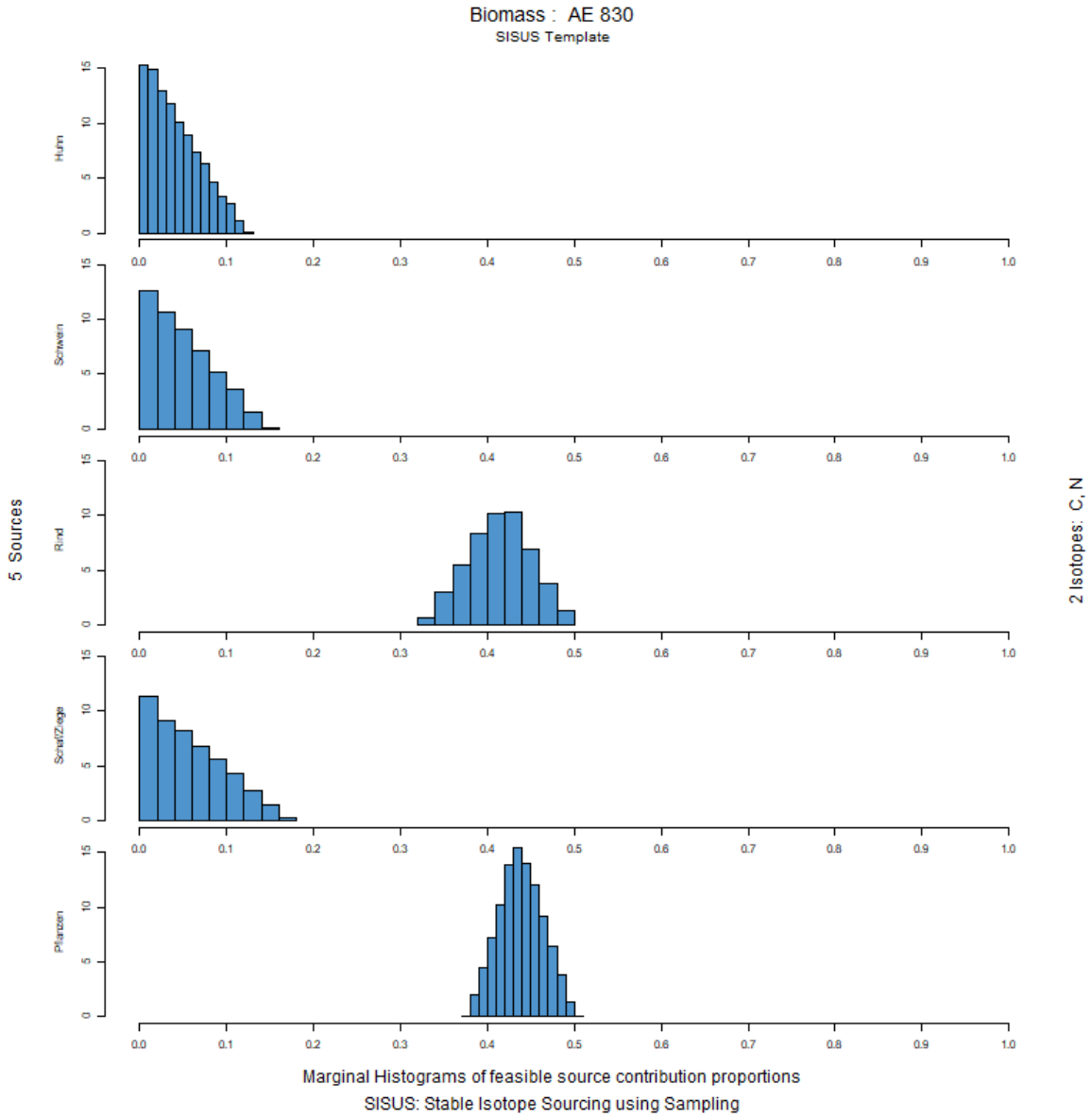


Abbildung 1220: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 830. Erstellt mit SISUS.

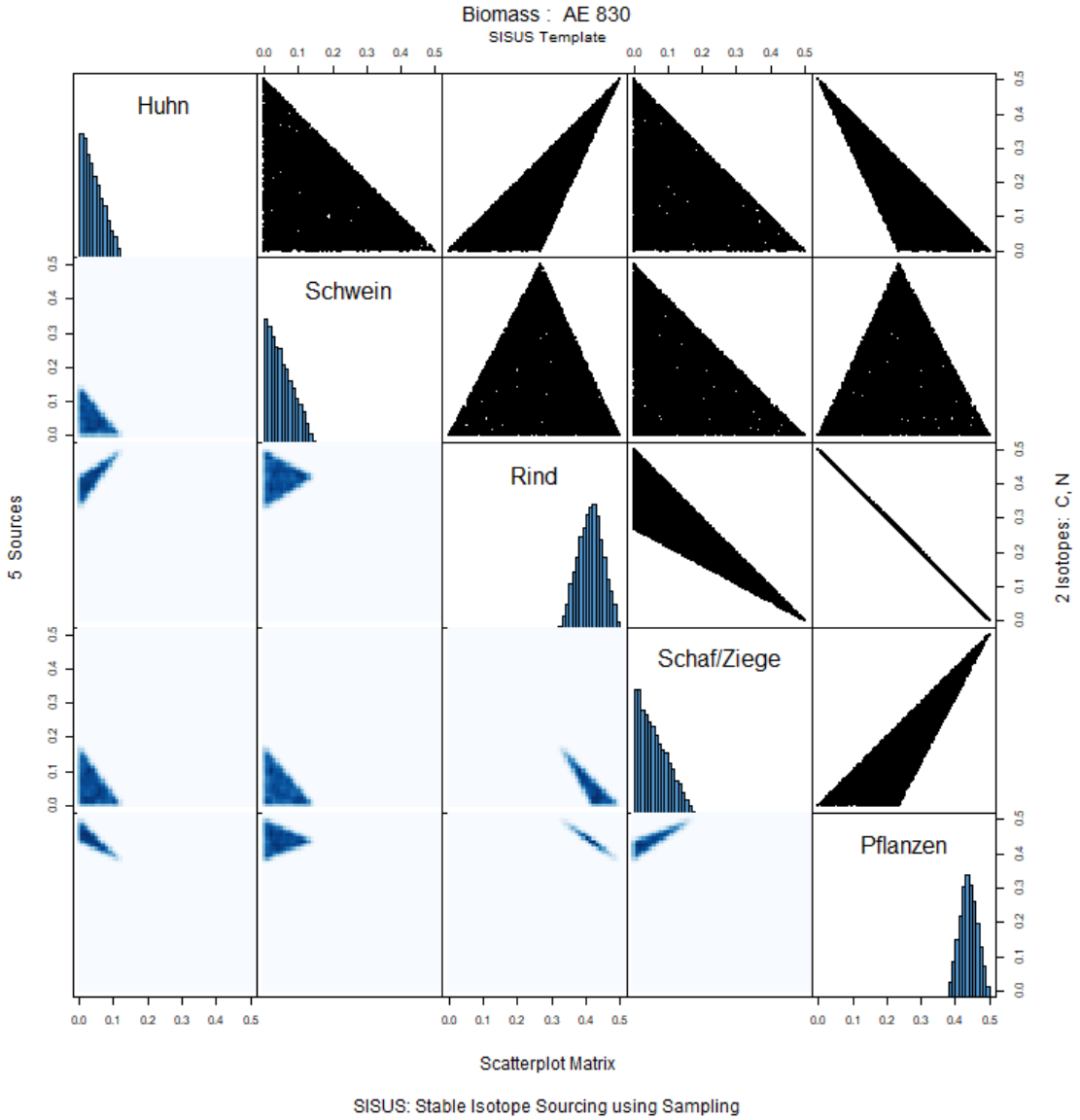


Abbildung 1221: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 830. Erstellt mit SISUS.

AE897

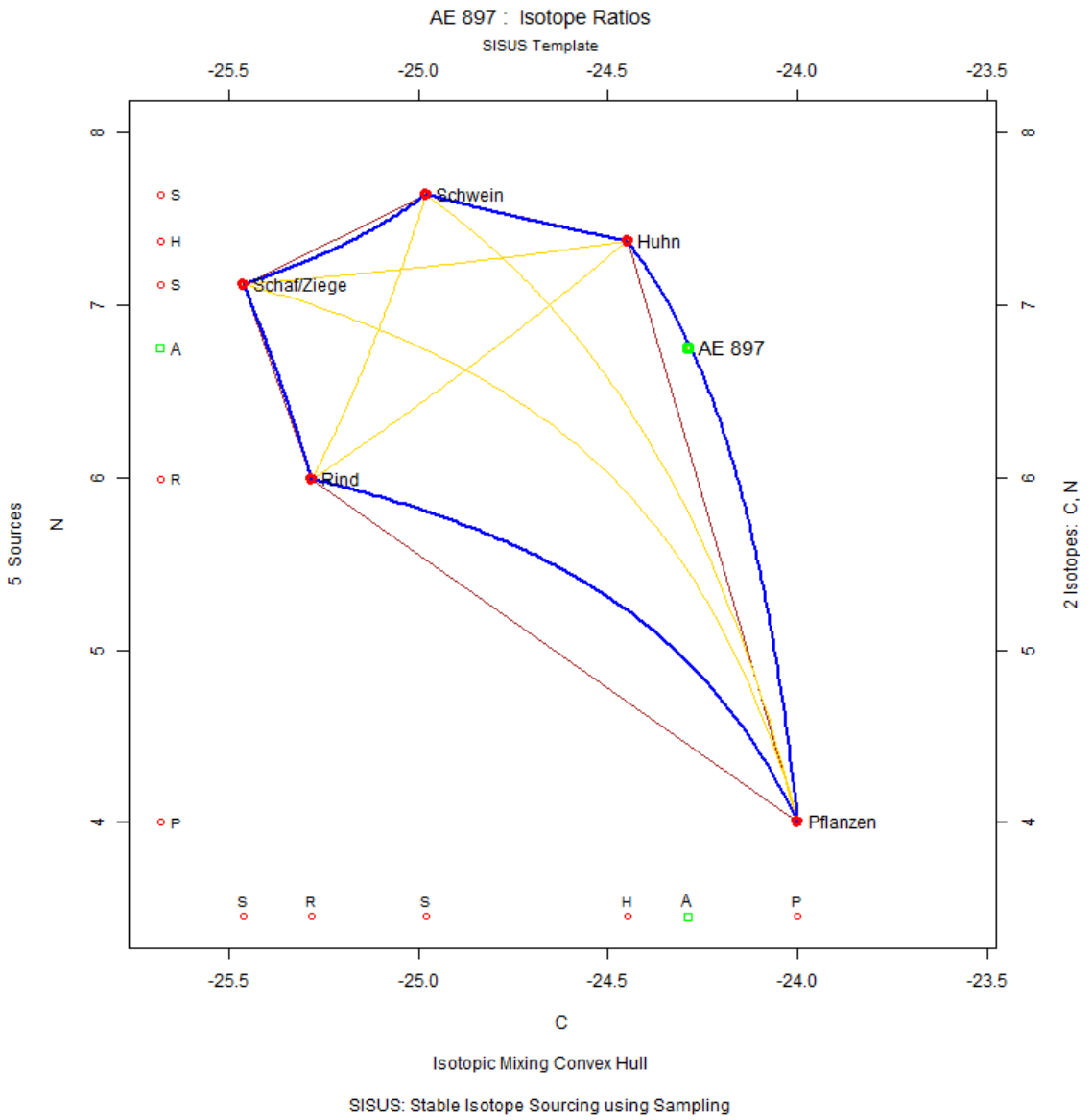


Abbildung 1222: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 897. Erstellt mit SISUS

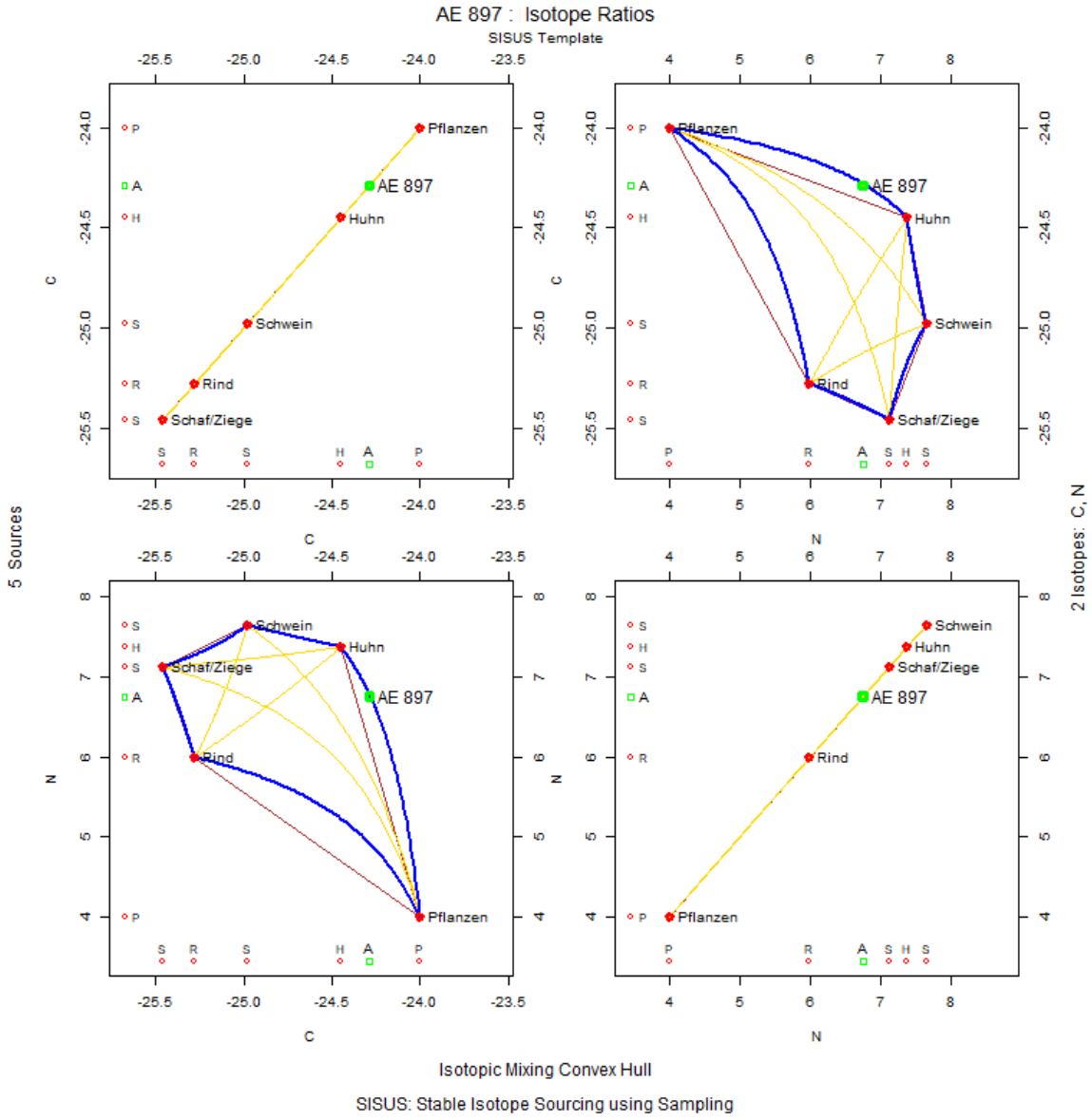


Abbildung 1223: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 897 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

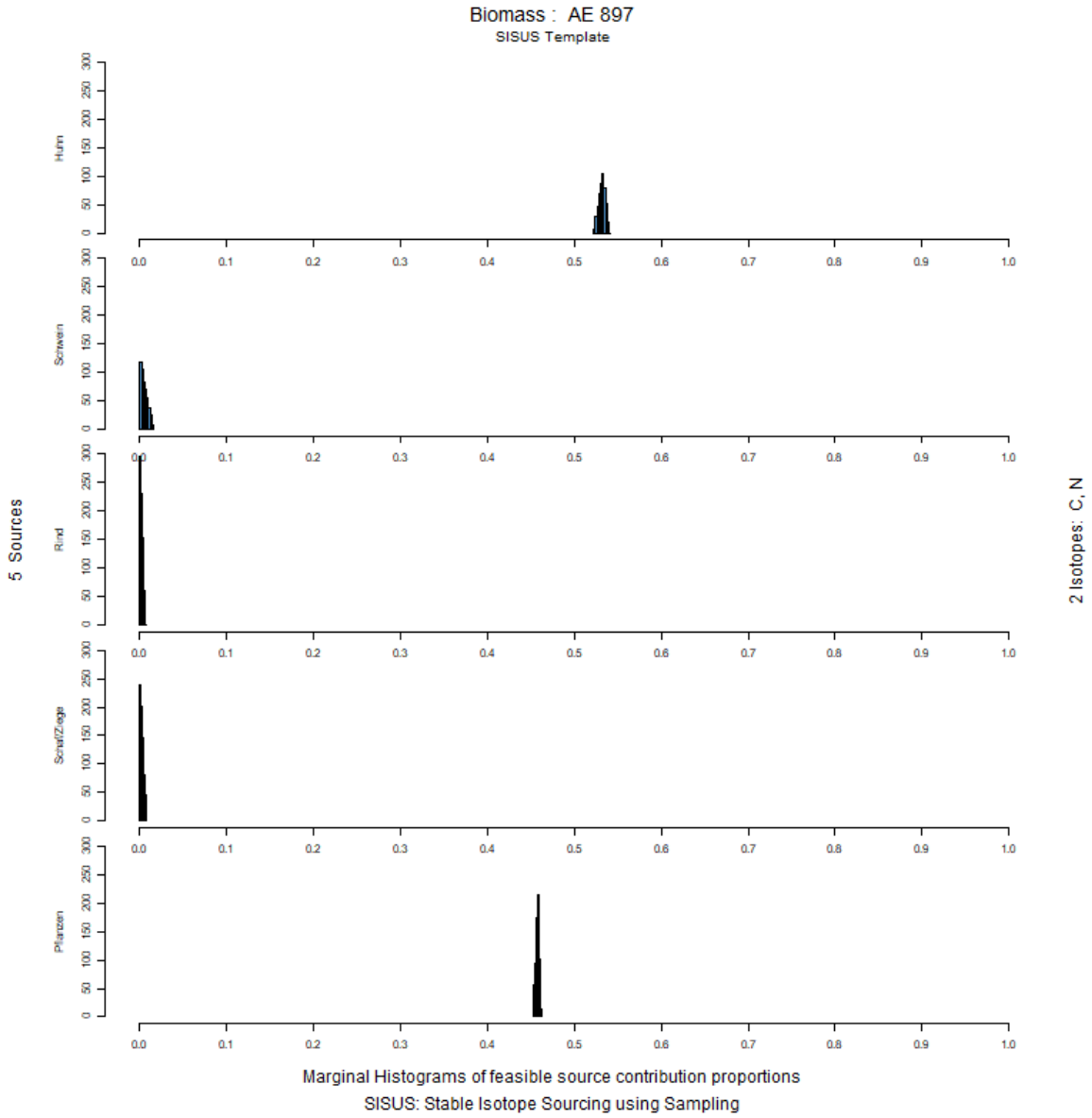


Abbildung 1224: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 897. Erstellt mit SISUS.

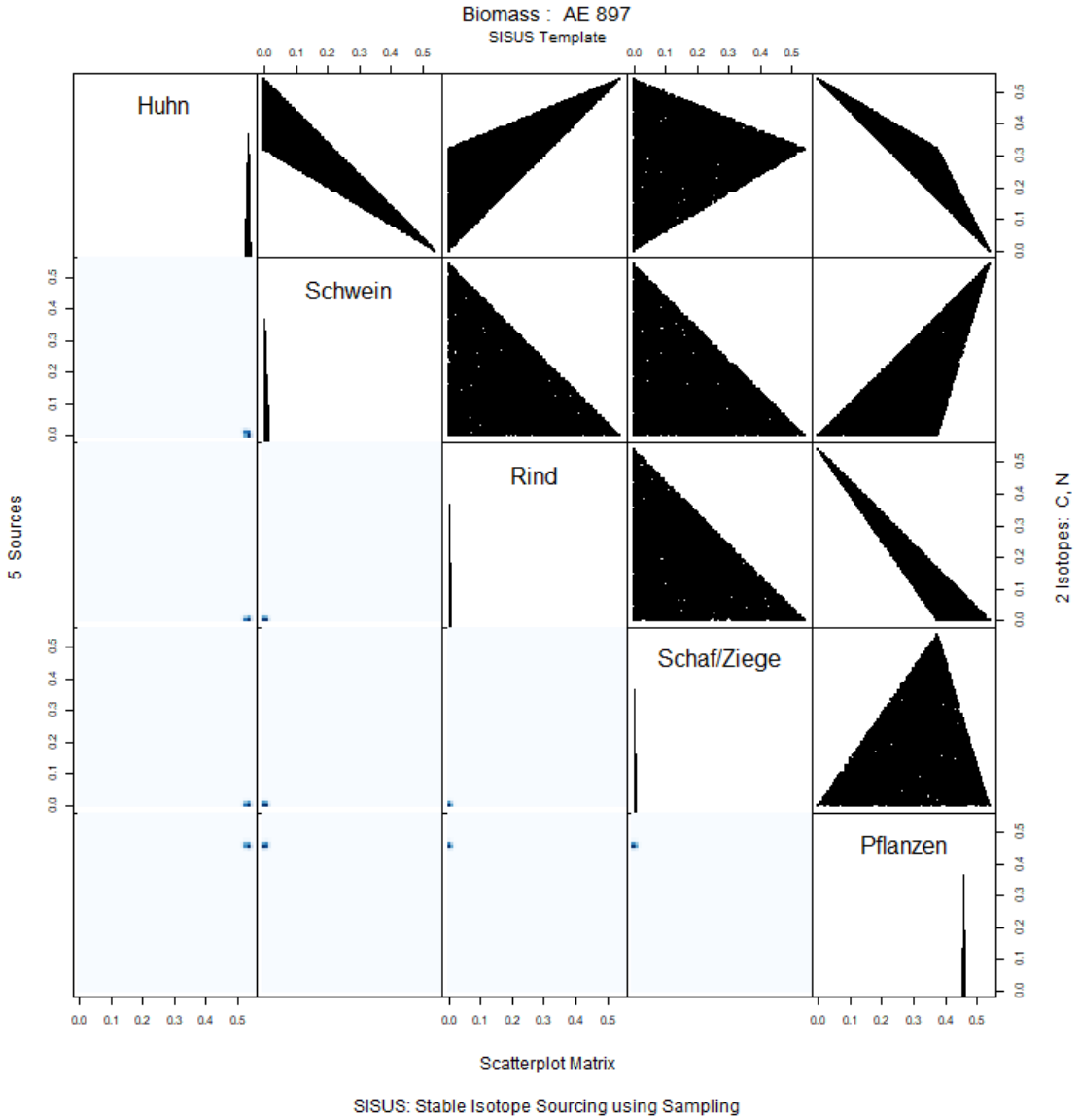


Abbildung 1225: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 897. Erstellt mit SISUS.

AE902

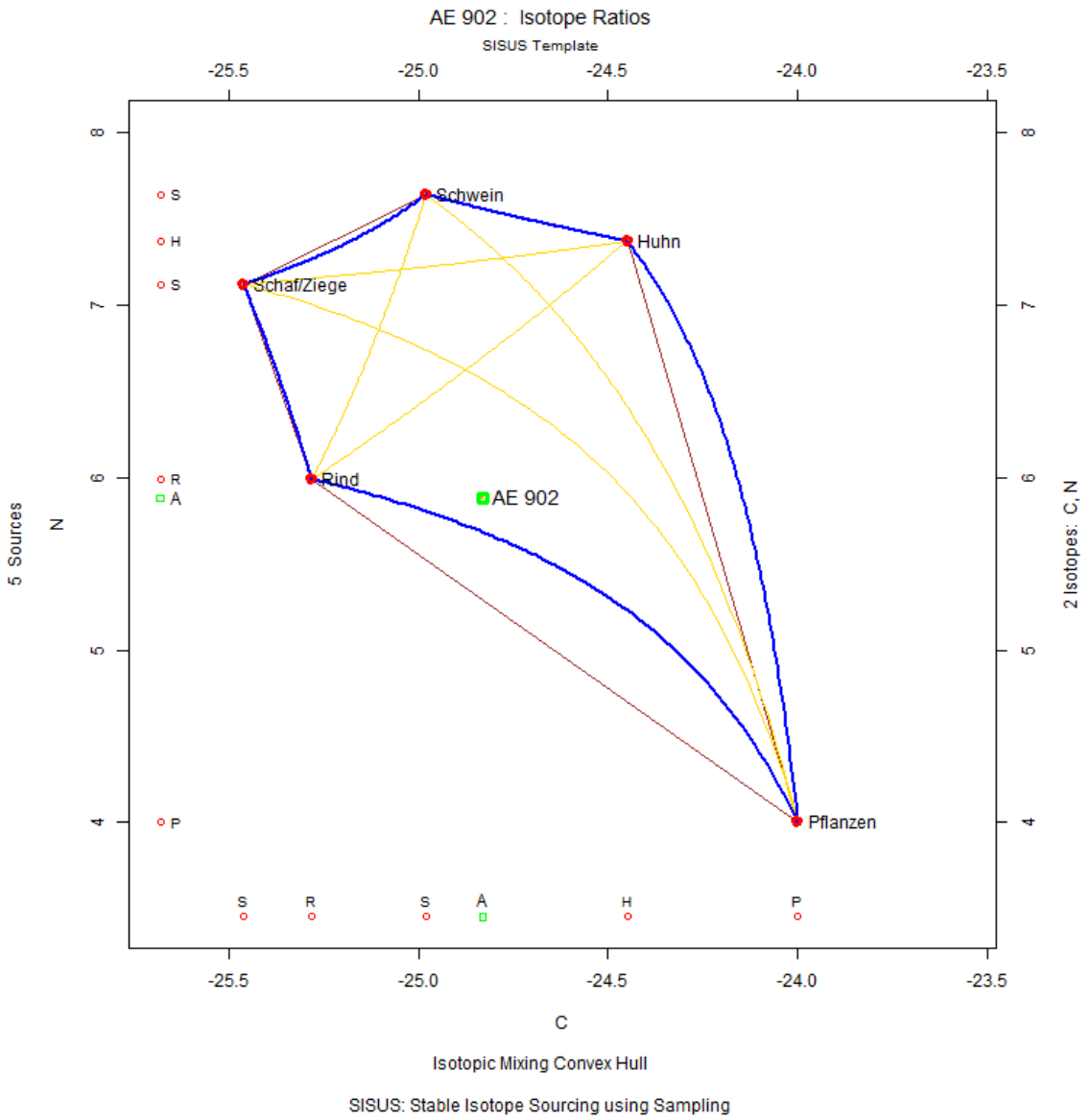


Abbildung 1226: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 902. Erstellt mit SISUS

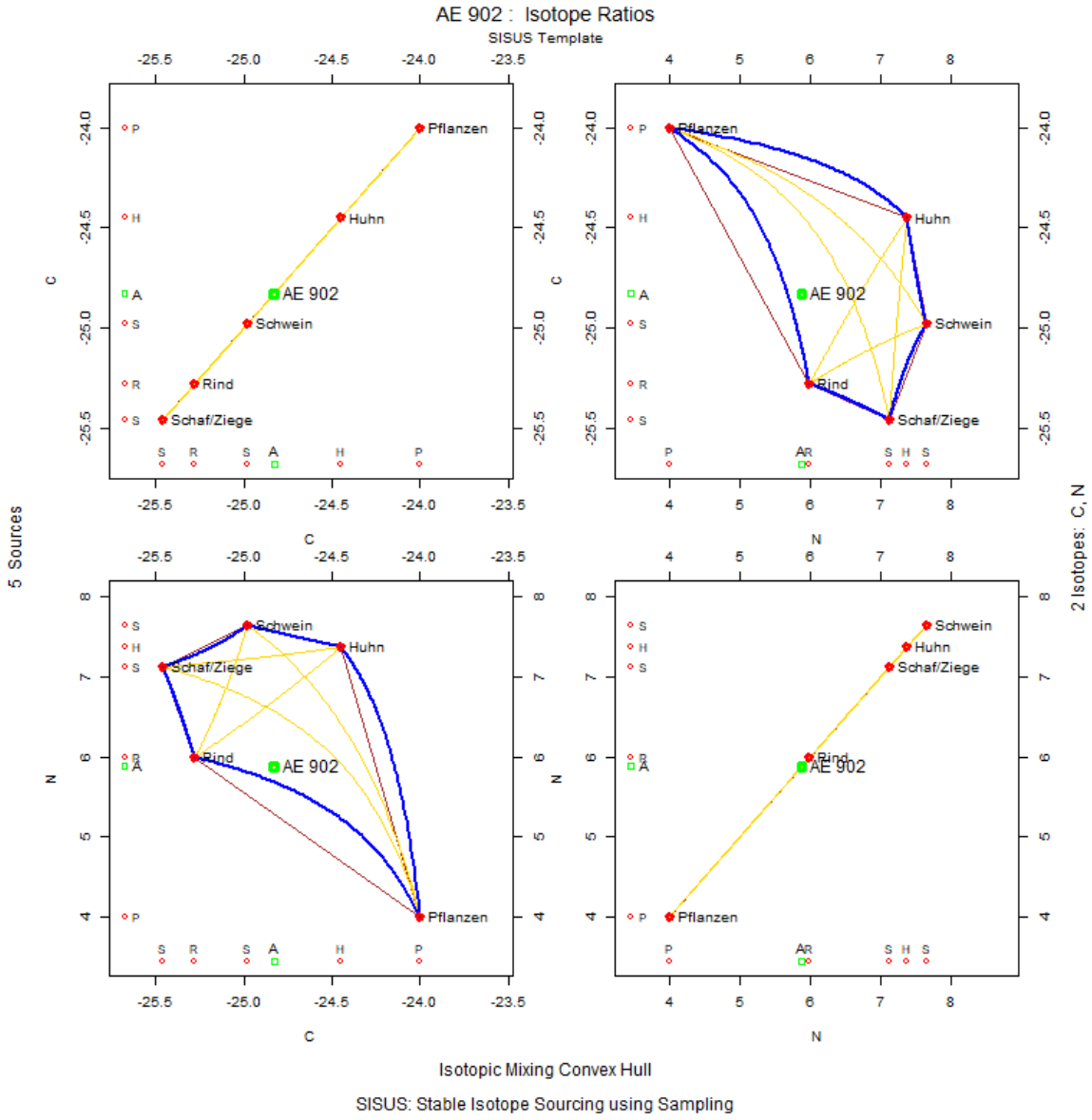


Abbildung 1227: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 902 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

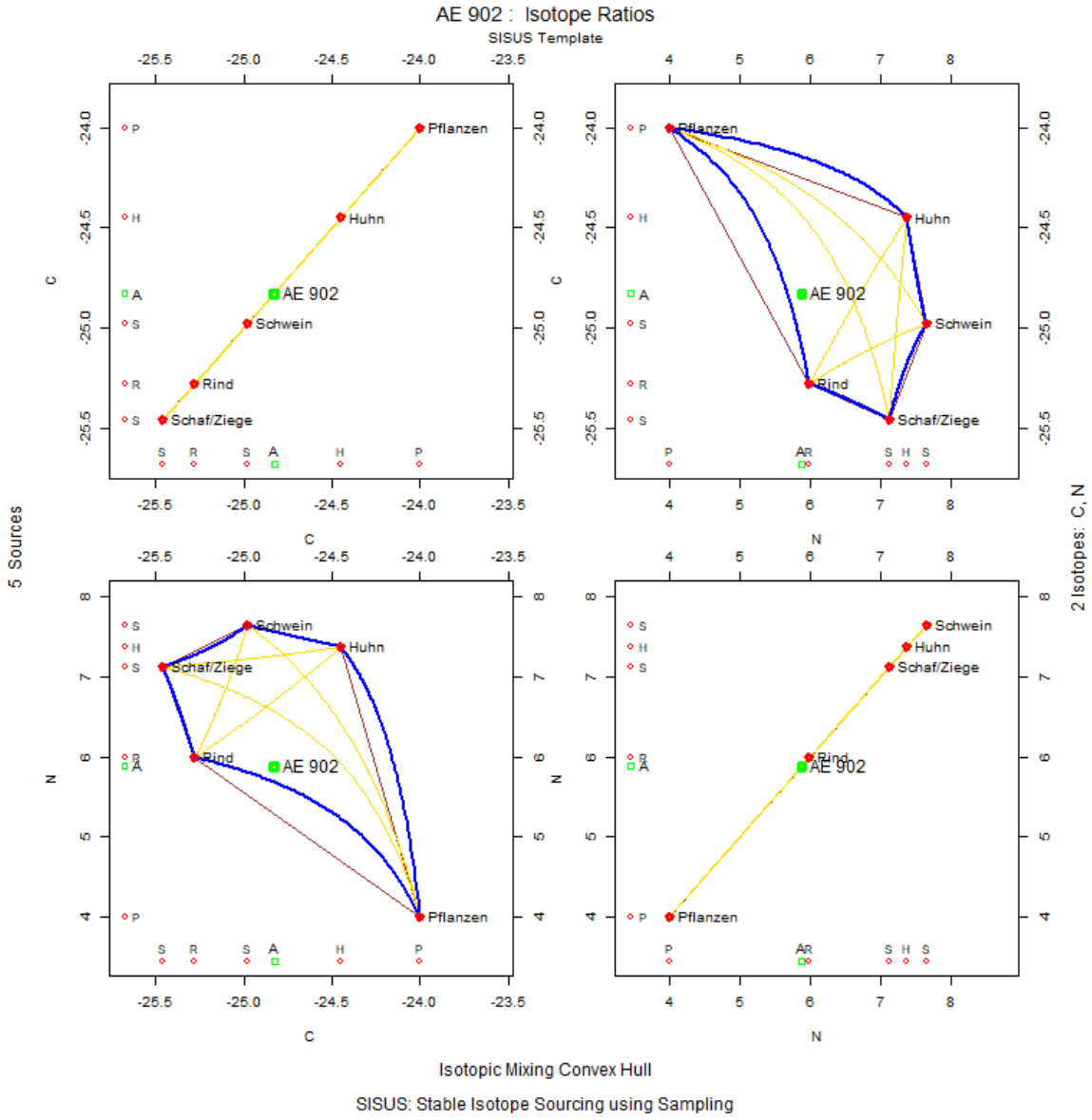


Abbildung 1228: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 902. Erstellt mit SISUS.

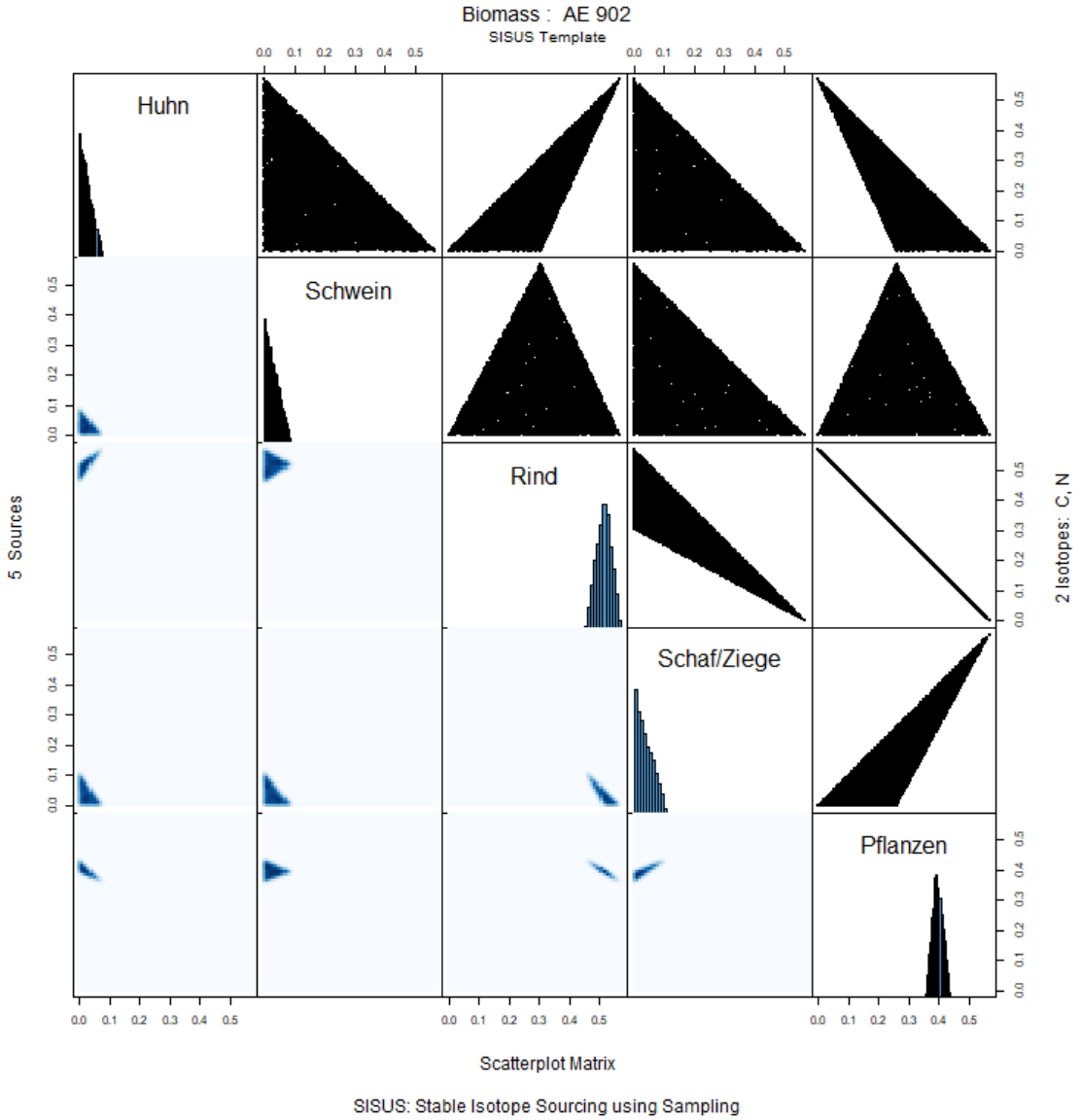


Abbildung 1229: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 902. Erstellt mit SISUS.

AE903

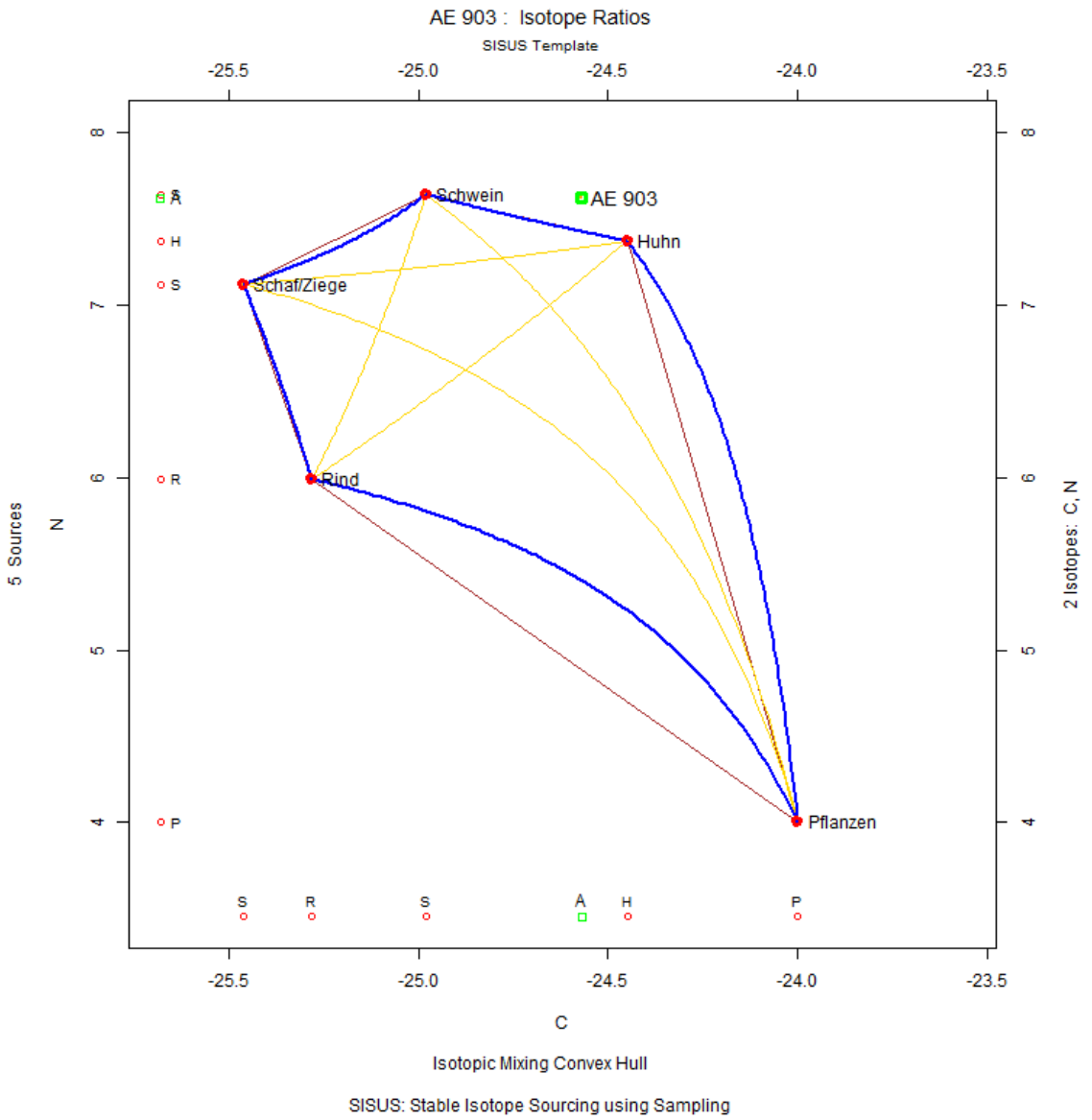


Abbildung 1230: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 903. Erstellt mit SISUS

AE909

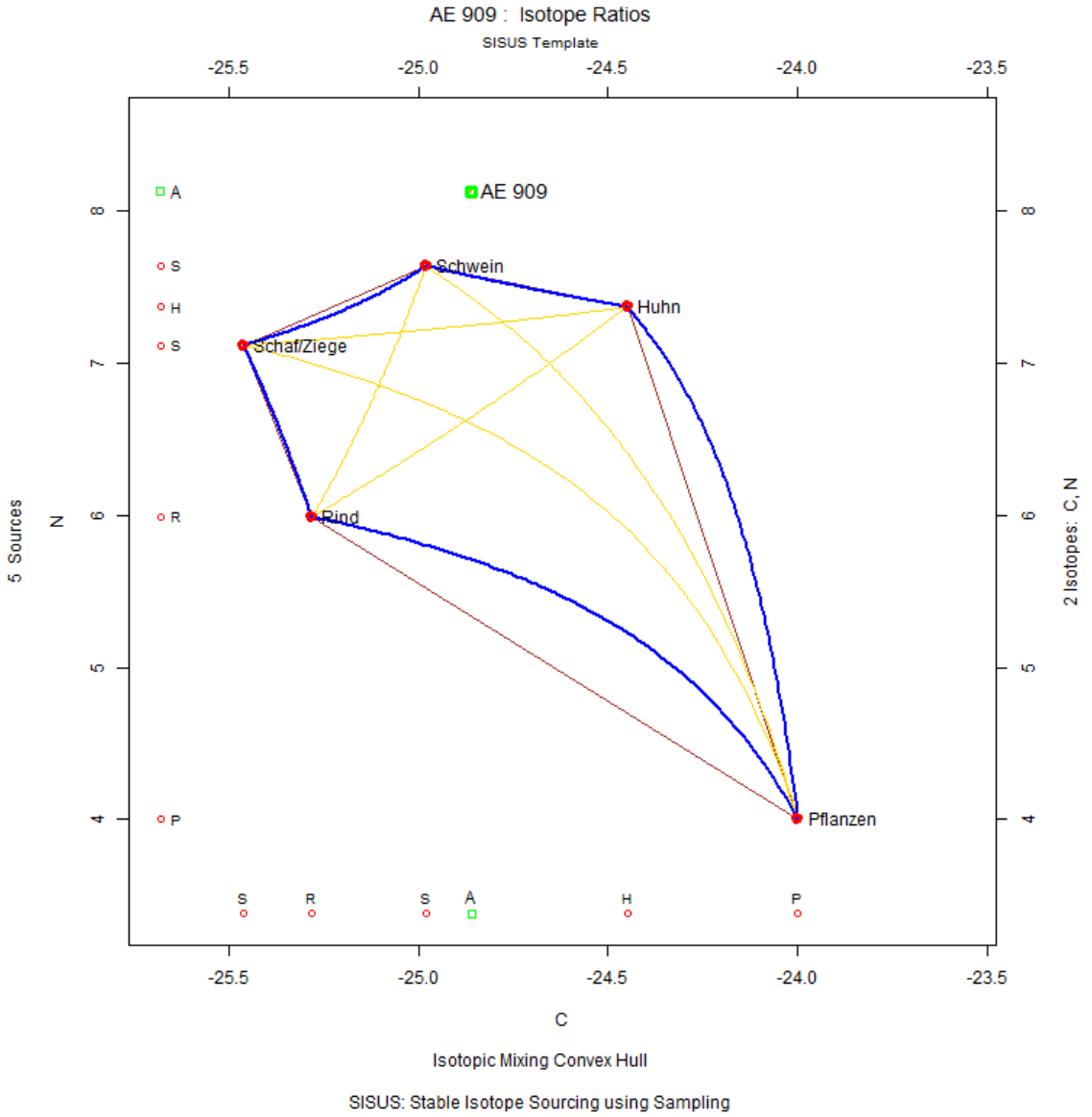


Abbildung 1231: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 909. Erstellt mit SISUS

AE948

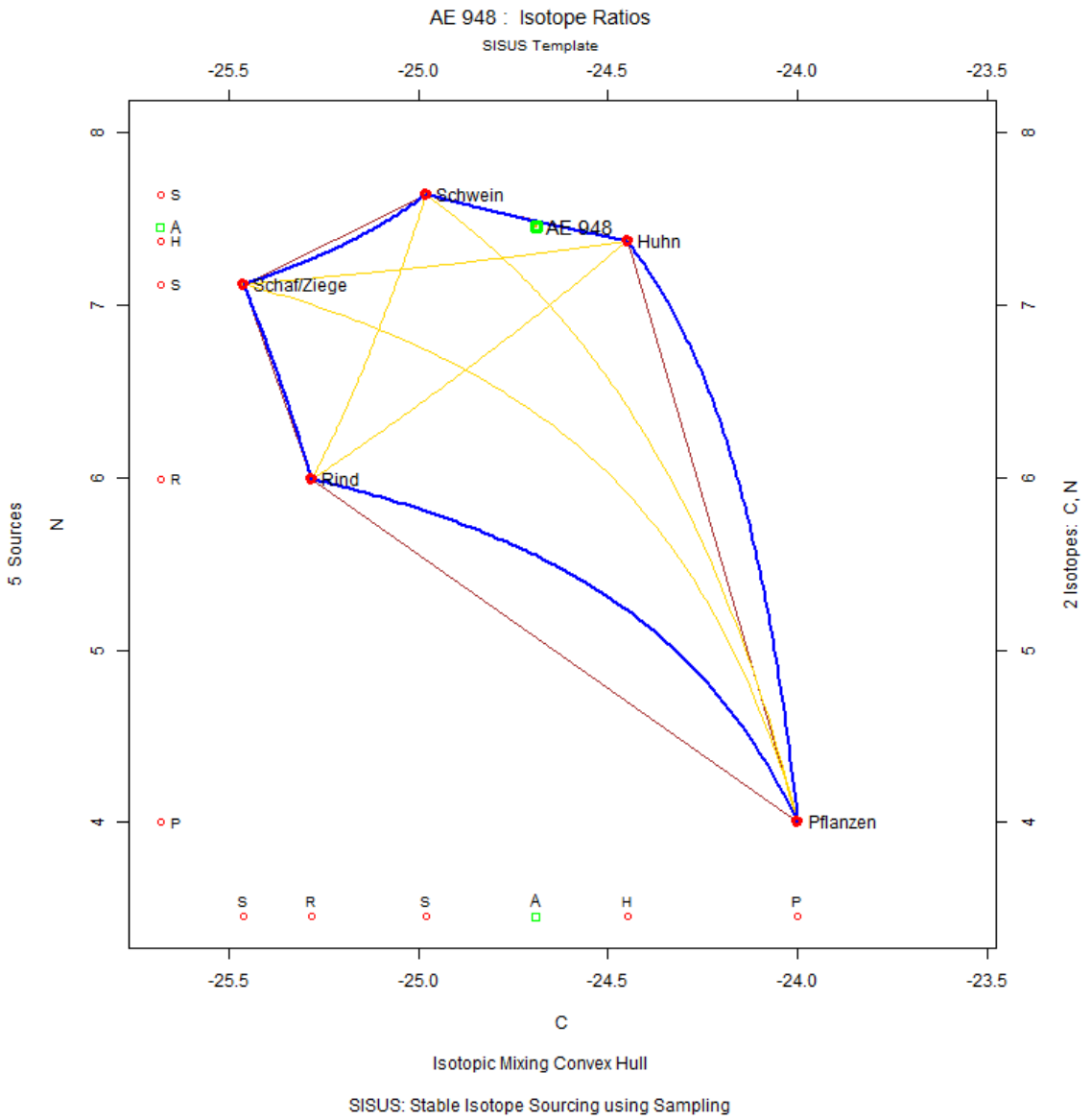


Abbildung 1232: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 948. Erstellt mit SISUS

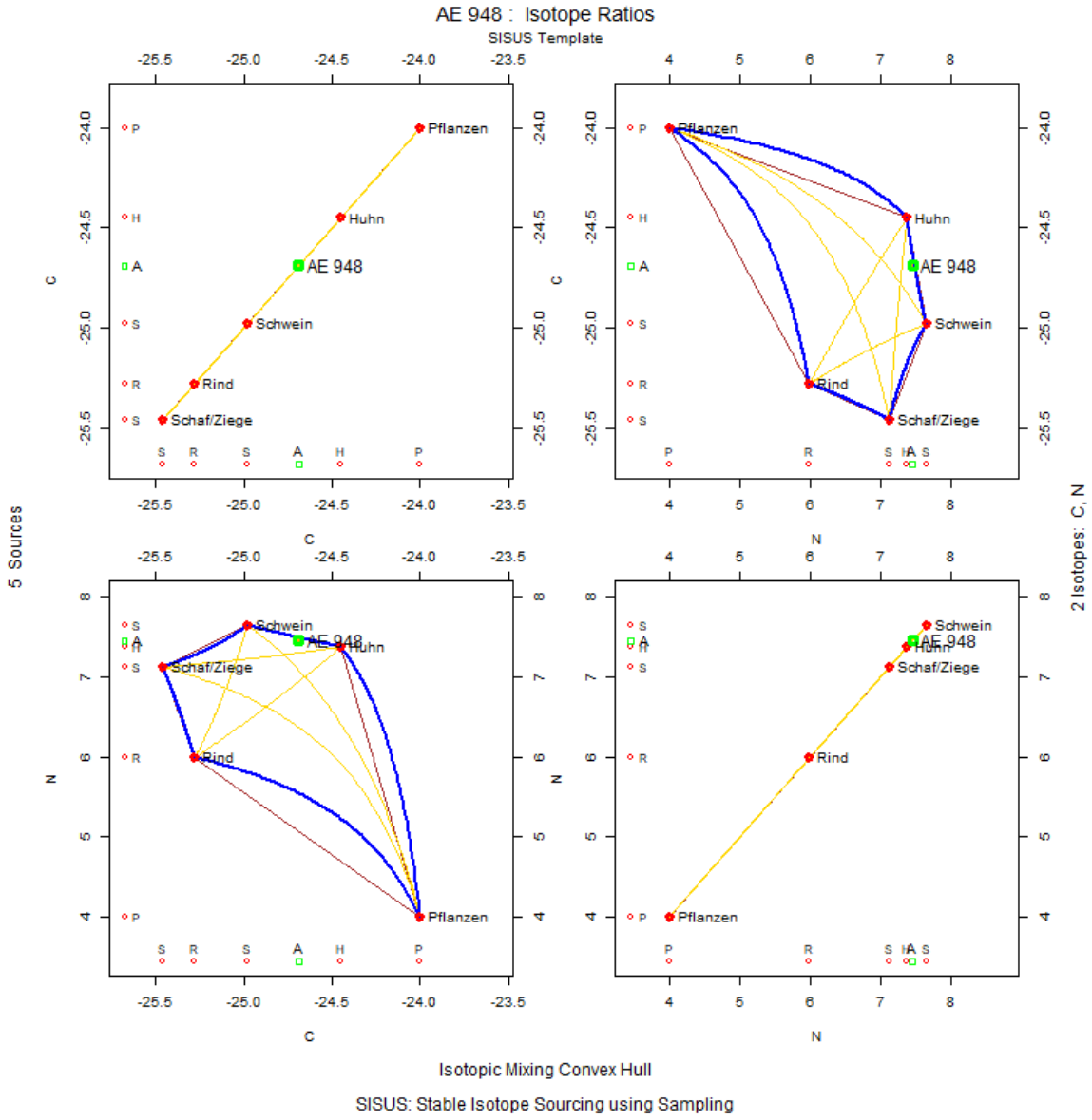


Abbildung 1233: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 948 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

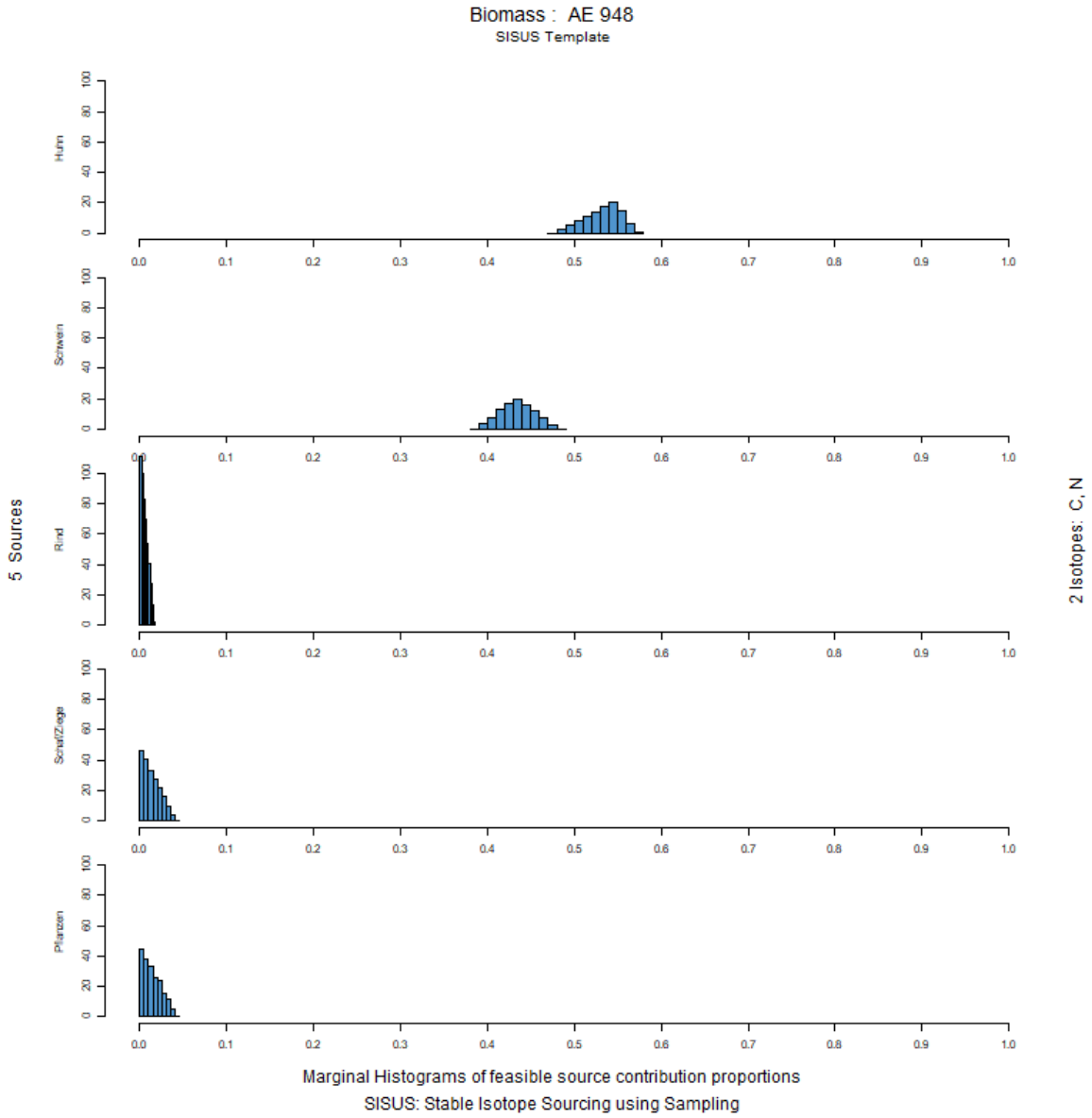


Abbildung 1234: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 948. Erstellt mit SISUS.

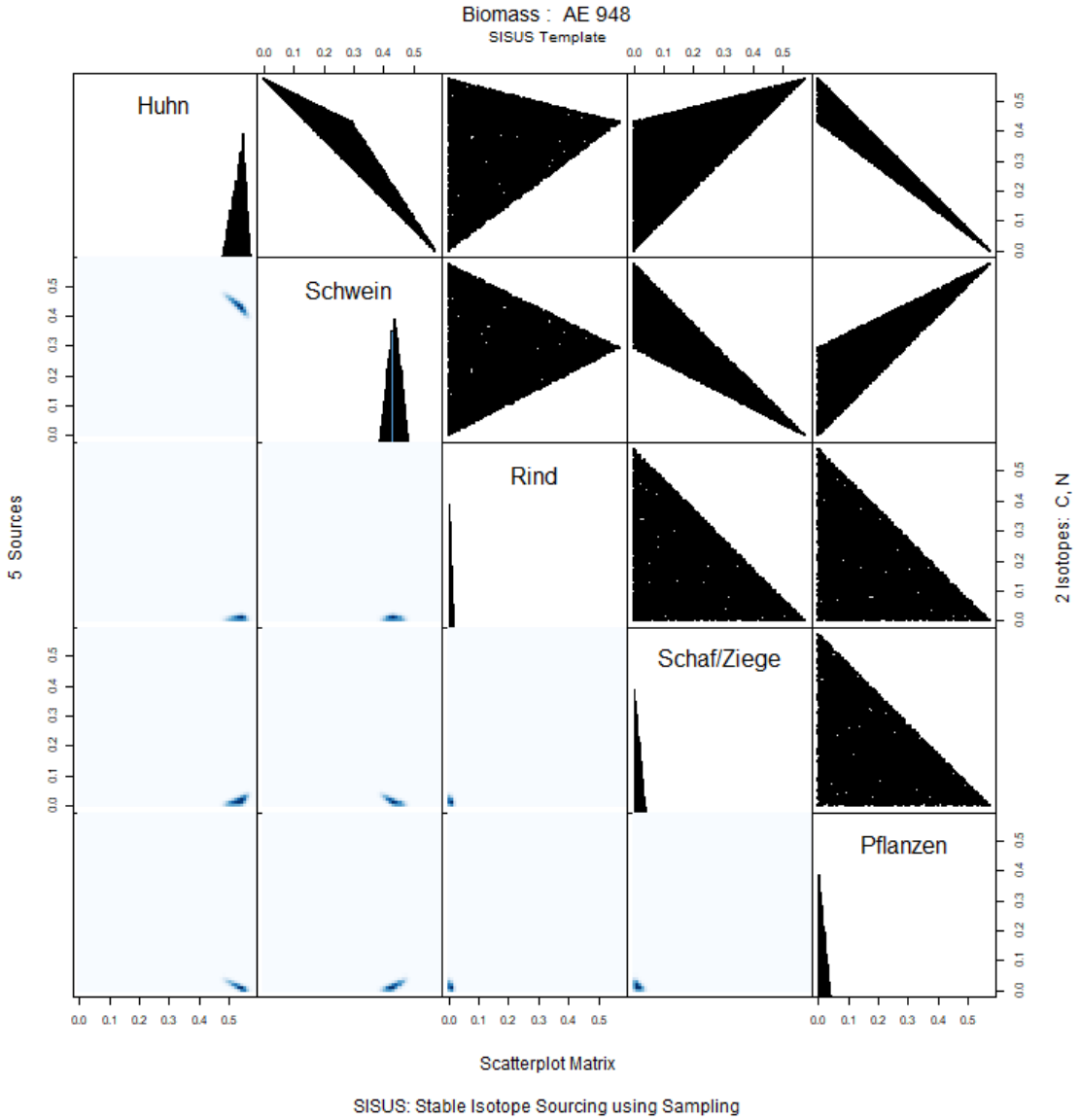


Abbildung 1235: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 948. Erstellt mit SISUS.

AE997

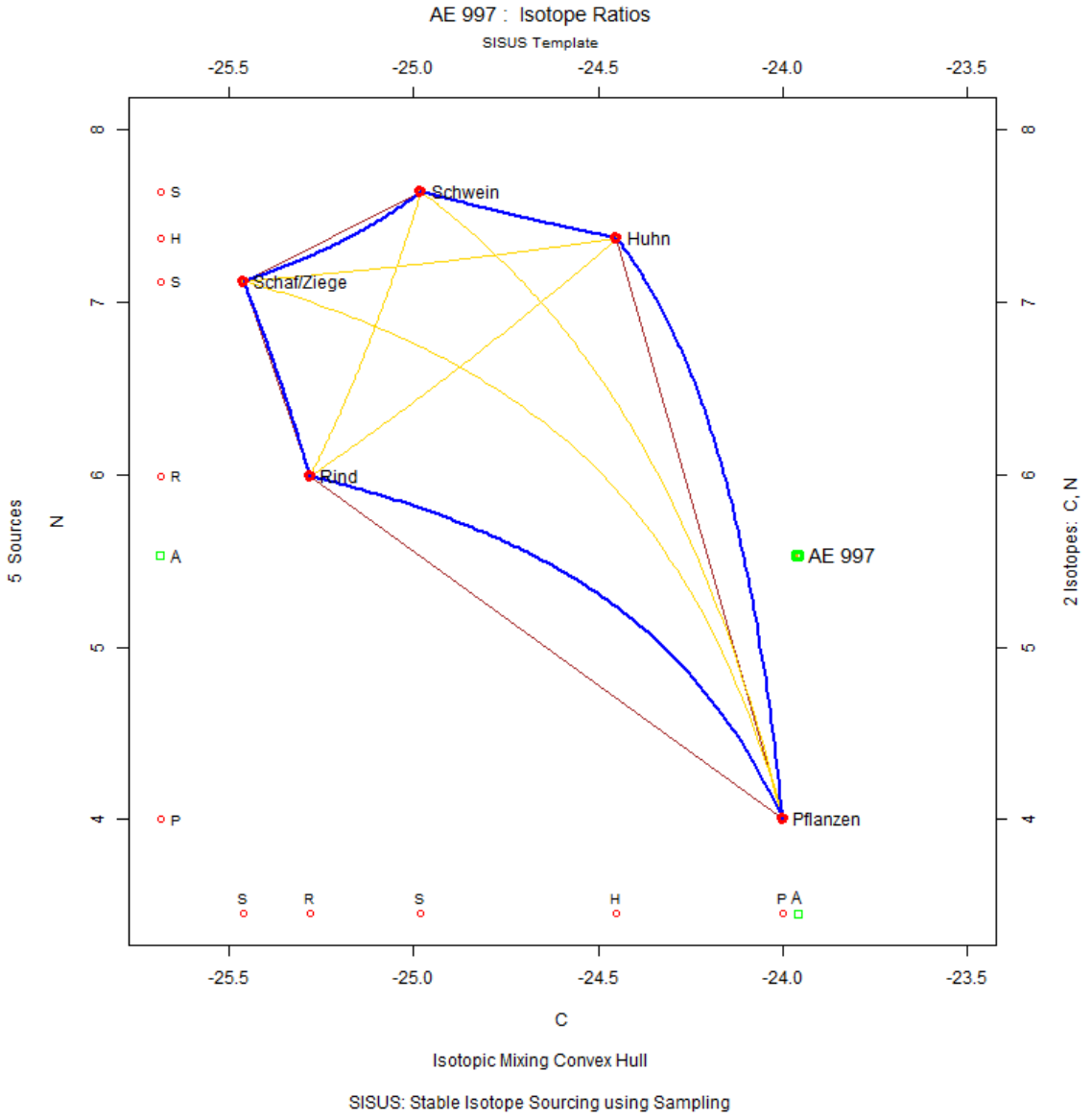


Abbildung 1236: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 997. Erstellt mit SISUS

AE1037

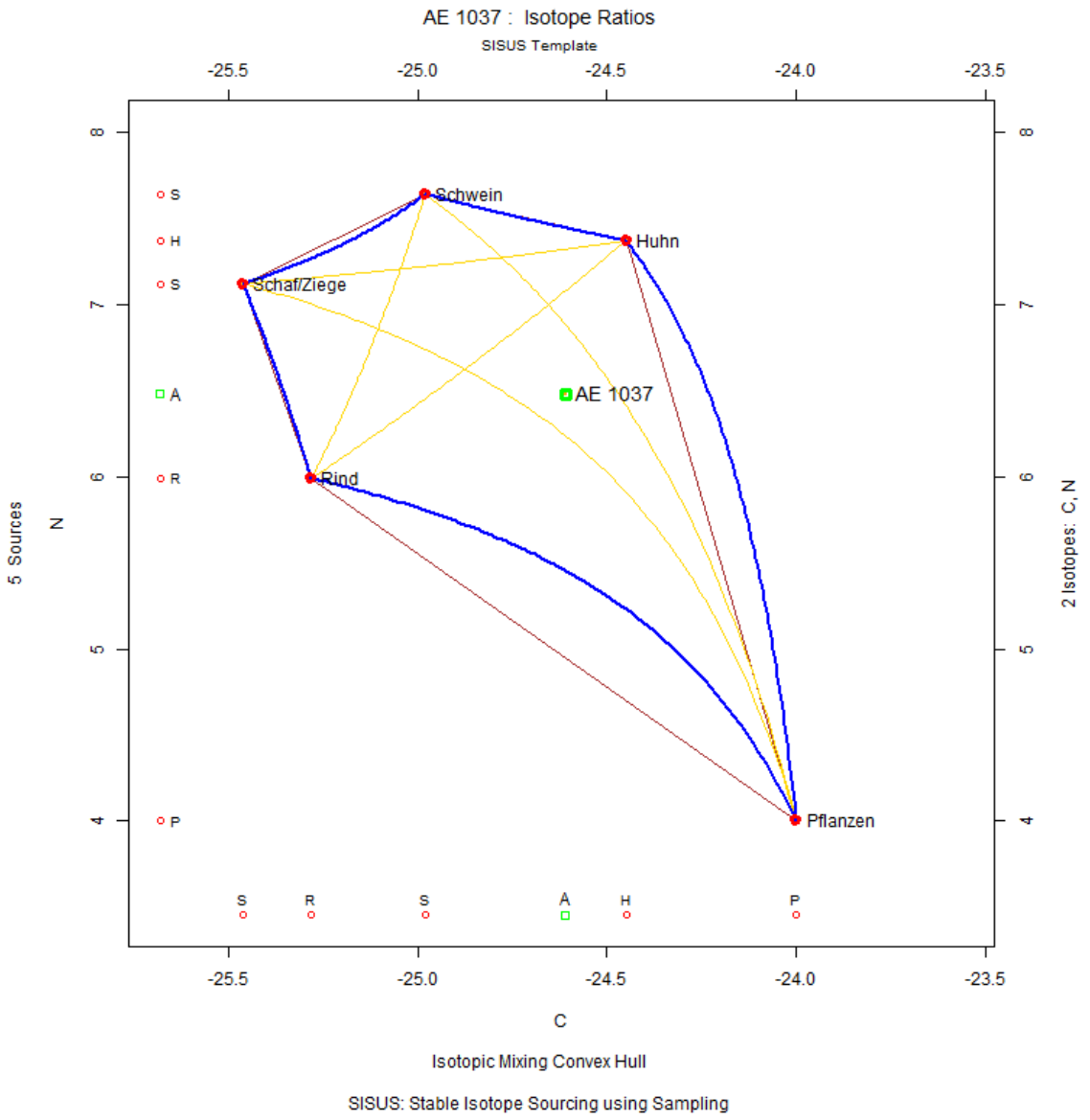


Abbildung 1237: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1037. Erstellt mit SISUS

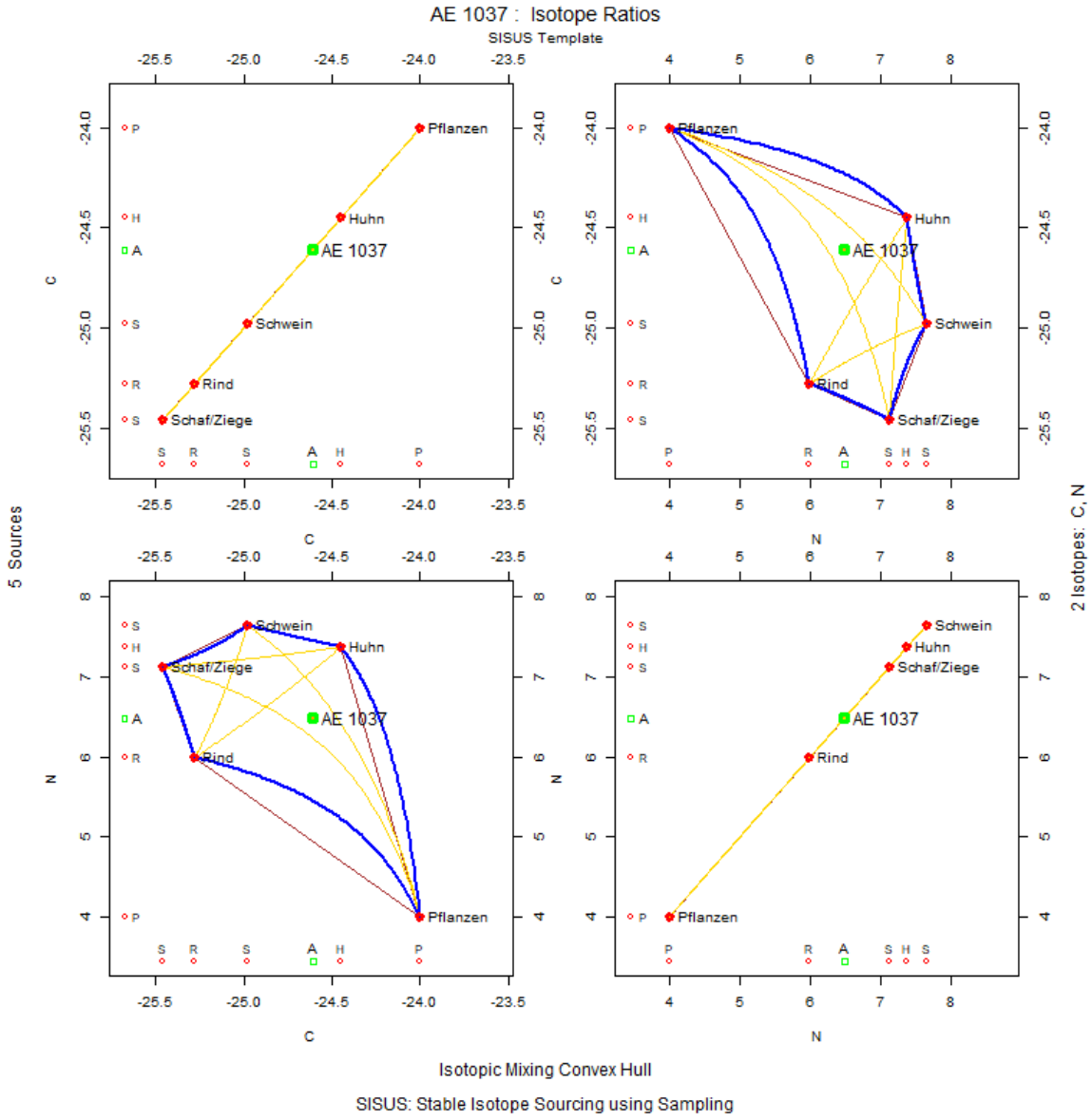


Abbildung 1238: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1037 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

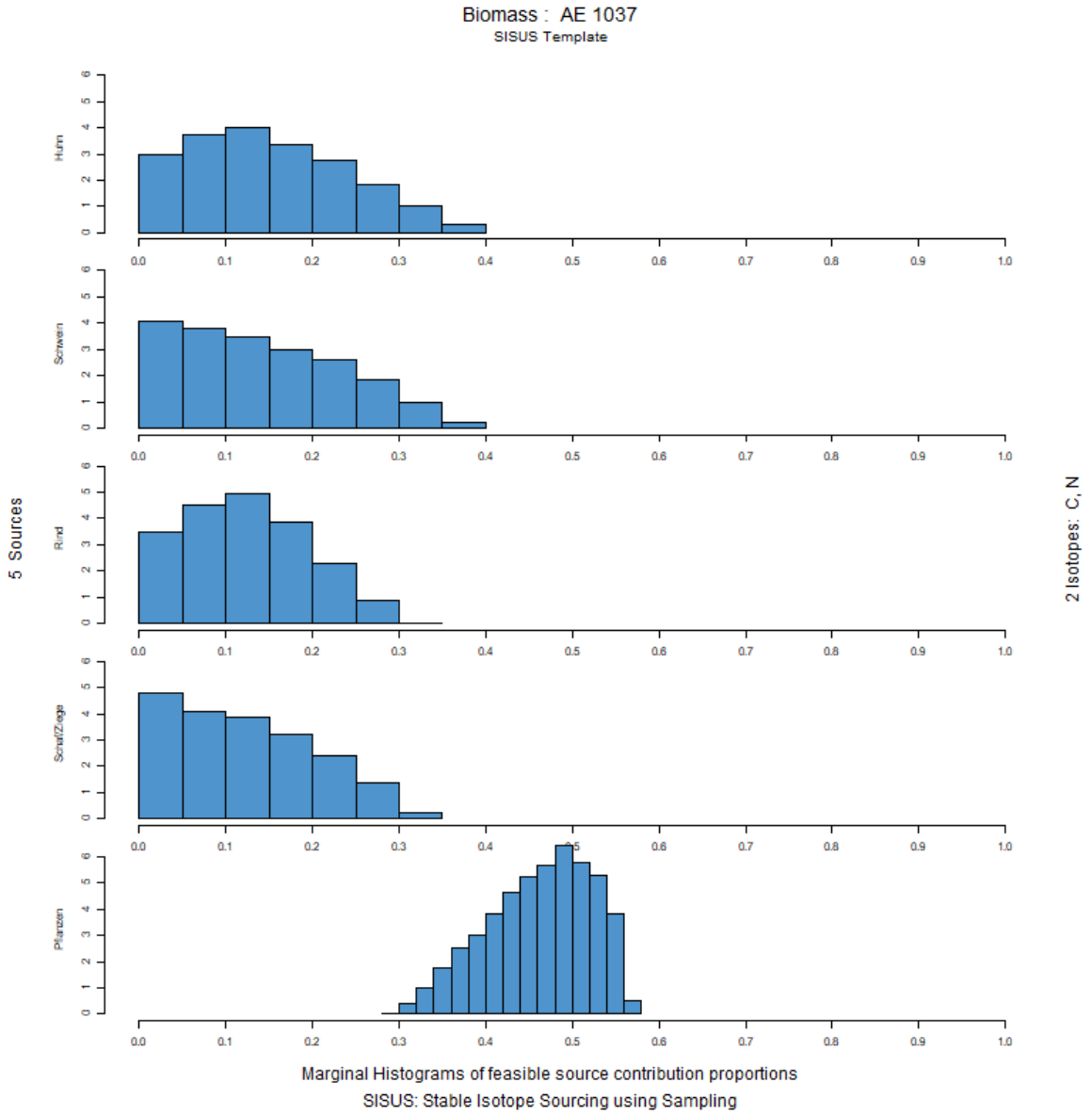


Abbildung 1239: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1037. Erstellt mit SISUS.

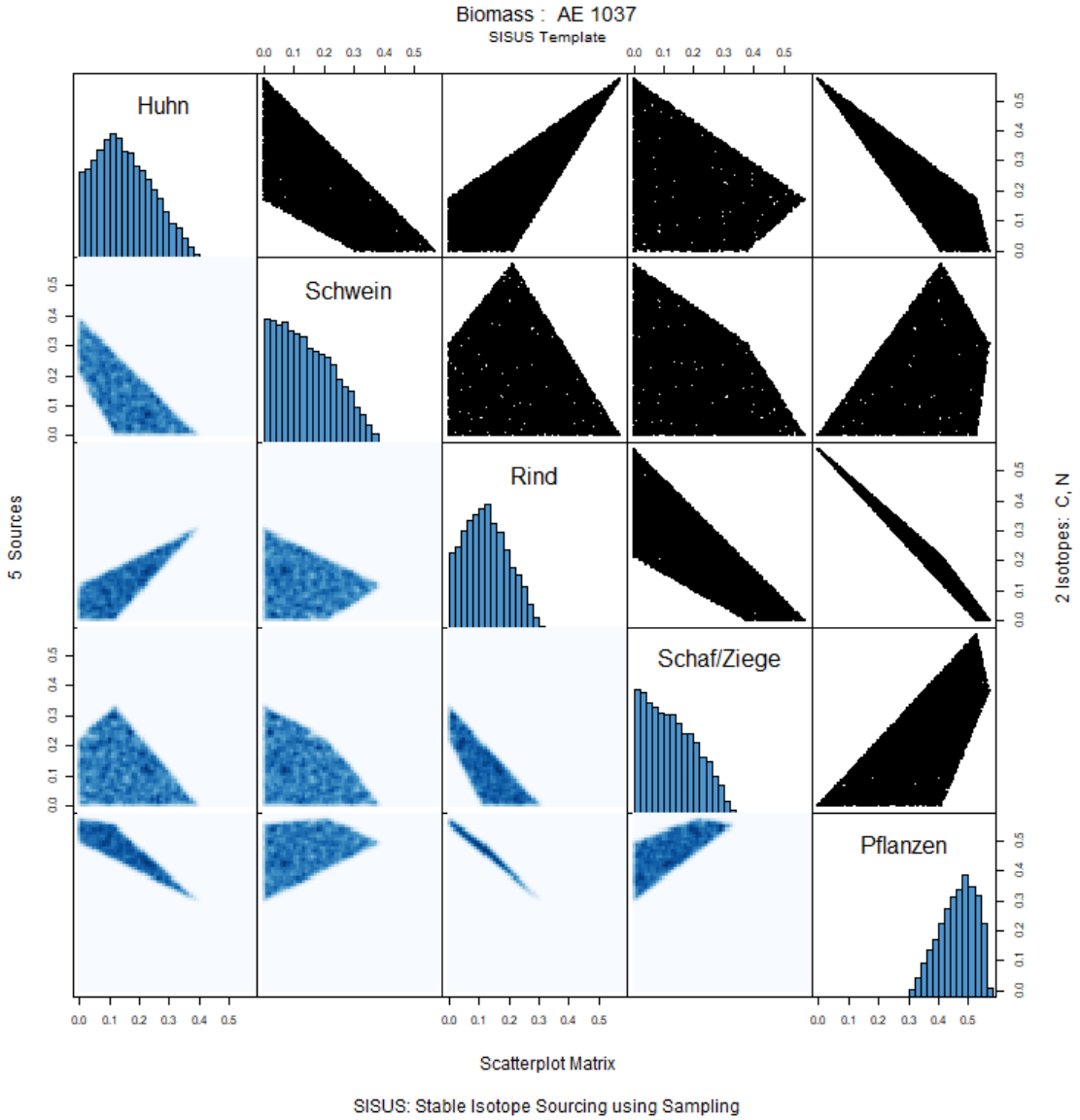


Abbildung 1240: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1037. Erstellt mit SISUS.

AE1083

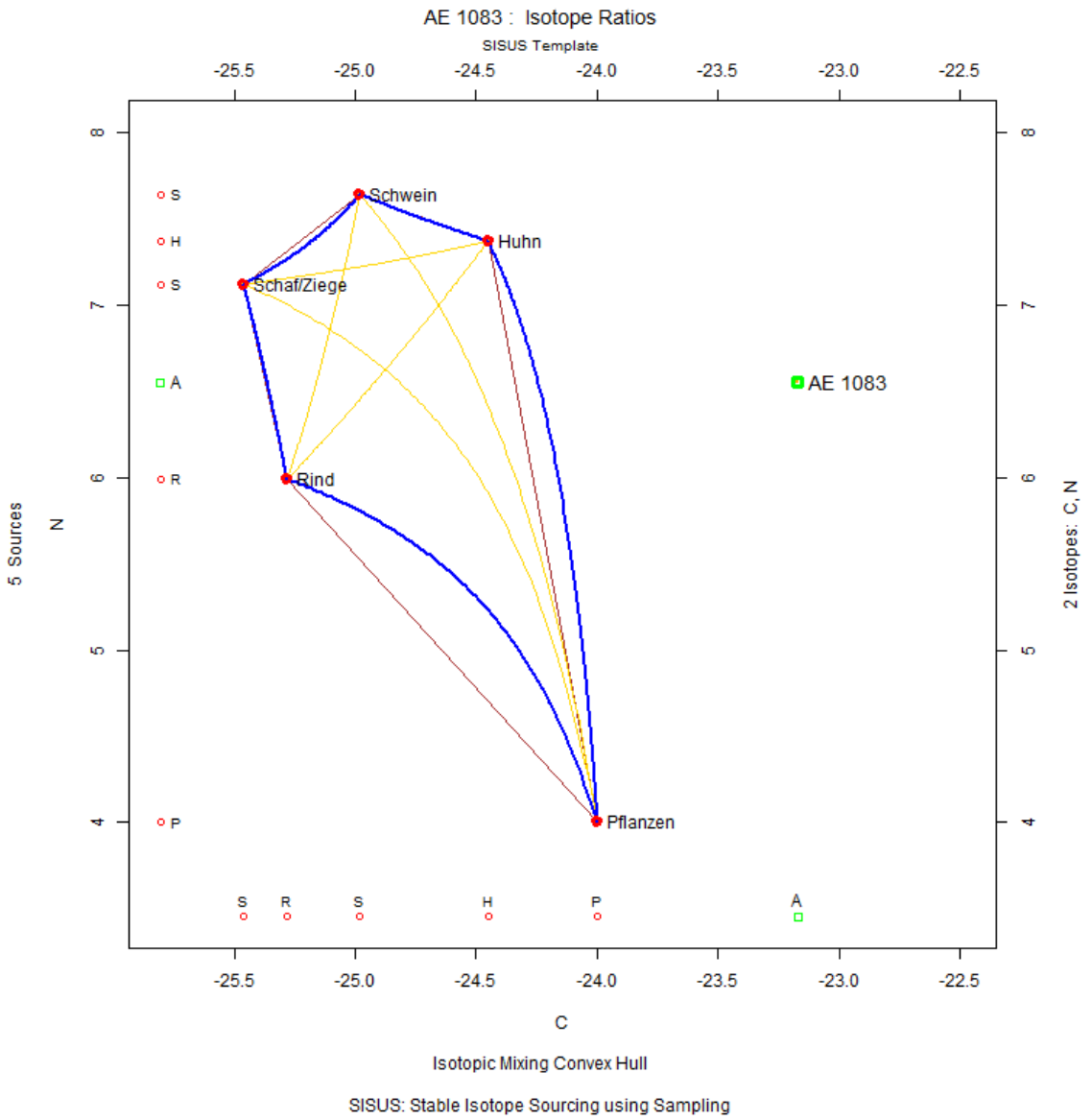


Abbildung 1241: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1083. Erstellt mit SISUS

AE1108

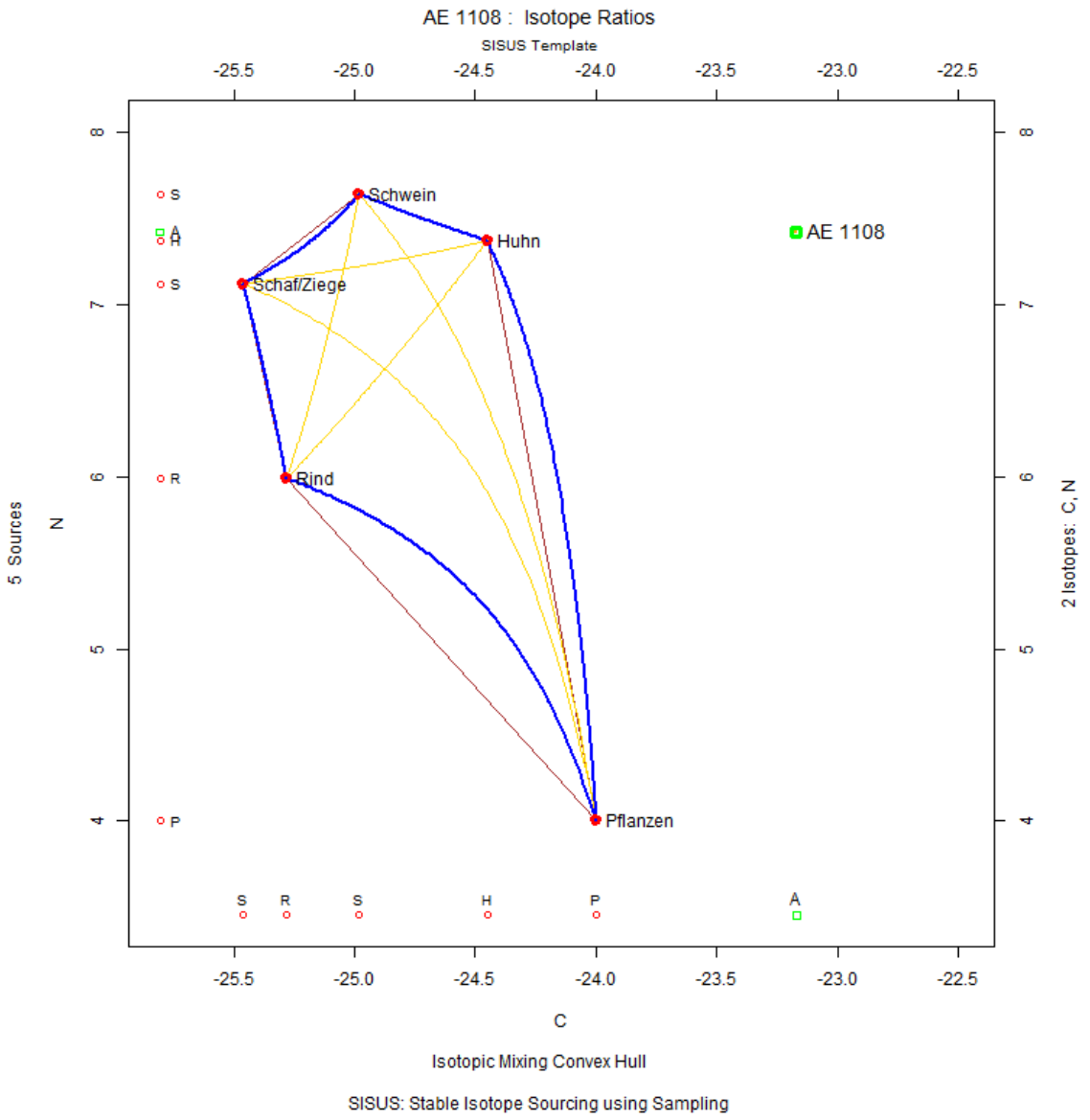


Abbildung 1242: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1108. Erstellt mit SISUS

AE1119

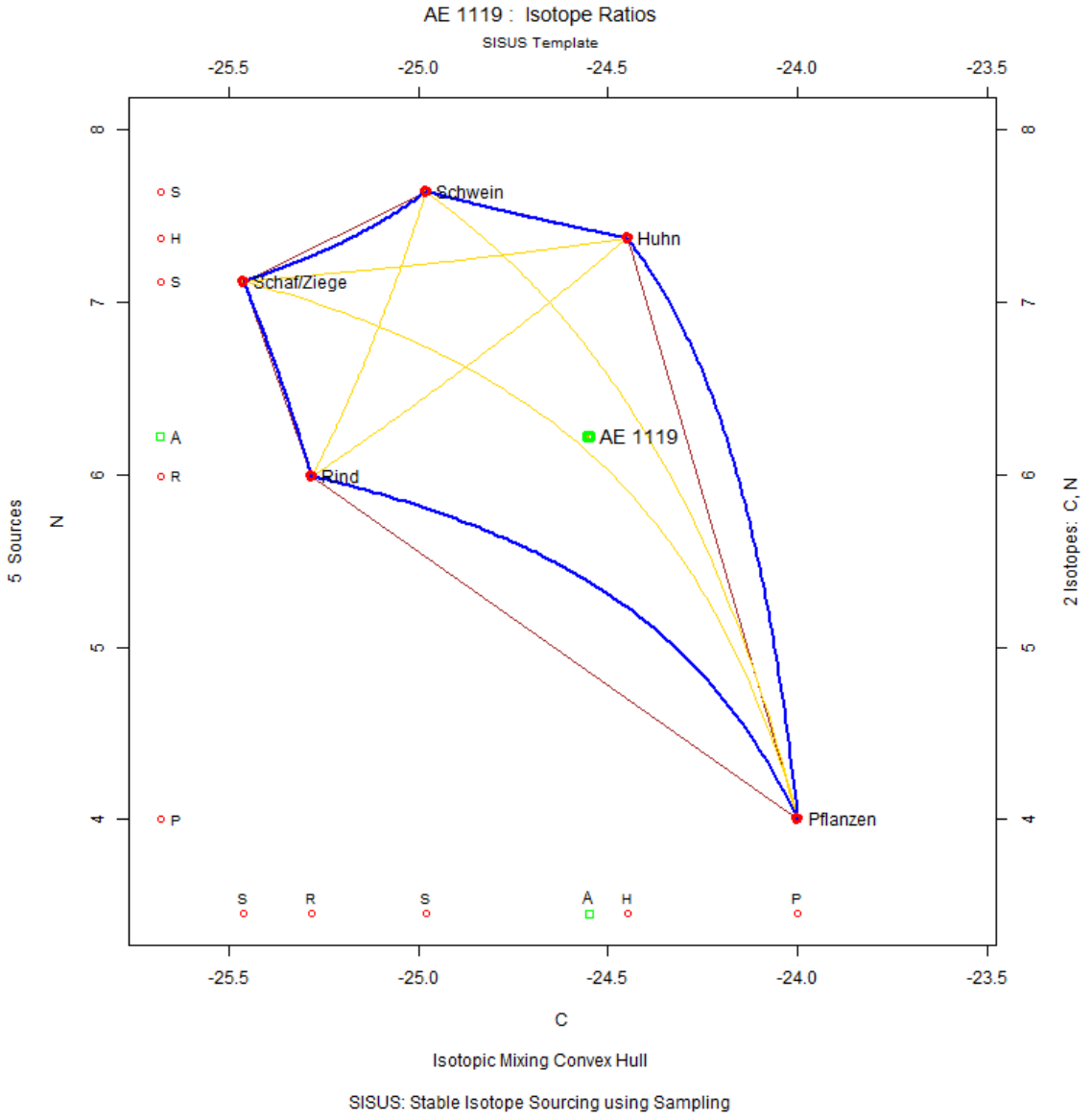


Abbildung 1243: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1119. Erstellt mit SISUS

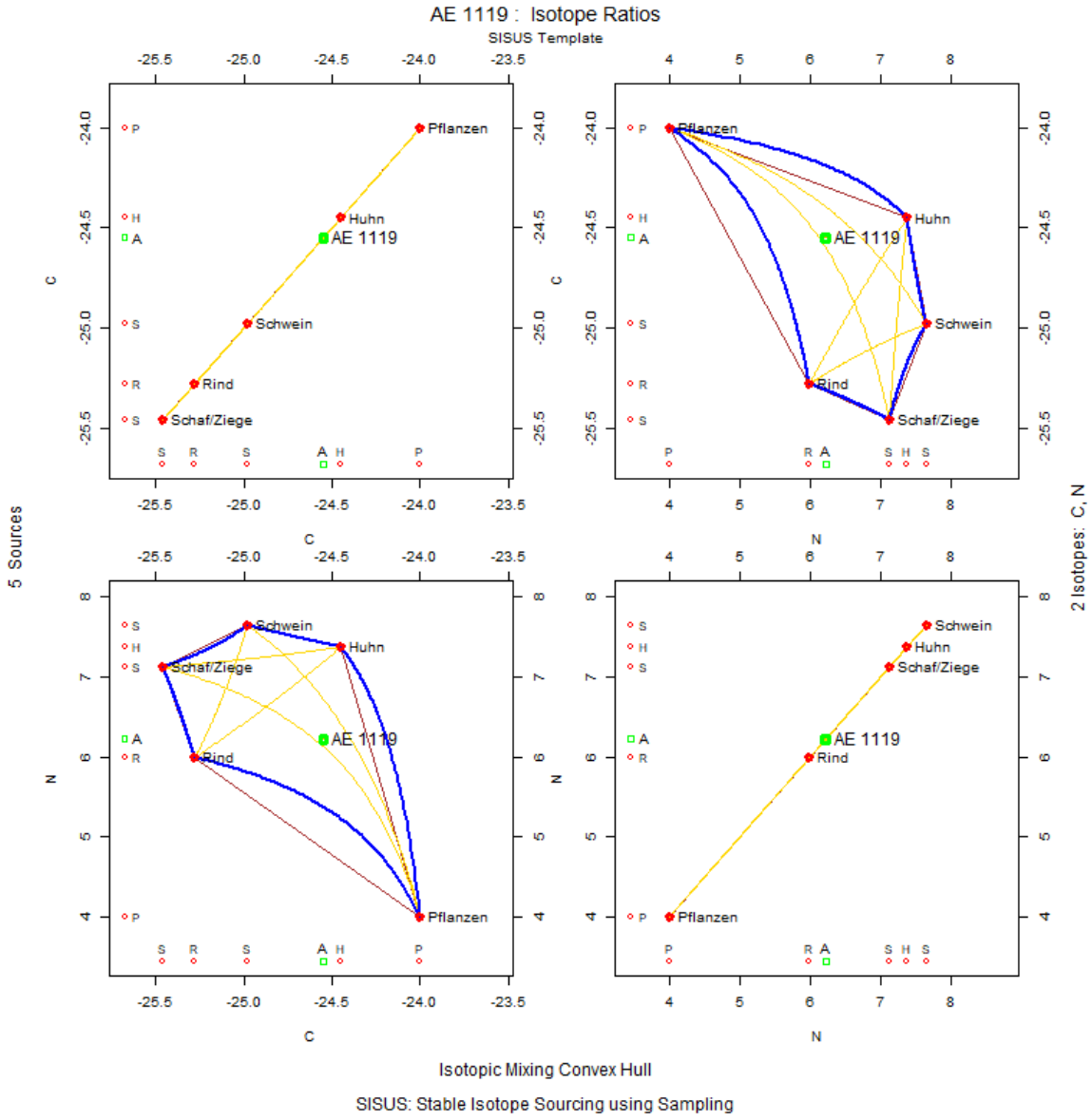


Abbildung 1244: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1119 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

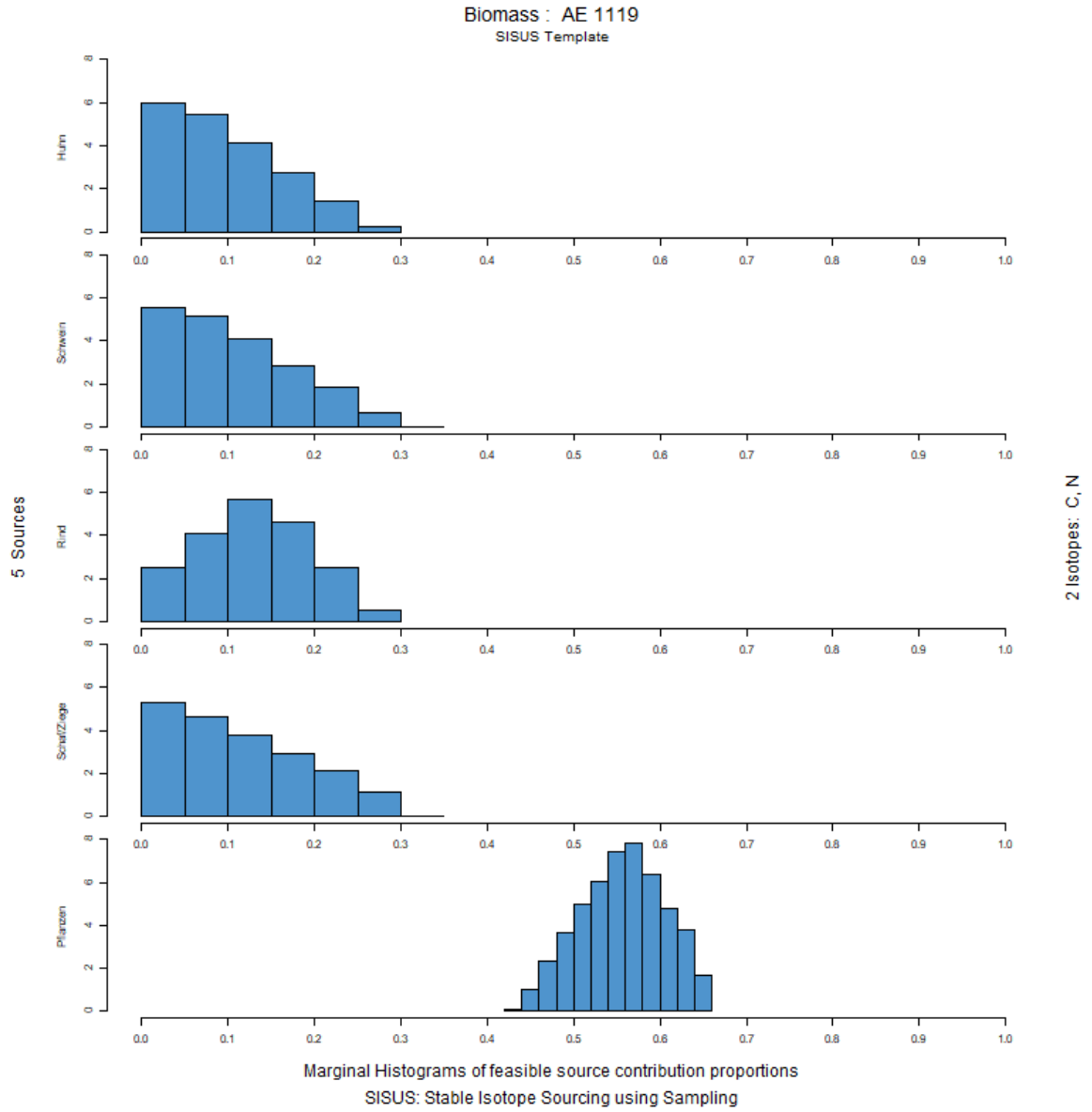


Abbildung 1245: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 119. Erstellt mit SISUS.

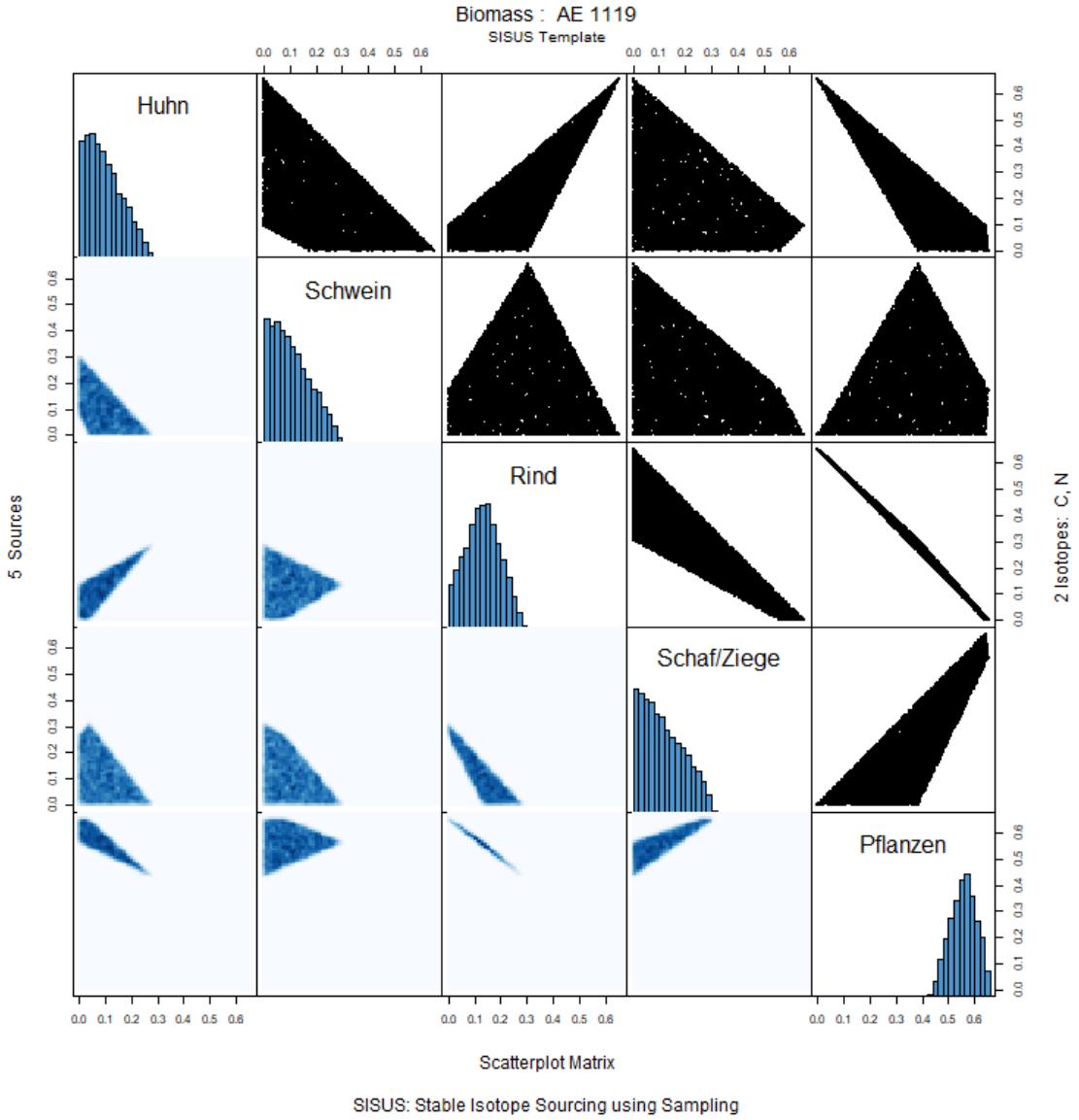


Abbildung 1246: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1119. Erstellt mit SISUS.

AE1125

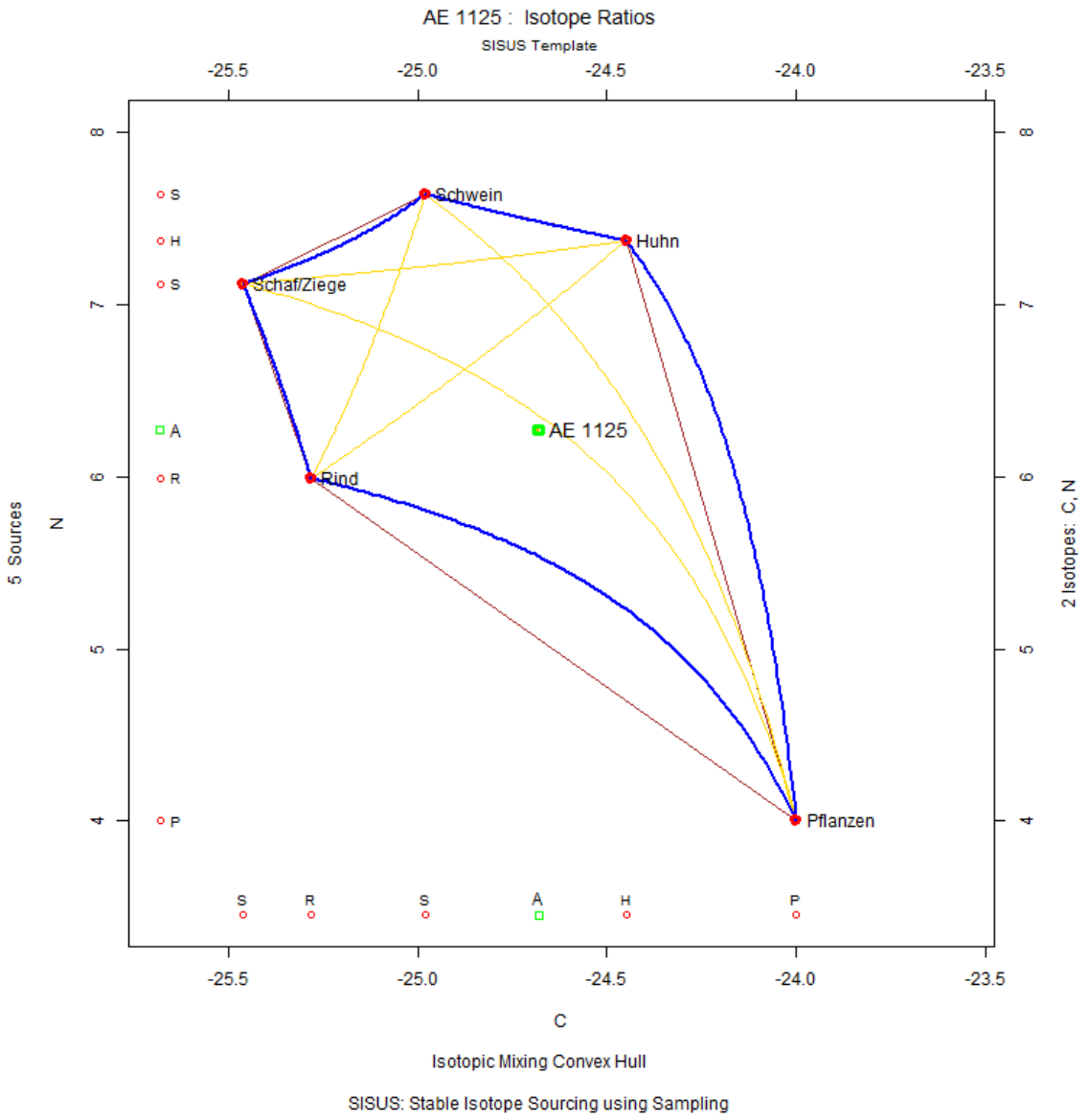


Abbildung 1247: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1125. Erstellt mit SISUS

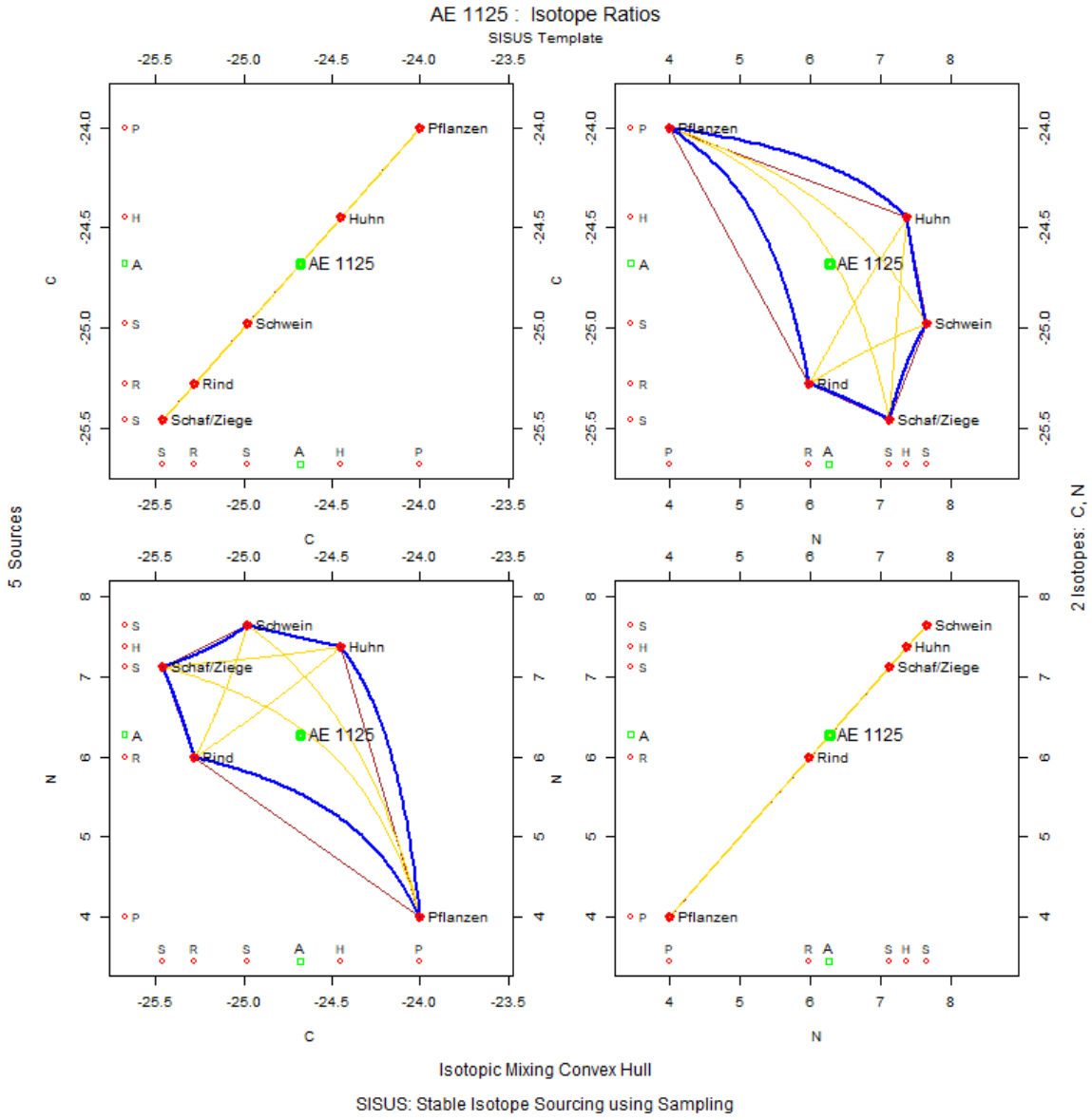


Abbildung 1248: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1125 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

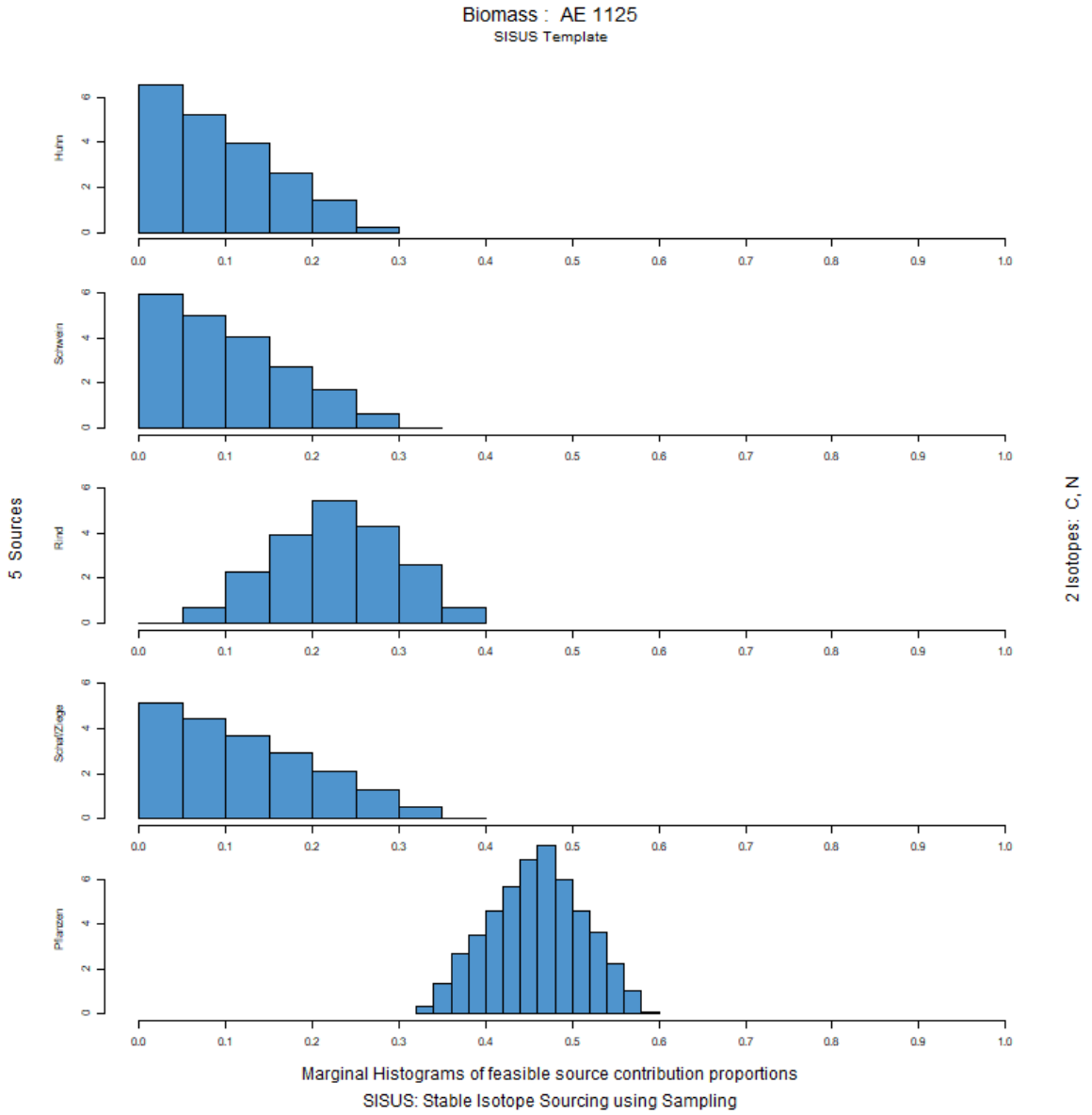


Abbildung 1249: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1125. Erstellt mit SISUS.

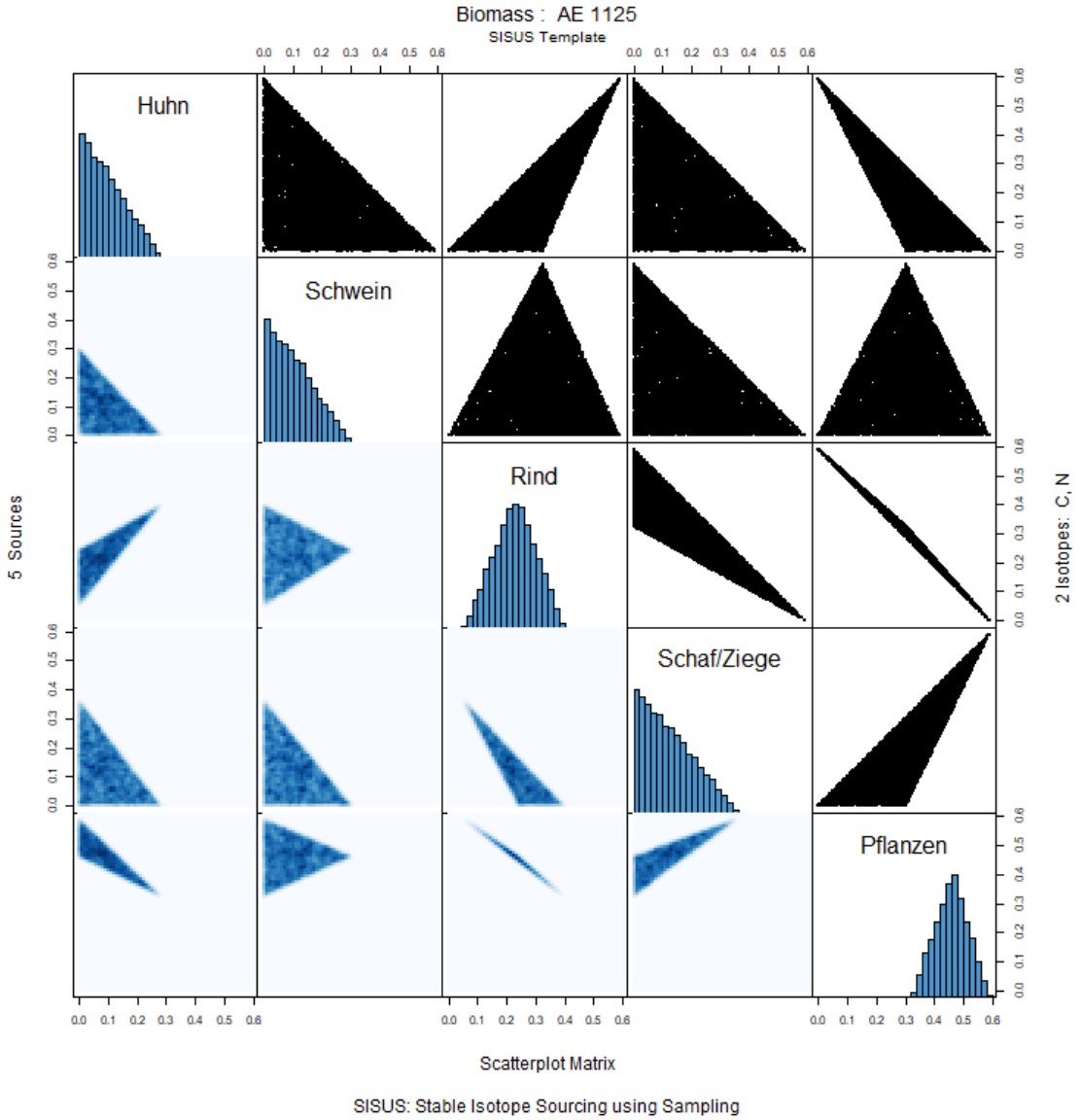


Abbildung 1250: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1125. Erstellt mit SISUS.

AE1135

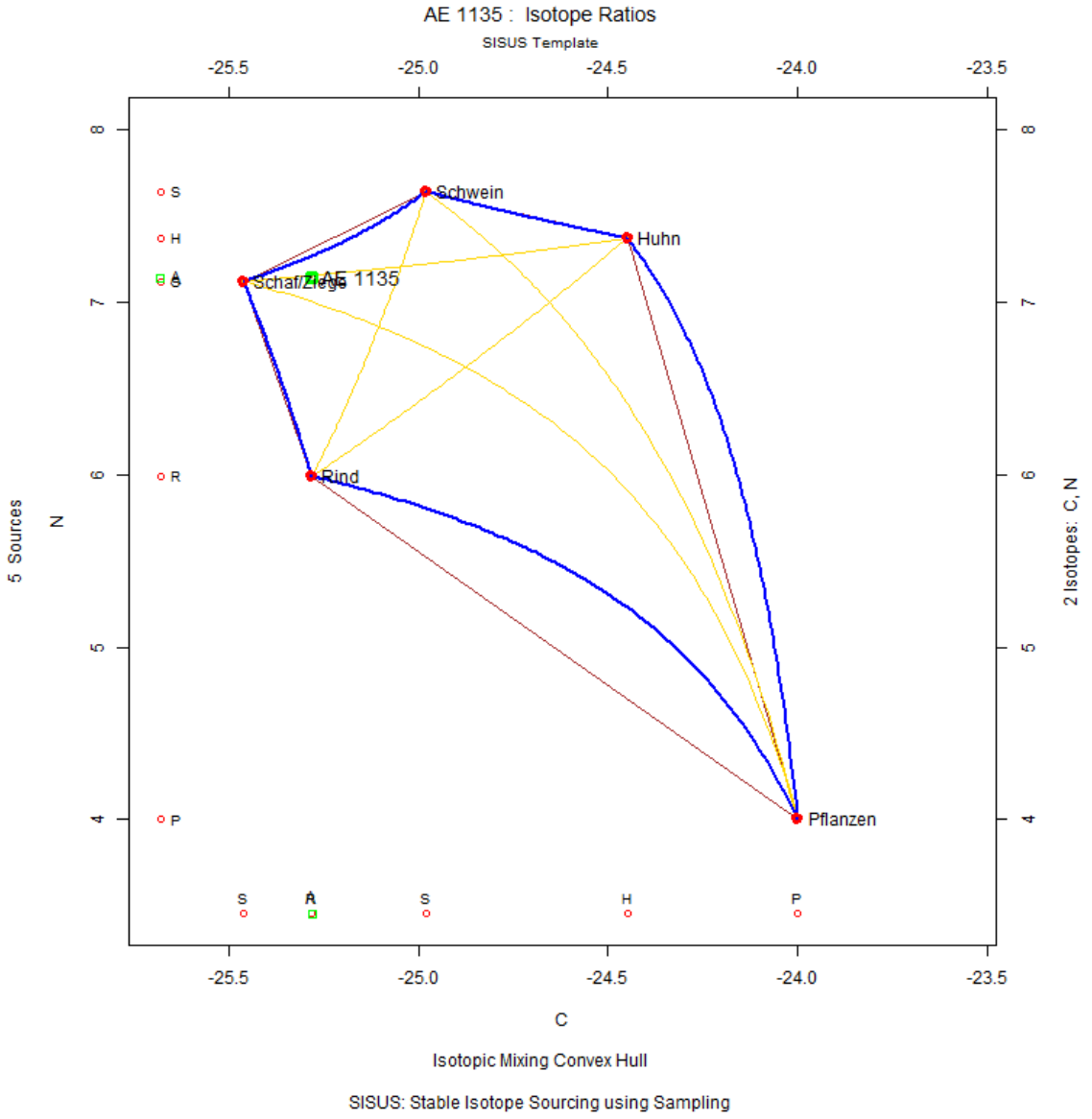


Abbildung 1251: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1135. Erstellt mit SISUS

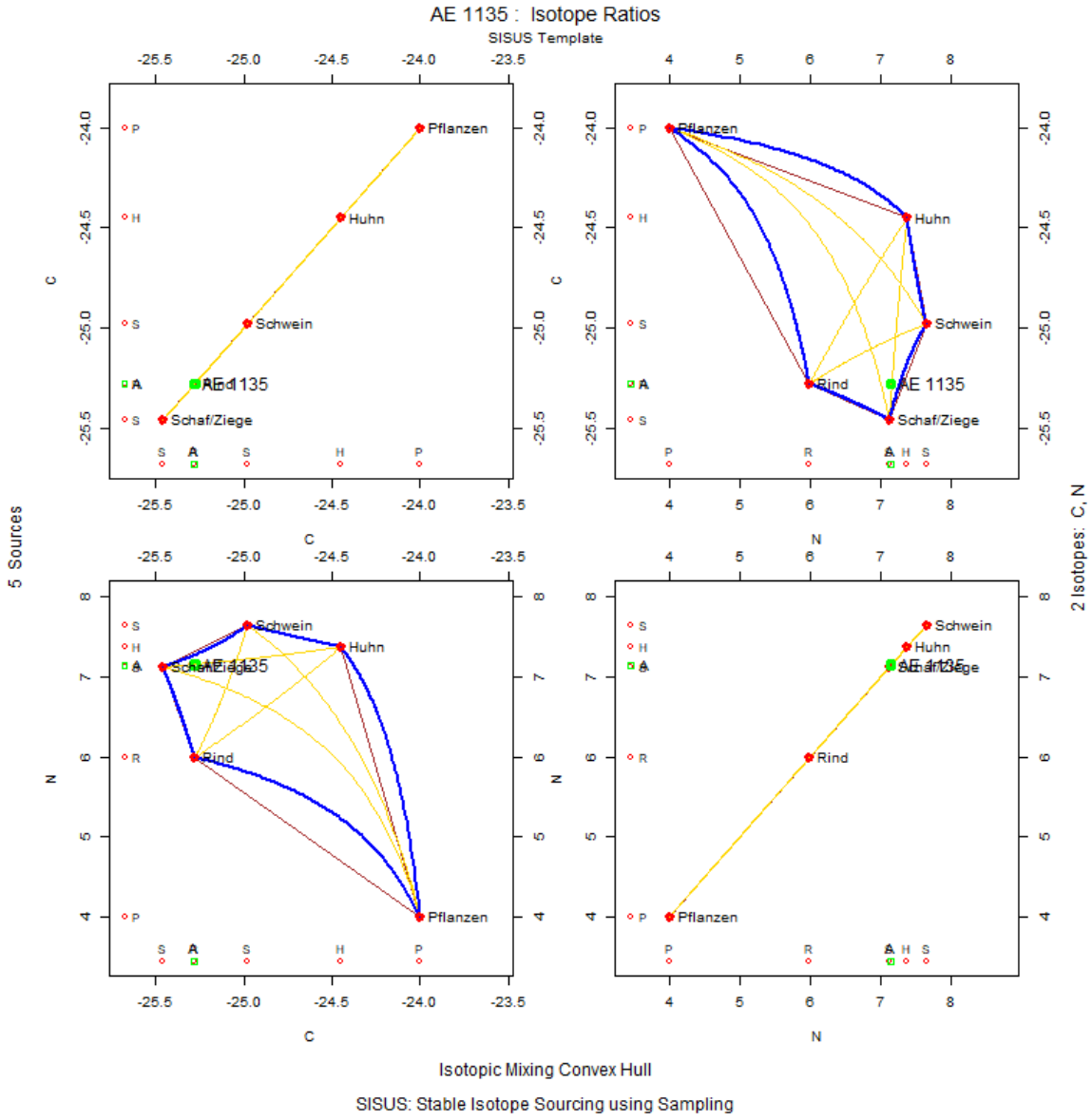


Abbildung 1252: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1135 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

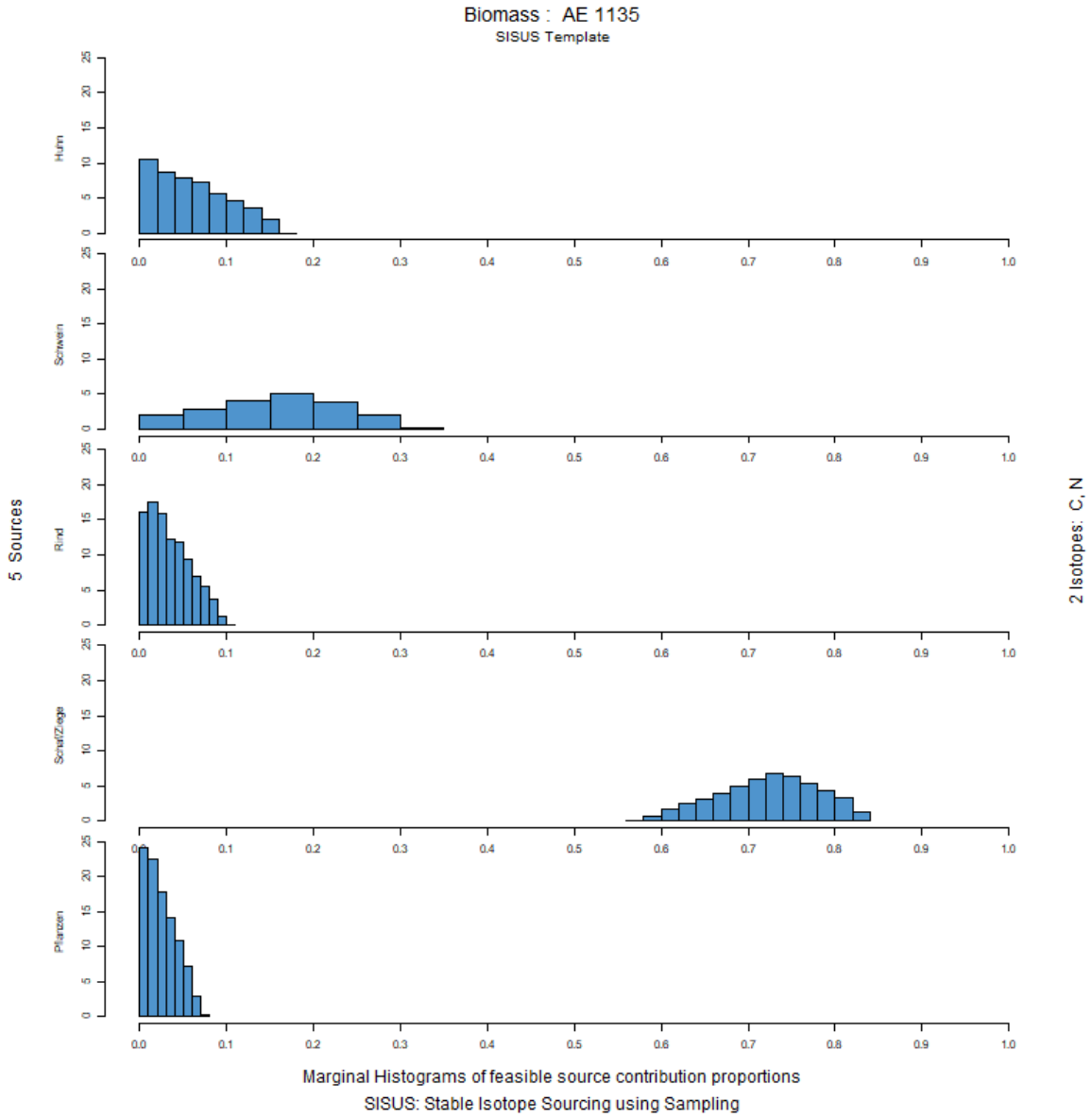


Abbildung 1253: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1135. Erstellt mit SISUS.

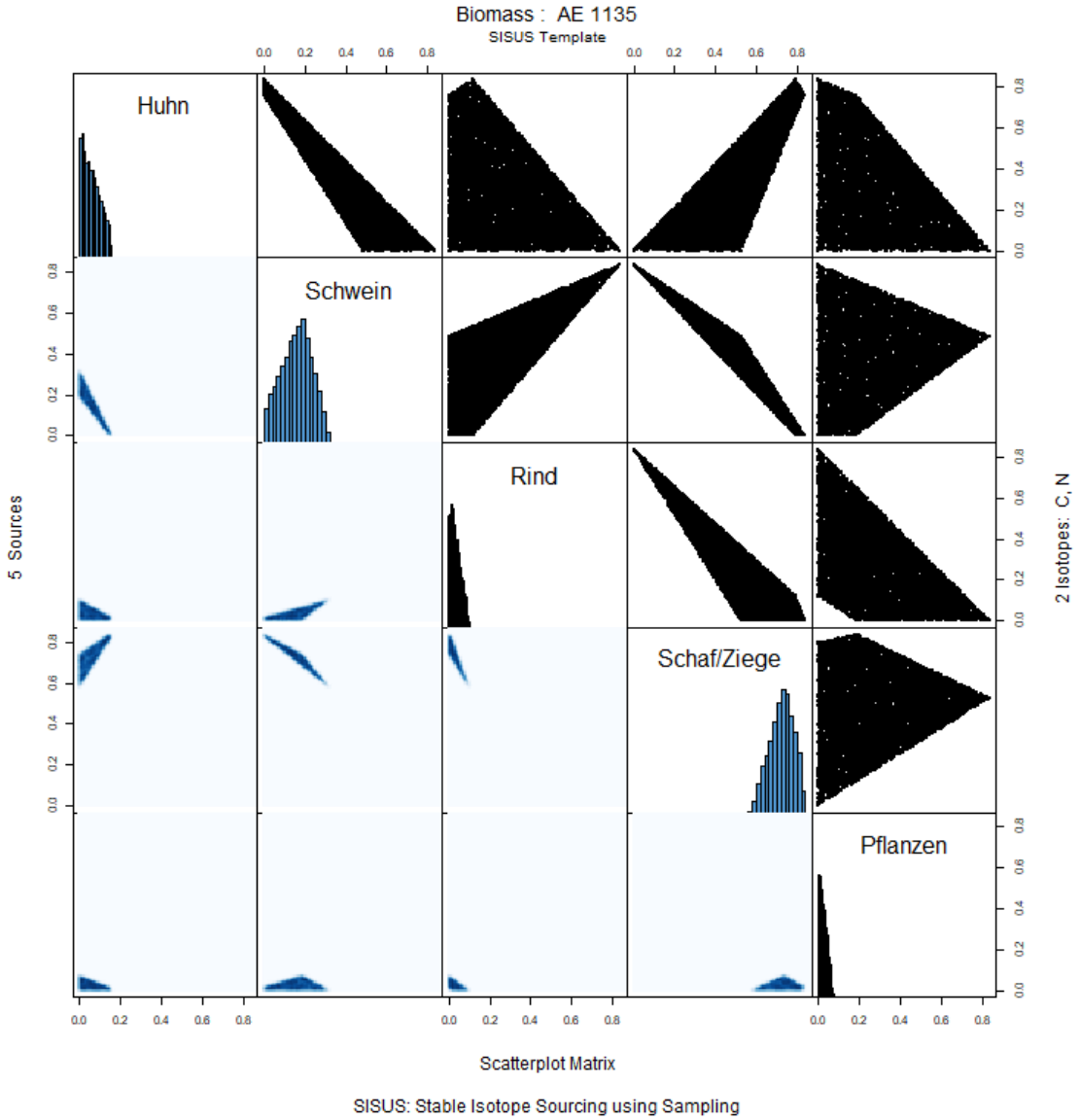


Abbildung 1254: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1135. Erstellt mit SISUS.

AE1284

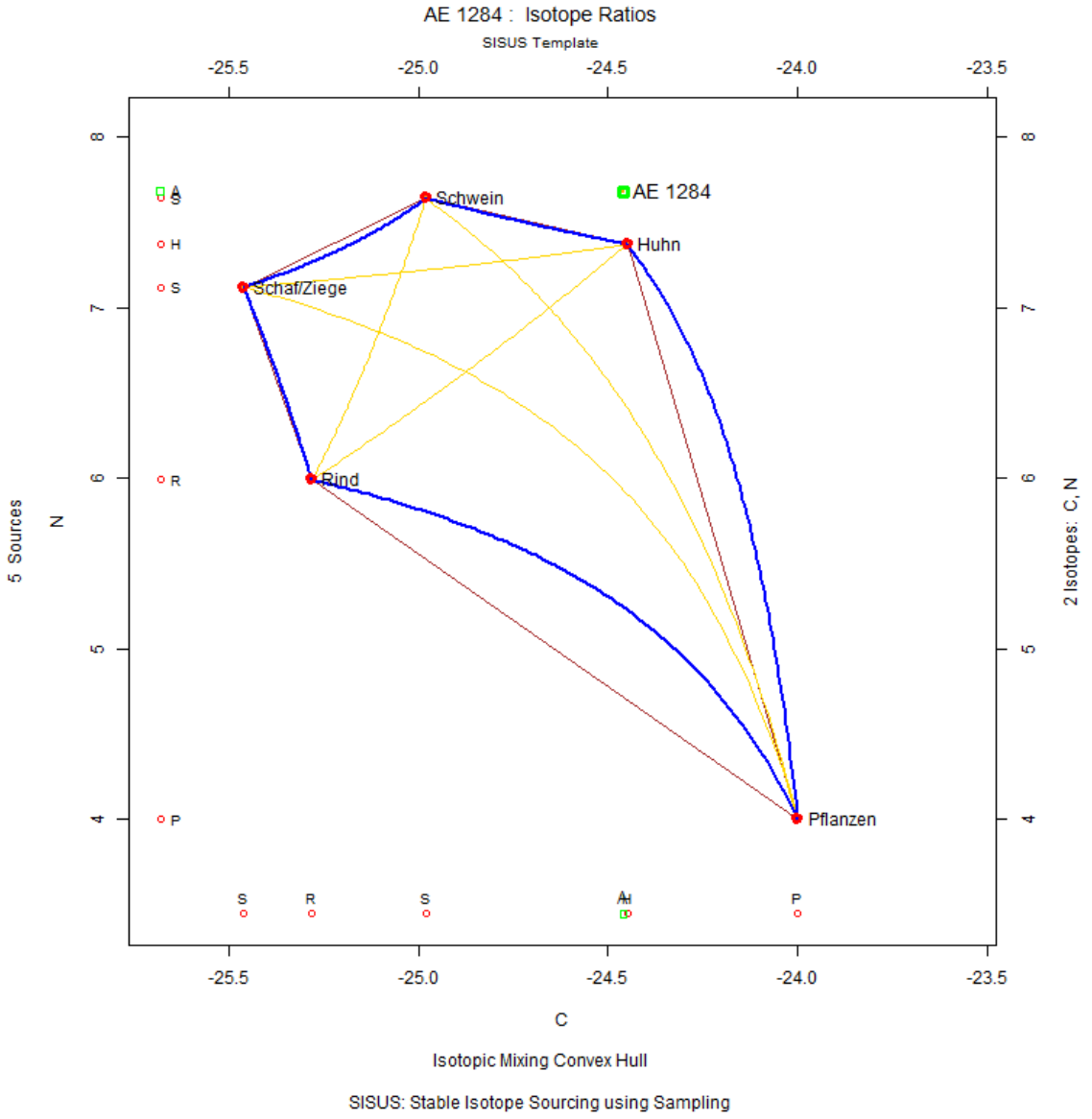


Abbildung 1255: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1284. Erstellt mit SISUS

AE1299

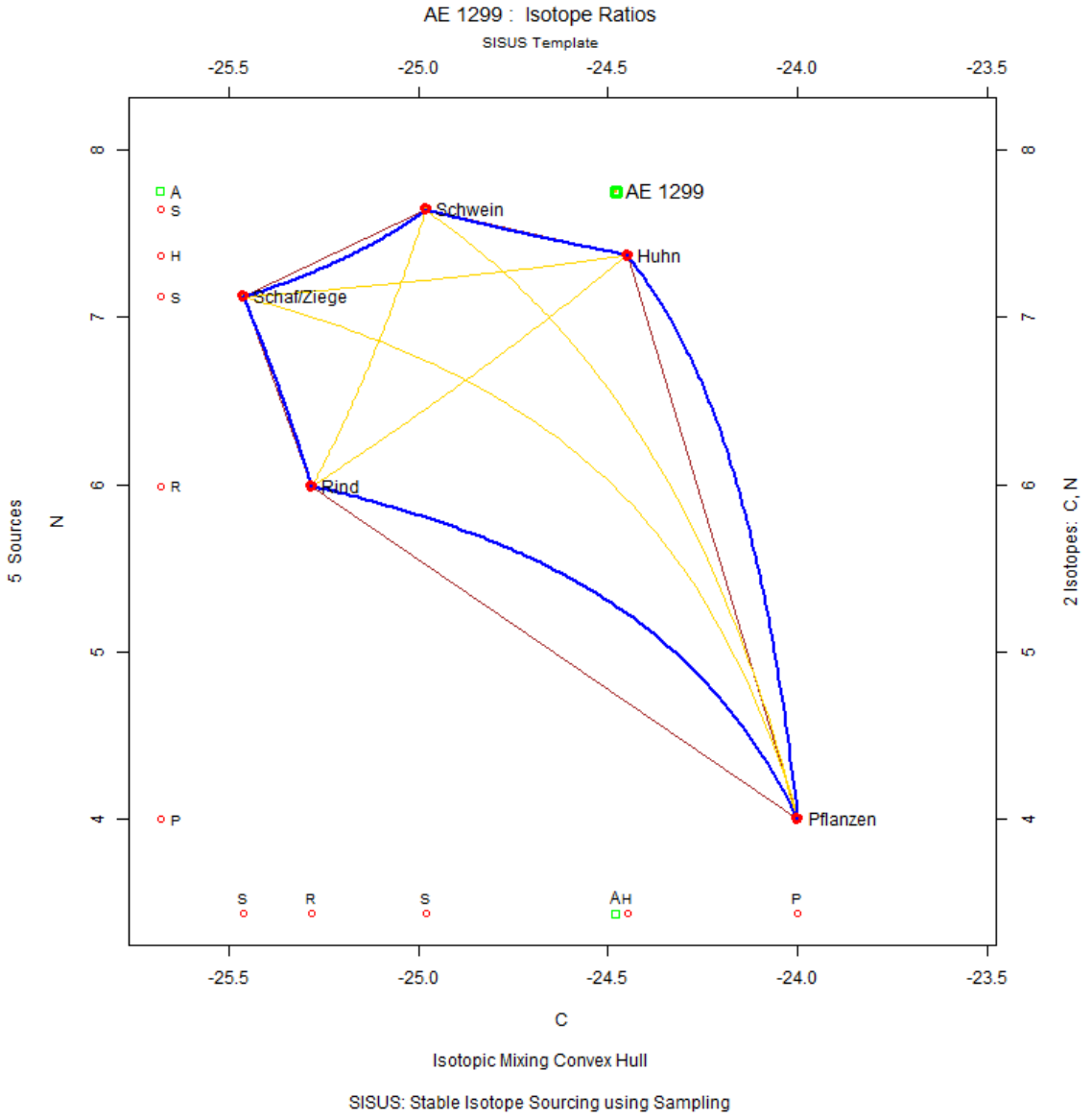


Abbildung 1256: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1299. Erstellt mit SISUS

AE1323

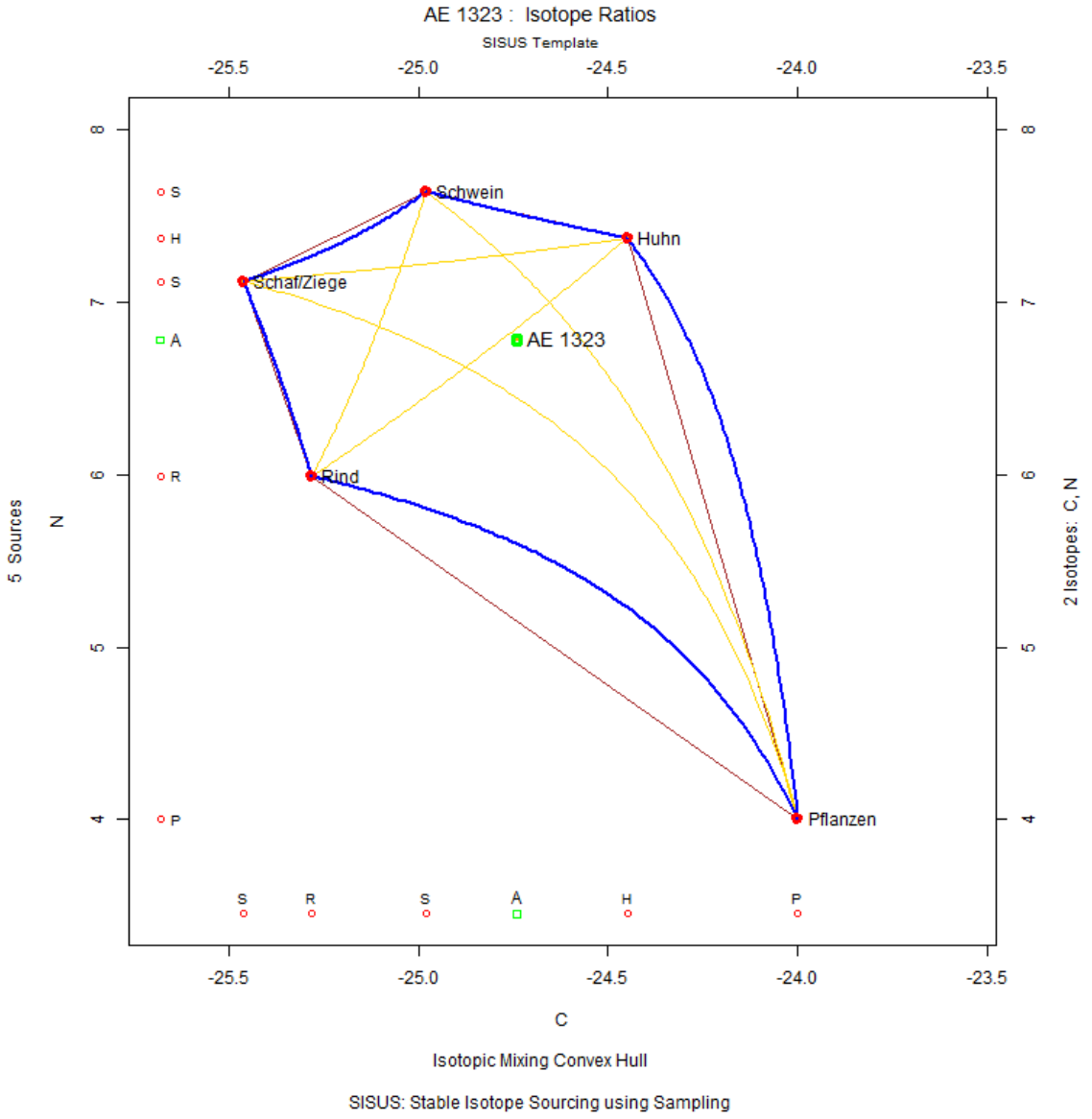


Abbildung 1257: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1323. Erstellt mit SISUS

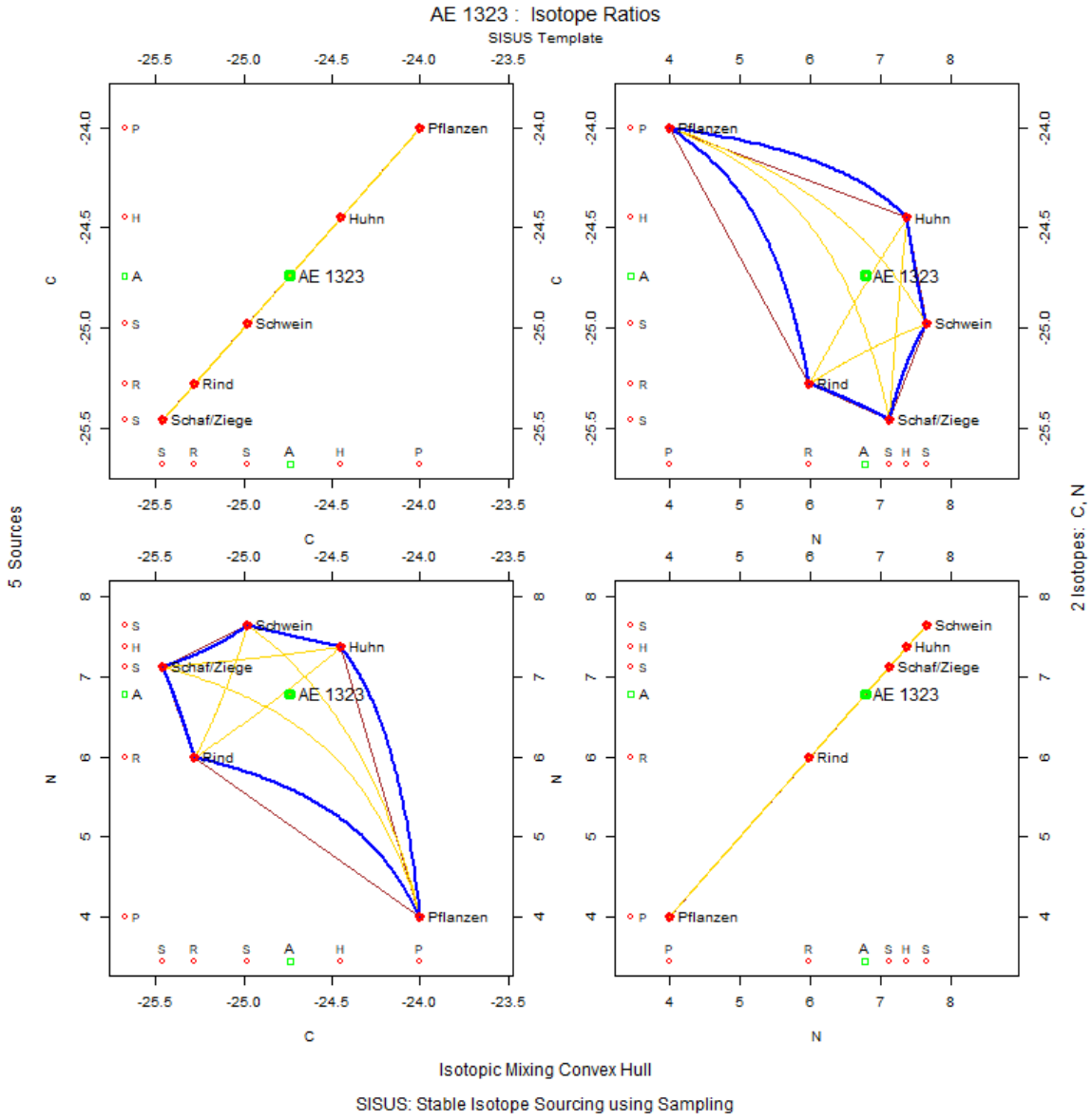


Abbildung 1258: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1323 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

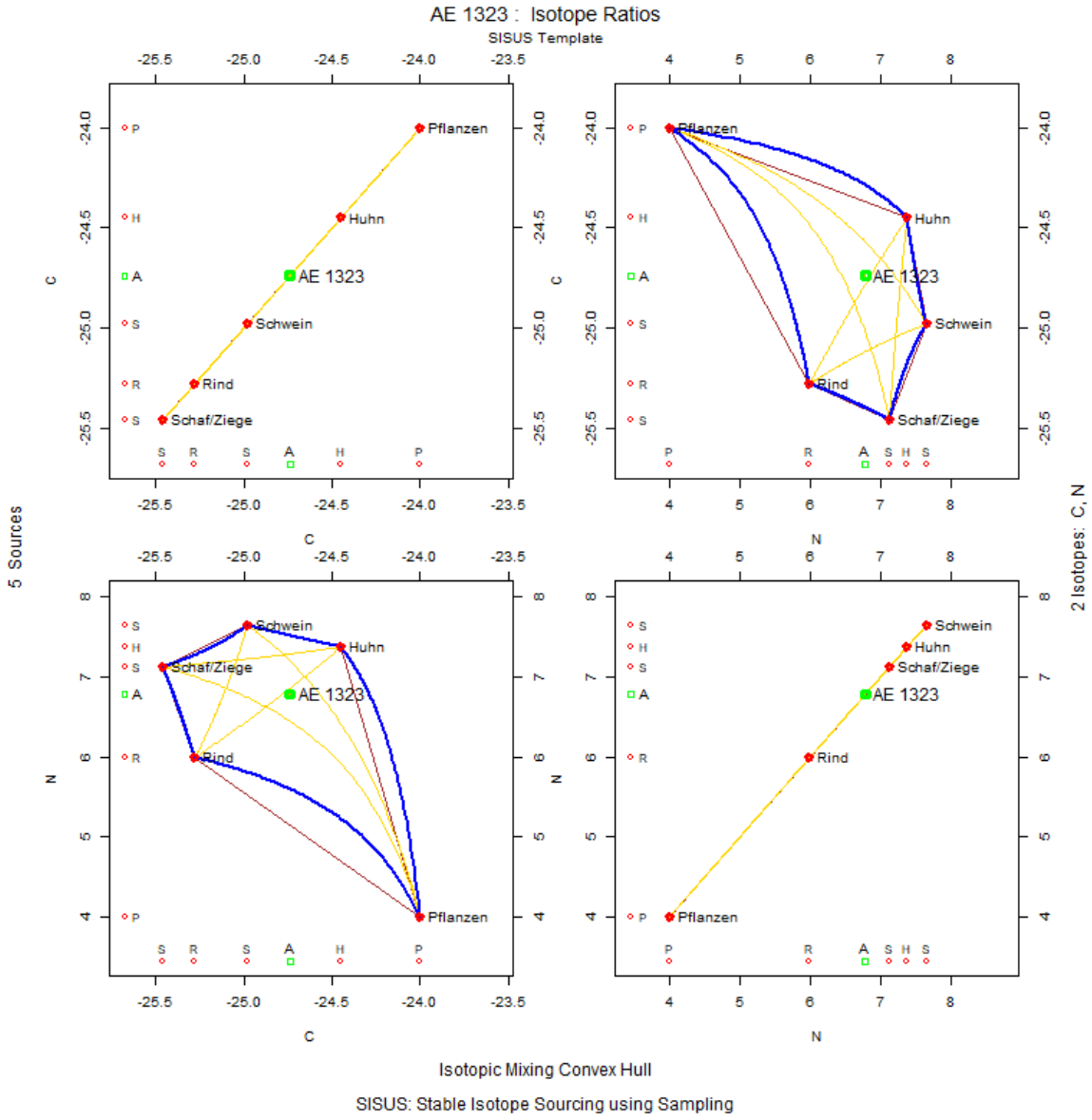


Abbildung 1259: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1323. Erstellt mit SISUS.

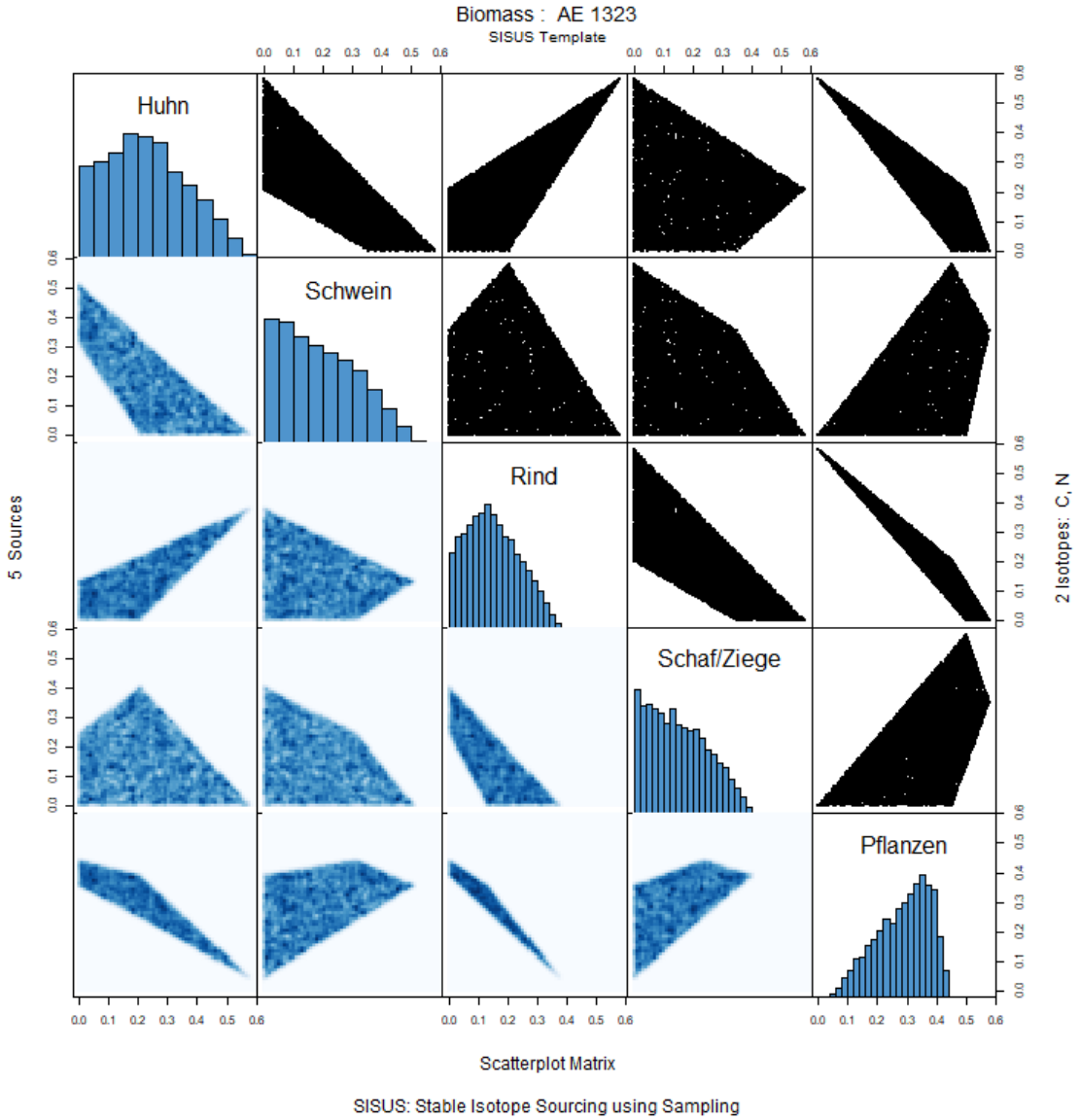


Abbildung 1260: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1323. Erstellt mit SISUS.

AE1332

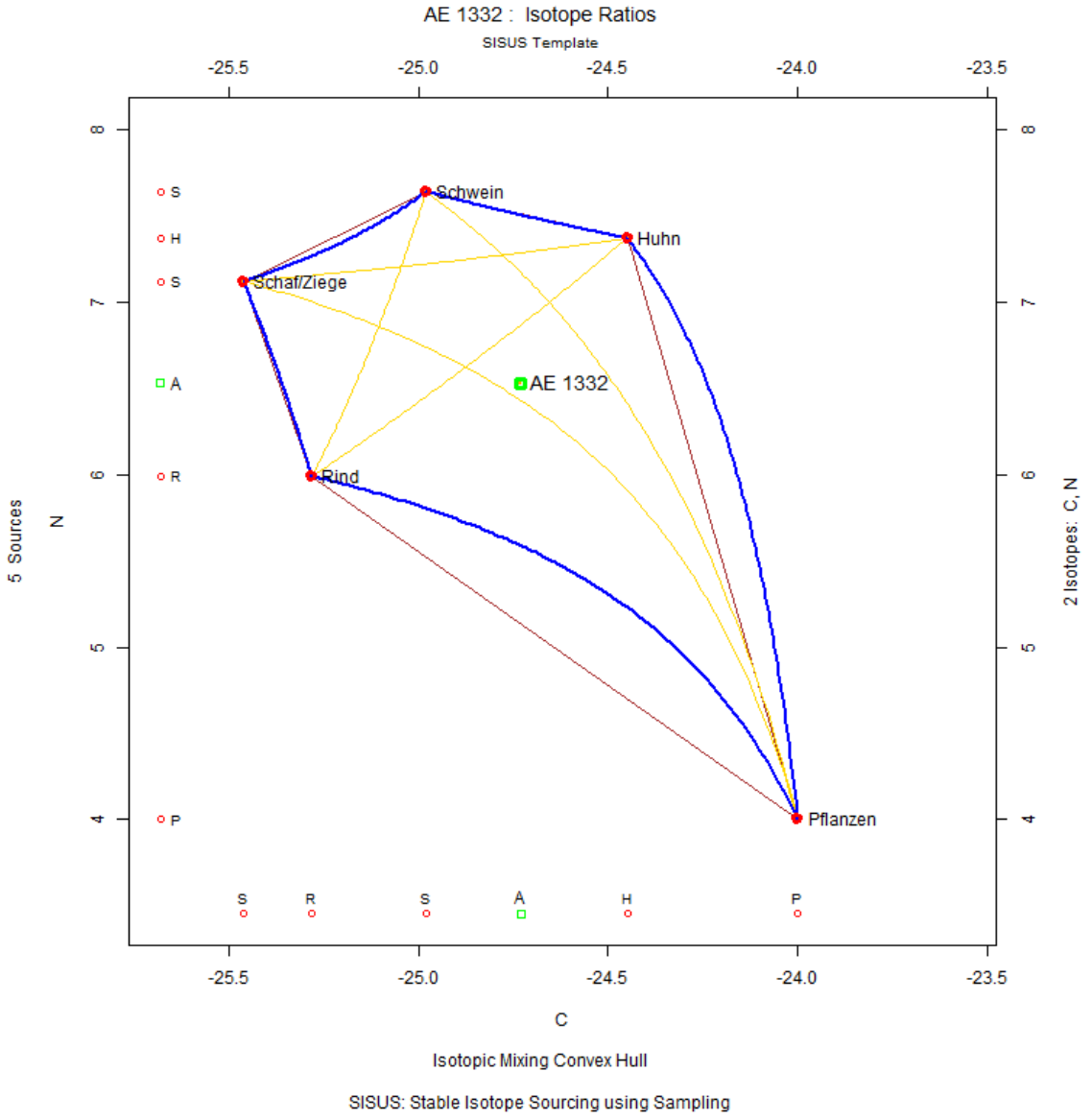


Abbildung 1261: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1332. Erstellt mit SISUS

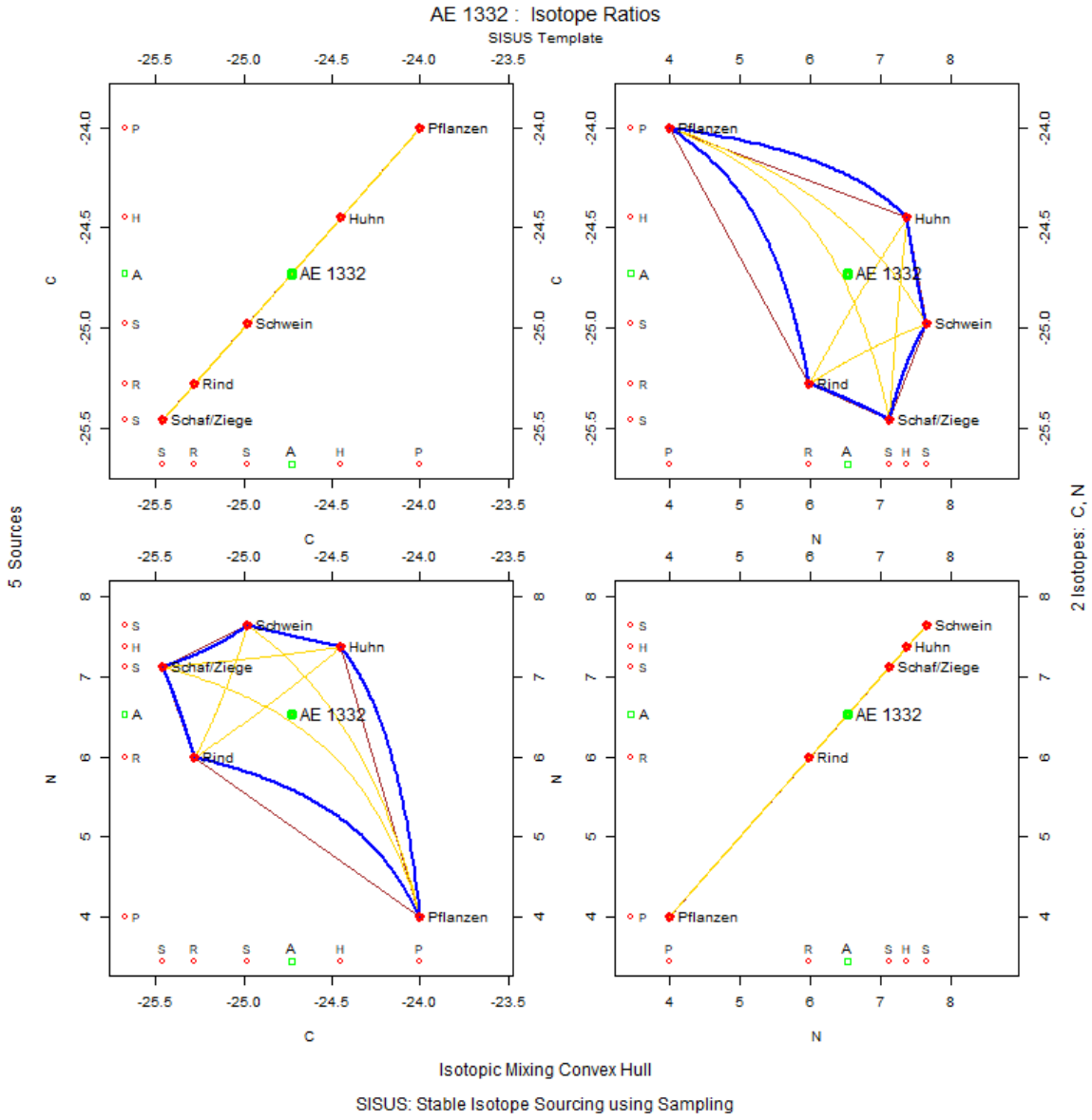


Abbildung 1262: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1332 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

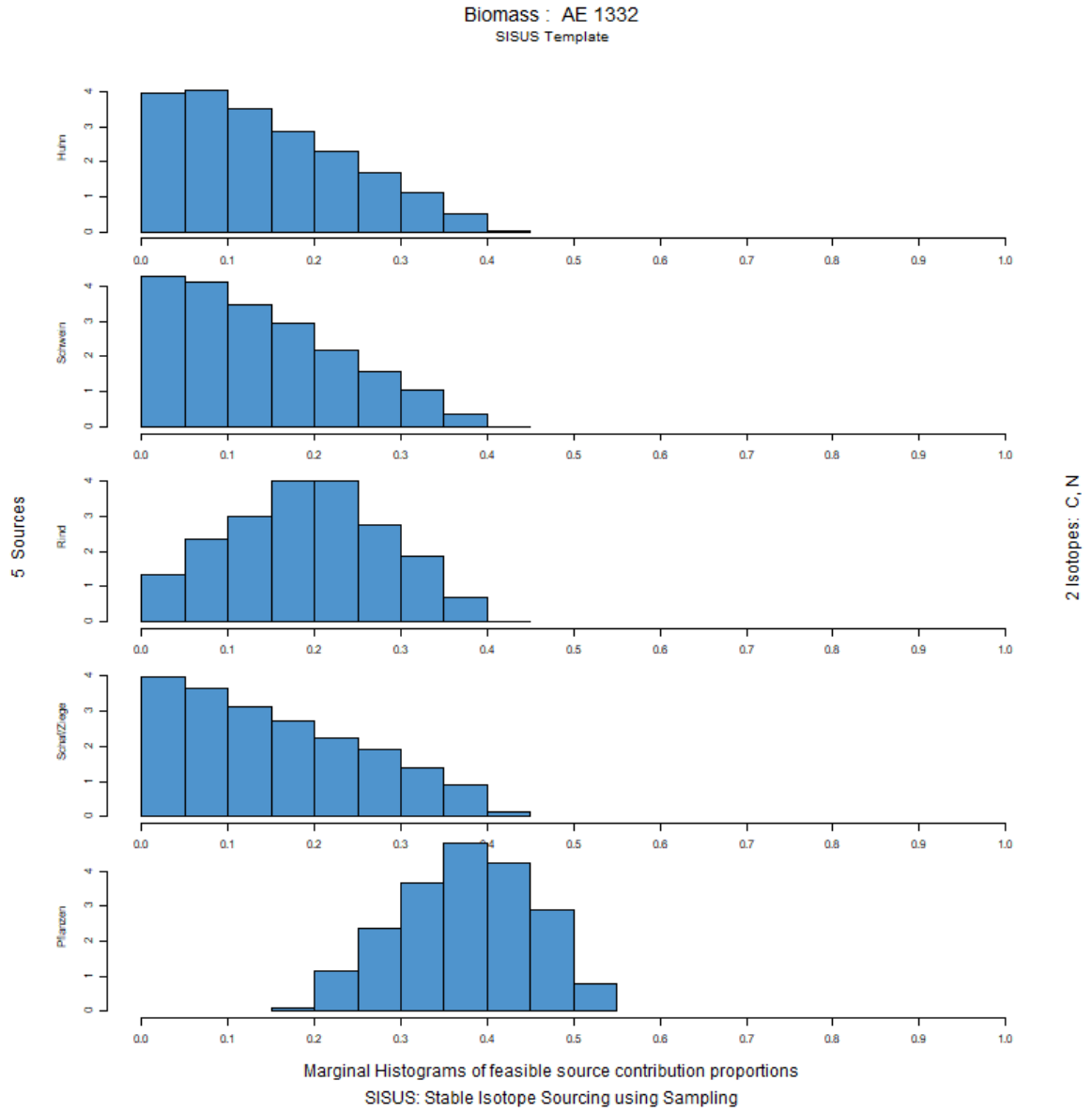


Abbildung 1263: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1332. Erstellt mit SISUS.

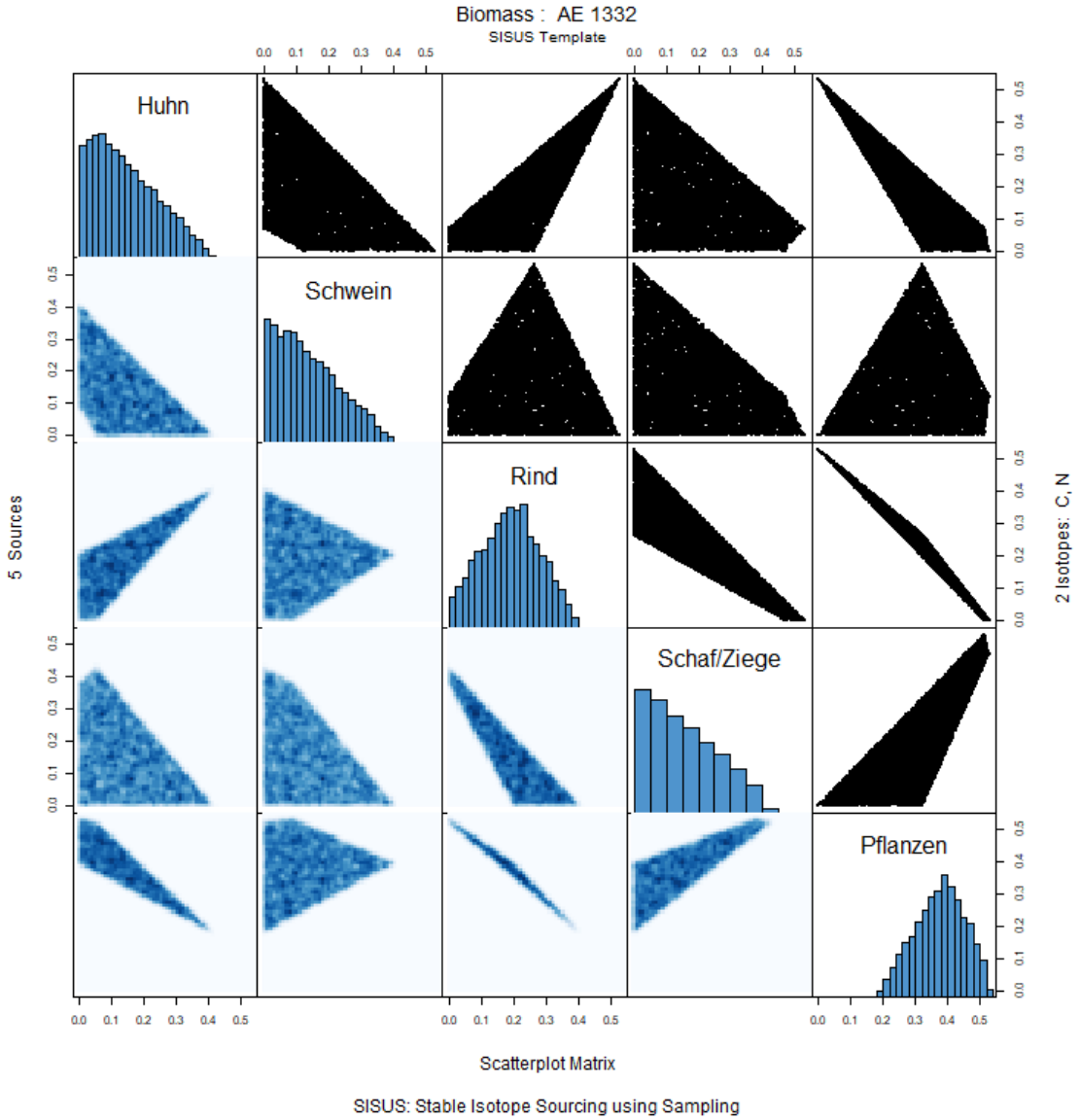


Abbildung 1264: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1332. Erstellt mit SISUS.

AE1334

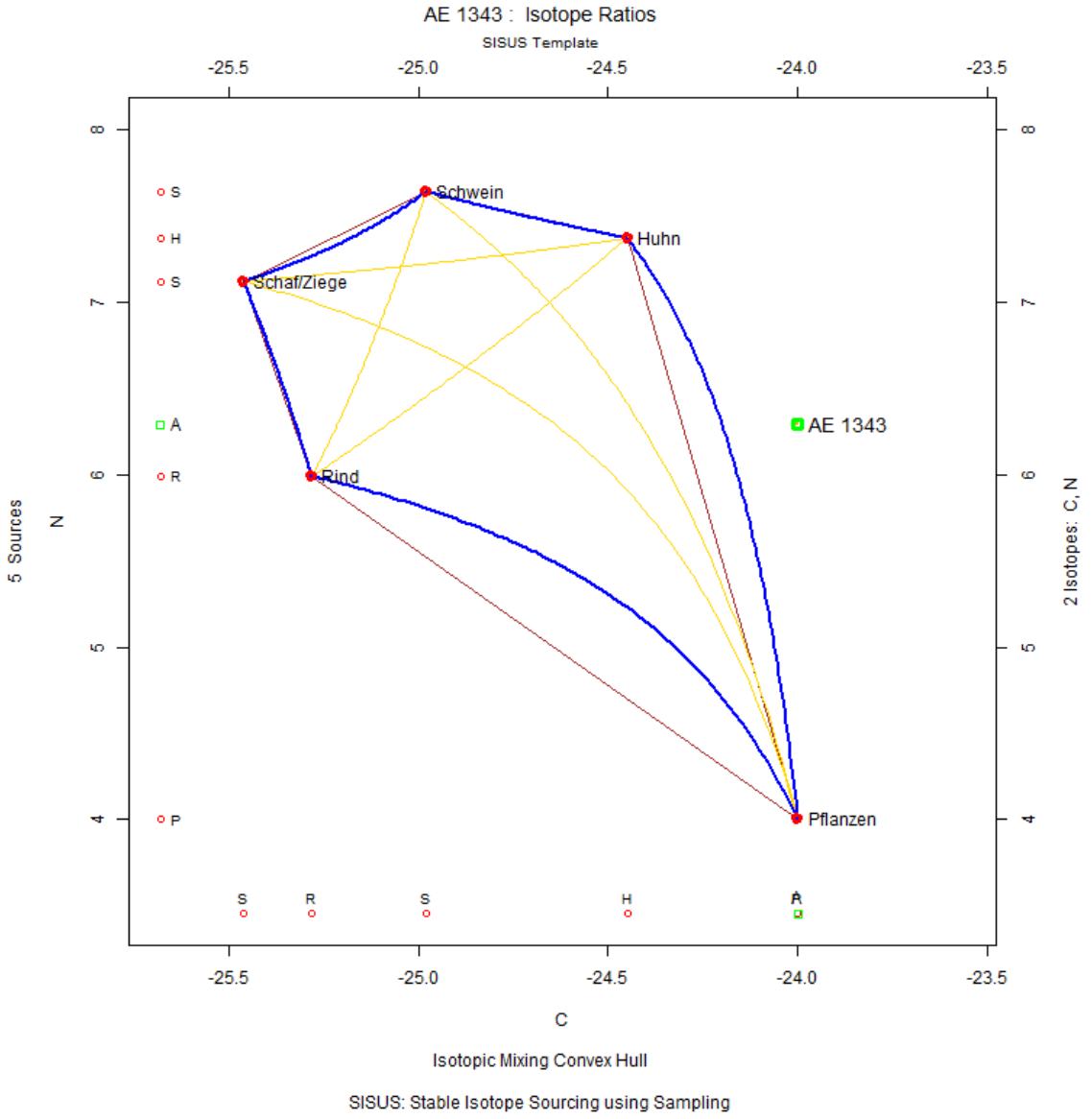


Abbildung 1265: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1334. Erstellt mit SISUS

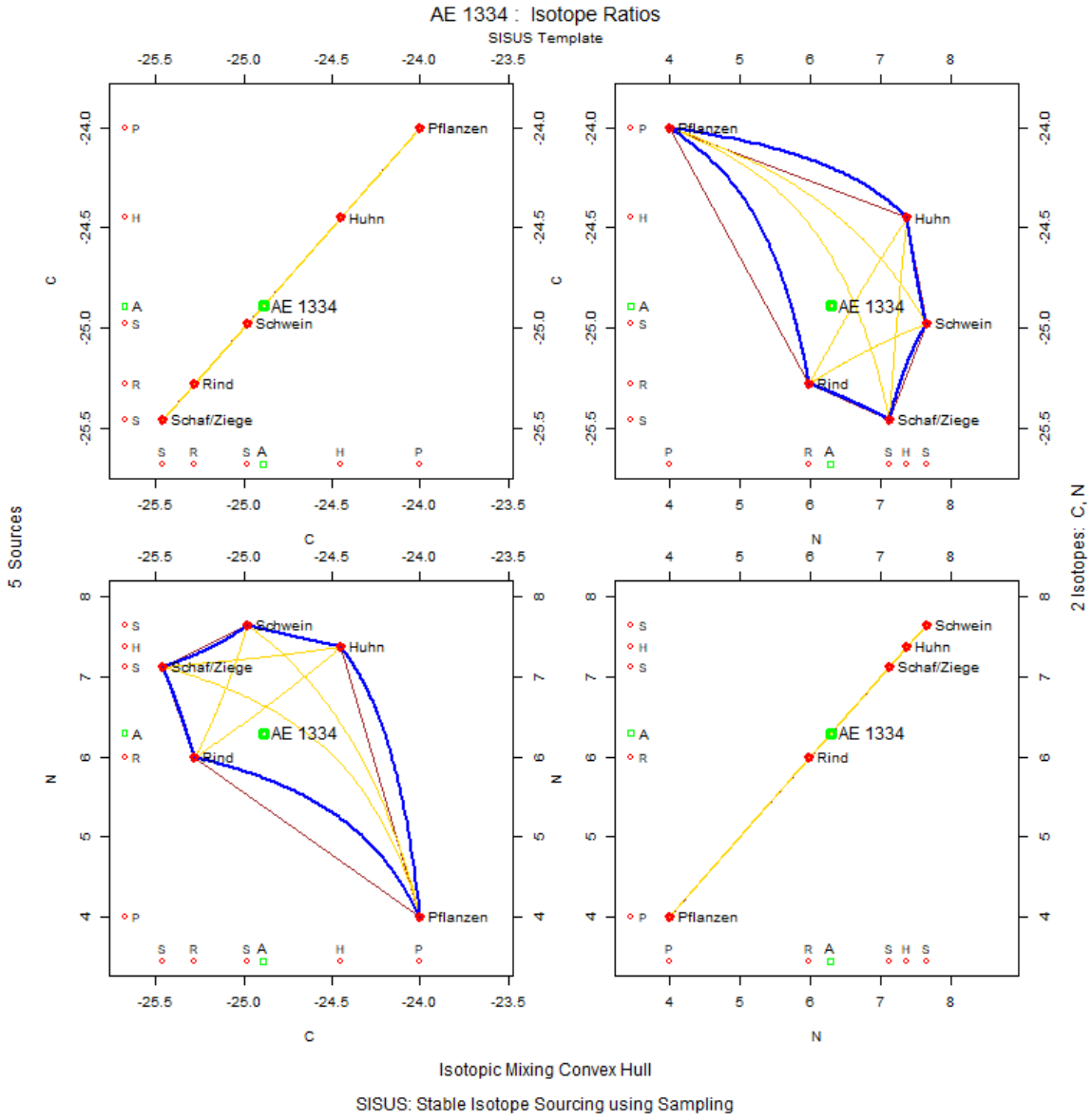


Abbildung 1266: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1334 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

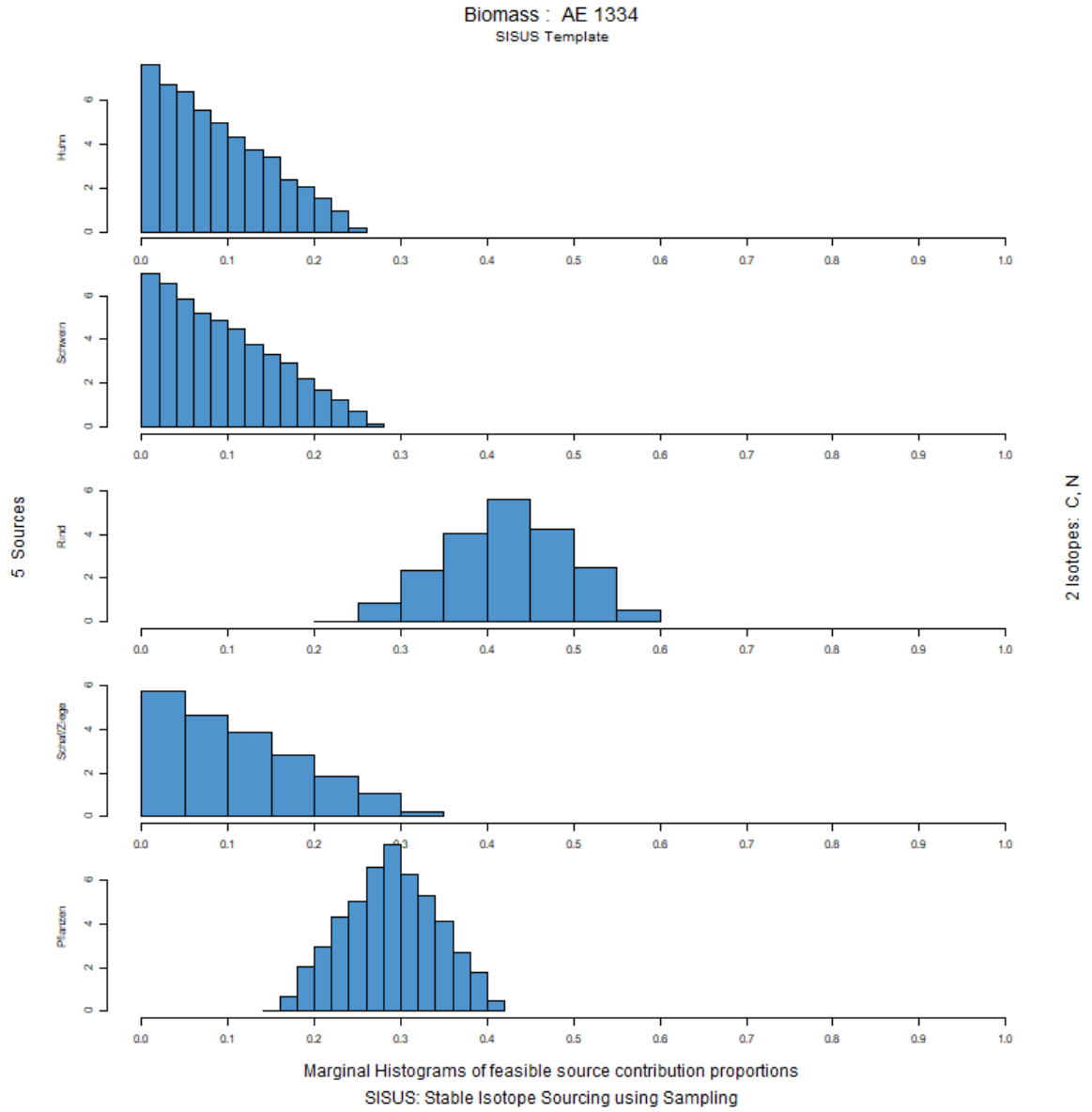


Abbildung 1267: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1334. Erstellt mit SISUS.

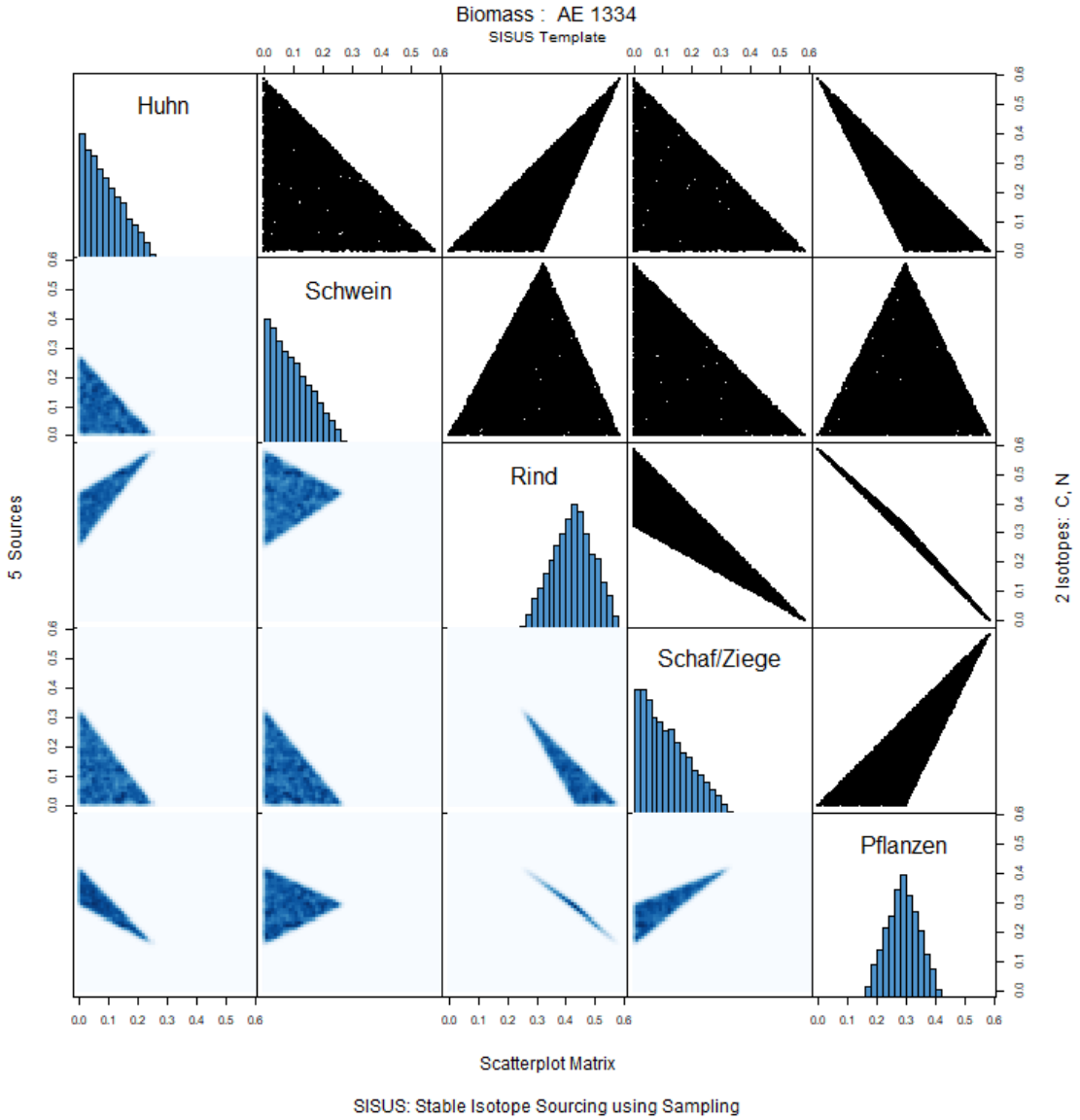


Abbildung 1268: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1334. Erstellt mit SISUS.

AE1343

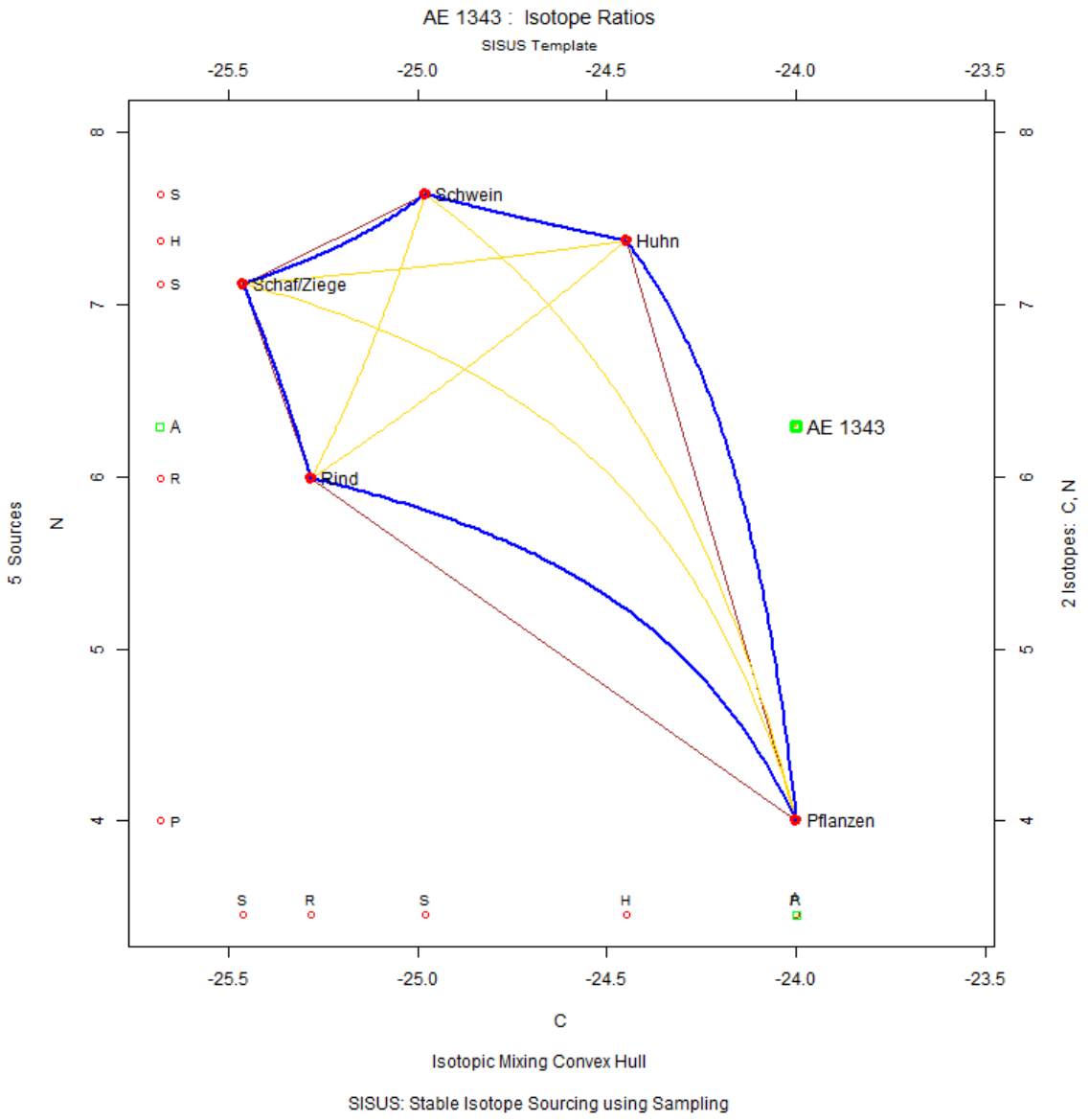


Abbildung 1269: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1343. Erstellt mit SISUS

AE1350

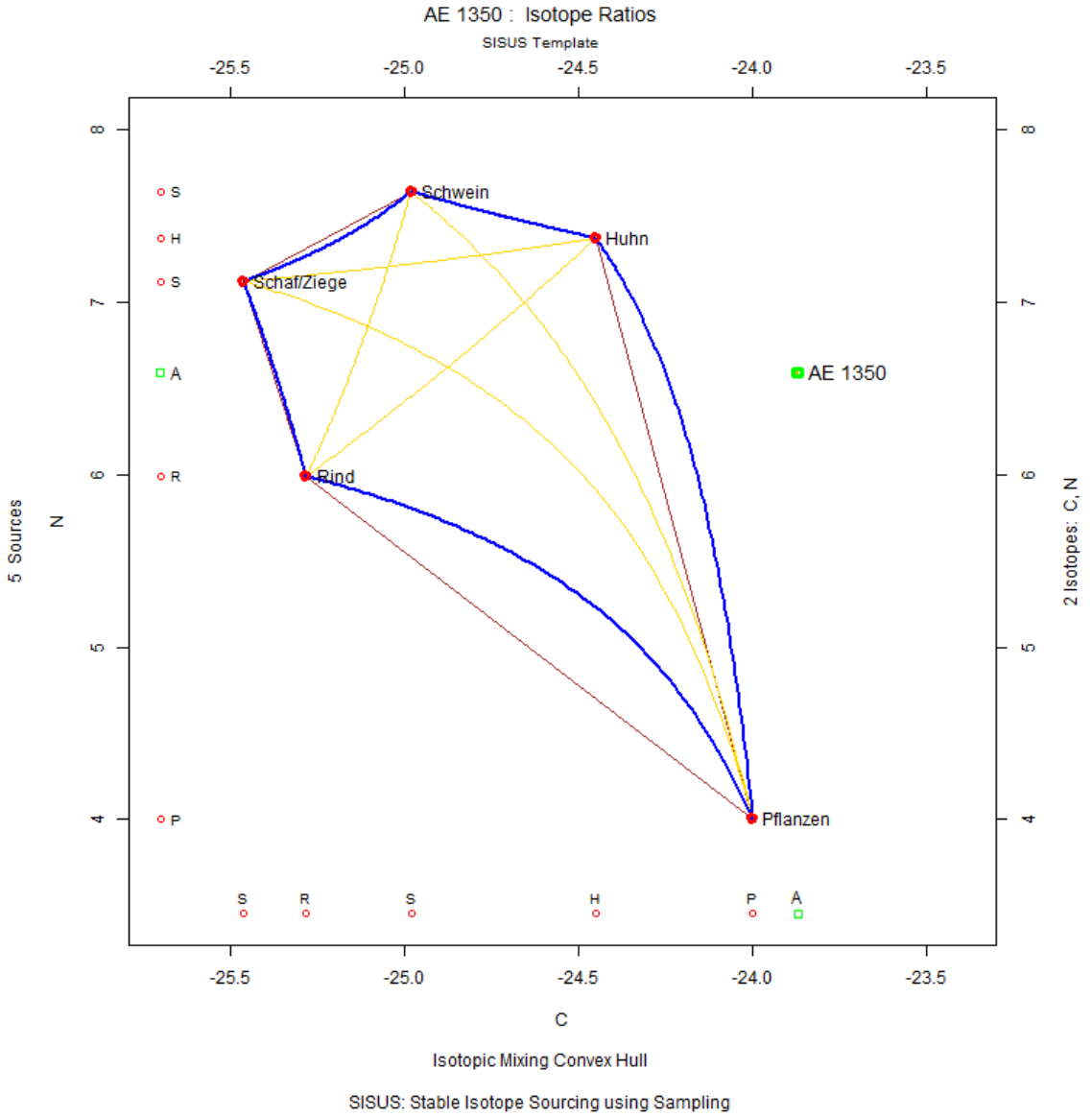


Abbildung 1270: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Erding-Altenerding (AE) 1350. Erstellt mit SISUS

11.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 35: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Erding-Altenerding (AE). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
AE55	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE76	Huhn	0,0%	23,0%	11,8%	22,8%	52,1%	52,1%
	Pflanzen	19,5%	38,3%	6,8%	39,5%	50,4%	30,9%
	Rind	0,0%	10,1%	6,6%	9,2%	28,3%	28,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,8%	7,3%	9,7%	31,0%	31,0%
	Schwein	0,0%	17,7%	11,9%	16,2%	47,5%	47,5%
AE91	Huhn	0,0%	7,2%	5,1%	6,3%	21,6%	21,6%
	Pflanzen	36,6%	46,9%	4,2%	46,9%	57,2%	20,6%
	Rind	14,0%	28,3%	5,7%	28,4%	41,8%	27,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,6%	6,8%	8,4%	28,8%	28,8%
	Schwein	0,0%	8,1%	5,7%	7,1%	24,1%	24,1%
AE92	Huhn	0,0%	16,4%	8,8%	16,2%	38,7%	38,7%
	Pflanzen	37,0%	51,0%	4,9%	51,8%	59,4%	22,4%
	Rind	0,0%	8,7%	5,6%	7,8%	24,2%	24,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,4%	6,3%	8,5%	26,7%	26,7%
	Schwein	0,0%	14,6%	9,7%	13,5%	38,7%	38,7%
AE105	Huhn	0,0%	12,8%	5,8%	12,9%	26,9%	26,9%
	Pflanzen	57,1%	65,2%	2,9%	65,7%	69,7%	12,6%
	Rind	0,0%	5,4%	3,7%	4,8%	16,0%	16,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,0%	4,2%	5,3%	17,9%	17,9%
	Schwein	0,0%	10,6%	7,5%	9,2%	29,9%	29,9%
AE106	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE117	Huhn	12,6%	32,1%	7,6%	32,5%	49,7%	37,1%
	Pflanzen	34,8%	45,4%	3,8%	45,9%	53,0%	18,2%
	Rind	0,0%	5,1%	3,6%	4,5%	15,4%	15,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,9%	4,1%	5,2%	17,6%	17,6%
	Schwein	0,0%	11,5%	8,1%	10,0%	34,3%	34,3%
AE142	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE146	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE151	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

AE154	Huhn	0,0%	4,7%	3,3%	4,2%	14,2%	14,2%
	Pflanzen	20,6%	27,9%	3,0%	27,9%	35,5%	14,8%
	Rind	45,0%	55,4%	4,1%	55,6%	65,2%	20,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,5%	4,6%	5,7%	19,6%	19,6%
	Schwein	0,0%	5,4%	3,8%	4,8%	16,2%	16,2%
AE156	Huhn	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,2%	12,2%
	Pflanzen	66,6%	71,8%	2,2%	71,7%	77,4%	10,8%
	Rind	4,7%	12,9%	3,4%	12,9%	21,2%	16,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,0%	4,2%	5,2%	17,9%	17,9%
	Schwein	0,0%	5,2%	3,7%	4,5%	15,6%	15,6%
AE189	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE192	Huhn	30,5%	41,7%	4,4%	42,0%	51,8%	21,3%
	Pflanzen	39,8%	45,7%	2,2%	46,0%	50,1%	10,3%
	Rind	0,0%	2,8%	2,0%	2,4%	8,4%	8,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,3%	2,3%	2,9%	9,8%	9,8%
	Schwein	0,0%	6,5%	4,6%	5,7%	19,4%	19,4%
AE201	Huhn	0,0%	3,8%	2,7%	3,4%	11,5%	11,5%
	Pflanzen	21,9%	27,9%	2,5%	27,8%	34,0%	12,1%
	Rind	49,8%	58,5%	3,4%	58,6%	66,5%	16,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,3%	3,8%	4,6%	16,1%	16,1%
	Schwein	0,0%	4,5%	3,2%	3,9%	13,4%	13,4%
AE204	Huhn	0,0%	15,6%	7,2%	15,7%	33,1%	33,1%
	Pflanzen	48,2%	58,6%	3,7%	59,2%	64,7%	16,4%
	Rind	0,0%	6,3%	4,4%	5,6%	18,7%	18,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,0%	4,9%	6,3%	20,8%	20,8%
	Schwein	0,0%	12,5%	8,6%	11,1%	34,7%	34,7%
AE218	Huhn	0,0%	7,4%	5,2%	6,5%	22,0%	22,0%
	Pflanzen	44,5%	54,6%	4,2%	54,5%	64,8%	20,3%
	Rind	5,8%	20,1%	5,7%	20,3%	33,6%	27,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,8%	7,0%	8,6%	29,4%	29,4%
	Schwein	0,0%	8,2%	5,9%	7,3%	24,7%	24,7%
AE224	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE256	Huhn	1,1%	32,1%	12,0%	32,9%	59,7%	58,6%
	Pflanzen	17,5%	34,8%	6,4%	35,5%	48,0%	30,5%
	Rind	0,0%	7,5%	5,4%	6,6%	22,9%	22,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,6%	6,1%	7,5%	25,6%	25,6%
	Schwein	0,0%	17,0%	12,1%	15,0%	50,9%	50,9%
AE272	Huhn	8,7%	27,1%	7,2%	27,5%	43,7%	35,0%
	Pflanzen	40,7%	50,6%	3,6%	51,0%	57,4%	16,7%
	Rind	0,0%	5,2%	3,7%	4,6%	15,6%	15,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,8%	4,1%	5,1%	17,7%	17,7%
	Schwein	0,0%	11,3%	8,0%	9,9%	33,8%	33,8%
AE280	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

AE289	Huhn	0,0%	1,5%	1,1%	1,3%	4,5%	4,5%
	Pflanzen	72,0%	73,9%	0,8%	73,8%	76,0%	4,0%
	Rind	17,0%	20,2%	1,3%	20,2%	23,5%	6,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,3%	1,6%	2,1%	7,0%	7,0%
	Schwein	0,0%	2,0%	1,5%	1,8%	6,2%	6,2%
AE297	Huhn	0,0%	36,5%	0,9%	36,5%	38,6%	4,3%
	Pflanzen	59,4%	60,6%	0,4%	60,6%	61,3%	1,9%
	Rind	0,0%	0,7%	0,5%	0,6%	2,0%	2,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,8%	0,6%	0,7%	2,4%	2,4%
	Schwein	0,0%	1,5%	1,1%	1,3%	4,4%	4,4%
AE329	Huhn	48,9%	52,5%	1,4%	52,6%	55,7%	6,7%
	Pflanzen	41,9%	43,7%	0,7%	43,8%	45,1%	3,2%
	Rind	0,0%	0,8%	0,6%	0,7%	2,5%	2,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	3,0%	3,0%
	Schwein	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	5,9%	5,9%
AE343	Huhn	1,7%	4,1%	1,0%	4,1%	6,8%	5,0%
	Pflanzen	89,0%	90,3%	0,5%	90,4%	91,4%	2,4%
	Rind	0,0%	1,4%	1,0%	1,3%	4,2%	4,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,6%	1,1%	1,4%	4,7%	4,7%
	Schwein	0,0%	2,5%	1,8%	2,2%	7,6%	7,6%
AE344	Huhn	36,7%	41,6%	2,0%	41,7%	46,2%	9,5%
	Pflanzen	49,9%	52,5%	0,9%	52,6%	54,3%	4,4%
	Rind	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	4,0%	4,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,6%	1,1%	1,4%	4,7%	4,7%
	Schwein	0,0%	3,0%	2,1%	2,7%	9,1%	9,1%
AE421	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE427	Huhn	0,0%	32,5%	12,7%	33,4%	61,9%	61,9%
	Pflanzen	14,1%	32,6%	6,8%	33,4%	46,8%	32,7%
	Rind	0,0%	8,0%	5,6%	7,1%	24,1%	24,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,9%	6,3%	7,8%	26,9%	26,9%
	Schwein	0,0%	18,0%	12,5%	16,0%	53,1%	53,1%
AE452	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE469	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE487	Huhn	11,8%	34,1%	8,5%	34,6%	53,6%	41,8%
	Pflanzen	29,6%	41,5%	4,4%	42,0%	50,5%	20,9%
	Rind	0,0%	5,7%	4,0%	5,0%	16,8%	16,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,4%	4,5%	5,6%	19,1%	19,1%
	Schwein	0,0%	12,4%	8,8%	10,8%	37,7%	37,7%
AE492	Huhn	0,0%	5,0%	3,6%	4,4%	15,0%	15,0%
	Pflanzen	53,5%	60,2%	2,8%	60,2%	67,3%	13,8%
	Rind	11,5%	21,7%	4,1%	21,7%	31,5%	20,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,0%	5,0%	6,2%	21,2%	21,2%
	Schwein	0,0%	6,1%	4,3%	5,3%	18,1%	18,1%

AE501	Huhn	33,7%	48,9%	5,8%	49,3%	62,2%	28,5%
	Pflanzen	27,6%	35,6%	3,0%	36,0%	36,0%	14,4%
	Rind	0,0%	3,4%	2,4%	3,0%	10,2%	10,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,0%	2,8%	3,5%	11,9%	11,9%
	Schwein	0,0%	8,1%	5,7%	7,2%	24,3%	24,3%
AE513	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE516	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE521	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE530	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE554	Huhn	0,0%	3,0%	2,1%	2,7%	9,0%	9,0%
	Pflanzen	64,5%	68,4%	1,7%	68,4%	72,7%	8,2%
	Rind	13,9%	20,2%	2,6%	20,2%	26,5%	12,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,5%	3,2%	3,9%	13,5%	13,5%
	Schwein	0,0%	3,9%	2,8%	3,4%	11,7%	11,7%
AE587	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE604	Huhn	9,5%	18,2%	3,5%	18,3%	26,7%	17,2%
	Pflanzen	63,8%	68,5%	1,7%	68,8%	71,1%	7,3%
	Rind	0,0%	3,2%	2,3%	2,8%	9,5%	9,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,6%	2,6%	3,1%	10,8%	10,8%
	Schwein	0,0%	6,5%	4,6%	5,7%	19,4%	19,4%
AE607	Huhn	0,0%	8,1%	5,5%	7,2%	23,6%	23,6%
	Pflanzen	51,1%	61,4%	4,1%	61,6%	69,7%	18,6%
	Rind	0,0%	11,4%	5,6%	11,3%	25,3%	25,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,1%	6,8%	9,2%	27,4%	27,4%
	Schwein	0,0%	9,0%	6,1%	8,1%	26,6%	26,6%
AE618	Huhn	0,0%	7,3%	5,1%	6,4%	21,8%	21,8%
	Pflanzen	35,6%	46,0%	4,3%	46,0%	56,5%	20,9%
	Rind	14,5%	29,0%	5,7%	29,1%	42,6%	28,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,6%	6,9%	8,4%	29,0%	29,0%
	Schwein	0,0%	8,1%	5,7%	7,2%	24,3%	24,3%
AE625	Huhn	0,0%	8,8%	5,9%	7,9%	25,5%	25,5%
	Pflanzen	48,2%	59,3%	4,3%	59,5%	67,9%	19,8%
	Rind	0,0%	11,8%	5,8%	11,7%	26,3%	26,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,4%	7,1%	9,3%	28,5%	28,5%
	Schwein	0,0%	9,8%	6,7%	8,7%	28,3%	28,3%

AE631	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE646	Huhn	0,0%	8,0%	5,6%	7,0%	23,8%	23,8%
	Pflanzen	45,5%	56,4%	4,4%	56,4%	67,3%	21,7%
	Rind	1,2%	16,4%	6,0%	16,6%	30,7%	29,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,5%	7,4%	9,2%	31,5%	31,5%
	Schwein	0,0%	8,8%	6,2%	7,6%	26,5%	26,5%
AE652	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE657	Huhn	0,0%	17,0%	8,9%	17,3%	38,0%	38,0%
	Pflanzen	0,0%	6,4%	4,2%	5,9%	16,6%	16,6%
	Rind	0,0%	4,2%	2,7%	3,9%	11,4%	11,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,7%	6,6%	9,9%	28,6%	28,6%
	Schwein	33,4%	61,8%	10,4%	63,1%	81,6%	48,2%
AE658	Huhn	0,0%	9,7%	6,2%	8,8%	26,5%	26,5%
	Pflanzen	49,8%	60,6%	4,1%	61,0%	67,9%	67,9%
	Rind	0,0%	9,7%	5,4%	9,4%	23,7%	23,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,5%	6,4%	8,7%	25,9%	25,9%
	Schwein	0,0%	10,4%	6,9%	9,5%	29,2%	29,2%
AE674	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE729	Huhn	24,0%	50,7%	10,2%	51,4%	73,5%	49,5%
	Pflanzen	10,0%	24,3%	5,4%	24,8%	24,8%	26,4%
	Rind	0,0%	5,5%	3,9%	4,9%	16,5%	16,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,4%	4,5%	5,6%	19,1%	19,1%
	Schwein	0,0%	13,1%	9,3%	11,6%	39,6%	39,6%
AE788	Huhn	0,0%	14,3%	10,0%	12,6%	42,9%	42,9%
	Pflanzen	9,5%	30,9%	8,4%	31,2%	50,2%	40,7%
	Rind	0,0%	24,3%	9,8%	24,8%	47,6%	47,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,7%	11,7%	14,9%	49,0%	49,0%
	Schwein	0,0%	13,8%	9,7%	12,1%	41,3%	41,3%
AE809	Huhn	0,0%	21,2%	13,2%	19,8%	53,7%	53,7%
	Pflanzen	0,0%	22,5%	9,8%	23,7%	40,9%	40,9%
	Rind	0,0%	18,9%	10,0%	18,9%	41,2%	41,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,3%	11,8%	16,9%	47,8%	47,8%
	Schwein	0,0%	19,0%	12,4%	17,6%	52,6%	52,6%
AE820	Huhn	0,0%	14,1%	8,7%	13,3%	37,5%	37,5%
	Pflanzen	0,0%	11,1%	6,9%	10,4%	27,7%	27,7%
	Rind	0,0%	17,5%	8,5%	18,2%	35,0%	35,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	32,0%	14,9%	33,3%	62,3%	62,3%
	Schwein	0,0%	25,3%	15,5%	23,9%	62,9%	62,9%
AE830	Huhn	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,3%	12,3%
	Pflanzen	37,9%	43,9%	2,5%	43,8%	50,1%	12,2%
	Rind	32,6%	41,4%	3,5%	41,5%	49,8%	17,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,8%	4,1%	5,1%	17,4%	17,4%
	Schwein	0,0%	4,9%	3,5%	4,3%	14,6%	14,6%

AE897	Huhn	52,2%	53,2%	0,4%	53,2%	54,0%	1,8%
	Pflanzen	45,3%	45,8%	0,2%	45,8%	46,2%	0,8%
	Rind	0,0%	0,2%	0,2%	0,2%	0,7%	0,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,3%	0,2%	0,2%	0,8%	0,8%
	Schwein	0,0%	0,5%	0,4%	0,5%	1,6%	1,6%
AE902	Huhn	0,0%	2,5%	1,8%	2,2%	7,6%	7,6%
	Pflanzen	35,7%	39,5%	1,6%	39,4%	43,4%	7,7%
	Rind	45,6%	51,3%	2,3%	51,4%	56,7%	11,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,7%	2,6%	3,2%	11,0%	11,0%
	Schwein	0,0%	3,0%	2,2%	2,6%	9,2%	9,2%
AE903	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE909	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE948	Huhn	47,7%	53,2%	2,0%	53,5%	57,2%	9,5%
	Pflanzen	0,0%	1,4%	1,0%	1,2%	4,3%	4,3%
	Rind	0,0%	0,6%	0,4%	0,5%	1,7%	1,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,4%	1,0%	1,2%	4,1%	4,1%
	Schwein	38,7%	43,4%	1,9%	43,4%	48,1%	9,4%
AE997	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1037	Huhn	0,0%	15,0%	9,0%	14,0%	39,6%	39,6%
	Pflanzen	29,8%	46,2%	6,0%	46,9%	57,0%	27,3%
	Rind	0,0%	12,4%	7,0%	12,0%	30,7%	30,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,3%	8,1%	11,4%	33,1%	33,1%
	Schwein	0,0%	14,1%	9,3%	13,0%	39,1%	39,1%
AE1083	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1108	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1119	Huhn	0,0%	9,6%	6,5%	8,6%	28,1%	28,1%
	Pflanzen	43,2%	55,6%	4,8%	55,8%	65,4%	22,2%
	Rind	0,0%	13,0%	6,4%	13,0%	28,8%	28,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,3%	7,7%	10,1%	31,0%	31,0%
	Schwein	0,0%	10,4%	7,1%	9,3%	30,3%	30,3%
AE1125	Huhn	0,0%	9,3%	6,6%	8,3%	28,2%	28,2%
	Pflanzen	32,4%	45,8%	5,4%	46,0%	59,0%	26,6%
	Rind	4,9%	22,7%	7,0%	22,9%	39,4%	34,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,0%	8,4%	10,6%	36,1%	36,1%
	Schwein	0,0%	10,1%	7,1%	8,9%	30,0%	30,0%

AE1135	Huhn	0,0%	6,0%	4,1%	5,4%	16,2%	16,2%
	Pflanzen	0,0%	2,5%	1,7%	2,2%	7,4%	7,4%
	Rind	0,0%	3,5%	2,4%	3,1%	10,2%	10,2%
	Schaf/Ziege	57,5%	72,3%	5,7%	72,7%	83,7%	26,2%
	Schwein	0,0%	15,7%	7,3%	16,1%	32,3%	32,3%
AE1284	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1299	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1323	Huhn	0,0%	22,9%	13,4%	21,8%	58,0%	58,0%
	Pflanzen	4,2%	28,6%	8,8%	30,0%	44,4%	40,2%
	Rind	0,0%	14,8%	8,7%	14,0%	37,8%	37,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,8%	9,8%	13,6%	40,3%	40,3%
	Schwein	0,0%	18,9%	12,6%	17,3%	51,2%	51,2%
AE1332	Huhn	0,0%	14,3%	9,7%	12,7%	41,5%	41,5%
	Pflanzen	17,9%	37,5%	7,6%	38,0%	53,0%	35,1%
	Rind	0,0%	19,0%	9,0%	19,2%	40,6%	40,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,4%	10,6%	13,8%	42,6%	42,6%
	Schwein	0,0%	13,7%	9,5%	12,1%	40,4%	40,4%
AE1334	Huhn	0,0%	8,6%	6,1%	7,5%	25,8%	25,8%
	Pflanzen	15,8%	28,8%	5,3%	28,9%	41,8%	26,1%
	Rind	25,0%	42,4%	6,9%	42,7%	58,5%	33,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,0%	7,8%	9,7%	33,2%	33,2%
	Schwein	0,0%	9,2%	6,5%	8,2%	27,4%	27,4%
AE1343	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
AE1350	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

12 Deutschland (Frühmittelalter) – Ingolstadt-Etting

12.1 MixSIAR: Abbildungen

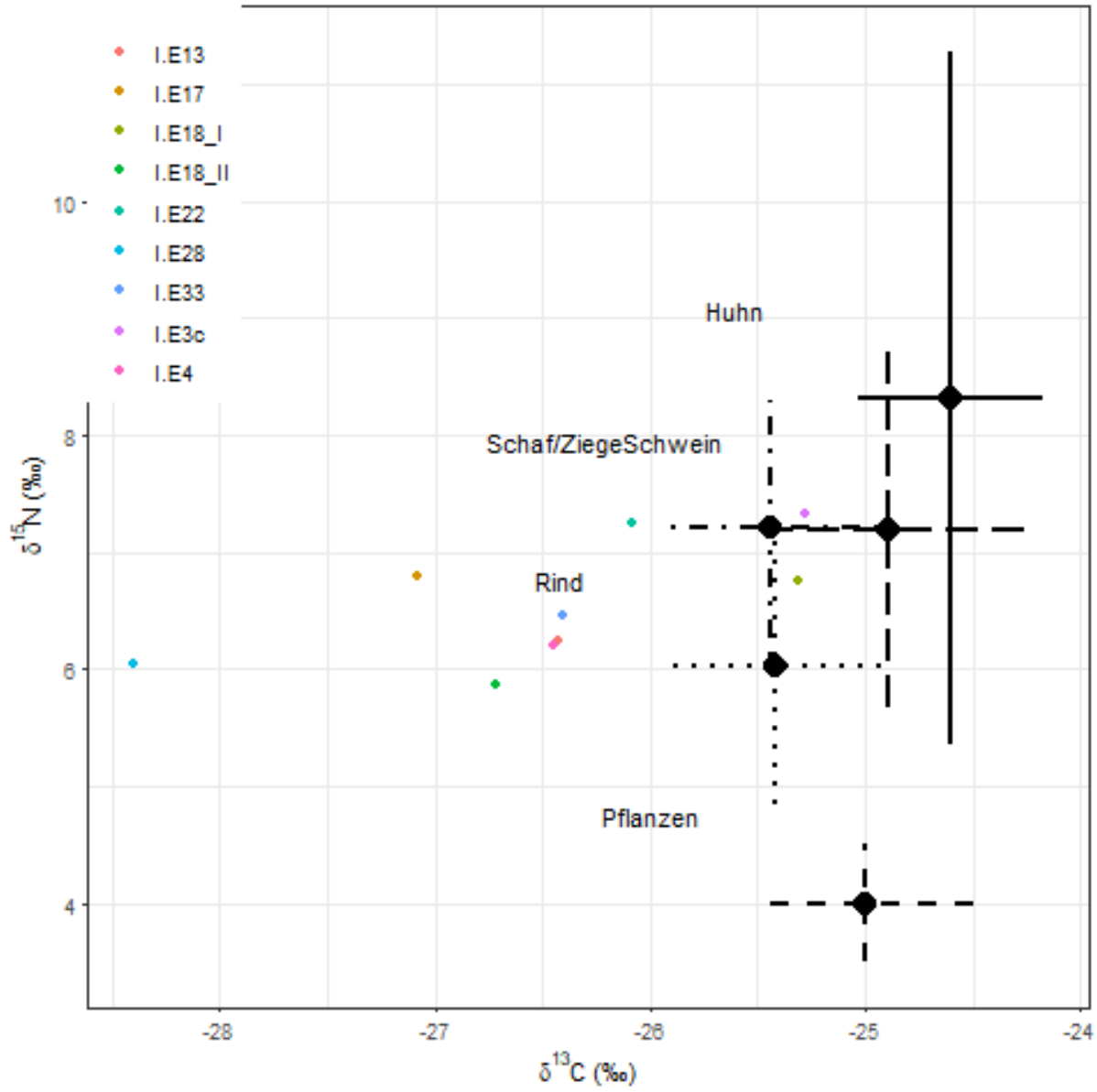


Abbildung 1271: Isospace Plot der Individuen aus Ingolstadt-Etting. Erstellt mit MixSIAR.

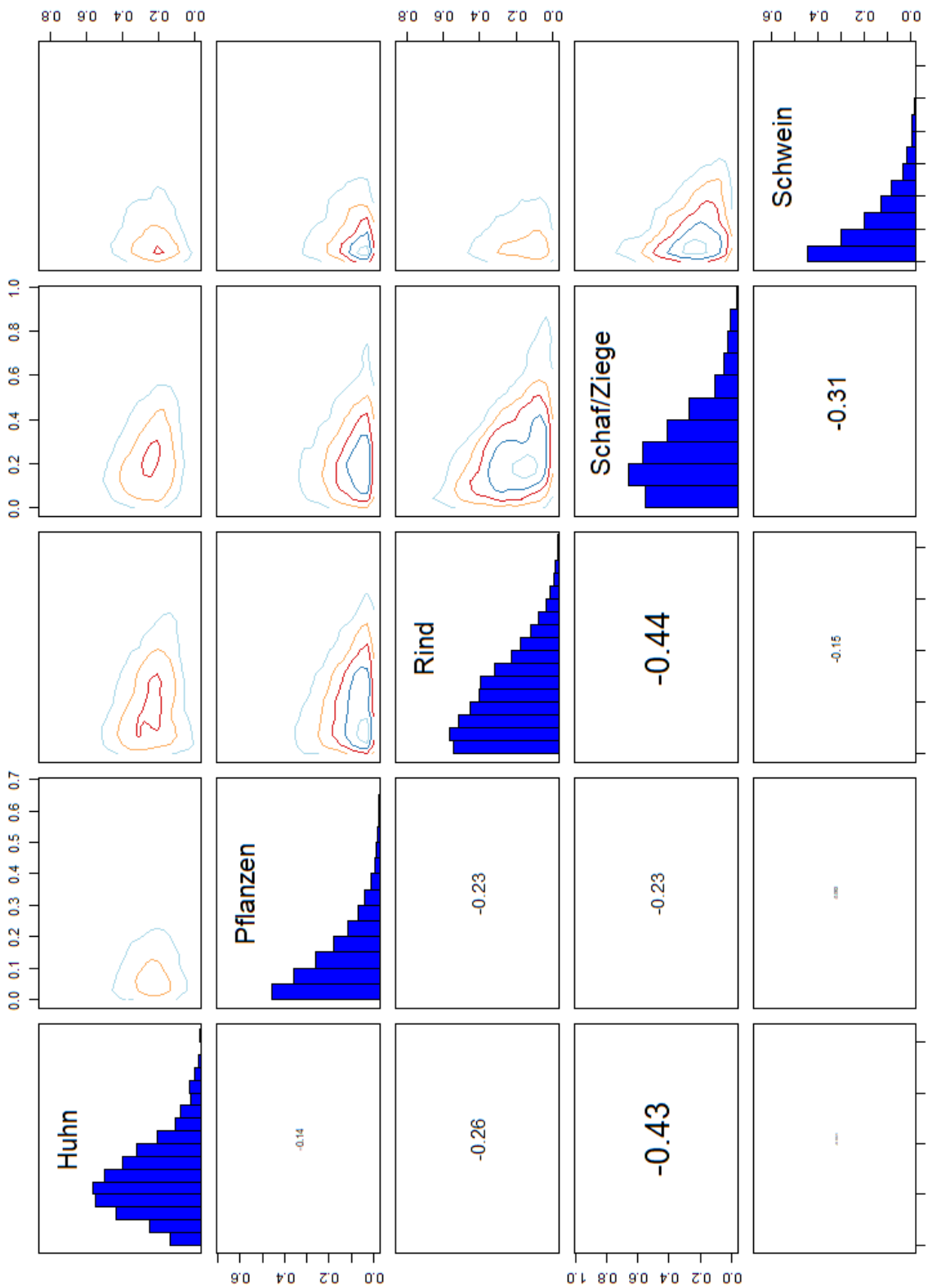


Abbildung 1272: Pairs Plot der Population aus Ingolstadt-Etting. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

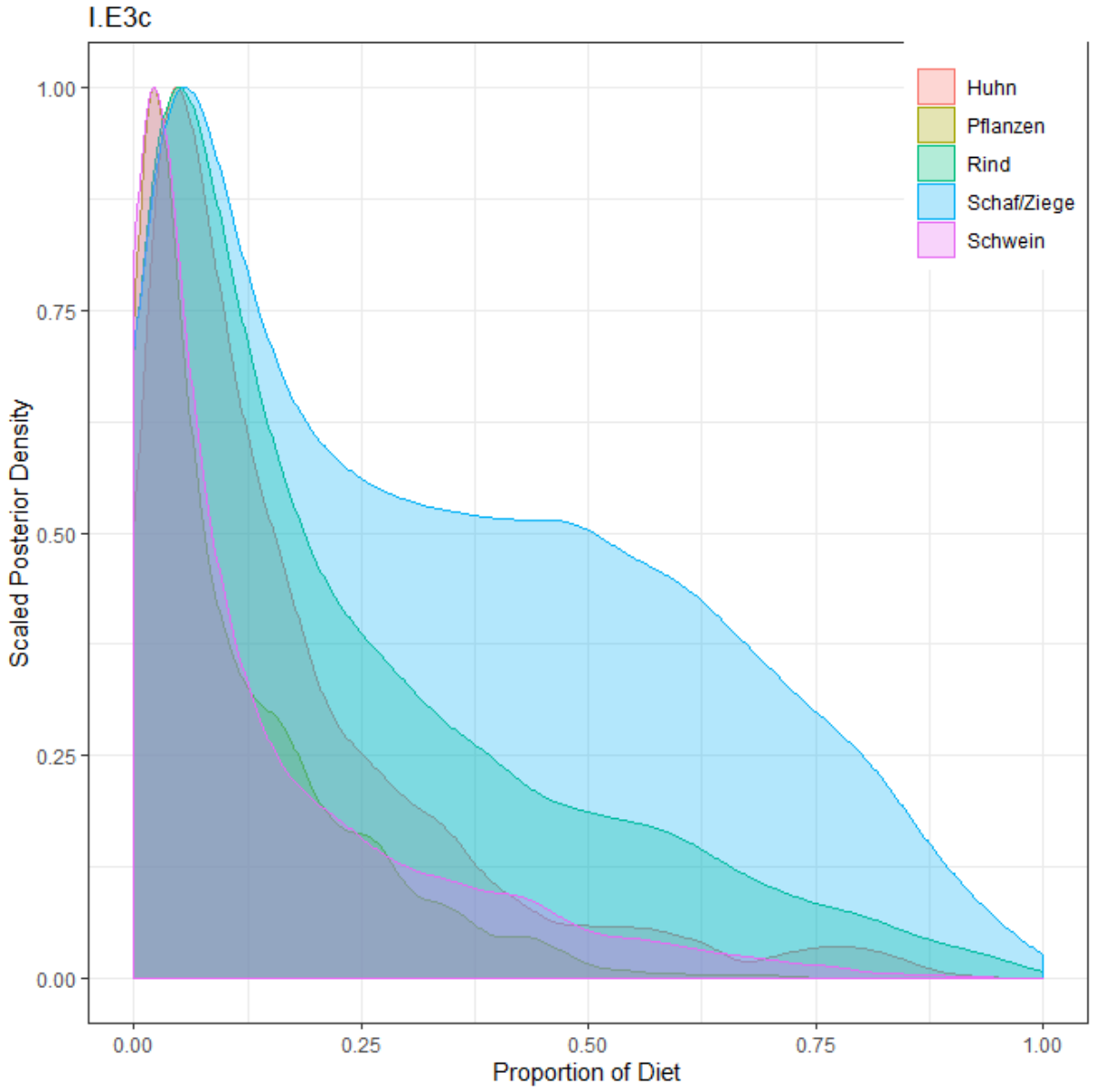


Abbildung 1273: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 3c. Erstellt mit MixSIAR.

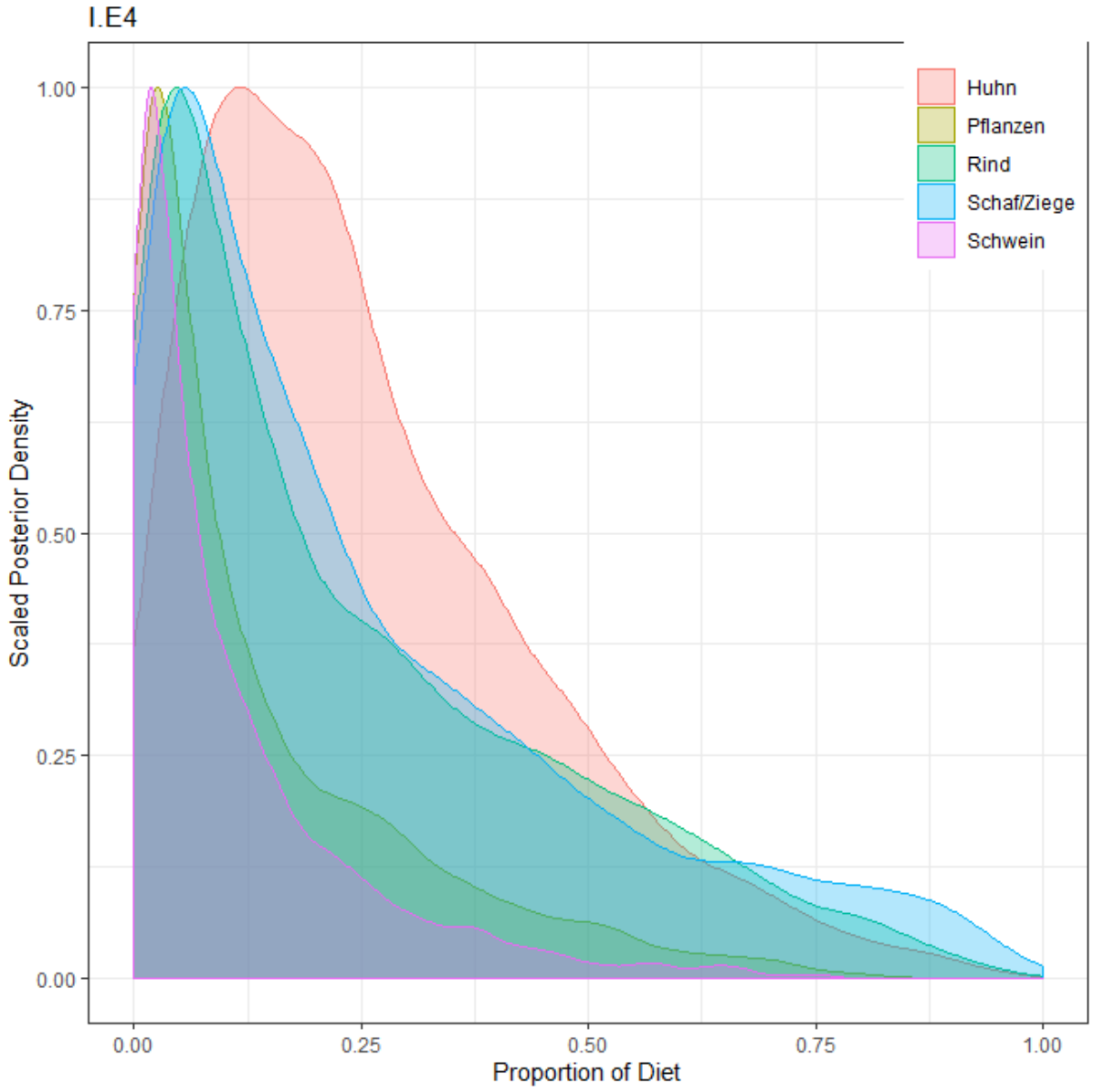


Abbildung 1274: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 4. Erstellt mit MixSIAR.

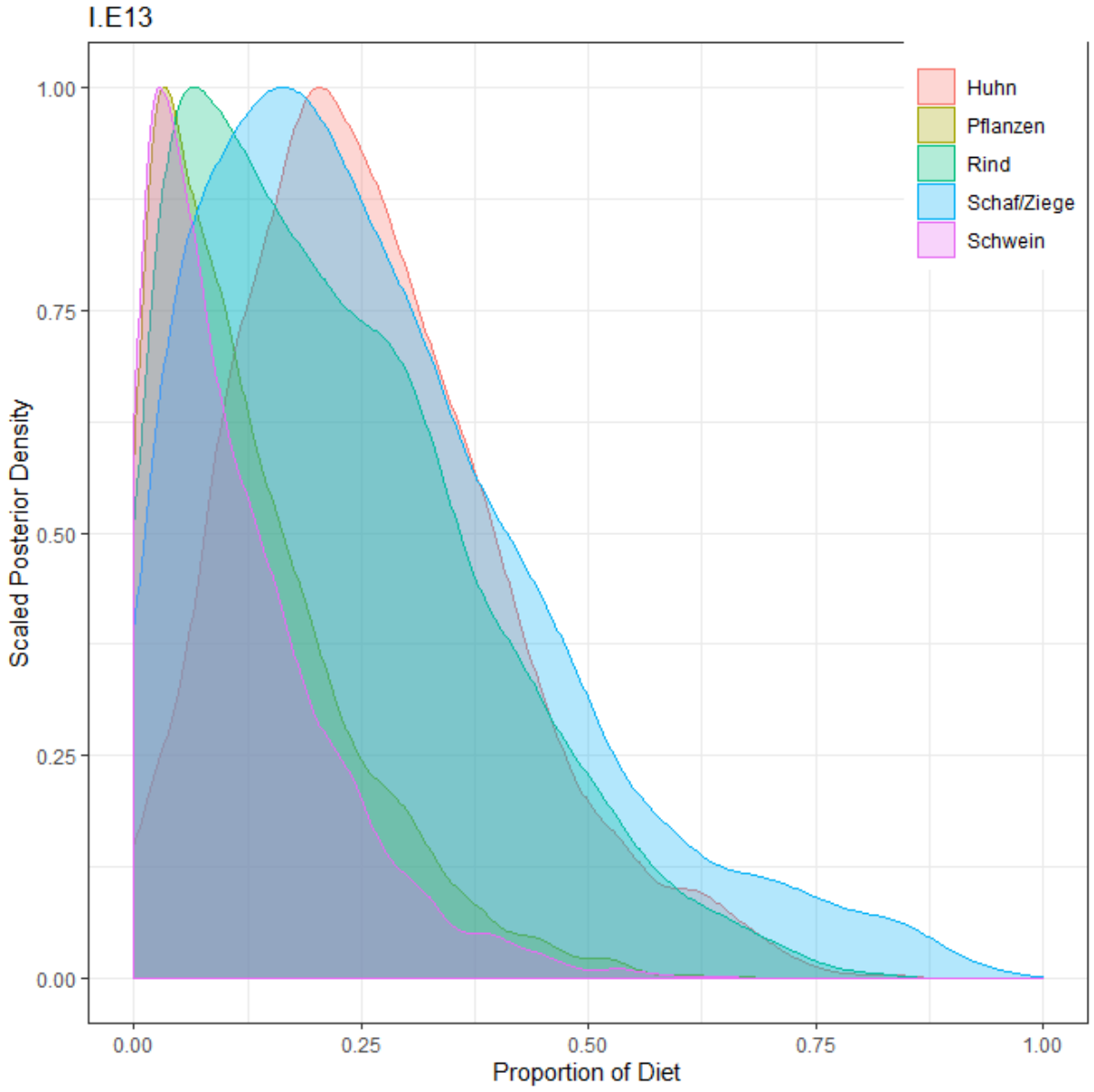


Abbildung 1275: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 13. Erstellt mit MixSIAR.

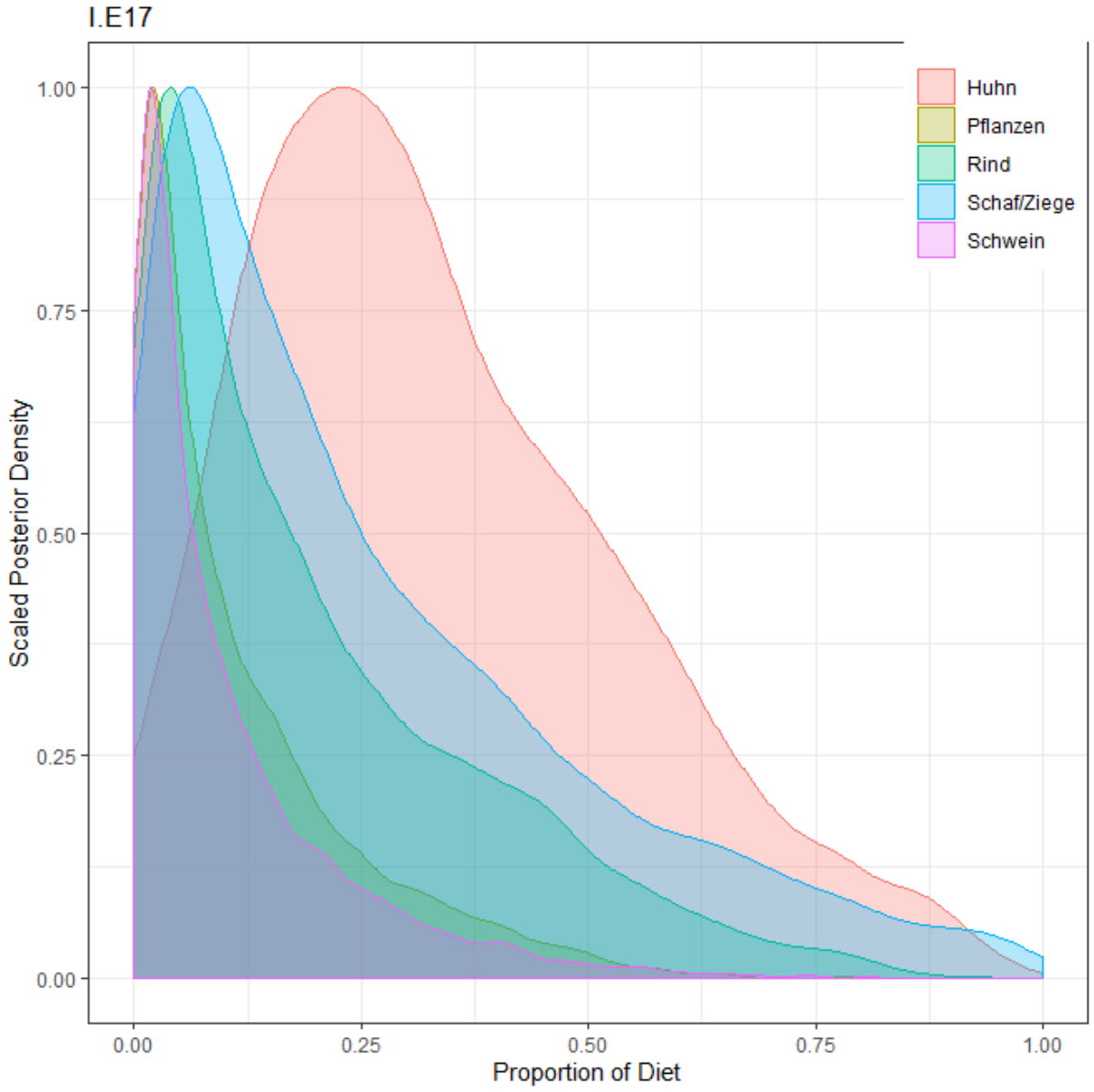


Abbildung 1276: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 17. Erstellt mit MixSIAR.

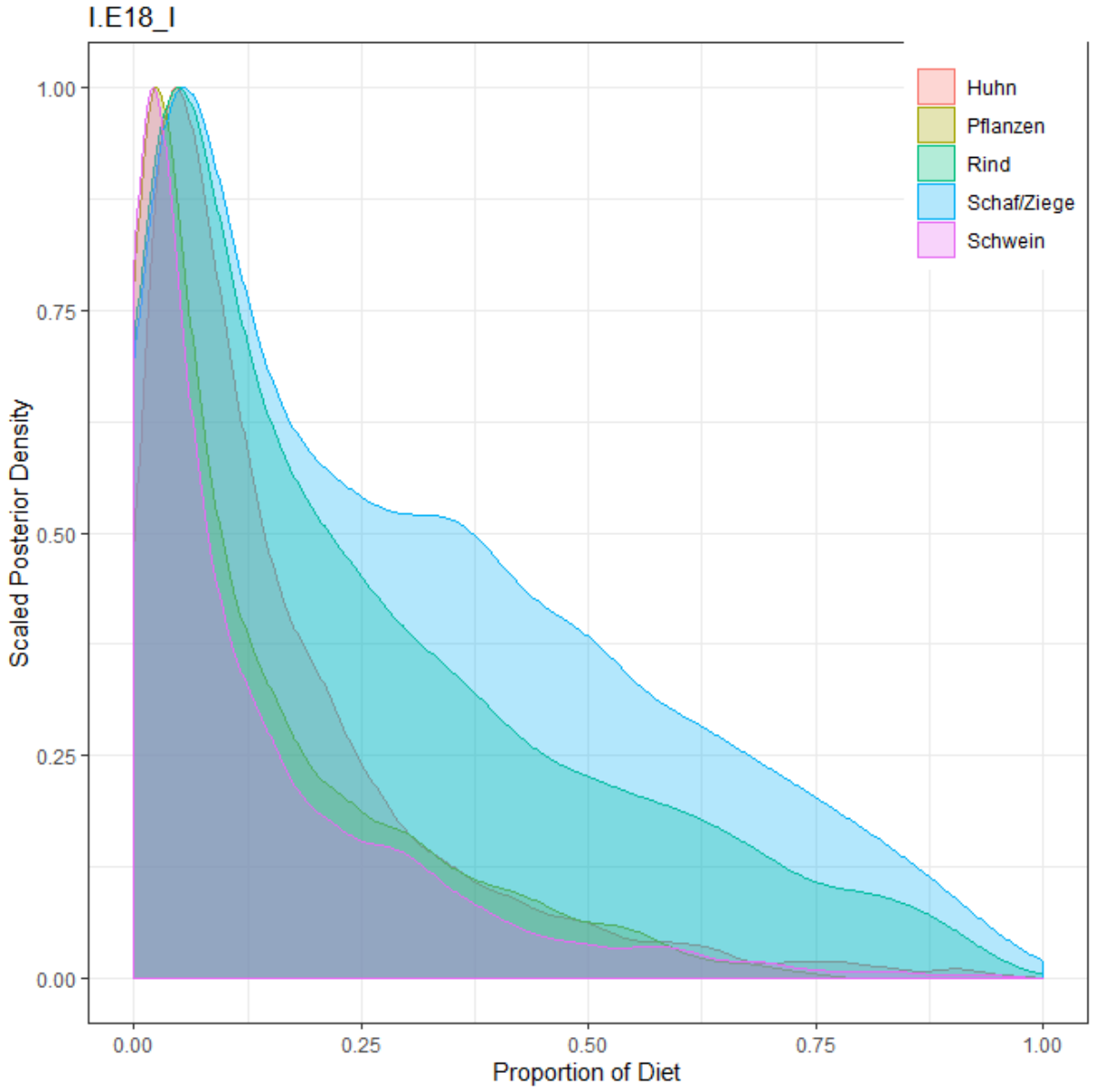


Abbildung 1277: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 18 I. Erstellt mit MixSIAR.

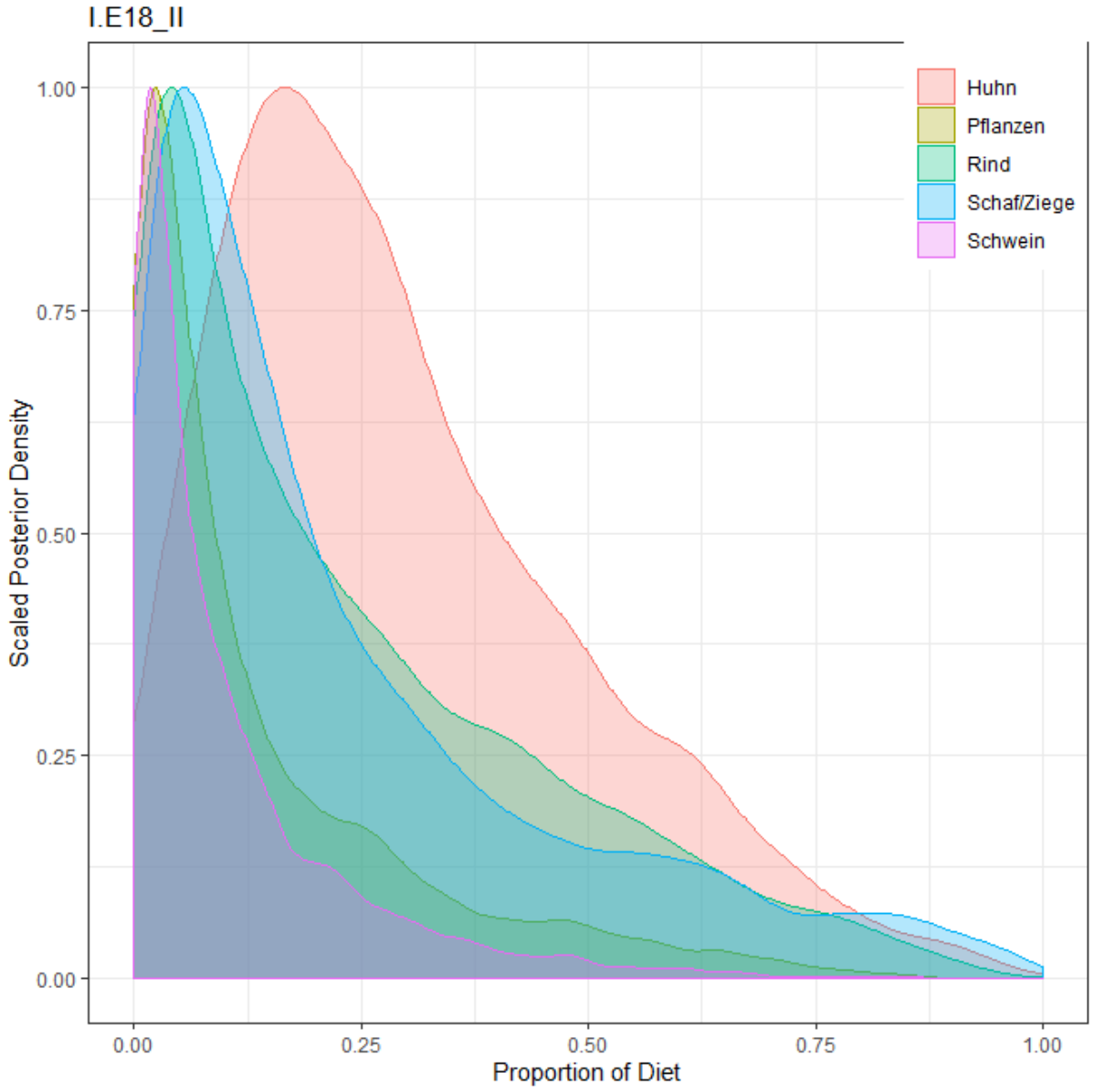


Abbildung 1278: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 18 II. Erstellt mit MixSIAR.

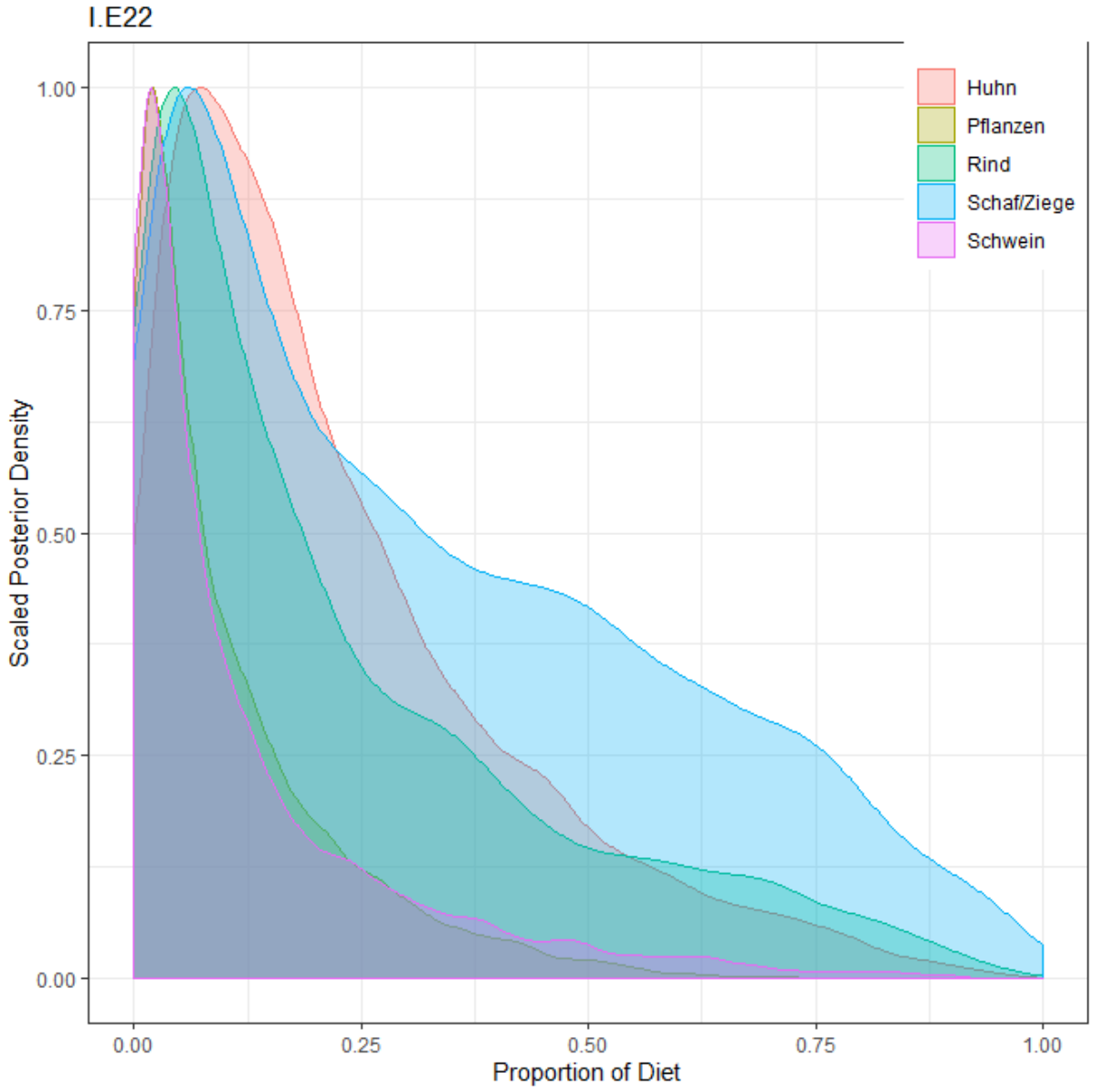


Abbildung 1279: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 22. Erstellt mit MixSIAR.

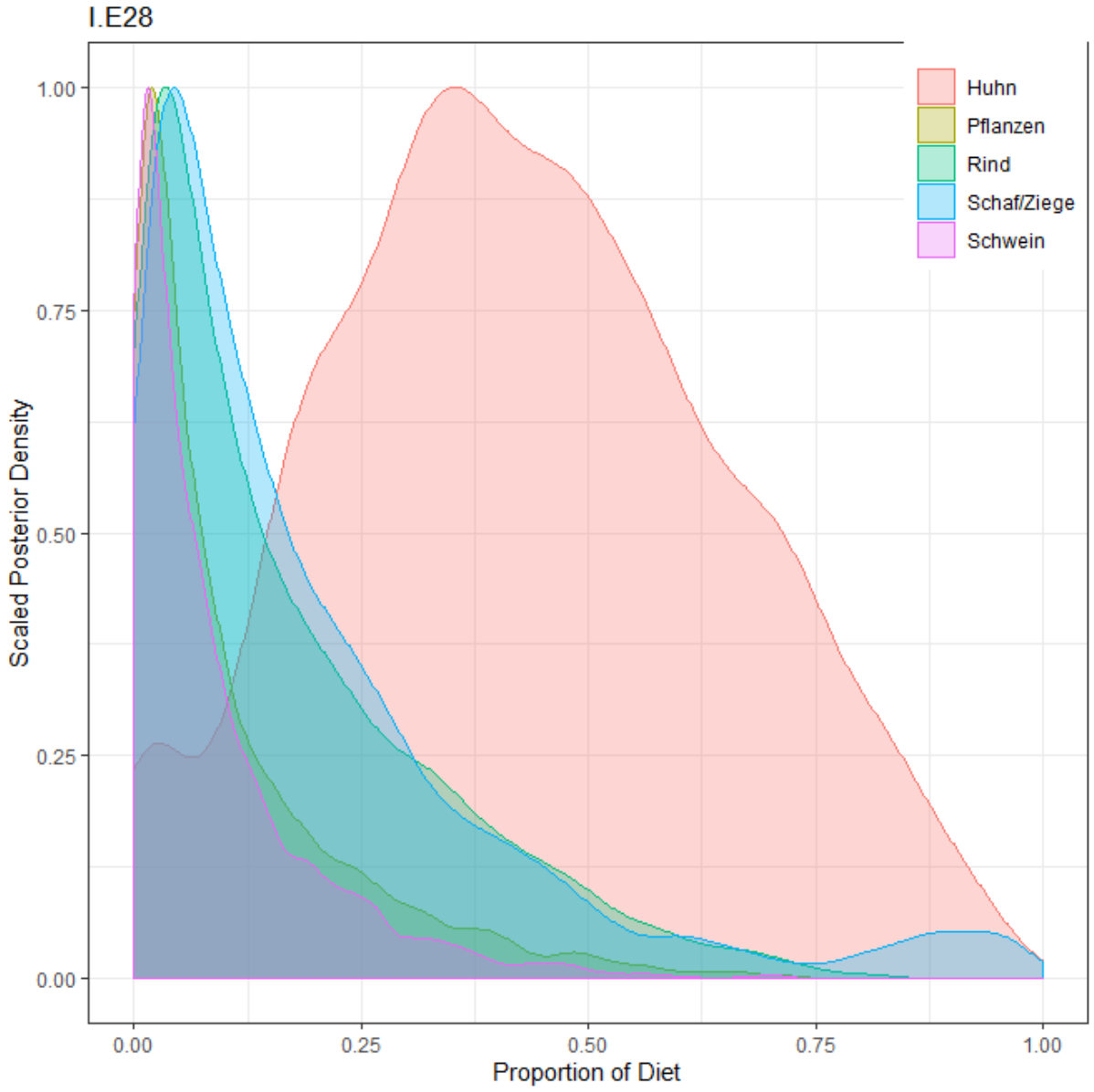


Abbildung 1280: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 28. Erstellt mit MixSIAR.

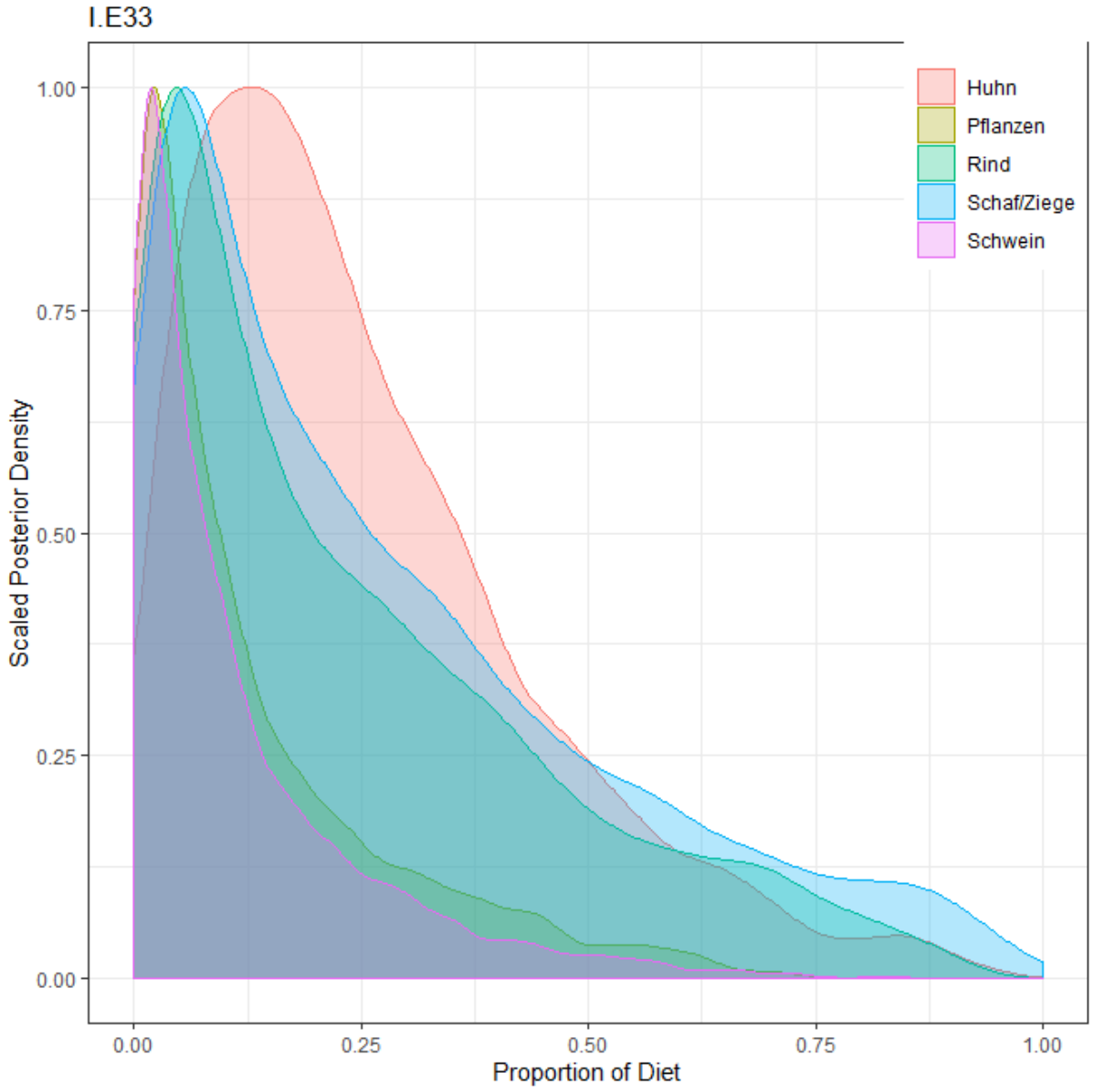


Abbildung 1281: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Ingolstadt-Etting (I.E) 33. Erstellt mit MixSIAR.

12.2 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 36: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Ingolstadt-Etting (I.E). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
I.E3c	Huhn	0,8%	17,2%	17,4%	11,2%	70,7%
	Pflanzen	0,2%	11,4%	12,0%	6,8%	43,3%
	Rind	0,4%	23,3%	22,4%	15,3%	79,3%
	Schaf/Ziege	0,7%	33,7%	25,8%	29,6%	86,0%
	Schwein	0,1%	14,4%	17,1%	7,3%	61,8%
I.E4	Huhn	1,2%	25,5%	18,4%	21,4%	71,1%
	Pflanzen	0,2%	14,4%	16,1%	7,8%	58,7%
	Rind	0,4%	23,8%	21,9%	16,2%	78,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	25,2%	23,6%	17,2%	85,9%
	Schwein	0,1%	11,1%	13,2%	6,1%	49,1%
I.E13	Huhn	3,1%	26,4%	14,4%	24,4%	61,1%
	Pflanzen	0,5%	12,9%	11,0%	10,0%	41,1%
	Rind	1,0%	22,4%	16,1%	19,6%	59,4%
	Schaf/Ziege	1,4%	26,8%	18,9%	23,1%	75,0%
	Schwein	0,4%	11,5%	10,2%	8,6%	38,6%
I.E17	Huhn	1,5%	33,3%	20,3%	29,8%	80,5%
	Pflanzen	0,2%	11,6%	12,4%	7,1%	45,3%
	Rind	0,3%	19,4%	18,2%	13,5%	65,3%
	Schaf/Ziege	0,7%	25,4%	22,7%	18,3%	82,8%
	Schwein	0,1%	10,4%	12,3%	5,8%	44,8%
I.E18/1	Huhn	0,8%	16,3%	16,5%	10,7%	63,3%
	Pflanzen	0,2%	14,3%	15,5%	8,2%	55,4%
	Rind	0,4%	25,3%	23,2%	18,0%	81,8%
	Schaf/Ziege	0,6%	30,4%	24,8%	25,1%	85,2%
	Schwein	0,1%	13,7%	16,5%	7,1%	61,1%
I.E18/II	Huhn	1,5%	29,4%	19,6%	25,5%	75,8%
	Pflanzen	0,2%	14,2%	16,7%	7,3%	62,8%
	Rind	0,4%	22,9%	21,3%	16,2%	75,7%
	Schaf/Ziege	0,5%	23,2%	22,7%	15,0%	84,3%
	Schwein	0,1%	10,4%	12,7%	5,5%	48,0%
I.E22	Huhn	0,9%	22,2%	18,6%	16,7%	71,5%
	Pflanzen	0,2%	10,8%	11,7%	6,4%	43,2%
	Rind	0,4%	22,4%	22,1%	14,5%	78,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	31,9%	25,8%	26,1%	87,9%
	Schwein	0,1%	12,7%	16,0%	6,2%	60,4%
I.E28	Huhn	1,5%	43,3%	21,7%	42,2%	85,9%
	Pflanzen	0,1%	11,0%	12,7%	6,1%	47,7%
	Rind	0,3%	16,9%	16,2%	11,6%	57,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	19,7%	20,7%	12,9%	87,1%
	Schwein	0,1%	9,1%	10,5%	5,4%	38,2%
I.E33	Huhn	1,5%	25,1%	18,5%	20,7%	71,7%
	Pflanzen	0,2%	13,2%	14,7%	7,6%	54,7%
	Rind	0,4%	23,5%	21,6%	16,9%	77,1%
	Schaf/Ziege	0,6%	26,7%	23,8%	20,2%	86,0%
	Schwein	0,1%	11,4%	13,4%	6,5%	50,3%

13 Deutschland (Frühmittelalter) – Großmehring

13.1 MixSIAR: Abbildungen

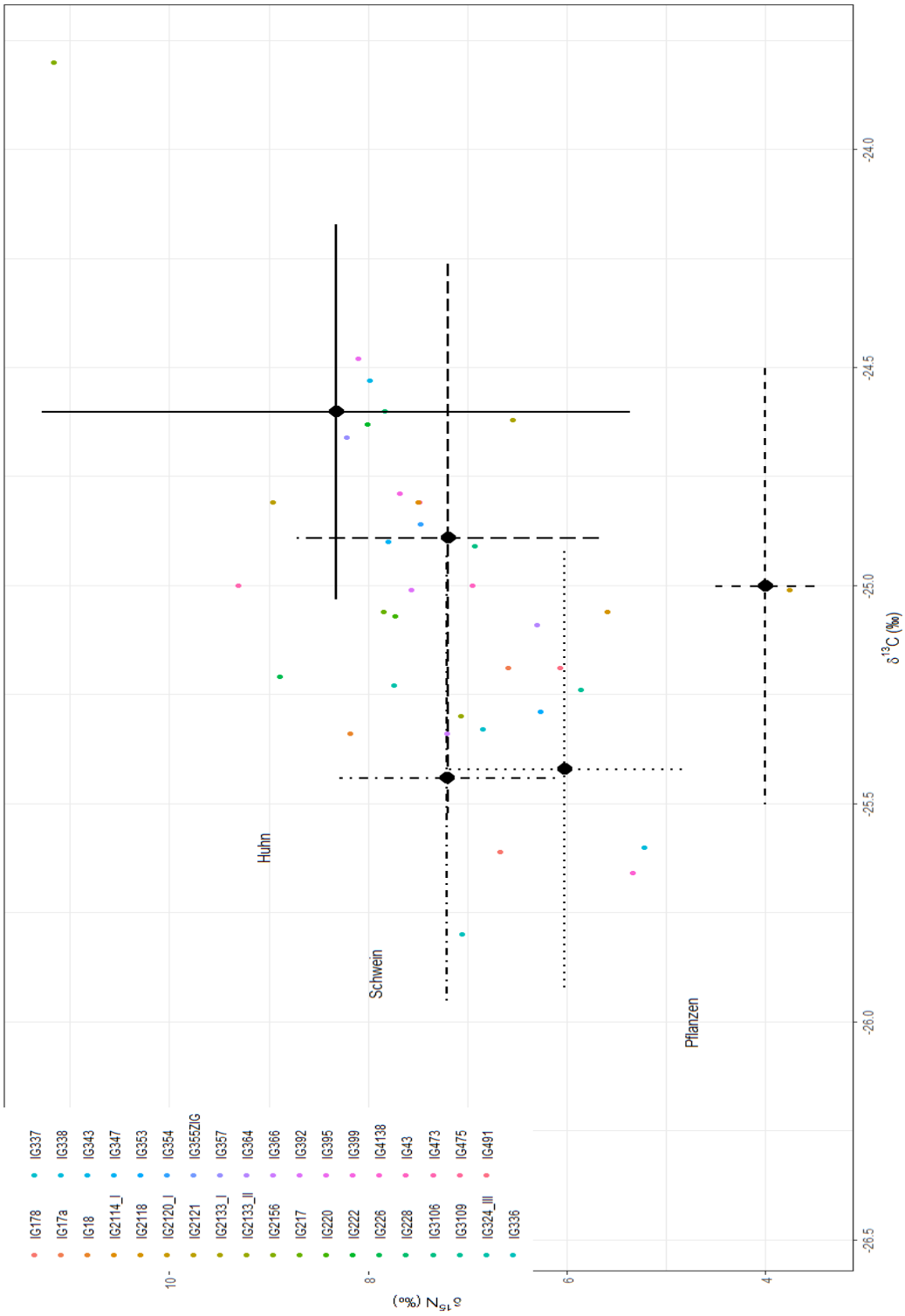


Abbildung 1282: Isospace Plot der Individuen aus Großmehring. Erstellt mit MixSIAR.

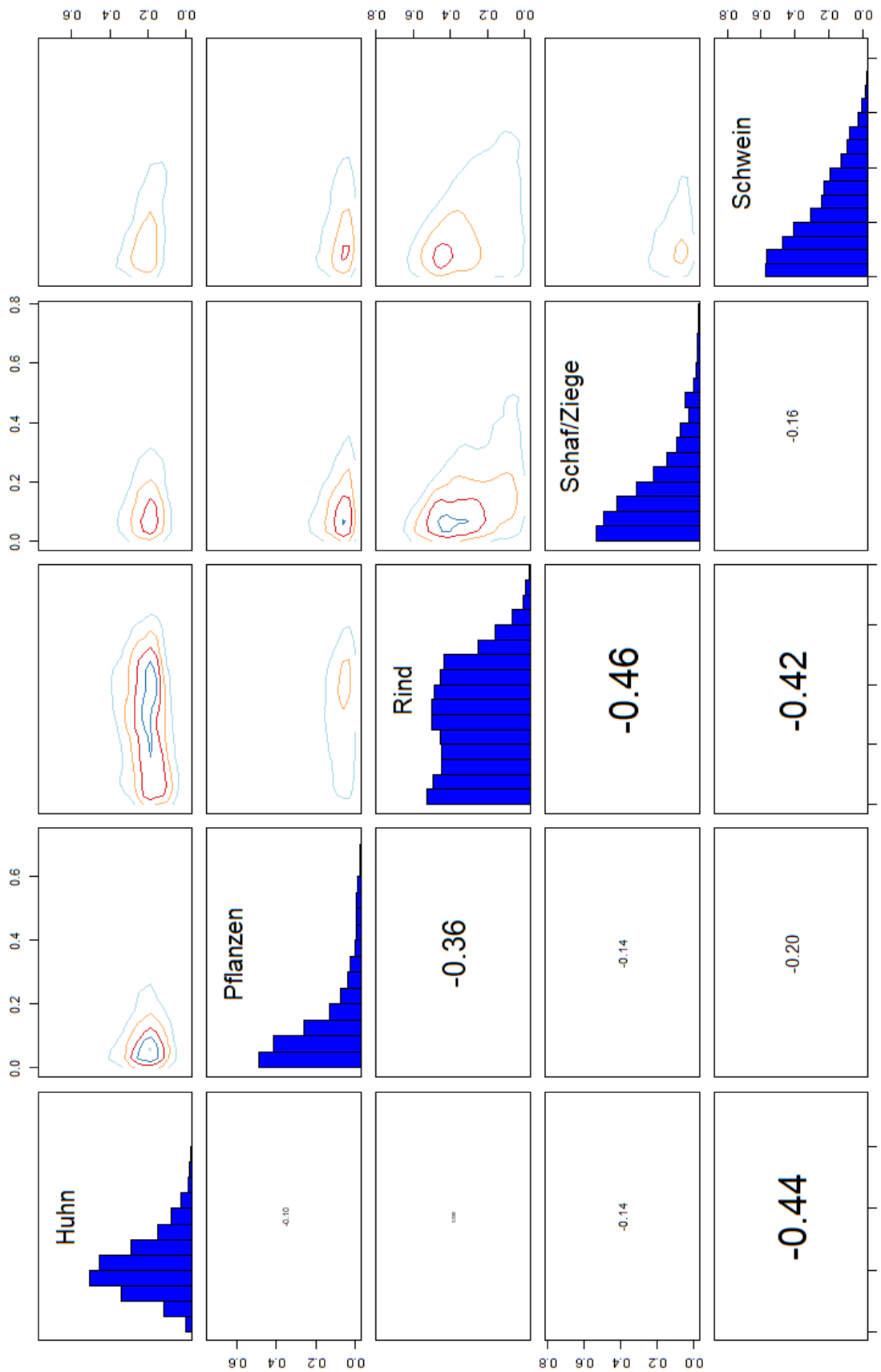


Abbildung 1283: Pairs Plot der Population aus Großmehring. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

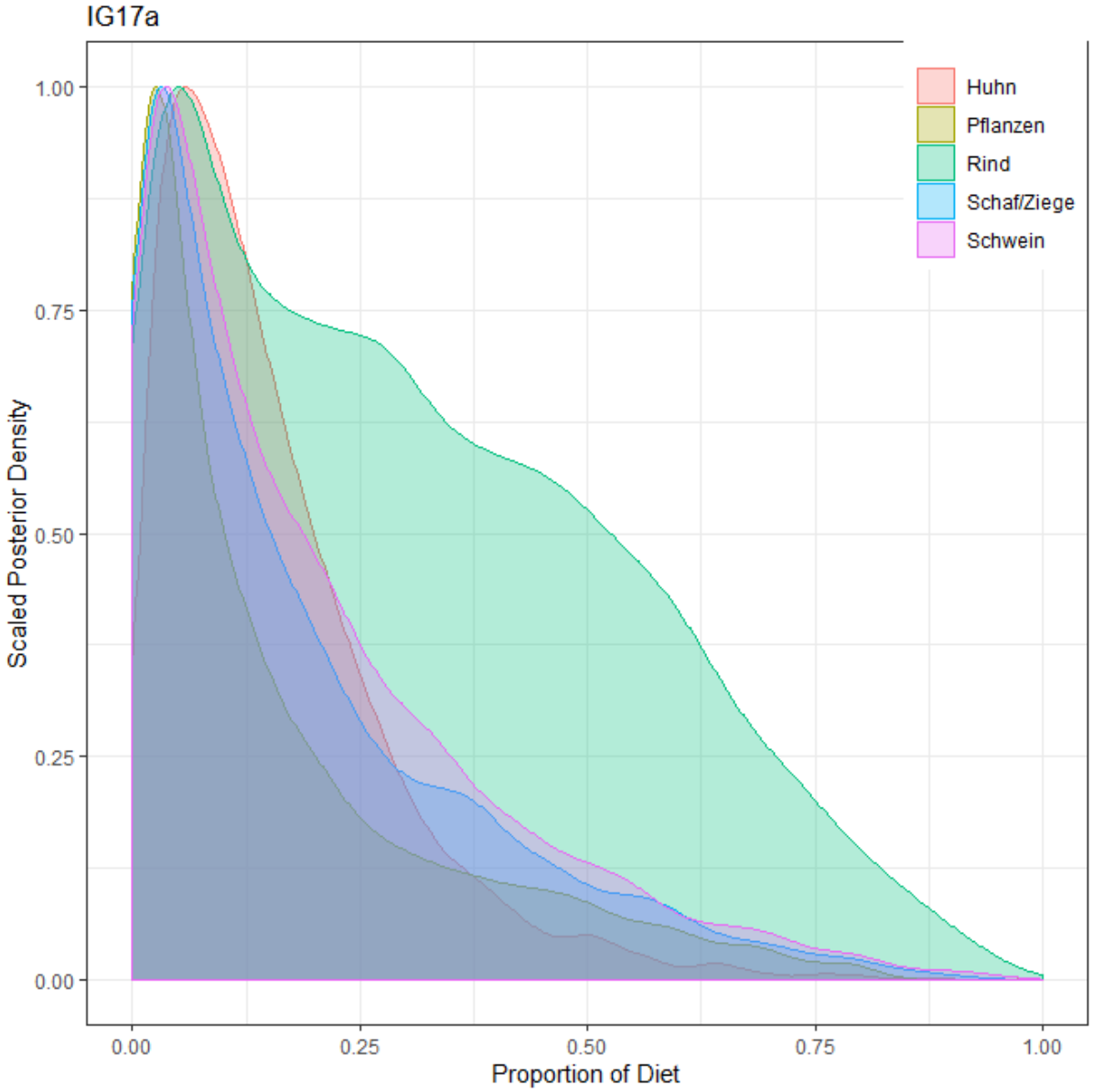


Abbildung 1284: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 7a. Erstellt mit MixSIAR.

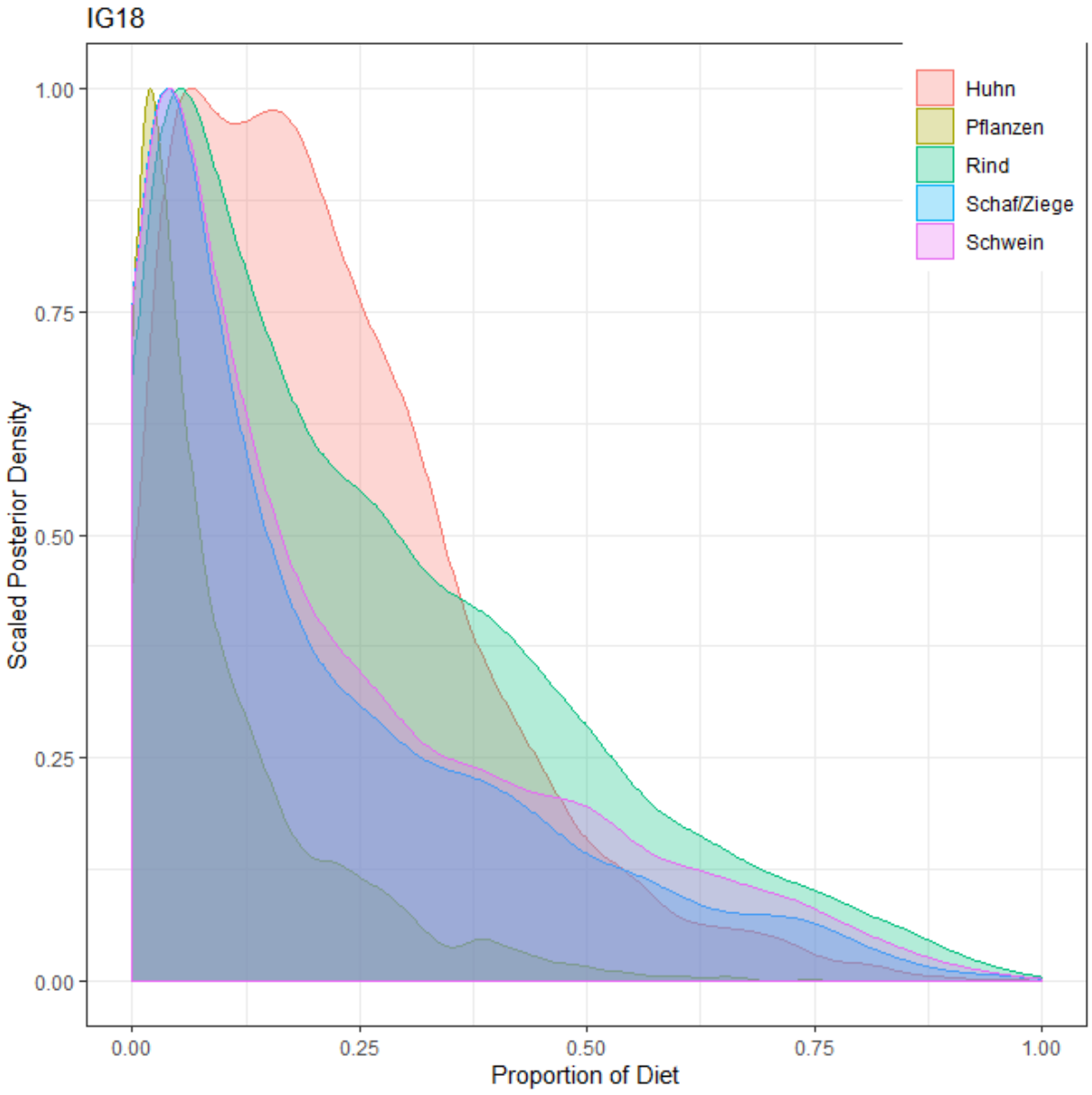


Abbildung 1285: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 8*. Erstellt mit MixSIAR.

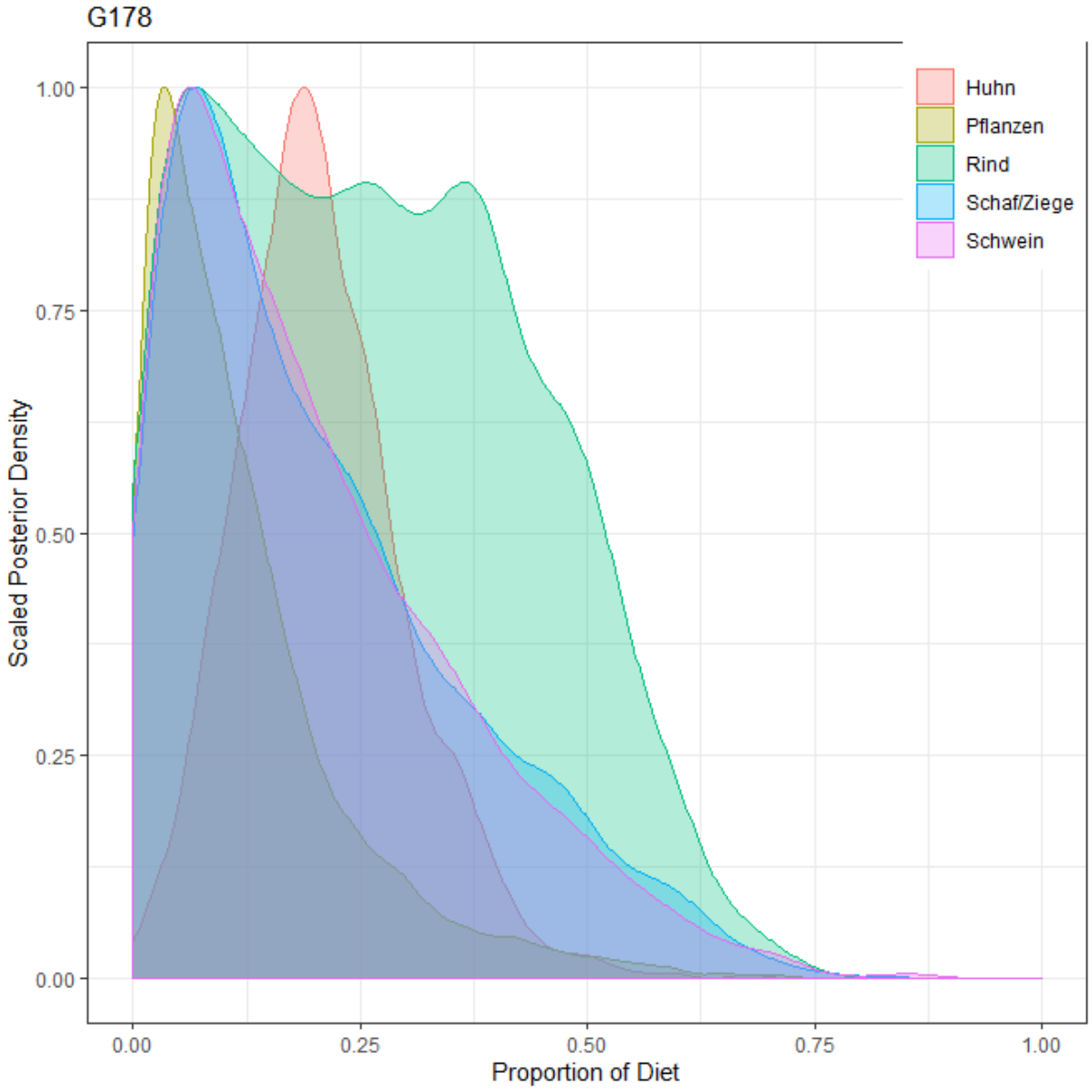


Abbildung 1286: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 78*. Erstellt mit MixSIAR.

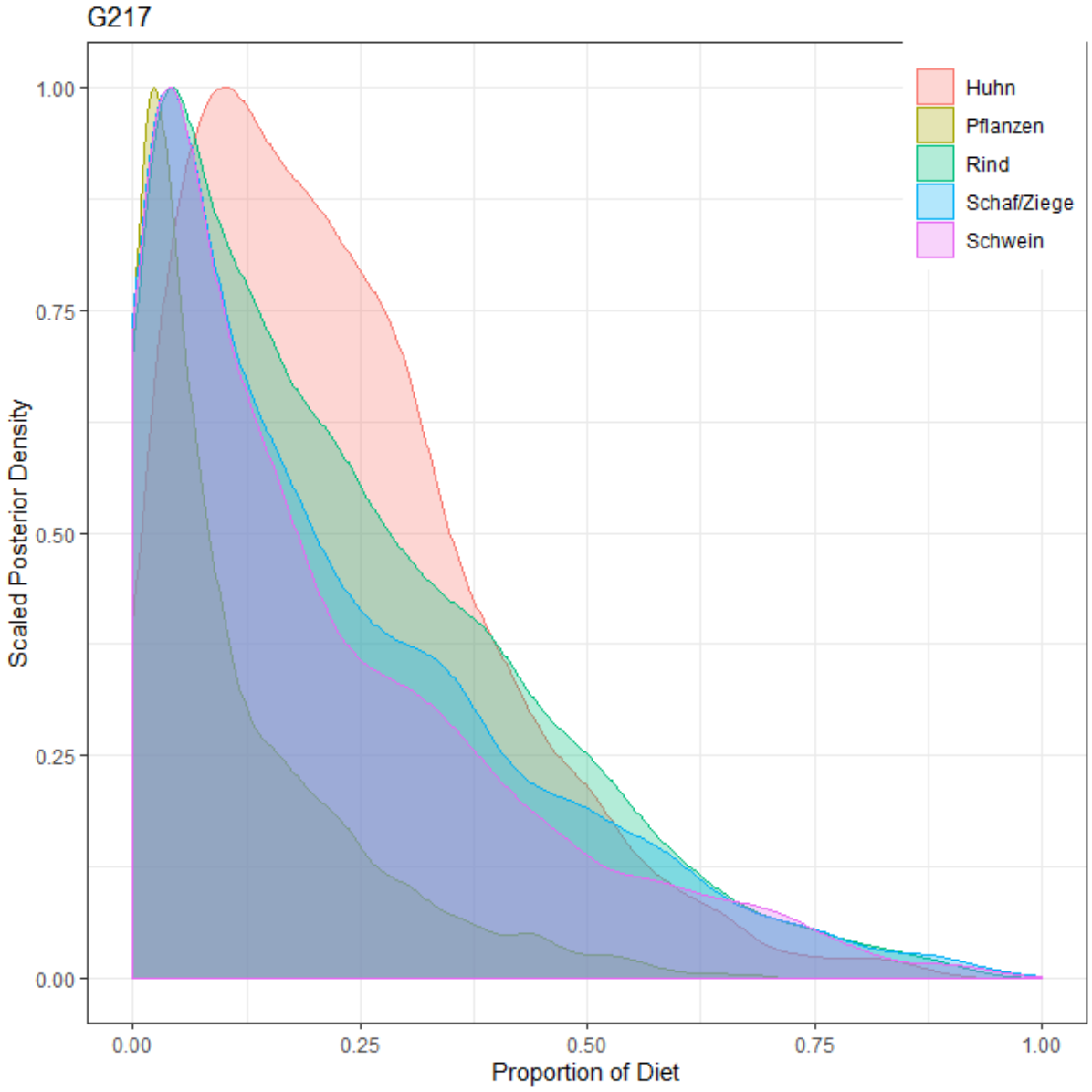


Abbildung 1287: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 17*. Erstellt mit MixSIAR.

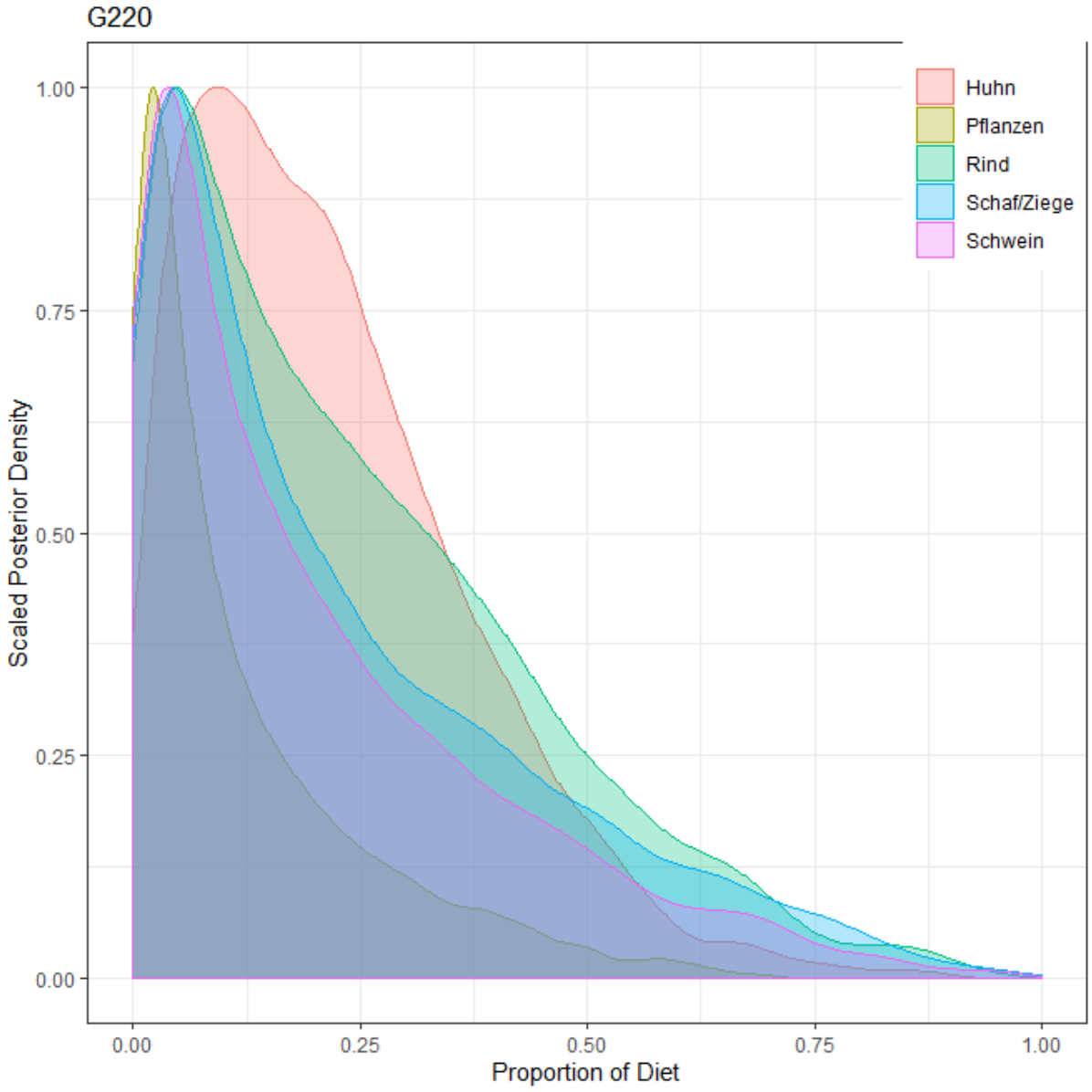


Abbildung 1288: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 20*. Erstellt mit MixSIAR.

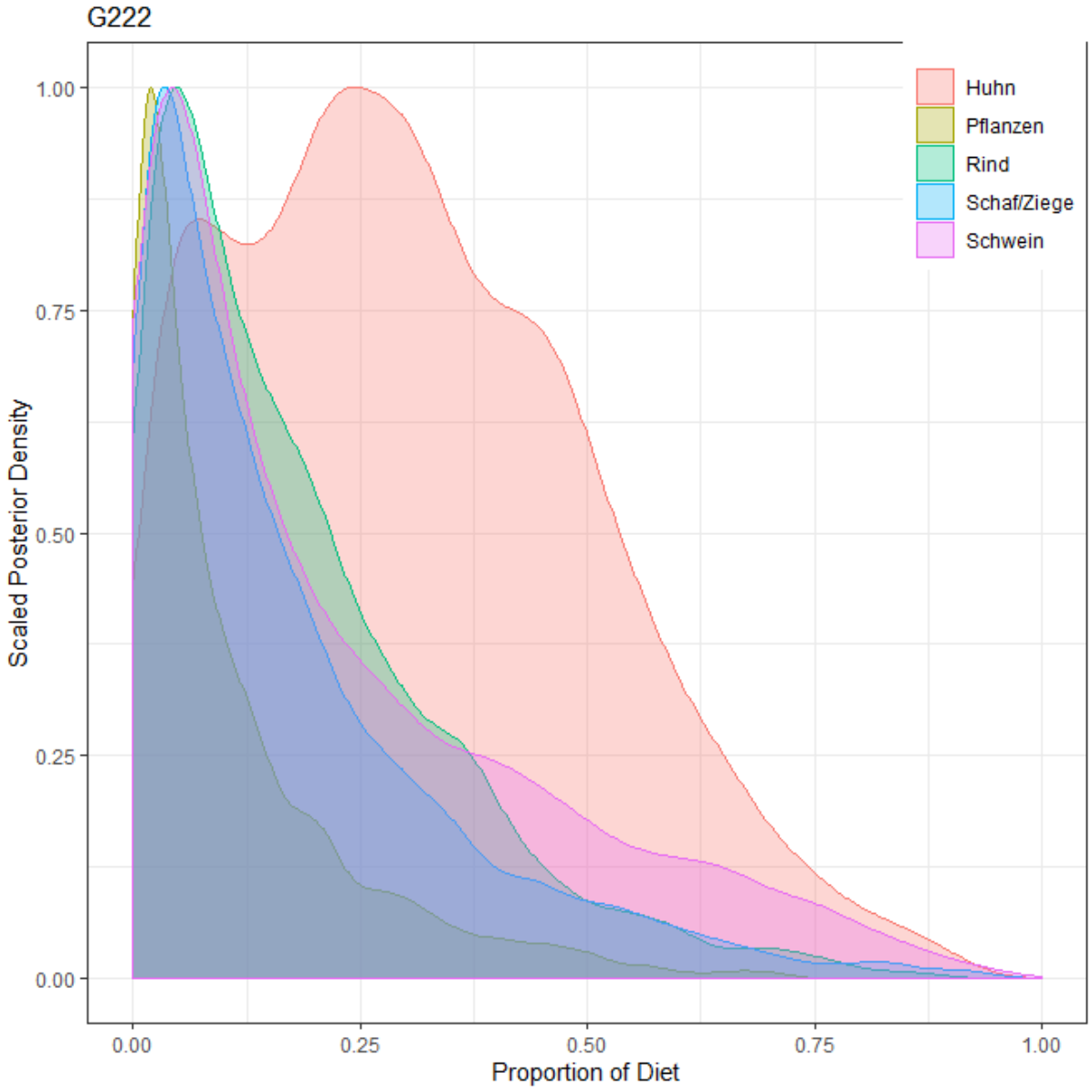


Abbildung 1289: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 22. Erstellt mit MixSIAR.

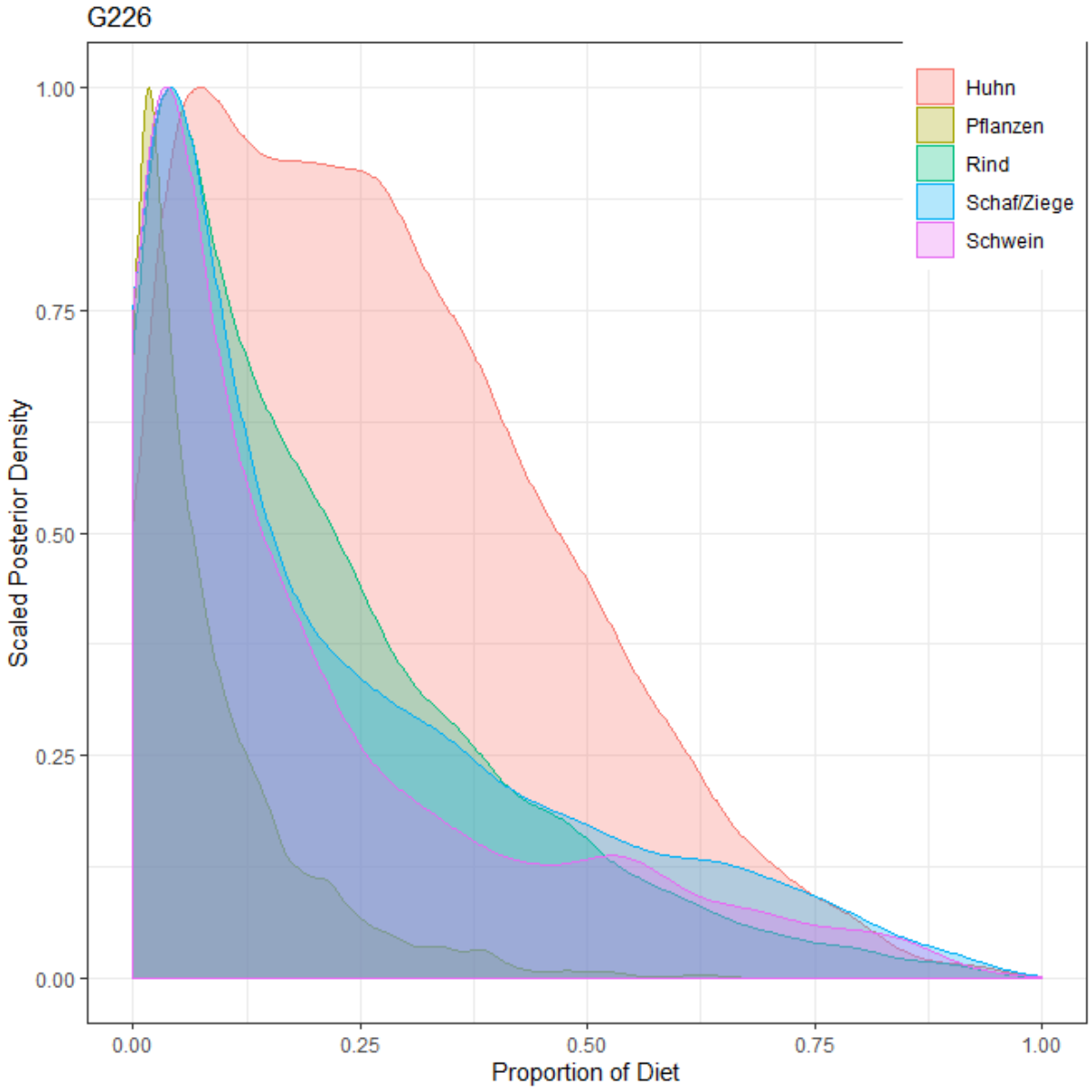


Abbildung 1290: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 26*. Erstellt mit MixSIAR.

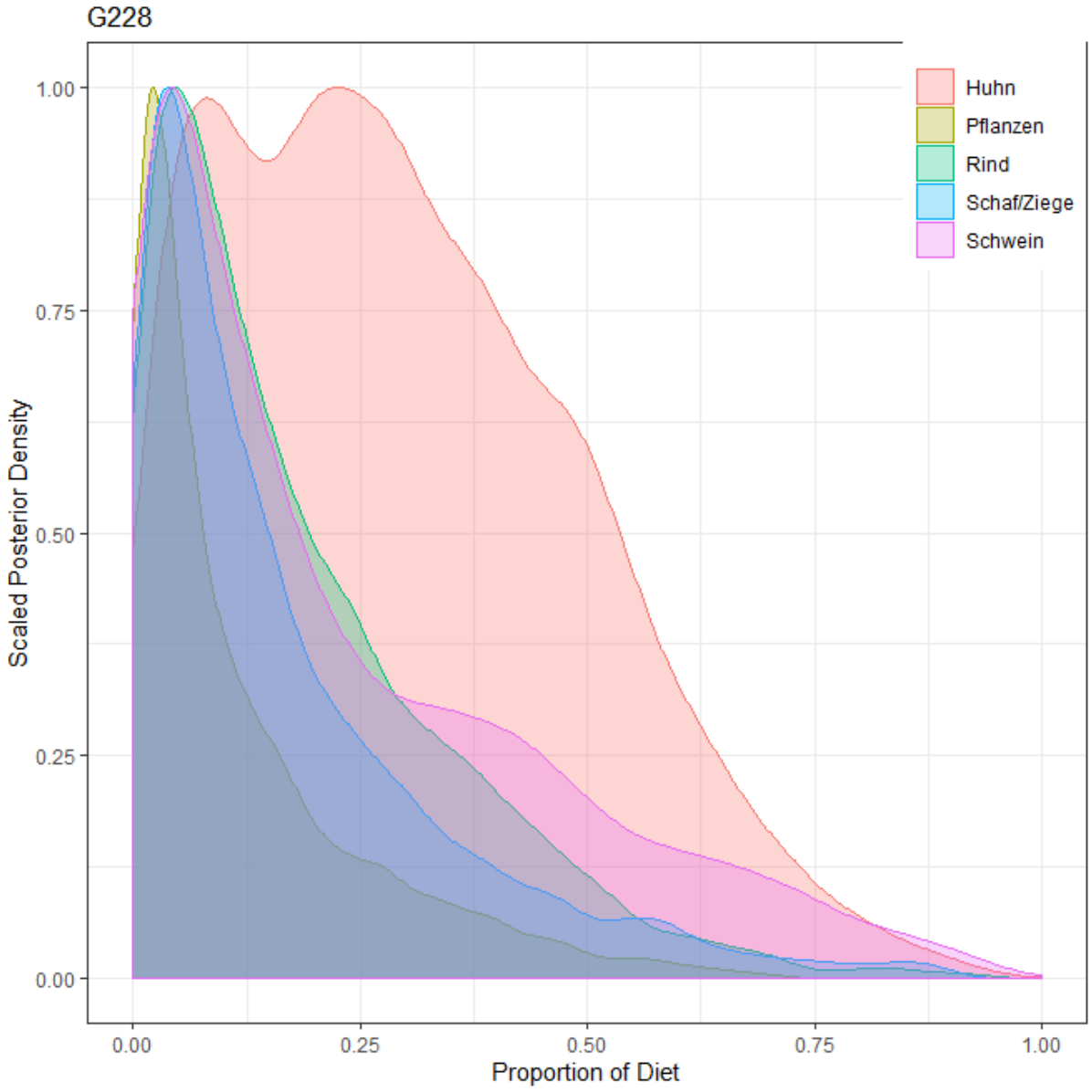


Abbildung 1291: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 28. Erstellt mit MixSIAR.

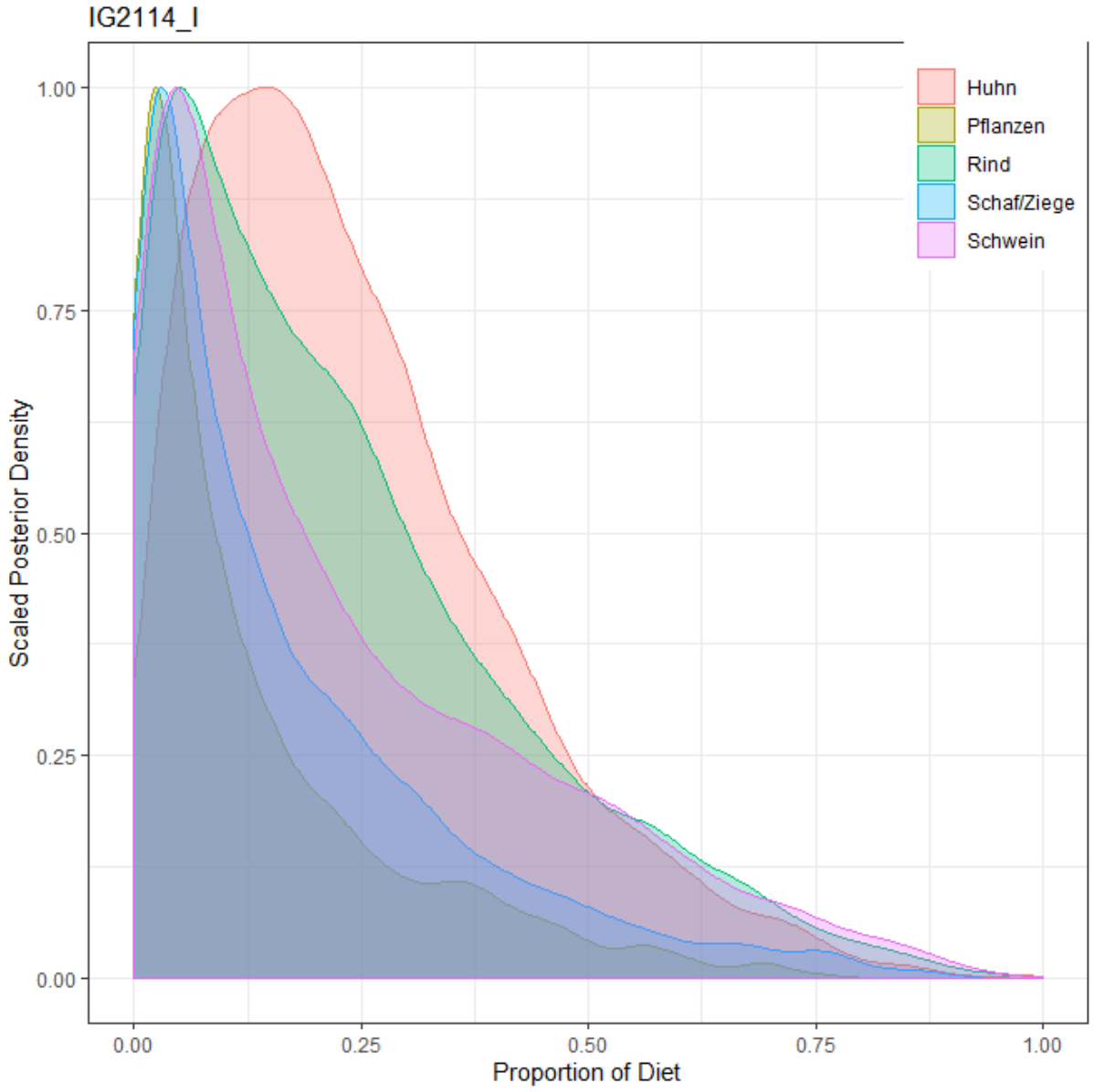


Abbildung 1292: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 114/I. Erstellt mit MixSIAR.

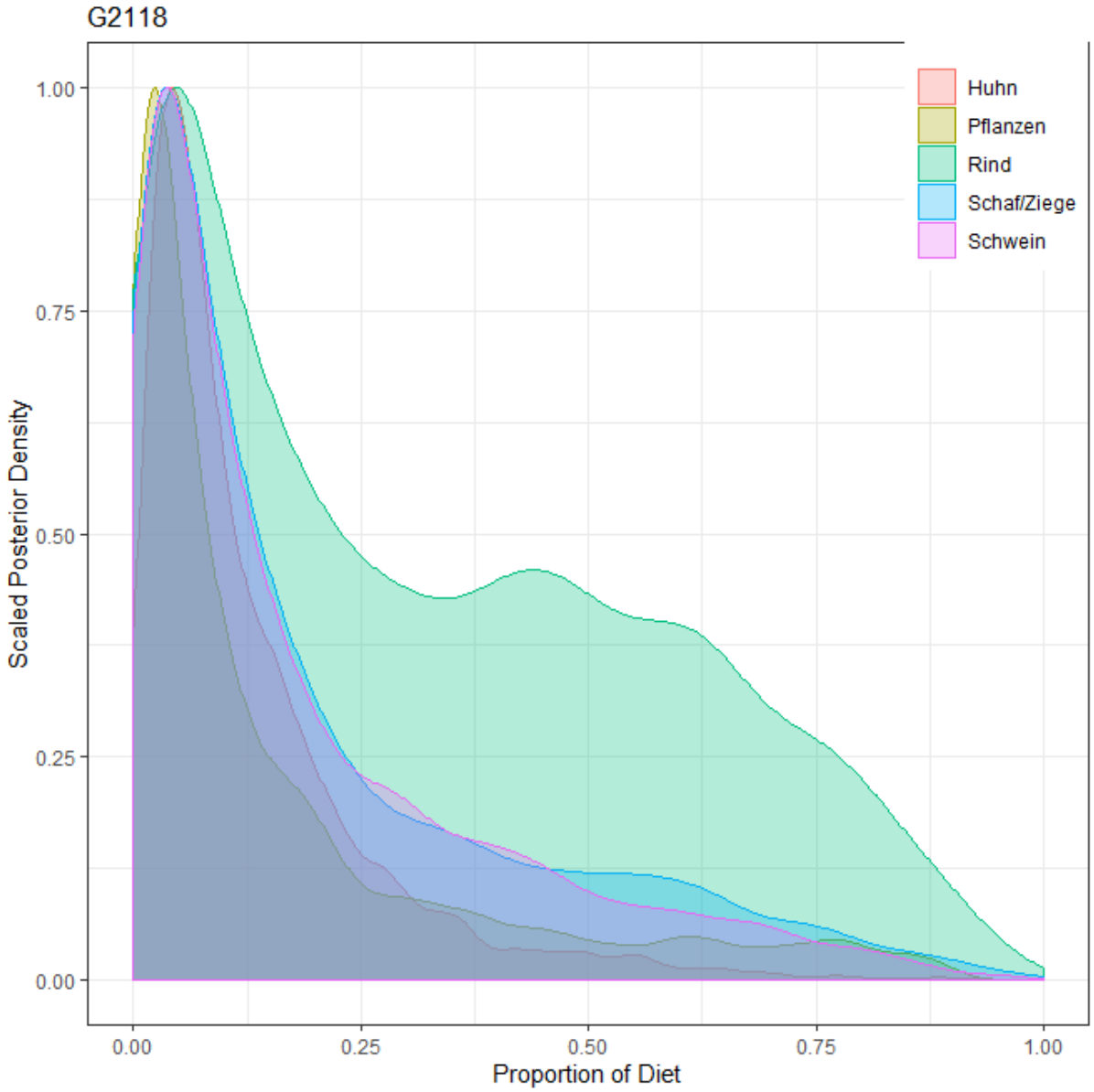


Abbildung 1293: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 118. Erstellt mit MixSIAR.

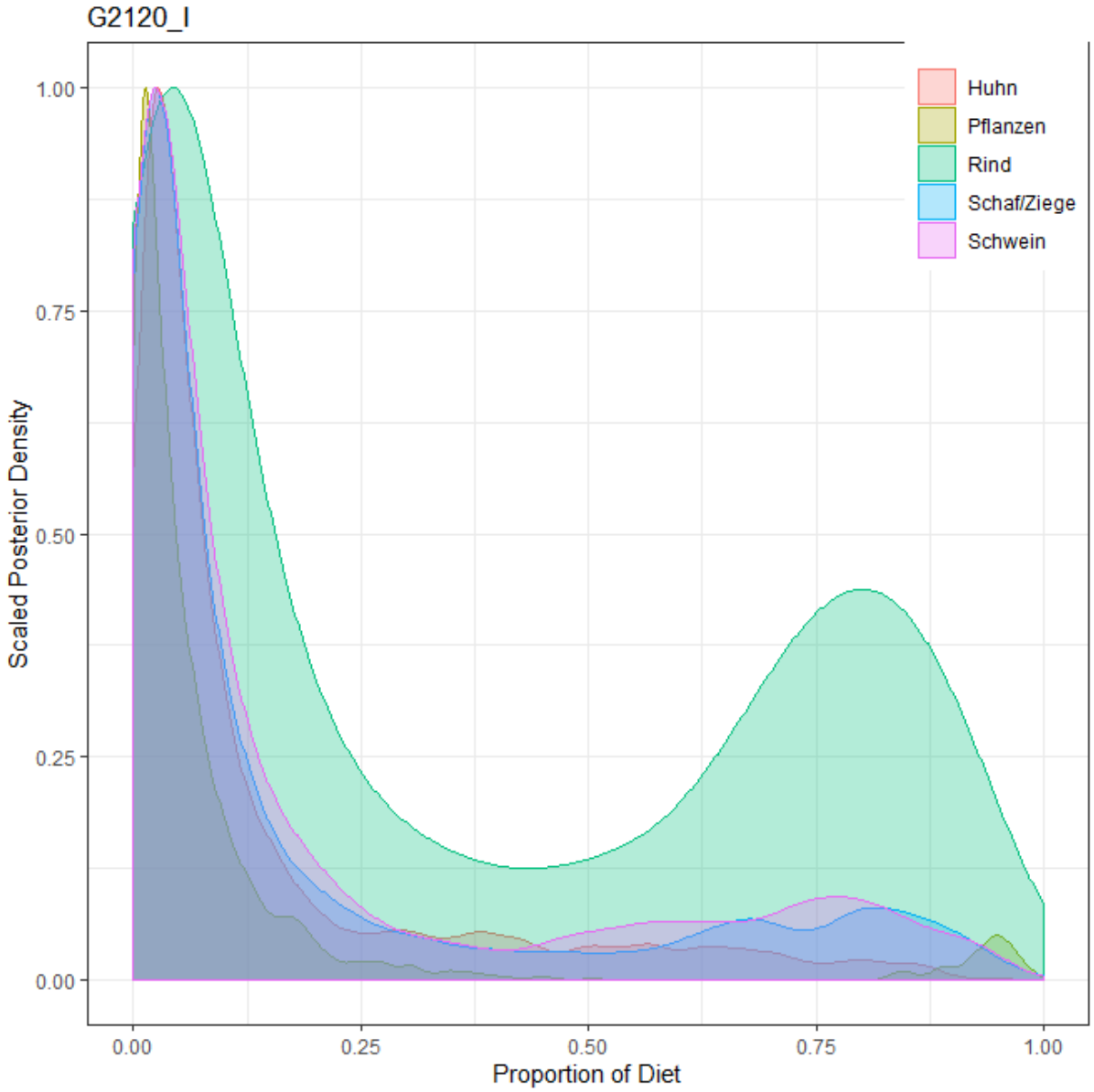


Abbildung 1294: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 120/I. Erstellt mit MixSIAR.

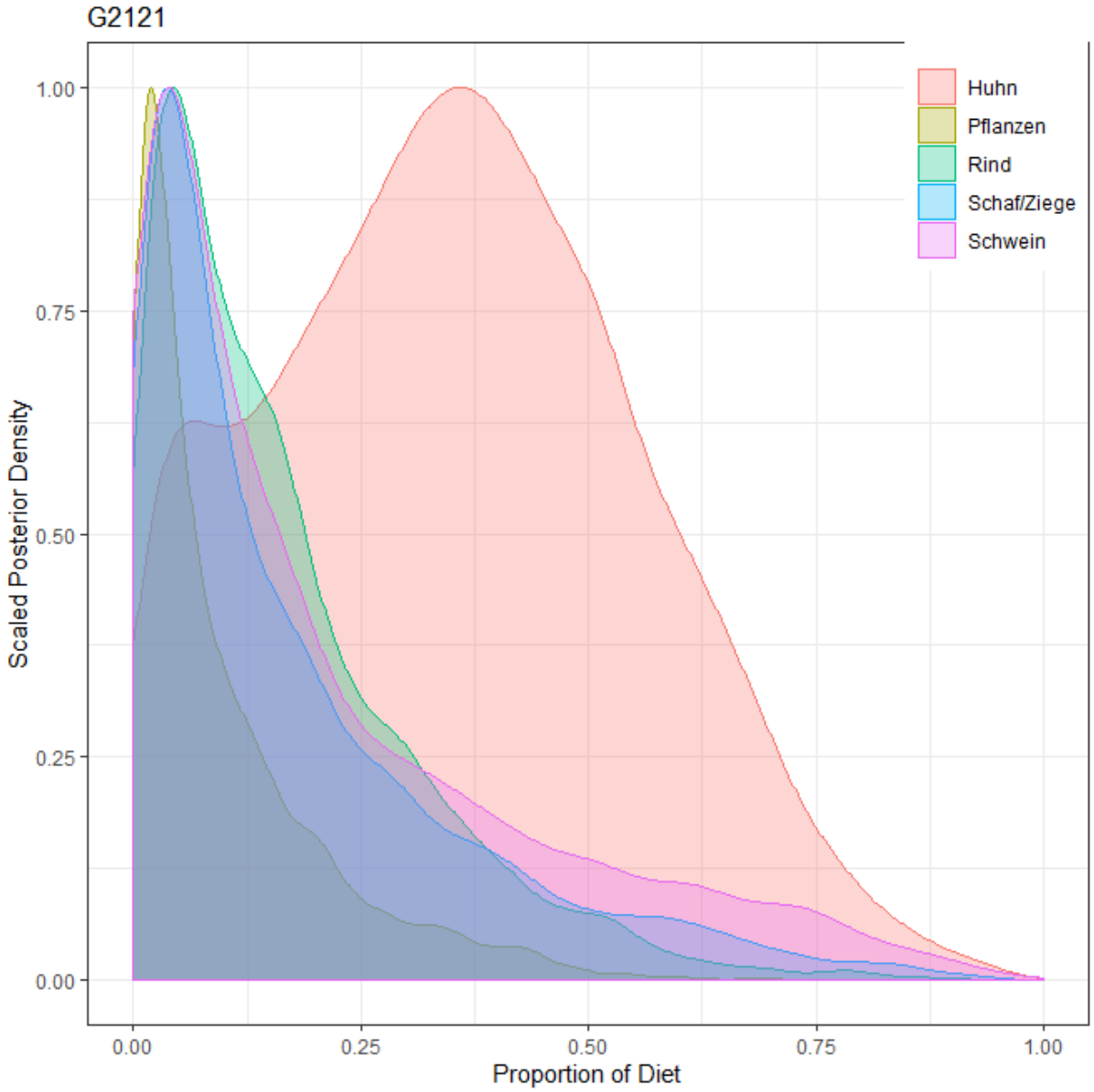


Abbildung 1295: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 121*. Erstellt mit MixSIAR.

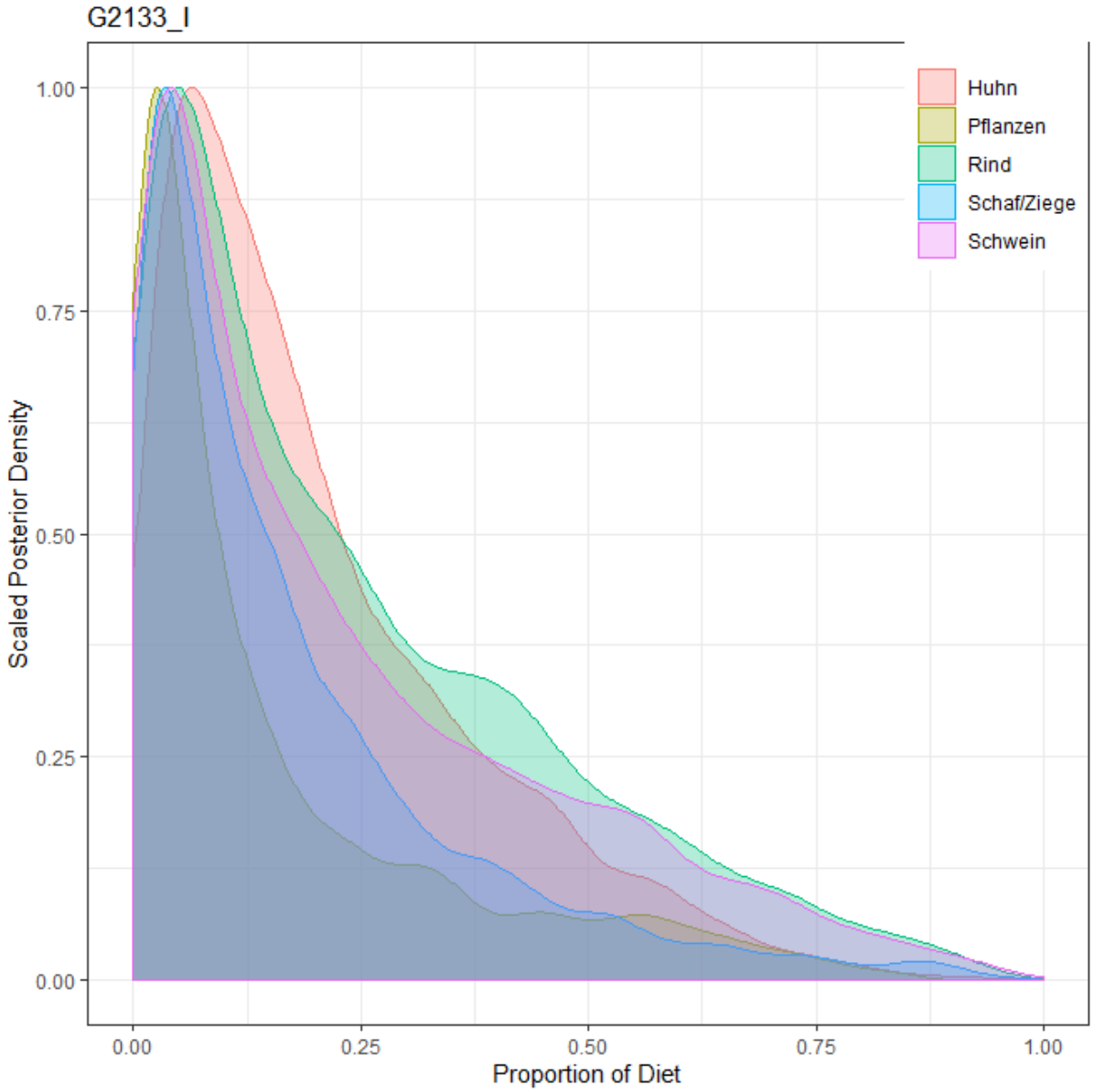


Abbildung 1296: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 133/I. Erstellt mit MixSIAR.

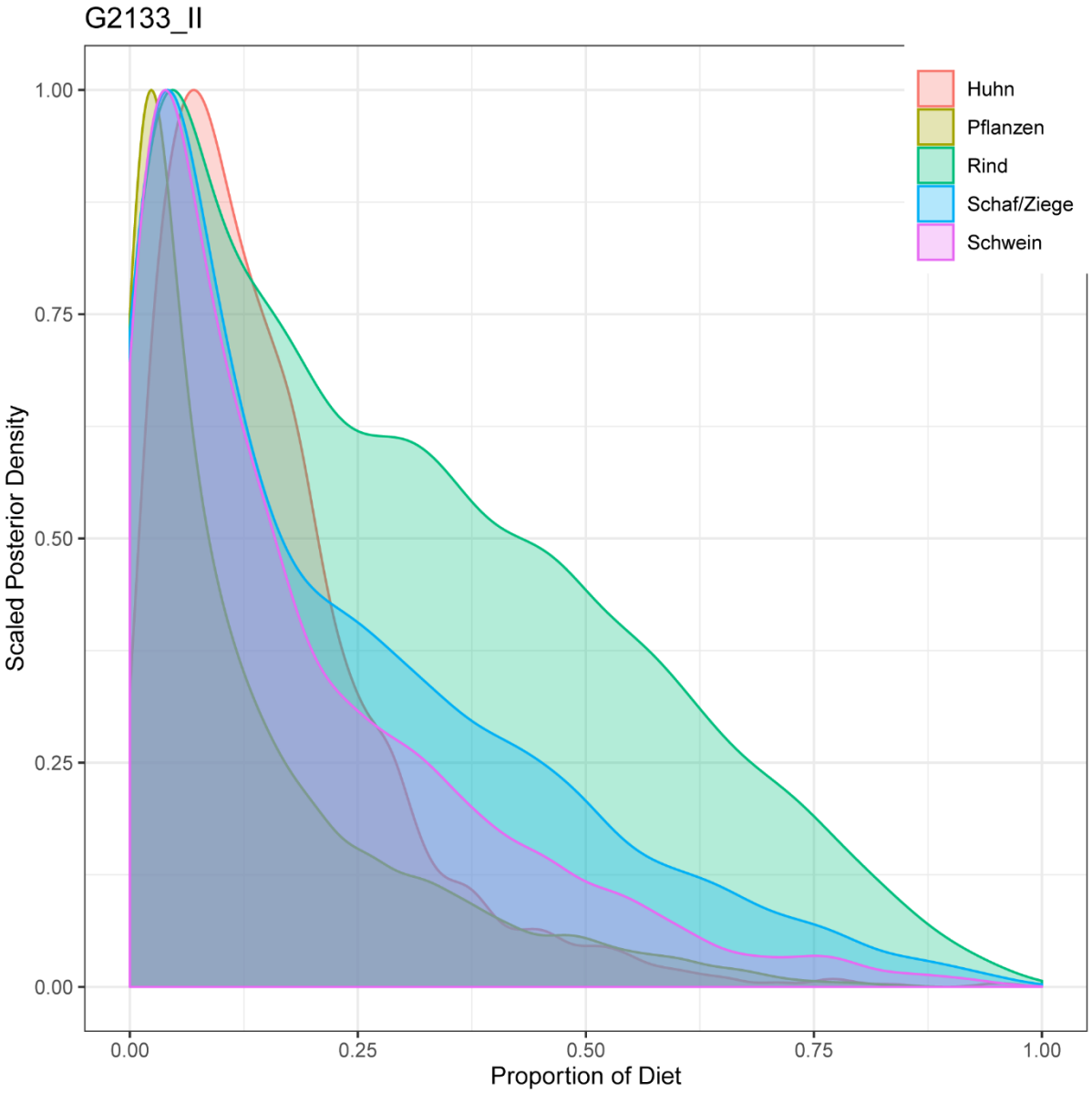


Abbildung 1297: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 133/II. Erstellt mit MixSIAR.

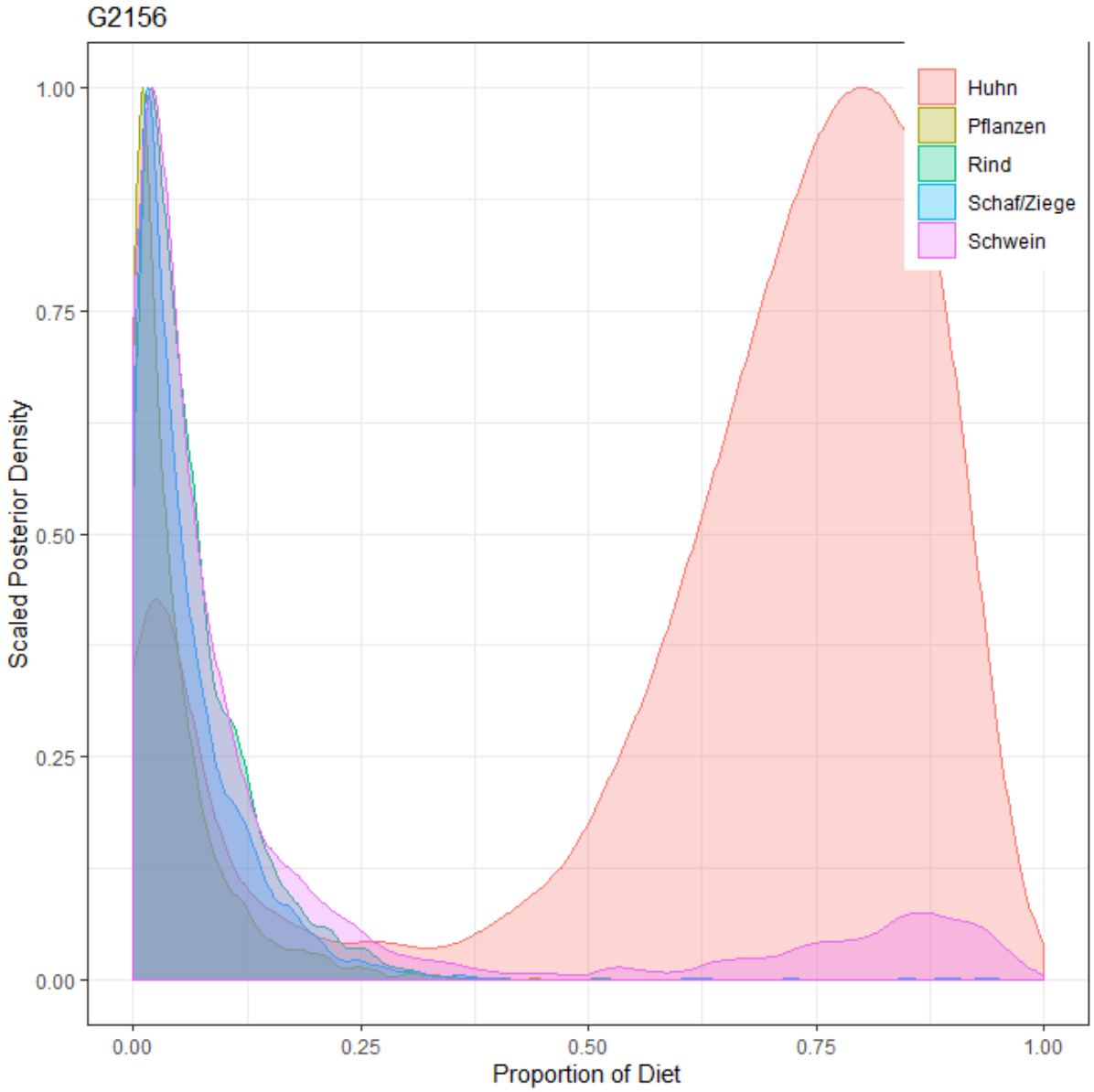


Abbildung 1298: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 156. Erstellt mit MixSIAR.

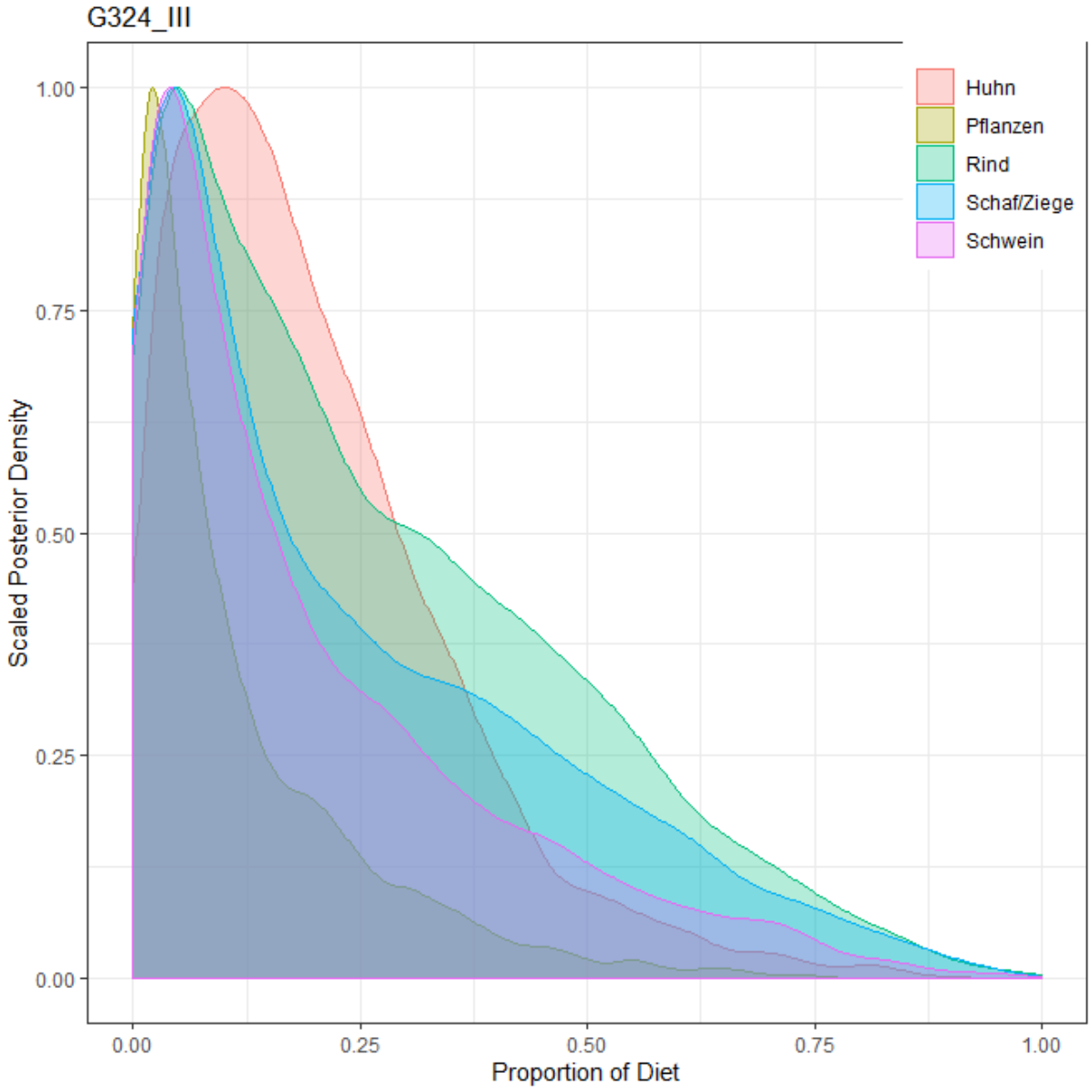


Abbildung 1299: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 24/II. Erstellt mit MixSIAR.

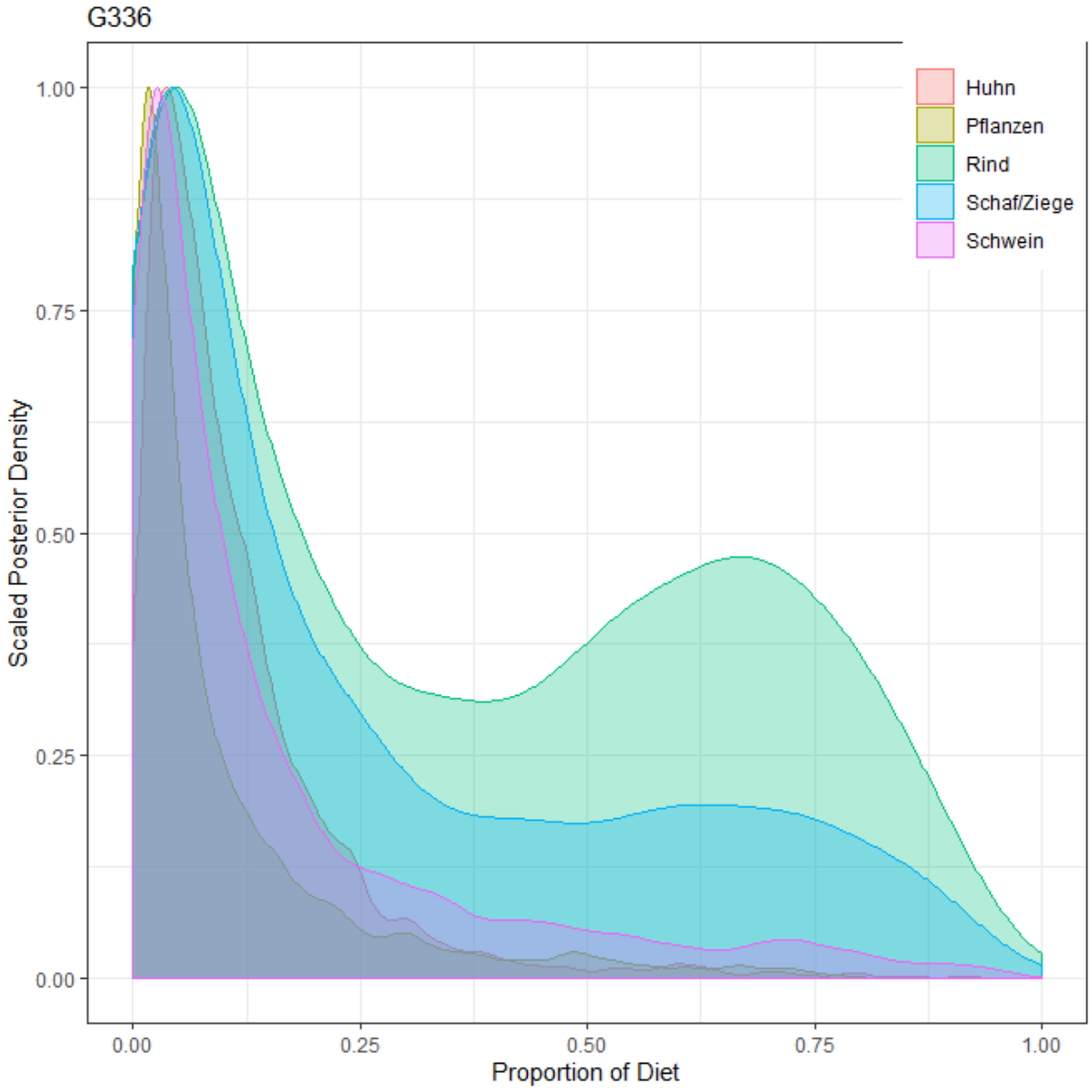


Abbildung 1300: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 36*. Erstellt mit MixSIAR.

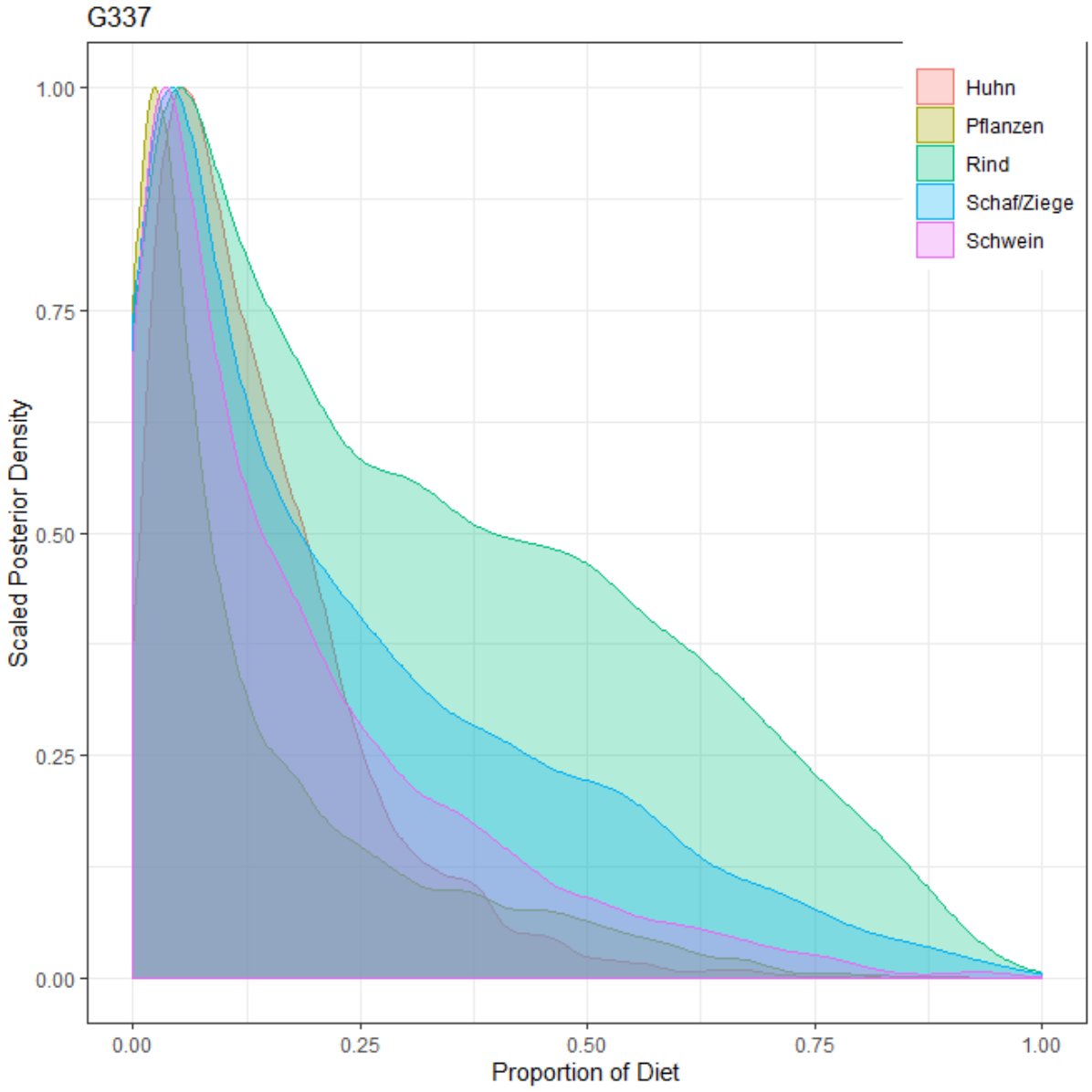


Abbildung 1301: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 37. Erstellt mit MixSIAR.

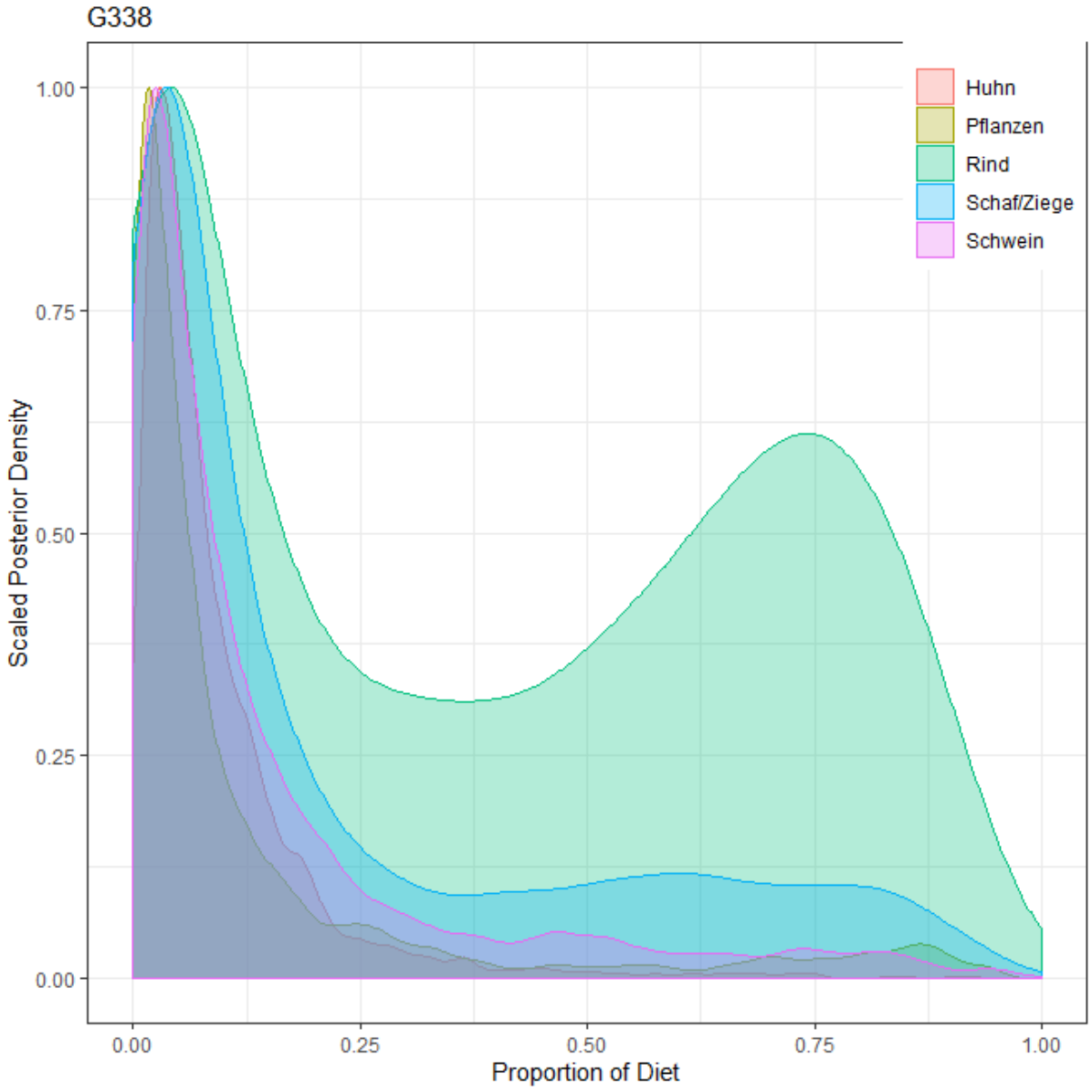


Abbildung 1302: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 38. Erstellt mit MixSIAR.

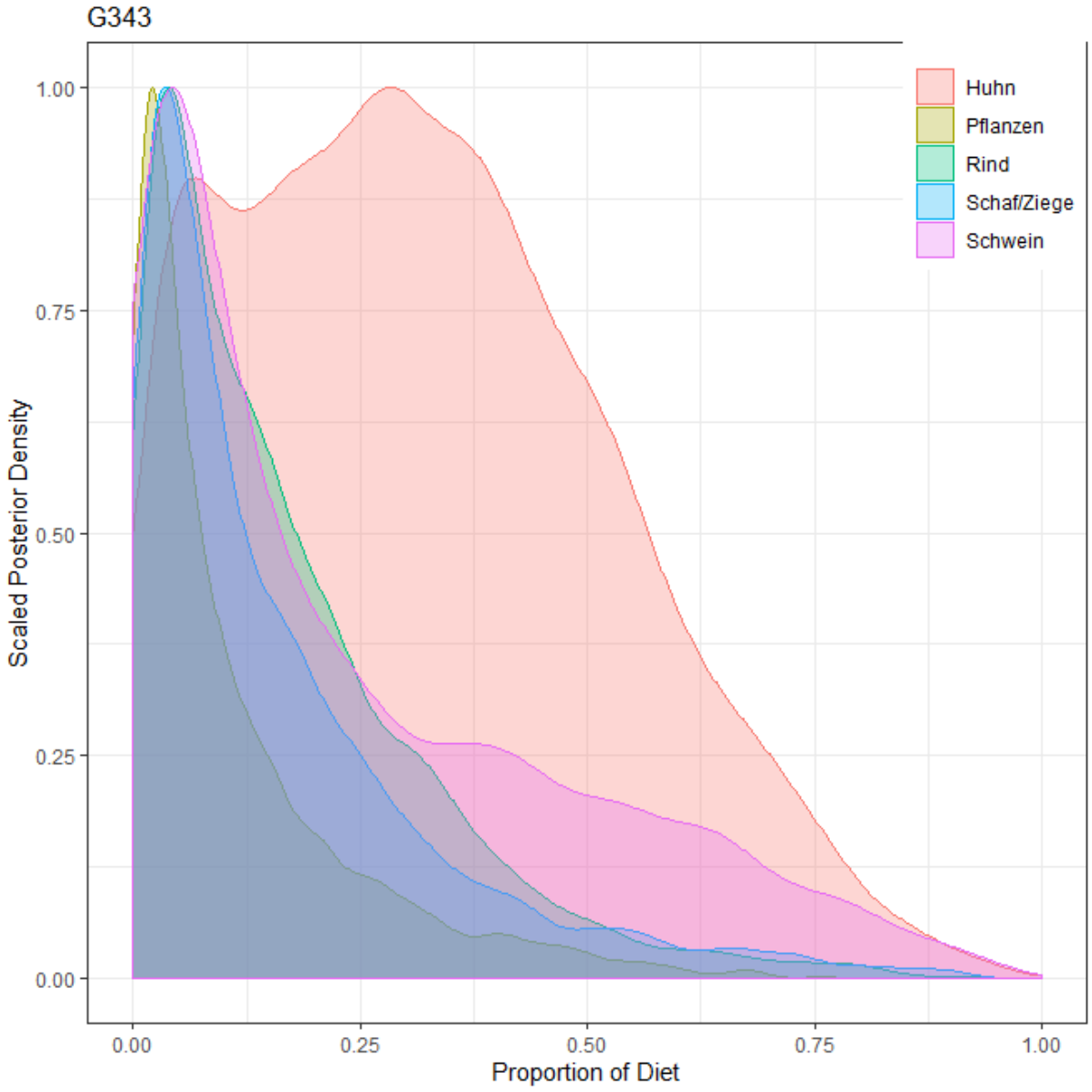


Abbildung 1303: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 43. Erstellt mit MixSIAR.

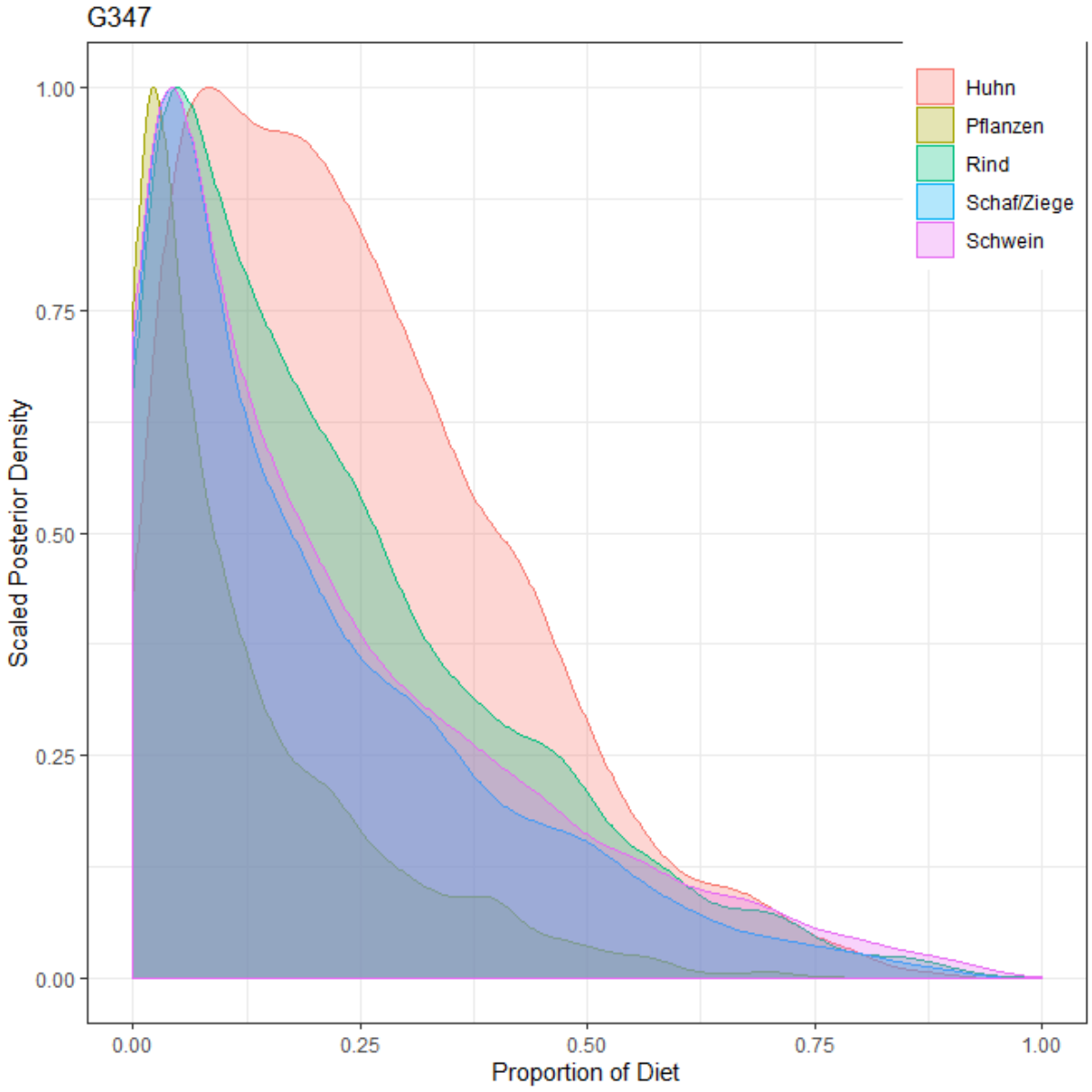


Abbildung 1304: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 47. Erstellt mit MixSIAR.

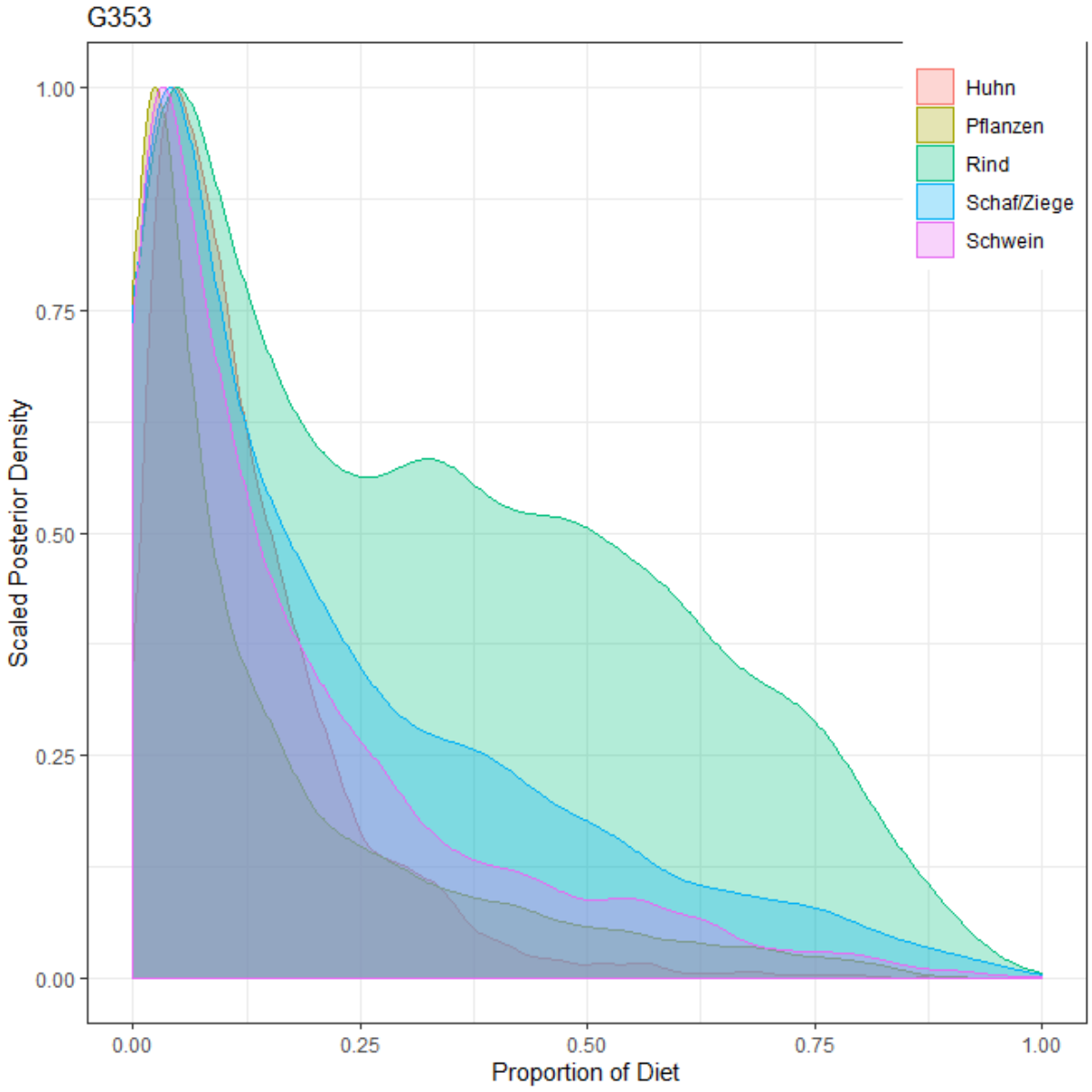


Abbildung 1305: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 53. Erstellt mit MixSIAR.

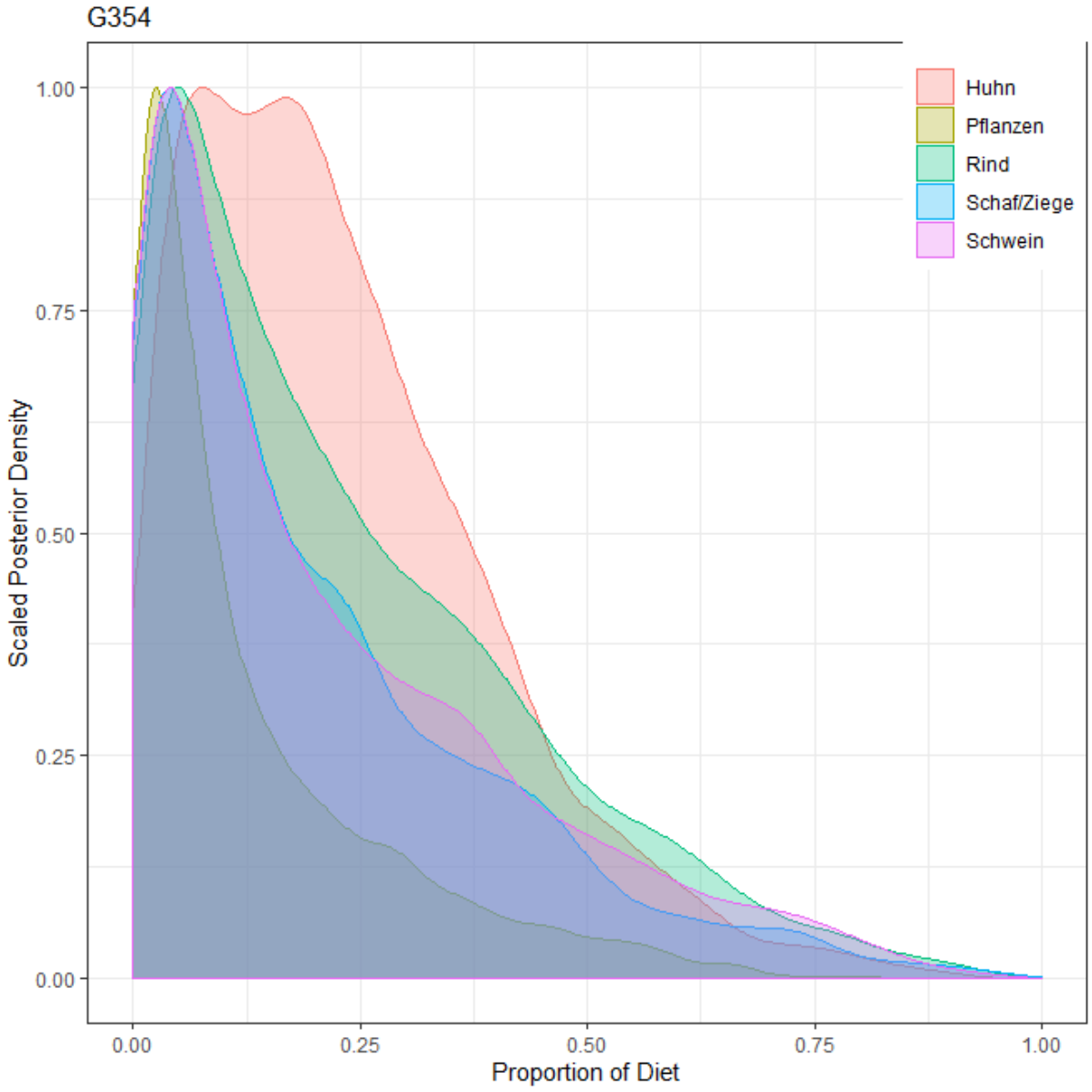


Abbildung 1306: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 54. Erstellt mit MixSIAR.

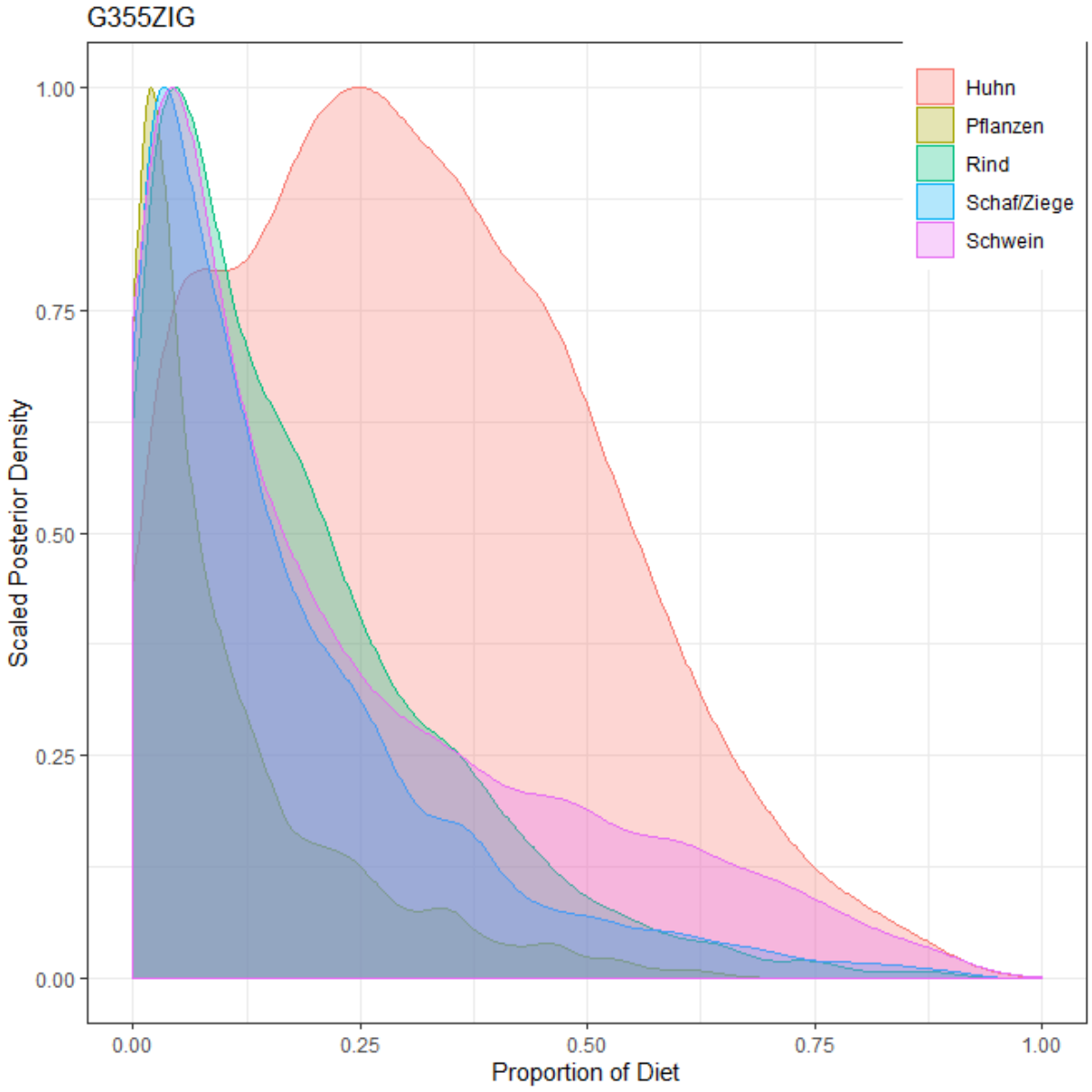


Abbildung 1307: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 55ZIG. Erstellt mit MixSIAR.

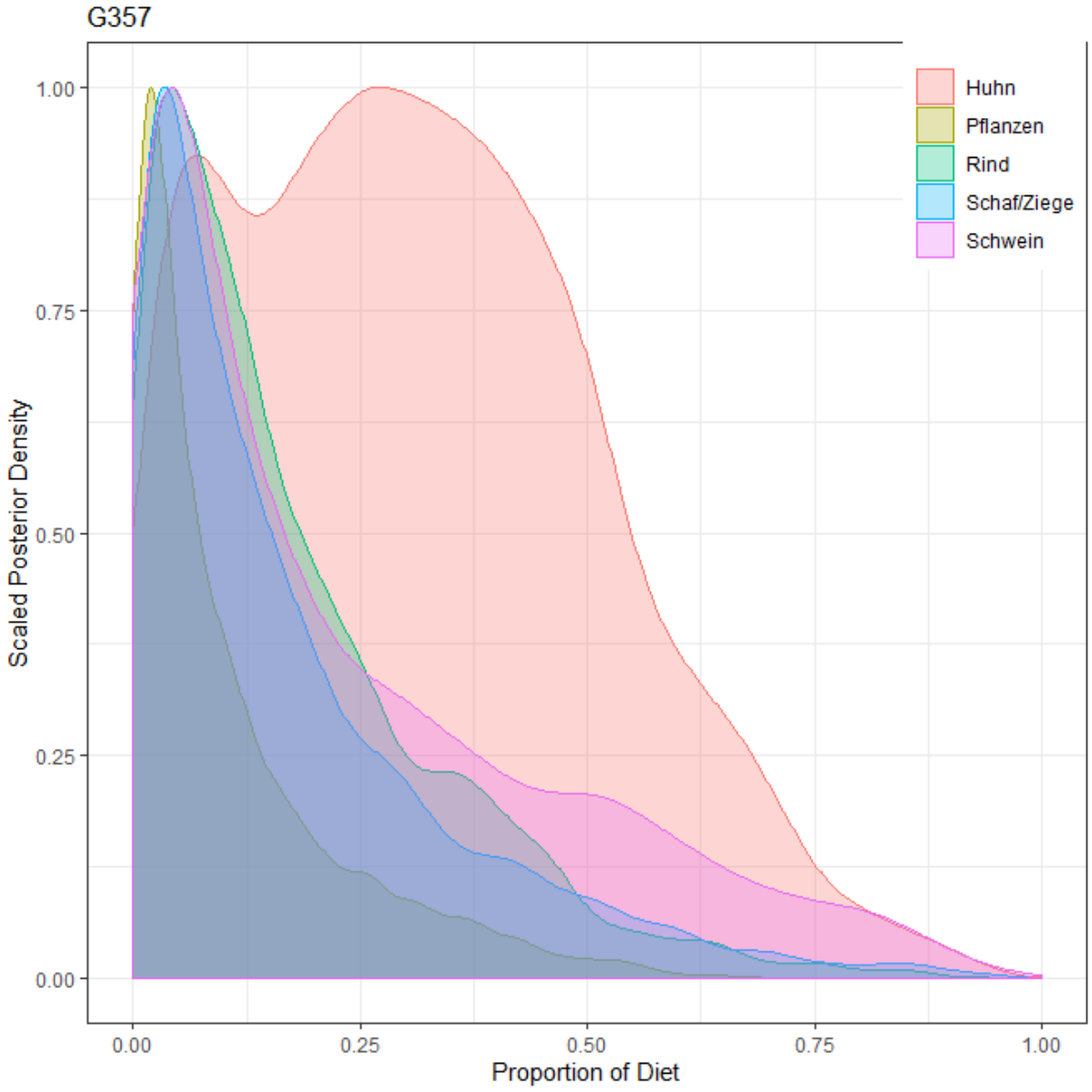


Abbildung 1308: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 57. Erstellt mit MixSIAR.

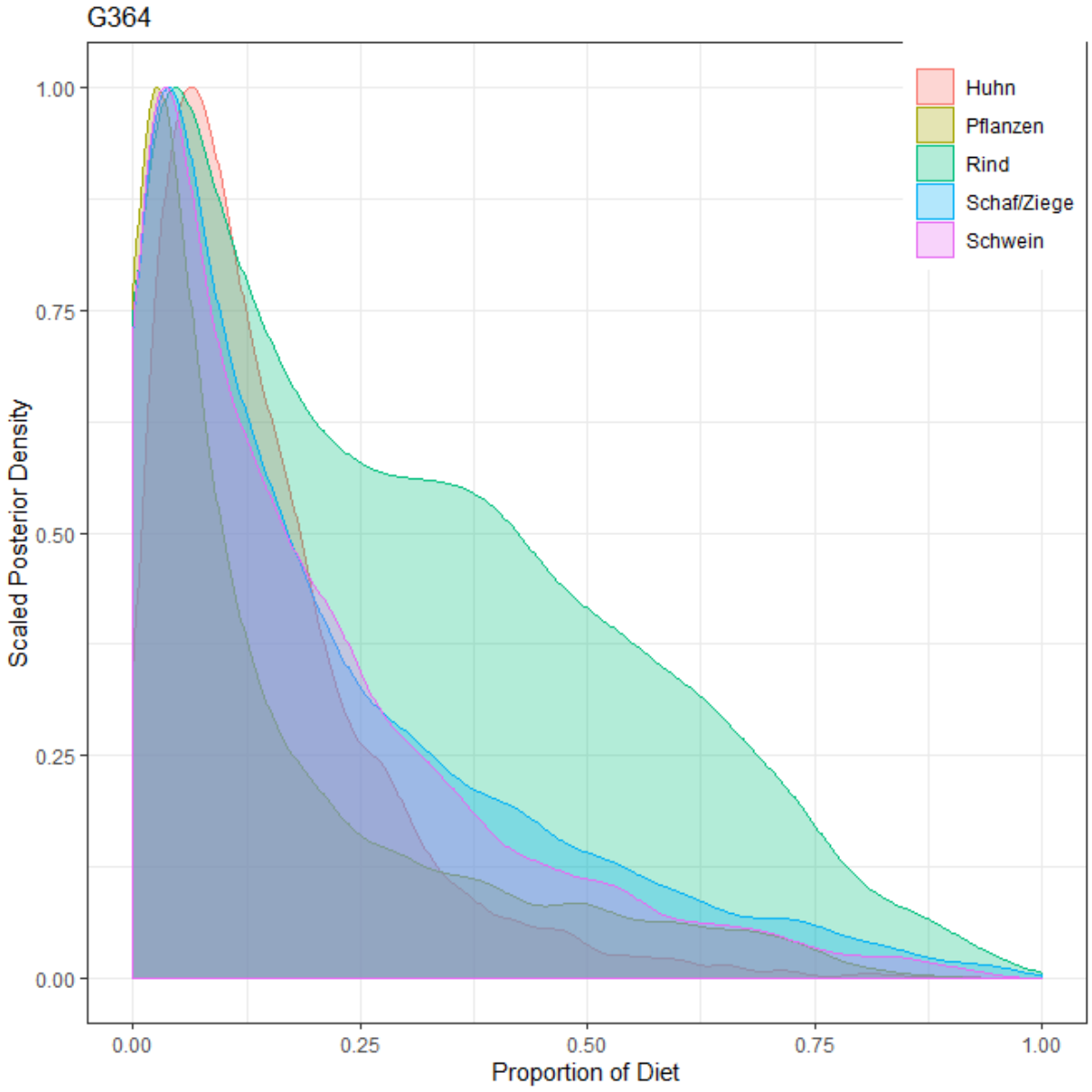


Abbildung 1309: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 64. Erstellt mit MixSIAR.

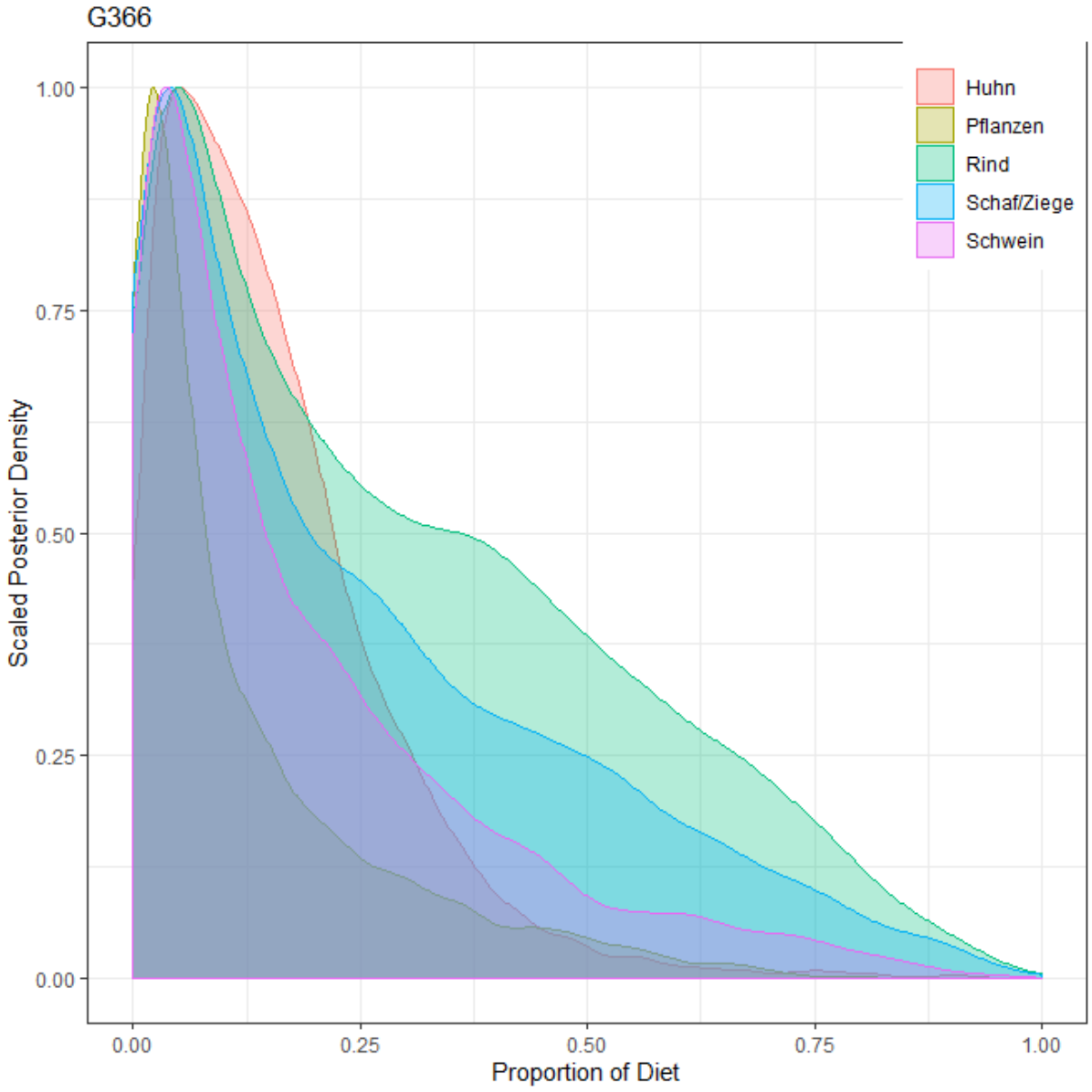


Abbildung 1310: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 66. Erstellt mit MixSIAR.

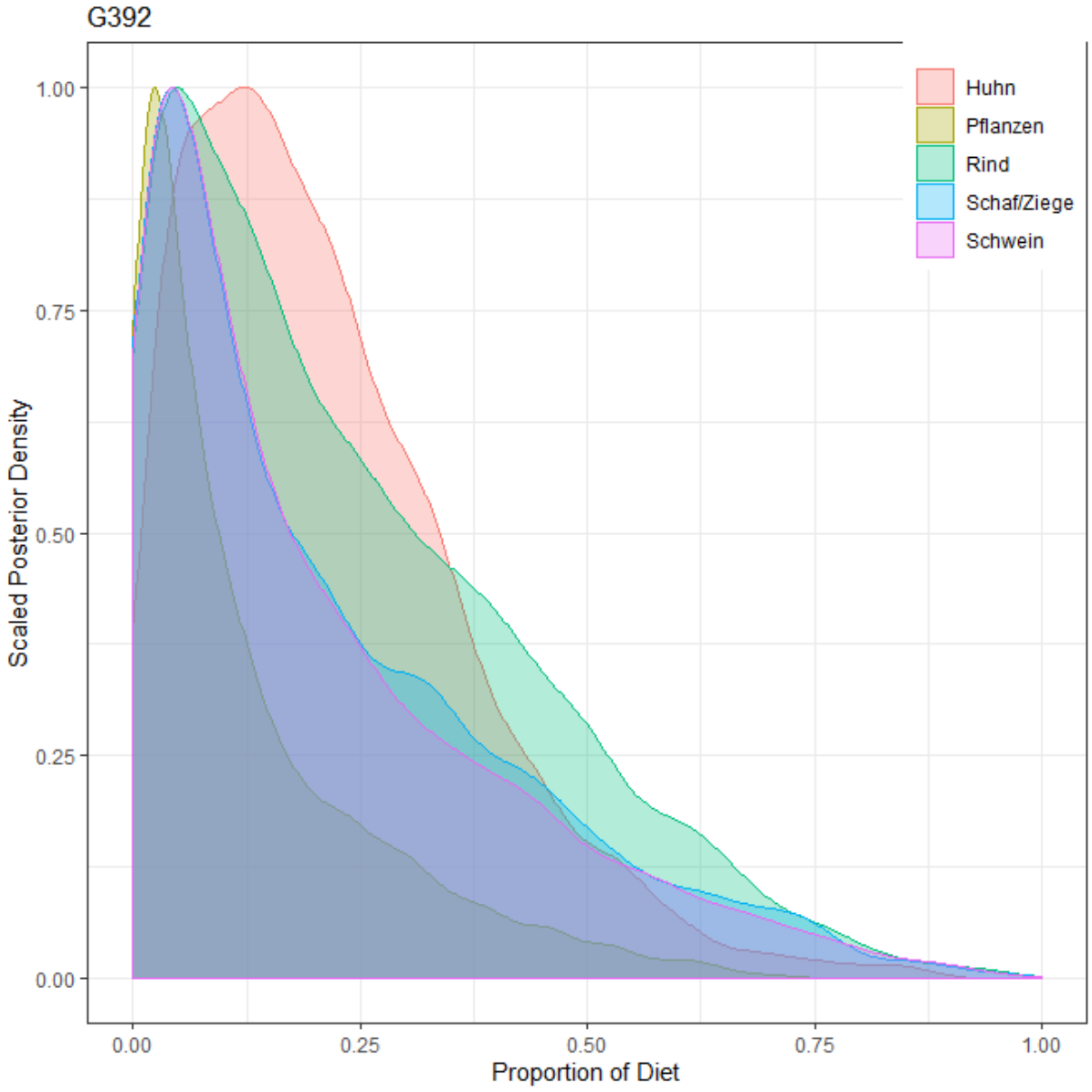


Abbildung 1311: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 92. Erstellt mit MixSIAR.

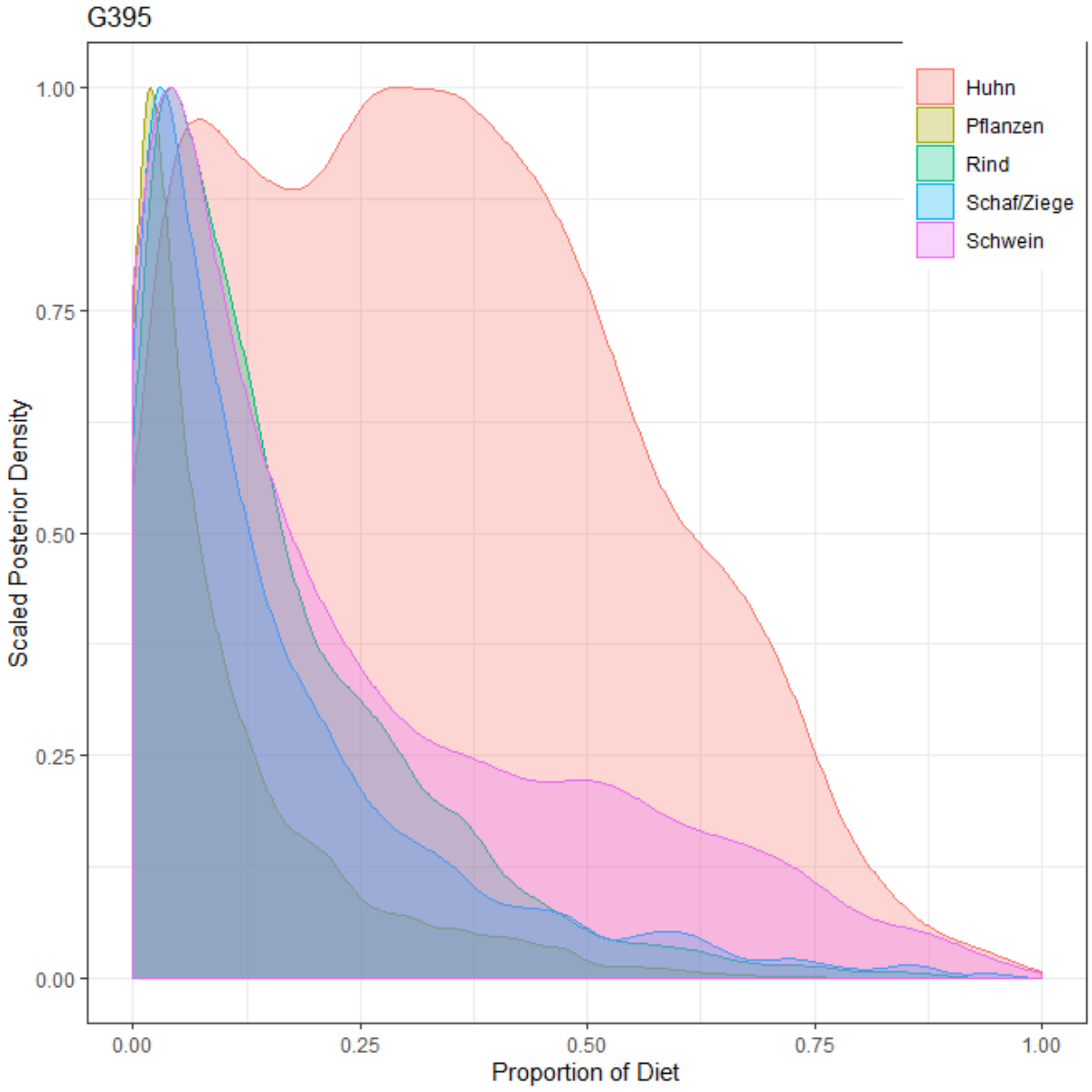


Abbildung 1312: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 95. Erstellt mit MixSIAR.

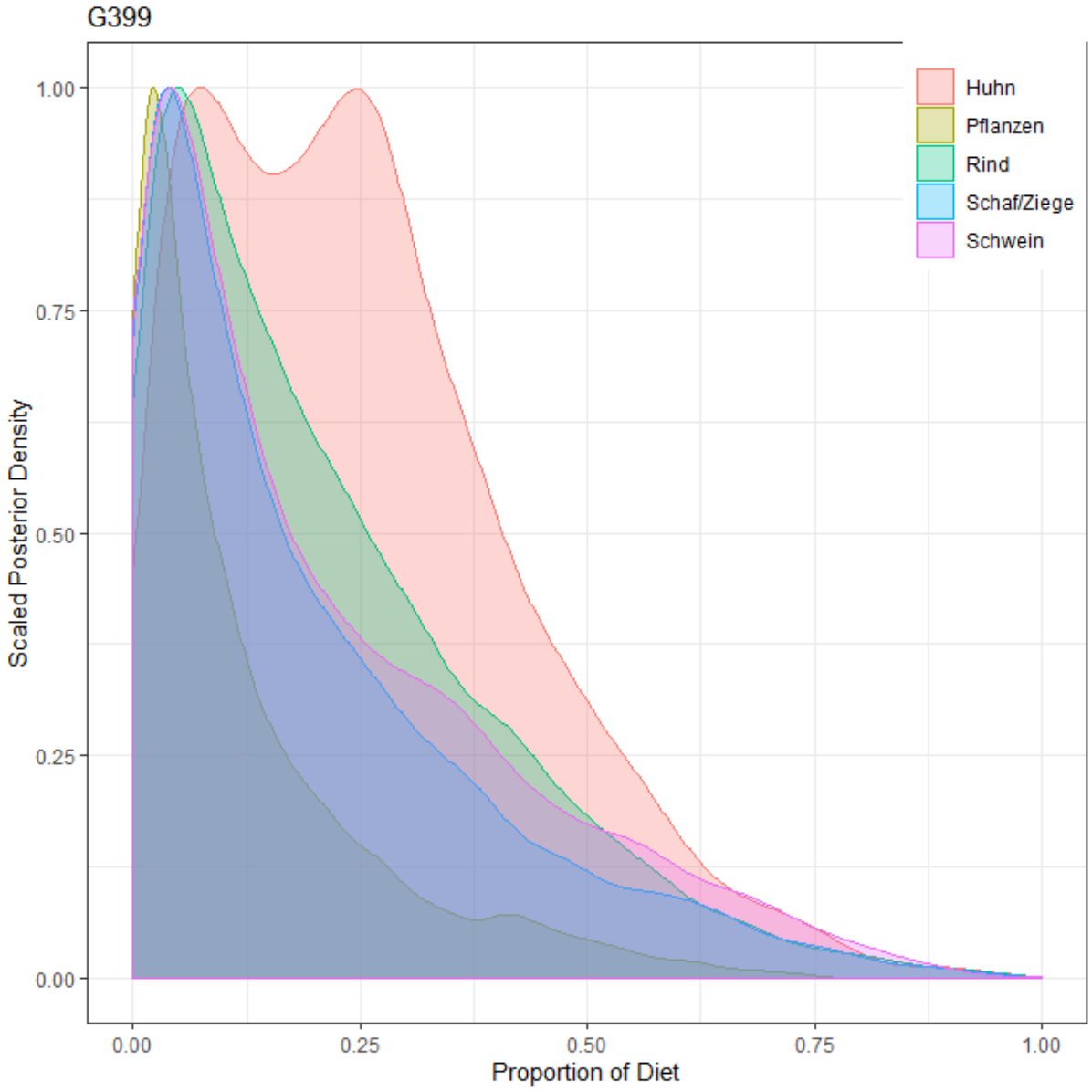


Abbildung 1313: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 99*. Erstellt mit MixSIAR.

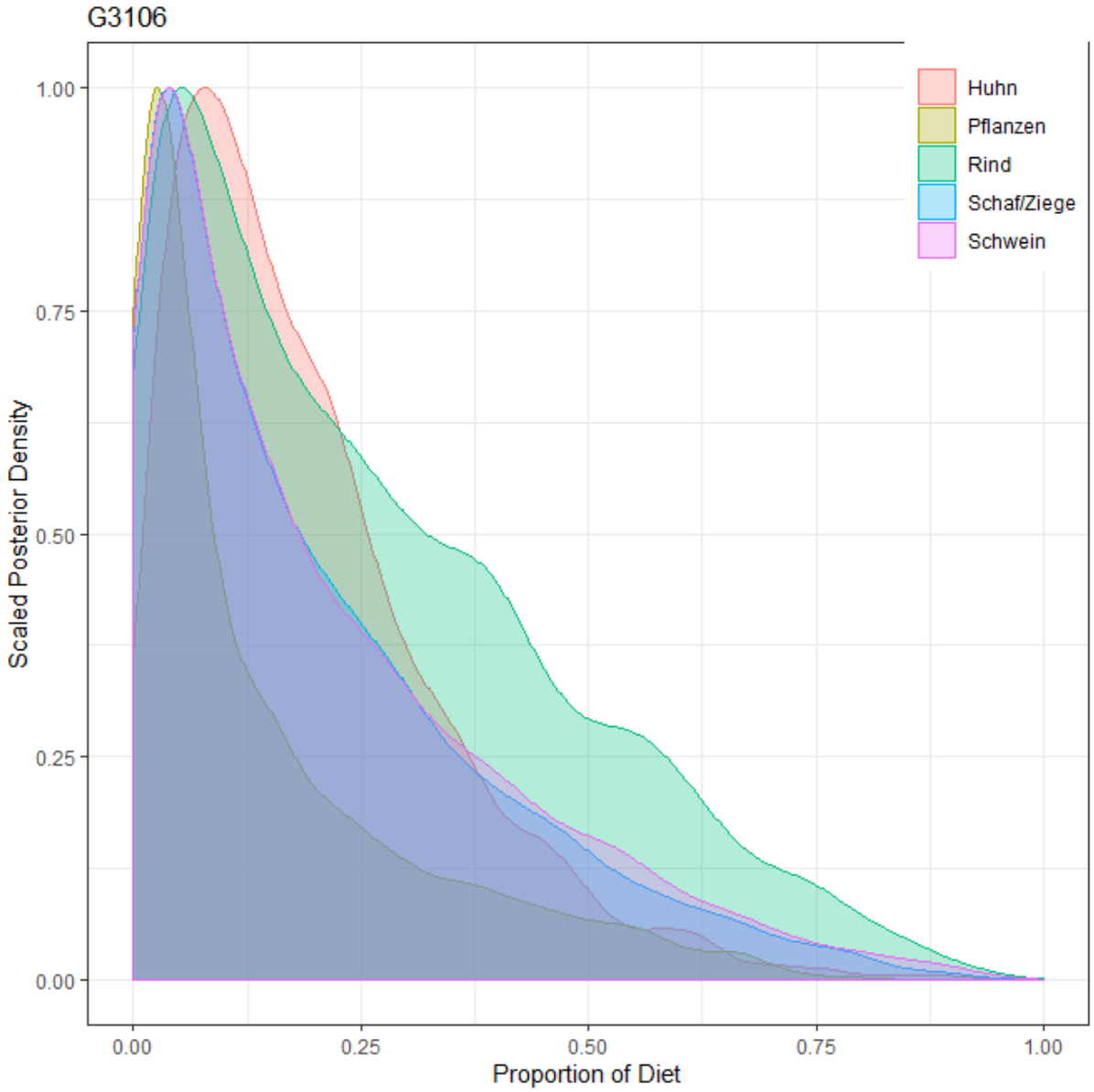


Abbildung 1314: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 106. Erstellt mit MixSIAR.

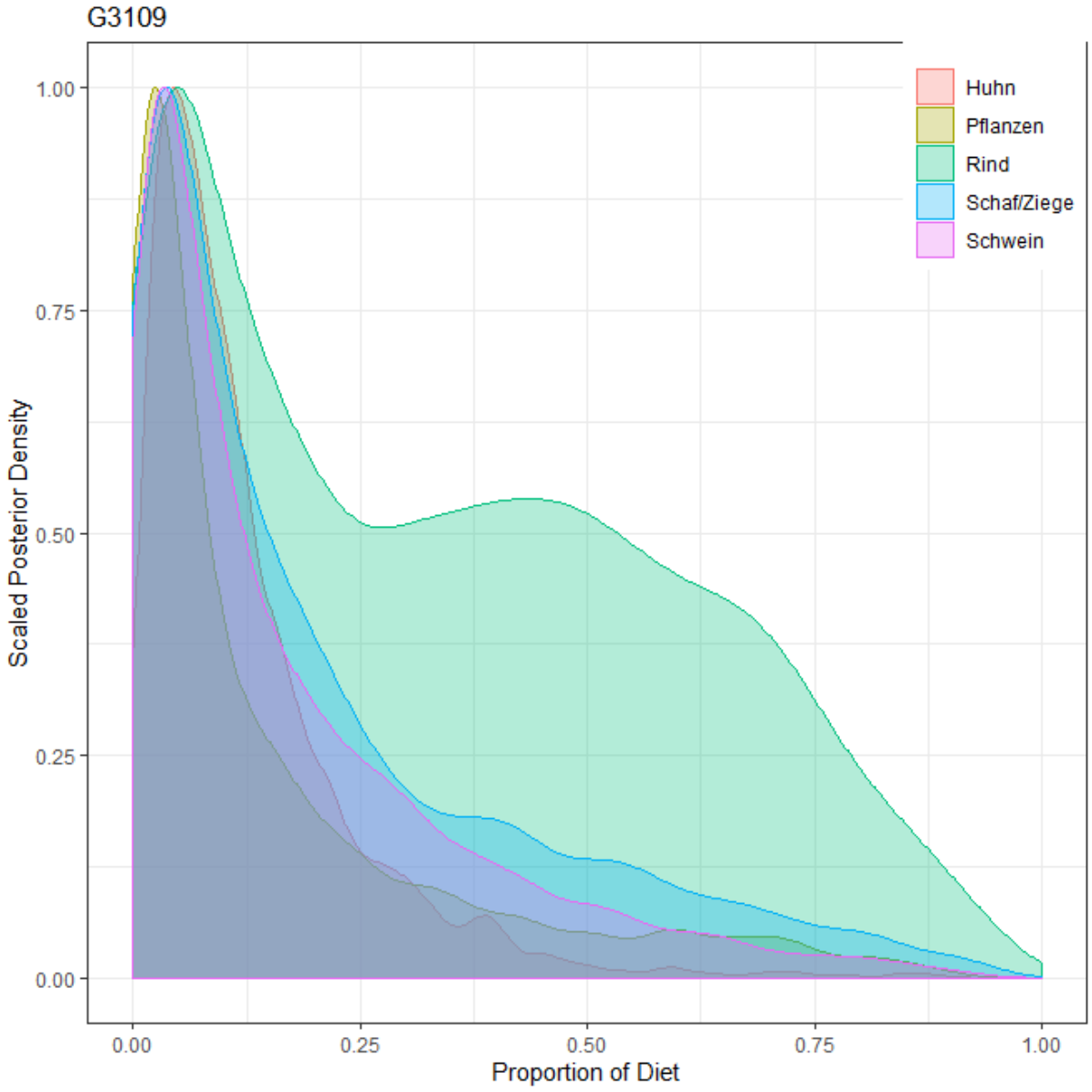


Abbildung 1315: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 109. Erstellt mit MixSIAR.

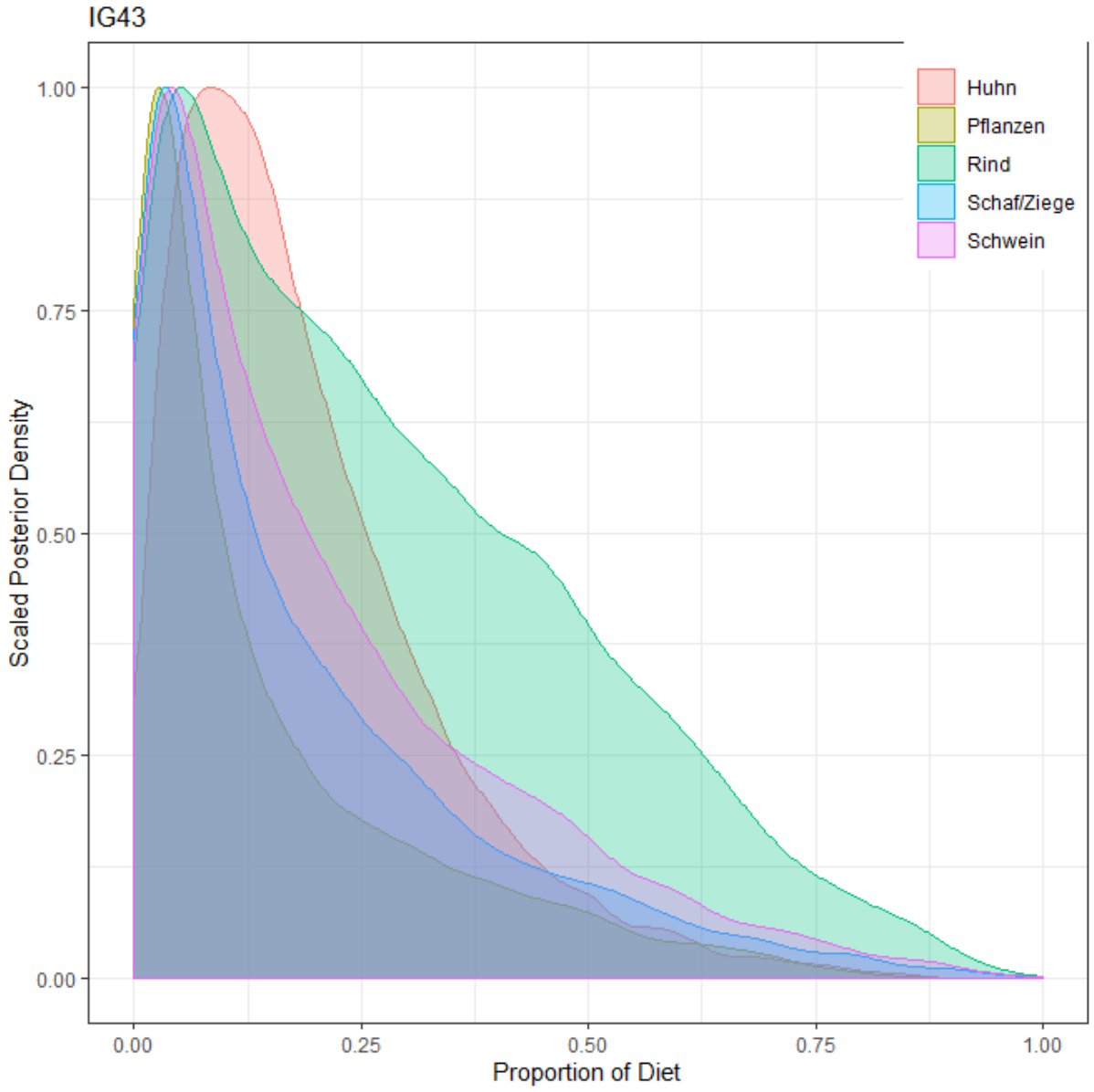


Abbildung 1316: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 3. Erstellt mit MixSIAR.

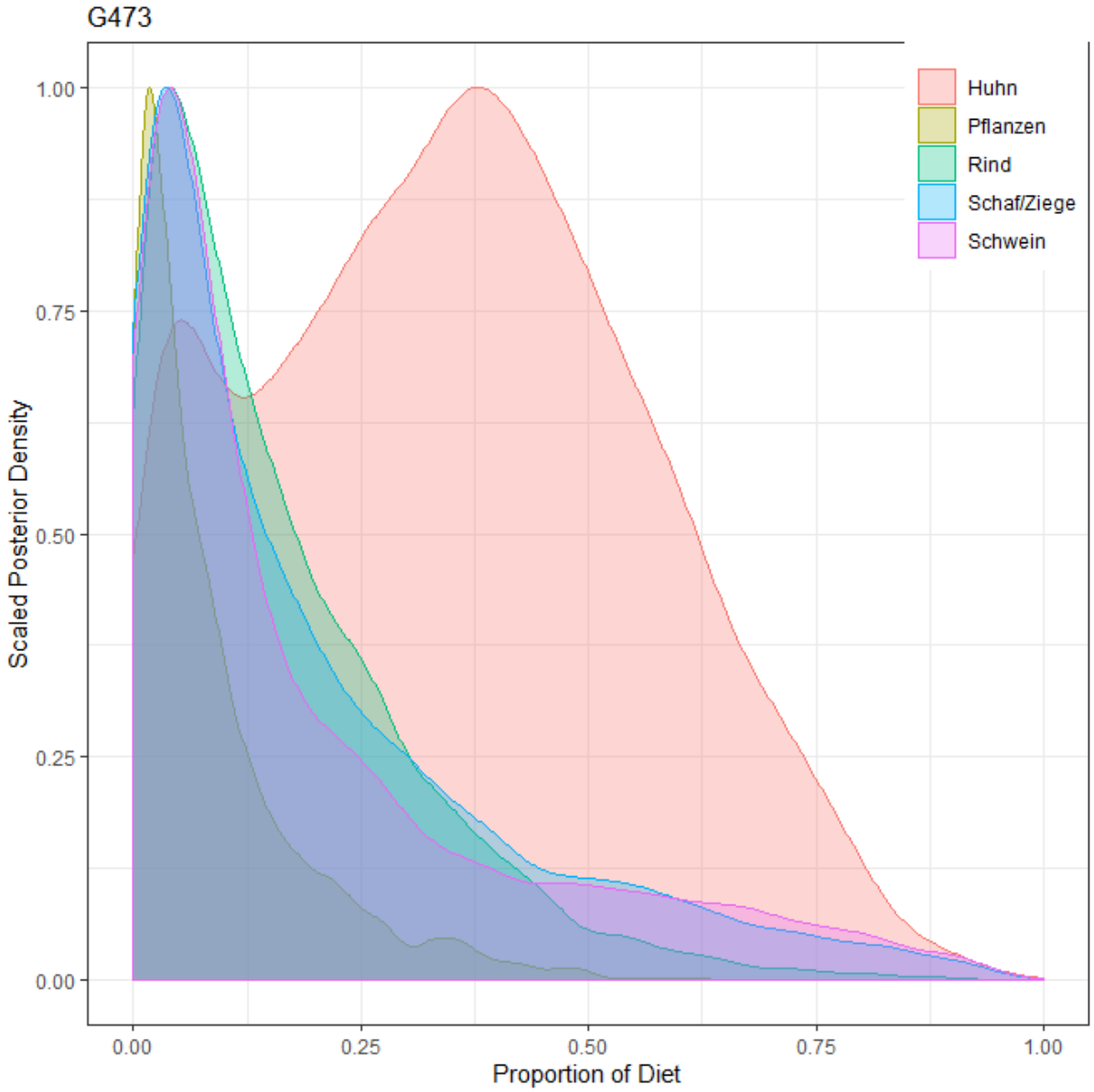


Abbildung 1317: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 73. Erstellt mit MixSIAR.

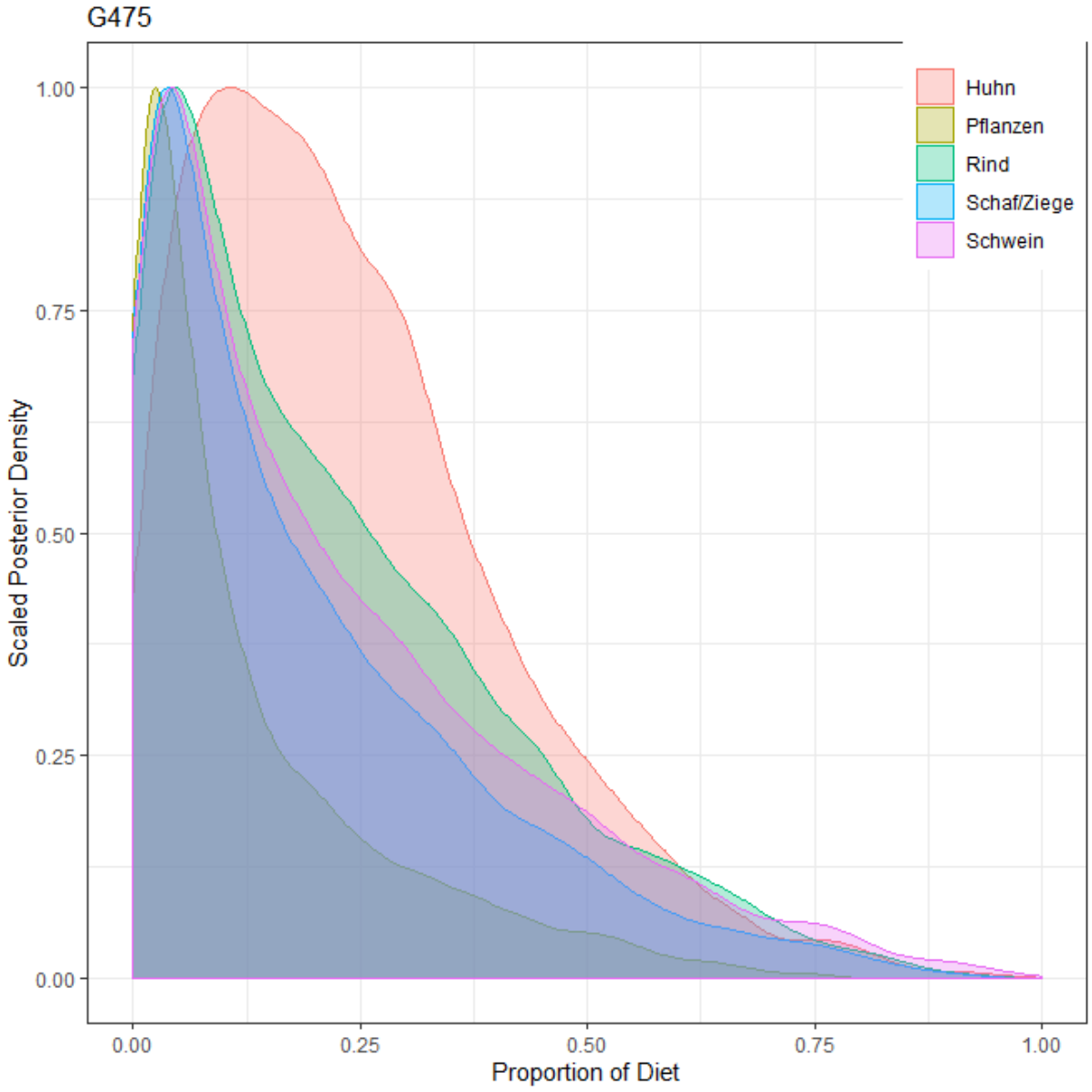


Abbildung 1318: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 75. Erstellt mit MixSIAR.

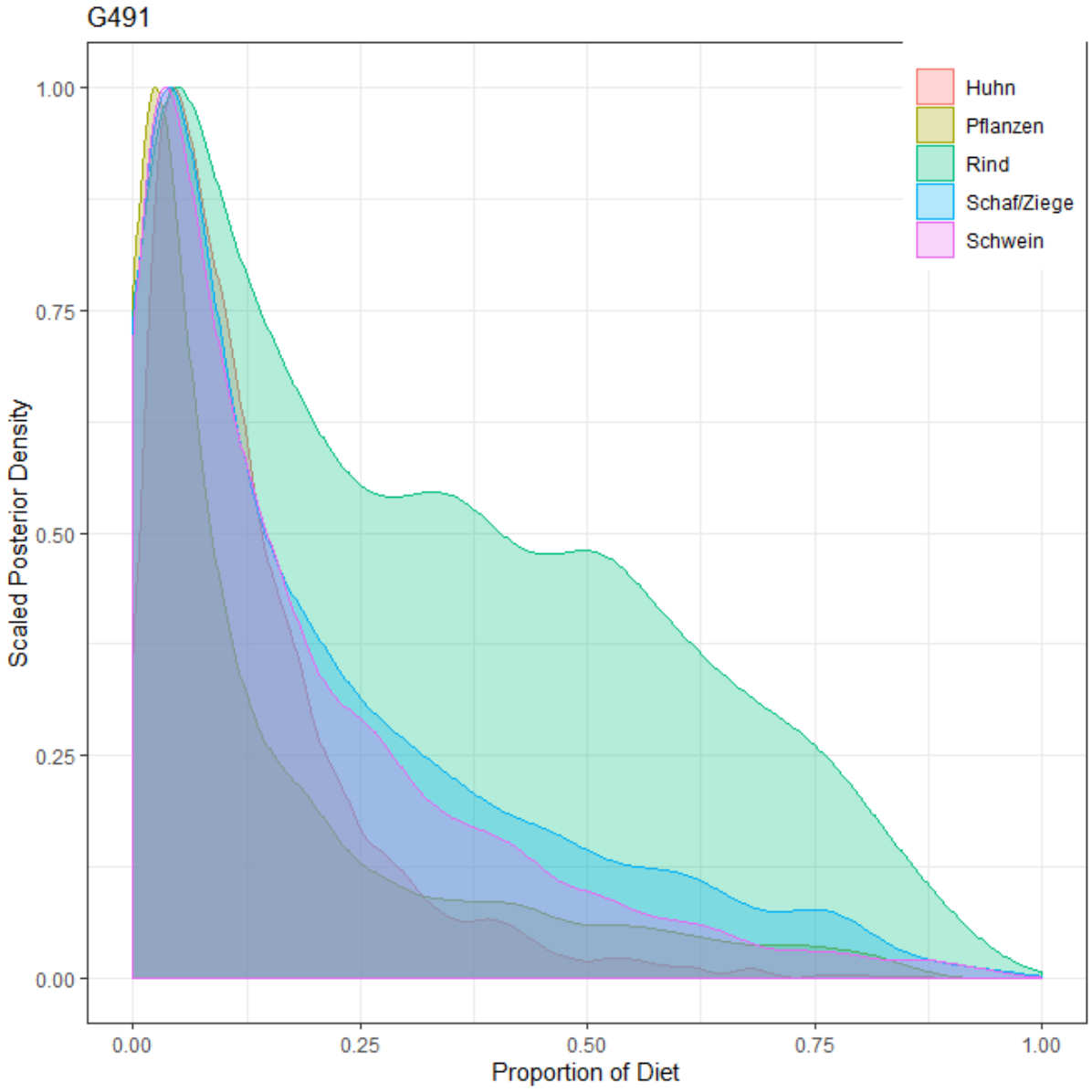


Abbildung 1319: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 91. Erstellt mit MixSIAR.

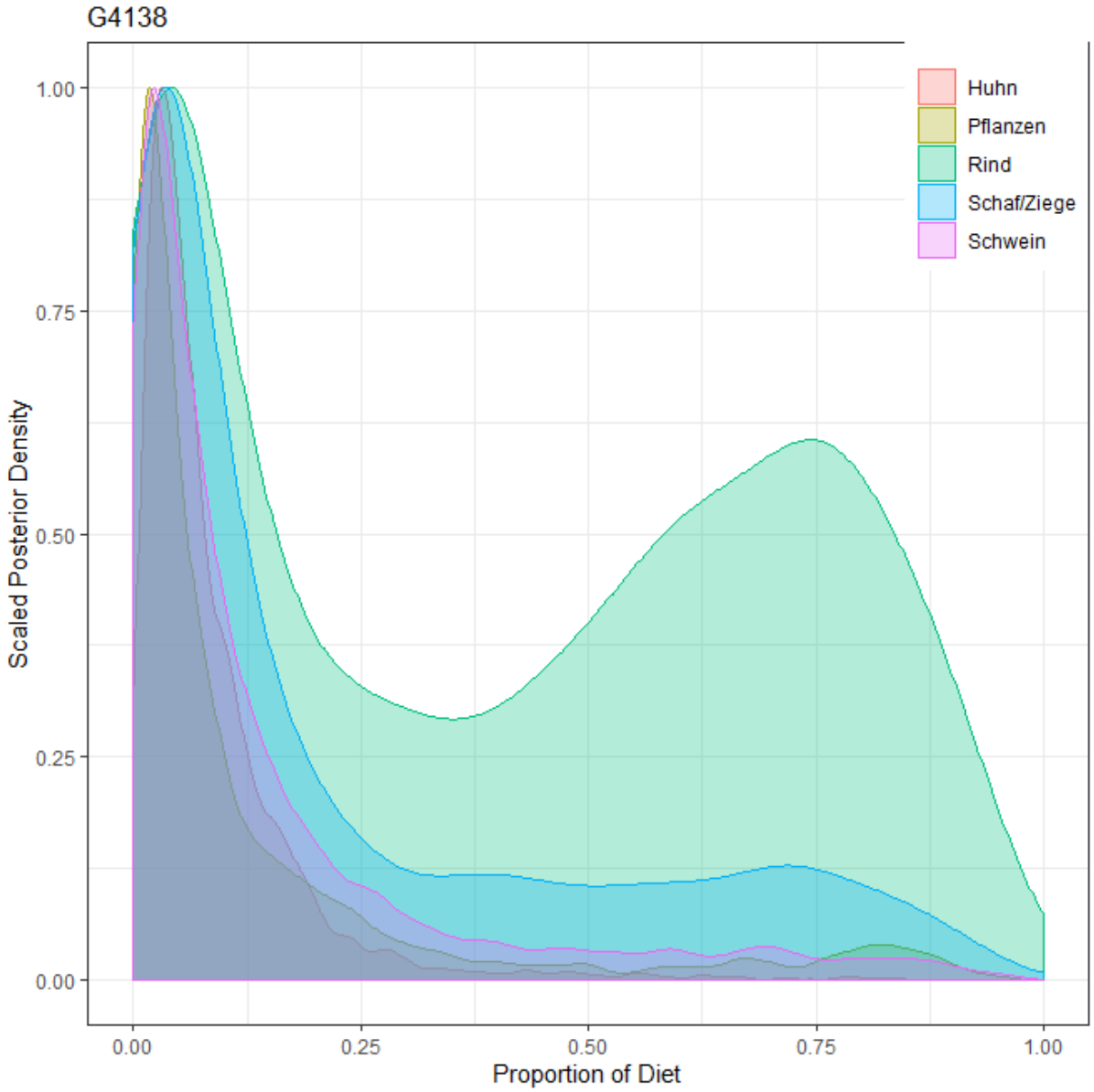


Abbildung 1320: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4138. Erstellt mit MixSIAR.

13.2 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 37: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Großmehring (G). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
G1 7a	Huhn	1,3%	15,5%	12,8%	12,2%	50,0%
	Pflanzen	0,2%	16,1%	17,9%	9,0%	64,5%
	Rind	0,6%	30,9%	23,0%	27,6%	80,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,2%	18,3%	11,8%	66,0%
	Schwein	0,3%	19,3%	18,6%	13,5%	68,4%
G1 8*	Huhn	1,6%	21,8%	15,8%	18,7%	62,5%
	Pflanzen	0,2%	10,3%	11,6%	6,1%	42,7%
	Rind	0,4%	25,4%	21,5%	19,9%	77,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	20,3%	20,6%	12,5%	73,4%
	Schwein	0,3%	22,2%	21,7%	14,1%	75,5%
G1 78*	Huhn	6,4%	21,6%	9,3%	20,4%	42,3%
	Pflanzen	0,4%	12,7%	12,4%	8,7%	50,7%
	Rind	1,3%	28,2%	17,1%	28,0%	60,8%
	Schaf/Ziege	0,8%	16,5%	13,6%	12,9%	50,2%
	Schwein	0,7%	20,9%	16,1%	17,0%	58,5%
G2 17*	Huhn	1,9%	23,6%	16,0%	21,1%	62,4%
	Pflanzen	0,2%	11,9%	13,0%	7,1%	46,8%
	Rind	0,5%	24,2%	19,9%	19,5%	72,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,9%	19,3%	12,0%	69,2%
	Schwein	0,3%	21,3%	20,4%	14,5%	74,2%
G2 20*	Huhn	2,0%	22,5%	15,3%	20,3%	60,0%
	Pflanzen	0,2%	12,3%	13,6%	7,2%	49,0%
	Rind	0,6%	25,1%	20,2%	20,6%	72,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	19,3%	19,5%	12,3%	70,8%
	Schwein	0,3%	20,8%	19,7%	14,3%	70,3%
G2 22	Huhn	2,0%	31,1%	19,5%	29,2%	74,5%
	Pflanzen	0,1%	11,7%	13,3%	6,6%	49,5%
	Rind	0,5%	19,1%	16,7%	15,0%	61,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,0%	16,5%	9,0%	60,3%
	Schwein	0,3%	23,1%	22,2%	15,3%	76,3%
G2 26*	Huhn	2,1%	29,9%	19,0%	28,0%	71,6%
	Pflanzen	0,2%	9,5%	10,6%	5,6%	40,1%
	Rind	0,5%	20,7%	18,4%	15,4%	67,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,3%	19,6%	10,6%	71,2%
	Schwein	0,3%	21,6%	22,0%	13,6%	77,4%
G2 28	Huhn	2,0%	29,9%	19,3%	27,5%	73,0%
	Pflanzen	0,1%	12,6%	14,0%	7,0%	51,1%
	Rind	0,6%	19,5%	17,1%	15,0%	65,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,1%	16,7%	8,9%	62,1%
	Schwein	0,4%	22,9%	22,2%	14,5%	76,8%
G2 114/I	Huhn	2,0%	24,1%	16,8%	20,7%	65,5%
	Pflanzen	0,2%	13,5%	15,0%	7,7%	55,8%
	Rind	0,6%	23,0%	19,2%	18,4%	69,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,8%	17,6%	10,7%	66,4%
	Schwein	0,4%	22,6%	21,0%	15,6%	73,8%
G2 118	Huhn	1,1%	13,9%	13,8%	9,1%	53,7%
	Pflanzen	0,1%	17,7%	22,6%	7,6%	79,8%
	Rind	0,5%	34,3%	26,3%	31,5%	86,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,4%	17,3%	7,4%	67,5%
	Schwein	0,3%	19,7%	21,0%	11,3%	75,6%

G2 120/I	Huhn	0,5%	17,0%	22,1%	6,3%	74,1%
	Pflanzen	0,1%	11,9%	23,0%	3,7%	95,2%
	Rind	0,3%	40,2%	34,9%	27,7%	93,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	9,8%	16,1%	4,3%	71,8%
	Schwein	0,2%	21,0%	27,8%	6,6%	88,0%
G2 121*	Huhn	2,3%	37,4%	19,9%	37,7%	76,8%
	Pflanzen	0,2%	9,8%	10,8%	5,9%	40,0%
	Rind	0,5%	17,1%	14,8%	13,6%	54,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,3%	16,0%	8,4%	58,7%
	Schwein	0,3%	21,4%	21,9%	12,9%	76,2%
G2 133/I	Huhn	1,6%	21,0%	17,3%	15,9%	64,5%
	Pflanzen	0,2%	16,5%	19,6%	8,0%	70,1%
	Rind	0,6%	25,0%	21,7%	18,7%	76,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,8%	16,8%	8,5%	65,6%
	Schwein	0,3%	22,7%	22,1%	15,3%	78,3%
G2 133/II	Huhn	1,4%	15,7%	12,2%	12,7%	47,6%
	Pflanzen	0,2%	13,7%	15,8%	7,2%	57,2%
	Rind	0,5%	30,3%	23,2%	26,2%	80,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	20,6%	20,8%	13,1%	73,4%
	Schwein	0,3%	19,6%	19,1%	13,2%	69,9%
G2 156	Huhn	1,3%	65,3%	26,3%	74,1%	92,9%
	Pflanzen	0,1%	4,9%	6,1%	2,9%	21,7%
	Rind	0,3%	6,9%	6,3%	5,2%	23,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	5,3%	5,9%	3,5%	20,1%
	Schwein	0,2%	17,5%	27,1%	5,4%	91,5%
G3 24/III	Huhn	1,7%	20,7%	14,6%	18,3%	56,3%
	Pflanzen	0,2%	12,1%	13,6%	6,9%	49,6%
	Rind	0,5%	26,1%	21,1%	21,0%	74,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	20,6%	20,3%	13,9%	72,4%
	Schwein	0,3%	20,5%	20,2%	13,6%	73,5%
G3 36*	Huhn	0,9%	11,1%	10,4%	8,1%	39,1%
	Pflanzen	0,1%	11,1%	15,3%	5,1%	61,0%
	Rind	0,4%	35,9%	28,4%	30,7%	88,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	23,0%	25,0%	11,5%	81,9%
	Schwein	0,3%	18,8%	21,7%	9,8%	77,5%
G3 37	Huhn	1,4%	14,6%	11,6%	11,8%	44,9%
	Pflanzen	0,1%	14,7%	16,8%	8,0%	60,0%
	Rind	0,6%	31,4%	23,7%	27,5%	81,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	20,0%	20,0%	12,6%	71,3%
	Schwein	0,3%	19,2%	19,0%	12,7%	68,4%
G3 38	Huhn	0,7%	9,9%	11,6%	6,4%	46,2%
	Pflanzen	0,1%	15,0%	23,7%	4,8%	85,6%
	Rind	0,4%	43,8%	31,2%	49,3%	90,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,2%	19,4%	6,2%	75,2%
	Schwein	0,2%	17,2%	22,1%	7,4%	80,6%
G3 43	Huhn	1,8%	32,3%	20,2%	30,5%	75,0%
	Pflanzen	0,2%	11,9%	13,7%	6,4%	52,0%
	Rind	0,5%	18,0%	16,0%	13,3%	60,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,8%	15,4%	8,4%	57,7%
	Schwein	0,3%	24,0%	23,6%	15,0%	80,5%
G3 47	Huhn	2,0%	25,4%	16,6%	22,8%	64,1%
	Pflanzen	0,2%	12,4%	13,9%	7,1%	51,4%
	Rind	0,6%	23,3%	18,9%	18,7%	68,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,7%	18,4%	11,0%	68,9%
	Schwein	0,4%	21,3%	19,8%	15,3%	71,5%

G3 53	Huhn	1,2%	13,1%	11,3%	9,9%	43,7%
	Pflanzen	0,2%	15,7%	19,0%	7,5%	68,8%
	Rind	0,5%	34,0%	24,8%	31,2%	82,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,2%	19,3%	11,0%	70,3%
	Schwein	0,3%	19,0%	19,5%	12,0%	71,3%
G3 54	Huhn	1,8%	23,3%	16,0%	19,8%	62,4%
	Pflanzen	0,2%	13,5%	14,9%	7,5%	54,0%
	Rind	0,5%	23,6%	19,4%	19,0%	70,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	17,9%	18,6%	11,2%	68,9%
	Schwein	0,3%	21,7%	20,5%	15,2%	72,8%
G3 55ZIG	Huhn	2,1%	32,3%	19,3%	31,4%	74,4%
	Pflanzen	0,2%	11,4%	12,8%	6,5%	47,4%
	Rind	0,5%	18,6%	16,4%	14,2%	61,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,1%	16,5%	9,1%	61,7%
	Schwein	0,3%	22,6%	22,1%	14,8%	77,2%
G3 57	Huhn	1,7%	32,5%	19,8%	31,0%	74,3%
	Pflanzen	0,2%	11,4%	12,8%	6,6%	47,3%
	Rind	0,4%	18,4%	16,1%	14,1%	58,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,7%	16,2%	8,9%	61,3%
	Schwein	0,3%	23,0%	22,4%	15,3%	79,2%
G3 64	Huhn	1,3%	15,6%	13,5%	11,7%	51,9%
	Pflanzen	0,1%	16,6%	19,4%	8,3%	69,6%
	Rind	0,5%	31,5%	23,8%	28,1%	81,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,0%	18,0%	10,6%	65,3%
	Schwein	0,3%	19,3%	19,2%	12,8%	69,5%
G3 66	Huhn	1,4%	16,1%	12,4%	13,3%	47,2%
	Pflanzen	0,2%	13,1%	15,2%	7,0%	56,3%
	Rind	0,6%	30,1%	23,3%	25,8%	80,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	21,0%	20,4%	13,9%	72,4%
	Schwein	0,3%	19,7%	19,2%	13,2%	70,1%
G3 92	Huhn	2,0%	21,7%	15,4%	18,8%	60,4%
	Pflanzen	0,2%	13,0%	14,3%	7,3%	50,8%
	Rind	0,6%	25,1%	20,4%	20,4%	73,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,9%	18,6%	12,6%	67,9%
	Schwein	0,3%	21,2%	19,6%	15,6%	71,5%
G3 95	Huhn	2,2%	34,3%	20,7%	32,8%	77,3%
	Pflanzen	0,1%	11,2%	13,2%	6,1%	49,2%
	Rind	0,5%	17,4%	15,9%	12,7%	60,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,3%	15,1%	7,9%	55,9%
	Schwein	0,3%	23,9%	23,3%	15,0%	78,4%
G3 99*	Huhn	2,1%	26,3%	17,3%	23,9%	67,3%
	Pflanzen	0,2%	13,0%	14,3%	7,5%	52,0%
	Rind	0,5%	22,3%	18,8%	17,3%	68,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,5%	17,5%	9,9%	64,8%
	Schwein	0,3%	22,0%	20,5%	14,8%	72,8%
G3 106	Huhn	1,5%	19,9%	15,3%	15,9%	60,8%
	Pflanzen	0,2%	14,7%	16,5%	8,1%	59,7%
	Rind	0,5%	26,5%	20,8%	22,4%	74,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,6%	18,5%	10,9%	68,0%
	Schwein	0,3%	21,3%	20,1%	14,9%	72,0%
G3 109	Huhn	1,1%	12,9%	12,3%	9,1%	48,8%
	Pflanzen	0,2%	16,9%	21,8%	7,1%	78,0%
	Rind	0,6%	35,7%	26,3%	33,4%	85,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,0%	18,8%	8,5%	69,9%
	Schwein	0,2%	18,5%	19,8%	11,2%	71,9%

G4 3	Huhn	1,7%	18,9%	14,2%	15,4%	56,5%
	Pflanzen	0,1%	15,1%	16,9%	8,2%	61,7%
	Rind	0,5%	27,5%	21,5%	23,3%	76,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,2%	18,7%	11,4%	68,2%
	Schwein	0,3%	20,3%	19,2%	14,2%	69,8%
G4 73	Huhn	2,0%	37,0%	19,9%	37,3%	77,2%
	Pflanzen	0,2%	9,3%	10,6%	5,2%	40,3%
	Rind	0,5%	17,7%	15,9%	13,2%	60,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	14,5%	16,1%	8,7%	60,3%
	Schwein	0,3%	21,4%	22,4%	12,3%	79,8%
G4 75	Huhn	1,9%	24,1%	16,4%	21,2%	63,8%
	Pflanzen	0,1%	13,3%	14,9%	7,2%	54,6%
	Rind	0,5%	23,7%	19,4%	19,1%	69,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,9%	17,6%	10,4%	64,6%
	Schwein	0,4%	22,0%	20,7%	15,5%	74,0%
G4 91	Huhn	1,2%	13,8%	12,7%	9,7%	49,3%
	Pflanzen	0,2%	17,0%	20,6%	7,6%	73,9%
	Rind	0,6%	33,4%	24,9%	30,2%	84,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,0%	18,9%	9,6%	70,6%
	Schwein	0,3%	18,8%	19,2%	11,8%	70,9%
G4 138	Huhn	0,7%	9,1%	10,3%	5,9%	38,3%
	Pflanzen	0,1%	15,0%	23,2%	4,9%	85,0%
	Rind	0,4%	43,2%	31,0%	47,3%	90,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,7%	21,7%	6,4%	81,2%
	Schwein	0,2%	16,9%	21,5%	7,6%	77,9%

13.3 SISUS: Abbildungen

G1 7a

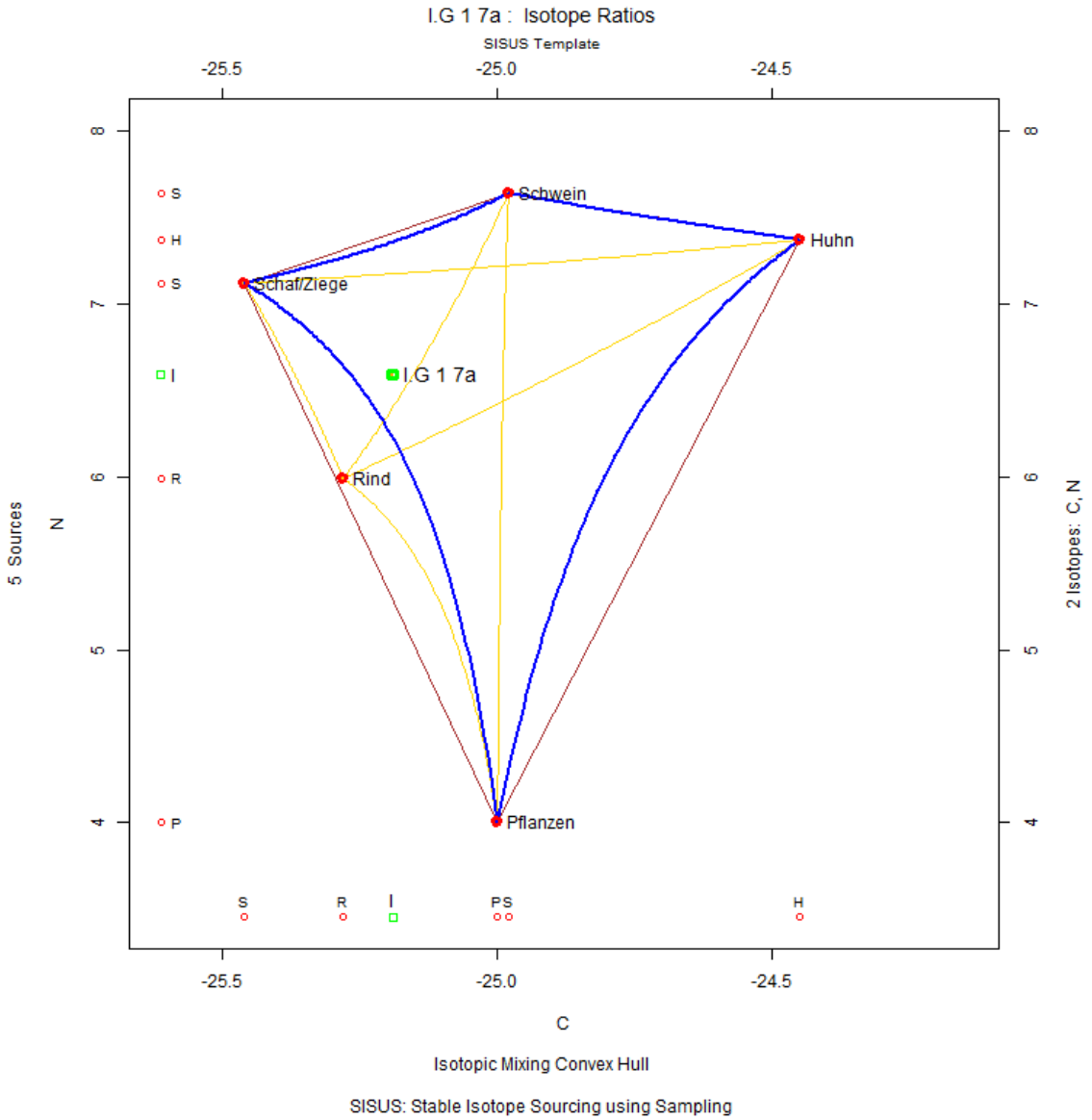


Abbildung 1321: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 7a. Erstellt mit SISUS.

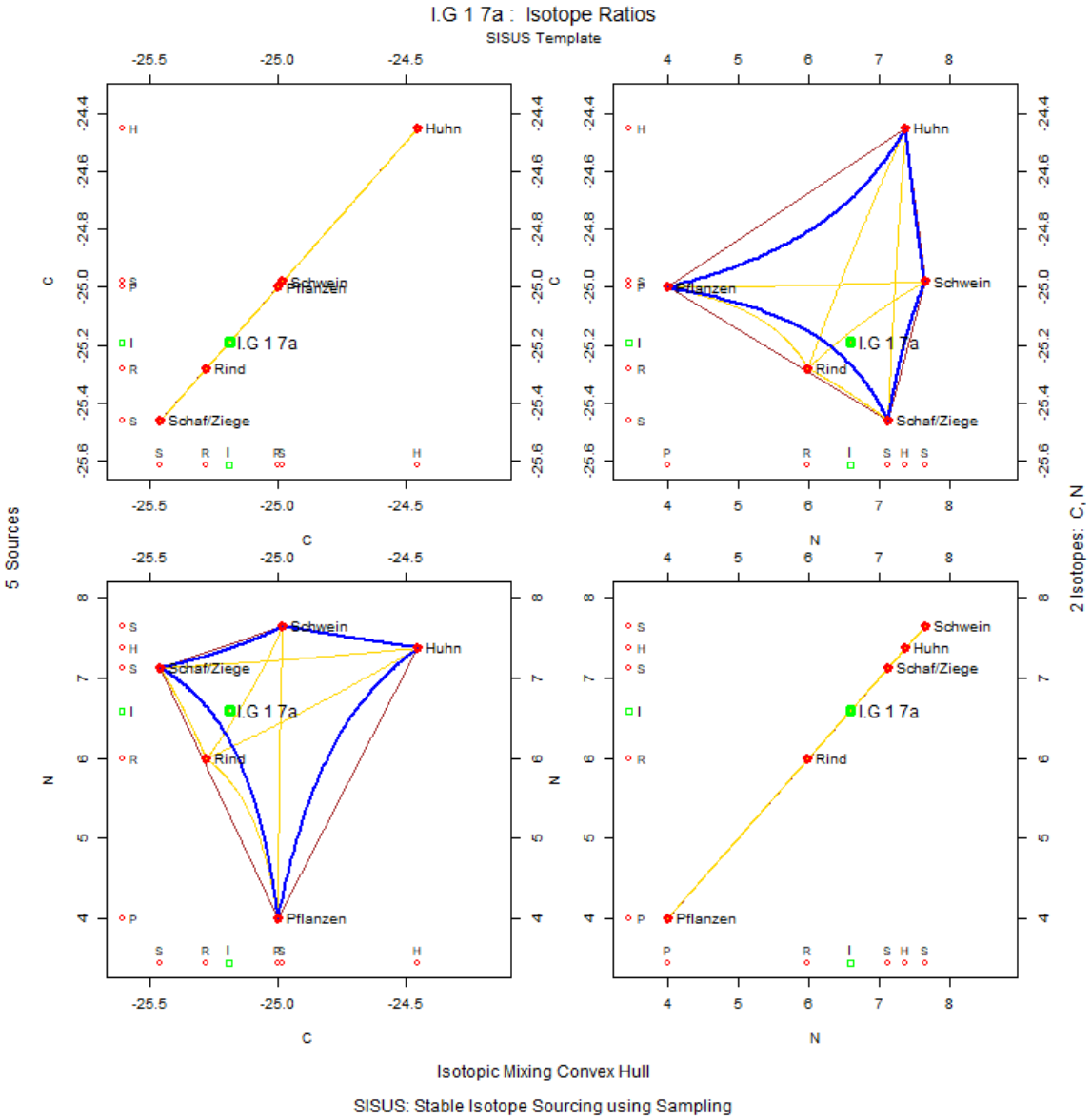


Abbildung 1322: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 1 7a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

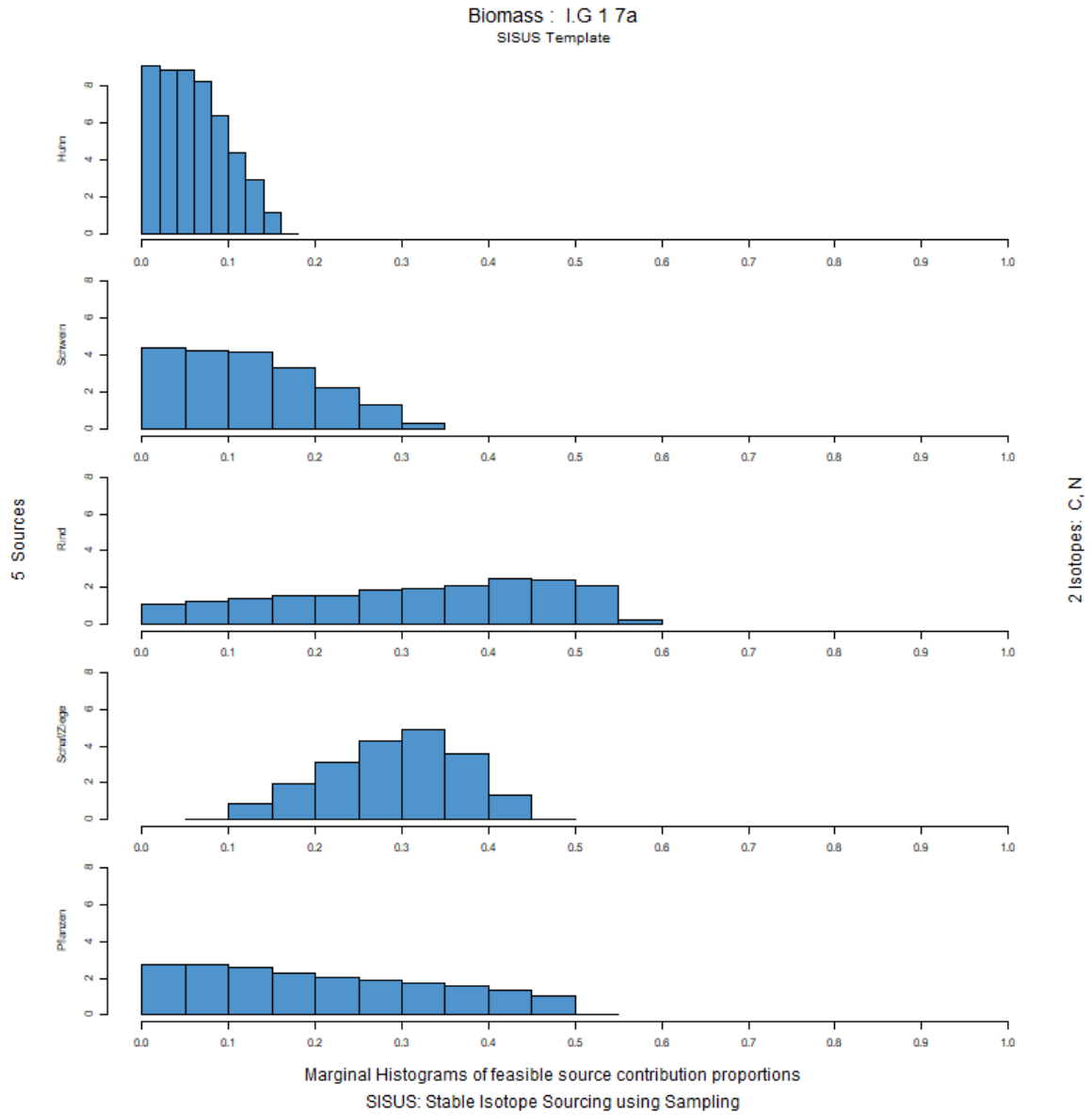


Abbildung 1323: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 1 7a. Erstellt mit SISUS.

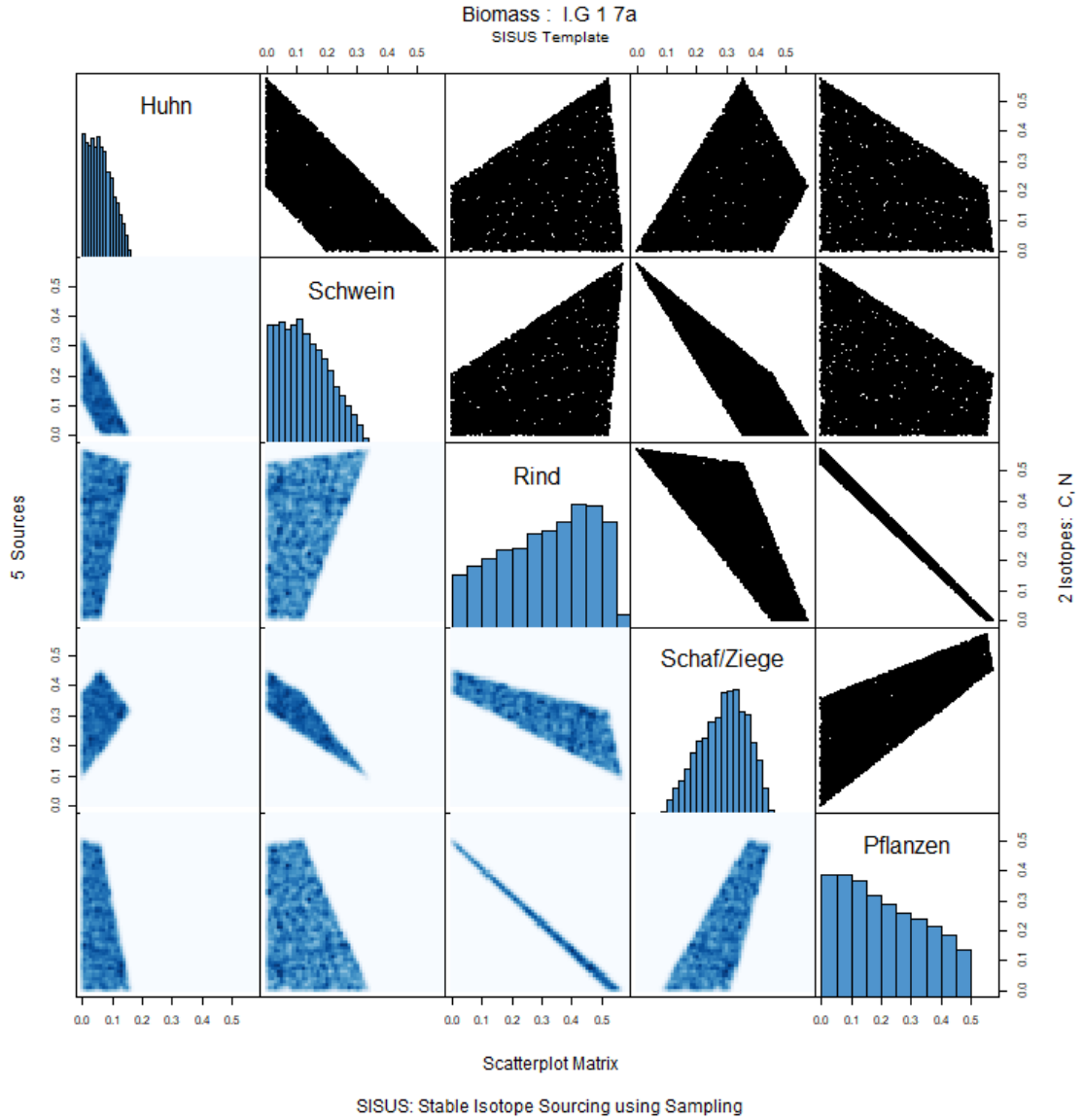


Abbildung 1324: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 1 7a. Erstellt mit SISUS.

G1 8

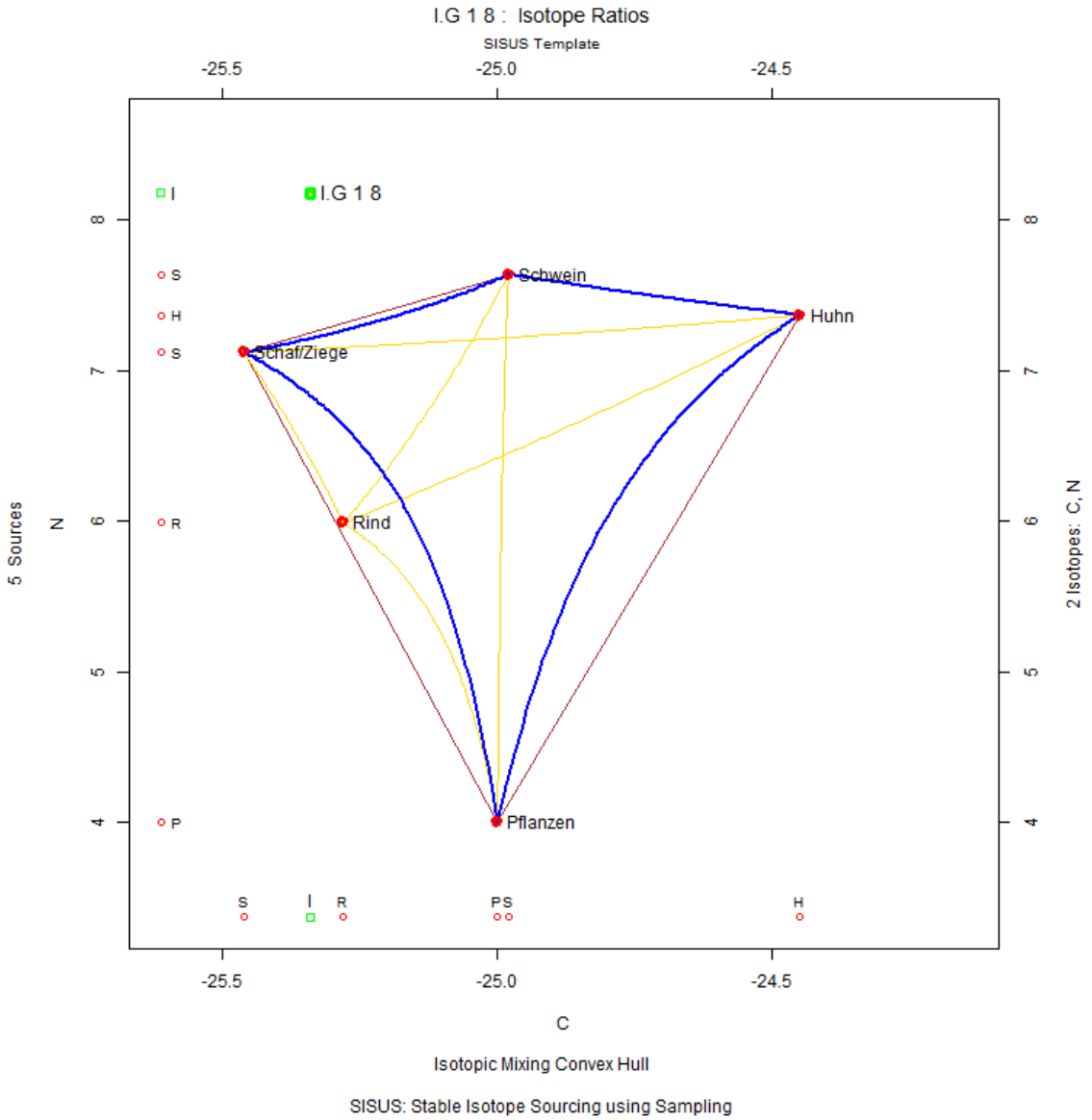


Abbildung 1325: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 8. Erstellt mit SISUS.

G1 78

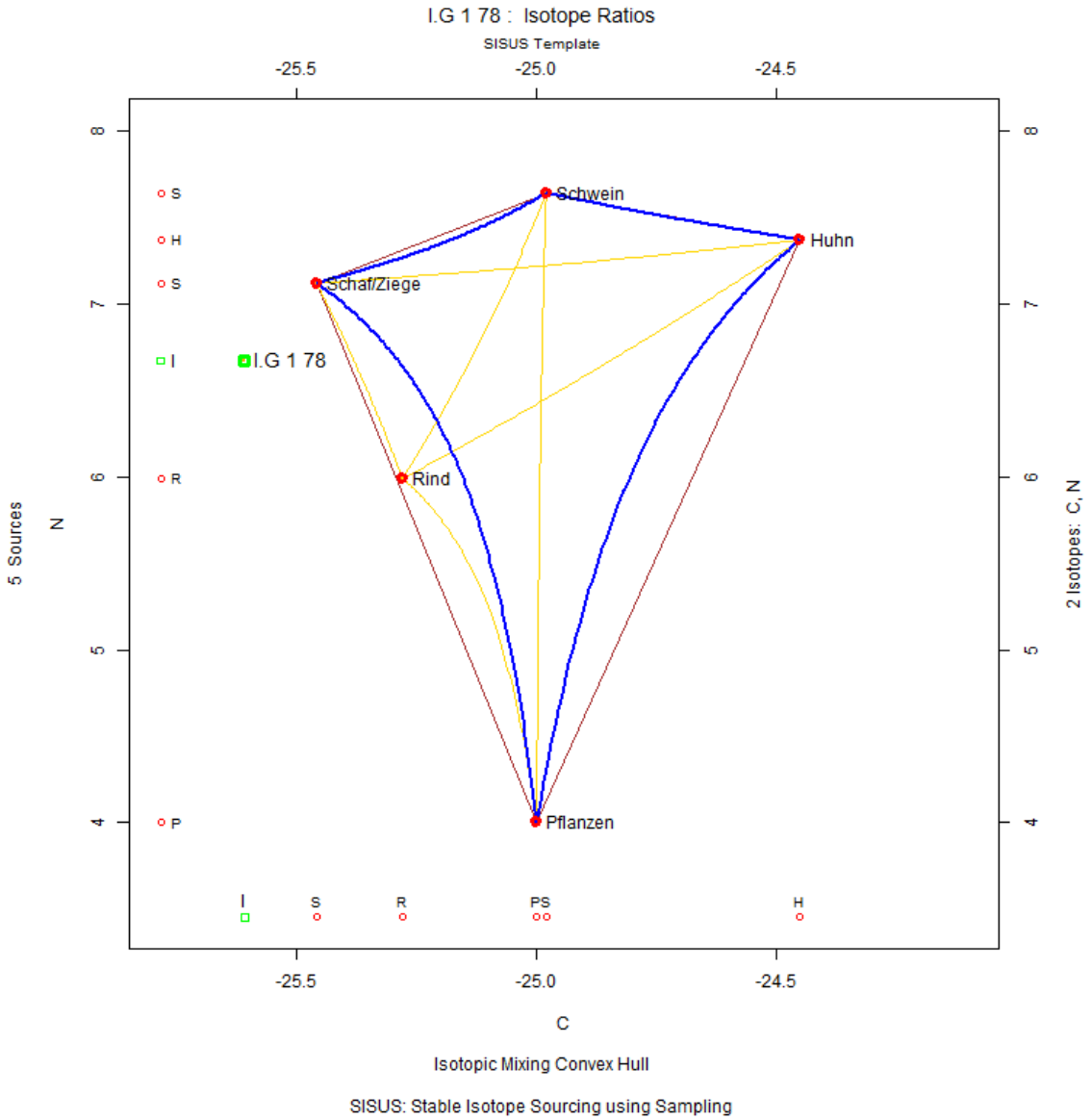


Abbildung 1326: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 1 78. Erstellt mit SISUS.

G2 17

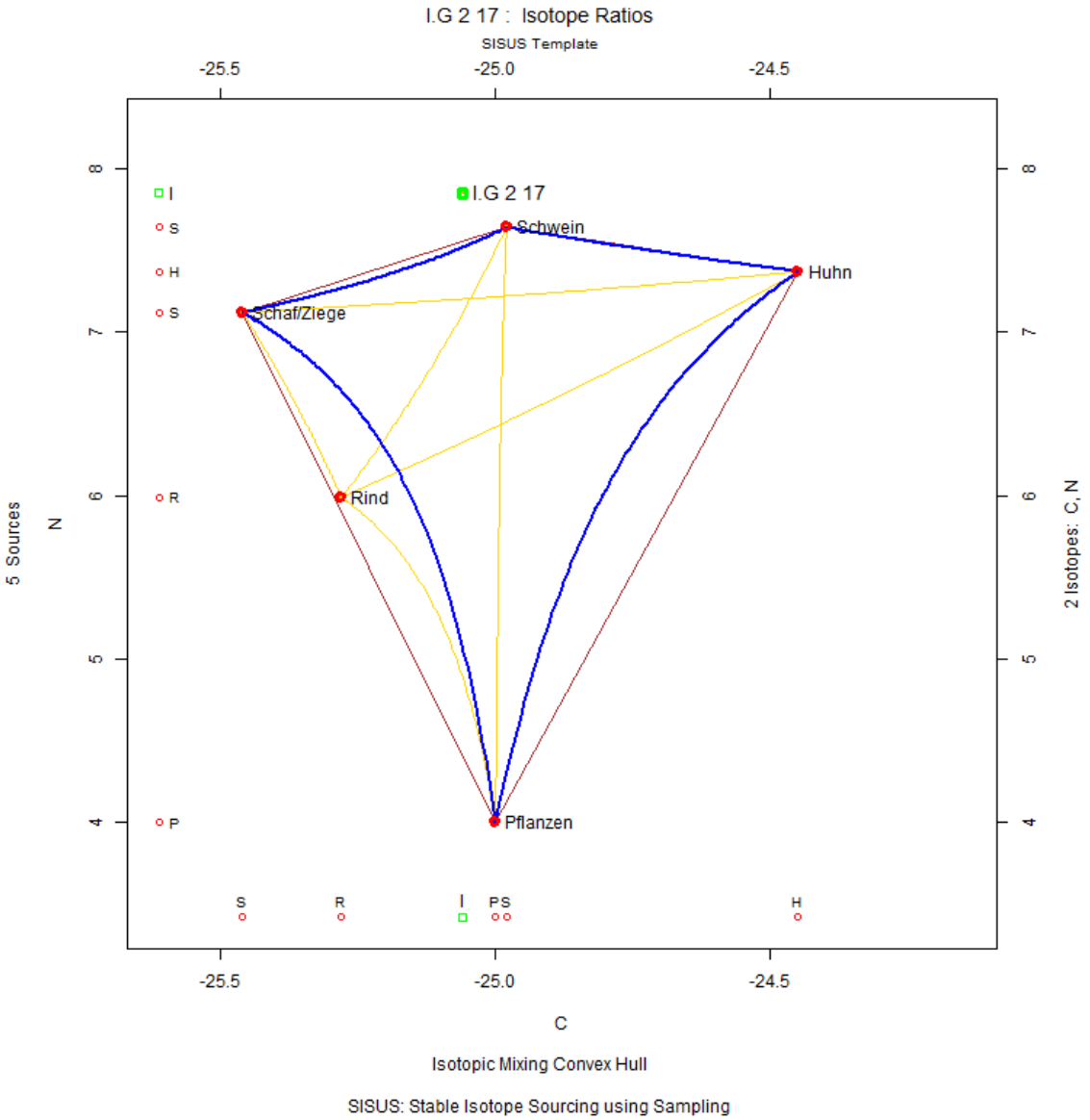


Abbildung 1327: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 17. Erstellt mit SISUS.

G2 20

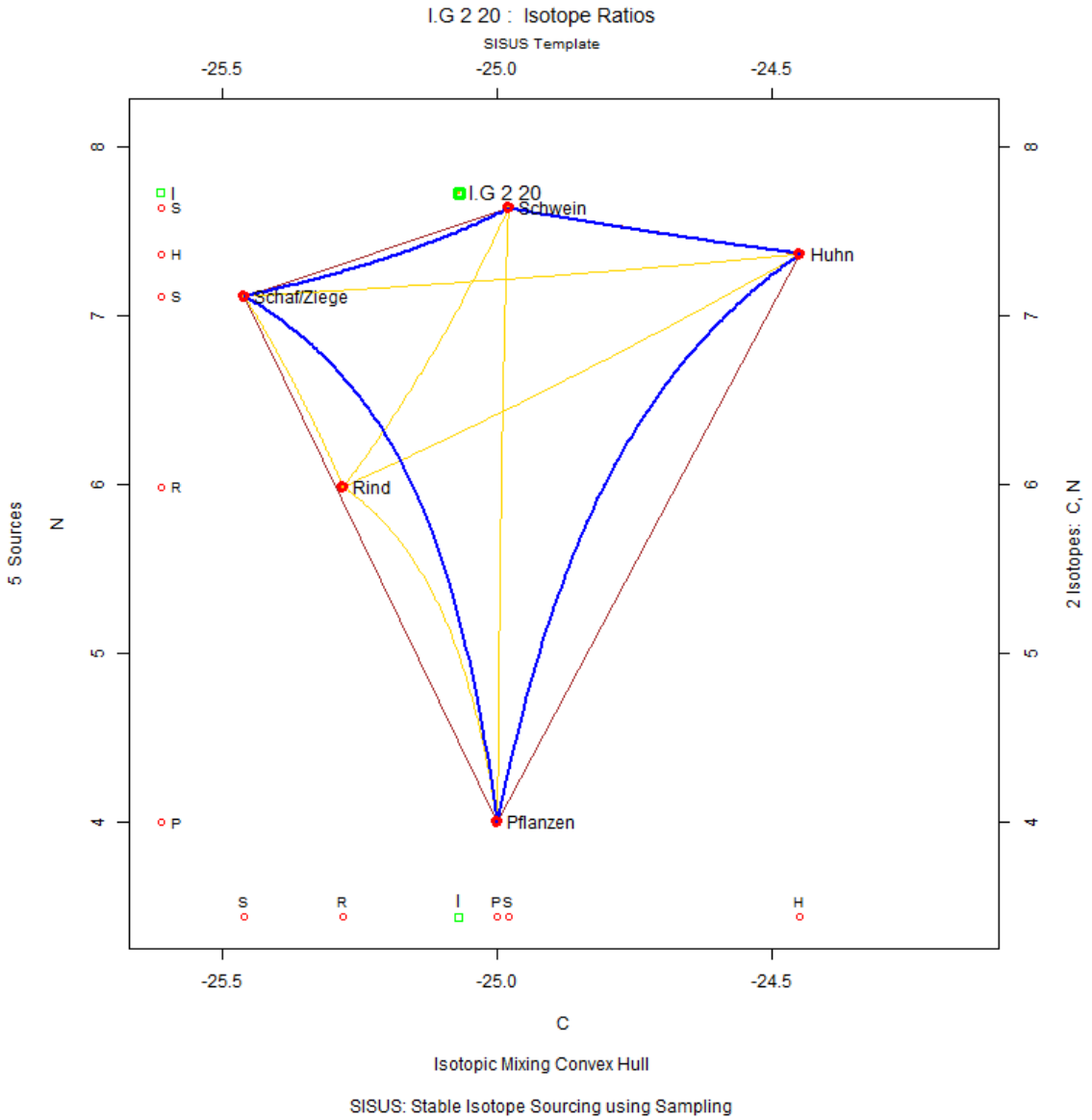


Abbildung 1328: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 20. Erstellt mit SISUS.

G2 22

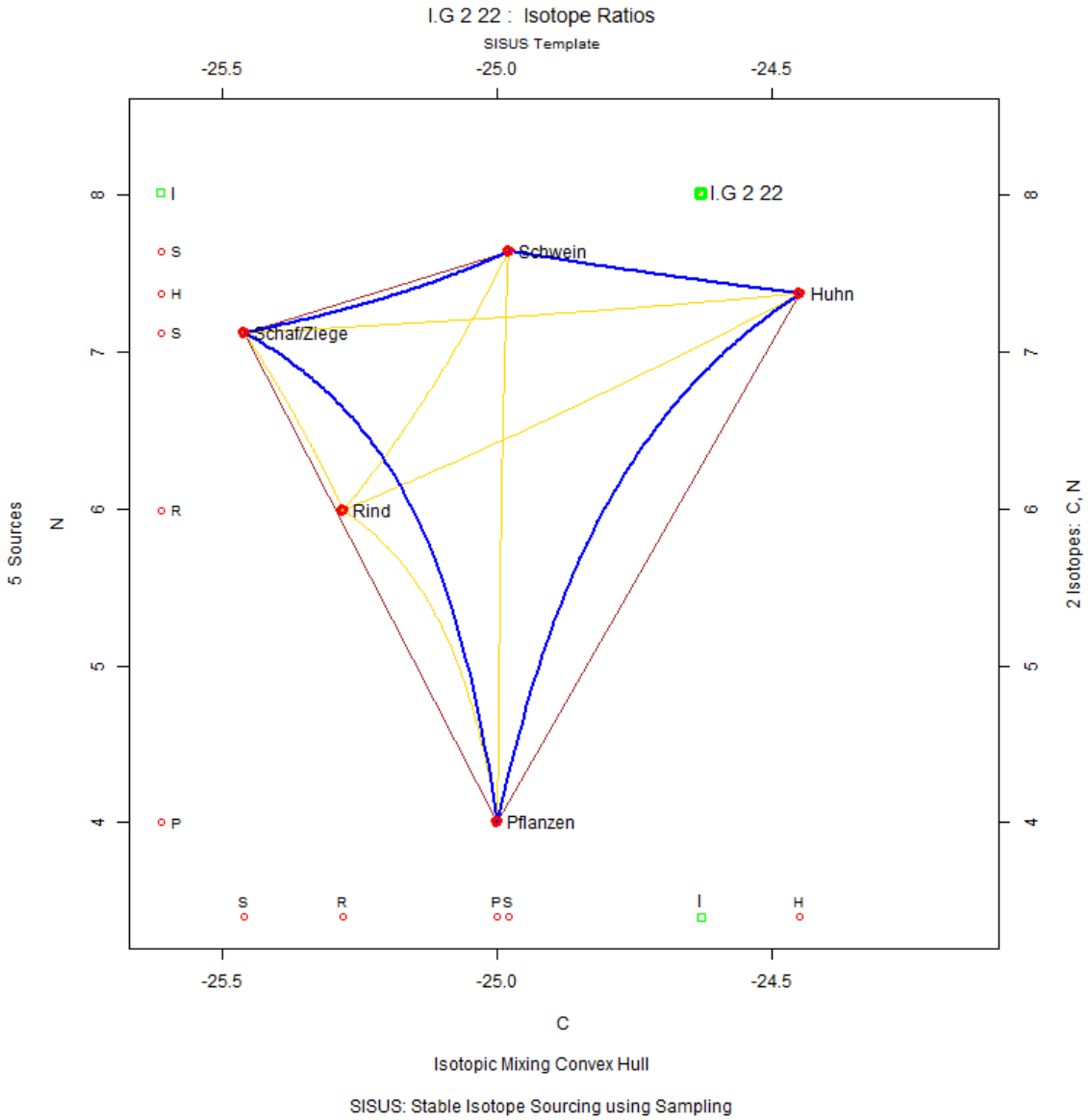


Abbildung 1329: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 22. Erstellt mit SISUS.

G2 26

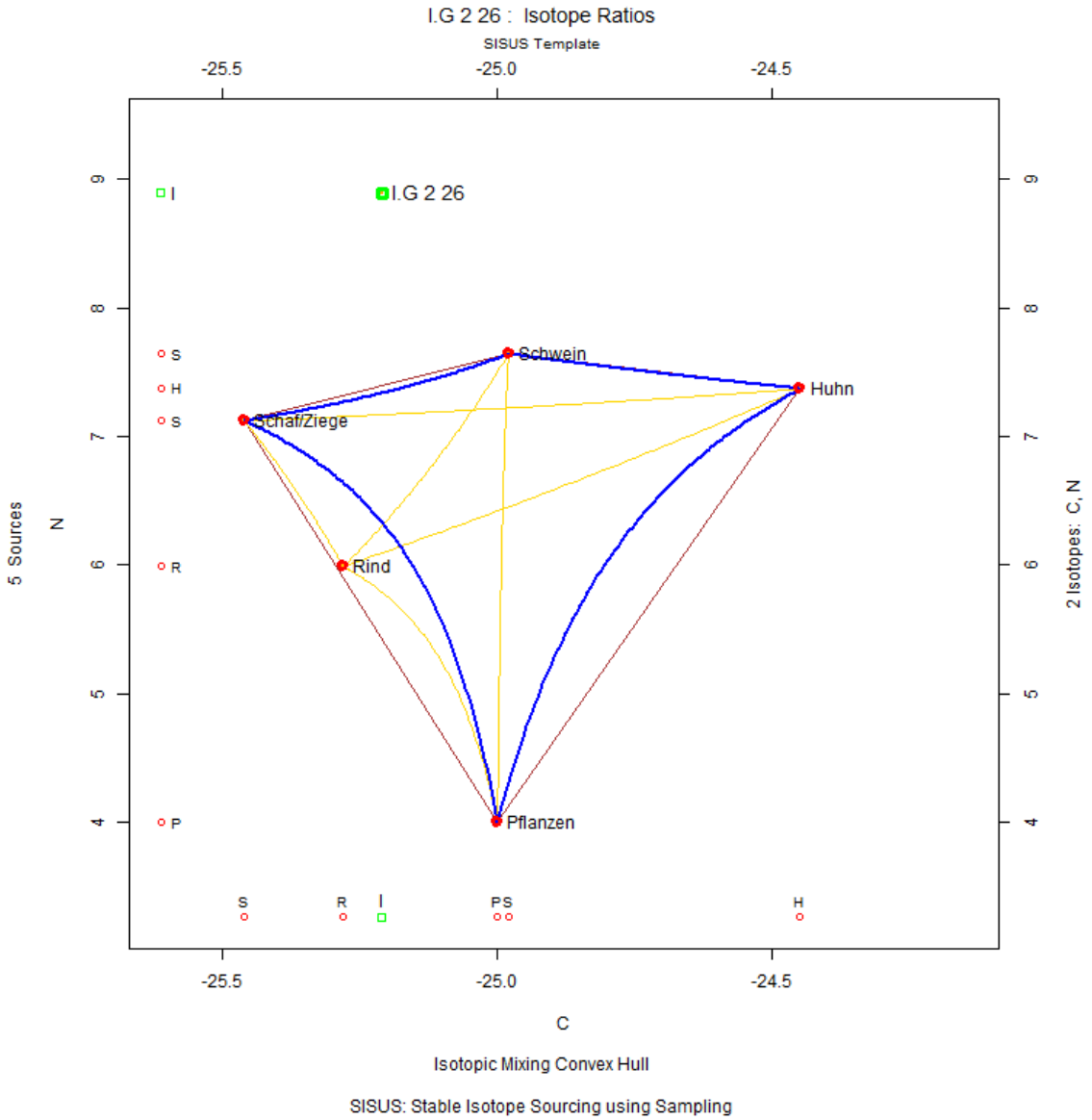


Abbildung 1330: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 26. Erstellt mit SISUS.

G2 28

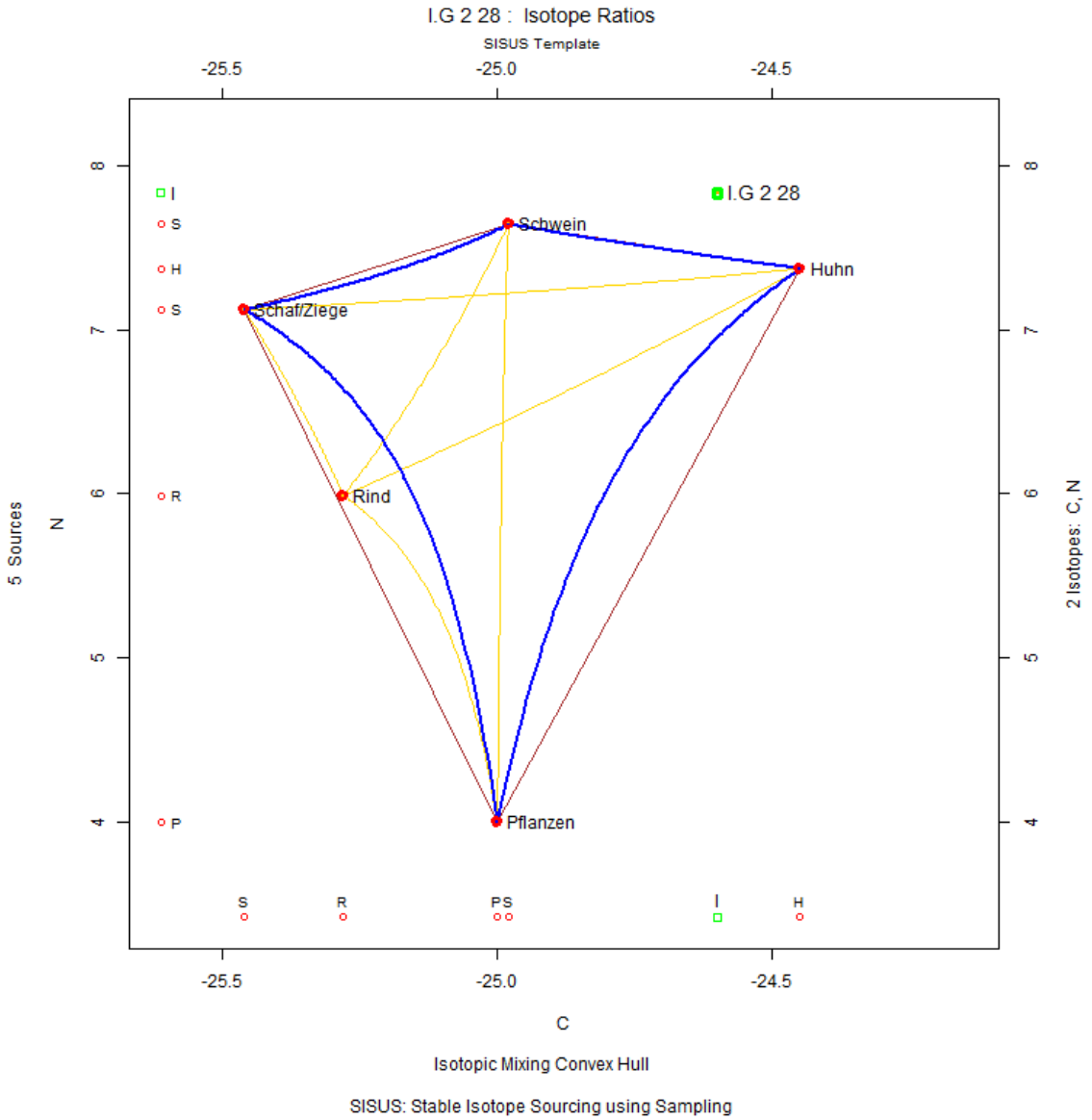


Abbildung 1331: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 28. Erstellt mit SISUS.

G2 114l

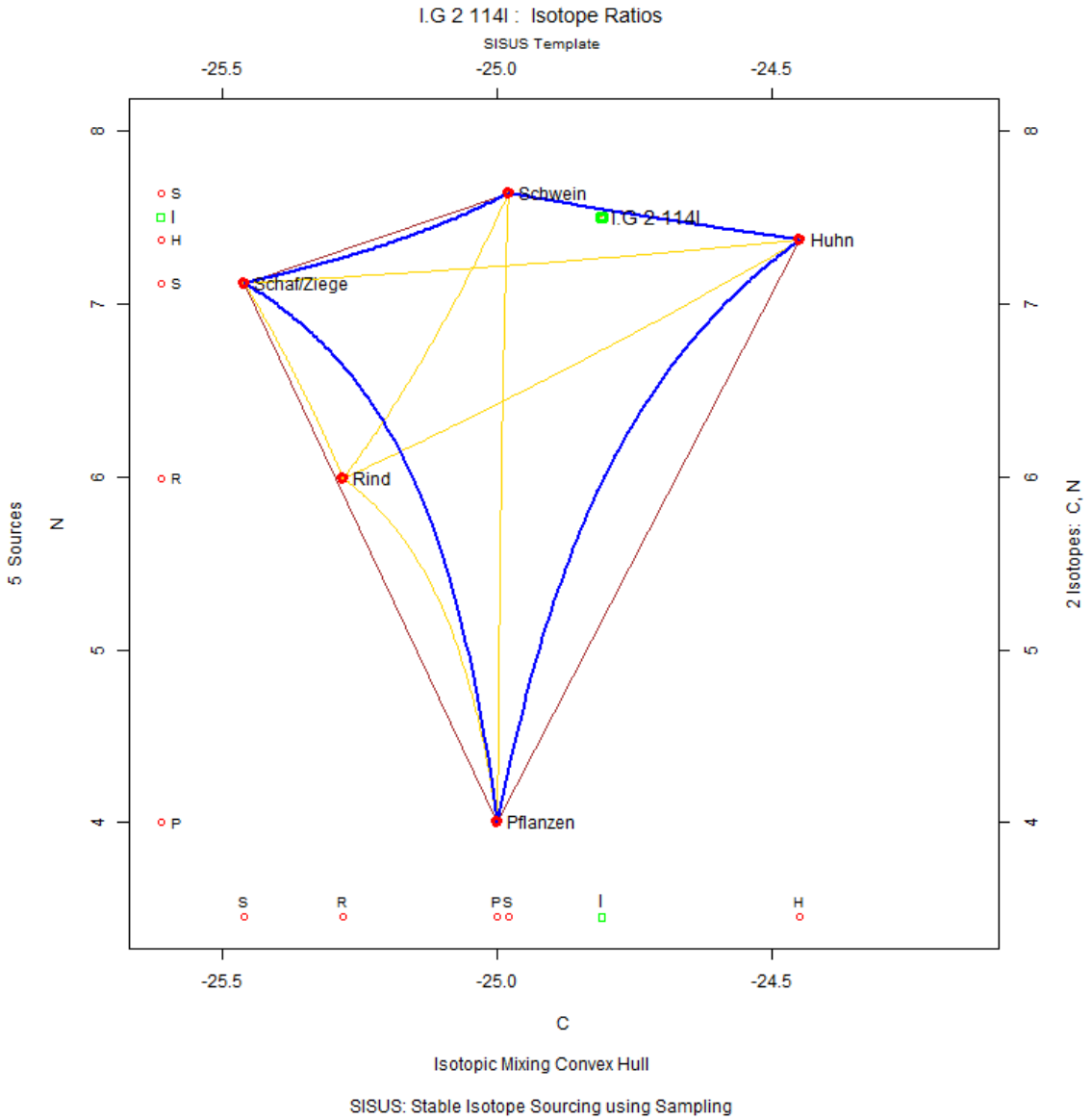


Abbildung 1332: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 114l. Erstellt mit SISUS.

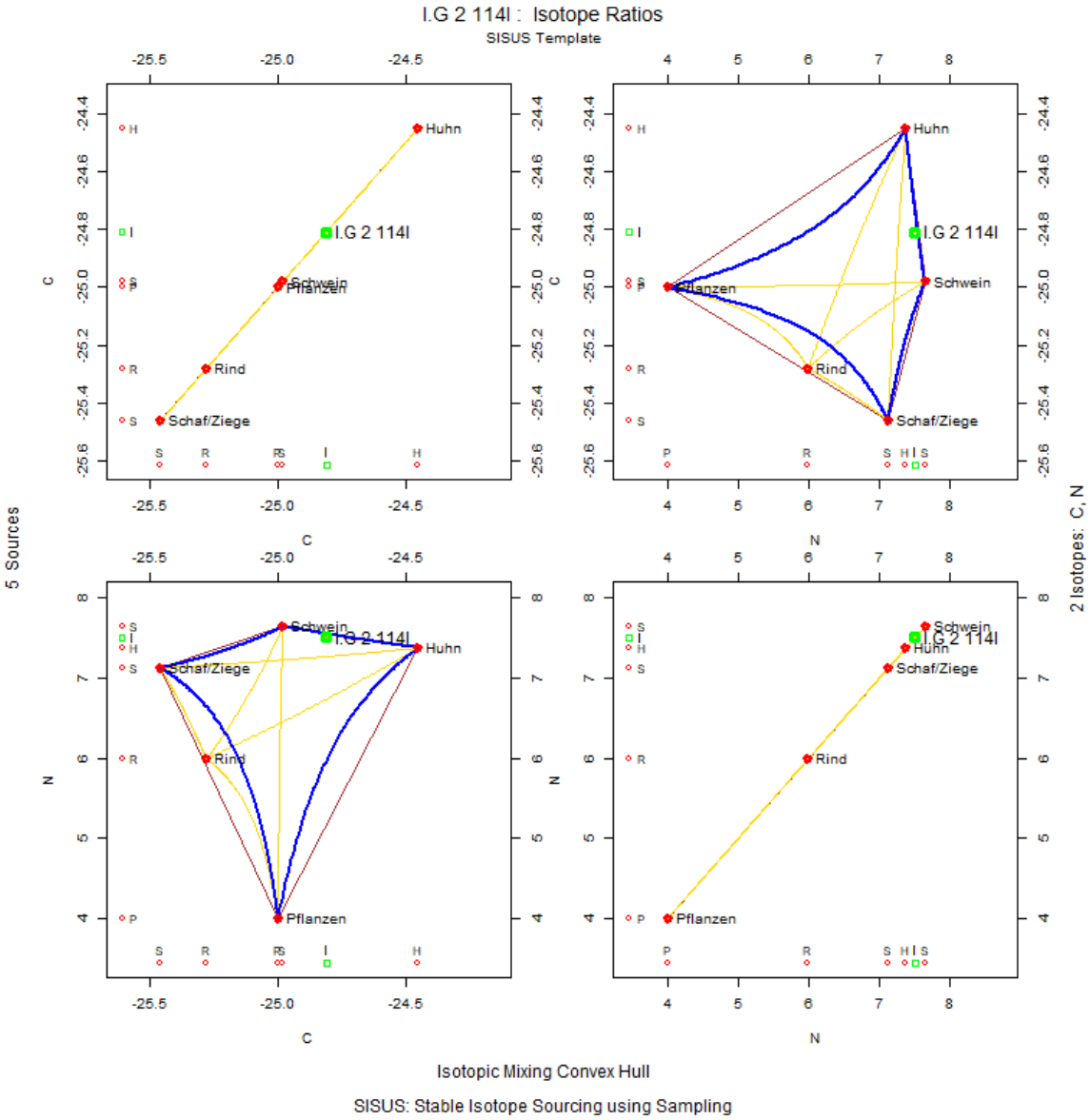


Abbildung 1333: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 2 114l in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

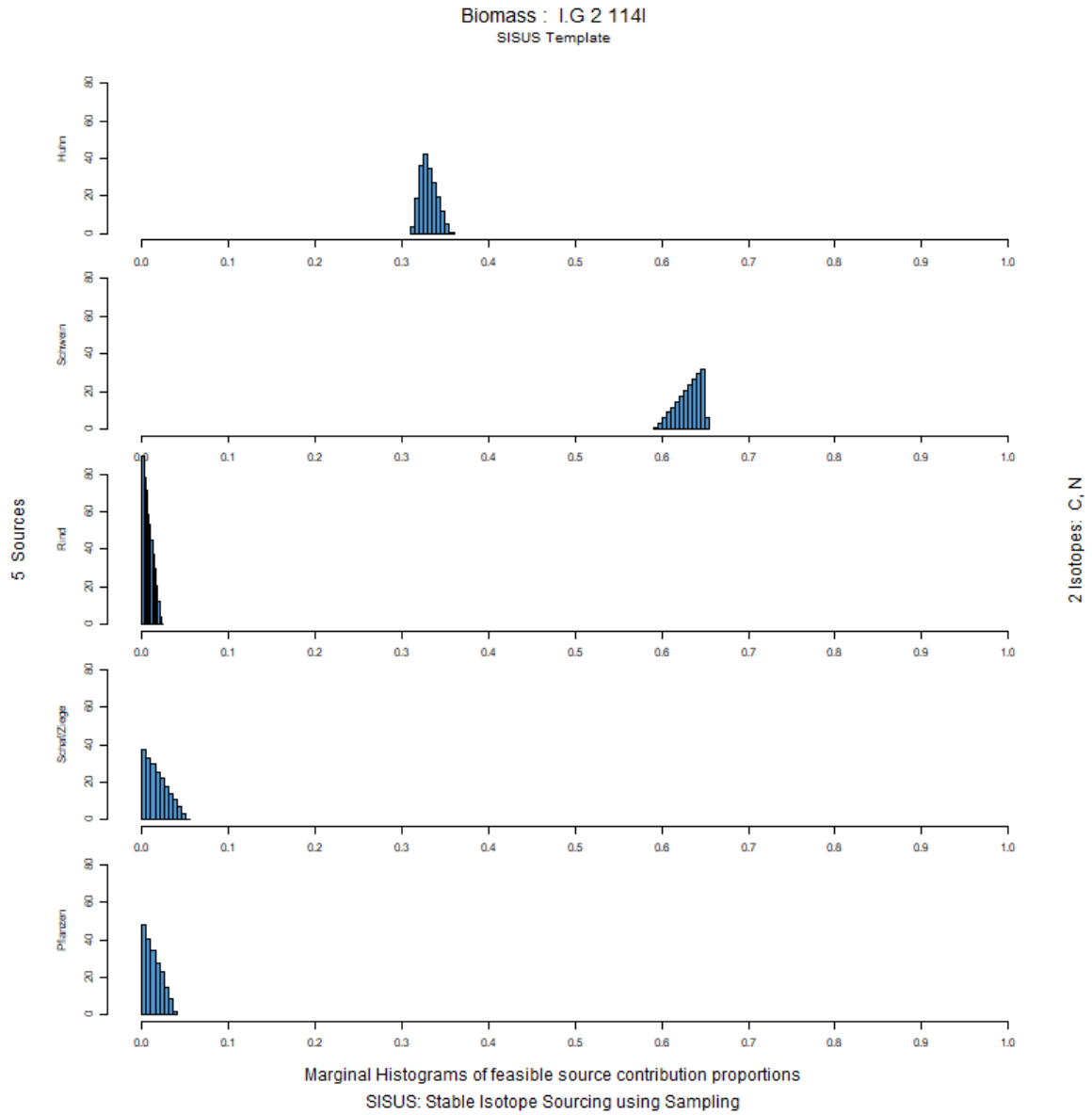


Abbildung 1334: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 114l. Erstellt mit SISUS.

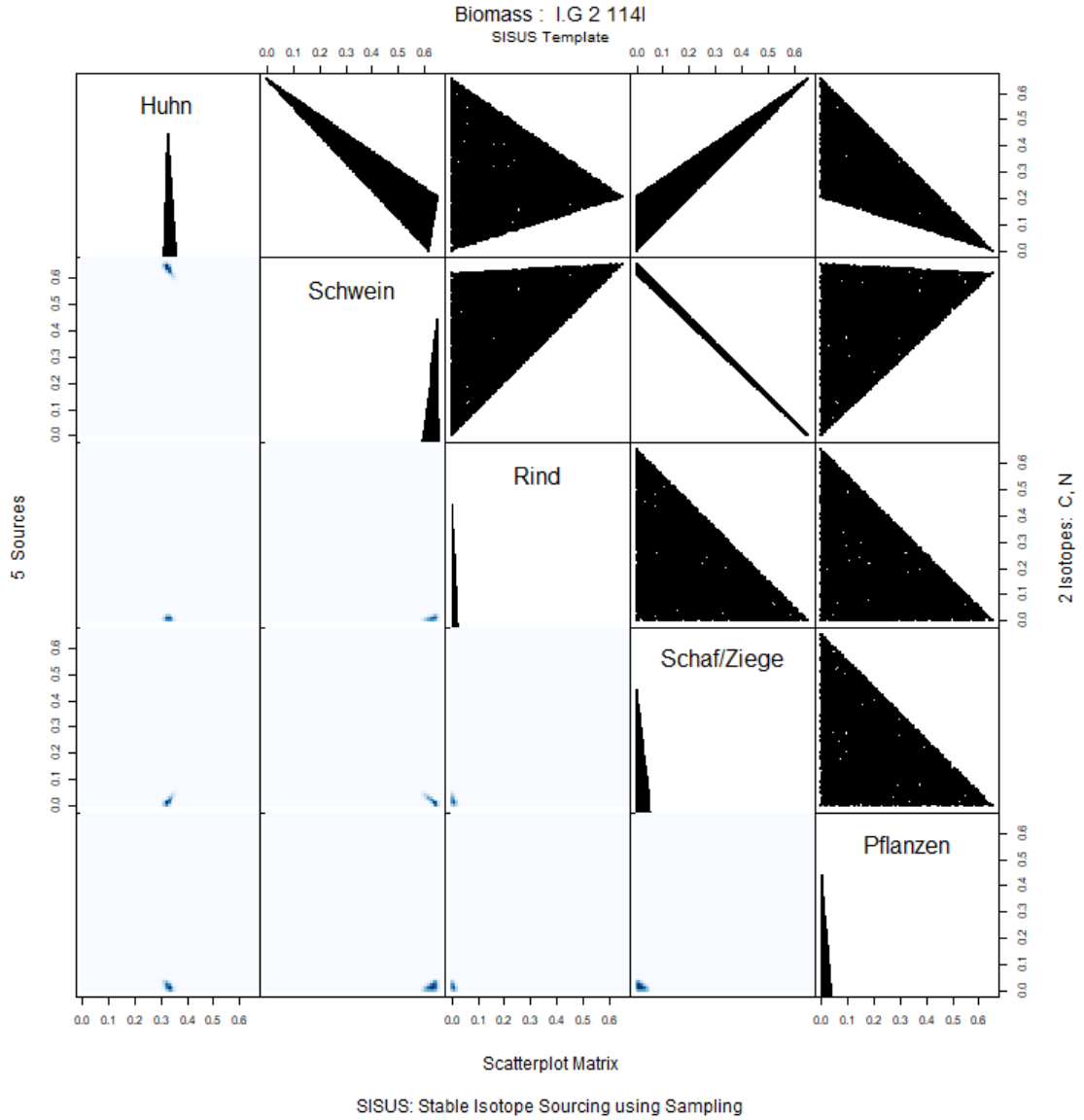


Abbildung 1335: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 114I. Erstellt mit SISUS.

G2 118l

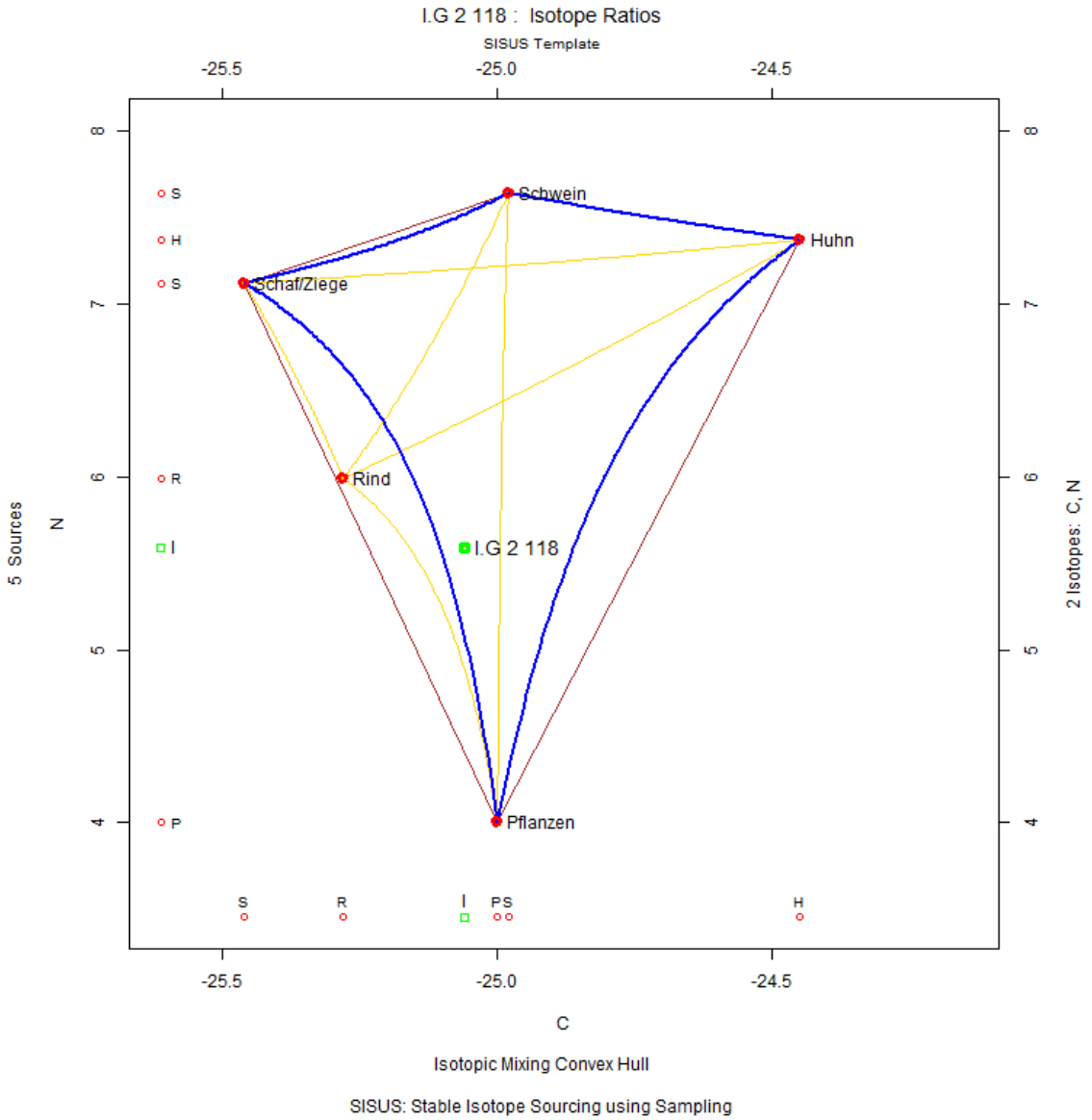


Abbildung 1336: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 118. Erstellt mit SISUS.

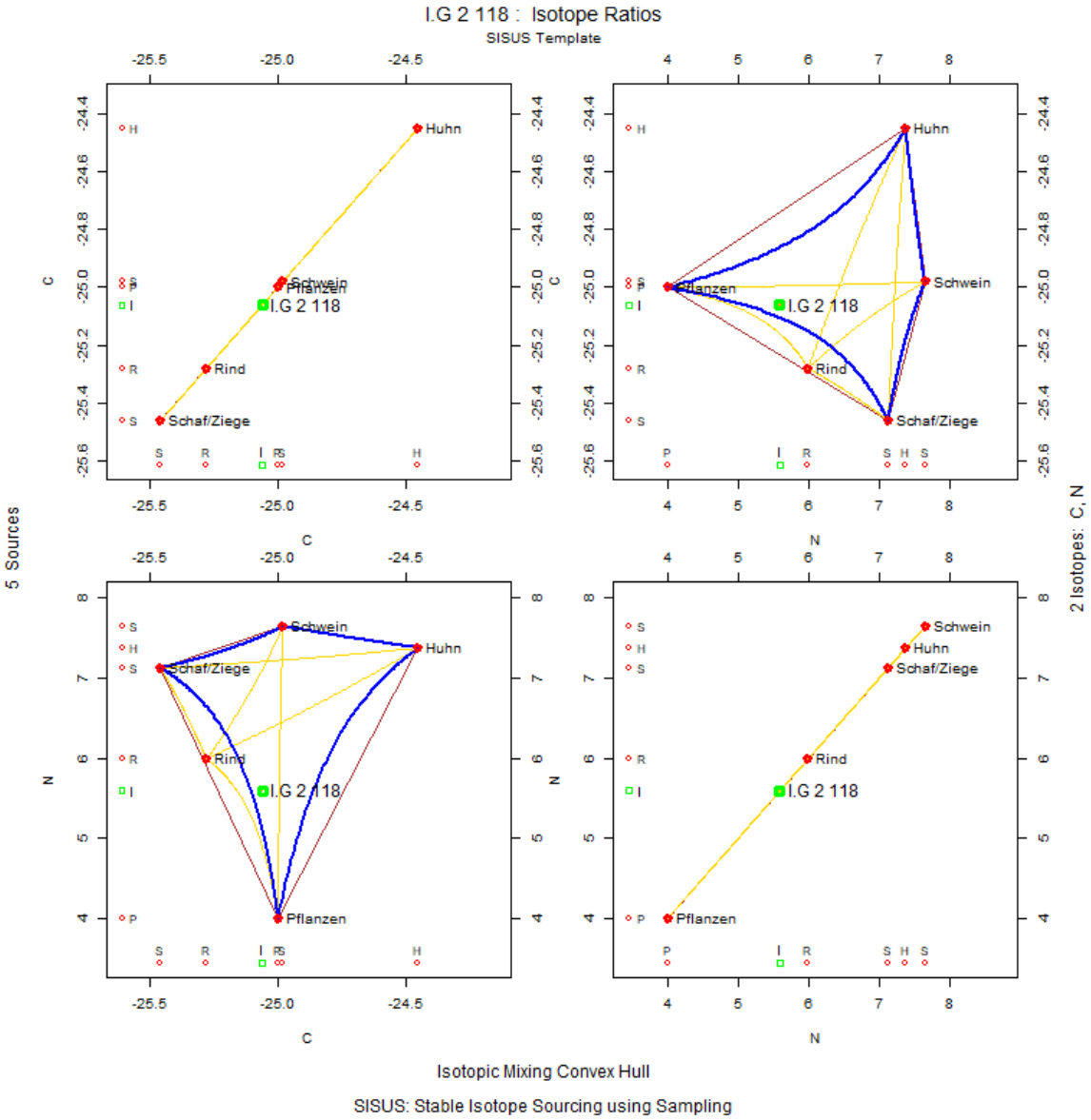


Abbildung 1337: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 2 118 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

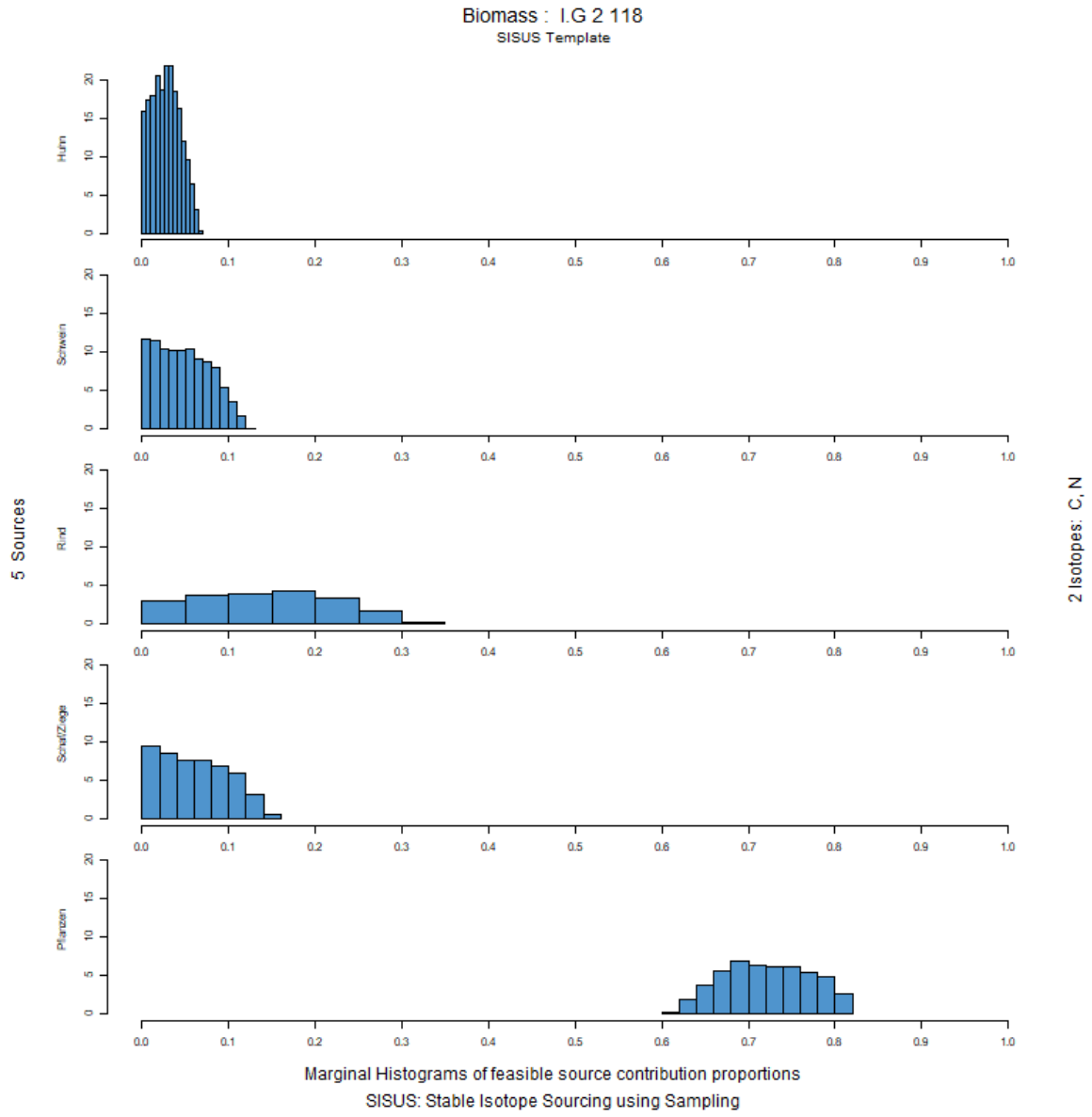


Abbildung 1338: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 118 Erstellt mit SISUS.

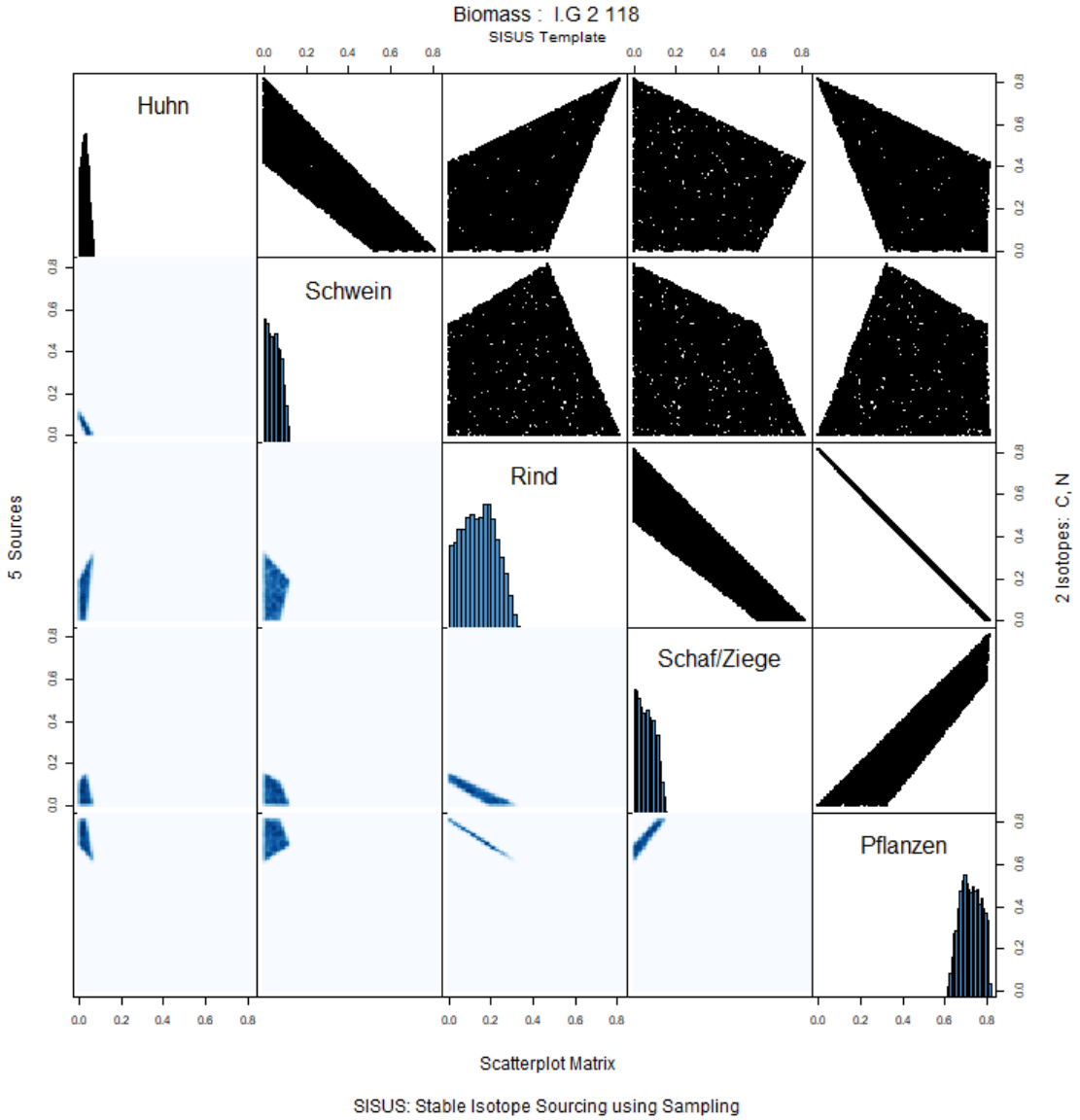


Abbildung 1339: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 118. Erstellt mit SISUS.

G2 120I

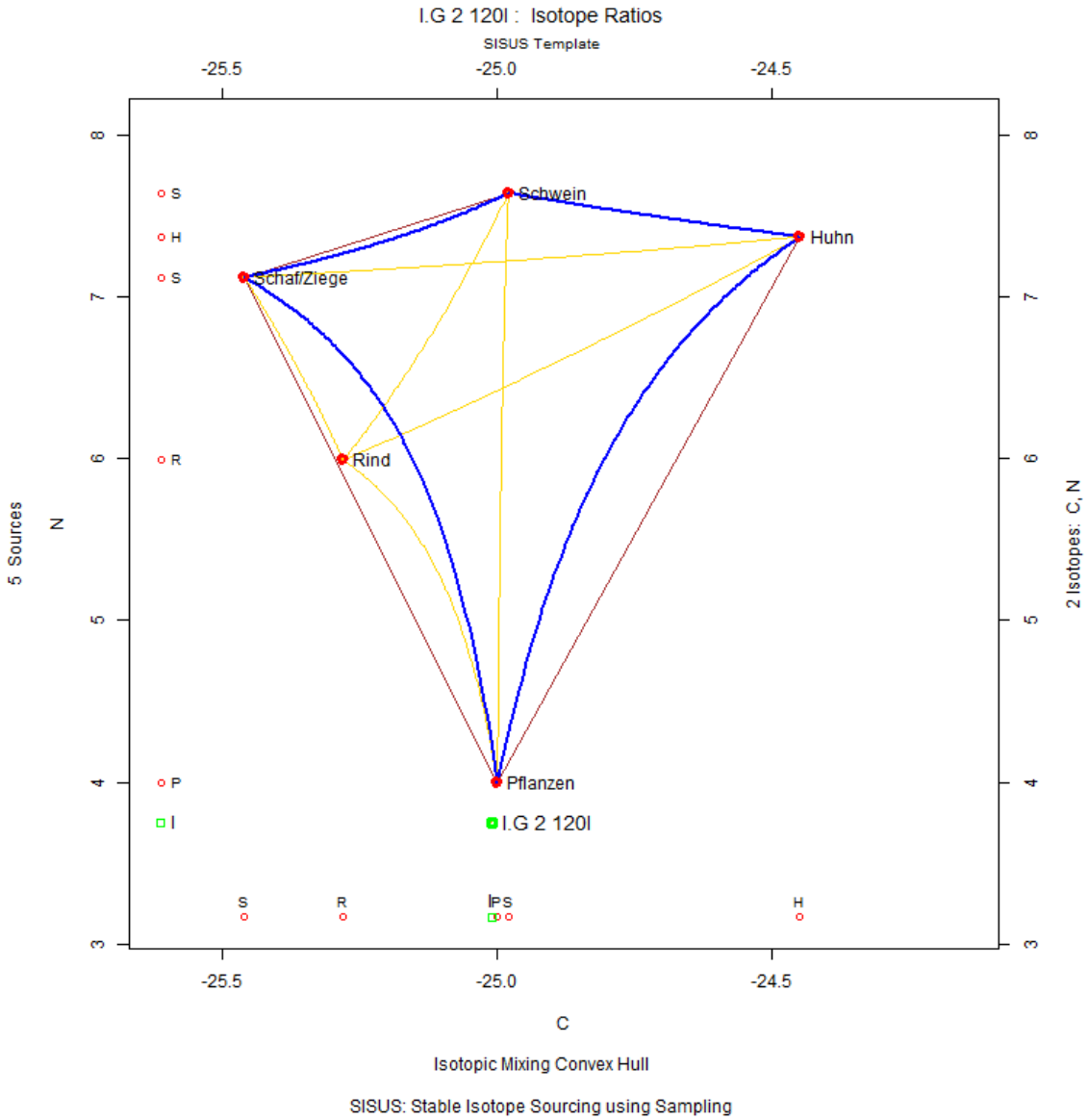


Abbildung 1340: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 120I. Erstellt mit SISUS.

G2 121

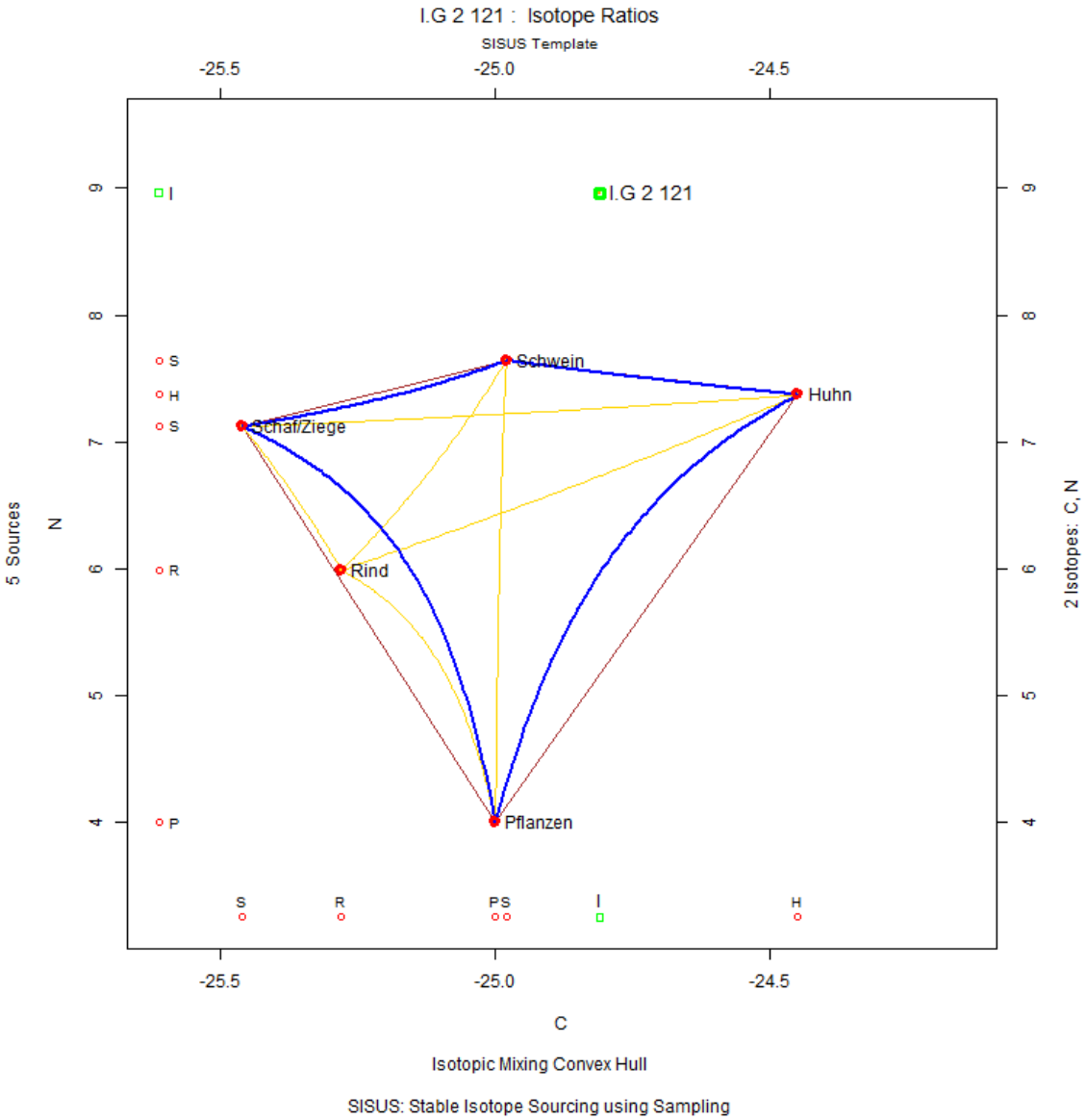


Abbildung 1341: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 121. Erstellt mit SISUS.

G2 133I

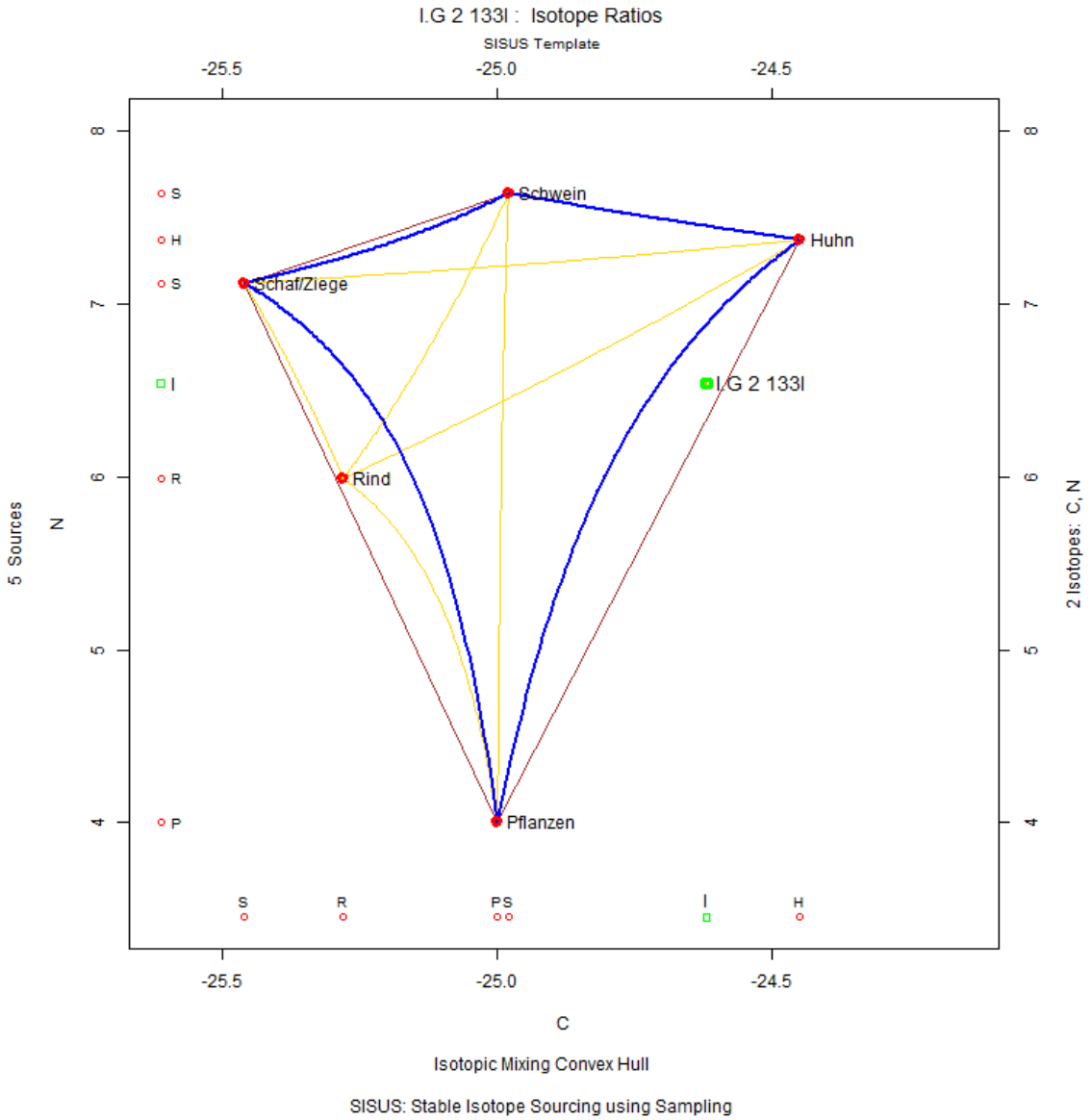


Abbildung 1342: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 133I. Erstellt mit SISUS.

G2 133II

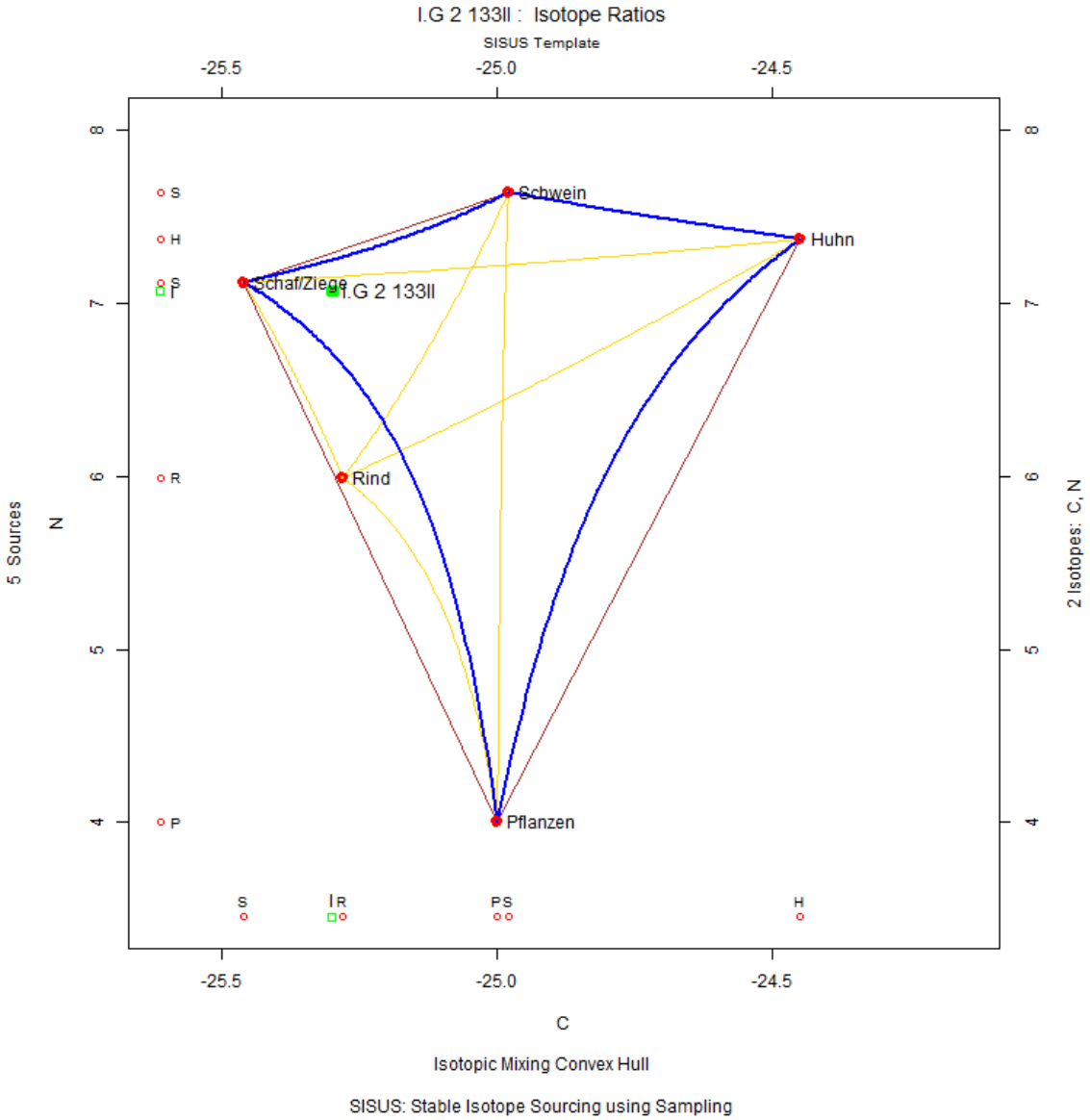


Abbildung 1343: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 133II. Erstellt mit SISUS

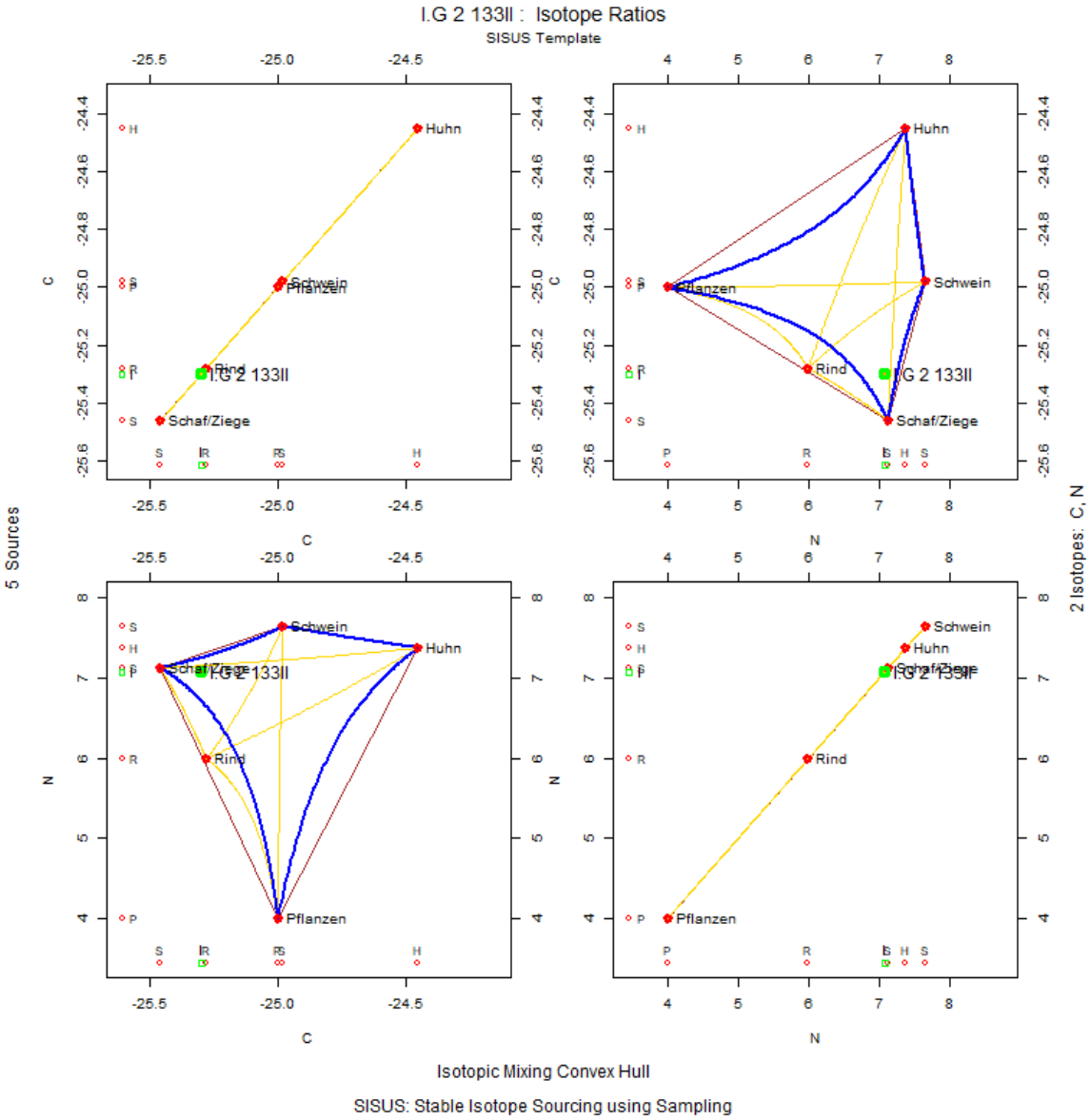


Abbildung 1344: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 2 133II in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

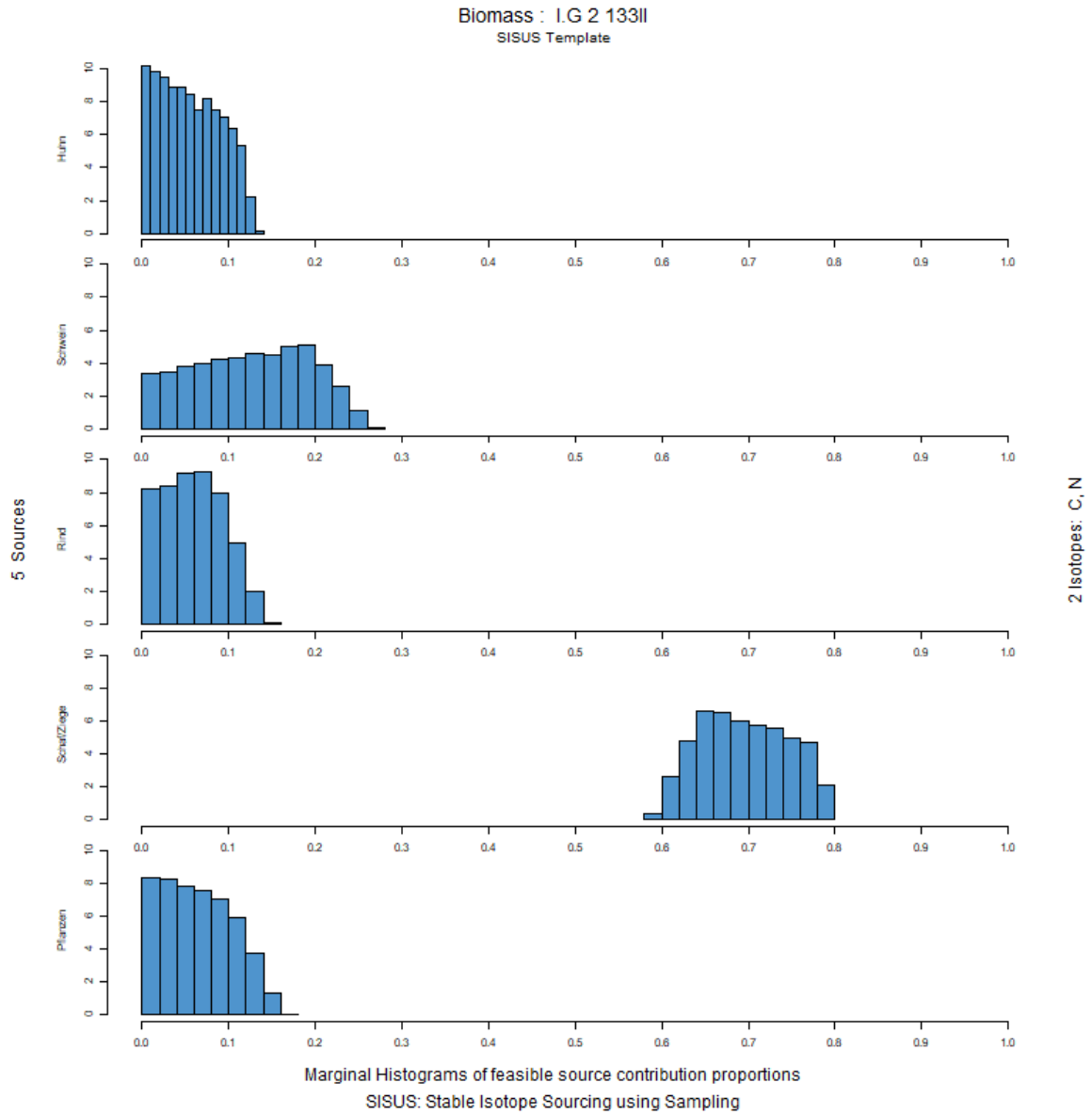


Abbildung 1345: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 133II. Erstellt mit SISUS.

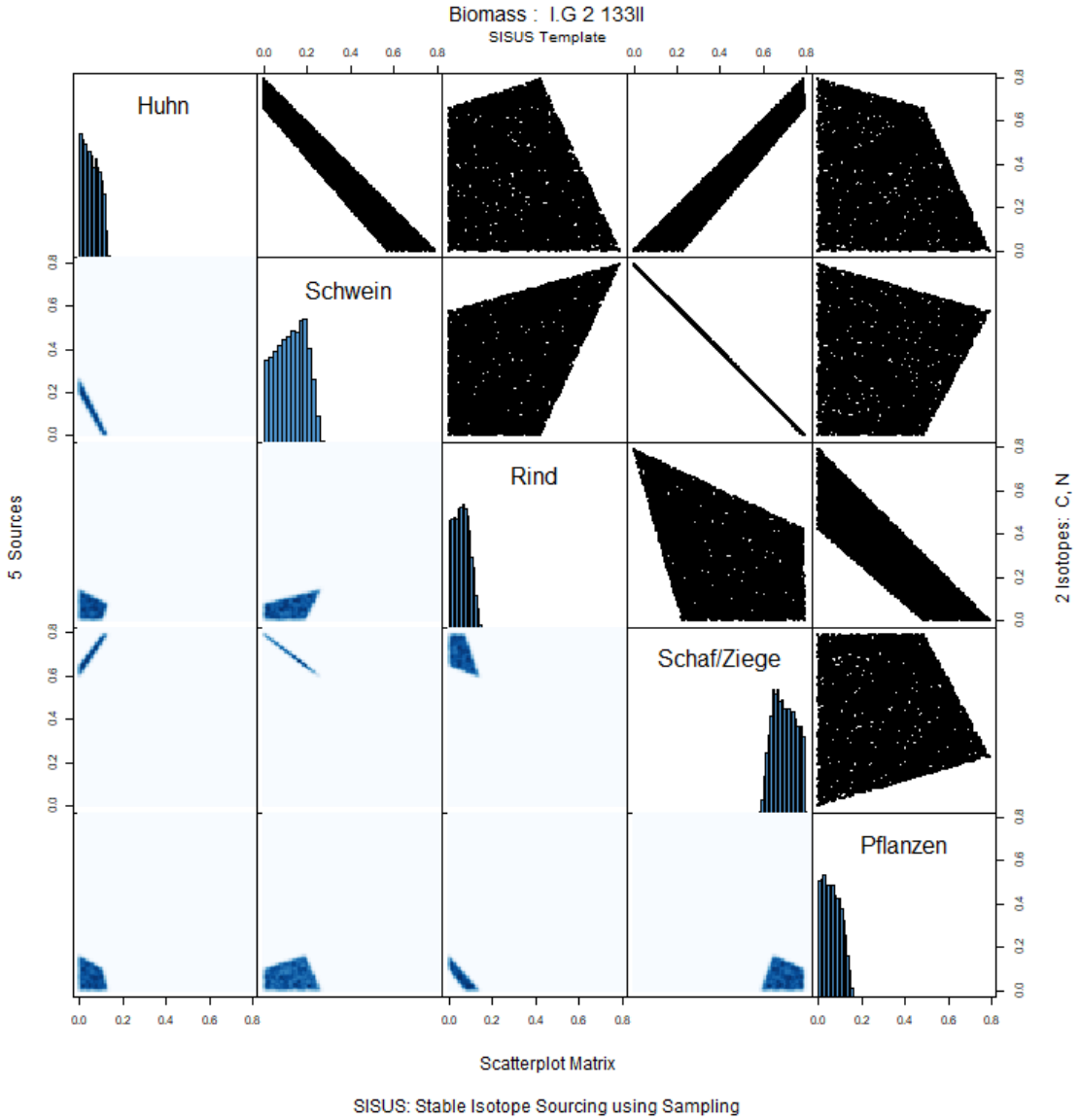


Abbildung 1346: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 2 133II. Erstellt mit SISUS.

G2 156

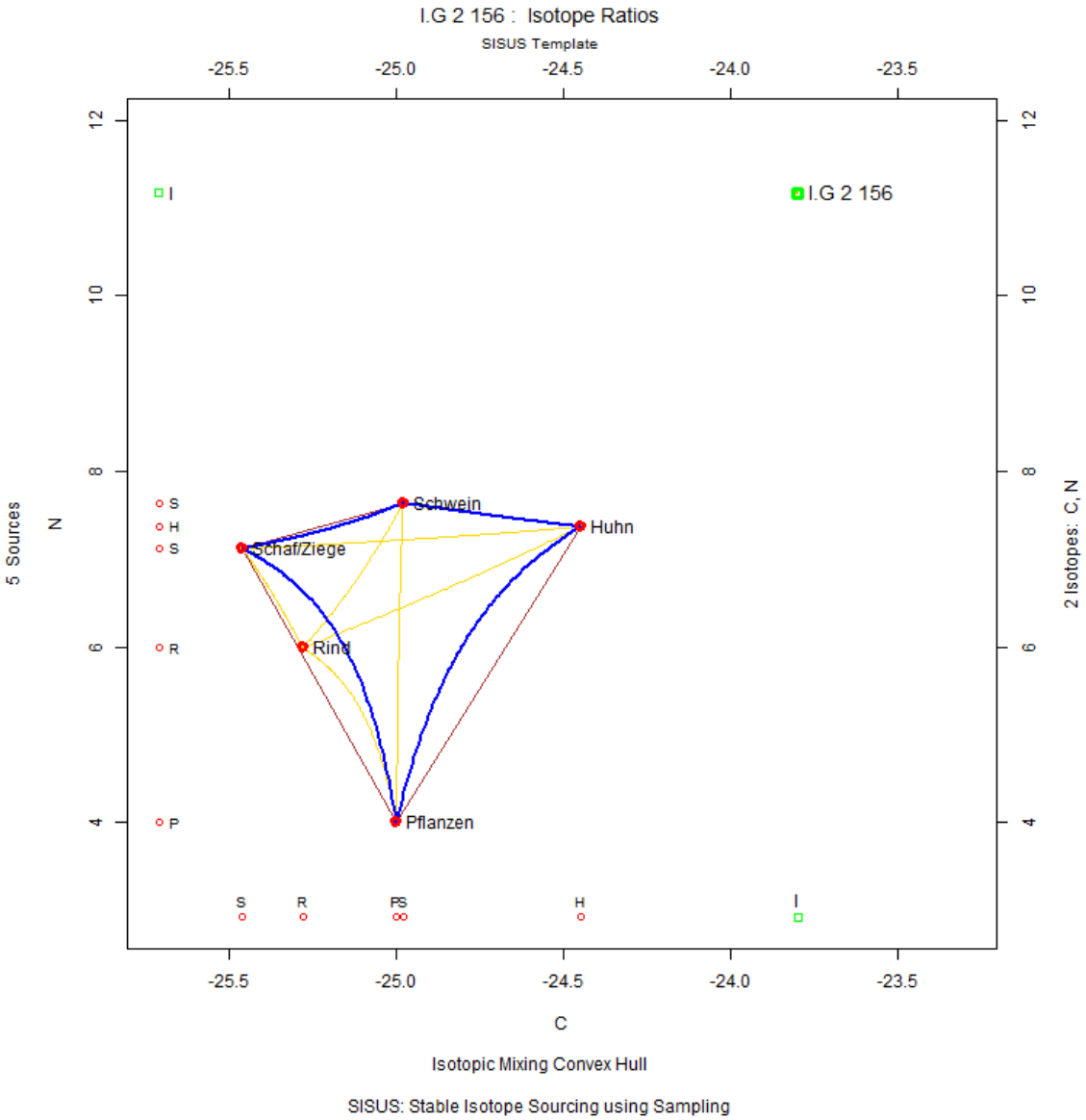


Abbildung 1347: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 2 156. Erstellt mit SISUS.

U3 24III

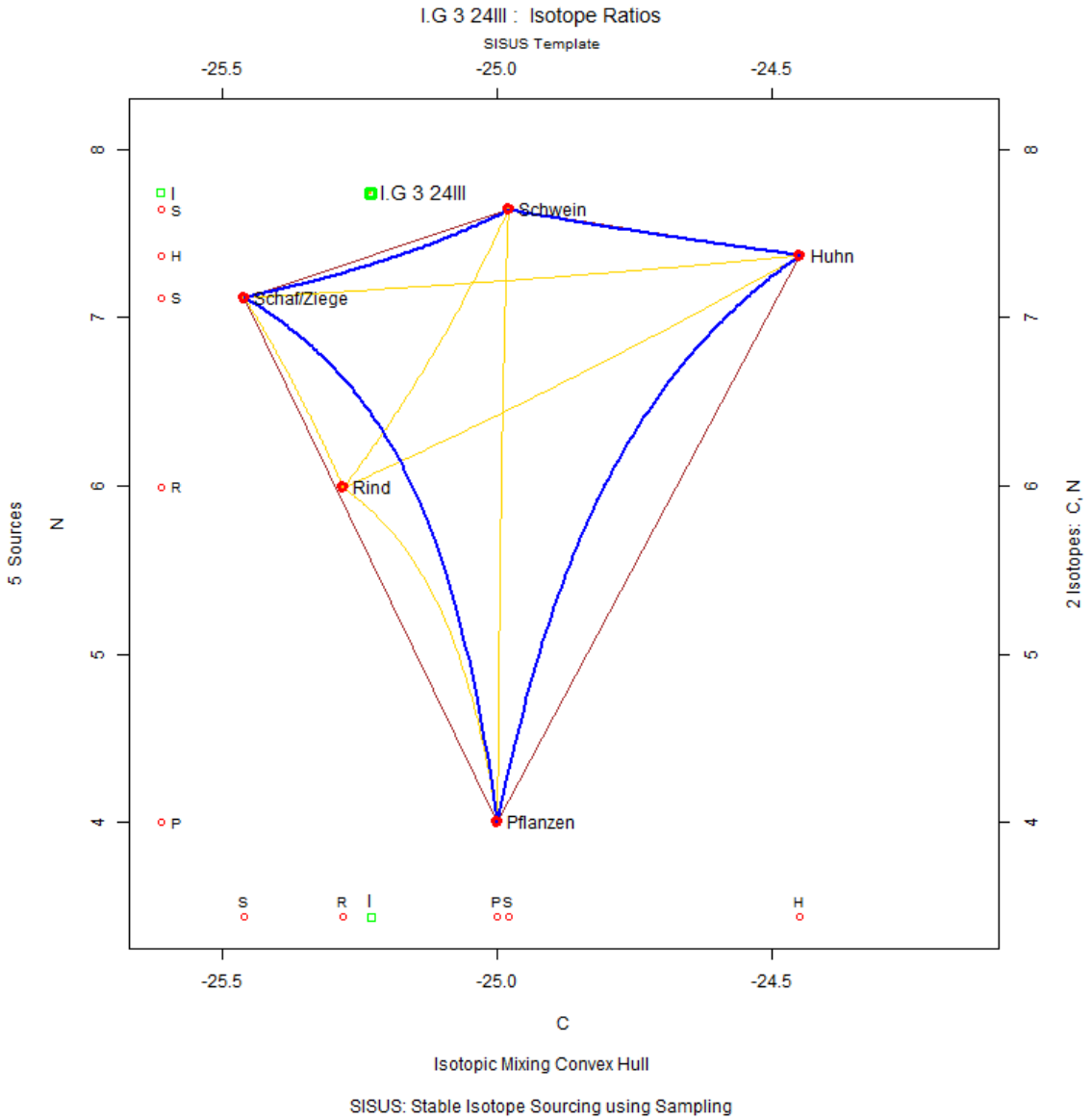


Abbildung 1348: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 24III. Erstellt mit SISUS.

G3 36

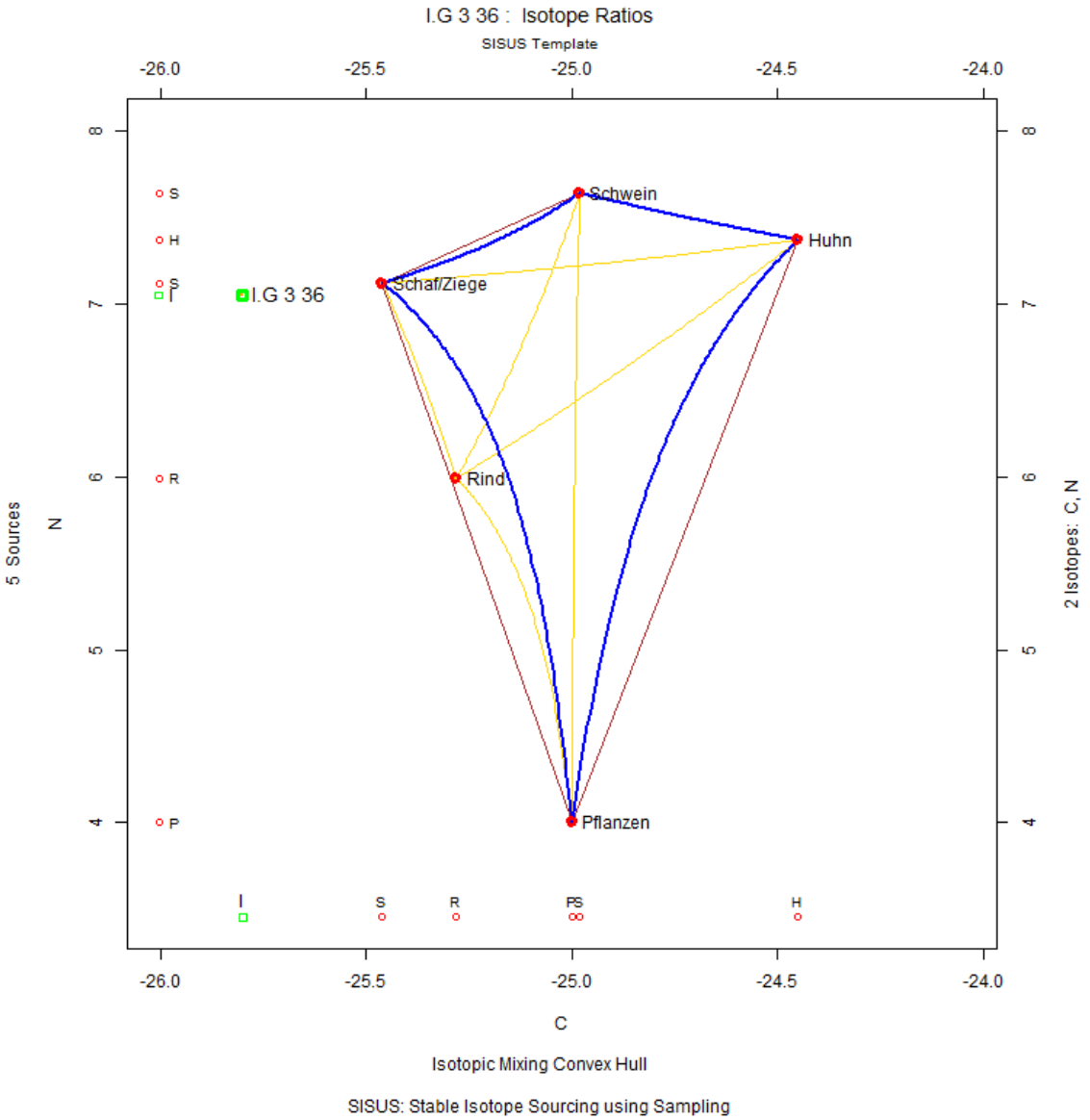


Abbildung 1349: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 36. Erstellt mit SISUS.

G3 37

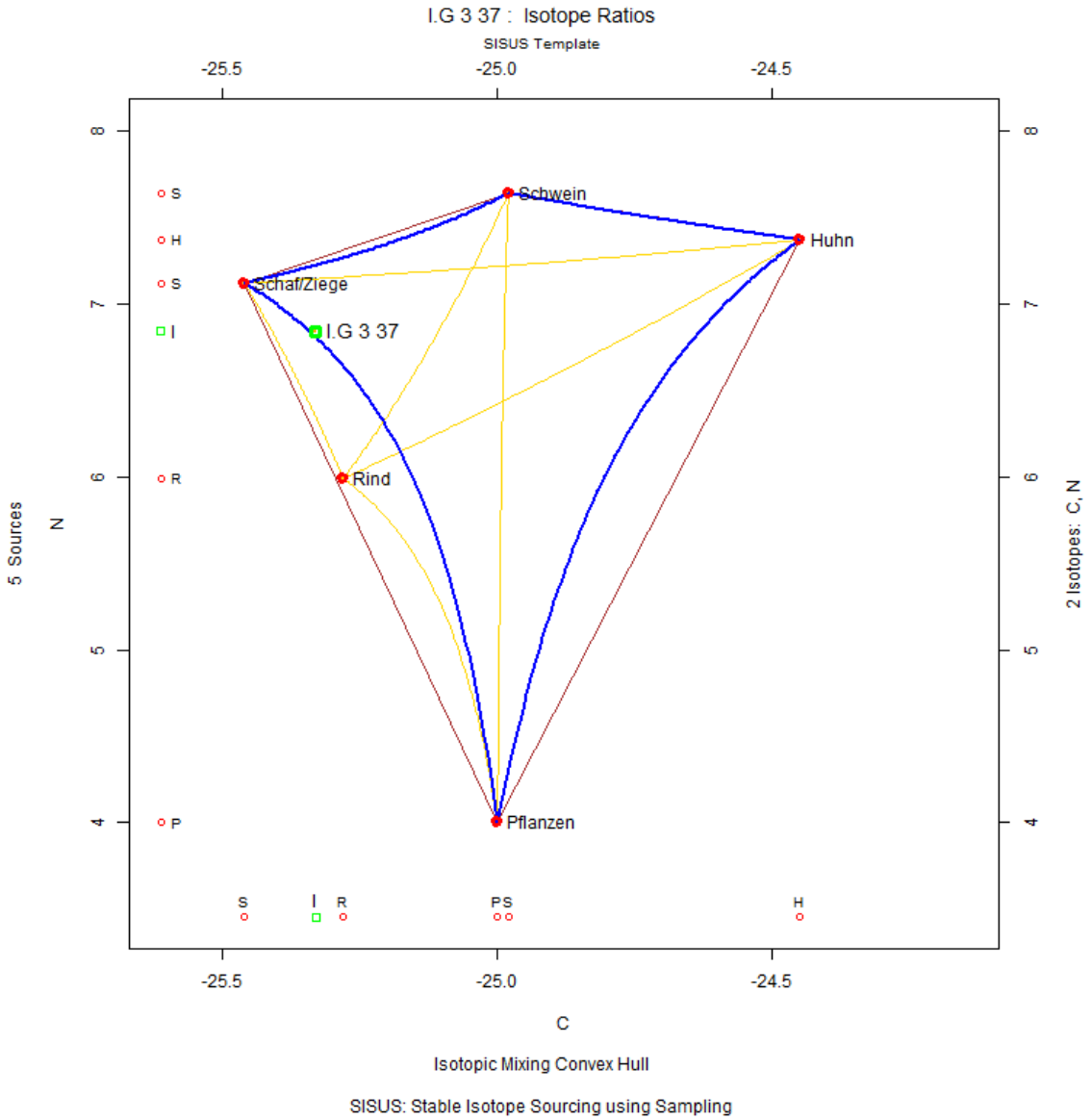


Abbildung 1350: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 37. Erstellt mit SISUS.

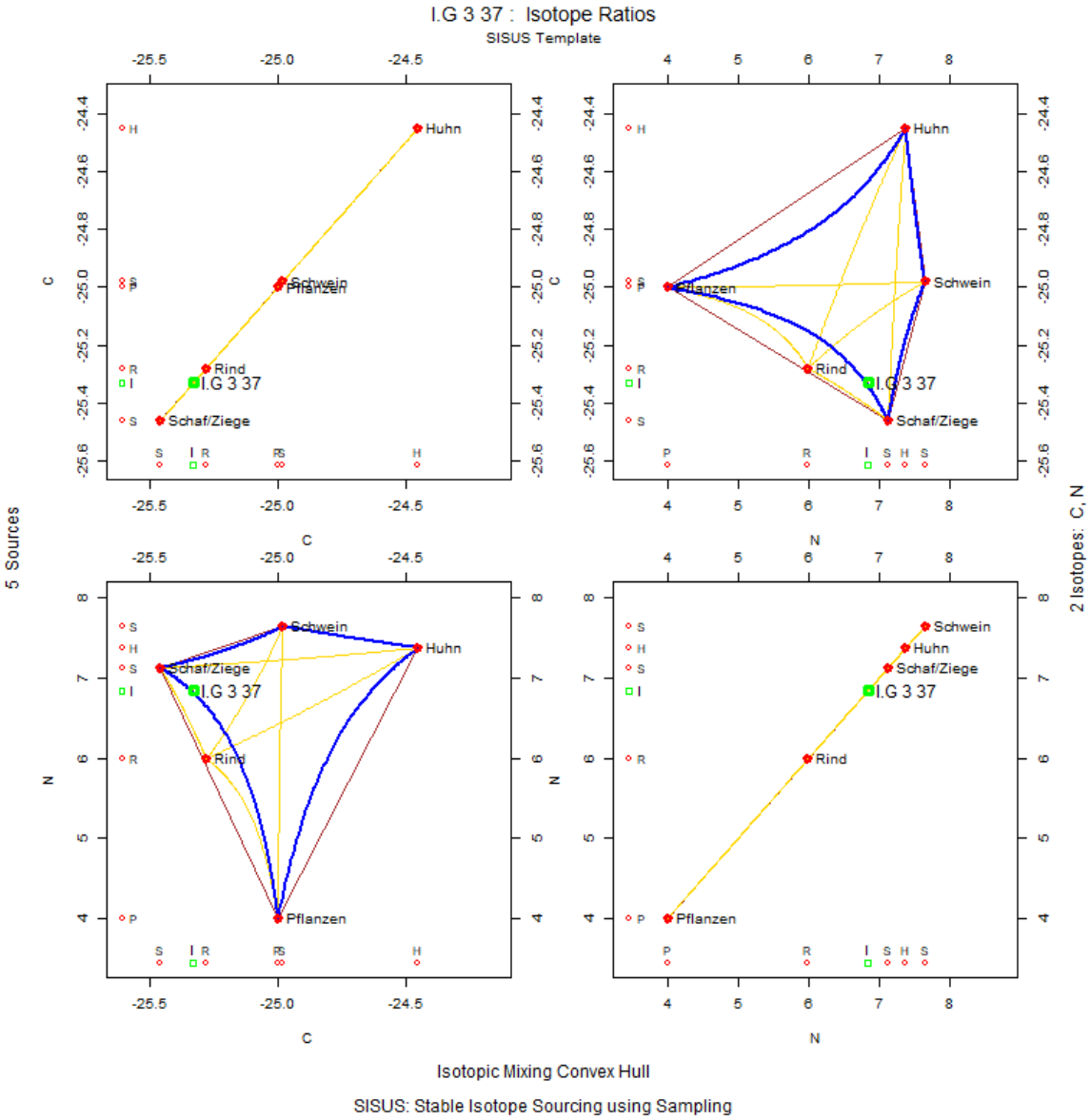


Abbildung 1351: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 3 37 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

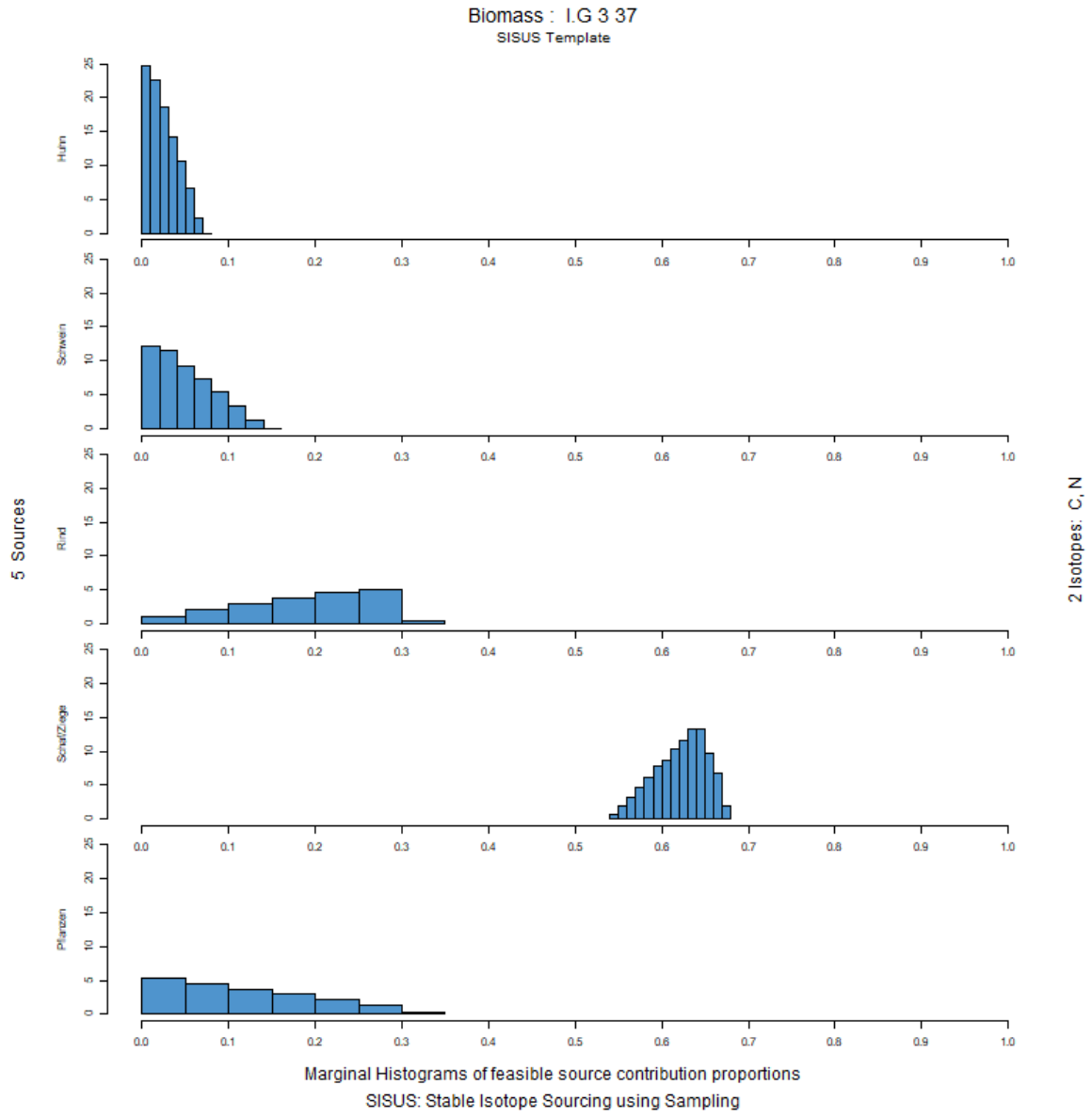


Abbildung 1352: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 37. Erstellt mit SISUS.

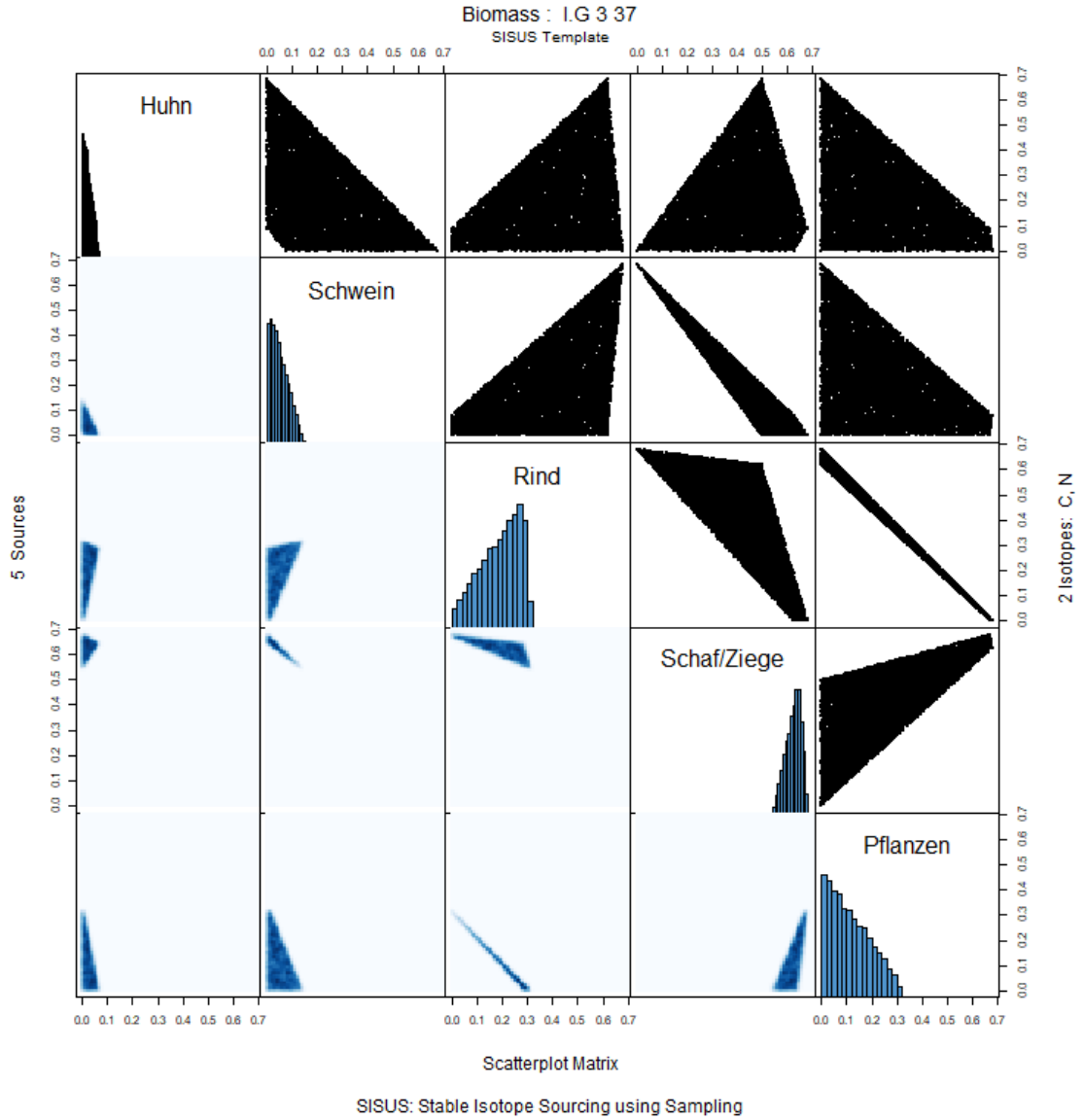


Abbildung 1353: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 37. Erstellt mit SISUS.

G3 38

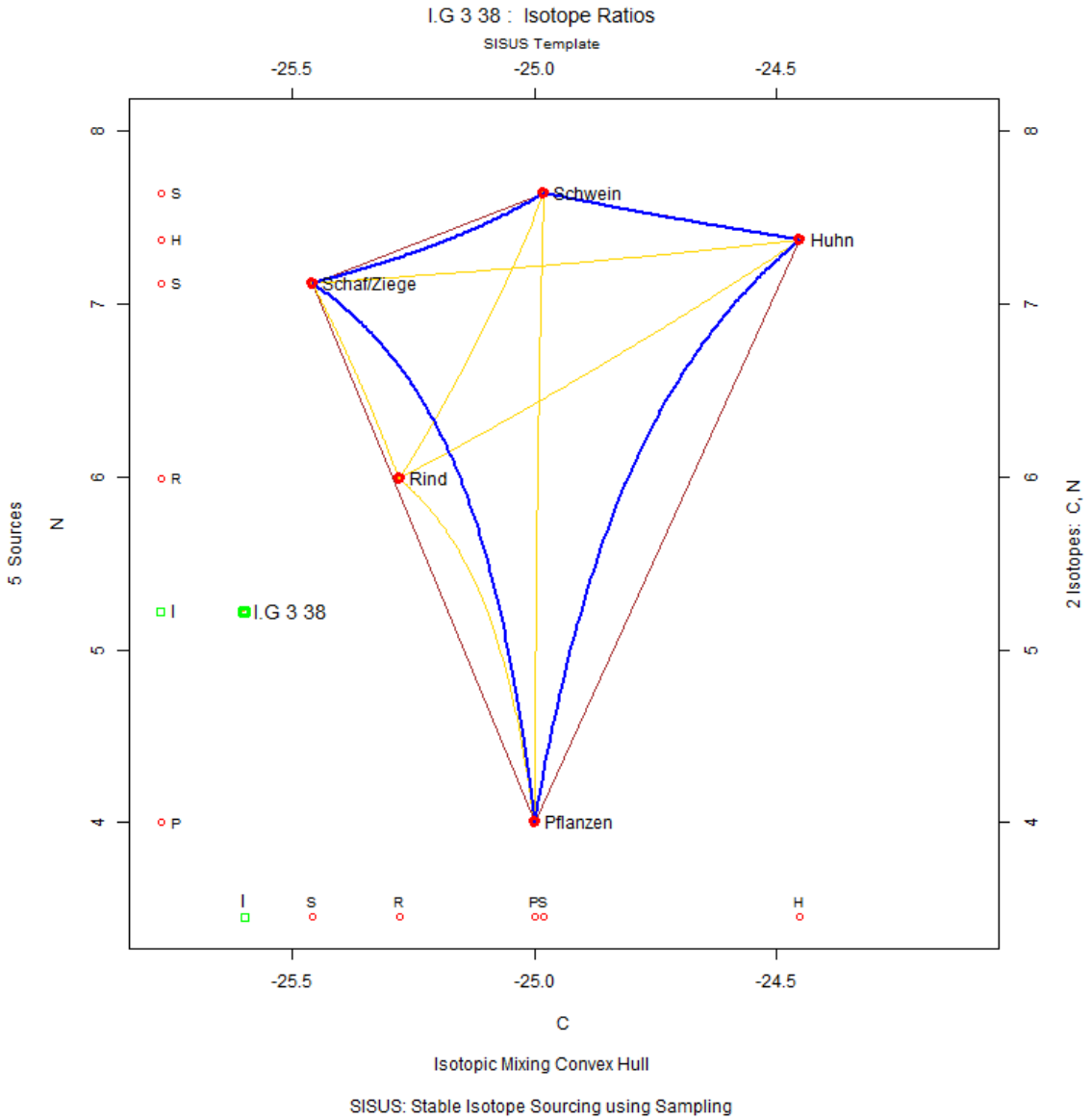


Abbildung 1354: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 38. Erstellt mit SISUS.

G3 43

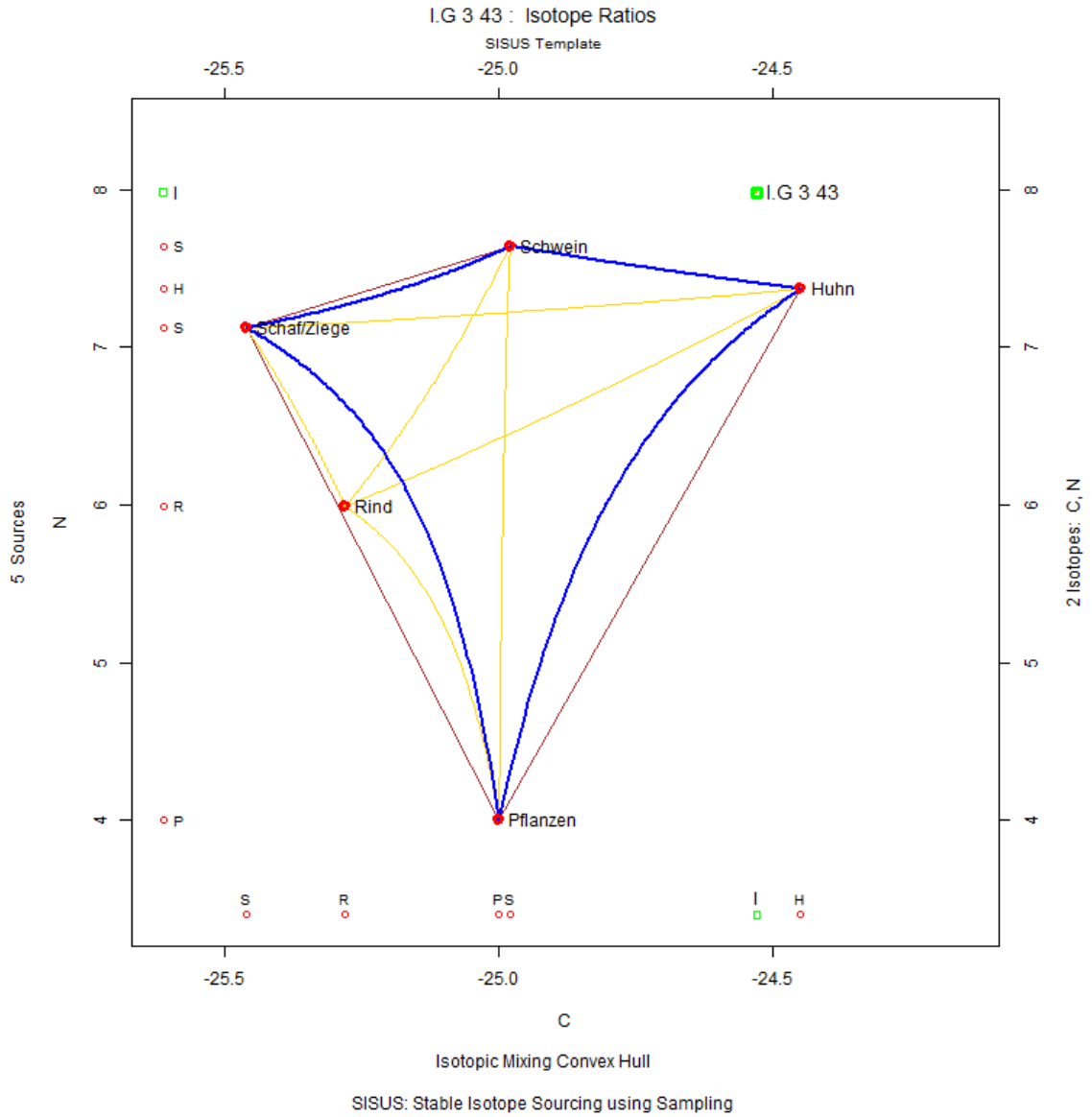
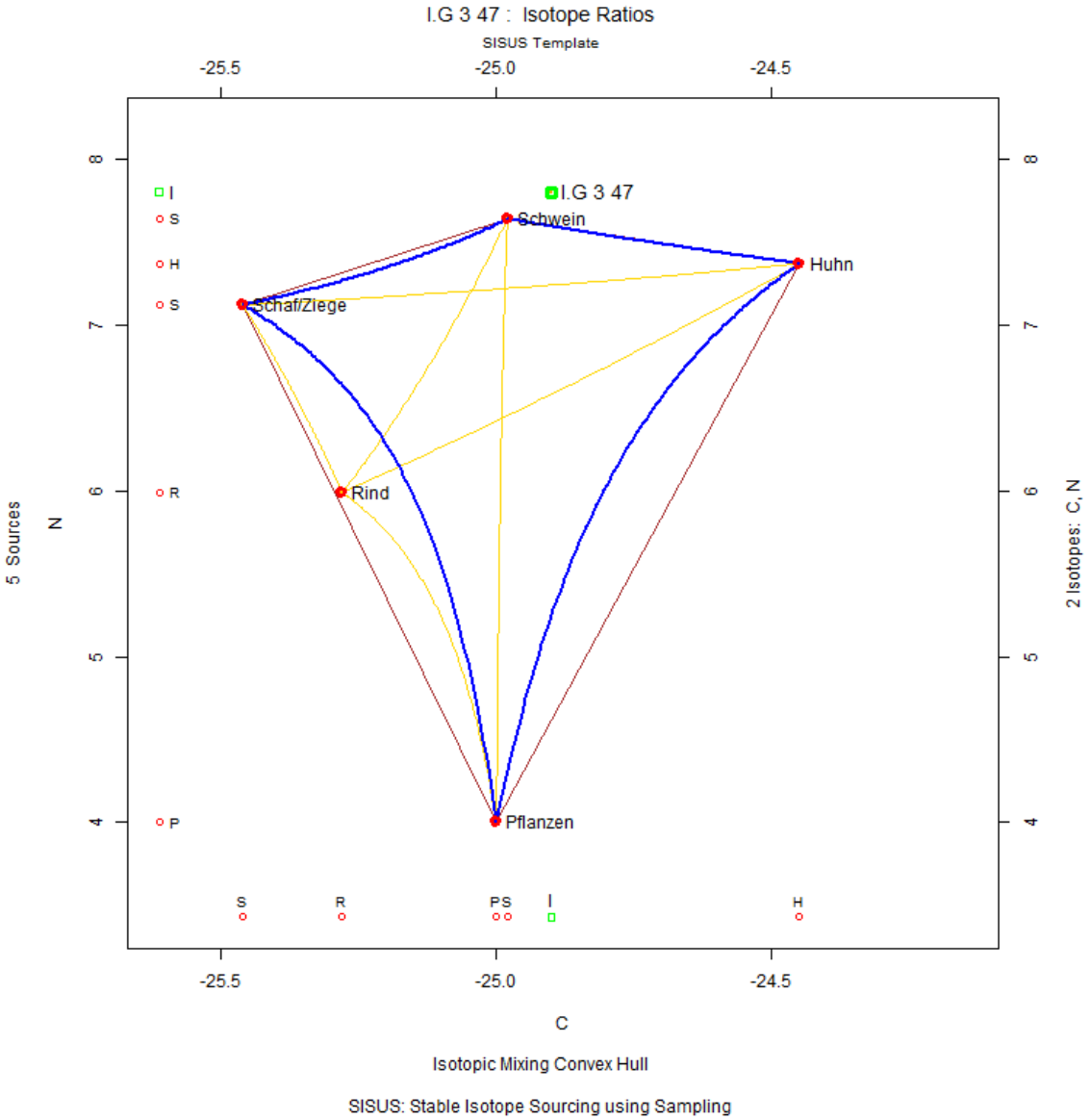


Abbildung 1355: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 47. Erstellt mit SISUS.

G3 47


I.G 3 47 : Isotope Ratios
SISUS Template
-25.5
-25.0
-24.5
I
S
H
S
R
P
I.G 3 47
Schwein
Huhn
Schaf/Ziege
Rind
Pflanzen
S
R
PS
I
H
8
7
6
5
4
N
5 Sources
2 Isotopes: C, N
C
Isotopic Mixing Convex Hull
SISUS: Stable Isotope Sourcing using Sampling

G3 53

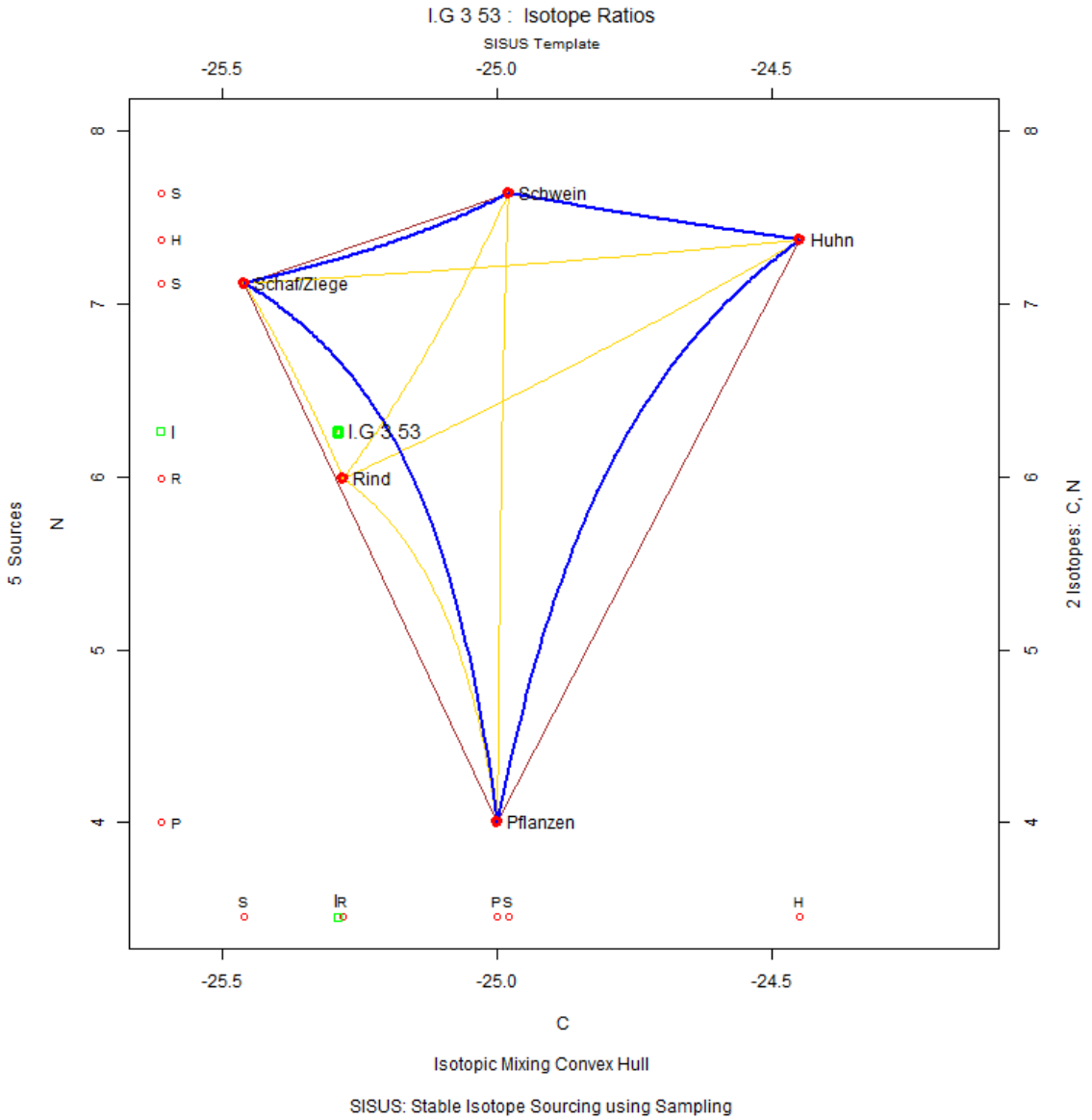


Abbildung 1356: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 53. Erstellt mit SISUS.

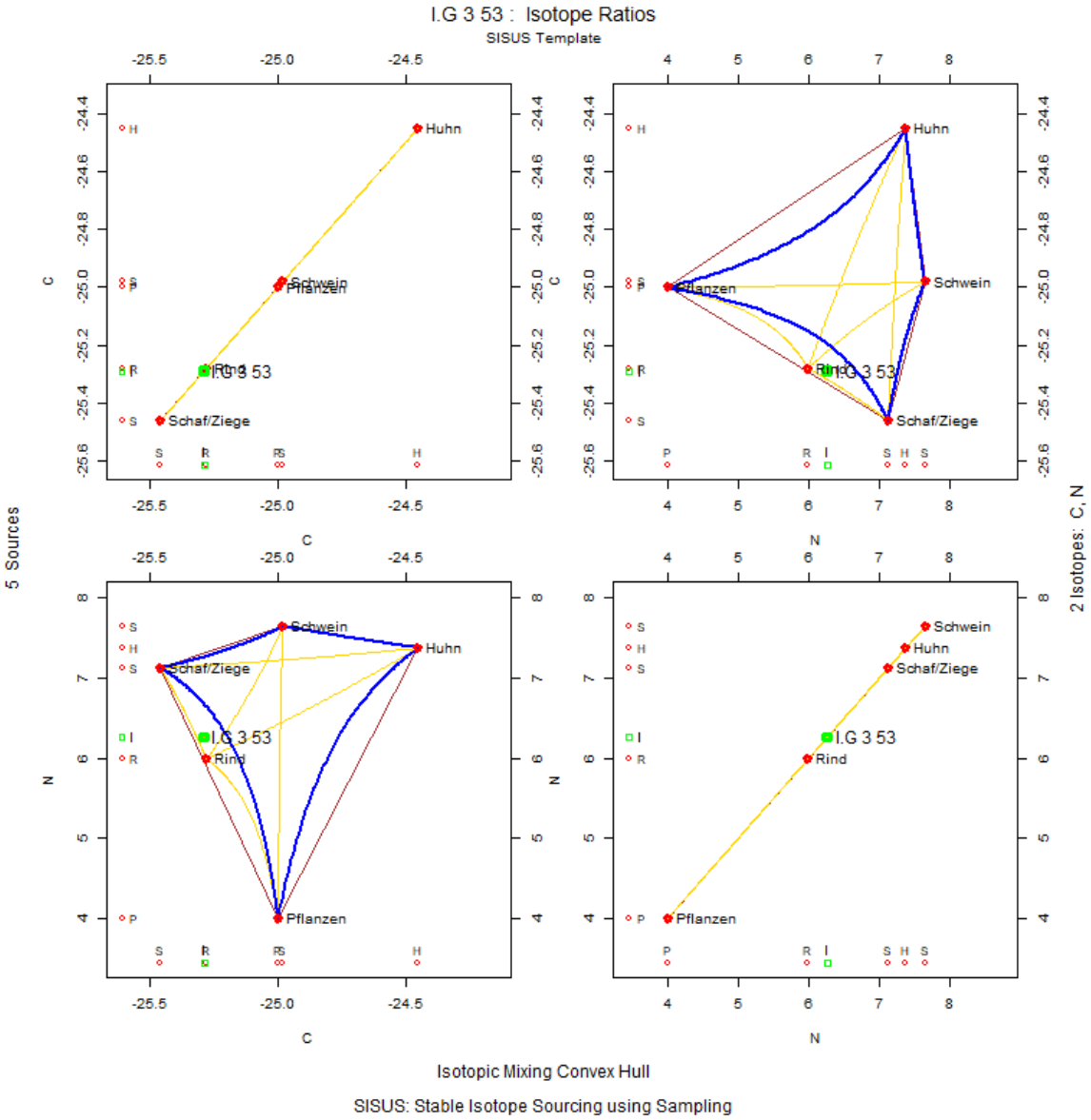


Abbildung 1357: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 3 53 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

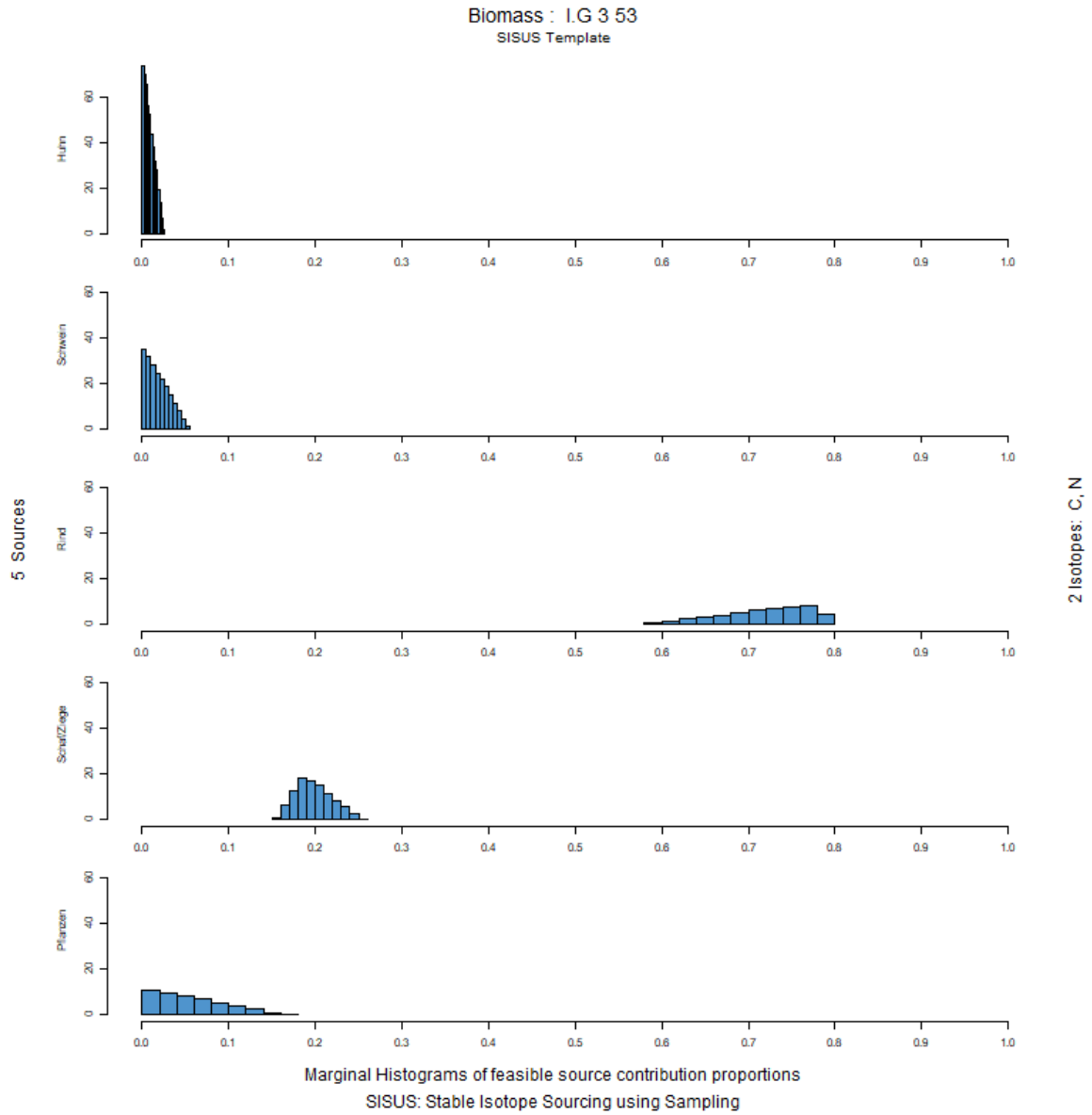


Abbildung 1358: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 53. Erstellt mit SISUS.

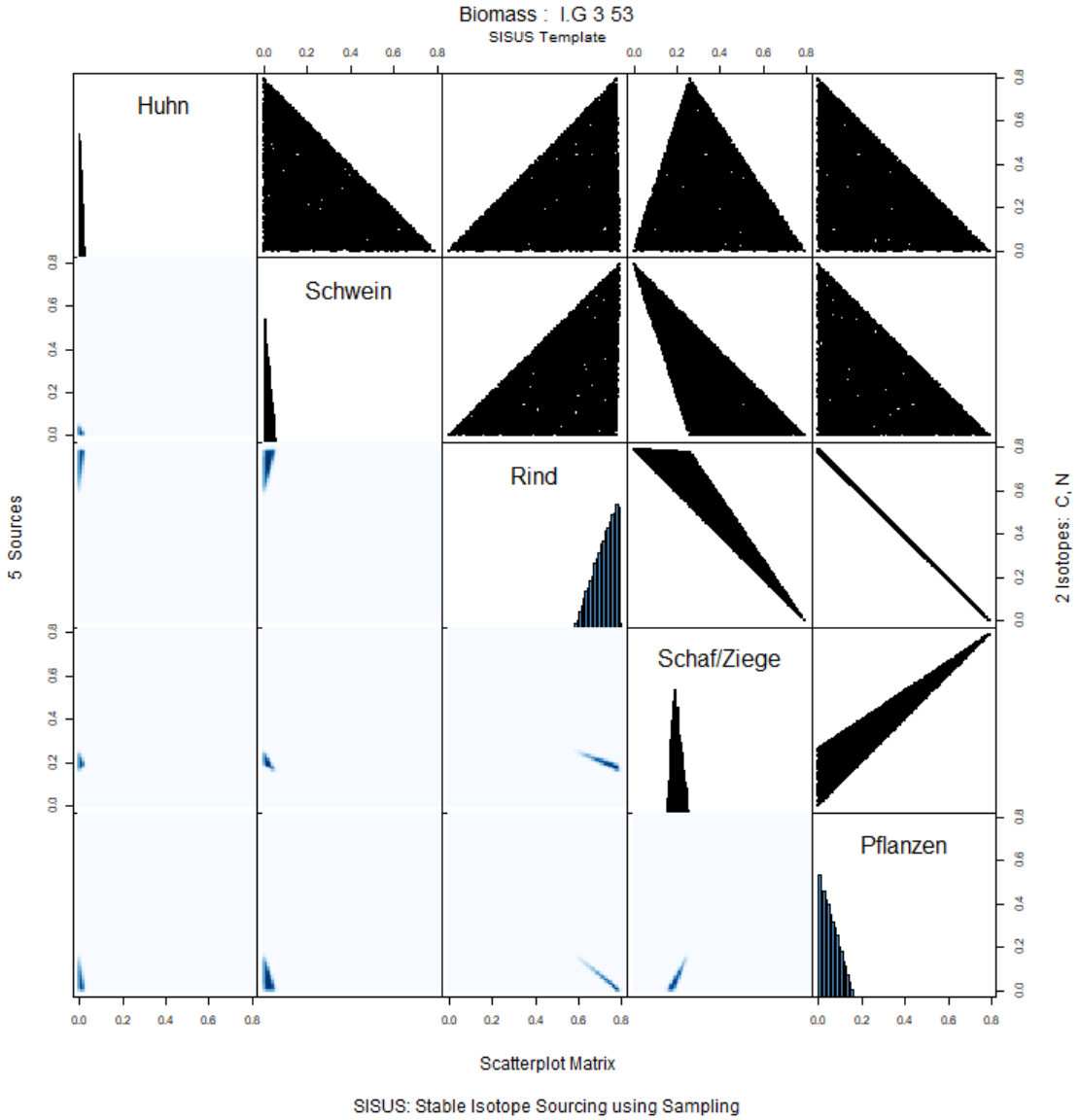


Abbildung 1359: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 53. Erstellt mit SISUS.

G3 54

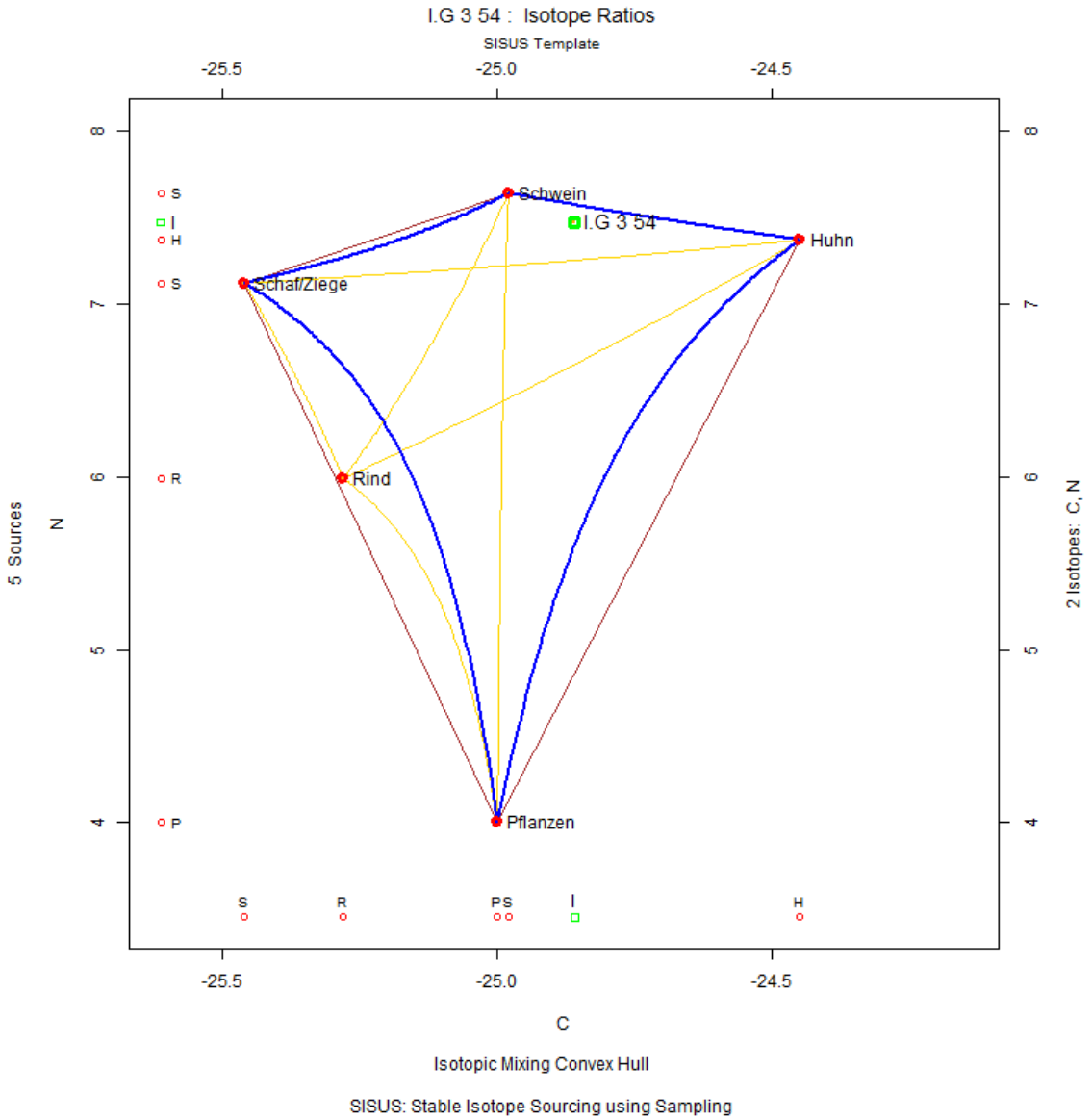


Abbildung 1360: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 54. Erstellt mit SISUS.

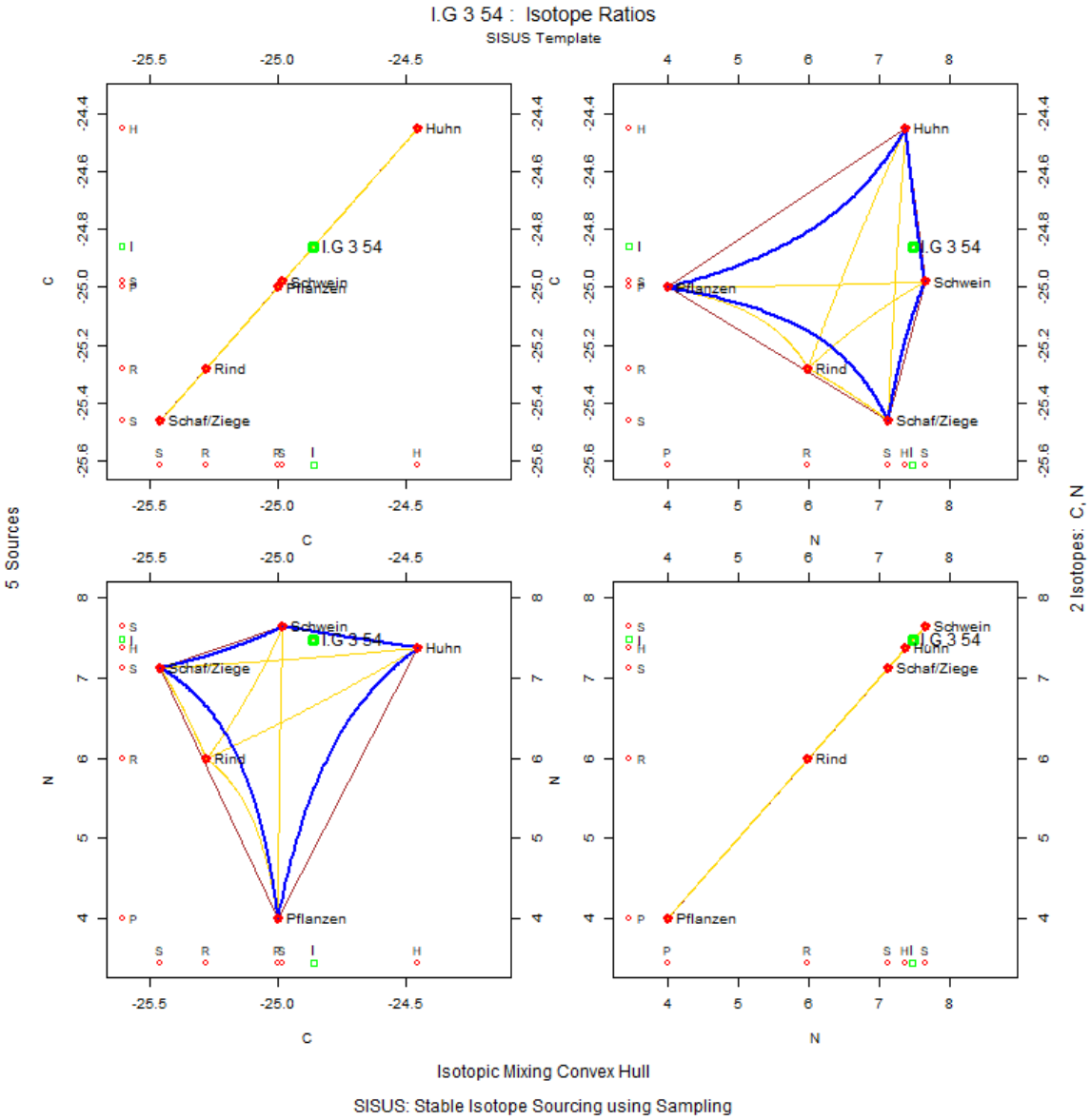


Abbildung 1361: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 3 54 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

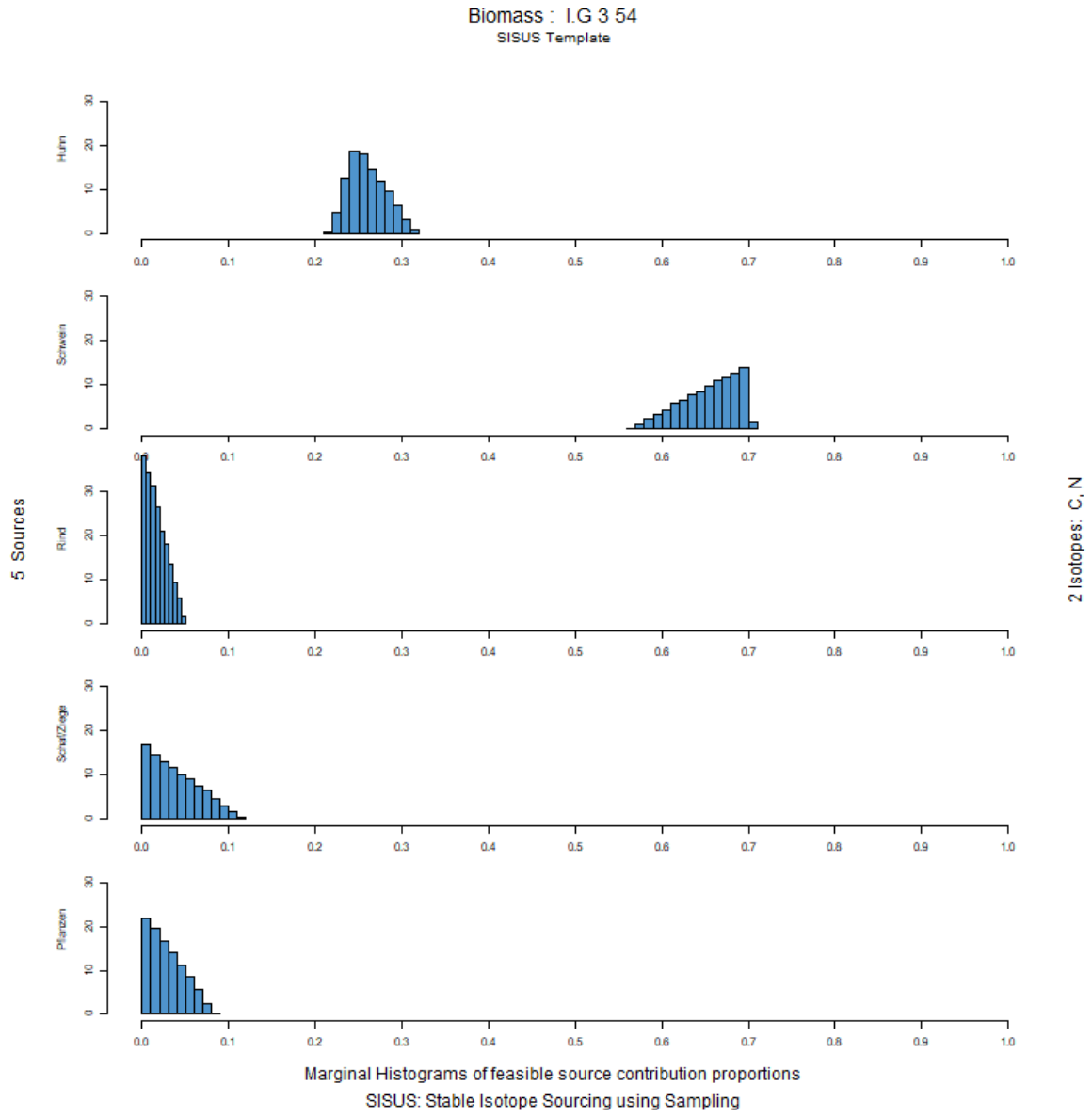


Abbildung 1362: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 54. Erstellt mit SISUS.

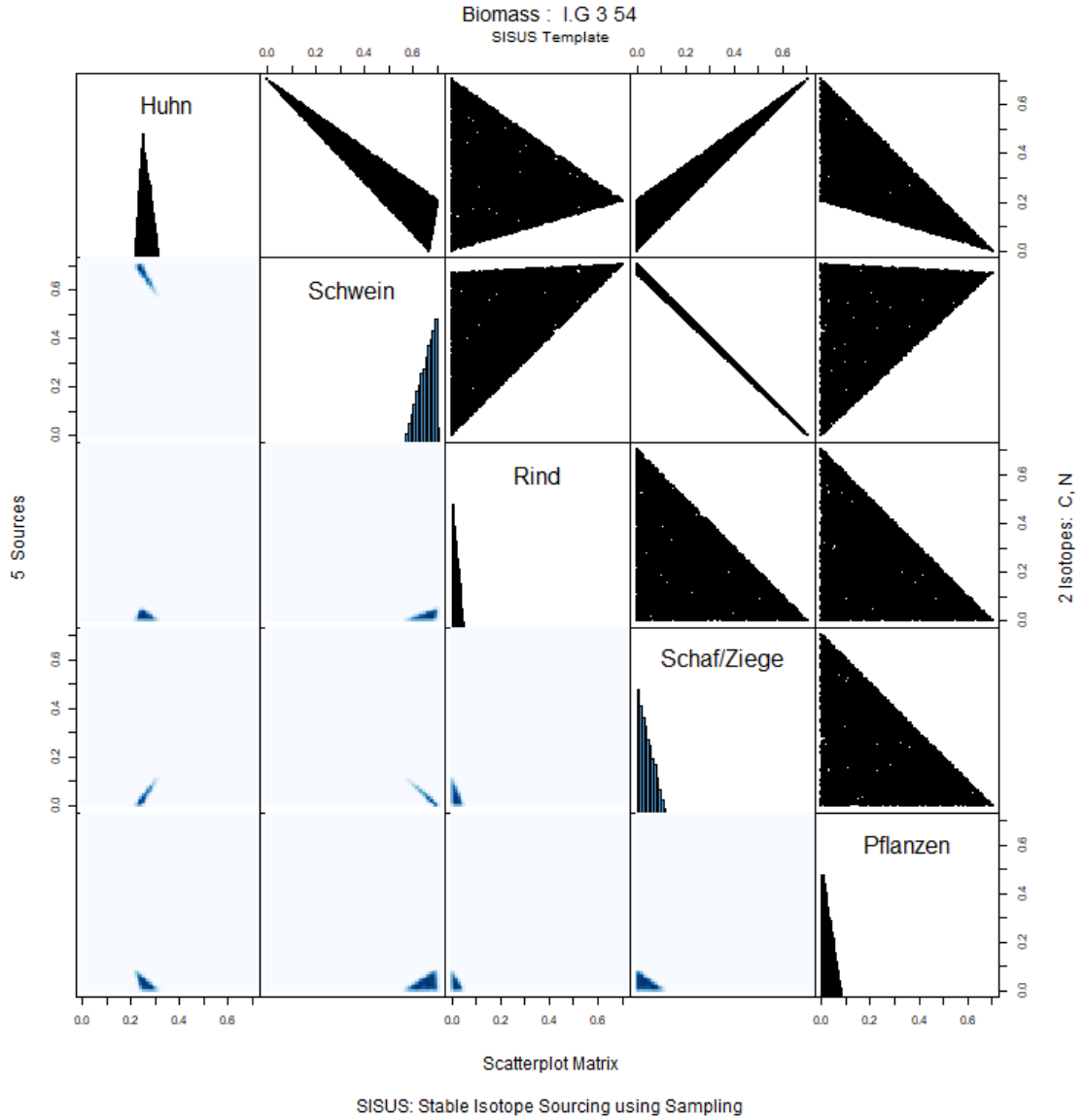


Abbildung 1363: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 54. Erstellt mit SISUS.

G3 55ZIG

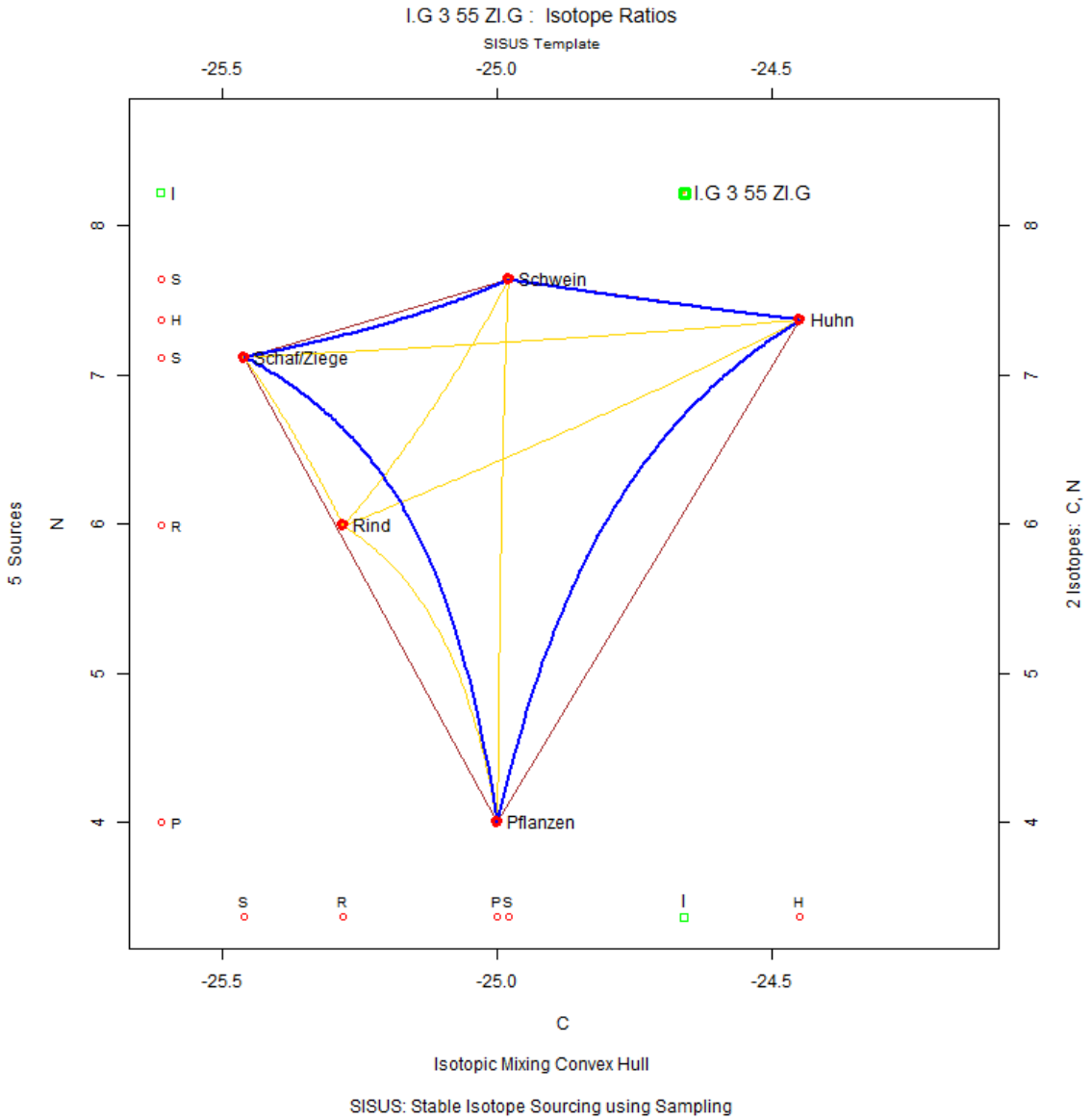


Abbildung 1364: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 55 ZI.G. Erstellt mit SISUS.

G3 57

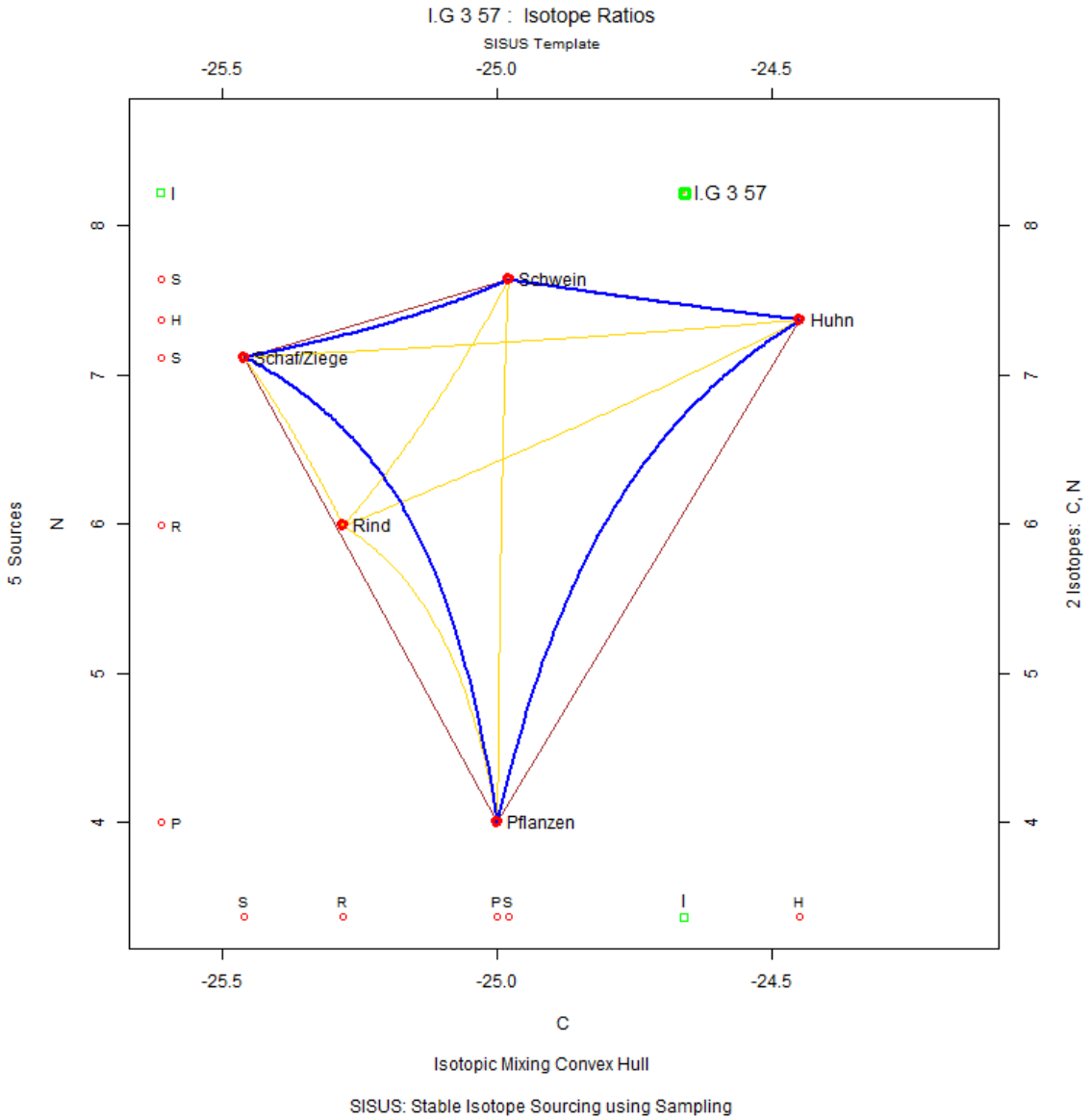


Abbildung 1365: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 57. Erstellt mit SISUS.

G3 64

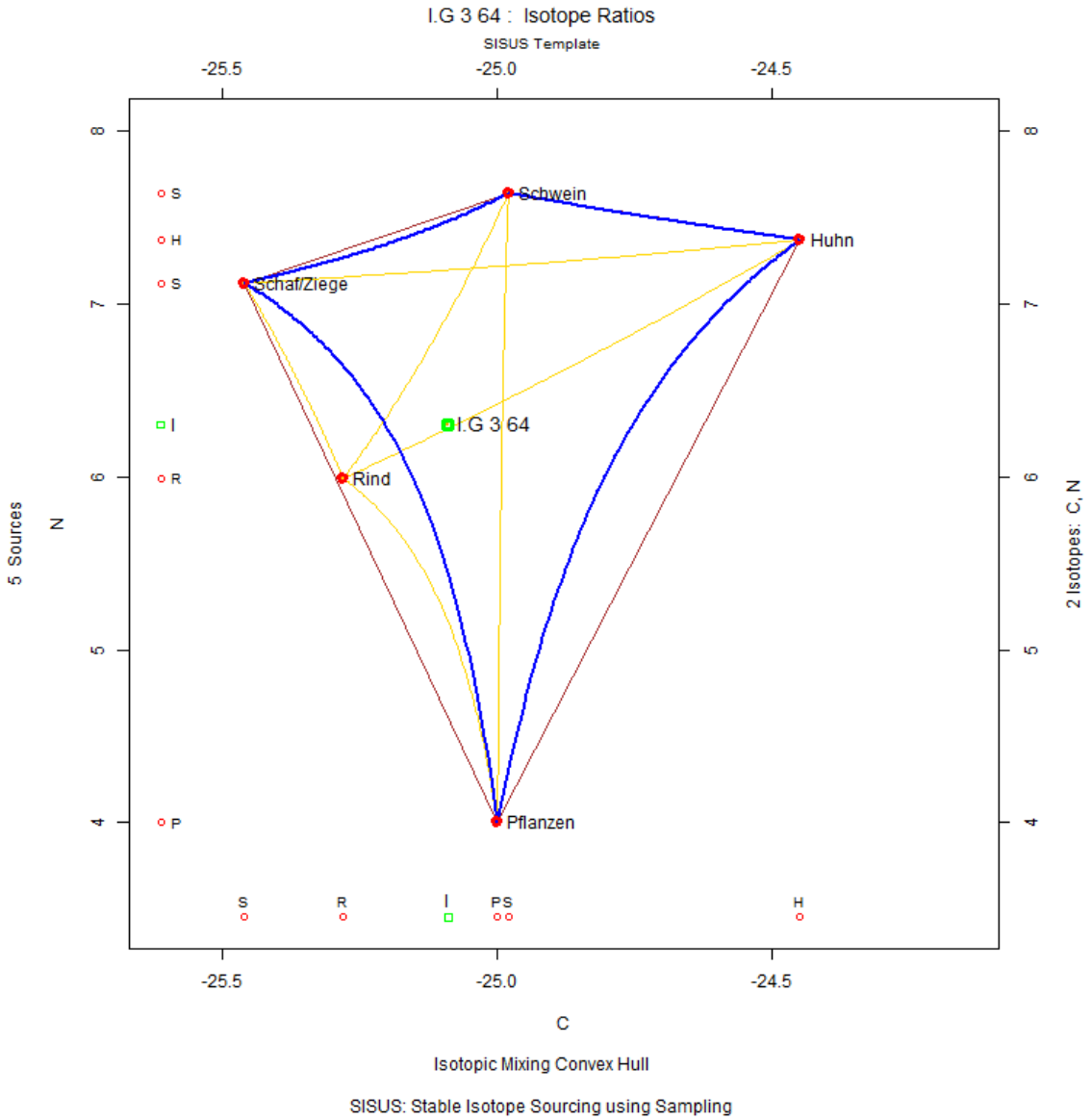


Abbildung 1366: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 64. Erstellt mit SISUS.

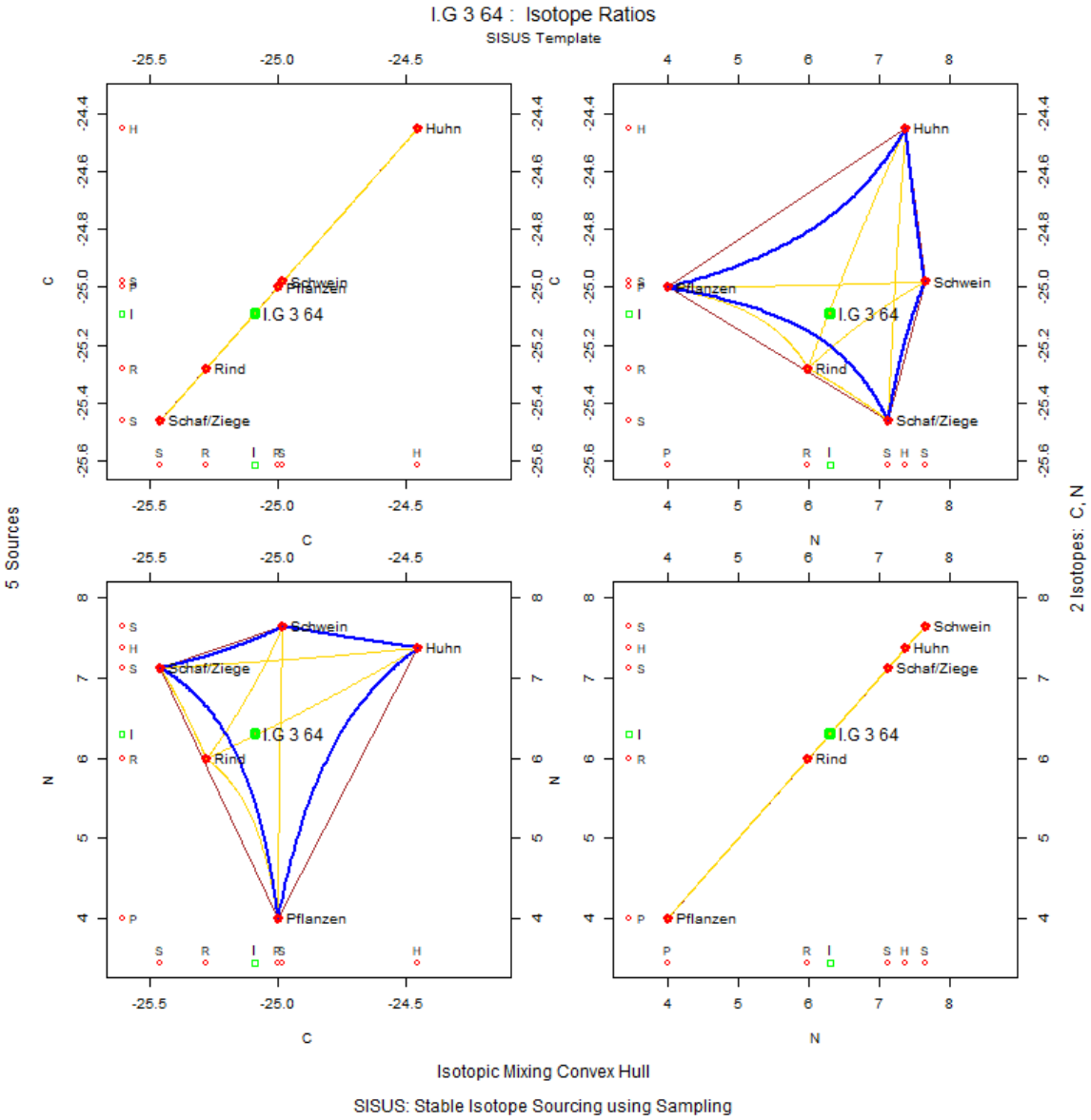


Abbildung 1367: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 3 64 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

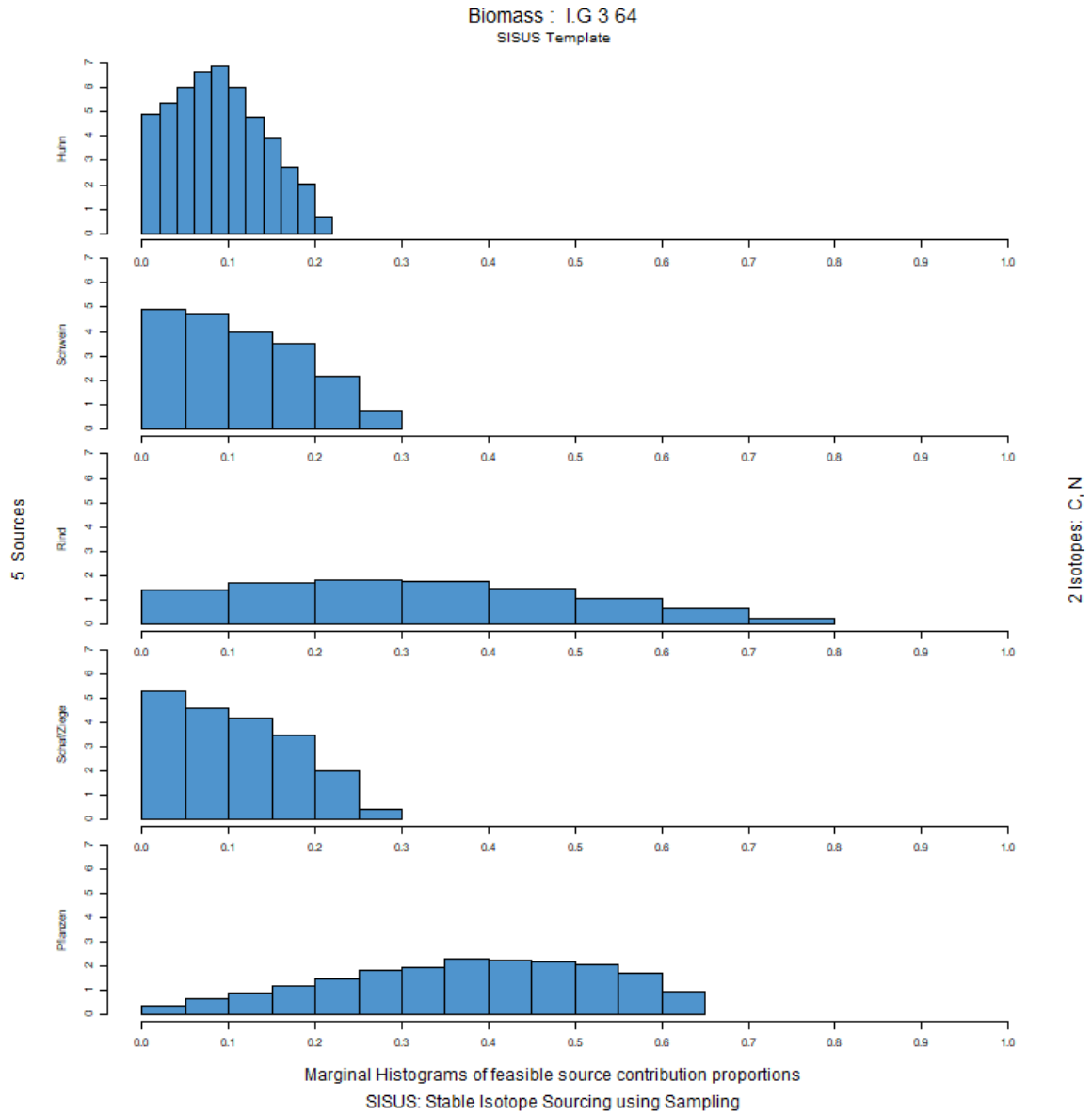


Abbildung 1368: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 64. Erstellt mit SISUS.

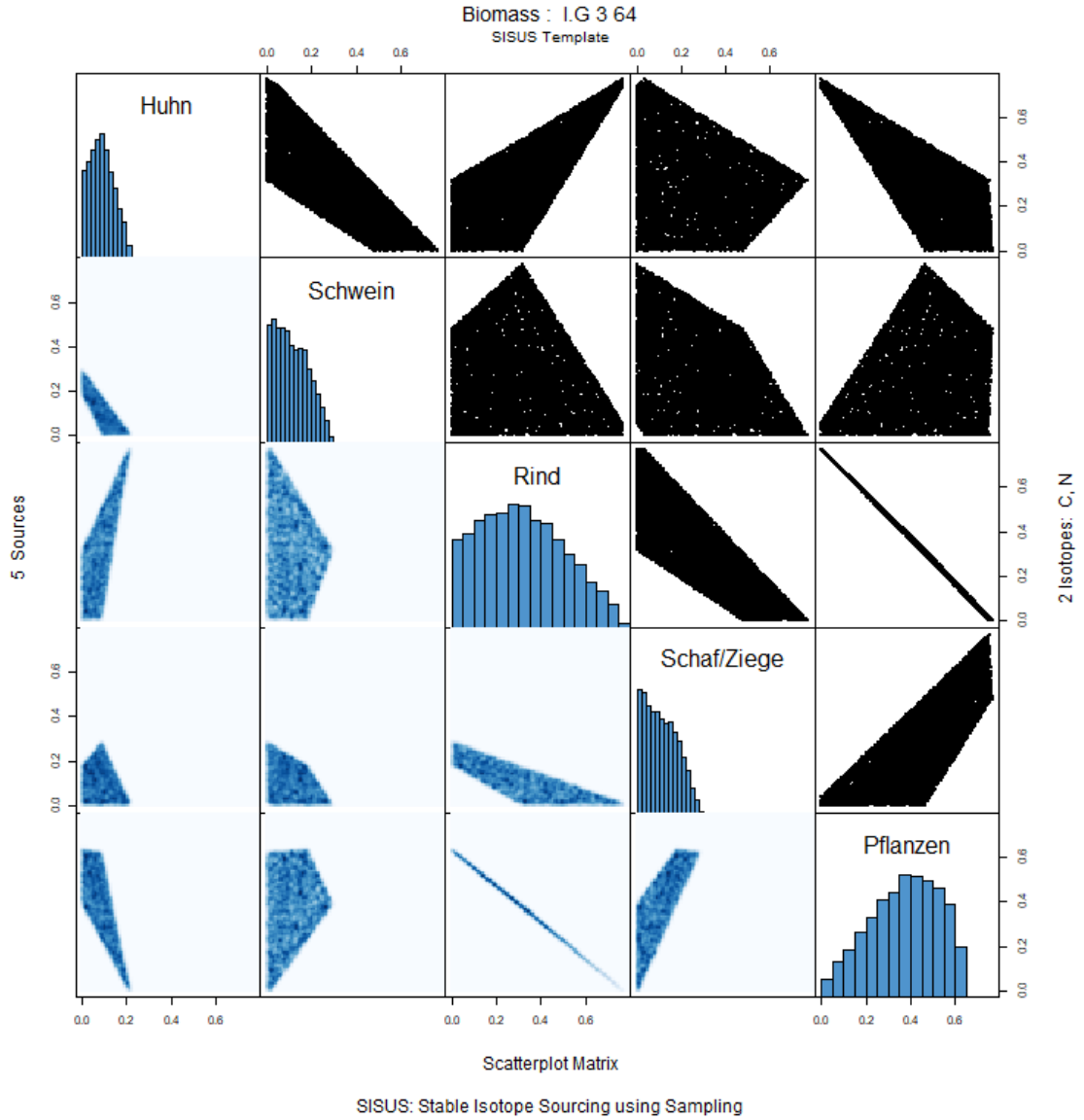


Abbildung 1369: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 64. Erstellt mit SISUS.

G3 66

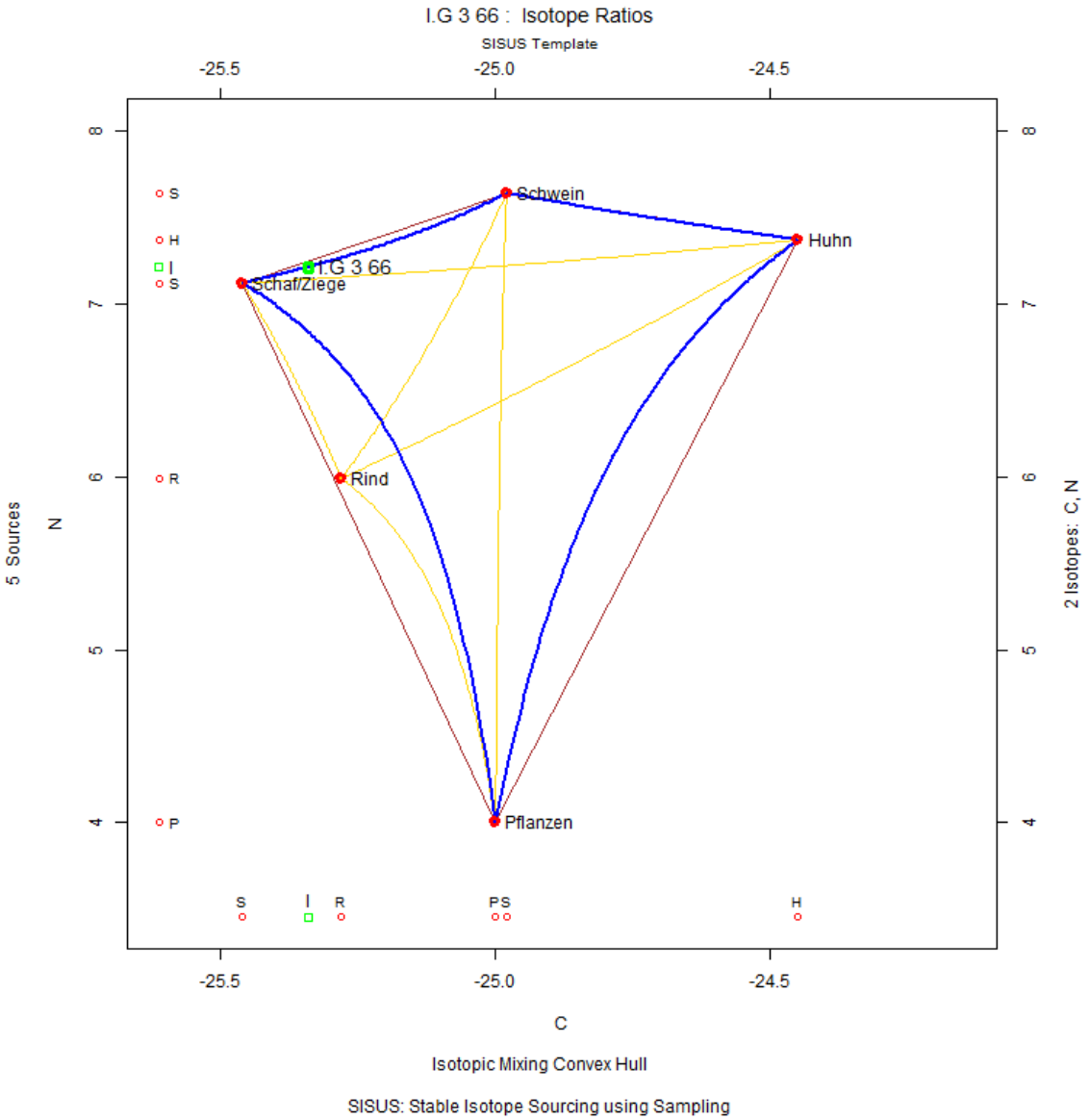


Abbildung 1370: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 66. Erstellt mit SISUS.

G3 92

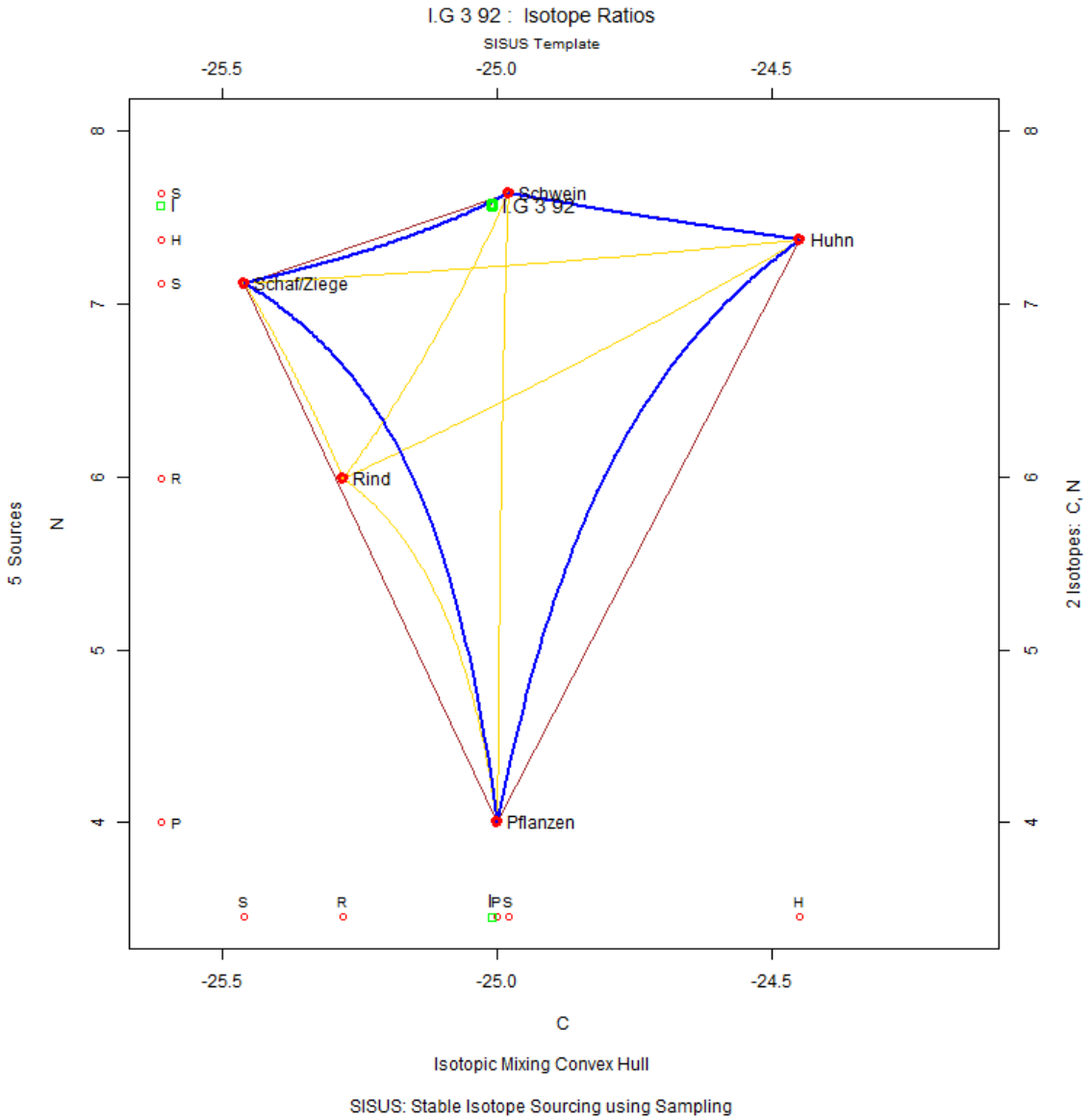


Abbildung 1371: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 92. Erstellt mit SISUS.

G3 95

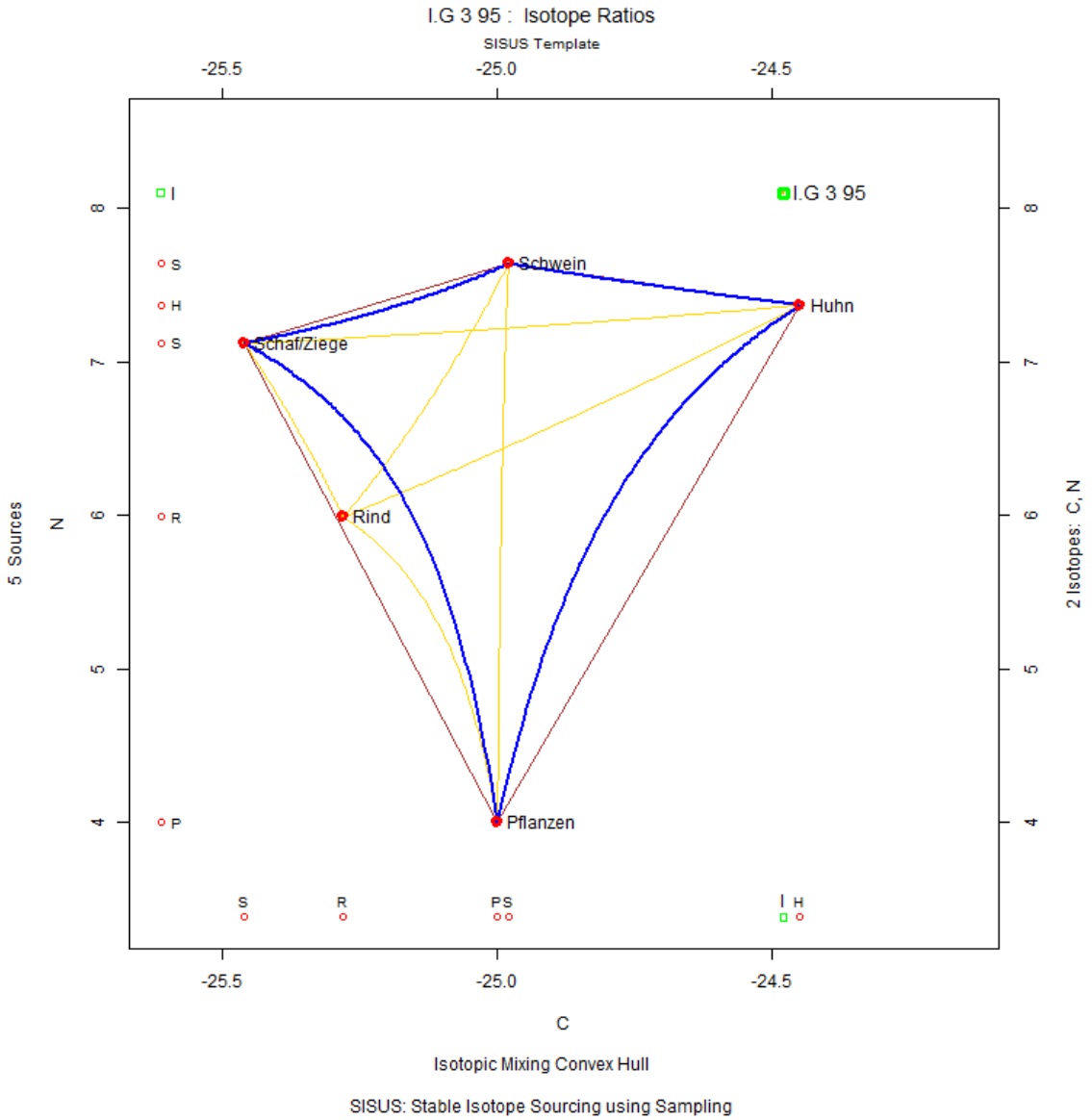


Abbildung 1372: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 95. Erstellt mit SISUS.

G3 99

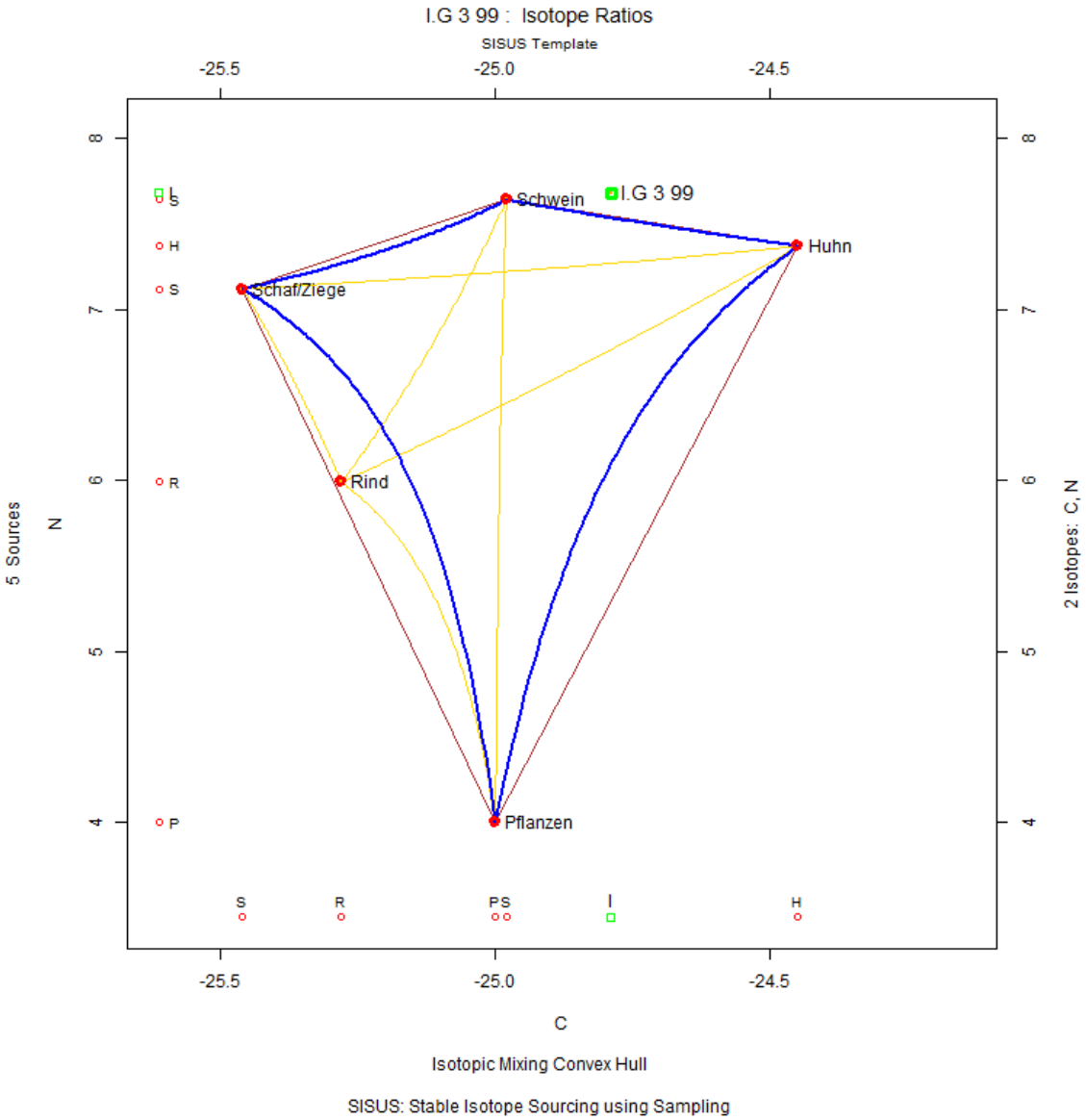


Abbildung 1373: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 99. Erstellt mit SISUS.

G3 106

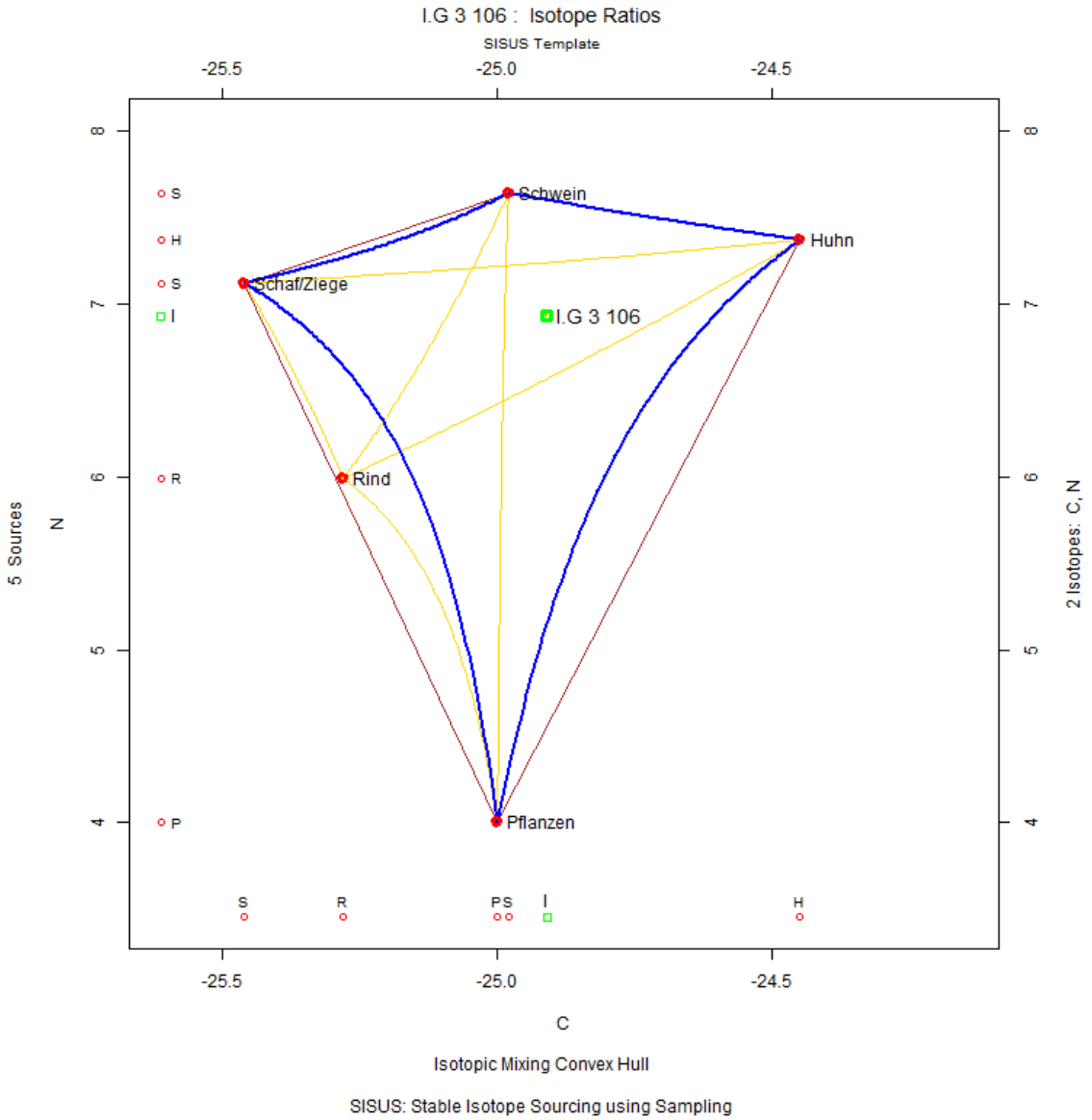


Abbildung 1374: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 106. Erstellt mit SISUS.

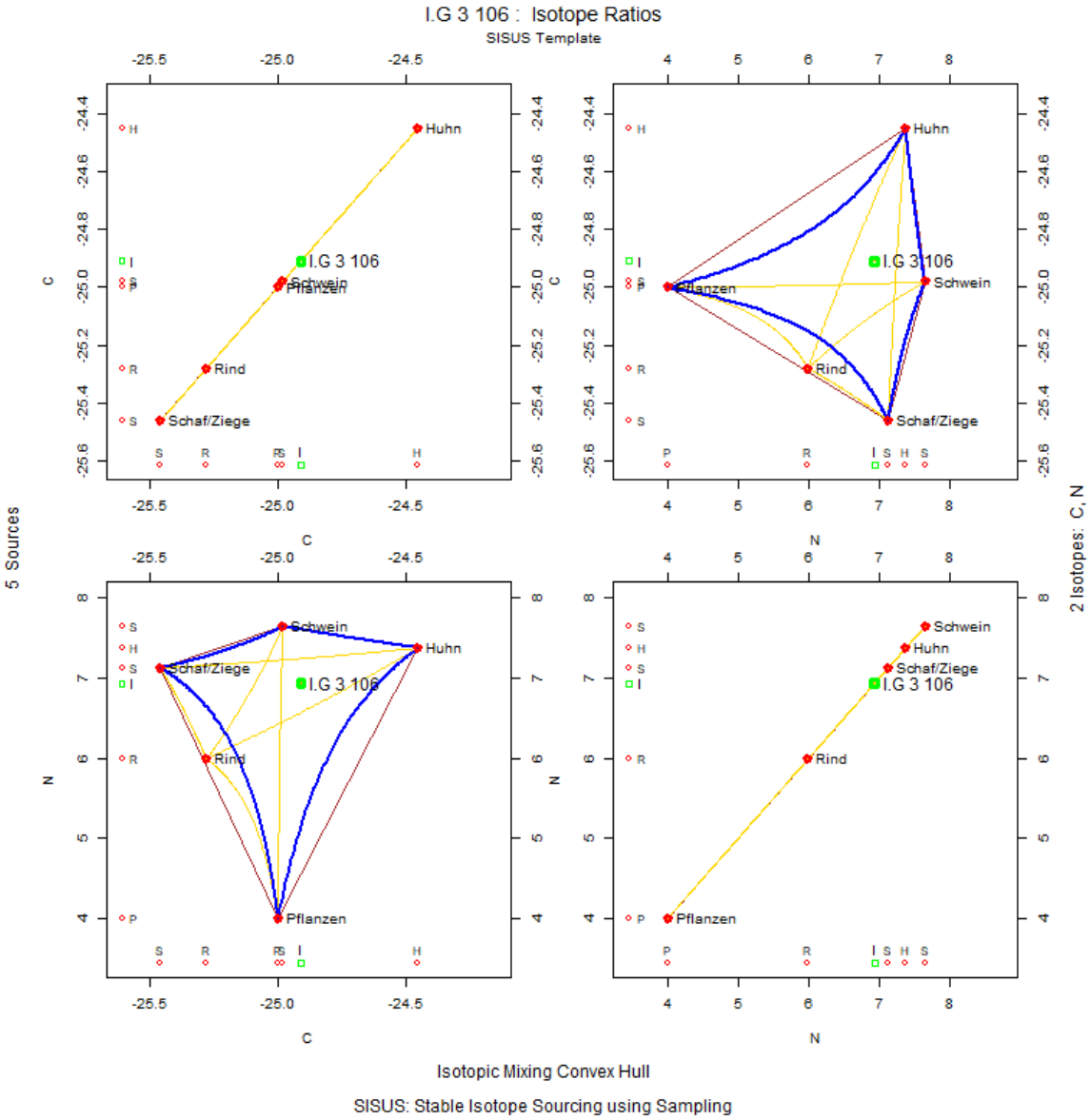


Abbildung 1375: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 3 105 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

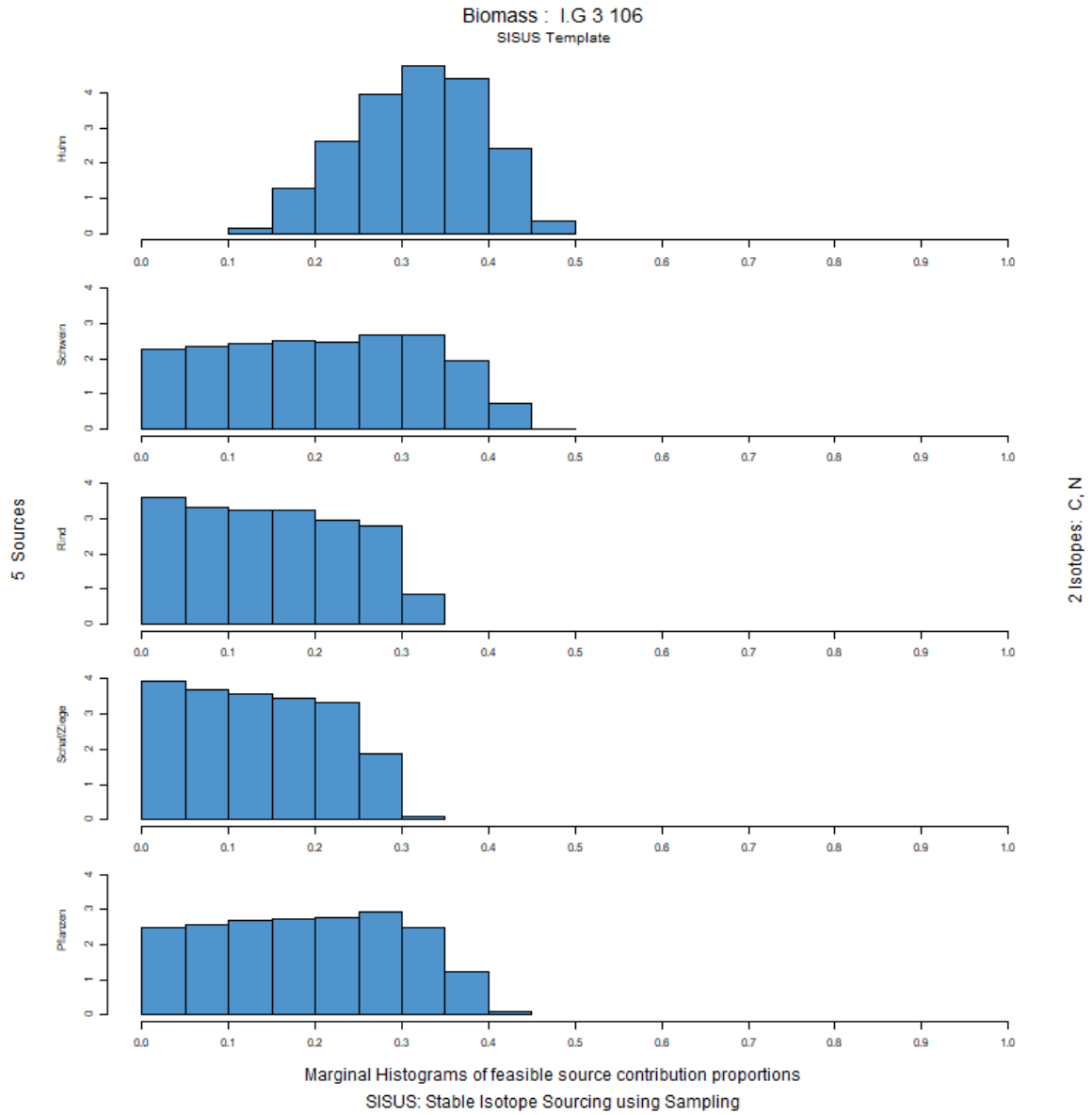


Abbildung 1376: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 106. Erstellt mit SISUS.

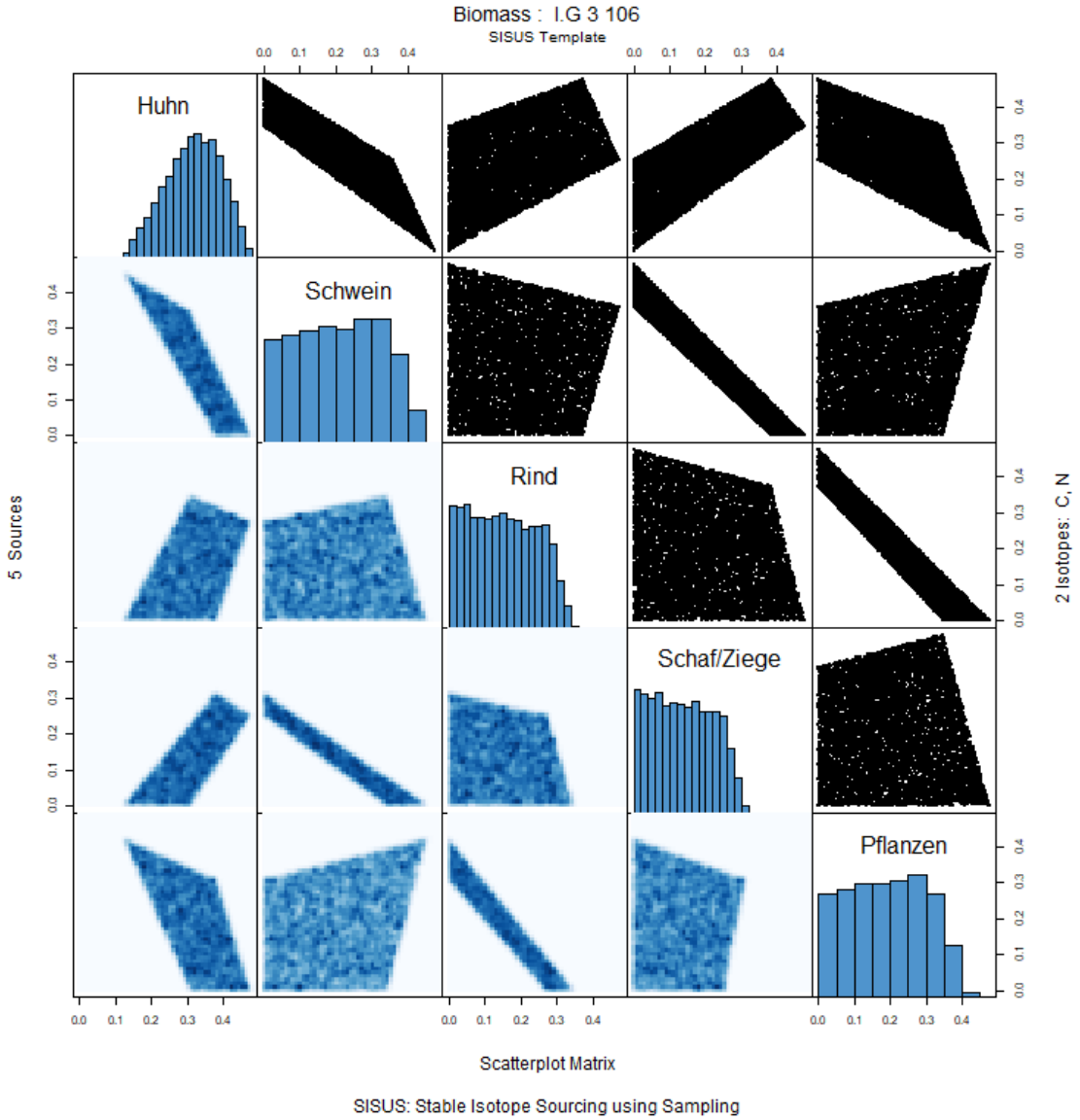


Abbildung 1377: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 3 106. Erstellt mit SISUS.

G3 109

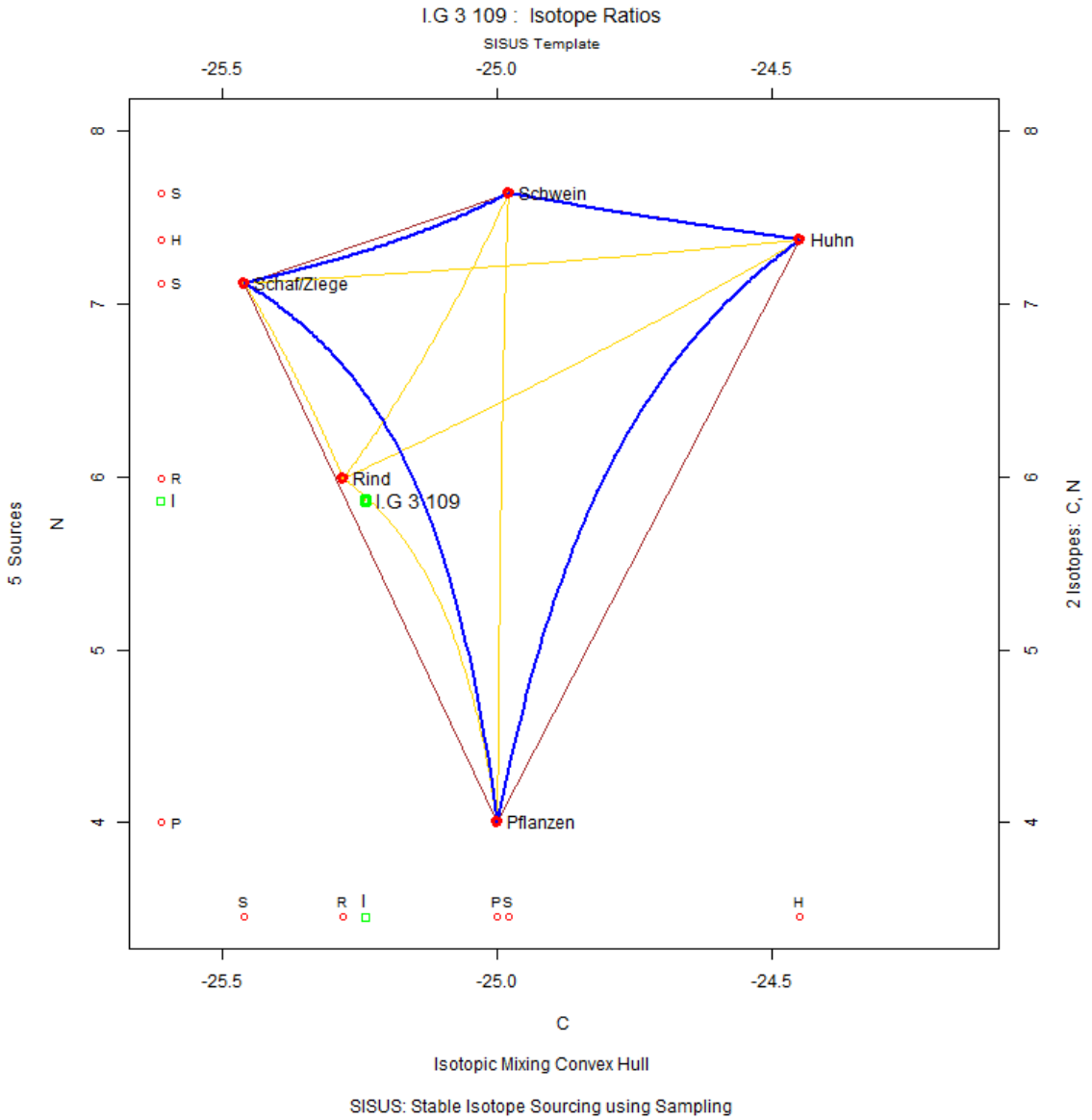


Abbildung 1378: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 3 109. Erstellt mit SISUS.

G4 3

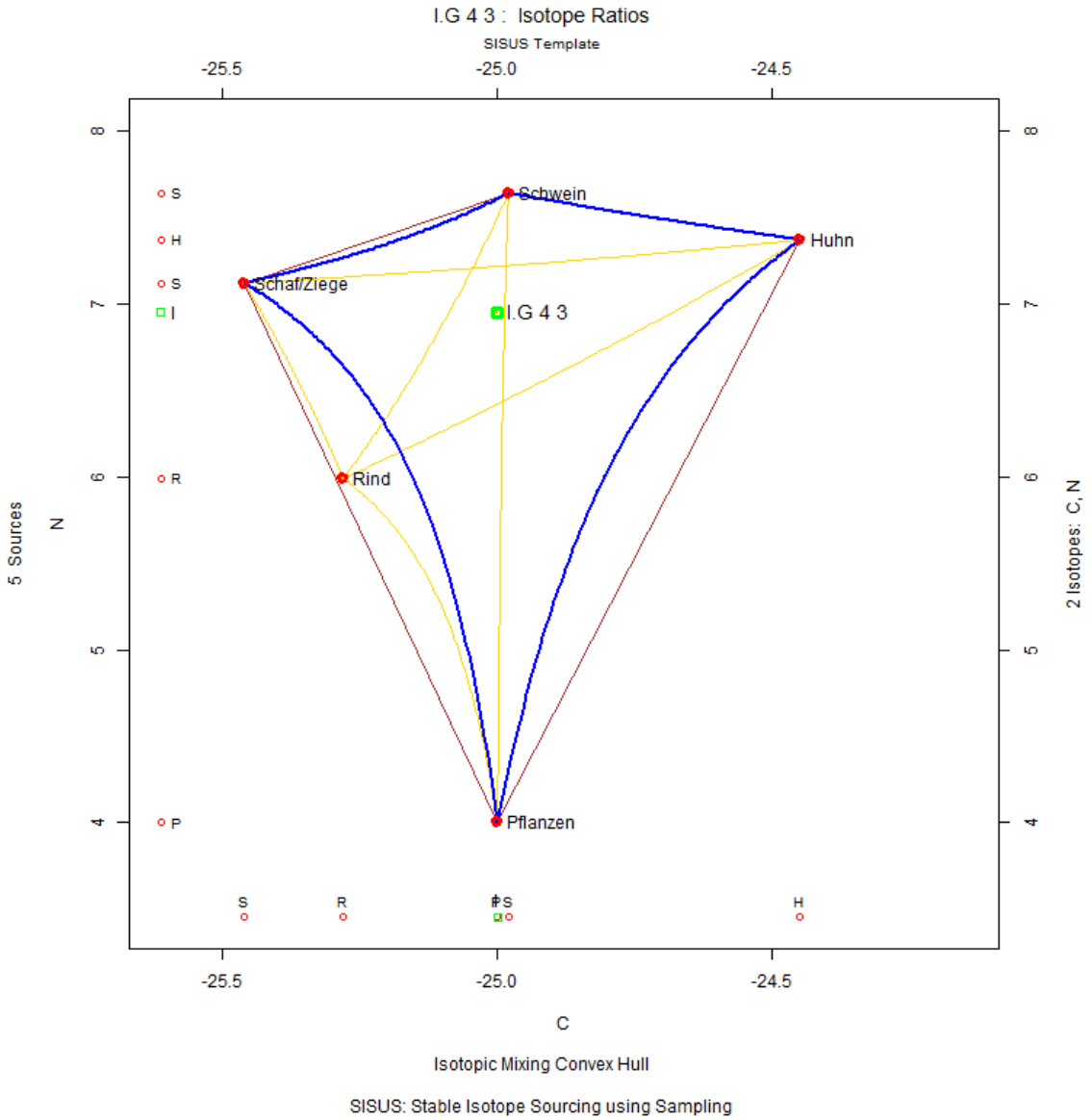


Abbildung 1379: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 3. Erstellt mit SISUS.

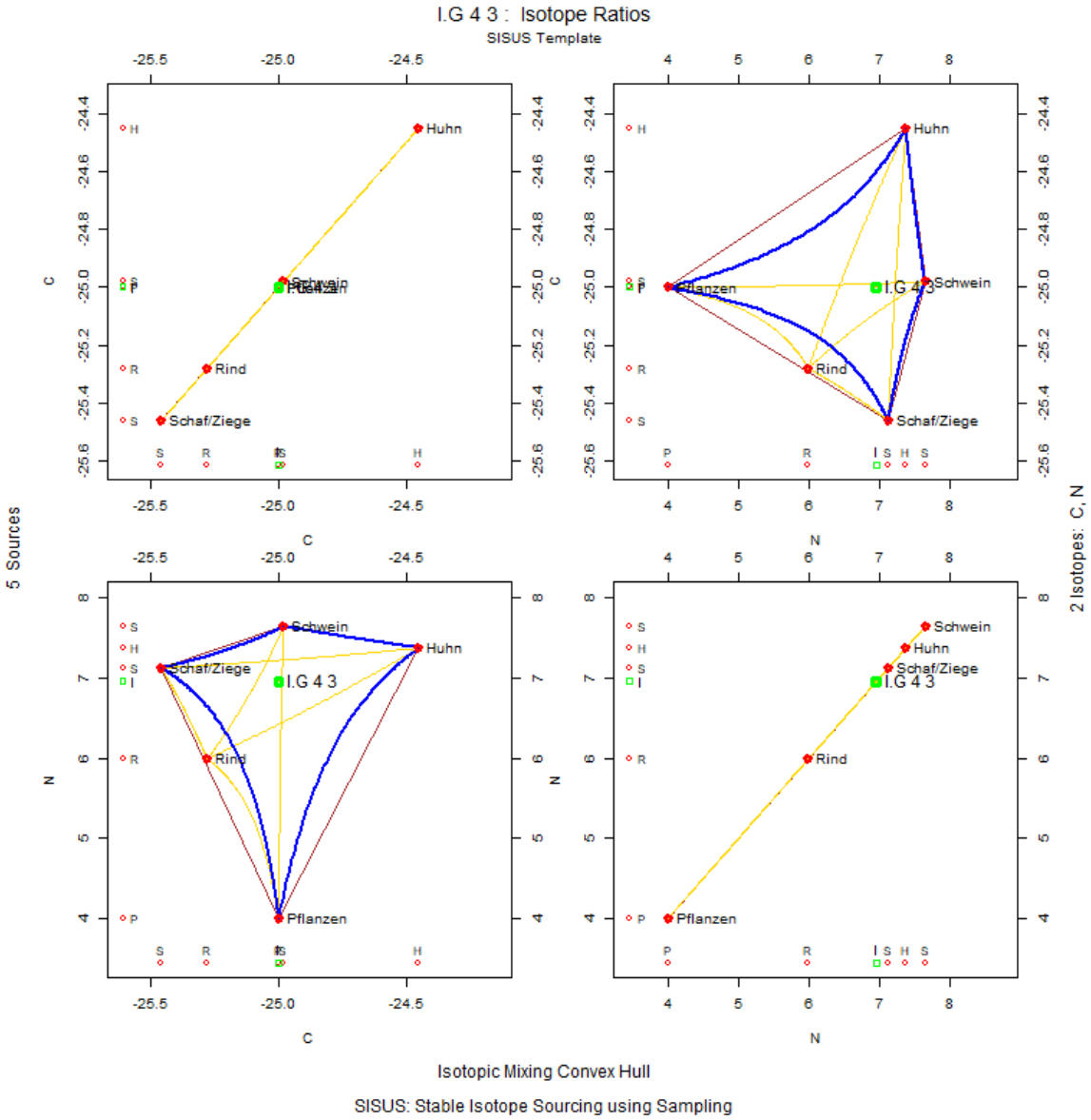


Abbildung 1380: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 4 3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

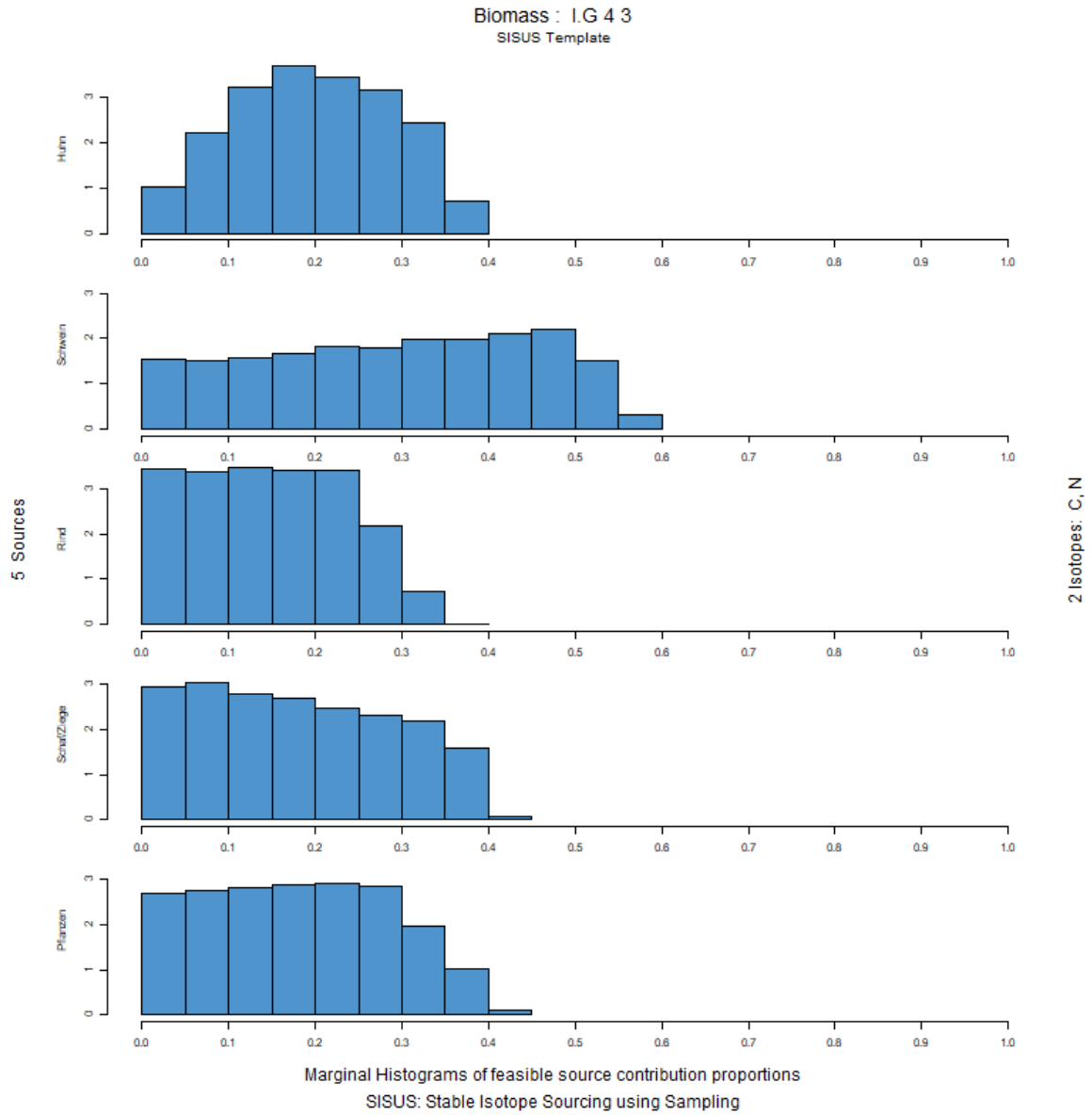


Abbildung 1381: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 3. Erstellt mit SISUS.

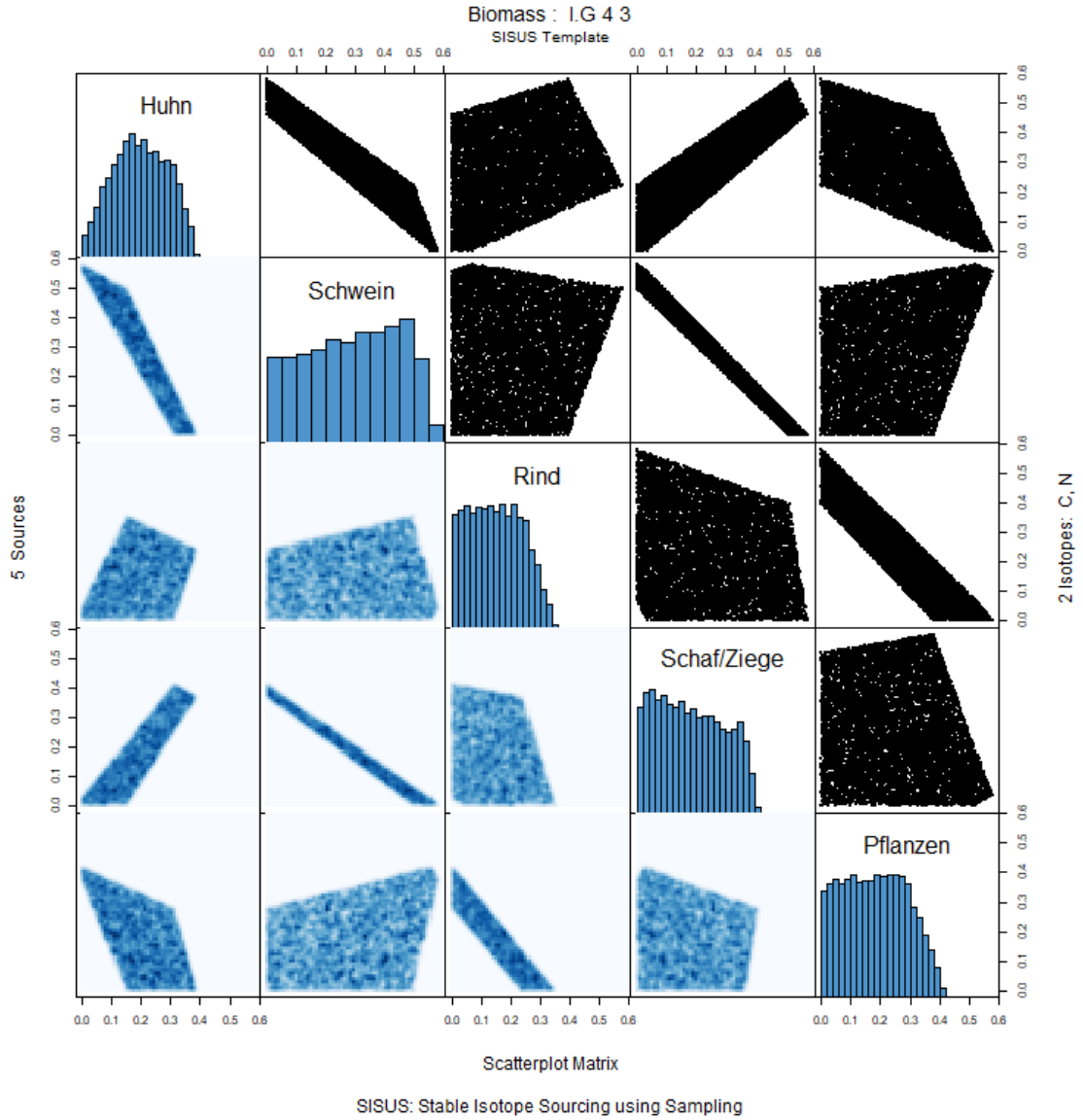


Abbildung 1382: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 3. Erstellt mit SISUS.

G4 73

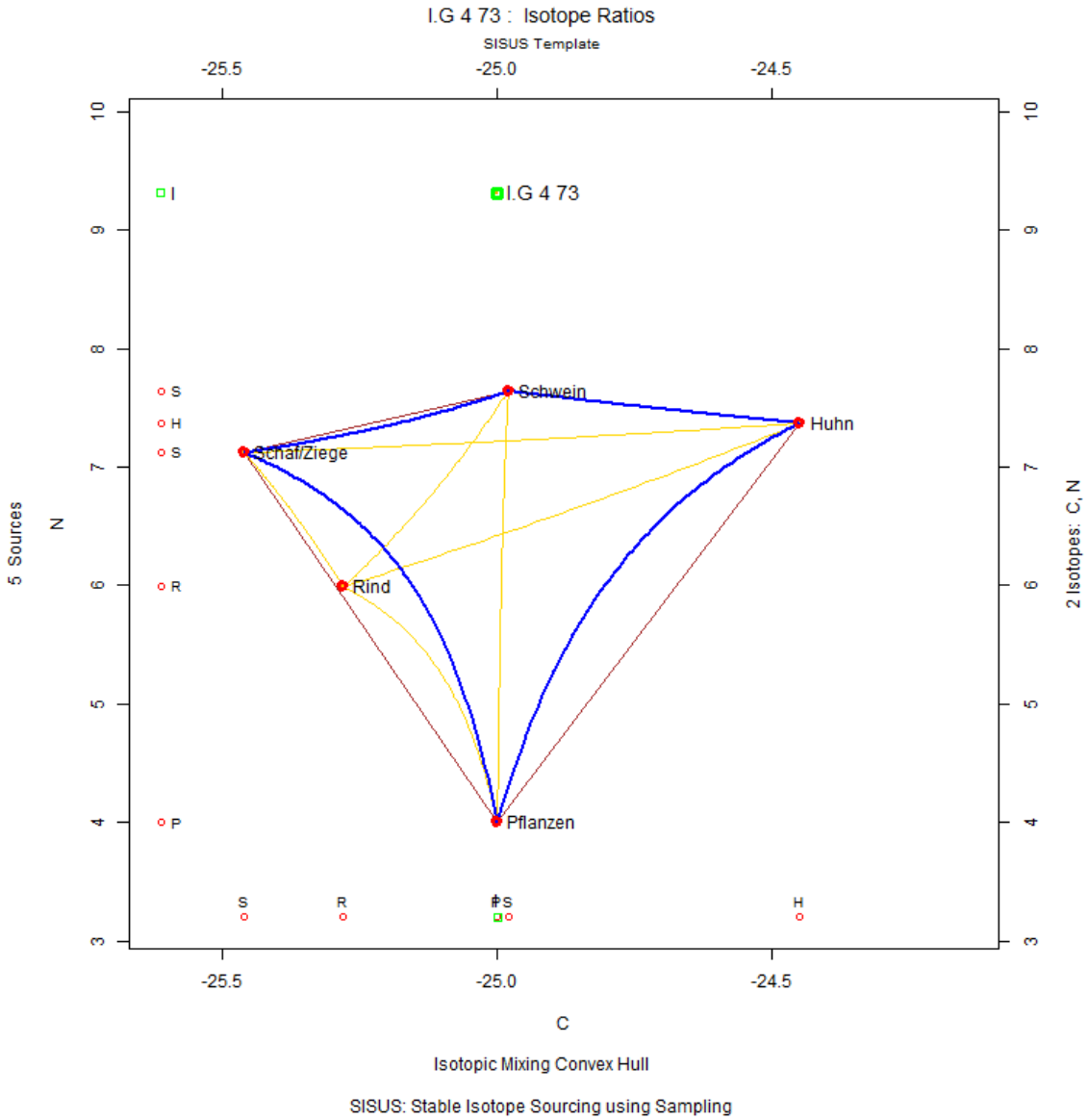


Abbildung 1383: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 73. Erstellt mit SISUS.

G4 75

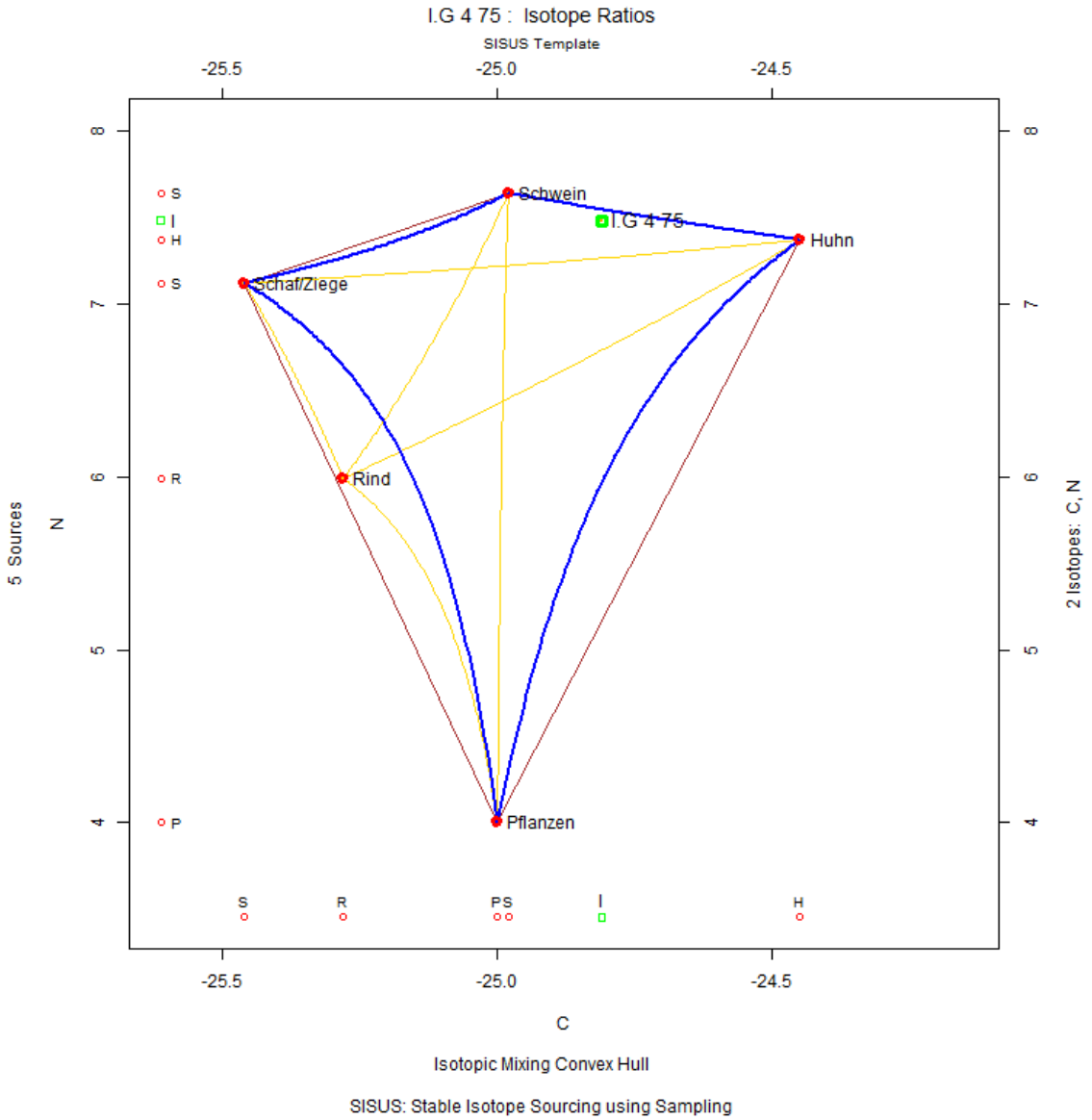


Abbildung 1384: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 75. Erstellt mit SISUS.

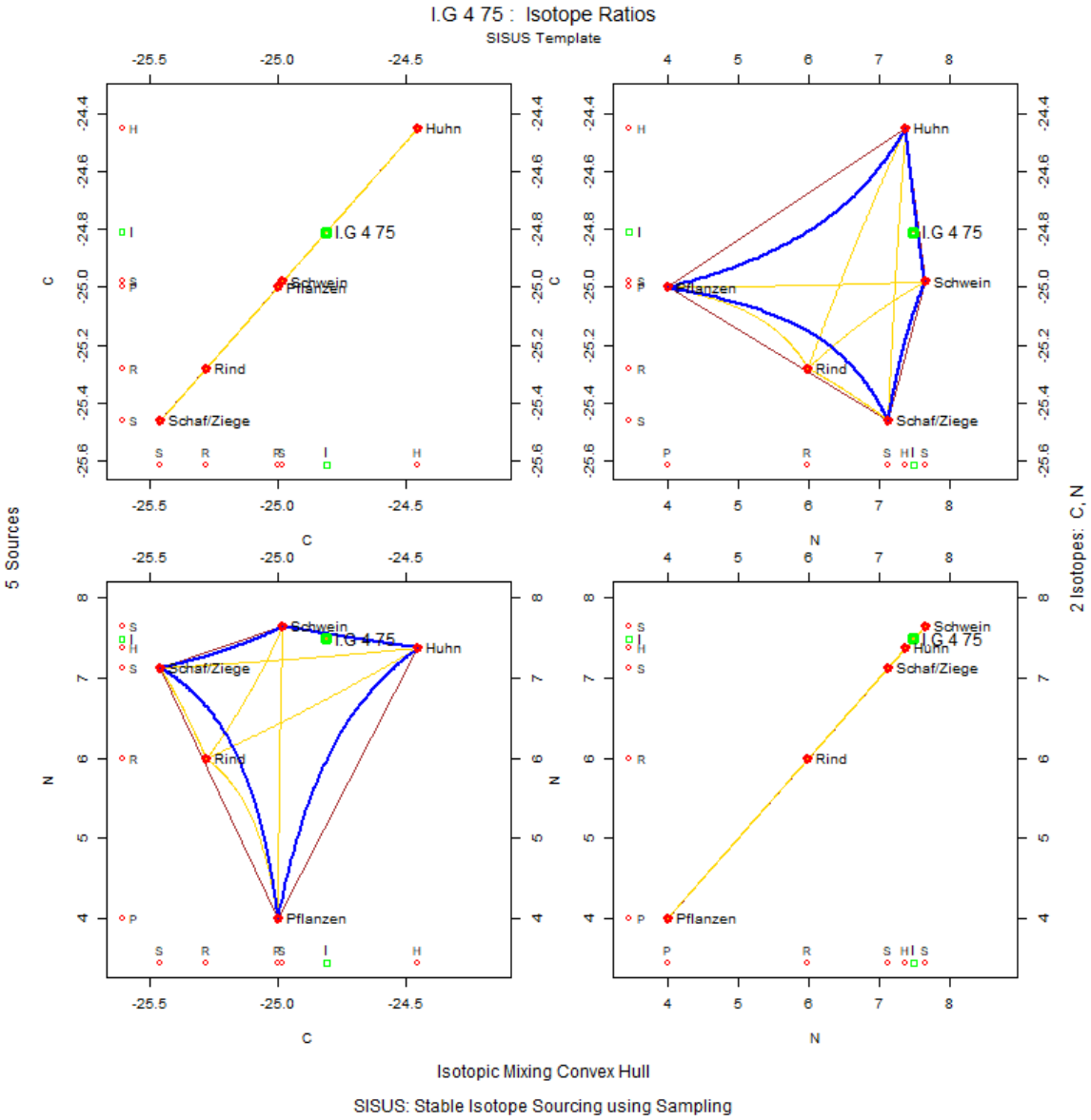


Abbildung 1385: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 4 75 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

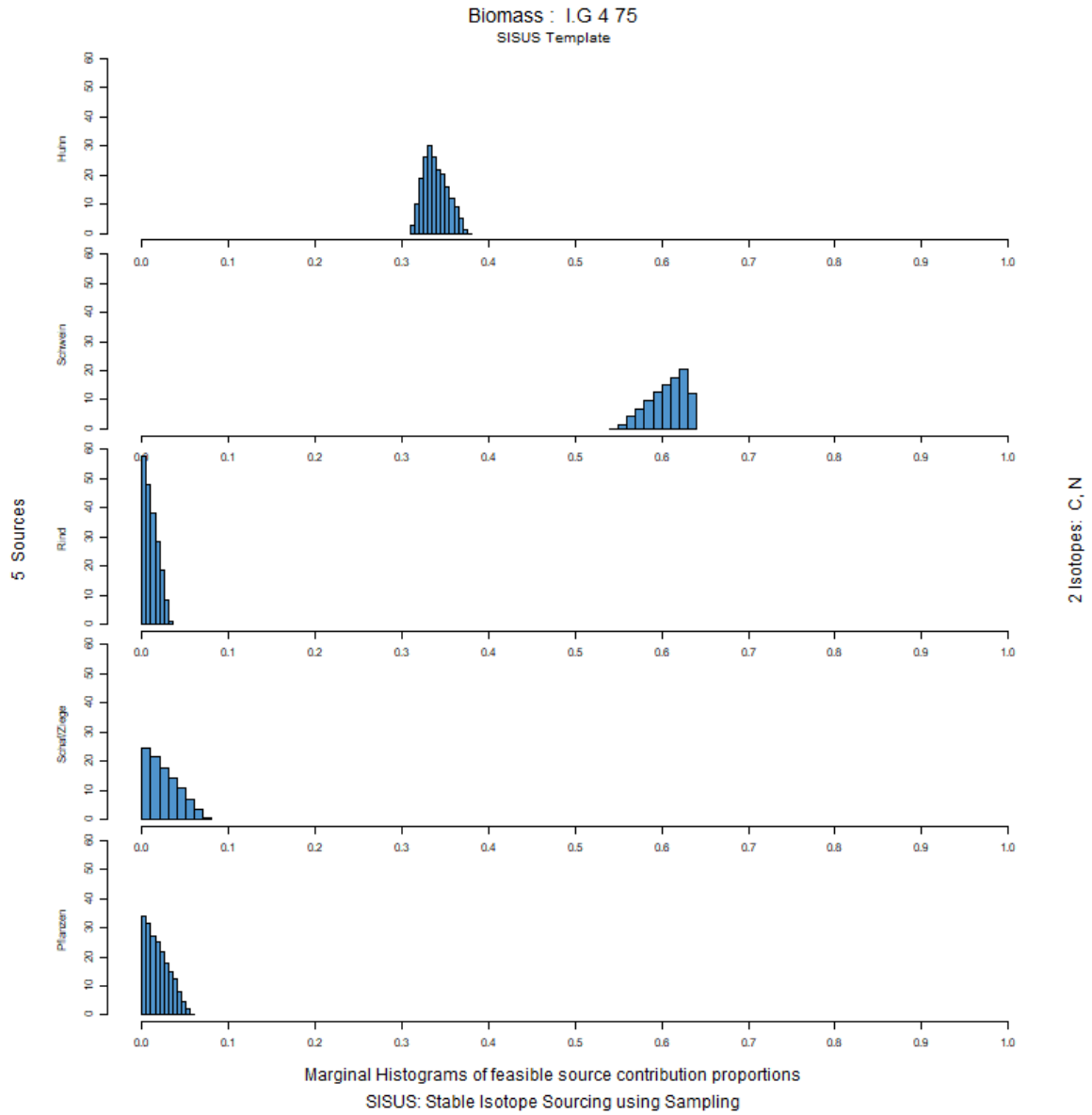


Abbildung 1386: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 75. Erstellt mit SISUS.

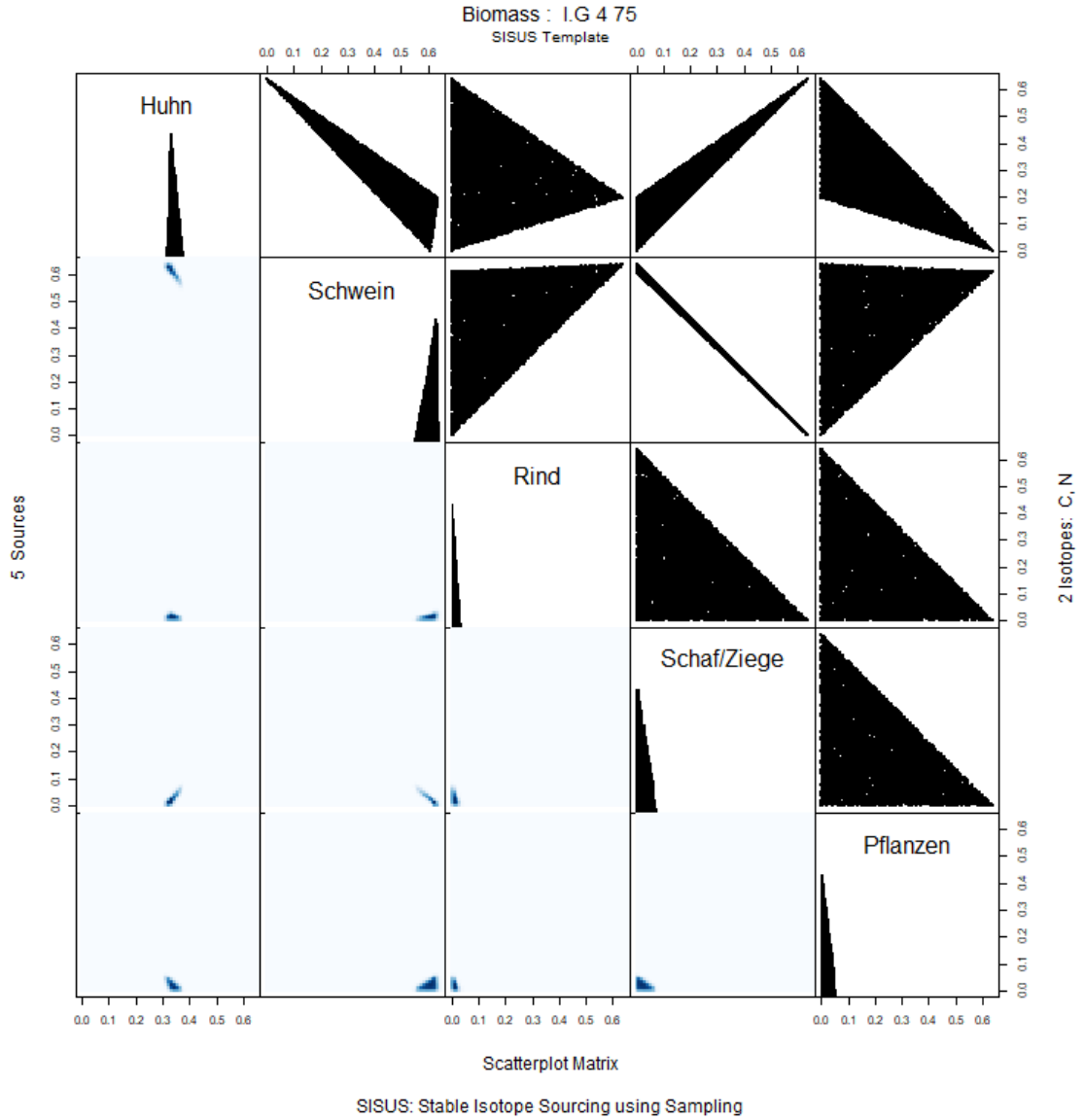


Abbildung 1387: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 75. Erstellt mit SISUS.

G4 91

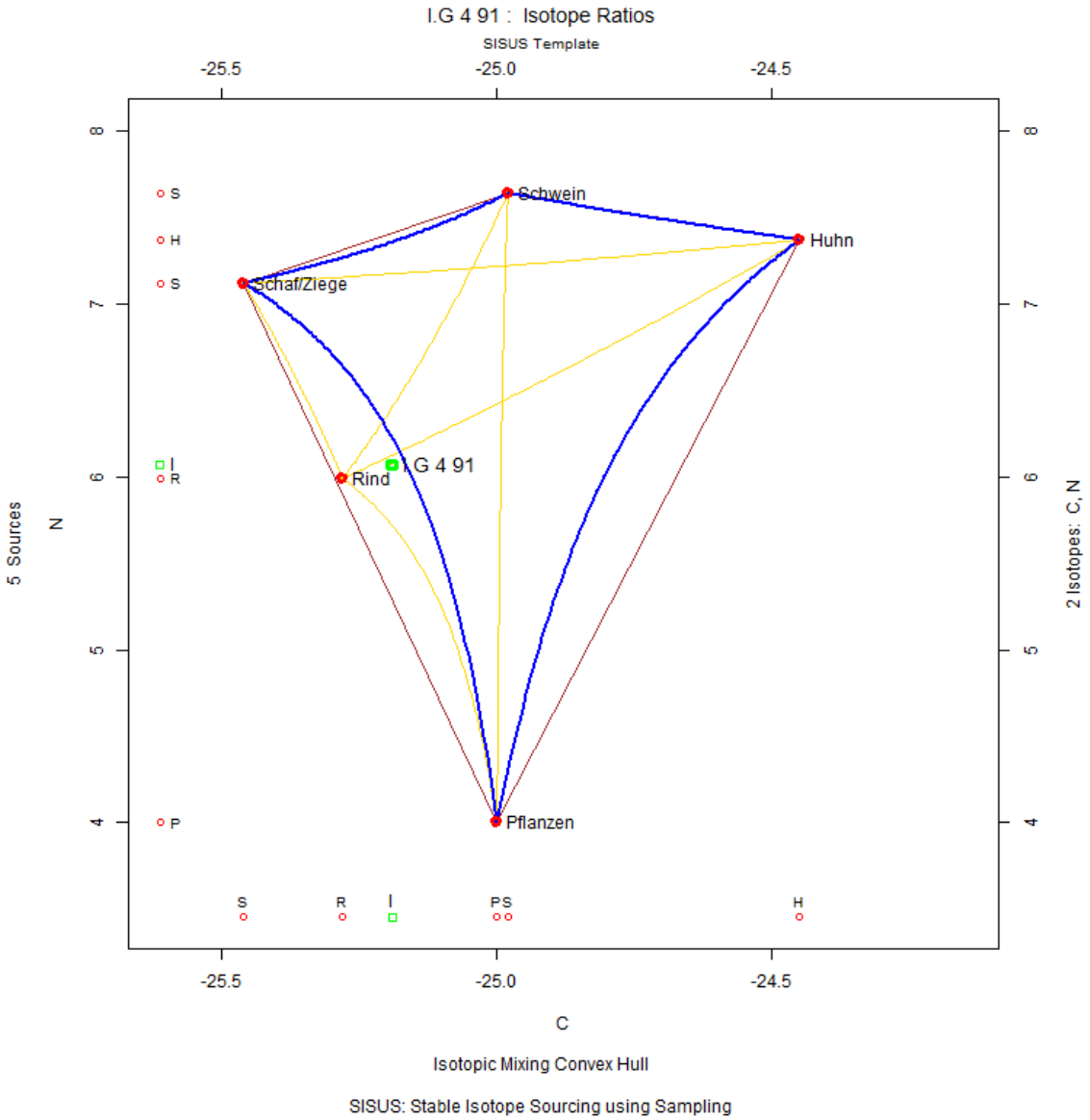


Abbildung 1388: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 91. Erstellt mit SISUS.

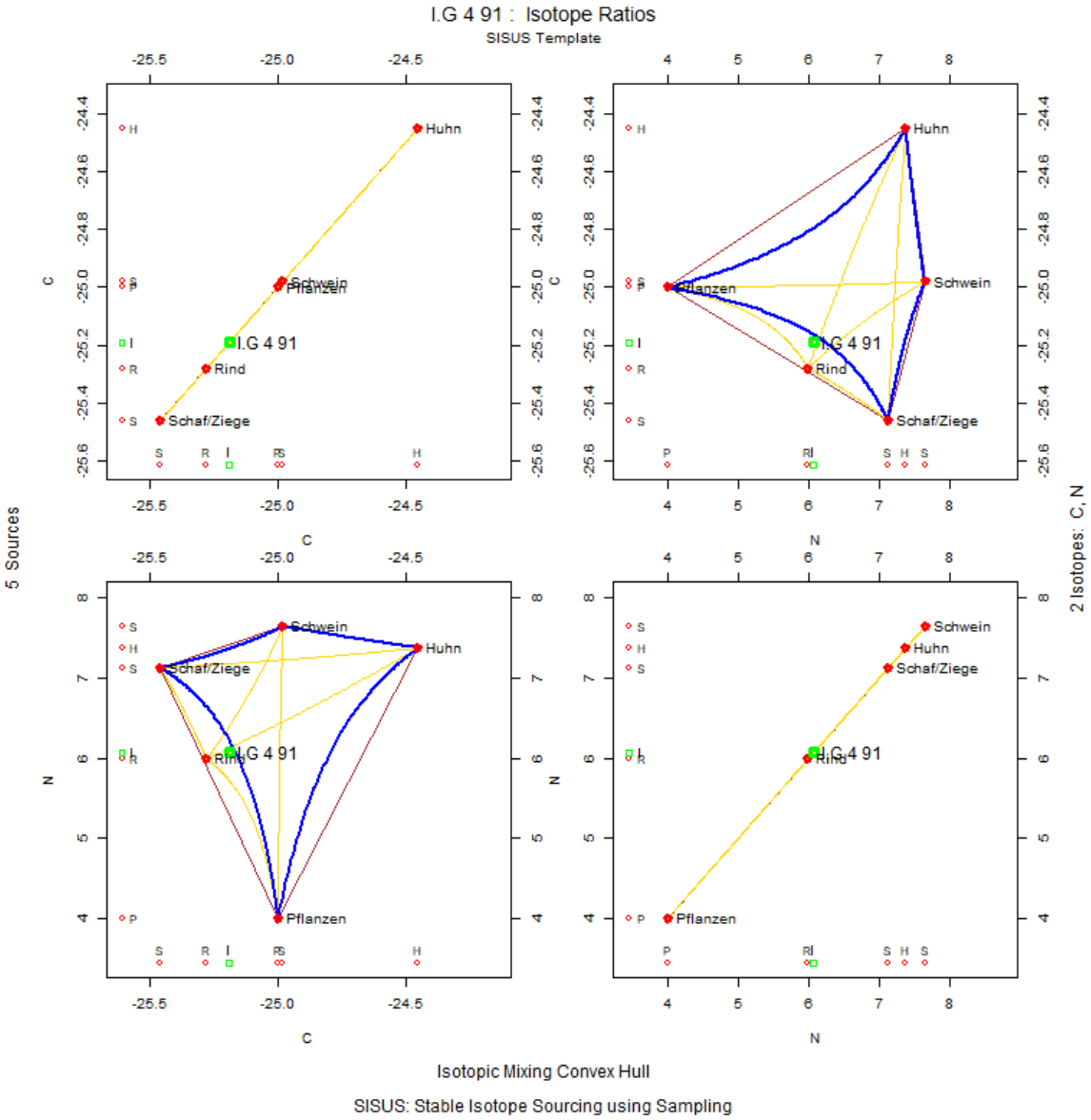


Abbildung 1389: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Großmehring (G) 4 91 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

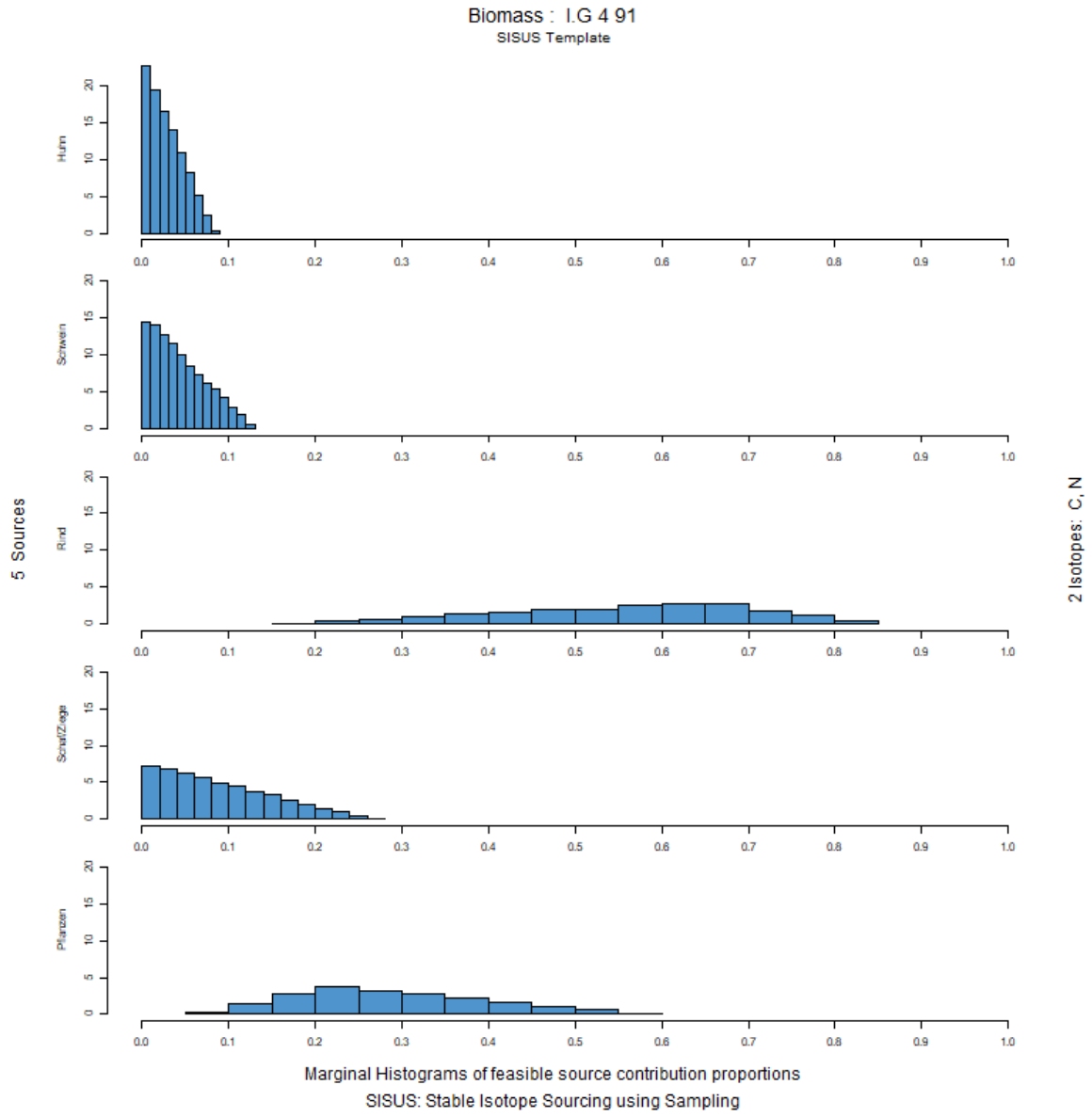


Abbildung 1390: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 91. Erstellt mit SISUS.

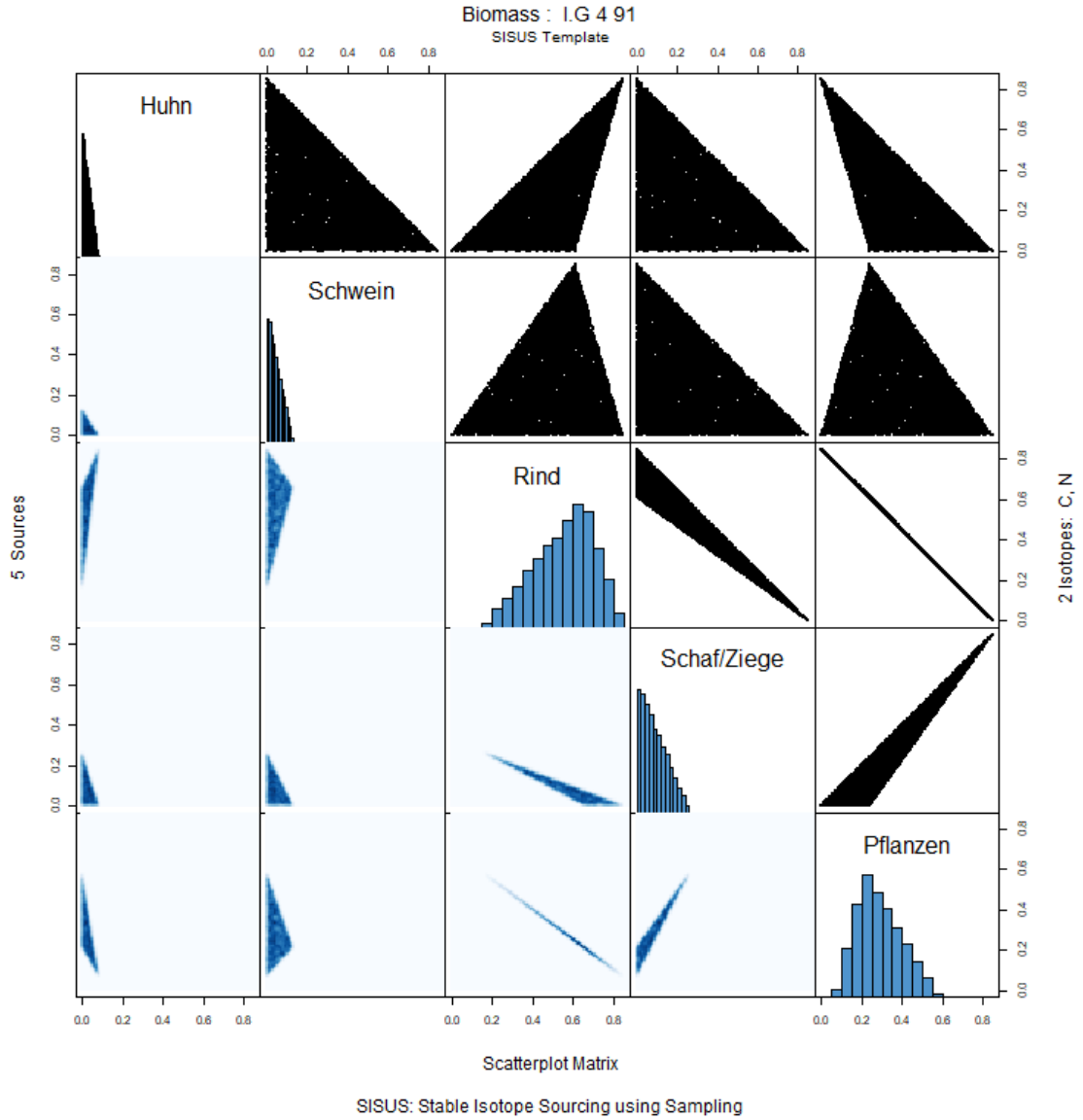


Abbildung 1391: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Großmehring (G) 4 91. Erstellt mit SISUS.

G4 138

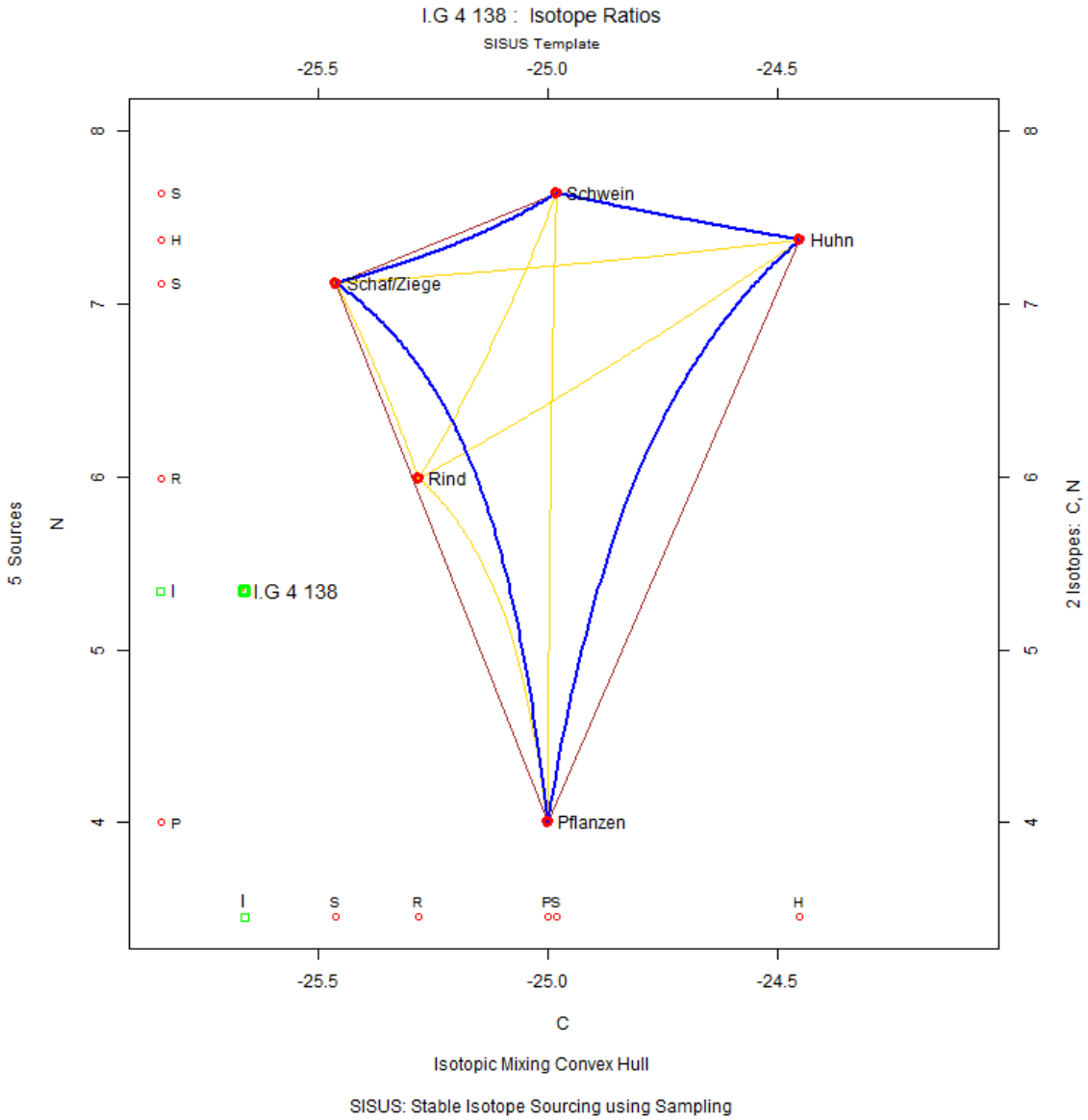


Abbildung 1392: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Großmehring (G) 4 138. Erstellt mit SISUS.

13.4 SISUS: Tabellen

Tabelle 38: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Großmehring (G). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
G1 7a	Huhn	0,0%	6,0%	3,8%	5,6%	16,3%	16,3%
	Pflanzen	0,0%	21,0%	13,8%	19,3%	50,5%	50,5%
	Rind	0,0%	31,5%	15,2%	33,4%	57,1%	57,1%
	Schaf/Ziege	8,8%	29,1%	7,6%	29,7%	45,1%	36,3%
	Schwein	0,0%	12,4%	8,0%	11,5%	34,1%	34,1%
G1 8*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G1 78*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 17*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 20*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 22	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 26*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 28	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 114/I	Huhn	31,2%	33,1%	0,9%	33,0%	35,6%	4,4%
	Pflanzen	0,0%	1,3%	0,9%	1,2%	3,9%	3,9%
	Rind	0,0%	0,7%	0,5%	0,6%	2,2%	2,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,7%	1,2%	1,5%	5,2%	5,2%
	Schwein	0,0%	63,1%	1,4%	63,4%	65,3%	6,0%

G2 118	Huhn	0,0%	2,8%	1,6%	2,7%	6,7%	6,7%
	Pflanzen	60,7%	72,2%	4,9%	72,1%	81,3%	20,6%
	Rind	0,0%	14,2%	7,8%	14,2%	32,6%	32,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,1%	3,9%	5,8%	15,3%	15,3%
	Schwein	0,0%	4,8%	3,0%	4,7%	12,2%	12,2%
G2 120/I	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 121*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 133/I	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G2 133/II	Huhn	0,0%	5,6%	3,5%	5,3%	13,3%	13,3%
	Pflanzen	0,0%	6,4%	4,0%	6,1%	16,2%	16,2%
	Rind	0,0%	5,9%	3,5%	5,8%	14,5%	14,5%
	Schaf/Ziege	58,8%	69,6%	5,1%	69,3%	79,0%	20,2%
	Schwein	0,0%	12,5%	6,7%	12,9%	26,7%	26,7%
G2 156	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 24/III	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 36*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 37	Huhn	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,1%	7,1%
	Pflanzen	0,0%	11,6%	8,1%	10,3%	31,5%	31,5%
	Rind	0,0%	19,0%	7,8%	20,2%	31,5%	31,5%
	Schaf/Ziege	54,0%	62,2%	2,9%	62,6%	68,0%	14,0%
	Schwein	0,0%	4,9%	3,3%	4,3%	14,5%	14,5%
G3 38	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 43	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

G3 47	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 53	Huhn	0,0%	0,8%	0,6%	0,7%	2,6%	2,6%
	Pflanzen	0,0%	5,5%	3,9%	4,9%	16,5%	16,5%
	Rind	58,2%	72,0%	4,9%	72,8%	79,1%	21,0%
	Schaf/Ziege	15,4%	19,8%	2,1%	19,6%	25,4%	9,9%
	Schwein	0,0%	1,8%	1,3%	1,6%	5,5%	5,5%
G3 54	Huhn	21,8%	26,0%	2,1%	25,8%	31,6%	9,8%
	Pflanzen	0,0%	2,8%	2,0%	2,5%	8,5%	8,5%
	Rind	0,0%	1,6%	1,2%	1,4%	4,9%	4,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,9%	2,8%	3,4%	11,7%	11,7%
	Schwein	56,6%	65,6%	3,2%	66,1%	70,4%	13,8%
G3 55ZIG	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 57	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 64	Huhn	0,0%	8,9%	5,2%	8,6%	21,9%	21,9%
	Pflanzen	0,0%	37,1%	15,2%	38,3%	63,5%	63,5%
	Rind	0,0%	31,9%	18,6%	30,7%	76,9%	76,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,8%	7,0%	10,1%	28,8%	28,8%
	Schwein	0,0%	11,3%	7,3%	10,5%	29,8%	29,8%
G3 66	Huhn	0,0%	0,2%	0,1%	0,1%	0,5%	0,5%
	Pflanzen	0,0%	0,1%	0,1%	0,1%	0,3%	0,3%
	Rind	0,0%	0,1%	0,1%	0,1%	0,3%	0,3%
	Schaf/Ziege	76,1%	76,3%	0,2%	76,3%	76,8%	0,7%
	Schwein	22,7%	23,3%	0,2%	23,4%	23,7%	0,9%
G3 92	Huhn	0,0%	0,6%	0,5%	0,6%	1,9%	1,9%
	Pflanzen	0,0%	0,7%	0,5%	0,6%	2,0%	2,0%
	Rind	0,0%	0,5%	0,3%	0,4%	1,4%	1,4%
	Schaf/Ziege	5,7%	7,1%	0,7%	7,0%	9,0%	3,3%
	Schwein	89,1%	91,1%	0,8%	91,2%	92,8%	3,7%
G3 95	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 99*	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G3 106	Huhn	12,5%	31,6%	7,4%	32,0%	47,6%	35,1%
	Pflanzen	0,0%	19,0%	10,8%	19,1%	42,1%	42,1%
	Rind	0,0%	15,0%	9,1%	14,7%	34,8%	34,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,6%	8,2%	13,2%	31,2%	31,2%
	Schwein	0,0%	20,8%	11,7%	21,0%	45,4%	45,4%

G3 109	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G4 3	Huhn	0,0%	19,8%	9,0%	19,7%	39,3%	39,3%
	Pflanzen	0,0%	18,1%	10,5%	18,0%	42,0%	42,0%
	Rind	0,0%	14,8%	8,7%	14,6%	35,2%	35,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,1%	11,1%	17,3%	41,2%	41,2%
	Schwein	0,0%	29,2%	15,6%	30,2%	58,0%	58,0%
G4 73	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
G4 75	Huhn	31,1%	33,9%	1,3%	33,7%	37,5%	6,5%
	Pflanzen	0,0%	1,9%	1,3%	1,6%	5,6%	5,6%
	Rind	0,0%	1,1%	0,8%	0,9%	3,2%	3,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,5%	1,8%	2,2%	7,6%	7,6%
	Schwein	54,9%	60,7%	2,0%	61,0%	63,8%	8,8%
G4 91	Huhn	0,0%	2,8%	2,0%	2,5%	8,3%	8,3%
	Pflanzen	6,9%	28,7%	10,7%	27,3%	57,8%	51,0%
	Rind	16,0%	55,4%	14,5%	57,5%	84,8%	68,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,7%	6,2%	7,7%	26,1%	26,1%
	Schwein	0,0%	4,3%	3,1%	3,8%	13,0%	13,0%
G4 138	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

14 Deutschland (Frühmittelalter) – Kelheim

14.1 MixSIAR: Abbildungen

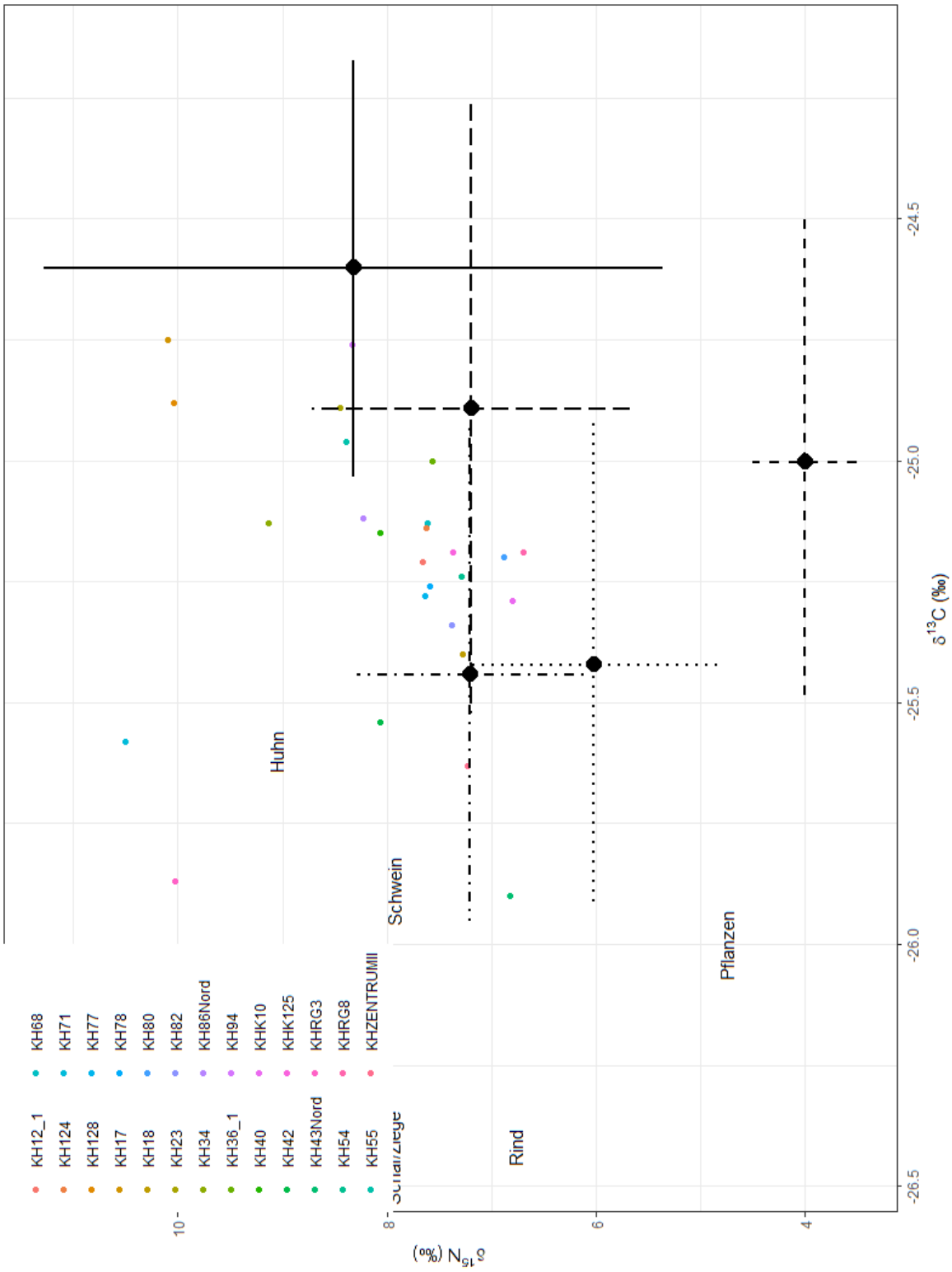


Abbildung 1393: Isospace Plot der Individuen aus Kelheim. Erstellt mit MixSIAR.

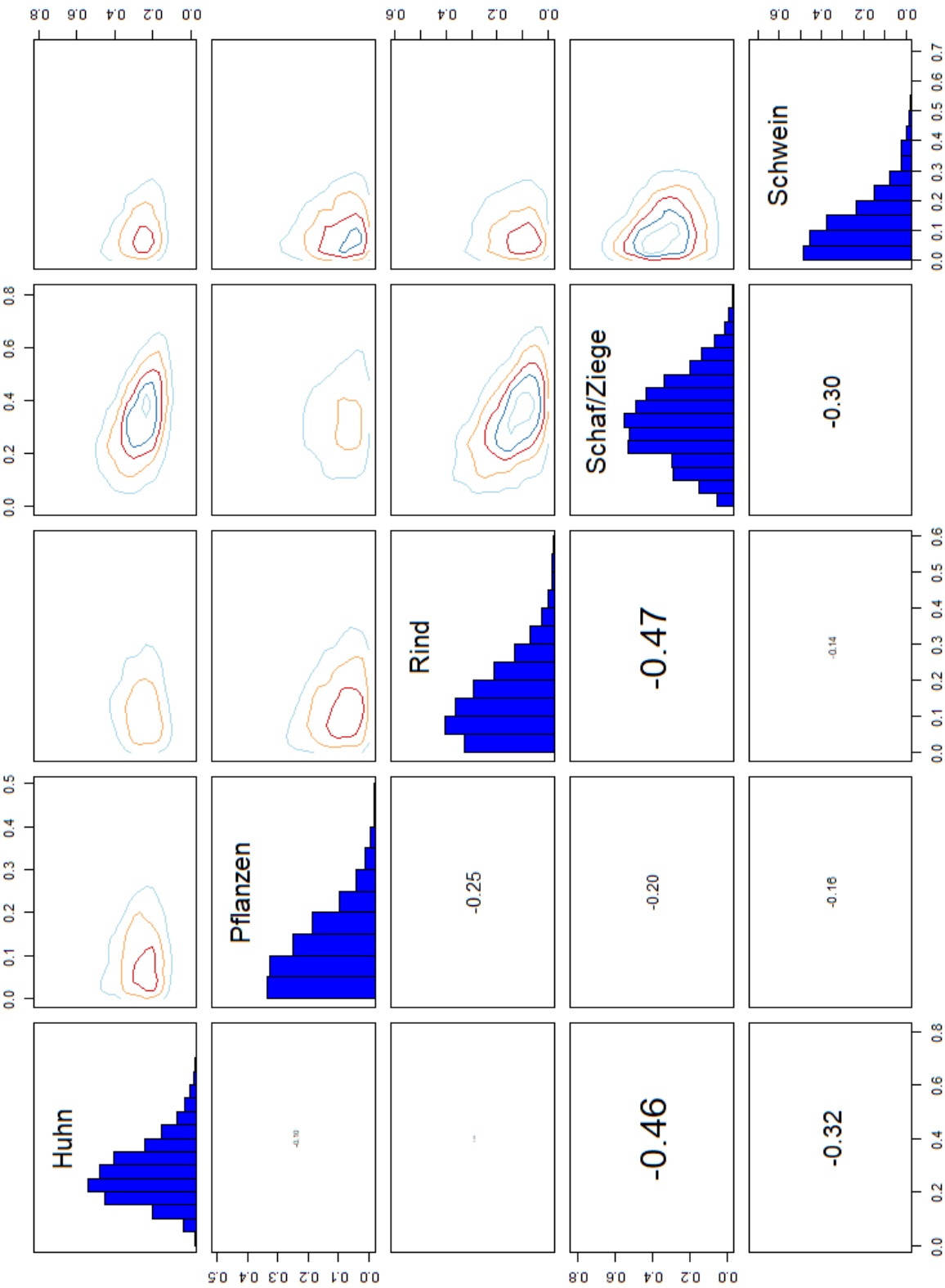


Abbildung 1394: Pairs Plot der Population aus Kelheim. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

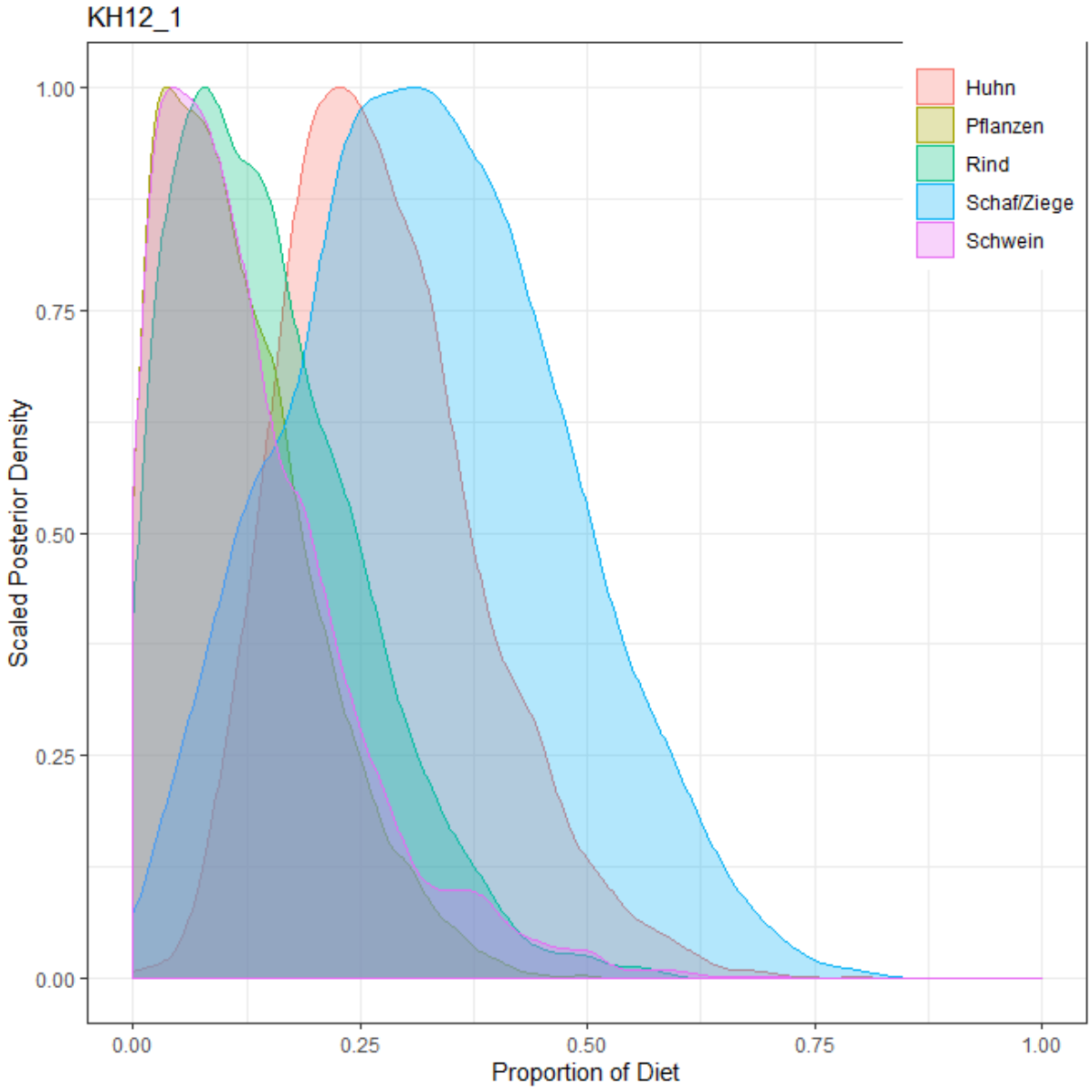


Abbildung 1395: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 12 1. Erstellt mit MixSIAR.

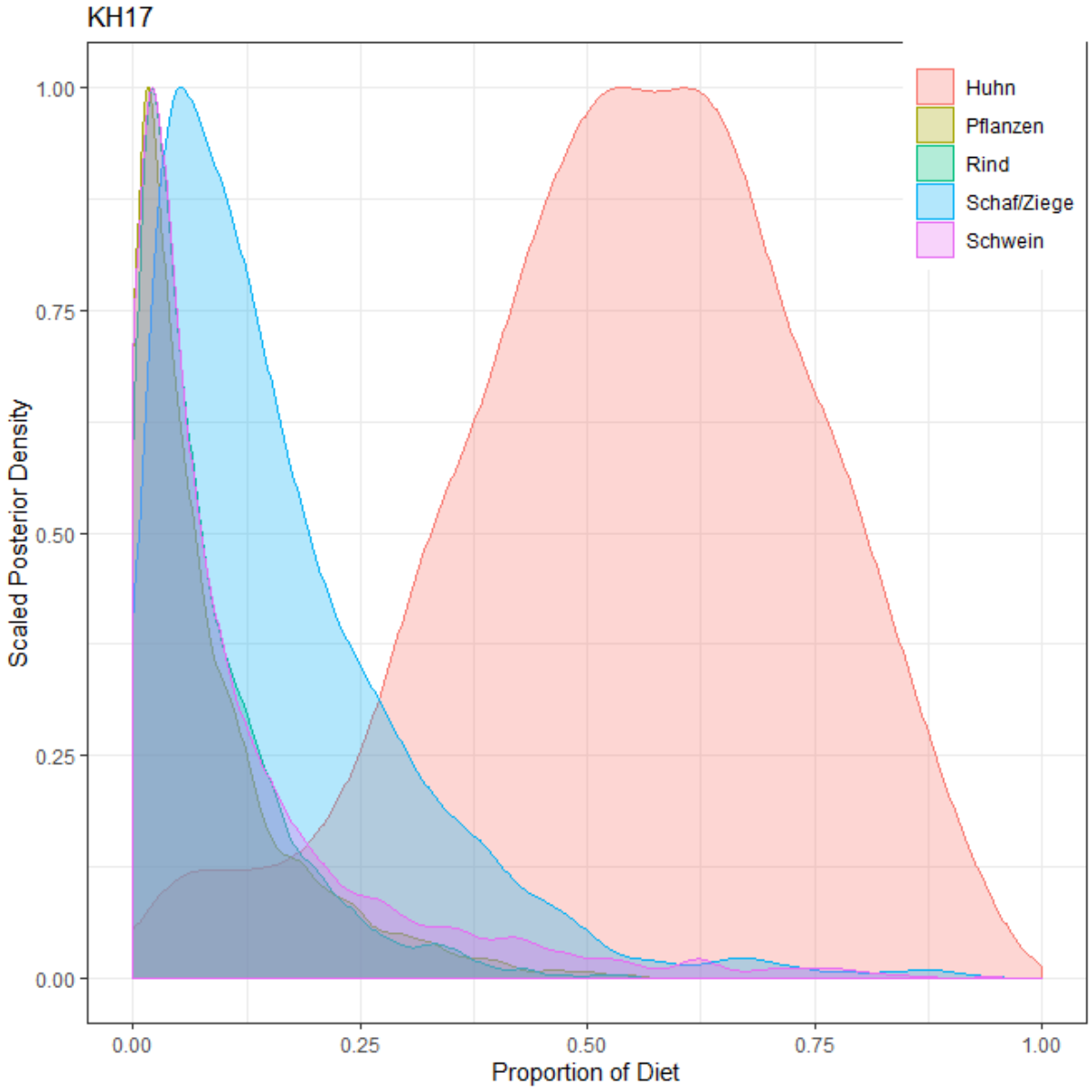


Abbildung 1396: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 17. Erstellt mit MixSIAR.

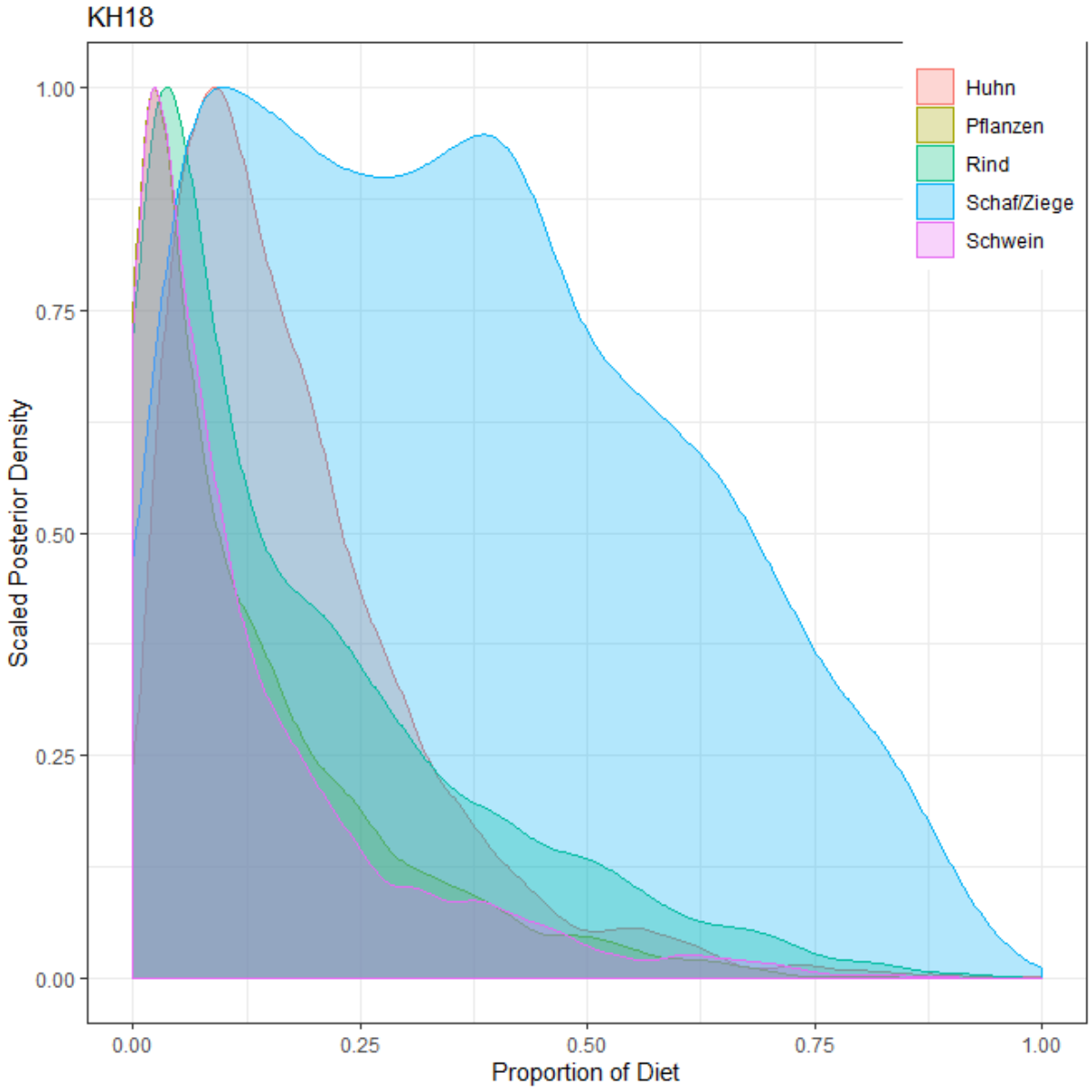


Abbildung 1397: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 18. Erstellt mit MixSIAR.

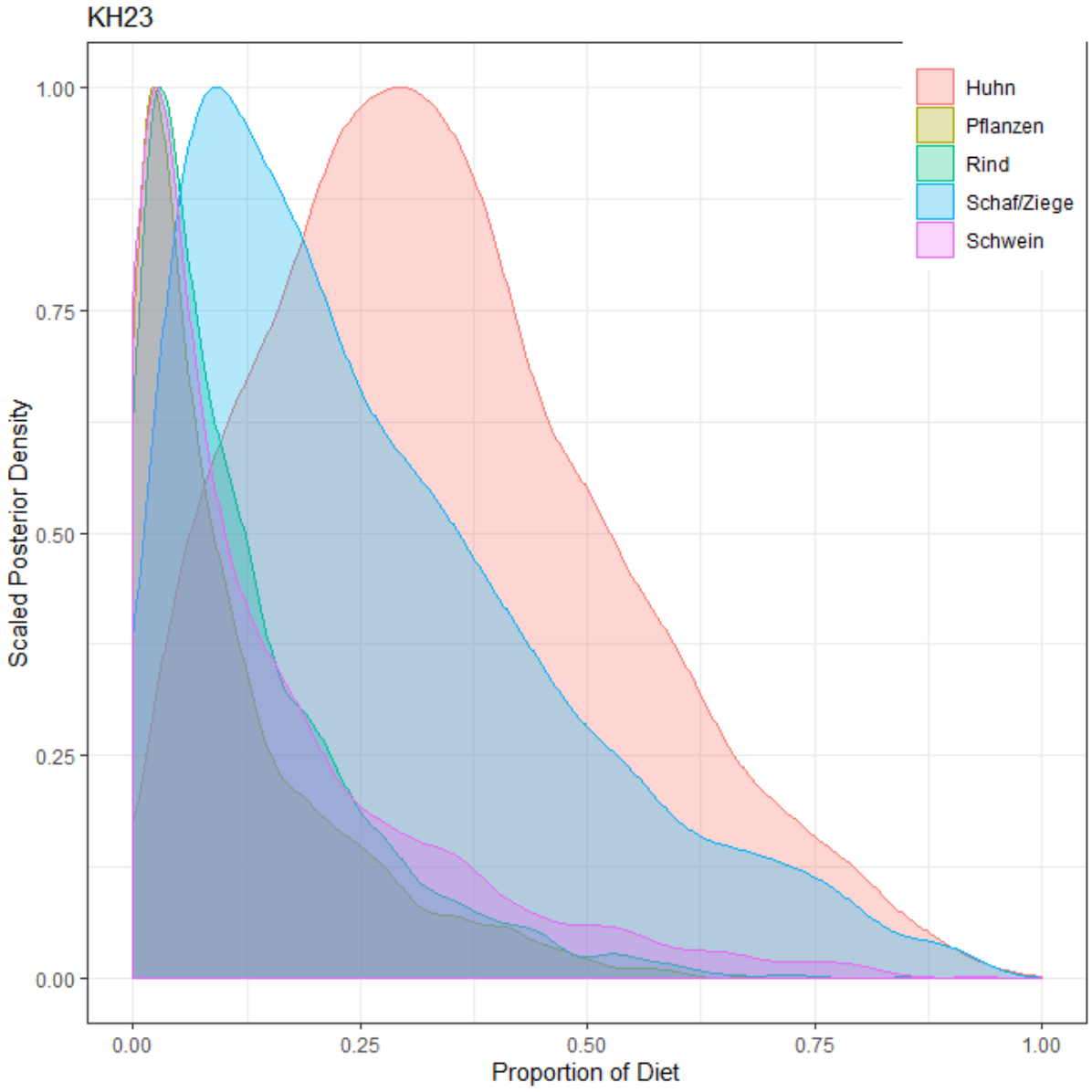


Abbildung 1398: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 23. Erstellt mit MixSIAR.

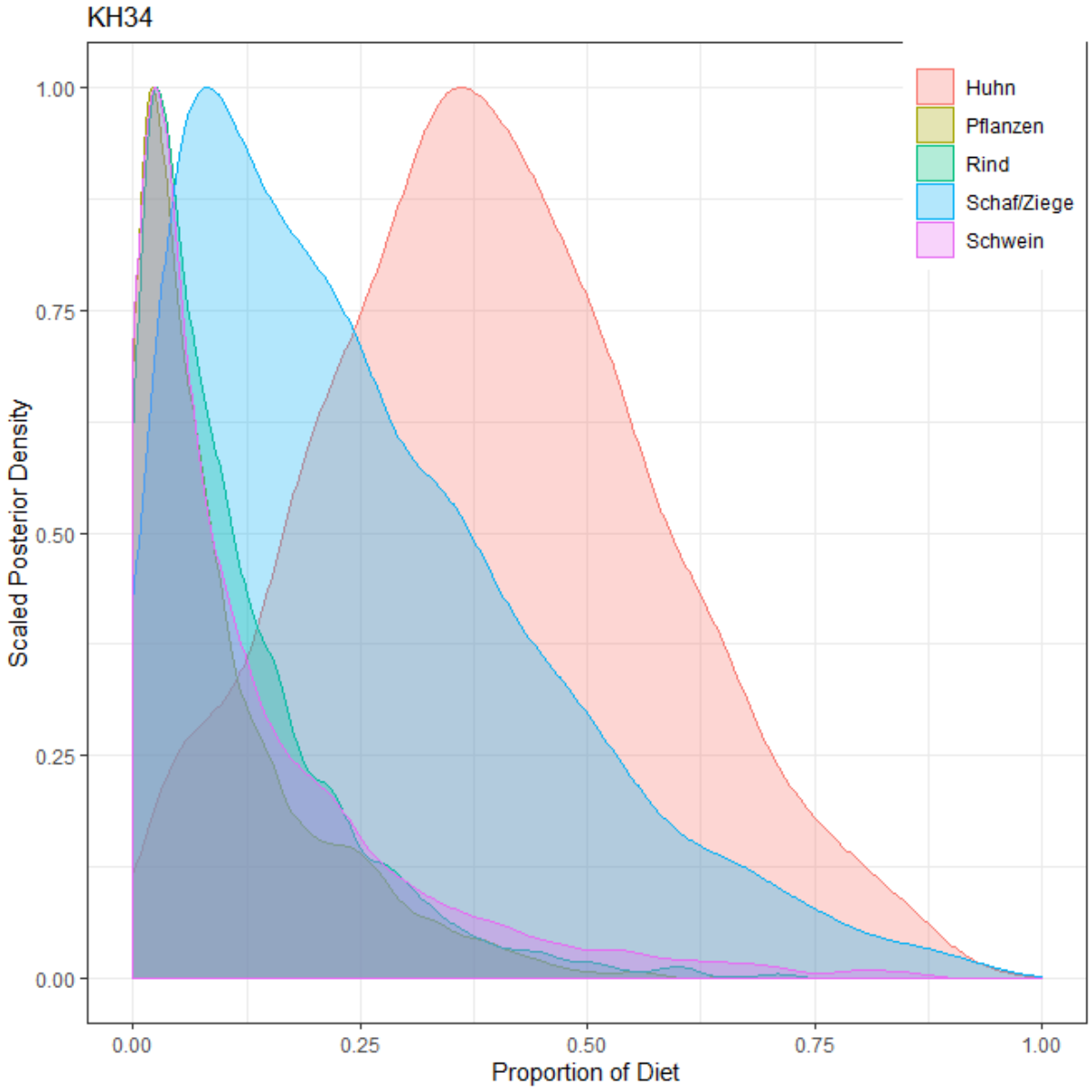


Abbildung 1399: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 34. Erstellt mit MixSIAR.

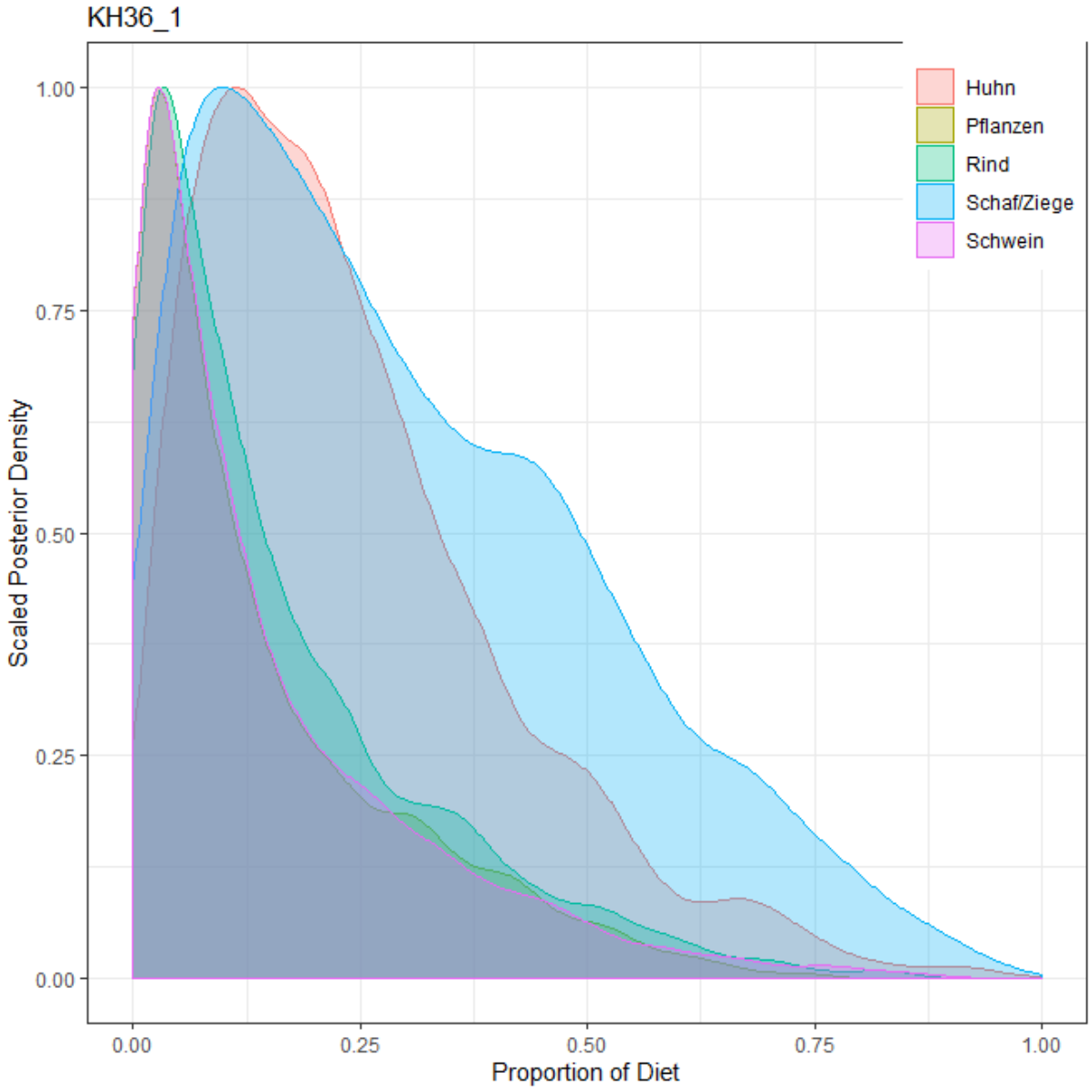


Abbildung 1400: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 36 1. Erstellt mit MixSIAR.

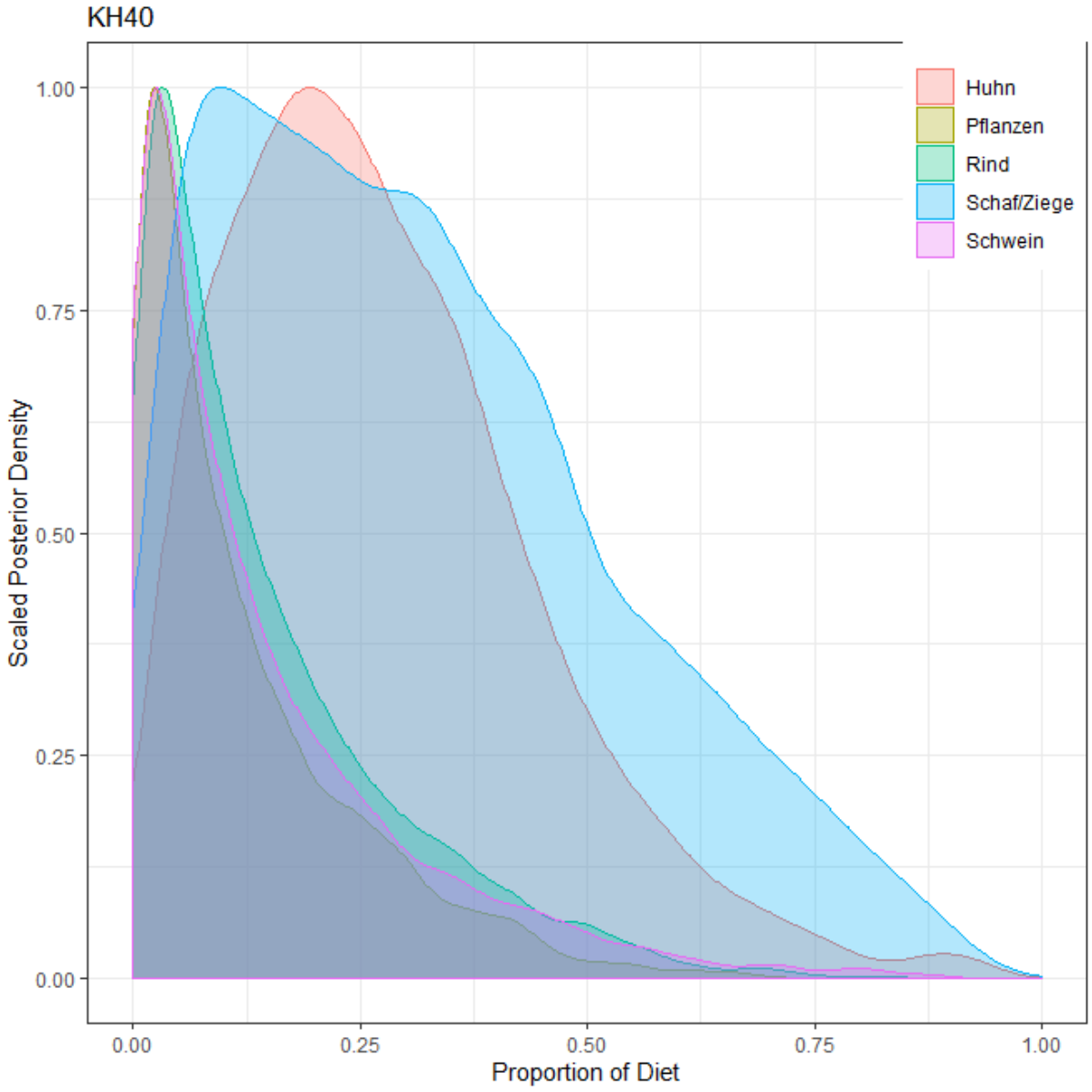


Abbildung 1401: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 40. Erstellt mit MixSIAR.

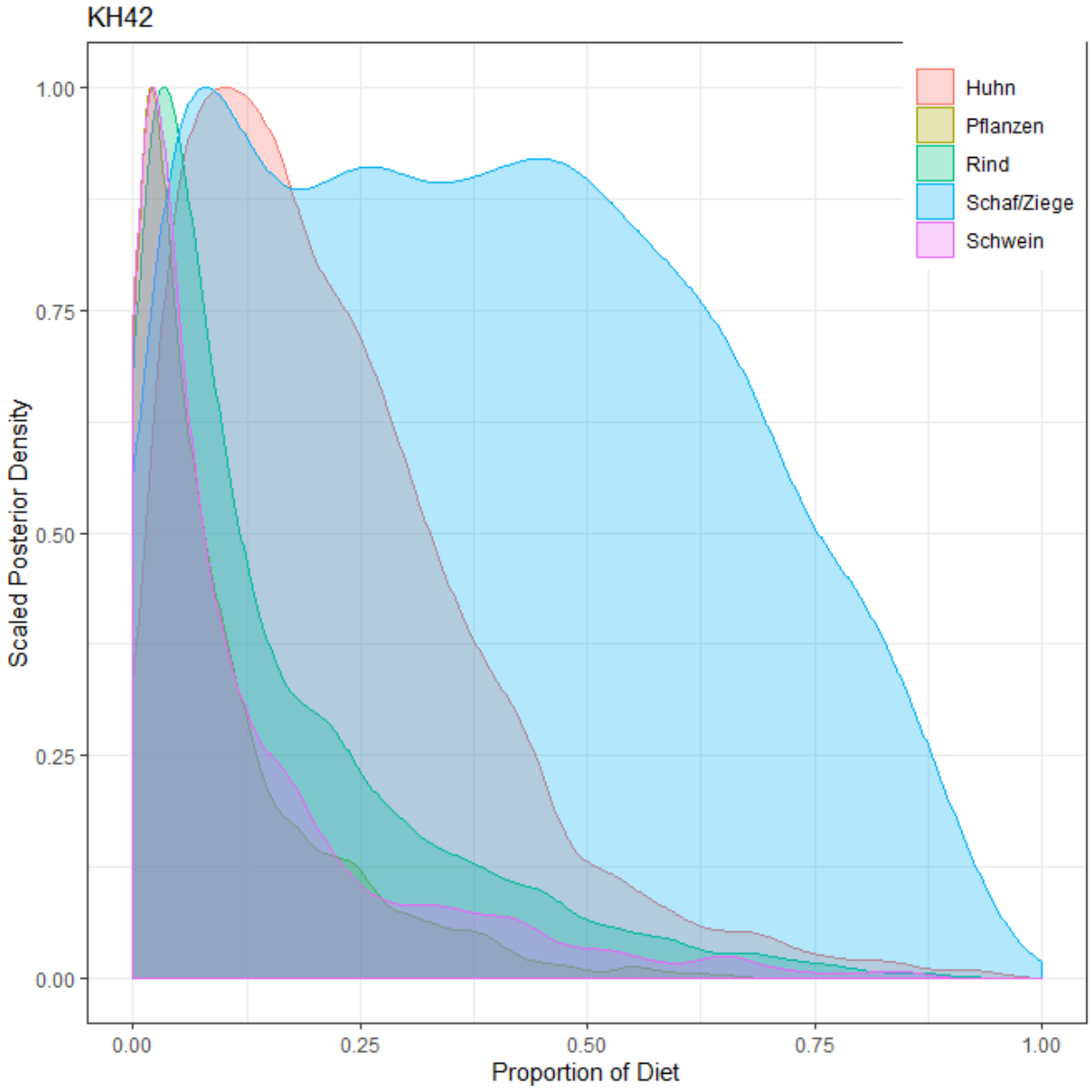


Abbildung 1402: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 42. Erstellt mit MixSIAR.

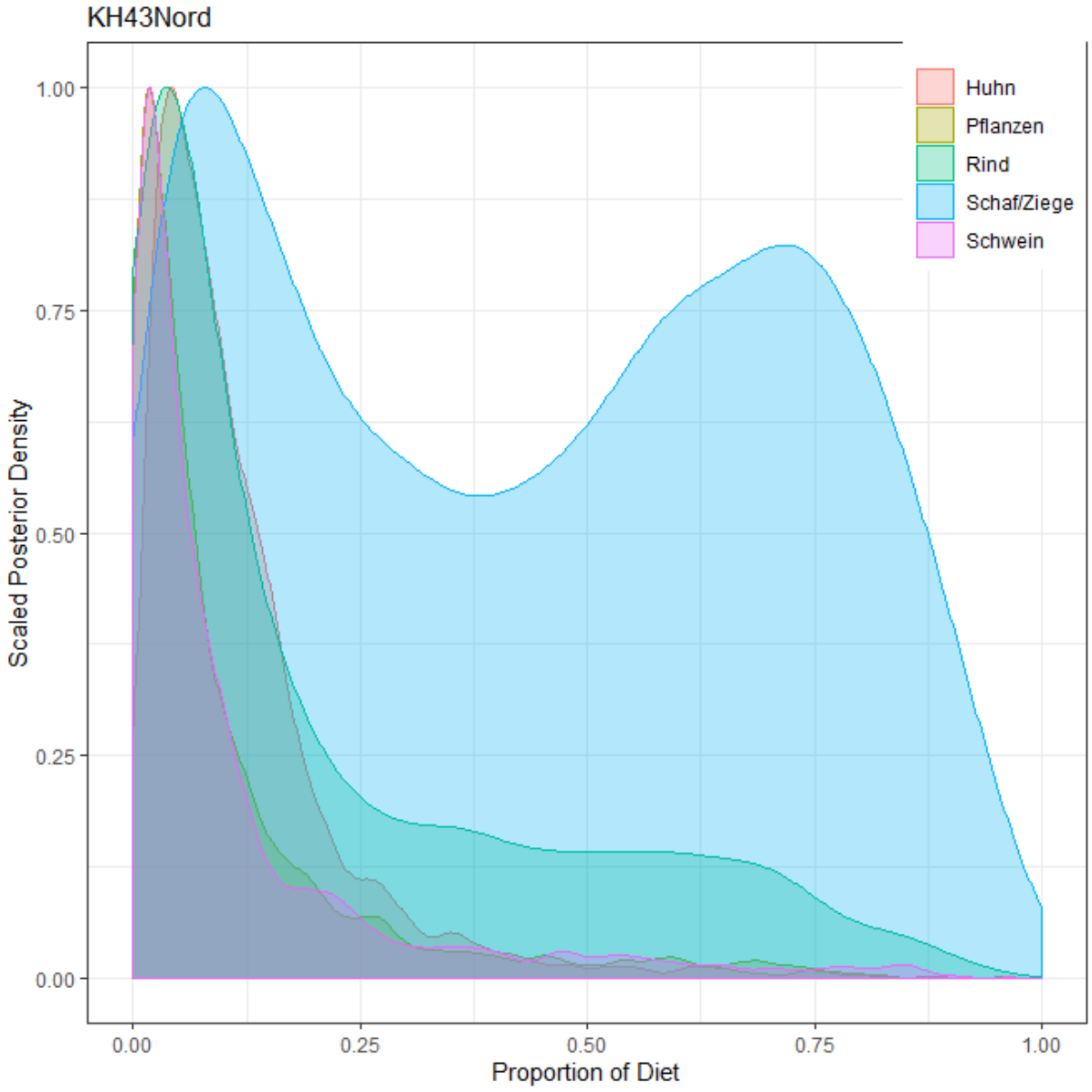


Abbildung 1403: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 43 Nord. Erstellt mit MixSIAR.

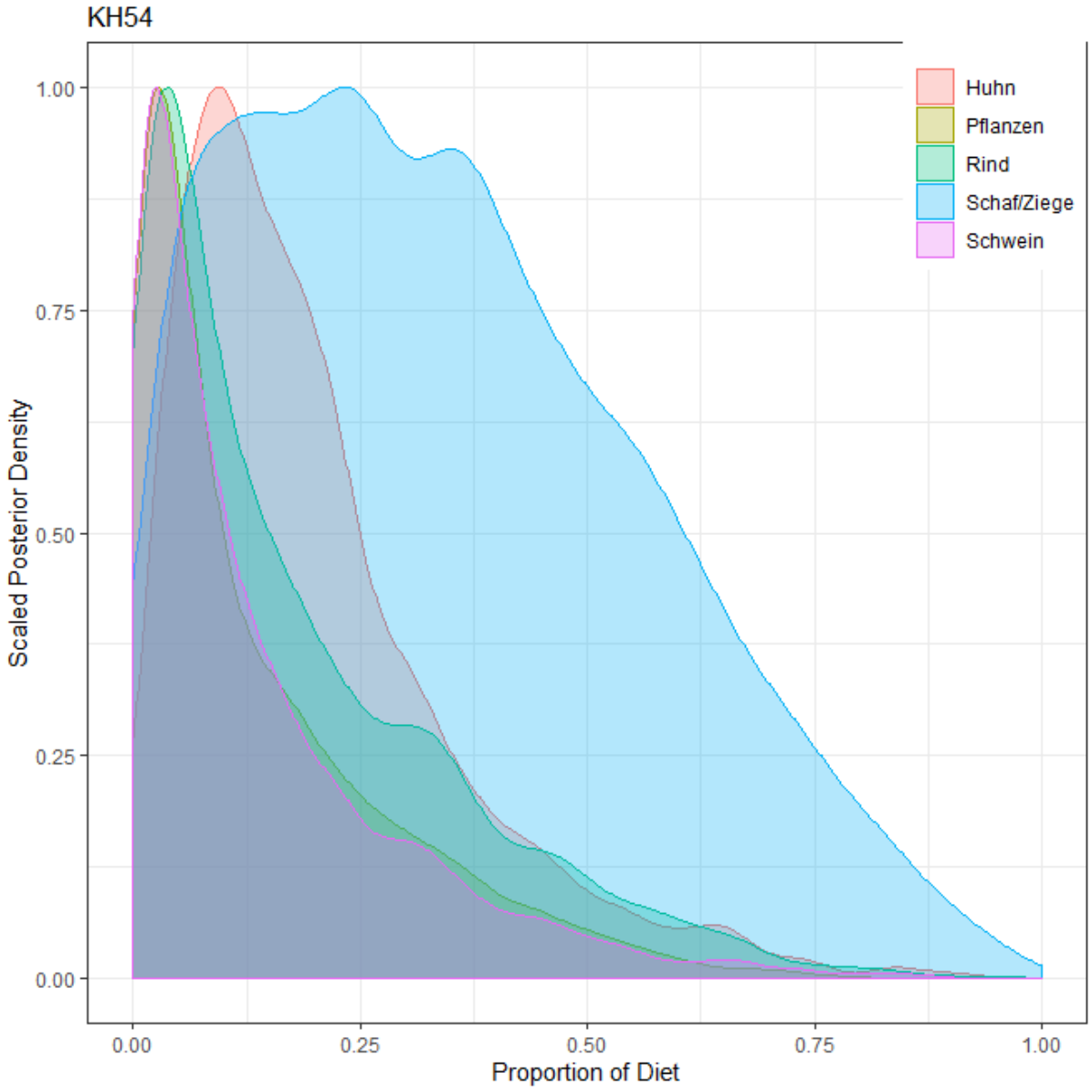


Abbildung 1404: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 54. Erstellt mit MixSIAR.

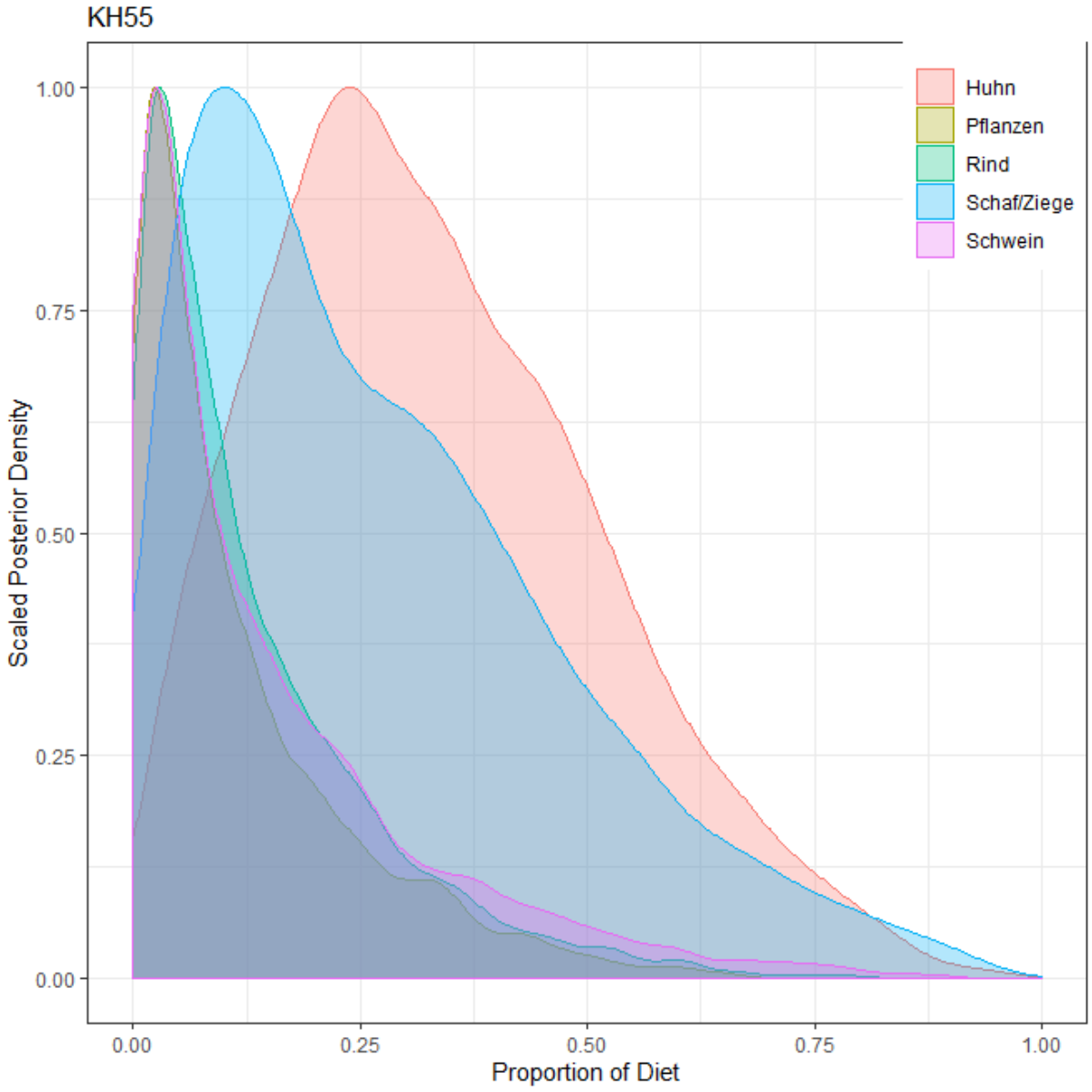


Abbildung 1405: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 55. Erstellt mit MixSIAR.

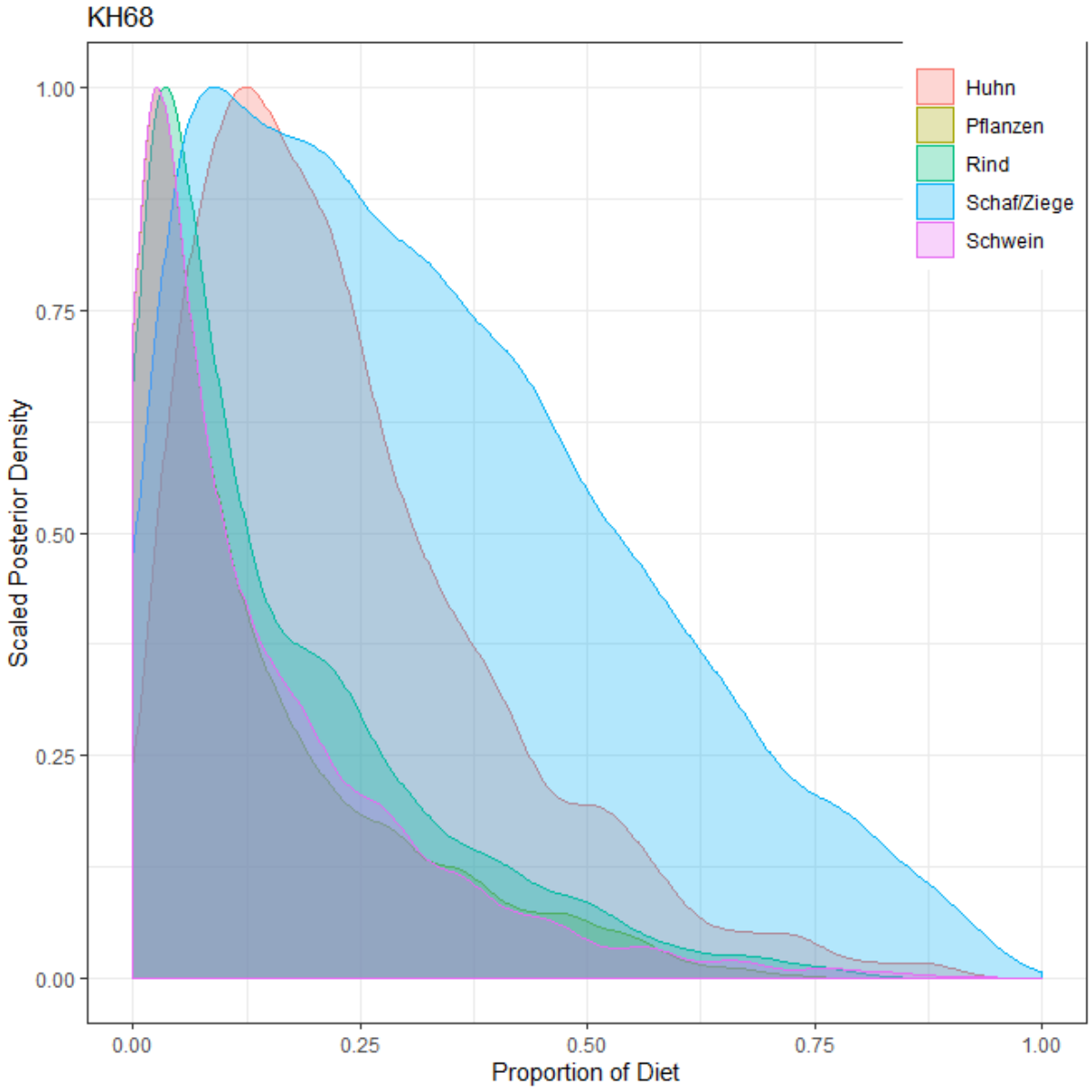


Abbildung 1406: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 68. Erstellt mit MixSIAR.

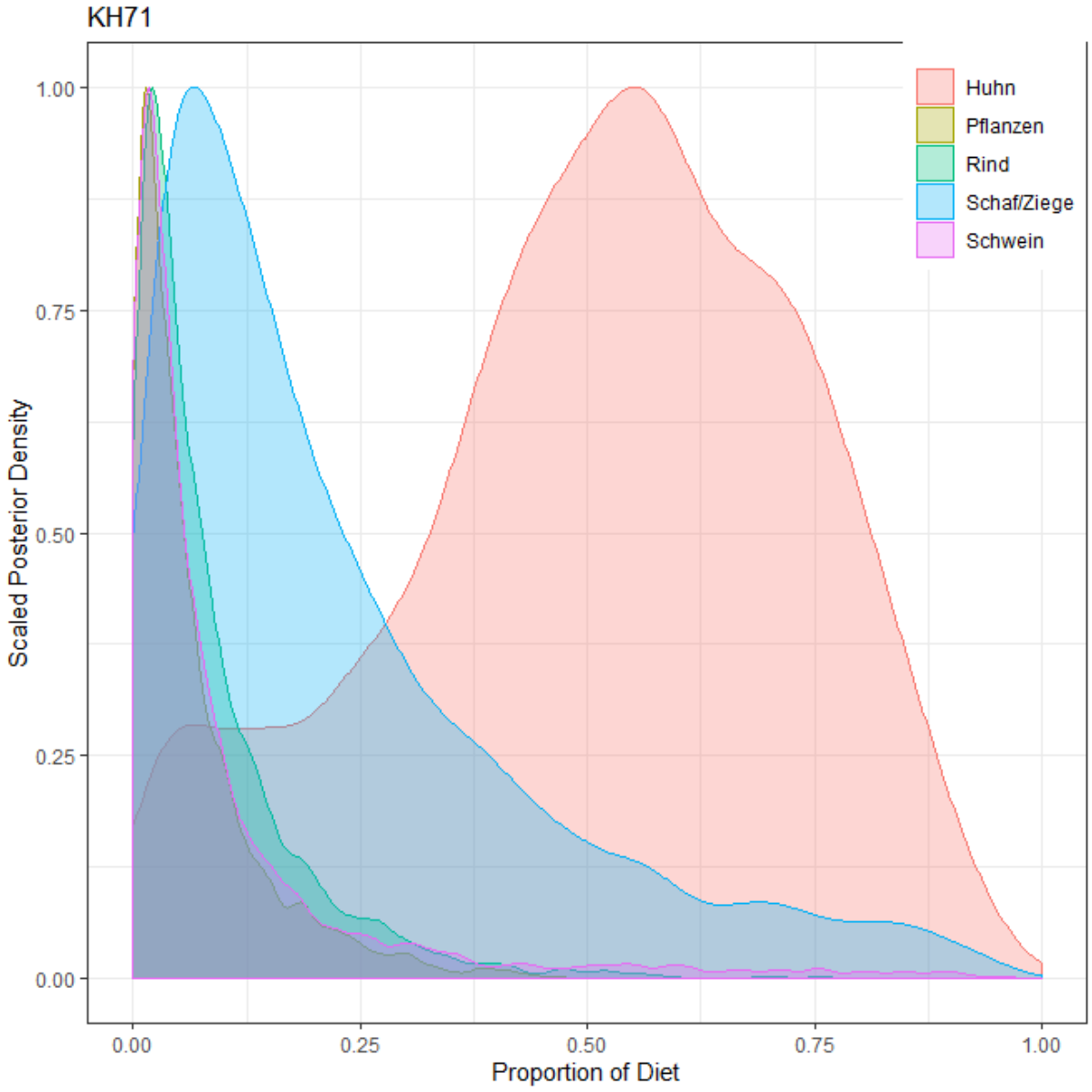


Abbildung 1407: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 71. Erstellt mit MixSIAR.

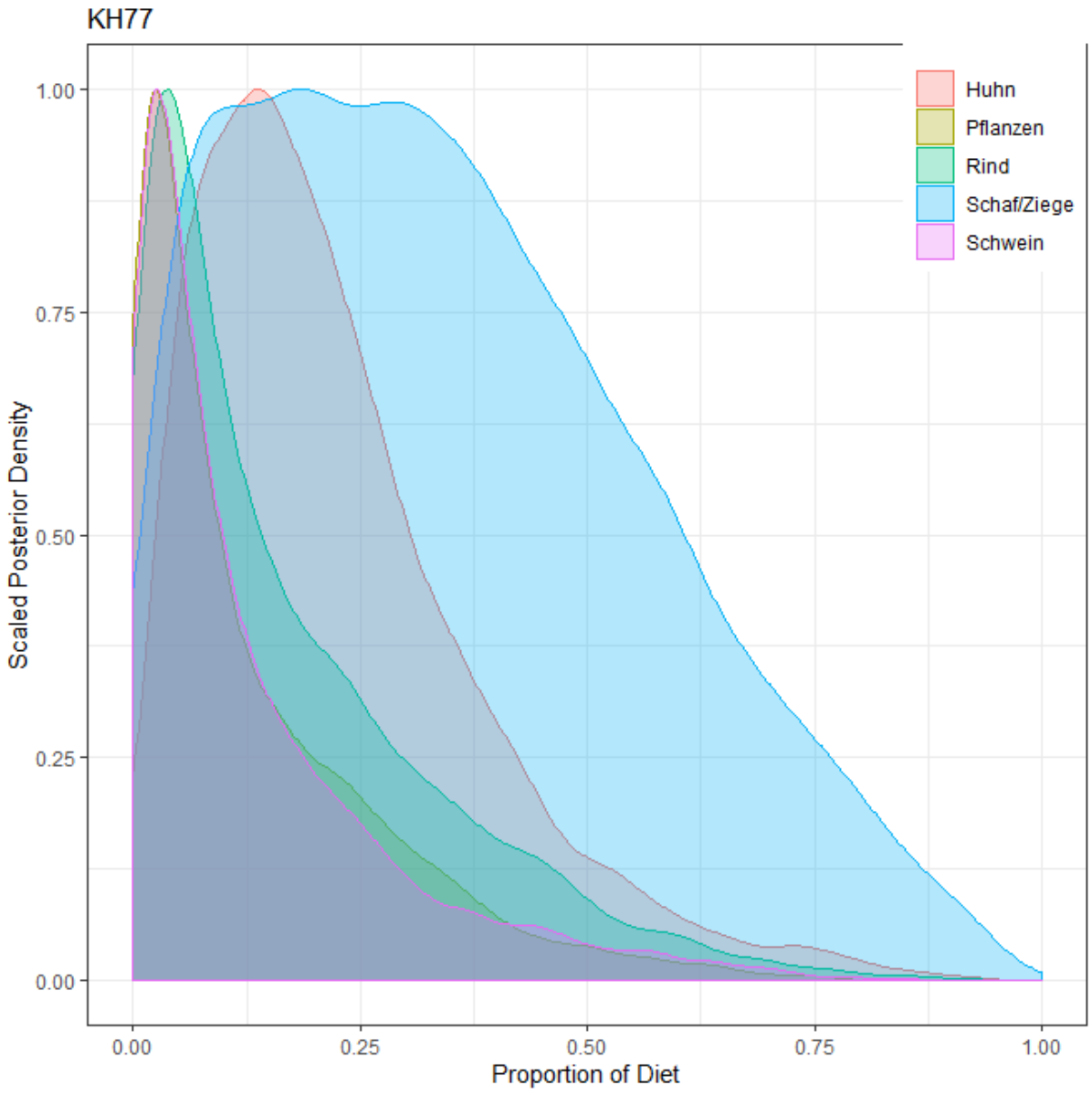


Abbildung 1408: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 77. Erstellt mit MixSIAR.

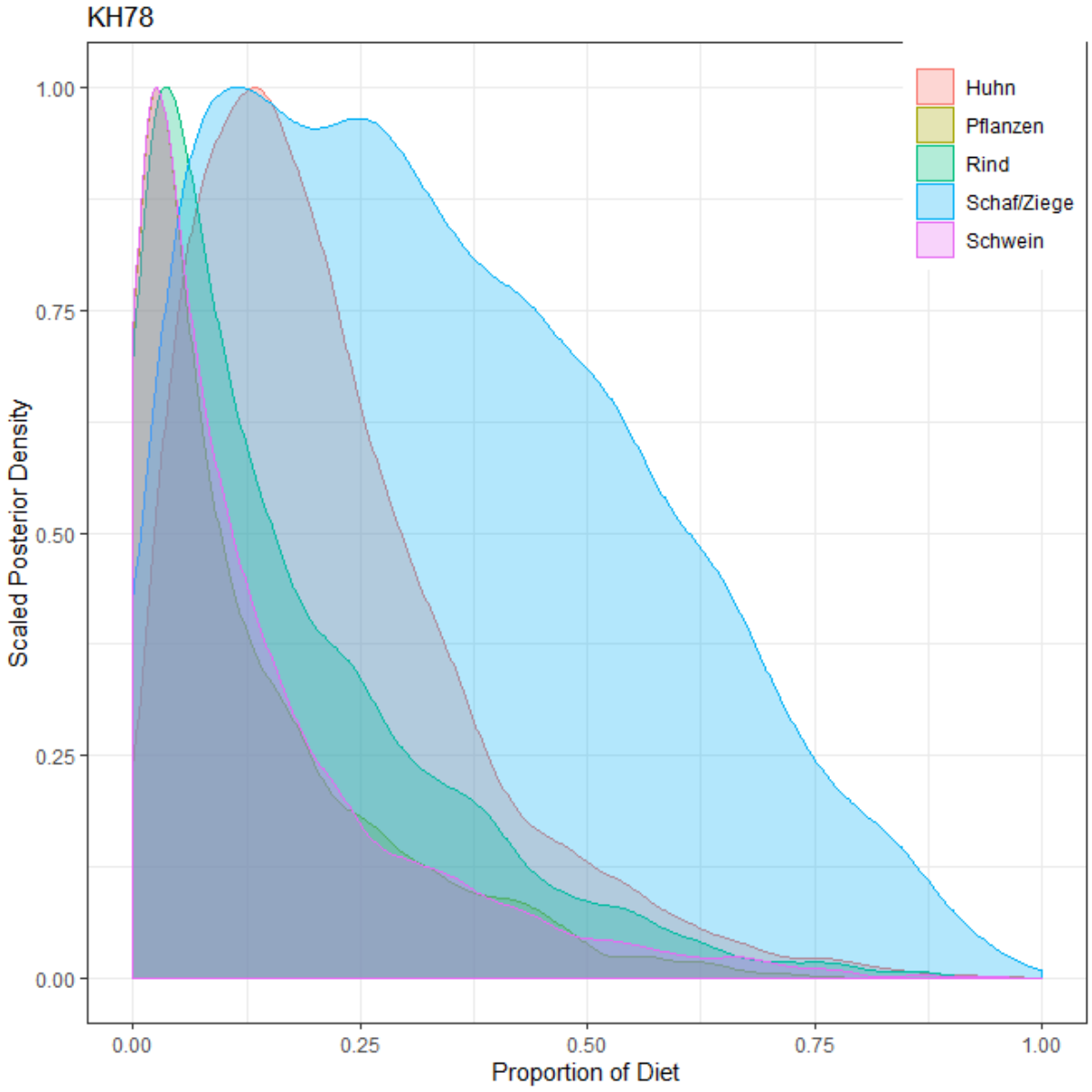


Abbildung 1409: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 78. Erstellt mit MixSIAR.

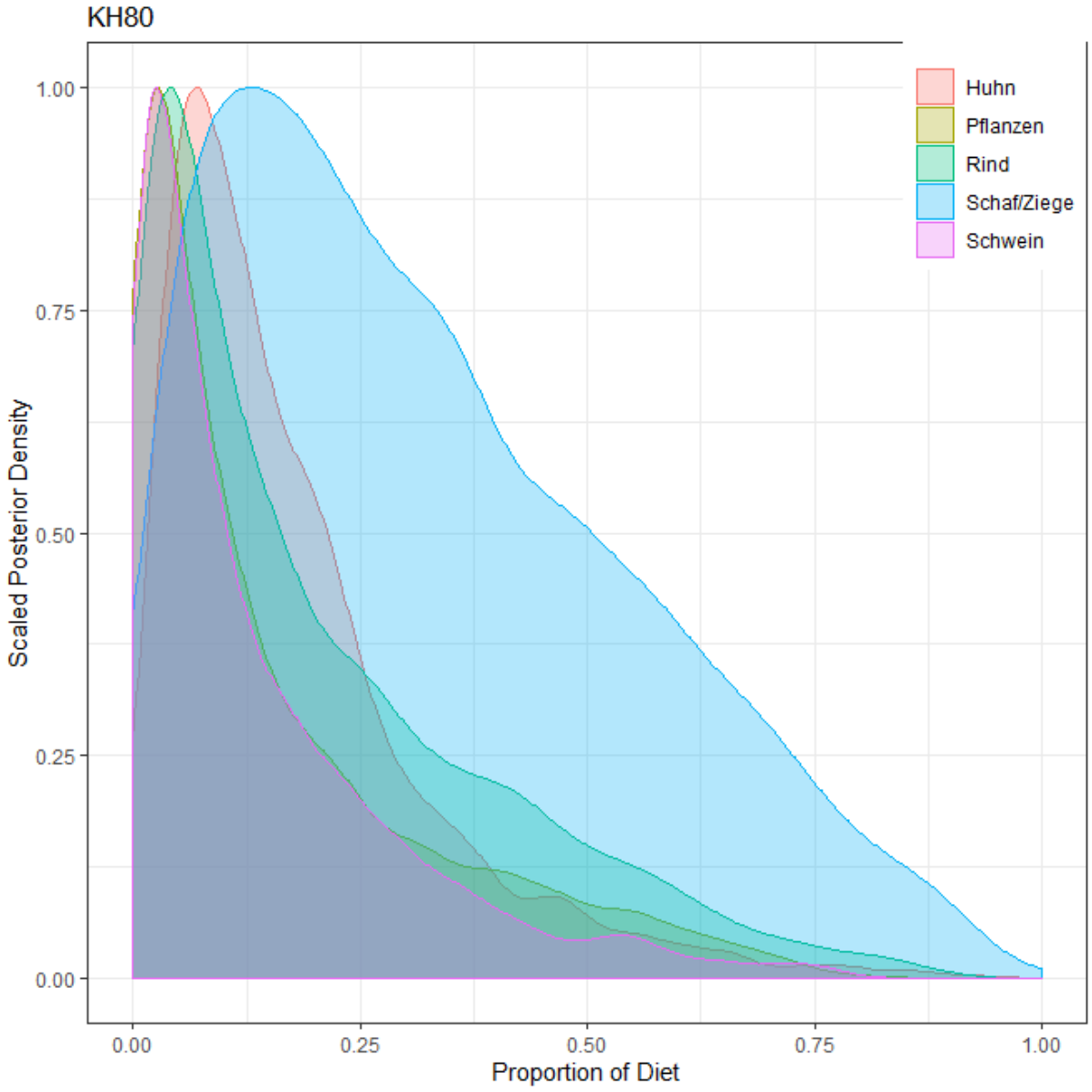


Abbildung 1410: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 80. Erstellt mit MixSIAR.

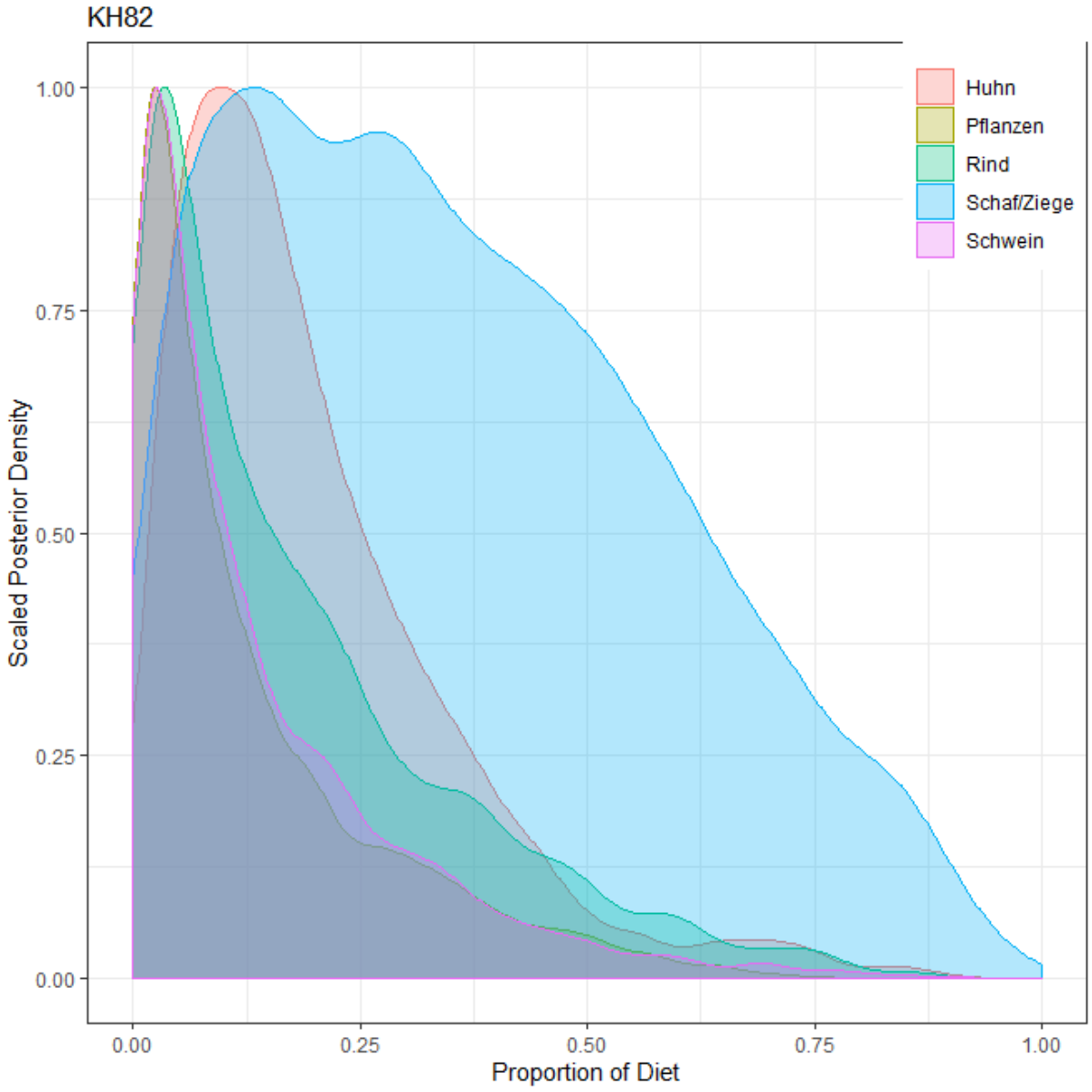


Abbildung 1411: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 82. Erstellt mit MixSIAR.

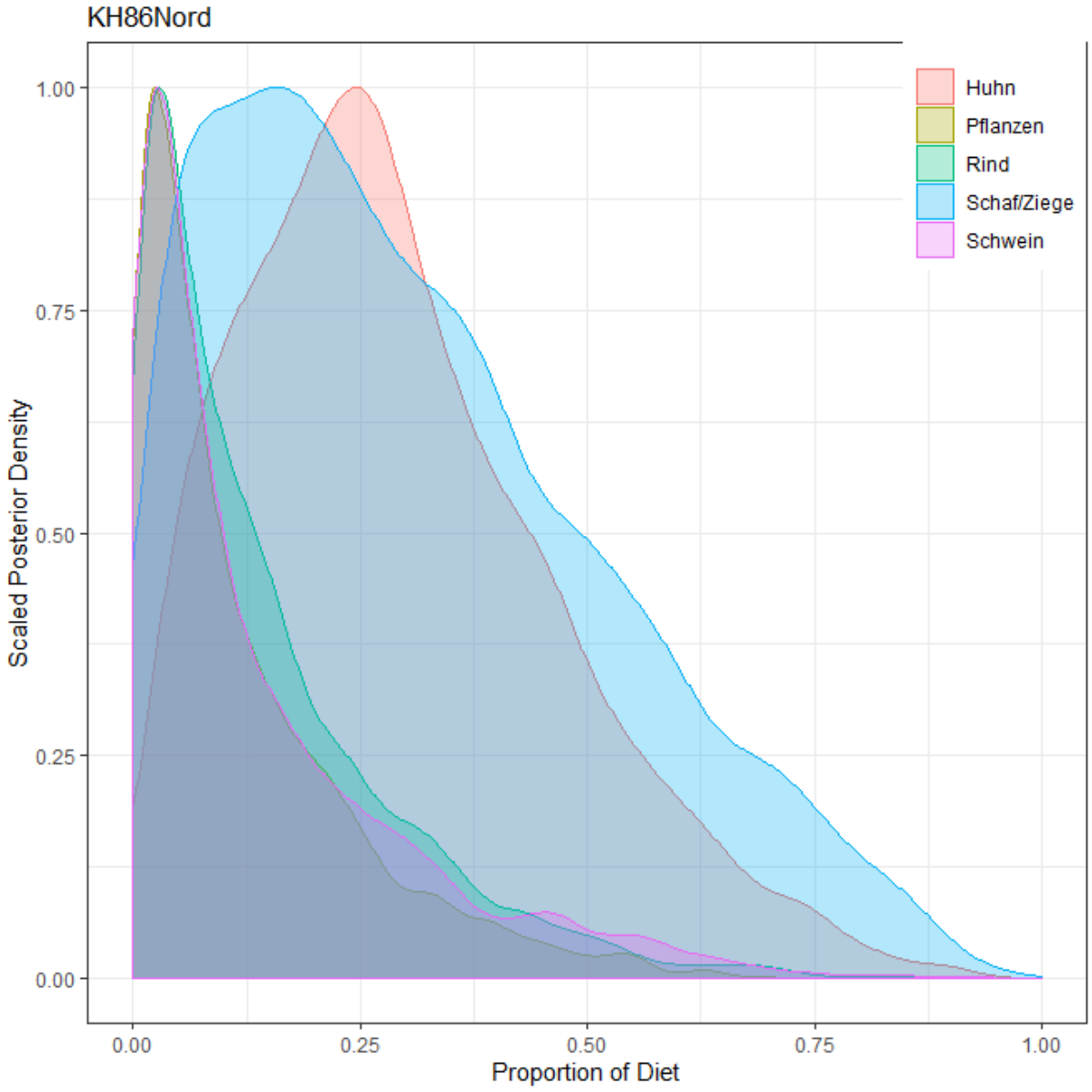


Abbildung 1412: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 86 Nord. Erstellt mit MixSIAR.

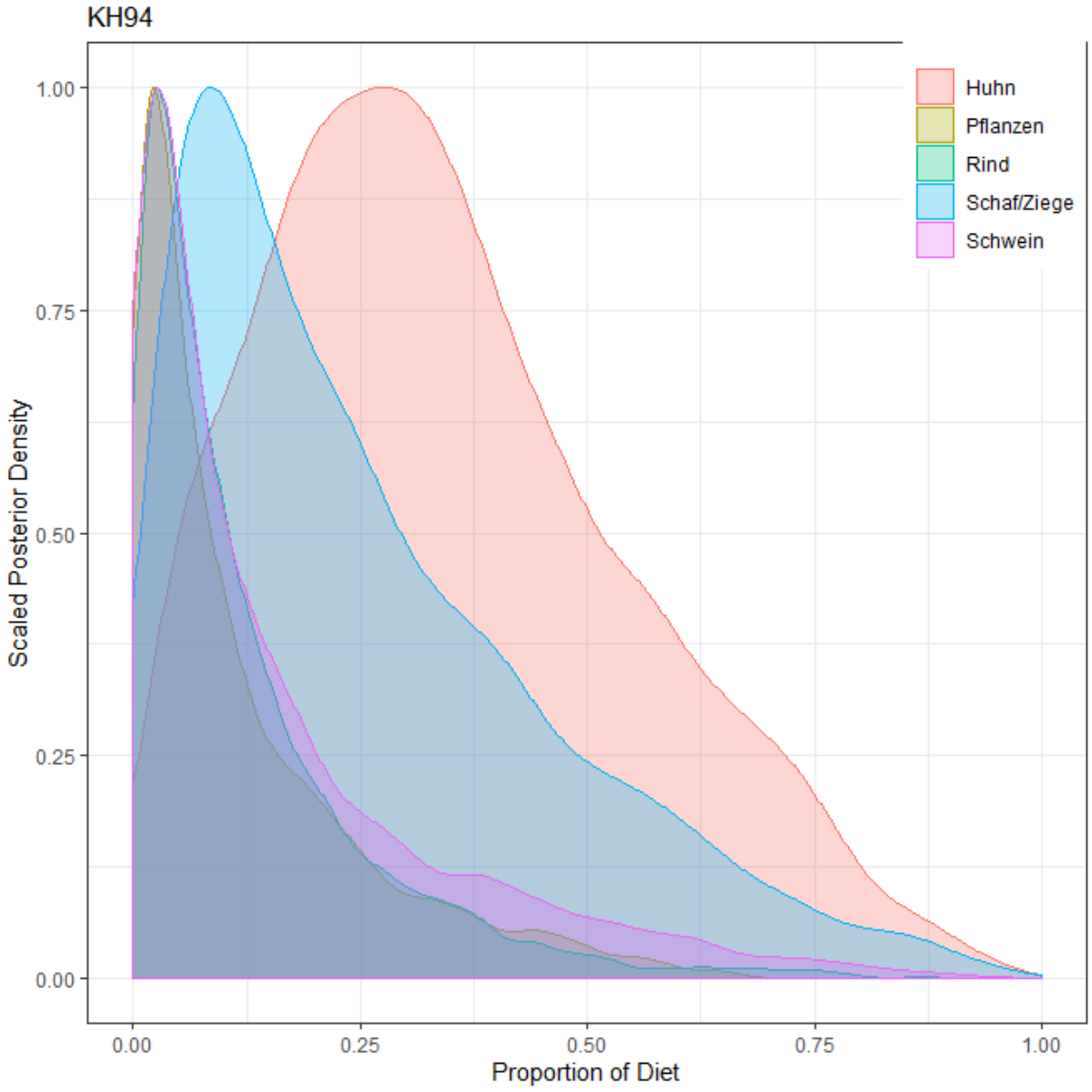


Abbildung 1413: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 94. Erstellt mit MixSIAR.

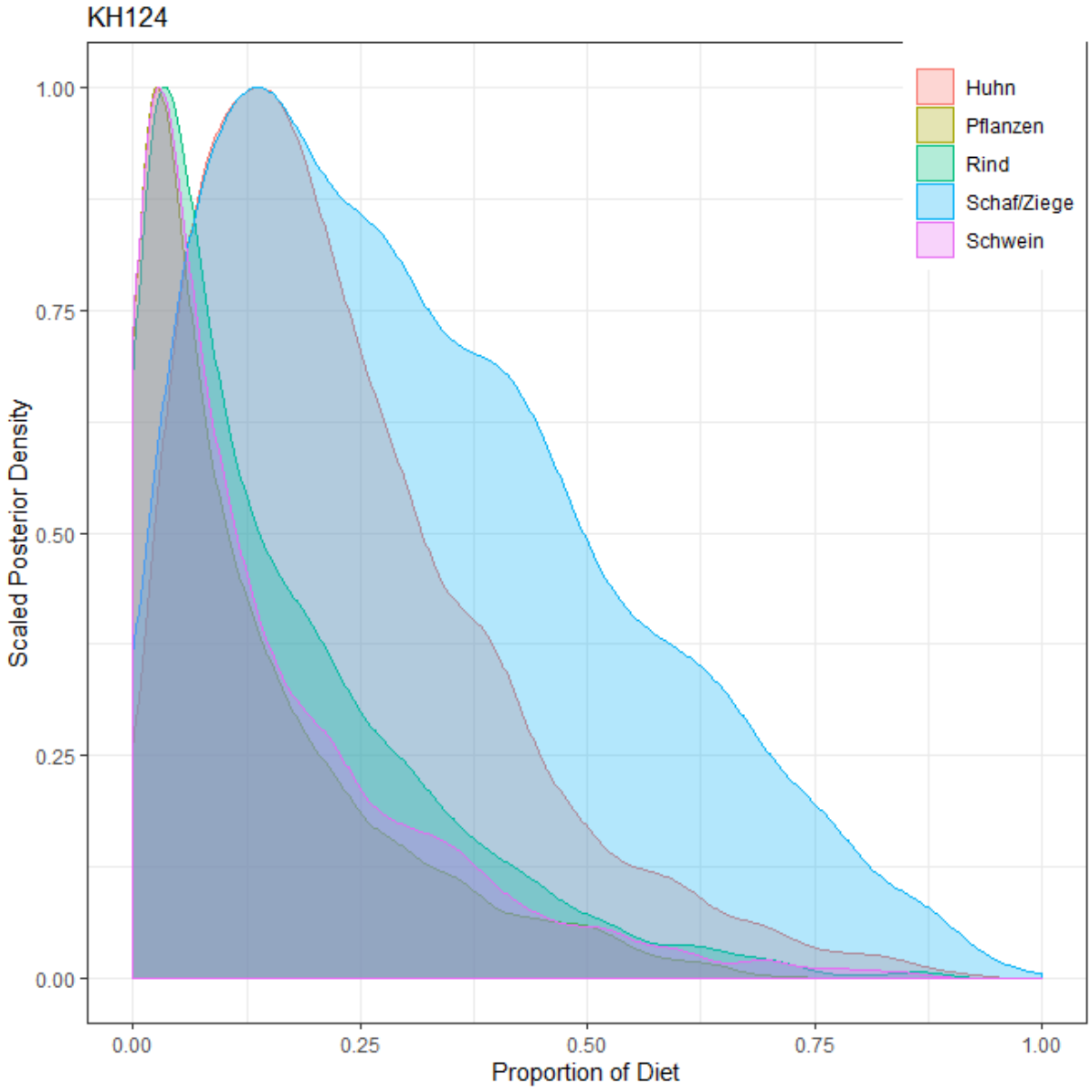


Abbildung 1414: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 124. Erstellt mit MixSIAR.

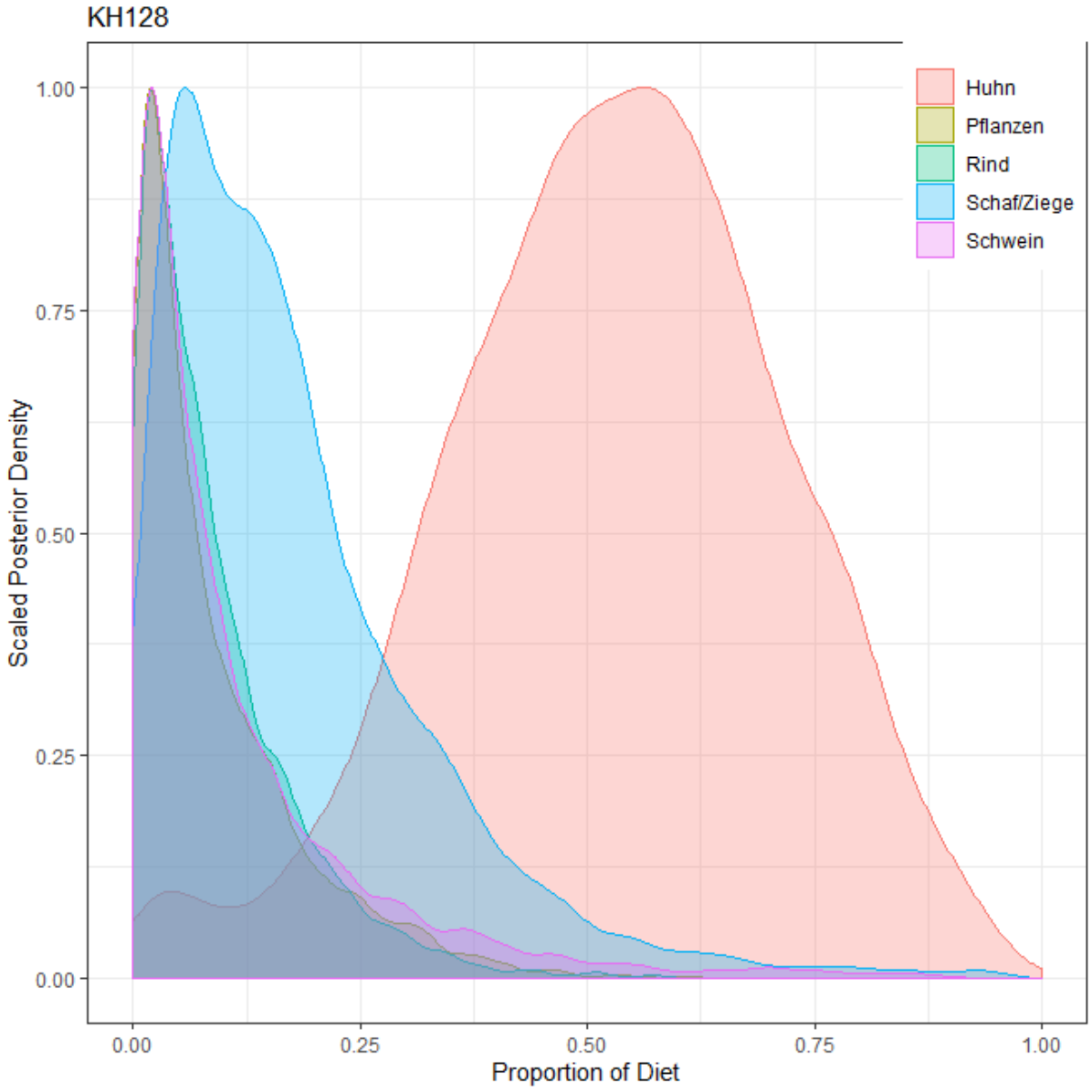


Abbildung 1415: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) 128. Erstellt mit MixSIAR.

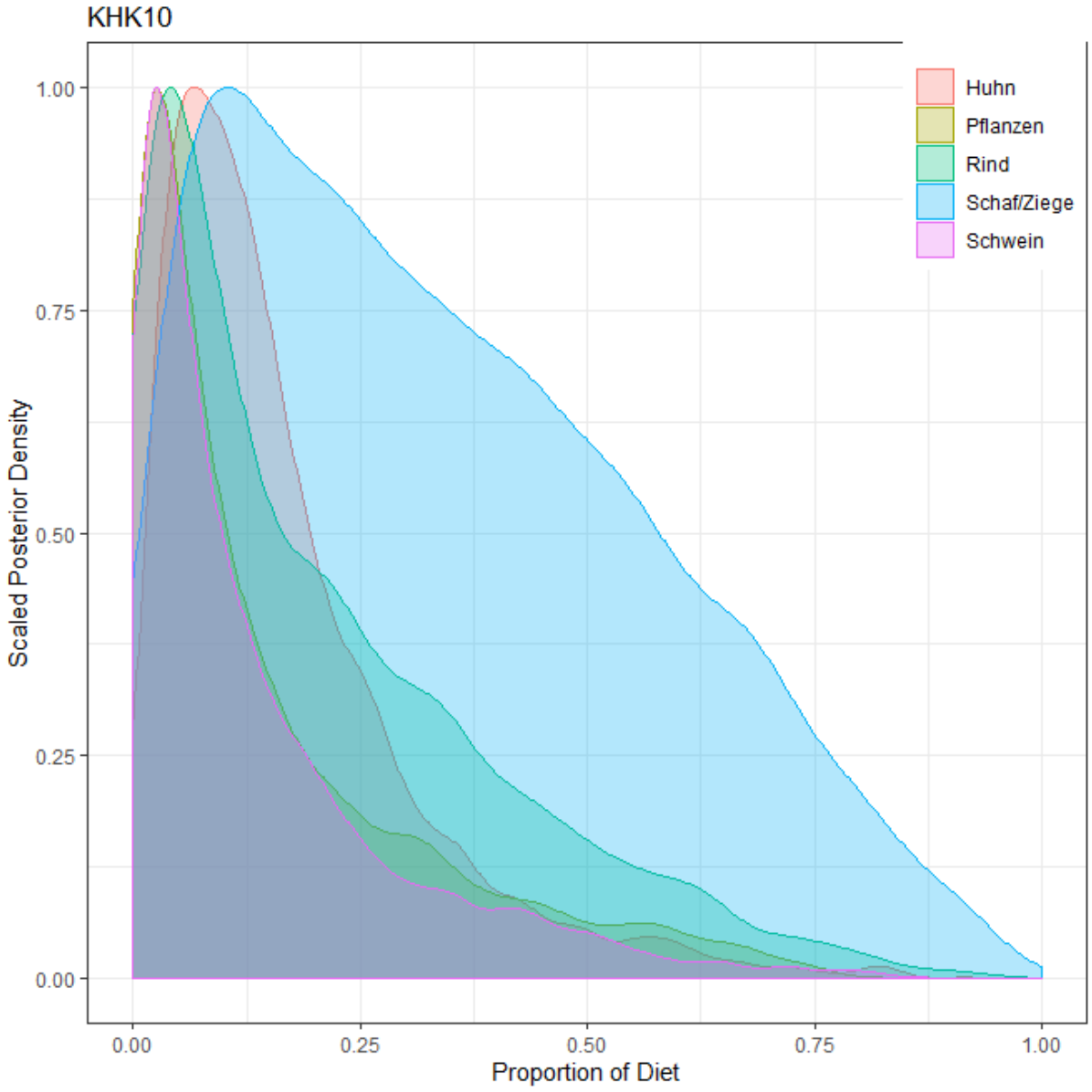


Abbildung 1416: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) K10. Erstellt mit MixSIAR.

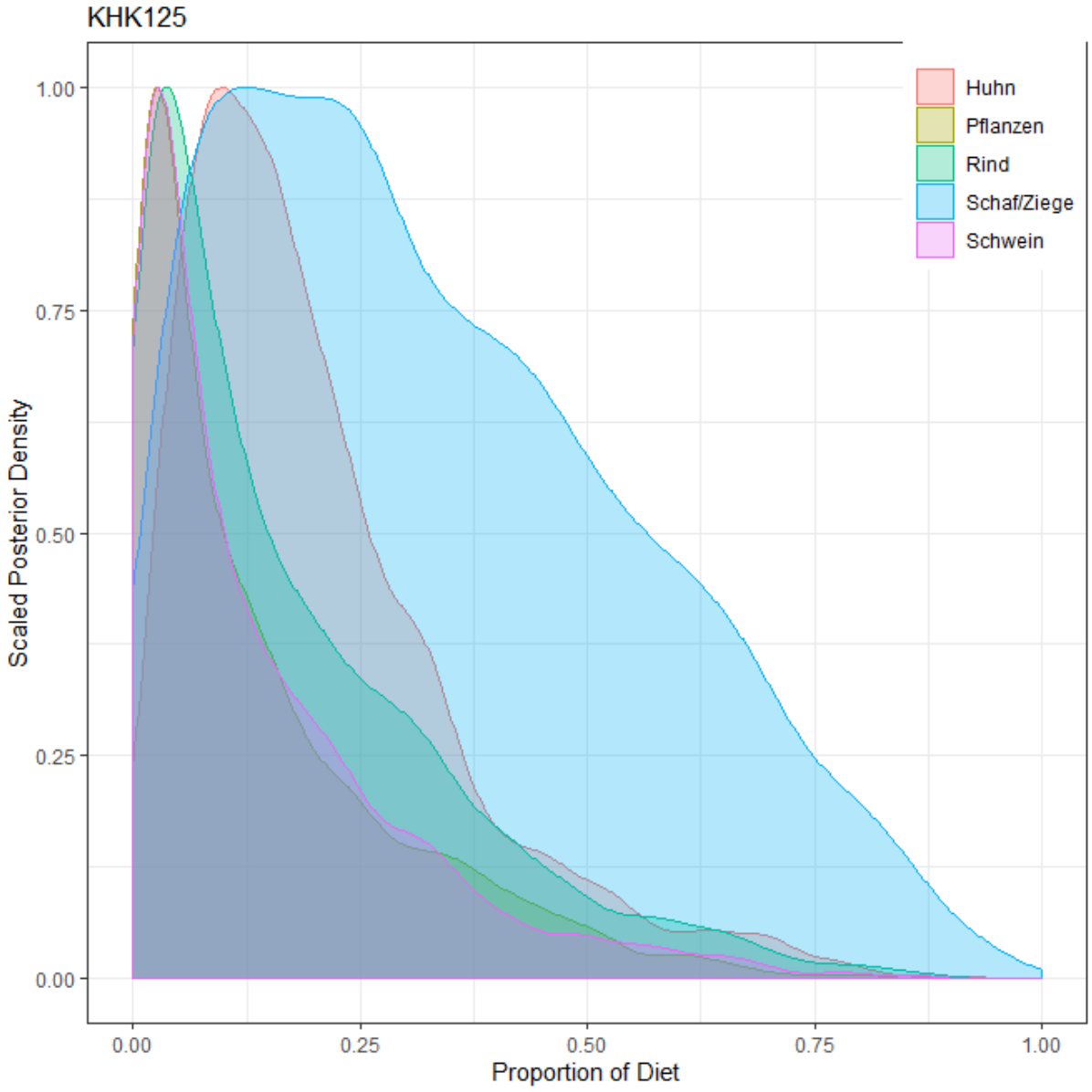


Abbildung 1417: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) K125. Erstellt mit MixSIAR.

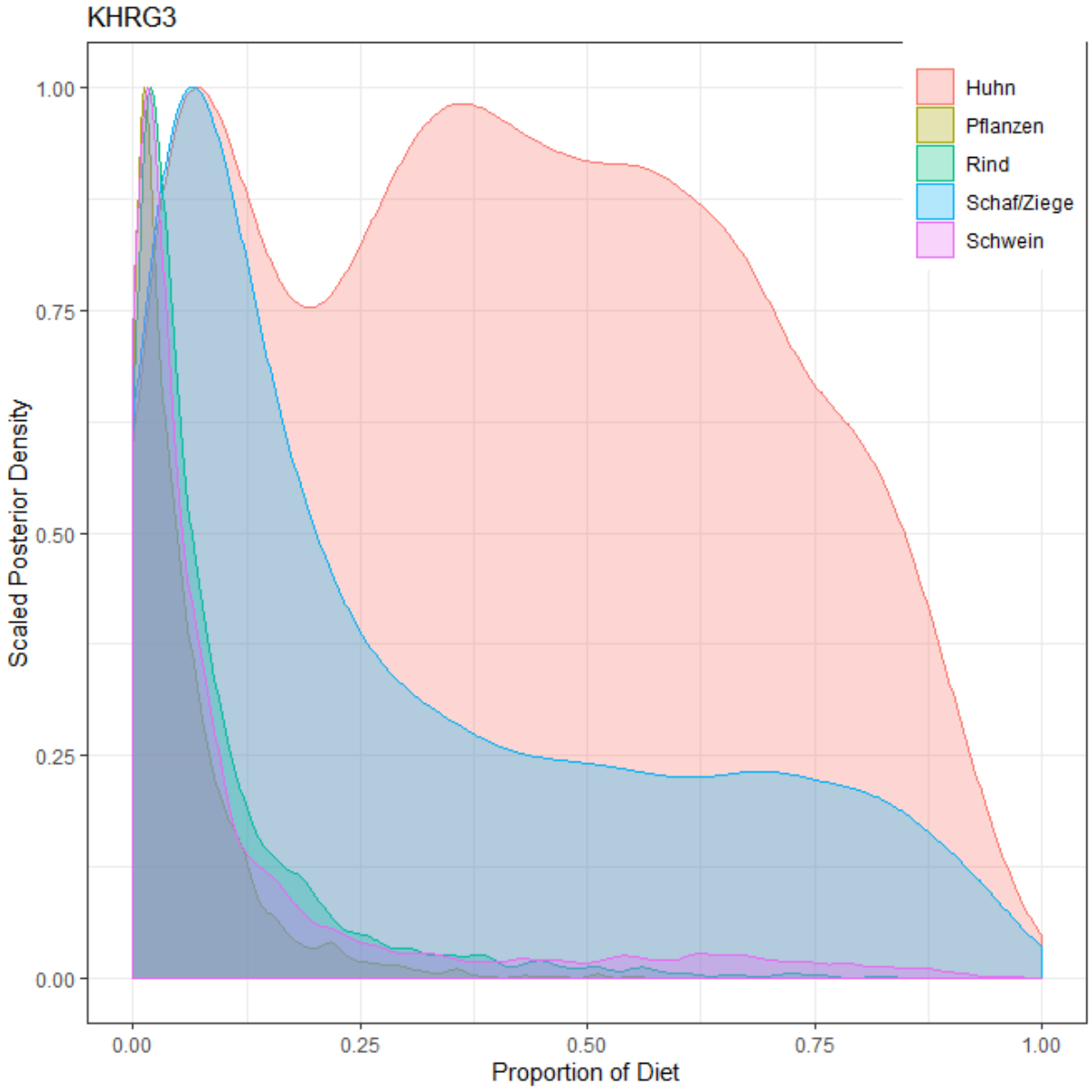


Abbildung 1418: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) RG3. Erstellt mit MixSIAR.

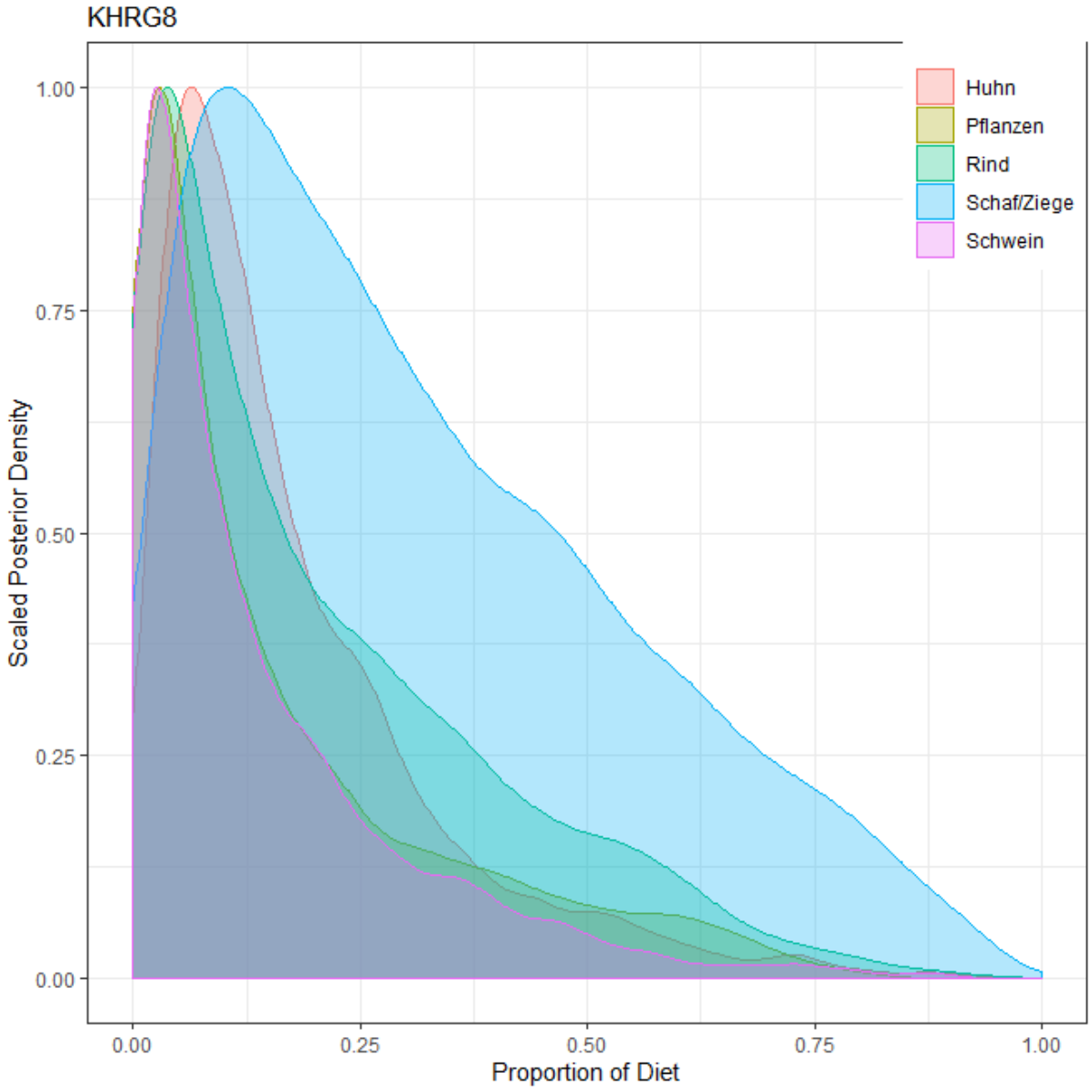


Abbildung 1419: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) RG8. Erstellt mit MixSIAR.

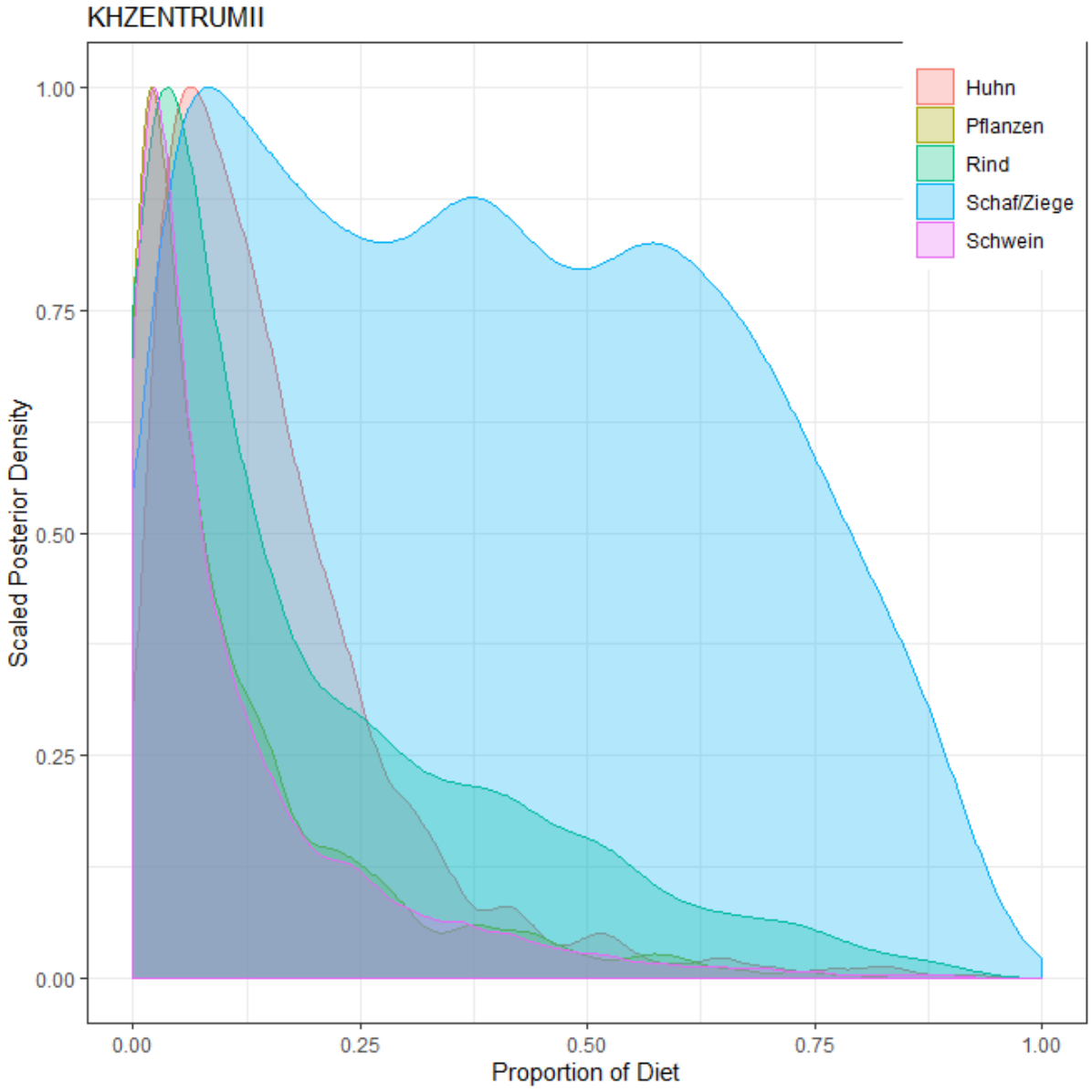


Abbildung 1420: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Kelheim (KH) Zentrum II. Erstellt mit MixSIAR.

14.2 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 39: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Kelheim (KH). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
KH12/1	Huhn	10,1%	27,6%	10,9%	26,3%	52,5%
	Pflanzen	0,4%	11,6%	8,5%	10,0%	31,6%
	Rind	0,8%	15,1%	10,4%	13,3%	39,0%
	Schaf/Ziege	5,9%	32,5%	14,8%	32,1%	62,4%
	Schwein	0,5%	13,2%	10,7%	10,6%	41,0%
KH17	Huhn	11,1%	54,6%	19,0%	55,6%	87,8%
	Pflanzen	0,2%	8,5%	9,3%	5,3%	34,7%
	Rind	0,3%	8,5%	8,5%	5,6%	33,0%
	Schaf/Ziege	1,1%	16,5%	14,1%	12,6%	51,9%
	Schwein	0,2%	11,9%	15,0%	6,1%	58,7%
KH18	Huhn	2,1%	18,2%	14,0%	14,6%	56,3%
	Pflanzen	0,2%	13,3%	14,3%	8,2%	52,8%
	Rind	0,3%	18,9%	18,4%	12,6%	66,4%
	Schaf/Ziege	2,1%	36,3%	23,2%	34,3%	83,6%
	Schwein	0,2%	13,3%	15,0%	7,8%	57,6%
KH23	Huhn	4,0%	34,2%	19,1%	32,1%	77,9%
	Pflanzen	0,2%	11,2%	11,9%	6,9%	43,5%
	Rind	0,3%	12,7%	12,5%	8,7%	45,6%
	Schaf/Ziege	1,9%	26,7%	20,2%	21,6%	76,1%
	Schwein	0,2%	15,2%	16,7%	8,9%	62,0%
KH34	Huhn	5,0%	39,4%	18,5%	38,5%	78,5%
	Pflanzen	0,2%	10,2%	10,5%	6,5%	38,5%
	Rind	0,4%	11,5%	11,3%	8,0%	42,5%
	Schaf/Ziege	1,8%	25,8%	19,3%	21,6%	73,4%
	Schwein	0,2%	13,2%	15,2%	7,5%	57,5%
KH36/1	Huhn	2,5%	24,2%	17,0%	20,4%	68,0%
	Pflanzen	0,2%	14,5%	14,9%	9,0%	53,0%
	Rind	0,3%	16,3%	16,0%	10,9%	58,5%
	Schaf/Ziege	1,8%	30,0%	21,3%	25,6%	77,8%
	Schwein	0,2%	15,1%	16,2%	9,2%	59,2%
KH40	Huhn	2,9%	27,4%	16,9%	24,8%	68,3%
	Pflanzen	0,2%	12,1%	12,4%	7,9%	43,9%
	Rind	0,4%	14,6%	14,1%	9,8%	51,2%
	Schaf/Ziege	2,4%	31,6%	21,3%	28,7%	79,4%
	Schwein	0,2%	14,3%	15,5%	8,9%	56,9%
KH42	Huhn	2,0%	22,0%	16,0%	18,5%	63,7%
	Pflanzen	0,2%	10,3%	11,3%	6,2%	40,7%
	Rind	0,3%	15,8%	16,6%	9,5%	60,9%
	Schaf/Ziege	1,8%	38,9%	24,4%	37,8%	85,4%
	Schwein	0,2%	13,0%	15,8%	6,7%	59,8%
KH43 Nord	Huhn	1,2%	11,9%	11,6%	8,7%	45,2%
	Pflanzen	0,2%	10,9%	15,1%	5,3%	60,9%
	Rind	0,2%	21,6%	23,7%	10,5%	78,3%
	Schaf/Ziege	1,6%	43,6%	28,5%	44,9%	90,8%
	Schwein	0,2%	11,9%	17,0%	5,2%	67,0%
KH54	Huhn	1,8%	20,0%	15,4%	16,1%	61,9%
	Pflanzen	0,2%	14,1%	14,6%	8,6%	52,7%
	Rind	0,4%	18,0%	17,3%	12,3%	62,4%
	Schaf/Ziege	2,2%	34,0%	22,0%	31,5%	82,0%
	Schwein	0,2%	13,9%	15,1%	8,4%	55,2%

KH55	Huhn	4,3%	32,9%	18,3%	30,7%	74,1%
	Pflanzen	0,2%	11,8%	12,3%	7,4%	45,1%
	Rind	0,4%	13,2%	13,2%	8,8%	50,4%
	Schaf/Ziege	1,8%	27,2%	20,0%	22,7%	75,8%
	Schwein	0,2%	14,9%	16,2%	8,9%	59,6%
KH68	Huhn	2,6%	23,4%	16,4%	19,8%	65,2%
	Pflanzen	0,2%	13,9%	14,6%	8,5%	52,8%
	Rind	0,4%	16,2%	15,8%	10,6%	57,2%
	Schaf/Ziege	2,0%	32,1%	22,1%	28,7%	81,3%
	Schwein	0,2%	14,4%	15,5%	8,8%	57,3%
KH71	Huhn	3,9%	51,0%	21,9%	53,2%	87,2%
	Pflanzen	0,1%	6,8%	7,5%	4,1%	29,1%
	Rind	0,3%	8,7%	9,7%	5,5%	34,9%
	Schaf/Ziege	1,2%	23,0%	20,8%	16,2%	80,6%
	Schwein	0,2%	10,5%	15,8%	4,6%	64,6%
KH77	Huhn	2,5%	22,3%	15,6%	18,9%	63,2%
	Pflanzen	0,2%	13,1%	13,9%	7,9%	51,0%
	Rind	0,4%	17,1%	16,3%	11,6%	59,3%
	Schaf/Ziege	2,3%	34,2%	22,0%	31,5%	81,7%
	Schwein	0,2%	13,3%	14,7%	7,8%	56,1%
KH78	Huhn	2,1%	21,4%	15,1%	18,1%	60,5%
	Pflanzen	0,2%	13,3%	14,0%	8,1%	49,3%
	Rind	0,3%	17,1%	16,4%	11,8%	59,2%
	Schaf/Ziege	2,3%	34,0%	22,0%	30,9%	81,5%
	Schwein	0,2%	14,2%	15,6%	8,6%	57,9%
KH80	Huhn	1,6%	17,8%	14,9%	13,4%	59,3%
	Pflanzen	0,2%	15,9%	17,2%	9,2%	61,5%
	Rind	0,4%	19,9%	19,1%	13,5%	68,4%
	Schaf/Ziege	1,9%	32,4%	22,3%	28,0%	82,2%
	Schwein	0,2%	14,1%	15,3%	8,3%	56,9%
KH82	Huhn	1,9%	19,7%	15,2%	15,8%	63,8%
	Pflanzen	0,2%	13,0%	14,1%	7,8%	51,0%
	Rind	0,3%	18,0%	17,4%	12,5%	63,0%
	Schaf/Ziege	2,1%	35,5%	23,0%	32,5%	84,5%
	Schwein	0,1%	13,7%	15,0%	8,4%	56,1%
KH86 Nord	Huhn	3,4%	29,1%	17,3%	26,5%	69,5%
	Pflanzen	0,2%	11,9%	12,4%	7,5%	45,8%
	Rind	0,4%	14,1%	13,9%	9,7%	51,0%
	Schaf/Ziege	2,0%	30,6%	21,2%	26,7%	77,9%
	Schwein	0,2%	14,3%	15,6%	8,4%	57,0%
KH94	Huhn	3,4%	34,3%	20,0%	31,5%	77,8%
	Pflanzen	0,2%	12,0%	13,1%	7,0%	48,6%
	Rind	0,3%	12,4%	13,4%	7,9%	49,8%
	Schaf/Ziege	1,6%	25,5%	20,2%	20,1%	75,1%
	Schwein	0,2%	15,8%	17,7%	9,1%	64,4%
KH124	Huhn	2,3%	23,4%	16,5%	19,5%	66,1%
	Pflanzen	0,2%	13,5%	13,9%	8,5%	51,1%
	Rind	0,3%	16,2%	15,6%	11,3%	57,7%
	Schaf/Ziege	2,0%	31,9%	21,3%	28,1%	78,8%
	Schwein	0,2%	15,0%	15,9%	9,2%	58,8%
KH128	Huhn	11,9%	52,9%	18,4%	53,6%	86,4%
	Pflanzen	0,2%	8,9%	9,3%	5,6%	33,7%
	Rind	0,3%	8,9%	8,7%	6,4%	31,6%
	Schaf/Ziege	1,3%	17,8%	14,7%	14,2%	55,8%
	Schwein	0,2%	11,5%	14,2%	6,4%	53,3%

KH K10	Huhn	1,7%	16,6%	13,9%	12,7%	56,5%
	Pflanzen	0,2%	15,2%	16,8%	8,5%	61,4%
	Rind	0,3%	20,4%	19,1%	14,0%	67,4%
	Schaf/Ziege	1,9%	34,0%	23,0%	30,6%	82,5%
	Schwein	0,2%	13,7%	15,4%	8,0%	55,8%
KH K125	Huhn	2,1%	20,4%	15,2%	16,5%	63,0%
	Pflanzen	0,2%	14,2%	14,9%	8,9%	52,5%
	Rind	0,3%	17,8%	17,1%	12,1%	63,2%
	Schaf/Ziege	1,8%	33,3%	22,3%	29,0%	81,5%
	Schwein	0,2%	14,3%	15,3%	8,7%	57,4%
KH RG3	Huhn	1,9%	42,0%	25,7%	41,4%	88,5%
	Pflanzen	0,2%	5,9%	6,9%	3,6%	25,7%
	Rind	0,2%	9,1%	11,8%	4,9%	45,5%
	Schaf/Ziege	1,2%	30,5%	27,5%	19,8%	89,7%
	Schwein	0,1%	12,4%	19,3%	4,5%	74,0%
KH RG8	Huhn	1,9%	17,6%	15,4%	12,7%	60,2%
	Pflanzen	0,2%	16,4%	17,9%	9,1%	64,1%
	Rind	0,4%	20,3%	19,0%	14,0%	66,4%
	Schaf/Ziege	2,1%	31,6%	22,6%	26,5%	82,1%
	Schwein	0,2%	14,1%	15,6%	8,4%	56,7%
KH ZentrumII	Huhn	1,4%	15,8%	13,6%	12,3%	53,3%
	Pflanzen	0,2%	12,0%	14,2%	6,6%	54,9%
	Rind	0,3%	20,1%	20,4%	12,3%	72,6%
	Schaf/Ziege	2,1%	39,9%	25,2%	38,6%	86,8%
	Schwein	0,2%	12,2%	14,8%	6,2%	55,7%

15 Deutschland (Frühmittelalter) – Straubing

15.1 IsoConc: Abbildungen

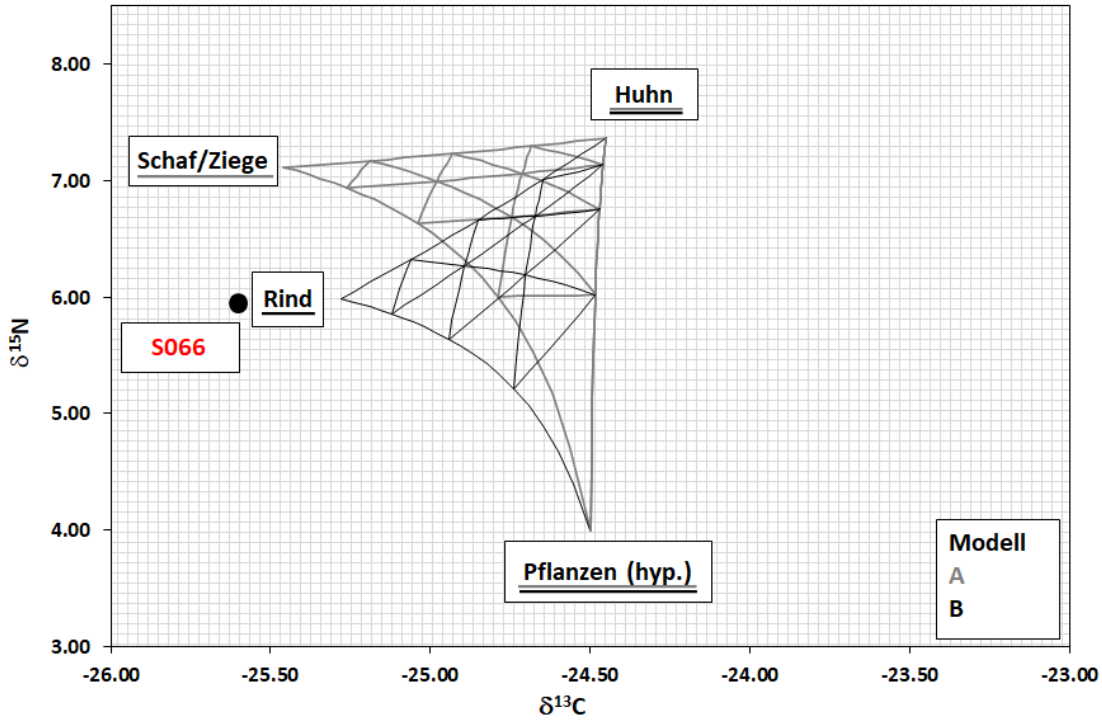


Abbildung 1421: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 066. Erstellt mit IsoConc.

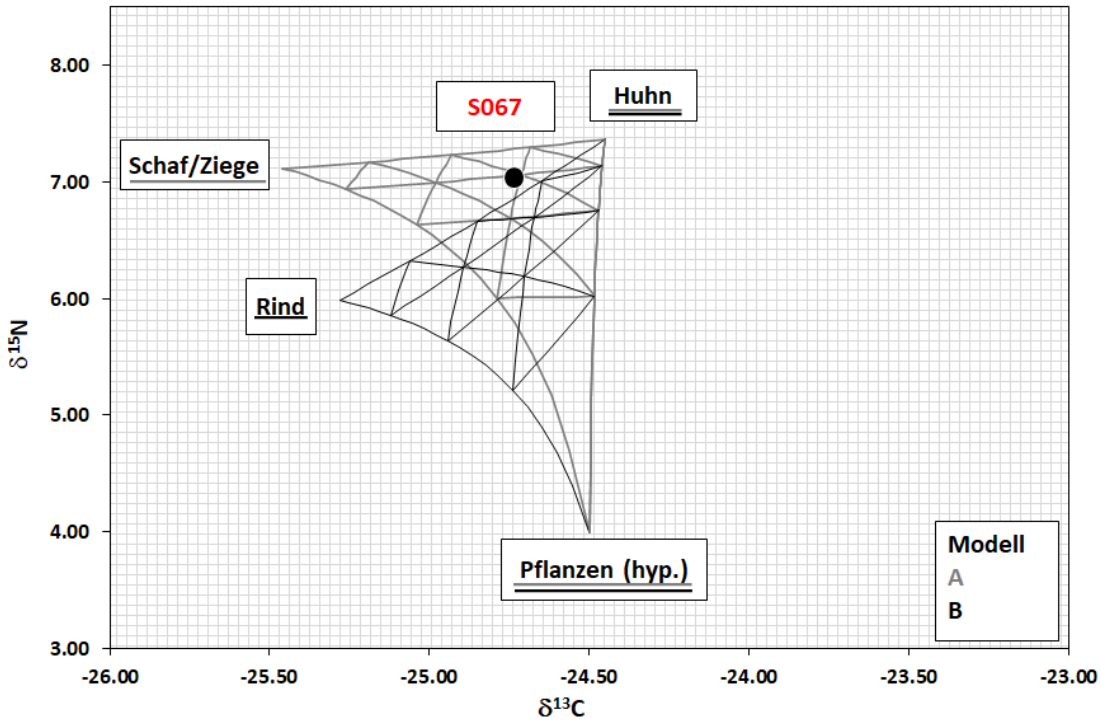


Abbildung 1422: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 067. Erstellt mit IsoConc.

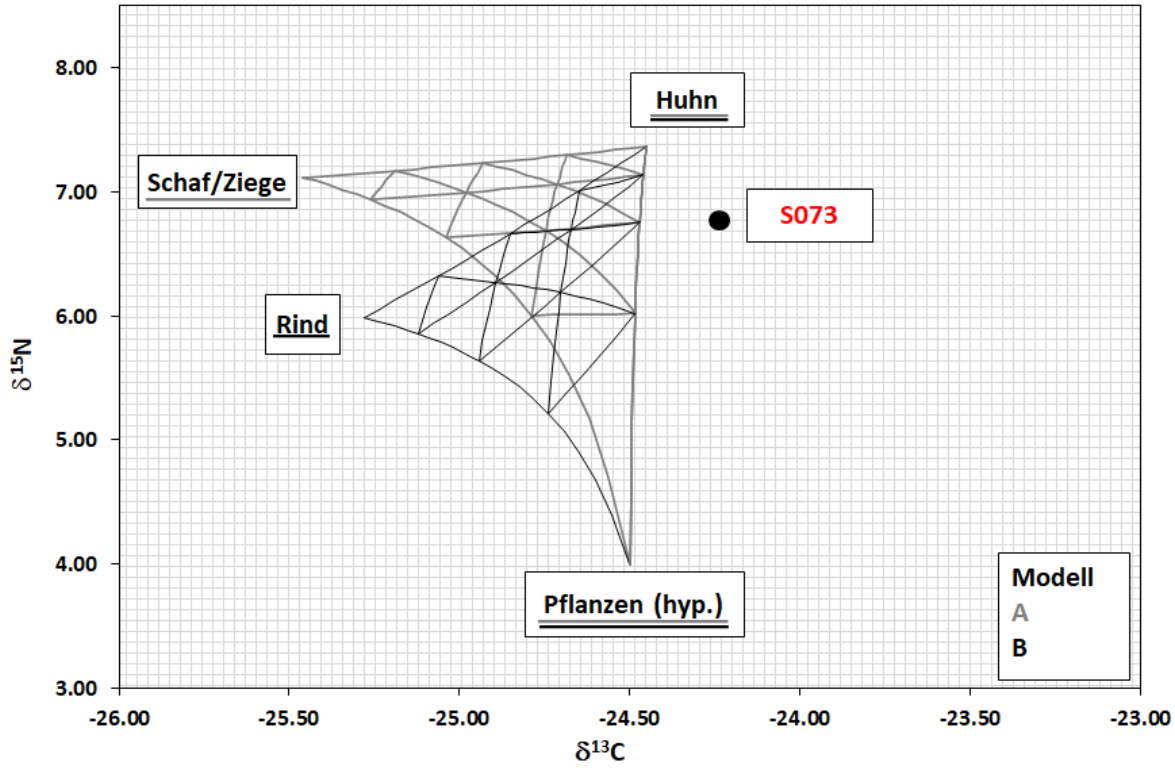


Abbildung 1423: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 073. Erstellt mit IsoConc.

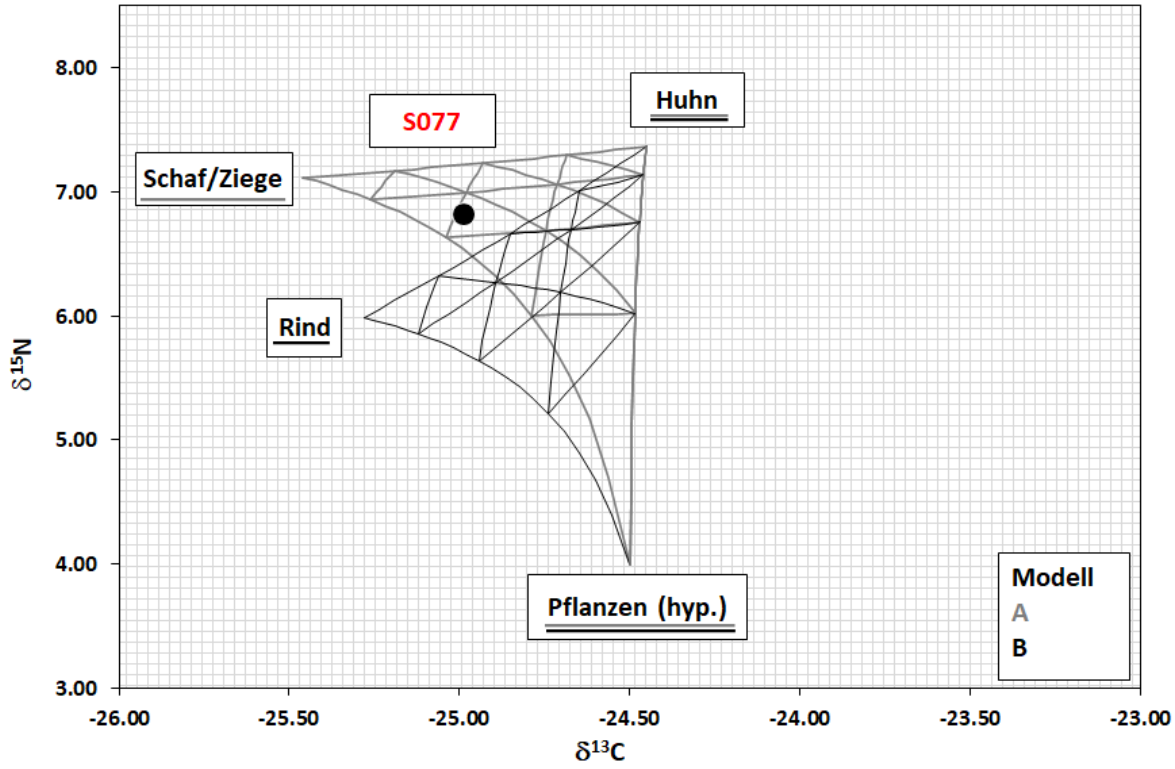


Abbildung 1424: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 077. Erstellt mit IsoConc.

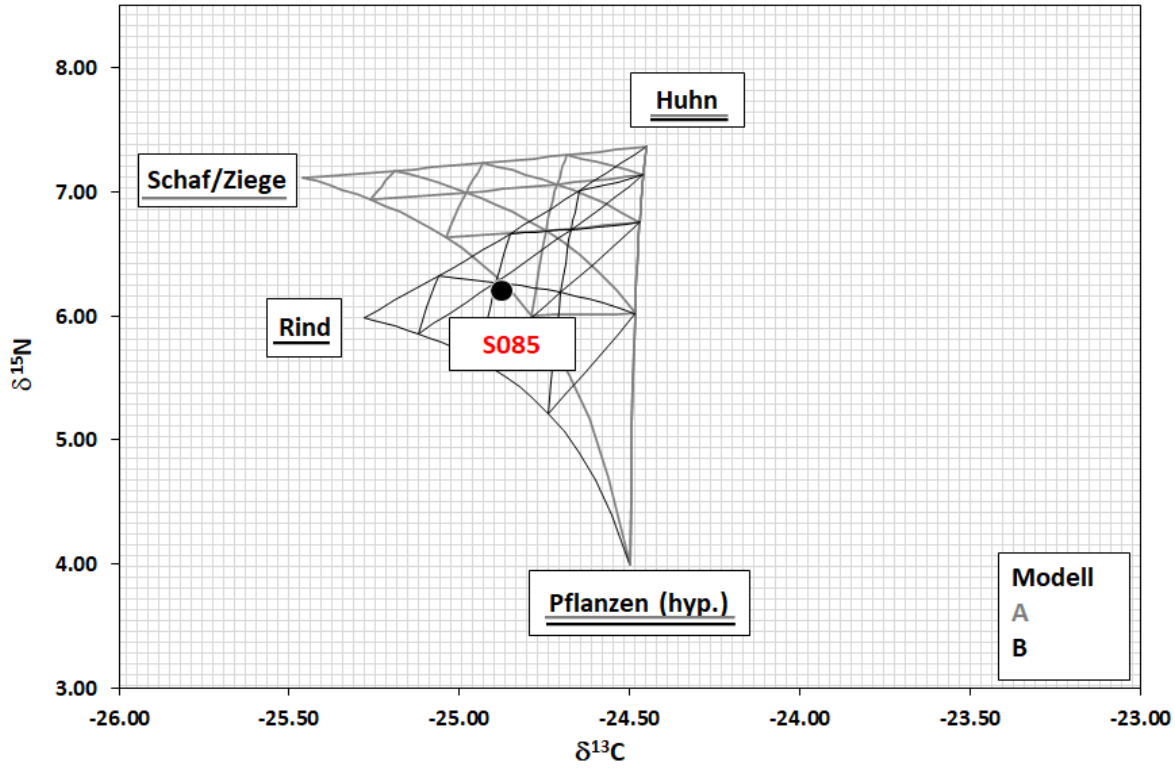


Abbildung 1425: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 085. Erstellt mit IsoConc.

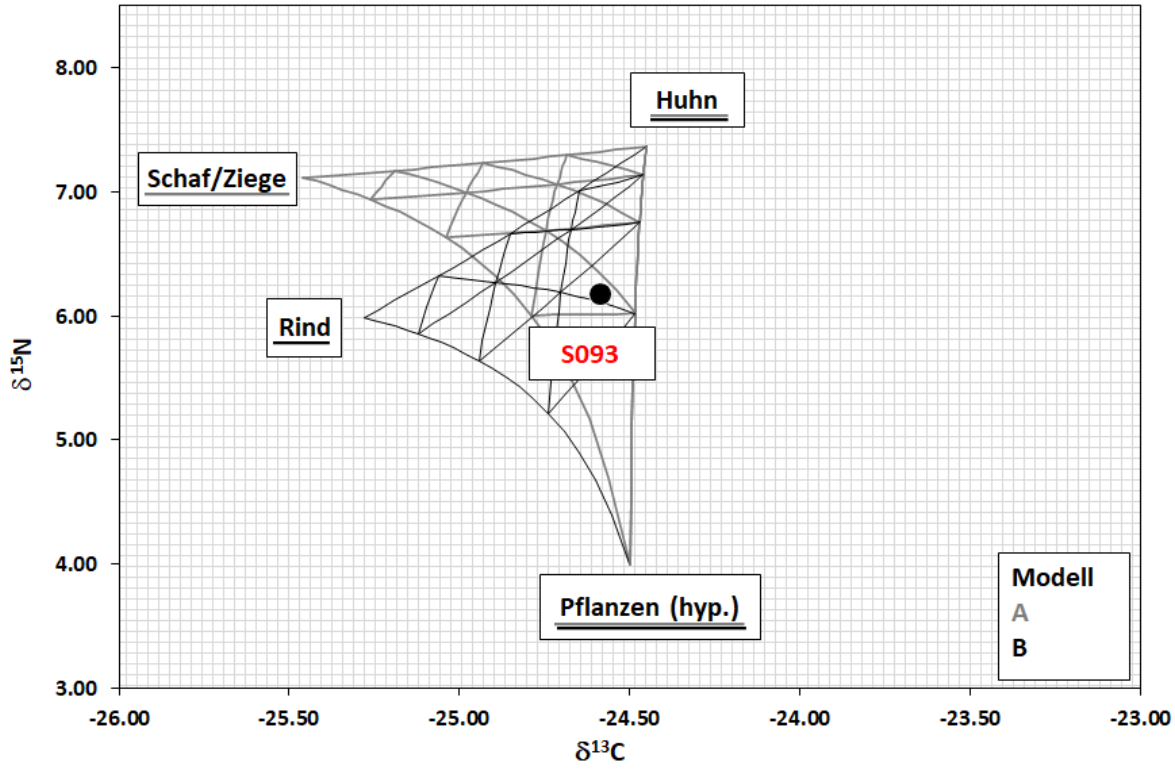


Abbildung 1426: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 093. Erstellt mit IsoConc.

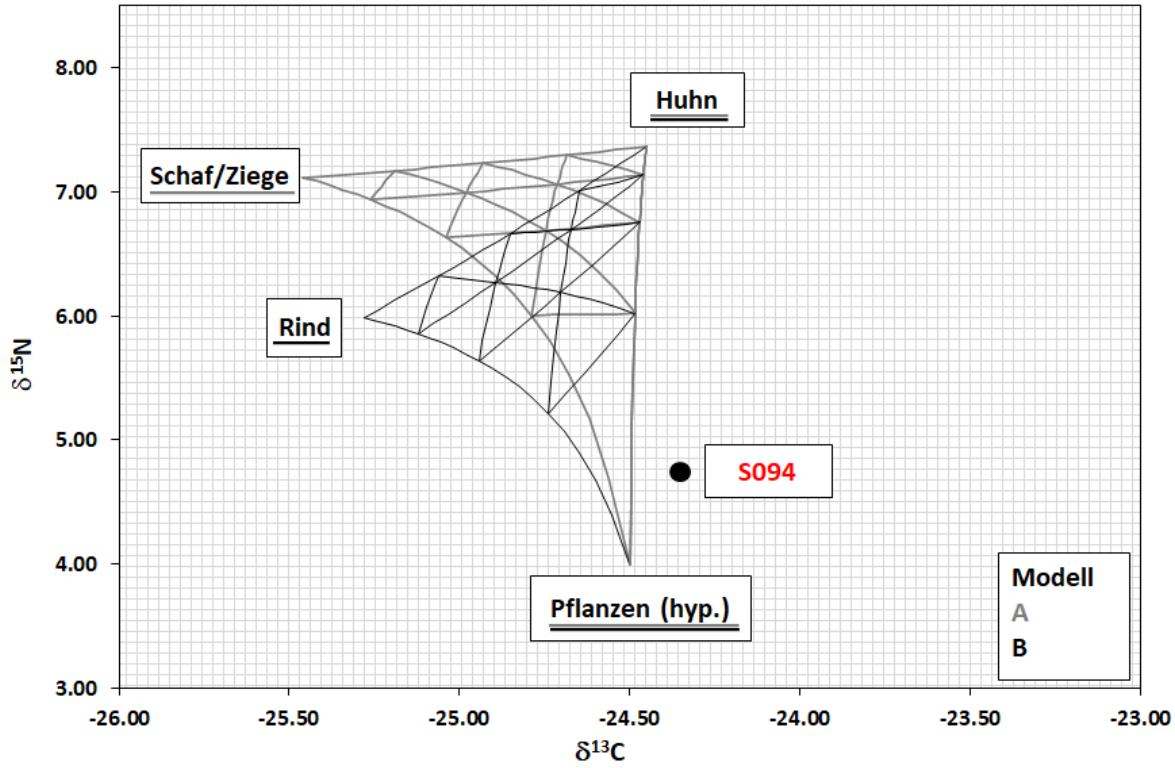


Abbildung 1427: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 094. Erstellt mit IsoConc.

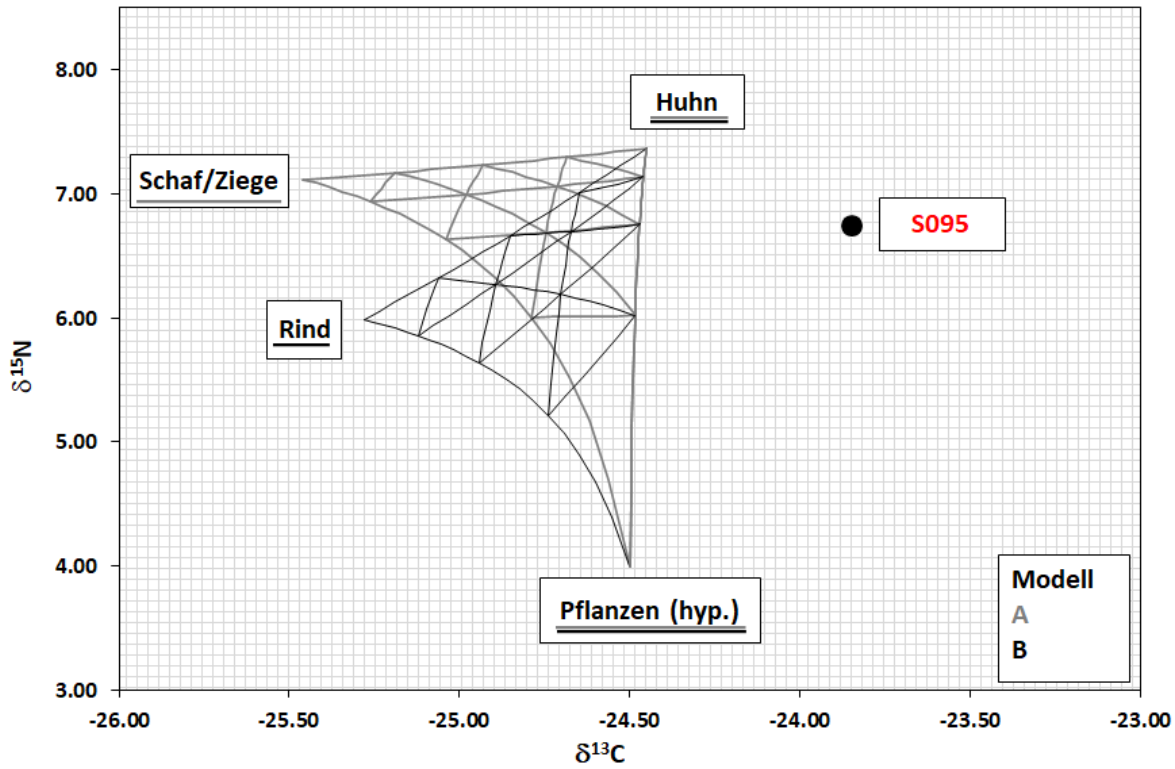


Abbildung 1428: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 095. Erstellt mit IsoConc.

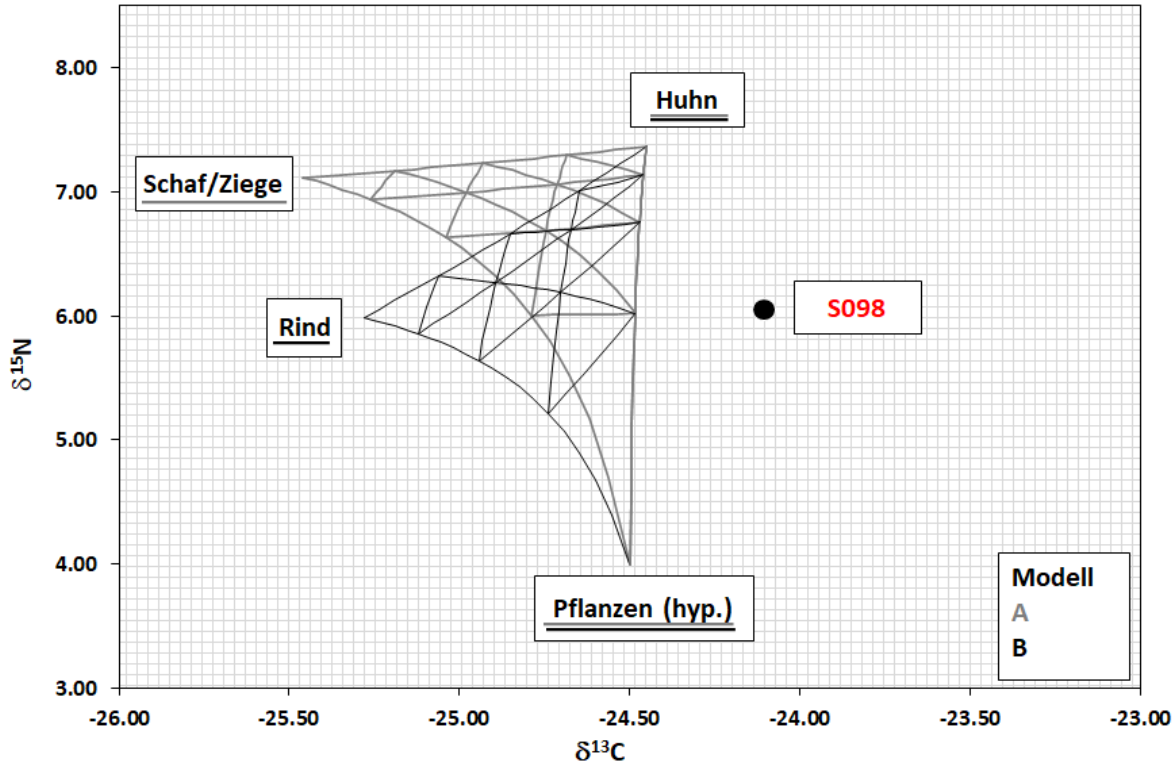


Abbildung 1429: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 098. Erstellt mit IsoConc.

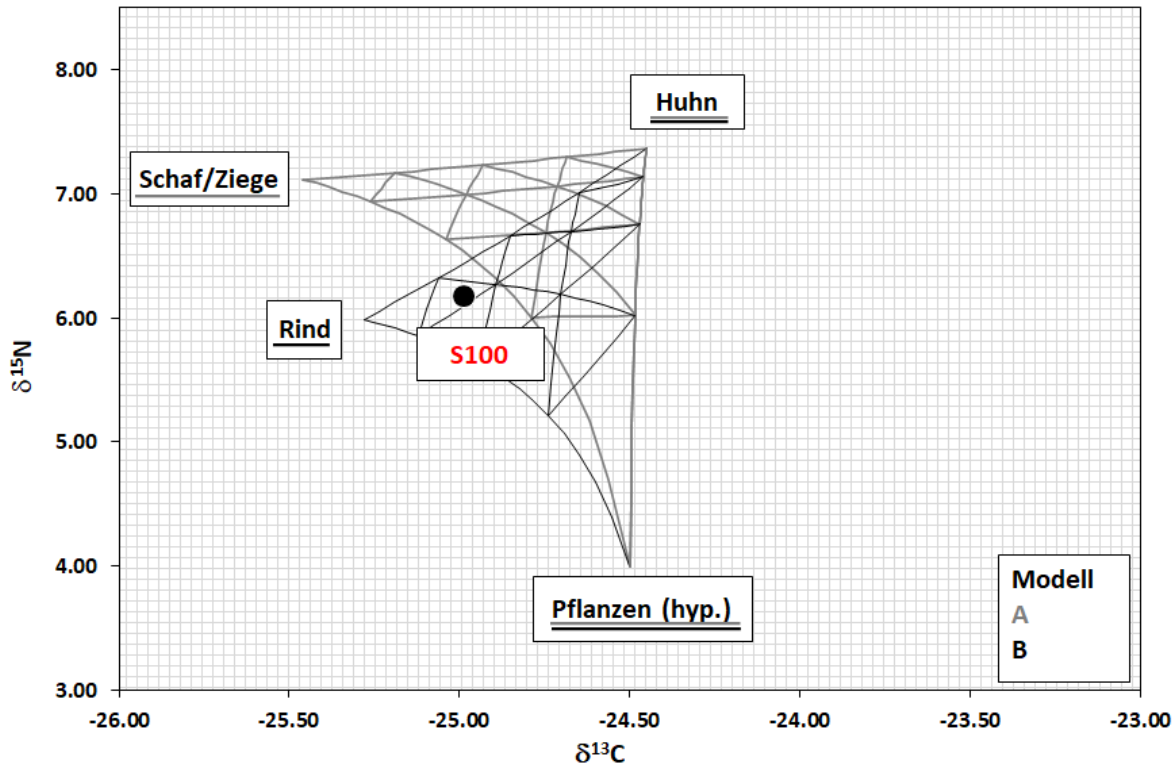


Abbildung 1430: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 100. Erstellt mit IsoConc.

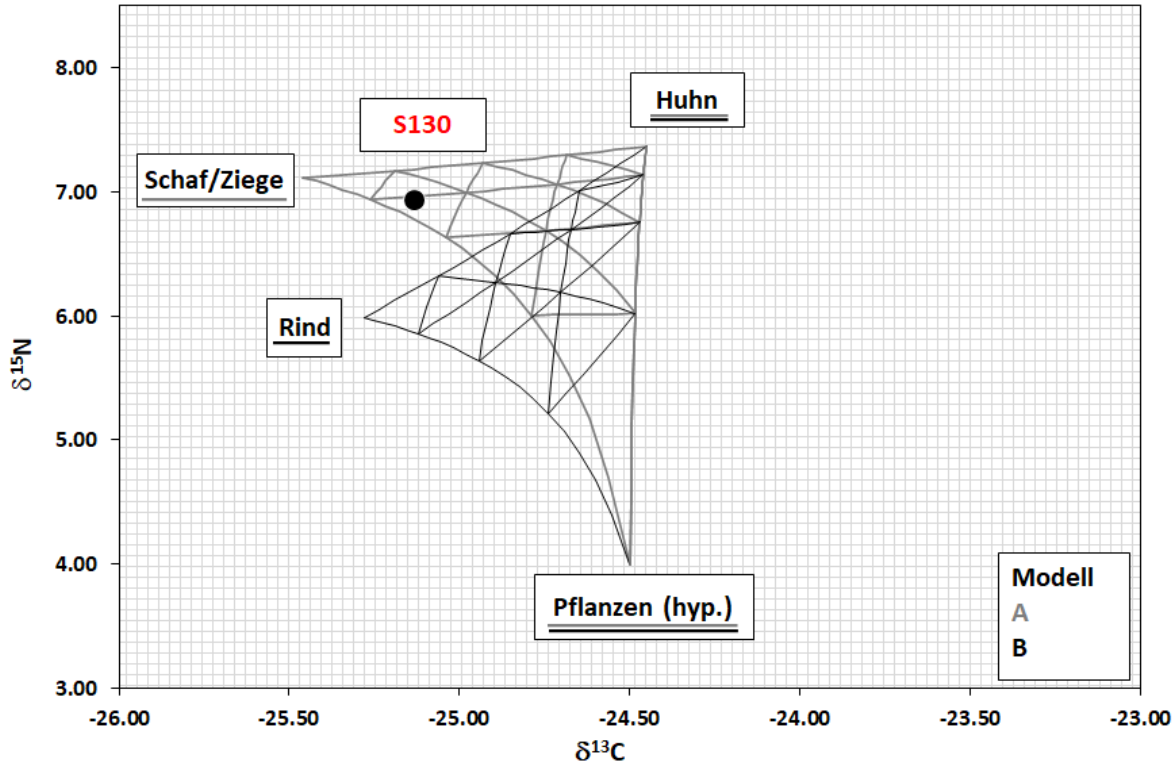


Abbildung 1431: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 130. Erstellt mit IsoConc.

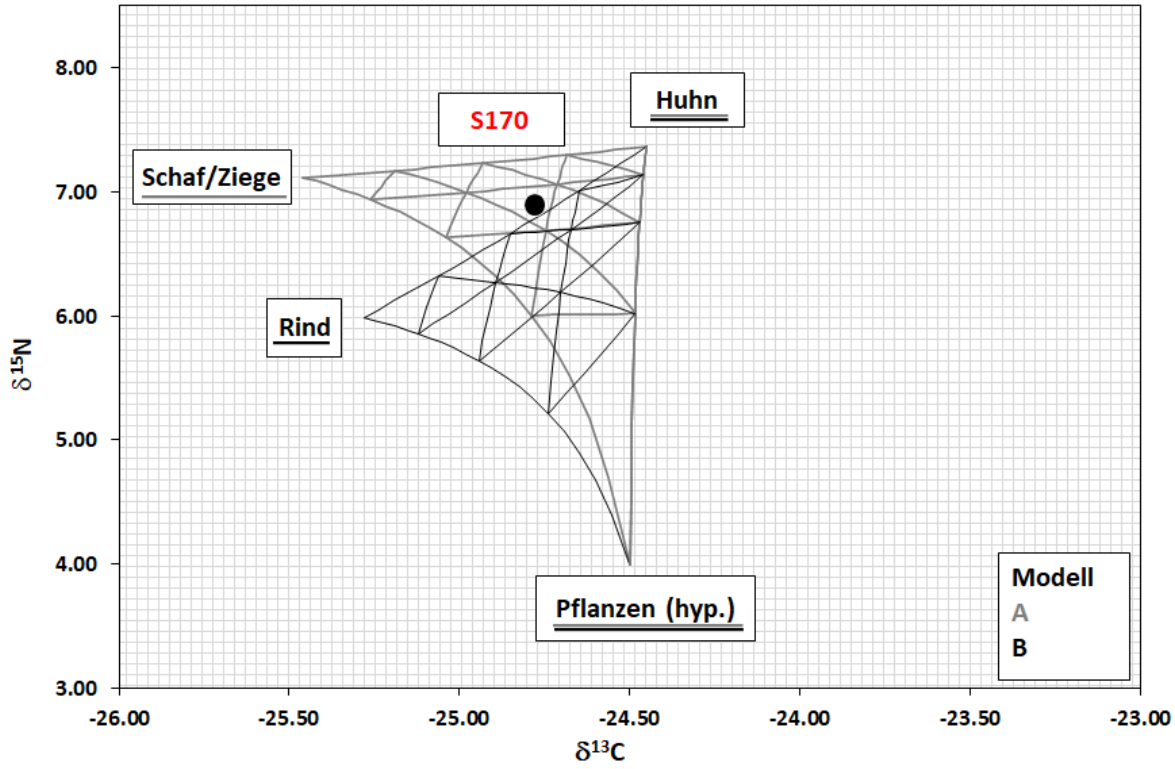


Abbildung 1432: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 170. Erstellt mit IsoConc.

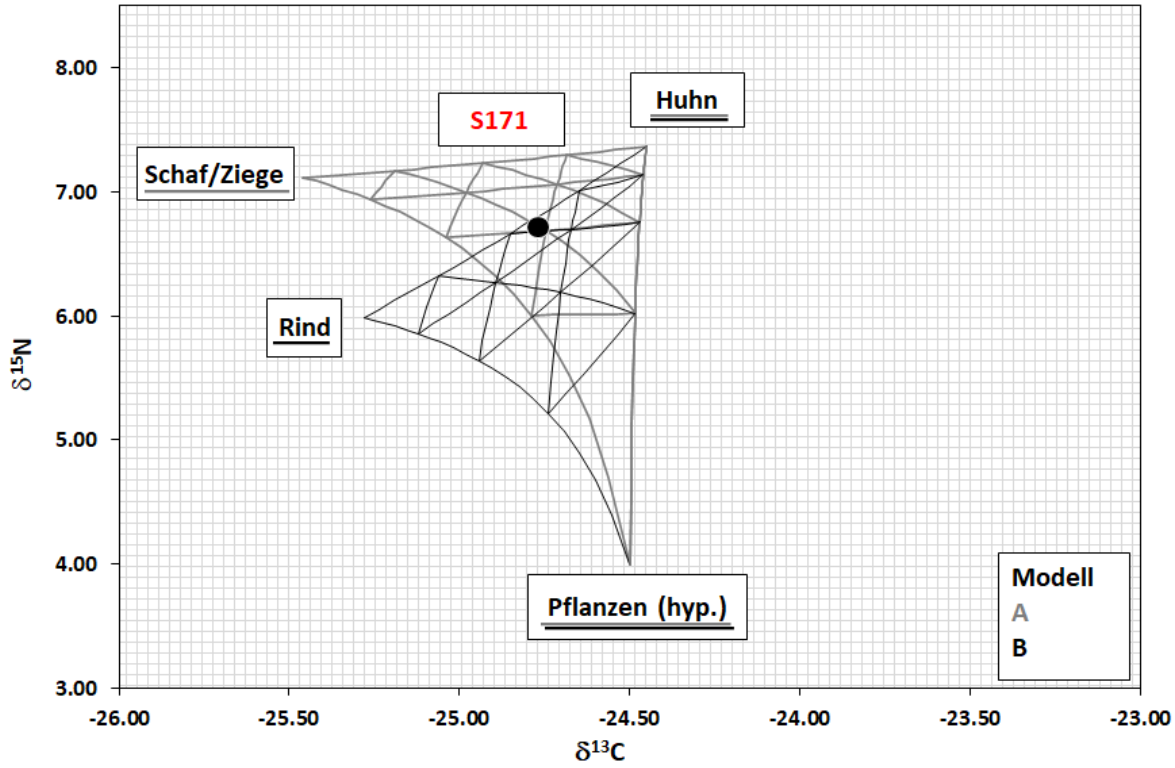


Abbildung 1433: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 171. Erstellt mit IsoConc.

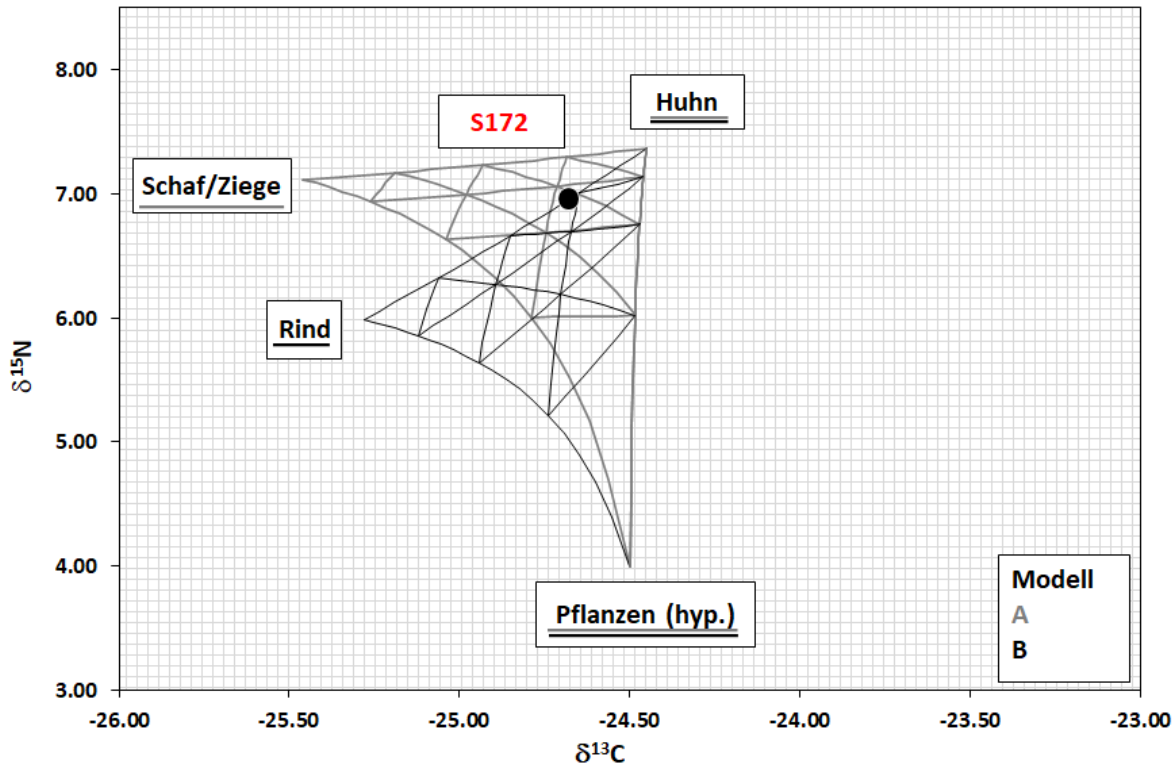


Abbildung 1434: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 172. Erstellt mit IsoConc.

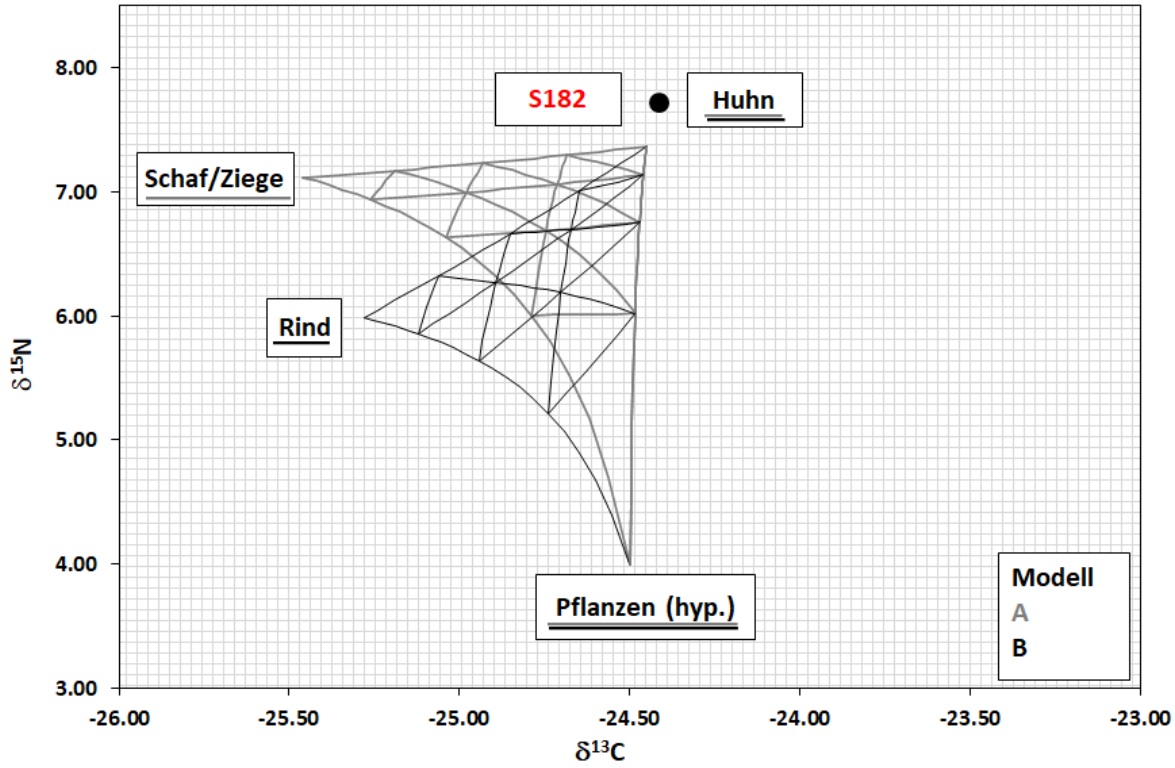


Abbildung 1435: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 182. Erstellt mit IsoConc.

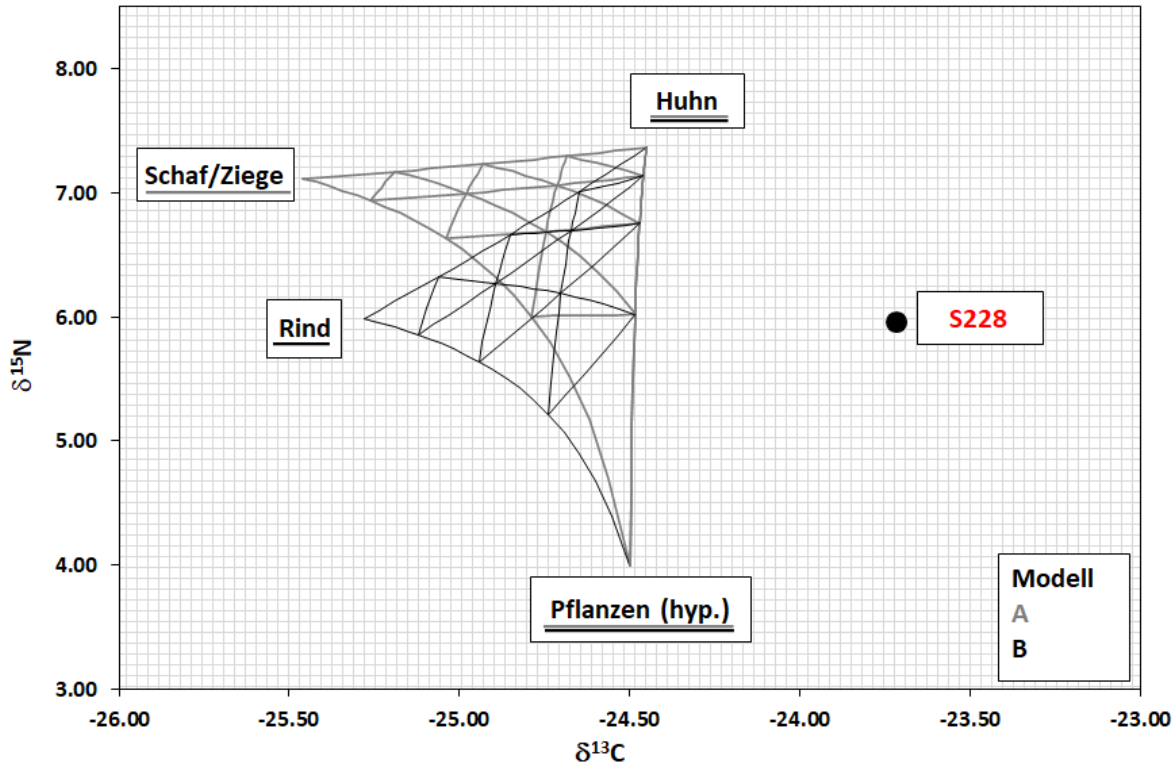


Abbildung 1436: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 228. Erstellt mit IsoConc.

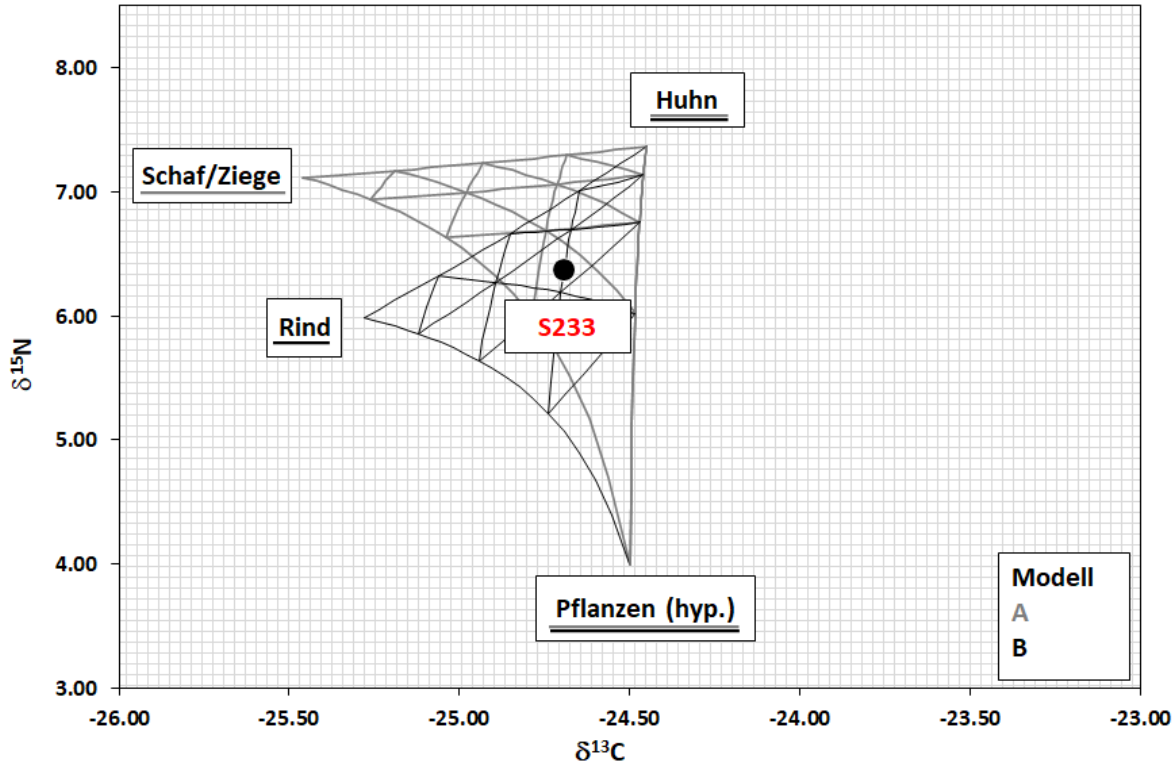


Abbildung 1437: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 233. Erstellt mit IsoConc.

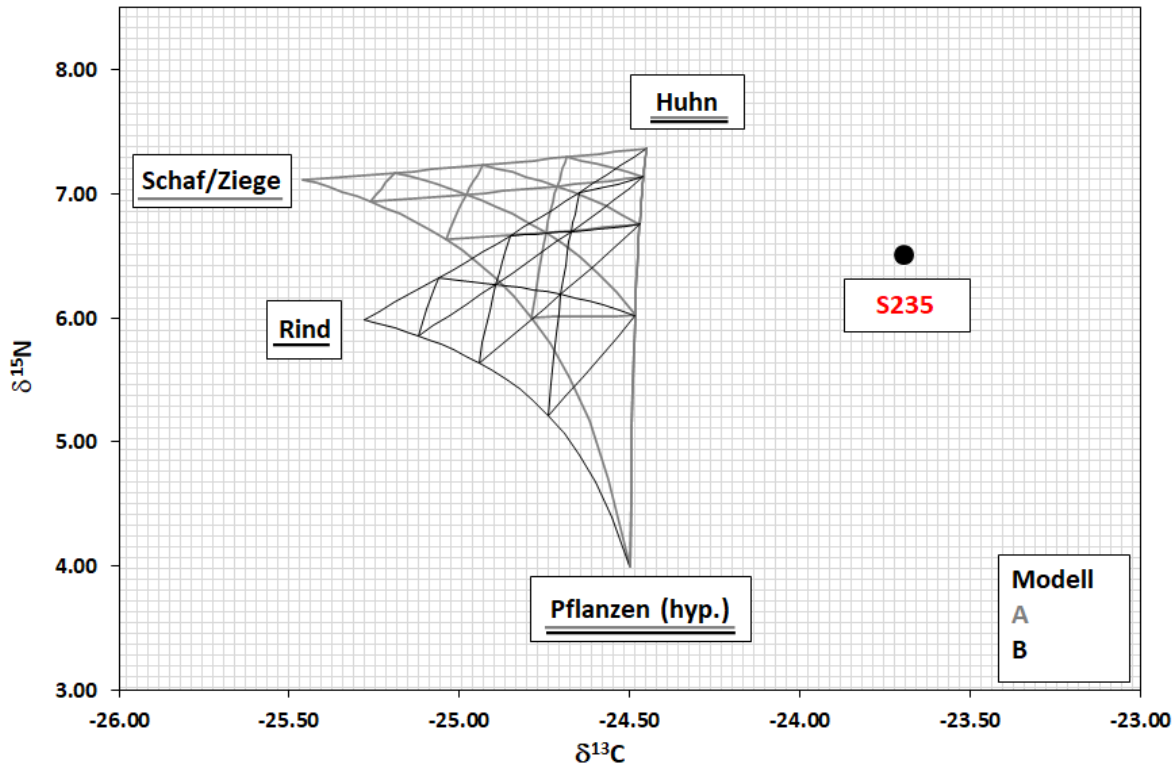


Abbildung 1438: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 235. Erstellt mit IsoConc.

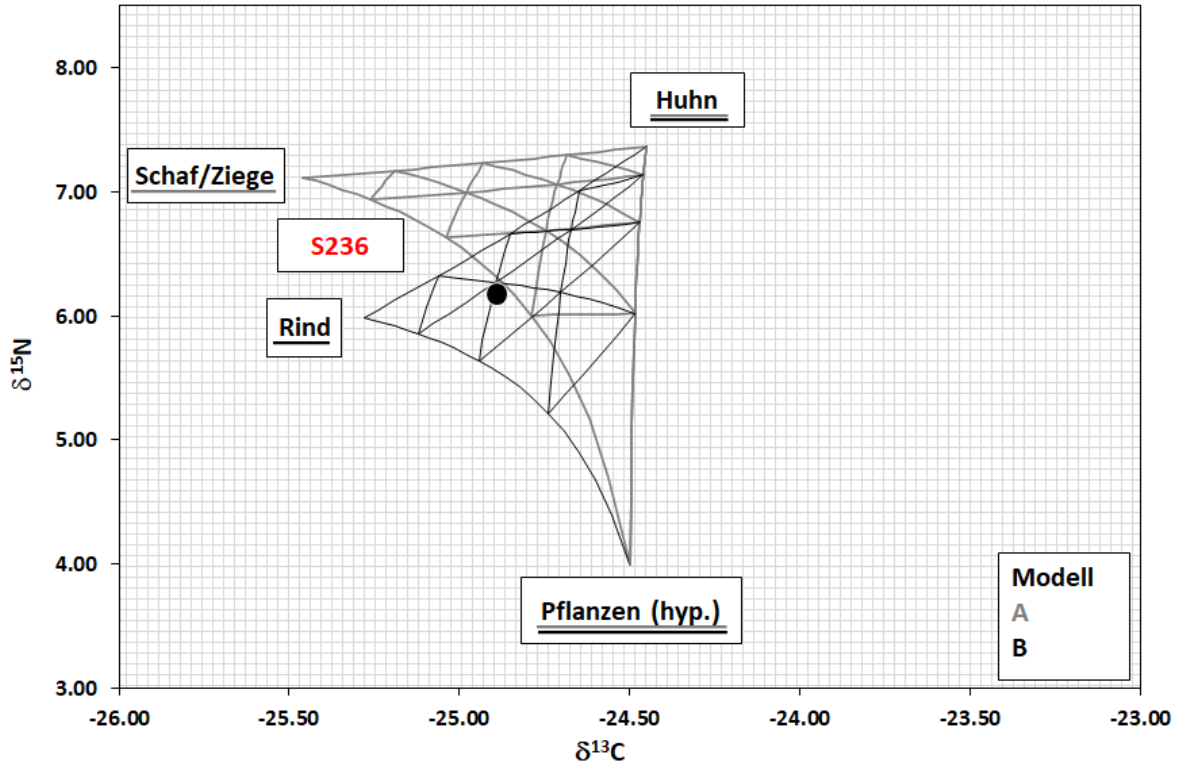


Abbildung 1439: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 236. Erstellt mit IsoConc.

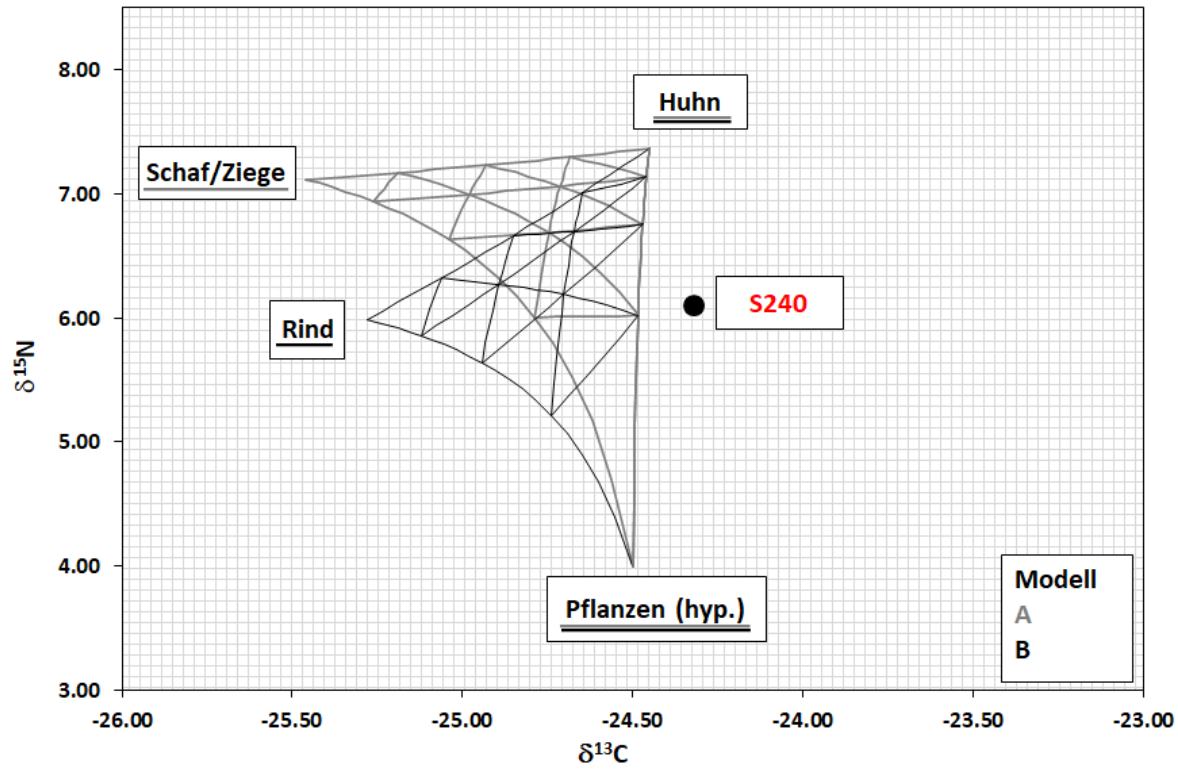


Abbildung 1440: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 240. Erstellt mit IsoConc.

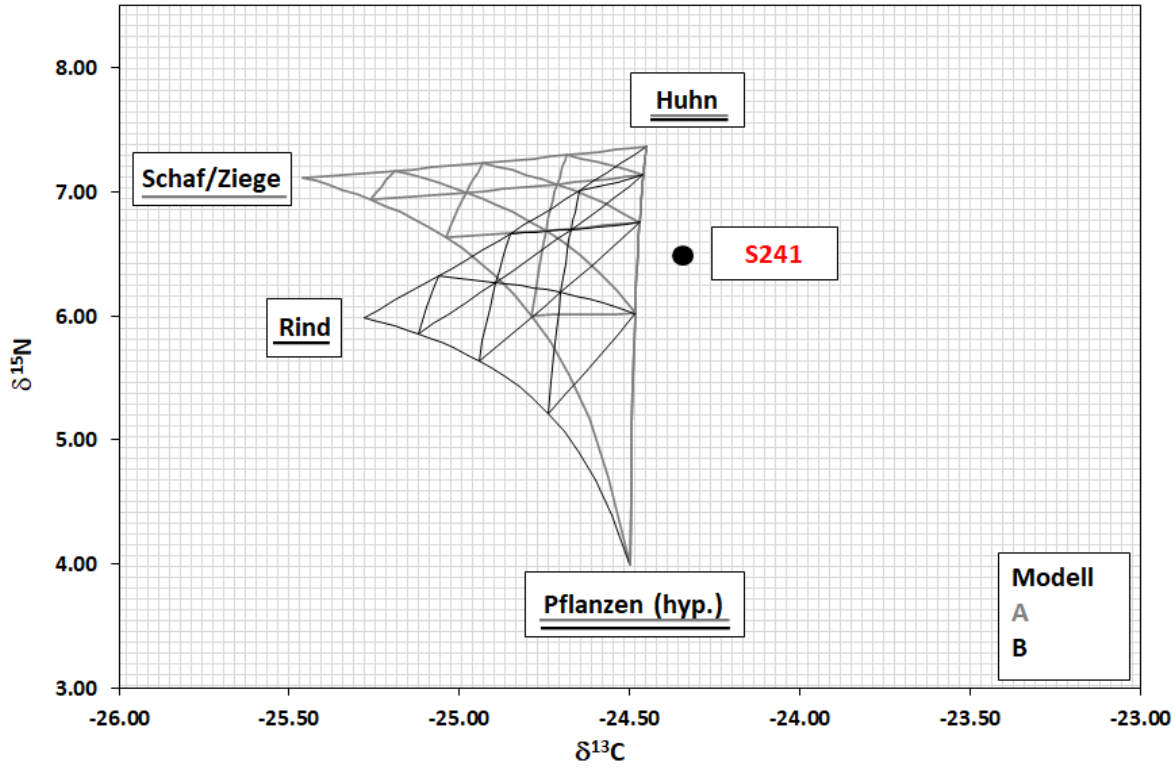


Abbildung 1441: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 241. Erstellt mit IsoConc.

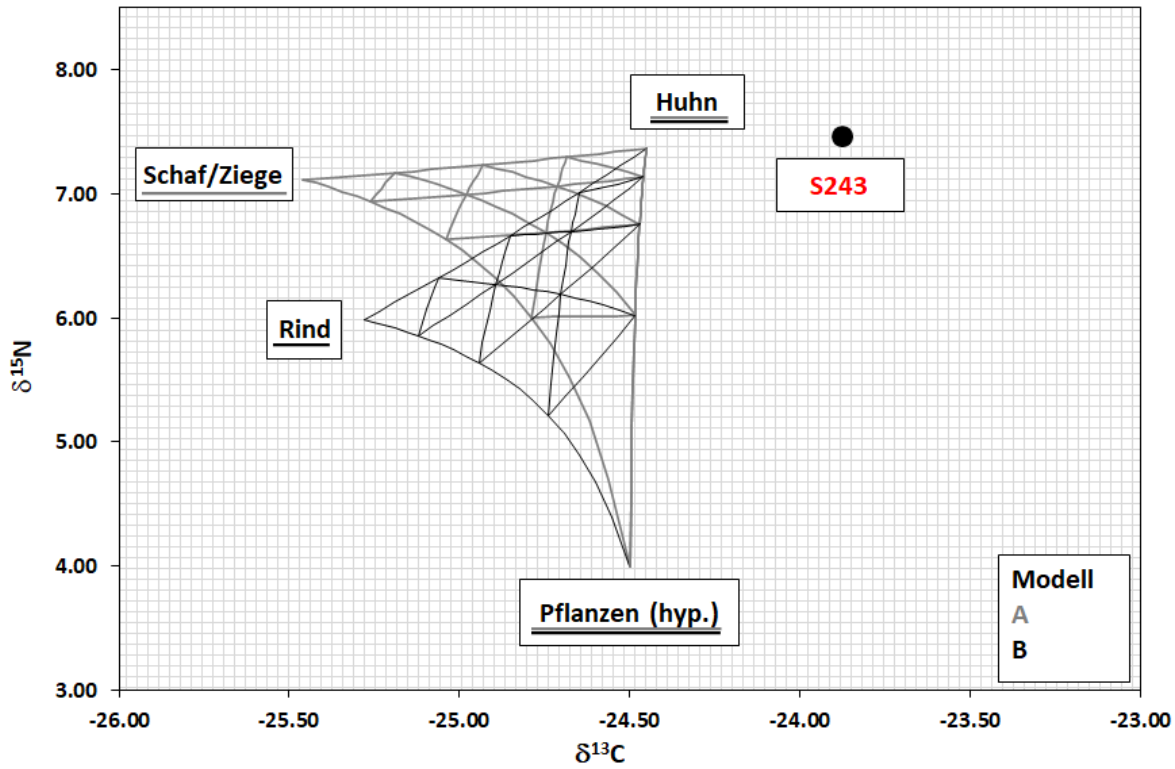


Abbildung 1442: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 243. Erstellt mit IsoConc.

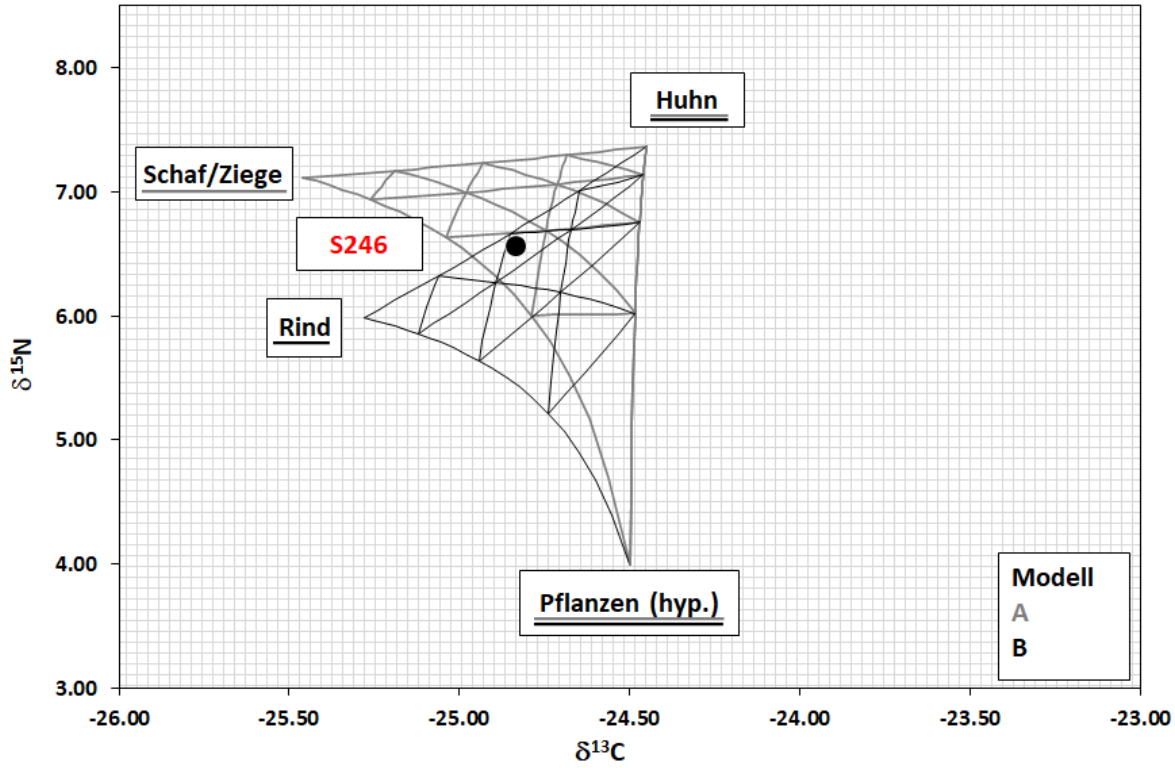


Abbildung 1443: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 246. Erstellt mit IsoConc.

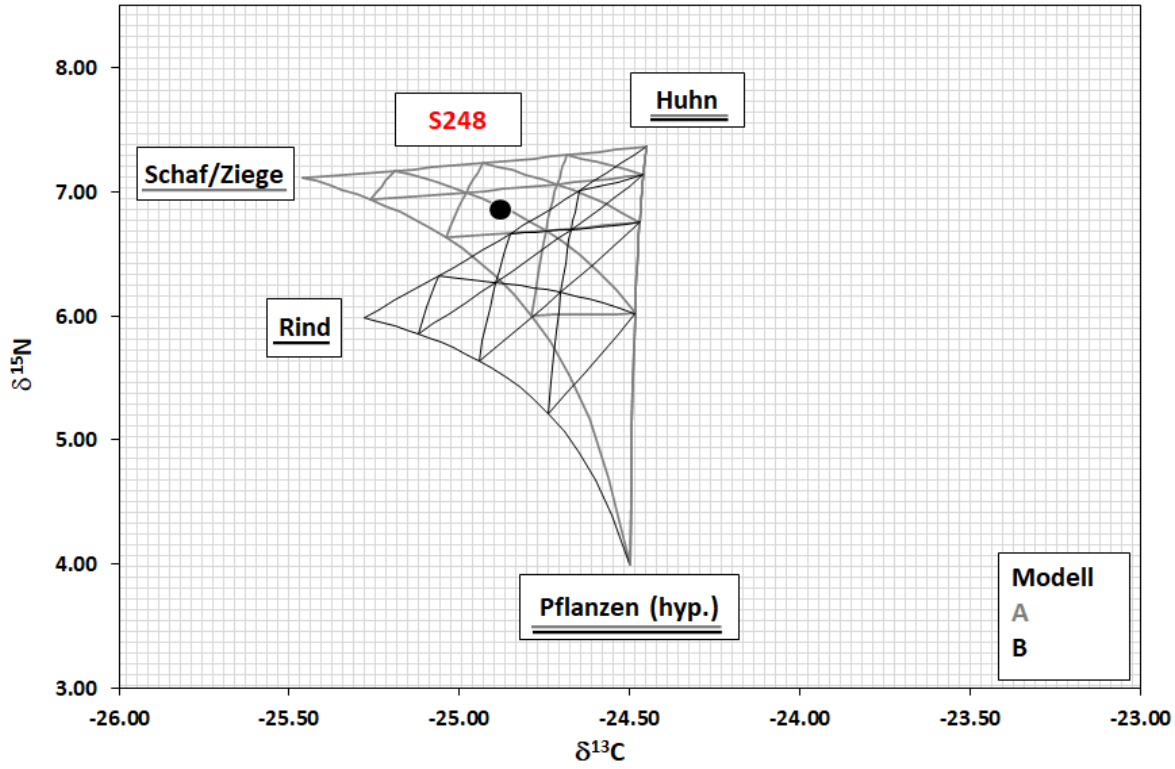


Abbildung 1444: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 248. Erstellt mit IsoConc.

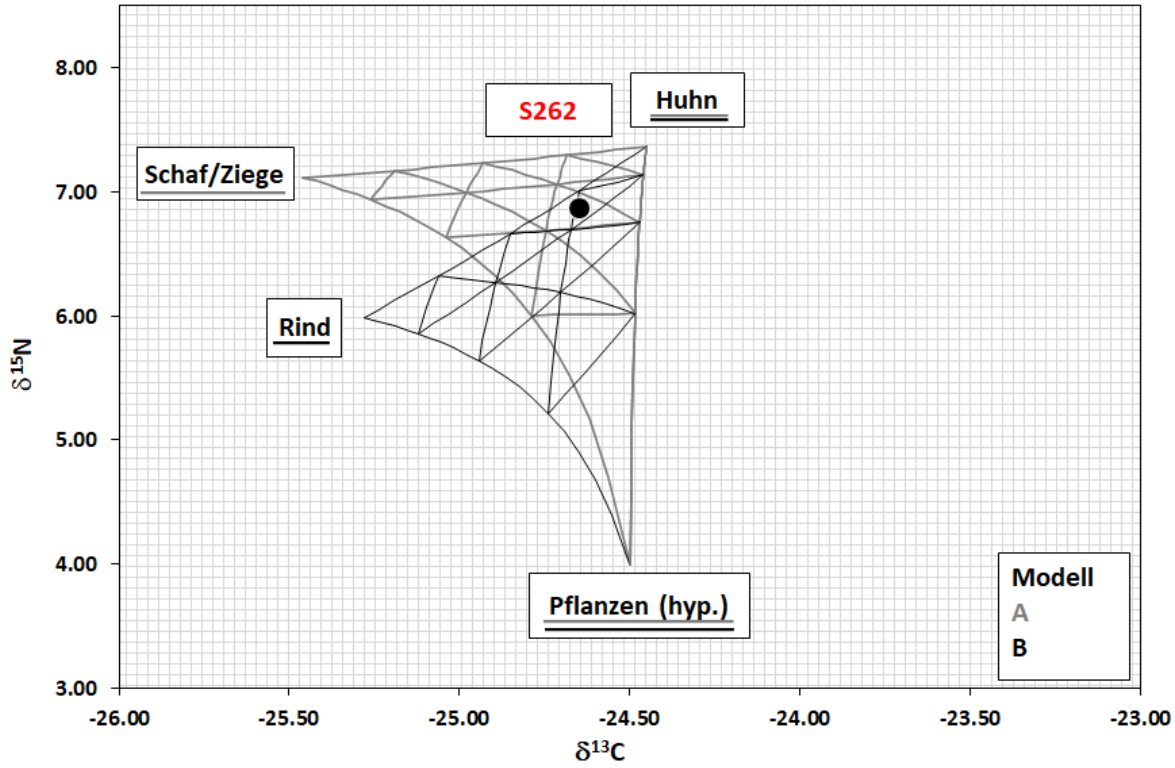


Abbildung 1445: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 262. Erstellt mit IsoConc.

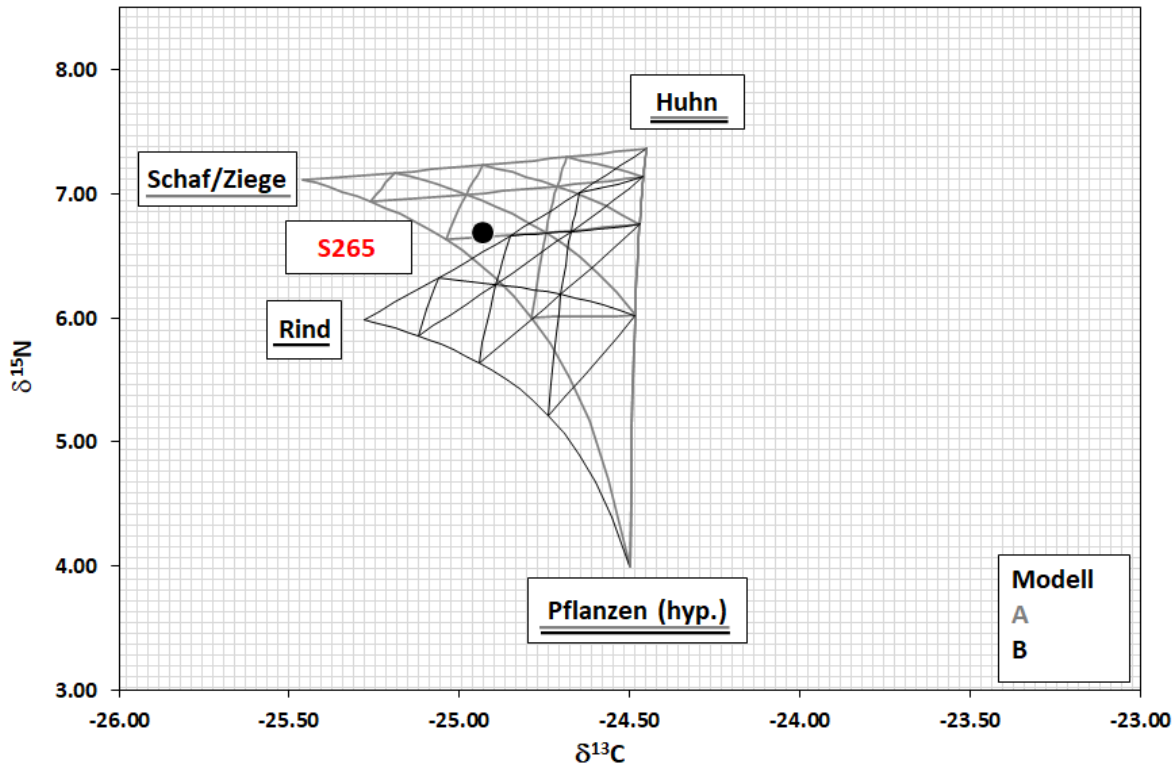


Abbildung 1446: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 265. Erstellt mit IsoConc.

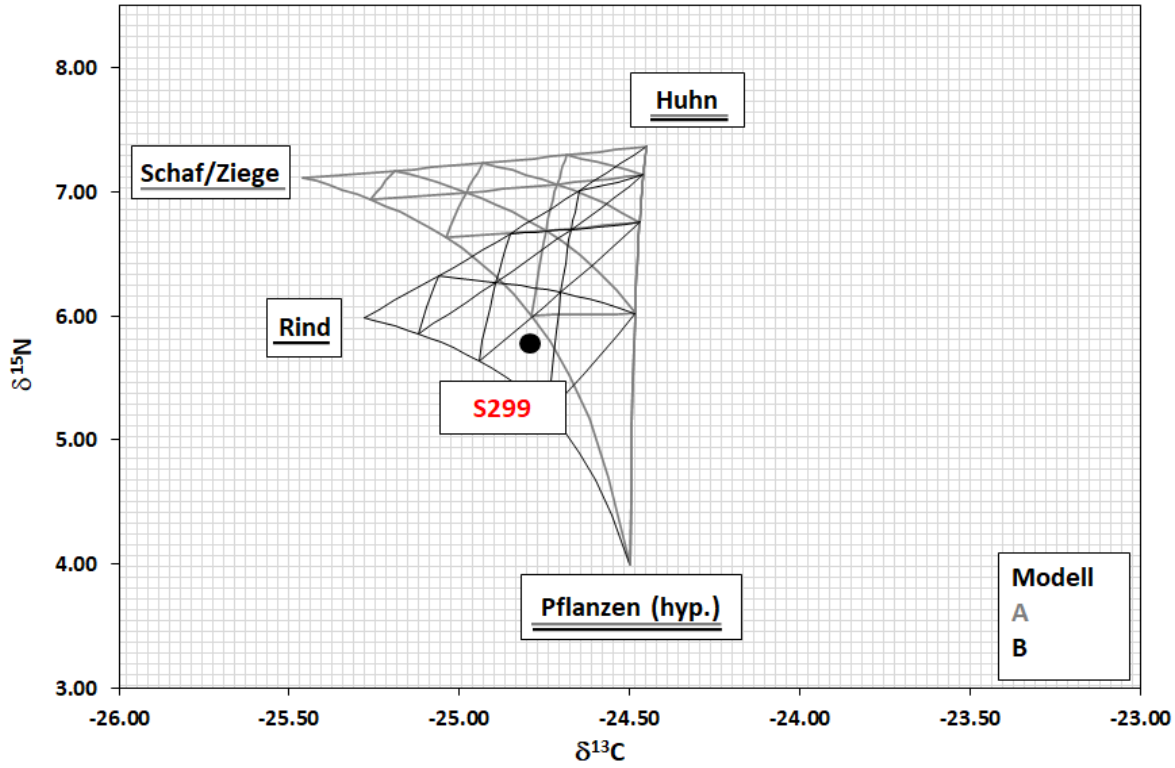


Abbildung 1447: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 299. Erstellt mit IsoConc.

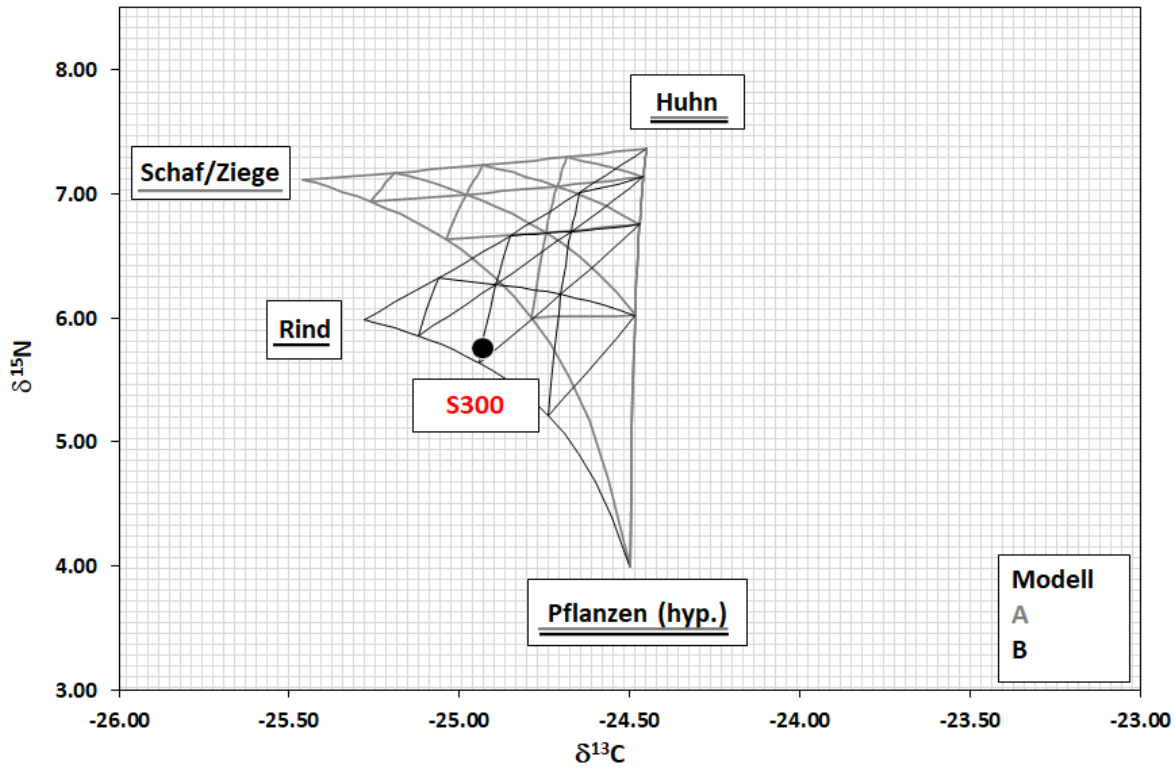


Abbildung 1448: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 300. Erstellt mit IsoConc.

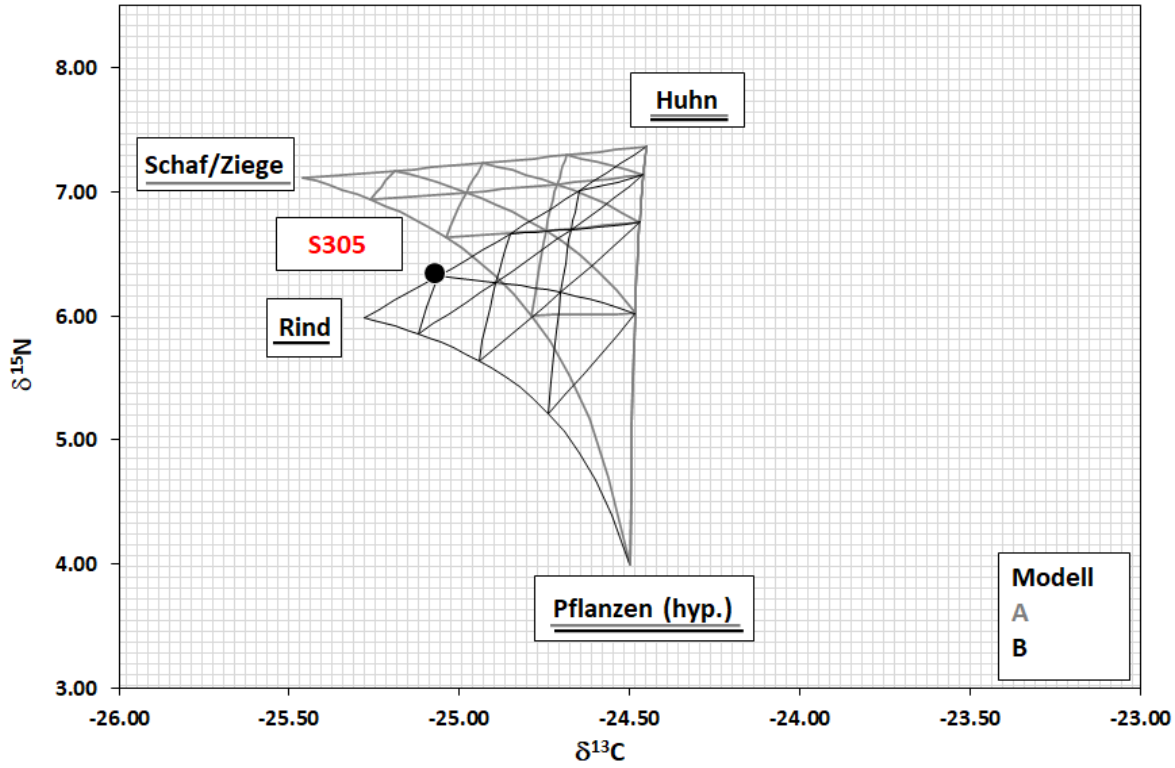


Abbildung 1449: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 305. Erstellt mit IsoConc.

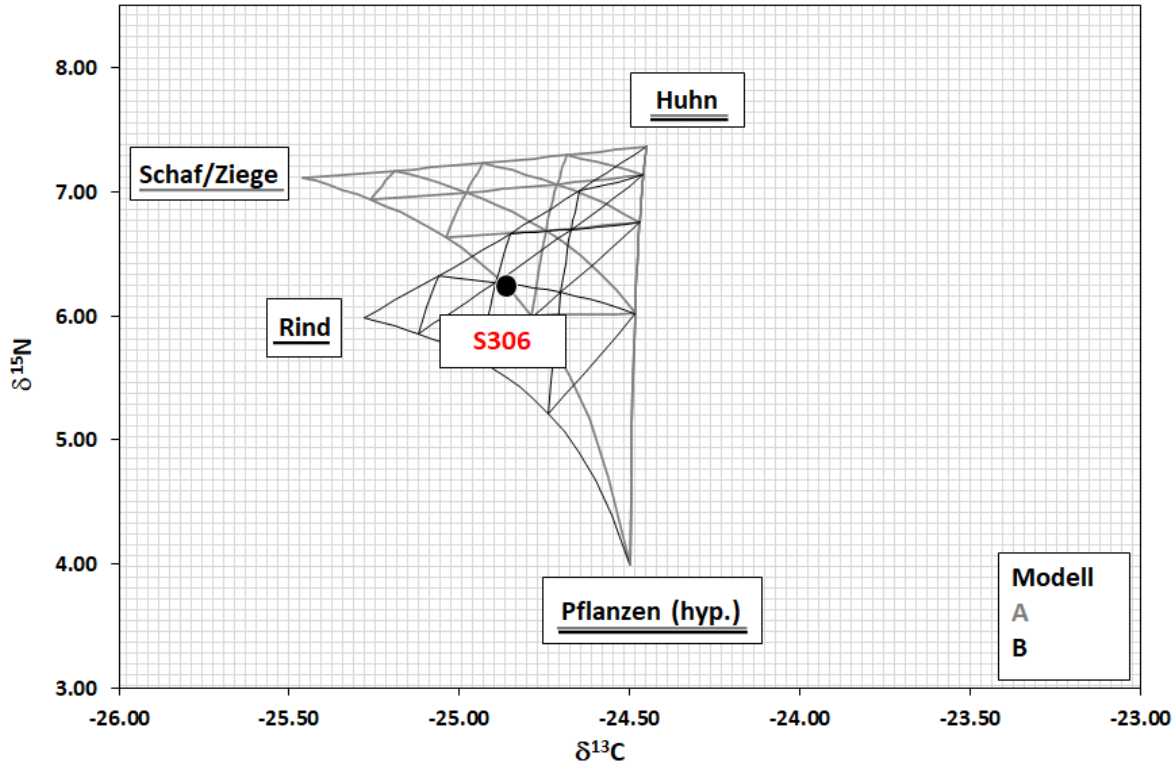


Abbildung 1450: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 306. Erstellt mit IsoConc.

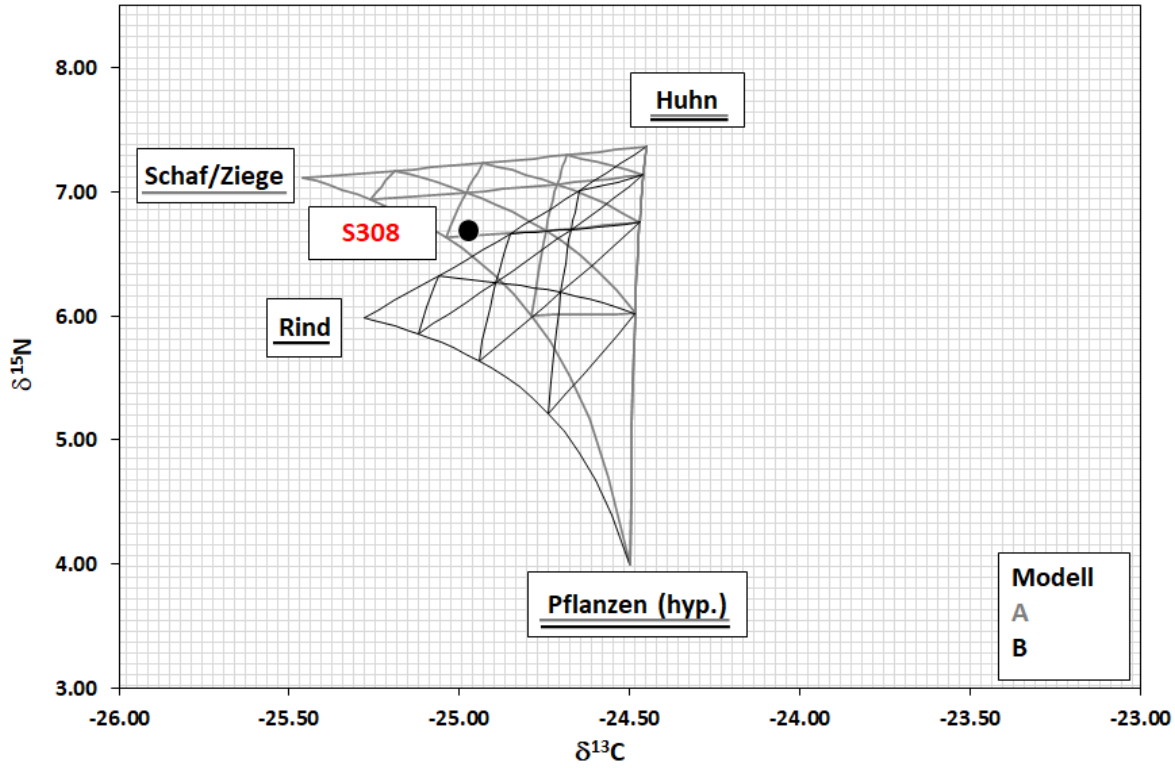


Abbildung 1451: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 308. Erstellt mit IsoConc.

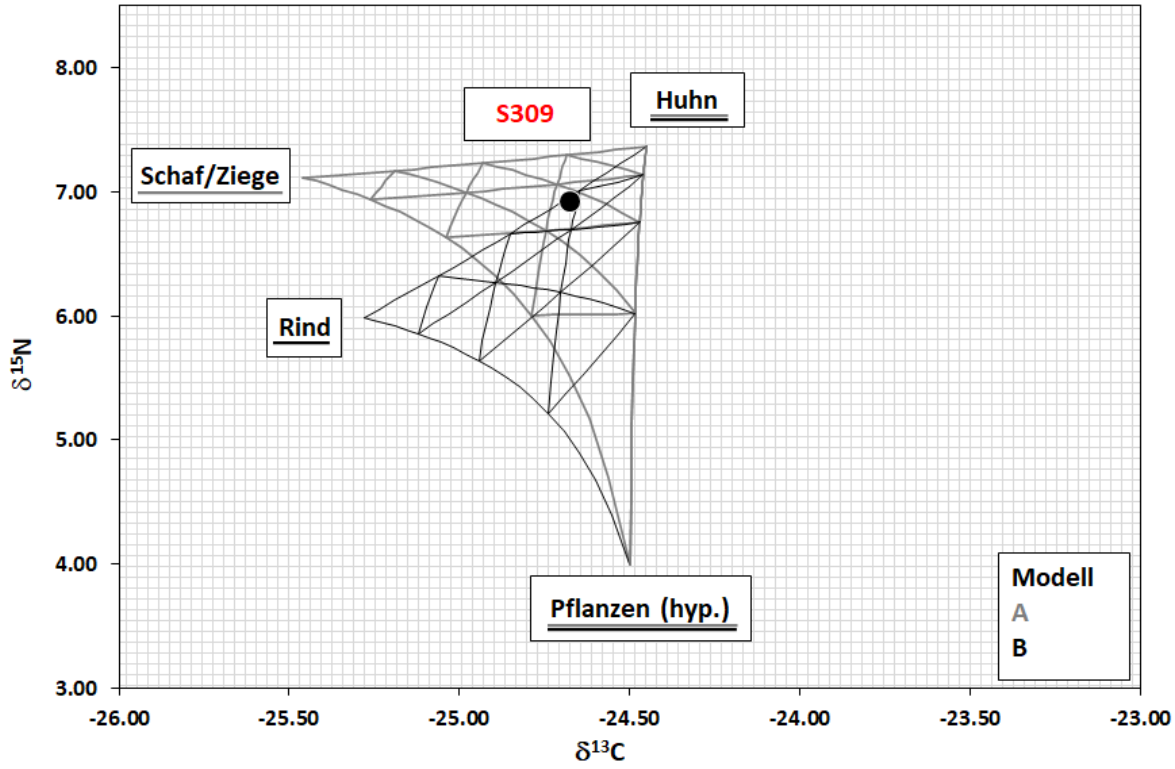


Abbildung 1452: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 309. Erstellt mit IsoConc.

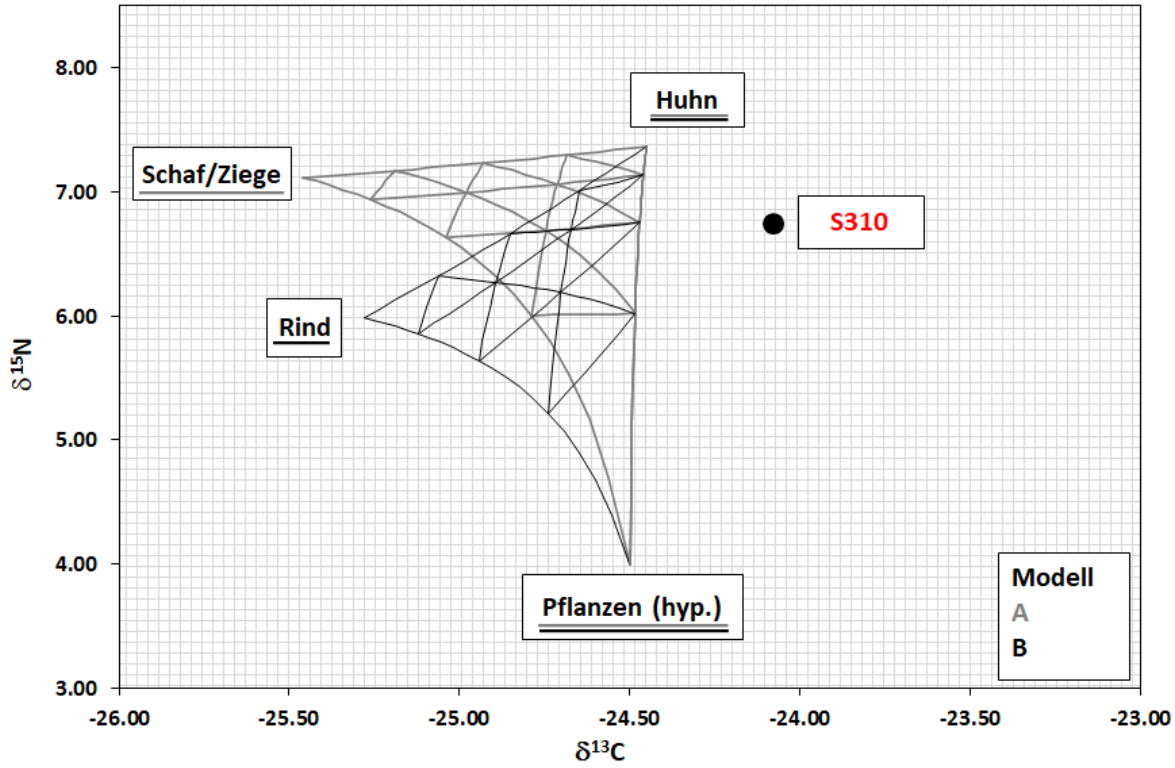


Abbildung 1453: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 310. Erstellt mit IsoConc.

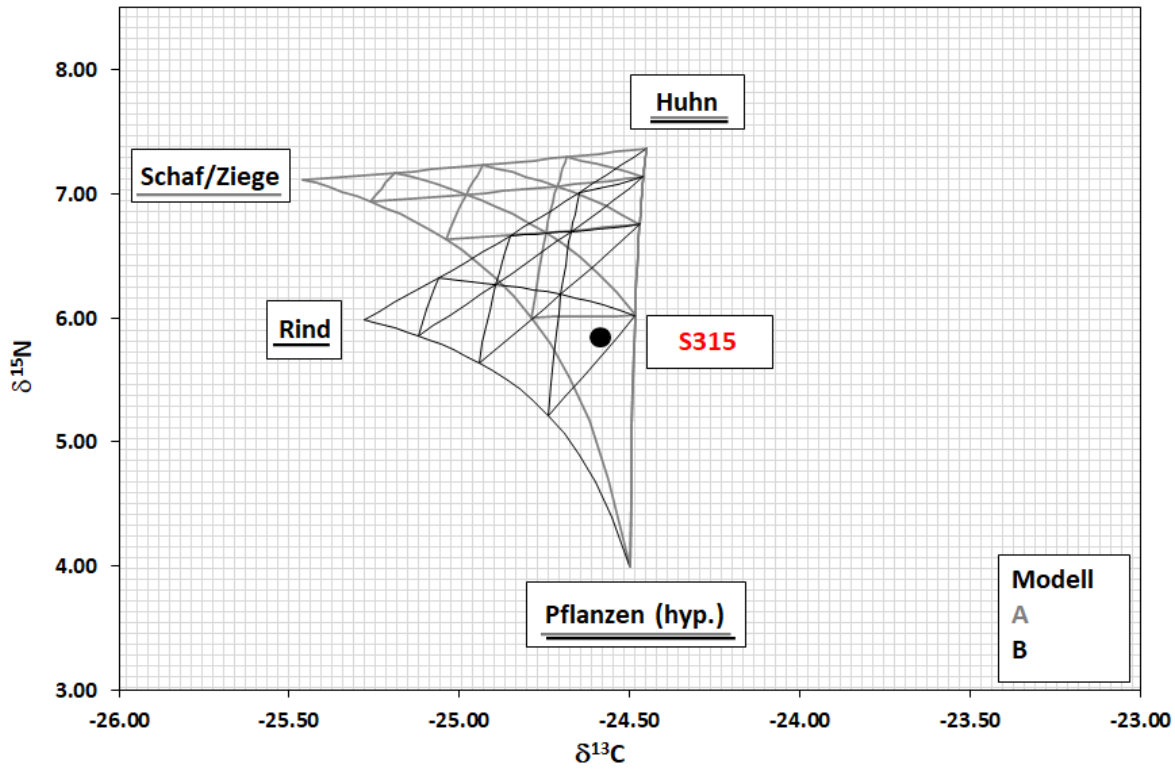


Abbildung 1454: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 315. Erstellt mit IsoConc.

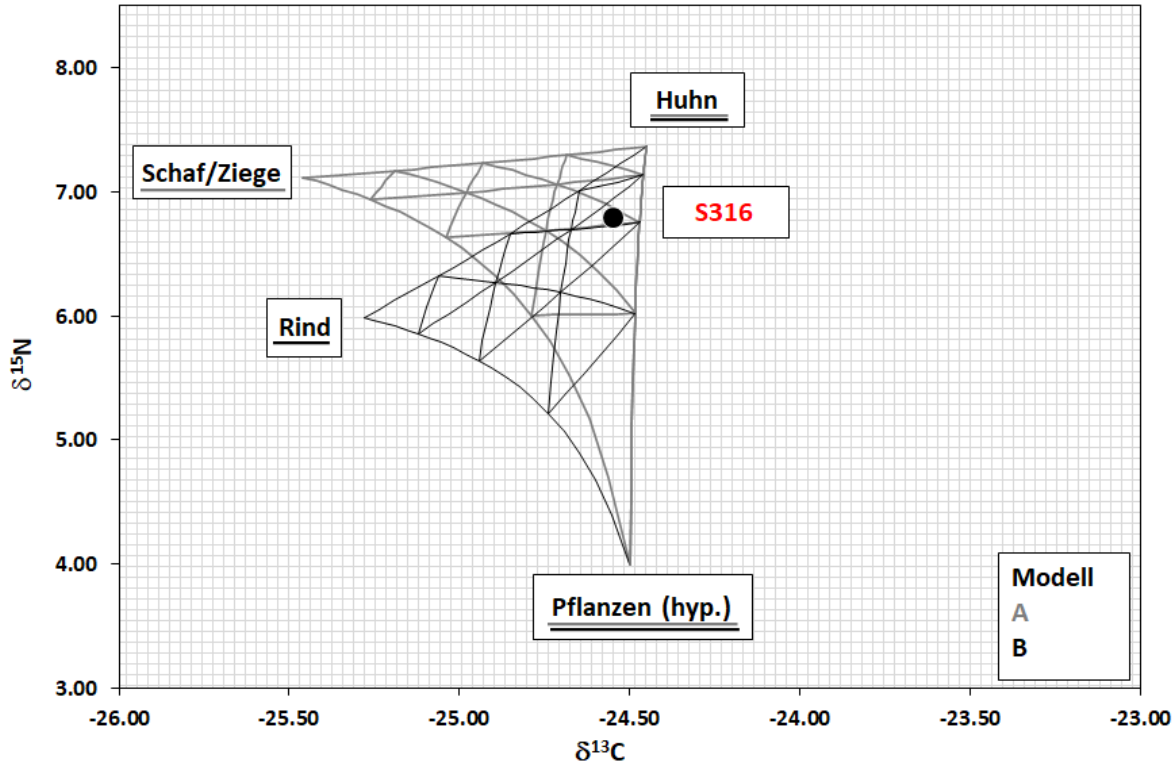


Abbildung 1455: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 316. Erstellt mit IsoConc.

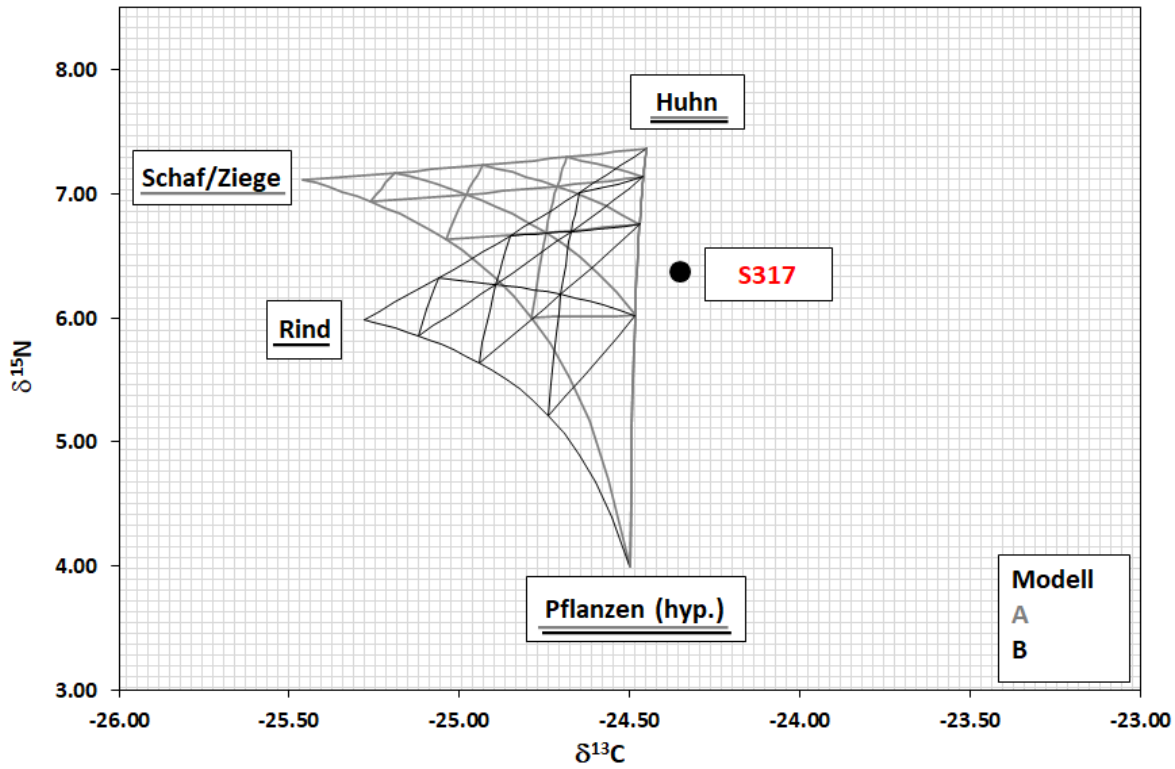


Abbildung 1456: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 317. Erstellt mit IsoConc.

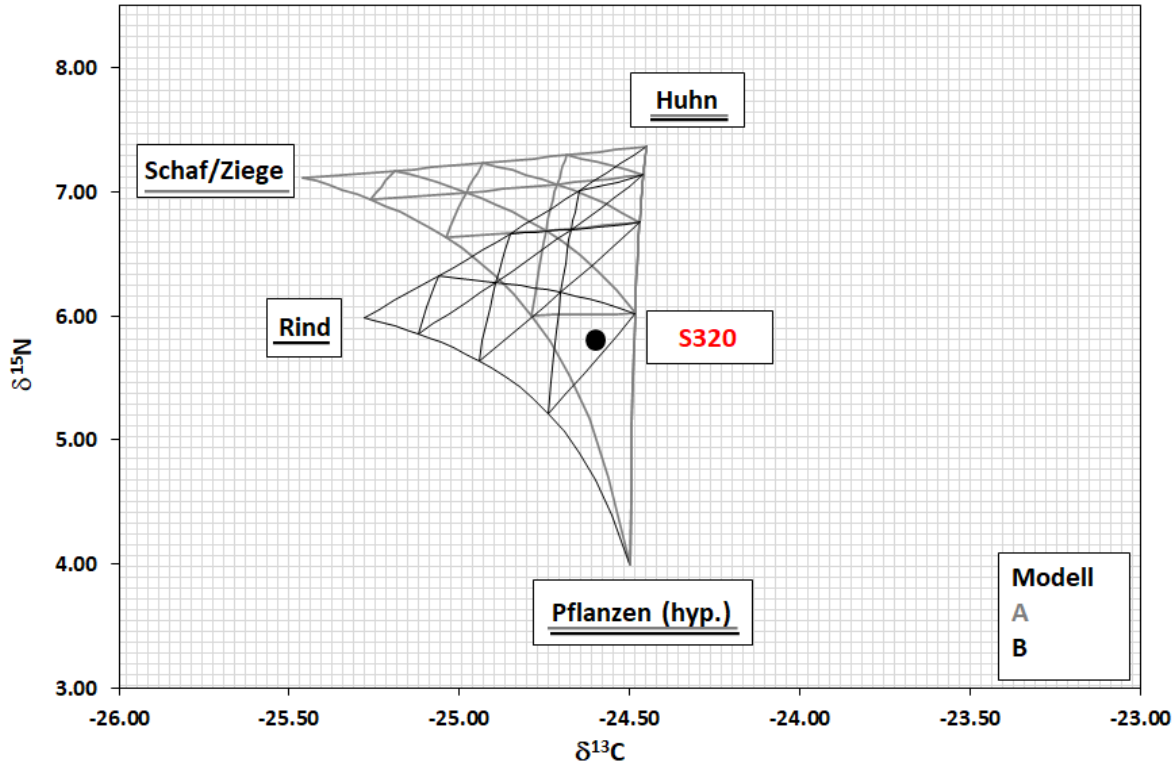


Abbildung 1457: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 320. Erstellt mit IsoConc.

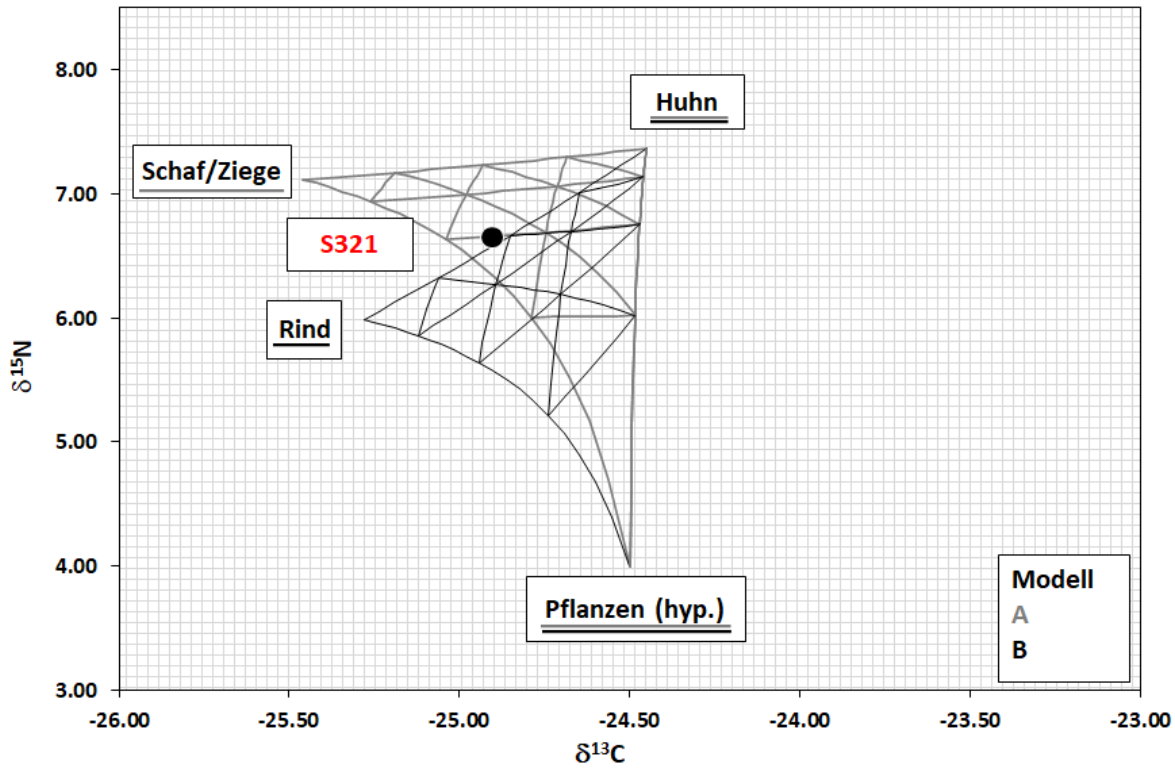


Abbildung 1458: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 321. Erstellt mit IsoConc.

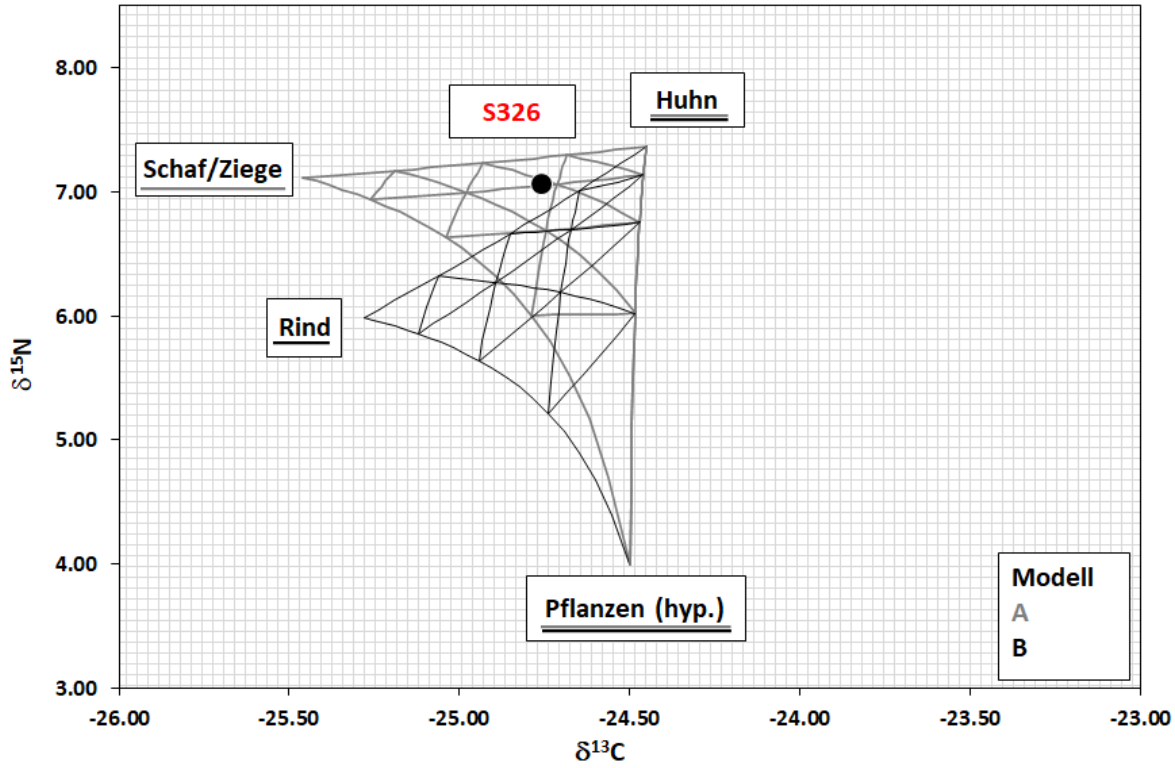


Abbildung 1459: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit IsoConc.

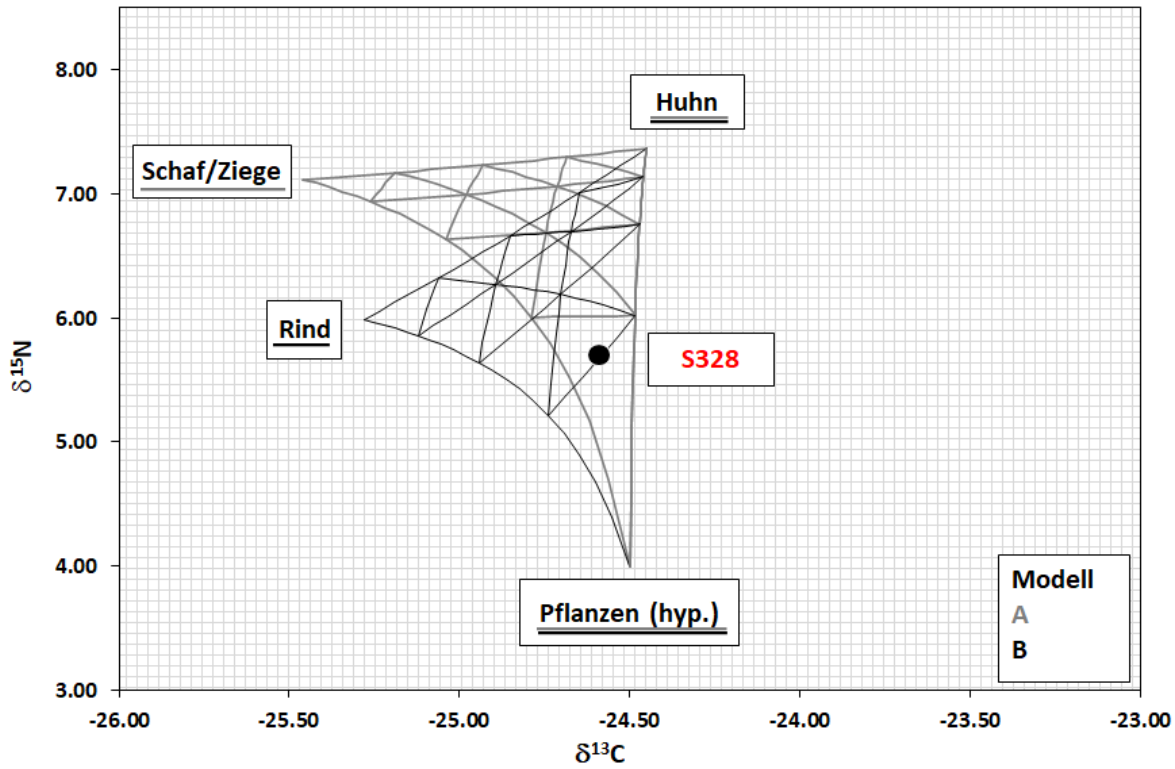


Abbildung 1460: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 328. Erstellt mit IsoConc.

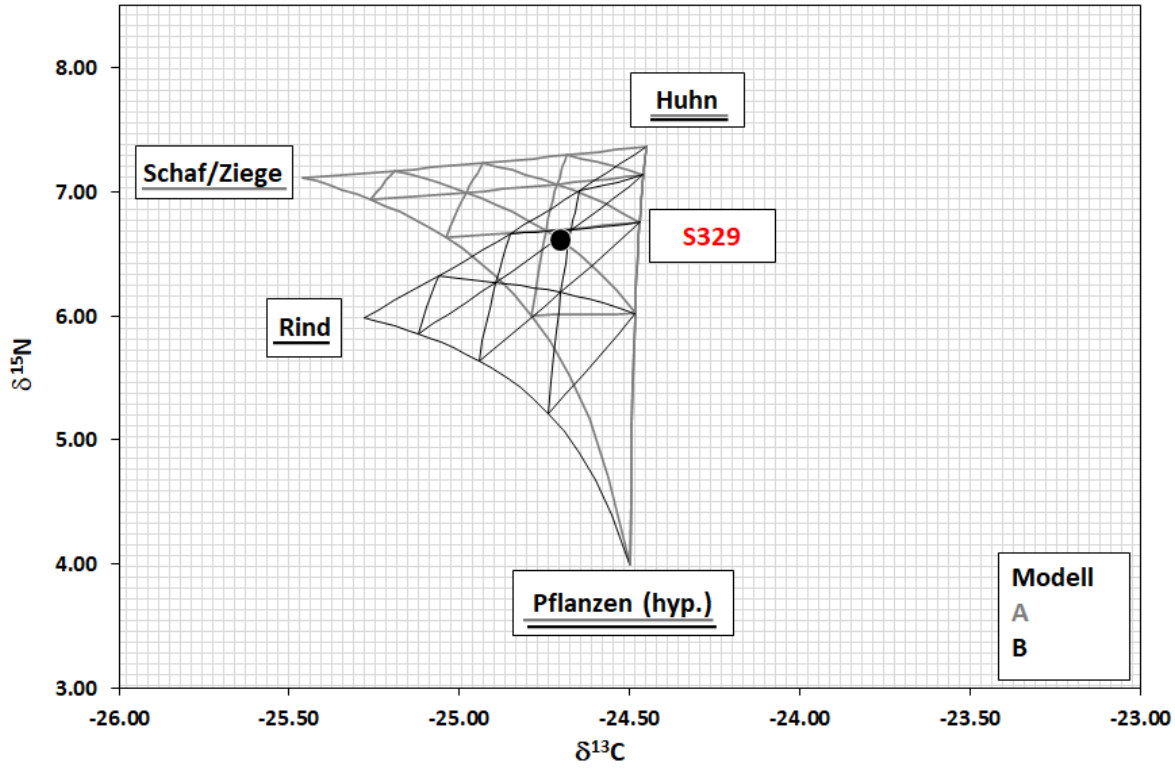


Abbildung 1461: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 329. Erstellt mit IsoConc.

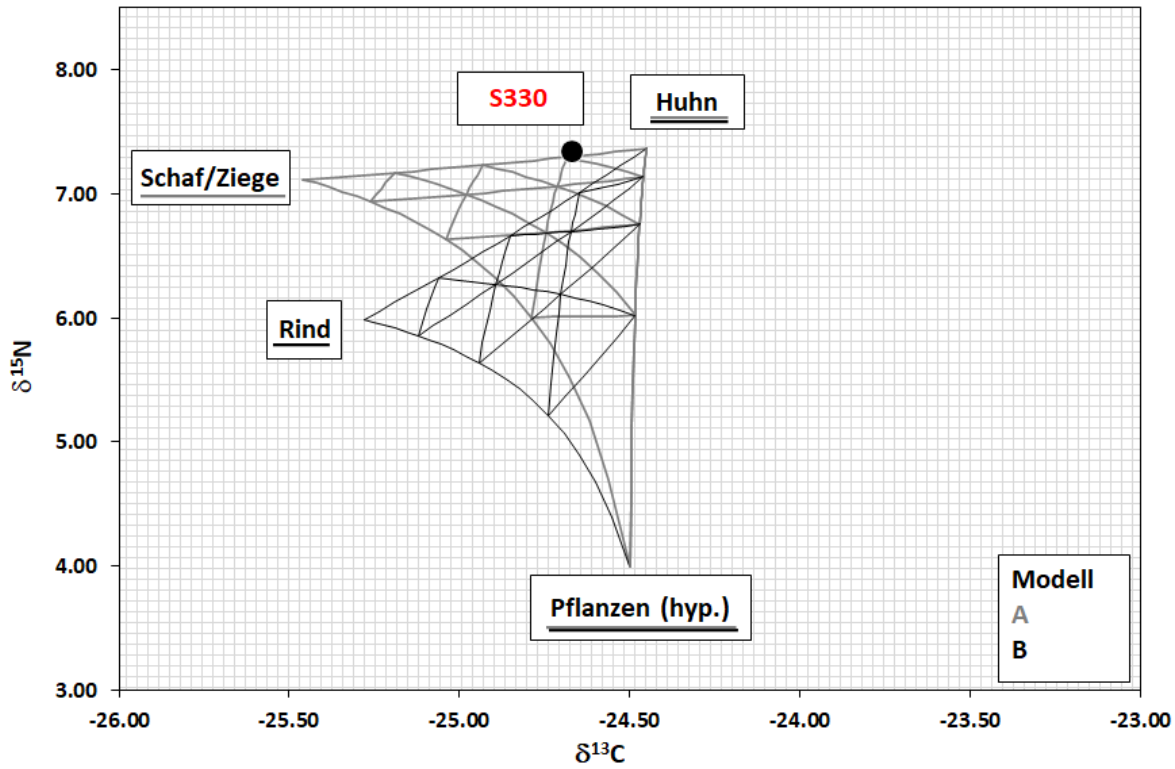


Abbildung 1462: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 330. Erstellt mit IsoConc.

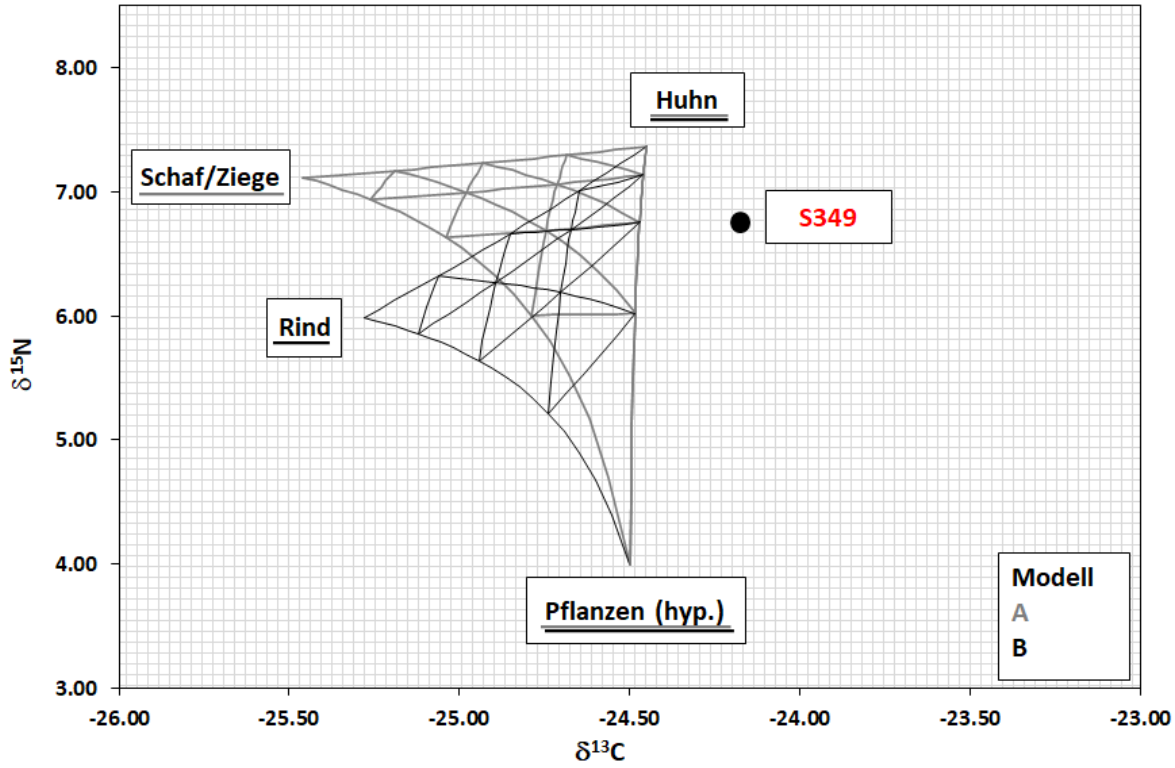


Abbildung 1463: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 349. Erstellt mit IsoConc.

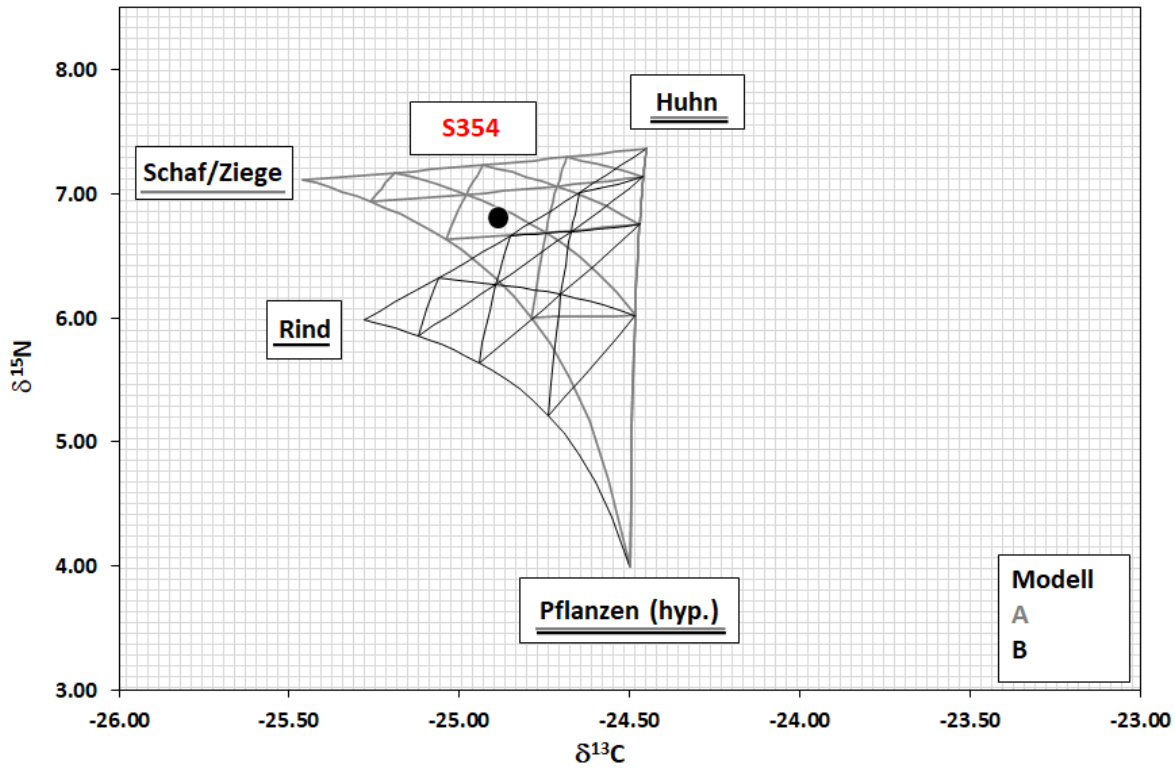


Abbildung 1464: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 354. Erstellt mit IsoConc.

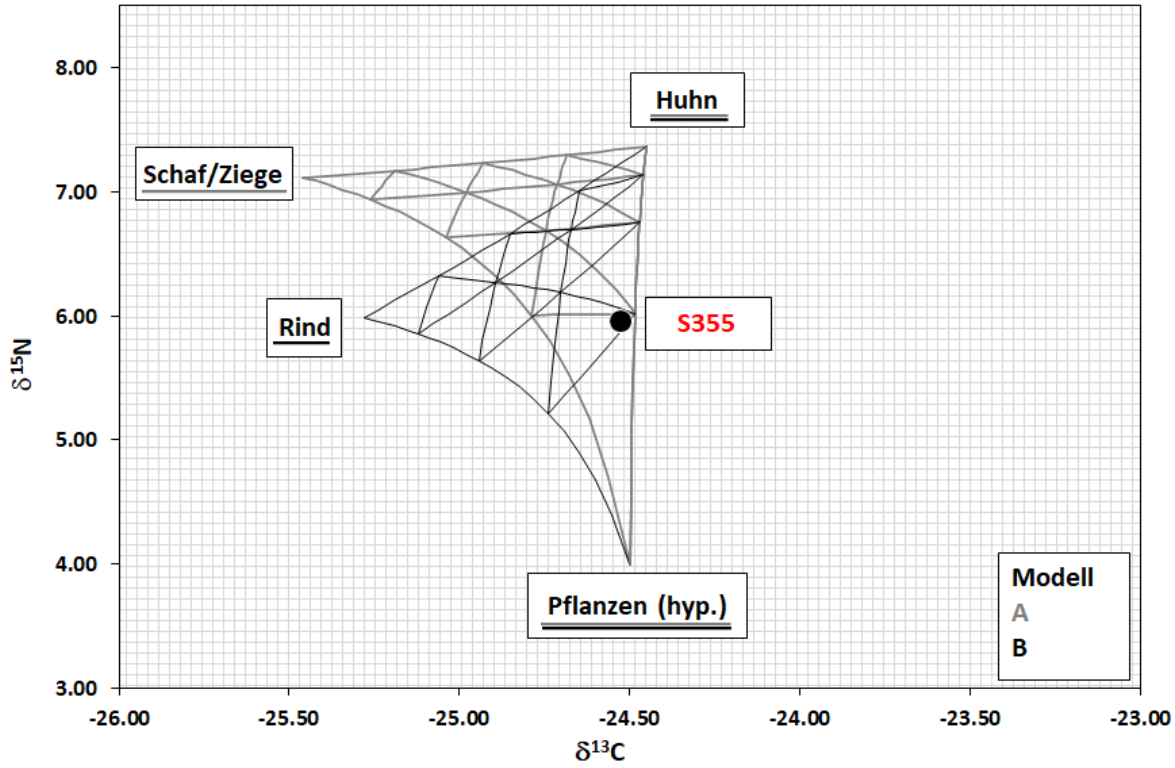


Abbildung 1465: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 355. Erstellt mit IsoConc.

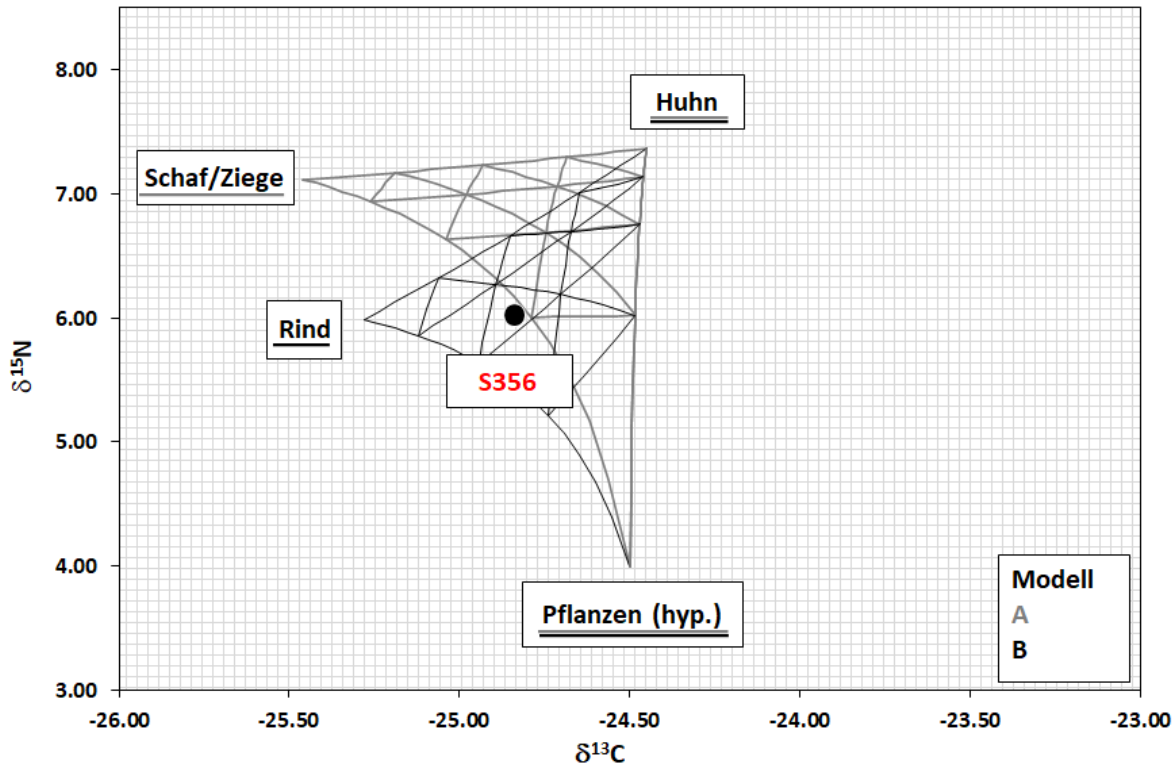


Abbildung 1466: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 356. Erstellt mit IsoConc.

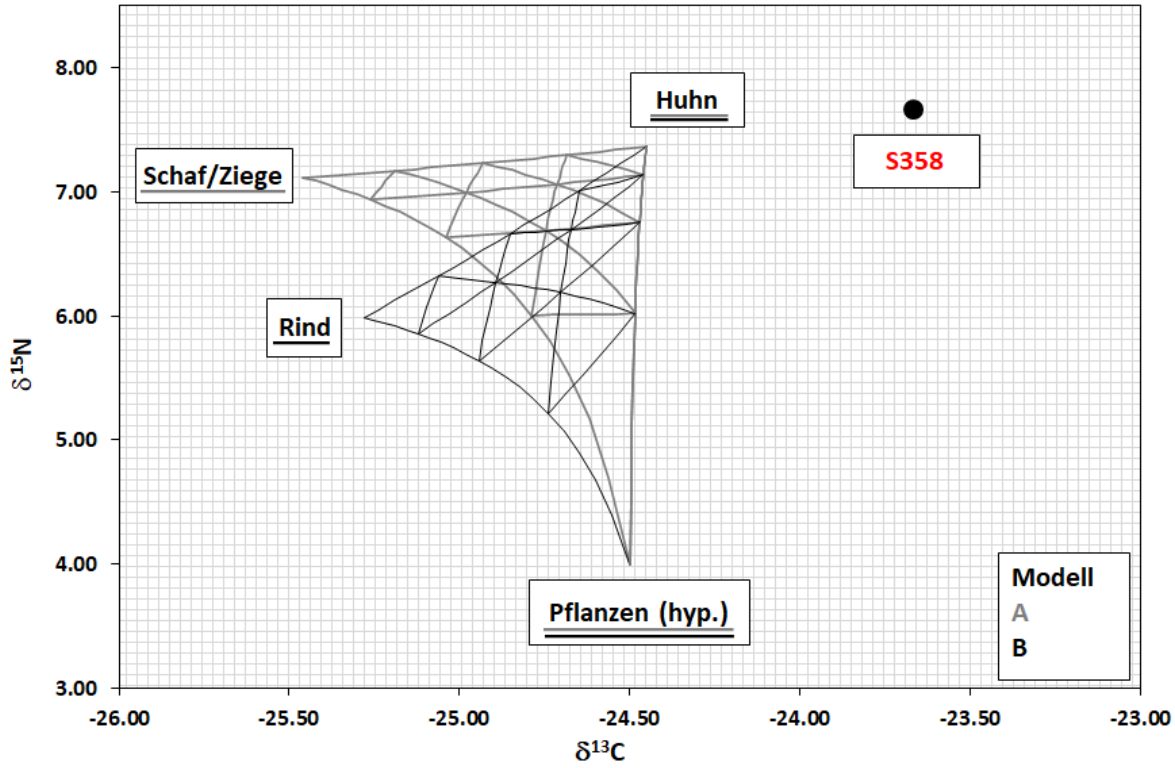


Abbildung 1467: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 358. Erstellt mit IsoConc.

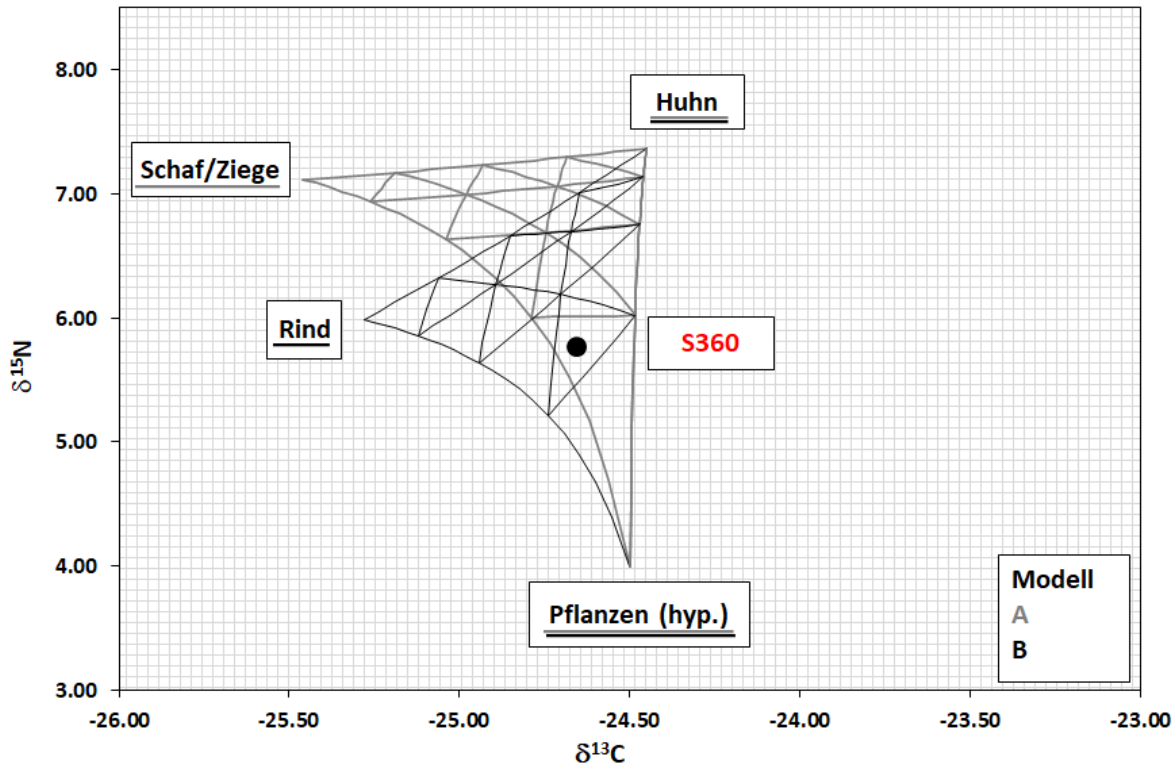


Abbildung 1468: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 360. Erstellt mit IsoConc.

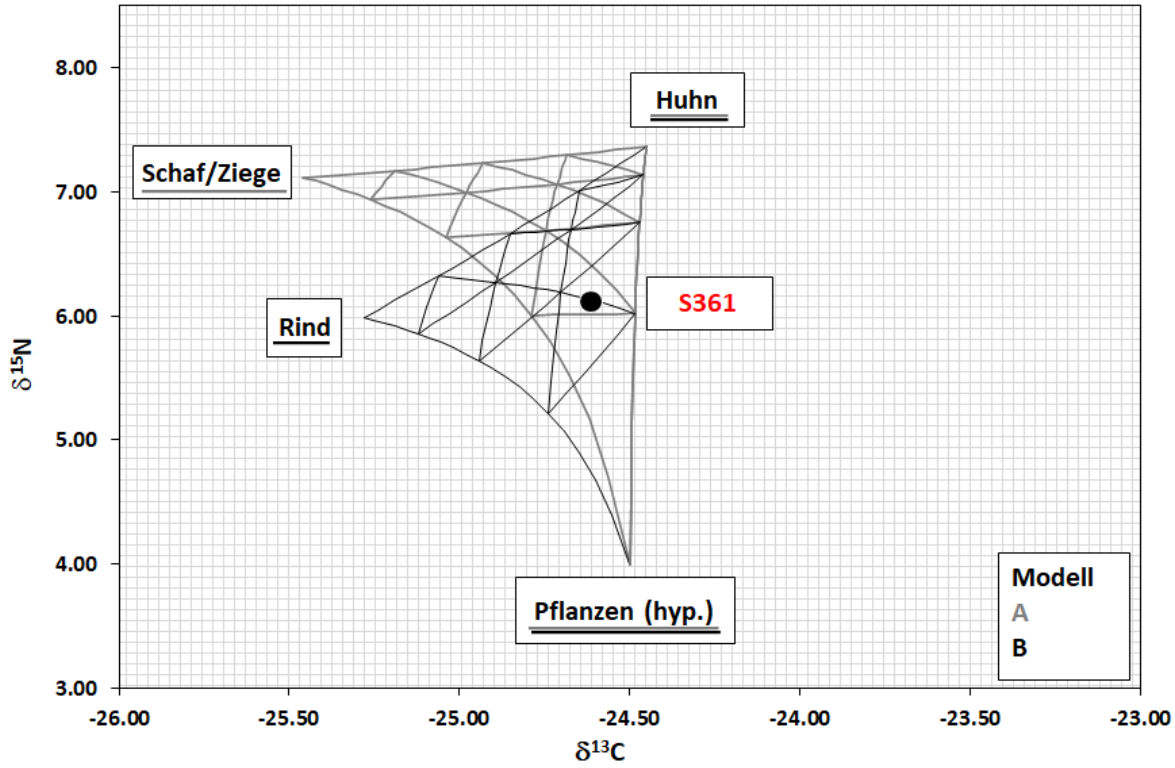


Abbildung 1469: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 361. Erstellt mit IsoConc.

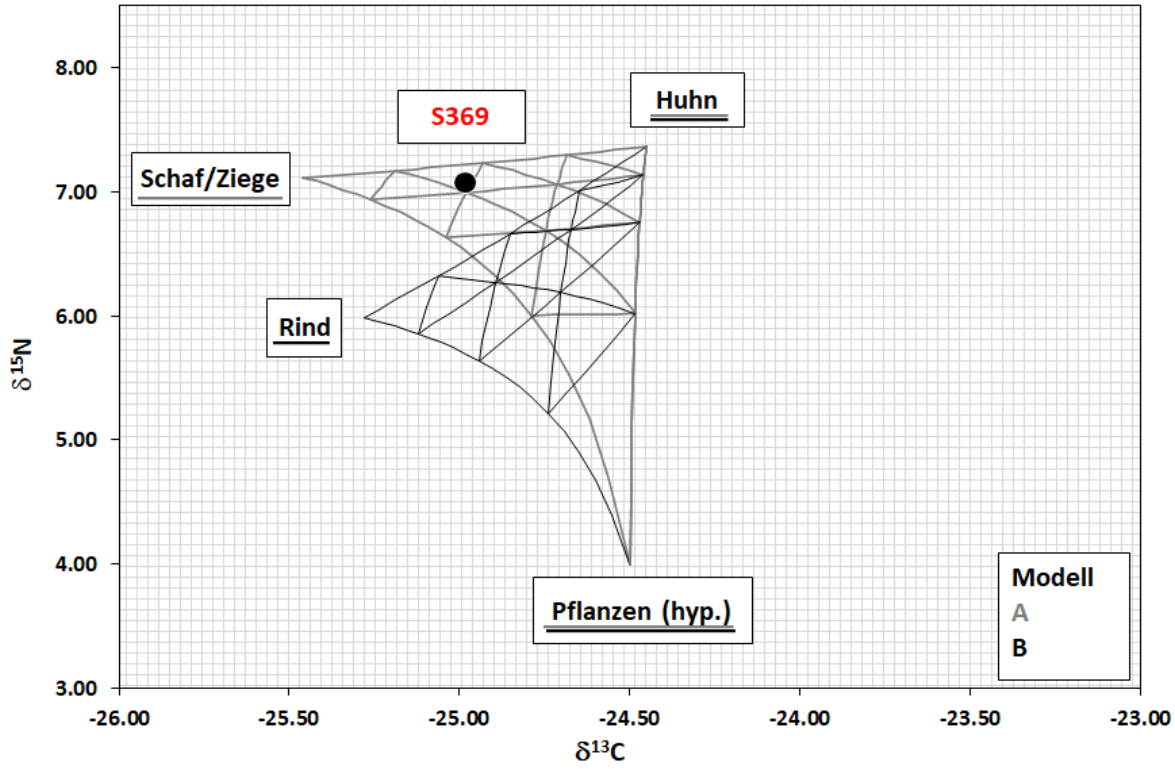


Abbildung 1470: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 369. Erstellt mit IsoConc.

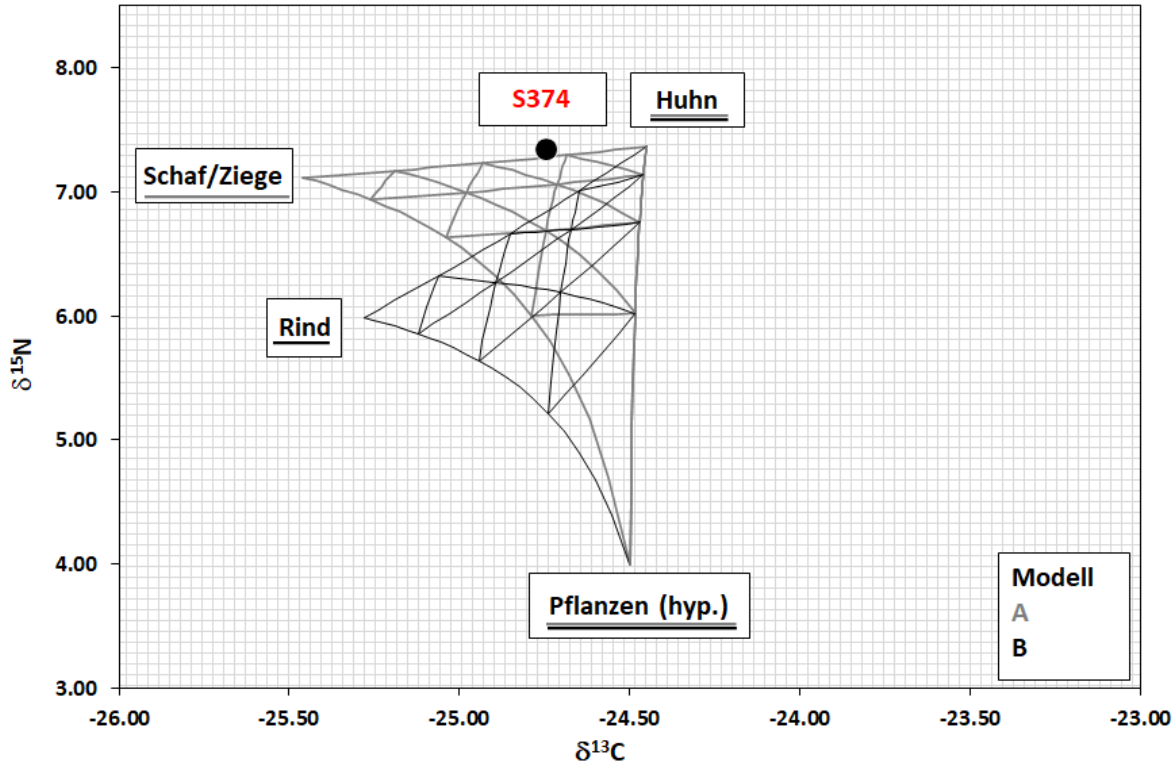


Abbildung 1471: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 374. Erstellt mit IsoConc.

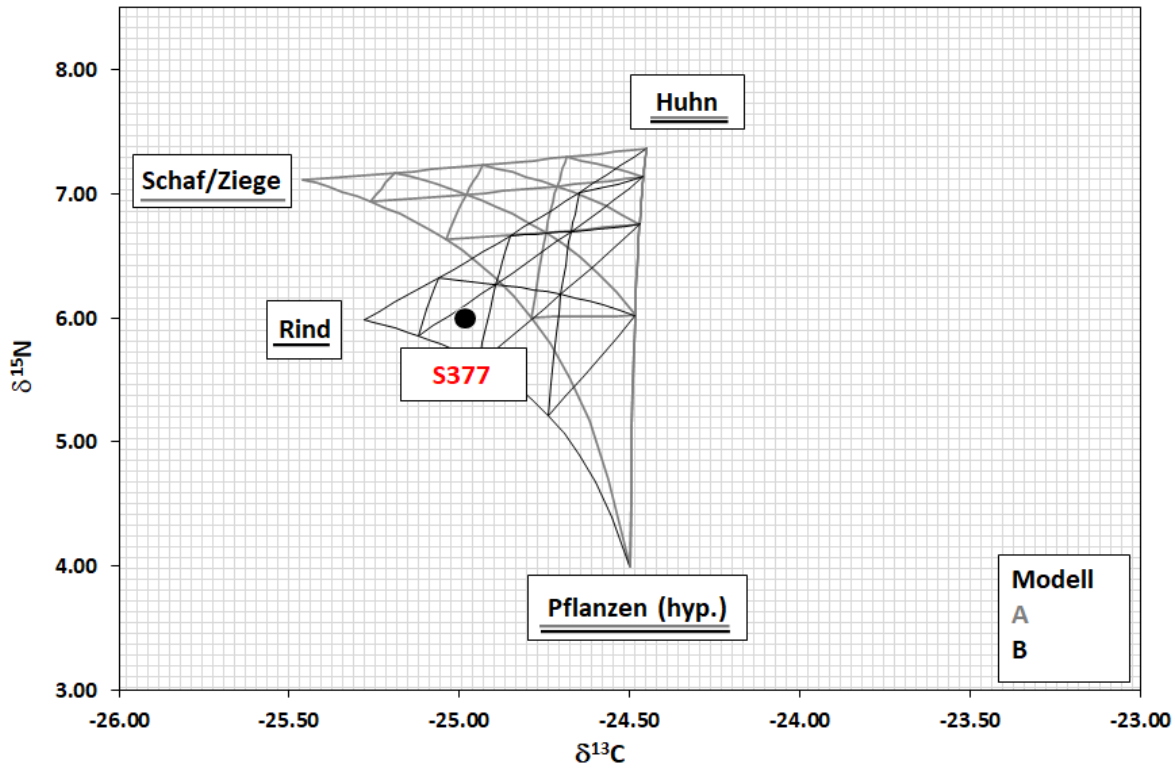


Abbildung 1472: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 377. Erstellt mit IsoConc.

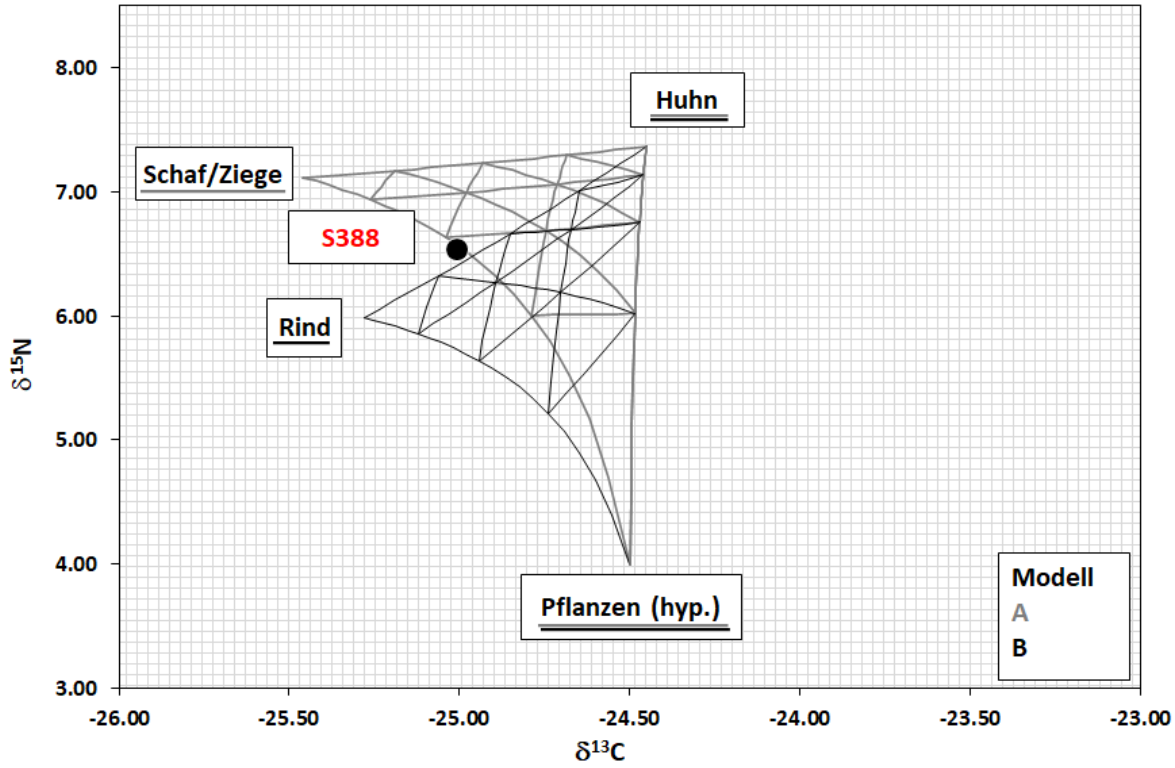


Abbildung 1473: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 388. Erstellt mit IsoConc.

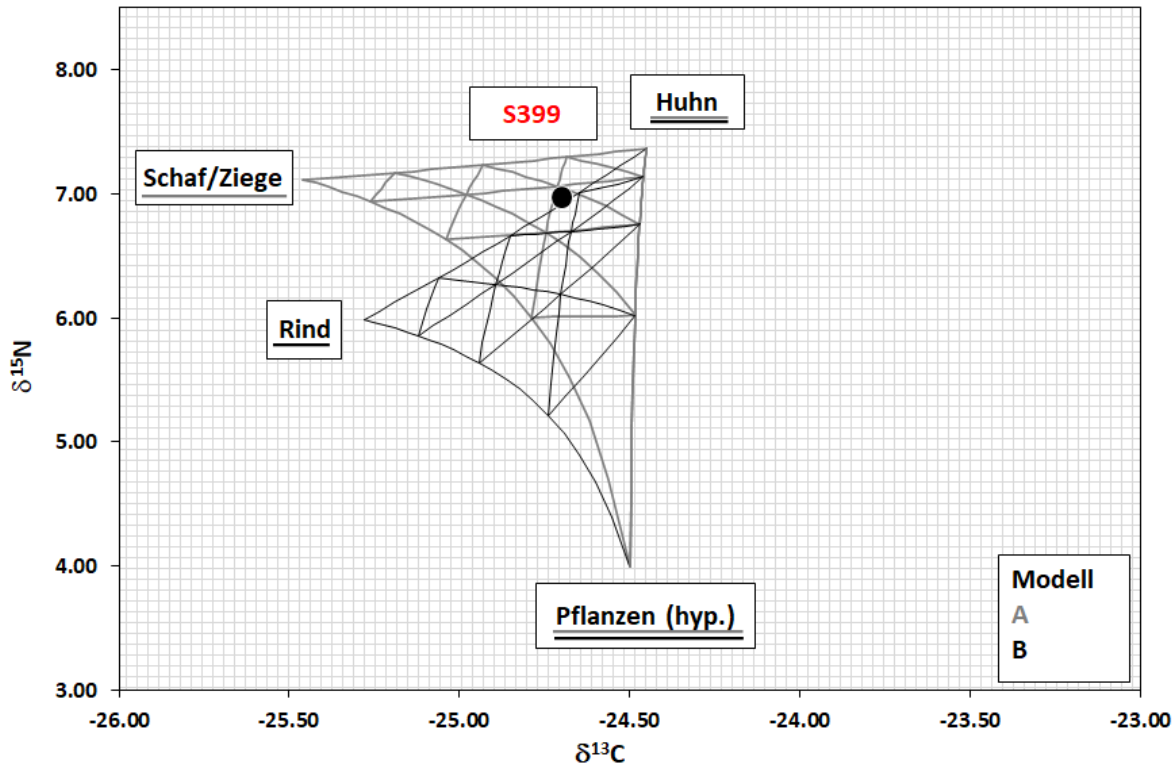


Abbildung 1474: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 399. Erstellt mit IsoConc.

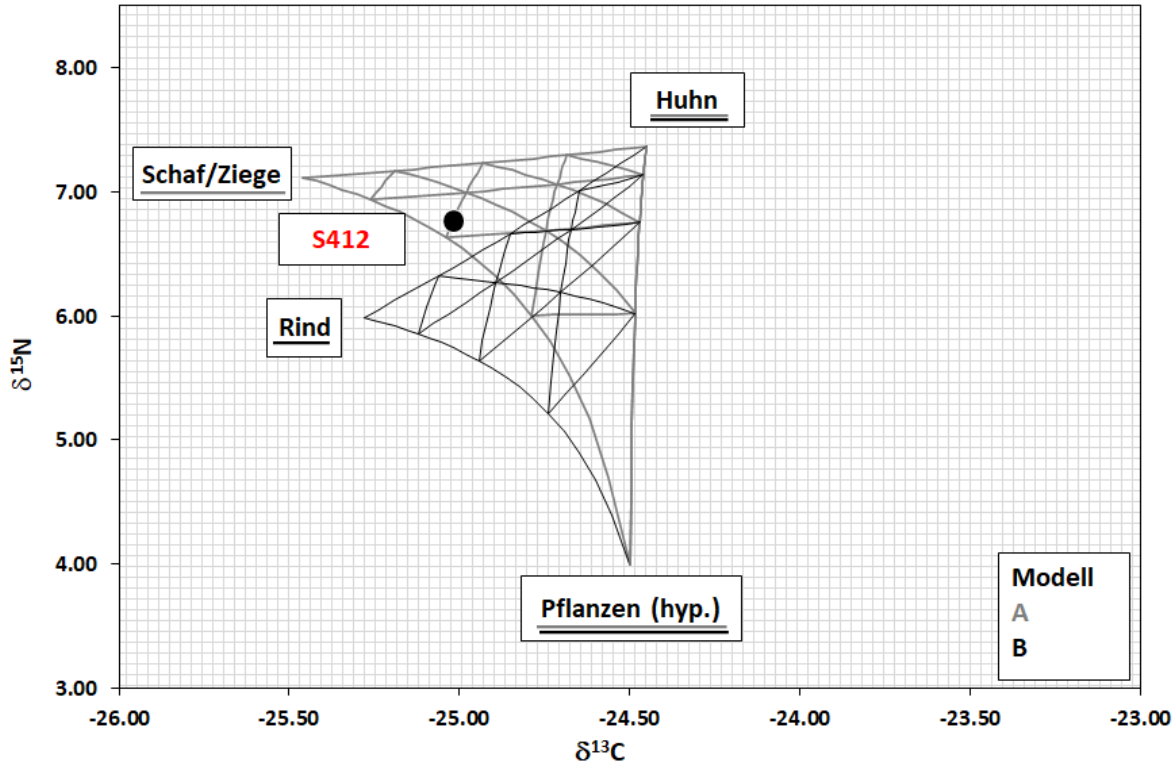


Abbildung 1475: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 412. Erstellt mit IsoConc.

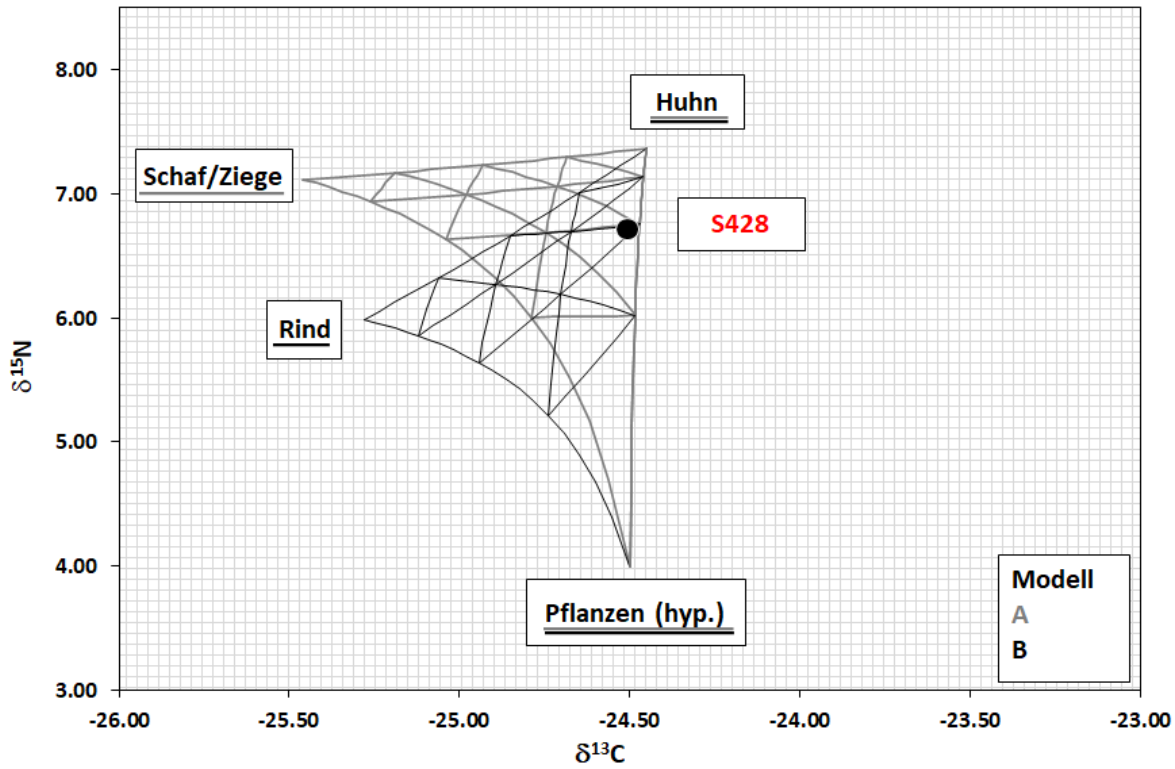


Abbildung 1476: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 428. Erstellt mit IsoConc.

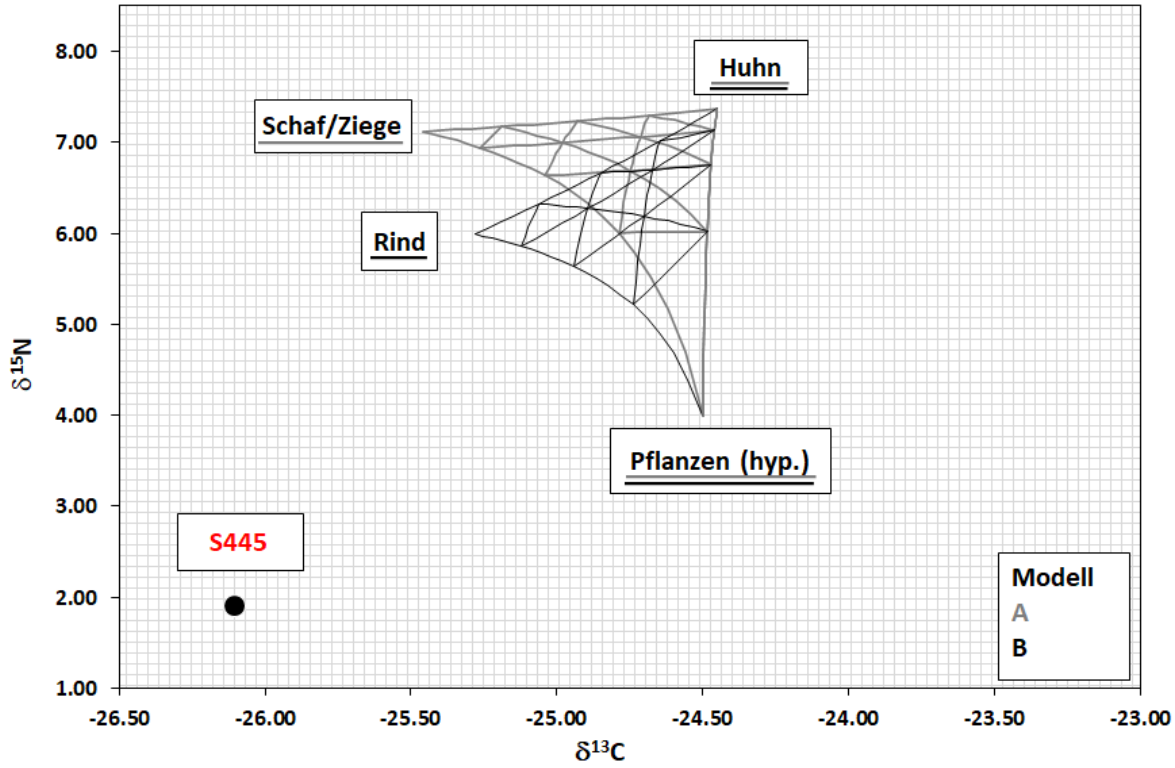


Abbildung 1477: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 445. Erstellt mit IsoConc.

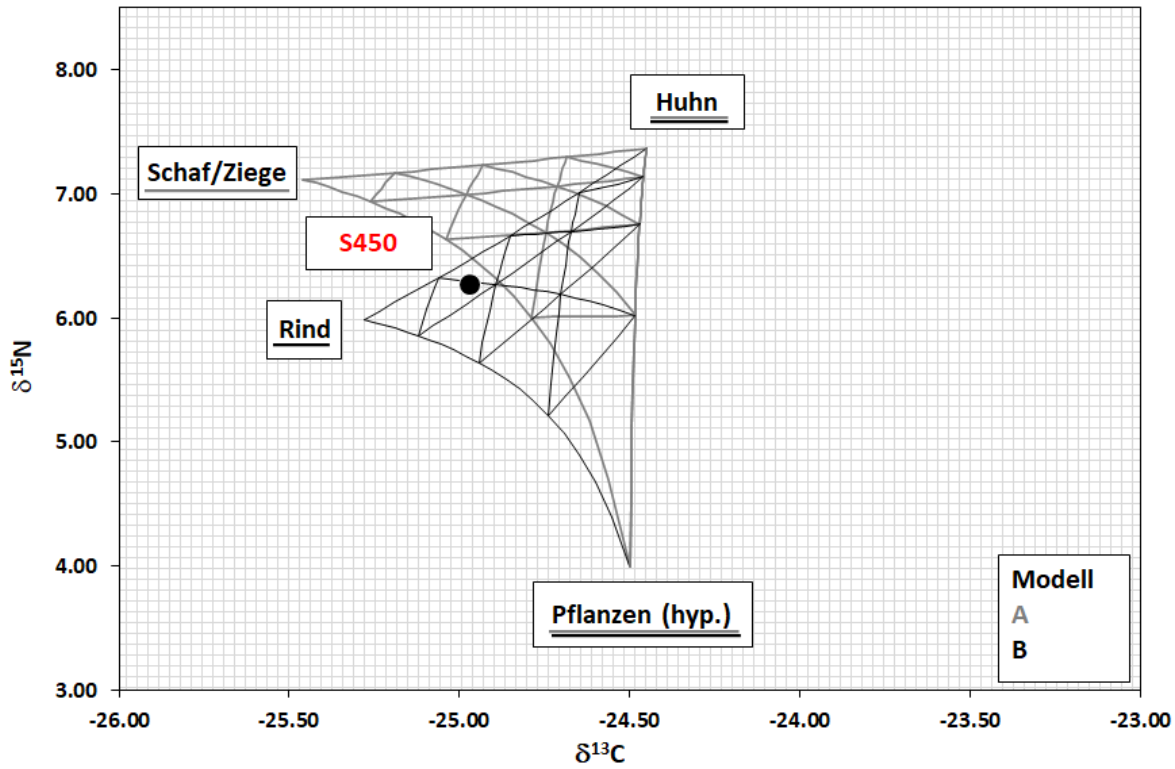


Abbildung 1478: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 450. Erstellt mit IsoConc.

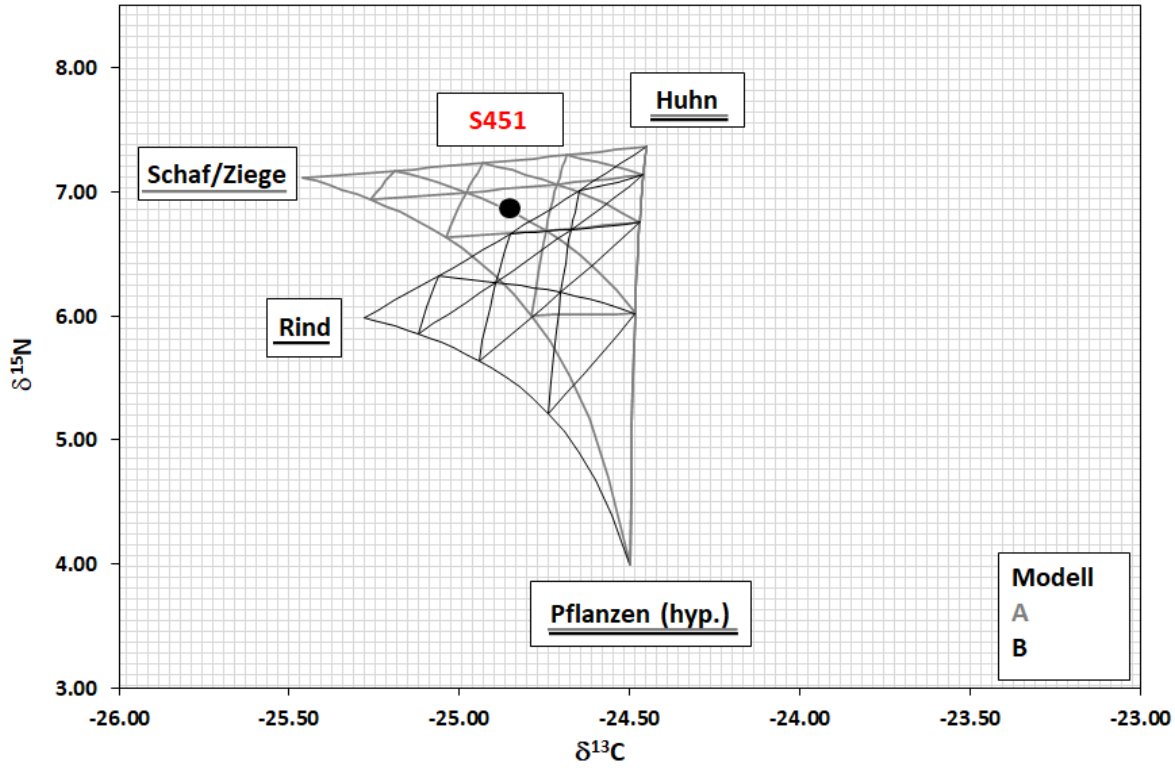


Abbildung 1479: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 451. Erstellt mit IsoConc.

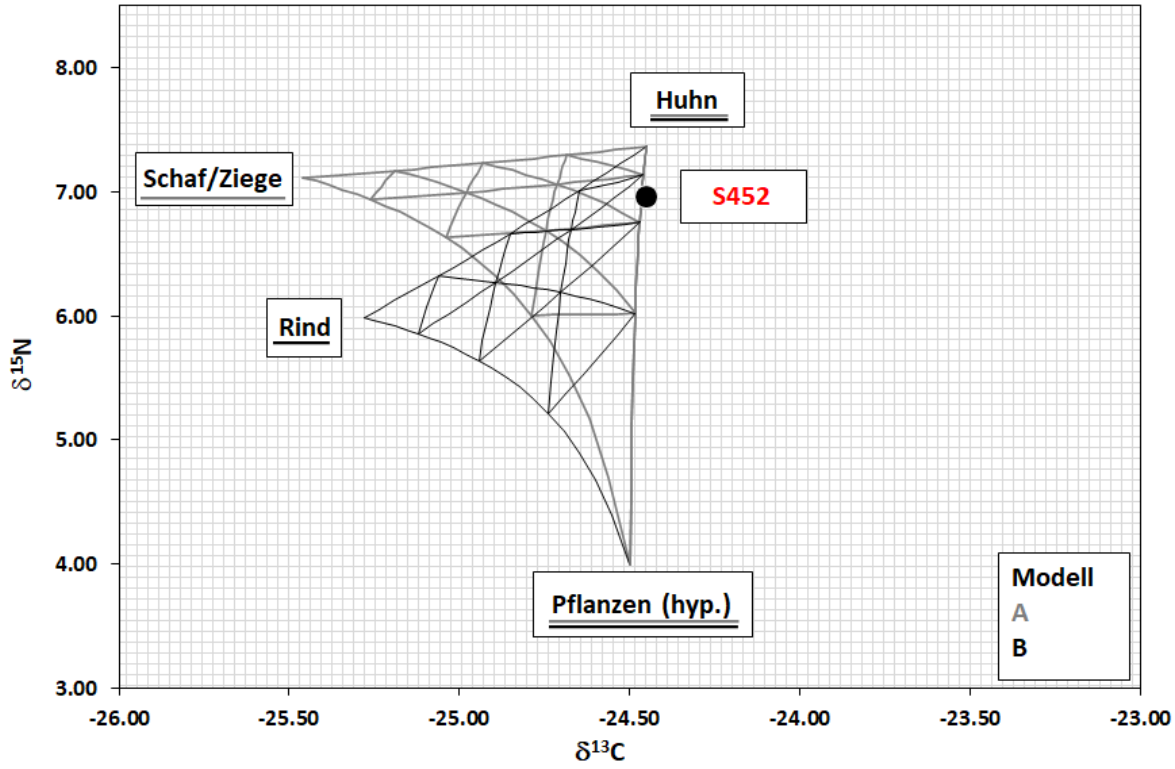


Abbildung 1480: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 452. Erstellt mit IsoConc.

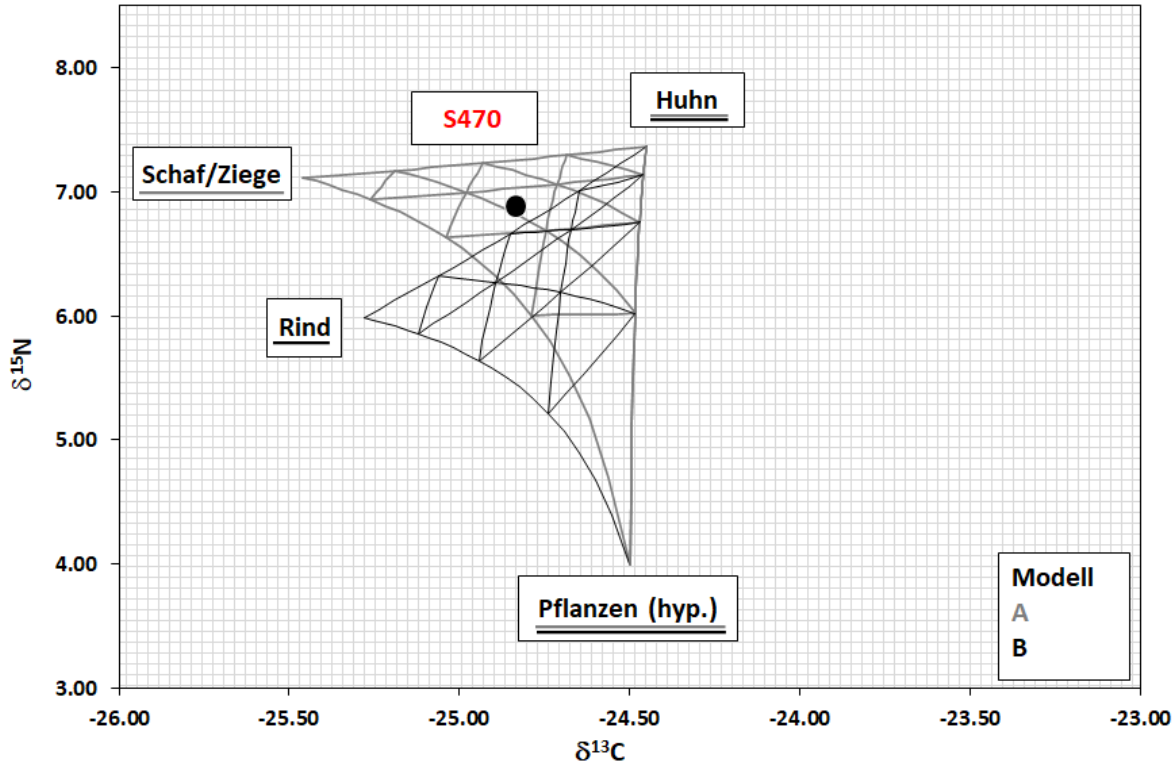


Abbildung 1481: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 470. Erstellt mit IsoConc.

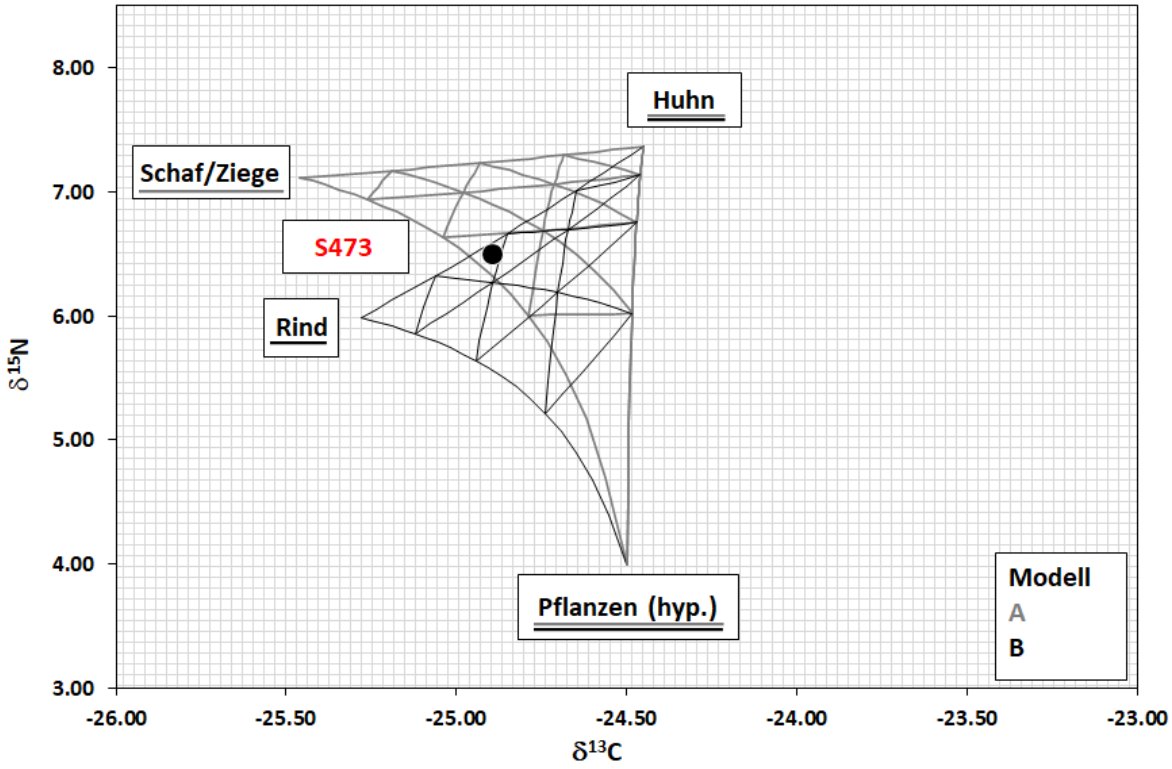


Abbildung 1482: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 473. Erstellt mit IsoConc.

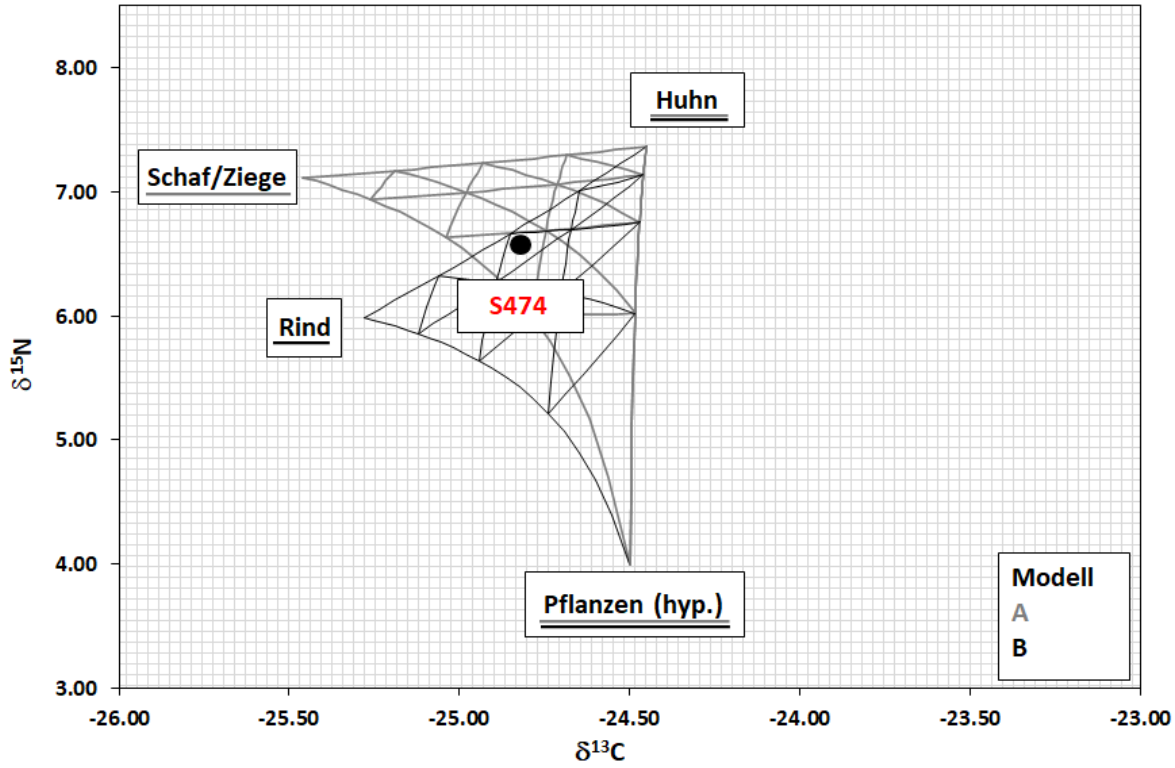


Abbildung 1483: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 474. Erstellt mit IsoConc.

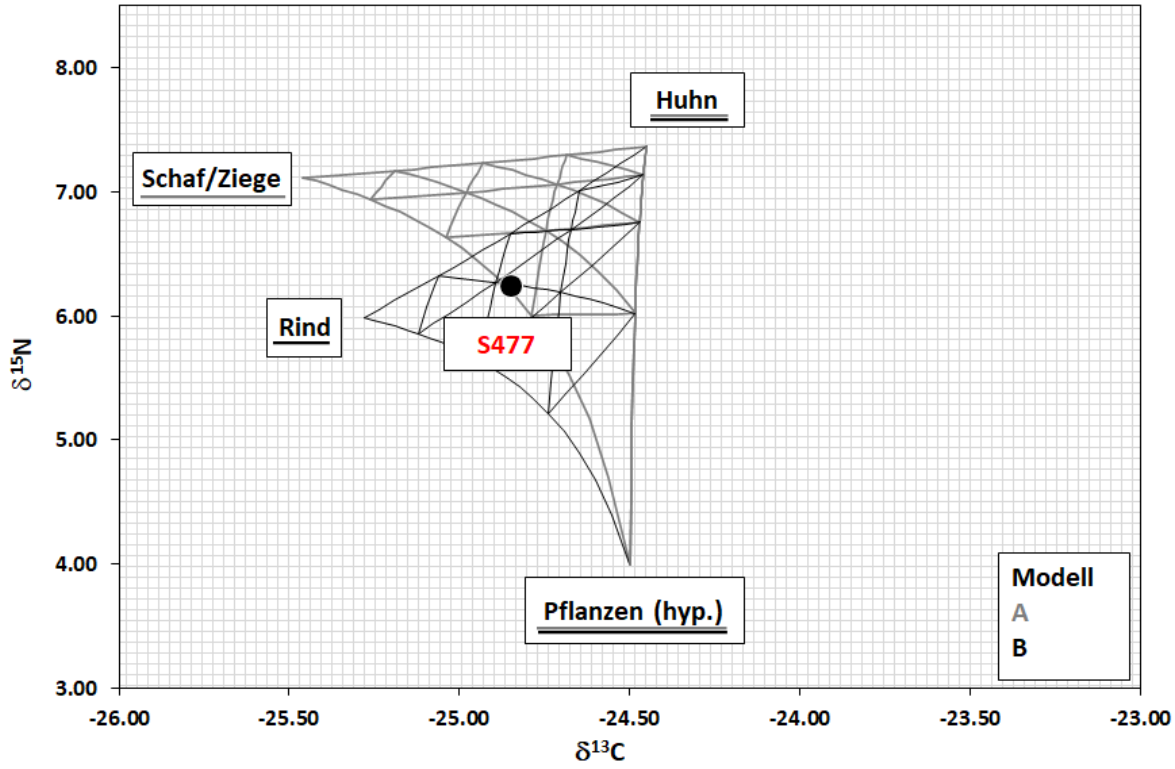


Abbildung 1484: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 477. Erstellt mit IsoConc.

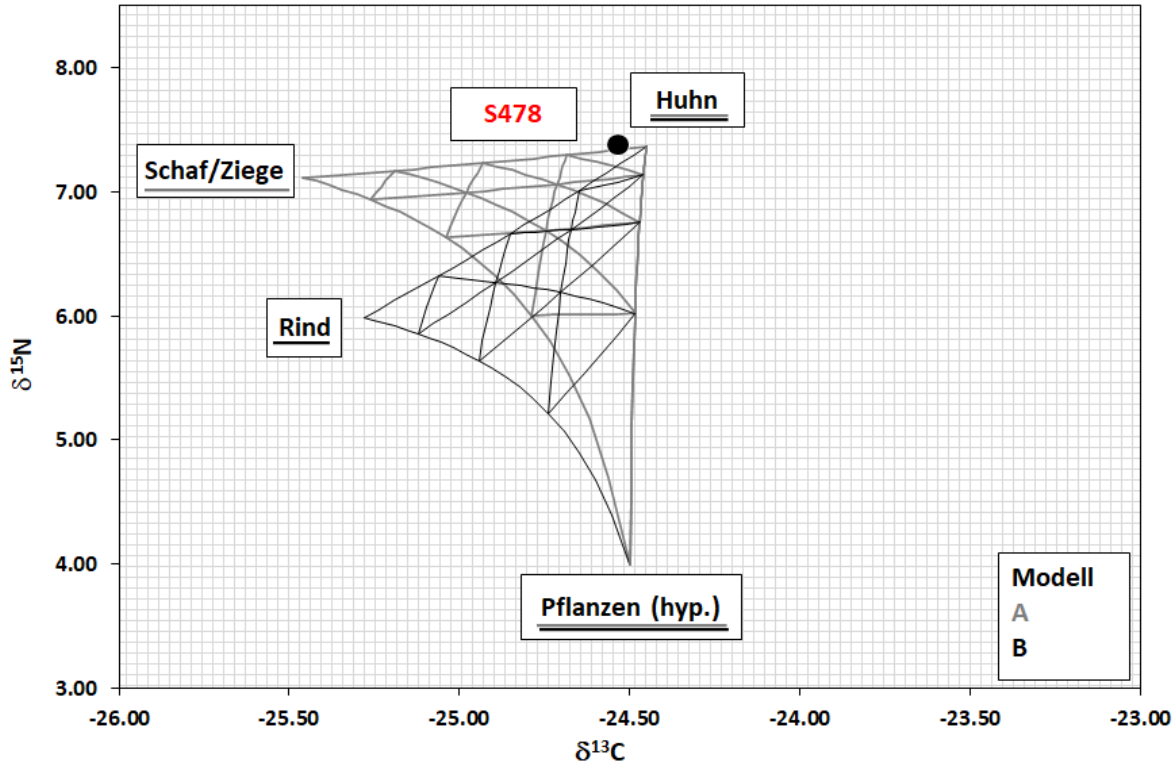


Abbildung 1485: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 478. Erstellt mit IsoConc.

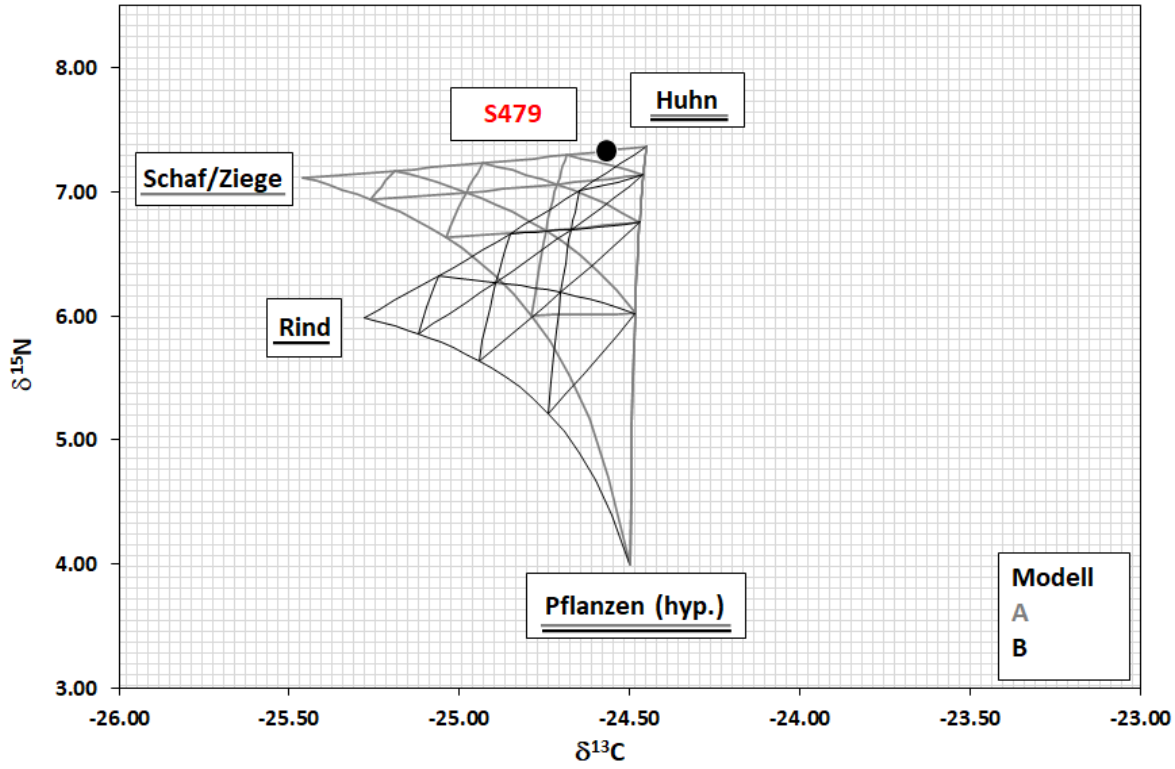


Abbildung 1486: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 479. Erstellt mit IsoConc.

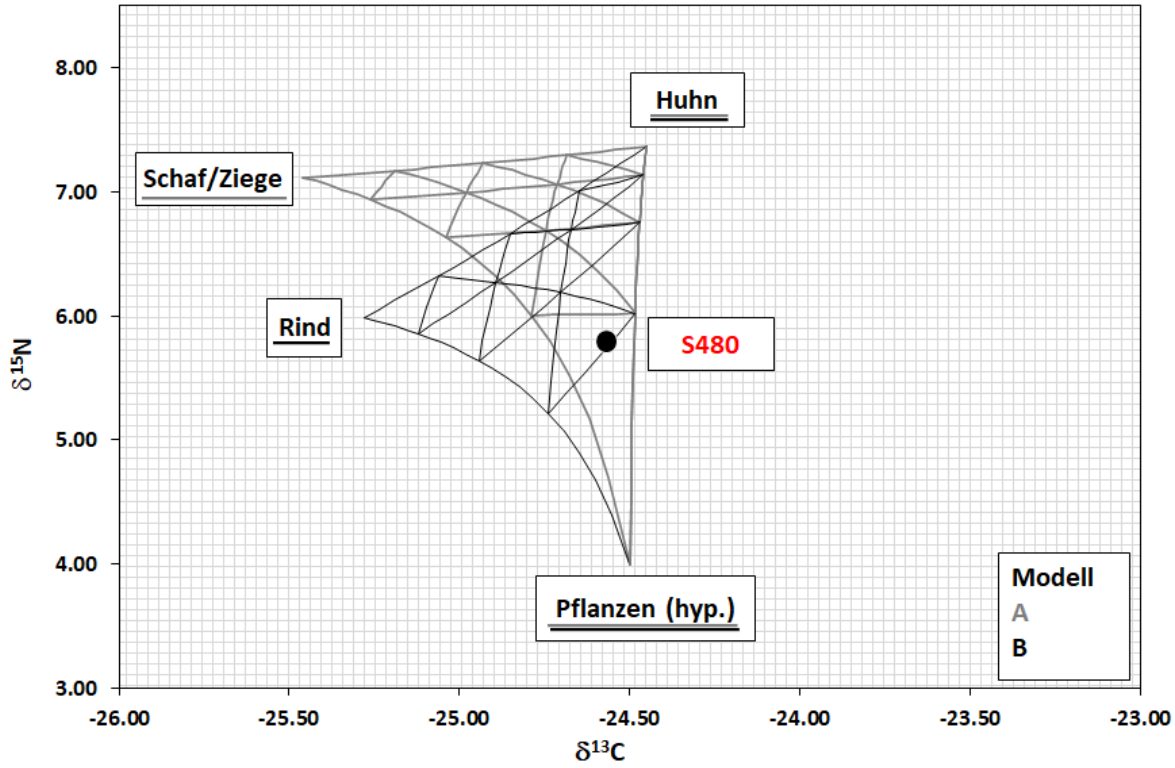


Abbildung 1487: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 480. Erstellt mit IsoConc.

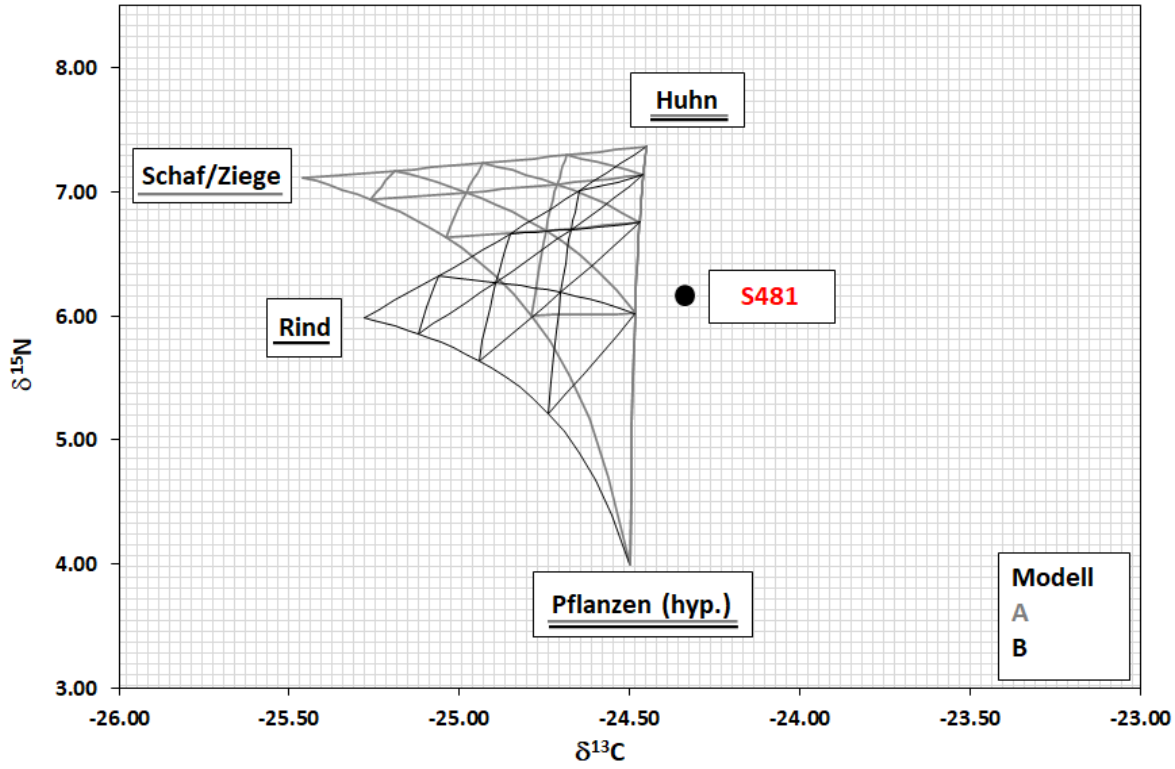


Abbildung 1488: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 481. Erstellt mit IsoConc.

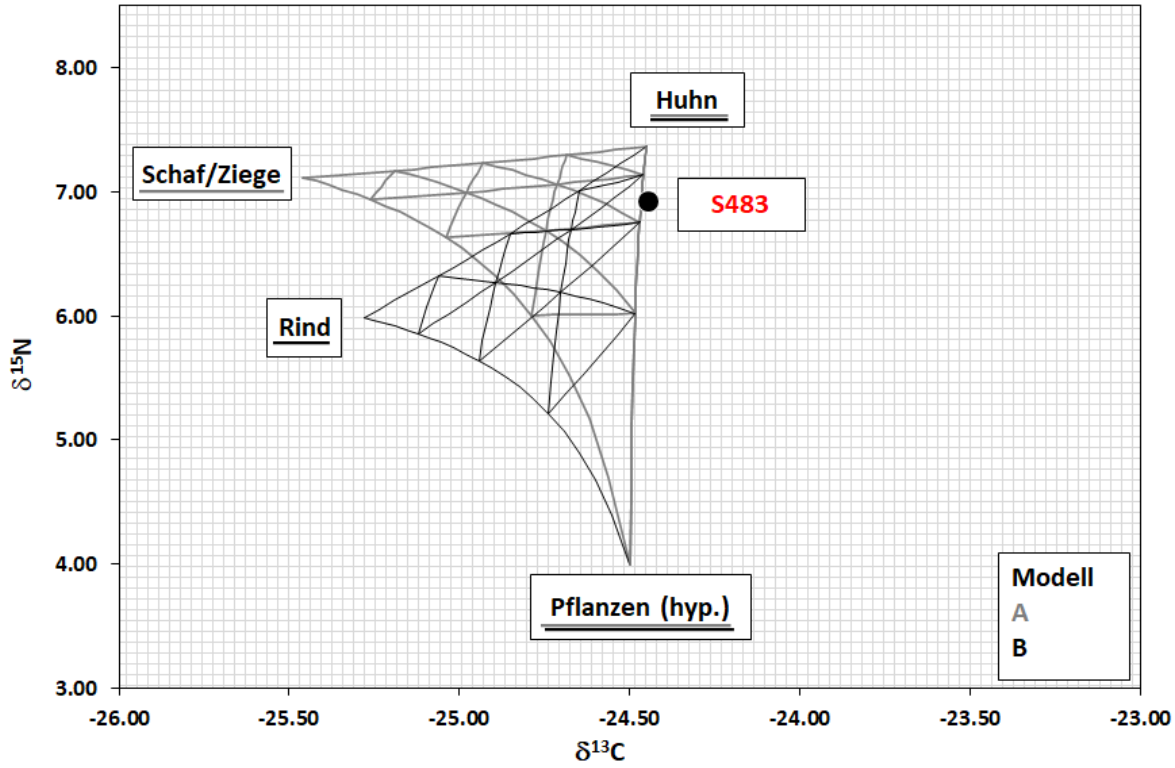


Abbildung 1489: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 483. Erstellt mit IsoConc.

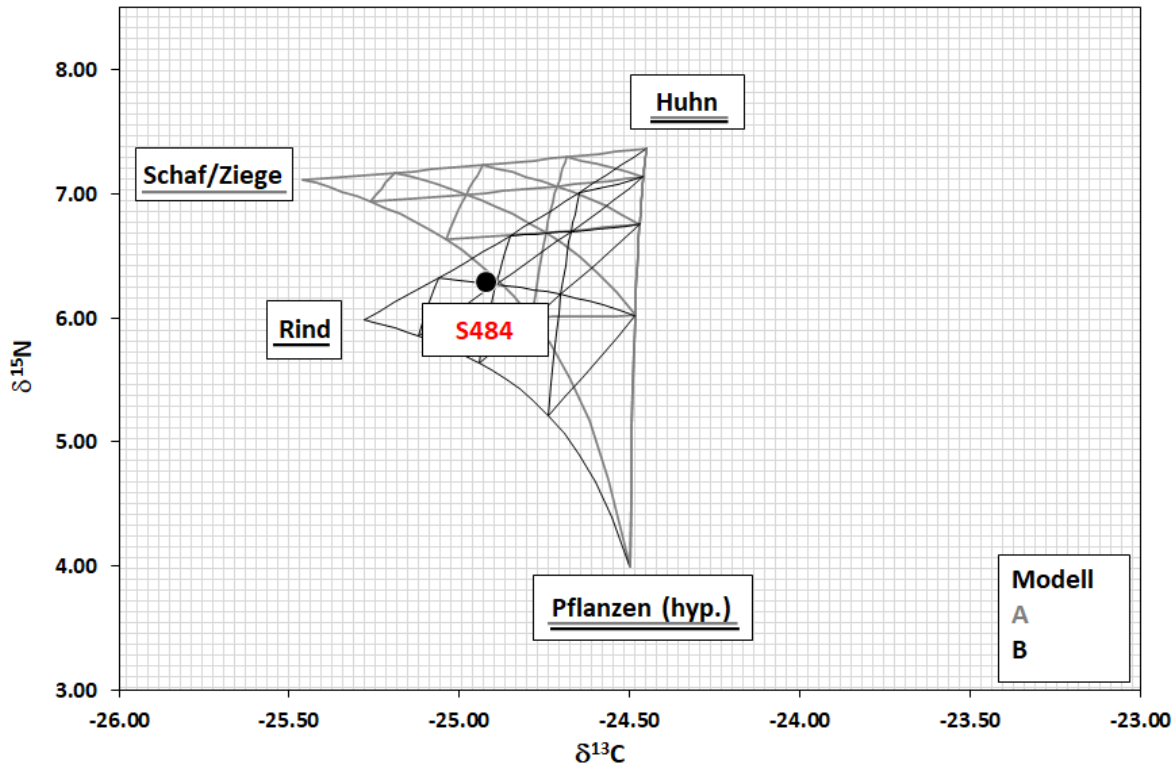


Abbildung 1490: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 484. Erstellt mit IsoConc.

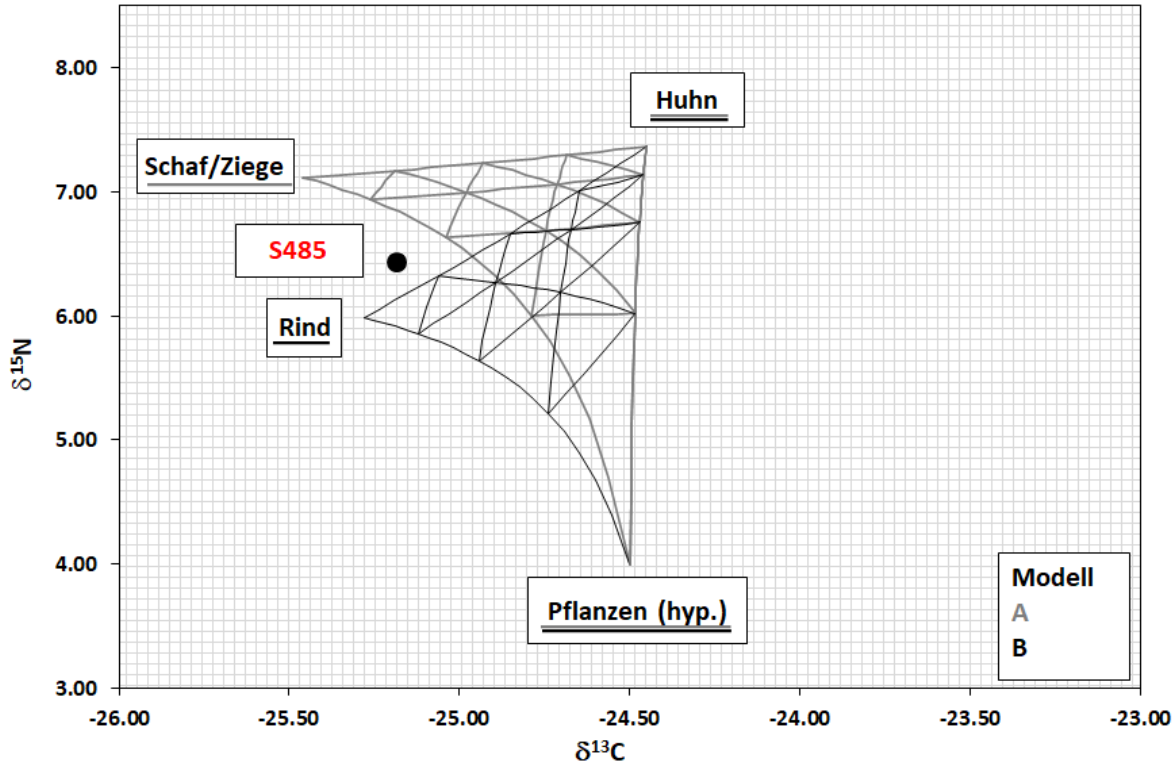


Abbildung 1491: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 485. Erstellt mit IsoConc.

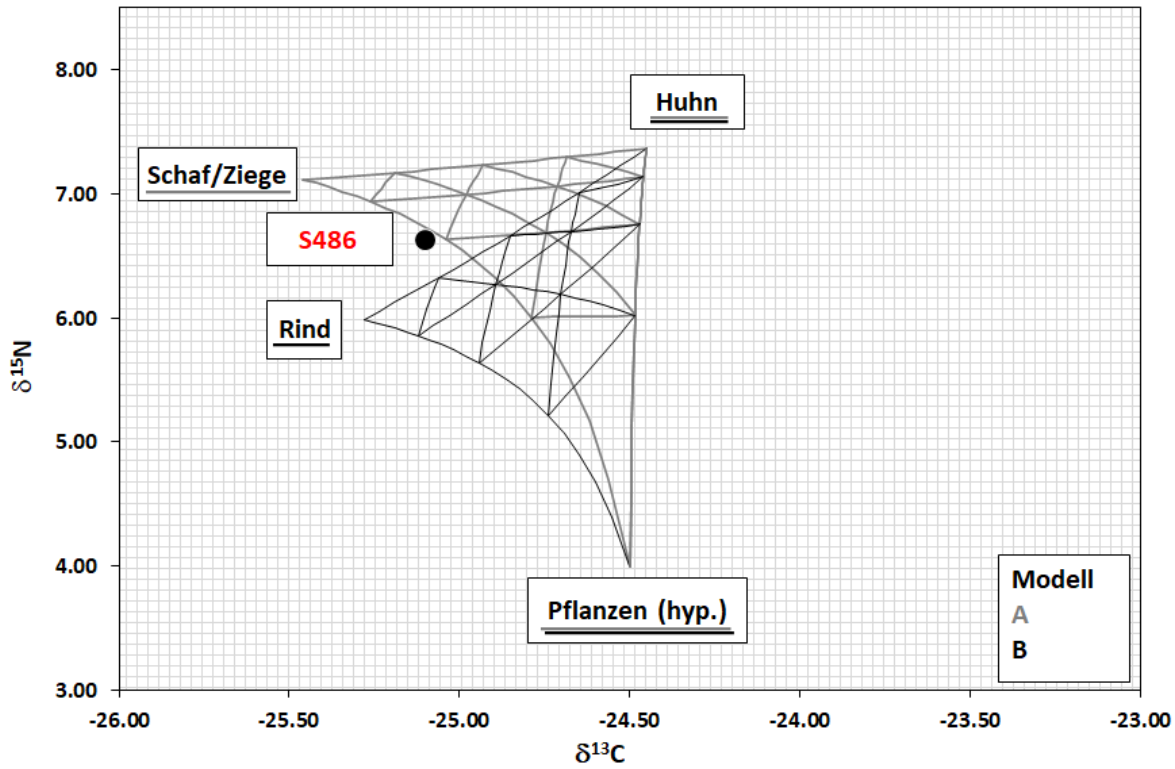


Abbildung 1492: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 486. Erstellt mit IsoConc.

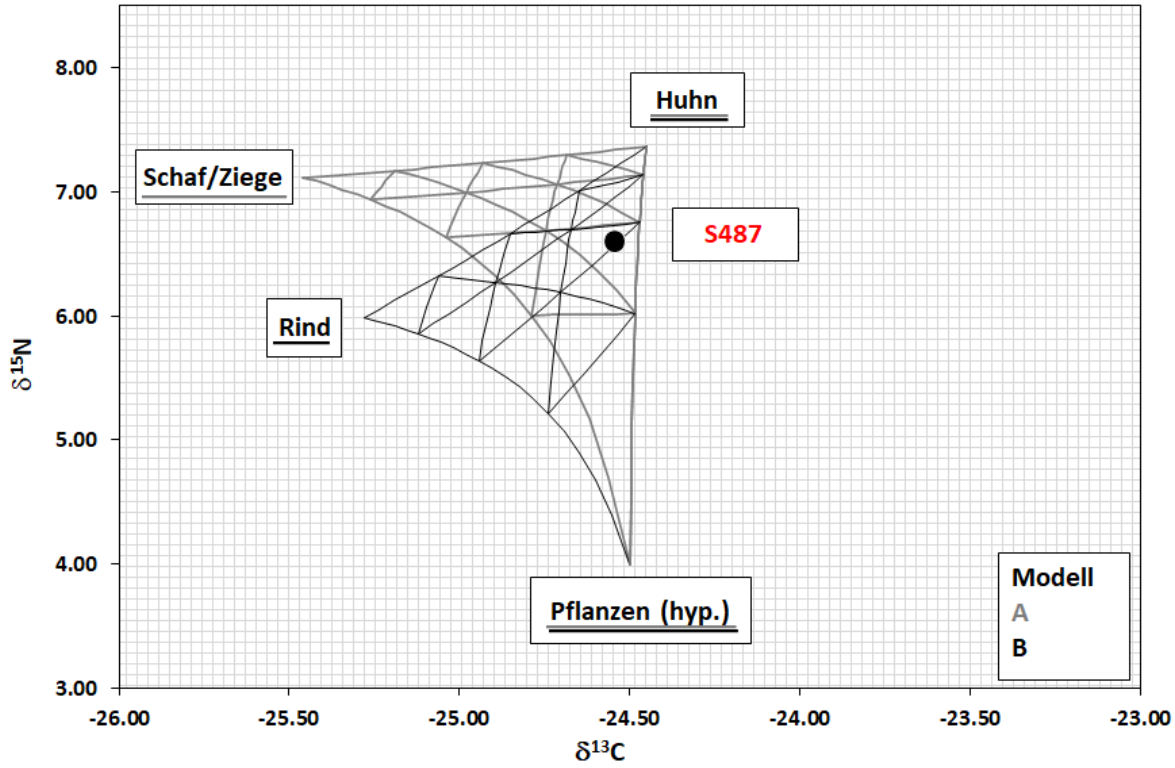


Abbildung 1493: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 487. Erstellt mit IsoConc.

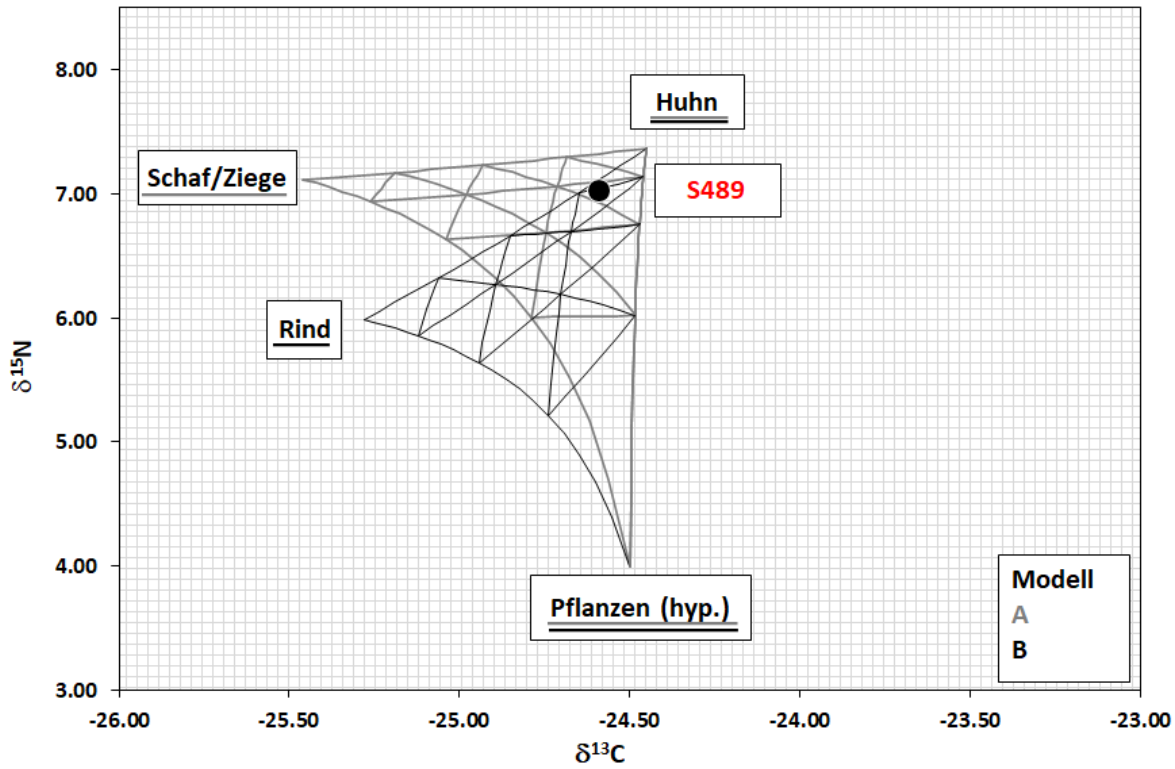


Abbildung 1494: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 489. Erstellt mit IsoConc.

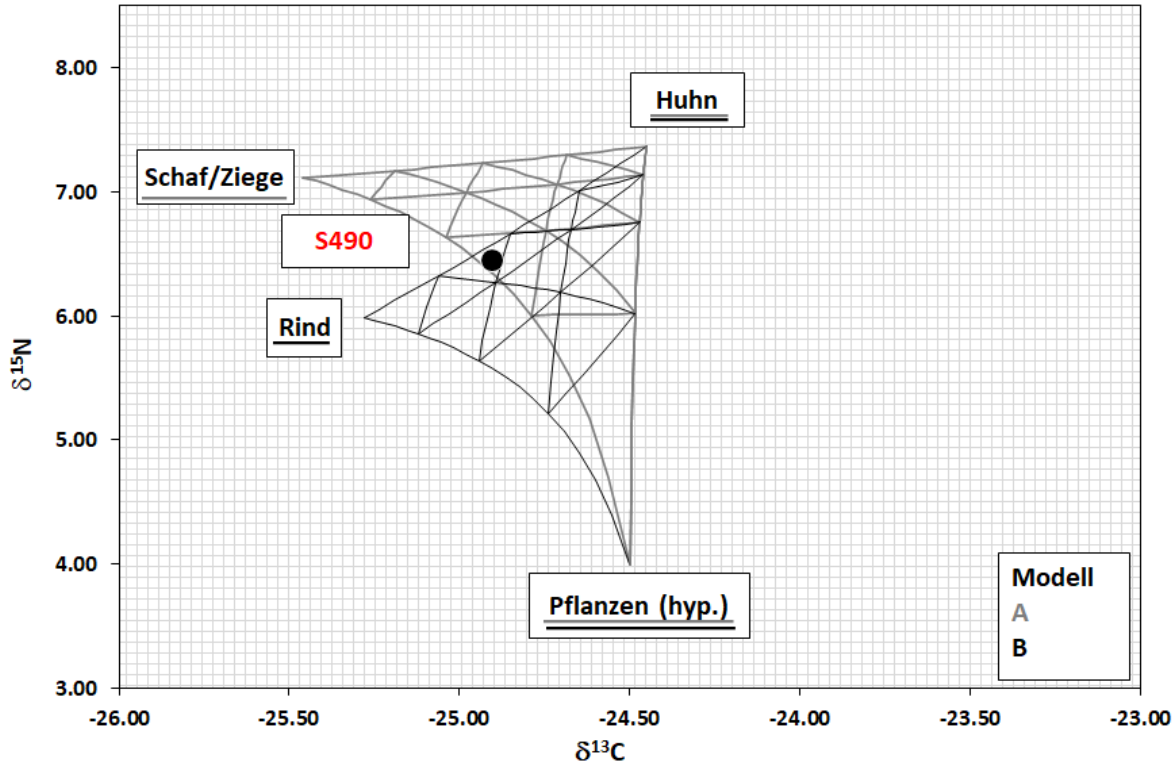


Abbildung 1495: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 490. Erstellt mit IsoConc.

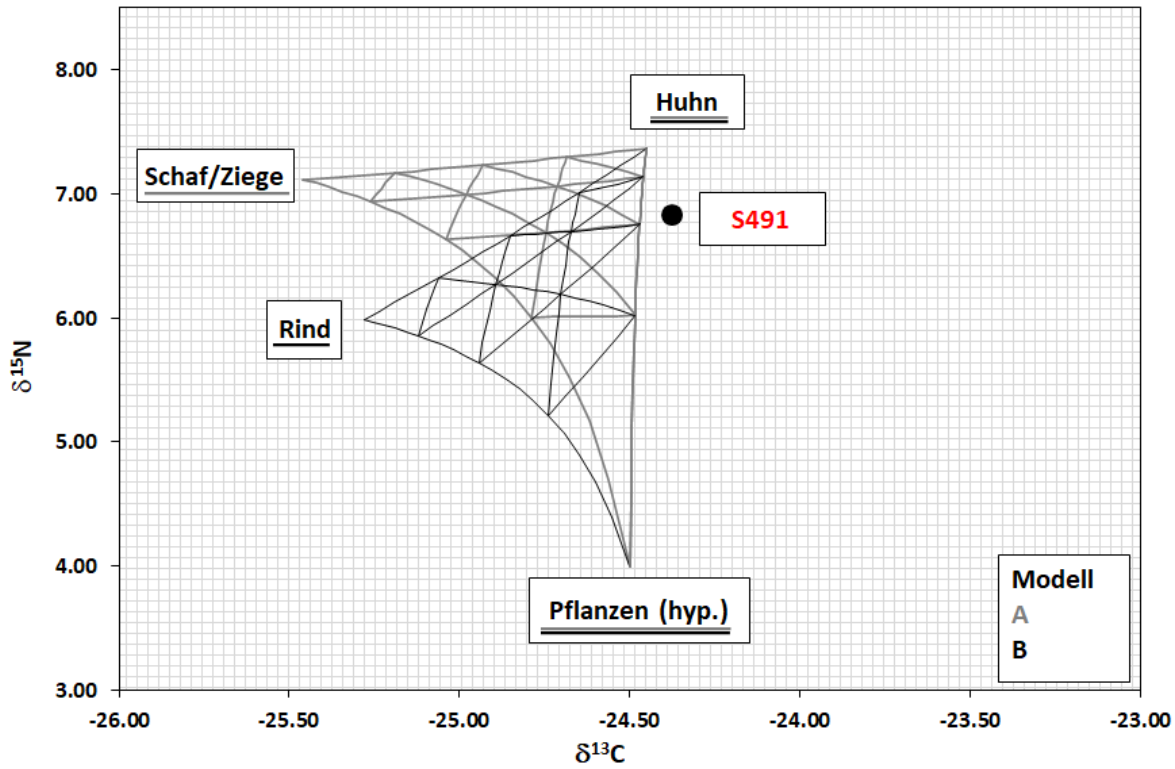


Abbildung 1496: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 491. Erstellt mit IsoConc.

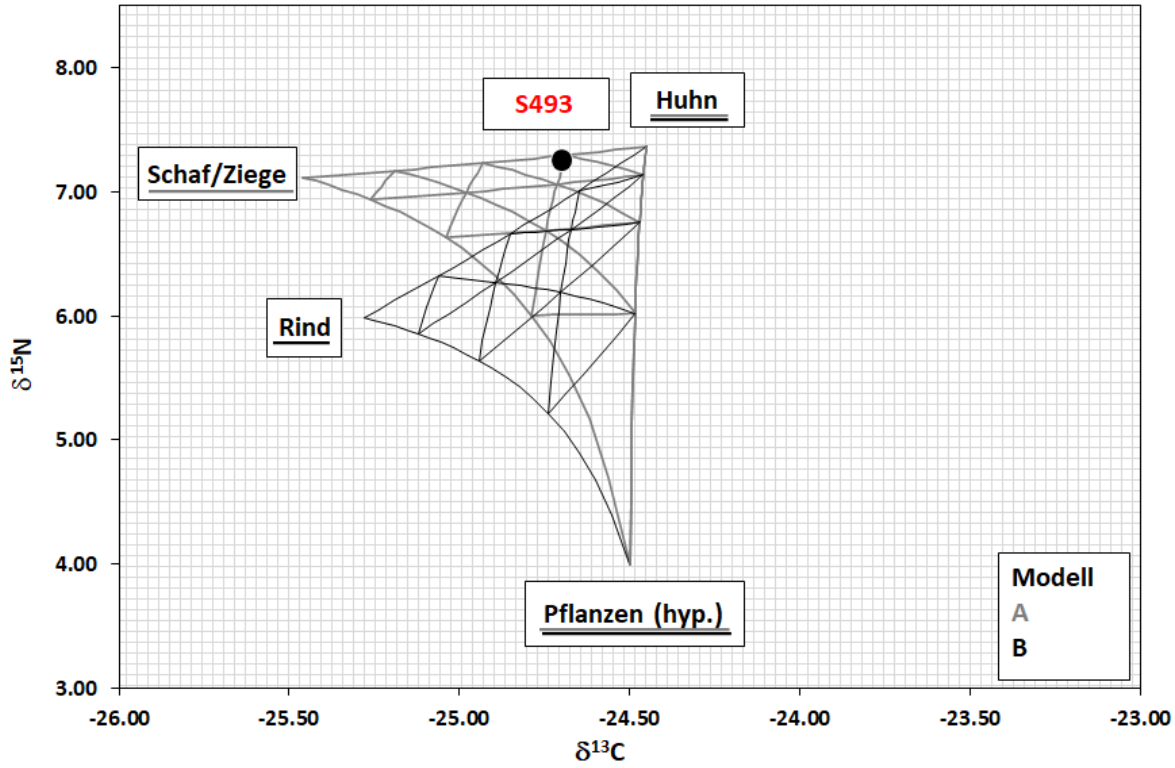


Abbildung 1497: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 493. Erstellt mit IsoConc.

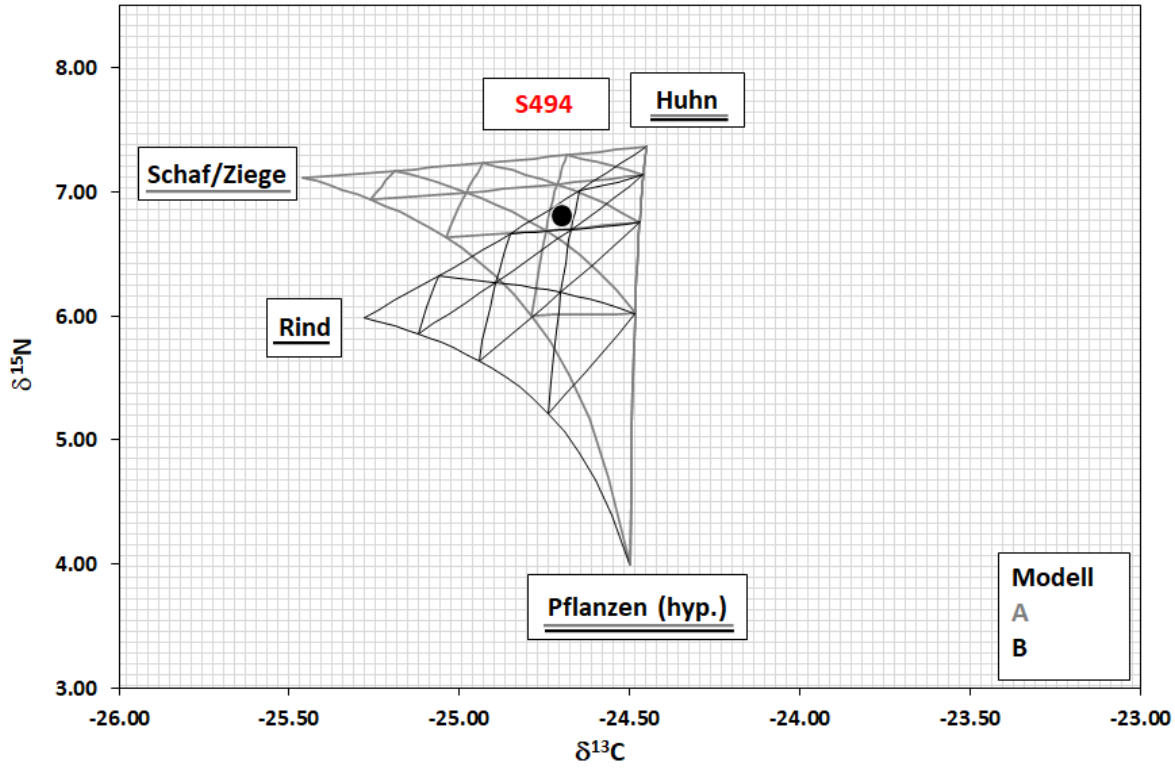


Abbildung 1498: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 494. Erstellt mit IsoConc.

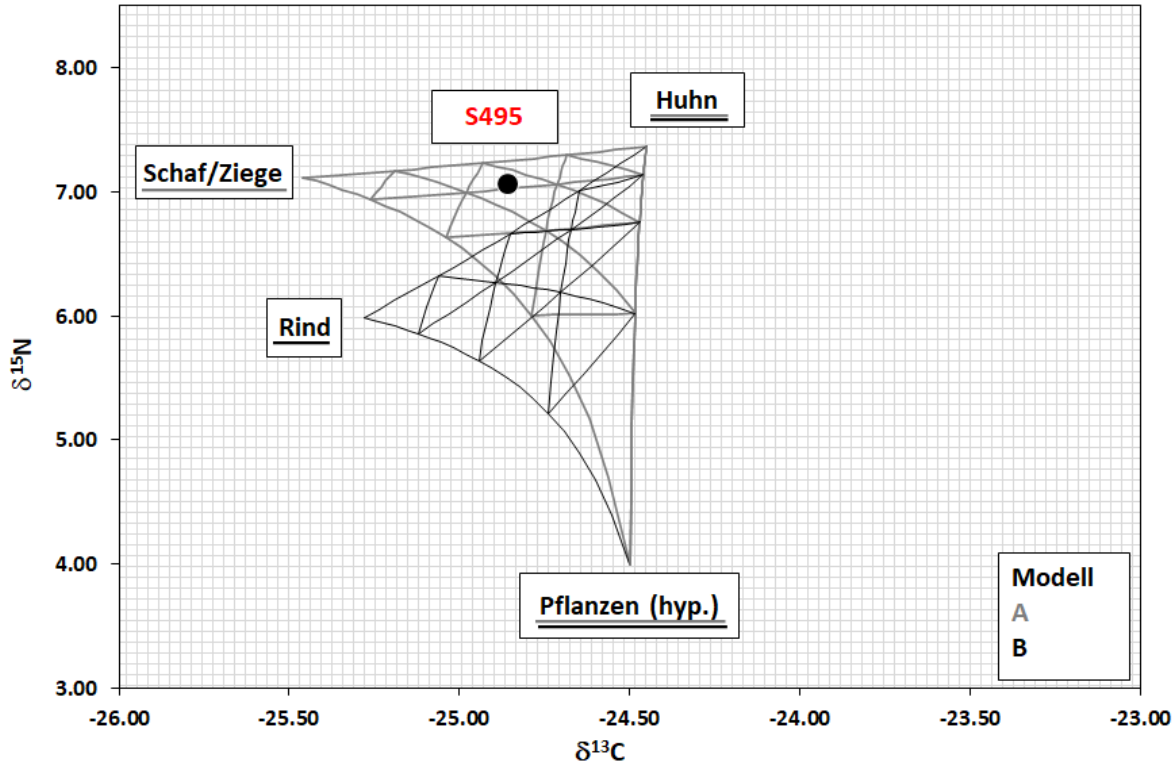


Abbildung 1499: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 495. Erstellt mit IsoConc.

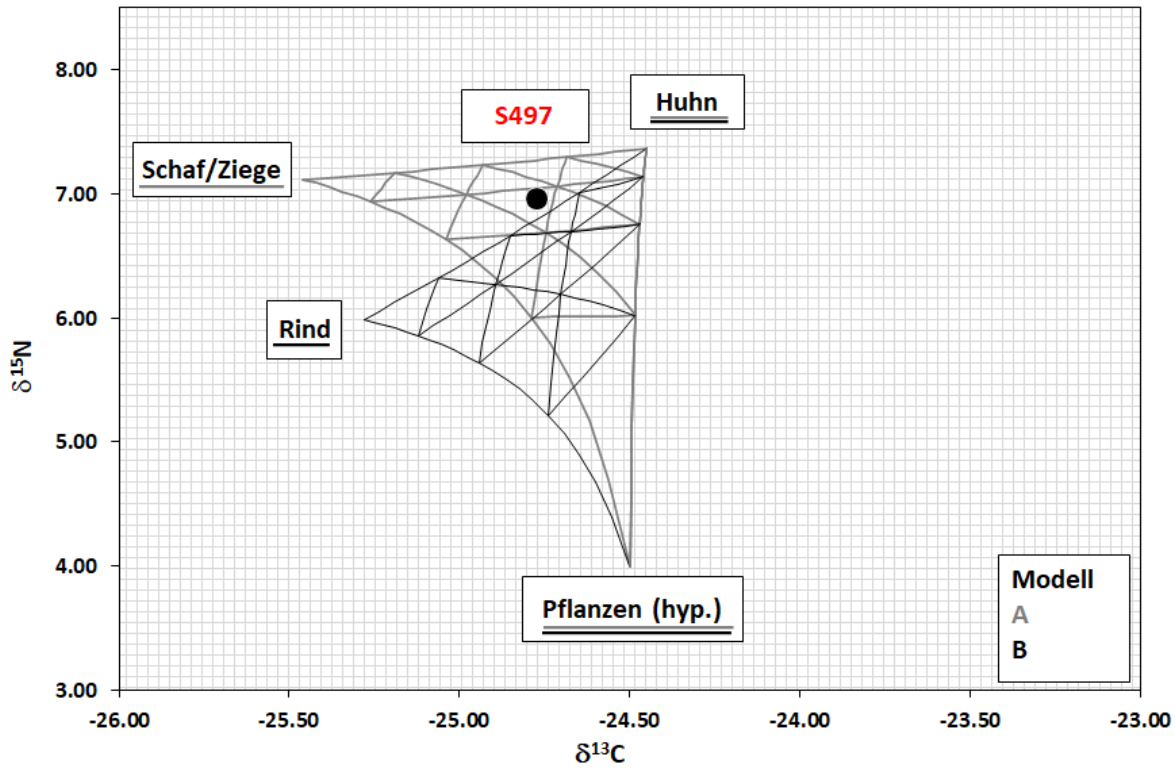


Abbildung 1500: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 497. Erstellt mit IsoConc.

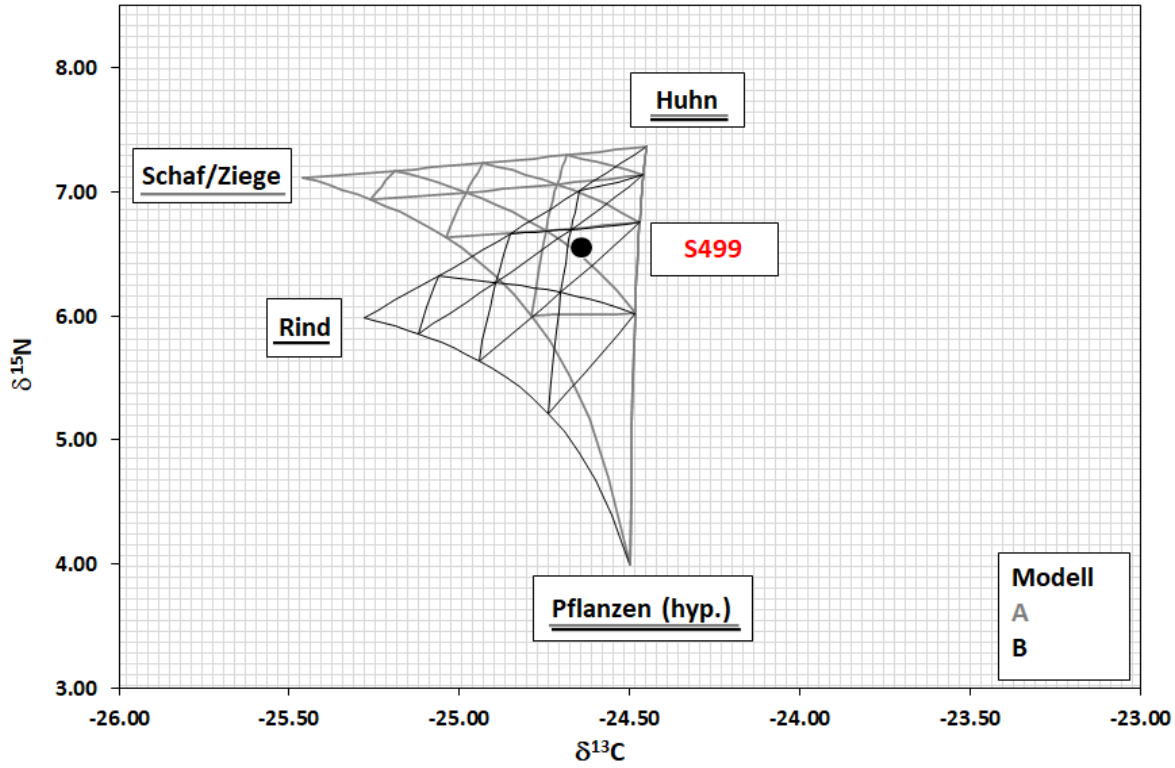


Abbildung 1501: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 499. Erstellt mit IsoConc.

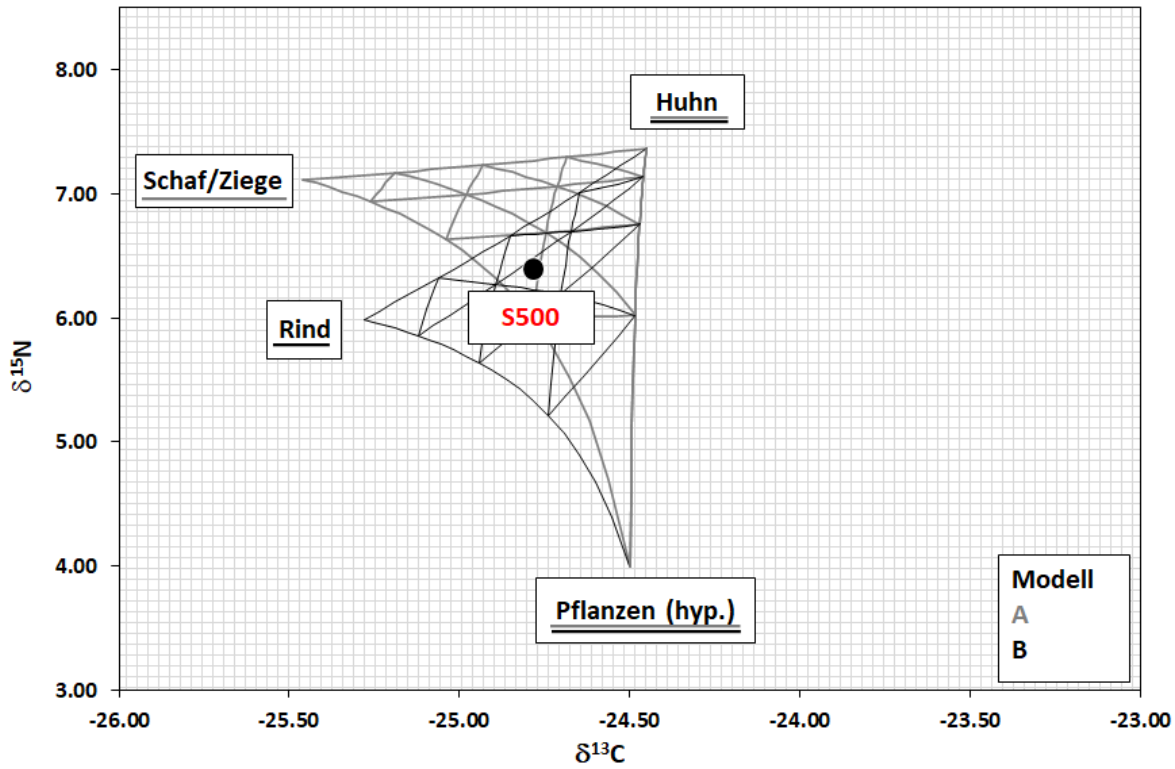


Abbildung 1502: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 500. Erstellt mit IsoConc.

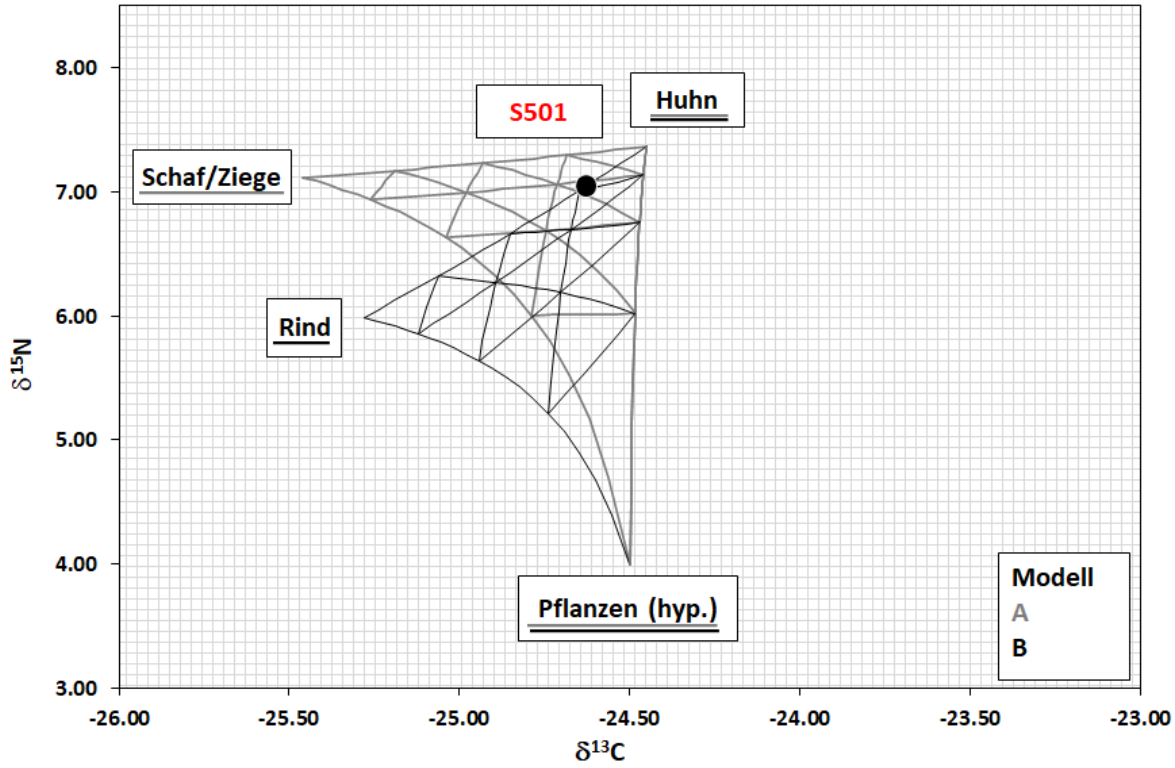


Abbildung 1503: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 501. Erstellt mit IsoConc.

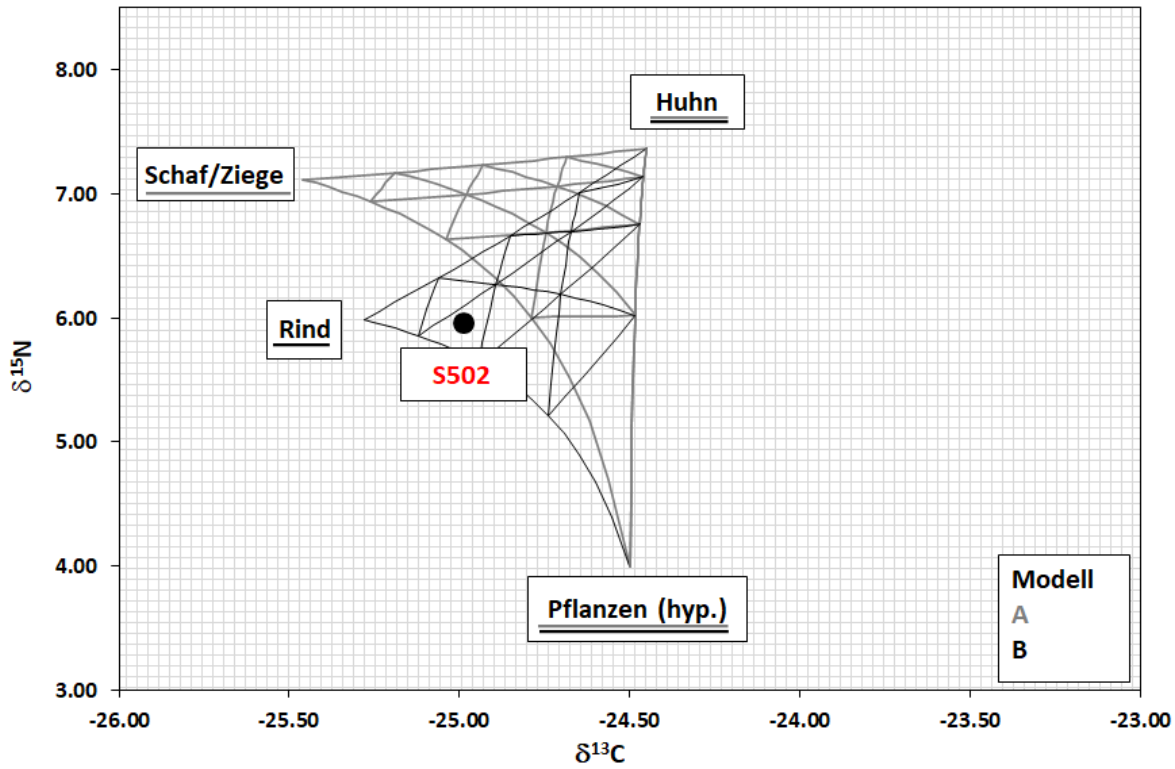


Abbildung 1504: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 502. Erstellt mit IsoConc.

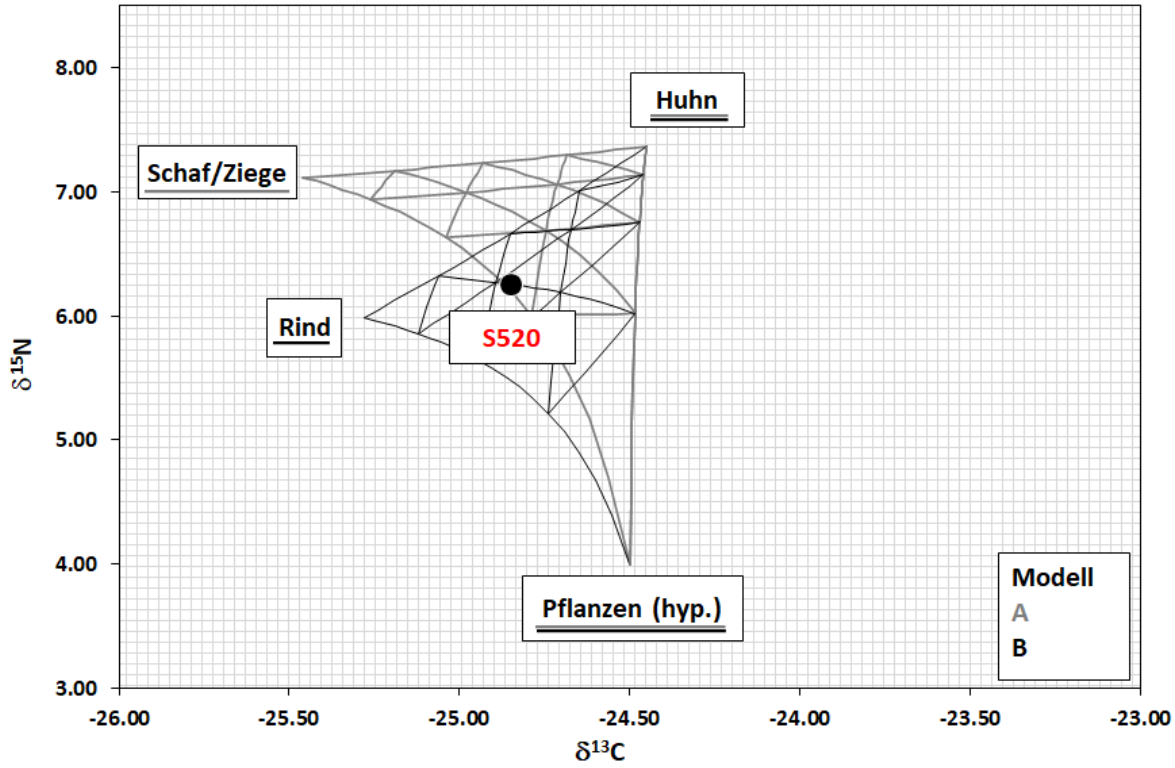


Abbildung 1505: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 520. Erstellt mit IsoConc.

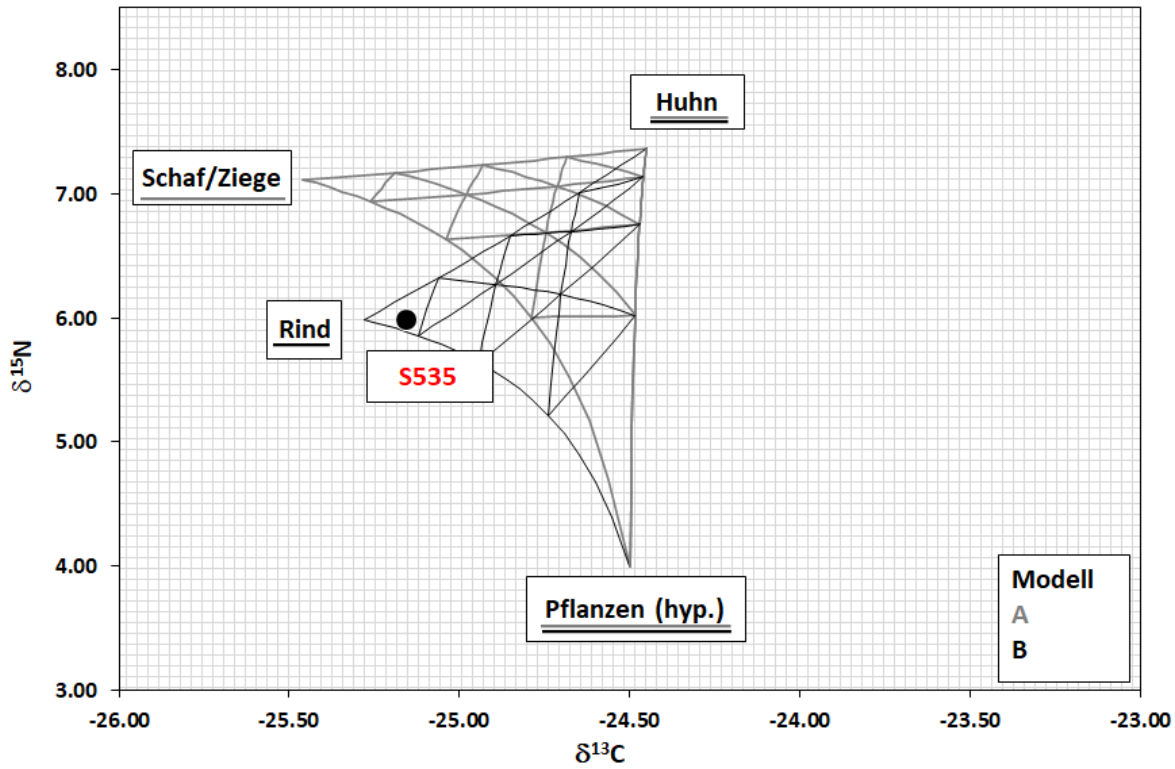


Abbildung 1506: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 535. Erstellt mit IsoConc.

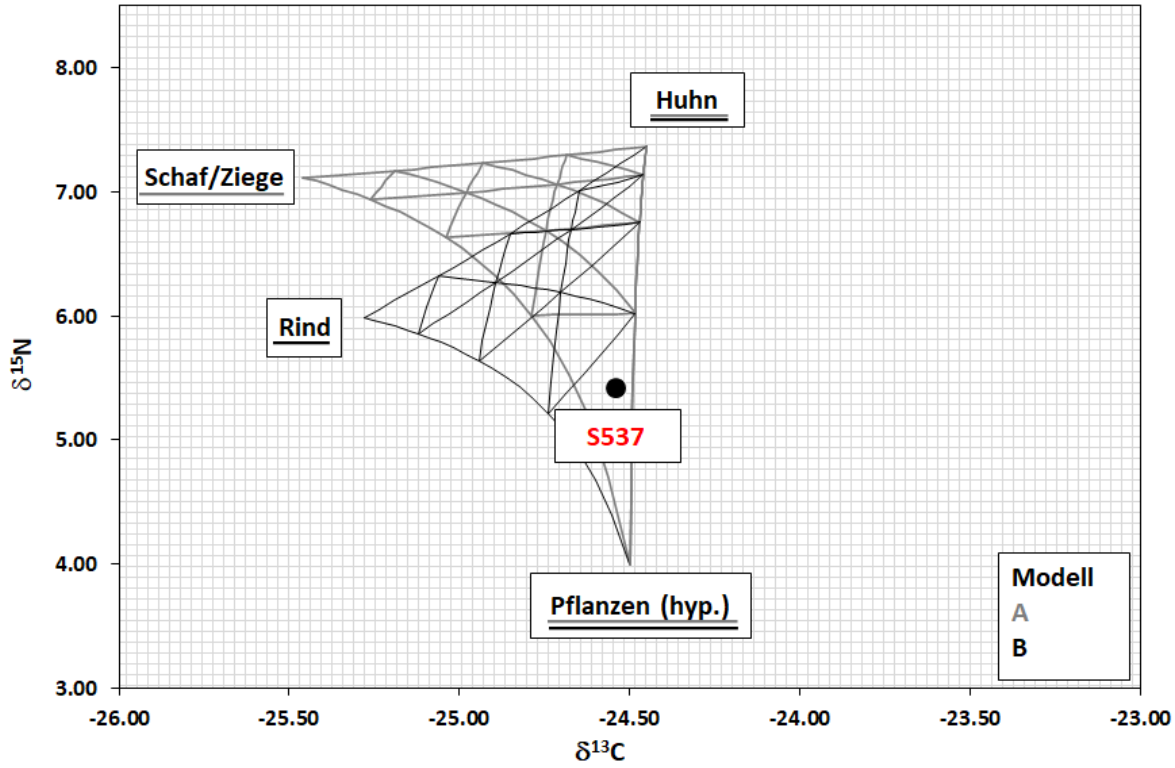


Abbildung 1507: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 537. Erstellt mit IsoConc.

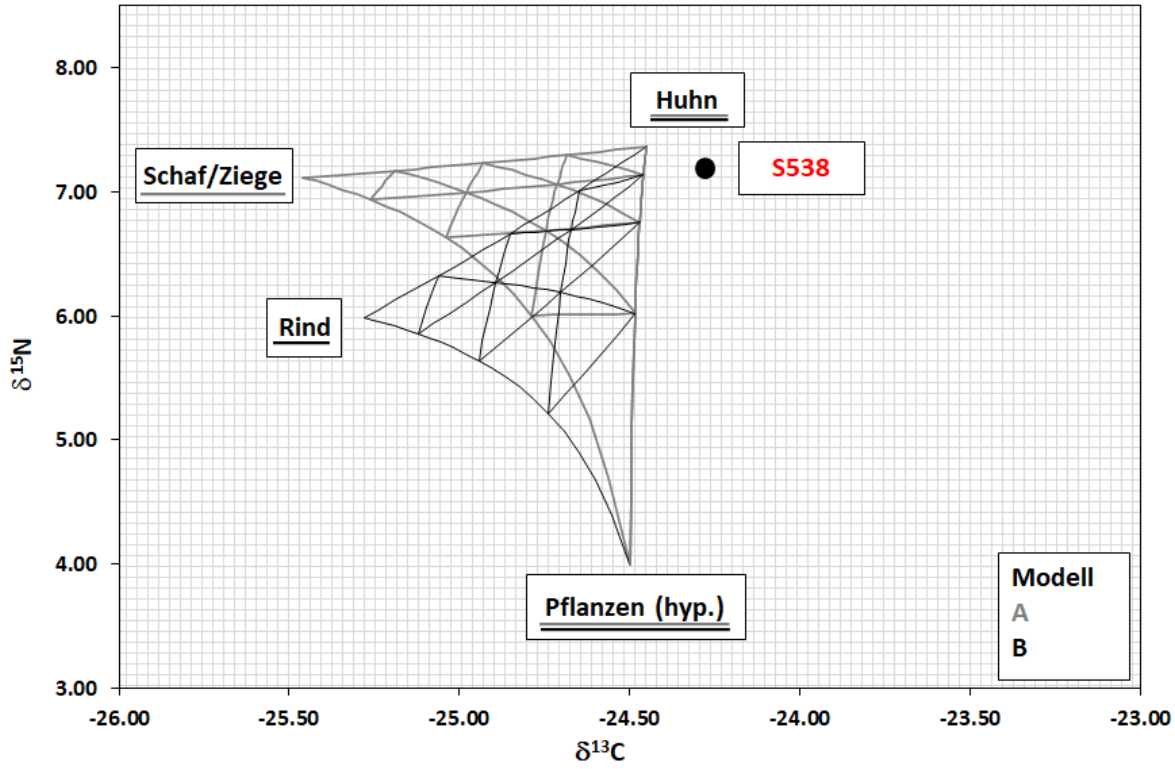


Abbildung 1508: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 538. Erstellt mit IsoConc.

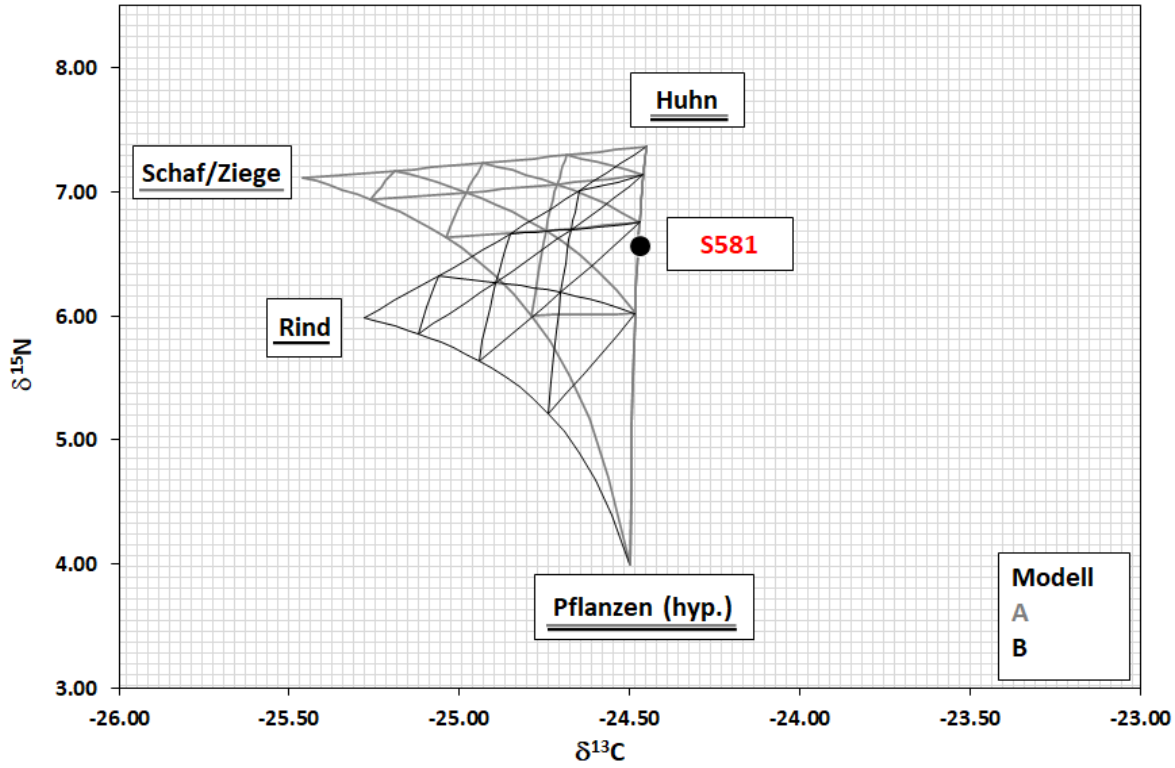


Abbildung 1509: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 581. Erstellt mit IsoConc.

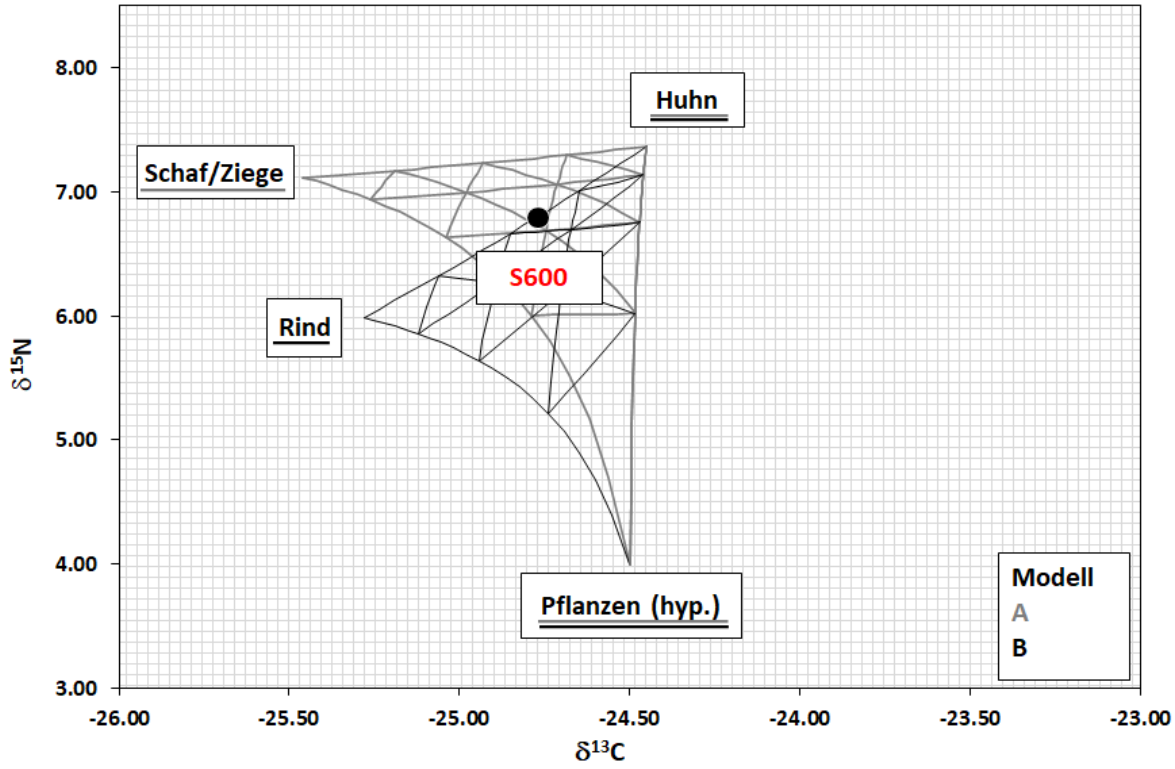


Abbildung 1510: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 600. Erstellt mit IsoConc.

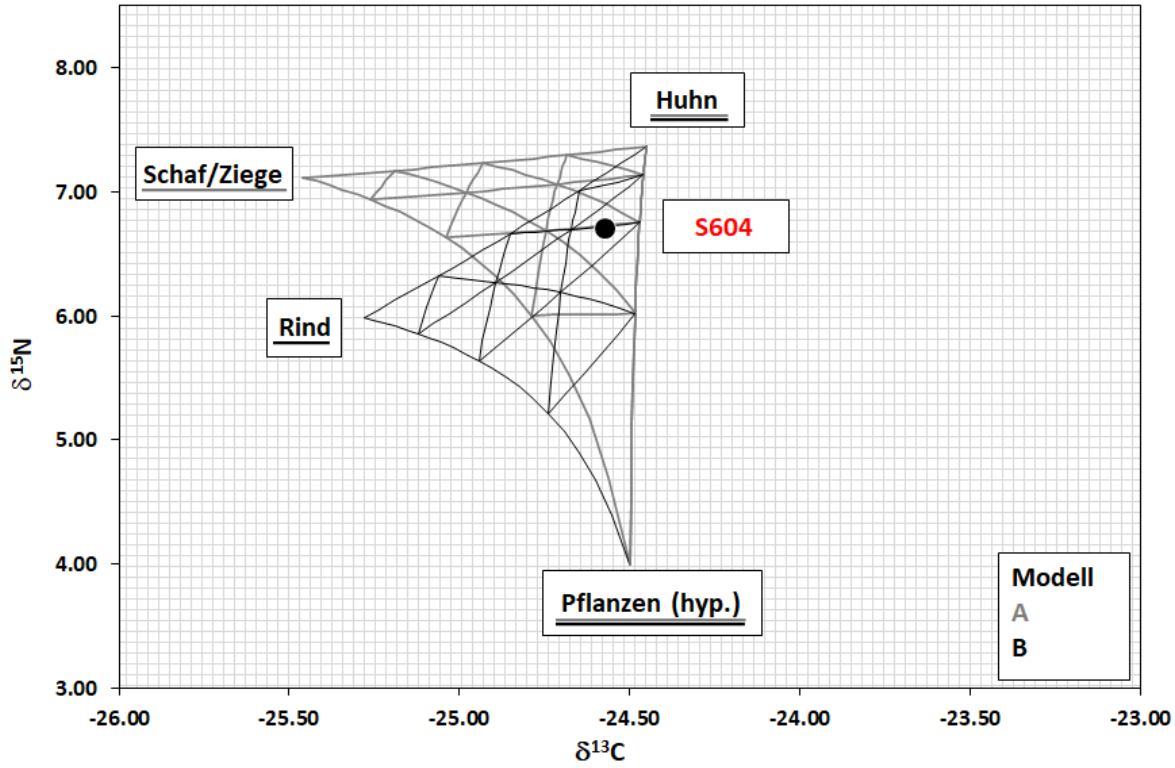


Abbildung 1511: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 604. Erstellt mit IsoConc.

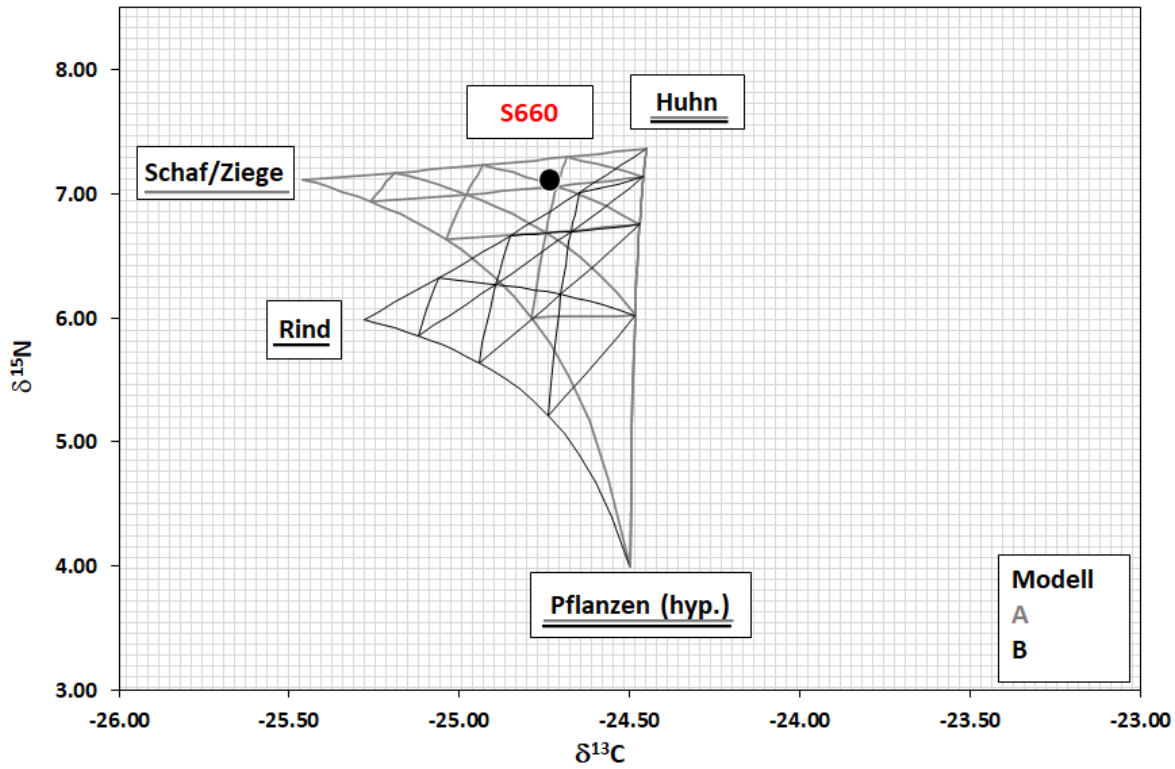


Abbildung 1512: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 660. Erstellt mit IsoConc.

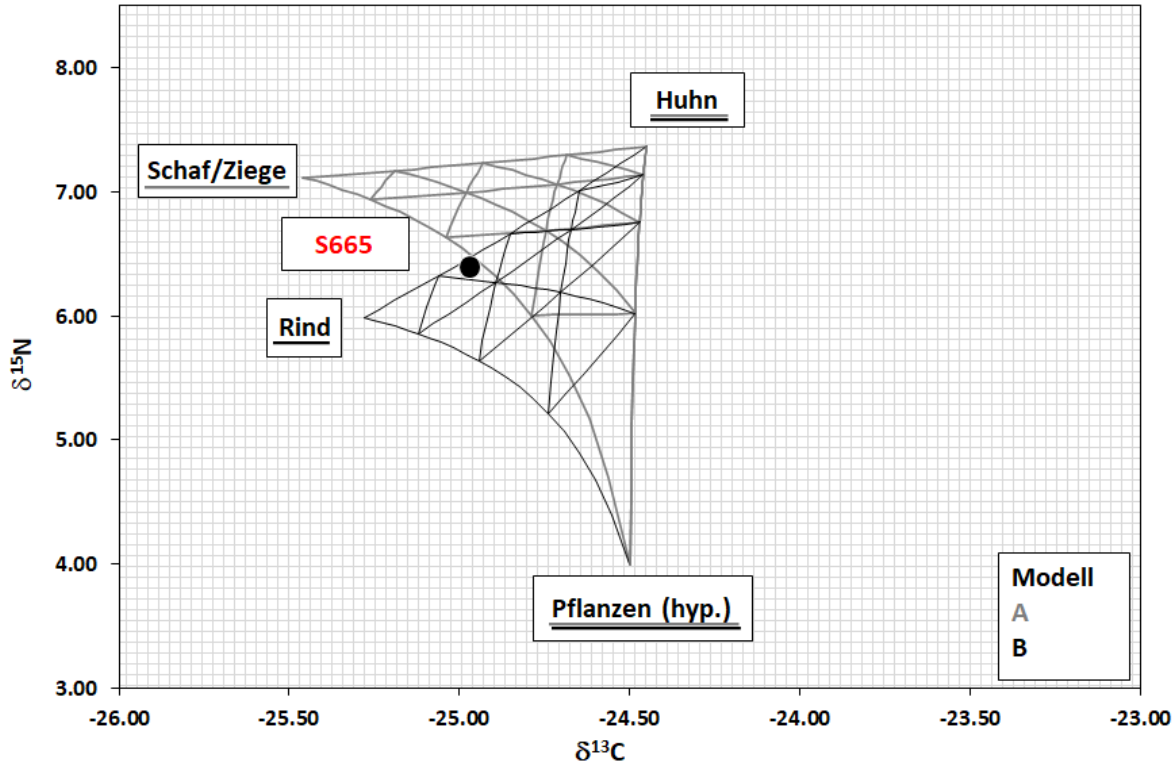


Abbildung 1513: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 665. Erstellt mit IsoConc.

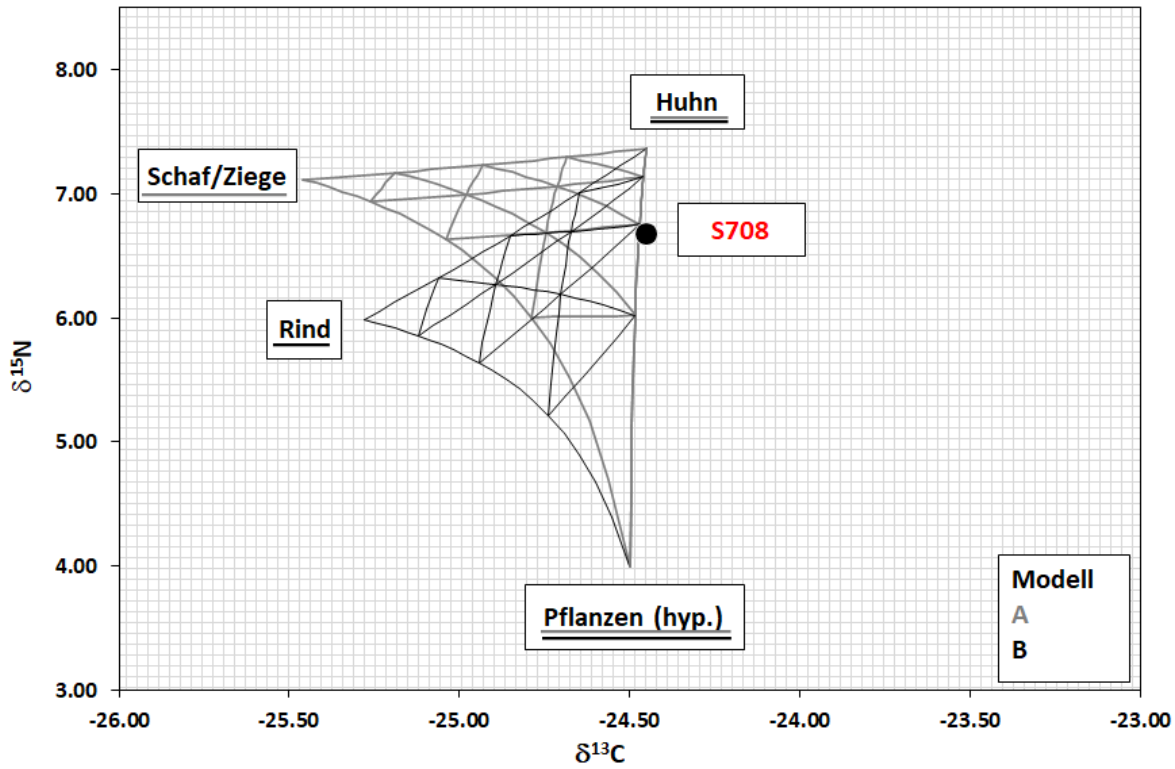


Abbildung 1514: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 708. Erstellt mit IsoConc.

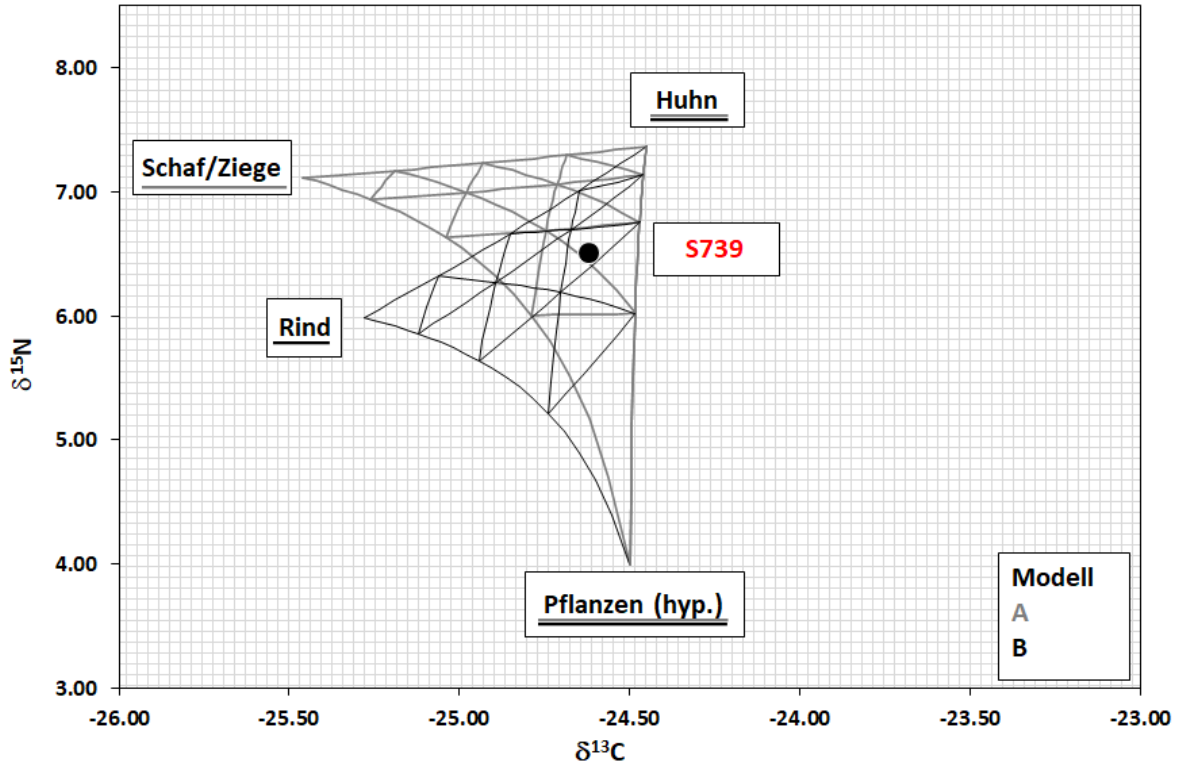


Abbildung 1515: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 739. Erstellt mit IsoConc.

15.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 40: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Straubing (S). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
S066	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S067	Pflanzen	27,3%
	Huhn	45,4%
	Schaf/Ziege	27,3%
S073	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S077	Pflanzen	36,9%
	Huhn	14,6%
	Schaf/Ziege	48,5%
S085	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S093	Pflanzen	70,7%
	Huhn	20,0%
	Schaf/Ziege	9,3%
S094	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
S066	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S067	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S073	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S077	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S085	Pflanzen	29,6%
	Huhn	23,8%
	Rind	46,6%
S093	Pflanzen	61,2%
	Huhn	26,9%
	Rind	11,9%
S094	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

S095	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S098	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S100	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S130	Pflanzen	26,4%
	Huhn	10,5%
	Schaf/Ziege	63,1%
S170	Pflanzen	36,5%
	Huhn	32,8%
	Schaf/Ziege	30,7%
S171	Pflanzen	46,3%
	Huhn	25,3%
	Schaf/Ziege	28,4%
S172	Pflanzen	32,4%
	Huhn	45,6%
	Schaf/Ziege	21,9%
S182	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S228	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S233	Pflanzen	63,7%
	Huhn	18,8%
	Schaf/Ziege	17,6%
S235	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S236	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S240	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S241	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S243	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S246	Pflanzen	53,7%
	Huhn	14,6%
	Schaf/Ziege	31,7%
S248	Pflanzen	36,4%
	Huhn	24,7%
	Schaf/Ziege	38,8%
S262	Pflanzen	39,4%
	Huhn	42,2%
	Schaf/Ziege	18,4%
S265	Pflanzen	46,7%
	Huhn	11,0%
	Schaf/Ziege	42,3%

S095	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S098	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S100	Pflanzen	0,7%
	Huhn	17,3%
	Rind	82,0%
S130	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S170	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S171	Pflanzen	3,4%
	Huhn	55,7%
	Rind	40,9%
S172	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S182	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S228	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S233	Pflanzen	43,0%
	Huhn	33,4%
	Rind	23,6%
S235	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S236	Pflanzen	30,3%
	Huhn	21,1%
	Rind	48,6%
S240	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S241	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S243	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S246	Pflanzen	9,3%
	Huhn	44,9%
	Rind	45,9%
S248	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S262	Pflanzen	10,7%
	Huhn	63,9%
	Rind	25,4%
S265	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

S299	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S300	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S305	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S306	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S308	Pflanzen	46,5%
	Huhn	9,5%
	Schaf/Ziege	44,0%
S309	Pflanzen	34,9%
	Huhn	44,4%
	Schaf/Ziege	20,7%
S310	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S315	Pflanzen	78,1%
	Huhn	13,2%
	Schaf/Ziege	8,7%
S316	Pflanzen	44,9%
	Huhn	47,4%
	Schaf/Ziege	7,7%
S317	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S320	Pflanzen	78,7%
	Huhn	11,8%
	Schaf/Ziege	9,4%
S321	Pflanzen	48,6%
	Huhn	11,1%
	Schaf/Ziege	40,2%
S326	Pflanzen	22,3%
	Huhn	47,8%
	Schaf/Ziege	29,8%
S328	Pflanzen	81,7%
	Huhn	8,3%
	Schaf/Ziege	10,0%
S329	Pflanzen	55,9%
	Huhn	24,0%
	Schaf/Ziege	20,2%
S330	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S349	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S354	Pflanzen	39,9%
	Huhn	21,8%
	Schaf/Ziege	38,3%
S355	Pflanzen	76,6%
	Huhn	20,5%
	Schaf/Ziege	3,0%

S299	Pflanzen	56,5%
	Huhn	9,3%
	Rind	34,2%
S300	Pflanzen	45,8%
	Huhn	4,6%
	Rind	49,6%
S305	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S306	Pflanzen	28,5%
	Huhn	24,8%
	Rind	46,8%
S308	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S309	Pflanzen	0,6%
	Huhn	70,3%
	Rind	29,1%
S310	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S315	Pflanzen	70,1%
	Huhn	18,8%
	Rind	11,1%
S316	Pflanzen	34,1%
	Huhn	55,9%
	Rind	10,0%
S317	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S320	Pflanzen	70,1%
	Huhn	17,8%
	Rind	12,1%
S321	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S326	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S328	Pflanzen	73,0%
	Huhn	14,2%
	Rind	12,8%
S329	Pflanzen	29,5%
	Huhn	42,9%
	Rind	27,6%
S330	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S349	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S354	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S355	Pflanzen	73,9%
	Huhn	22,4%
	Rind	3,7%

S356	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S358	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S360	Pflanzen	80,2%
	Huhn	6,4%
	Schaf/Ziege	13,3%
S361	Pflanzen	72,3%
	Huhn	16,0%
	Schaf/Ziege	11,6%
S369	Pflanzen	20,3%
	Huhn	29,8%
	Schaf/Ziege	50,0%
S374	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S377	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S388	Pflanzen	x,
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S399	Pflanzen	32,2%
	Huhn	44,9%
	Schaf/Ziege	22,9%
S412	Pflanzen	39,8%
	Huhn	8,8%
	Schaf/Ziege	51,4%
S428	Pflanzen	49,8%
	Huhn	46,5%
	Schaf/Ziege	3,6%
S445	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S450	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S451	Pflanzen	36,9%
	Huhn	27,0%
	Schaf/Ziege	36,1%
S452	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S470	Pflanzen	33,8%
	Huhn	32,4%
	Schaf/Ziege	33,8%
S473	Pflanzen	56,5%
	Huhn	7,2%
	Schaf/Ziege	36,3%
S474	Pflanzen	53,3%
	Huhn	15,8%
	Schaf/Ziege	30,9%
S477	Pflanzen	67,4%
	Huhn	1,4%
	Schaf/Ziege	31,2%

S356	Pflanzen	41,6%
	Huhn	17,4%
	Rind	41,0%
S358	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S360	Pflanzen	68,1%
	Huhn	14,6%
	Rind	17,3%
S361	Pflanzen	60,4%
	Huhn	24,4%
	Rind	15,1%
S369	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S374	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S377	Pflanzen	30,3%
	Huhn	10,3%
	Rind	59,5%
S388	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S399	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S412	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S428	Pflanzen	45,0%
	Huhn	50,3%
	Rind	4,7%
S445	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S450	Pflanzen	16,5%
	Huhn	24,1%
	Rind	59,4%
S451	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S452	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S470	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S473	Pflanzen	6,4%
	Huhn	40,1%
	Rind	53,5%
S474	Pflanzen	9,9%
	Huhn	45,5%
	Rind	44,6%
S477	Pflanzen	30,7%
	Huhn	25,1%
	Rind	44,1%

S478	Schaf/Ziege	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S479	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S480	Pflanzen	78,5%
	Huhn	14,5%
	Schaf/Ziege	7,0%
S481	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S483	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S484	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S485	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S486	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S487	Pflanzen	55,5%
	Huhn	37,6%
	Schaf/Ziege	6,9%
S489	Pflanzen	27,2%
	Huhn	59,0%
	Schaf/Ziege	13,8%
S490	Pflanzen	61,6%
	Huhn	1,4%
	Schaf/Ziege	37,1%
S491	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S493	Pflanzen	2,8%
	Huhn	69,9%
	Schaf/Ziege	27,3%
S494	Pflanzen	40,7%
	Huhn	37,3%
	Schaf/Ziege	21,9%
S495	Pflanzen	20,6%
	Huhn	38,8%
	Schaf/Ziege	40,6%
S497	Pflanzen	28,1%
	Huhn	40,9%
	Schaf/Ziege	30,9%
S499	Pflanzen	55,9%
	Huhn	28,3%
	Schaf/Ziege	15,8%
S500	Pflanzen	61,9%
	Huhn	11,0%
	Schaf/Ziege	27,1%
S501	Pflanzen	25,3%
	Huhn	56,8%
	Schaf/Ziege	17,9%

S478	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S479	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S480	Pflanzen	72,2%
	Huhn	19,0%
	Rind	8,9%
S481	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S483	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S484	Pflanzen	20,0%
	Huhn	25,9%
	Rind	54,1%
S485	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S486	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S487	Pflanzen	46,8%
	Huhn	44,2%
	Rind	8,9%
S489	Pflanzen	3,2%
	Huhn	78,0%
	Rind	18,8%
S490	Pflanzen	13,4%
	Huhn	32,3%
	Rind	54,4%
S491	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S493	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S494	Pflanzen	6,4%
	Huhn	62,8%
	Rind	30,8%
S495	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S497	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S499	Pflanzen	35,6%
	Huhn	43,3%
	Rind	21,2%
S500	Pflanzen	28,2%
	Huhn	33,9%
	Rind	37,9%
S501	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

S502	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S520	Pflanzen	67,0%
	Huhn	0,9%
	Schaf/Ziege	32,1%
S535	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S537	Pflanzen	85,7%
	Huhn	9,5%
	Schaf/Ziege	4,8%
S538	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S581	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Schaf/Ziege	x
S600	Pflanzen	43,5%
	Huhn	28,6%
	Schaf/Ziege	27,9%
S604	Pflanzen	48,9%
	Huhn	40,9%
	Pflanzen	10,1%
S660	Pflanzen	19,3%
	Huhn	53,4%
	Pflanzen	27,3%
S665	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Pflanzen	x
S708	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Pflanzen	x
S739	Pflanzen	58,7%
	Huhn	28,4%
	Pflanzen	12,9%

S502	Pflanzen	32,8%
	Huhn	9,4%
	Rind	57,8%
S520	Pflanzen	29,0%
	Huhn	25,4%
	Rind	45,6%
S535	Pflanzen	11,2%
	Huhn	5,7%
	Rind	83,1%
S537	Pflanzen	81,8%
	Huhn	12,2%
	Rind	6,1%
S538	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S581	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S600	Pflanzen	0,0%
	Huhn	59,7%
	Rind	40,3%
S604	Pflanzen	35,0%
	Huhn	51,6%
	Rind	13,3%
S660	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S665	Pflanzen	3,2%
	Huhn	34,4%
	Rind	62,4%
S708	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
S739	Pflanzen	42,9%
	Huhn	40,1%
	Rind	17,0%

15.3 MixSIAR: Abbildungen

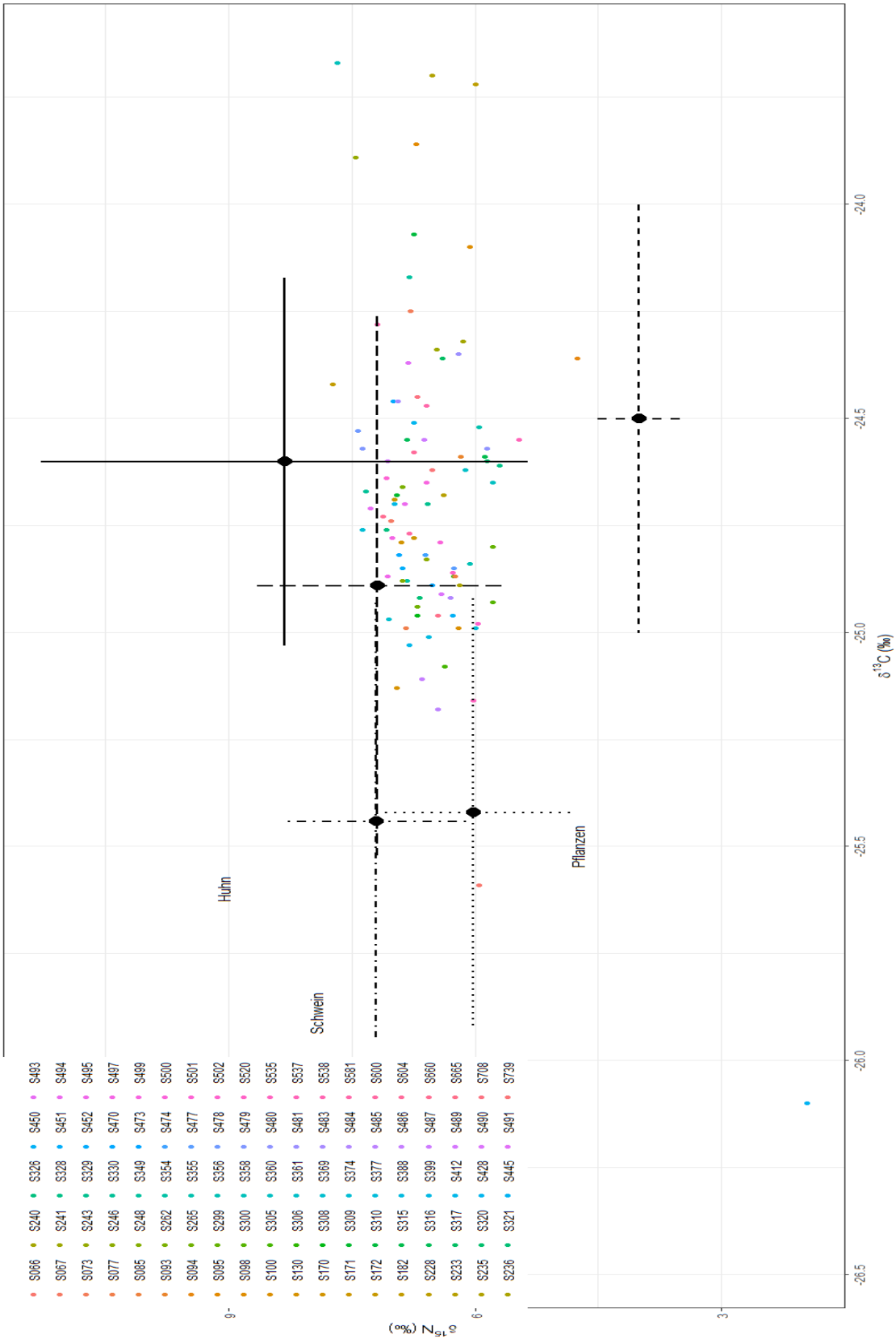


Abbildung 1516: Isospace Plot der Individuen aus Straubing. Erstellt mit MixSIAR.

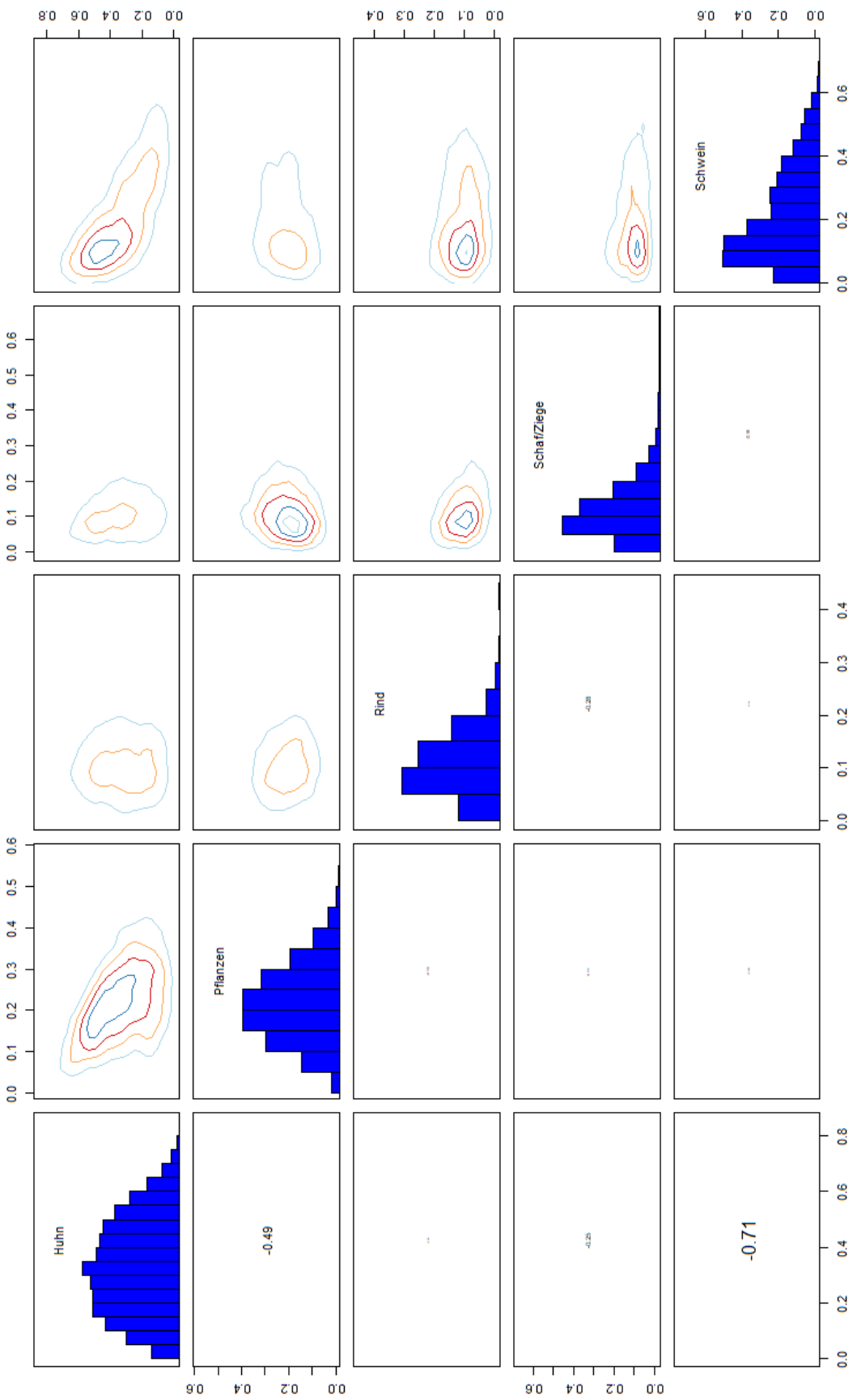


Abbildung 1517: Pairs Plot der Population aus Straubing. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

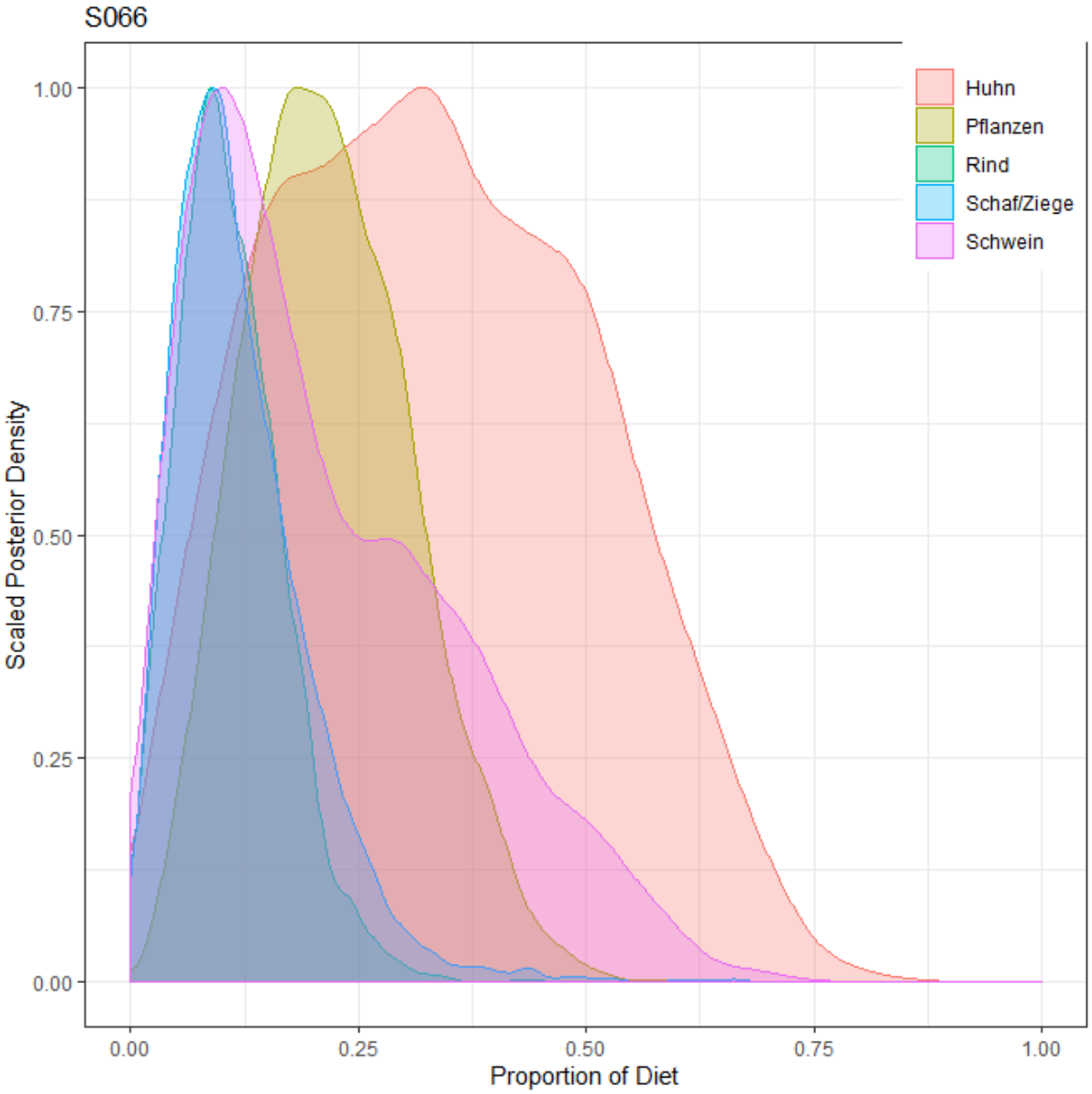


Abbildung 1518: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 066. Erstellt mit MixSIAR.

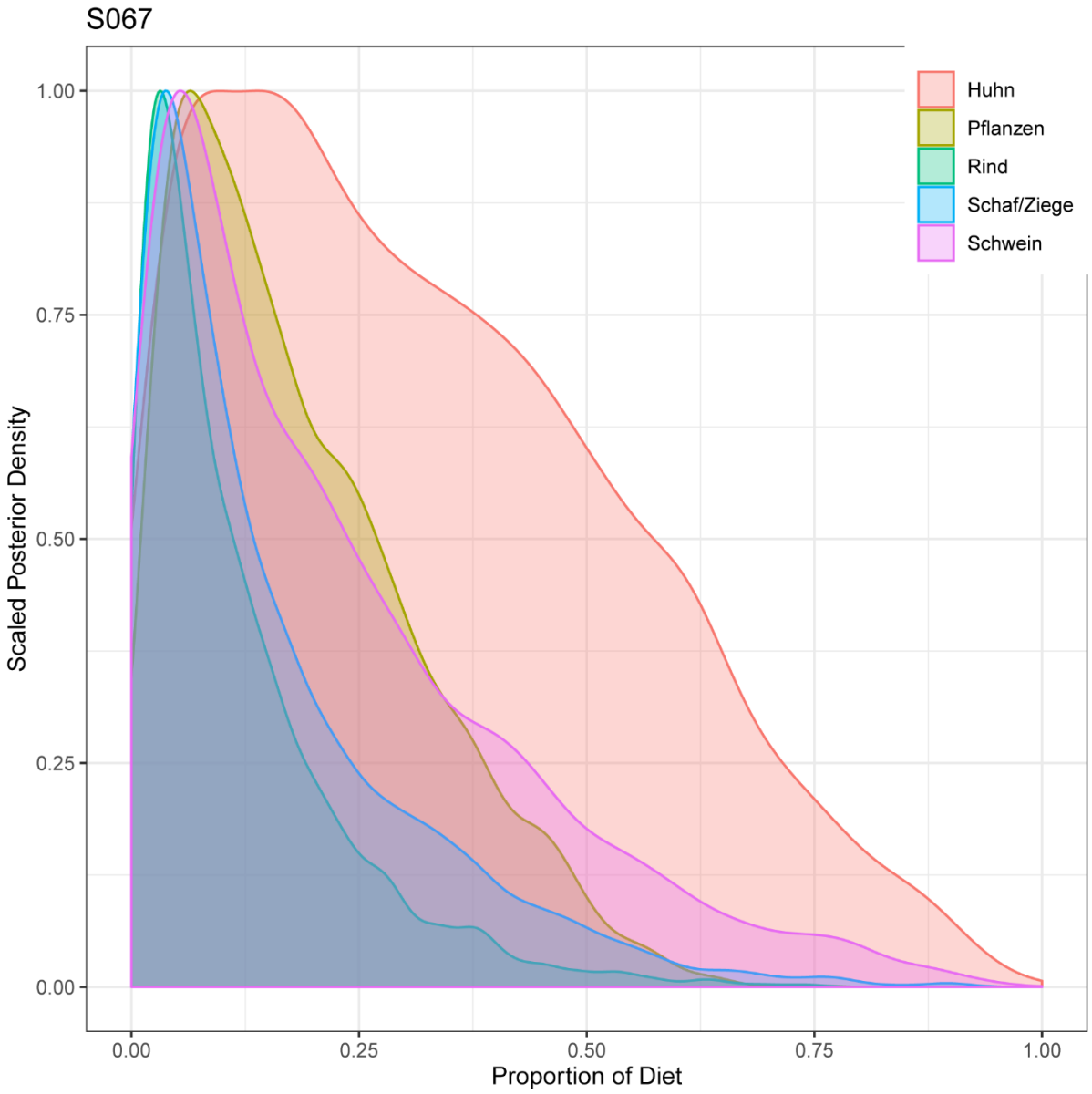


Abbildung 1519: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 067. Erstellt mit MixSIAR.

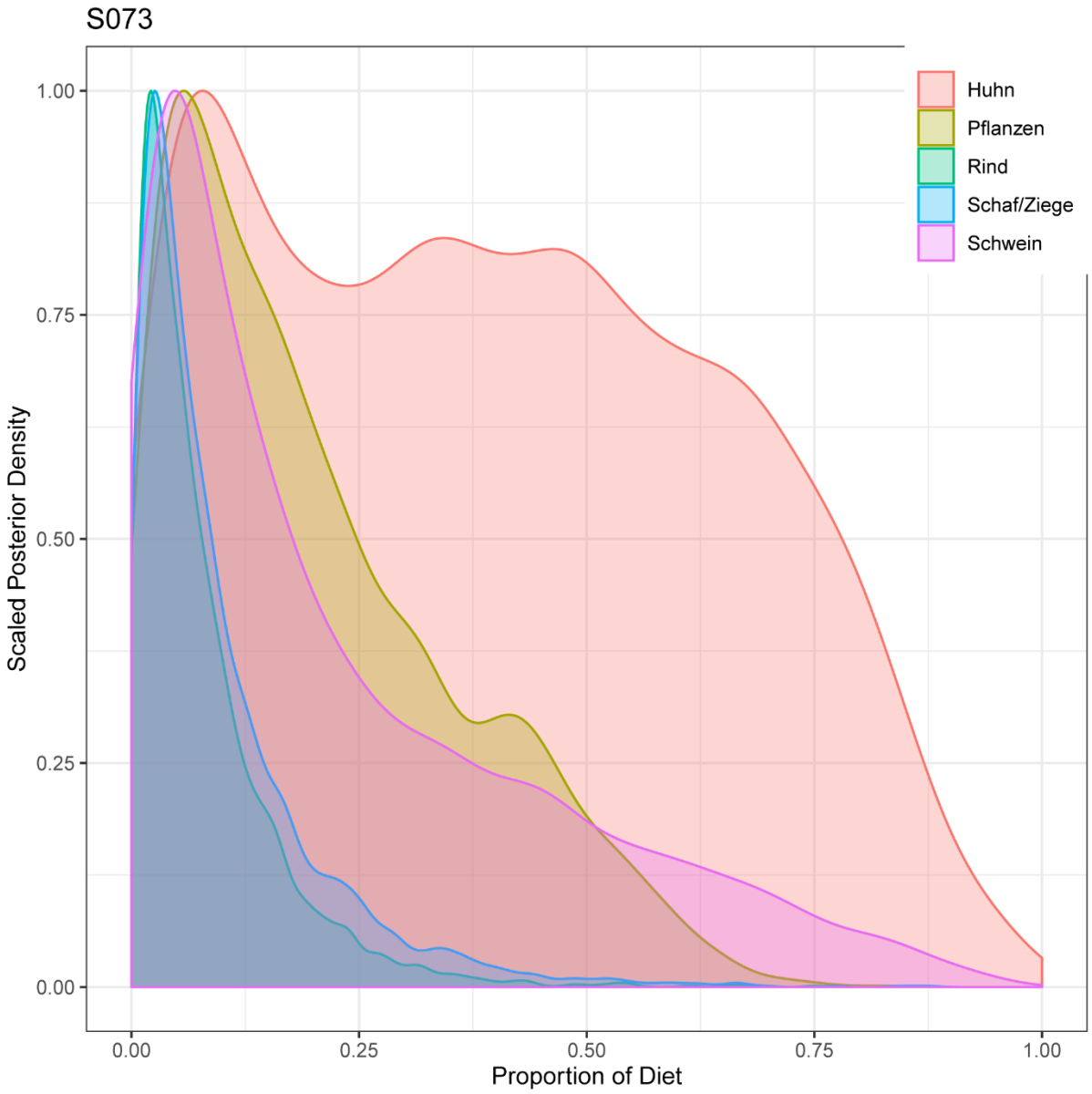


Abbildung 1520: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 073. Erstellt mit MixSIAR.

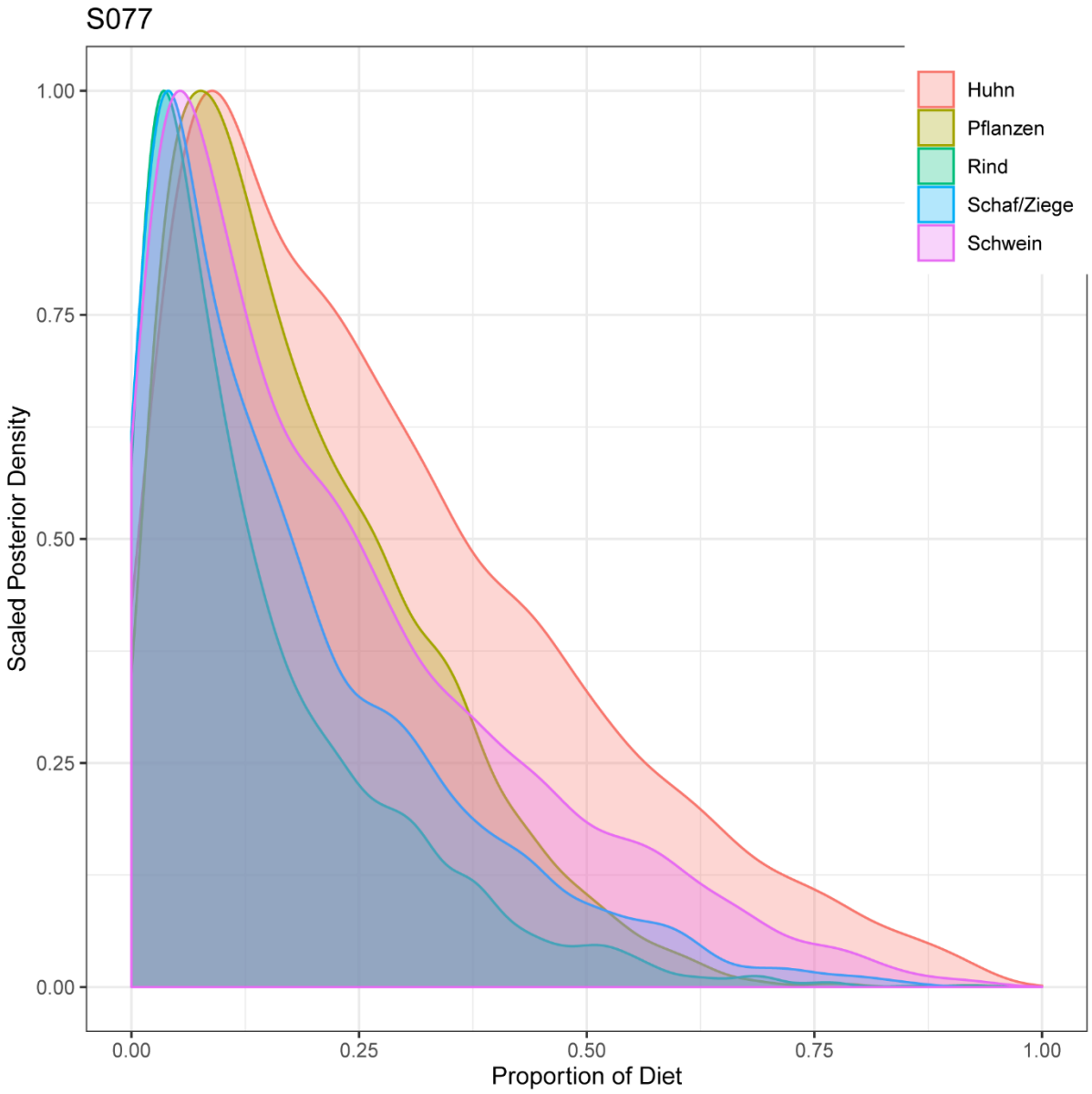


Abbildung 1521: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 077. Erstellt mit MixSIAR.

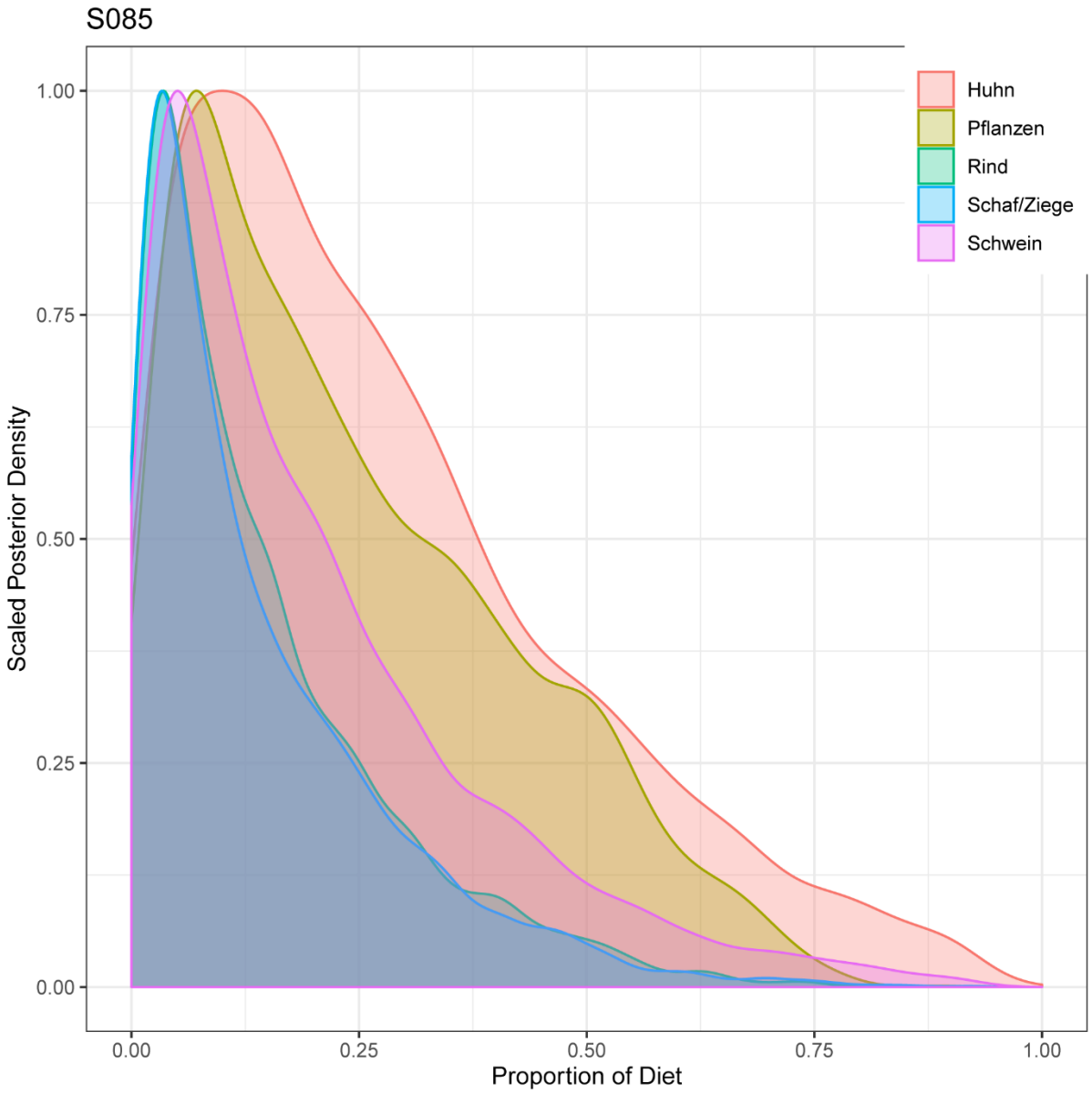


Abbildung 1522: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 085. Erstellt mit MixSIAR.

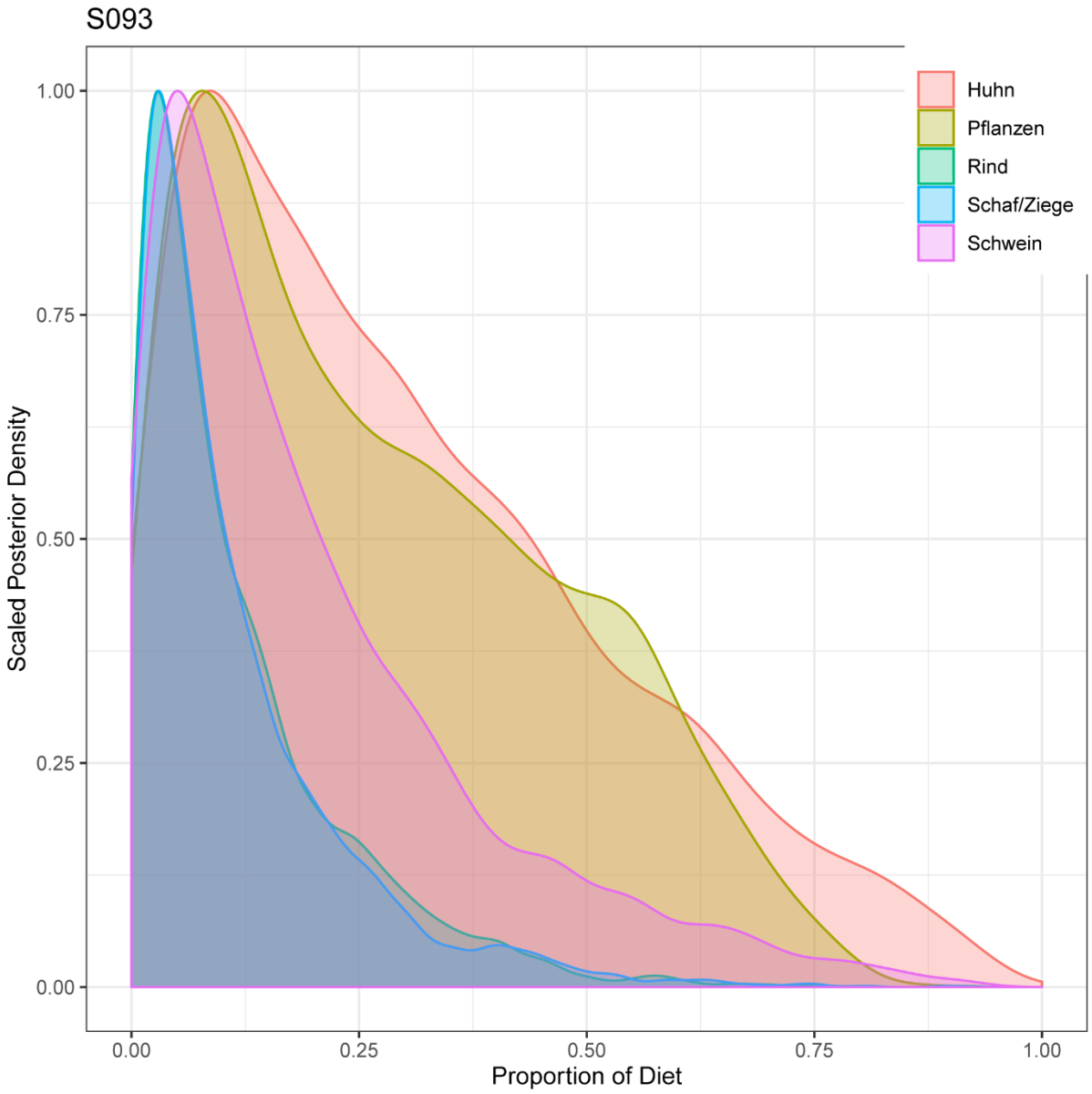


Abbildung 1523: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 093. Erstellt mit MixSIAR.

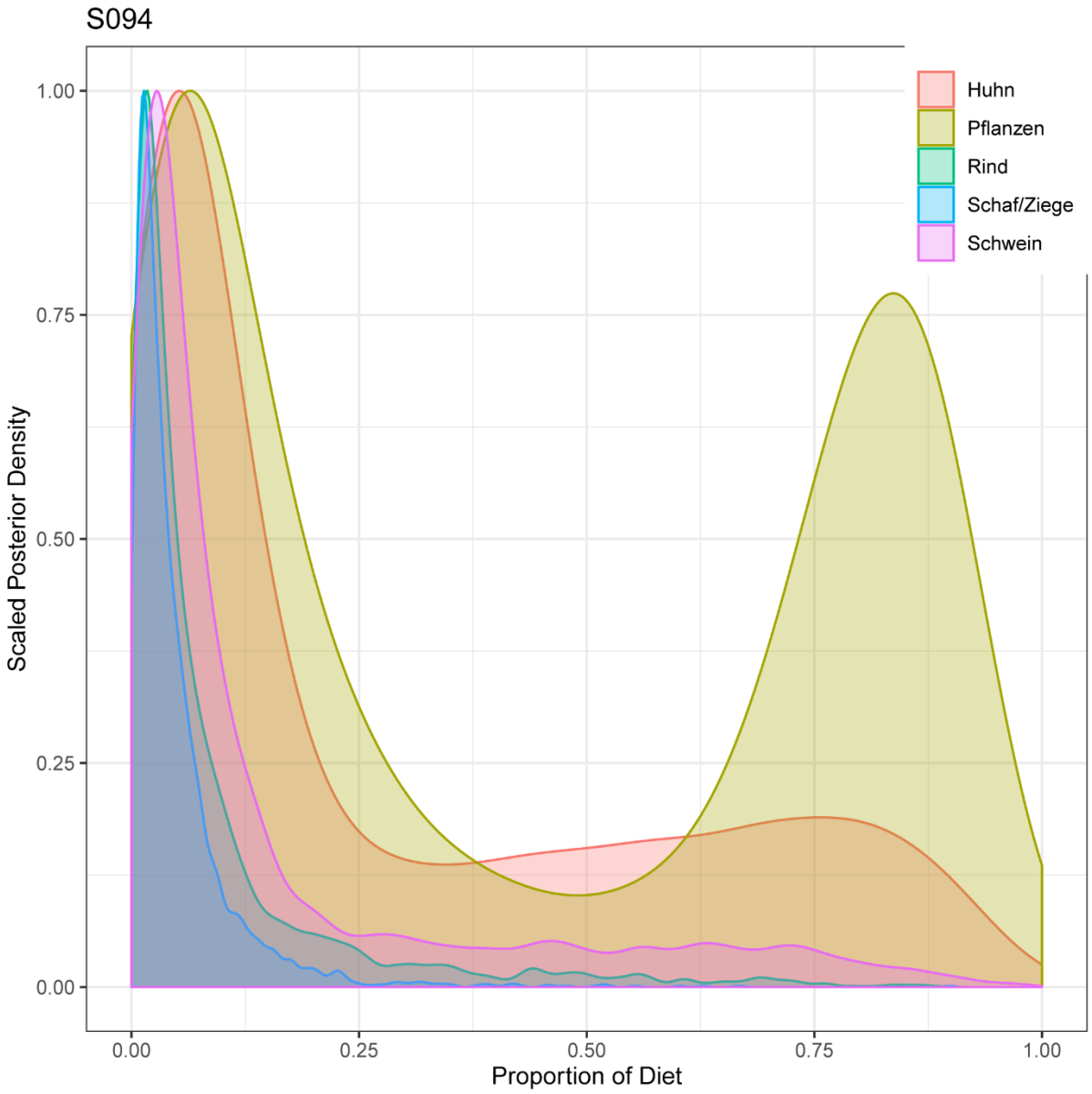


Abbildung 1524: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 094. Erstellt mit MixSIAR.

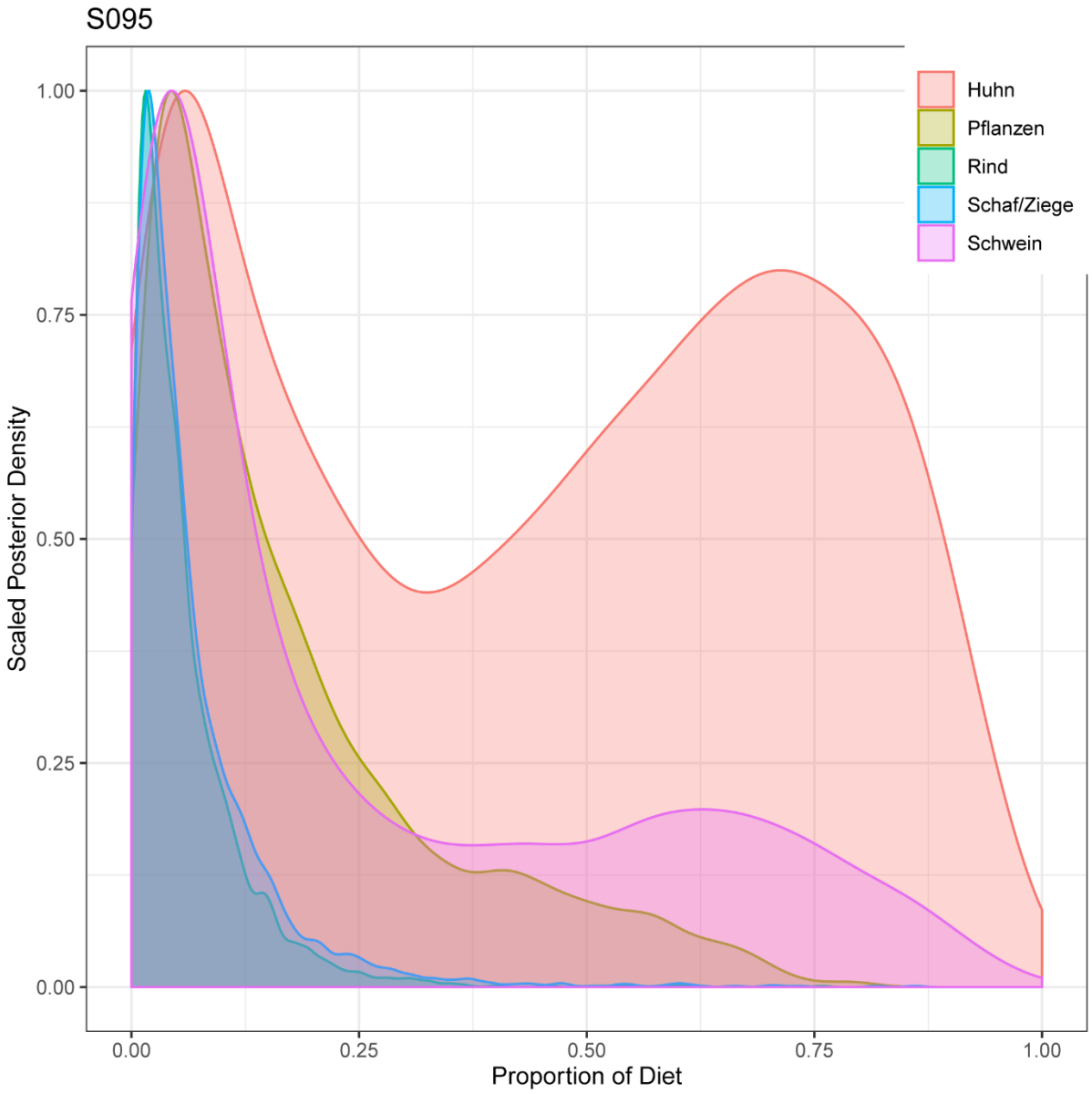


Abbildung 1525: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 095. Erstellt mit MixSIAR.

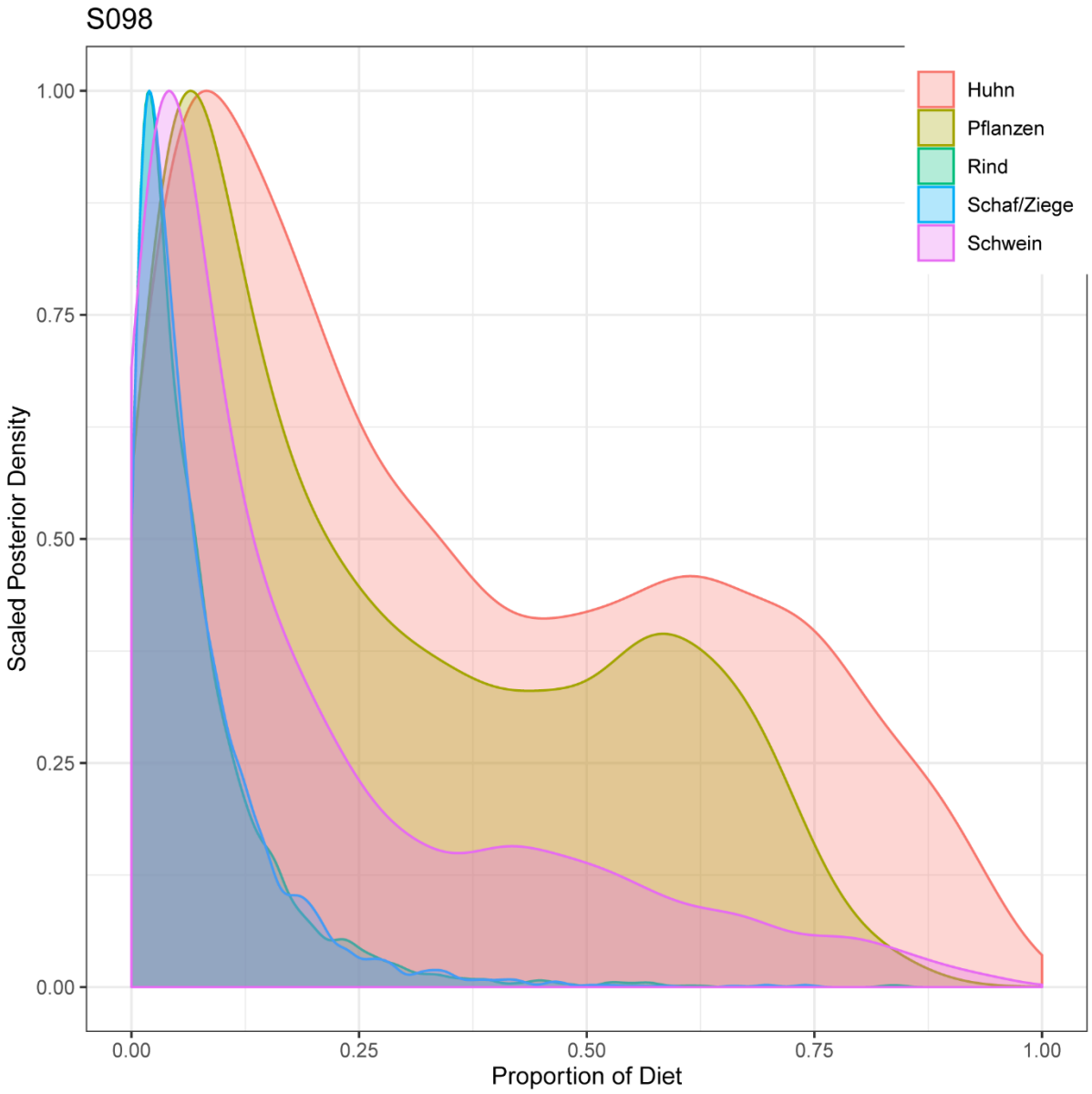


Abbildung 1526: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 098. Erstellt mit MixSIAR.

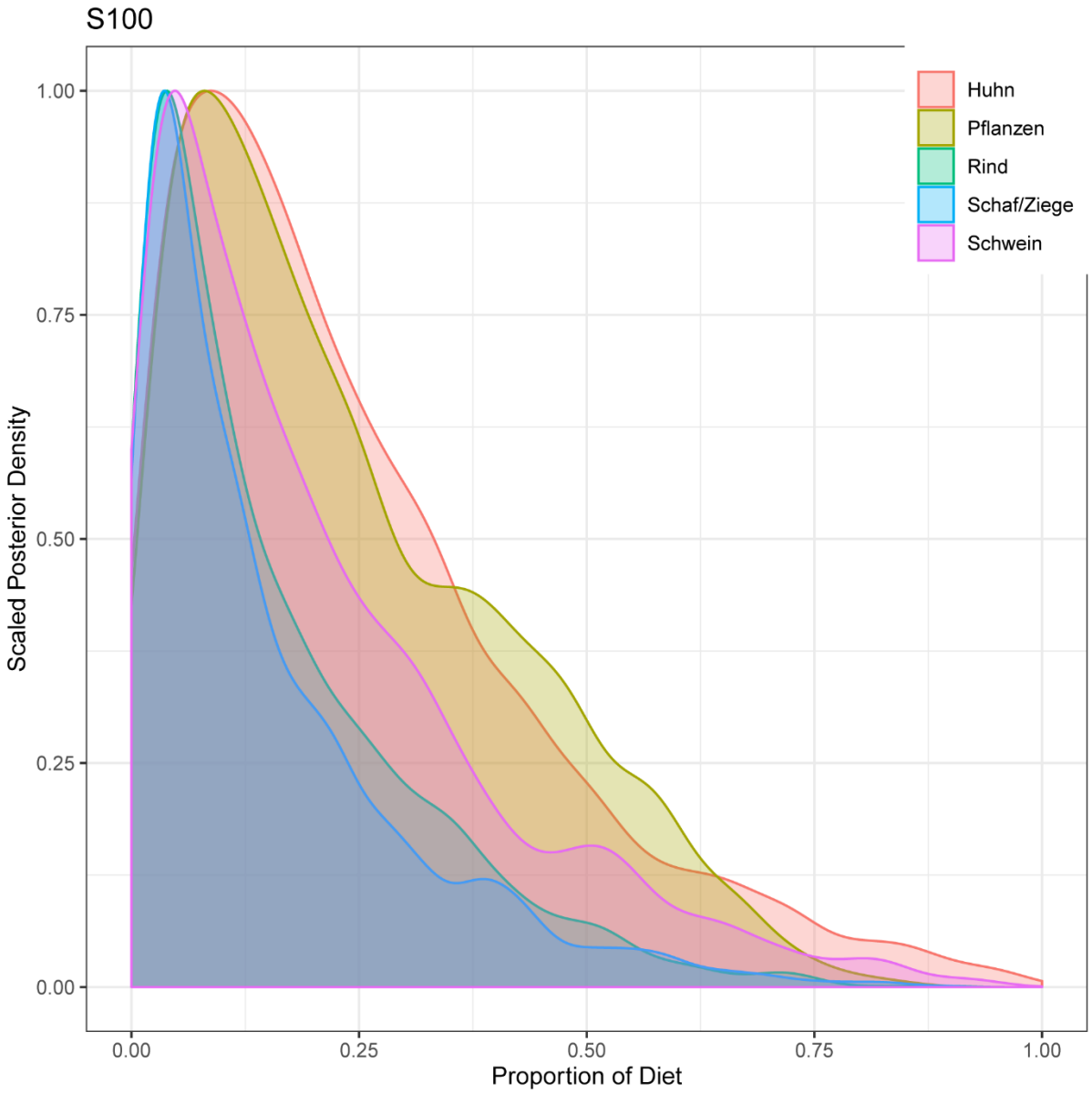


Abbildung 1527: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 100. Erstellt mit MixSIAR.

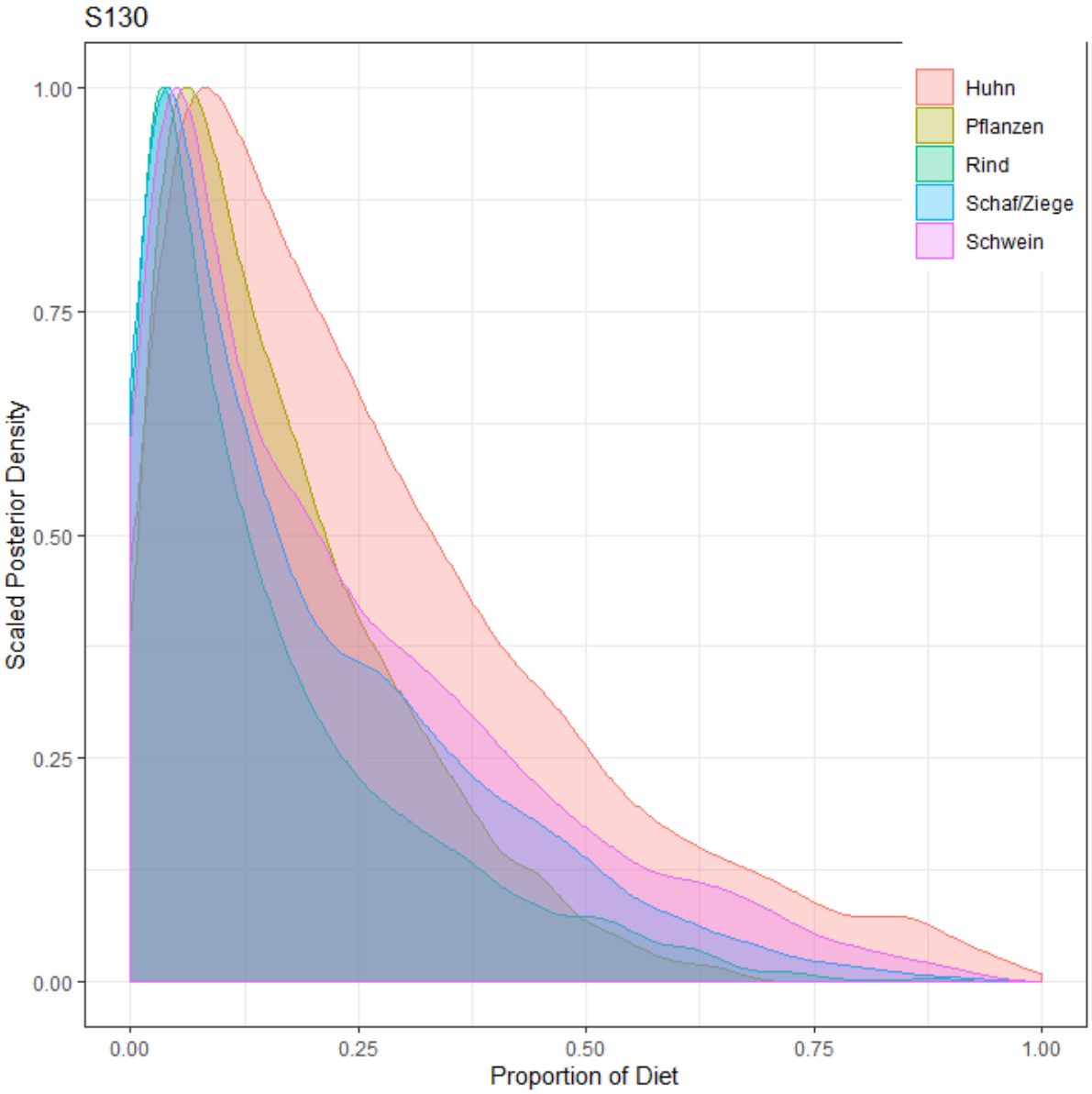


Abbildung 1528: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 130. Erstellt mit MixSIAR.

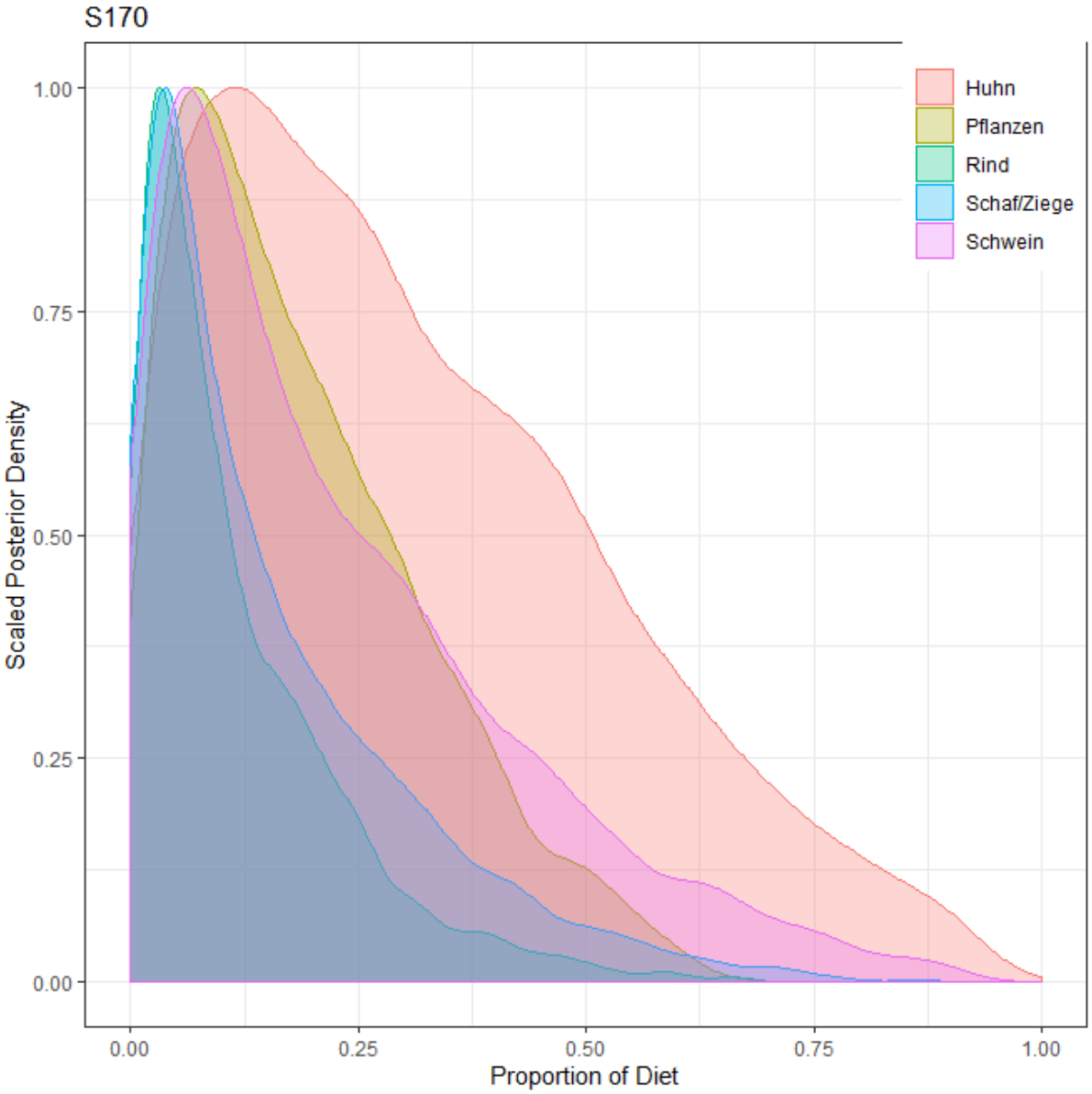


Abbildung 1529: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 170. Erstellt mit MixSIAR.

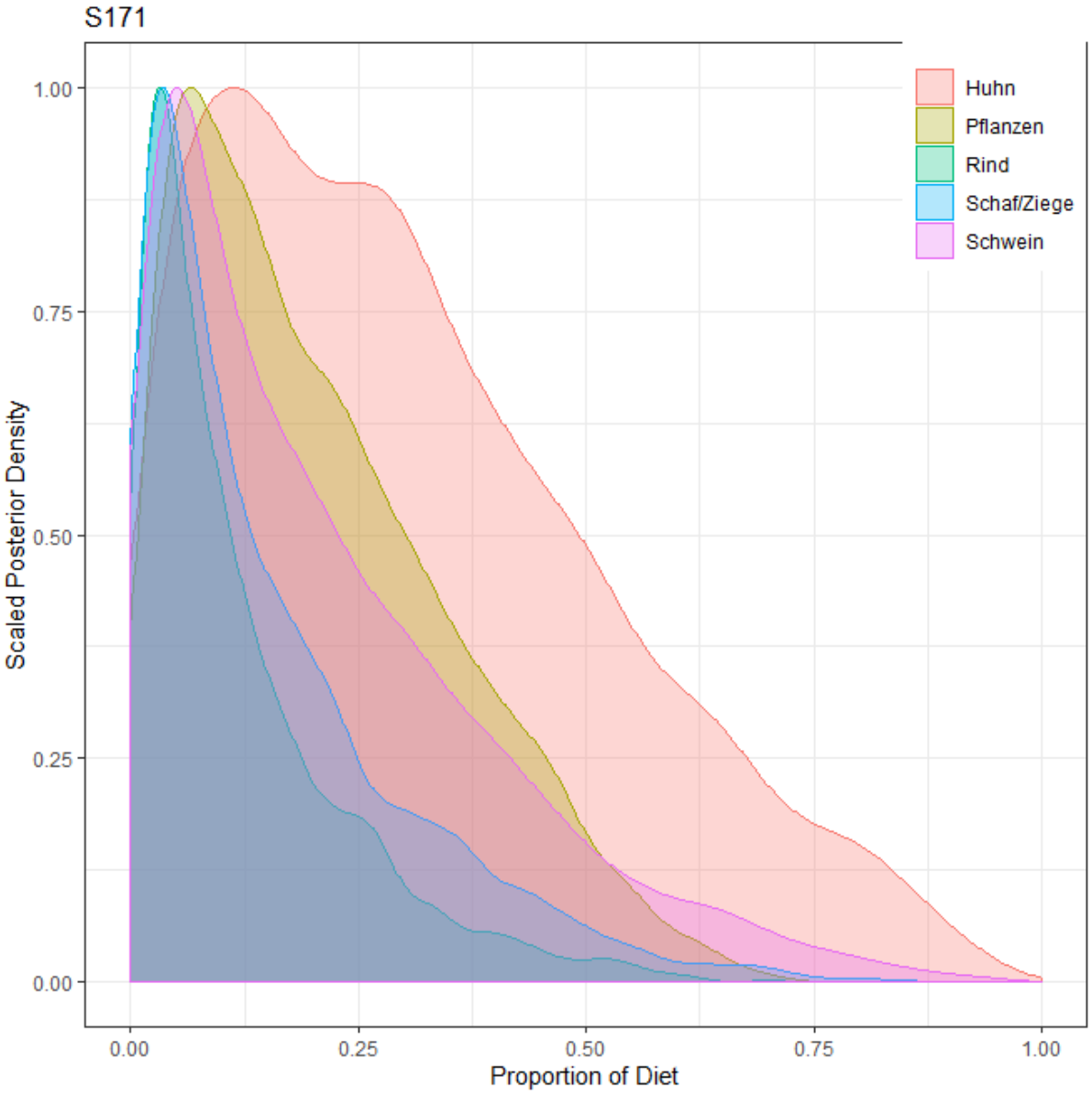


Abbildung 1530: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 171. Erstellt mit MixSIAR.

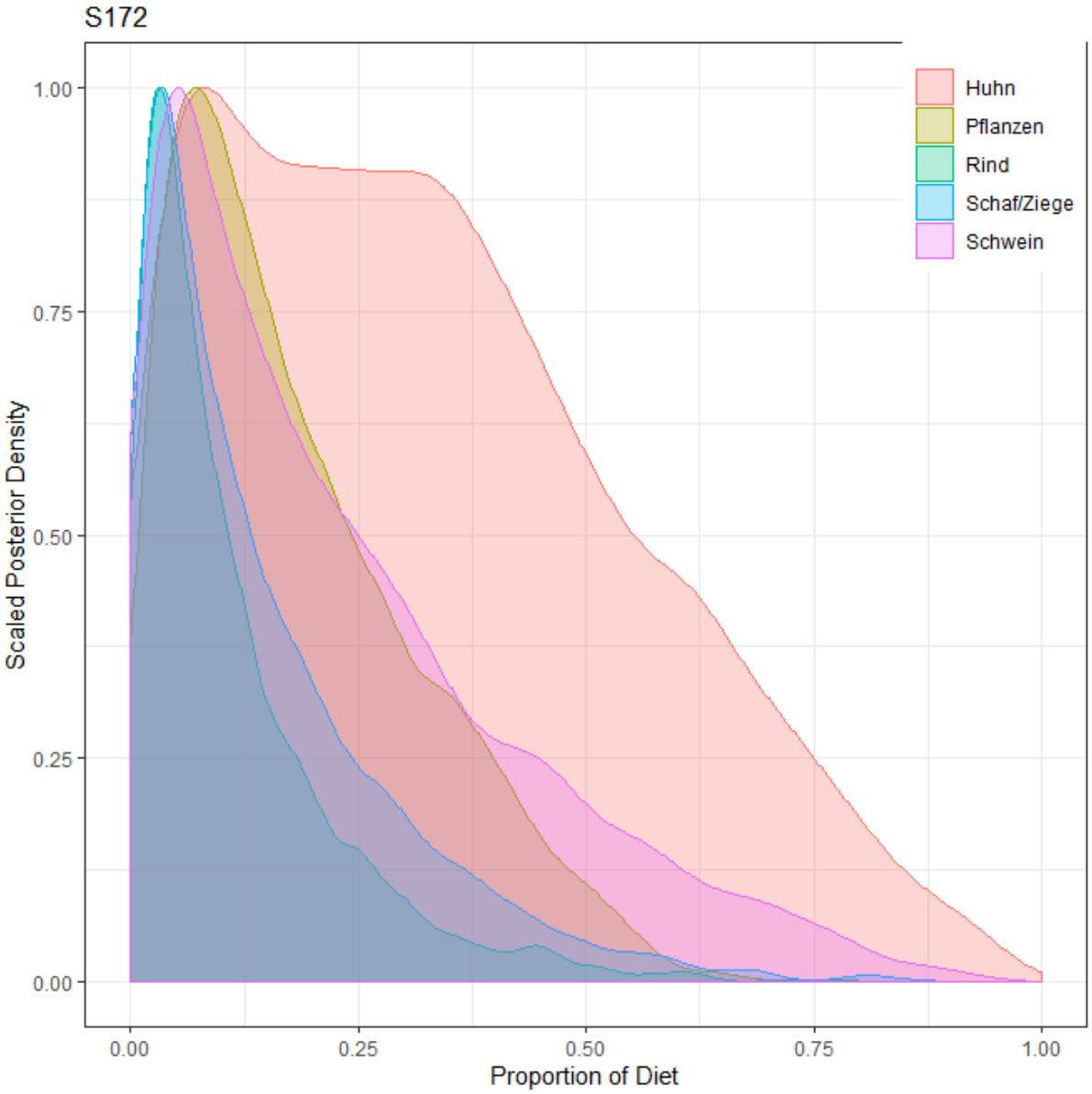


Abbildung 1531: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 172. Erstellt mit MixSIAR.

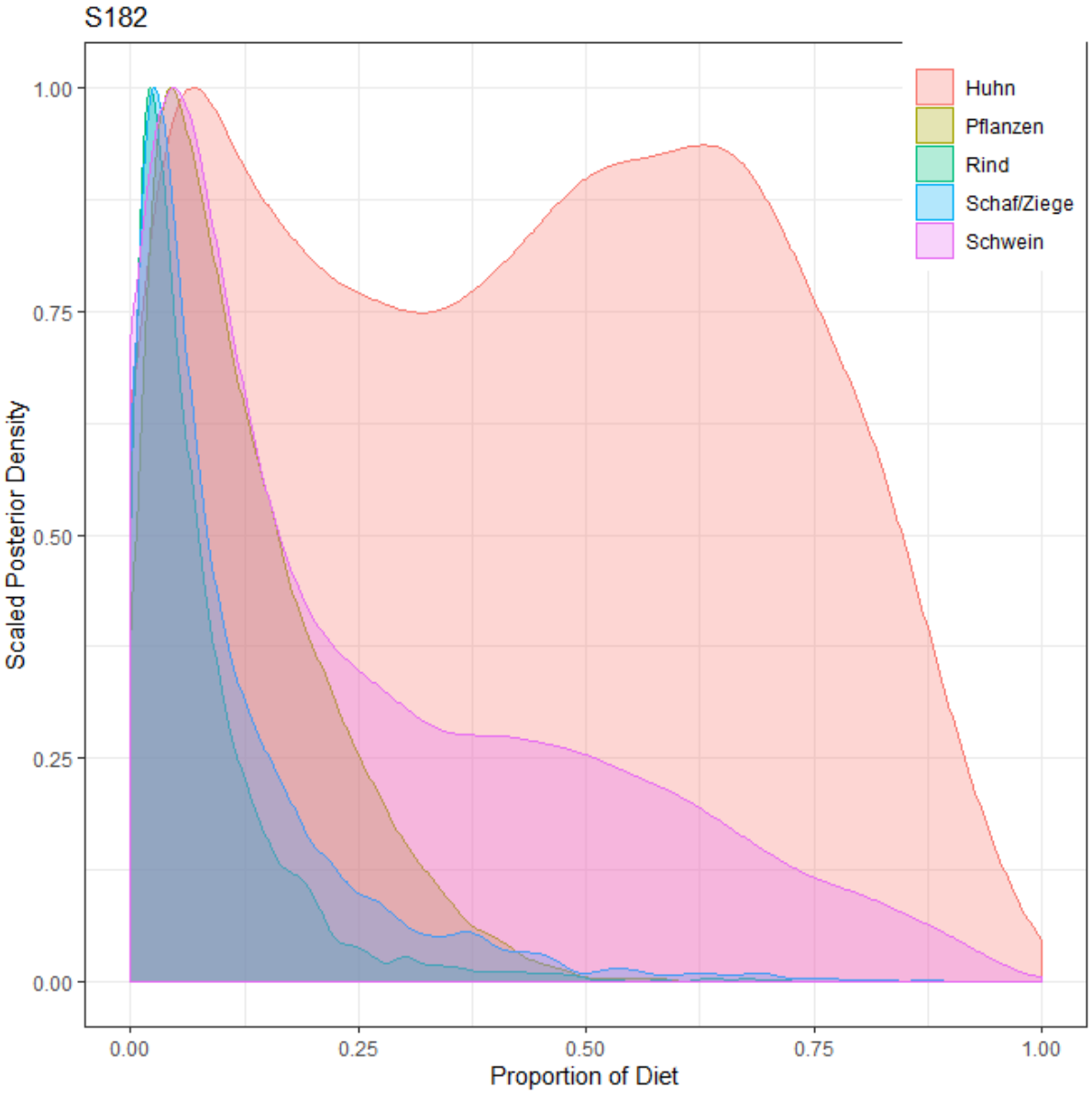


Abbildung 1532: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 182. Erstellt mit MixSIAR.

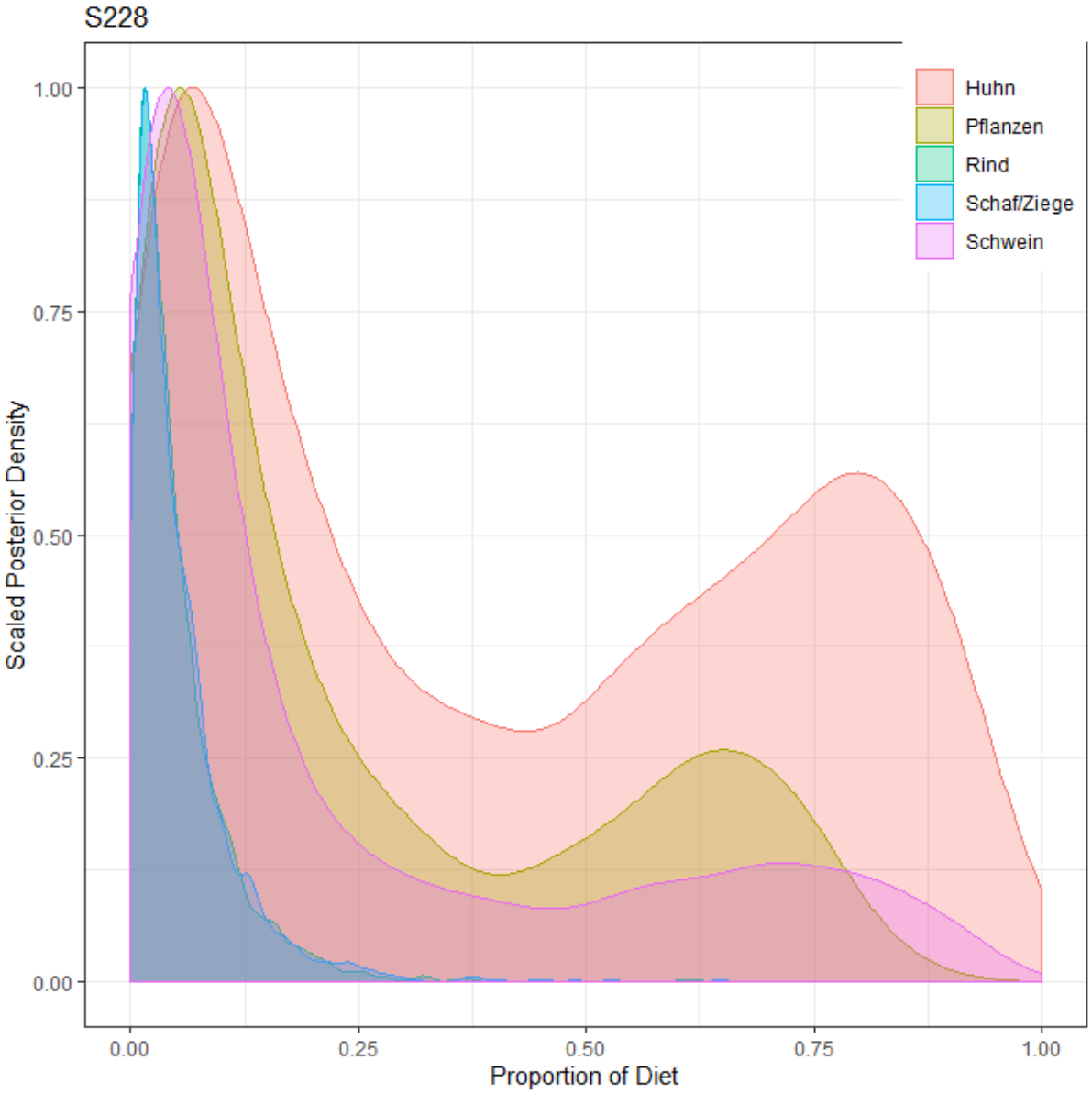


Abbildung 1533: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 228. Erstellt mit MixSIAR.

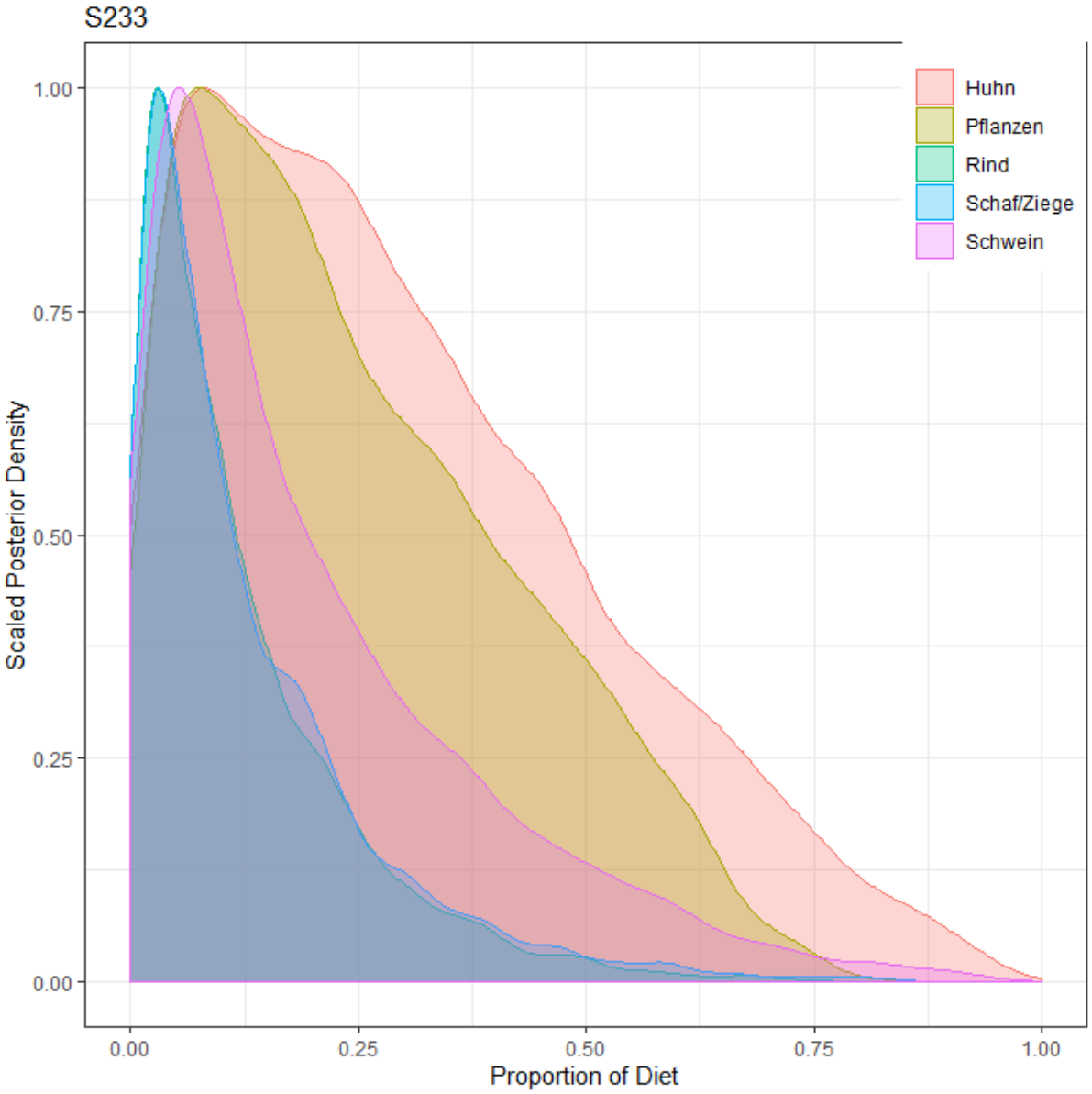


Abbildung 1534: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 233. Erstellt mit MixSIAR.

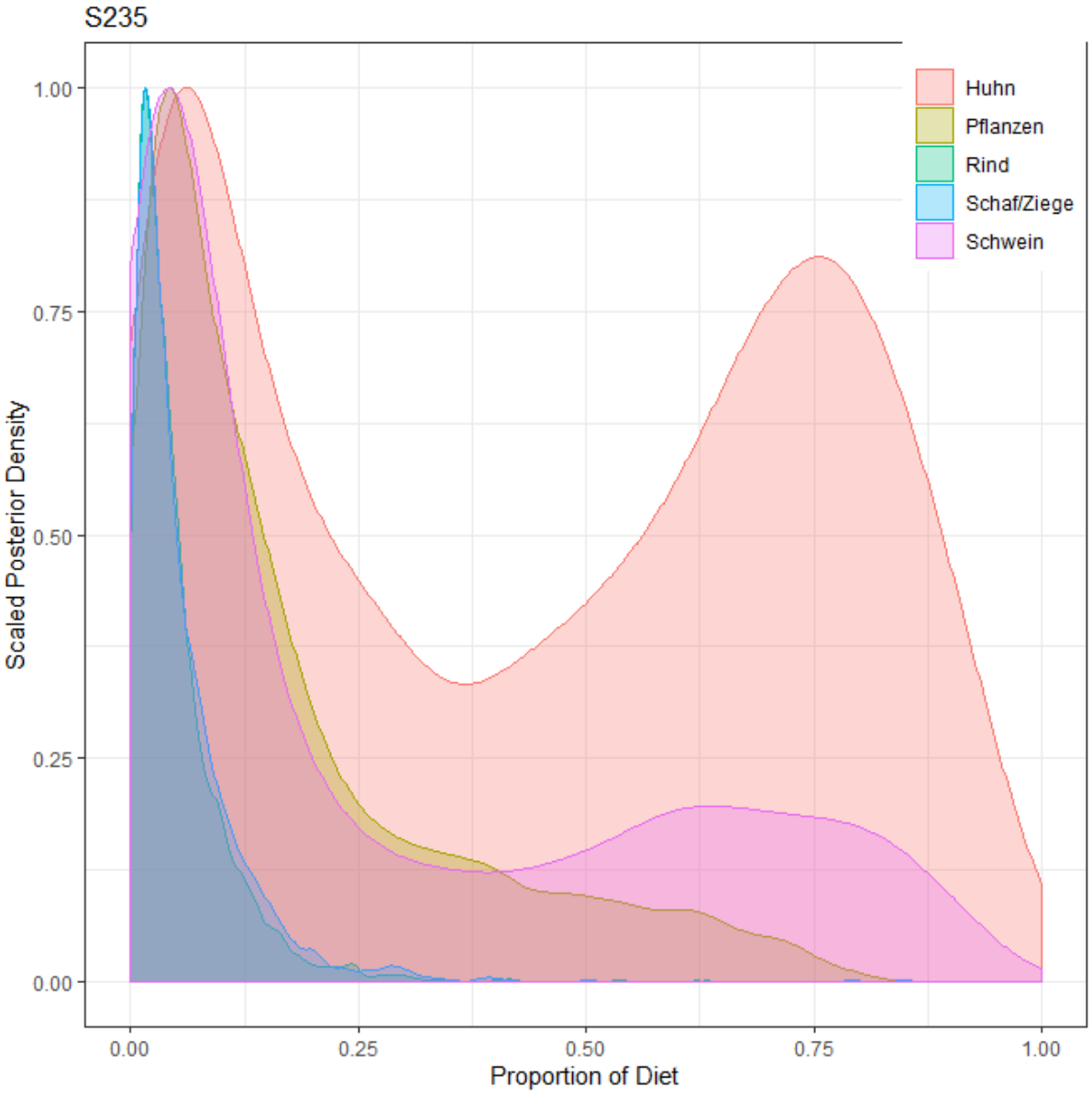


Abbildung 1535: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 235. Erstellt mit MixSIAR.

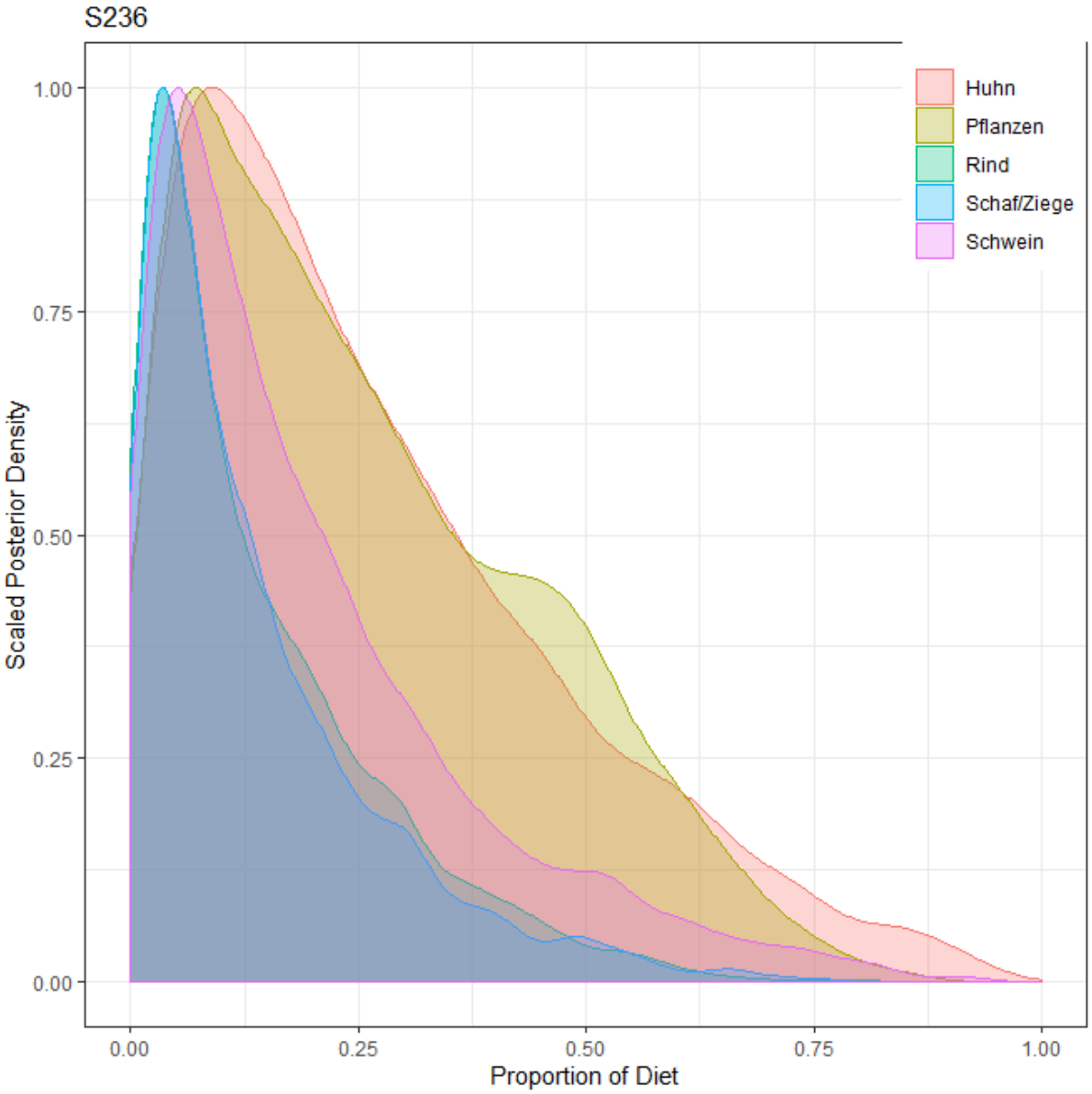


Abbildung 1536: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 236. Erstellt mit MixSIAR.

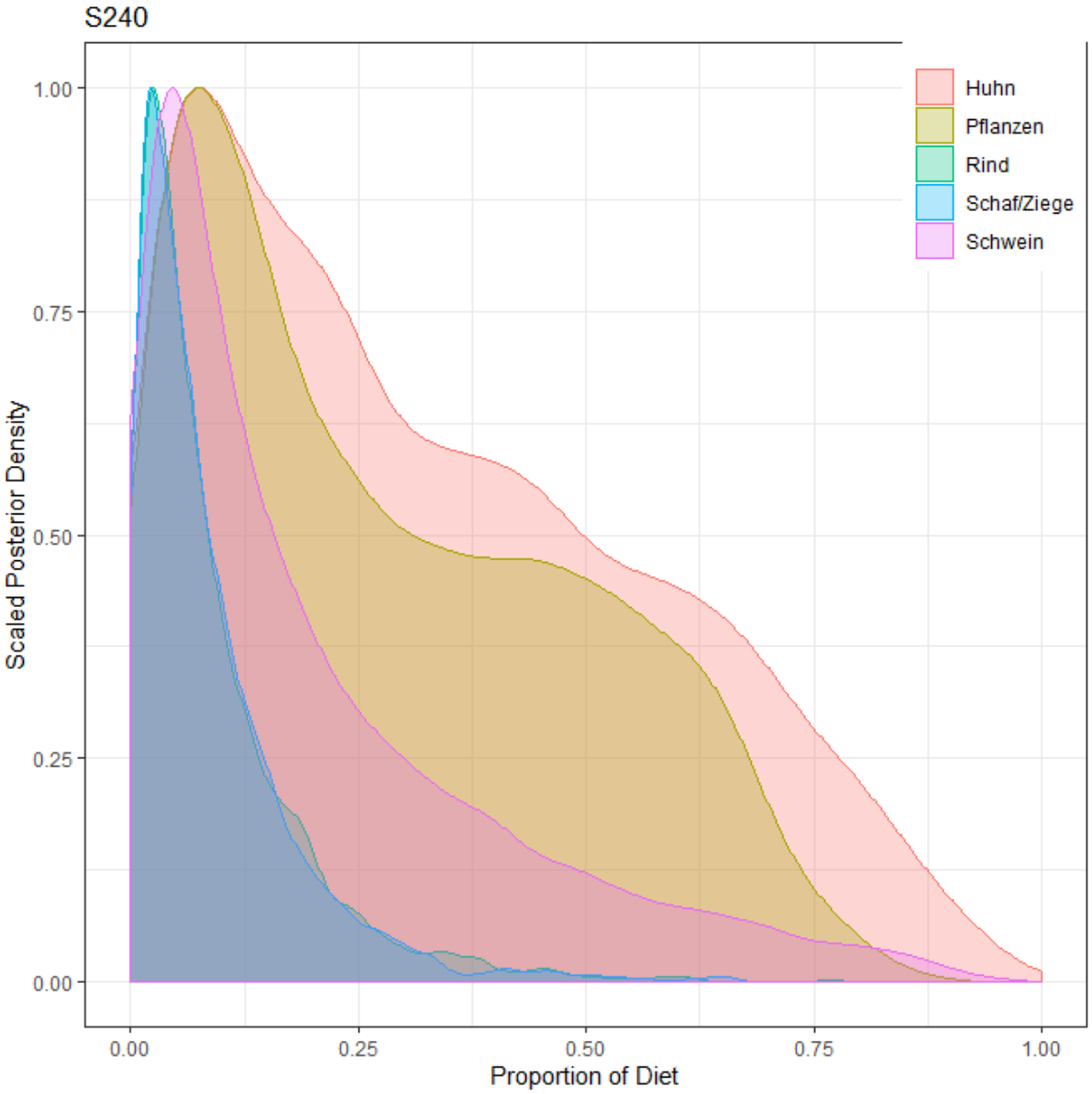


Abbildung 1537: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 240. Erstellt mit MixSIAR.

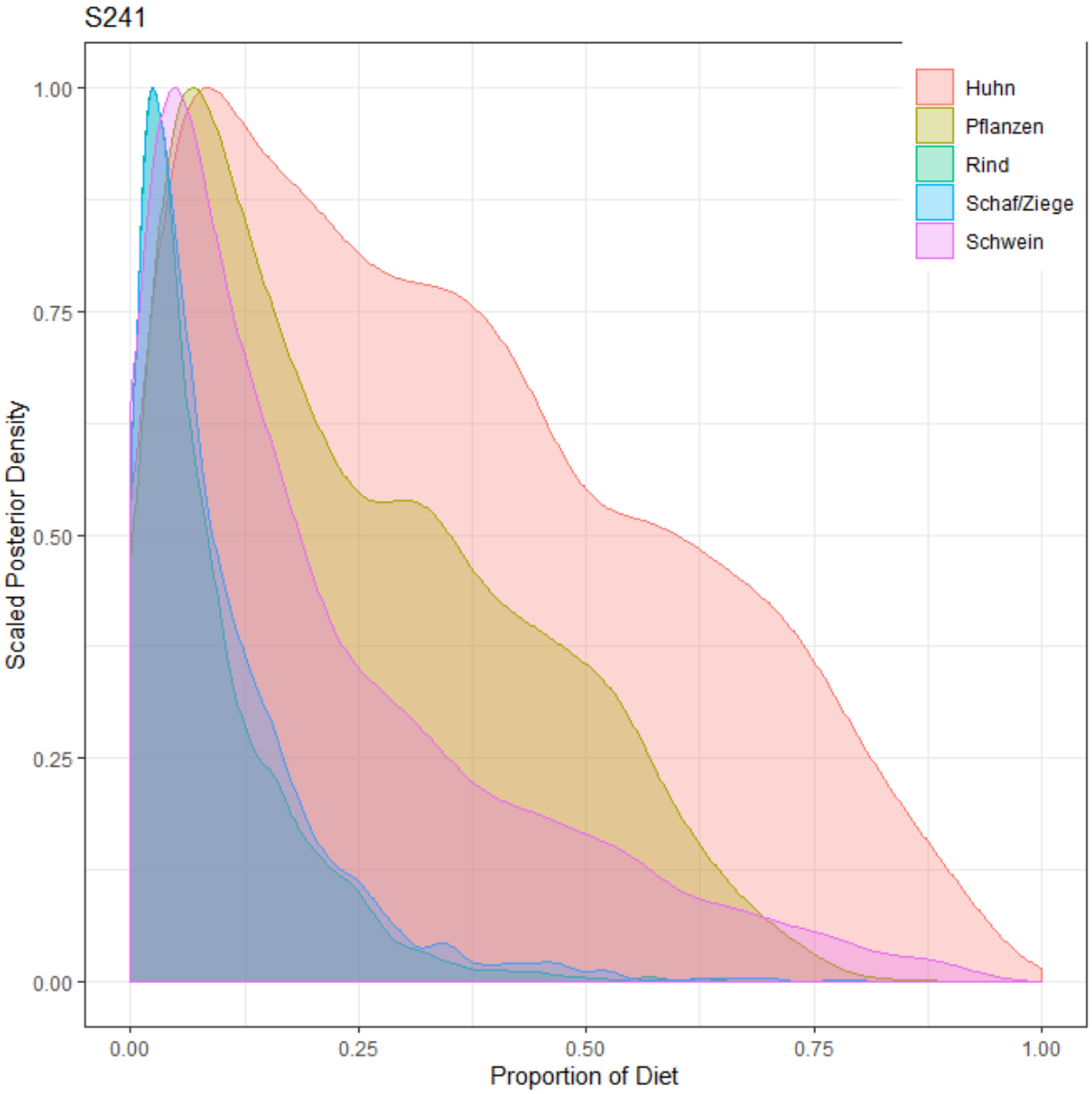


Abbildung 1538: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 241. Erstellt mit MixSIAR.

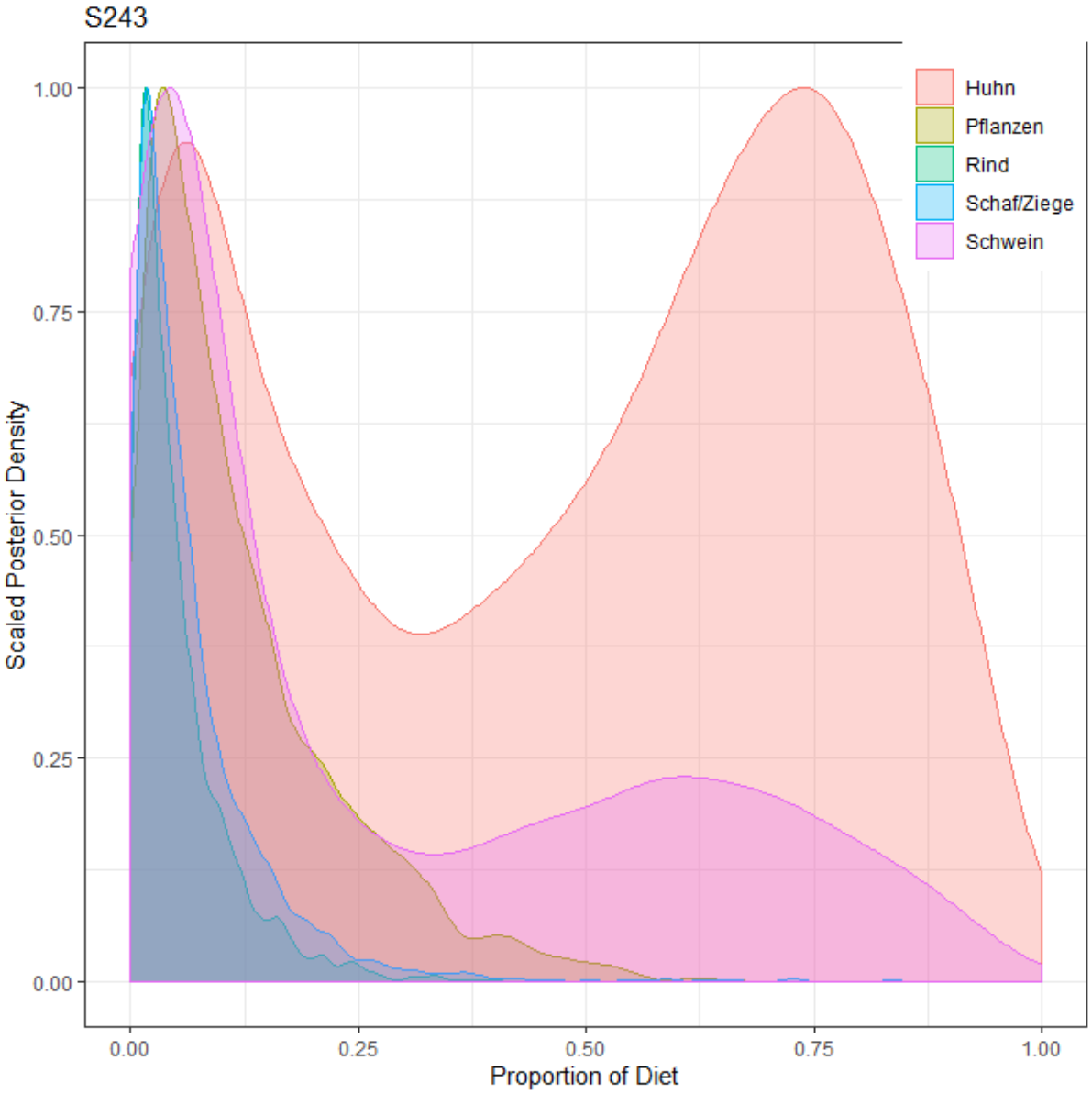


Abbildung 1539: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 243. Erstellt mit MixSIAR.

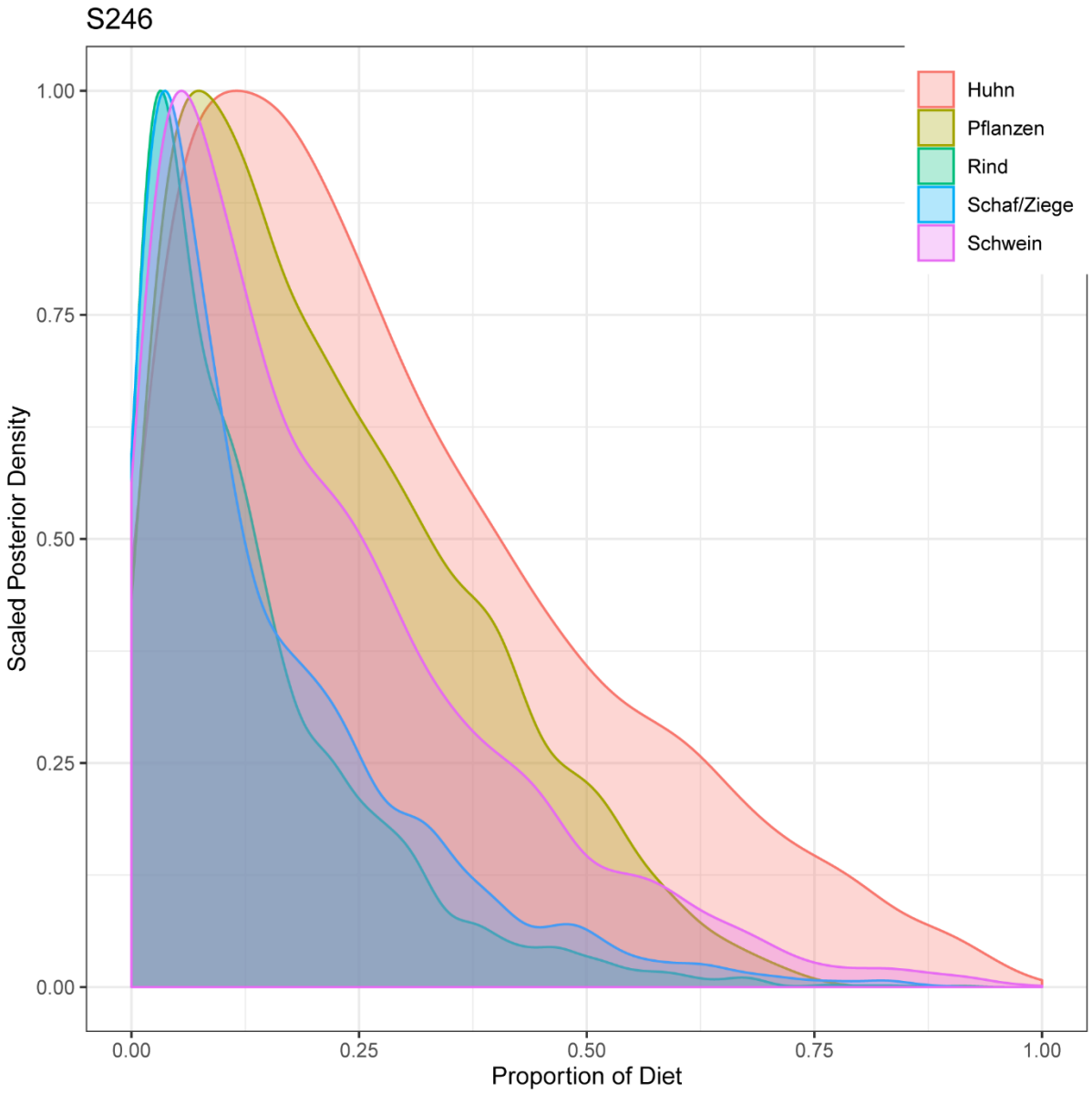


Abbildung 1540: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 246. Erstellt mit MixSIAR.

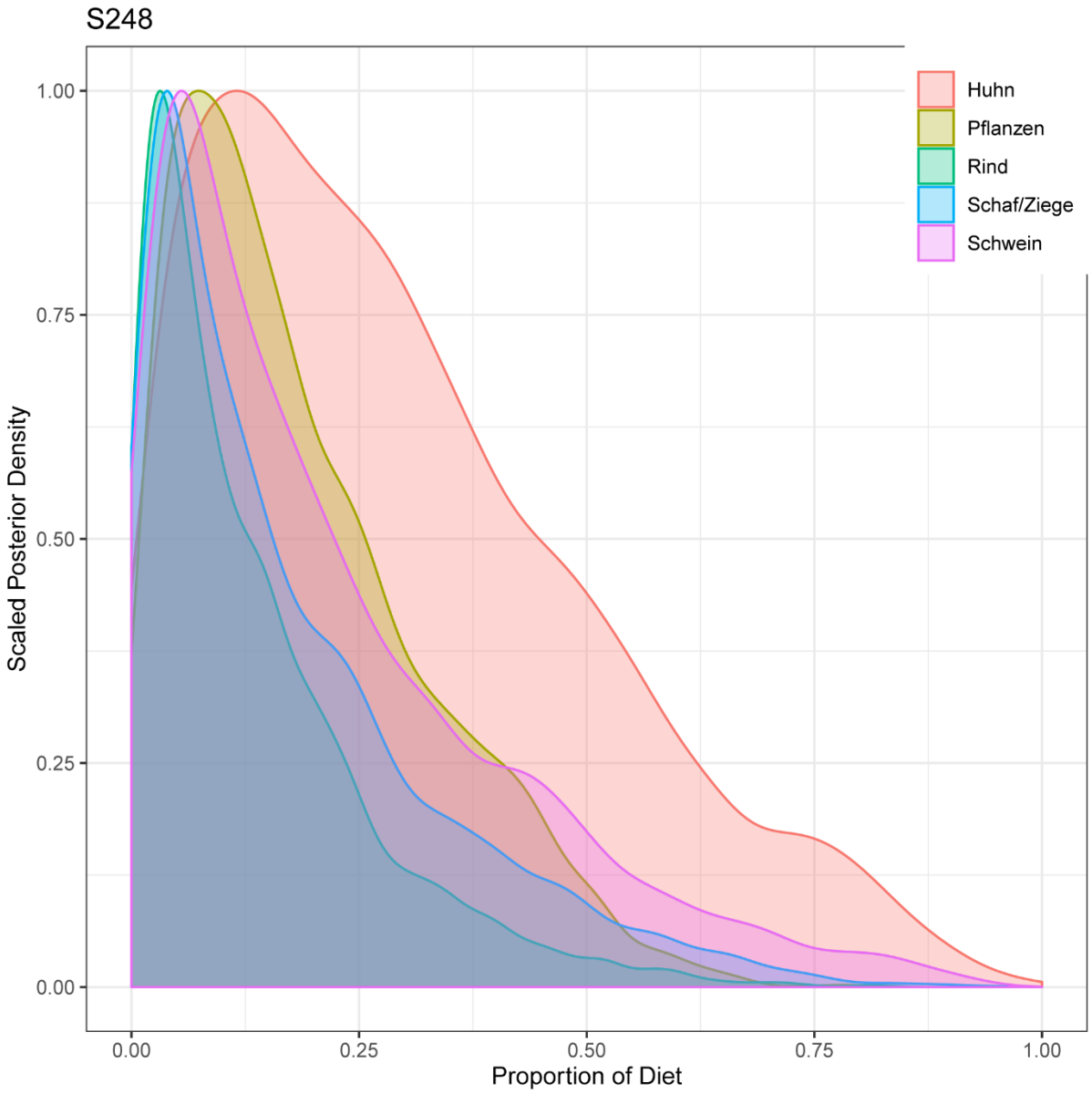


Abbildung 1541: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 248. Erstellt mit MixSIAR.

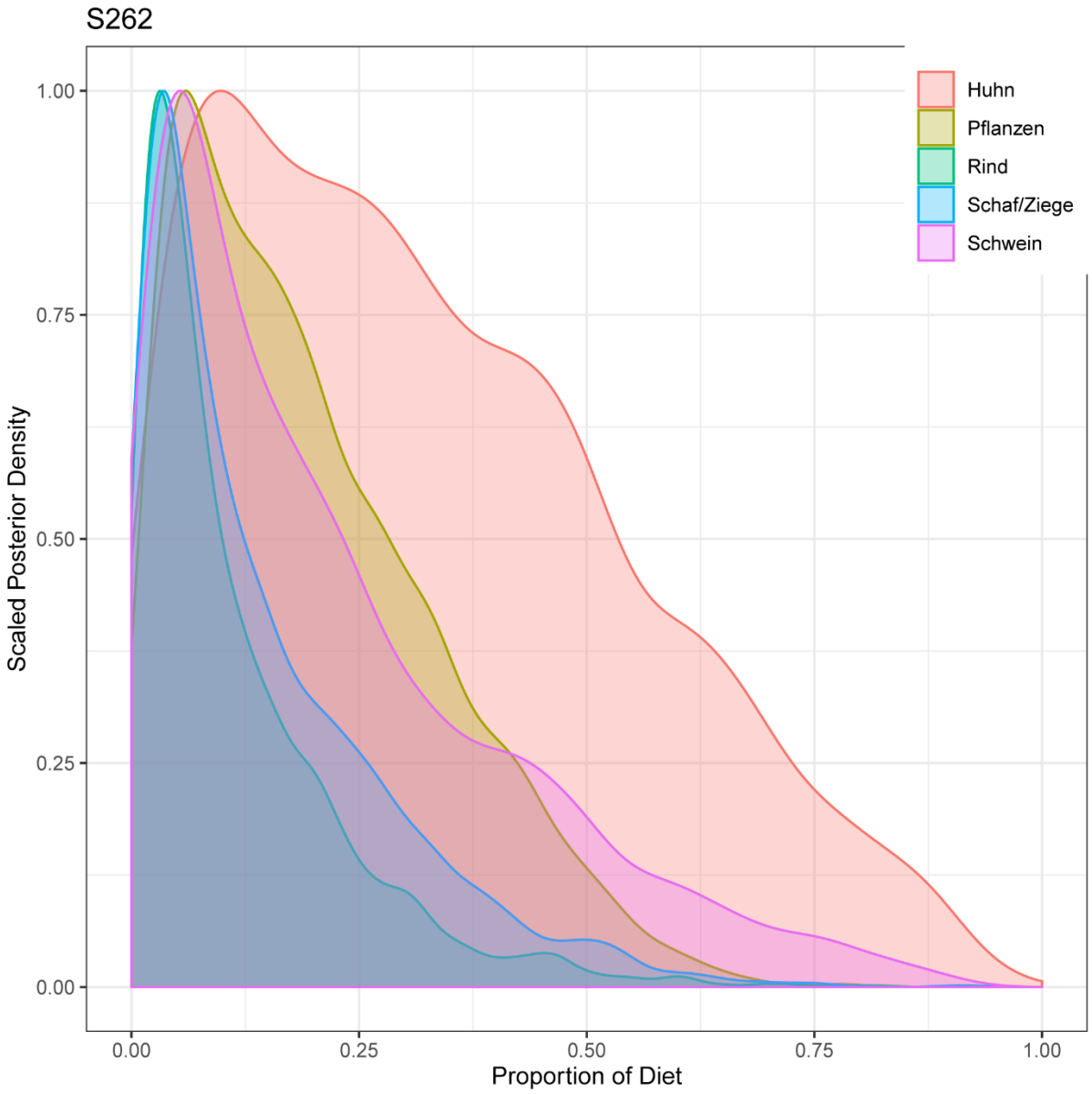


Abbildung 1542: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 262. Erstellt mit MixSIAR.

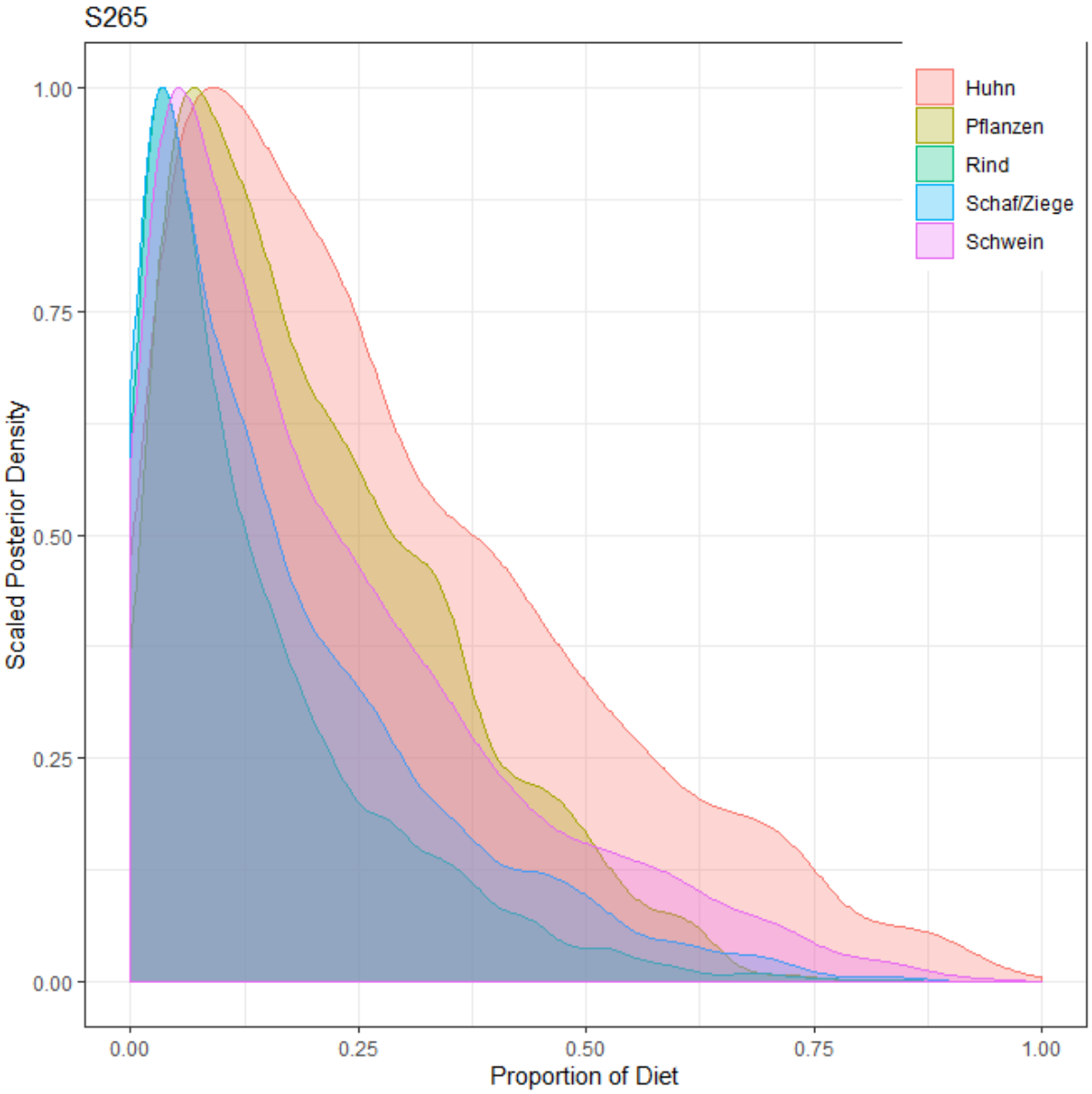


Abbildung 1543: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 265. Erstellt mit MixSIAR.

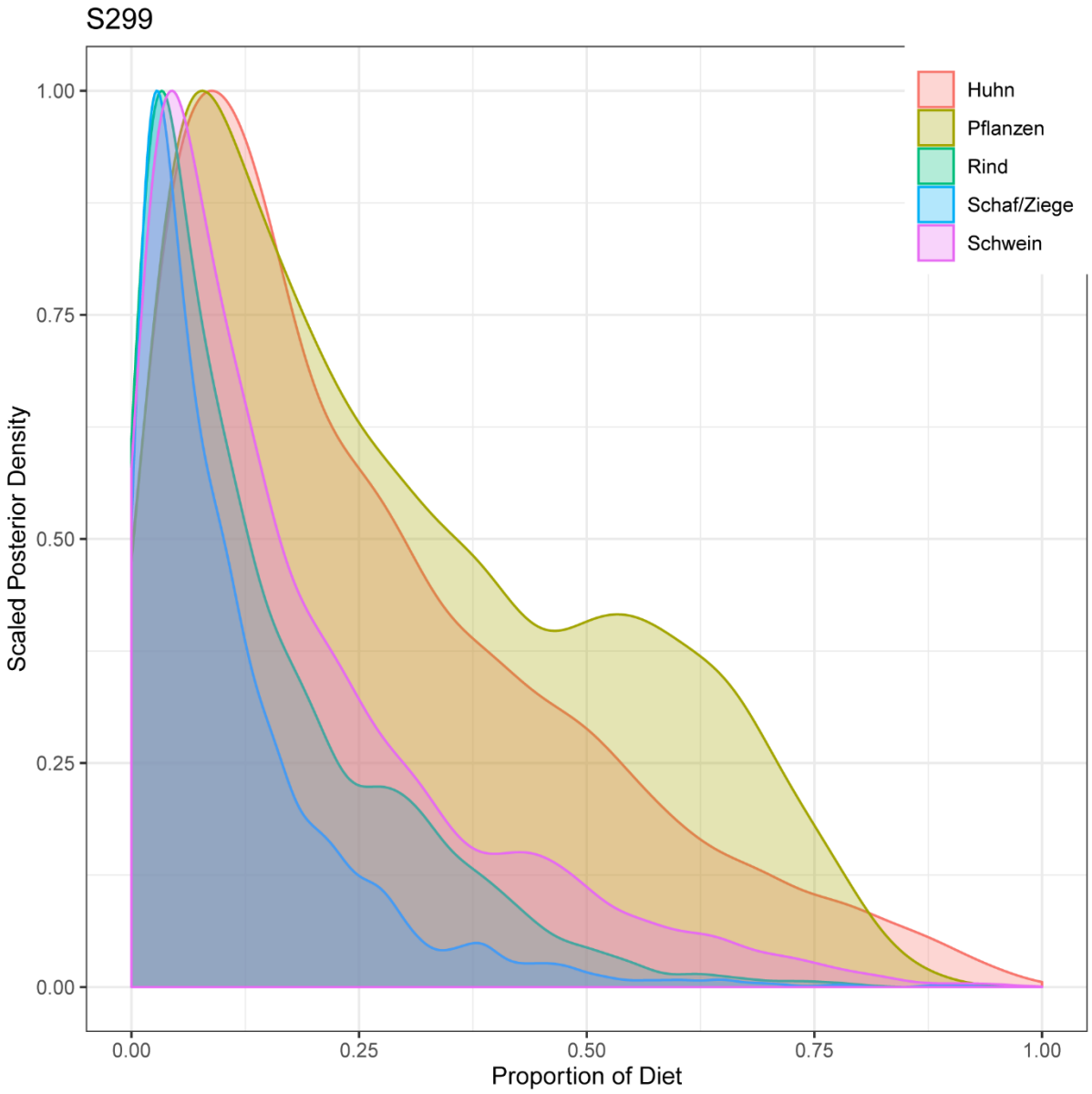


Abbildung 1544: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 299. Erstellt mit MixSIAR.

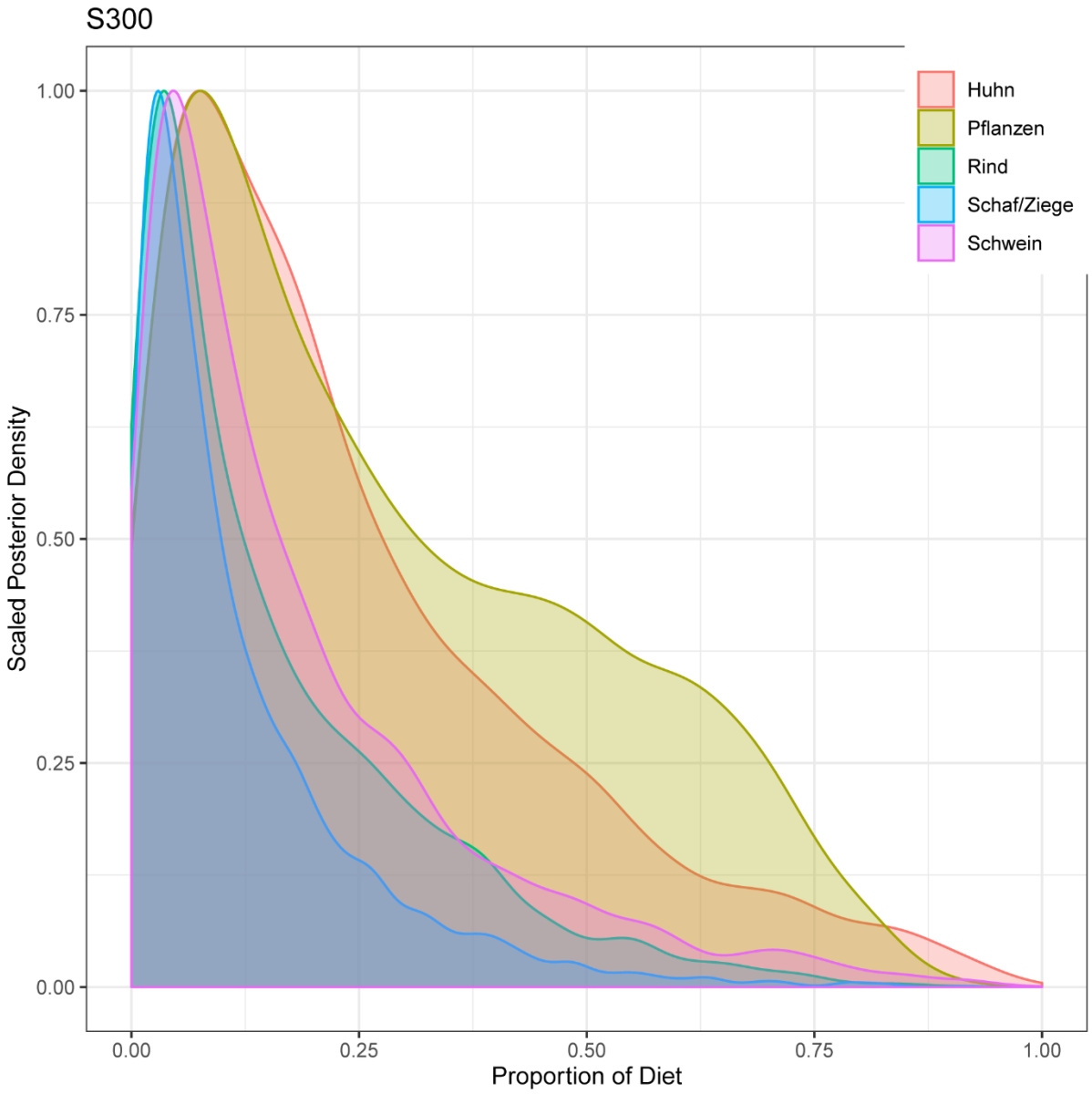


Abbildung 1545: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 300. Erstellt mit MixSIAR.

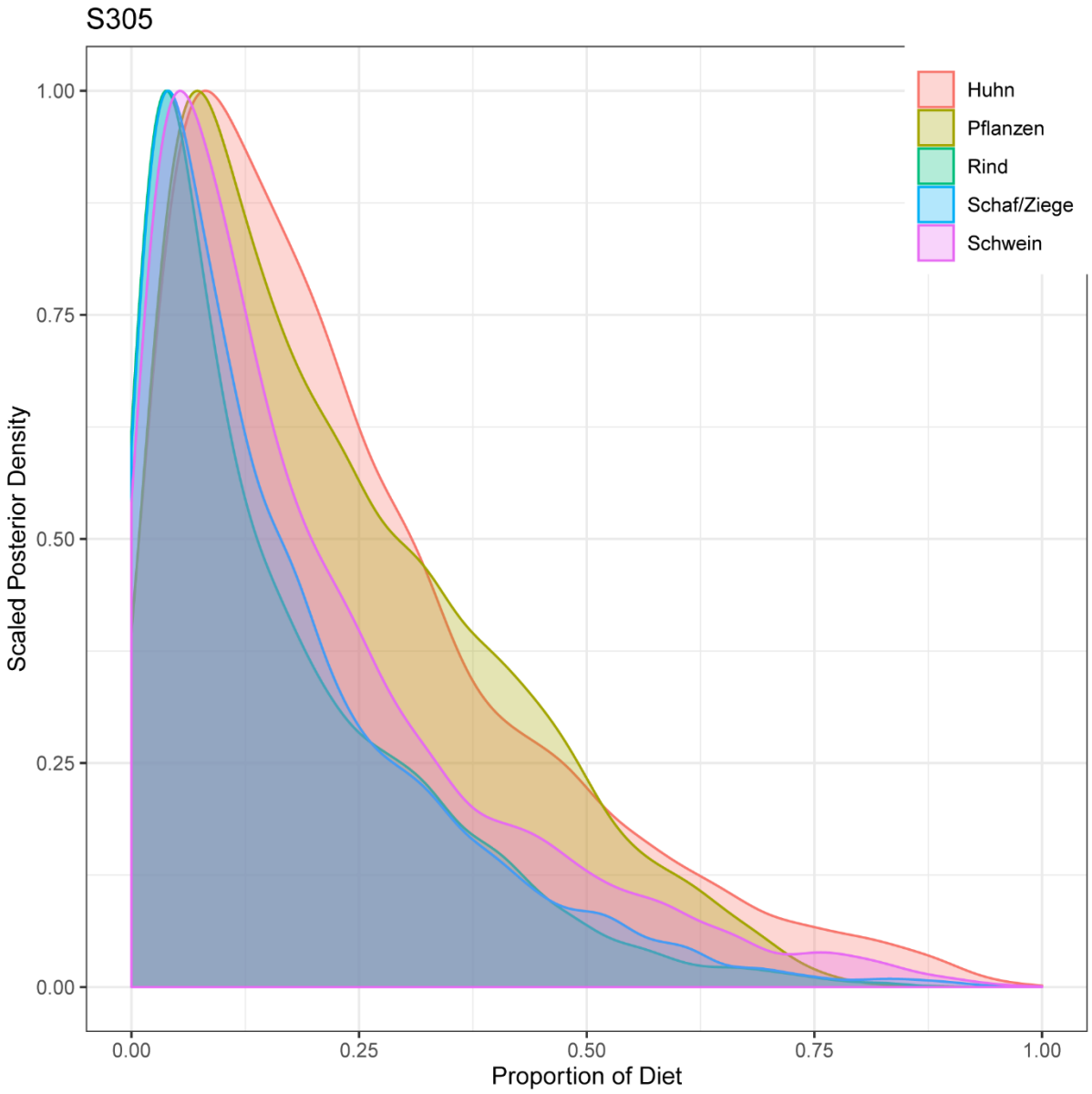


Abbildung 1546: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 305. Erstellt mit MixSIAR.

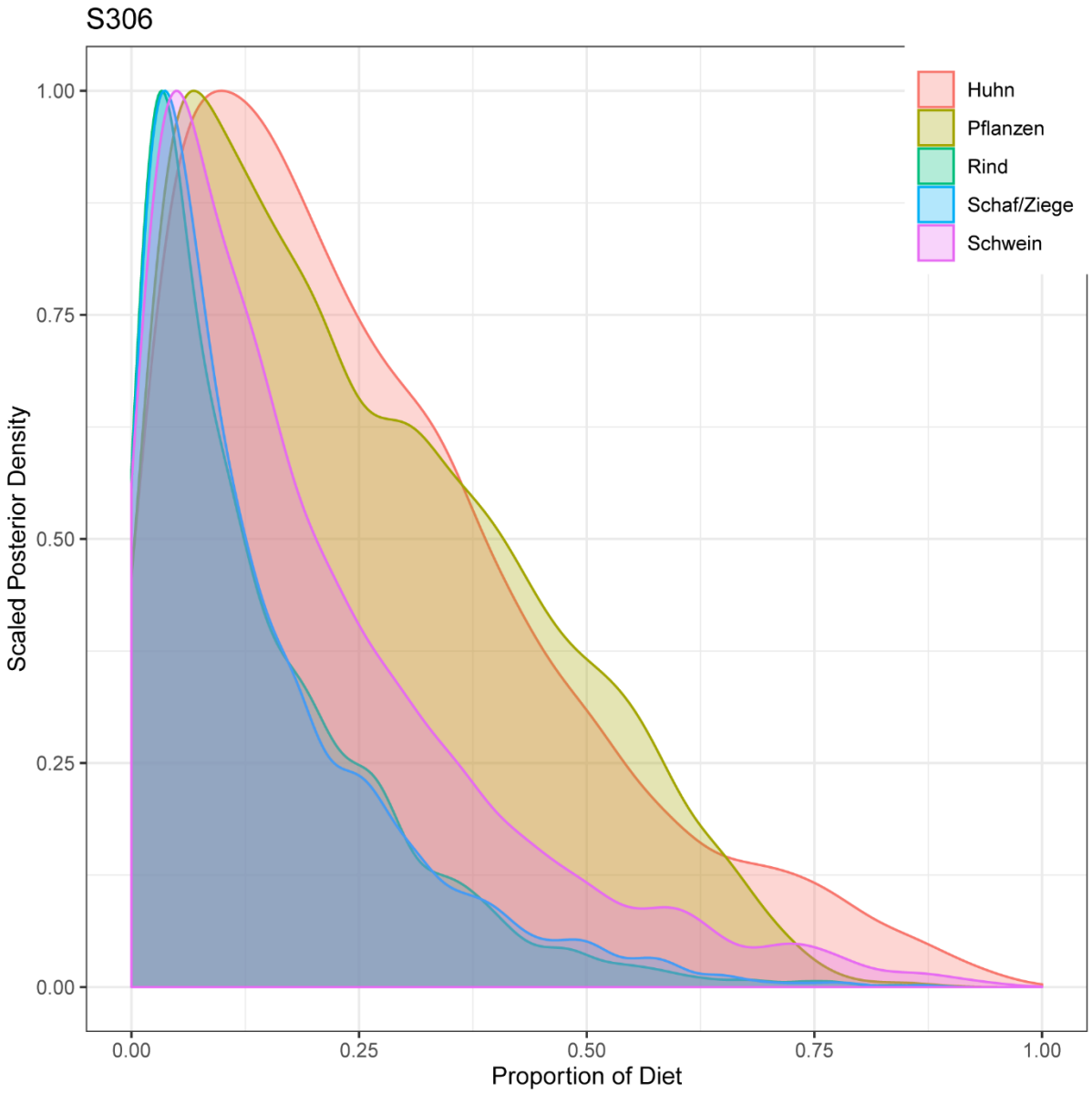


Abbildung 1547: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 306. Erstellt mit MixSIAR.

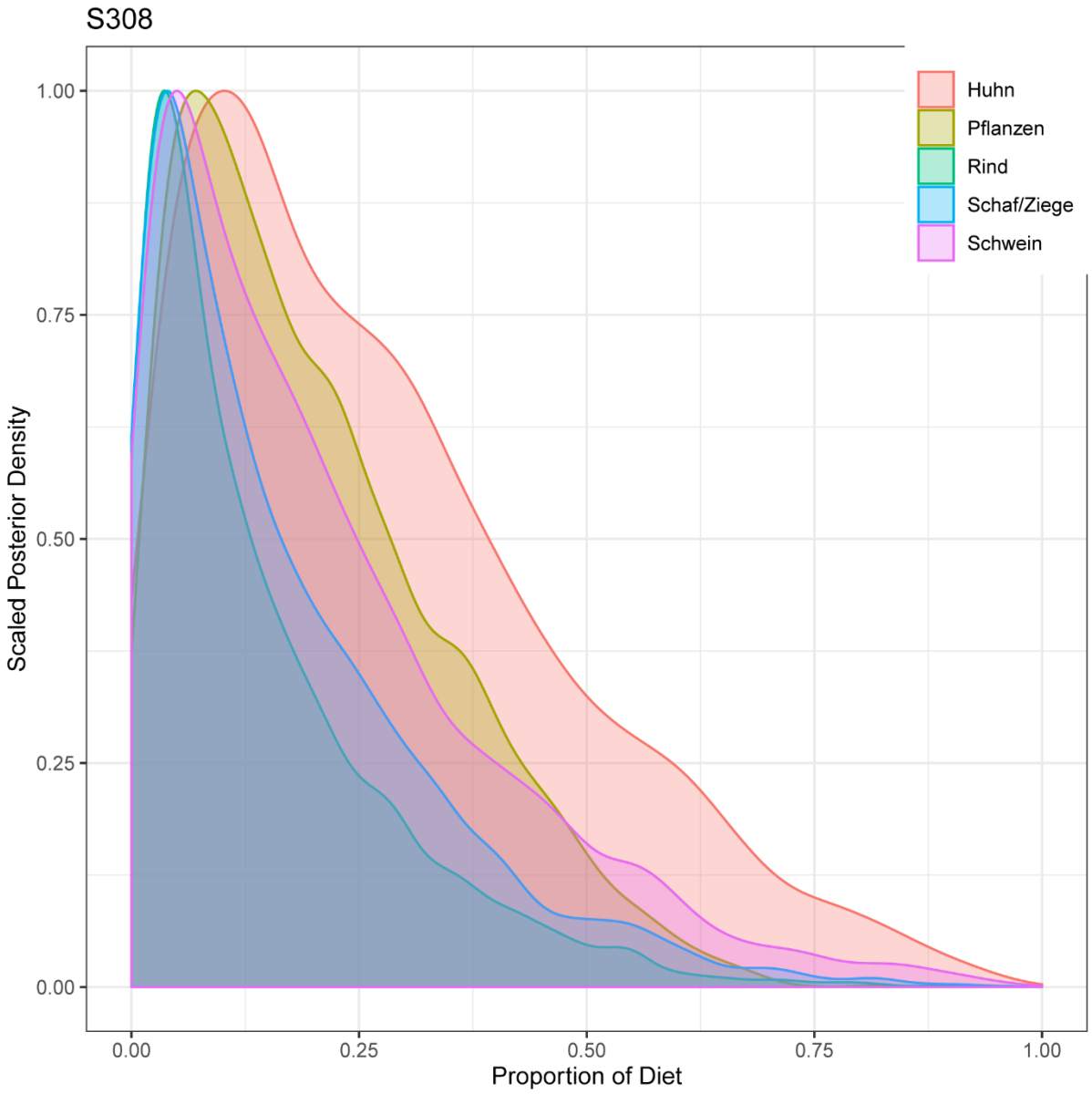


Abbildung 1548: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 308. Erstellt mit MixSIAR.

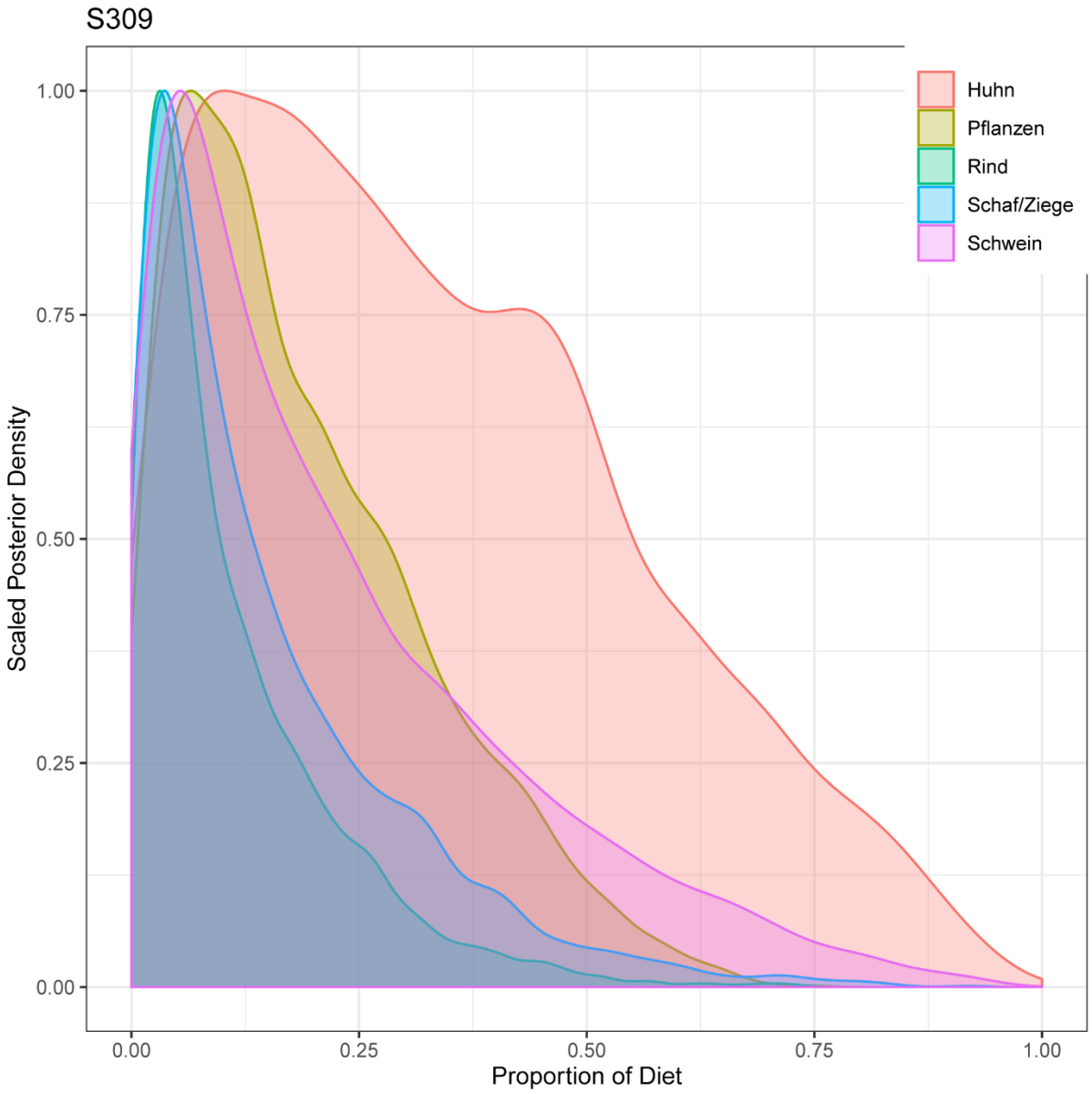


Abbildung 1549: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 309. Erstellt mit MixSIAR.

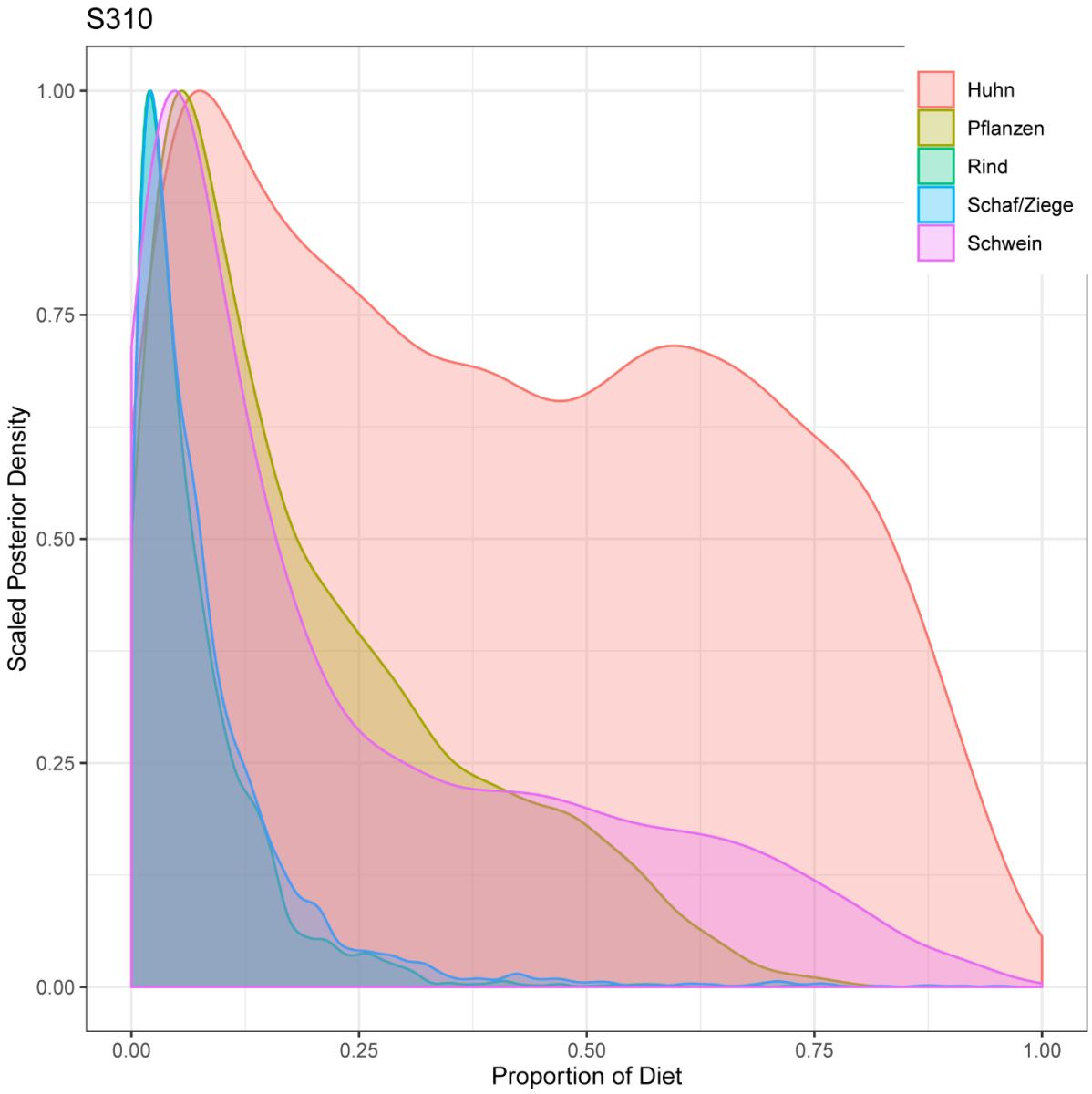


Abbildung 1550: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 310. Erstellt mit MixSIAR.

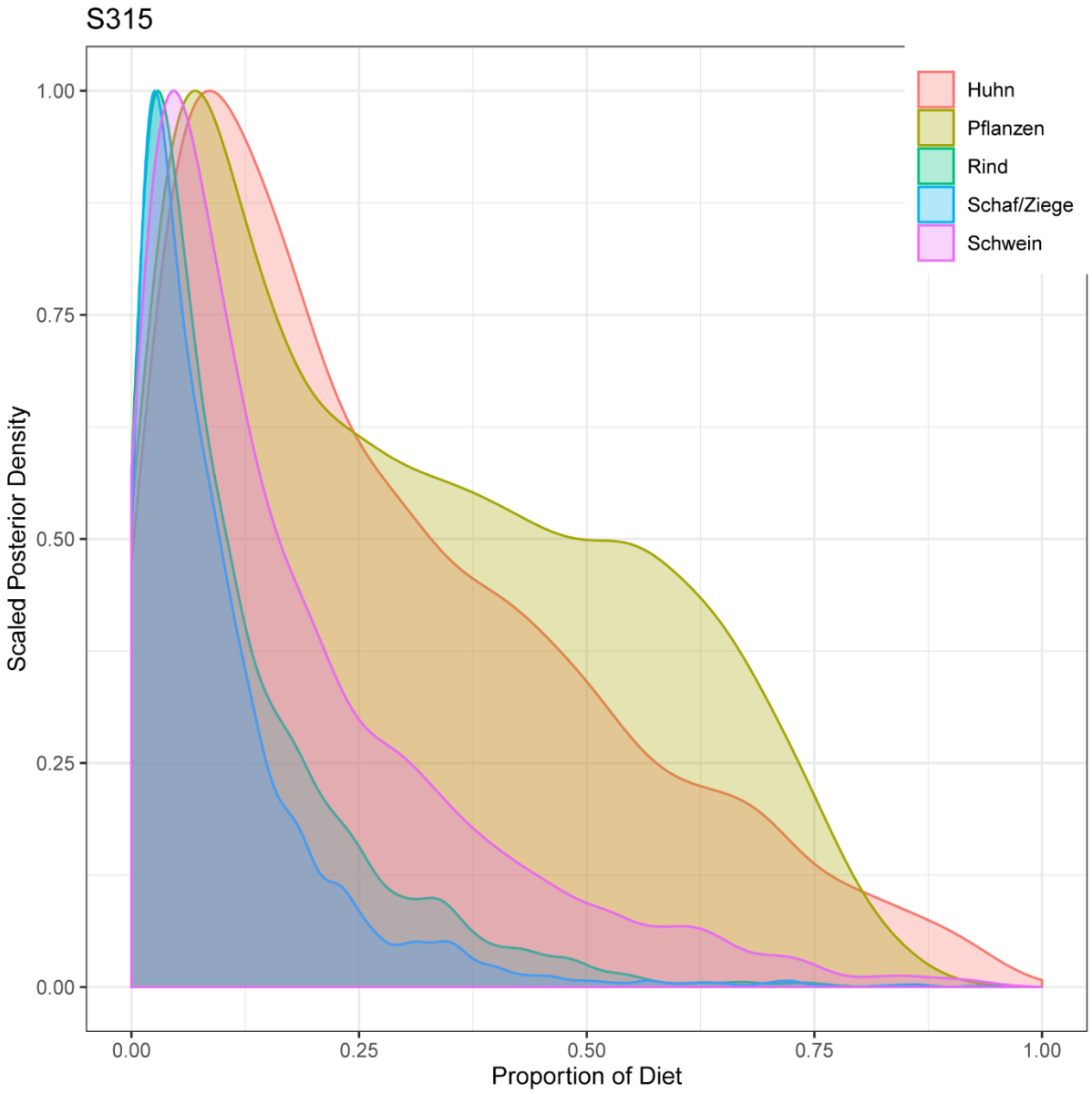


Abbildung 1551: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 315. Erstellt mit MixSIAR.

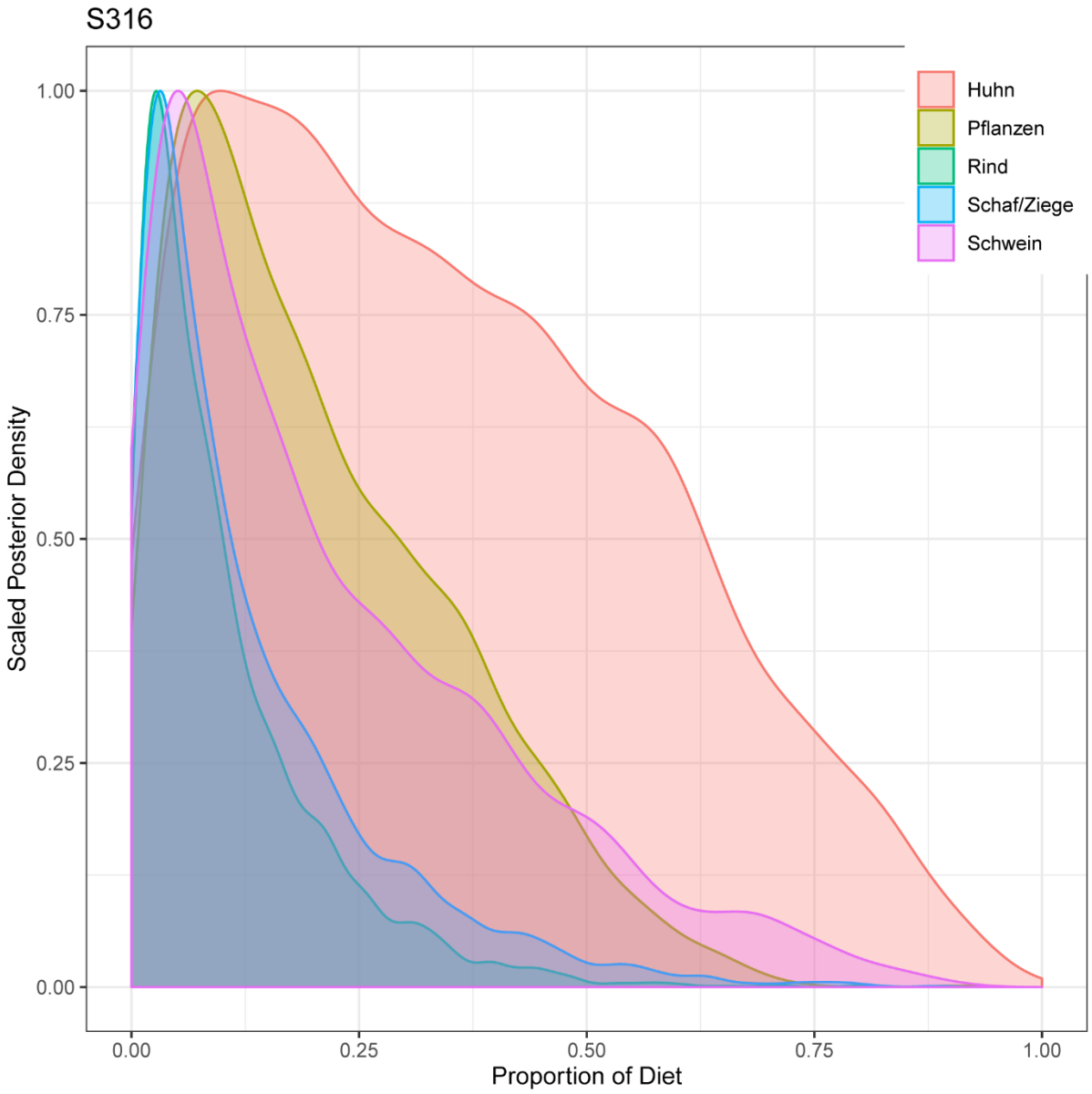


Abbildung 1552: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 316. Erstellt mit MixSIAR.

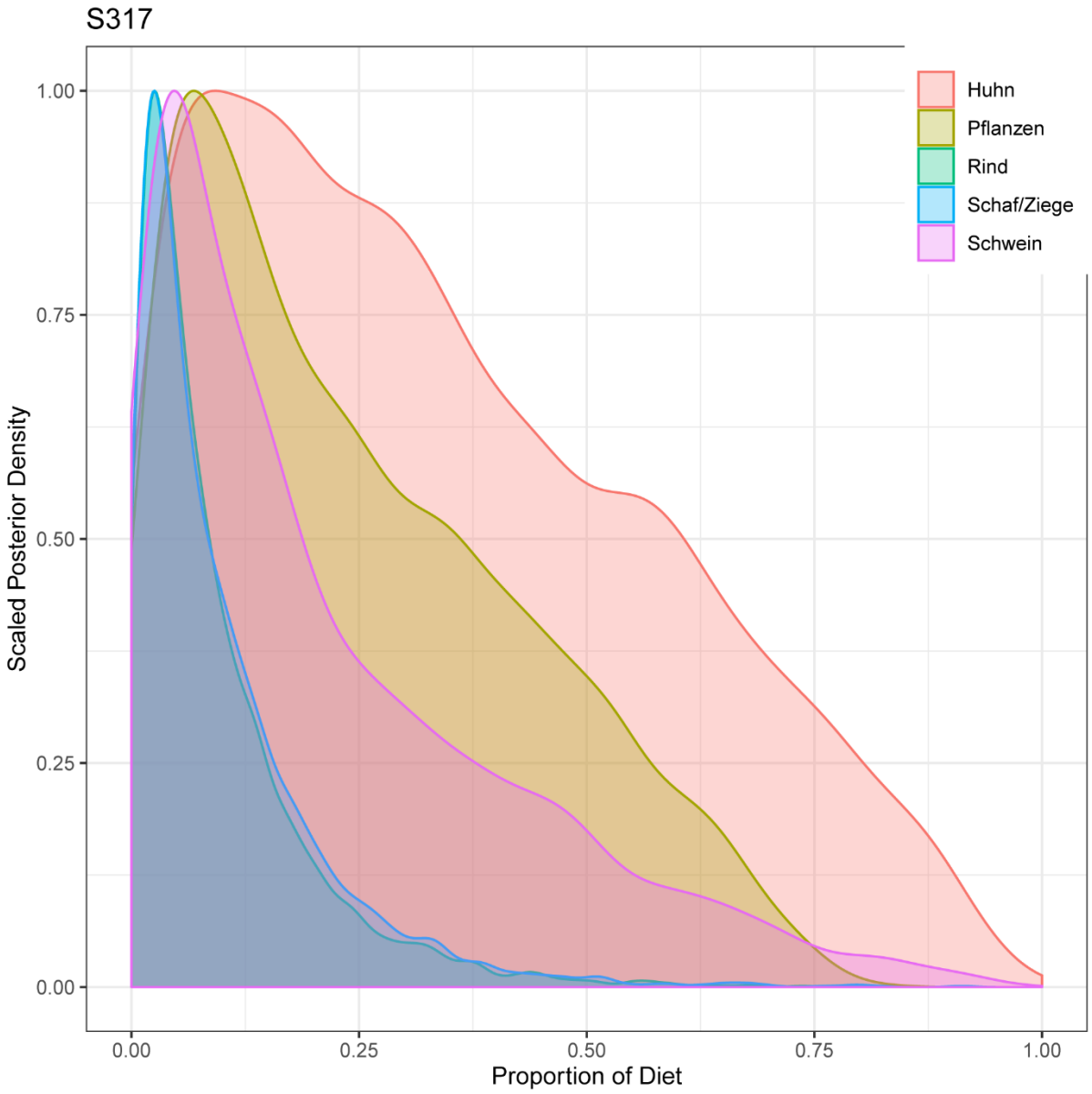


Abbildung 1553: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 317. Erstellt mit MixSIAR.

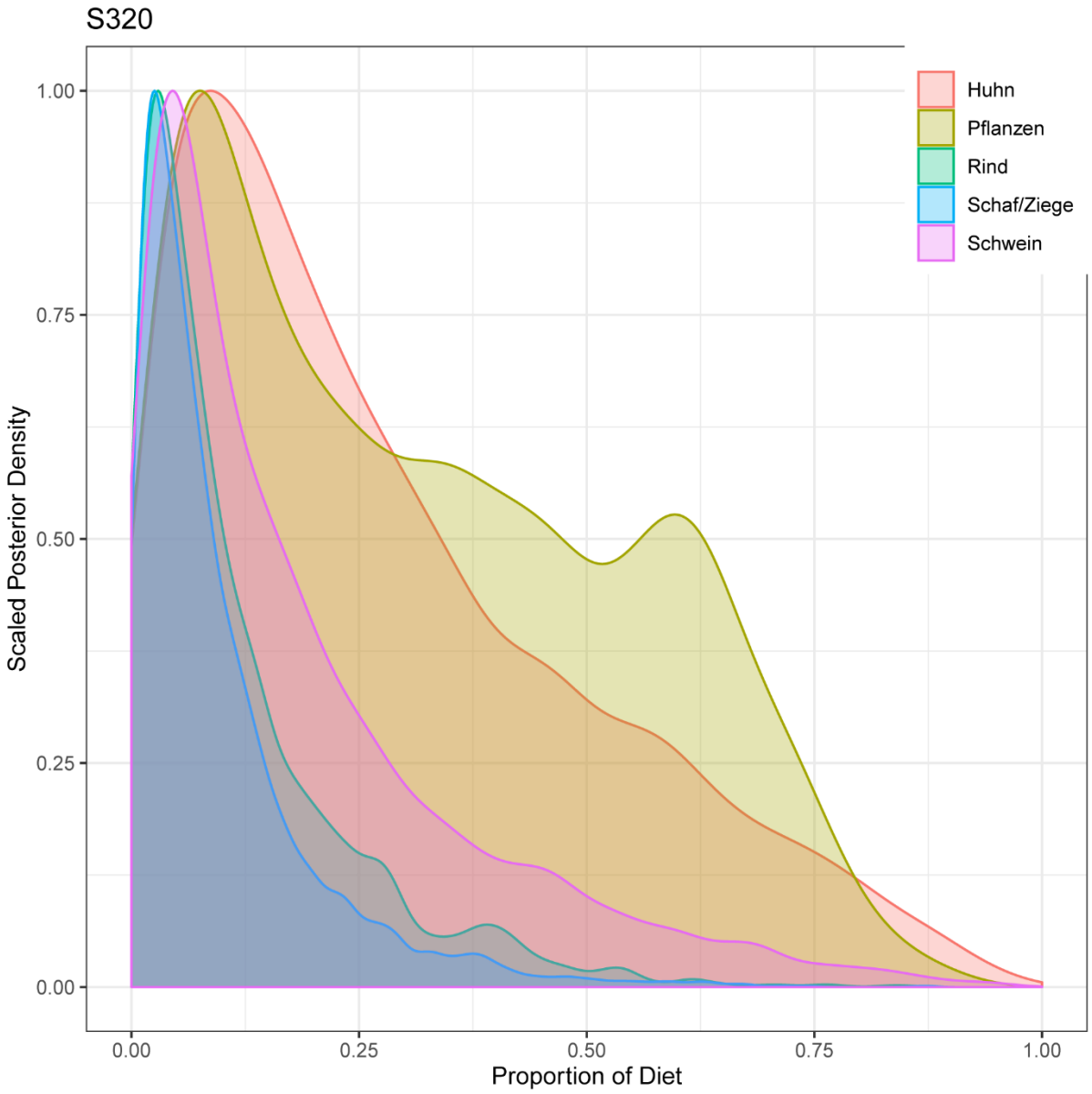


Abbildung 1554: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 320. Erstellt mit MixSIAR.

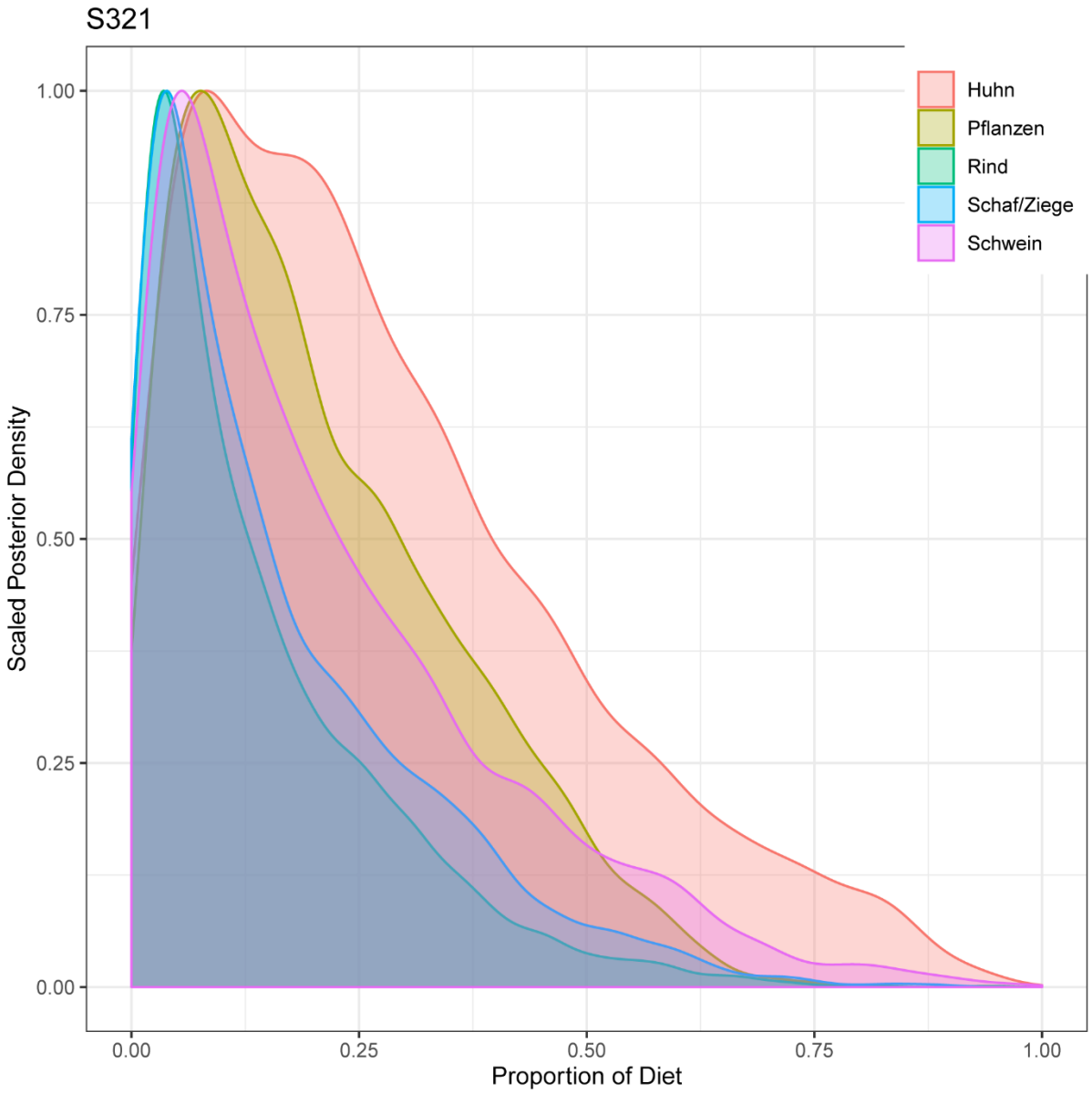


Abbildung 1555: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 321. Erstellt mit MixSIAR.

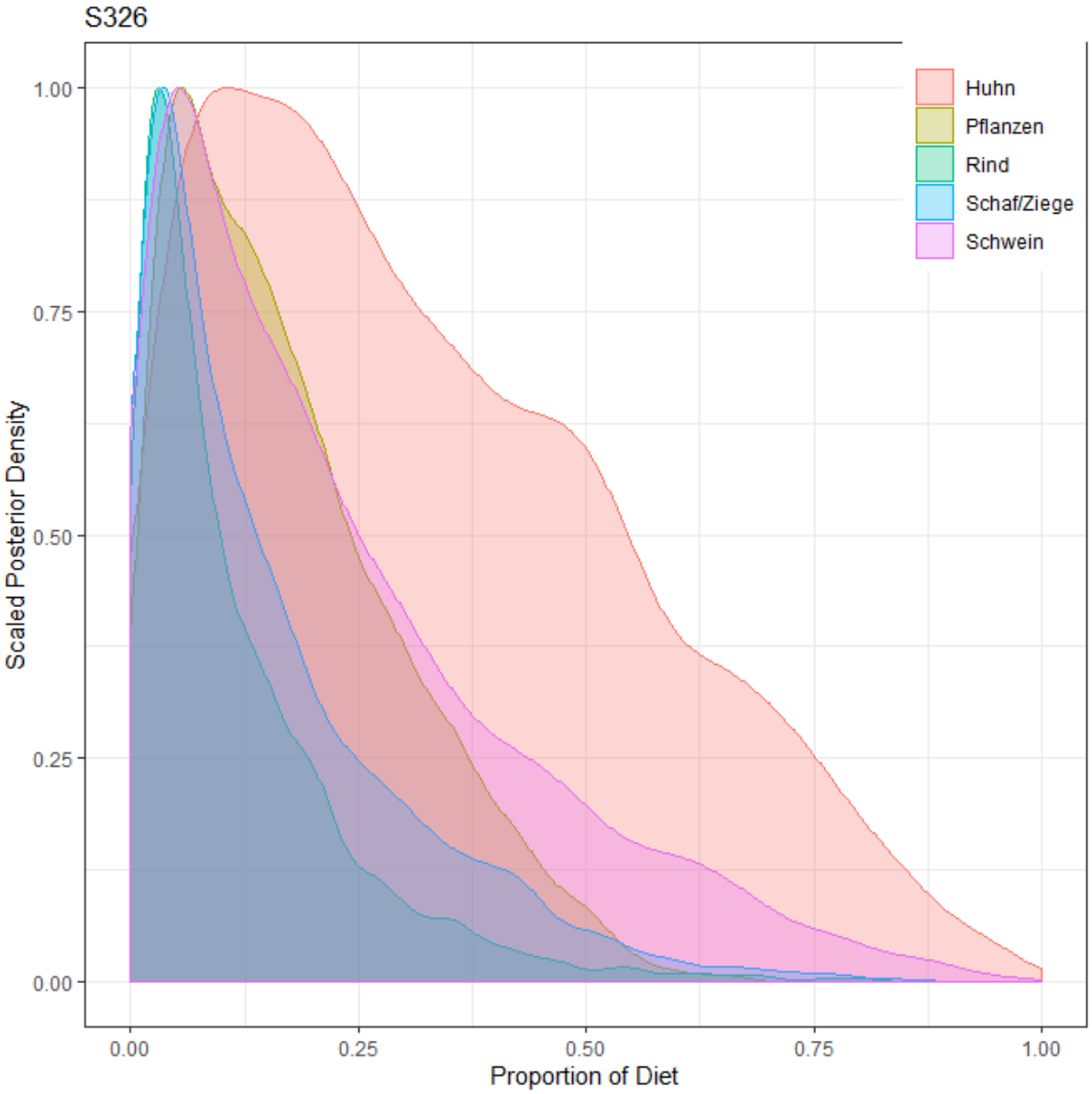


Abbildung 1556: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit MixSIAR.

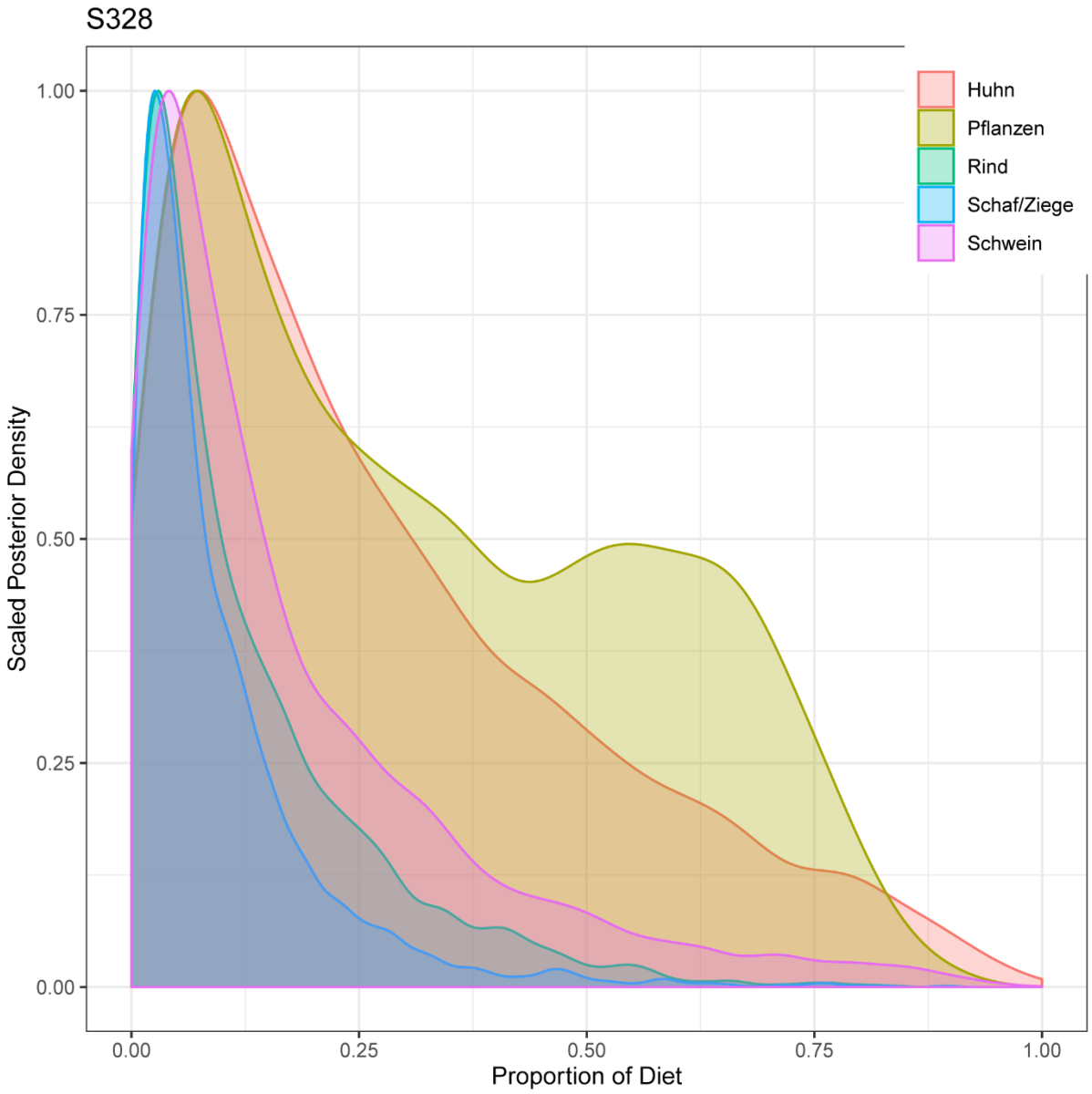


Abbildung 1557: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 328. Erstellt mit MixSIAR.

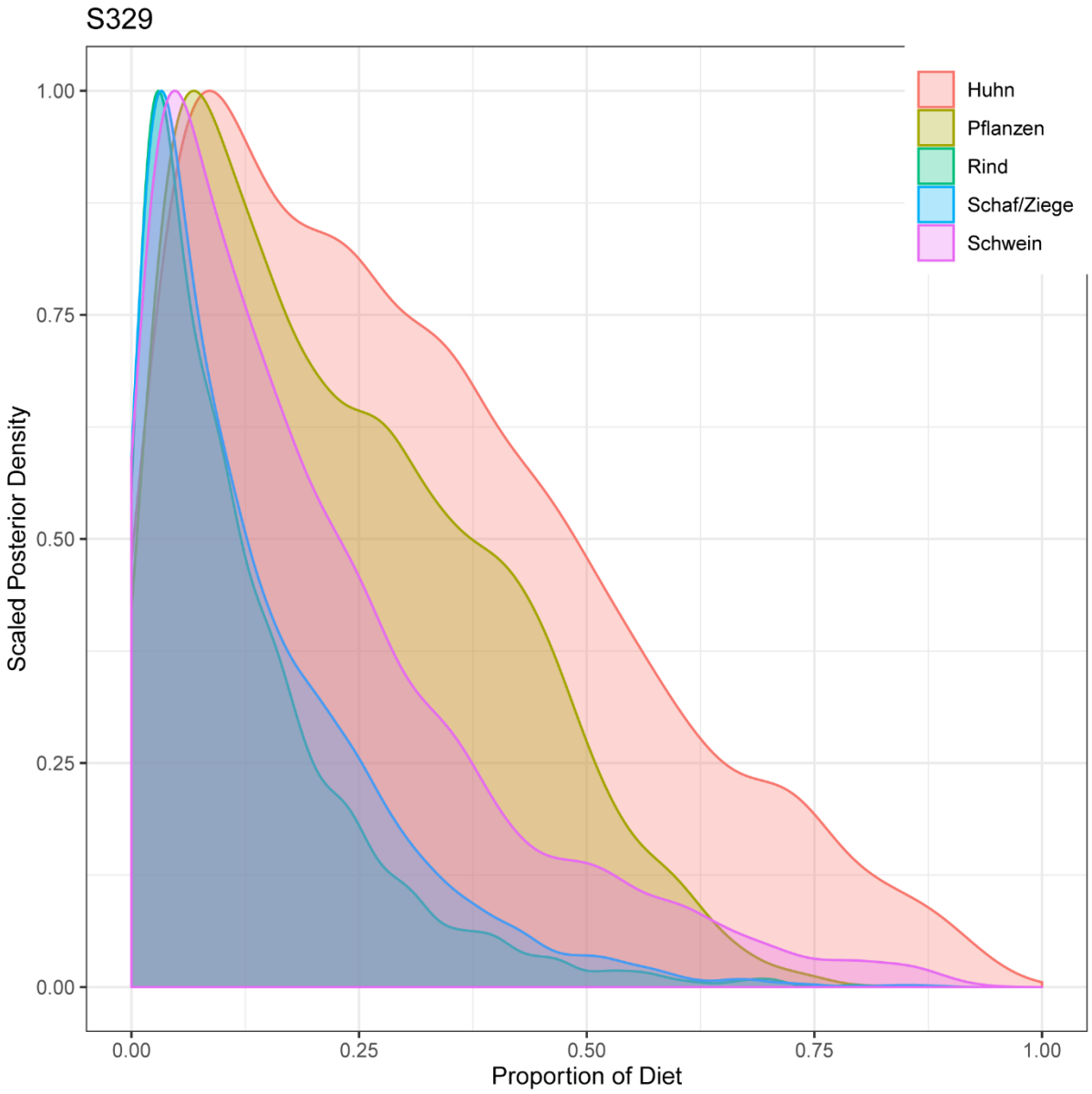


Abbildung 1558: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 329. Erstellt mit MixSIAR.

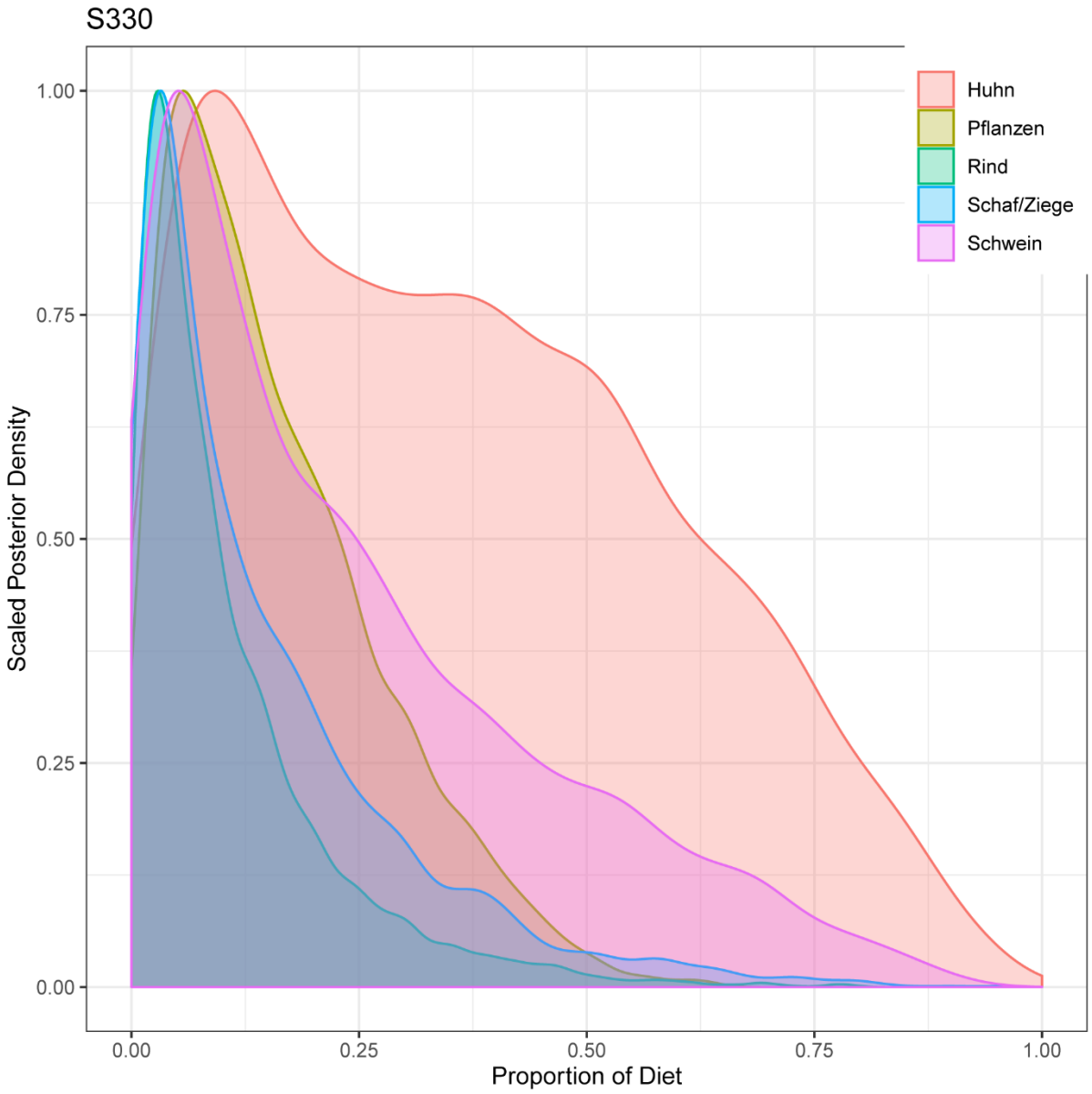


Abbildung 1559: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 330. Erstellt mit MixSIAR.

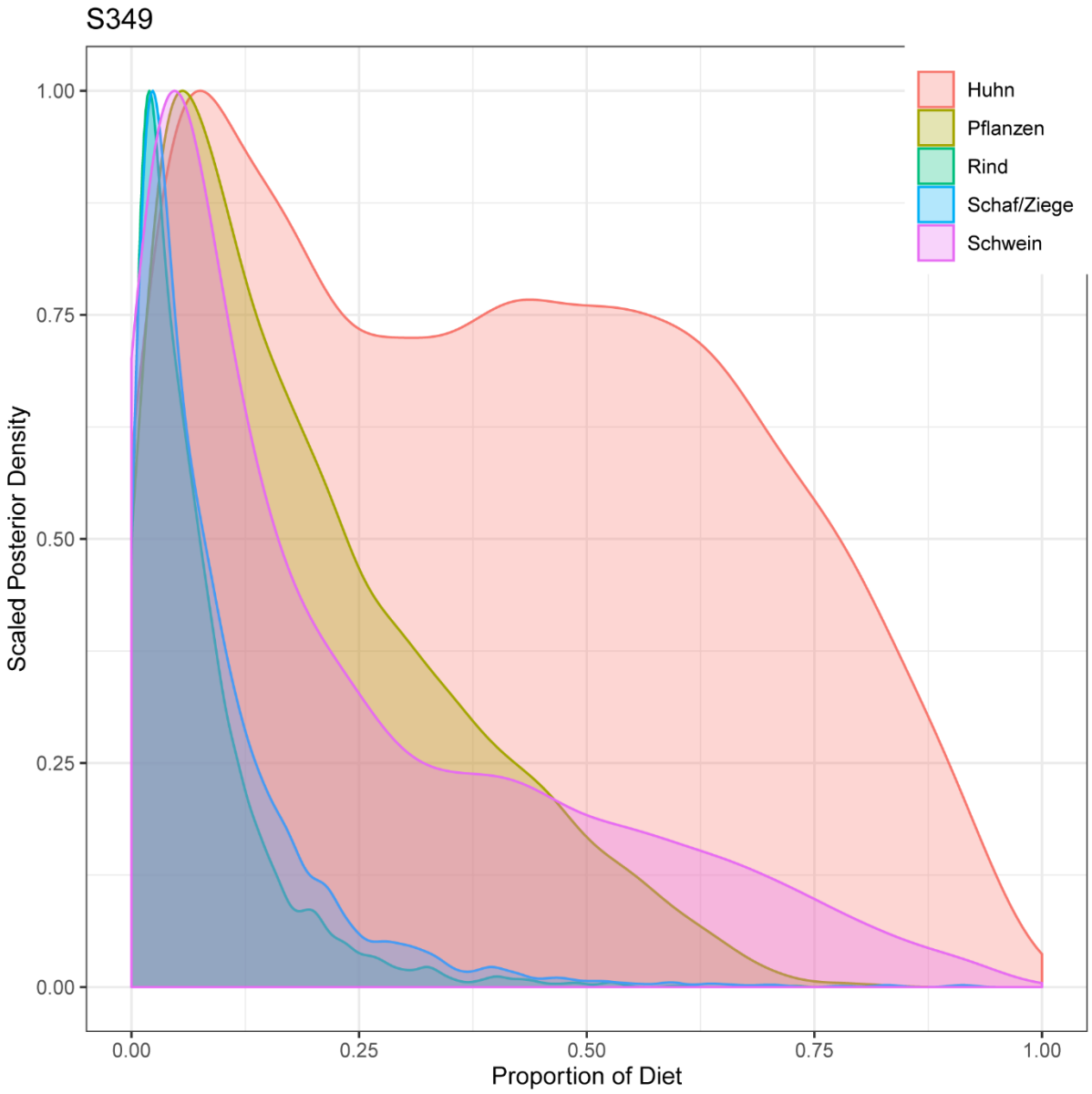


Abbildung 1560: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 349. Erstellt mit MixSIAR.

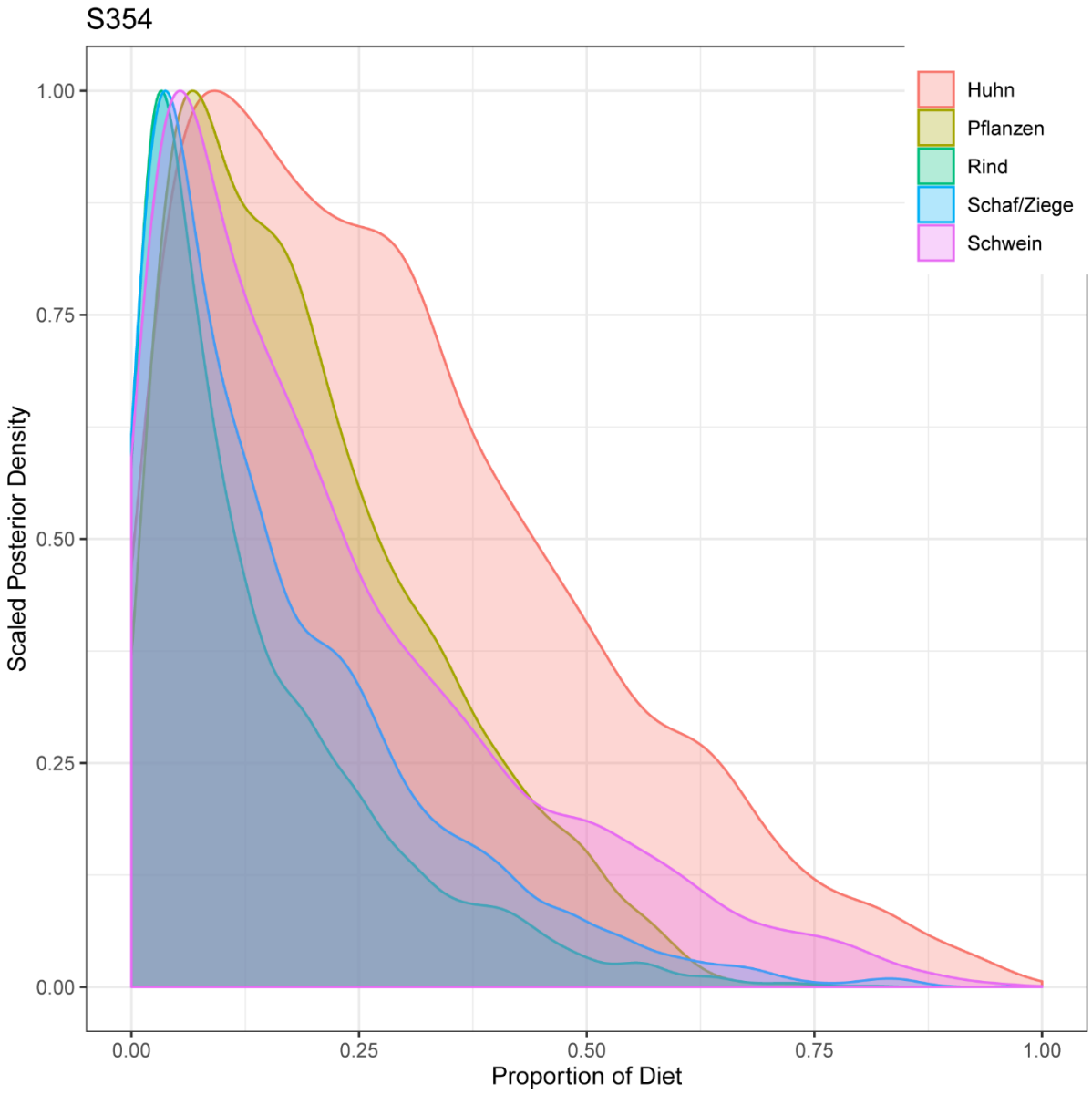


Abbildung 1561: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 354. Erstellt mit MixSIAR.

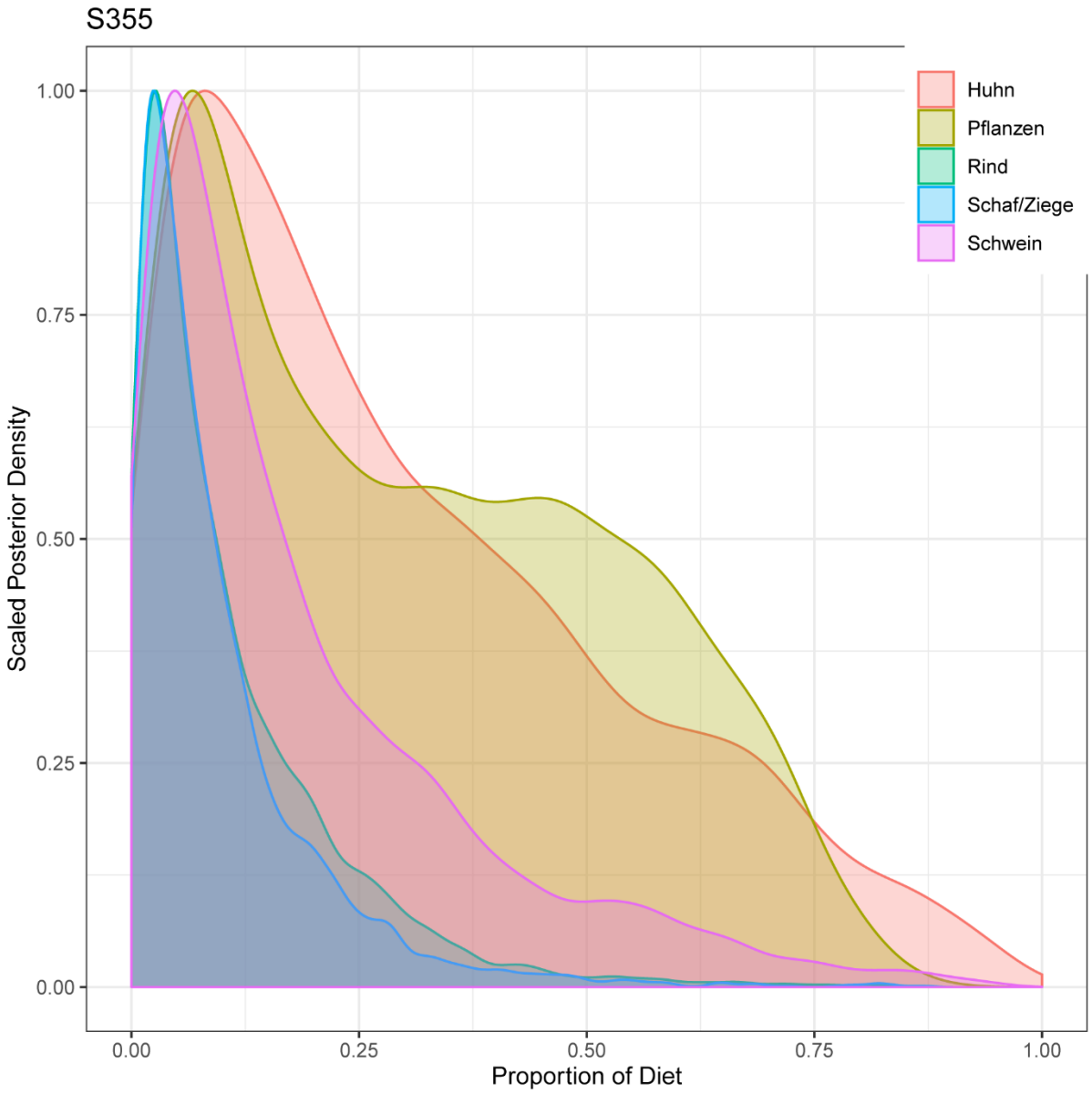


Abbildung 1562: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 355. Erstellt mit MixSIAR.

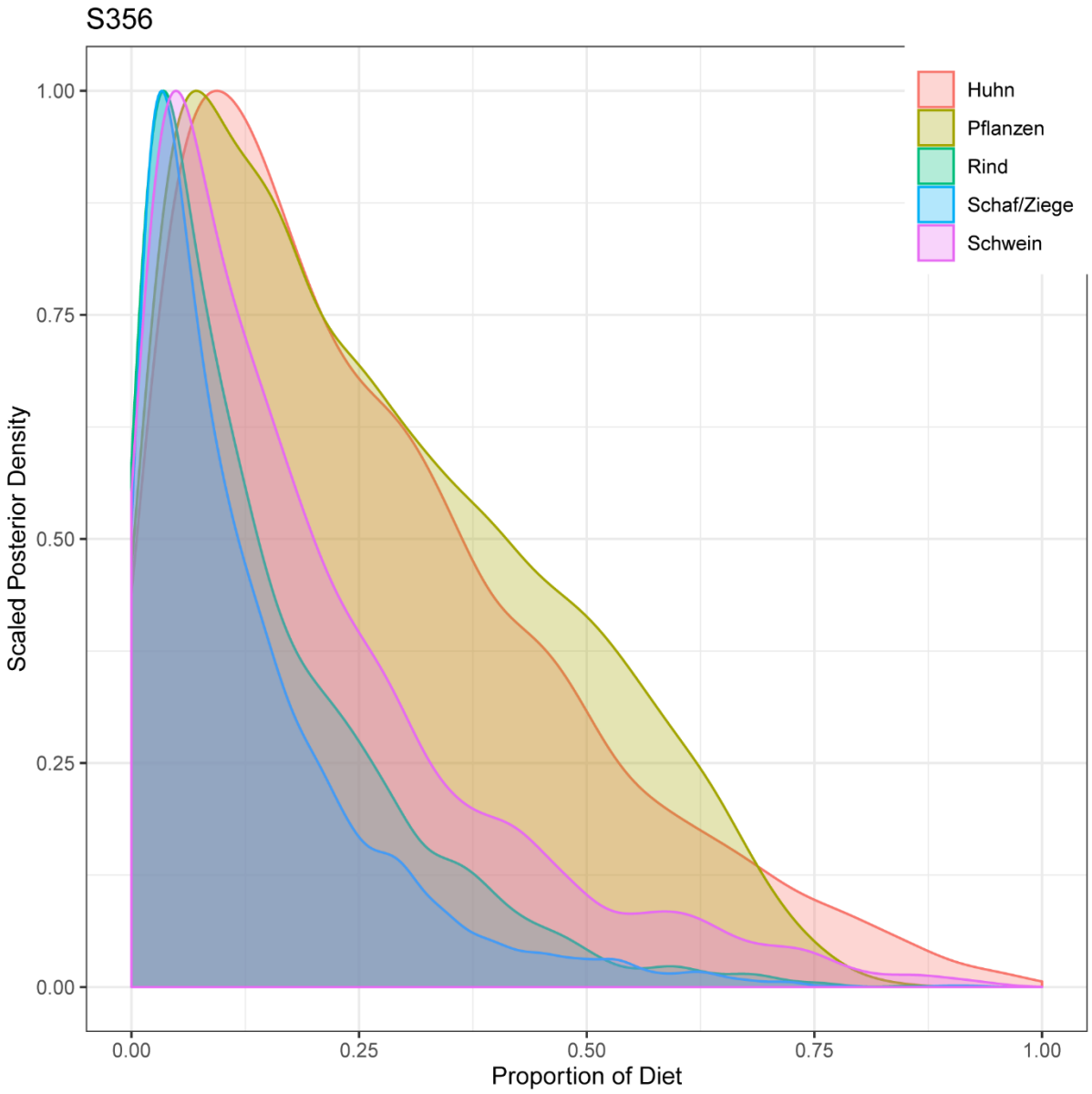


Abbildung 1563: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 356. Erstellt mit MixSIAR.

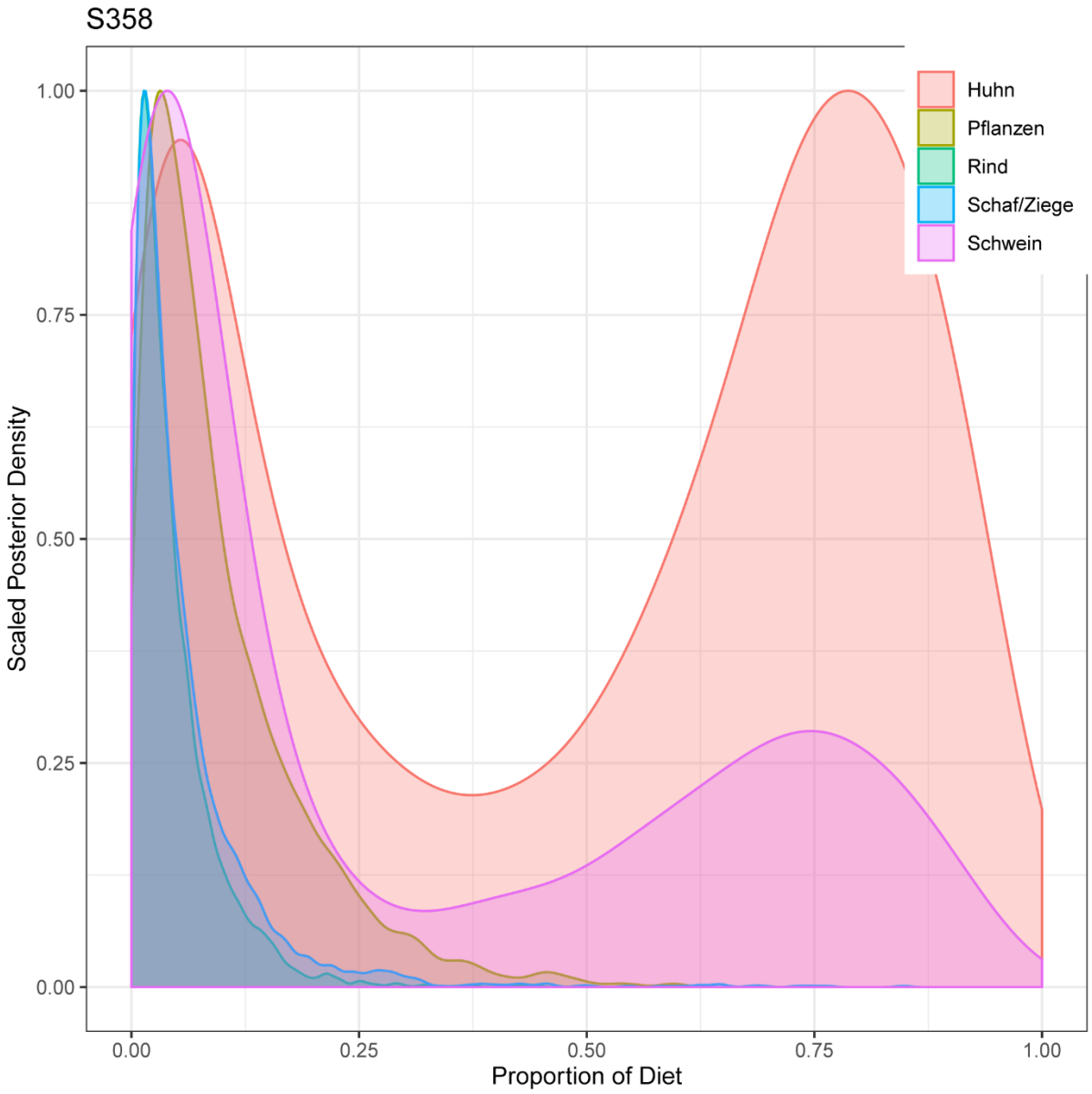


Abbildung 1564: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 358. Erstellt mit MixSIAR.

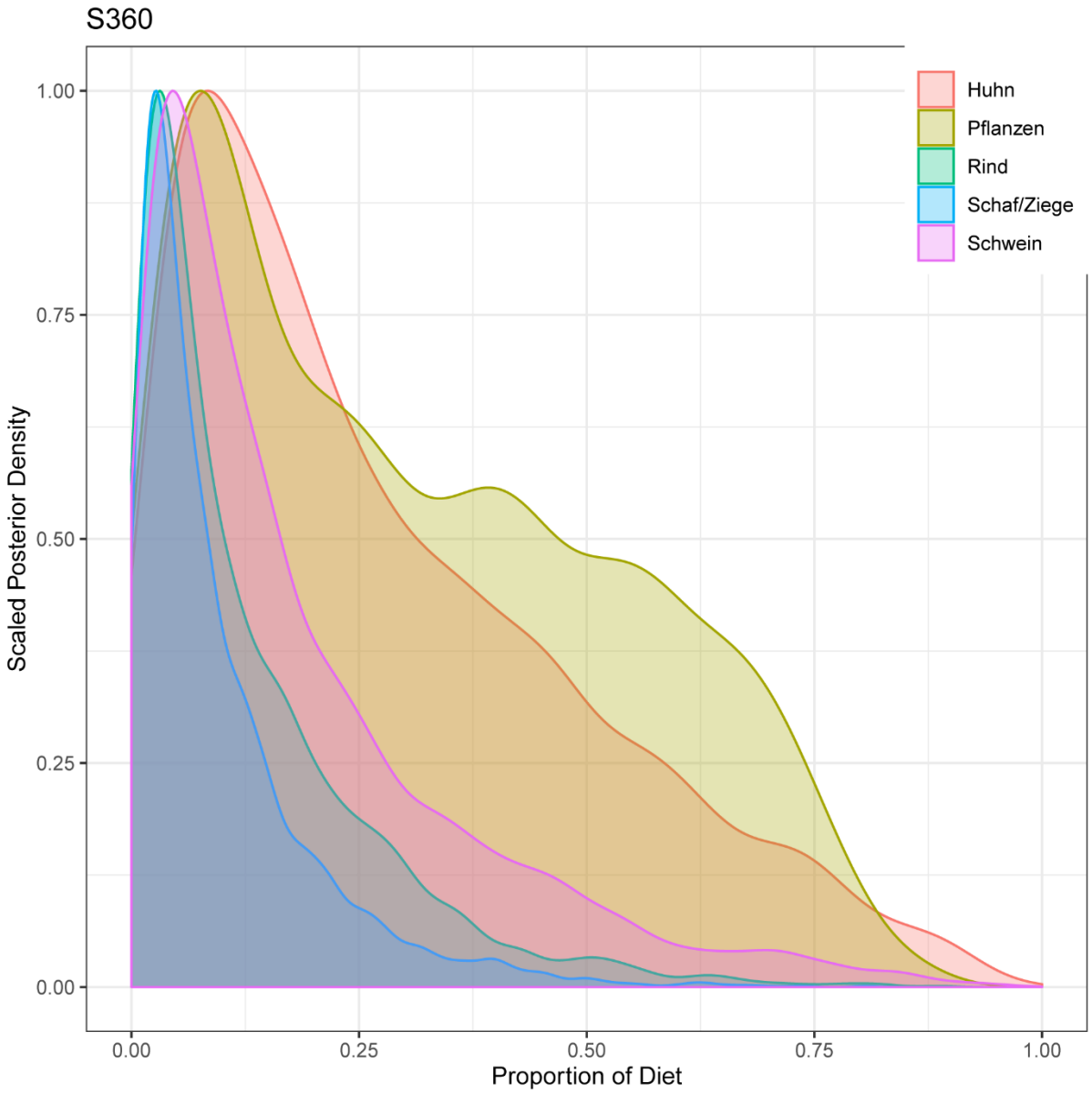


Abbildung 1565: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 360. Erstellt mit MixSIAR.

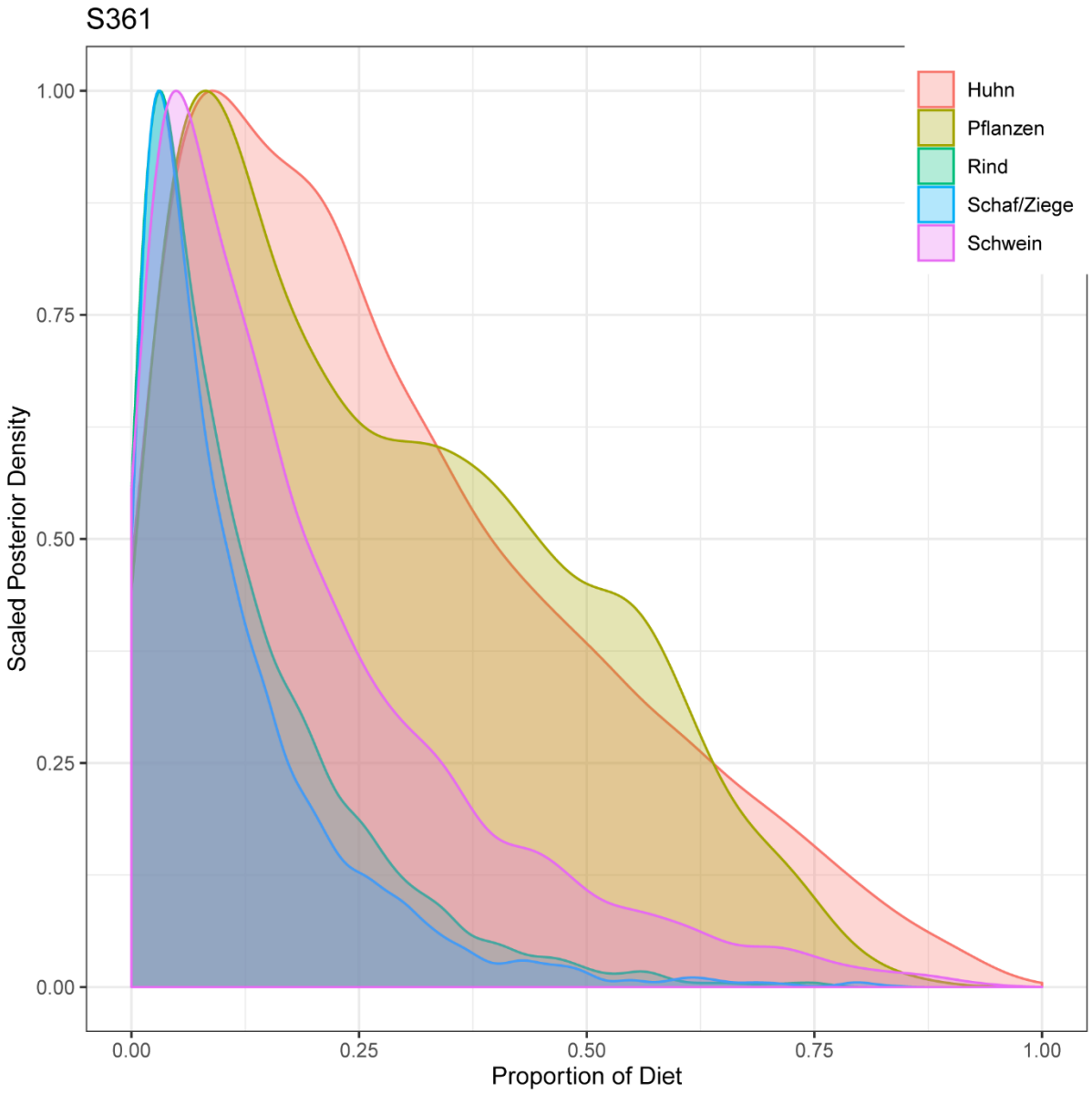


Abbildung 1566: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 361. Erstellt mit MixSIAR.

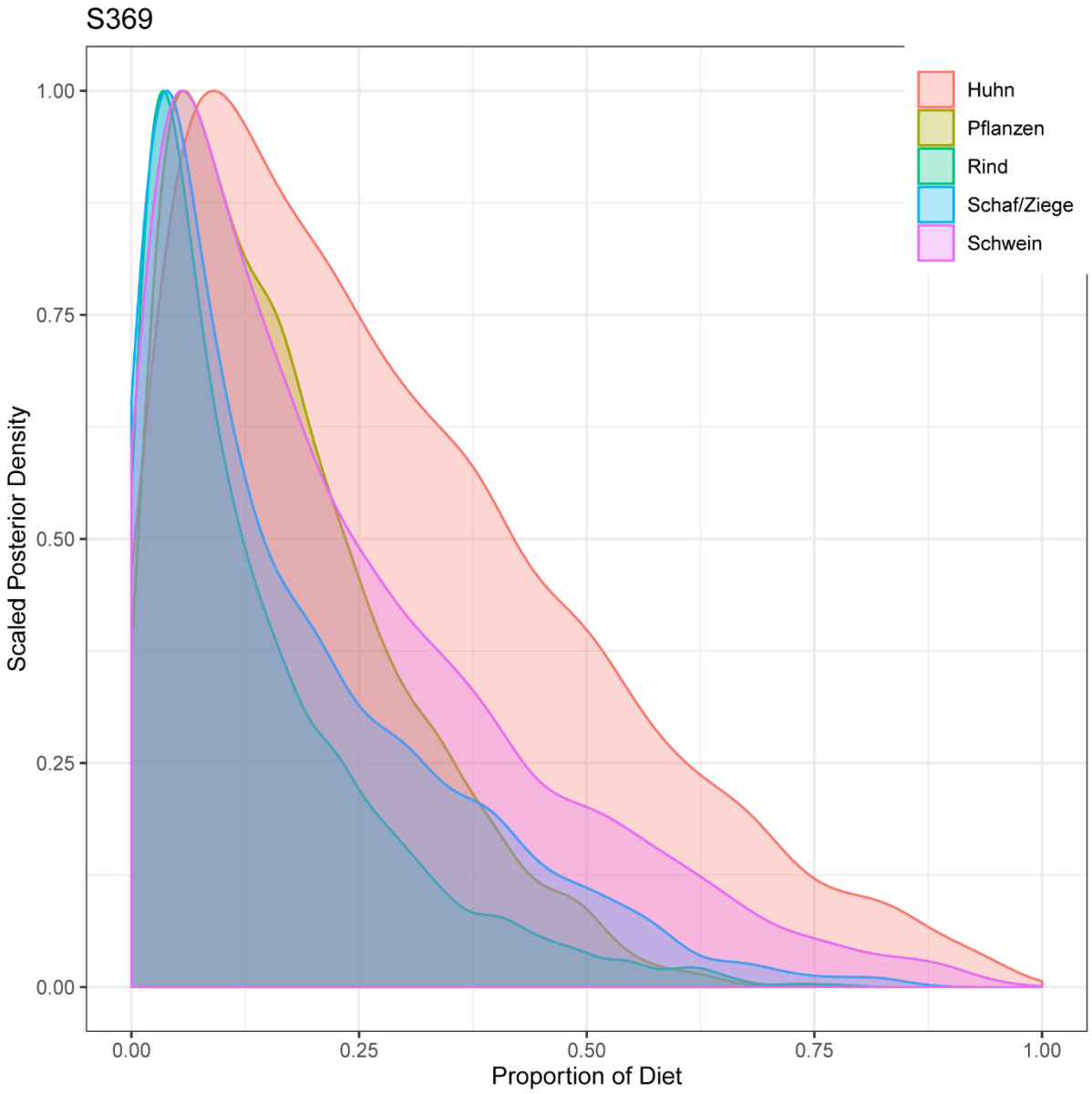


Abbildung 1567: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 369. Erstellt mit MixSIAR.

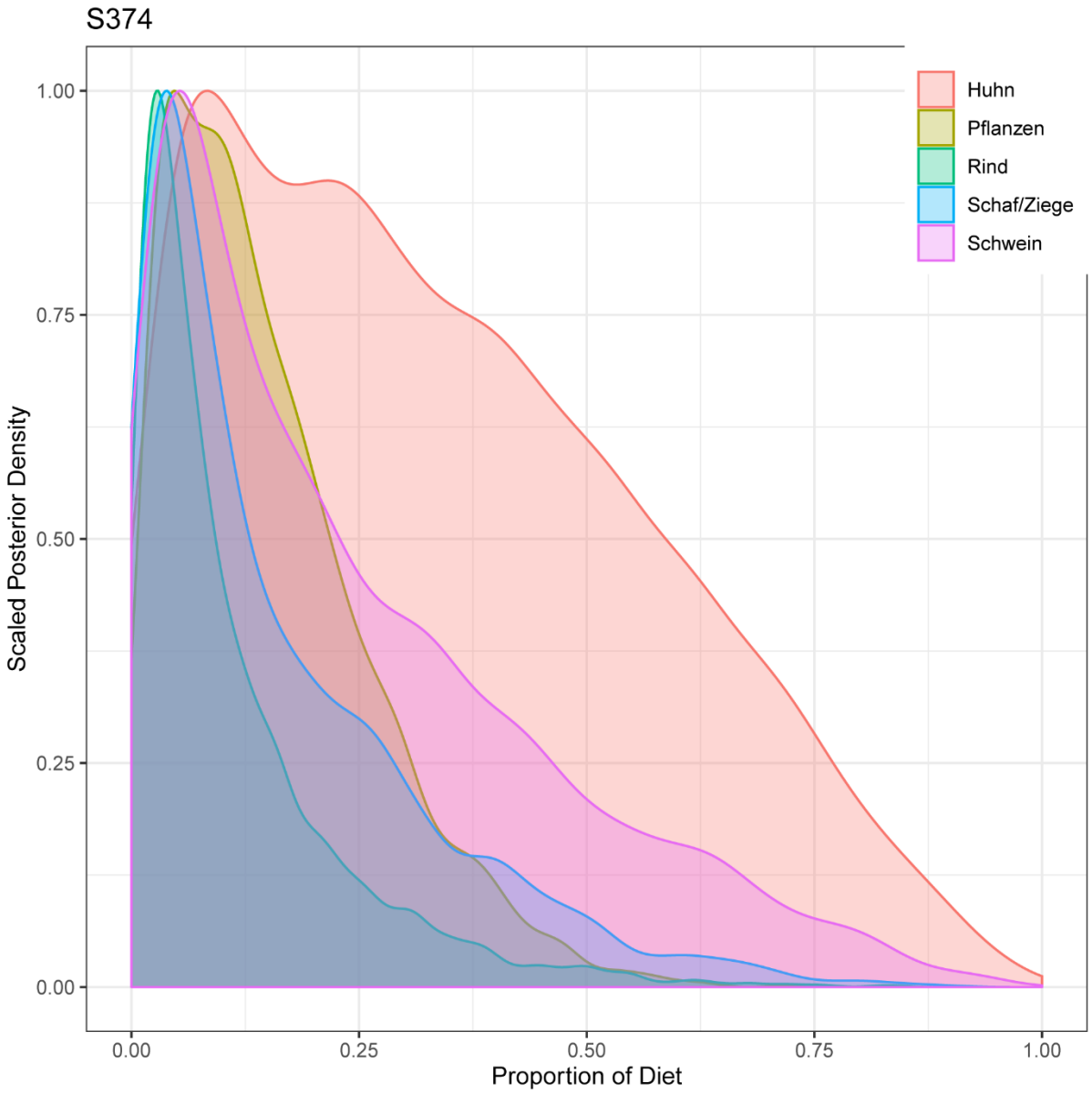


Abbildung 1568: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 374. Erstellt mit MixSIAR.

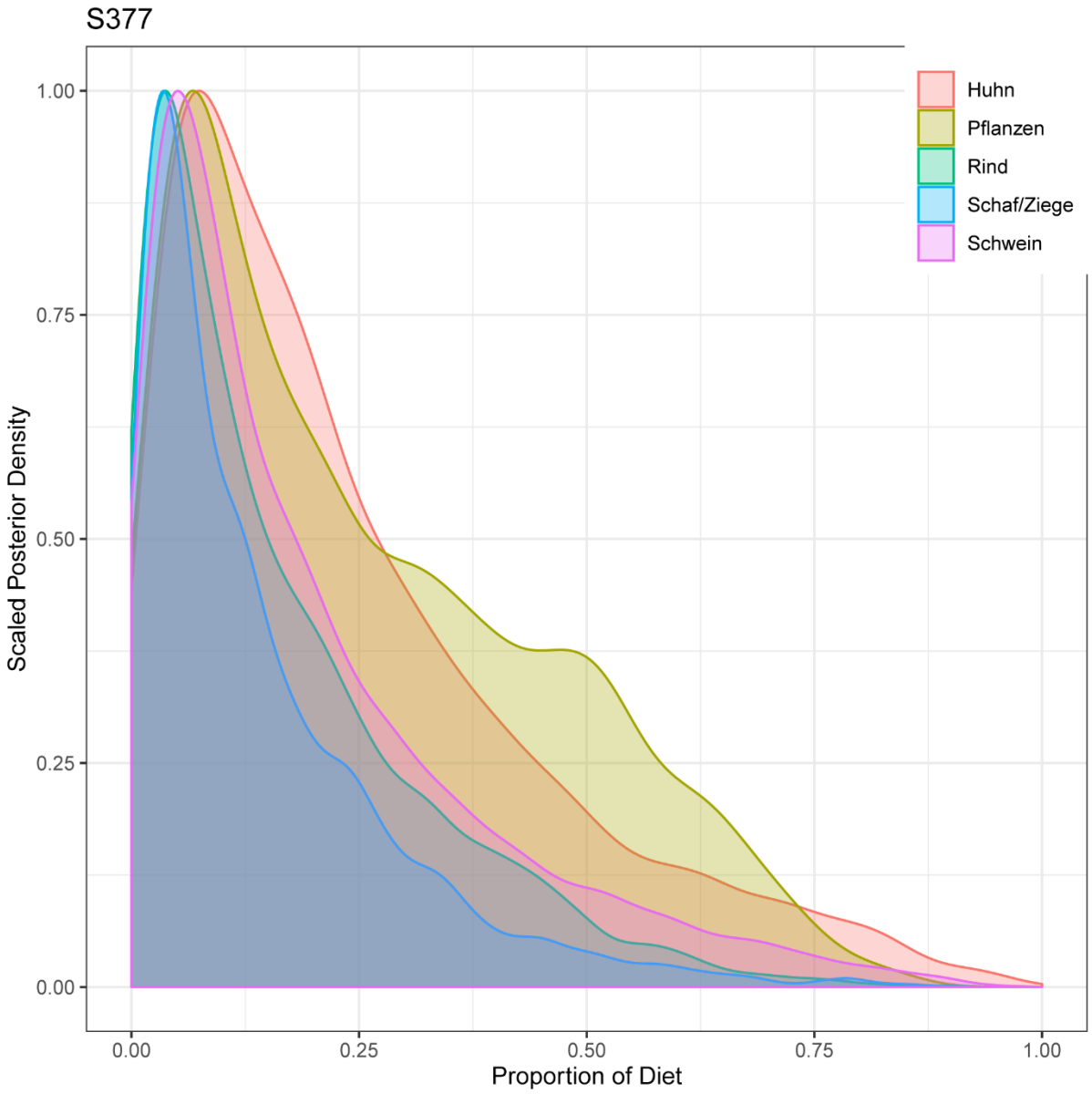


Abbildung 1569: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 377. Erstellt mit MixSIAR.

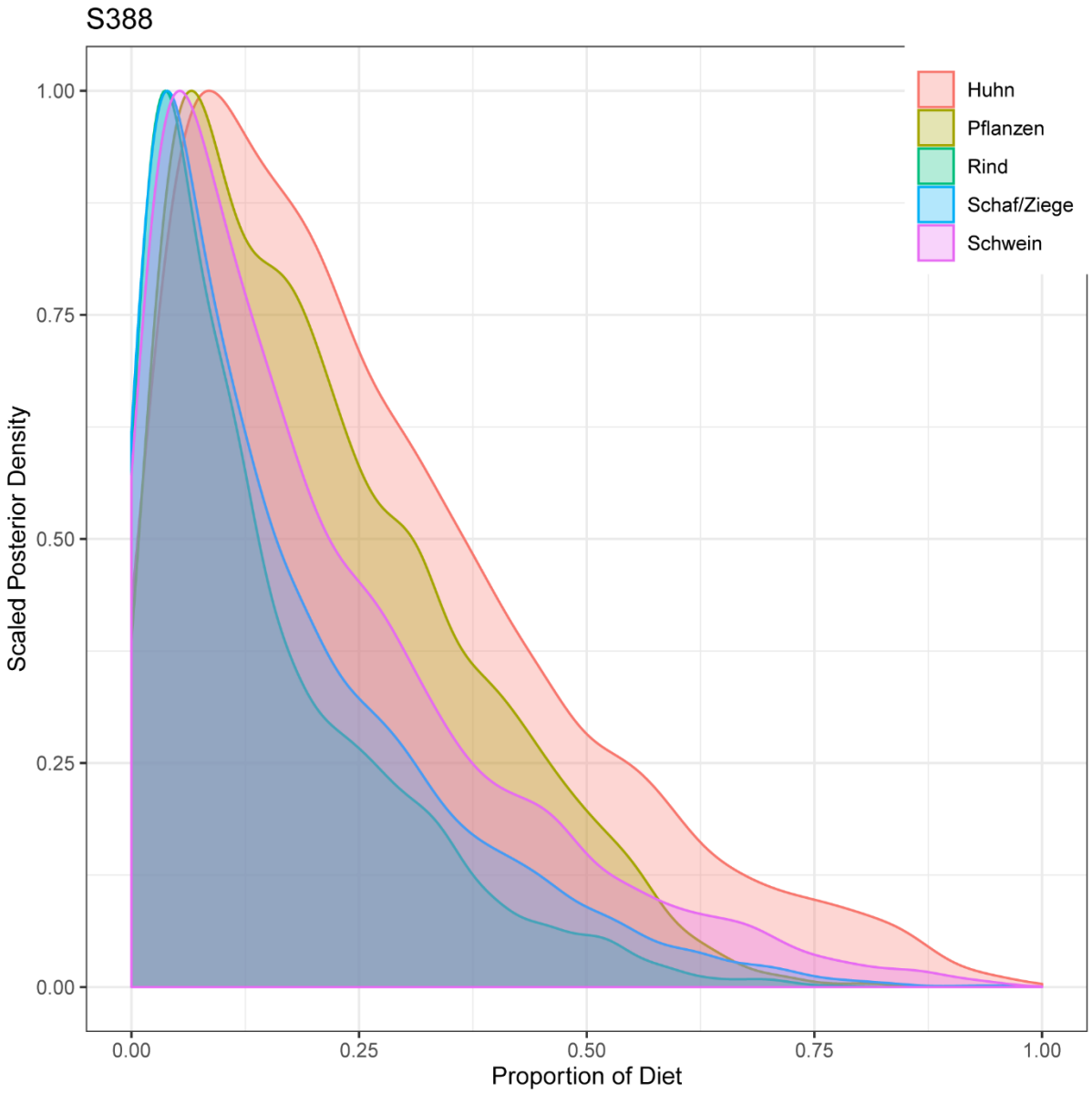


Abbildung 1570: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 388. Erstellt mit MixSIAR.

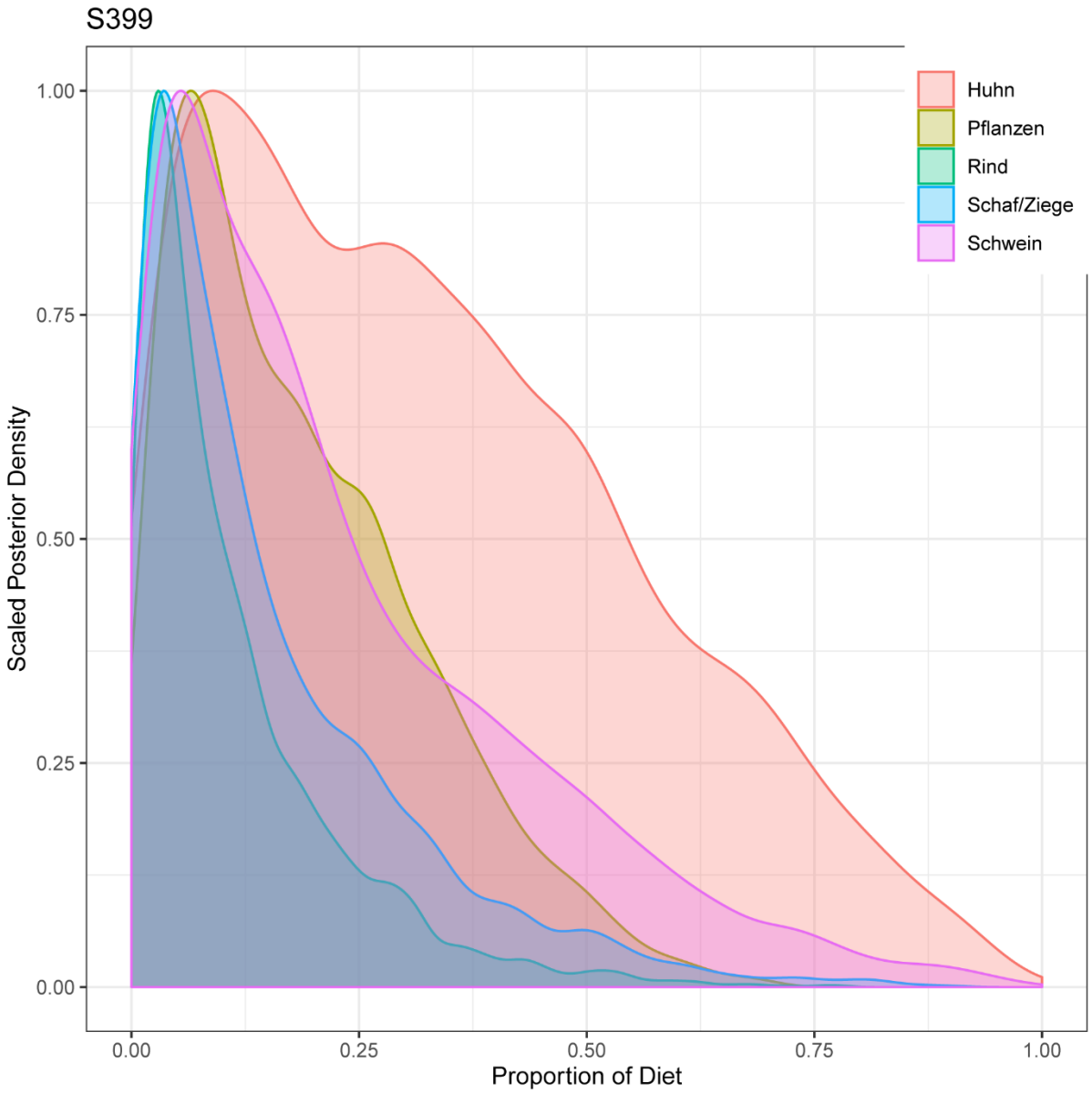


Abbildung 1571: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 399. Erstellt mit MixSIAR.

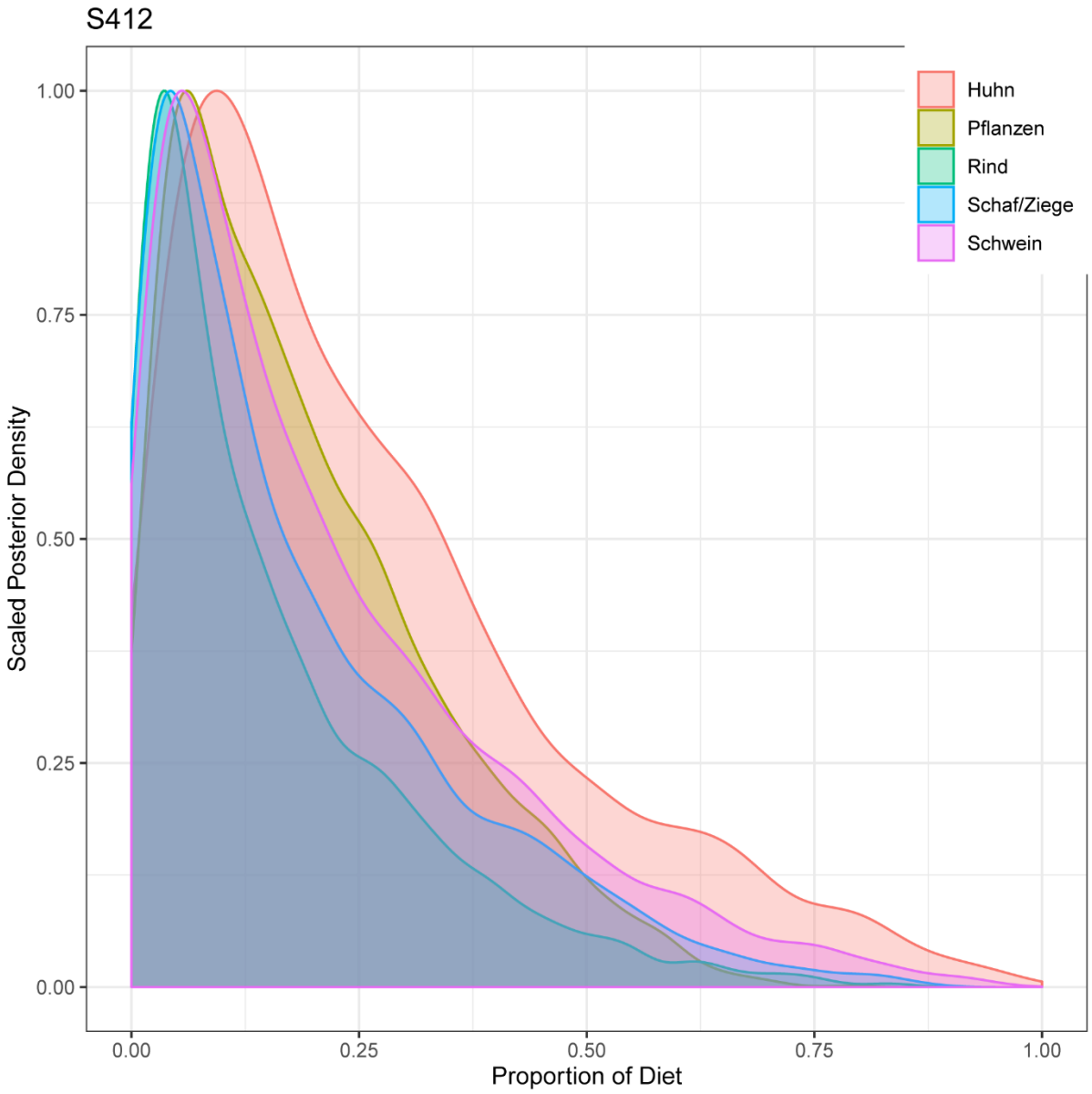


Abbildung 1572: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 412. Erstellt mit MixSIAR.

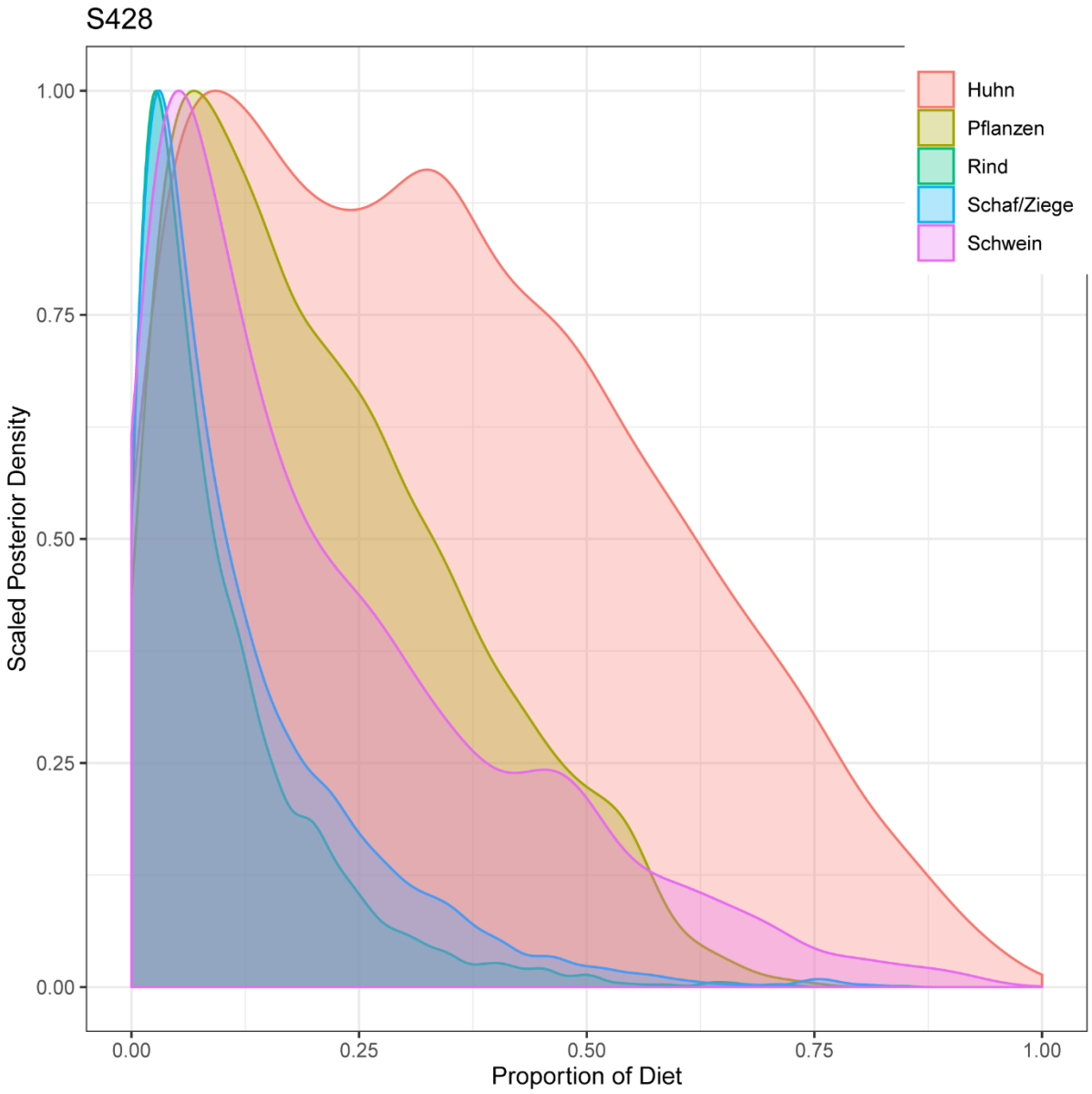


Abbildung 1573: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 428. Erstellt mit MixSIAR.

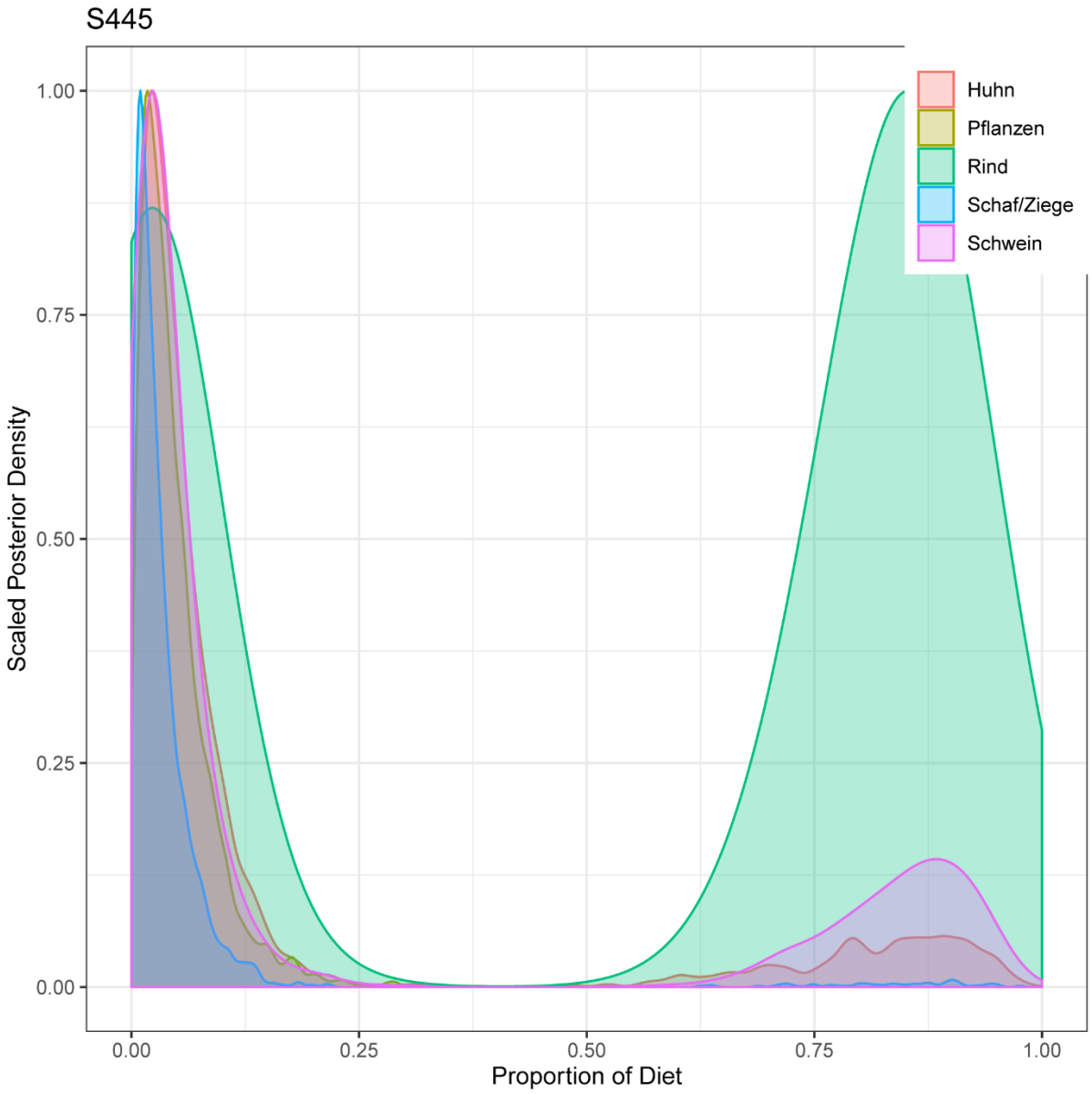


Abbildung 1574: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 445. Erstellt mit MixSIAR.

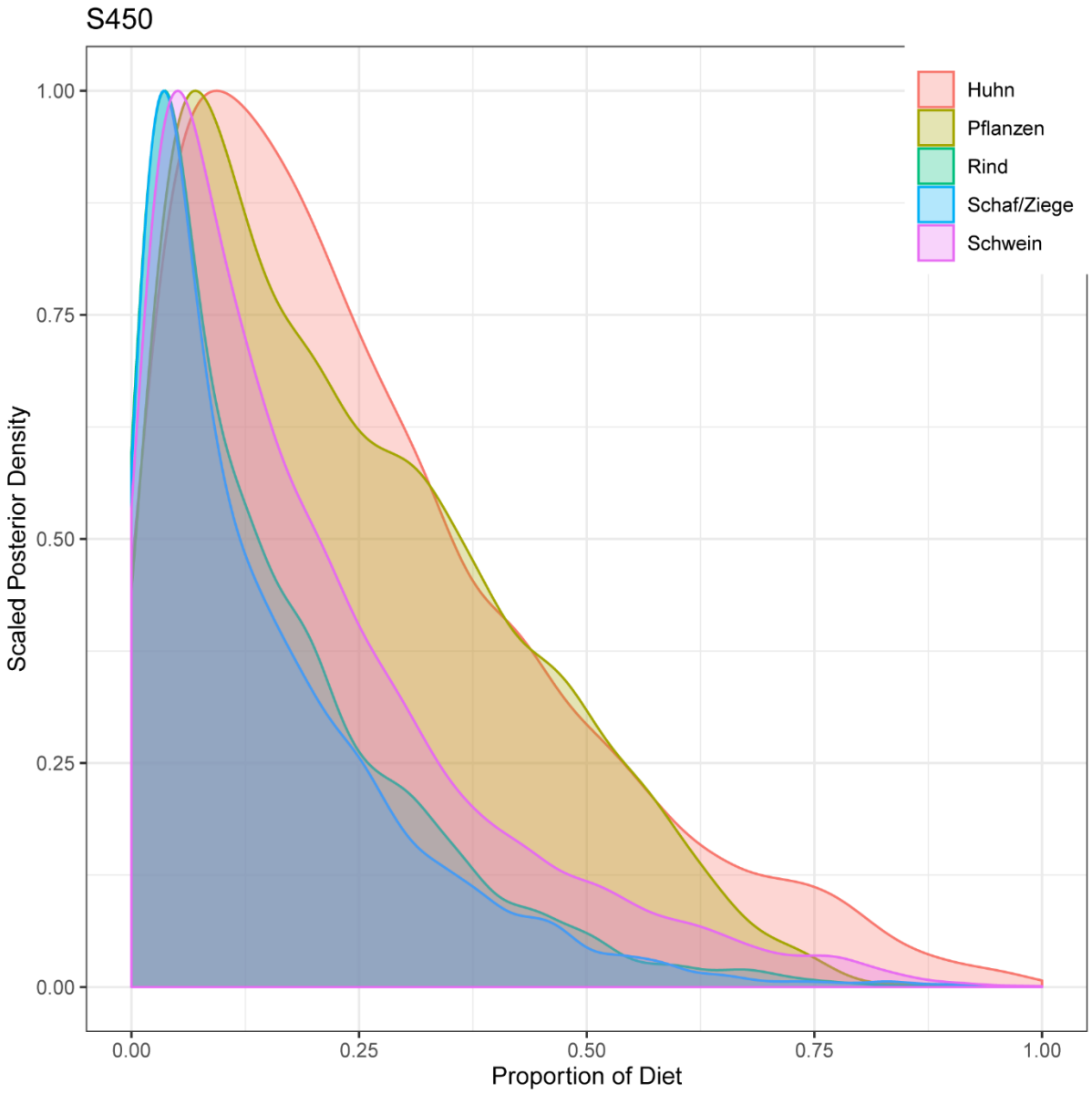


Abbildung 1575: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 450. Erstellt mit MixSIAR.

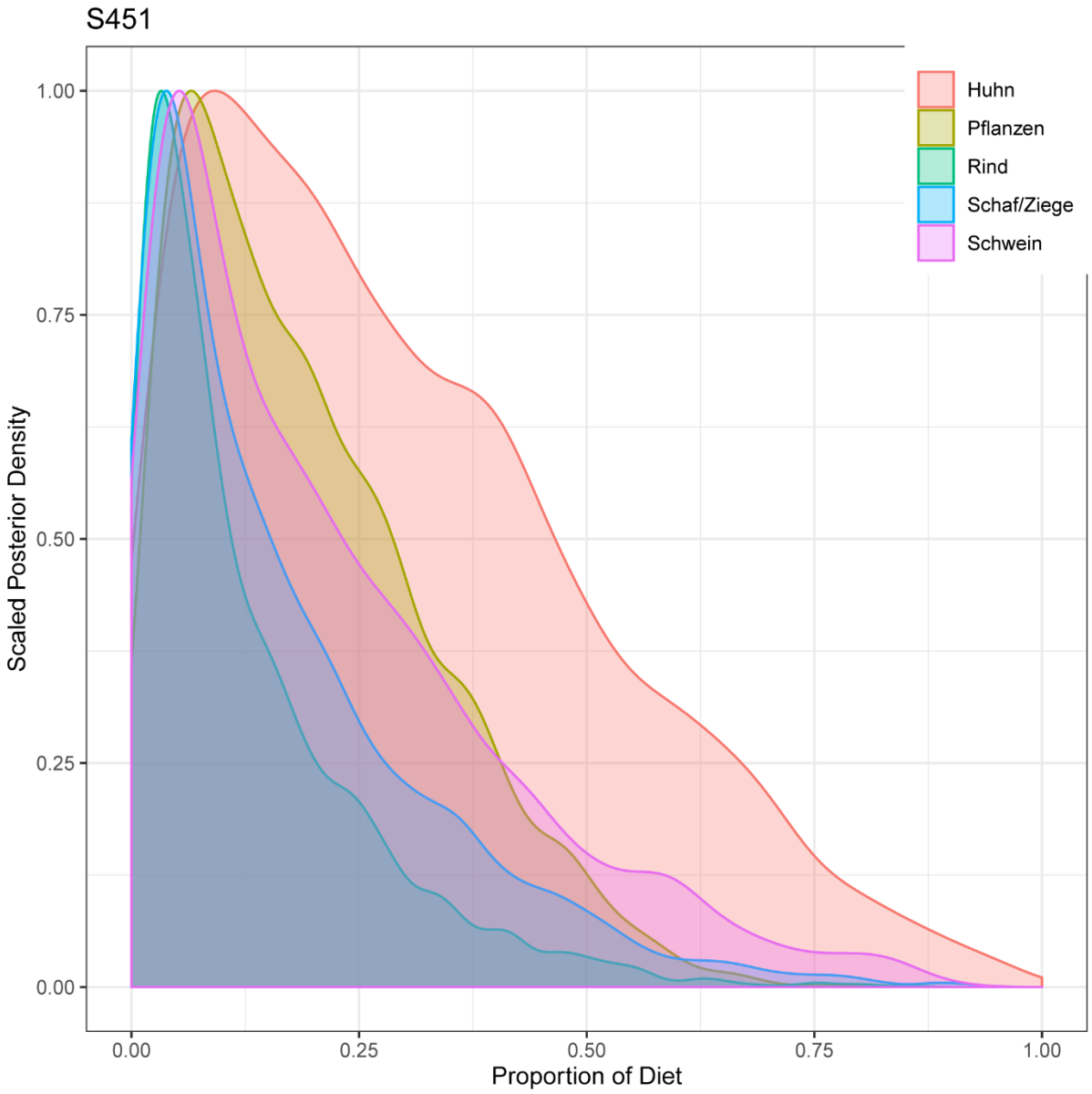


Abbildung 1576: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 451. Erstellt mit MixSIAR.

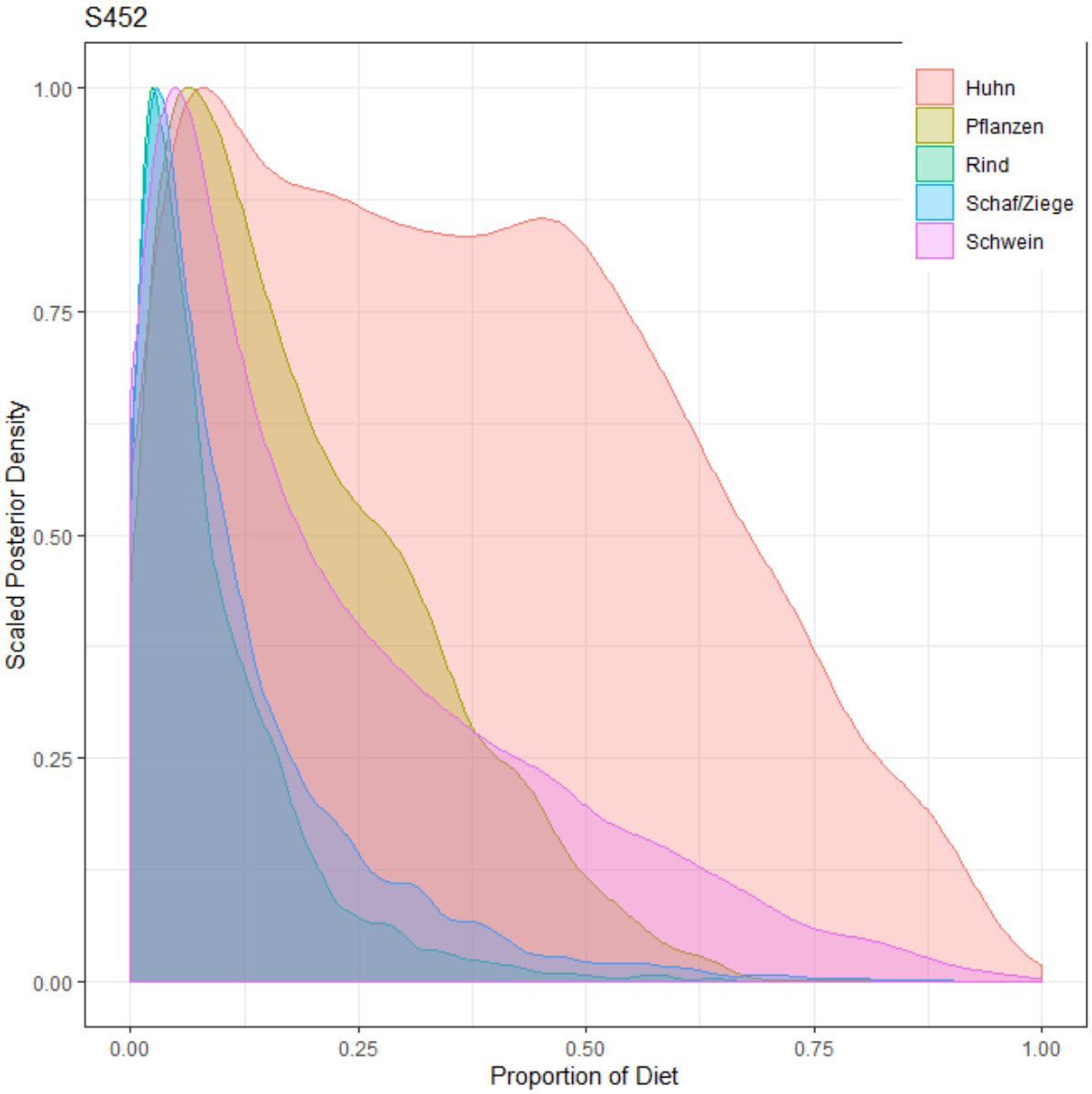


Abbildung 1577: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 452. Erstellt mit MixSIAR.

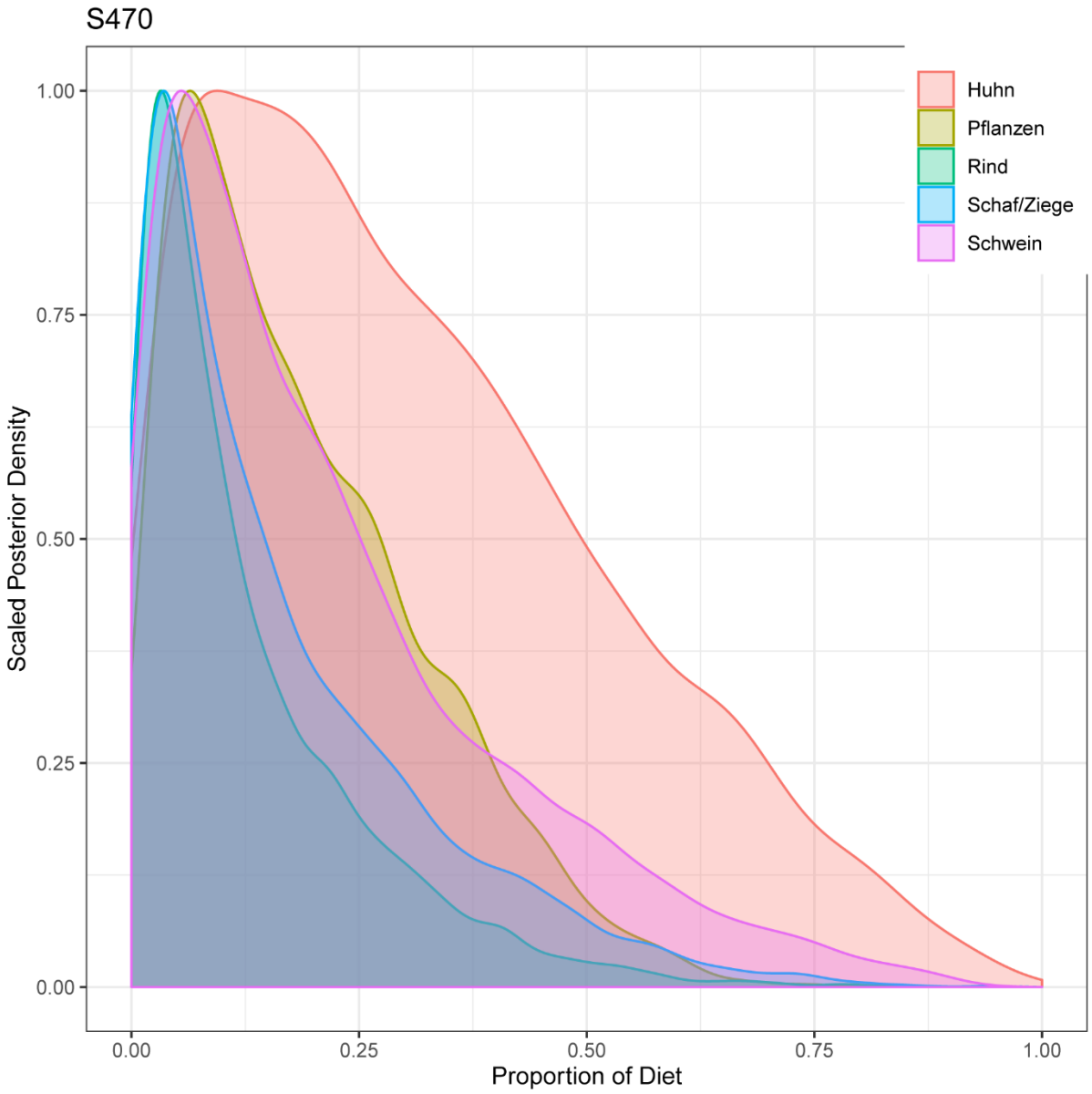


Abbildung 1578: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 470. Erstellt mit MixSIAR.

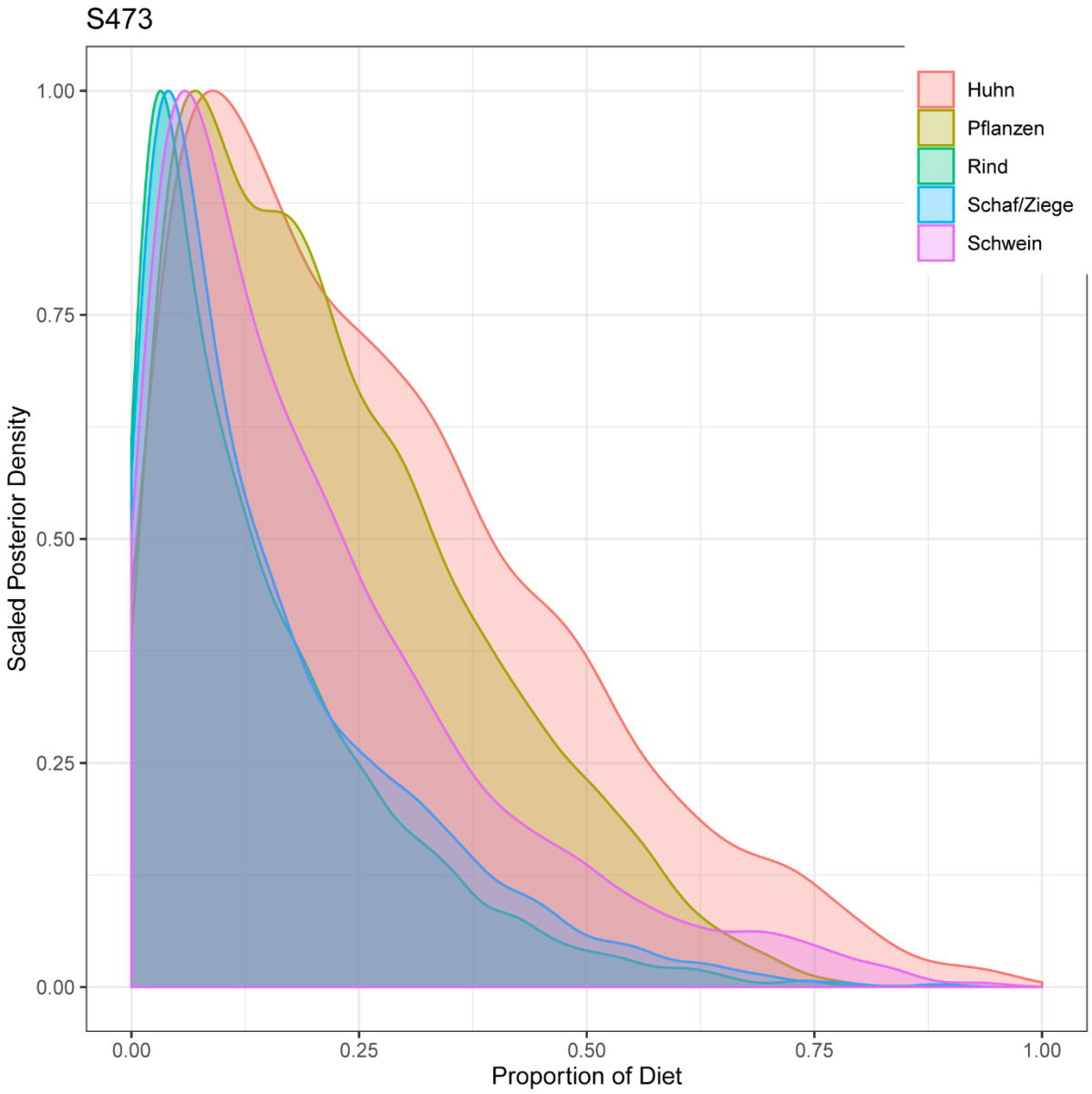


Abbildung 1579: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 473. Erstellt mit MixSIAR.

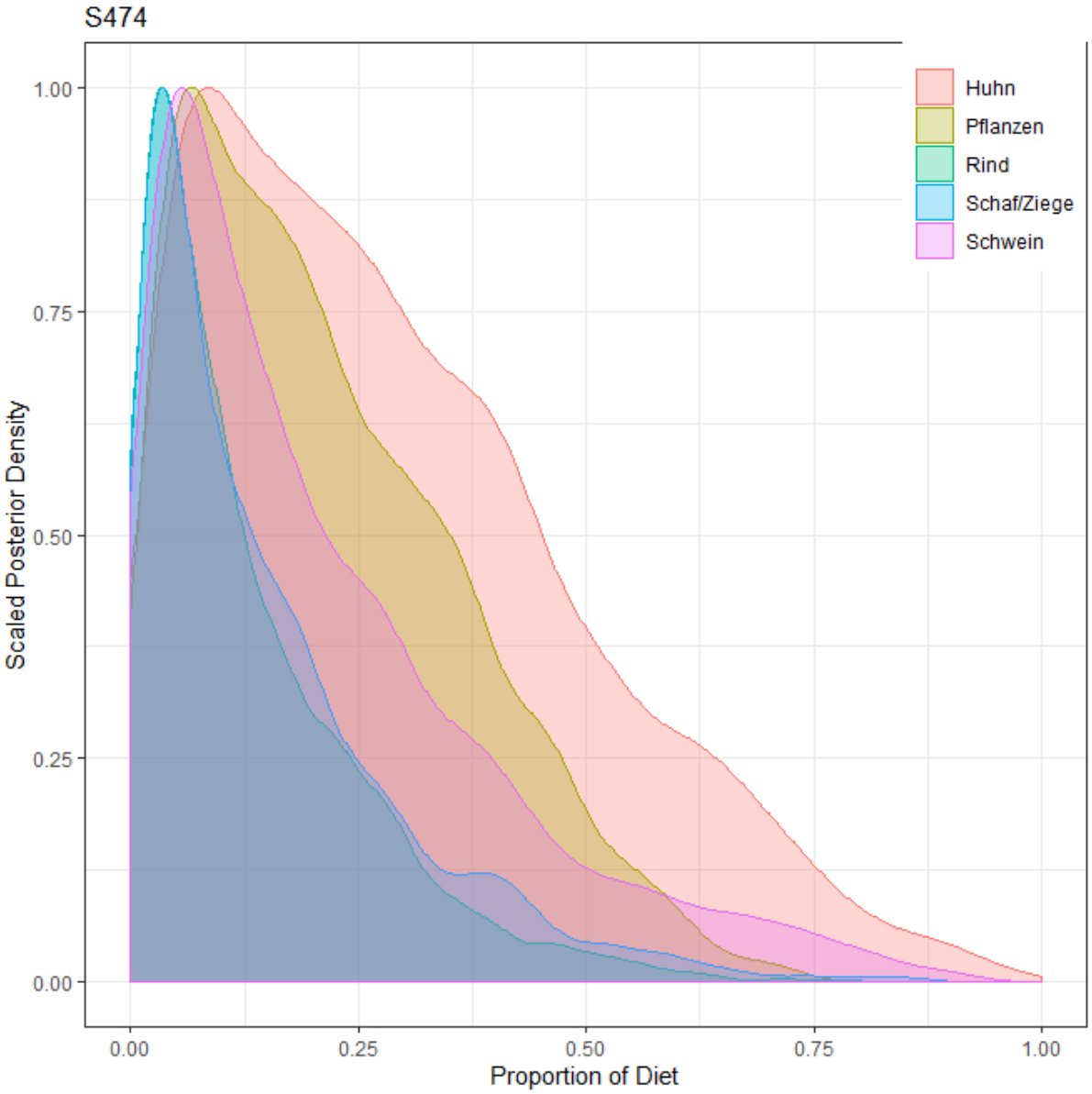


Abbildung 1580: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 474. Erstellt mit MixSIAR.

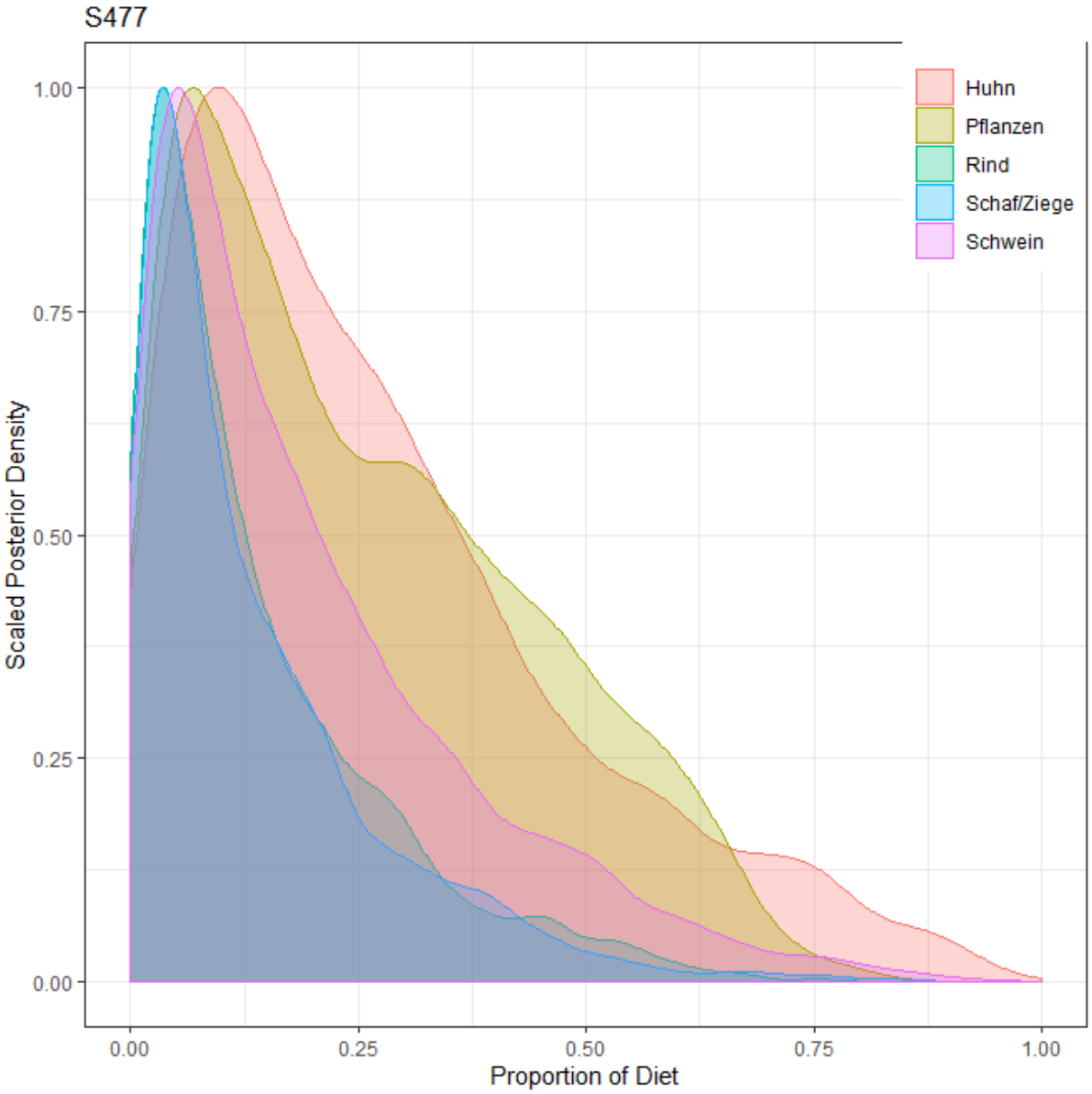


Abbildung 1581: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 477. Erstellt mit MixSIAR.

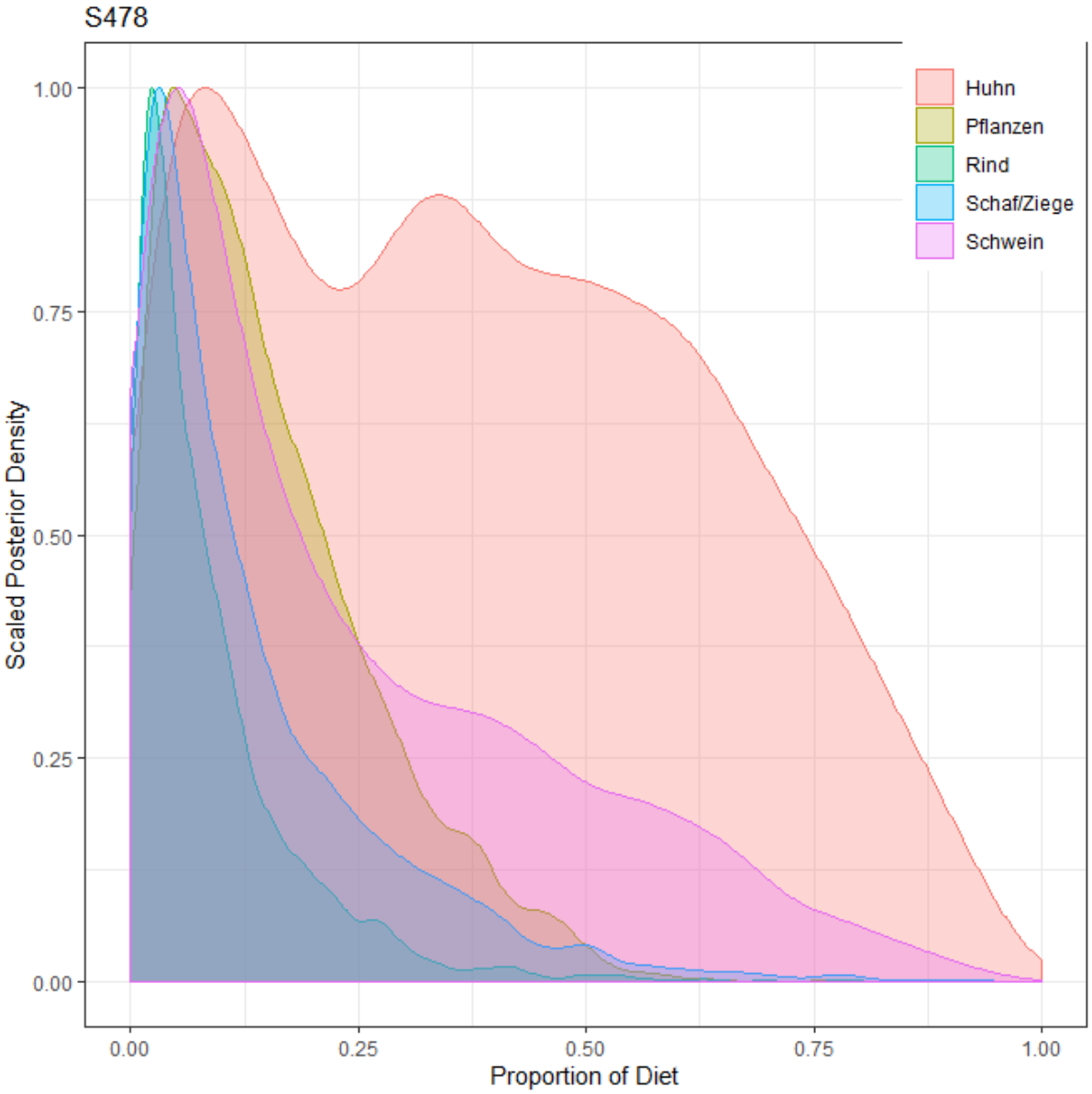


Abbildung 1582: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 478. Erstellt mit MixSIAR.

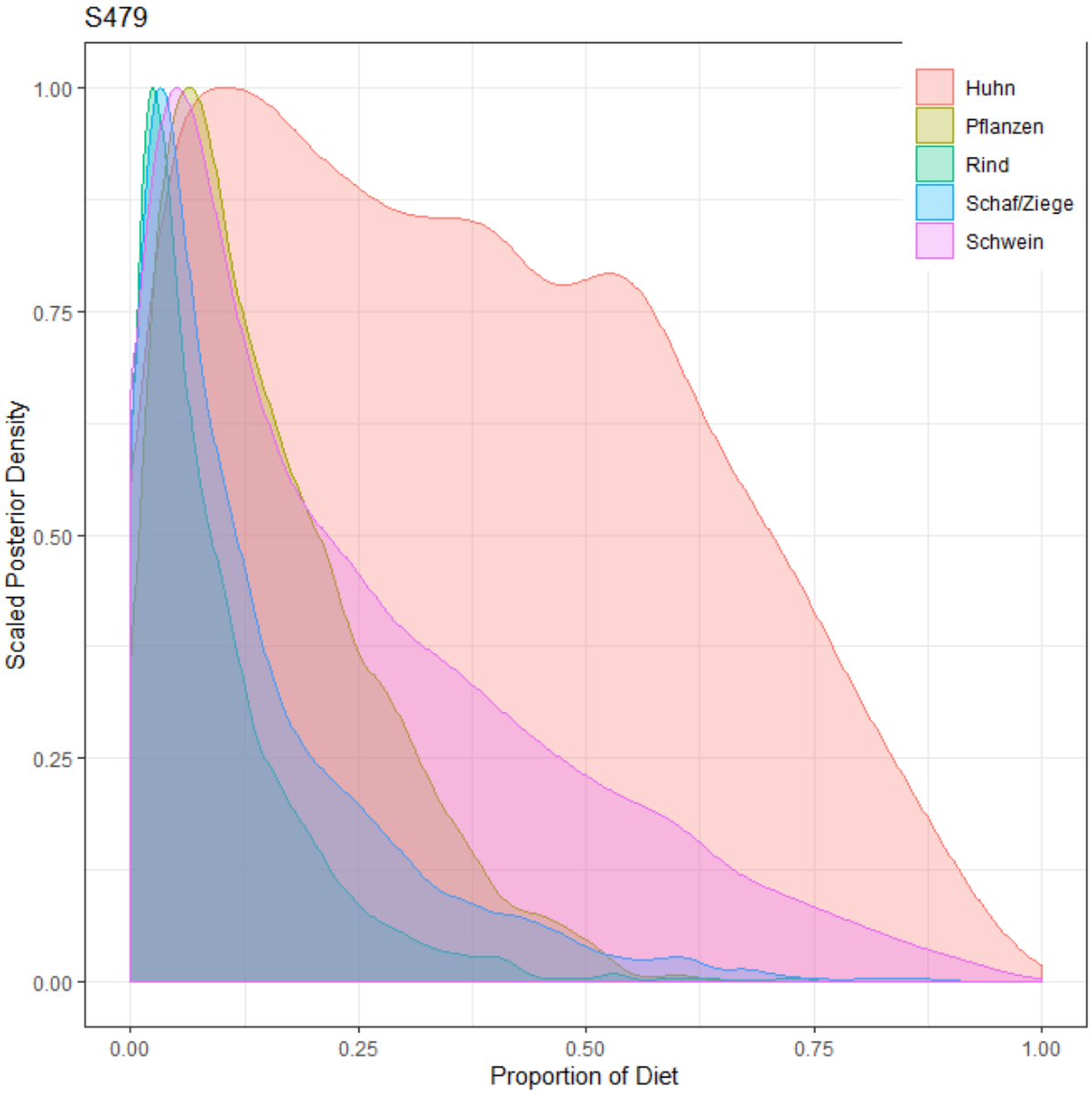


Abbildung 1583: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 479. Erstellt mit MixSIAR.

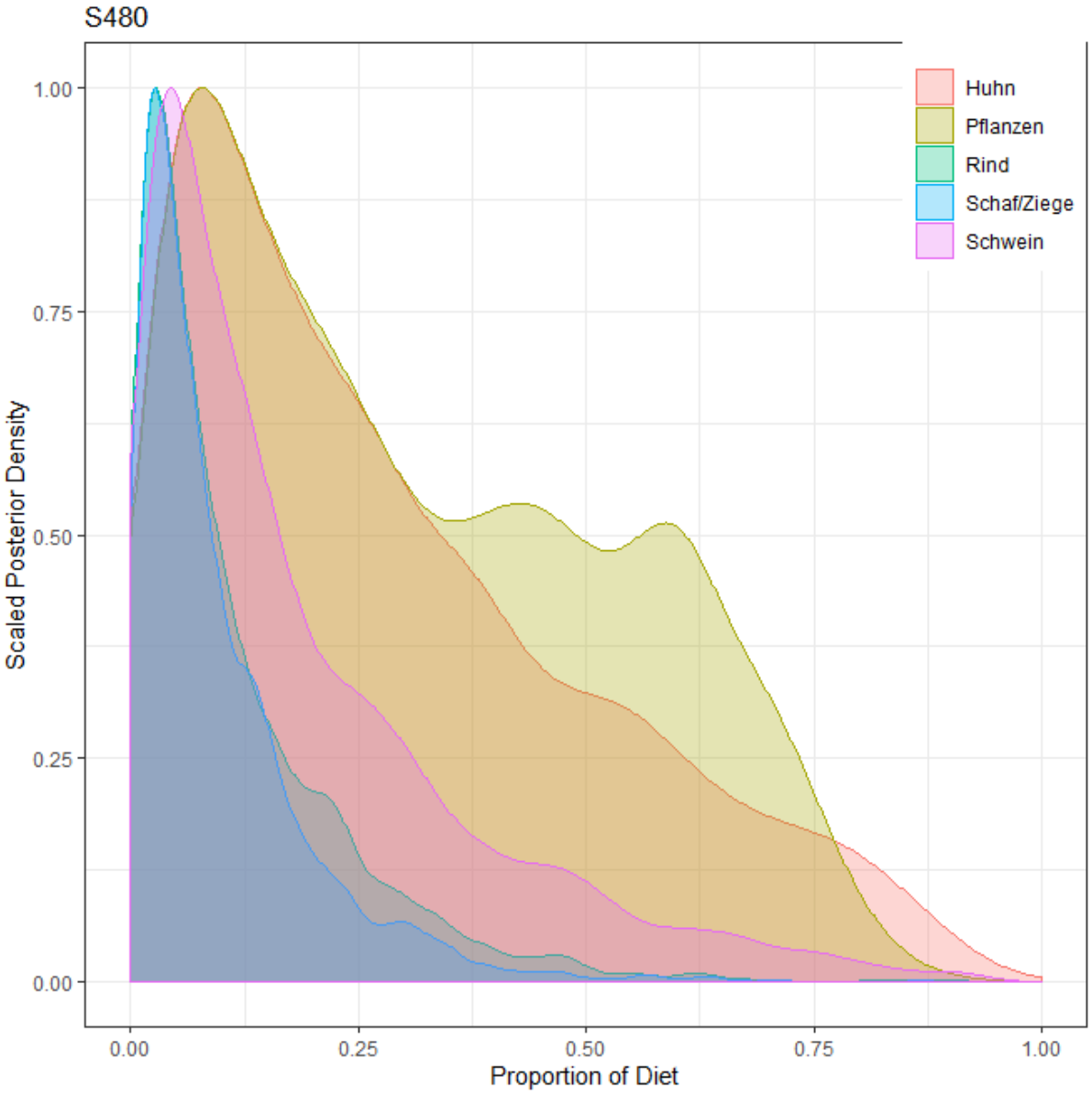


Abbildung 1584: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 480. Erstellt mit MixSIAR.

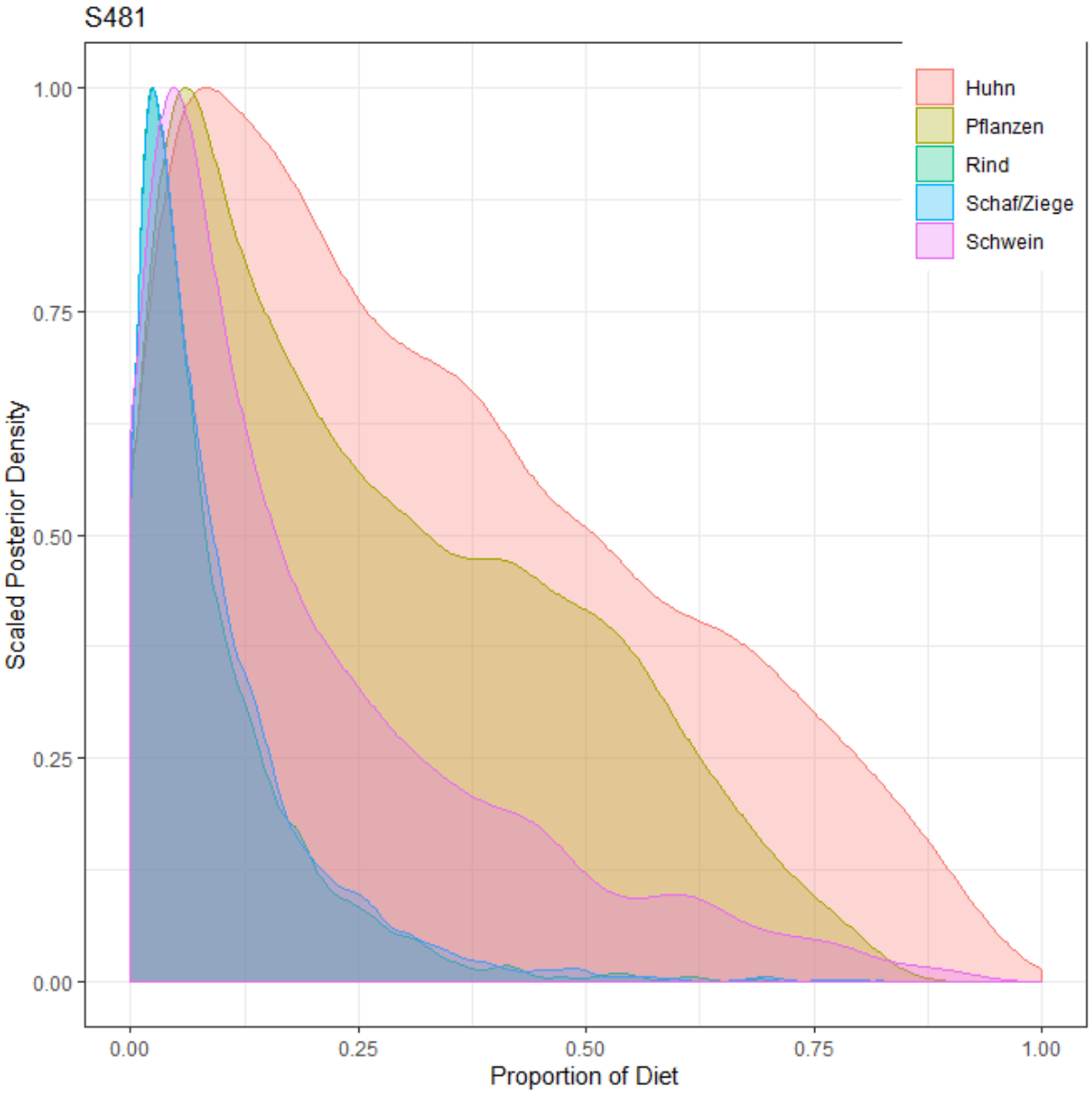


Abbildung 1585: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 481. Erstellt mit MixSIAR.

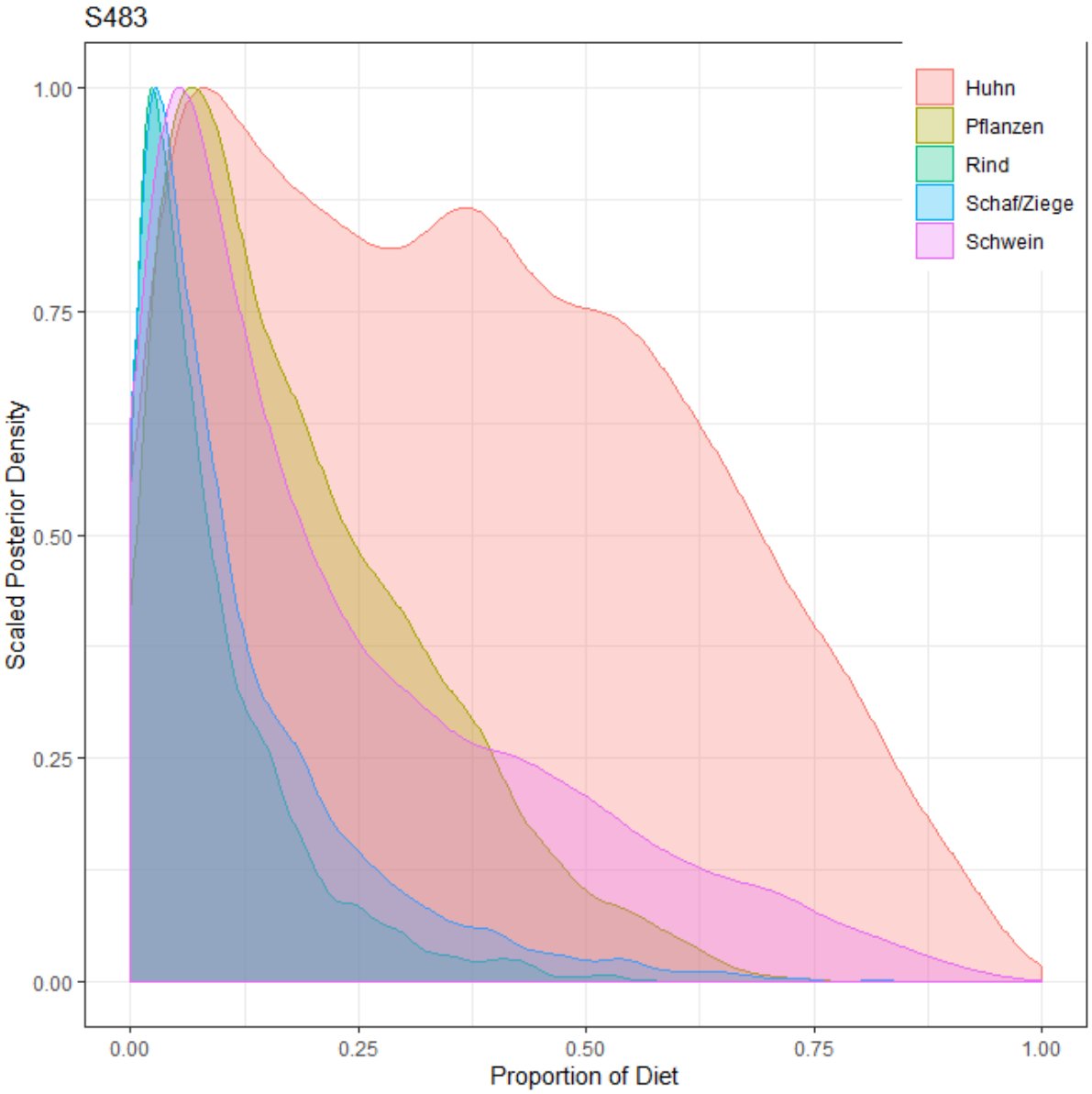


Abbildung 1586: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 483. Erstellt mit MixSIAR.

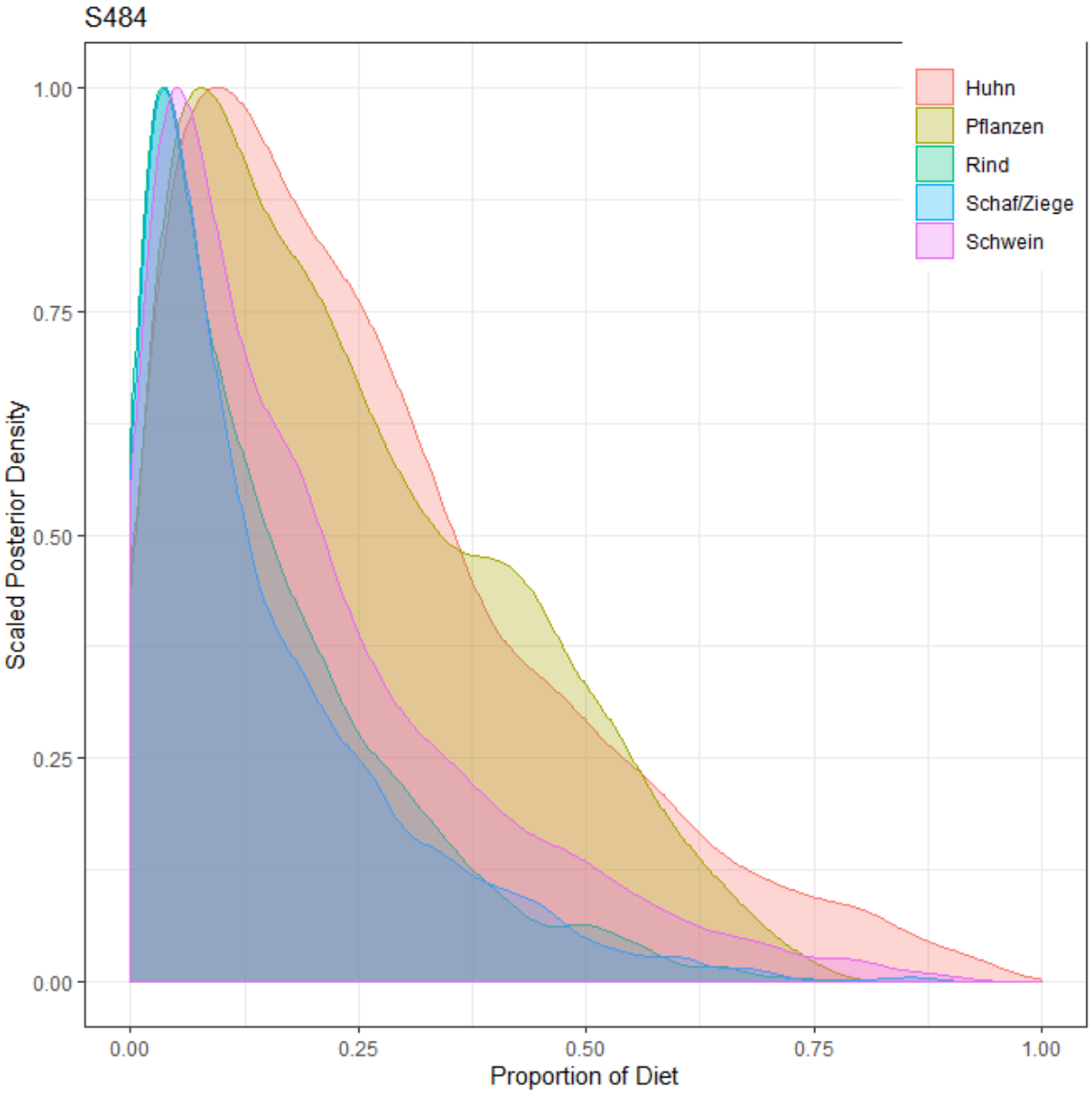


Abbildung 1587: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 484. Erstellt mit MixSIAR.

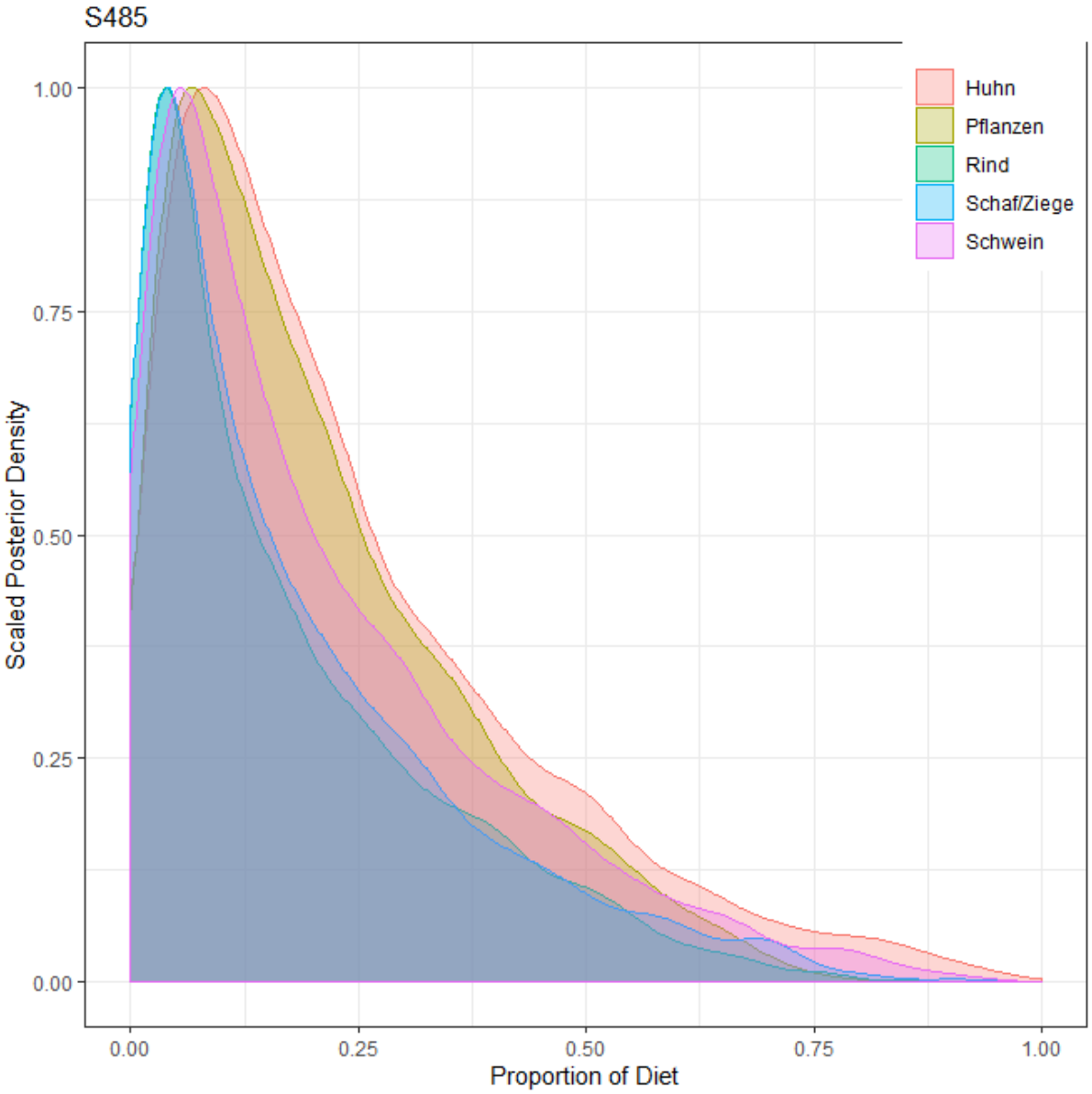


Abbildung 1588: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 485. Erstellt mit MixSIAR.

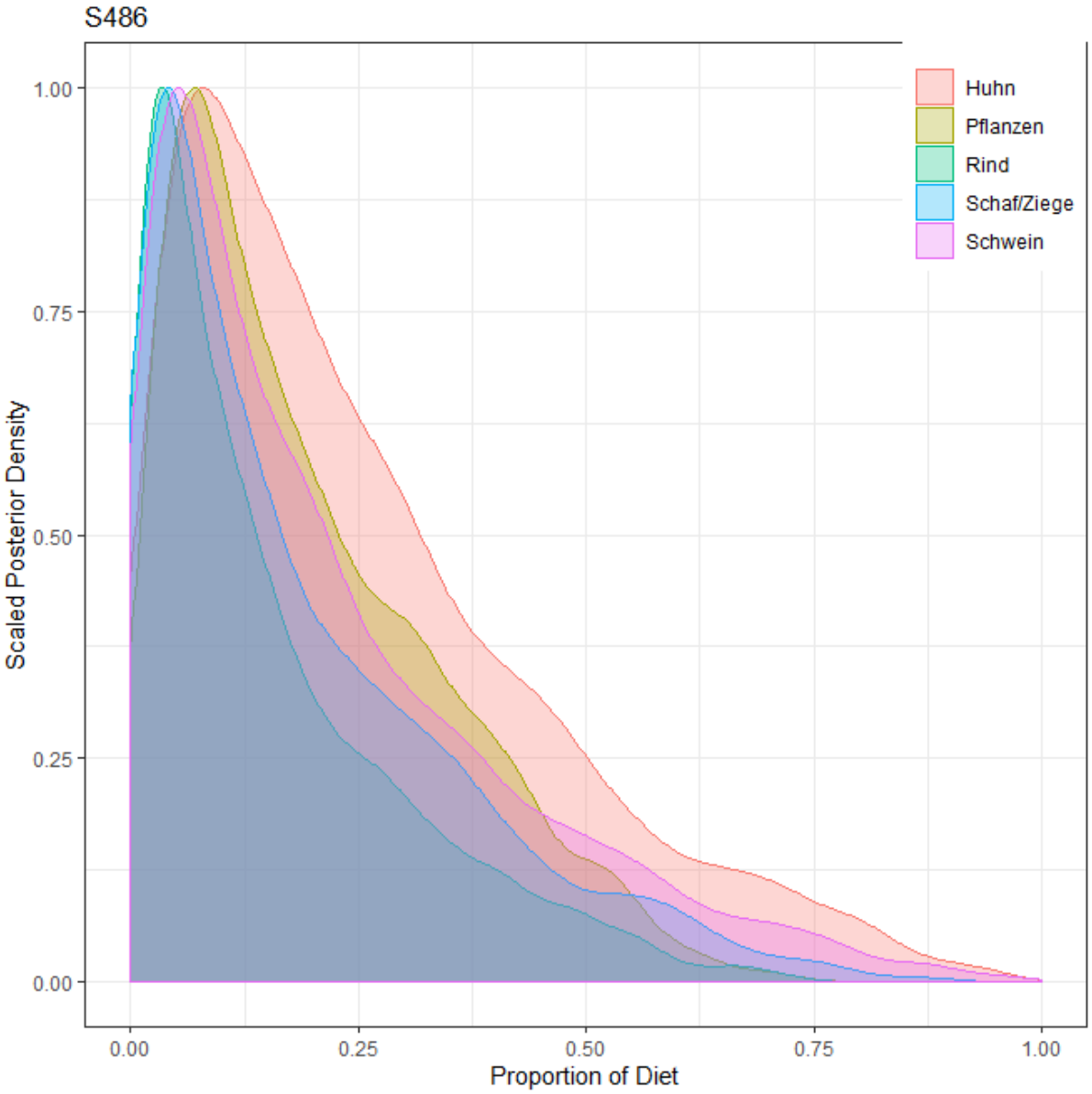


Abbildung 1589: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 486. Erstellt mit MixSIAR.

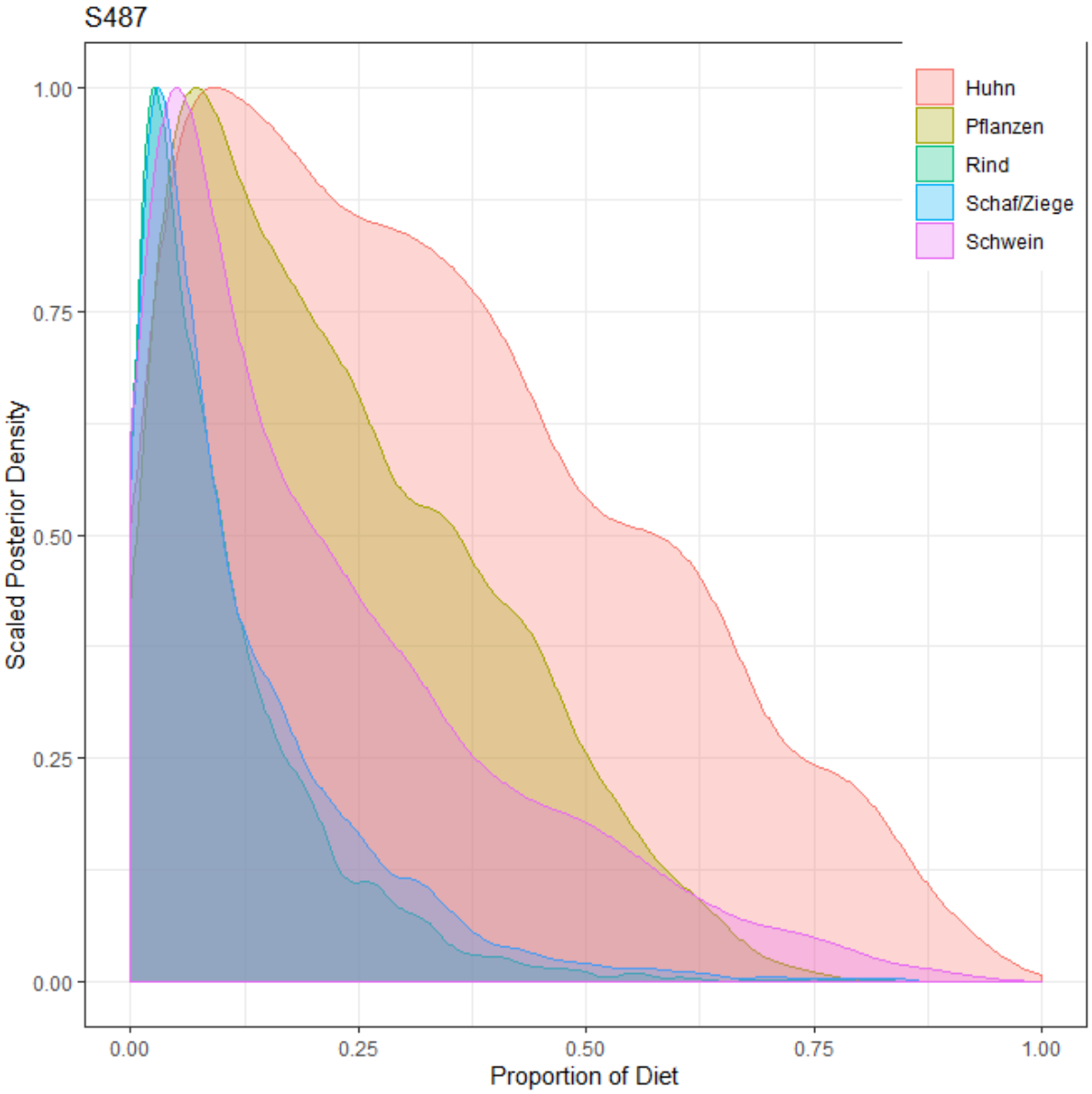


Abbildung 1590: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 487. Erstellt mit MixSIAR.

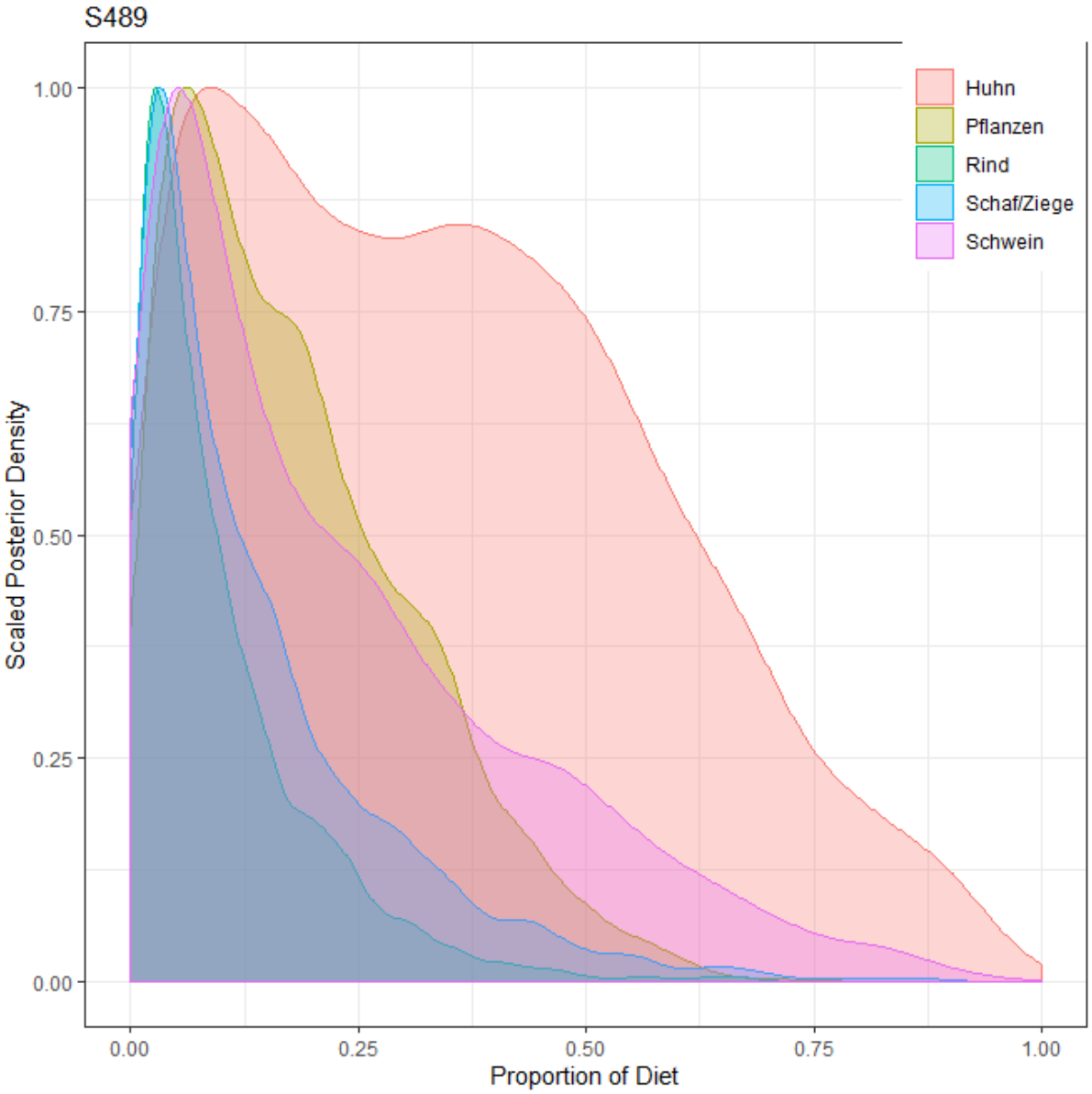


Abbildung 1591: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 489. Erstellt mit MixSIAR.

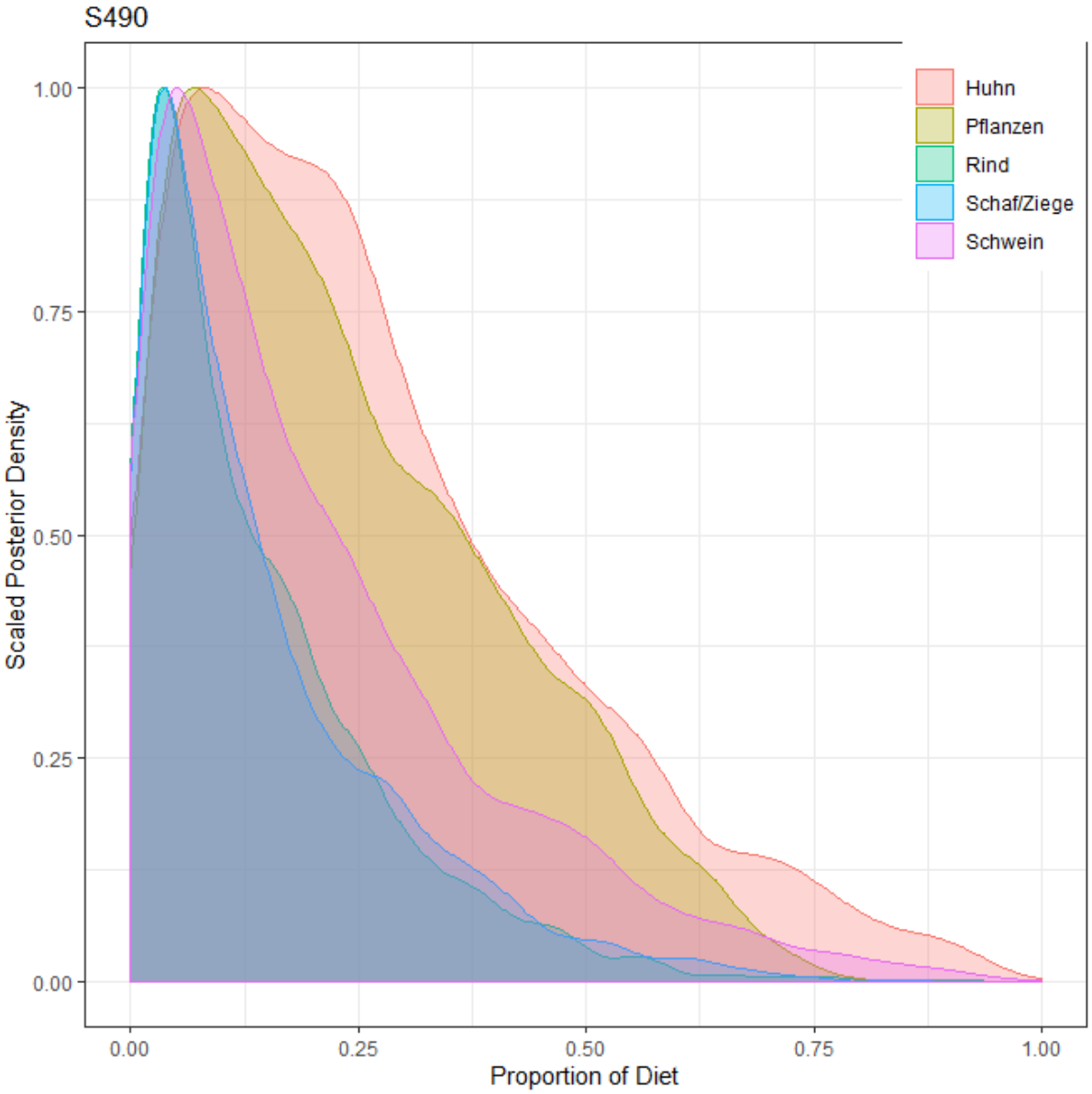


Abbildung 1592: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 490. Erstellt mit MixSIAR.

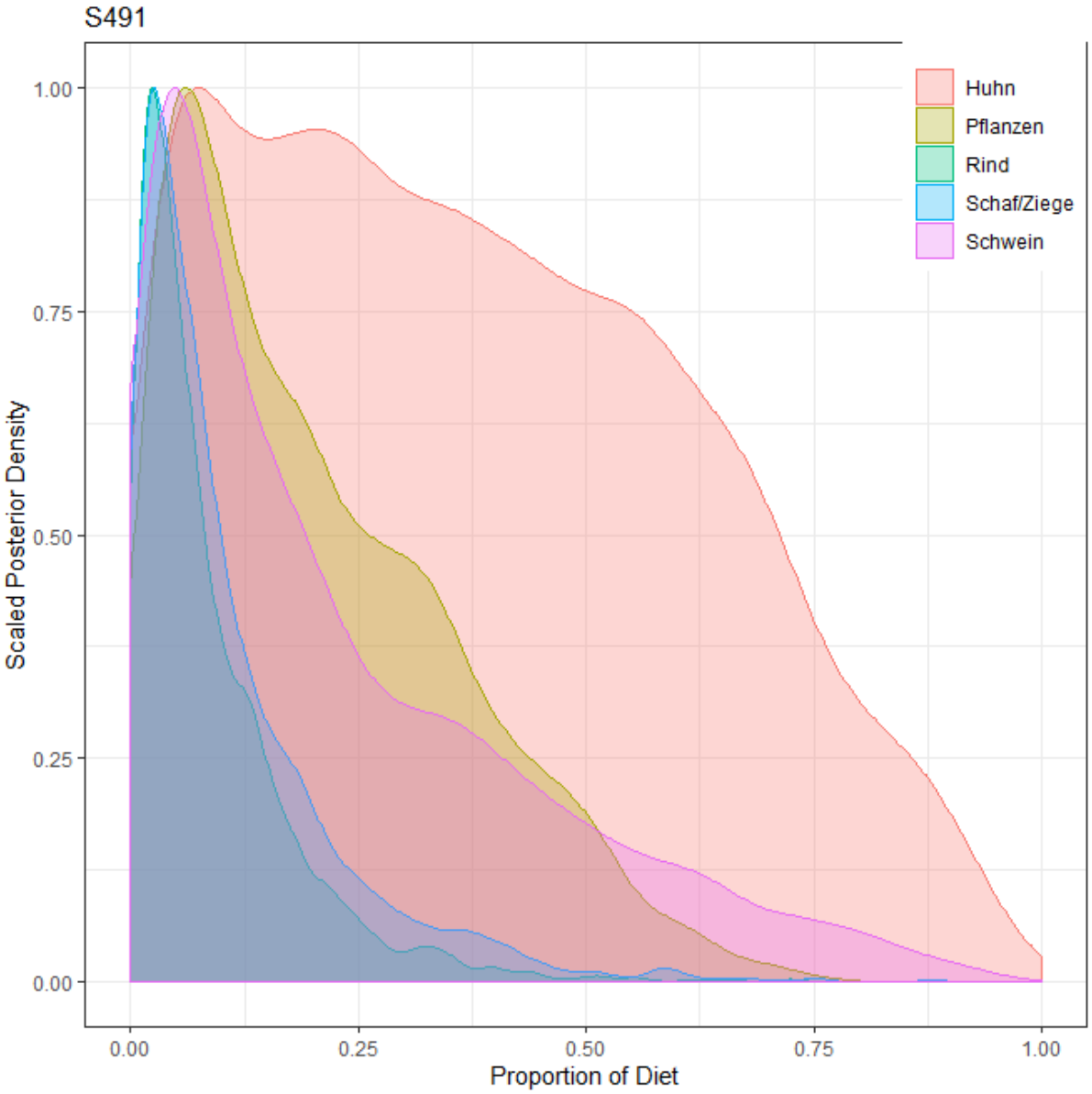


Abbildung 1593: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 491. Erstellt mit MixSIAR.

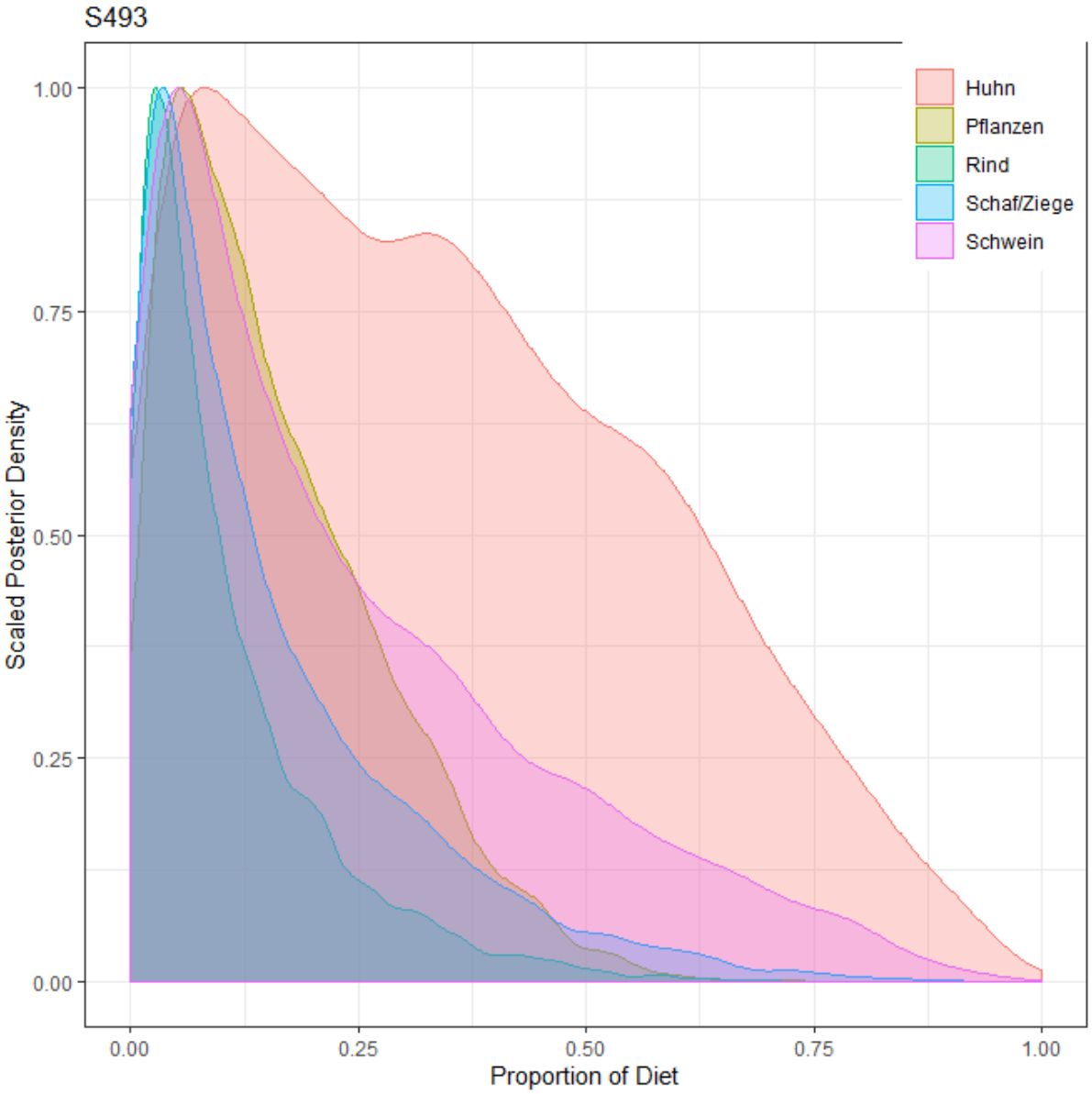


Abbildung 1594: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 493. Erstellt mit MixSIAR.

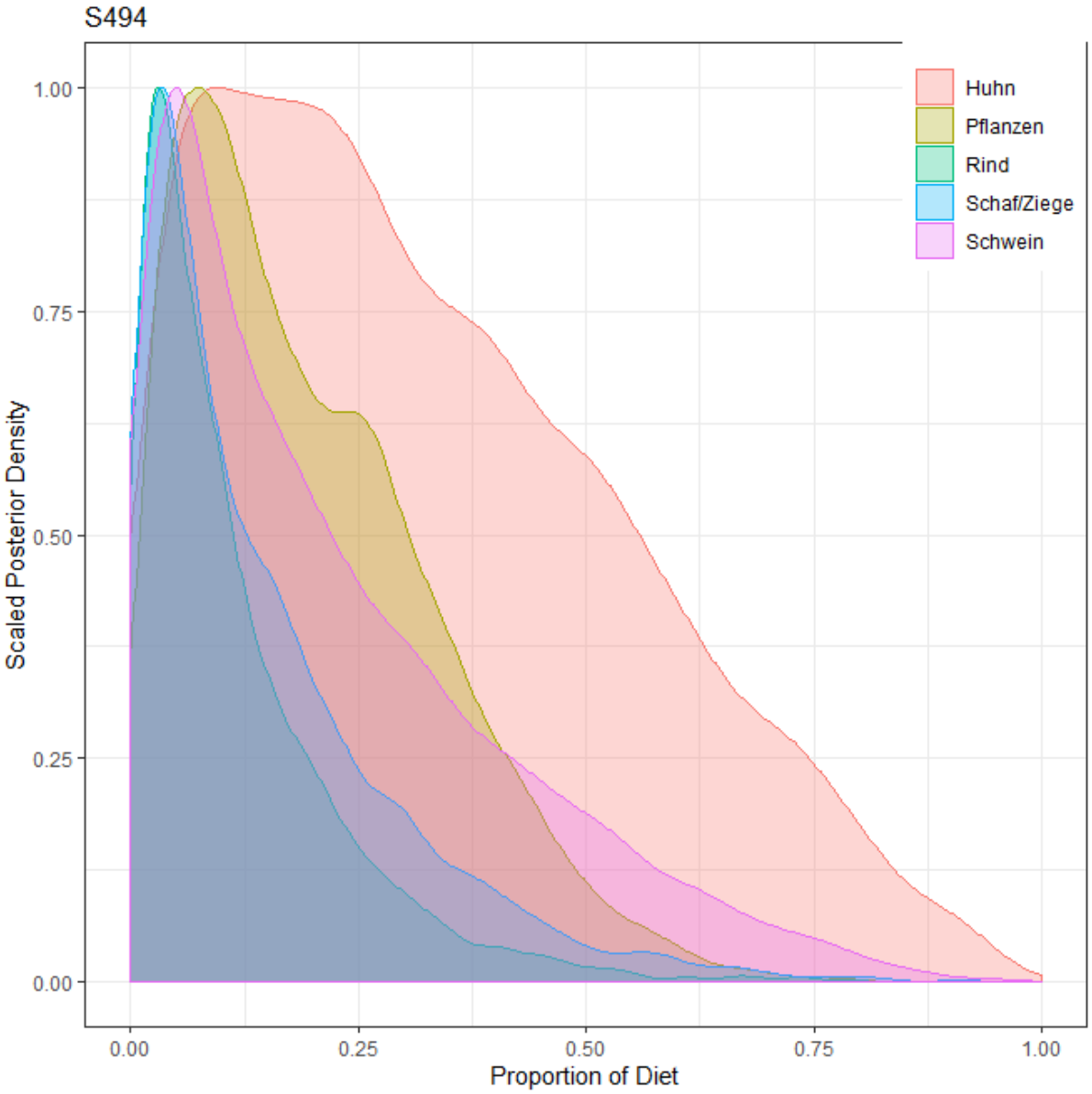


Abbildung 1595: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 494. Erstellt mit MixSIAR.

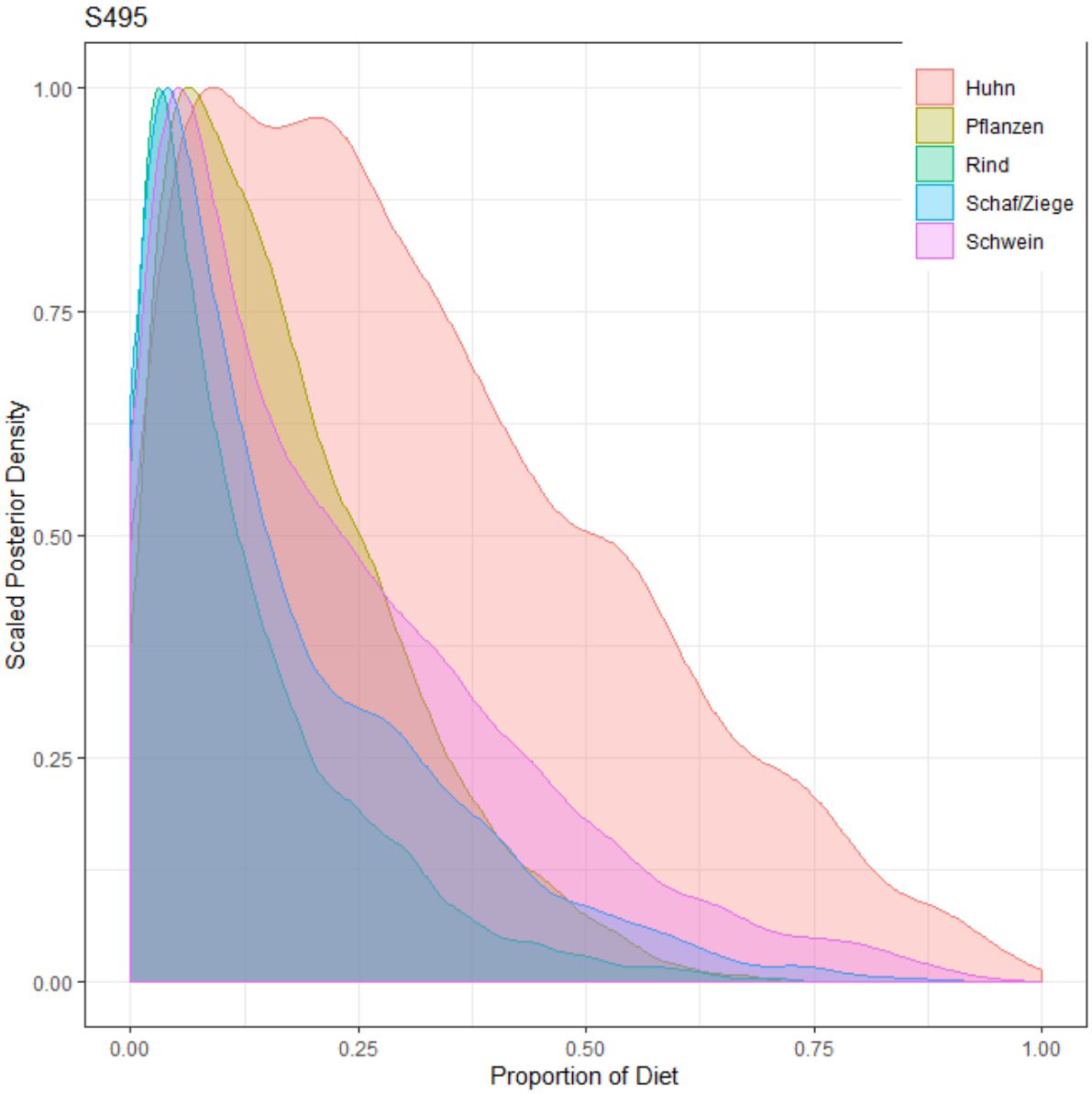


Abbildung 1596: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 495. Erstellt mit MixSIAR.

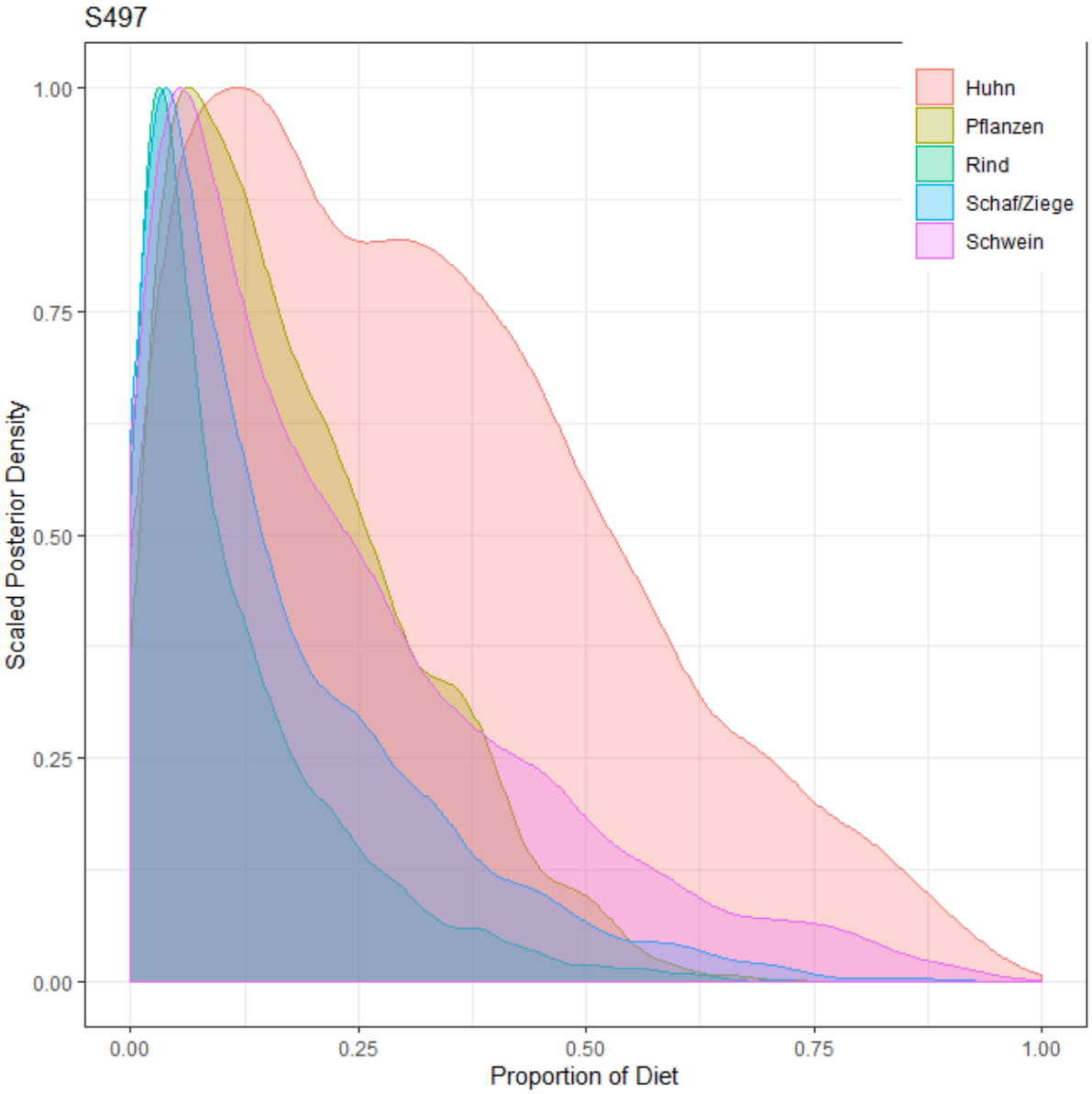


Abbildung 1597: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 497. Erstellt mit MixSIAR.

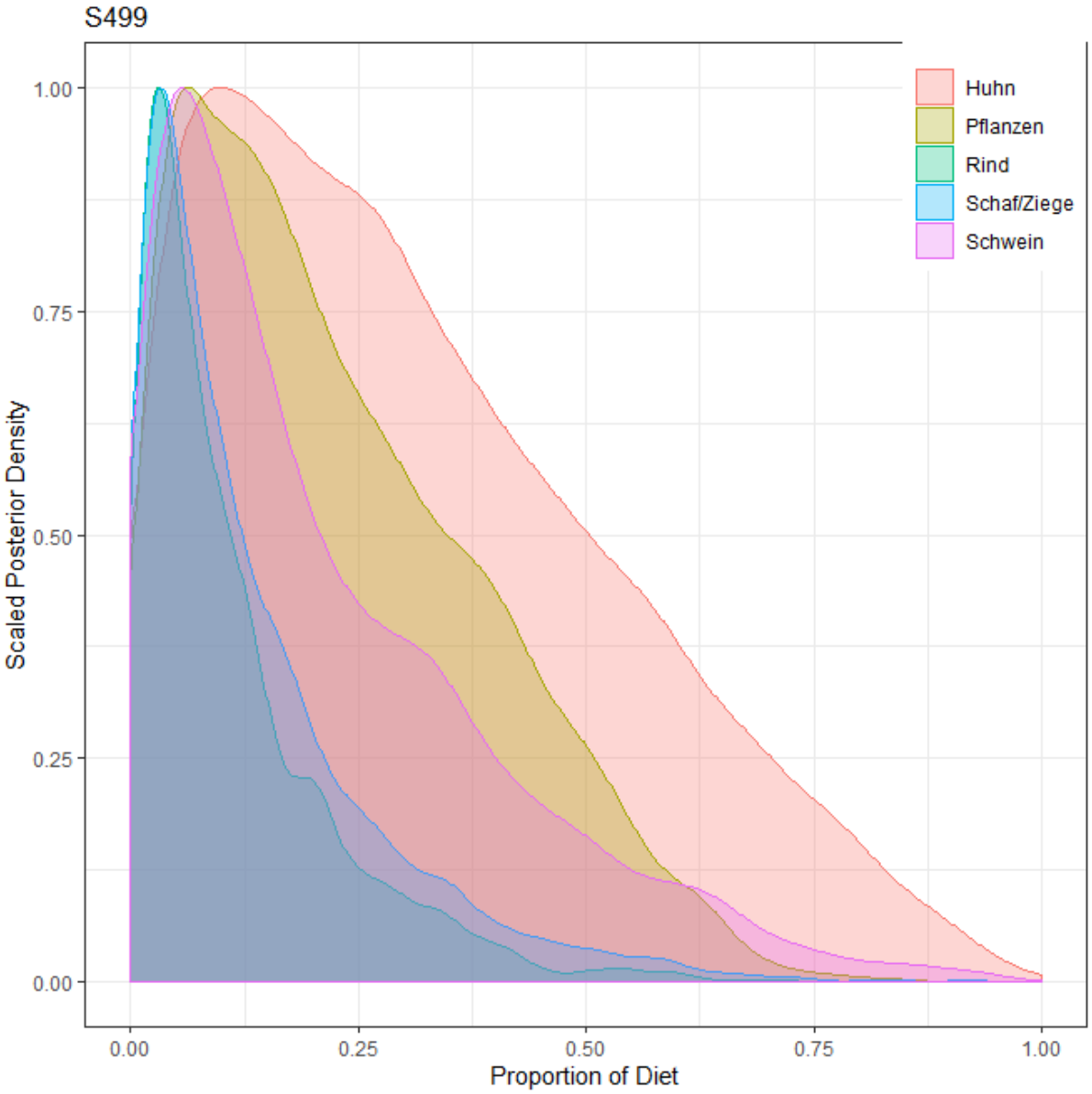


Abbildung 1598: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 499. Erstellt mit MixSIAR.

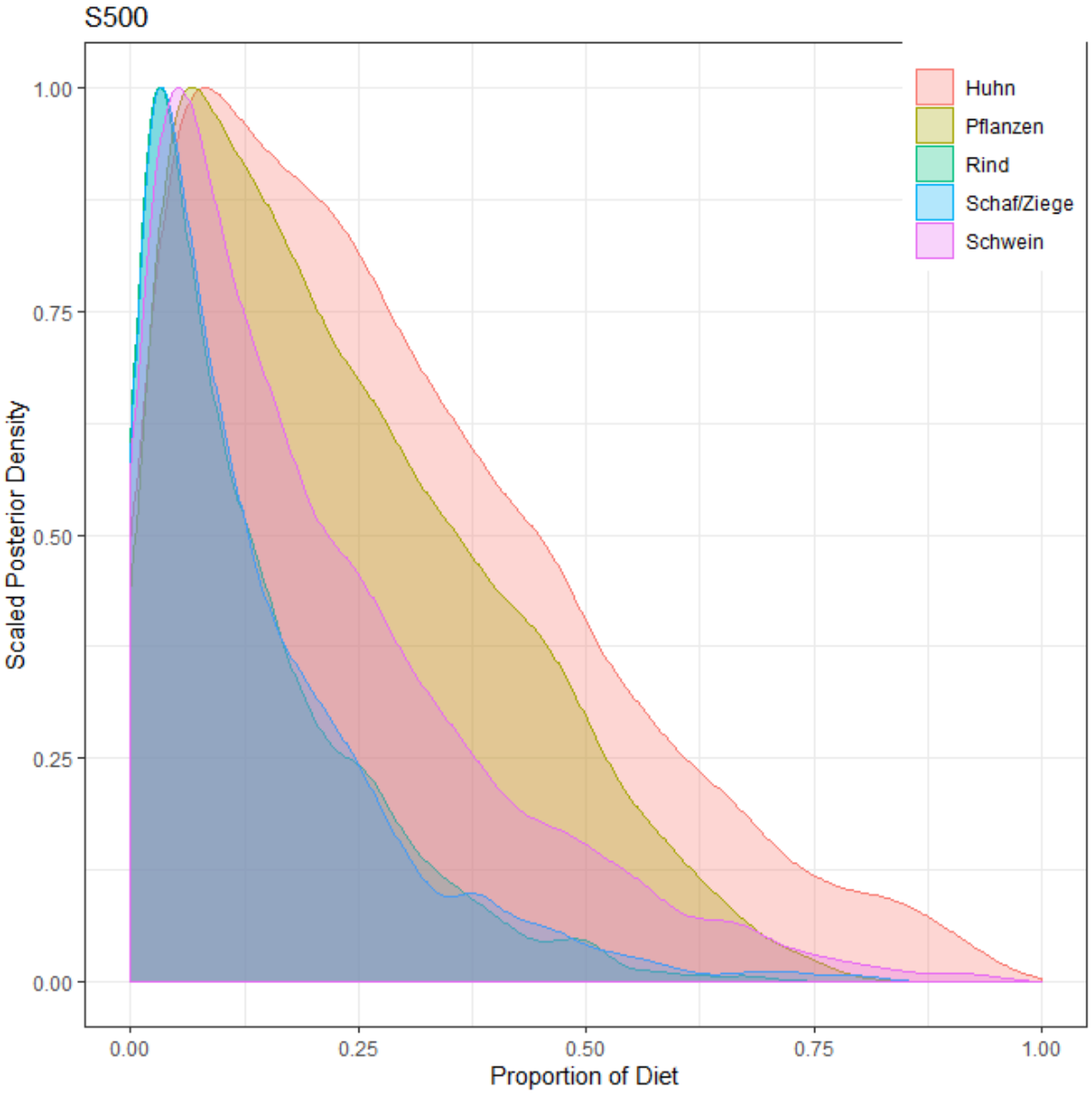


Abbildung 1599: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 500. Erstellt mit MixSIAR.

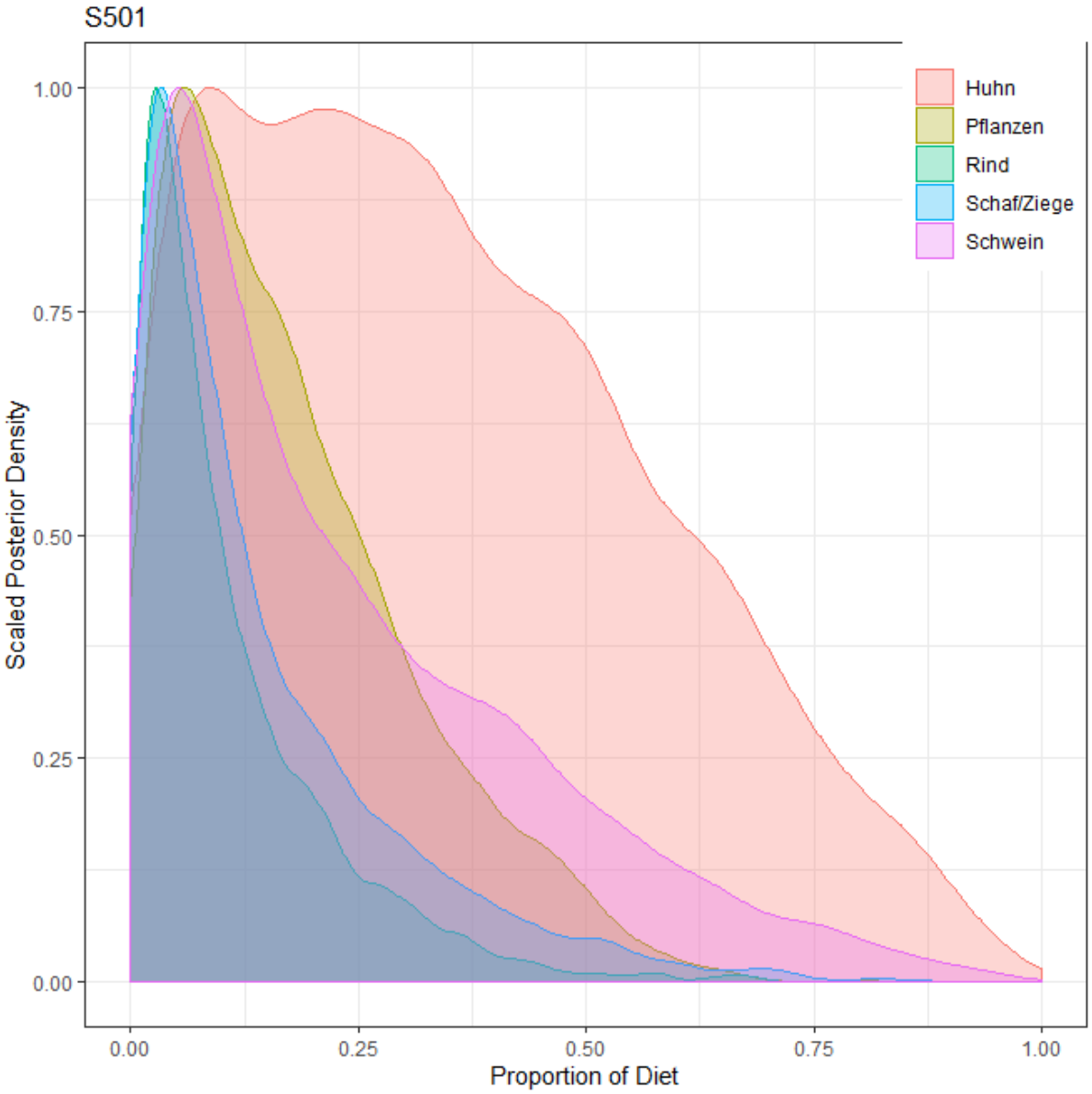


Abbildung 1600: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 501. Erstellt mit MixSIAR.

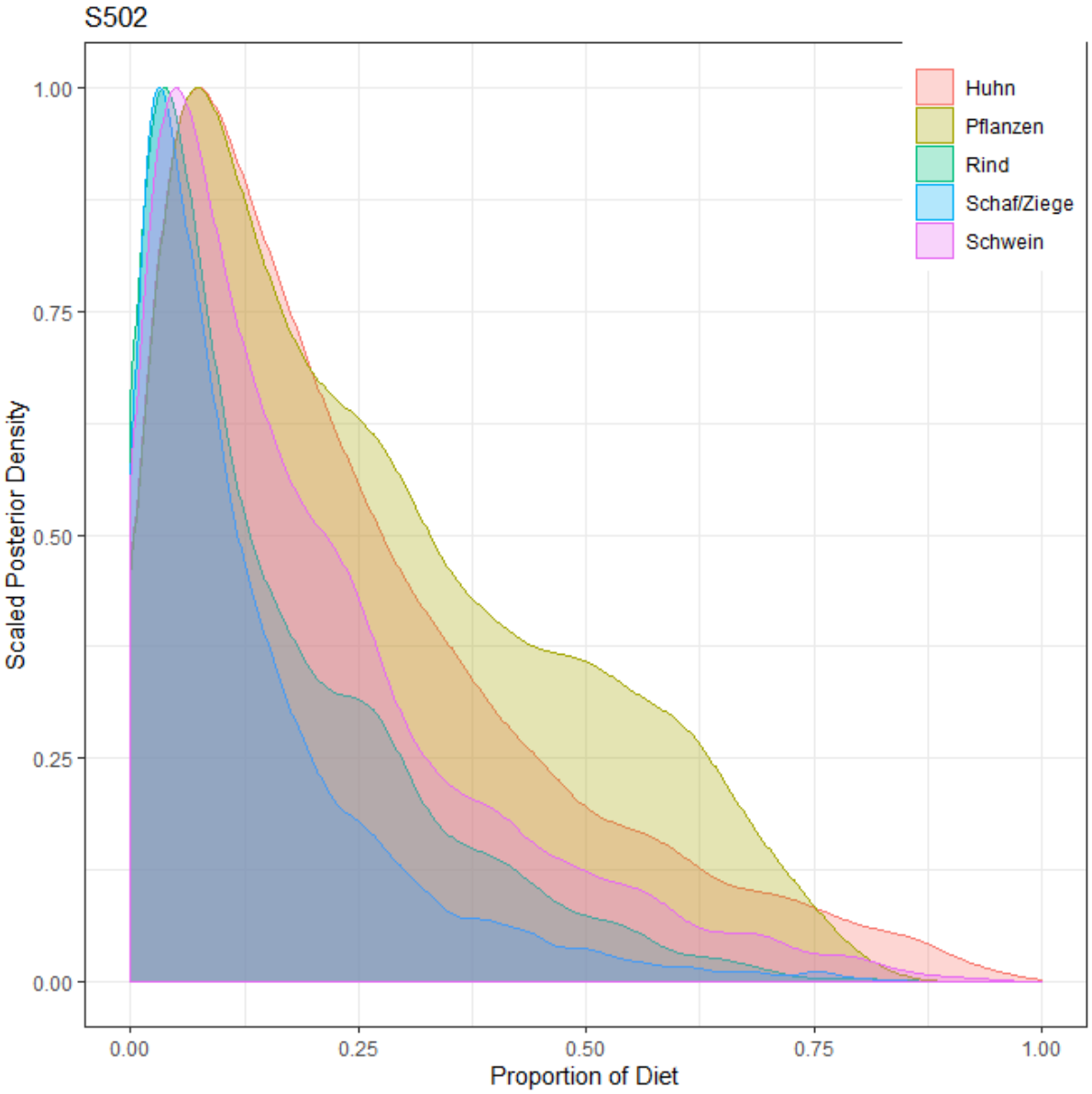


Abbildung 1601: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 502. Erstellt mit MixSIAR.

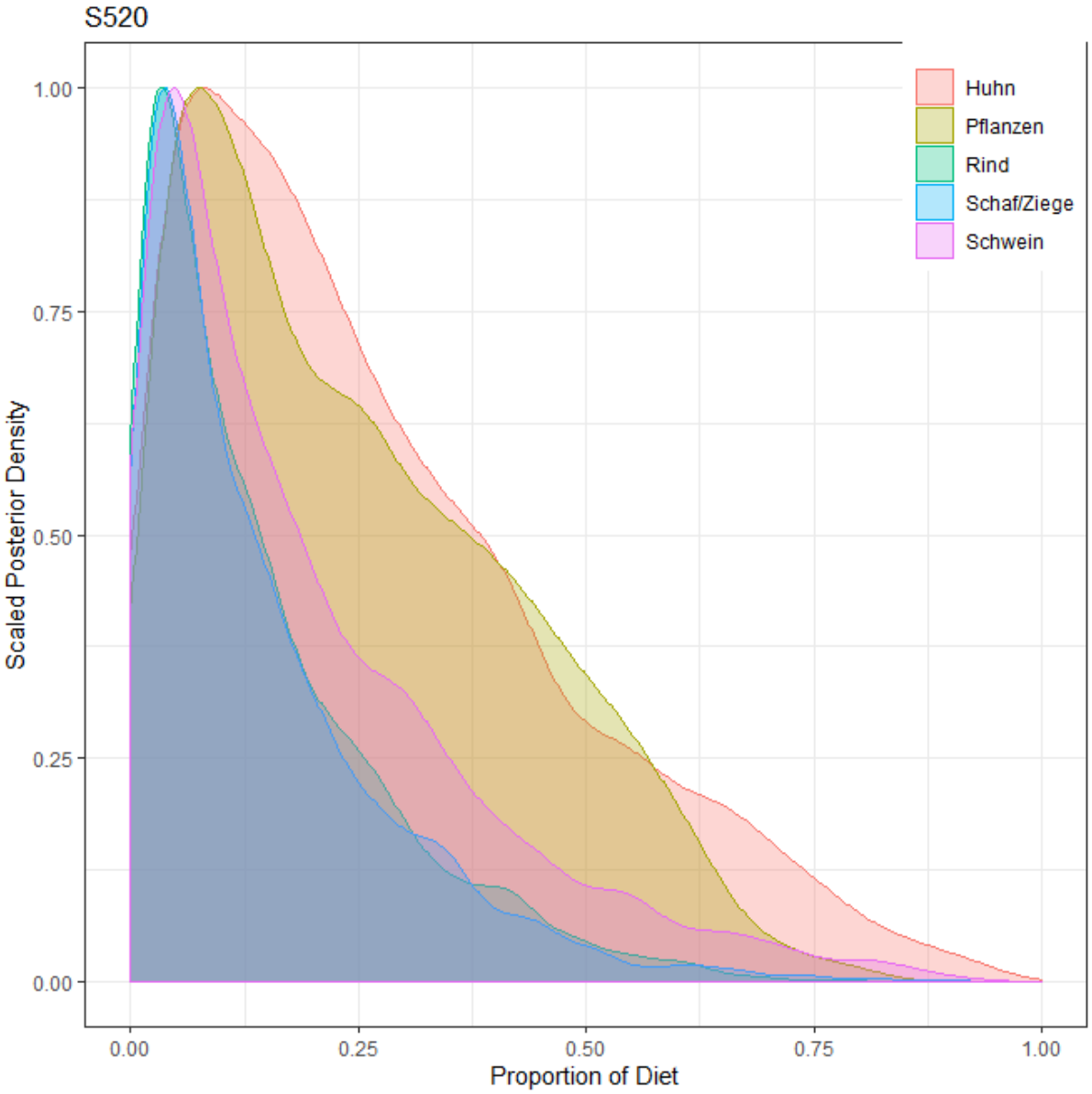


Abbildung 1602: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 520. Erstellt mit MixSIAR.

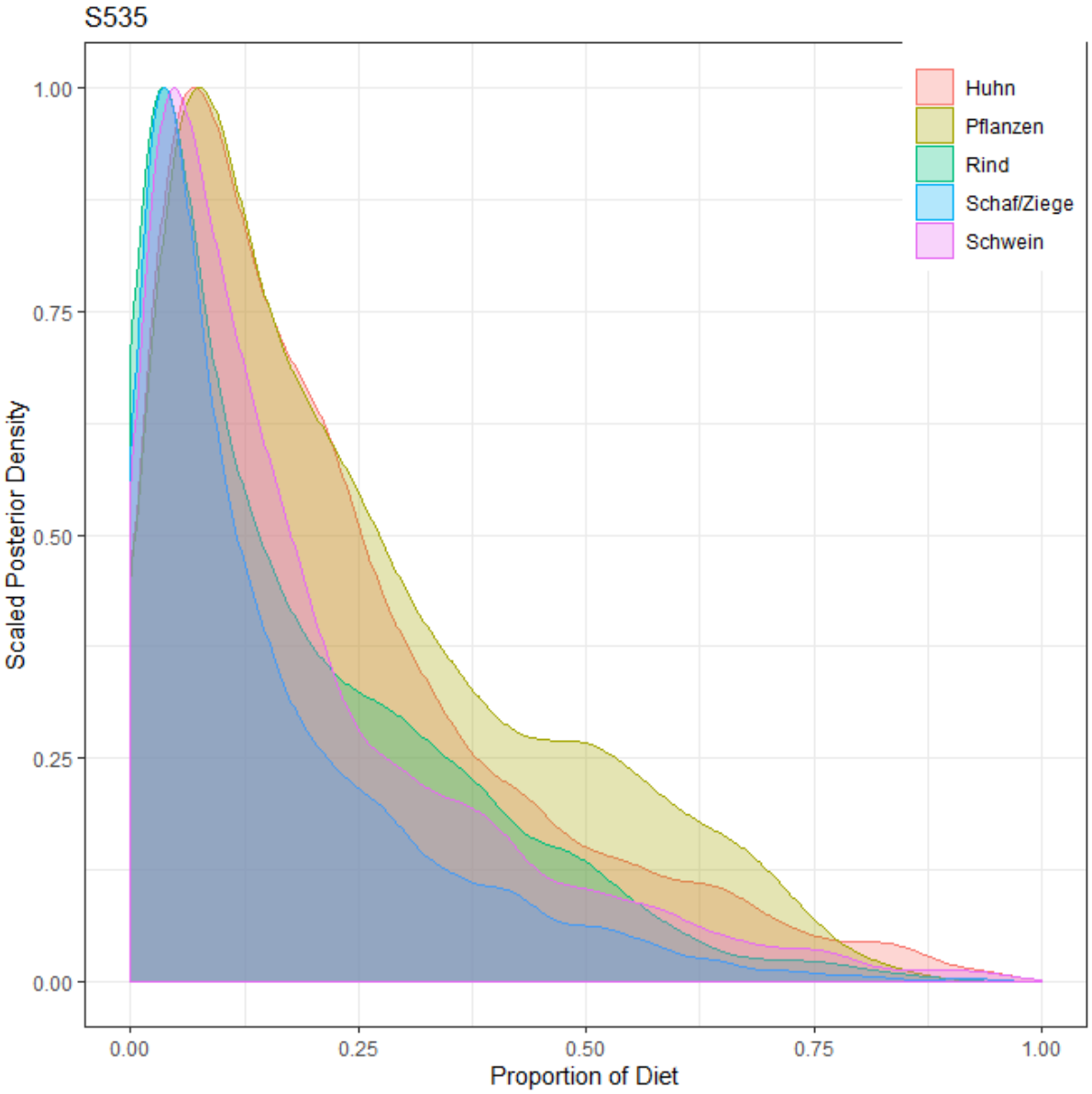


Abbildung 1603: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 535. Erstellt mit MixSIAR.

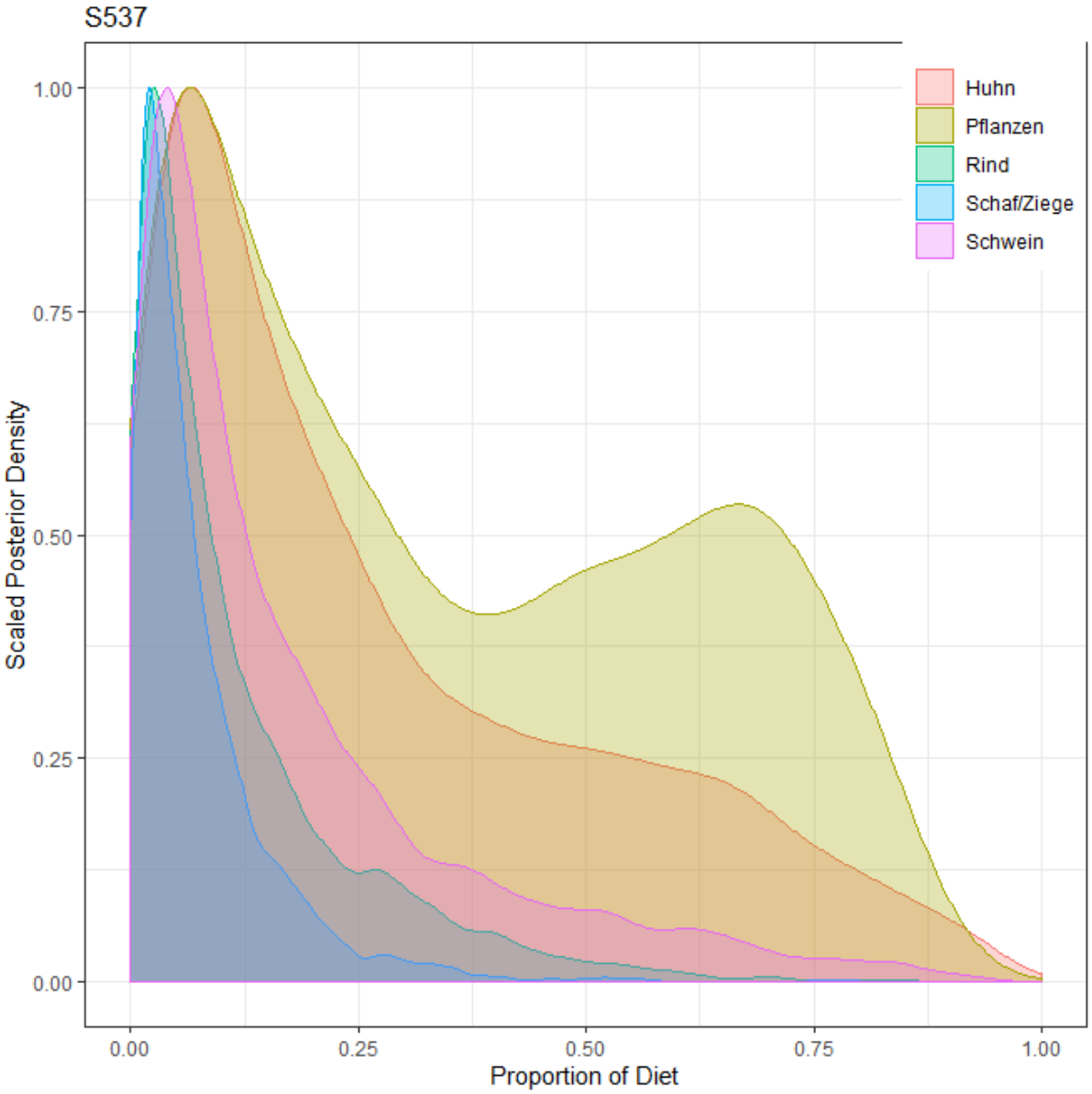


Abbildung 1604: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 537. Erstellt mit MixSIAR.

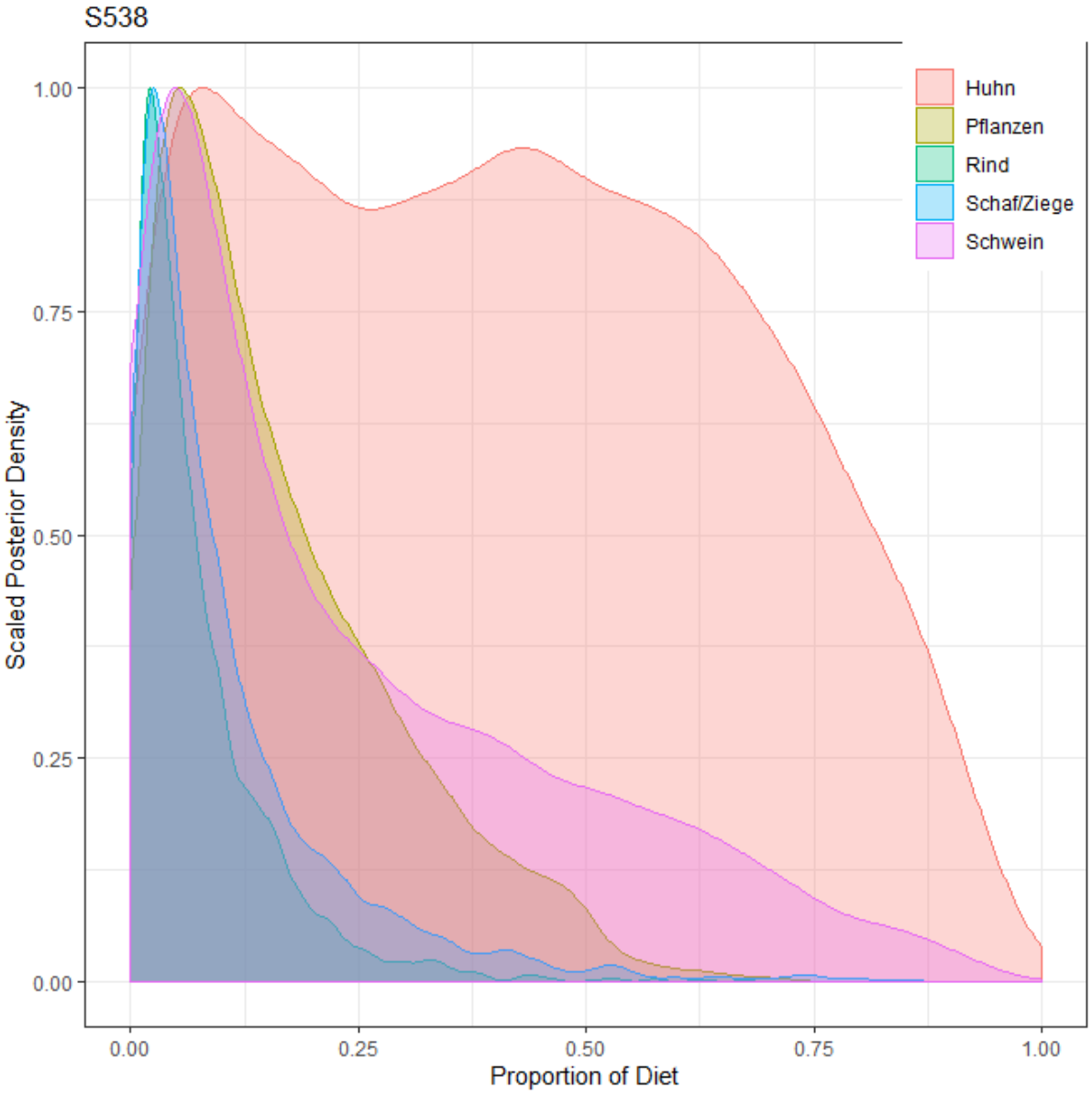


Abbildung 1605: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 538. Erstellt mit MixSIAR.

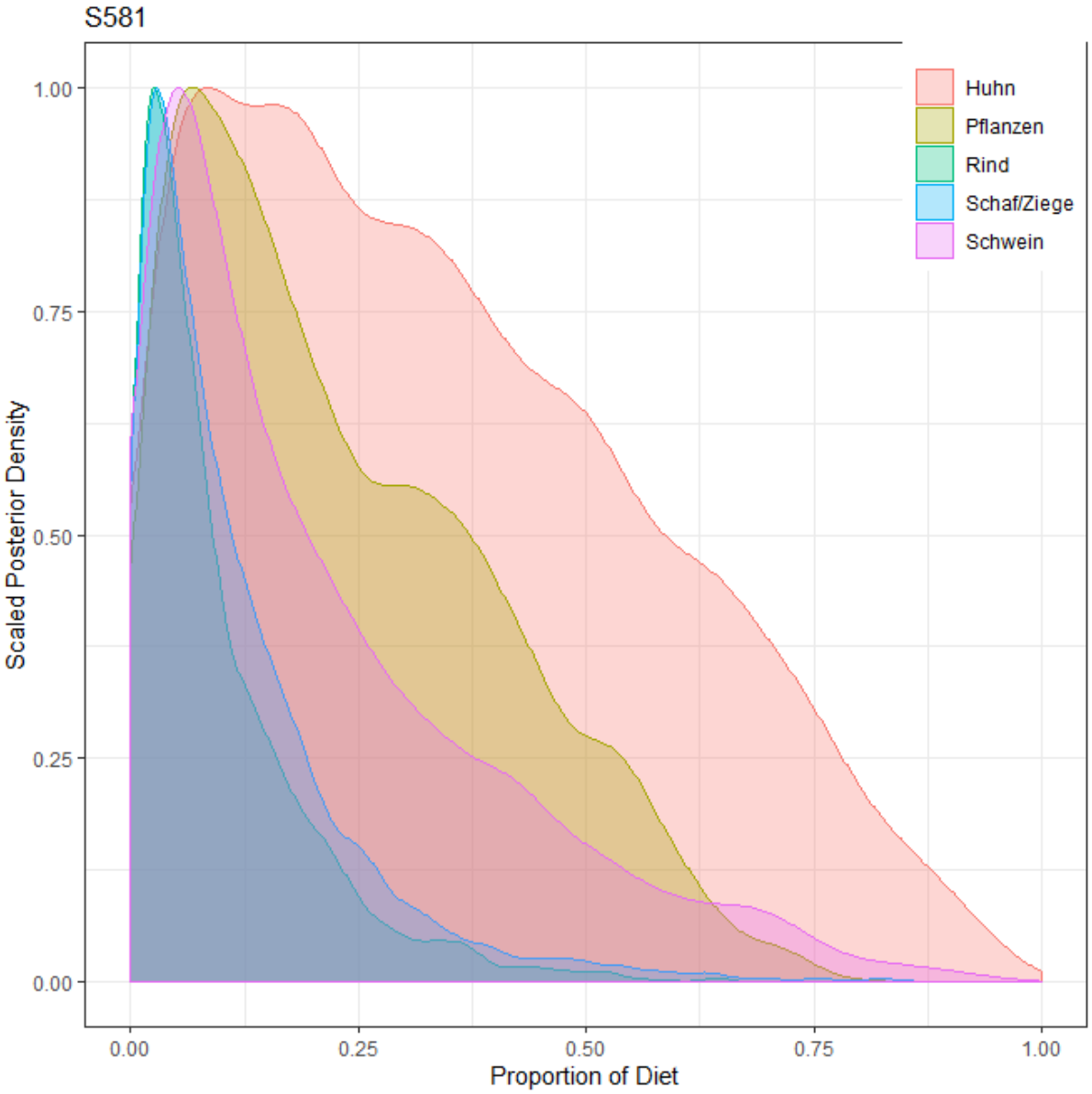


Abbildung 1606: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 581. Erstellt mit MixSIAR.

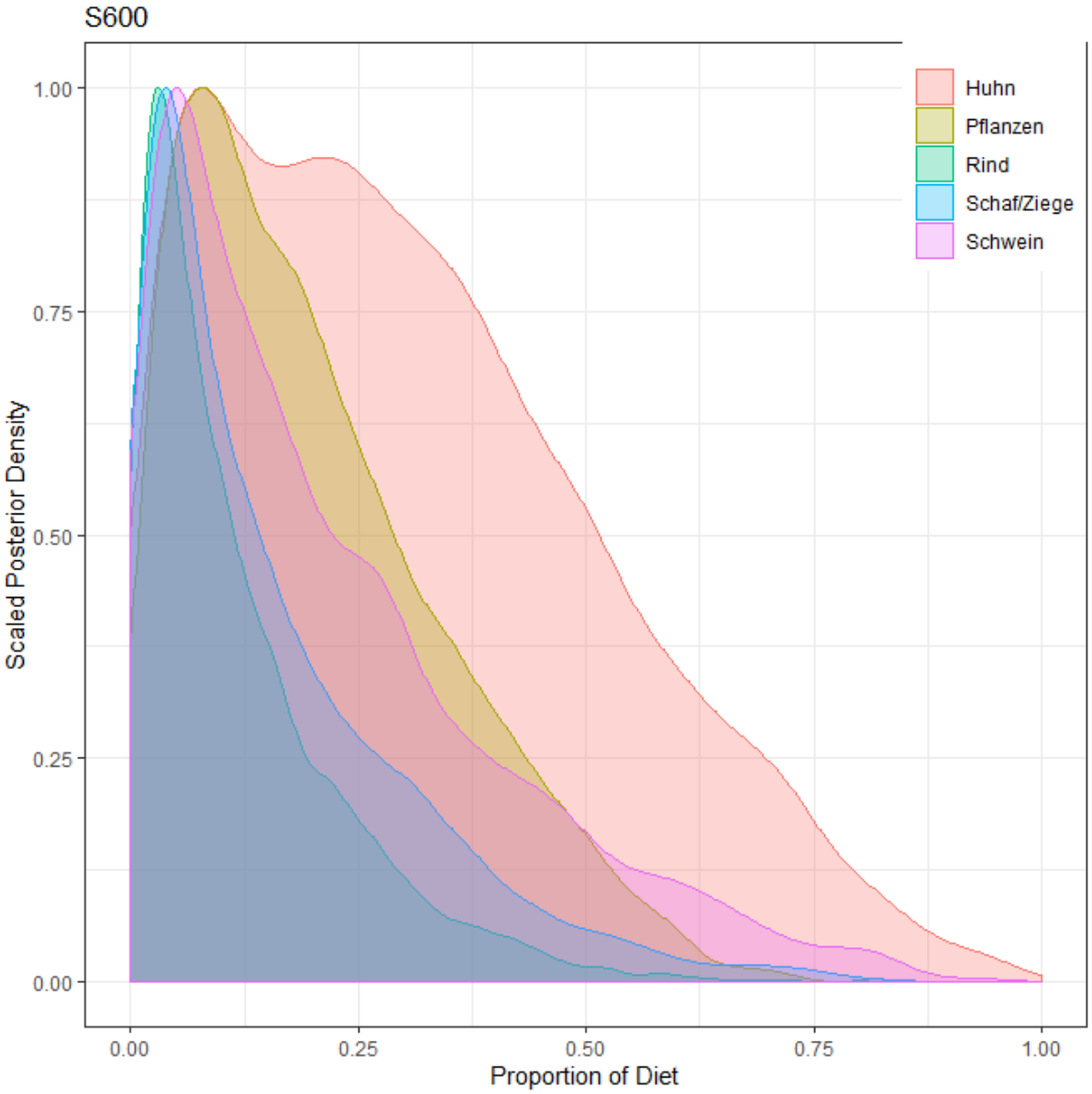


Abbildung 1607: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 600. Erstellt mit MixSIAR.

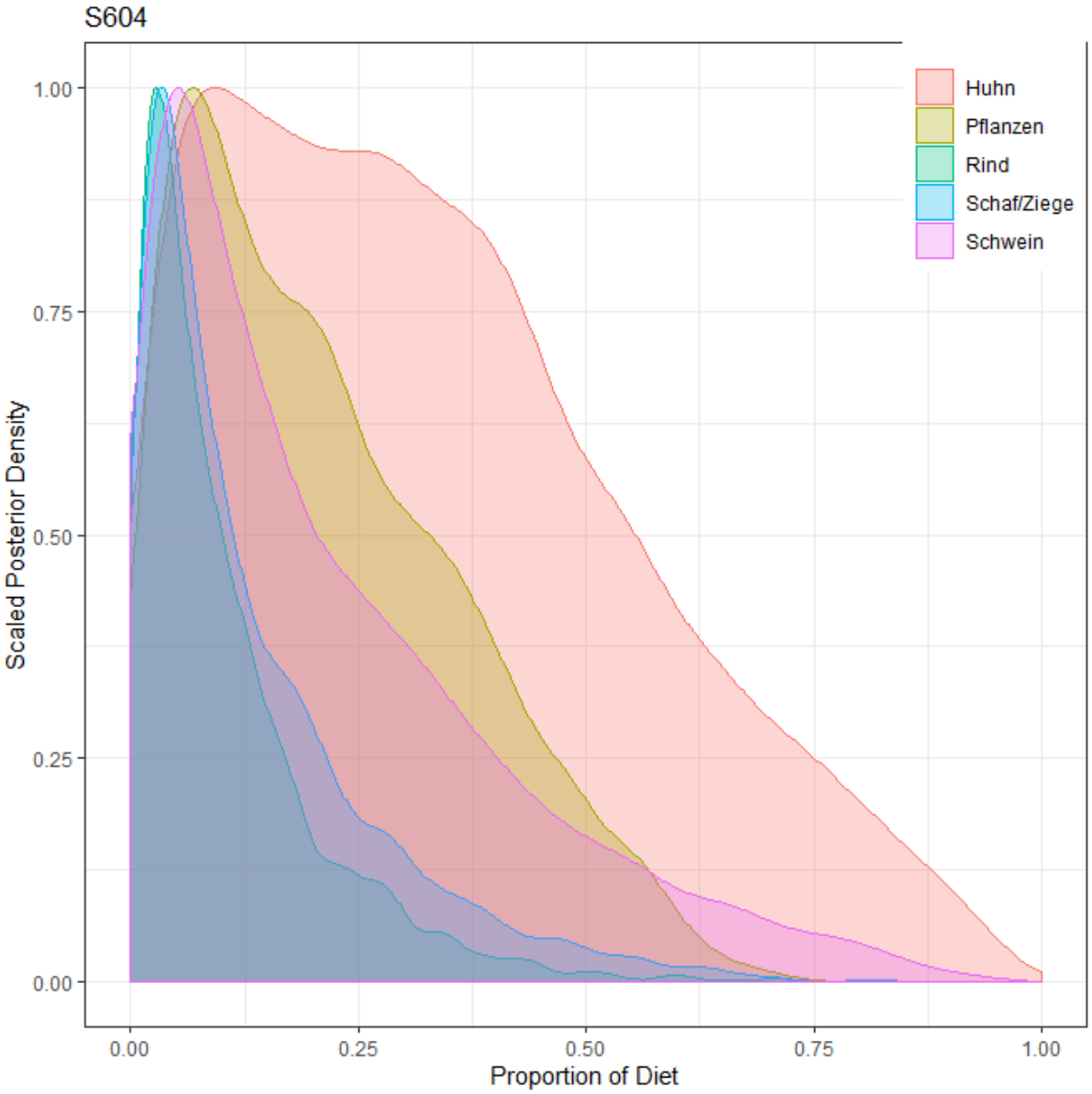


Abbildung 1608: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 604. Erstellt mit MixSIAR.

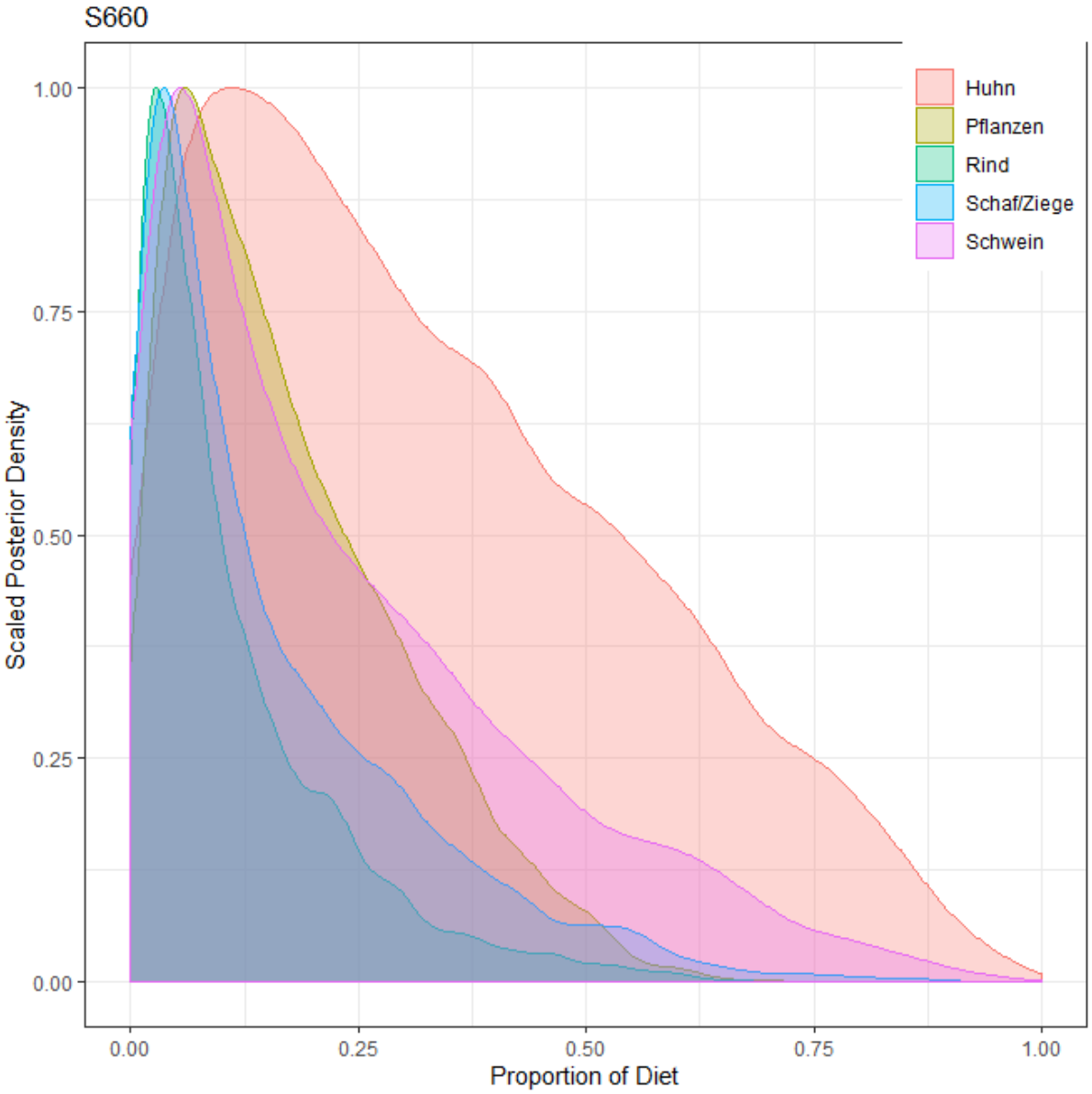


Abbildung 1609: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 660. Erstellt mit MixSIAR.

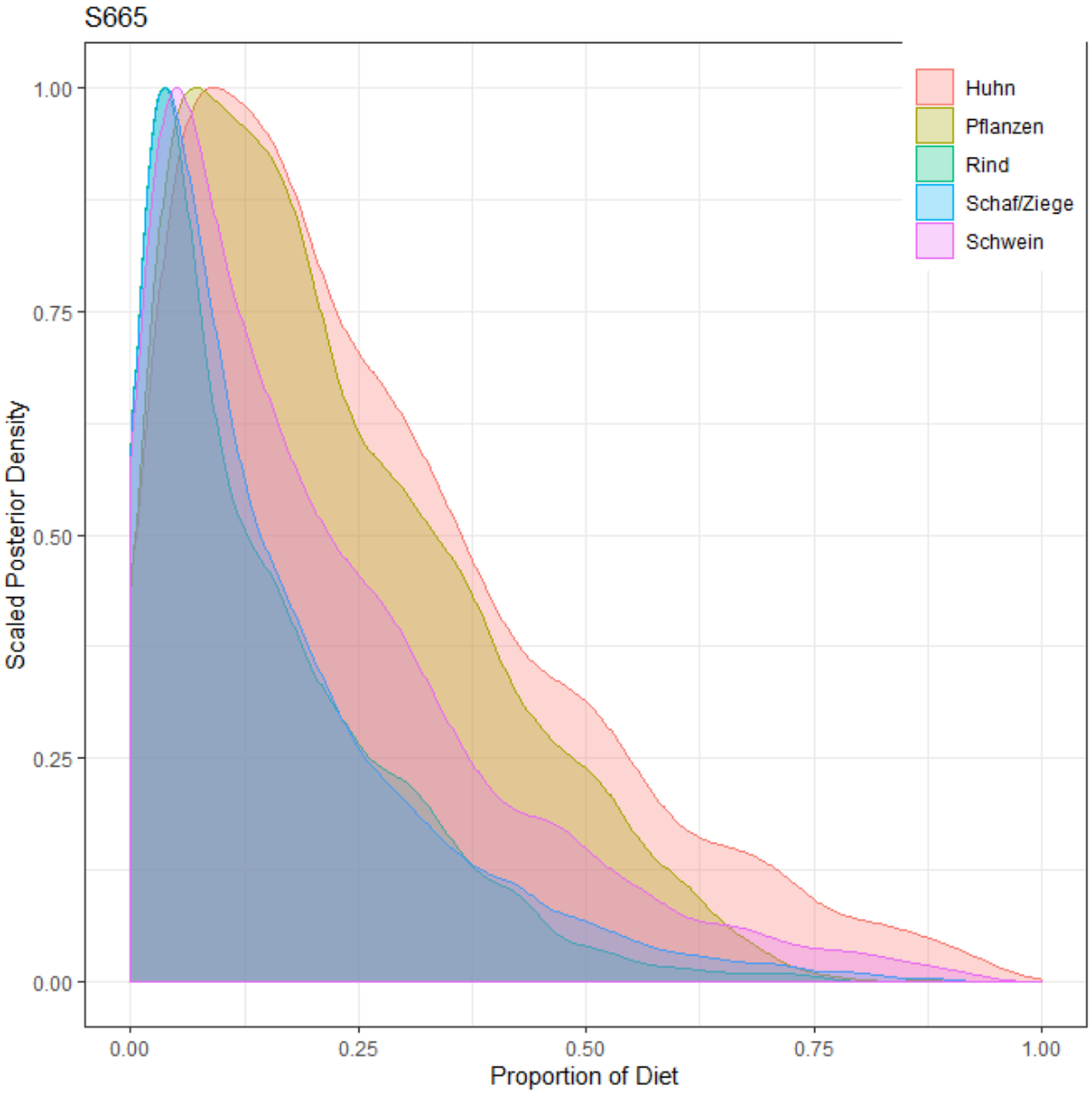


Abbildung 1610: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 665. Erstellt mit MixSIAR.

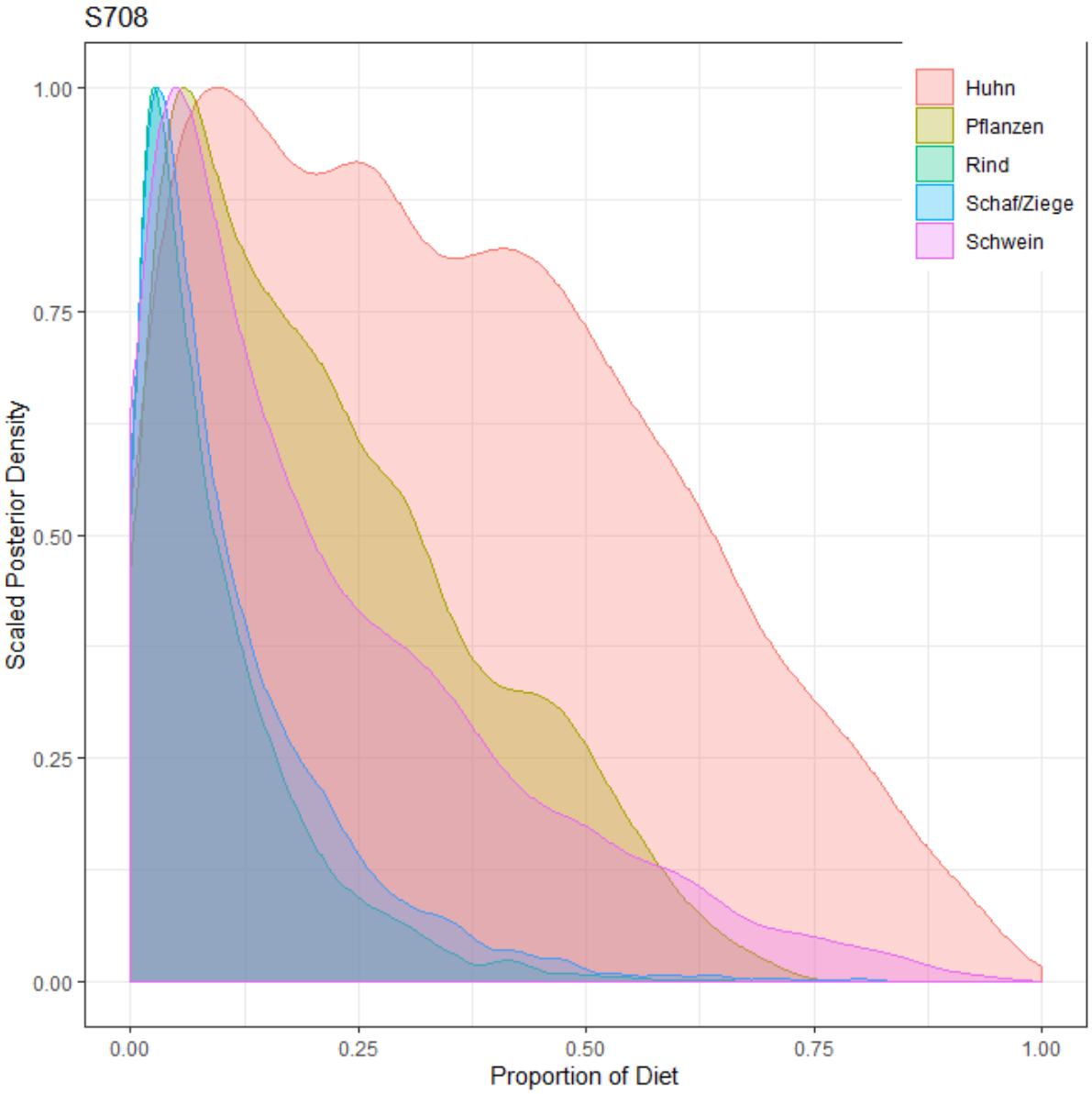


Abbildung 1611: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 708. Erstellt mit MixSIAR.

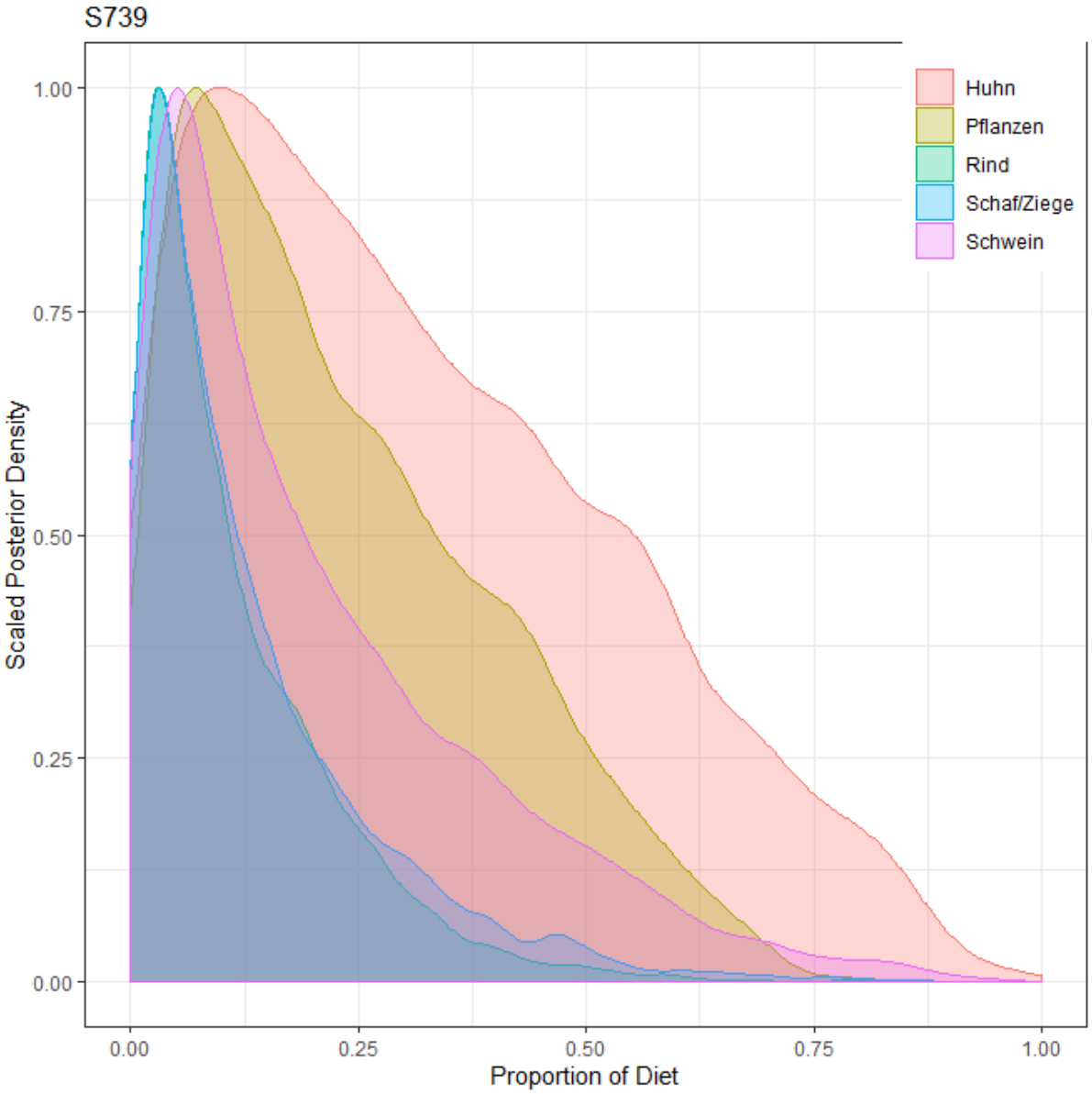


Abbildung 1612: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 739. Erstellt mit MixSIAR.

15.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 41: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Straubing (S). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
S066	Huhn	4,6%	33,2%	17,0%	32,5%	66,1%
	Pflanzen	6,1%	21,9%	9,1%	21,3%	41,0%
	Rind	1,6%	11,0%	5,8%	10,3%	24,2%
	Schaf/Ziege	1,8%	12,2%	7,7%	10,6%	30,3%
	Schwein	2,7%	21,7%	14,6%	18,0%	54,9%
S067	Huhn	1,7%	32,2%	22,0%	28,8%	80,2%
	Pflanzen	1,6%	18,6%	13,3%	15,6%	49,3%
	Rind	0,5%	11,7%	11,4%	8,0%	42,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,5%	15,1%	10,3%	55,0%
	Schwein	0,8%	22,1%	19,4%	16,7%	72,8%
S073	Huhn	1,6%	39,1%	25,1%	37,8%	85,5%
	Pflanzen	1,2%	20,4%	15,8%	16,2%	56,6%
	Rind	0,4%	7,9%	7,9%	5,4%	28,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,8%	10,3%	6,3%	37,9%
	Schwein	0,7%	22,9%	21,9%	14,8%	76,6%
S077	Huhn	1,6%	27,4%	20,5%	22,8%	76,7%
	Pflanzen	1,6%	18,9%	13,7%	15,6%	51,5%
	Rind	0,5%	14,2%	13,7%	9,6%	51,1%
	Schaf/Ziege	0,7%	17,6%	16,2%	12,7%	59,5%
	Schwein	0,8%	22,0%	19,0%	16,7%	68,2%
S085	Huhn	1,7%	27,5%	20,8%	22,8%	78,7%
	Pflanzen	1,7%	24,4%	17,8%	20,5%	64,6%
	Rind	0,5%	14,4%	13,5%	10,1%	50,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,2%	13,8%	9,4%	50,6%
	Schwein	1,0%	19,6%	17,6%	14,4%	66,7%
S093	Huhn	1,6%	29,9%	22,2%	25,2%	81,6%
	Pflanzen	1,8%	27,7%	19,6%	24,1%	68,1%
	Rind	0,5%	11,5%	11,4%	7,7%	41,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	11,4%	11,5%	7,6%	44,0%
	Schwein	0,8%	19,5%	17,8%	14,2%	67,5%
S094	Huhn	0,6%	27,5%	29,1%	12,0%	89,2%
	Pflanzen	0,9%	42,3%	35,4%	29,3%	91,7%
	Rind	0,2%	9,1%	13,3%	4,1%	53,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	4,9%	6,1%	3,0%	20,1%
	Schwein	0,4%	16,2%	21,9%	6,1%	77,6%
S095	Huhn	1,2%	44,3%	29,6%	47,3%	90,7%
	Pflanzen	0,9%	17,2%	16,4%	11,4%	60,6%
	Rind	0,3%	5,8%	6,3%	4,0%	21,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,9%	8,1%	4,4%	28,2%
	Schwein	0,6%	25,7%	26,9%	12,5%	85,0%
S098	Huhn	1,3%	35,5%	26,9%	29,2%	88,5%
	Pflanzen	1,0%	29,1%	23,1%	22,8%	73,7%
	Rind	0,4%	7,5%	8,4%	4,9%	29,5%
	Schaf/Ziege	0,4%	7,4%	7,9%	4,9%	28,7%
	Schwein	0,5%	20,4%	21,9%	11,3%	78,5%

S100	Huhn	1,4%	24,6%	19,6%	19,4%	74,2%
	Pflanzen	1,6%	24,2%	17,9%	19,8%	64,5%
	Rind	0,5%	15,8%	14,7%	10,8%	53,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,0%	14,8%	10,0%	55,6%
	Schwein	0,8%	20,5%	18,4%	15,0%	68,0%
S130	Huhn	1,6%	26,1%	20,8%	20,8%	80,4%
	Pflanzen	1,3%	16,9%	13,0%	13,5%	49,1%
	Rind	0,5%	15,6%	15,5%	10,2%	56,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	19,1%	17,8%	13,4%	63,4%
	Schwein	0,8%	22,2%	19,8%	16,6%	71,7%
S170	Huhn	1,7%	30,9%	21,8%	26,7%	80,9%
	Pflanzen	1,2%	19,0%	13,7%	16,2%	51,4%
	Rind	0,5%	11,9%	11,5%	8,2%	43,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,7%	15,0%	10,7%	55,5%
	Schwein	0,9%	22,5%	19,1%	16,9%	70,9%
S171	Huhn	1,6%	30,8%	21,5%	27,3%	80,1%
	Pflanzen	1,6%	20,6%	14,7%	17,6%	54,3%
	Rind	0,6%	12,1%	11,7%	8,3%	44,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,4%	14,7%	10,6%	53,6%
	Schwein	0,9%	21,1%	18,3%	16,1%	67,4%
S172	Huhn	1,5%	32,8%	22,3%	30,0%	81,5%
	Pflanzen	1,5%	18,5%	13,5%	15,1%	50,3%
	Rind	0,5%	11,5%	11,6%	7,7%	44,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,6%	14,1%	10,1%	52,5%
	Schwein	0,8%	22,6%	19,5%	16,9%	71,4%
S182	Huhn	1,4%	42,4%	26,4%	43,4%	88,0%
	Pflanzen	1,0%	12,7%	9,7%	10,1%	36,6%
	Rind	0,4%	8,0%	9,0%	5,2%	33,6%
	Schaf/Ziege	0,4%	11,1%	12,6%	6,5%	46,1%
	Schwein	0,7%	25,8%	24,1%	17,1%	81,5%
S228	Huhn	1,0%	40,6%	31,5%	35,1%	92,4%
	Pflanzen	0,8%	25,4%	25,1%	13,6%	76,6%
	Rind	0,3%	5,4%	6,3%	3,6%	20,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	5,6%	6,2%	3,7%	21,8%
	Schwein	0,4%	23,0%	27,2%	9,1%	86,8%
S233	Huhn	1,7%	29,9%	21,3%	25,8%	78,5%
	Pflanzen	1,6%	25,0%	17,6%	21,5%	62,8%
	Rind	0,5%	12,2%	11,9%	8,5%	45,0%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,0%	13,2%	8,6%	49,8%
	Schwein	0,9%	19,9%	18,0%	14,0%	66,5%
S235	Huhn	1,1%	44,3%	31,0%	47,0%	92,3%
	Pflanzen	0,8%	17,8%	18,1%	11,2%	66,1%
	Rind	0,3%	5,3%	5,8%	3,6%	20,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	5,9%	7,0%	3,8%	23,7%
	Schwein	0,4%	26,6%	28,8%	11,0%	87,3%
S236	Huhn	1,7%	26,7%	20,4%	21,6%	76,1%
	Pflanzen	1,8%	26,0%	18,5%	22,2%	66,6%
	Rind	0,5%	14,2%	13,2%	9,9%	48,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	13,8%	13,3%	9,5%	50,4%
	Schwein	0,8%	19,3%	17,4%	14,0%	66,5%

S240	Huhn	1,3%	33,1%	24,1%	28,3%	83,2%
	Pflanzen	1,4%	28,7%	21,1%	24,1%	70,5%
	Rind	0,4%	9,2%	9,7%	6,1%	36,8%
	Schaf/Ziege	0,4%	9,0%	9,5%	6,1%	33,2%
	Schwein	0,6%	20,1%	19,9%	12,7%	73,7%
S241	Huhn	1,5%	34,8%	24,0%	31,4%	84,3%
	Pflanzen	1,5%	24,9%	18,3%	20,8%	63,4%
	Rind	0,4%	9,1%	9,0%	6,0%	32,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	10,1%	10,4%	6,7%	39,5%
	Schwein	0,7%	21,2%	20,1%	14,5%	73,2%
S243	Huhn	1,1%	47,7%	30,0%	54,0%	92,2%
	Pflanzen	0,8%	12,2%	11,0%	8,7%	41,7%
	Rind	0,4%	5,5%	5,8%	3,6%	21,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	7,0%	8,4%	4,5%	27,7%
	Schwein	0,4%	27,5%	28,4%	12,9%	87,4%
S246	Huhn	1,5%	28,8%	21,4%	23,7%	79,4%
	Pflanzen	1,3%	22,0%	15,8%	18,7%	57,9%
	Rind	0,4%	13,1%	12,6%	9,4%	47,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,1%	14,8%	9,9%	54,2%
	Schwein	0,9%	21,0%	18,0%	16,0%	66,4%
S248	Huhn	1,6%	29,5%	21,0%	25,5%	78,8%
	Pflanzen	1,4%	18,7%	13,7%	15,3%	50,9%
	Rind	0,5%	13,2%	12,6%	9,3%	47,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	17,2%	16,1%	12,1%	59,2%
	Schwein	0,8%	21,4%	19,0%	15,8%	70,3%
S262	Huhn	1,6%	32,5%	22,2%	28,9%	81,5%
	Pflanzen	1,6%	19,6%	14,1%	16,6%	52,1%
	Rind	0,6%	11,6%	11,6%	7,6%	44,5%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,4%	13,6%	9,8%	50,3%
	Schwein	0,8%	21,9%	19,3%	16,2%	71,8%
S265	Huhn	1,6%	27,5%	20,9%	22,5%	75,5%
	Pflanzen	1,7%	20,5%	14,8%	17,1%	55,4%
	Rind	0,5%	13,9%	13,5%	9,5%	50,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,8%	15,9%	11,8%	59,2%
	Schwein	0,9%	21,2%	18,6%	15,5%	68,6%
S299	Huhn	1,4%	26,3%	21,3%	20,1%	78,8%
	Pflanzen	1,9%	29,8%	21,9%	24,7%	74,6%
	Rind	0,5%	14,4%	13,8%	9,9%	49,4%
	Schaf/Ziege	0,5%	11,1%	11,7%	7,3%	44,1%
	Schwein	0,7%	18,3%	17,5%	12,5%	64,8%
S300	Huhn	1,3%	24,8%	20,8%	18,6%	78,8%
	Pflanzen	1,7%	29,3%	22,0%	24,1%	74,8%
	Rind	0,5%	15,8%	15,6%	10,4%	56,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	11,9%	12,7%	7,5%	47,6%
	Schwein	0,8%	18,1%	17,6%	12,1%	68,4%
S305	Huhn	1,6%	24,2%	19,2%	19,3%	74,1%
	Pflanzen	1,7%	22,9%	16,9%	18,9%	62,3%
	Rind	0,5%	16,2%	15,2%	10,9%	55,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,8%	15,9%	11,6%	58,9%
	Schwein	0,8%	19,9%	18,3%	14,0%	67,9%

S306	Huhn	1,5%	26,7%	20,1%	22,1%	76,8%
	Pflanzen	1,8%	25,6%	18,0%	22,0%	64,6%
	Rind	0,6%	13,8%	13,2%	9,6%	48,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,2%	13,8%	9,5%	51,3%
	Schwein	0,9%	19,8%	18,0%	14,3%	69,6%
S308	Huhn	1,6%	27,5%	20,2%	23,3%	76,4%
	Pflanzen	1,6%	20,2%	14,5%	16,9%	54,3%
	Rind	0,5%	14,5%	13,9%	10,1%	51,8%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,9%	15,7%	12,0%	57,7%
	Schwein	0,8%	21,0%	18,3%	16,0%	67,2%
S309	Huhn	1,7%	33,0%	22,4%	29,5%	82,3%
	Pflanzen	1,4%	19,0%	13,9%	15,6%	51,9%
	Rind	0,5%	11,2%	10,9%	7,5%	40,7%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,8%	14,3%	9,9%	53,3%
	Schwein	0,8%	21,9%	19,3%	16,4%	70,4%
S310	Huhn	1,5%	40,5%	27,1%	38,7%	89,4%
	Pflanzen	1,0%	19,7%	16,6%	14,5%	58,4%
	Rind	0,4%	7,0%	7,4%	4,8%	26,5%
	Schaf/Ziege	0,4%	8,4%	10,2%	5,3%	35,6%
	Schwein	0,6%	24,3%	23,9%	14,5%	79,9%
S315	Huhn	1,5%	28,5%	22,3%	22,5%	81,4%
	Pflanzen	1,6%	31,4%	22,4%	28,1%	74,9%
	Rind	0,5%	11,9%	12,1%	7,8%	44,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	10,0%	10,8%	6,6%	38,6%
	Schwein	0,7%	18,2%	17,5%	12,2%	64,7%
S316	Huhn	2,1%	34,4%	22,8%	31,6%	82,3%
	Pflanzen	1,5%	20,7%	15,0%	17,4%	54,9%
	Rind	0,5%	10,2%	10,1%	7,1%	37,0%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,0%	13,1%	8,5%	48,5%
	Schwein	0,8%	21,7%	19,0%	16,0%	69,3%
S317	Huhn	1,6%	34,0%	23,8%	30,0%	84,7%
	Pflanzen	1,6%	25,3%	18,6%	21,3%	65,6%
	Rind	0,5%	9,4%	9,6%	6,2%	36,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	10,0%	10,5%	6,6%	38,4%
	Schwein	0,7%	21,3%	19,9%	14,6%	71,8%
S320	Huhn	1,5%	28,1%	22,0%	22,3%	79,7%
	Pflanzen	1,7%	32,0%	22,5%	28,6%	74,8%
	Rind	0,5%	11,7%	12,0%	7,5%	44,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,7%	10,3%	6,4%	39,0%
	Schwein	0,6%	18,5%	18,0%	12,5%	67,9%
S321	Huhn	1,7%	27,8%	20,5%	23,2%	77,4%
	Pflanzen	1,6%	20,8%	14,9%	17,3%	55,2%
	Rind	0,5%	14,2%	13,5%	9,7%	50,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,2%	15,1%	11,3%	55,2%
	Schwein	0,8%	21,0%	18,2%	15,8%	66,4%
S326	Huhn	1,6%	32,6%	22,6%	28,4%	81,8%
	Pflanzen	1,3%	17,5%	12,7%	14,8%	47,6%
	Rind	0,5%	11,8%	12,1%	7,7%	45,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,4%	14,9%	10,4%	53,3%
	Schwein	0,8%	22,7%	19,8%	17,1%	71,5%

S328	Huhn	1,3%	27,5%	22,5%	21,2%	81,3%
	Pflanzen	1,7%	32,6%	23,5%	28,5%	77,1%
	Rind	0,4%	12,6%	12,8%	8,0%	47,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,6%	10,5%	6,1%	39,2%
	Schwein	0,6%	17,7%	18,2%	11,2%	71,0%
S329	Huhn	1,6%	30,6%	21,8%	26,7%	80,7%
	Pflanzen	1,7%	23,3%	16,3%	20,4%	58,7%
	Rind	0,5%	12,2%	11,9%	8,7%	44,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,6%	12,9%	9,6%	47,8%
	Schwein	0,8%	20,2%	18,0%	15,0%	67,2%
S330	Huhn	1,7%	35,3%	23,5%	33,0%	83,3%
	Pflanzen	1,3%	15,9%	11,6%	13,2%	43,7%
	Rind	0,5%	10,7%	11,0%	7,1%	42,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,4%	14,6%	9,5%	55,9%
	Schwein	0,9%	23,7%	20,7%	17,9%	73,1%
S349	Huhn	1,4%	39,5%	25,9%	38,6%	88,2%
	Pflanzen	1,2%	20,1%	16,0%	16,0%	57,9%
	Rind	0,4%	7,5%	7,8%	5,1%	29,5%
	Schaf/Ziege	0,4%	9,2%	10,1%	6,0%	37,3%
	Schwein	0,6%	23,7%	23,1%	15,0%	79,4%
S354	Huhn	1,6%	28,8%	20,7%	25,3%	77,7%
	Pflanzen	1,5%	19,6%	14,0%	16,6%	51,9%
	Rind	0,5%	13,5%	13,1%	8,8%	48,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,2%	15,2%	11,6%	55,2%
	Schwein	0,8%	21,9%	19,2%	16,3%	70,2%
S310	Huhn	1,2%	30,0%	23,3%	24,2%	83,6%
	Pflanzen	1,5%	30,9%	22,0%	27,9%	72,9%
	Rind	0,5%	10,9%	11,4%	7,1%	41,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,7%	10,4%	6,4%	38,6%
	Schwein	0,7%	18,6%	18,0%	12,4%	66,8%
S315	Huhn	1,6%	26,6%	20,2%	21,9%	76,3%
	Pflanzen	1,6%	26,6%	18,8%	23,2%	66,1%
	Rind	0,6%	14,5%	13,5%	10,3%	49,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	12,9%	12,8%	8,7%	49,5%
	Schwein	0,8%	19,4%	17,8%	13,9%	66,9%
S316	Huhn	0,9%	49,7%	33,1%	61,1%	94,0%
	Pflanzen	0,6%	9,7%	8,9%	7,0%	33,7%
	Rind	0,3%	4,6%	4,7%	3,2%	16,4%
	Schaf/Ziege	0,3%	5,9%	7,5%	3,6%	25,5%
	Schwein	0,4%	30,1%	32,0%	11,0%	89,5%
S317	Huhn	1,6%	27,8%	21,7%	21,8%	77,8%
	Pflanzen	1,5%	31,5%	22,4%	27,6%	75,0%
	Rind	0,5%	12,9%	13,1%	8,3%	50,0%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,7%	10,1%	6,3%	39,0%
	Schwein	0,7%	18,1%	17,6%	12,2%	67,6%
S320	Huhn	1,6%	28,9%	21,4%	23,7%	78,5%
	Pflanzen	1,8%	28,5%	20,0%	25,2%	70,2%
	Rind	0,4%	12,2%	11,7%	8,6%	44,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	11,3%	11,5%	7,5%	43,4%
	Schwein	0,7%	19,1%	17,6%	13,5%	67,3%

S321	Huhn	1,4%	28,8%	21,2%	24,2%	79,7%
	Pflanzen	1,4%	17,2%	12,8%	14,4%	48,5%
	Rind	0,6%	13,7%	13,2%	9,3%	49,5%
	Schaf/Ziege	0,5%	17,6%	16,5%	12,1%	58,0%
	Schwein	0,8%	22,7%	19,6%	17,1%	72,2%
S326	Huhn	1,9%	33,7%	22,9%	30,3%	82,3%
	Pflanzen	1,4%	15,2%	11,2%	12,6%	42,3%
	Rind	0,5%	11,2%	11,8%	7,1%	44,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	16,2%	15,7%	10,5%	58,2%
	Schwein	0,9%	23,8%	20,7%	17,8%	74,9%
S328	Huhn	1,4%	24,2%	20,1%	18,2%	76,5%
	Pflanzen	1,6%	26,2%	20,0%	21,4%	69,2%
	Rind	0,5%	16,3%	15,1%	11,5%	55,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,0%	14,1%	9,6%	52,9%
	Schwein	0,9%	19,3%	18,1%	13,2%	68,5%
S329	Huhn	1,7%	26,4%	20,0%	21,6%	76,5%
	Pflanzen	1,4%	21,3%	15,3%	18,0%	56,0%
	Rind	0,5%	14,6%	13,6%	10,3%	50,8%
	Schaf/Ziege	0,7%	17,0%	15,8%	12,0%	58,0%
	Schwein	0,8%	20,7%	18,3%	15,3%	68,0%
S330	Huhn	1,7%	32,6%	22,6%	29,4%	81,9%
	Pflanzen	1,5%	18,8%	13,6%	16,0%	50,6%
	Rind	0,5%	11,2%	11,2%	7,5%	42,5%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,0%	14,7%	10,2%	54,3%
	Schwein	0,8%	22,5%	19,5%	16,6%	71,8%
S349	Huhn	1,6%	26,1%	20,5%	20,9%	77,9%
	Pflanzen	1,6%	19,1%	14,2%	15,9%	53,1%
	Rind	0,4%	15,3%	14,9%	10,1%	54,8%
	Schaf/Ziege	0,6%	18,2%	16,8%	12,6%	60,5%
	Schwein	0,9%	21,2%	18,7%	15,5%	69,0%
S354	Huhn	1,5%	34,3%	22,8%	32,2%	82,0%
	Pflanzen	1,5%	21,5%	15,3%	18,5%	55,2%
	Rind	0,4%	10,0%	10,2%	6,7%	38,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	12,3%	12,4%	8,0%	45,8%
	Schwein	0,7%	21,8%	19,5%	15,6%	69,8%
S355	Huhn	0,5%	16,4%	27,7%	4,8%	91,3%
	Pflanzen	0,4%	4,7%	4,0%	3,6%	15,5%
	Rind	0,2%	50,9%	40,5%	77,4%	94,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	4,7%	11,7%	2,3%	15,5%
	Schwein	0,3%	23,3%	34,8%	4,0%	93,2%
S356	Huhn	1,4%	26,2%	20,1%	21,3%	76,4%
	Pflanzen	1,6%	24,3%	17,6%	20,8%	62,9%
	Rind	0,5%	15,3%	14,5%	10,9%	52,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,7%	14,3%	9,9%	53,1%
	Schwein	0,9%	19,5%	17,6%	14,1%	66,3%
S358	Huhn	1,7%	29,7%	21,3%	25,7%	79,0%
	Pflanzen	1,5%	19,3%	13,8%	16,7%	51,2%
	Rind	0,5%	12,8%	12,6%	8,4%	47,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,7%	15,8%	11,6%	57,1%
	Schwein	0,9%	21,4%	18,5%	16,4%	68,1%

S360	Huhn	1,5%	36,5%	23,8%	34,7%	85,3%
	Pflanzen	1,3%	19,0%	14,0%	15,7%	51,4%
	Rind	0,5%	9,4%	9,5%	6,4%	36,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	12,4%	13,2%	7,9%	50,0%
	Schwein	0,7%	22,8%	20,8%	16,0%	73,9%
S361	Huhn	1,7%	30,8%	21,6%	26,8%	79,5%
	Pflanzen	1,5%	18,9%	13,6%	16,0%	50,6%
	Rind	0,5%	12,8%	12,6%	8,6%	46,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	16,0%	15,4%	11,1%	56,2%
	Schwein	0,8%	21,5%	18,6%	16,3%	69,6%
S369	Huhn	1,7%	27,3%	20,0%	23,4%	74,3%
	Pflanzen	1,7%	22,5%	15,9%	19,3%	58,7%
	Rind	0,5%	14,1%	13,4%	10,0%	49,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,6%	14,8%	10,6%	54,5%
	Schwein	0,9%	20,5%	17,8%	15,3%	68,8%
S374	Huhn	1,8%	29,0%	20,6%	25,2%	75,4%
	Pflanzen	1,5%	21,6%	15,2%	18,7%	56,2%
	Rind	0,5%	13,2%	12,4%	9,3%	46,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,0%	14,4%	10,6%	53,9%
	Schwein	0,9%	21,2%	18,7%	15,5%	71,1%
S377	Huhn	1,5%	26,9%	20,8%	21,8%	77,5%
	Pflanzen	1,8%	25,6%	18,5%	21,8%	64,7%
	Rind	0,5%	14,1%	13,6%	9,5%	51,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	13,8%	13,7%	9,1%	50,2%
	Schwein	0,8%	19,5%	17,3%	14,4%	64,1%
S388	Huhn	1,6%	38,3%	24,8%	36,6%	85,9%
	Pflanzen	1,2%	15,2%	11,5%	12,4%	44,3%
	Rind	0,4%	8,9%	9,5%	6,0%	34,1%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,4%	13,9%	8,5%	50,7%
	Schwein	0,7%	24,2%	21,9%	16,8%	76,2%
S399	Huhn	1,6%	36,7%	23,9%	34,5%	84,3%
	Pflanzen	1,4%	15,5%	11,5%	12,7%	44,2%
	Rind	0,4%	9,6%	10,0%	6,4%	36,7%
	Schaf/Ziege	0,4%	13,9%	14,3%	8,9%	53,6%
	Schwein	0,8%	24,3%	21,5%	17,7%	76,6%
S412	Huhn	1,3%	28,7%	22,6%	22,8%	81,0%
	Pflanzen	1,7%	31,5%	22,2%	27,0%	74,2%
	Rind	0,4%	11,4%	11,8%	7,3%	43,7%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,8%	10,1%	6,5%	35,7%
	Schwein	0,7%	18,7%	18,1%	12,4%	68,1%
S428	Huhn	1,4%	33,4%	24,2%	29,0%	84,6%
	Pflanzen	1,3%	27,4%	20,5%	23,3%	70,7%
	Rind	0,5%	9,2%	9,6%	6,1%	34,4%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,7%	10,3%	6,5%	37,4%
	Schwein	0,7%	20,2%	19,5%	13,3%	71,4%
S445	Huhn	1,7%	36,7%	24,0%	35,1%	84,7%
	Pflanzen	1,3%	18,9%	14,2%	15,5%	53,9%
	Rind	0,4%	9,2%	9,3%	6,2%	35,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	12,1%	12,7%	7,8%	48,1%
	Schwein	0,8%	23,1%	21,2%	15,8%	74,8%

S450	Huhn	1,5%	26,2%	20,1%	21,7%	77,4%
	Pflanzen	1,6%	24,4%	17,3%	20,7%	62,5%
	Rind	0,5%	15,0%	13,7%	10,9%	51,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,9%	14,3%	10,1%	52,4%
	Schwein	0,8%	19,5%	17,5%	14,4%	65,5%
S451	Huhn	1,4%	23,5%	19,2%	18,0%	74,1%
	Pflanzen	1,6%	20,6%	15,8%	16,4%	59,5%
	Rind	0,6%	17,2%	16,2%	11,7%	57,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	18,1%	17,2%	12,3%	64,0%
	Schwein	0,8%	20,7%	18,4%	15,0%	67,4%
S452	Huhn	1,5%	25,1%	19,8%	19,9%	74,9%
	Pflanzen	1,5%	19,7%	14,7%	15,8%	53,9%
	Rind	0,5%	15,4%	14,6%	10,6%	53,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	18,5%	17,2%	13,1%	61,9%
	Schwein	0,9%	21,3%	19,3%	15,4%	70,9%
S470	Huhn	1,8%	32,9%	22,6%	29,5%	81,6%
	Pflanzen	1,6%	22,9%	16,2%	19,8%	58,7%
	Rind	0,5%	10,5%	10,6%	7,3%	39,1%
	Schaf/Ziege	0,6%	12,3%	12,6%	7,9%	46,5%
	Schwein	0,8%	21,3%	19,1%	15,6%	70,2%
S473	Huhn	1,8%	34,6%	23,0%	32,5%	84,4%
	Pflanzen	1,5%	18,3%	13,3%	15,8%	49,7%
	Rind	0,5%	10,2%	10,2%	6,9%	37,1%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,1%	14,1%	9,5%	53,0%
	Schwein	0,6%	22,8%	20,0%	16,8%	72,4%
S474	Huhn	1,5%	26,8%	20,2%	22,5%	76,2%
	Pflanzen	1,6%	23,7%	16,9%	20,4%	62,3%
	Rind	0,5%	14,2%	13,2%	10,1%	48,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,8%	14,1%	10,2%	52,8%
	Schwein	0,9%	20,5%	18,2%	15,1%	67,6%
S477	Huhn	1,6%	37,1%	24,4%	34,7%	86,6%
	Pflanzen	1,4%	20,7%	15,6%	17,3%	56,4%
	Rind	0,4%	8,9%	9,2%	5,9%	34,0%
	Schaf/Ziege	0,5%	10,9%	11,4%	7,1%	41,7%
	Schwein	0,7%	22,4%	21,0%	15,5%	75,6%
S478	Huhn	1,6%	34,2%	23,2%	31,7%	82,2%
	Pflanzen	1,4%	16,1%	11,8%	13,3%	44,3%
	Rind	0,4%	10,7%	10,9%	7,1%	41,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,4%	15,2%	10,4%	56,8%
	Schwein	0,7%	23,6%	20,9%	17,1%	75,0%
S479	Huhn	1,8%	32,2%	22,2%	28,3%	80,3%
	Pflanzen	1,7%	19,7%	13,9%	17,1%	52,3%
	Rind	0,5%	11,6%	11,4%	8,0%	42,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,7%	14,3%	10,0%	53,9%
	Schwein	0,9%	21,8%	18,9%	16,4%	68,7%
S480	Huhn	1,6%	31,1%	21,9%	27,1%	80,4%
	Pflanzen	1,5%	17,3%	12,6%	14,5%	48,4%
	Rind	0,5%	12,7%	12,3%	8,7%	45,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	16,9%	16,0%	11,3%	58,3%
	Schwein	0,7%	22,0%	19,0%	16,9%	70,4%

S481	Huhn	1,7%	31,8%	21,9%	28,7%	80,9%
	Pflanzen	1,5%	18,2%	13,0%	15,3%	49,0%
	Rind	0,5%	11,7%	11,6%	7,6%	43,8%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,1%	15,3%	10,9%	57,8%
	Schwein	0,8%	22,2%	19,7%	16,6%	74,0%
S483	Huhn	1,7%	31,2%	21,9%	27,3%	79,8%
	Pflanzen	1,6%	22,7%	16,2%	19,3%	59,3%
	Rind	0,5%	11,4%	11,2%	7,8%	40,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,5%	13,4%	9,1%	51,1%
	Schwein	0,8%	21,2%	18,7%	15,3%	67,6%
S484	Huhn	1,6%	28,6%	20,9%	24,4%	79,4%
	Pflanzen	1,7%	23,7%	16,9%	20,2%	61,3%
	Rind	0,4%	13,3%	12,4%	9,3%	46,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,1%	13,9%	9,6%	51,3%
	Schwein	0,8%	20,3%	17,8%	15,2%	66,3%
S485	Huhn	1,7%	34,2%	22,8%	31,3%	83,1%
	Pflanzen	1,3%	17,9%	13,4%	15,0%	50,3%
	Rind	0,5%	10,9%	10,8%	7,2%	39,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,1%	14,2%	9,2%	52,9%
	Schwein	0,8%	22,9%	20,3%	16,6%	74,2%
S486	Huhn	1,4%	24,3%	20,2%	18,5%	76,8%
	Pflanzen	1,7%	26,9%	19,9%	22,6%	69,4%
	Rind	0,4%	15,9%	15,1%	10,7%	55,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	13,2%	13,7%	8,6%	51,9%
	Schwein	0,9%	19,6%	17,7%	14,3%	67,1%
S487	Huhn	1,4%	27,0%	20,5%	22,1%	75,8%
	Pflanzen	1,9%	25,1%	17,8%	21,7%	62,7%
	Rind	0,6%	14,3%	13,4%	10,1%	49,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	14,3%	13,9%	10,0%	50,8%
	Schwein	0,8%	19,3%	17,8%	13,6%	67,1%
S489	Huhn	1,2%	22,5%	19,3%	16,9%	73,4%
	Pflanzen	1,6%	24,7%	19,6%	19,2%	69,5%
	Rind	0,5%	18,4%	17,5%	12,6%	61,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,3%	15,8%	9,5%	57,7%
	Schwein	0,8%	19,0%	18,4%	12,7%	69,3%
S490	Huhn	1,1%	27,7%	24,1%	19,7%	82,9%
	Pflanzen	1,4%	35,4%	26,2%	29,9%	82,8%
	Rind	0,4%	11,8%	12,8%	7,1%	47,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	7,6%	8,4%	5,0%	30,3%
	Schwein	0,7%	17,5%	18,6%	10,5%	69,2%
S491	Huhn	1,5%	40,7%	25,6%	40,1%	88,2%
	Pflanzen	1,1%	16,4%	13,1%	12,7%	48,3%
	Rind	0,4%	7,7%	8,2%	5,1%	30,4%
	Schaf/Ziege	0,4%	10,7%	12,1%	6,5%	44,5%
	Schwein	0,6%	24,4%	22,7%	16,3%	78,9%
S493	Huhn	1,5%	33,8%	23,1%	30,6%	82,4%
	Pflanzen	1,4%	23,5%	17,0%	19,7%	60,5%
	Rind	0,4%	9,8%	9,9%	6,5%	37,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	11,8%	12,0%	8,0%	46,6%
	Schwein	0,8%	21,1%	19,3%	14,6%	70,3%

S494	Huhn	1,7%	30,6%	21,1%	27,6%	77,3%
	Pflanzen	1,7%	20,3%	14,5%	17,2%	54,1%
	Rind	0,5%	12,0%	11,5%	8,4%	42,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,7%	14,9%	10,8%	54,9%
	Schwein	0,9%	21,4%	18,6%	15,8%	68,3%
S495	Huhn	1,7%	32,9%	22,4%	29,8%	83,0%
	Pflanzen	1,4%	21,5%	15,2%	18,8%	55,7%
	Rind	0,5%	10,5%	10,4%	7,2%	38,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,5%	13,3%	8,9%	49,7%
	Schwein	0,8%	21,6%	19,3%	15,7%	70,8%
S497	Huhn	1,9%	32,7%	22,6%	28,6%	81,9%
	Pflanzen	1,6%	17,4%	12,7%	14,5%	47,5%
	Rind	0,5%	11,4%	11,4%	7,4%	44,2%
	Schaf/Ziege	0,5%	15,5%	15,2%	10,1%	55,2%
	Schwein	0,9%	22,9%	20,0%	17,1%	72,0%
S499	Huhn	1,6%	26,5%	20,1%	21,6%	75,8%
	Pflanzen	1,5%	22,2%	16,1%	18,4%	59,4%
	Rind	0,6%	14,8%	13,7%	10,5%	49,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	16,0%	15,5%	10,8%	57,7%
	Schwein	0,9%	20,6%	18,3%	15,2%	68,7%
S500	Huhn	1,8%	35,1%	23,3%	32,4%	83,5%
	Pflanzen	1,4%	22,1%	16,1%	18,9%	57,6%
	Rind	0,5%	9,7%	9,5%	6,7%	35,6%
	Schaf/Ziege	0,5%	11,5%	11,6%	7,6%	42,7%
	Schwein	0,7%	21,6%	19,5%	15,6%	71,3%
S501	Huhn	1,6%	31,6%	22,1%	27,8%	80,6%
	Pflanzen	1,6%	23,4%	16,6%	19,5%	60,5%
	Rind	0,5%	11,5%	11,0%	8,1%	40,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	13,2%	13,3%	8,9%	48,7%
	Schwein	0,9%	20,3%	18,2%	14,7%	66,8%
S502	Huhn	4,6%	33,2%	17,0%	32,5%	66,1%
	Pflanzen	6,1%	21,9%	9,1%	21,3%	41,0%
	Rind	1,6%	11,0%	5,8%	10,3%	24,2%
	Schaf/Ziege	1,8%	12,2%	7,7%	10,6%	30,3%
	Schwein	2,7%	21,7%	14,6%	18,0%	54,9%
S520	Huhn	1,7%	32,2%	22,0%	28,8%	80,2%
	Pflanzen	1,6%	18,6%	13,3%	15,6%	49,3%
	Rind	0,5%	11,7%	11,4%	8,0%	42,7%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,5%	15,1%	10,3%	55,0%
	Schwein	0,8%	22,1%	19,4%	16,7%	72,8%
S535	Huhn	1,6%	39,1%	25,1%	37,8%	85,5%
	Pflanzen	1,2%	20,4%	15,8%	16,2%	56,6%
	Rind	0,4%	7,9%	7,9%	5,4%	28,9%
	Schaf/Ziege	0,5%	9,8%	10,3%	6,3%	37,9%
	Schwein	0,7%	22,9%	21,9%	14,8%	76,6%
S537	Huhn	1,6%	27,4%	20,5%	22,8%	76,7%
	Pflanzen	1,6%	18,9%	13,7%	15,6%	51,5%
	Rind	0,5%	14,2%	13,7%	9,6%	51,1%
	Schaf/Ziege	0,7%	17,6%	16,2%	12,7%	59,5%
	Schwein	0,8%	22,0%	19,0%	16,7%	68,2%

S538	Huhn	1,7%	27,5%	20,8%	22,8%	78,7%
	Pflanzen	1,7%	24,4%	17,8%	20,5%	64,6%
	Rind	0,5%	14,4%	13,5%	10,1%	50,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	14,2%	13,8%	9,4%	50,6%
	Schwein	1,0%	19,6%	17,6%	14,4%	66,7%
S581	Huhn	1,6%	29,9%	22,2%	25,2%	81,6%
	Pflanzen	1,8%	27,7%	19,6%	24,1%	68,1%
	Rind	0,5%	11,5%	11,4%	7,7%	41,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	11,4%	11,5%	7,6%	44,0%
	Schwein	0,8%	19,5%	17,8%	14,2%	67,5%
S600	Huhn	0,6%	27,5%	29,1%	12,0%	89,2%
	Pflanzen	0,9%	42,3%	35,4%	29,3%	91,7%
	Rind	0,2%	9,1%	13,3%	4,1%	53,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	4,9%	6,1%	3,0%	20,1%
	Schwein	0,4%	16,2%	21,9%	6,1%	77,6%
S604	Huhn	1,2%	44,3%	29,6%	47,3%	90,7%
	Pflanzen	0,9%	17,2%	16,4%	11,4%	60,6%
	Rind	0,3%	5,8%	6,3%	4,0%	21,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	6,9%	8,1%	4,4%	28,2%
	Schwein	0,6%	25,7%	26,9%	12,5%	85,0%
S660	Huhn	1,3%	35,5%	26,9%	29,2%	88,5%
	Pflanzen	1,0%	29,1%	23,1%	22,8%	73,7%
	Rind	0,4%	7,5%	8,4%	4,9%	29,5%
	Schaf/Ziege	0,4%	7,4%	7,9%	4,9%	28,7%
	Schwein	0,5%	20,4%	21,9%	11,3%	78,5%
S665	Huhn	1,4%	24,6%	19,6%	19,4%	74,2%
	Pflanzen	1,6%	24,2%	17,9%	19,8%	64,5%
	Rind	0,5%	15,8%	14,7%	10,8%	53,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,0%	14,8%	10,0%	55,6%
	Schwein	0,8%	20,5%	18,4%	15,0%	68,0%
S708	Huhn	1,6%	26,1%	20,8%	20,8%	80,4%
	Pflanzen	1,3%	16,9%	13,0%	13,5%	49,1%
	Rind	0,5%	15,6%	15,5%	10,2%	56,5%
	Schaf/Ziege	0,6%	19,1%	17,8%	13,4%	63,4%
	Schwein	0,8%	22,2%	19,8%	16,6%	71,7%
S739	Huhn	1,7%	30,9%	21,8%	26,7%	80,9%
	Pflanzen	1,2%	19,0%	13,7%	16,2%	51,4%
	Rind	0,5%	11,9%	11,5%	8,2%	43,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	15,7%	15,0%	10,7%	55,5%
	Schwein	0,9%	22,5%	19,1%	16,9%	70,9%

15.5 SISUS: Abbildungen

S066

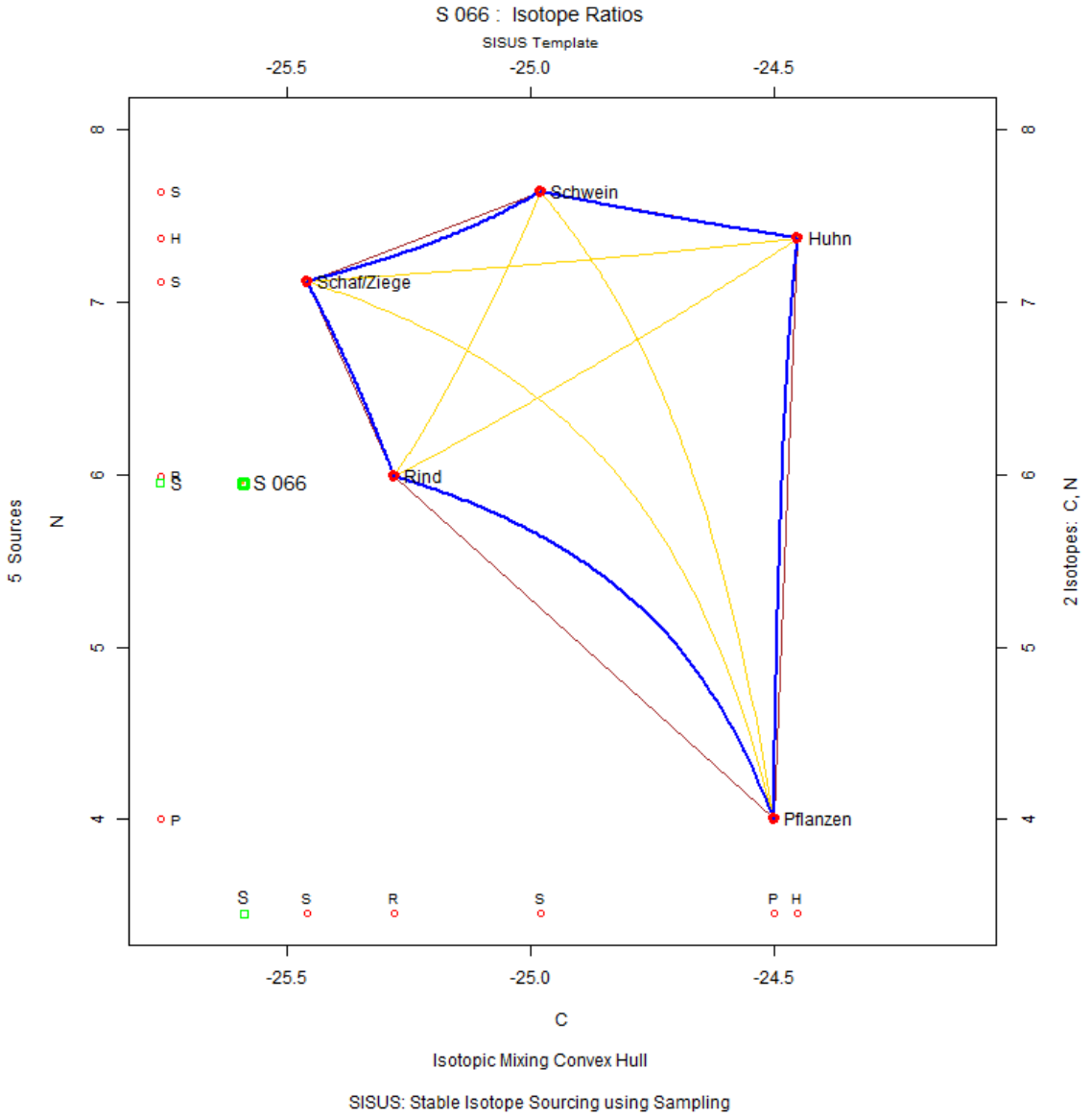


Abbildung 1613: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 066. Erstellt mit SISUS.

S066

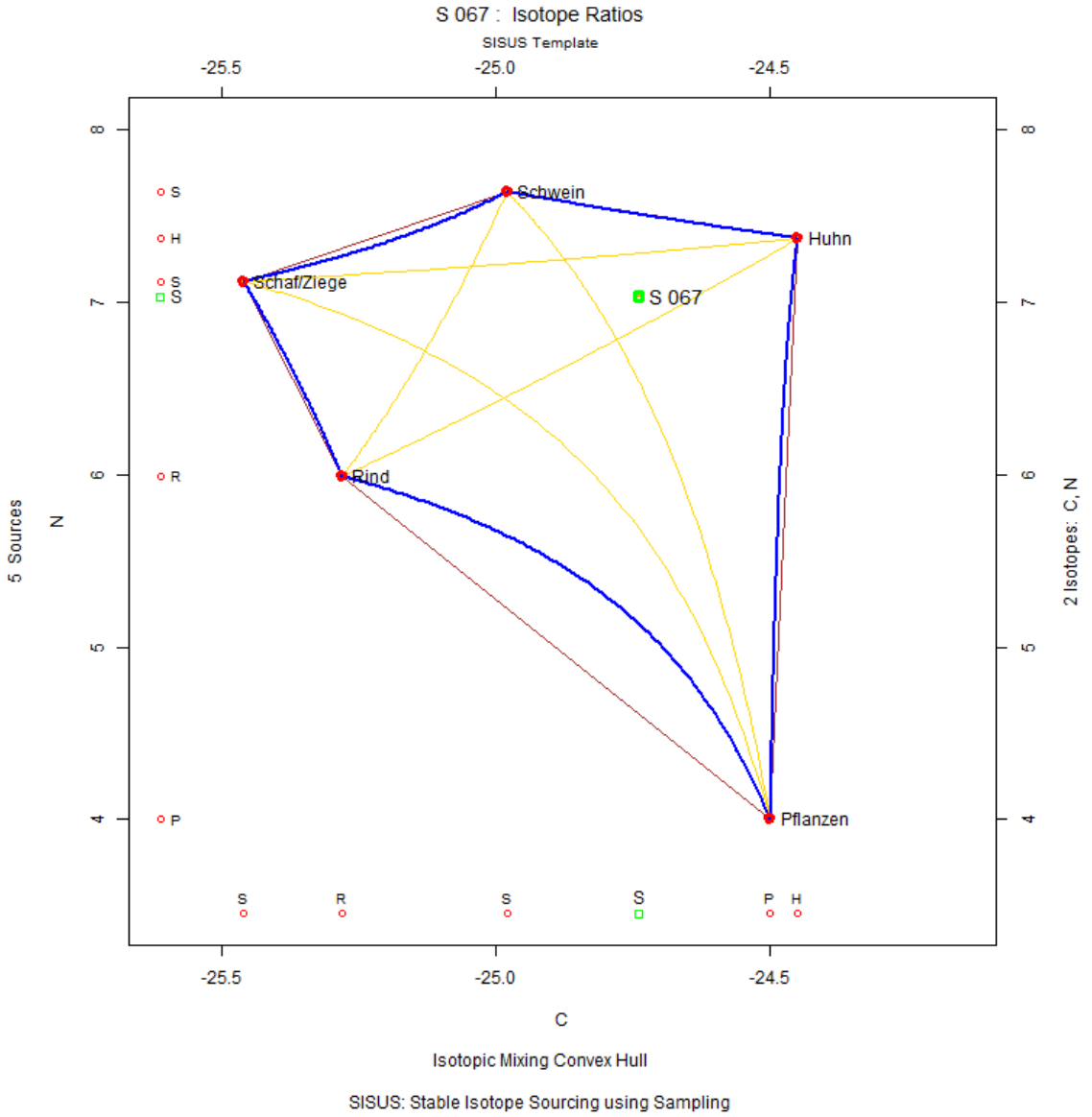


Abbildung 1614: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 067. Erstellt mit SISUS.

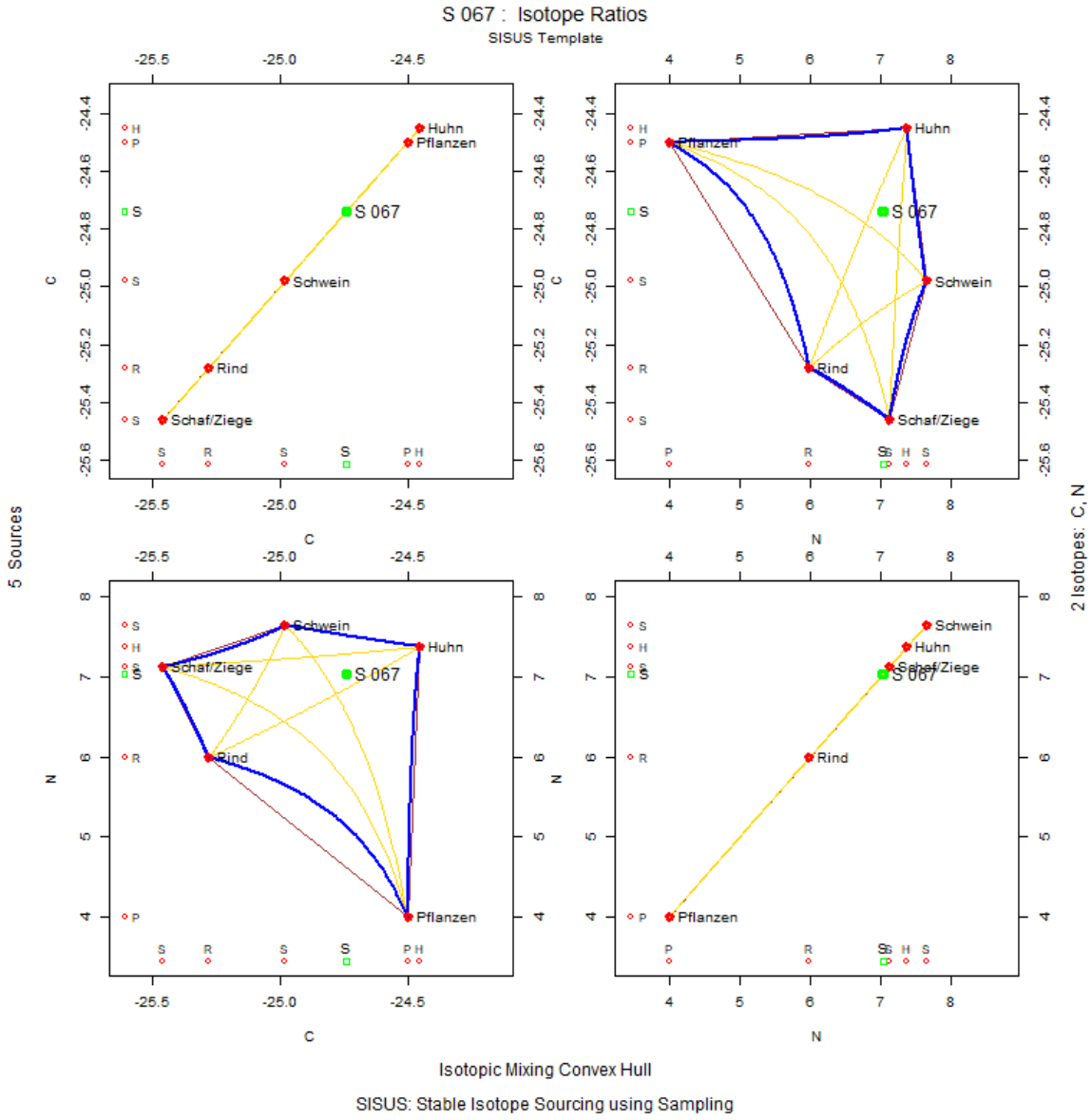


Abbildung 1615: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 067 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

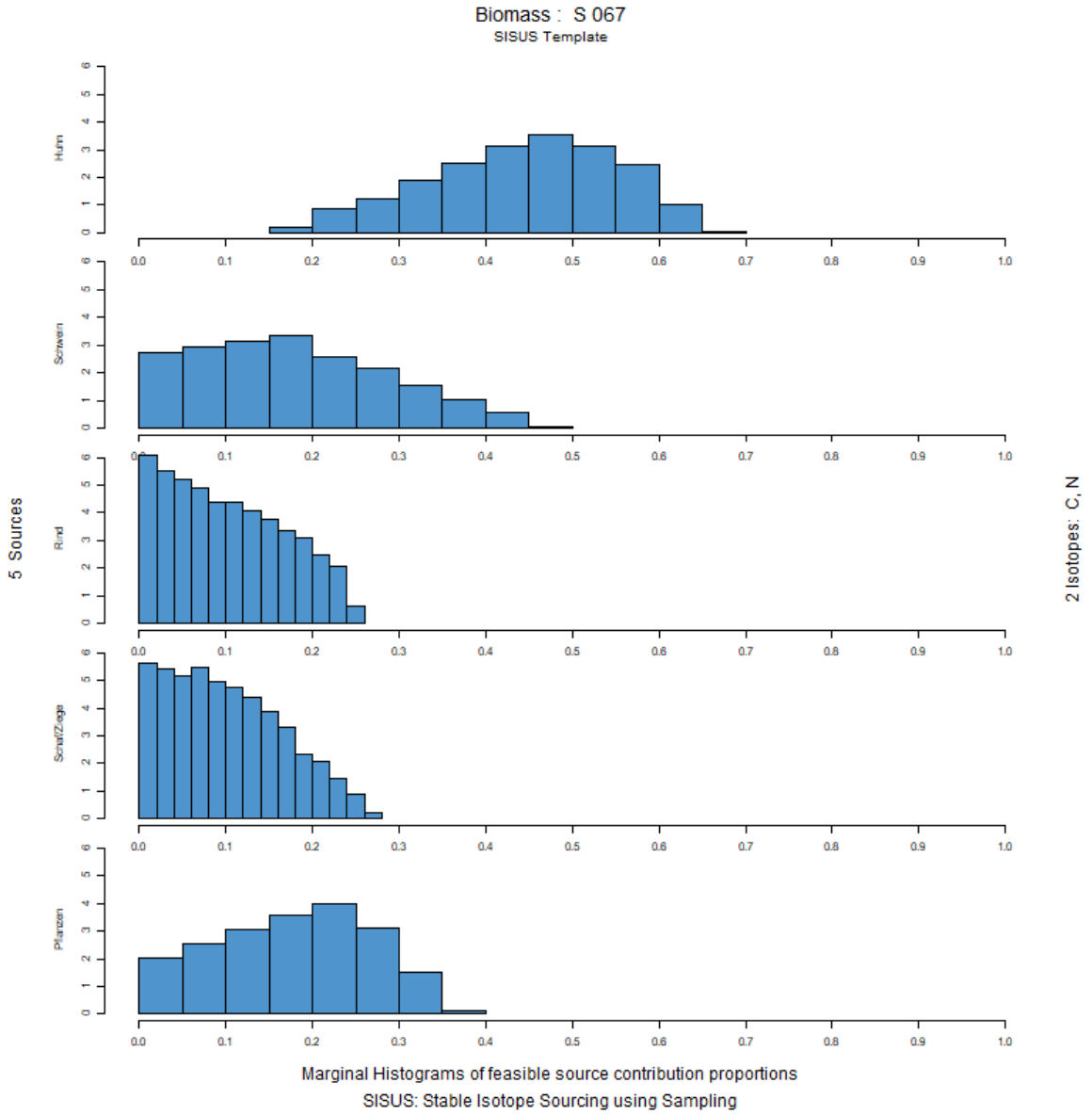


Abbildung 1616: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 067. Erstellt mit SISUS.

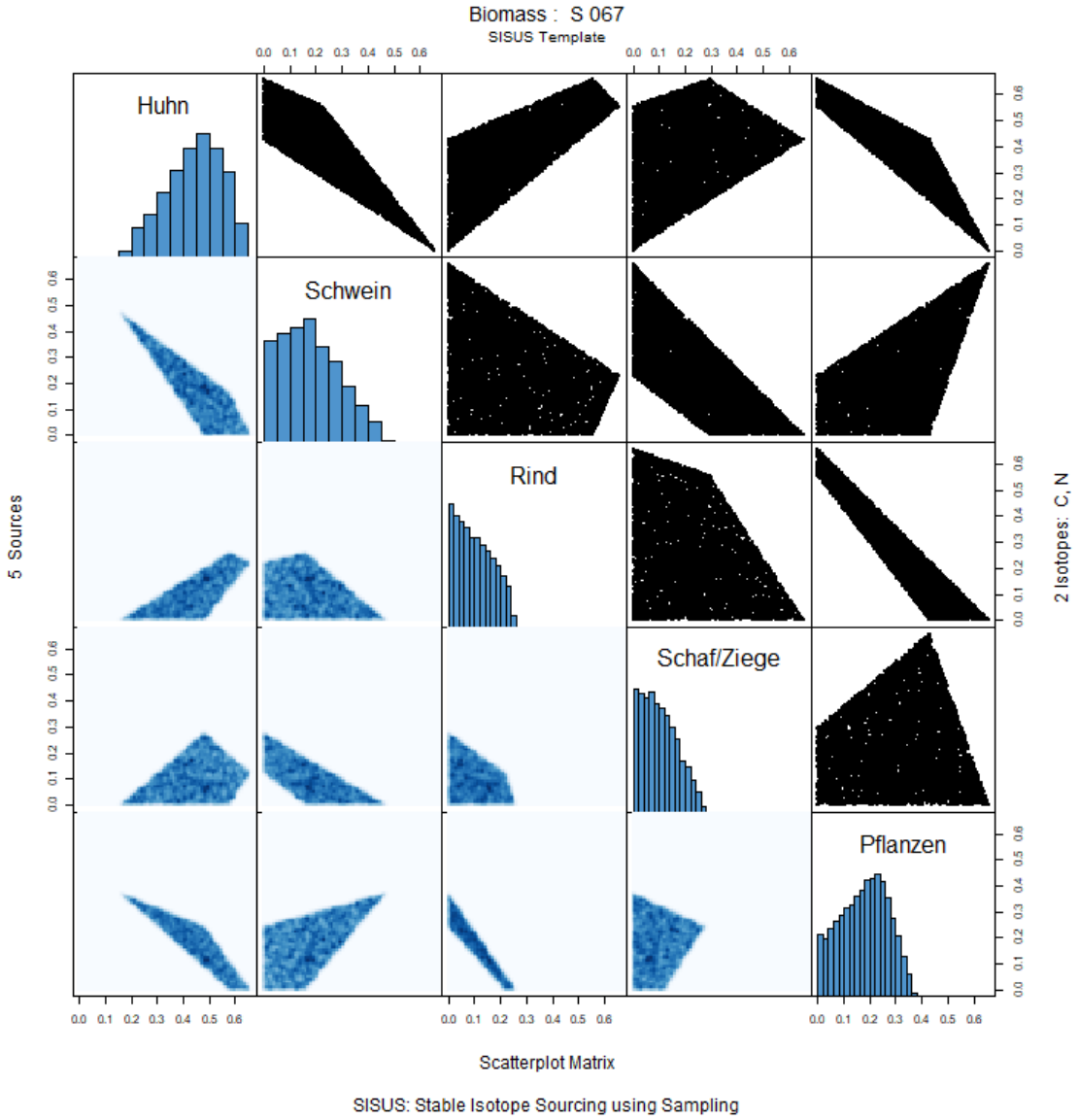


Abbildung 1617: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 067. Erstellt mit SISUS.

S073

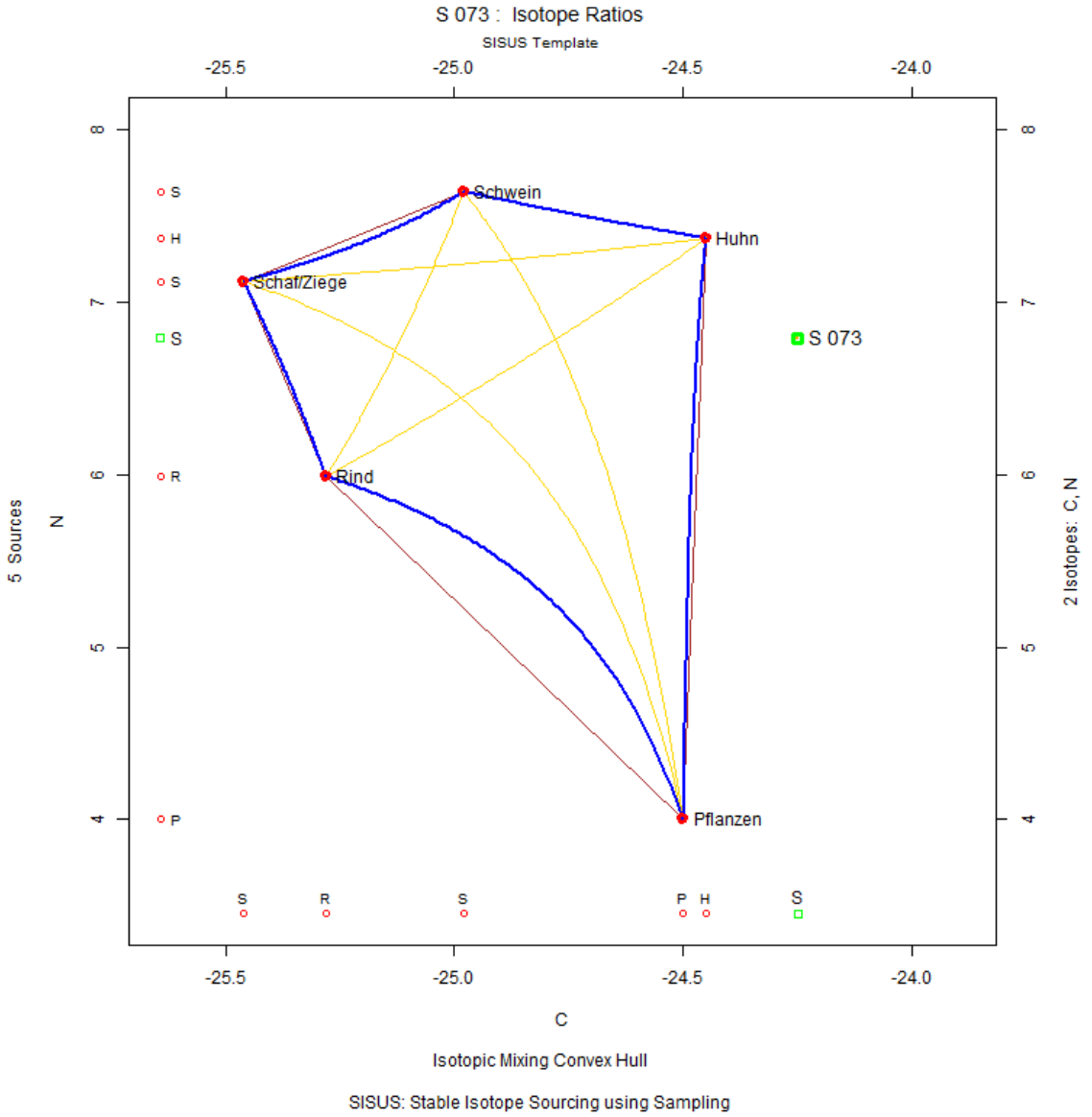


Abbildung 1618: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 073. Erstellt mit SISUS.

S077

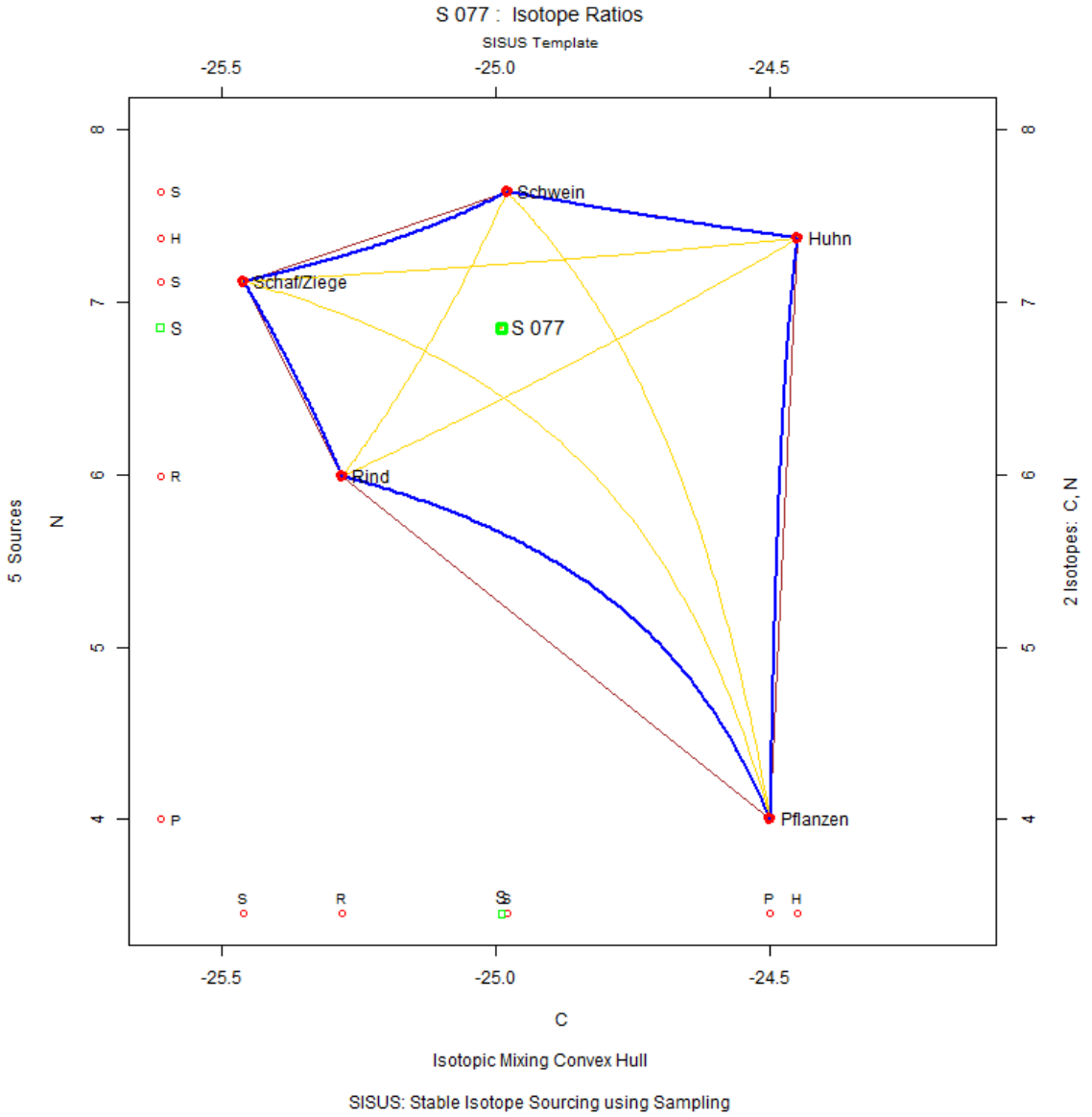


Abbildung 1619: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 077. Erstellt mit SISUS.

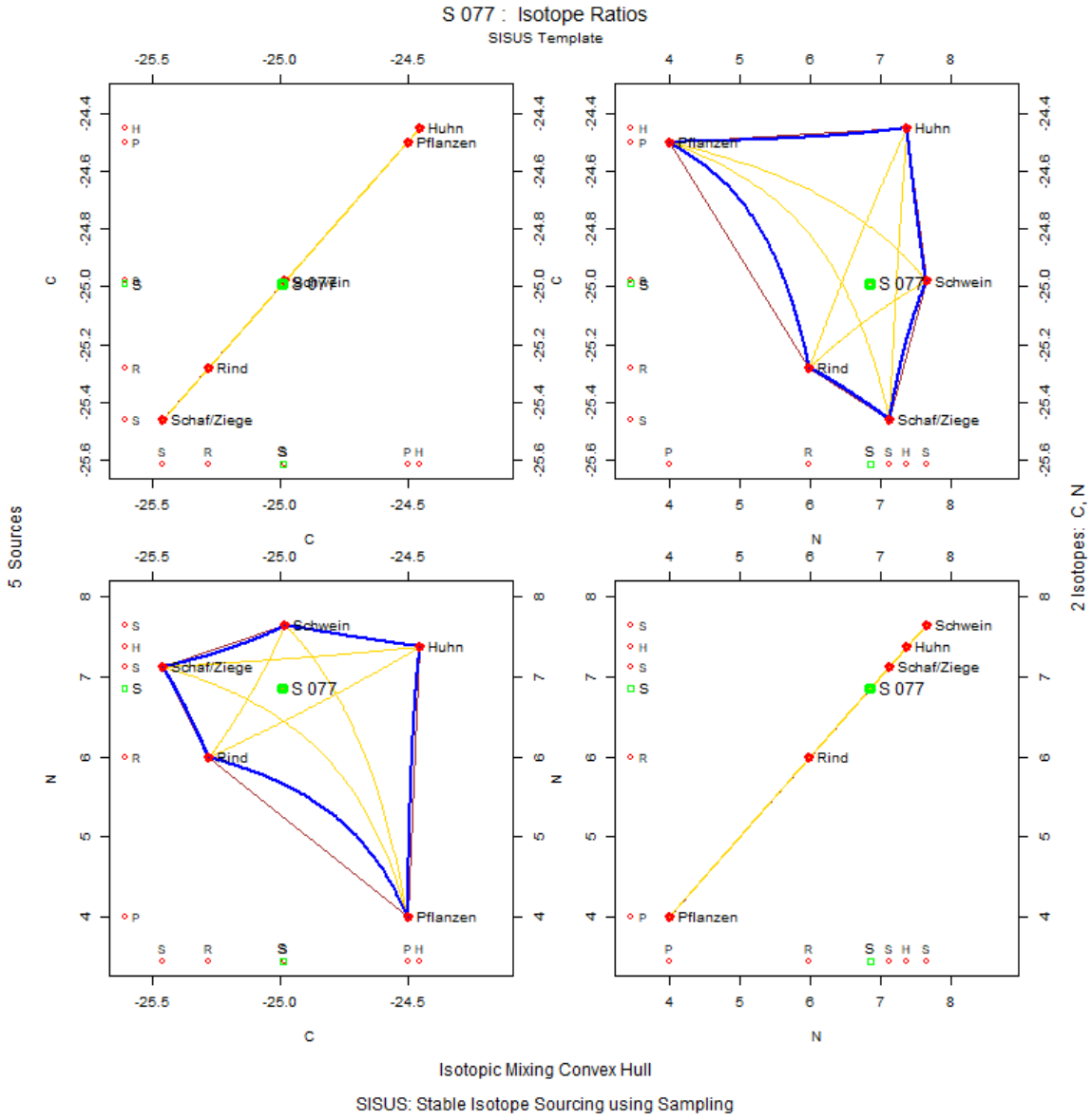


Abbildung 1620: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 077 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

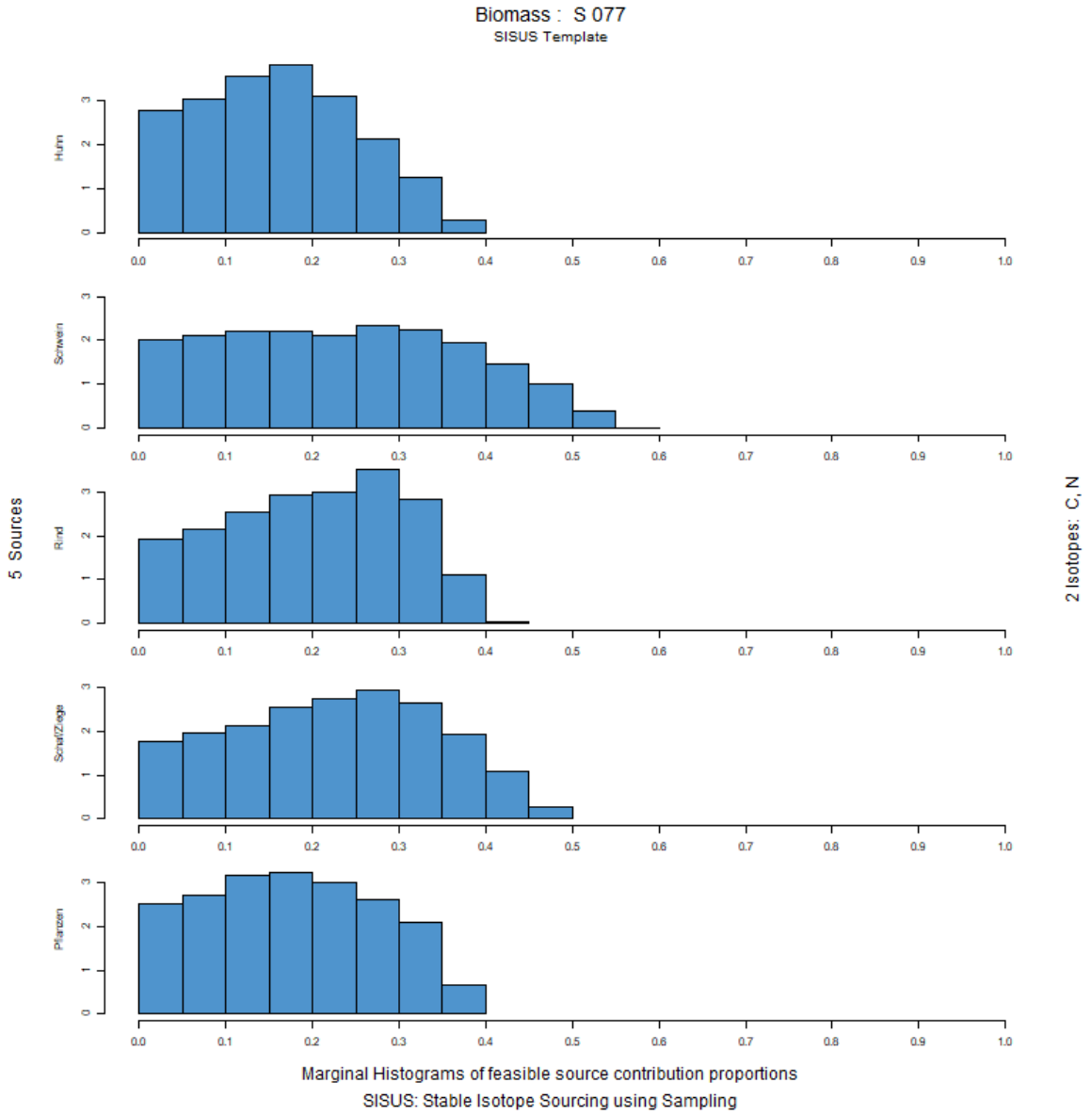


Abbildung 1621: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 077. Erstellt mit SISUS.

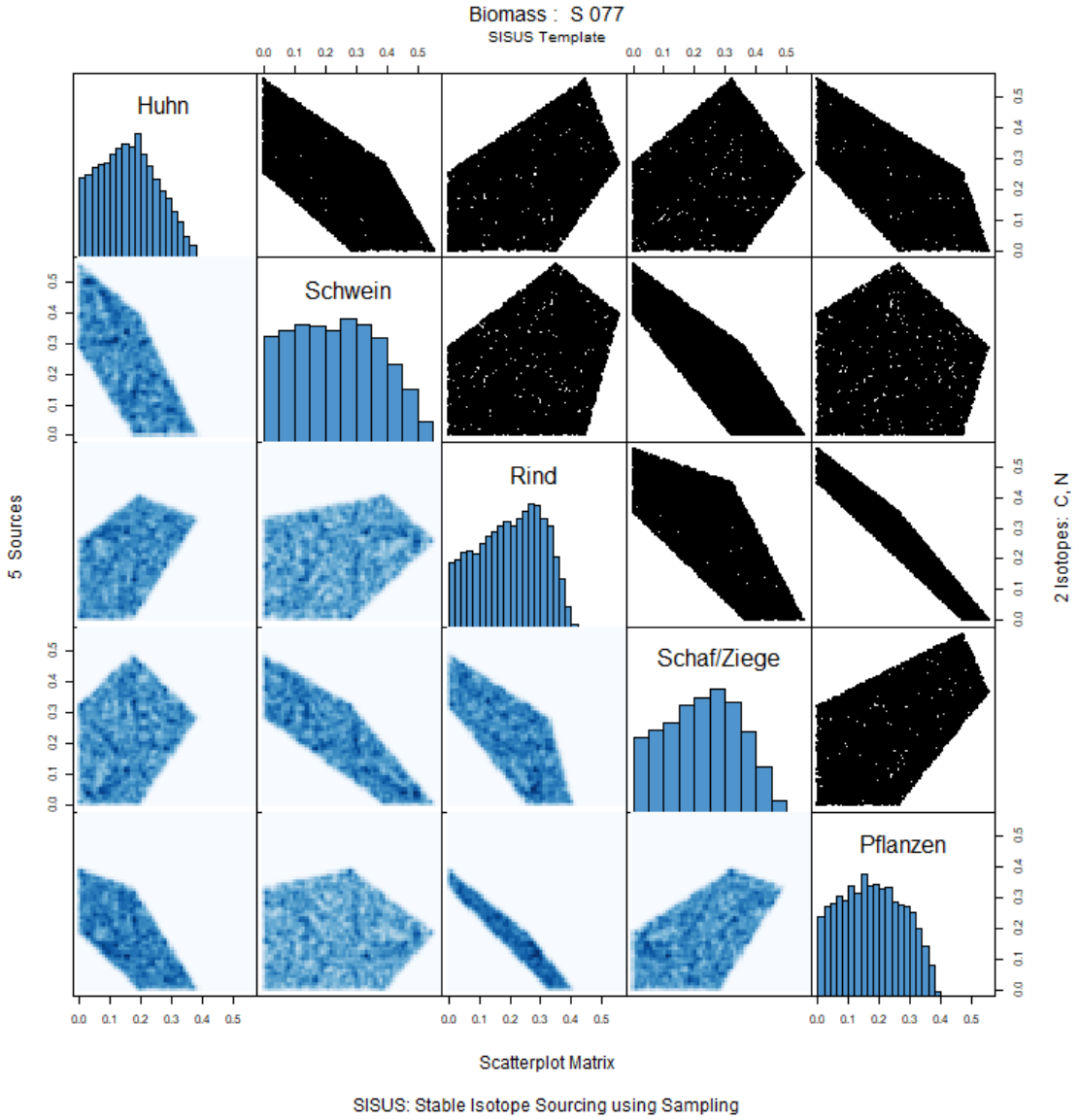


Abbildung 1622: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 077. Erstellt mit SISUS.

S085

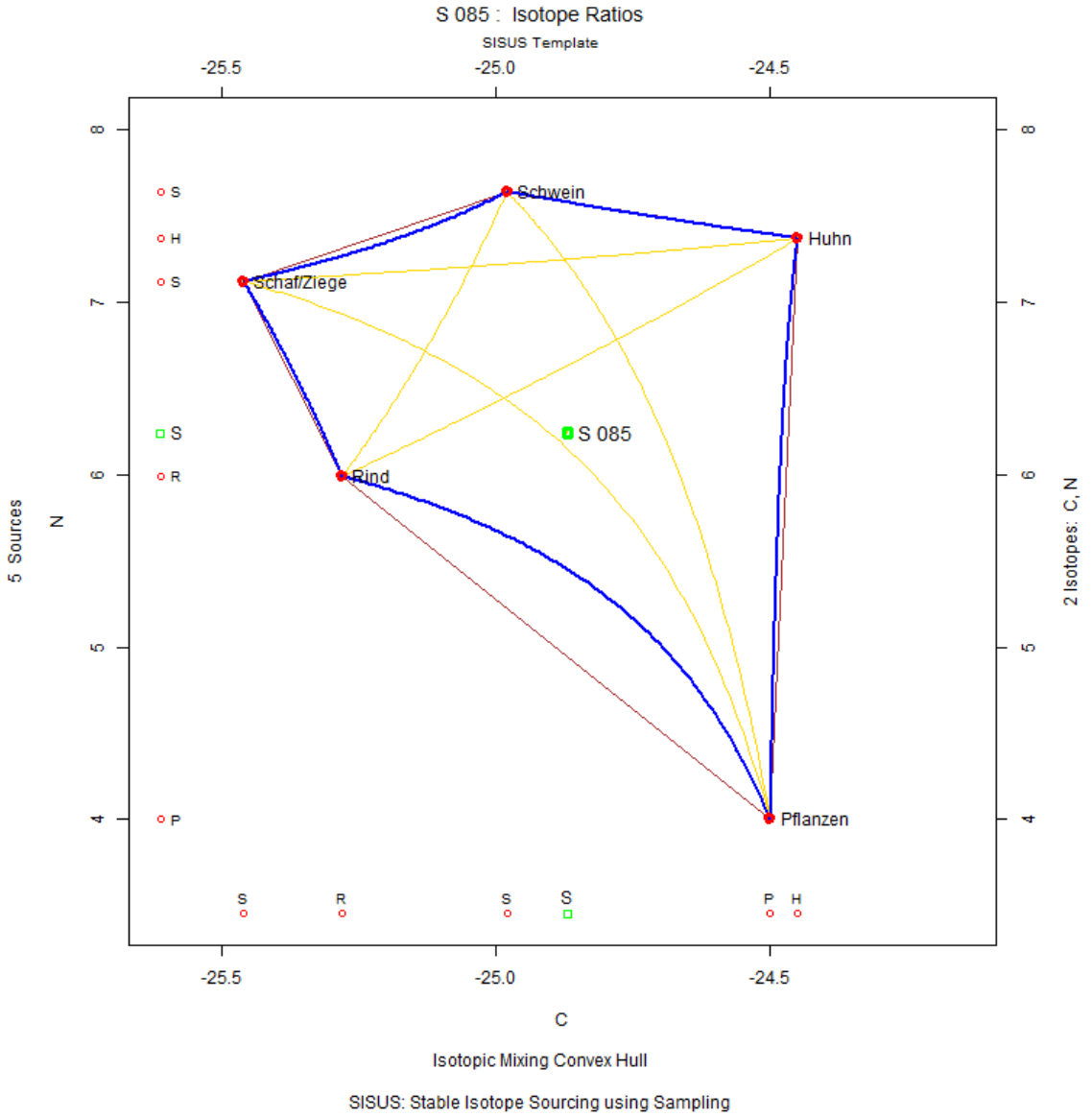


Abbildung 1623: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 085. Erstellt mit SISUS.

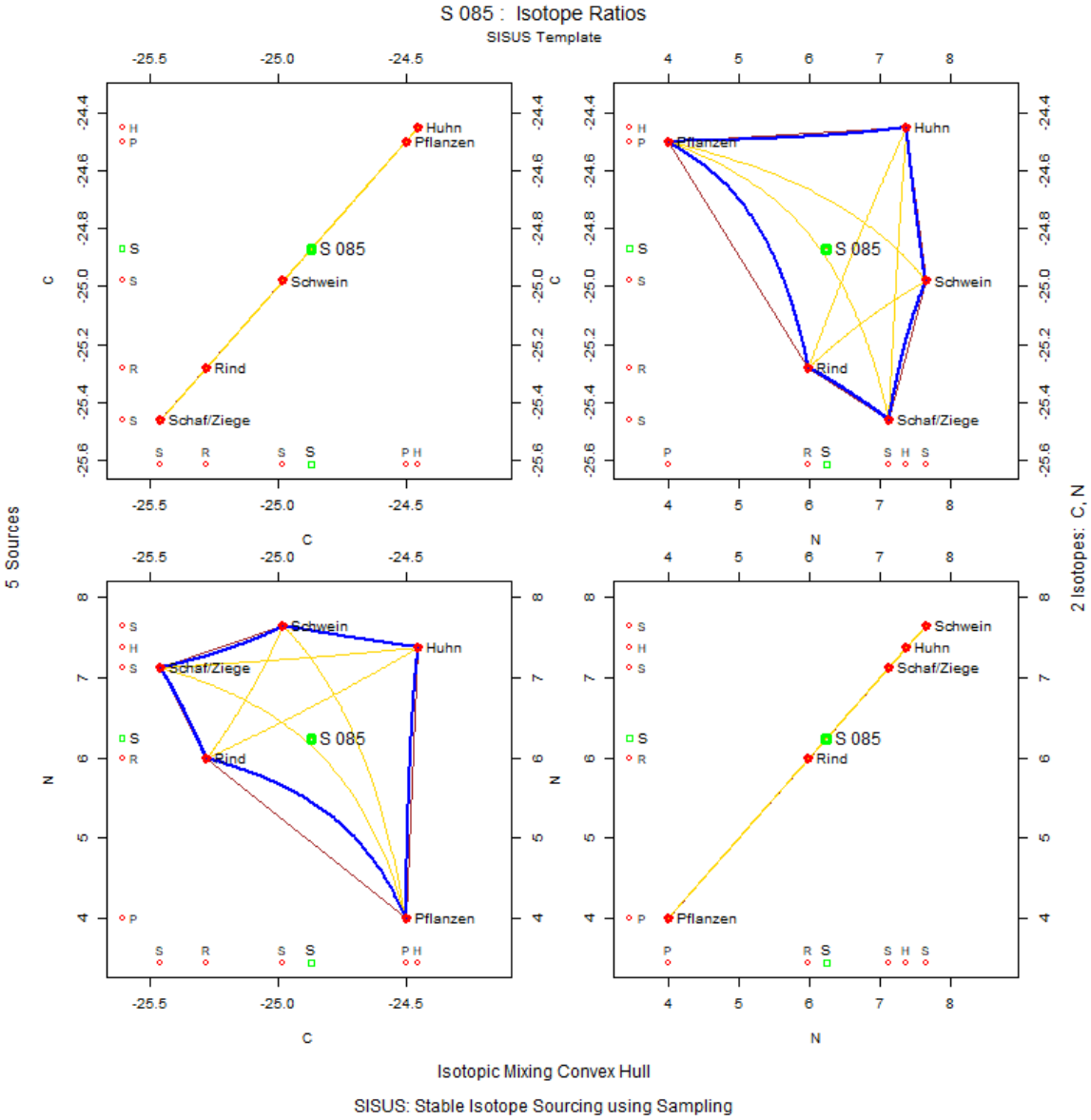


Abbildung 1624: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 085 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

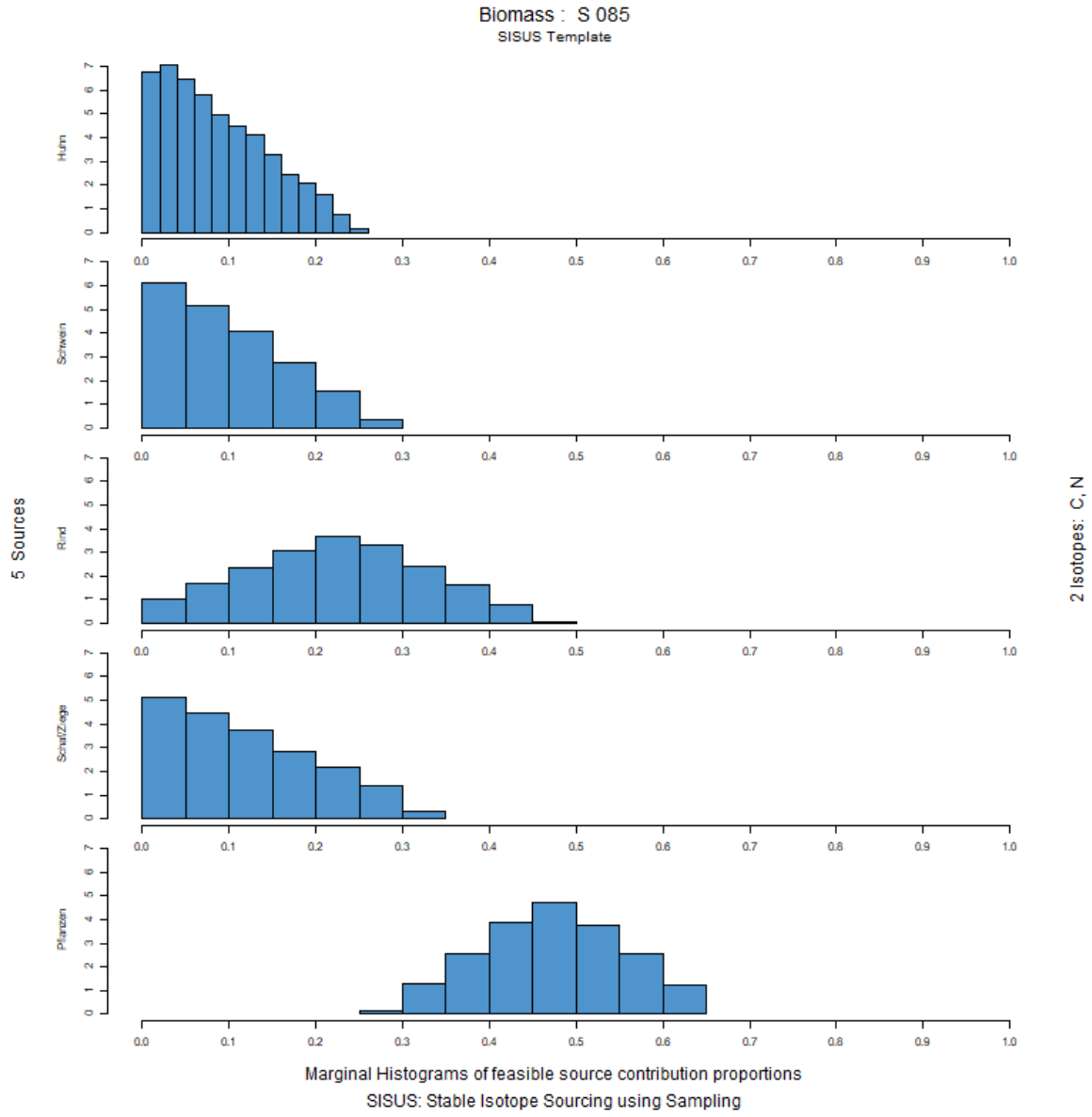


Abbildung 1625: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 085. Erstellt mit SISUS.

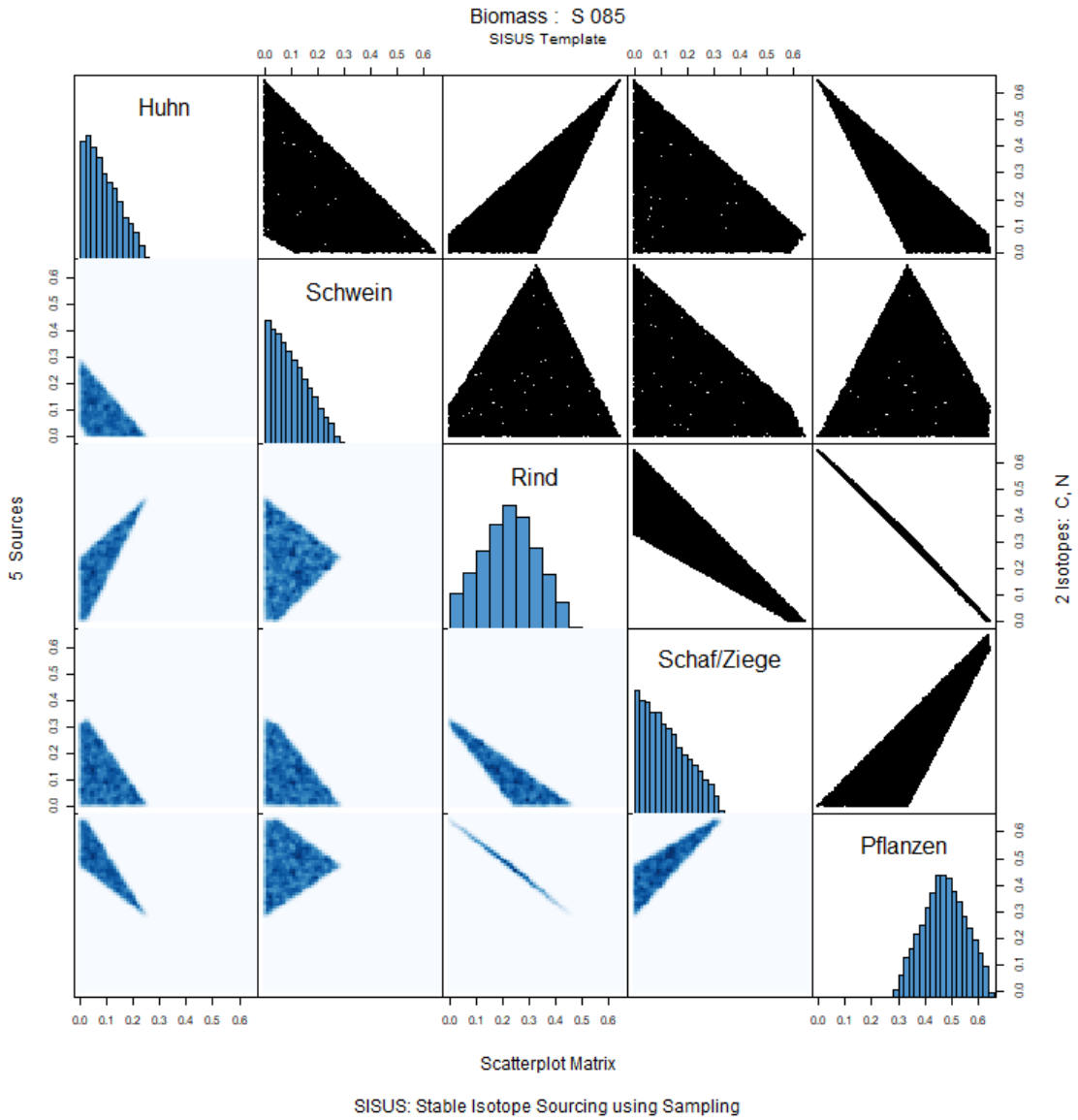


Abbildung 1626: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 085. Erstellt mit SISUS.

S093

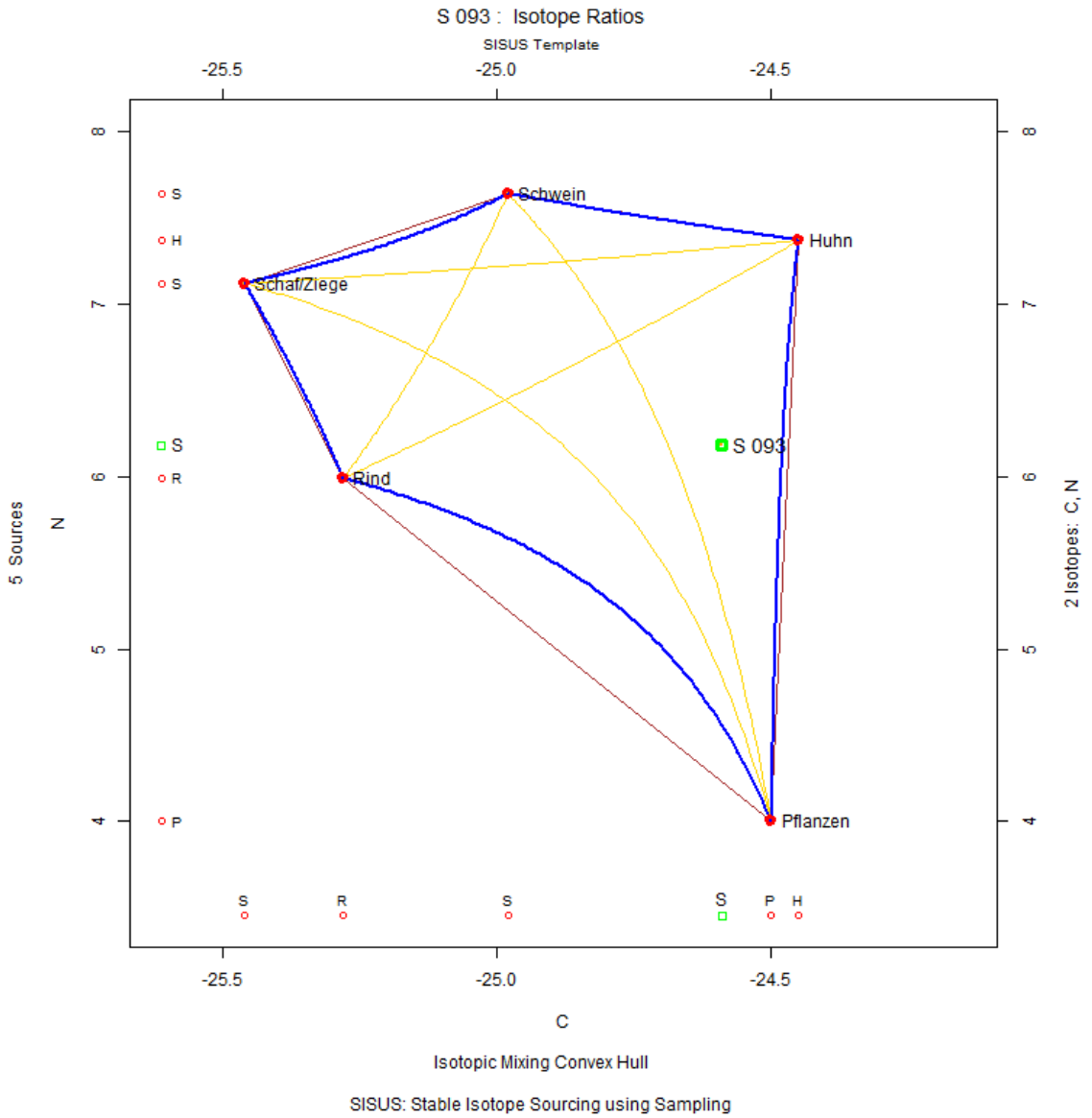


Abbildung 1627: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 093. Erstellt mit SISUS.

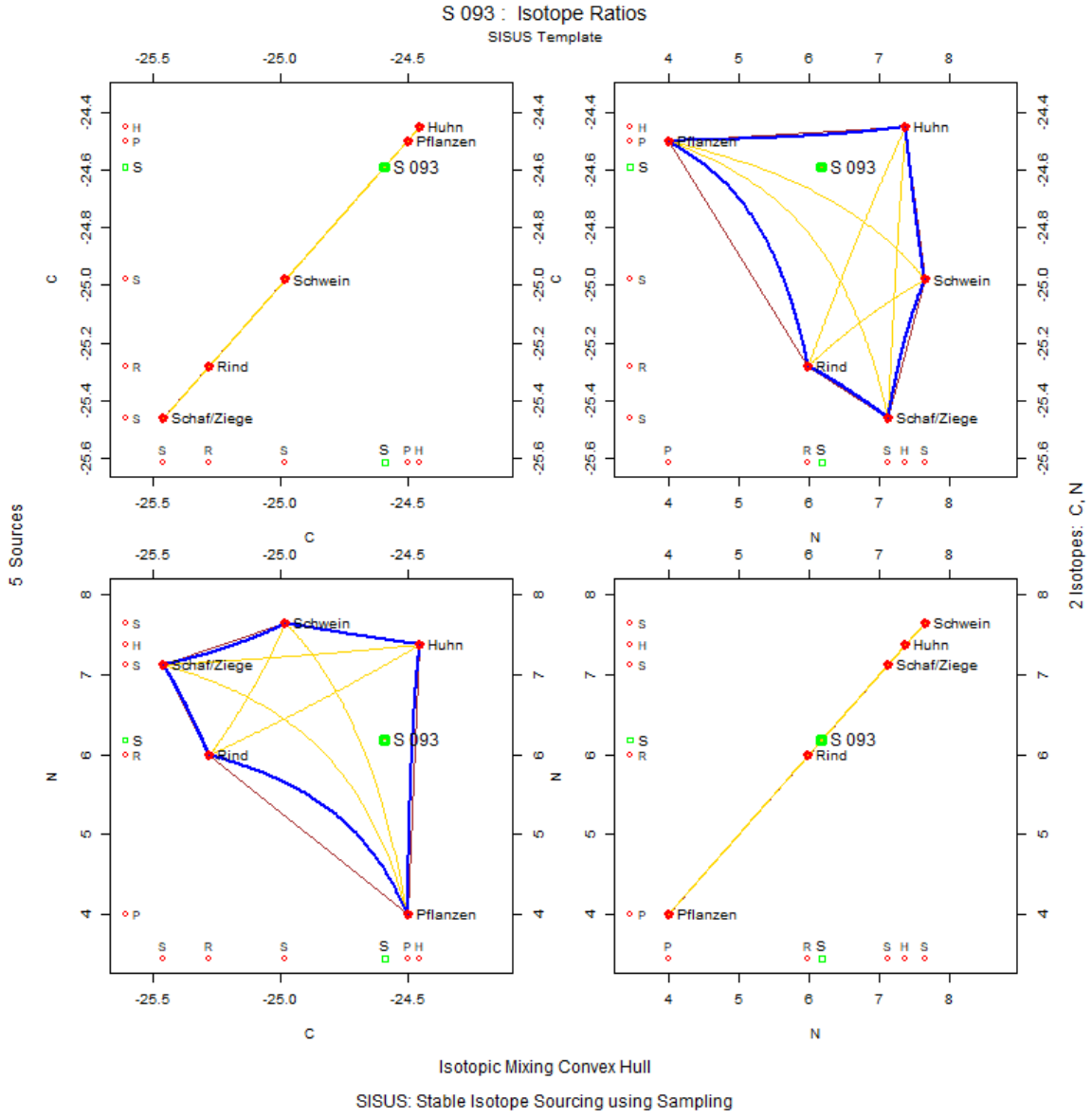


Abbildung 1628: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 093 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

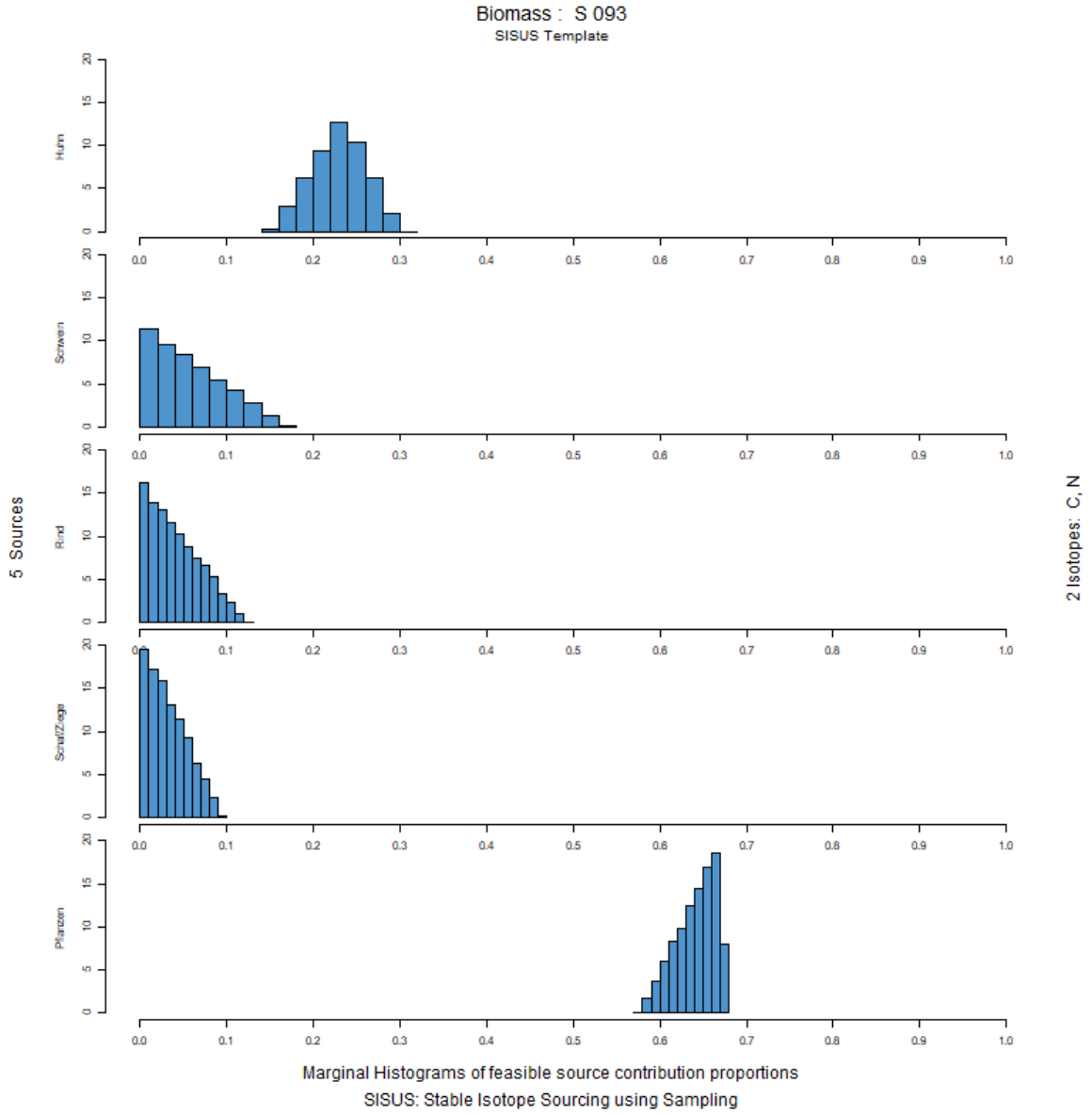


Abbildung 1629: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 093. Erstellt mit SISUS.

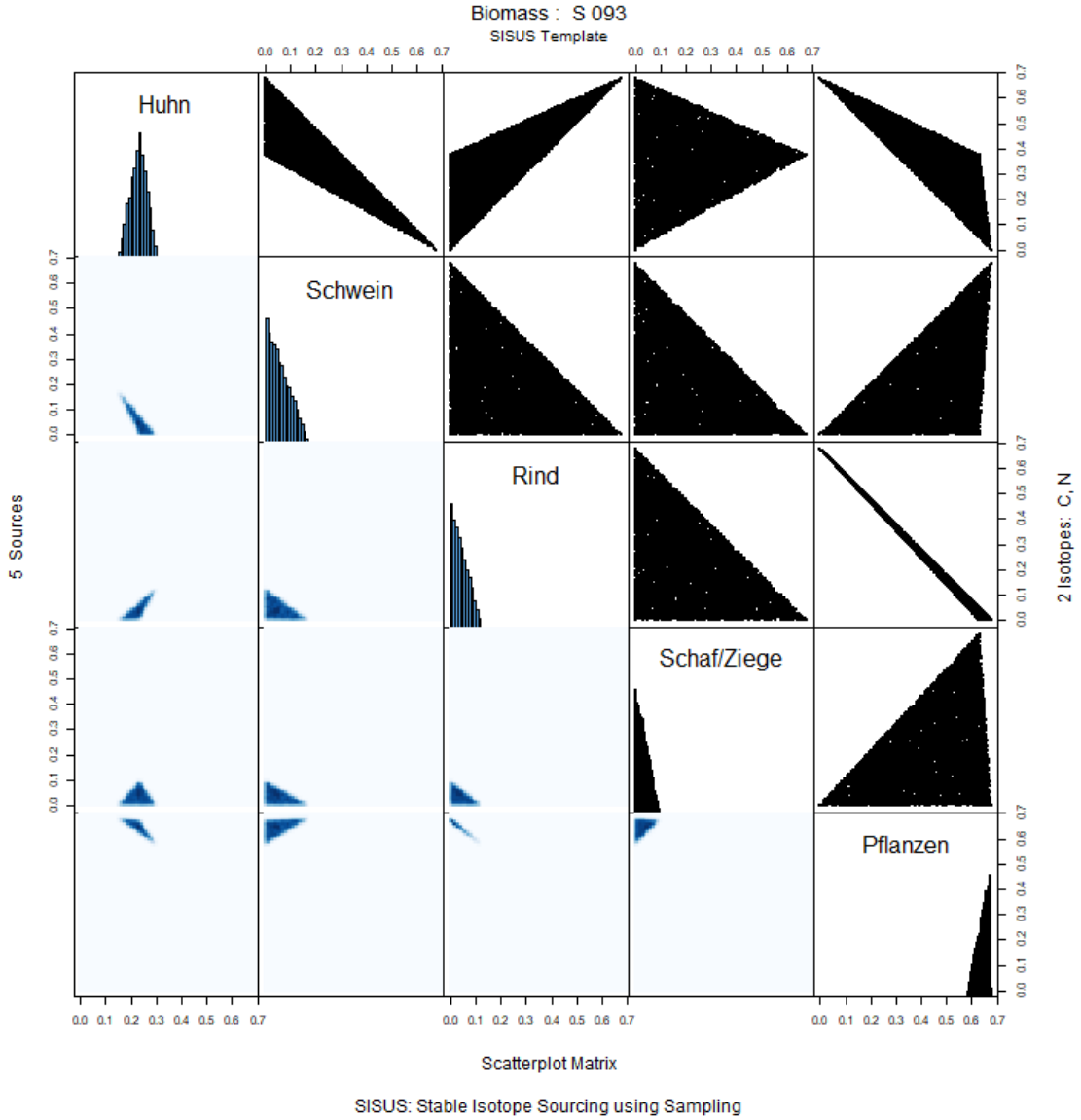


Abbildung 1630: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 093. Erstellt mit SISUS.

S094

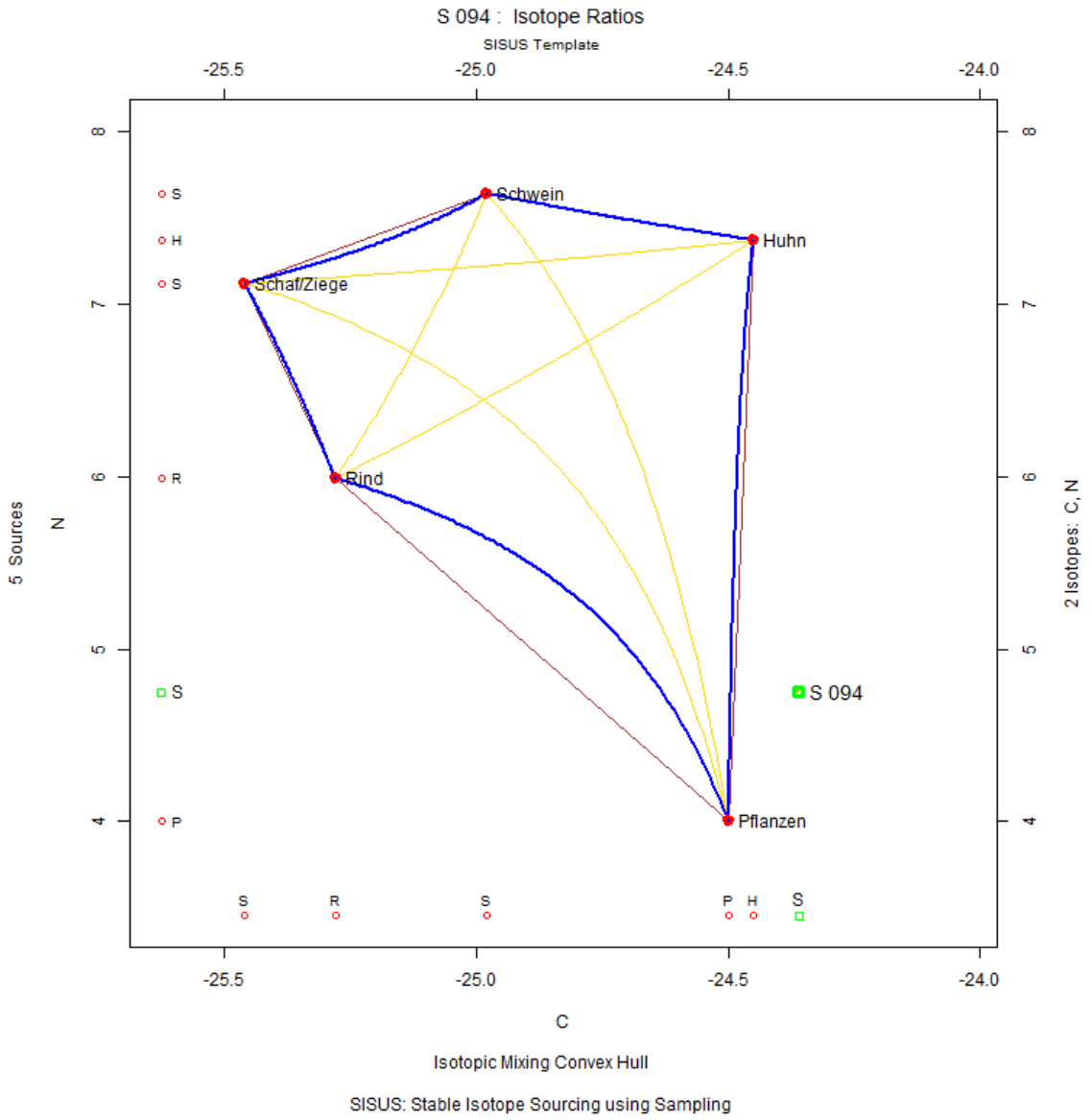


Abbildung 1631: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 094. Erstellt mit SISUS.

S095

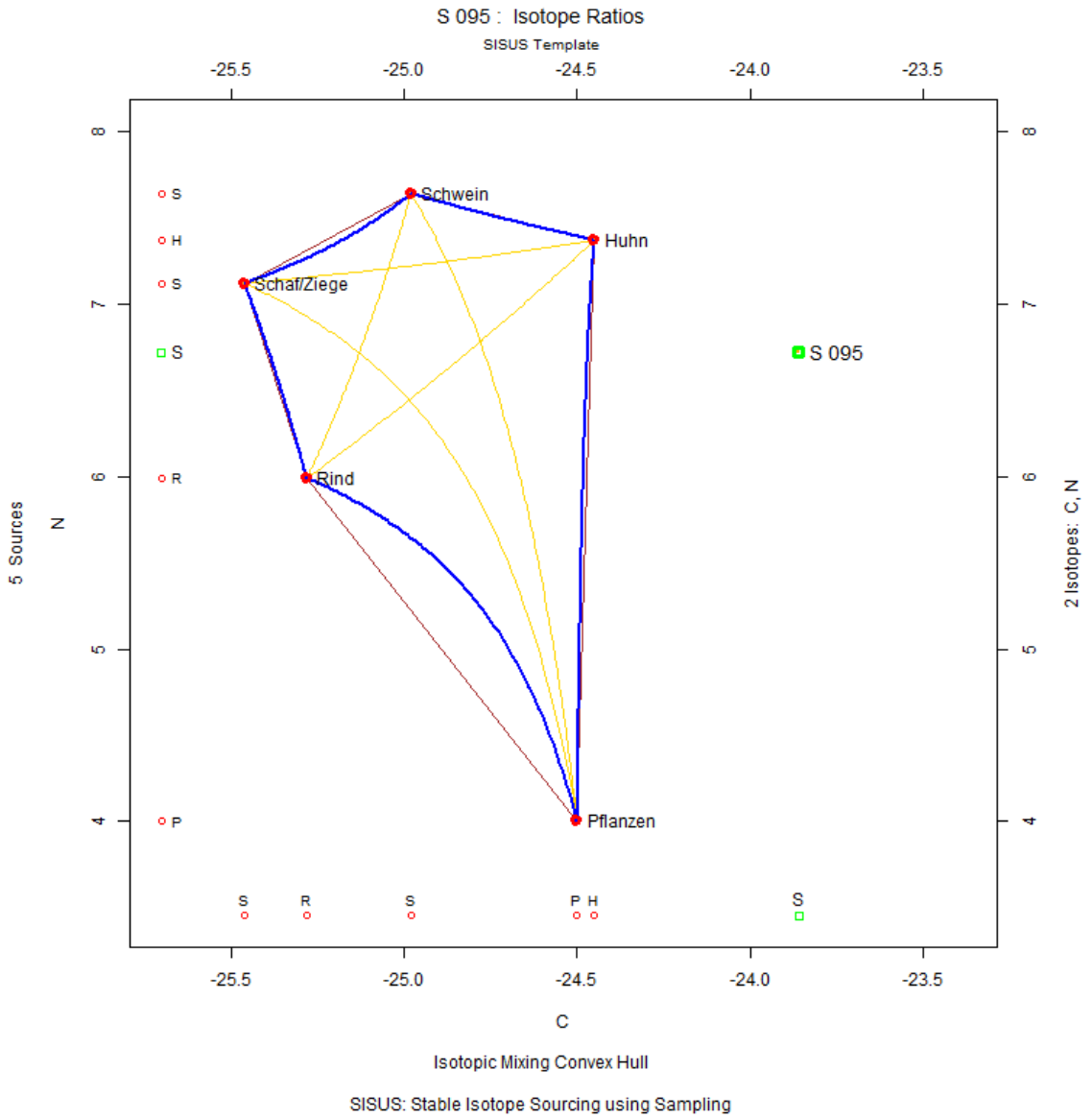


Abbildung 1632: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 095. Erstellt mit SISUS.

S098

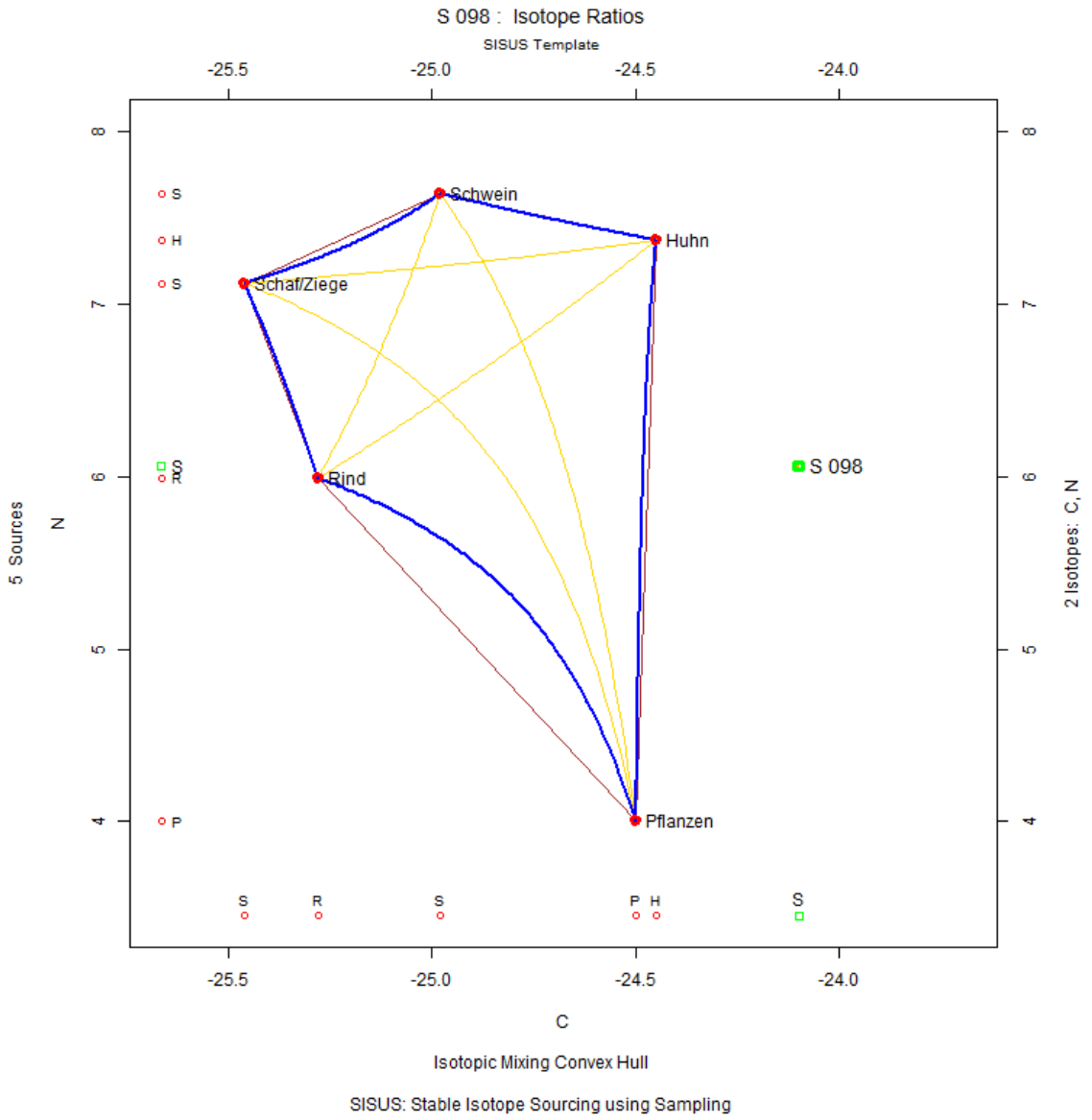


Abbildung 1633: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 098. Erstellt mit SISUS.

S100

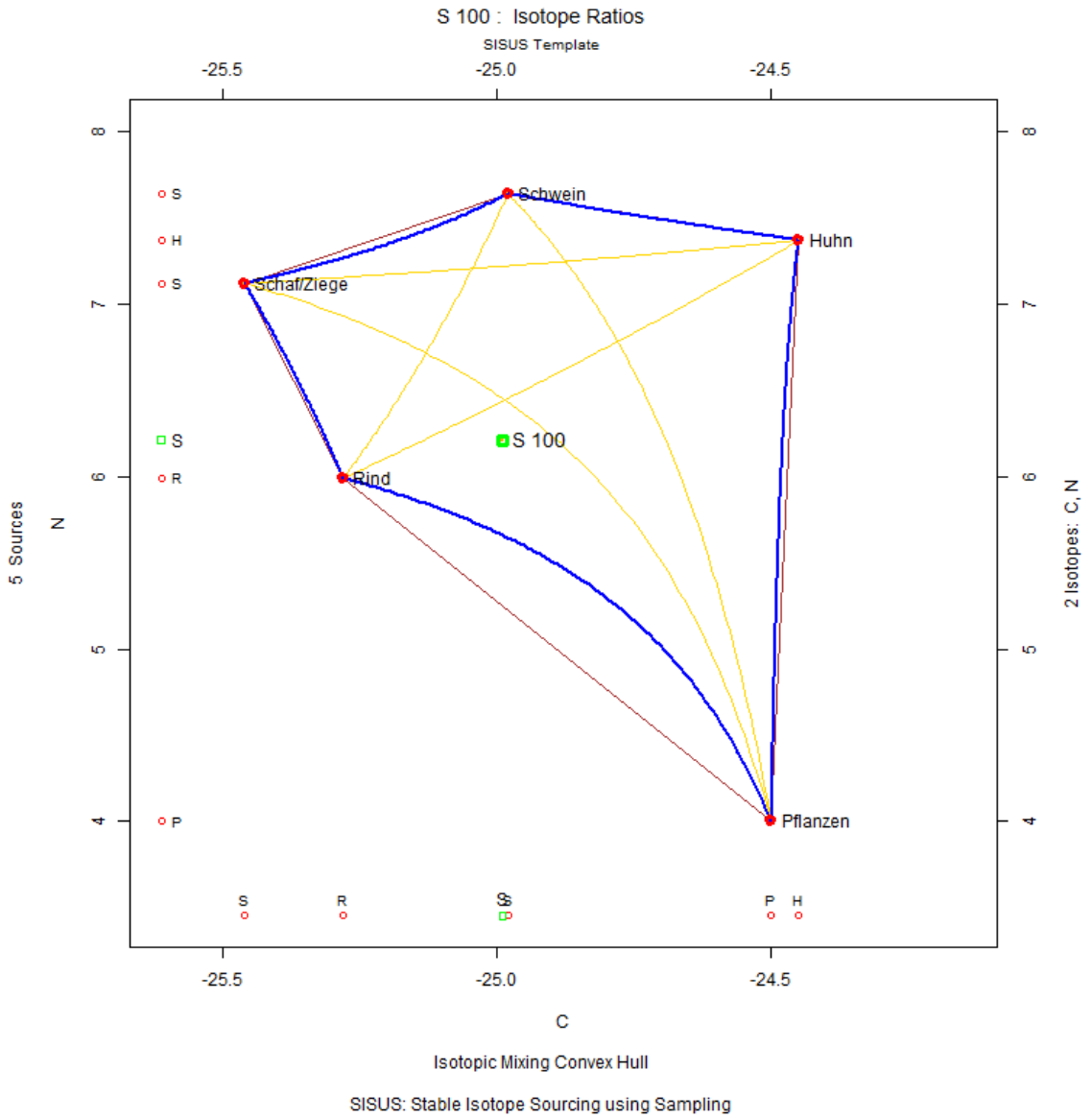


Abbildung 1634: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 100. Erstellt mit SISUS.

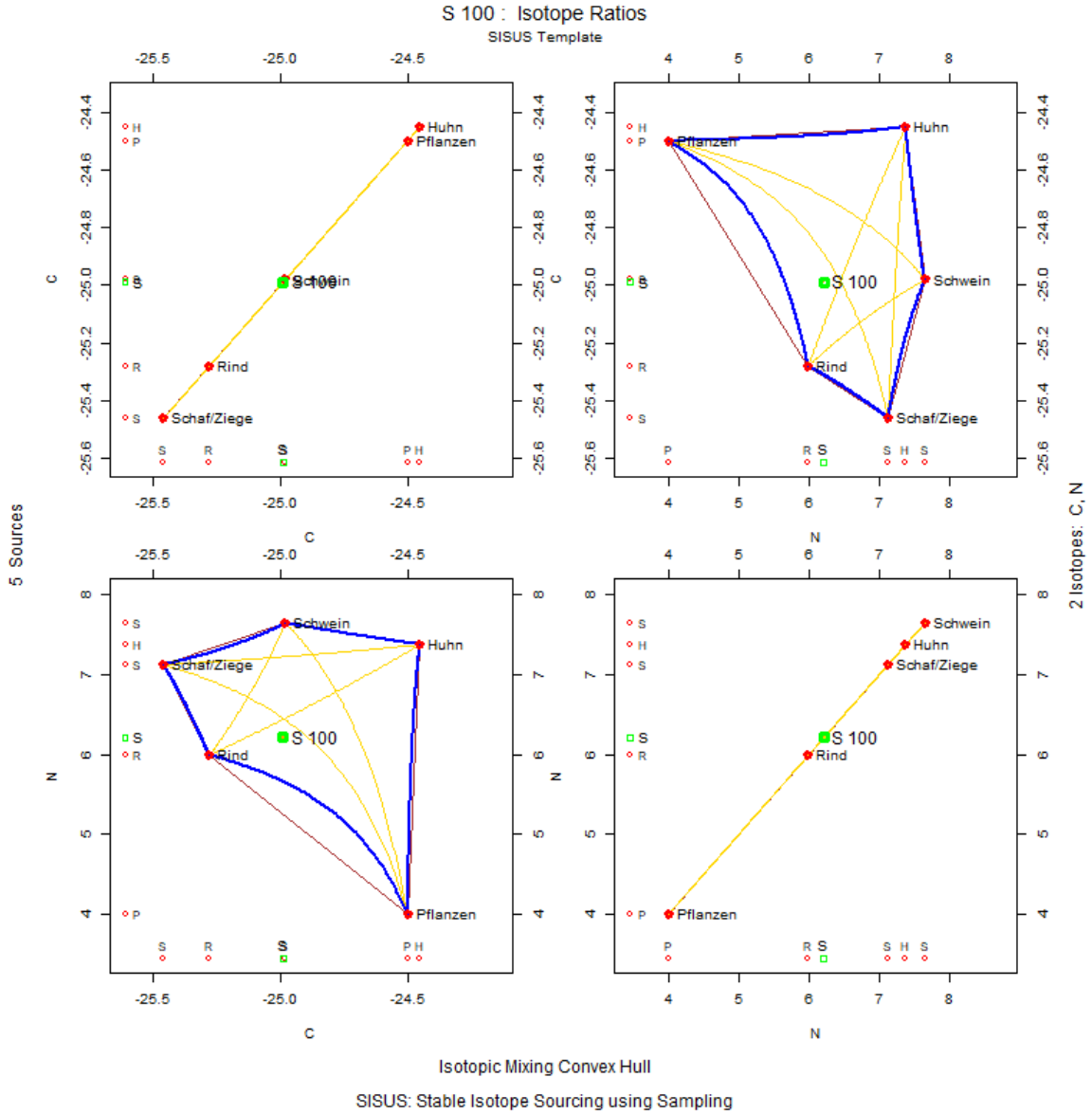


Abbildung 1635: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 100 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

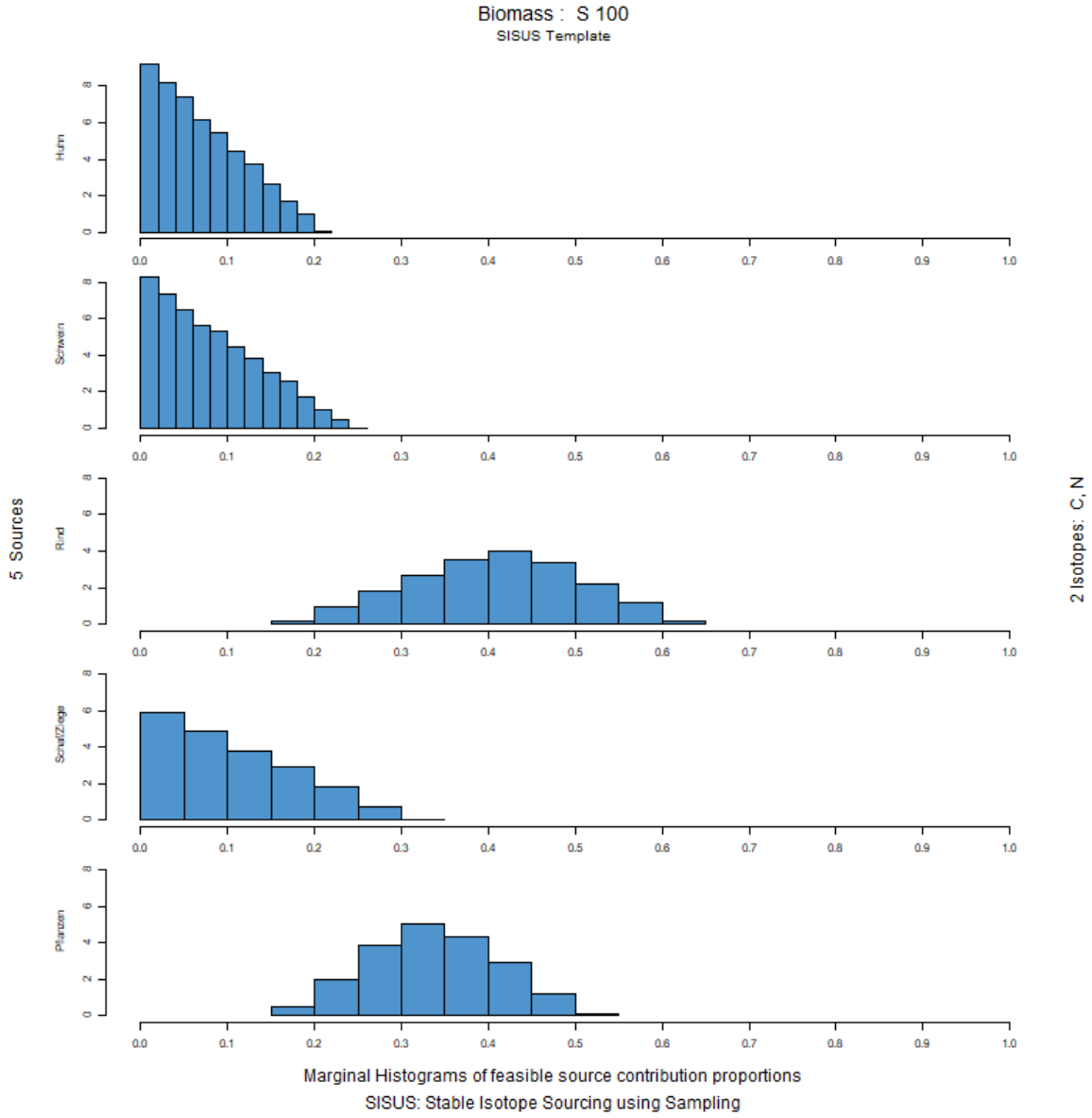


Abbildung 1636: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 100. Erstellt mit SISUS.

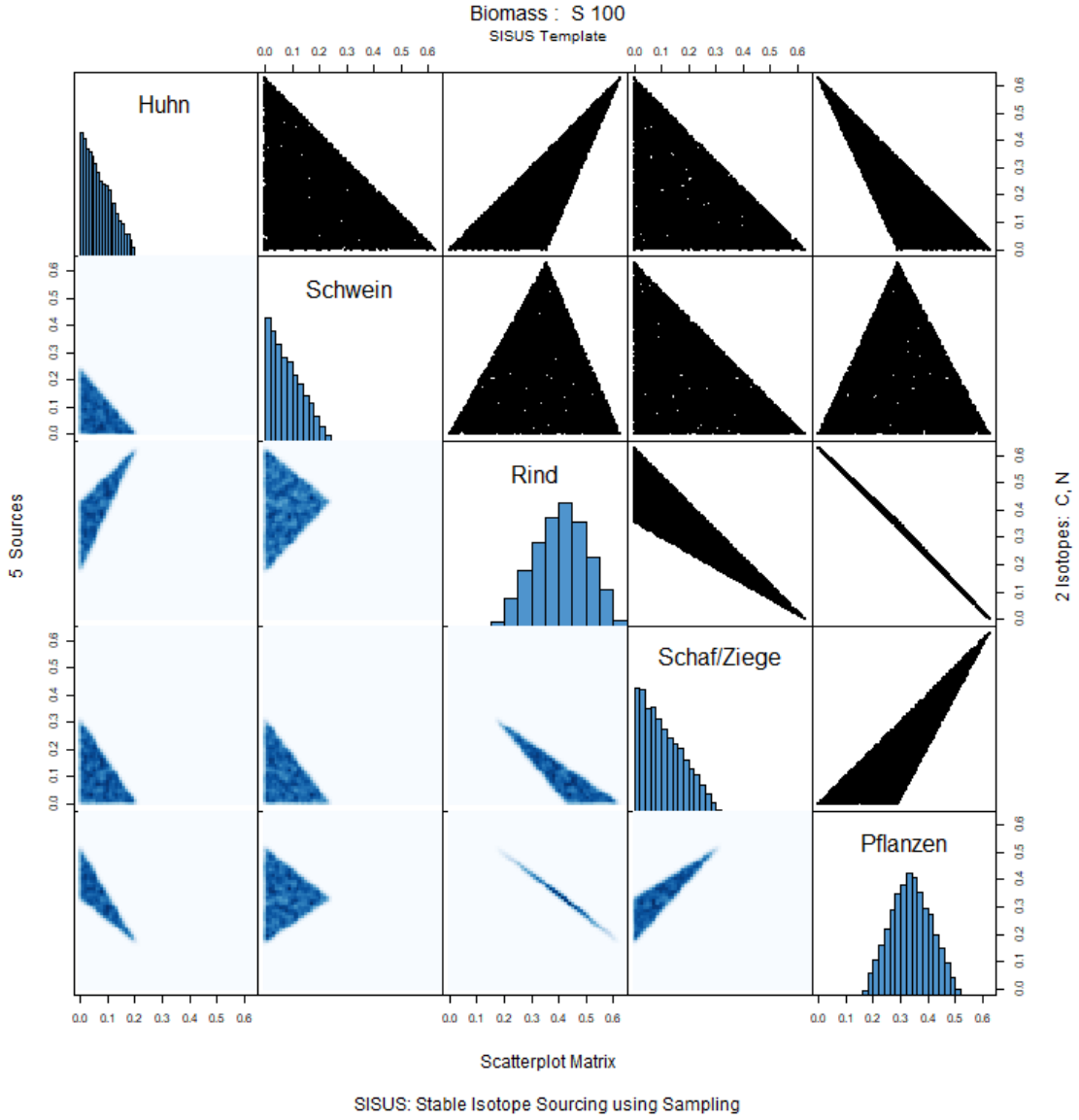


Abbildung 1637: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 100. Erstellt mit SISUS.

S130

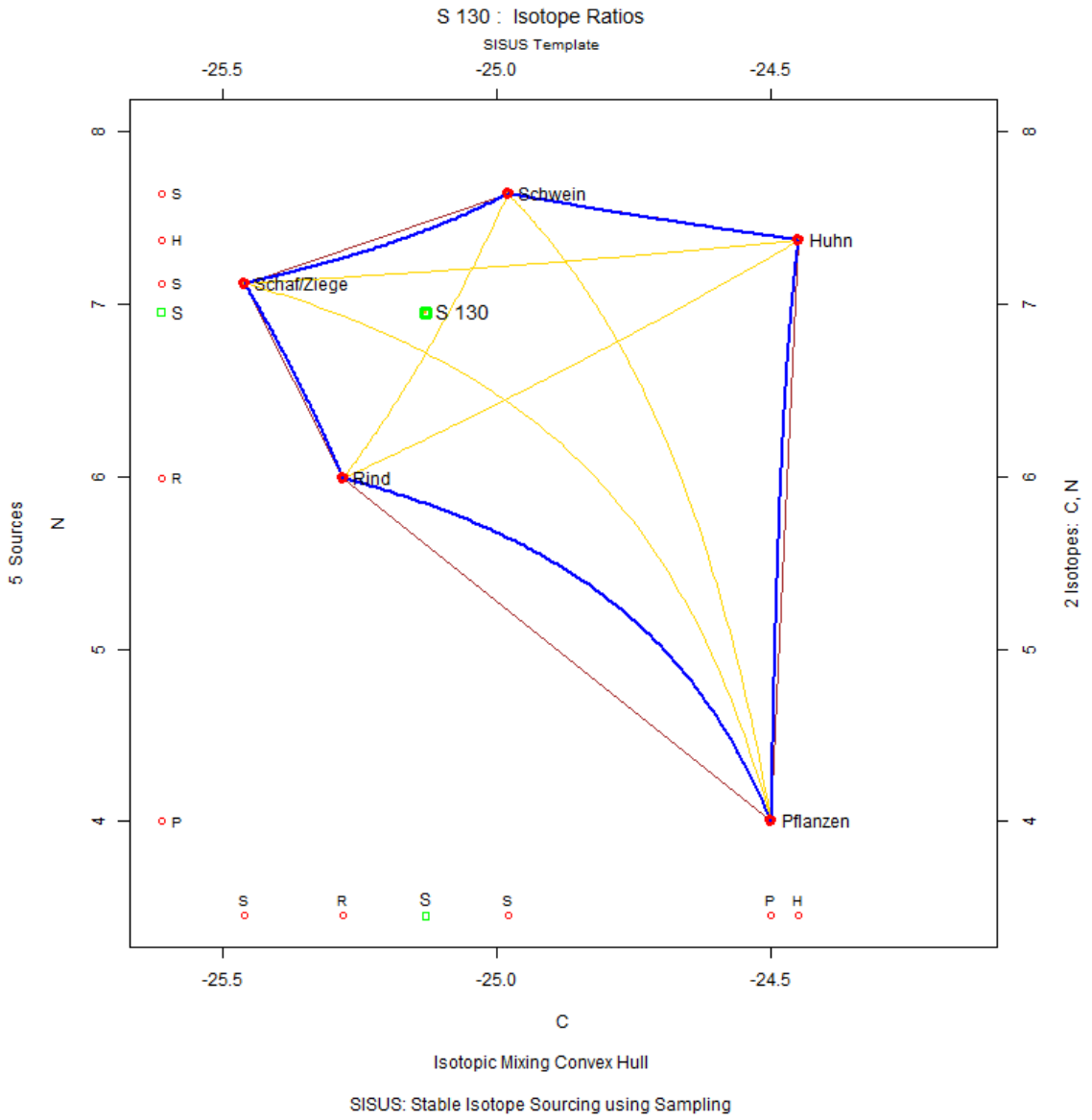


Abbildung 1638: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 130. Erstellt mit SISUS.

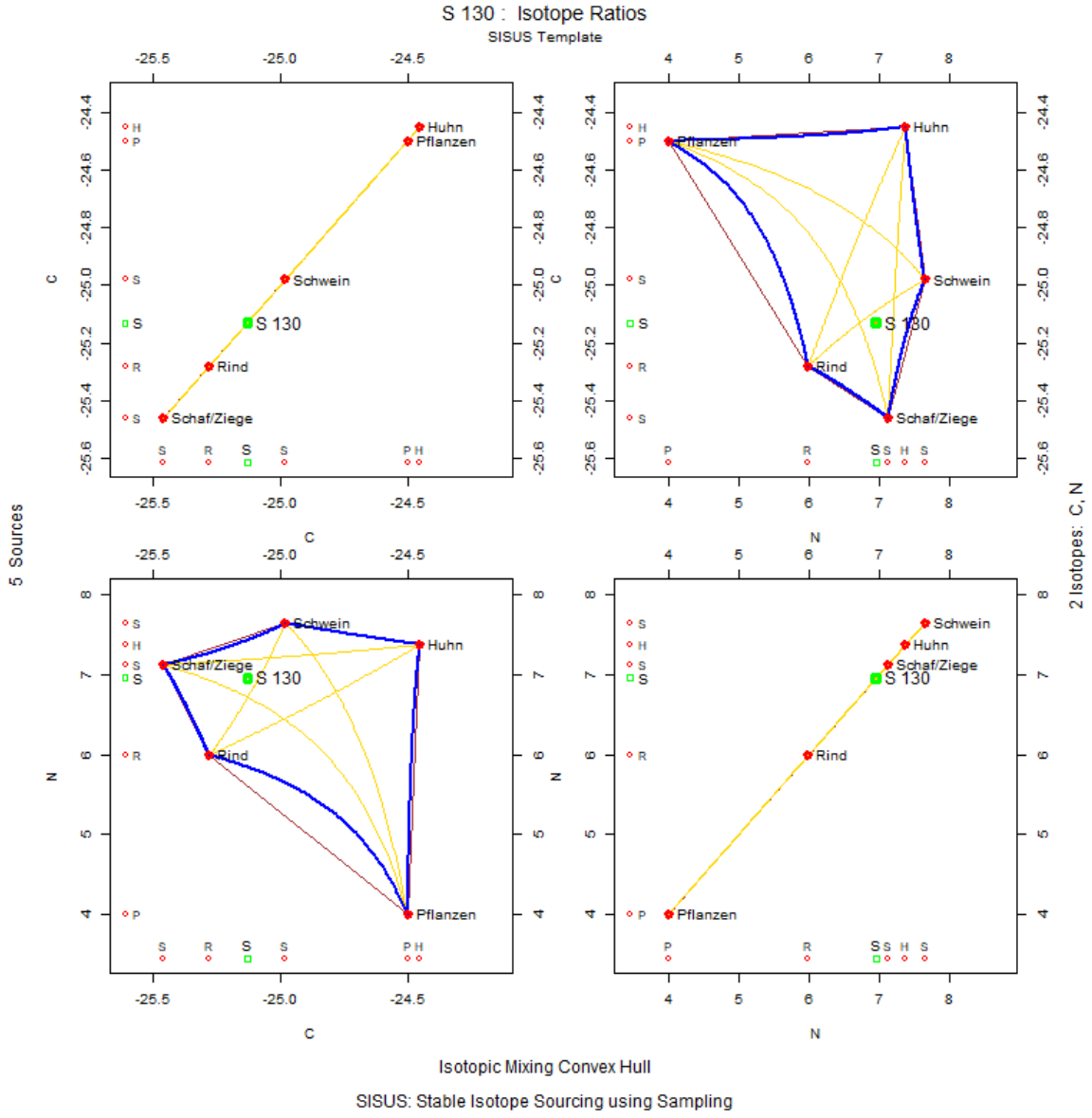


Abbildung 1639: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 130 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

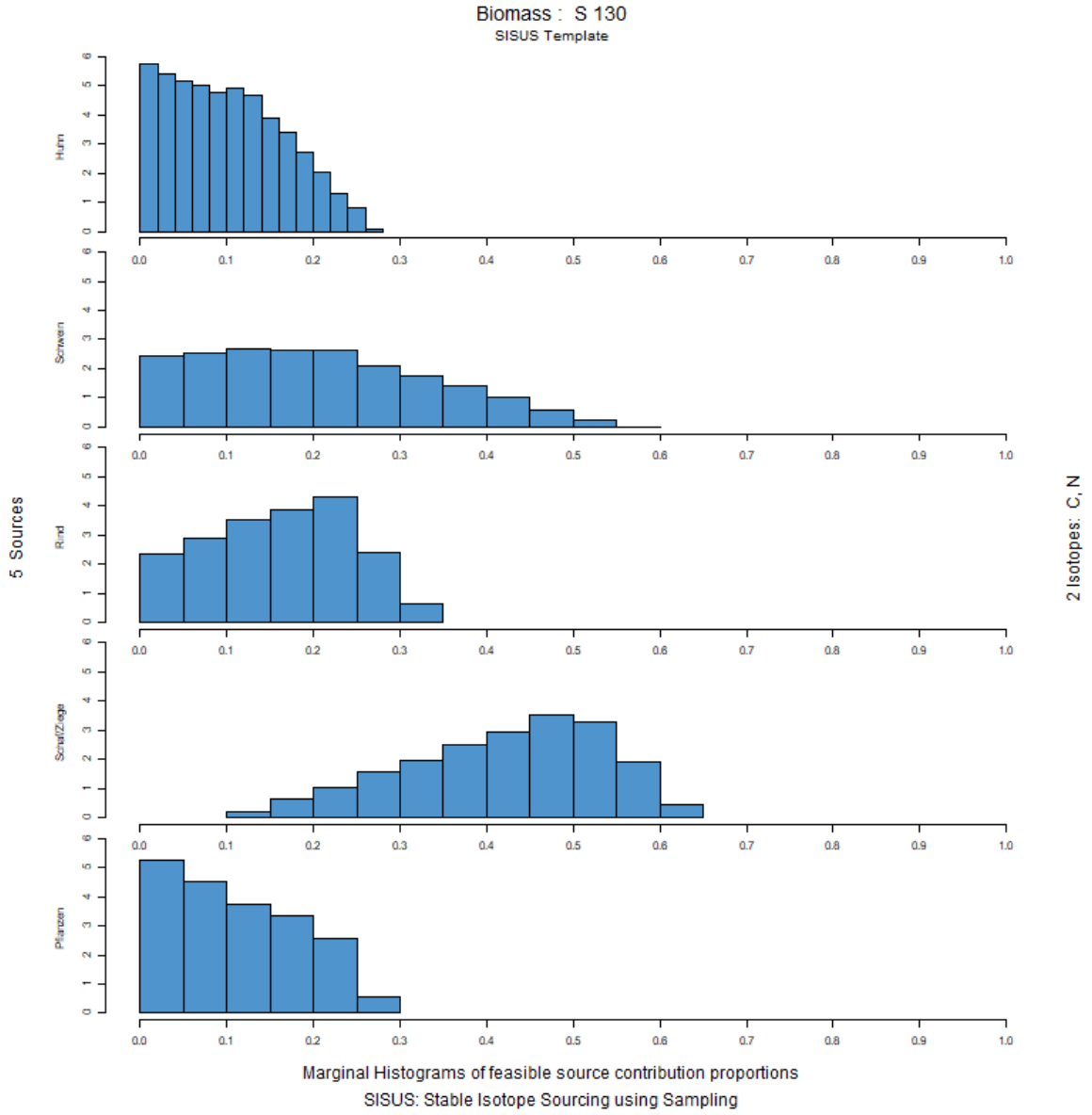


Abbildung 1640: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 130. Erstellt mit SISUS.

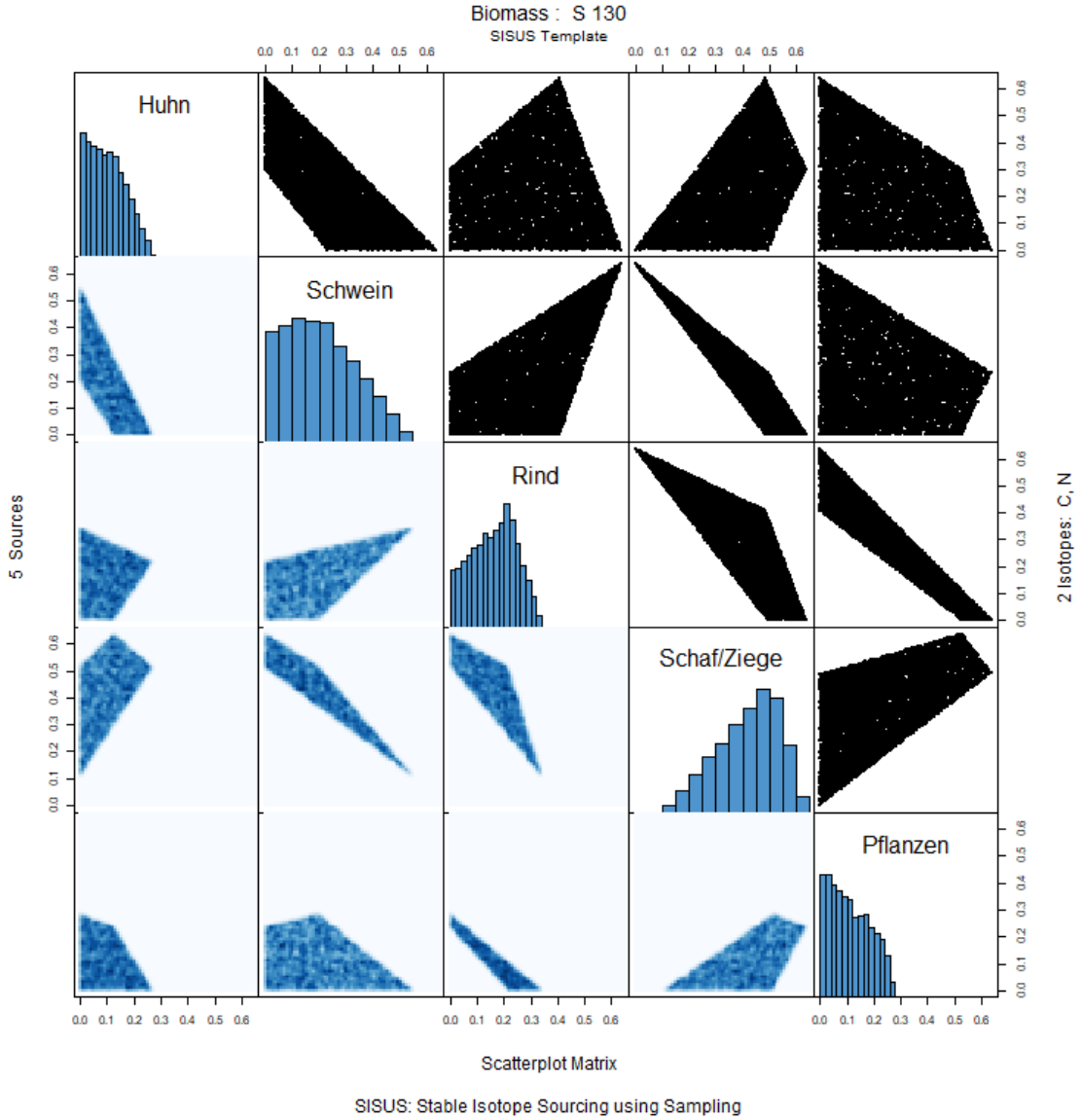


Abbildung 1641: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 130. Erstellt mit SISUS.

S170

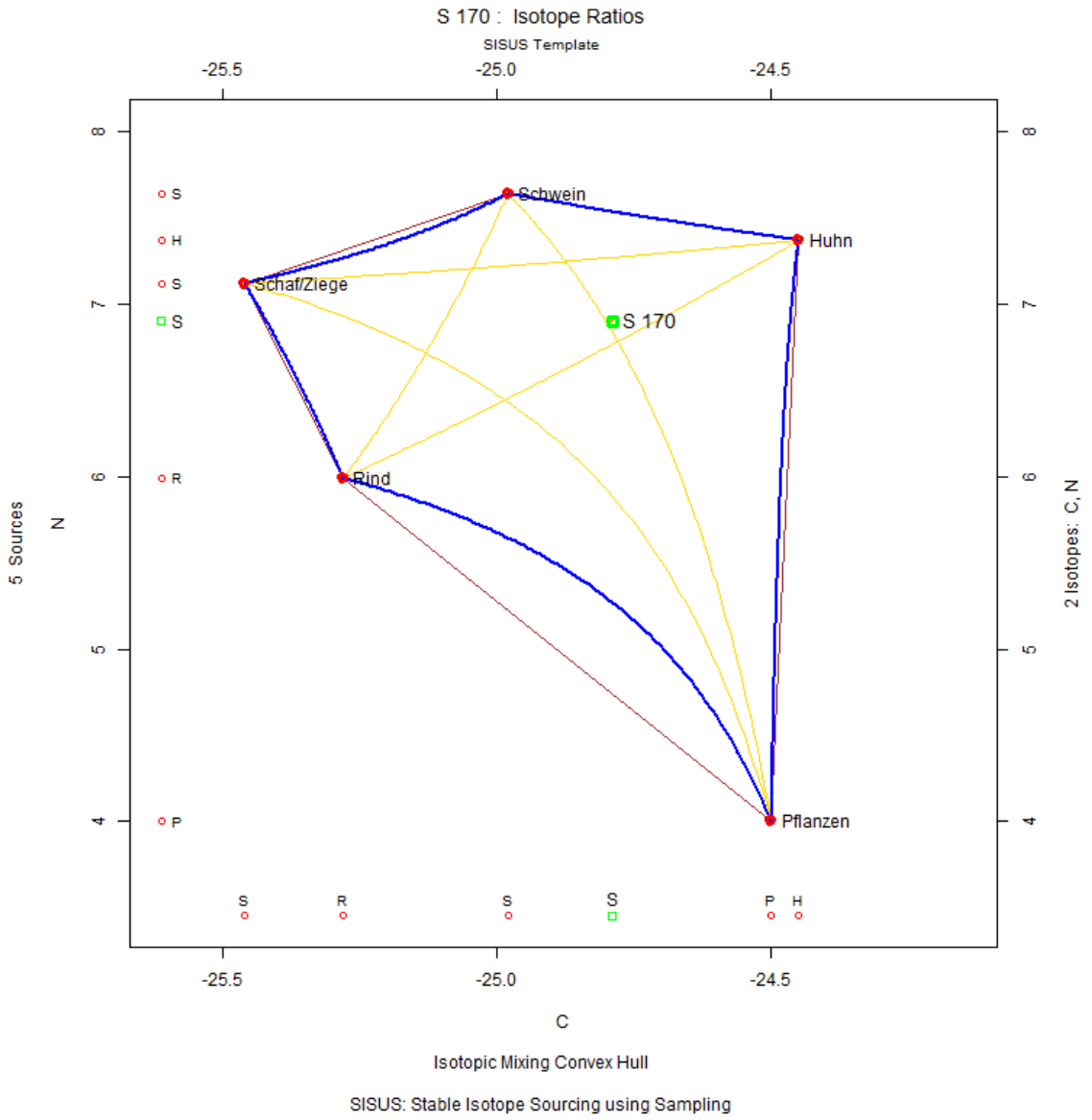


Abbildung 1642: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 170. Erstellt mit SISUS.

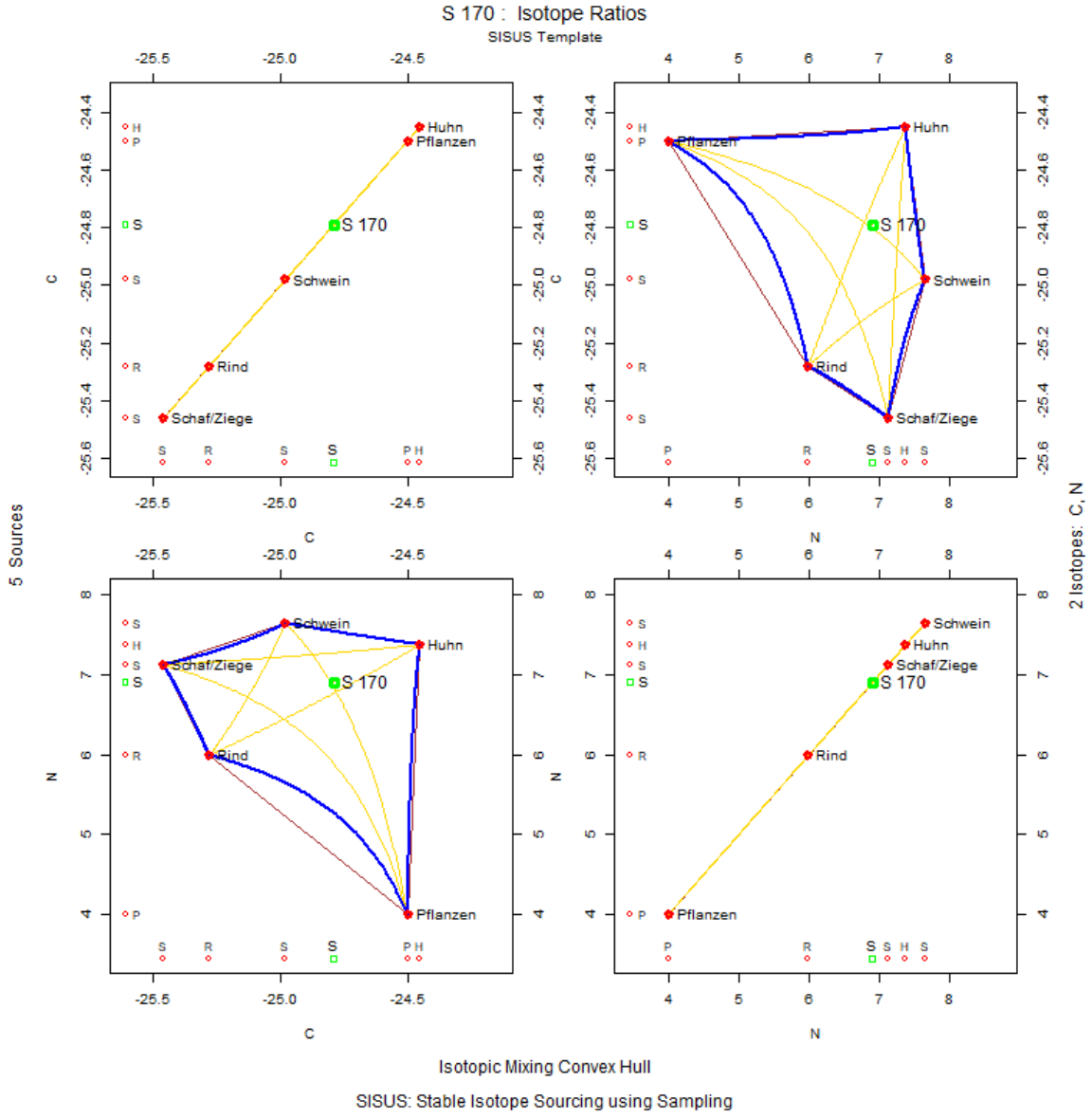


Abbildung 1643: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 170 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

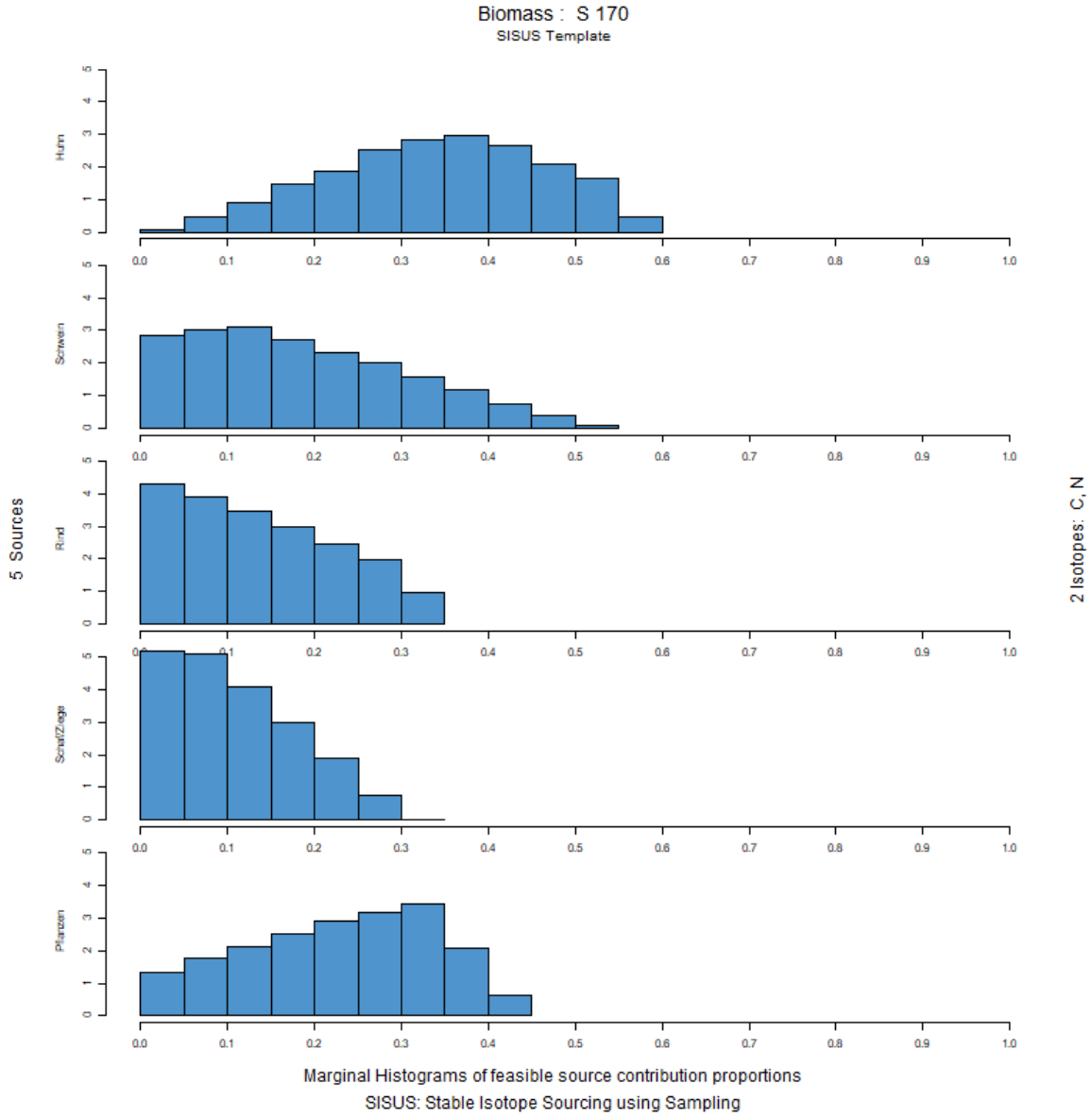


Abbildung 1644: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 170. Erstellt mit SISUS.

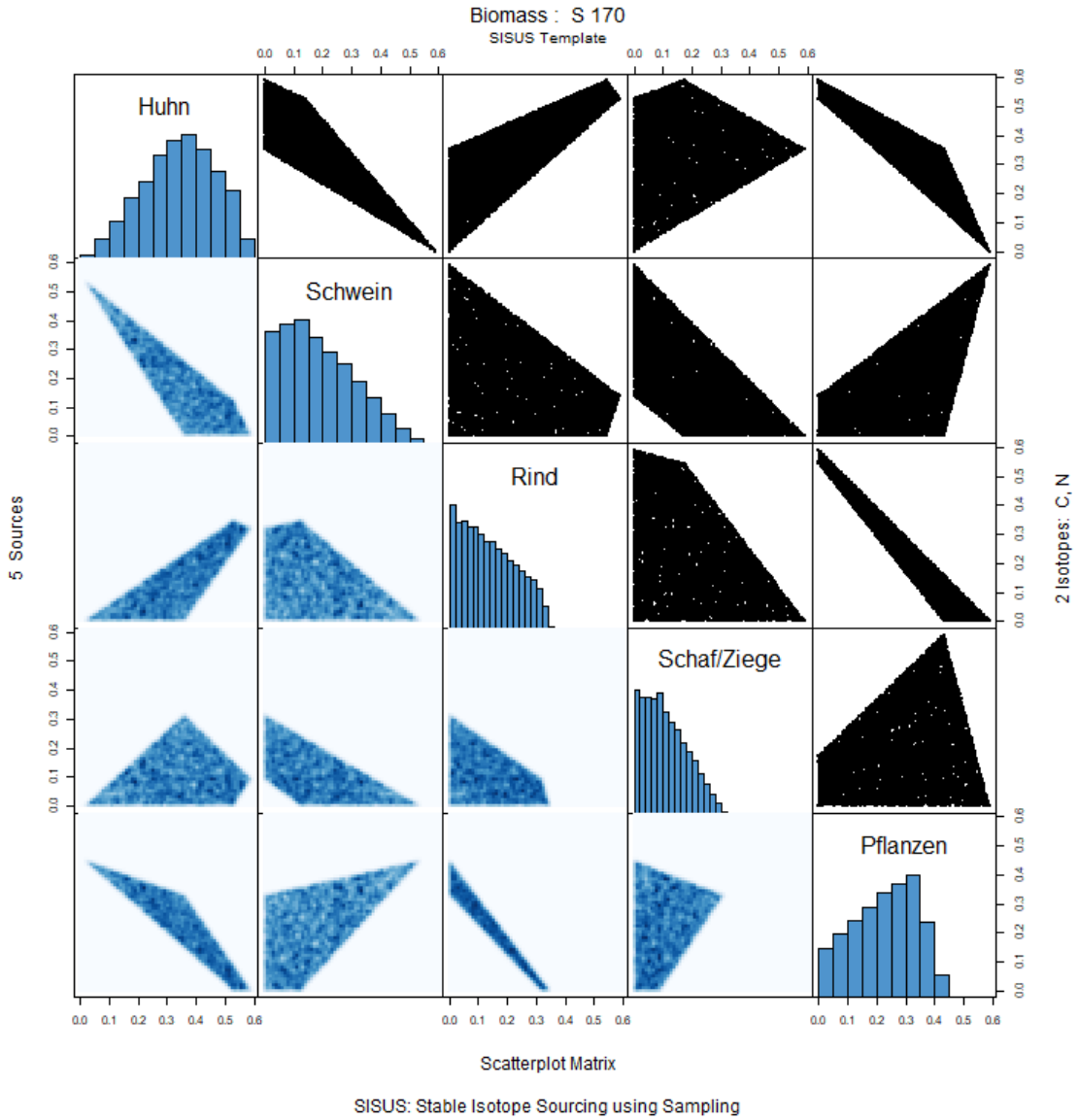


Abbildung 1645: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 170. Erstellt mit SISUS.

S171

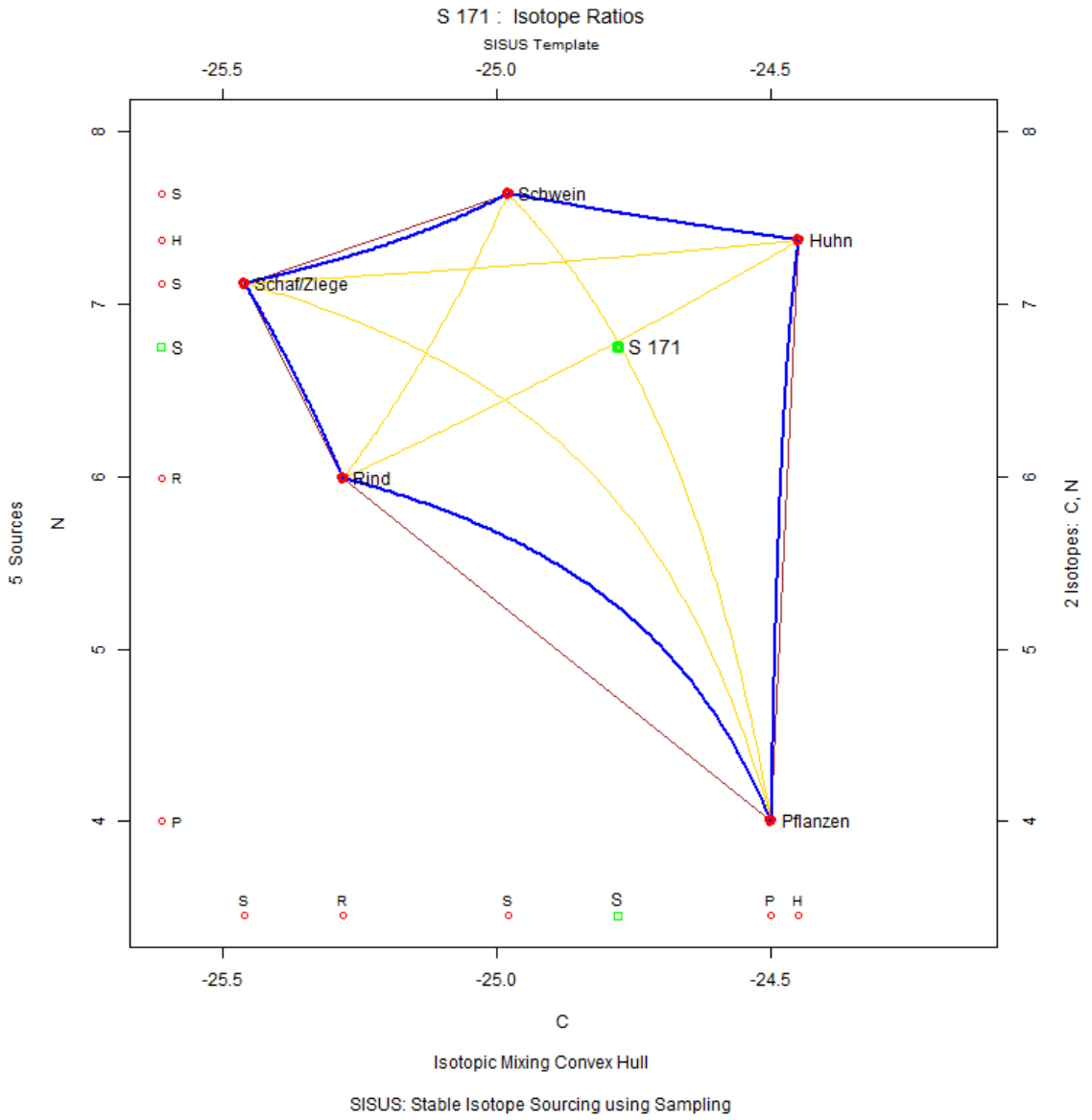


Abbildung 1646: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 171. Erstellt mit SISUS.

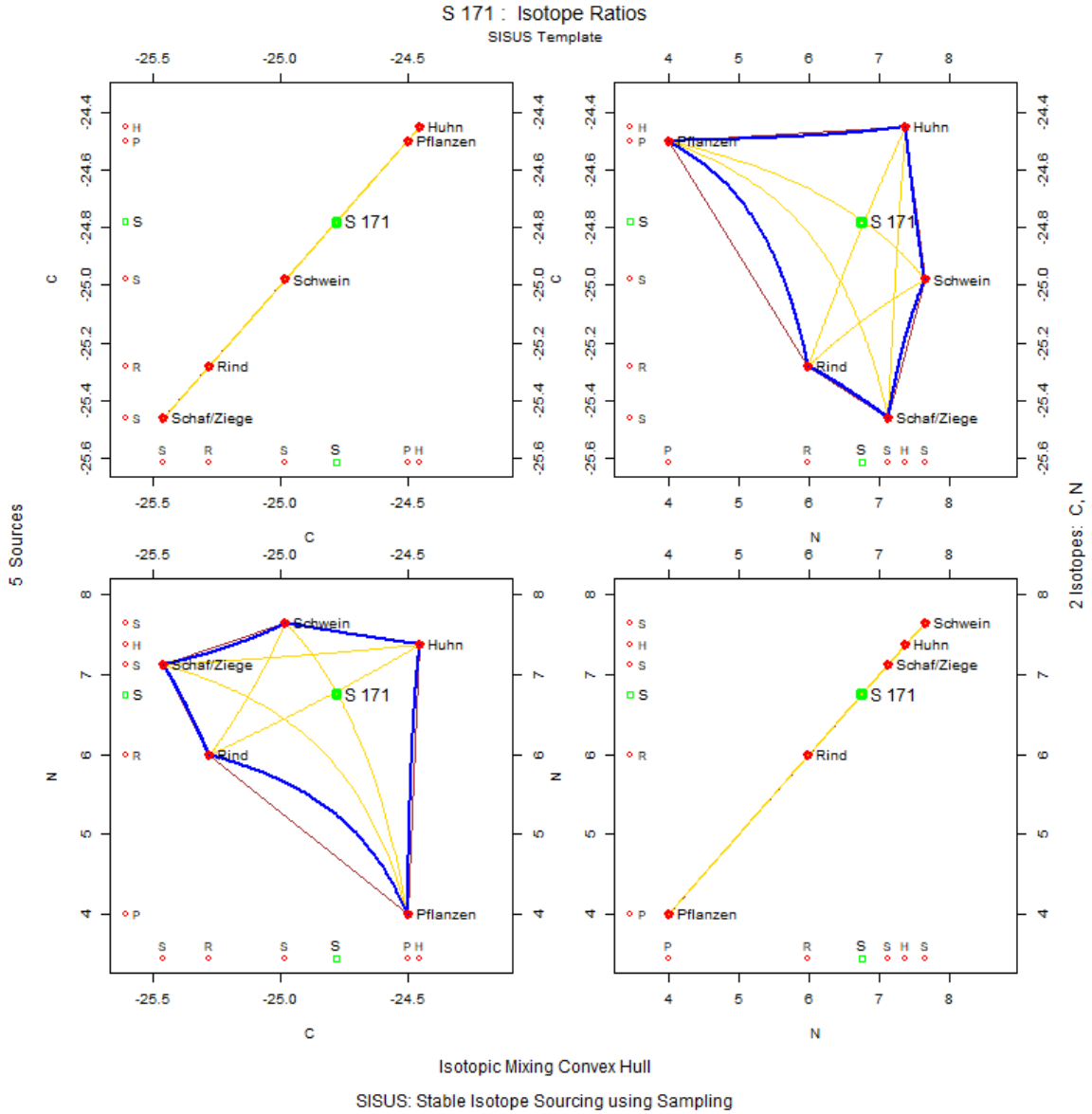


Abbildung 1647: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 171 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

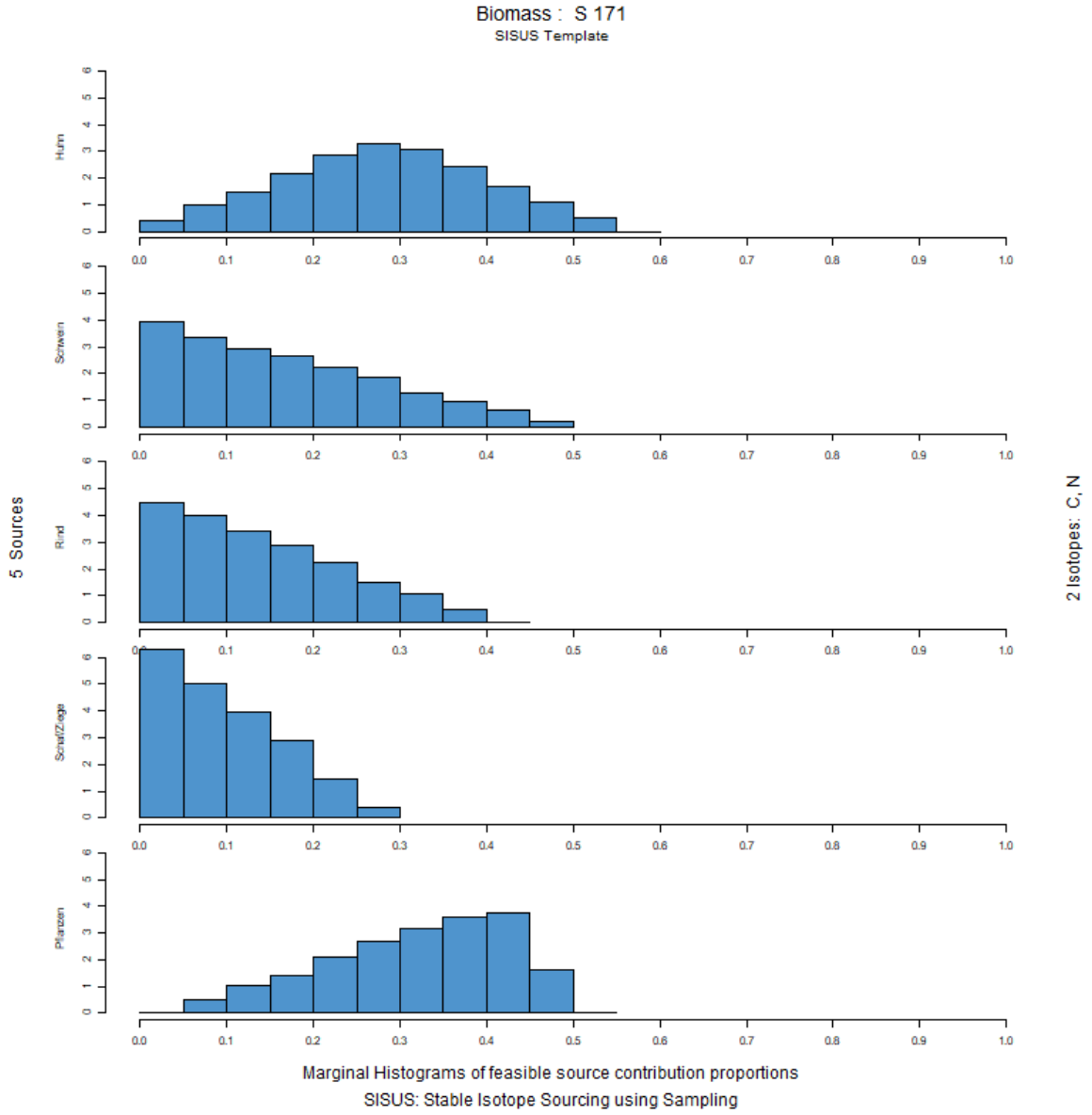


Abbildung 1648: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 171. Erstellt mit SISUS.

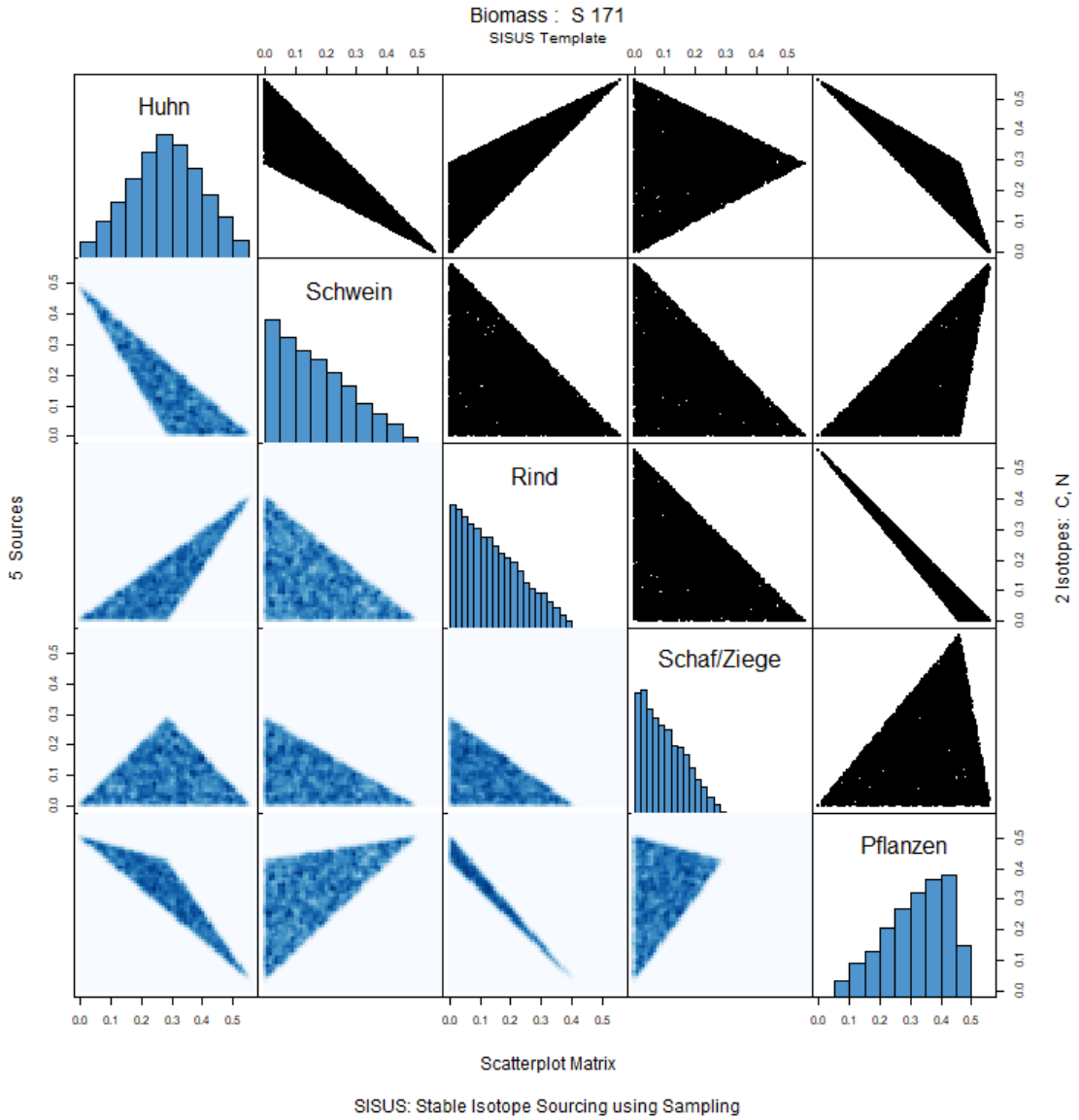


Abbildung 1649: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 171. Erstellt mit SISUS.

S172

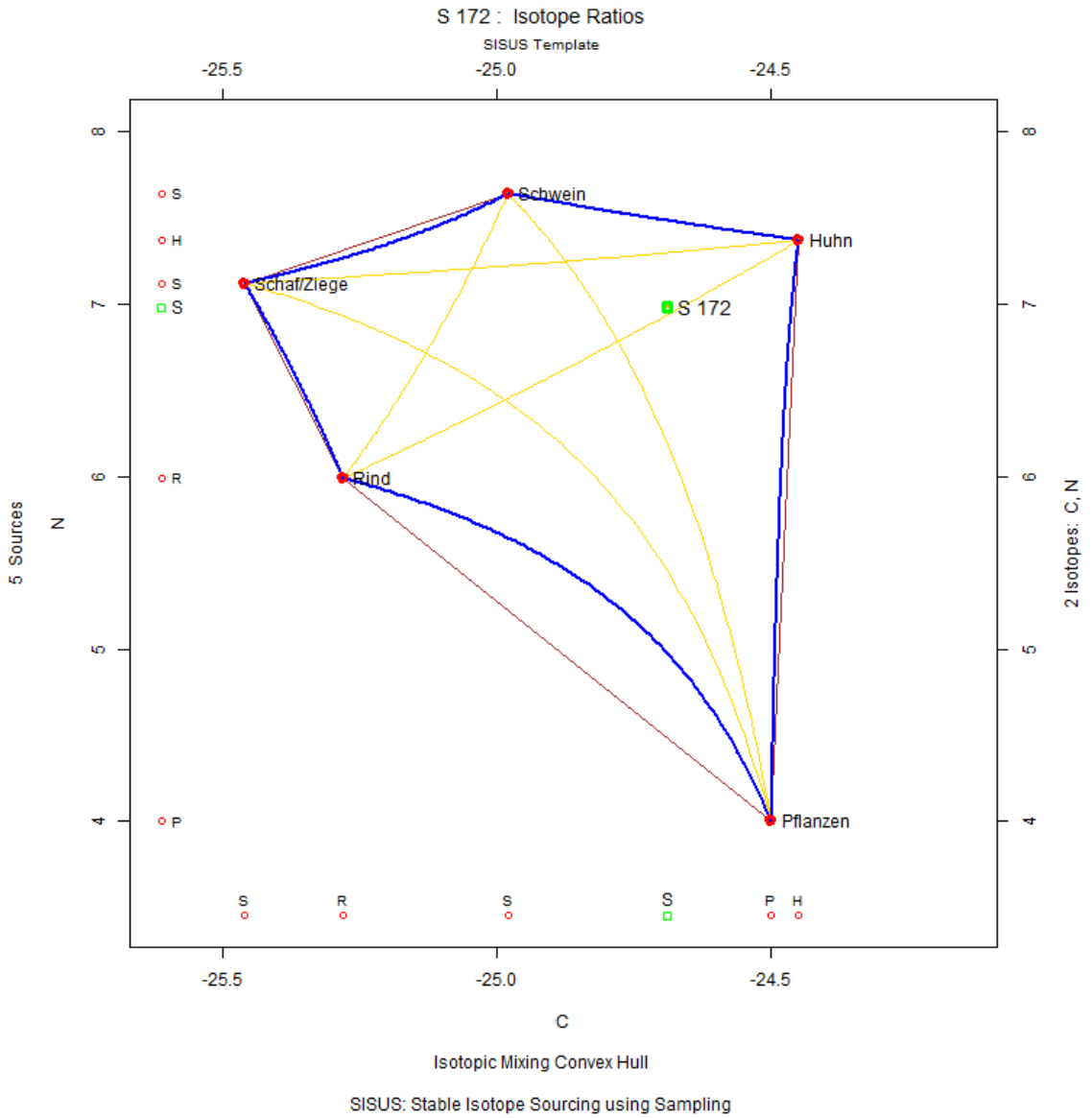


Abbildung 1650: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 172. Erstellt mit SISUS.

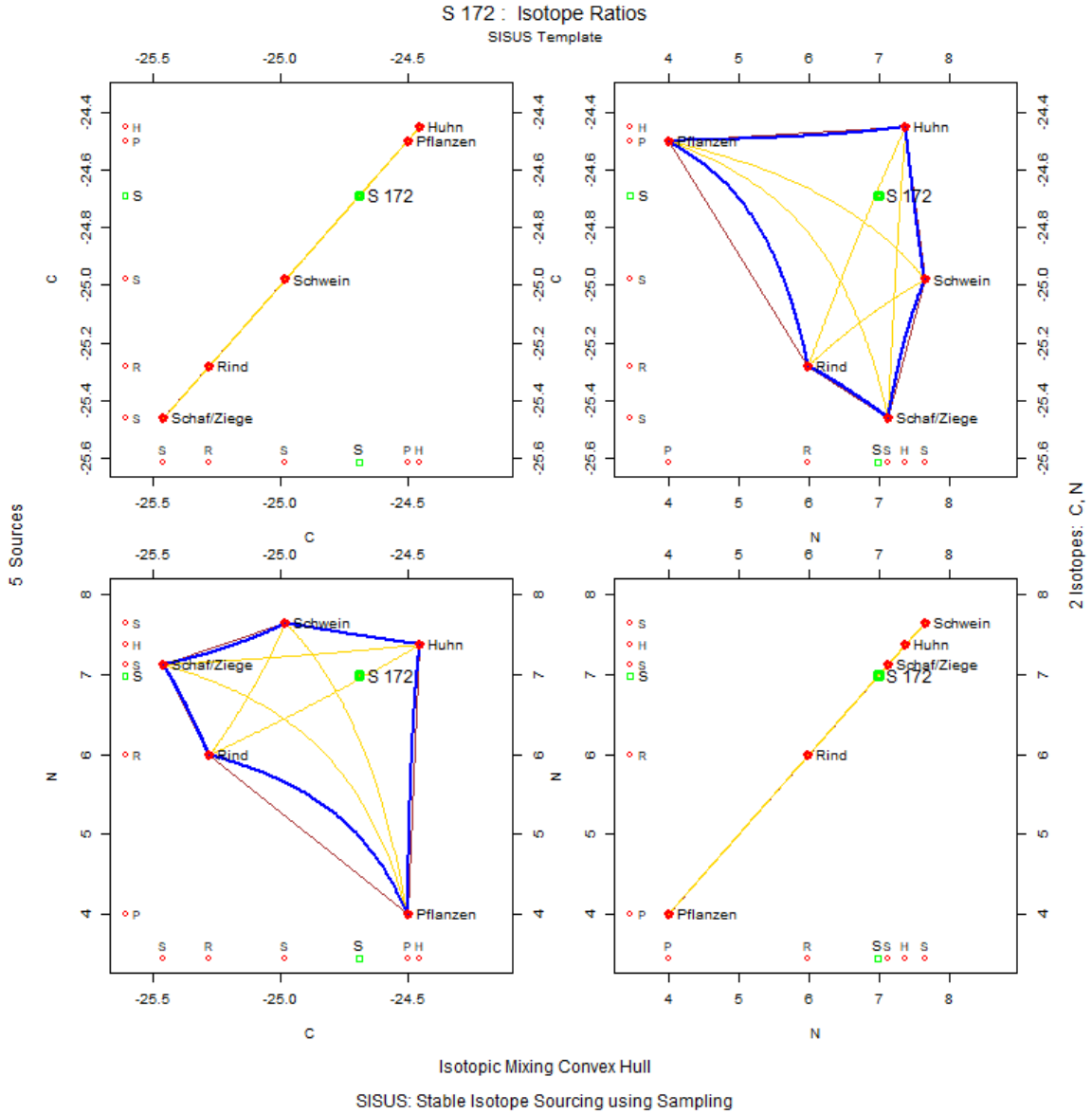


Abbildung 1651: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 172 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

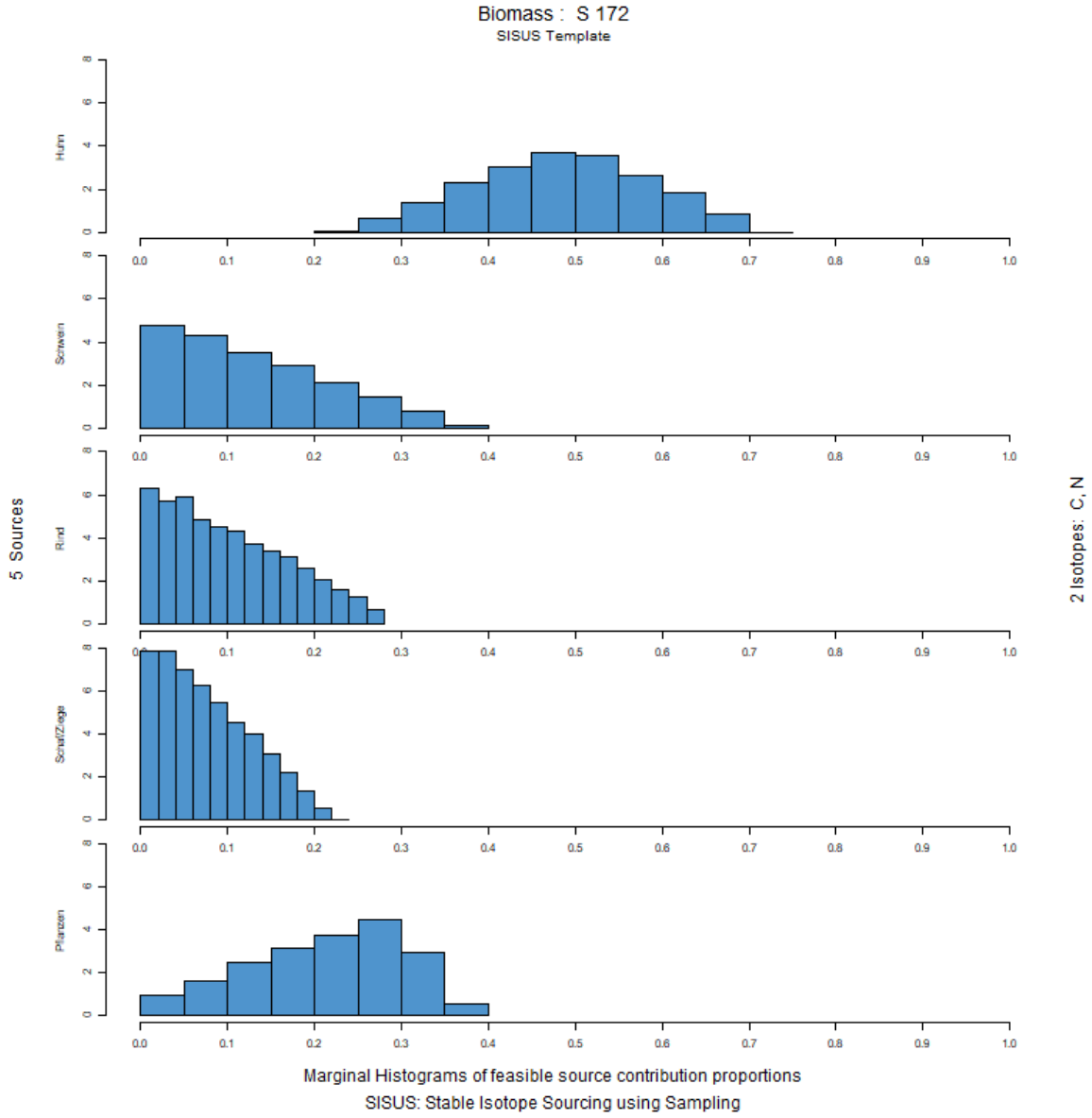


Abbildung 1652: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 172. Erstellt mit SISUS.

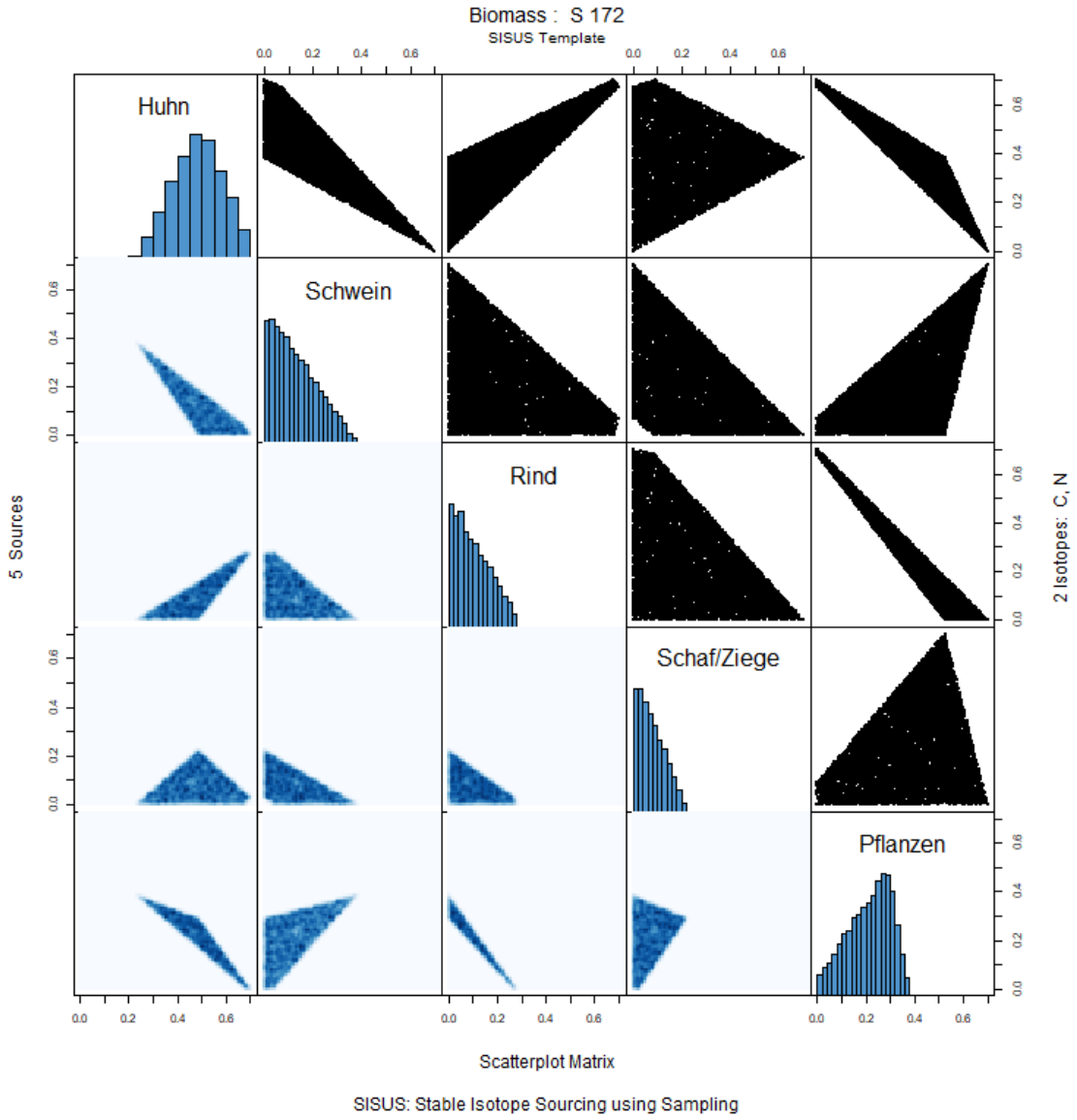


Abbildung 1653: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 172. Erstellt mit SISUS.

S182

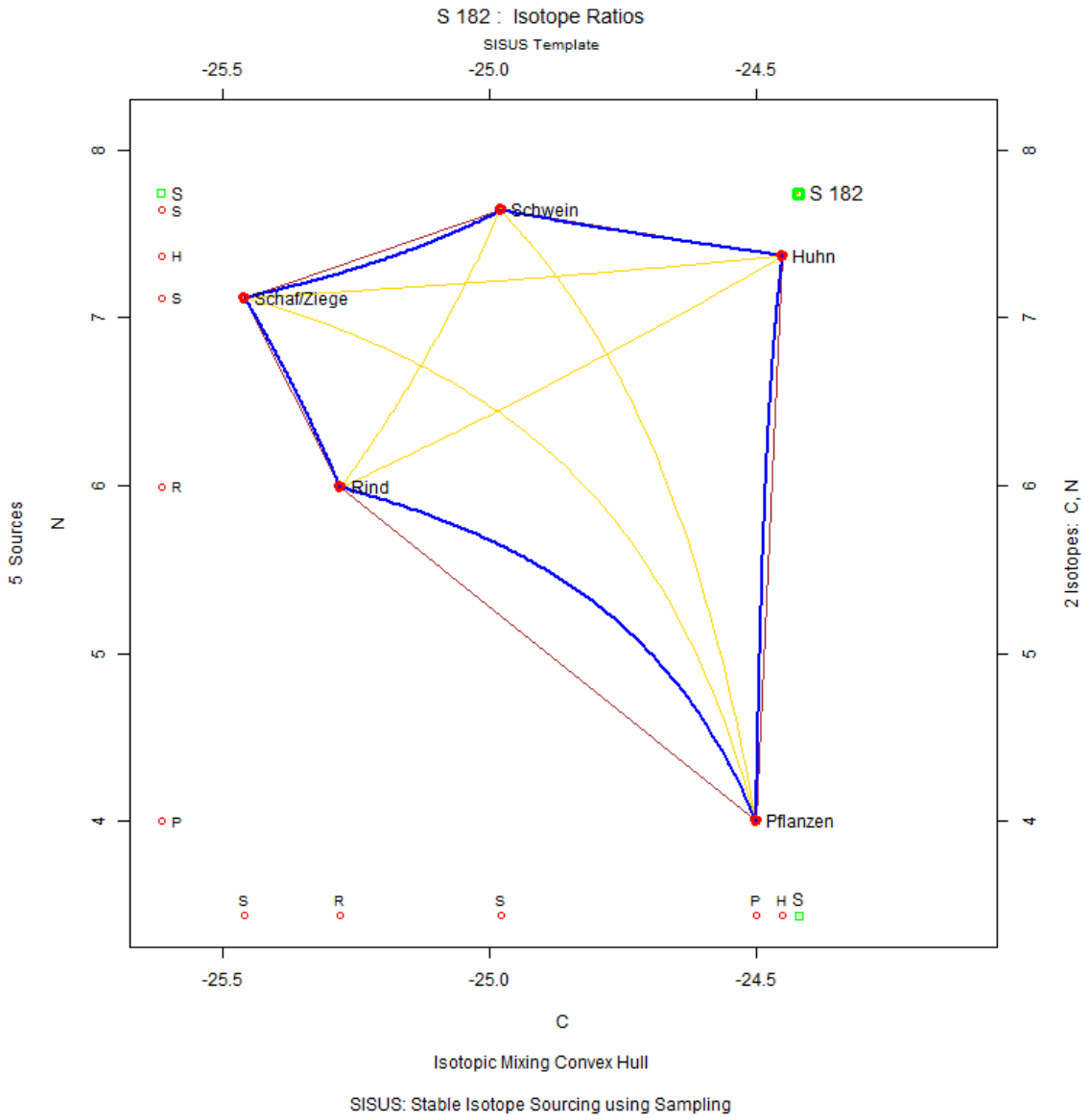


Abbildung 1654: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 182. Erstellt mit SISUS.

S228

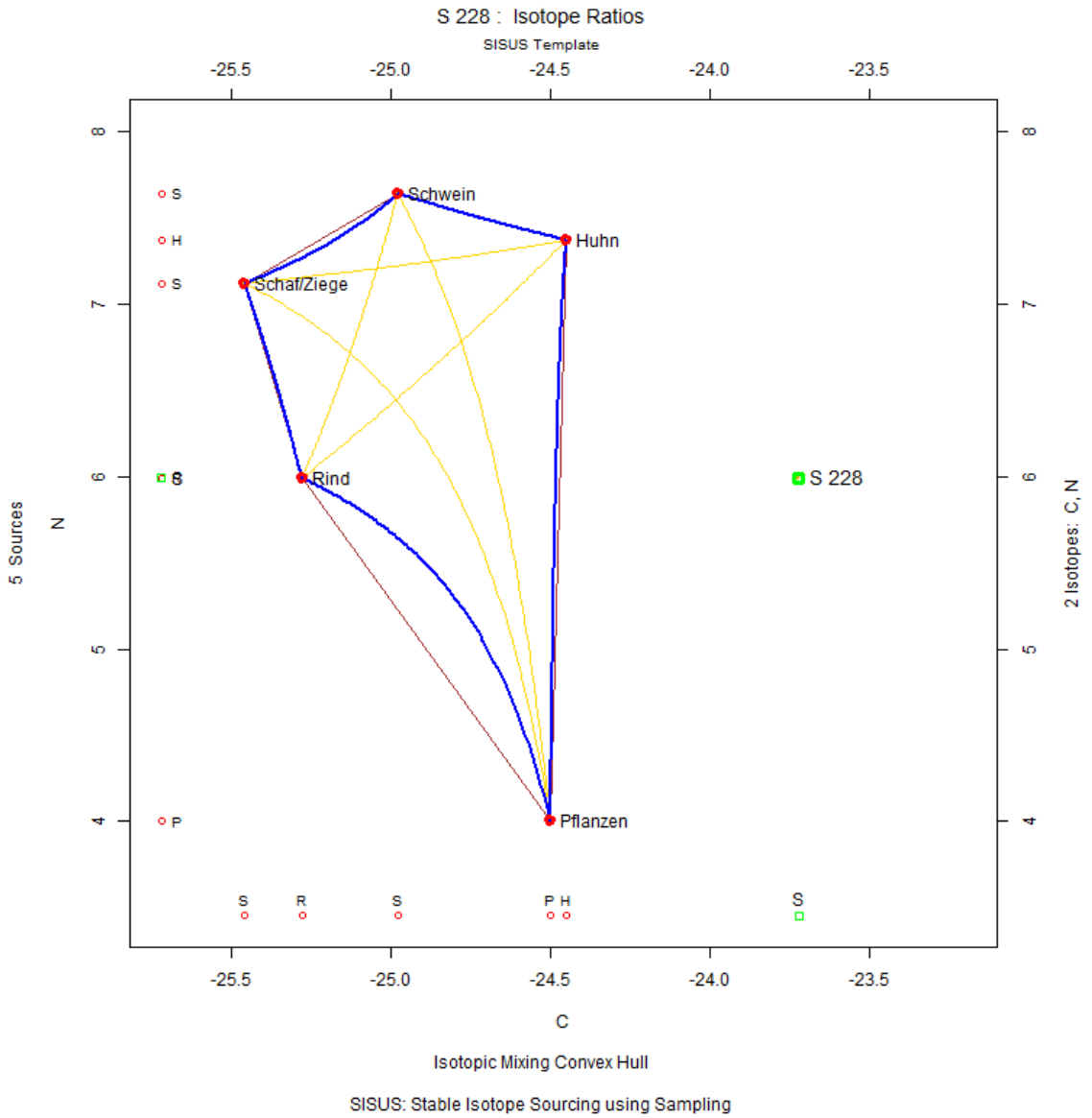


Abbildung 1655: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 228. Erstellt mit SISUS.

S233

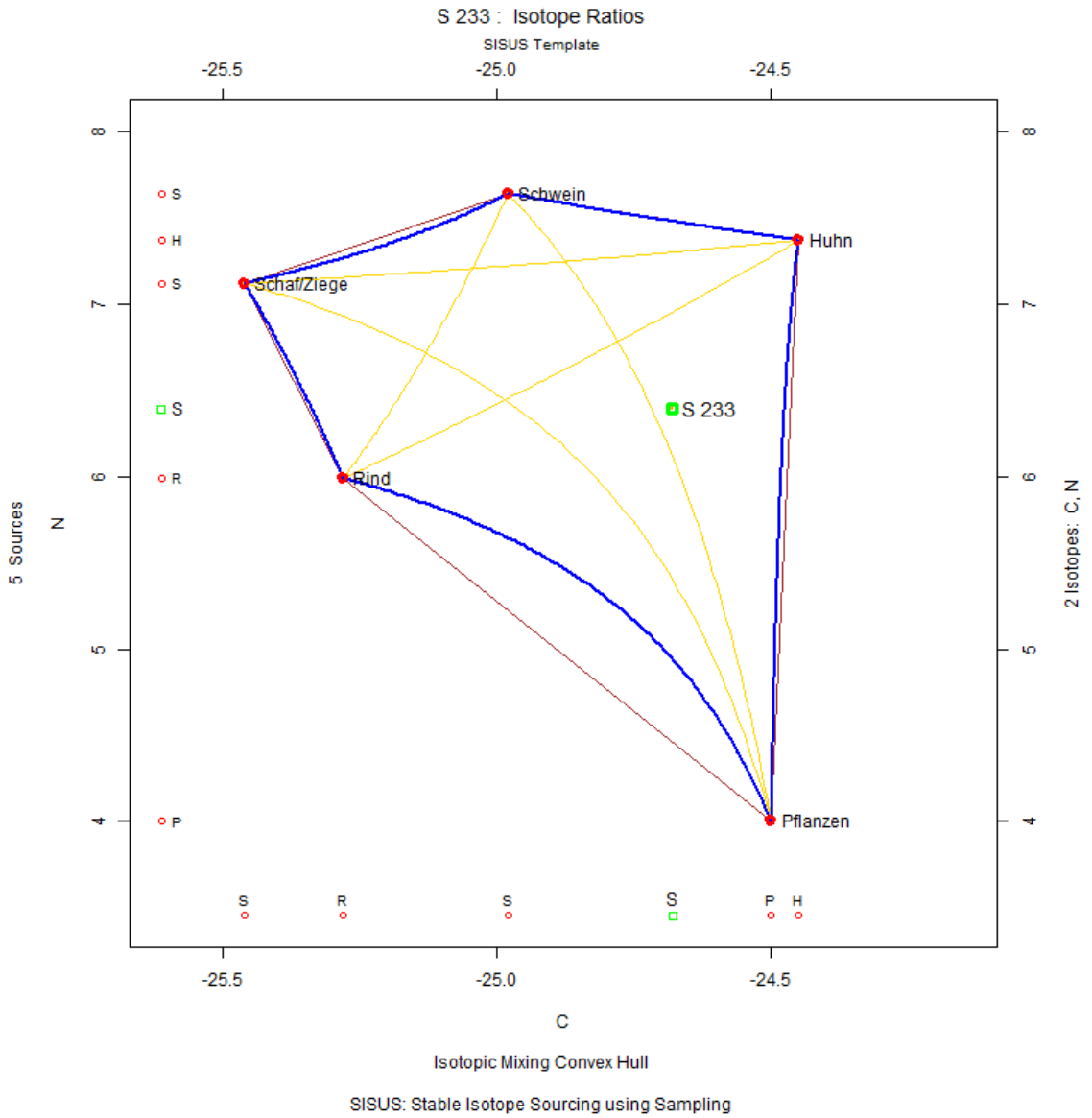


Abbildung 1656: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 233. Erstellt mit SISUS.

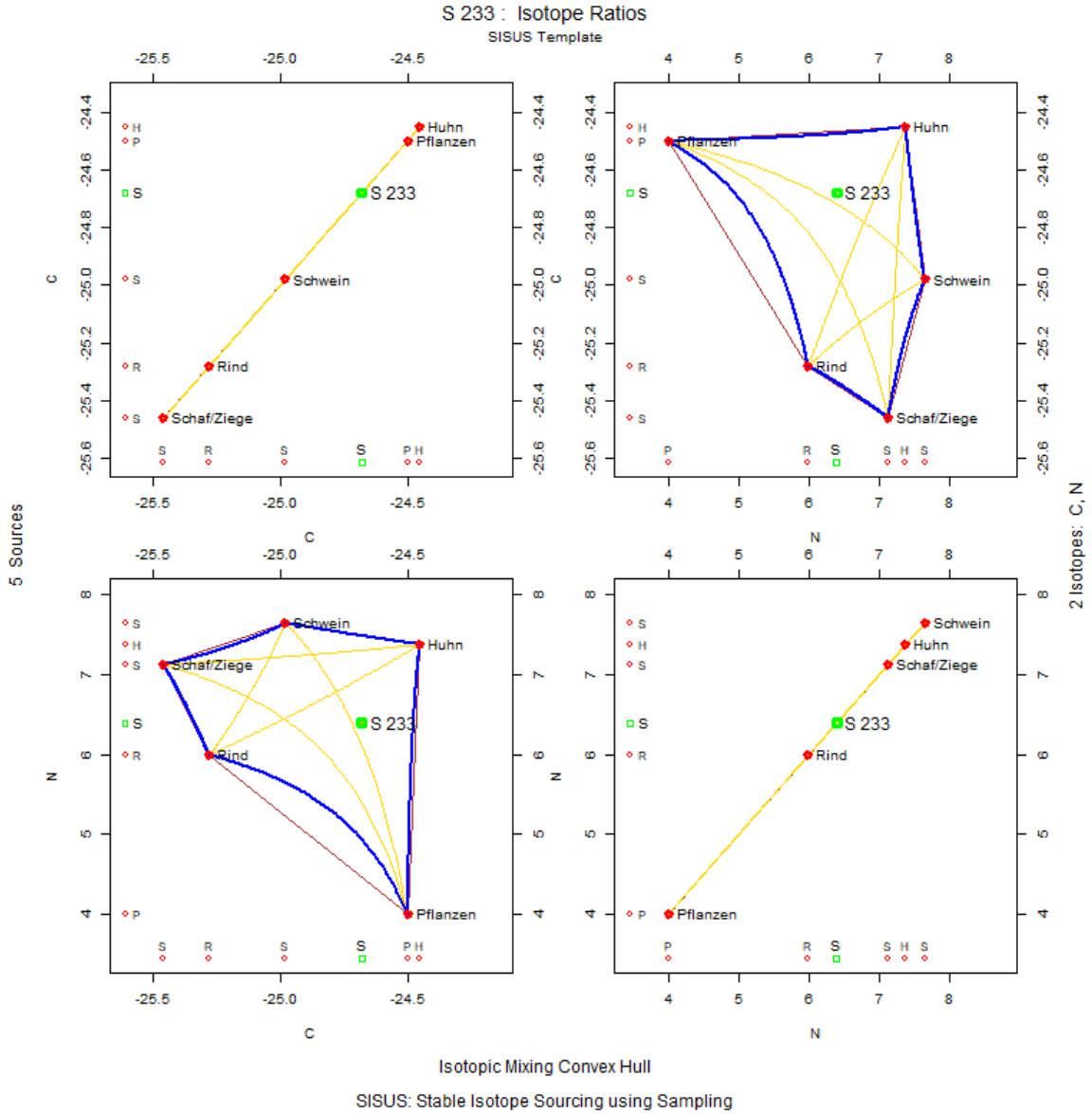


Abbildung 1657: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 233 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

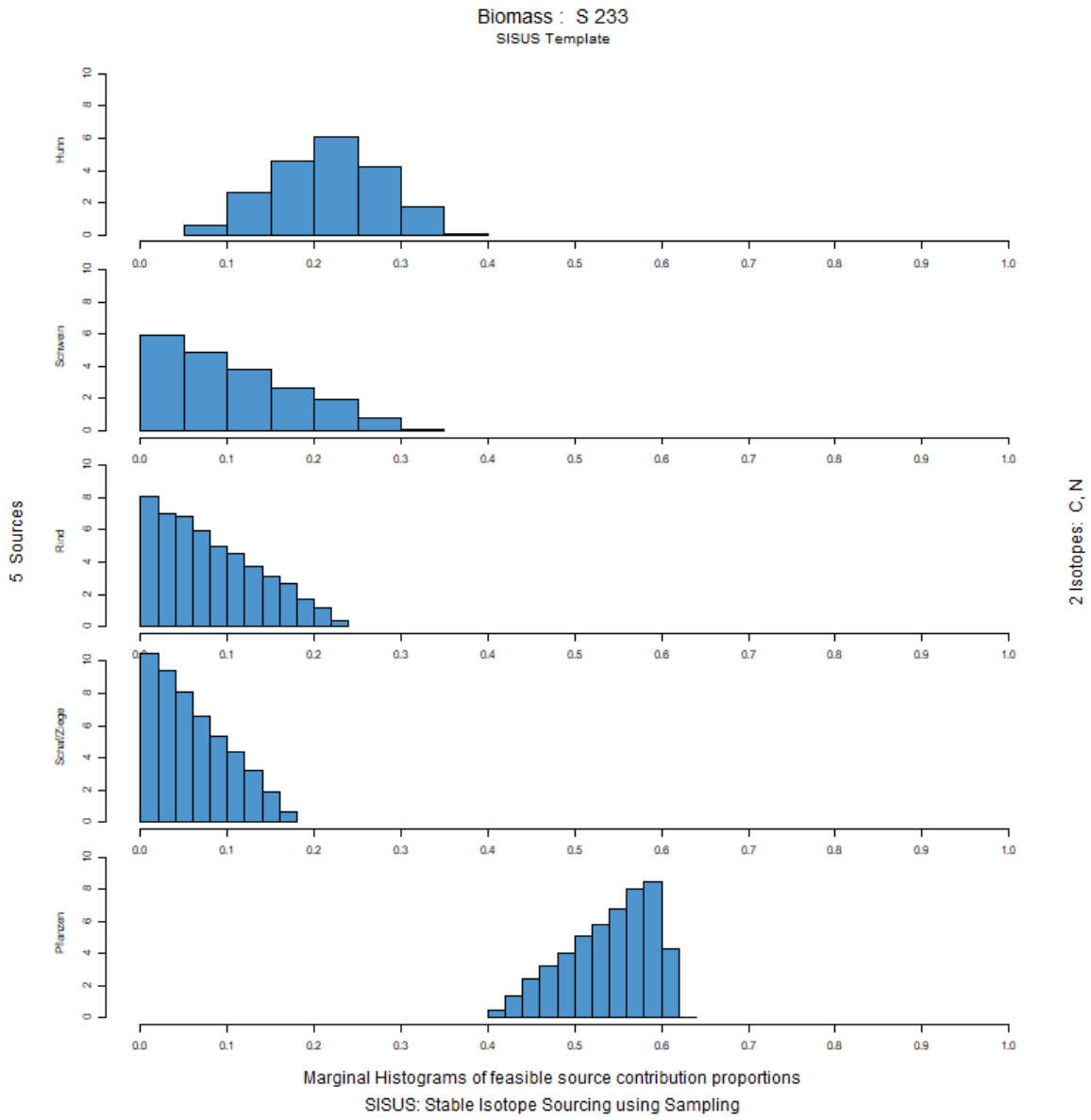


Abbildung 1658: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 233. Erstellt mit SISUS.

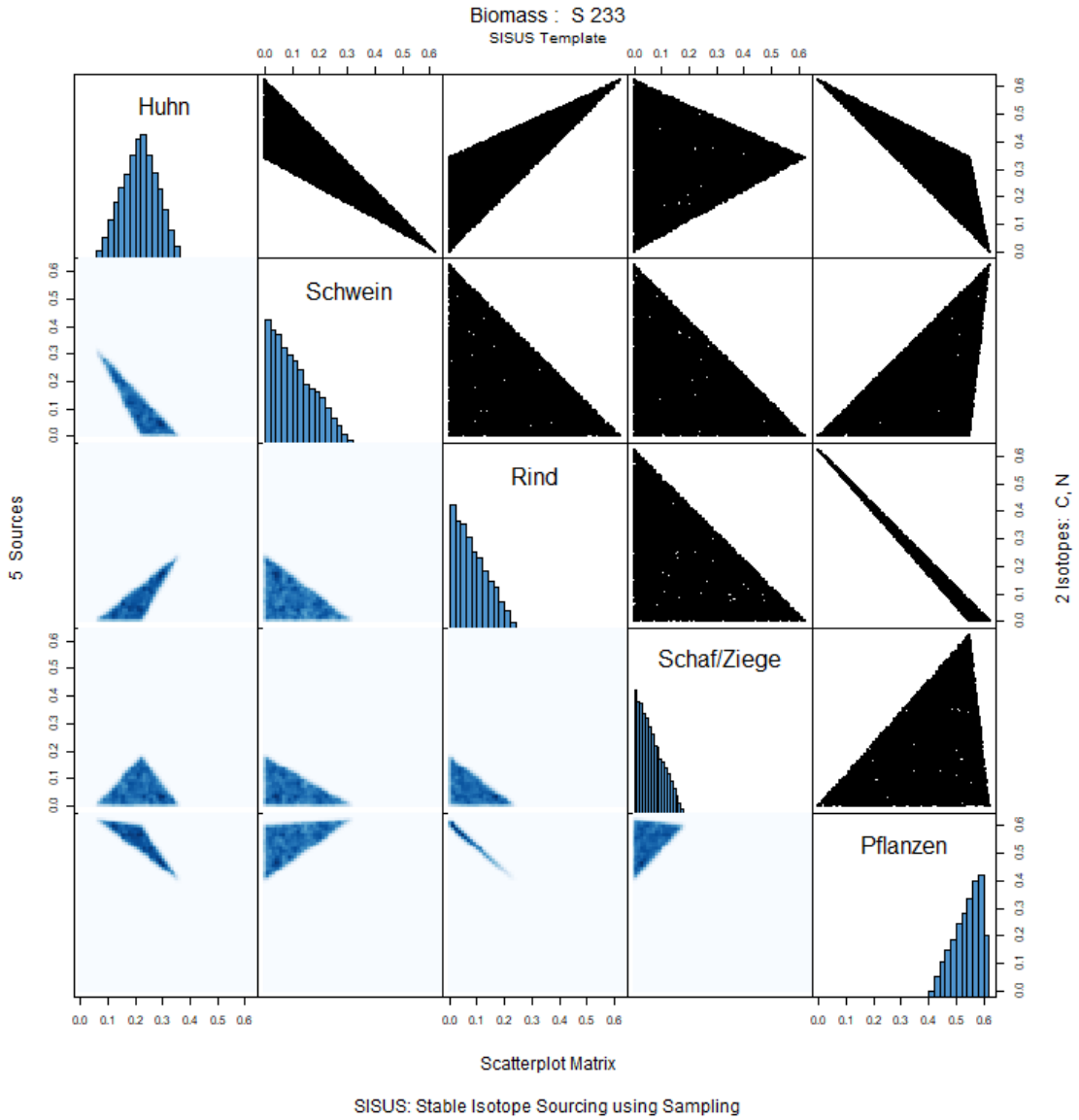


Abbildung 1659: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 233. Erstellt mit SISUS.

S235

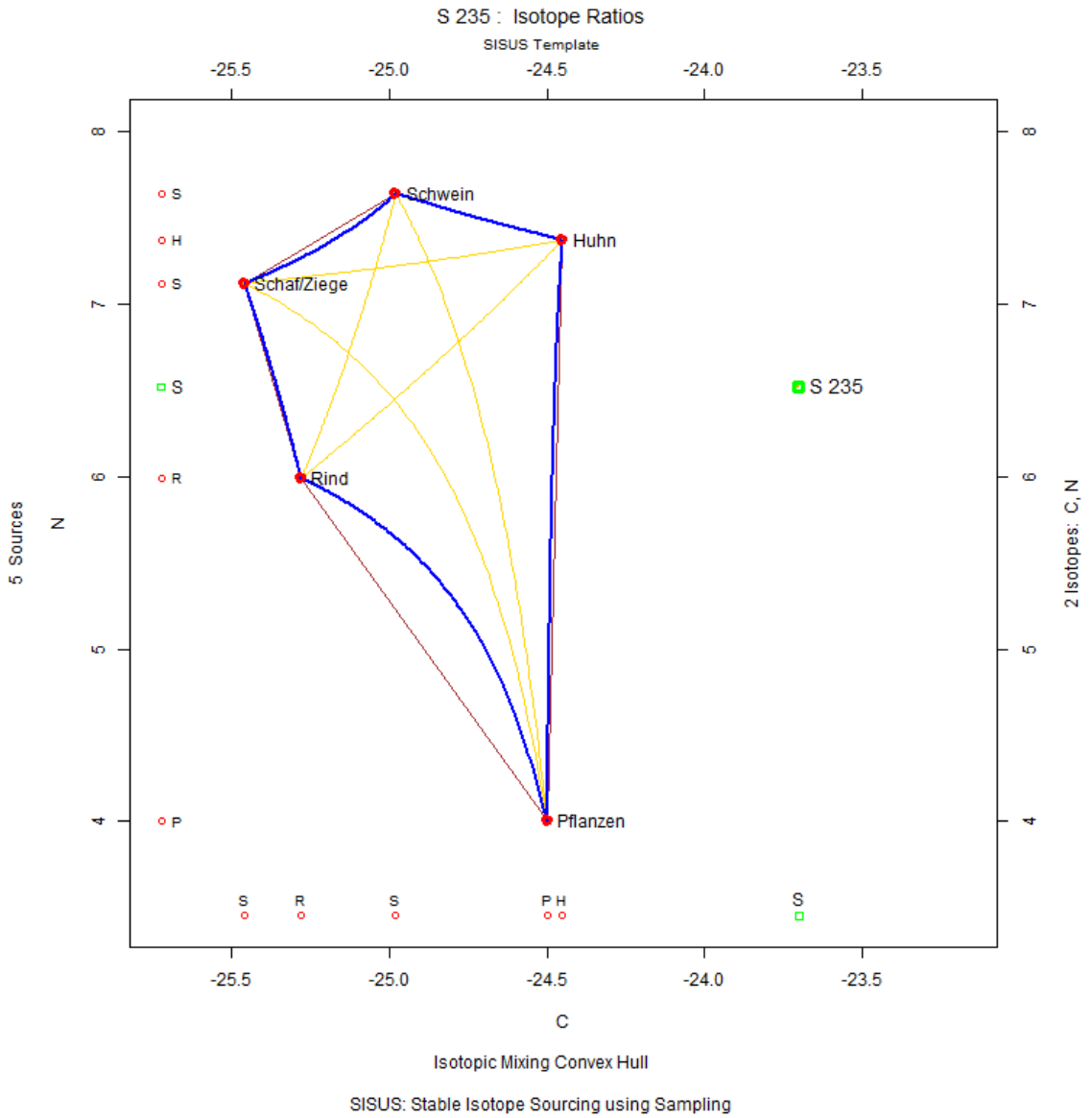


Abbildung 1660: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 235. Erstellt mit SISUS.

S236

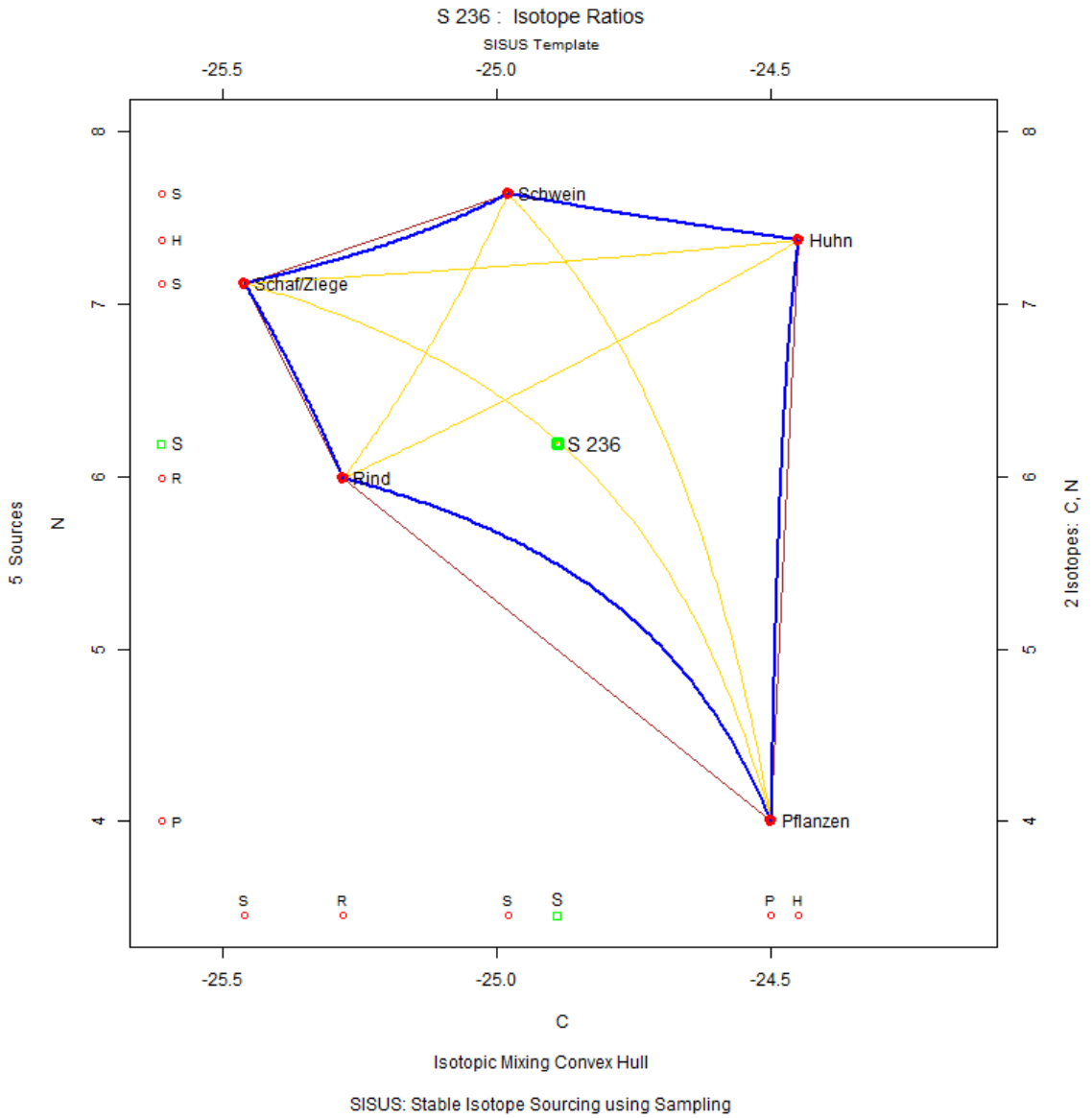


Abbildung 1661: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 236. Erstellt mit SISUS.

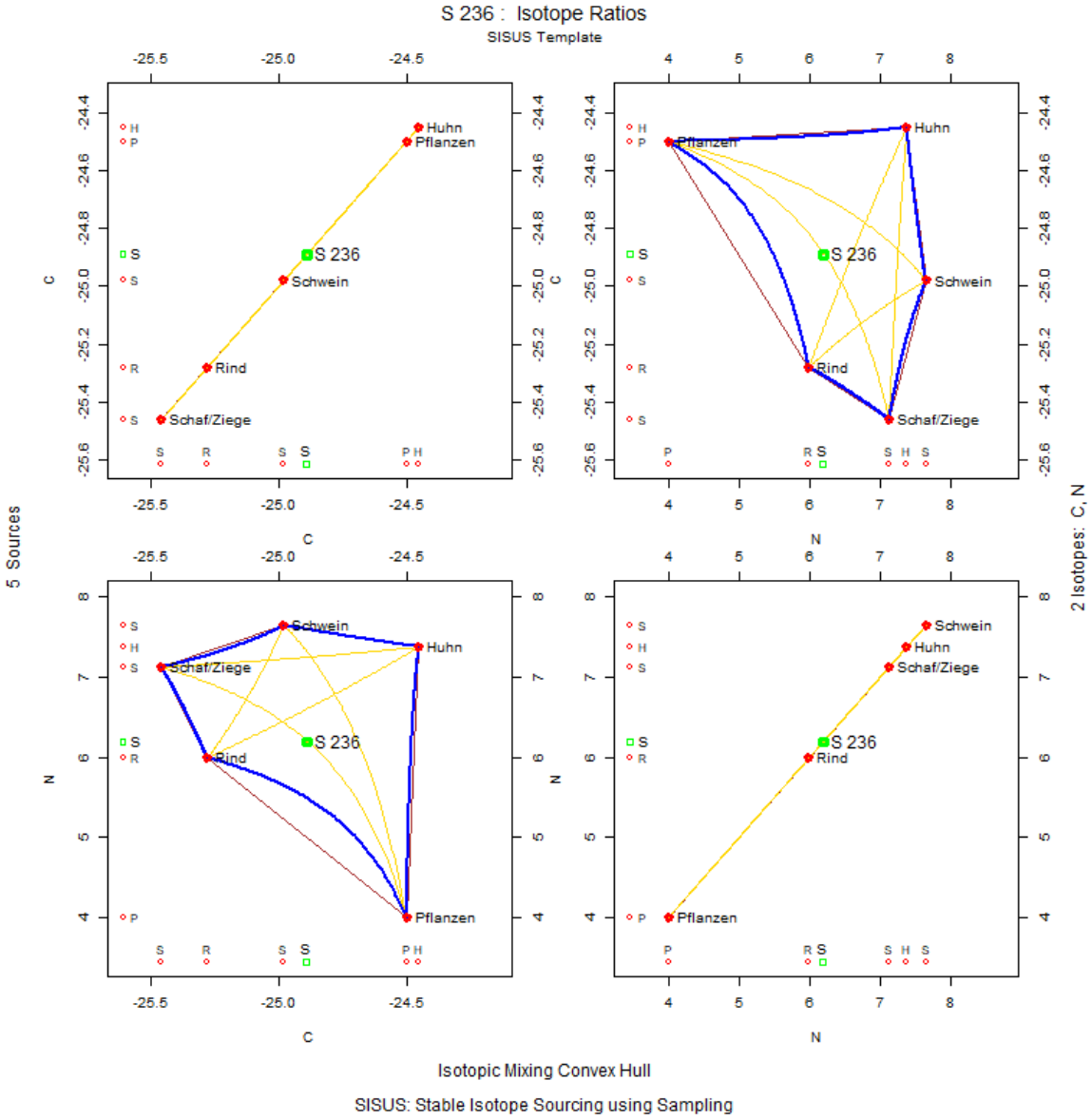


Abbildung 1662: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 236 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

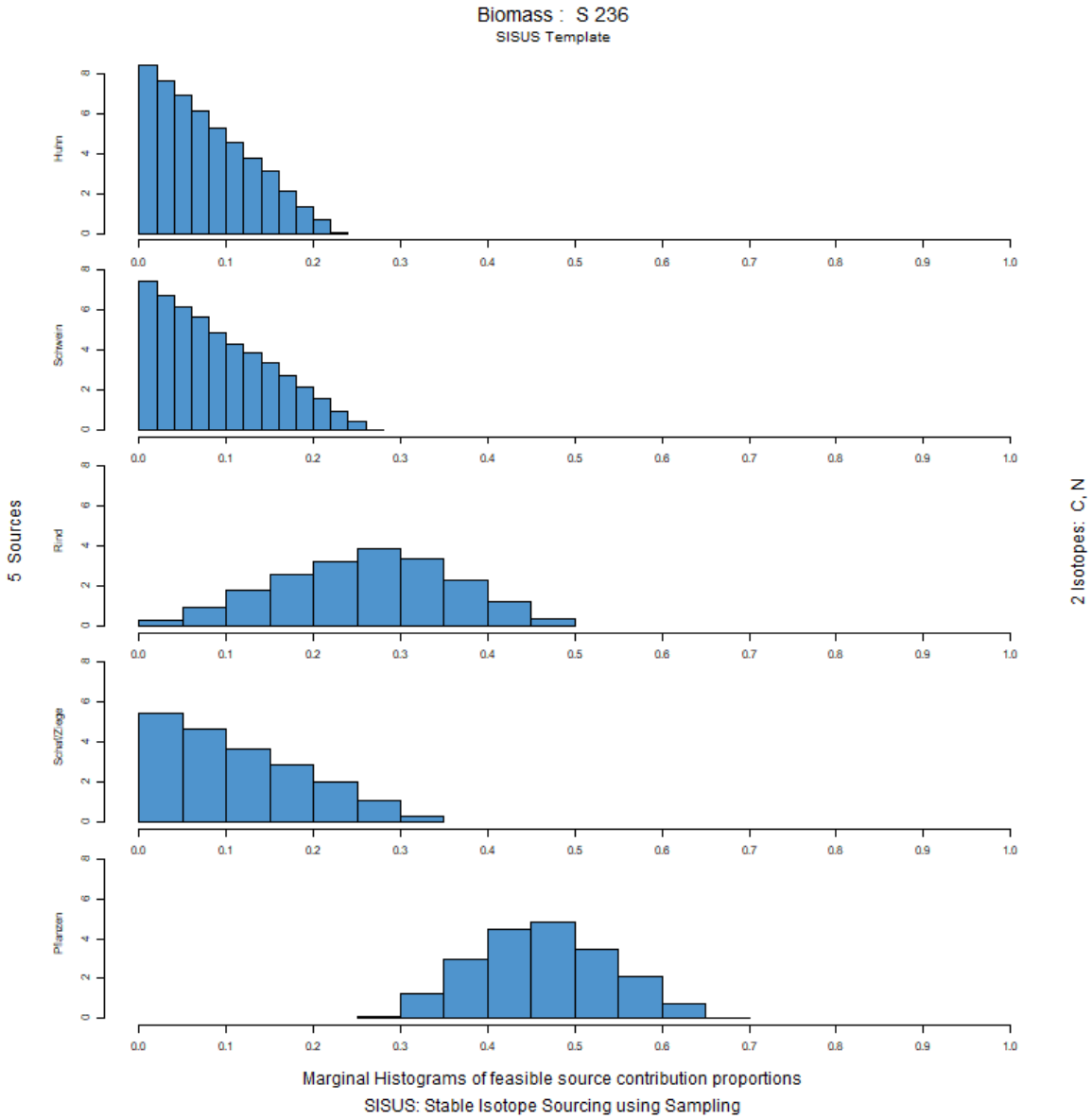


Abbildung 1663: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 236. Erstellt mit SISUS.

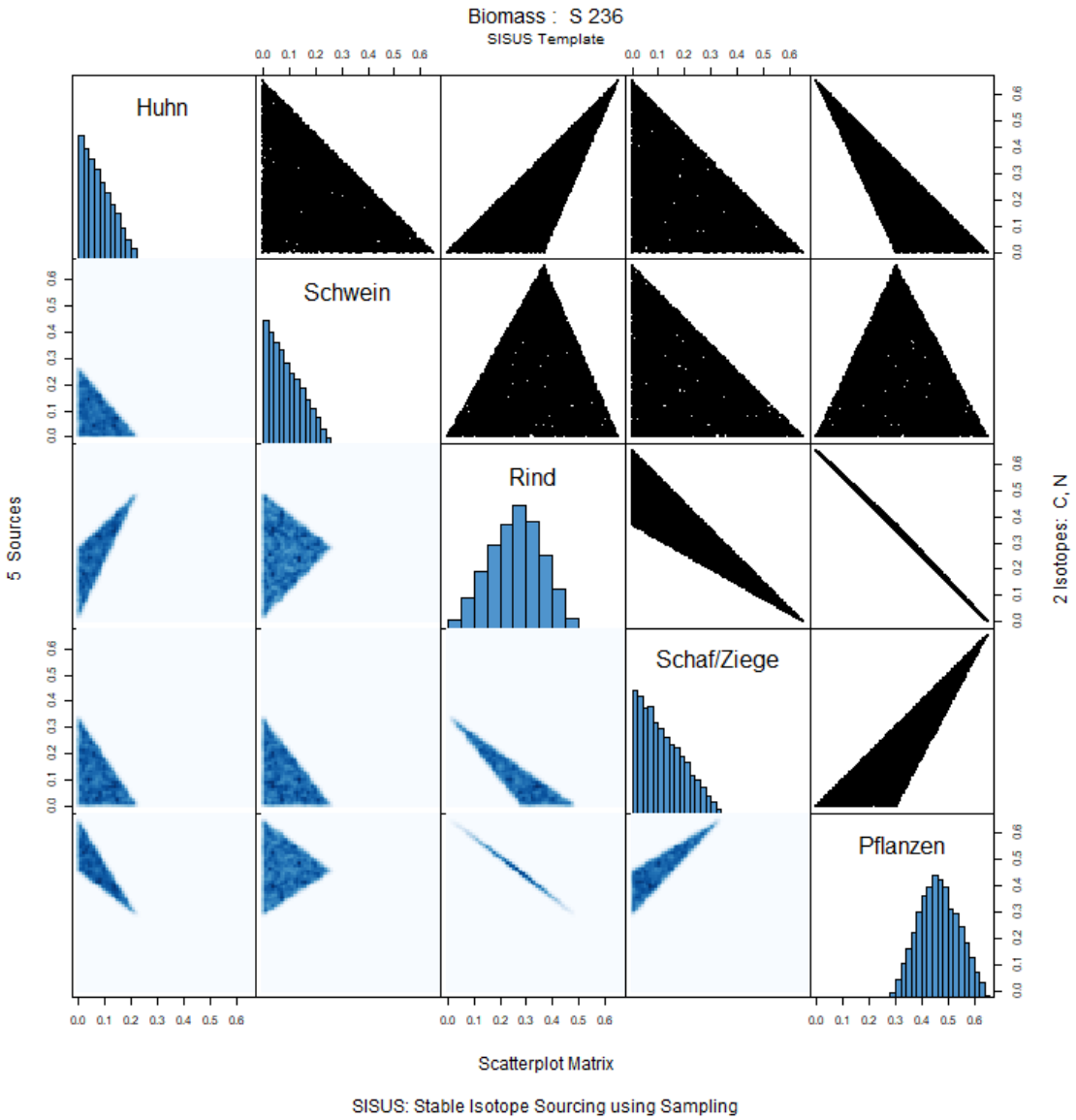


Abbildung 1664: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 236. Erstellt mit SISUS.

S240

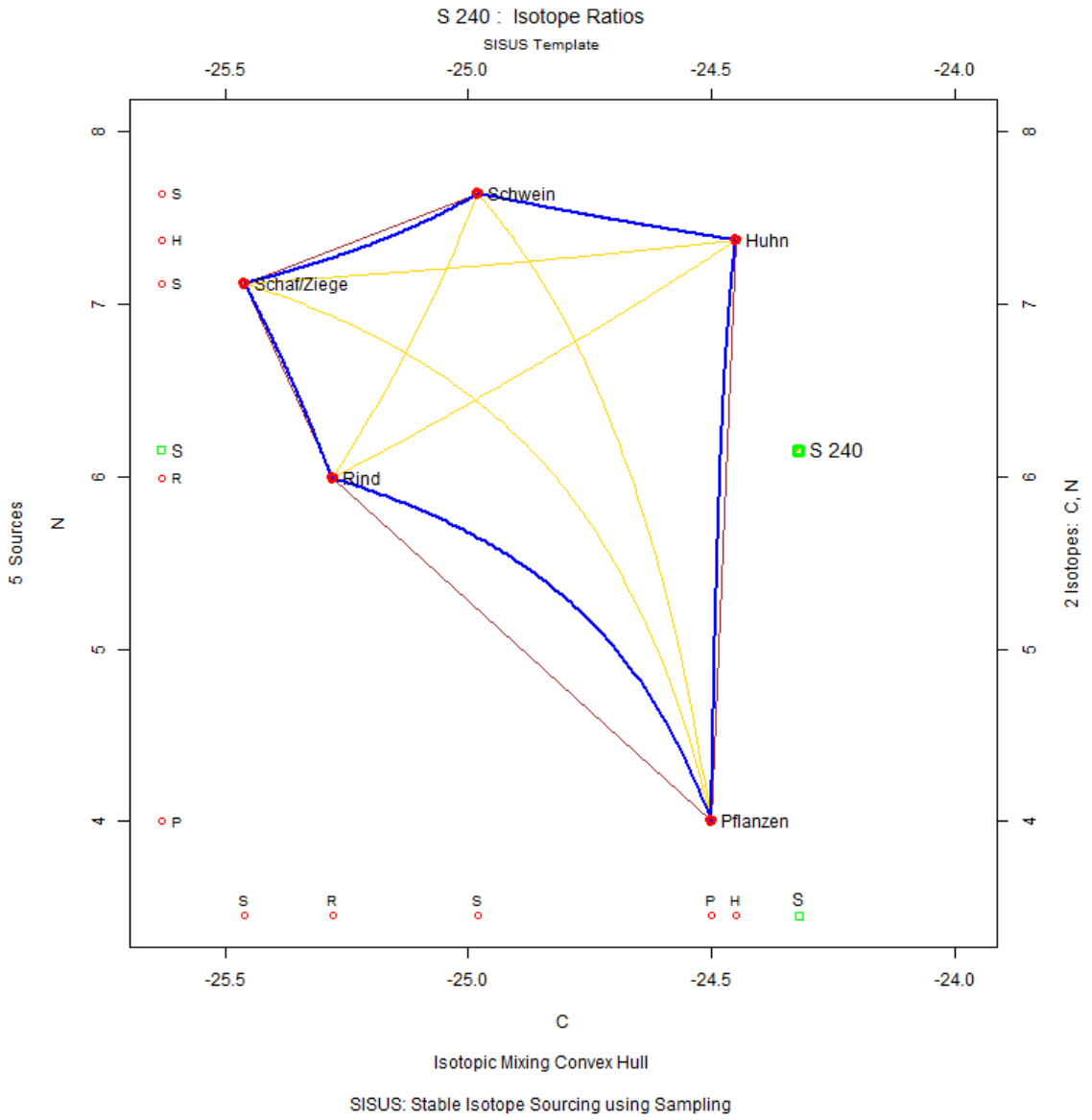


Abbildung 1665: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 240. Erstellt mit SISUS.

S241

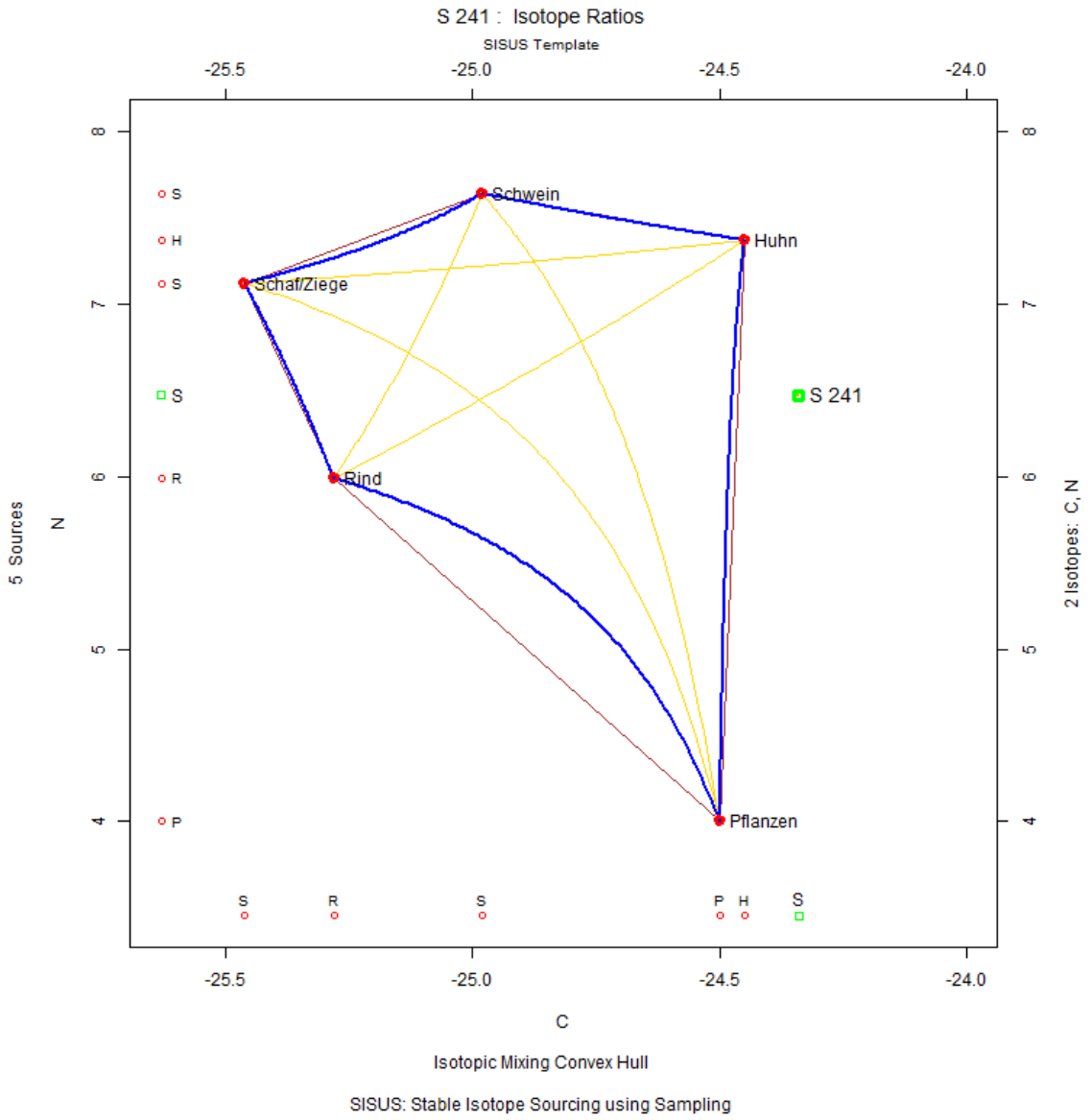


Abbildung 1666: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 241. Erstellt mit SISUS.

S243

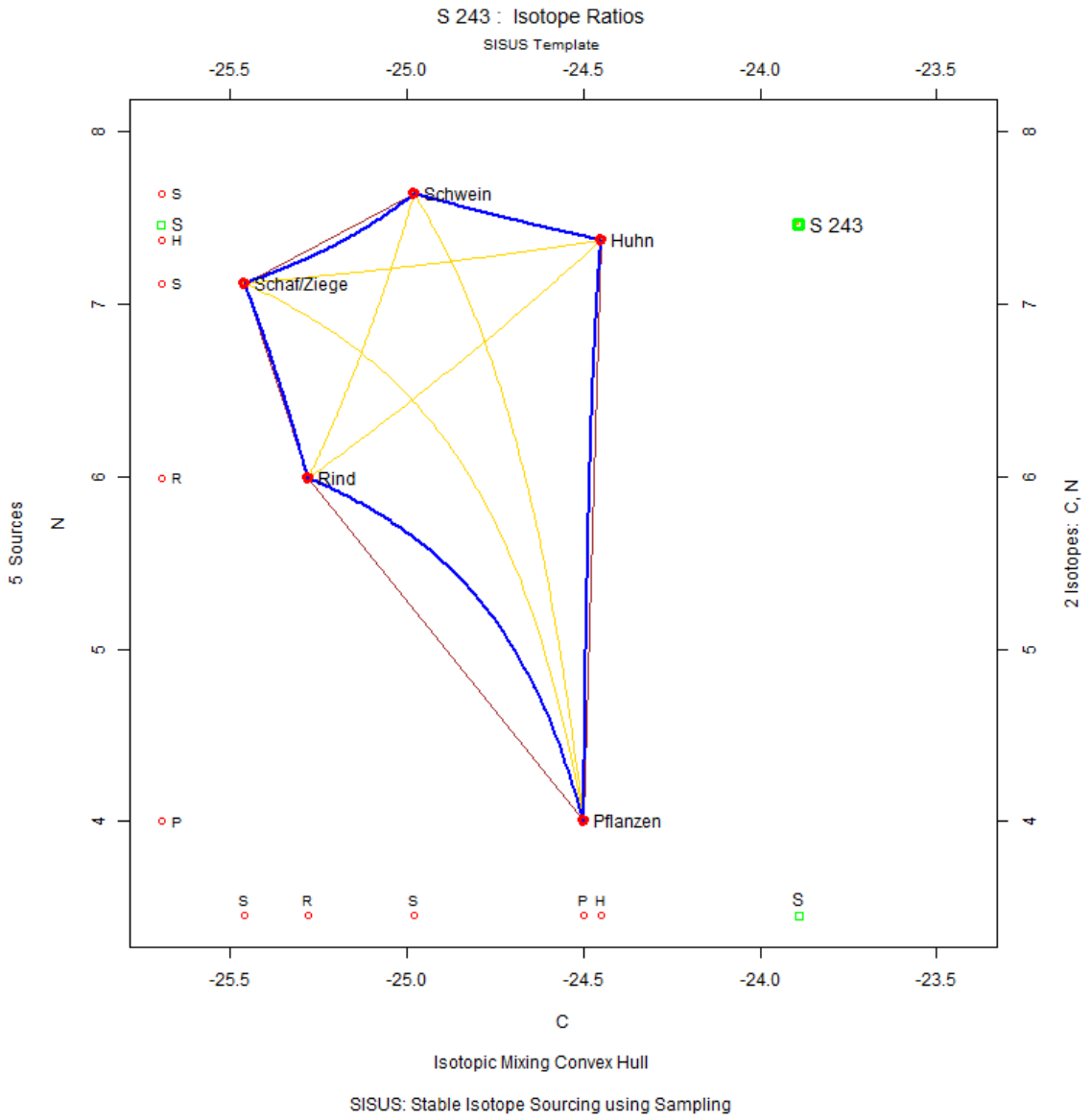


Abbildung 1667: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 243. Erstellt mit SISUS.

S246

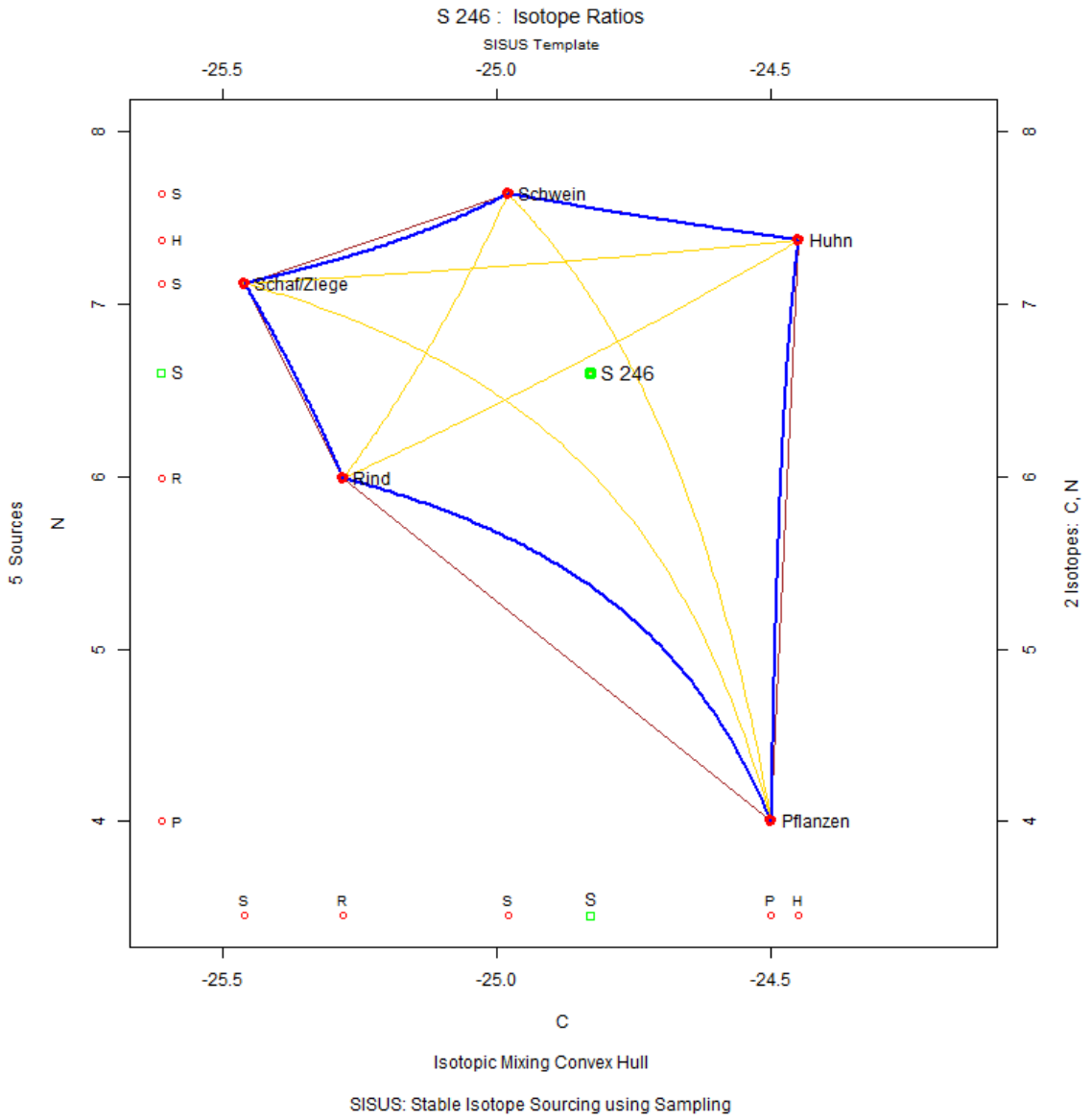


Abbildung 1668: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 246. Erstellt mit SISUS.

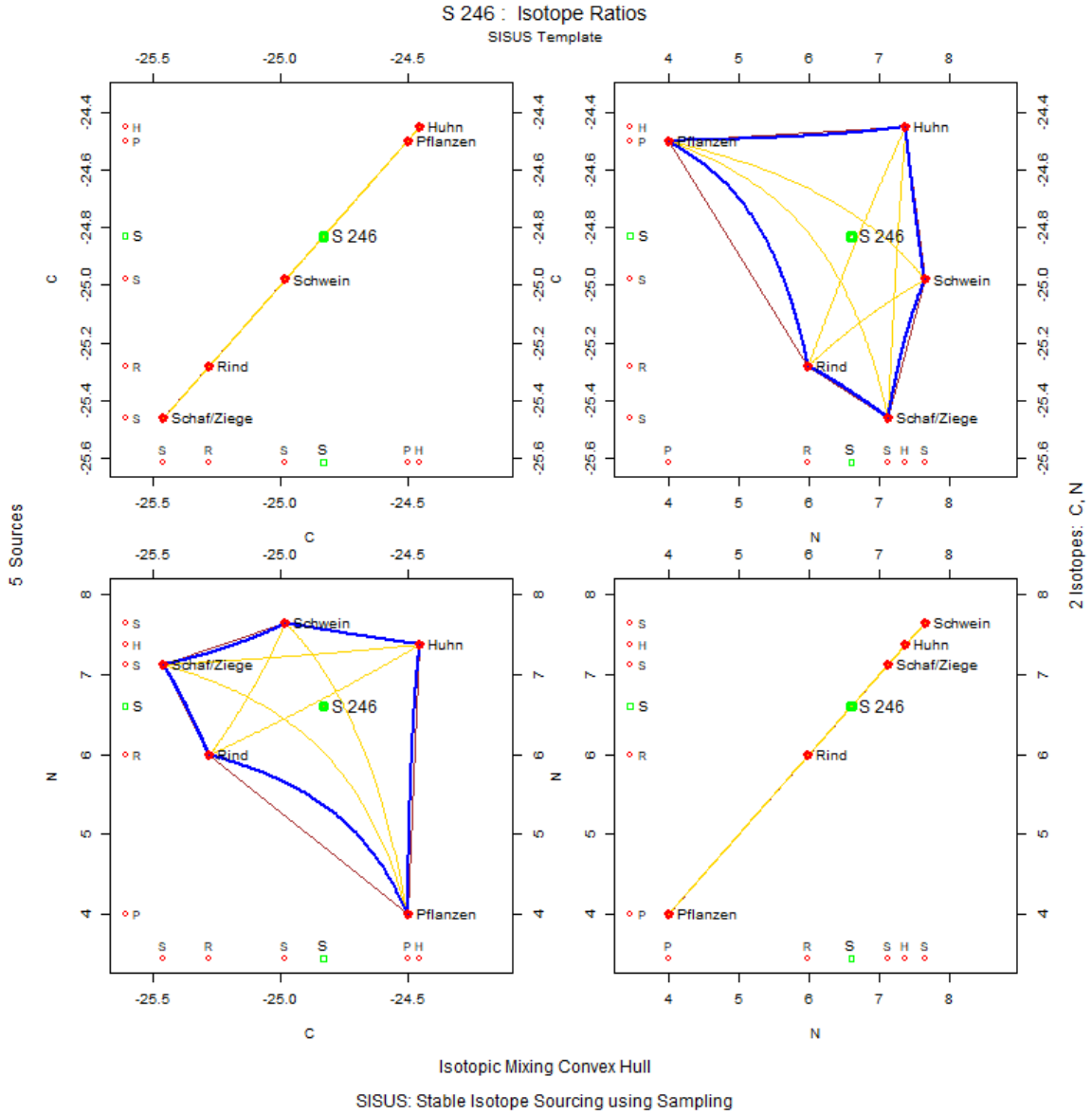


Abbildung 1669: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 246 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

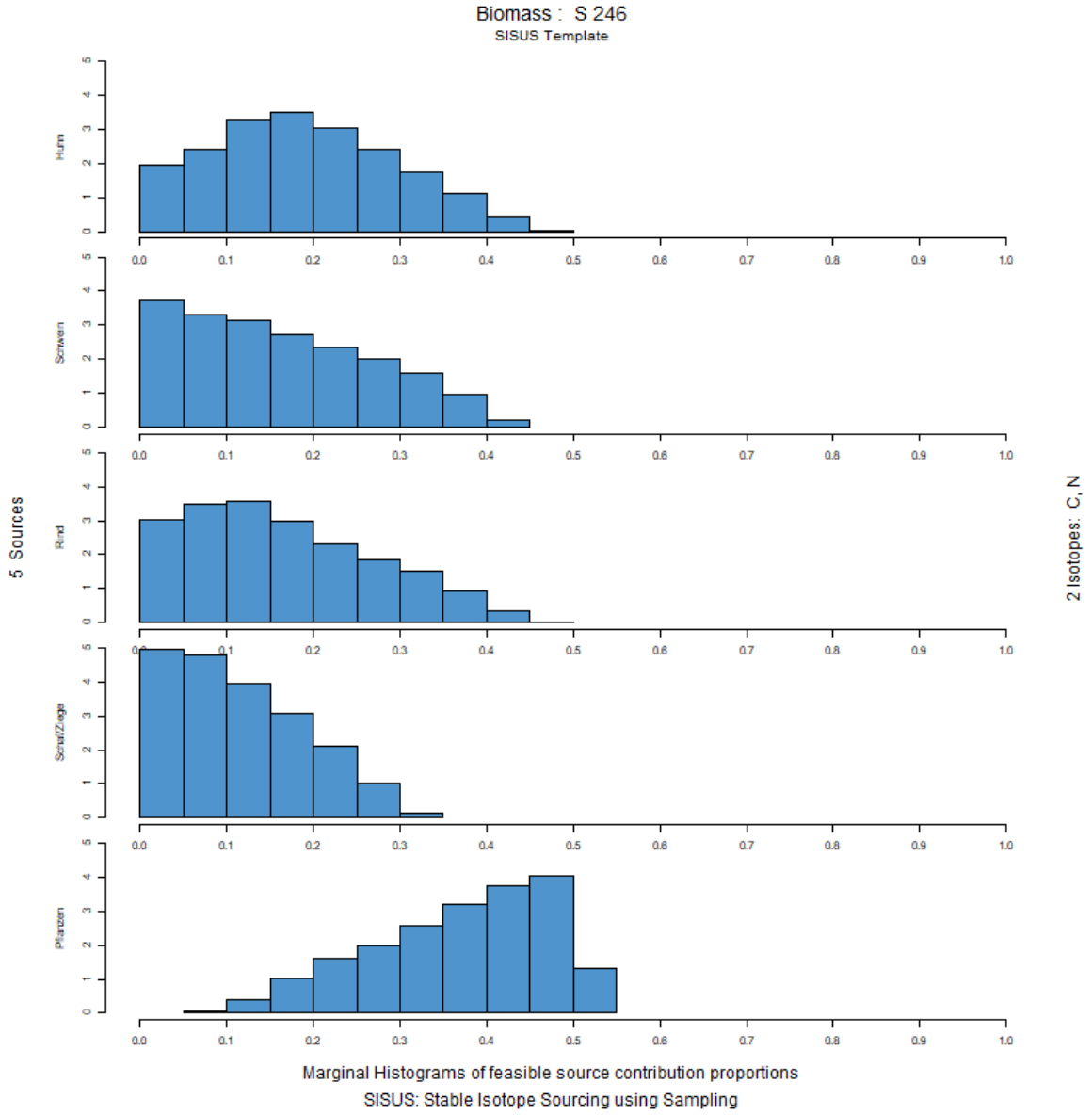


Abbildung 1670: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 246. Erstellt mit SISUS.

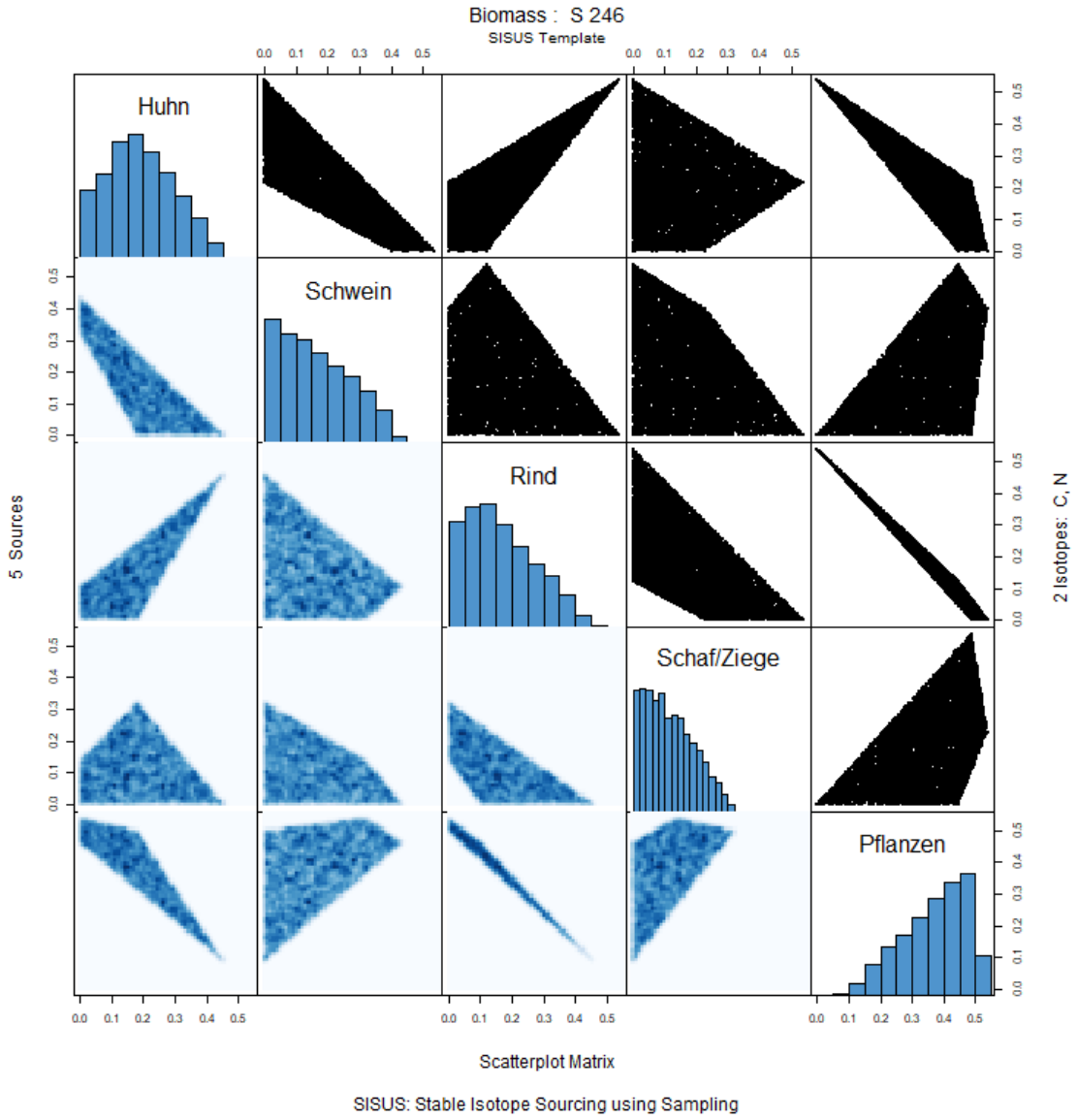


Abbildung 1671: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 246. Erstellt mit SISUS.

S248

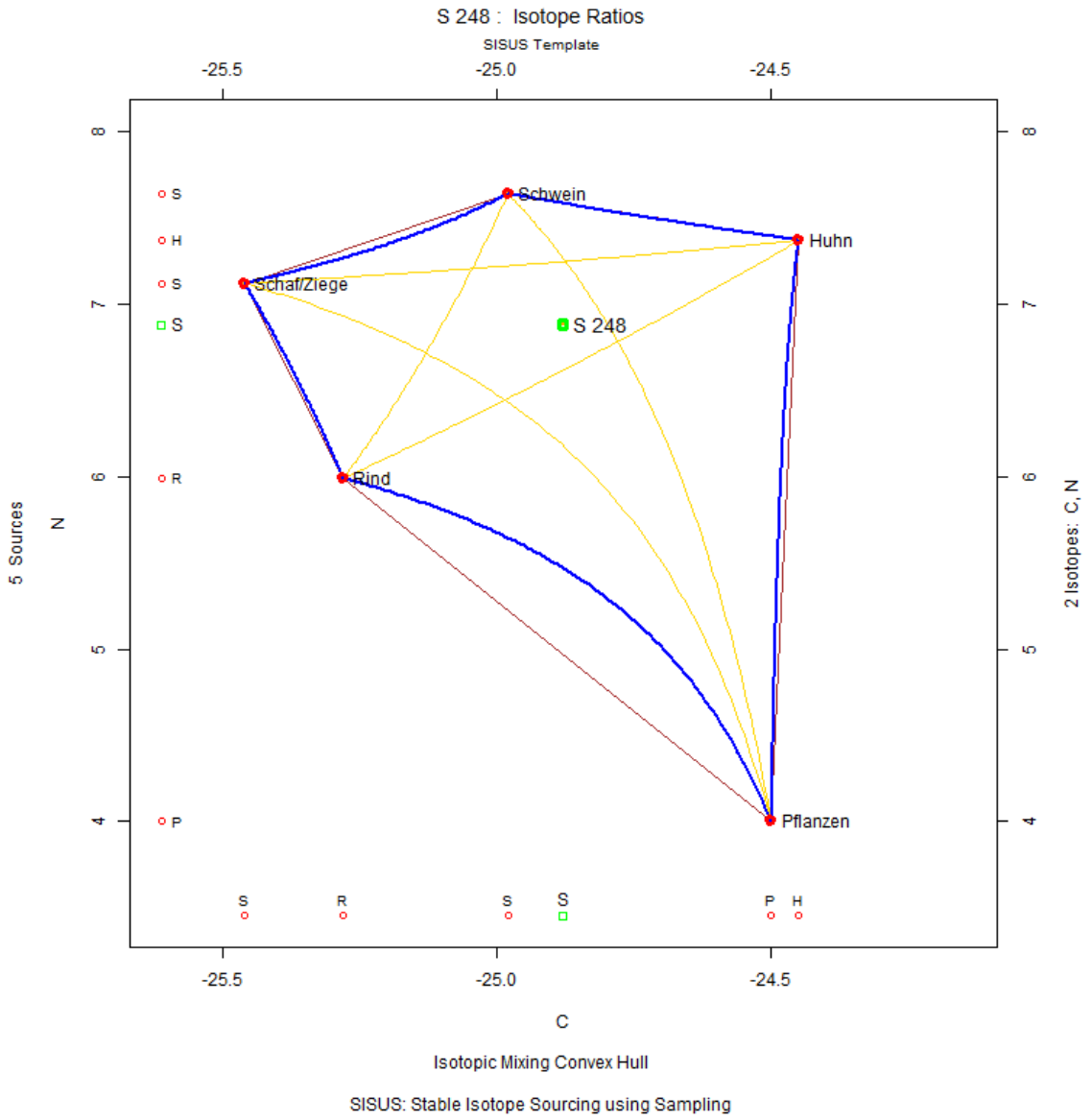


Abbildung 1672: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 248. Erstellt mit SISUS.

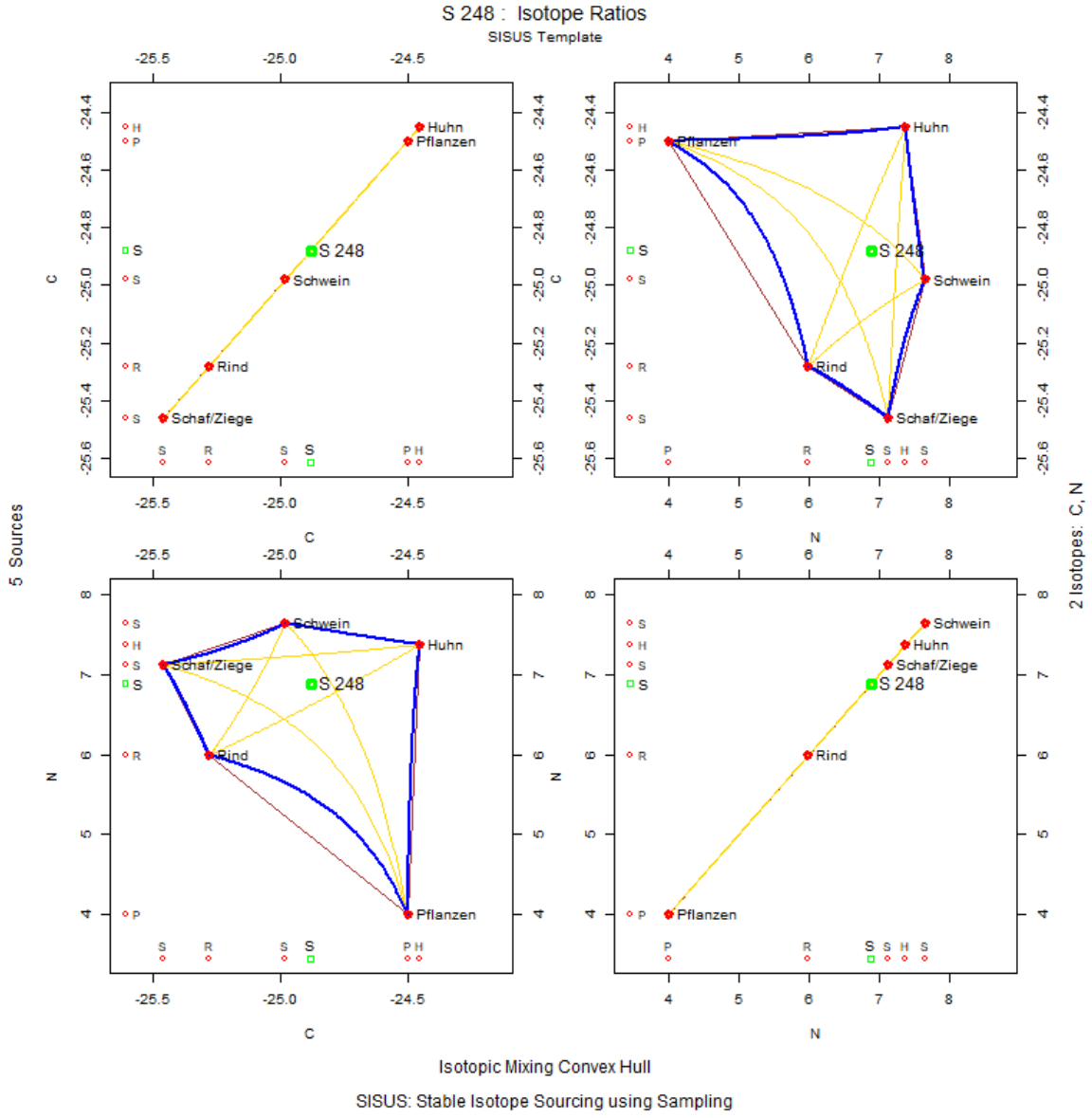


Abbildung 1673: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 248 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

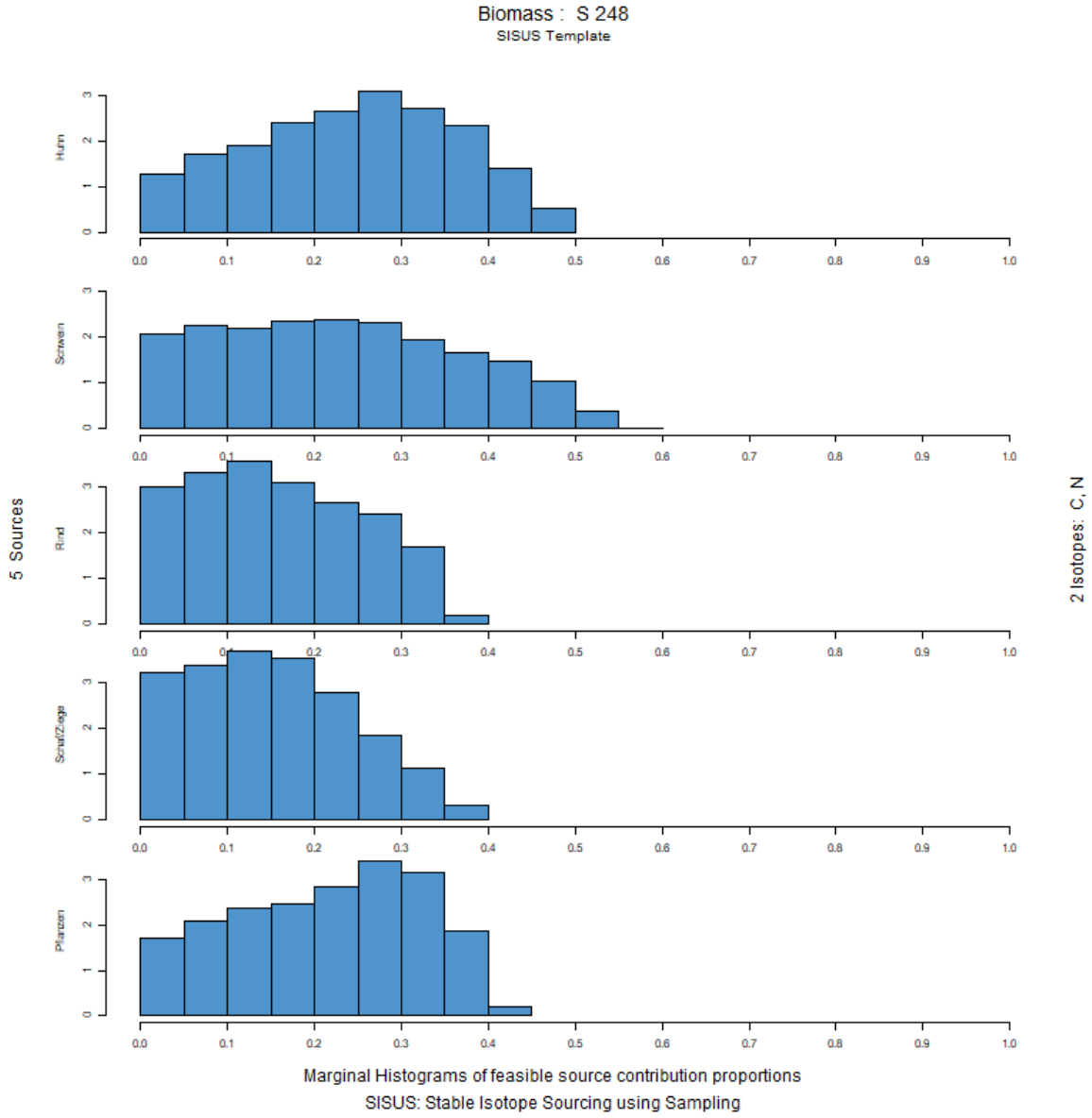


Abbildung 1674: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 248. Erstellt mit SISUS.

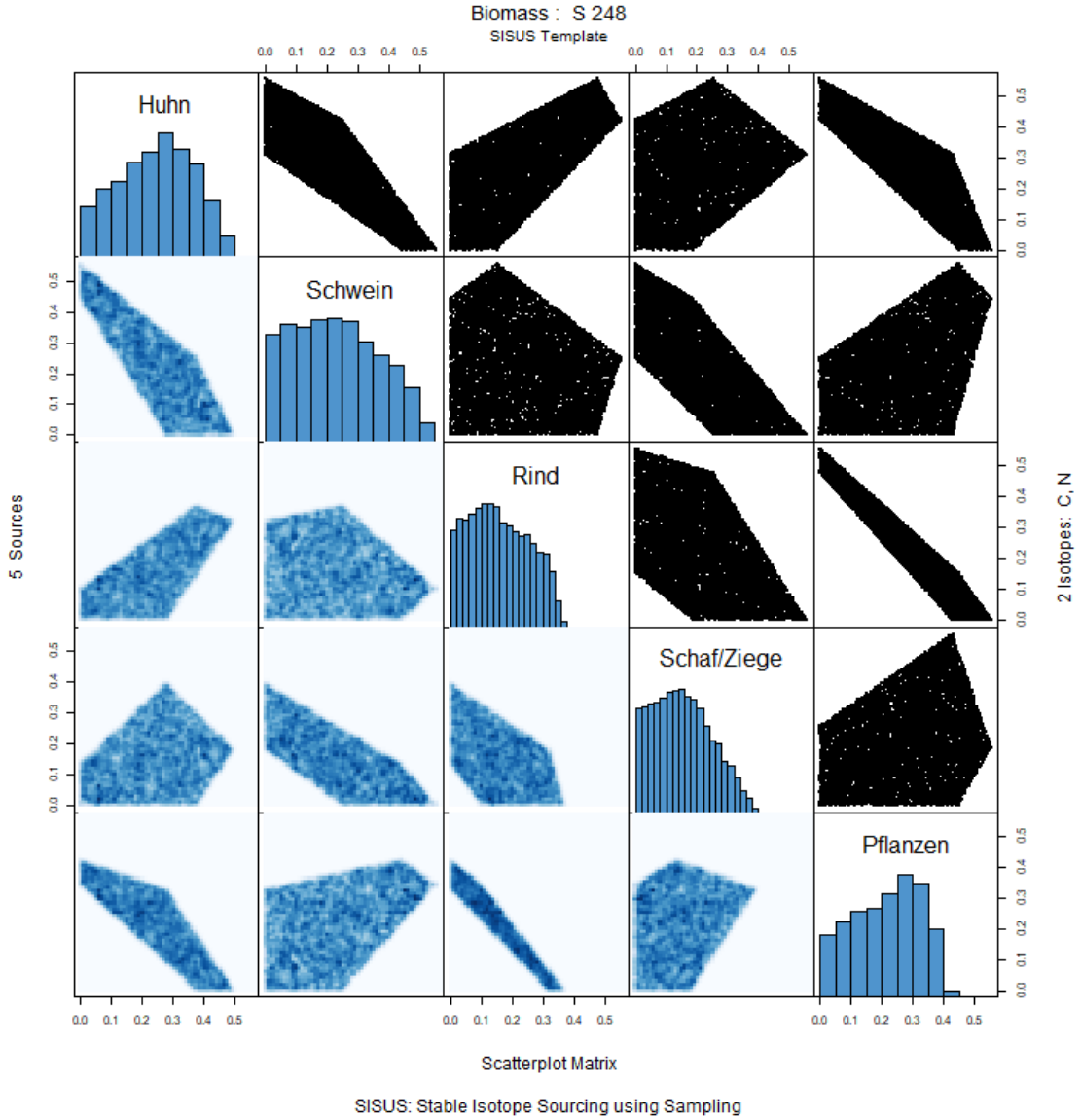


Abbildung 1675: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 248. Erstellt mit SISUS.

S262

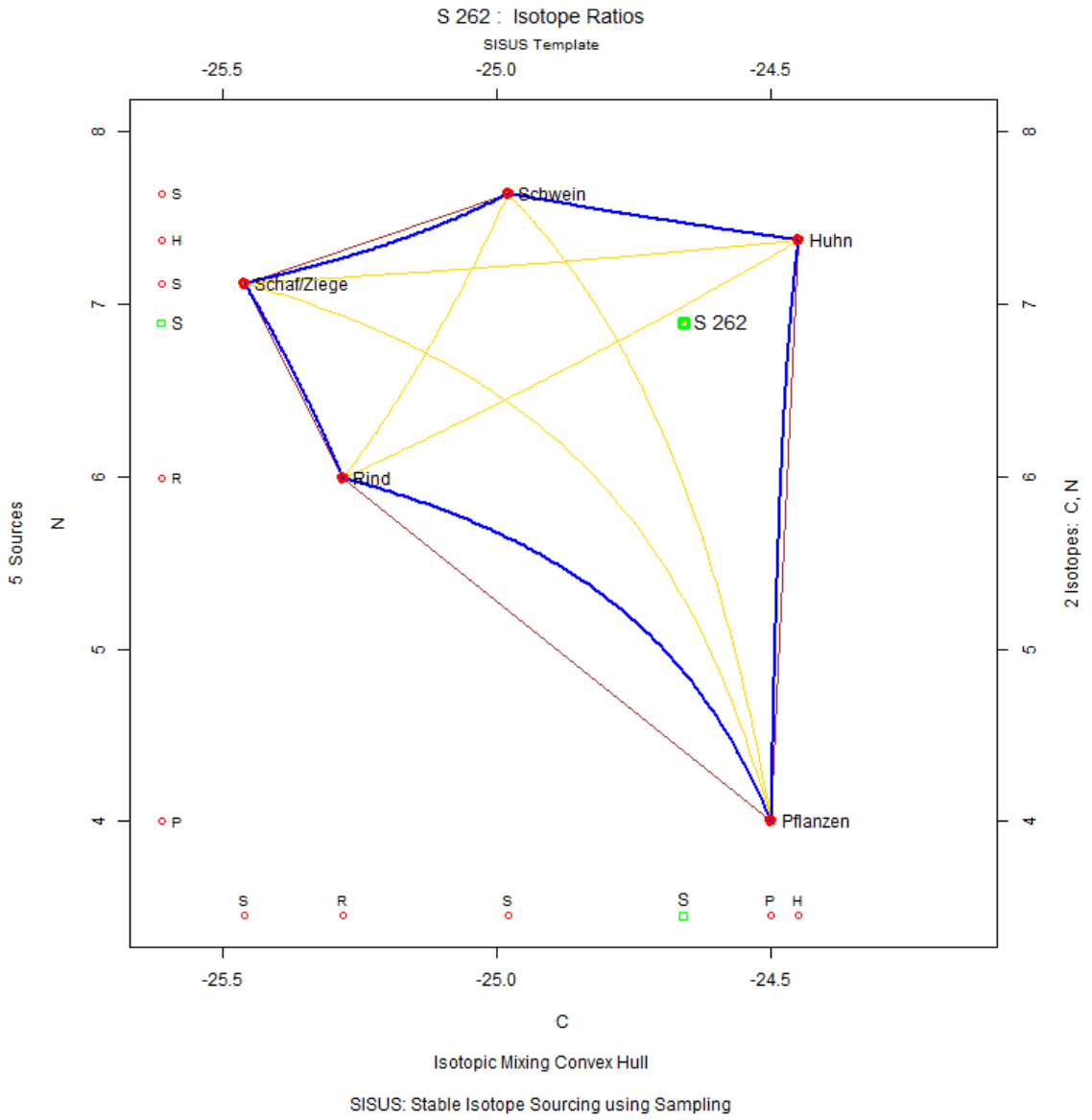


Abbildung 1676: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 262. Erstellt mit SISUS.

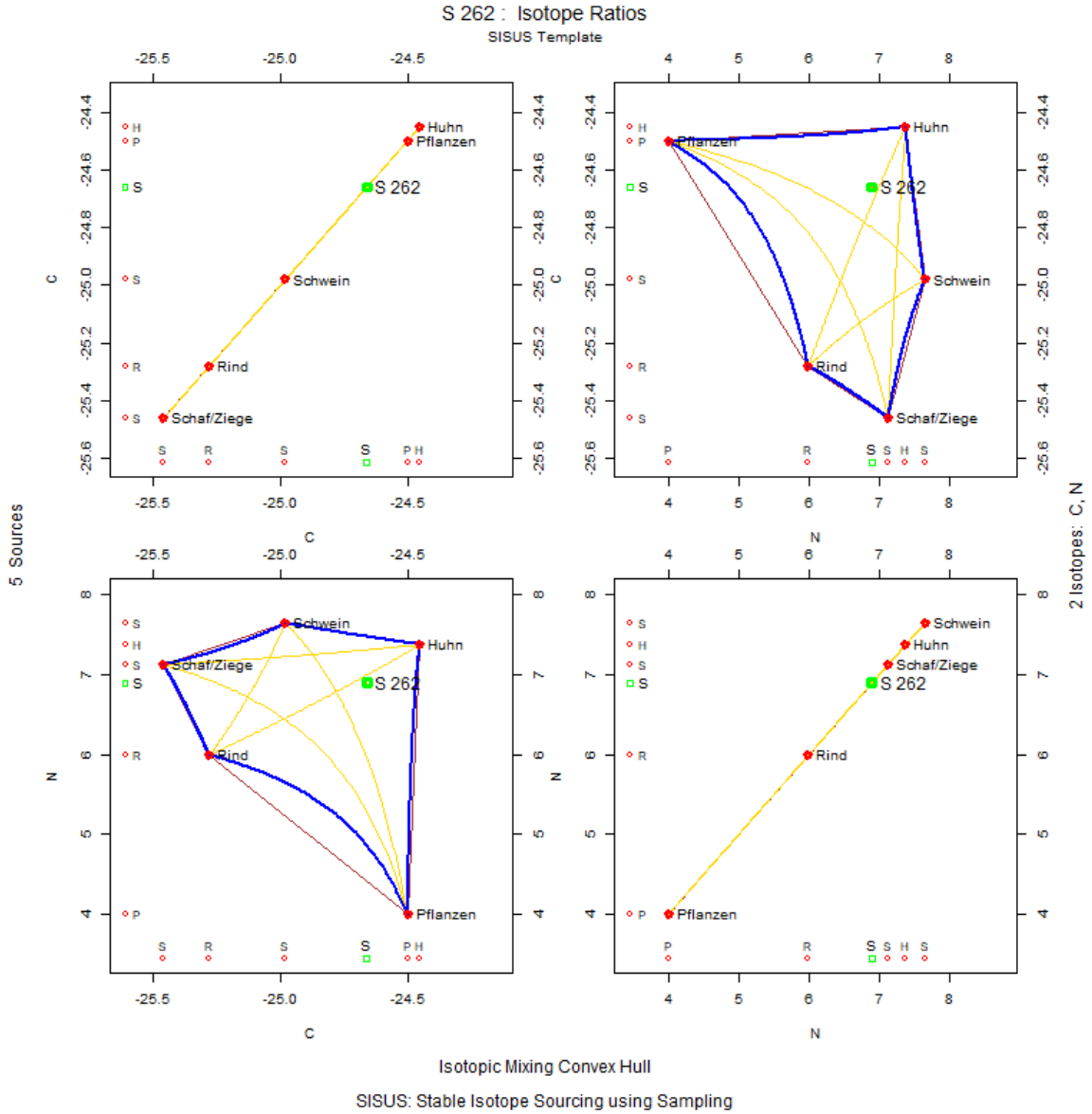


Abbildung 1677: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 262 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

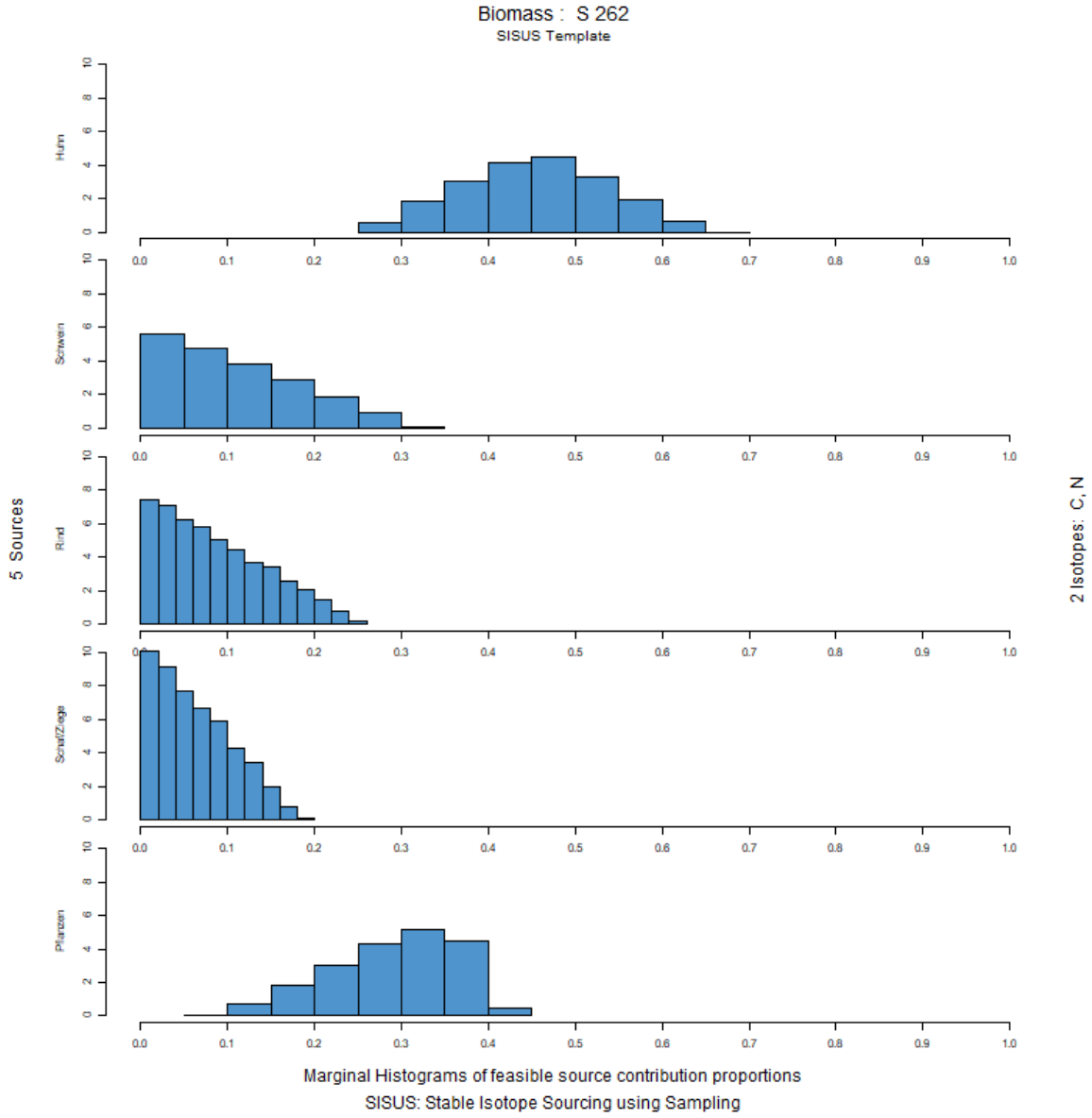


Abbildung 1678: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 262. Erstellt mit SISUS.

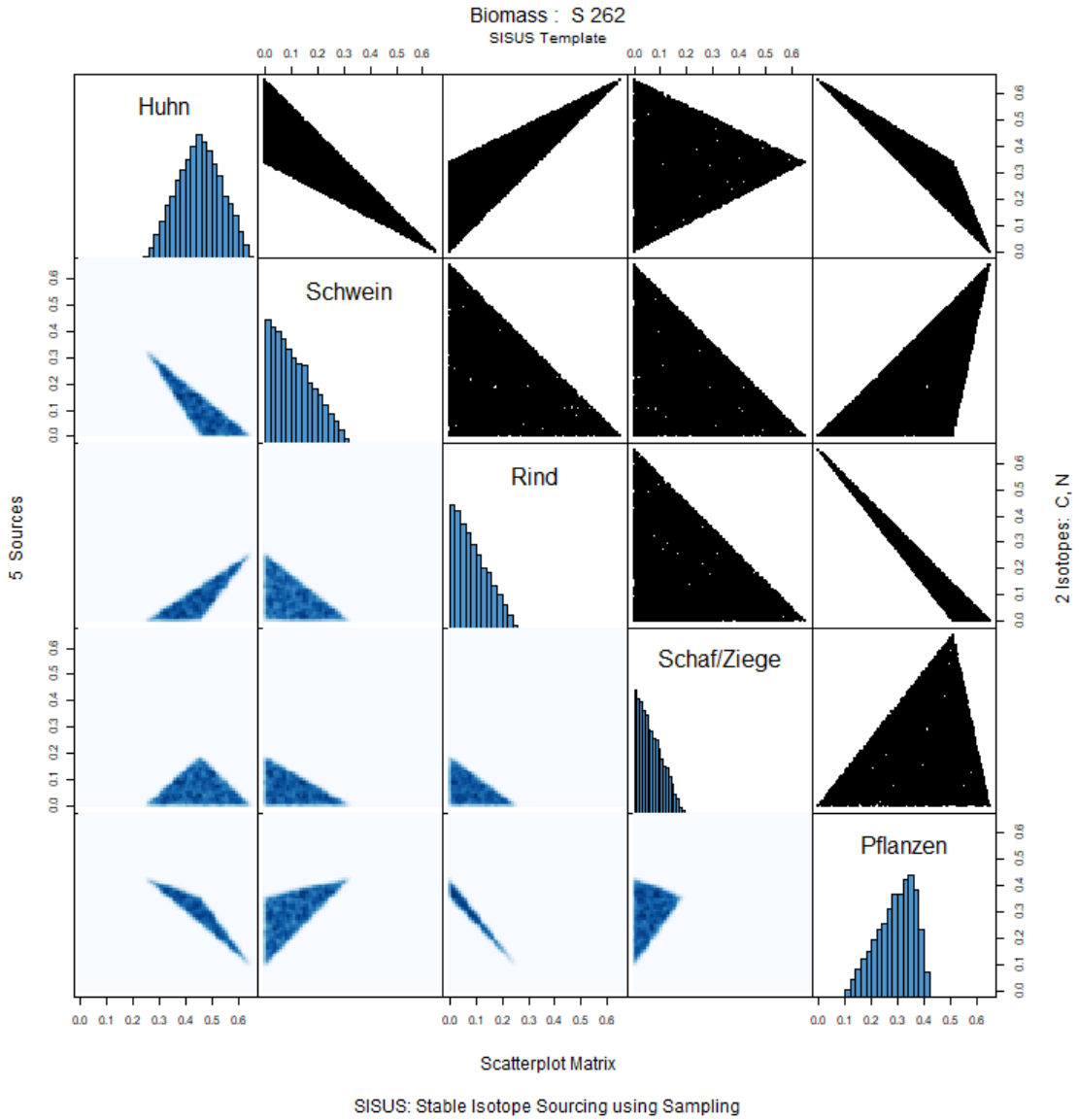


Abbildung 1679: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 262. Erstellt mit SISUS.

S265

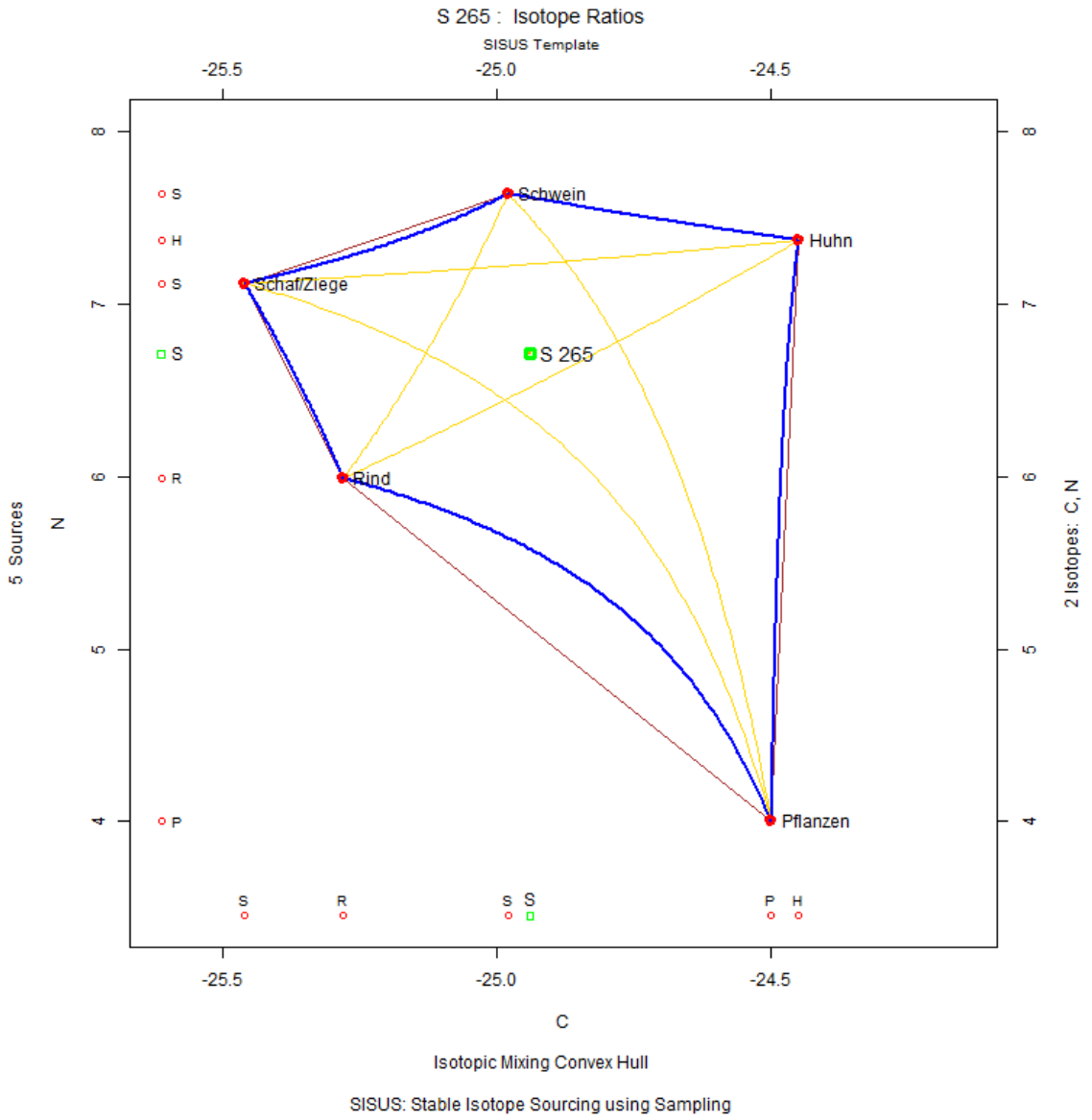


Abbildung 1680: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 265. Erstellt mit SISUS.

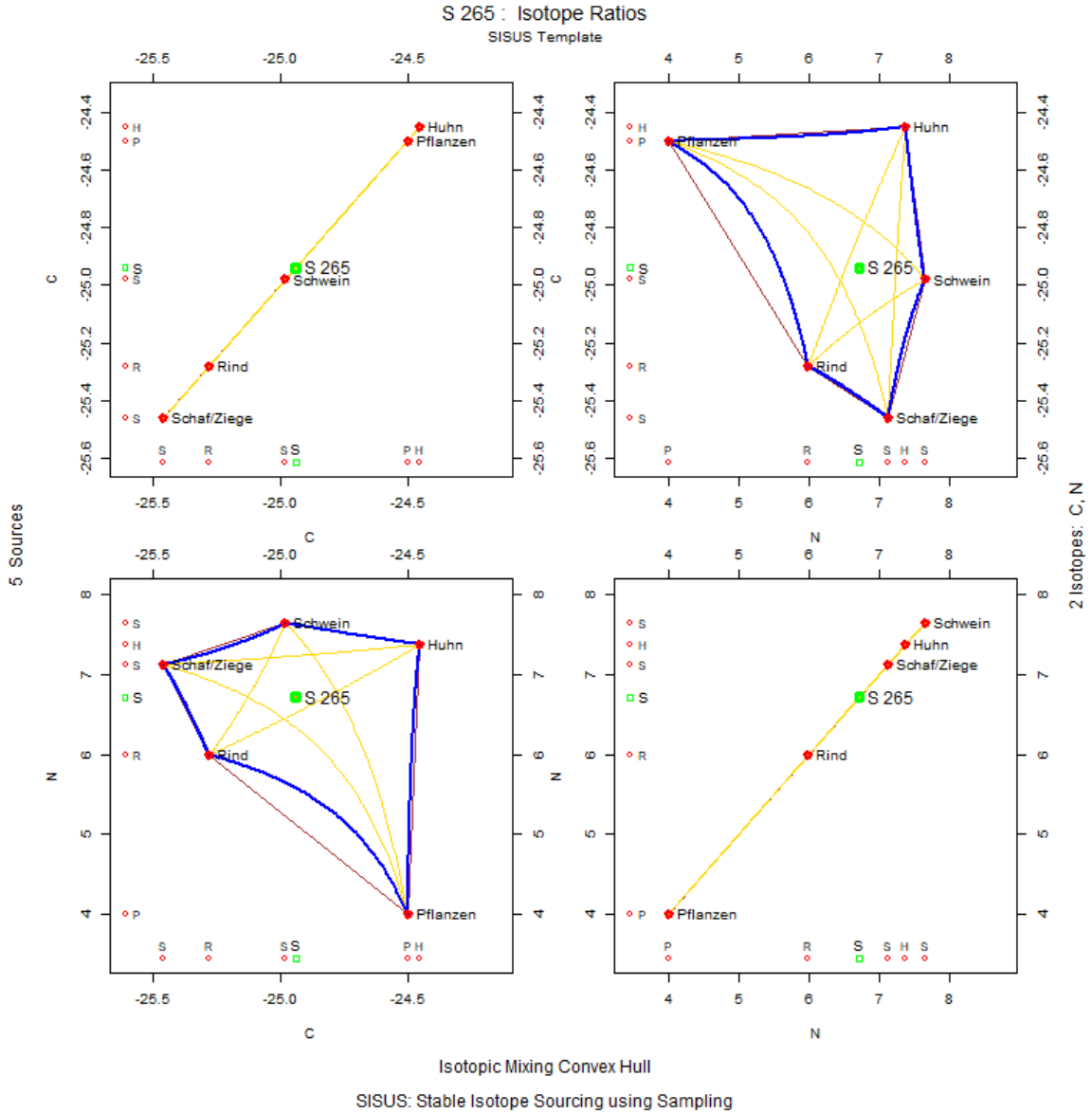


Abbildung 1681: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 265 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

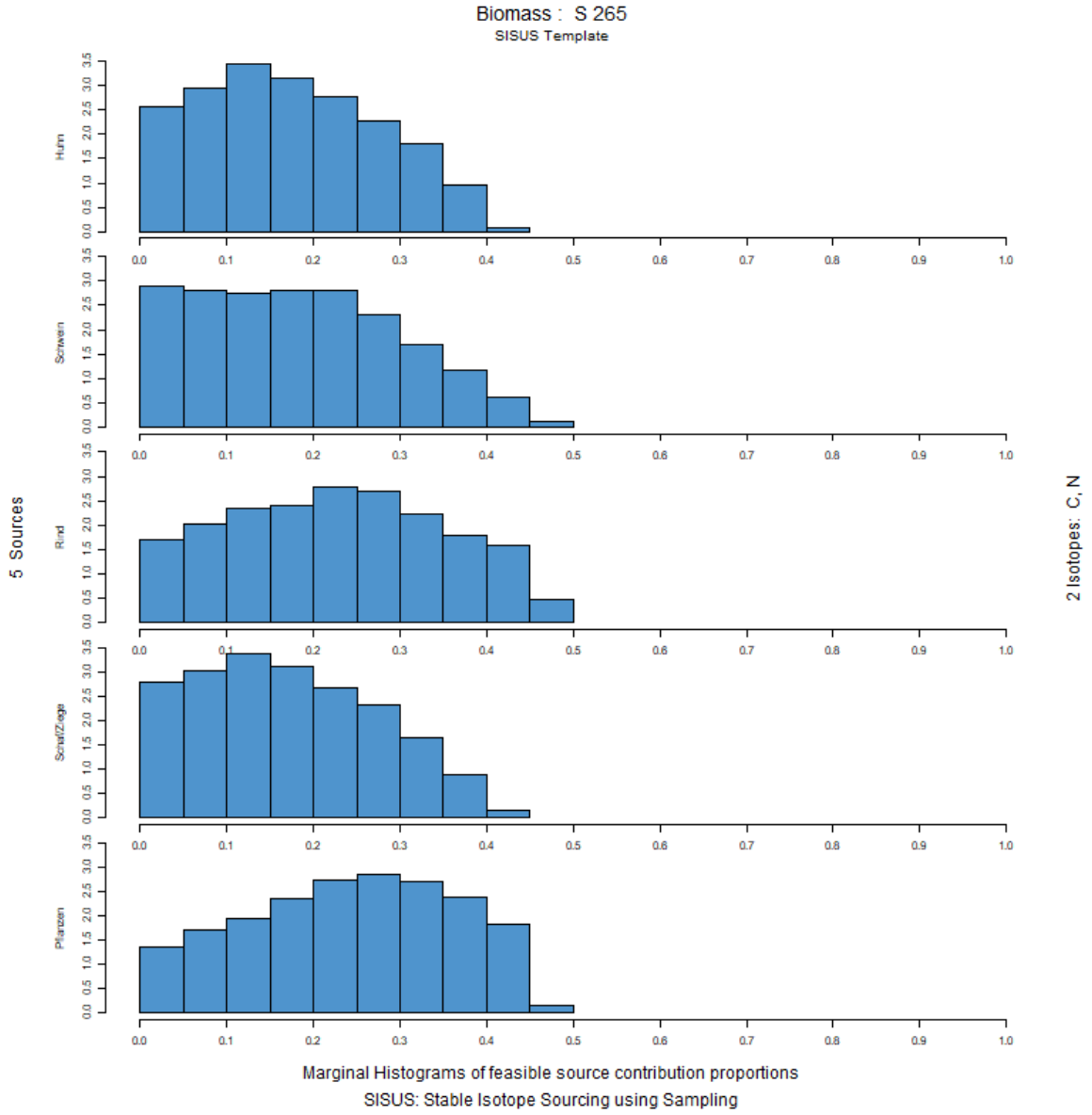


Abbildung 1682: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 265. Erstellt mit SISUS.

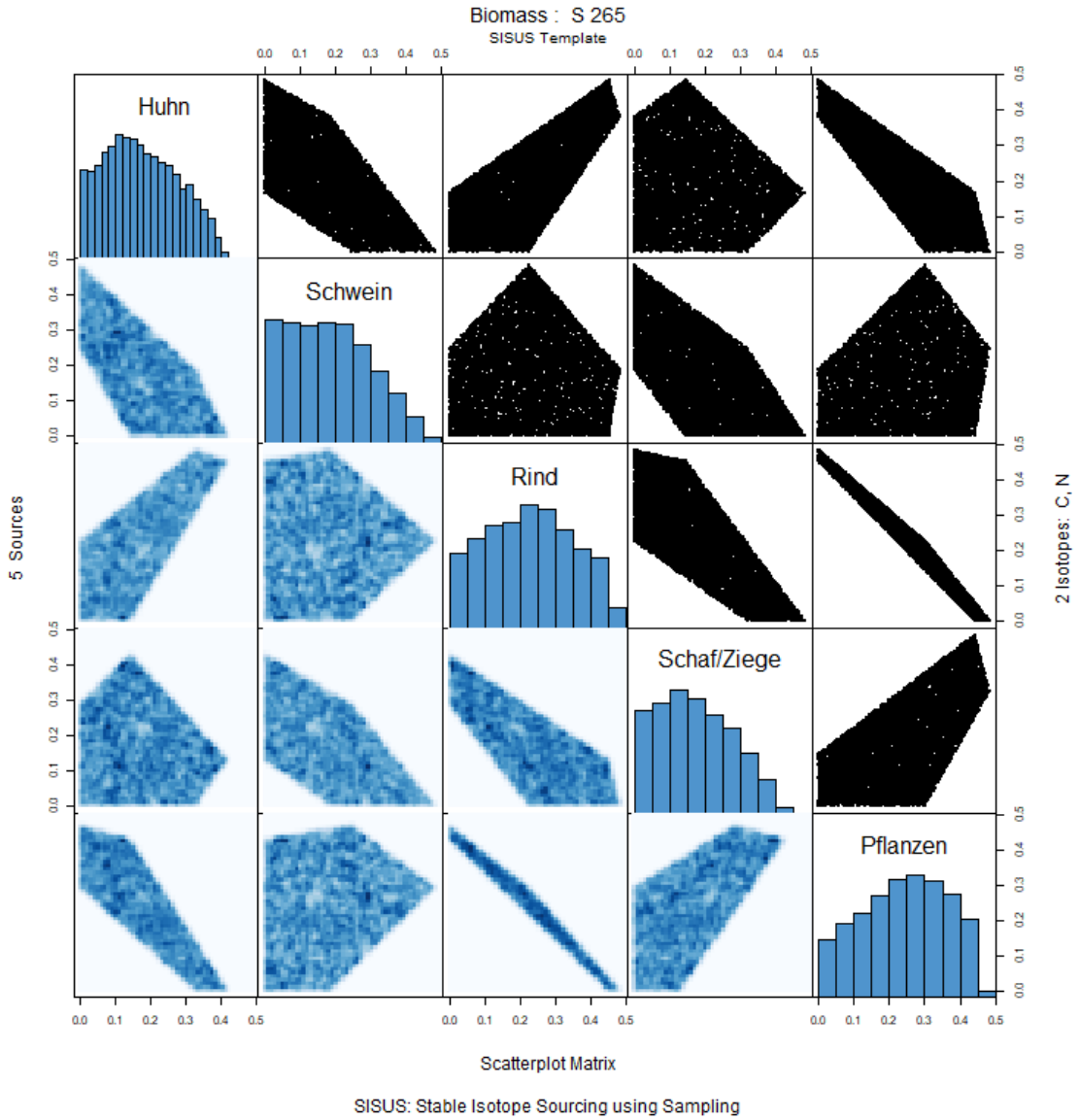


Abbildung 1683: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 265. Erstellt mit SISUS.

S299

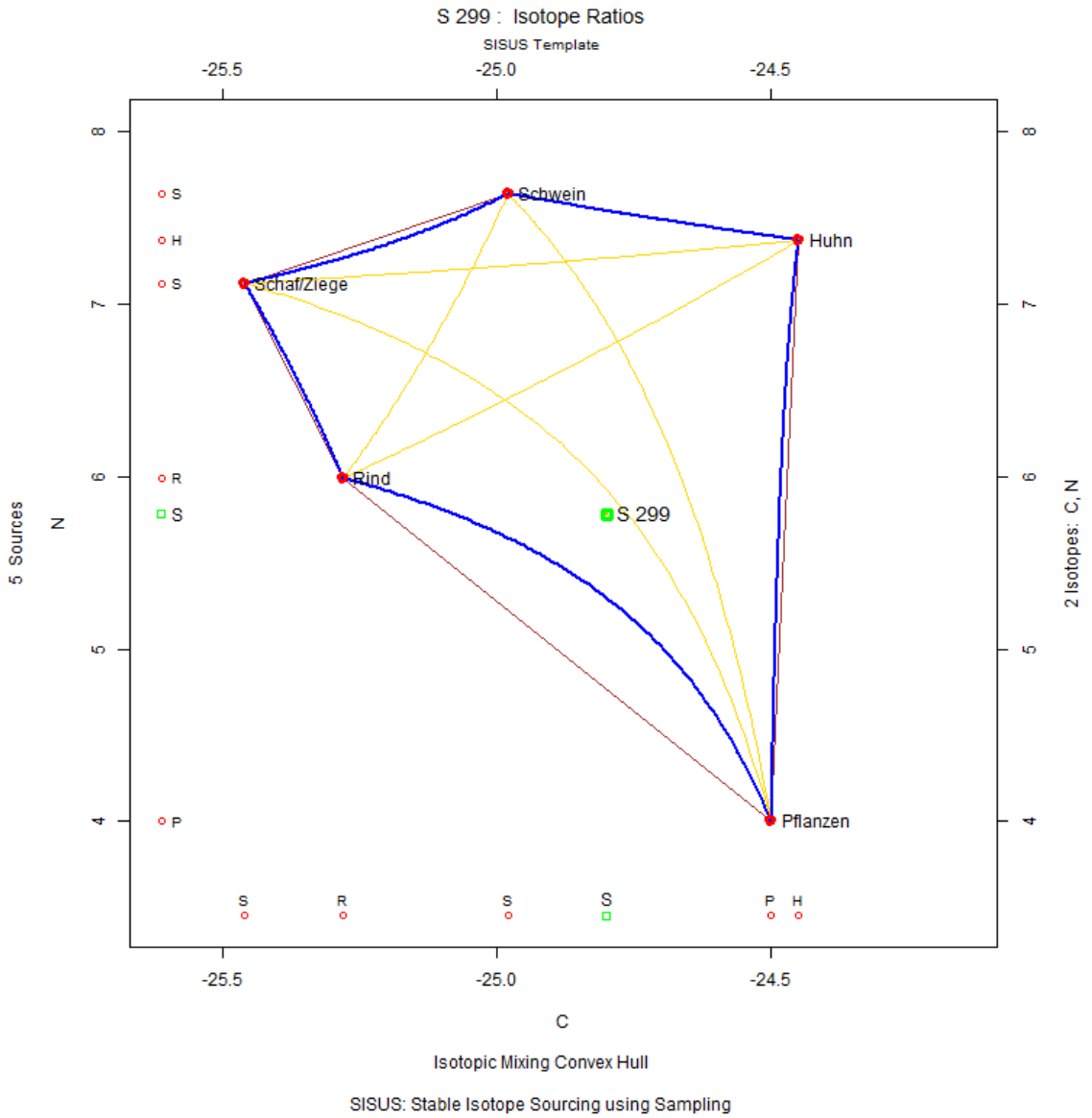


Abbildung 1684: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 299. Erstellt mit SISUS.

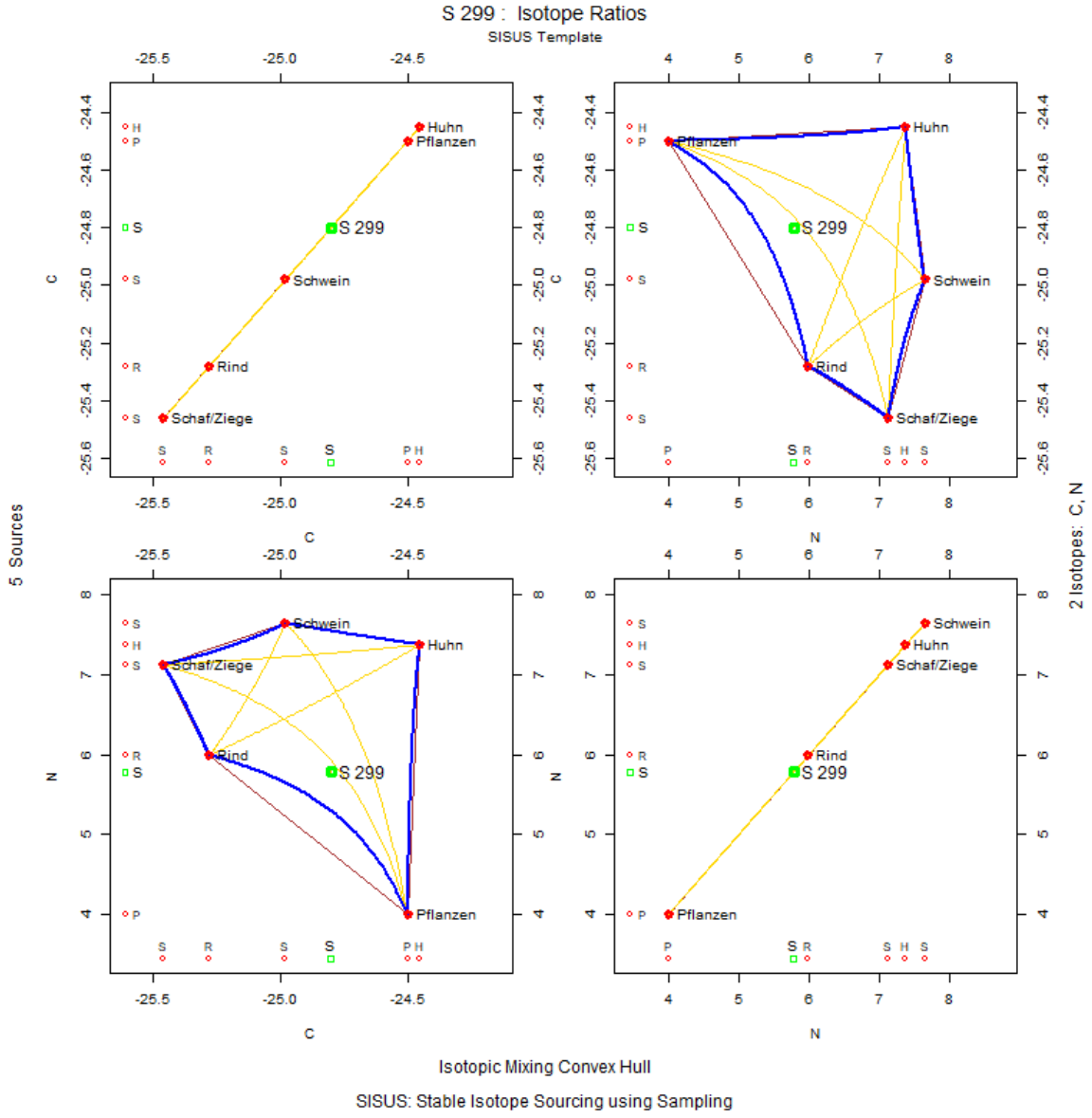


Abbildung 1685: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 299 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

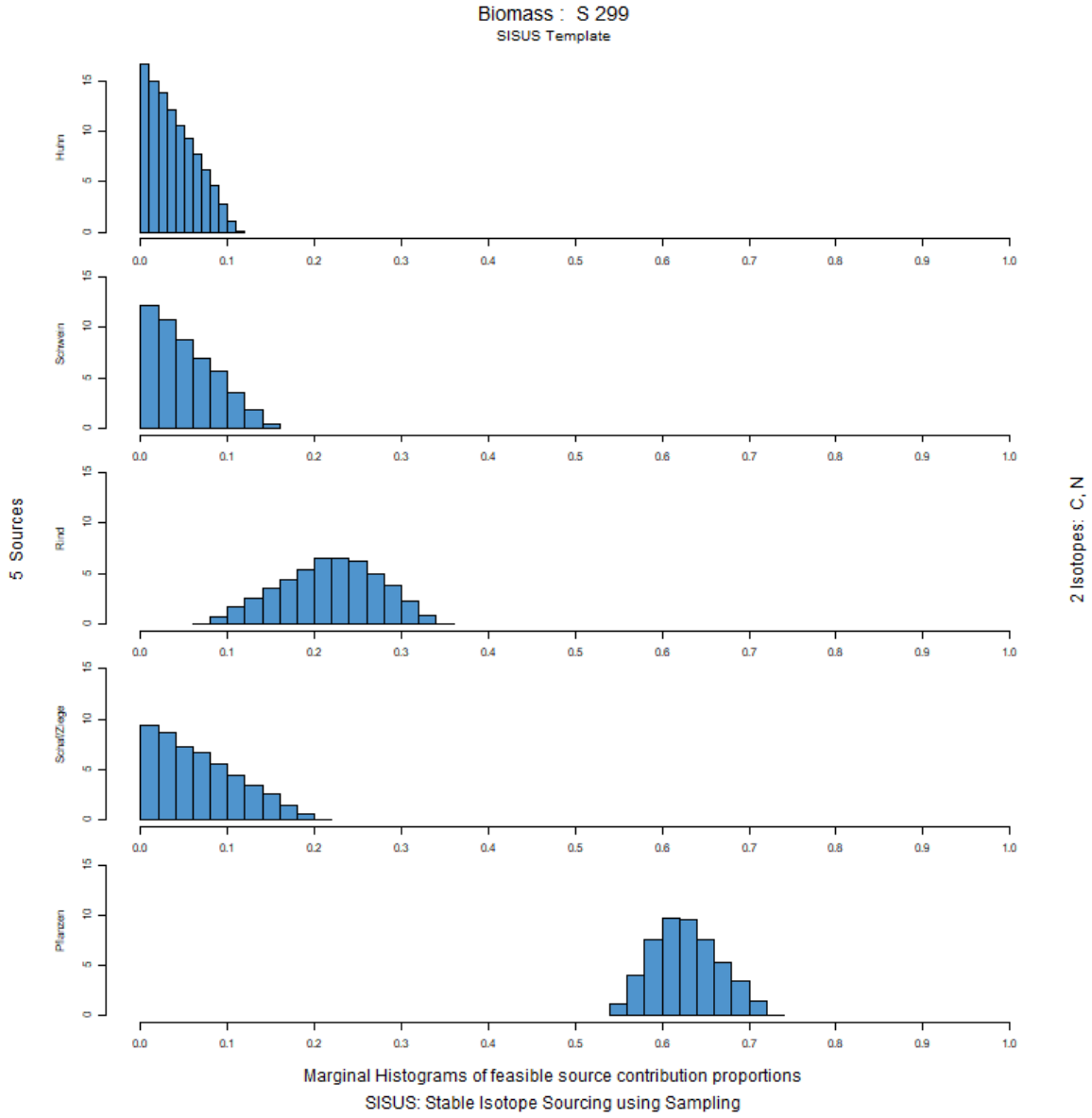


Abbildung 1686: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 299. Erstellt mit SISUS.

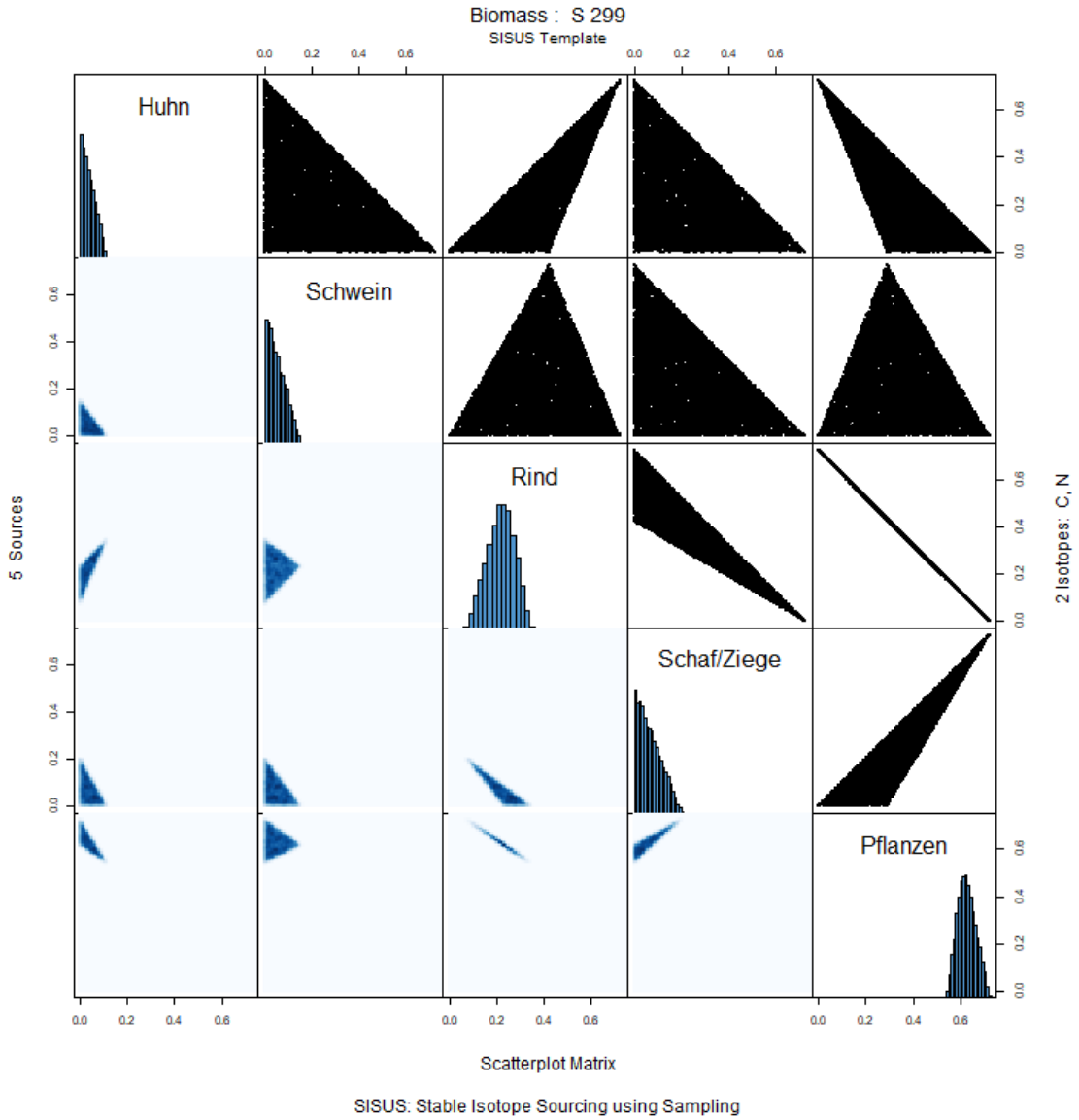


Abbildung 1687: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 299. Erstellt mit SISUS.

S300

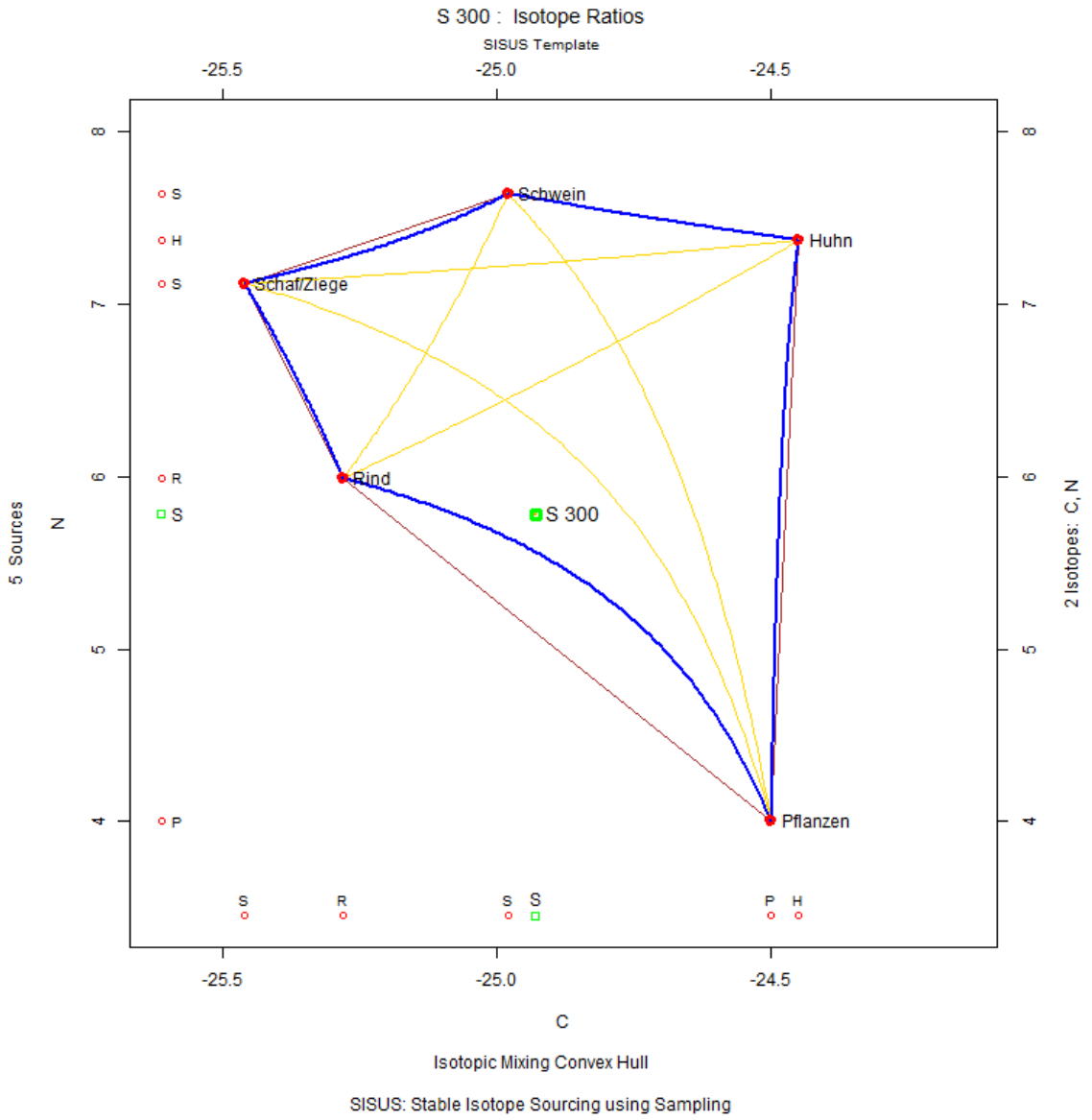


Abbildung 1688: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 300. Erstellt mit SISUS.

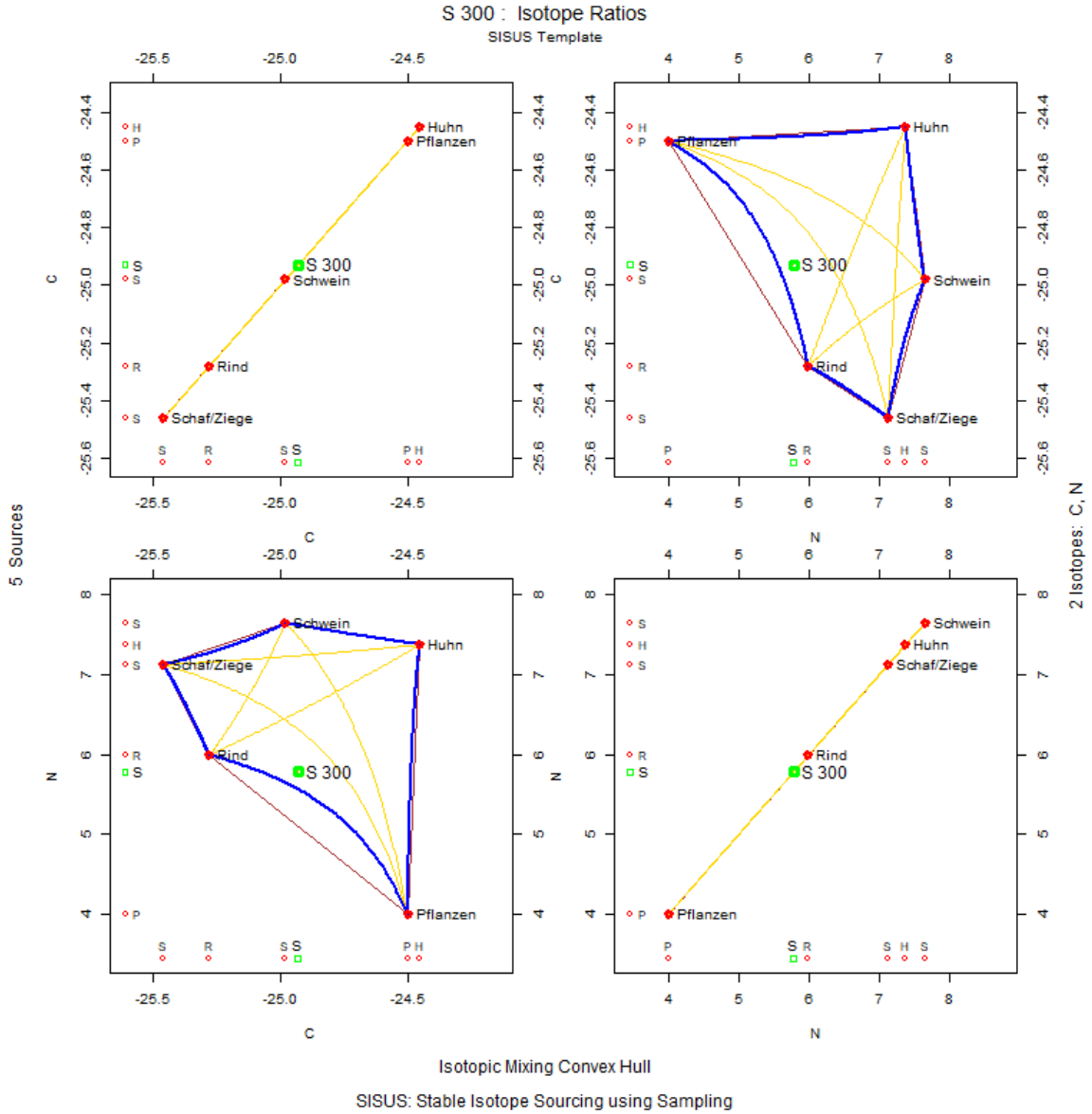


Abbildung 1689: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 300 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

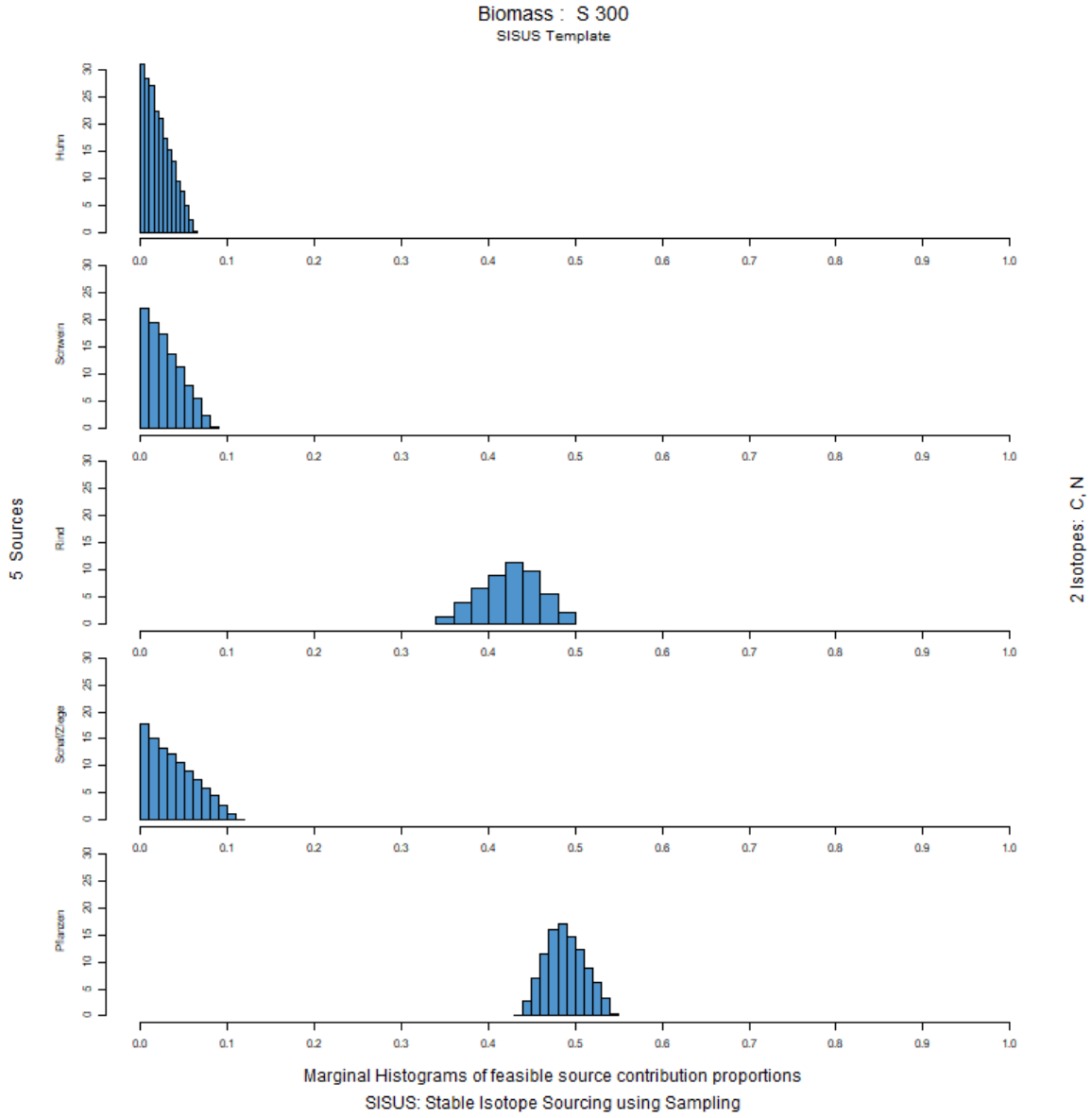


Abbildung 1690: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 300. Erstellt mit SISUS.

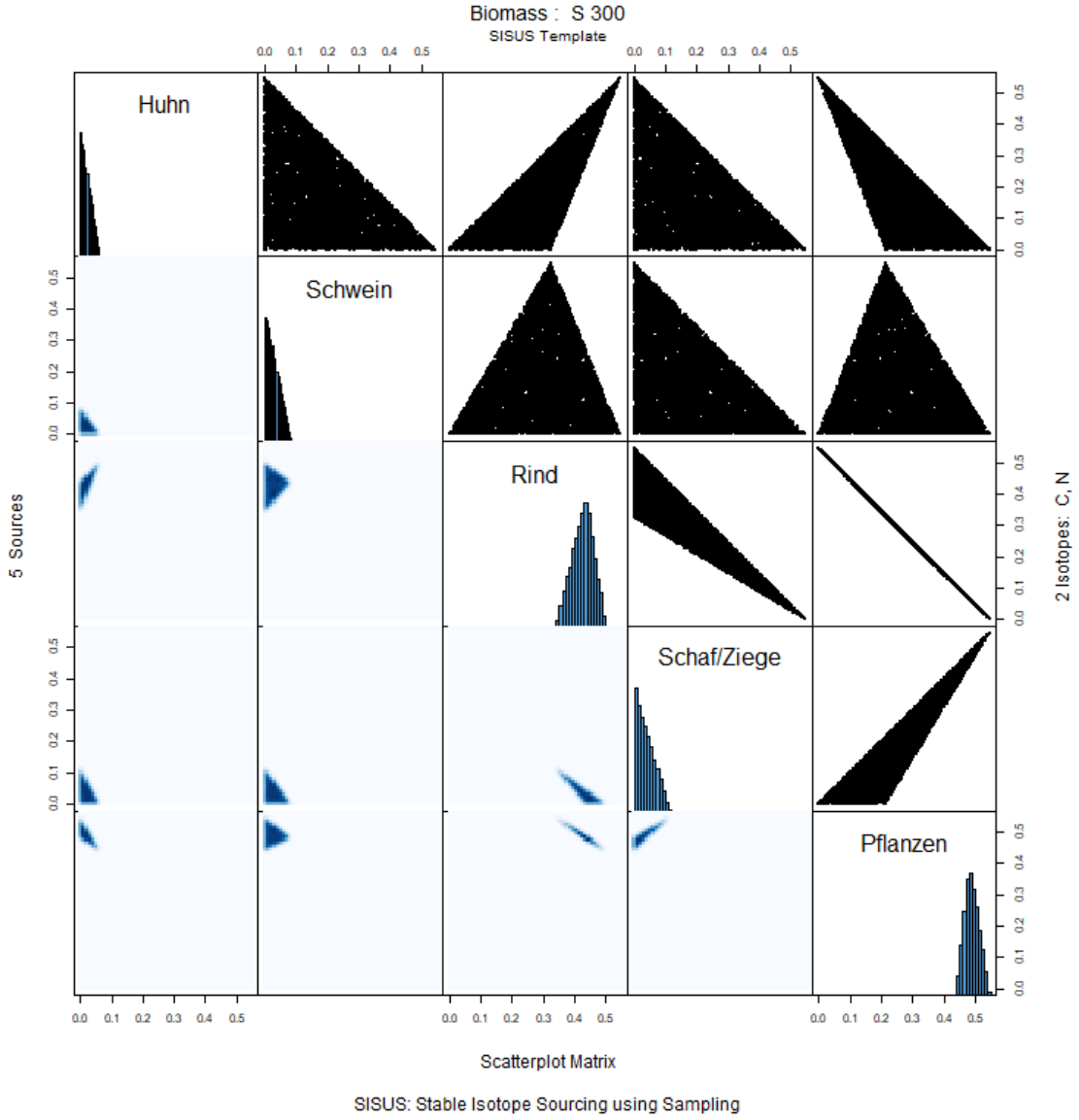


Abbildung 1691: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 300. Erstellt mit SISUS.

S305

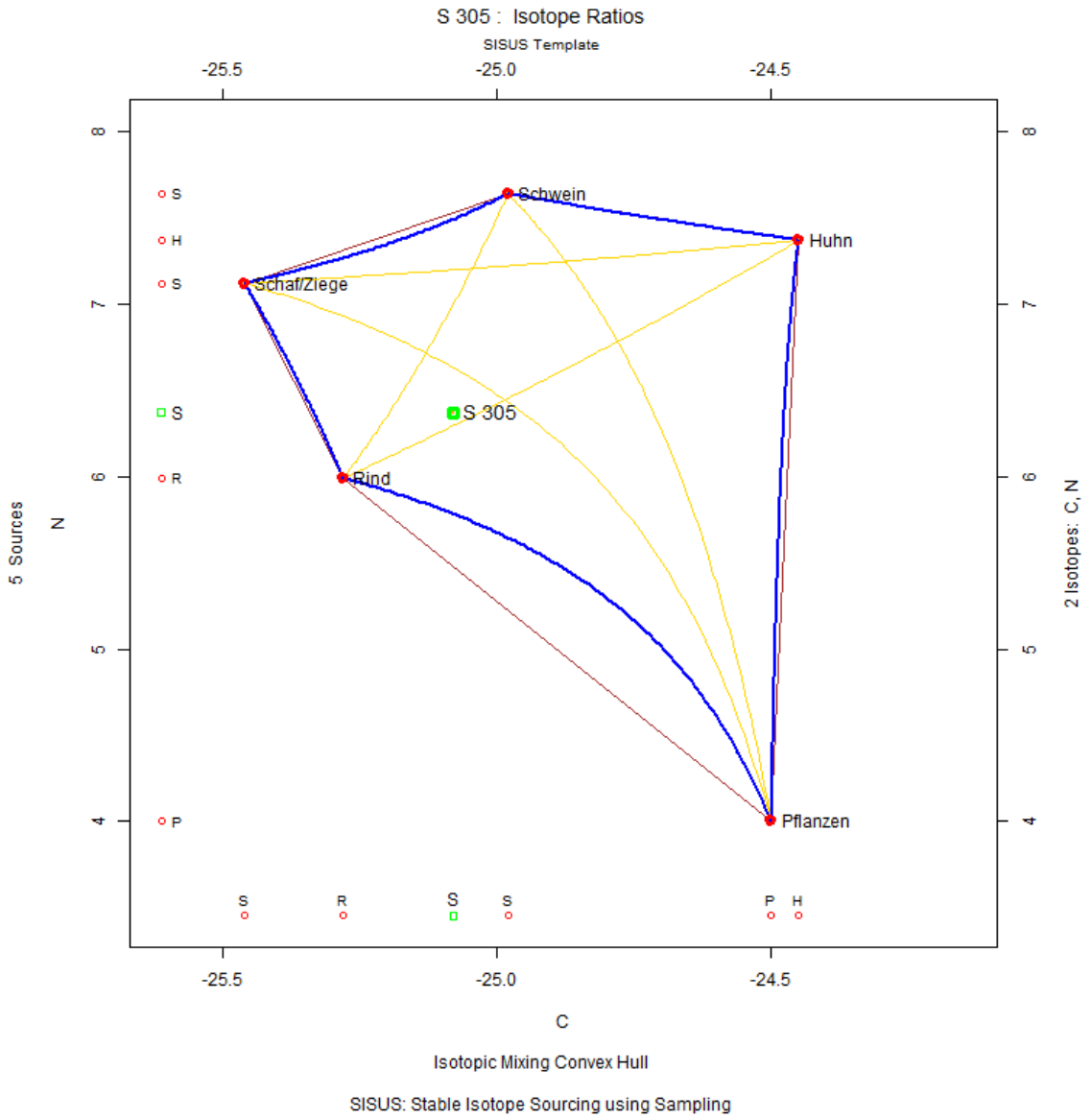


Abbildung 1692: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 305. Erstellt mit SISUS.

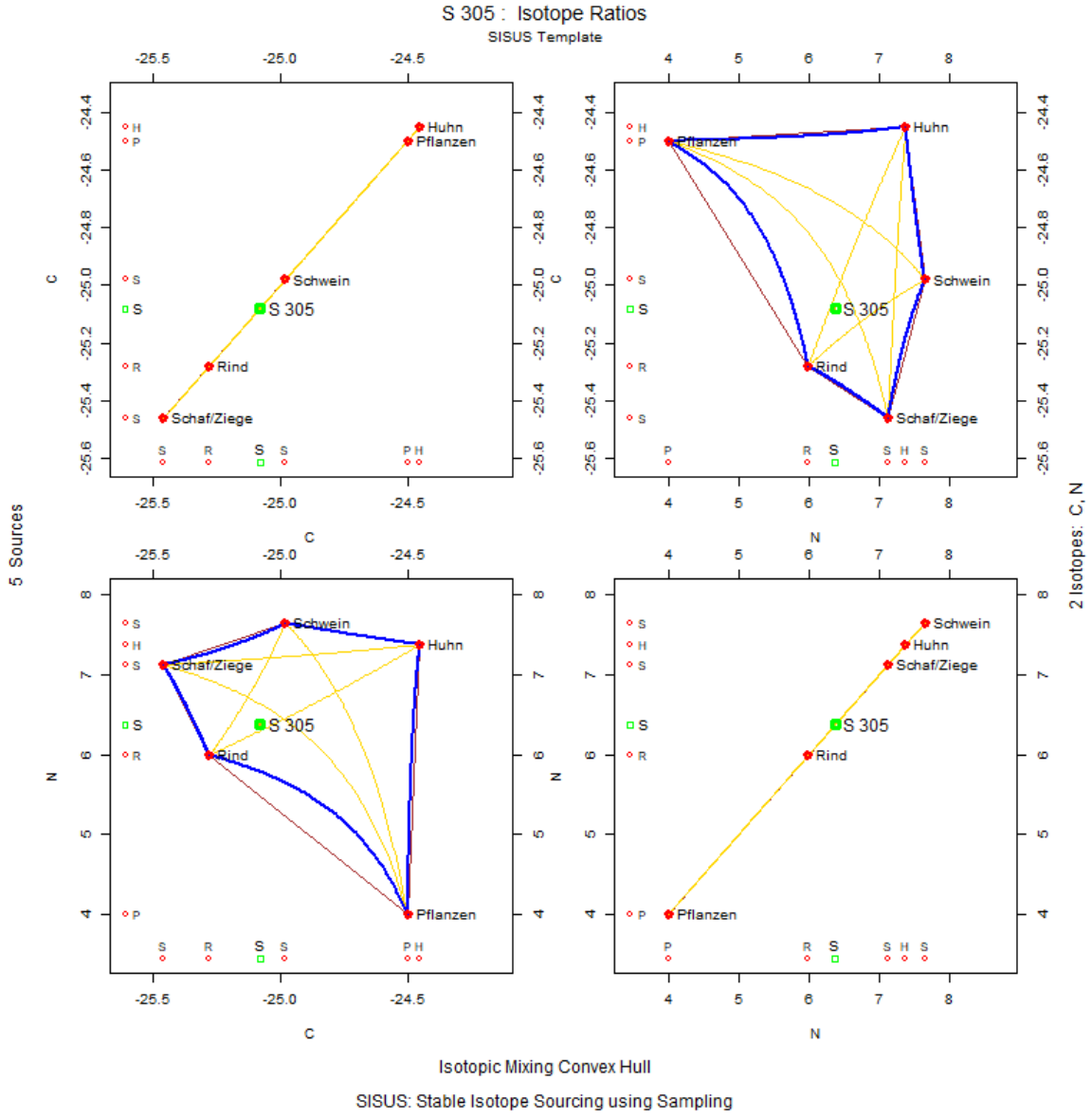


Abbildung 1693: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 305 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

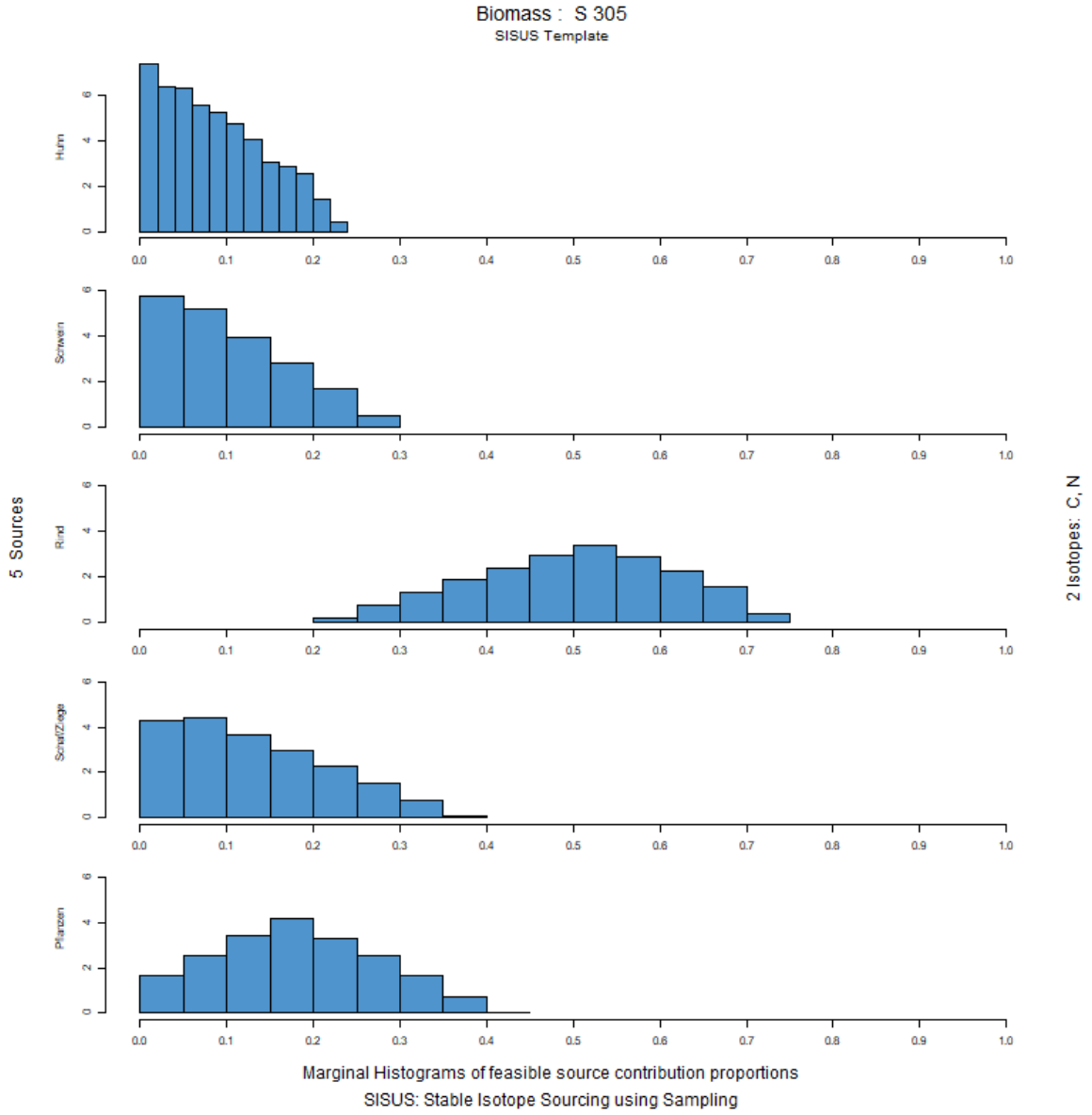


Abbildung 1694: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 305. Erstellt mit SISUS.

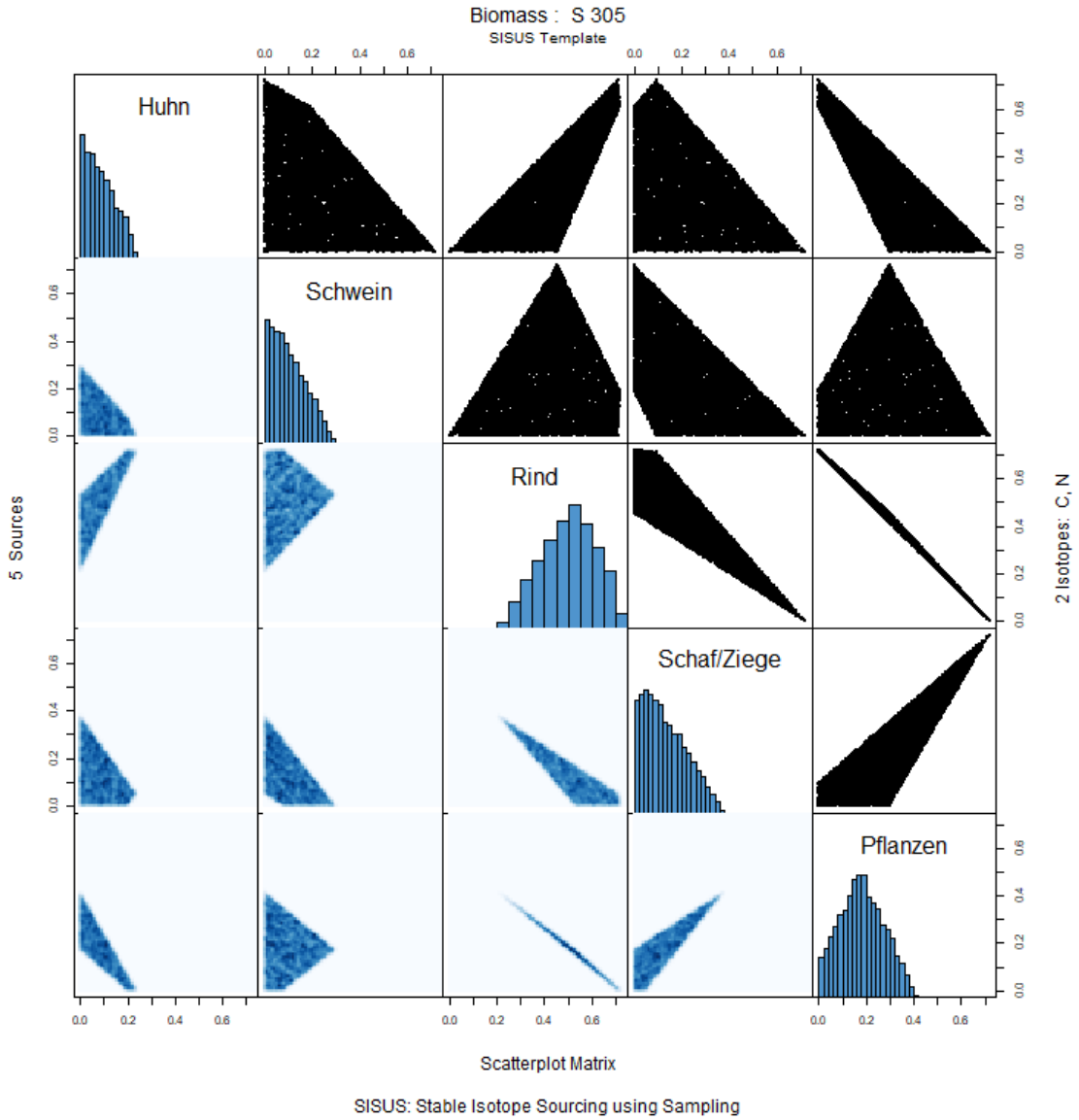


Abbildung 1695: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 305. Erstellt mit SISUS.

S306

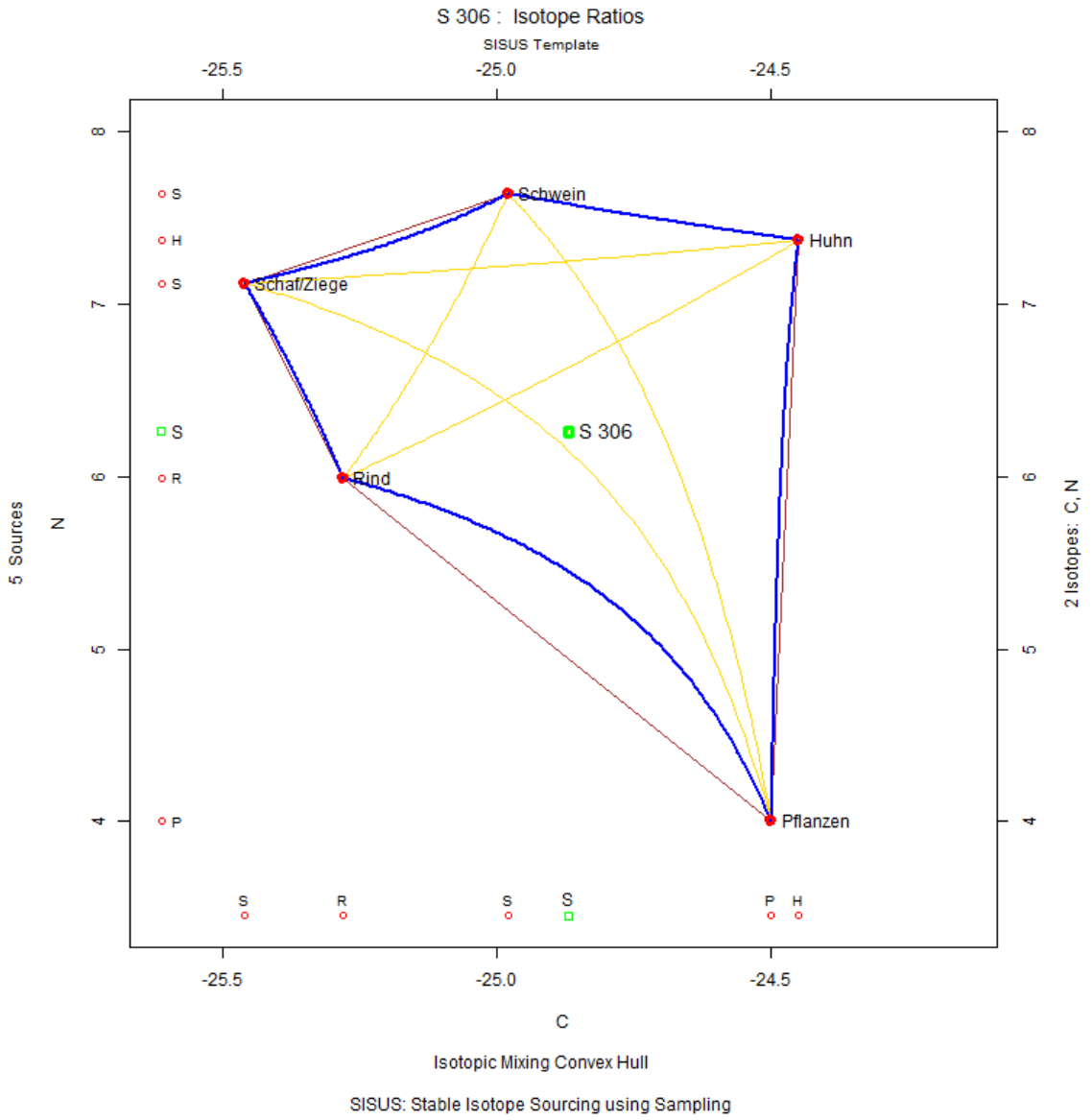


Abbildung 1696: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 306. Erstellt mit SISUS.

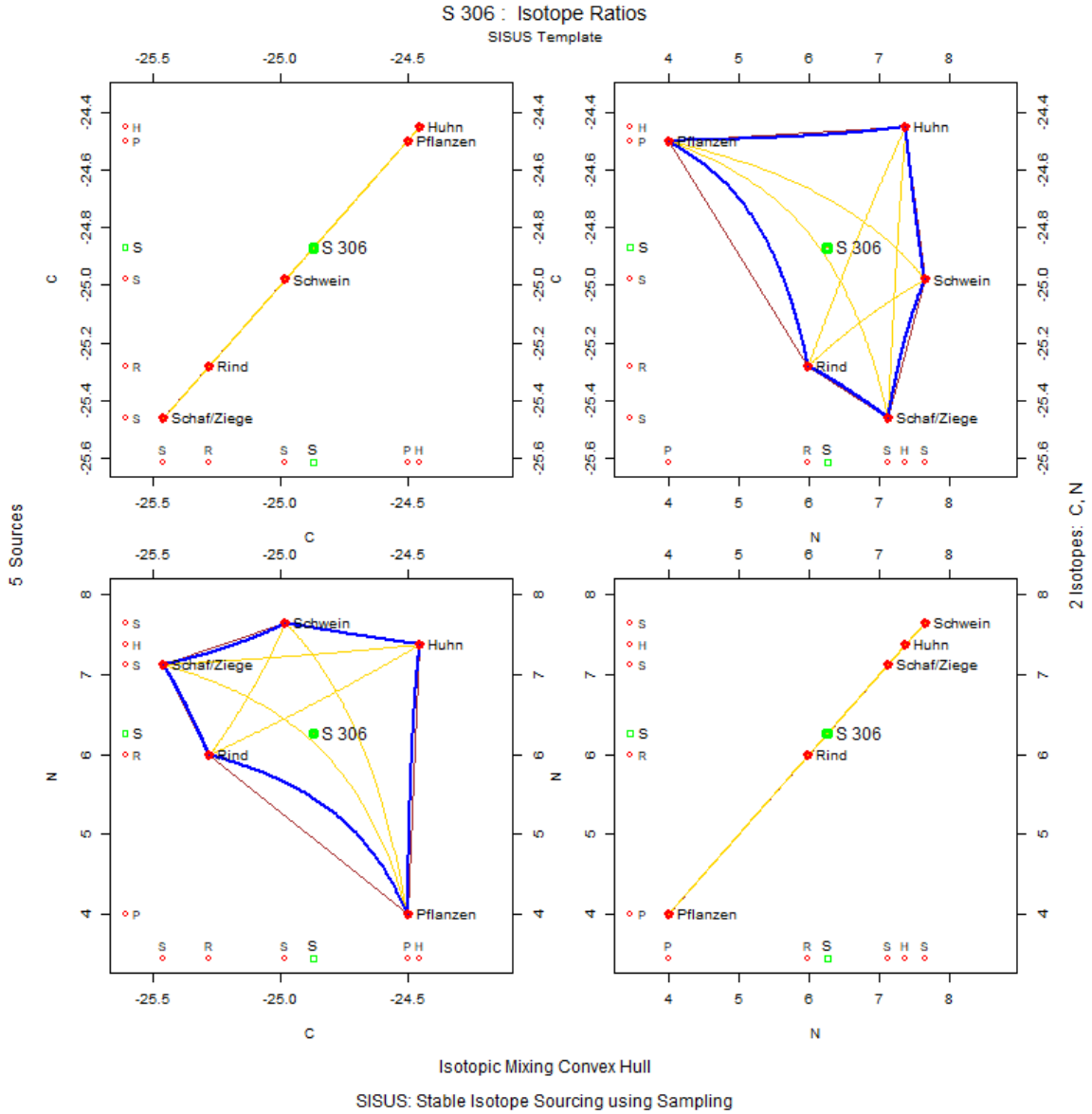


Abbildung 1697: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 306 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

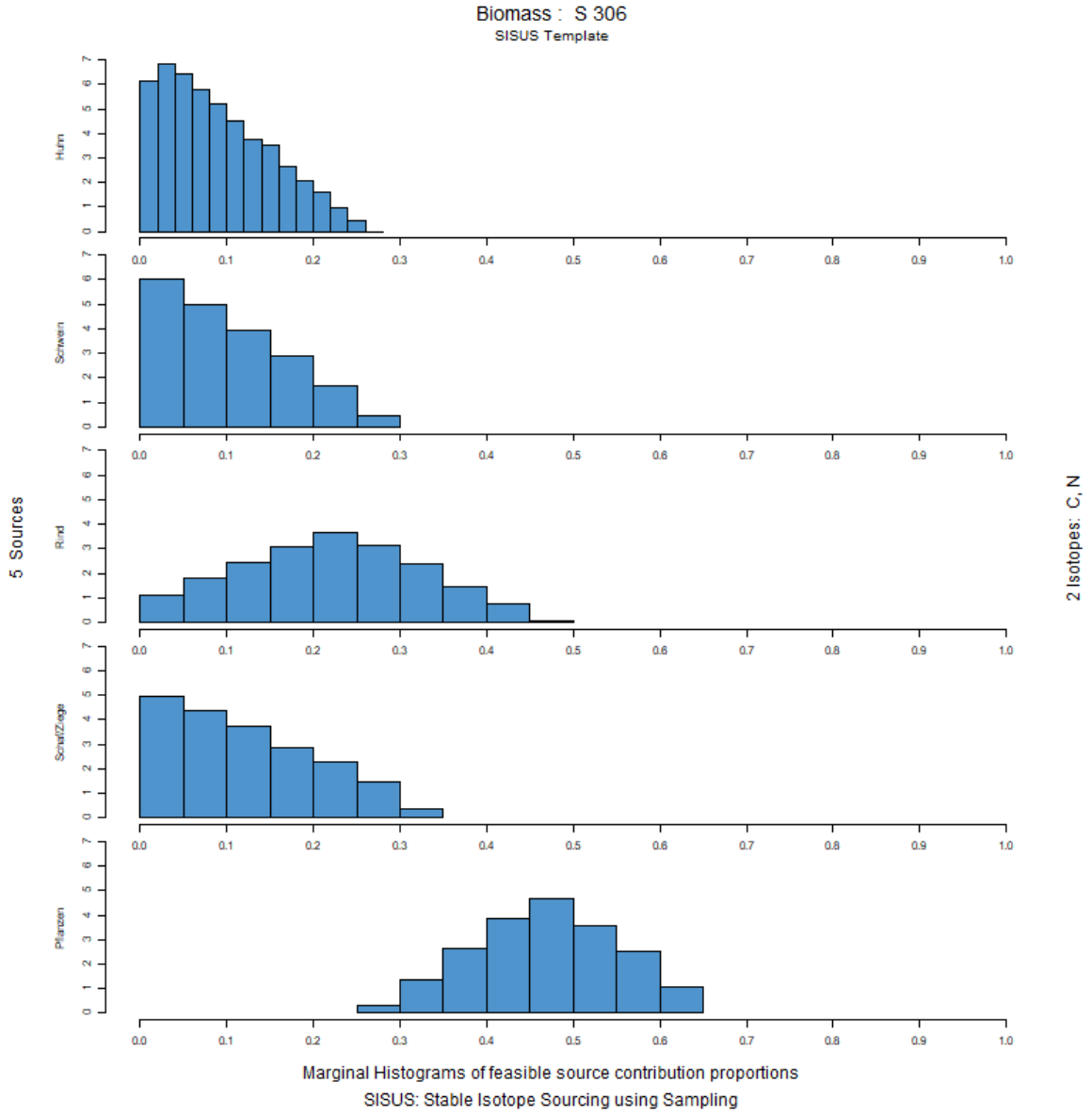


Abbildung 1698: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 306. Erstellt mit SISUS.

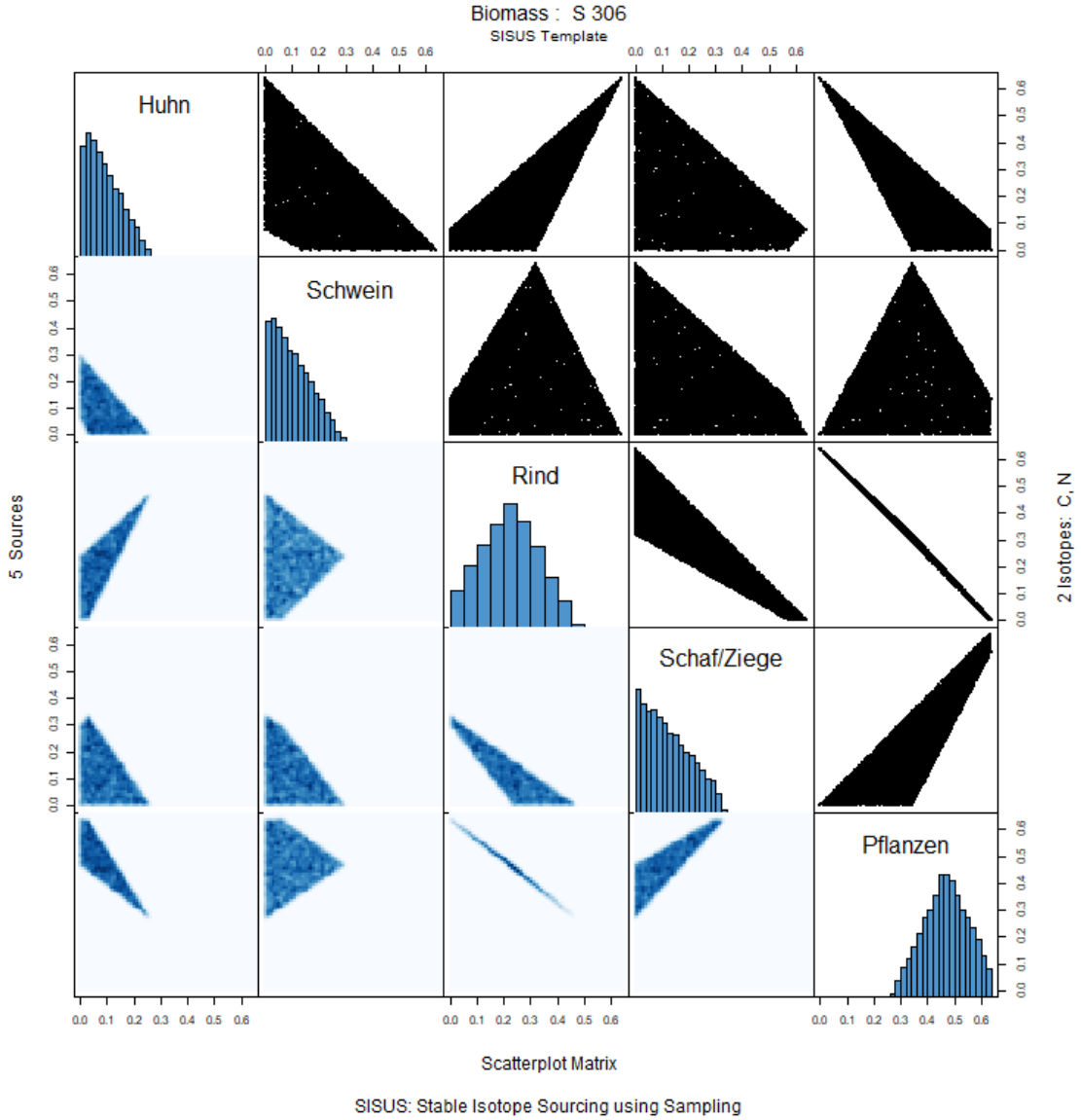


Abbildung 1699: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 306. Erstellt mit SISUS.

S308

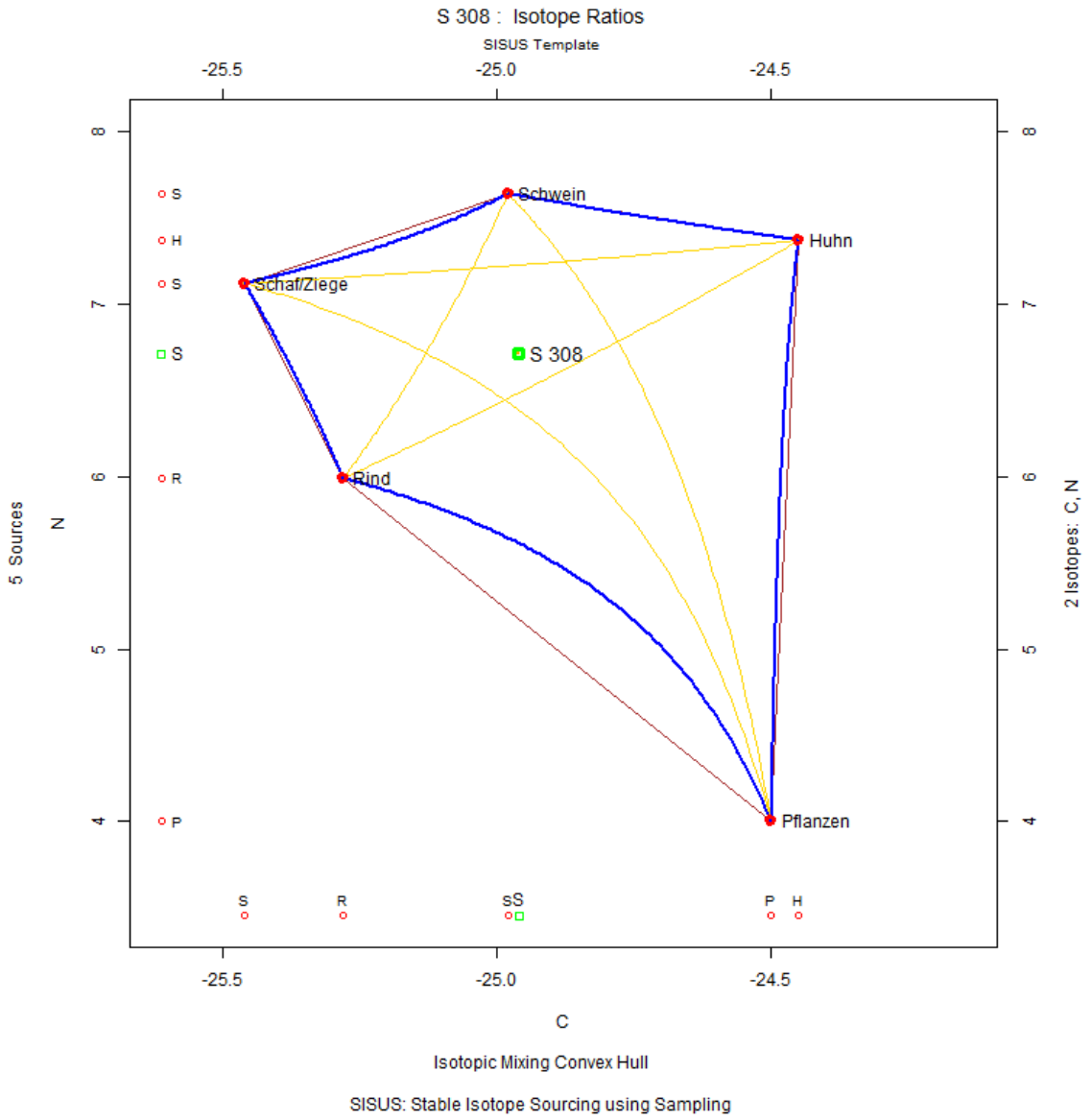


Abbildung 1700: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 308. Erstellt mit SISUS.

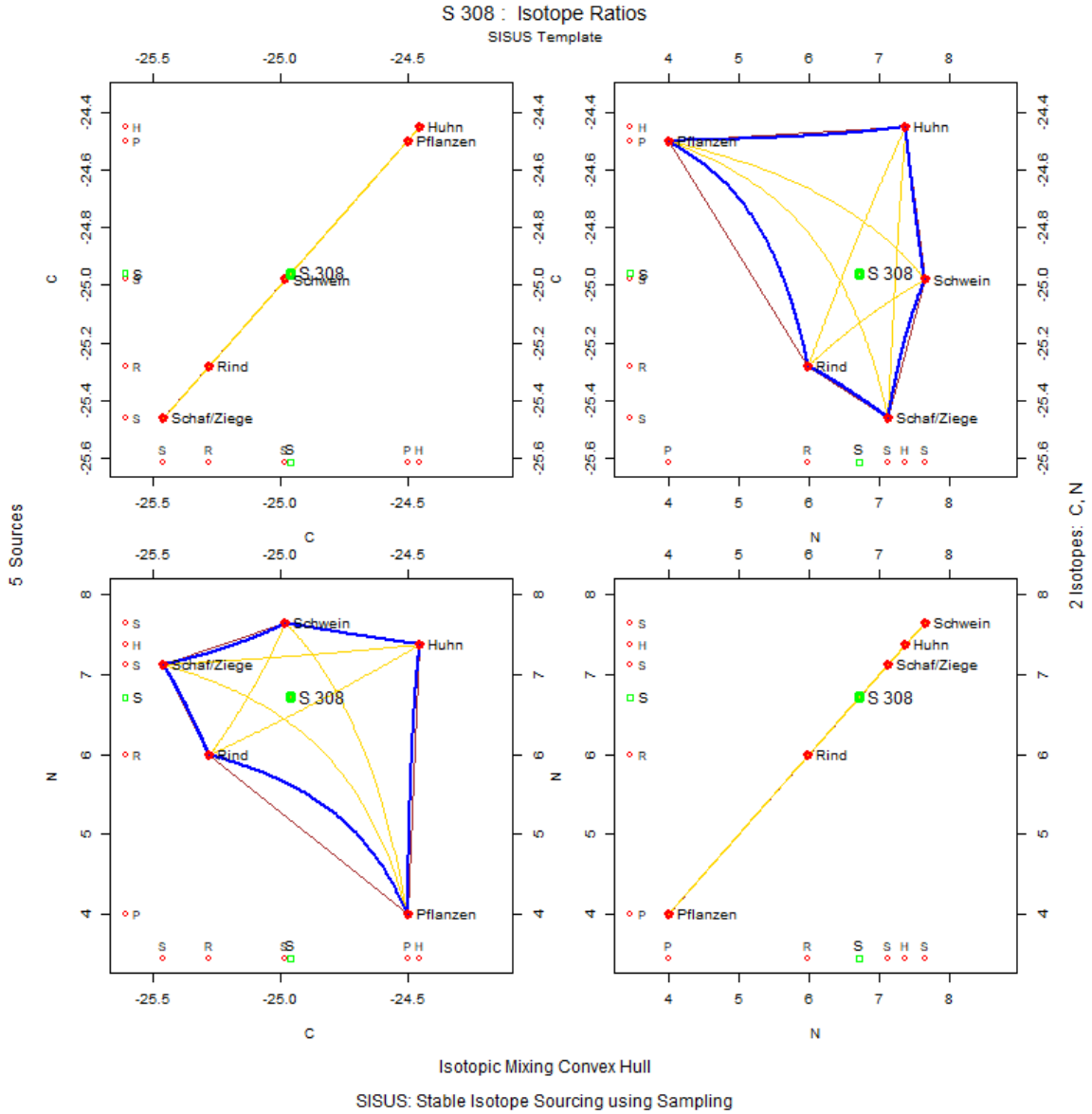


Abbildung 1701: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 308 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

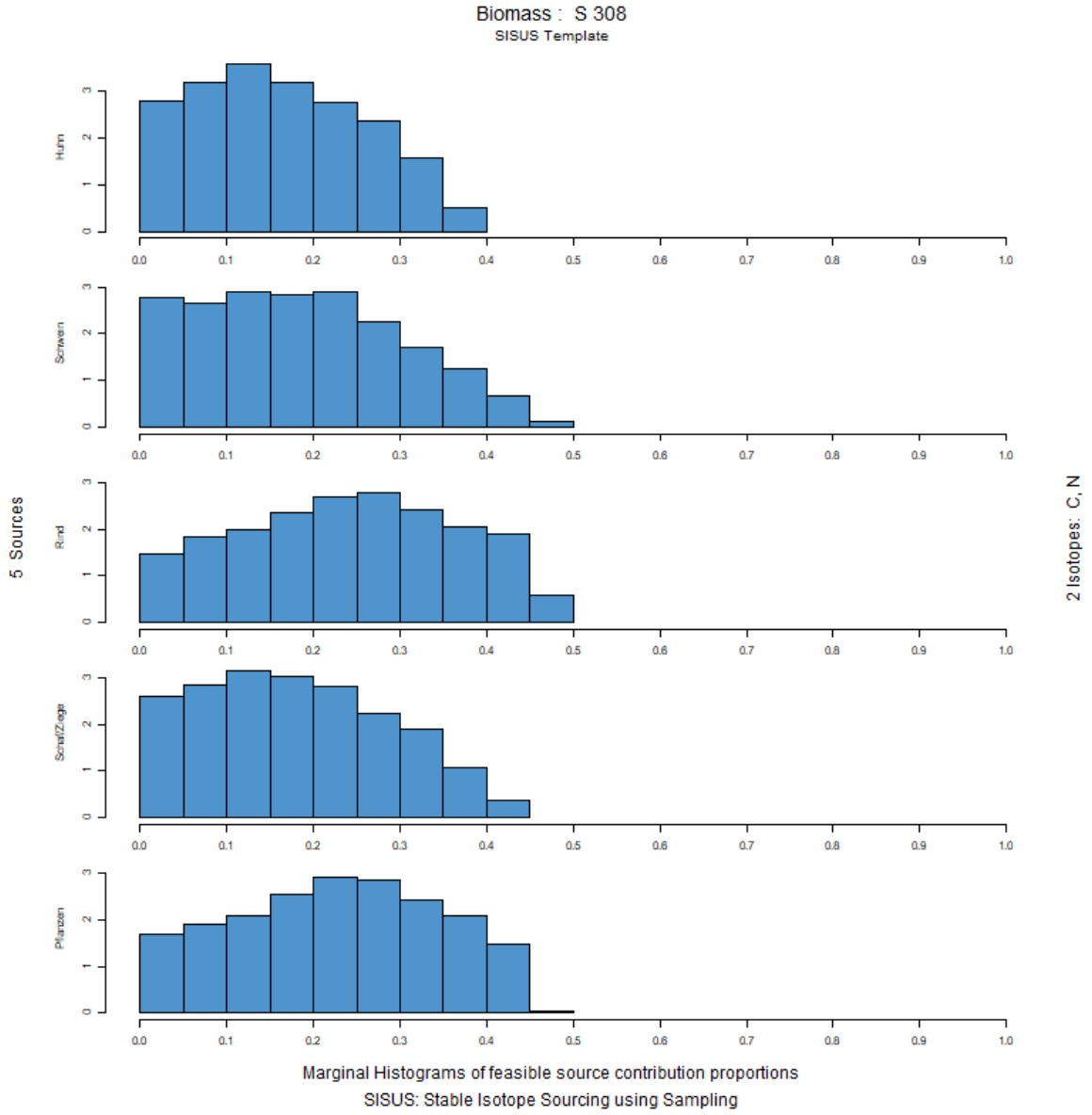


Abbildung 1702: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 308. Erstellt mit SISUS.

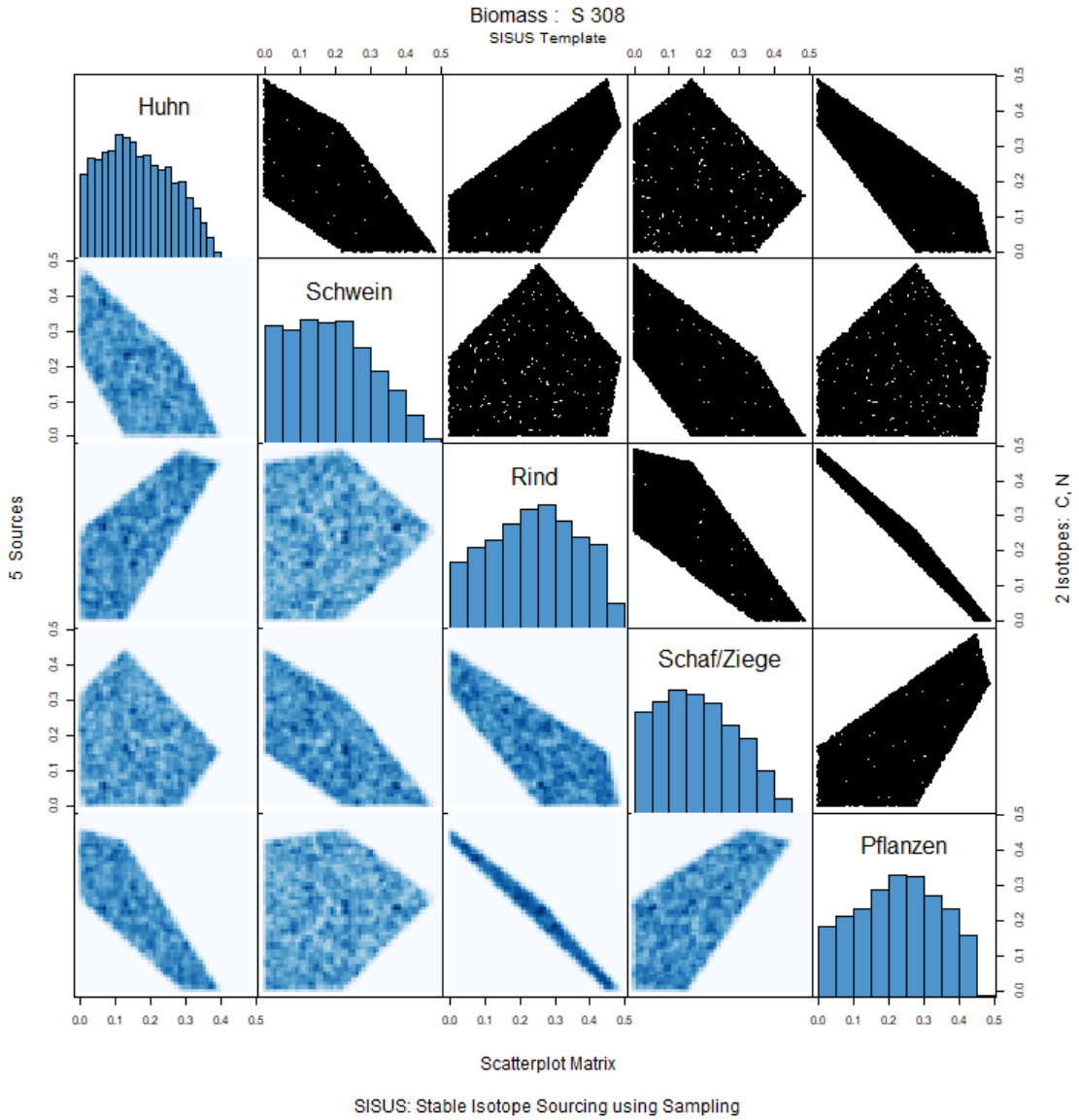


Abbildung 1703: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 308. Erstellt mit SISUS.

S309

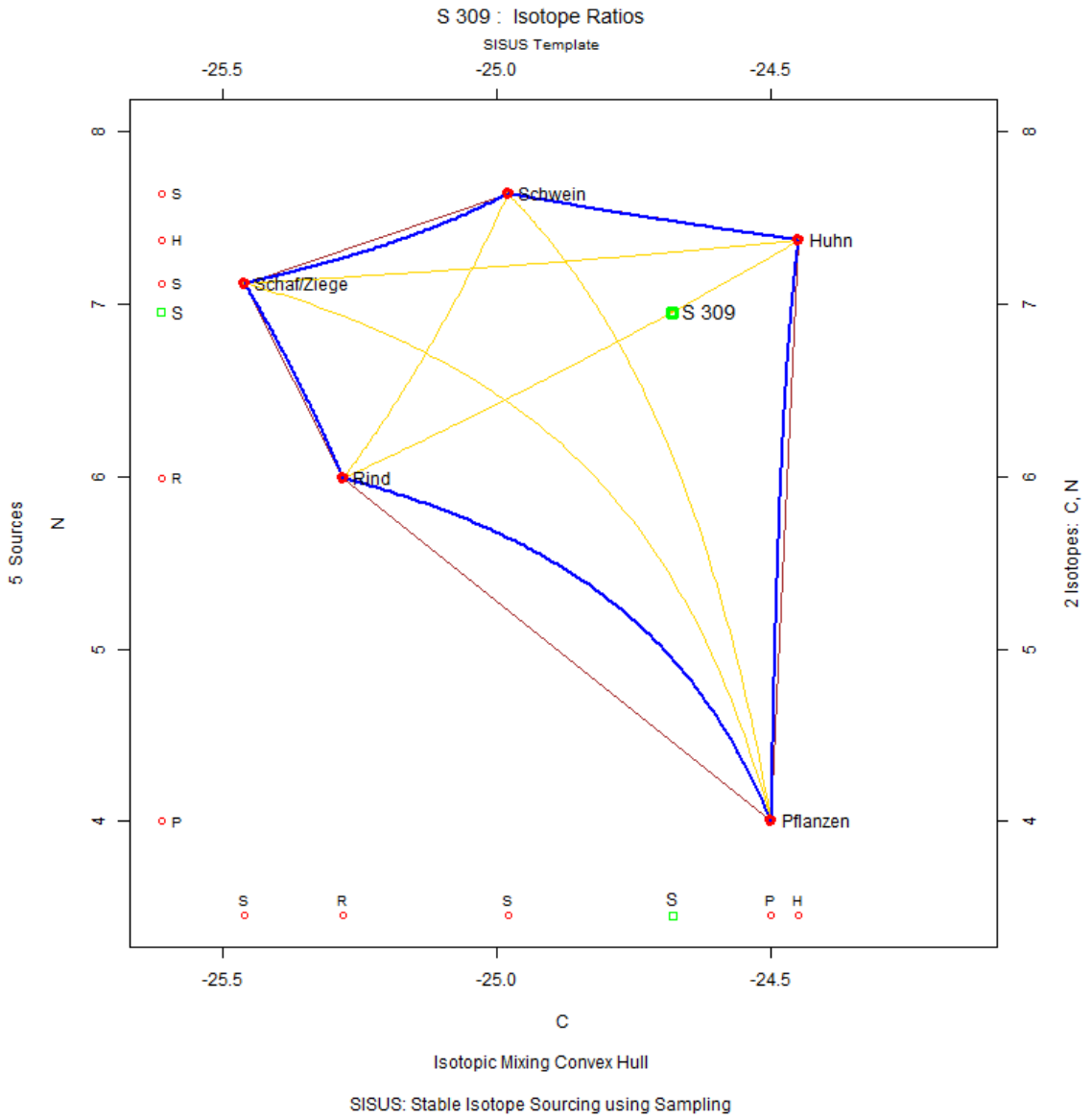


Abbildung 1704: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 309. Erstellt mit SISUS.

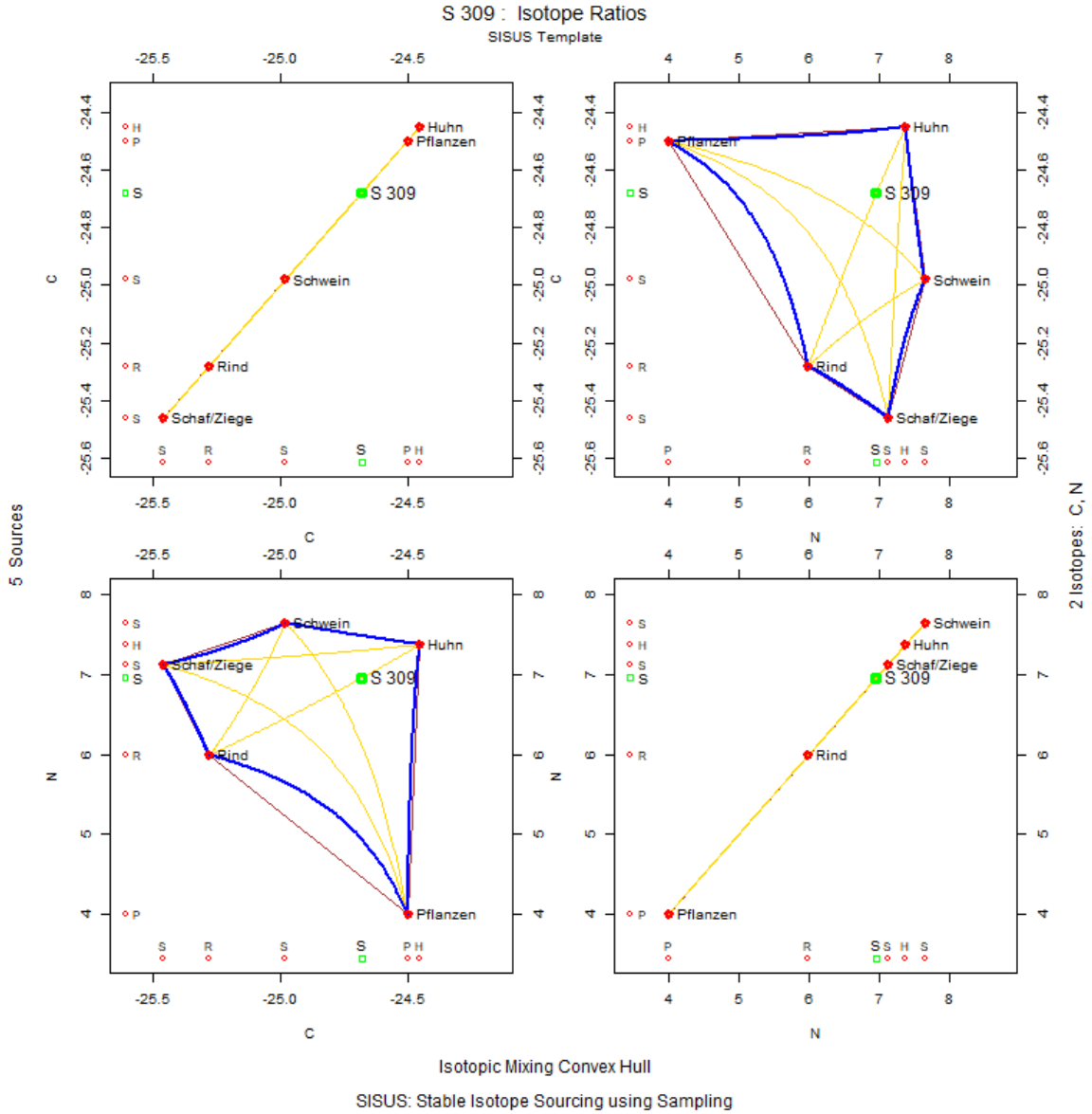


Abbildung 1705: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 309 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

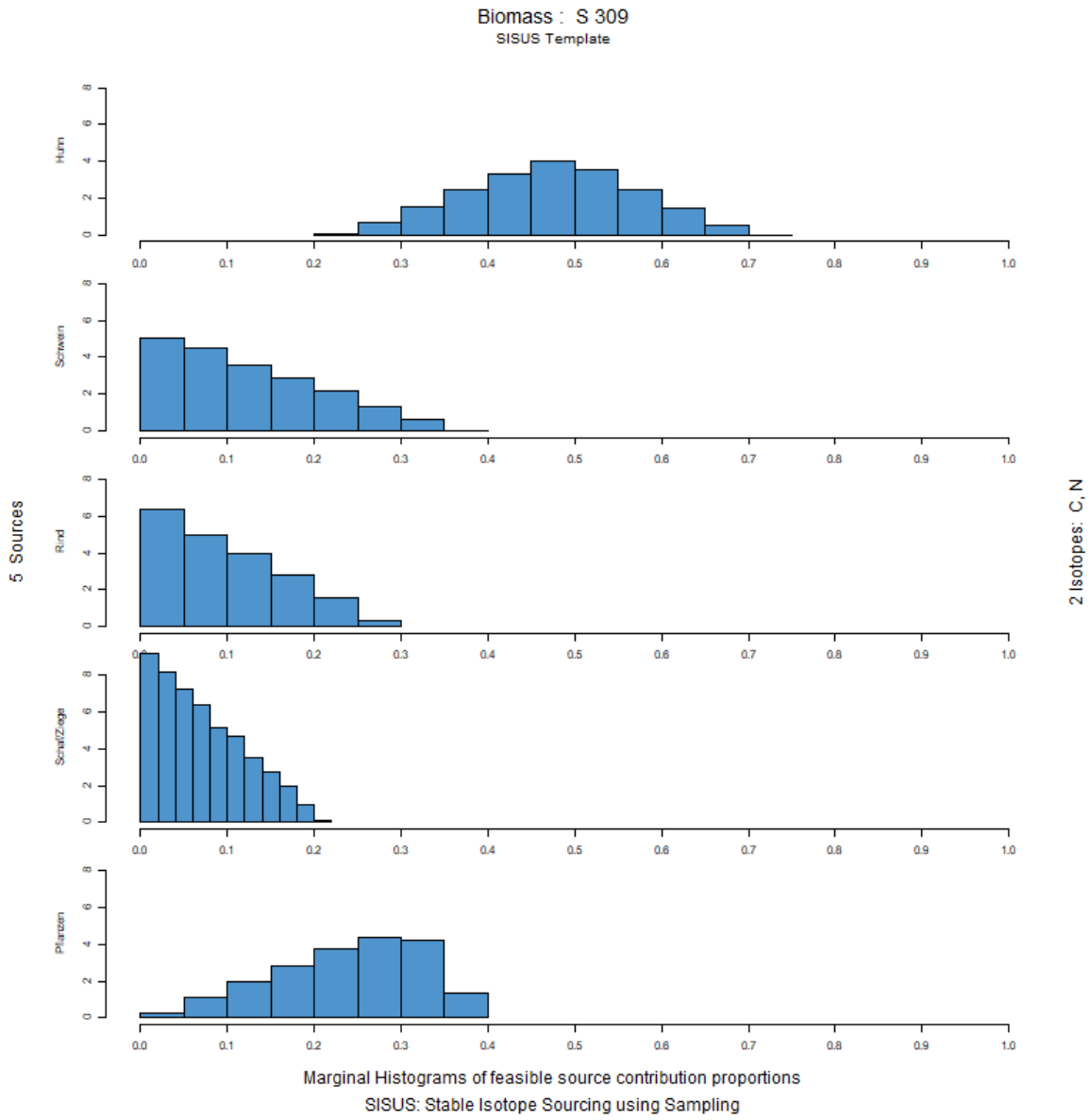


Abbildung 1706: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 309. Erstellt mit SISUS.

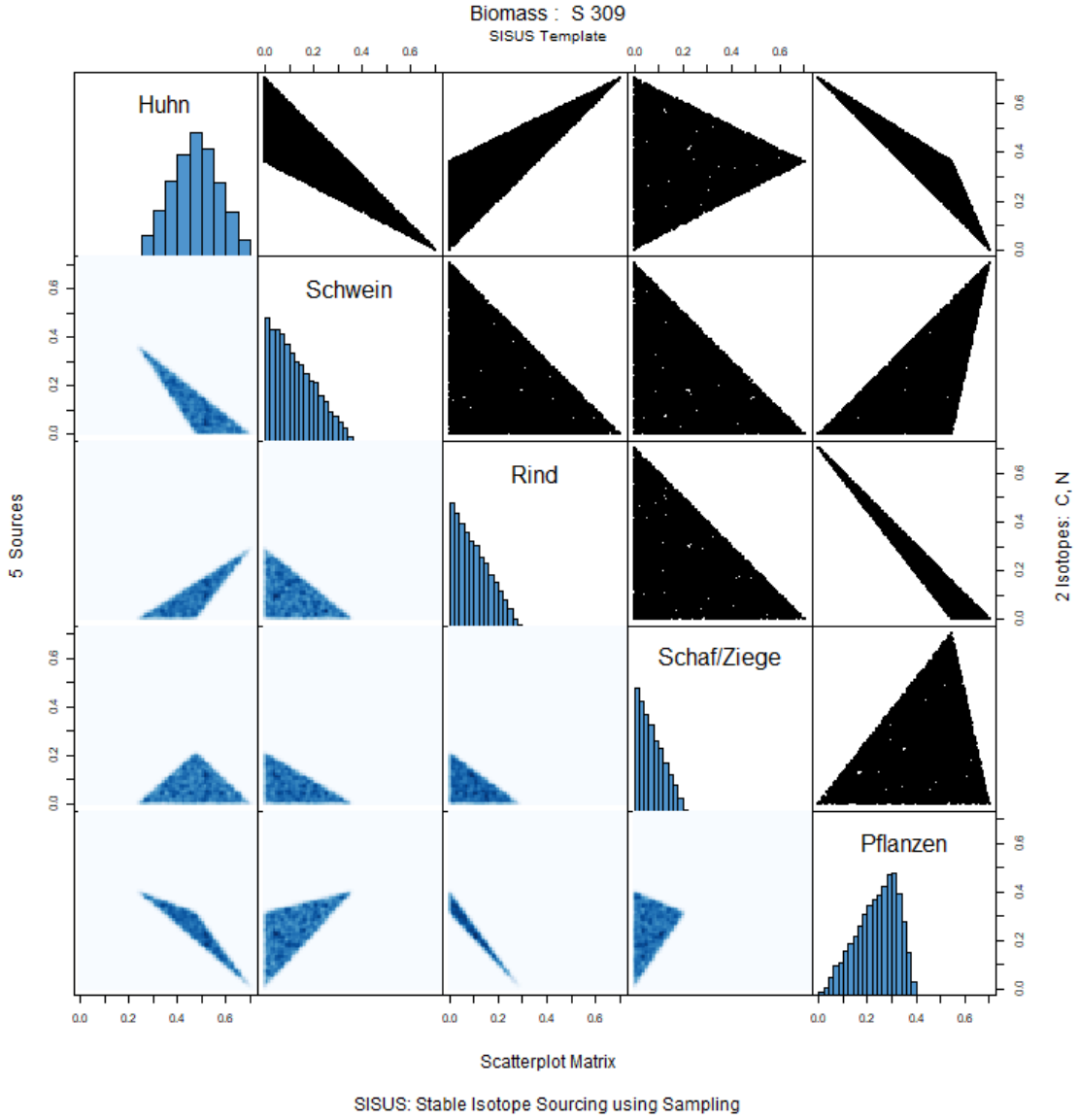


Abbildung 1707: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 309. Erstellt mit SISUS.

S310

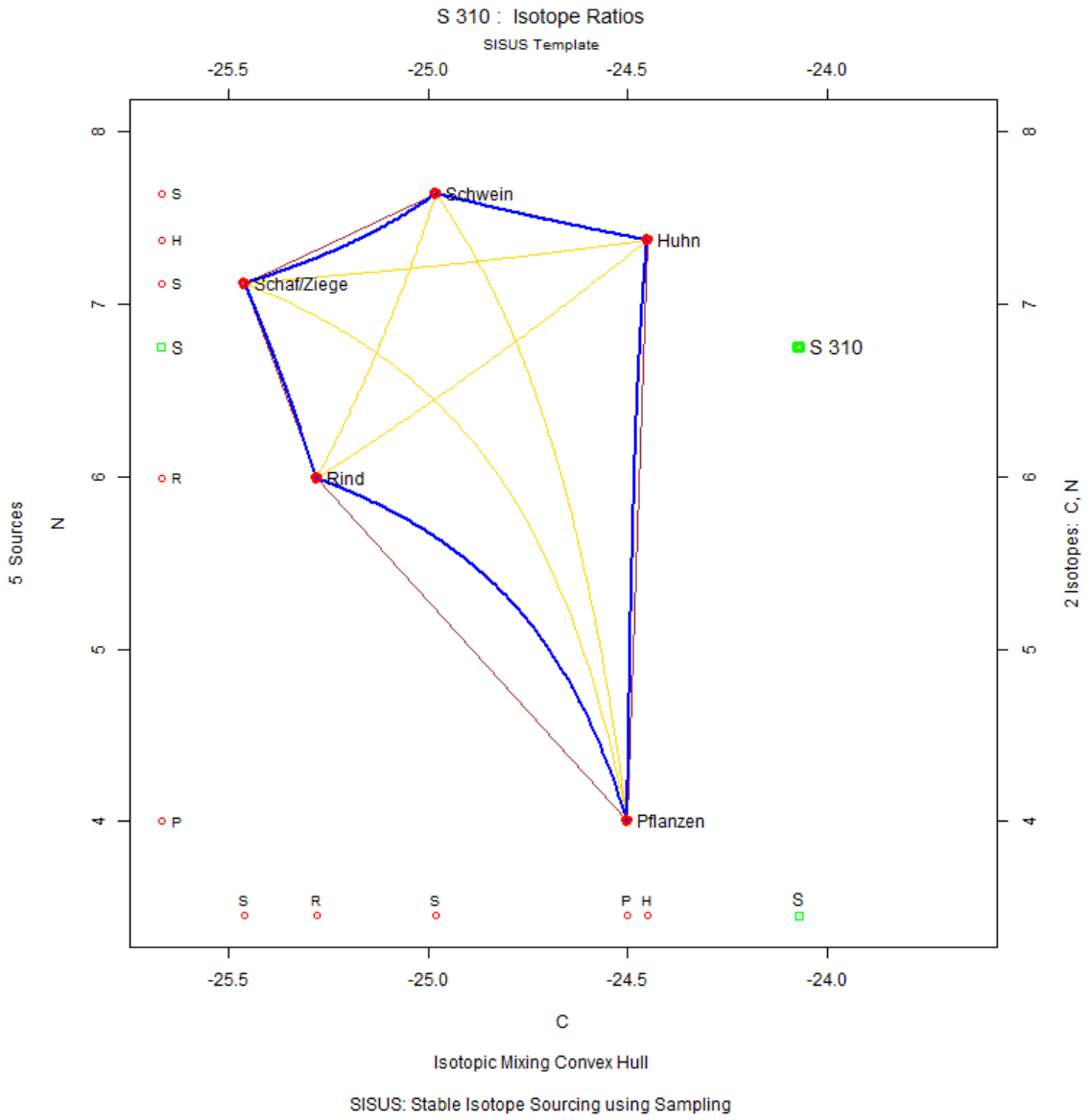


Abbildung 1708: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 310. Erstellt mit SISUS.

S315

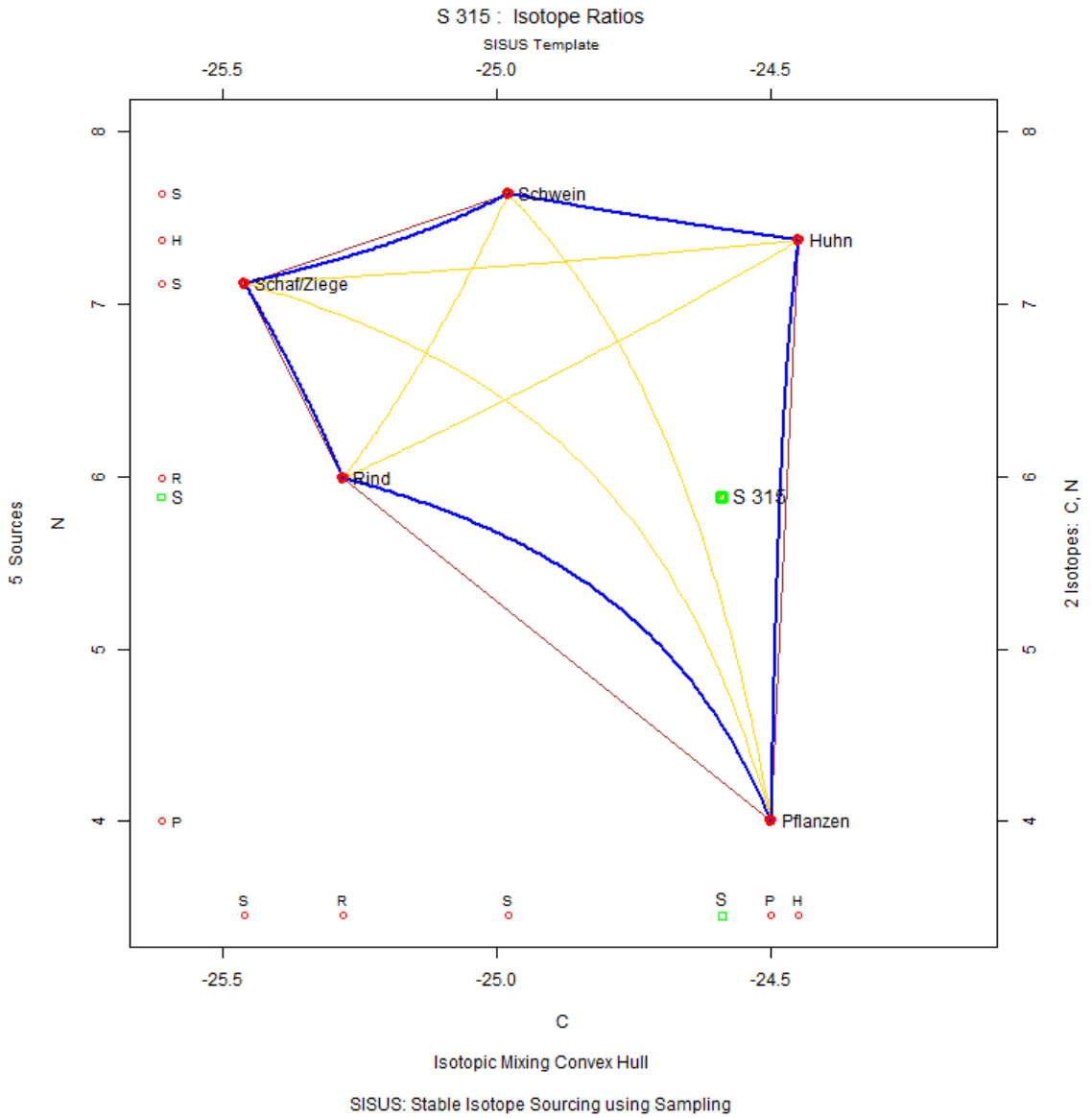


Abbildung 1709: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 315. Erstellt mit SISUS.

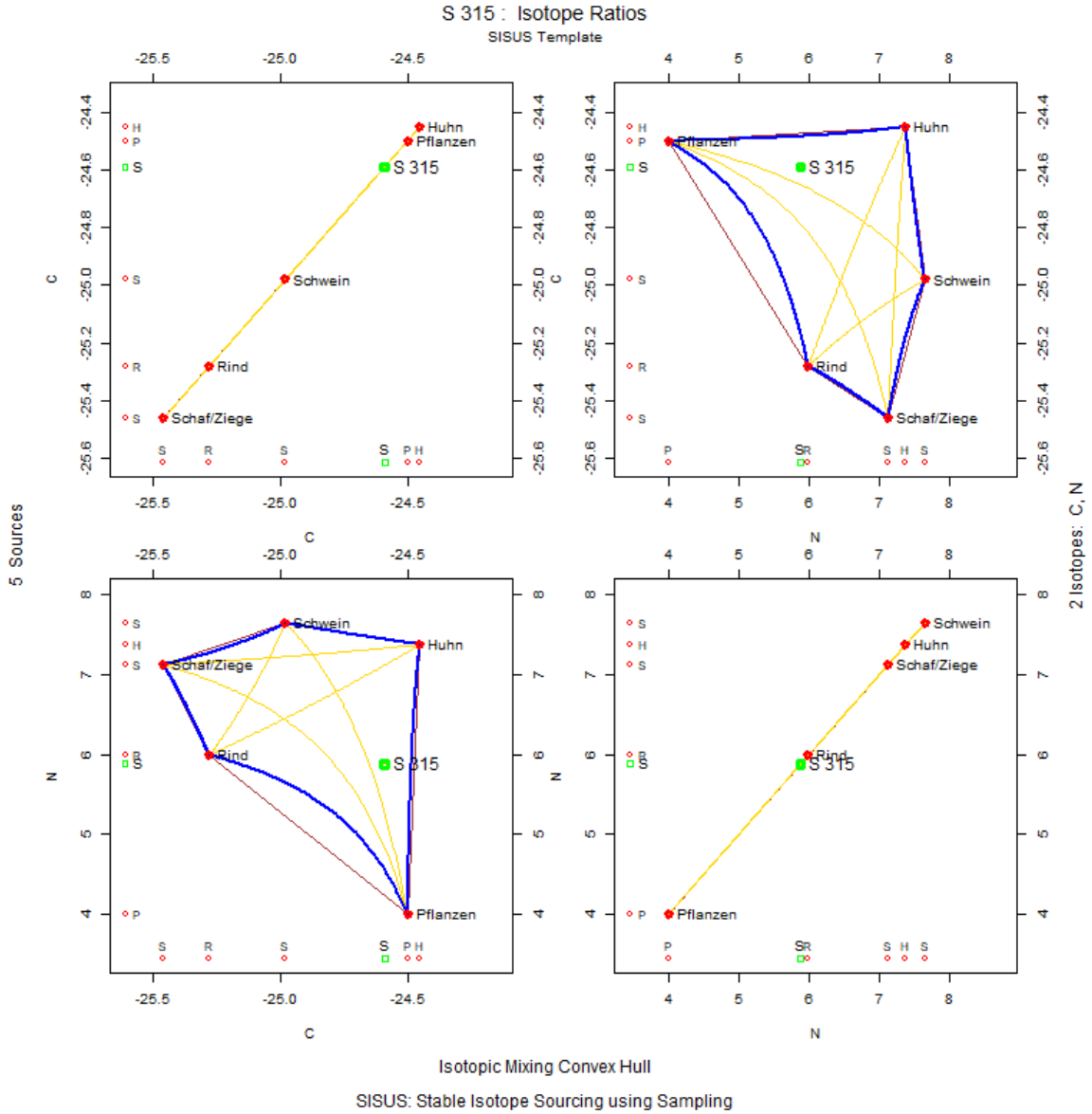


Abbildung 1710: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 315 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

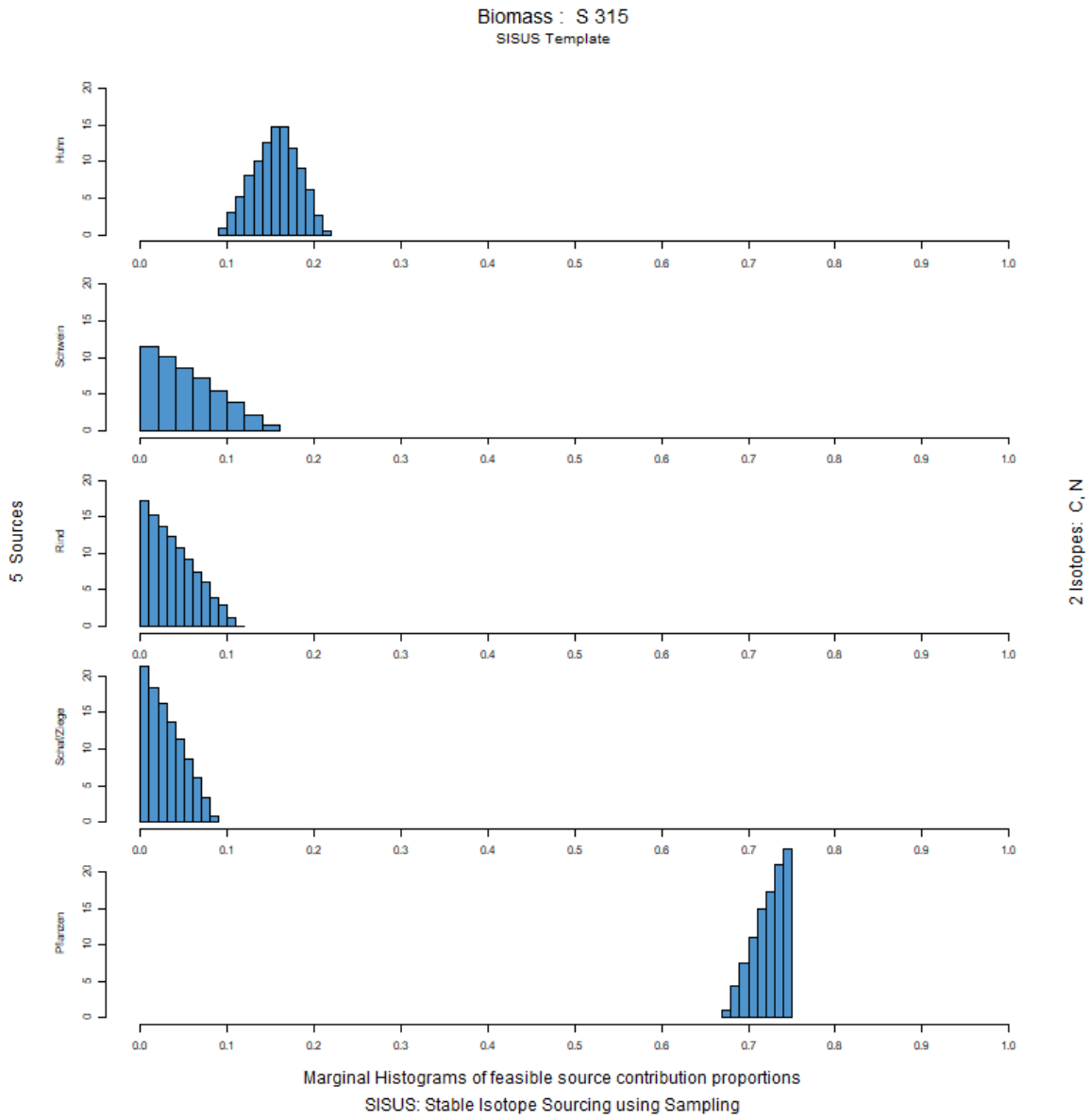


Abbildung 1711: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 315. Erstellt mit SISUS.

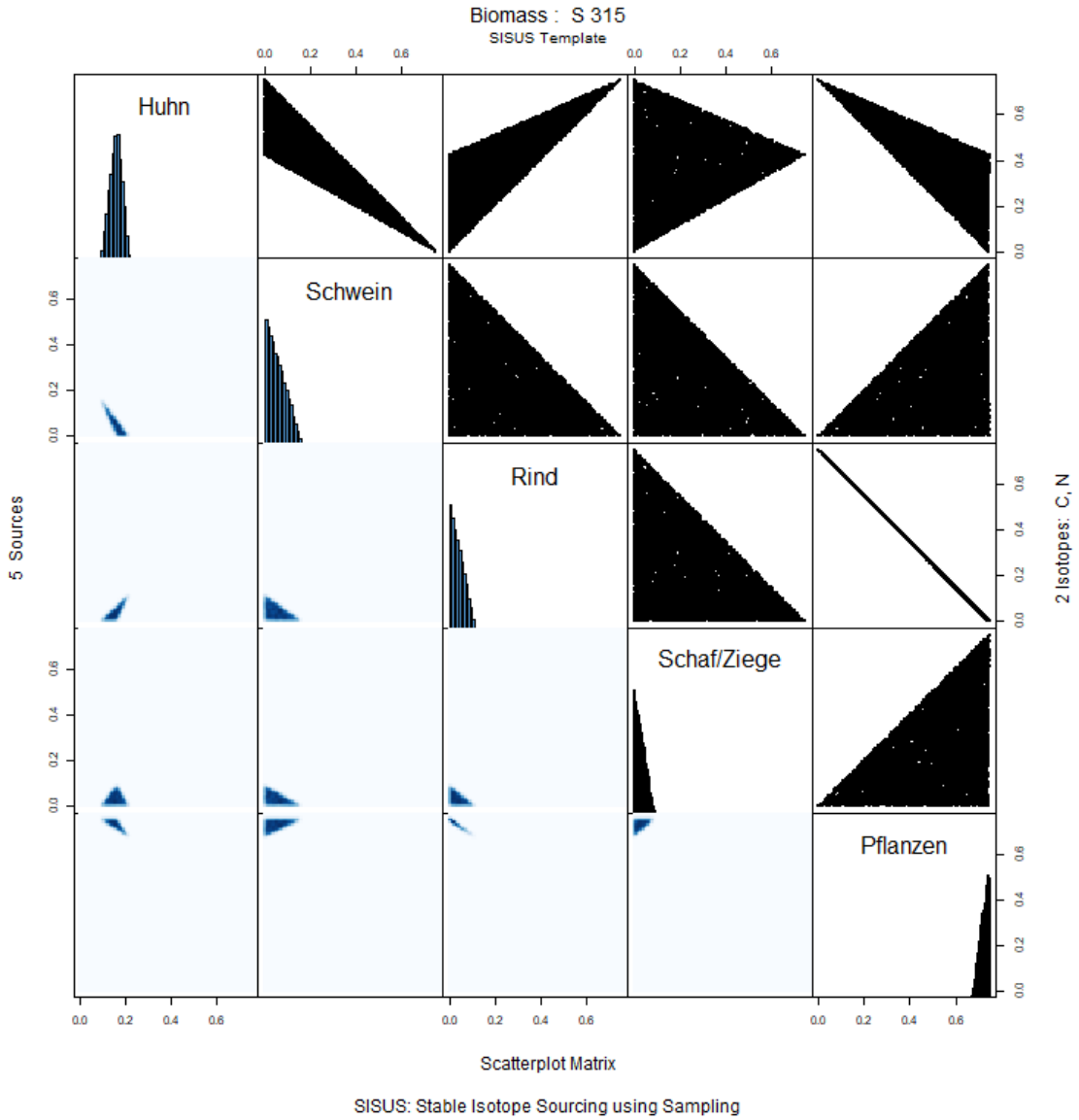


Abbildung 1712: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 315. Erstellt mit SISUS.

S316

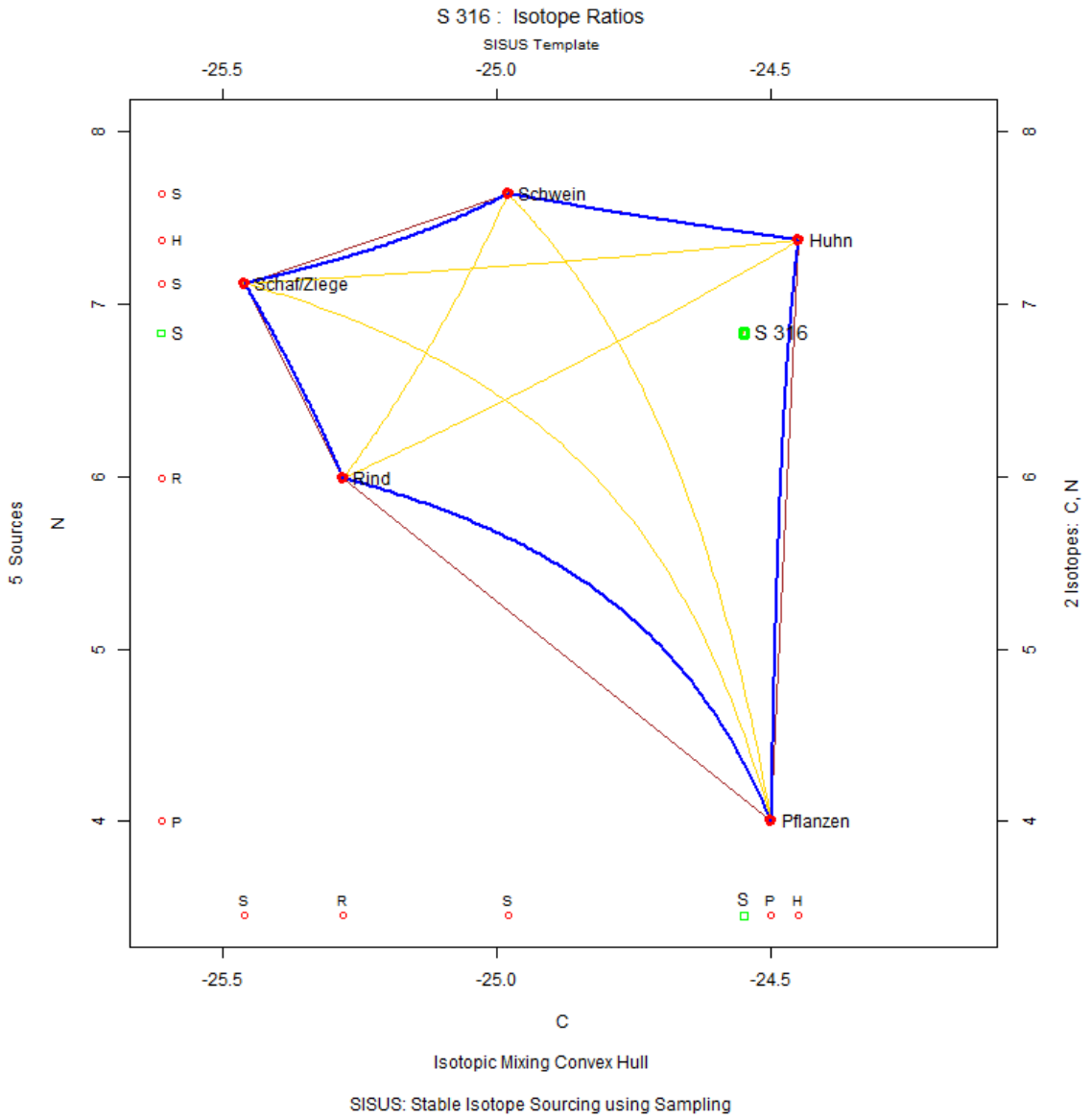


Abbildung 1713: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 316. Erstellt mit SISUS.

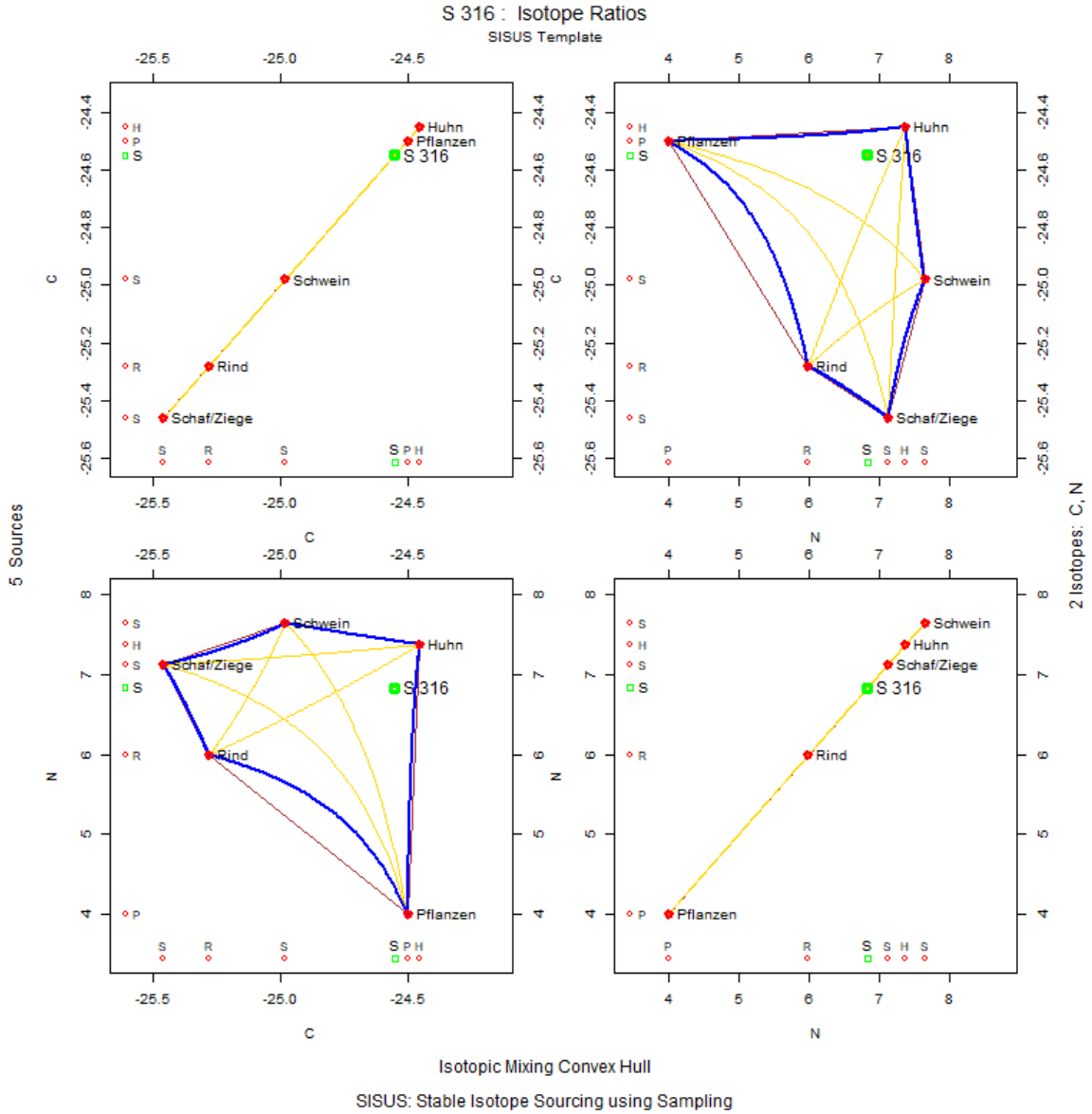


Abbildung 1714: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 316 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

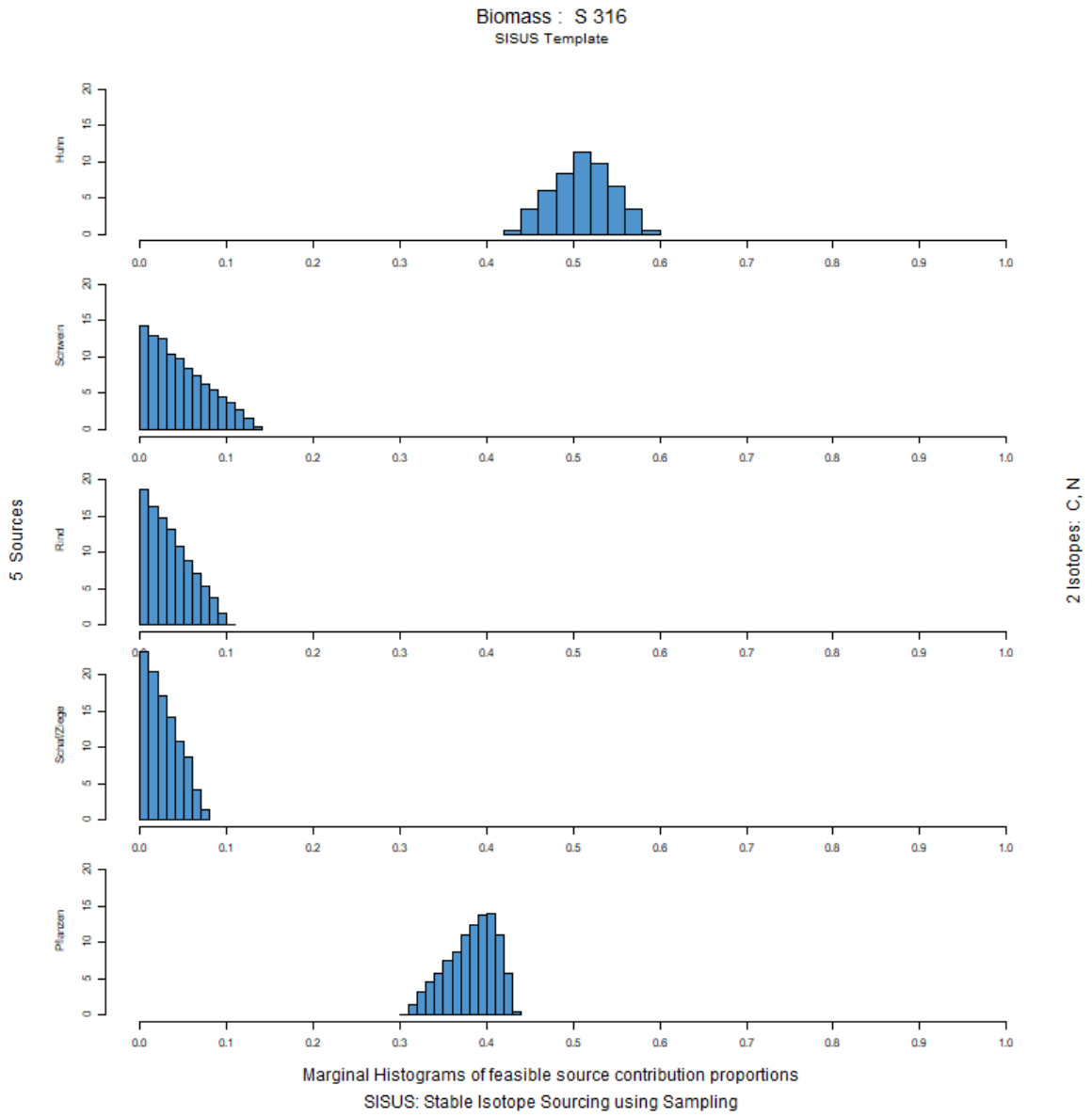


Abbildung 1715: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 316. Erstellt mit SISUS.

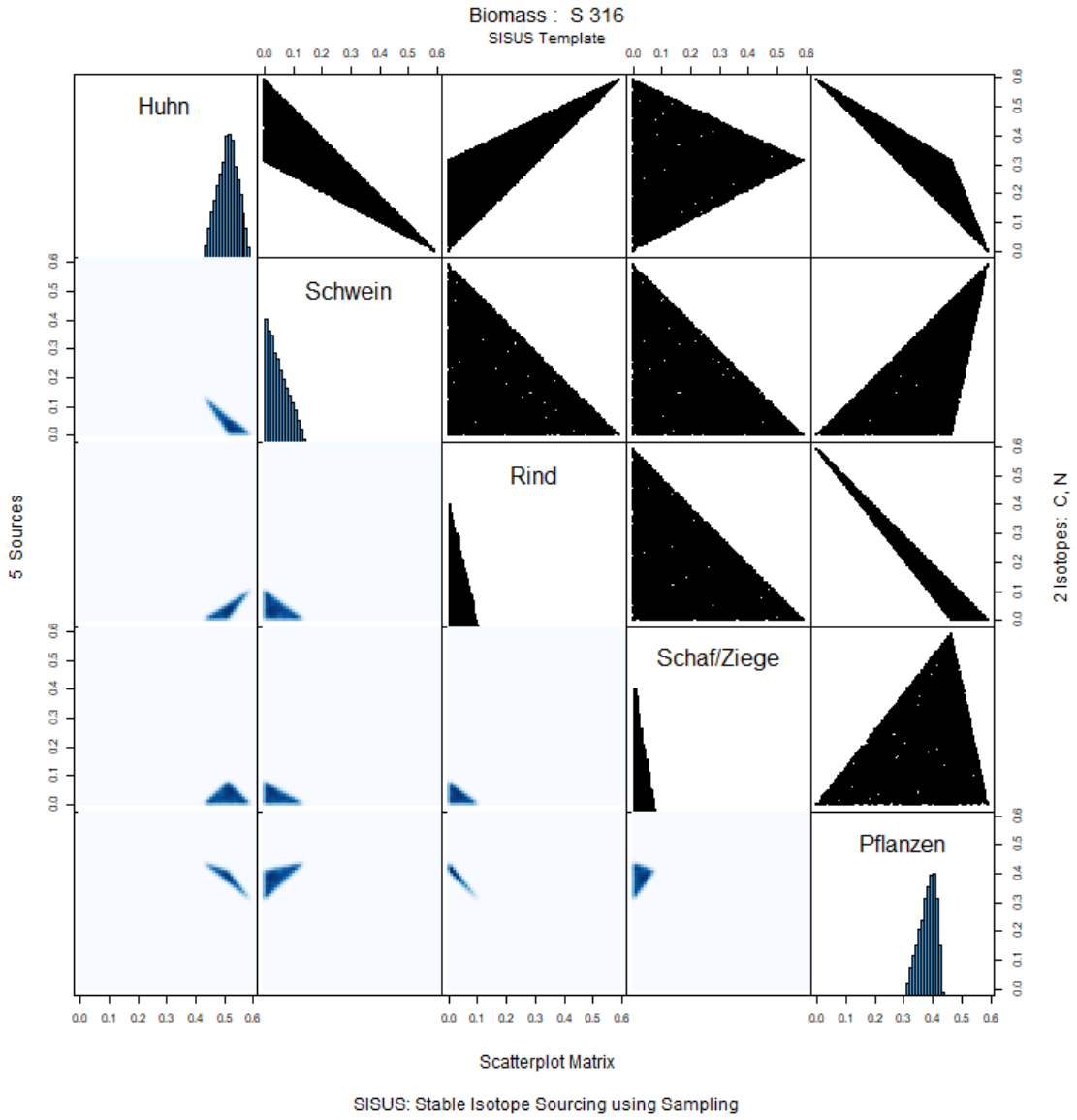


Abbildung 1716: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 316. Erstellt mit SISUS.

S317

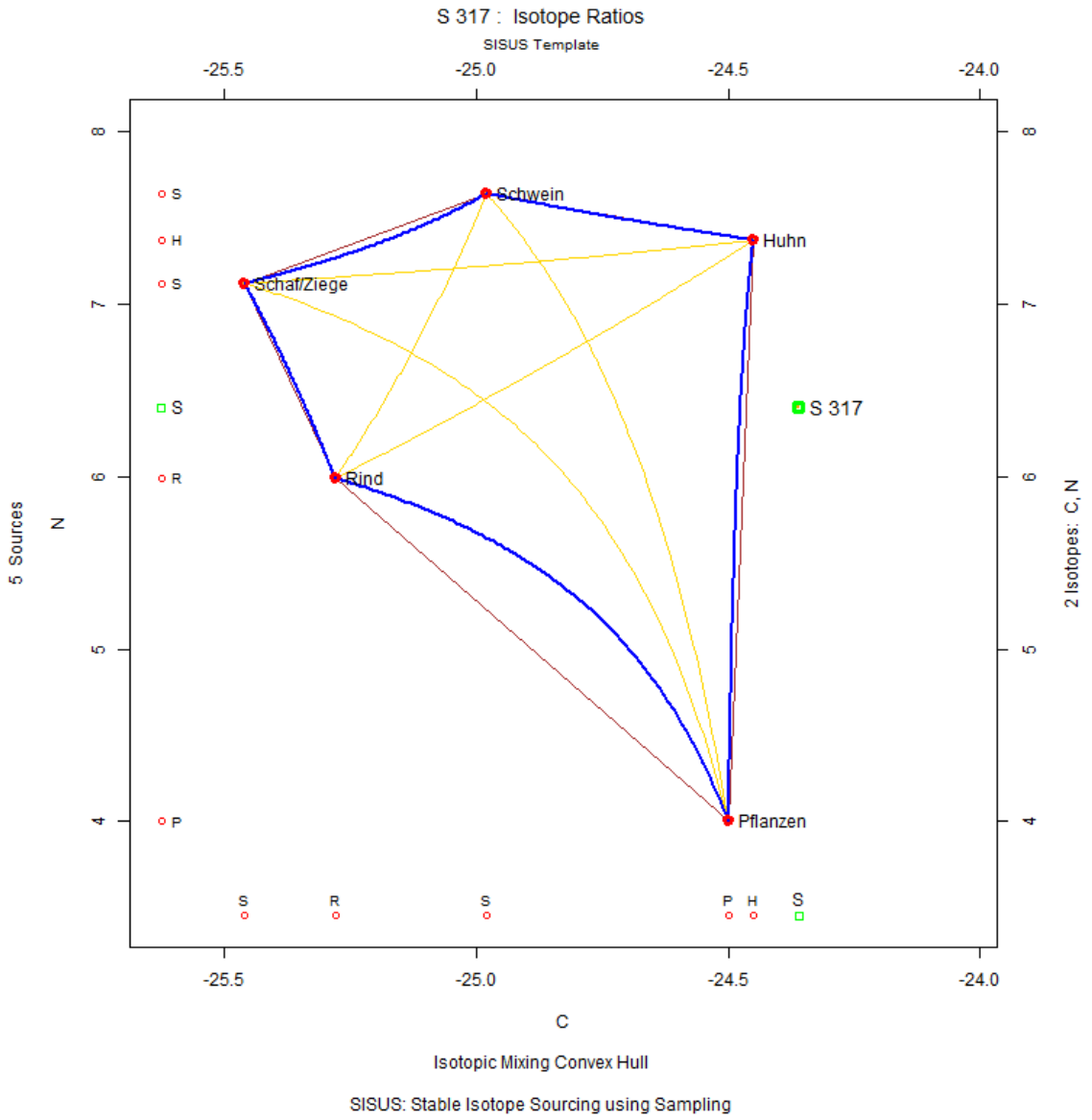


Abbildung 1717: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 317. Erstellt mit SISUS.

S320

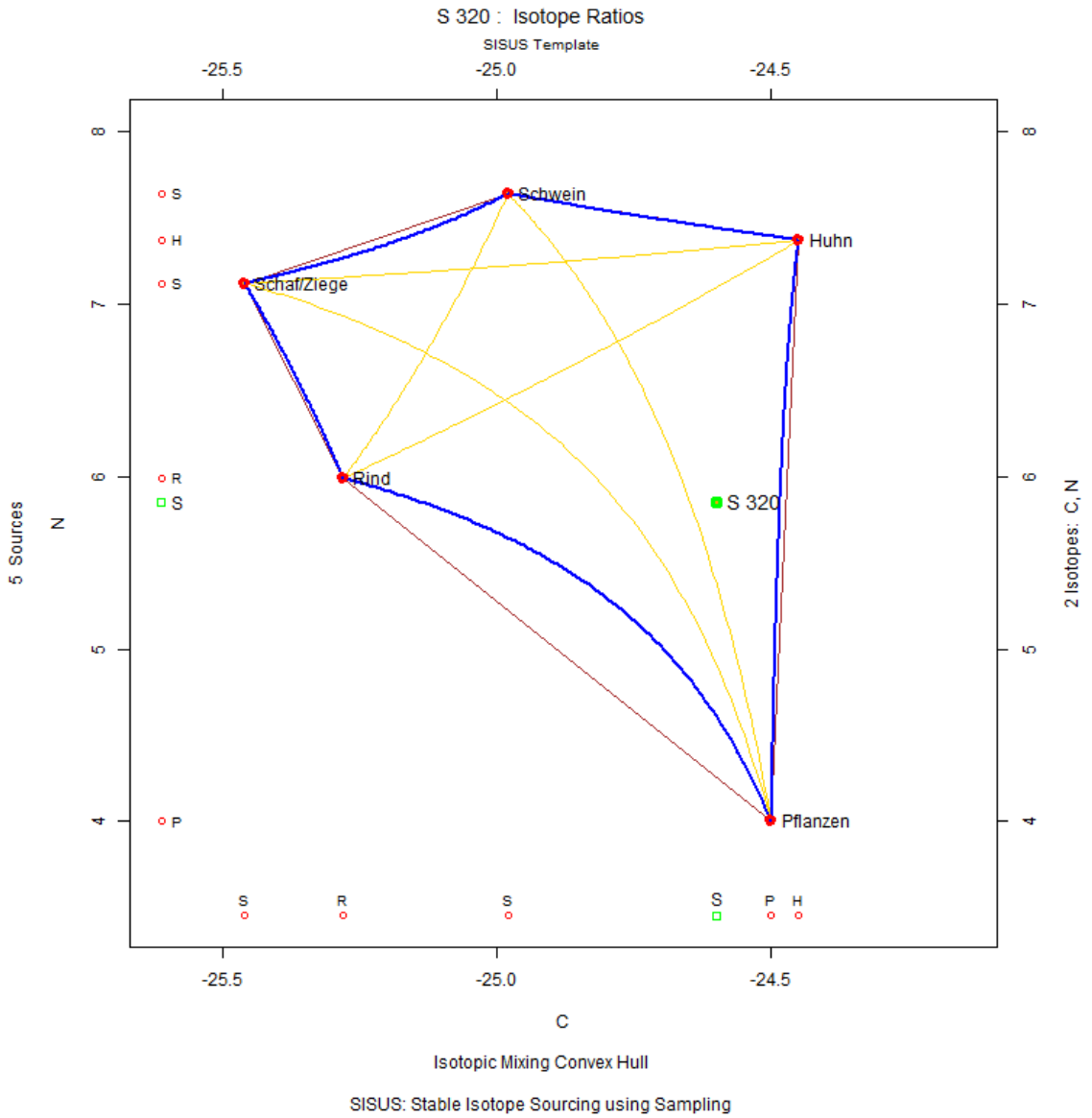


Abbildung 1718: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 320. Erstellt mit SISUS.

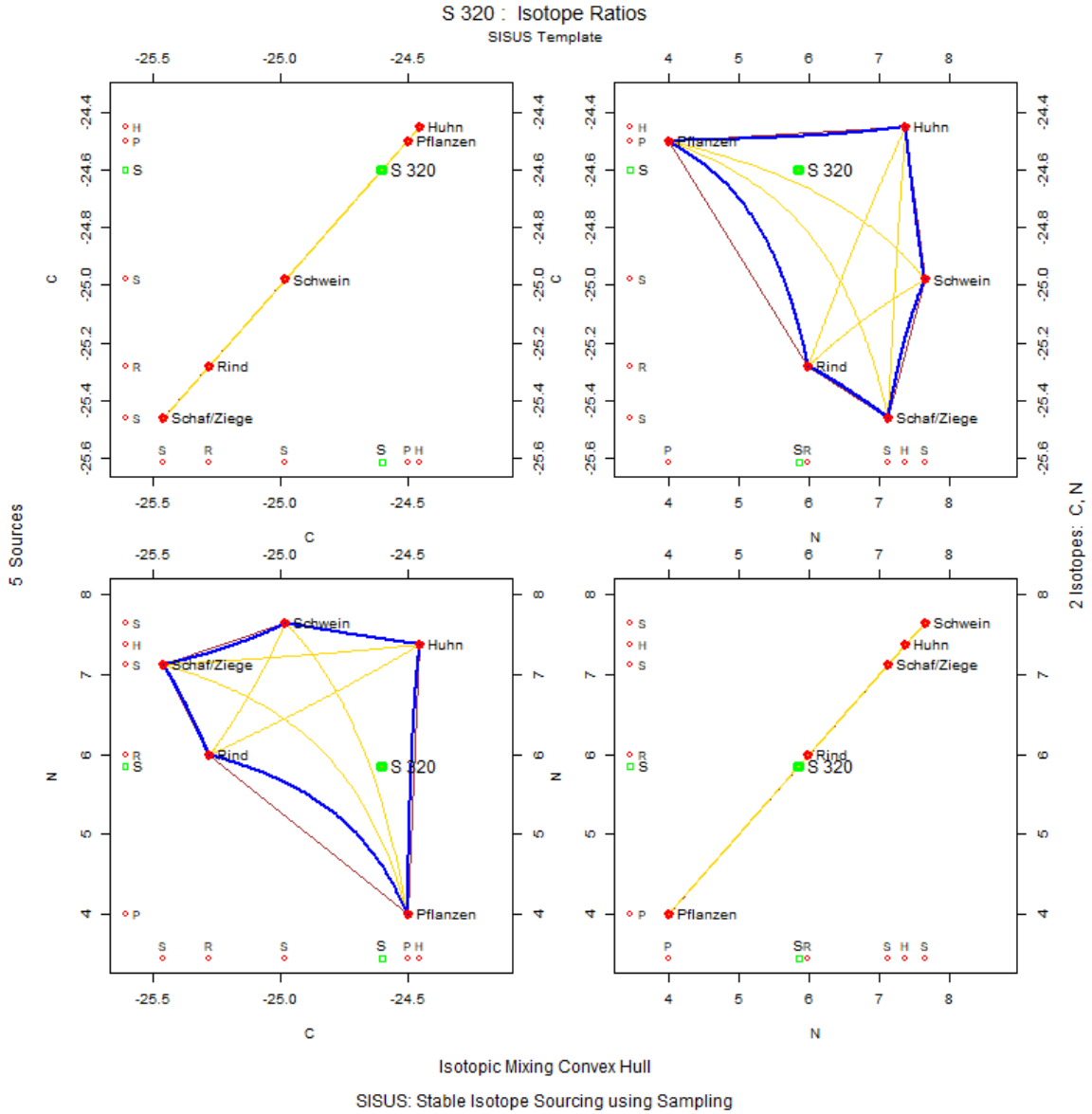


Abbildung 1719: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 320 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

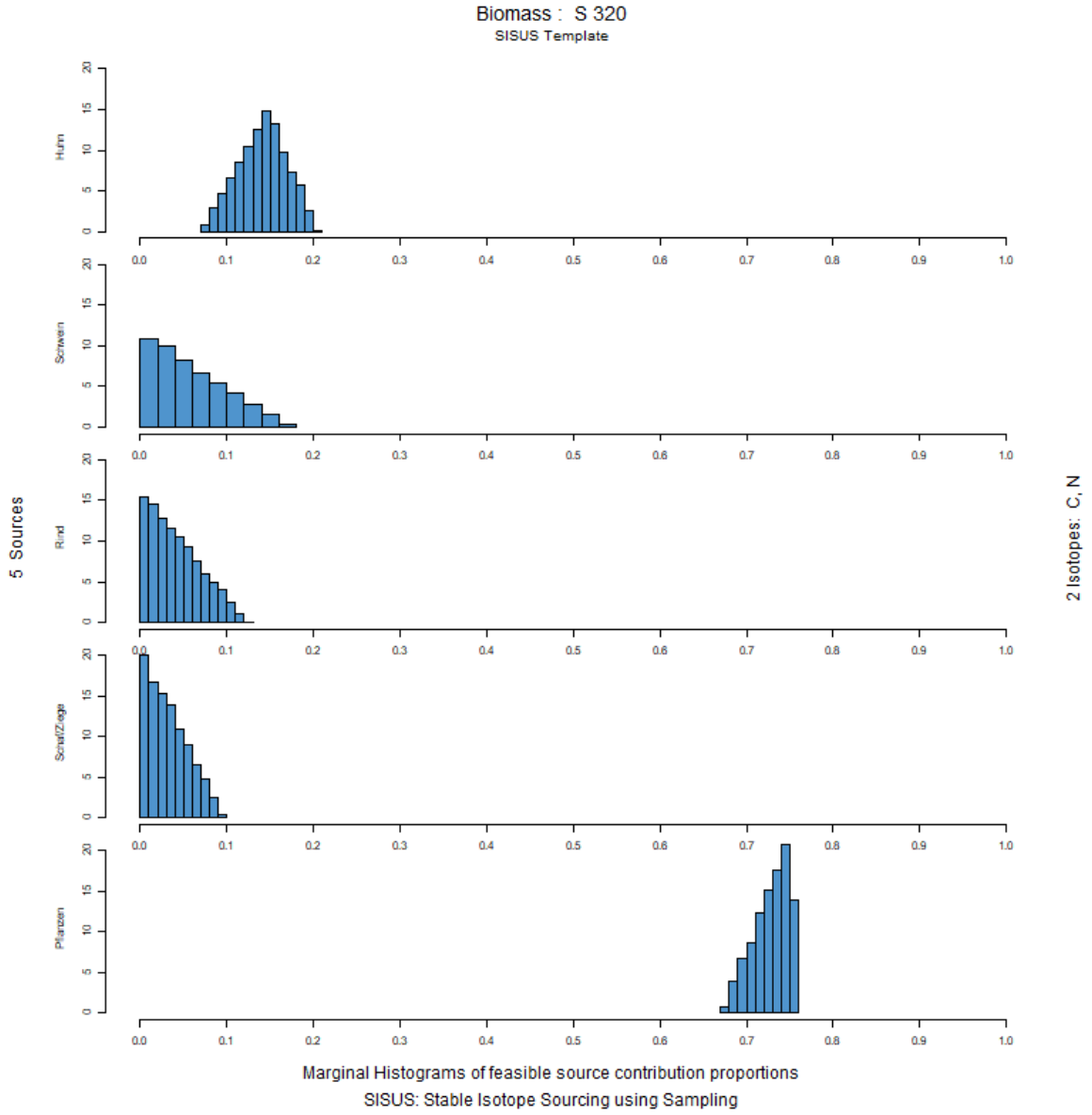


Abbildung 1720: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 320. Erstellt mit SISUS.

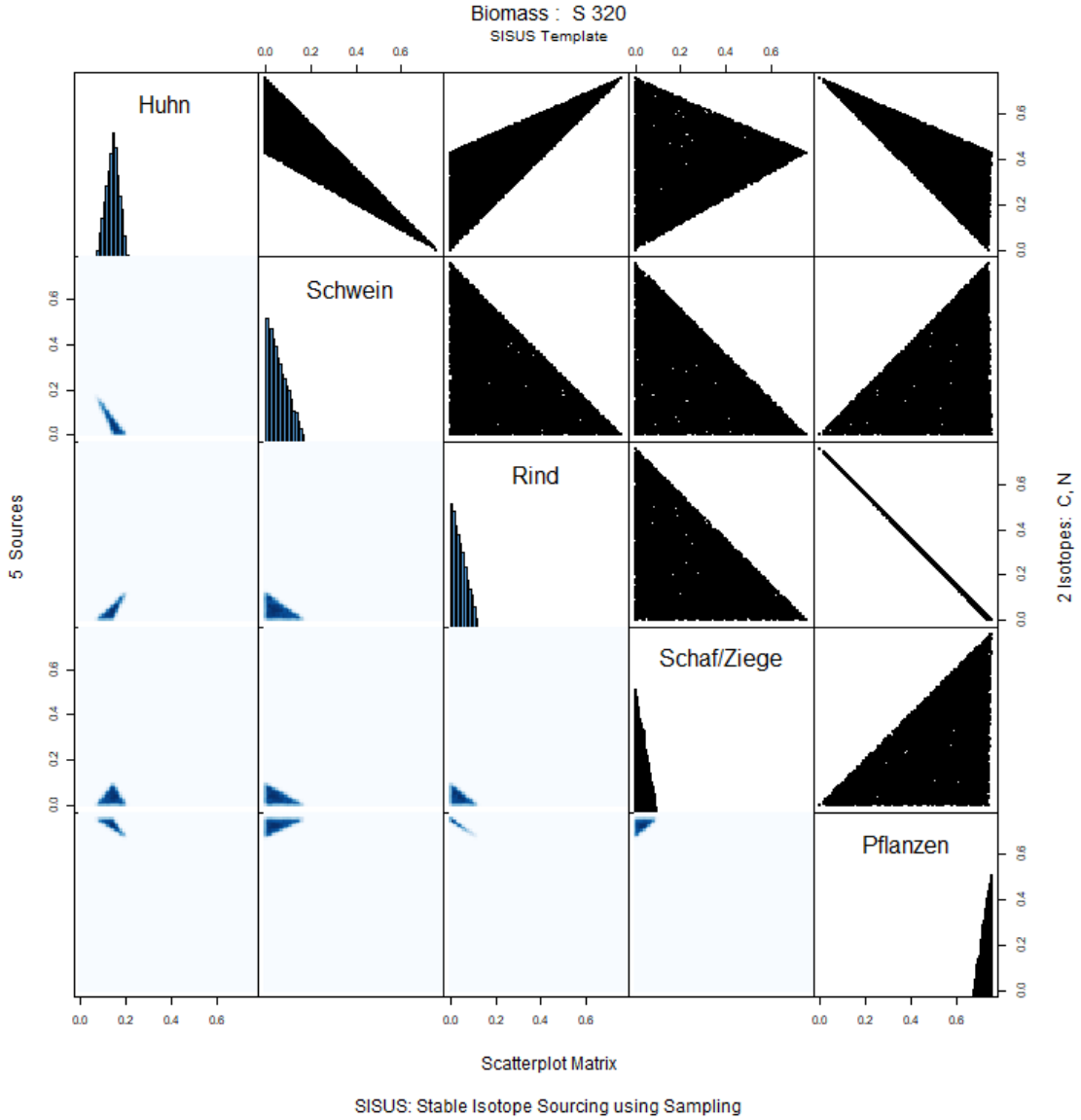


Abbildung 1721: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 320. Erstellt mit SISUS.

S321

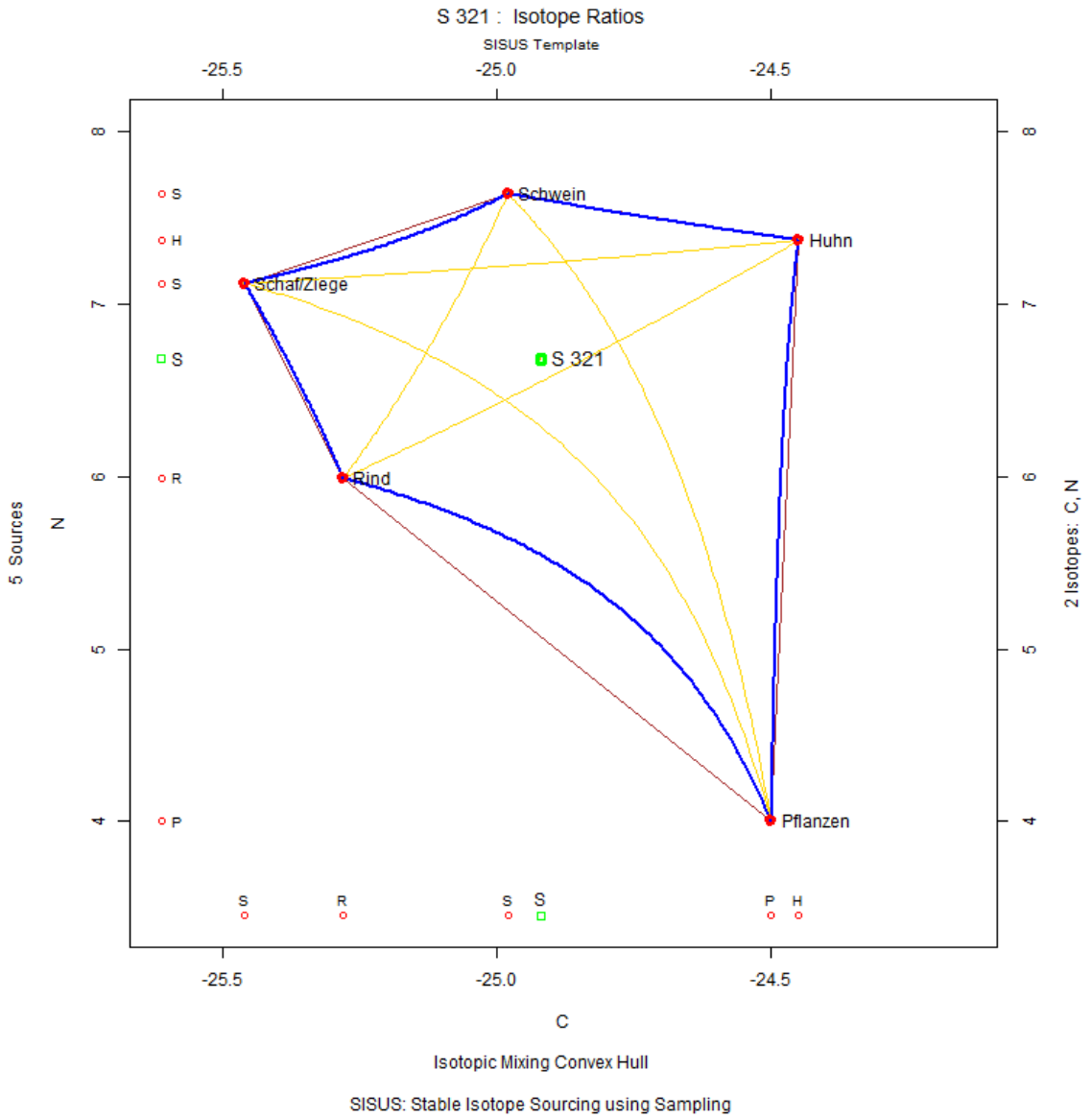


Abbildung 1722: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 321. Erstellt mit SISUS.

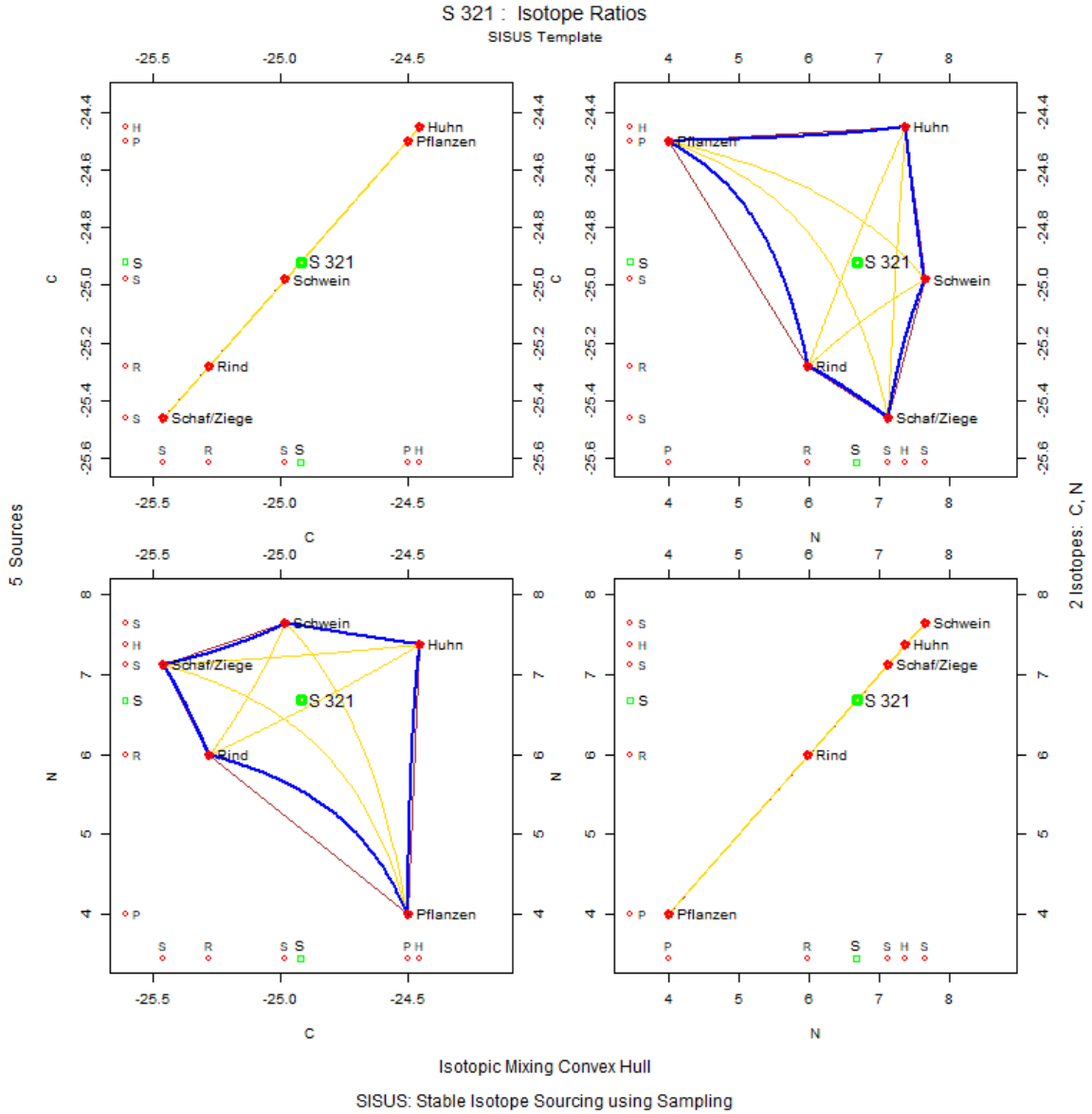


Abbildung 1723: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 321 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

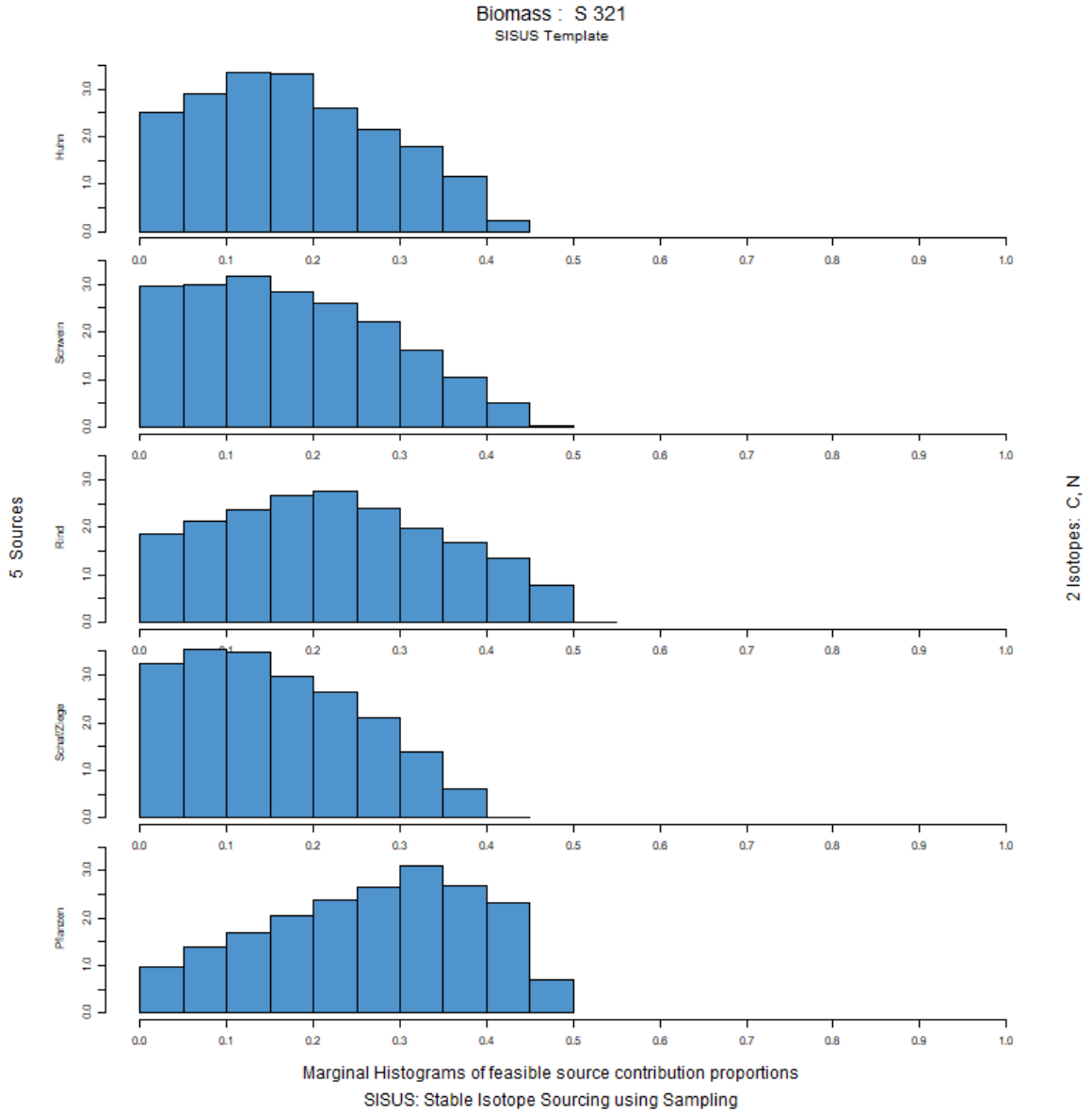


Abbildung 1724: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 321. Erstellt mit SISUS.

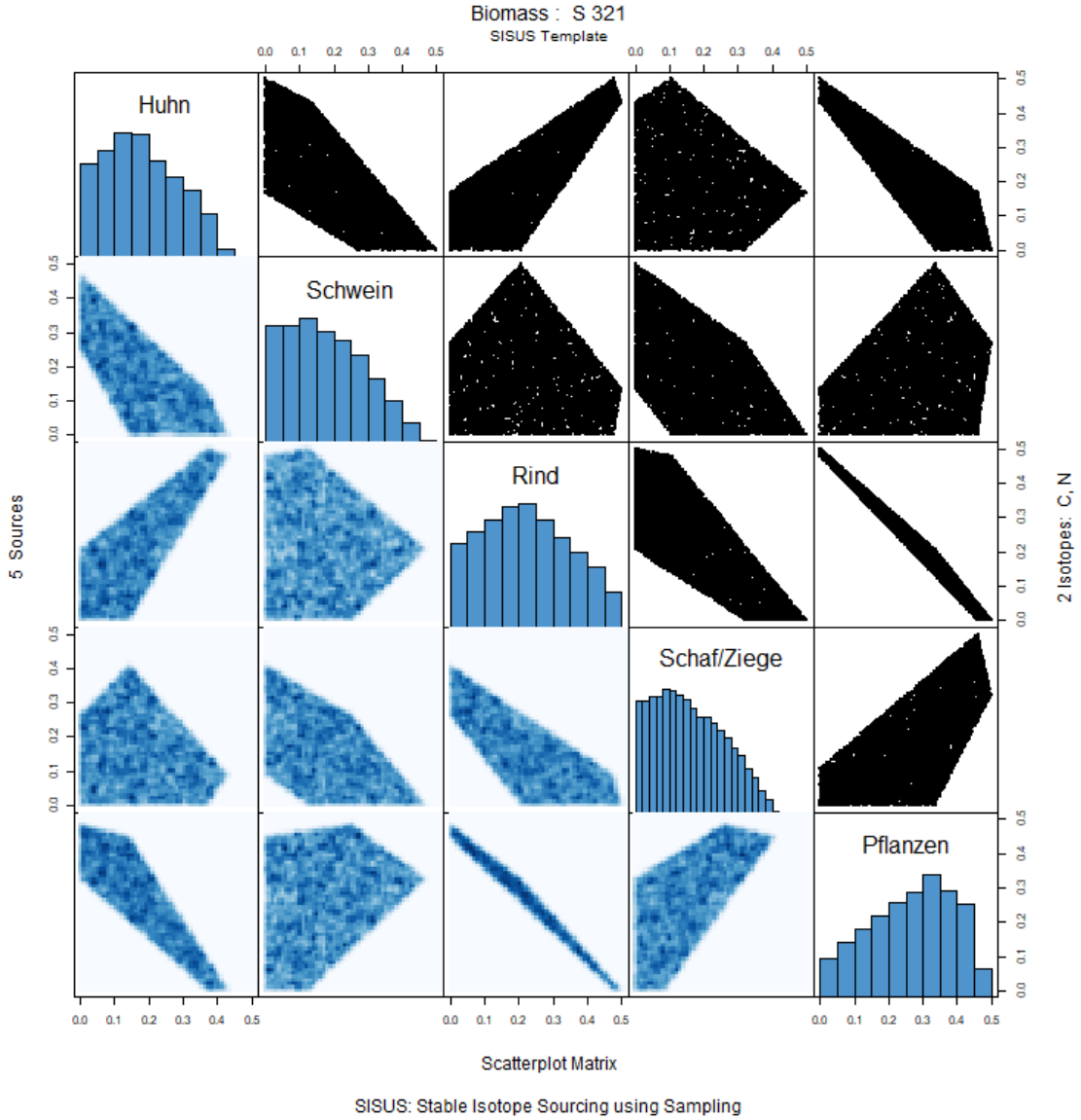


Abbildung 1725: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 321. Erstellt mit SISUS.

S326

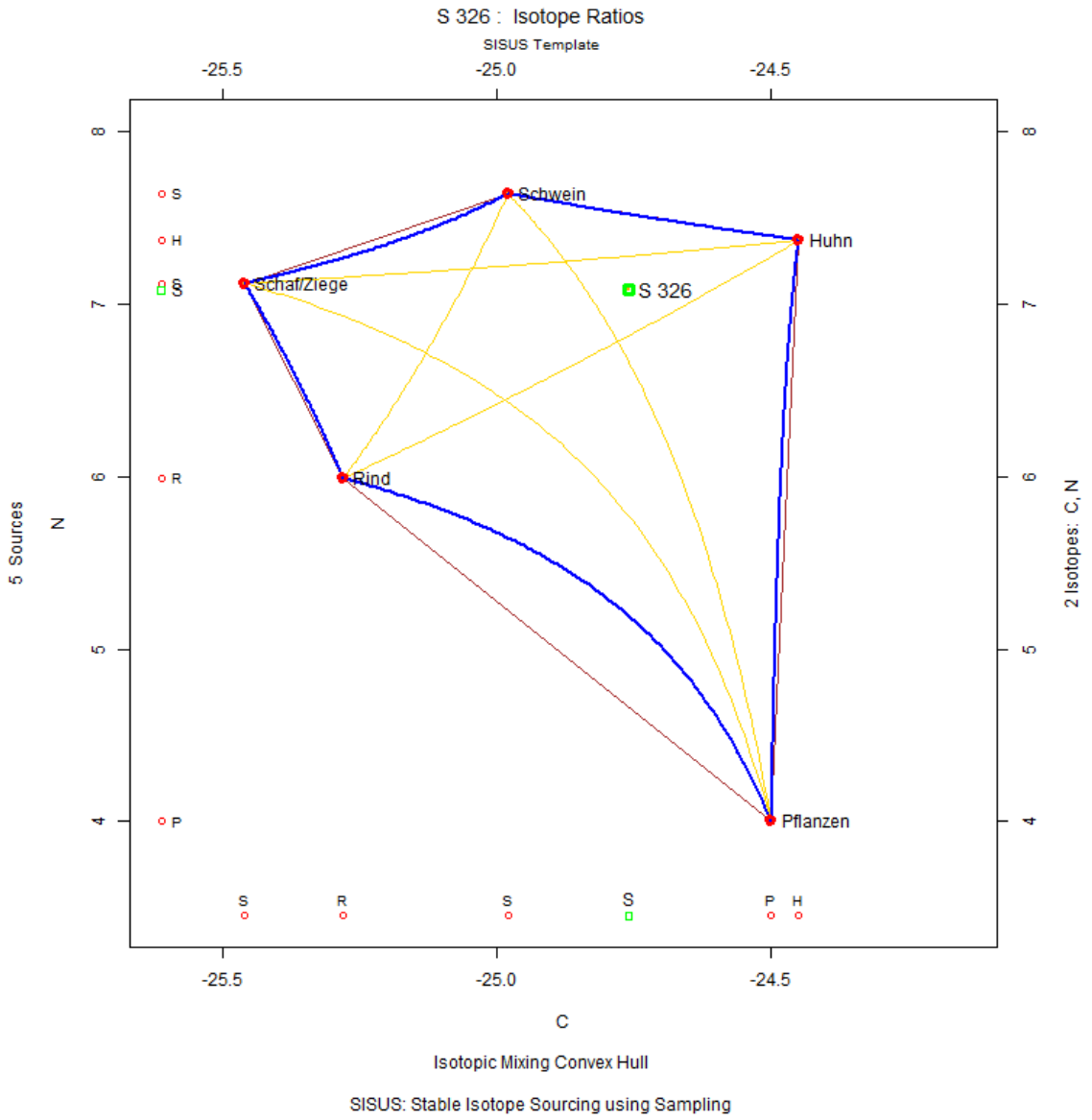


Abbildung 1726: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit SISUS.

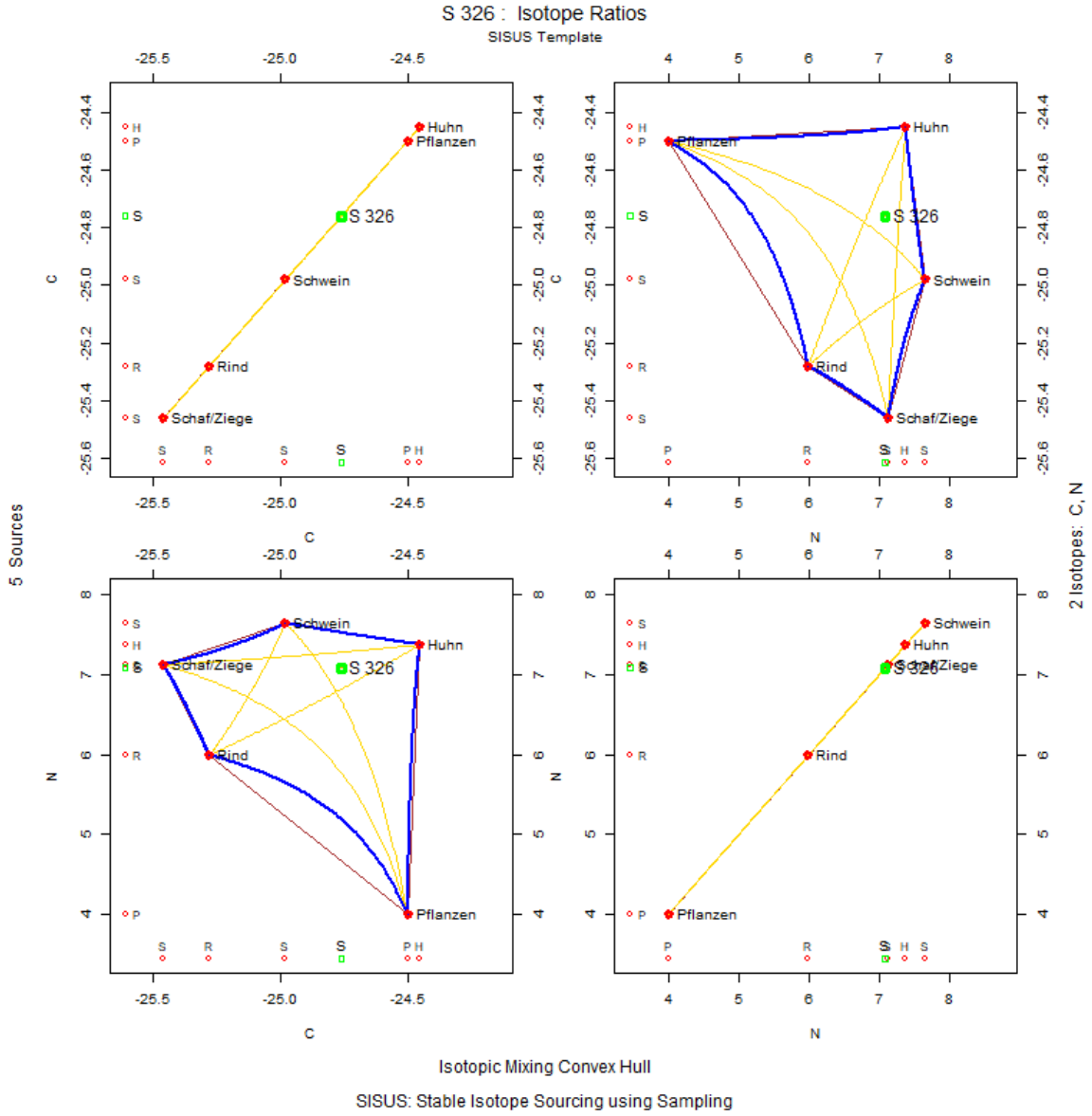


Abbildung 1727: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 326 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

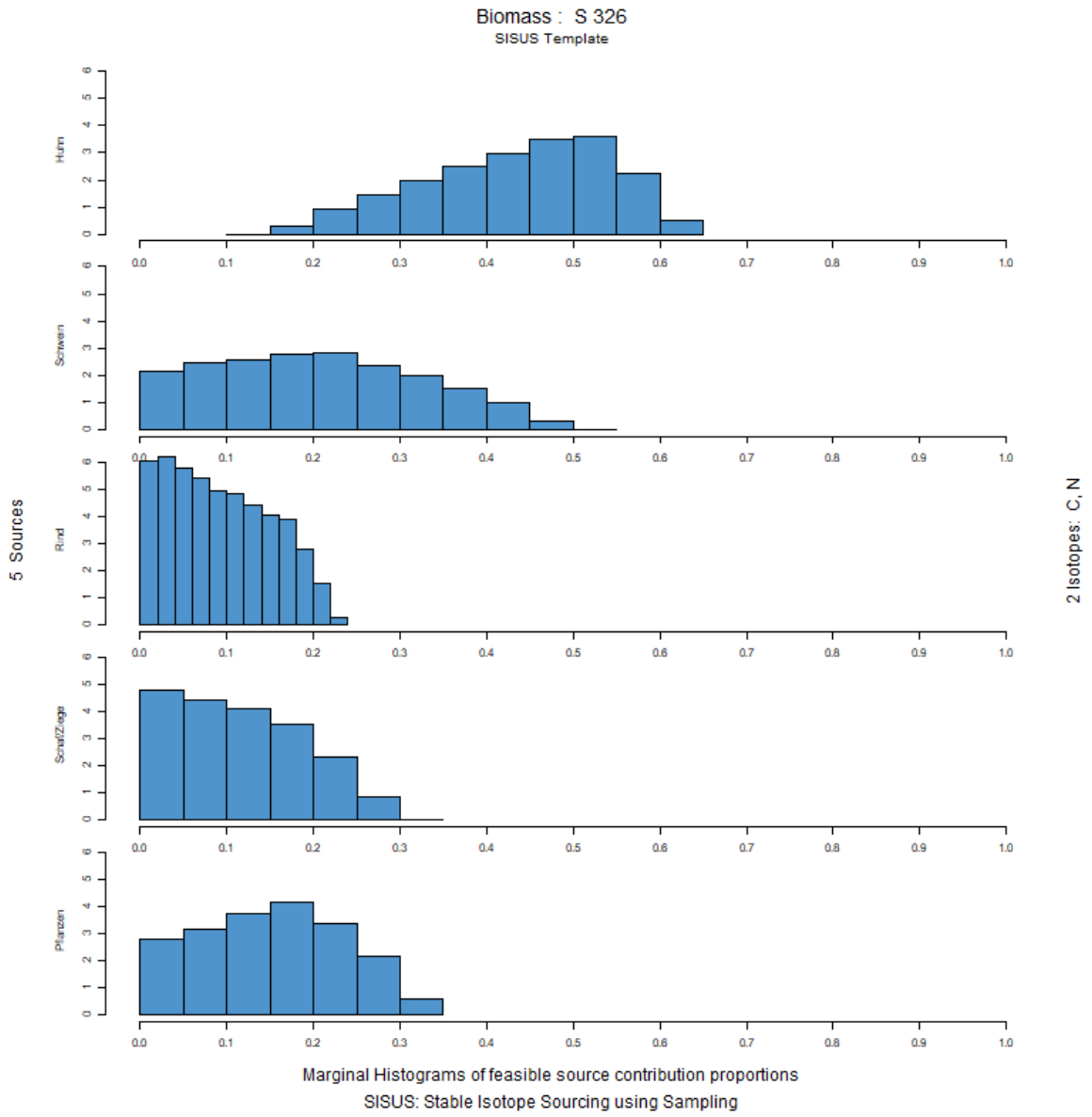


Abbildung 1728: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit SISUS.

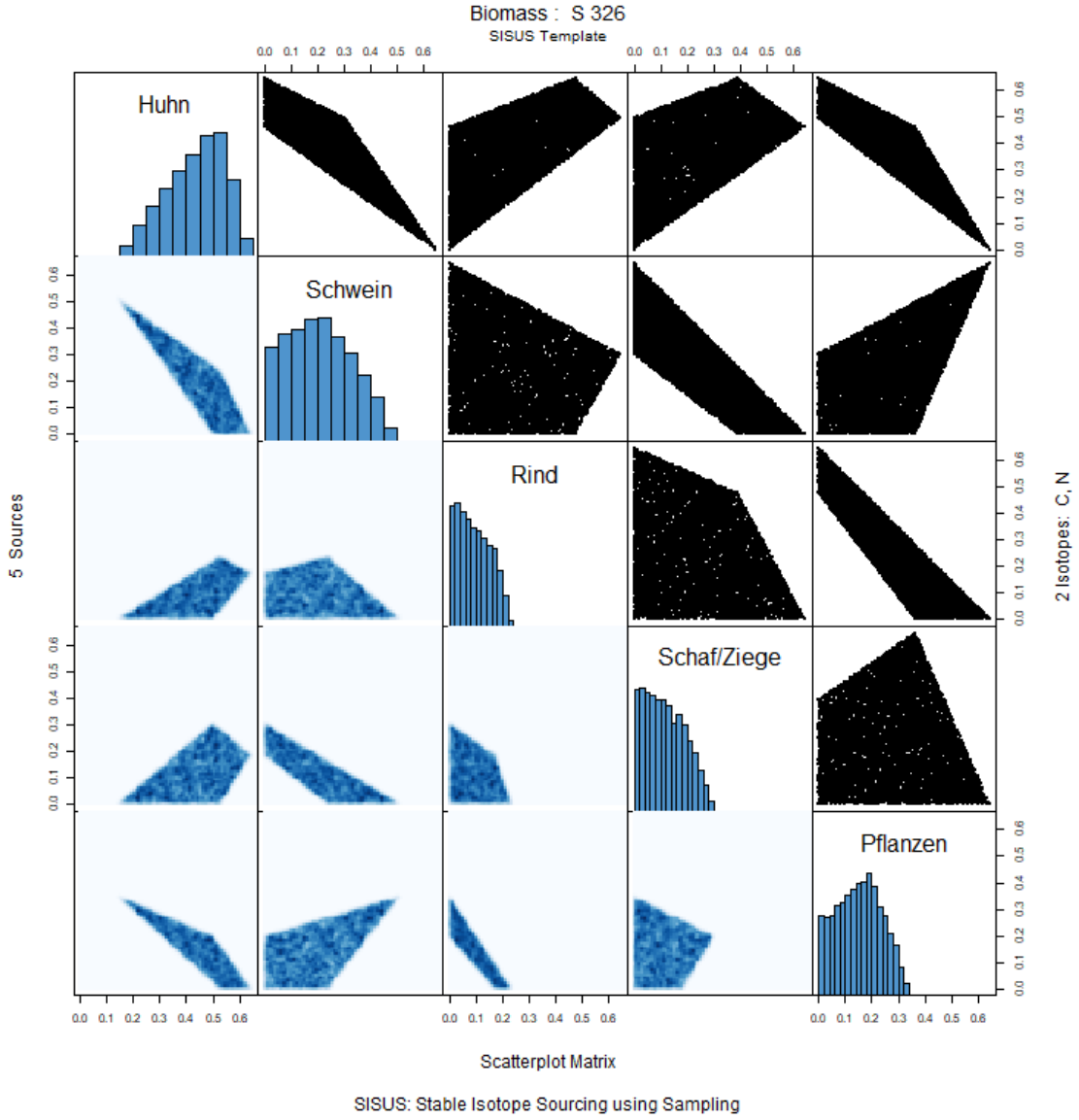


Abbildung 1729: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit SISUS.

S328

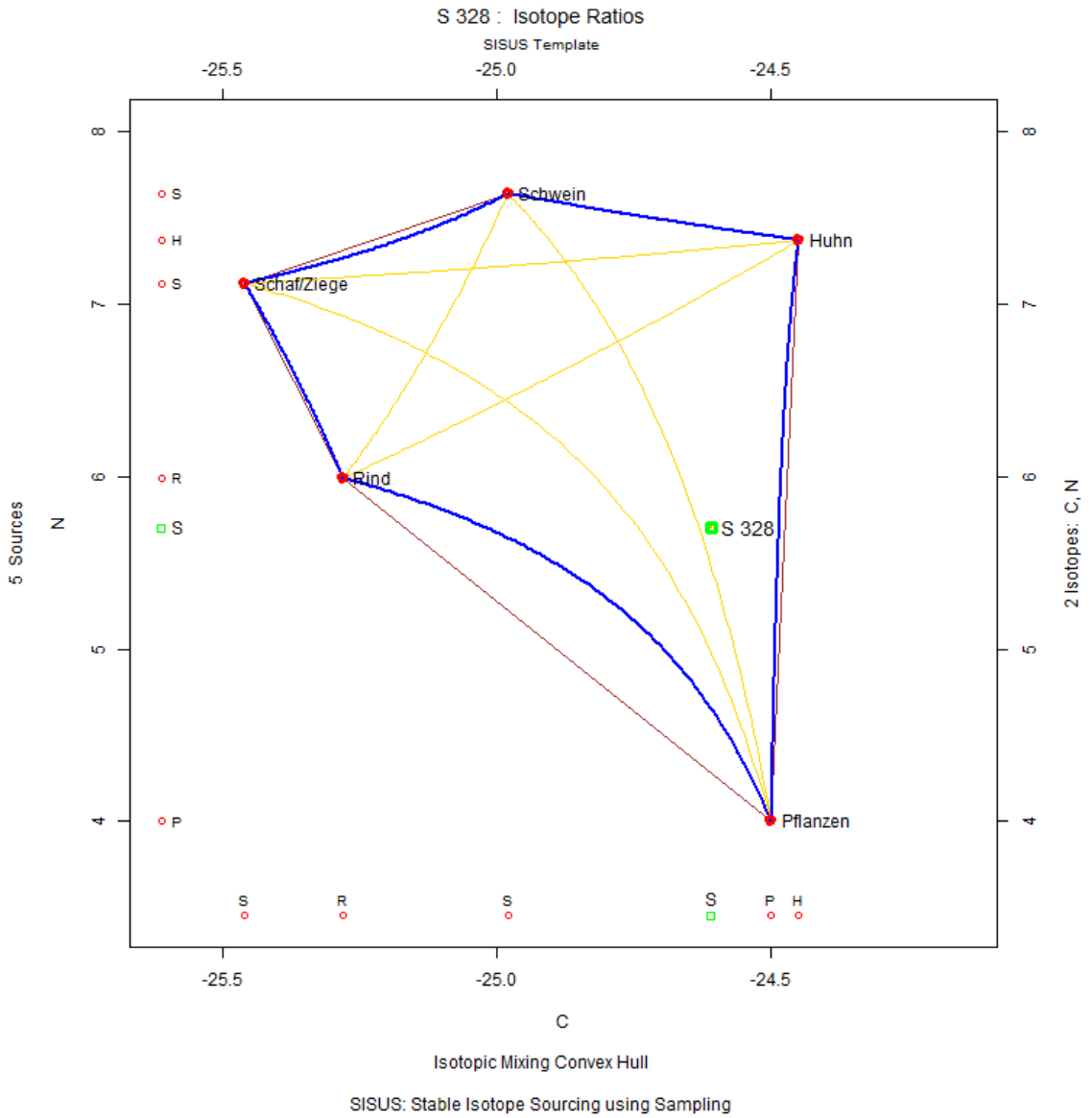


Abbildung 1730: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 326. Erstellt mit SISUS.

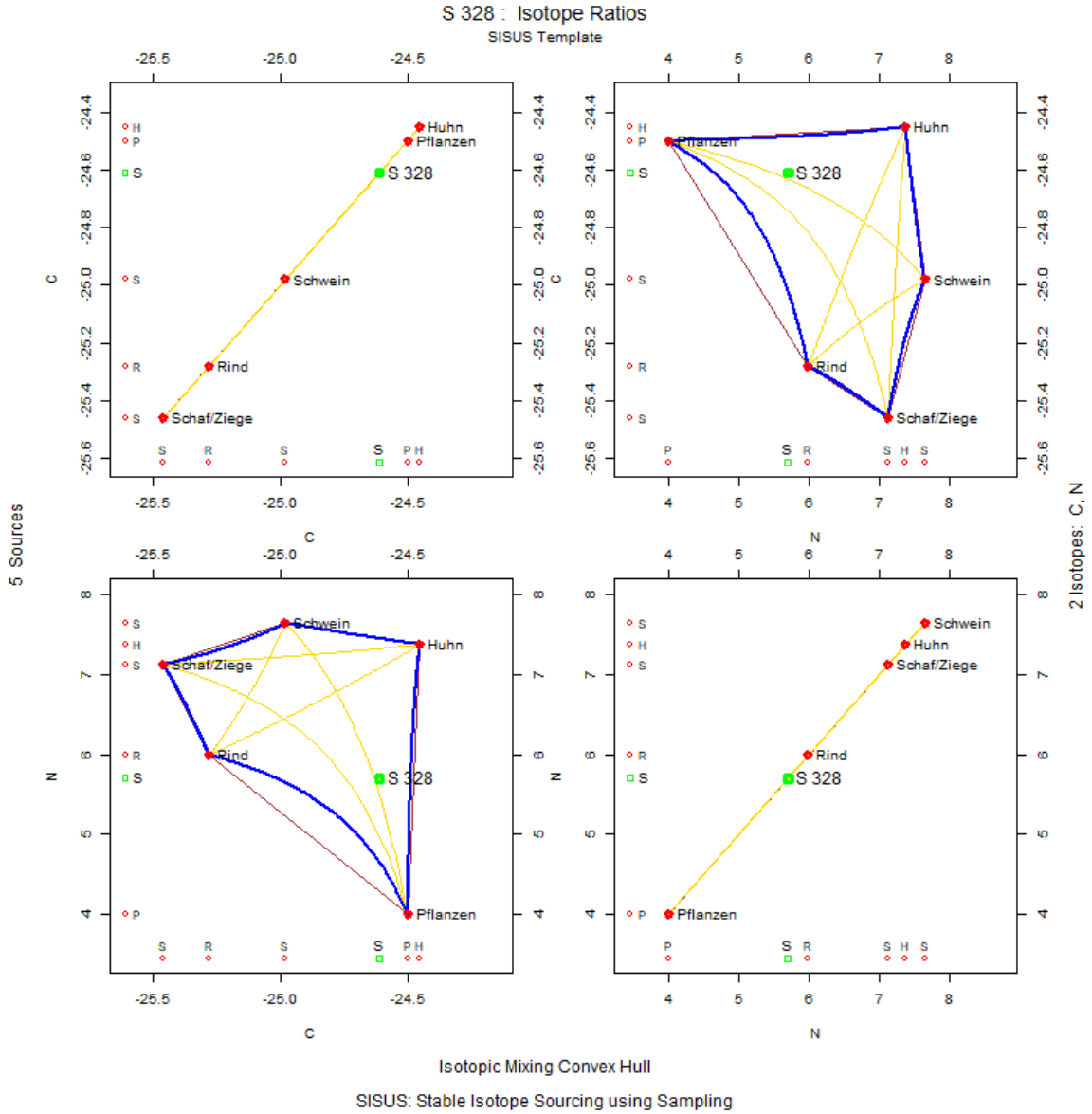


Abbildung 1731: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 328 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

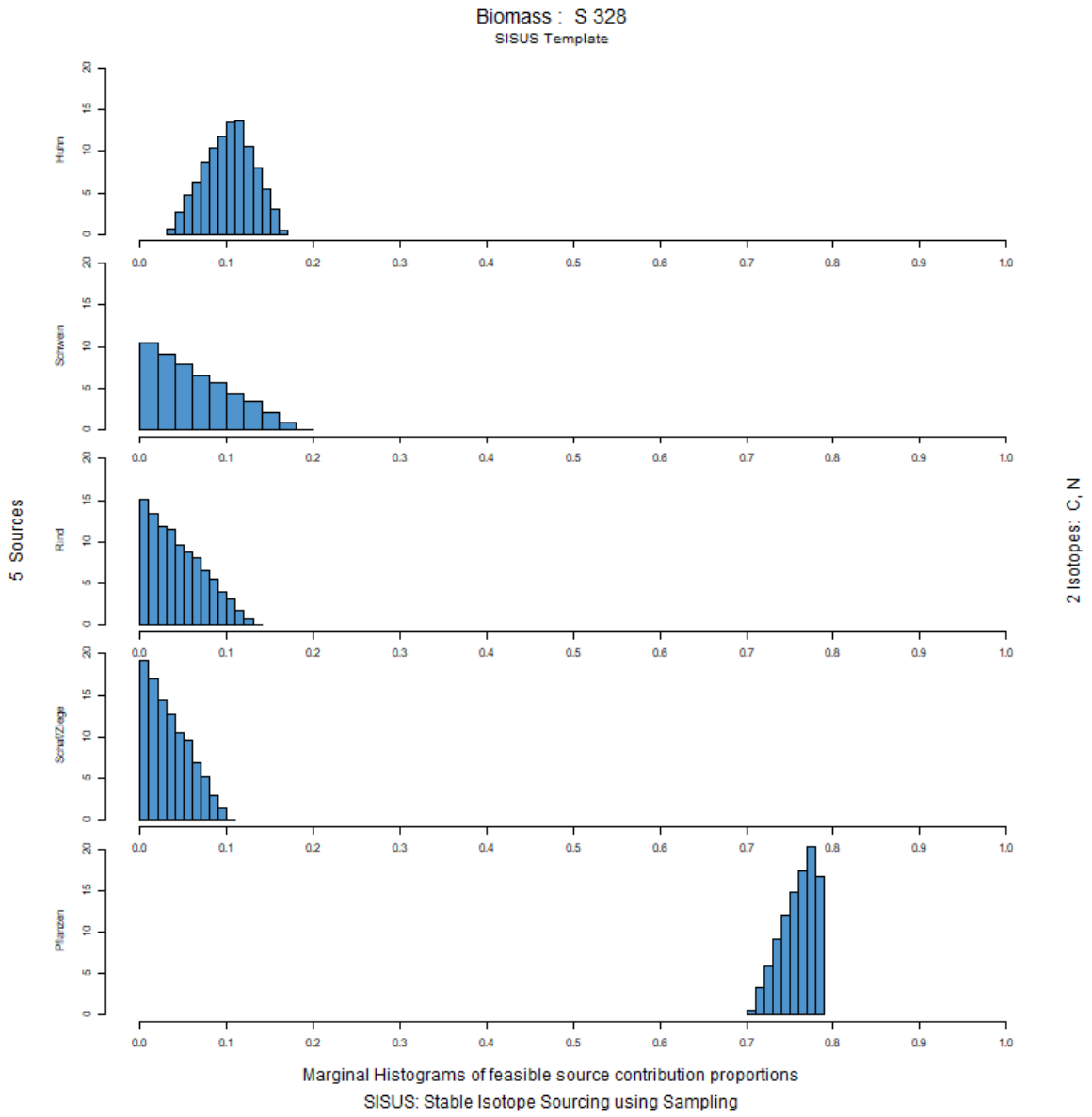


Abbildung 1732: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 328. Erstellt mit SISUS.

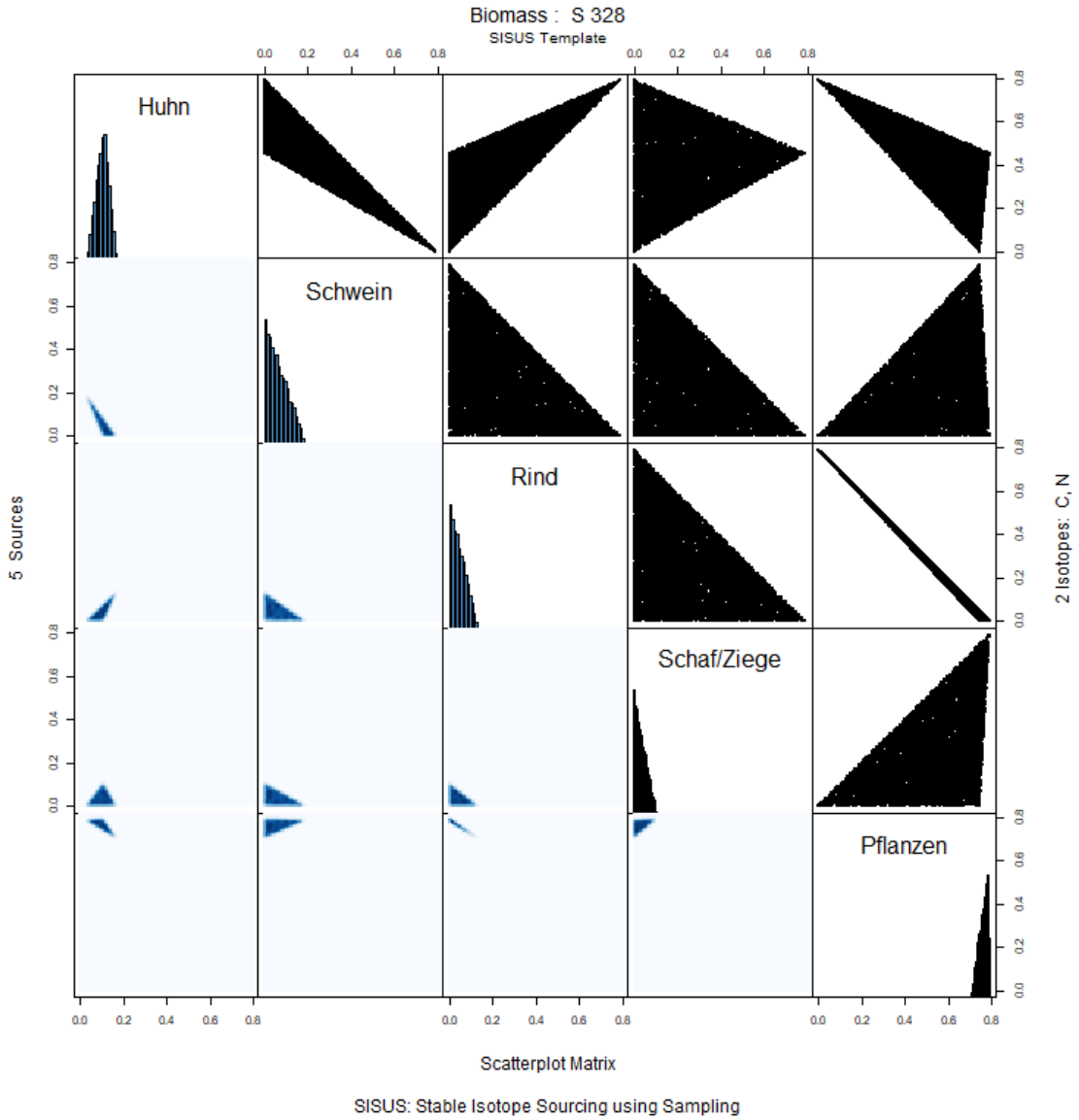


Abbildung 1733: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 328. Erstellt mit SISUS.

S229

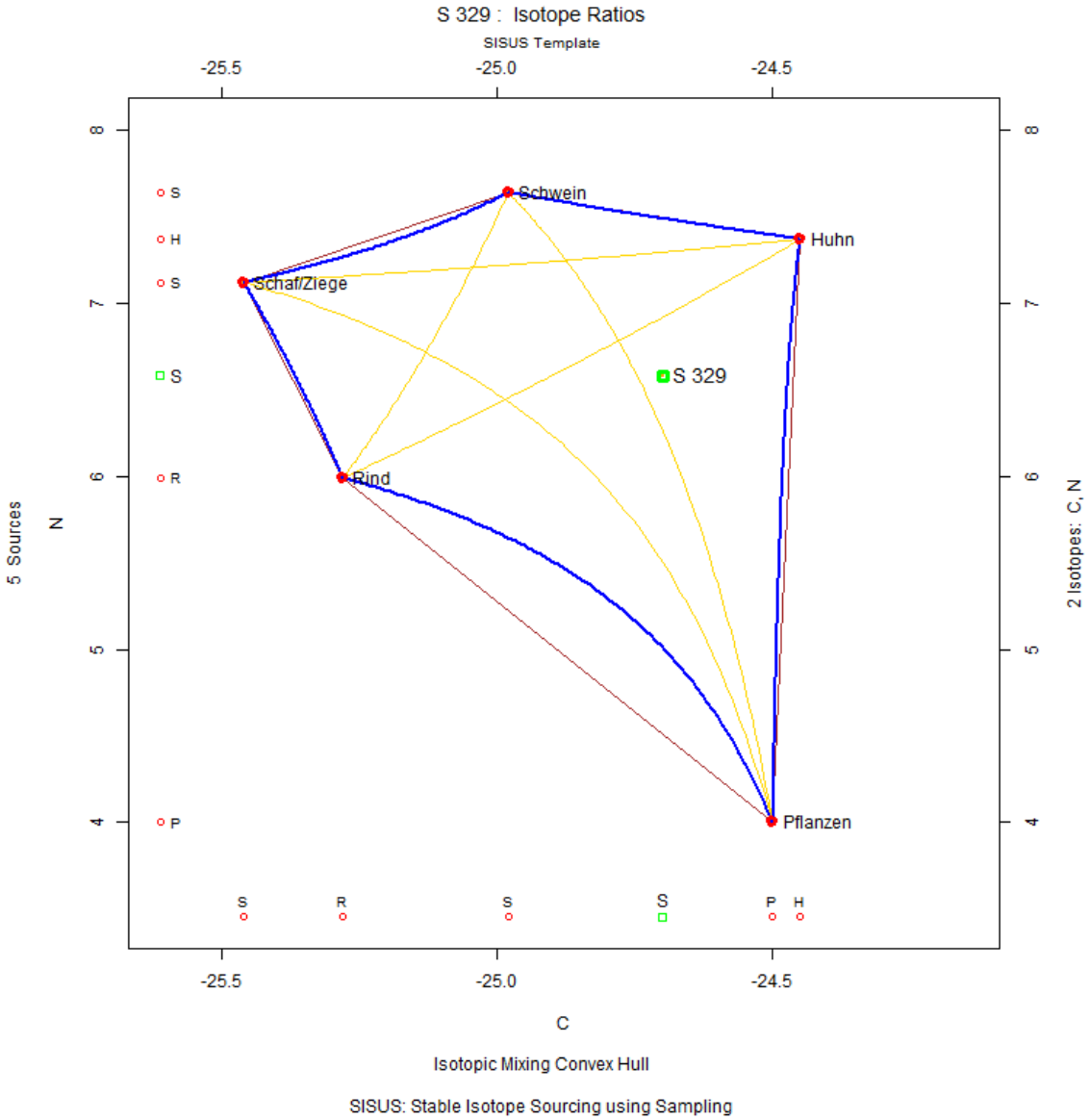


Abbildung 1734: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 329. Erstellt mit SISUS.

S330

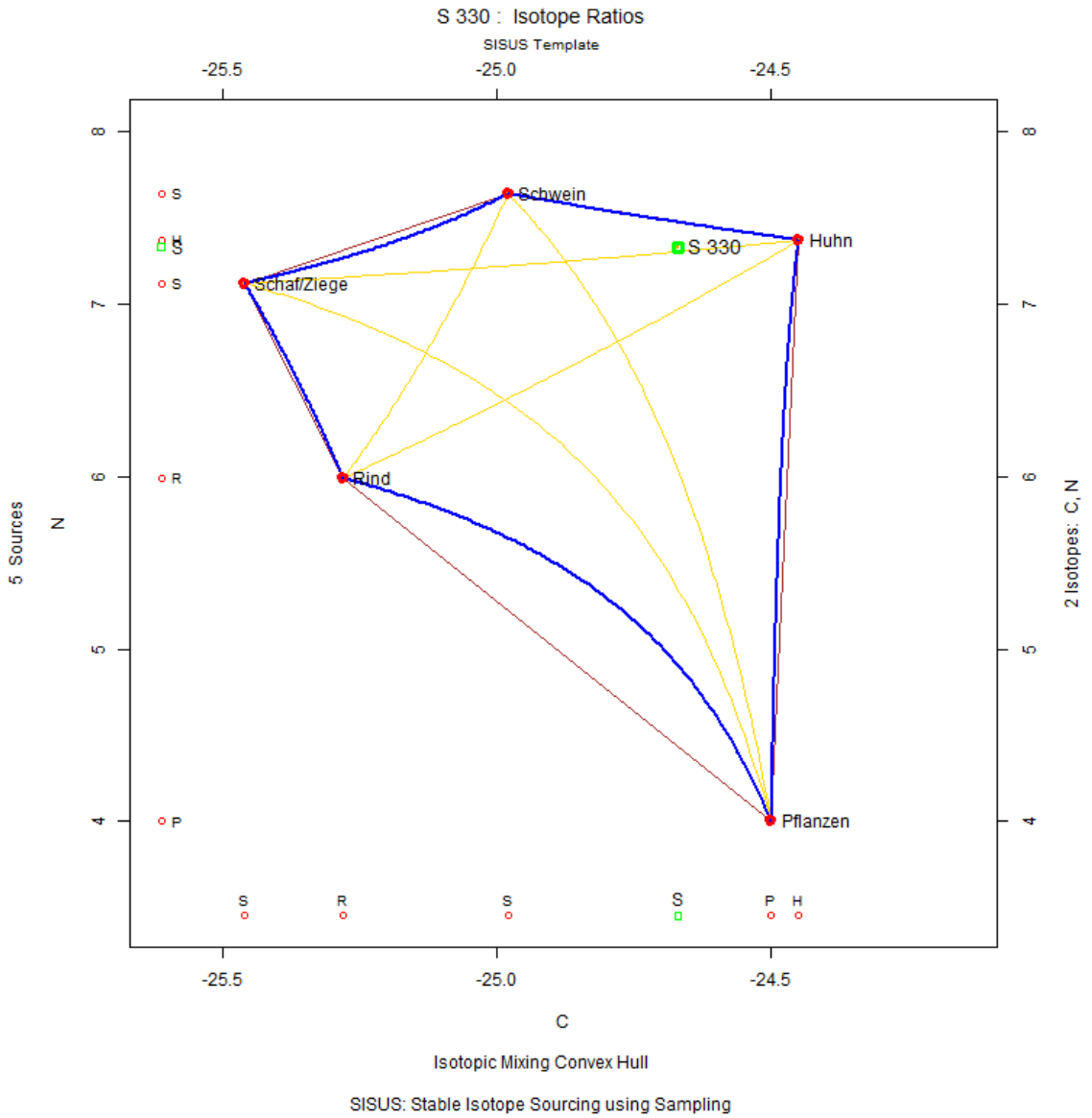


Abbildung 1735: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 330. Erstellt mit SISUS.

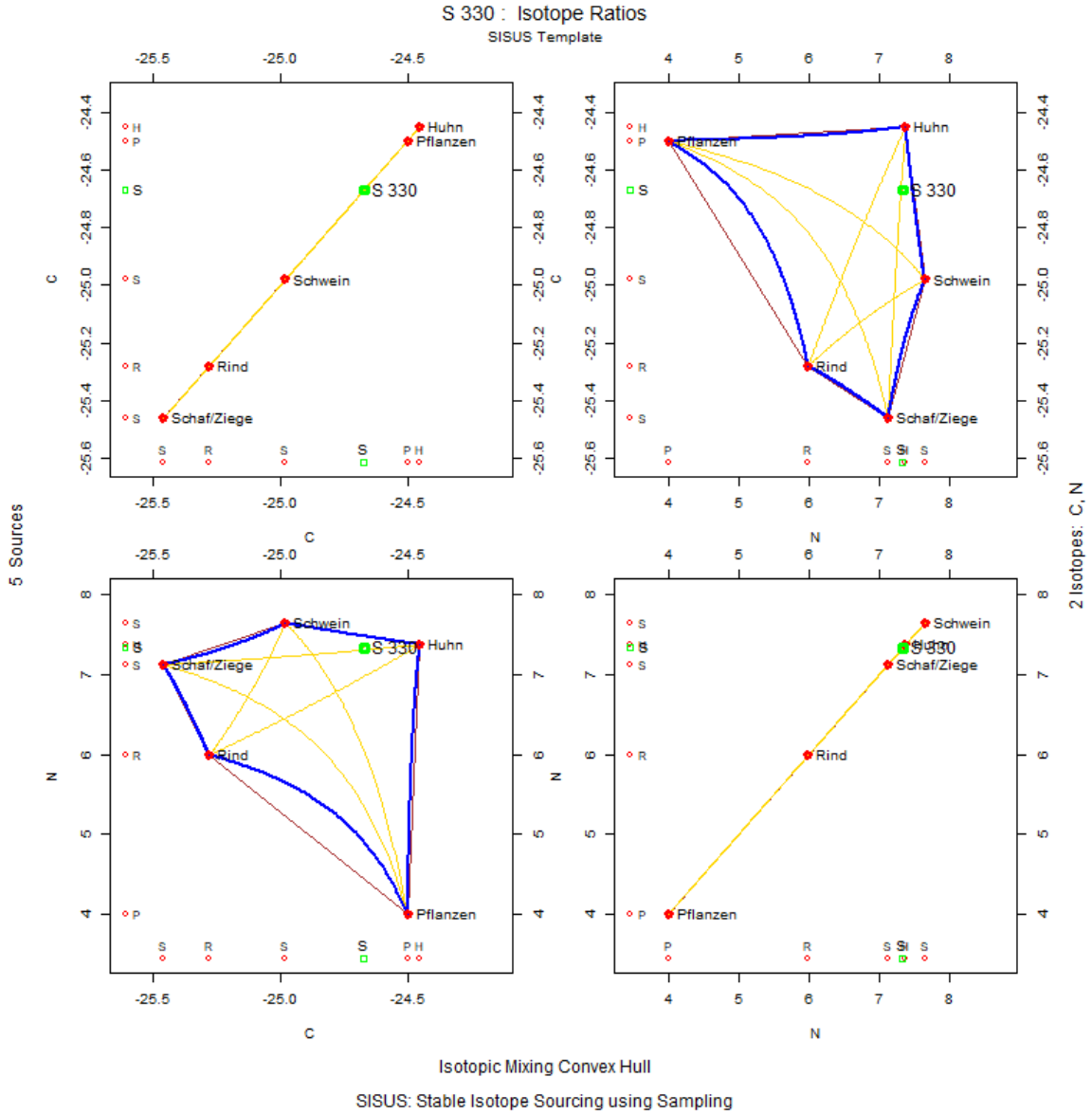


Abbildung 1736: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 067 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.330

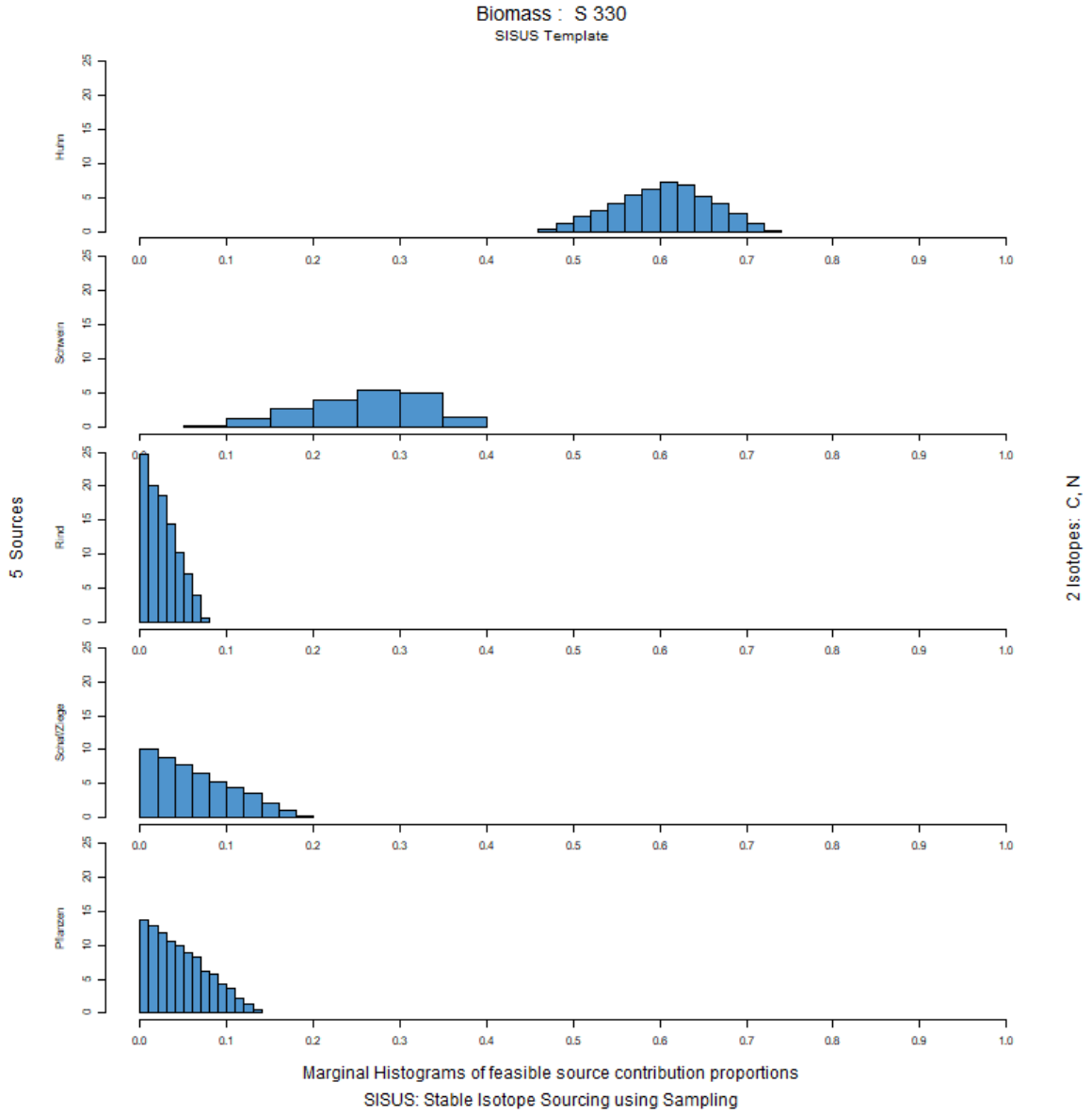


Abbildung 1737: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 330. Erstellt mit SISUS.

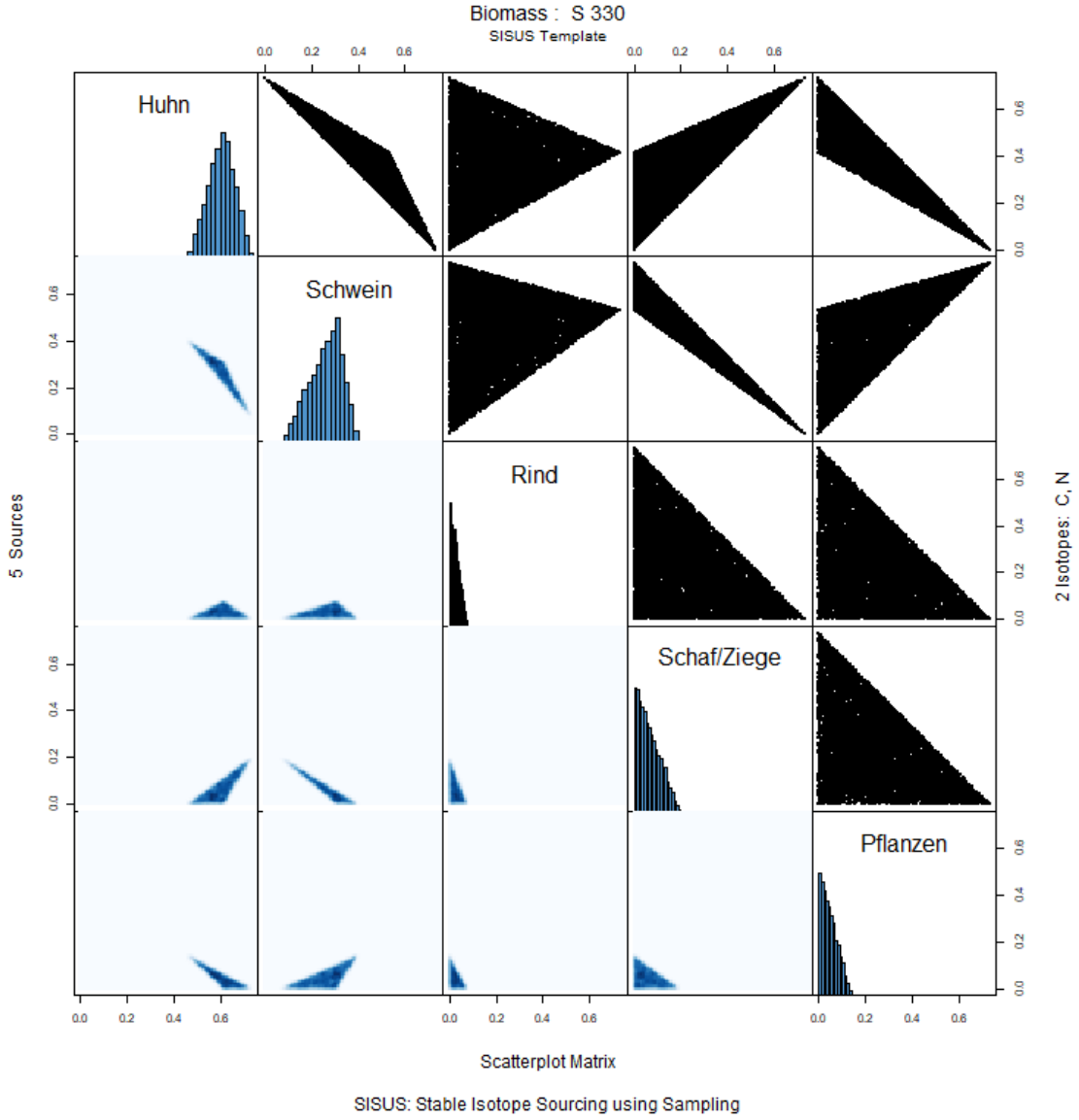


Abbildung 1738: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 330. Erstellt mit SISUS.

S349

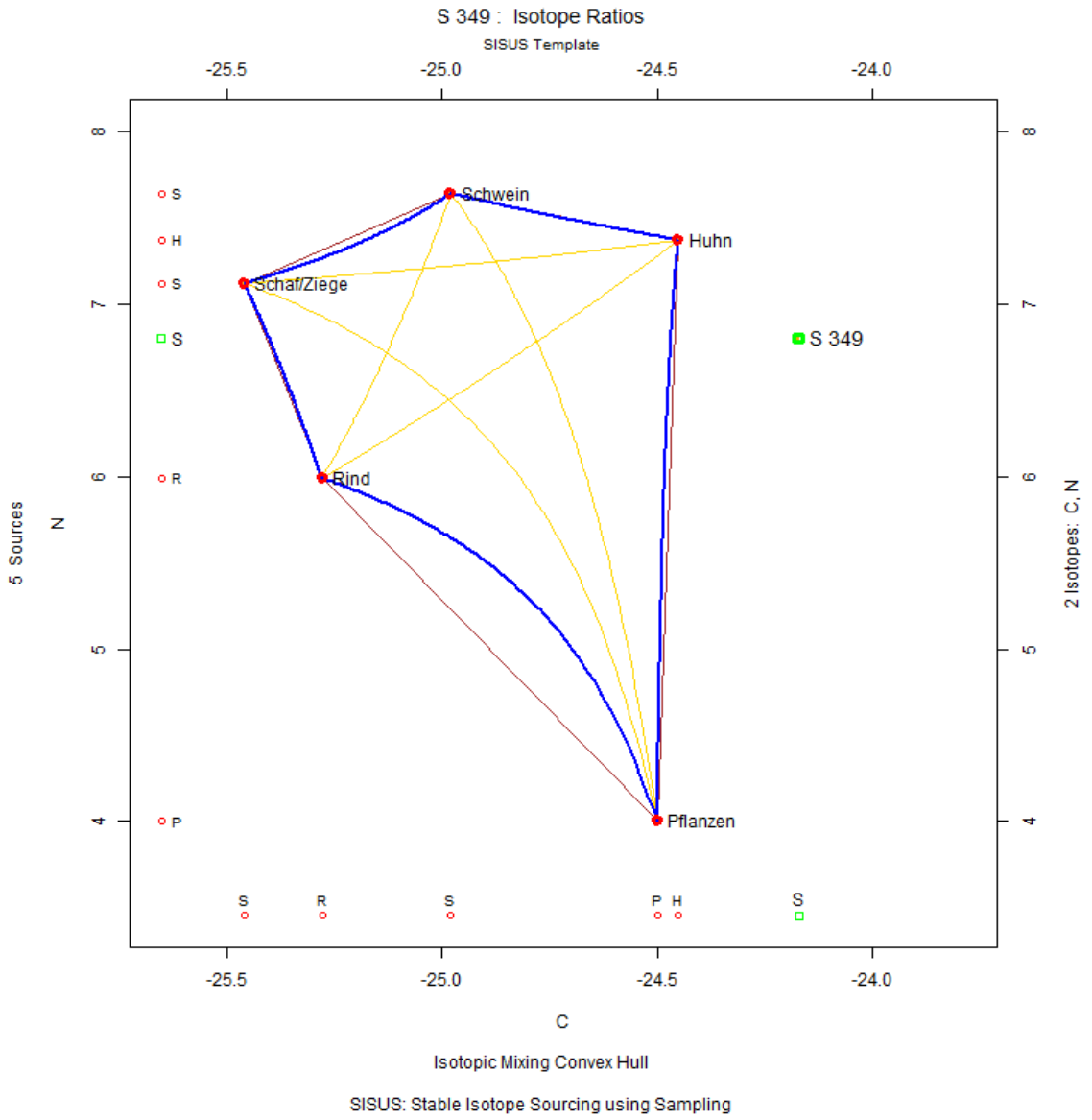


Abbildung 1739: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 349. Erstellt mit SISUS.

S354

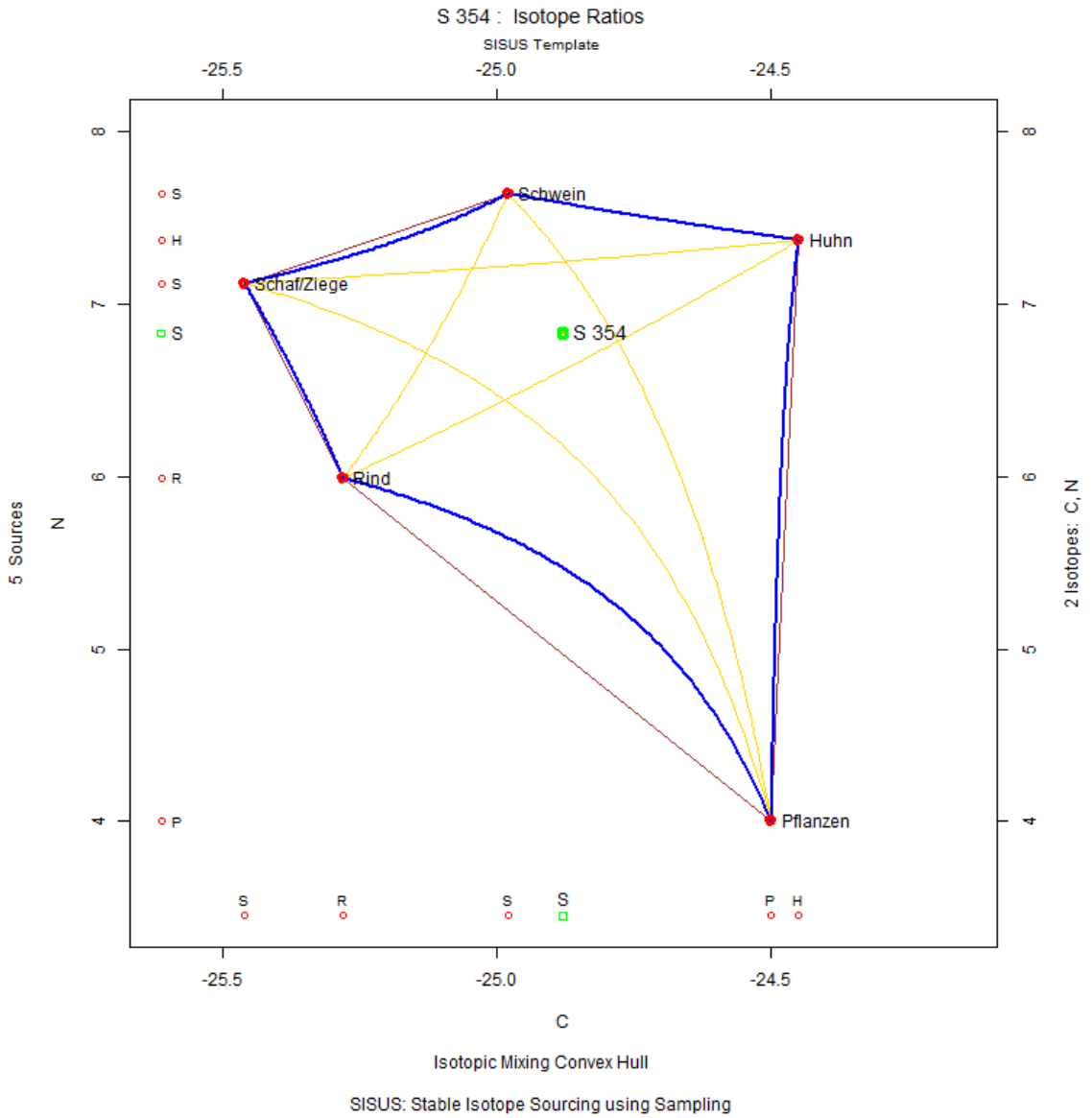


Abbildung 1740: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 354. Erstellt mit SISUS.

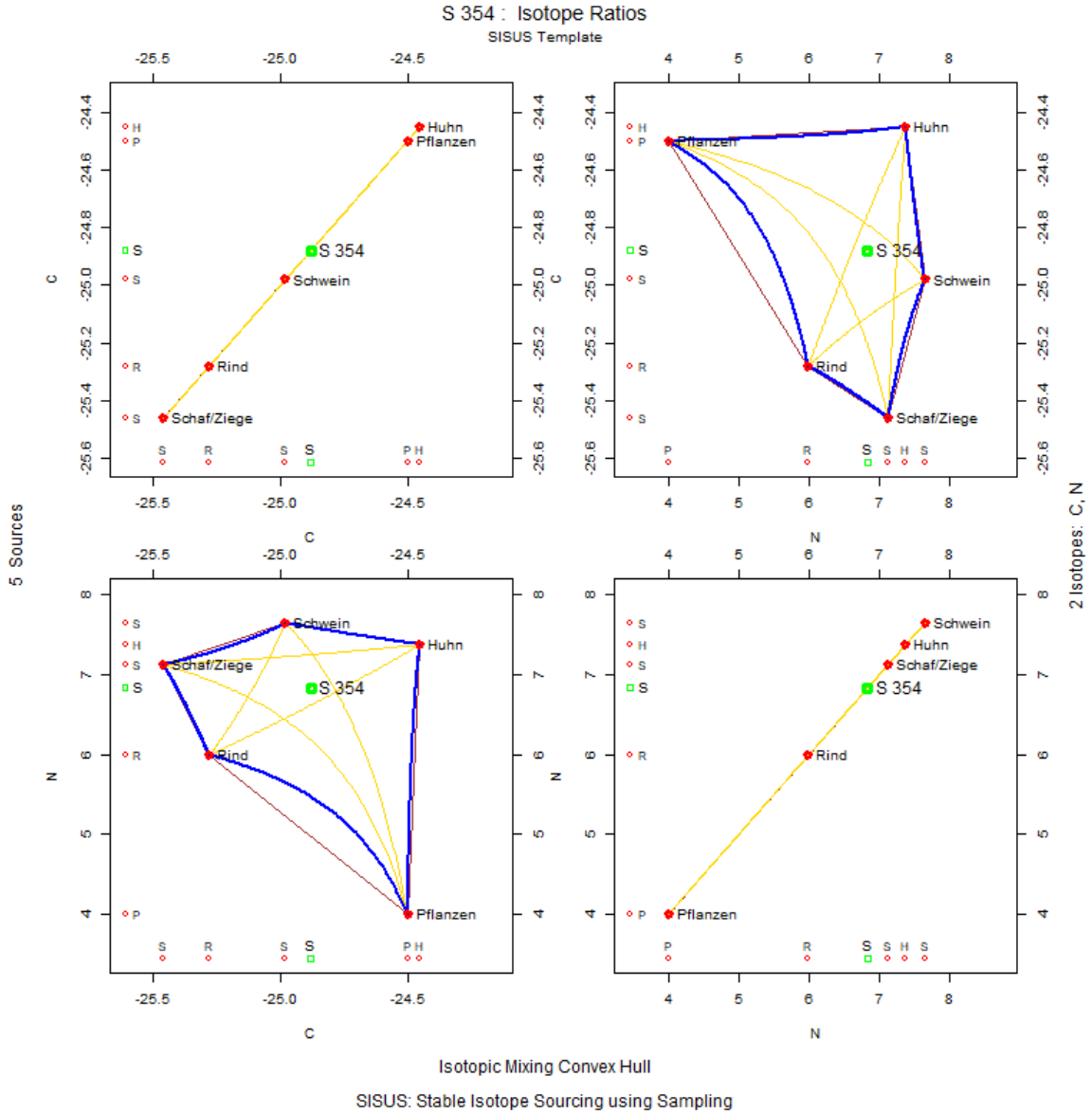


Abbildung 1741: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 354 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

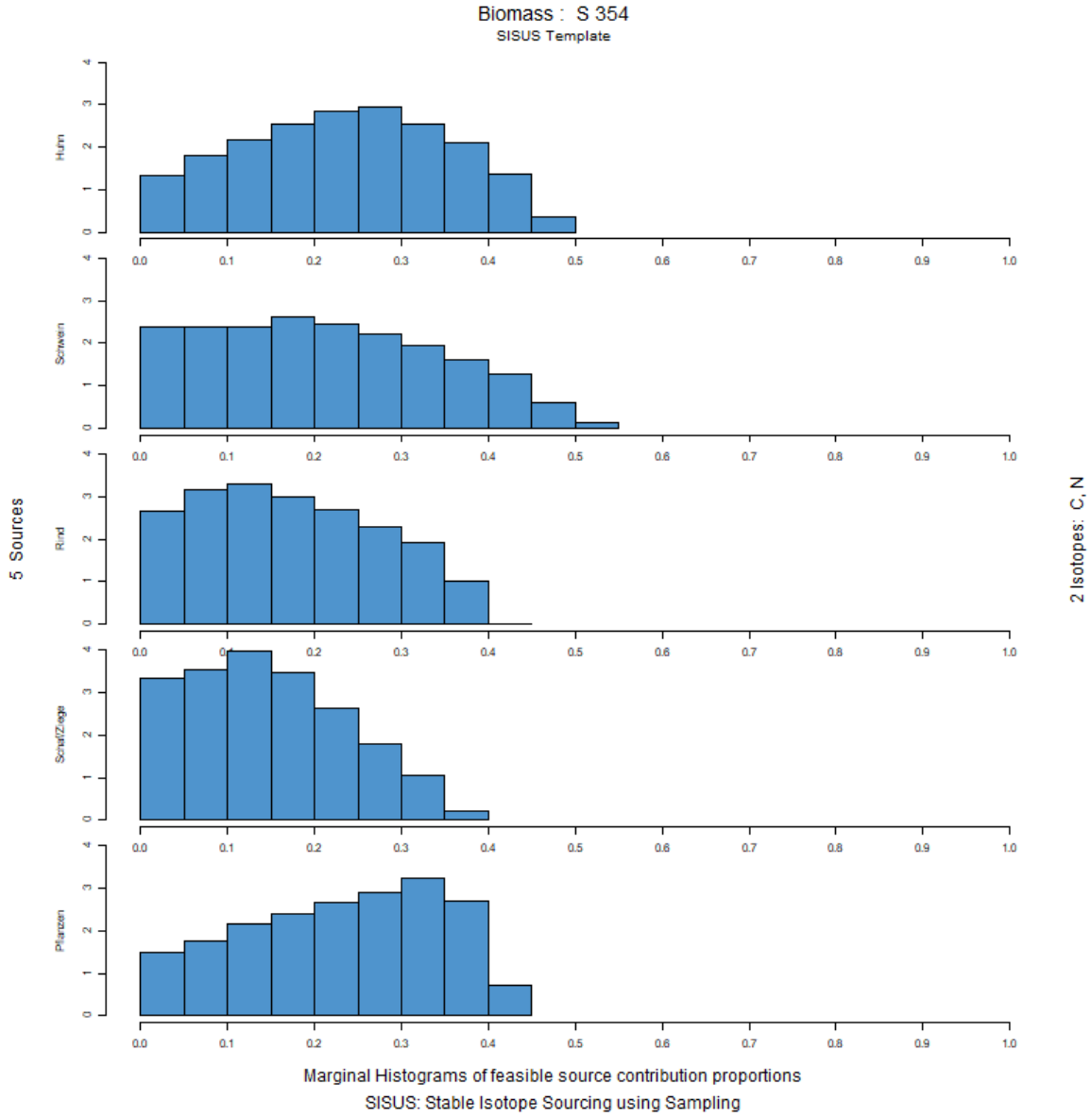


Abbildung 1742: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 354. Erstellt mit SISUS.

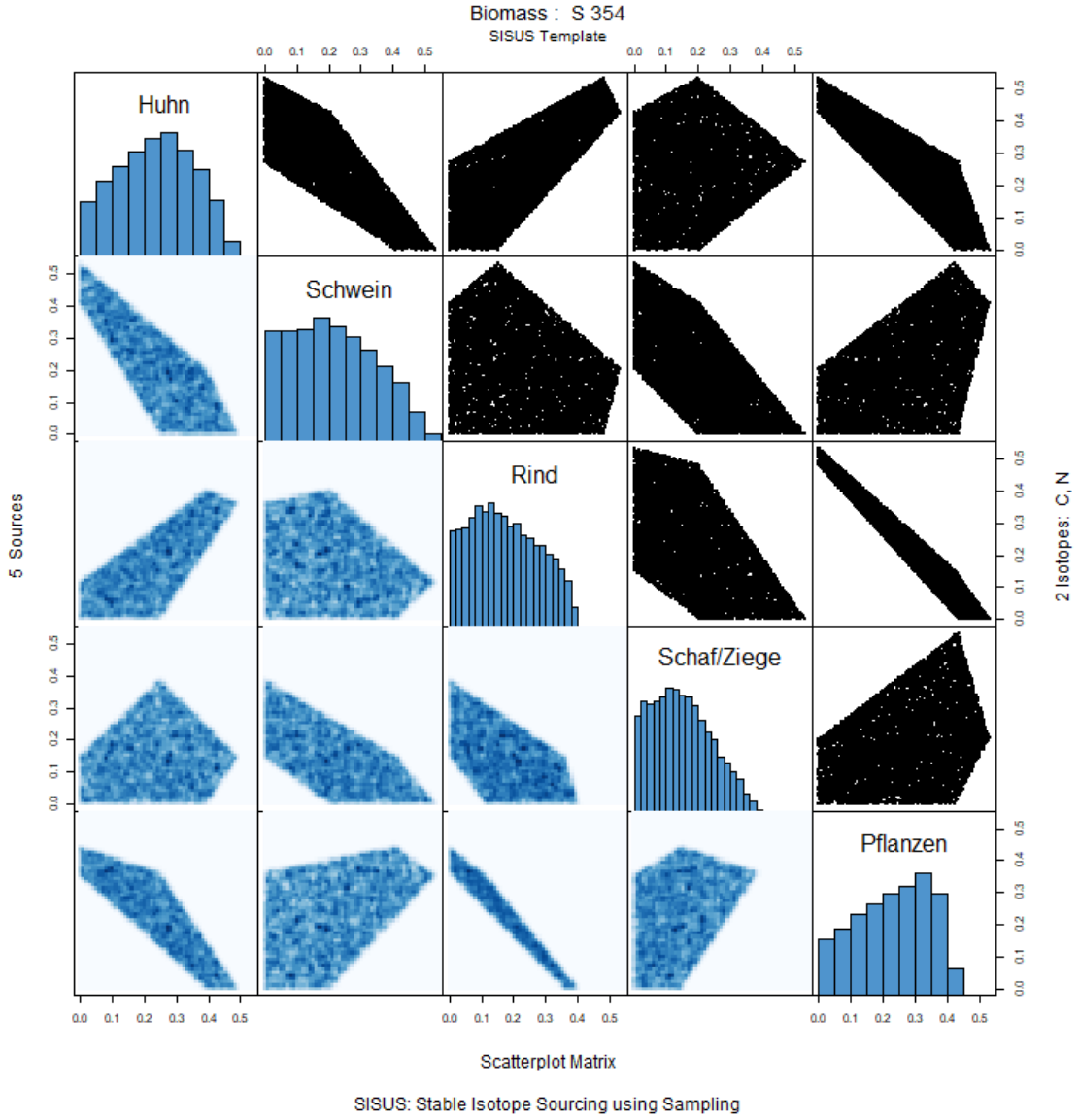


Abbildung 1743: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 354. Erstellt mit SISUS.

S355

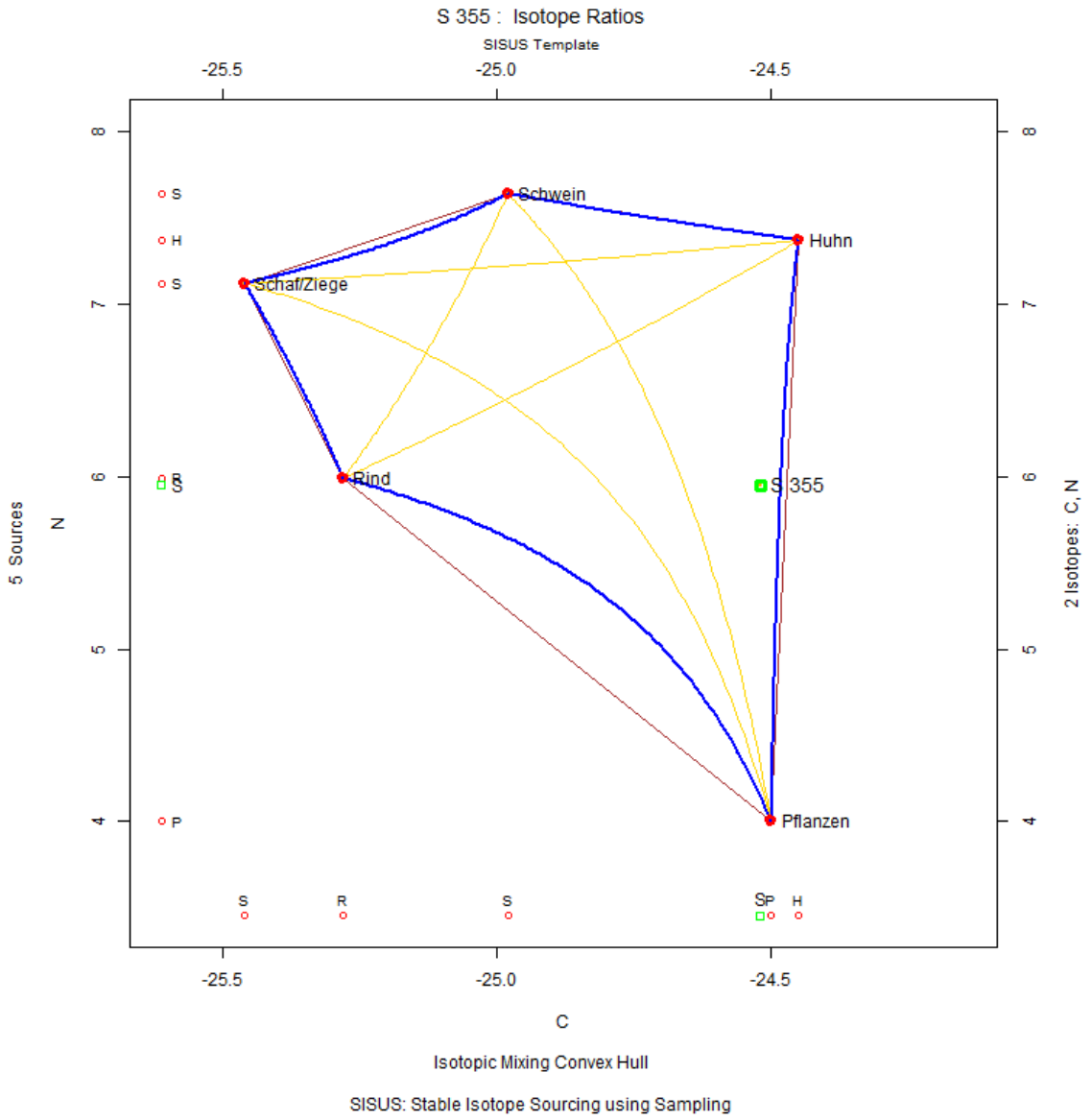


Abbildung 1744: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 355. Erstellt mit SISUS.

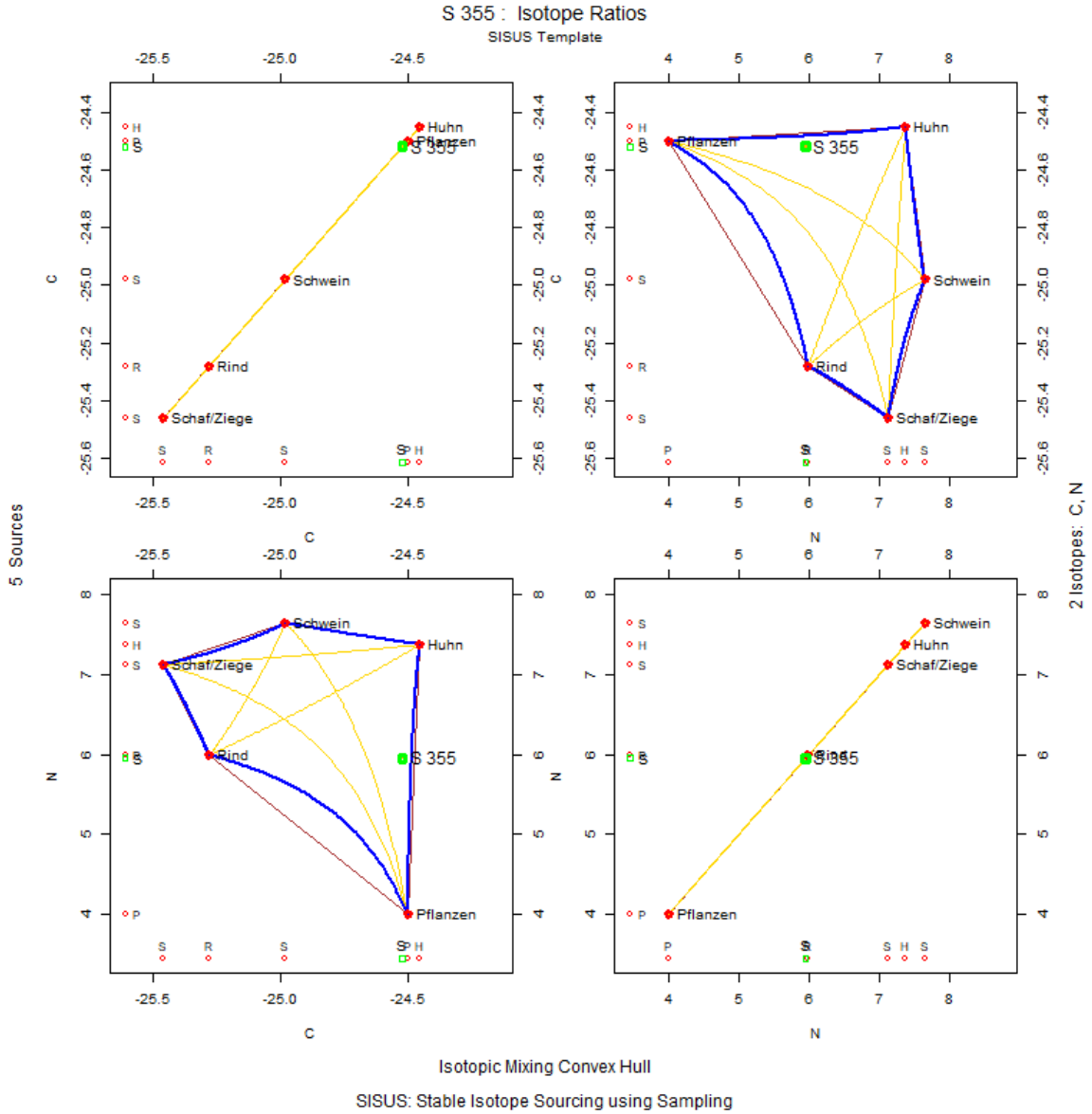


Abbildung 1745: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 355 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

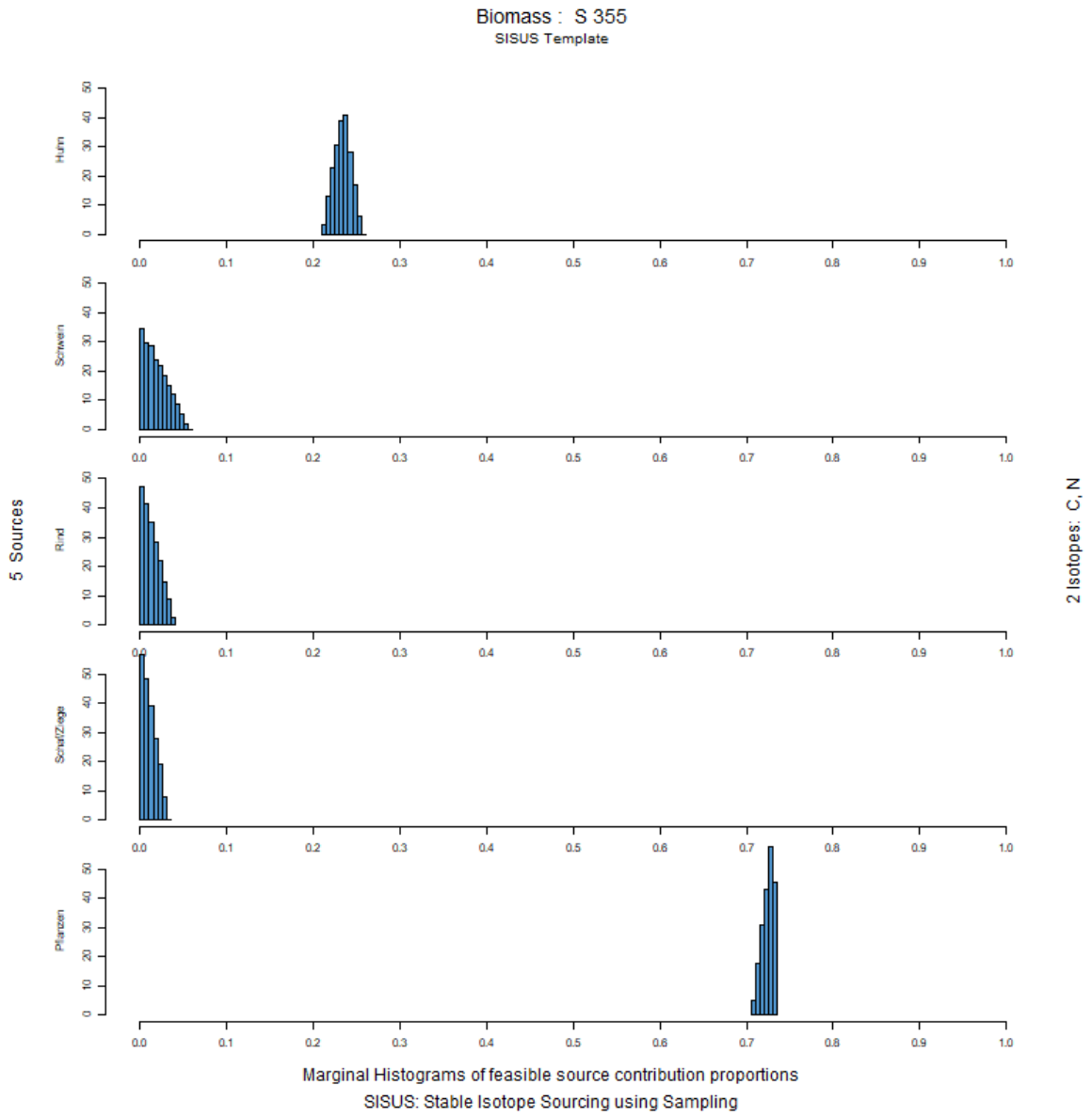


Abbildung 1746: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 355. Erstellt mit SISUS.

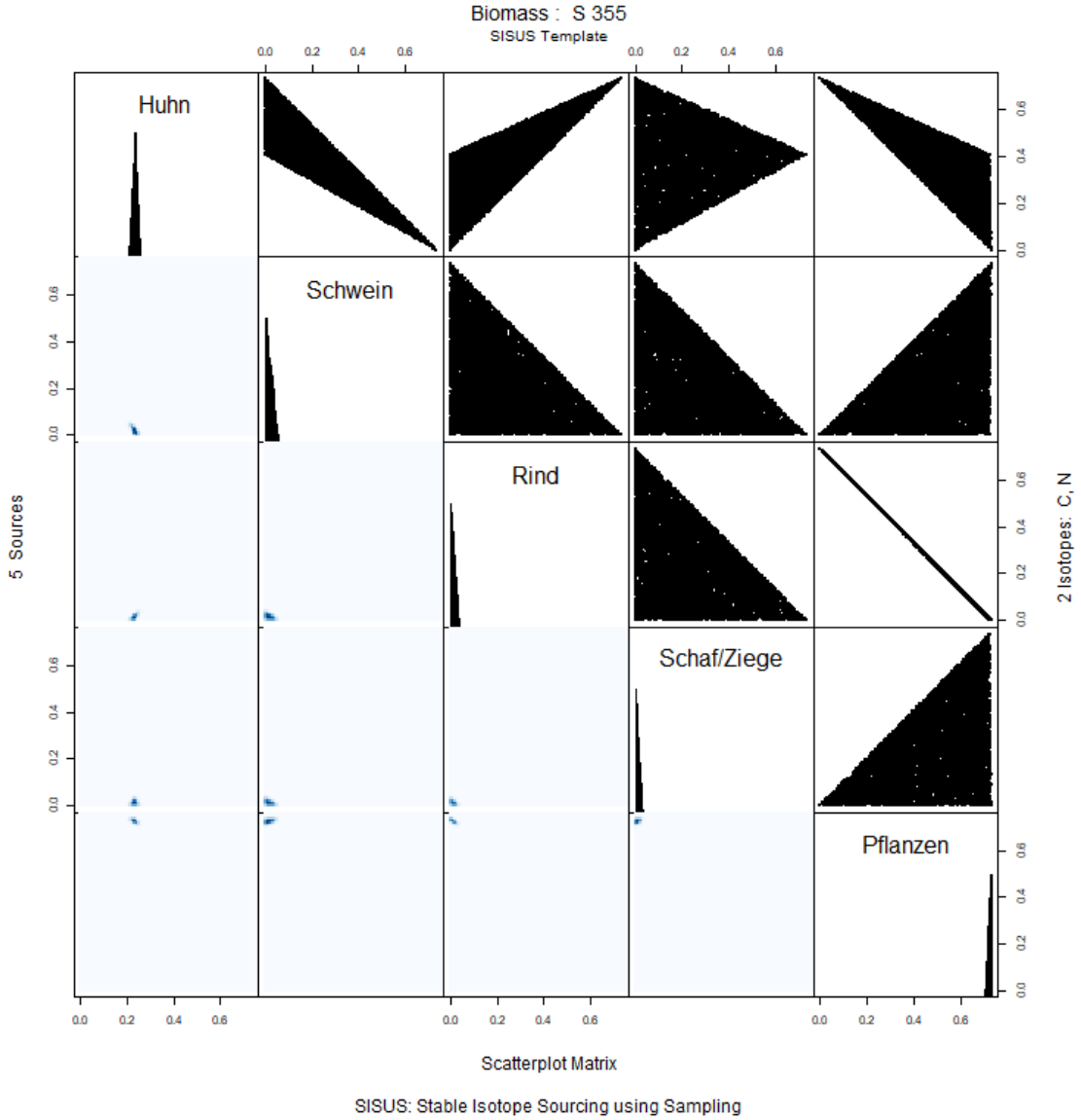


Abbildung 1747: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 355. Erstellt mit SISUS.

S356

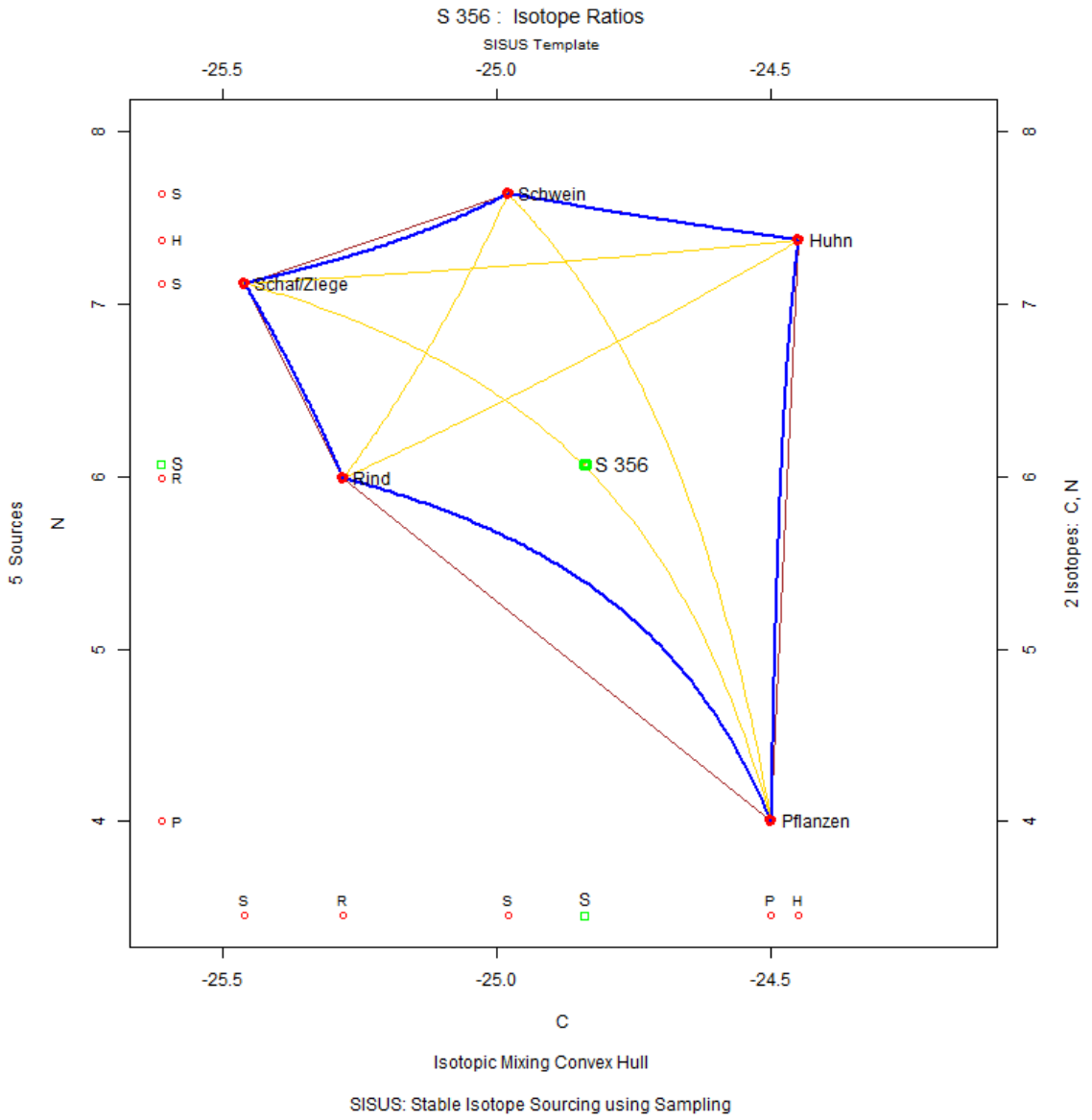


Abbildung 1748: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 356. Erstellt mit SISUS.

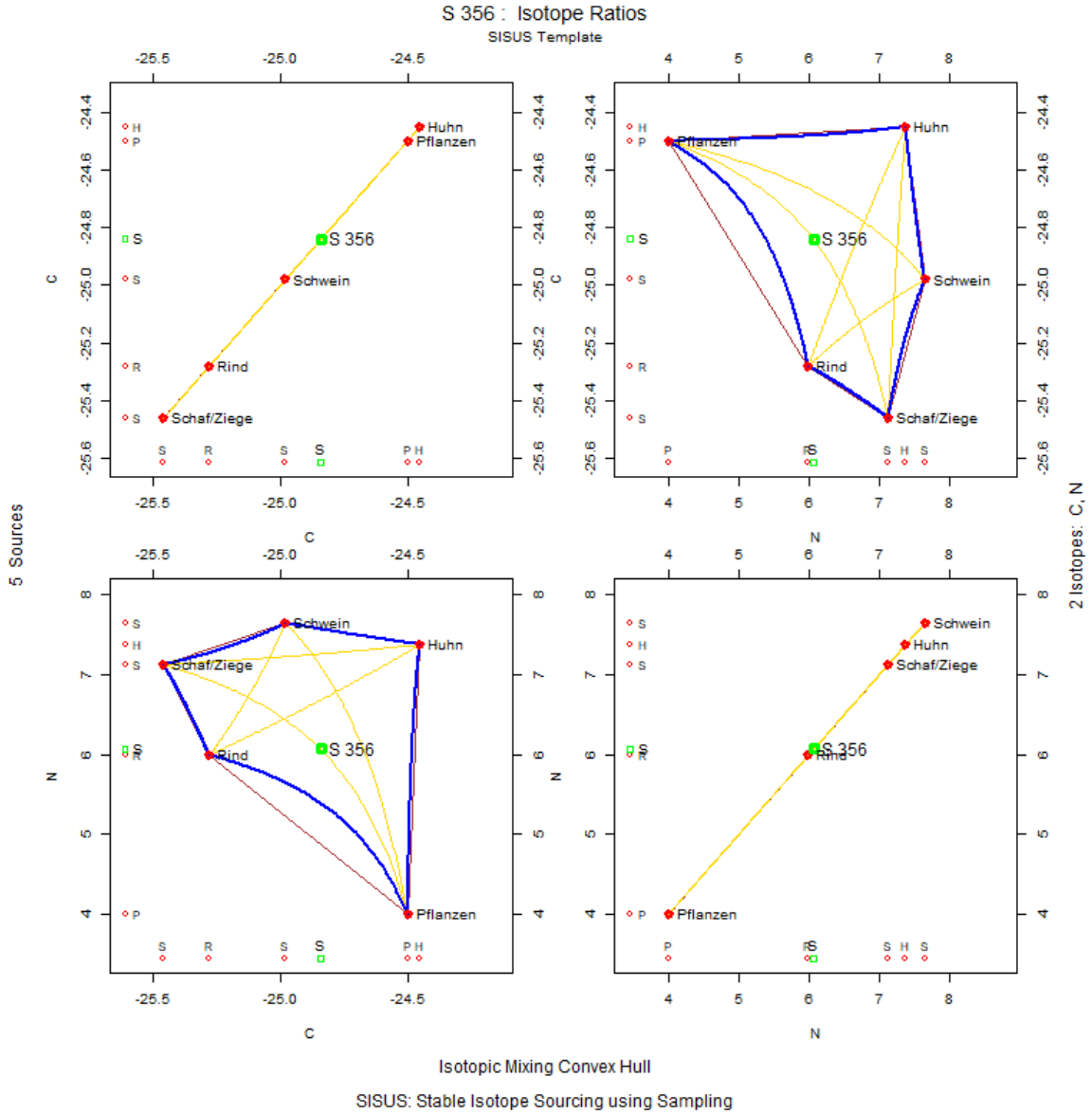


Abbildung 1749: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 356 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

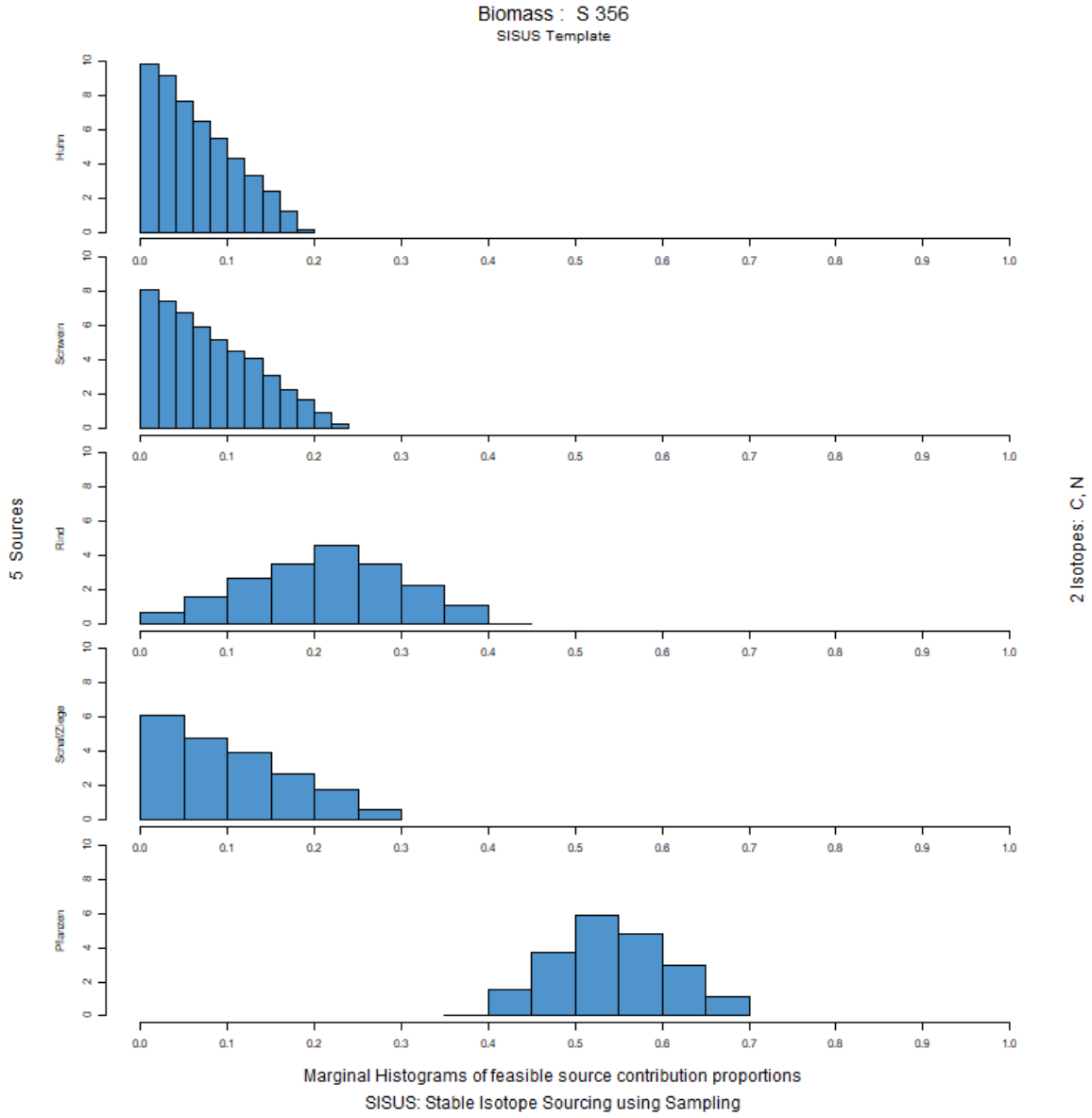


Abbildung 1750: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 356. Erstellt mit SISUS.

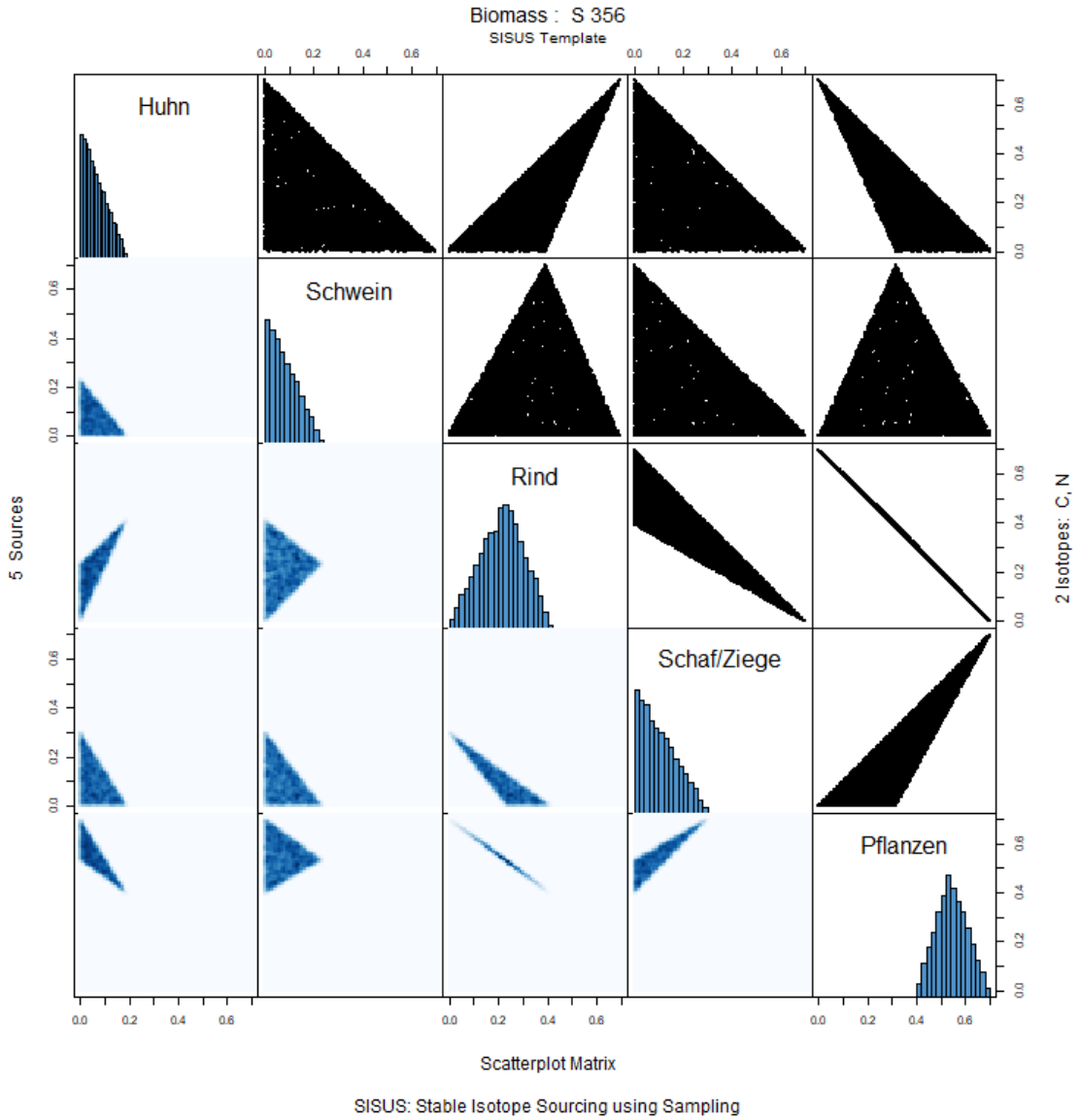


Abbildung 1751: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 356. Erstellt mit SISUS.

S358

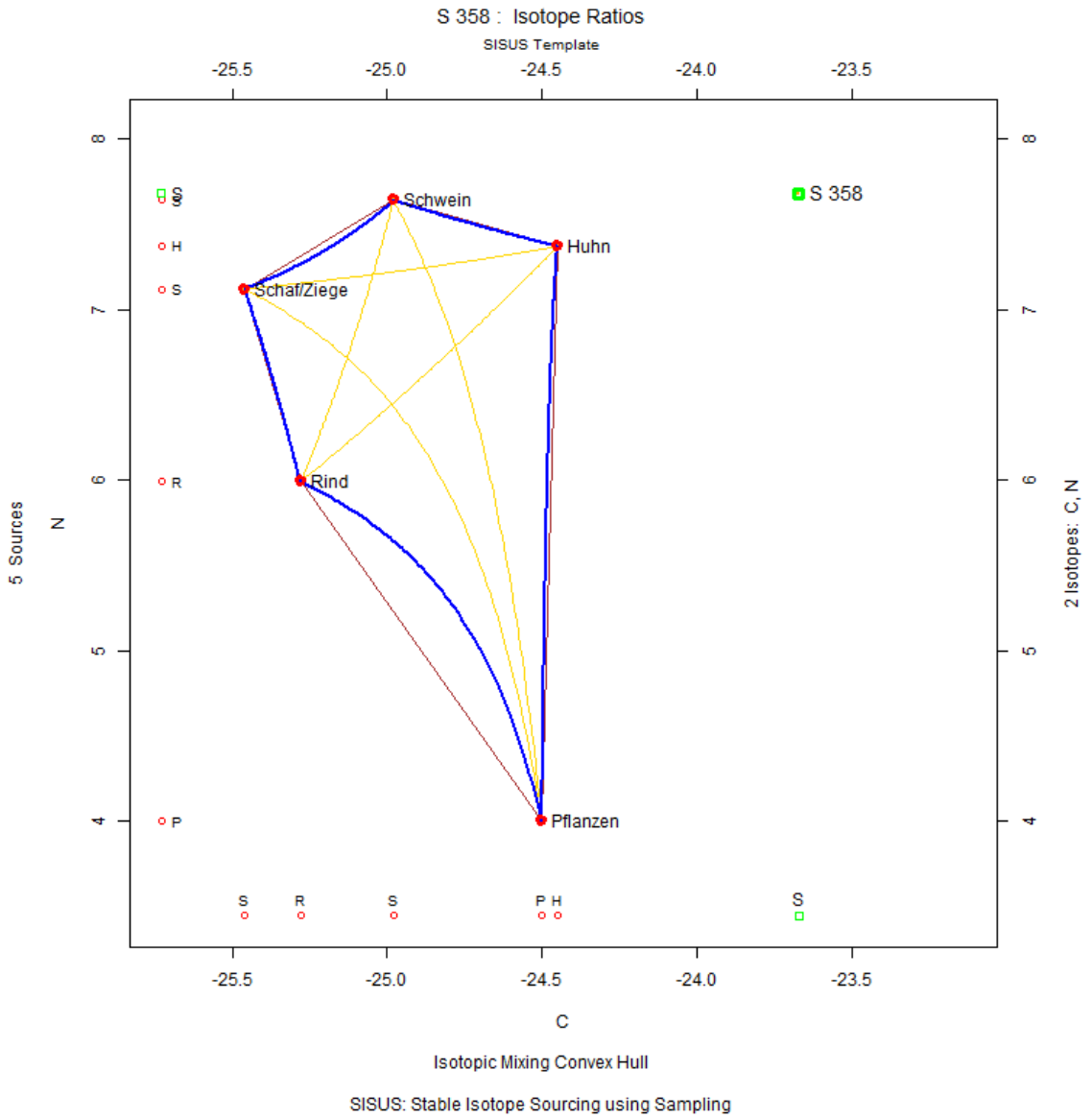


Abbildung 1752: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 358. Erstellt mit SISUS.

S360

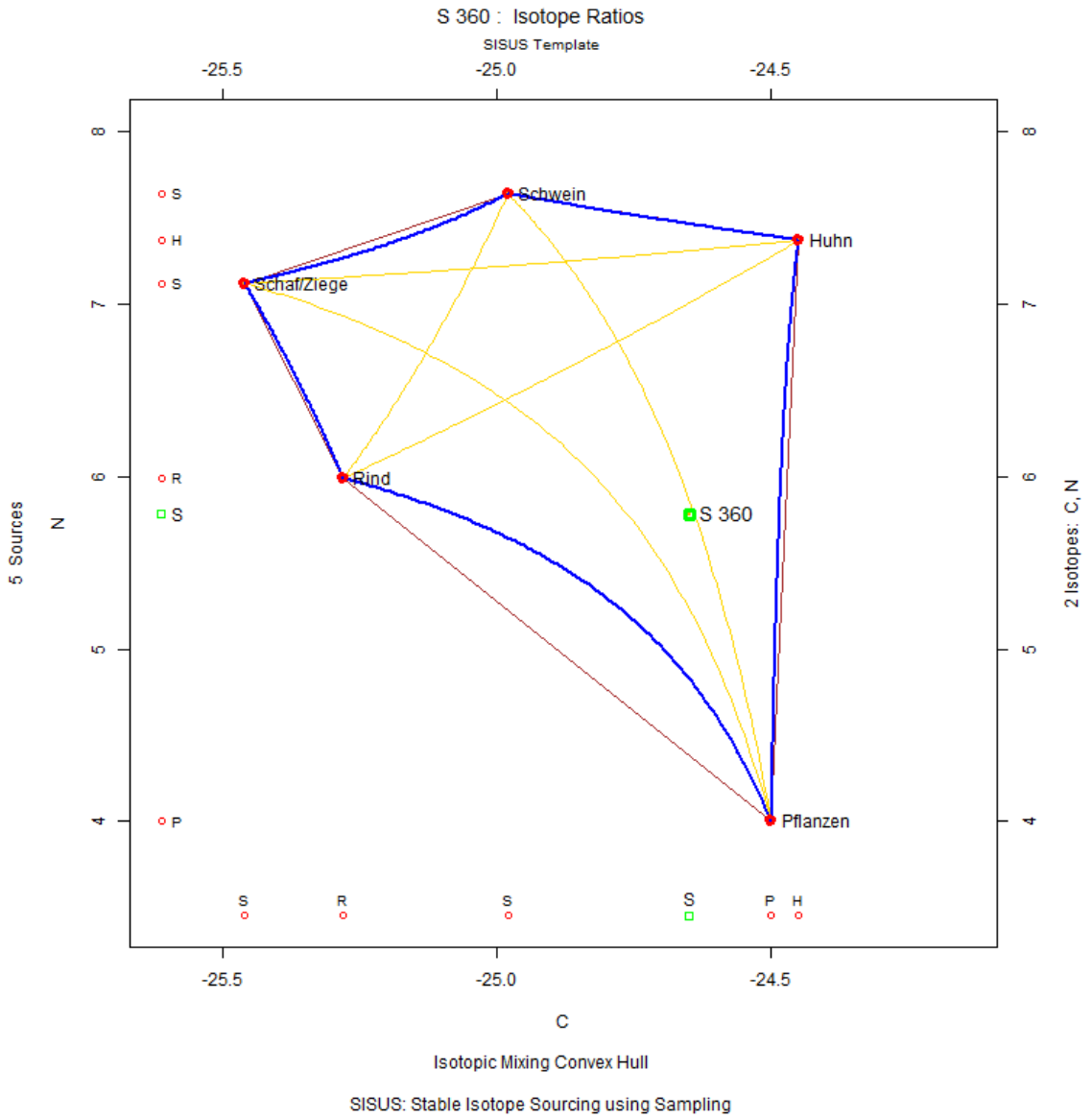


Abbildung 1753: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 360. Erstellt mit SISUS.

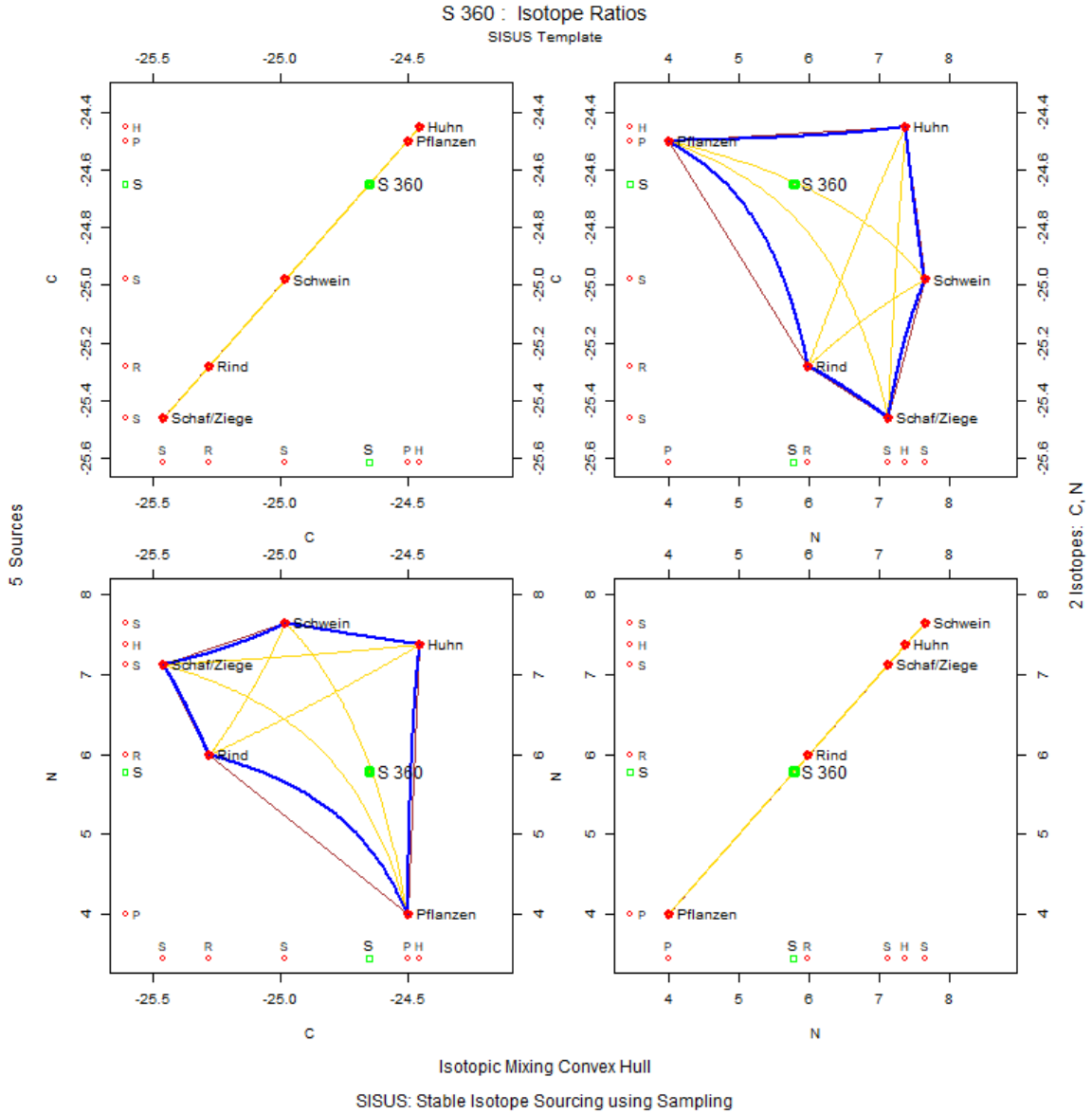


Abbildung 1754: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 360 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

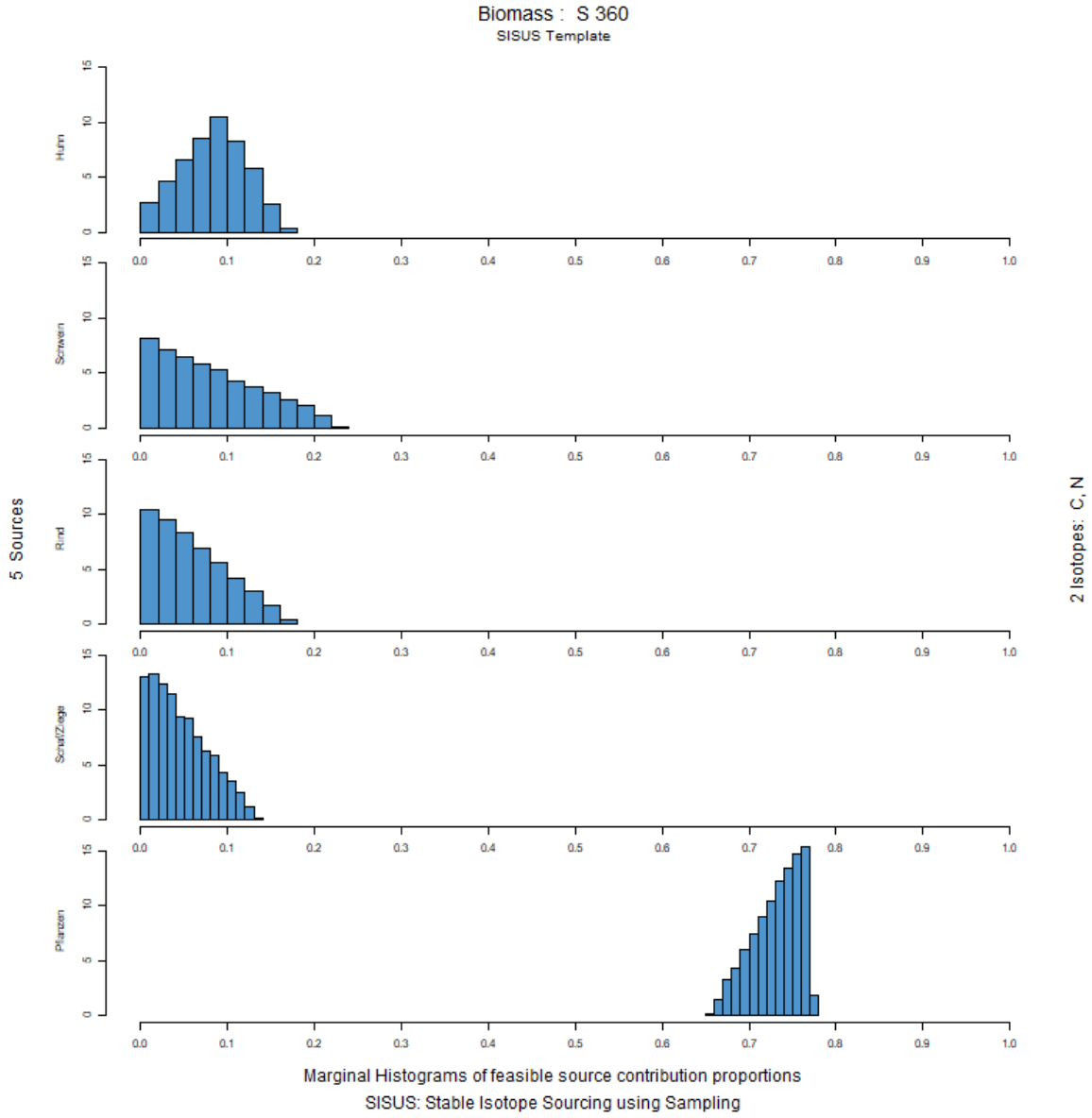


Abbildung 1755: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 360. Erstellt mit SISUS.

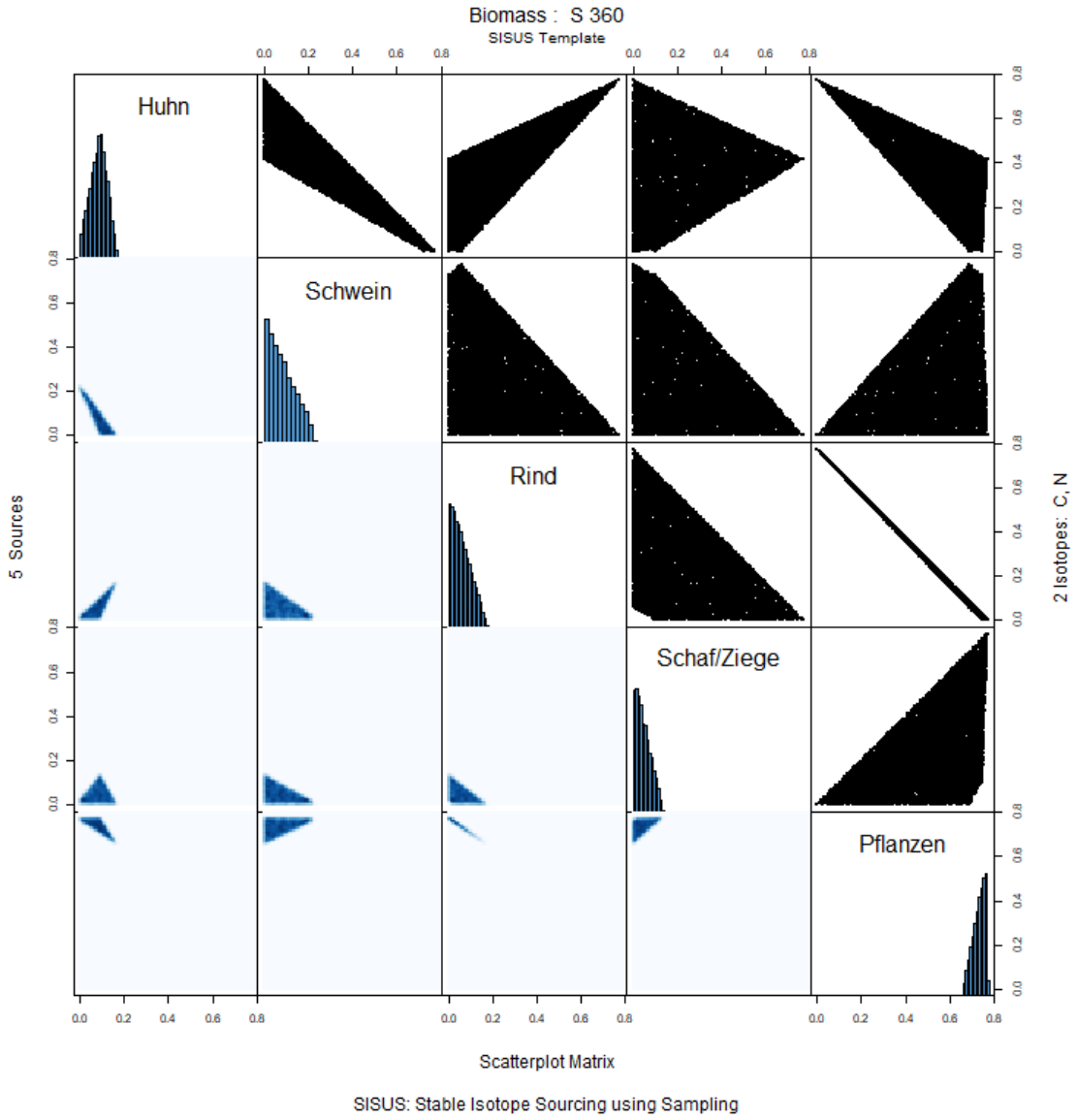


Abbildung 1756: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 360. Erstellt mit SISUS.

S361

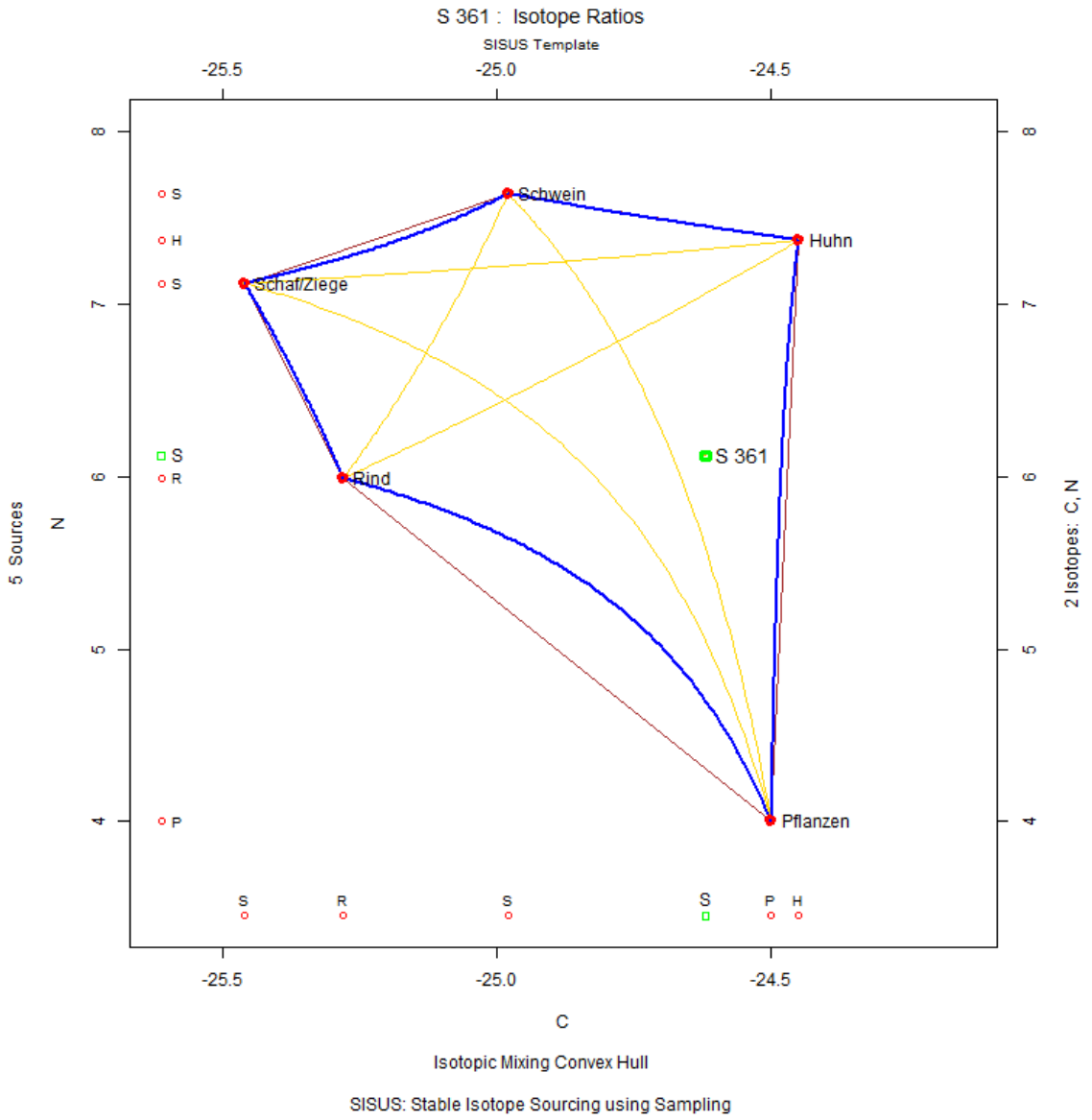


Abbildung 1757: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 361. Erstellt mit SISUS.

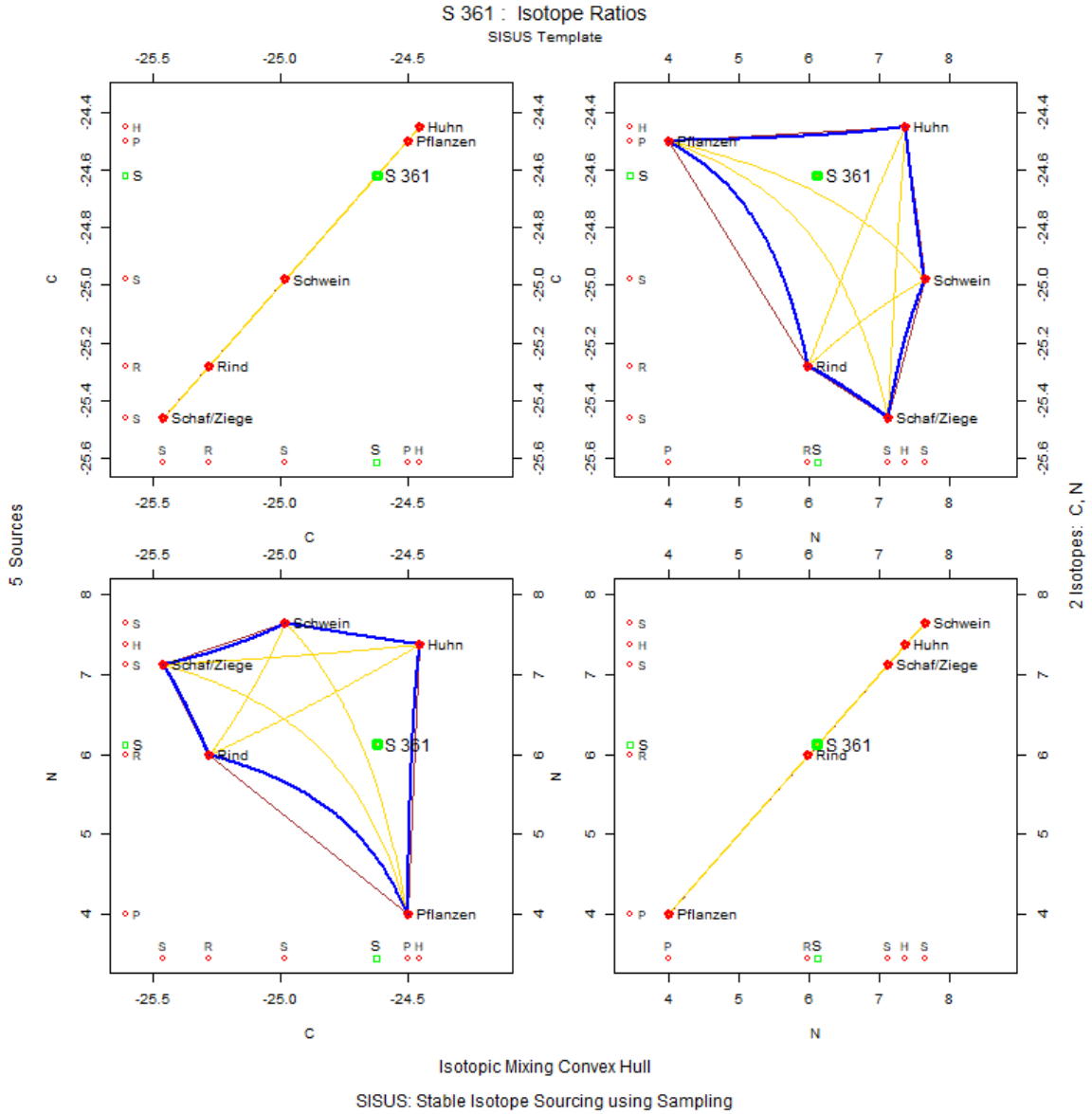


Abbildung 1758: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 361 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

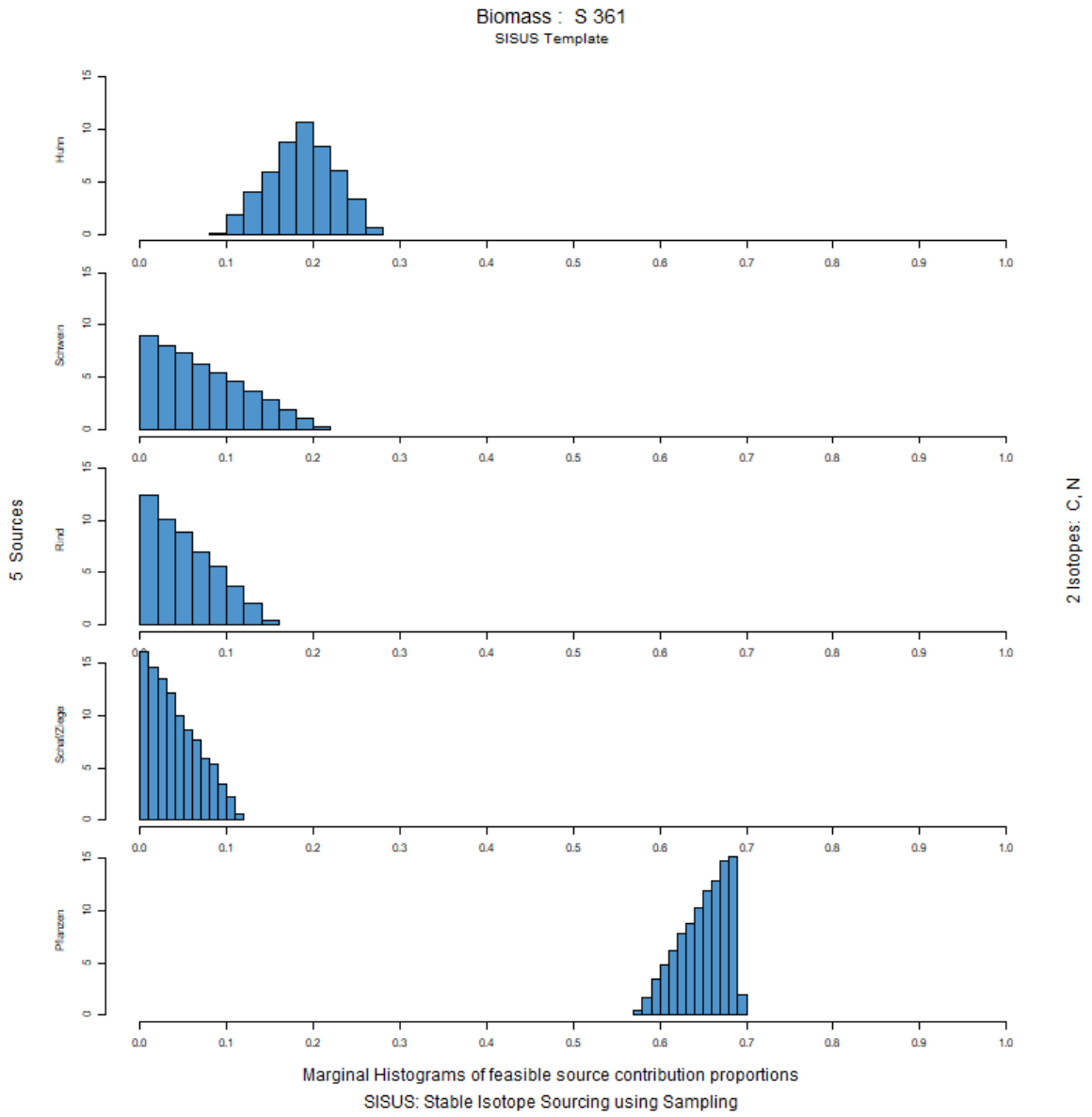


Abbildung 1759: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 361. Erstellt mit SISUS.

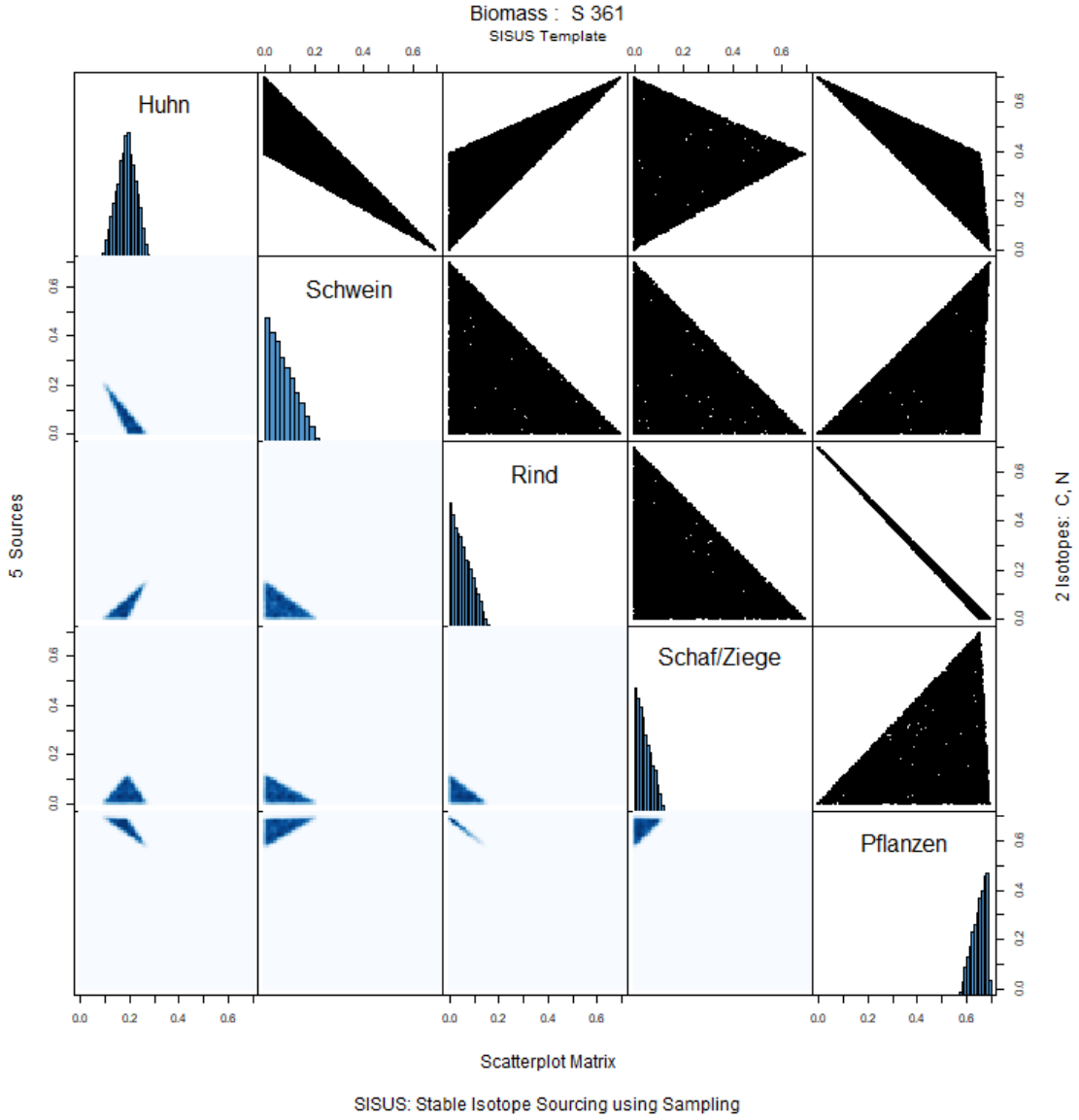


Abbildung 1760: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 361. Erstellt mit SISUS.

S369

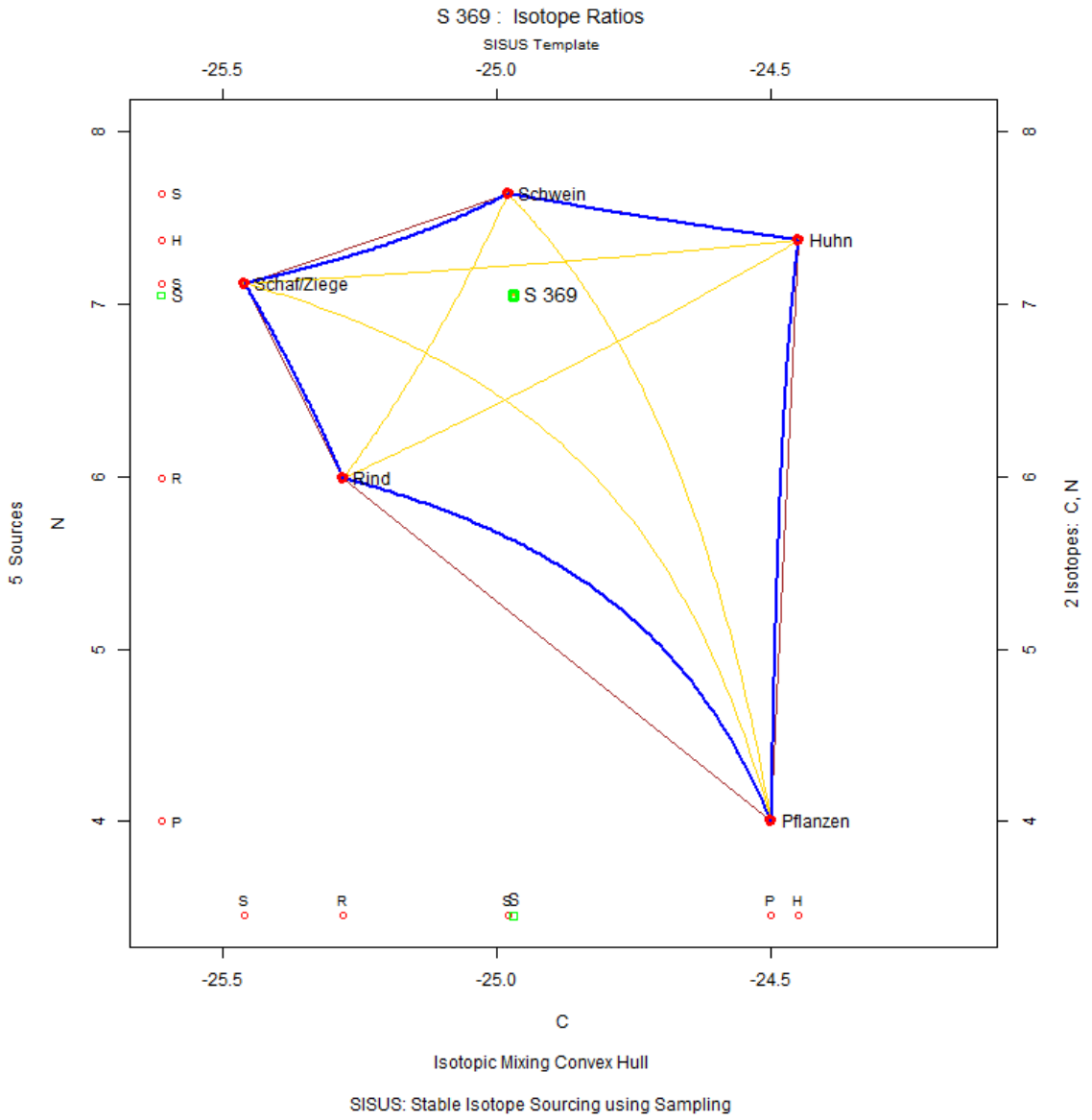


Abbildung 1761: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 369. Erstellt mit SISUS.

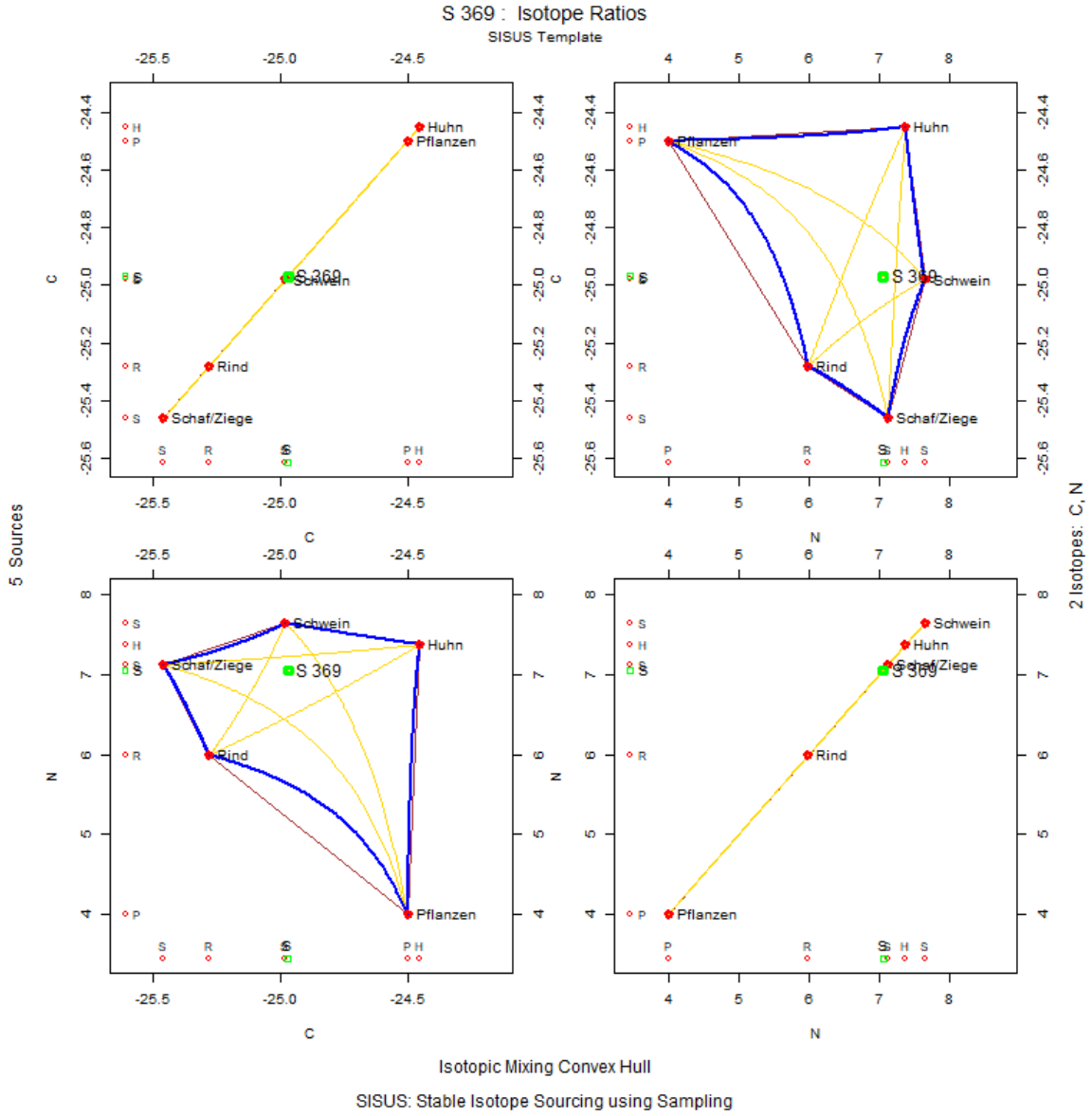


Abbildung 1762: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 369 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

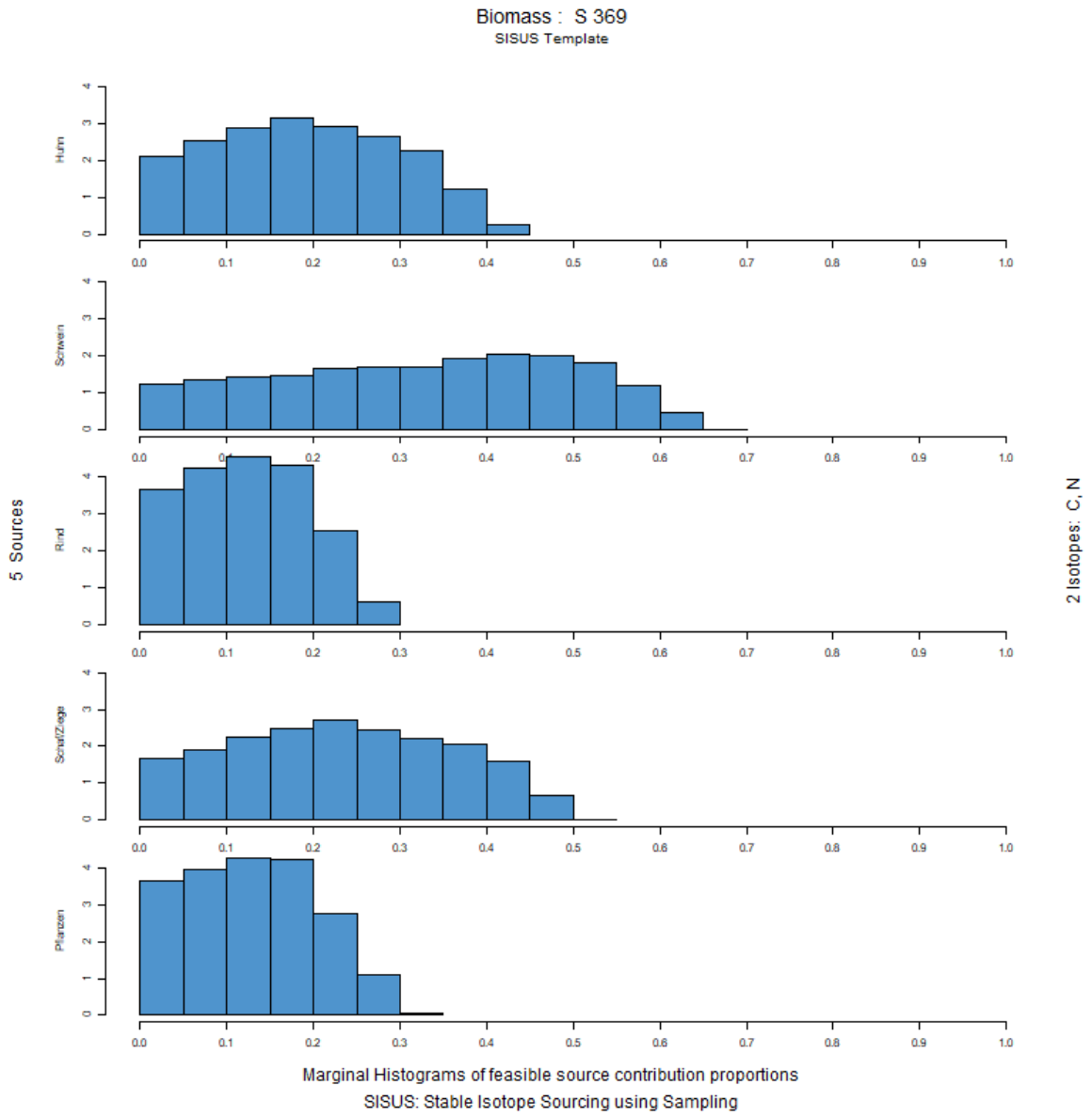


Abbildung 1763: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 369. Erstellt mit SISUS.

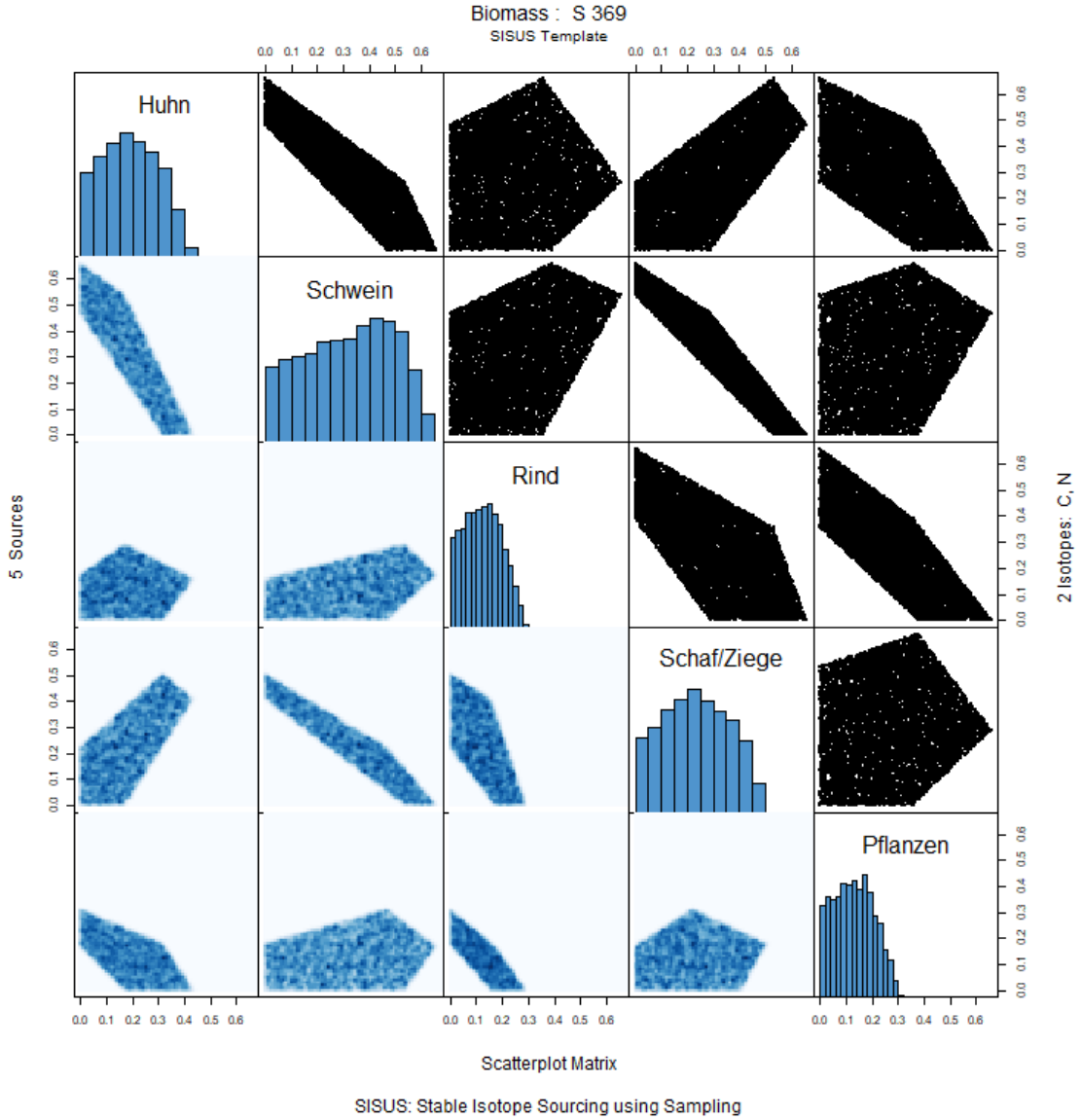


Abbildung 1764: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 369. Erstellt mit SISUS.

S374

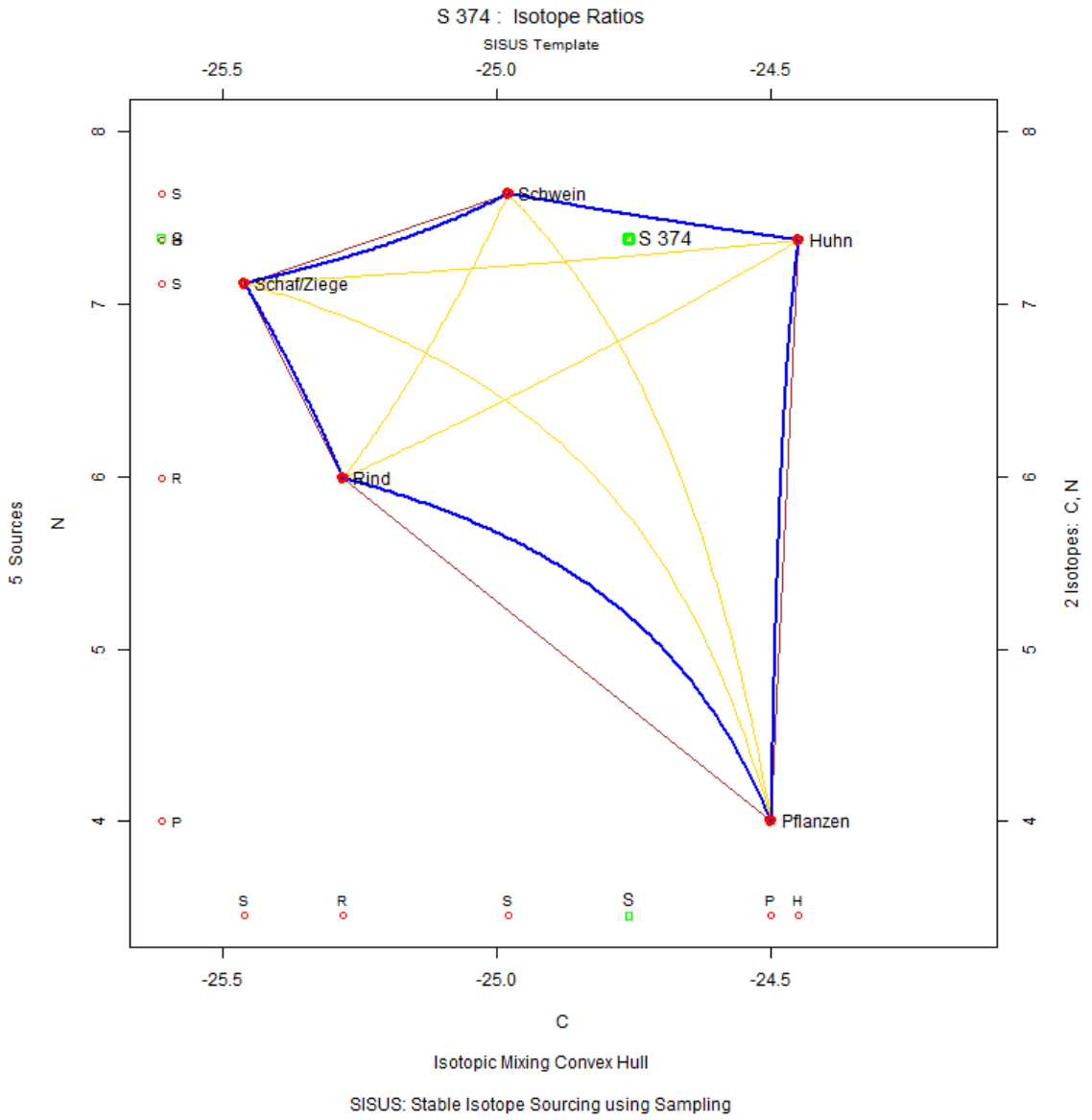


Abbildung 1765: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 374. Erstellt mit SISUS.

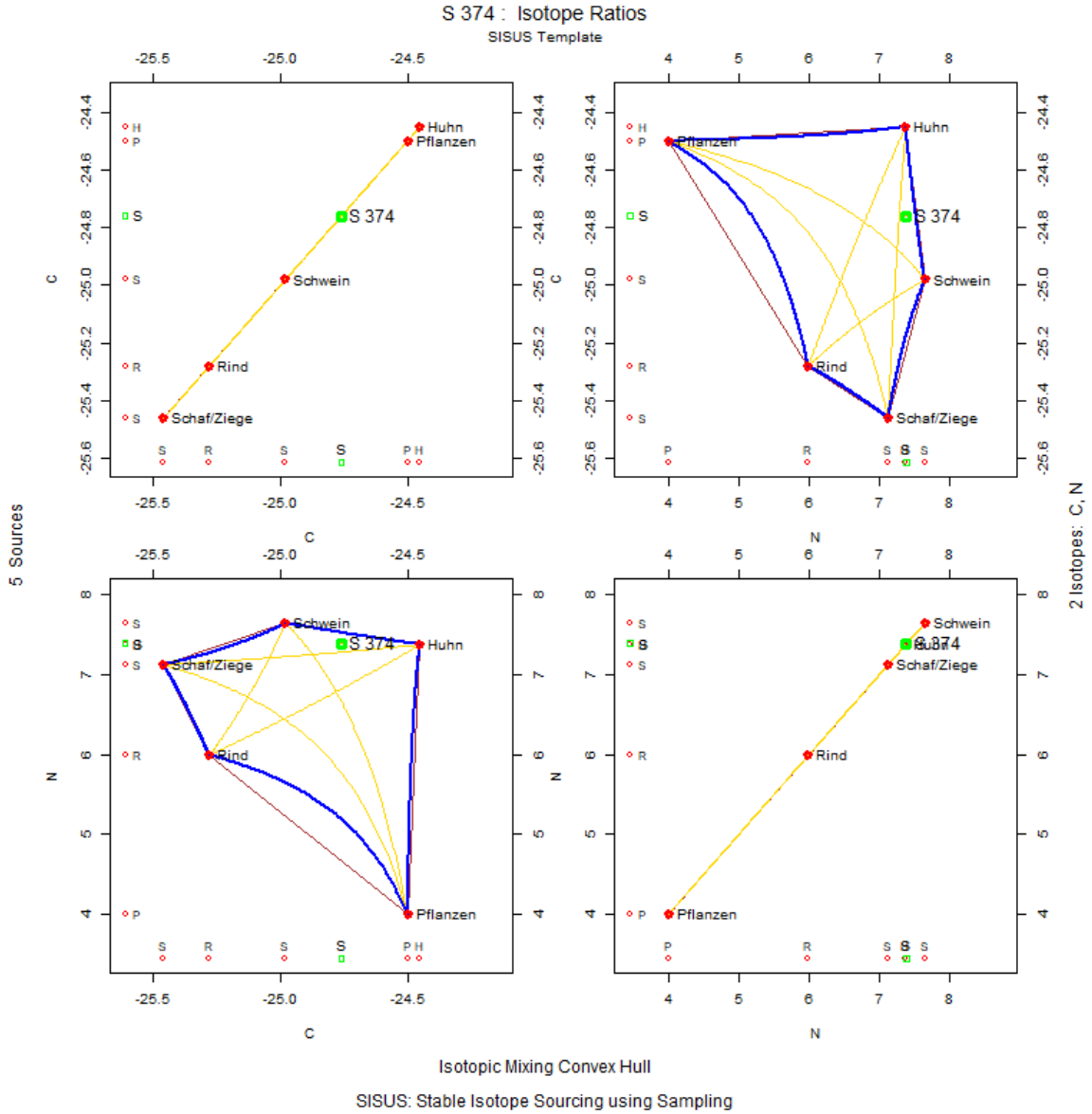


Abbildung 1766: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 374 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

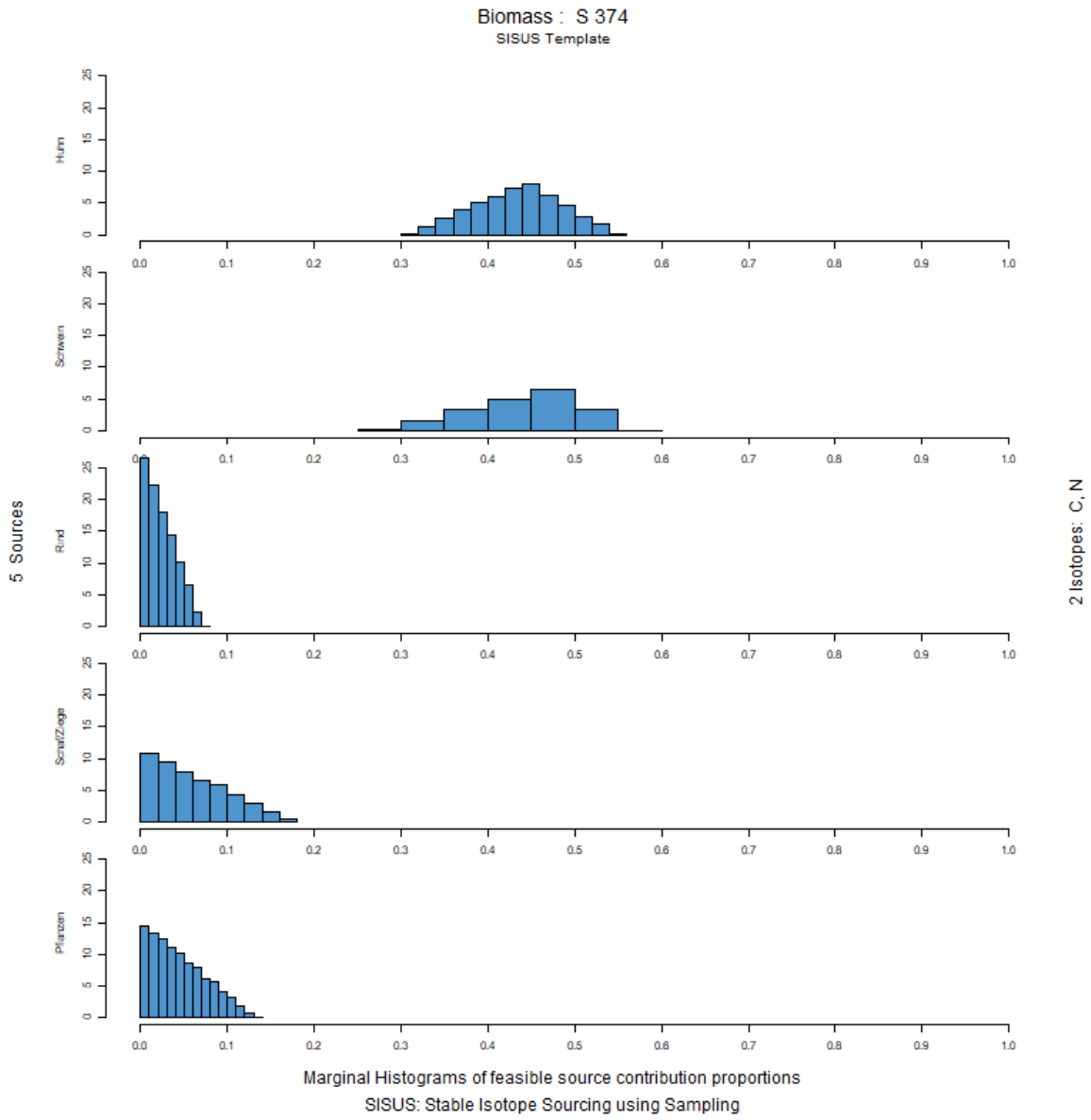


Abbildung 1767: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 374. Erstellt mit SISUS.

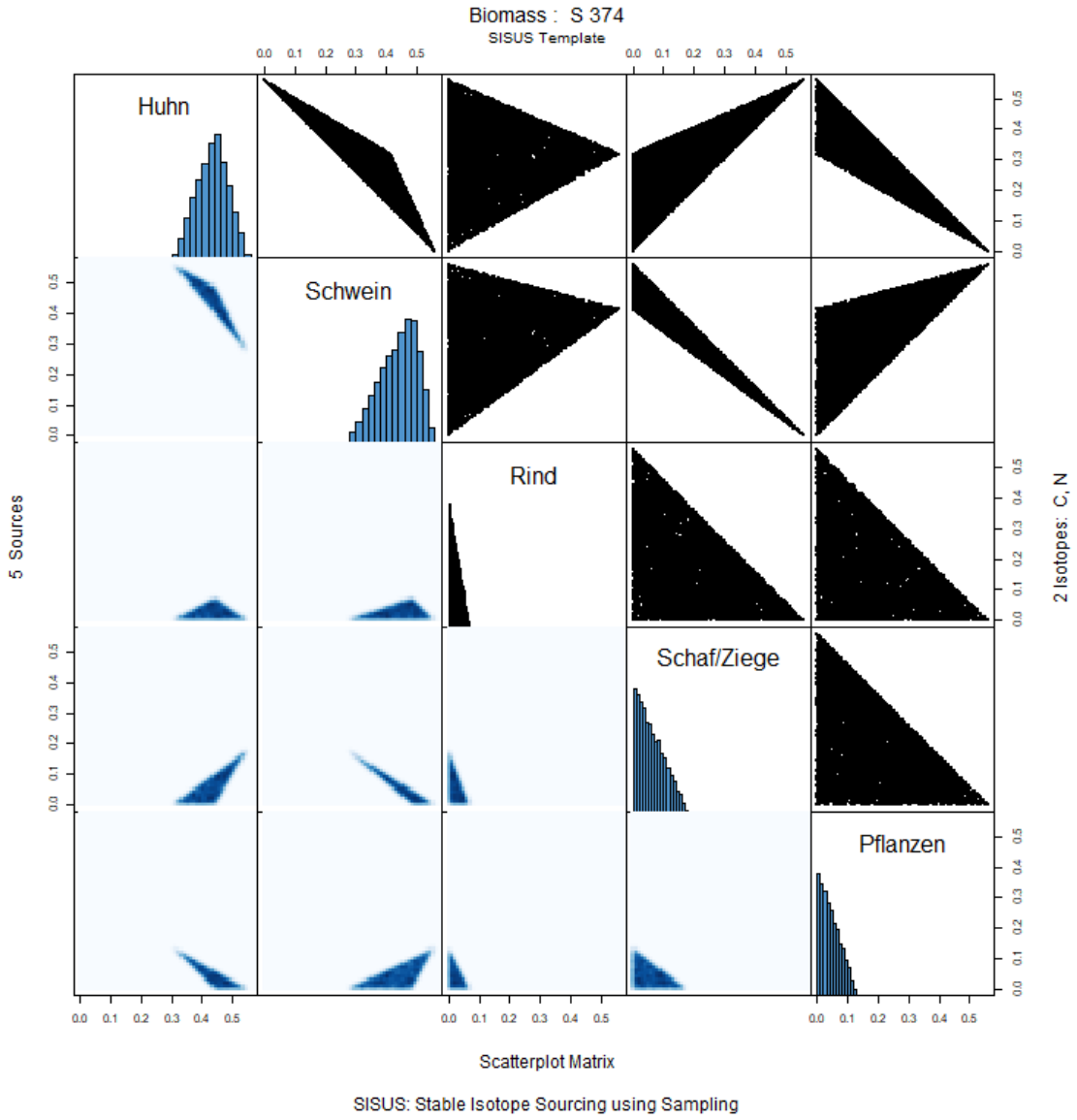


Abbildung 1768: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 374. Erstellt mit SISUS.

S377

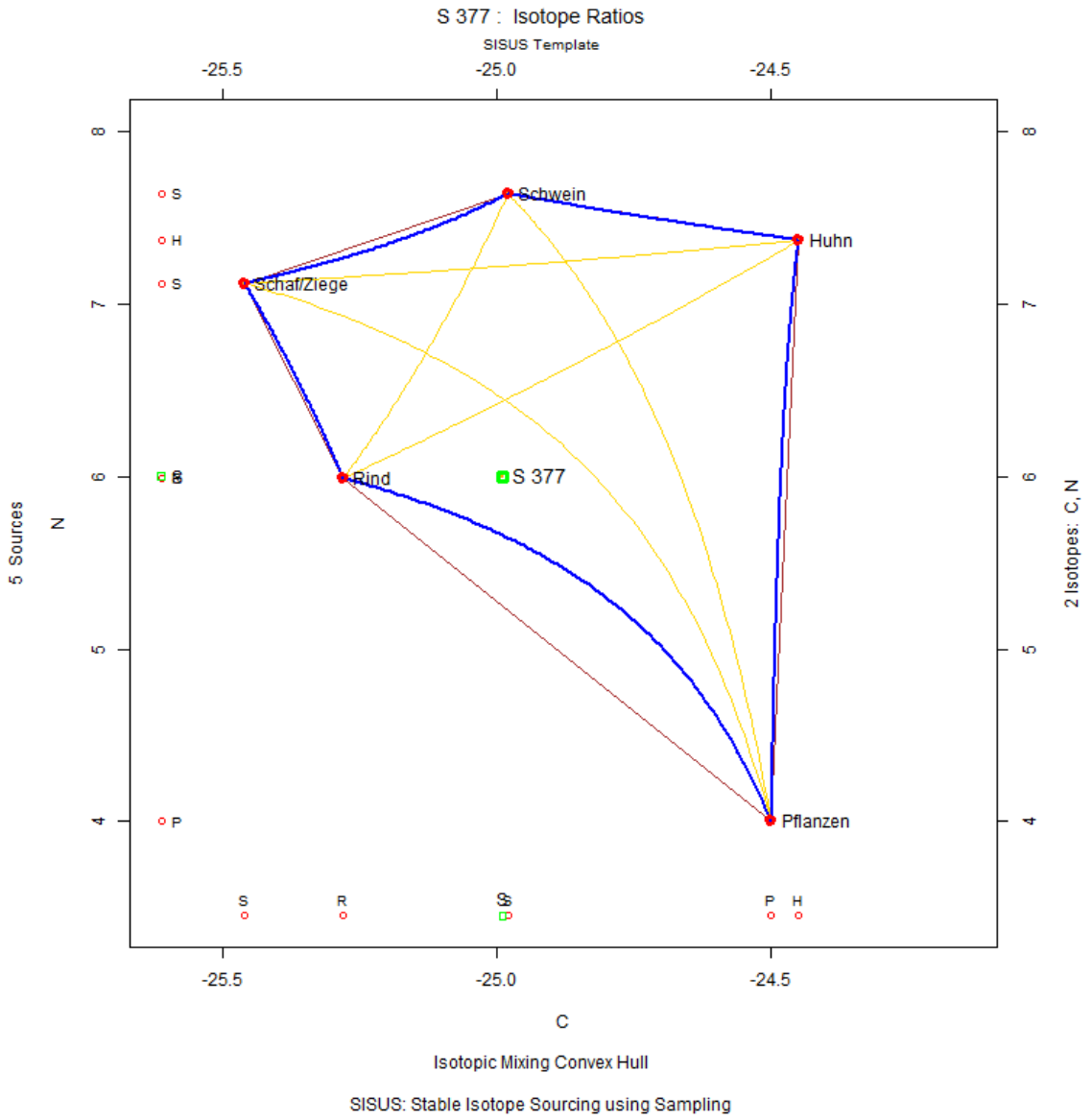


Abbildung 1769: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 377. Erstellt mit SISUS.

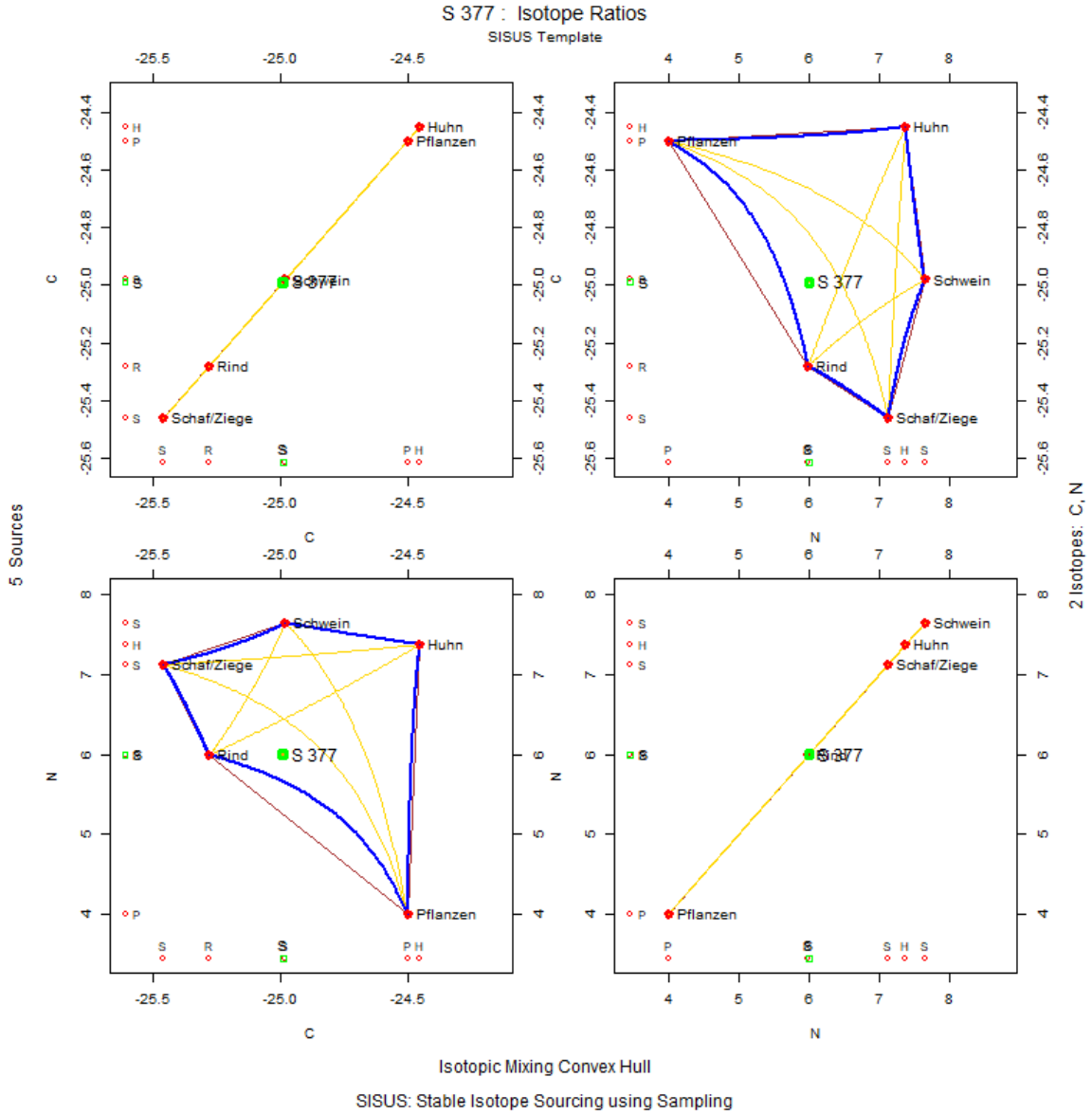


Abbildung 1770: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 377 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

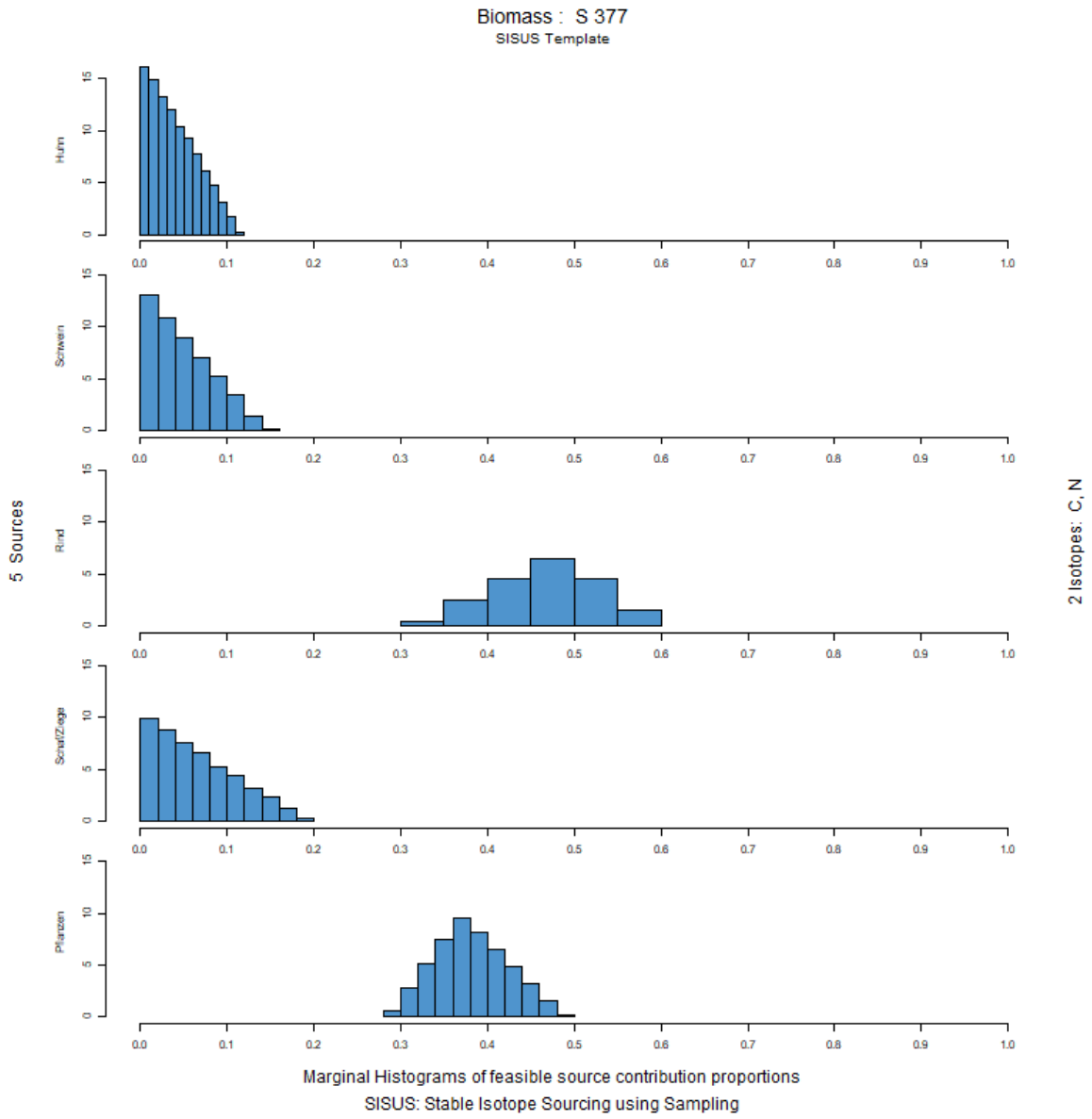


Abbildung 1771: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 377. Erstellt mit SISUS.

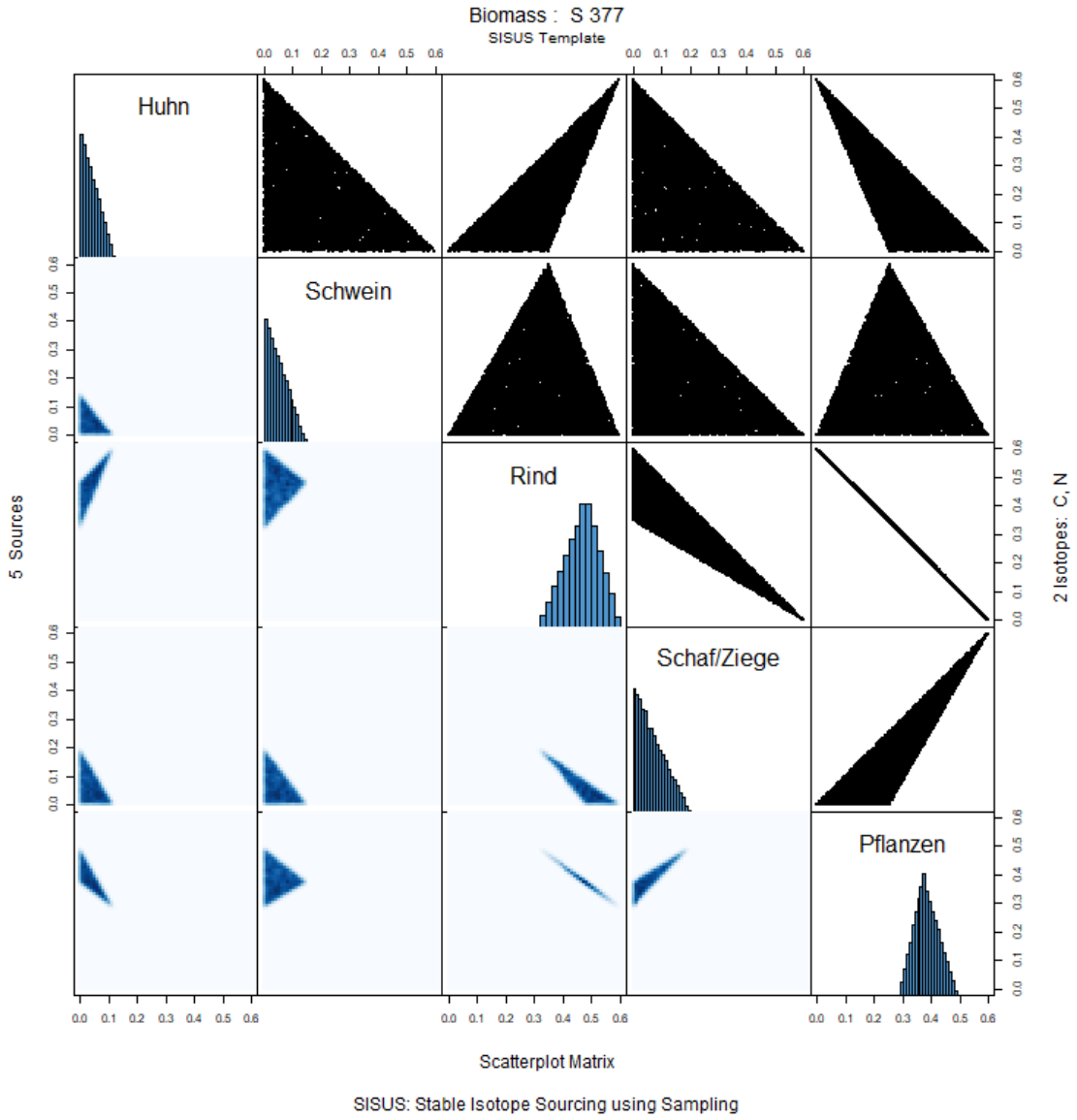


Abbildung 1772: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 377. Erstellt mit SISUS.

S388

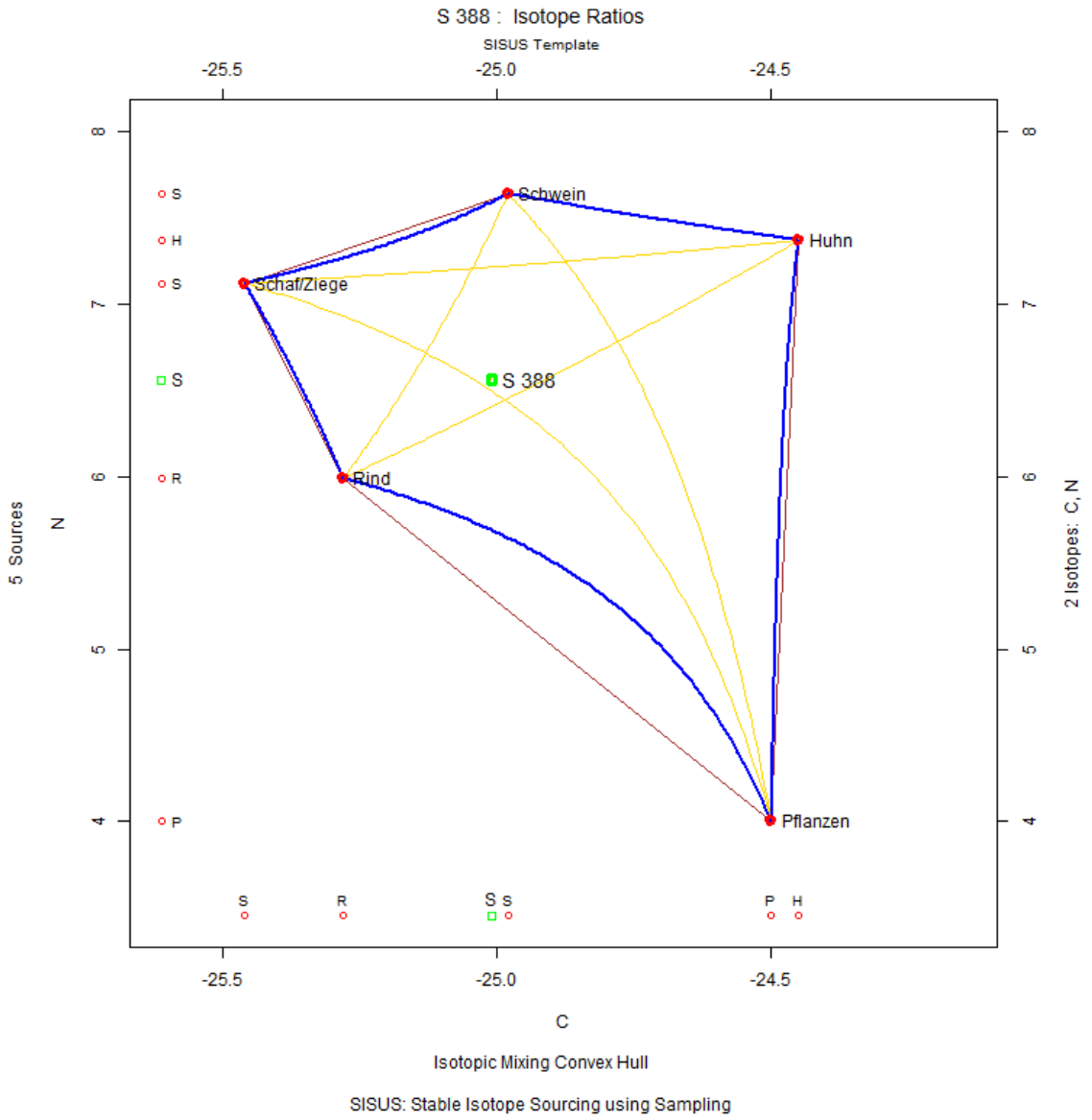


Abbildung 1773: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 388. Erstellt mit SISUS.

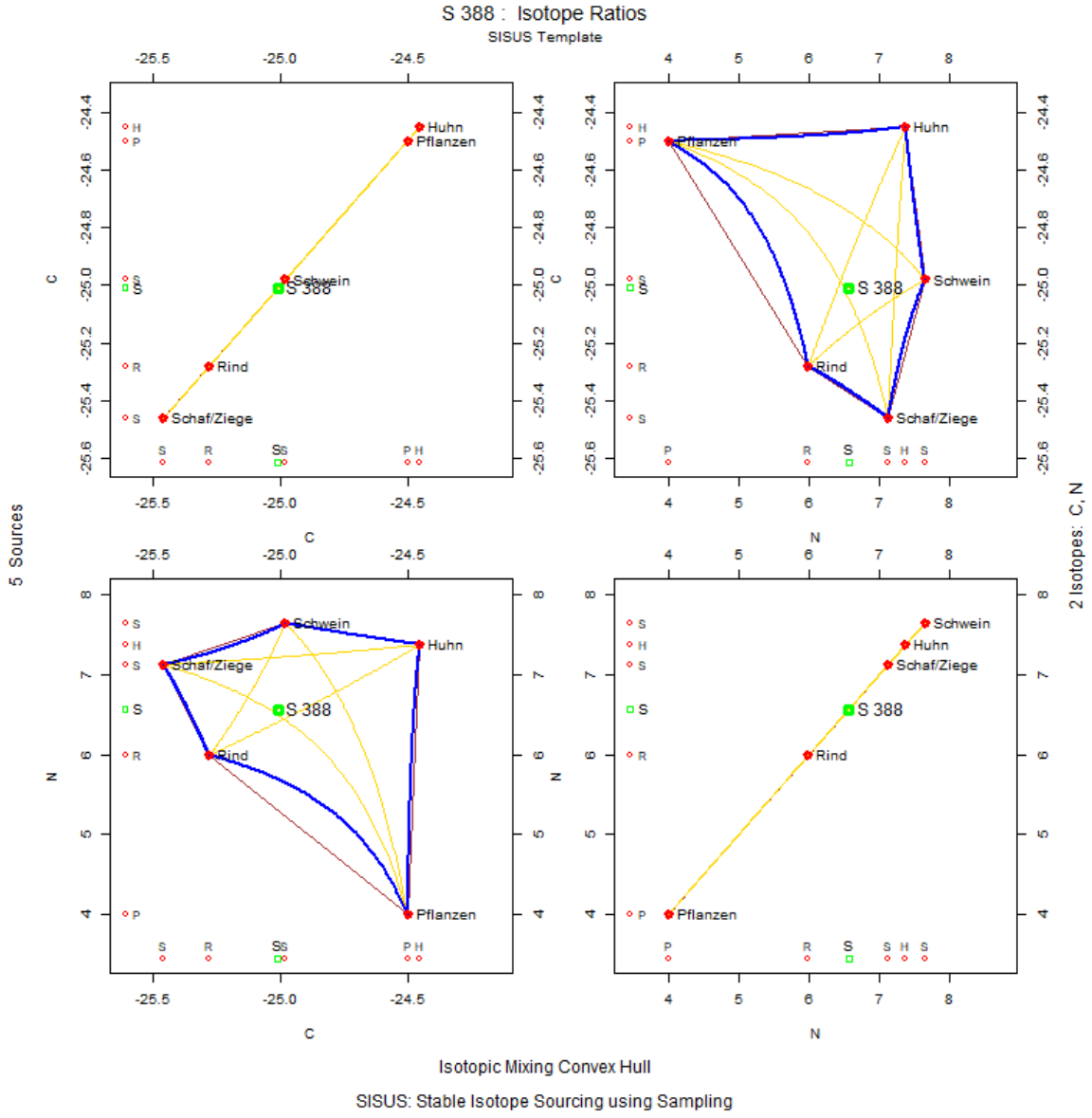


Abbildung 1774: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 388 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

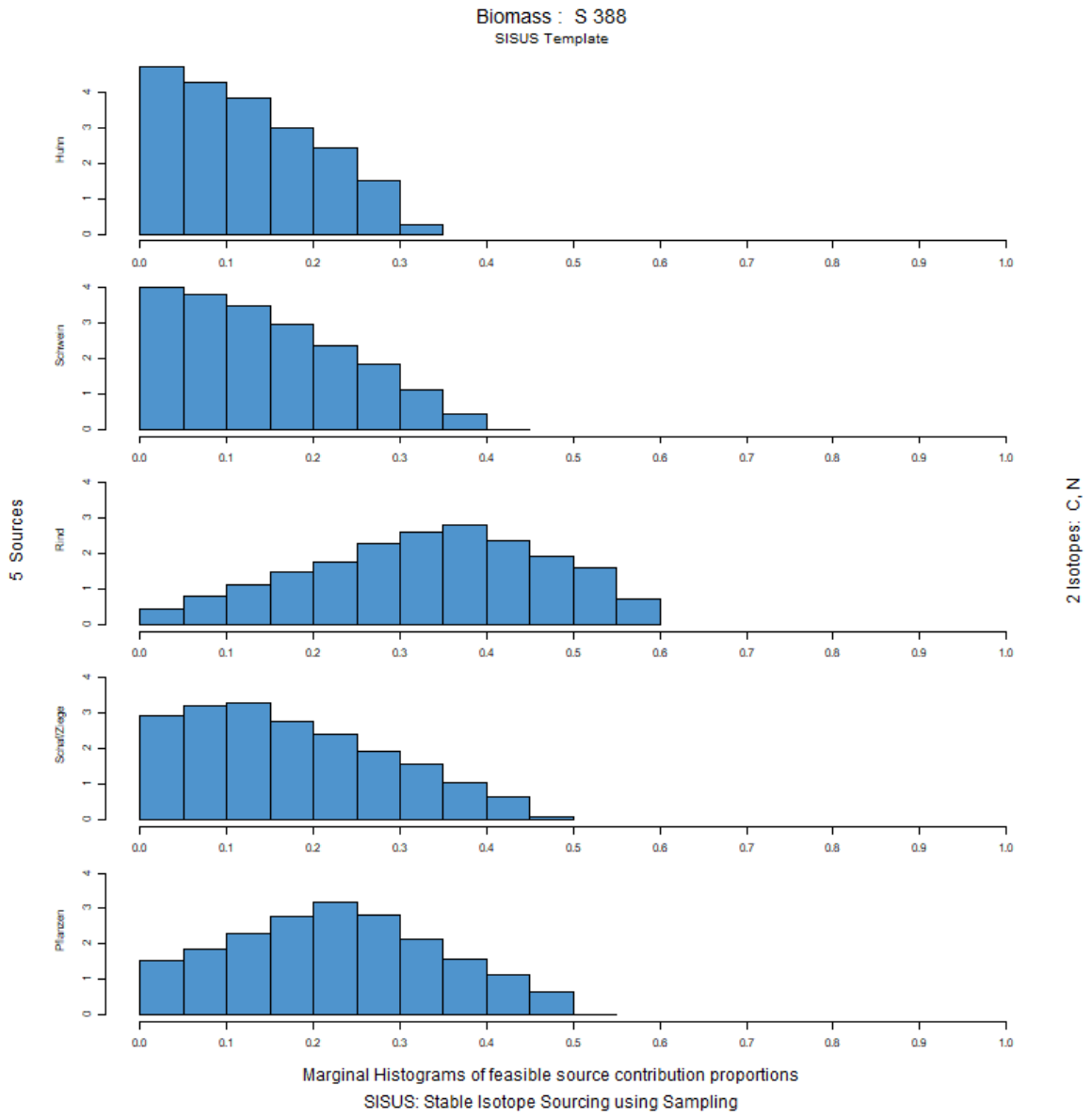


Abbildung 1775: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 388. Erstellt mit SISUS.

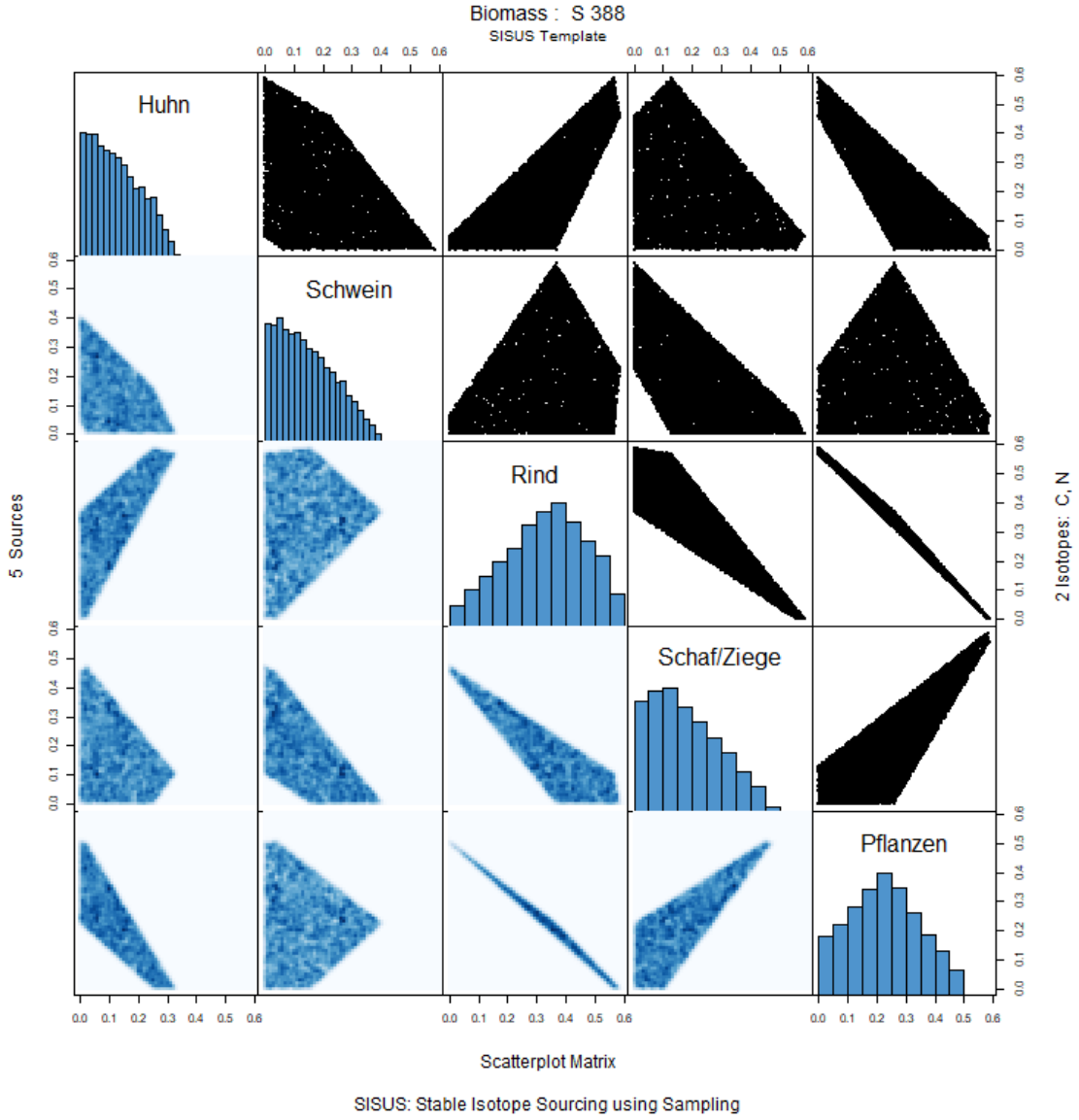


Abbildung 1776: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 388. Erstellt mit SISUS.

S399

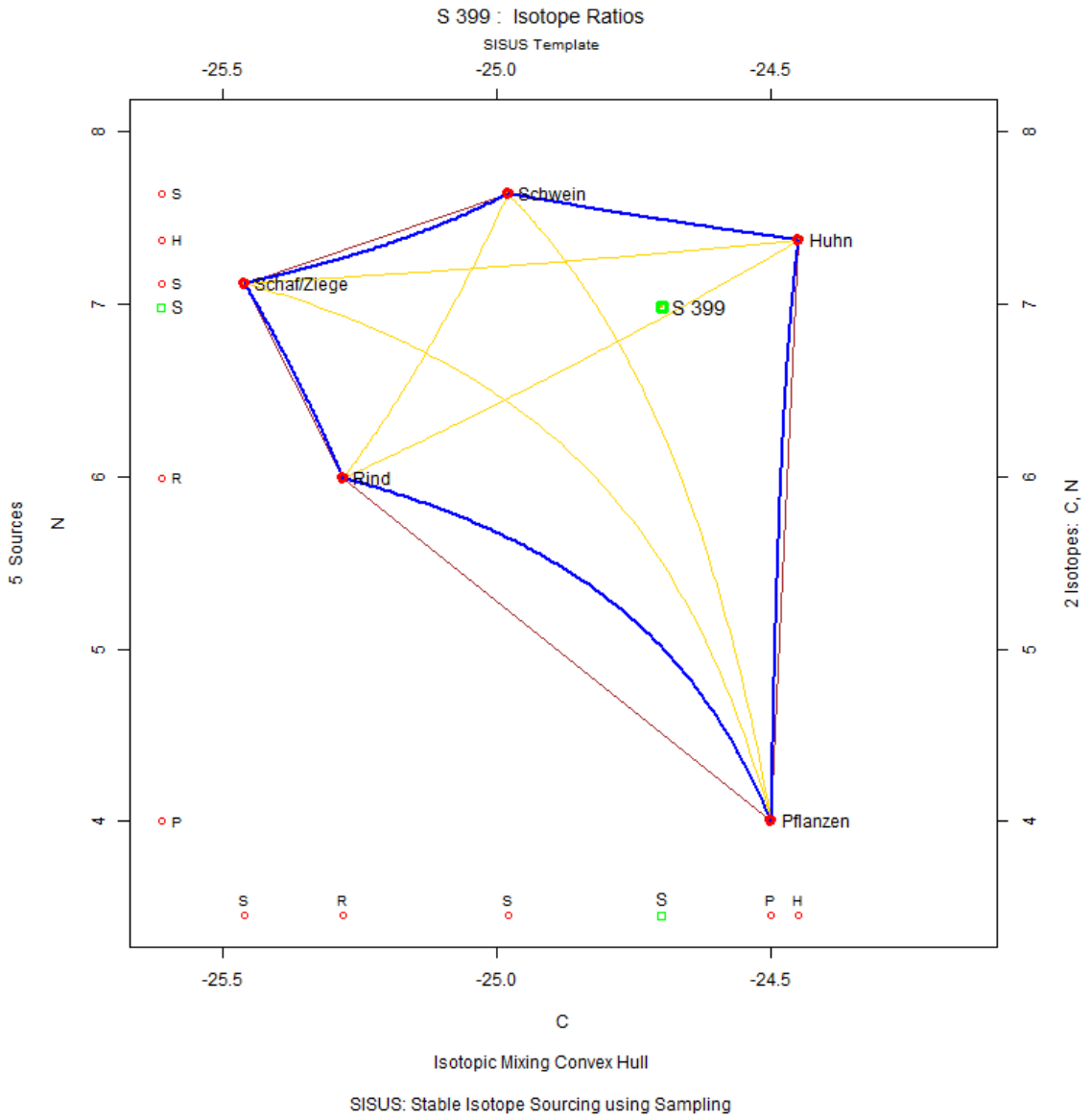


Abbildung 1777: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 399. Erstellt mit SISUS.

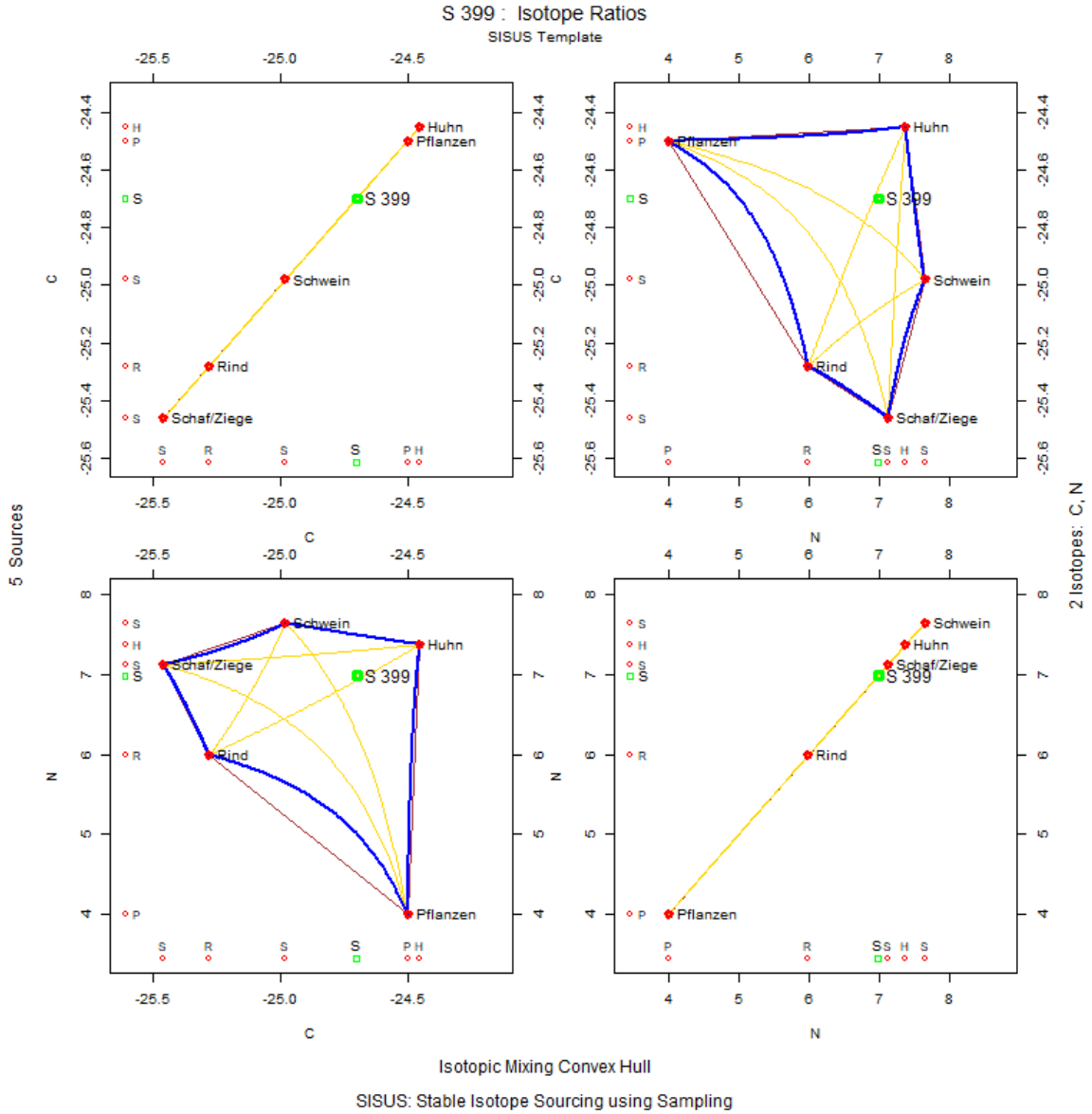


Abbildung 1778: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 399 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

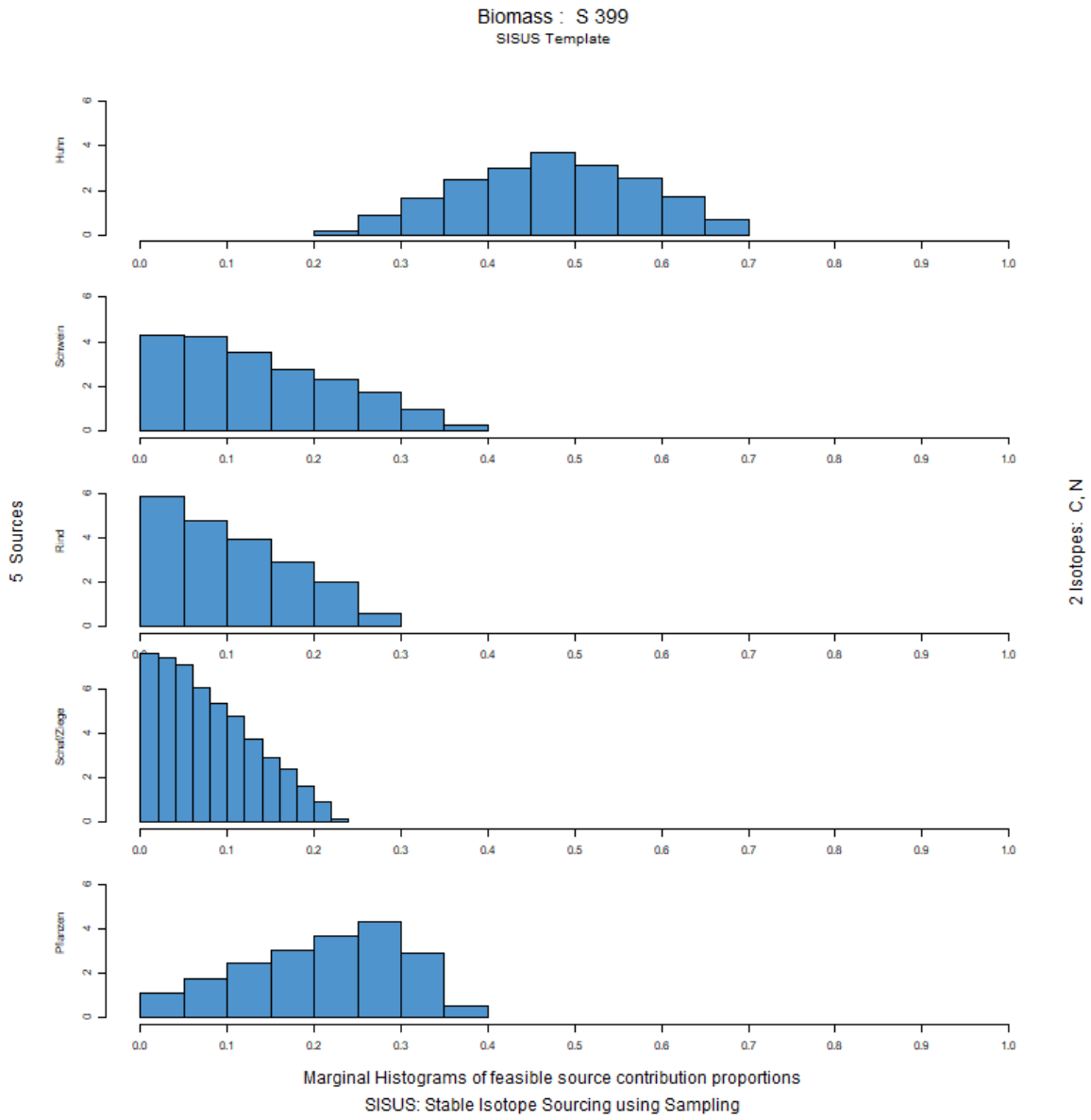


Abbildung 1779: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 399. Erstellt mit SISUS.

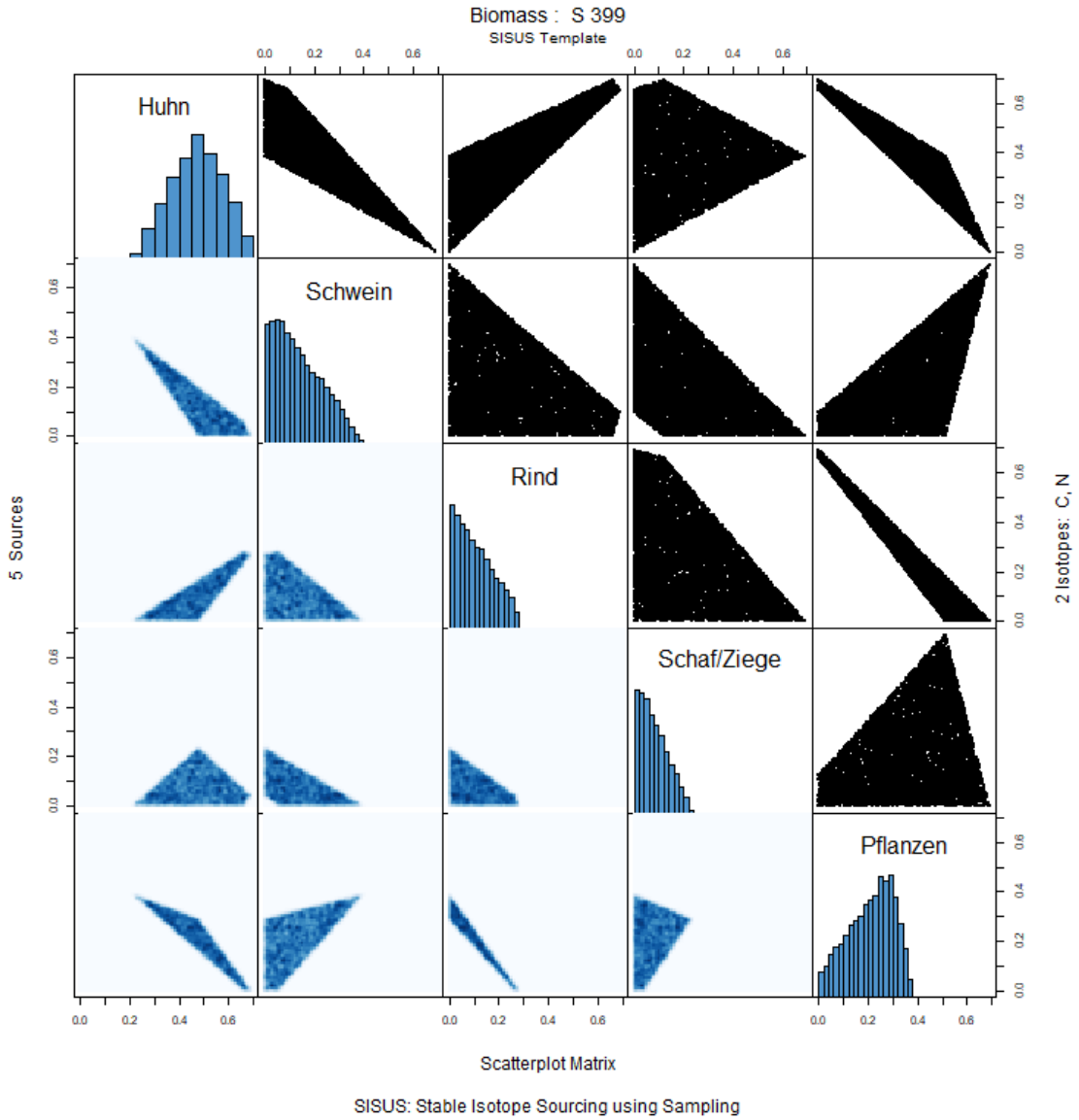


Abbildung 1780: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 399. Erstellt mit SISUS.

S412

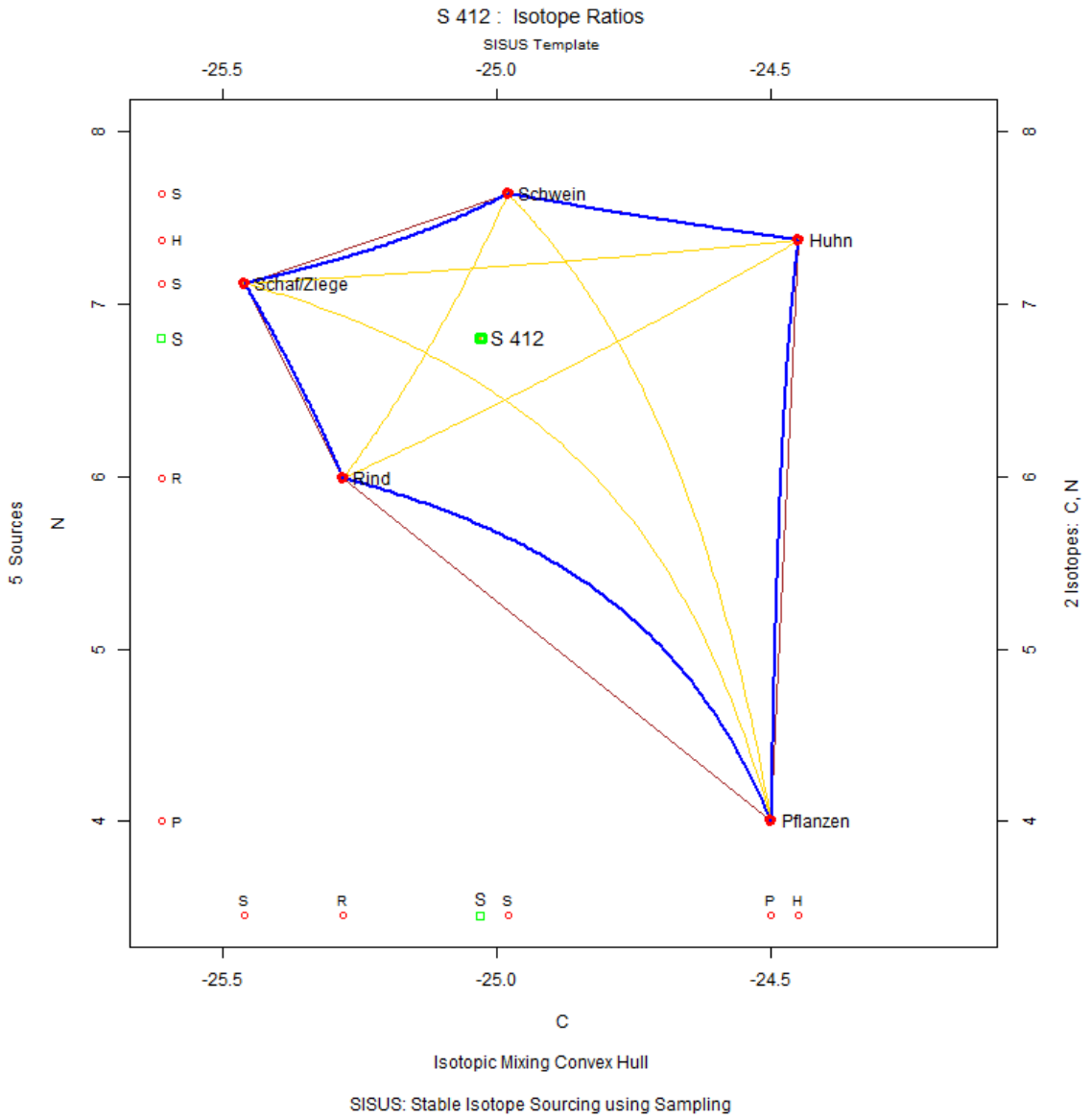


Abbildung 1781: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 412. Erstellt mit SISUS.

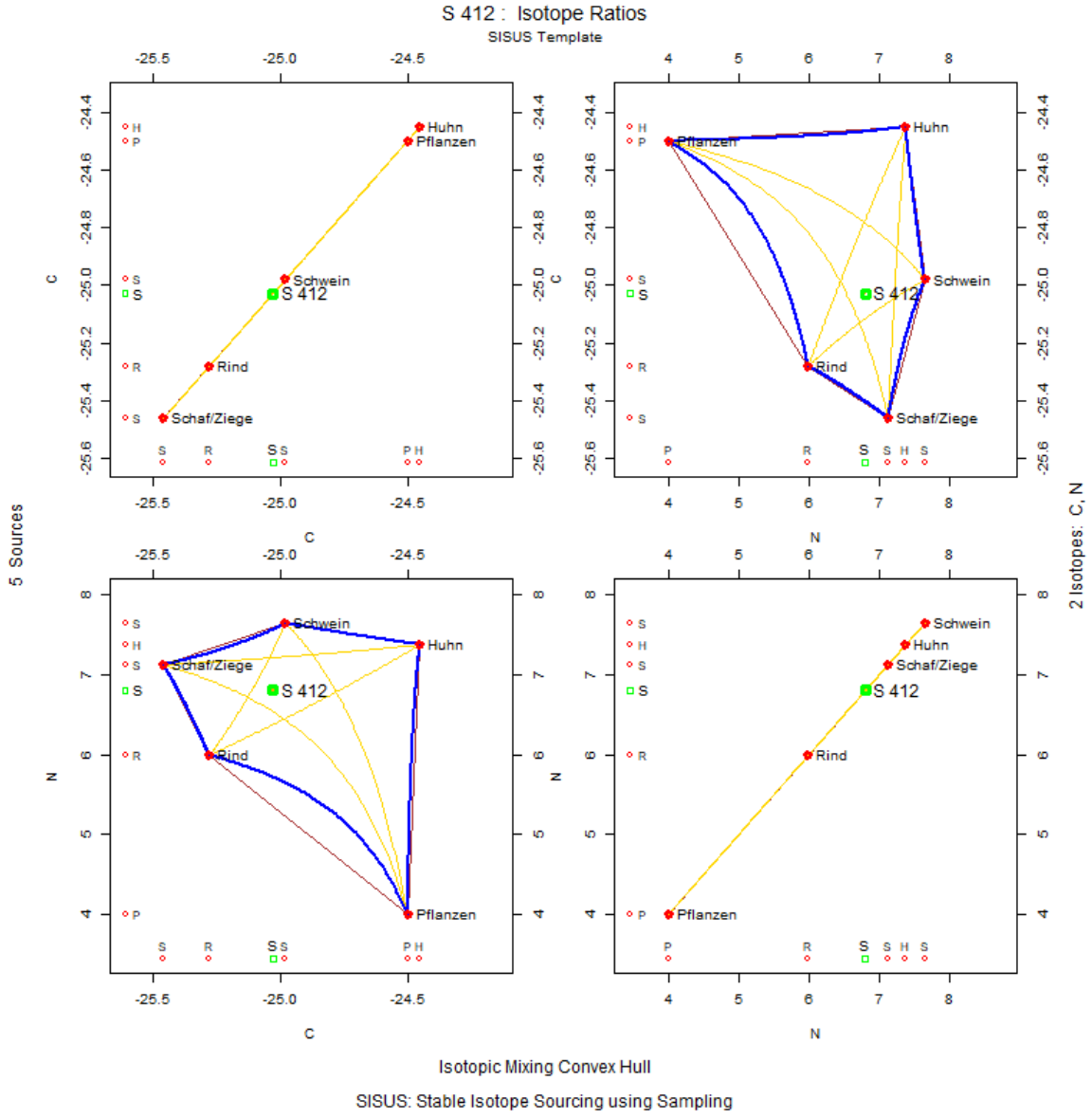


Abbildung 1782: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 412 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

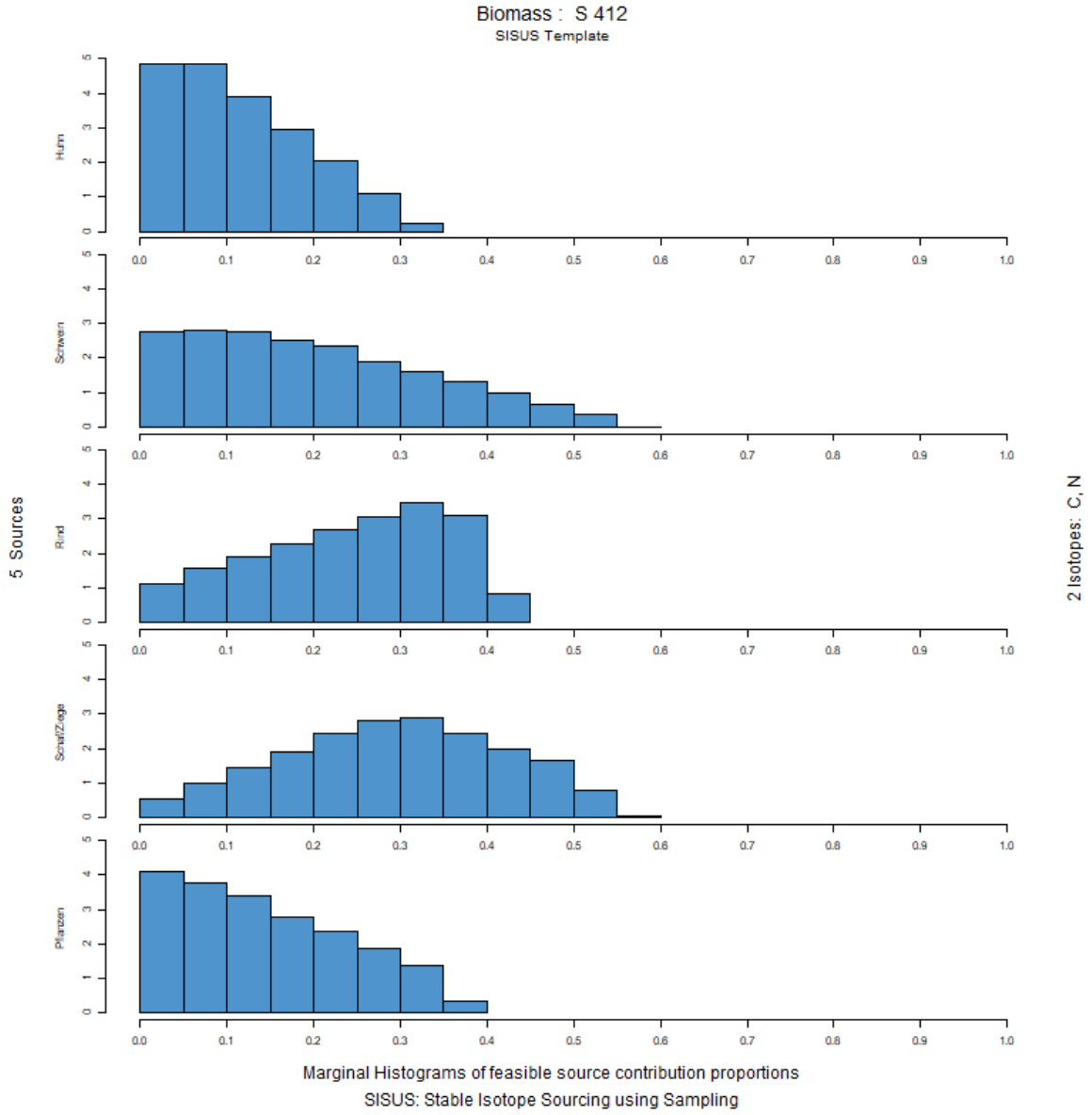


Abbildung 1783: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 412. Erstellt mit SISUS.

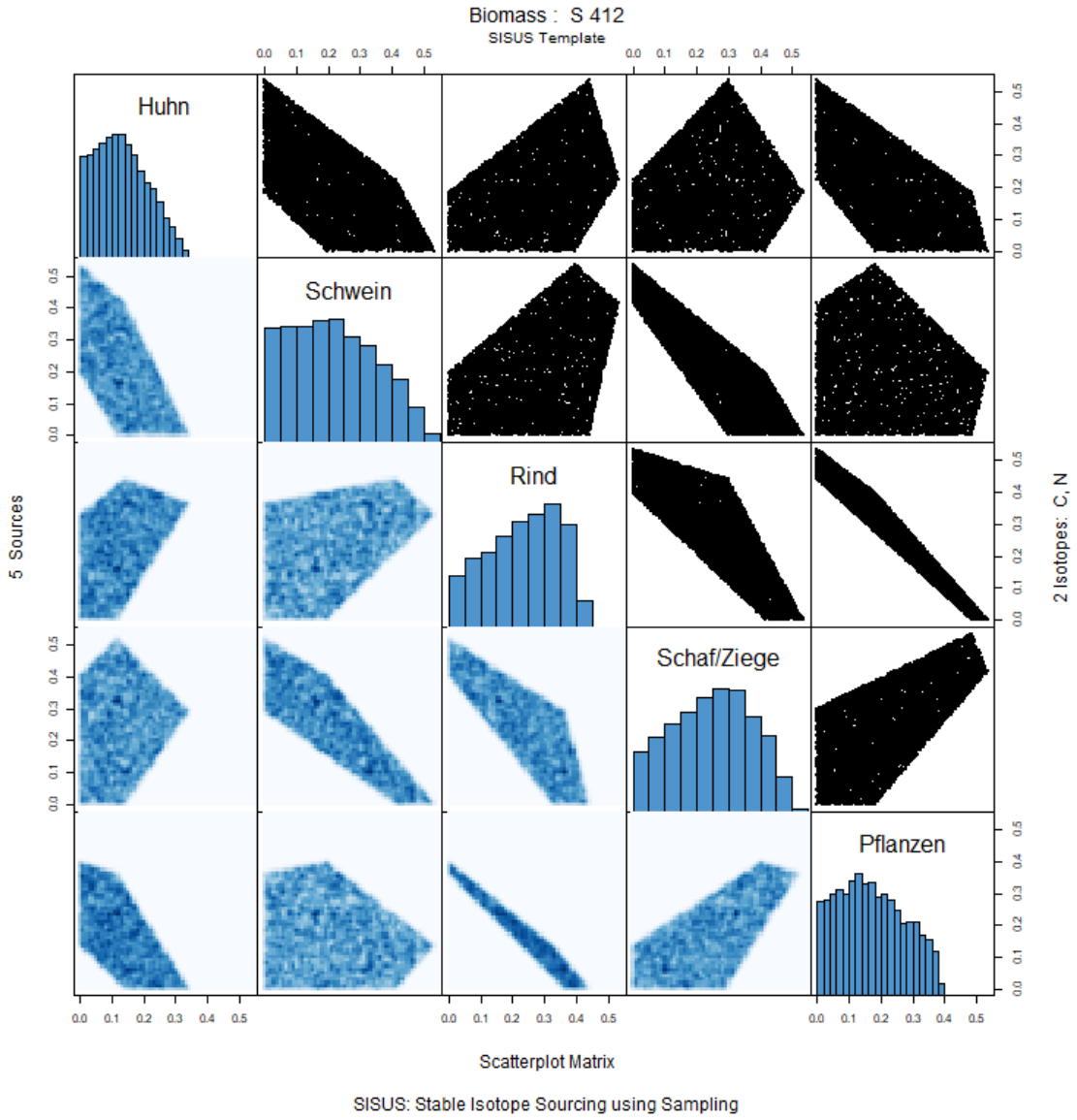


Abbildung 1784: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 412. Erstellt mit SISUS.

S428

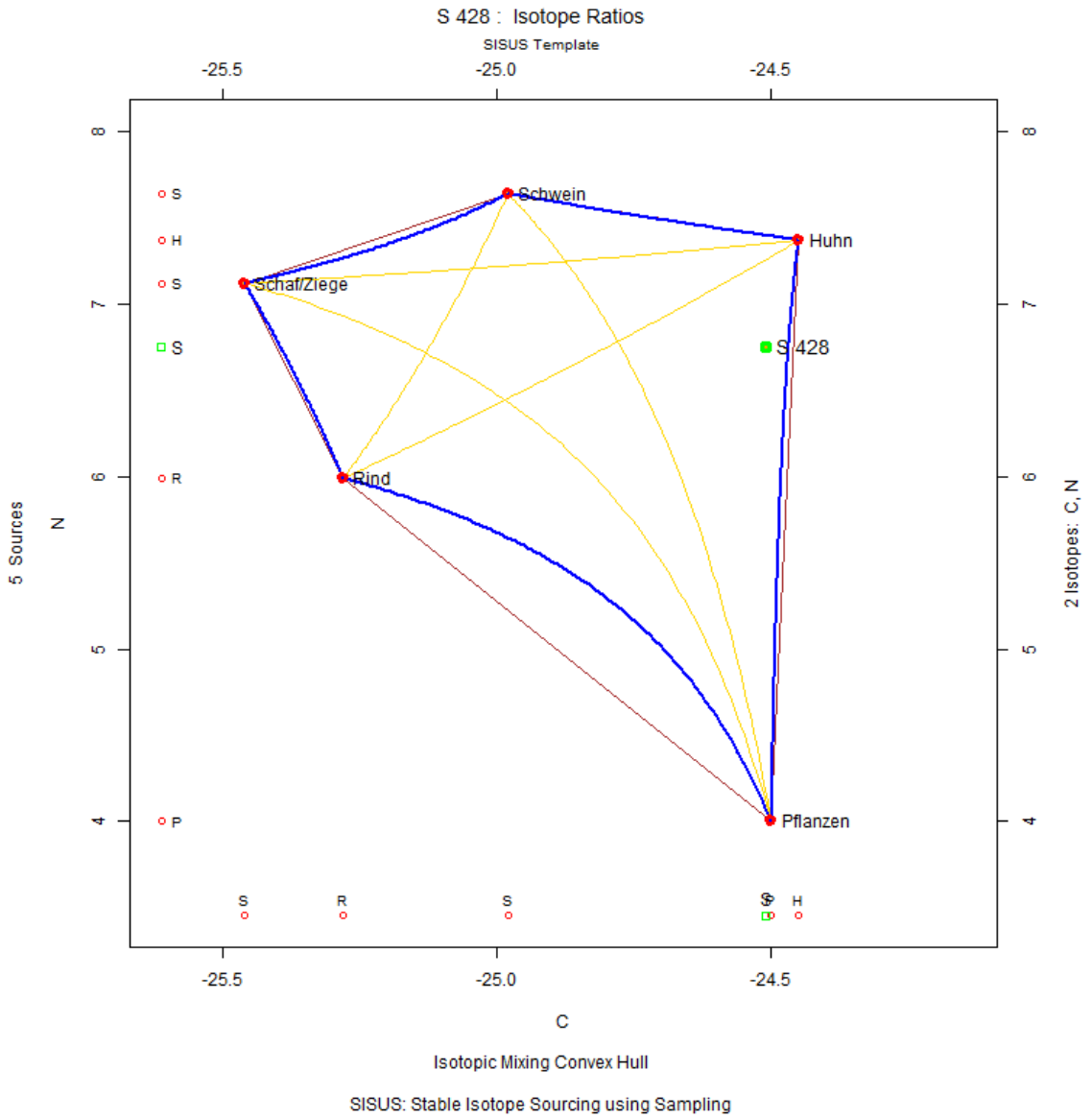


Abbildung 1785: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 428. Erstellt mit SISUS.

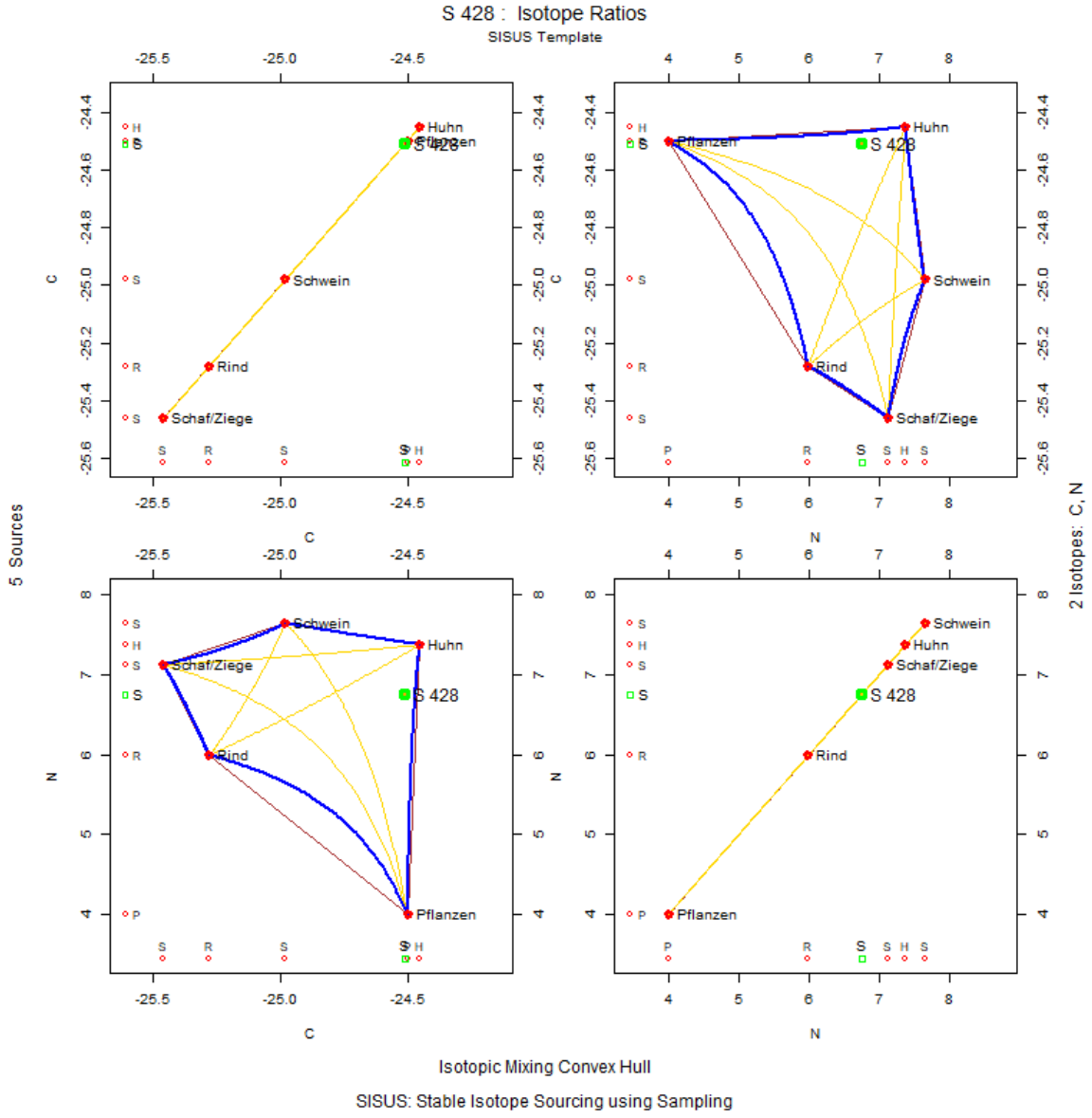


Abbildung 1786: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 428 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

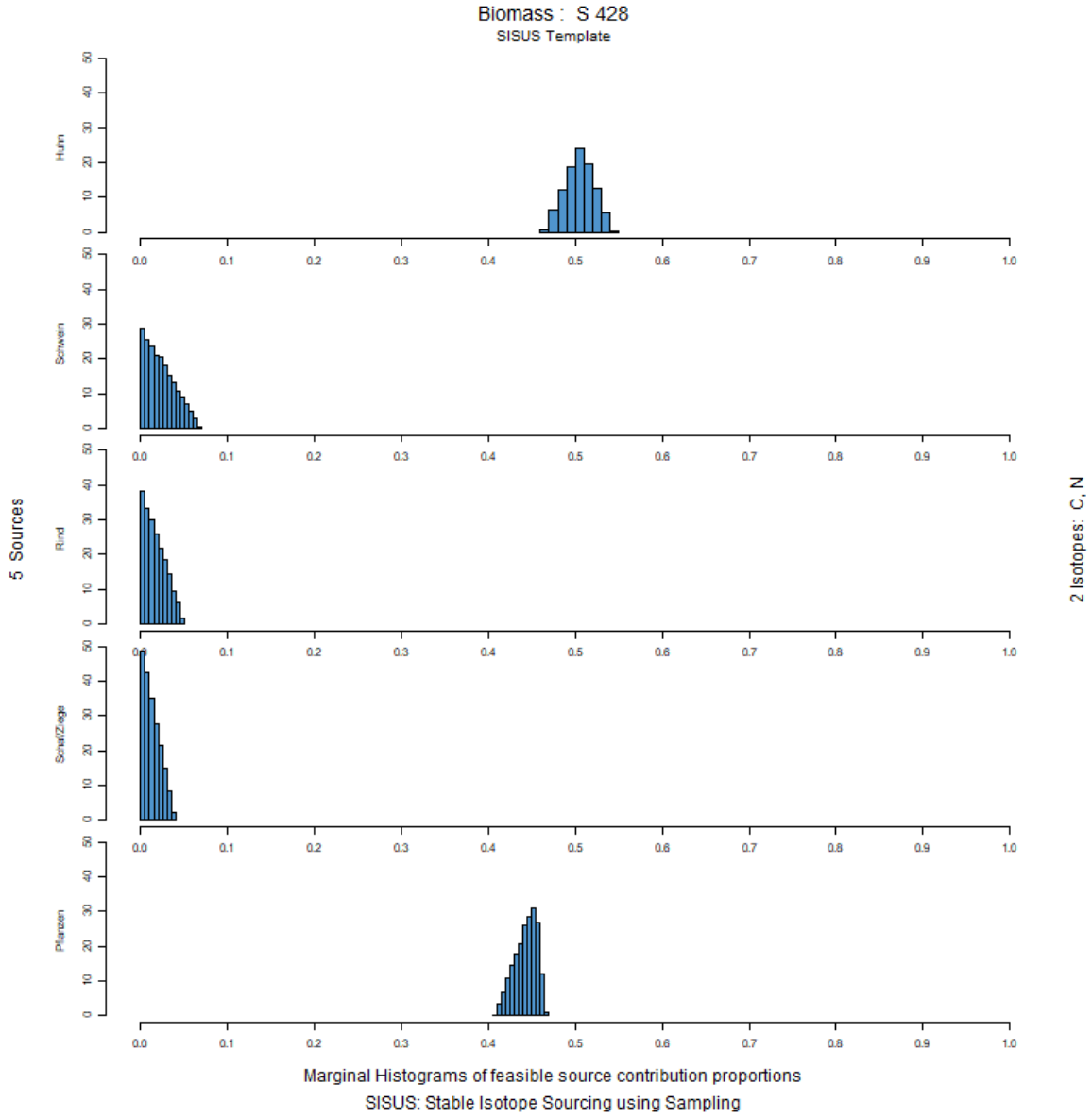


Abbildung 1787: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 428. Erstellt mit SISUS.

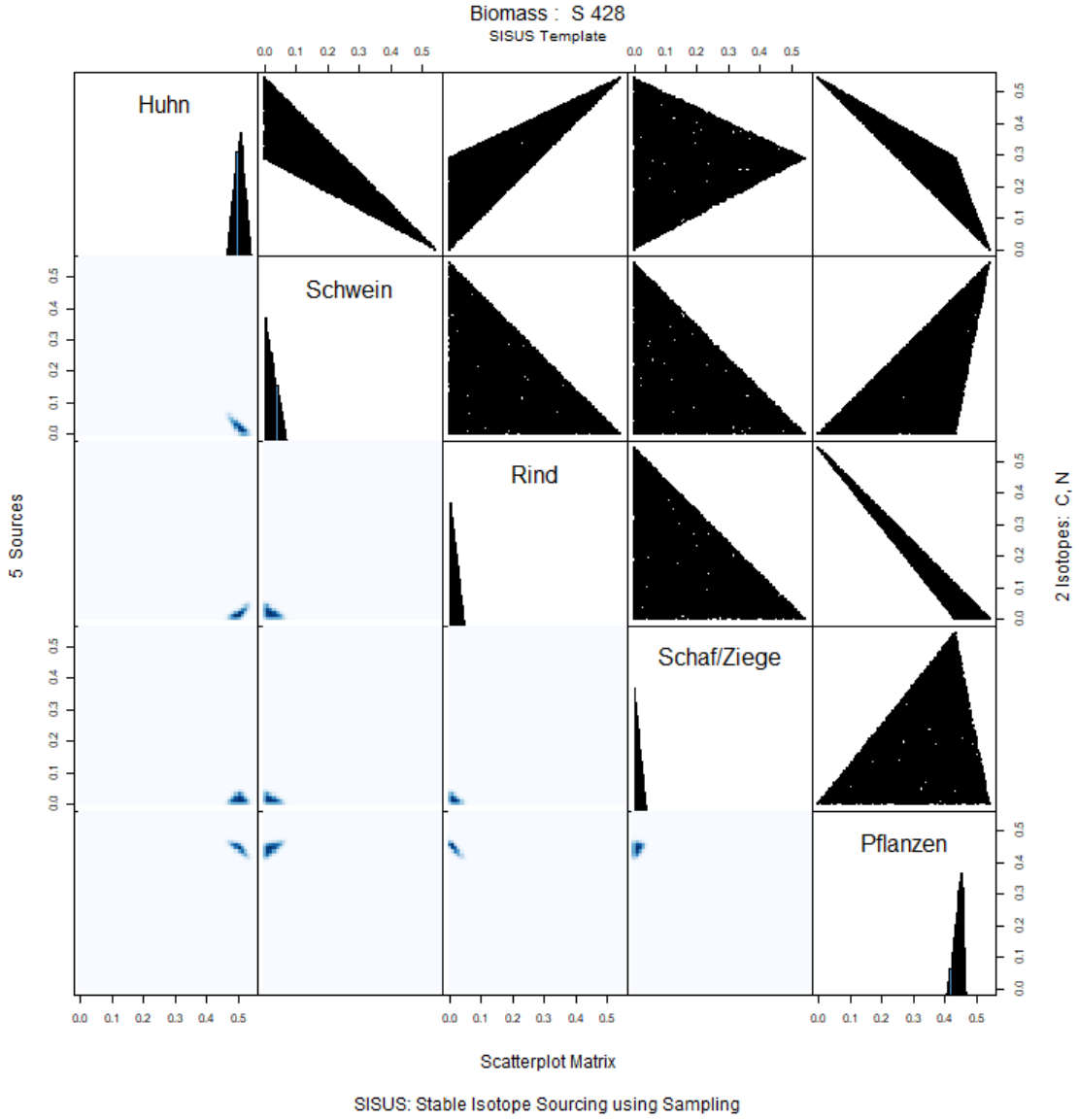


Abbildung 1788: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 428. Erstellt mit SISUS.

S445

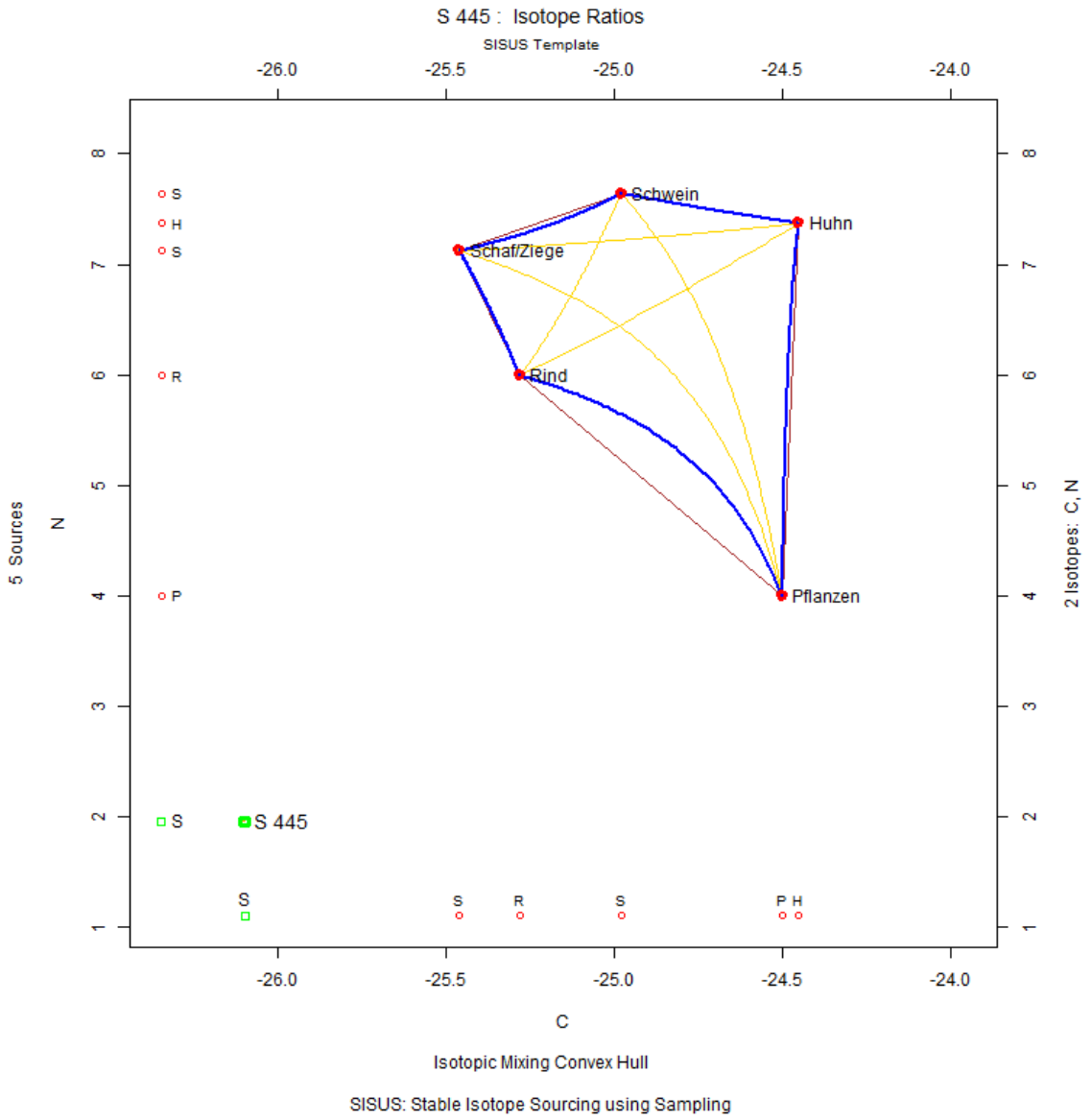


Abbildung 1789: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 445. Erstellt mit SISUS.

S450

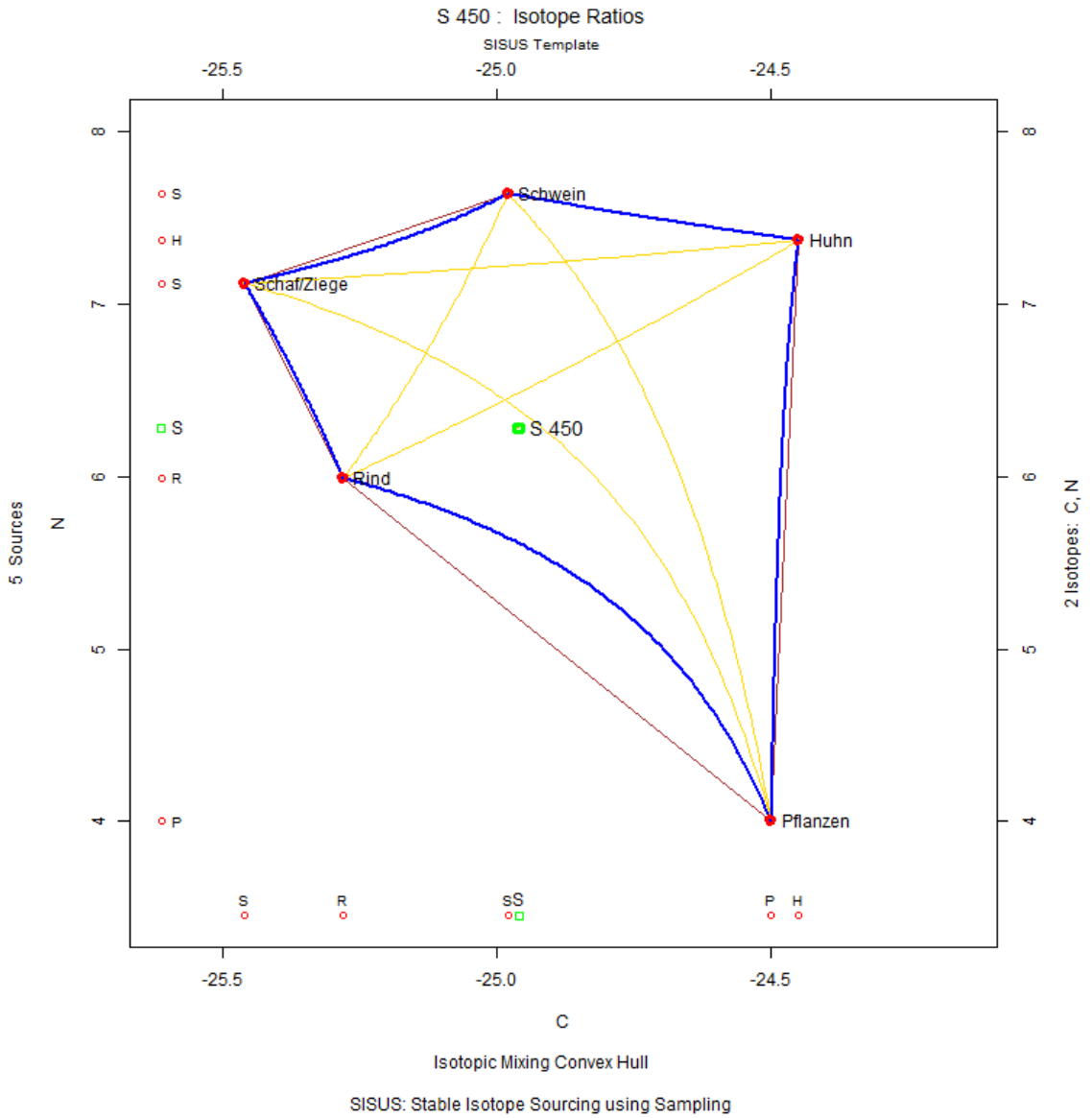


Abbildung 1790: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 450. Erstellt mit SISUS.

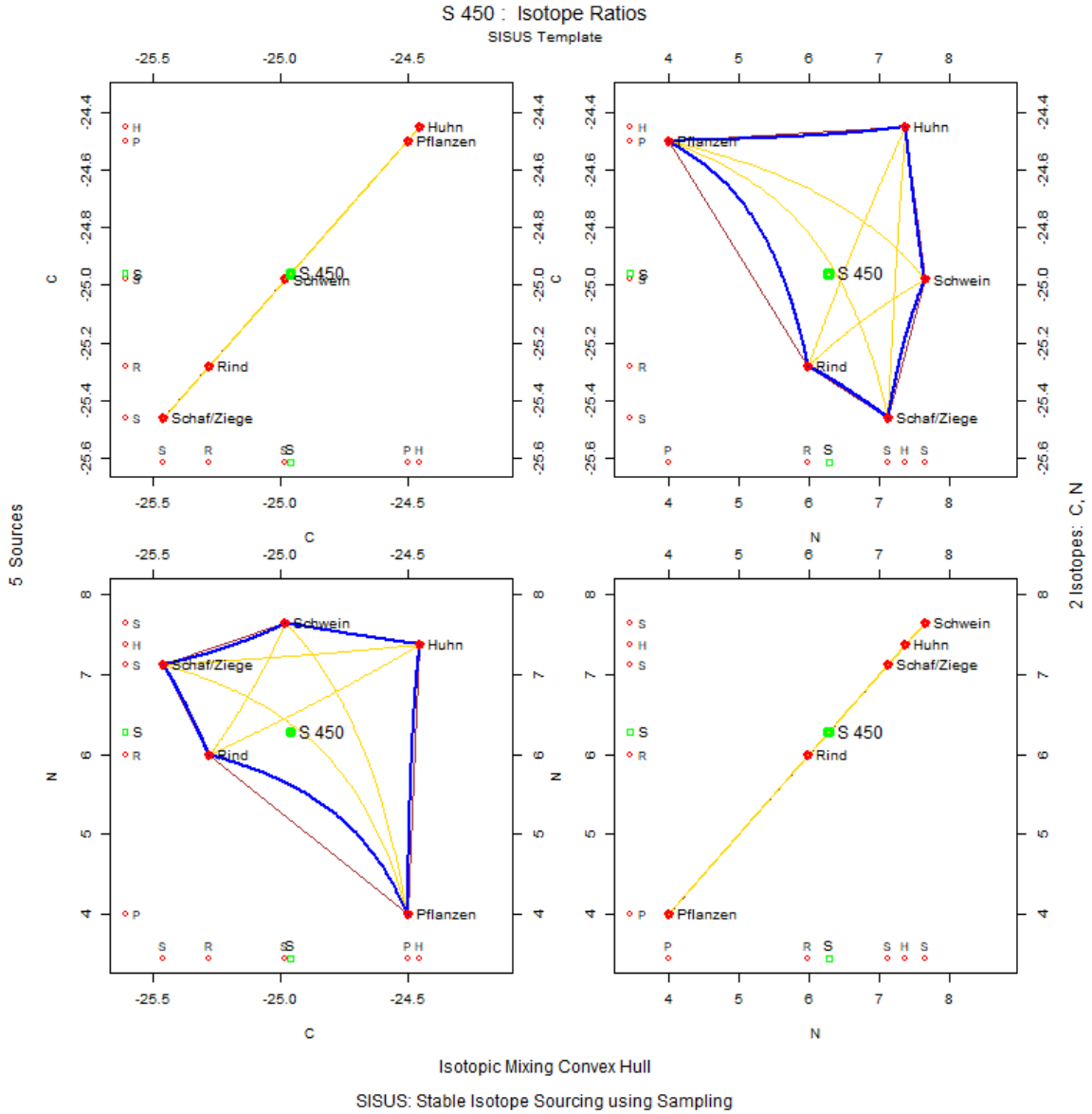


Abbildung 1791: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 450 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

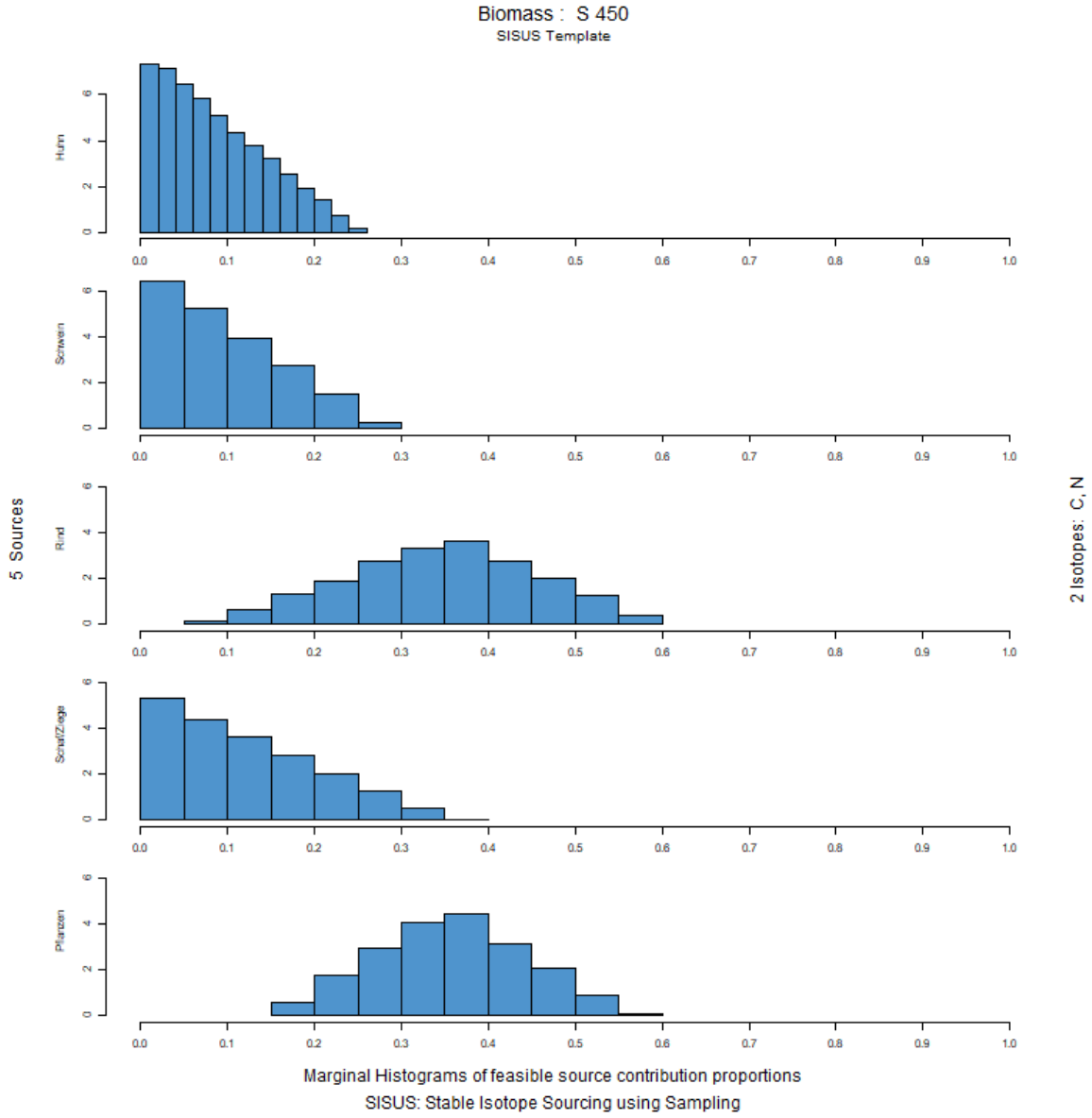


Abbildung 1792: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 450. Erstellt mit SISUS.

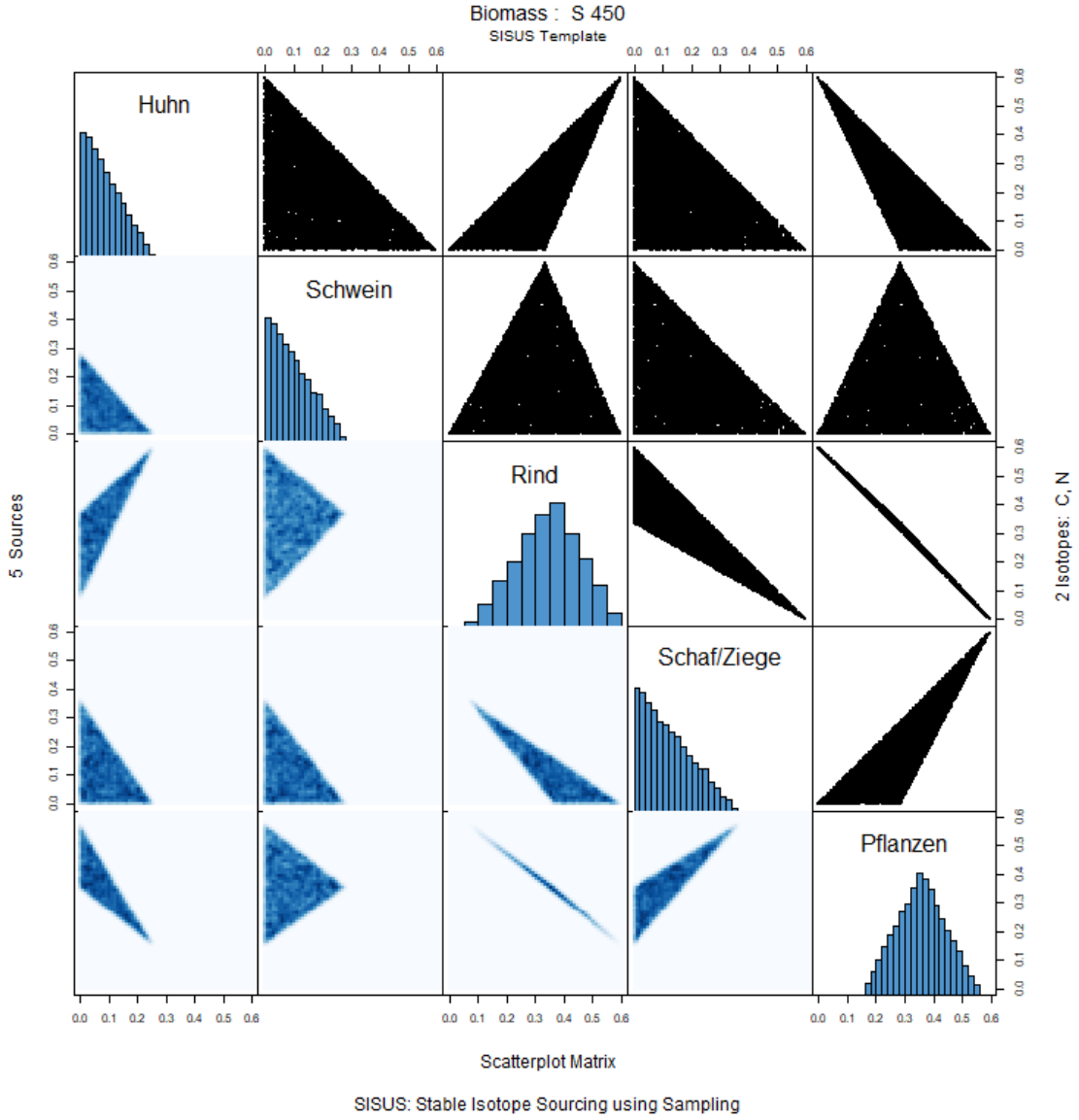


Abbildung 1793: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 450. Erstellt mit SISUS.

S451

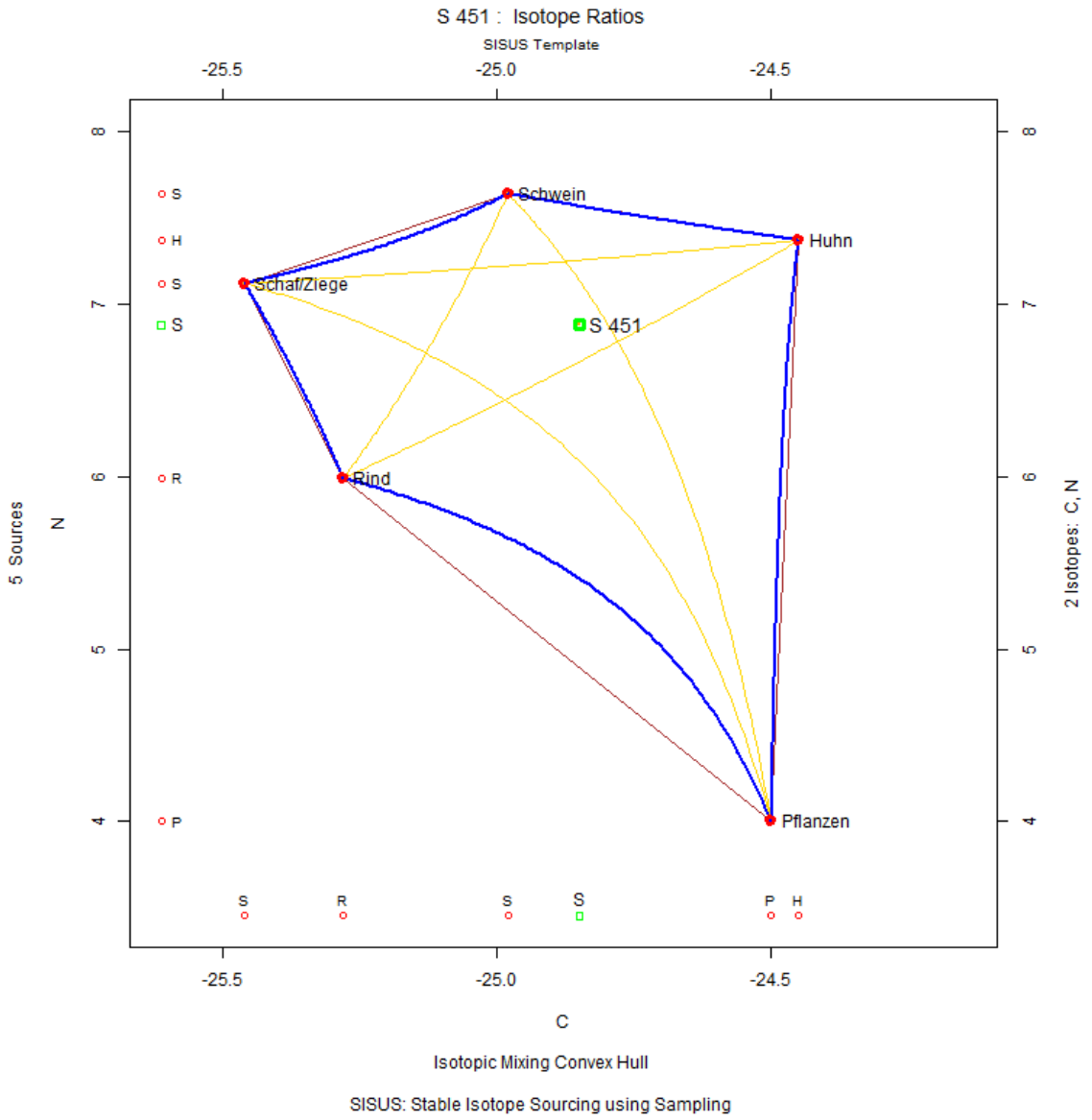


Abbildung 1794: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 451. Erstellt mit SISUS.

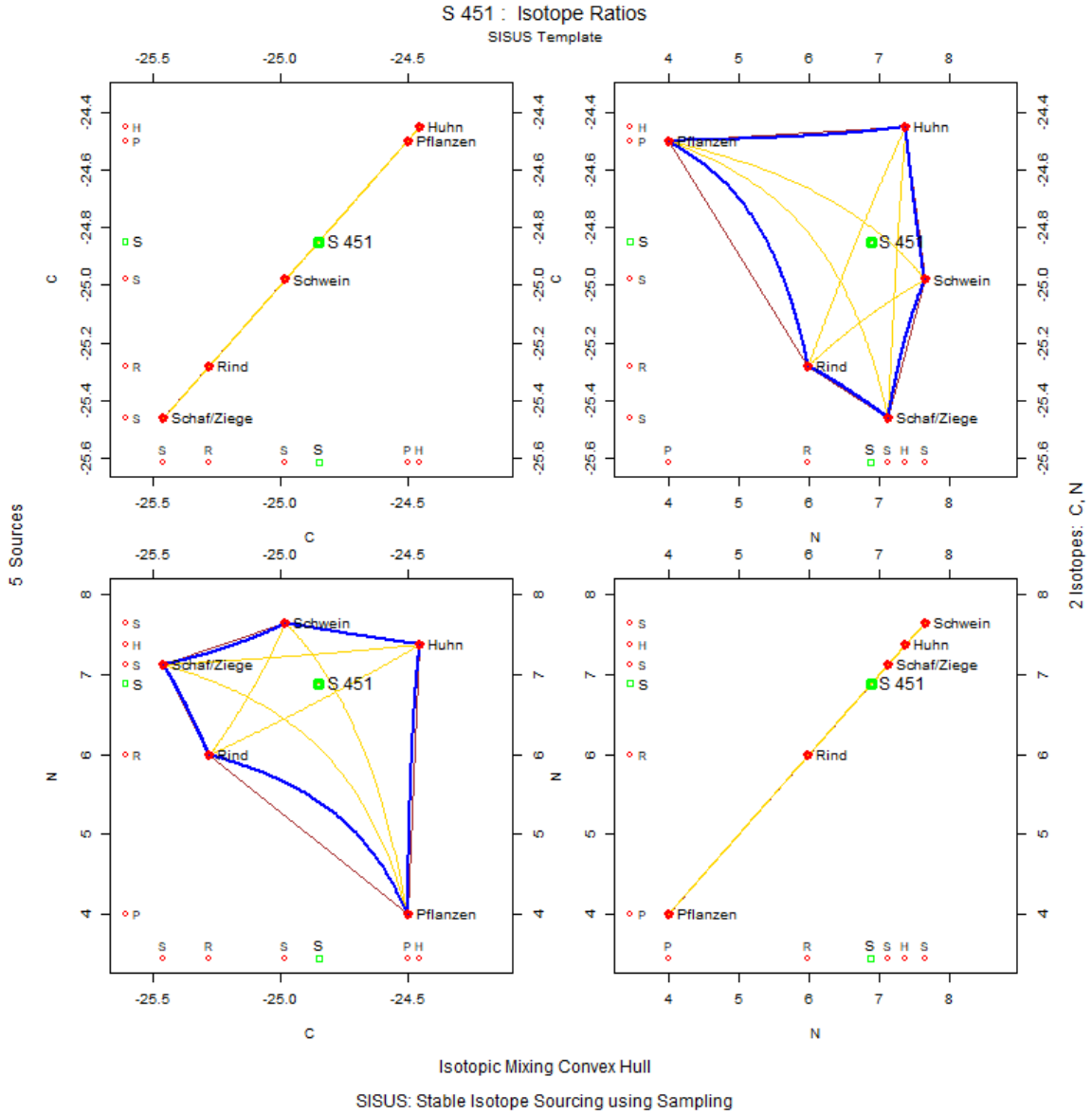


Abbildung 1795: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 451 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

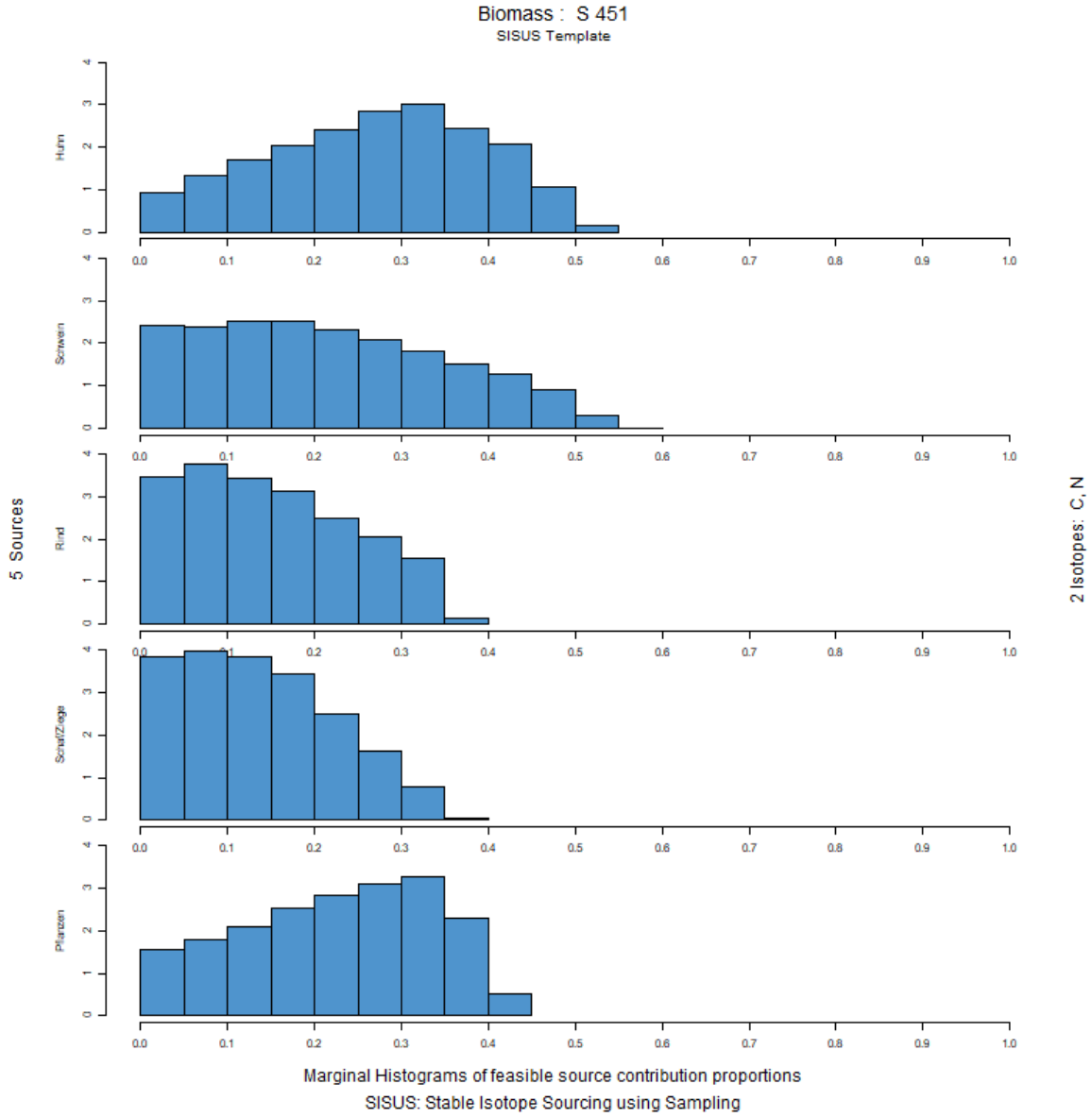


Abbildung 1796: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 451. Erstellt mit SISUS.

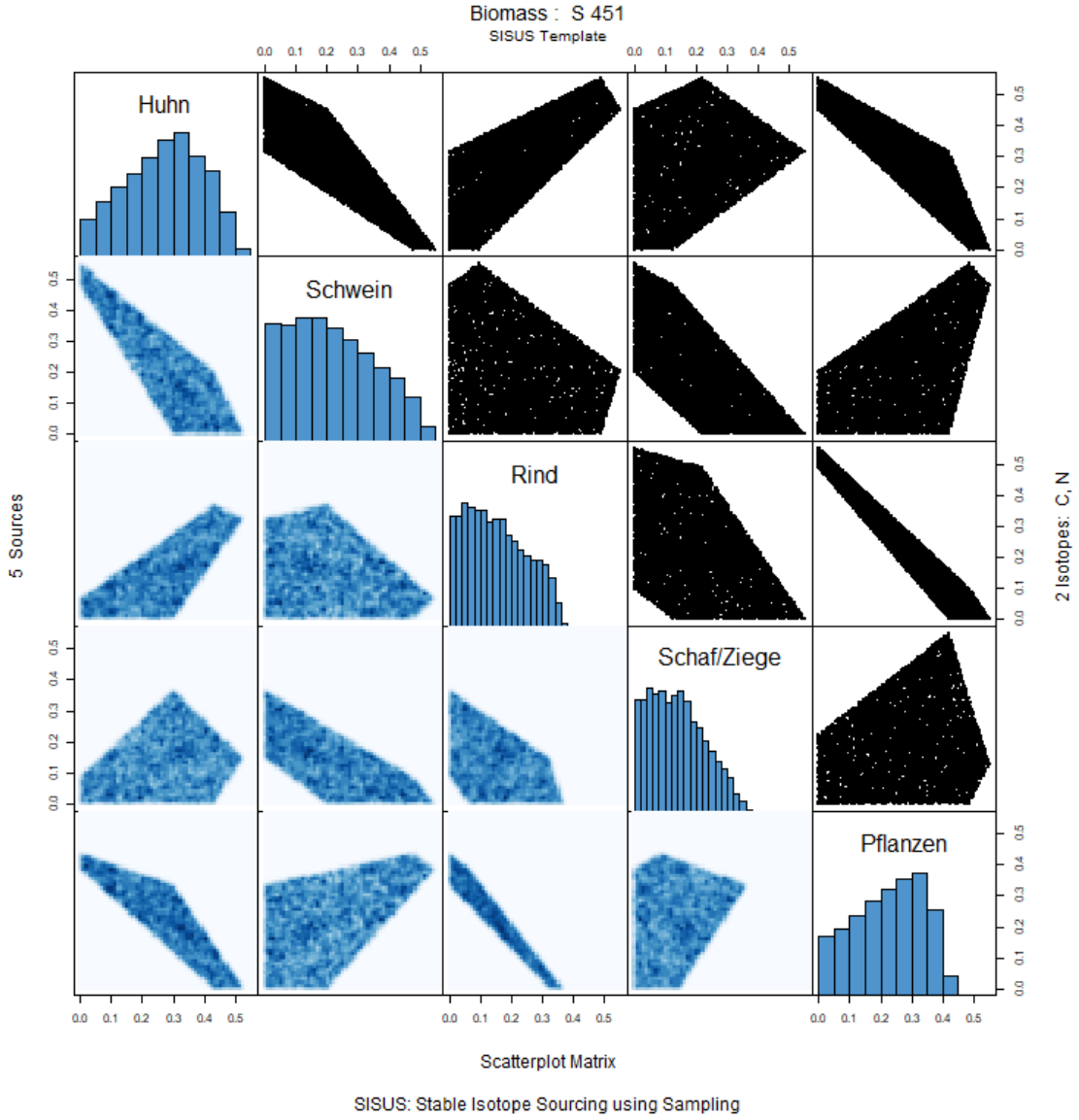


Abbildung 1797: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 451. Erstellt mit SISUS.

S452

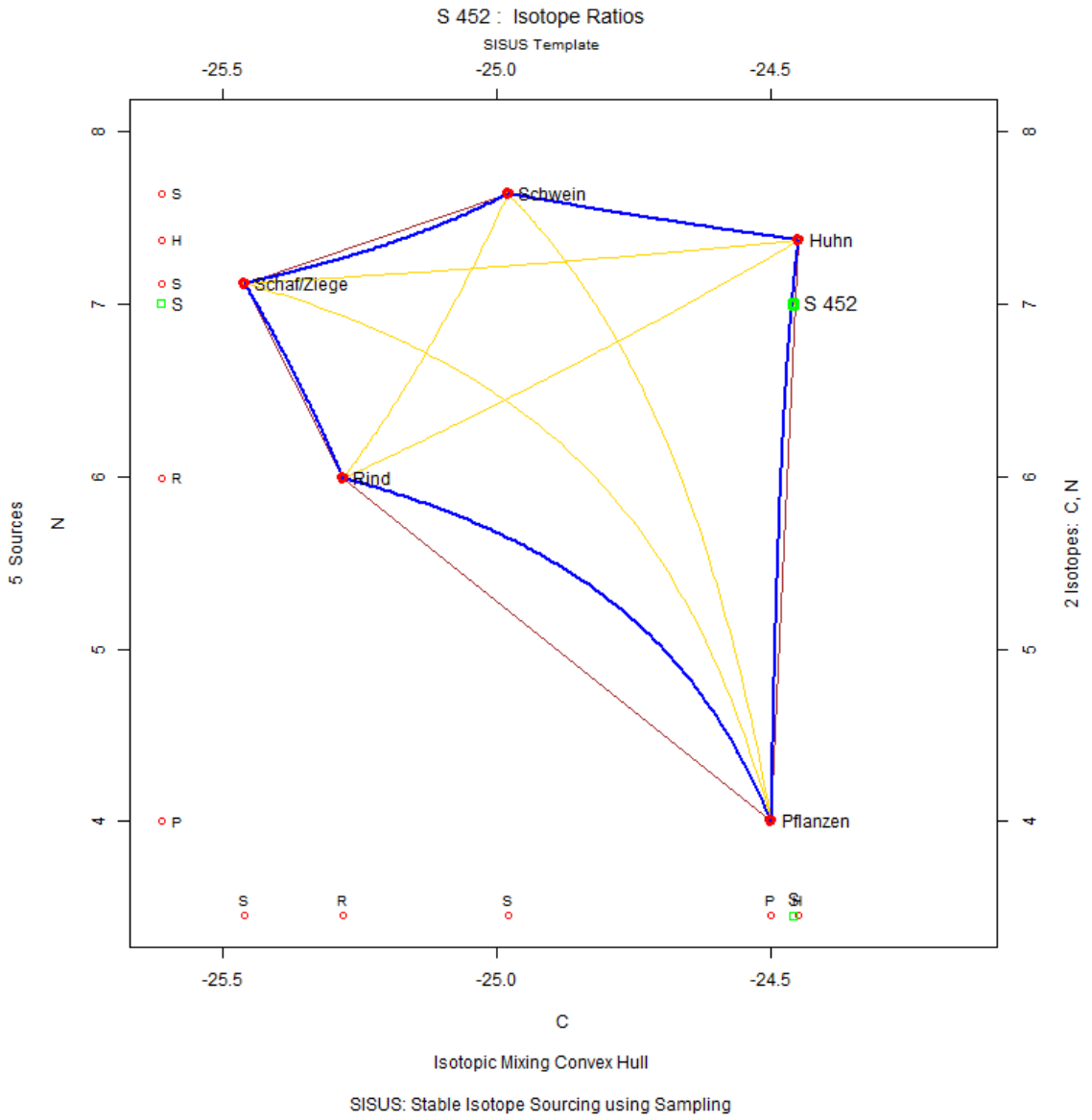


Abbildung 1798: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 452. Erstellt mit SISUS.

S470

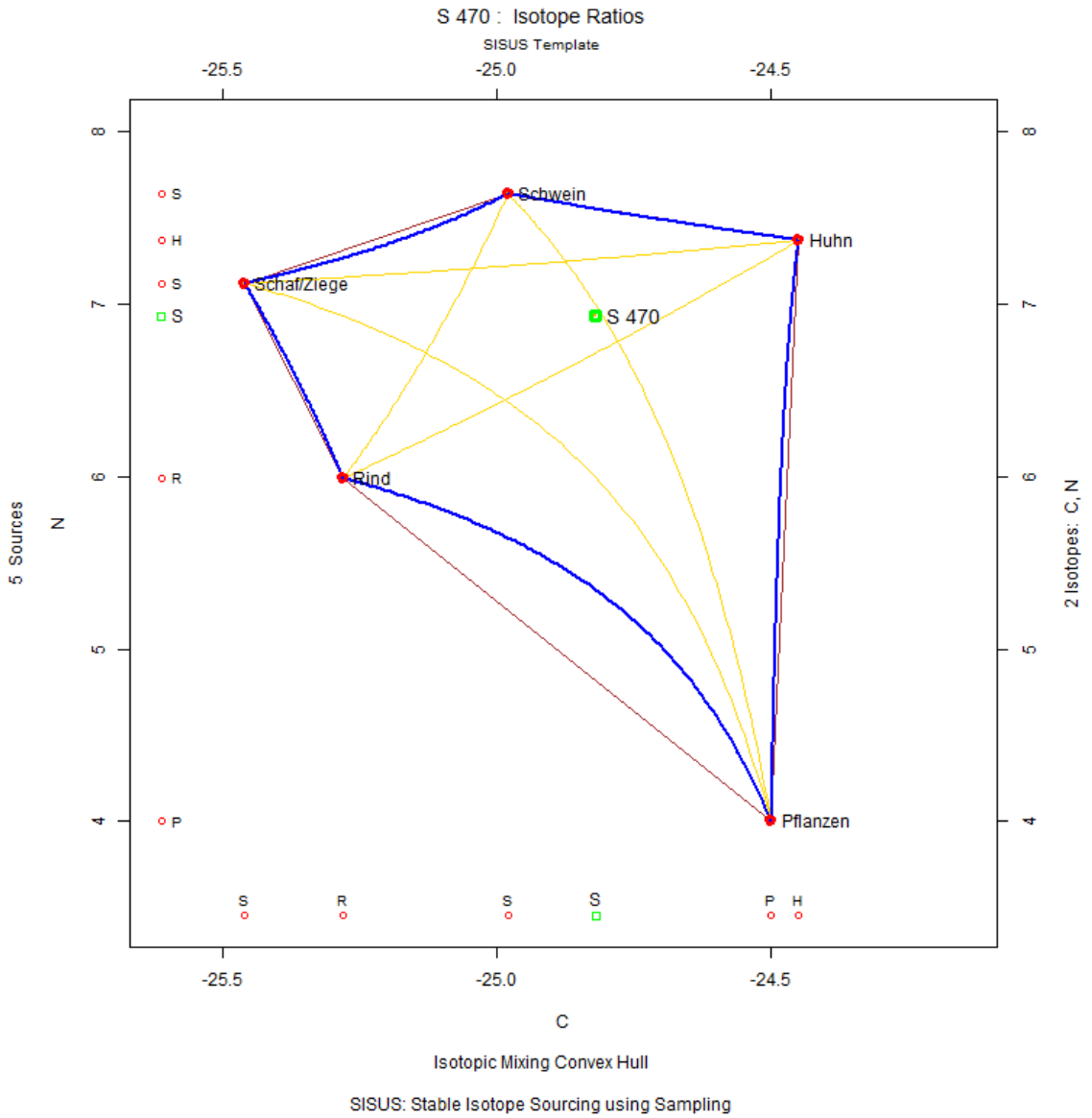


Abbildung 1799: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 470. Erstellt mit SISUS.

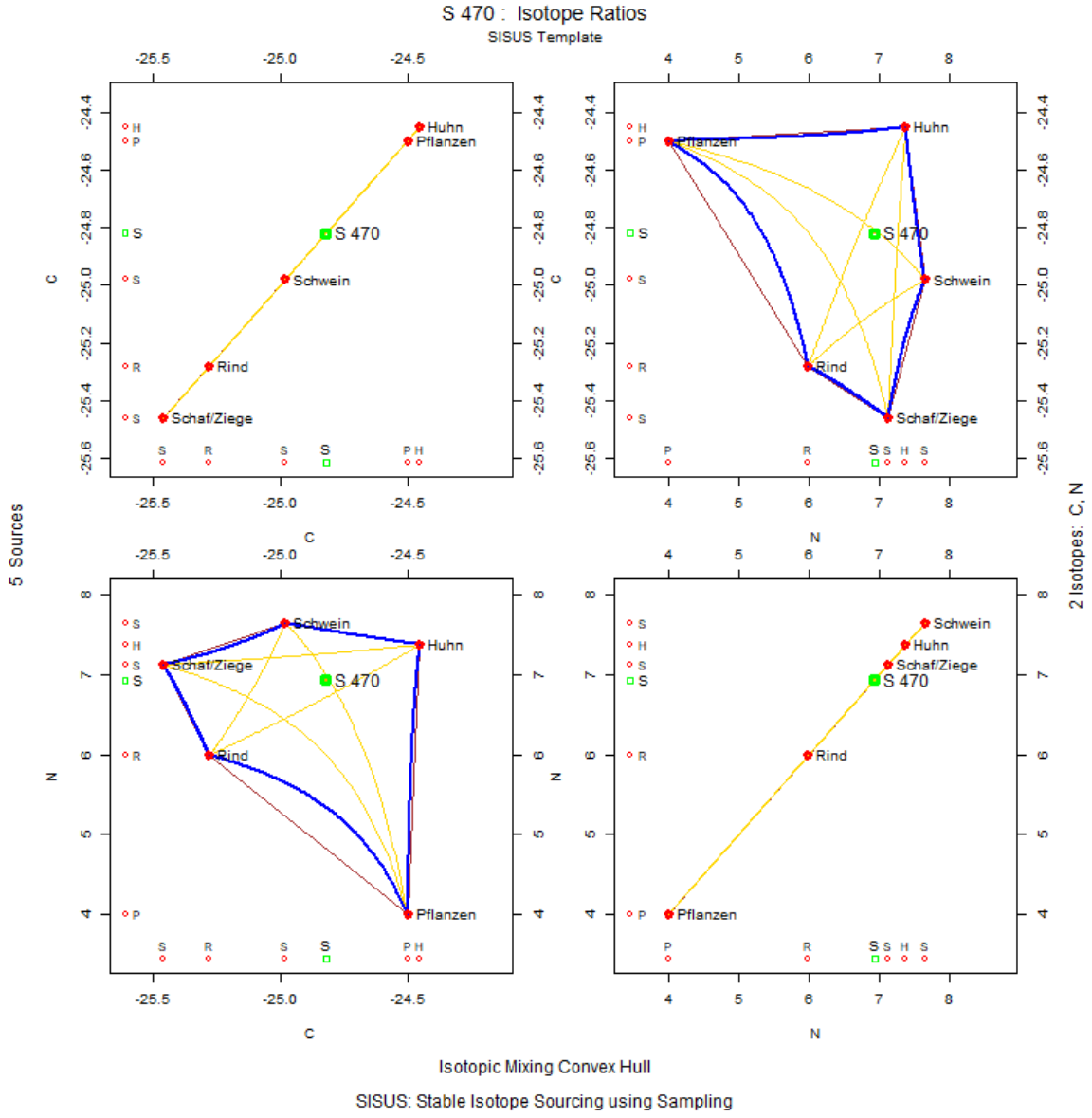


Abbildung 1800: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 470 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

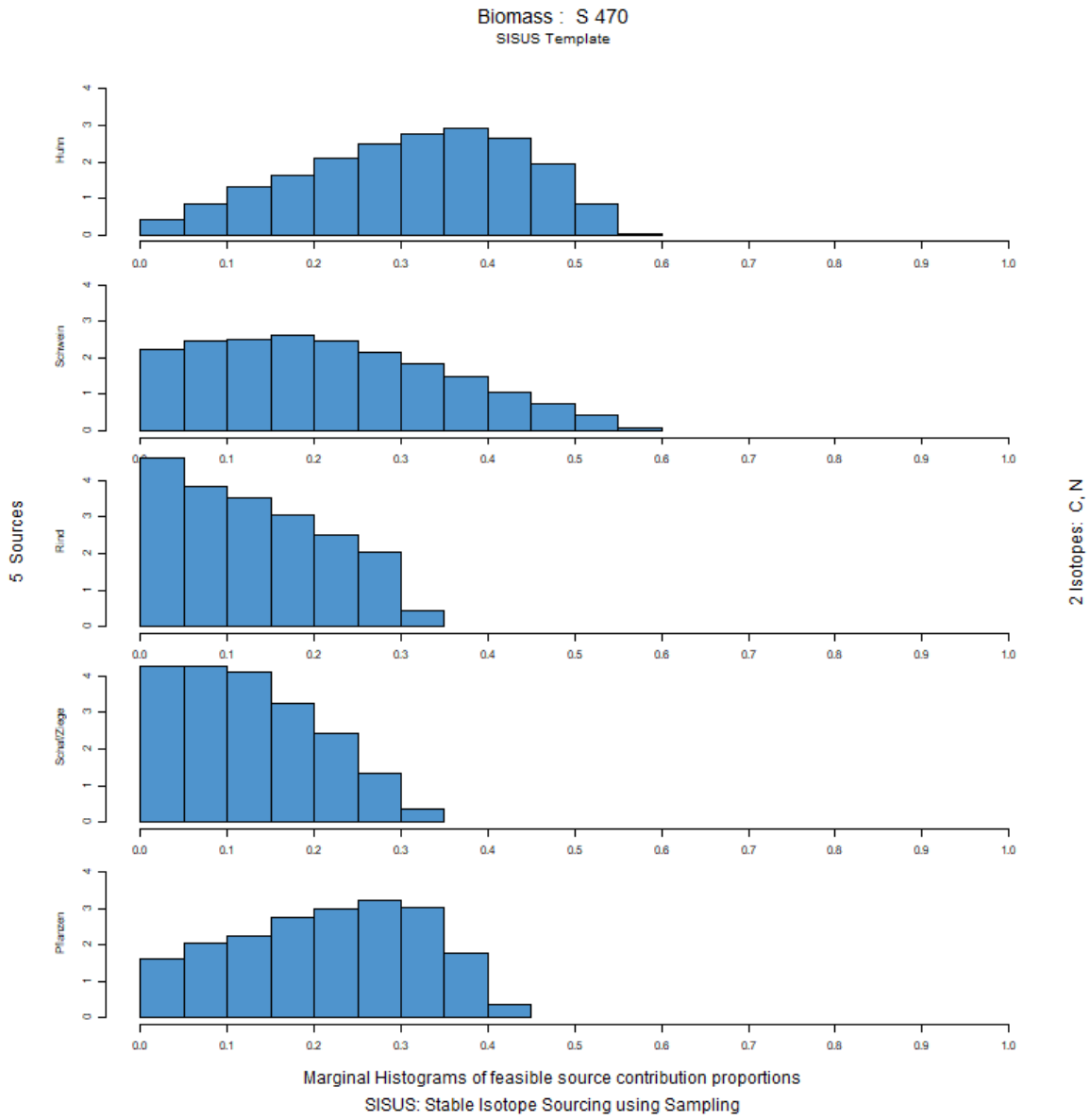


Abbildung 1801: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 470. Erstellt mit SISUS.

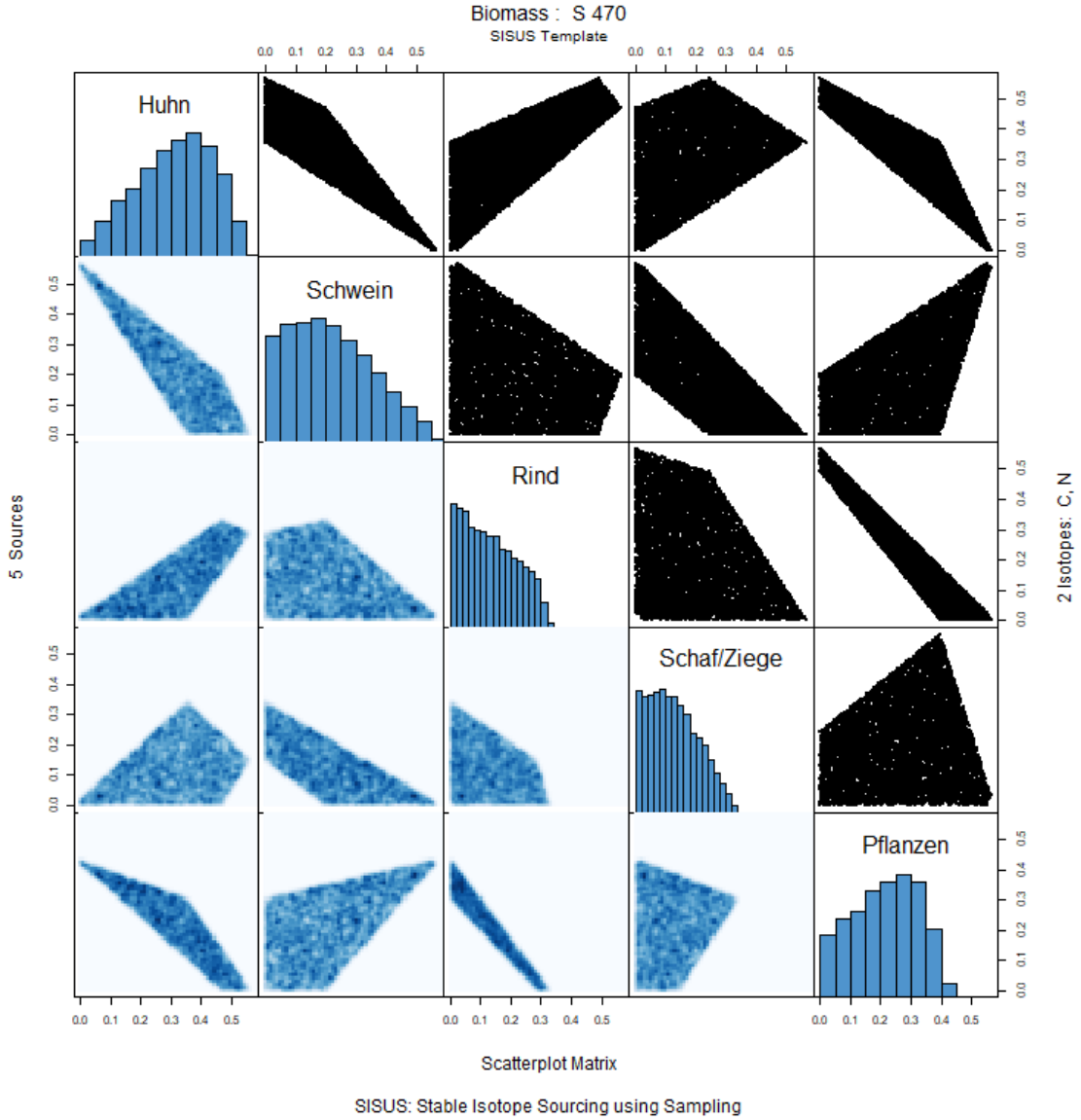


Abbildung 1802: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 470. Erstellt mit SISUS.

S473

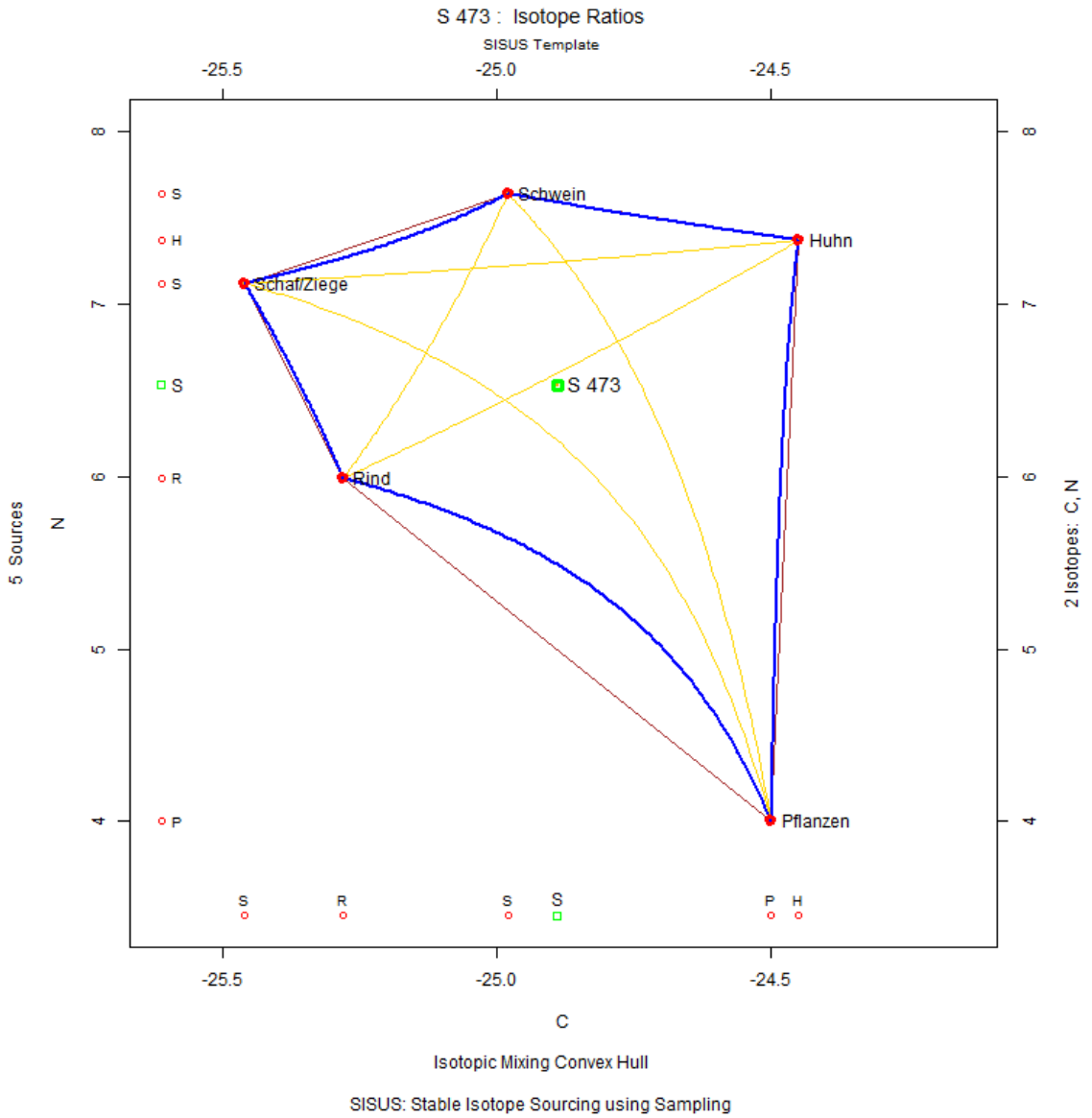


Abbildung 1803: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 473. Erstellt mit SISUS.

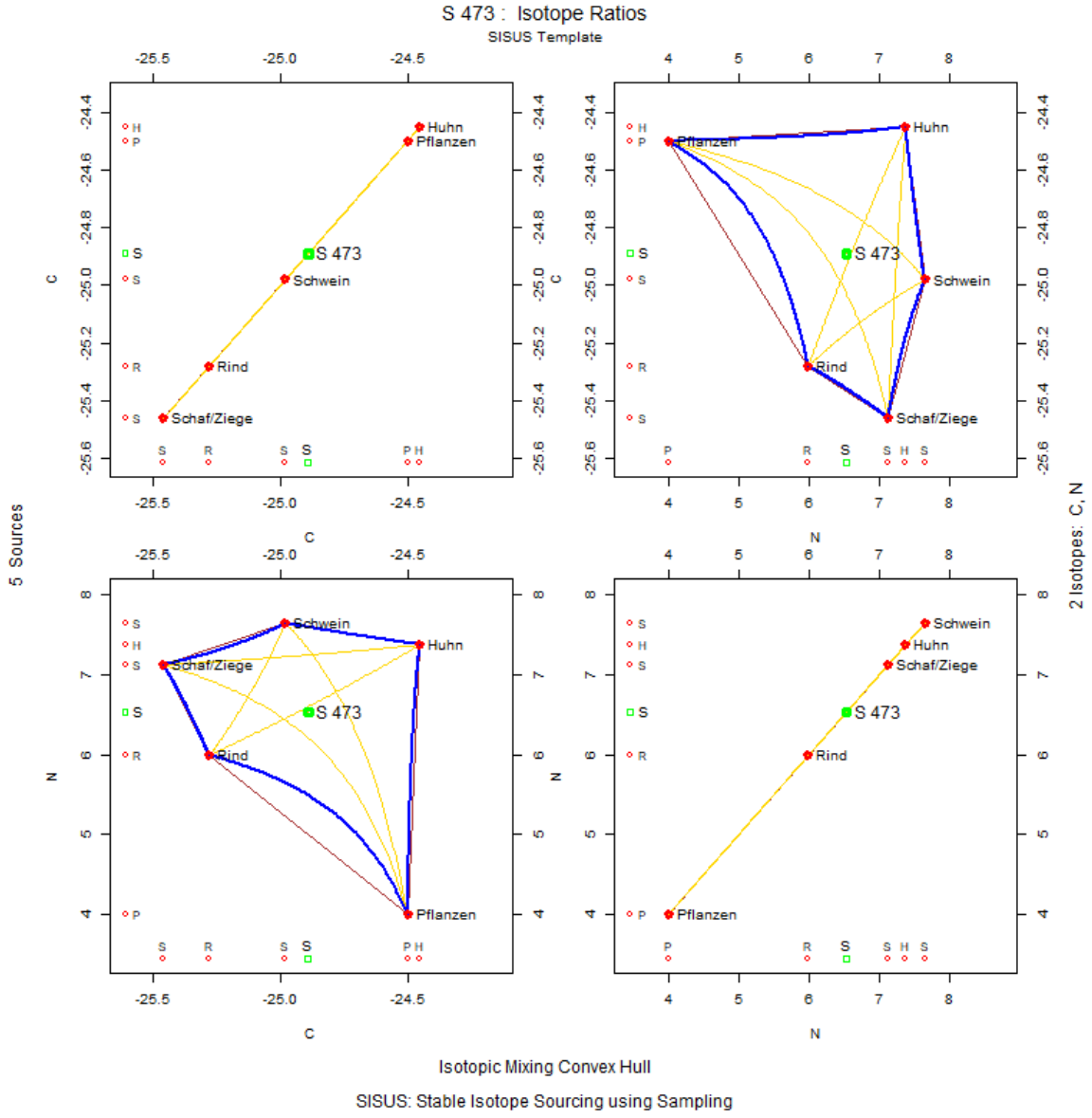


Abbildung 1804: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 473 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

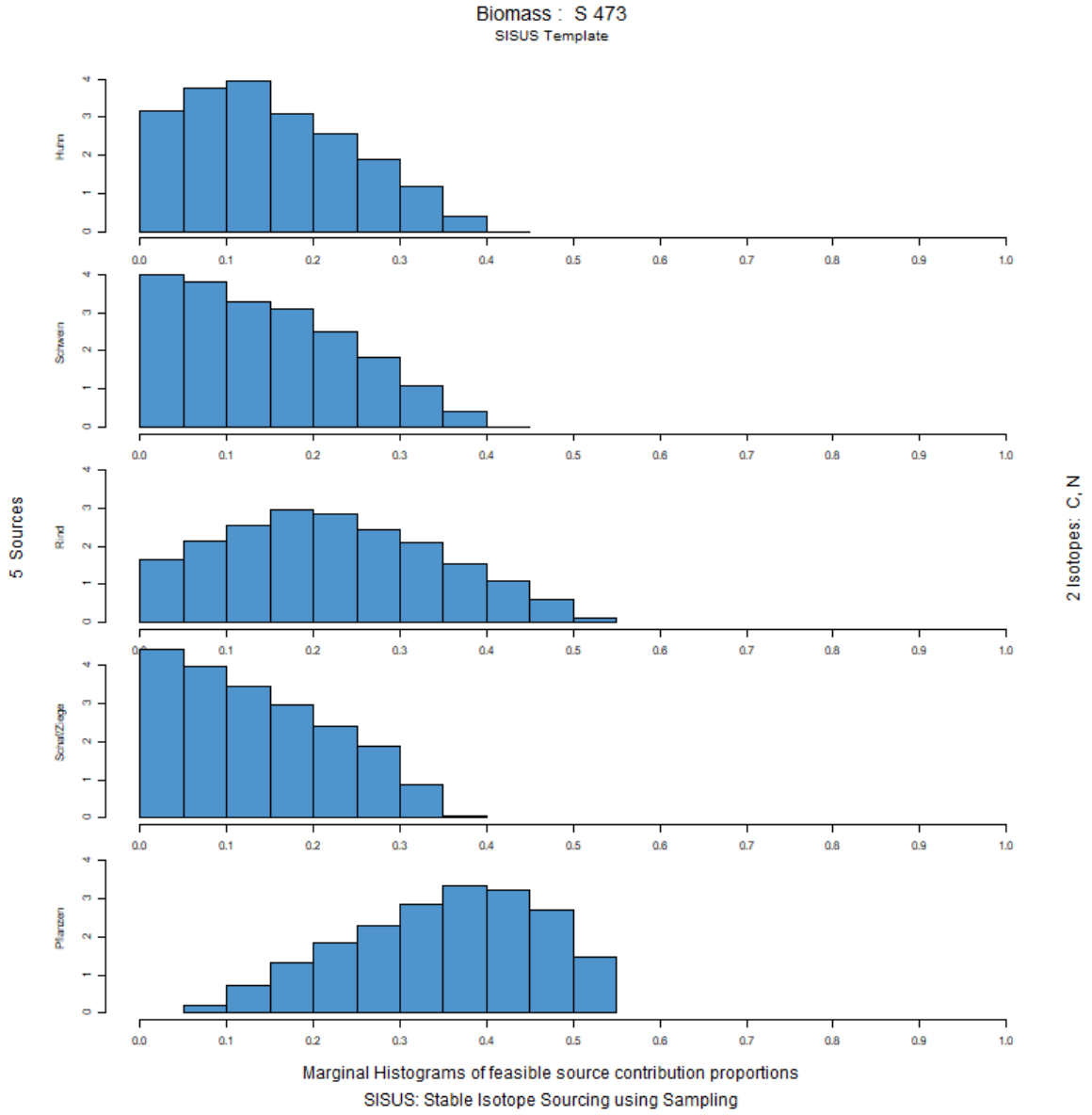


Abbildung 1805: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 473. Erstellt mit SISUS.

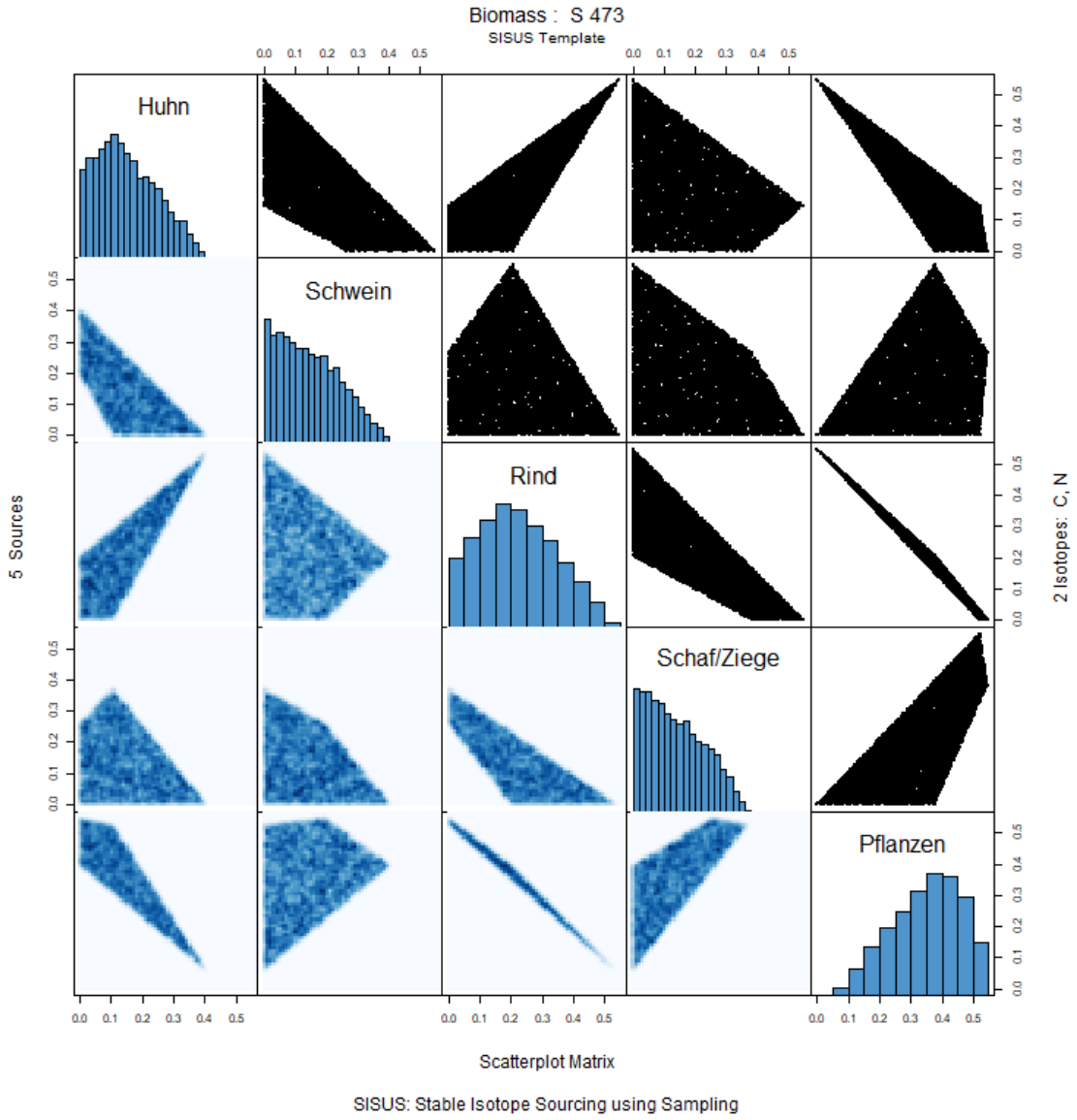


Abbildung 1806: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 473. Erstellt mit SISUS.

S474

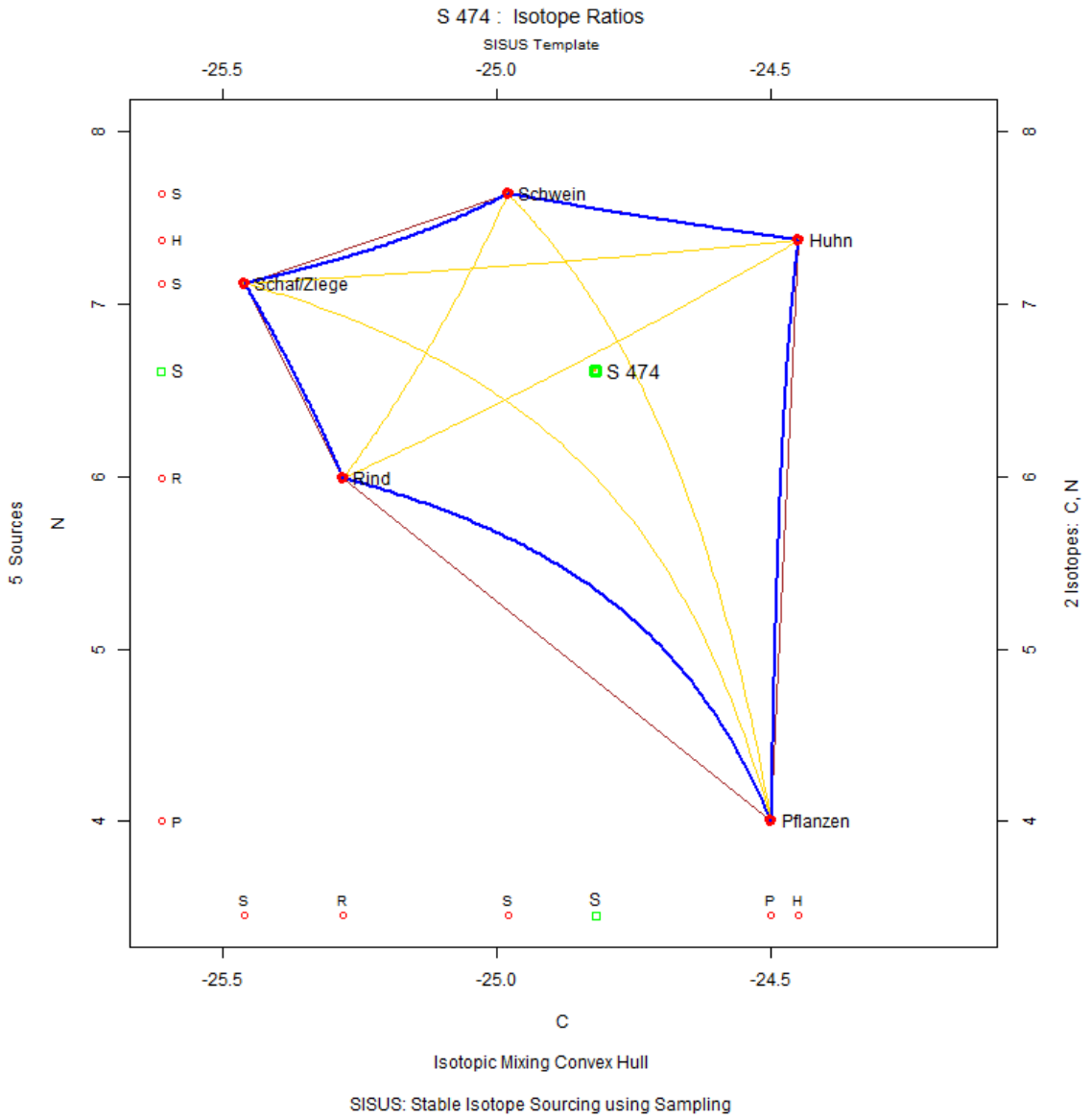


Abbildung 1807: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 474. Erstellt mit SISUS.

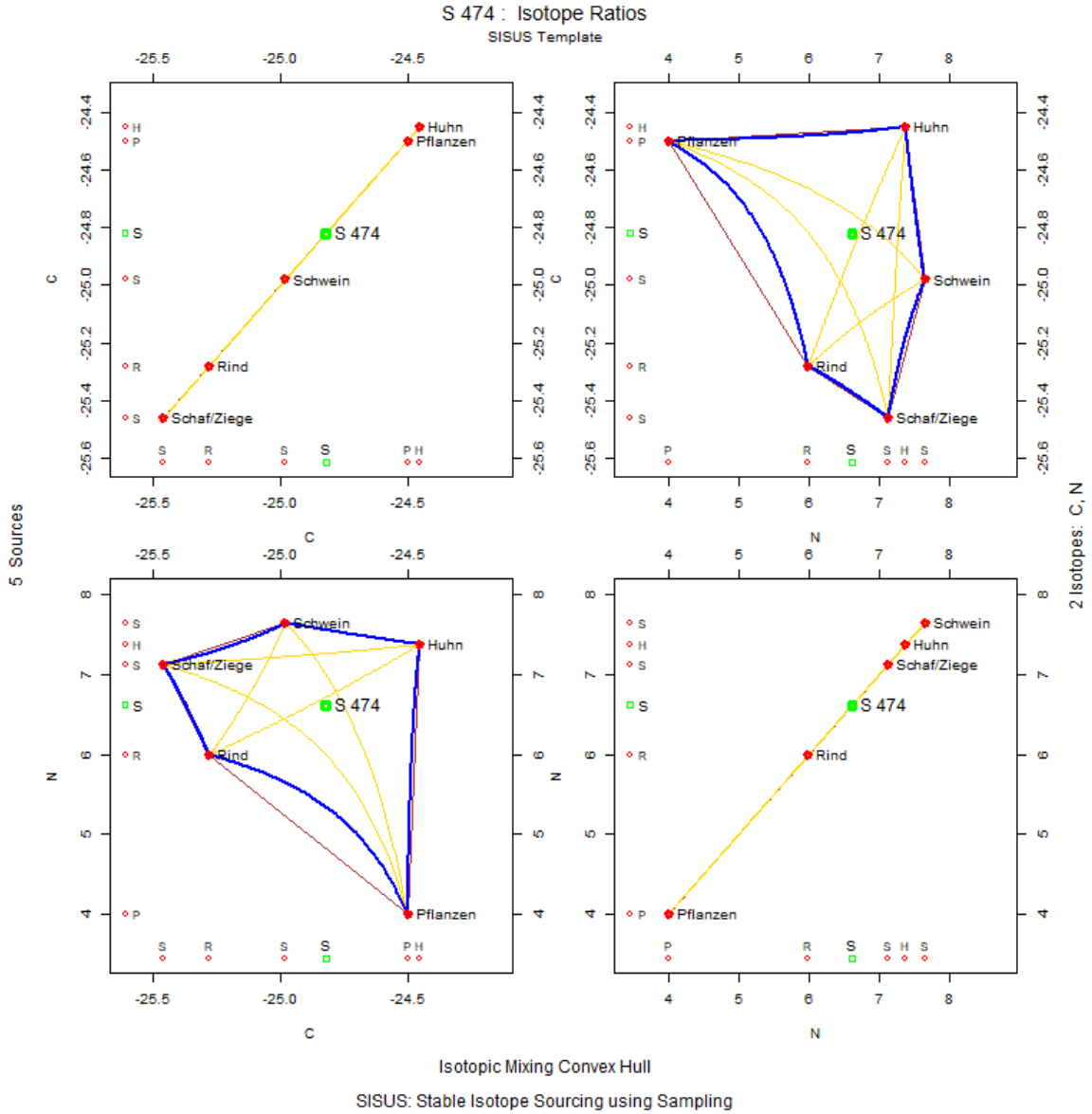


Abbildung 1808: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 474 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

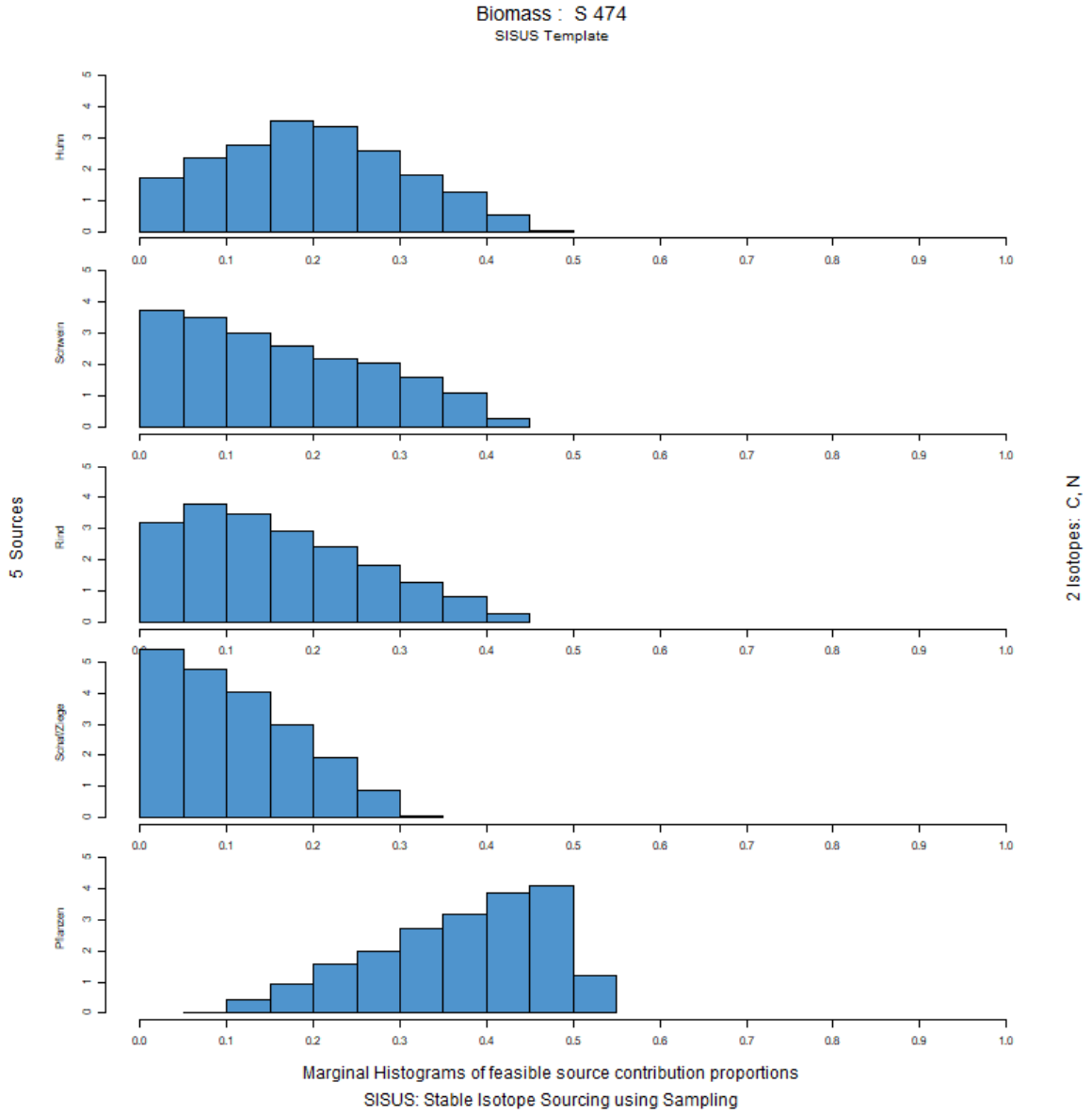


Abbildung 1809: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 474. Erstellt mit SISUS.

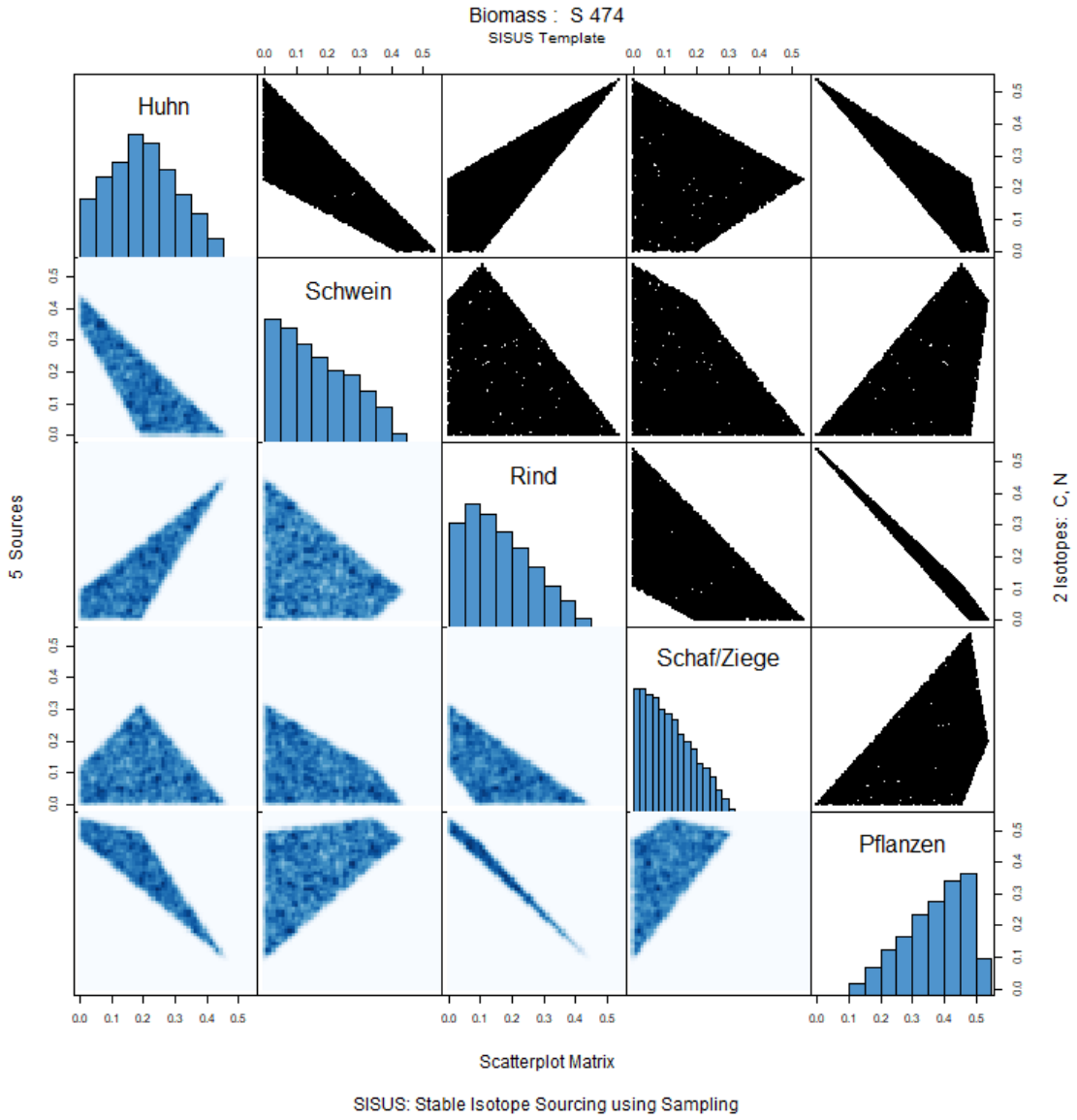


Abbildung 1810: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 474. Erstellt mit SISUS.

S477

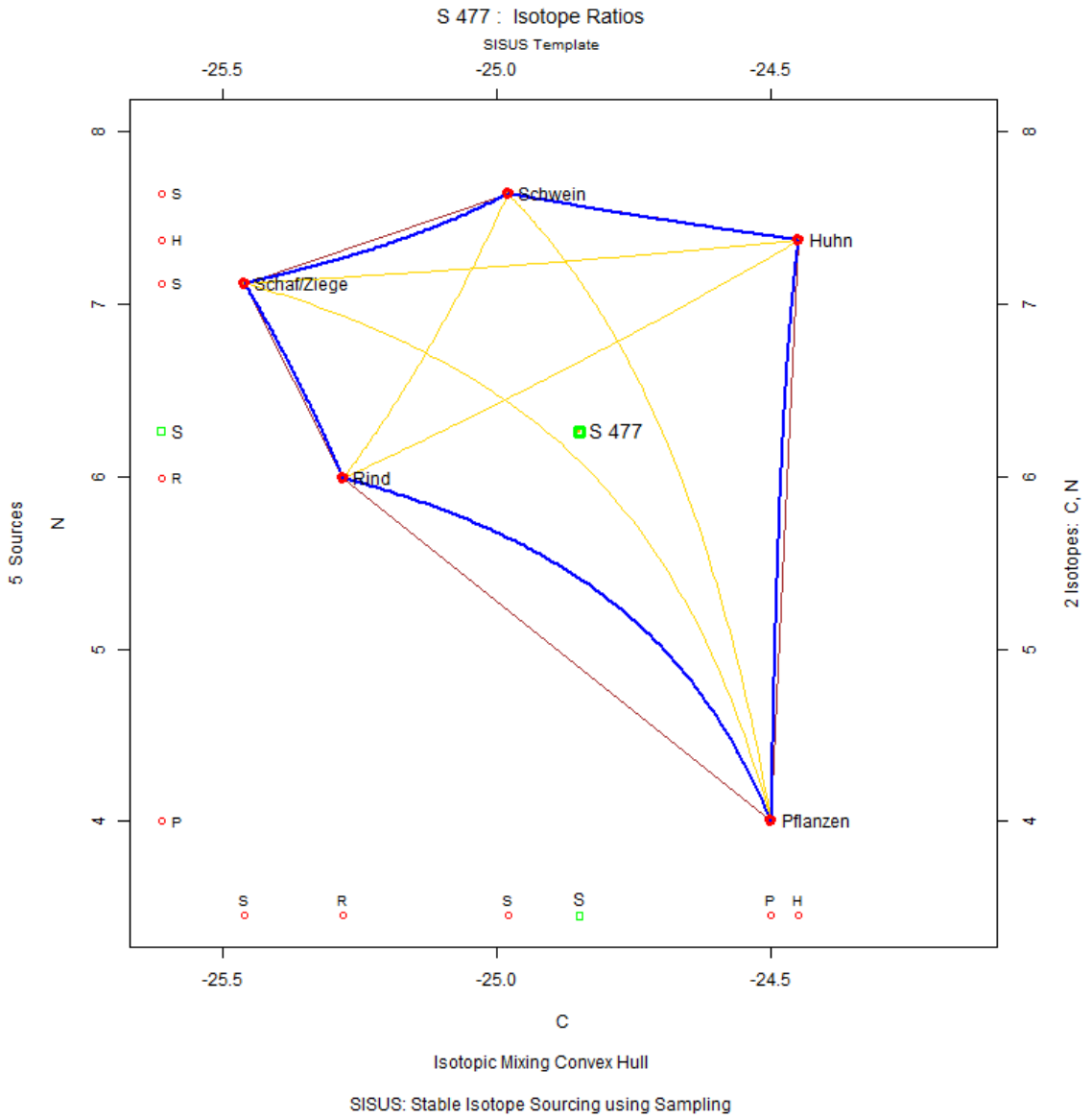


Abbildung 1811: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 477. Erstellt mit SISUS.

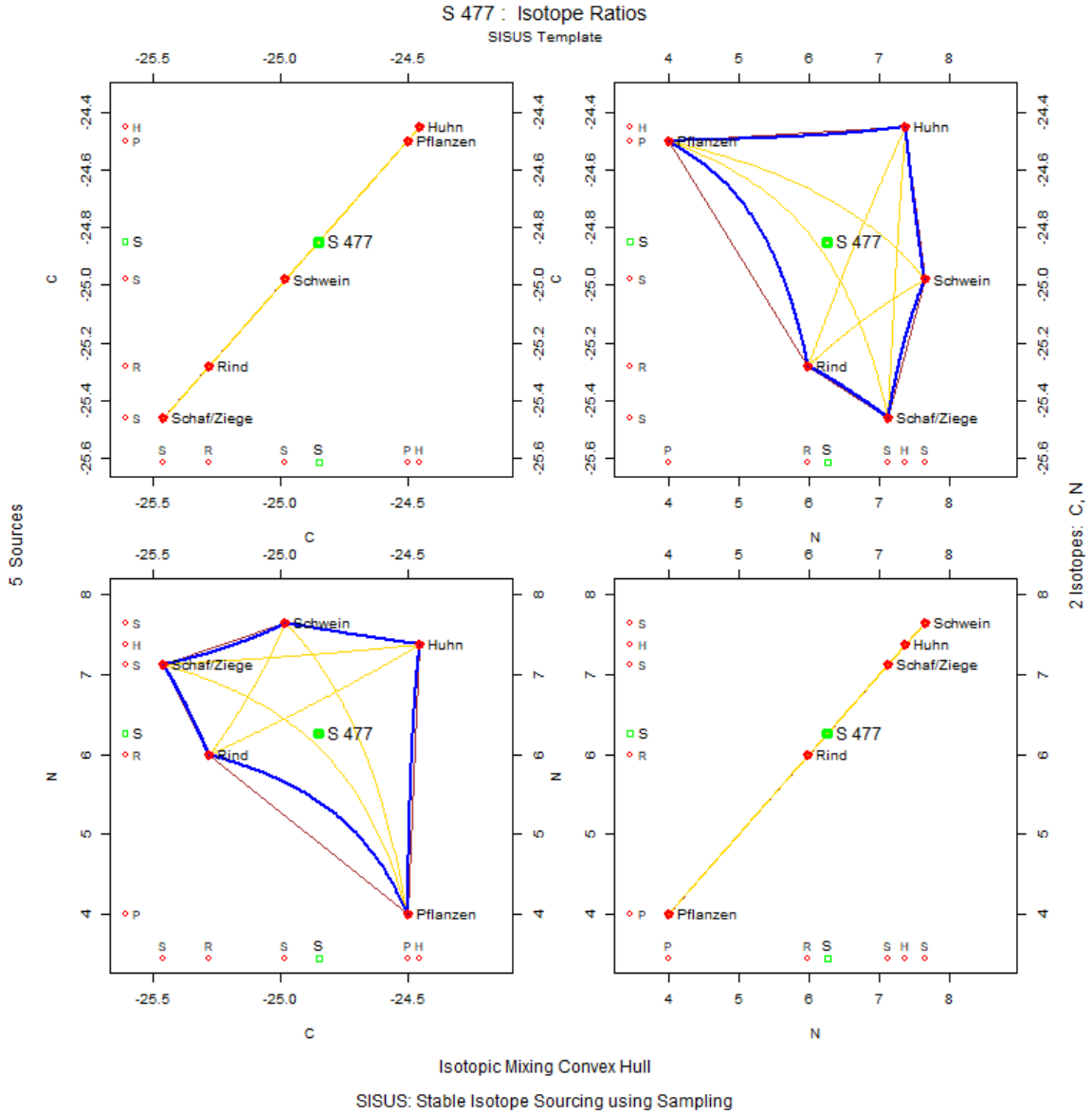


Abbildung 1812: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 477 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

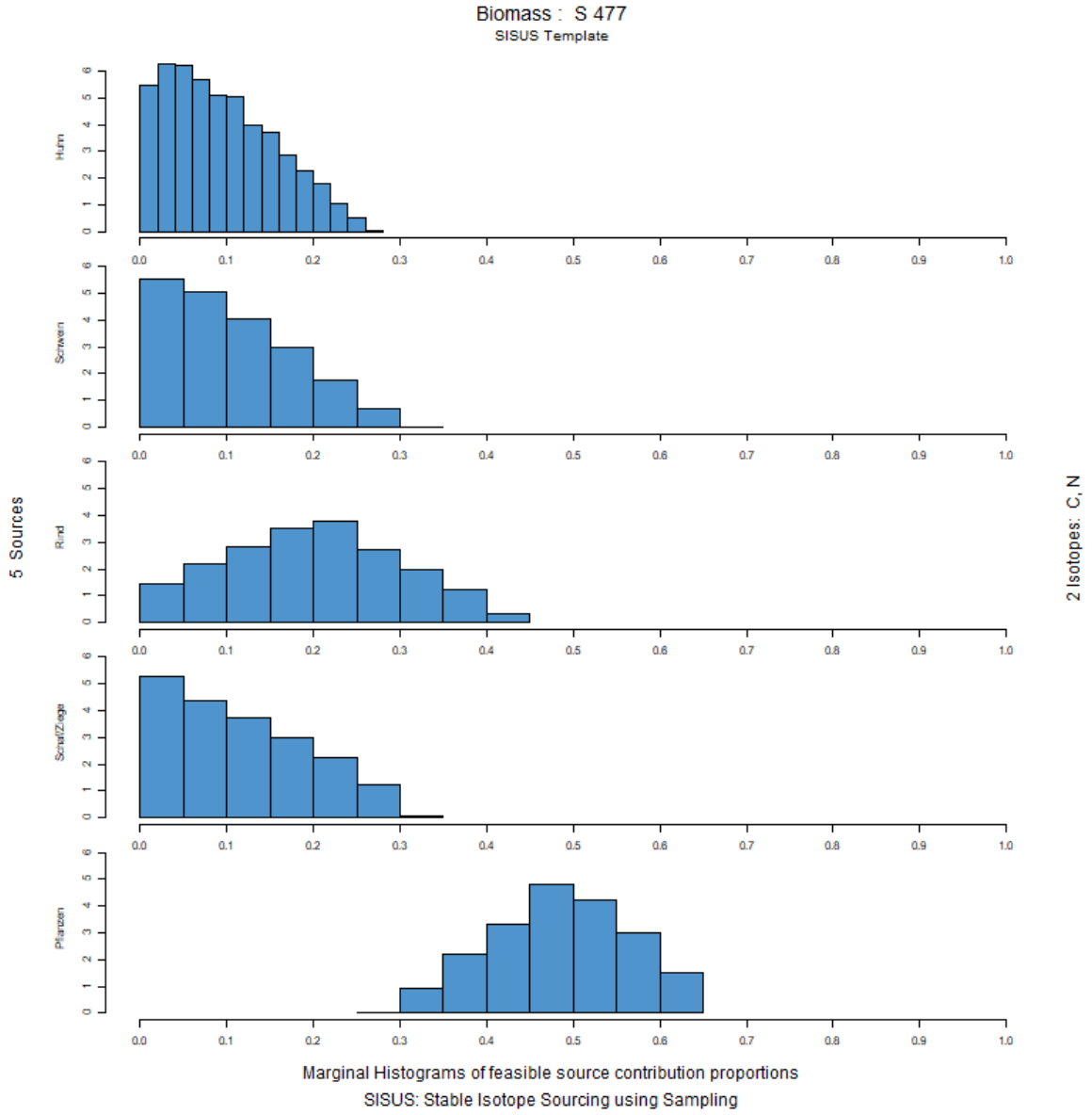


Abbildung 1813: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 477. Erstellt mit SISUS.

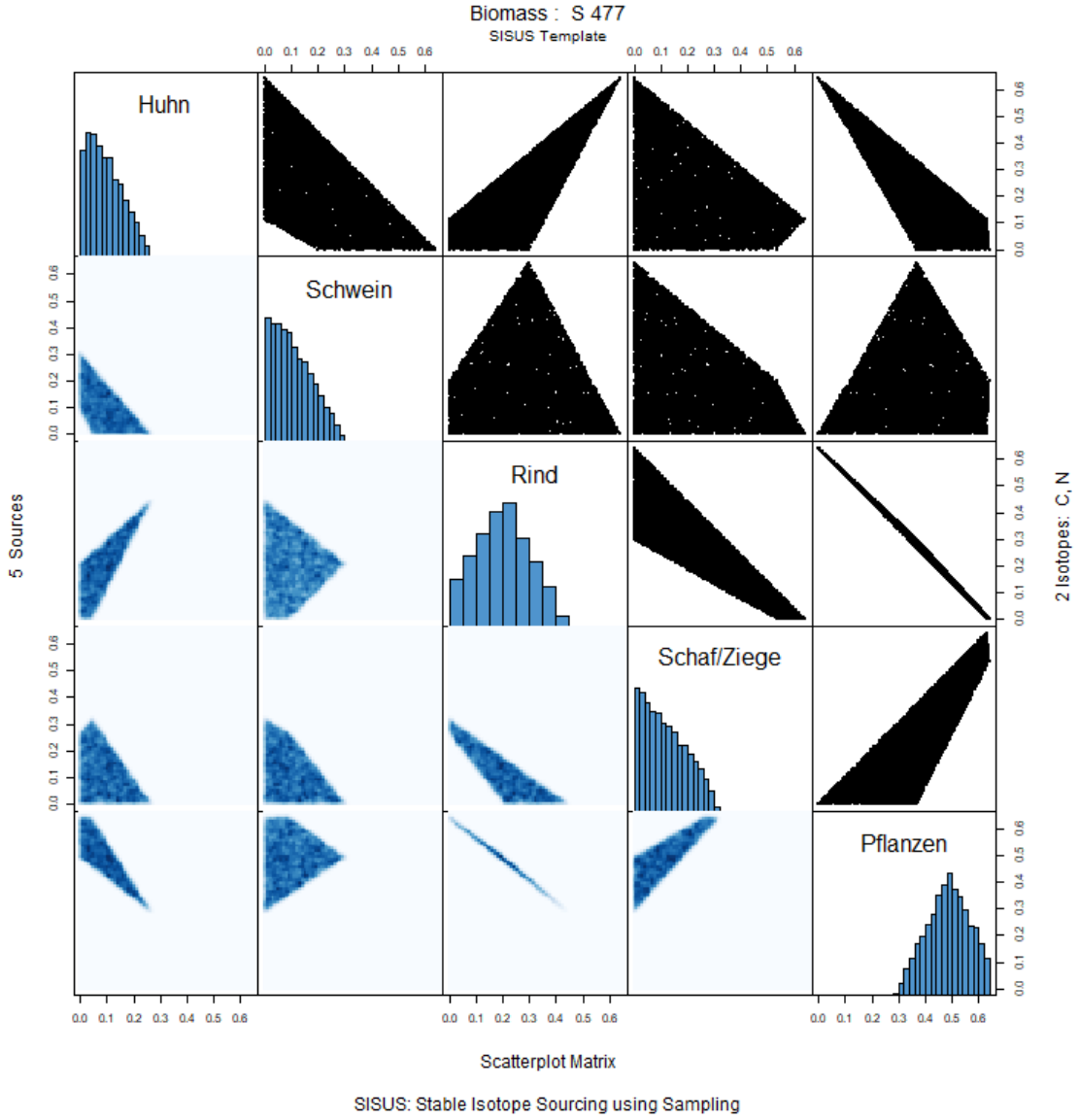


Abbildung 1814: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 477. Erstellt mit SISUS.

S478

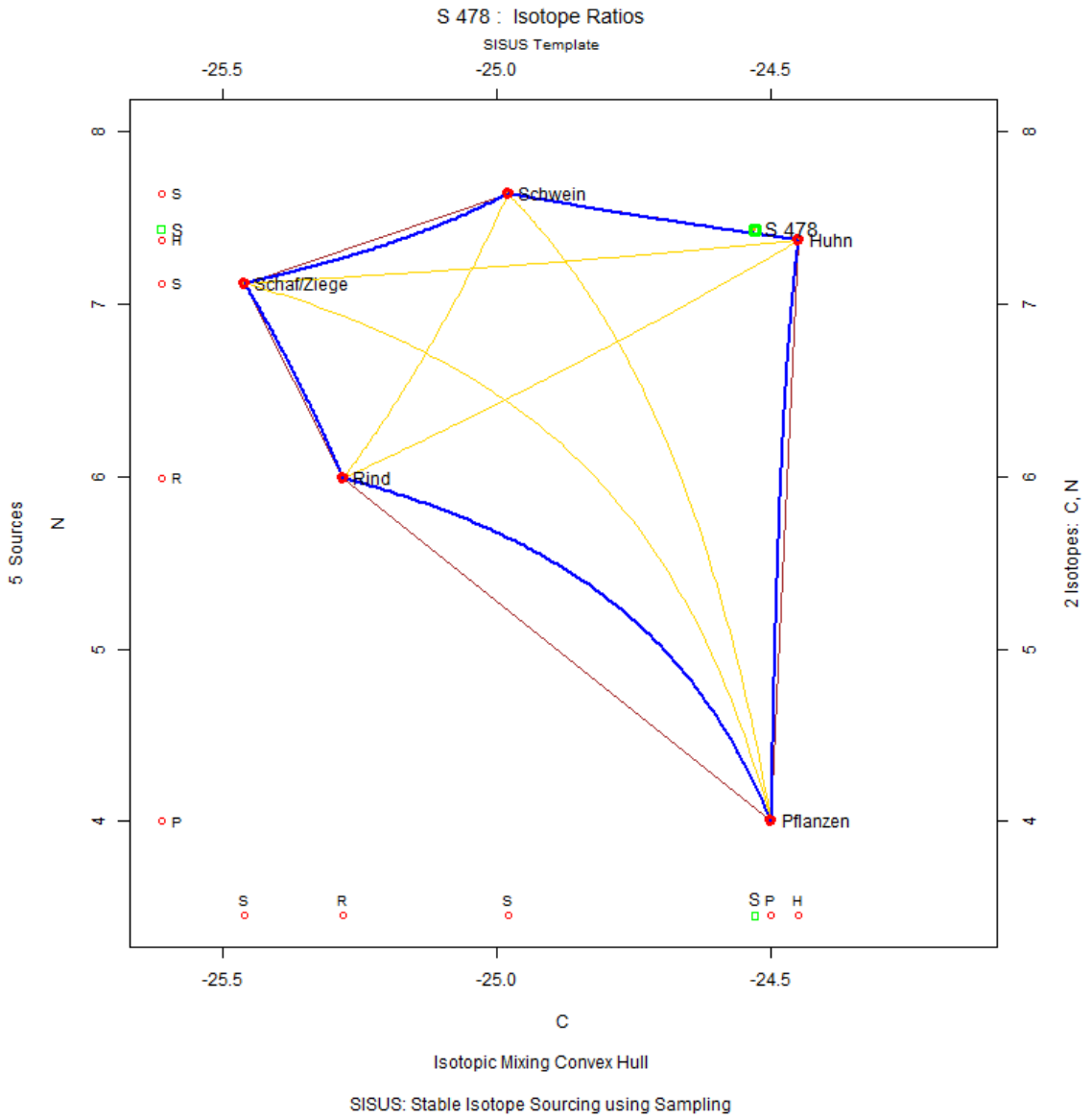


Abbildung 1815: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 478. Erstellt mit SISUS.

S479

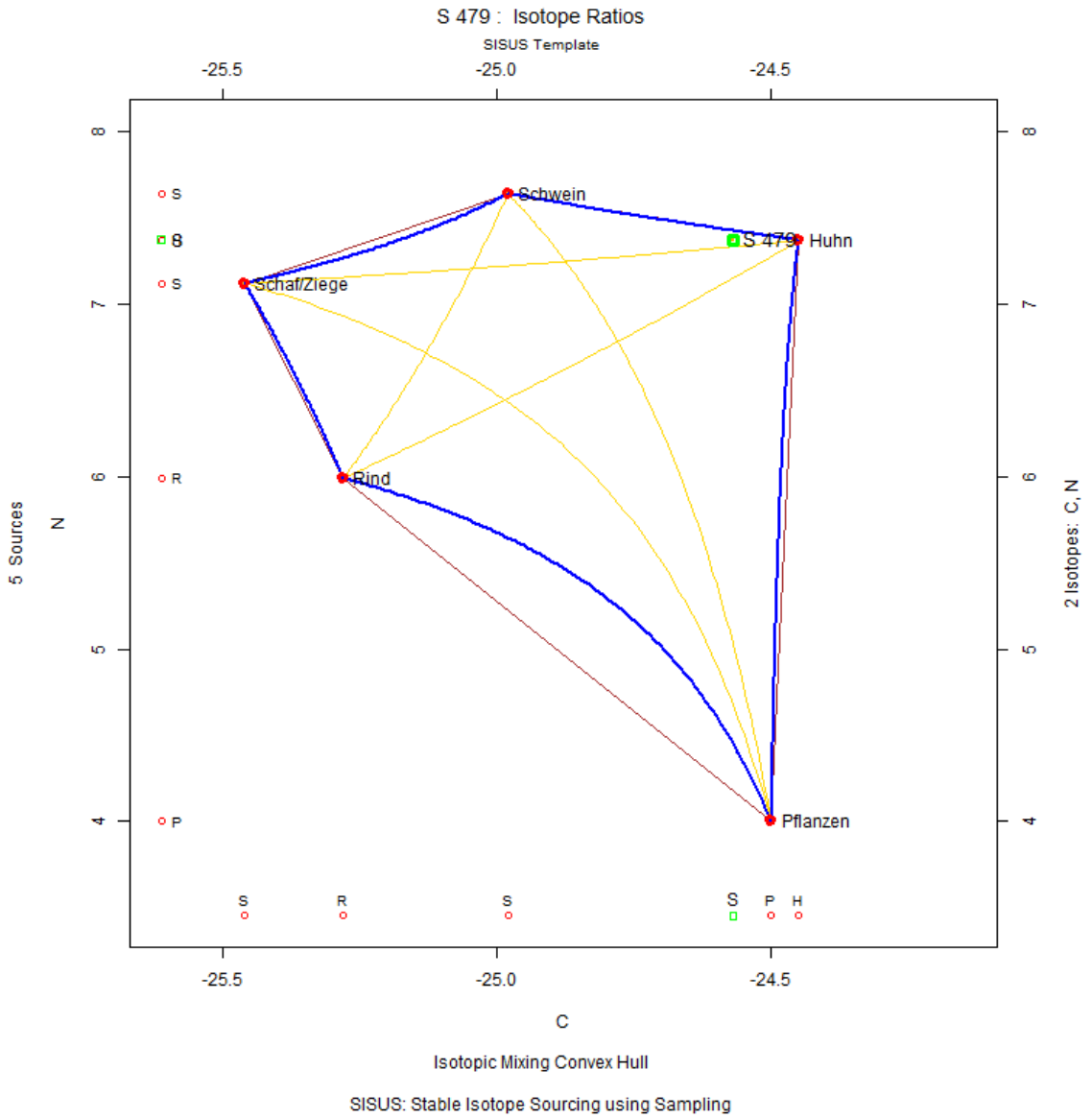


Abbildung 1816: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 479. Erstellt mit SISUS.

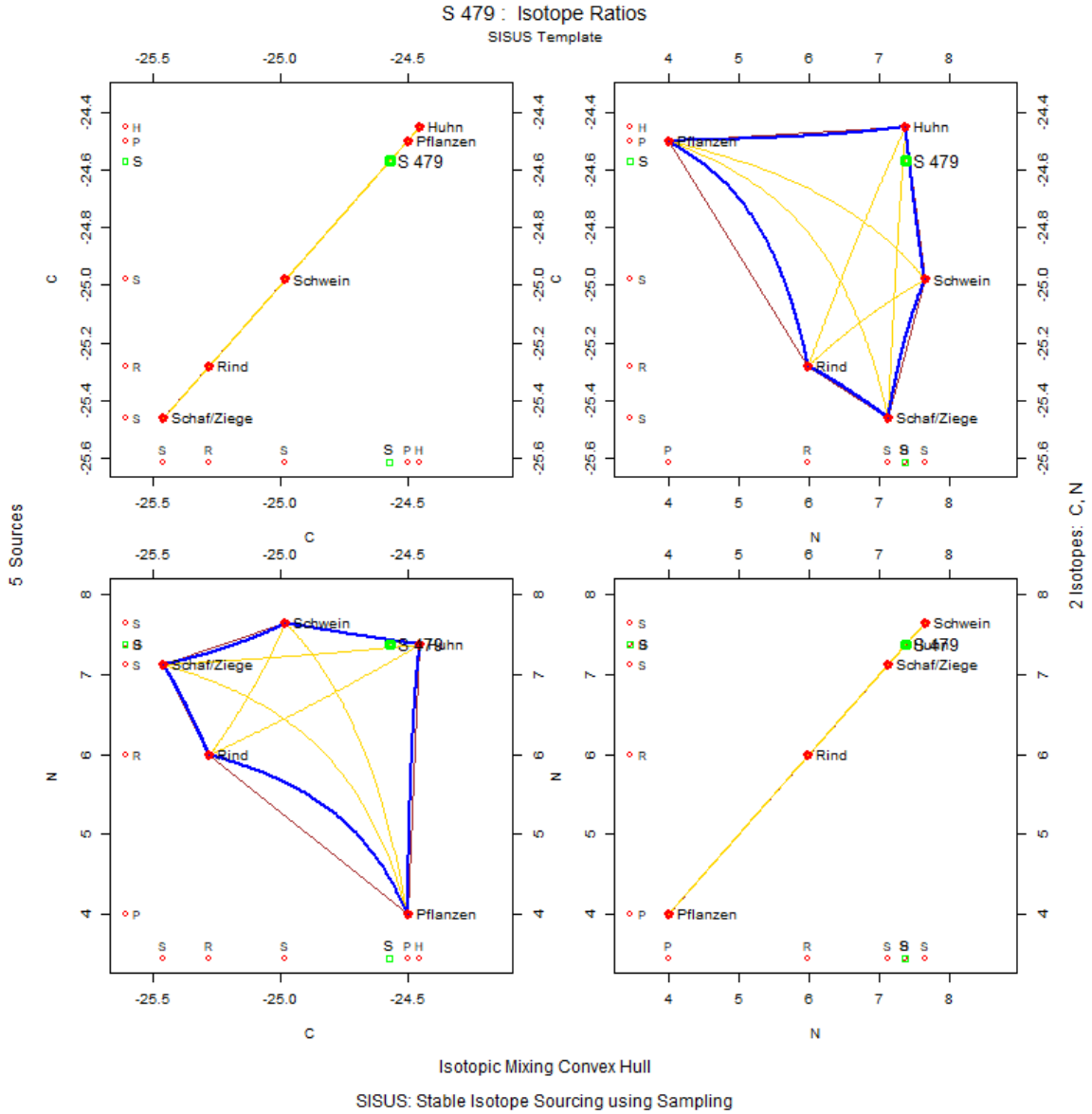


Abbildung 1817: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 479 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

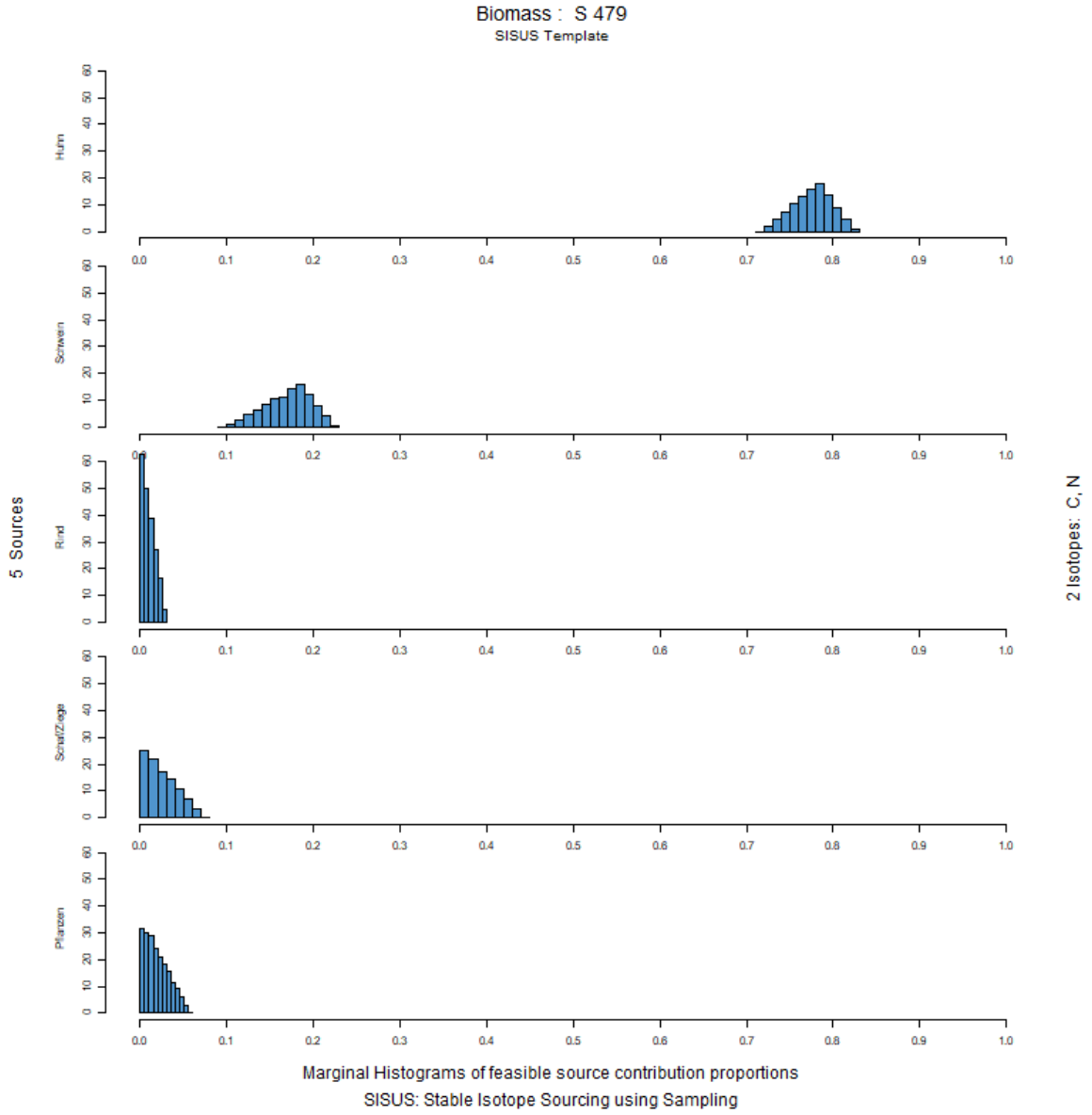


Abbildung 1818: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 479. Erstellt mit SISUS.

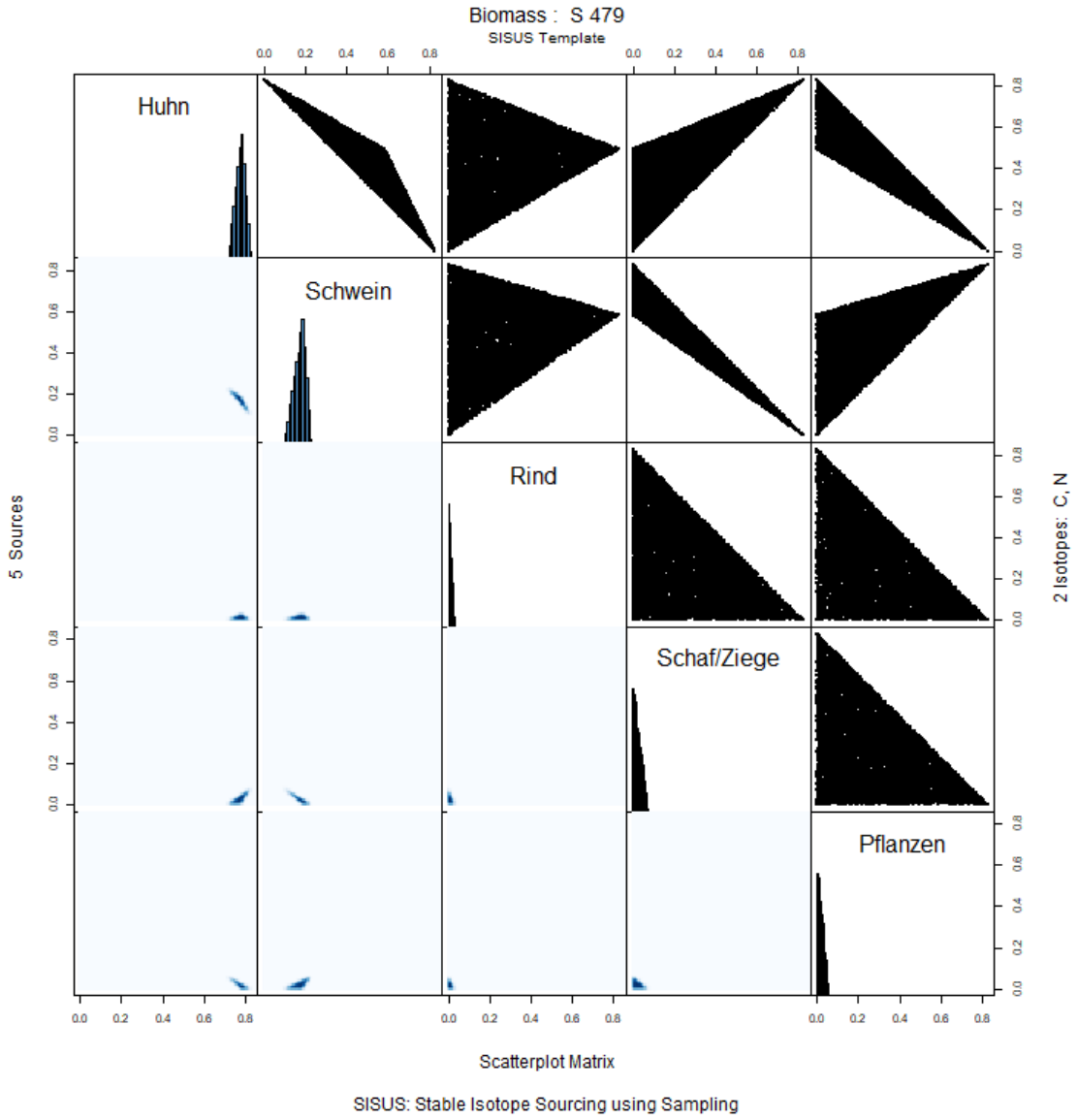


Abbildung 1819: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 479. Erstellt mit SISUS.

S480

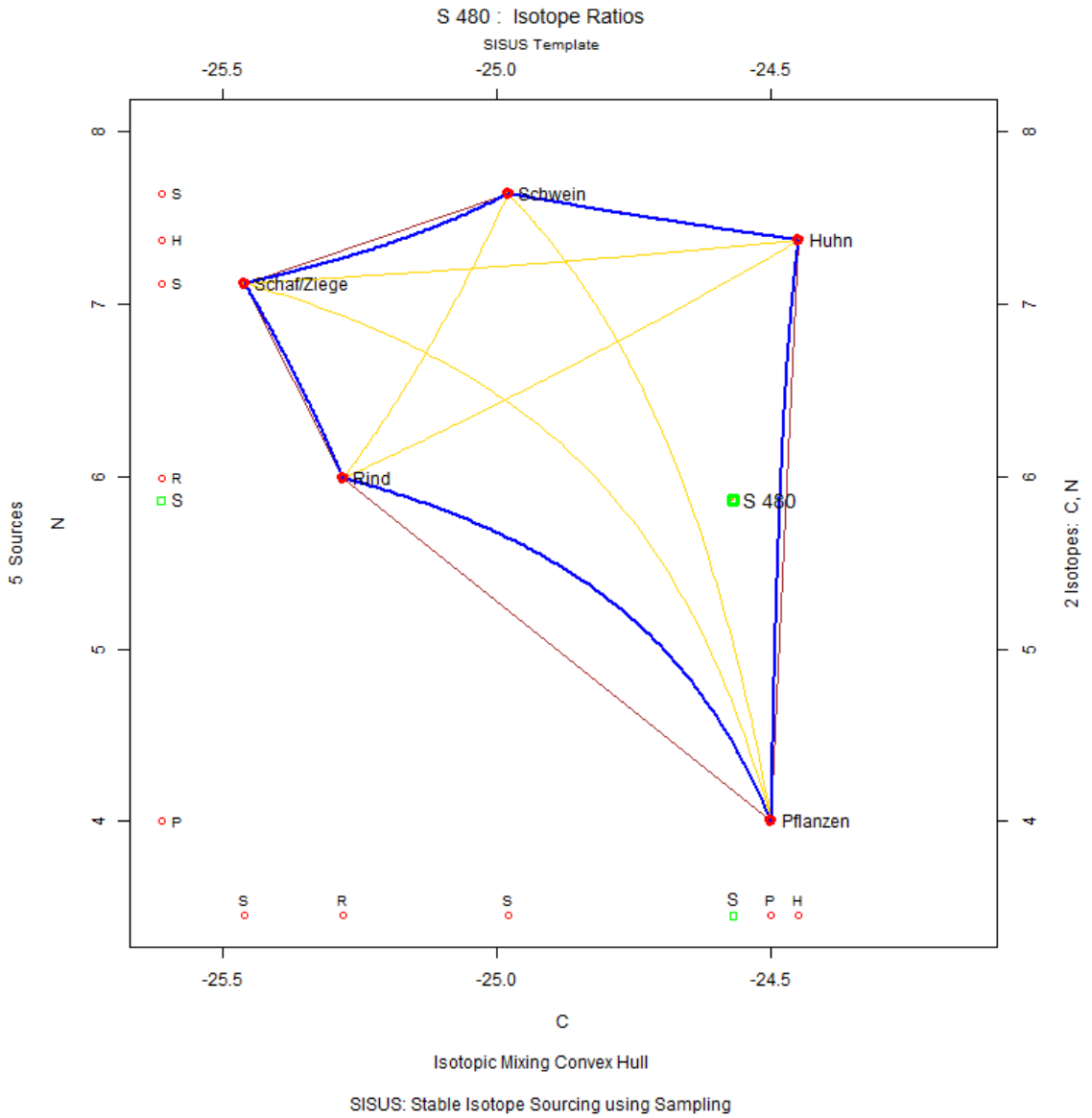


Abbildung 1820: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 480. Erstellt mit SISUS.

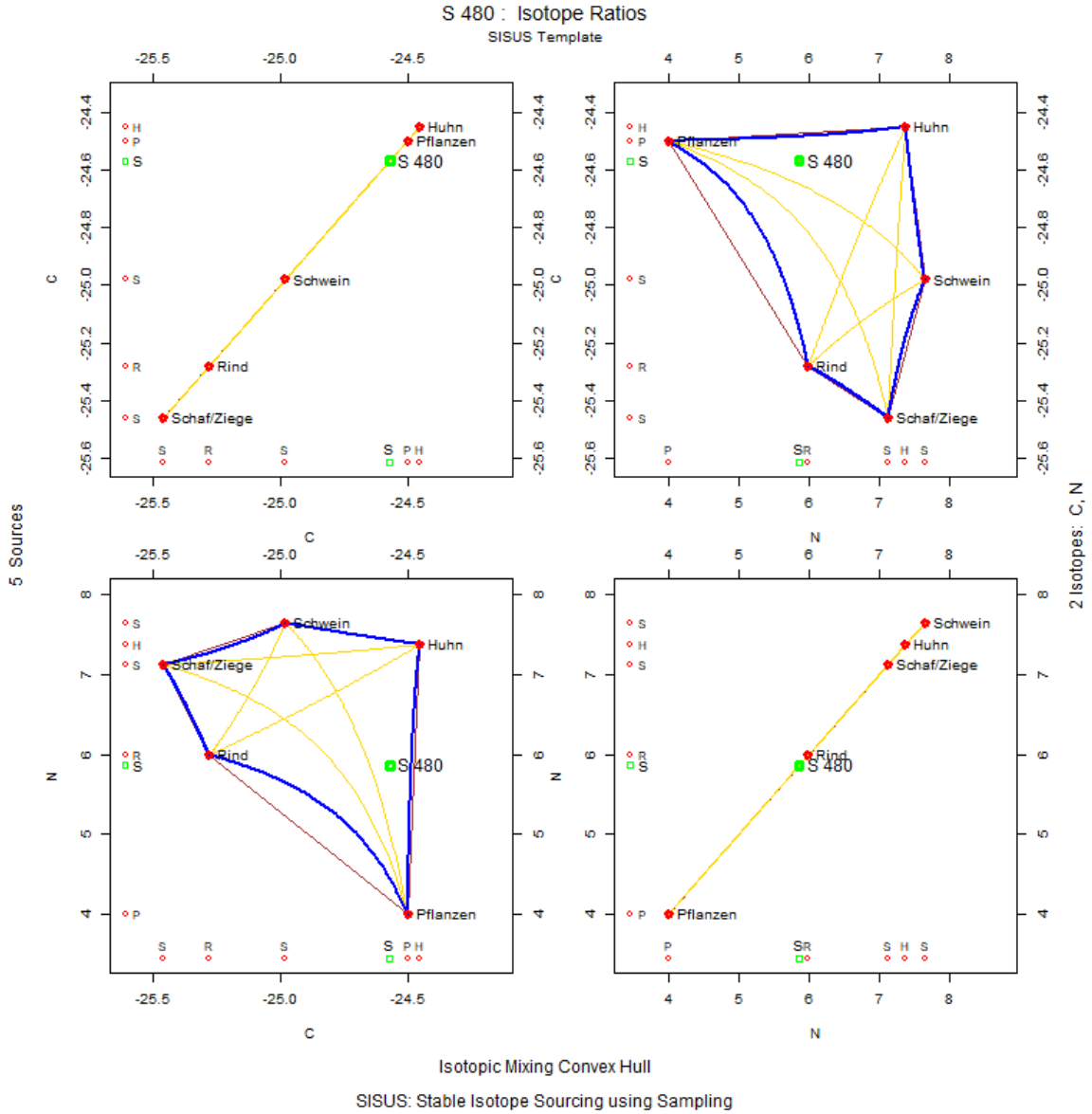


Abbildung 1821: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 480 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

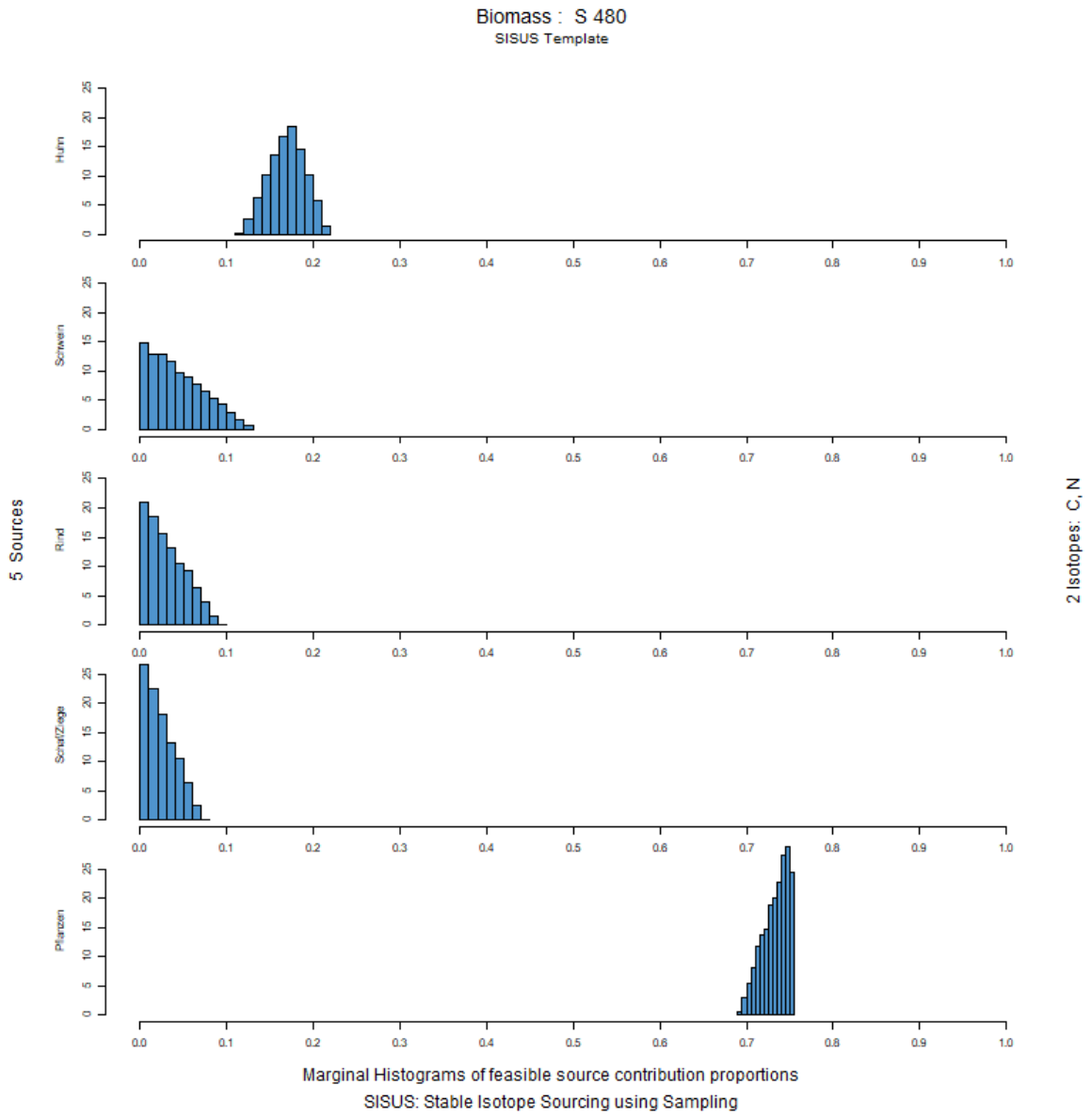


Abbildung 1822: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 480. Erstellt mit SISUS.

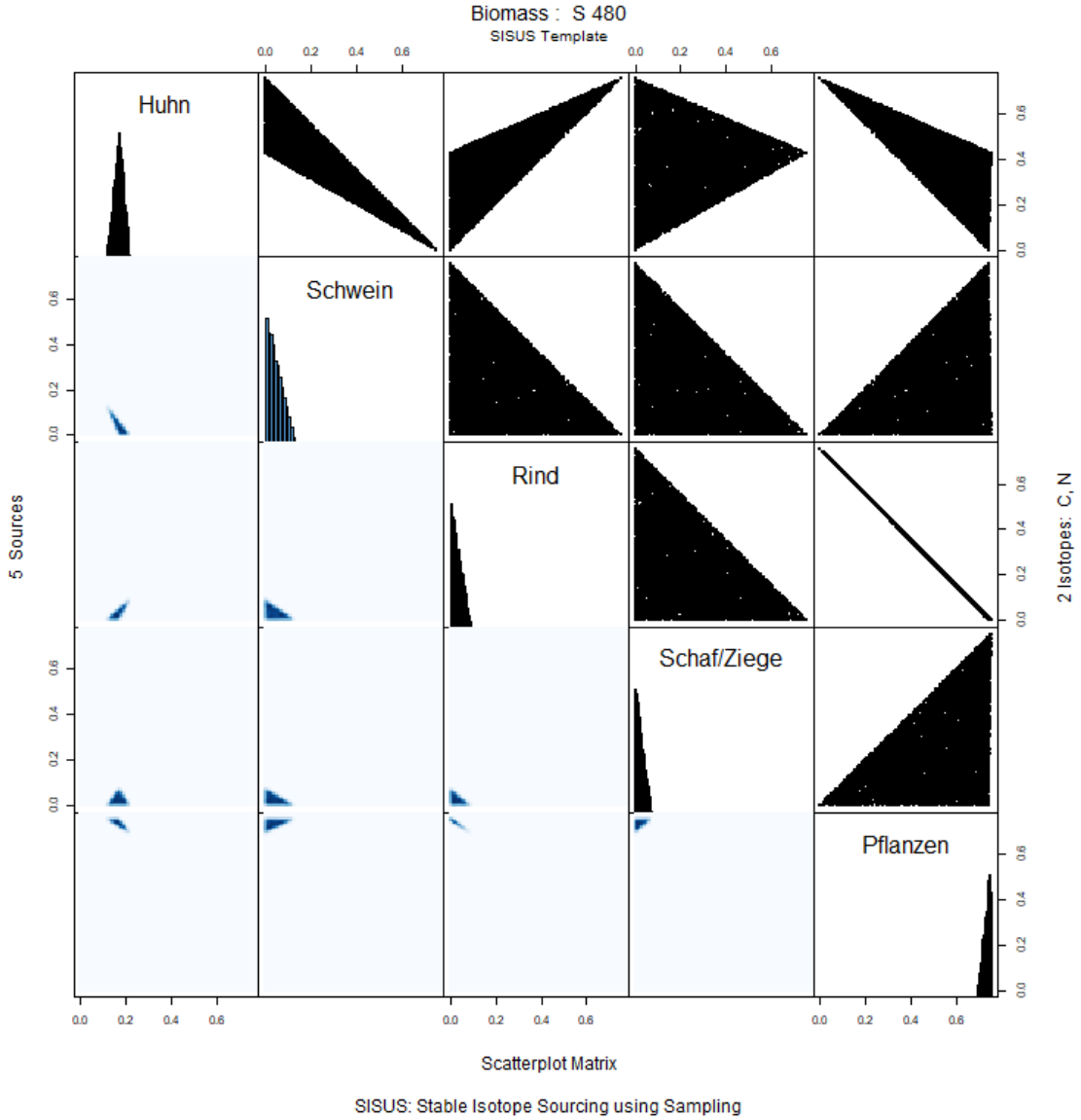


Abbildung 1823: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 480. Erstellt mit SISUS.

S481

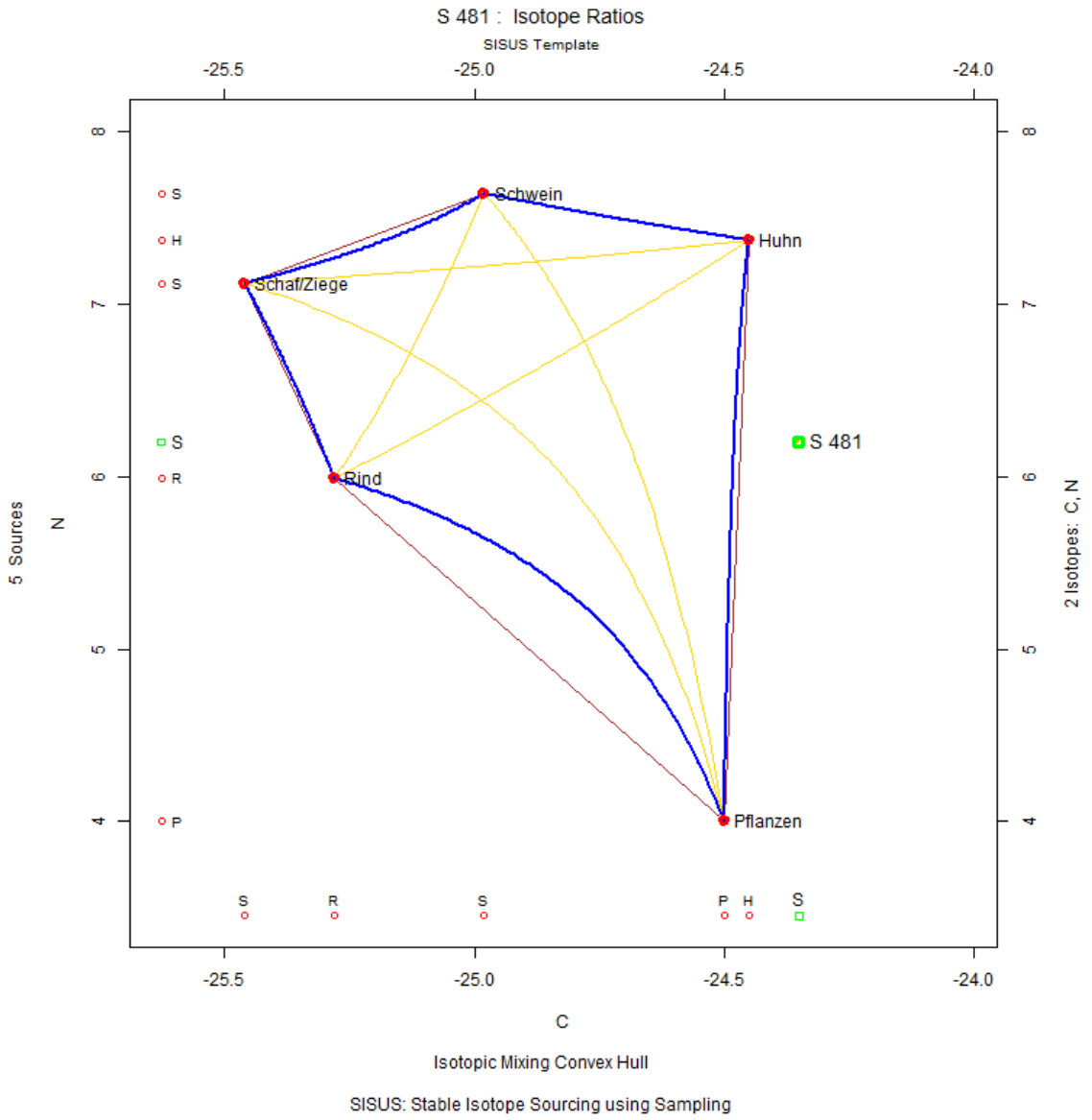


Abbildung 1824: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 481. Erstellt mit SISUS.

S483

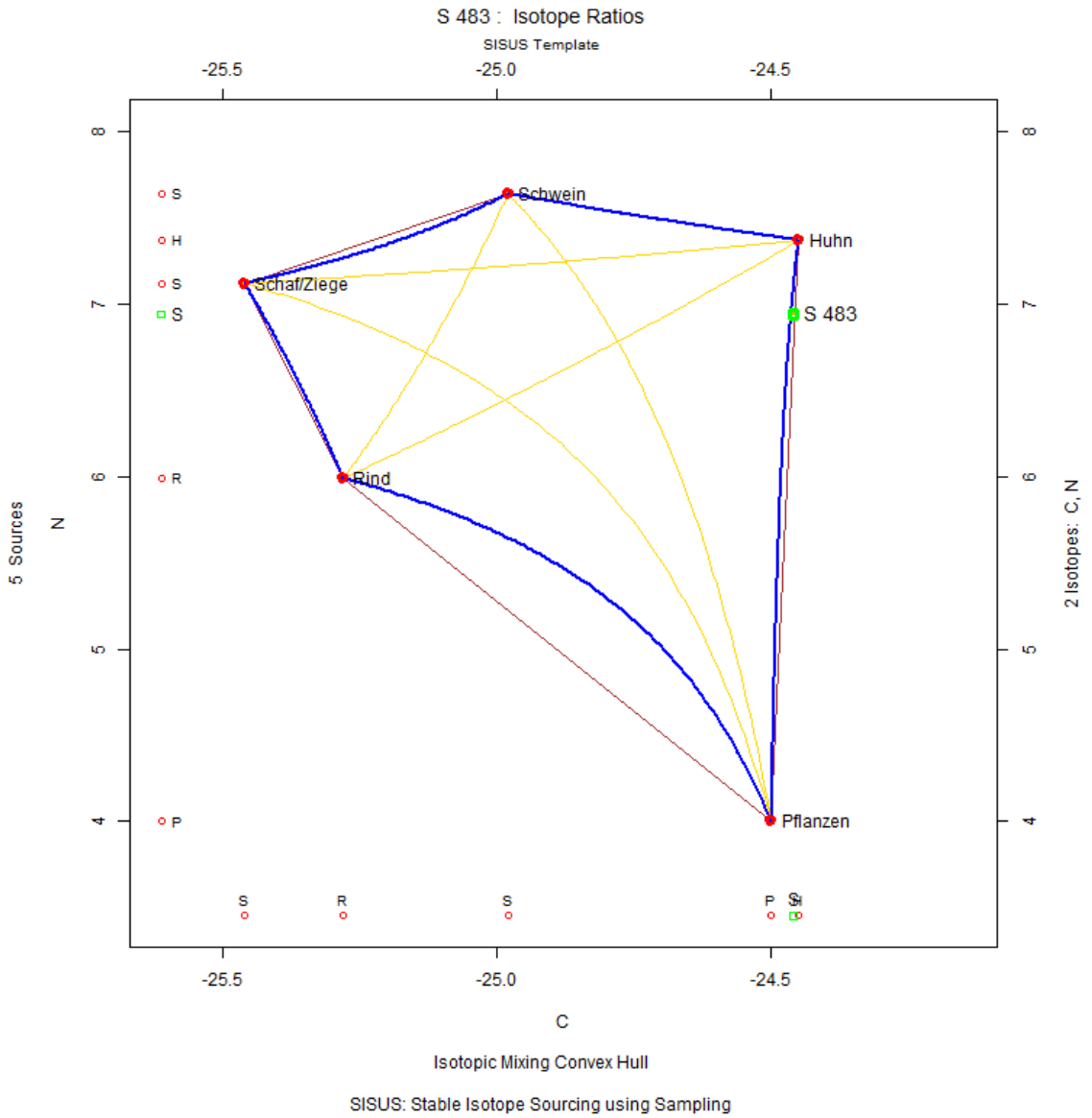


Abbildung 1825: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 483. Erstellt mit SISUS.

S484

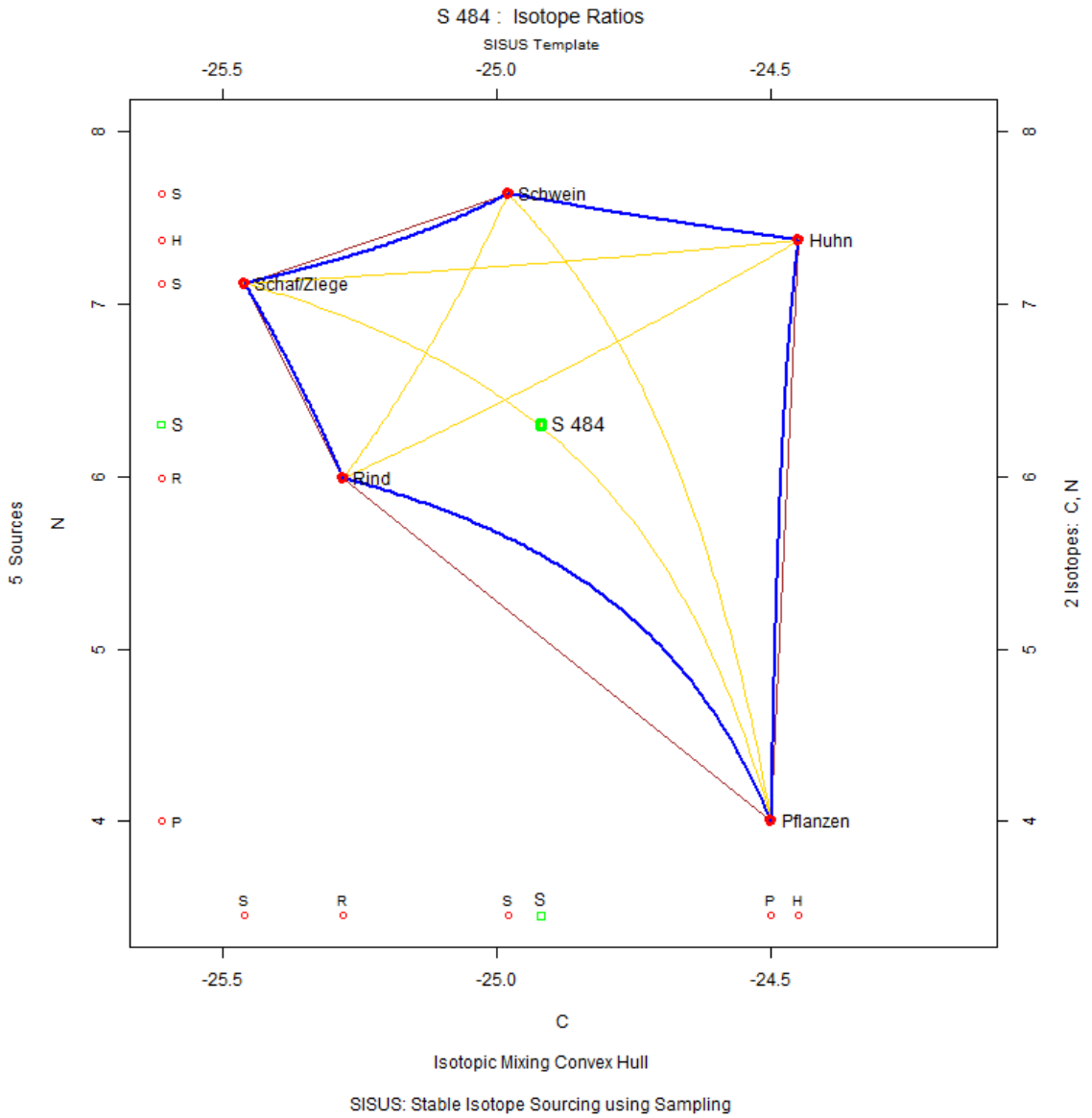


Abbildung 1826: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 484. Erstellt mit SISUS.

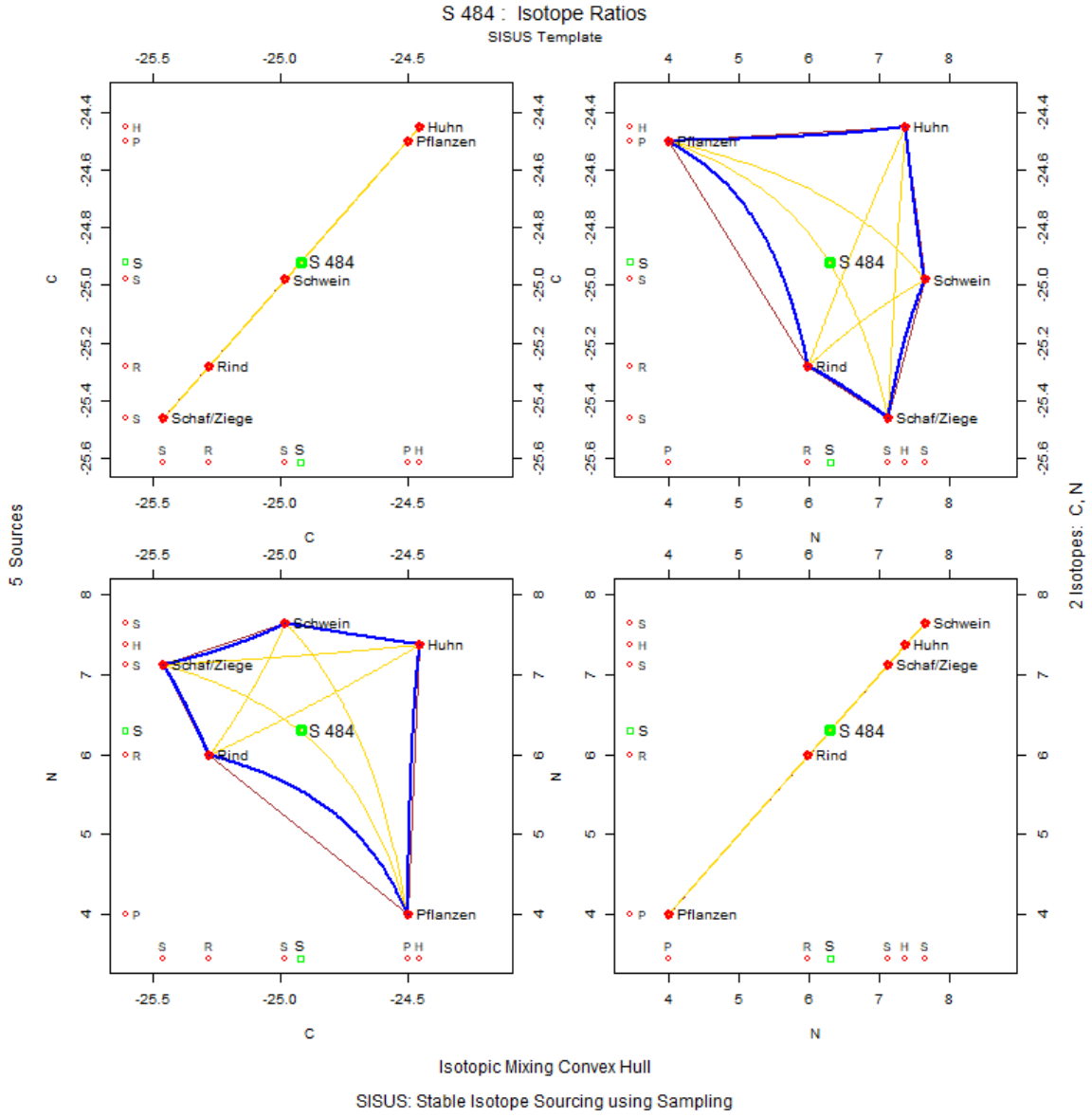


Abbildung 1827: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 484 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

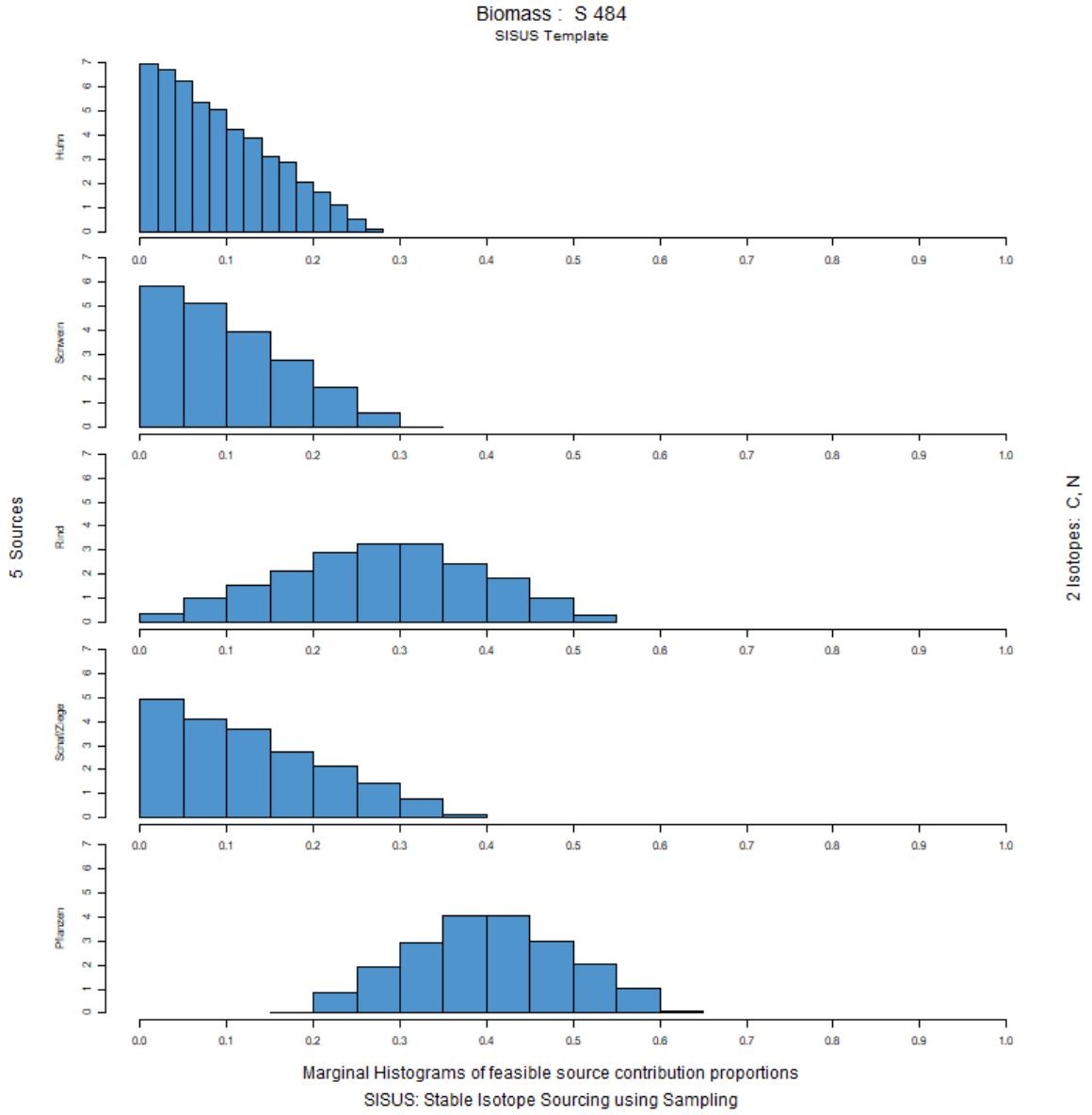


Abbildung 1828: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 484. Erstellt mit SISUS.

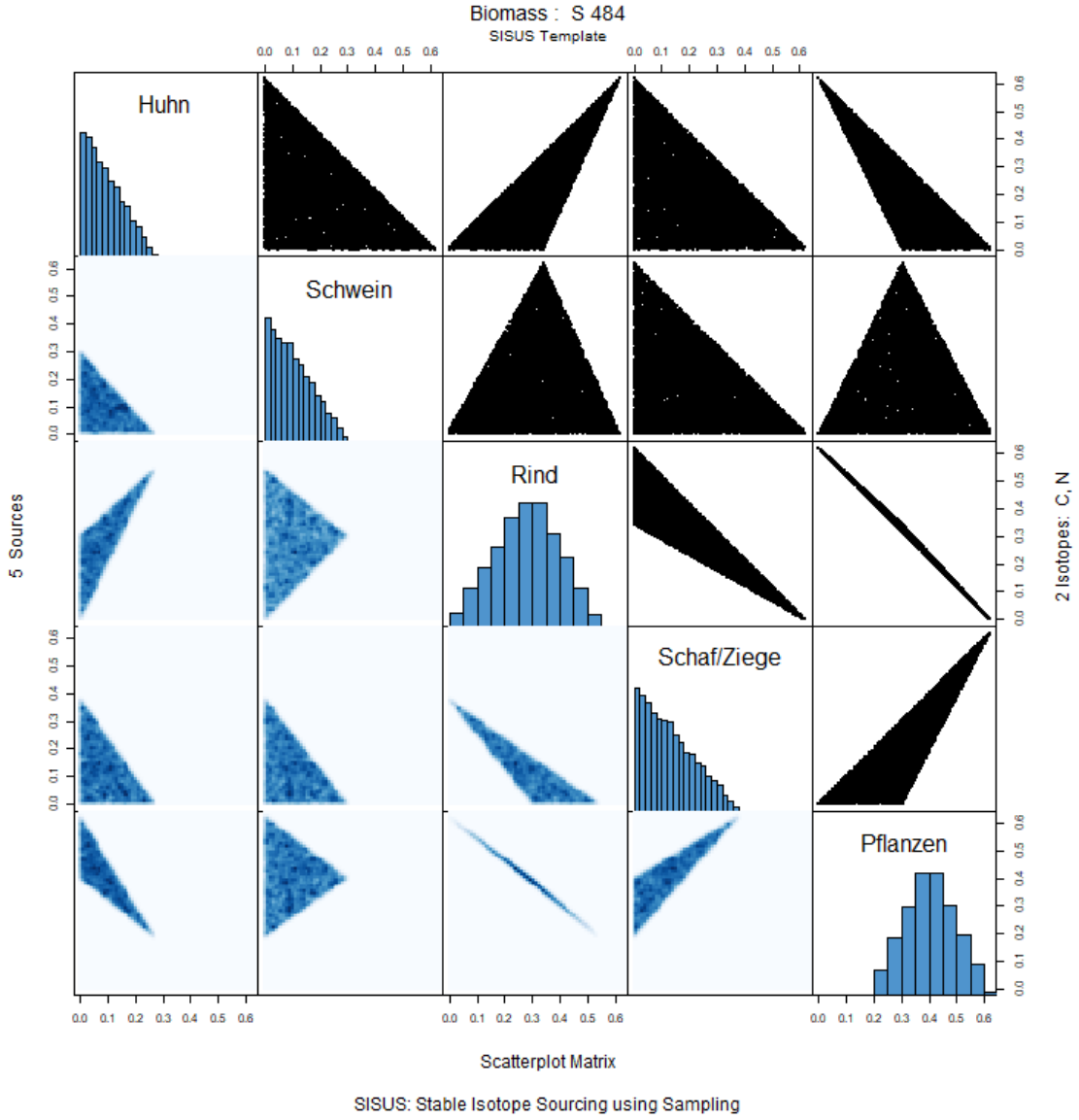


Abbildung 1829: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 484. Erstellt mit SISUS.

S485

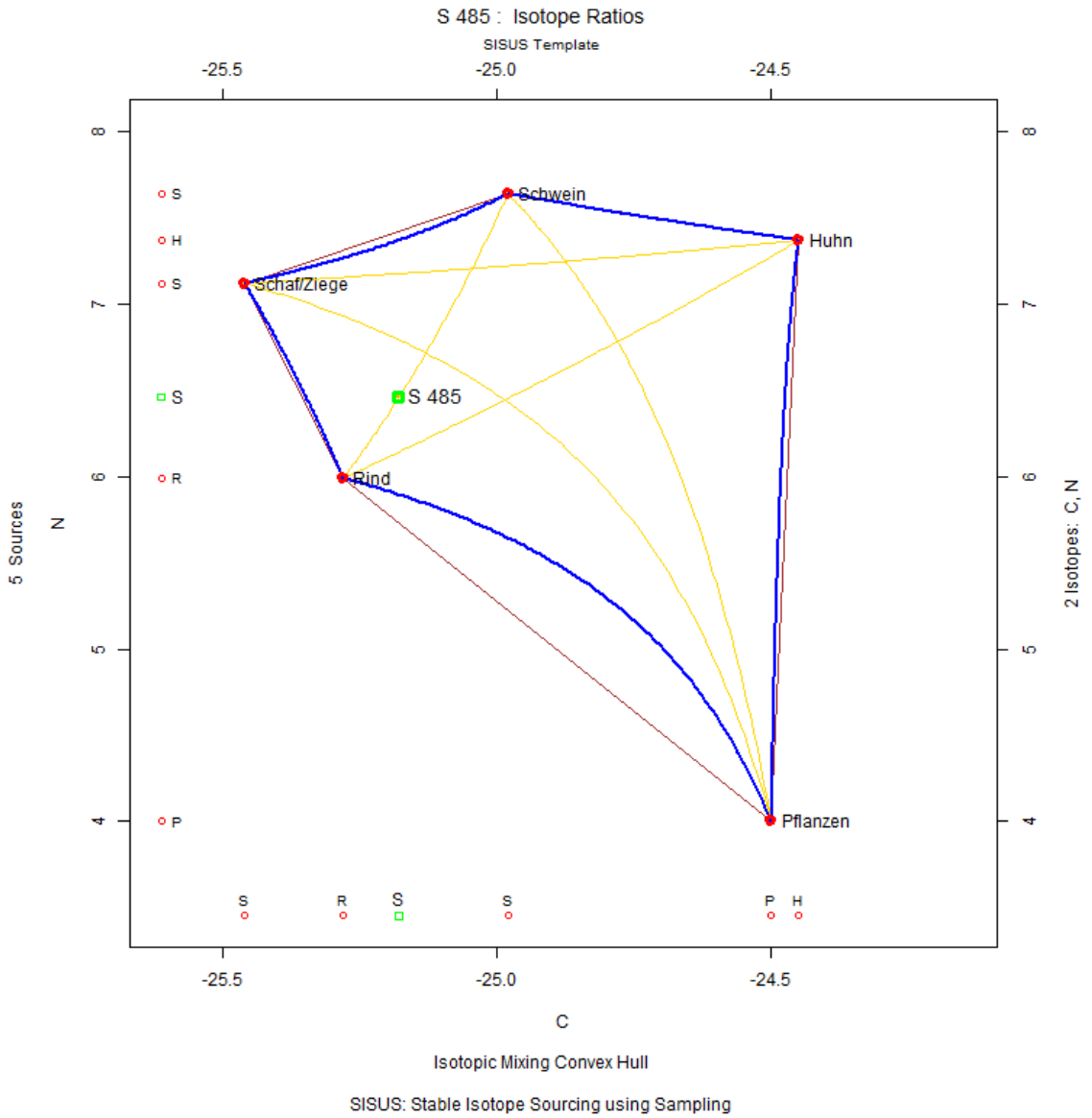


Abbildung 1830: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 485. Erstellt mit SISUS.

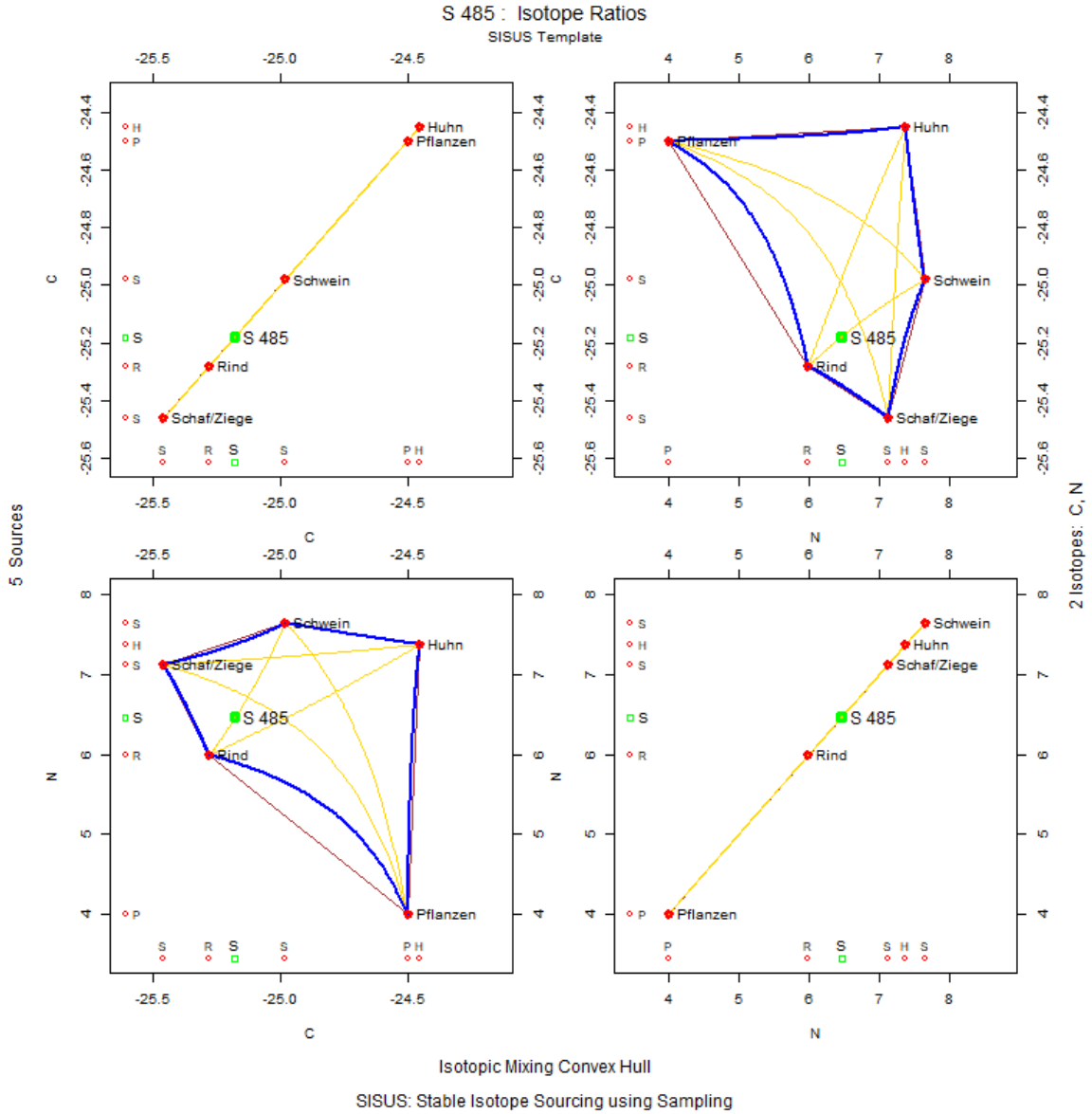


Abbildung 1831: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 485 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

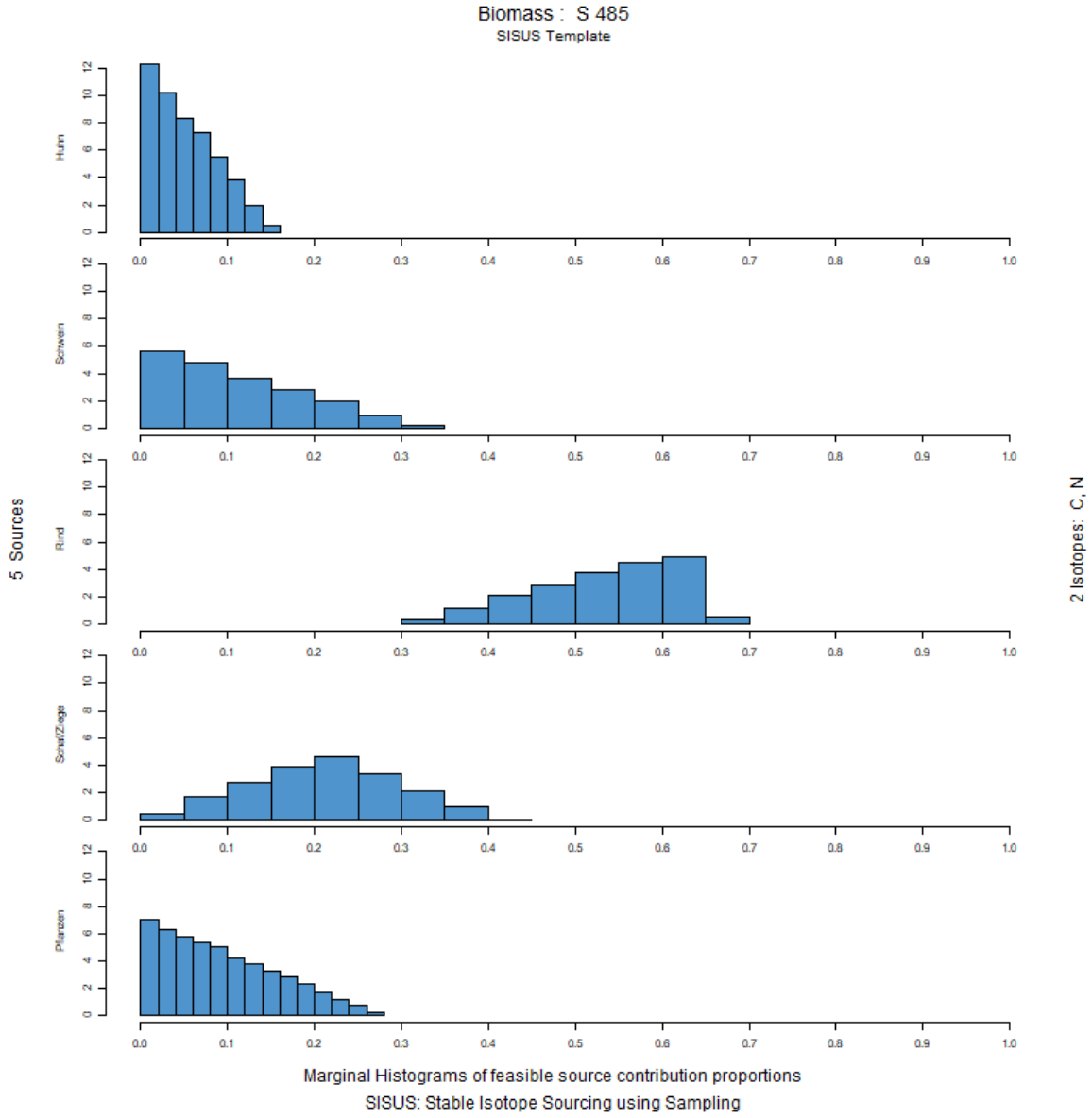


Abbildung 1832: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 485. Erstellt mit SISUS.

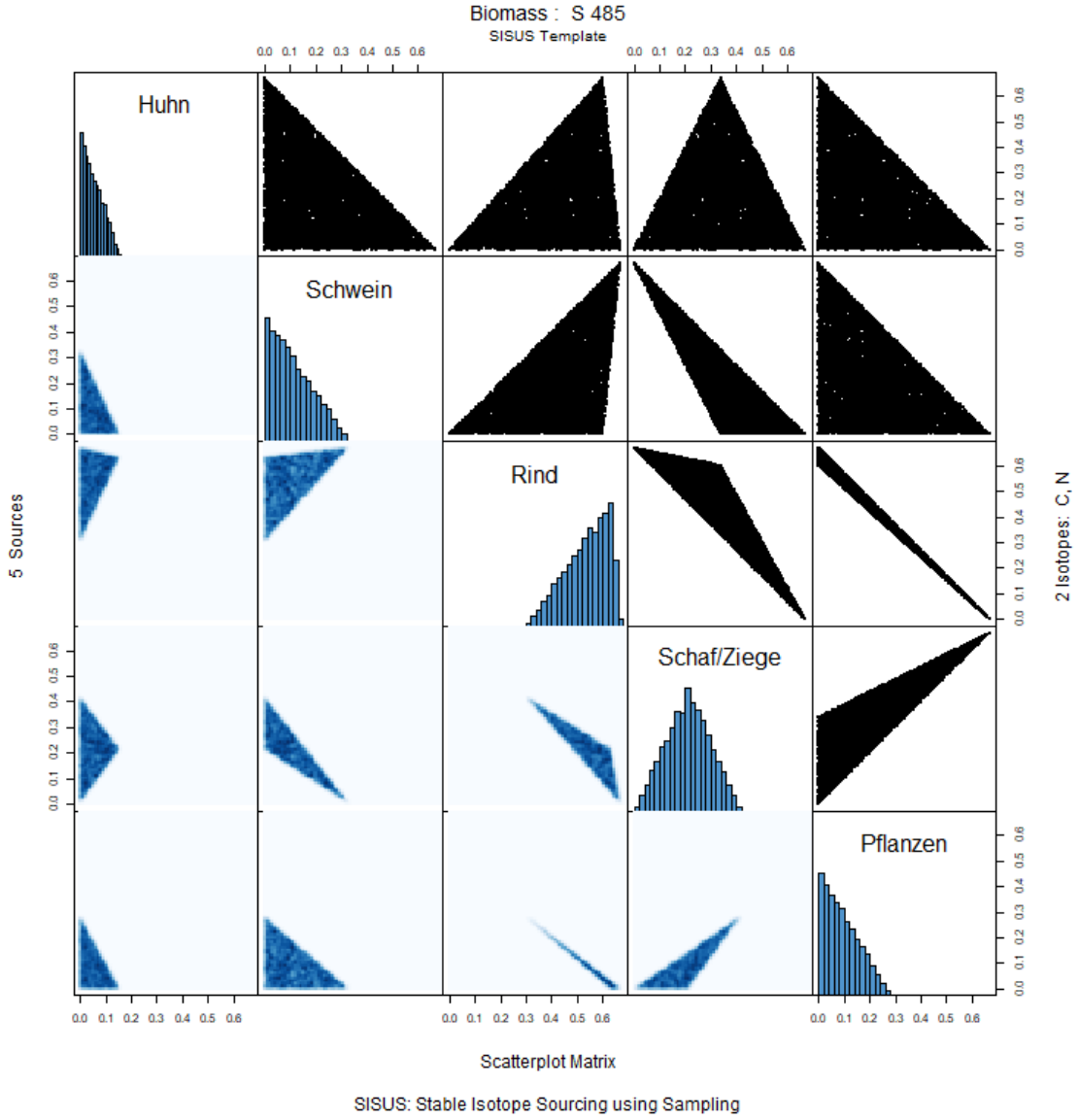


Abbildung 1833: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 485. Erstellt mit SISUS.

S486

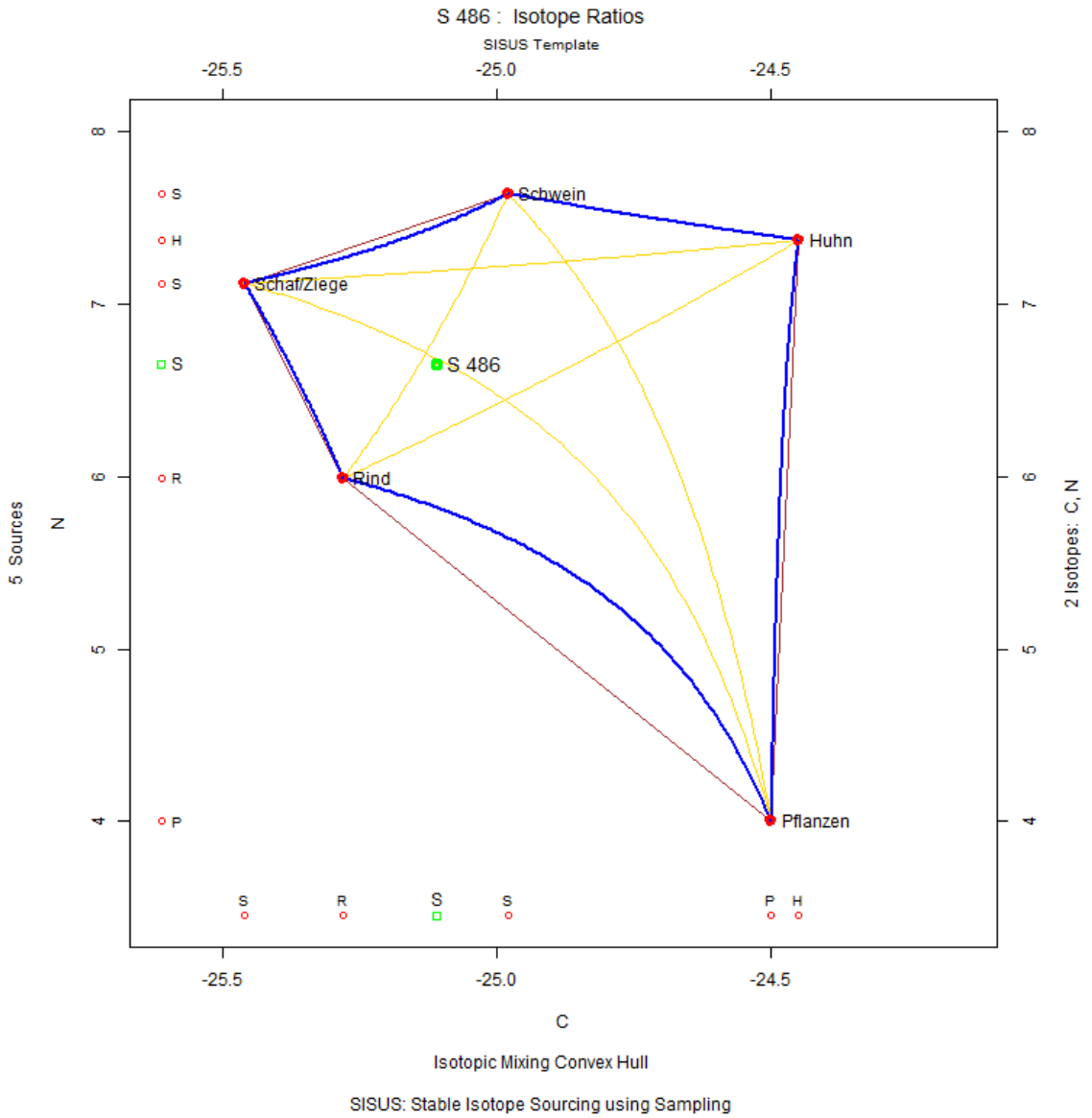


Abbildung 1834: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 486. Erstellt mit SISUS.

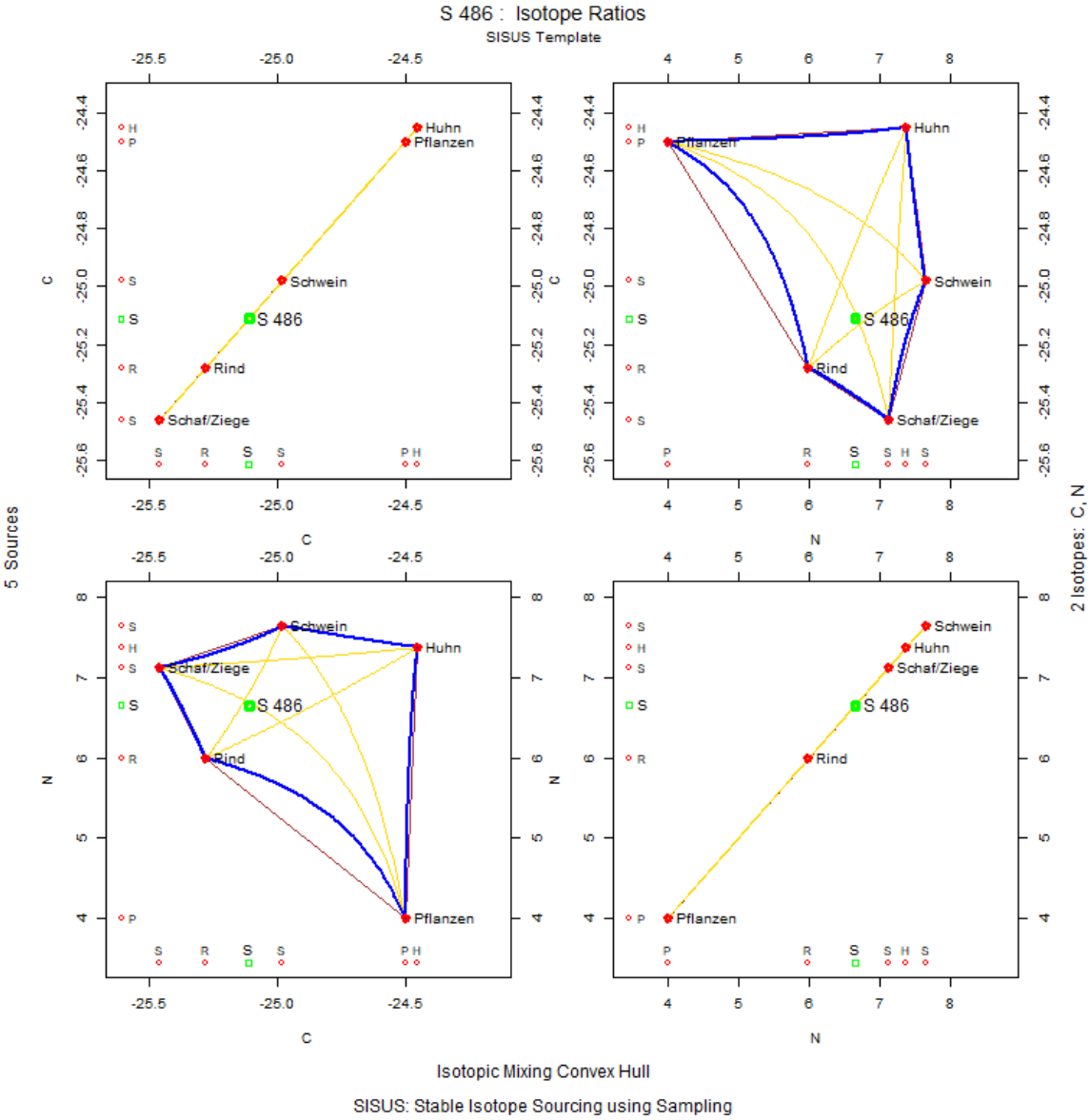


Abbildung 1835: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 486 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

S487

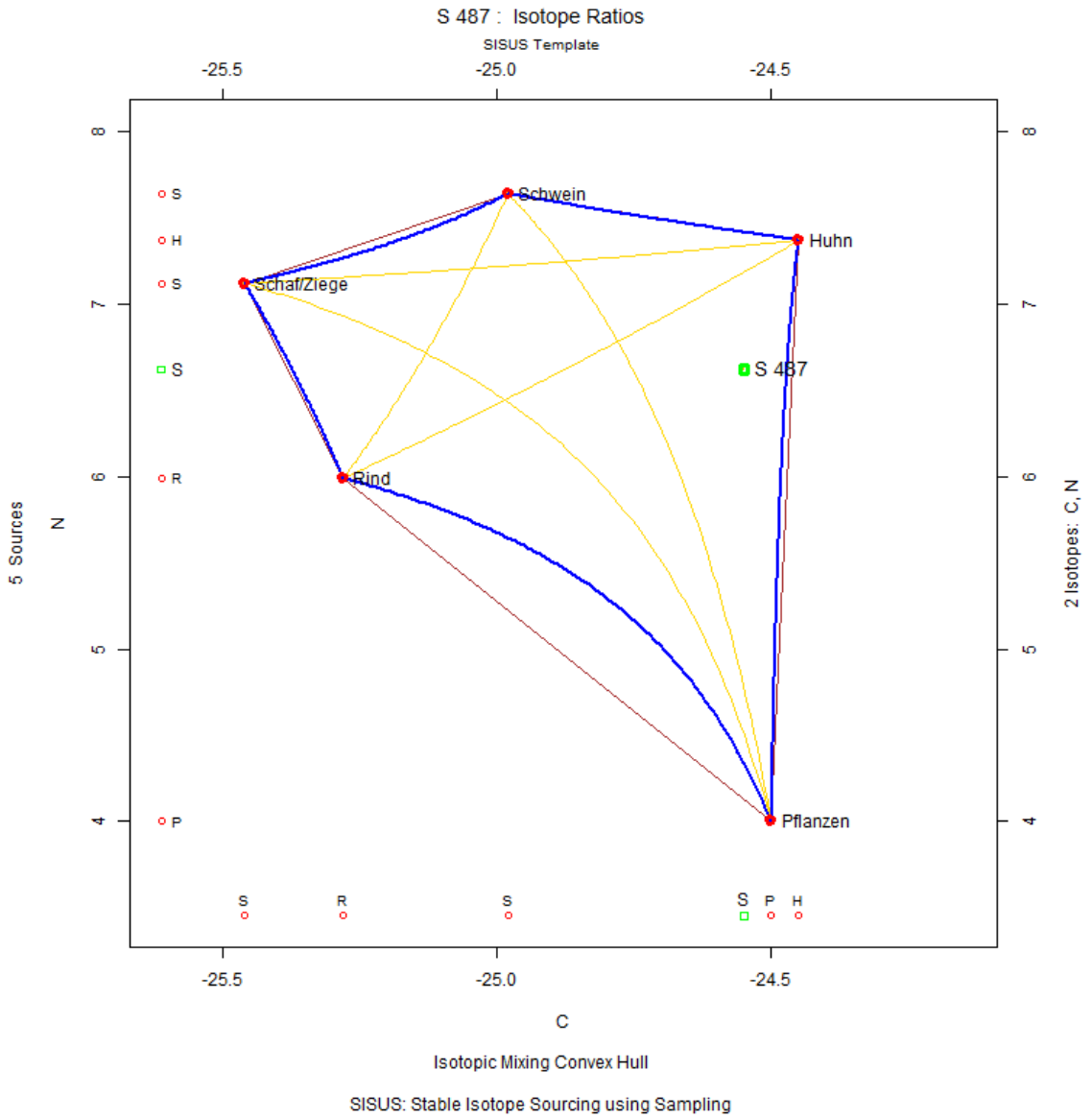


Abbildung 1836: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 487. Erstellt mit SISUS.

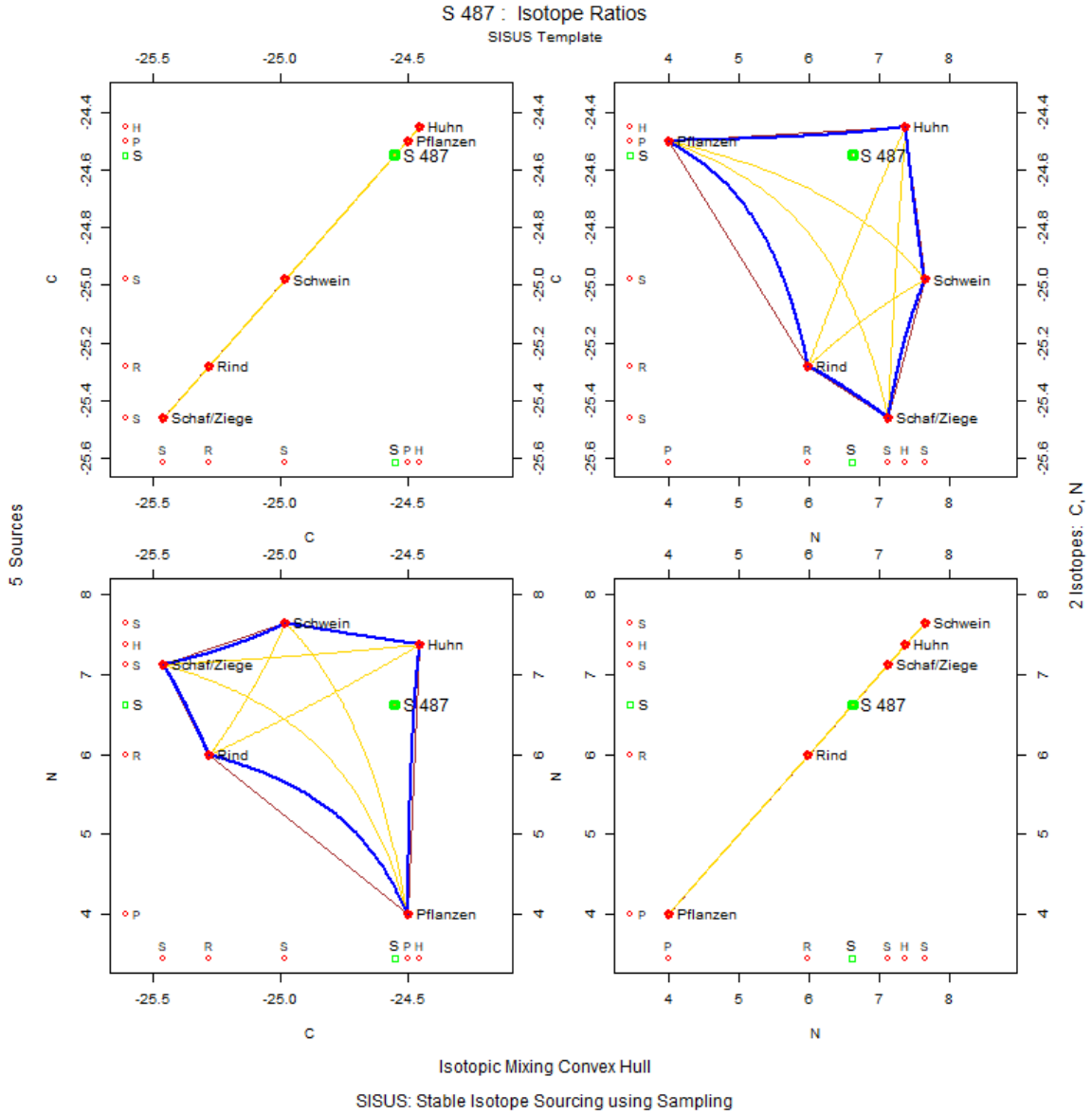


Abbildung 1837: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 487 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

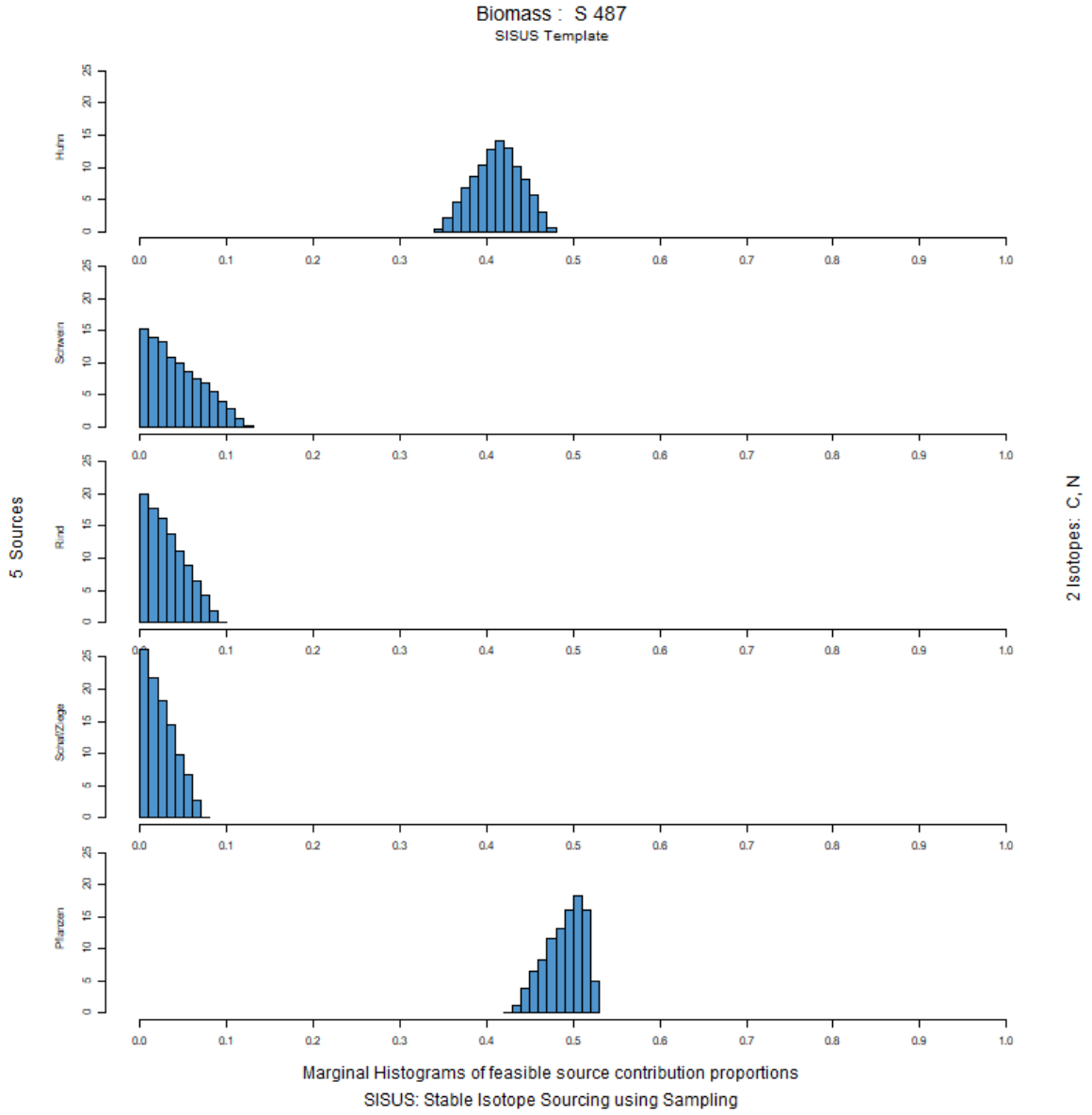


Abbildung 1838: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 487. Erstellt mit SISUS.

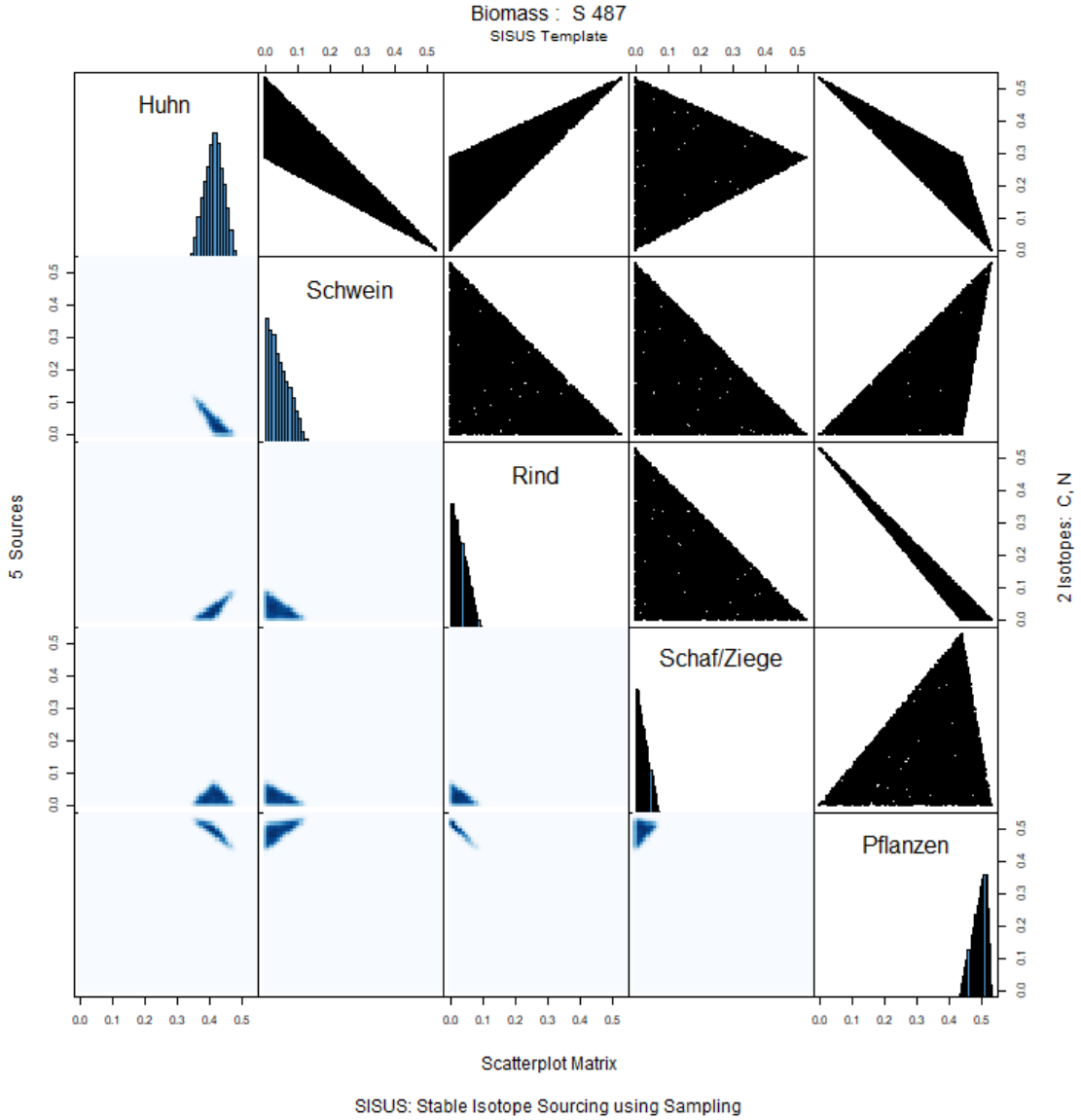


Abbildung 1839: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 487. Erstellt mit SISUS.

S489

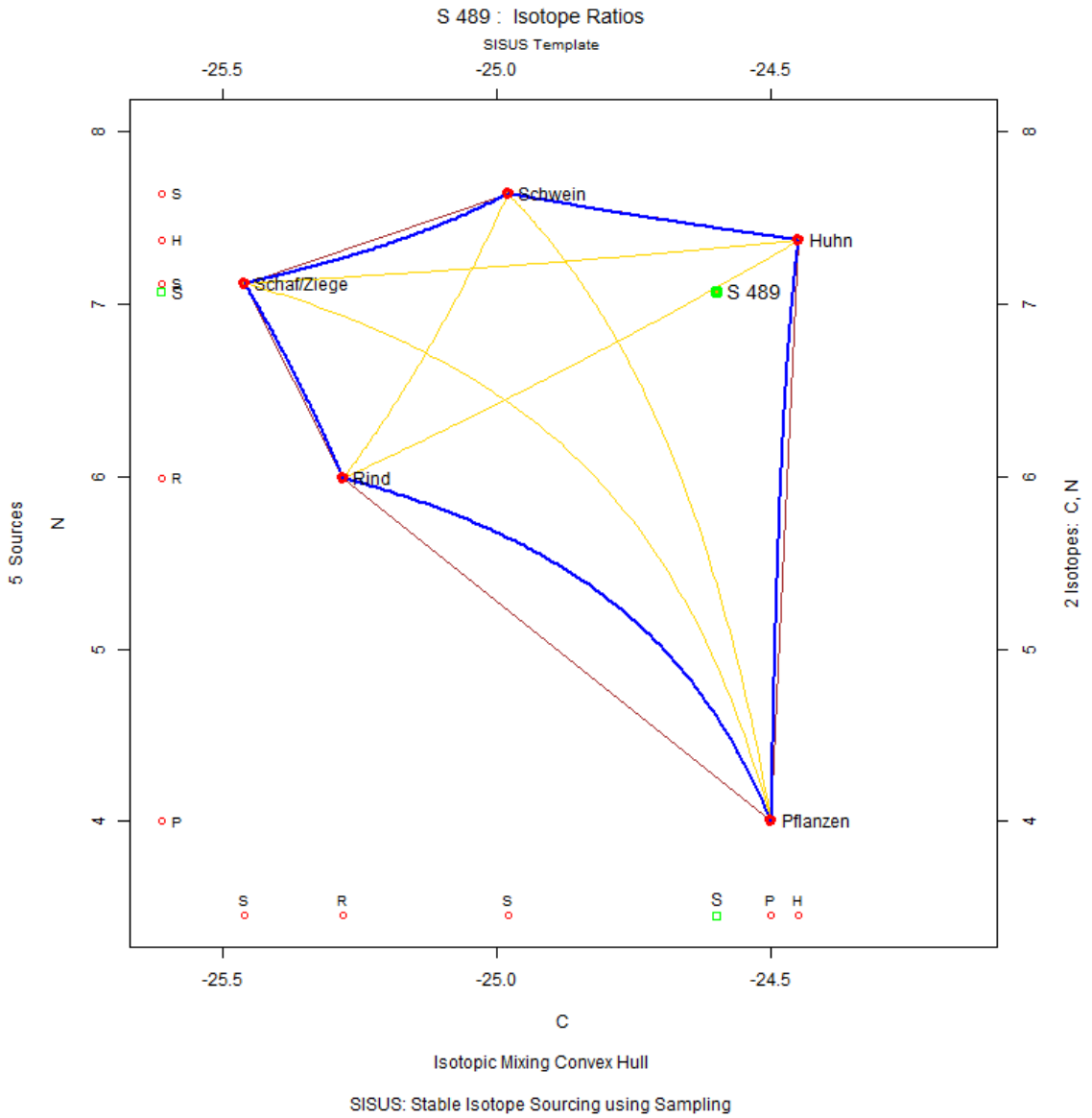


Abbildung 1840: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 489. Erstellt mit SISUS.

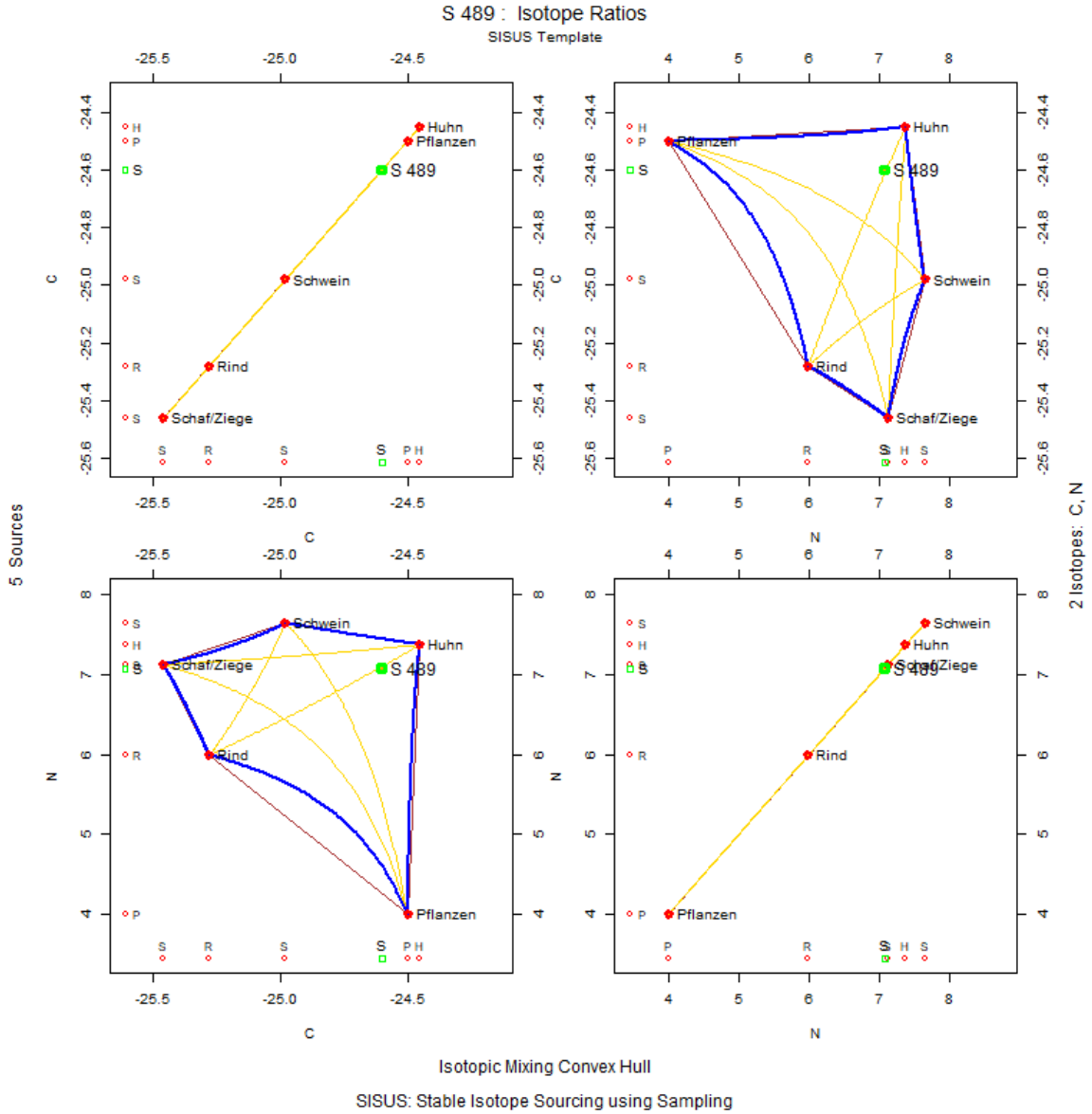


Abbildung 1841: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 489 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

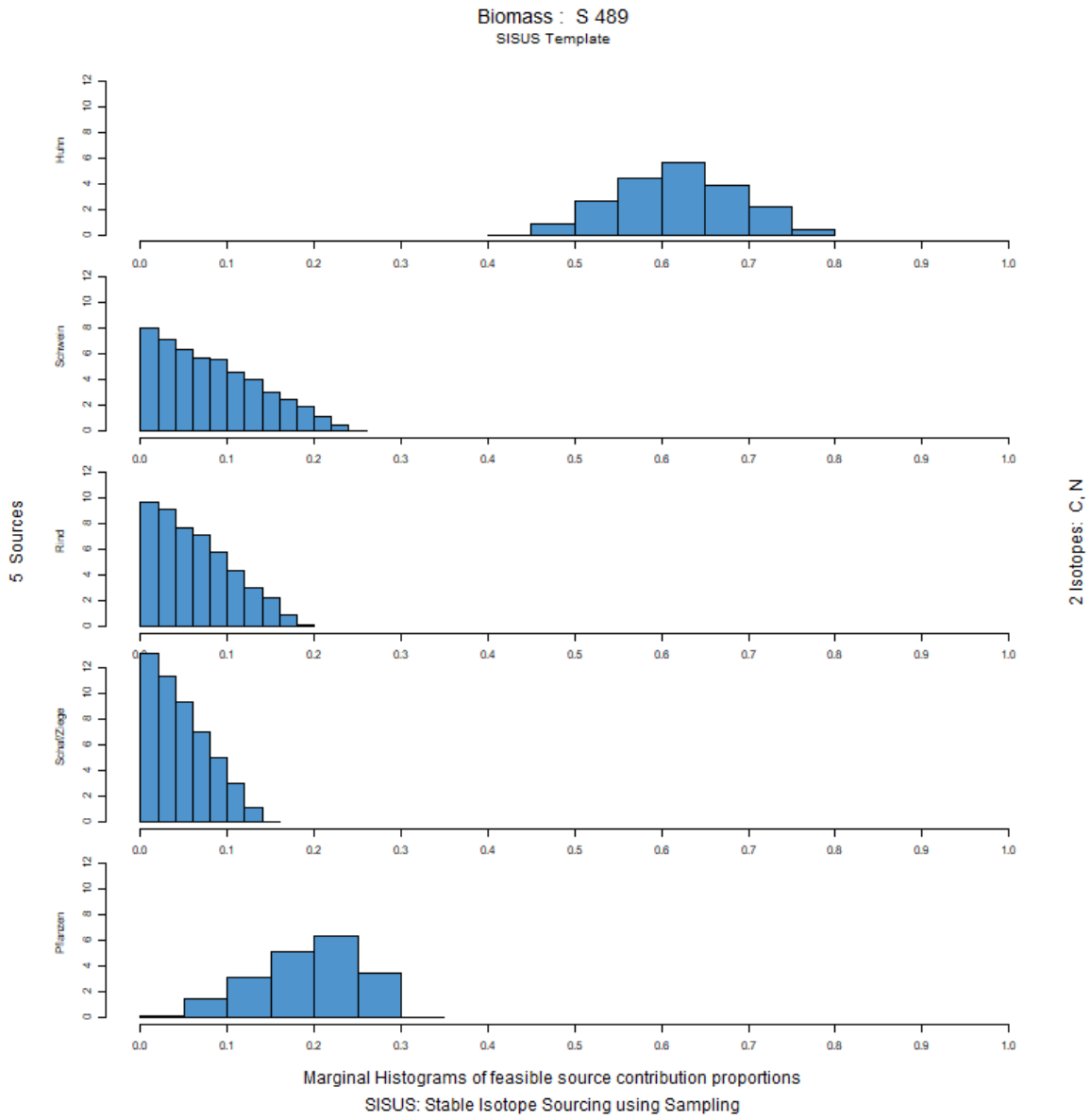


Abbildung 1842: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 489. Erstellt mit SISUS.

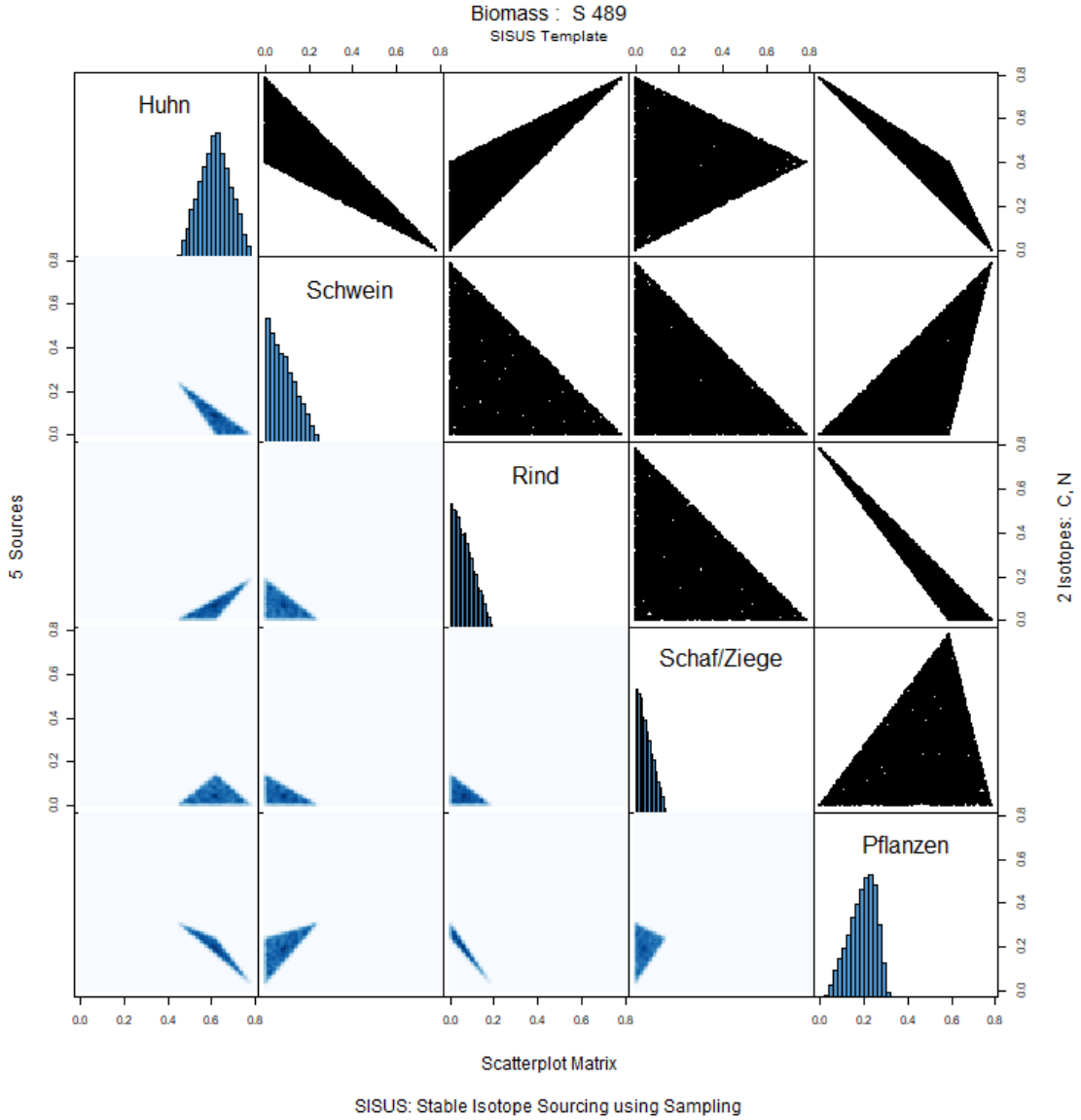


Abbildung 1843: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 489. Erstellt mit SISUS.

S490

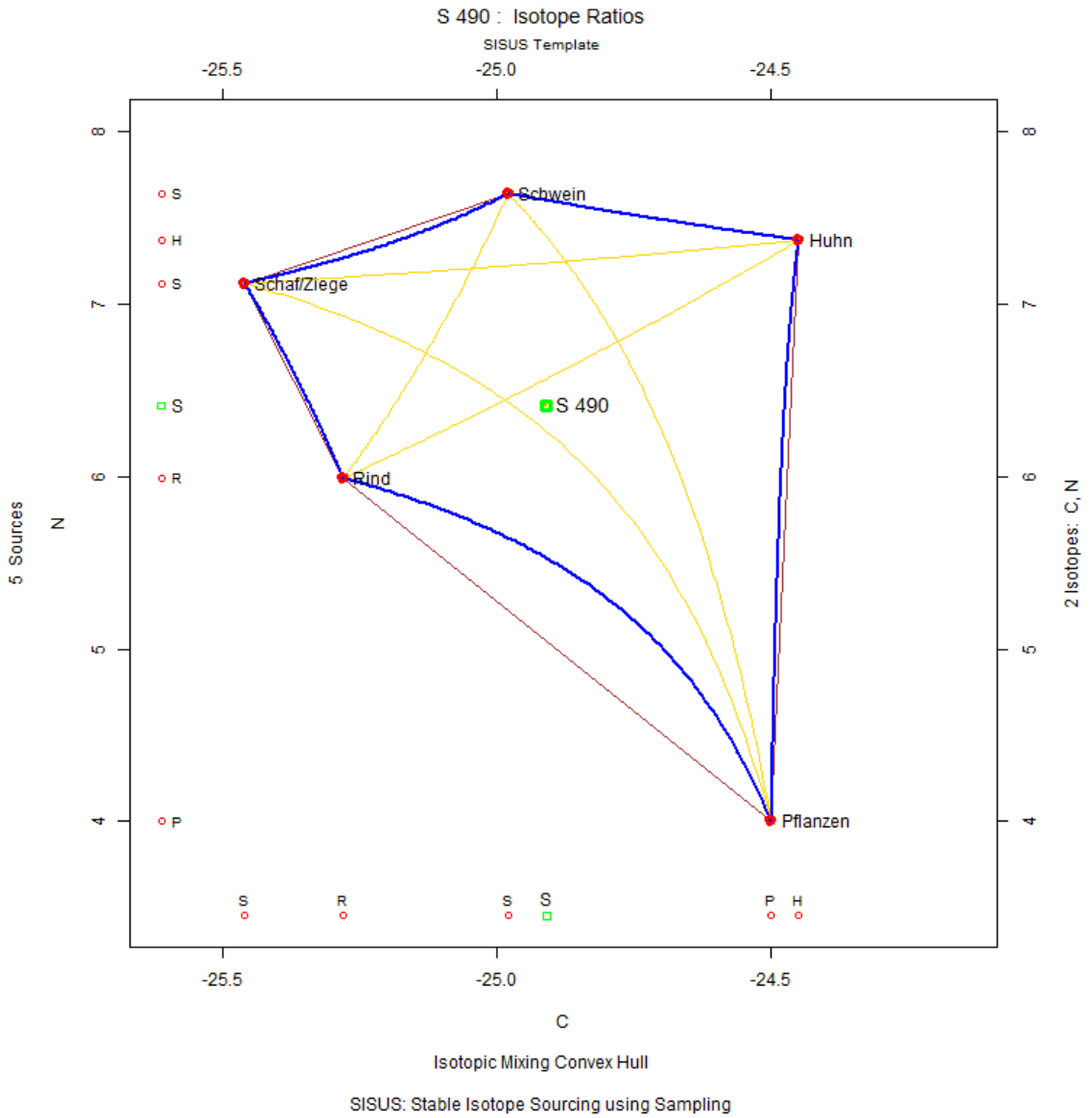


Abbildung 1844: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 490. Erstellt mit SISUS.

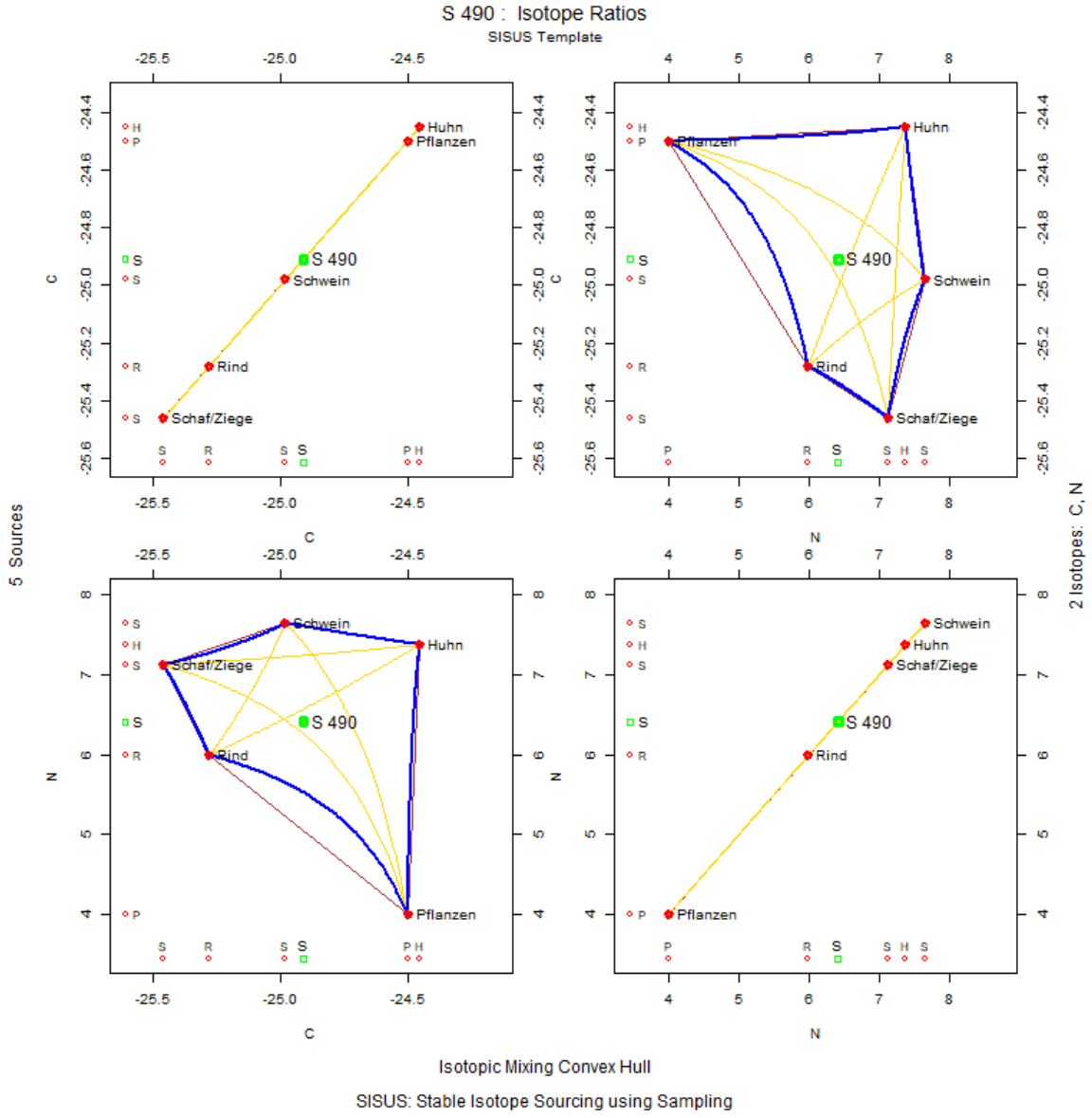


Abbildung 1845: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 490 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

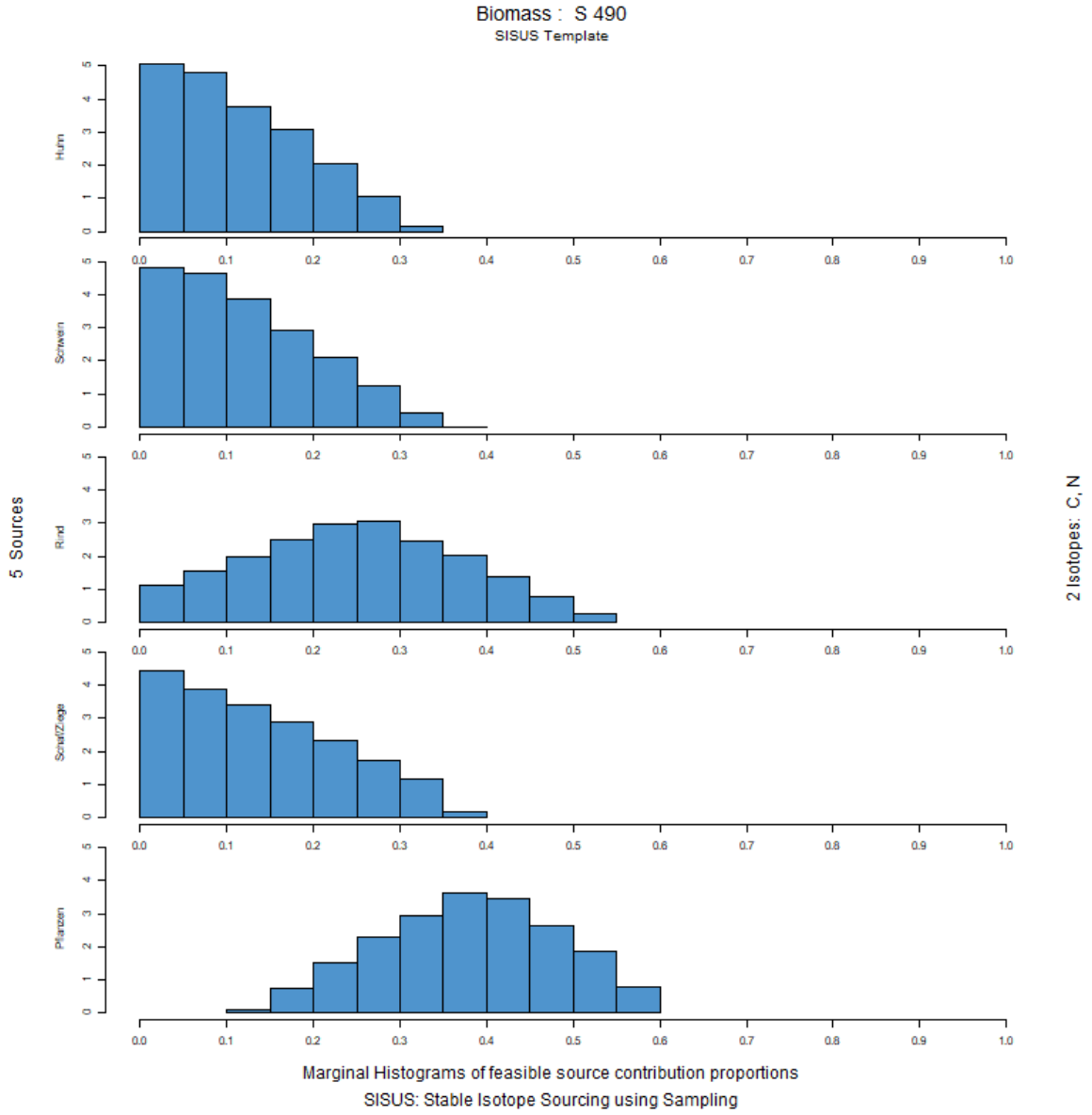


Abbildung 1846: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 490. Erstellt mit SISUS.

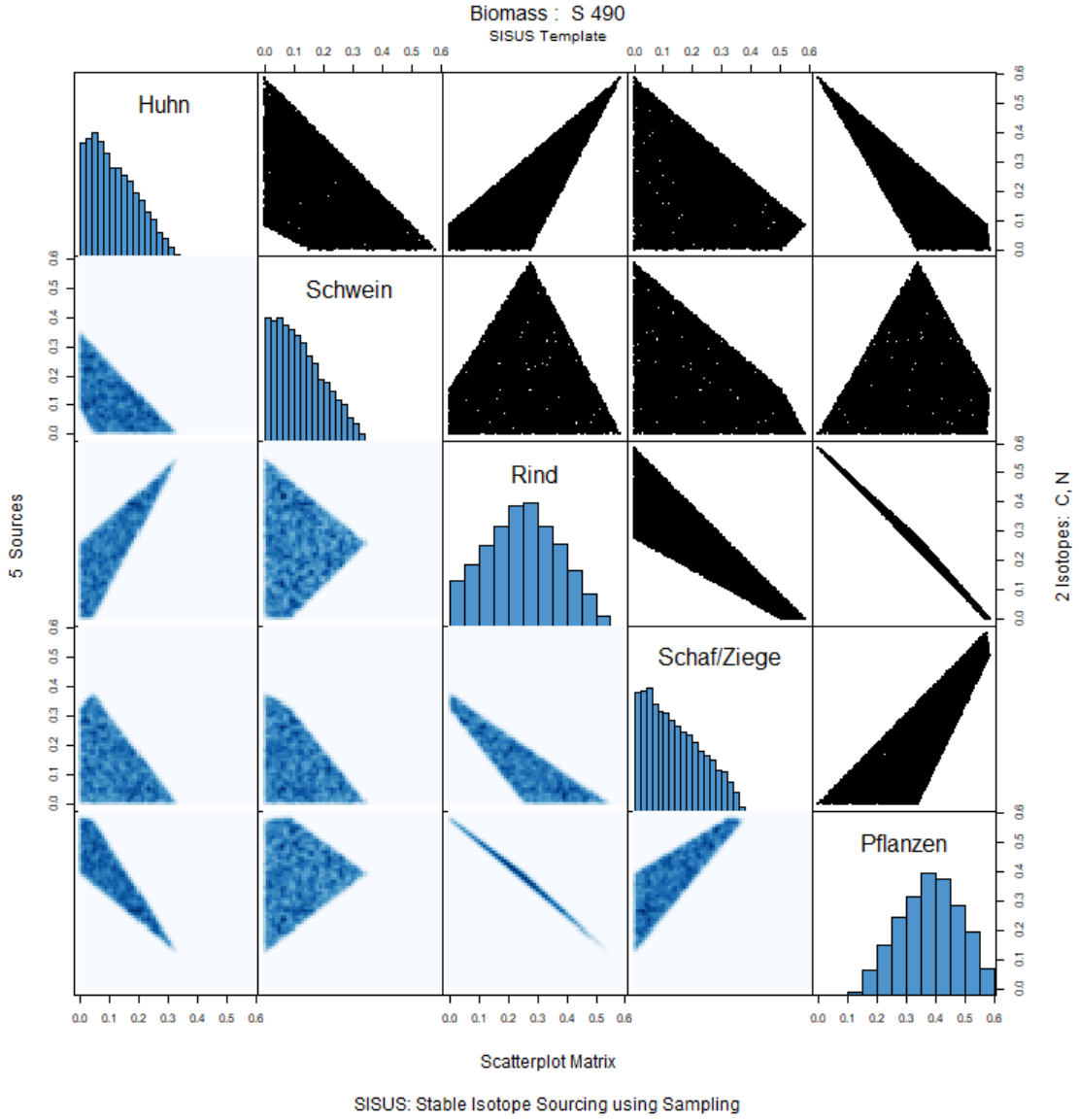


Abbildung 1847: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 490. Erstellt mit SISUS.

S491

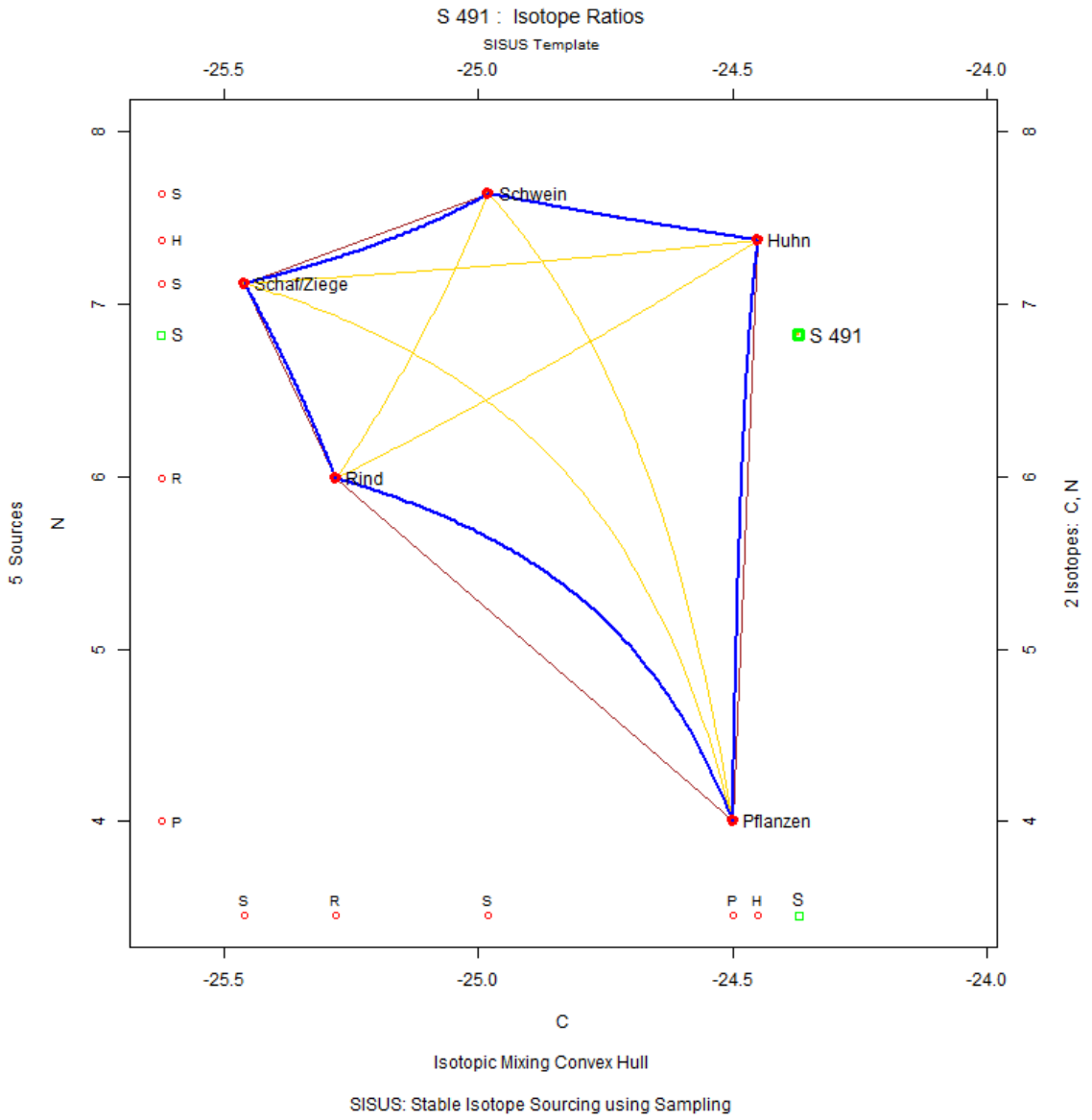


Abbildung 1848: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 491. Erstellt mit SISUS.

S493

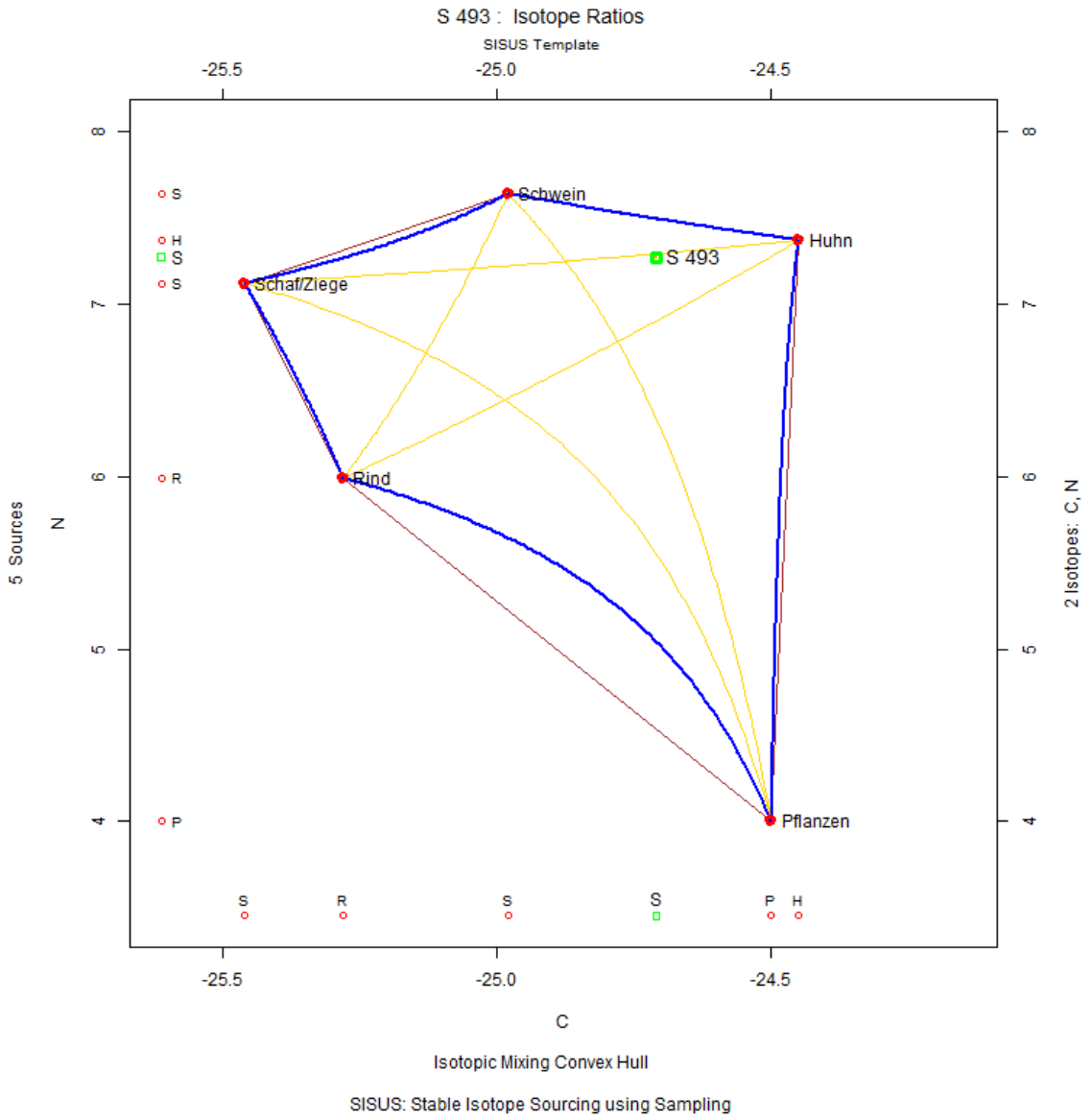


Abbildung 1849: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 493. Erstellt mit SISUS.

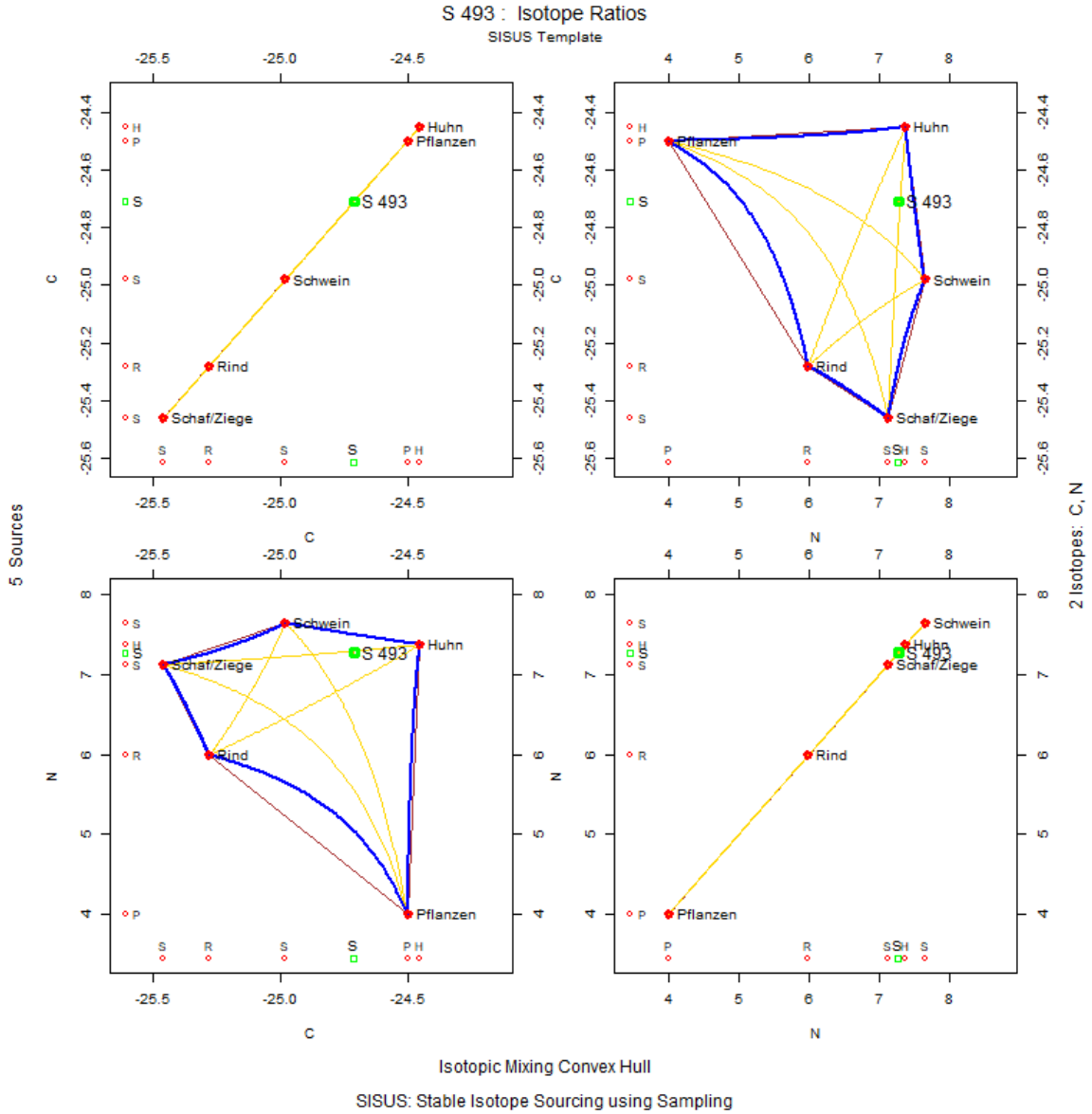


Abbildung 1850: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 493 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

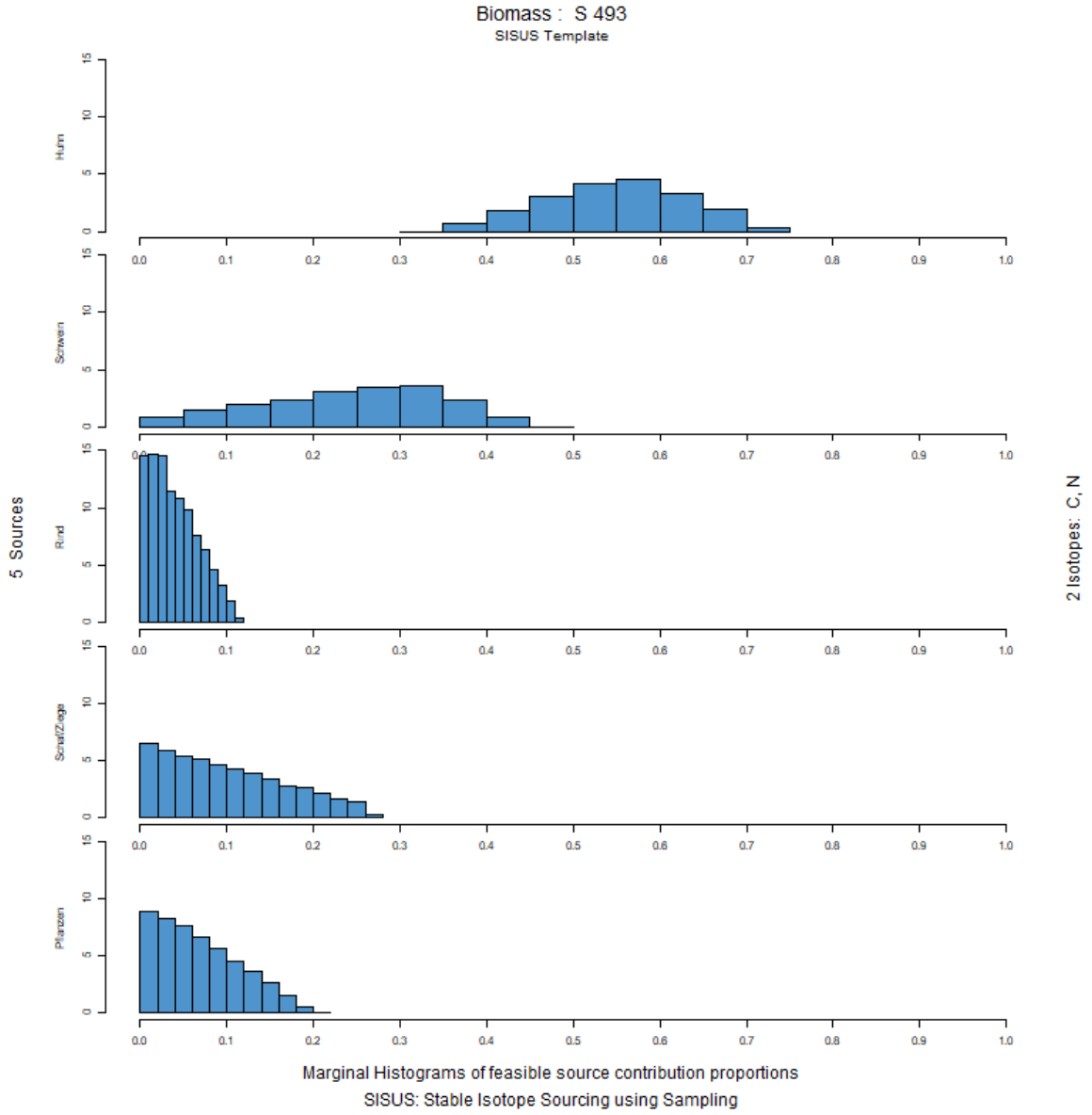


Abbildung 1851: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 493. Erstellt mit SISUS.

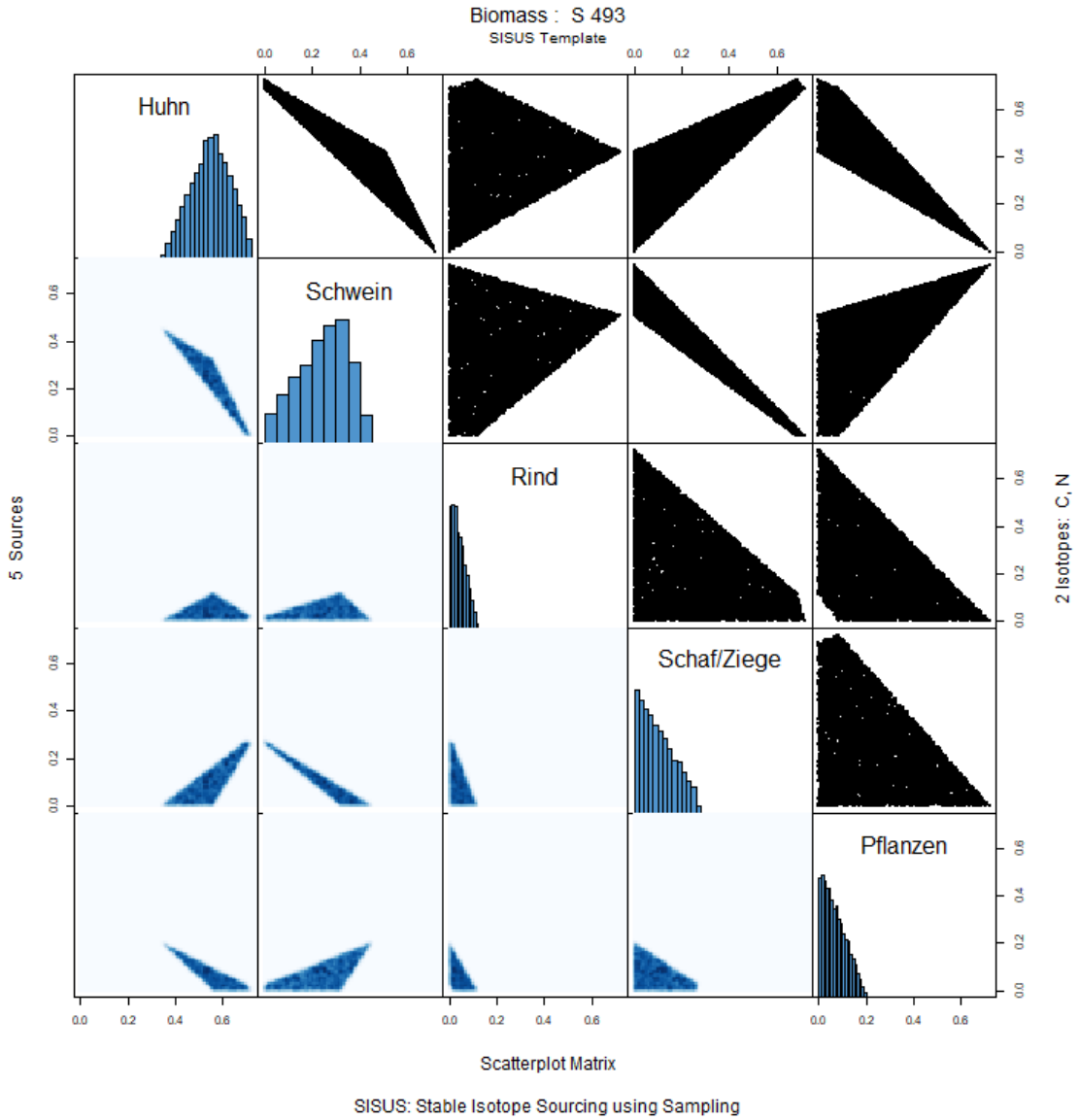


Abbildung 1852: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 493. Erstellt mit SISUS.

S494

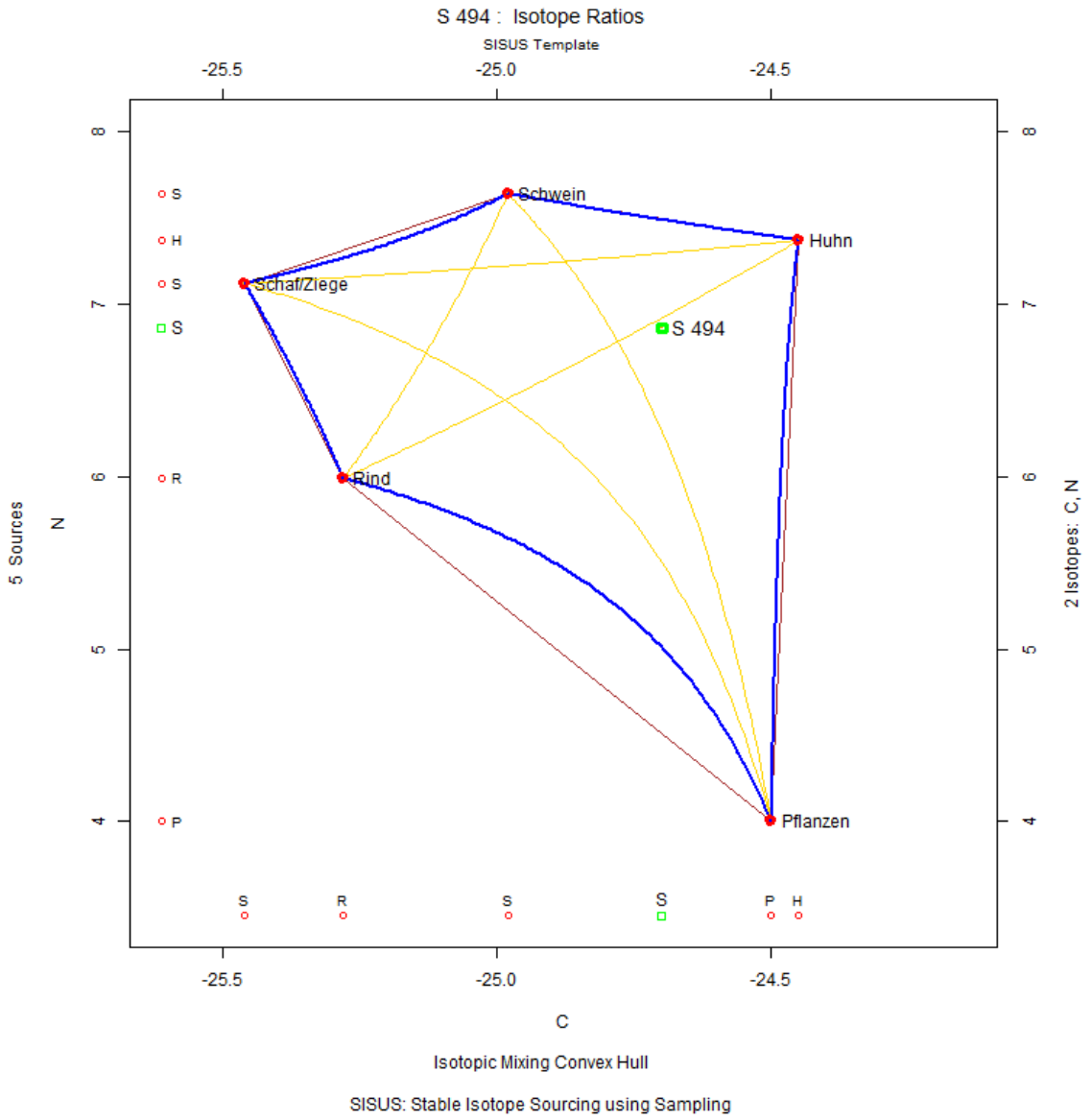


Abbildung 1853: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 494. Erstellt mit SISUS.

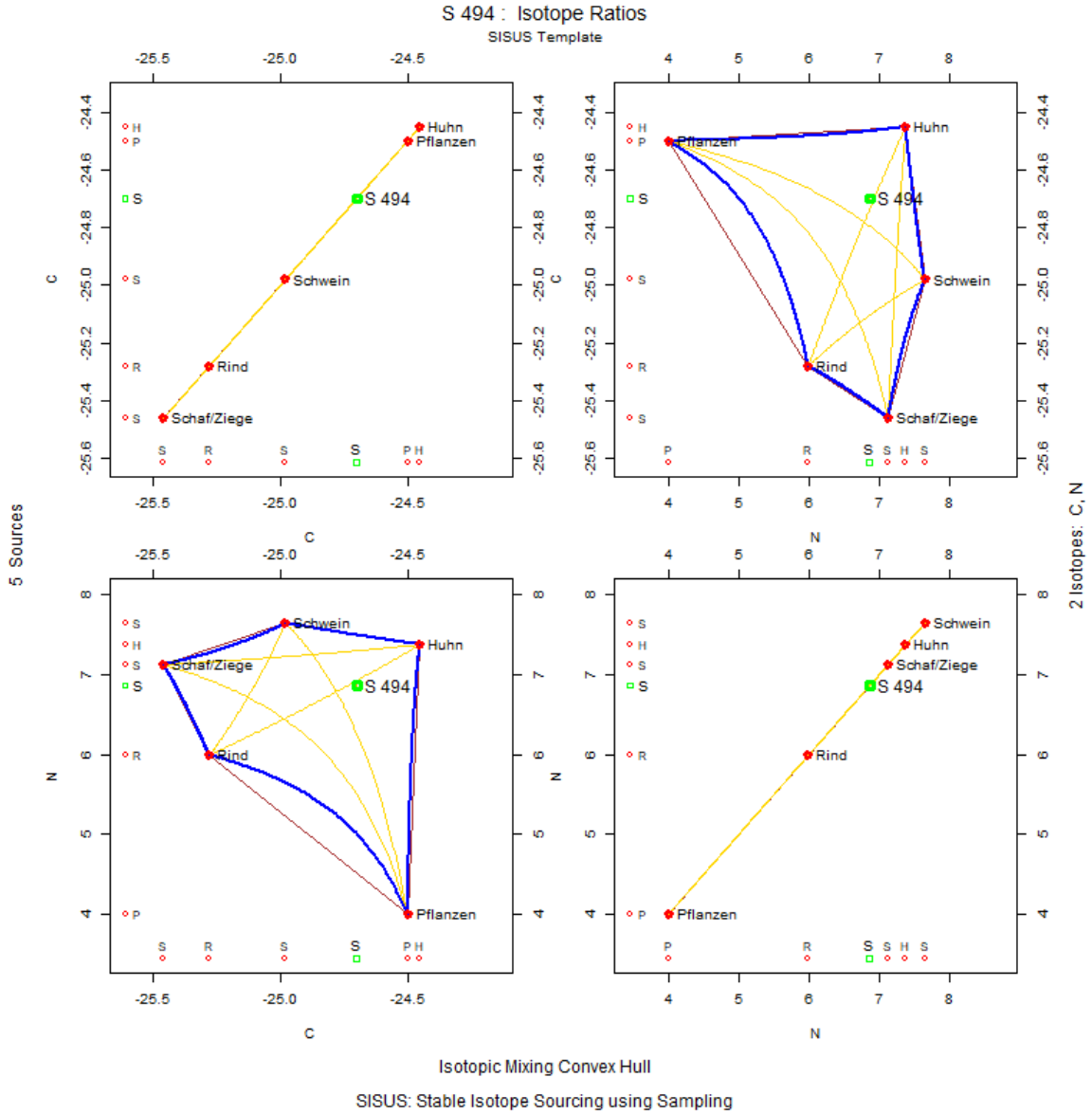


Abbildung 1854: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 494 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

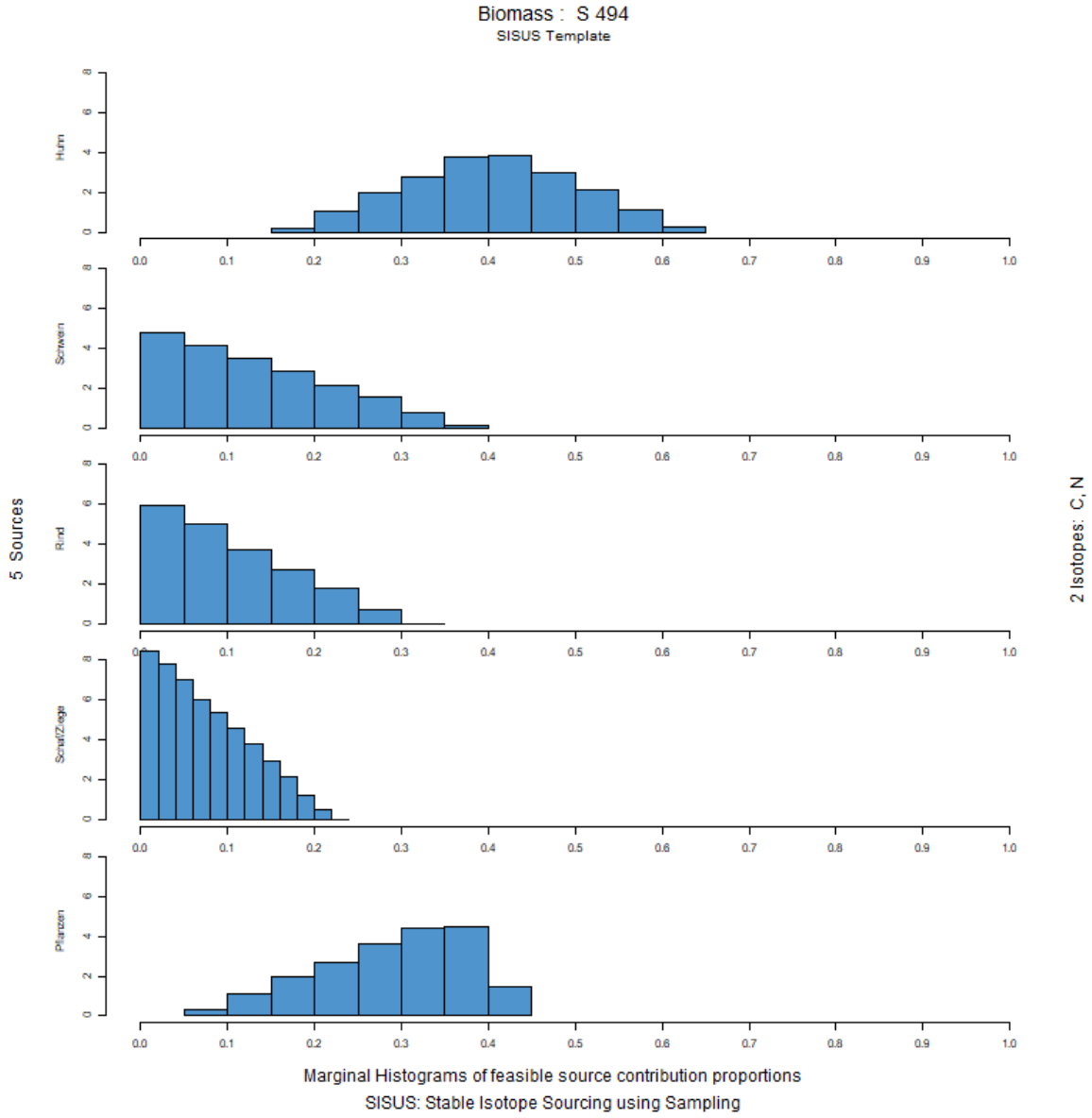


Abbildung 1855: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 494. Erstellt mit SISUS.

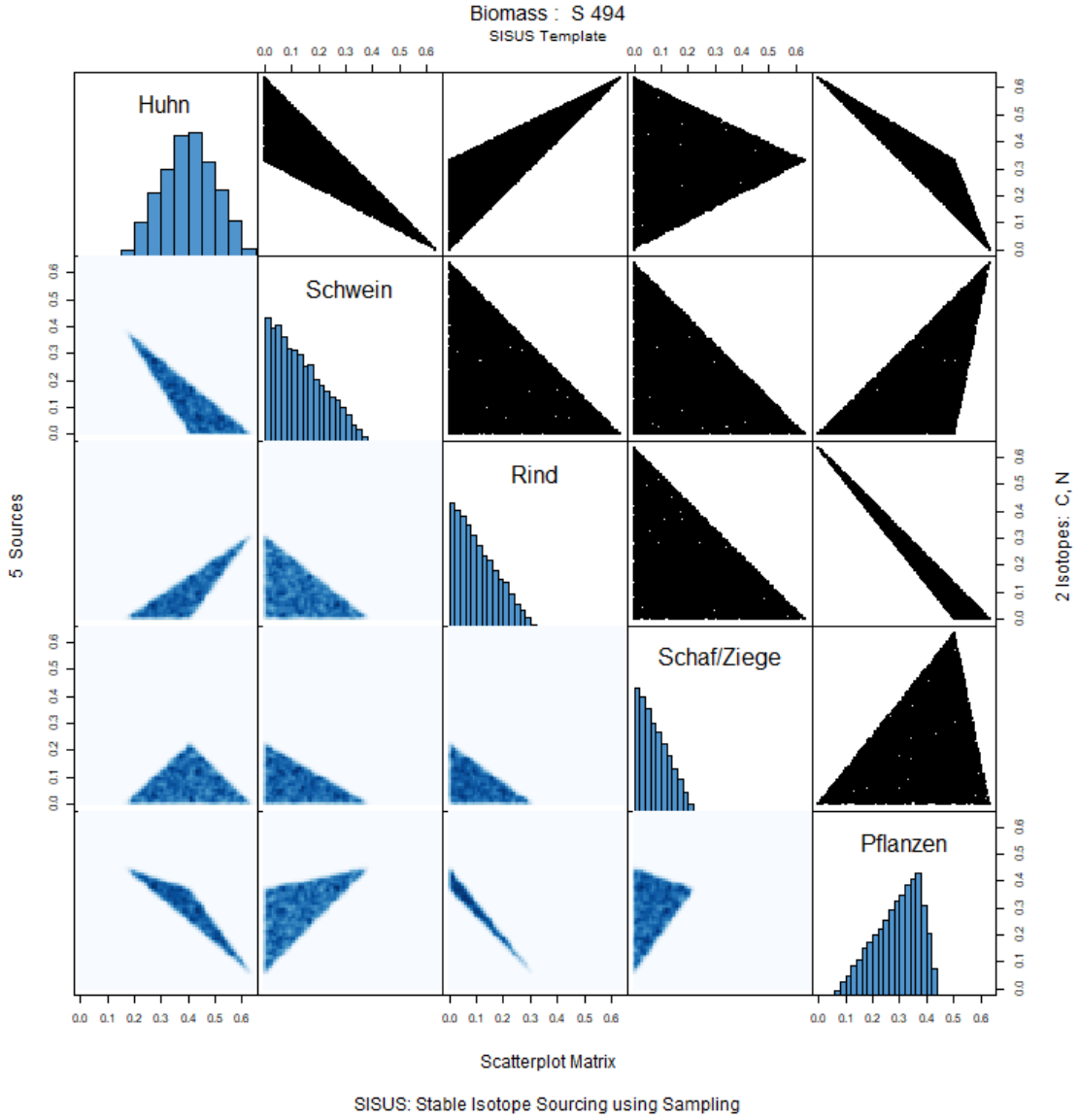


Abbildung 1856: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 494. Erstellt mit SISUS.

S495

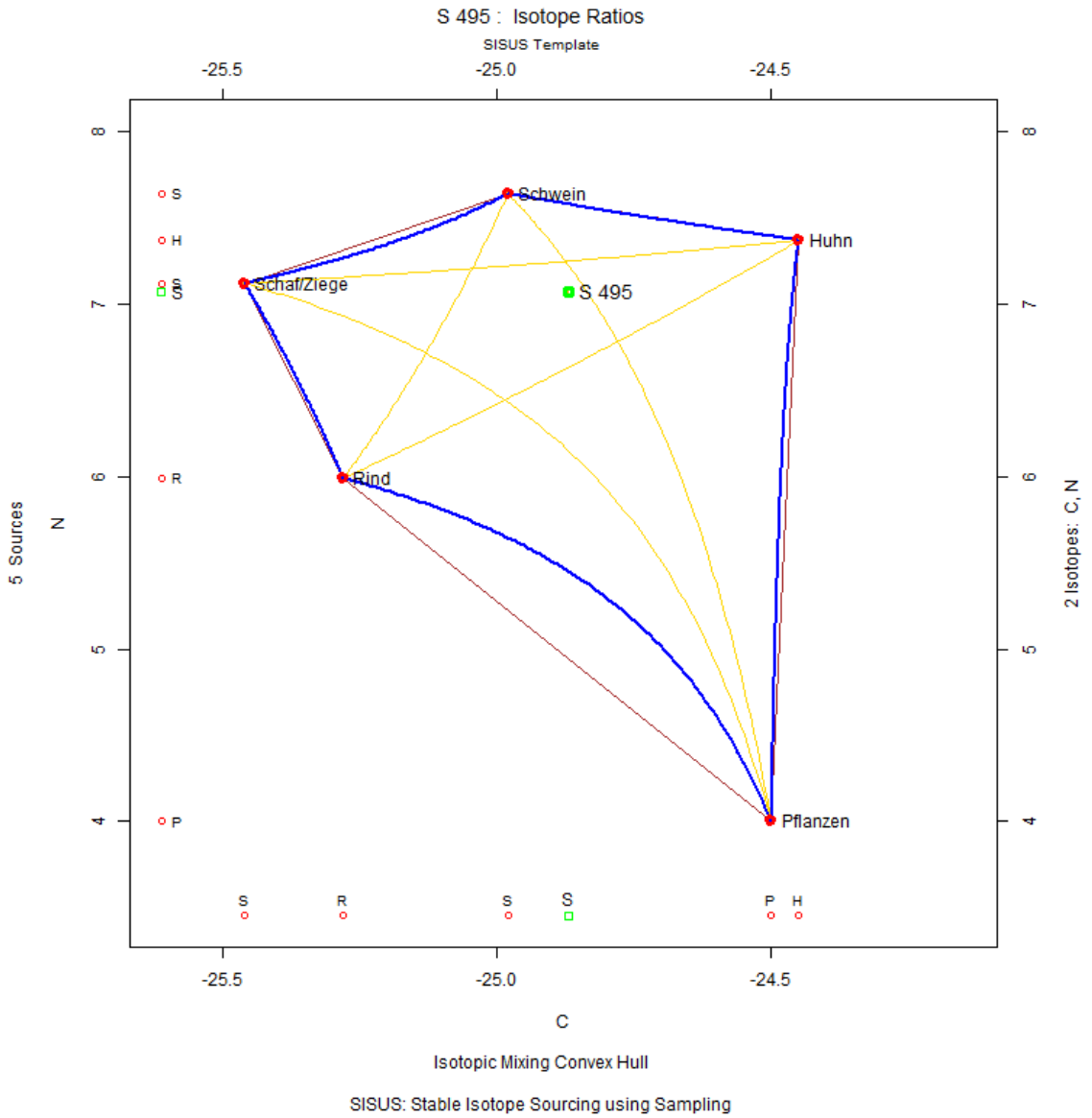


Abbildung 1857: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 495. Erstellt mit SISUS.

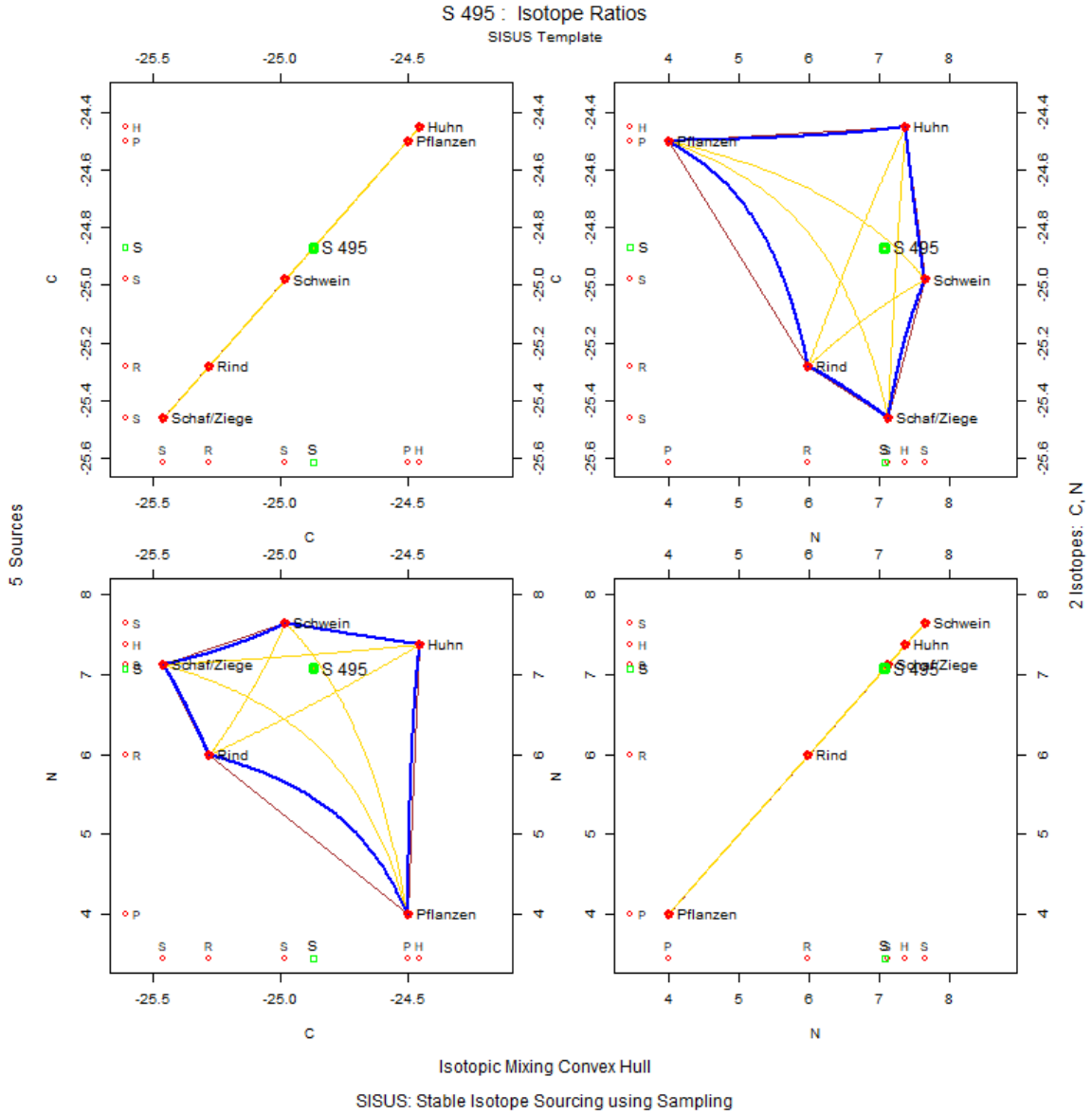


Abbildung 1858: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 495 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

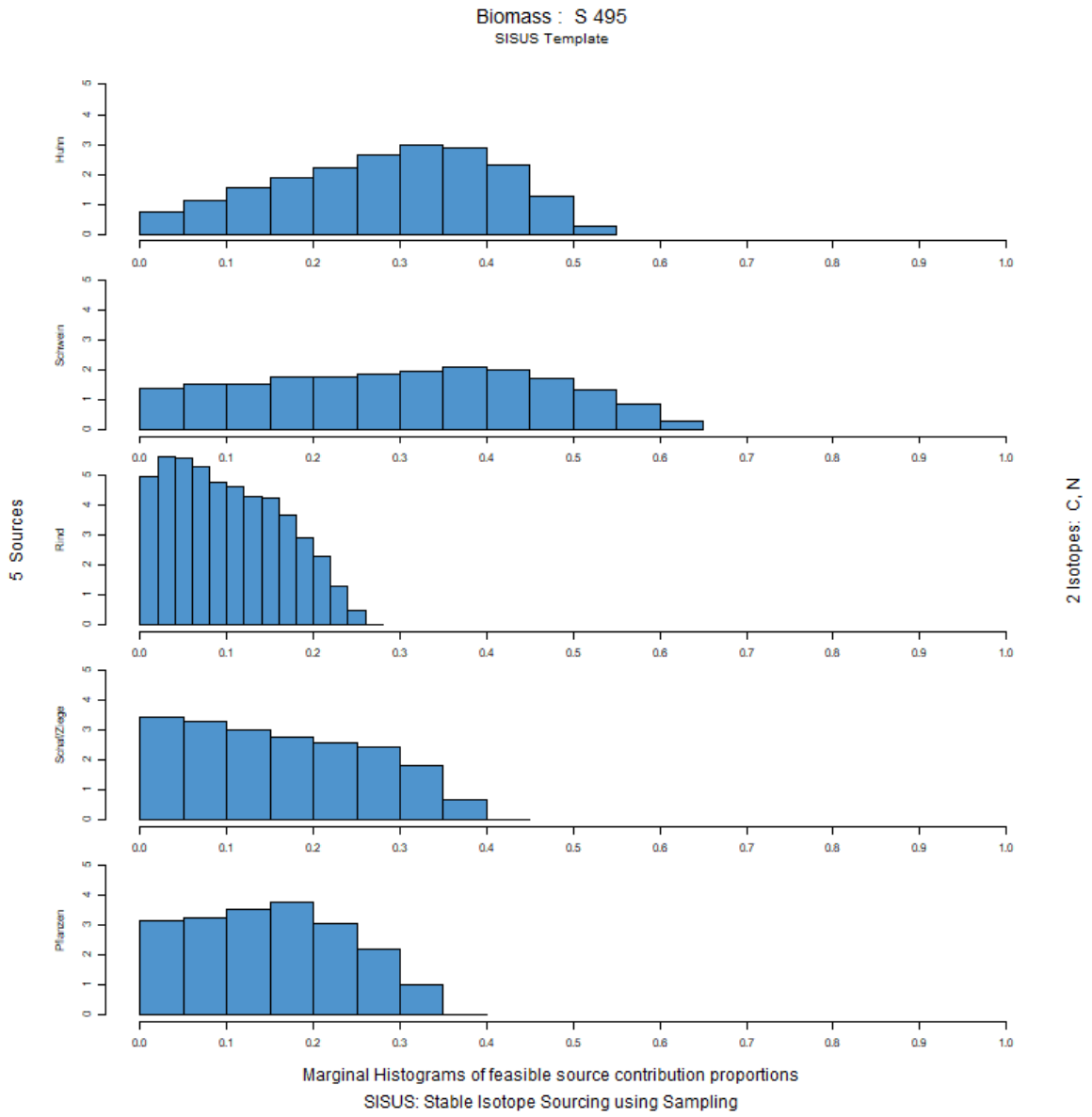


Abbildung 1859: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 495. Erstellt mit SISUS.

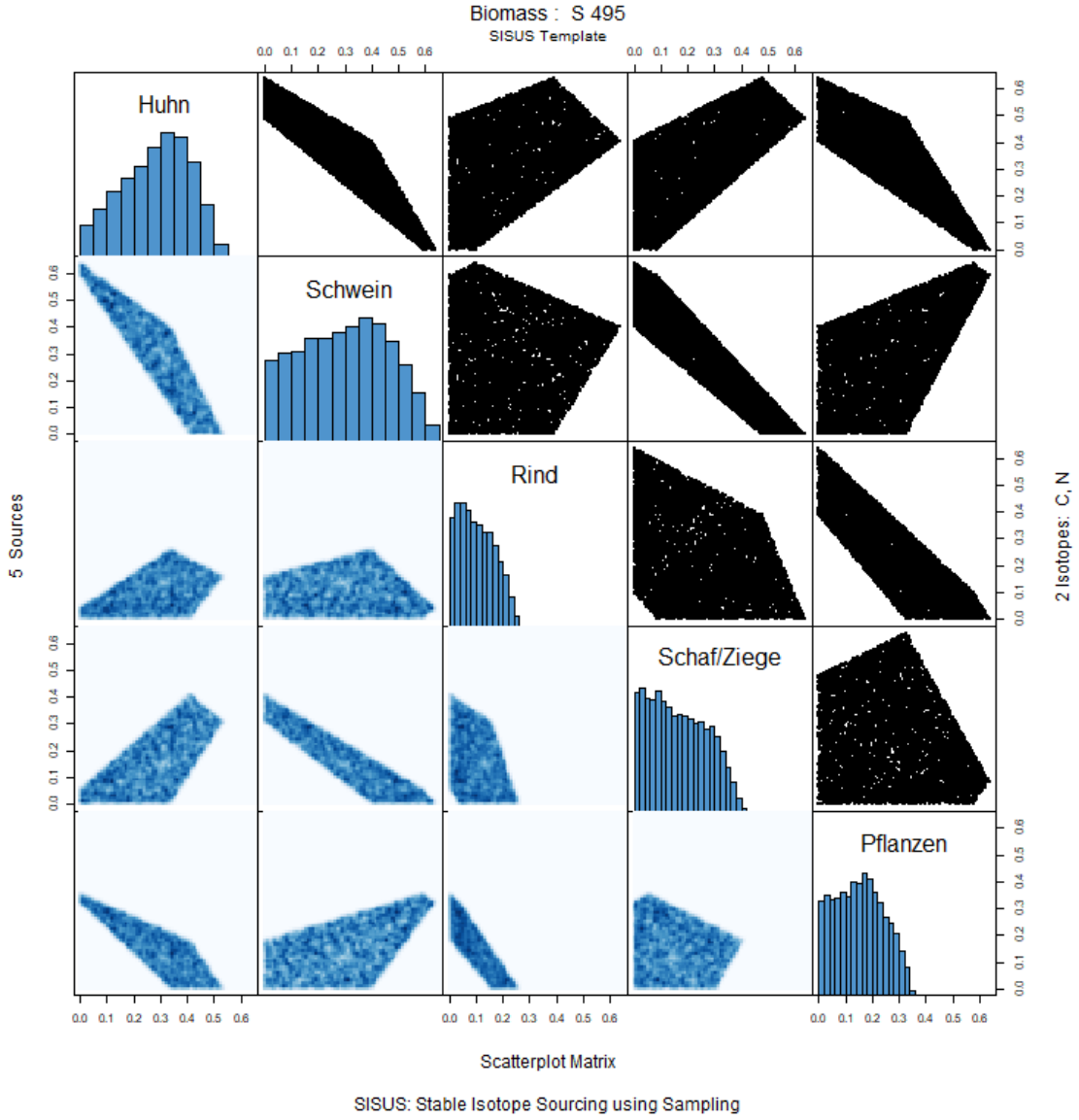


Abbildung 1860: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 495. Erstellt mit SISUS.

S497

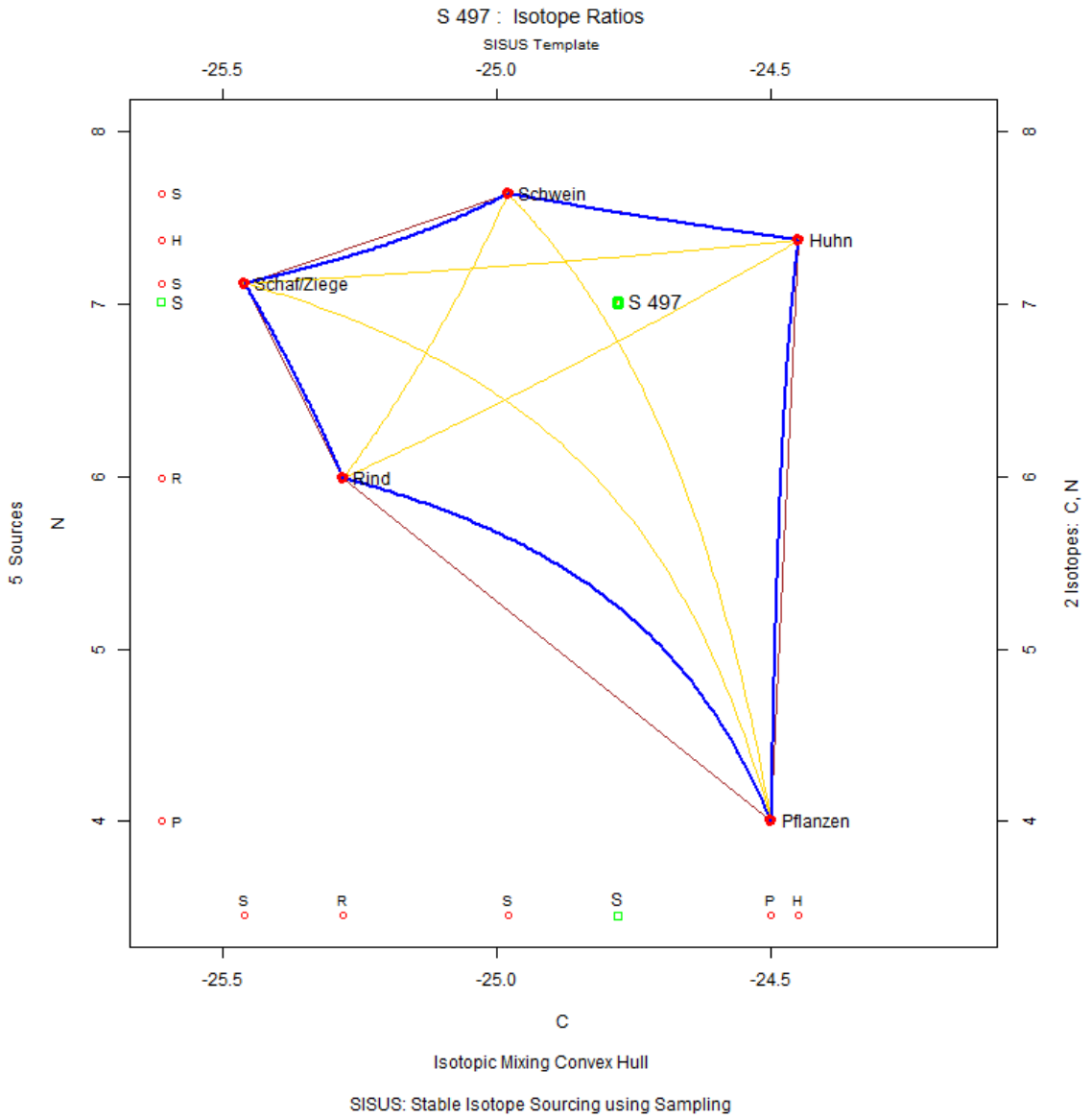


Abbildung 1861: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 497. Erstellt mit SISUS.

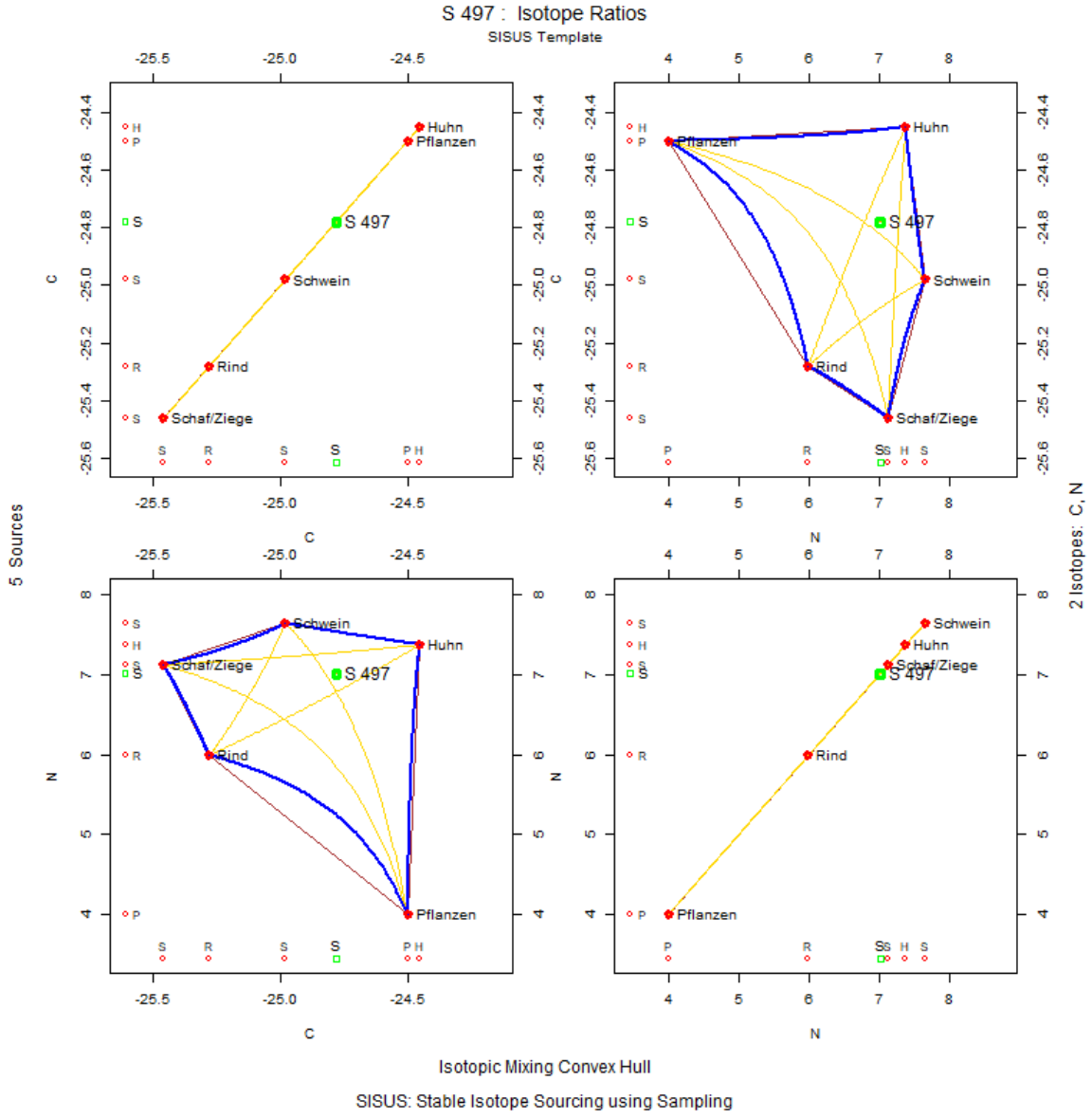


Abbildung 1862: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 497 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

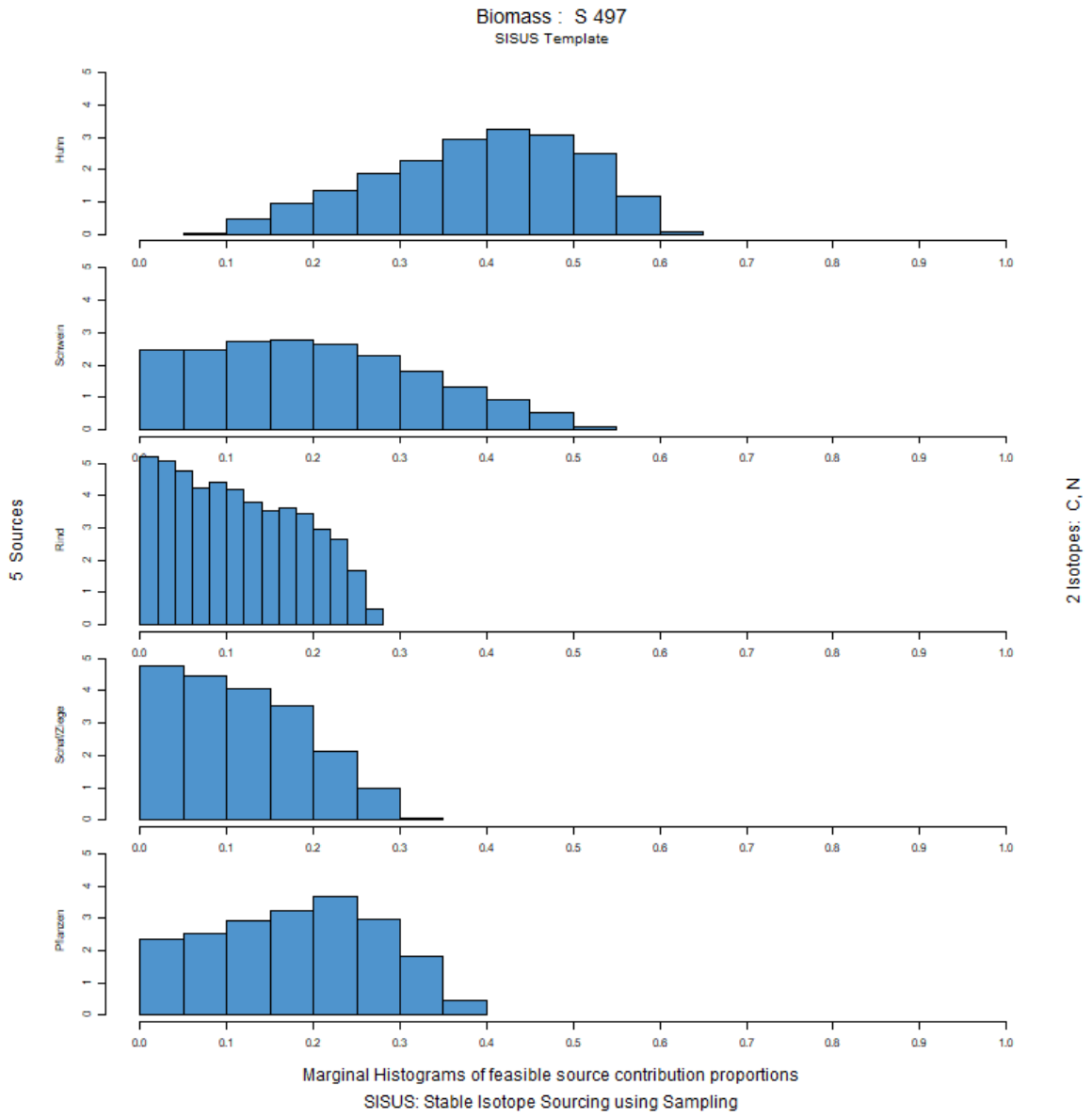


Abbildung 1863: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 497. Erstellt mit SISUS.

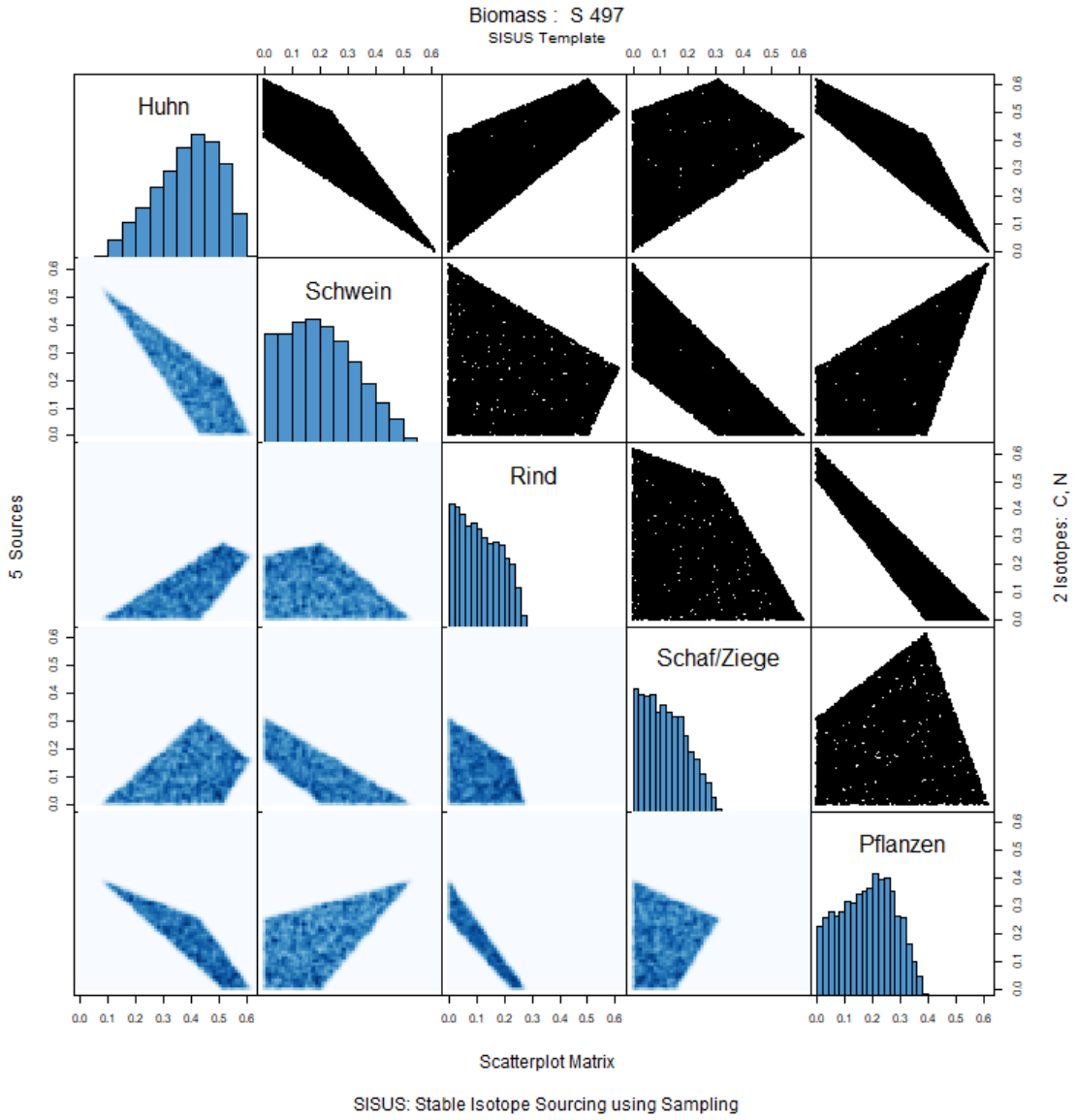


Abbildung 1864: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 497. Erstellt mit SISUS.

S499

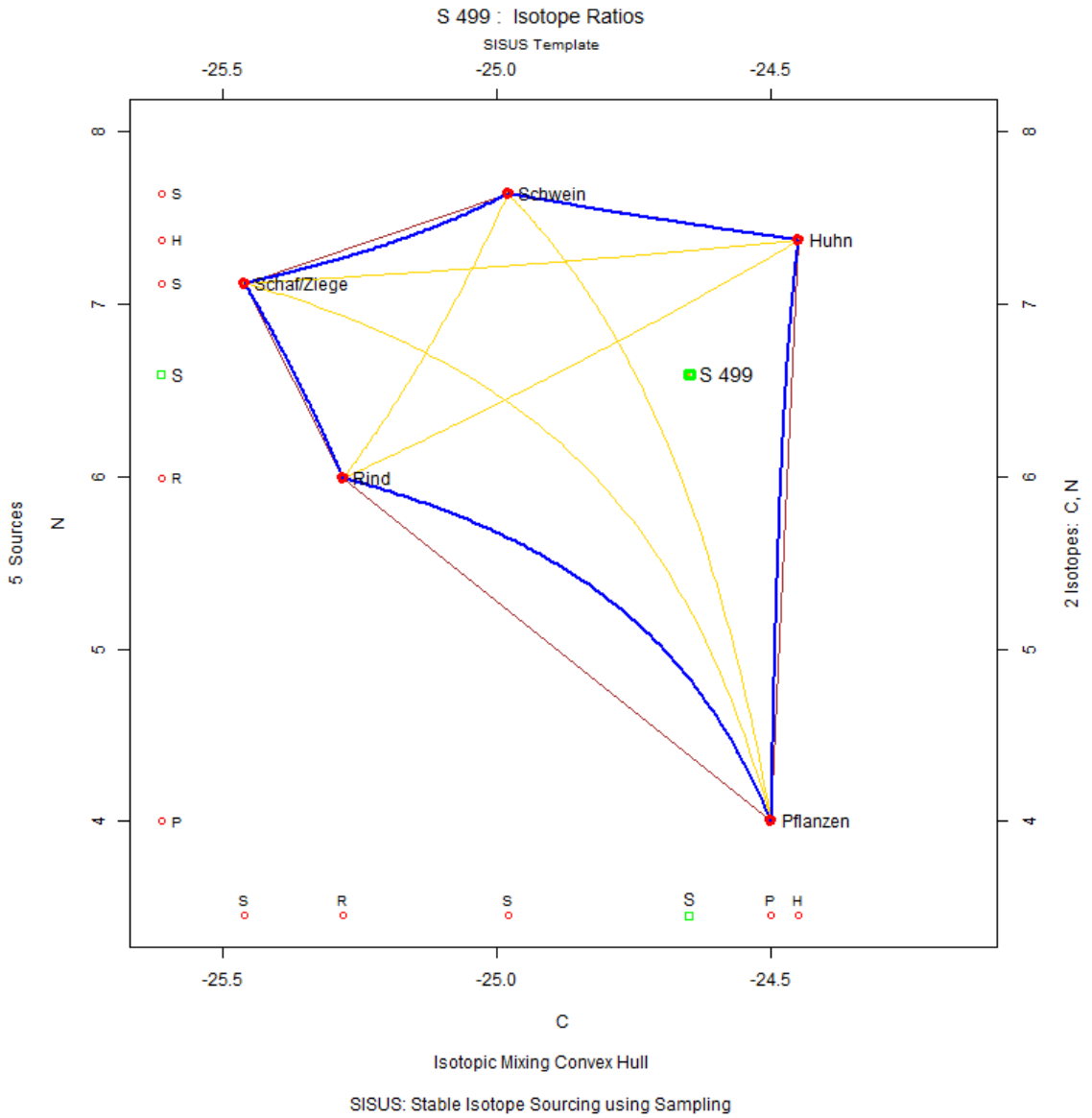


Abbildung 1865: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 499. Erstellt mit SISUS.

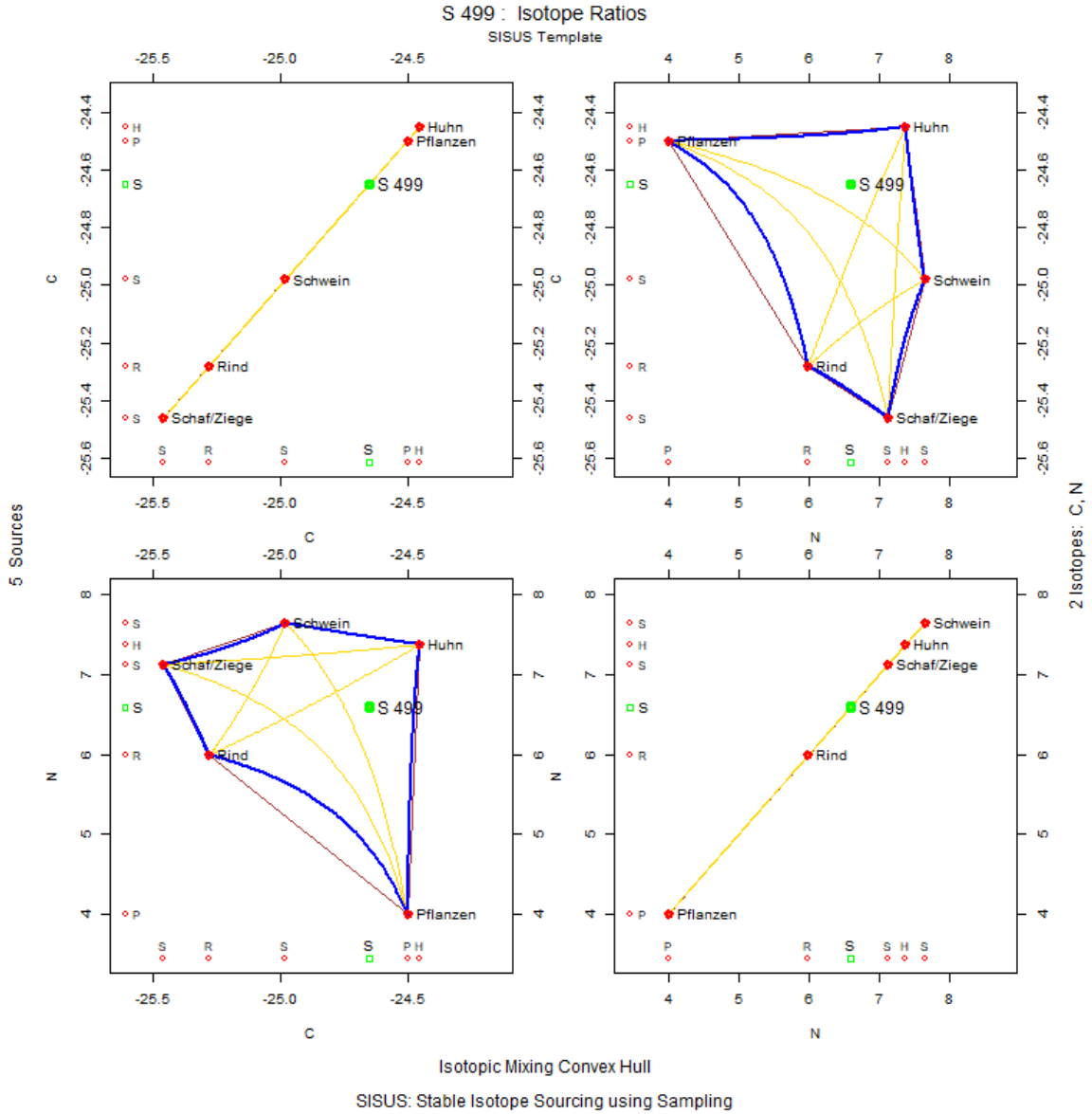


Abbildung 1866: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 499 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

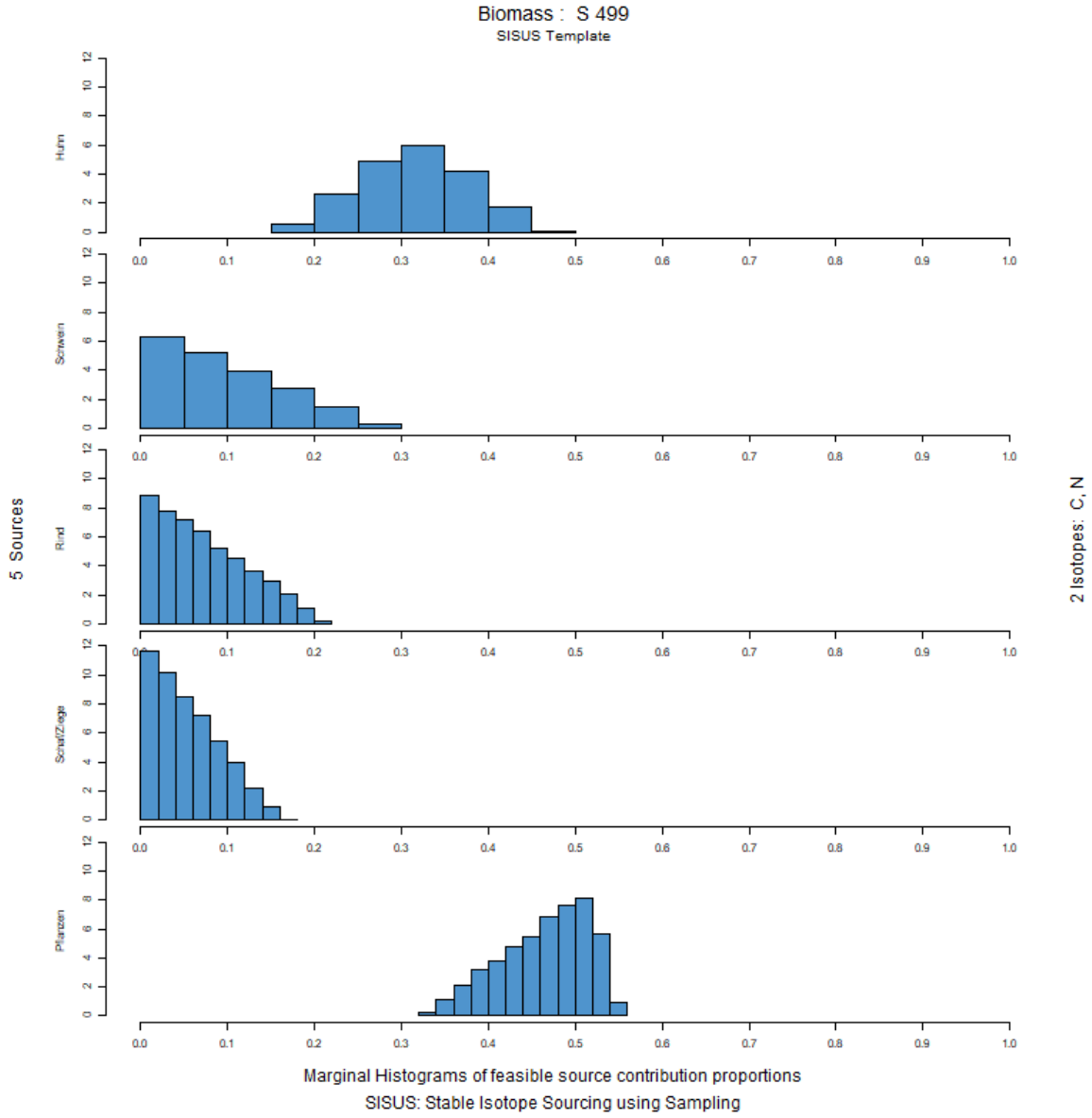


Abbildung 1867: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 499. Erstellt mit SISUS.

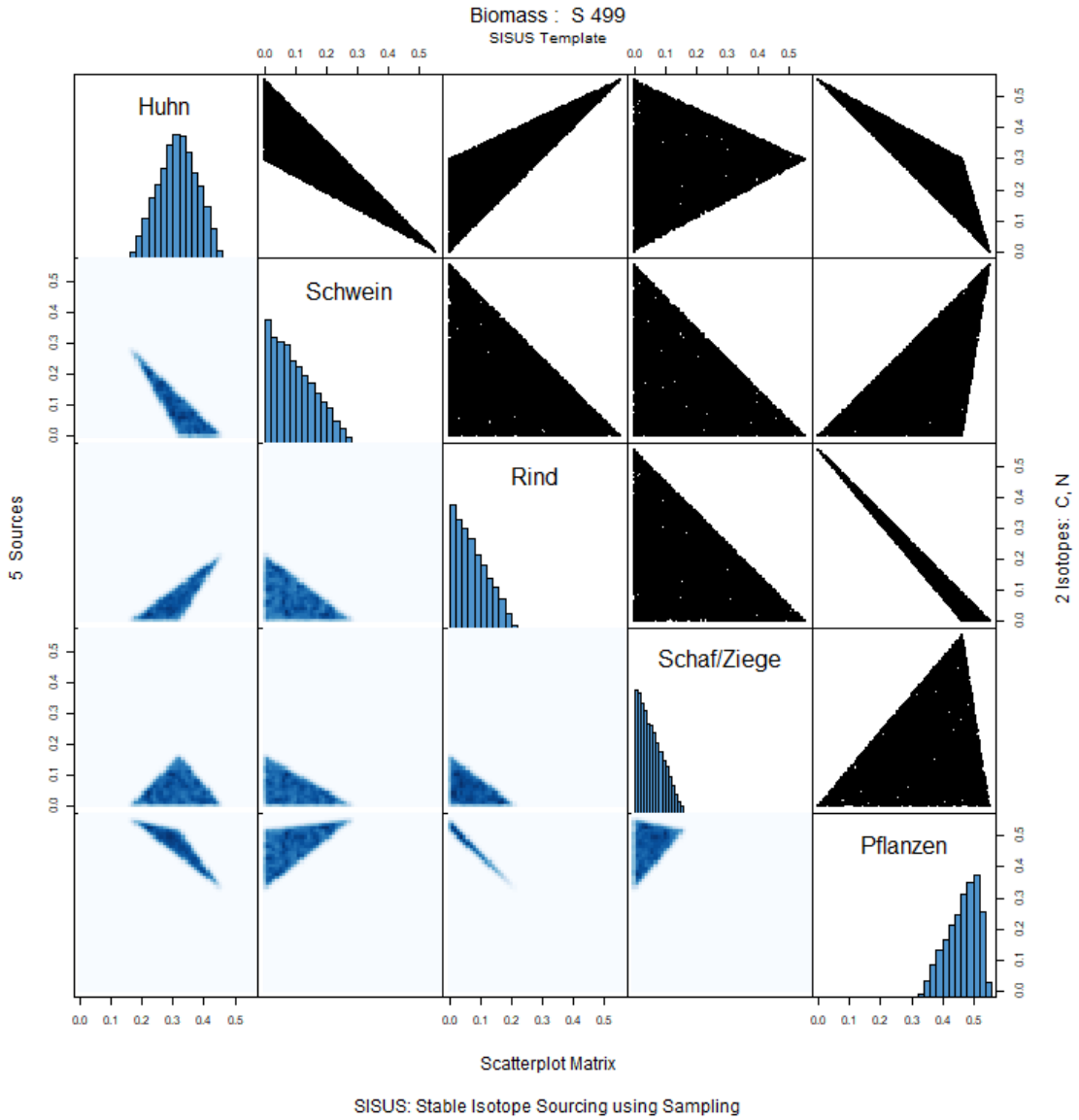


Abbildung 1868: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 499. Erstellt mit SISUS.

S500

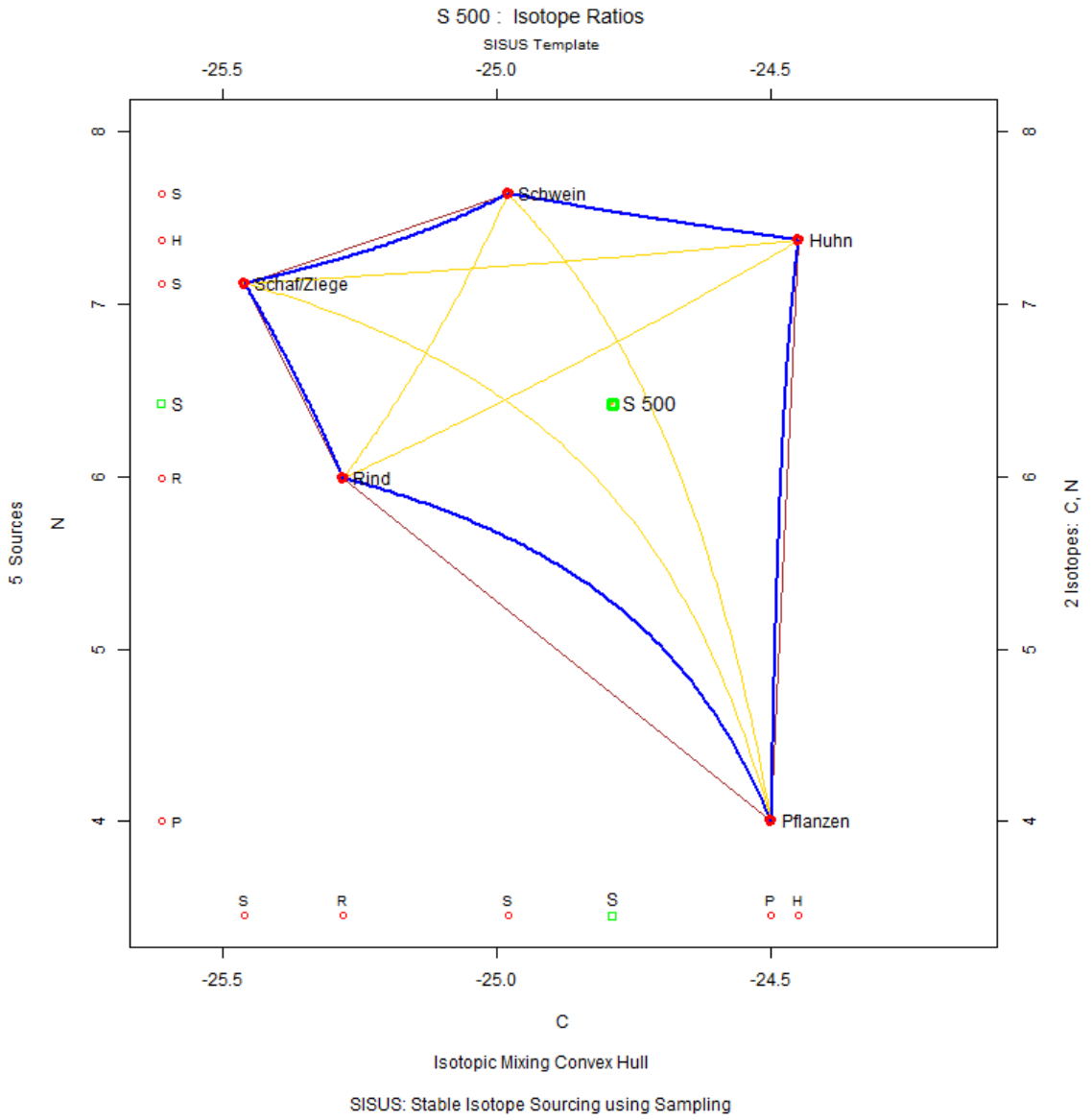


Abbildung 1869: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 500. Erstellt mit SISUS.

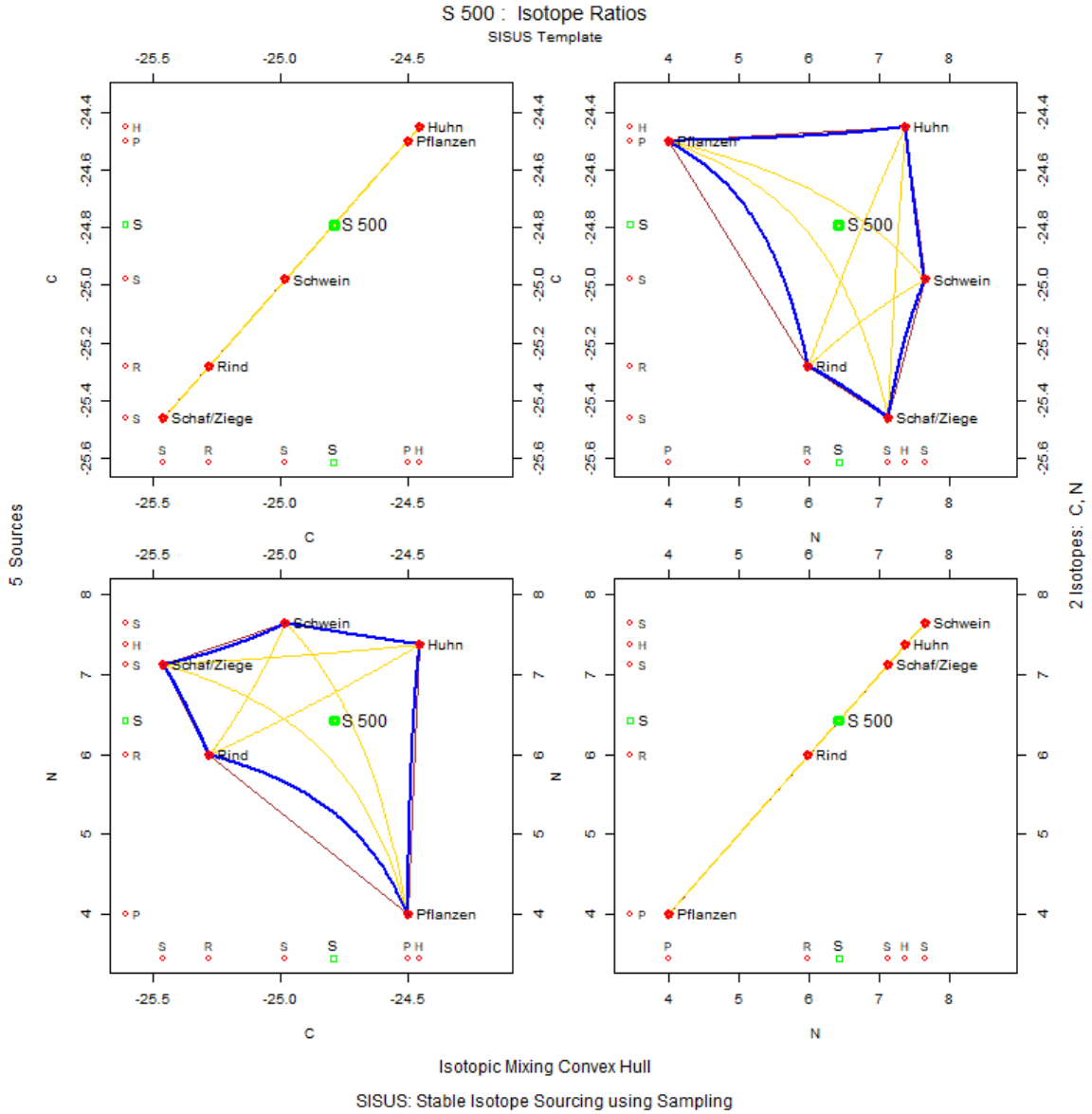


Abbildung 1870: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 500 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

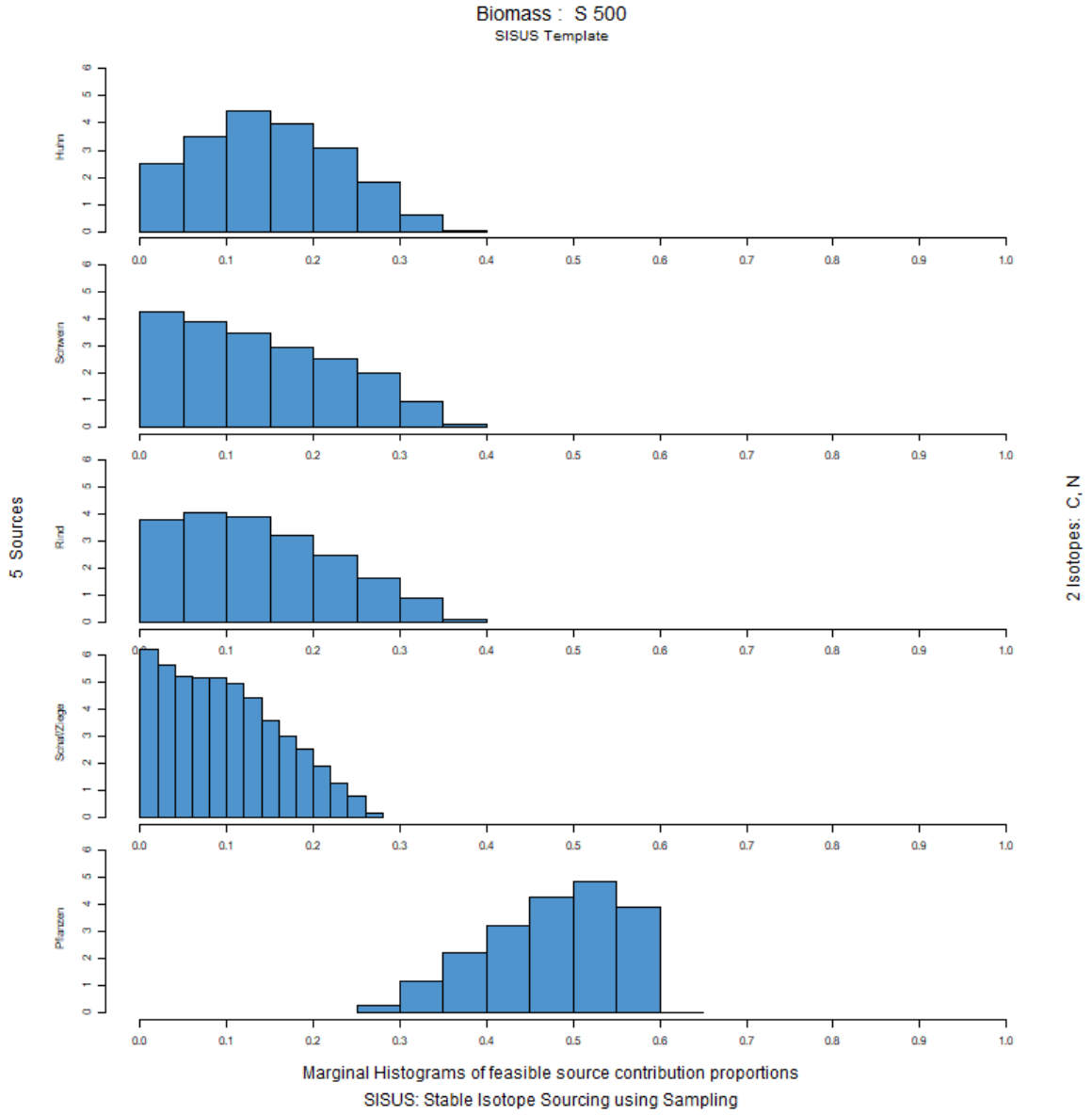


Abbildung 1871: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 500. Erstellt mit SISUS.

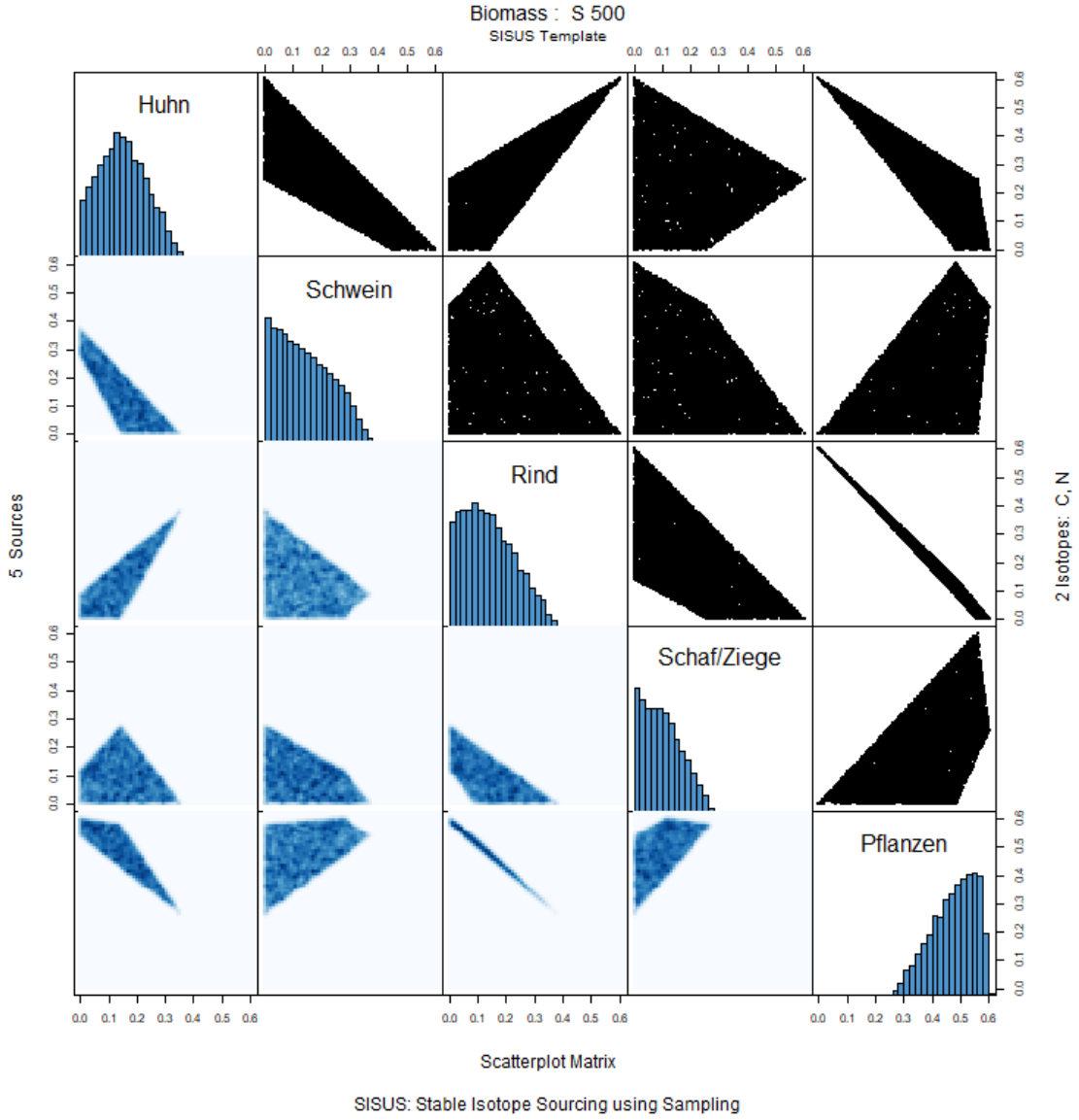


Abbildung 1872: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 500. Erstellt mit SISUS.

S501

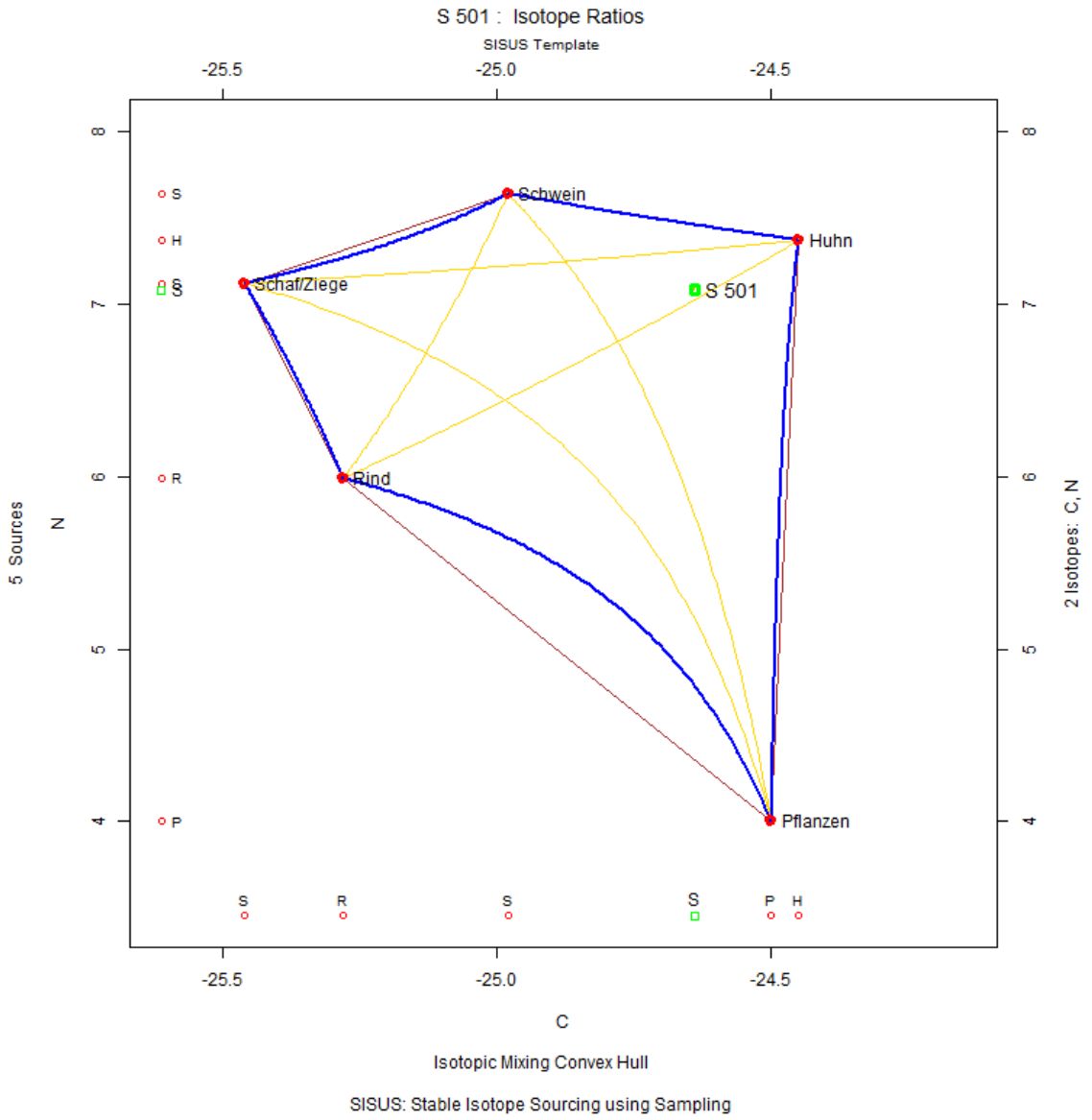


Abbildung 1873: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 501. Erstellt mit SISUS.

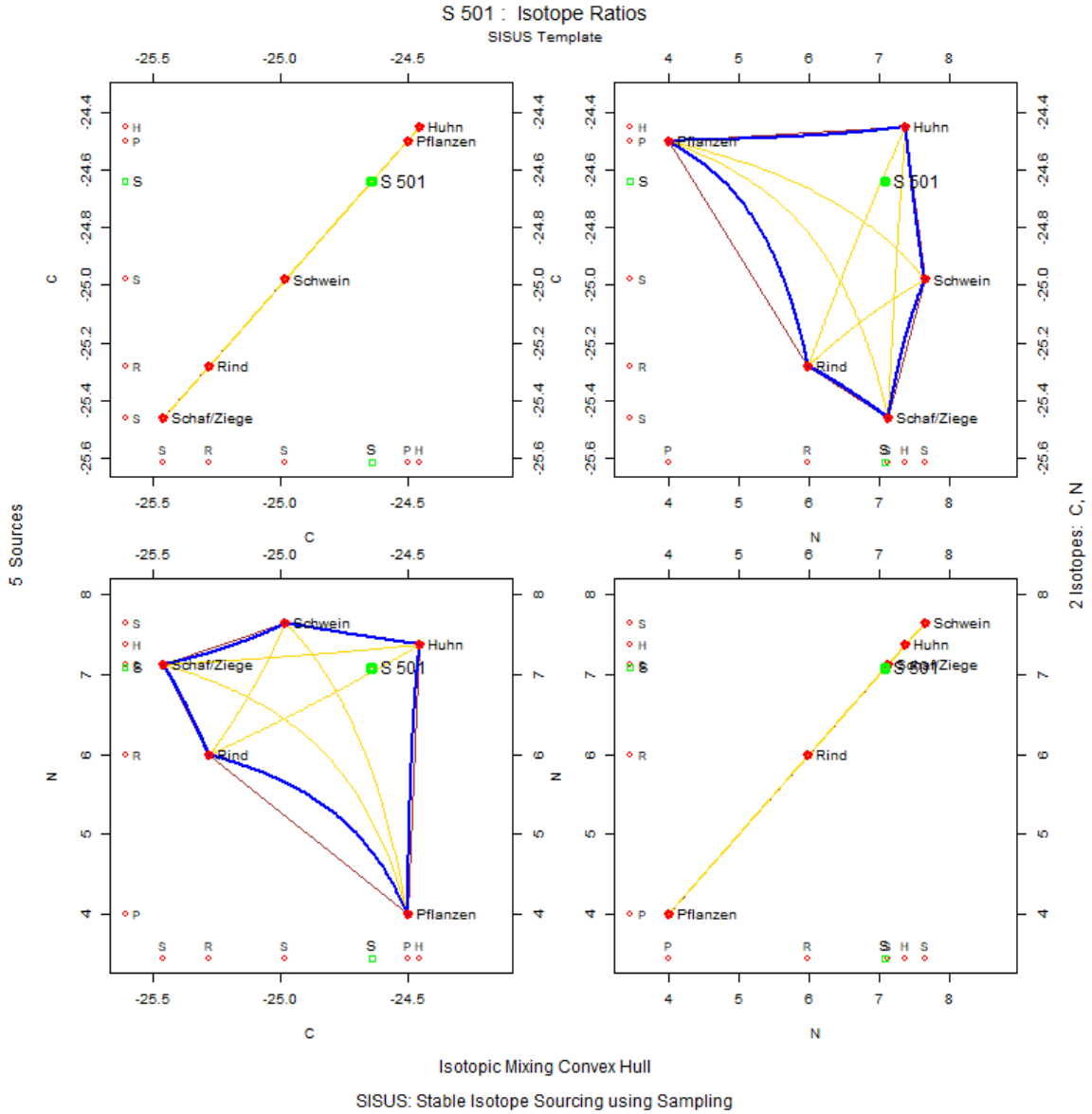


Abbildung 1874: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 501 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

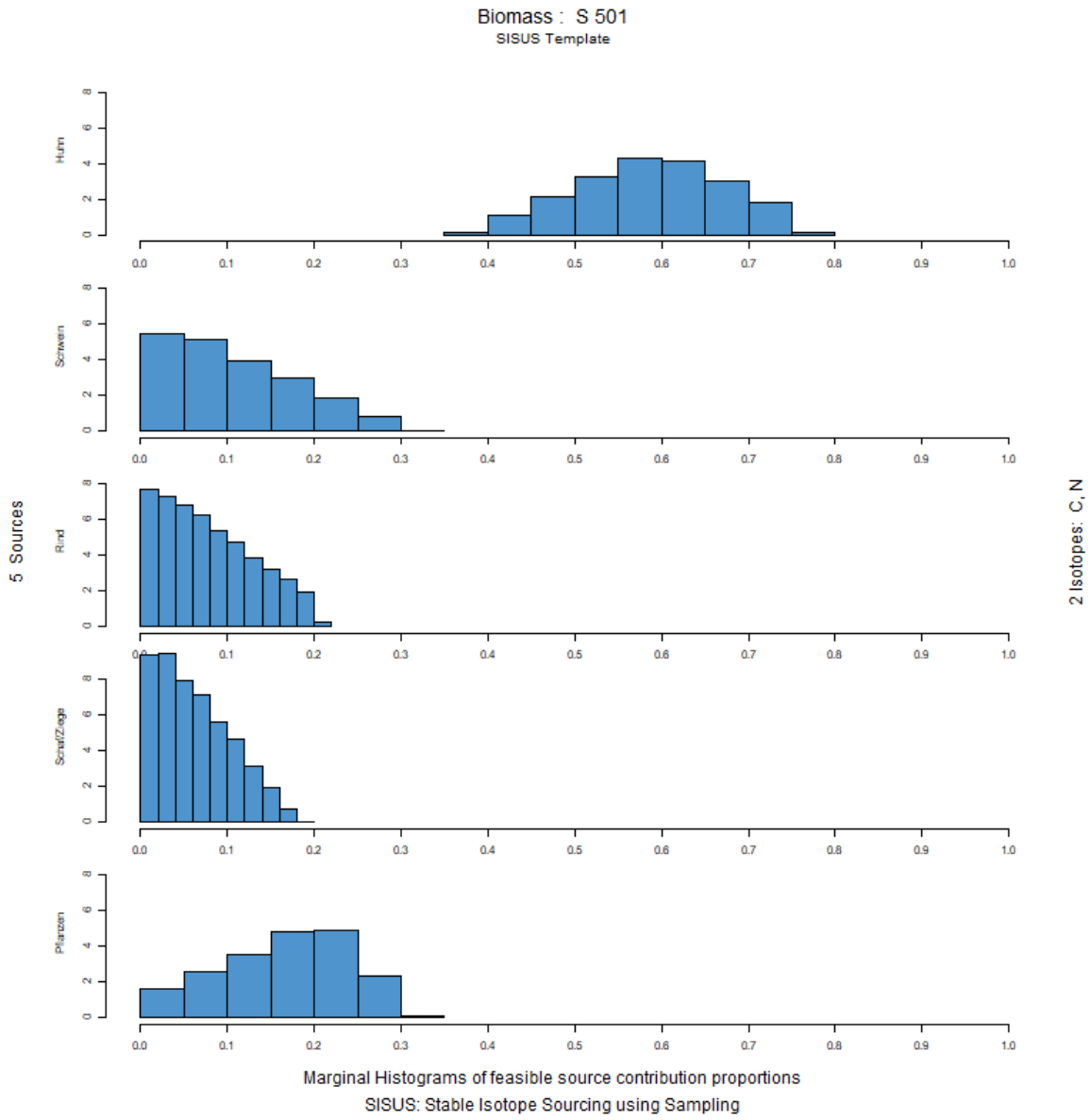


Abbildung 1875: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 501. Erstellt mit SISUS.

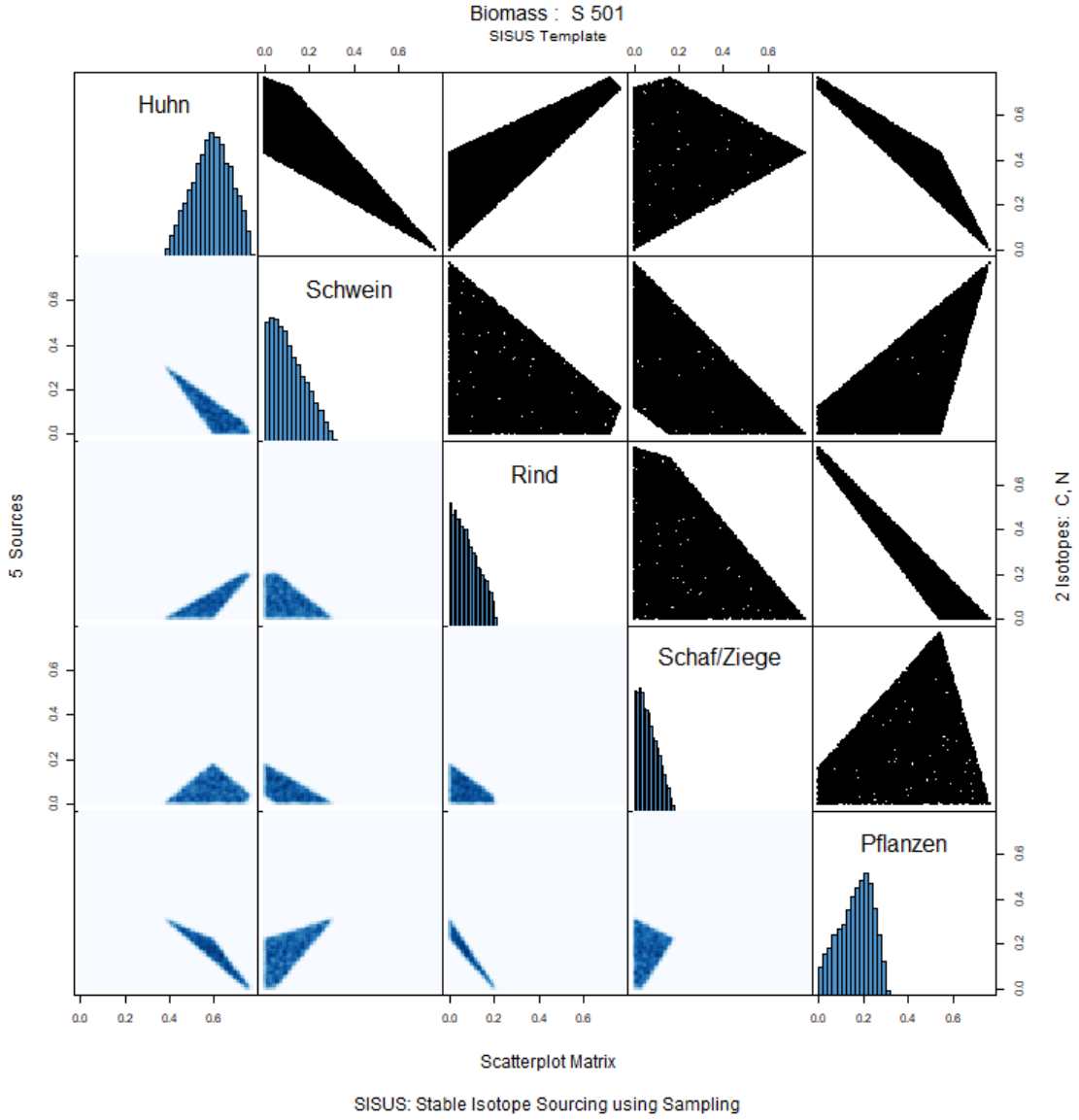


Abbildung 1876: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 501. Erstellt mit SISUS.

S502

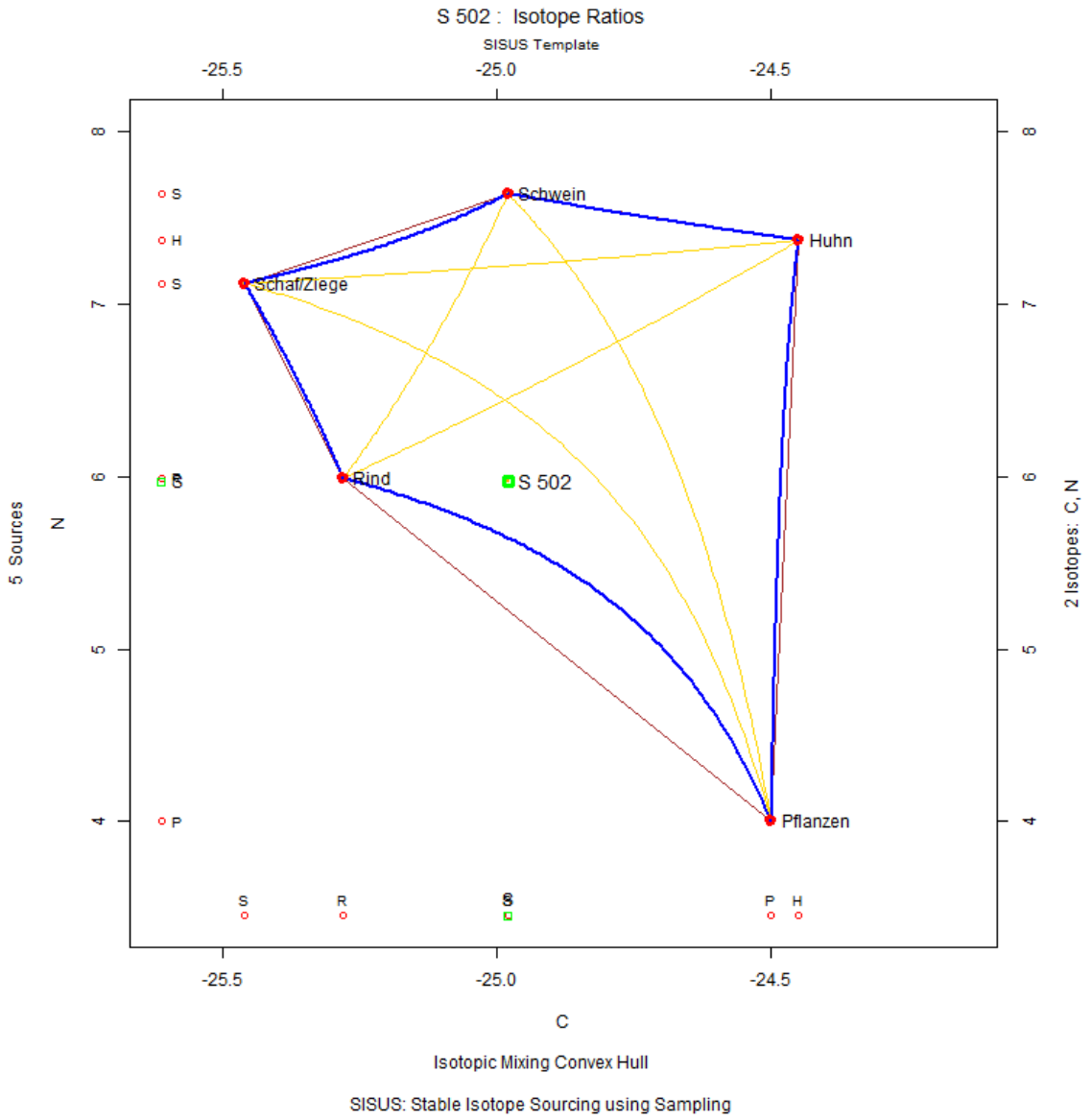


Abbildung 1877: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 502. Erstellt mit SISUS.

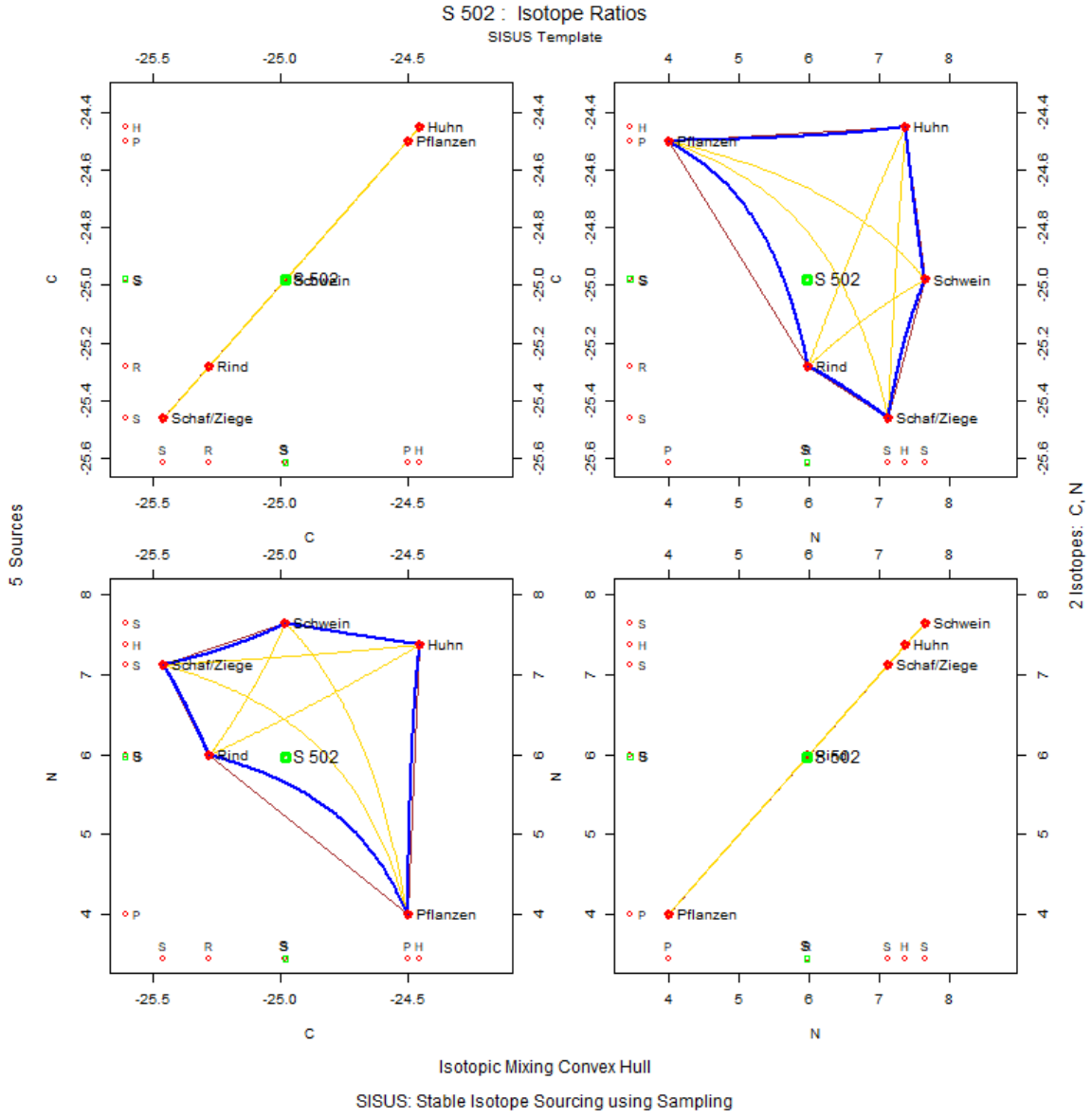


Abbildung 1878: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 502 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

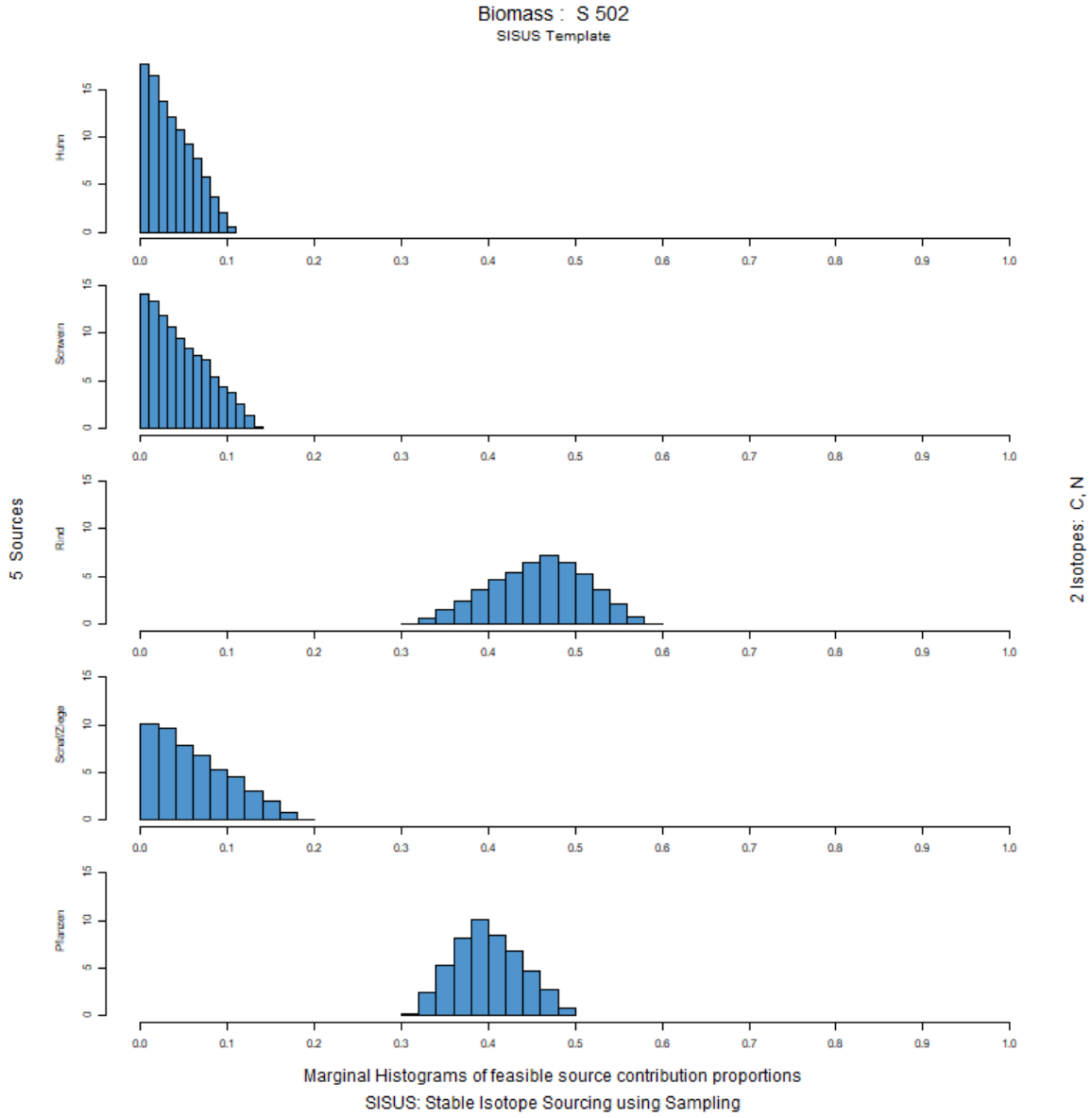


Abbildung 1879: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 502. Erstellt mit SISUS.

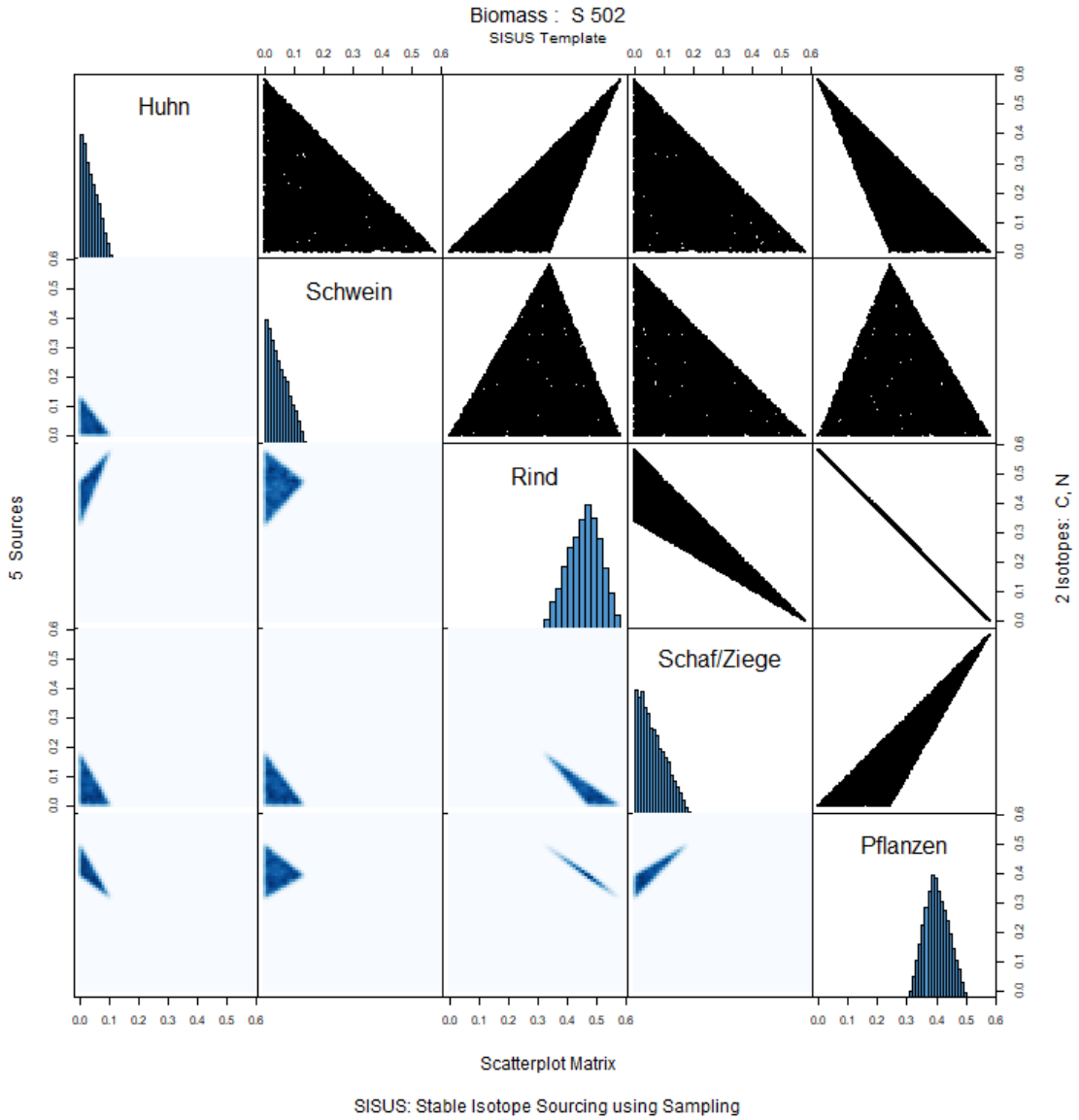


Abbildung 1880: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 502. Erstellt mit SISUS.

S520

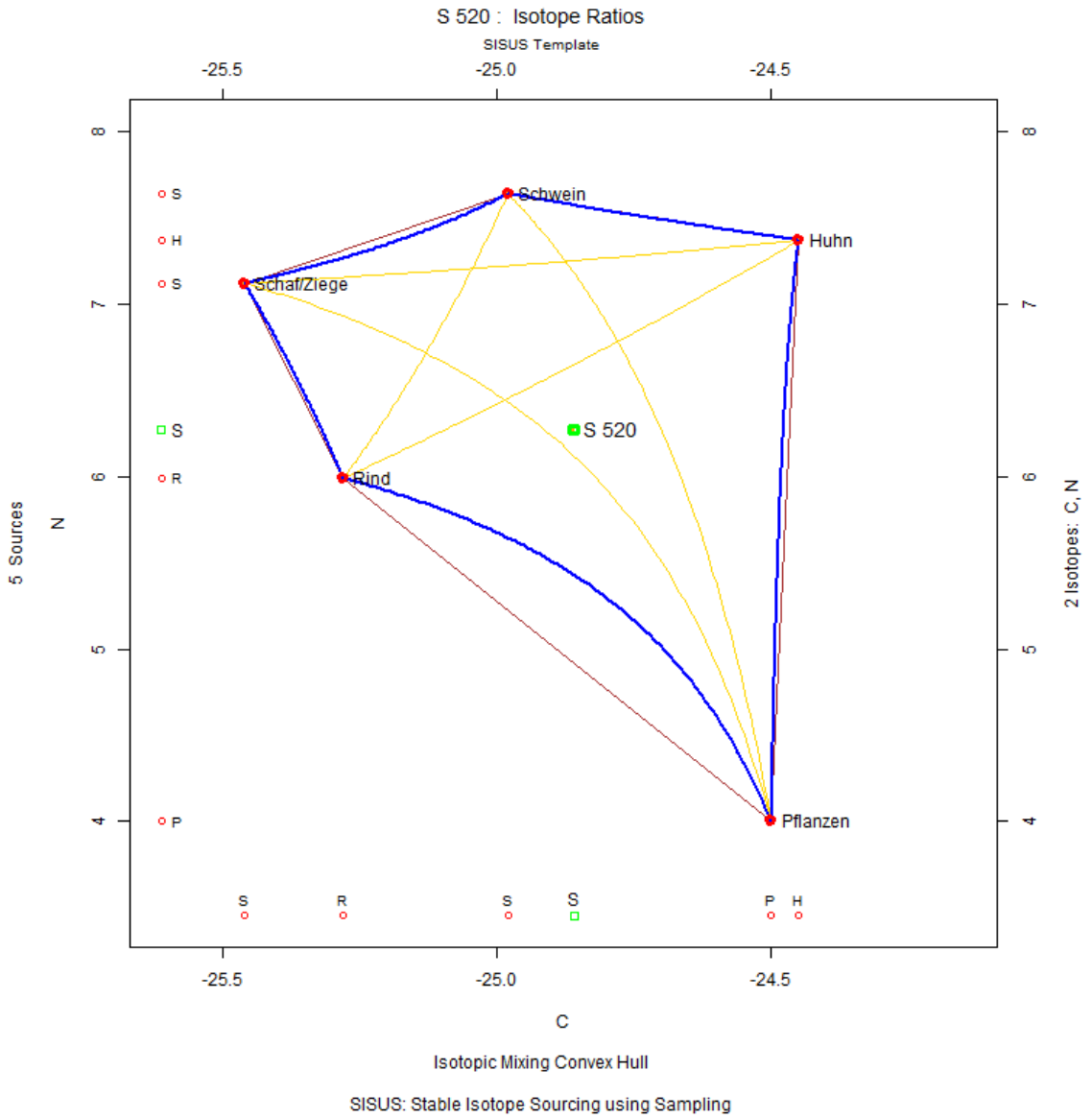


Abbildung 1881: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 520. Erstellt mit SISUS.

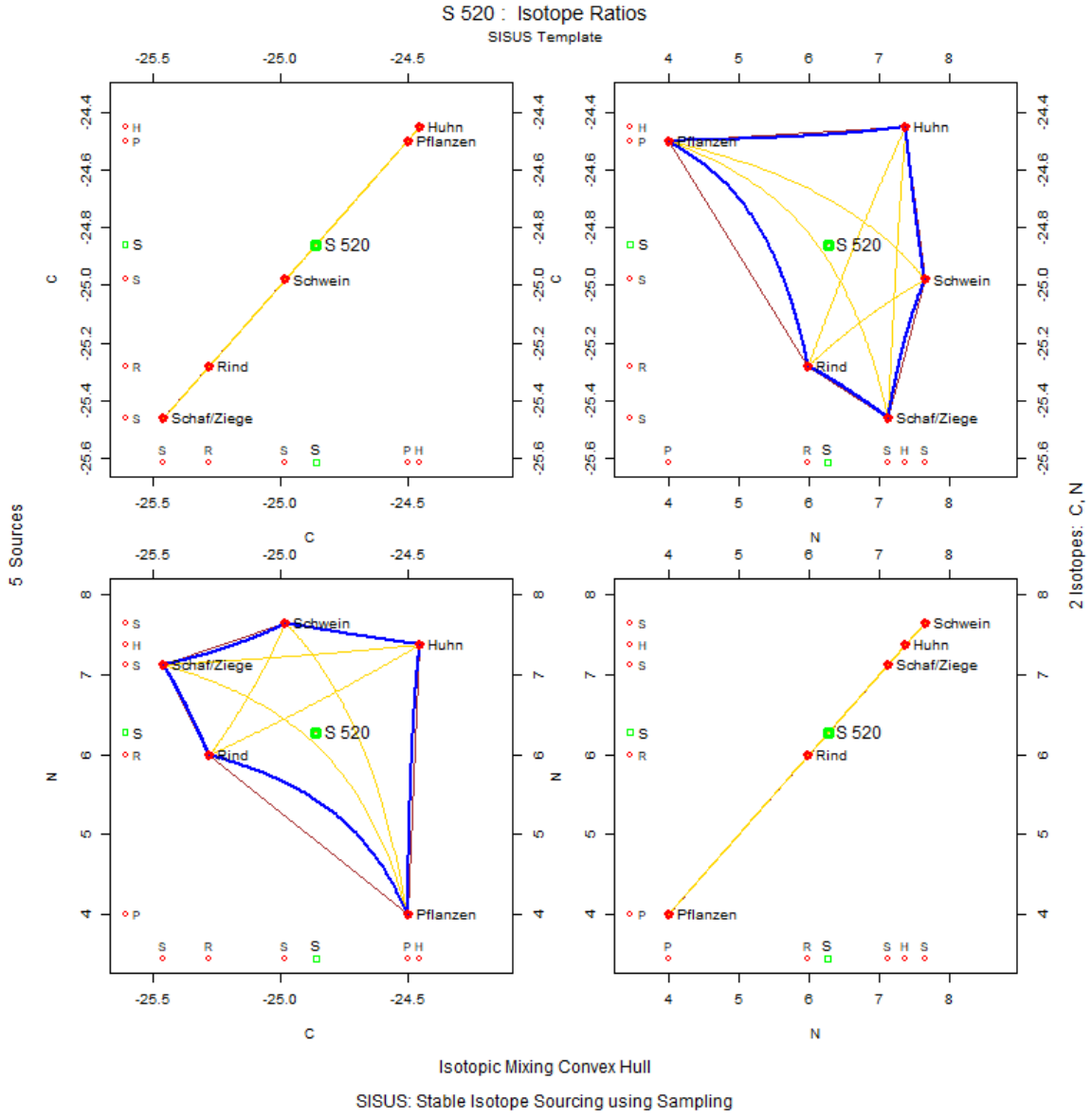


Abbildung 1882: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 520 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

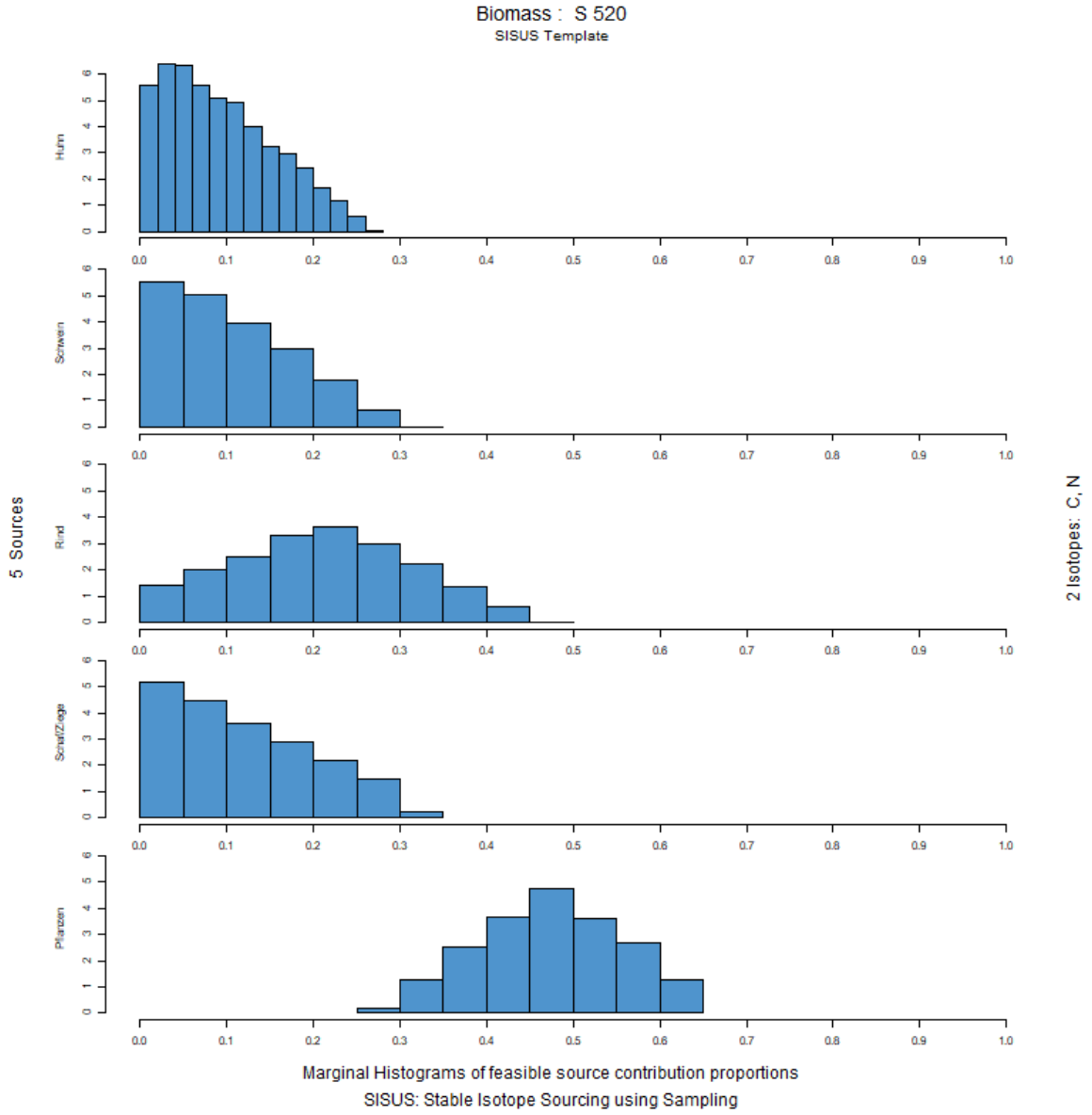


Abbildung 1883: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 520. Erstellt mit SISUS.

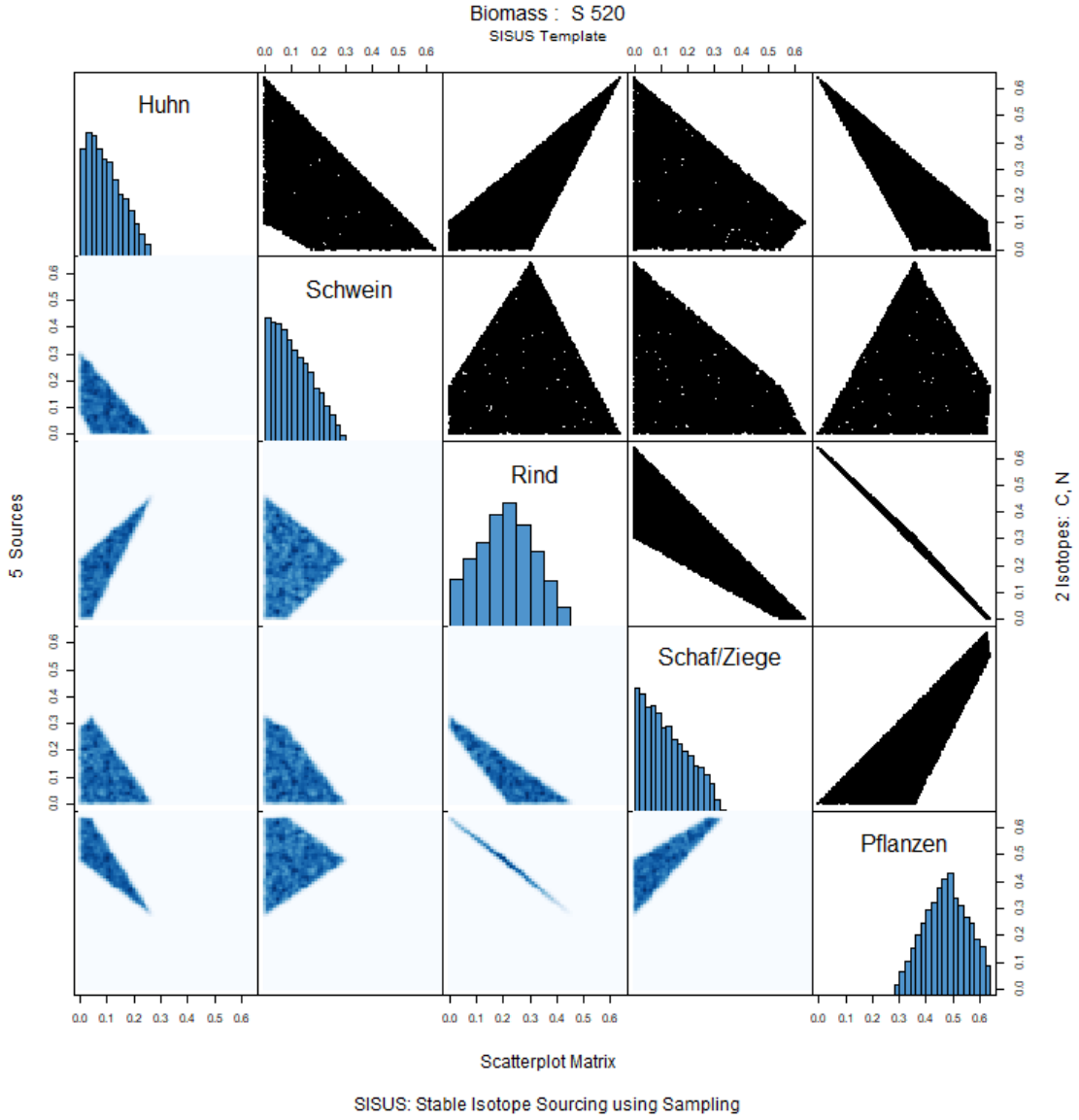


Abbildung 1884: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 520. Erstellt mit SISUS.

S535

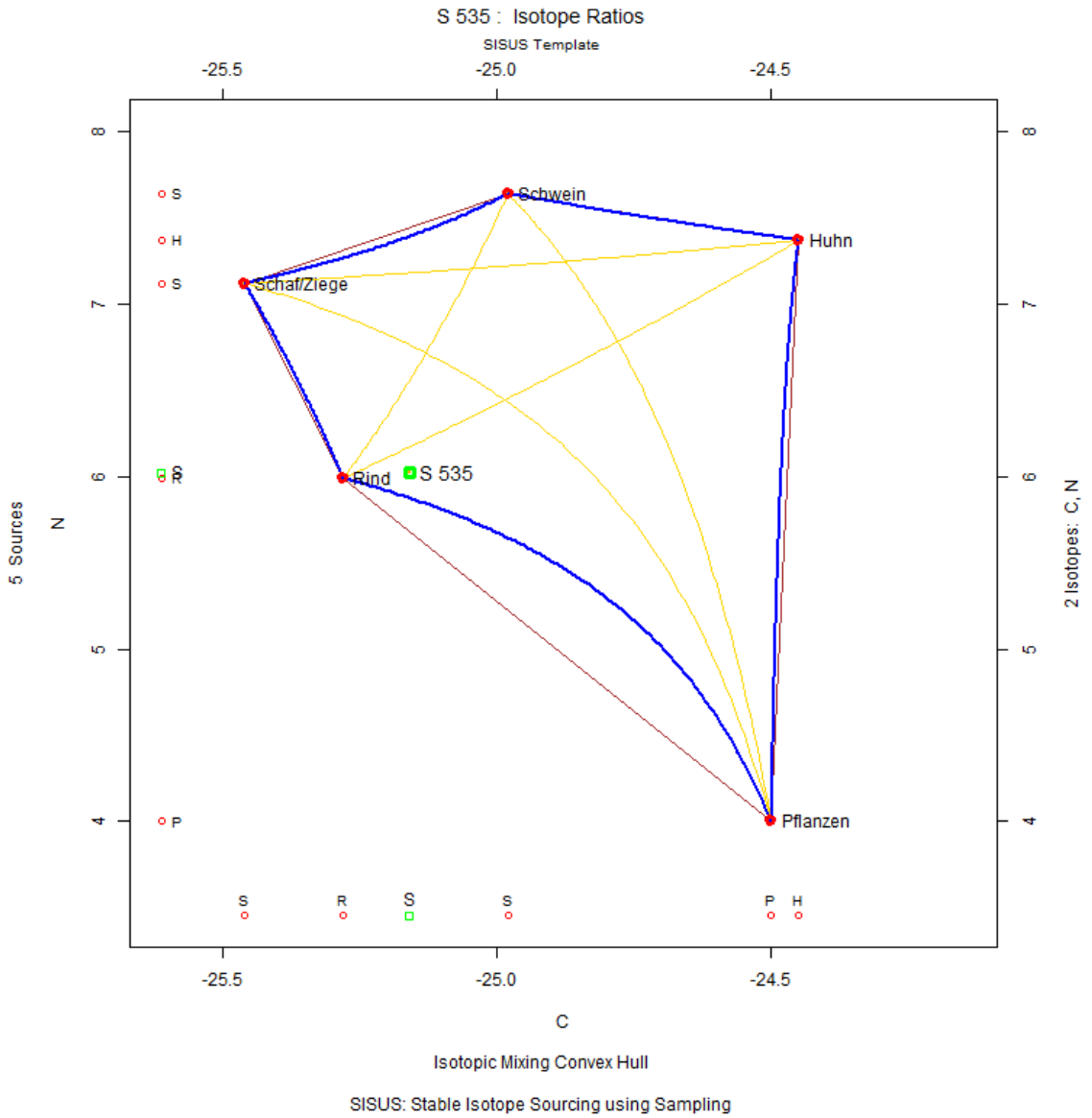


Abbildung 1885: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 535. Erstellt mit SISUS.

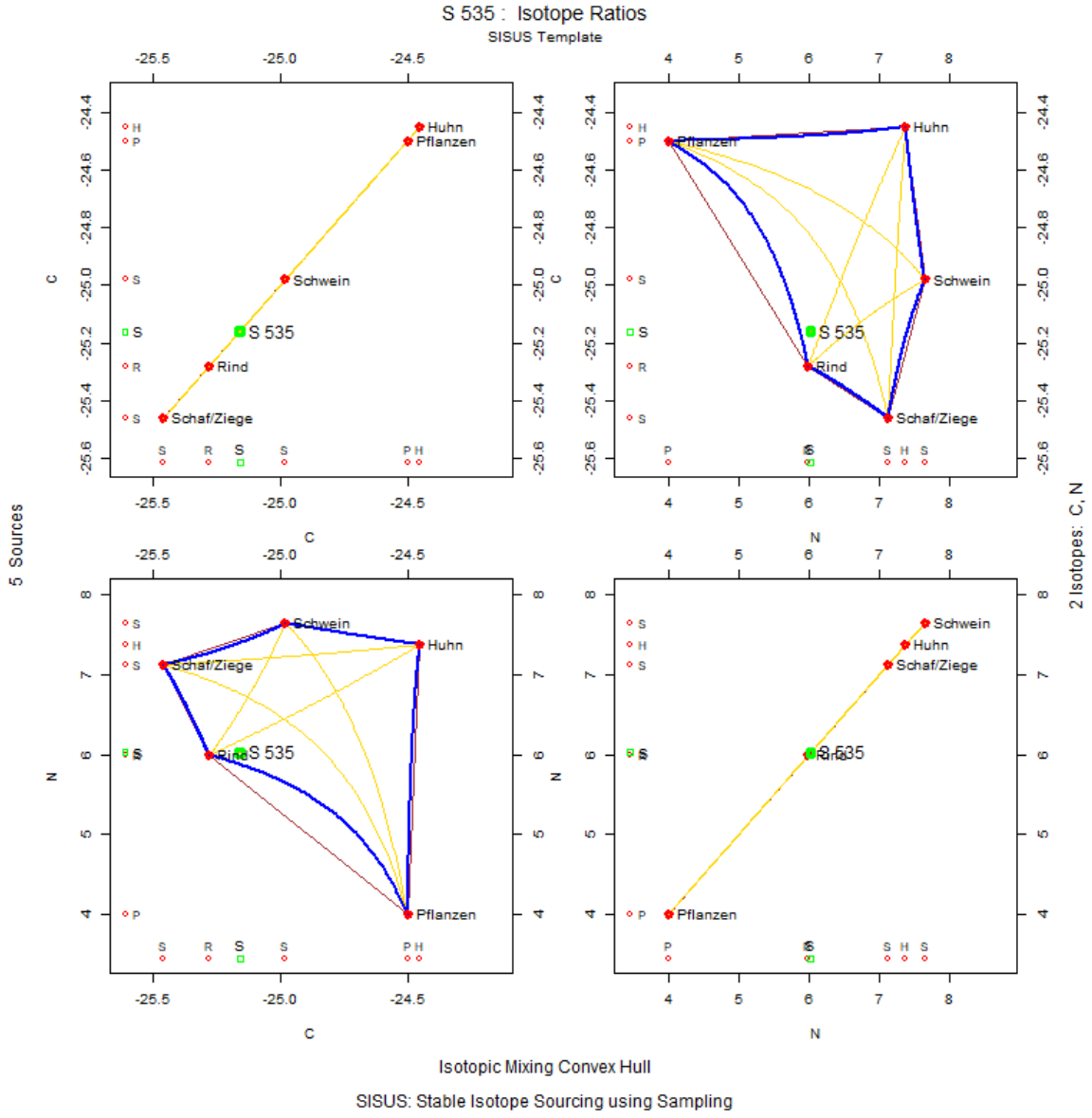


Abbildung 1886: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 535 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

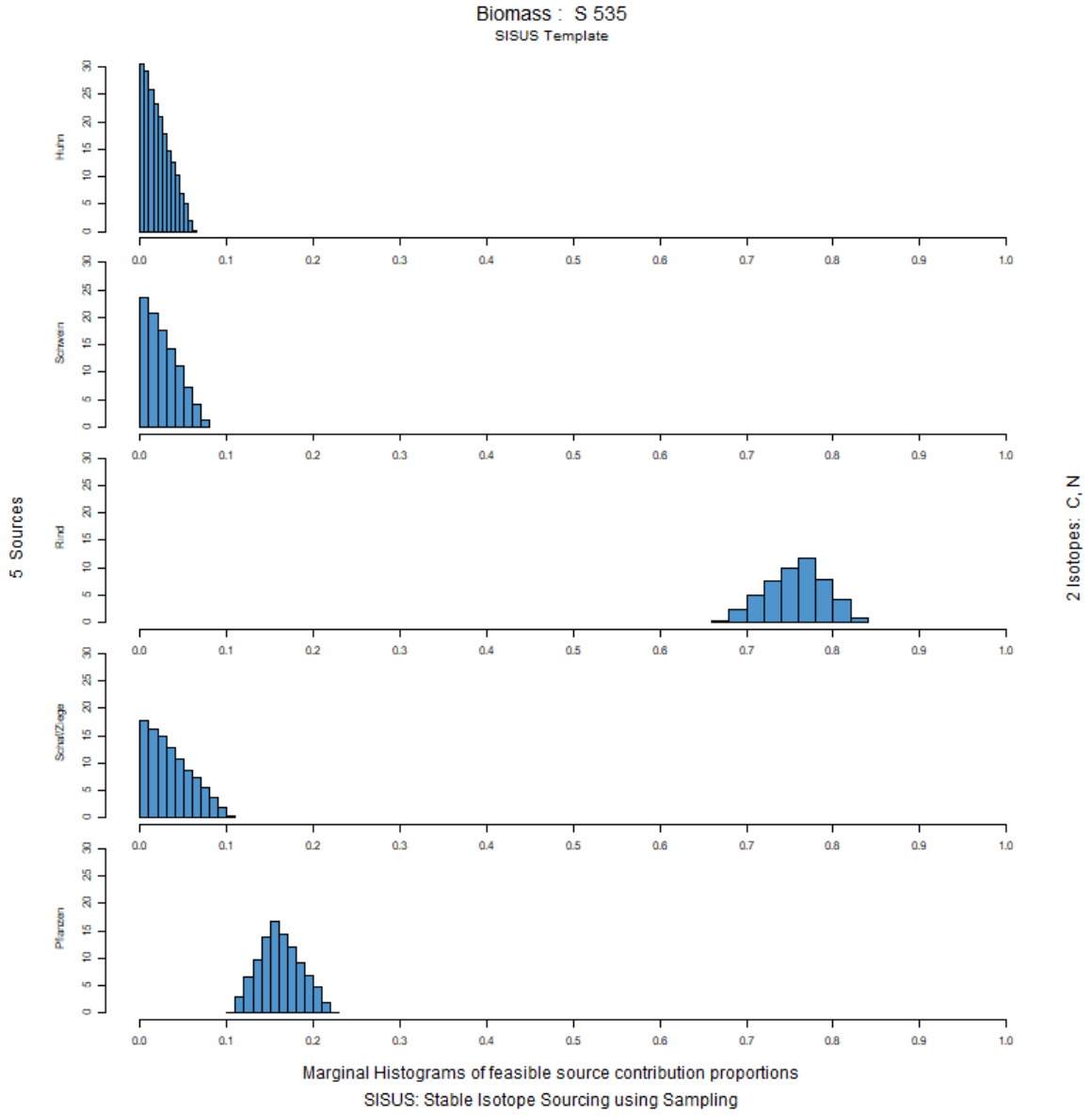


Abbildung 1887: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 535. Erstellt mit SISUS.

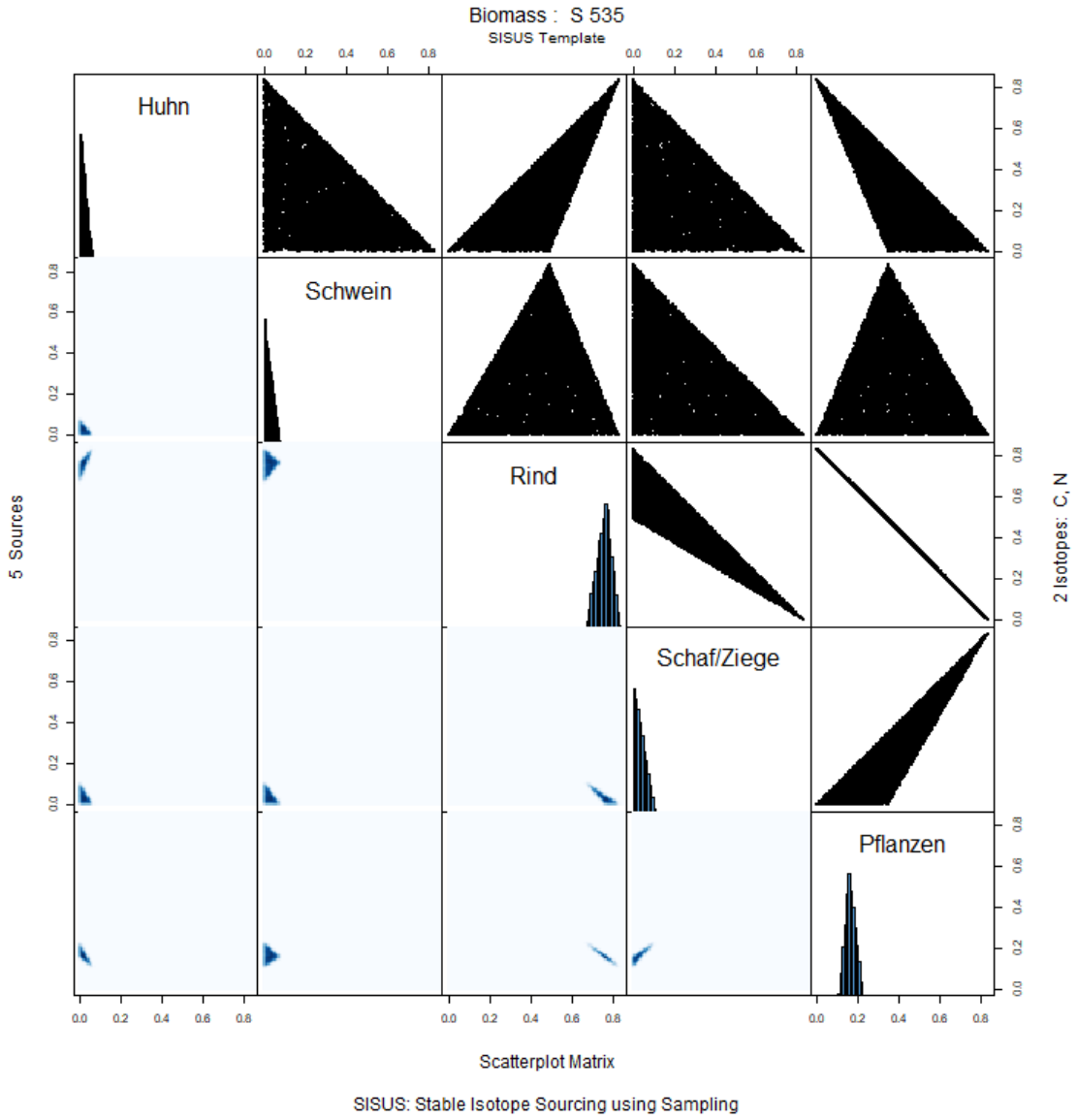


Abbildung 1888: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 535. Erstellt mit SISUS.

S537

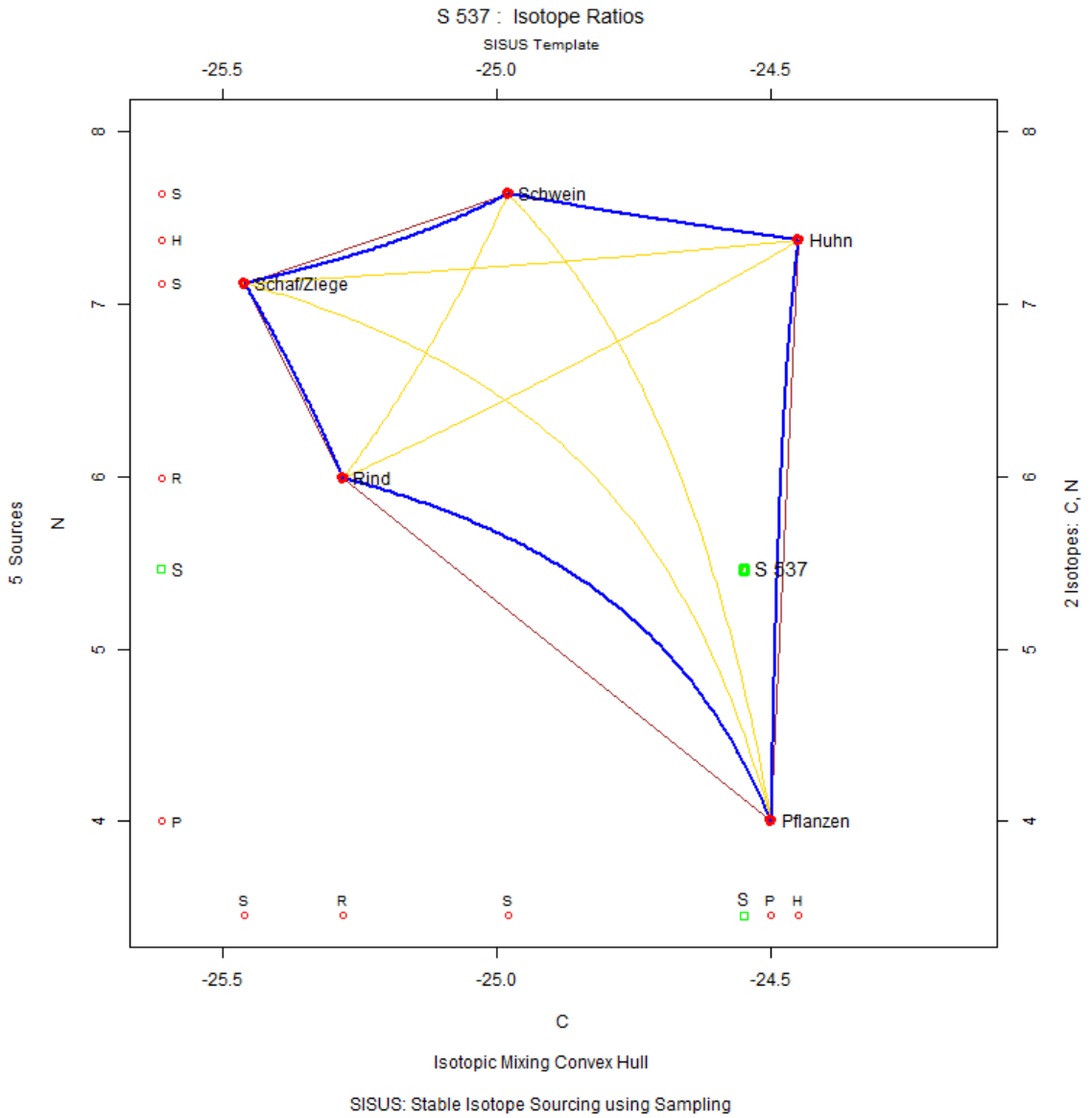


Abbildung 1889: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 537. Erstellt mit SISUS.

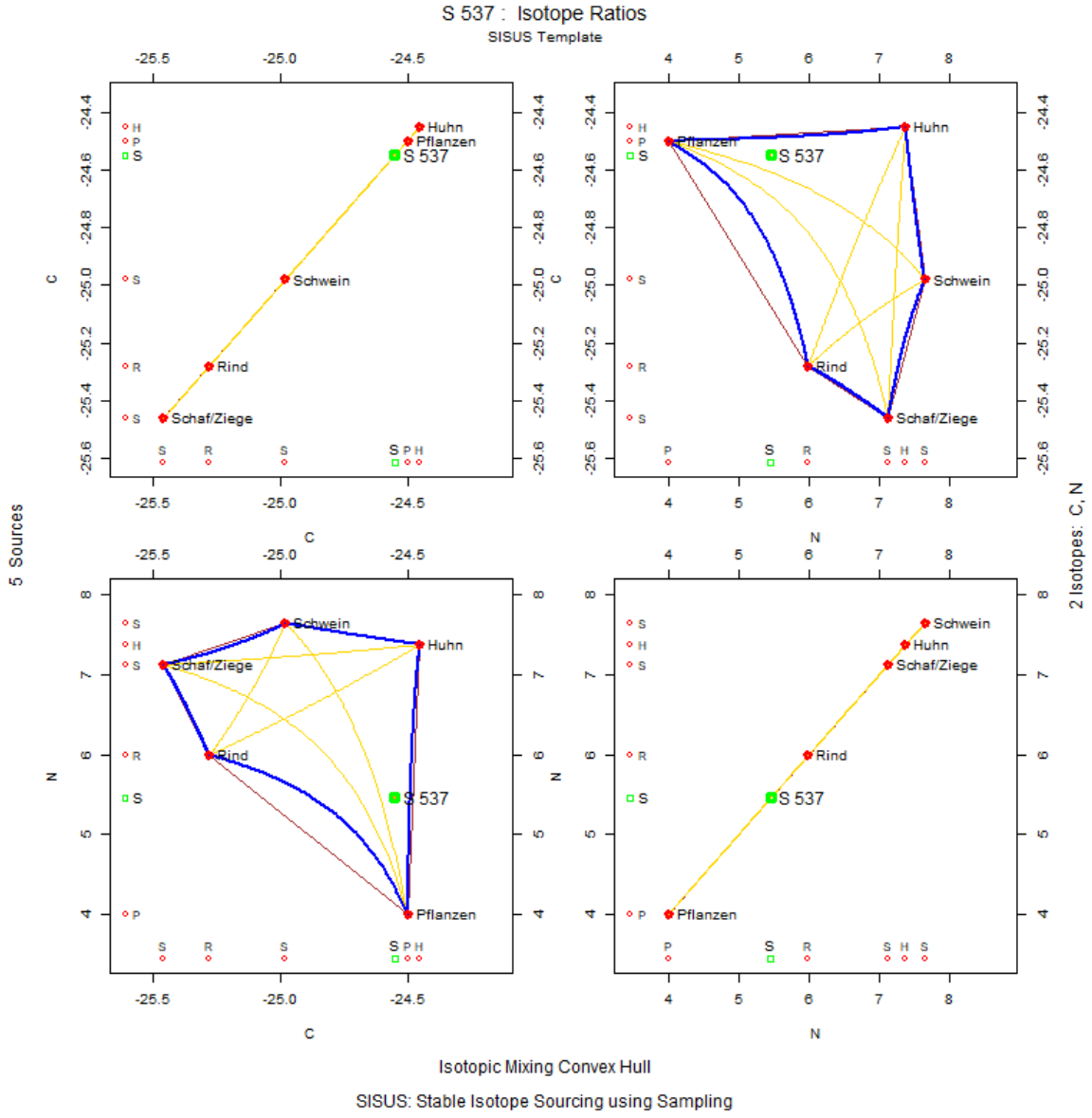


Abbildung 1890: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 537 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

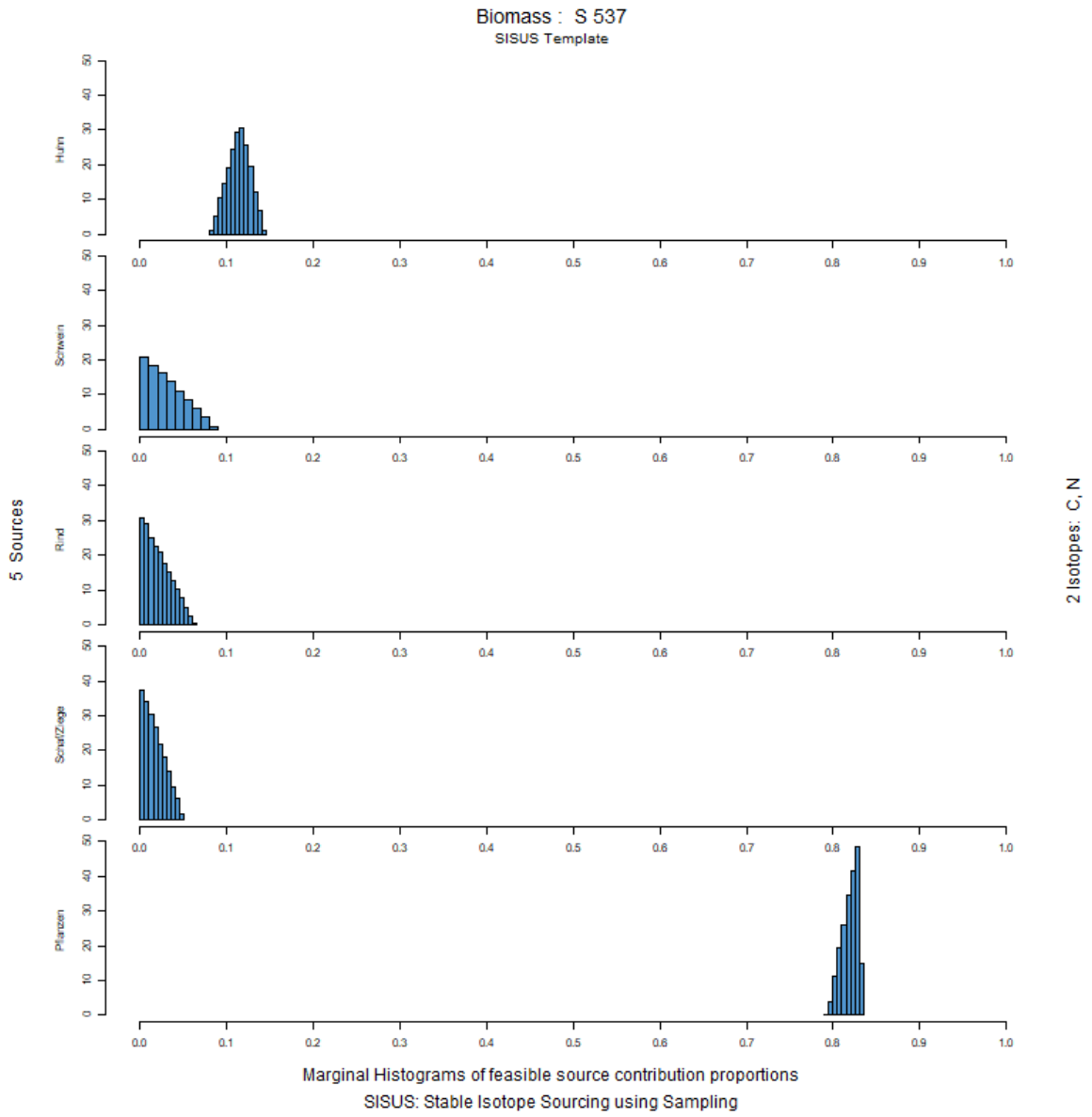


Abbildung 1891: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 537. Erstellt mit SISUS.

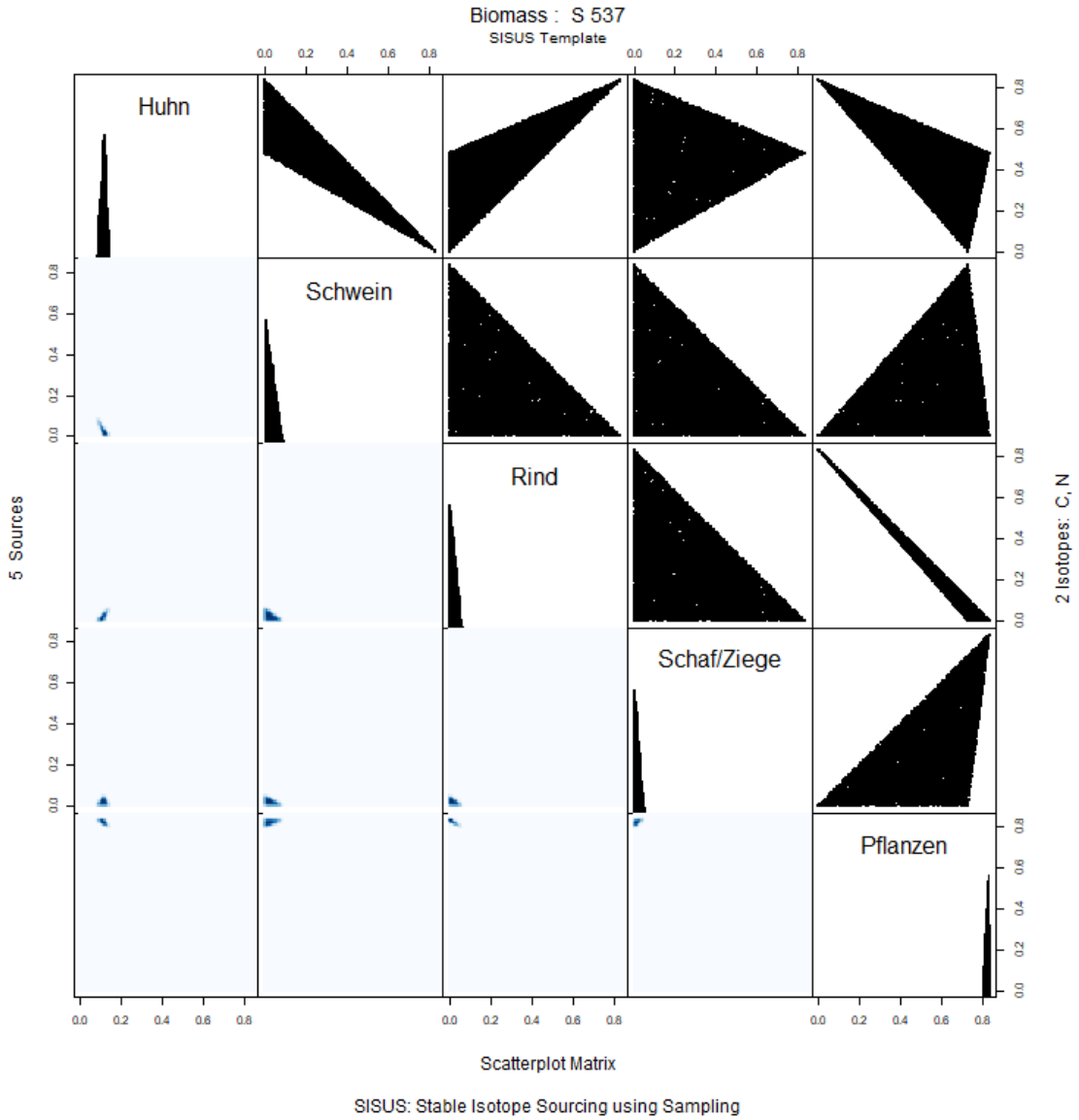


Abbildung 1892: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 537. Erstellt mit SISUS.

S538

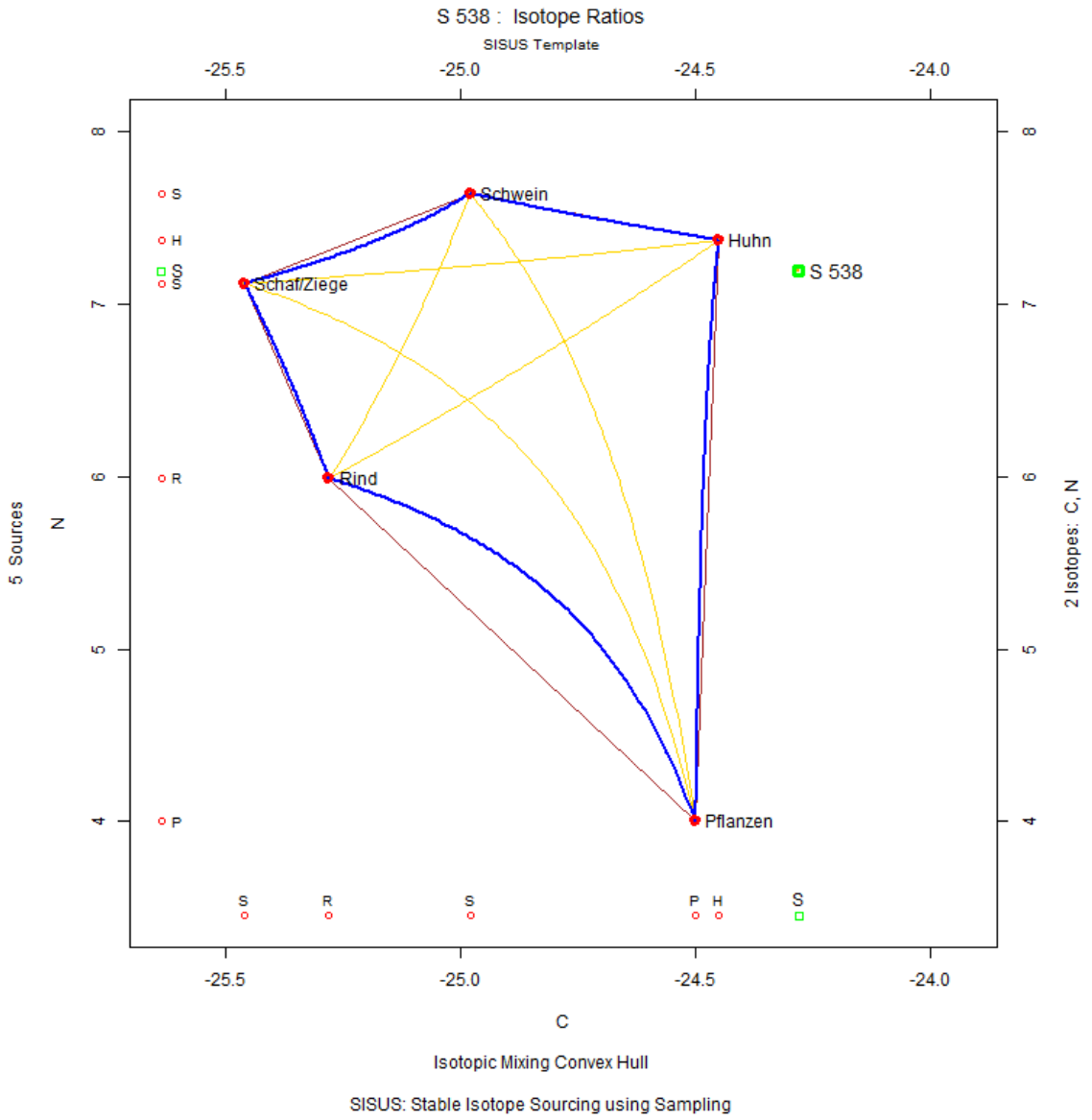


Abbildung 1893: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 538. Erstellt mit SISUS.

S581

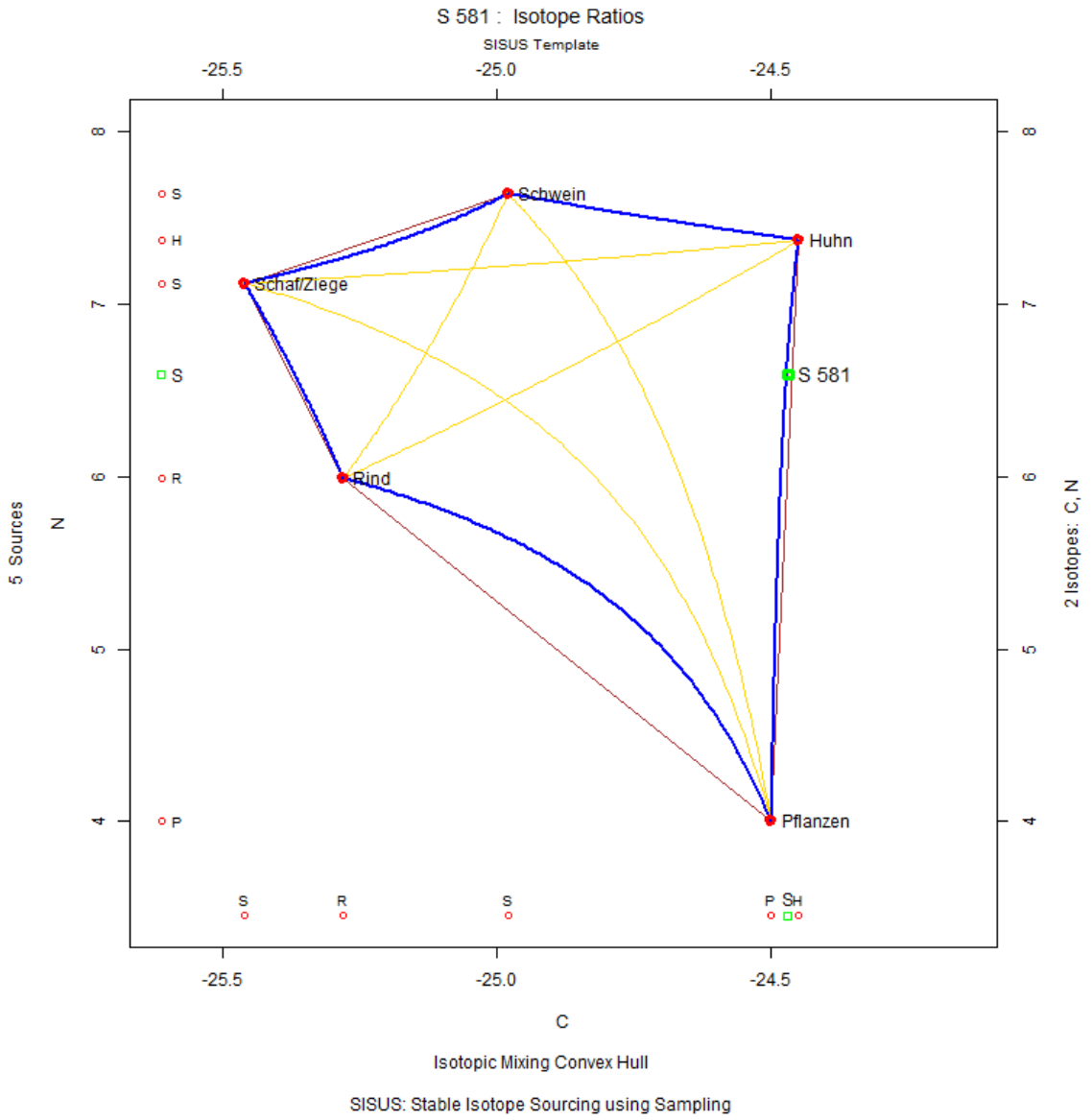


Abbildung 1894: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 581. Erstellt mit SISUS.

S600

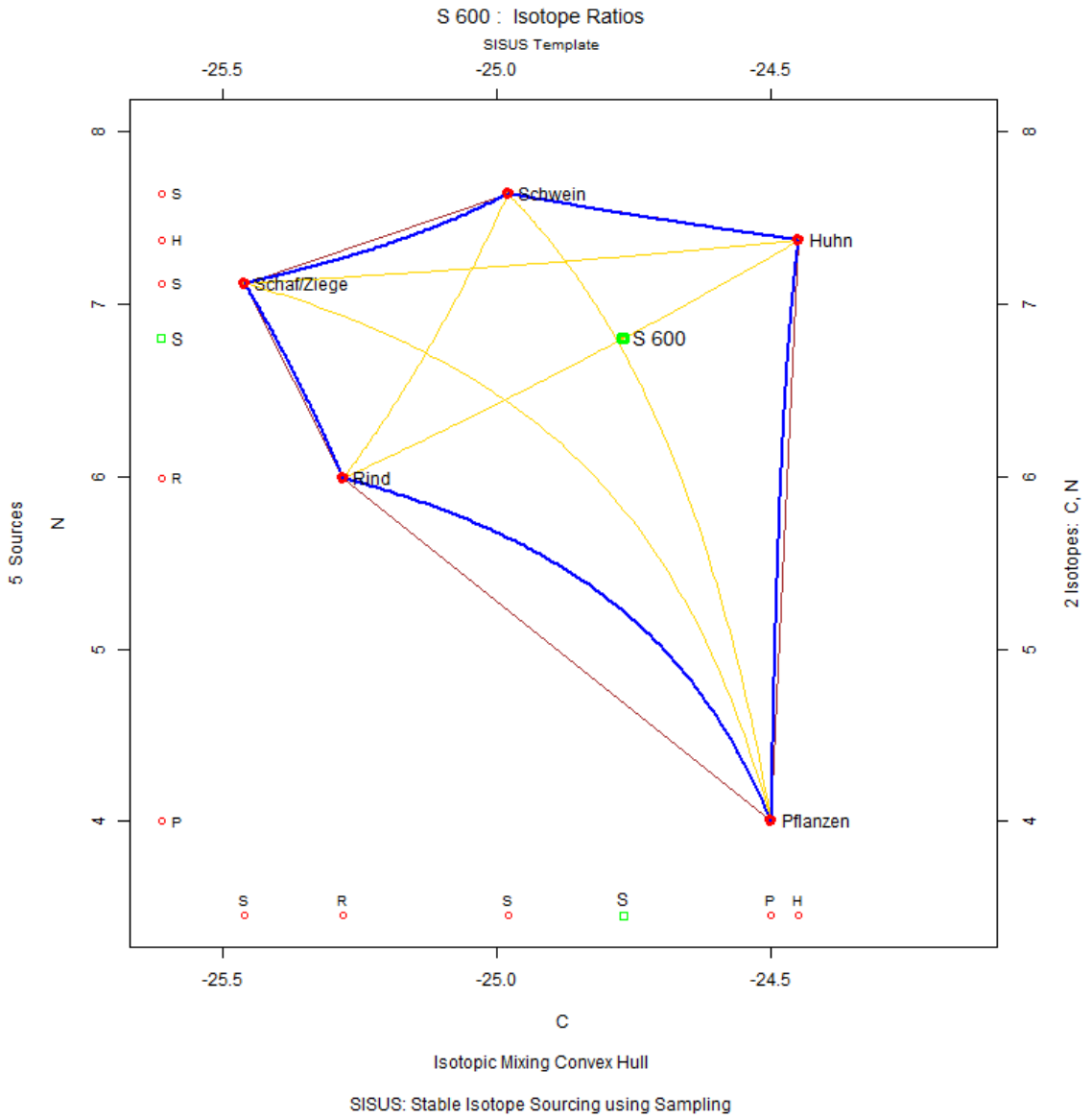


Abbildung 1895: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 600. Erstellt mit SISUS.

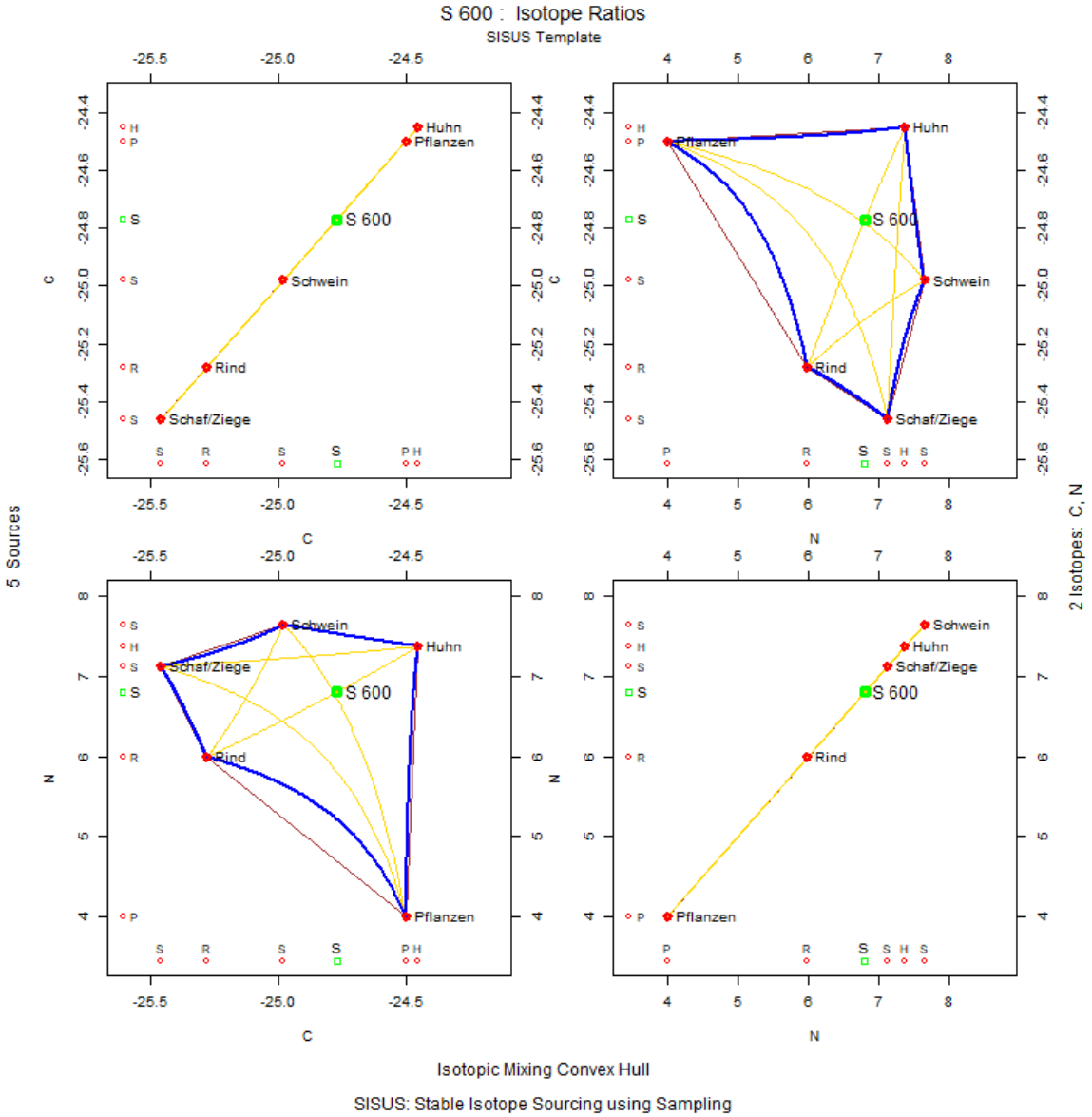


Abbildung 1896: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 600 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

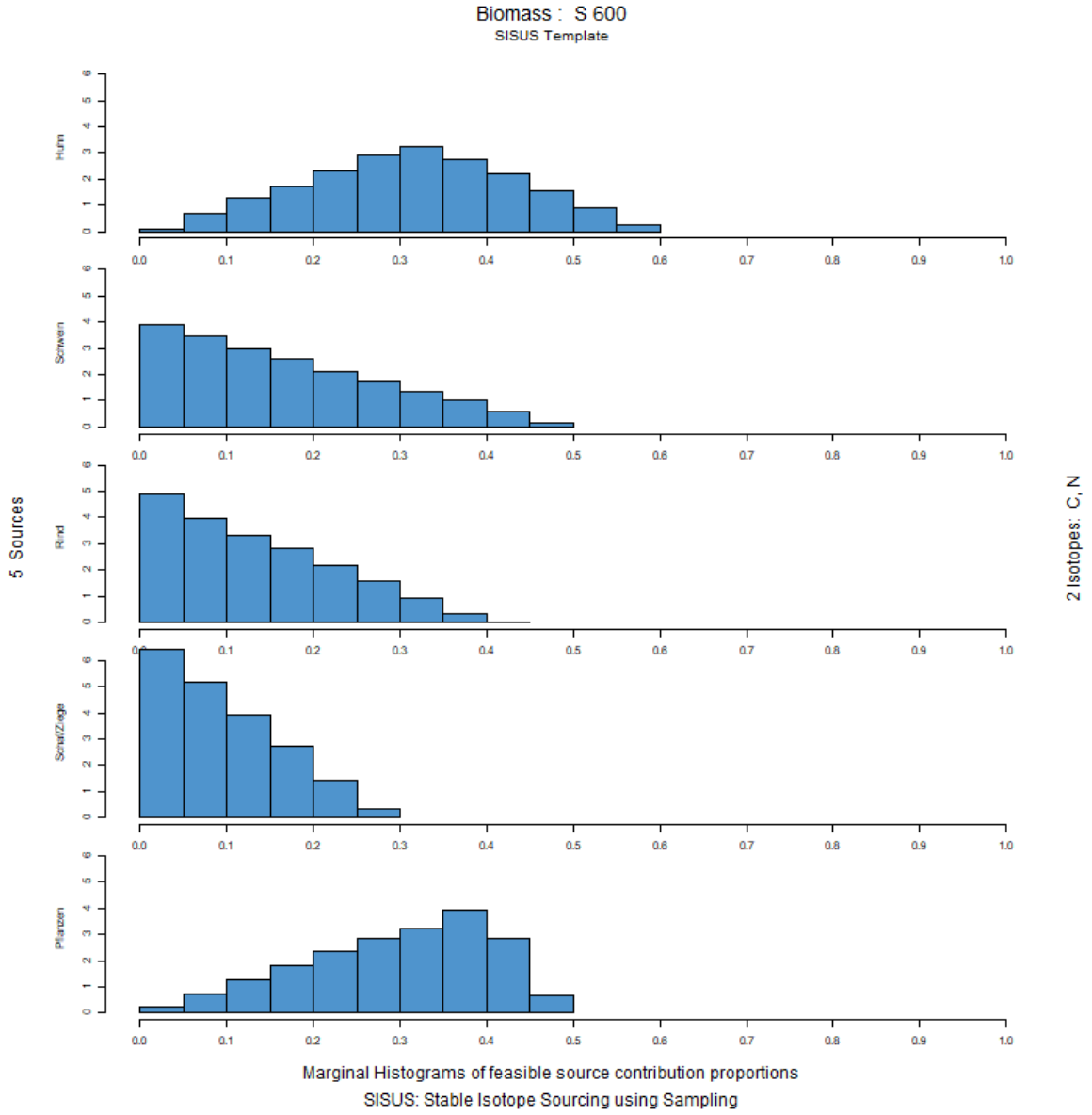


Abbildung 1897: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 600. Erstellt mit SISUS.

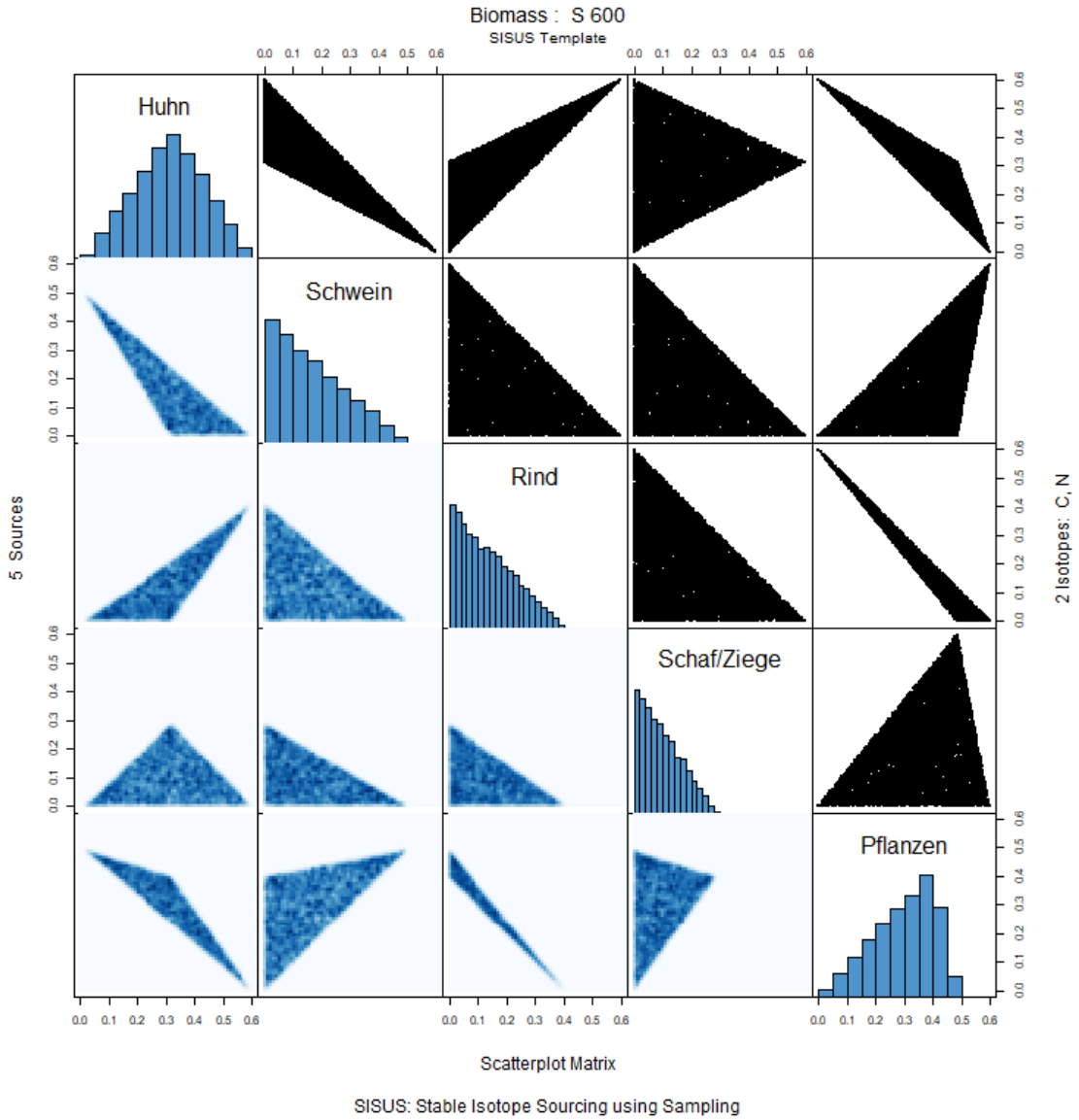


Abbildung 1898: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 600. Erstellt mit SISUS.

S604

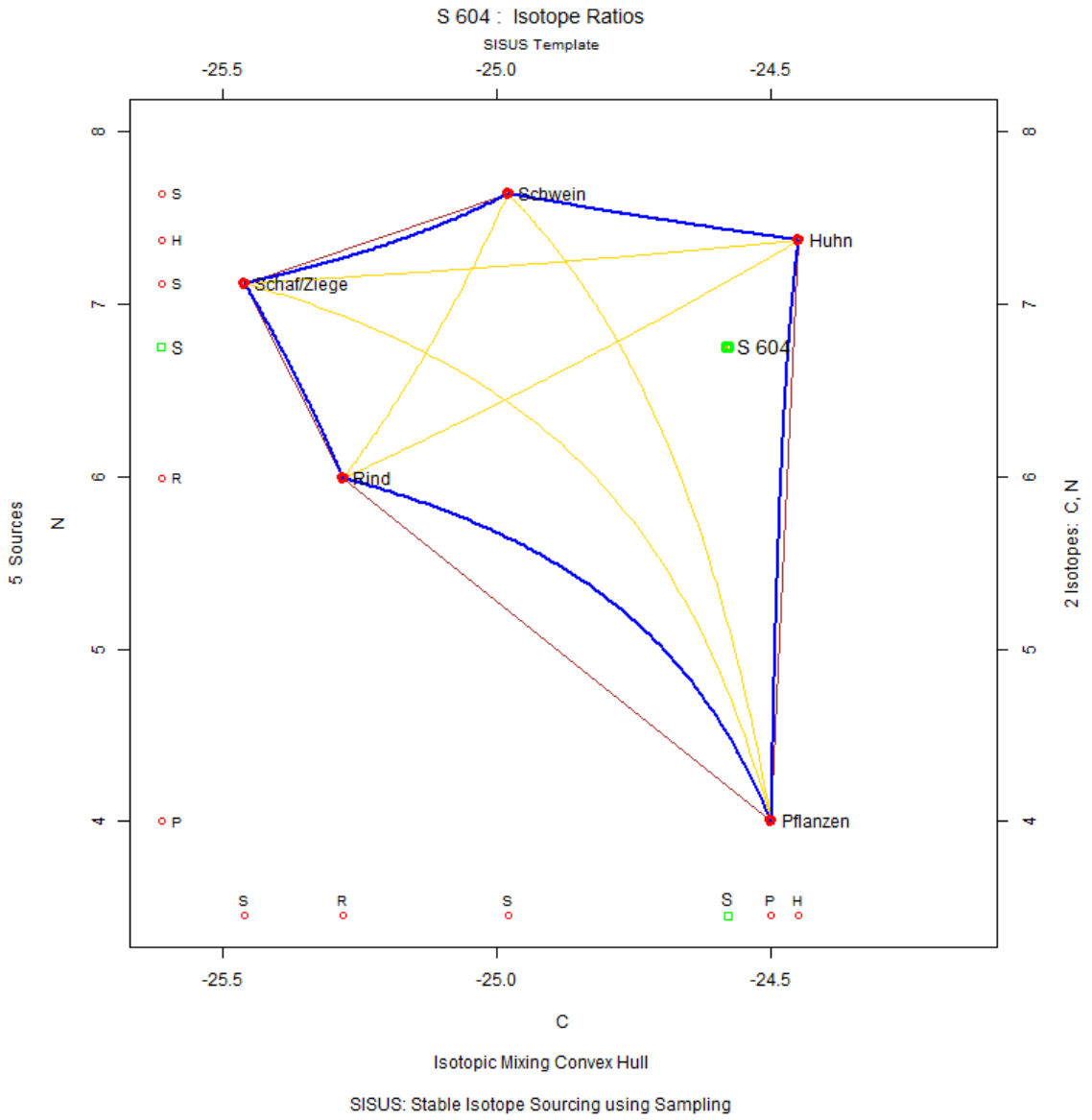


Abbildung 1899: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 604. Erstellt mit SISUS.

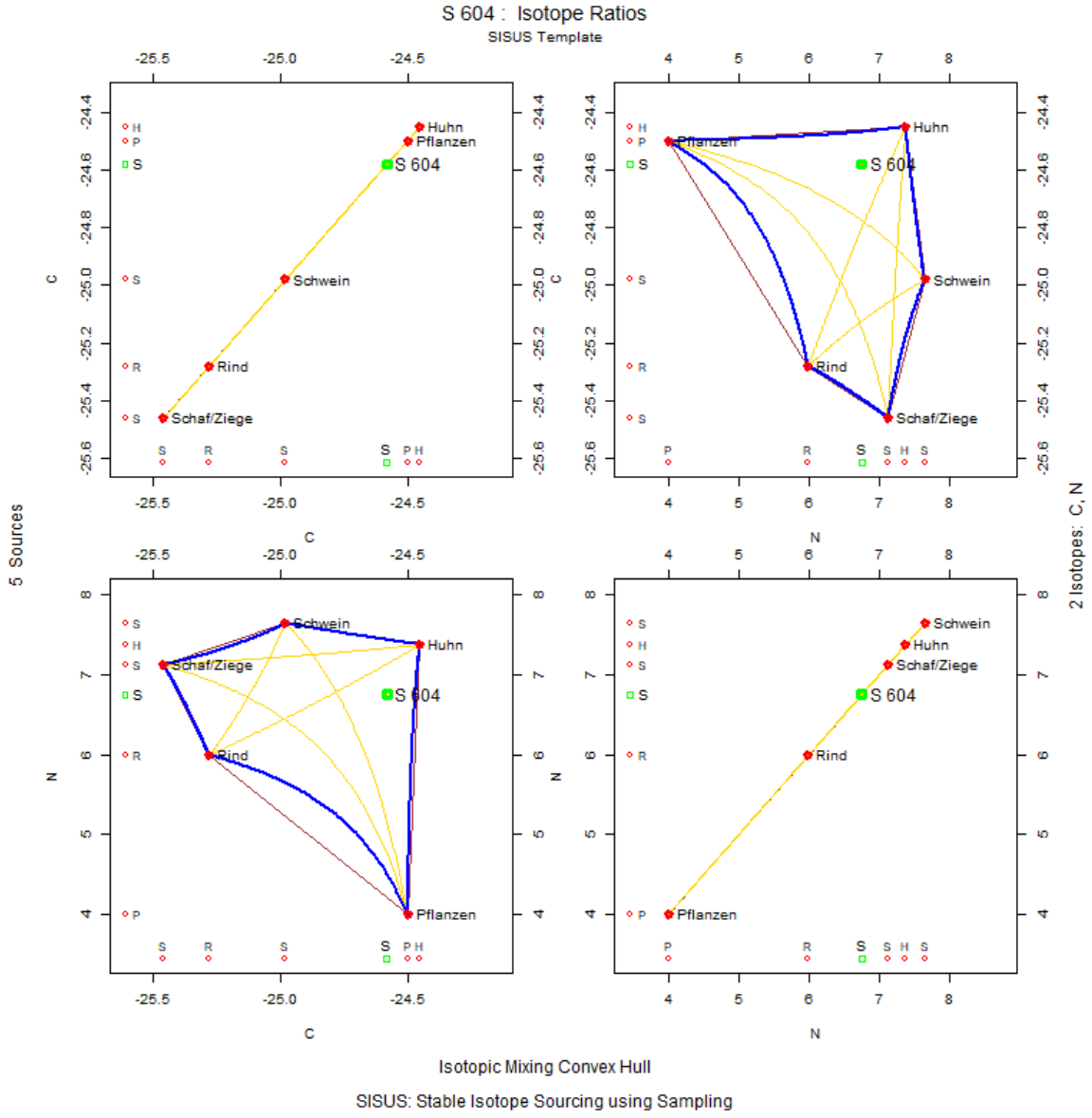


Abbildung 1900: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 604 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

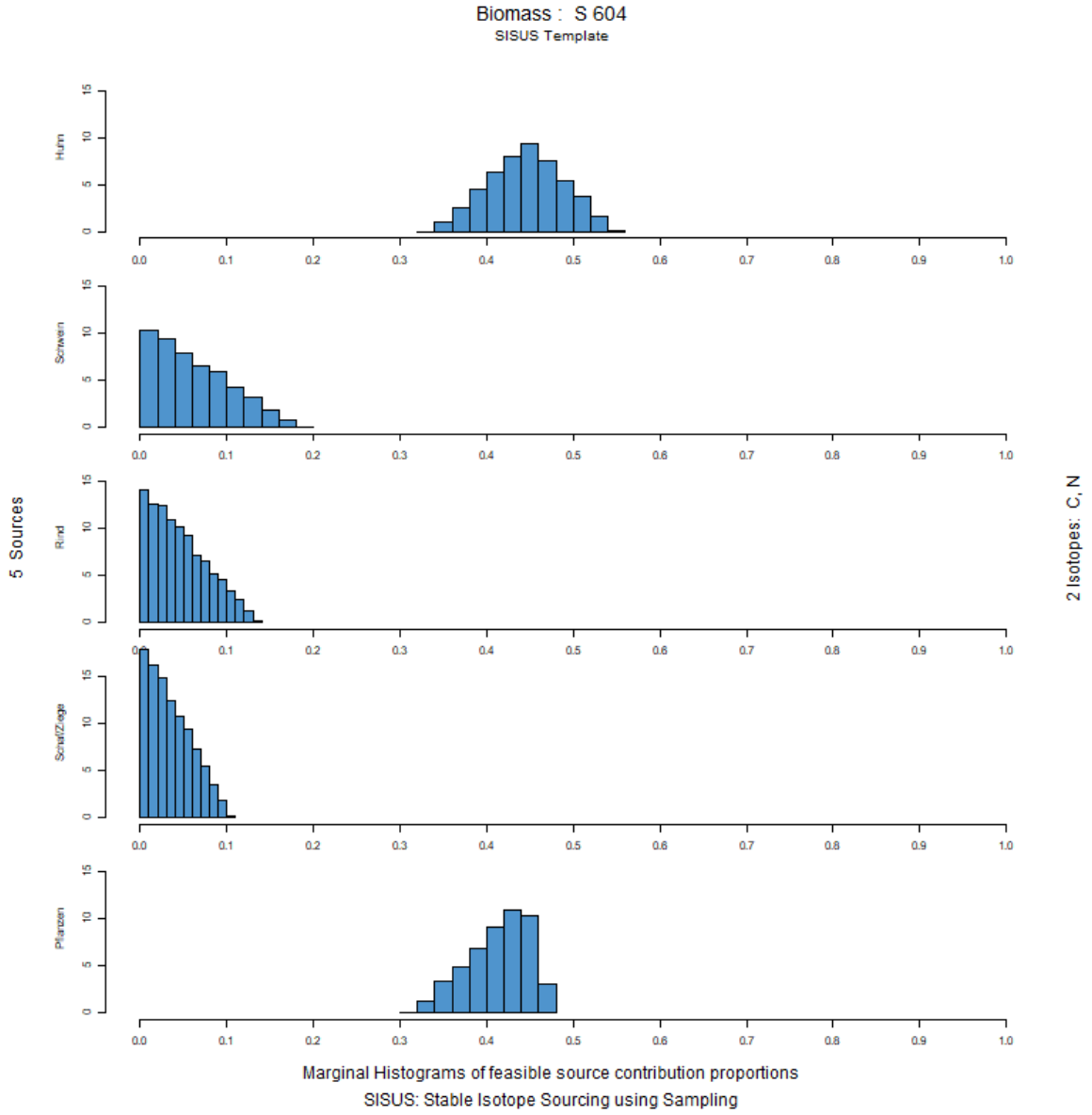


Abbildung 1901: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 604. Erstellt mit SISUS.

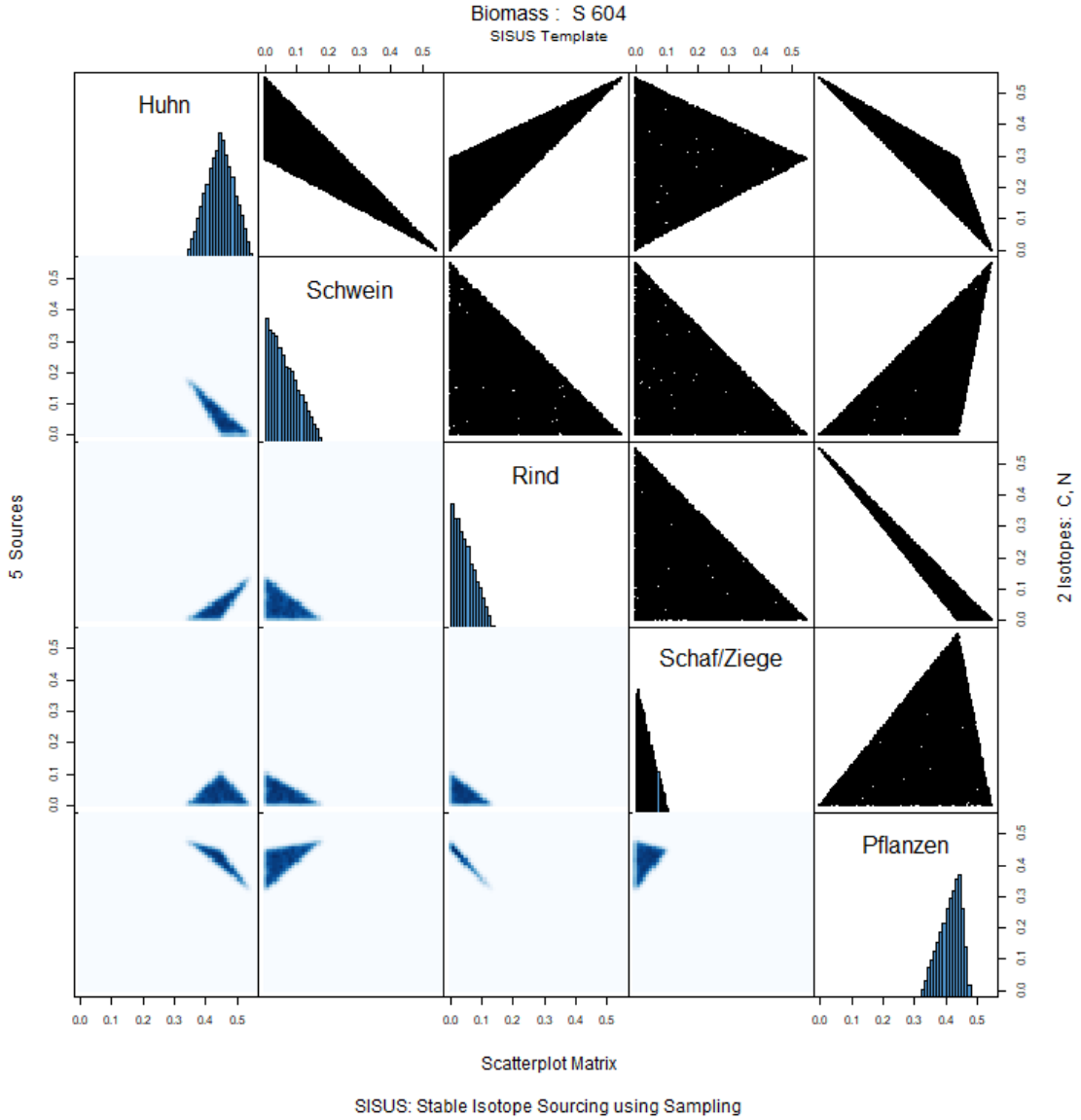


Abbildung 1902: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 604. Erstellt mit SISUS.

S660

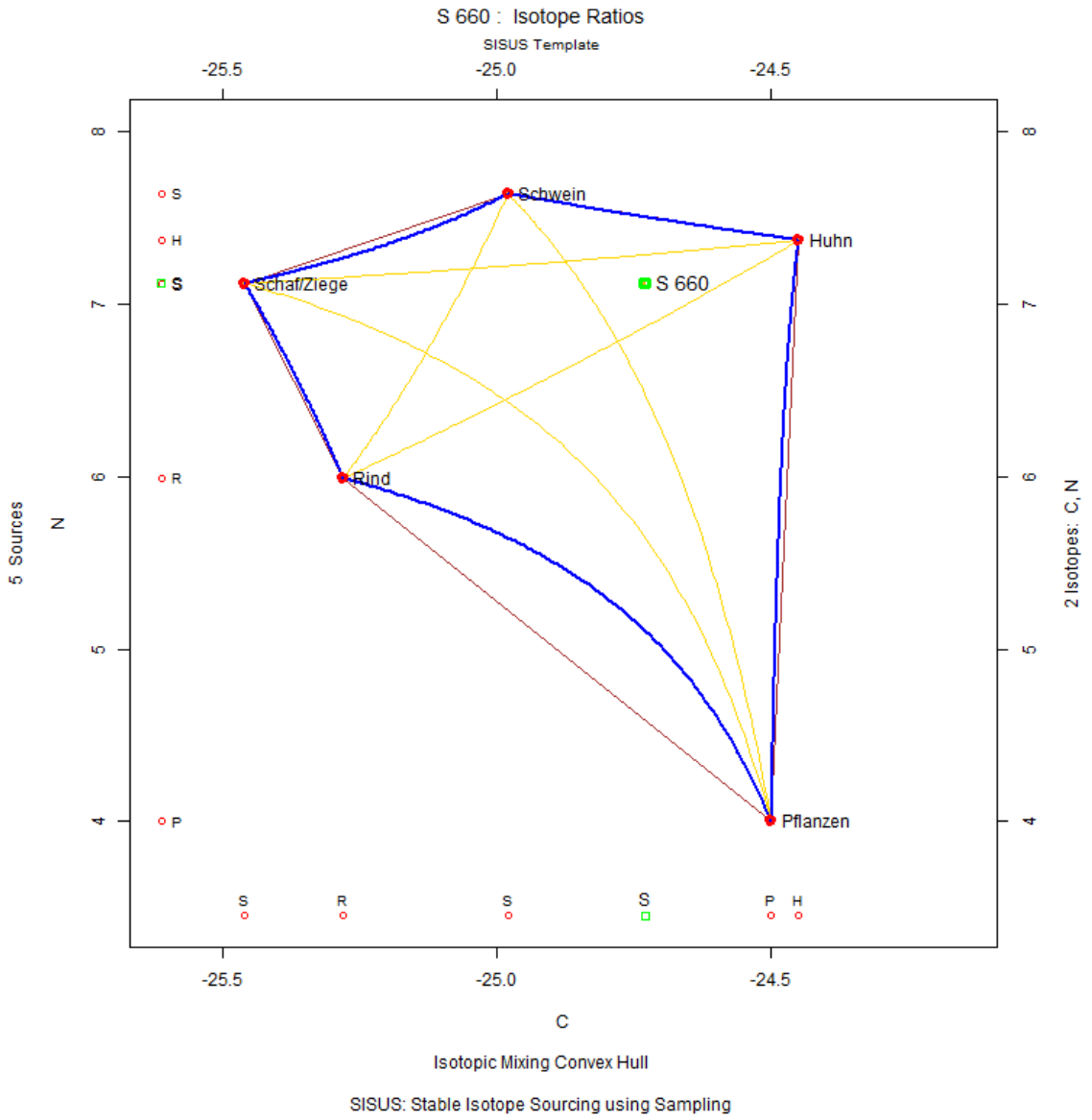


Abbildung 1903: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 660. Erstellt mit SISUS.

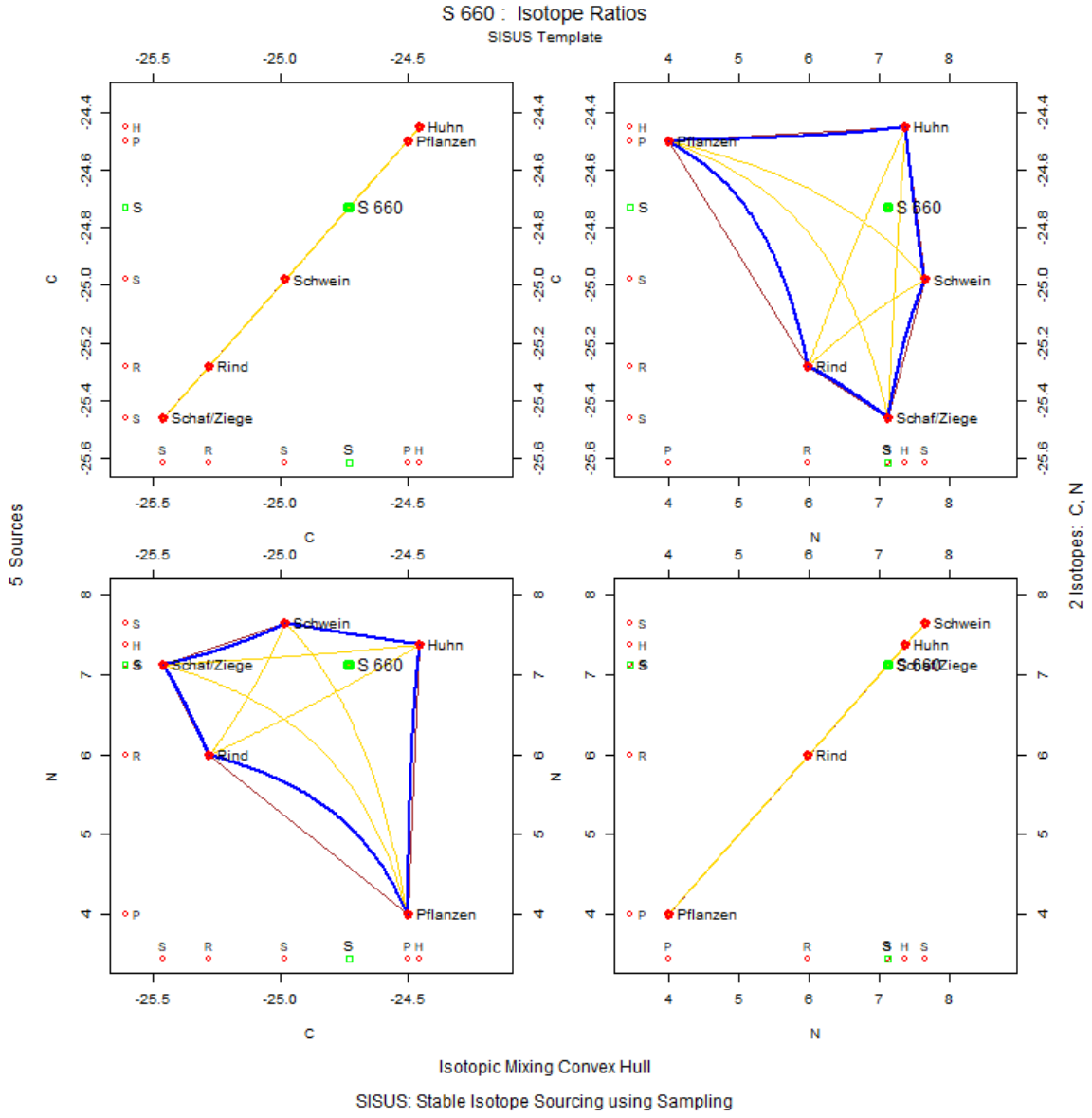


Abbildung 1904: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 660 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

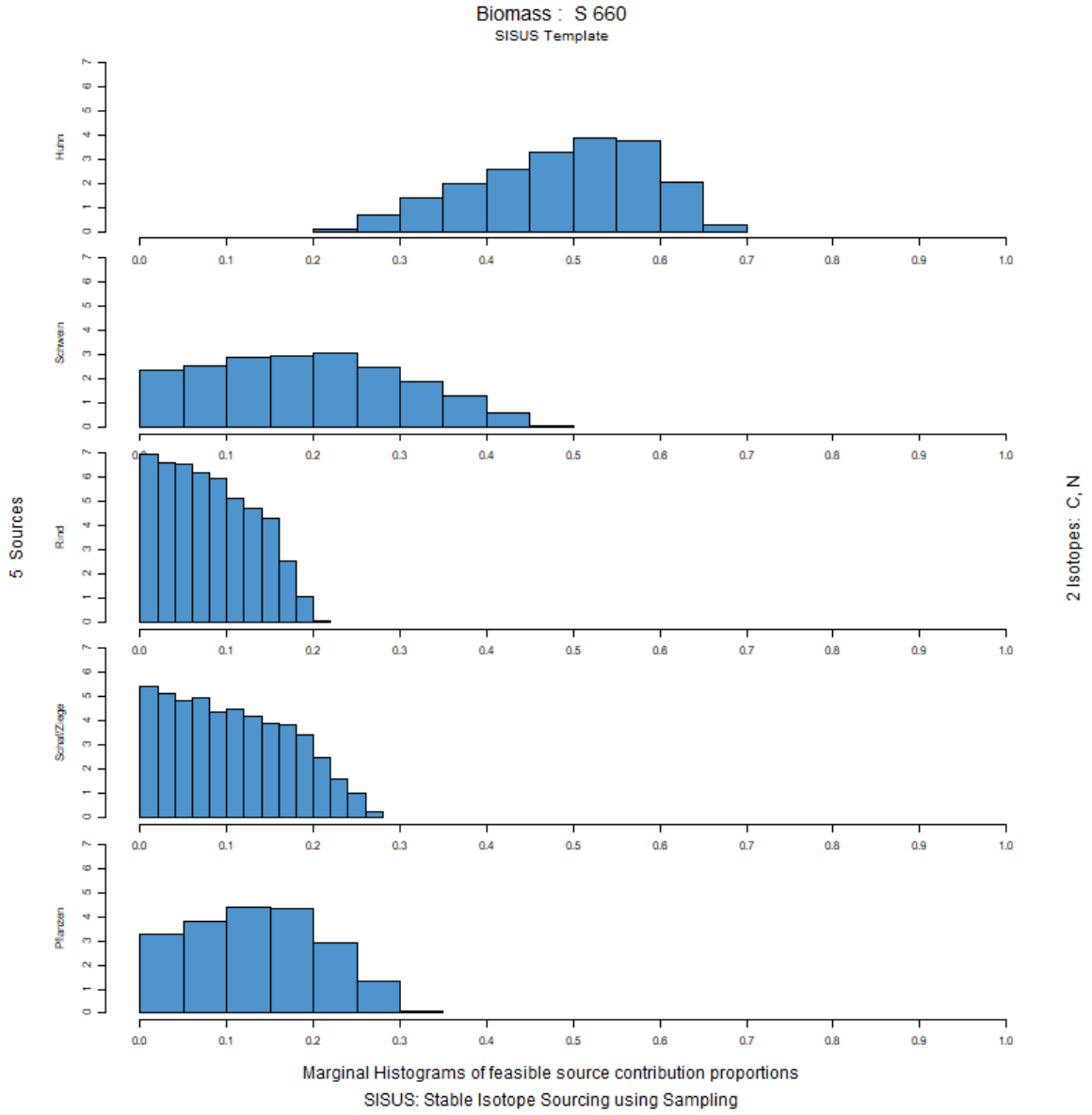


Abbildung 1905: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 660. Erstellt mit SISUS.

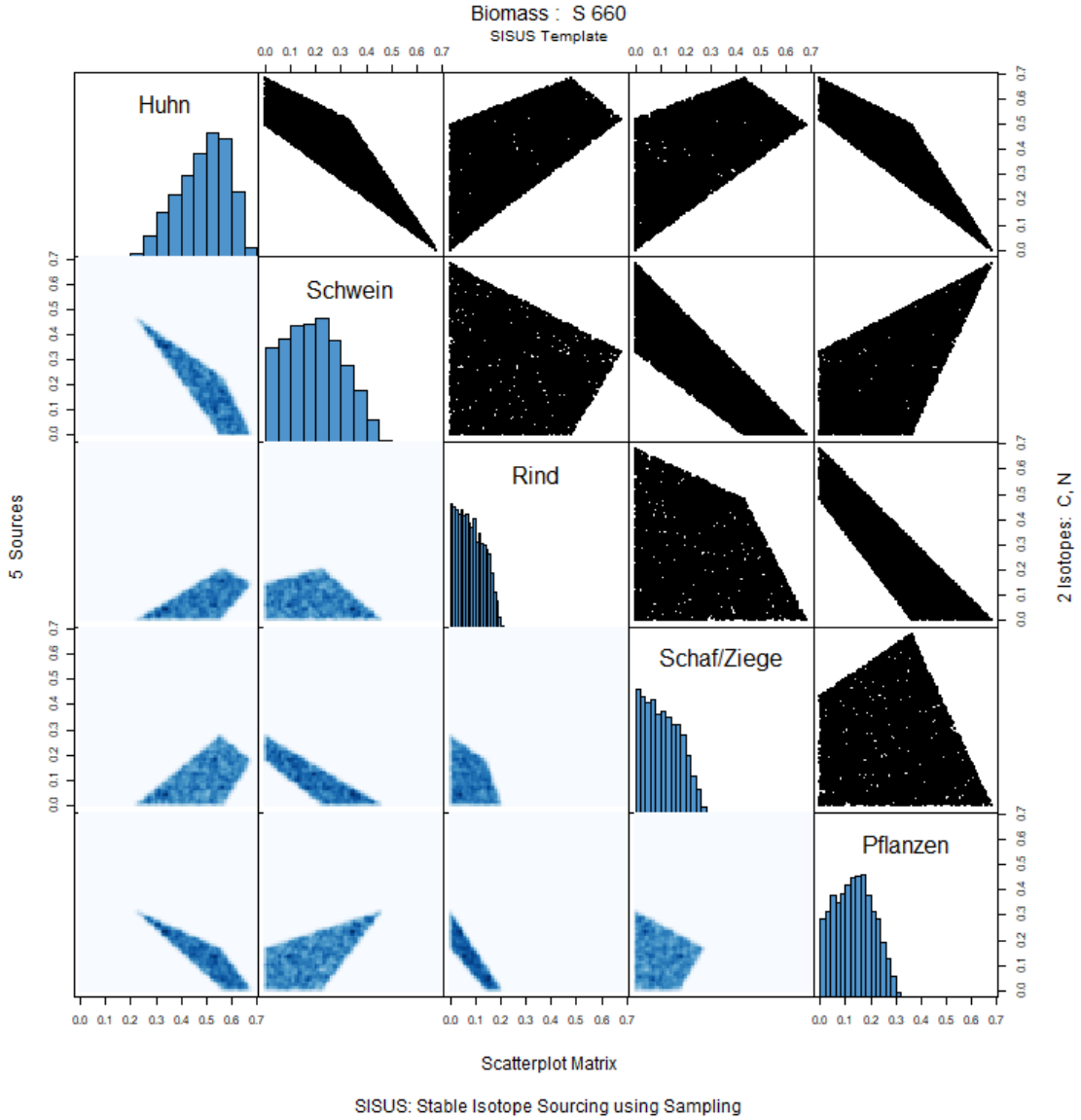


Abbildung 1906: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 660. Erstellt mit SISUS.

S665

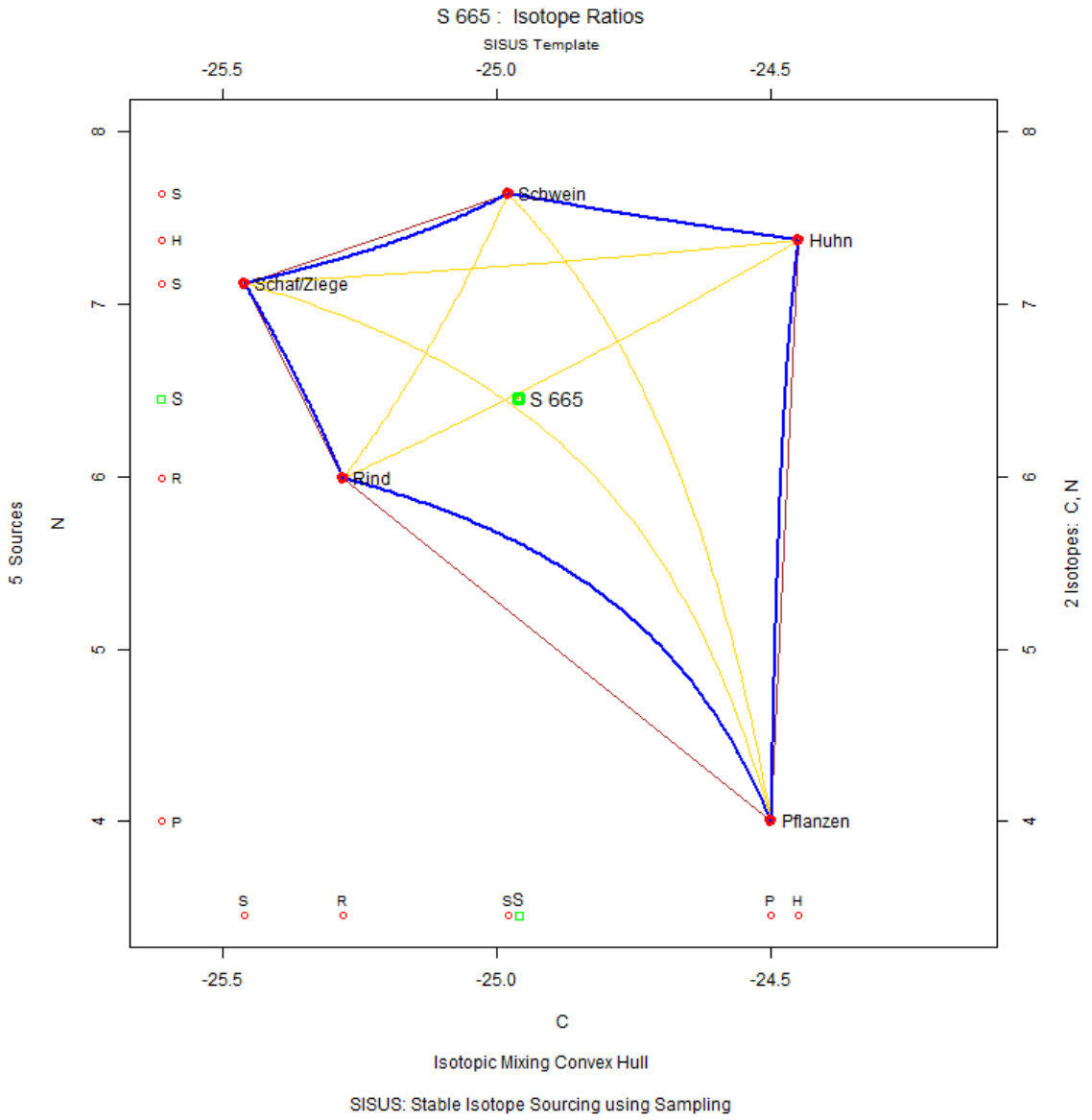


Abbildung 1907: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 665. Erstellt mit SISUS.

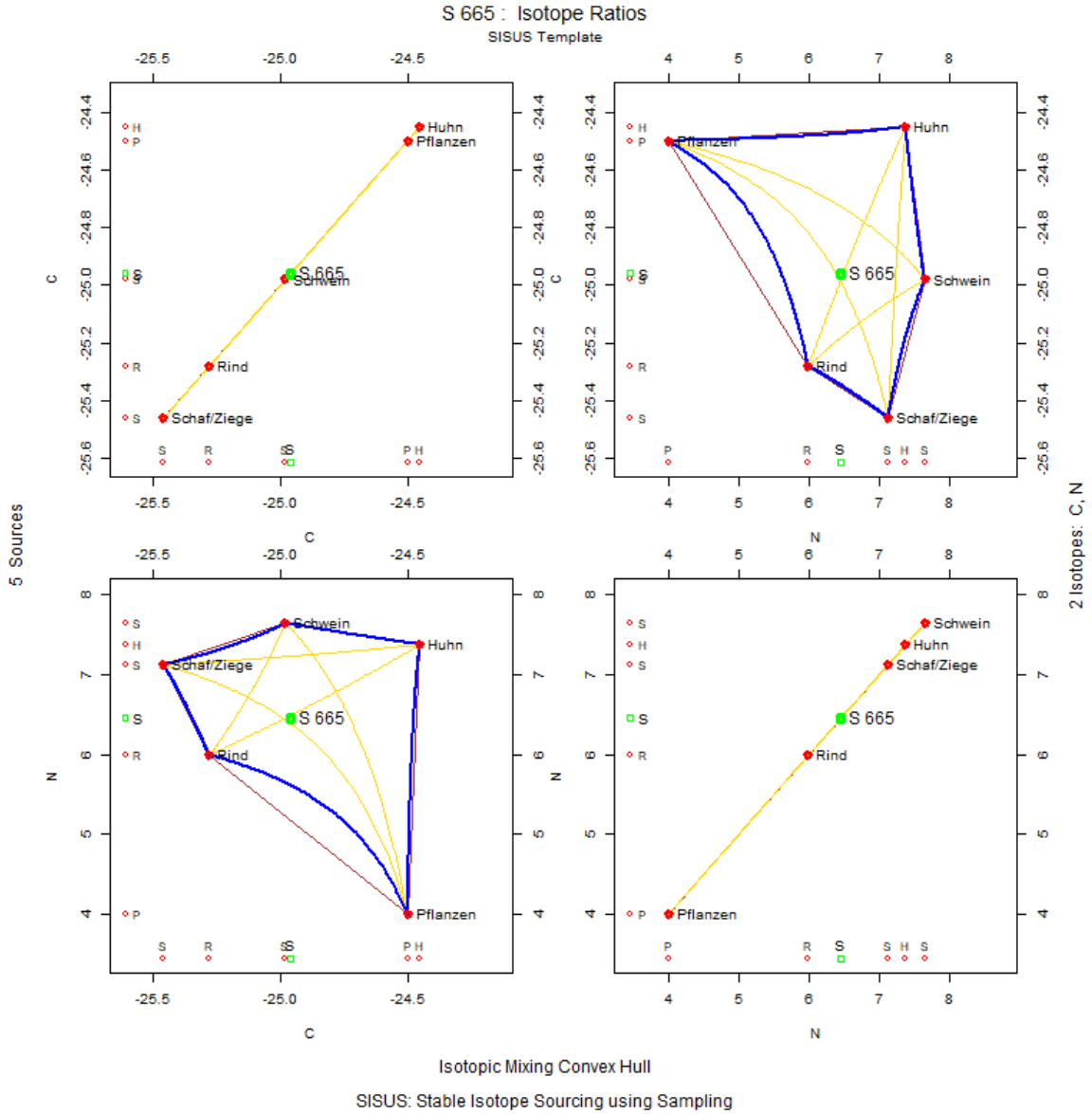


Abbildung 1908: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 665 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

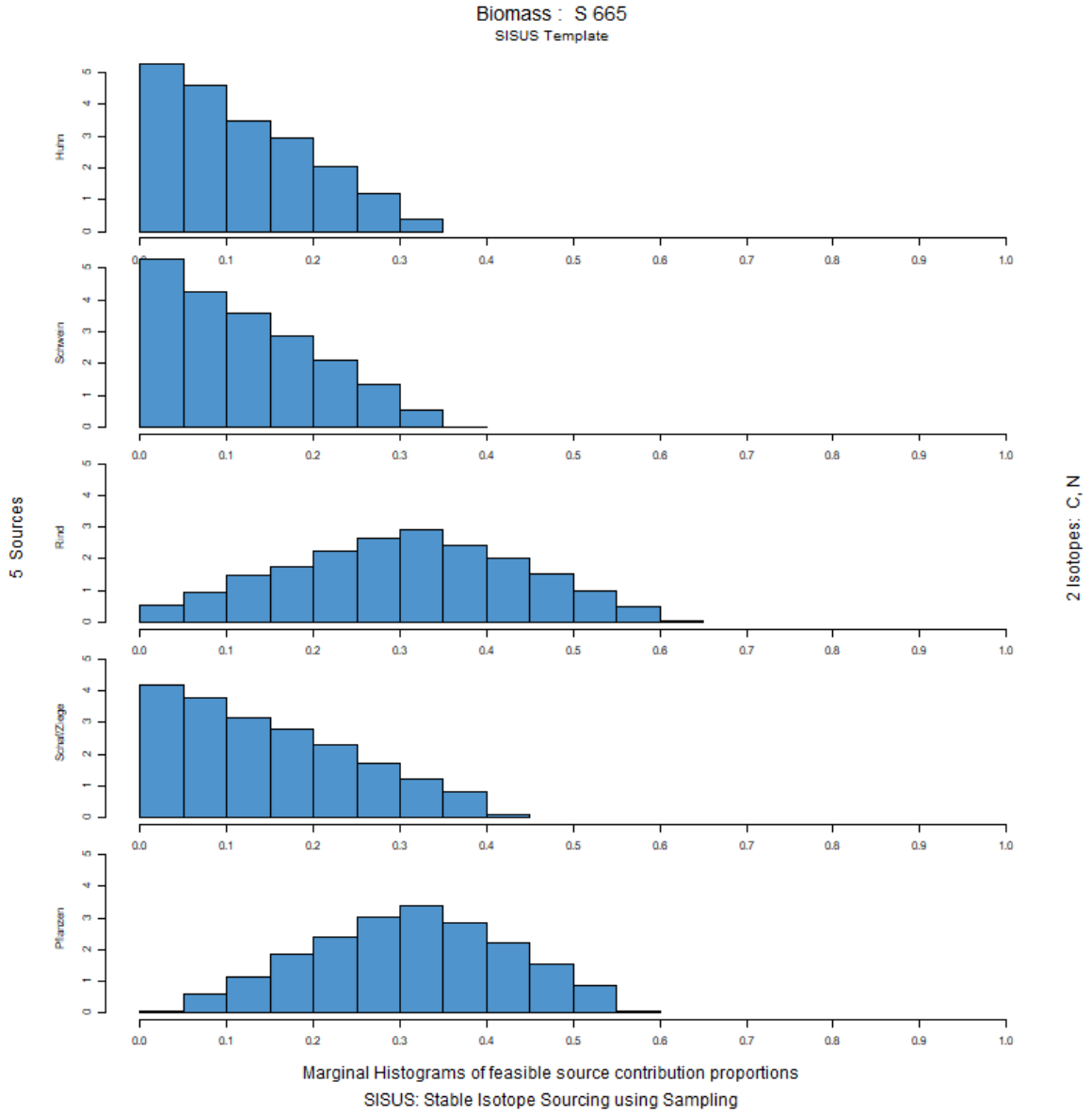


Abbildung 1909: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 665. Erstellt mit SISUS.

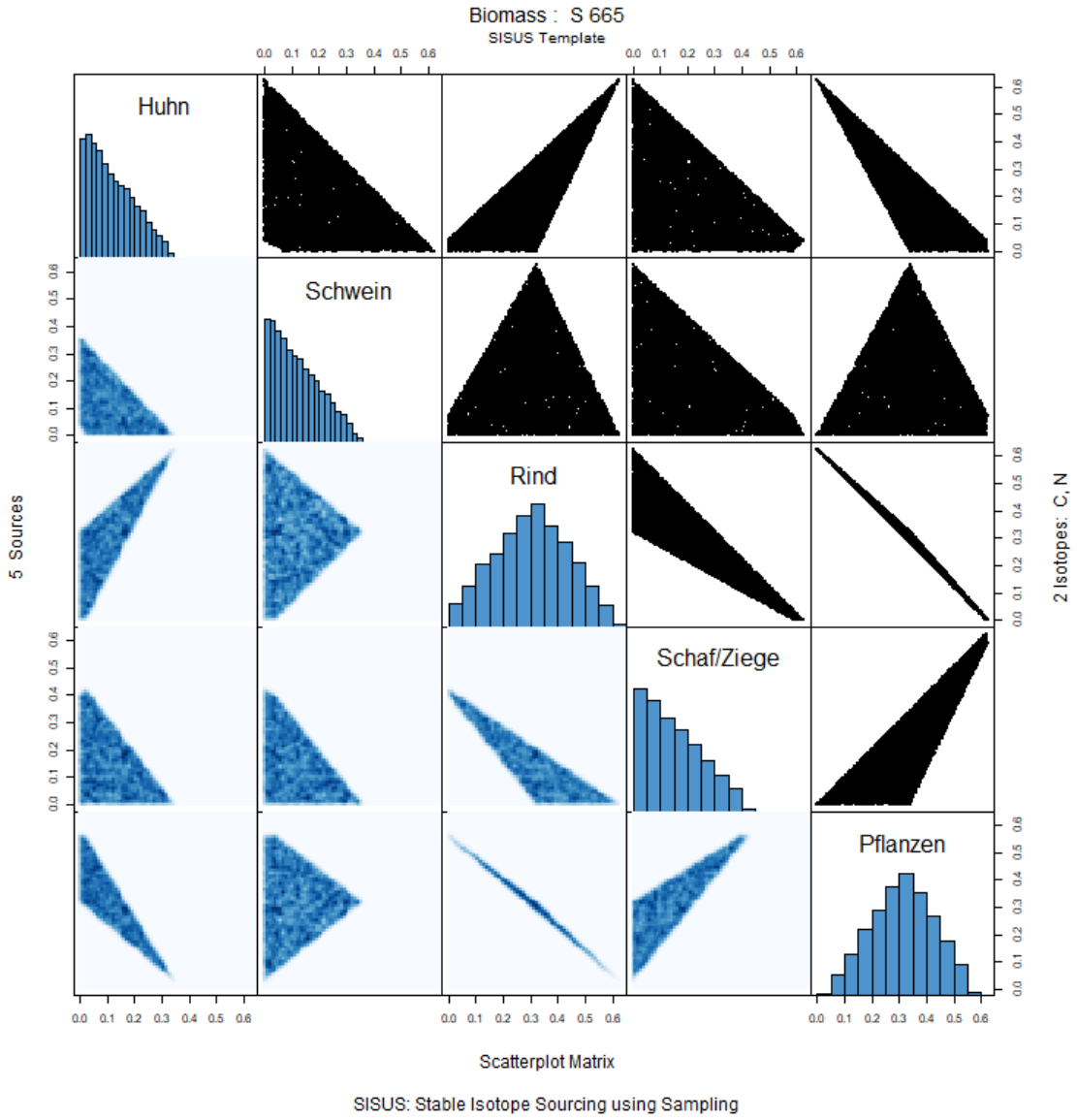


Abbildung 1910: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 665. Erstellt mit SISUS.

S708

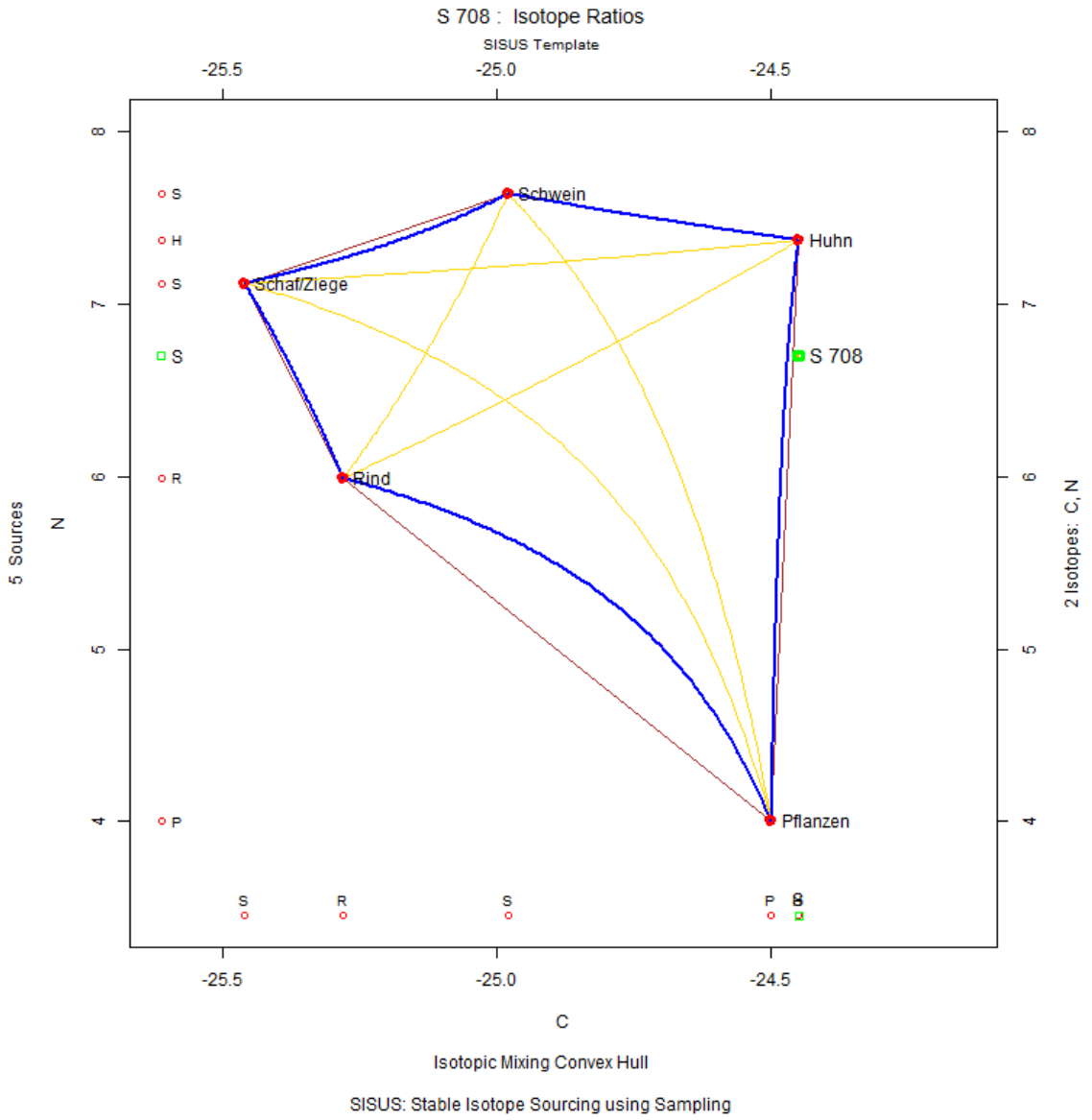


Abbildung 1911: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 708. Erstellt mit SISUS.

S739

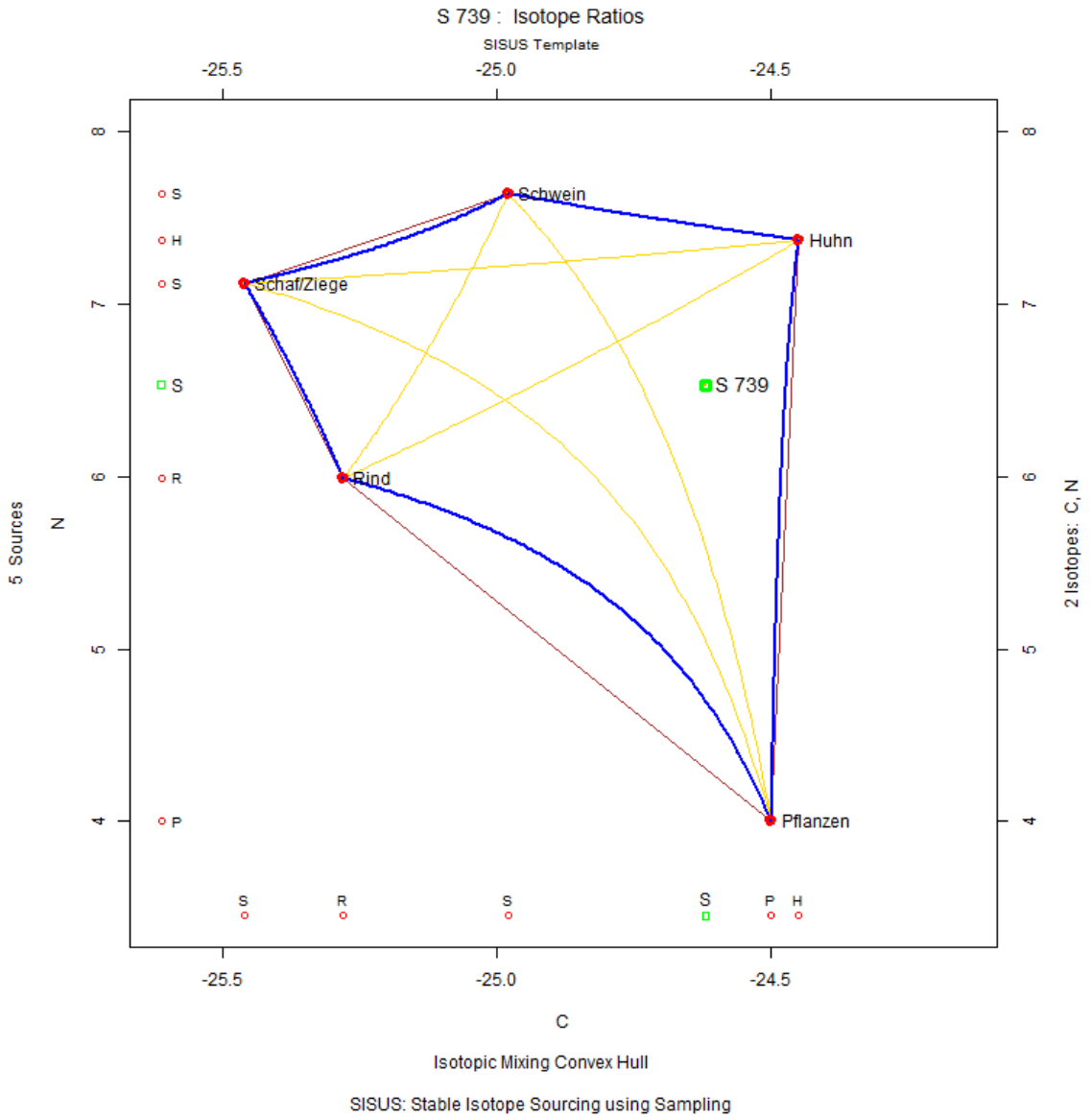


Abbildung 1912: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Straubing (S) 739. Erstellt mit SISUS.

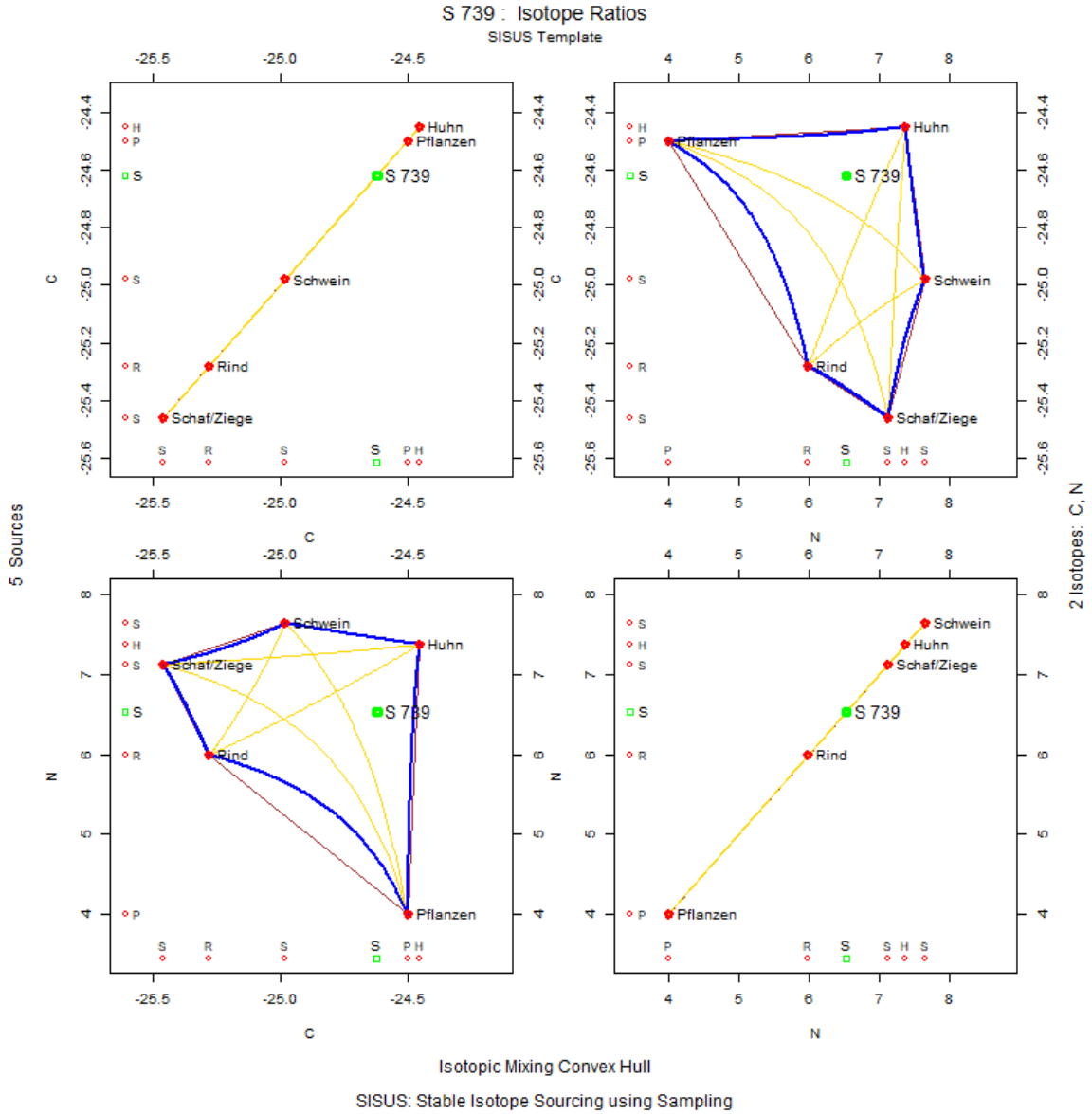


Abbildung 1913: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Straubing (S) 739 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

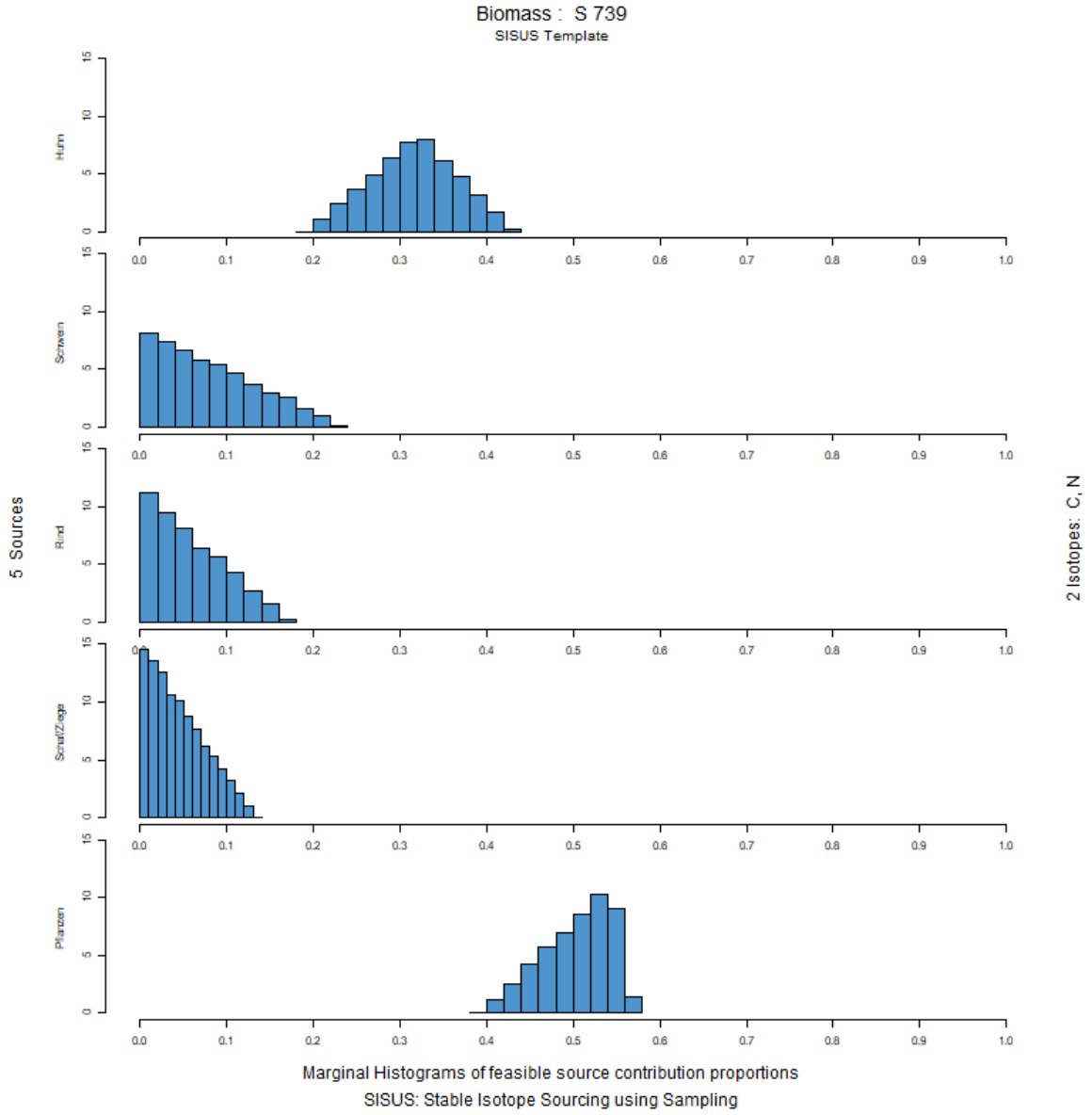


Abbildung 1914: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 739. Erstellt mit SISUS.

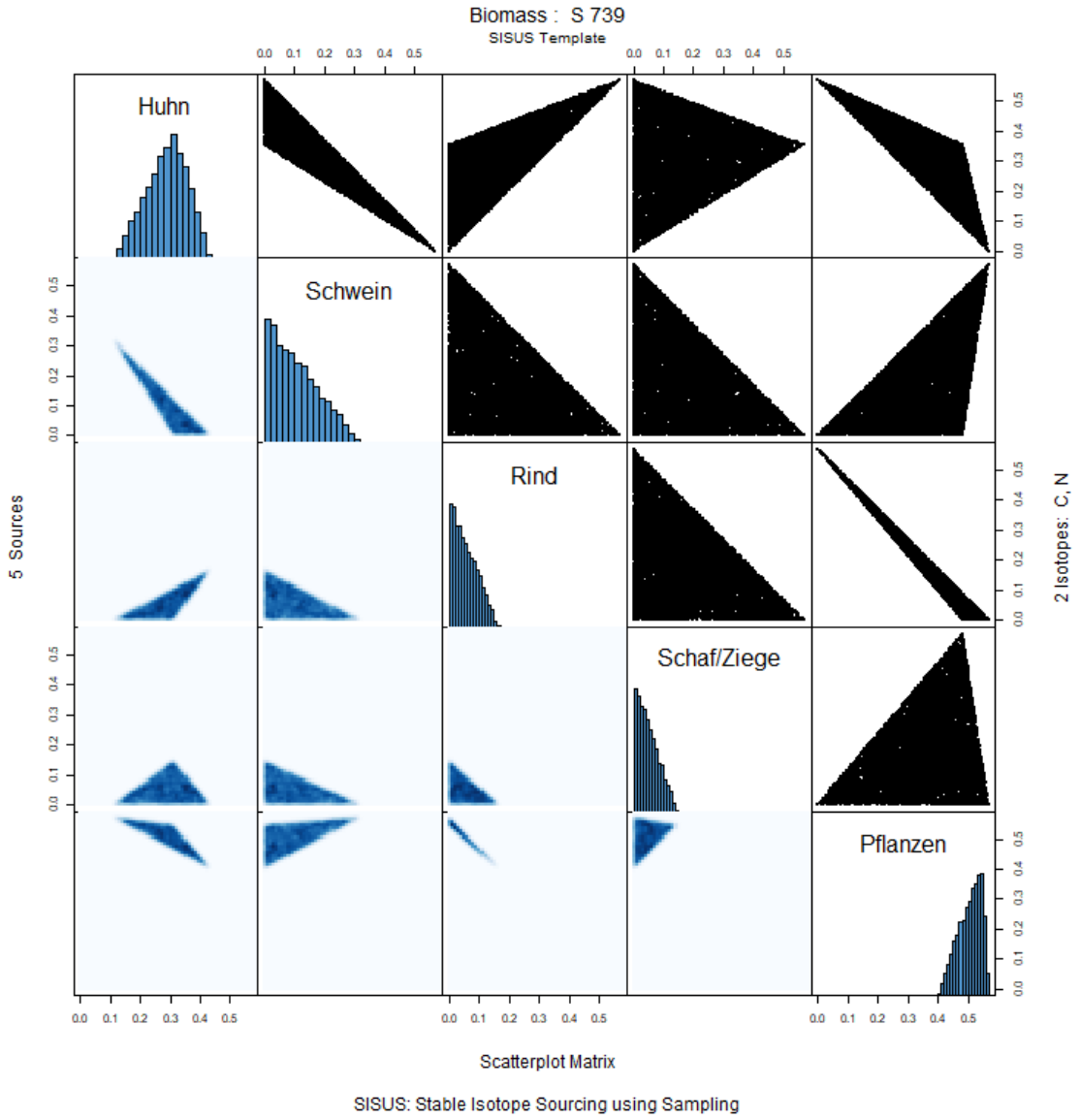


Abbildung 1915: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Straubing (S) 739. Erstellt mit SISUS.

15.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 42: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Straubing (S). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
S066	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S067	Huhn	16,1%	44,2%	10,6%	45,2%	65,8%	49,6%
	Pflanzen	0,0%	17,7%	8,9%	18,4%	36,9%	36,9%
	Rind	0,0%	10,2%	6,8%	9,5%	25,8%	25,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,1%	6,6%	9,3%	27,6%	27,6%
	Schwein	0,0%	17,8%	11,0%	16,8%	46,9%	46,9%
S073	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S077	Huhn	0,0%	16,0%	9,1%	15,8%	38,8%	38,8%
	Pflanzen	0,0%	17,7%	9,9%	17,5%	39,1%	39,1%
	Rind	0,0%	20,1%	10,2%	20,9%	40,8%	40,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	22,5%	11,8%	23,0%	49,2%	49,2%
	Schwein	0,0%	23,7%	13,8%	23,5%	55,7%	55,7%
S085	Huhn	0,0%	8,6%	6,0%	7,6%	25,4%	25,4%
	Pflanzen	27,7%	47,3%	8,0%	47,3%	64,5%	36,7%
	Rind	0,0%	22,4%	10,3%	22,7%	46,9%	46,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,9%	8,3%	10,6%	33,3%	33,3%
	Schwein	0,0%	9,8%	6,8%	8,7%	28,9%	28,9%
S093	Huhn	15,3%	22,9%	3,0%	23,1%	30,0%	14,8%
	Pflanzen	57,7%	64,2%	2,3%	64,6%	67,7%	10,0%
	Rind	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,2%	12,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,2%	2,2%	2,8%	9,5%	9,5%
	Schwein	0,0%	5,6%	4,0%	4,9%	17,0%	17,0%
S094	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S095	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S098	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S100	Huhn	0,0%	6,9%	4,9%	6,1%	20,8%	20,8%
	Pflanzen	16,6%	33,8%	7,2%	33,7%	51,8%	35,3%
	Rind	17,0%	40,9%	9,4%	41,2%	62,7%	45,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,4%	7,4%	9,2%	31,2%	31,2%
	Schwein	0,0%	8,0%	5,7%	7,0%	24,2%	24,2%

S130	Huhn	0,0%	10,1%	6,5%	9,5%	27,0%	27,0%
	Pflanzen	0,0%	11,2%	7,3%	10,2%	28,4%	28,4%
	Rind	0,0%	16,1%	8,2%	16,7%	34,2%	34,2%
	Schaf/Ziege	10,8%	42,0%	11,4%	43,6%	63,8%	53,0%
	Schwein	0,0%	20,7%	12,9%	19,4%	55,0%	55,0%
S170	Huhn	2,1%	34,0%	12,2%	34,7%	59,0%	57,0%
	Pflanzen	0,0%	22,8%	10,8%	23,9%	44,6%	44,6%
	Rind	0,0%	13,7%	9,1%	12,6%	34,5%	34,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,8%	7,2%	9,7%	31,2%	31,2%
	Schwein	0,0%	18,7%	12,3%	16,8%	53,3%	53,3%
S171	Huhn	0,0%	28,1%	11,6%	28,3%	56,0%	56,0%
	Pflanzen	3,0%	31,9%	10,4%	33,5%	50,6%	47,5%
	Rind	0,0%	13,7%	9,7%	12,2%	41,0%	41,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,7%	6,8%	8,6%	28,9%	28,9%
	Schwein	0,0%	16,5%	11,8%	14,6%	49,3%	49,3%
S172	Huhn	23,3%	48,3%	9,9%	48,6%	70,1%	46,8%
	Pflanzen	0,0%	21,3%	8,8%	22,5%	38,5%	38,5%
	Rind	0,0%	10,1%	7,0%	8,9%	27,9%	27,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,6%	5,2%	6,7%	22,3%	22,3%
	Schwein	0,0%	12,8%	8,9%	11,3%	38,2%	38,2%
S182	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S228	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S233	Huhn	5,9%	21,6%	6,1%	21,8%	36,0%	30,1%
	Pflanzen	40,0%	53,9%	5,0%	54,7%	62,2%	22,2%
	Rind	0,0%	8,1%	5,7%	7,1%	23,9%	23,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,0%	4,3%	5,2%	18,0%	18,0%
	Schwein	0,0%	10,5%	7,5%	9,2%	31,8%	31,8%
S235	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S236	Huhn	0,0%	7,6%	5,3%	6,7%	22,6%	22,6%
	Pflanzen	28,4%	46,3%	7,5%	46,1%	65,1%	36,7%
	Rind	1,0%	26,0%	9,8%	26,6%	48,9%	47,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,3%	8,0%	9,9%	33,9%	33,9%
	Schwein	0,0%	8,8%	6,2%	7,6%	26,4%	26,4%
S240	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S241	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

S243	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S246	Huhn	0,0%	19,0%	10,4%	18,3%	45,6%	45,6%
	Pflanzen	8,4%	36,9%	10,2%	38,7%	53,8%	45,4%
	Rind	0,0%	16,5%	10,7%	14,9%	46,0%	46,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,4%	7,6%	10,3%	32,2%	32,2%
	Schwein	0,0%	16,2%	10,9%	14,6%	43,6%	43,6%
S248	Huhn	0,0%	24,3%	11,8%	25,1%	49,9%	49,9%
	Pflanzen	0,0%	21,4%	10,7%	22,5%	42,3%	42,3%
	Rind	0,0%	15,9%	9,5%	15,1%	37,2%	37,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,2%	9,2%	14,6%	39,4%	39,4%
	Schwein	0,0%	23,1%	13,8%	22,5%	55,5%	55,5%
S262	Huhn	25,1%	45,2%	8,2%	45,3%	65,0%	39,9%
	Pflanzen	9,5%	29,2%	7,1%	30,2%	42,5%	33,0%
	Rind	0,0%	8,5%	6,0%	7,5%	25,5%	25,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,2%	4,4%	5,5%	18,8%	18,8%
	Schwein	0,0%	10,9%	7,6%	9,6%	32,4%	32,4%
S265	Huhn	0,0%	17,4%	10,2%	16,6%	41,8%	41,8%
	Pflanzen	0,0%	24,2%	11,9%	24,8%	46,7%	46,7%
	Rind	0,0%	22,8%	12,3%	22,8%	48,4%	48,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,2%	10,4%	16,2%	42,9%	42,9%
	Schwein	0,0%	18,5%	11,5%	17,8%	48,3%	48,3%
S299	Huhn	0,0%	3,8%	2,7%	3,4%	11,3%	11,3%
	Pflanzen	54,2%	62,7%	3,8%	62,5%	72,6%	18,4%
	Rind	7,2%	21,7%	5,6%	21,9%	34,5%	27,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,7%	4,7%	5,9%	20,2%	20,2%
	Schwein	0,0%	5,1%	3,6%	4,4%	15,3%	15,3%
S300	Huhn	0,0%	2,1%	1,5%	1,8%	6,1%	6,1%
	Pflanzen	44,0%	48,9%	2,2%	48,7%	54,6%	10,7%
	Rind	34,1%	42,5%	3,3%	42,7%	49,9%	15,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,8%	2,7%	3,3%	11,3%	11,3%
	Schwein	0,0%	2,8%	2,0%	2,5%	8,4%	8,4%
S305	Huhn	0,0%	8,6%	5,9%	7,7%	23,8%	23,8%
	Pflanzen	0,0%	18,2%	9,1%	17,9%	41,4%	41,4%
	Rind	20,7%	50,0%	11,2%	50,7%	72,0%	51,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,1%	8,8%	11,5%	37,9%	37,9%
	Schwein	0,0%	10,1%	7,0%	9,0%	29,7%	29,7%
S306	Huhn	0,0%	9,0%	6,1%	7,9%	26,3%	26,3%
	Pflanzen	26,6%	46,8%	8,1%	46,9%	63,9%	37,3%
	Rind	0,0%	22,0%	10,4%	22,3%	47,1%	47,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,2%	8,4%	10,9%	33,4%	33,4%
	Schwein	0,0%	10,0%	7,0%	8,9%	29,7%	29,7%
S308	Huhn	0,0%	16,4%	9,7%	15,6%	39,8%	39,8%
	Pflanzen	0,0%	22,7%	11,7%	23,2%	46,0%	46,0%
	Rind	0,0%	24,1%	12,4%	24,5%	48,7%	48,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,1%	10,8%	17,1%	44,7%	44,7%
	Schwein	0,0%	18,7%	11,4%	18,0%	48,4%	48,4%
S309	Huhn	23,9%	47,3%	9,5%	47,4%	70,4%	46,5%
	Pflanzen	0,5%	23,9%	8,4%	25,0%	39,9%	39,3%
	Rind	0,0%	9,7%	6,8%	8,6%	29,1%	29,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,0%	5,0%	6,2%	21,1%	21,1%
	Schwein	0,0%	12,1%	8,5%	10,6%	36,3%	36,3%

S310	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S315	Huhn	9,1%	15,6%	2,5%	15,7%	21,5%	12,4%
	Pflanzen	67,1%	72,4%	1,8%	72,7%	75,0%	7,8%
	Rind	0,0%	3,7%	2,6%	3,3%	11,3%	11,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,0%	2,1%	2,6%	8,9%	8,9%
	Schwein	0,0%	5,4%	3,8%	4,8%	15,9%	15,9%
S316	Huhn	42,7%	51,1%	3,4%	51,2%	59,1%	16,5%
	Pflanzen	30,6%	38,2%	2,8%	38,6%	43,4%	12,8%
	Rind	0,0%	3,4%	2,4%	3,0%	10,3%	10,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,7%	1,9%	2,3%	8,0%	8,0%
	Schwein	0,0%	4,6%	3,3%	4,0%	13,9%	13,9%
S317	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S320	Huhn	7,1%	14,1%	2,7%	14,3%	20,5%	13,3%
	Pflanzen	67,2%	72,8%	2,0%	73,1%	75,7%	8,5%
	Rind	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,3%	12,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,2%	2,3%	2,9%	9,7%	9,7%
	Schwein	0,0%	5,8%	4,1%	5,0%	17,3%	17,3%
S321	Huhn	0,0%	17,8%	10,5%	16,7%	43,3%	43,3%
	Pflanzen	0,0%	26,5%	12,1%	27,9%	48,5%	48,5%
	Rind	0,0%	22,3%	12,6%	21,6%	50,0%	50,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,7%	9,9%	14,7%	40,9%	40,9%
	Schwein	0,0%	17,6%	11,1%	16,5%	46,9%	46,9%
S326	Huhn	14,5%	43,4%	10,6%	44,8%	64,4%	49,9%
	Pflanzen	0,0%	15,2%	8,3%	15,4%	34,6%	34,6%
	Rind	0,0%	9,2%	5,9%	8,6%	23,4%	23,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,6%	7,4%	10,9%	30,2%	30,2%
	Schwein	0,0%	20,6%	12,0%	20,1%	50,9%	50,9%
S328	Huhn	3,2%	10,2%	2,8%	10,4%	16,6%	13,4%
	Pflanzen	70,4%	75,9%	2,0%	76,3%	79,0%	8,6%
	Rind	0,0%	4,4%	3,1%	3,8%	13,0%	13,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,4%	2,4%	2,9%	10,2%	10,2%
	Schwein	0,0%	6,2%	4,4%	5,4%	18,4%	18,4%
S329	Huhn	7,6%	26,8%	7,6%	27,0%	45,1%	37,5%
	Pflanzen	27,0%	45,0%	6,3%	46,1%	56,2%	29,2%
	Rind	0,0%	9,3%	6,5%	8,2%	27,9%	27,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,9%	4,9%	6,0%	20,6%	20,6%
	Schwein	0,0%	12,1%	8,5%	10,6%	36,2%	36,2%
S330	Huhn	46,6%	60,4%	0,05419	0,60639	73,2%	26,6%
	Pflanzen	0,0%	4,6%	3,3%	4,1%	13,9%	13,9%
	Rind	0,0%	2,5%	1,8%	2,2%	7,5%	7,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,4%	4,5%	5,5%	19,3%	19,3%
	Schwein	7,5%	26,1%	7,5%	27,0%	39,6%	32,1%
S349	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

S354	Huhn	0,0%	23,5%	11,7%	23,8%	49,2%	49,2%
	Pflanzen	0,0%	23,1%	11,2%	24,3%	44,2%	44,2%
	Rind	0,0%	17,3%	10,3%	16,4%	40,2%	40,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,7%	9,0%	14,0%	38,8%	38,8%
	Schwein	0,0%	21,4%	13,0%	20,5%	53,3%	53,3%
S355	Huhn	21,0%	23,4%	0,9%	23,4%	25,5%	4,5%
	Pflanzen	70,5%	72,4%	0,7%	72,5%	73,4%	2,8%
	Rind	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,9%	3,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,1%	0,7%	0,9%	3,1%	3,1%
	Schwein	0,0%	1,9%	1,3%	1,6%	5,6%	5,6%
S356	Huhn	0,0%	6,4%	4,5%	5,5%	19,3%	19,3%
	Pflanzen	39,4%	54,3%	6,3%	54,1%	69,8%	30,4%
	Rind	0,0%	21,3%	8,6%	21,8%	41,4%	41,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,2%	7,2%	9,0%	29,9%	29,9%
	Schwein	0,0%	7,9%	5,5%	6,9%	23,5%	23,5%
S358	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S360	Huhn	0,0%	8,3%	3,7%	8,5%	17,0%	17,0%
	Pflanzen	65,5%	73,2%	2,7%	73,6%	77,3%	11,8%
	Rind	0,0%	5,9%	4,1%	5,2%	17,6%	17,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,6%	3,2%	4,0%	13,6%	13,6%
	Schwein	0,0%	8,0%	5,7%	7,1%	22,7%	22,7%
S361	Huhn	9,3%	18,7%	3,7%	18,8%	27,4%	18,1%
	Pflanzen	57,2%	65,1%	2,8%	65,6%	69,4%	12,2%
	Rind	0,0%	5,1%	3,6%	4,5%	15,4%	15,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,0%	2,8%	3,4%	11,9%	11,9%
	Schwein	0,0%	7,1%	5,0%	6,2%	21,3%	21,3%
S369	Huhn	0,0%	19,2%	10,5%	18,9%	43,5%	43,5%
	Pflanzen	0,0%	13,0%	7,4%	12,8%	31,1%	31,1%
	Rind	0,0%	12,3%	6,9%	12,3%	29,1%	29,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	23,3%	12,5%	23,1%	50,4%	50,4%
	Schwein	0,0%	32,2%	16,9%	33,3%	65,8%	65,8%
S374	Huhn	30,6%	43,4%	4,9%	43,6%	54,9%	24,3%
	Pflanzen	0,0%	4,4%	3,1%	3,9%	13,4%	13,4%
	Rind	0,0%	2,3%	1,7%	2,1%	7,0%	7,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,9%	4,2%	5,2%	17,5%	17,5%
	Schwein	27,6%	44,0%	6,0%	44,8%	56,0%	28,4%
S377	Huhn	0,0%	3,9%	2,7%	3,4%	11,5%	11,5%
	Pflanzen	28,7%	38,2%	4,2%	37,9%	48,8%	20,1%
	Rind	31,8%	46,7%	5,8%	47,1%	59,8%	28,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,4%	4,6%	5,6%	19,4%	19,4%
	Schwein	0,0%	4,8%	3,4%	4,2%	14,6%	14,6%
S388	Huhn	0,0%	12,3%	8,2%	11,3%	33,0%	33,0%
	Pflanzen	0,0%	22,7%	11,9%	22,5%	50,7%	50,7%
	Rind	0,0%	33,0%	13,7%	34,0%	58,8%	58,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,6%	11,4%	16,0%	47,4%	47,4%
	Schwein	0,0%	14,4%	9,7%	13,1%	40,8%	40,8%
S399	Huhn	21,4%	47,1%	10,2%	47,4%	69,1%	47,7%
	Pflanzen	0,0%	21,0%	9,1%	22,2%	38,7%	38,7%
	Rind	0,0%	10,4%	7,2%	9,3%	28,0%	28,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,9%	5,5%	6,9%	23,3%	23,3%
	Schwein	0,0%	13,6%	9,3%	12,0%	39,8%	39,8%

S412	Huhn	0,0%	13,1%	8,0%	12,4%	34,3%	34,3%
	Pflanzen	0,0%	17,2%	10,2%	16,3%	39,8%	39,8%
	Rind	0,0%	23,3%	11,1%	24,4%	44,3%	44,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	24,7%	12,4%	25,4%	52,1%	52,1%
	Schwein	0,0%	21,7%	13,2%	20,8%	53,5%	53,5%
S428	Huhn	46,5%	50,5%	1,6%	50,5%	54,2%	7,7%
	Pflanzen	40,8%	44,3%	1,3%	44,5%	46,7%	5,8%
	Rind	0,0%	1,7%	1,2%	1,5%	4,9%	4,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,9%	3,9%
	Schwein	0,0%	2,3%	1,6%	2,0%	6,8%	6,8%
S445	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S450	Huhn	0,0%	8,4%	5,9%	7,4%	25,0%	25,0%
	Pflanzen	15,4%	35,7%	8,5%	35,6%	56,9%	41,6%
	Rind	7,0%	34,6%	10,7%	35,1%	59,6%	52,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,8%	8,4%	10,4%	36,1%	36,1%
	Schwein	0,0%	9,5%	6,7%	8,3%	28,2%	28,2%
S451	Huhn	0,0%	26,9%	12,3%	27,9%	52,8%	52,8%
	Pflanzen	0,0%	22,5%	11,0%	23,6%	43,5%	43,5%
	Rind	0,0%	15,0%	9,5%	14,1%	36,7%	36,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,7%	8,6%	12,9%	36,6%	36,6%
	Schwein	0,0%	21,8%	13,7%	20,4%	55,1%	55,1%
S452	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S470	Huhn	0,0%	31,0%	12,5%	32,1%	56,5%	56,5%
	Pflanzen	0,0%	21,5%	10,7%	22,3%	43,0%	43,0%
	Rind	0,0%	13,1%	8,7%	12,1%	33,2%	33,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,6%	8,1%	11,8%	34,3%	34,3%
	Schwein	0,0%	21,8%	13,6%	20,4%	56,7%	56,7%
S473	Huhn	0,0%	15,1%	9,4%	13,8%	40,6%	40,6%
	Pflanzen	5,8%	35,0%	10,9%	36,2%	54,7%	48,9%
	Rind	0,0%	22,0%	12,2%	21,1%	53,6%	53,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,5%	9,1%	12,3%	36,9%	36,9%
	Schwein	0,0%	14,4%	9,6%	13,2%	40,4%	40,4%
S474	Huhn	0,0%	19,8%	10,4%	19,5%	46,3%	46,3%
	Pflanzen	9,0%	37,1%	10,0%	38,8%	53,8%	44,8%
	Rind	0,0%	15,9%	10,4%	14,3%	44,7%	44,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,9%	7,5%	9,8%	31,4%	31,4%
	Schwein	0,0%	16,3%	11,1%	14,6%	44,1%	44,1%
S477	Huhn	0,0%	9,4%	6,2%	8,6%	26,8%	26,8%
	Pflanzen	28,8%	48,5%	7,8%	48,8%	64,1%	35,4%
	Rind	0,0%	20,0%	9,9%	20,0%	44,5%	44,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,6%	7,9%	10,4%	31,7%	31,7%
	Schwein	0,0%	10,5%	7,1%	9,4%	30,2%	30,2%
S478	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

S479	Huhn	71,9%	77,6%	2,2%	77,8%	82,7%	10,8%
	Pflanzen	0,0%	1,9%	1,3%	1,7%	5,7%	5,7%
	Rind	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	3,0%	3,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,5%	1,7%	2,2%	7,4%	7,4%
	Schwein	9,8%	17,0%	2,6%	17,3%	22,4%	12,6%
S480	Huhn	11,8%	16,9%	2,1%	17,0%	21,7%	10,0%
	Pflanzen	69,2%	73,3%	1,5%	73,6%	75,4%	6,3%
	Rind	0,0%	3,0%	2,2%	2,7%	9,1%	9,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,4%	1,7%	2,0%	7,2%	7,2%
	Schwein	0,0%	4,3%	3,1%	3,8%	12,9%	12,9%
S481	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S483	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S484	Huhn	0,0%	9,0%	6,4%	7,8%	27,0%	27,0%
	Pflanzen	18,6%	40,3%	8,9%	40,3%	61,9%	61,9%
	Rind	0,0%	27,9%	11,2%	28,3%	54,3%	54,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,7%	9,0%	11,3%	37,7%	37,7%
	Schwein	0,0%	10,1%	7,1%	9,0%	30,1%	30,1%
S485	Huhn	0,0%	5,2%	3,7%	4,5%	15,5%	15,5%
	Pflanzen	0,0%	9,3%	6,6%	8,2%	28,0%	28,0%
	Rind	30,3%	53,6%	8,2%	54,9%	66,9%	36,6%
	Schaf/Ziege	0,4%	21,1%	8,4%	21,1%	41,7%	41,3%
	Schwein	0,0%	10,9%	7,7%	9,5%	32,7%	32,7%
S486	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S487	Huhn	34,4%	41,3%	2,7%	41,3%	47,8%	13,4%
	Pflanzen	42,9%	49,0%	2,2%	49,3%	52,9%	10,0%
	Rind	0,0%	3,1%	2,2%	2,7%	9,3%	9,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,2%	7,2%
	Schwein	0,0%	4,2%	3,0%	3,7%	12,7%	12,7%
S489	Huhn	44,9%	61,7%	6,8%	61,8%	61,8%	33,5%
	Pflanzen	2,8%	19,2%	5,9%	20,0%	30,9%	28,1%
	Rind	0,0%	6,3%	4,4%	5,6%	18,9%	18,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,7%	3,3%	4,1%	14,1%	14,1%
	Schwein	0,0%	8,1%	5,7%	7,2%	24,2%	24,2%
S490	Huhn	0,0%	11,4%	7,7%	10,2%	33,1%	33,1%
	Pflanzen	12,3%	38,0%	10,1%	38,4%	58,4%	46,0%
	Rind	0,0%	24,9%	12,1%	24,9%	54,6%	54,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,8%	9,4%	12,4%	37,7%	37,7%
	Schwein	0,0%	11,9%	8,1%	10,7%	35,0%	35,0%
S491	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

S493	Huhn	34,2%	54,9%	8,0%	55,2%	72,1%	37,9%
	Pflanzen	0,0%	6,8%	4,7%	6,0%	20,3%	20,3%
	Rind	0,0%	4,0%	2,7%	3,5%	11,7%	11,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,0%	7,0%	9,0%	27,4%	27,4%
	Schwein	0,0%	24,3%	10,4%	25,5%	45,5%	45,5%
S494	Huhn	16,7%	40,3%	9,6%	40,3%	63,4%	46,7%
	Pflanzen	5,7%	29,1%	8,5%	30,4%	44,7%	39,0%
	Rind	0,0%	10,3%	7,3%	8,9%	30,9%	30,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,4%	5,2%	6,6%	22,3%	22,3%
	Schwein	0,0%	12,9%	9,1%	11,4%	38,6%	38,6%
S495	Huhn	0,0%	28,3%	12,4%	29,6%	53,5%	53,5%
	Pflanzen	0,0%	15,3%	8,8%	15,2%	35,4%	35,4%
	Rind	0,0%	10,1%	6,4%	9,5%	26,1%	26,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,4%	10,4%	15,5%	40,9%	40,9%
	Schwein	0,0%	29,9%	16,1%	30,5%	63,8%	63,8%
S497	Huhn	7,9%	38,9%	11,5%	40,1%	61,5%	53,6%
	Pflanzen	0,0%	17,9%	9,5%	18,4%	39,0%	39,0%
	Rind	0,0%	11,3%	7,3%	10,6%	27,8%	27,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,6%	7,5%	10,9%	31,4%	31,4%
	Schwein	0,0%	20,3%	12,4%	19,3%	53,1%	53,1%
S499	Huhn	16,3%	31,5%	6,1%	31,6%	45,9%	29,6%
	Pflanzen	32,6%	46,5%	5,0%	47,3%	55,3%	22,7%
	Rind	0,0%	7,2%	5,1%	6,3%	21,5%	21,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,4%	3,8%	4,7%	16,2%	16,2%
	Schwein	0,0%	9,5%	6,7%	8,3%	28,4%	28,4%
S500	Huhn	0,0%	15,0%	8,0%	14,6%	35,7%	35,7%
	Pflanzen	26,1%	47,6%	7,6%	48,6%	60,3%	34,2%
	Rind	0,0%	13,8%	8,8%	12,8%	38,3%	38,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,8%	6,5%	9,1%	27,6%	27,6%
	Schwein	0,0%	13,8%	9,2%	12,7%	37,4%	37,4%
S501	Huhn	37,6%	58,8%	8,3%	59,0%	76,5%	38,9%
	Pflanzen	0,0%	16,5%	7,3%	17,4%	31,4%	31,4%
	Rind	0,0%	7,8%	5,3%	7,0%	20,9%	20,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,2%	4,3%	5,5%	18,2%	18,2%
	Schwein	0,0%	10,7%	7,3%	9,5%	31,1%	31,1%
S502	Huhn	0,0%	3,6%	2,5%	3,2%	10,7%	10,7%
	Pflanzen	31,2%	40,0%	3,8%	39,7%	49,9%	18,7%
	Rind	31,8%	45,8%	5,4%	46,1%	58,1%	26,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,1%	4,3%	5,3%	18,3%	18,3%
	Schwein	0,0%	4,6%	3,3%	4,0%	13,8%	13,8%
S520	Huhn	0,0%	9,4%	6,3%	8,4%	27,0%	27,0%
	Pflanzen	27,1%	47,3%	8,1%	47,5%	63,7%	36,6%
	Rind	0,0%	21,0%	10,3%	21,1%	45,9%	45,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,8%	8,2%	10,5%	32,6%	32,6%
	Schwein	0,0%	10,5%	7,2%	9,4%	30,4%	30,4%
S535	Huhn	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	6,1%	6,1%
	Pflanzen	10,6%	16,1%	2,4%	16,0%	22,3%	11,7%
	Rind	67,1%	75,7%	3,3%	75,9%	83,2%	16,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,5%	2,5%	3,1%	10,6%	10,6%
	Schwein	0,0%	2,6%	1,8%	2,3%	7,8%	7,8%
S537	Huhn	8,2%	11,4%	1,3%	11,4%	14,3%	6,1%
	Pflanzen	79,5%	81,9%	0,9%	82,1%	83,4%	3,9%
	Rind	0,0%	2,1%	1,5%	1,8%	6,2%	6,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,7%	1,2%	1,5%	5,0%	5,0%
	Schwein	0,0%	3,0%	2,1%	2,6%	9,0%	9,0%

S538	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S581	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S600	Huhn	2,3%	31,3%	11,9%	31,4%	59,7%	57,4%
	Pflanzen	0,0%	29,5%	10,6%	31,0%	48,6%	48,6%
	Rind	0,0%	13,3%	9,5%	11,8%	40,3%	40,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,5%	6,7%	8,3%	28,4%	28,4%
	Schwein	0,0%	16,4%	11,7%	14,4%	49,1%	49,1%
S604	Huhn	33,9%	44,5%	4,2%	44,6%	54,7%	20,7%
	Pflanzen	31,7%	41,4%	3,5%	41,9%	47,8%	16,1%
	Rind	0,0%	4,5%	3,2%	4,0%	13,6%	13,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,5%	0,1%	3,1%	10,5%	10,5%
	Schwein	0,0%	6,1%	4,3%	5,3%	18,3%	18,3%
S660	Huhn	22,1%	48,7%	9,8%	50,0%	68,0%	45,9%
	Pflanzen	0,0%	13,5%	7,4%	13,5%	31,4%	31,4%
	Rind	0,0%	8,0%	5,1%	7,5%	20,5%	20,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,6%	6,8%	10,1%	27,6%	27,6%
	Schwein	0,0%	19,2%	11,0%	18,9%	46,5%	46,5%
S665	Huhn	0,0%	11,6%	8,2%	10,1%	34,6%	34,6%
	Pflanzen	2,9%	31,1%	11,3%	31,3%	56,0%	53,1%
	Rind	0,0%	30,3%	13,4%	30,8%	62,5%	62,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,9%	10,4%	13,0%	42,2%	42,2%
	Schwein	0,0%	12,0%	8,5%	10,6%	36,0%	36,0%
S708	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
S739	Huhn	19,5%	31,6%	4,8%	31,7%	43,1%	23,6%
	Pflanzen	0,0%	50,4%	3,9%	51,1%	57,1%	17,6%
	Rind	0,0%	5,7%	4,1%	5,0%	17,4%	17,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,4%	3,1%	3,9%	13,2%	13,2%
	Schwein	0,0%	7,8%	5,5%	6,9%	23,3%	23,3%

16 Deutschland (Frühmittelalter) – Unterigling

16.1 IsoConc: Abbildungen

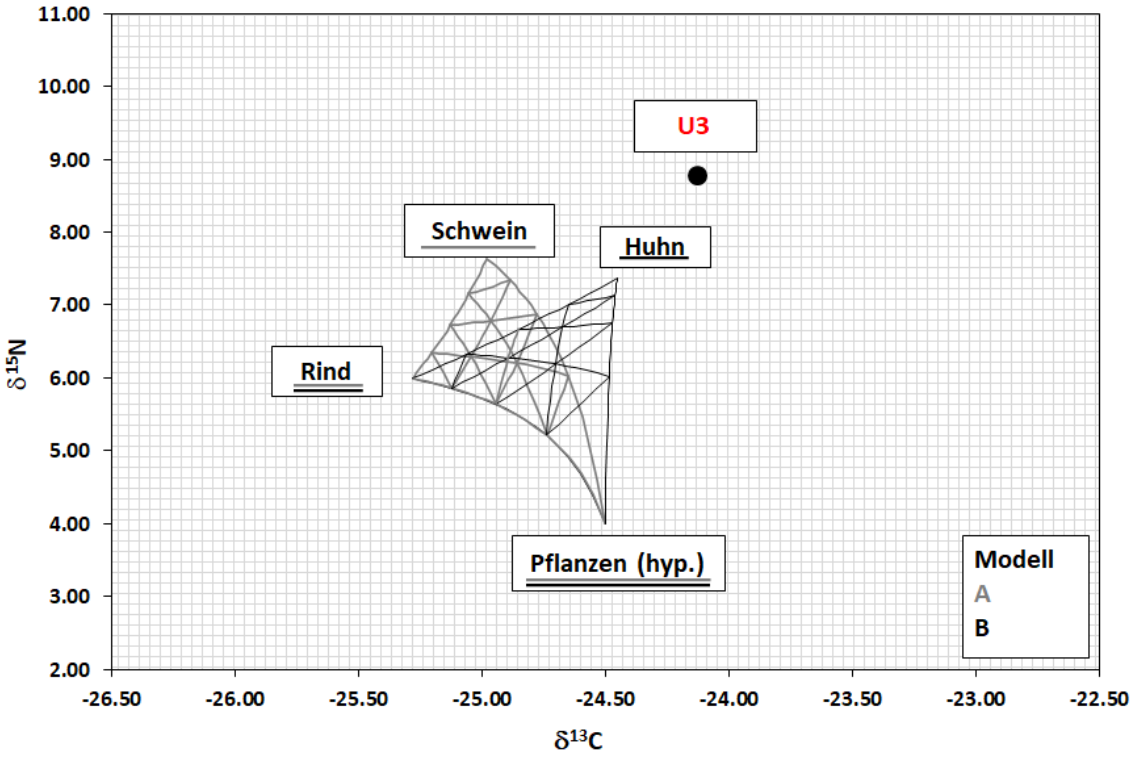


Abbildung 1917: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 3. Erstellt mit IsoConc.

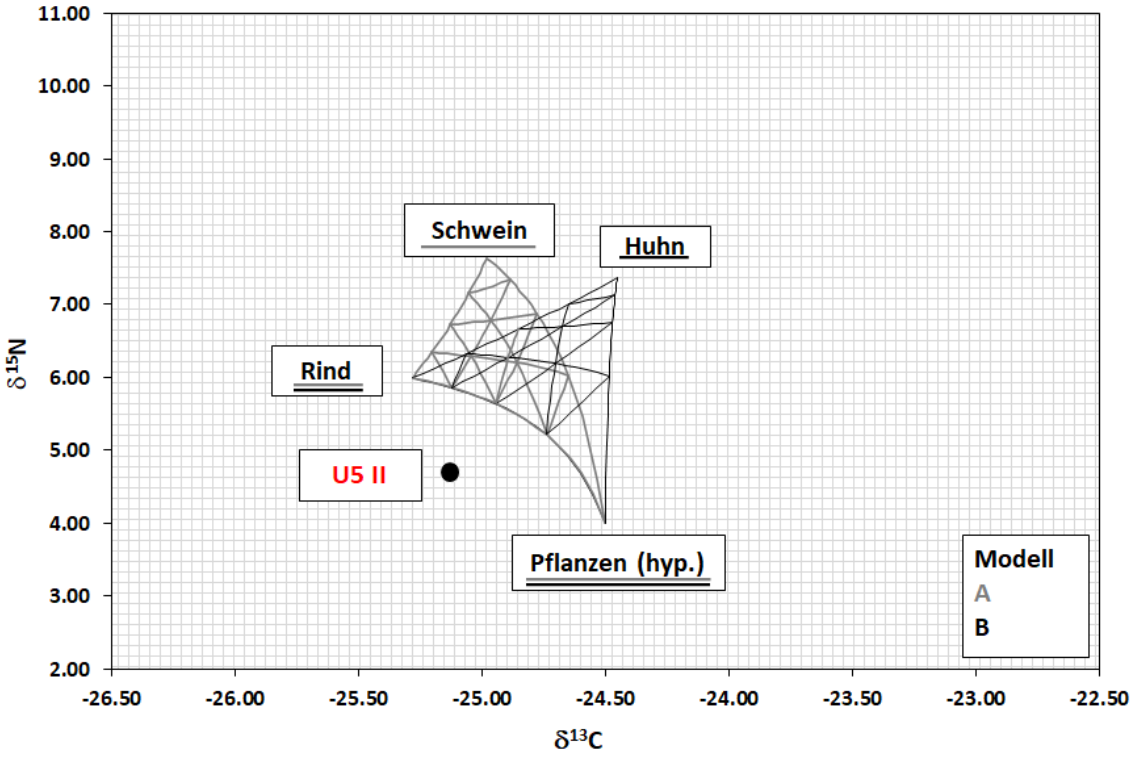


Abbildung 1916: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 5 II. Erstellt mit IsoConc.

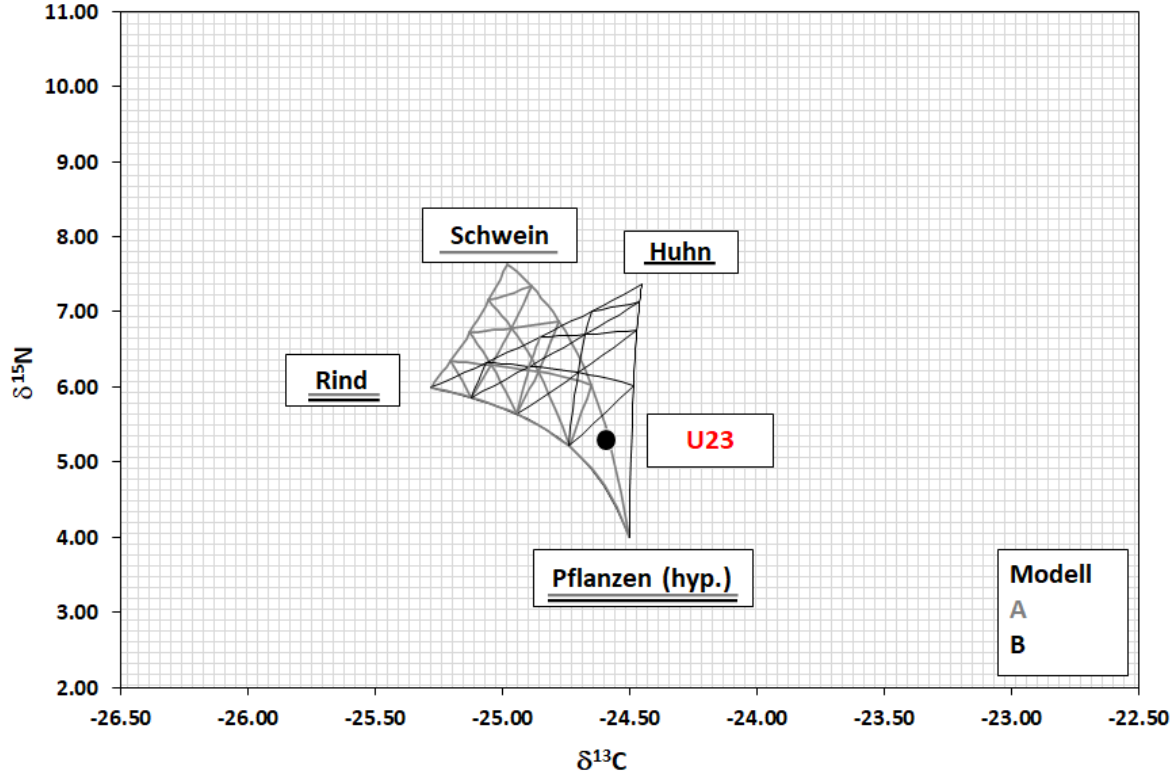


Abbildung 1918: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 23. Erstellt mit IsoConc.

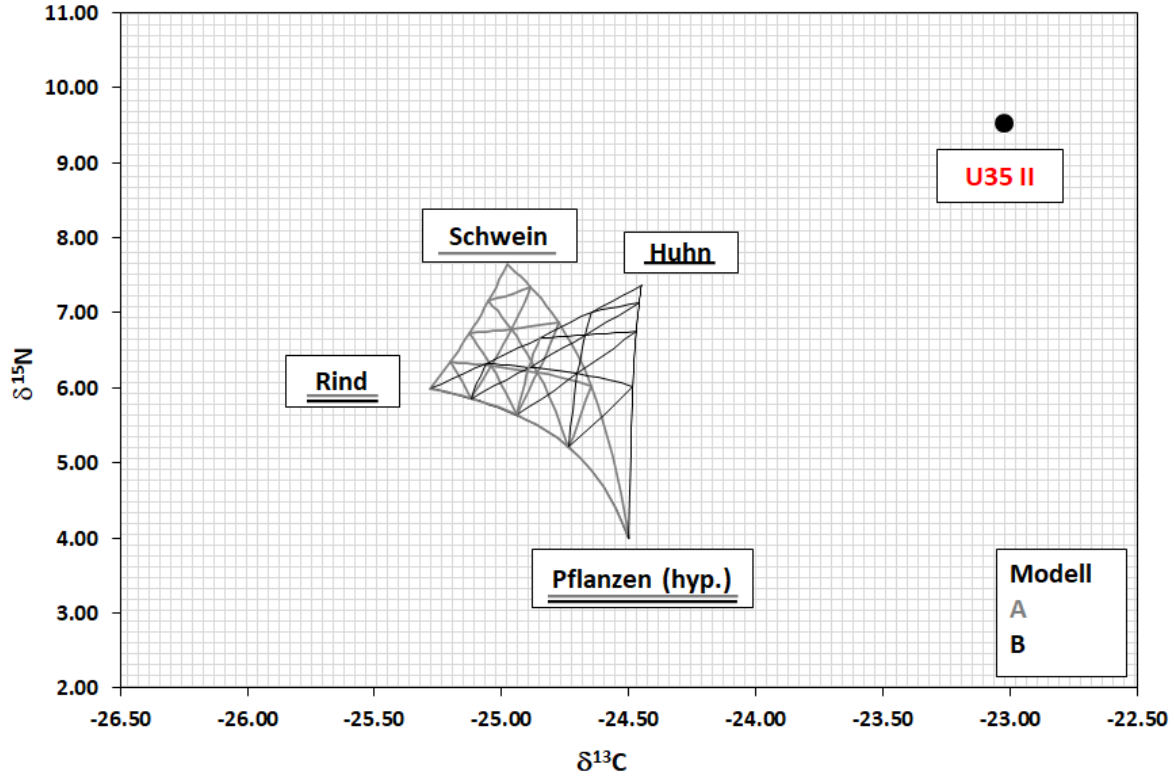


Abbildung 1919: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 35 II. Erstellt mit IsoConc.

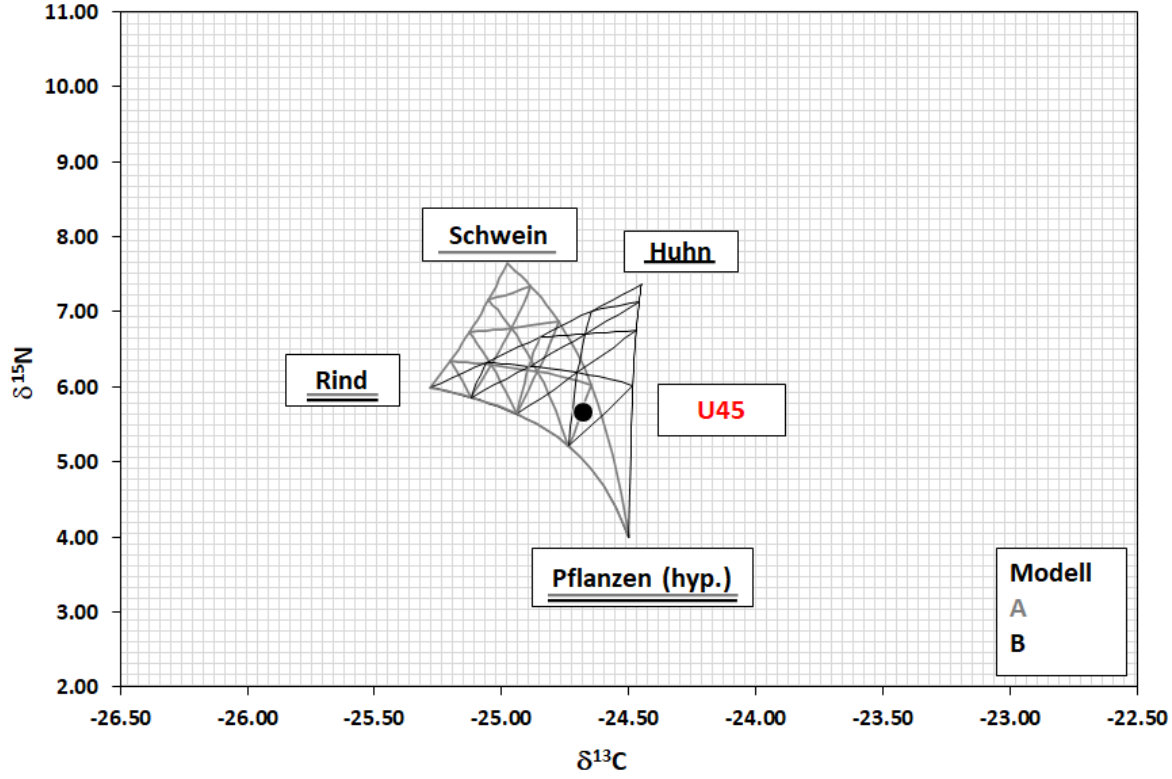


Abbildung 1920: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 45. Erstellt mit IsoConc.

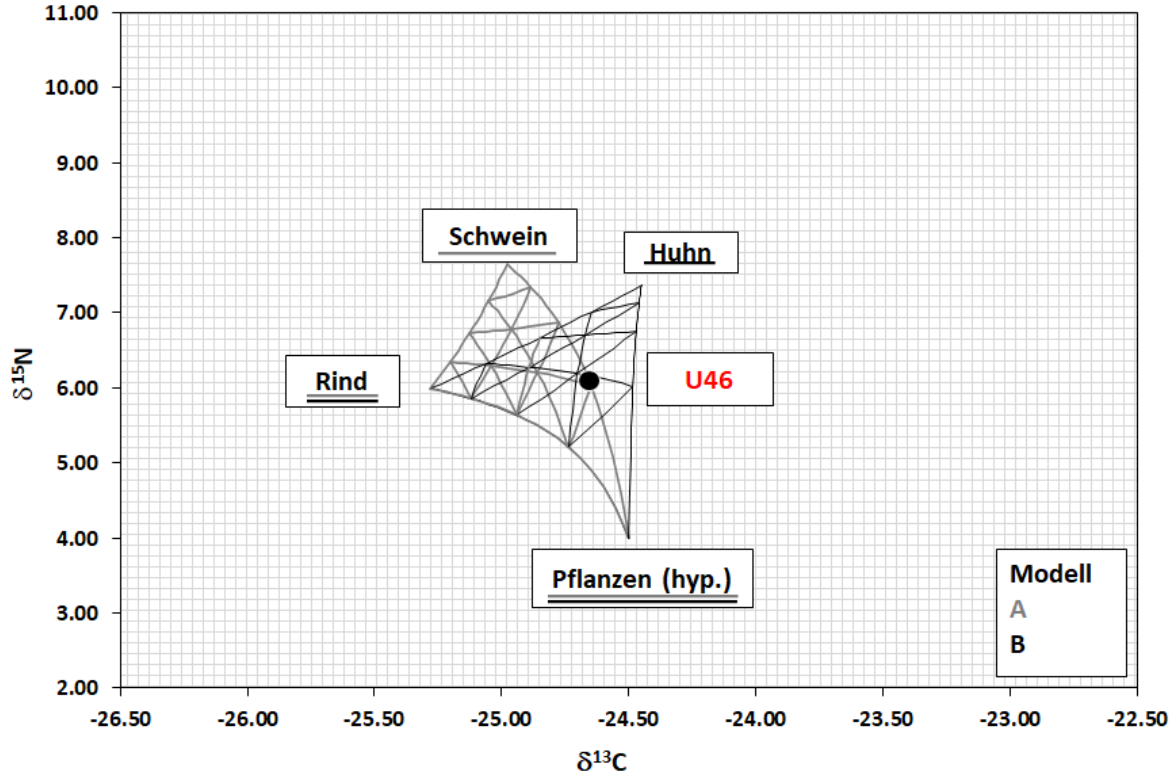


Abbildung 1921: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 46. Erstellt mit IsoConc.

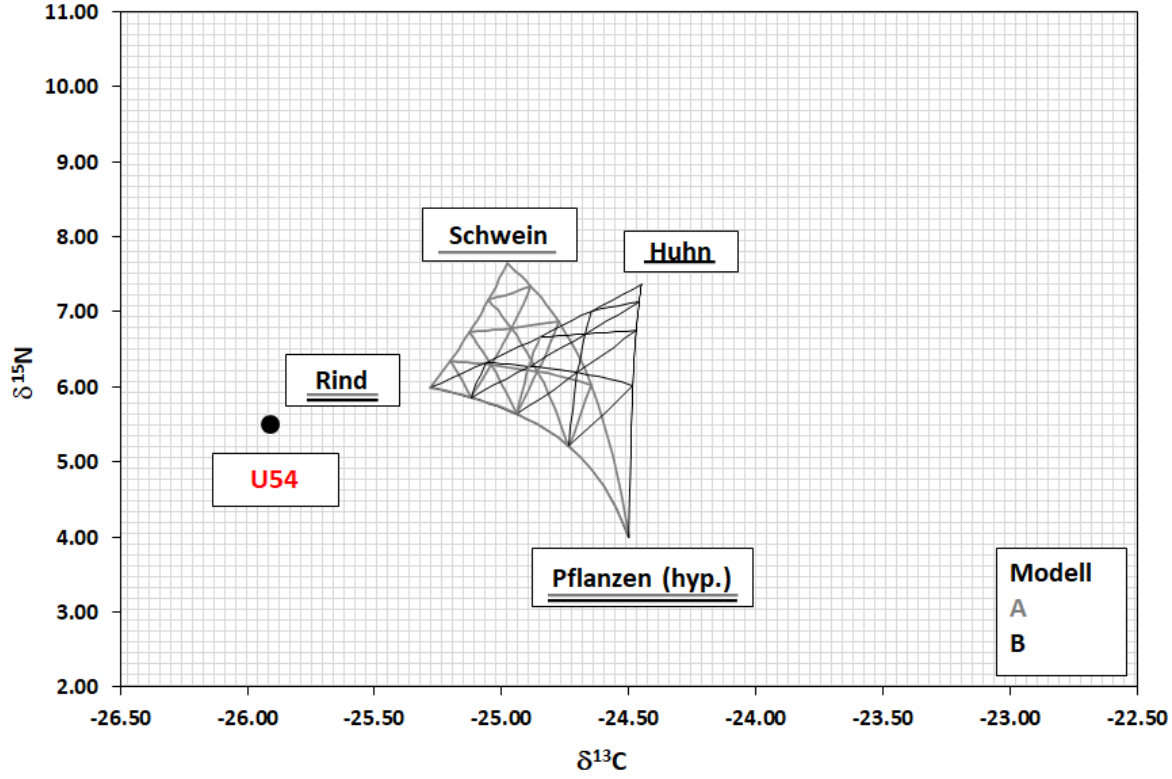


Abbildung 1922: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 54. Erstellt mit IsoConc.

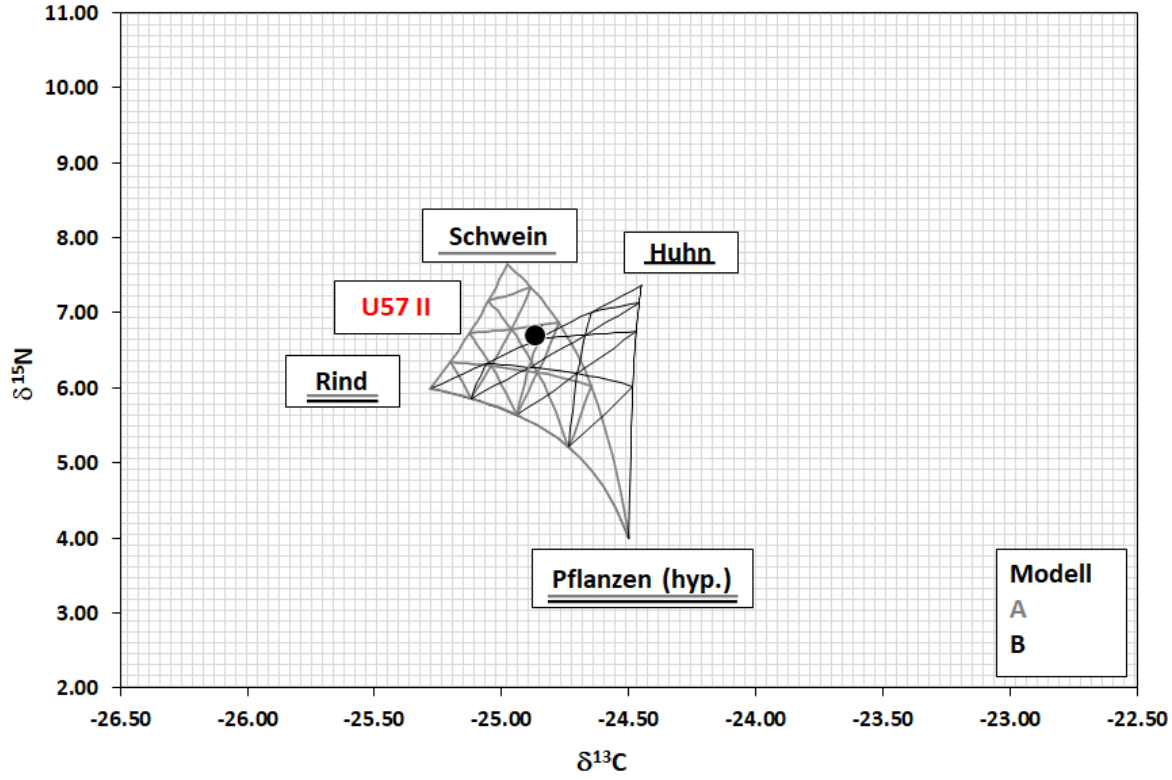


Abbildung 1923: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 57 II. Erstellt mit IsoConc.

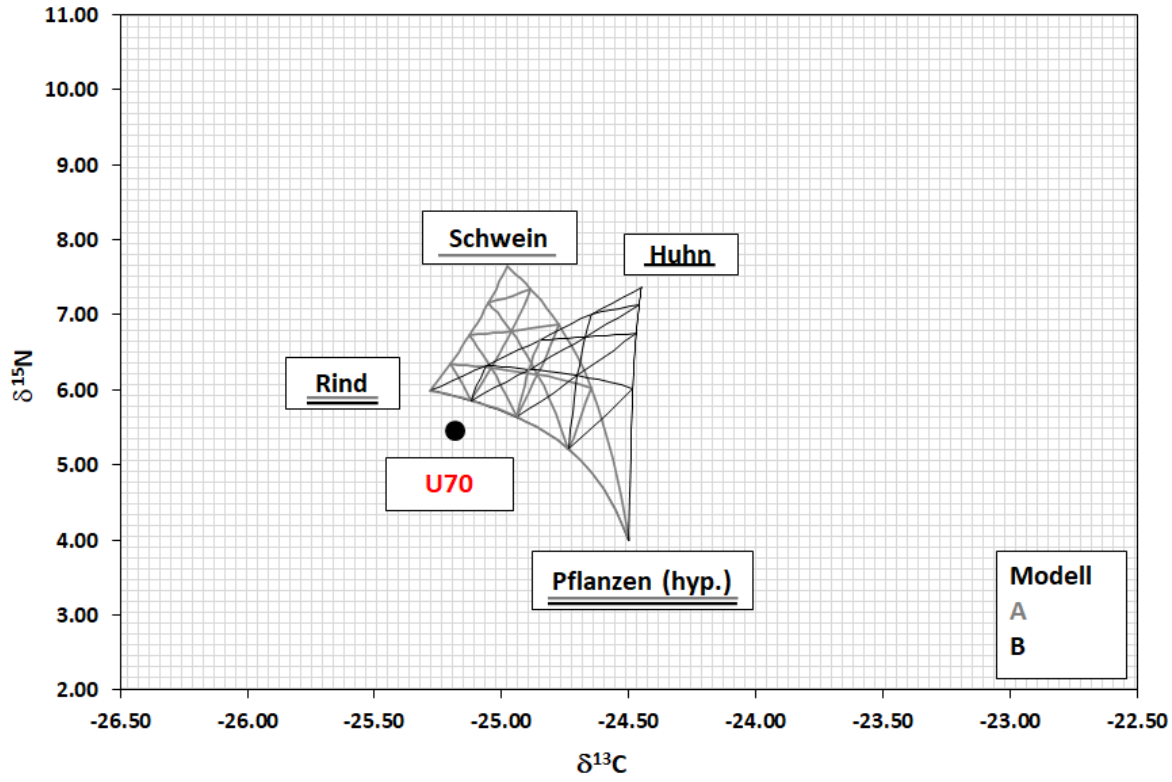


Abbildung 1924: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 70. Erstellt mit IsoConc.

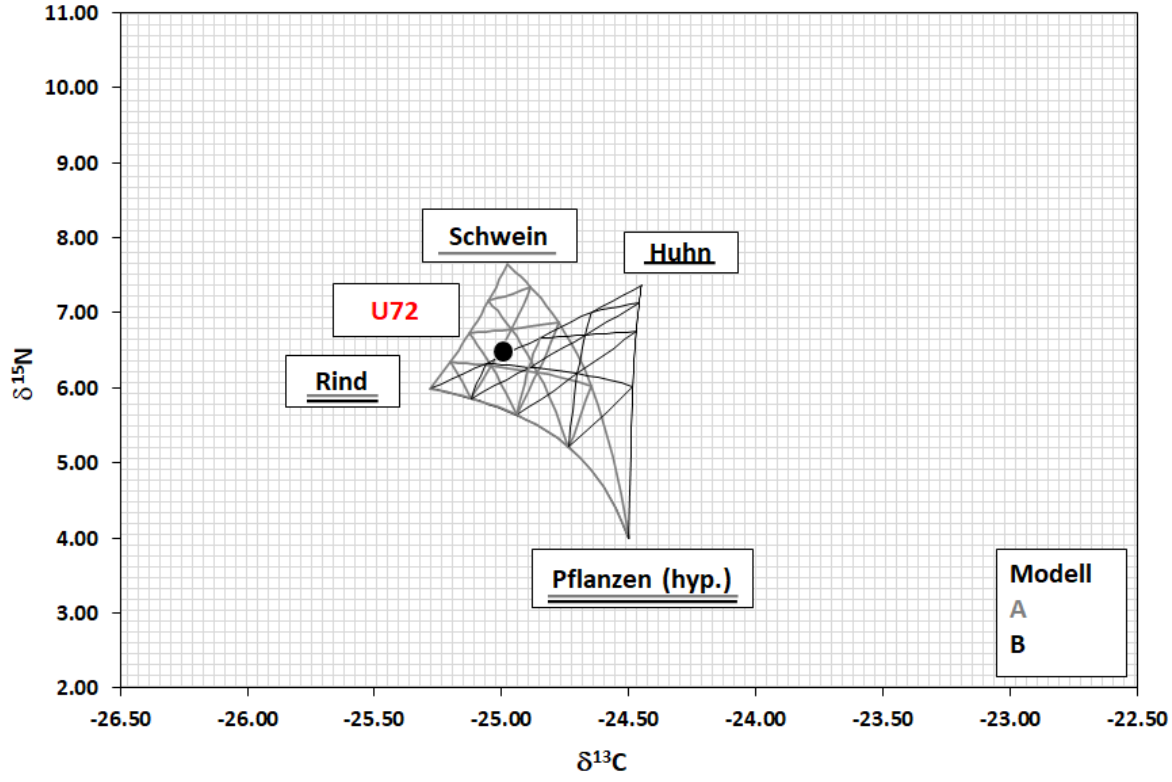


Abbildung 1925: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 72. Erstellt mit IsoConc.

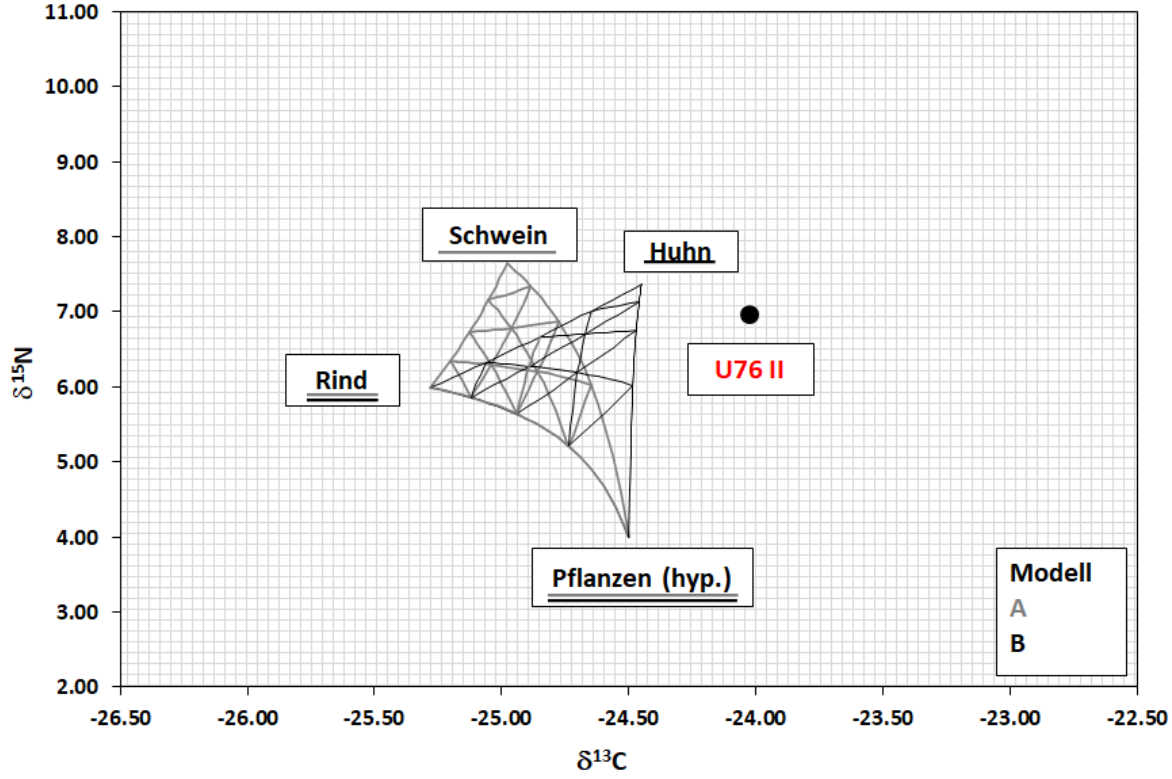


Abbildung 1926: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 76 II. Erstellt mit IsoConc.

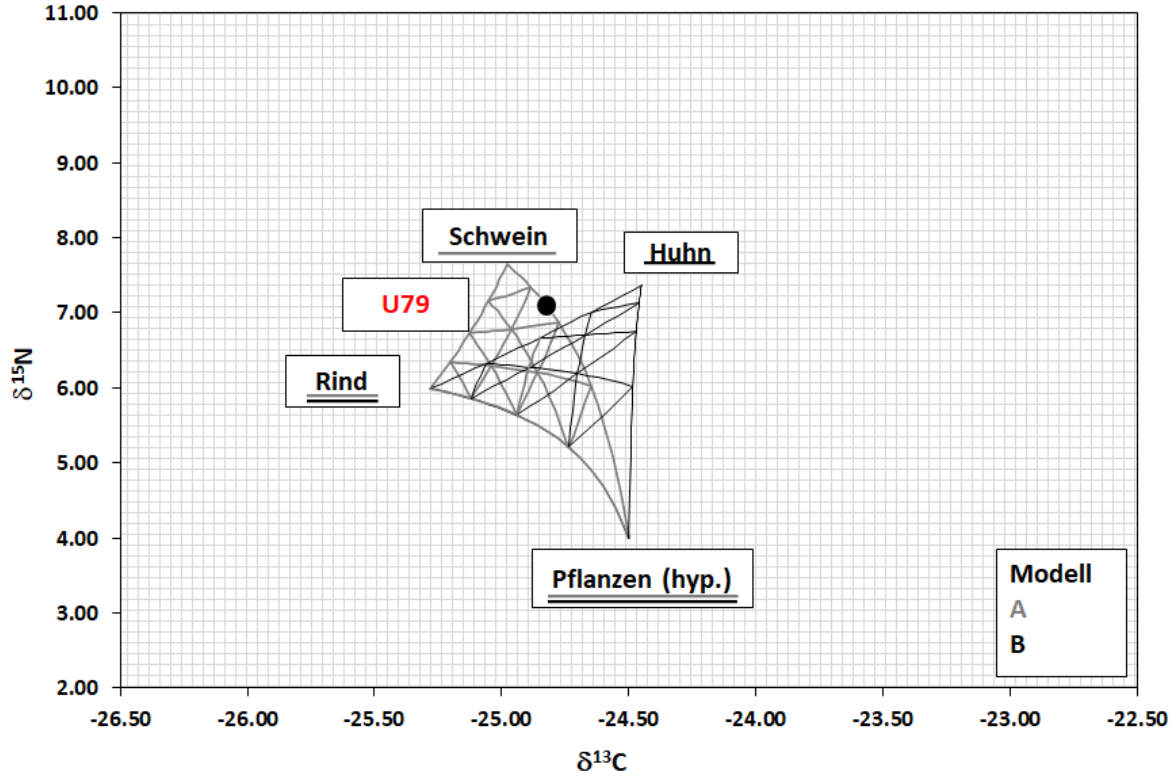


Abbildung 1927: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 79. Erstellt mit IsoConc.

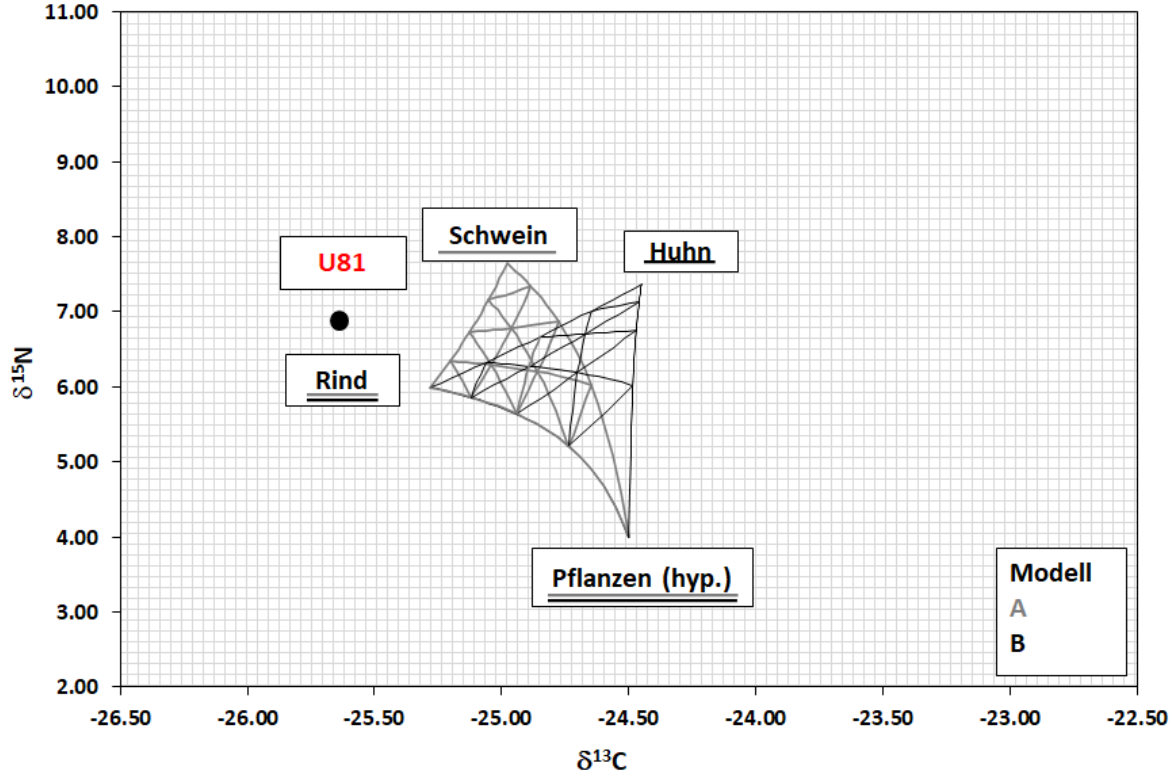


Abbildung 1928: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 81. Erstellt mit IsoConc.

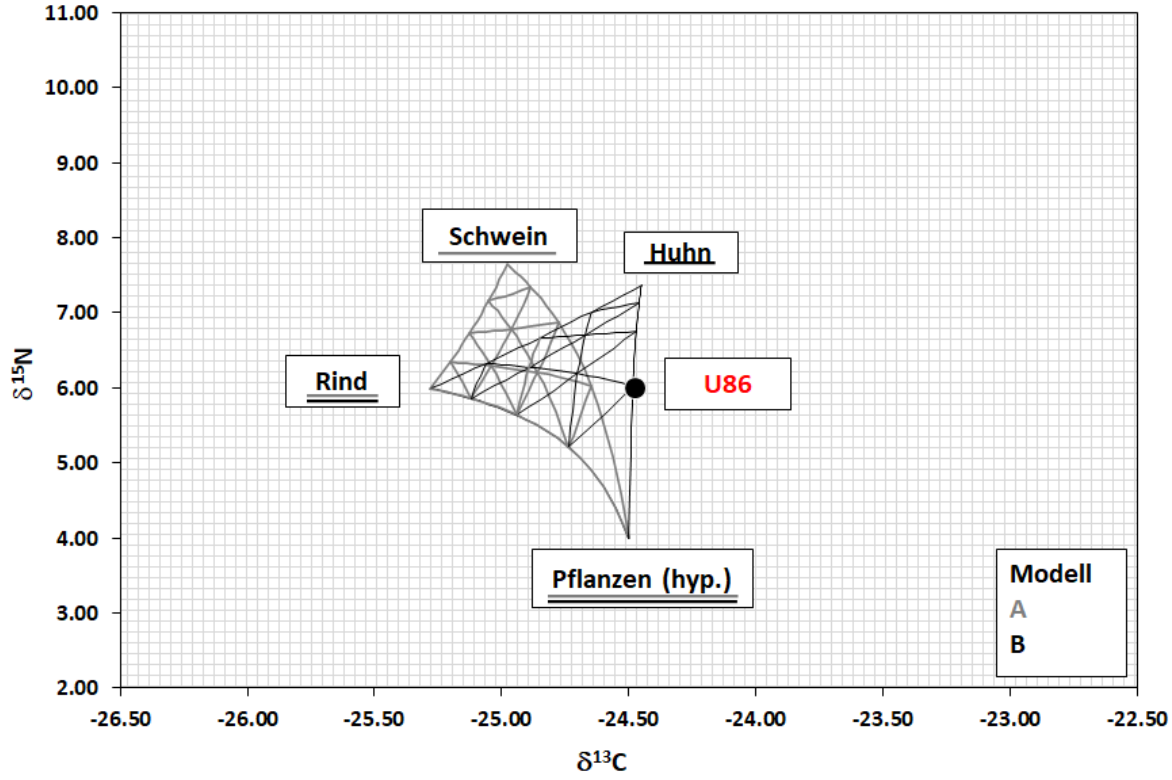


Abbildung 1929: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 86. Erstellt mit IsoConc.

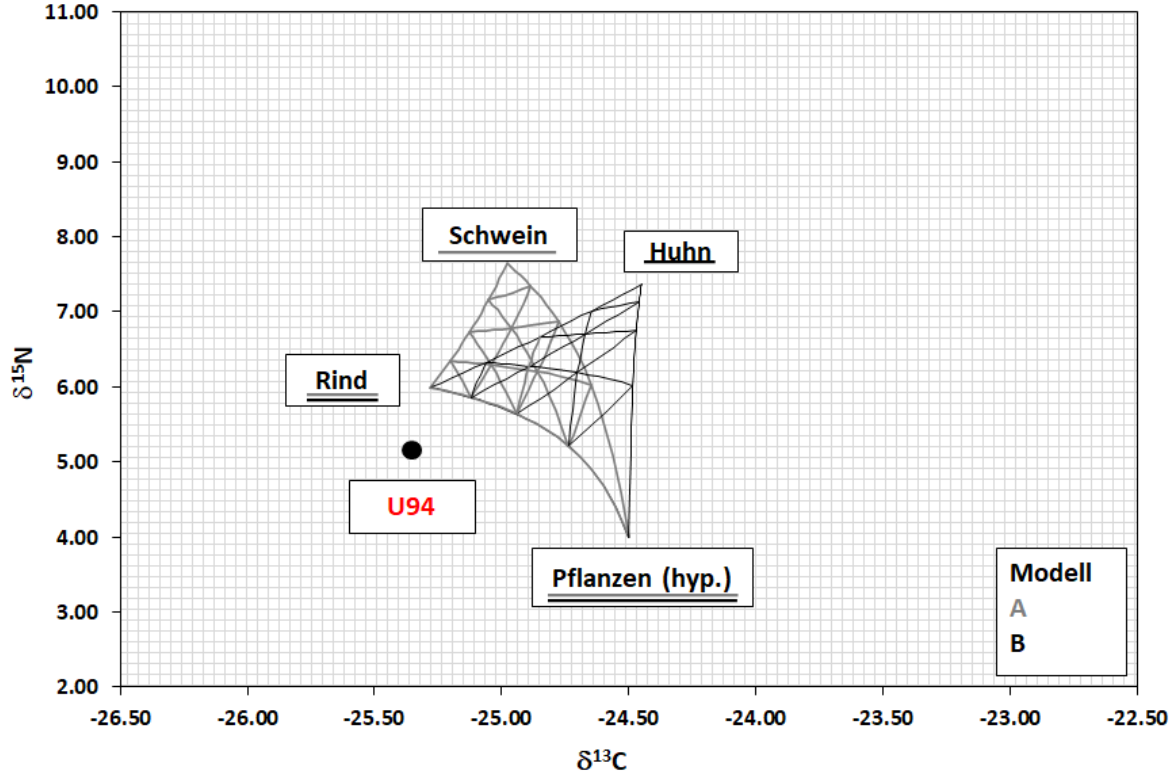


Abbildung 1930: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 94. Erstellt mit IsoConc.

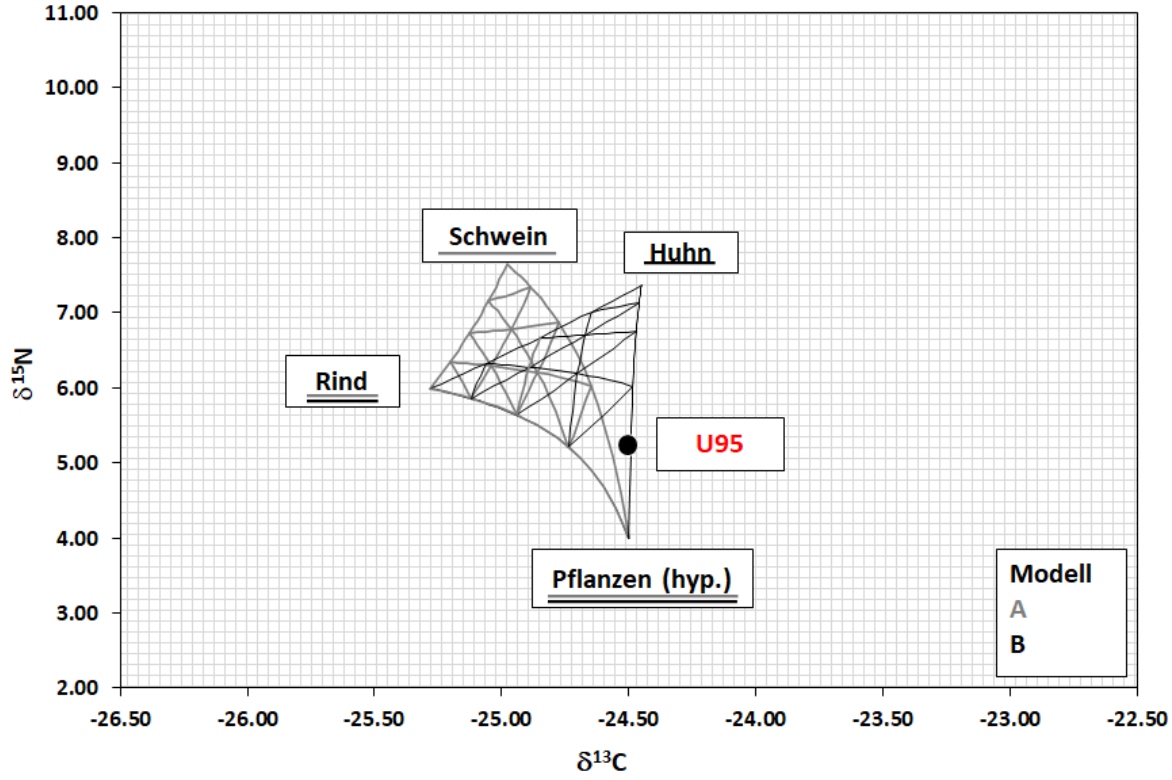


Abbildung 1931: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 95. Erstellt mit IsoConc.

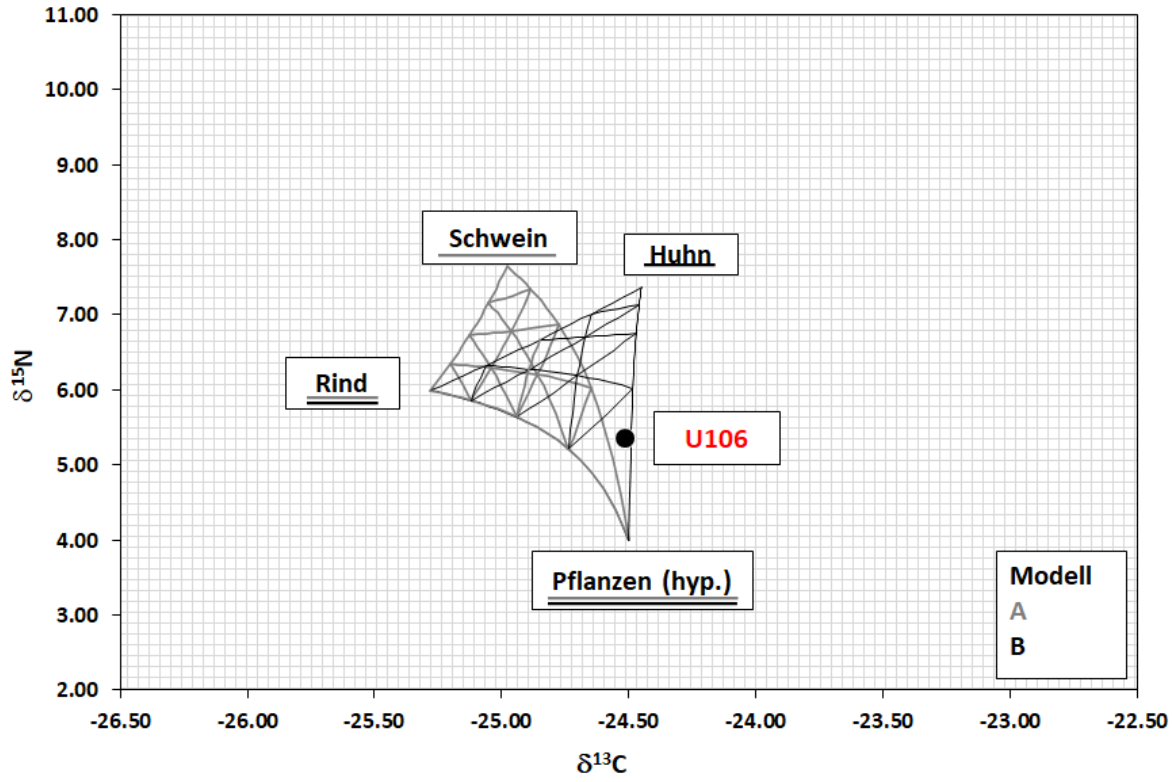


Abbildung 1932: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 106. Erstellt mit IsoConc.

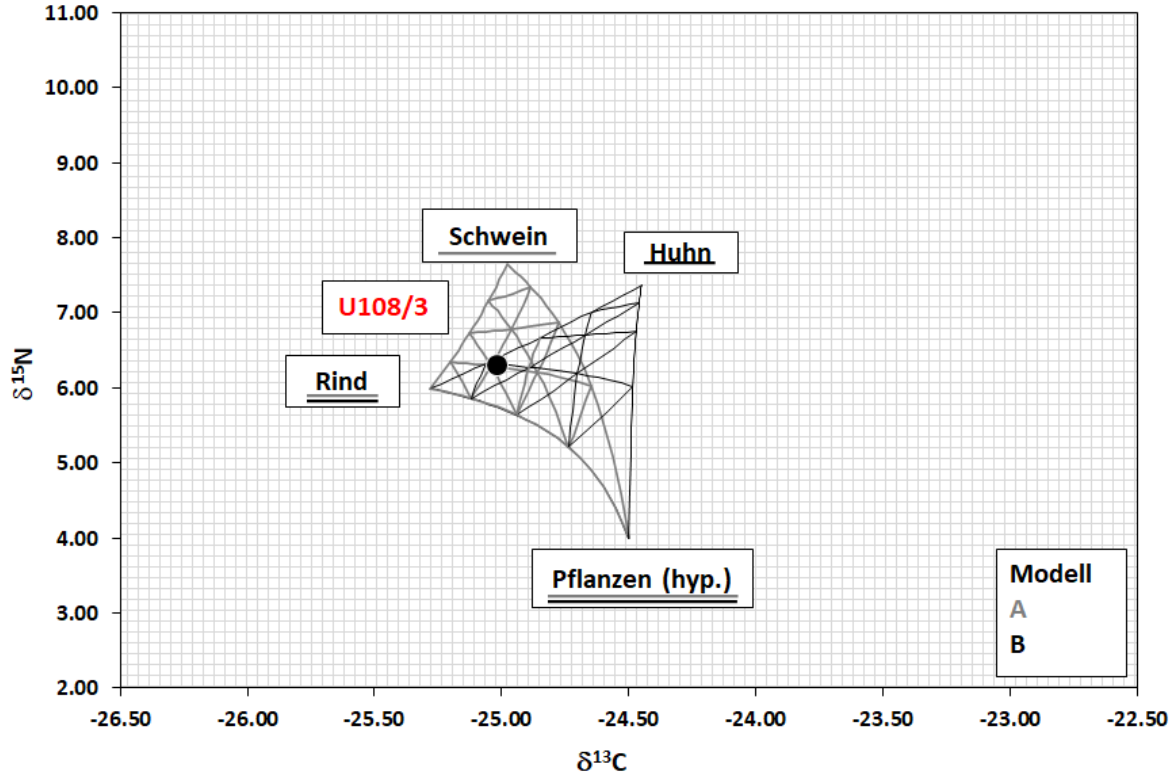


Abbildung 1933: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 108/3. Erstellt mit IsoConc.

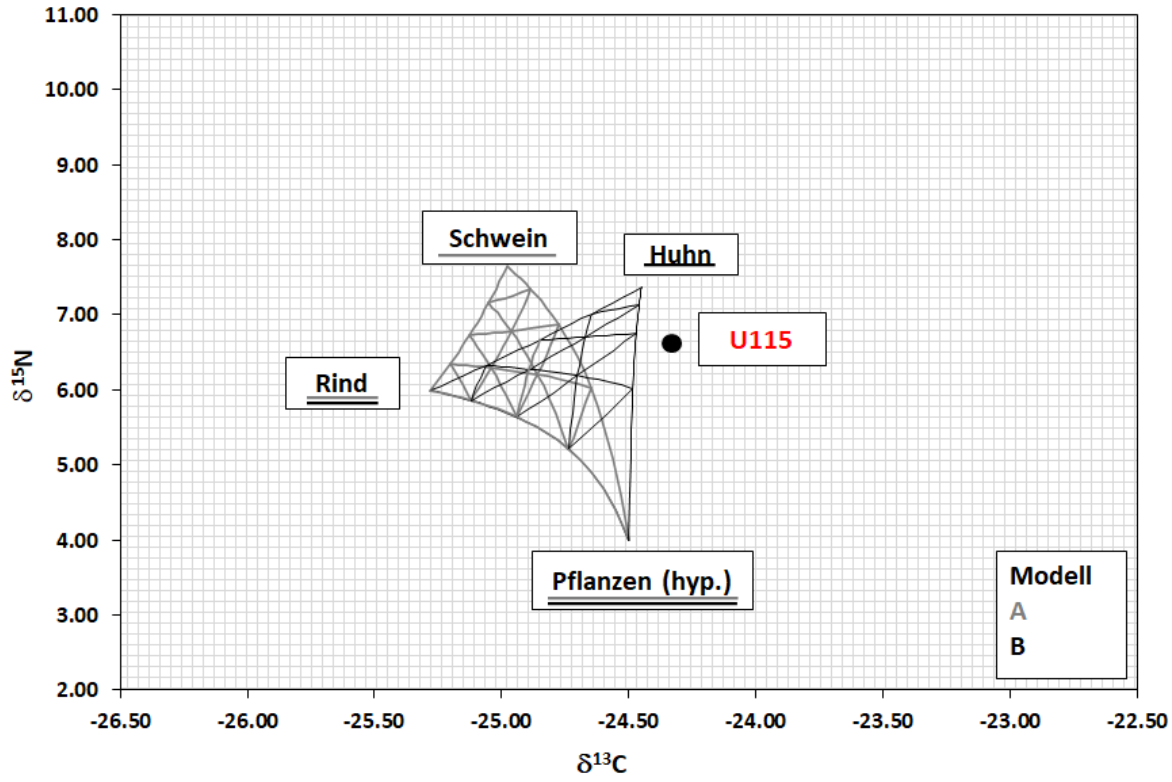


Abbildung 1934: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 115. Erstellt mit IsoConc.

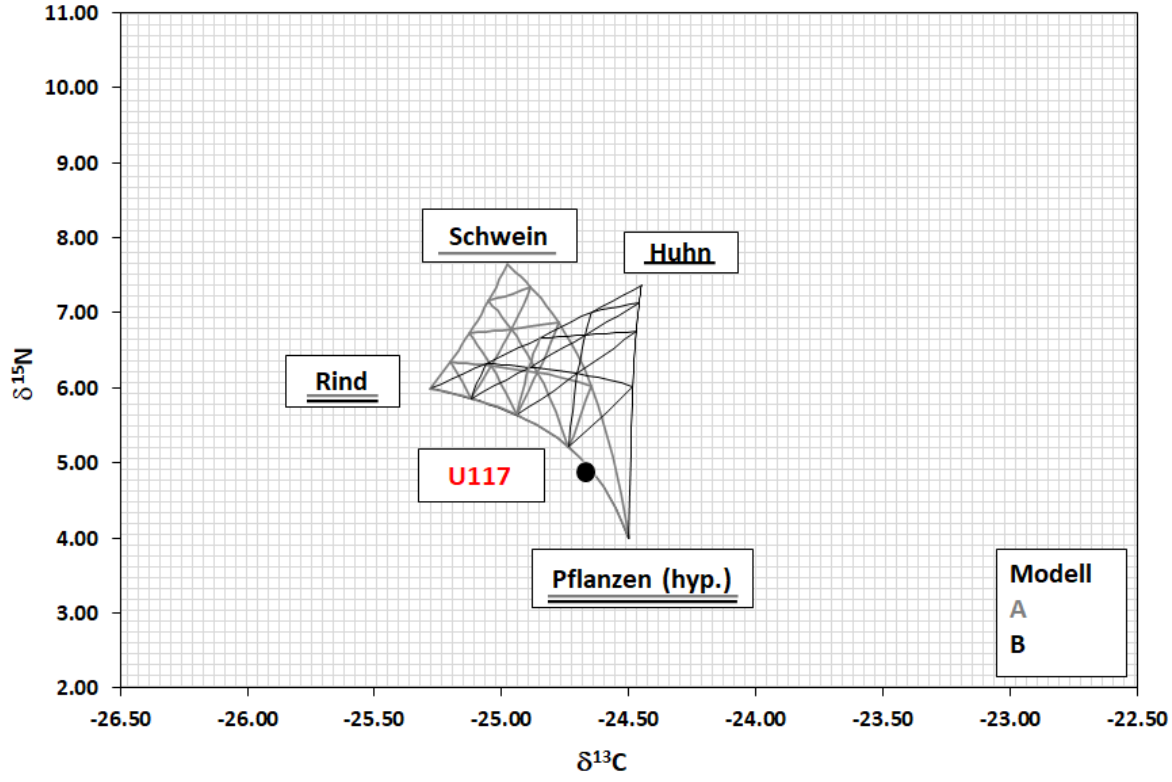


Abbildung 1935: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 117. Erstellt mit IsoConc.

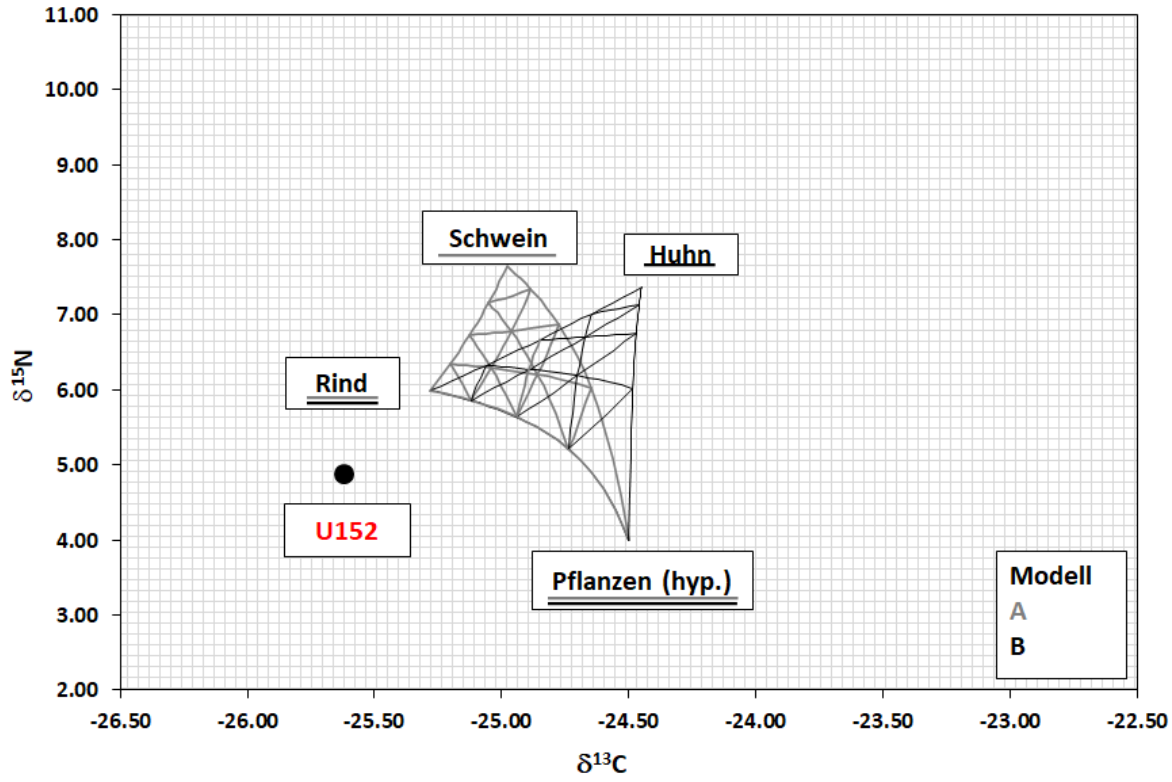


Abbildung 1936: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 152. Erstellt mit IsoConc.

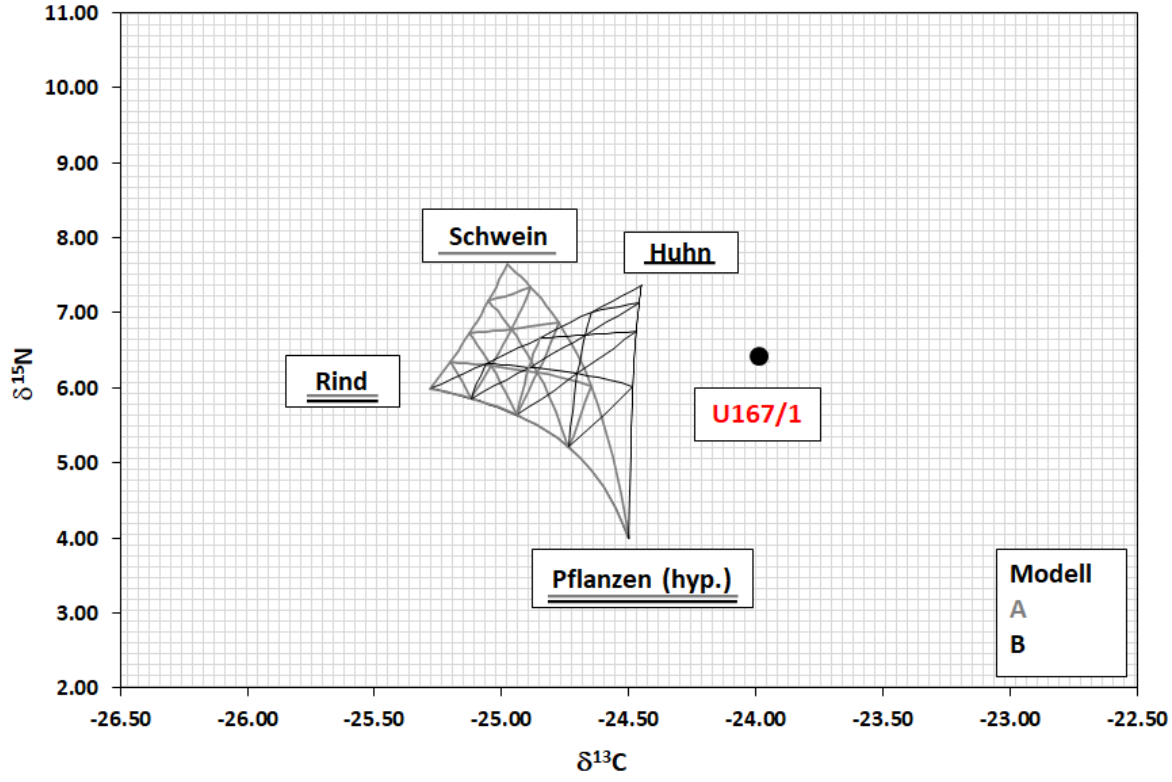


Abbildung 1937: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 167/1. Erstellt mit IsoConc.

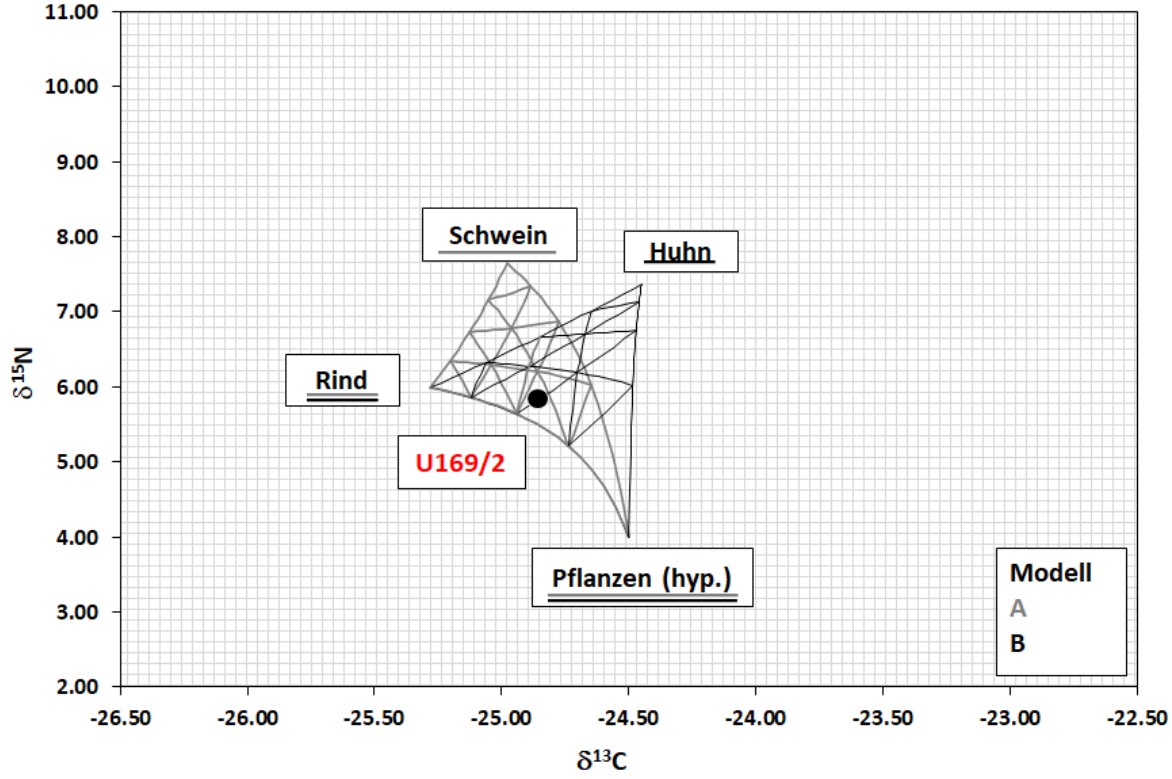


Abbildung 1938: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 169/2. Erstellt mit IsoConc.

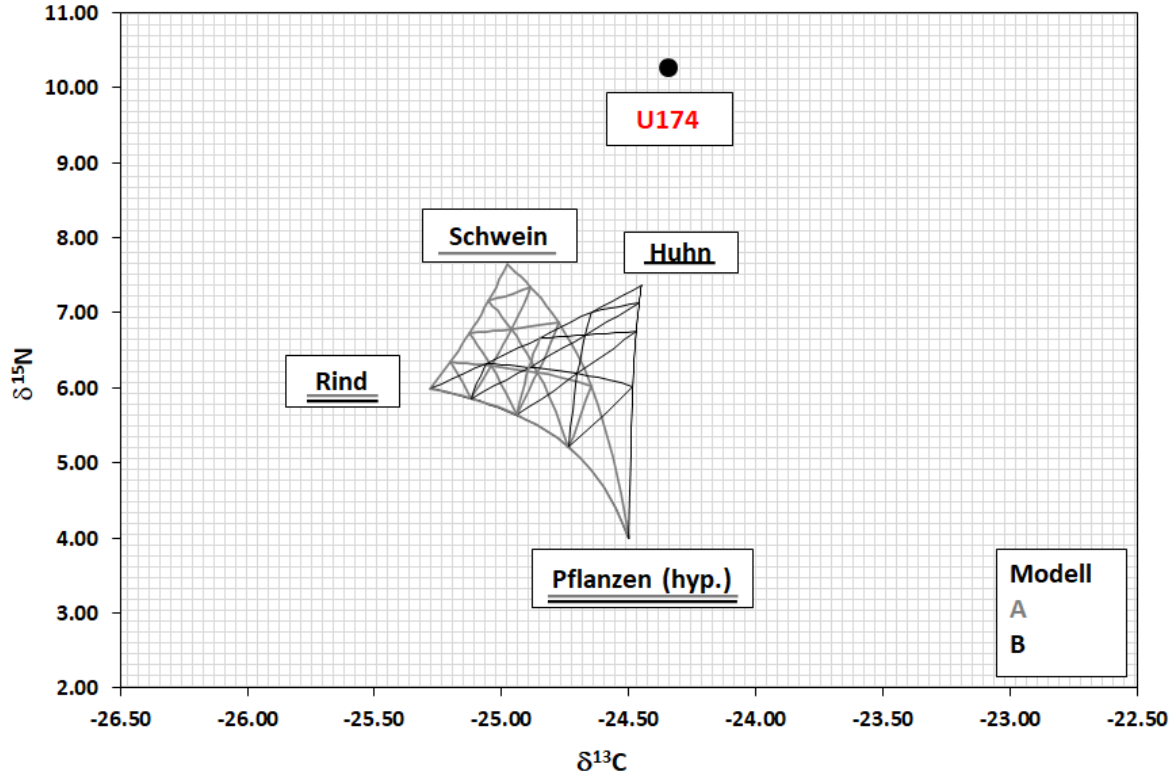


Abbildung 1939: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 174. Erstellt mit IsoConc.

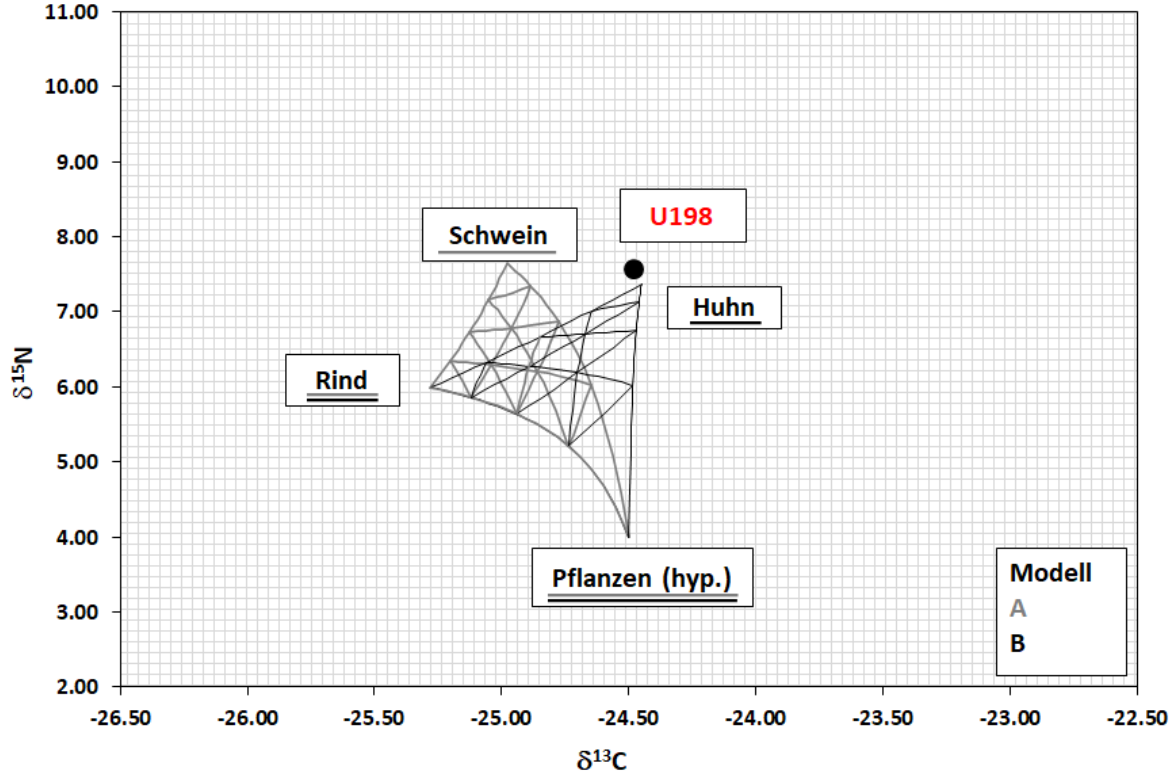


Abbildung 1940: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 198. Erstellt mit IsoConc.

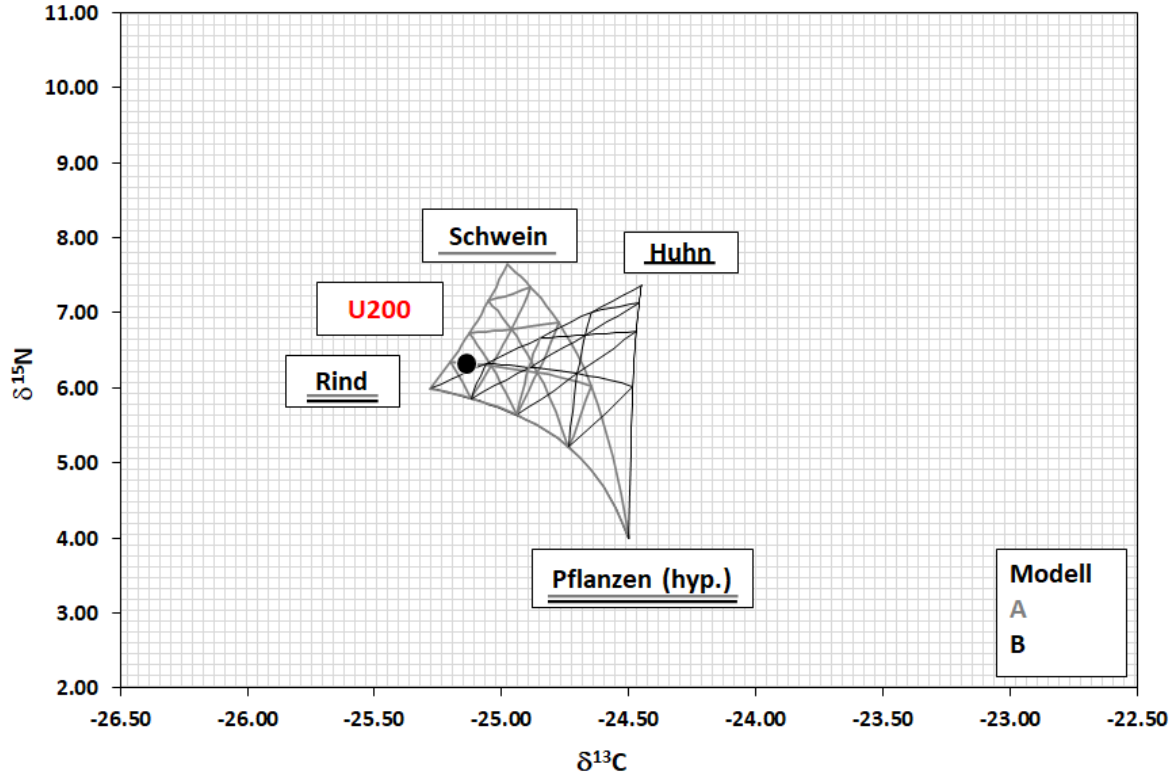


Abbildung 1941: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 200. Erstellt mit IsoConc.

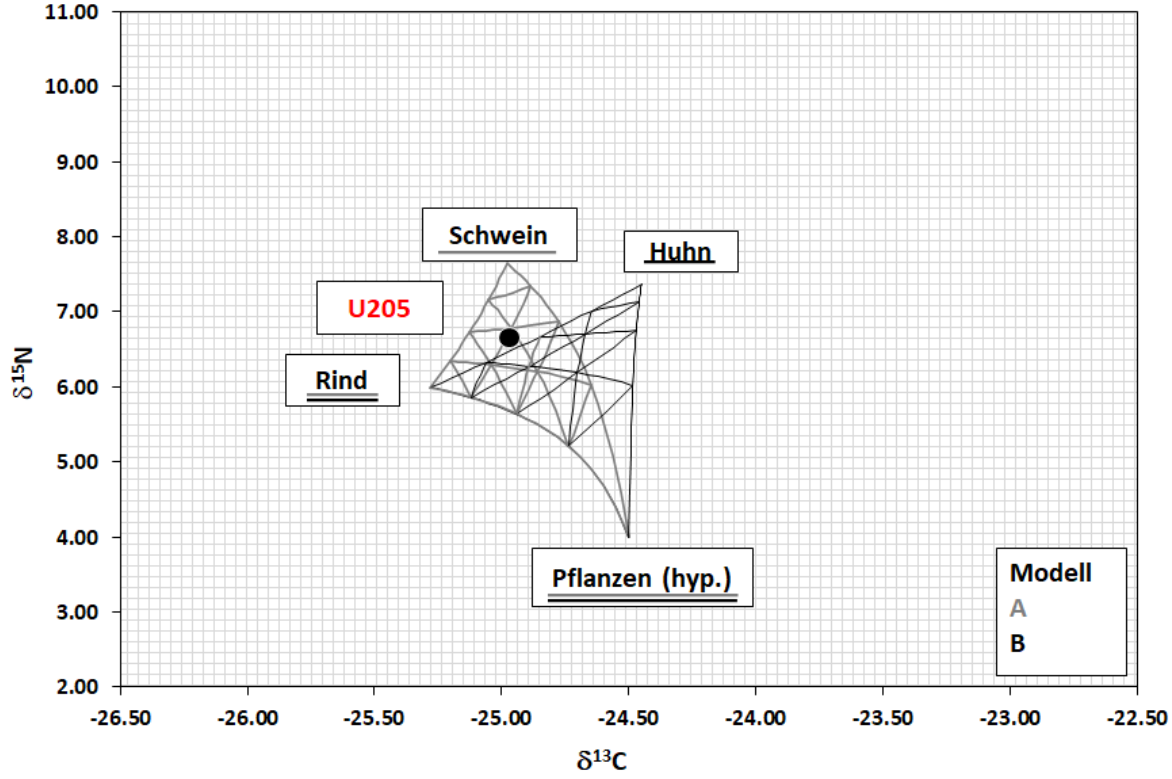


Abbildung 1942: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 205. Erstellt mit IsoConc.

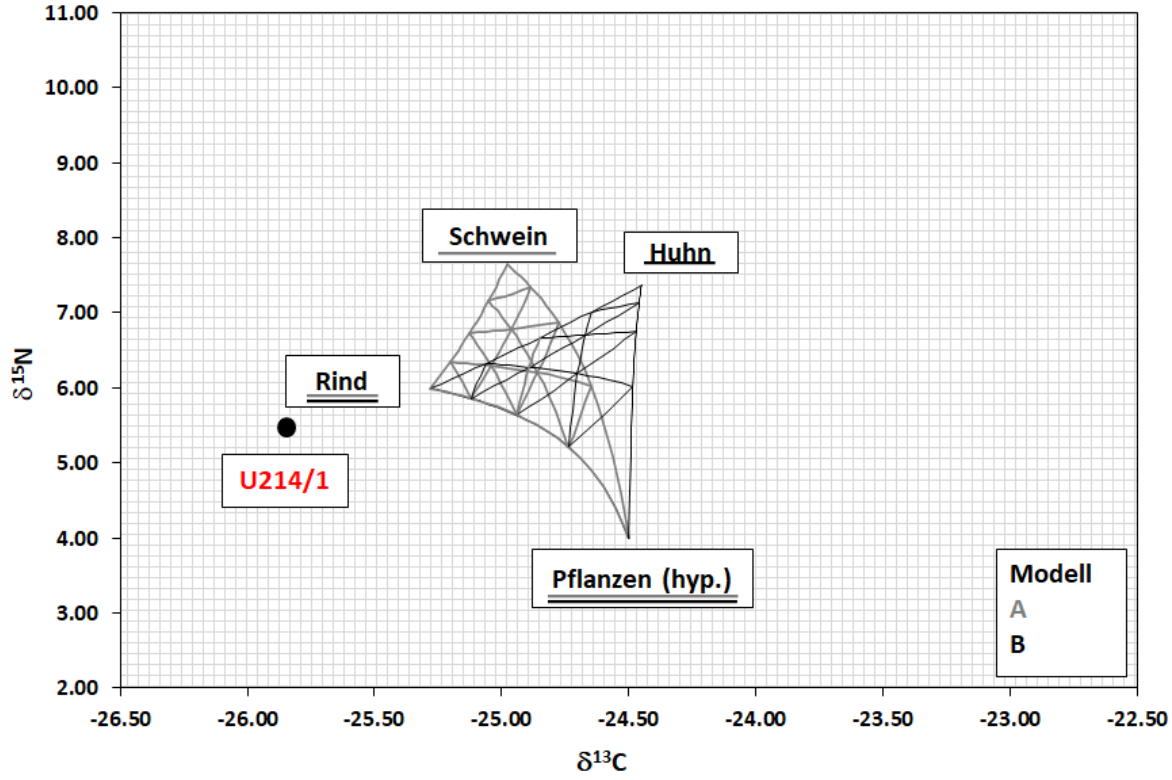


Abbildung 1943: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 214/1. Erstellt mit IsoConc.

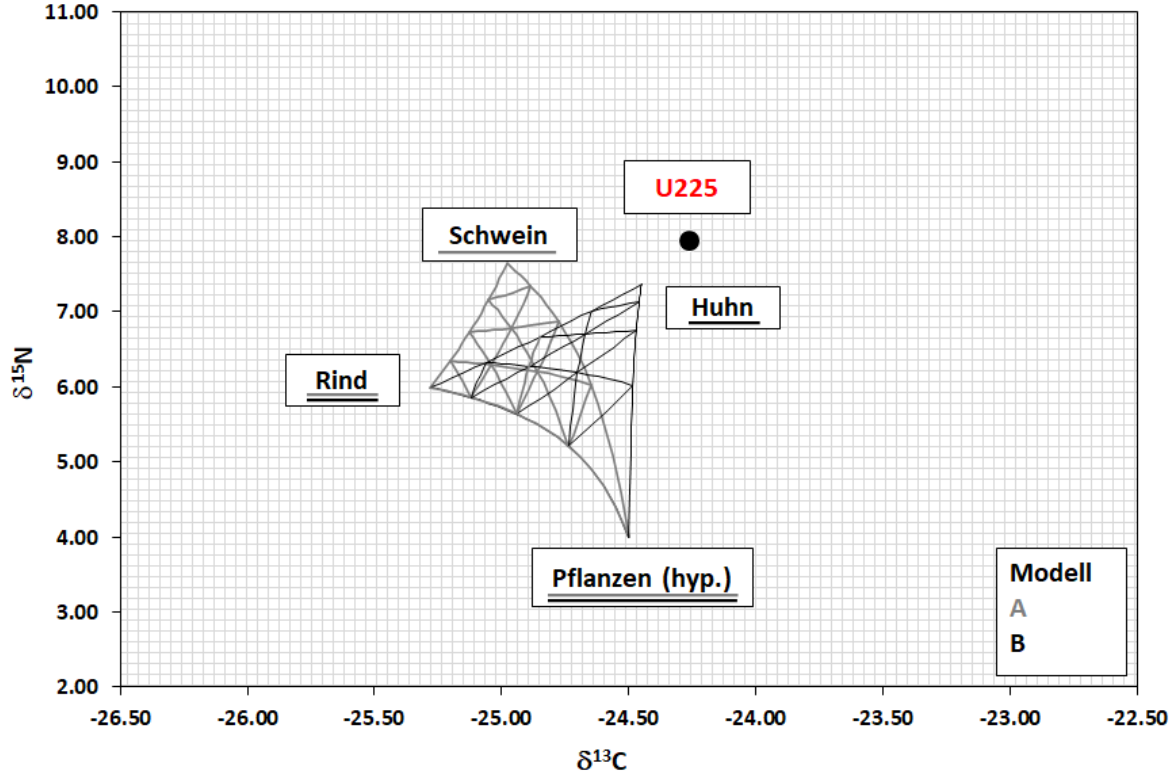


Abbildung 1944: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 225. Erstellt mit IsoConc.

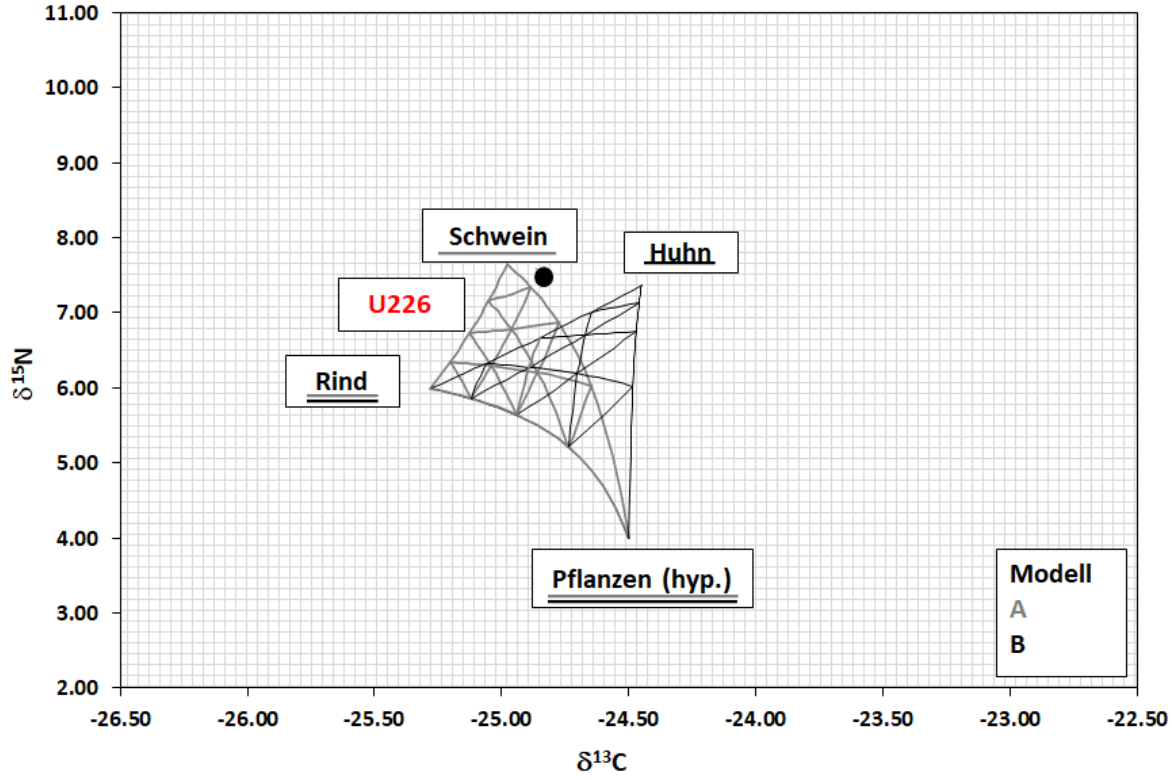


Abbildung 1945: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 226. Erstellt mit IsoConc.

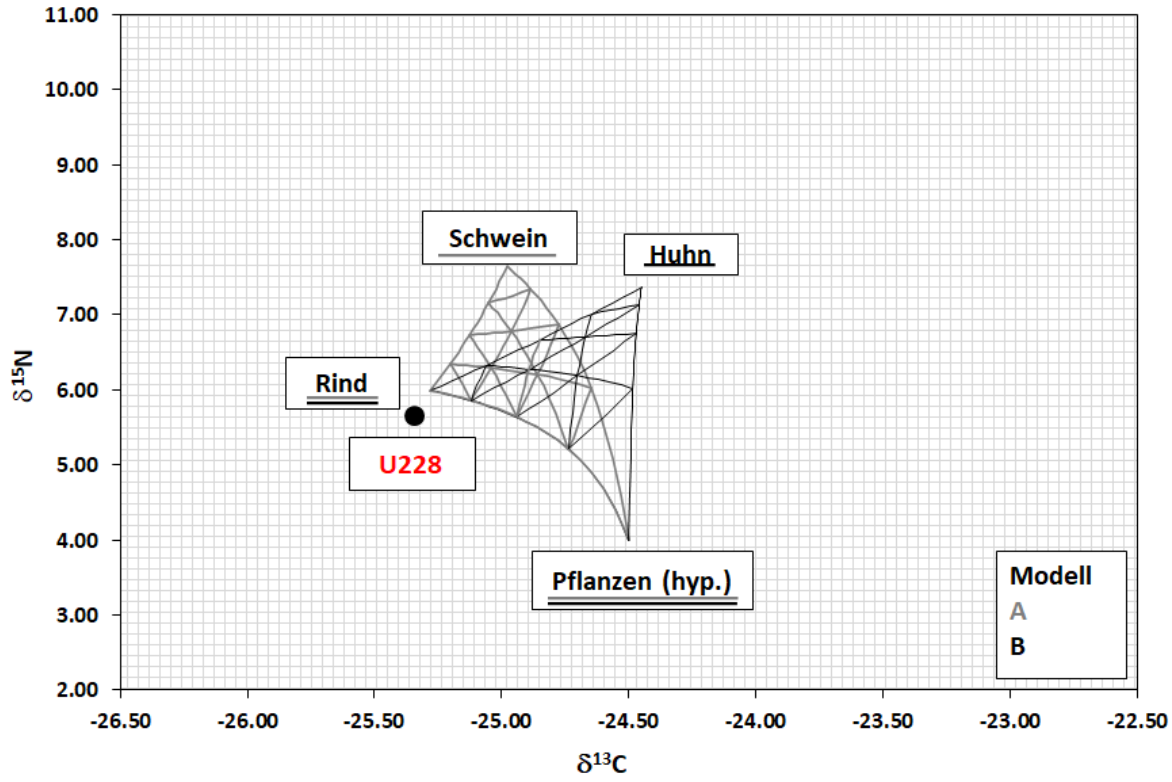


Abbildung 1946: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 228. Erstellt mit IsoConc.

16.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 43: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Unterigling (U). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
U3	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U5 II	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U20/3	Pflanzen	56,4%
	Schwein	24,4%
	Rind	19,1%
U23	Pflanzen	86,1%
	Schwein	12,9%
	Rind	1,0%
U35 II	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U45	Pflanzen	76,3%
	Schwein	16,0%
	Rind	7,7%
U46	Pflanzen	73,3%
	Schwein	26,7%
	Rind	0,1%
U54	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U57 II	Pflanzen	40,4%
	Schwein	47,4%
	Rind	12,2%
U70	Pflanzen	0,0%
	Schwein	0,0%
	Rind	0,0%
U72	Pflanzen	54,3%
	Schwein	26,6%
	Rind	19,1%
U76 II	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U79	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U81	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U86	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U94	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
U3	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U5 II	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U20/3	Pflanzen	40,4%
	Huhn	21,5%
	Rind	38,0%
U23	Pflanzen	81,4%
	Huhn	8,6%
	Rind	10,0%
U35 II	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U45	Pflanzen	69,0%
	Huhn	11,8%
	Rind	19,2%
U46	Pflanzen	57,1%
	Huhn	23,2%
	Rind	19,7%
U54	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U57 II	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U70	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U72	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U76 II	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U79	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U81	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U86	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U94	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

U95	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U106	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U108/3	Pflanzen	30,7%
	Schwein	25,7%
	Rind	43,6%
U115	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U117	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U152	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U167/1	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U169/2	Pflanzen	57,3%
	Schwein	13,5%
	Rind	29,2%
U174	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U198	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U200	Pflanzen	11,7%
	Schwein	24,9%
	Rind	63,4%
U205	Pflanzen	28,0%
	Schwein	43,0%
	Rind	27,7%
U214/1	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U225	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U226	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x
U228	Pflanzen	x
	Schwein	x
	Rind	x

U95	Pflanzen	87,6%
	Huhn	10,7%
	Rind	1,8%
U106	Pflanzen	84,9%
	Huhn	12,2%
	Rind	2,9%
U108/3	Pflanzen	10,9%
	Huhn	23,9%
	Rind	65,2%
U115	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U117	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U152	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U167/1	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U169/2	Pflanzen	50,0%
	Huhn	10,5%
	Rind	39,4%
U174	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U198	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U200	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U205	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U214/1	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U225	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U226	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x
U228	Pflanzen	x
	Huhn	x
	Rind	x

16.3 MixSIAR: Abbildungen

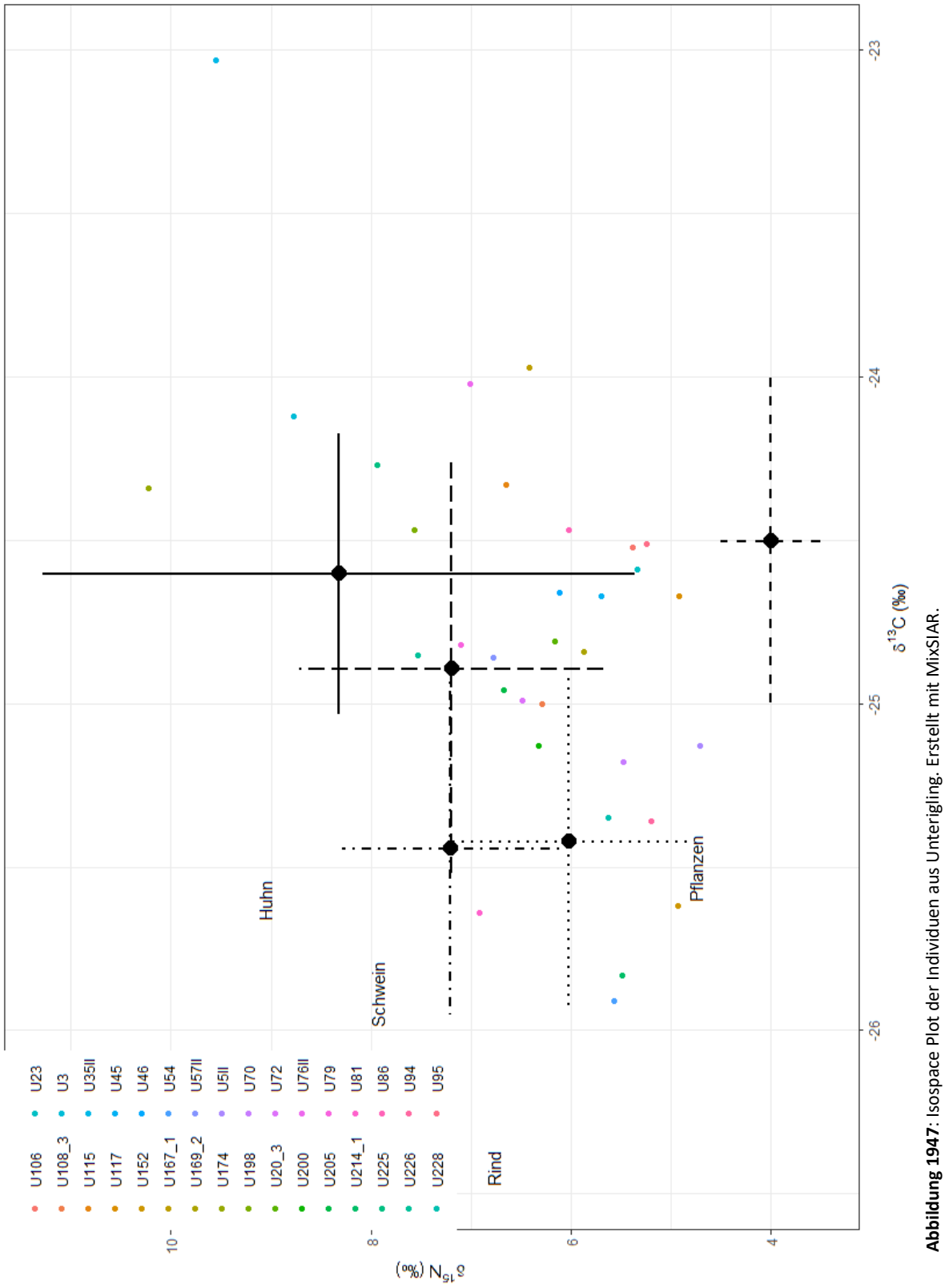


Abbildung 1947: Isospace Plot der Individuen aus Unterigling. Erstellt mit MixSIAR.

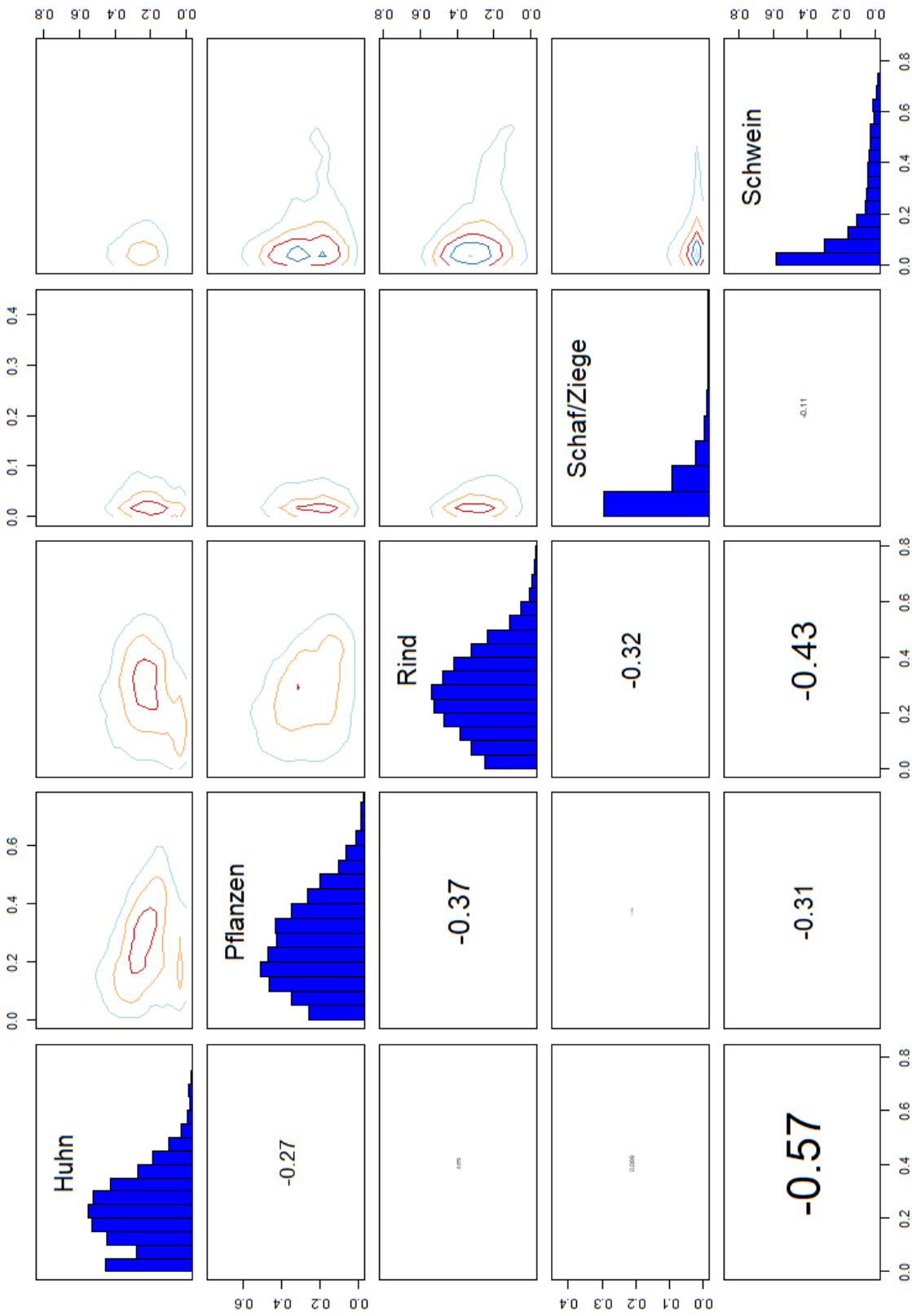


Abbildung 1948: Pairs Plot der Population aus Unterigling. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

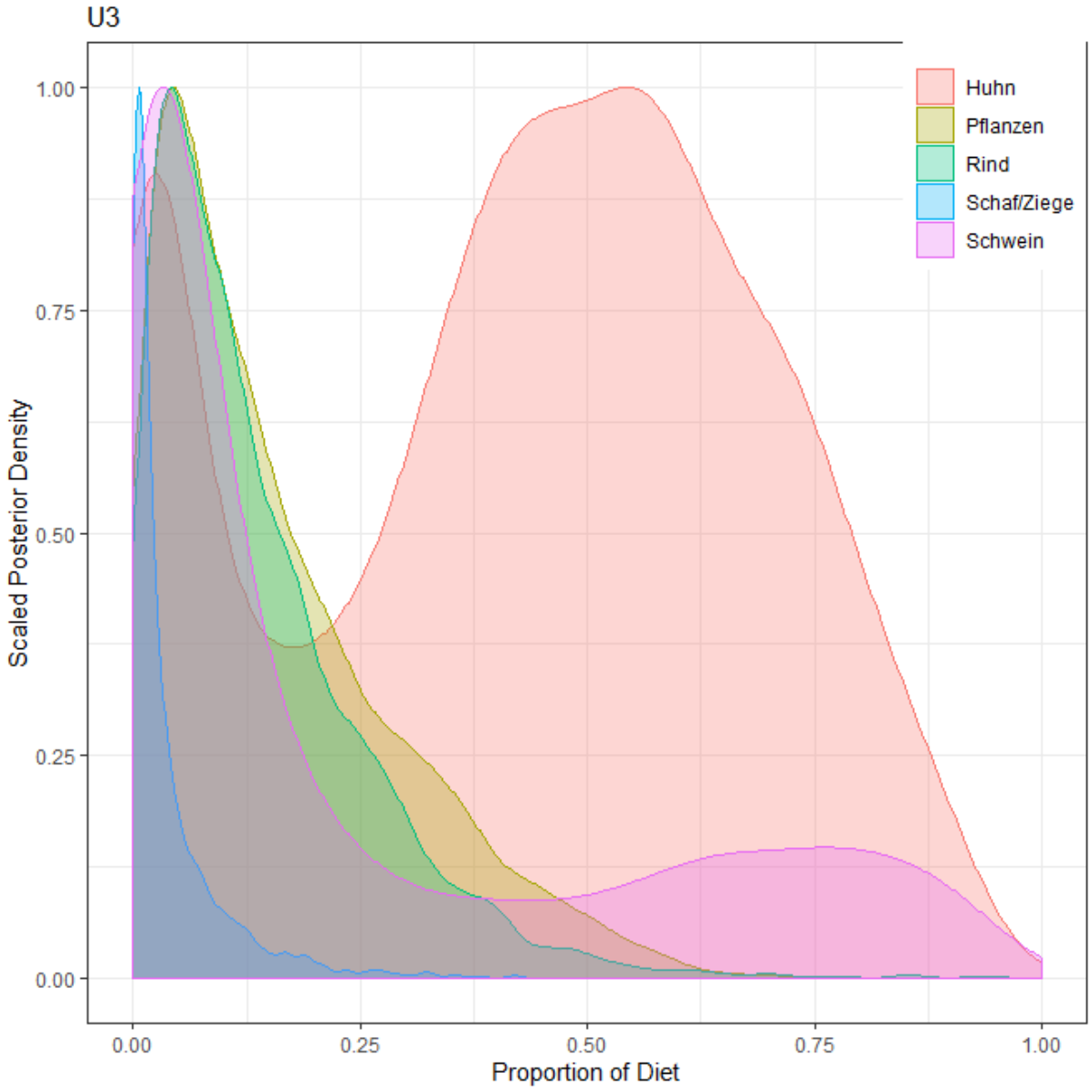


Abbildung 1949: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 3. Erstellt mit MixSIAR.

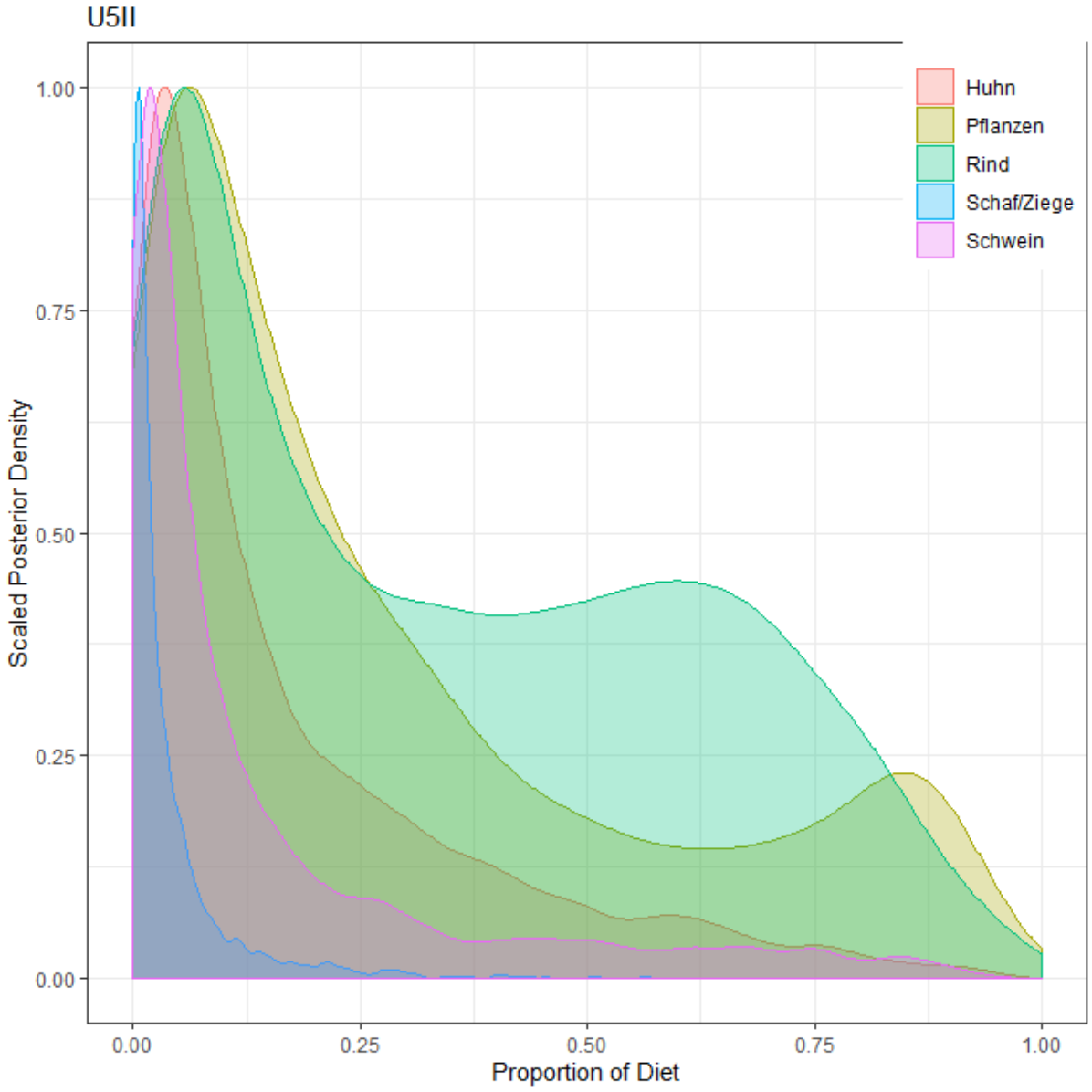


Abbildung 1950: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 5 II. Erstellt mit MixSIAR.

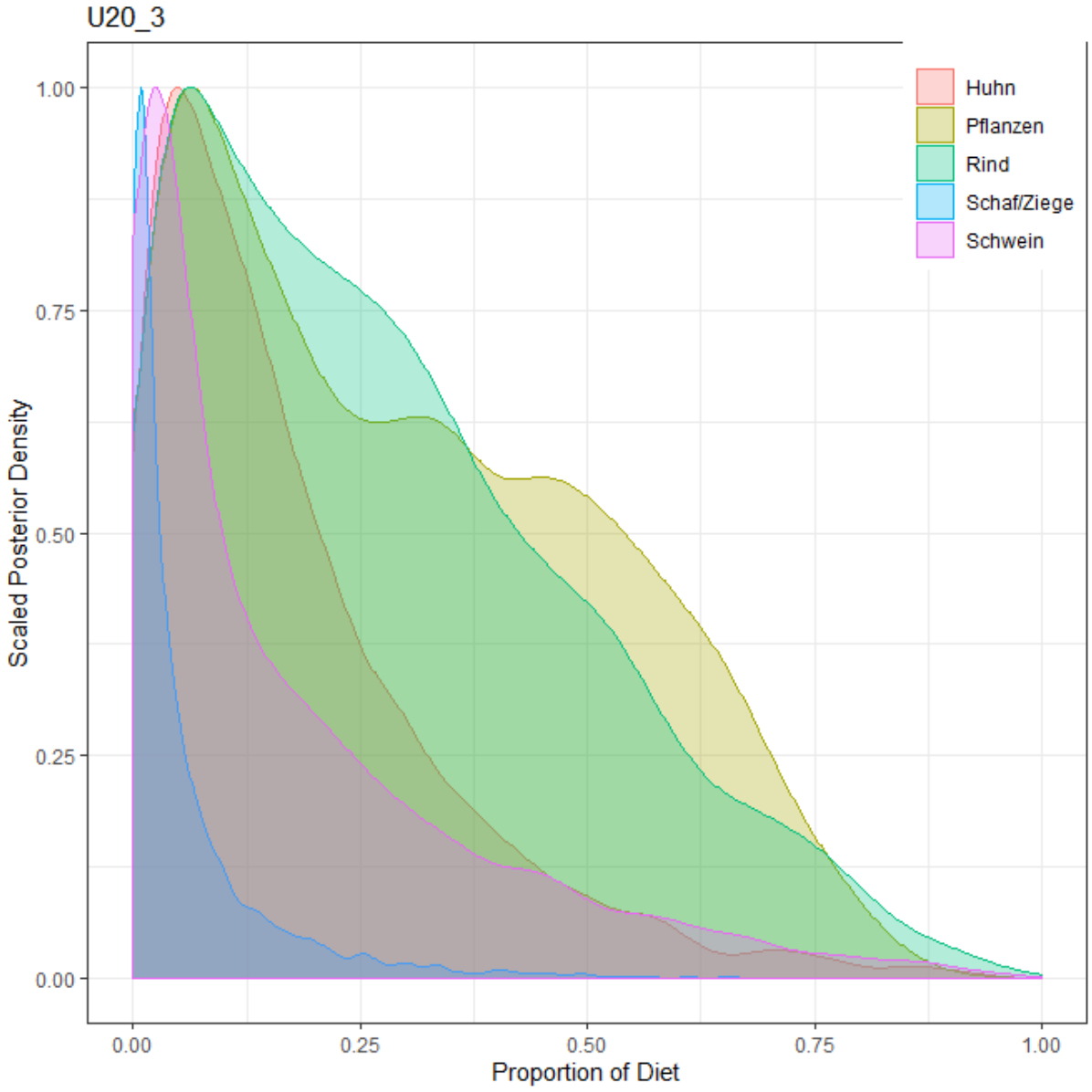


Abbildung 1951: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 20 3. Erstellt mit MixSIAR.

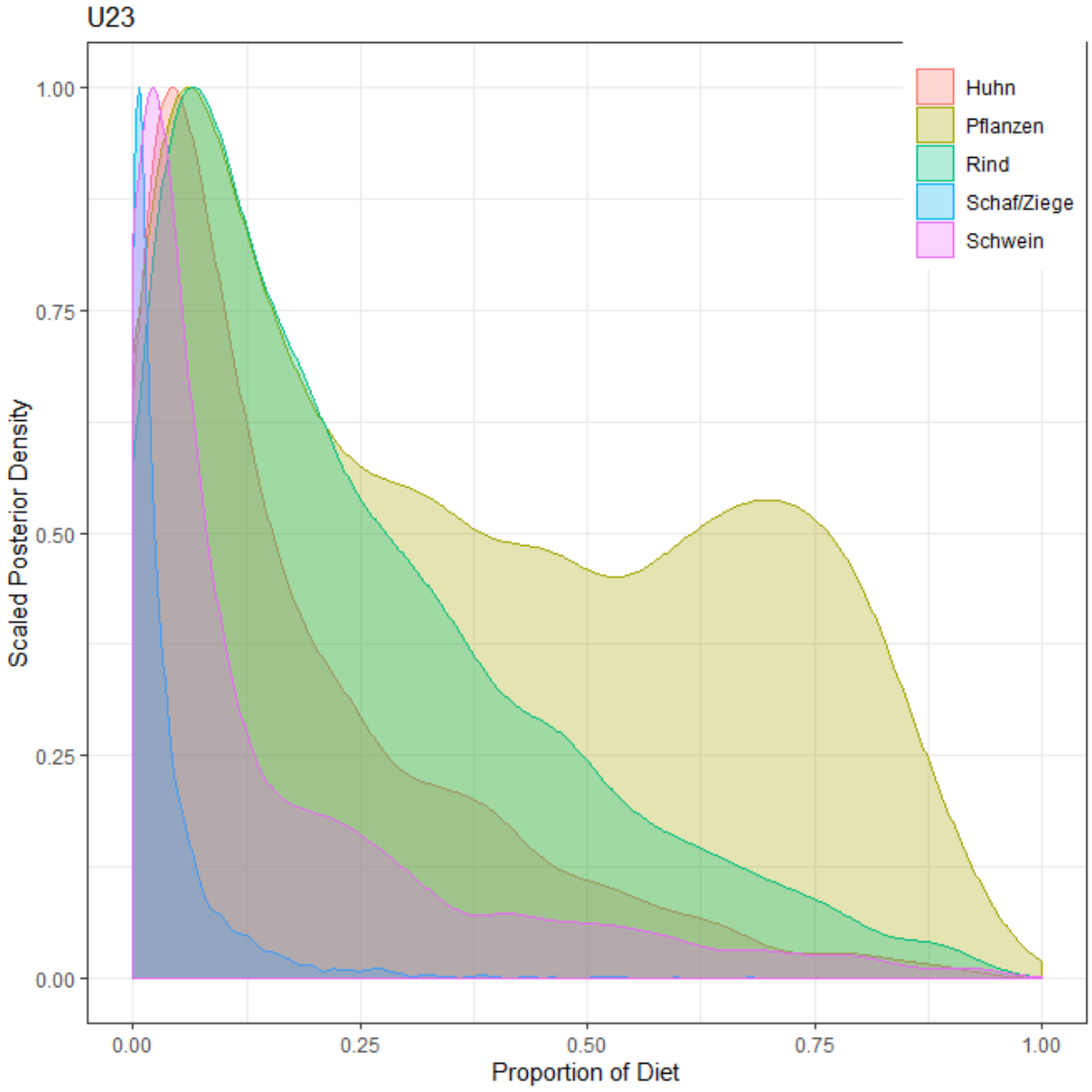


Abbildung 1952: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 23. Erstellt mit MixSIAR.

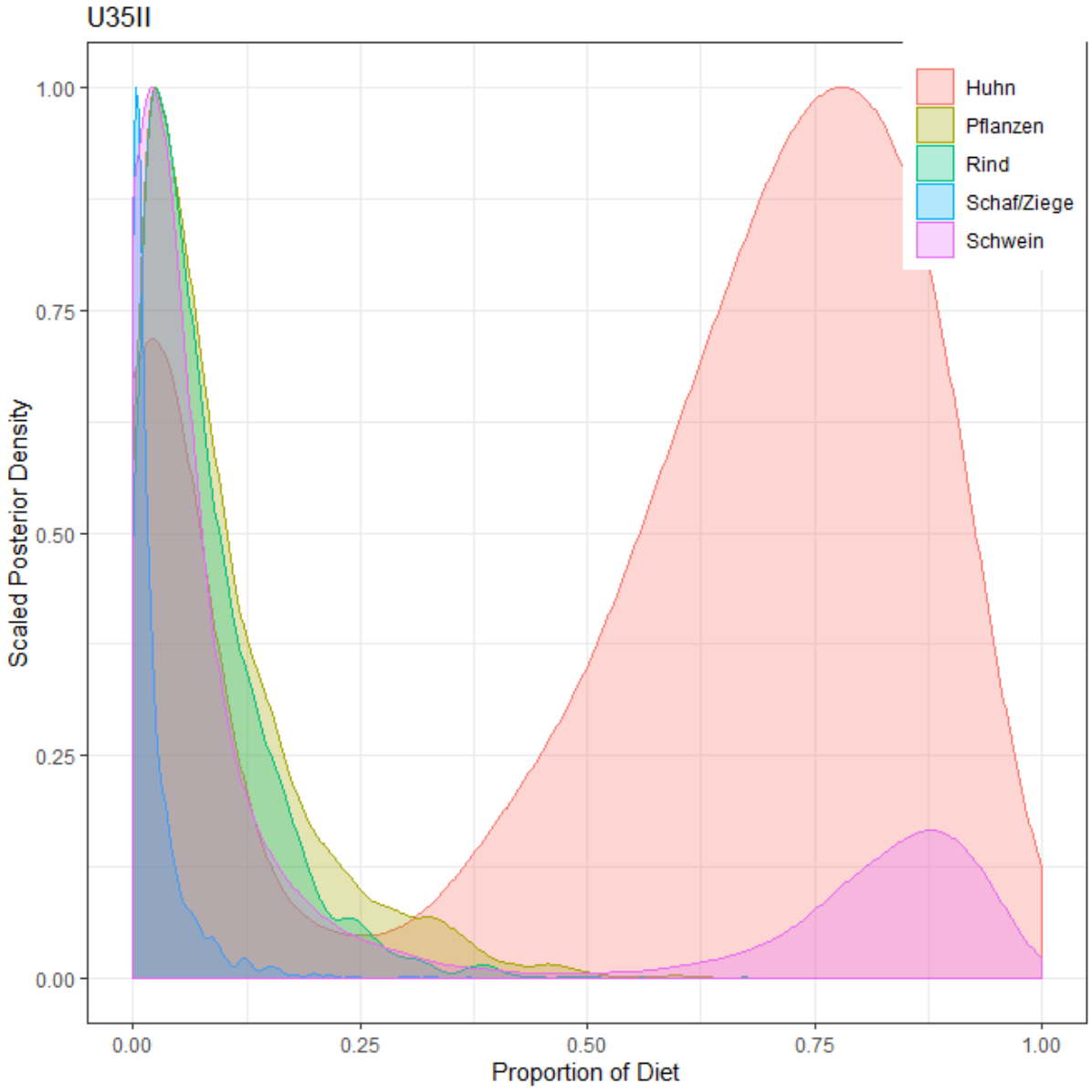


Abbildung 1953: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 35 II. Erstellt mit MixSIAR.

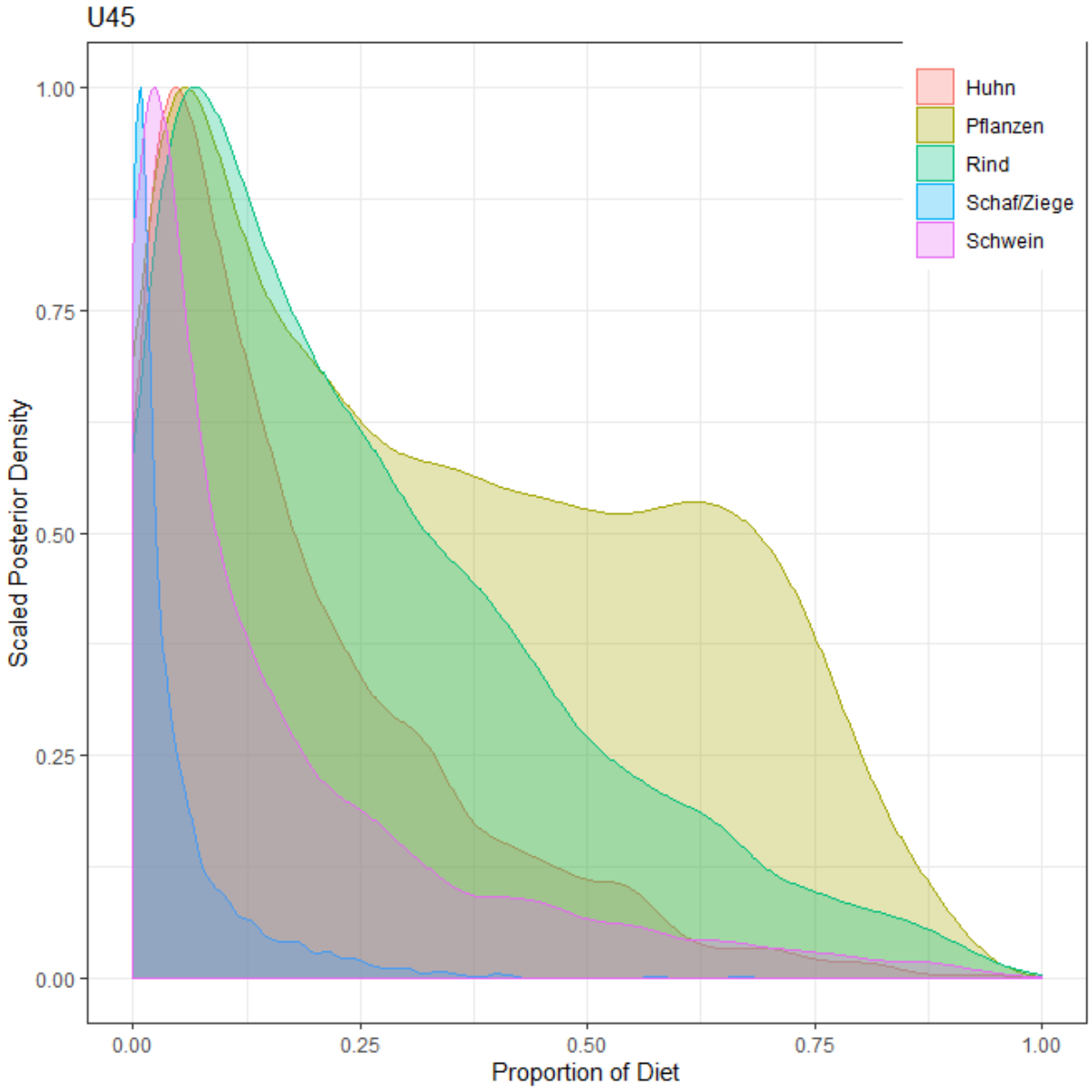


Abbildung 1954: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 45. Erstellt mit MixSIAR.

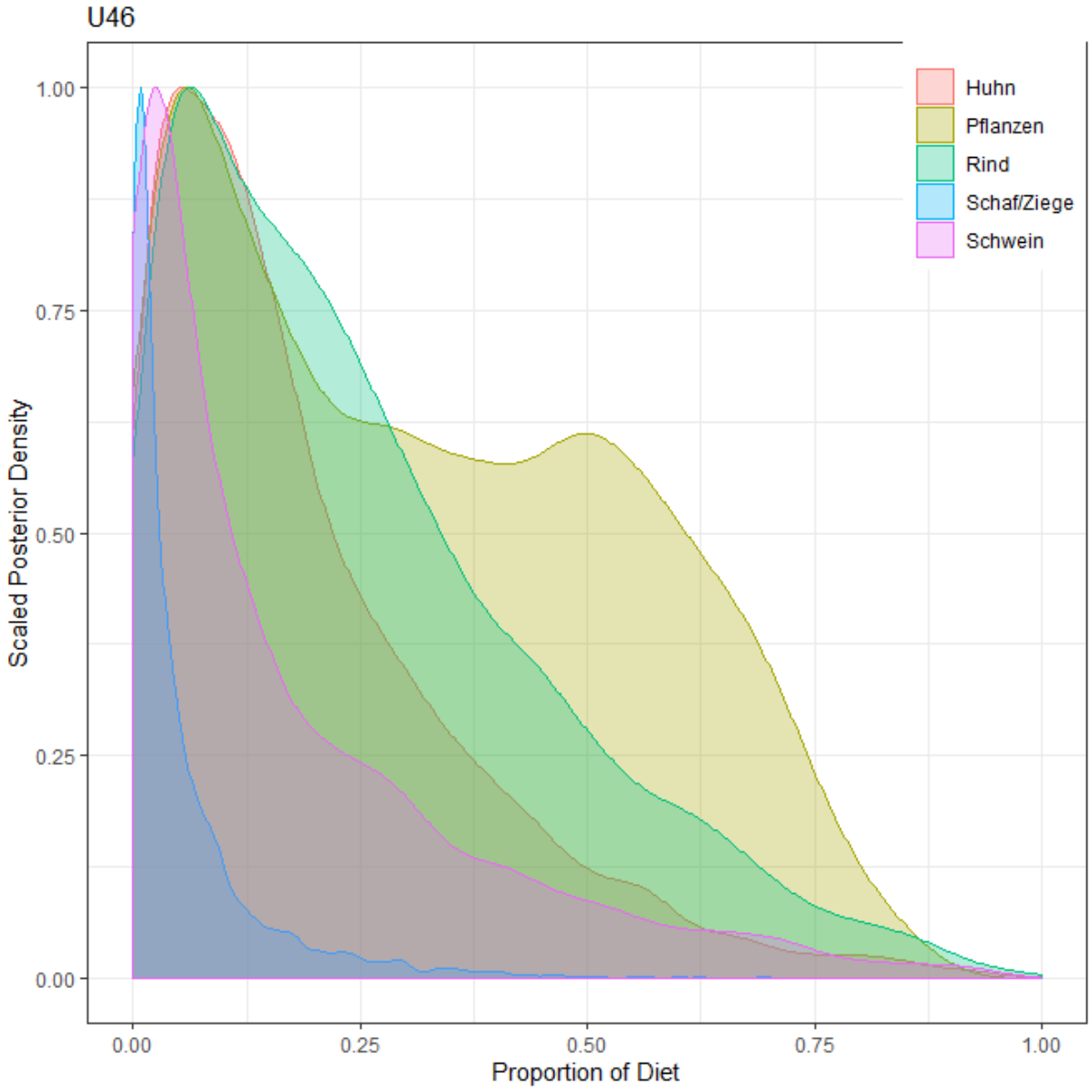


Abbildung 1955: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 46. Erstellt mit MixSIAR.

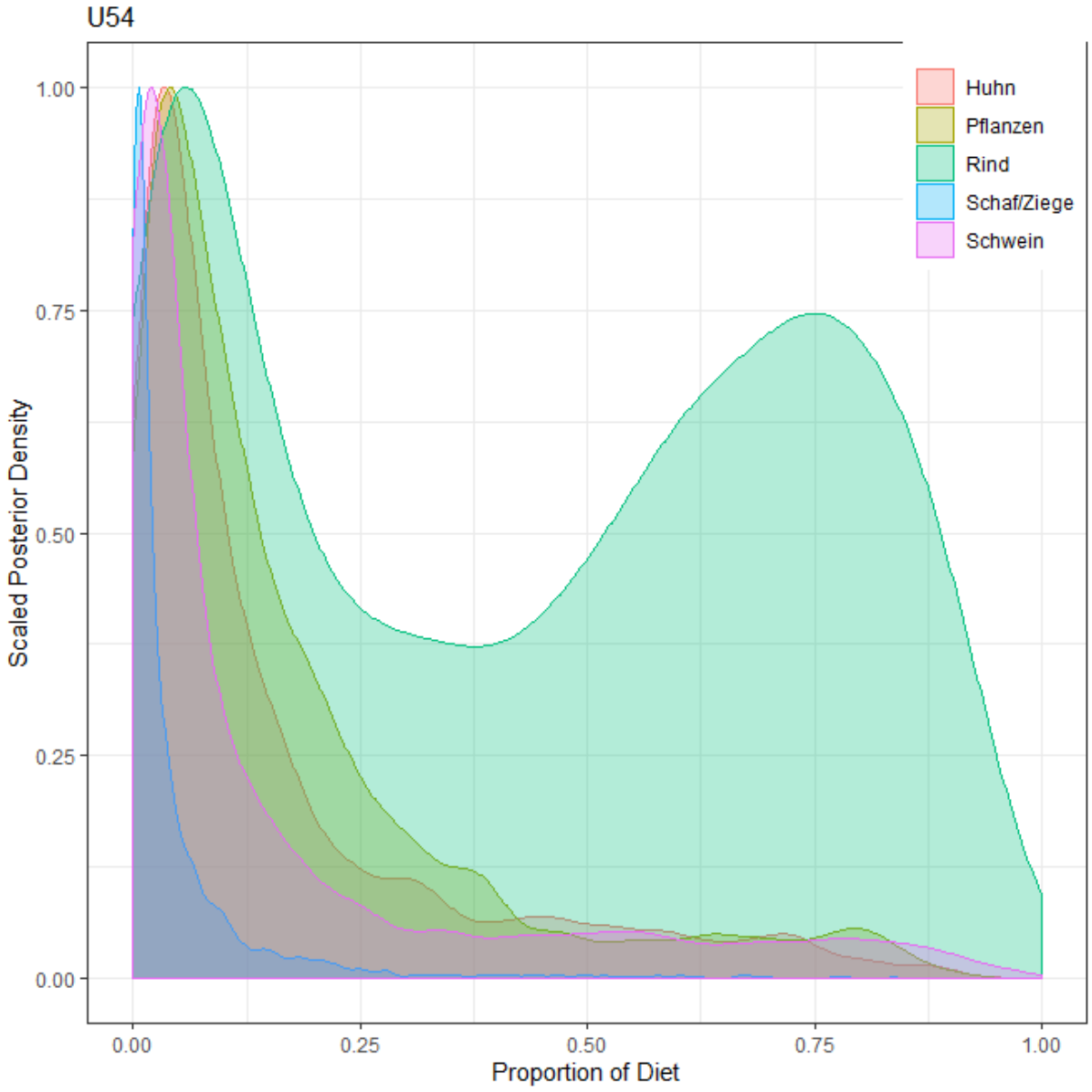


Abbildung 1956: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 54. Erstellt mit MixSIAR.

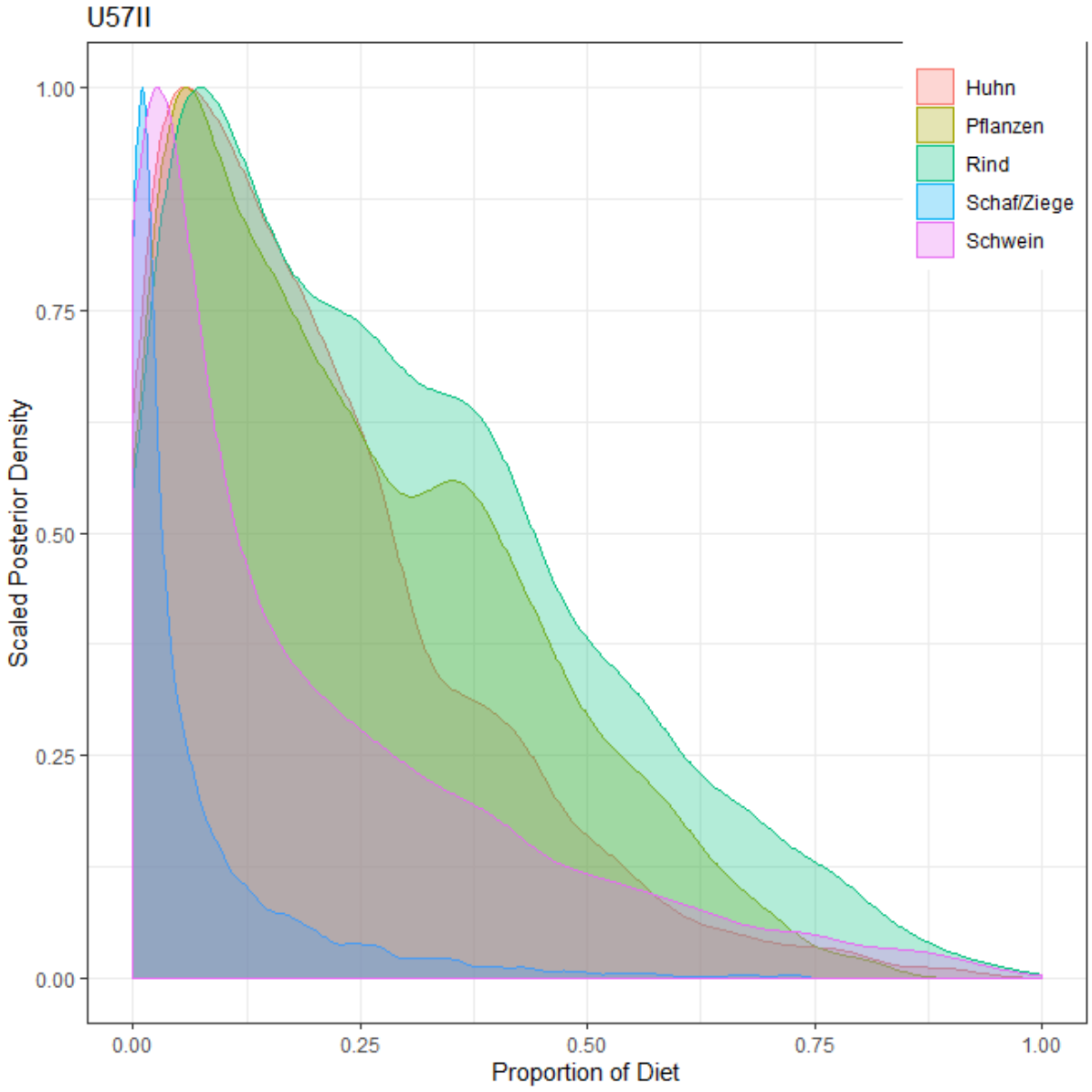


Abbildung 1957: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 57 II. Erstellt mit MixSIAR.

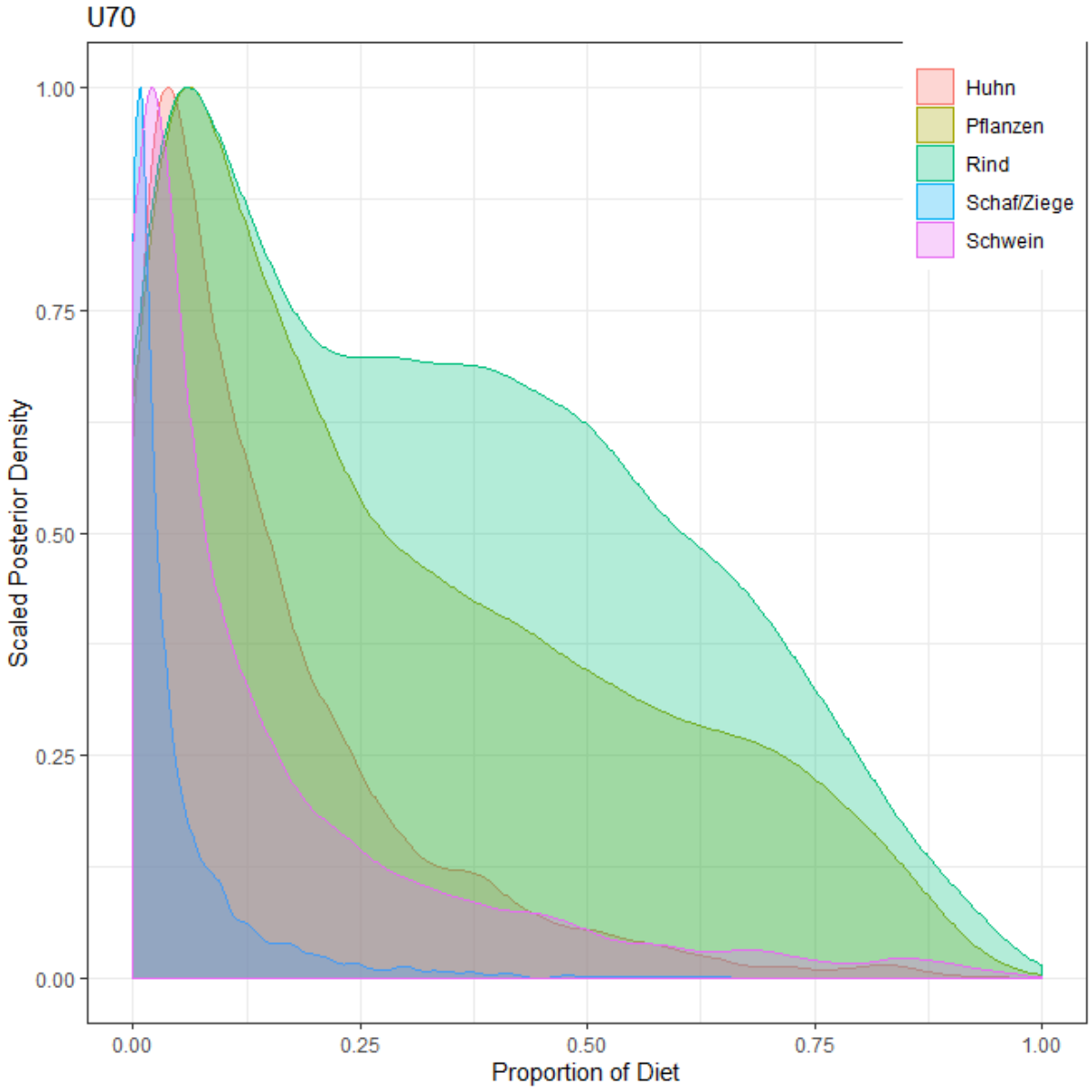


Abbildung 1958: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 70. Erstellt mit MixSIAR.

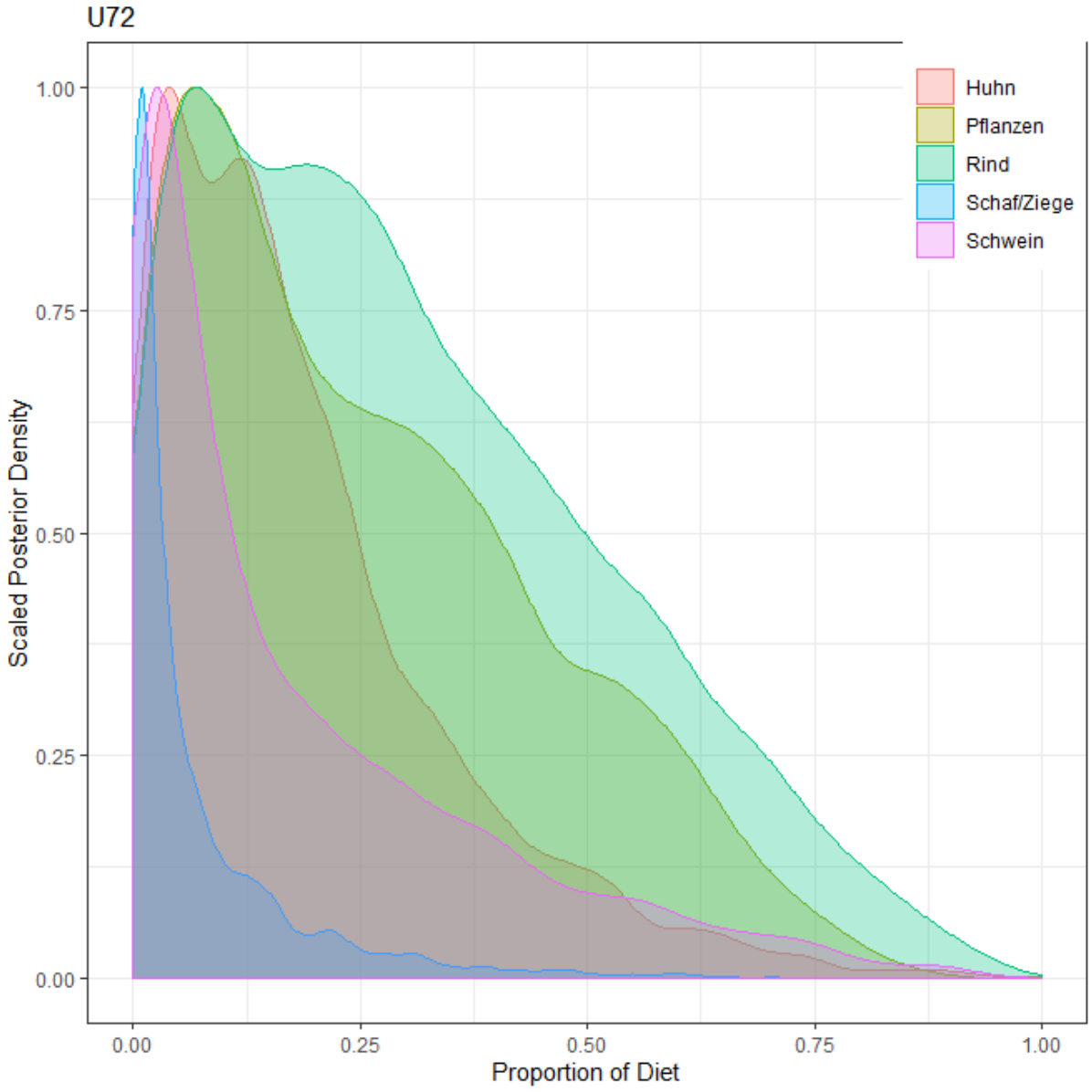


Abbildung 1959: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 72. Erstellt mit MixSIAR.

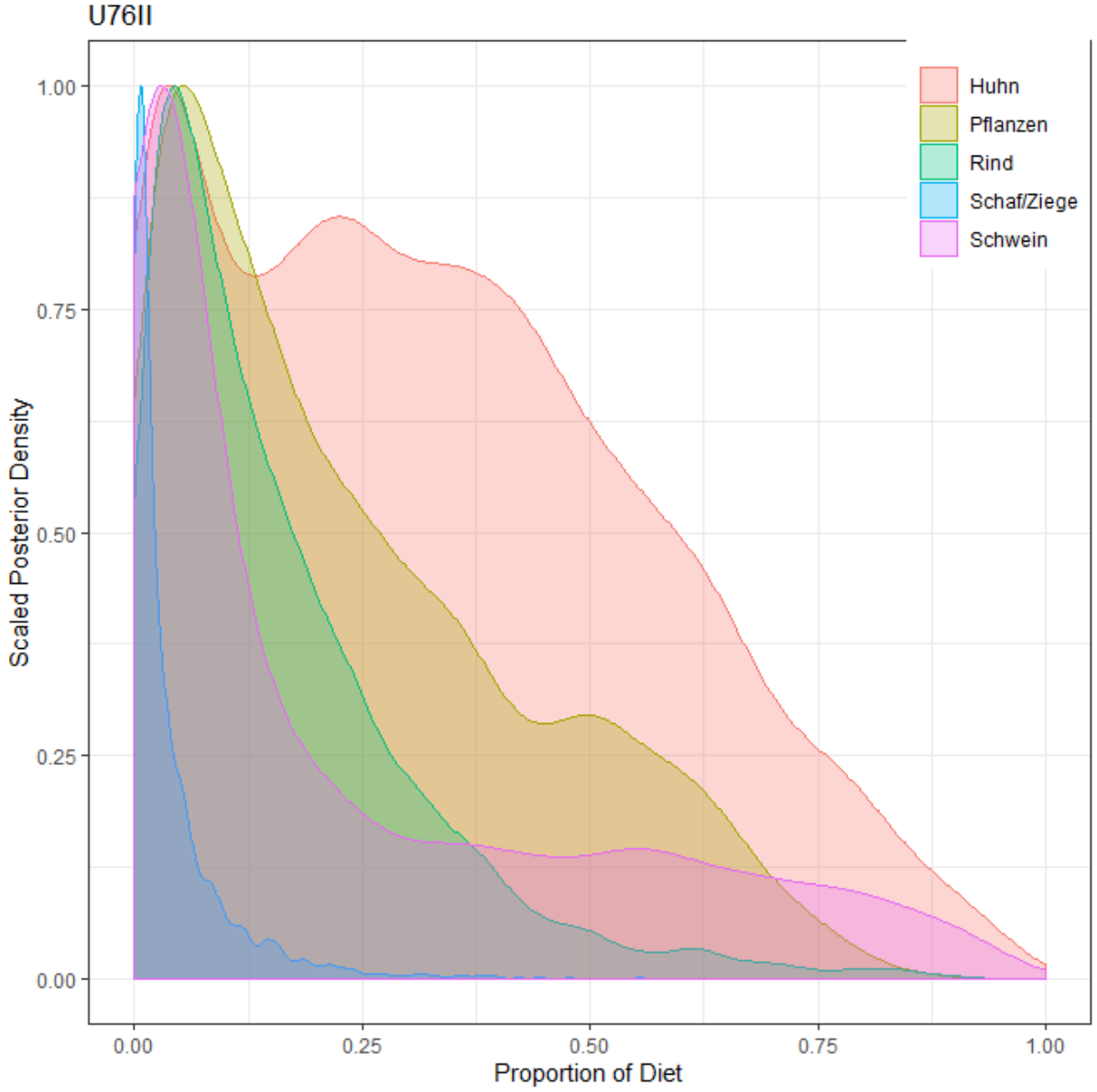


Abbildung 1960: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 76 II. Erstellt mit MixSIAR.

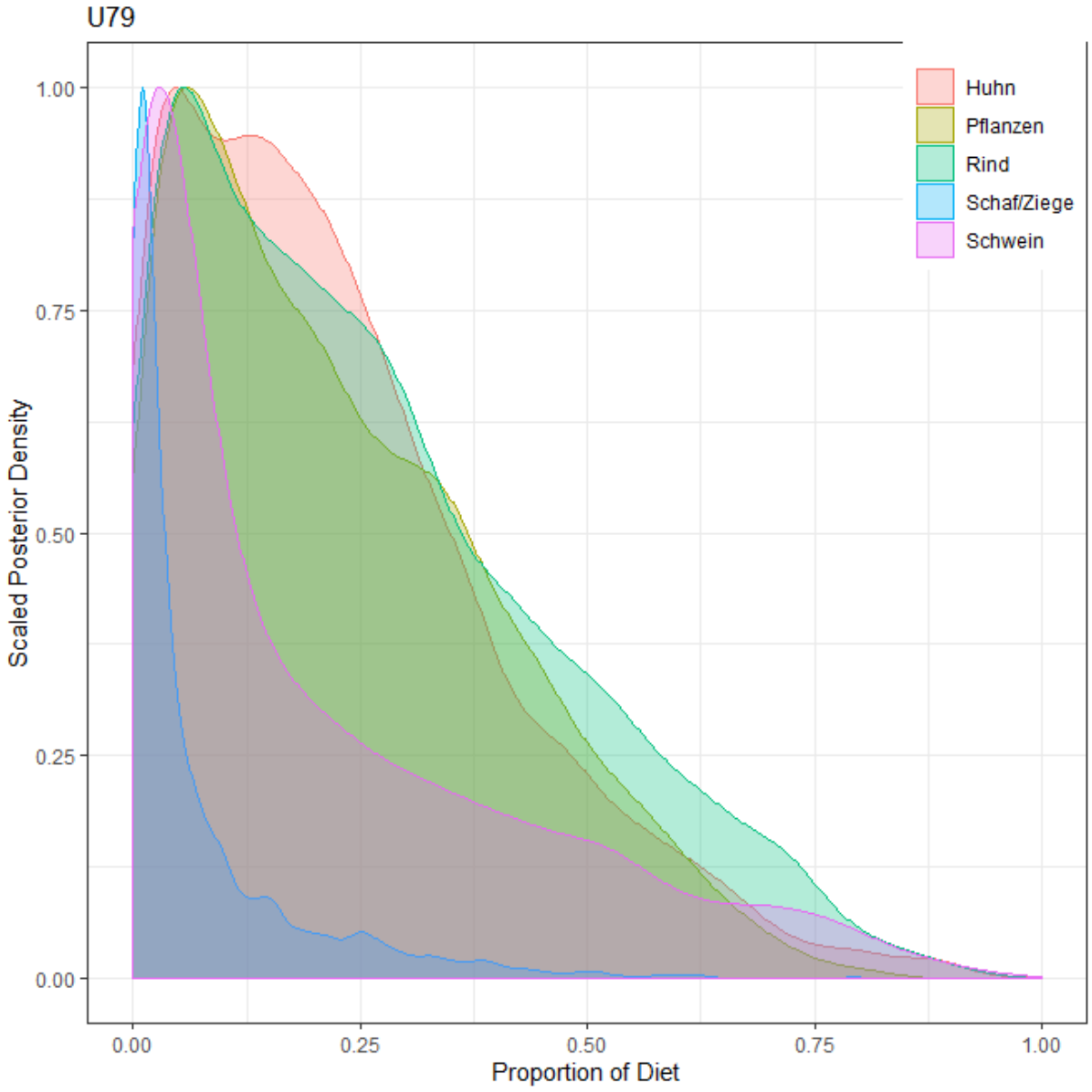


Abbildung 1961: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 79. Erstellt mit MixSIAR.

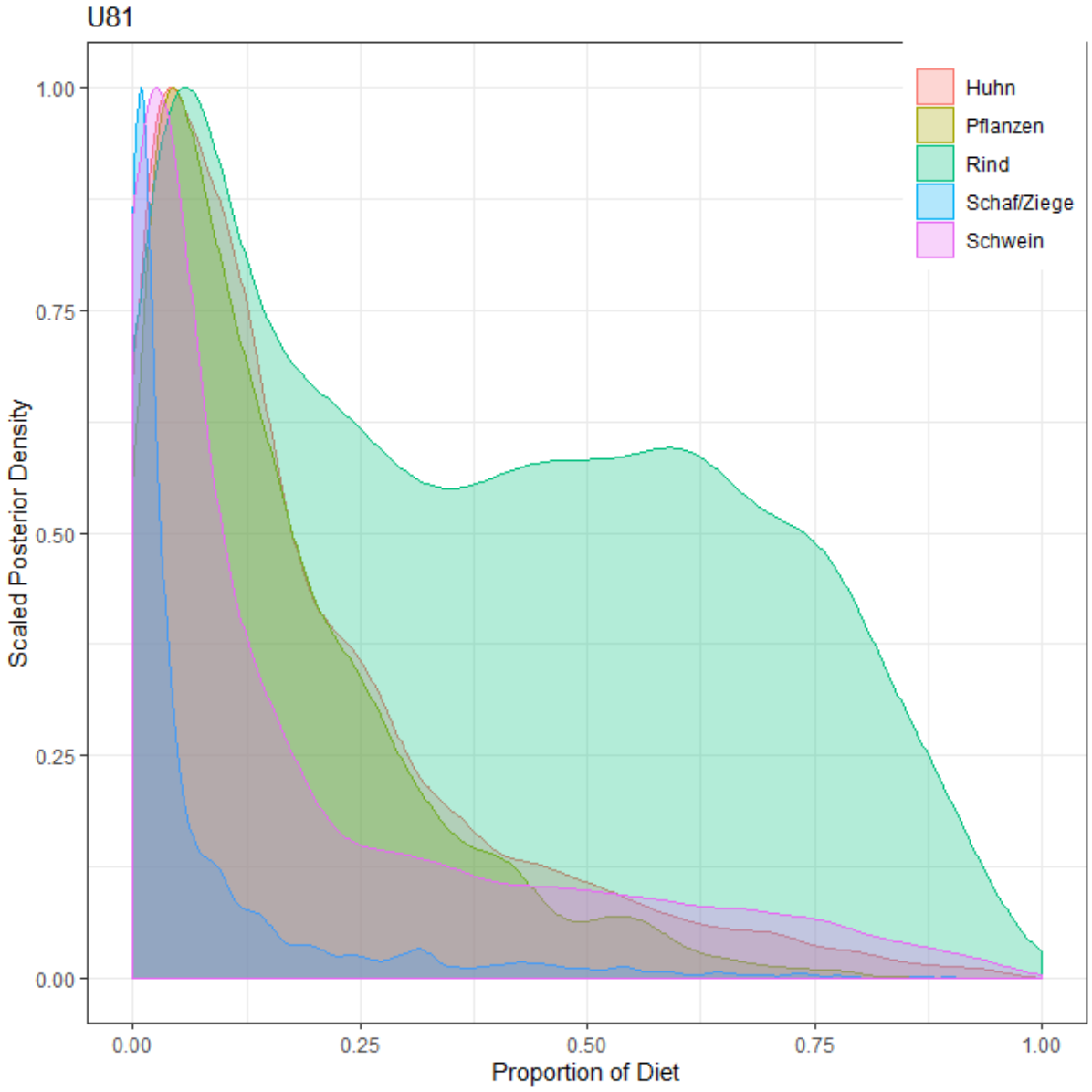


Abbildung 1962: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 81. Erstellt mit MixSIAR.

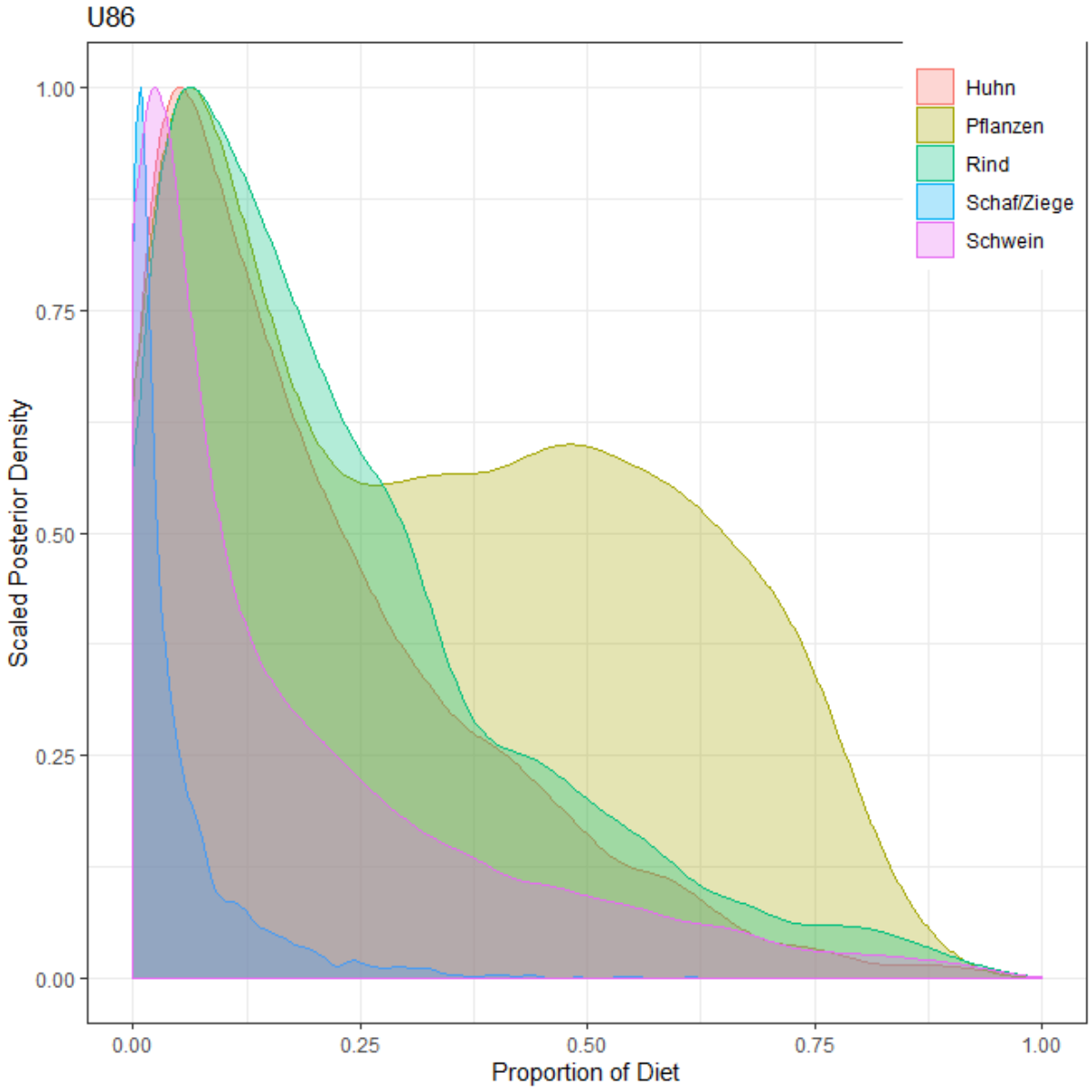


Abbildung 1963: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 86. Erstellt mit MixSIAR.

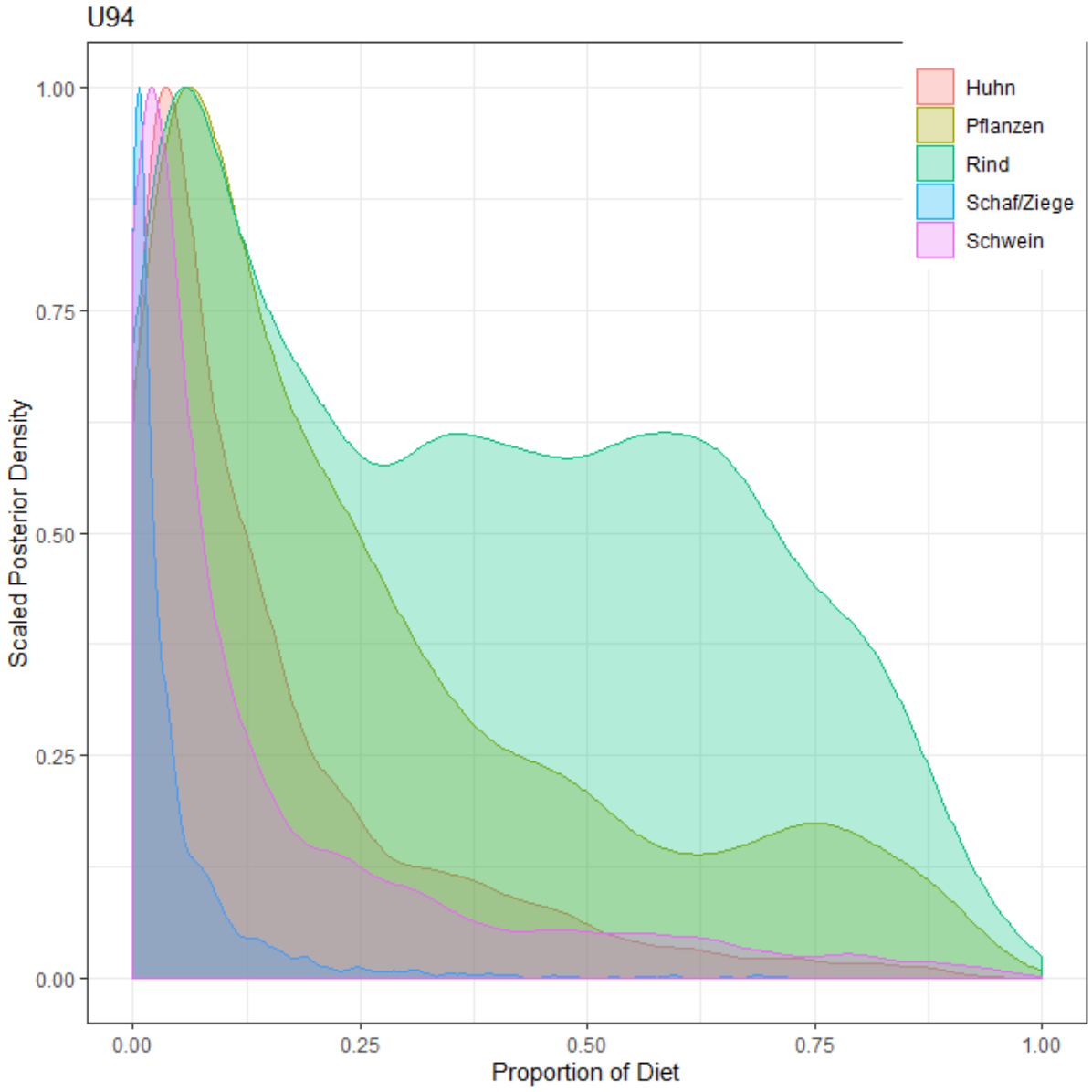


Abbildung 1964: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 94. Erstellt mit MixSIAR.

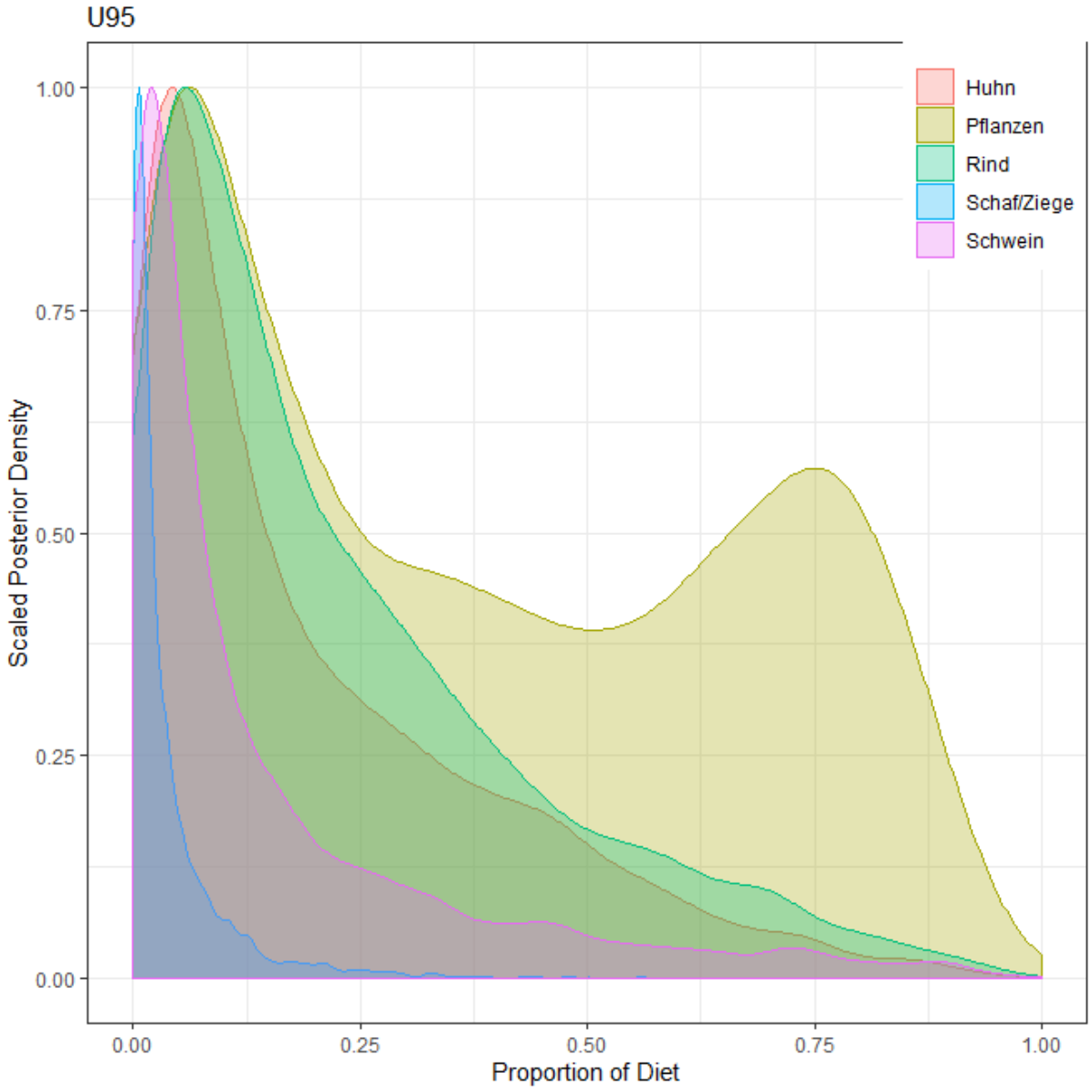


Abbildung 1965: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 95. Erstellt mit MixSIAR.

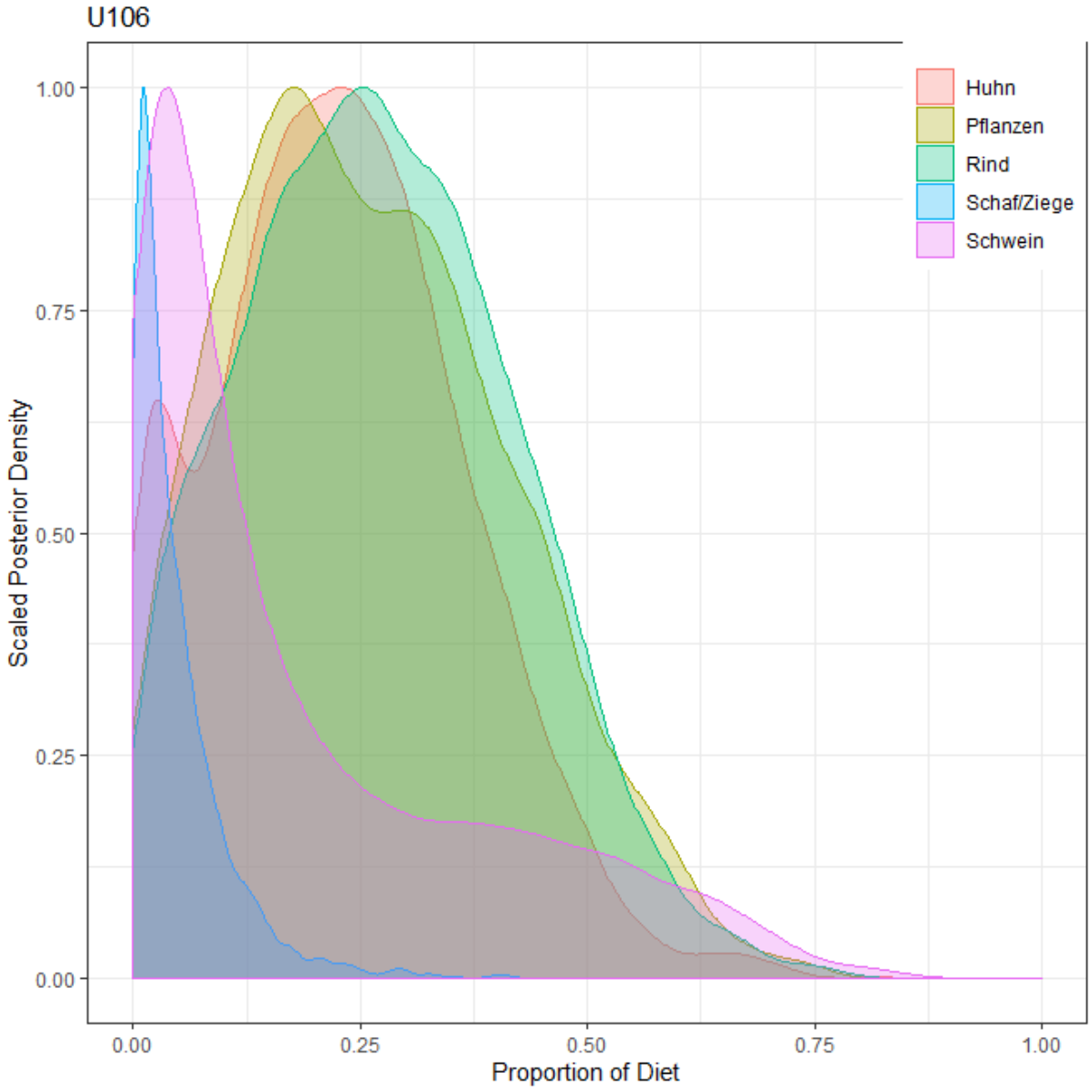


Abbildung 1966: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 106. Erstellt mit MixSIAR.

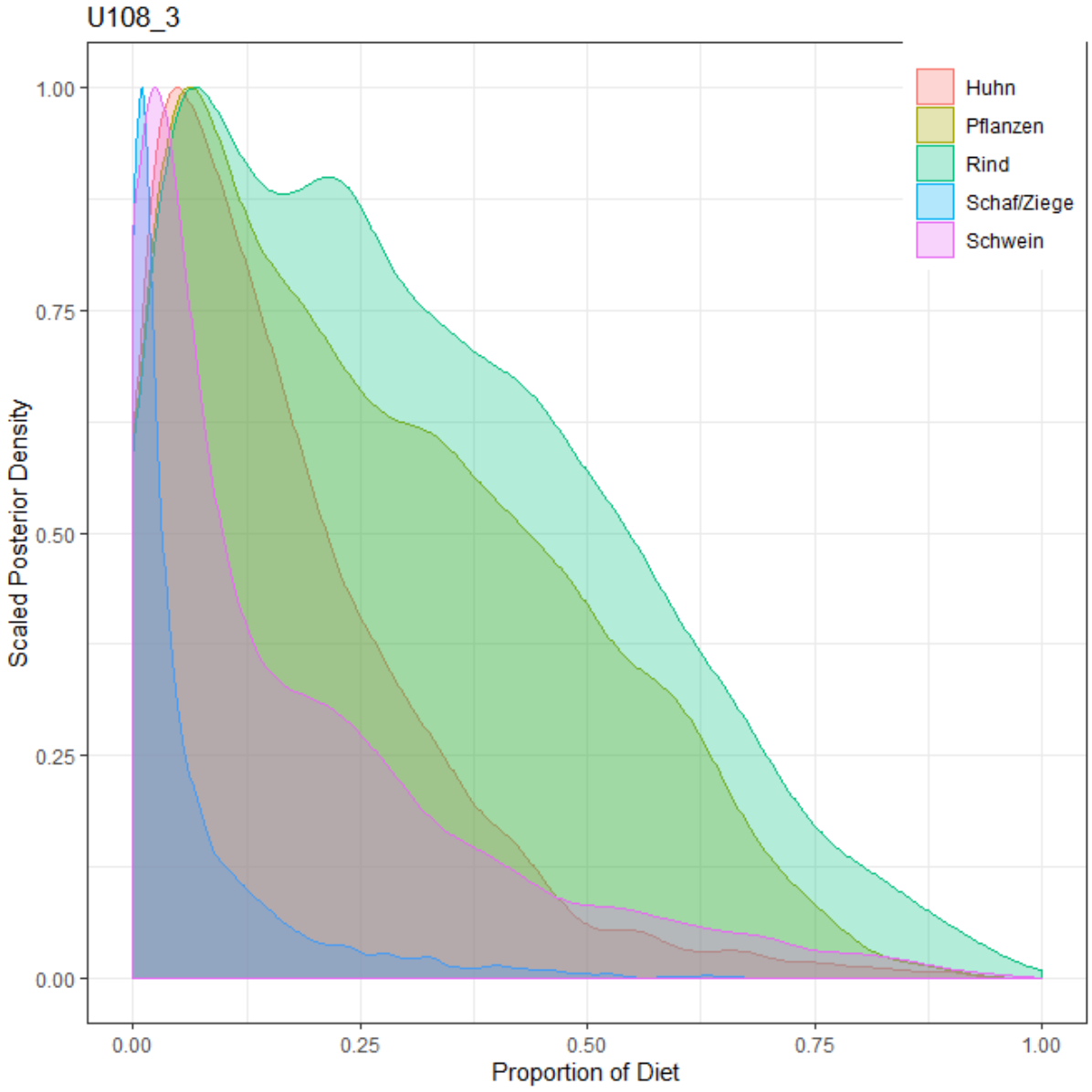


Abbildung 1967: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 108 3. Erstellt mit MixSIAR.

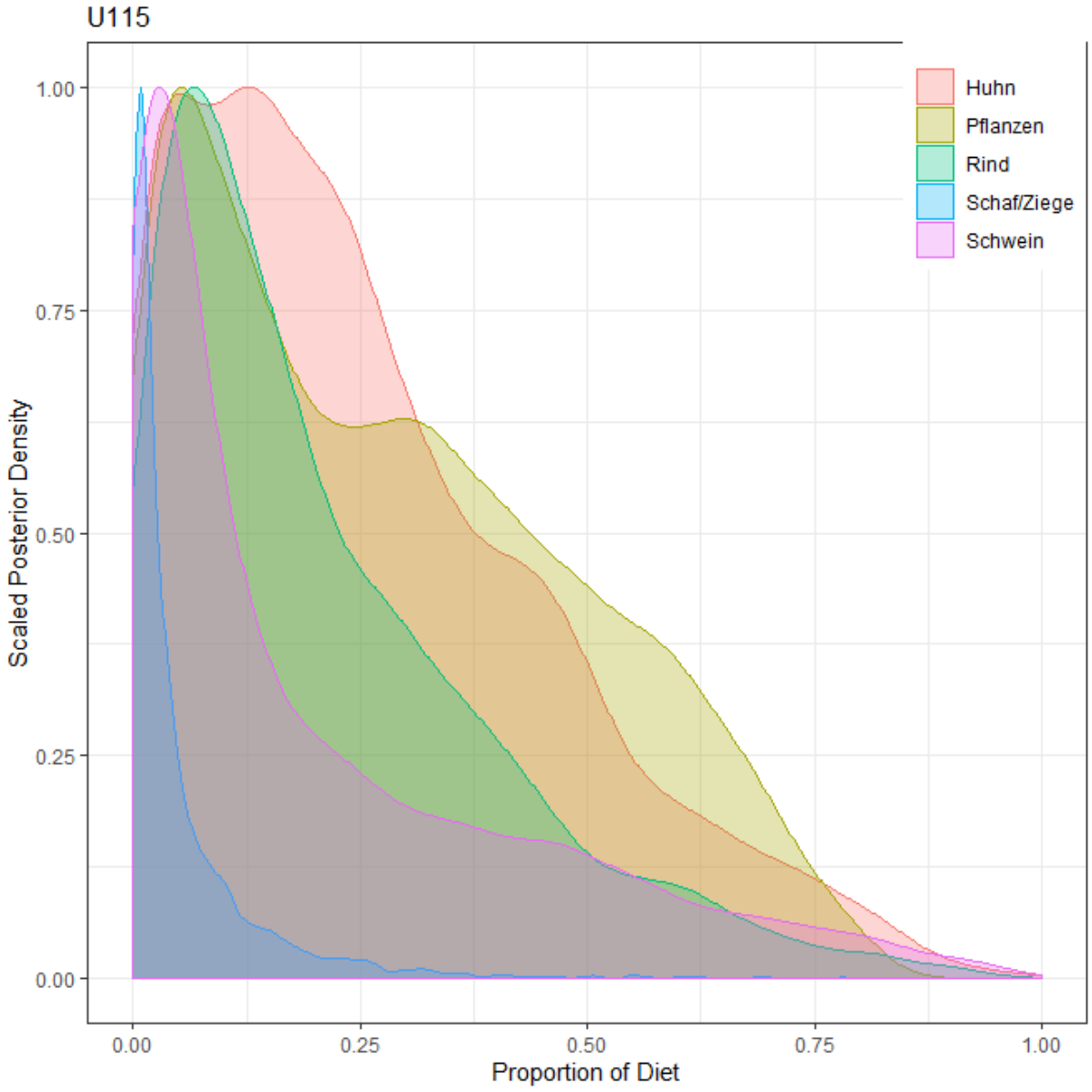


Abbildung 1968: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 115. Erstellt mit MixSIAR.

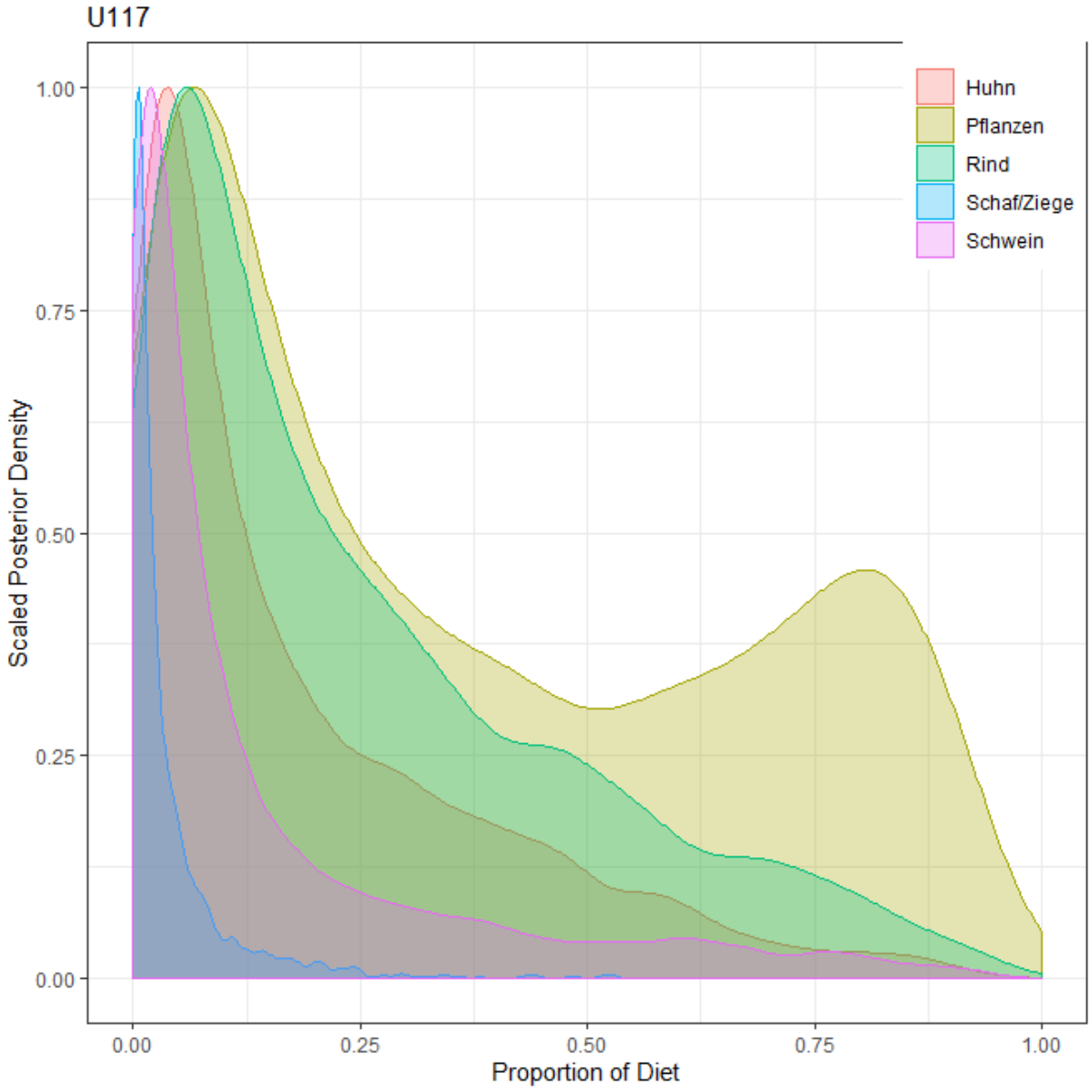


Abbildung 1969: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 117. Erstellt mit MixSIAR.

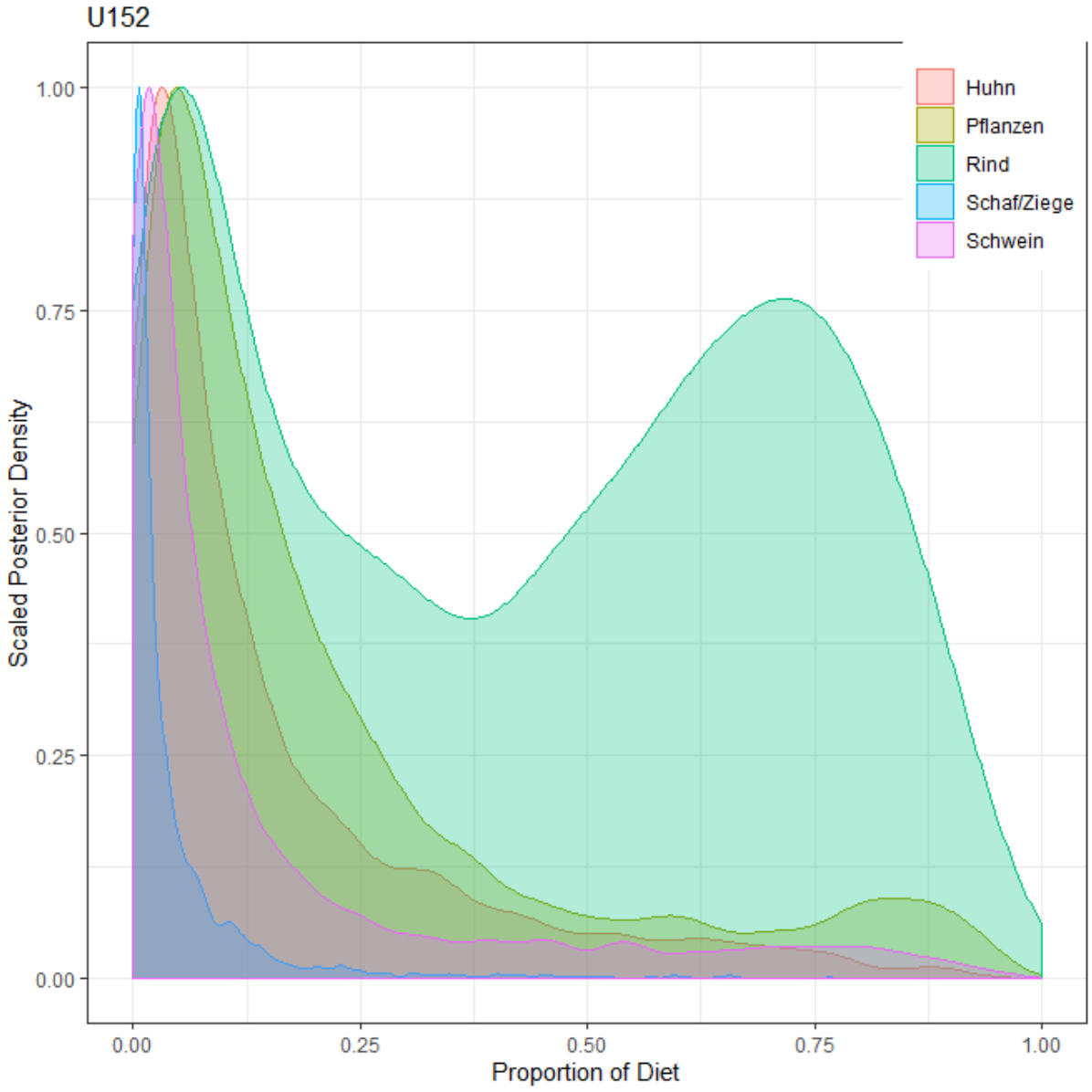


Abbildung 1970: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 152. Erstellt mit MixSIAR.

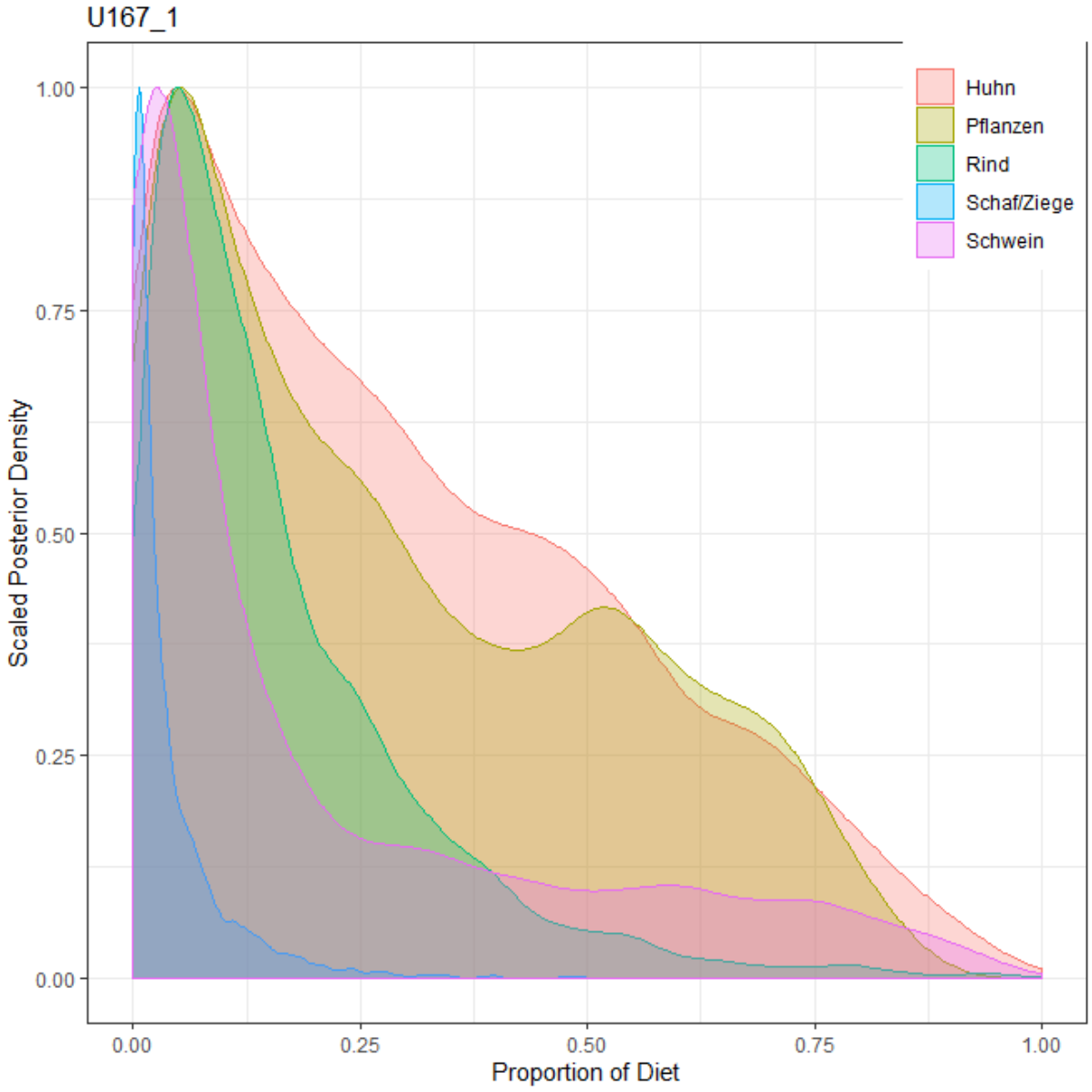


Abbildung 1971: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 167 I. Erstellt mit MixSIAR.

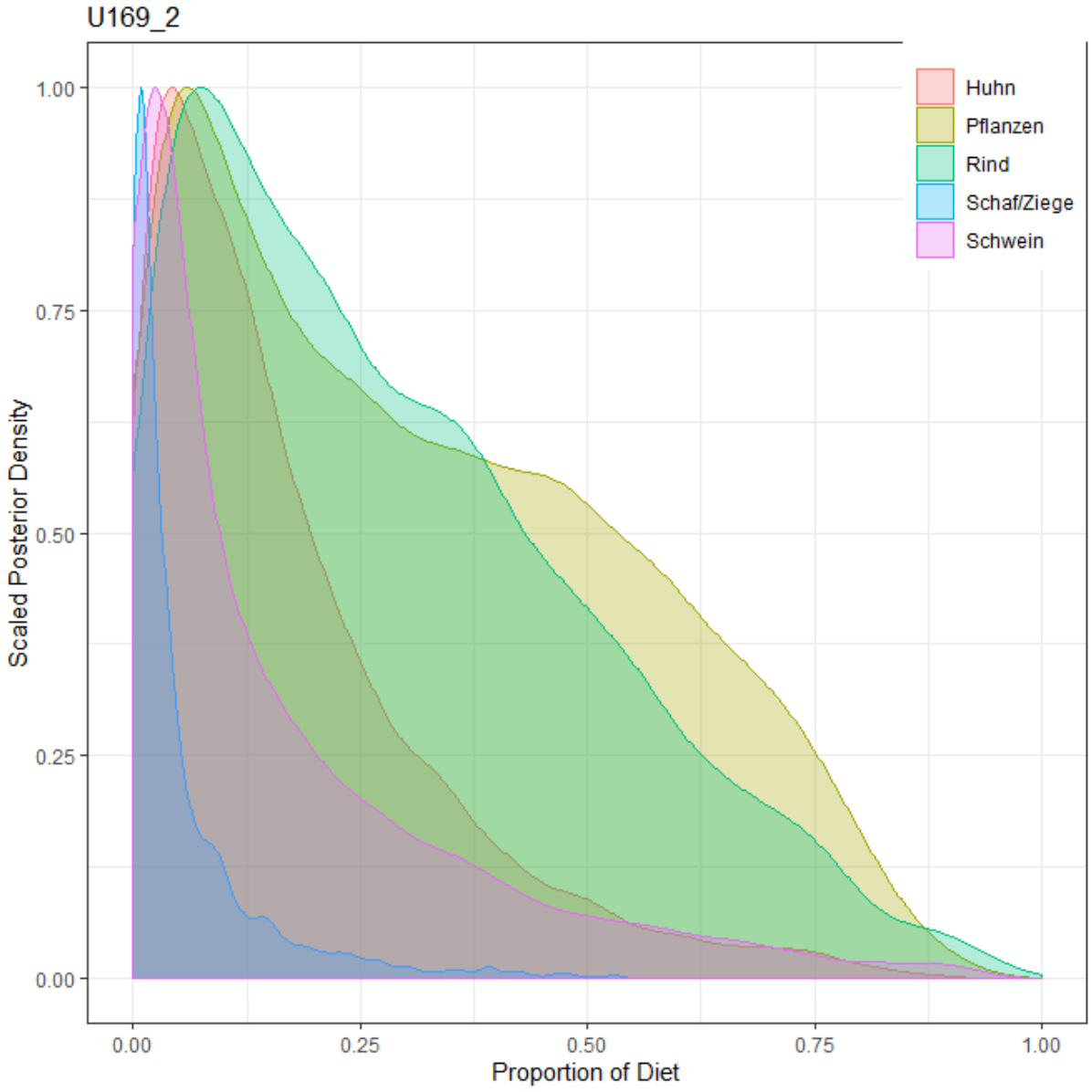


Abbildung 1972: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 169 2. Erstellt mit MixSIAR.

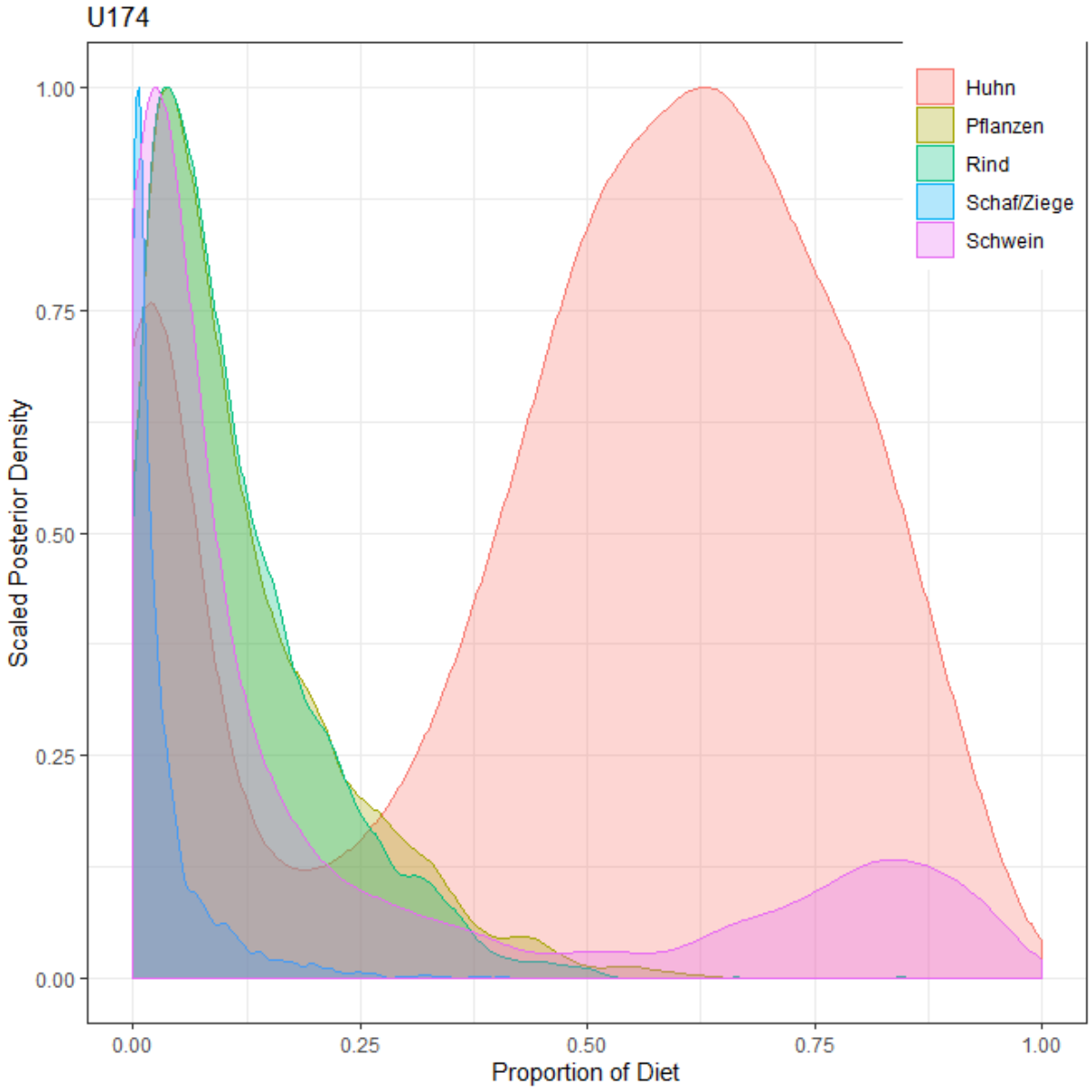


Abbildung 1973: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 174. Erstellt mit MixSIAR.

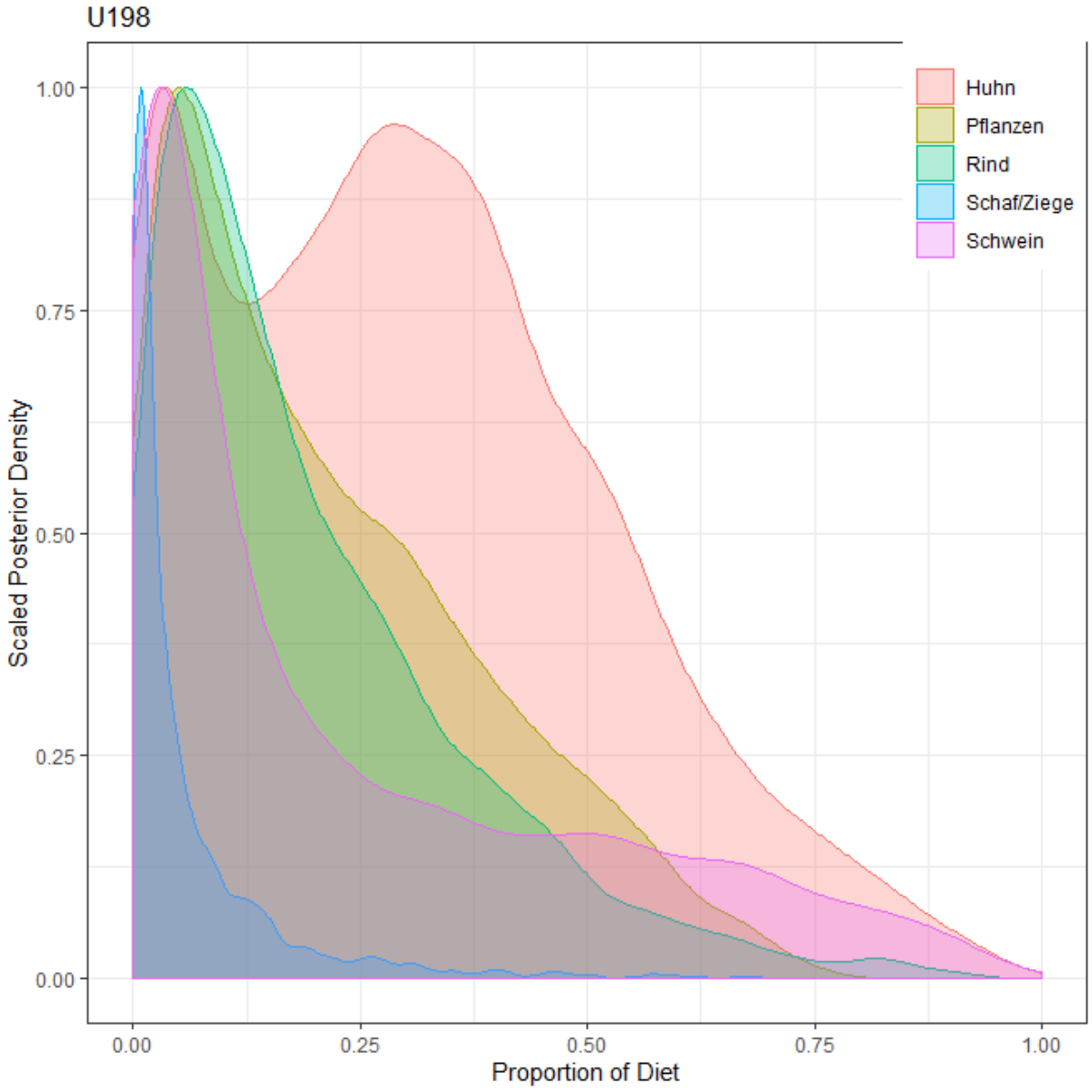


Abbildung 1974: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 198. Erstellt mit MixSIAR.

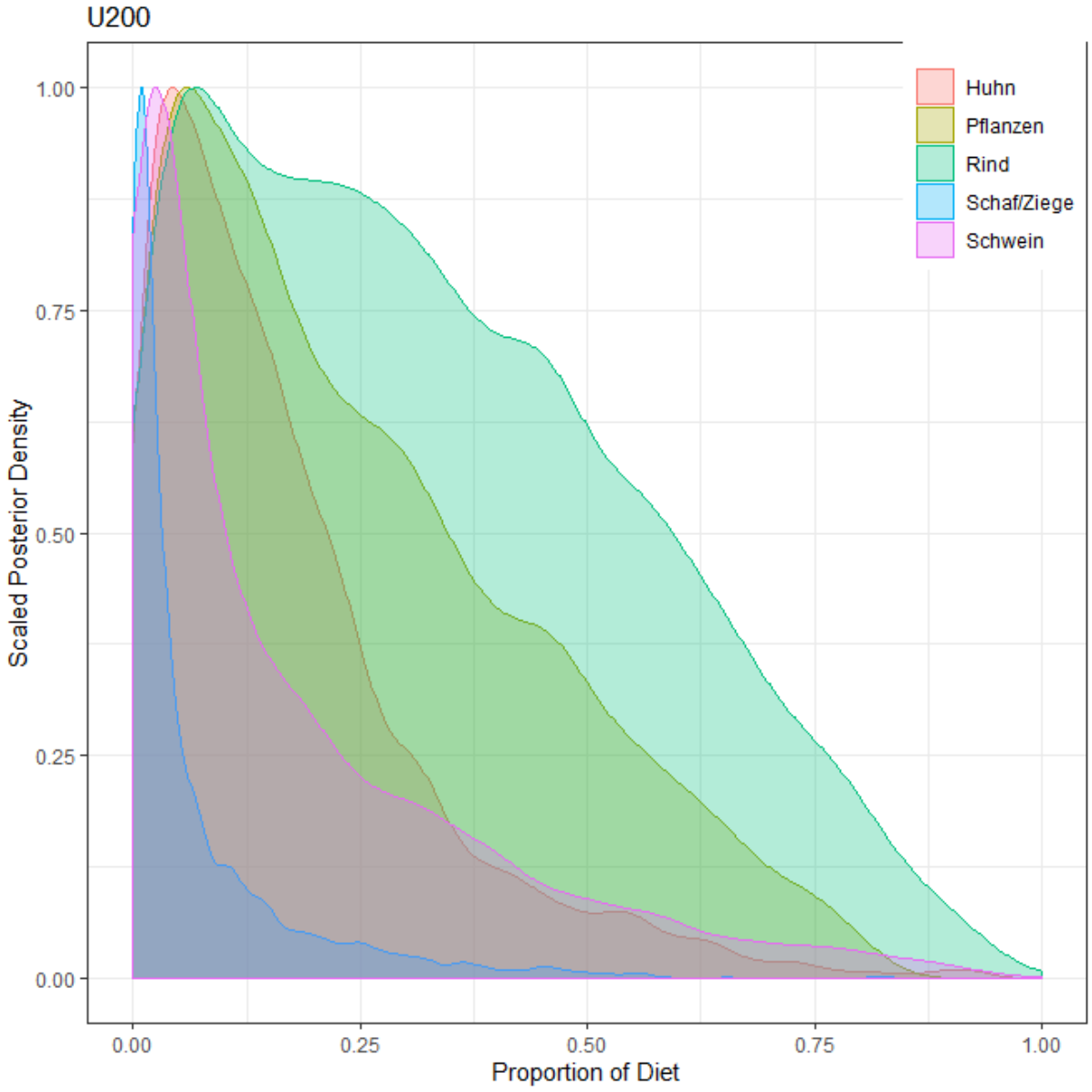


Abbildung 1975: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 200. Erstellt mit MixSIAR.

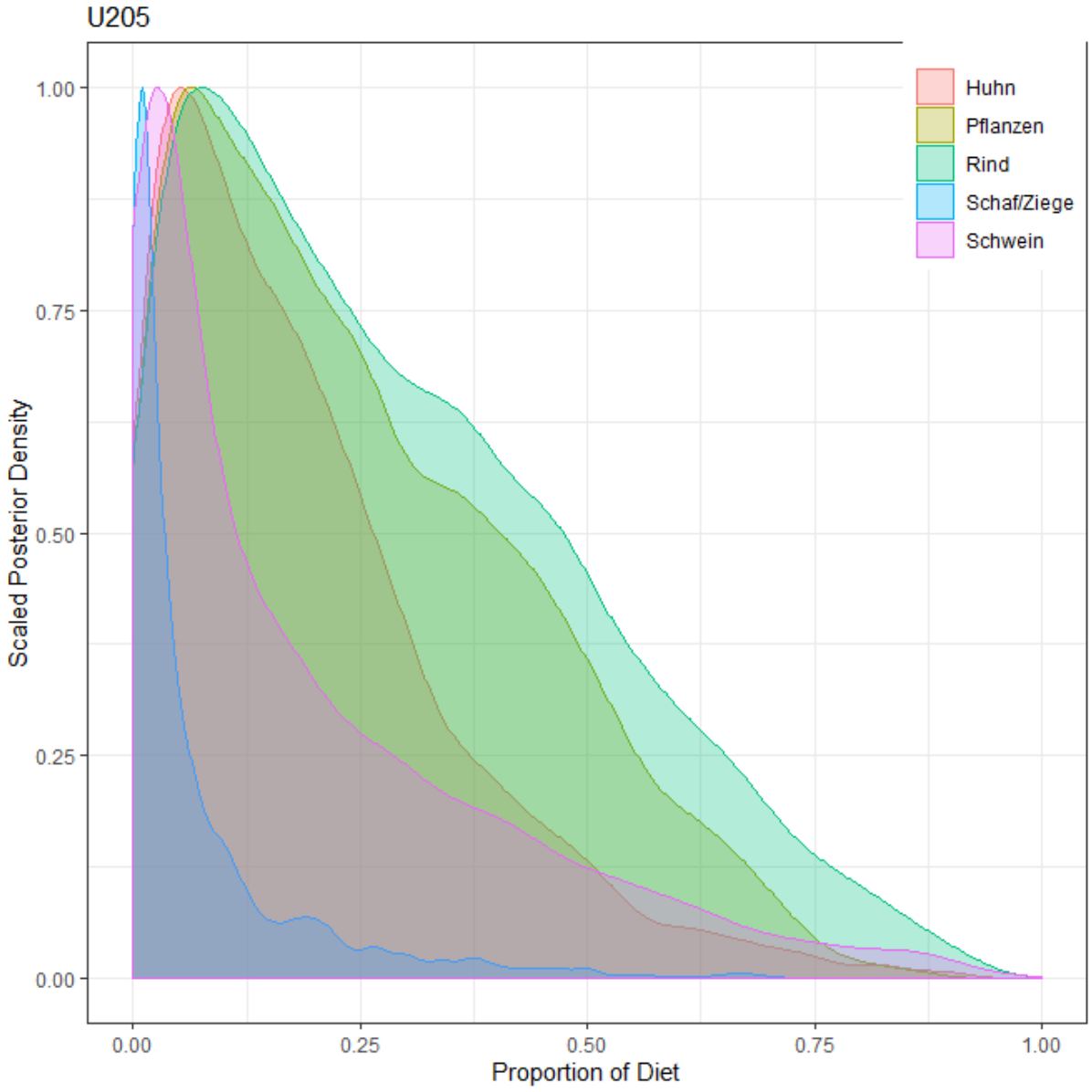


Abbildung 1976: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 205. Erstellt mit MixSIAR.

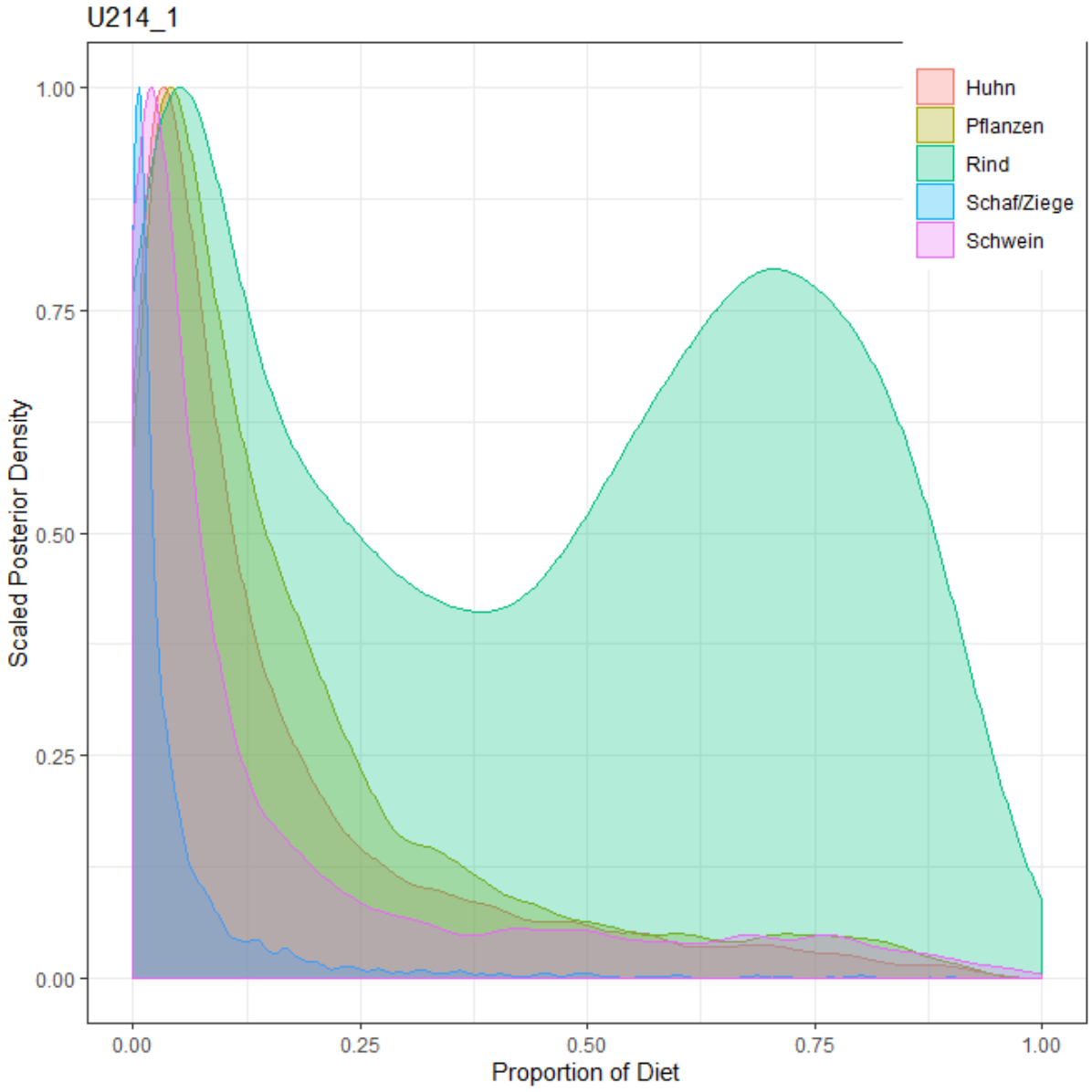


Abbildung 1977: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 214 1. Erstellt mit MixSIAR.

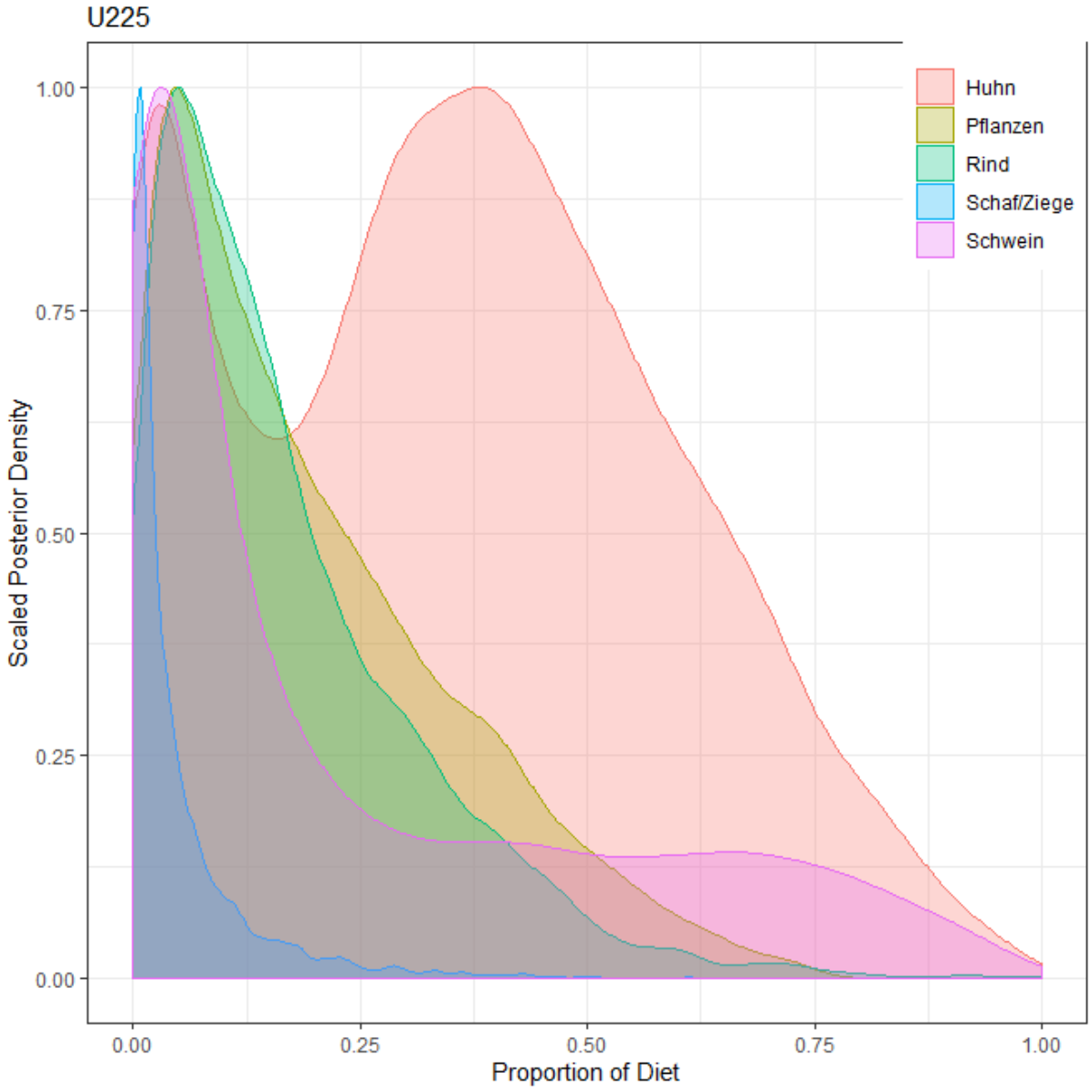


Abbildung 1978: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 225. Erstellt mit MixSIAR.

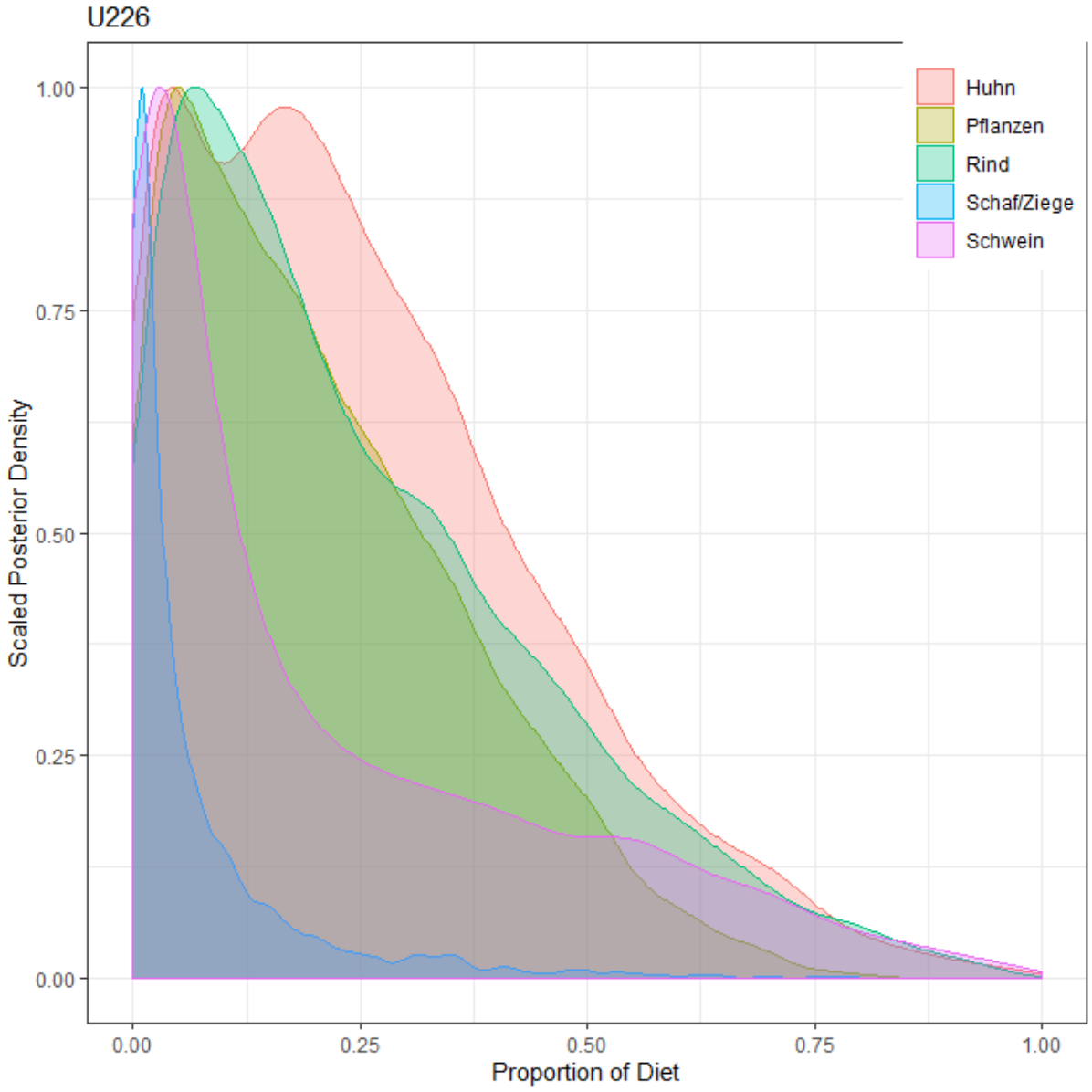


Abbildung 1979: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 226. Erstellt mit MixSIAR.

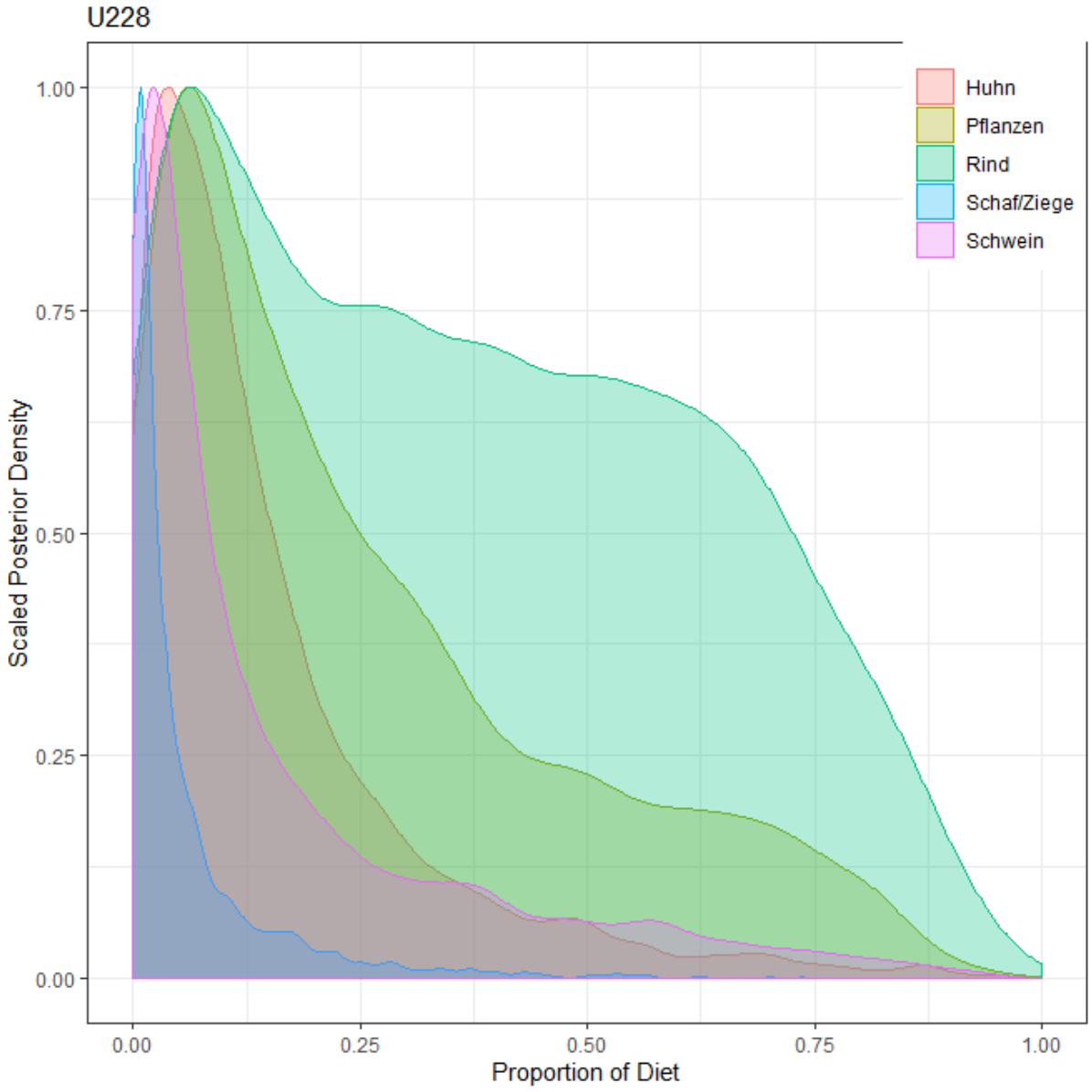


Abbildung 1980: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 228. Erstellt mit MixSIAR.

16.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 44: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Unterigling (U). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
U3	Huhn	0,2%	42,6%	25,6%	45,6%	86,0%
	Pflanzen	0,5%	15,8%	13,4%	12,0%	49,5%
	Rind	0,5%	13,7%	12,0%	10,4%	43,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,3%	6,5%	1,9%	22,6%
	Schwein	0,1%	23,6%	29,1%	8,1%	89,0%
U5 II	Huhn	0,3%	17,8%	19,7%	9,7%	72,8%
	Pflanzen	0,6%	28,8%	27,5%	18,3%	90,1%
	Rind	0,7%	34,4%	27,1%	30,0%	86,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,3%	7,2%	1,7%	25,0%
	Schwein	0,1%	14,8%	20,7%	5,4%	76,5%
U20/3	Huhn	0,4%	17,9%	16,4%	13,1%	61,8%
	Pflanzen	0,8%	30,1%	21,7%	27,1%	73,6%
	Rind	1,0%	28,2%	21,1%	24,4%	76,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,2%	9,3%	2,6%	33,7%
	Schwein	0,1%	17,5%	19,7%	9,9%	70,1%
U23	Huhn	0,3%	18,7%	18,6%	12,0%	67,7%
	Pflanzen	0,6%	36,9%	27,4%	32,7%	86,7%
	Rind	0,7%	24,5%	20,6%	18,7%	75,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,4%	7,1%	2,0%	24,7%
	Schwein	0,1%	15,5%	19,9%	6,8%	73,7%
U35 II	Huhn	0,2%	56,2%	31,3%	67,6%	93,1%
	Pflanzen	0,4%	9,9%	9,6%	6,9%	35,5%
	Rind	0,4%	8,0%	7,2%	6,1%	26,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,7%	4,0%	1,3%	13,9%
	Schwein	0,1%	23,1%	33,7%	4,5%	93,6%
U45	Huhn	0,3%	18,2%	17,0%	12,8%	62,6%
	Pflanzen	0,7%	34,2%	24,9%	30,9%	80,8%
	Rind	0,7%	25,9%	21,2%	20,4%	77,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,3%	8,1%	2,2%	27,4%
	Schwein	0,1%	16,3%	19,6%	8,4%	72,7%
U46	Huhn	0,4%	19,4%	17,4%	14,4%	65,1%
	Pflanzen	0,7%	32,0%	22,8%	29,3%	75,2%
	Rind	0,7%	25,3%	20,2%	20,6%	74,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,9%	8,7%	2,6%	31,8%
	Schwein	0,1%	17,3%	19,6%	9,6%	71,0%
U54	Huhn	0,2%	16,4%	19,6%	8,2%	72,9%
	Pflanzen	0,4%	17,5%	19,2%	10,6%	76,8%
	Rind	0,8%	43,8%	30,7%	47,0%	91,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,4%	10,4%	1,8%	39,2%
	Schwein	0,1%	16,9%	23,8%	5,4%	84,3%
U57 II	Huhn	0,4%	20,5%	17,0%	16,6%	64,5%
	Pflanzen	0,9%	24,4%	18,2%	20,6%	64,7%
	Rind	1,0%	28,2%	20,8%	24,5%	76,4%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,6%	11,4%	2,7%	42,3%
	Schwein	0,1%	19,3%	21,1%	10,9%	75,6%
U70	Huhn	0,3%	15,2%	15,6%	10,2%	58,4%
	Pflanzen	0,7%	29,6%	24,2%	22,8%	82,0%
	Rind	0,7%	34,2%	24,5%	31,6%	83,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,6%	9,1%	2,2%	32,6%
	Schwein	0,1%	15,4%	19,5%	7,2%	73,3%

U72	Huhn	0,4%	18,5%	16,1%	14,4%	61,3%
	Pflanzen	0,7%	26,0%	19,6%	22,2%	68,8%
	Rind	0,9%	30,2%	21,6%	26,5%	77,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,3%	10,8%	2,8%	39,5%
	Schwein	0,1%	17,9%	19,7%	9,9%	70,9%
U76 II	Huhn	0,2%	32,7%	23,6%	30,3%	82,2%
	Pflanzen	0,6%	24,4%	20,0%	19,0%	68,5%
	Rind	0,7%	16,1%	14,9%	11,7%	58,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,4%	6,7%	1,9%	22,8%
	Schwein	0,1%	22,4%	26,1%	9,0%	85,4%
U79	Huhn	0,4%	22,6%	17,9%	19,3%	66,3%
	Pflanzen	0,8%	23,2%	17,3%	19,9%	61,9%
	Rind	0,8%	26,2%	20,2%	22,2%	72,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,5%	10,9%	2,8%	39,1%
	Schwein	0,1%	20,5%	22,0%	11,3%	76,0%
U81	Huhn	0,3%	18,6%	18,5%	12,3%	70,6%
	Pflanzen	0,6%	16,3%	14,7%	11,8%	56,0%
	Rind	0,9%	37,6%	26,9%	35,4%	87,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,3%	14,2%	2,3%	53,9%
	Schwein	0,1%	19,2%	23,5%	8,1%	80,2%
U86	Huhn	0,4%	20,5%	18,1%	15,1%	65,6%
	Pflanzen	0,8%	33,8%	24,1%	32,0%	77,9%
	Rind	0,8%	22,9%	19,4%	17,8%	74,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,2%	7,6%	2,3%	27,5%
	Schwein	0,1%	17,6%	20,4%	9,1%	72,8%
U94	Huhn	0,3%	15,6%	17,2%	9,3%	65,4%
	Pflanzen	0,7%	26,5%	24,5%	18,5%	85,1%
	Rind	0,7%	37,2%	26,6%	35,0%	86,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,1%	8,9%	2,0%	31,0%
	Schwein	0,1%	15,5%	20,7%	6,3%	77,0%
U95	Huhn	0,3%	20,0%	19,6%	12,8%	70,9%
	Pflanzen	0,7%	38,0%	28,8%	33,5%	87,4%
	Rind	0,7%	22,7%	20,5%	16,0%	74,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,2%	6,6%	1,8%	24,0%
	Schwein	0,1%	15,1%	19,9%	6,4%	74,4%
U106	Huhn	0,8%	22,9%	13,7%	22,5%	50,9%
	Pflanzen	2,0%	26,2%	15,2%	24,5%	58,2%
	Rind	1,9%	27,2%	14,8%	26,5%	57,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,0%	5,5%	3,1%	20,5%
	Schwein	0,3%	18,7%	19,4%	10,5%	65,8%
U108/3	Huhn	0,4%	17,3%	15,3%	13,2%	57,6%
	Pflanzen	0,9%	27,2%	20,0%	23,6%	69,3%
	Rind	1,0%	31,0%	21,8%	27,6%	79,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	7,0%	10,3%	2,8%	39,3%
	Schwein	0,1%	17,6%	19,6%	9,8%	70,9%
U115	Huhn	0,4%	25,5%	20,1%	21,3%	74,3%
	Pflanzen	0,6%	28,1%	21,0%	25,1%	70,6%
	Rind	0,7%	21,1%	18,2%	15,8%	68,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,5%	8,7%	2,3%	29,8%
	Schwein	0,1%	19,7%	22,3%	10,1%	78,1%
U117	Huhn	0,3%	19,0%	19,9%	11,2%	71,4%
	Pflanzen	0,7%	36,8%	29,9%	29,0%	90,2%
	Rind	0,6%	25,1%	22,6%	17,6%	79,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,1%	6,7%	1,7%	23,1%
	Schwein	0,1%	15,0%	20,6%	5,8%	76,0%

U152	Huhn	0,3%	15,8%	18,6%	8,3%	70,7%
	Pflanzen	0,6%	21,3%	23,3%	12,4%	87,0%
	Rind	0,6%	42,6%	29,7%	45,0%	89,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,9%	9,3%	1,7%	32,8%
	Schwein	0,1%	15,3%	22,3%	5,2%	81,2%
U167/1	Huhn	0,4%	30,0%	23,7%	25,3%	81,0%
	Pflanzen	0,6%	29,3%	23,4%	23,8%	76,4%
	Rind	0,8%	16,1%	15,0%	11,6%	56,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,3%	6,2%	1,9%	21,3%
	Schwein	0,1%	20,4%	24,8%	8,3%	83,4%
U169/2	Huhn	0,3%	17,4%	16,2%	12,6%	62,6%
	Pflanzen	0,9%	31,5%	23,0%	27,9%	77,9%
	Rind	0,9%	28,7%	21,5%	24,5%	76,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,9%	8,7%	2,6%	33,1%
	Schwein	0,1%	16,5%	19,2%	8,6%	70,0%
U174	Huhn	0,2%	50,2%	27,1%	56,2%	89,8%
	Pflanzen	0,5%	12,4%	10,9%	9,0%	41,2%
	Rind	0,6%	11,4%	9,6%	8,7%	35,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,8%	5,6%	1,7%	20,0%
	Schwein	0,1%	22,2%	30,3%	6,3%	91,8%
U198	Huhn	0,4%	30,4%	21,4%	28,5%	78,0%
	Pflanzen	0,7%	21,6%	17,1%	17,7%	60,5%
	Rind	0,7%	19,3%	16,8%	14,6%	63,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,2%	9,6%	2,3%	35,3%
	Schwein	0,1%	22,5%	24,9%	11,1%	83,0%
U200	Huhn	0,4%	17,0%	15,5%	12,7%	59,4%
	Pflanzen	0,7%	25,3%	19,6%	20,9%	69,9%
	Rind	0,8%	32,8%	22,8%	29,6%	80,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,2%	10,9%	2,7%	39,9%
	Schwein	0,1%	17,7%	20,0%	9,8%	72,9%
U205	Huhn	0,4%	19,3%	16,2%	15,5%	62,2%
	Pflanzen	0,8%	25,0%	18,5%	21,4%	66,0%
	Rind	0,9%	28,8%	21,2%	24,8%	76,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,6%	11,4%	2,9%	42,3%
	Schwein	0,1%	19,2%	20,7%	11,4%	73,9%
U214/1	Huhn	0,3%	16,0%	18,9%	8,5%	72,5%
	Pflanzen	0,4%	18,0%	19,5%	10,9%	77,0%
	Rind	0,6%	43,7%	30,1%	46,7%	91,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,7%	10,9%	1,9%	39,6%
	Schwein	0,1%	16,7%	23,3%	5,7%	82,0%
U225	Huhn	0,3%	35,3%	23,4%	35,1%	82,1%
	Pflanzen	0,6%	19,5%	16,0%	15,3%	57,4%
	Rind	0,7%	16,9%	14,5%	12,9%	53,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,2%	7,8%	2,2%	28,6%
	Schwein	0,1%	23,2%	26,7%	10,0%	86,0%
U226	Huhn	0,3%	25,4%	19,3%	22,0%	71,3%
	Pflanzen	0,7%	20,9%	15,8%	17,7%	57,8%
	Rind	0,8%	24,9%	19,9%	19,9%	73,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,4%	11,3%	2,8%	41,3%
	Schwein	0,1%	21,5%	23,3%	11,4%	78,6%
U228	Huhn	0,4%	15,3%	15,9%	10,1%	63,2%
	Pflanzen	0,7%	25,7%	22,4%	18,6%	79,2%
	Rind	1,1%	36,8%	25,3%	34,7%	84,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,1%	9,7%	2,3%	35,5%
	Schwein	0,1%	16,1%	20,1%	7,2%	73,1%

16.5 SISUS: Abbildungen

U3

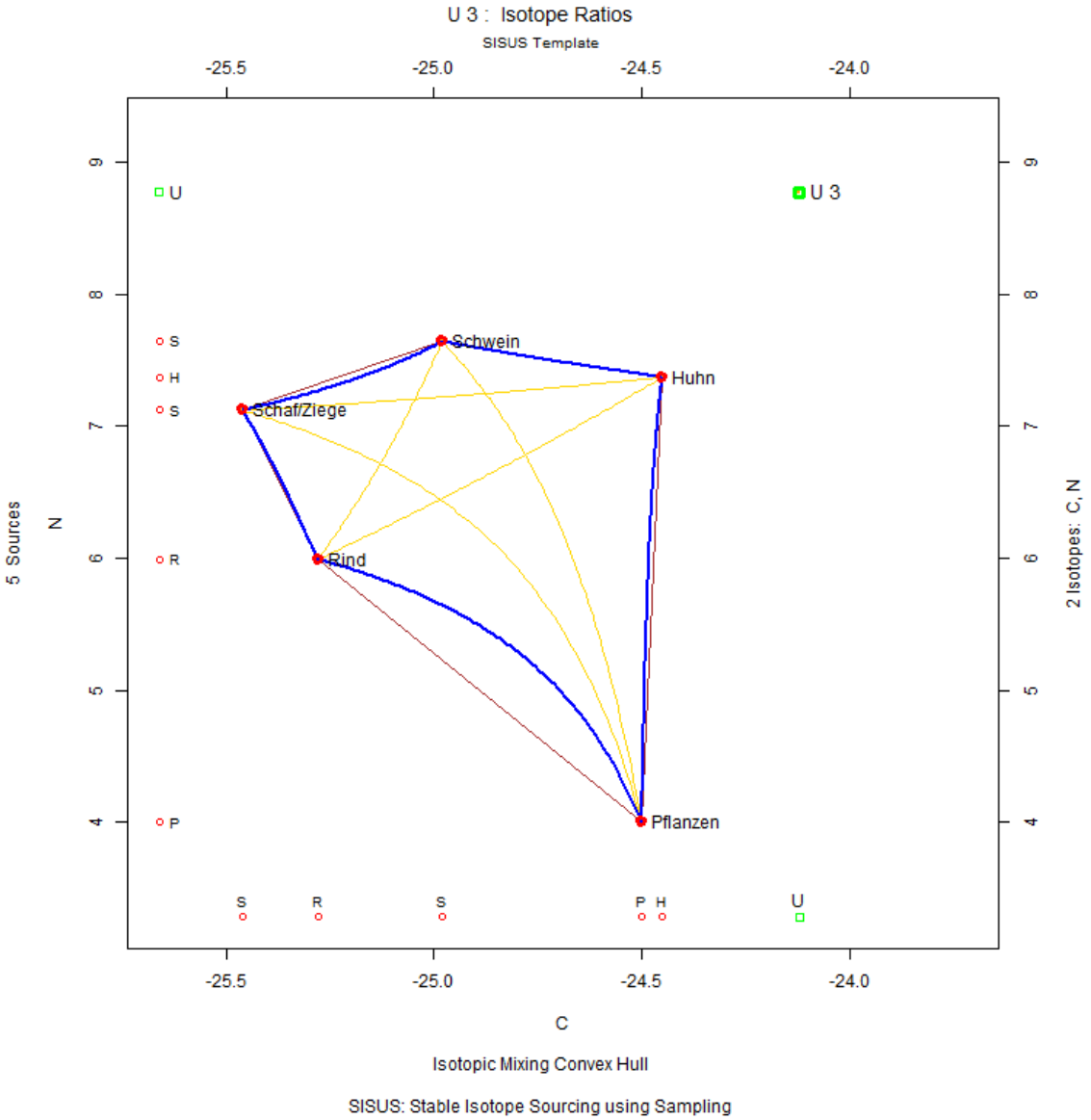


Abbildung 1981: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 3. Erstellt mit SISUS.

U5 II

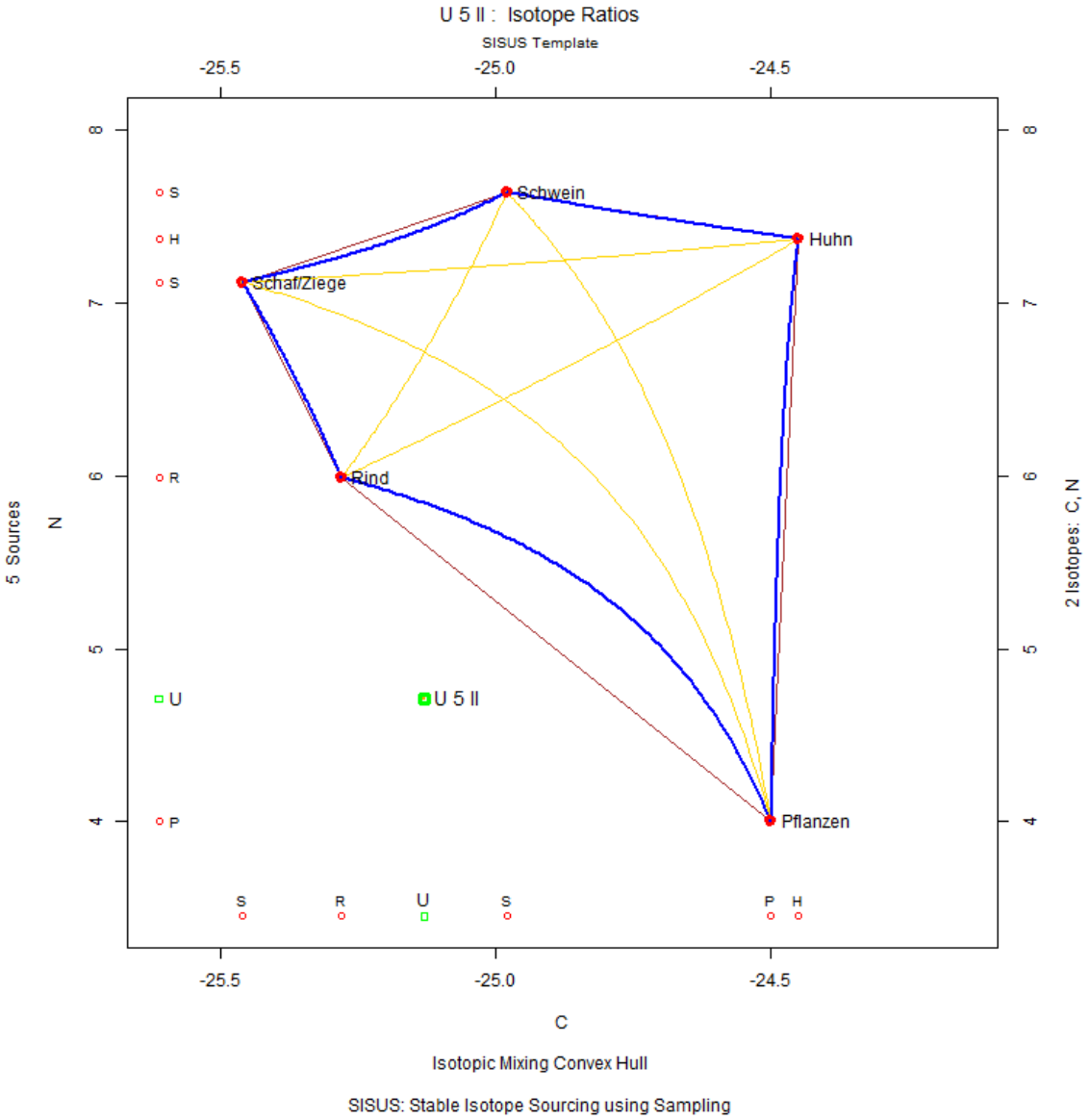


Abbildung 1982: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 5II. Erstellt mit SISUS.

U20/3

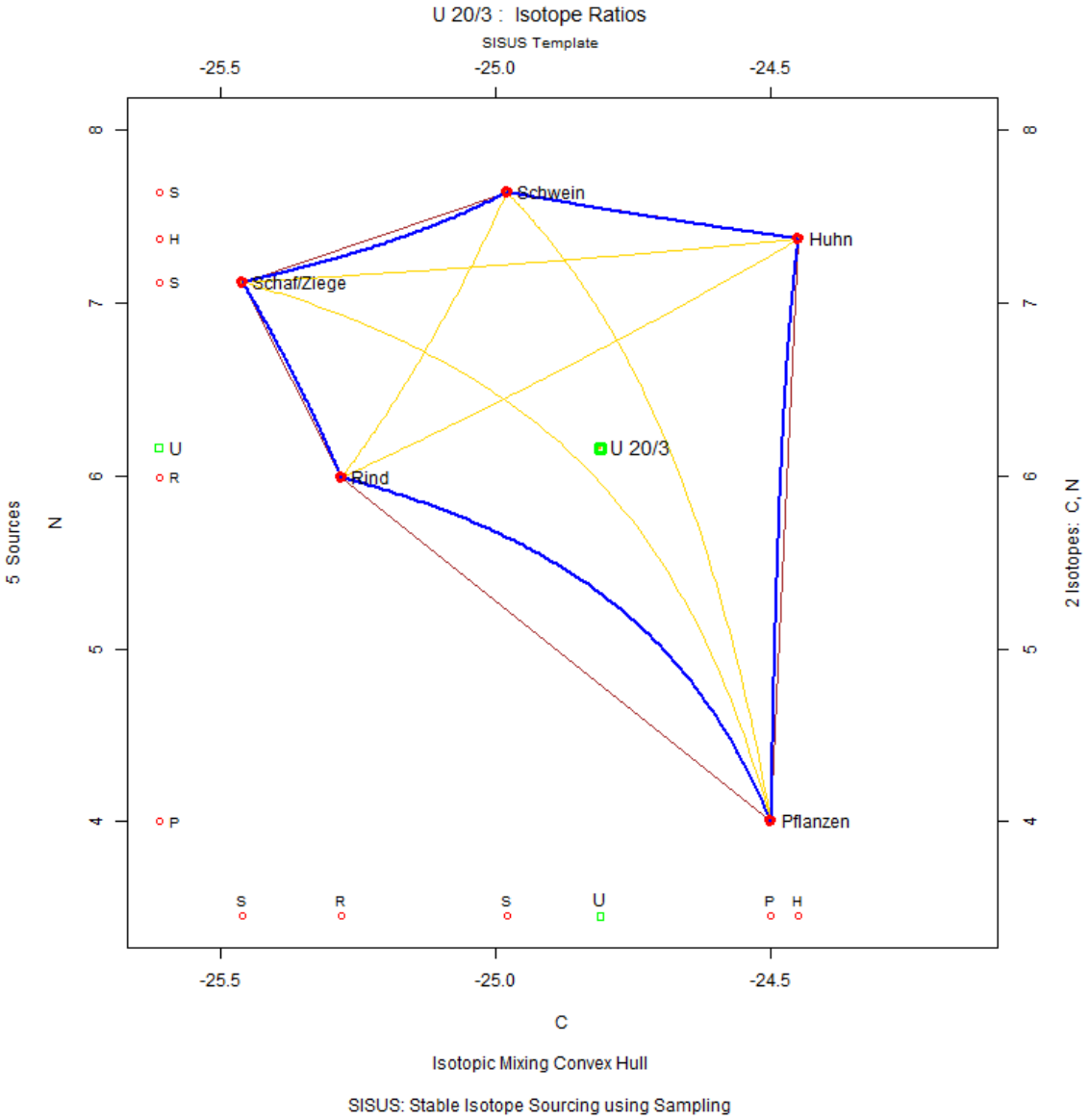


Abbildung 1983: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 20/3. Erstellt mit SISUS.

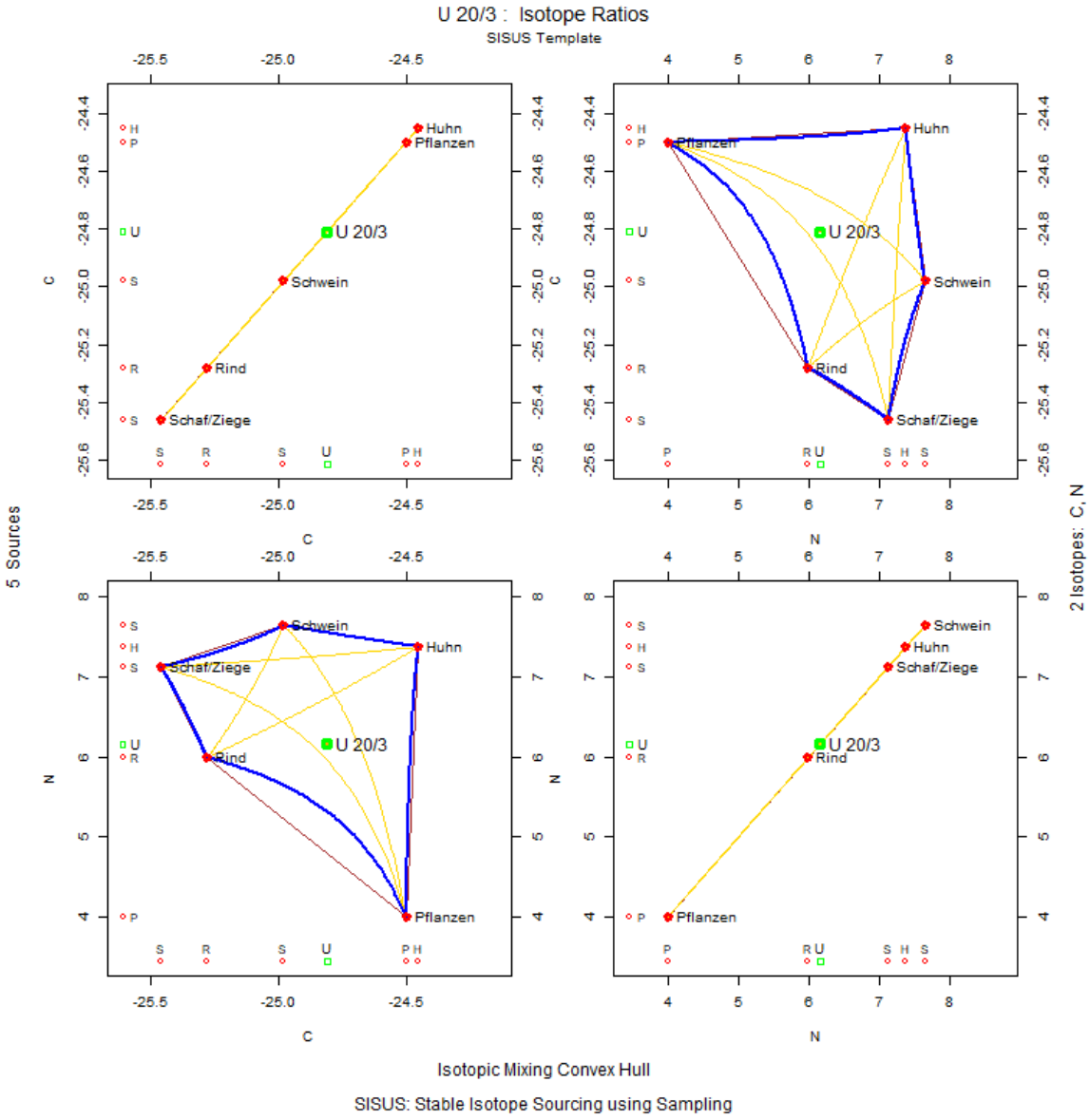


Abbildung 1984: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 20/3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

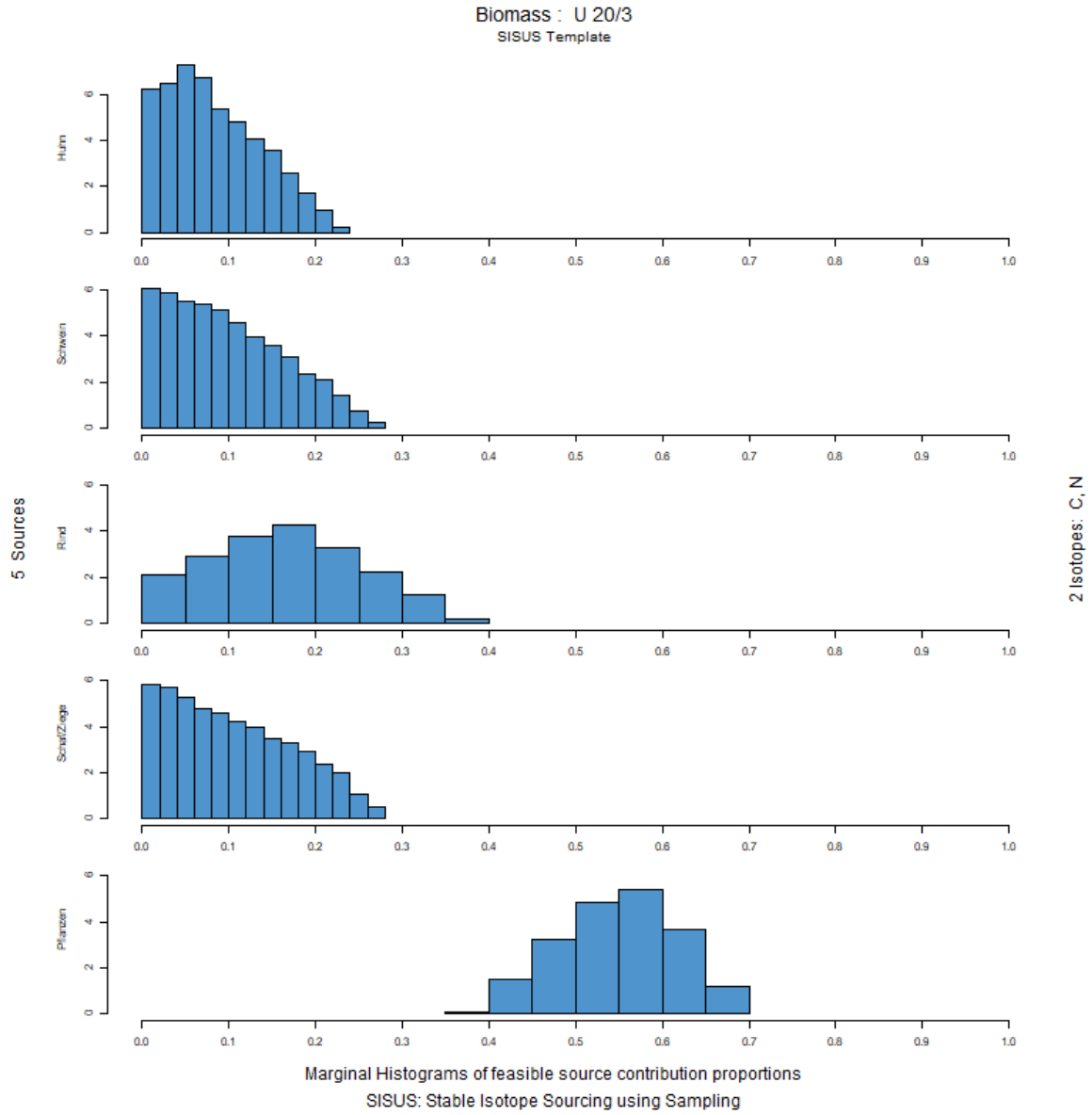


Abbildung 1985: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 20/3. Erstellt mit SISUS.

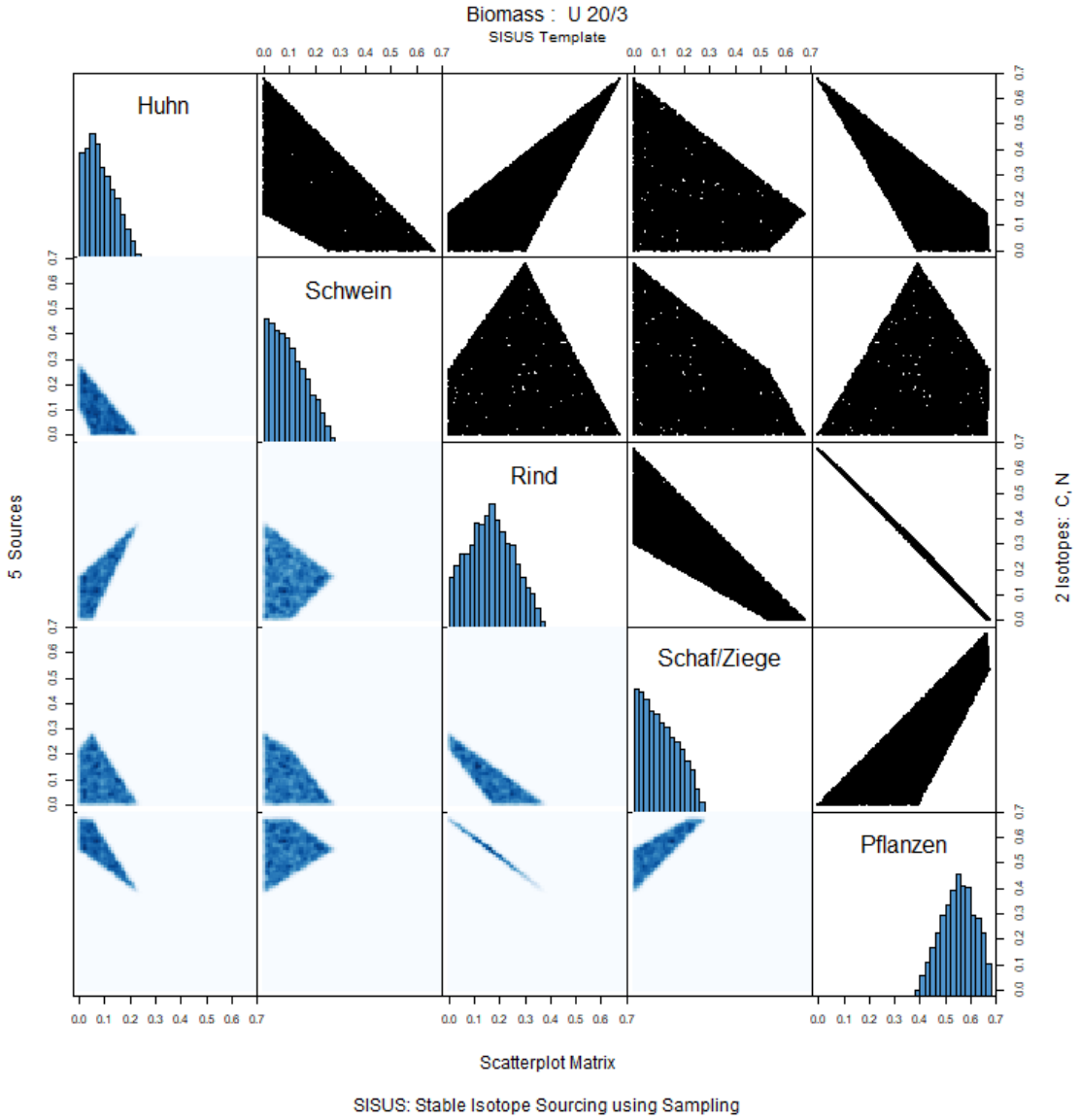


Abbildung 1986: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 20/3. Erstellt mit SISUS.

U23

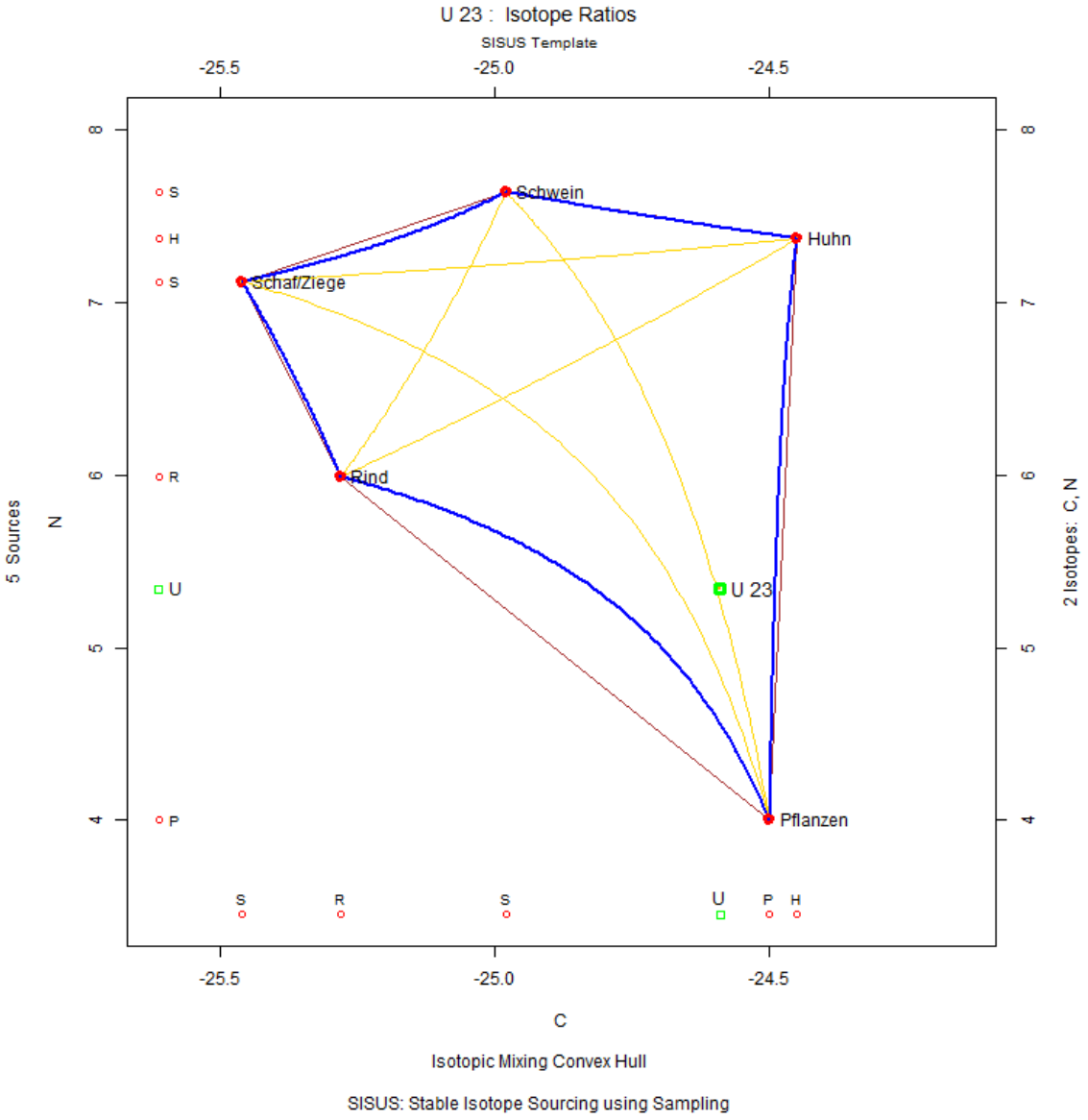


Abbildung 1987: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 23. Erstellt mit SISUS.

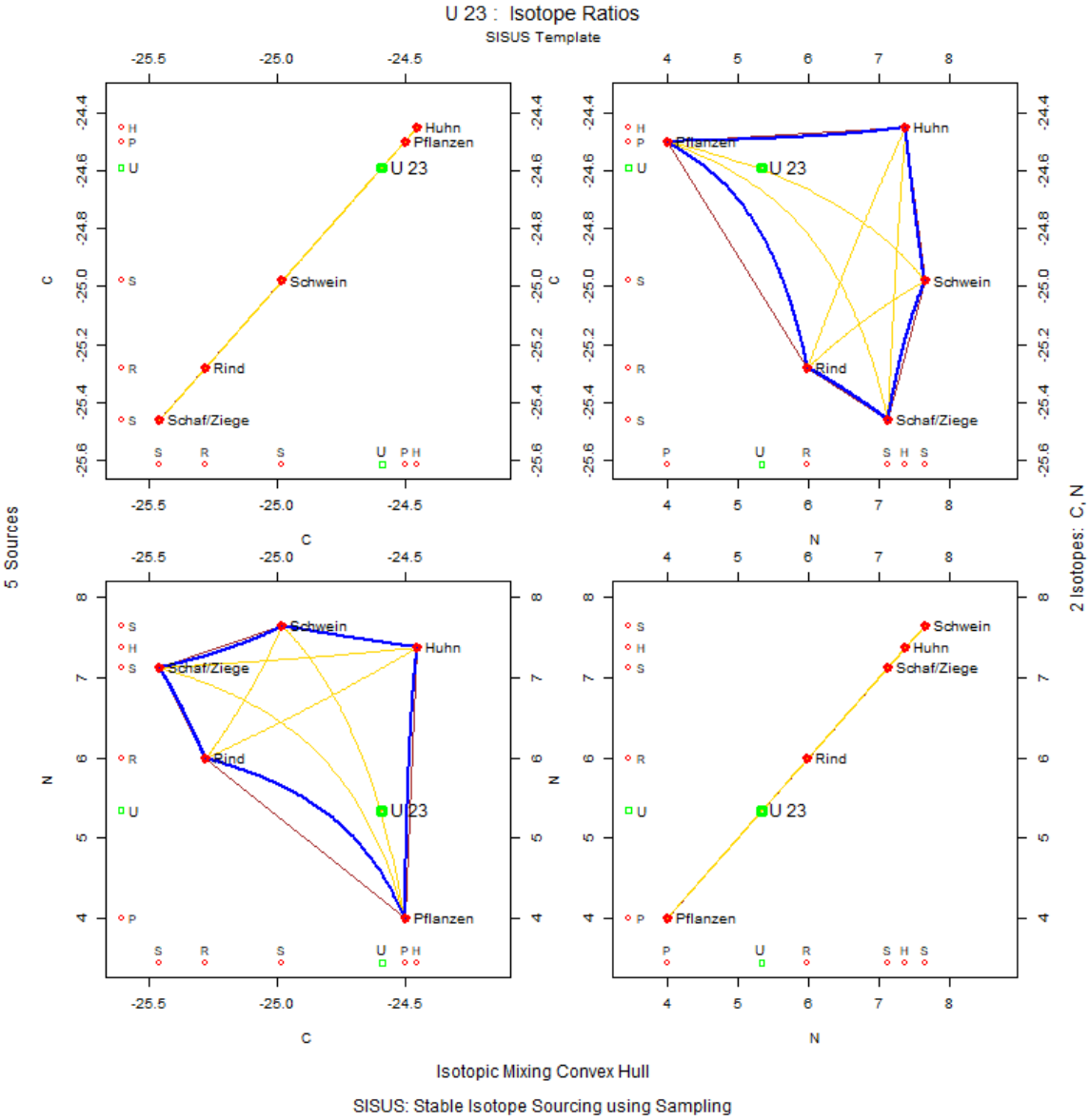


Abbildung 1988: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 23 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

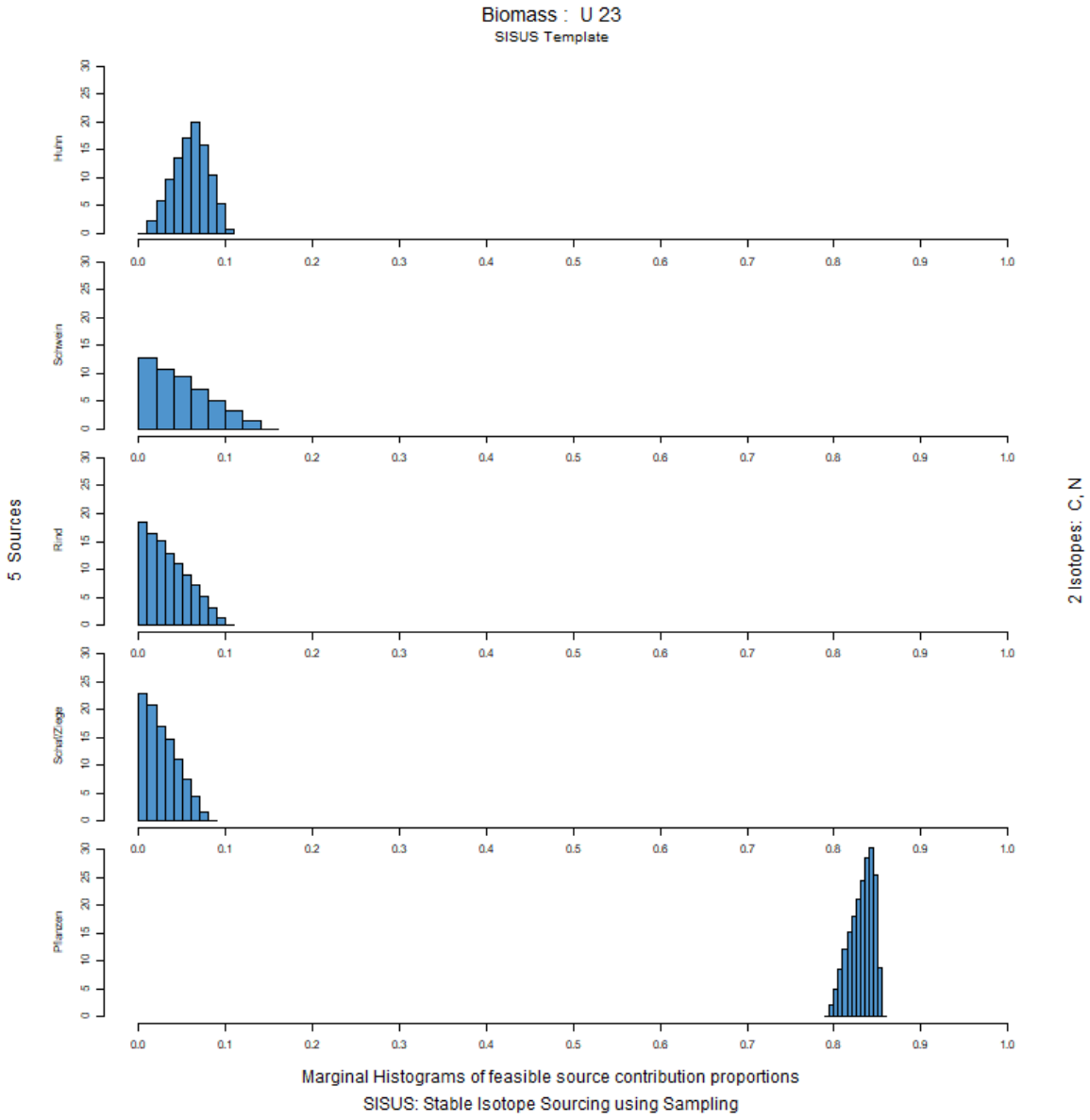


Abbildung 1989: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 23. Erstellt mit SISUS.

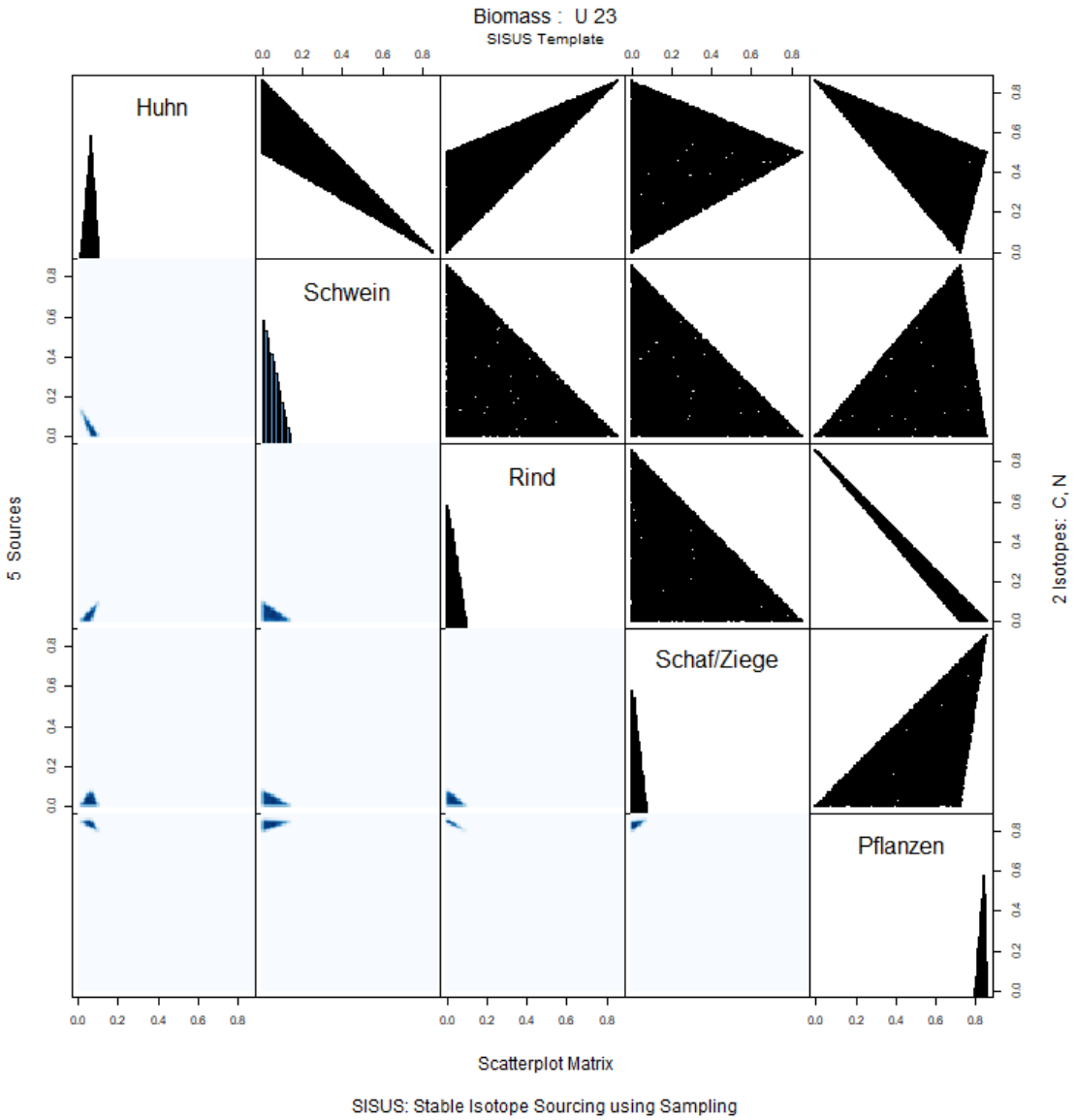


Abbildung 1990: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 23. Erstellt mit SISUS.

U35 II

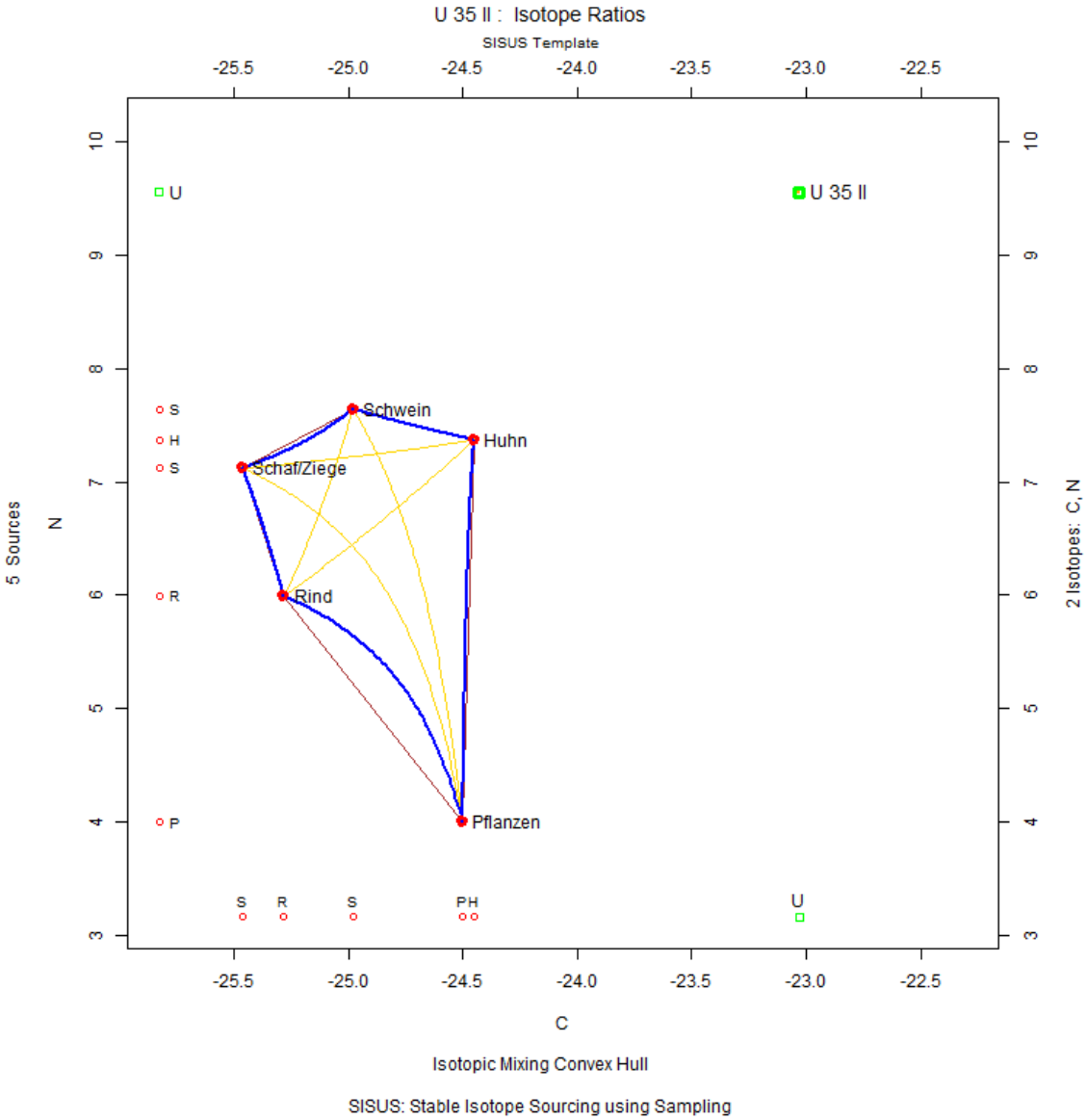


Abbildung 1991: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 35II. Erstellt mit SISUS.

U45

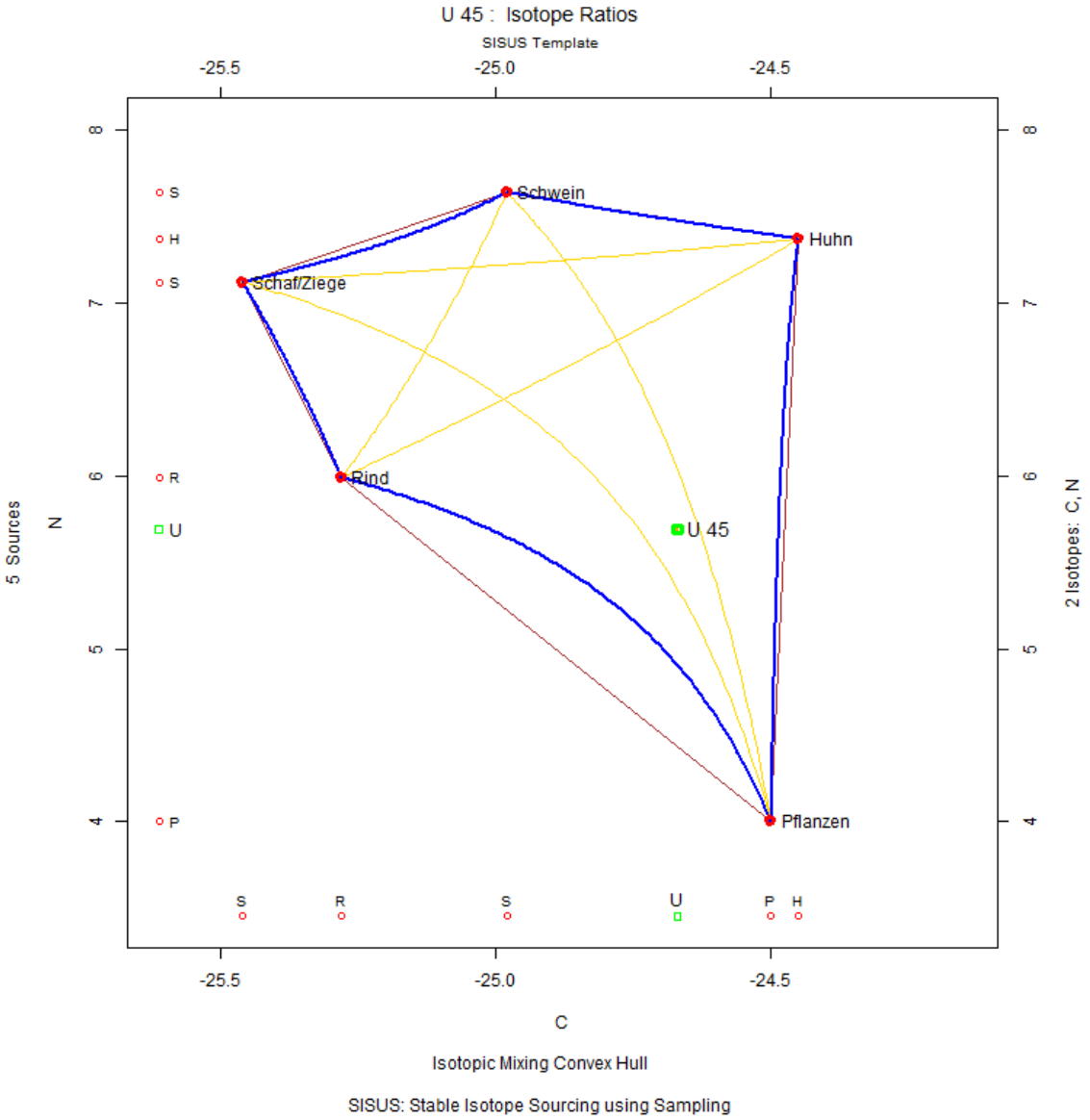


Abbildung 1992: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 45. Erstellt mit SISUS.

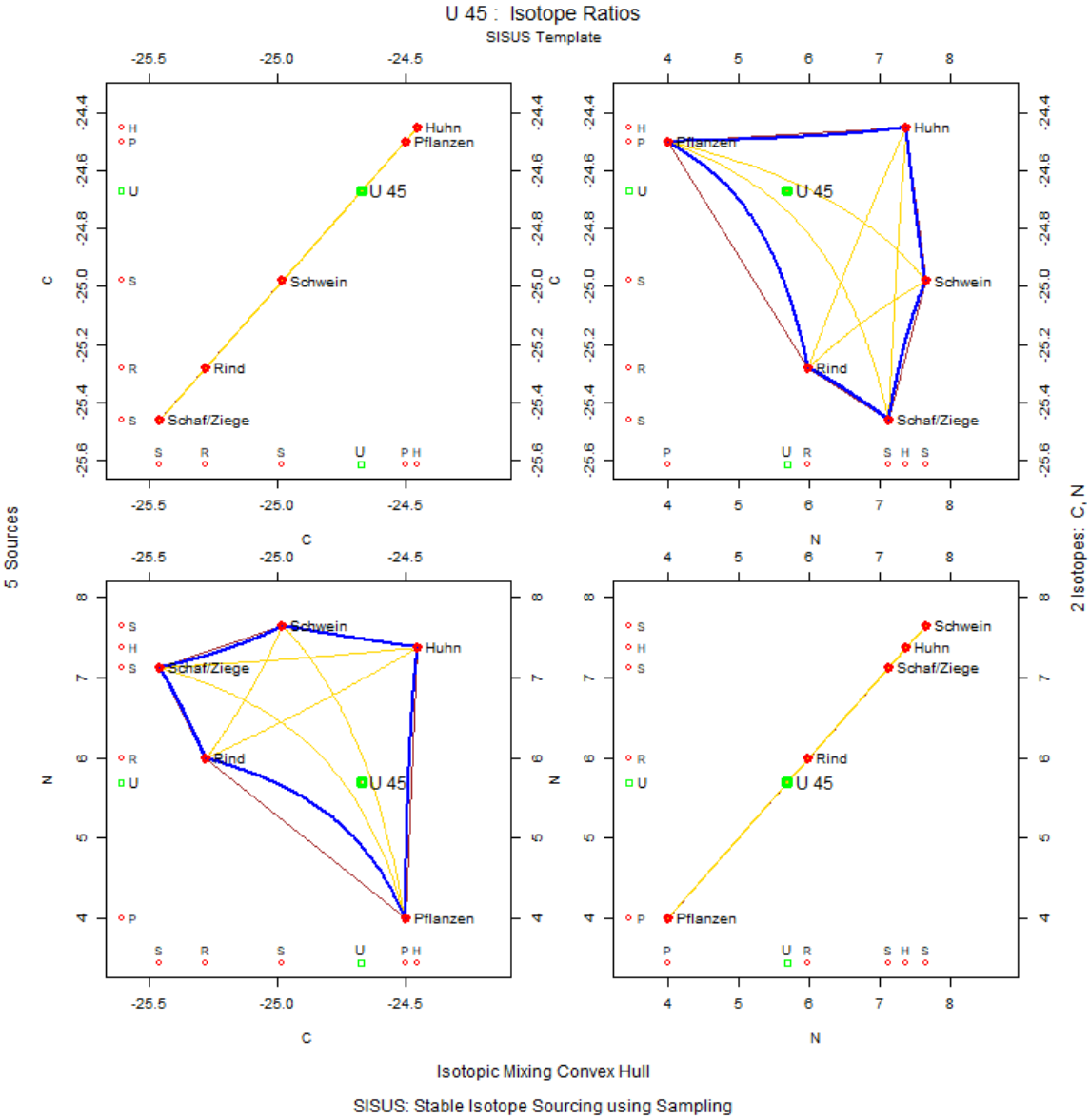


Abbildung 1993: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 45 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

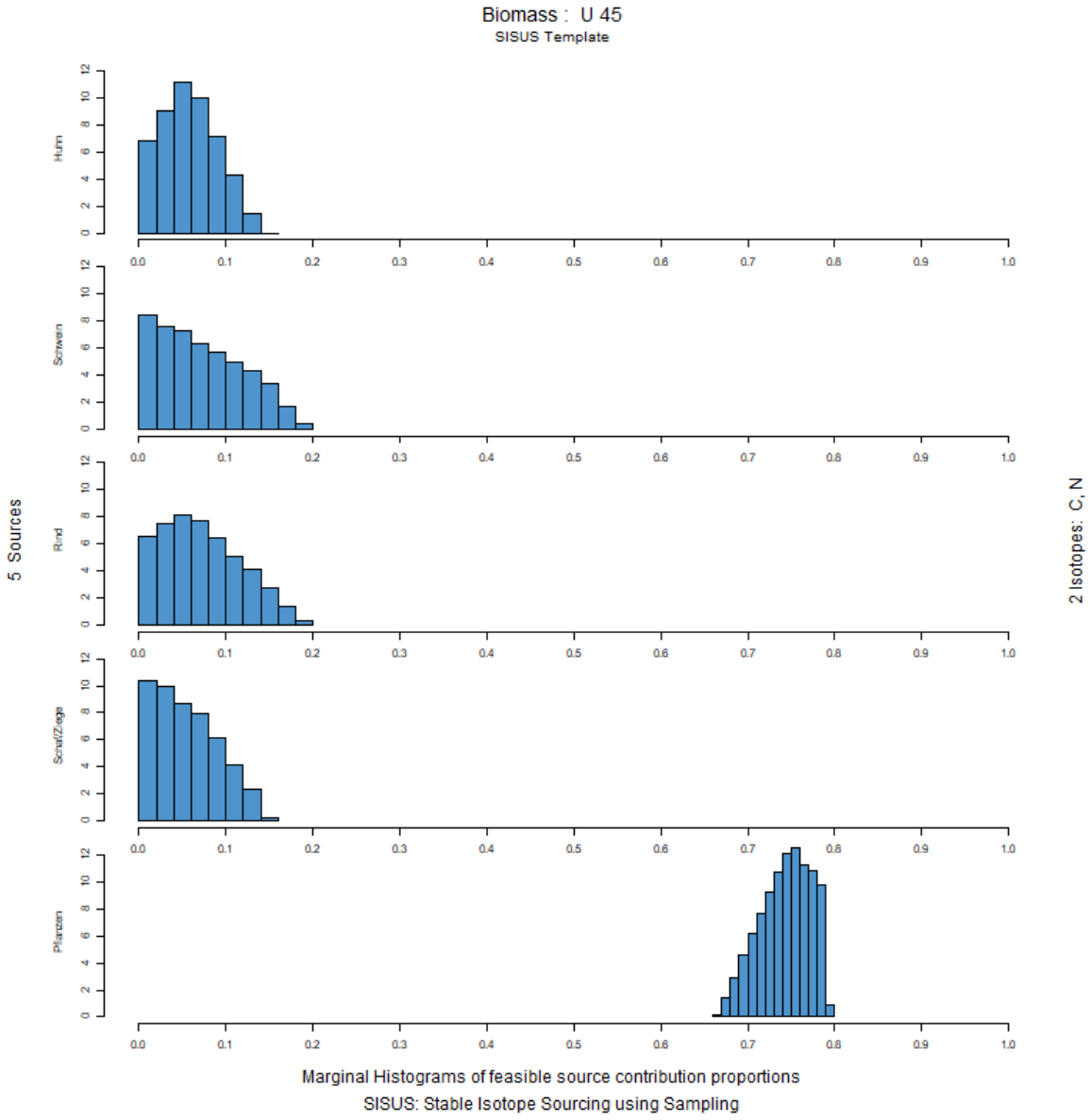


Abbildung 1994: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 45. Erstellt mit SISUS.

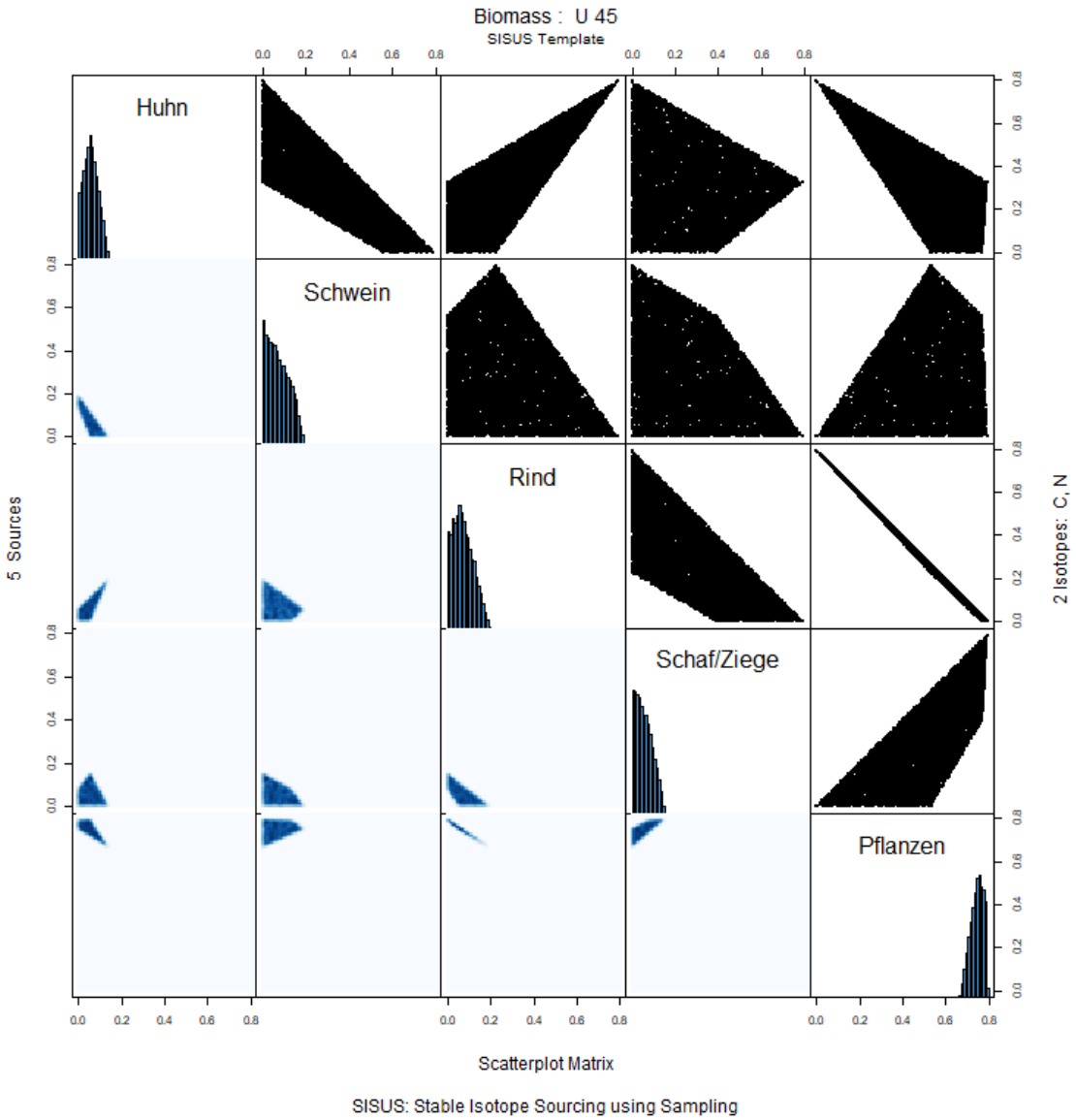


Abbildung 1995: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 45. Erstellt mit SISUS.

U46

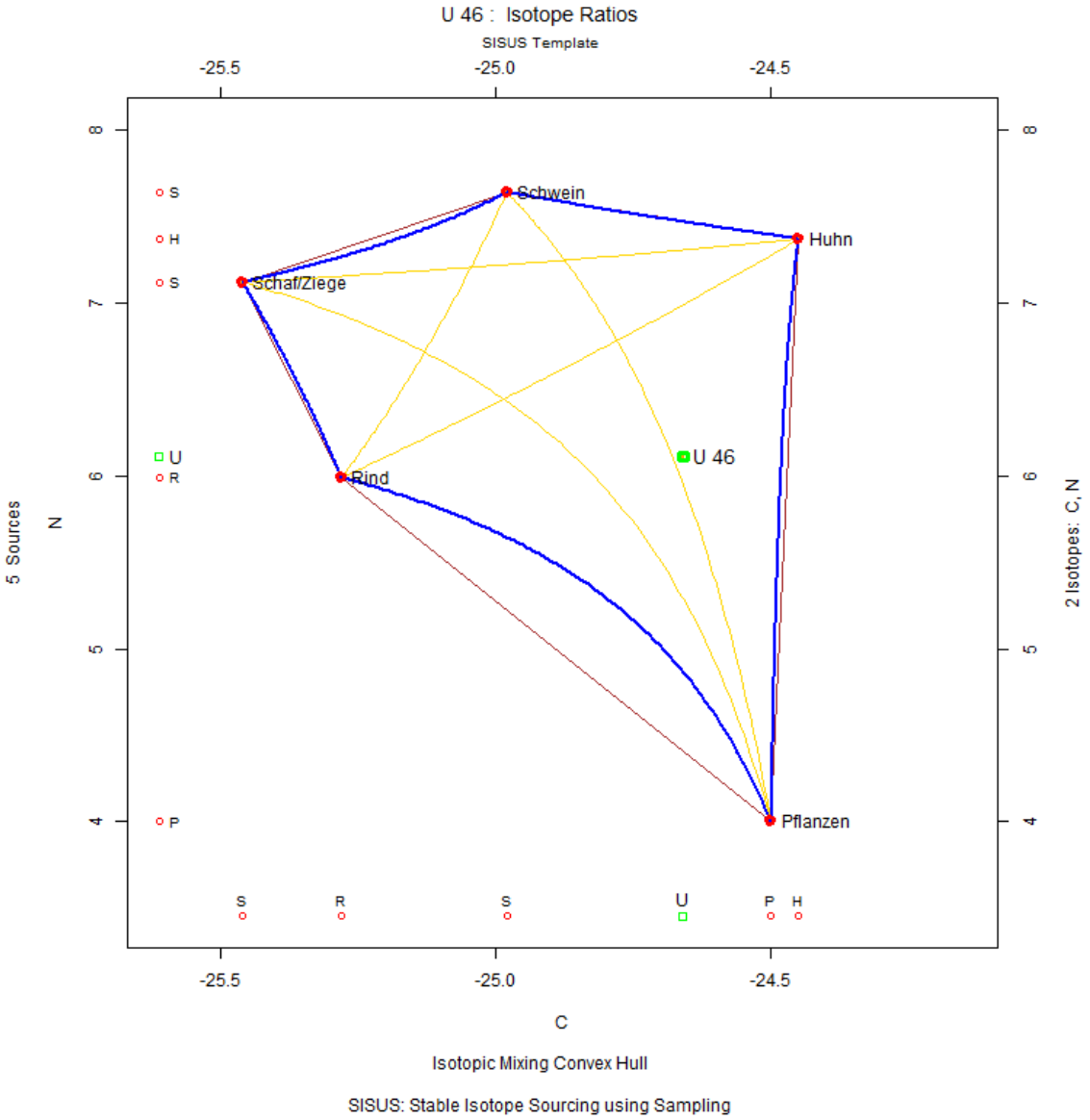


Abbildung 1996: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 46. Erstellt mit SISUS.

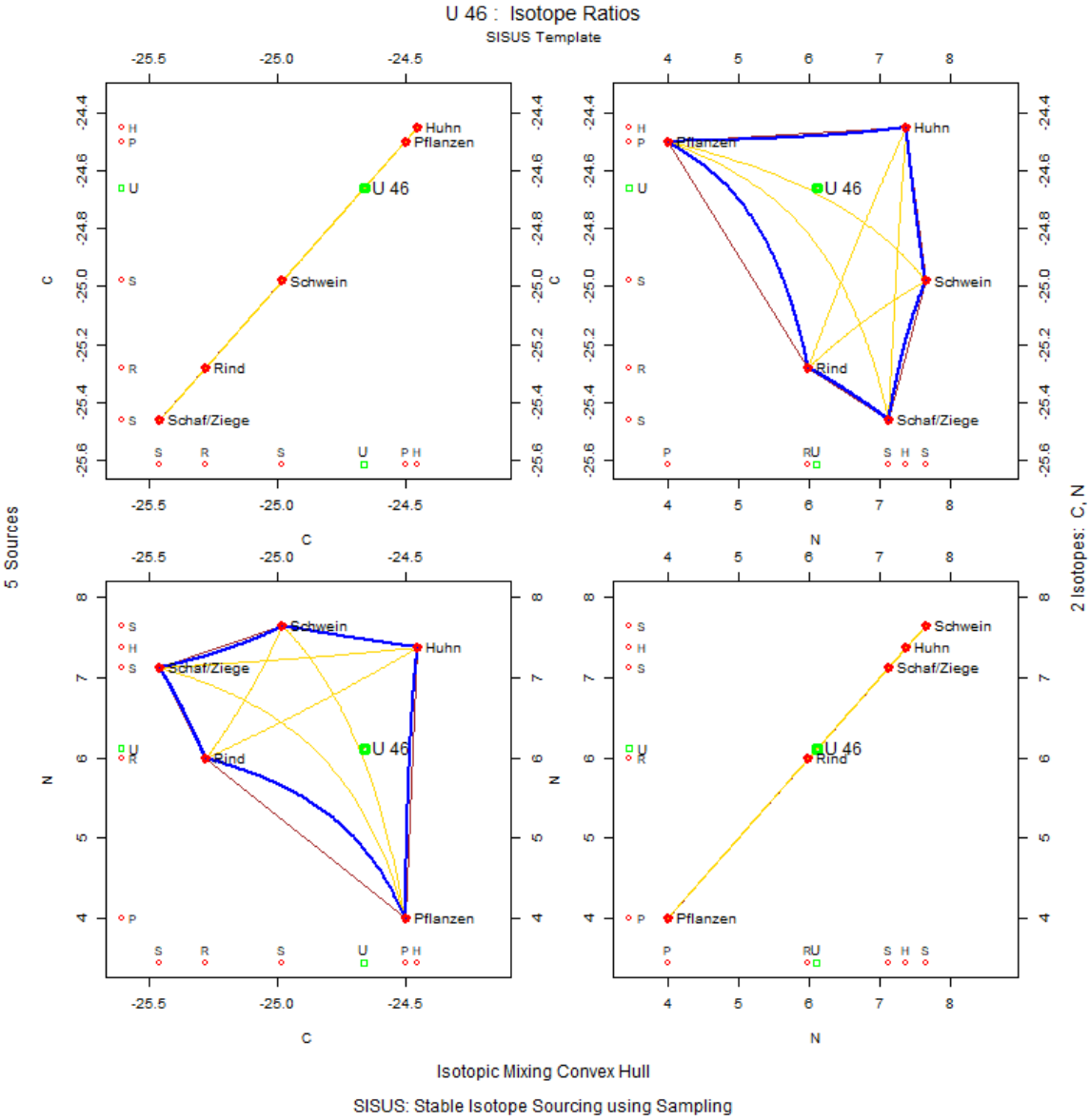


Abbildung 1997: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 46 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

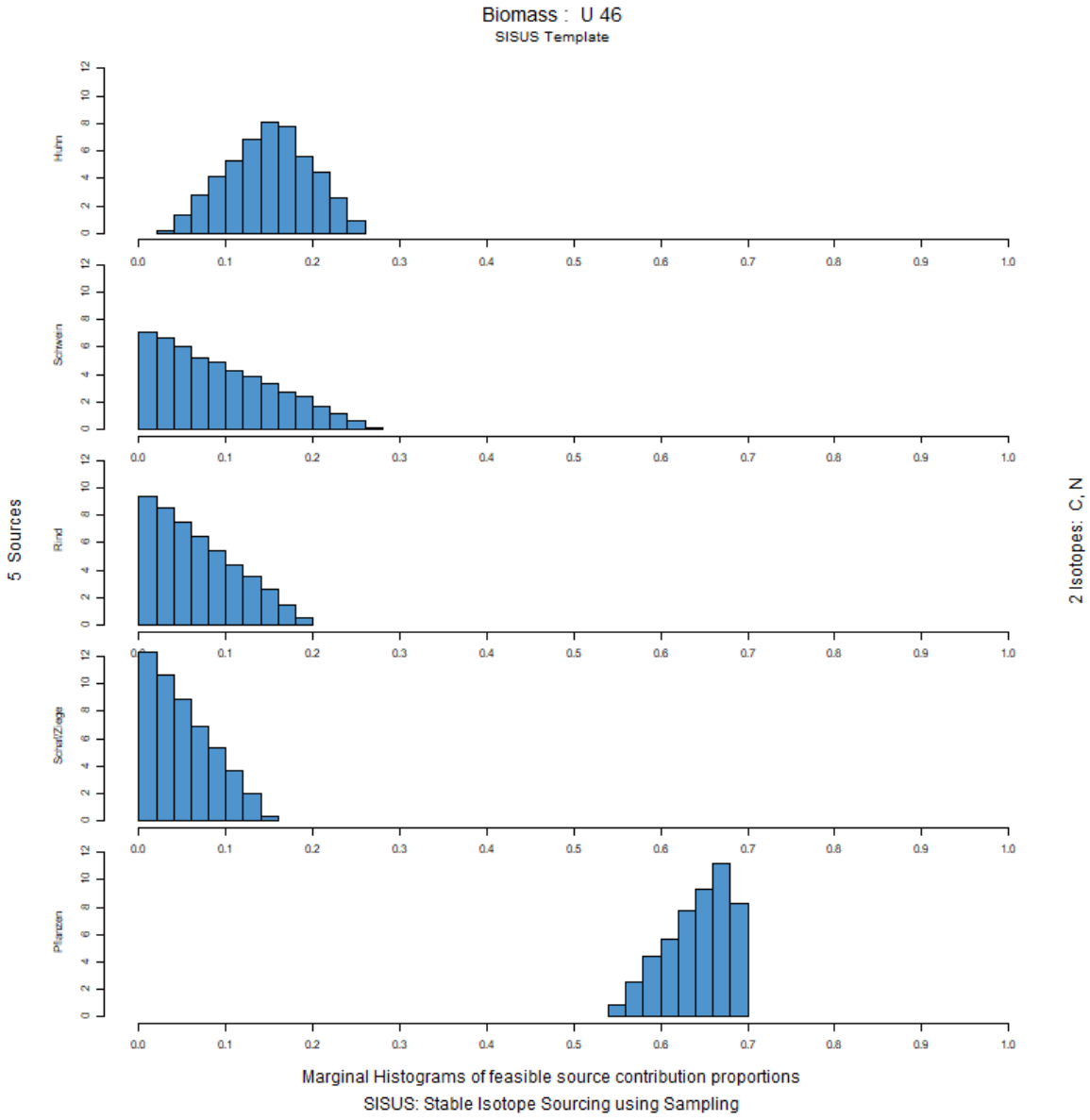


Abbildung 1998: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 46. Erstellt mit SISUS.

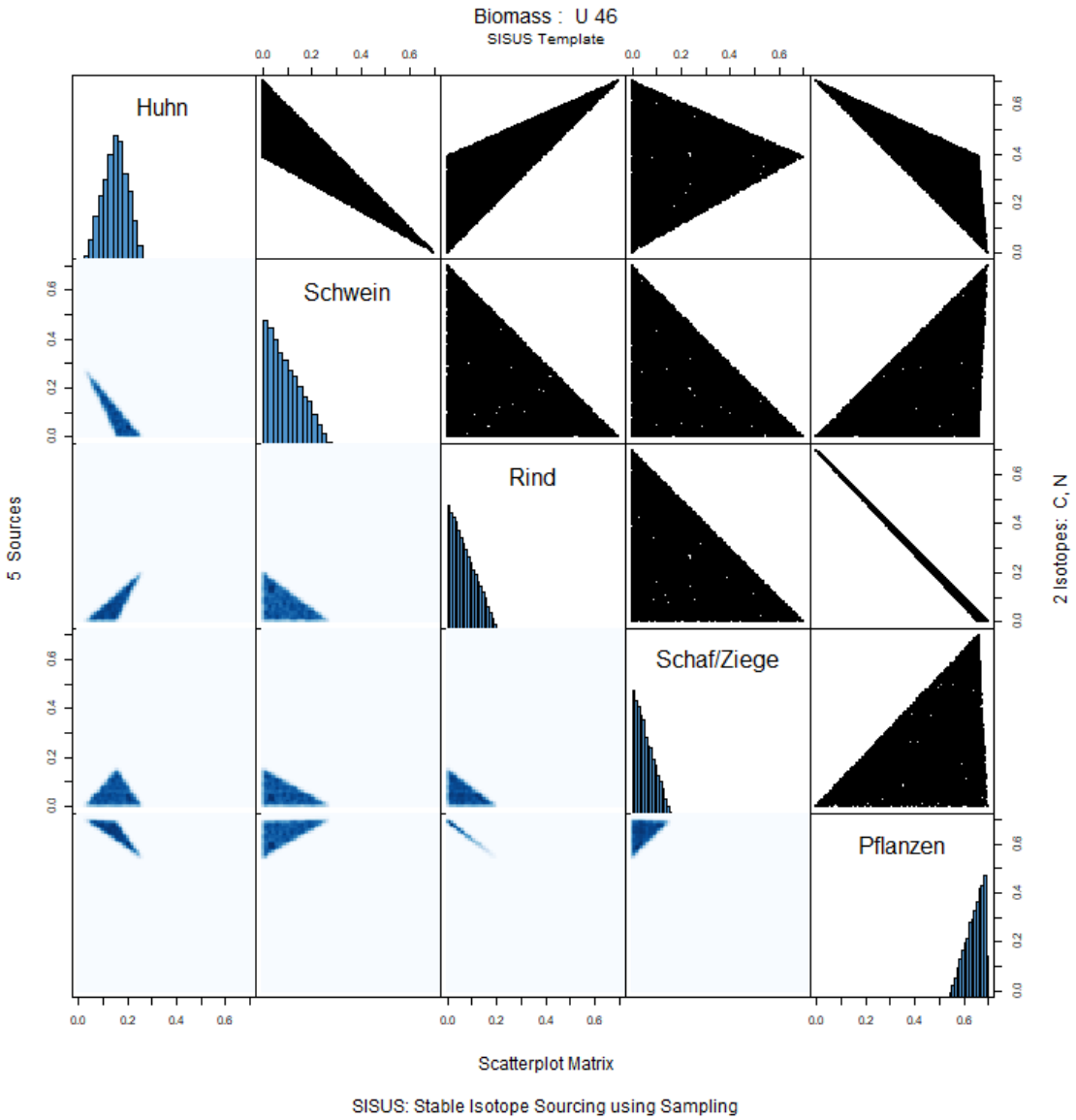


Abbildung 1999: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 46. Erstellt mit SISUS.

U54

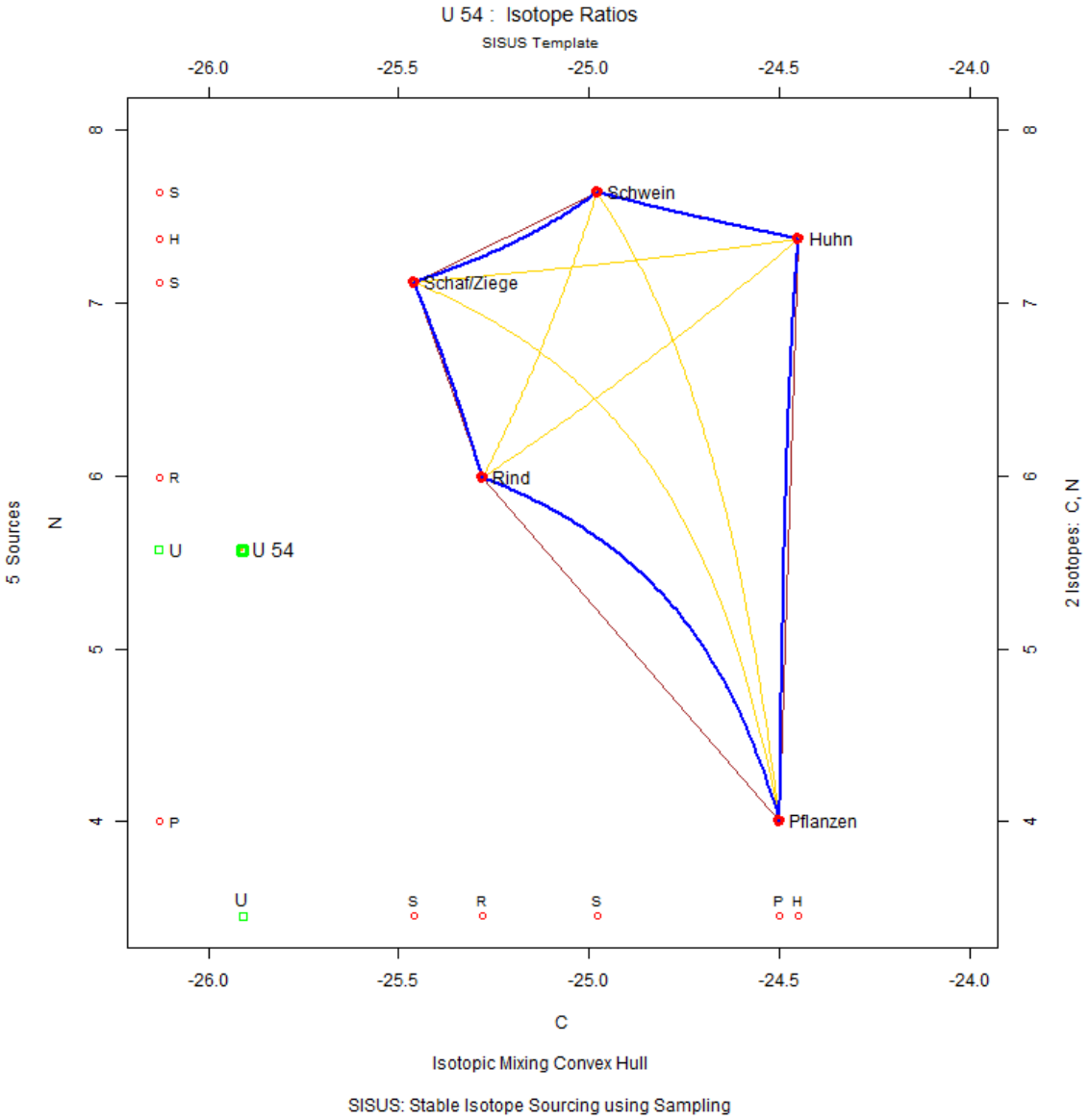


Abbildung 2000: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 54. Erstellt mit SISUS.

U57 II

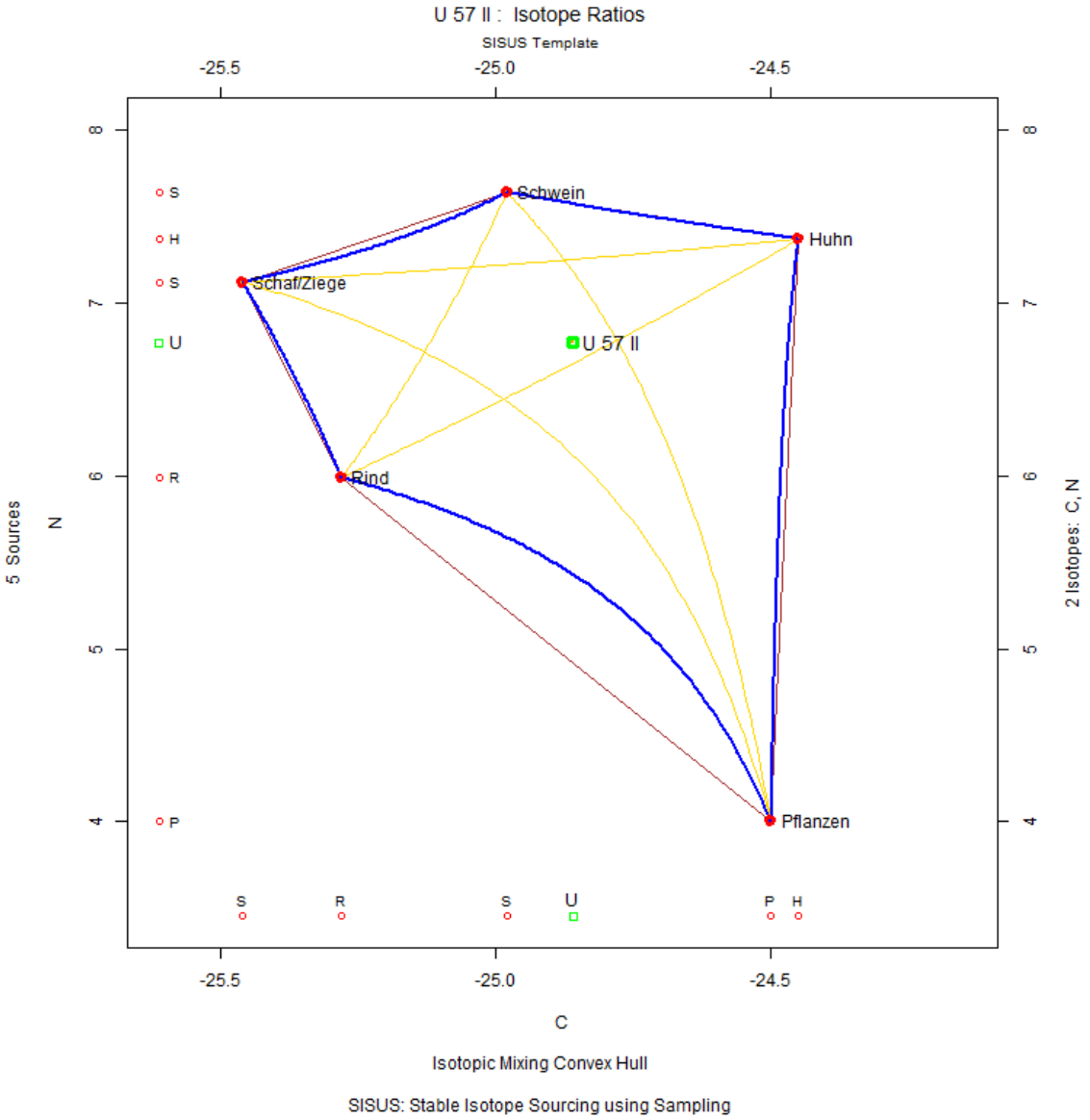


Abbildung 2001: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 57II. Erstellt mit SISUS.

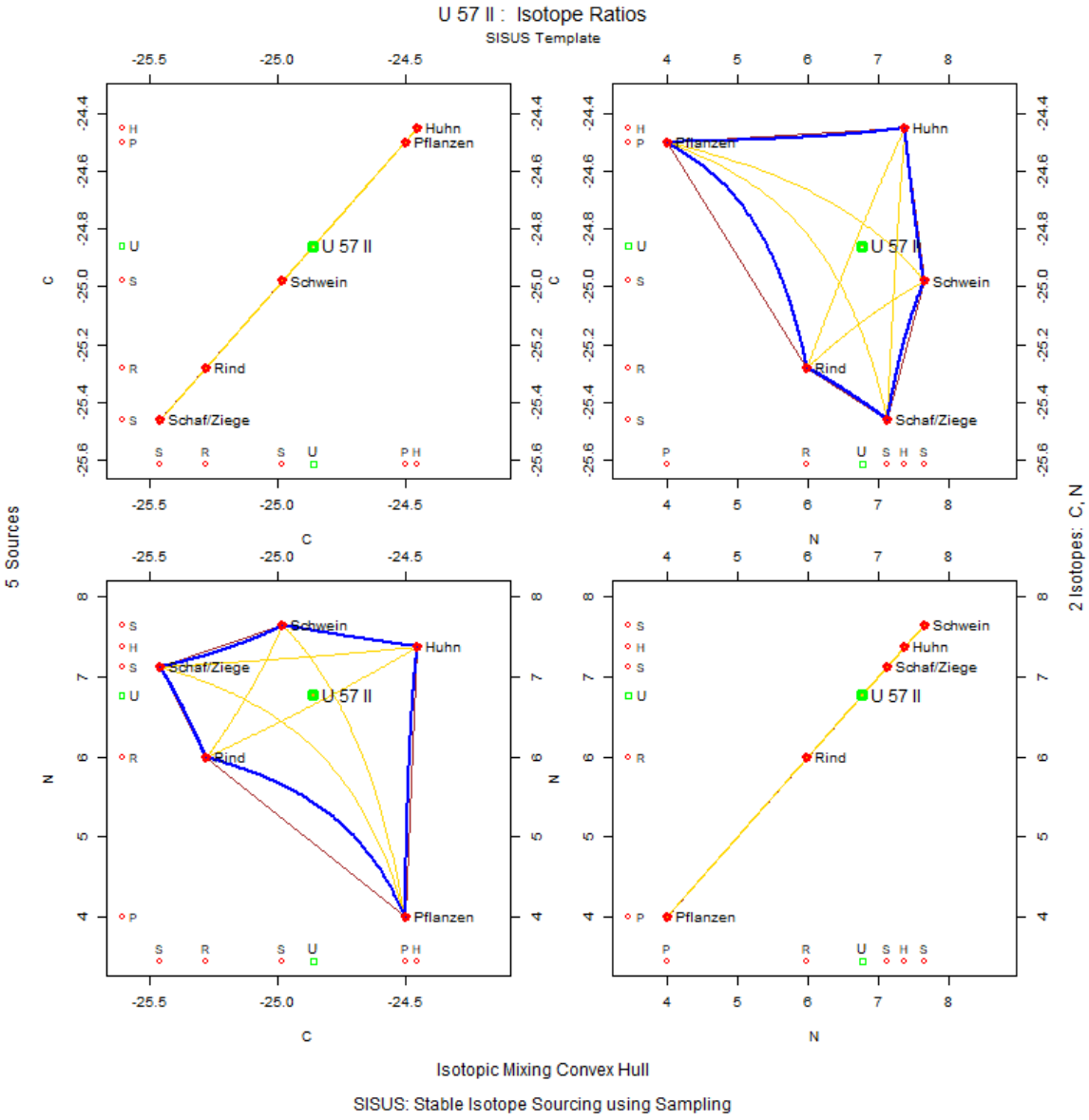


Abbildung 2002: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 57II in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

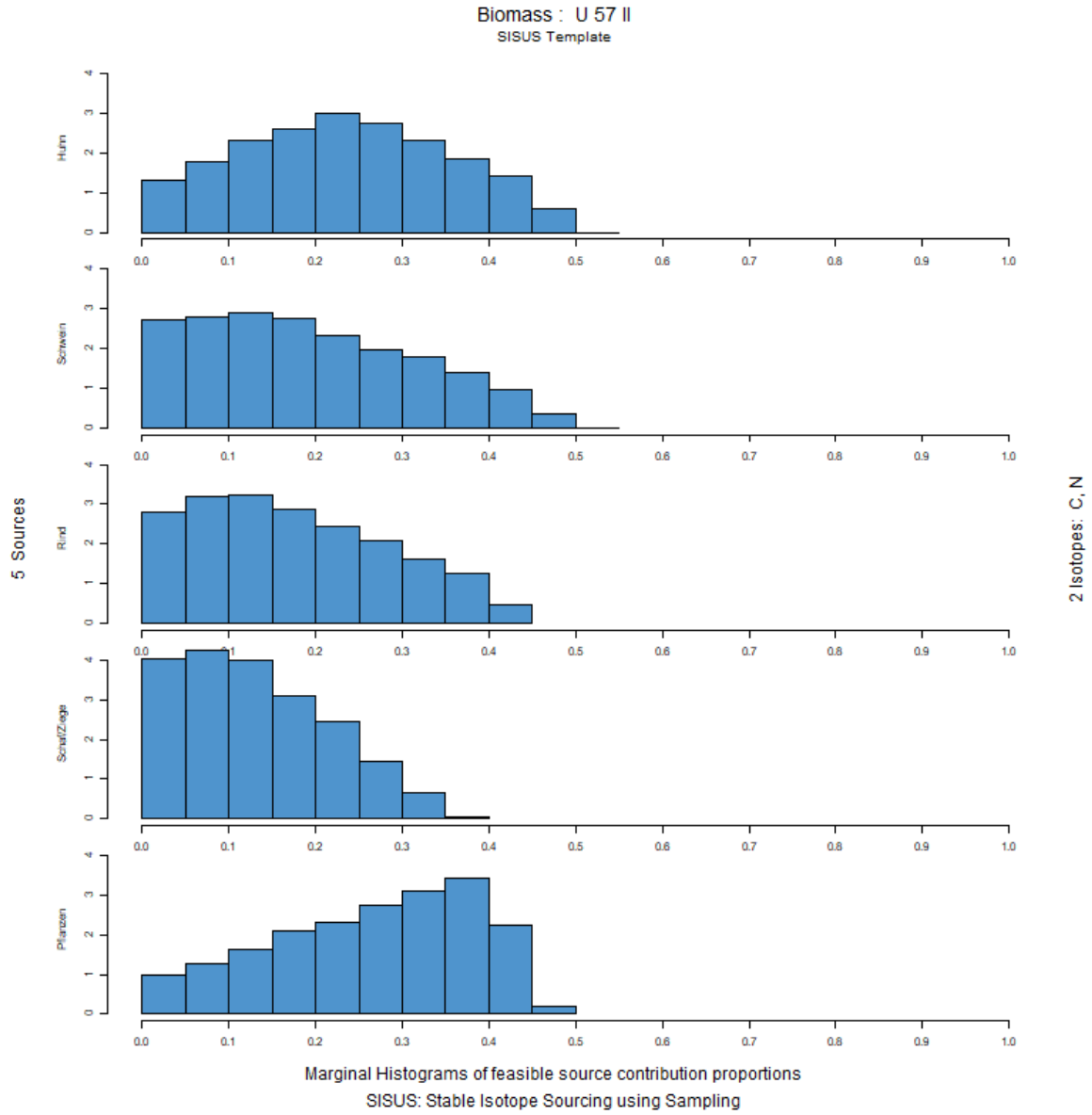


Abbildung 2003: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 57II. Erstellt mit SISUS.

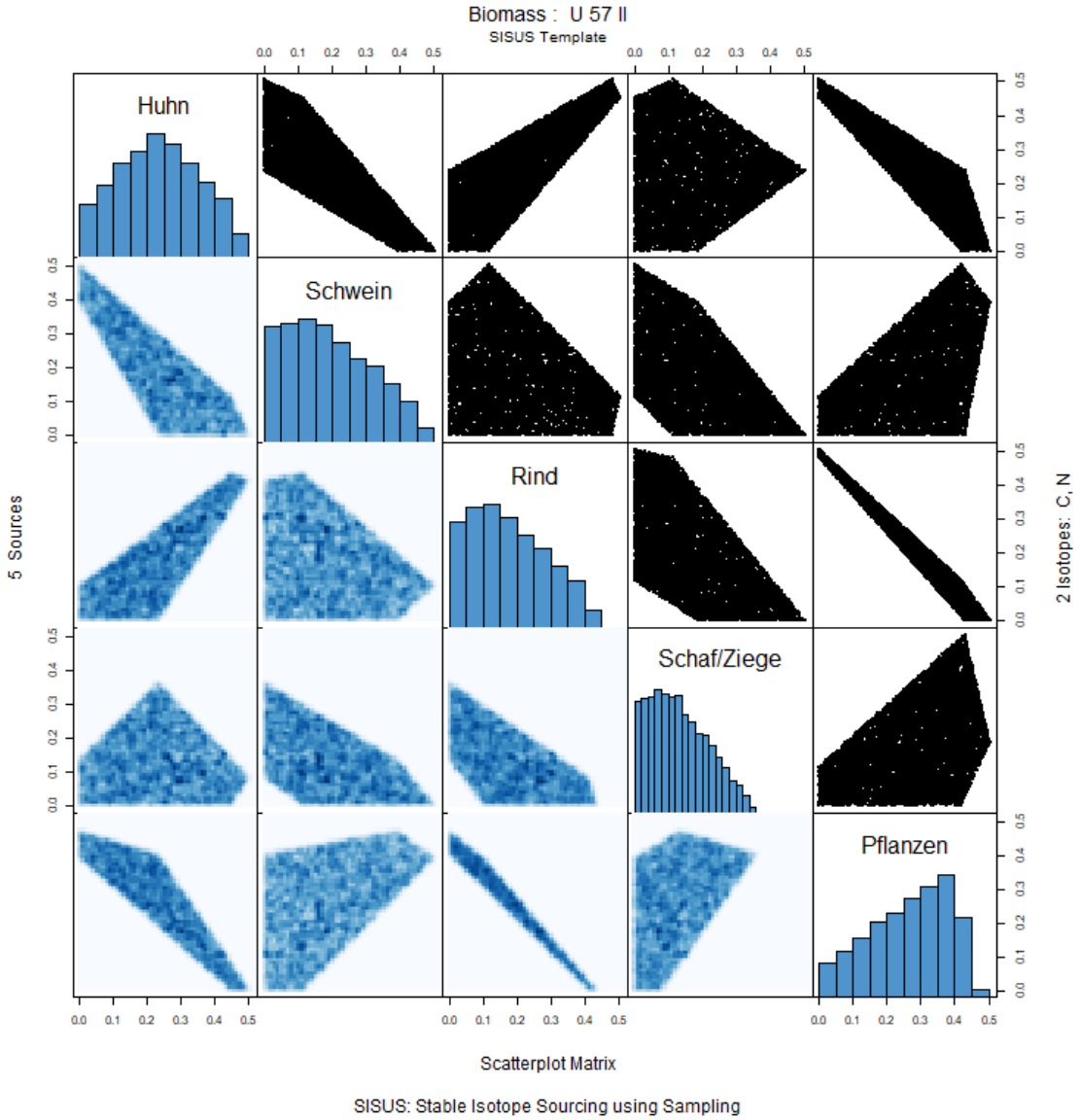


Abbildung 2004: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 57II. Erstellt mit SISUS.

U70

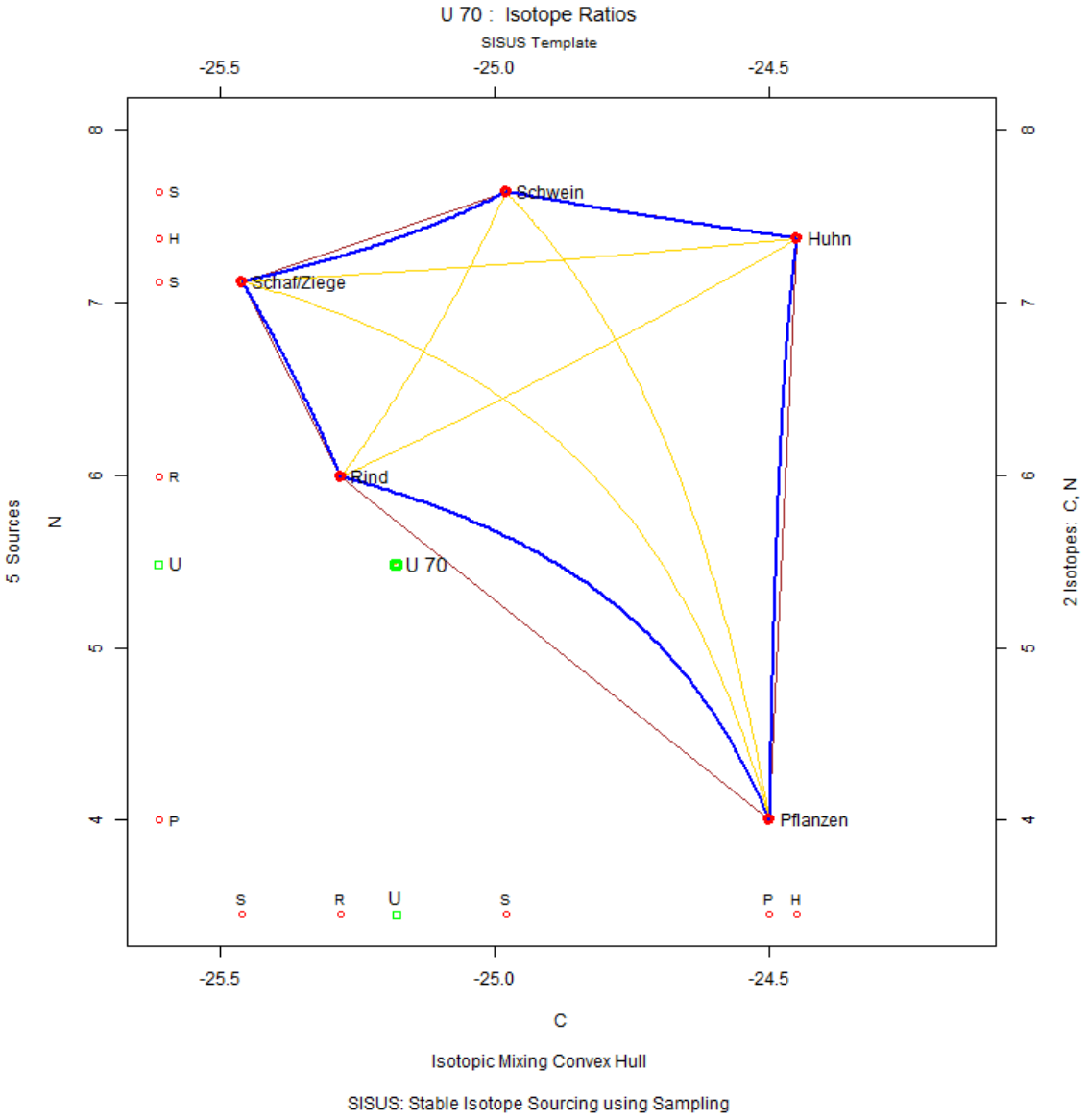


Abbildung 2005: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 70. Erstellt mit SISUS.

U72

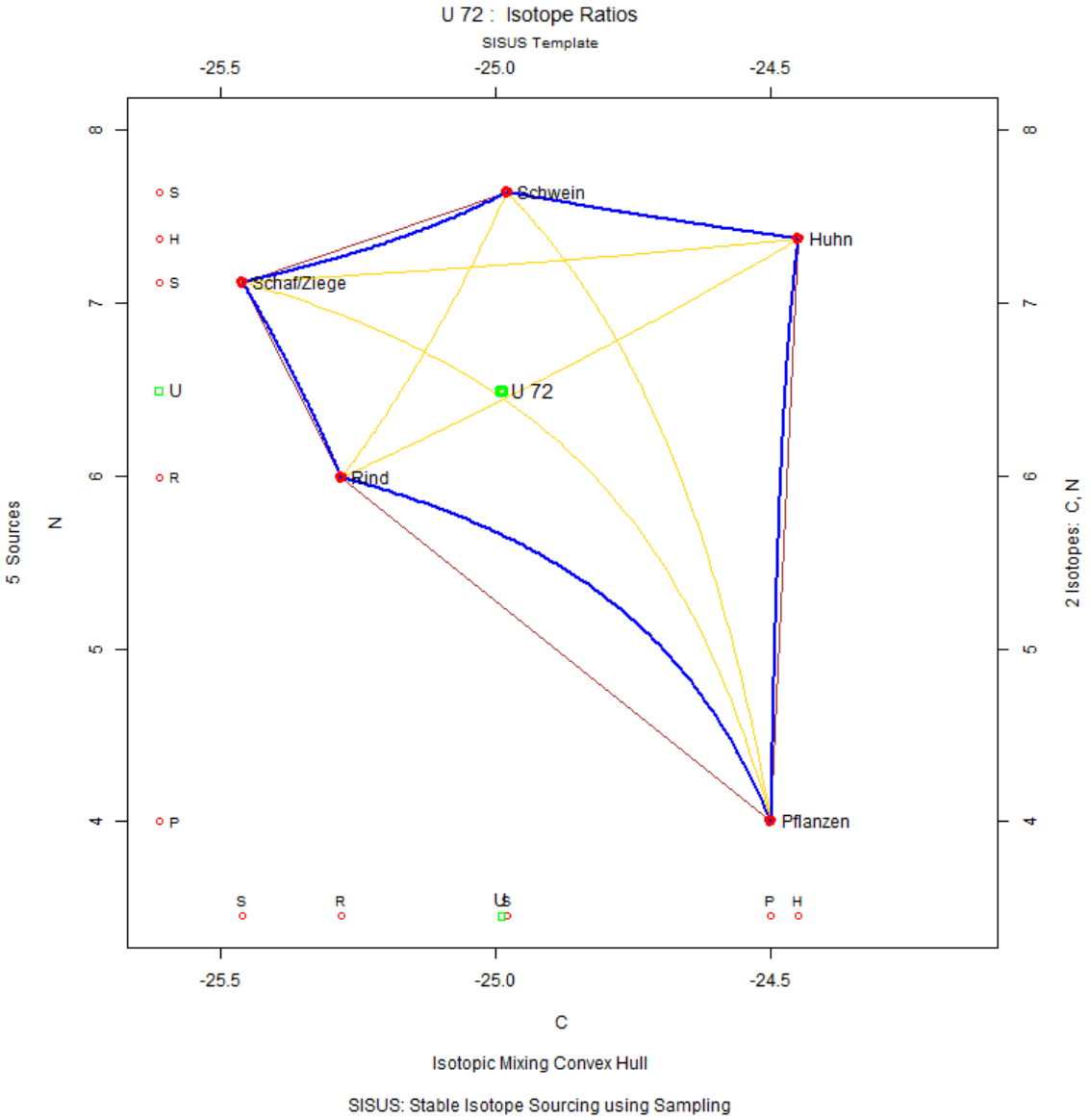


Abbildung 2006: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 72. Erstellt mit SISUS.

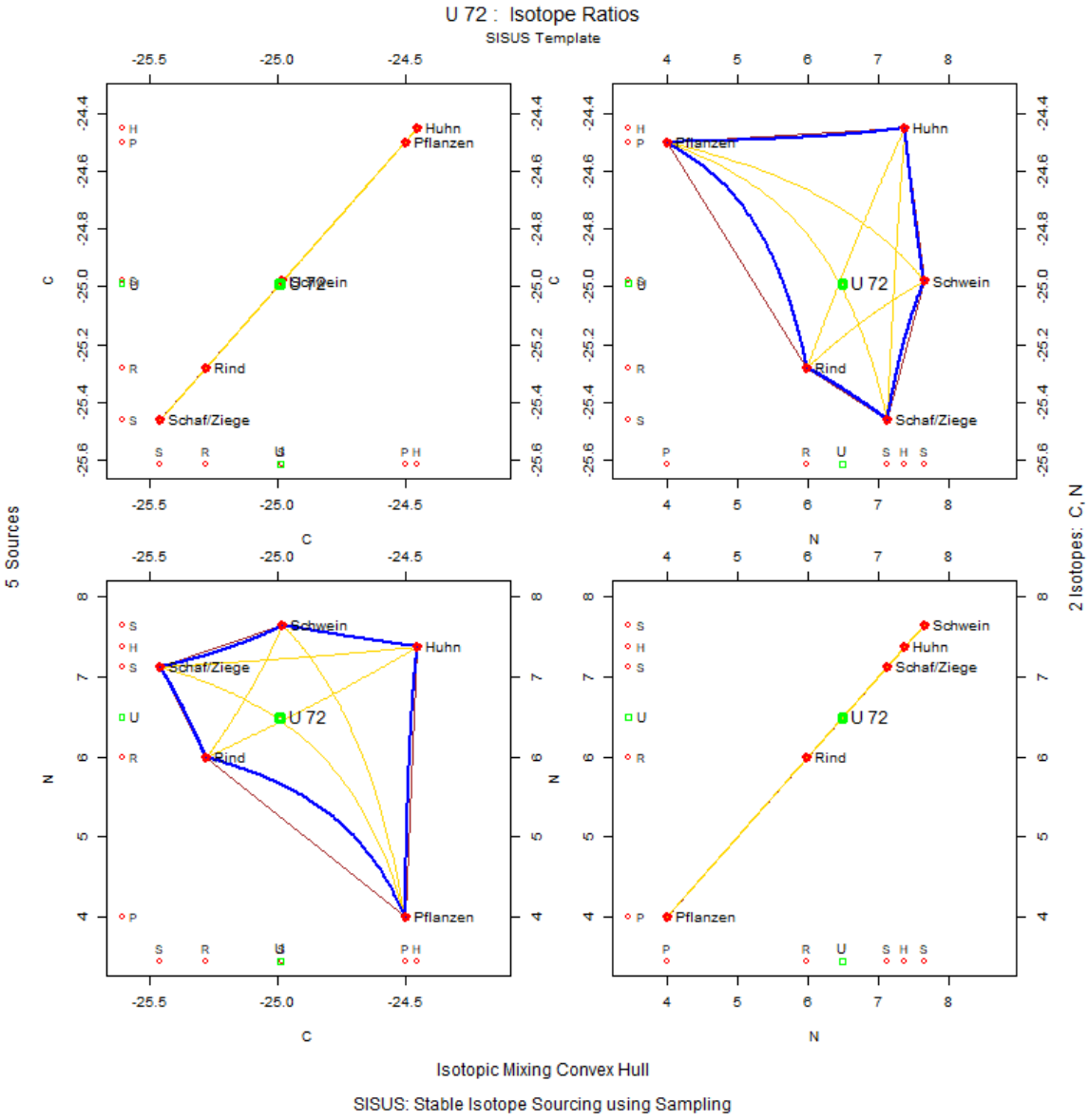


Abbildung 2007: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 72 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

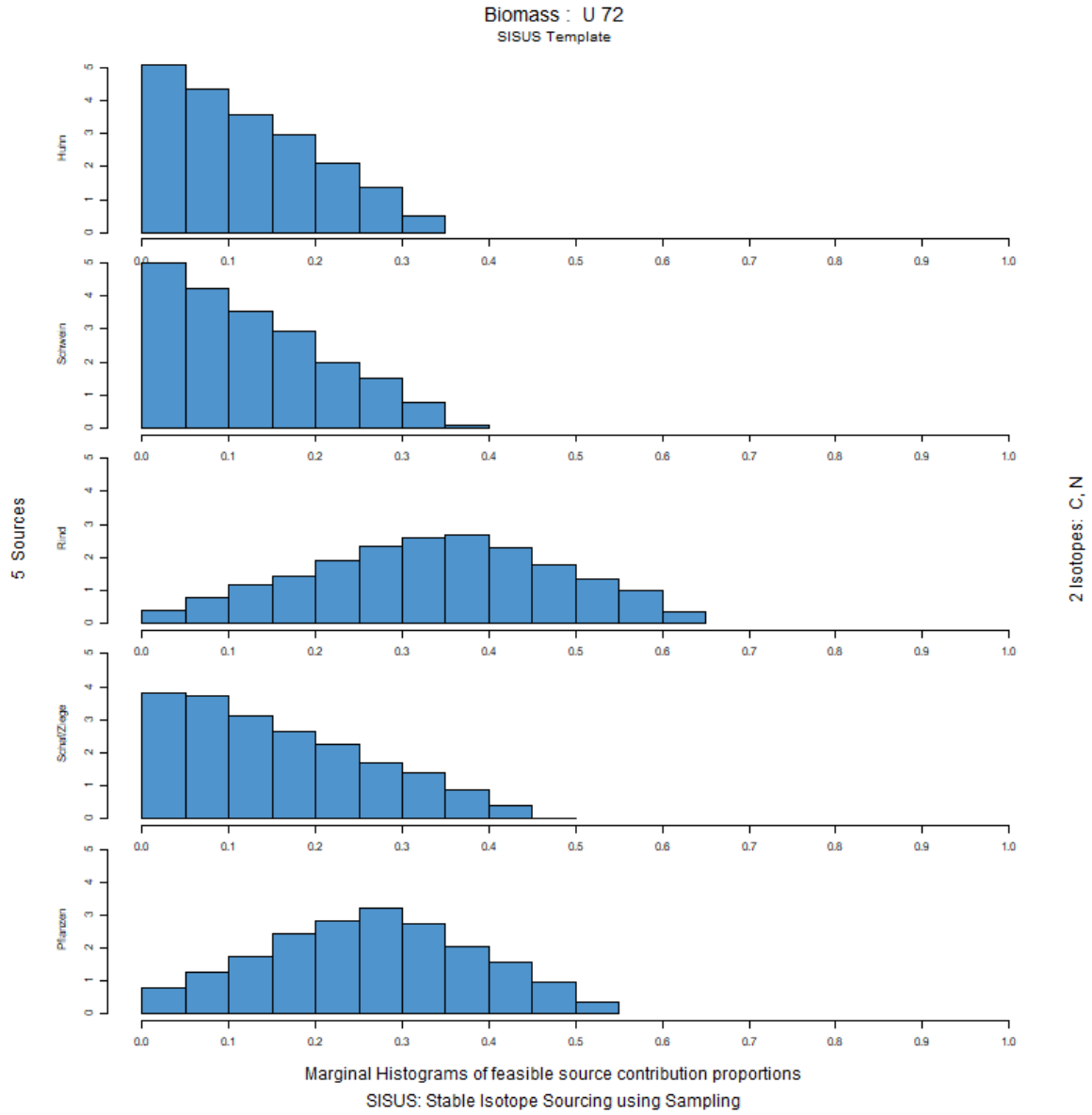


Abbildung 2008: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 72. Erstellt mit SISUS.

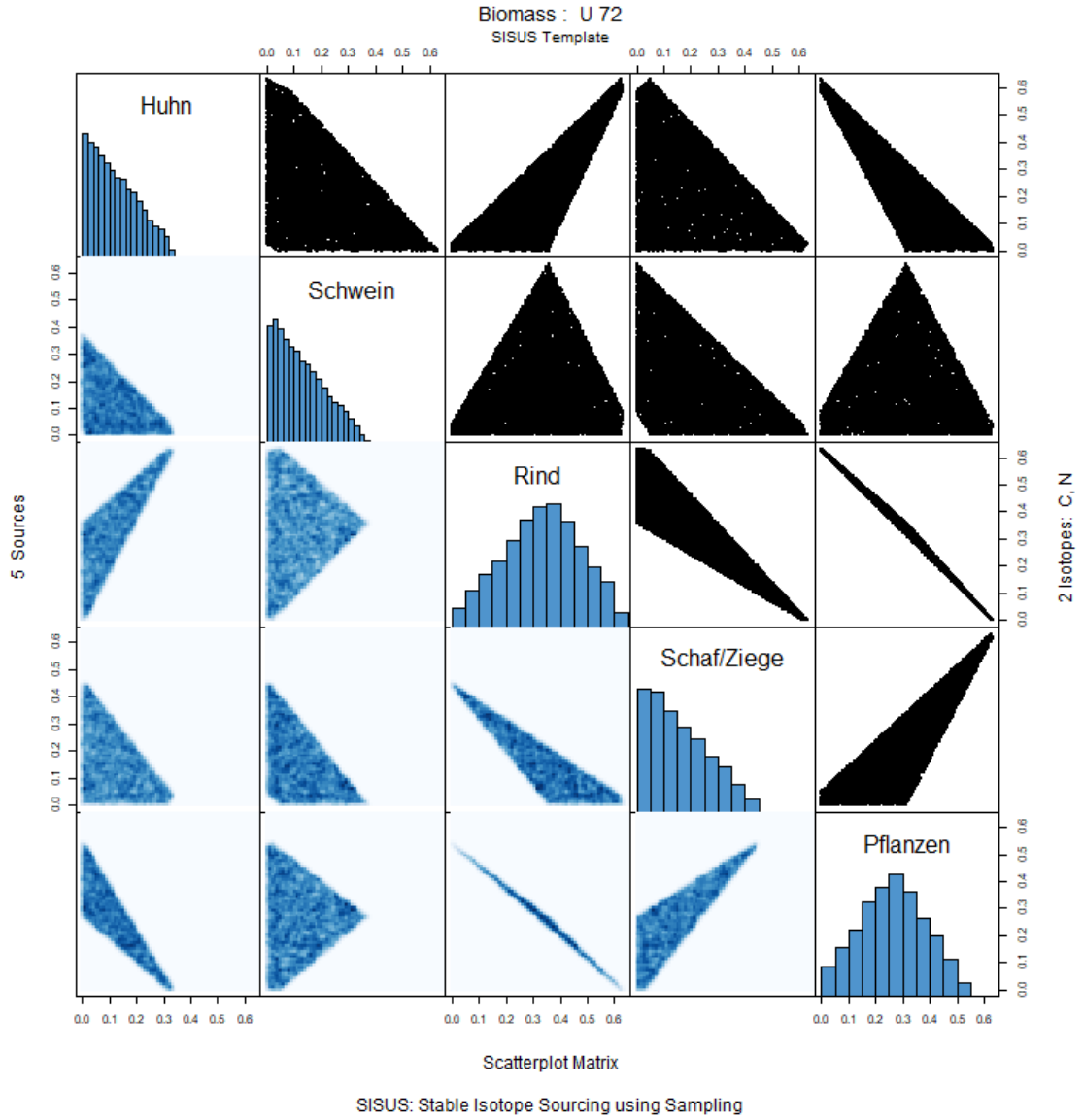


Abbildung 2009: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 72. Erstellt mit SISUS.

U76 II

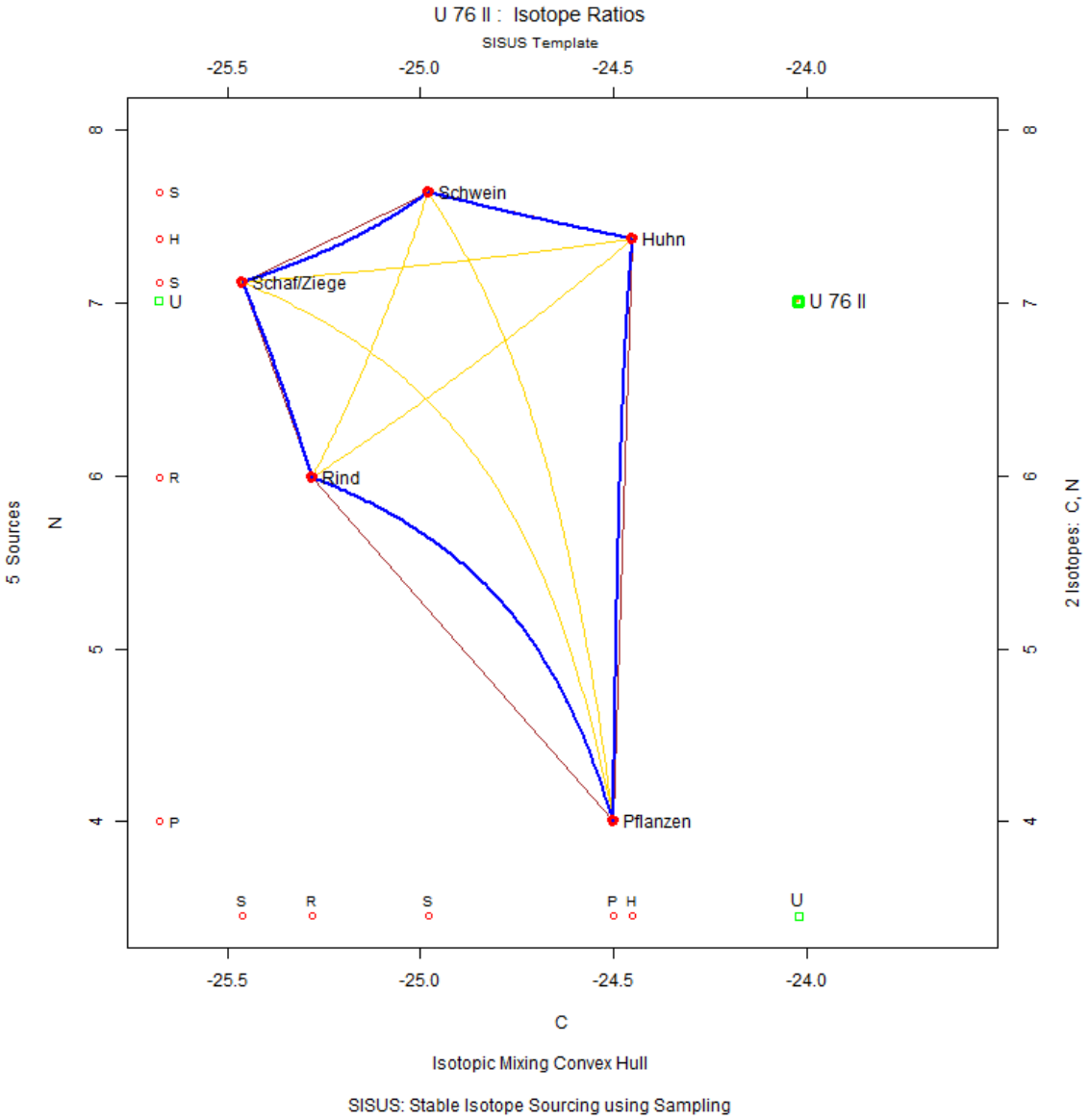


Abbildung 2010: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 76II. Erstellt mit SISUS.

U79

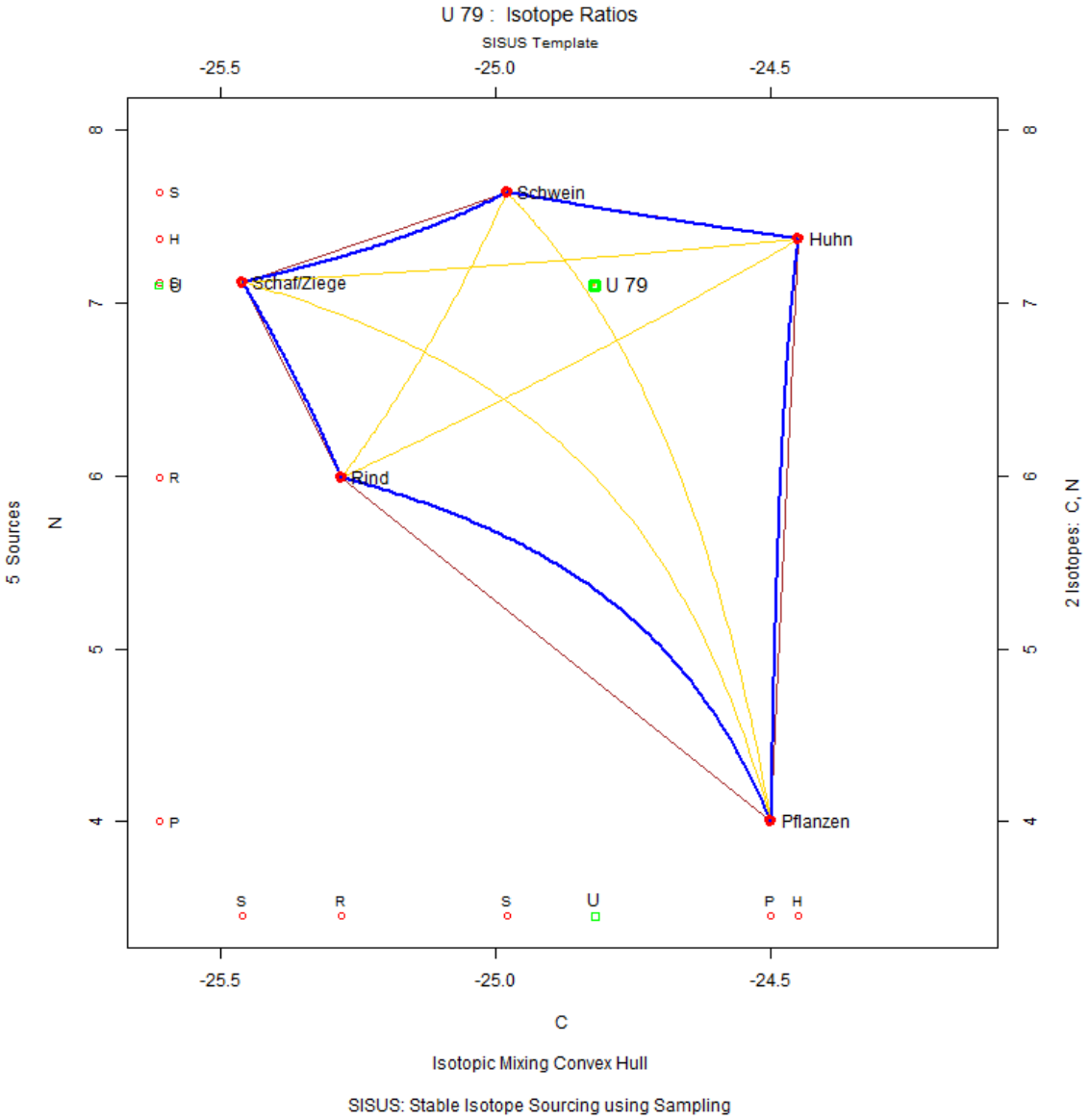


Abbildung 2011: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 79. Erstellt mit SISUS.

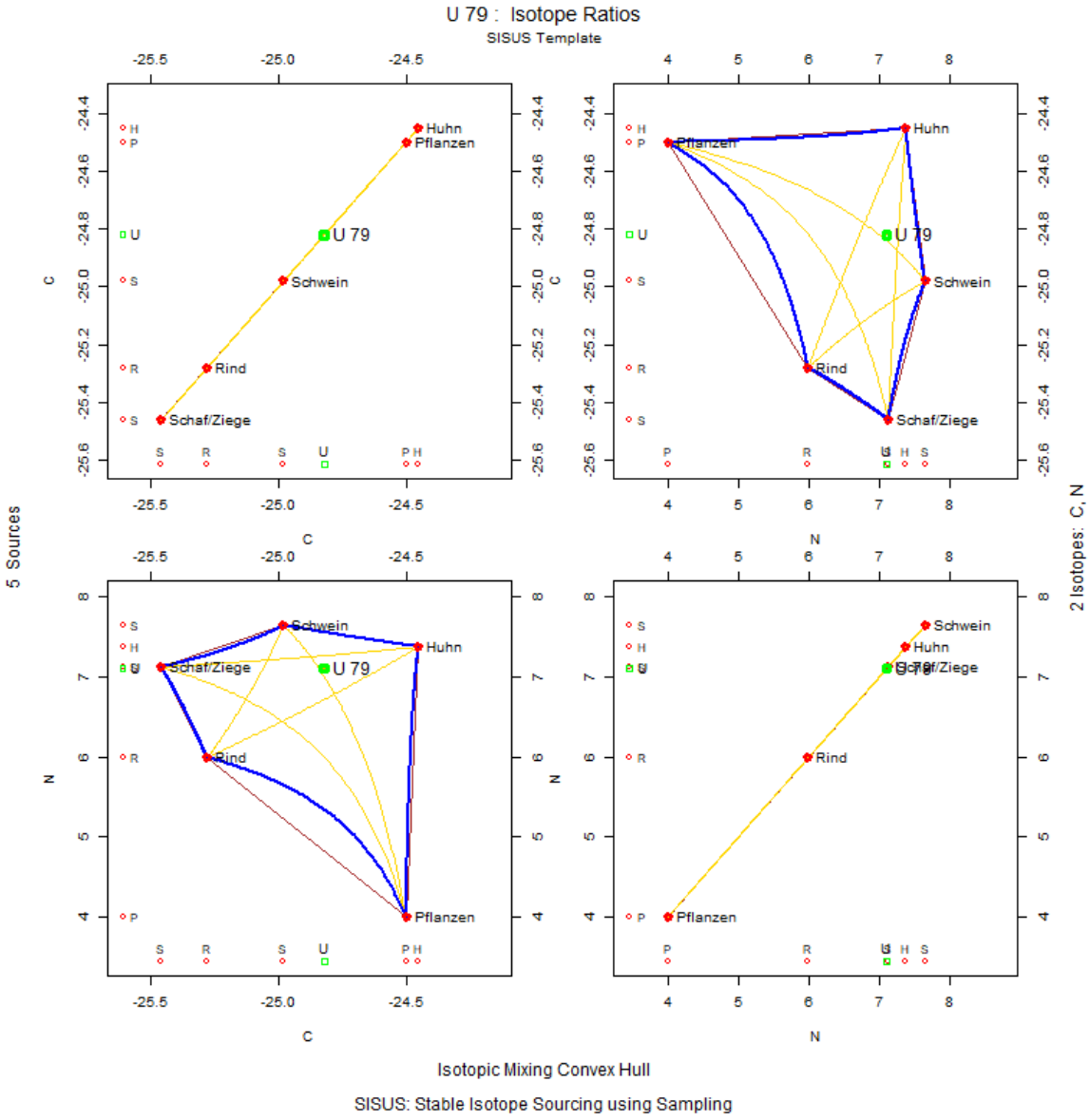


Abbildung 2012: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 79 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

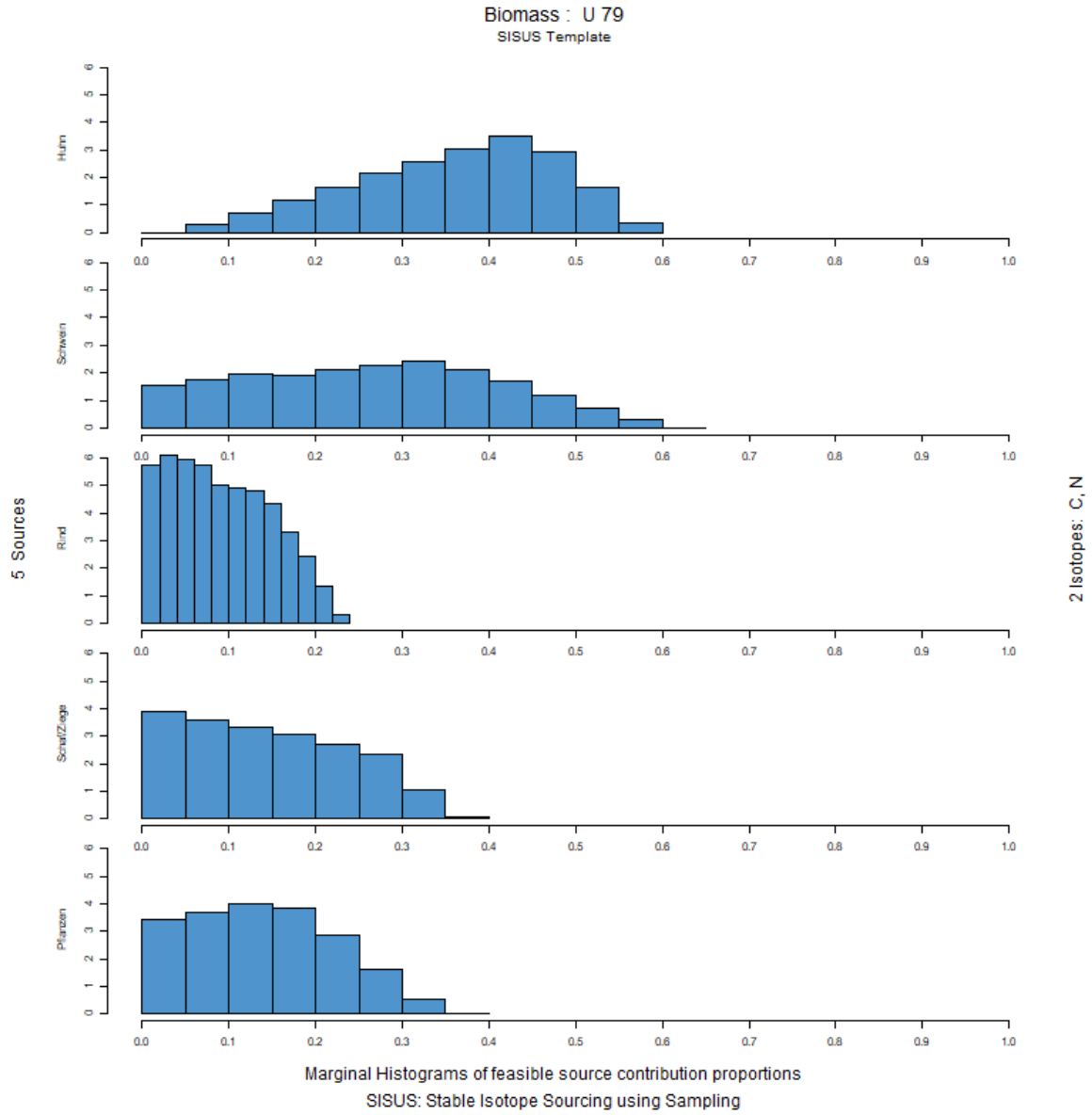


Abbildung 2013: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 79. Erstellt mit SISUS.

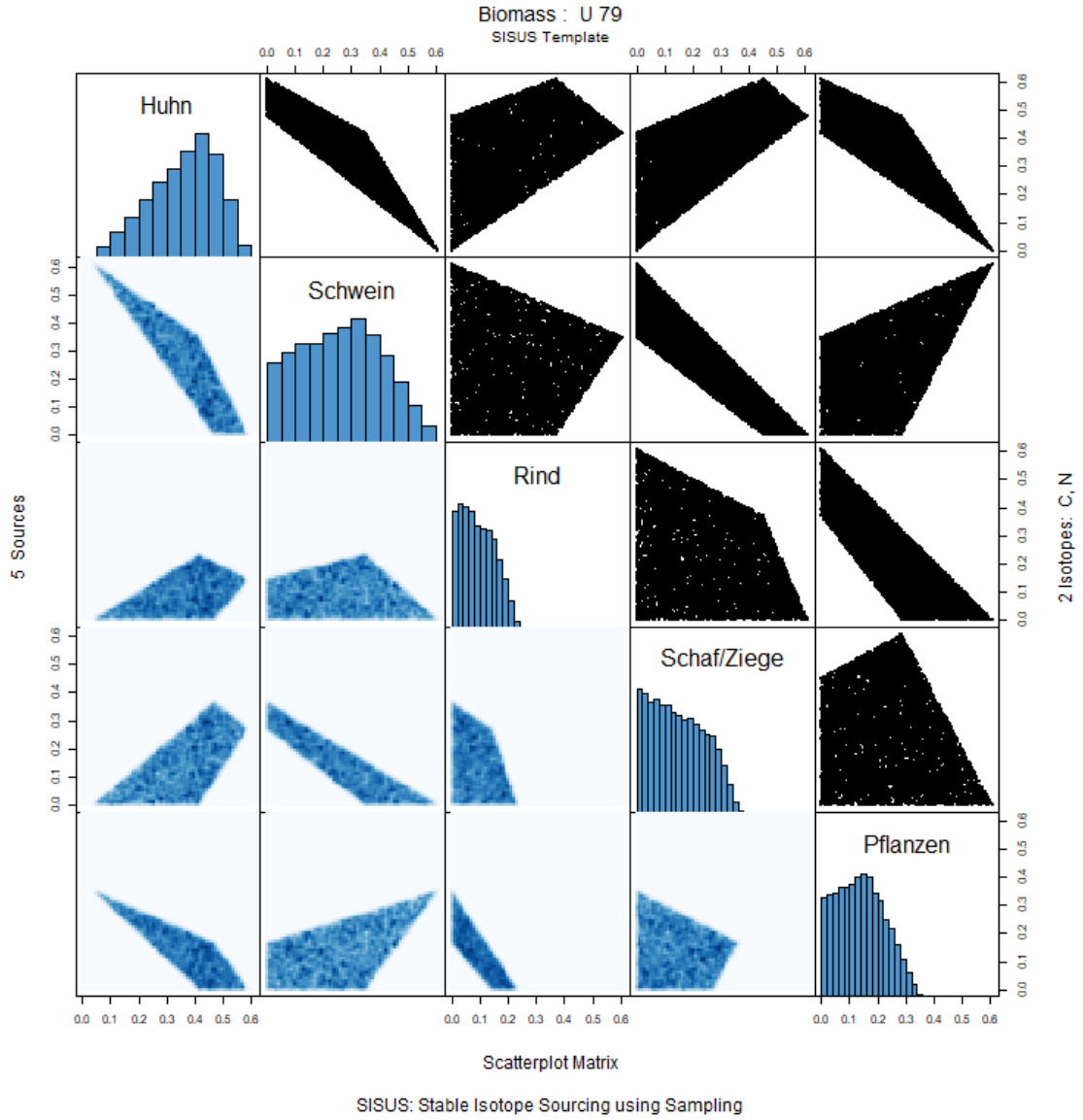


Abbildung 2014: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 79. Erstellt mit SISUS.

U81

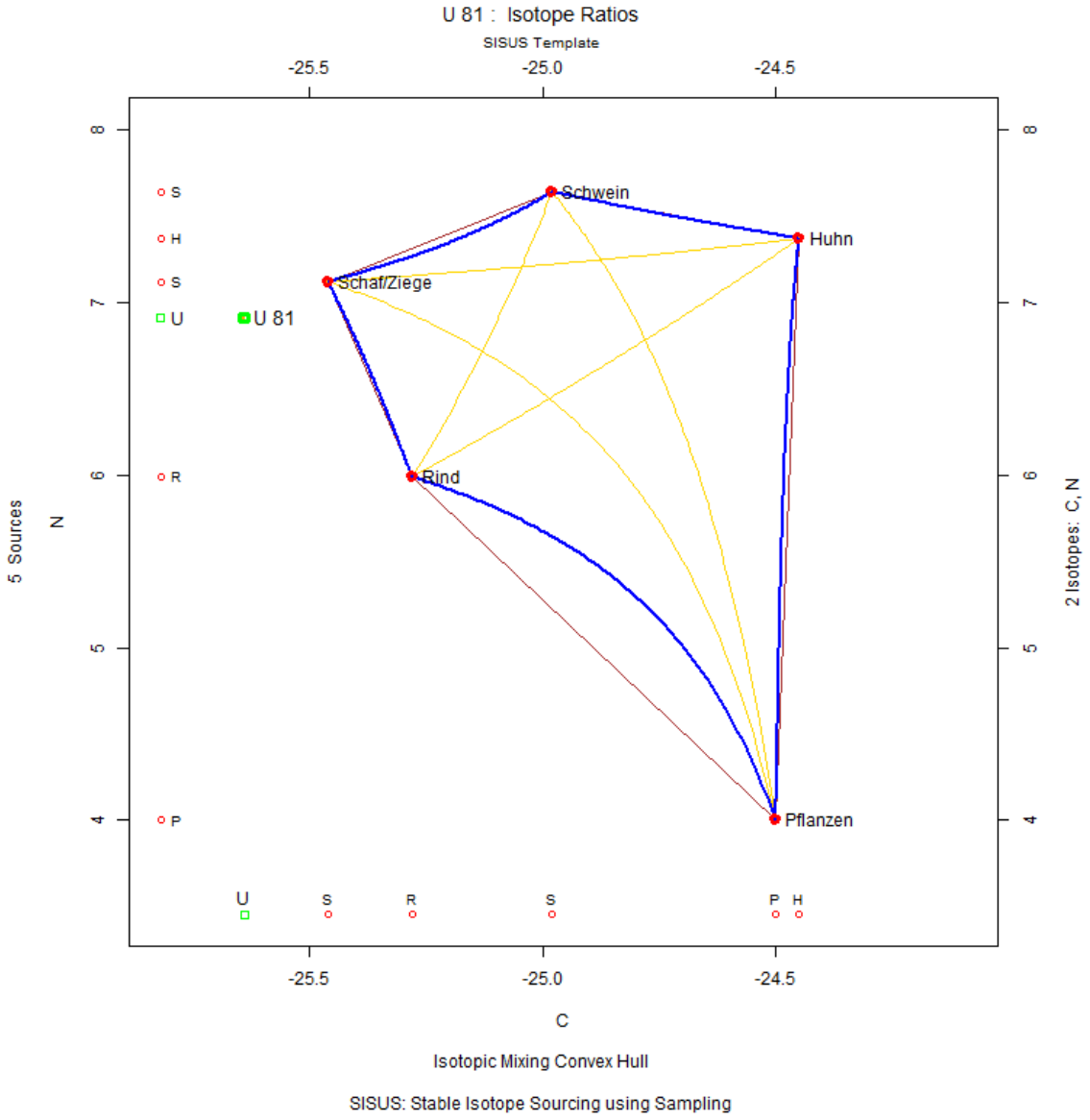


Abbildung 2015: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 81. Erstellt mit SISUS.

U86

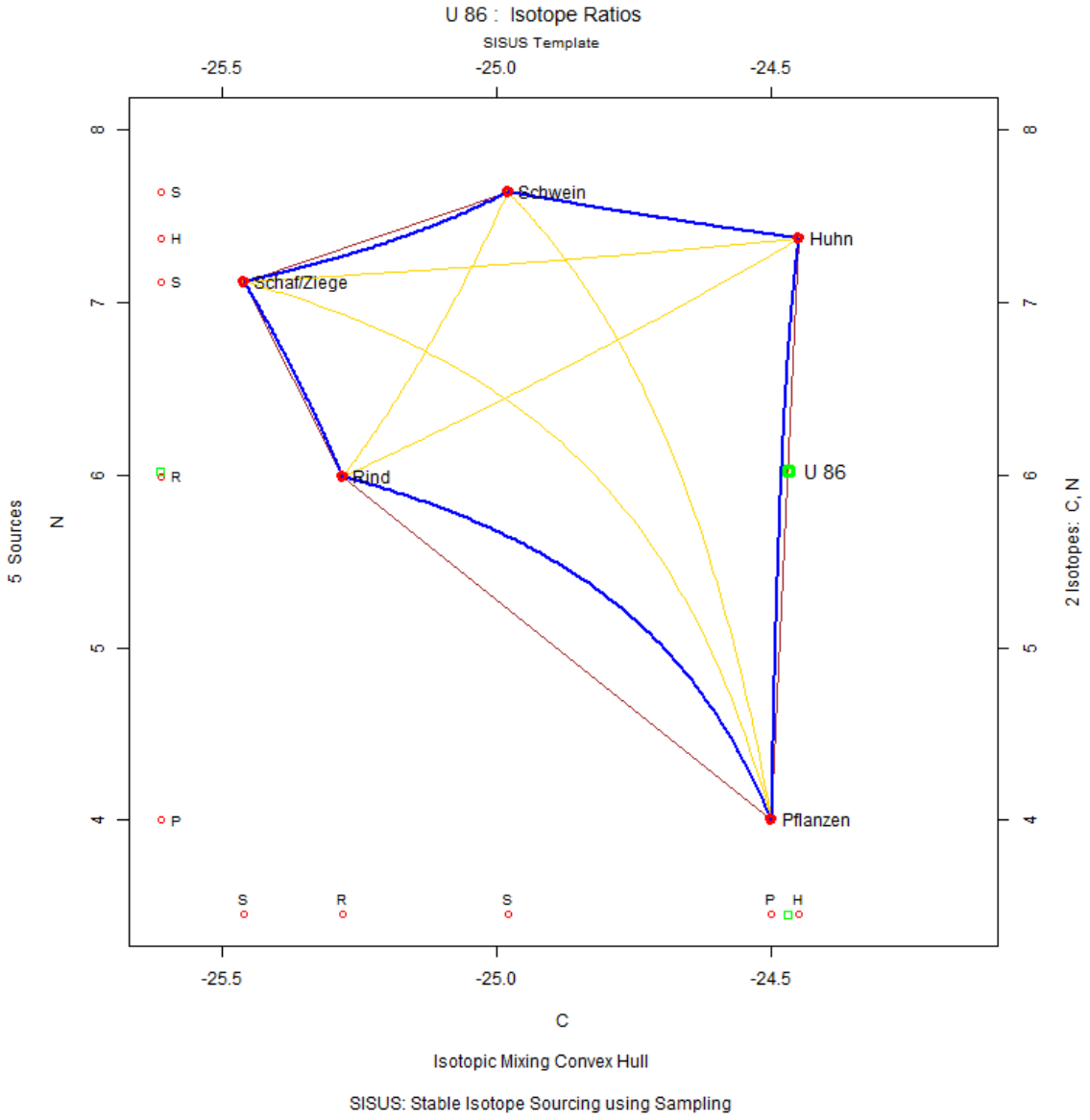


Abbildung 2016: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 86. Erstellt mit SISUS.

U94

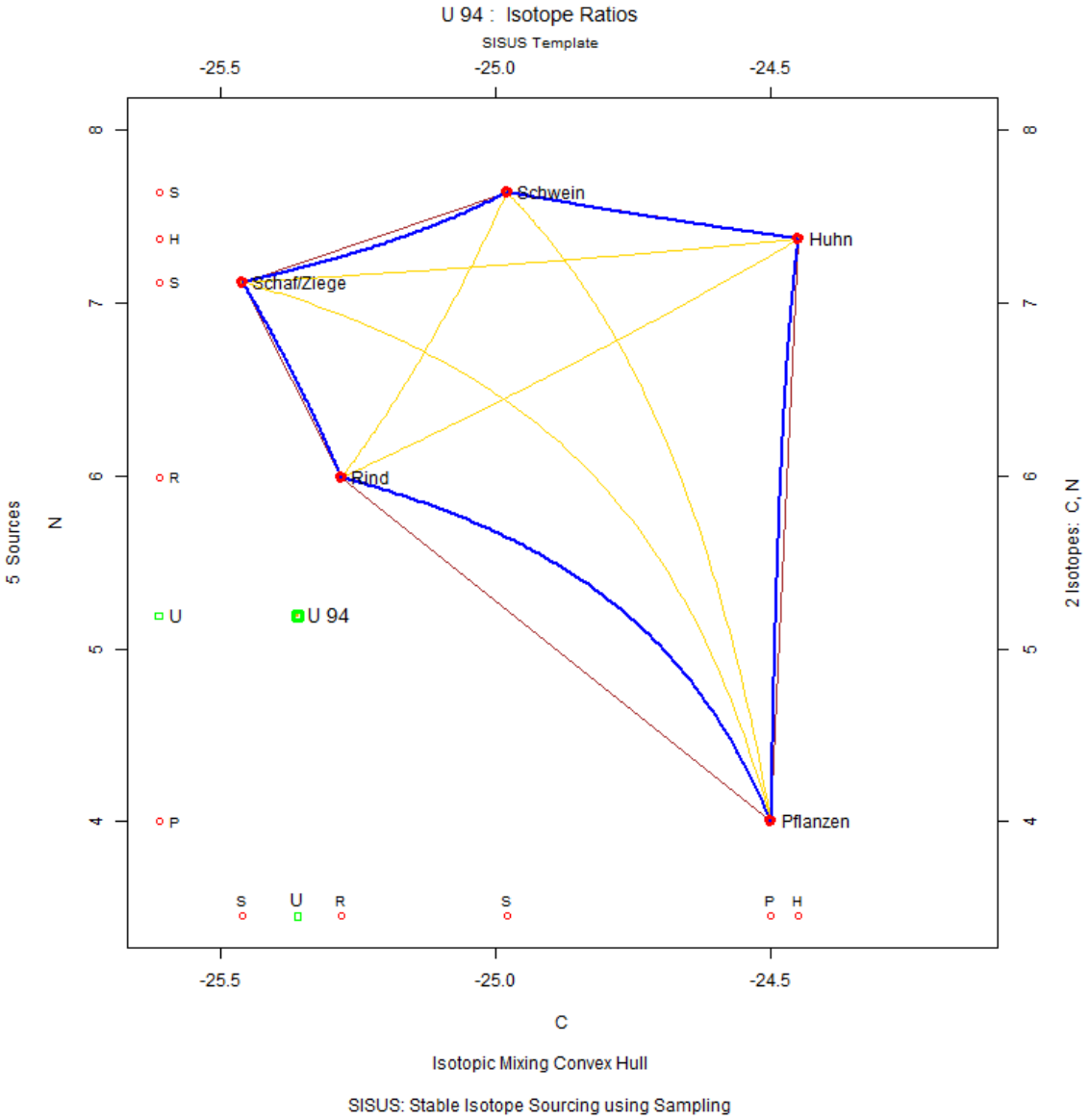


Abbildung 2017: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 94. Erstellt mit SISUS.

U95

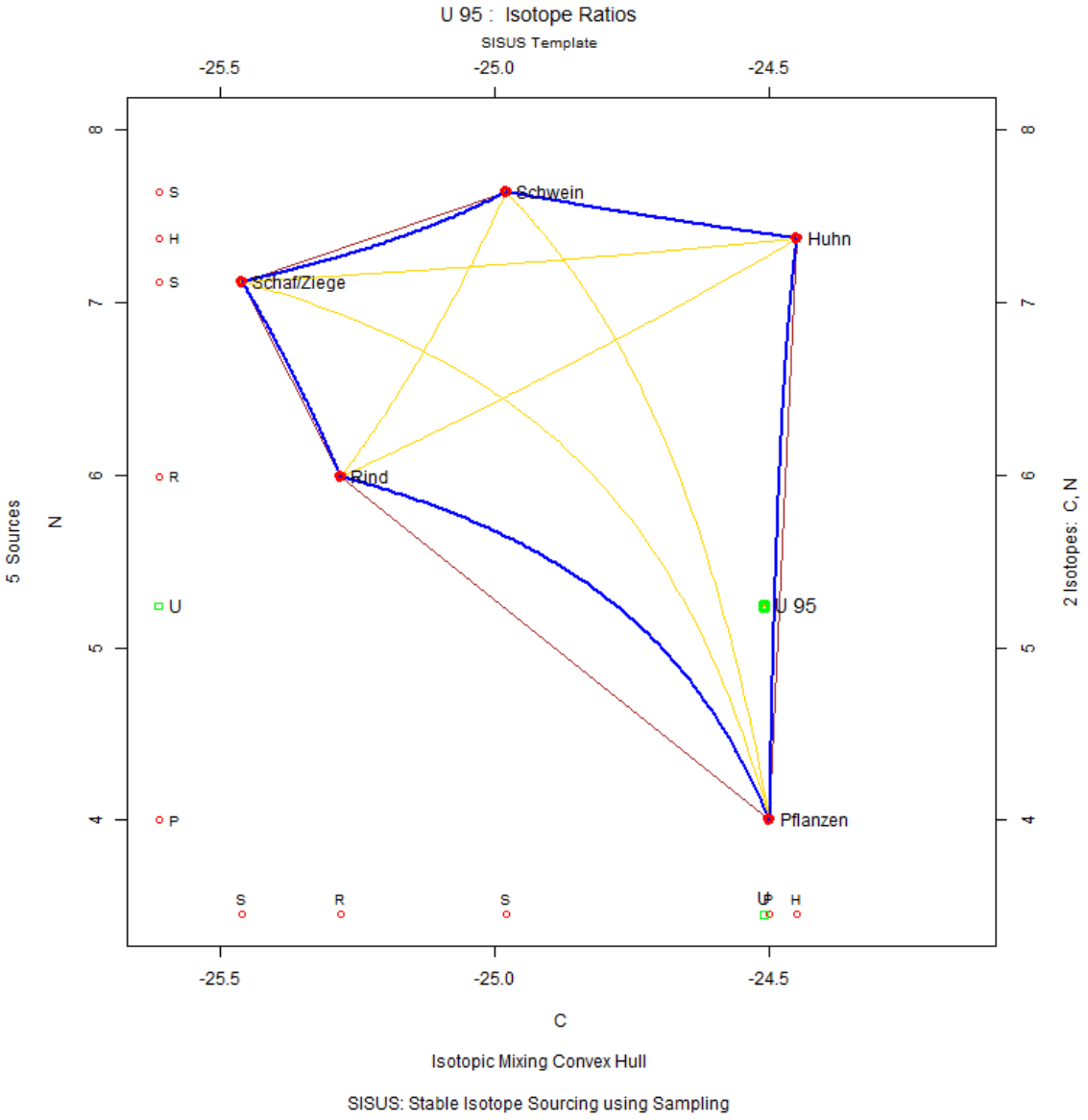


Abbildung 2018: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 95. Erstellt mit SISUS.

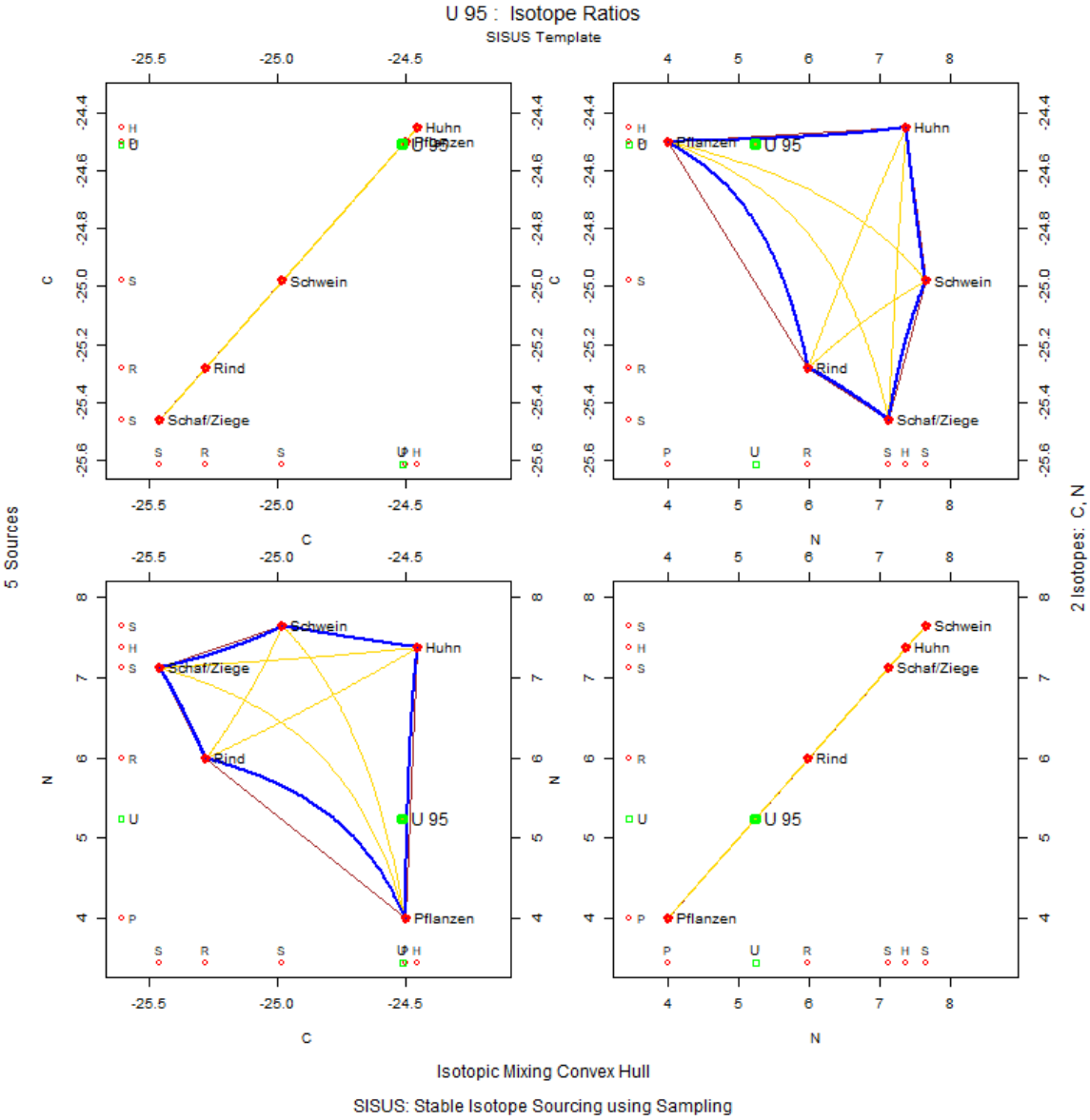


Abbildung 2019: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 95 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

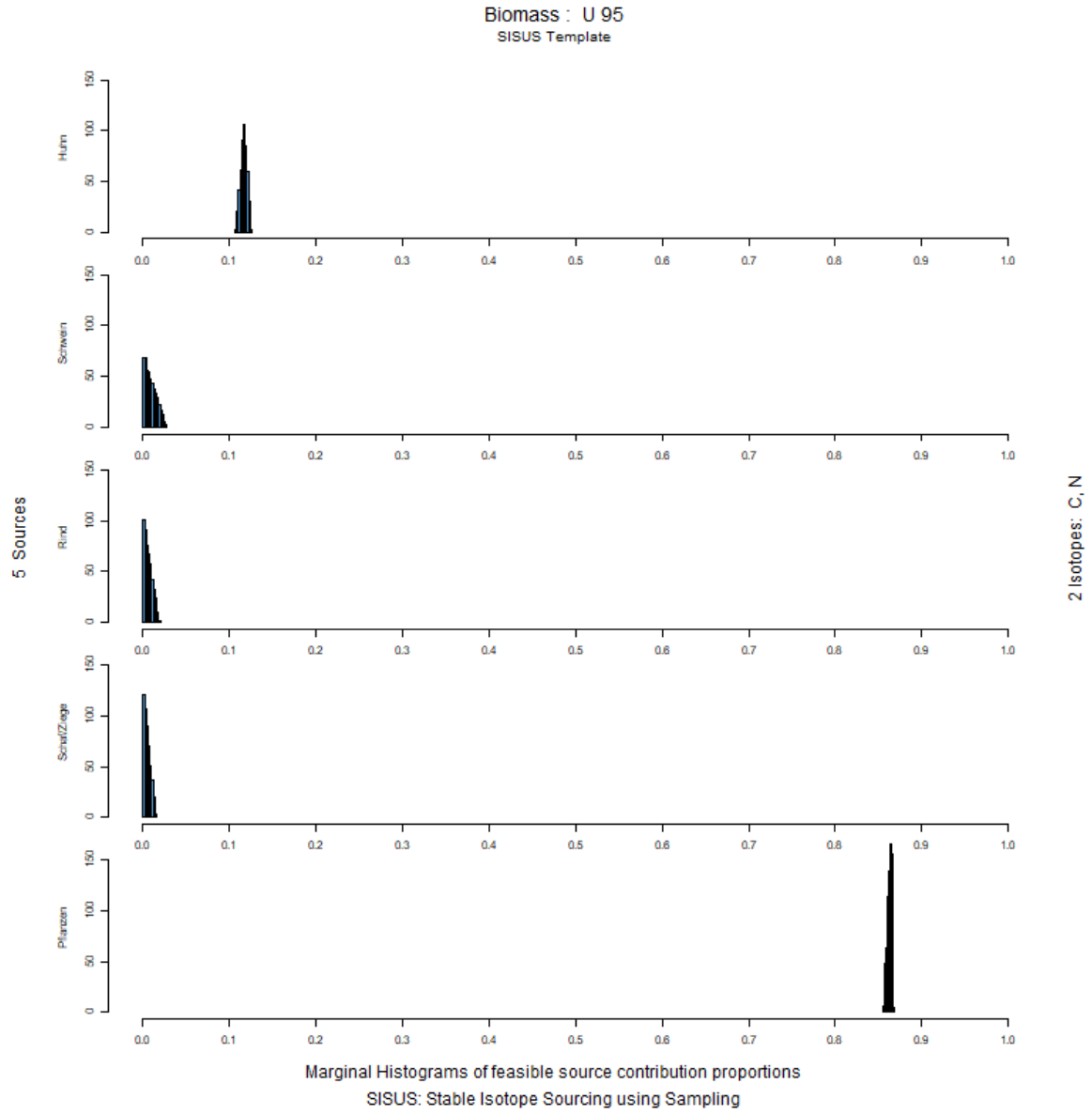


Abbildung 2020: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 95. Erstellt mit SISUS.

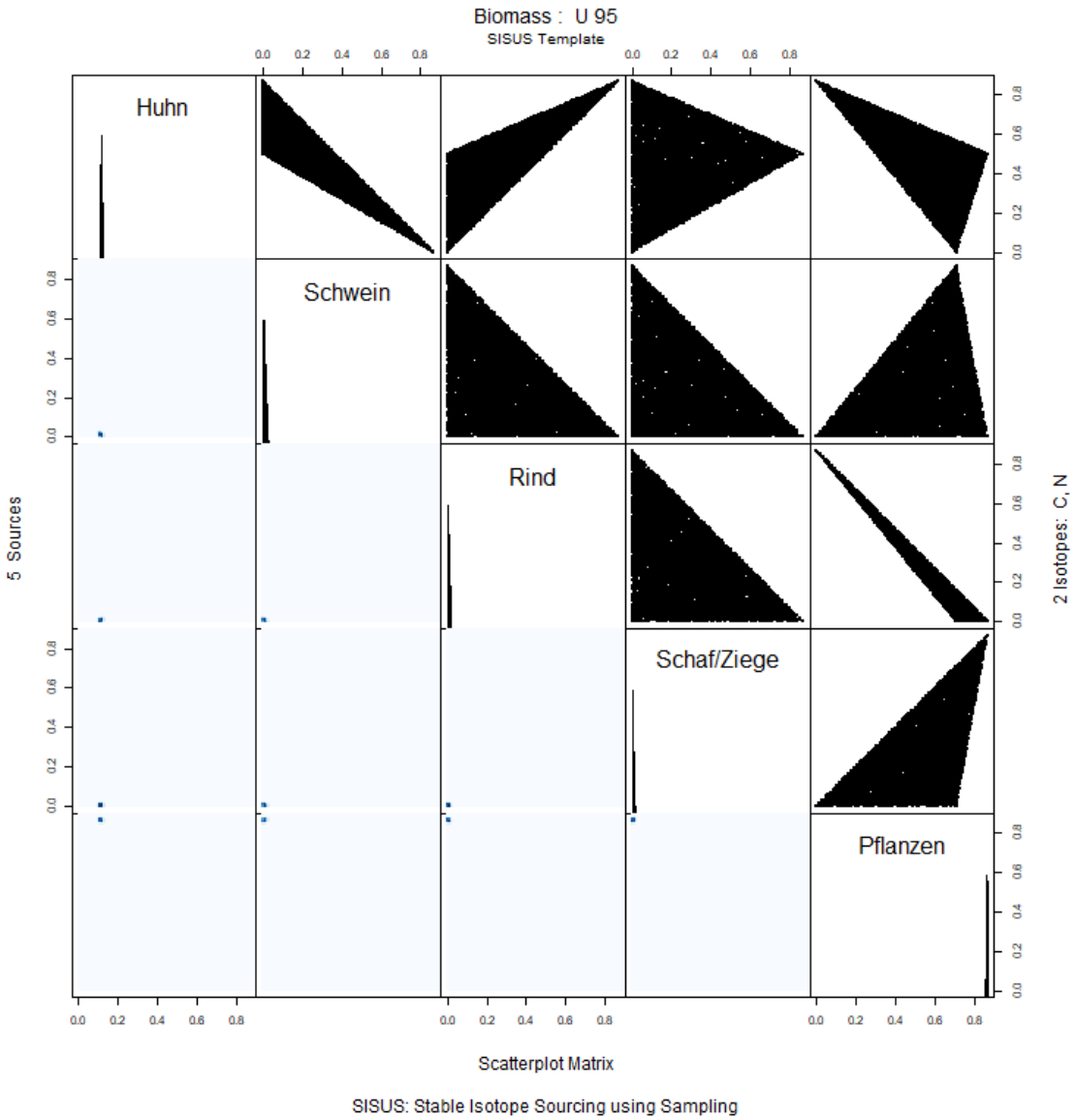


Abbildung 2021: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 95. Erstellt mit SISUS.

U106

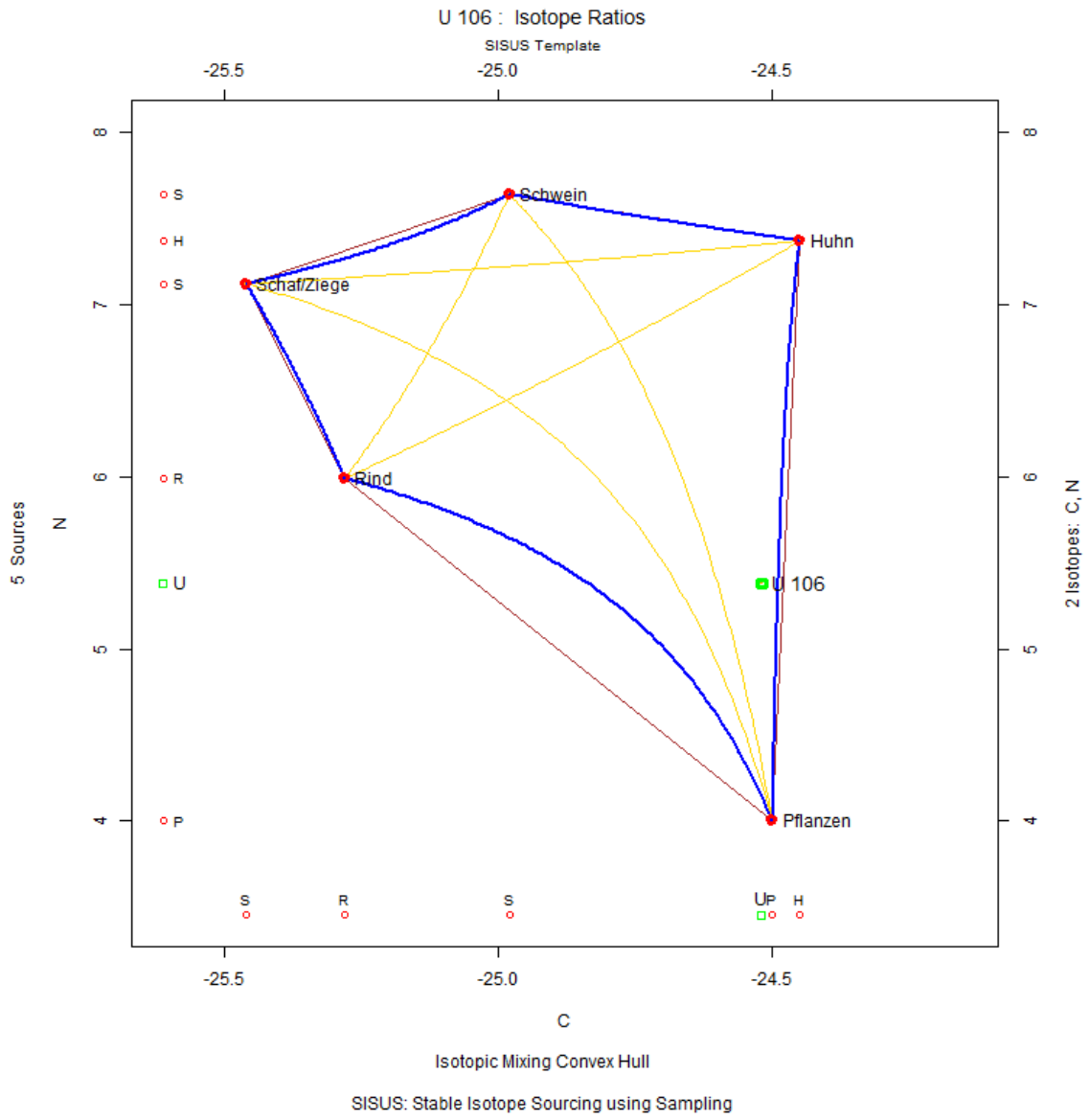


Abbildung 2022: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 106. Erstellt mit SISUS.

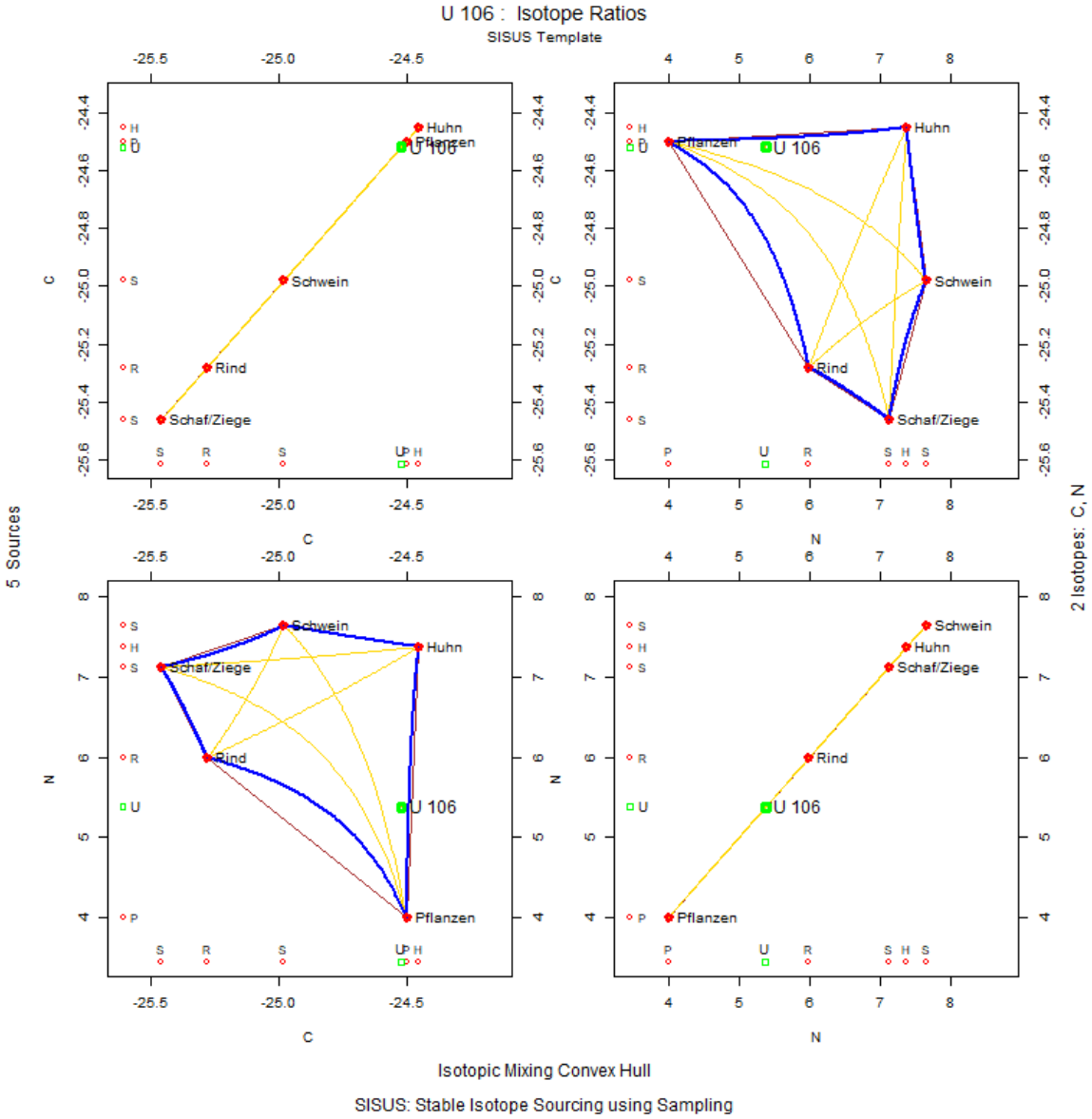


Abbildung 2023: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 106 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

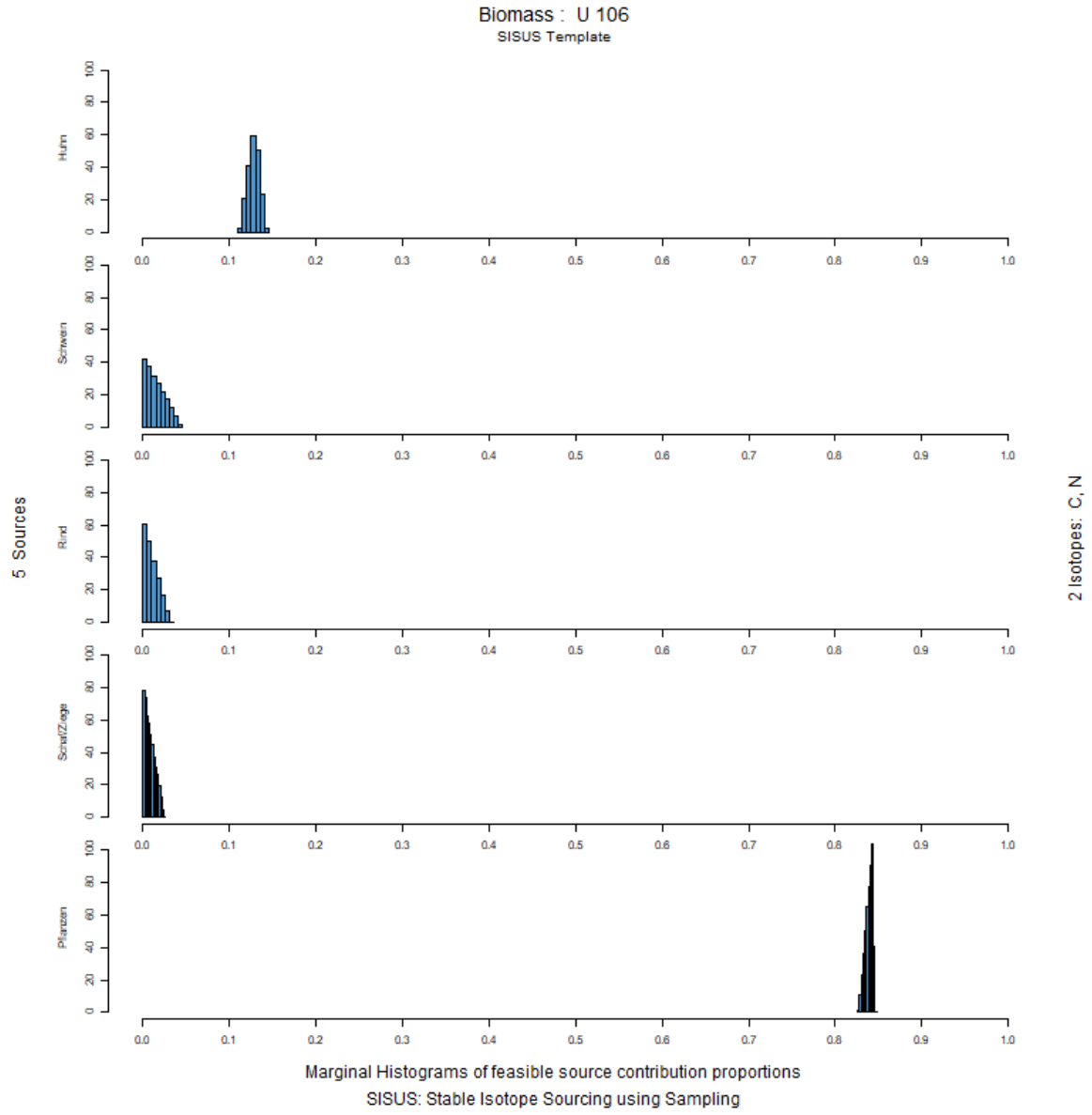


Abbildung 2024: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 106. Erstellt mit SISUS.

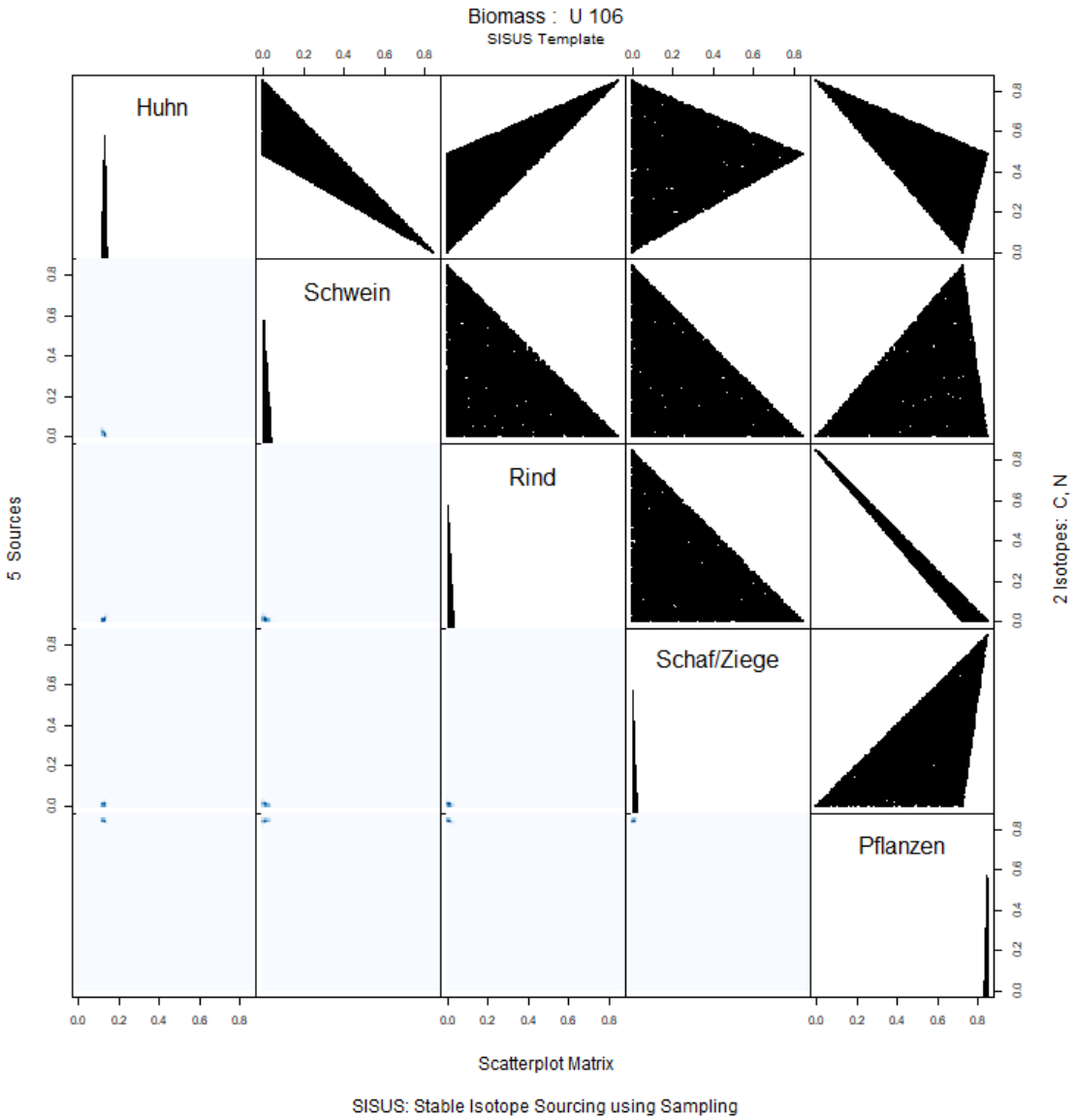


Abbildung 2025: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 106. Erstellt mit SISUS.

U108/3

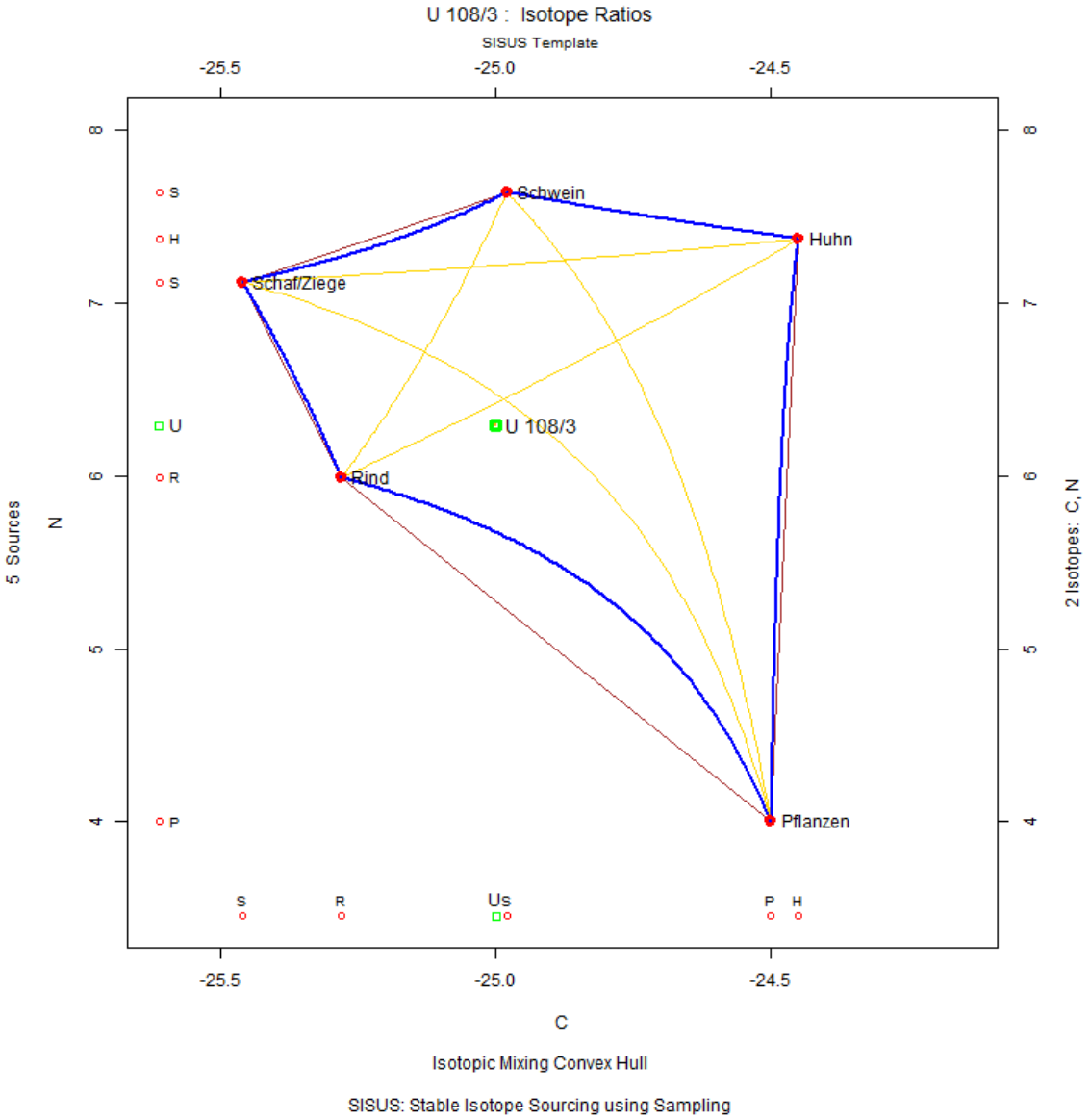


Abbildung 2026: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 108/3. Erstellt mit SISUS.

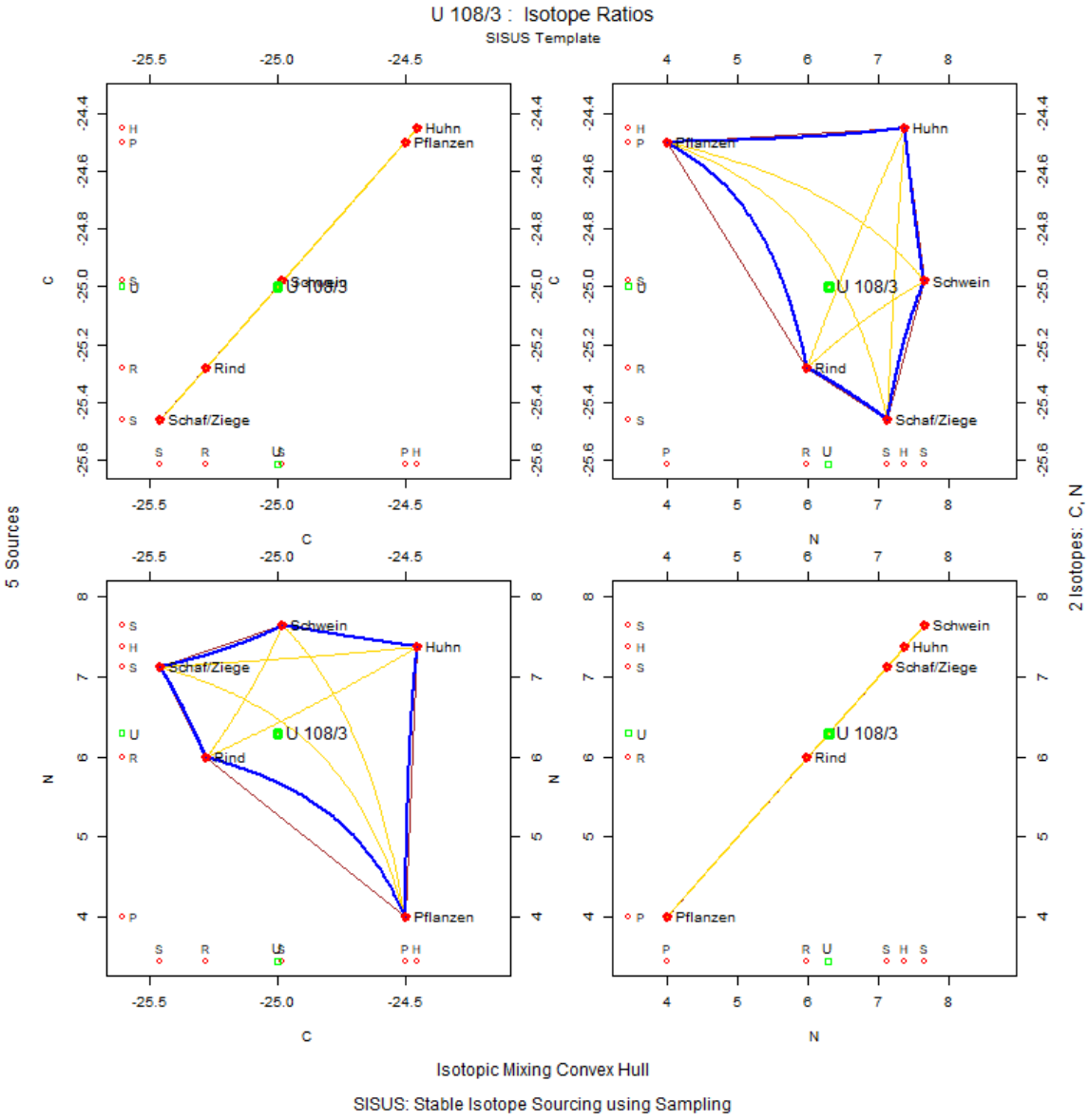


Abbildung 2027: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 108/3 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

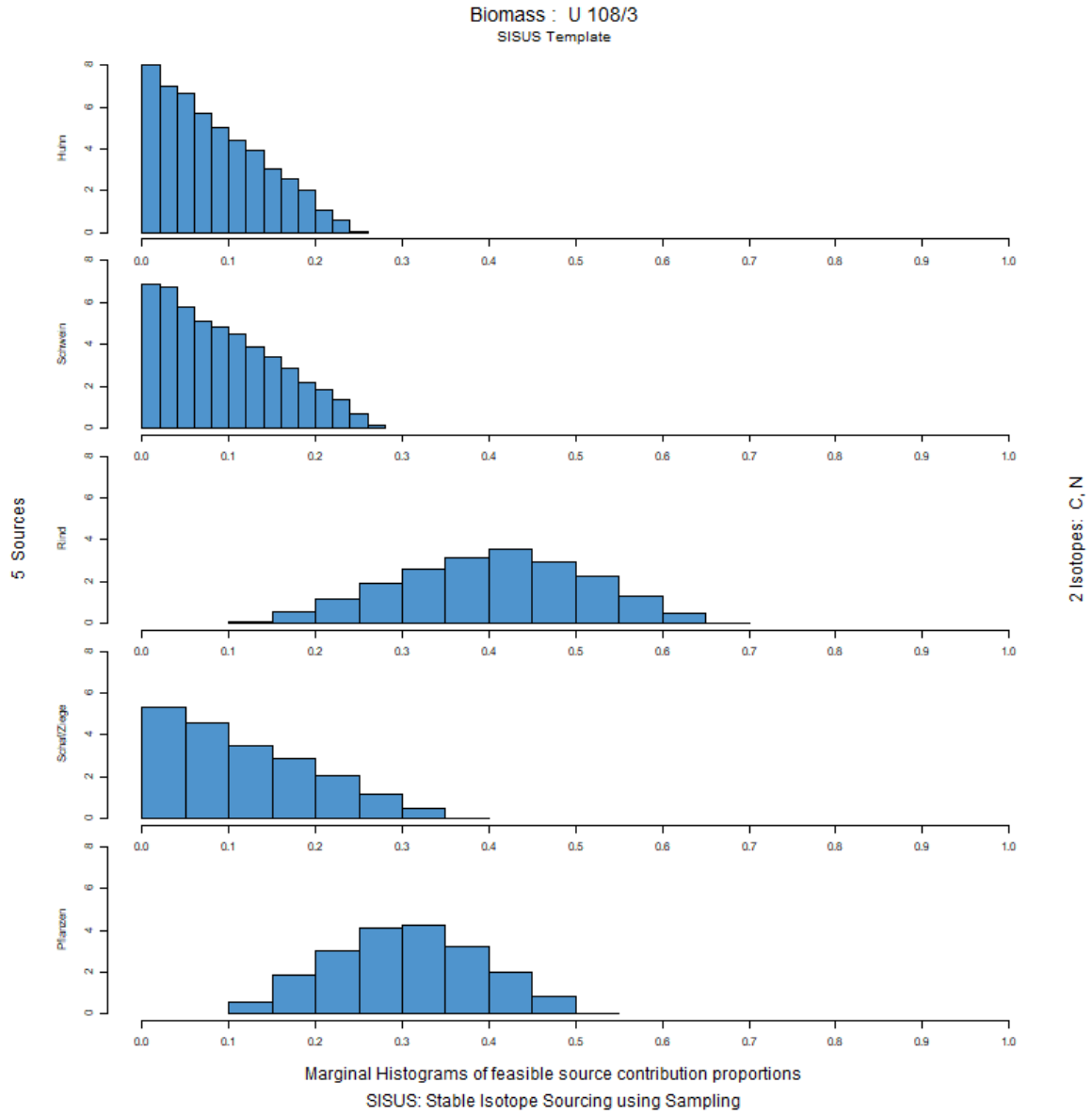


Abbildung 2028: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 108/3. Erstellt mit SISUS.

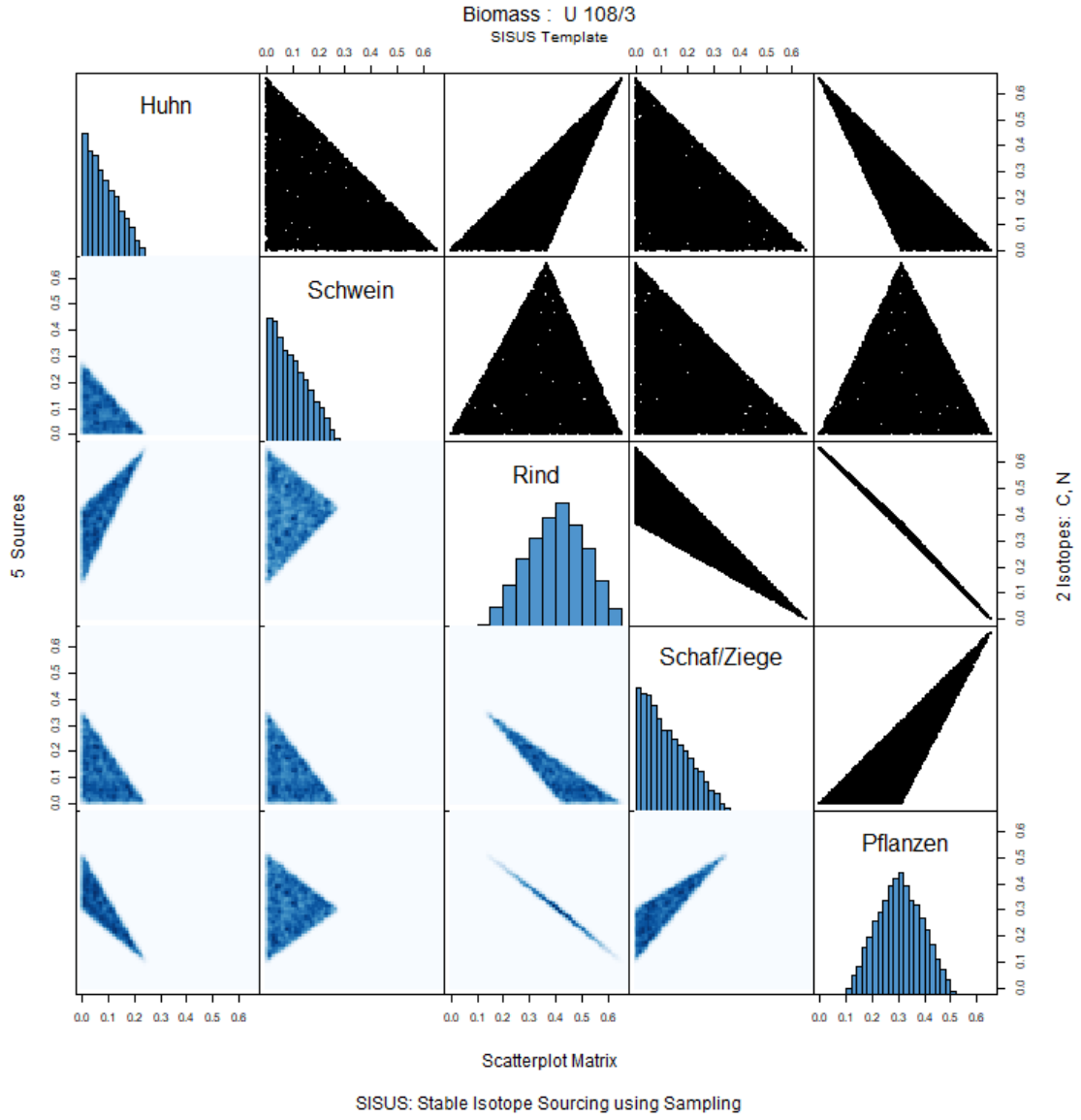


Abbildung 2029: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 108/3. Erstellt mit SISUS.

U115

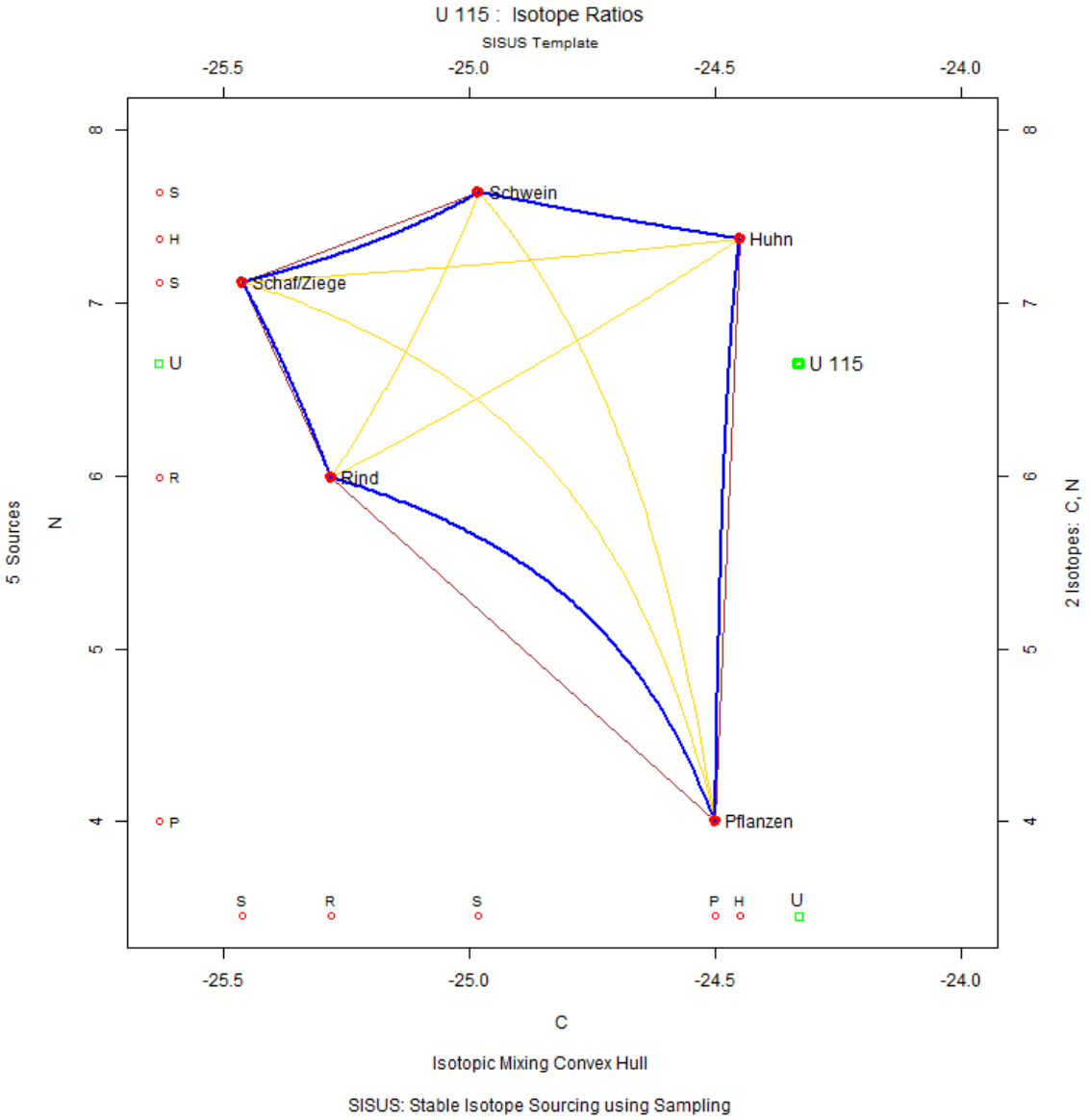


Abbildung 2030: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 115. Erstellt mit SISUS.

U117

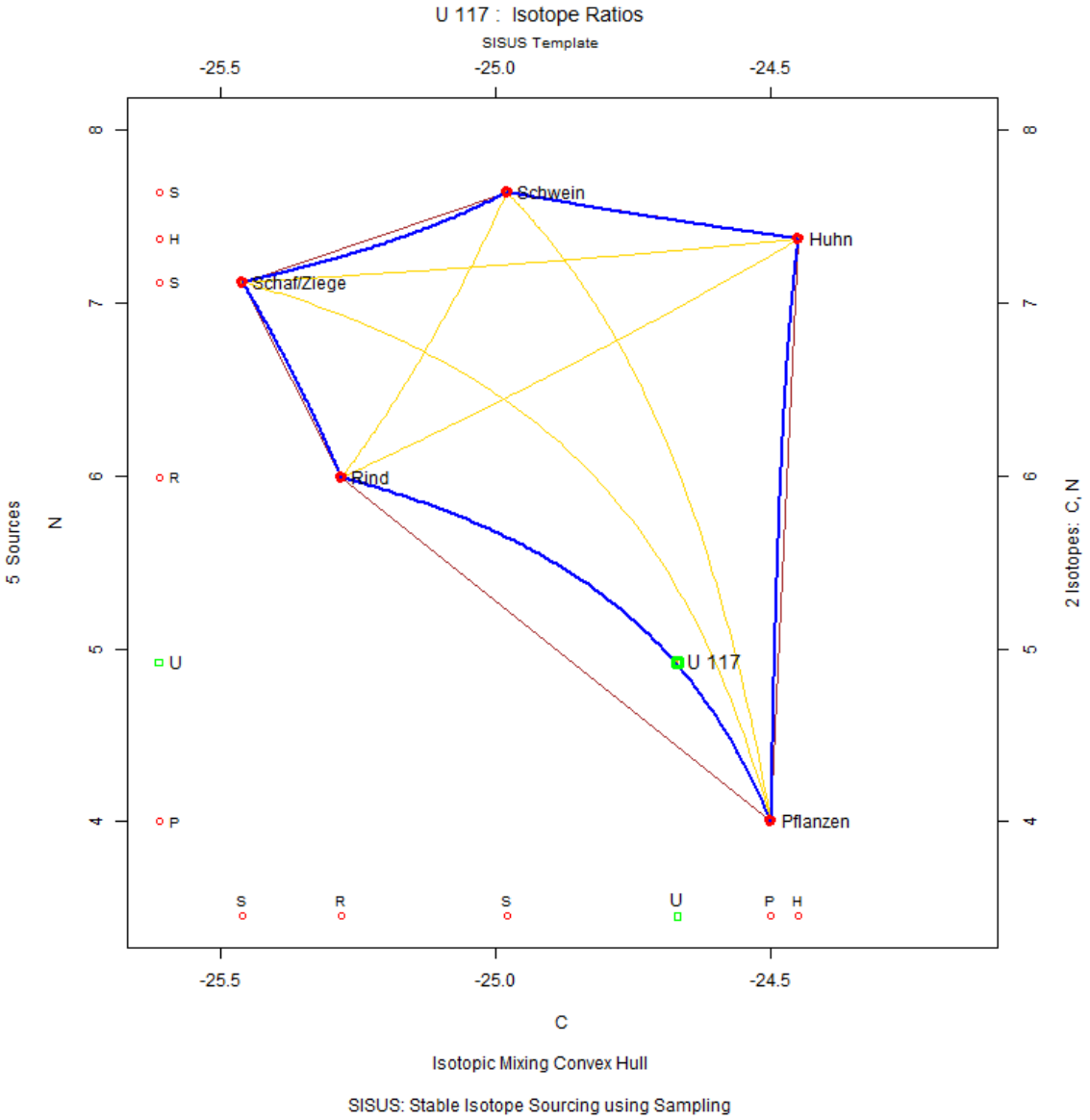


Abbildung 2031: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 117. Erstellt mit SISUS.

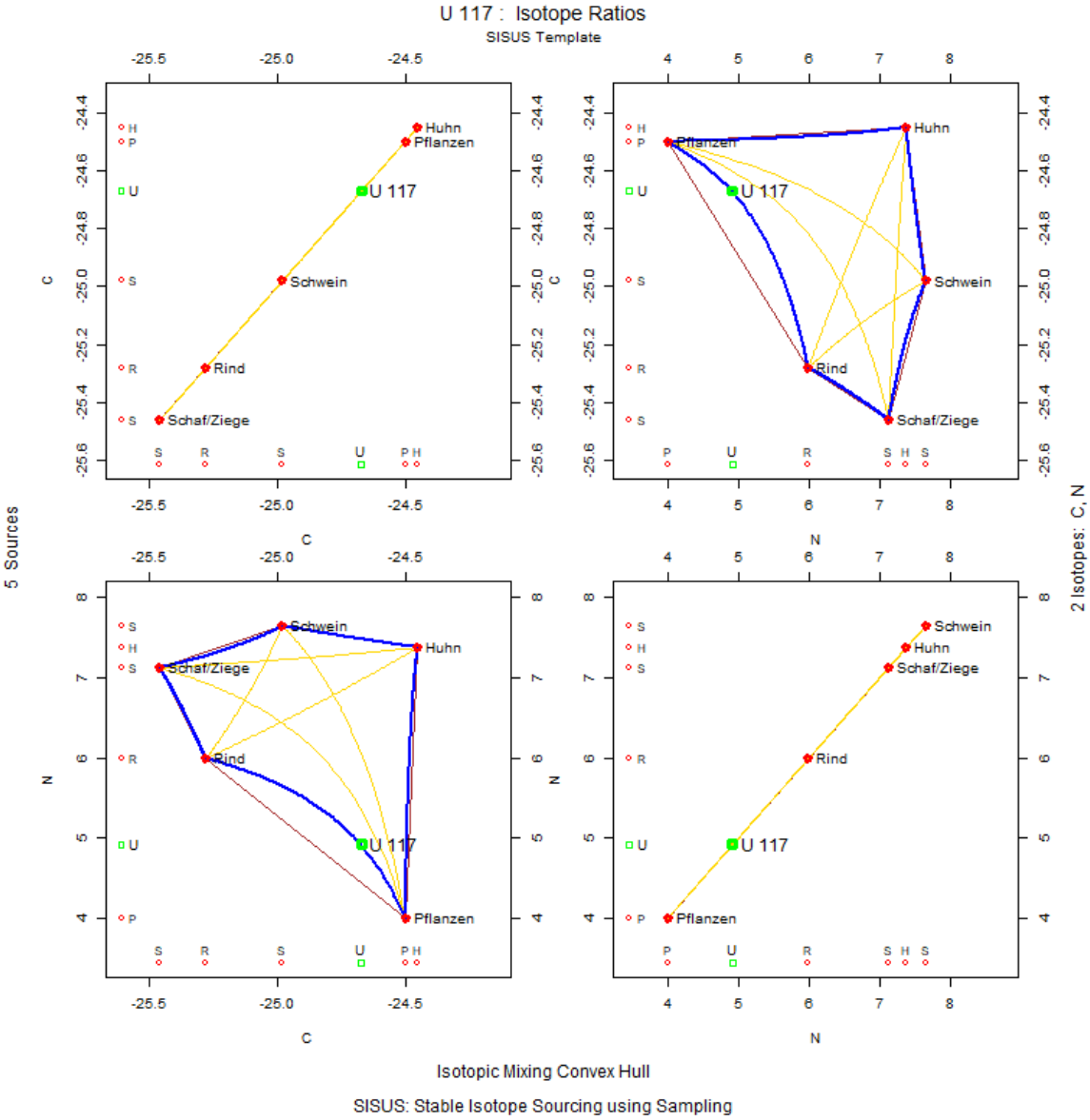


Abbildung 2032: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 117 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

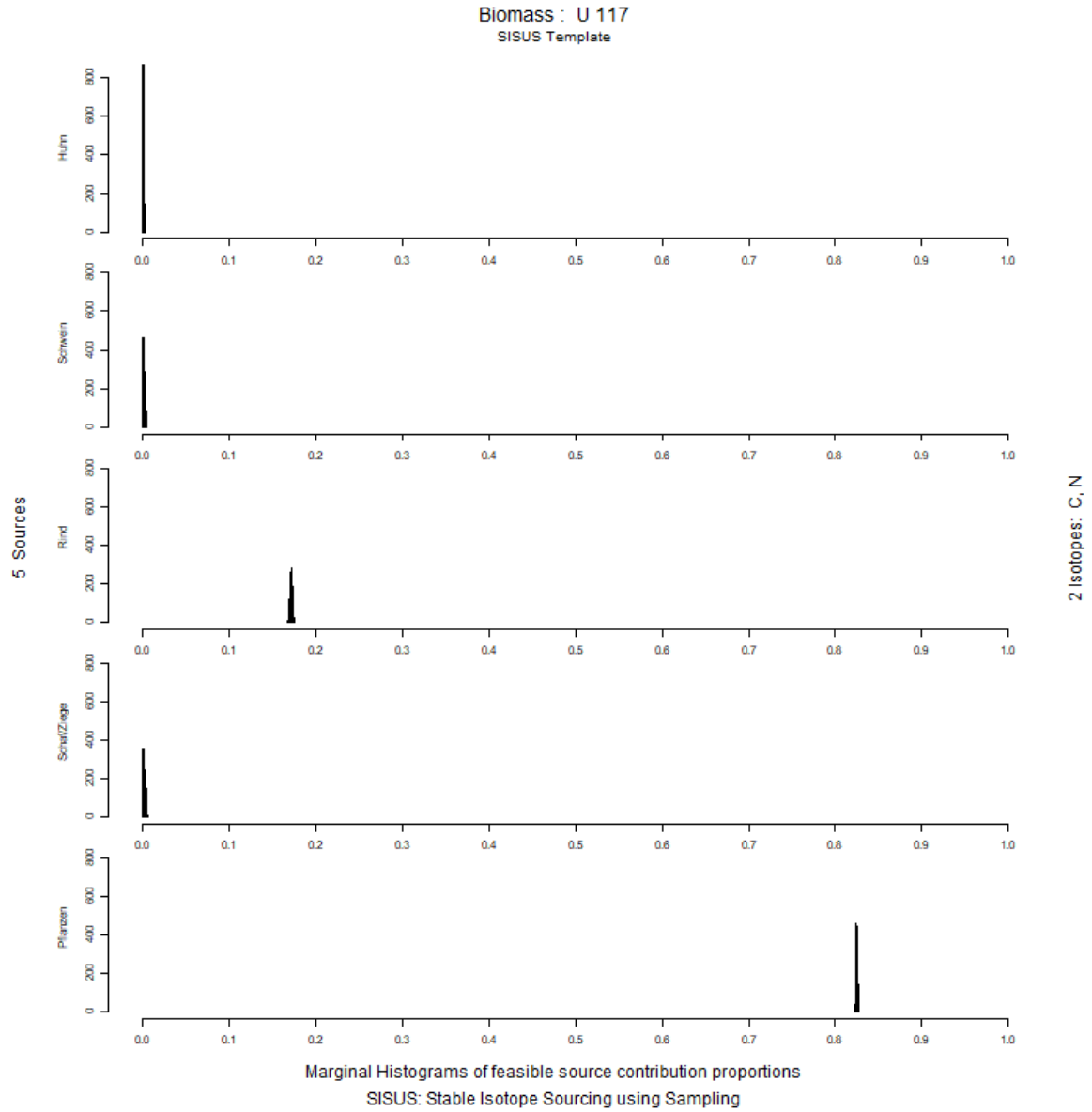


Abbildung 2033: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 117. Erstellt mit SISUS.

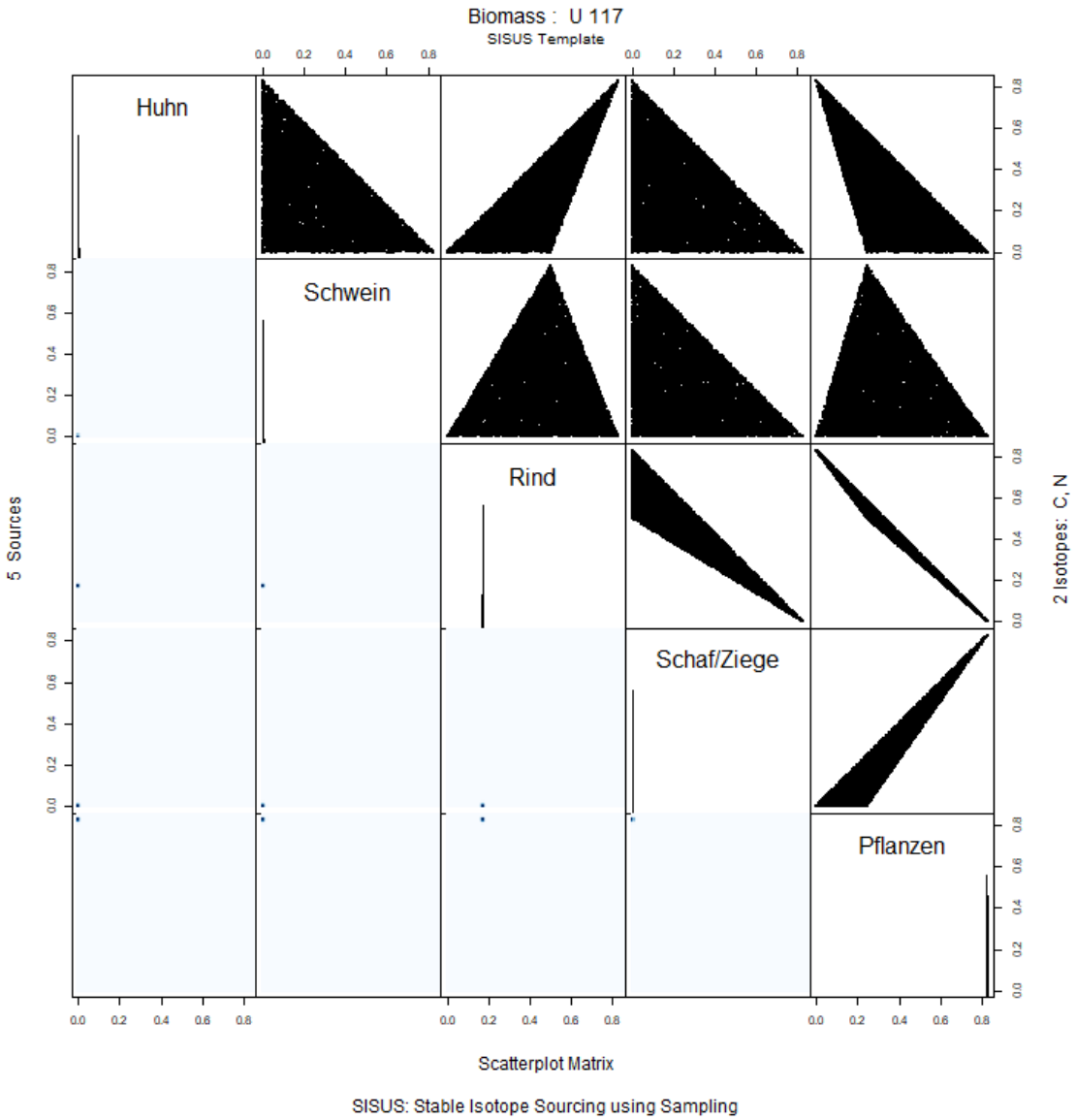


Abbildung 2034: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 117. Erstellt mit SISUS.

U152

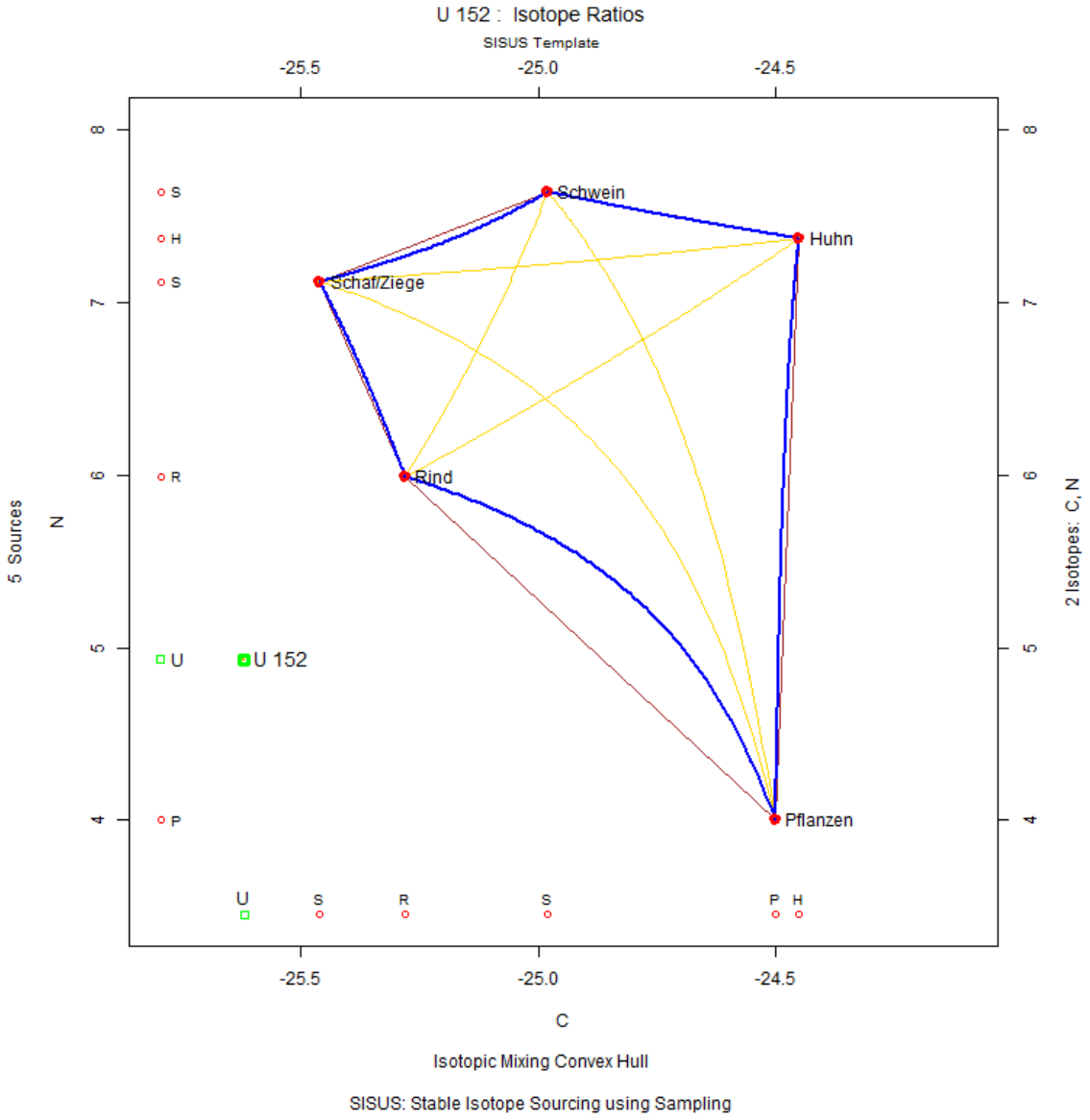


Abbildung 2035: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 152. Erstellt mit SISUS.

U167/1

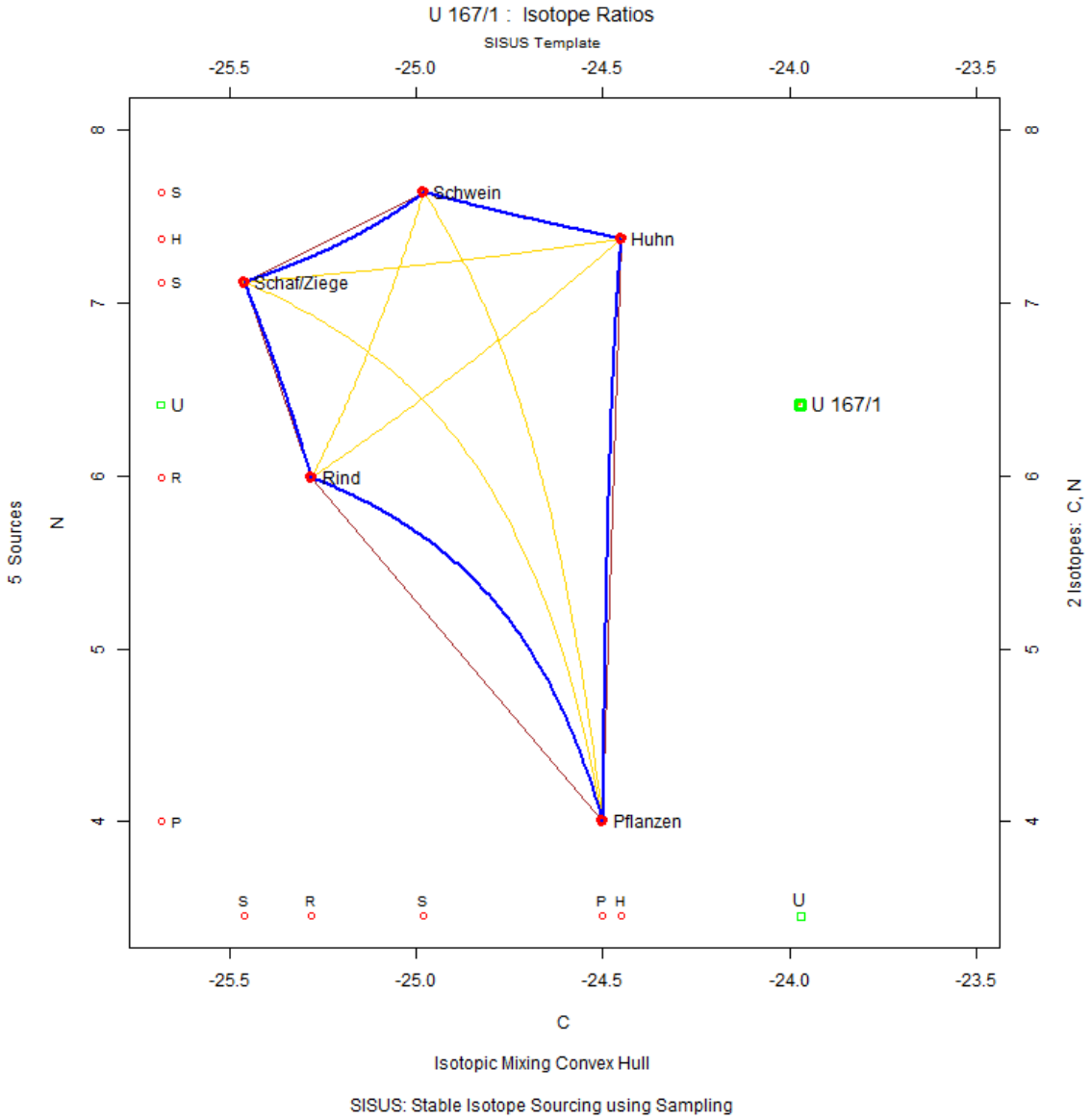


Abbildung 2036: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 167/1. Erstellt mit SISUS.

U169/2

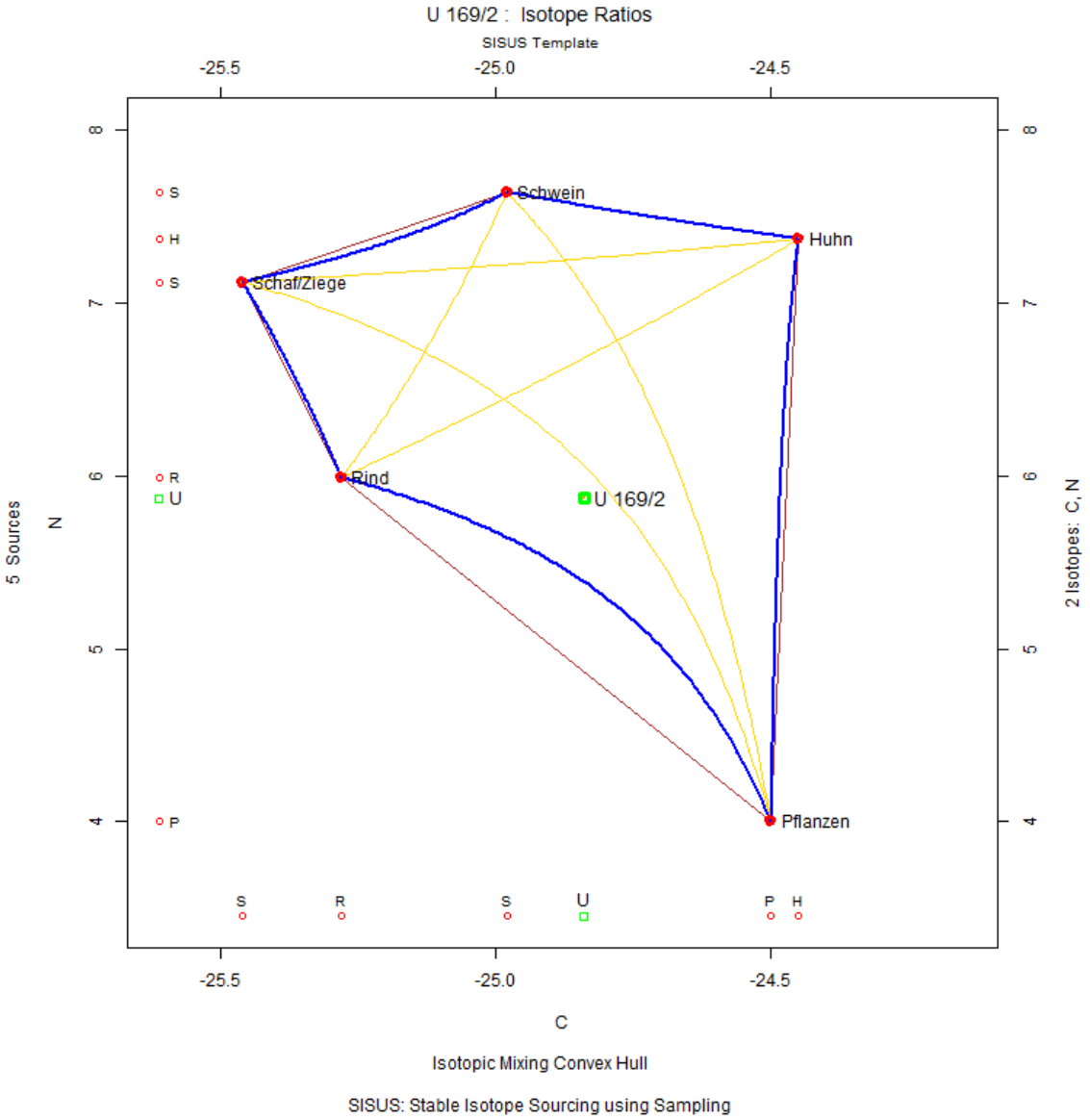


Abbildung 2037: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 169/2. Erstellt mit SISUS.

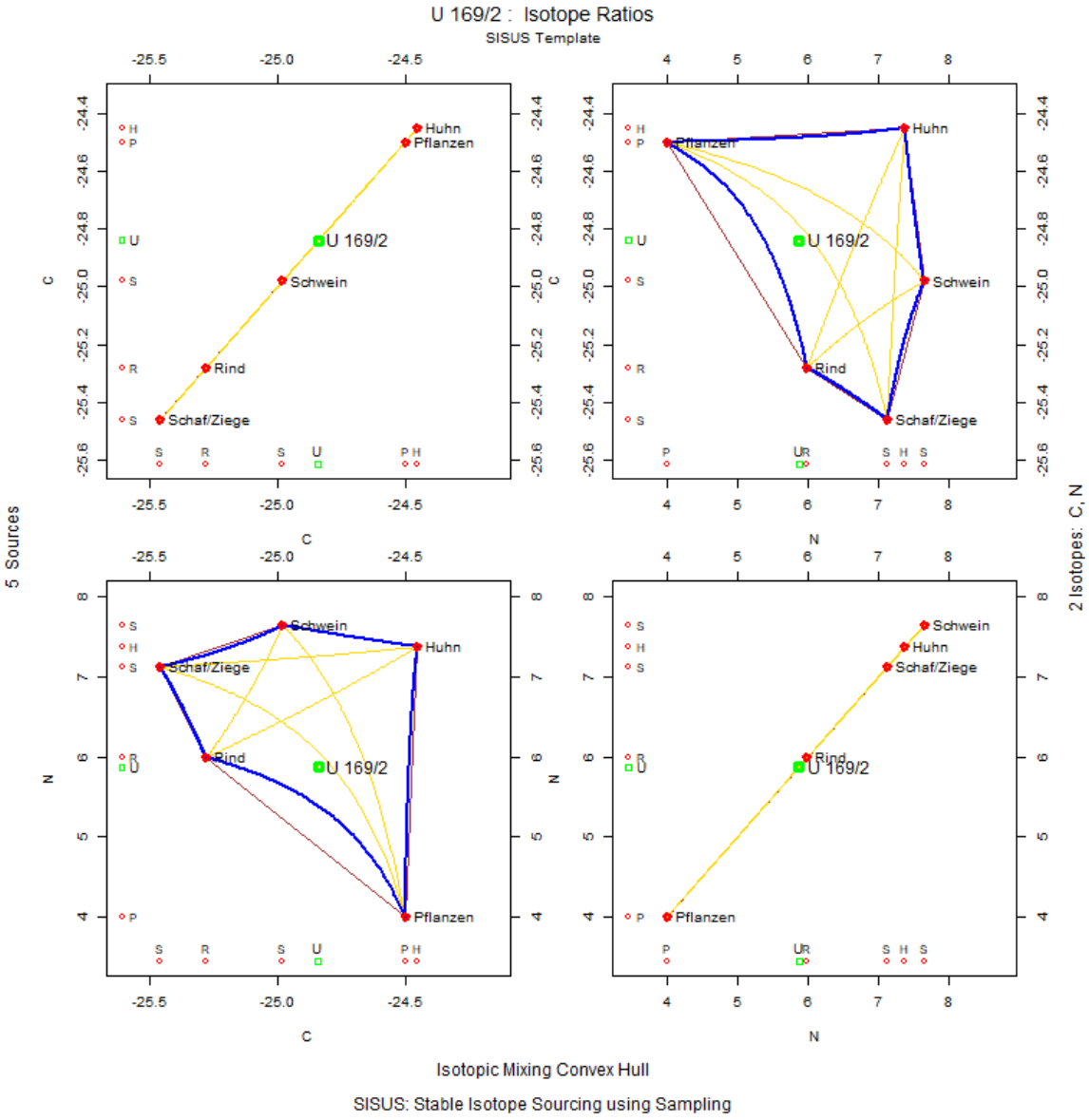


Abbildung 2038: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 169/2 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

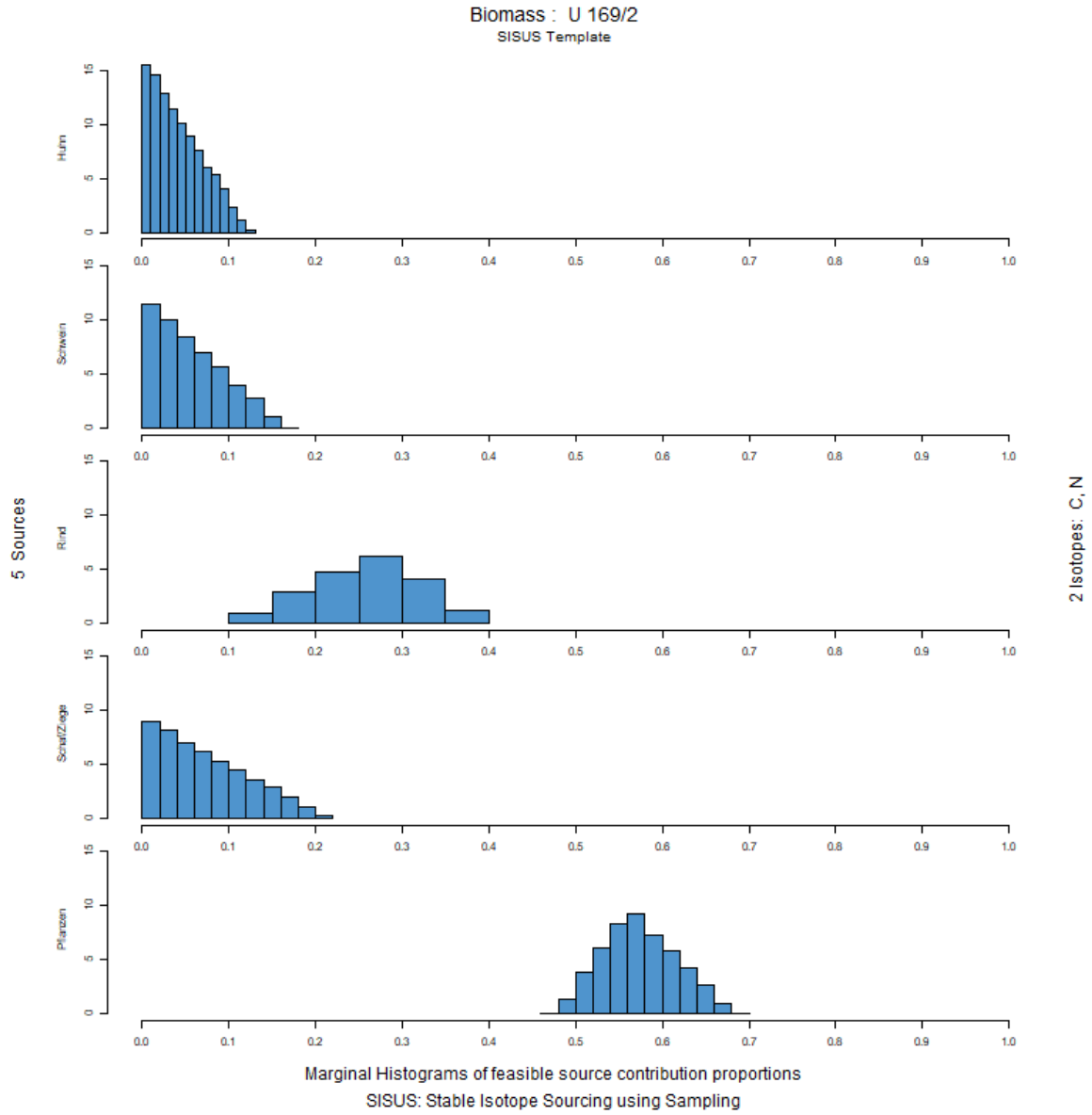


Abbildung 2039: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 169/2. Erstellt mit SISUS.

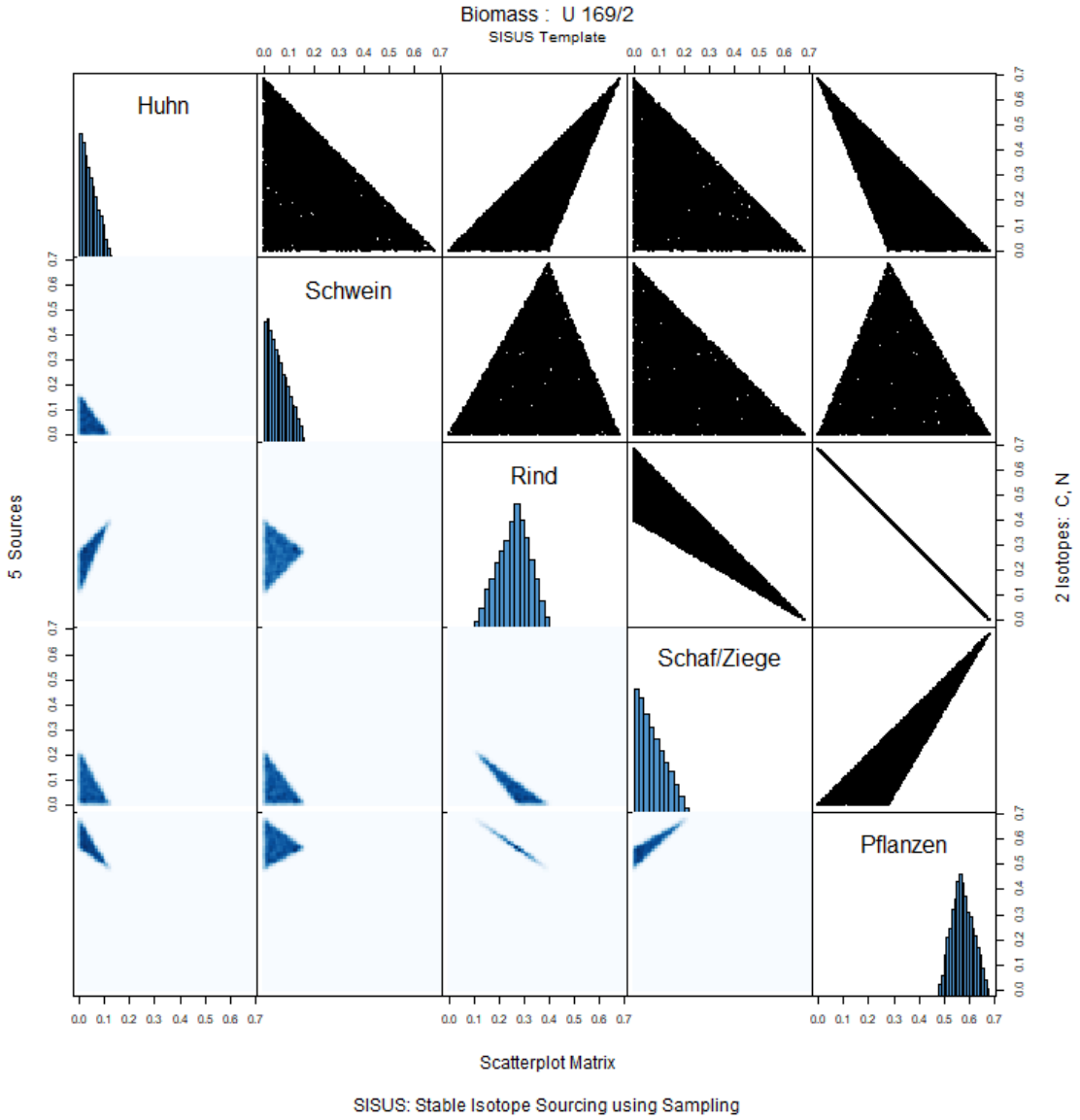


Abbildung 2040: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 169/2. Erstellt mit SISUS.

U174

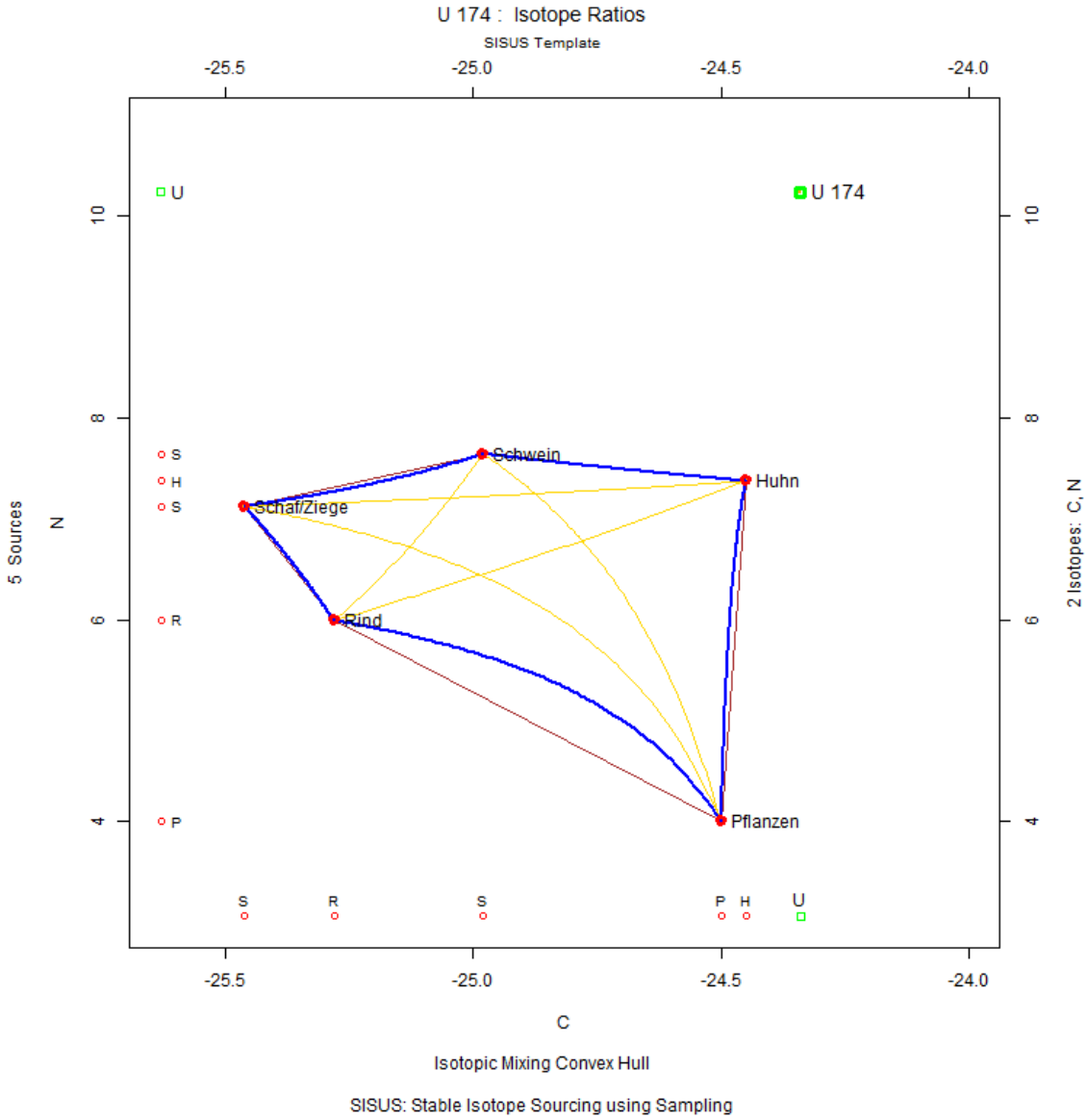


Abbildung 2041: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 174. Erstellt mit SISUS.

U198

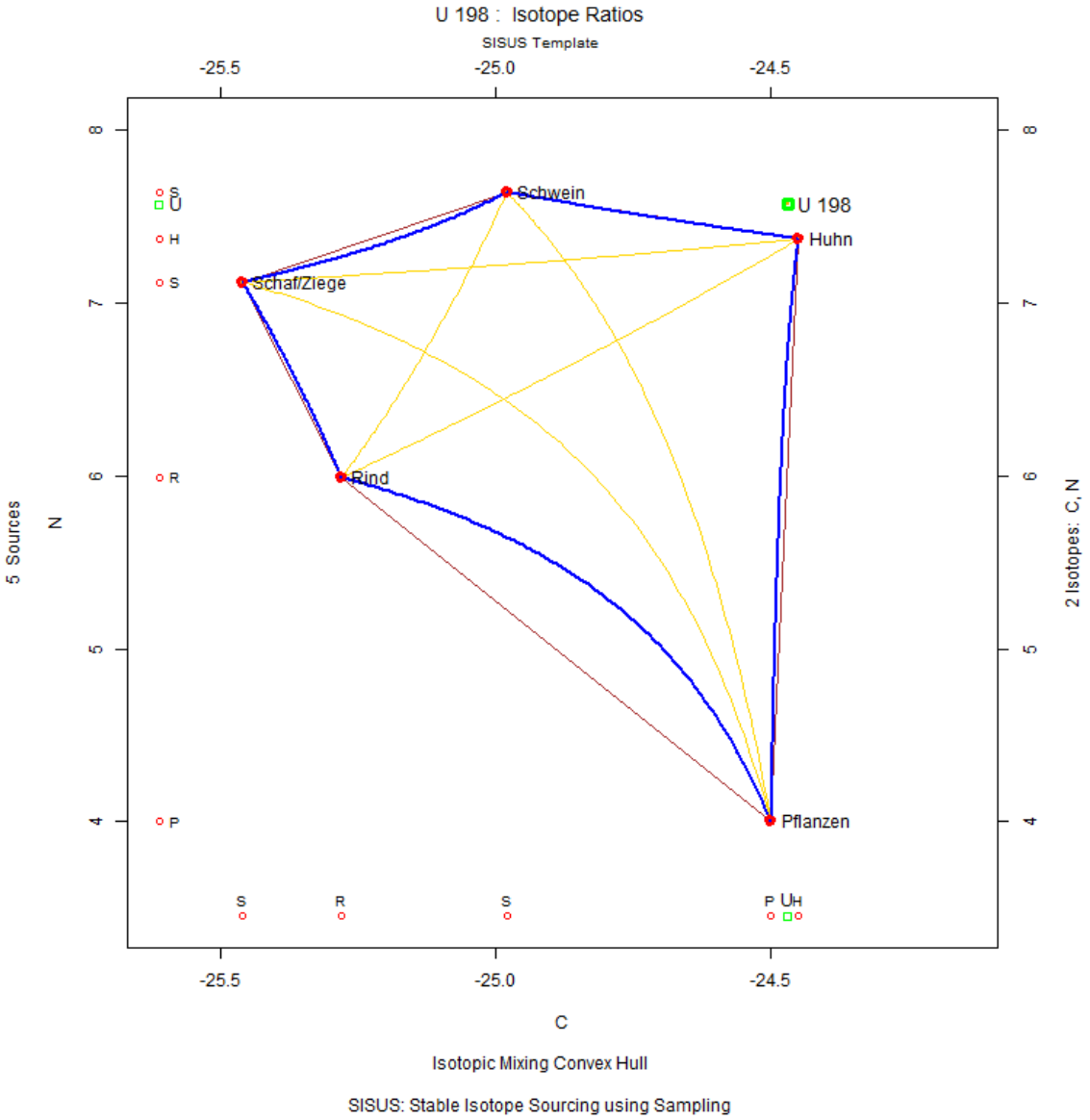


Abbildung 2042: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 198. Erstellt mit SISUS.

U200

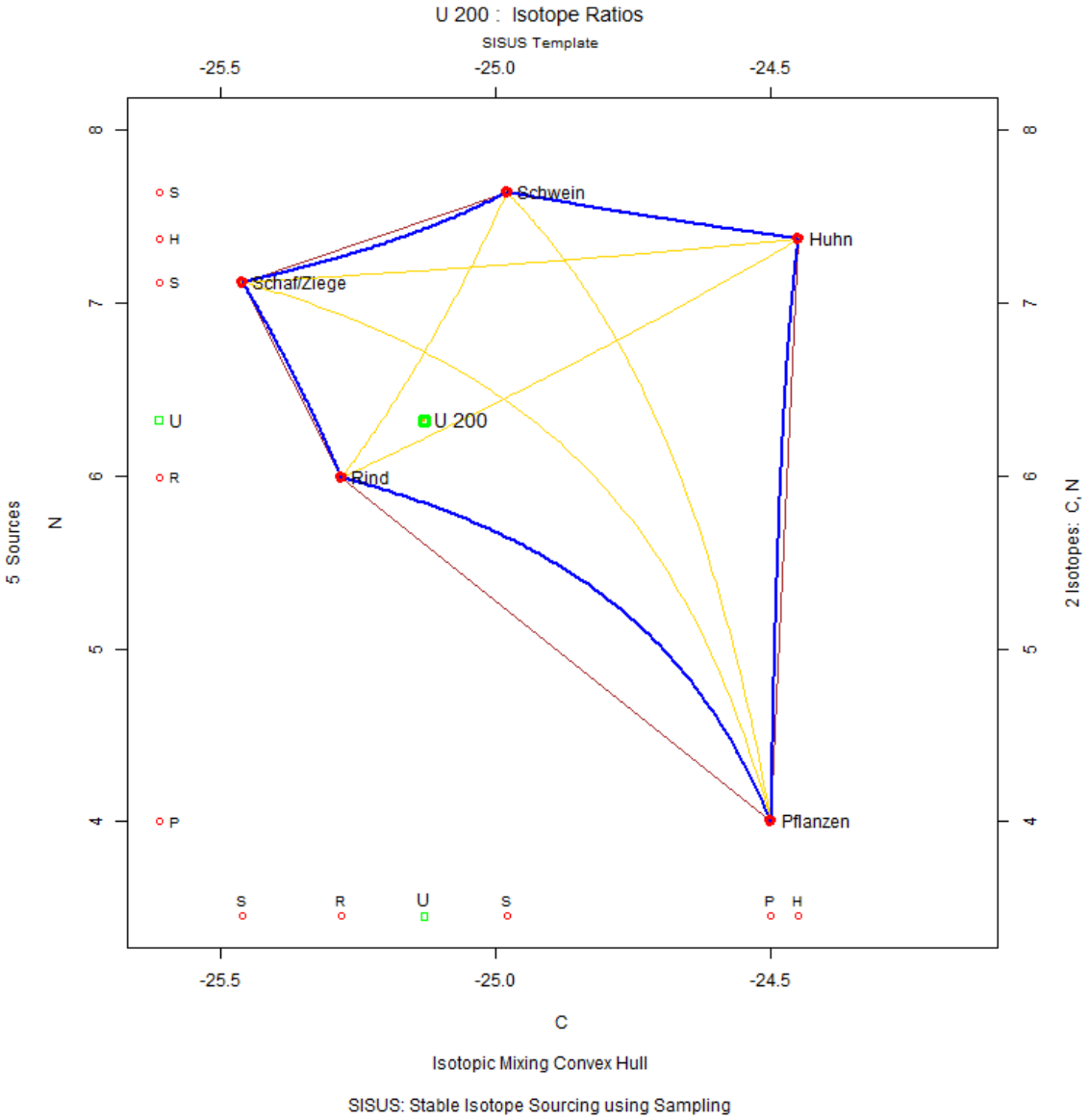


Abbildung 2043: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 200. Erstellt mit SISUS.

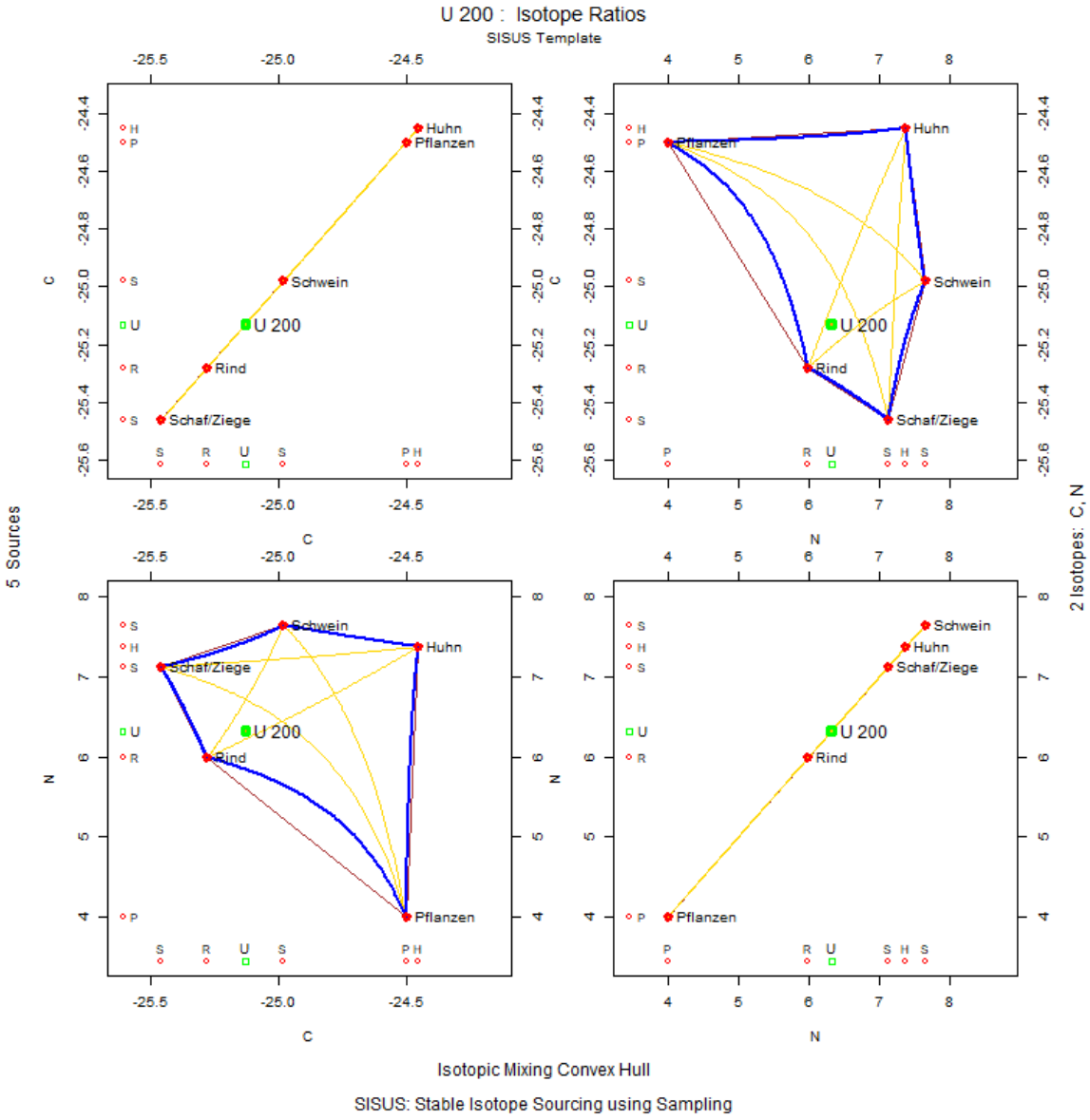


Abbildung 2044: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 200 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

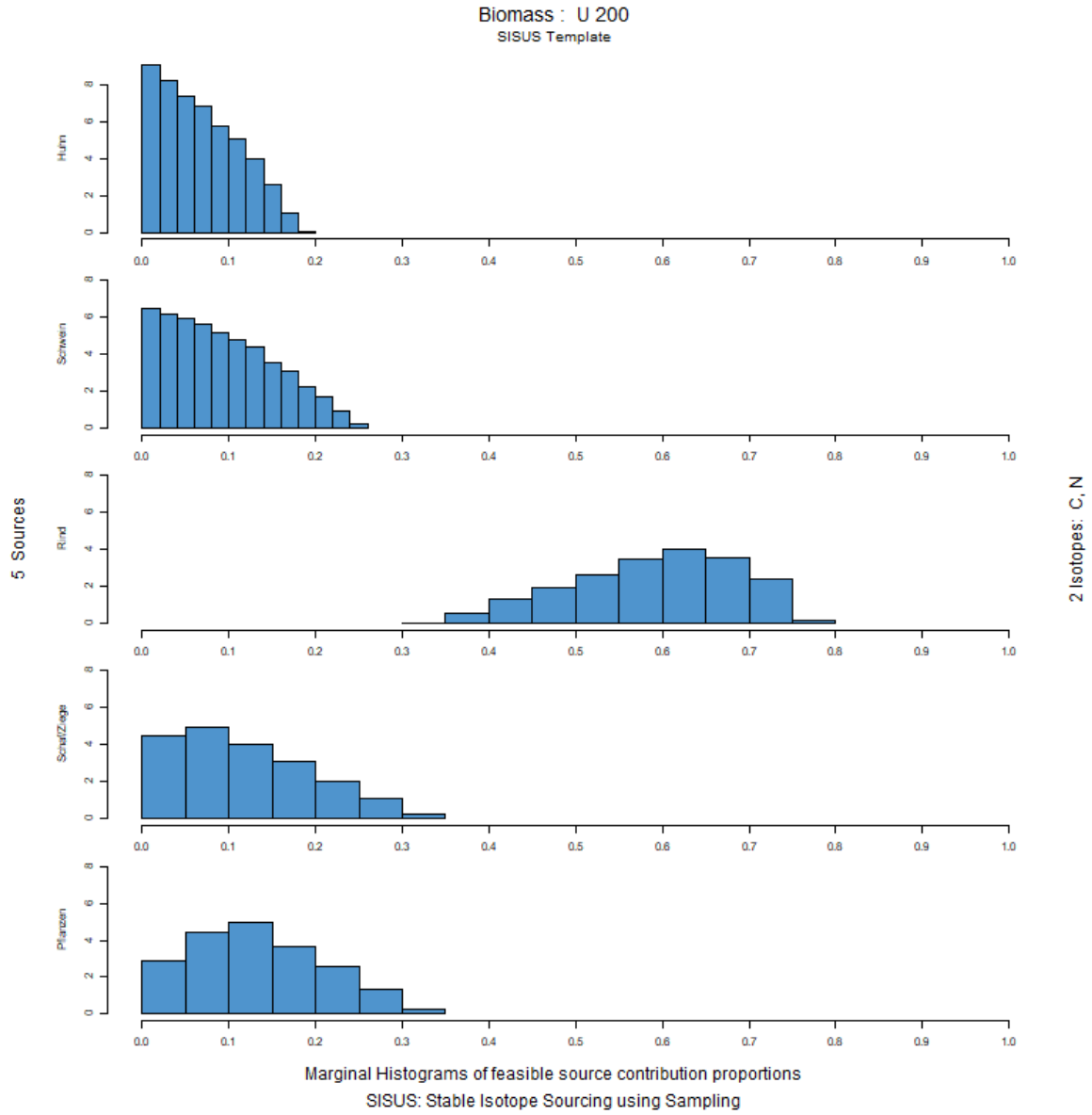


Abbildung 2045: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 200. Erstellt mit SISUS.

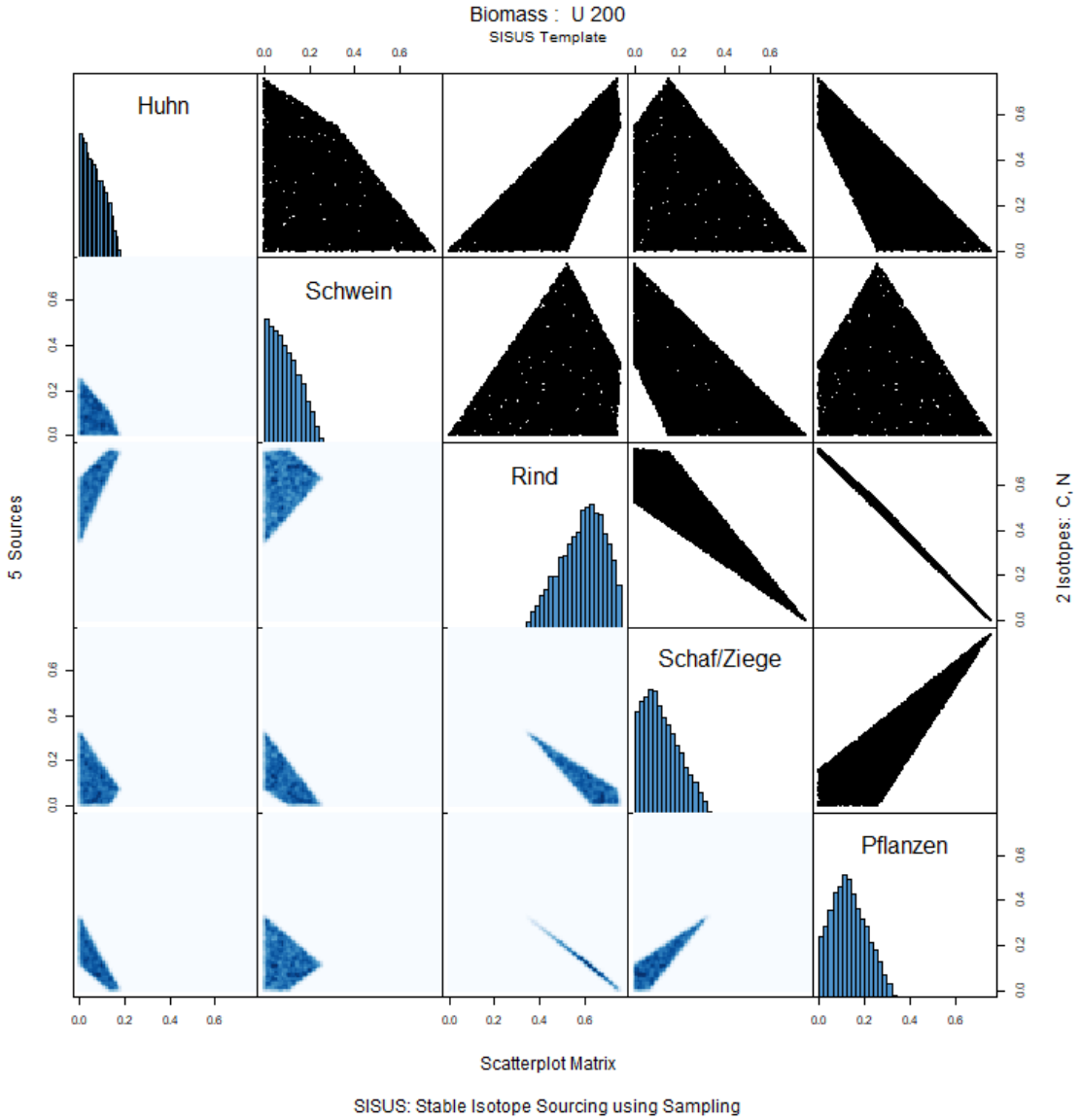


Abbildung 2046: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 200. Erstellt mit SISUS.

U205

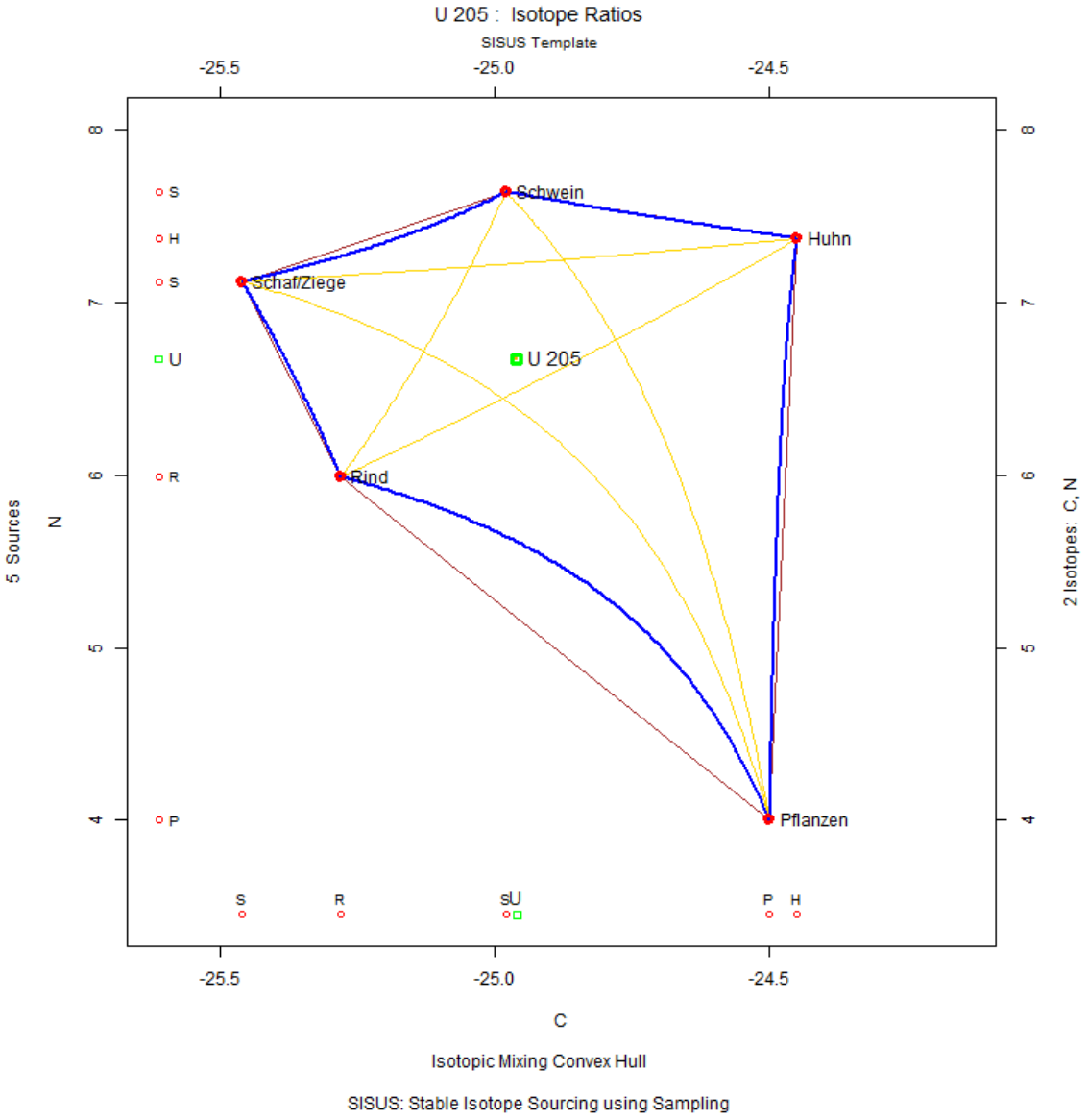


Abbildung 2047: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 205. Erstellt mit SISUS.

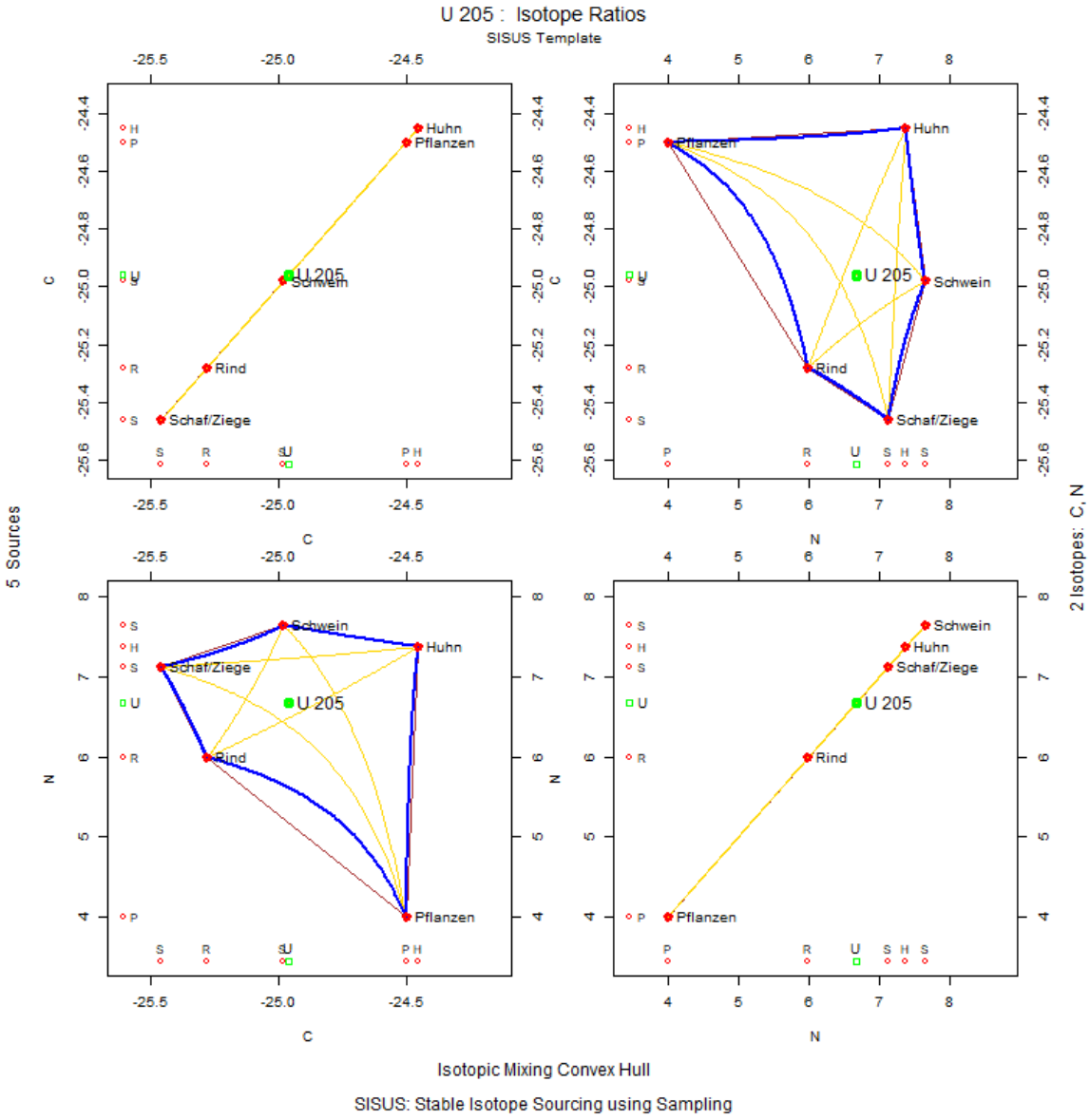


Abbildung 2048: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 205 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

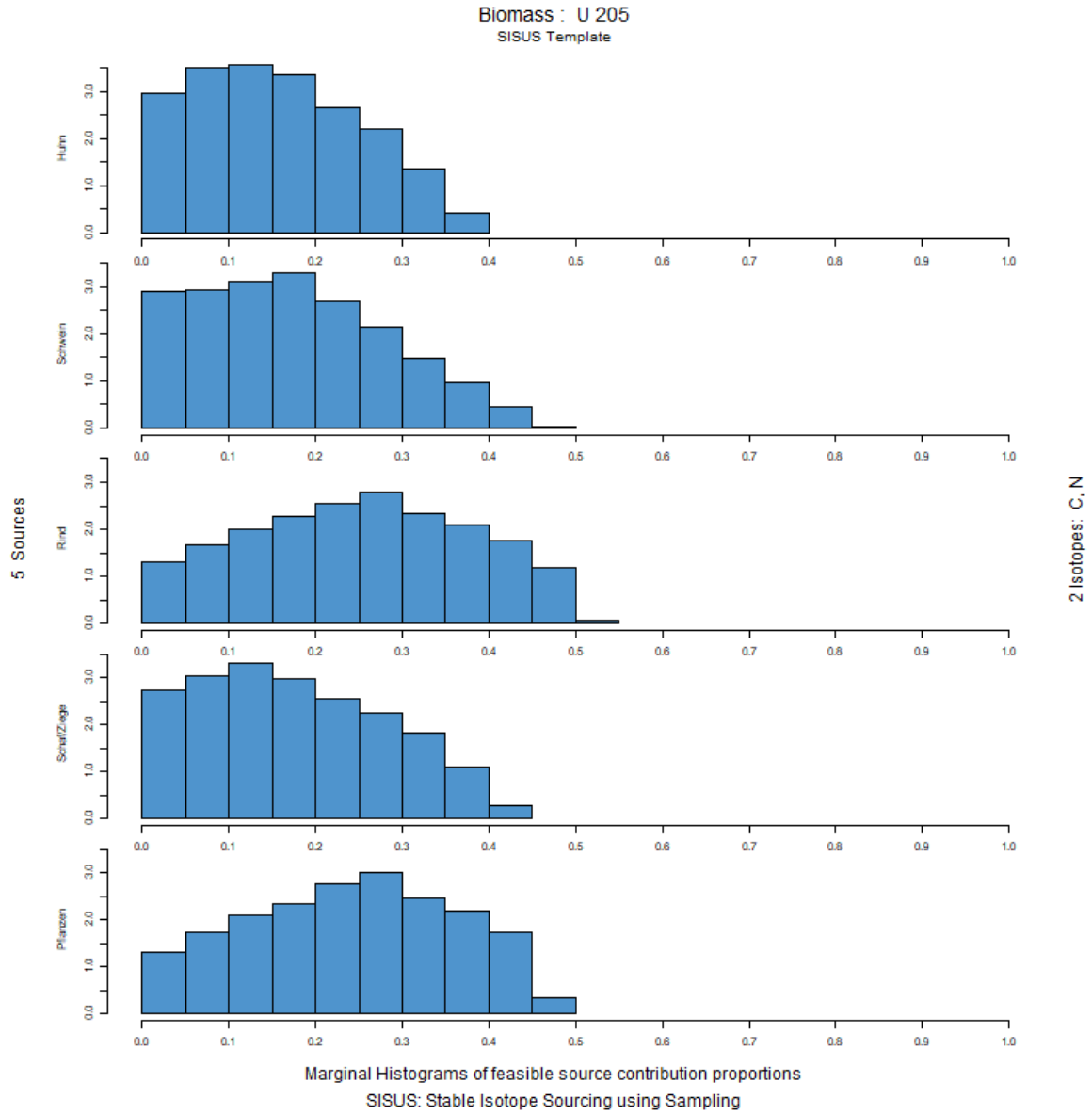


Abbildung 2049: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 205. Erstellt mit SISUS.

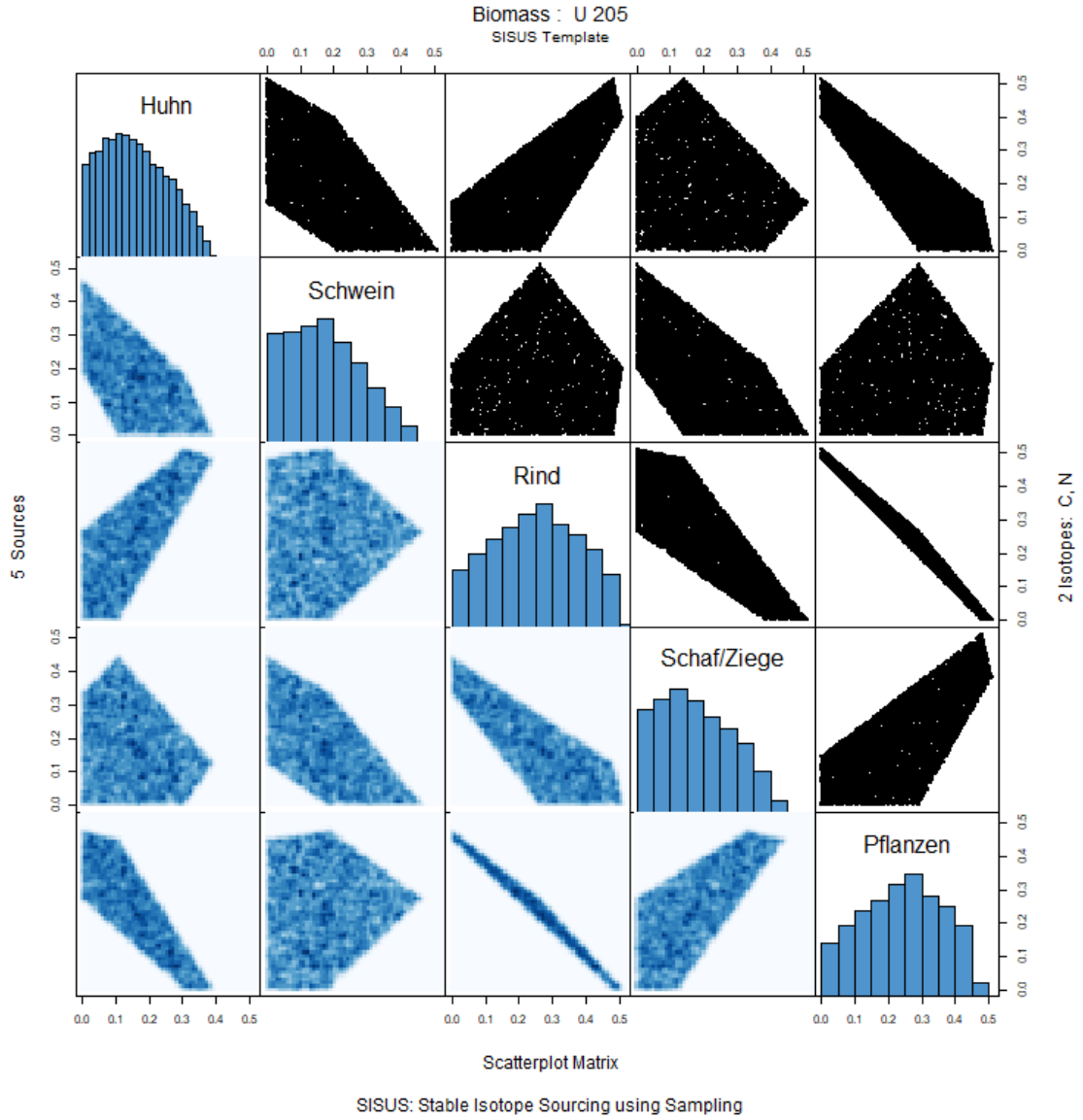


Abbildung 2050: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 205. Erstellt mit SISUS.

U214

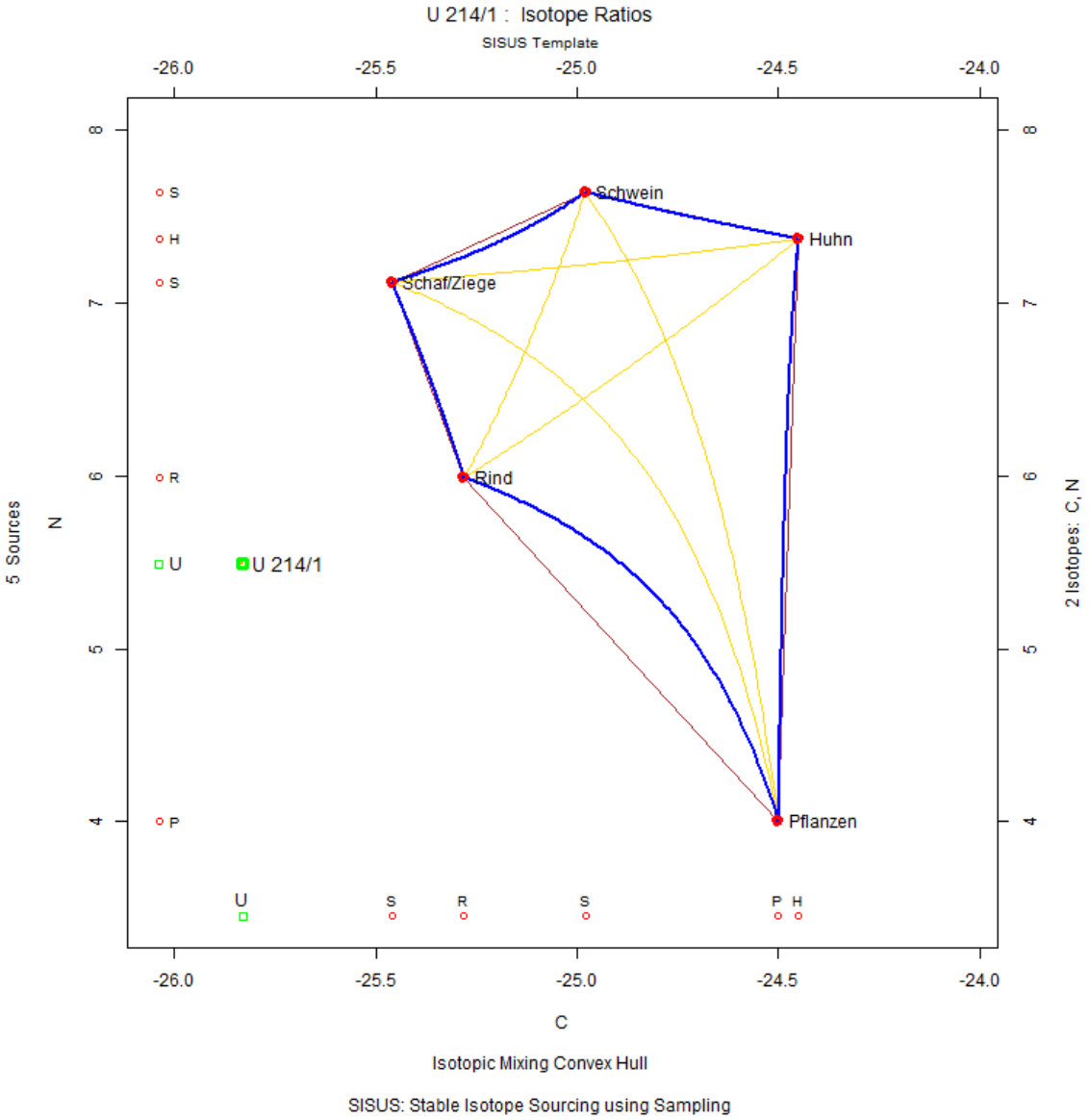


Abbildung 2051: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 214/1. Erstellt mit SISUS.

U225

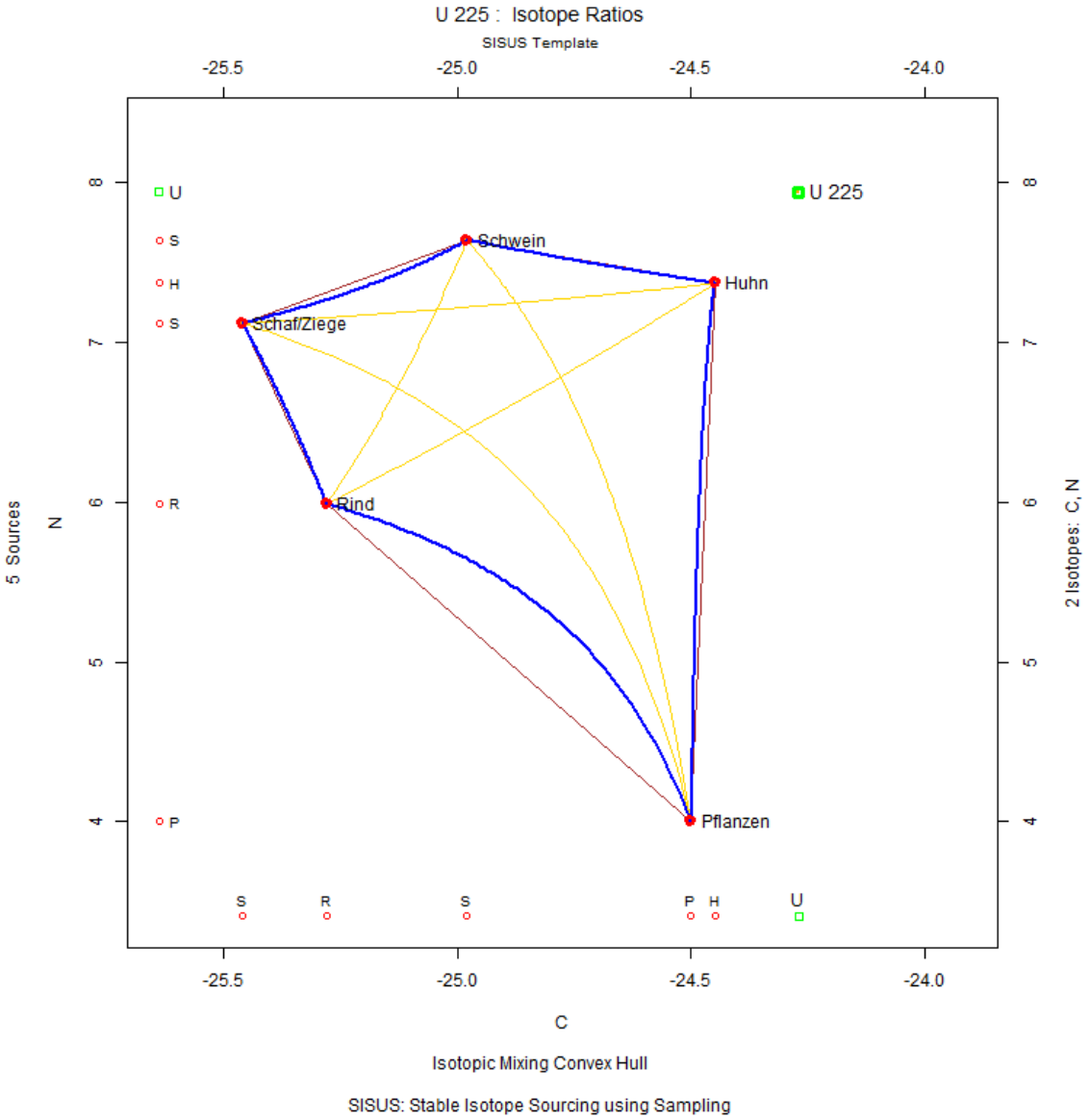


Abbildung 2052: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 225. Erstellt mit SISUS.

U226

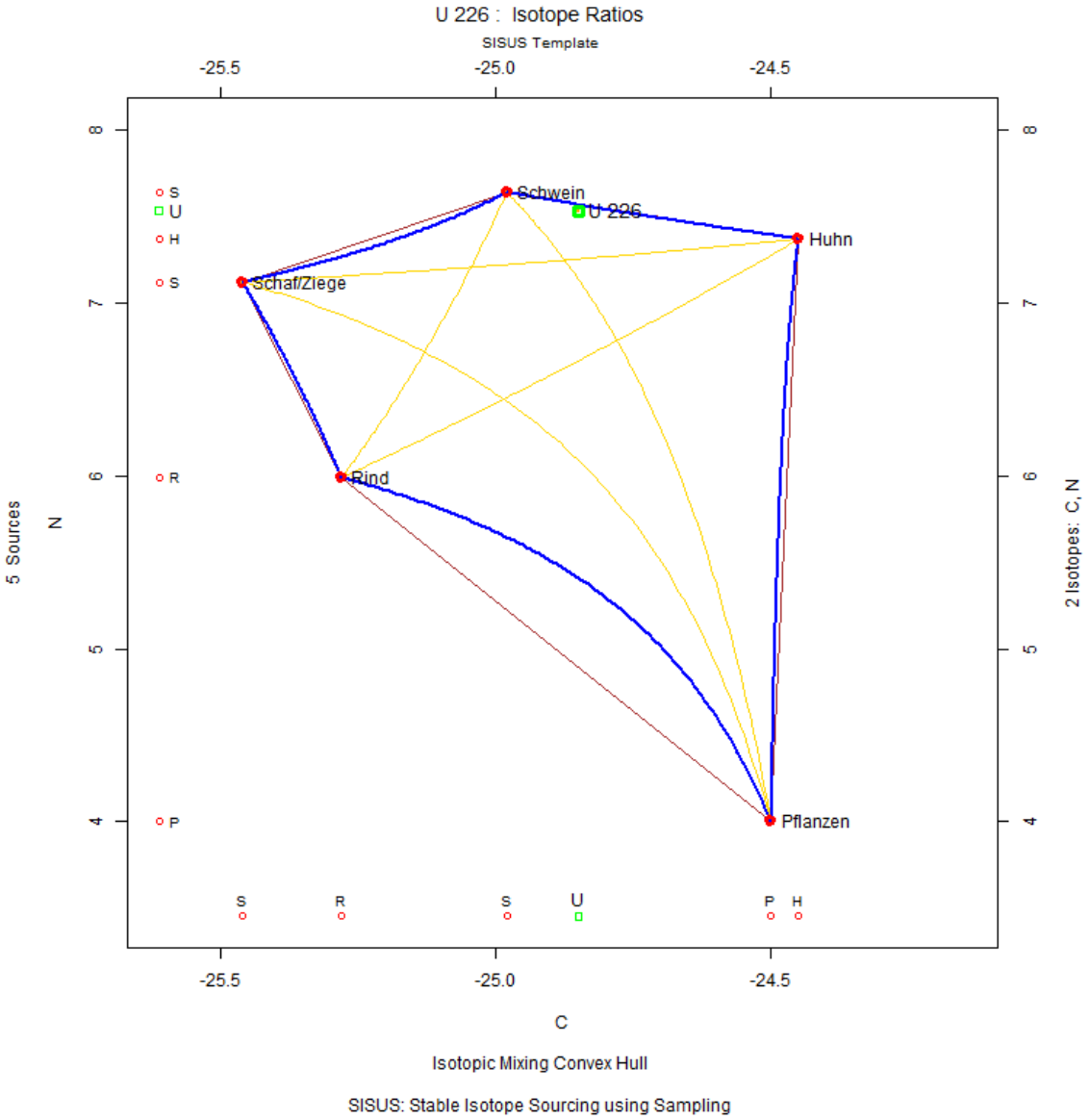


Abbildung 2053: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 226. Erstellt mit SISUS.

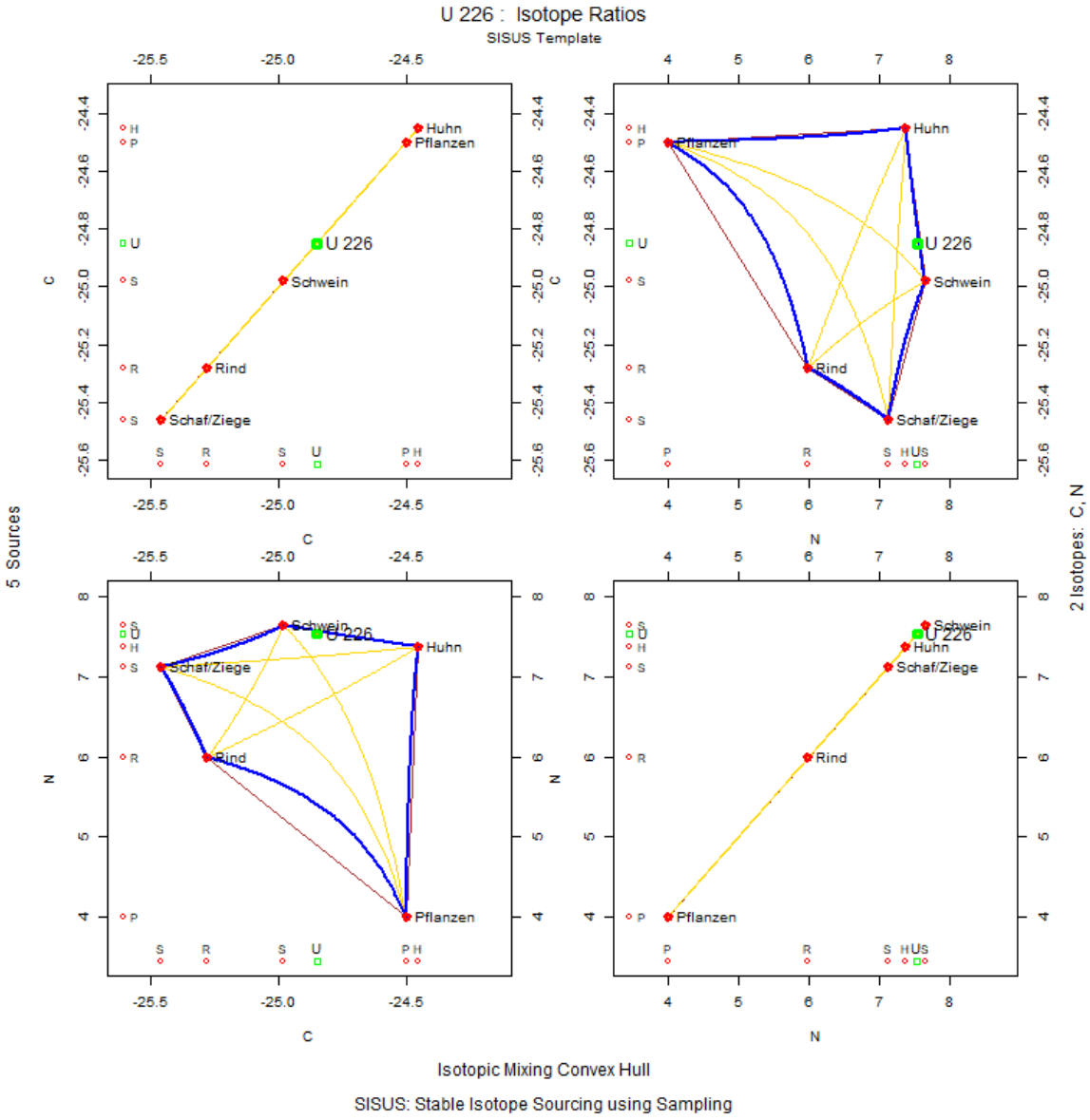


Abbildung 2054: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Unterigling (U) 226 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

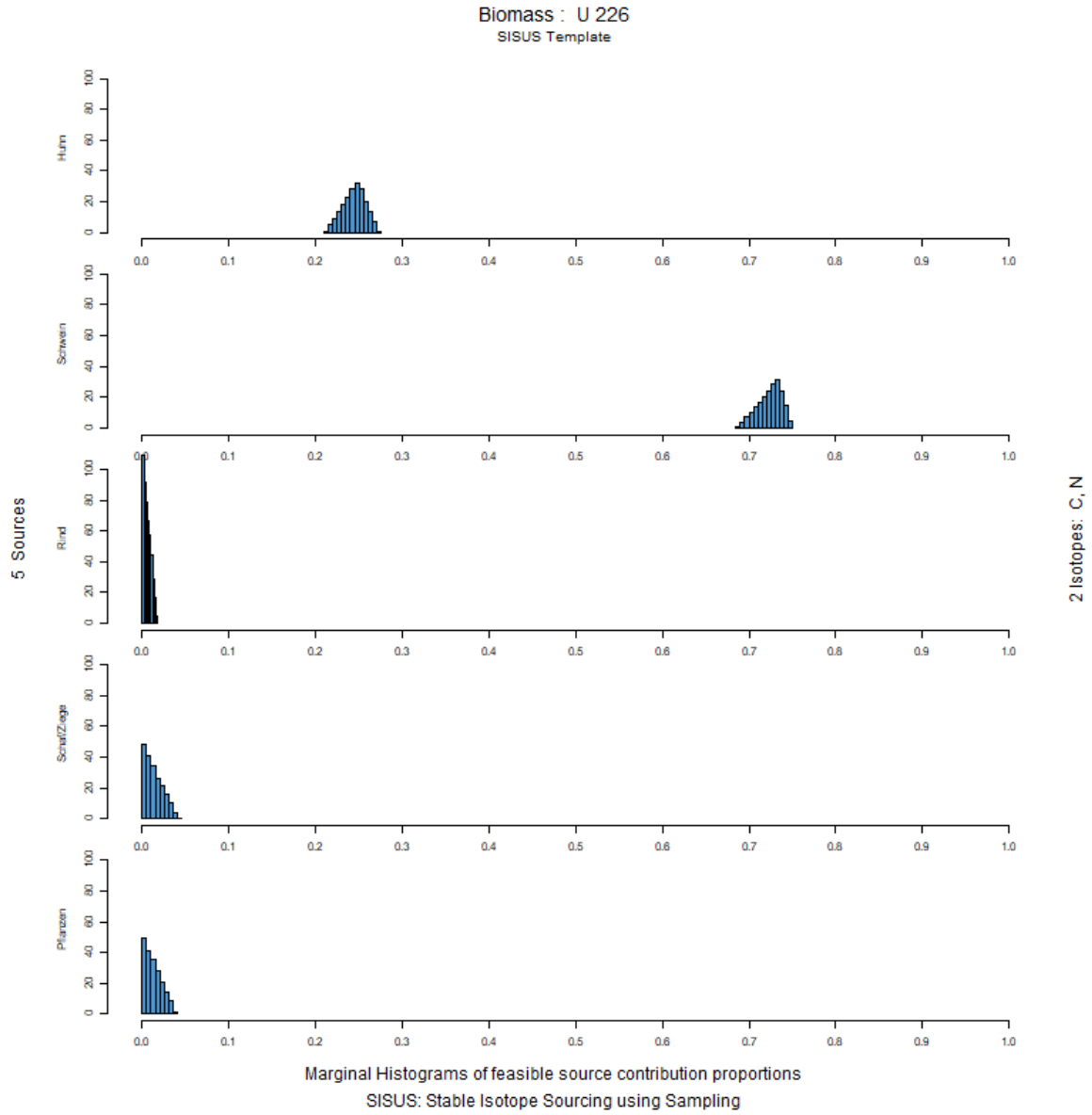


Abbildung 2055: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 226. Erstellt mit SISUS.

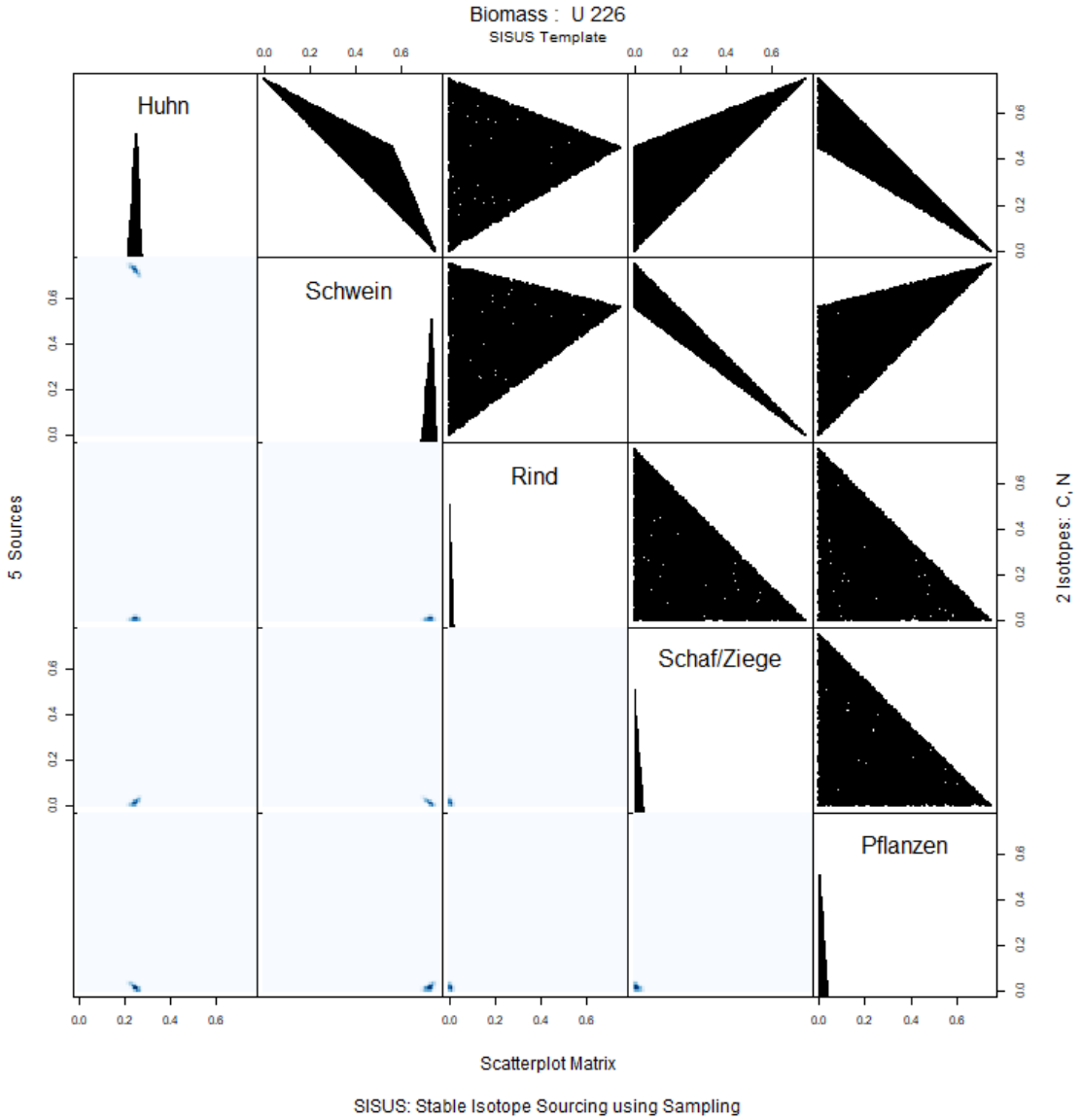


Abbildung 2056: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Unterigling (U) 226. Erstellt mit SISUS.

U228

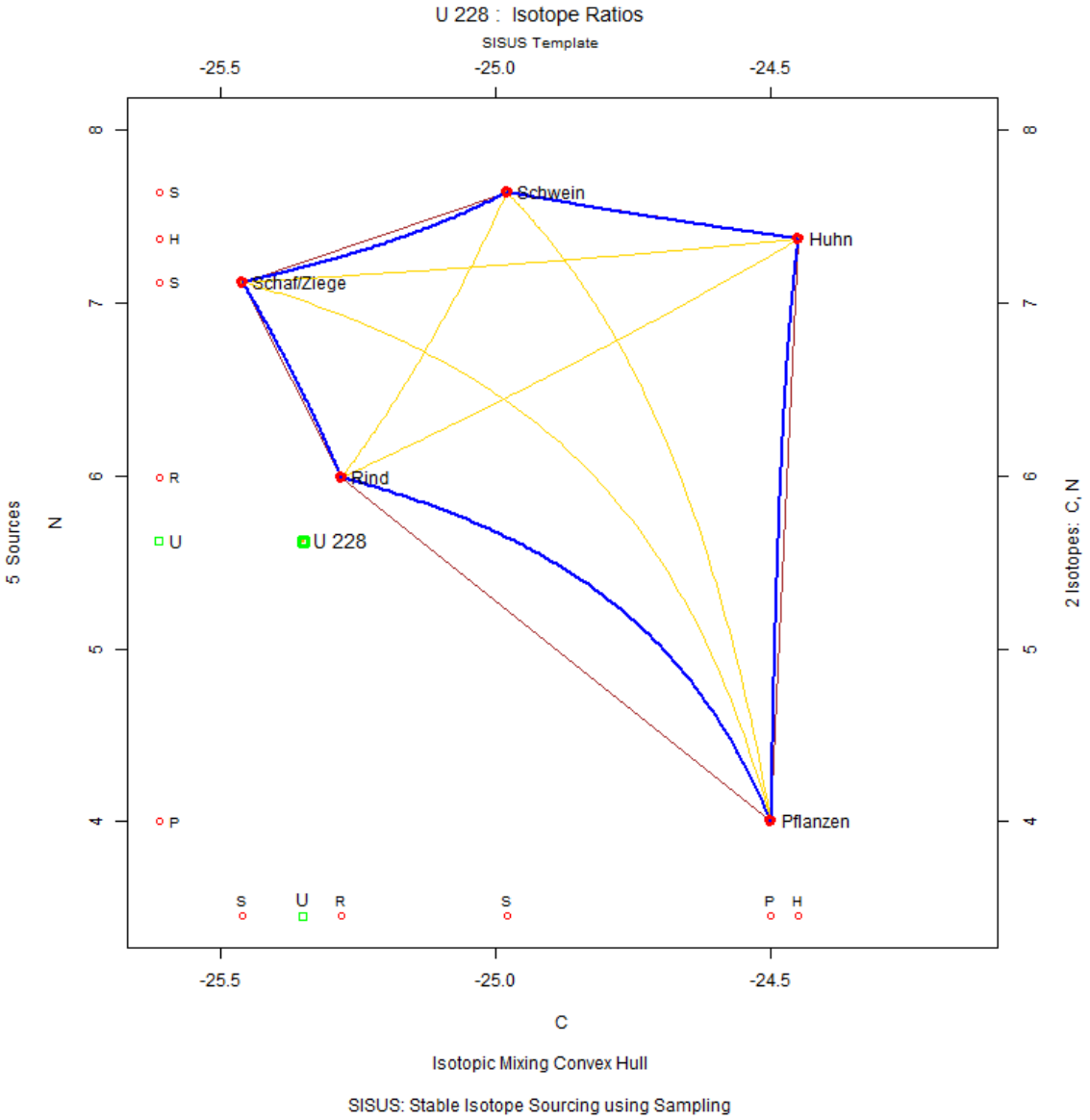


Abbildung 2057: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Unterigling (U) 228. Erstellt mit SISUS.

16.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 45: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Unterigling (U). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
U3	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U5 II	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U20/3	Huhn	0,0%	8,3%	5,4%	7,4%	23,6%	23,6%
	Pflanzen	38,0%	54,9%	6,6%	55,2%	67,5%	29,4%
	Rind	0,0%	16,5%	8,6%	16,3%	38,4%	38,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,4%	7,0%	9,5%	27,9%	27,9%
	Schwein	0,0%	9,8%	6,6%	8,9%	27,7%	27,7%
U23	Huhn	0,9%	6,0%	2,0%	6,1%	10,5%	9,6%
	Pflanzen	79,4%	83,1%	1,3%	83,4%	85,5%	6,1%
	Rind	0,0%	3,4%	2,4%	3,0%	10,1%	10,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,7%	1,9%	2,3%	8,0%	8,0%
	Schwein	0,0%	4,8%	3,4%	4,3%	14,5%	14,5%
U35 II	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U45	Huhn	0,0%	5,8%	3,2%	5,7%	14,1%	14,1%
	Pflanzen	66,5%	74,3%	2,9%	74,6%	79,3%	12,8%
	Rind	0,0%	7,2%	4,5%	6,7%	19,5%	19,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,5%	3,6%	5,0%	15,0%	15,0%
	Schwein	0,0%	7,2%	4,8%	6,5%	19,4%	19,4%
U46	Huhn	2,9%	14,9%	4,7%	15,1%	25,9%	23,0%
	Pflanzen	54,1%	64,2%	3,6%	64,9%	69,7%	15,7%
	Rind	0,0%	6,7%	4,7%	5,9%	20,0%	20,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,1%	3,6%	4,4%	15,3%	15,3%
	Schwein	0,0%	9,1%	6,5%	8,0%	27,3%	27,3%
U54	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U57 II	Huhn	0,0%	23,4%	11,9%	23,2%	50,4%	50,4%
	Pflanzen	0,0%	26,4%	11,7%	28,1%	47,1%	47,1%
	Rind	0,0%	17,7%	11,1%	16,3%	43,5%	43,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,2%	8,5%	12,1%	36,4%	36,4%
	Schwein	0,0%	19,3%	12,3%	17,7%	50,6%	50,6%
U70	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

U72	Huhn	0,0%	12,1%	8,4%	10,7%	34,0%	34,0%
	Pflanzen	0,0%	26,3%	12,0%	26,4%	53,9%	53,9%
	Rind	0,0%	33,3%	14,1%	33,8%	63,1%	63,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,8%	11,0%	13,9%	45,1%	45,1%
	Schwein	0,0%	12,5%	8,8%	11,0%	37,5%	37,5%
U76 II	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U79	Huhn	4,1%	36,0%	11,5%	37,6%	58,8%	54,7%
	Pflanzen	0,0%	14,0%	8,2%	13,7%	35,1%	35,1%
	Rind	0,0%	9,2%	5,8%	8,6%	23,4%	23,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	14,6%	9,3%	13,8%	36,4%	36,4%
	Schwein	0,0%	26,4%	14,4%	26,7%	60,8%	60,8%
U81	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U86	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U94	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U95	Huhn	10,7%	11,7%	0,4%	11,7%	12,5%	1,8%
	Pflanzen	85,6%	86,3%	0,2%	86,3%	86,7%	1,1%
	Rind	0,0%	0,6%	0,4%	0,6%	1,9%	1,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,5%	0,4%	0,4%	1,5%	1,5%
	Schwein	0,0%	0,9%	0,7%	0,8%	2,8%	2,8%
U106	Huhn	11,2%	12,8%	0,6%	12,8%	14,2%	3,0%
	Pflanzen	82,7%	83,9%	0,4%	84,0%	84,6%	1,9%
	Rind	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	3,1%	3,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,8%	0,6%	0,7%	2,5%	2,5%
	Schwein	0,0%	1,5%	1,0%	1,3%	4,4%	4,4%
U108/3	Huhn	0,0%	8,2%	5,8%	7,1%	24,6%	24,6%
	Pflanzen	10,0%	30,5%	8,5%	30,4%	51,6%	41,6%
	Rind	13,1%	40,4%	10,7%	40,8%	65,4%	52,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,7%	8,3%	10,2%	35,4%	35,4%
	Schwein	0,0%	9,3%	6,5%	8,2%	27,6%	27,6%
U115	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U117	Huhn	0,0%	0,1%	0,1%	0,1%	0,2%	0,2%
	Pflanzen	82,3%	82,5%	0,1%	82,5%	82,7%	0,4%
	Rind	16,8%	17,1%	0,1%	17,1%	17,4%	0,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,2%	0,1%	0,2%	0,5%	0,5%
	Schwein	0,0%	0,1%	0,1%	0,1%	0,4%	0,4%

U152	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U167/1	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U169/2	Huhn	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,4%	12,4%
	Pflanzen	47,8%	57,4%	4,2%	57,1%	68,2%	68,2%
	Rind	10,2%	25,8%	6,1%	26,2%	39,8%	29,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,2%	5,1%	6,2%	21,6%	21,6%
	Schwein	0,0%	5,5%	3,9%	4,8%	16,3%	16,3%
U174	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U198	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U200	Huhn	0,0%	6,7%	4,5%	6,1%	18,4%	18,4%
	Pflanzen	0,0%	13,3%	7,4%	12,7%	33,0%	33,0%
	Rind	33,8%	59,1%	9,4%	60,1%	75,8%	41,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,8%	7,7%	10,6%	33,1%	33,1%
	Schwein	0,0%	9,1%	6,1%	8,3%	25,7%	25,7%
U205	Huhn	0,0%	15,8%	9,5%	14,9%	39,3%	39,3%
	Pflanzen	0,0%	24,0%	11,9%	24,5%	47,6%	47,6%
	Rind	0,0%	25,1%	12,8%	25,4%	51,2%	51,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,6%	10,7%	16,6%	44,3%	44,3%
	Schwein	0,0%	17,4%	10,8%	16,6%	46,4%	46,4%
U214/1	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U225	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
U226	Huhn	21,3%	24,4%	1,2%	24,5%	27,3%	6,0%
	Pflanzen	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,8%	3,8%
	Rind	0,0%	0,6%	0,4%	0,5%	1,8%	1,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,3%	1,0%	1,2%	4,1%	4,1%
	Schwein	68,7%	72,4%	1,3%	72,6%	74,9%	6,3%
U228	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x

17 Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) – Regensburg

17.1 IsoConc: Abbildungen

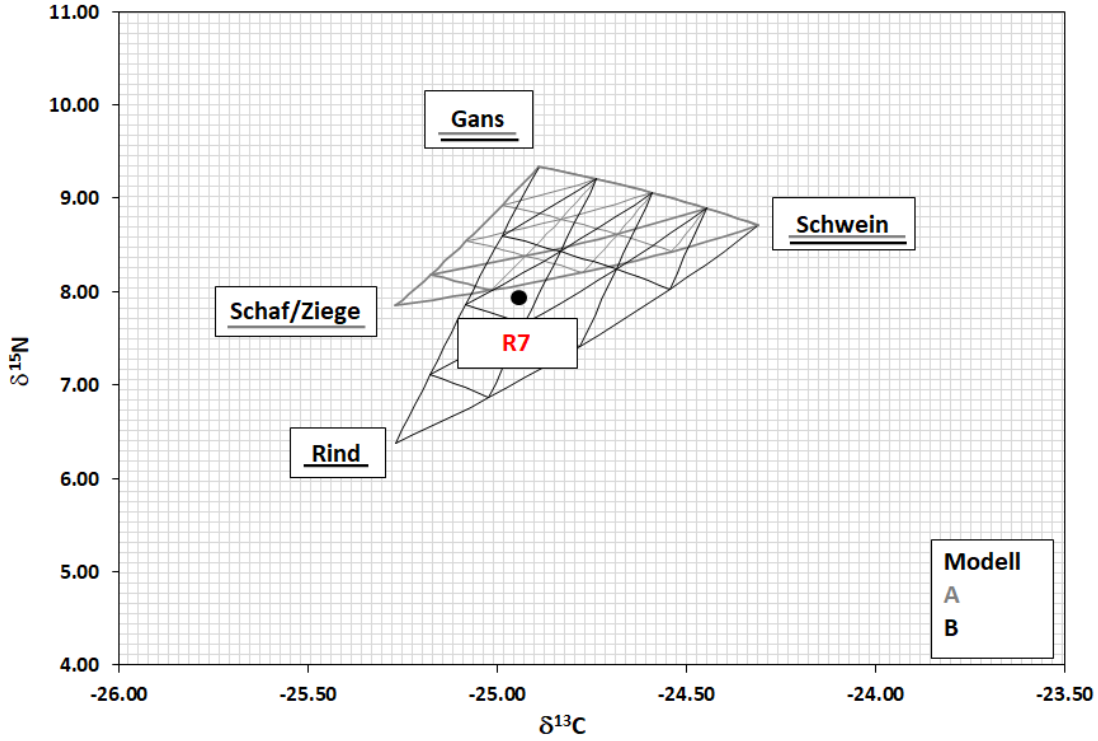


Abbildung 2058: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 7. Erstellt mit IsoConc.

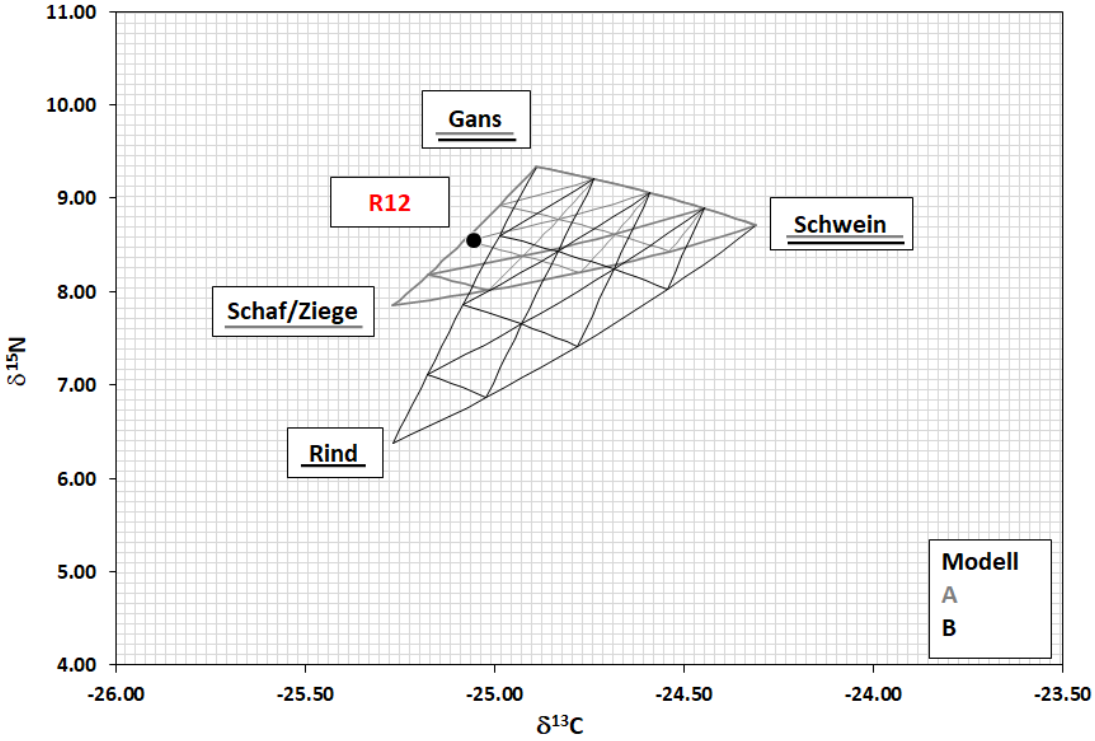


Abbildung 2059: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12. Erstellt mit IsoConc.

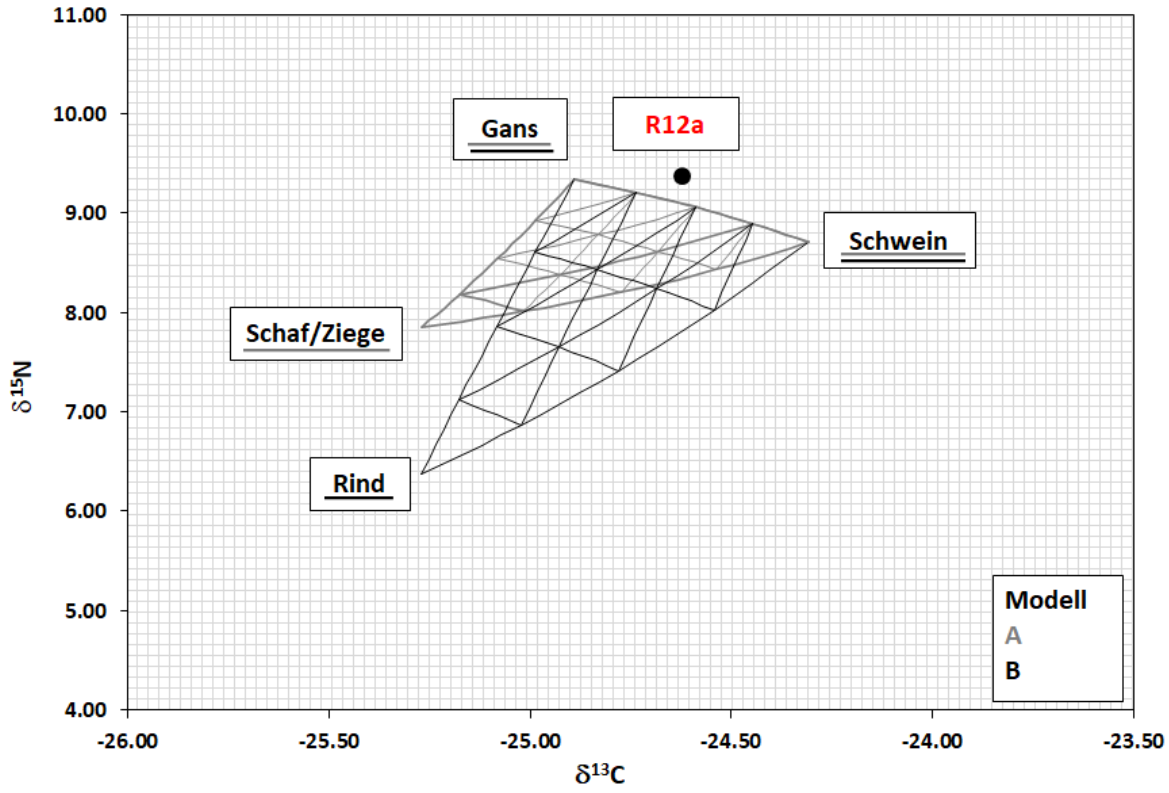


Abbildung 2060: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12a. Erstellt mit IsoConc.

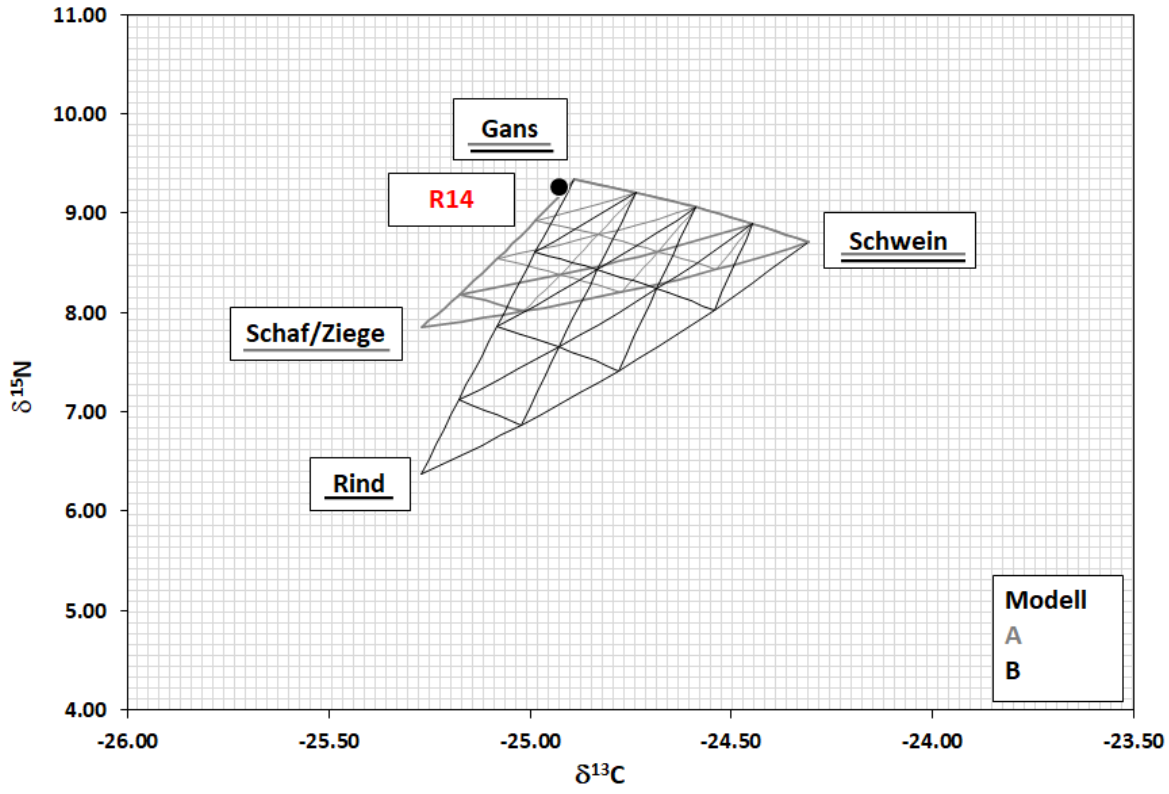


Abbildung 2061: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 14. Erstellt mit IsoConc.

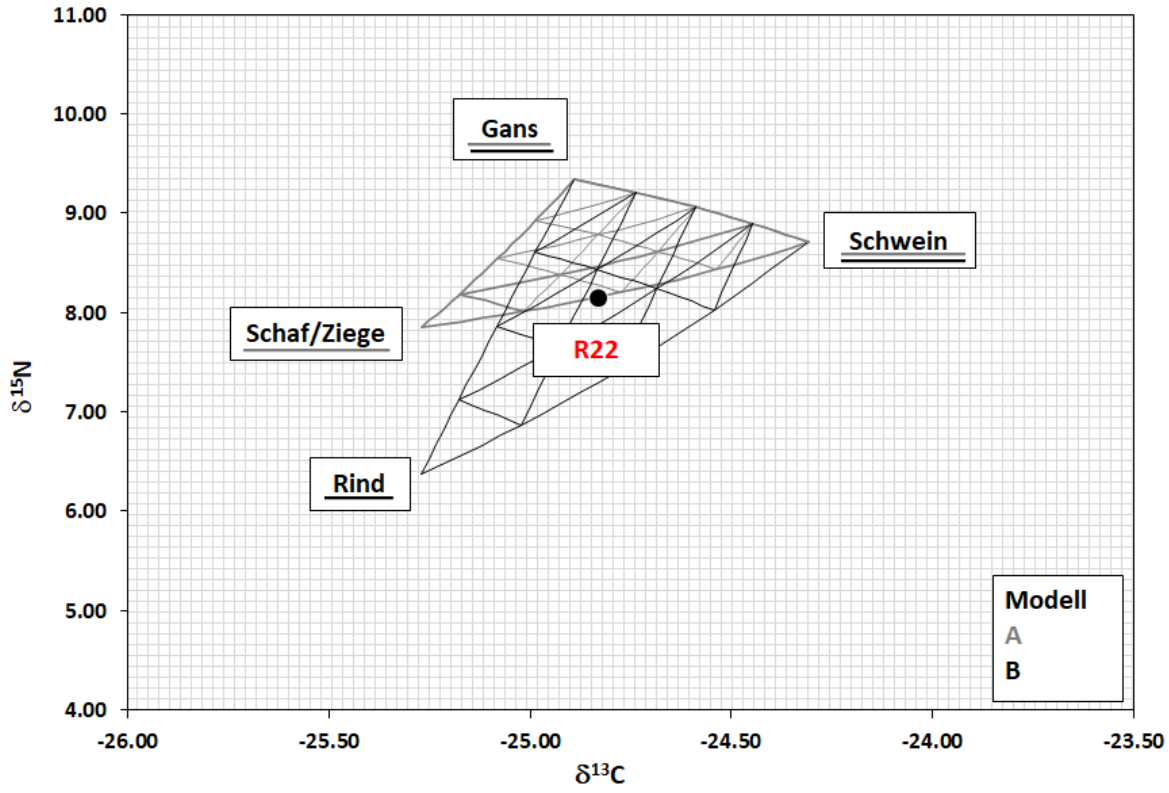


Abbildung 2062: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 22. Erstellt mit IsoConc.

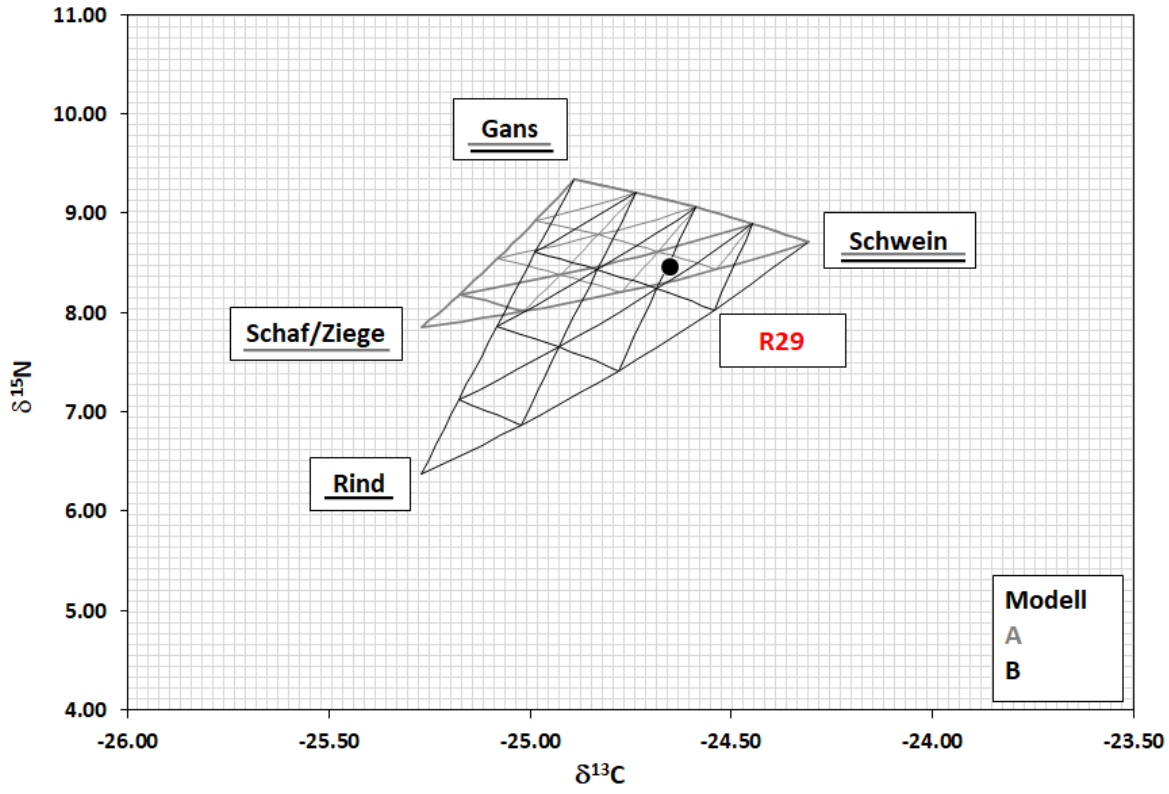


Abbildung 2063: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 29. Erstellt mit IsoConc.

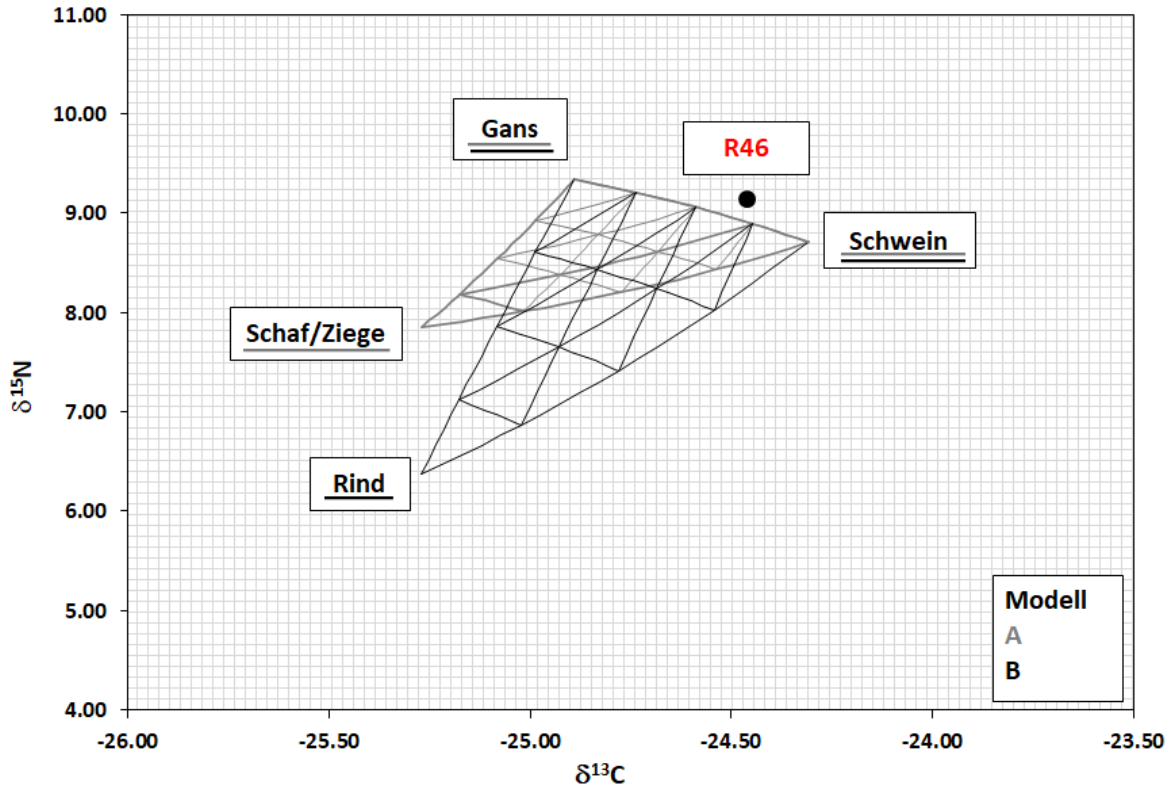


Abbildung 2064: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 46. Erstellt mit IsoConc.

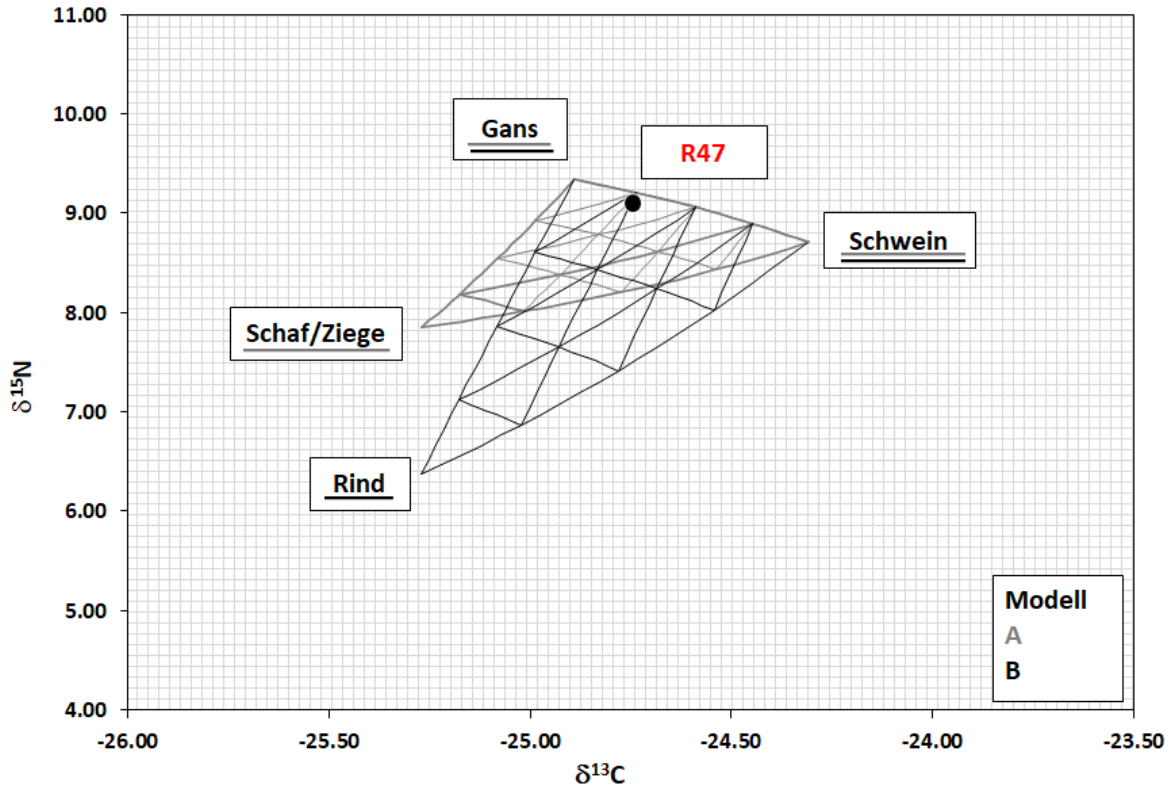


Abbildung 2065: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 47. Erstellt mit IsoConc.

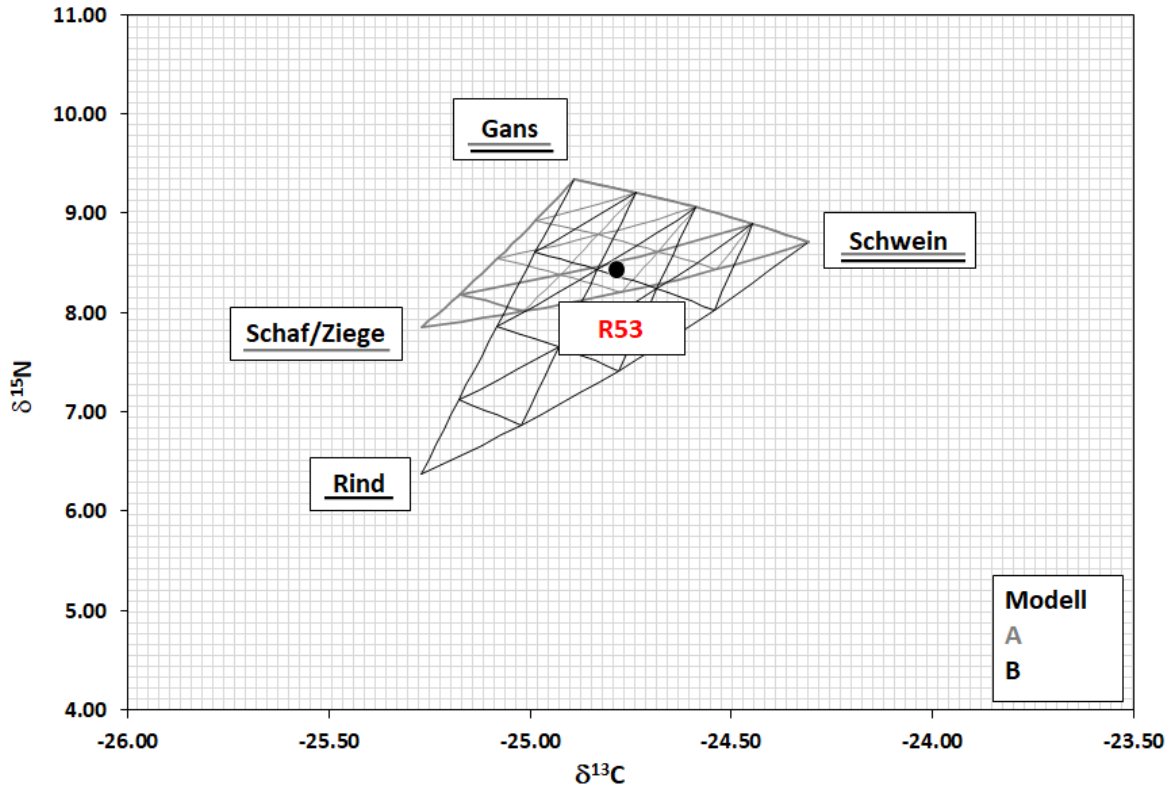


Abbildung 2066: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 53. Erstellt mit IsoConc.

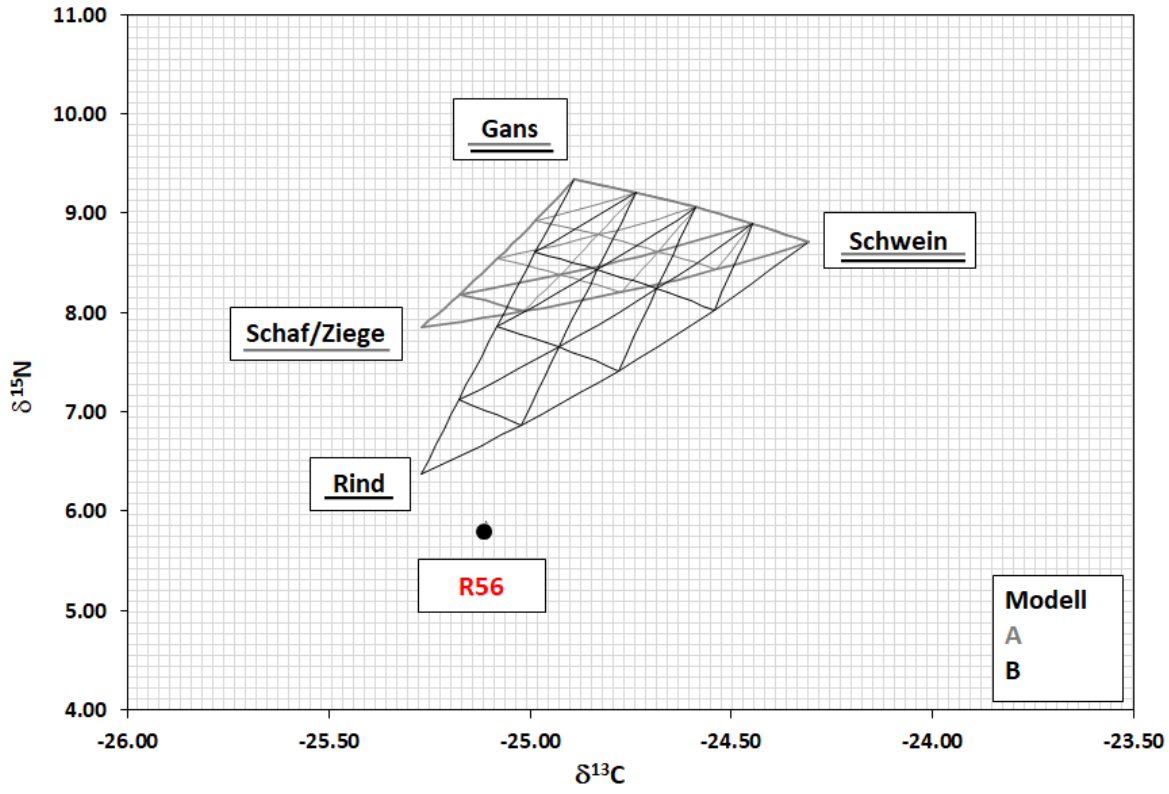


Abbildung 2067 Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 56. Erstellt mit IsoConc.

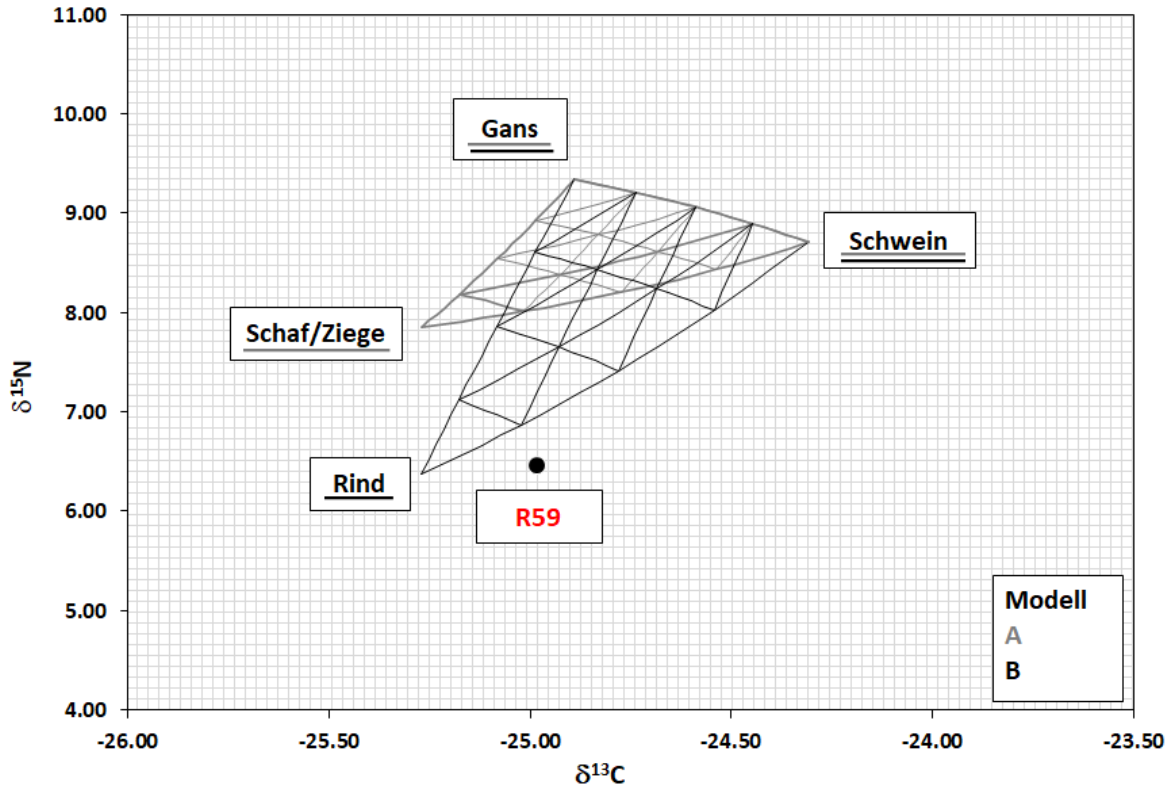


Abbildung 2068: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 59. Erstellt mit IsoConc.

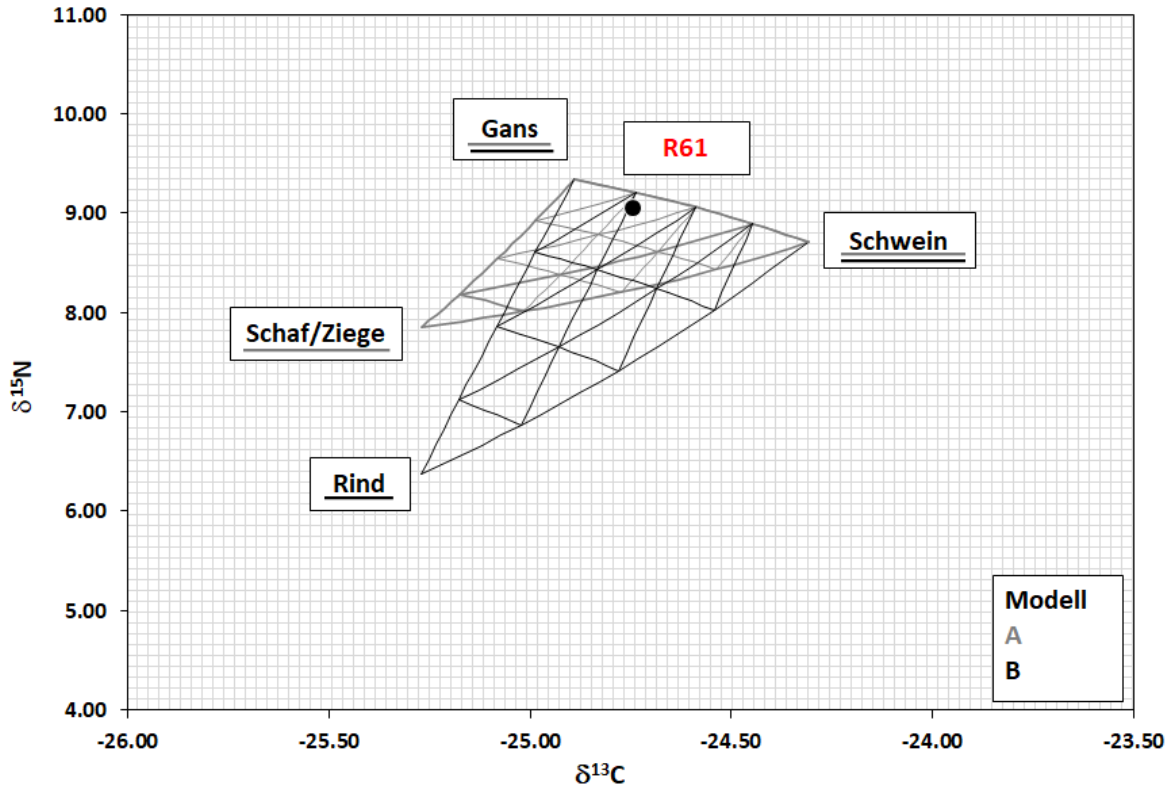


Abbildung 2069: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 61. Erstellt mit IsoConc.

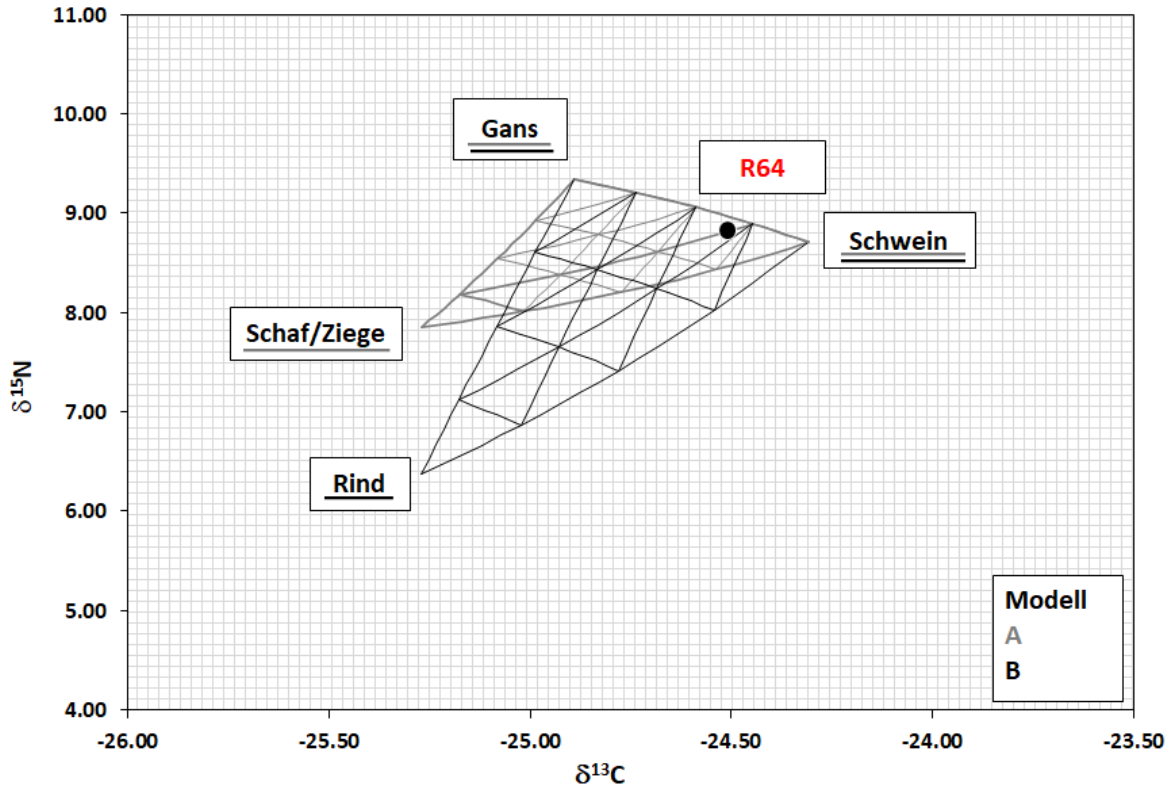


Abbildung 2070: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 64. Erstellt mit IsoConc.

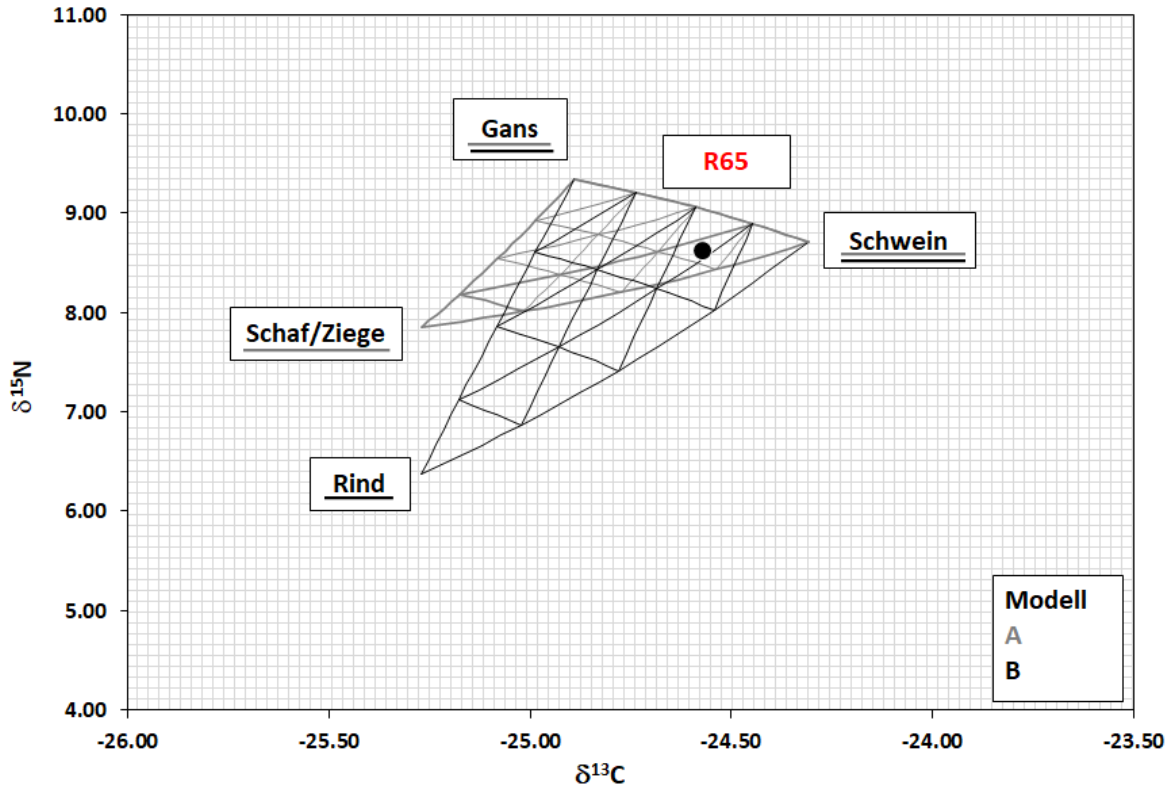


Abbildung 2071: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R)65 . Erstellt mit IsoConc.

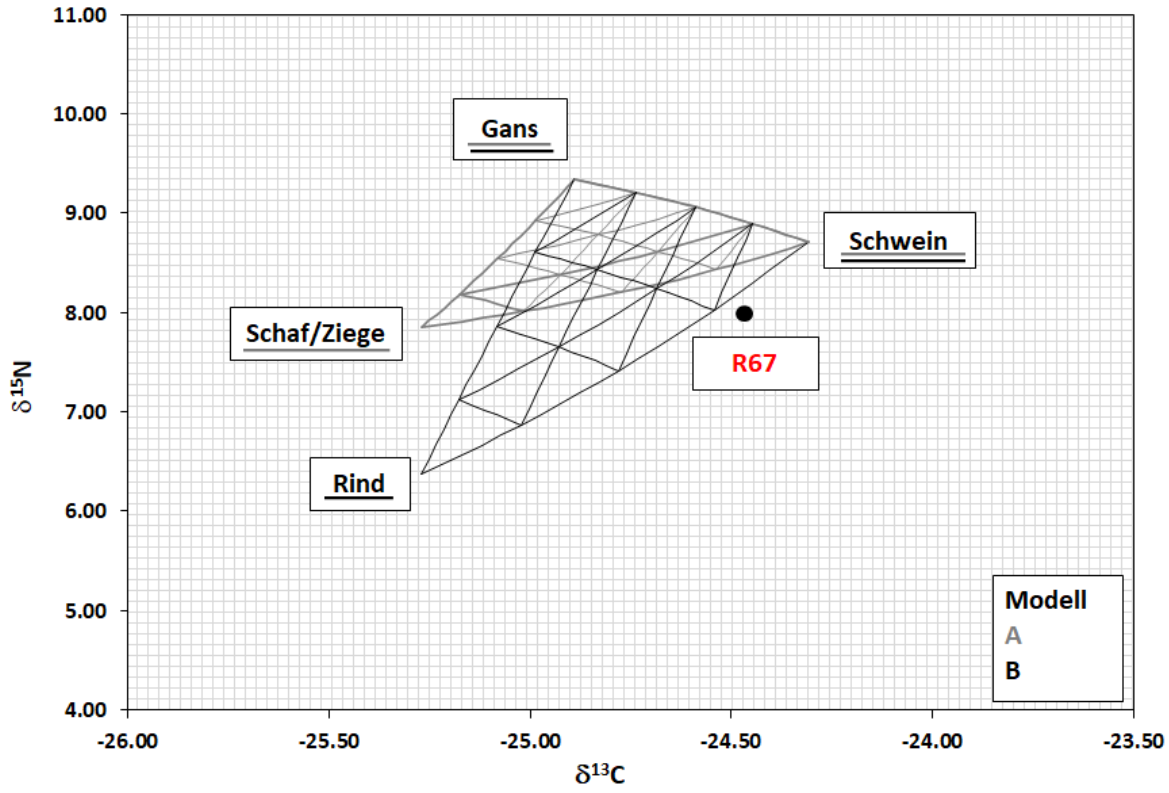


Abbildung 2072: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 67. Erstellt mit IsoConc.

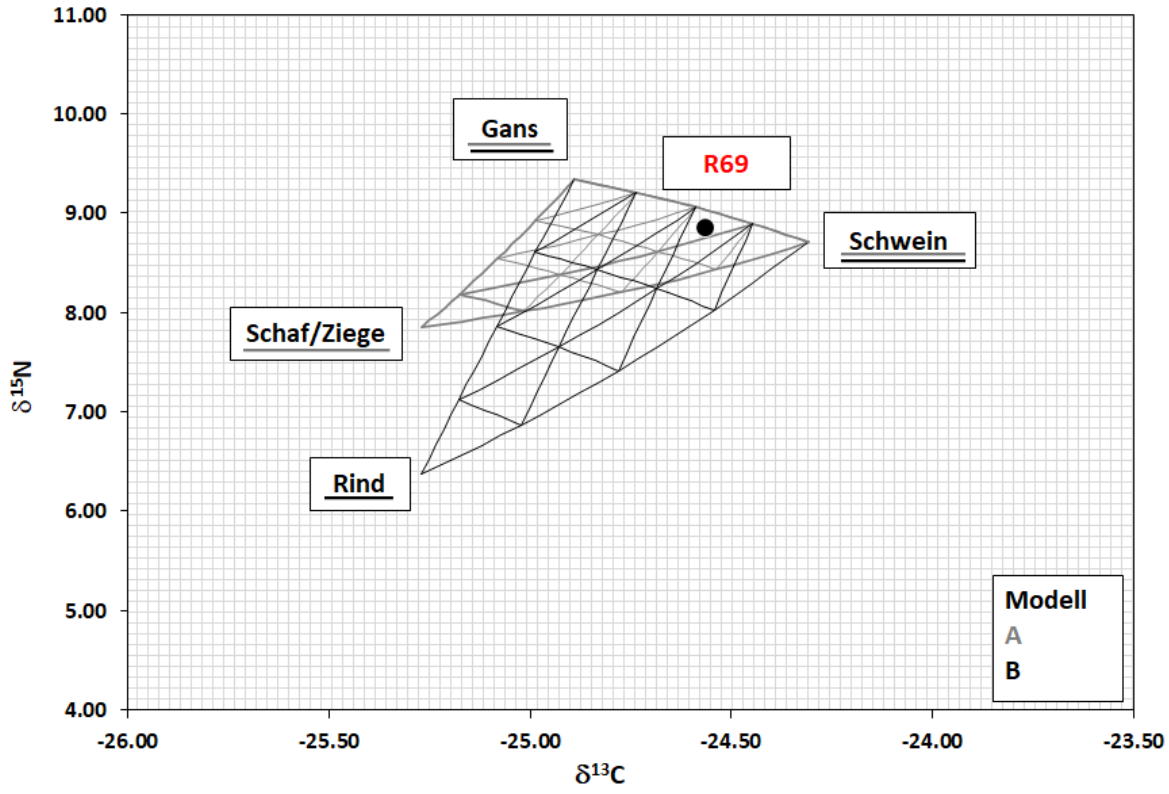


Abbildung 2073: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 69. Erstellt mit IsoConc.

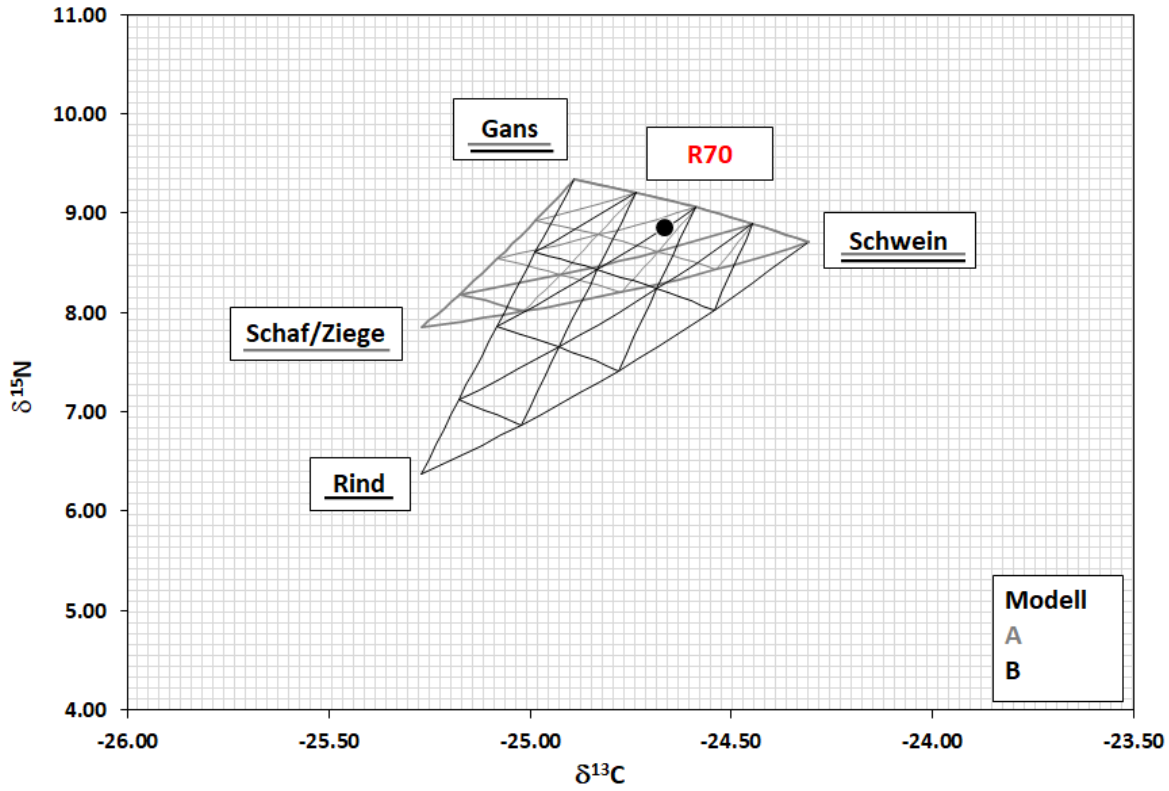


Abbildung 2074: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 70. Erstellt mit IsoConc.

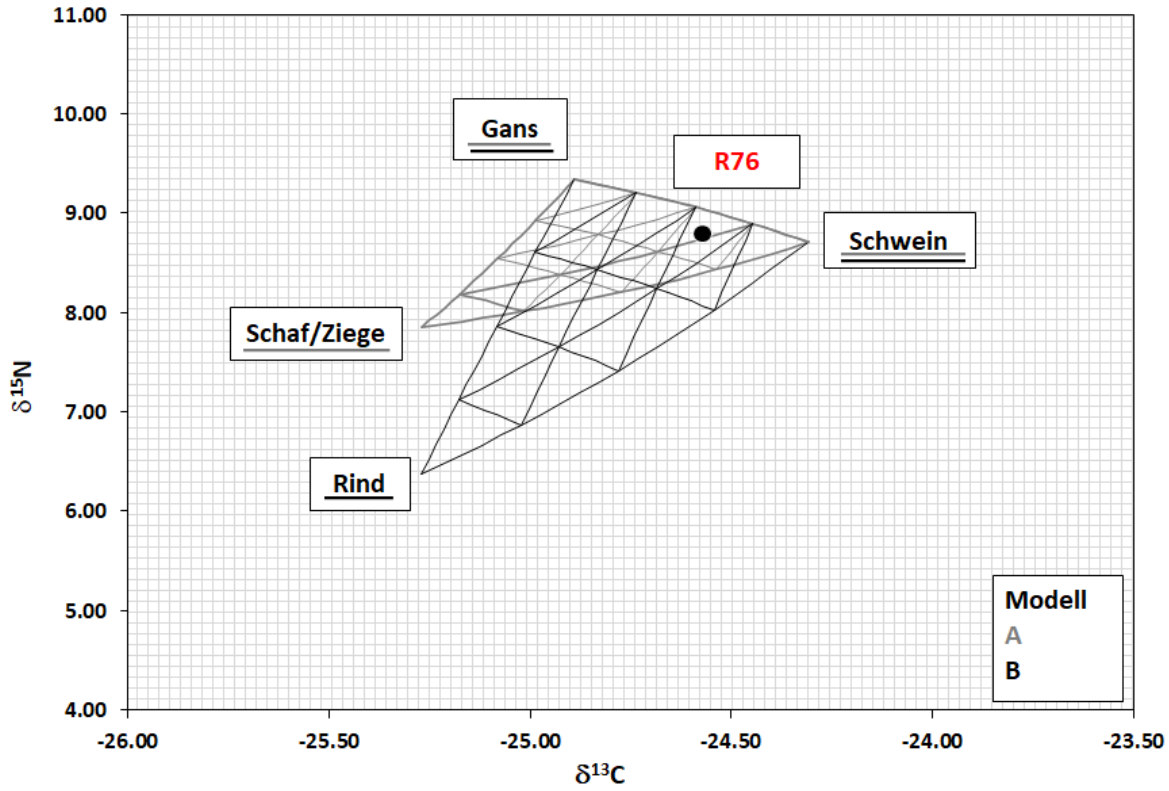


Abbildung 2075: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 76. Erstellt mit IsoConc.

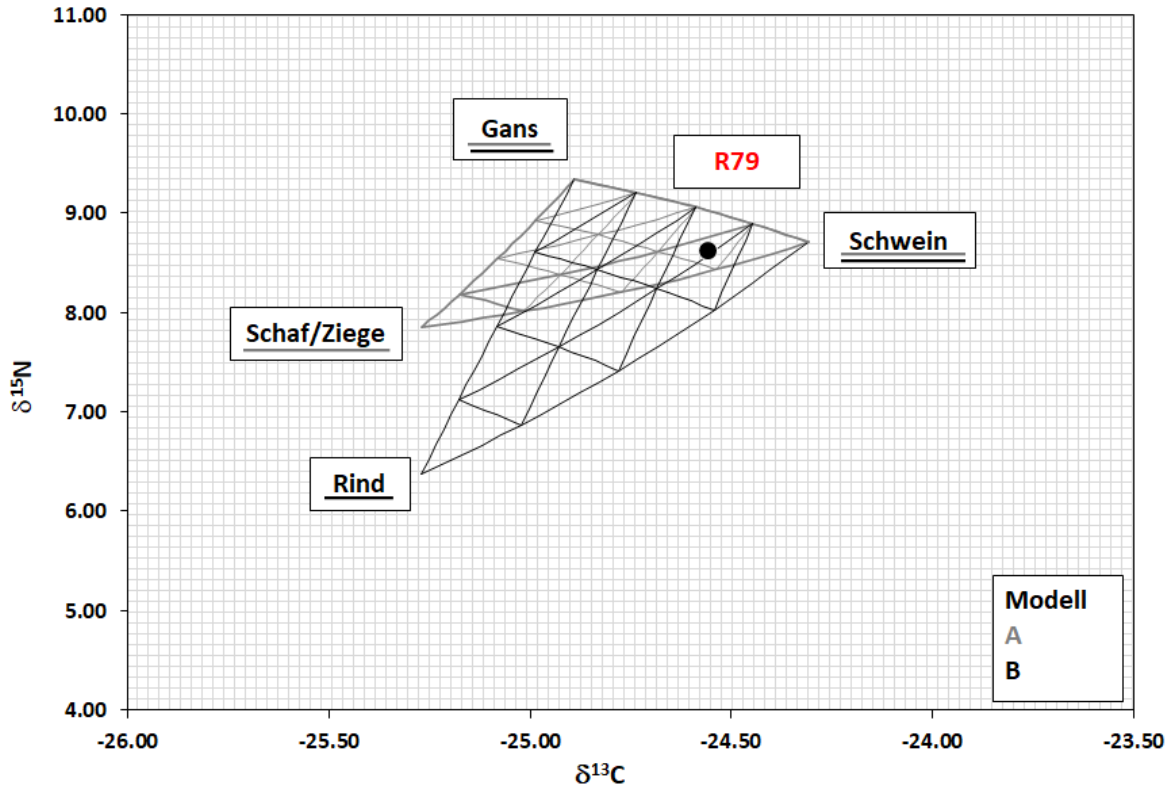


Abbildung 2076: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 79. Erstellt mit IsoConc.

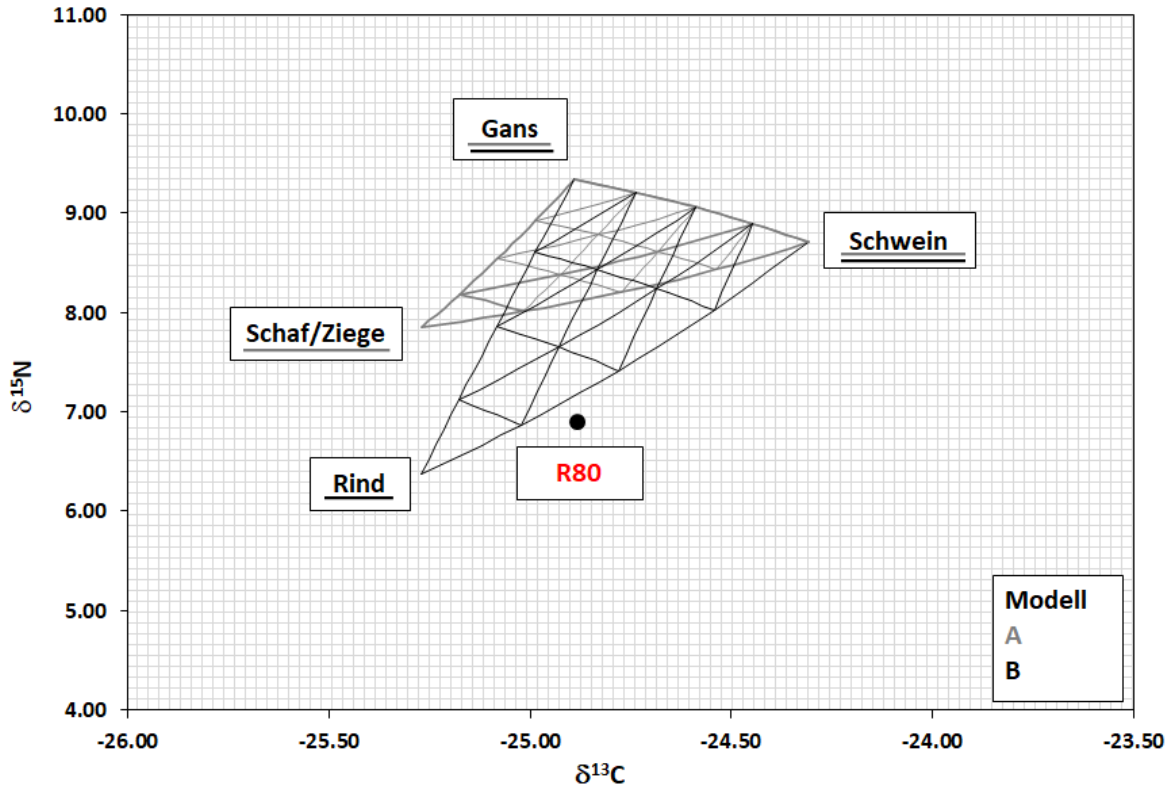


Abbildung 2077: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 80. Erstellt mit IsoConc.

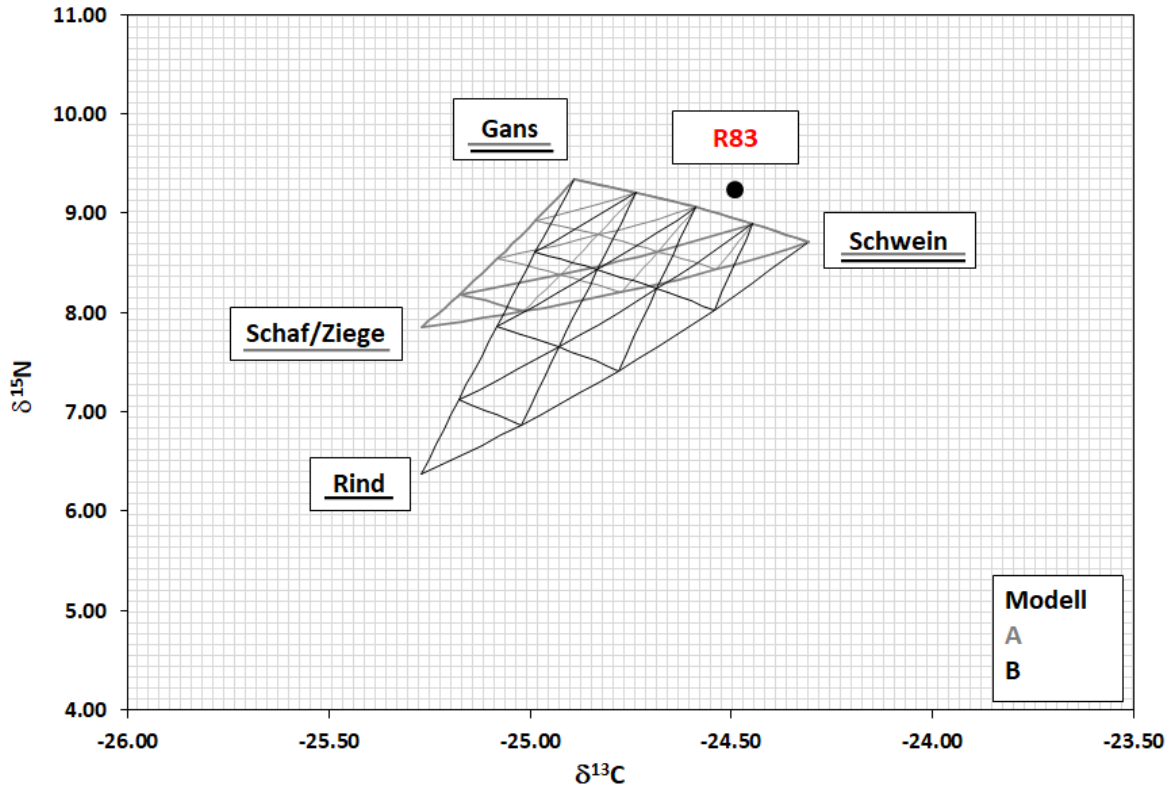


Abbildung 2078: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 83. Erstellt mit IsoConc.

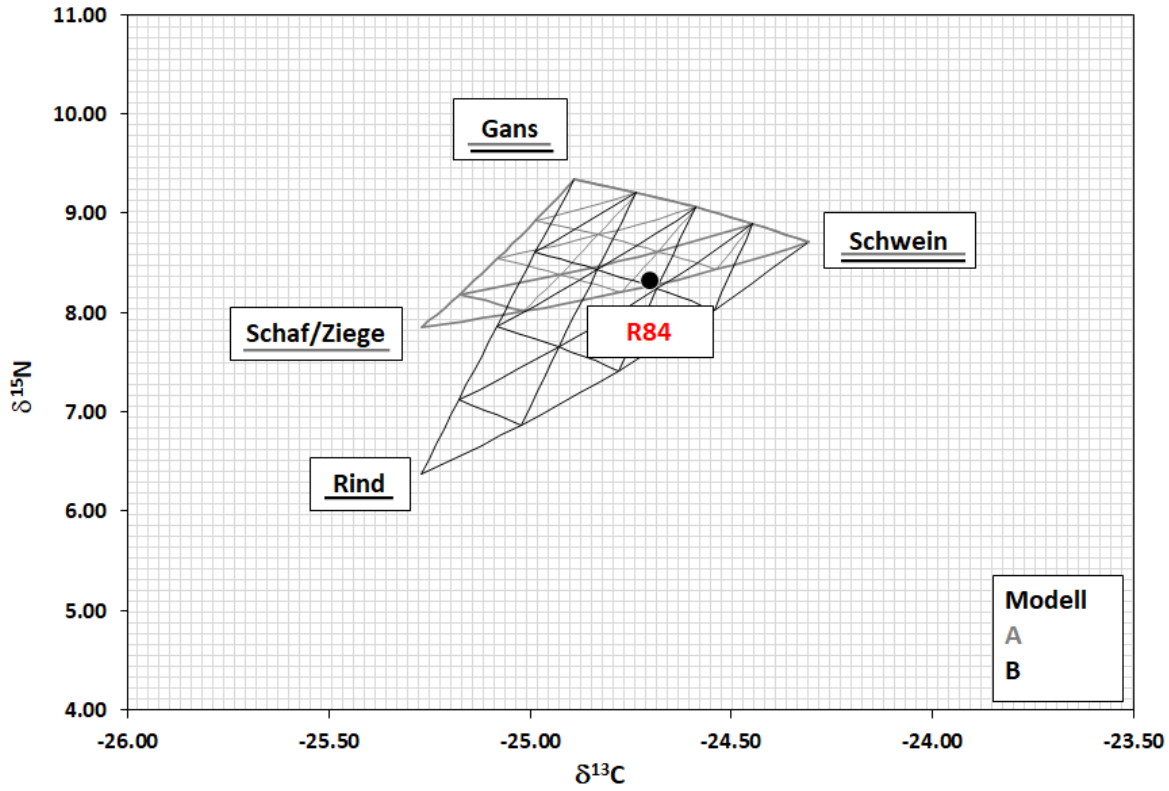


Abbildung 2079: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 84. Erstellt mit IsoConc.

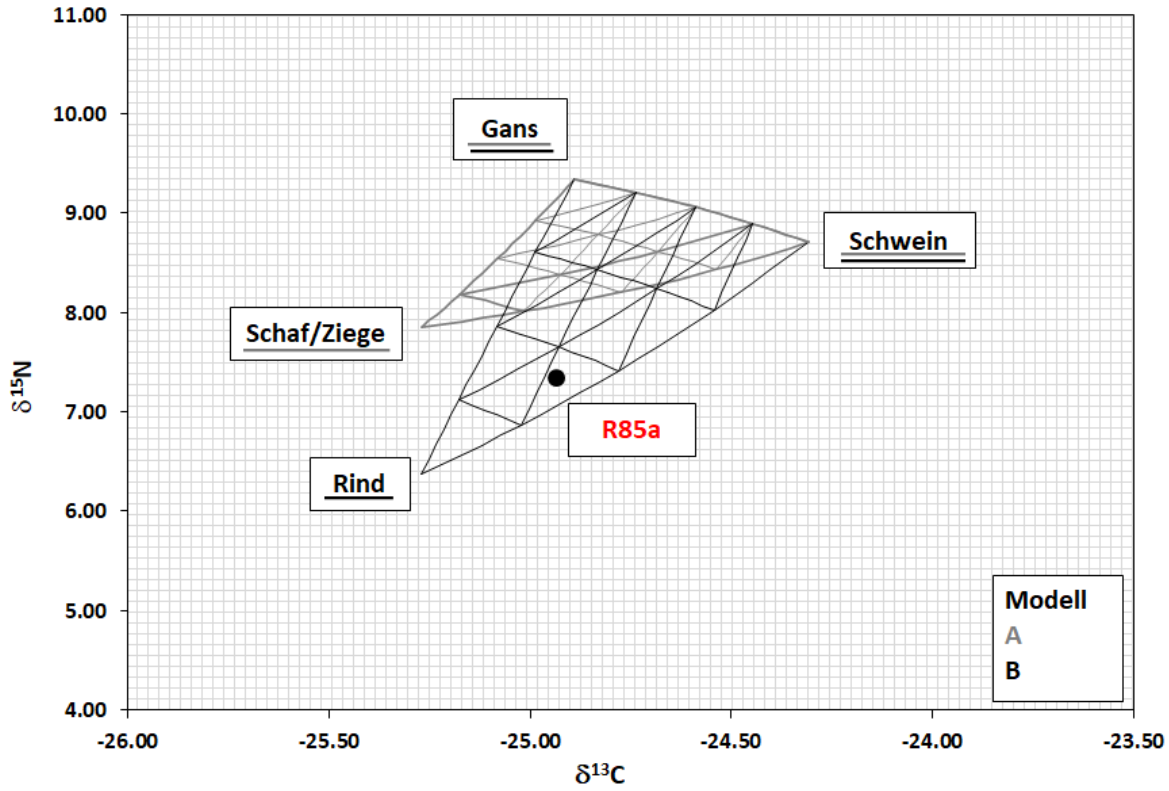


Abbildung 2080: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 85a. Erstellt mit IsoConc.

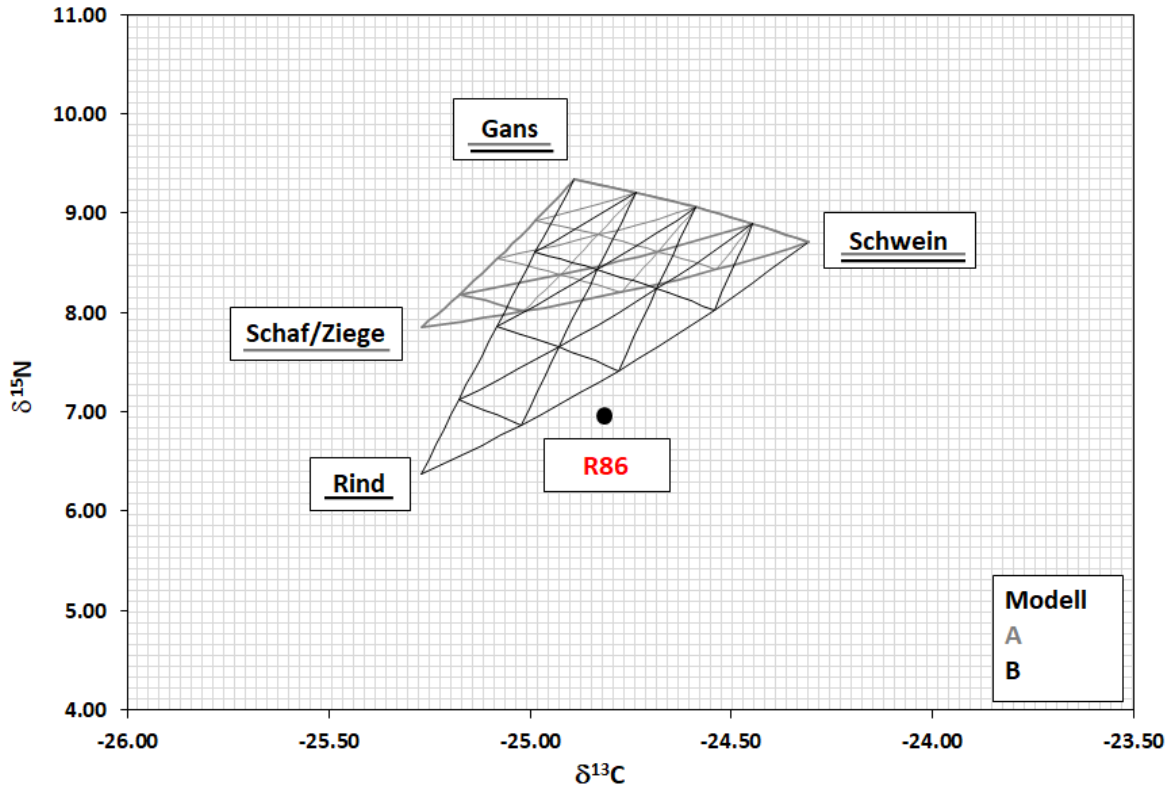


Abbildung 2081: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 86. Erstellt mit IsoConc.

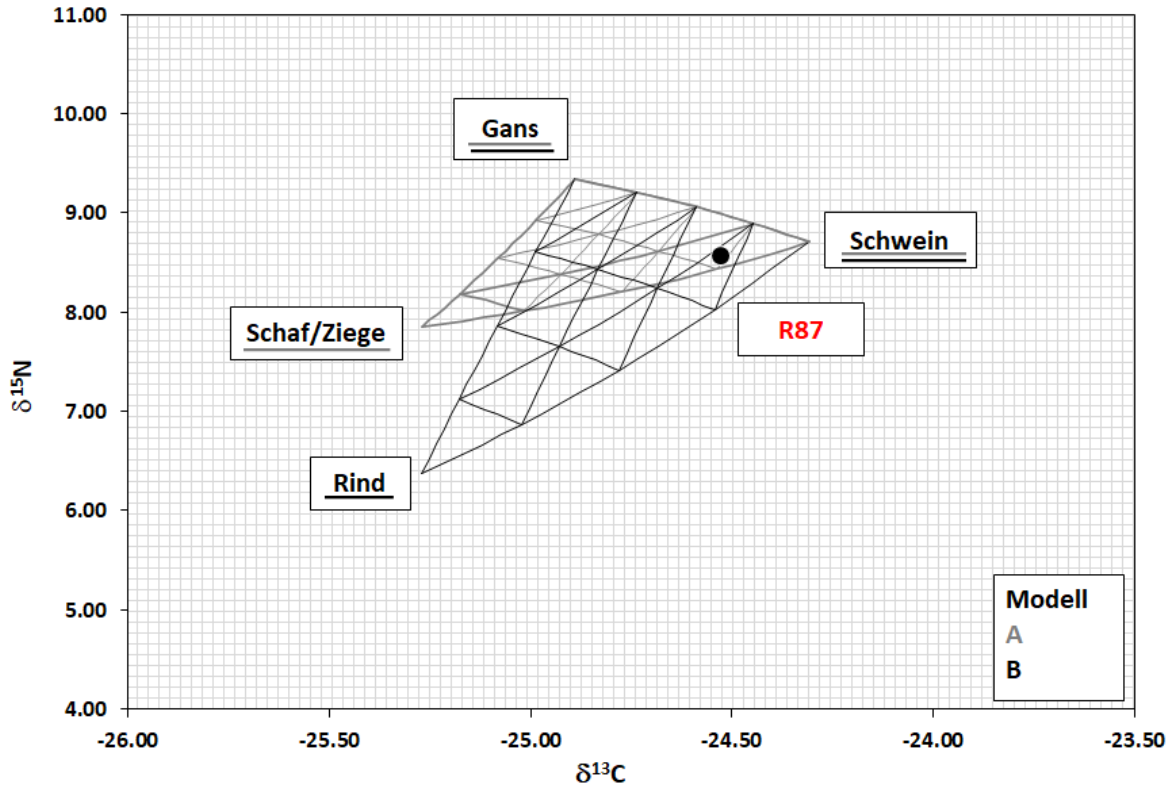


Abbildung 2082: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 87. Erstellt mit IsoConc.

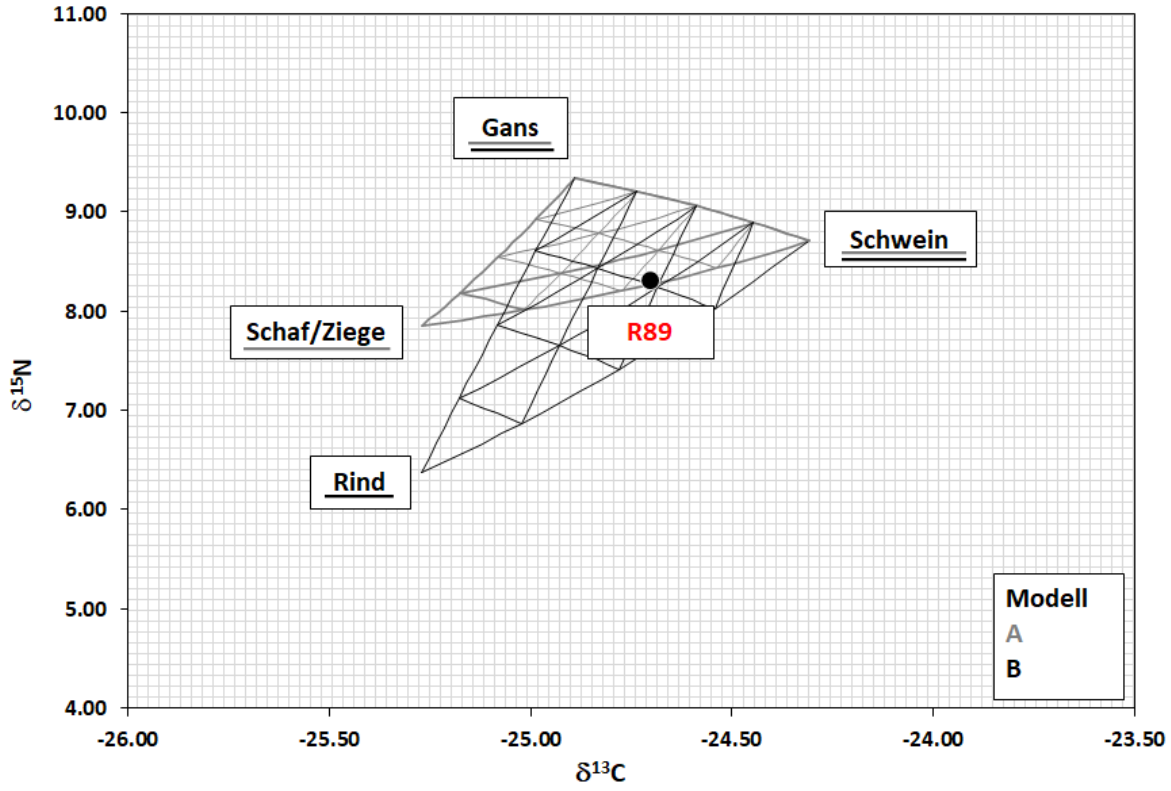


Abbildung 2083: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 89. Erstellt mit IsoConc.

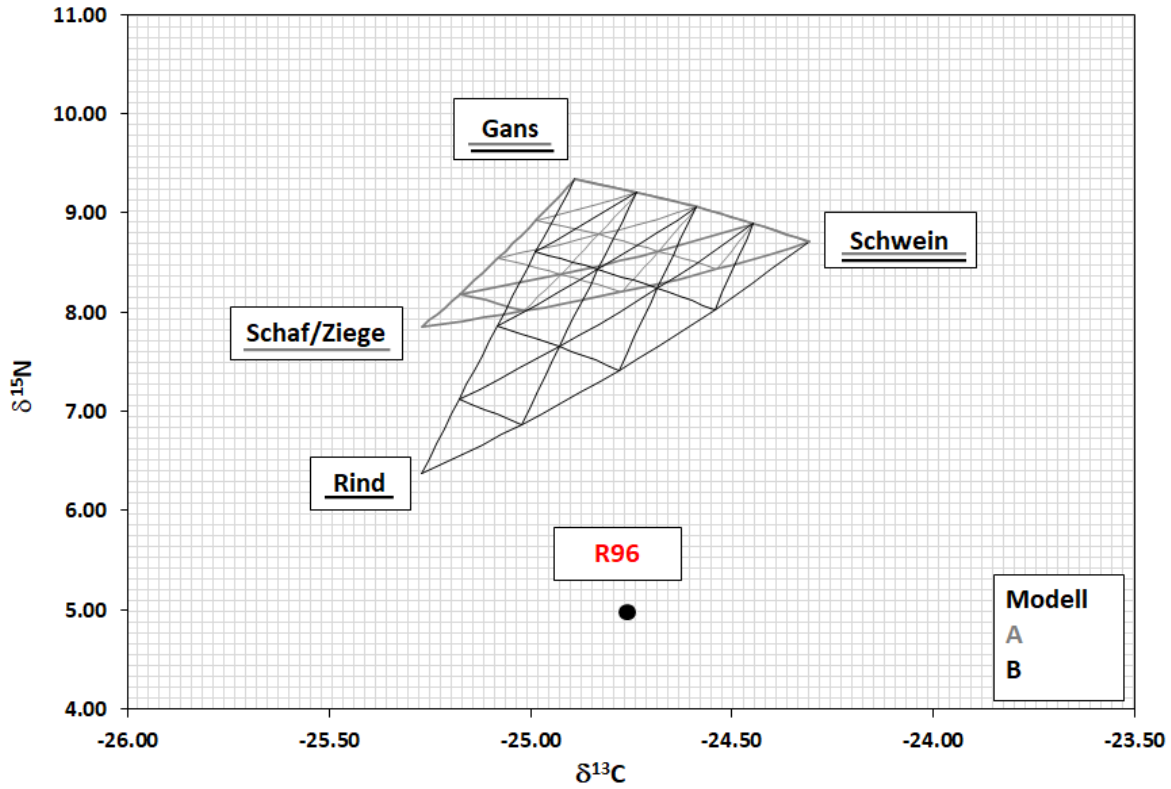


Abbildung 2084: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 96. Erstellt mit IsoConc.

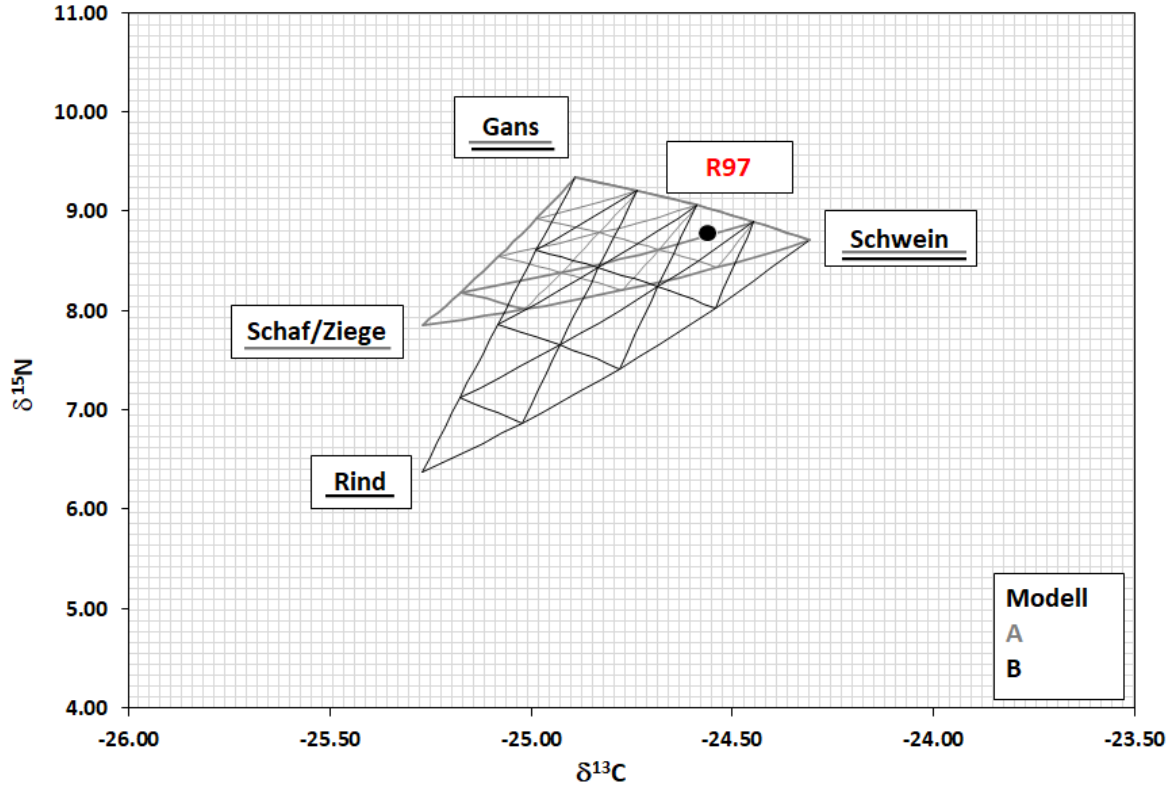


Abbildung 2085: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 97. Erstellt mit IsoConc.

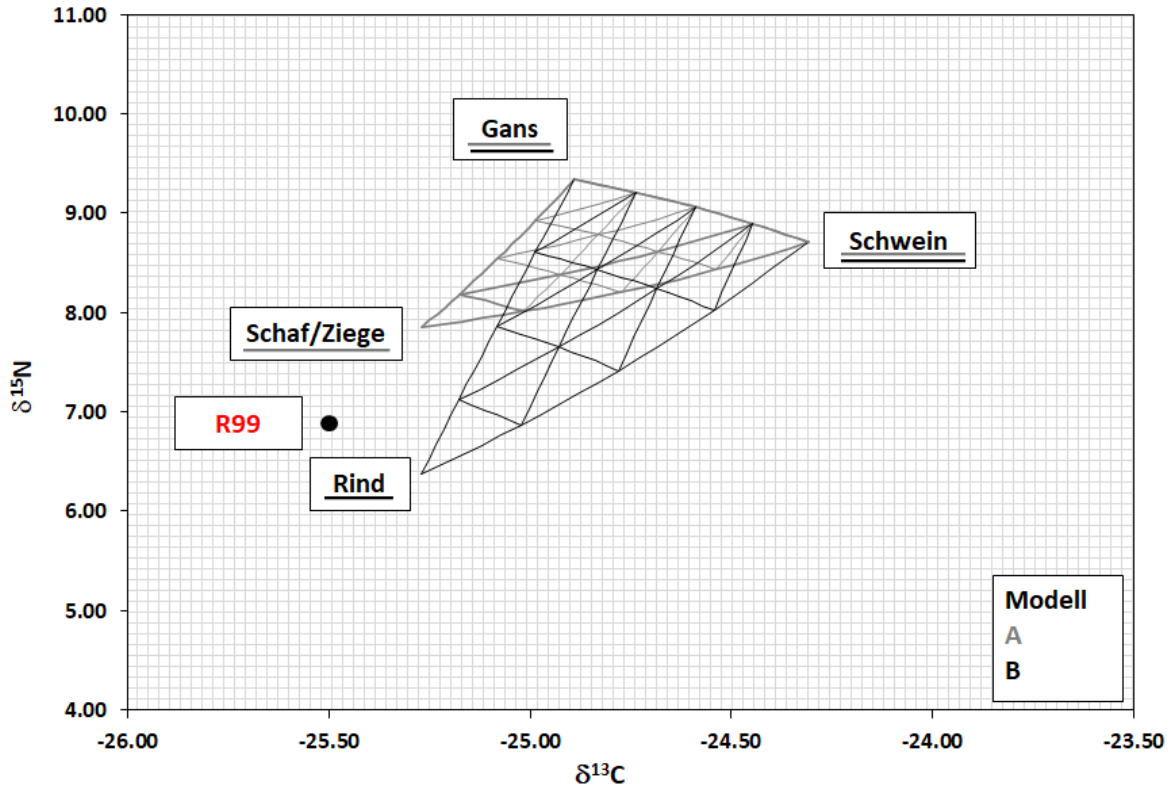


Abbildung 2086: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 99. Erstellt mit IsoConc.

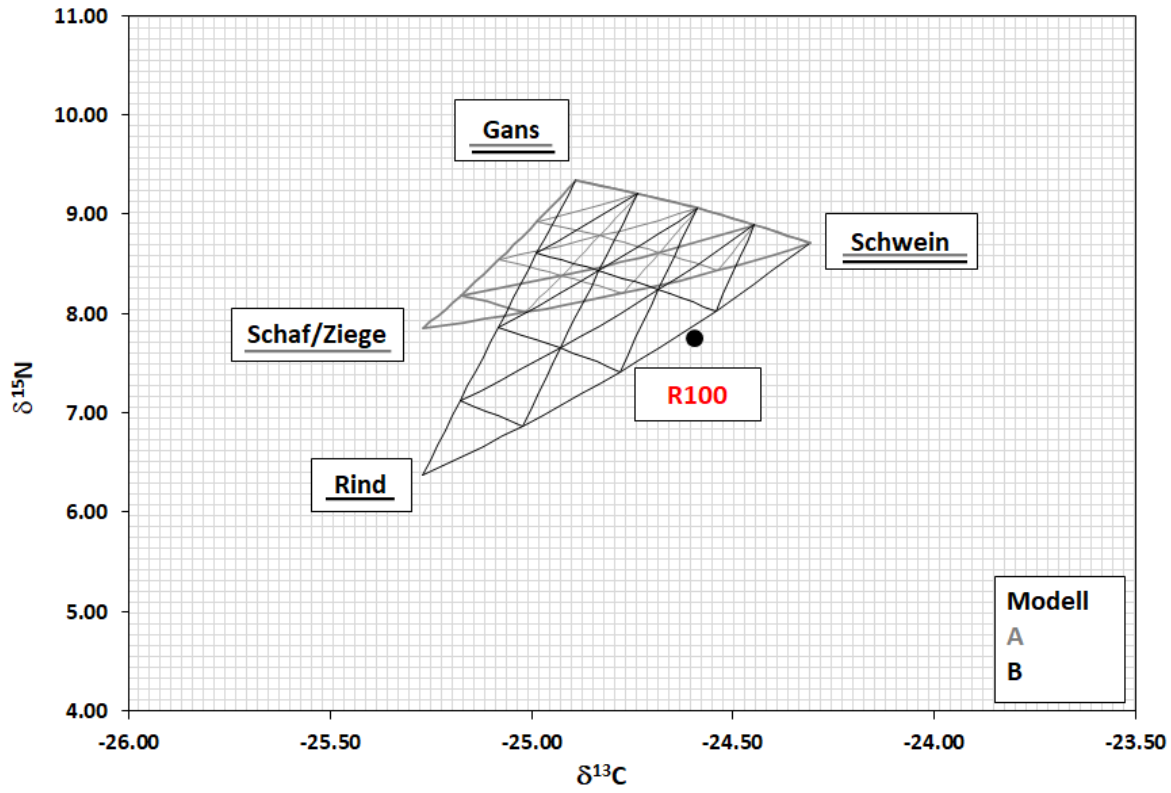


Abbildung 2087: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 100. Erstellt mit IsoConc.

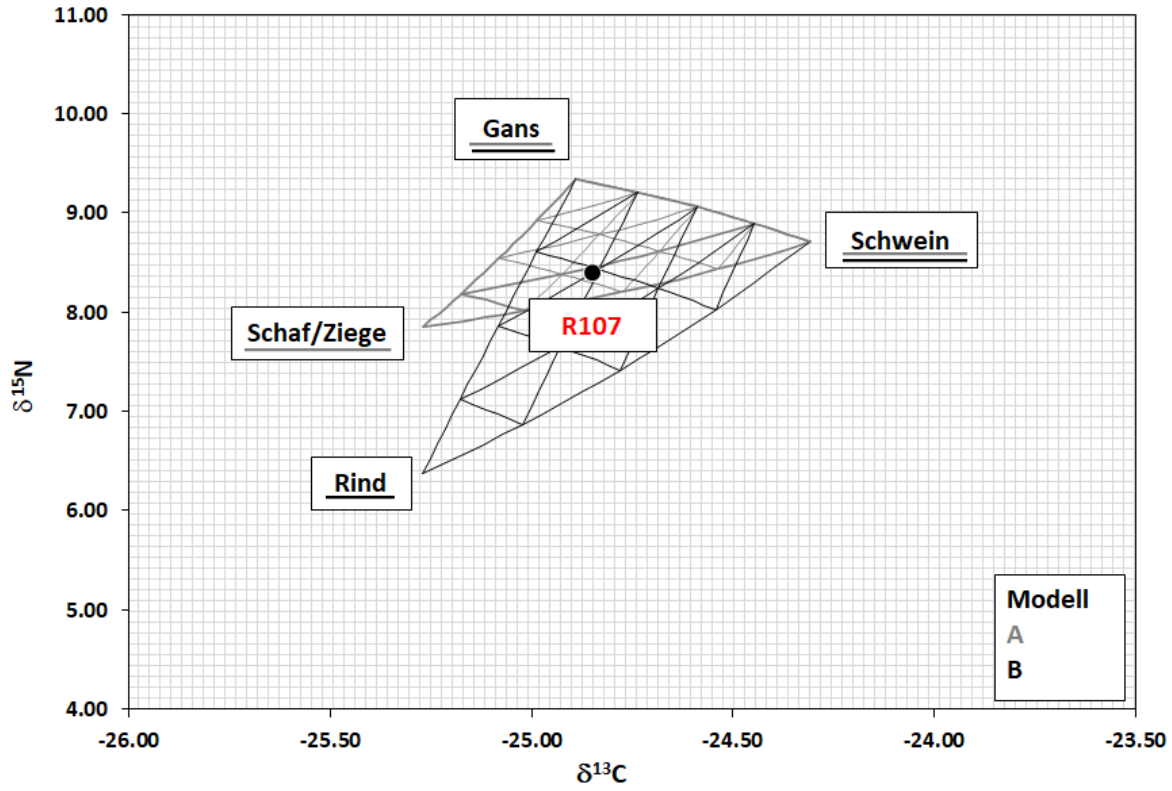


Abbildung 2088: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 107. Erstellt mit IsoConc.

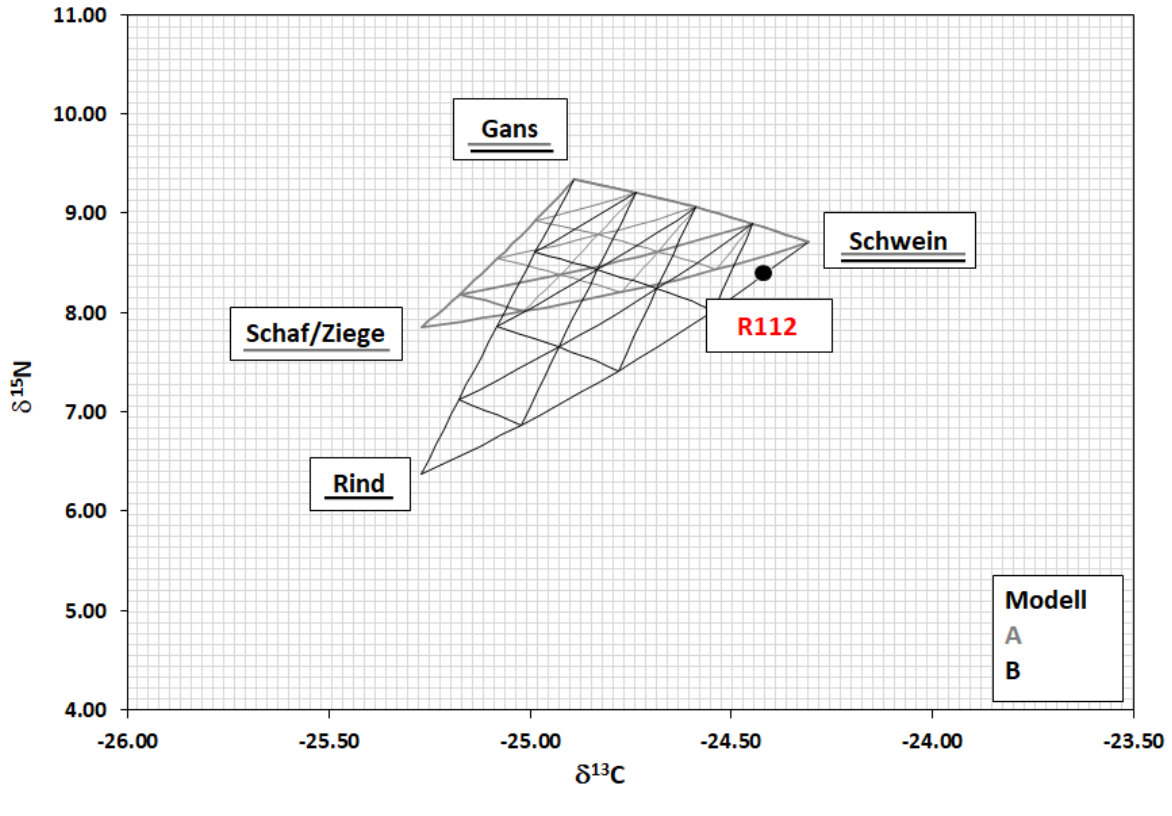


Abbildung 2089: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 112. Erstellt mit IsoConc.

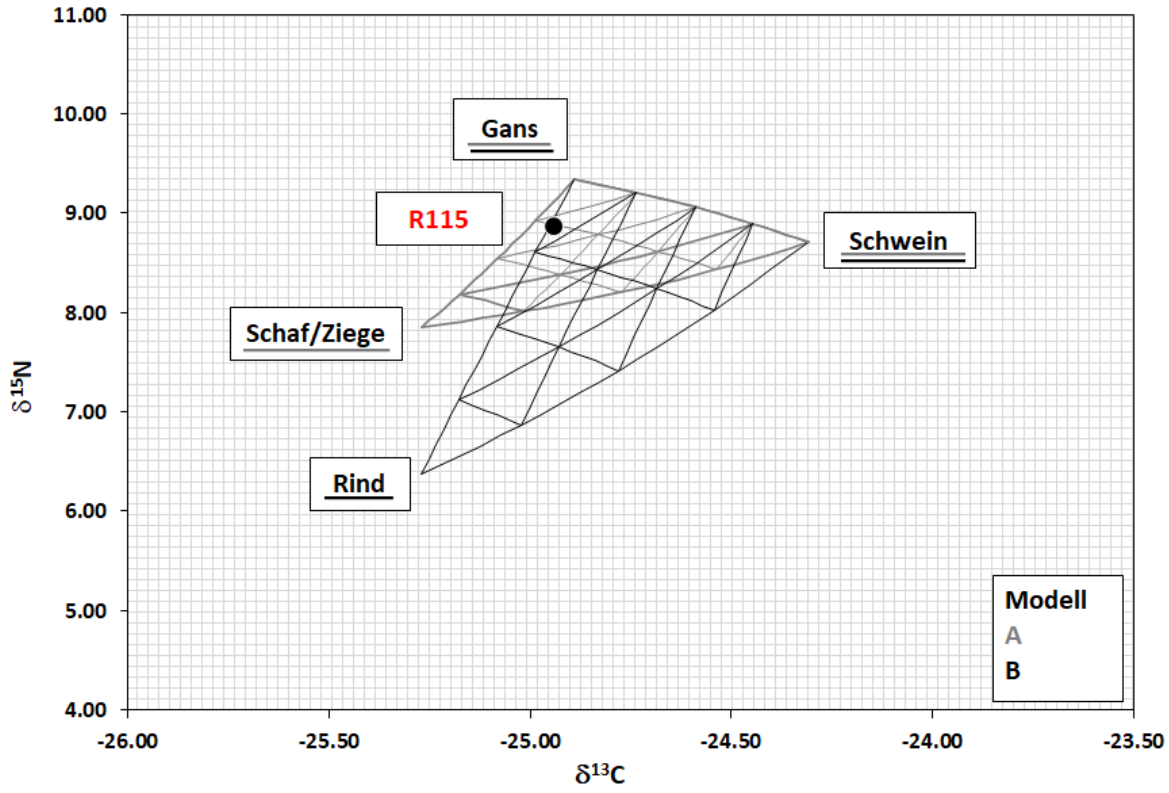


Abbildung 2090: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 115. Erstellt mit IsoConc.

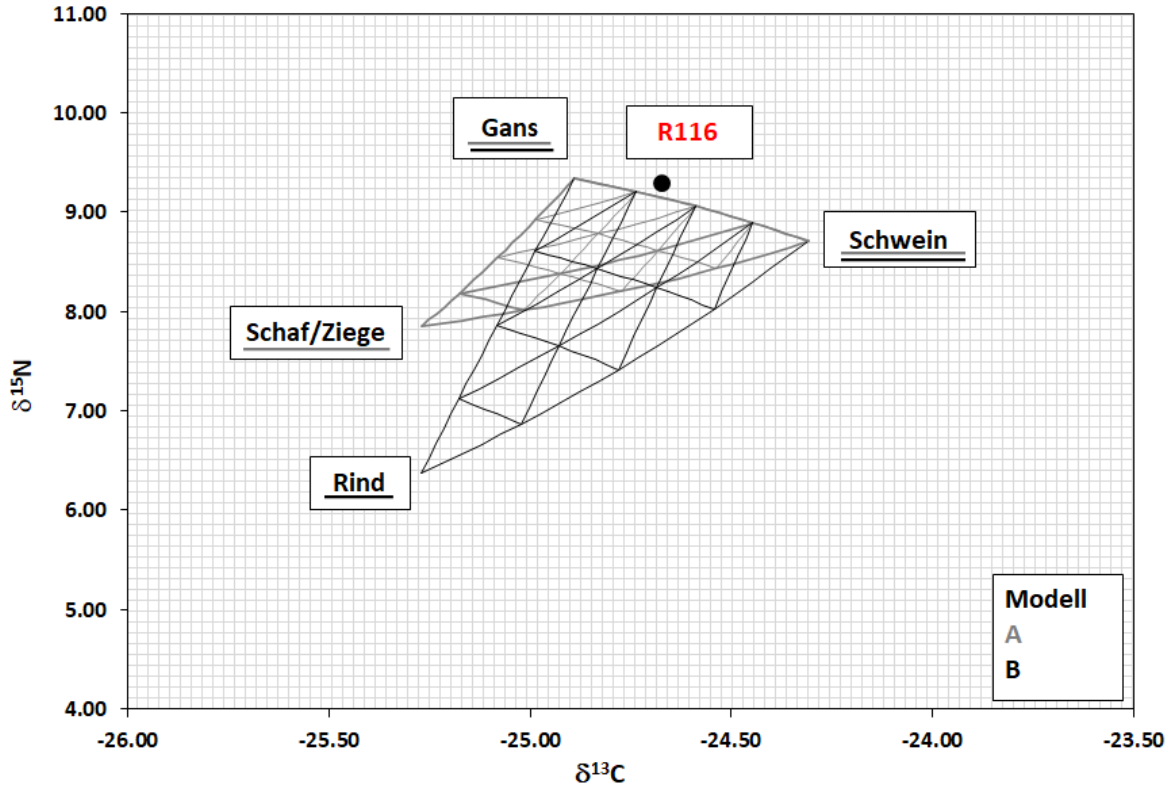


Abbildung 2091: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 116. Erstellt mit IsoConc.

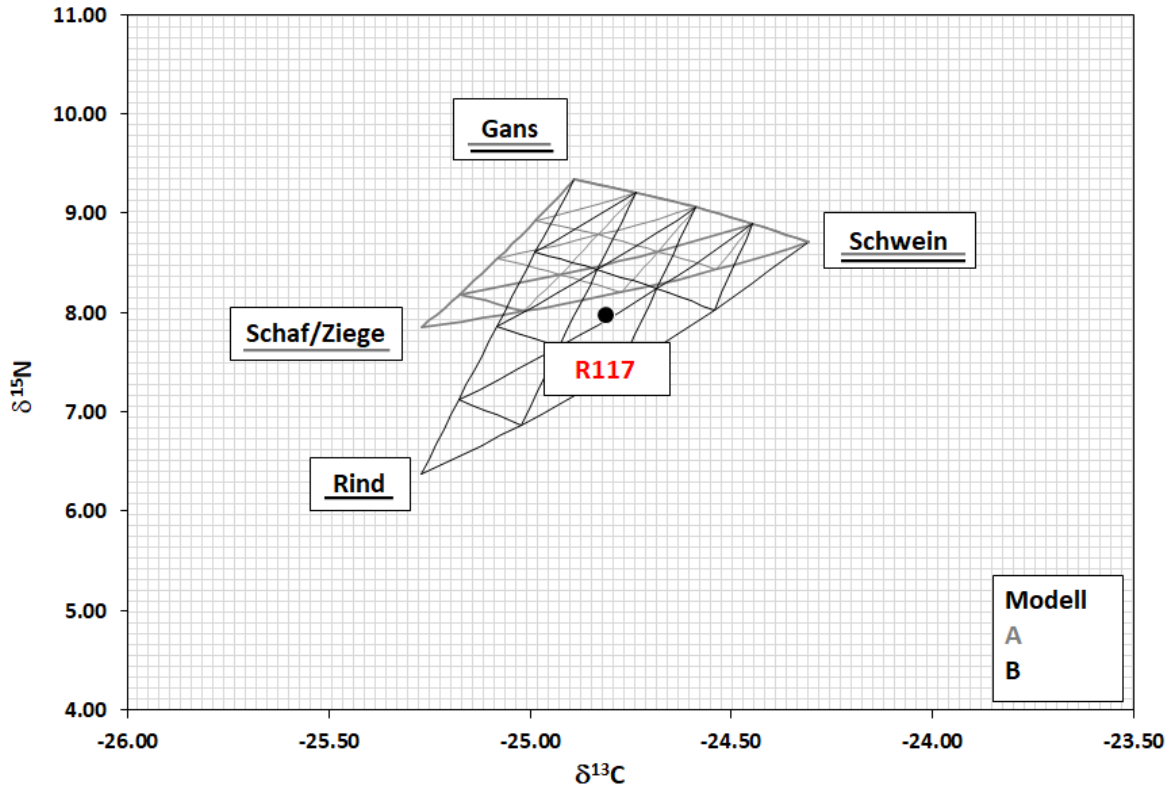


Abbildung 2092: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 117. Erstellt mit IsoConc.

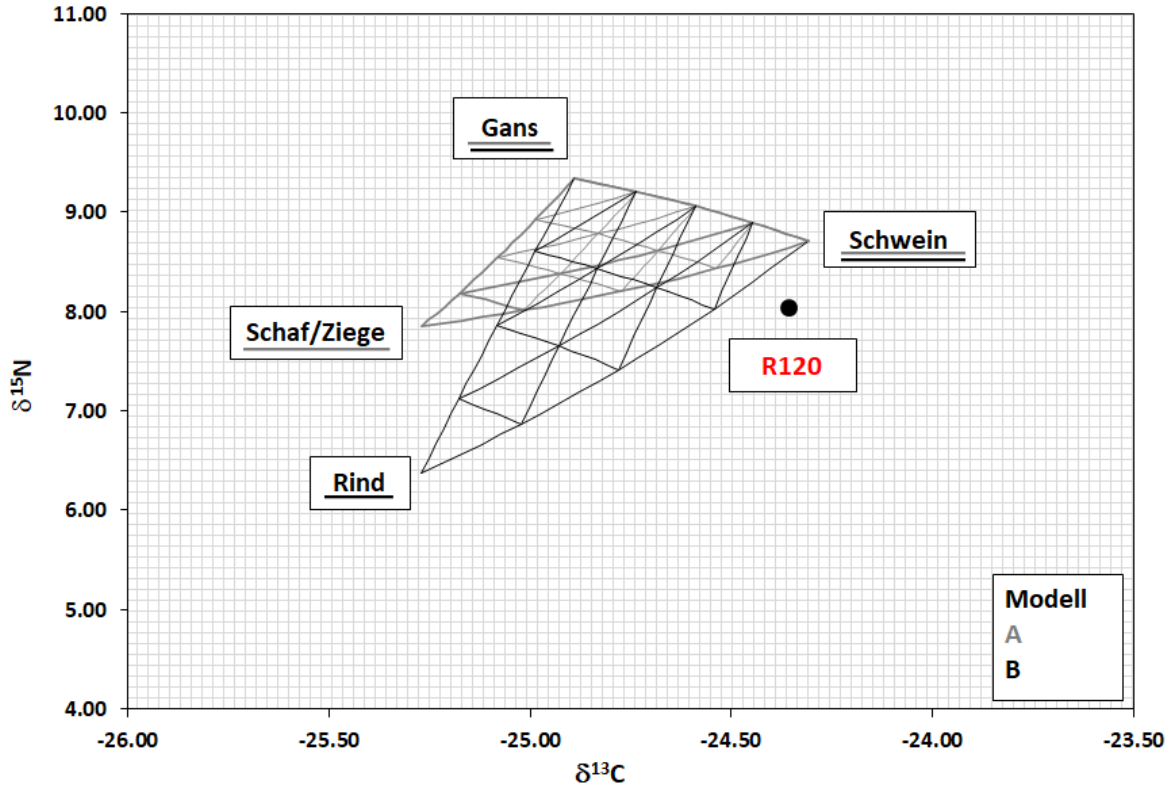


Abbildung 2093: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 120. Erstellt mit IsoConc.

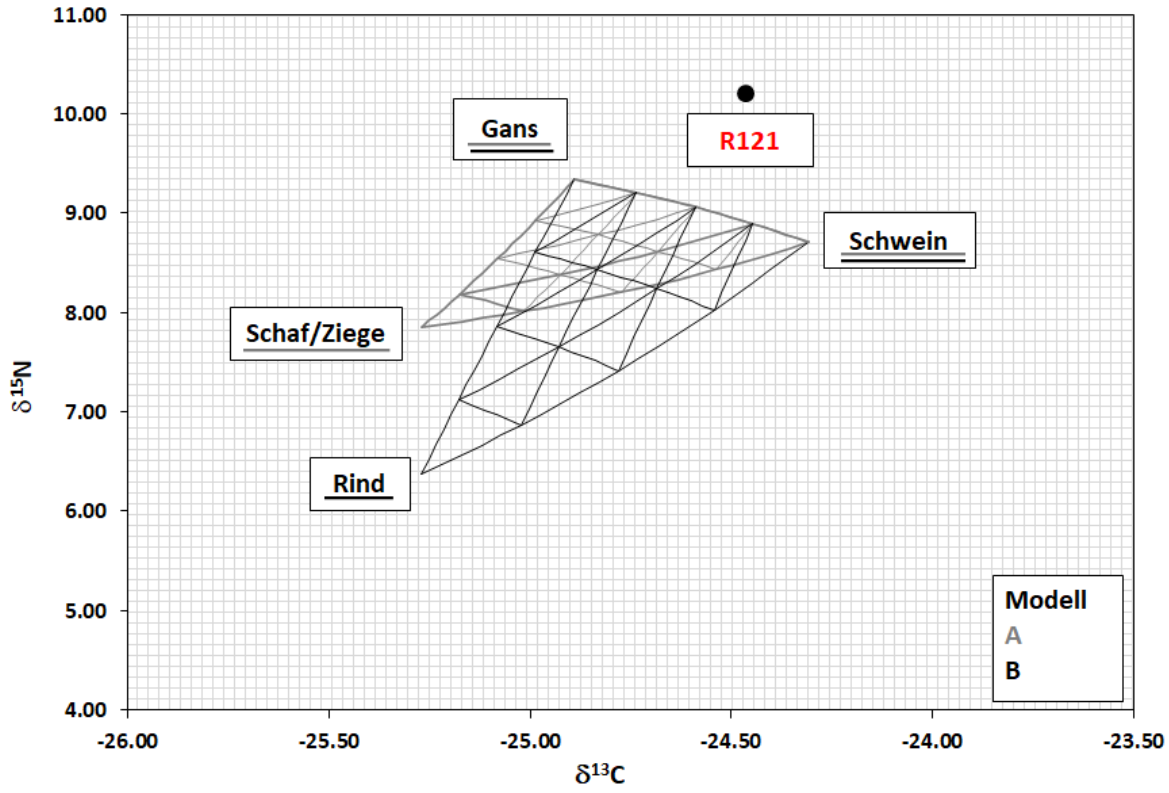


Abbildung 2094: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 121. Erstellt mit IsoConc.

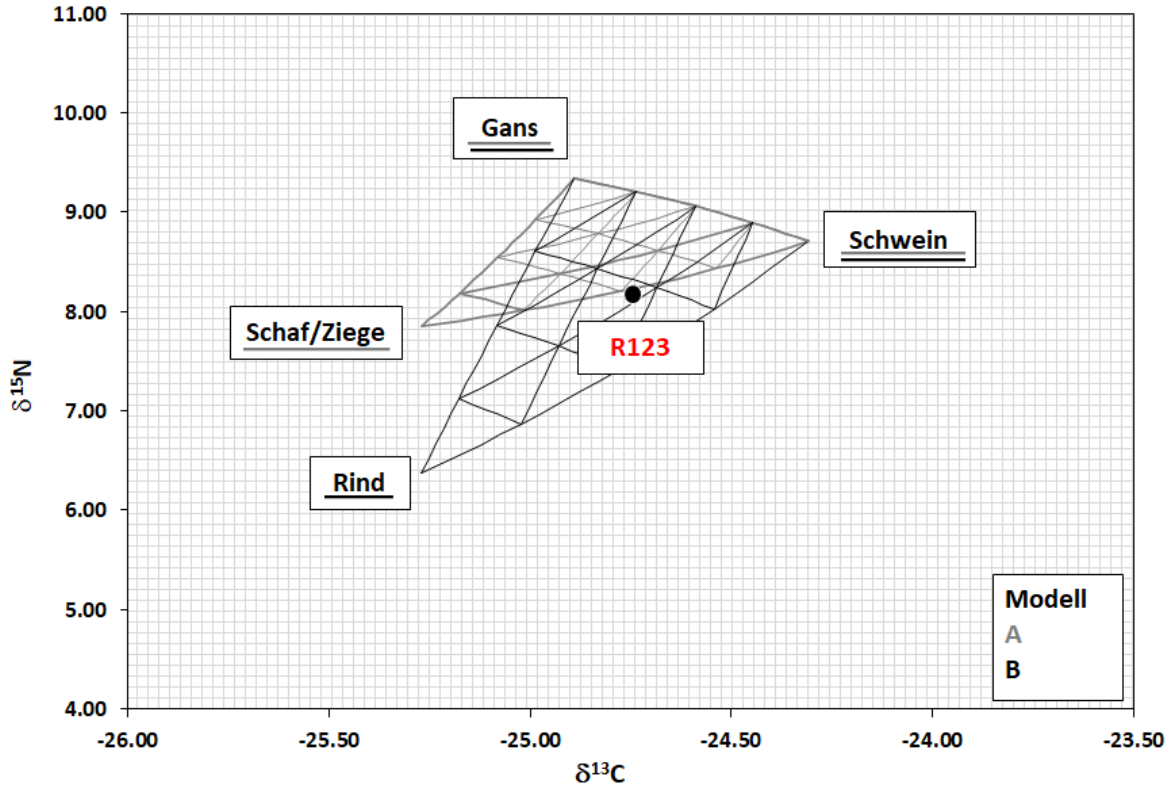


Abbildung 2095: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 123. Erstellt mit IsoConc.

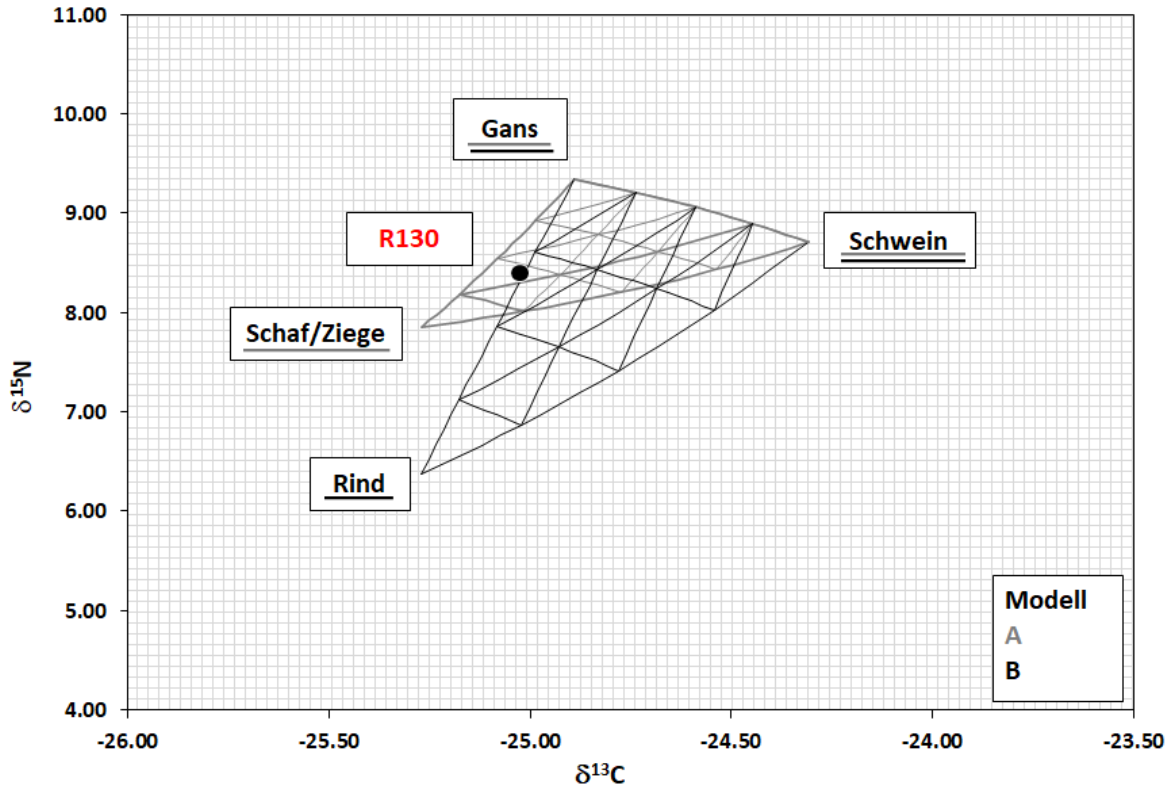


Abbildung 2096: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 130. Erstellt mit IsoConc.

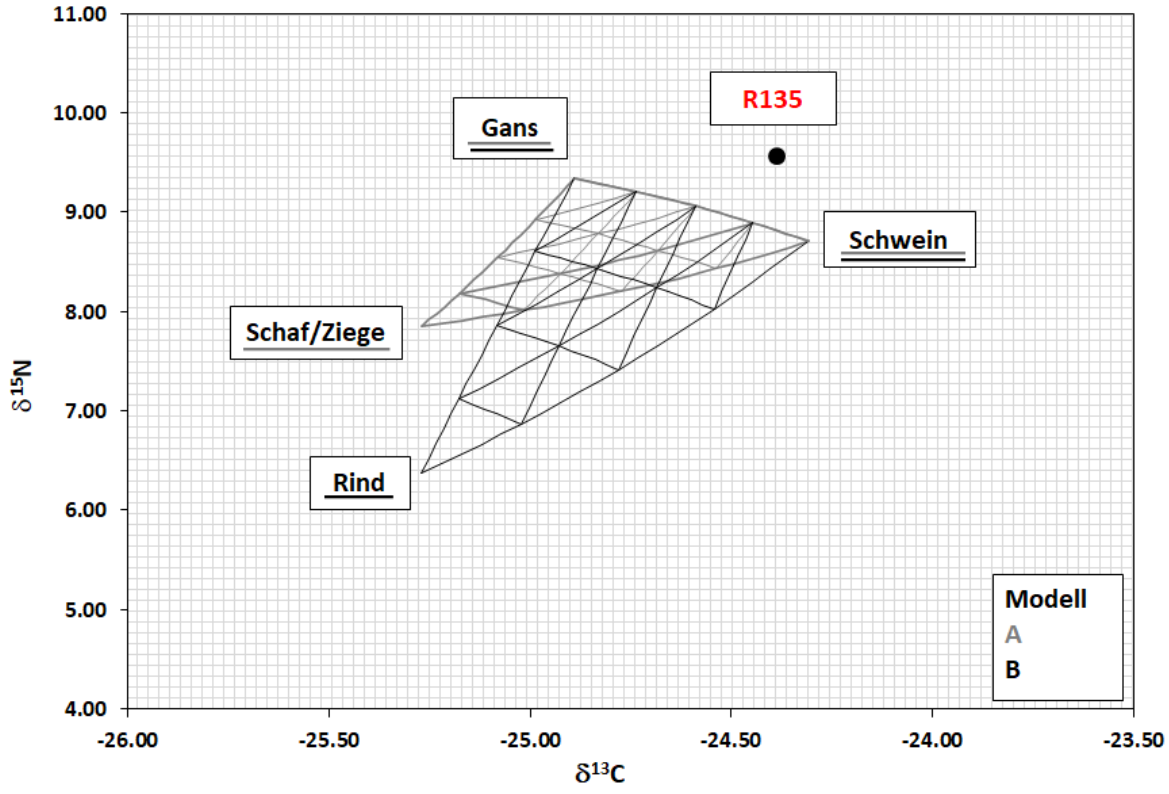


Abbildung 2097: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 135. Erstellt mit IsoConc.

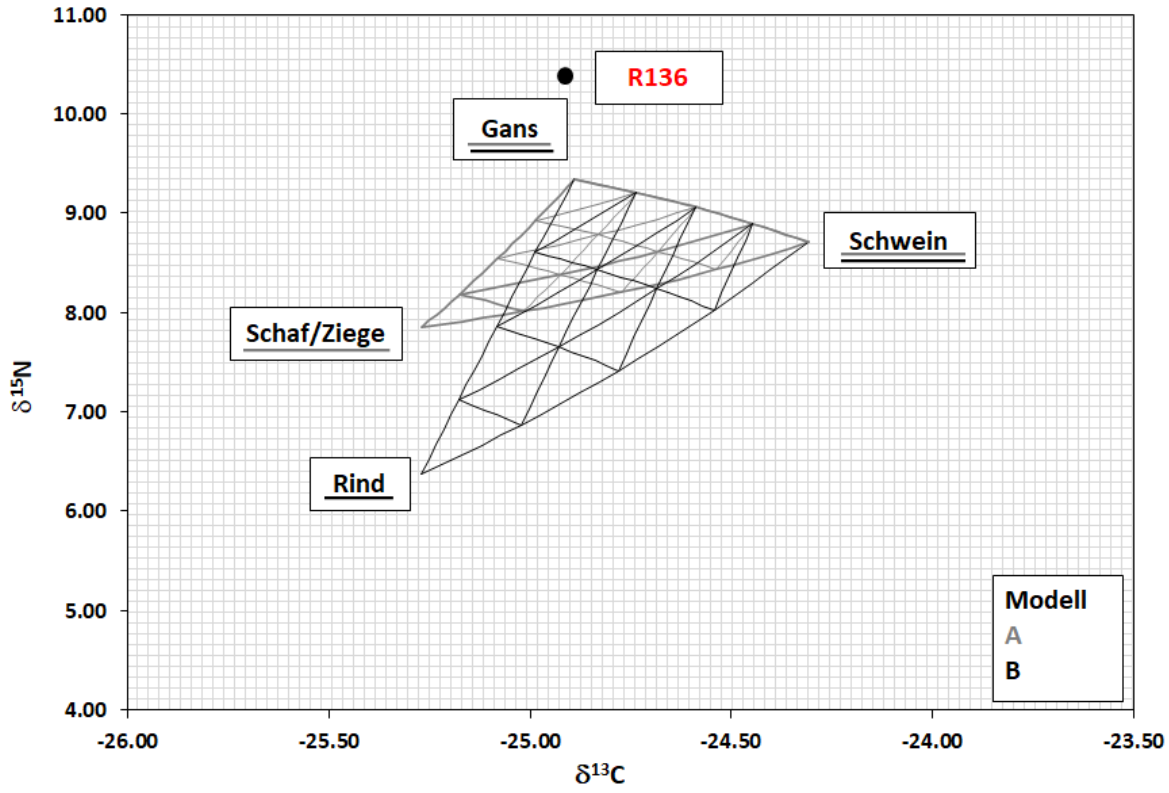


Abbildung 2098: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 136. Erstellt mit IsoConc.

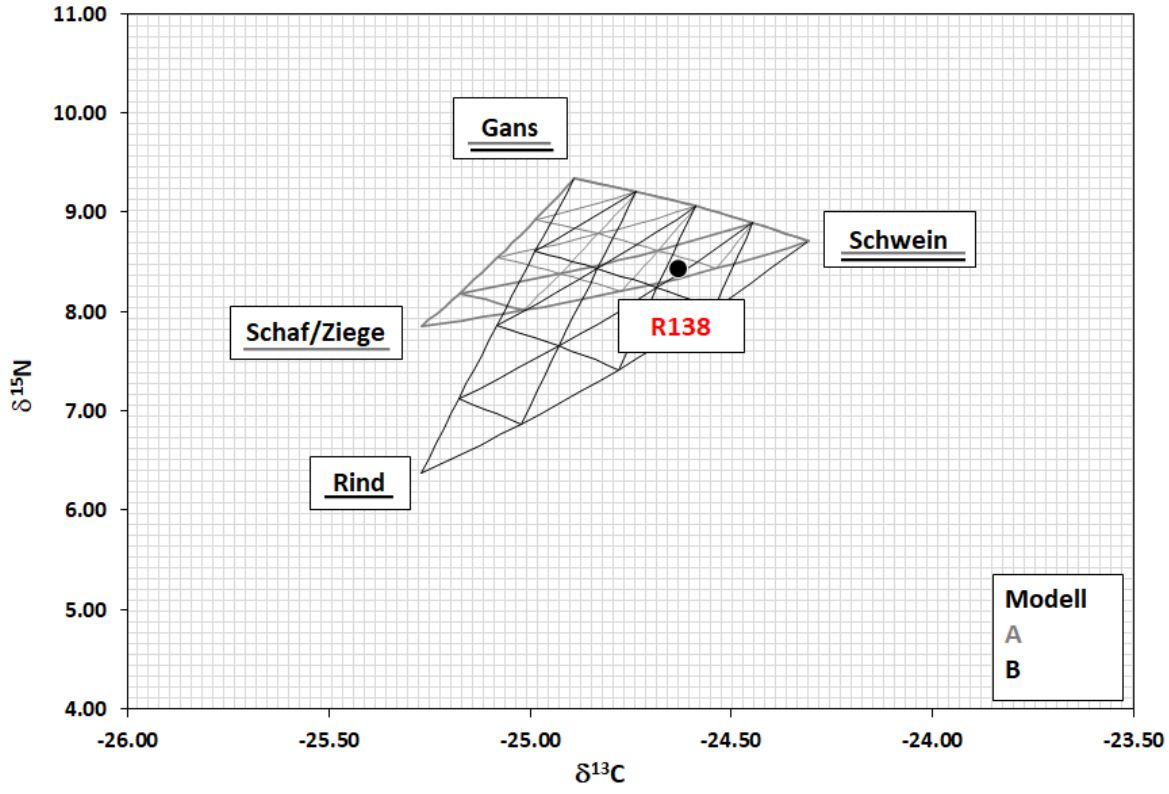


Abbildung 2099: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 138. Erstellt mit IsoConc.

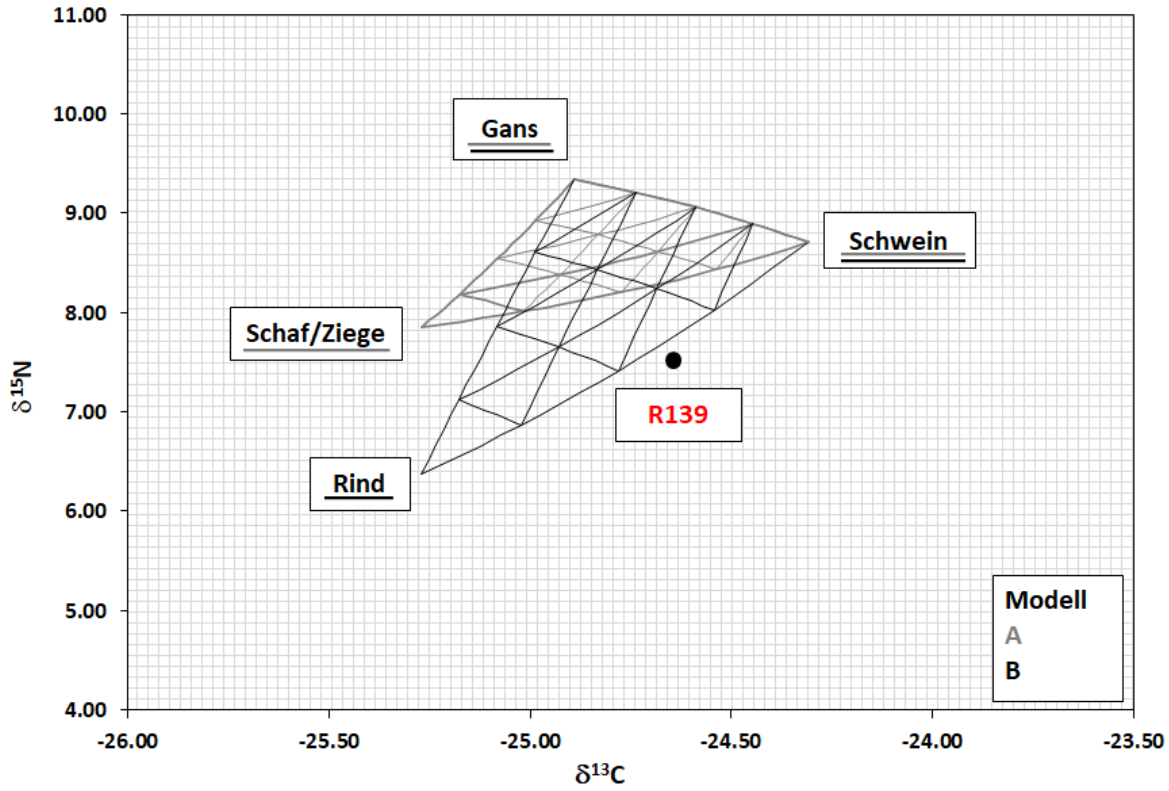


Abbildung 2100: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 139. Erstellt mit IsoConc.

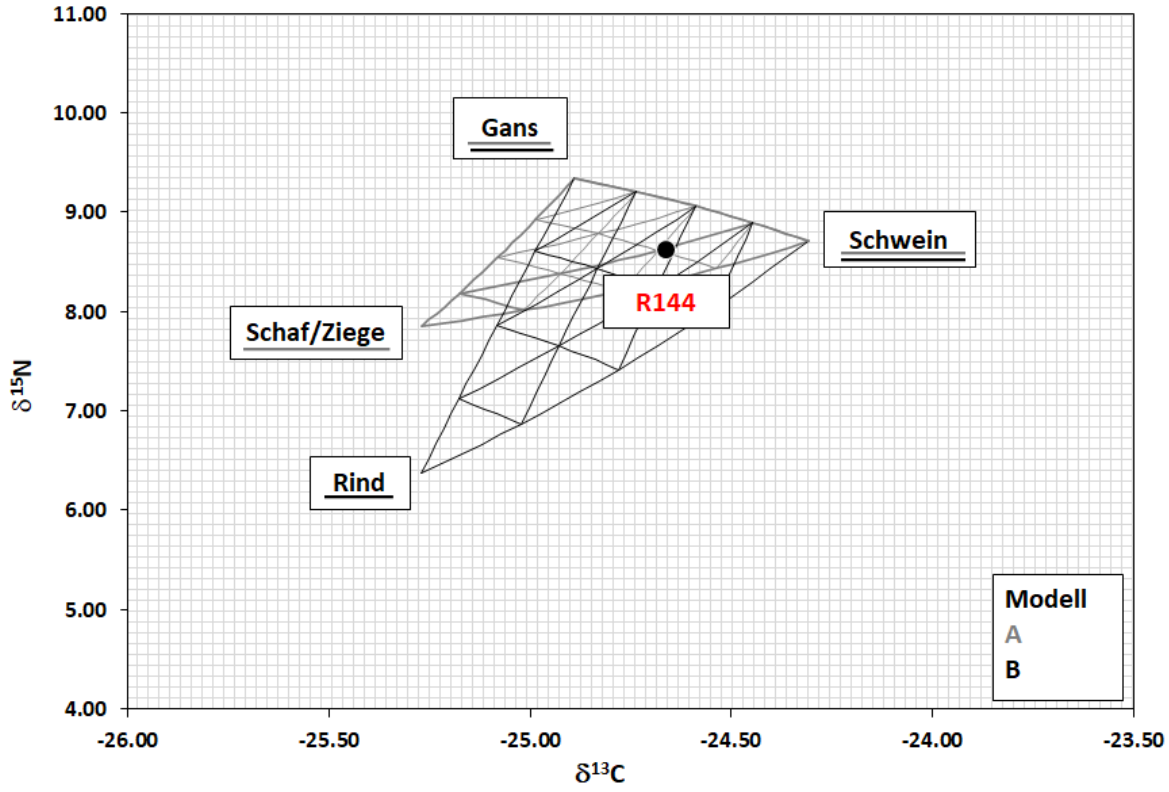


Abbildung 2101: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 144. Erstellt mit IsoConc.

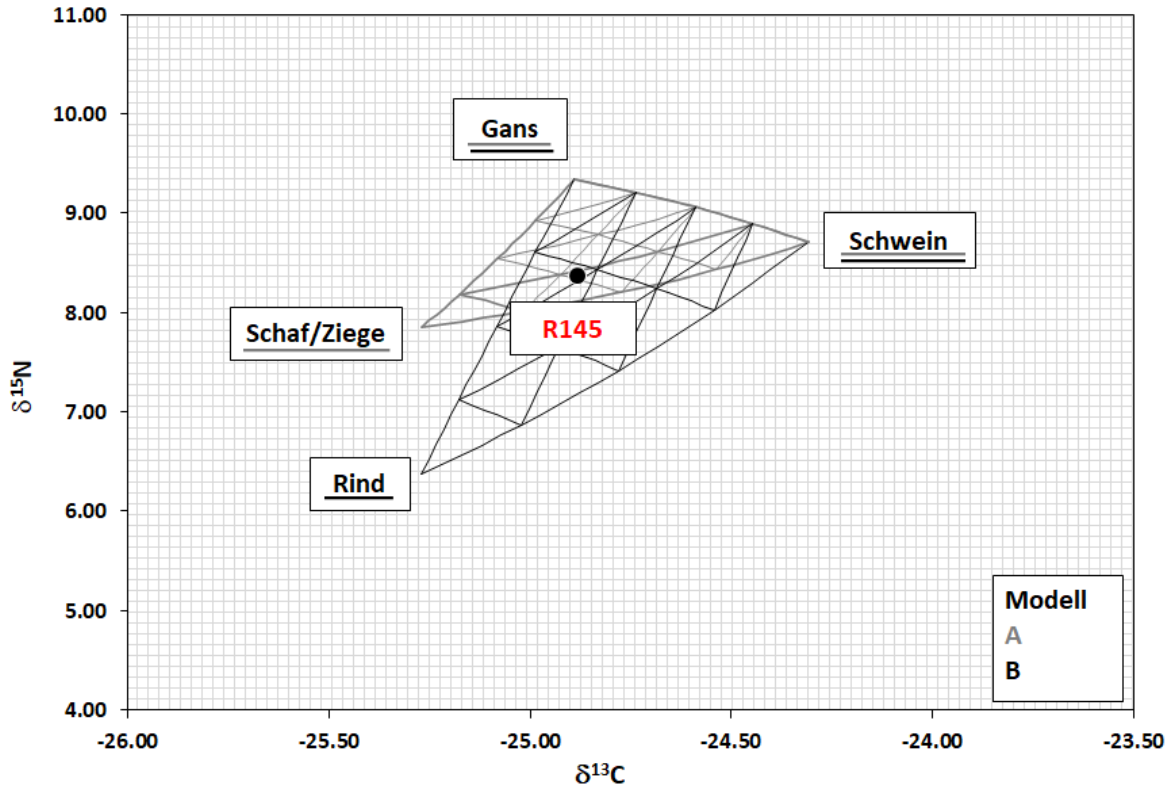


Abbildung 2102: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 145. Erstellt mit IsoConc.

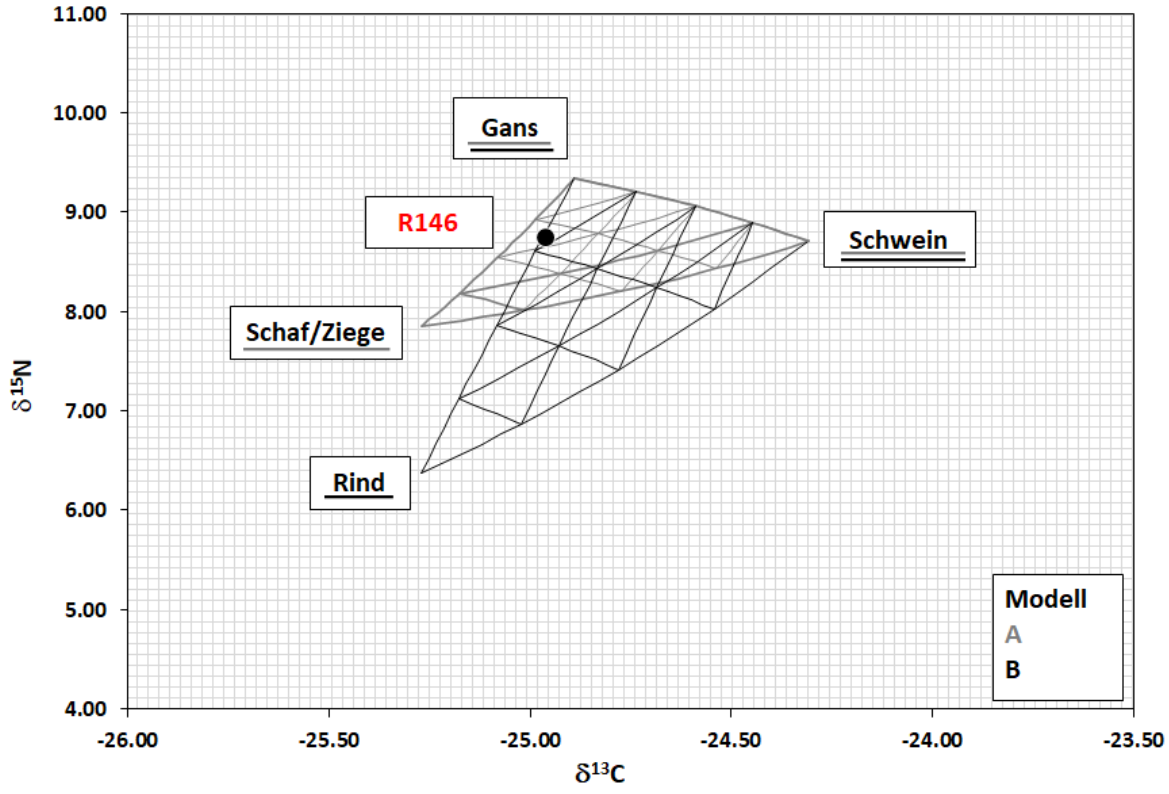


Abbildung 2103: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 146. Erstellt mit IsoConc.

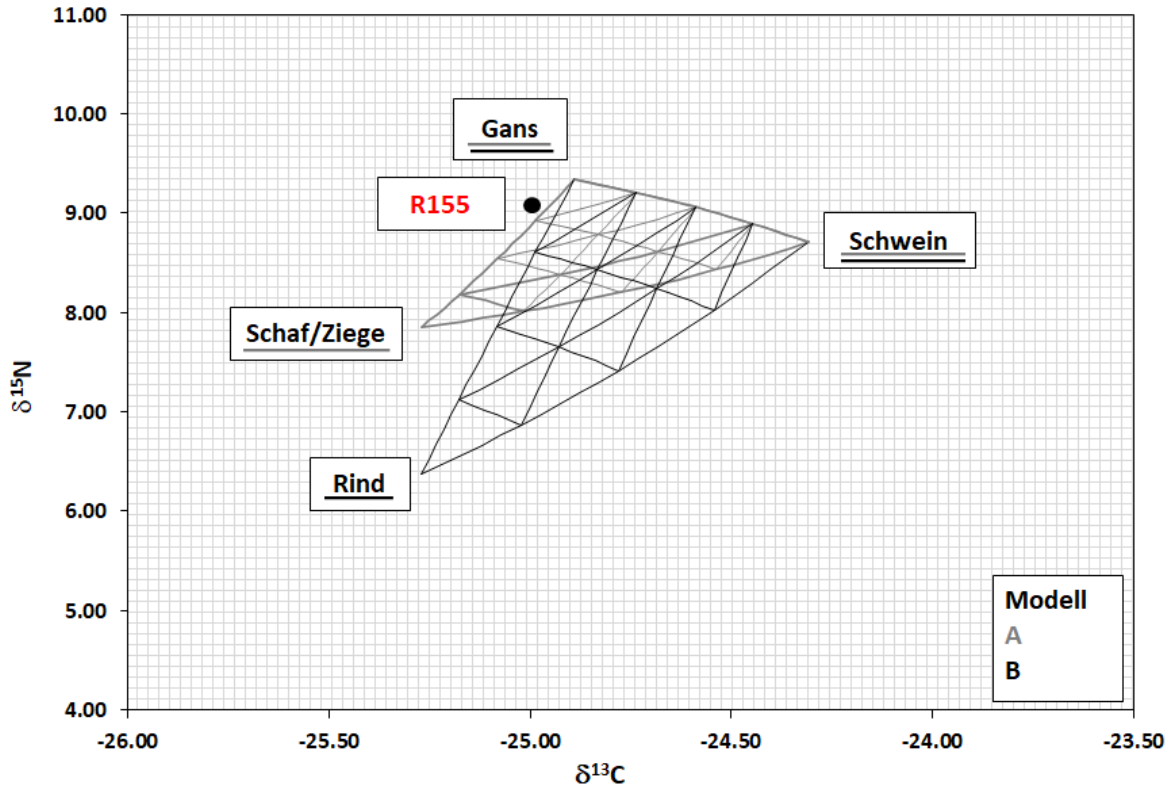


Abbildung 2104: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 155. Erstellt mit IsoConc.

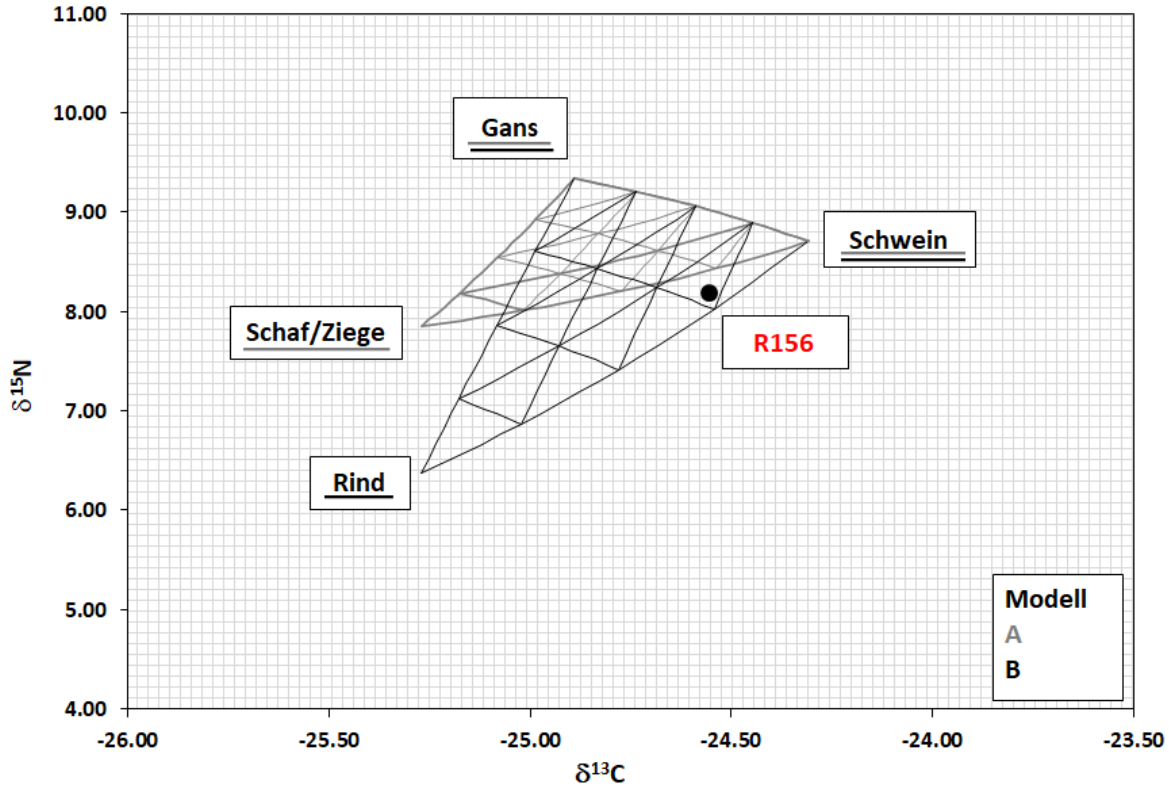


Abbildung 2105: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit IsoConc.

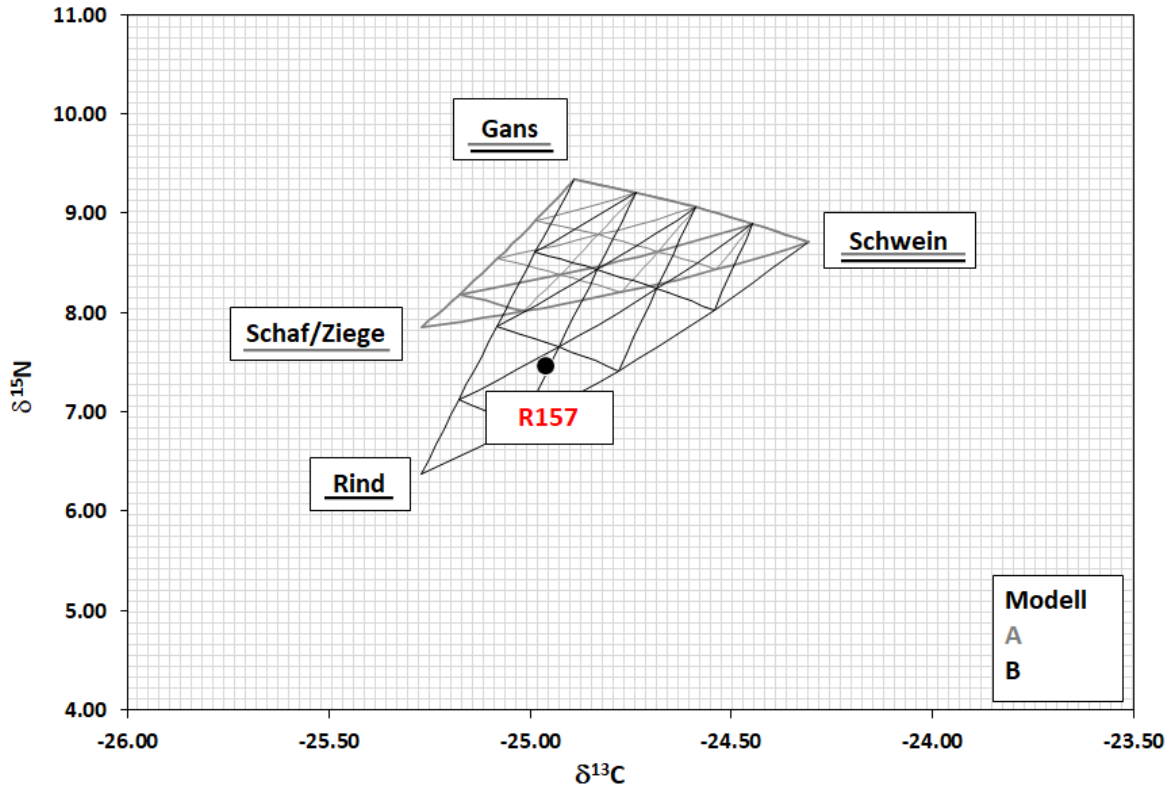


Abbildung 2106: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 157. Erstellt mit IsoConc.

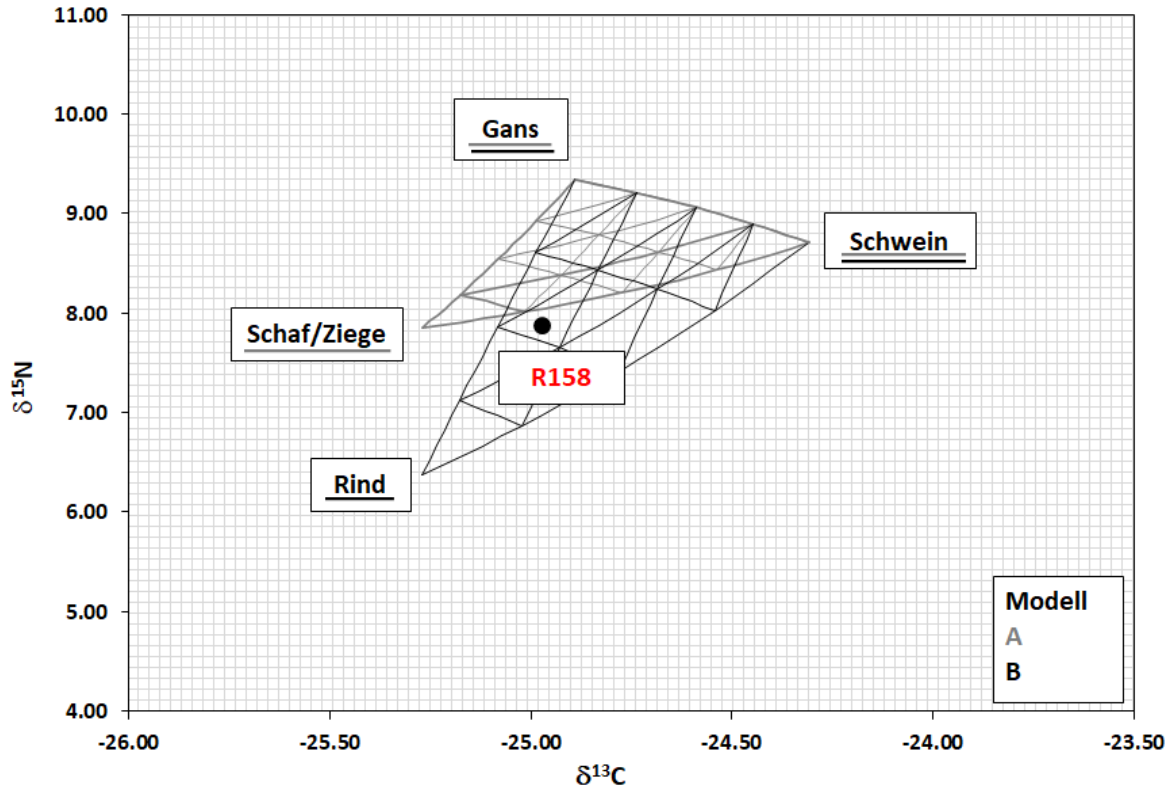


Abbildung 2107: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 158. Erstellt mit IsoConc.

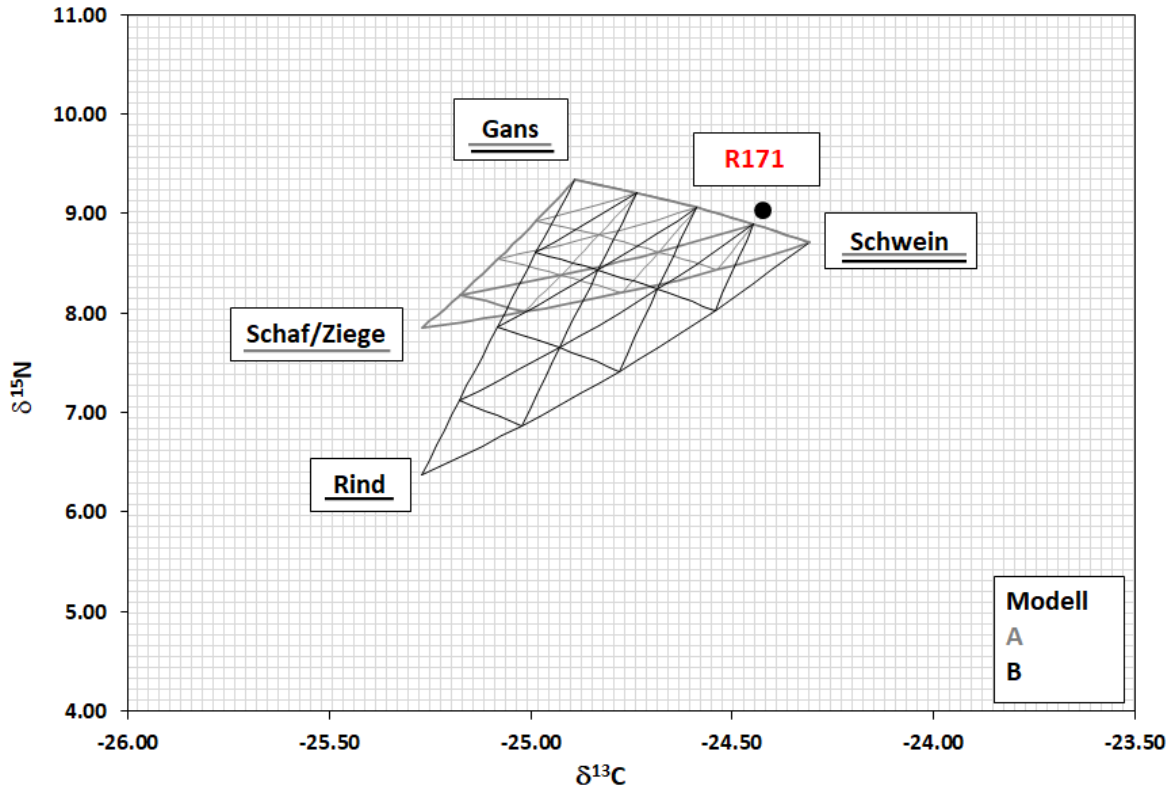


Abbildung 2108: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 171. Erstellt mit IsoConc.

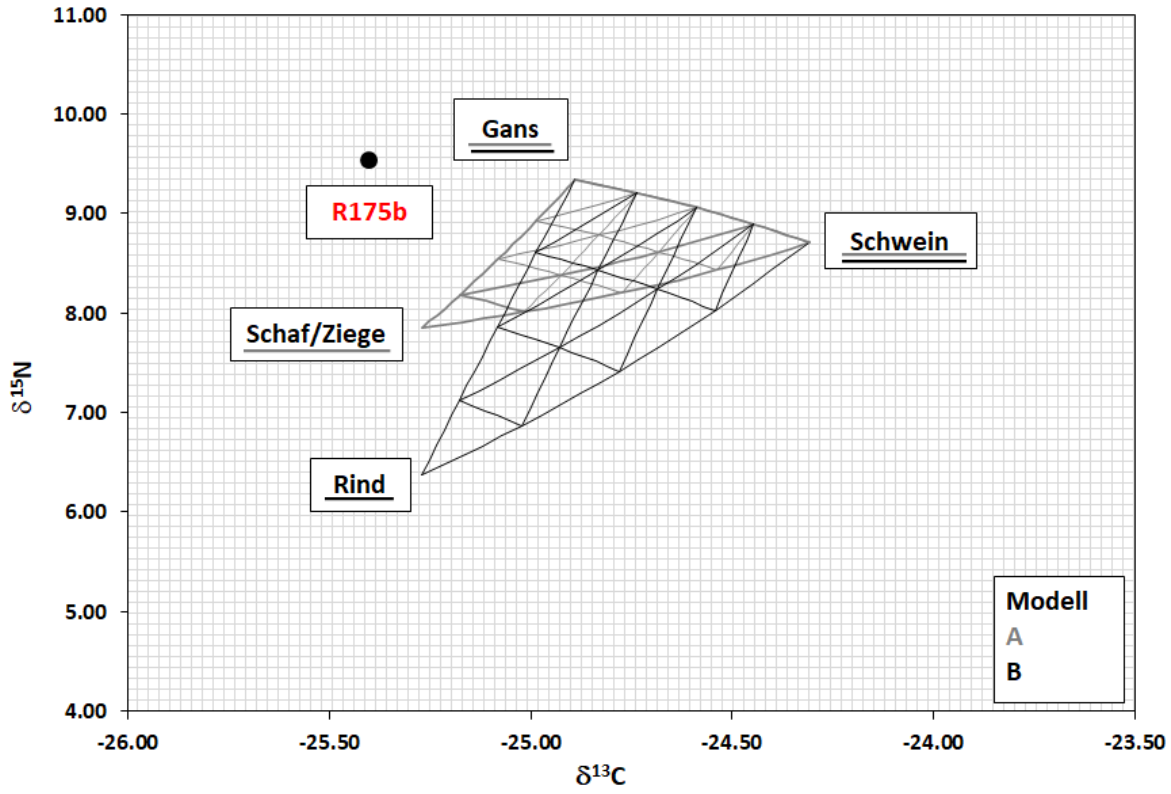


Abbildung 2109: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 175b. Erstellt mit IsoConc.

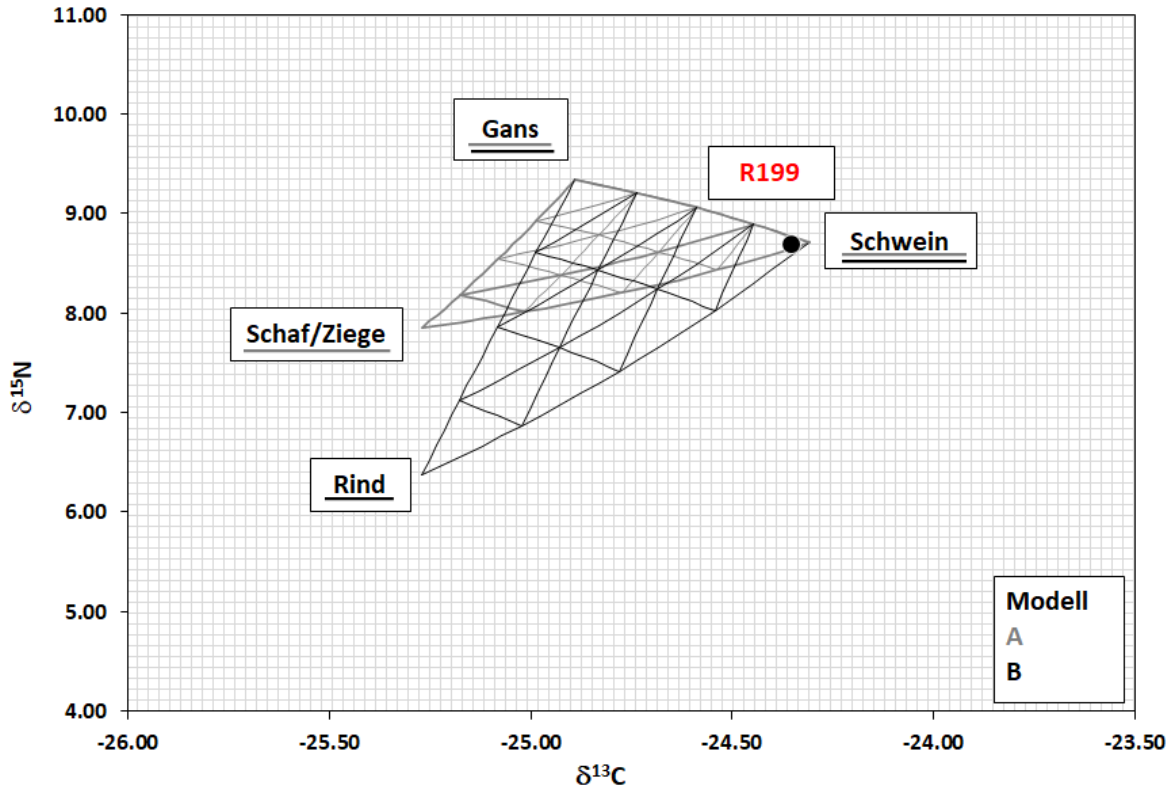


Abbildung 2110: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 199. Erstellt mit IsoConc.

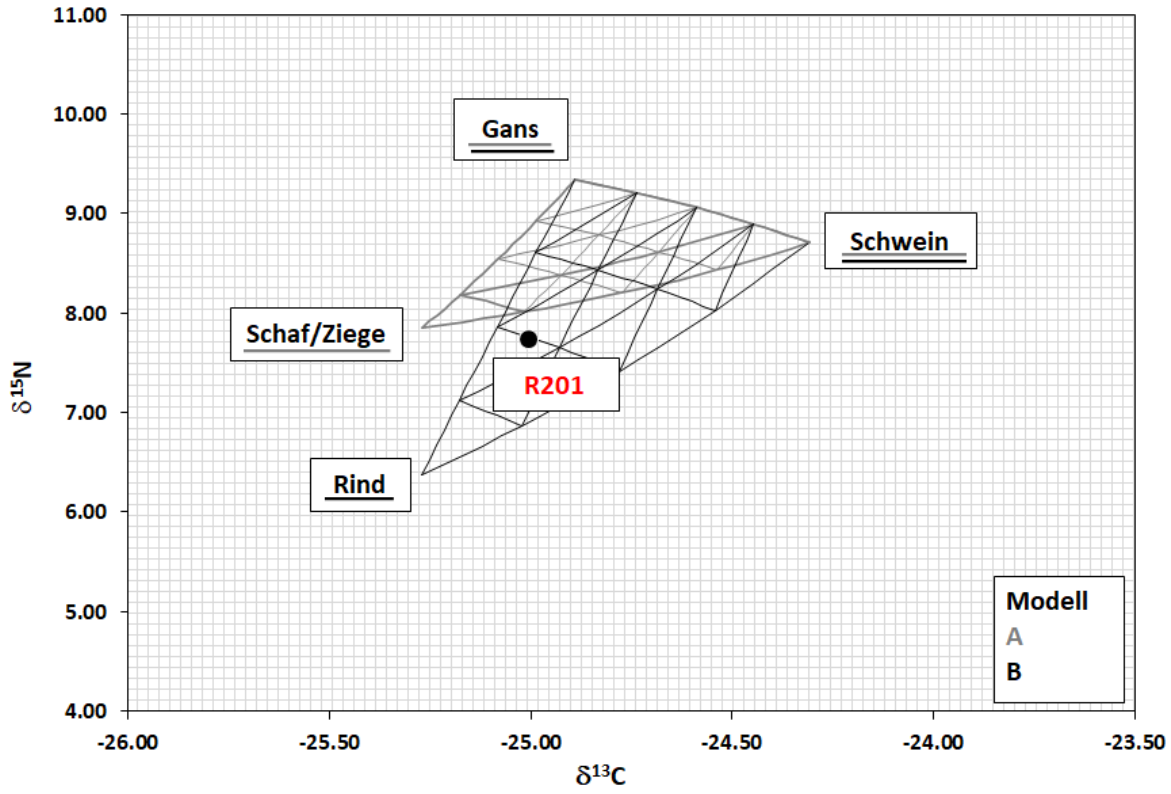


Abbildung 2111: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 201. Erstellt mit IsoConc.

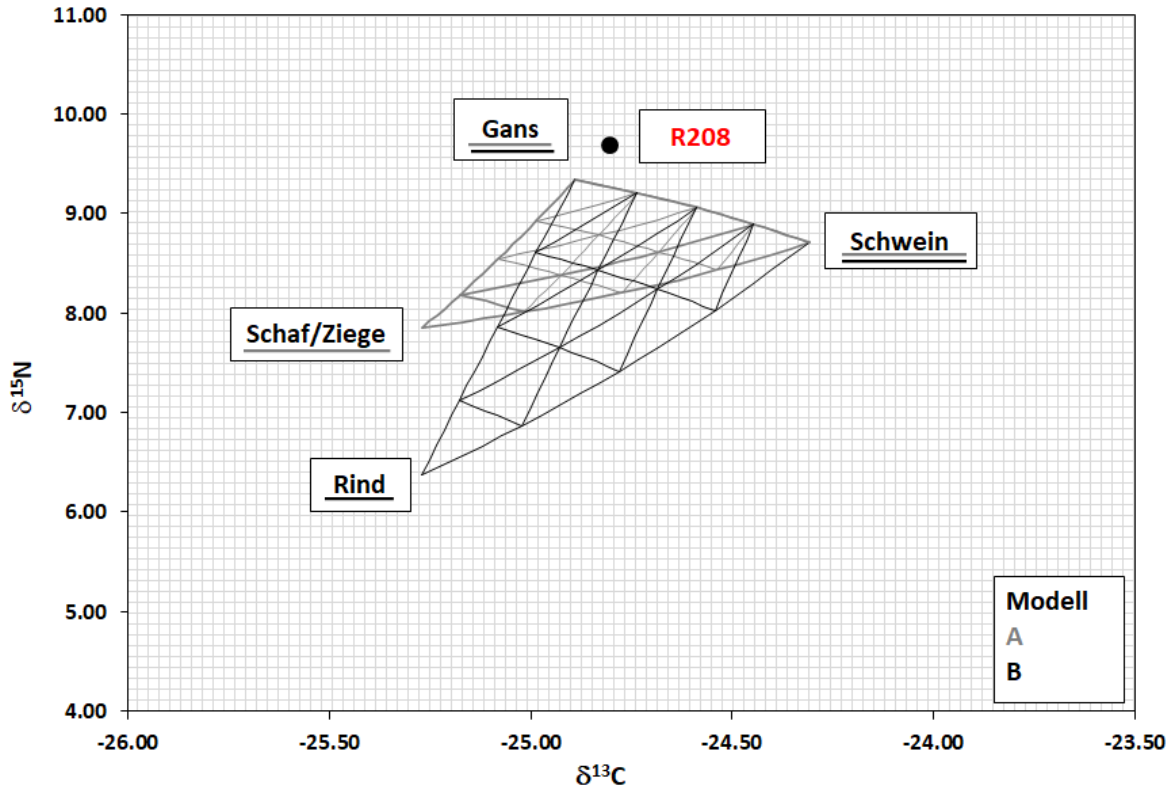


Abbildung 2112: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 208. Erstellt mit IsoConc.

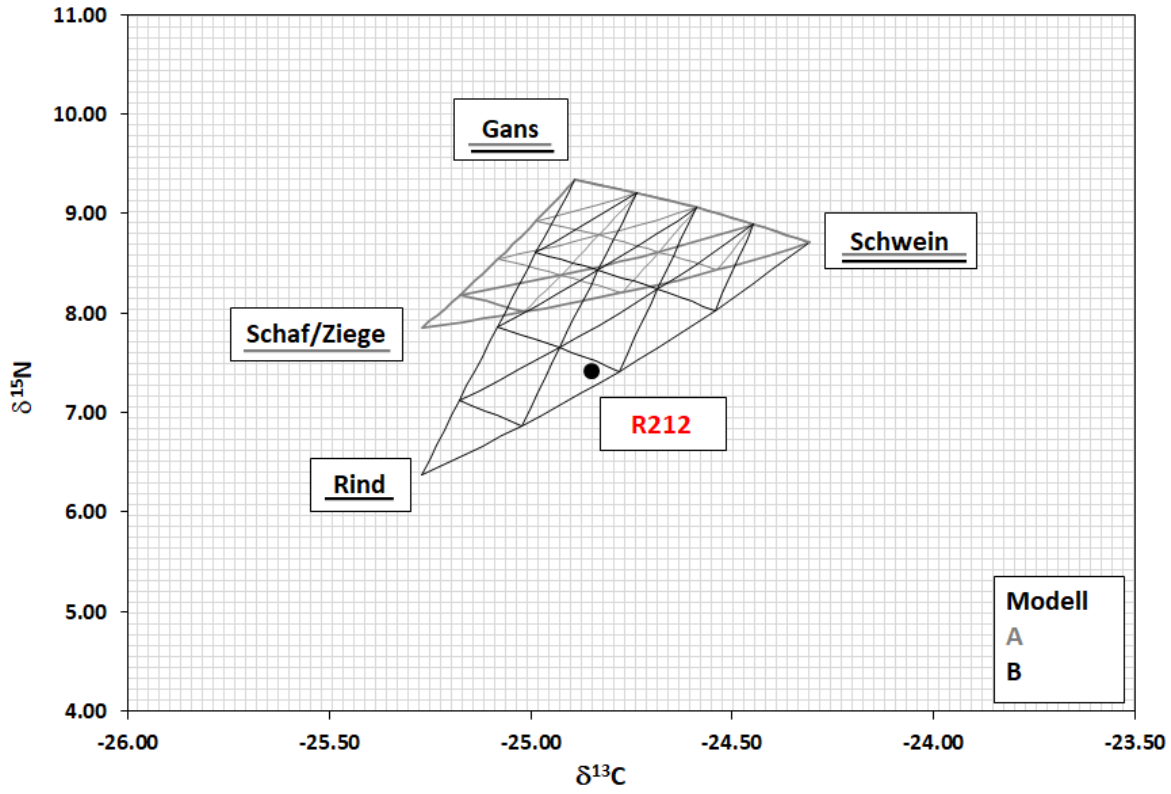


Abbildung 2113: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 212. Erstellt mit IsoConc.

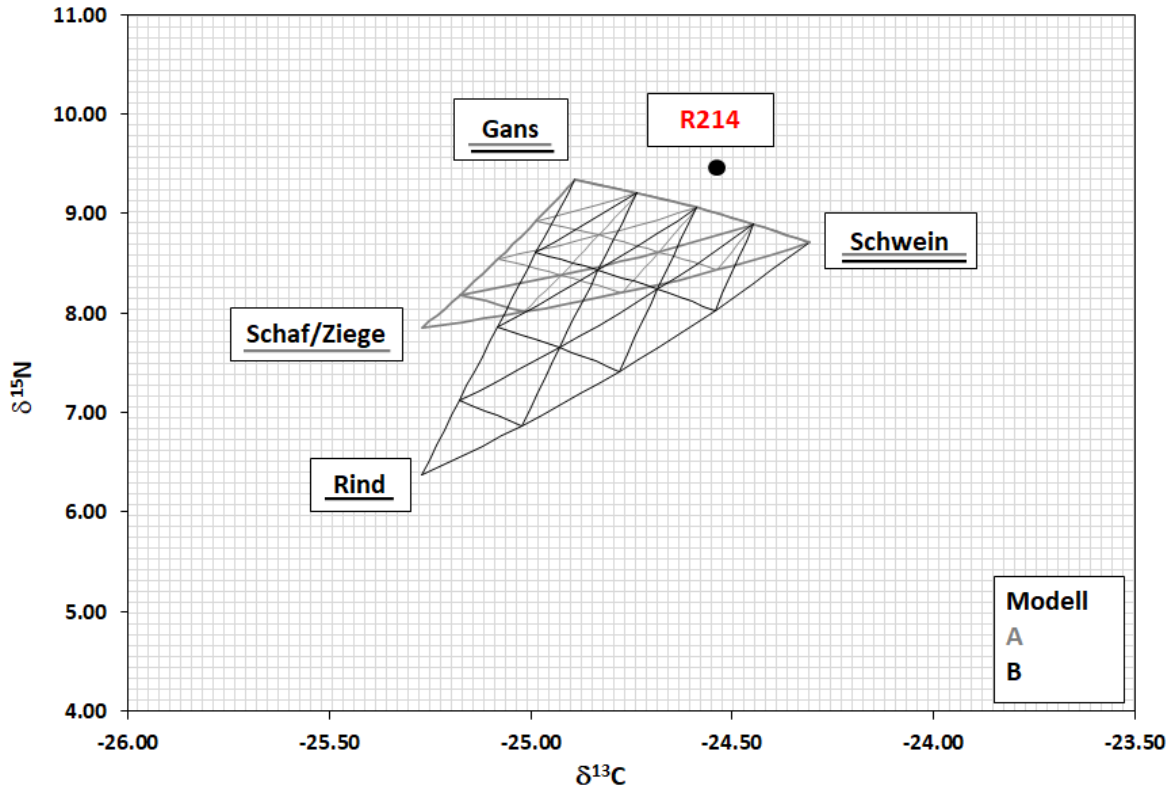


Abbildung 2114: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 214. Erstellt mit IsoConc.

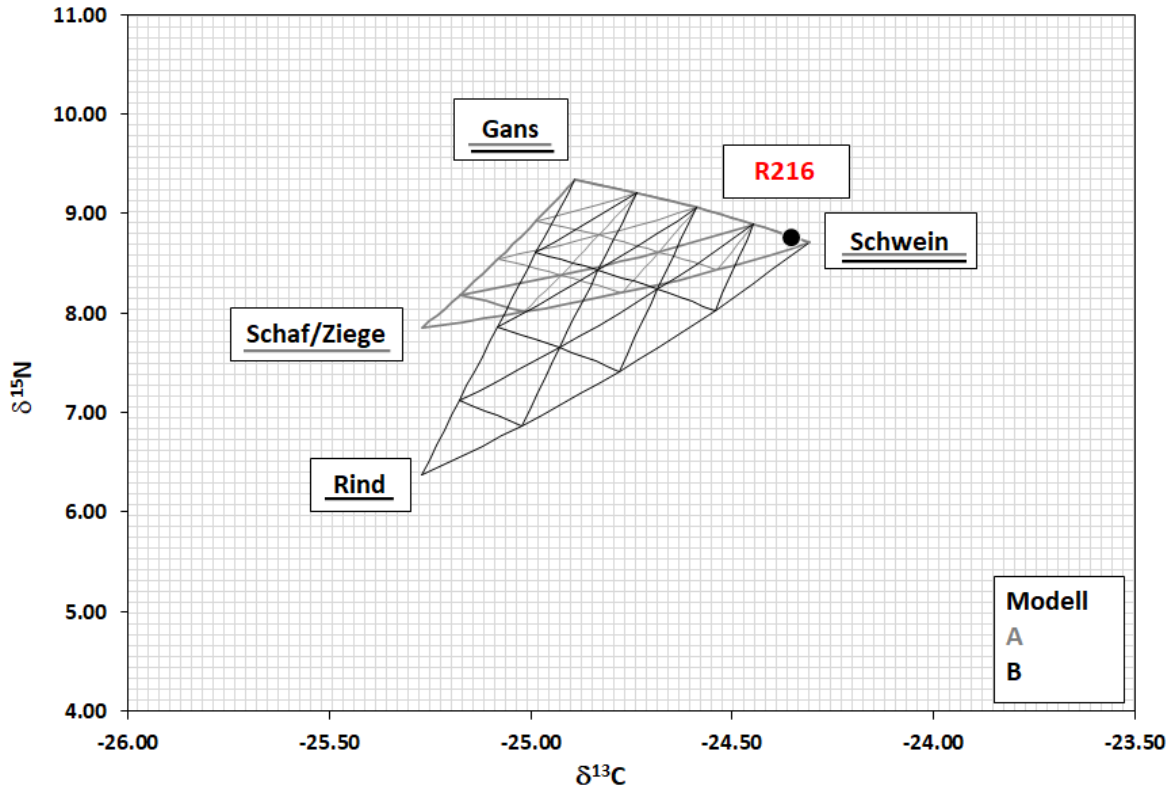


Abbildung 2115: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 216. Erstellt mit IsoConc.

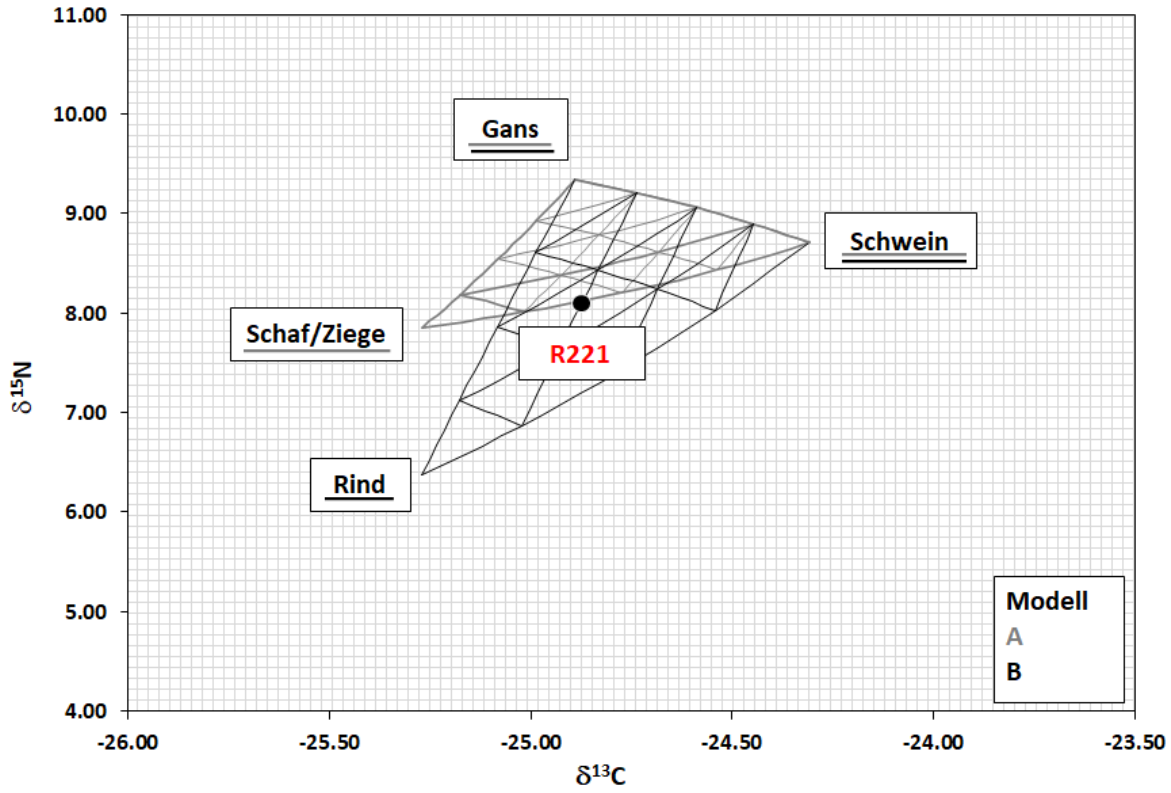


Abbildung 2116: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 221. Erstellt mit IsoConc.

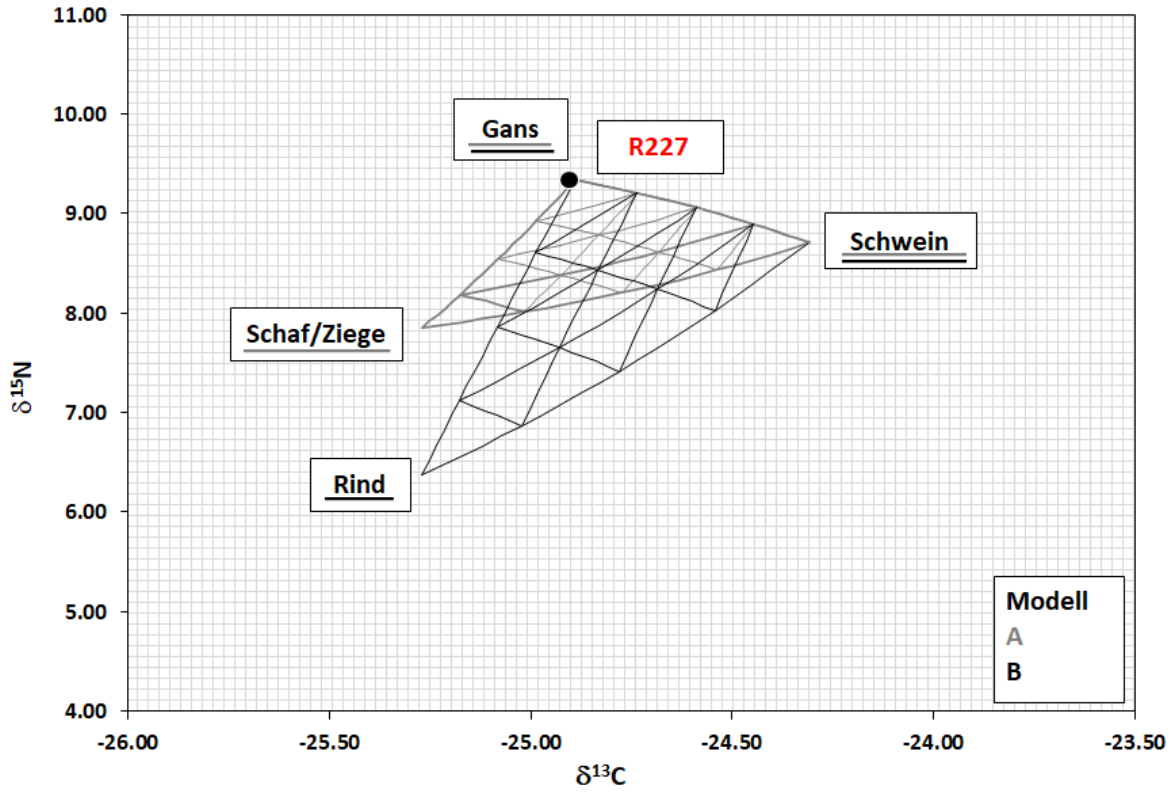


Abbildung 2117: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 227. Erstellt mit IsoConc.

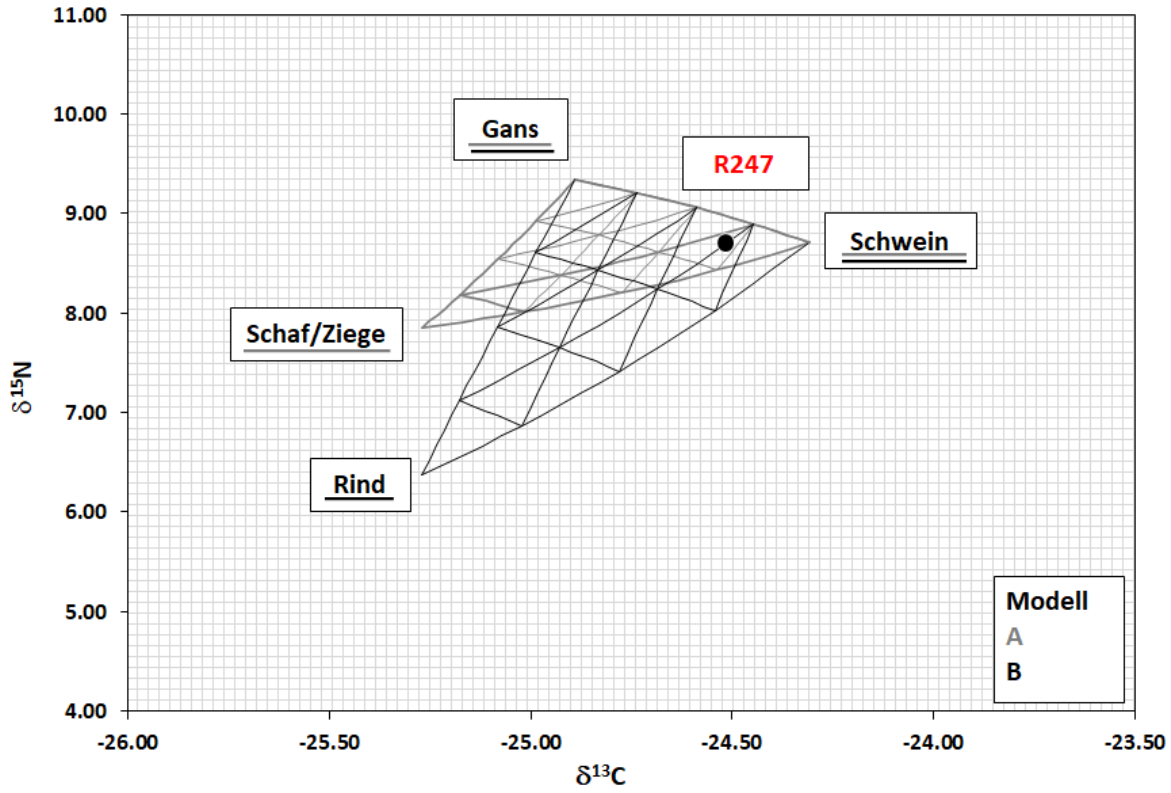


Abbildung 2118: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 247. Erstellt mit IsoConc.

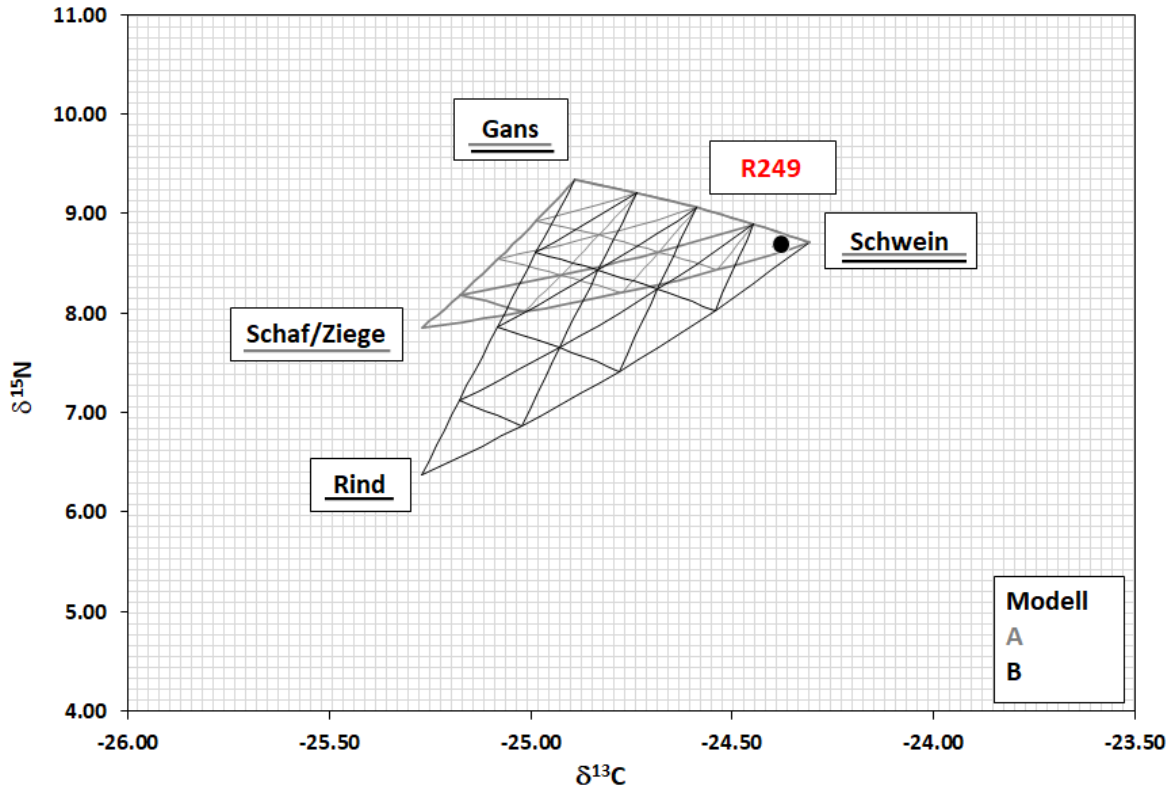


Abbildung 2119: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 249. Erstellt mit IsoConc.

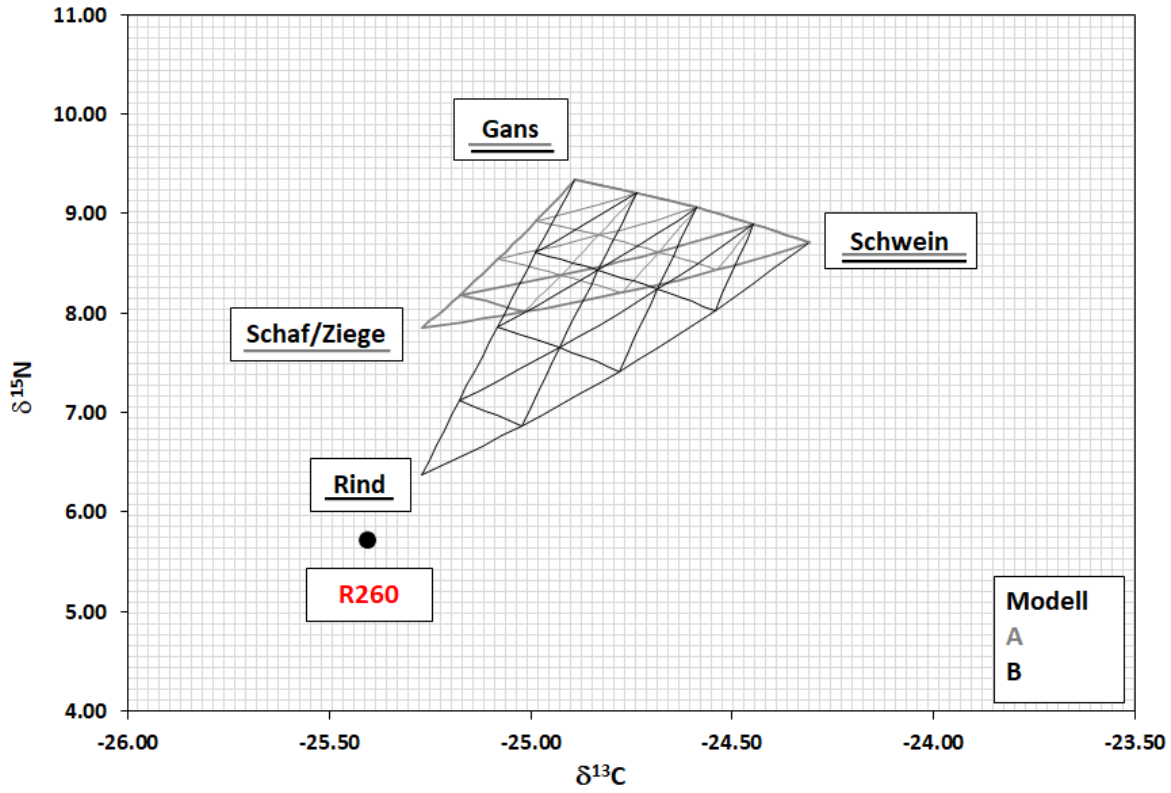


Abbildung 2120: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 260. Erstellt mit IsoConc.

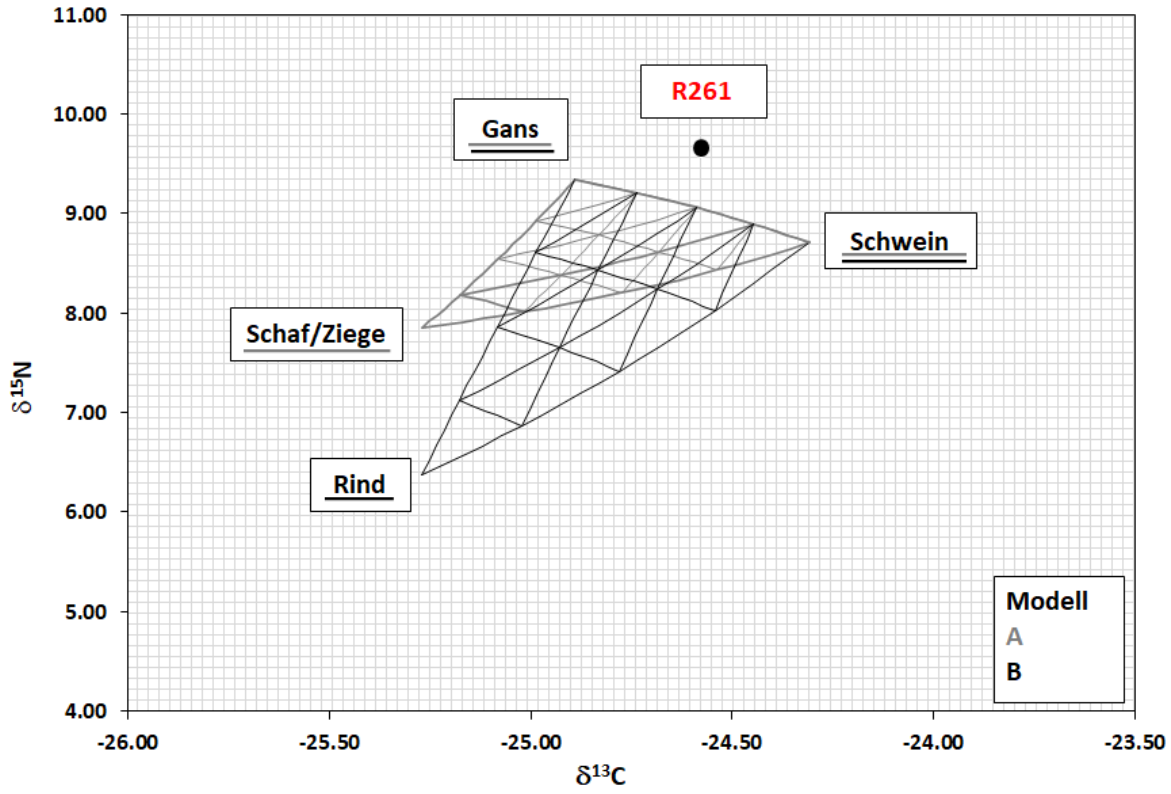


Abbildung 2121: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 261. Erstellt mit IsoConc.

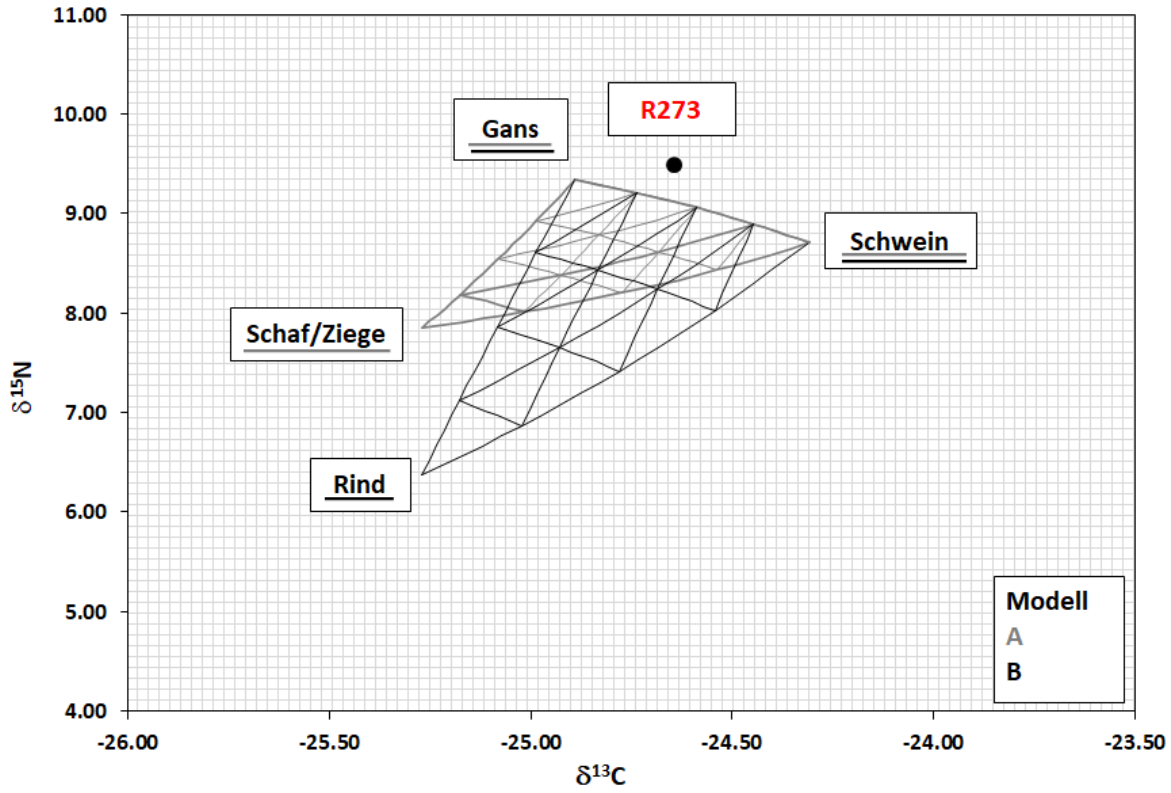


Abbildung 2122: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 273. Erstellt mit IsoConc.

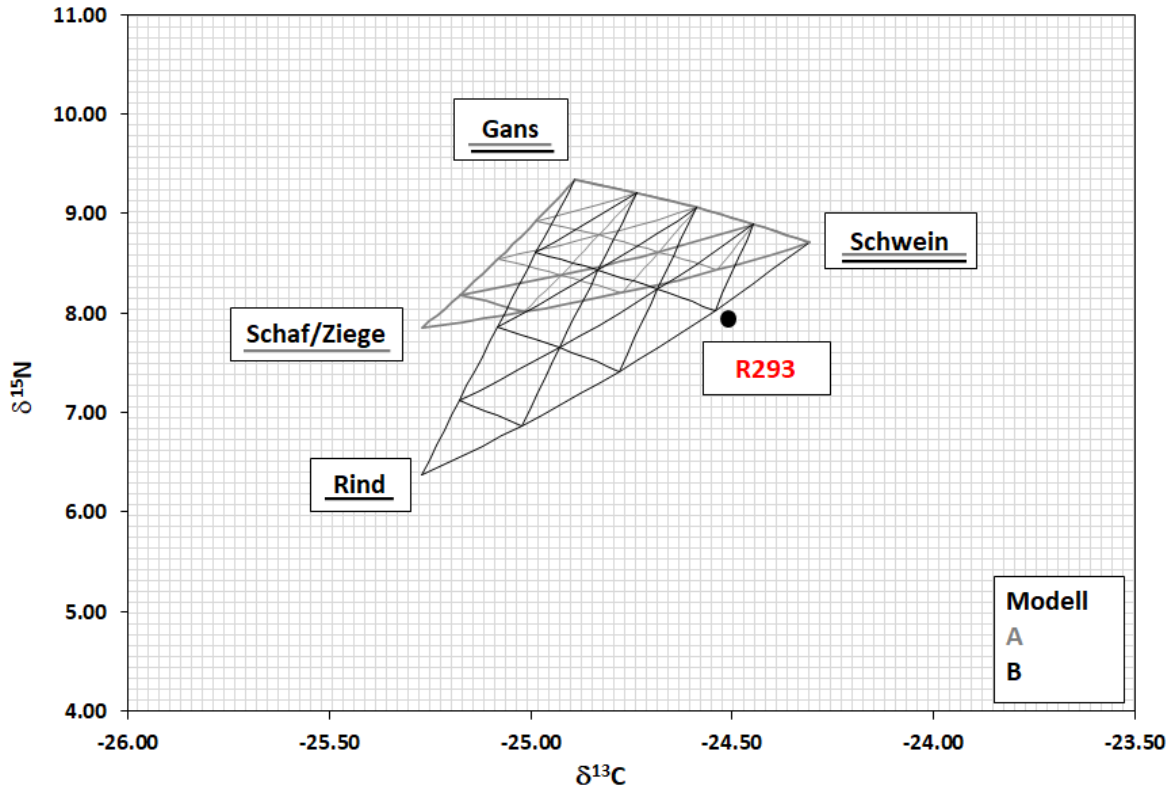


Abbildung 2123: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 293. Erstellt mit IsoConc.

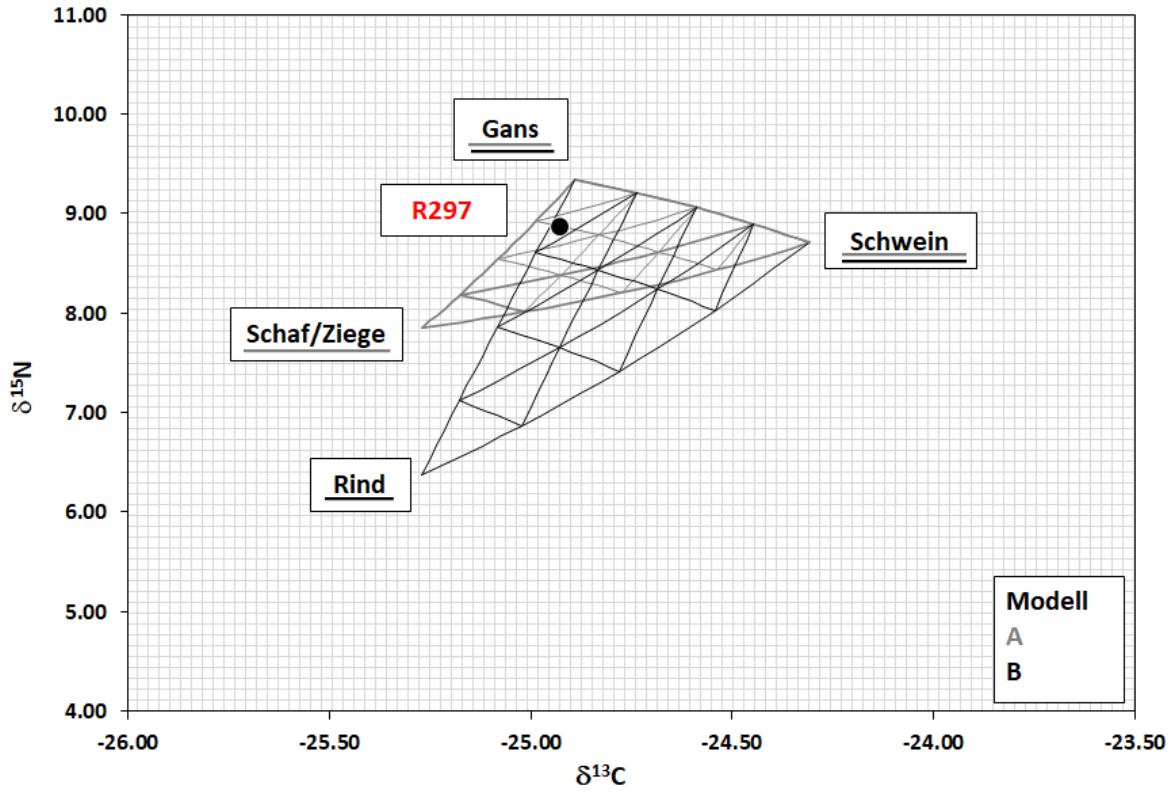


Abbildung 2124: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 297. Erstellt mit IsoConc.

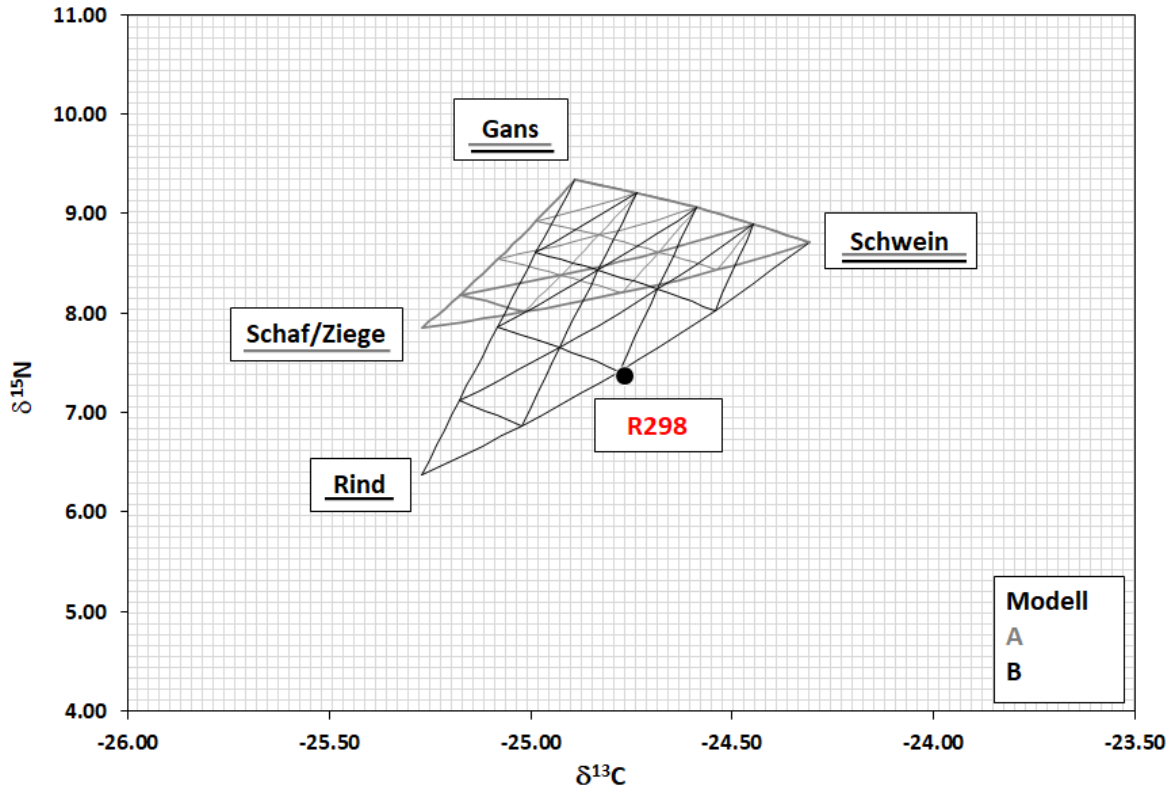


Abbildung 2125: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 298. Erstellt mit IsoConc.

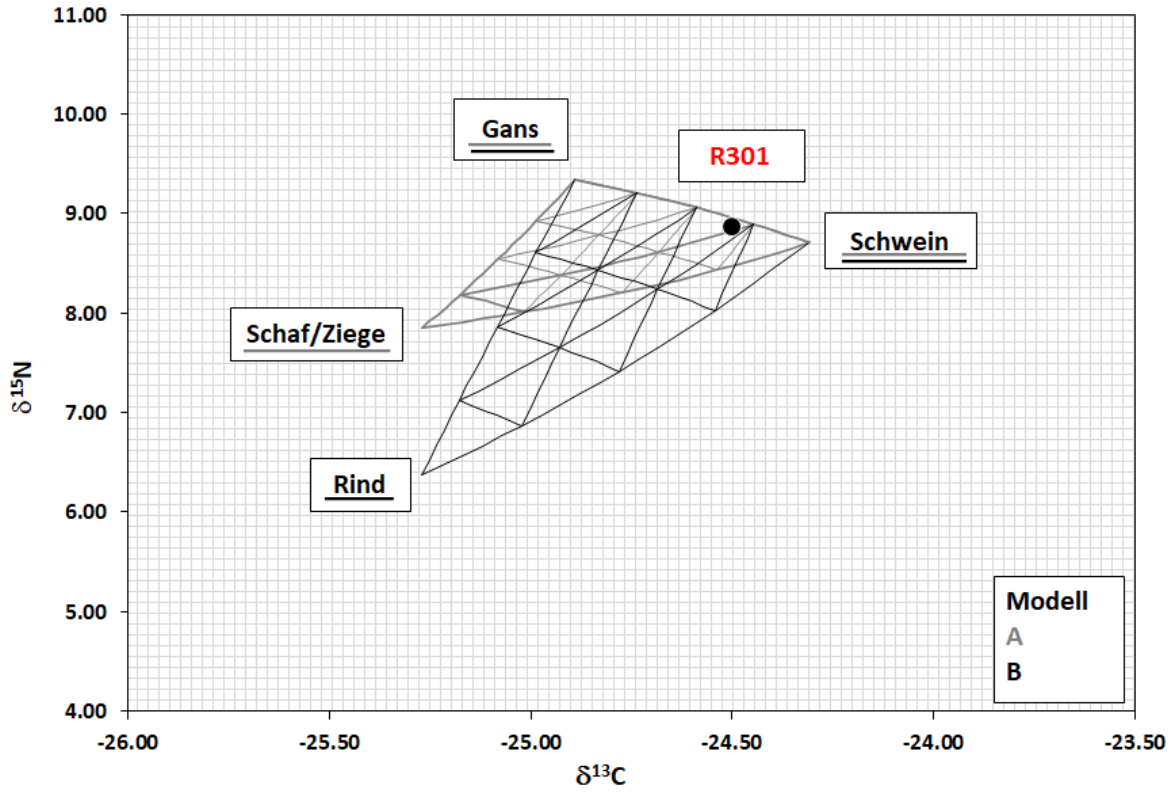


Abbildung 2126: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 301. Erstellt mit IsoConc.

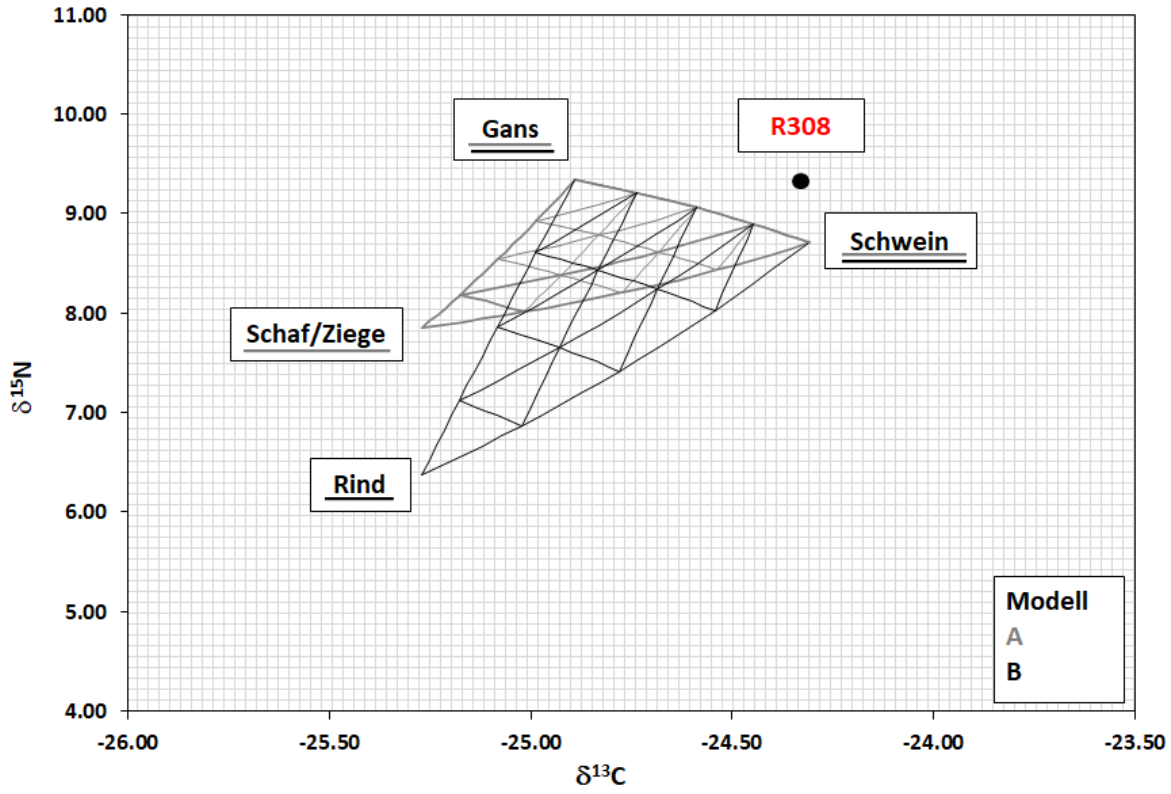


Abbildung 2127: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 308. Erstellt mit IsoConc.

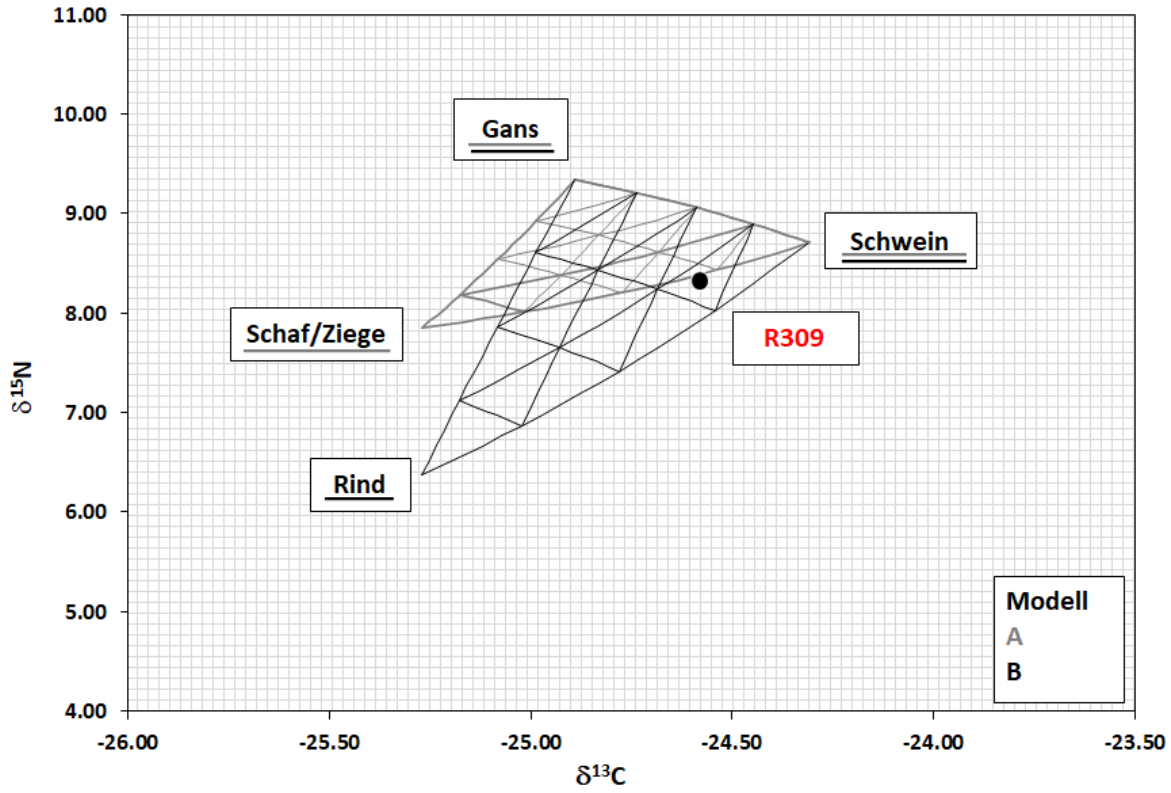


Abbildung 2128: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 309. Erstellt mit IsoConc.

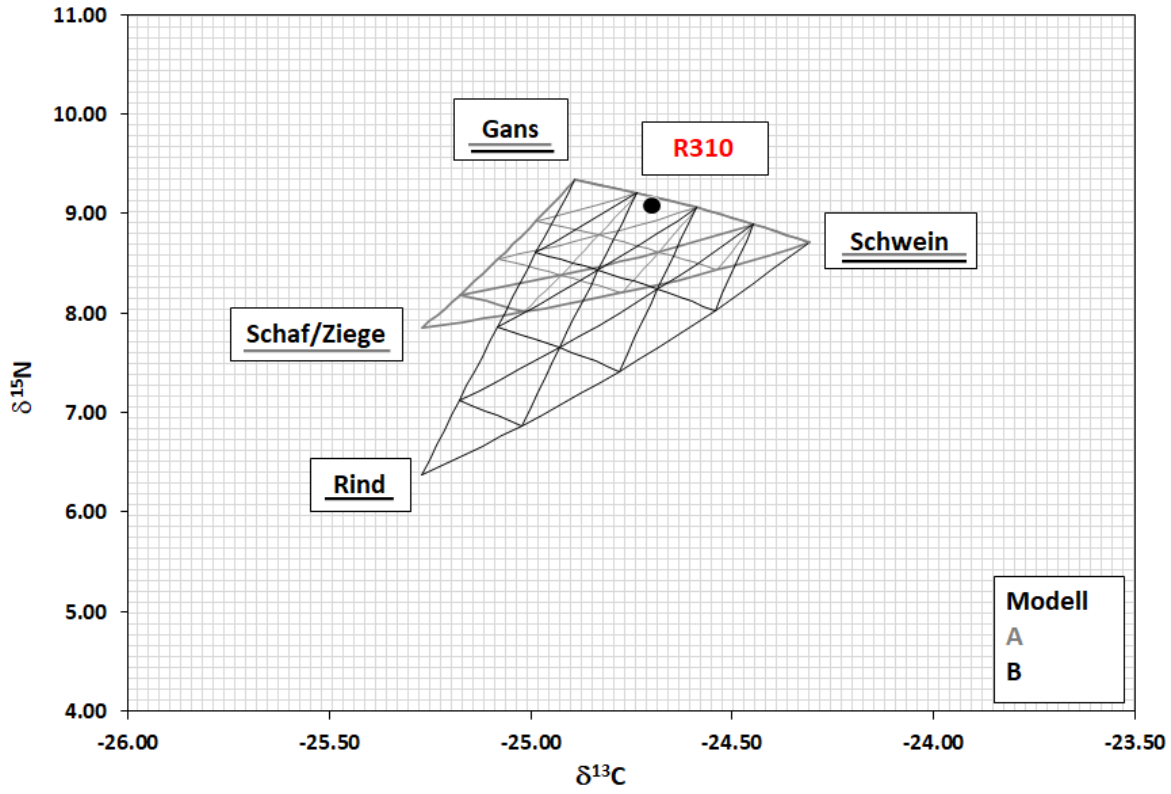


Abbildung 2129: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 310. Erstellt mit IsoConc.

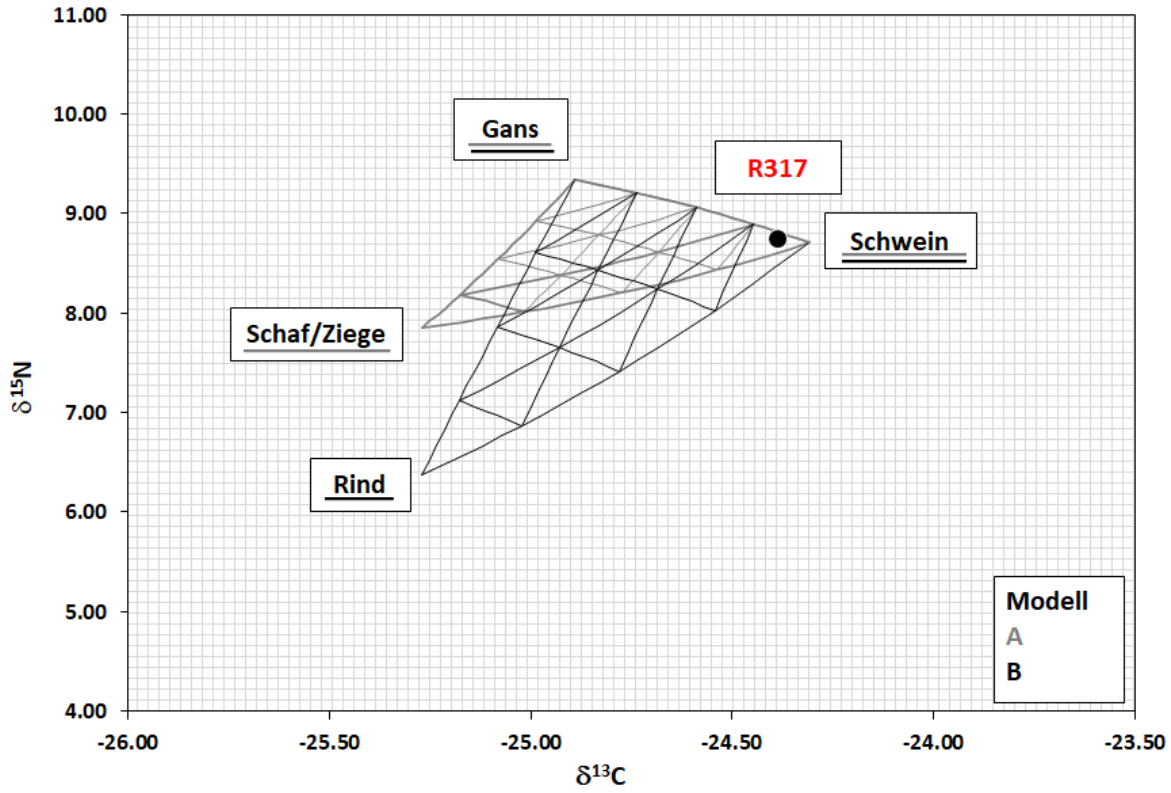


Abbildung 2130: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 317. Erstellt mit IsoConc.

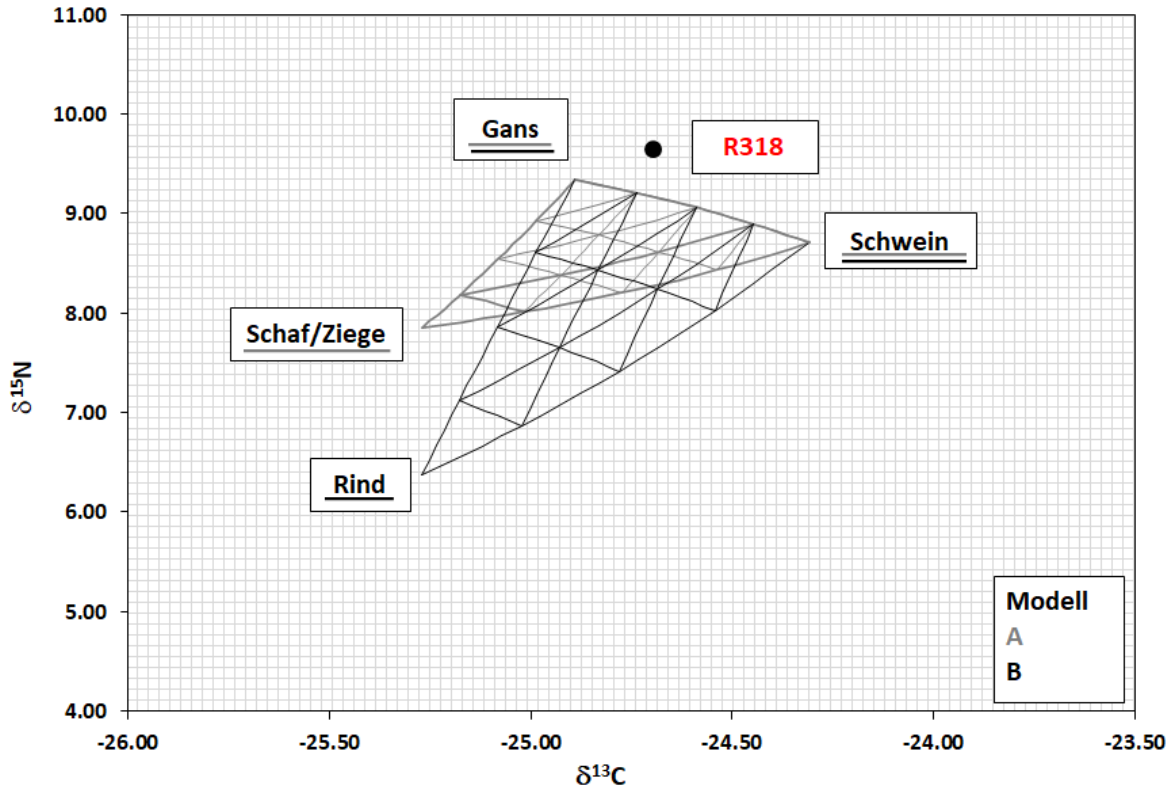


Abbildung 2131: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 318. Erstellt mit IsoConc.

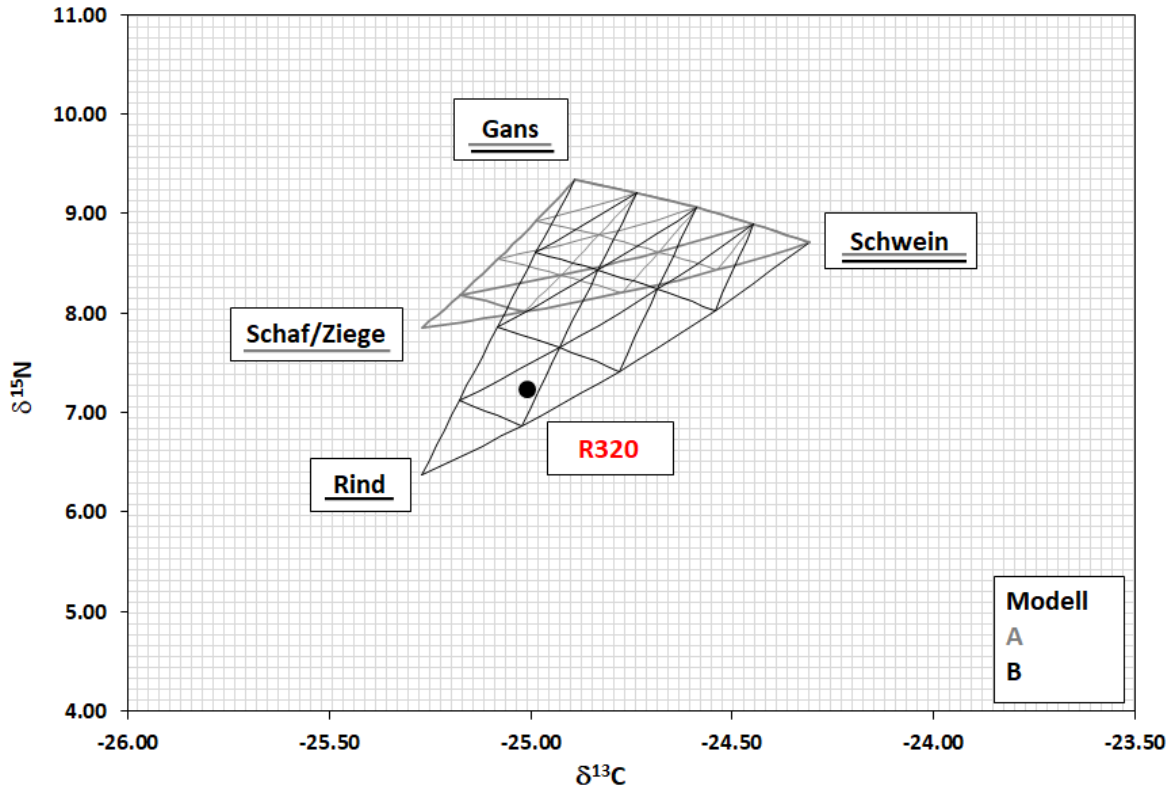


Abbildung 2132: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 320. Erstellt mit IsoConc.

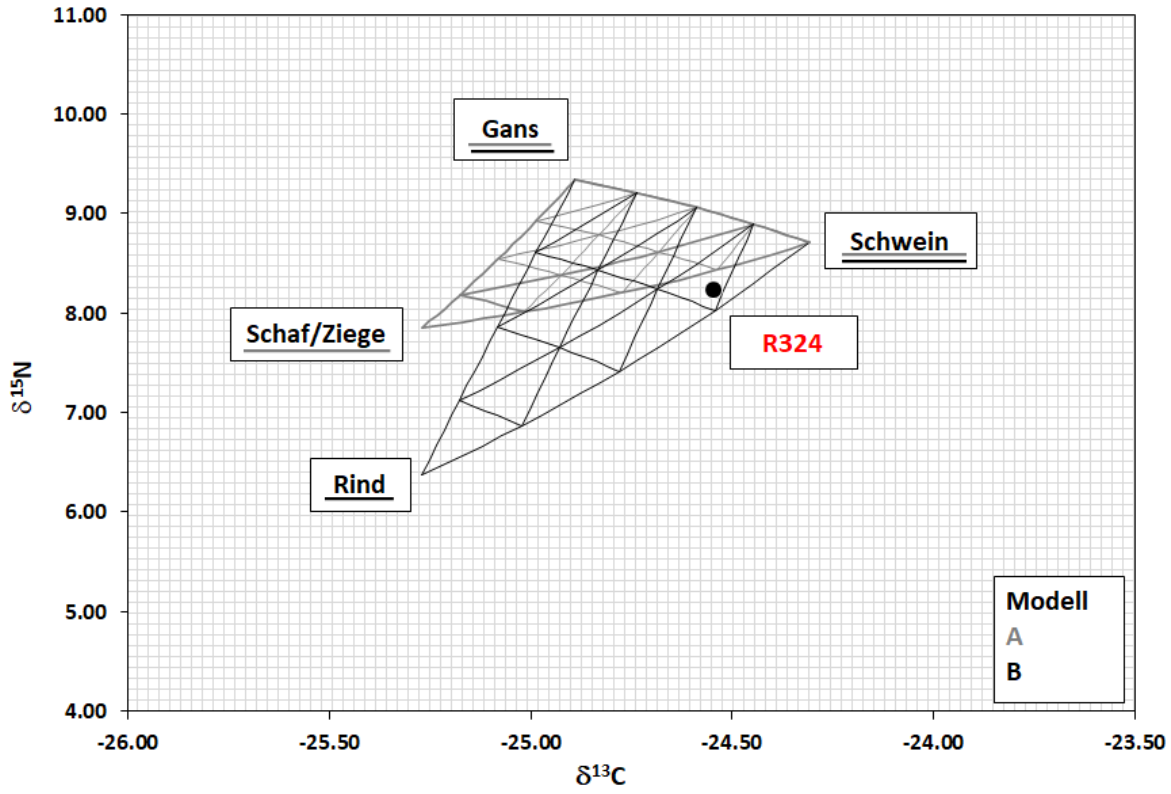


Abbildung 2133: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 324. Erstellt mit IsoConc.

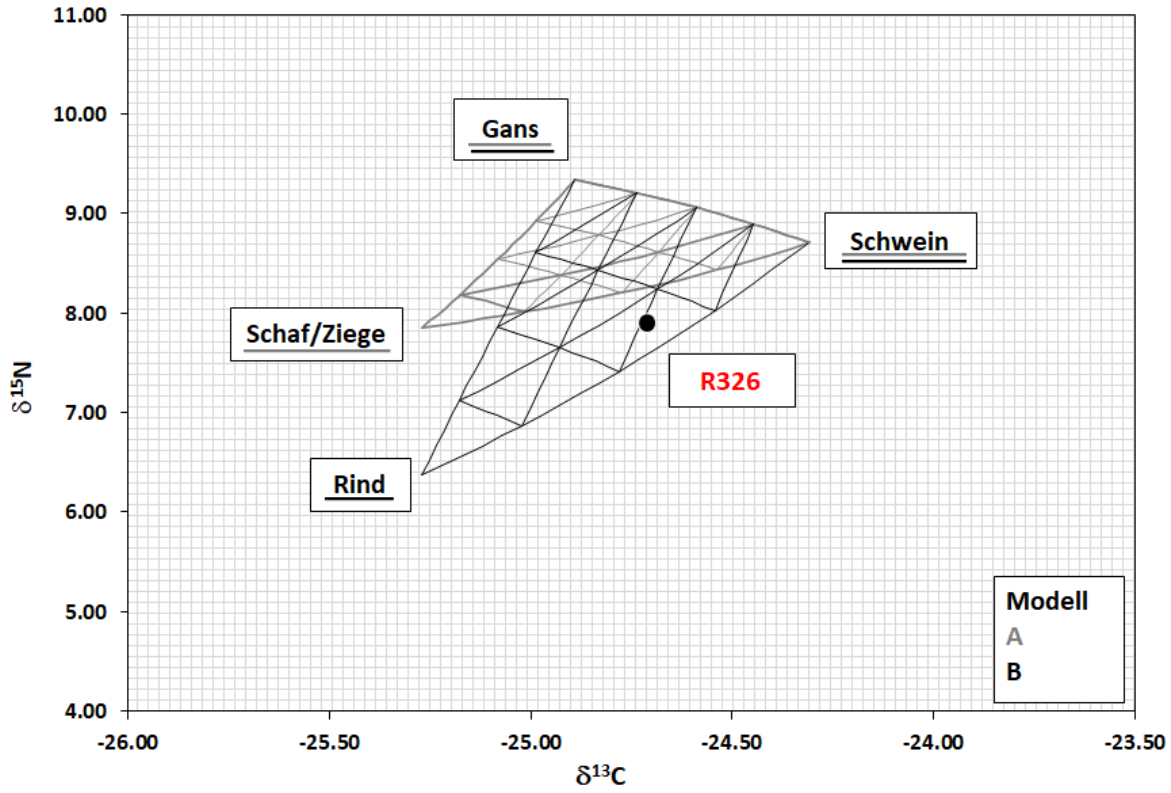


Abbildung 2134: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 326. Erstellt mit IsoConc.

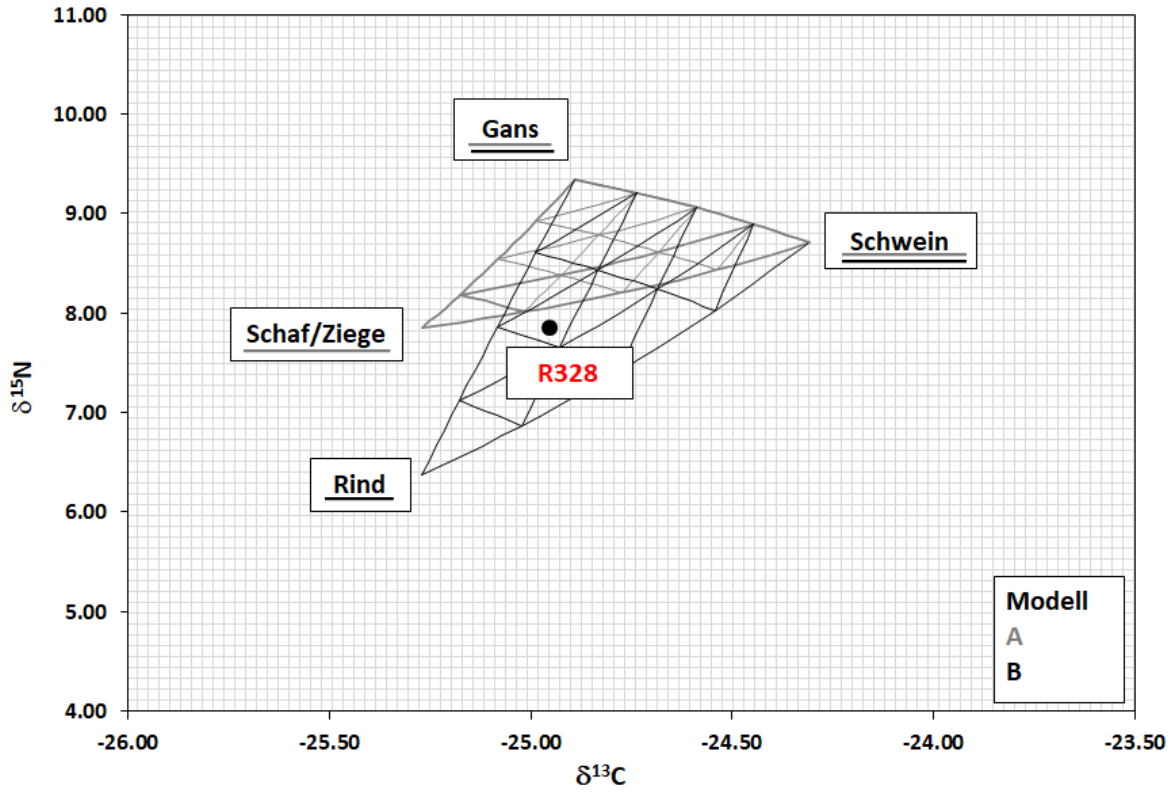


Abbildung 2135: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 328. Erstellt mit IsoConc.

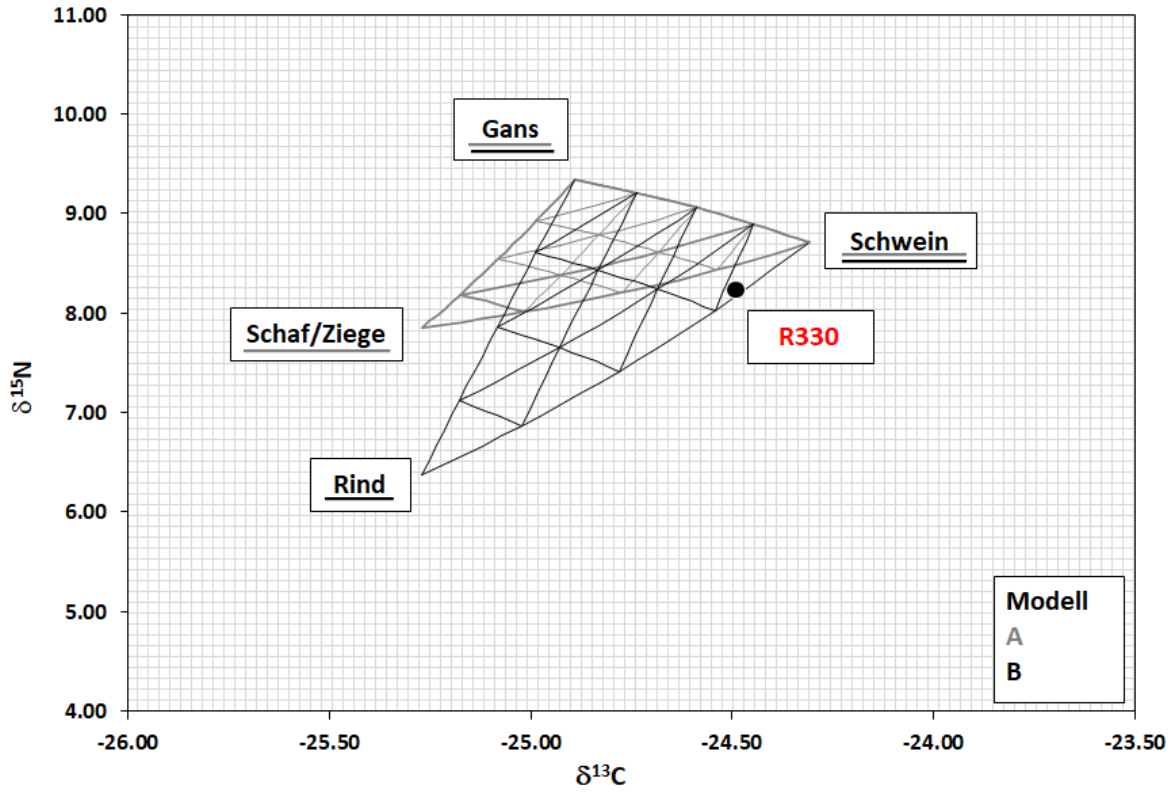


Abbildung 2136: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 330. Erstellt mit IsoConc.

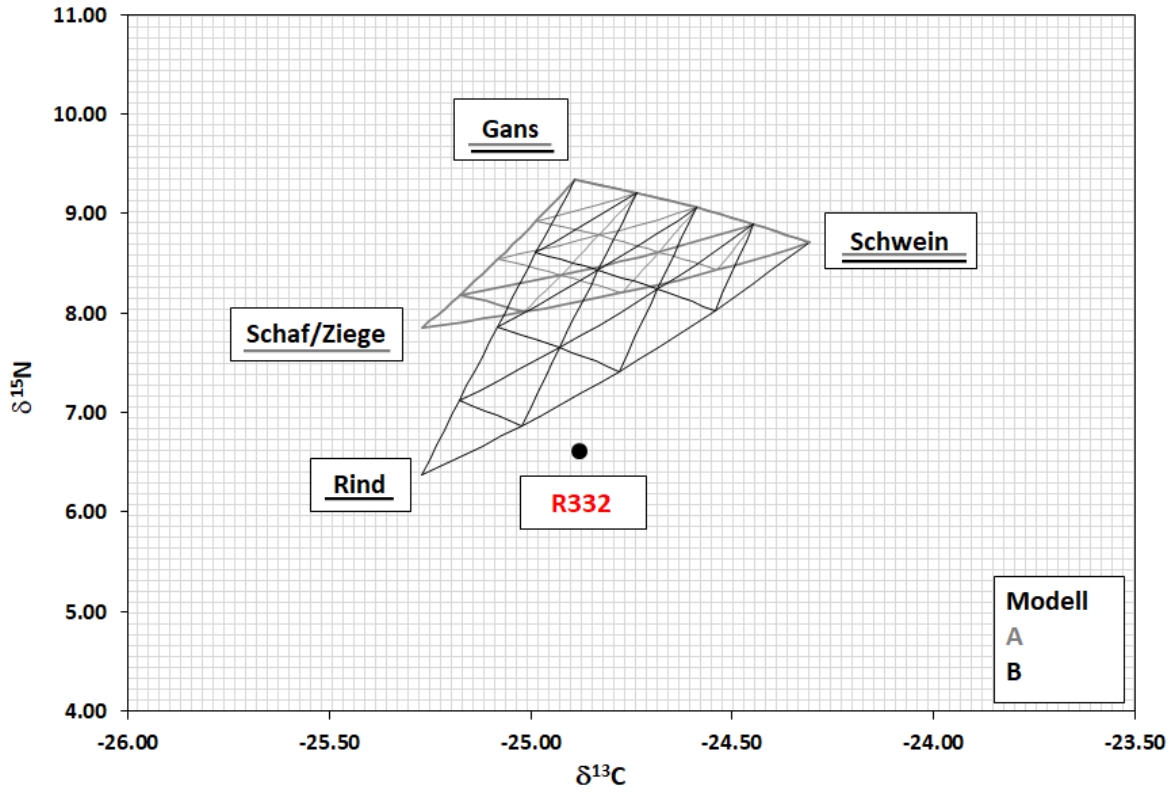


Abbildung 2137: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 332. Erstellt mit IsoConc.

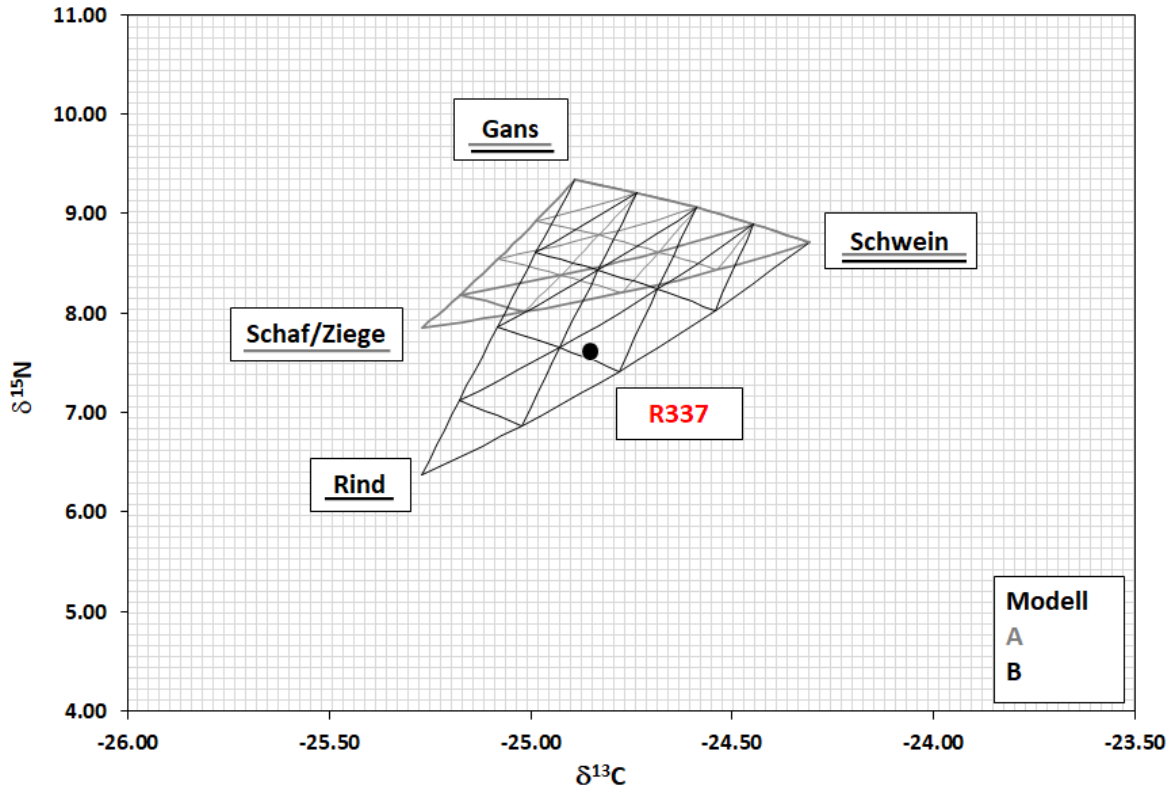


Abbildung 2138: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 337. Erstellt mit IsoConc.

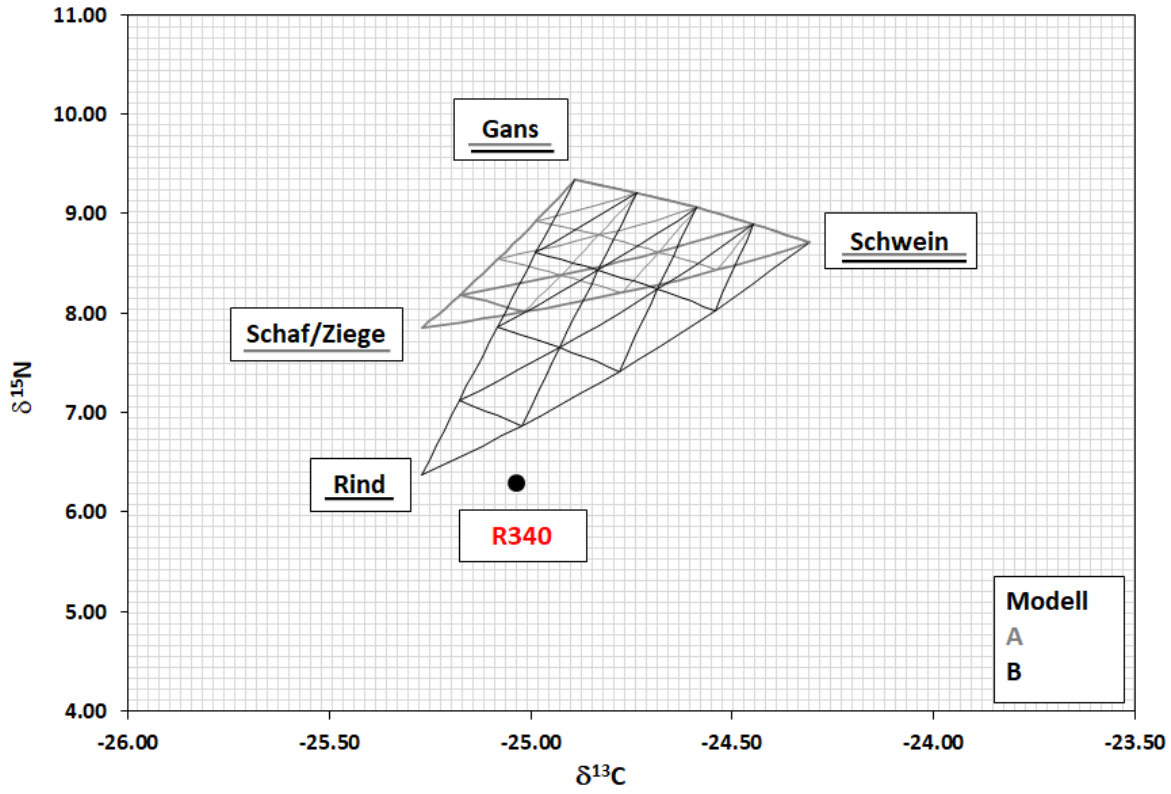


Abbildung 2139: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 340. Erstellt mit IsoConc.

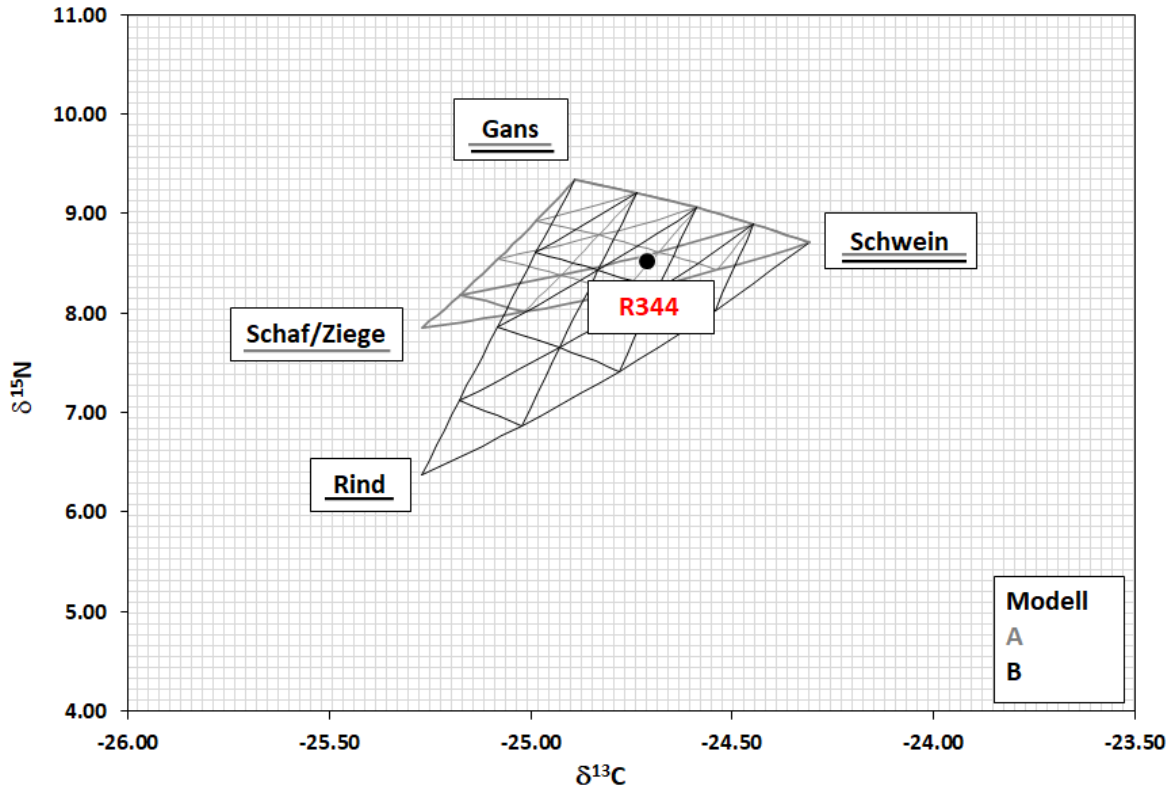


Abbildung 2140: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 344. Erstellt mit IsoConc.

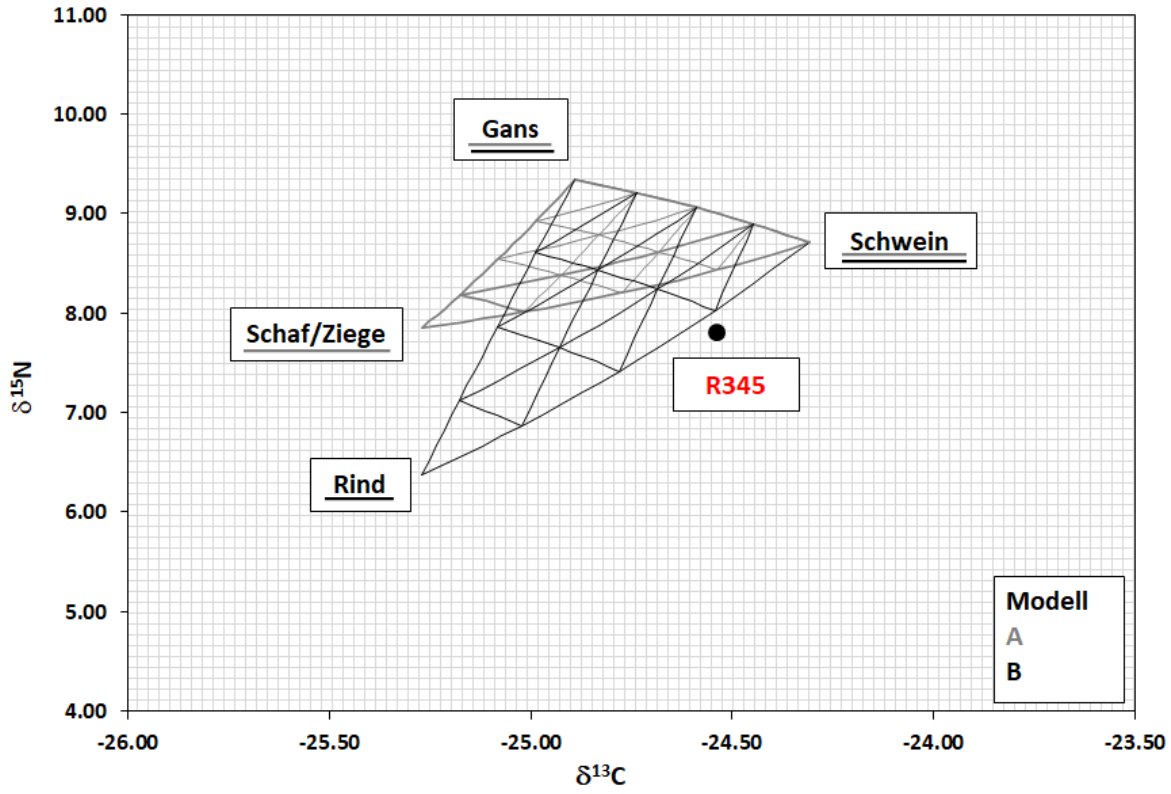


Abbildung 2141: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 345. Erstellt mit IsoConc.

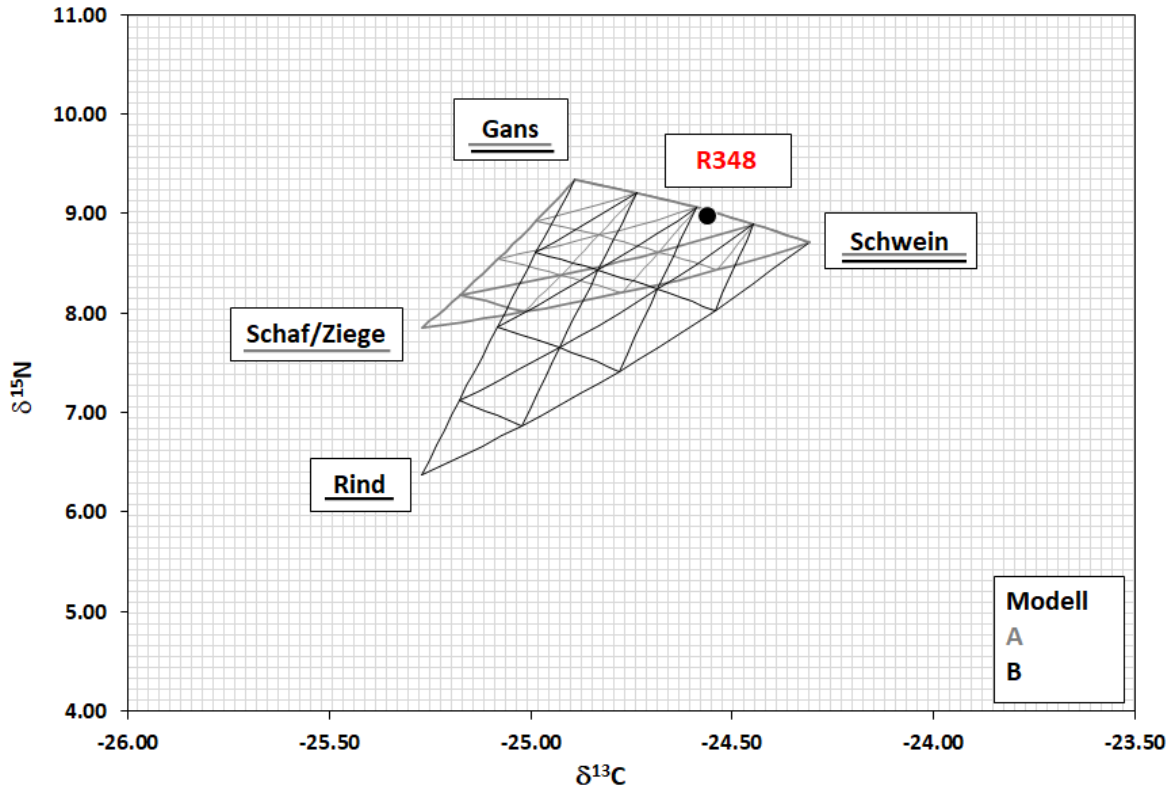


Abbildung 2142: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348. Erstellt mit IsoConc.

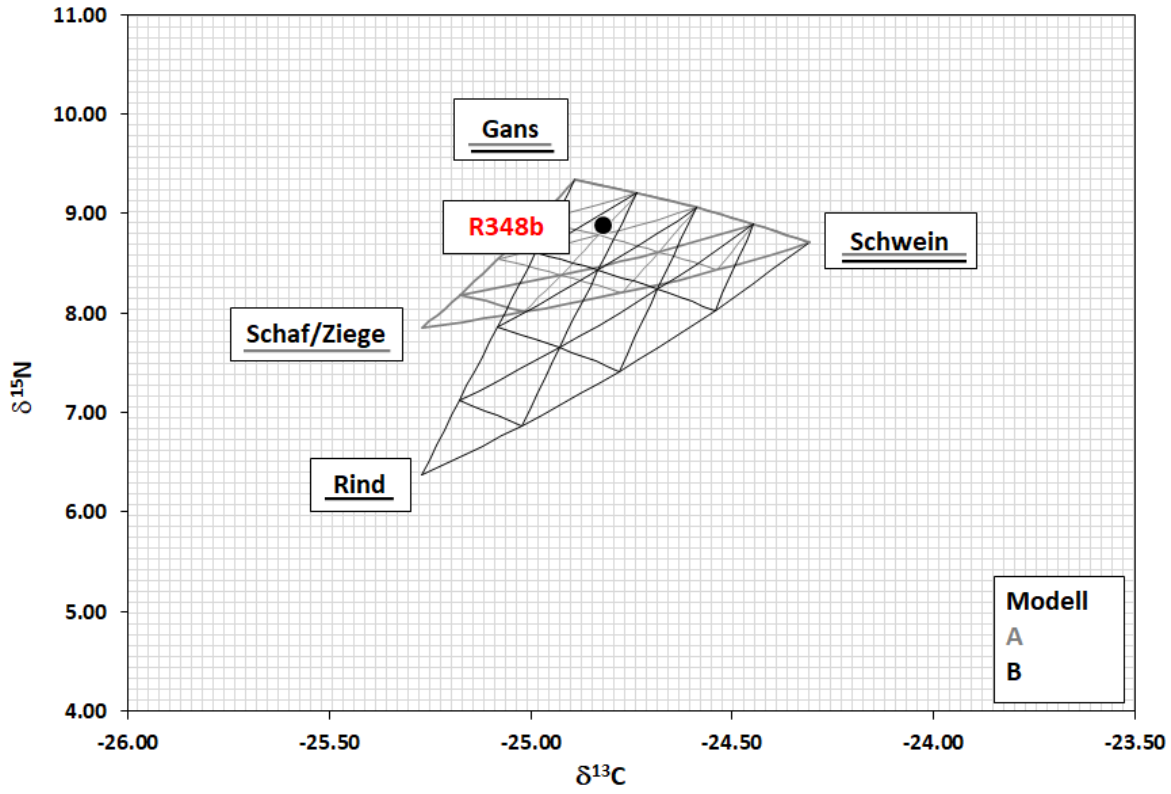


Abbildung 2143: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348b. Erstellt mit IsoConc.

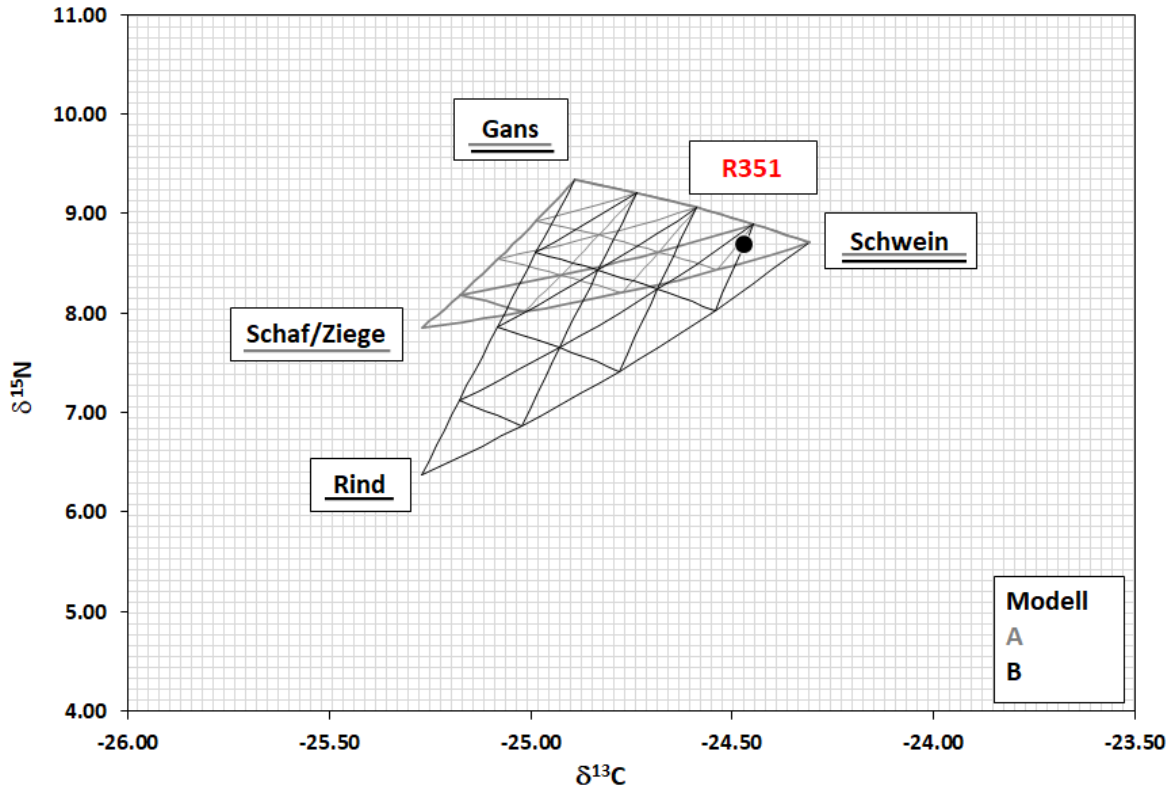


Abbildung 2144: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 351. Erstellt mit IsoConc.

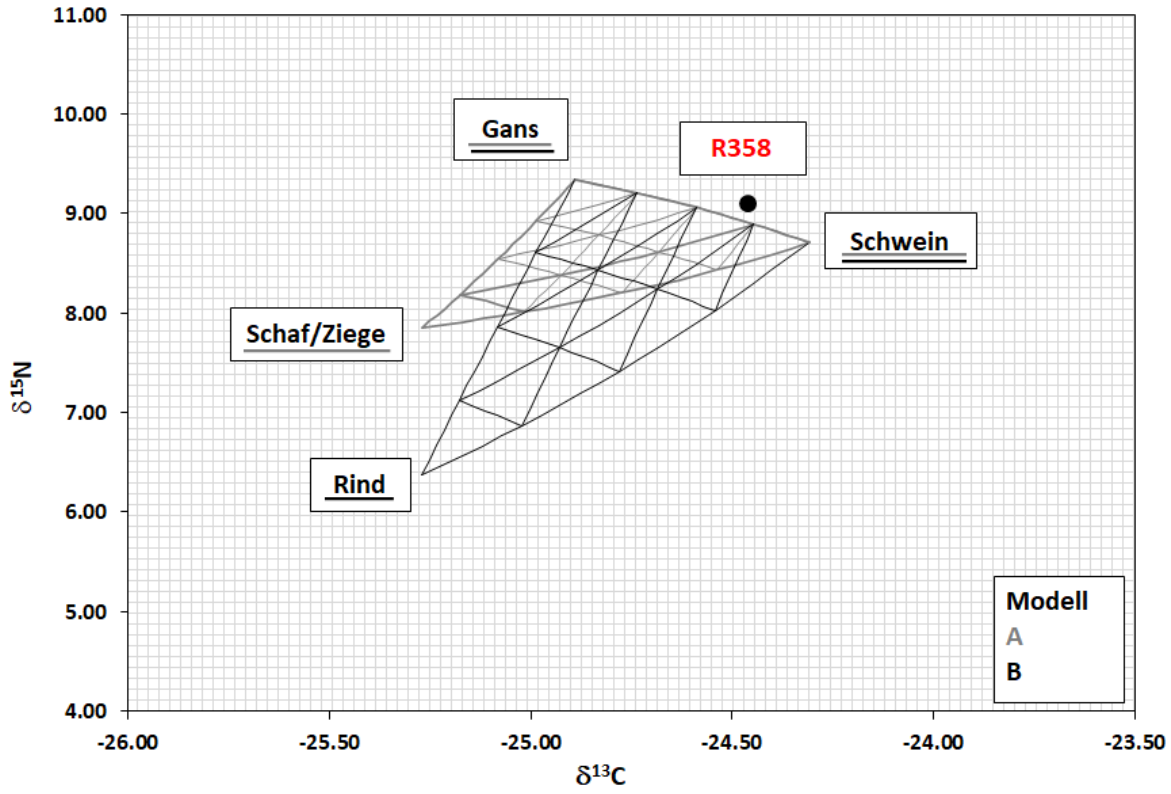


Abbildung 2145: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 358. Erstellt mit IsoConc.

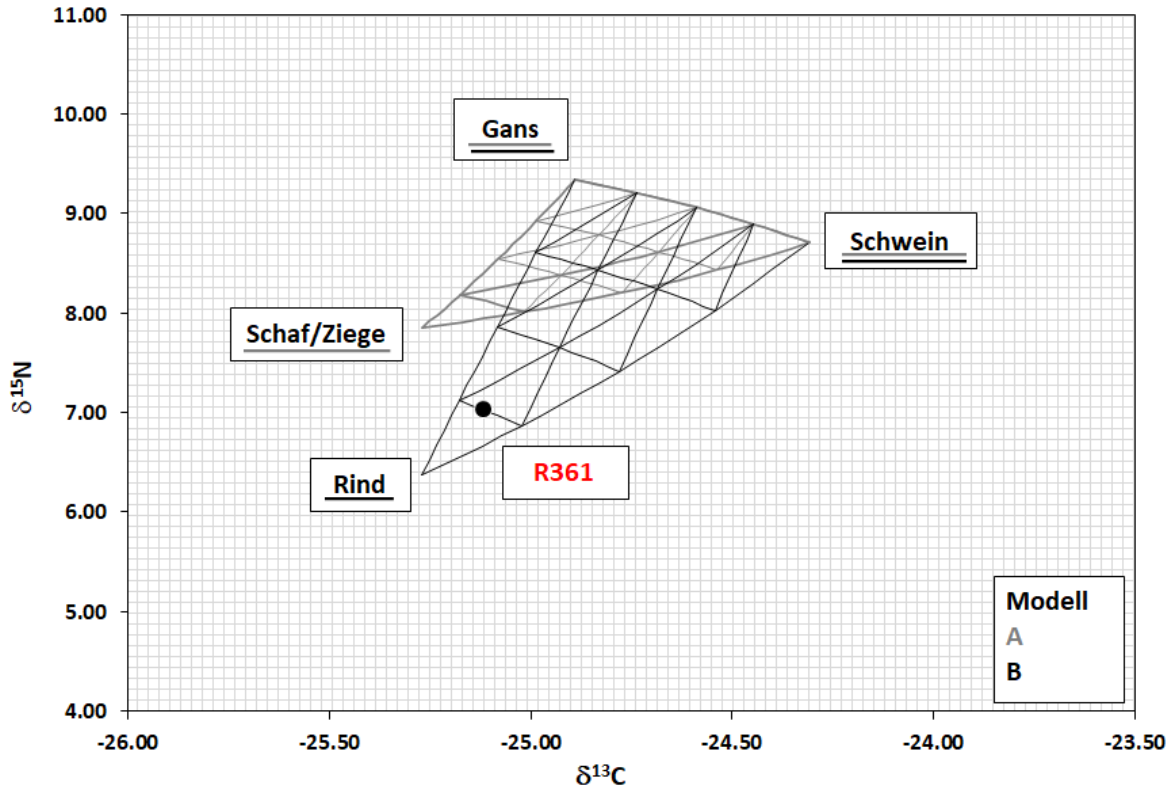


Abbildung 2146: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 361. Erstellt mit IsoConc.

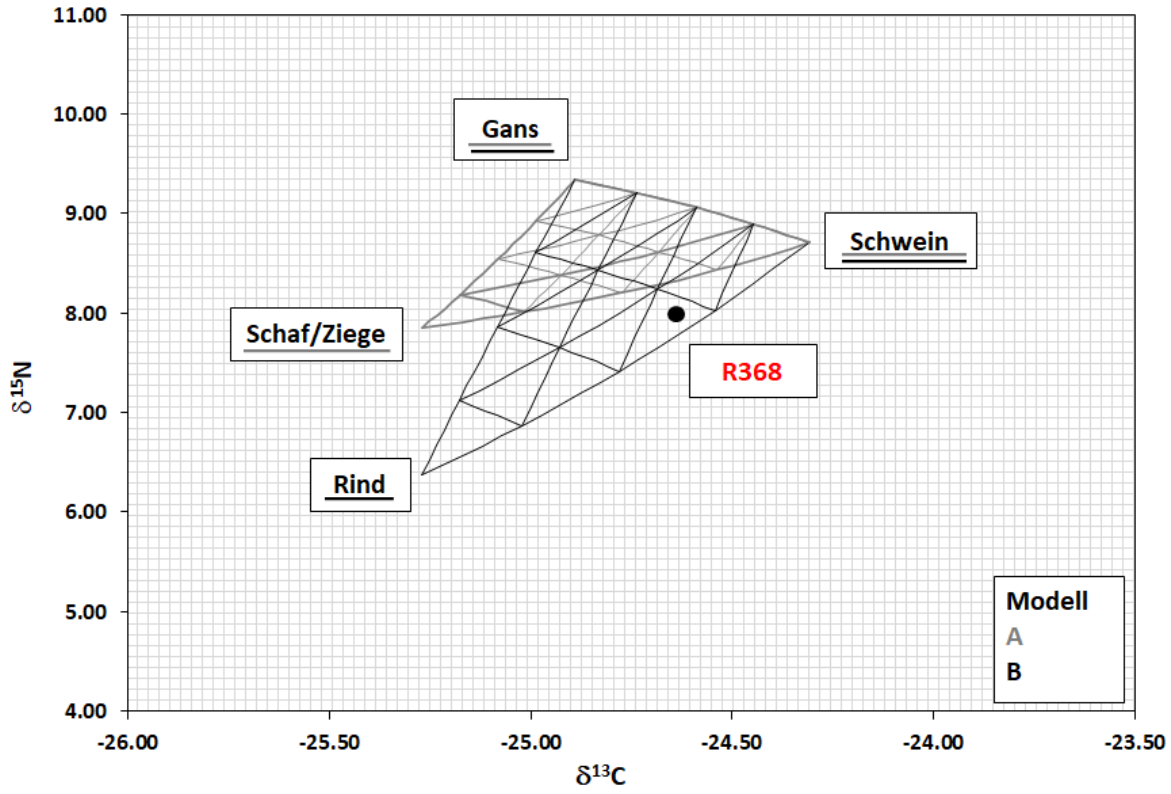


Abbildung 2147: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 368. Erstellt mit IsoConc.

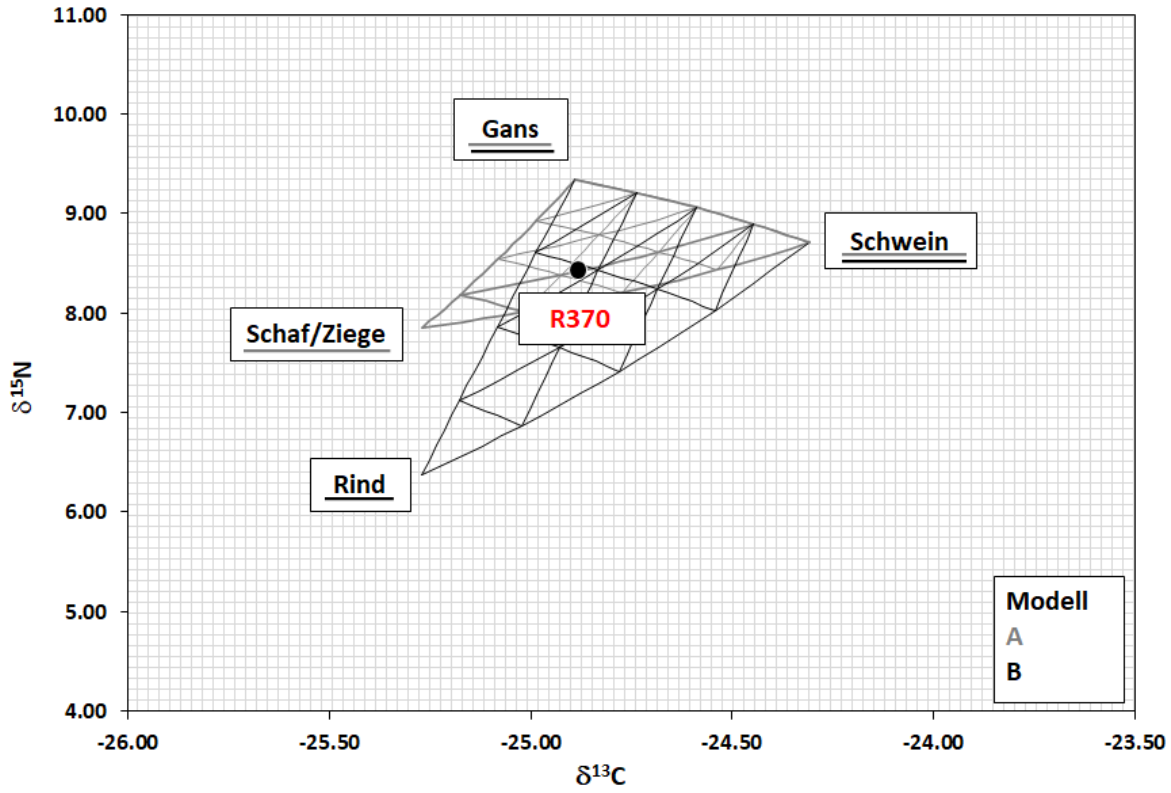


Abbildung 2148: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 370. Erstellt mit IsoConc.

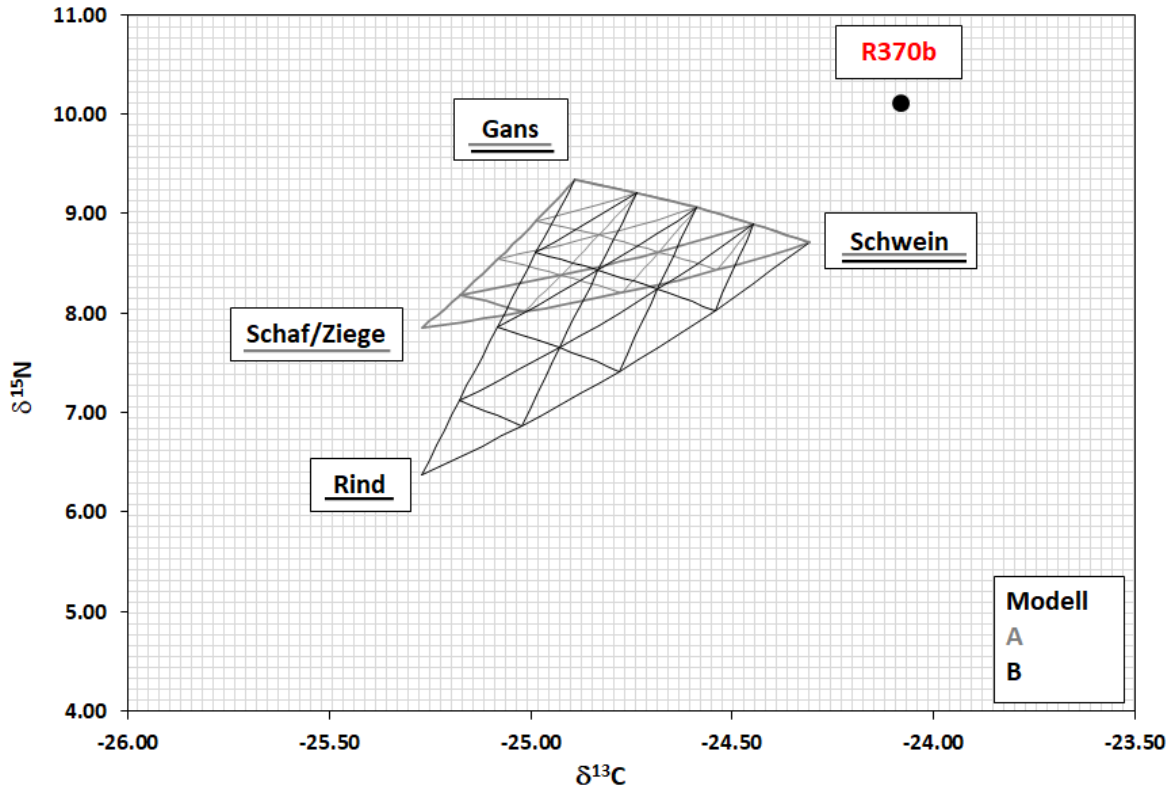


Abbildung 2149: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 370b. Erstellt mit IsoConc.

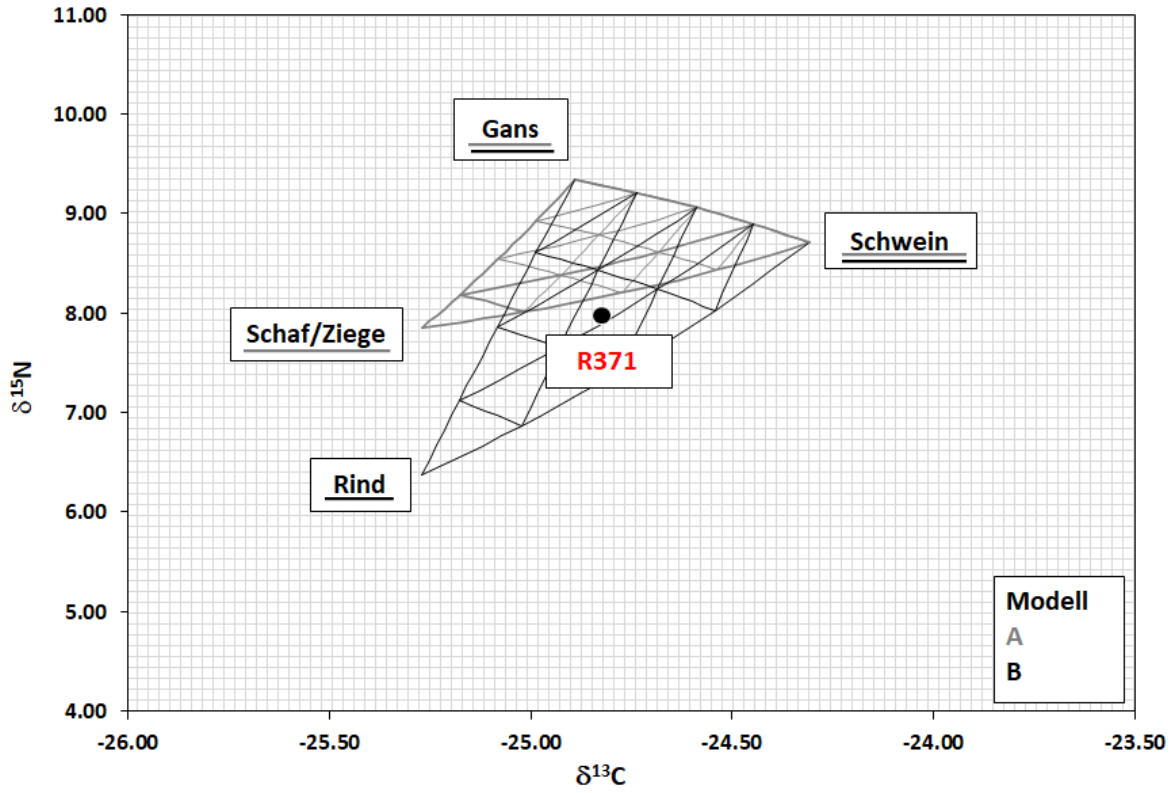


Abbildung 2150: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 371. Erstellt mit IsoConc.

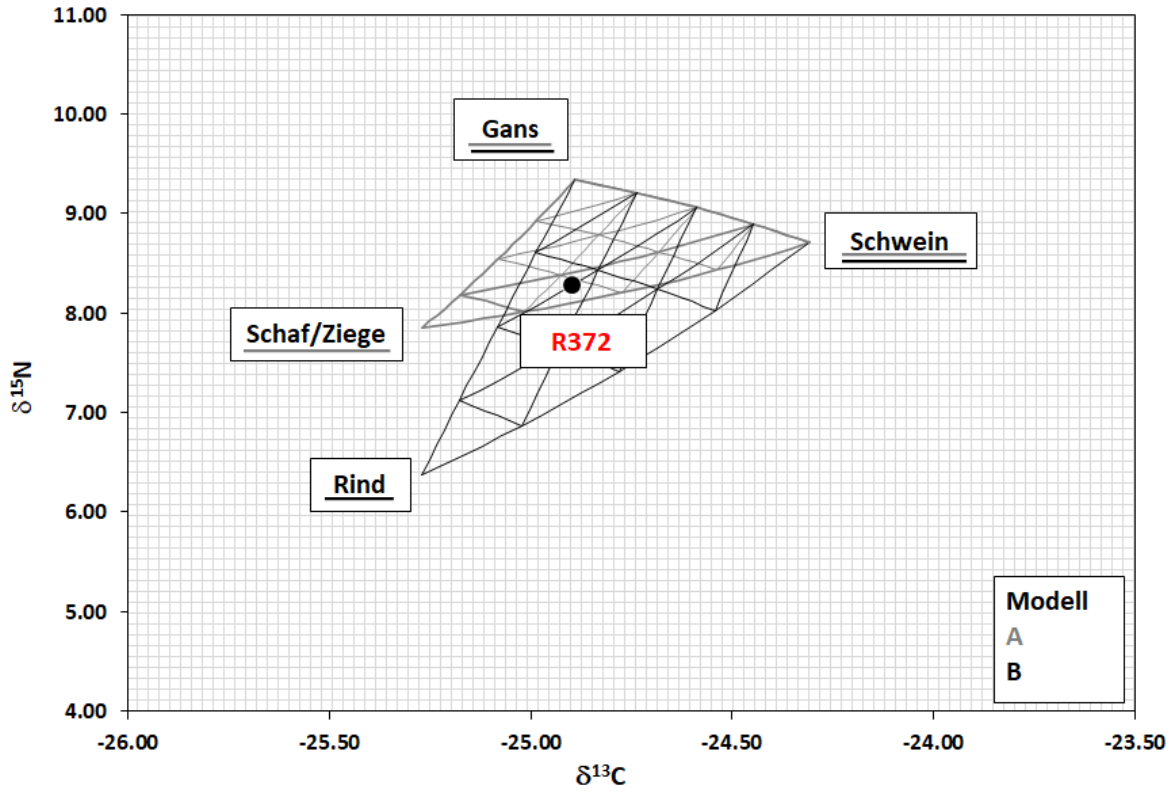


Abbildung 2151: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 372. Erstellt mit IsoConc.

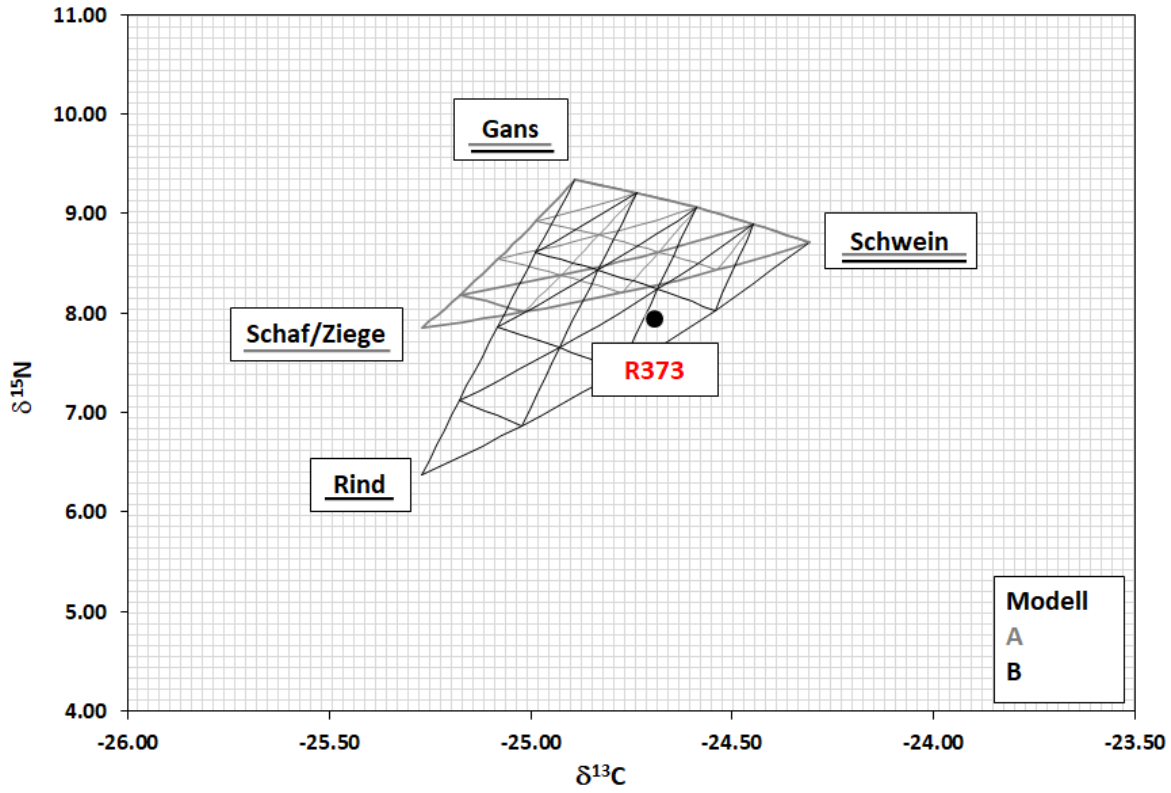


Abbildung 2152: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 373. Erstellt mit IsoConc.

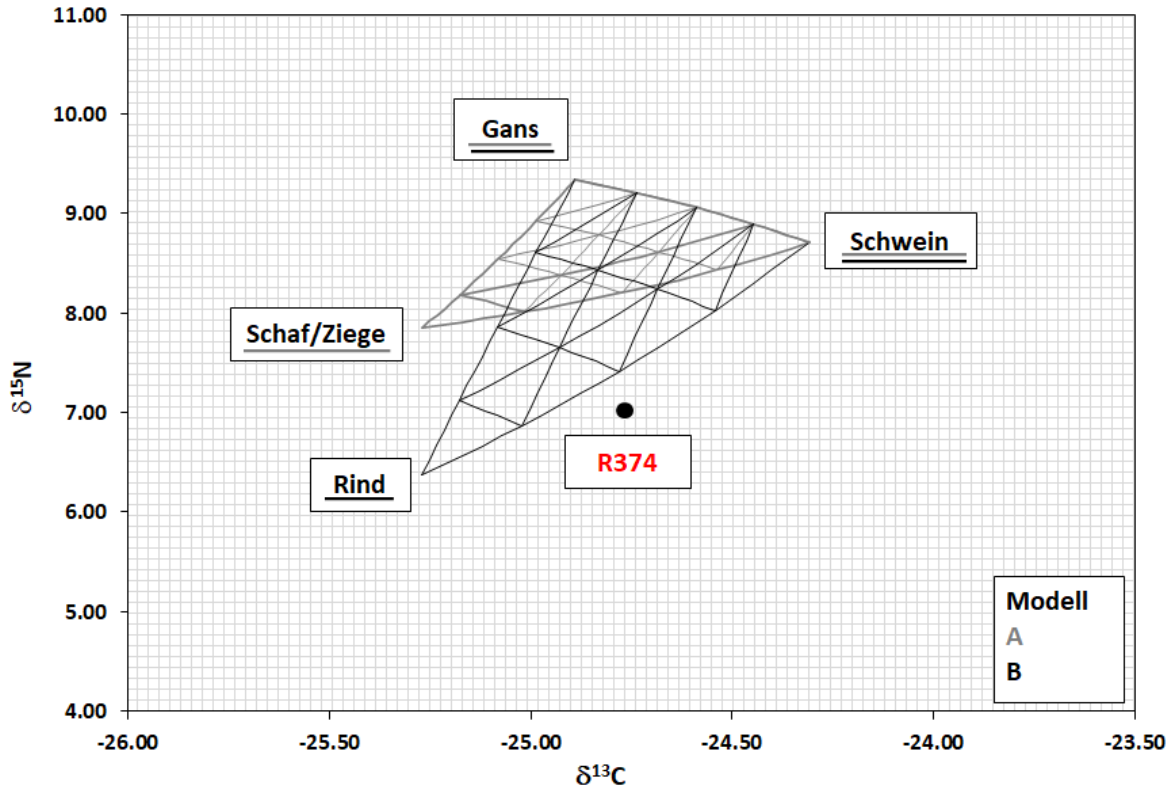


Abbildung 2153: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 374. Erstellt mit IsoConc.

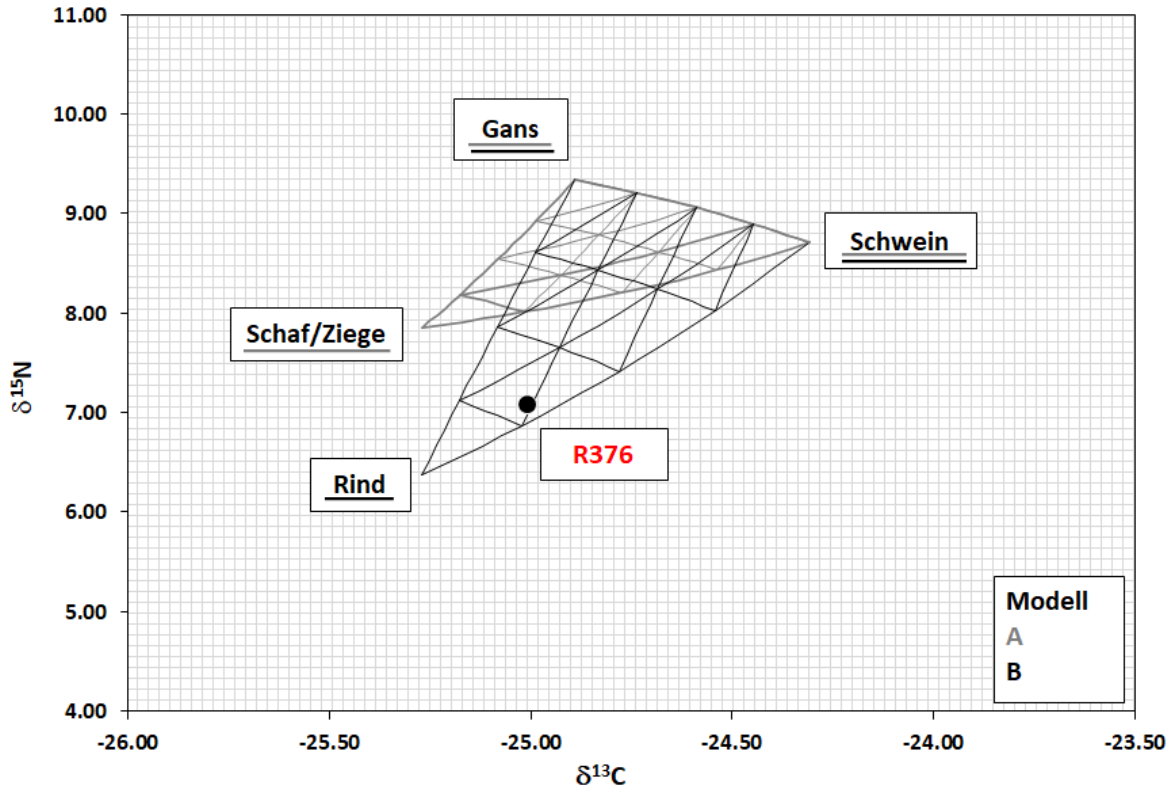


Abbildung 2154: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 376. Erstellt mit IsoConc.

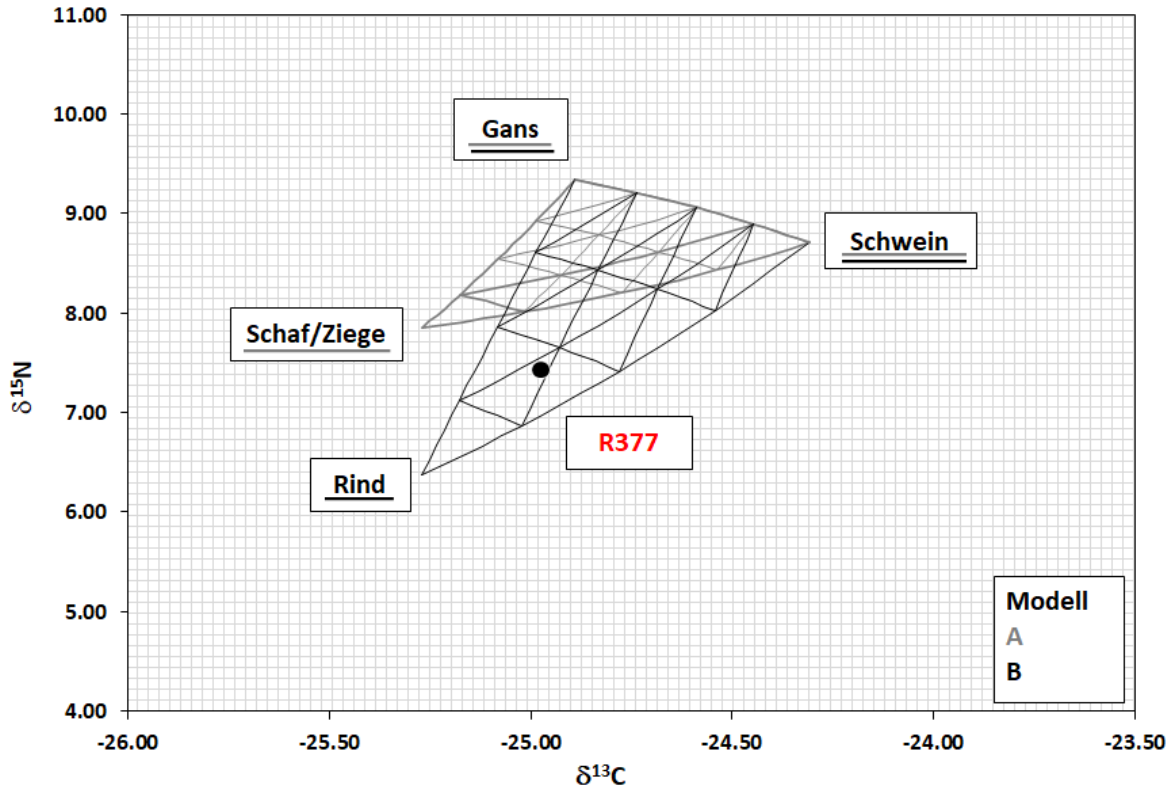


Abbildung 2155: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 377. Erstellt mit IsoConc.

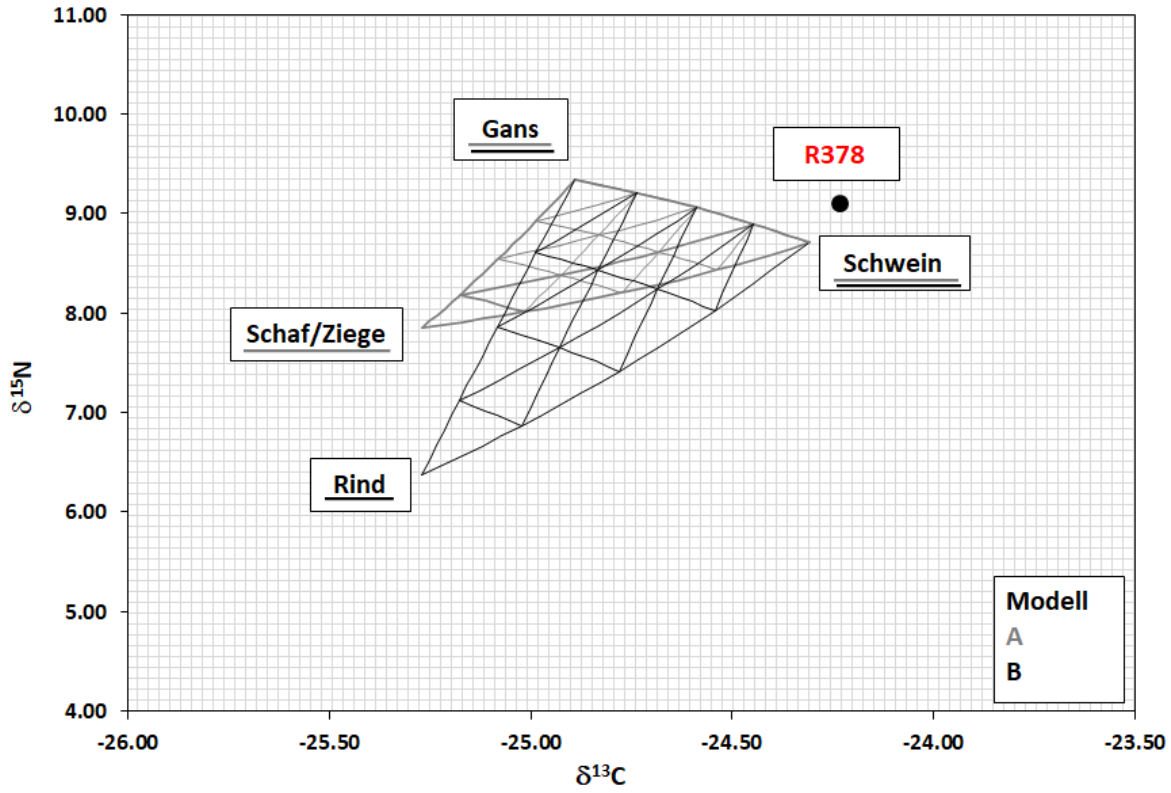


Abbildung 2156: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 378. Erstellt mit IsoConc.

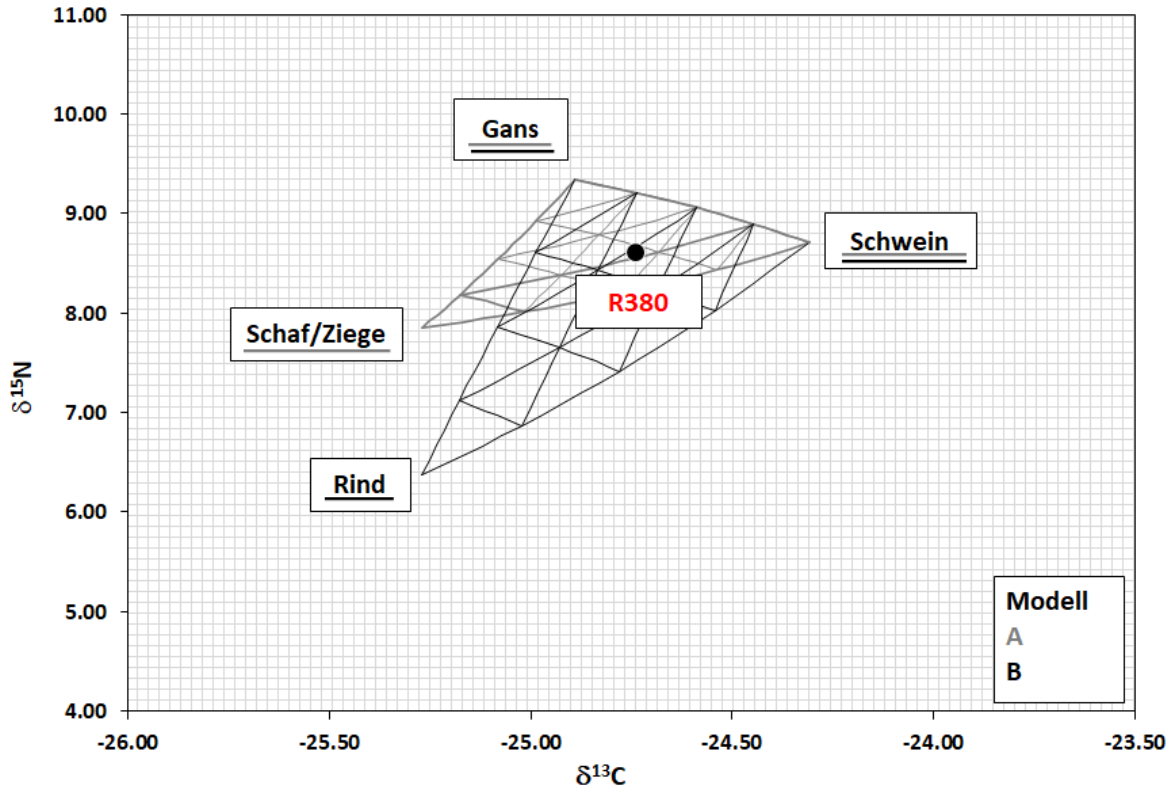


Abbildung 2157: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 380. Erstellt mit IsoConc.

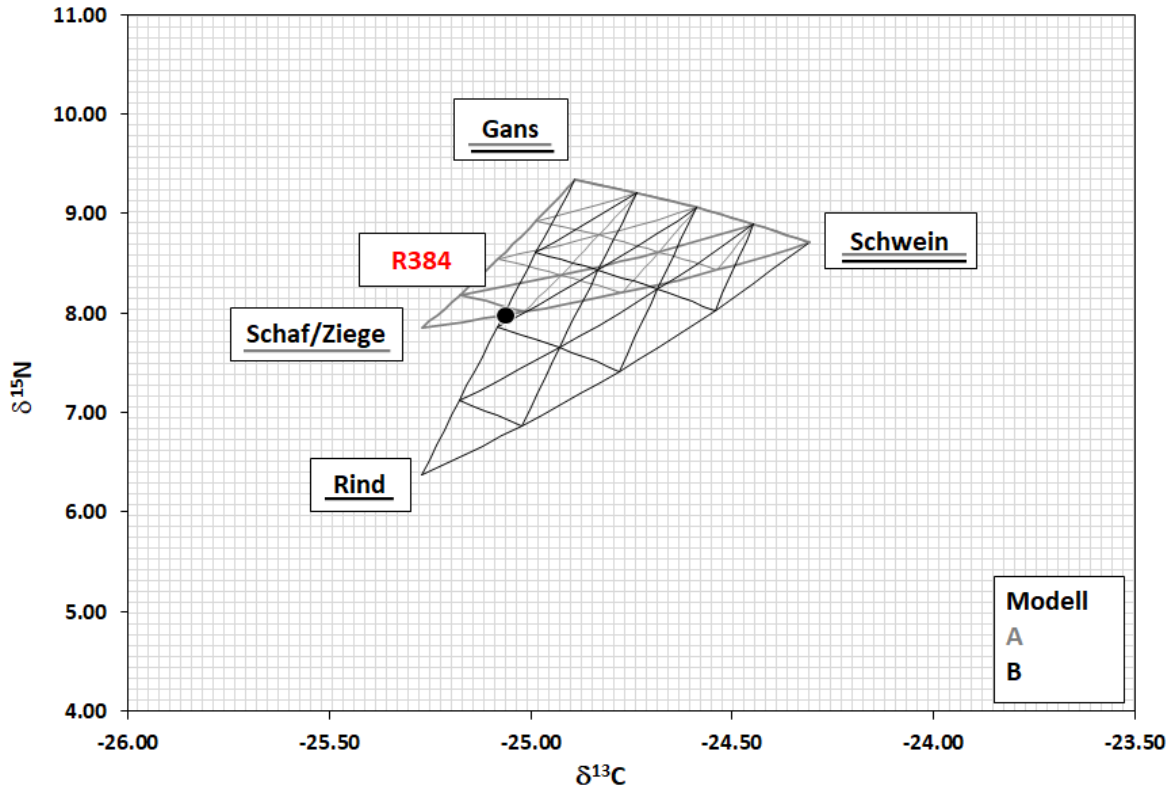


Abbildung 2158: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 384. Erstellt mit IsoConc.

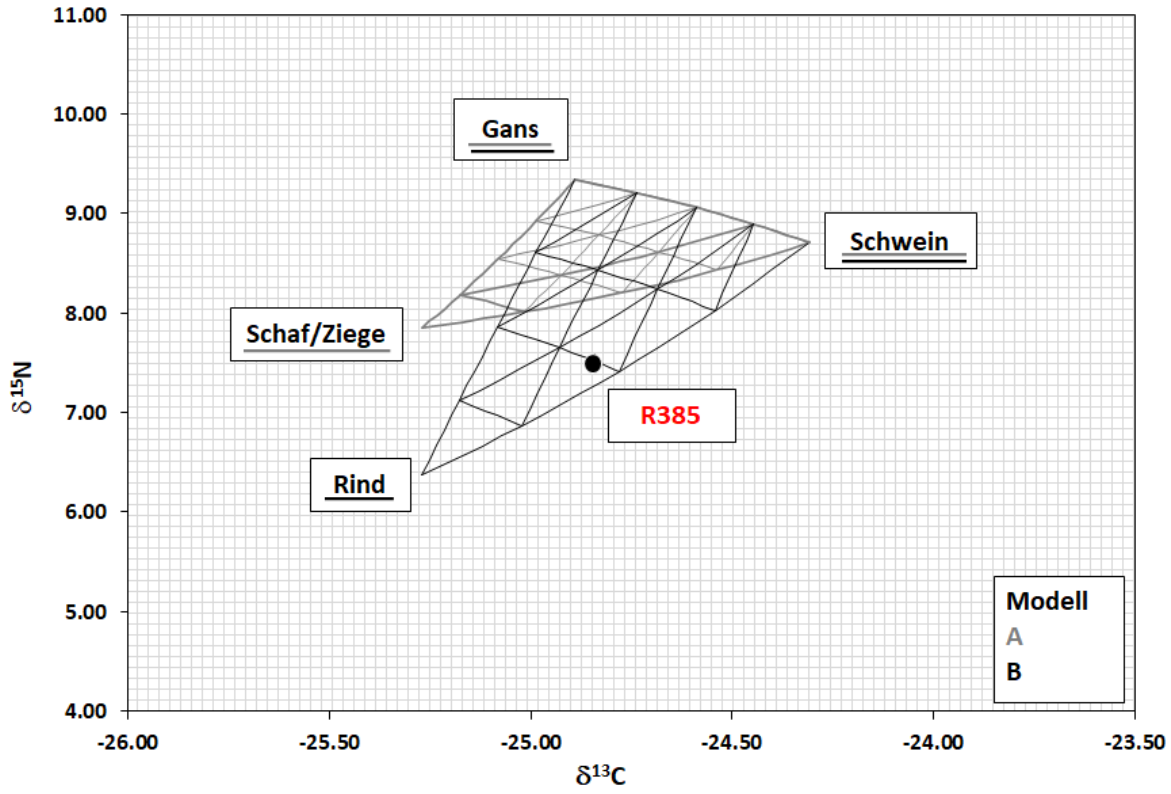


Abbildung 2159: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 385. Erstellt mit IsoConc.

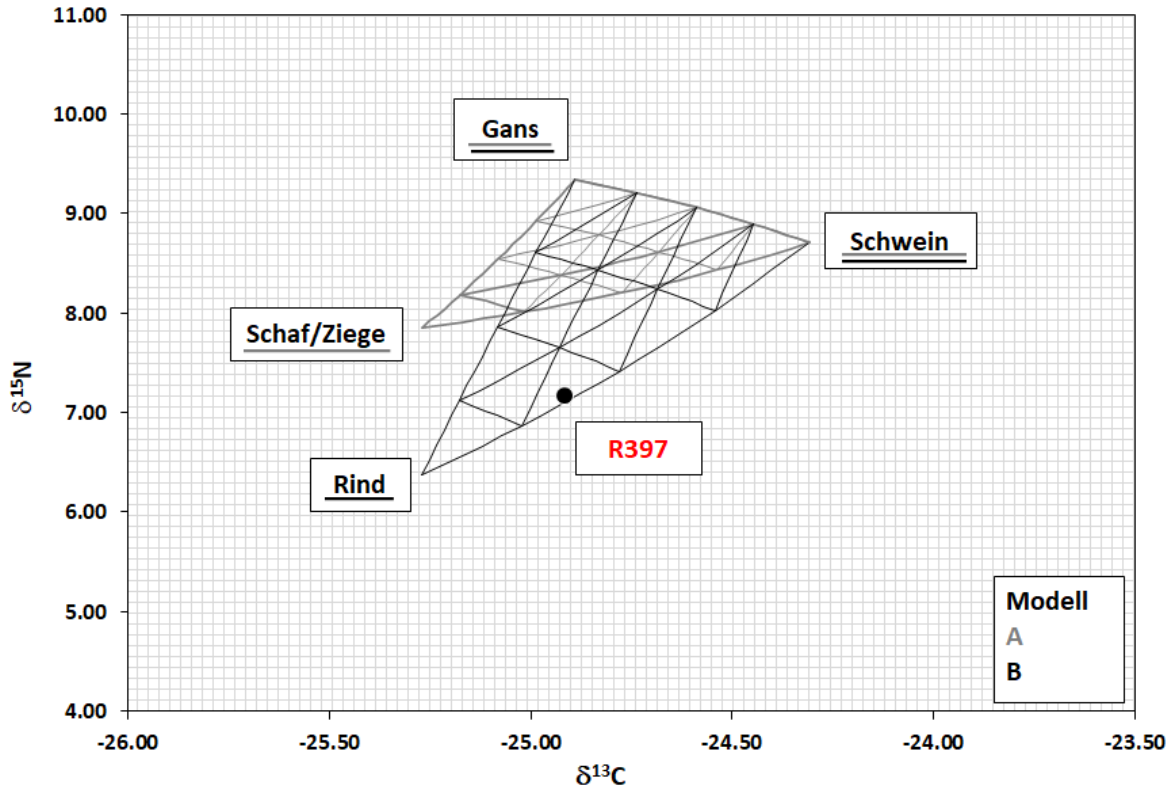


Abbildung 2160: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 397. Erstellt mit IsoConc.

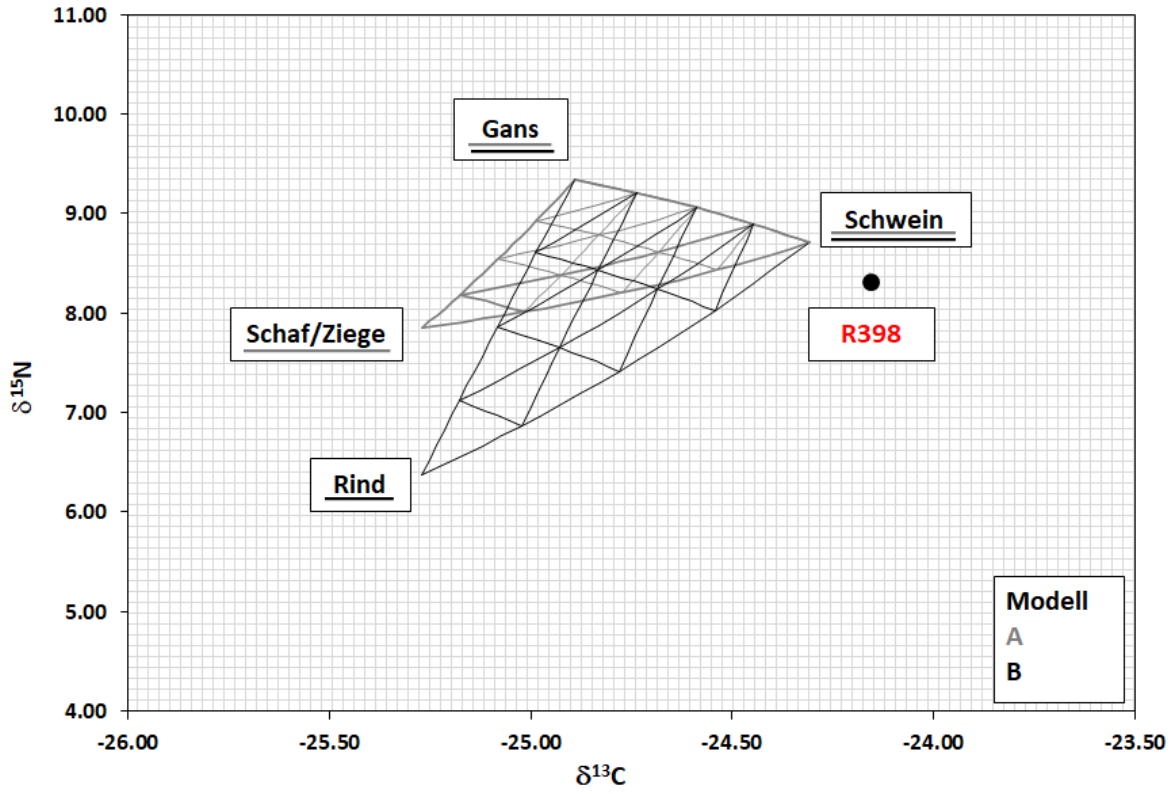


Abbildung 2161: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 398. Erstellt mit IsoConc.

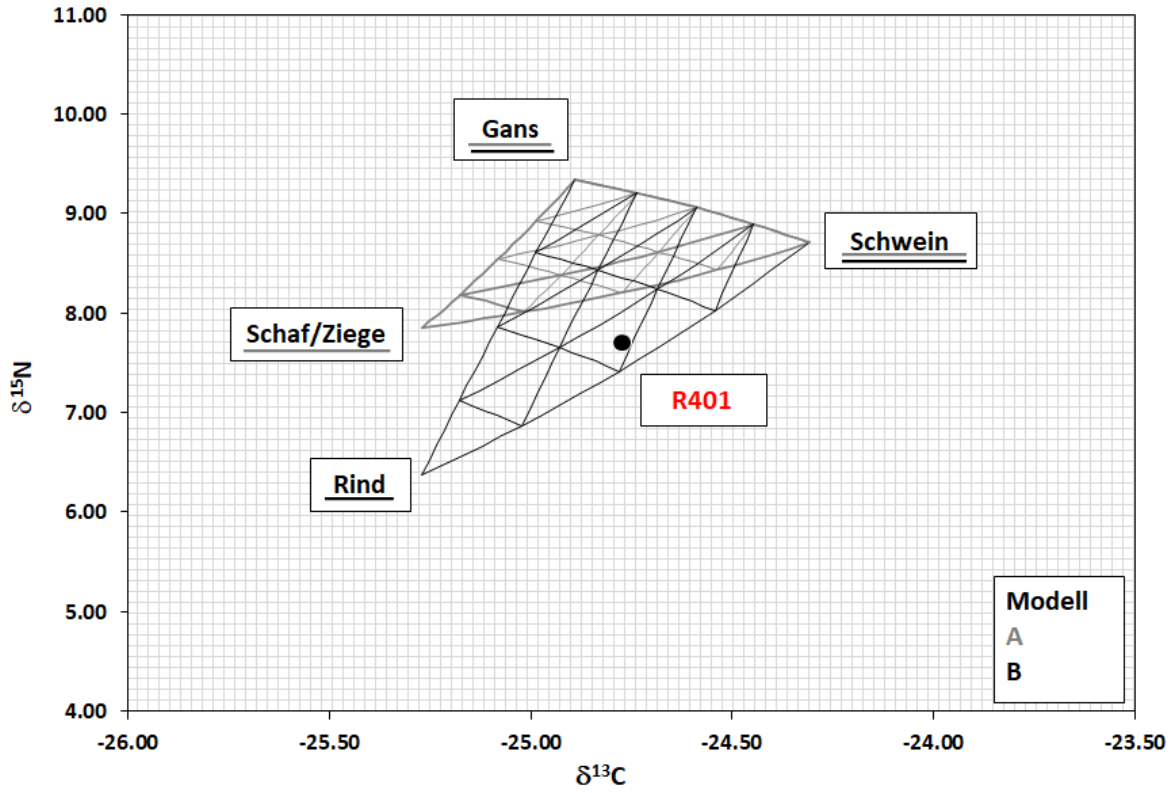


Abbildung 2162: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 401. Erstellt mit IsoConc.

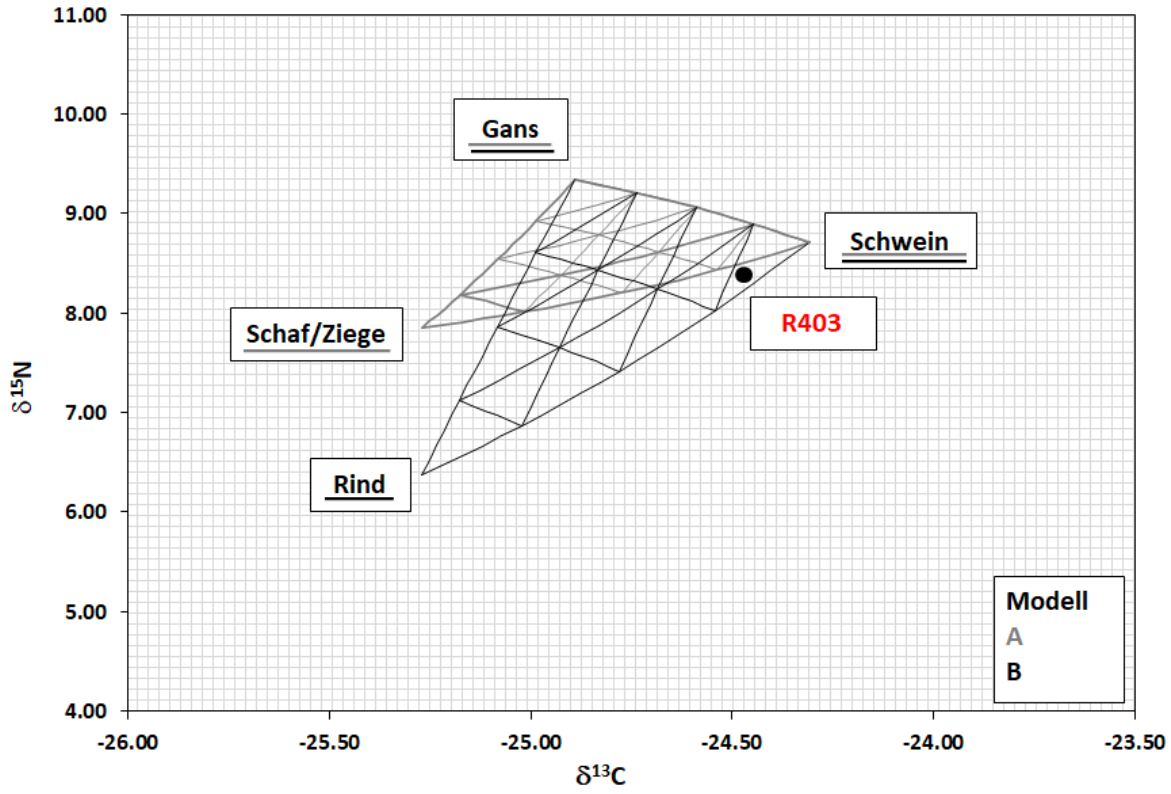


Abbildung 2163: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 403. Erstellt mit IsoConc.

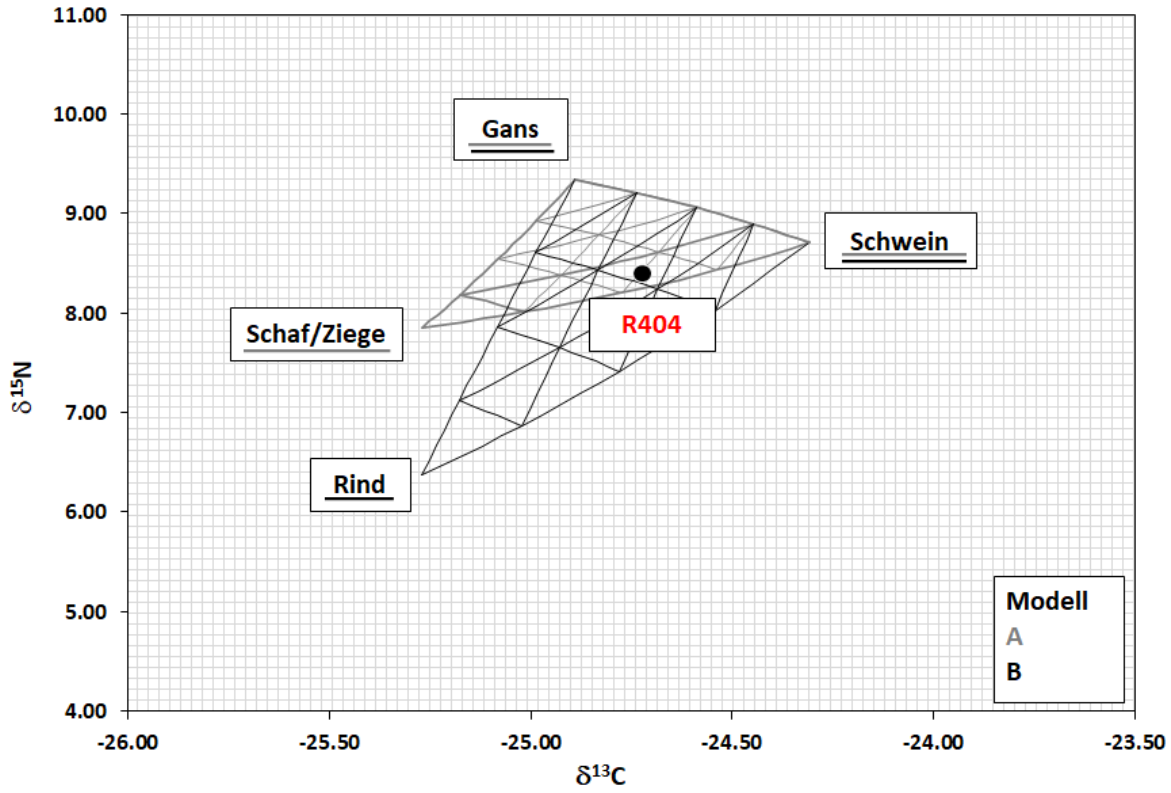


Abbildung 2164: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 404. Erstellt mit IsoConc.

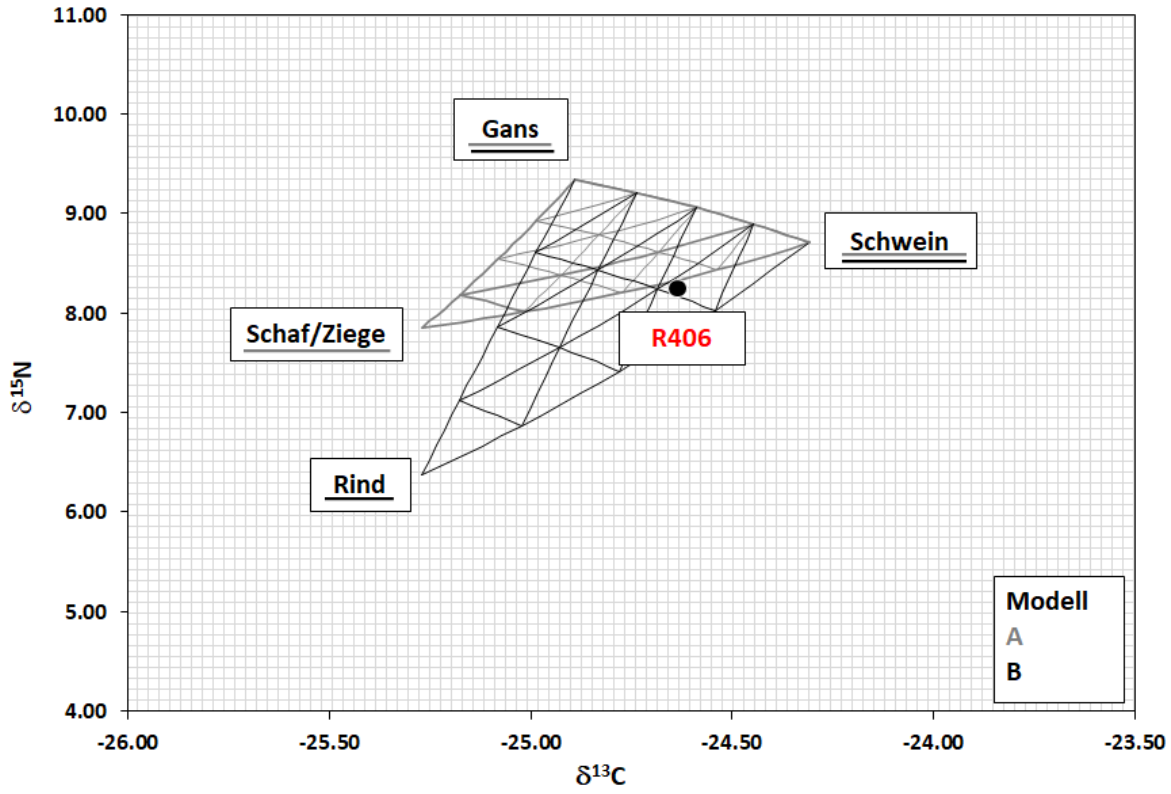


Abbildung 2165: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 406. Erstellt mit IsoConc.

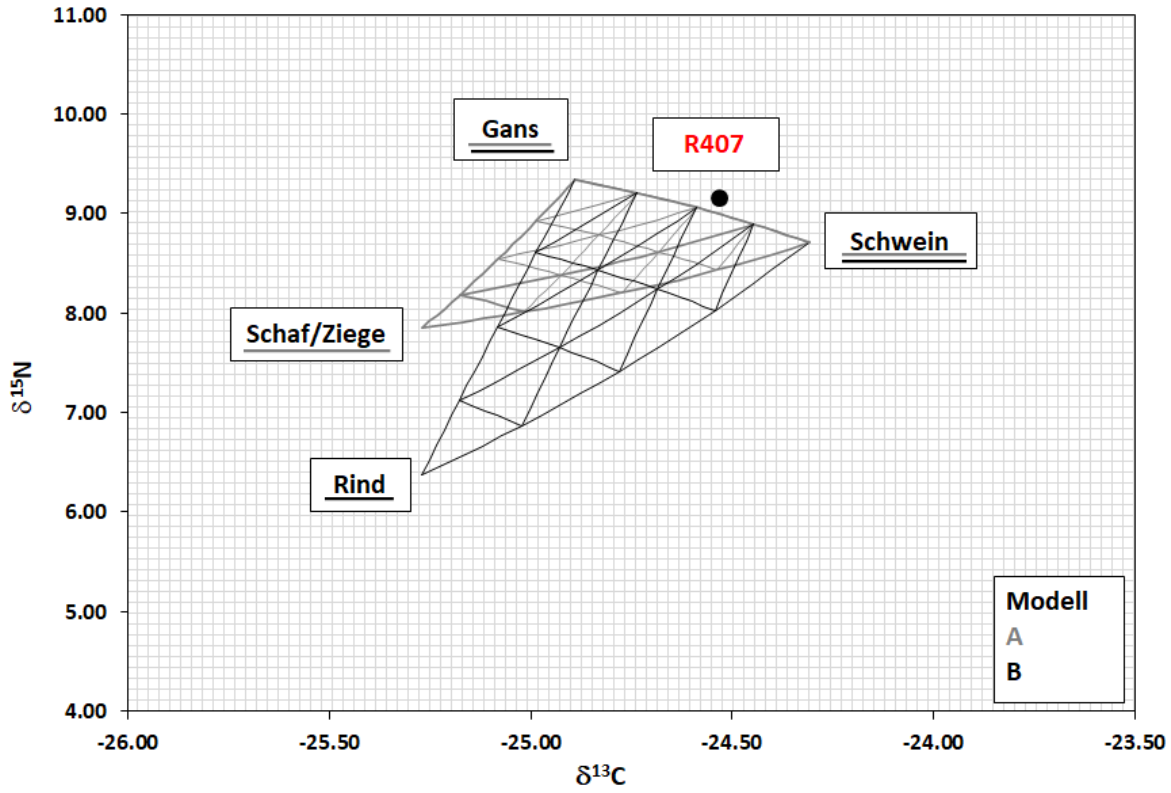


Abbildung 2166: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 407. Erstellt mit IsoConc.

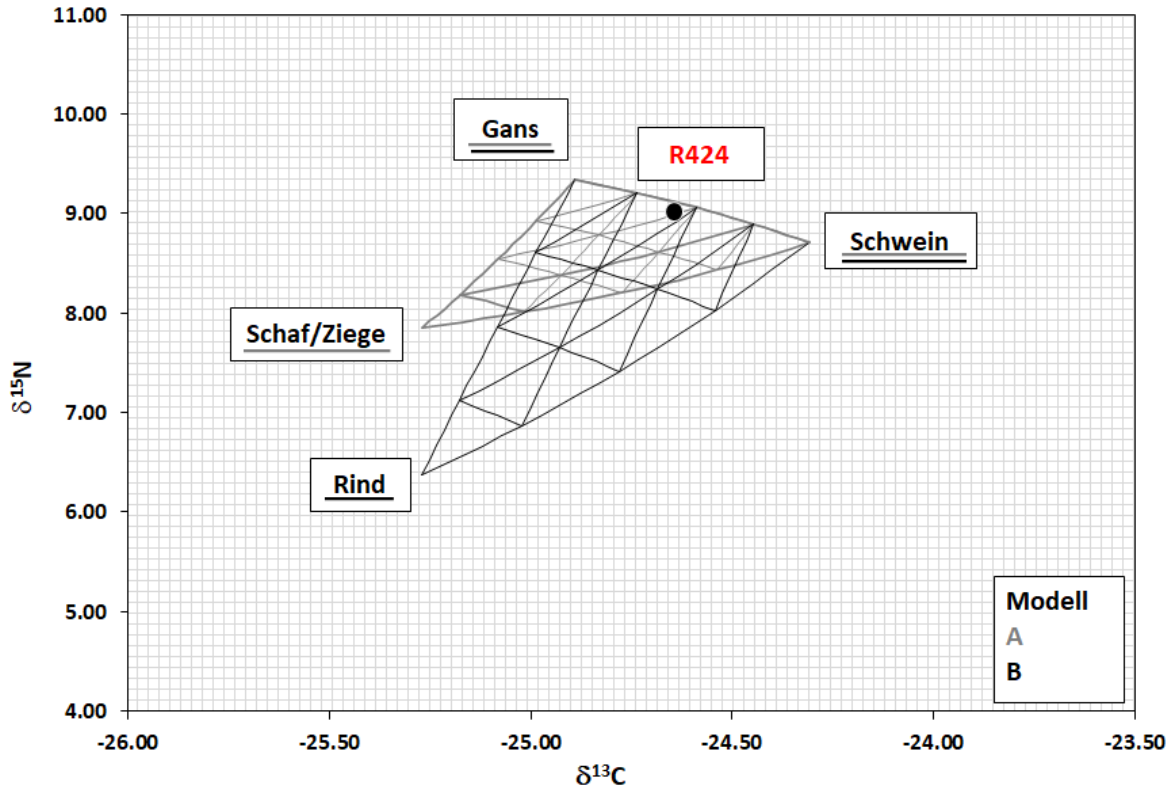


Abbildung 2167: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 424. Erstellt mit IsoConc.

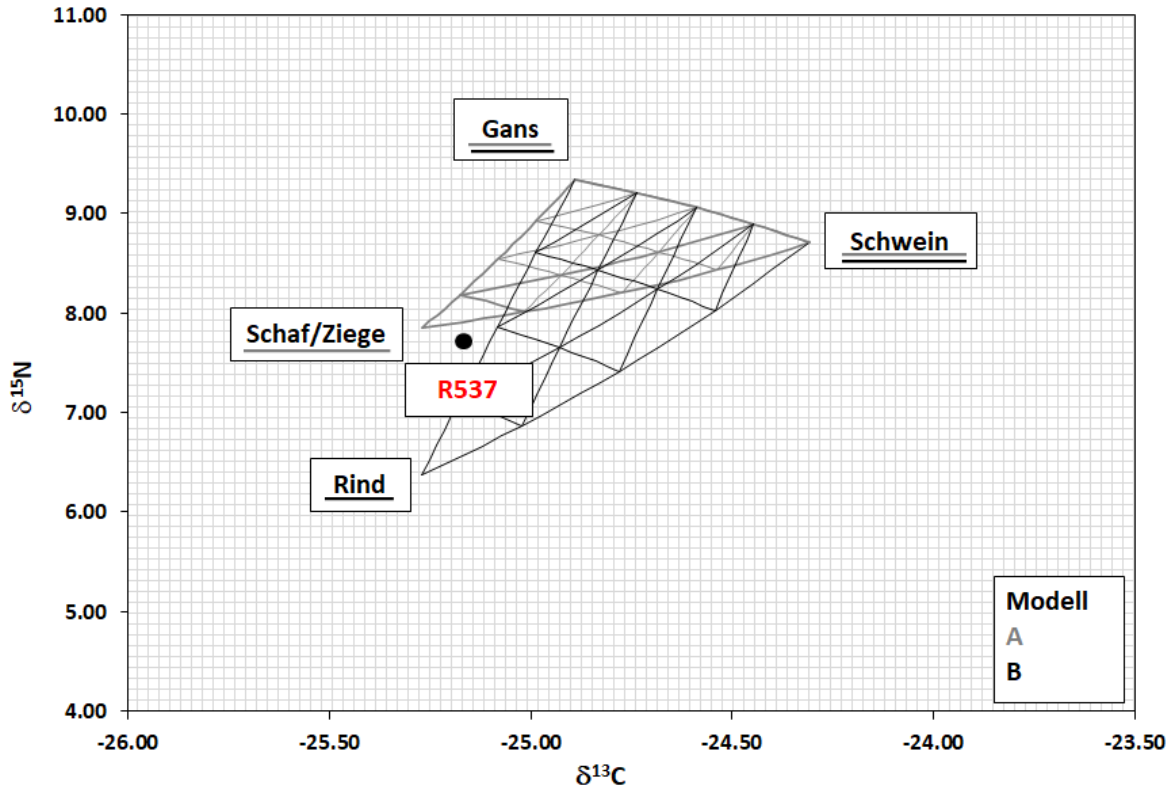


Abbildung 2168: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 537. Erstellt mit IsoConc.

17.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 46: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Regensburg (R). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
R7	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R12	Gans	49,8%
	Schwein	3,1%
	Schaf/Ziege	47,1%
R12a	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R14	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R22	Gans	0,3%
	Schwein	44,1%
	Schaf/Ziege	55,6%
R29	Gans	13,0%
	Schwein	56,9%
	Schaf/Ziege	30,1%
R46	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R47	Gans	69,4%
	Schwein	26,8%
	Schaf/Ziege	3,8%
R53	Gans	19,8%
	Schwein	40,8%
	Schaf/Ziege	39,5%
R56	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R59	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R61	Gans	66,3%
	Schwein	28,0%
	Schaf/Ziege	5,7%
R64	Gans	26,1%
	Schwein	67,7%
	Schaf/Ziege	6,1%
R65	Gans	16,9%
	Schwein	65,0%
	Schaf/Ziege	18,1%
R67	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R69	Gans	34,4%
	Schwein	58,1%
	Schaf/Ziege	7,5%

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
R7	Gans	39,9%
	Schwein	18,2%
	Rind	41,9%
R12	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R12a	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R14	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R22	Gans	37,3%
	Schwein	30,3%
	Rind	32,4%
R29	Gans	32,6%
	Schwein	49,6%
	Rind	17,8%
R46	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R47	Gans	71,7%
	Schwein	25,9%
	Rind	2,3%
R53	Gans	45,6%
	Schwein	31,2%
	Rind	23,3%
R56	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R59	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R61	Gans	69,8%
	Schwein	26,7%
	Rind	3,5%
R64	Gans	30,0%
	Schwein	66,3%
	Rind	3,7%
R65	Gans	28,6%
	Schwein	60,6%
	Rind	10,8%
R67	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R69	Gans	39,2%
	Schwein	56,3%
	Rind	4,5%

R70	Gans	43,9%
	Schwein	44,9%
	Schaf/Ziege	11,2%
R76	Gans	30,0%
	Schwein	59,8%
	Schaf/Ziege	10,2%
R79	Gans	16,8%
	Schwein	66,1%
	Schaf/Ziege	17,1%
R80	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R83	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R84	Gans	5,4%
	Schwein	56,7%
	Schaf/Ziege	37,9%
R85a	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R86	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R87	Gans	8,5%
	Schwein	72,5%
	Schaf/Ziege	18,9%
R89	Gans	3,8%
	Schwein	56,3%
	Schaf/Ziege	39,9%
R96	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R97	Gans	27,7%
	Schwein	61,8%
	Schaf/Ziege	10,5%
R99	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R100	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R107	Gans	21,9%
	Schwein	34,8%
	Schaf/Ziege	43,3%
R112	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R115	Gans	68,8%
	Schwein	6,9%
	Schaf/Ziege	24,4%
R116	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R117	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x

R70	Gans	50,9%
	Schwein	42,3%
	Rind	6,8%
R76	Gans	36,5%
	Schwein	57,4%
	Rind	6,1%
R79	Gans	27,9%
	Schwein	61,9%
	Rind	10,2%
R80	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R83	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R84	Gans	30,3%
	Schwein	47,4%
	Rind	22,3%
R85a	Gans	12,0%
	Schwein	29,9%
	Rind	58,1%
R86	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R87	Gans	20,8%
	Schwein	67,9%
	Rind	11,3%
R89	Gans	30,1%
	Schwein	46,5%
	Rind	23,4%
R96	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R97	Gans	34,4%
	Schwein	59,3%
	Rind	6,3%
R99	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R100	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R107	Gans	50,2%
	Schwein	24,3%
	Rind	25,5%
R112	Gans	3,4%
	Schwein	85,6%
	Rind	10,9%
R115	Gans	84,1%
	Schwein	1,2%
	Rind	14,7%
R116	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R117	Gans	27,6%
	Schwein	36,1%
	Rind	36,2%

R120	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R121	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R123	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R130	Gans	35,7%
	Schwein	11,4%
	Schaf/Ziege	52,9%
R135	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R136	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R138	Gans	9,9%
	Schwein	60,2%
	Schaf/Ziege	29,8%
R139	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R144	Gans	26,6%
	Schwein	51,7%
	Schaf/Ziege	21,8%
R145	Gans	24,0%
	Schwein	29,9%
	Schaf/Ziege	46,1%
R146	Gans	58,0%
	Schwein	9,9%
	Schaf/Ziege	32,0%
R155	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R156	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R157	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R158	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R171	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R175b	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R199	Gans	3,1%
	Schwein	93,2%
	Schaf/Ziege	3,7%
R201	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x

R120	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R121	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R123	Gans	30,6%
	Schwein	42,1%
	Rind	27,2%
R130	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R135	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R136	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R138	Gans	29,4%
	Schwein	53,0%
	Rind	17,6%
R139	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R144	Gans	40,6%
	Schwein	46,4%
	Rind	13,0%
R145	Gans	54,1%
	Schwein	18,7%
	Rind	27,2%
R146	Gans	78,4%
	Schwein	2,4%
	Rind	19,2%
R155	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R156	Gans	7,2%
	Schwein	71,3%
	Rind	21,5%
R157	Gans	20,6%
	Schwein	23,5%
	Rind	55,9%
R158	Gans	39,8%
	Schwein	15,2%
	Rind	45,0%
R171	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R175b	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R199	Gans	5,5%
	Schwein	92,3%
	Rind	2,2%
R201	Gans	37,5%
	Schwein	12,0%
	Rind	50,4%

R208	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R212	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R214	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R216	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R221	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R227	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R247	Gans	17,7%
	Schwein	70,0%
	Schaf/Ziege	12,3%
R249	Gans	7,1%
	Schwein	88,3%
	Schaf/Ziege	4,6%
R260	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R261	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R273	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R293	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R297	Gans	66,3%
	Schwein	9,8%
	Schaf/Ziege	23,9%
R298	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R301	Gans	26,7%
	Schwein	68,6%
	Schaf/Ziege	4,7%
R308	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R309	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R310	Gans	62,4%
	Schwein	34,6%
	Schaf/Ziege	2,9%
R317	Gans	10,5%
	Schwein	86,9%
	Schaf/Ziege	2,5%

R508	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R212	Gans	6,6%
	Schwein	41,2%
	Rind	52,2%
R214	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R216	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R221	Gans	38,9%
	Schwein	25,6%
	Rind	35,5%
R227	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R247	Gans	25,6%
	Schwein	67,0%
	Rind	7,3%
R249	Gans	10,1%
	Schwein	87,2%
	Rind	2,7%
R260	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R261	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R273	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R293	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R297	Gans	81,3%
	Schwein	4,2%
	Rind	14,4%
R298	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R301	Gans	29,7%
	Schwein	67,5%
	Rind	2,8%
R308	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R309	Gans	17,3%
	Schwein	64,1%
	Rind	18,6%
R310	Gans	64,3%
	Schwein	33,9%
	Rind	1,8%
R317	Gans	12,1%
	Schwein	86,3%
	Rind	1,5%

R318	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R320	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R324	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R326	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R328	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R330	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R332	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R337	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R340	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R344	Gans	19,9%
	Schwein	49,0%
	Schaf/Ziege	31,1%
R345	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R348	Gans	40,0%
	Schwein	57,0%
	Schaf/Ziege	3,0%
R348b	Gans	57,8%
	Schwein	23,1%
	Schaf/Ziege	19,1%
R351	Gans	12,7%
	Schwein	77,4%
	Schaf/Ziege	9,9%
R358	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R361	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R368	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R370	Gans	23,2%
	Schwein	30,2%
	Schaf/Ziege	46,6%
R370b	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x

R318	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R320	Gans	15,3%
	Schwein	20,5%
	Rind	64,2%
R324	Gans	8,1%
	Schwein	72,0%
	Rind	19,9%
R326	Gans	13,9%
	Schwein	51,8%
	Rind	34,2%
R328	Gans	36,9%
	Schwein	18,3%
	Rind	44,8%
R330	Gans	5,1%
	Schwein	77,5%
	Rind	17,4%
R332	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R337	Gans	16,1%
	Schwein	36,5%
	Rind	47,4%
R340	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R344	Gans	40,1%
	Schwein	41,5%
	Rind	18,4%
R345	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R348	Gans	41,9%
	Schwein	56,2%
	Rind	1,8%
R348b	Gans	69,8%
	Schwein	18,6%
	Rind	11,5%
R351	Gans	19,1%
	Schwein	75,0%
	Rind	5,9%
R358	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R361	Gans	16,8%
	Schwein	8,8%
	Rind	74,4%
R368	Gans	11,0%
	Schwein	60,3%
	Rind	28,7%
R370	Gans	53,7%
	Schwein	18,9%
	Rind	27,4%
R370b	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x

R371	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R372	Gans	15,6%
	Schwein	31,1%
	Schaf/Ziege	53,3%
R373	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R374	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R376	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R377	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R378	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R380	Gans	30,8%
	Schwein	41,7%
	Schaf/Ziege	27,5%
R384	Gans	3,2%
	Schwein	19,6%
	Schaf/Ziege	77,2%
R385	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R397	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R398	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R401	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R403	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R404	Gans	11,4%
	Schwein	51,2%
	Schaf/Ziege	37,3%
R406	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R407	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x
R424	Gans	52,5%
	Schwein	43,7%
	Schaf/Ziege	3,8%
R537	Gans	x
	Schwein	x
	Schaf/Ziege	x

R371	Gans	29,1%
	Schwein	34,5%
	Rind	36,3%
R372	Gans	50,8%
	Schwein	18,0%
	Rind	31,2%
R373	Gans	15,0%
	Schwein	52,5%
	Rind	32,6%
R374	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R376	Gans	9,3%
	Schwein	22,8%
	Rind	68,0%
R377	Gans	21,2%
	Schwein	21,3%
	Rind	57,5%
R378	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R380	Gans	48,5%
	Schwein	35,1%
	Rind	16,4%
R384	Gans	55,0%
	Schwein	0,5%
	Rind	44,6%
R385	Gans	11,3%
	Schwein	39,4%
	Rind	49,3%
R397	Gans	3,8%
	Schwein	34,1%
	Rind	62,2%
R398	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R401	Gans	12,2%
	Schwein	46,3%
	Rind	41,5%
R403	Gans	7,0%
	Schwein	79,9%
	Rind	13,1%
R404	Gans	35,9%
	Schwein	42,1%
	Rind	22,0%
R406	Gans	22,0%
	Schwein	55,9%
	Rind	22,1%
R407	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x
R424	Gans	54,9%
	Schwein	42,8%
	Rind	2,3%
R537	Gans	x
	Schwein	x
	Rind	x

17.3 MixSIAR: Abbildungen

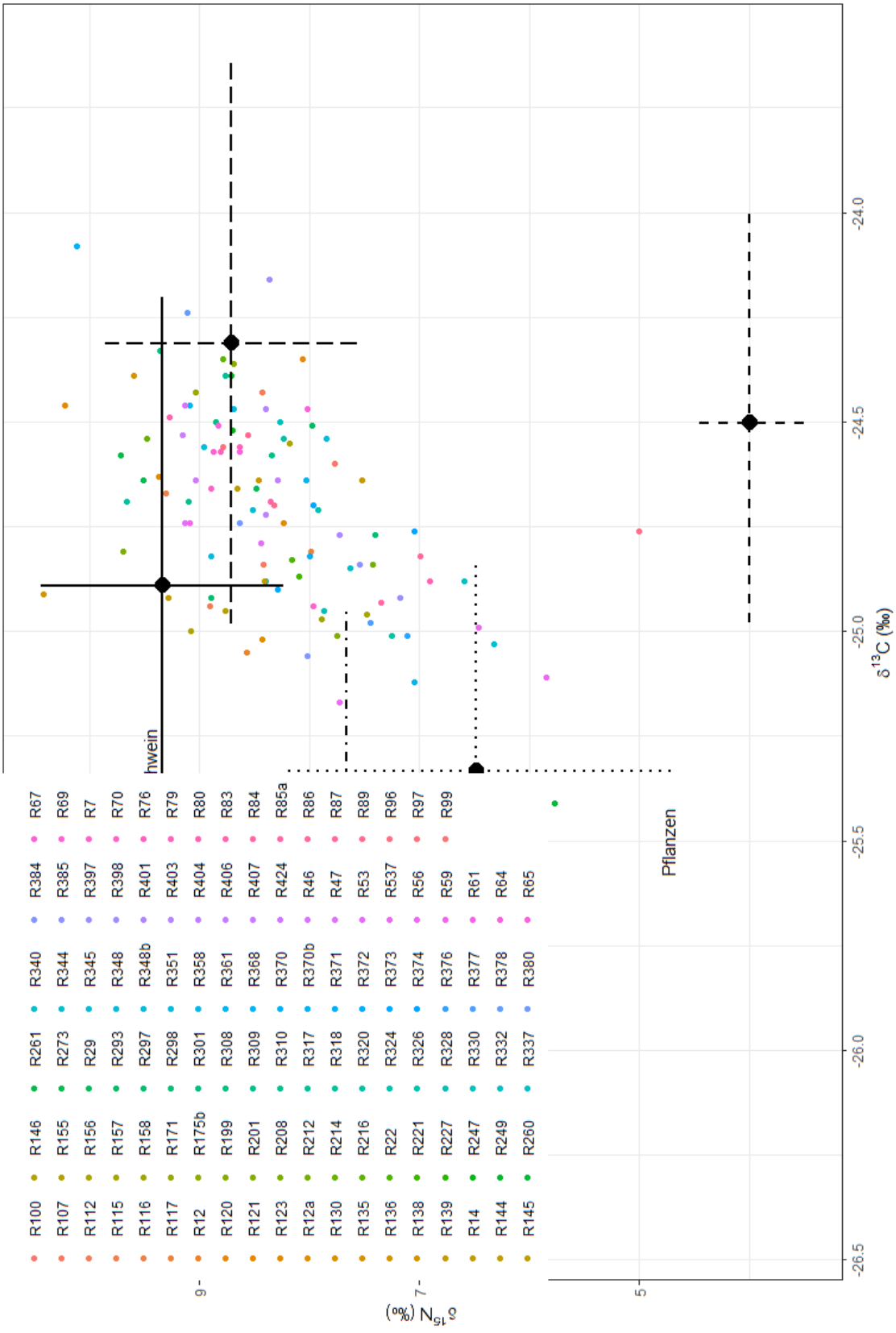


Abbildung 2169: Isospace Plot der Individuen aus Regensburg. Erstellt mit MixSIAR.

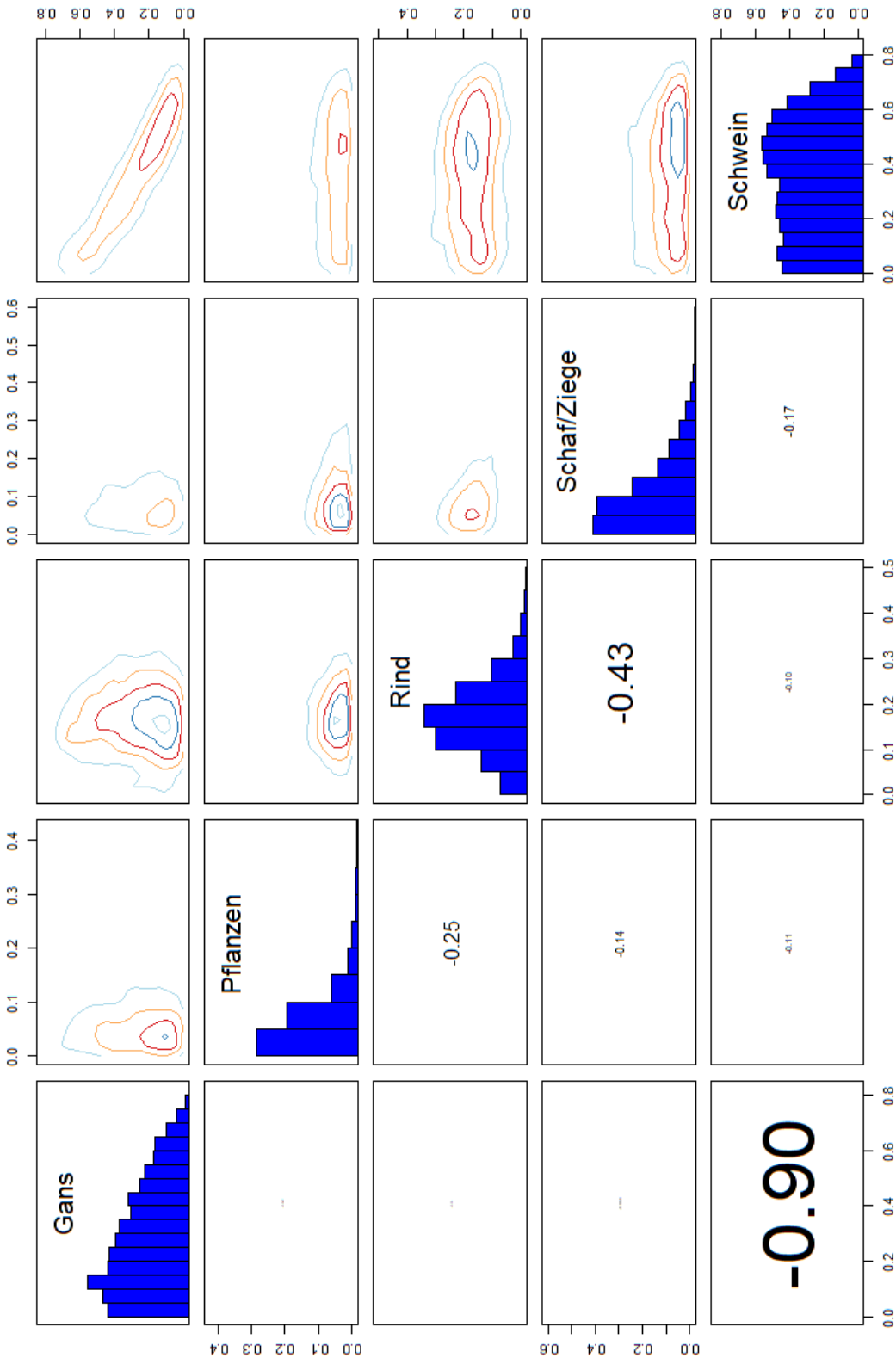


Abbildung 2170: Pairs Plot der Population aus Regensburg. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

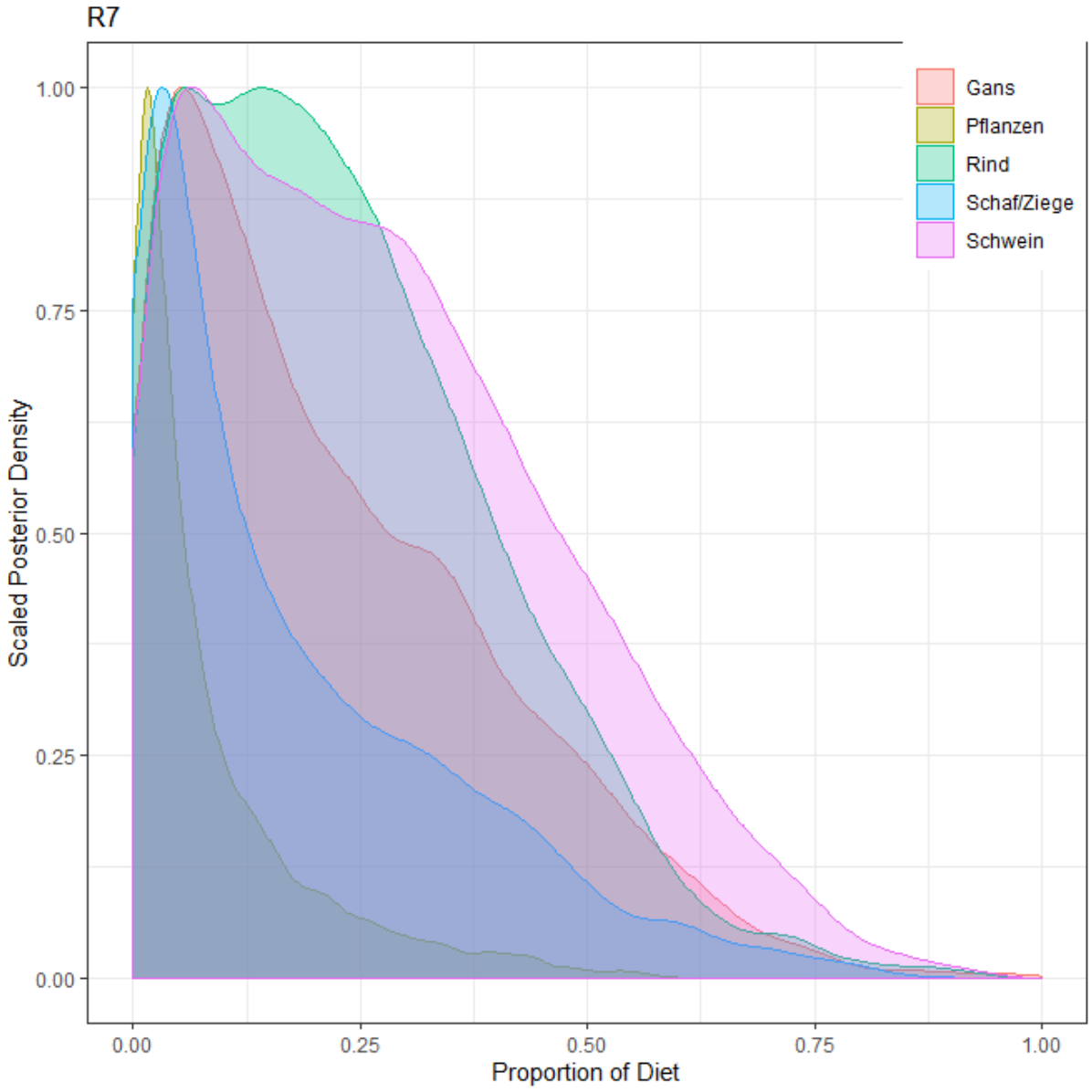


Abbildung 2171: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 7. Erstellt mit MixSIAR.

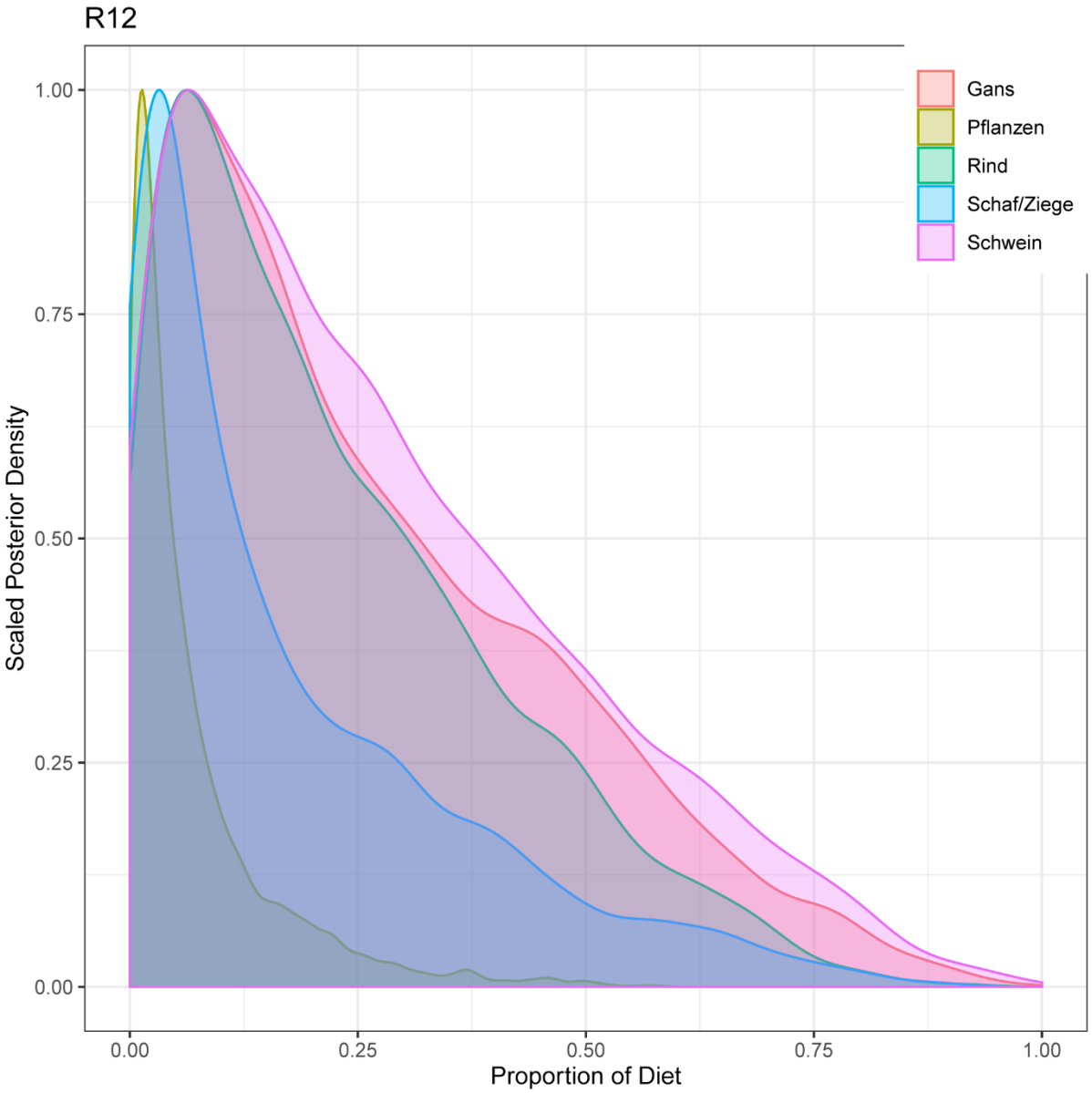


Abbildung 2172: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12. Erstellt mit MixSIAR.

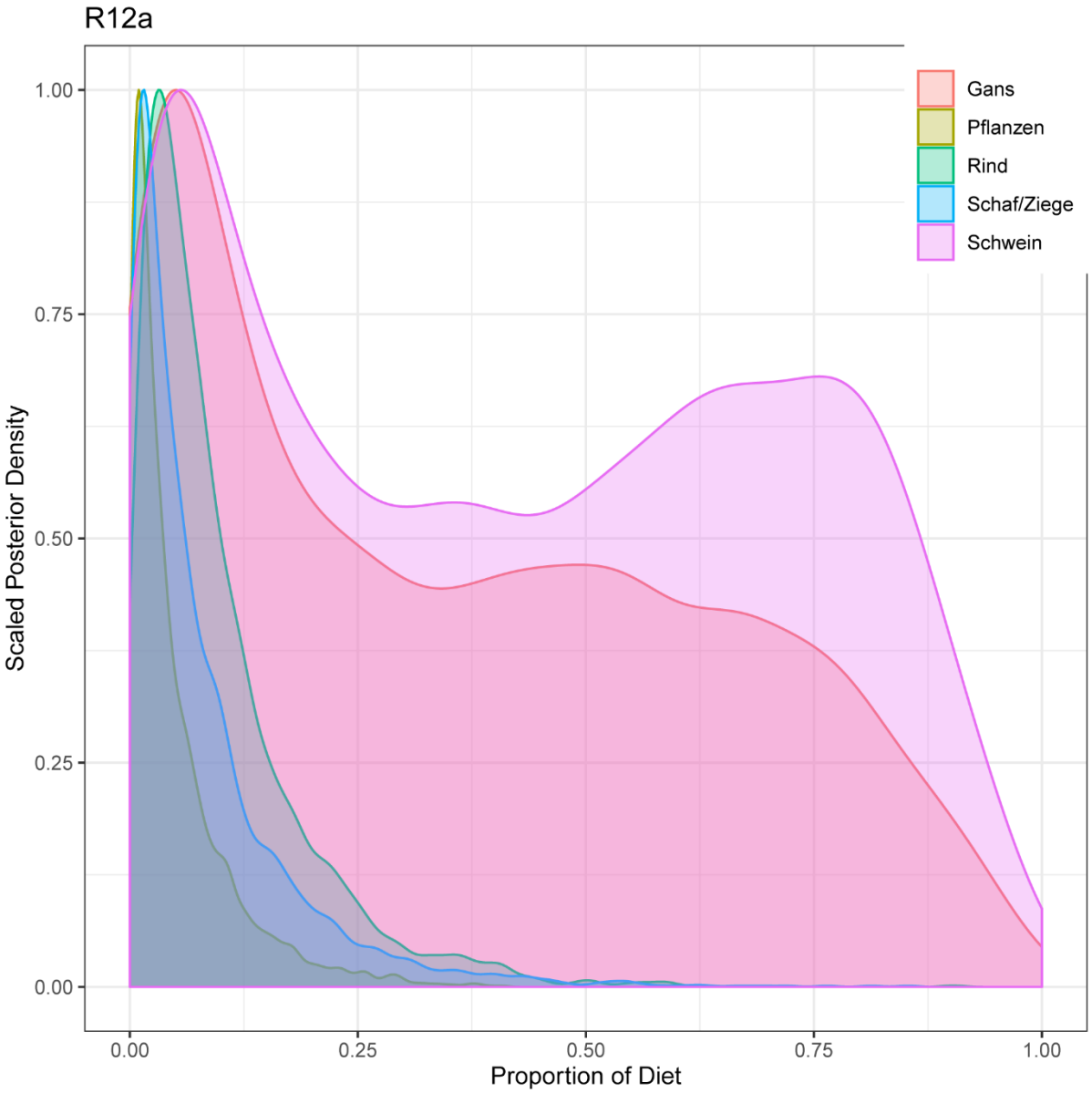


Abbildung 2173: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12a. Erstellt mit MixSIAR.

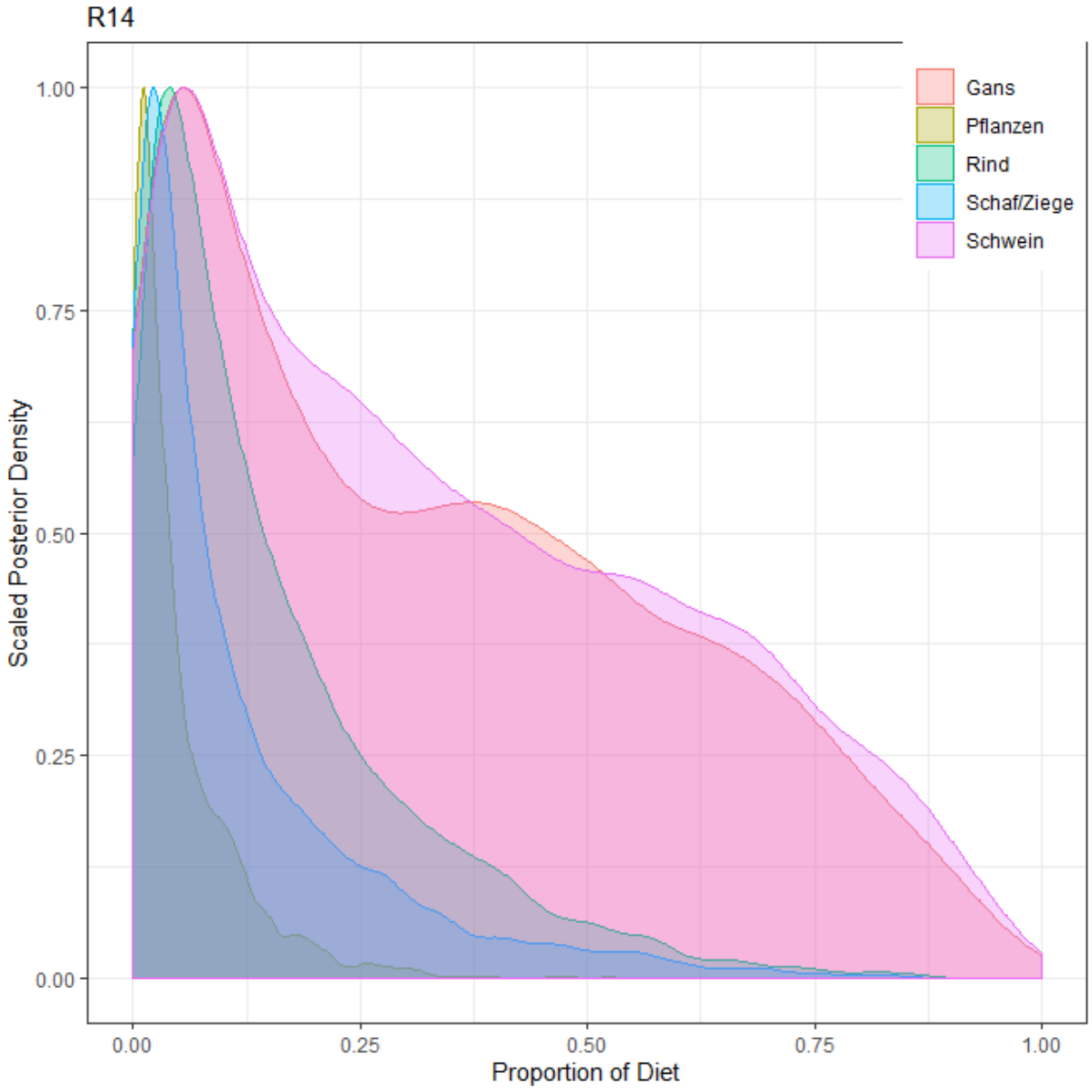


Abbildung 2174: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 14. Erstellt mit MixSIAR.

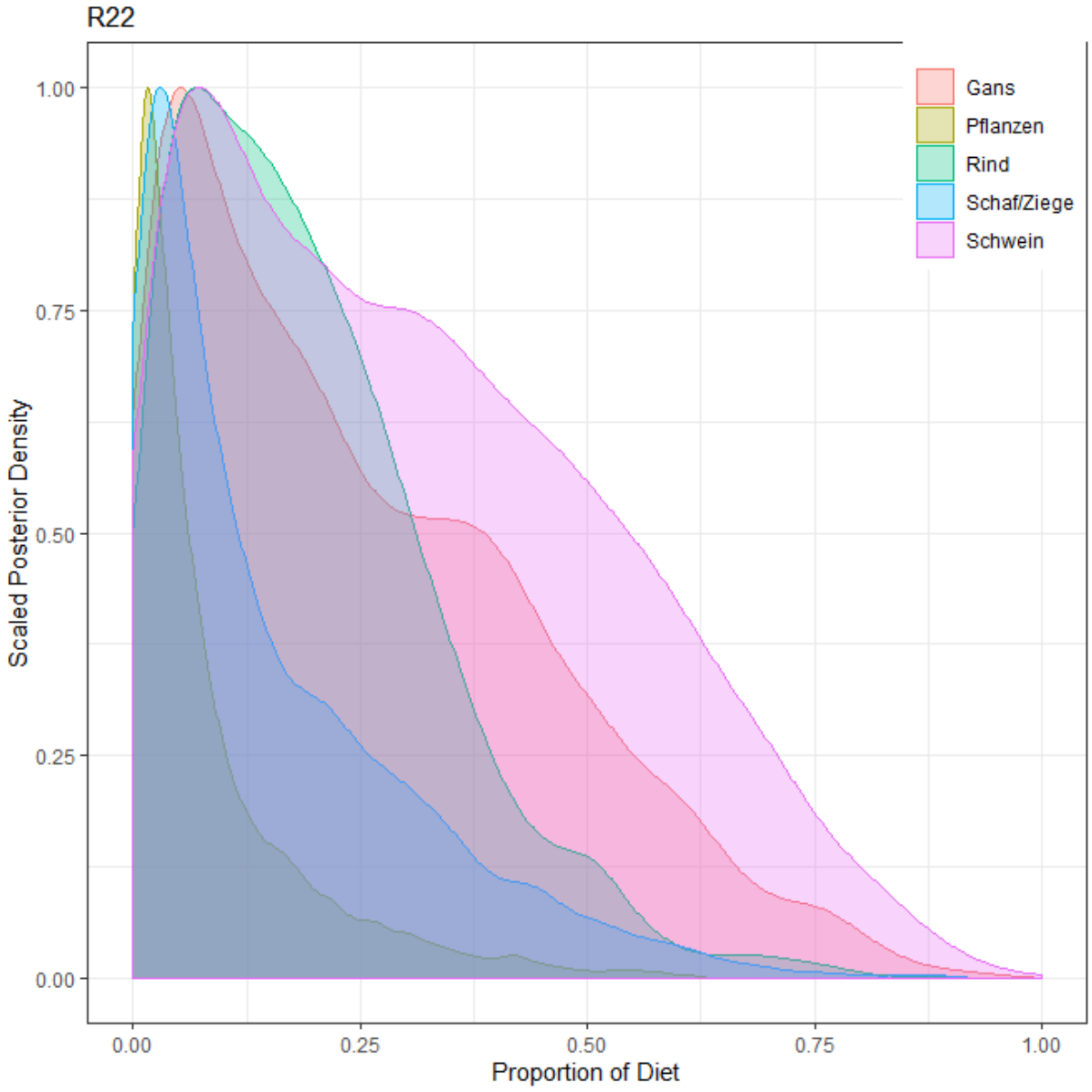


Abbildung 2175: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 22. Erstellt mit MixSIAR.

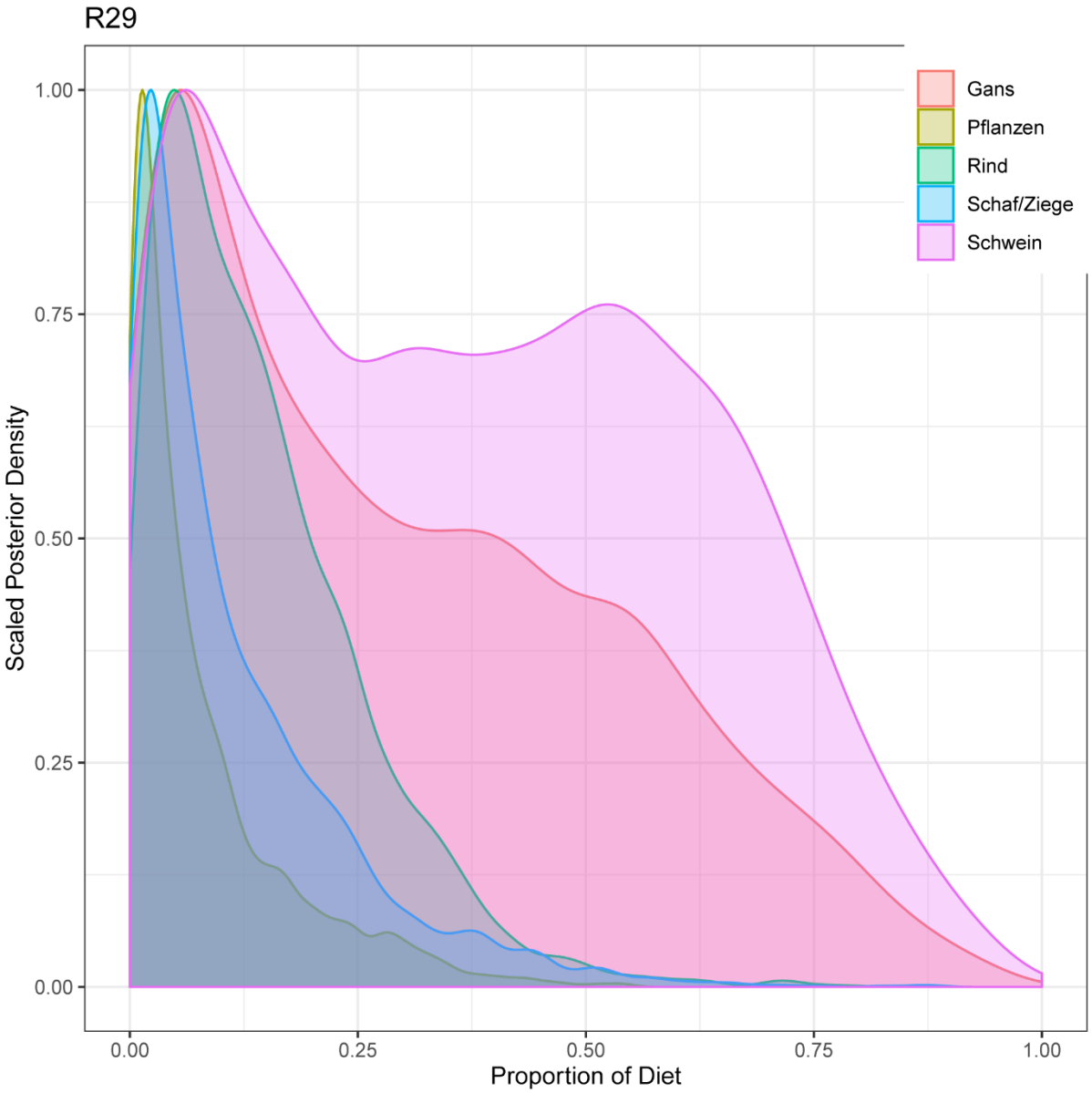


Abbildung 2176: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 29. Erstellt mit MixSIAR.

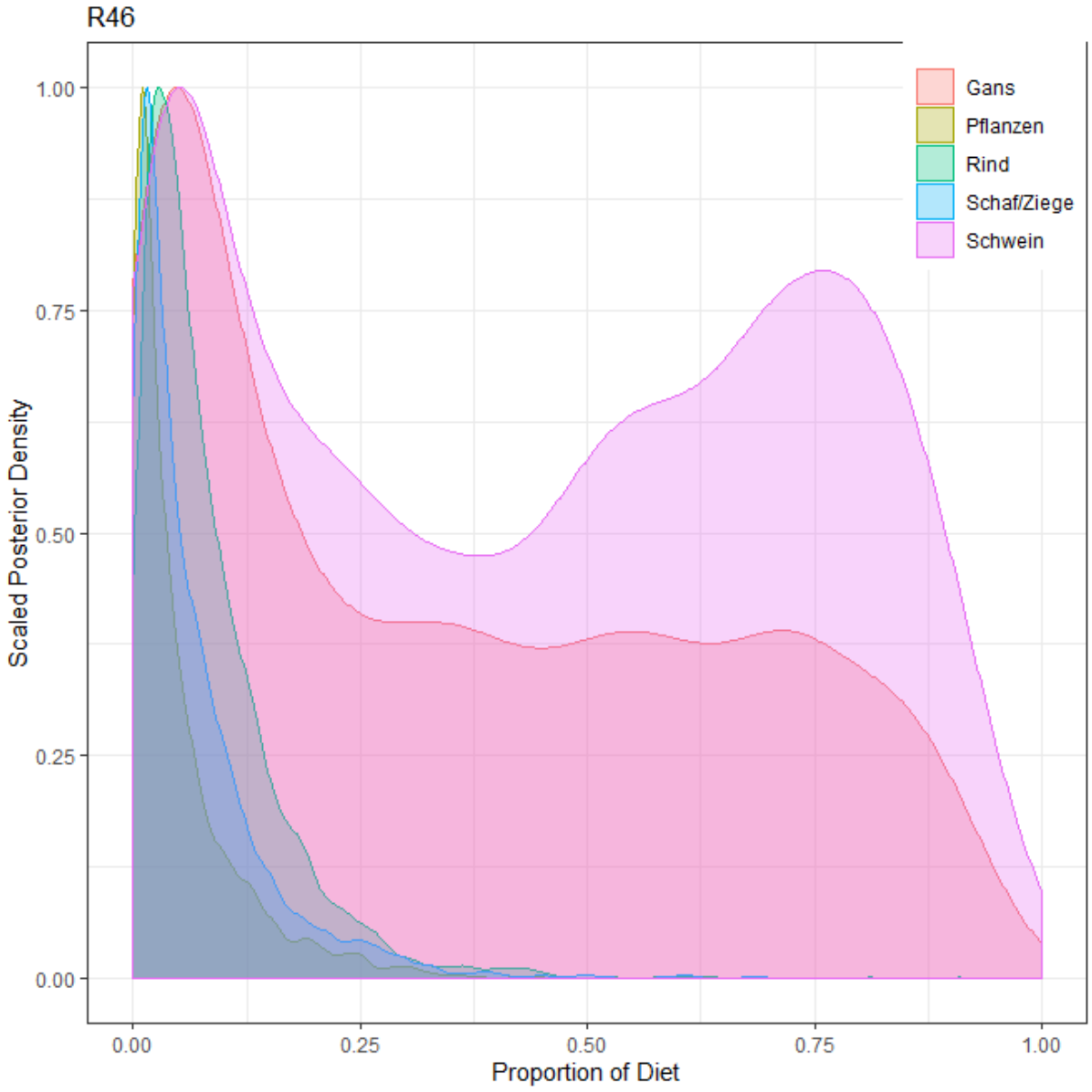


Abbildung 2177: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 46. Erstellt mit MixSIAR.

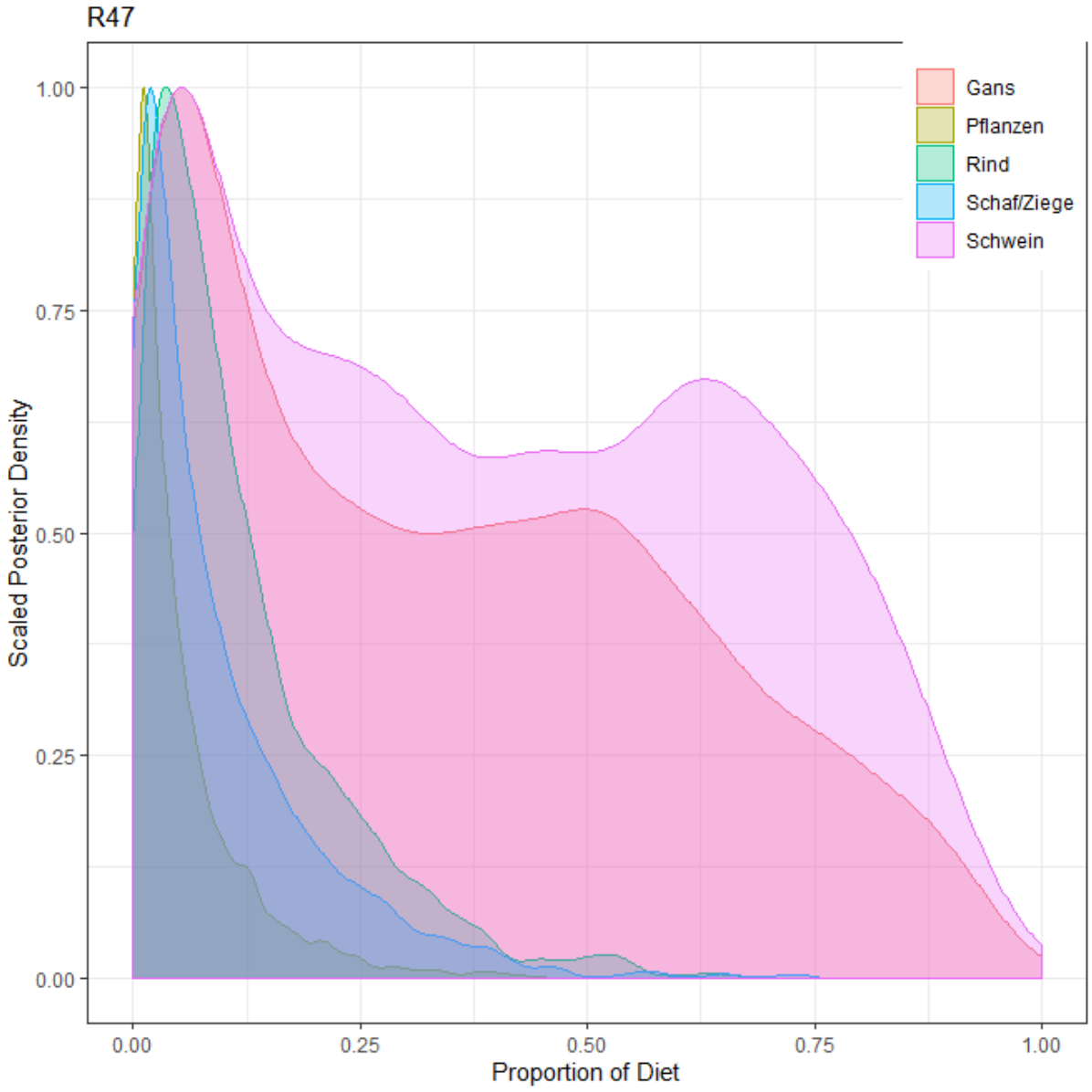


Abbildung 2178: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 47. Erstellt mit MixSIAR.

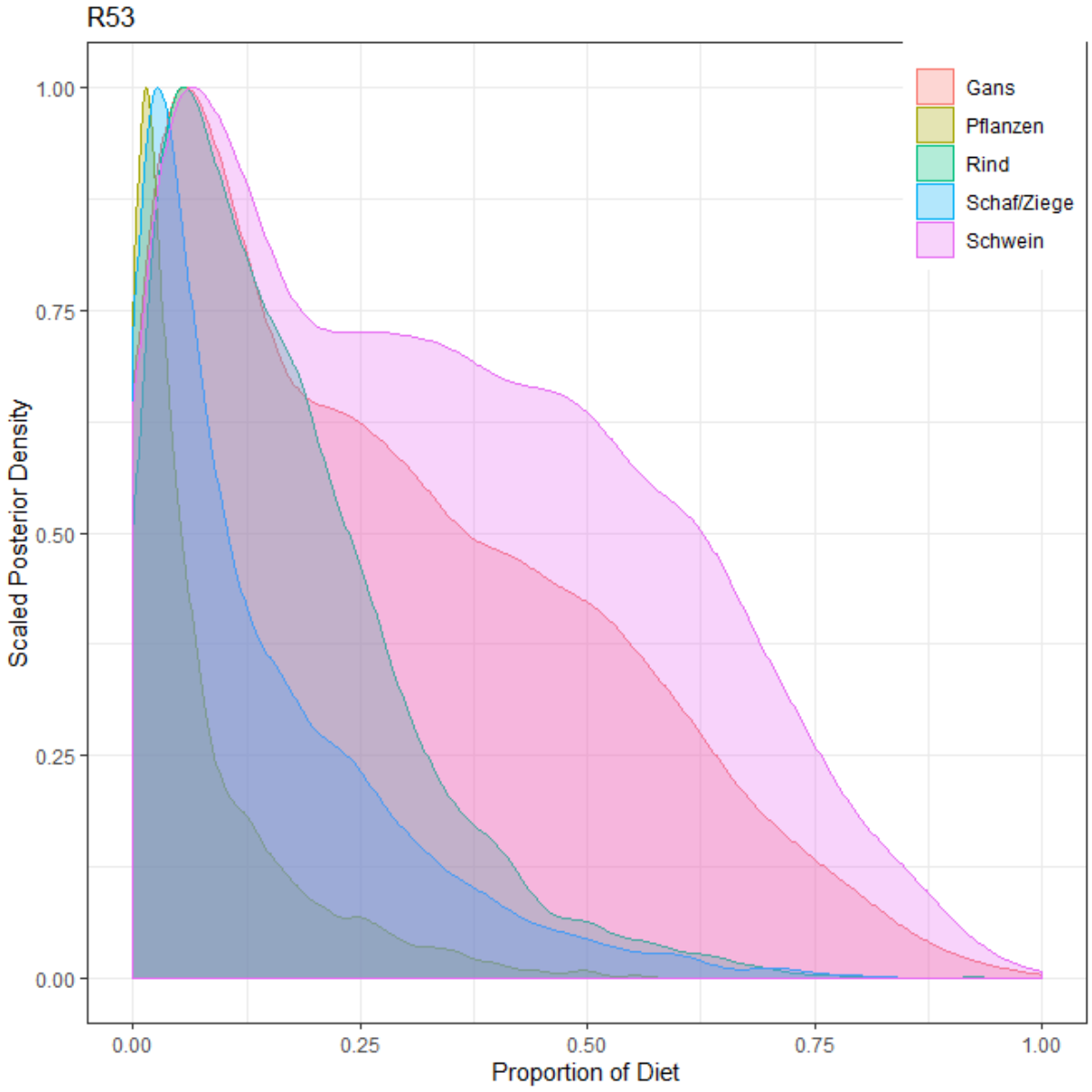


Abbildung 2179: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 53. Erstellt mit MixSIAR.

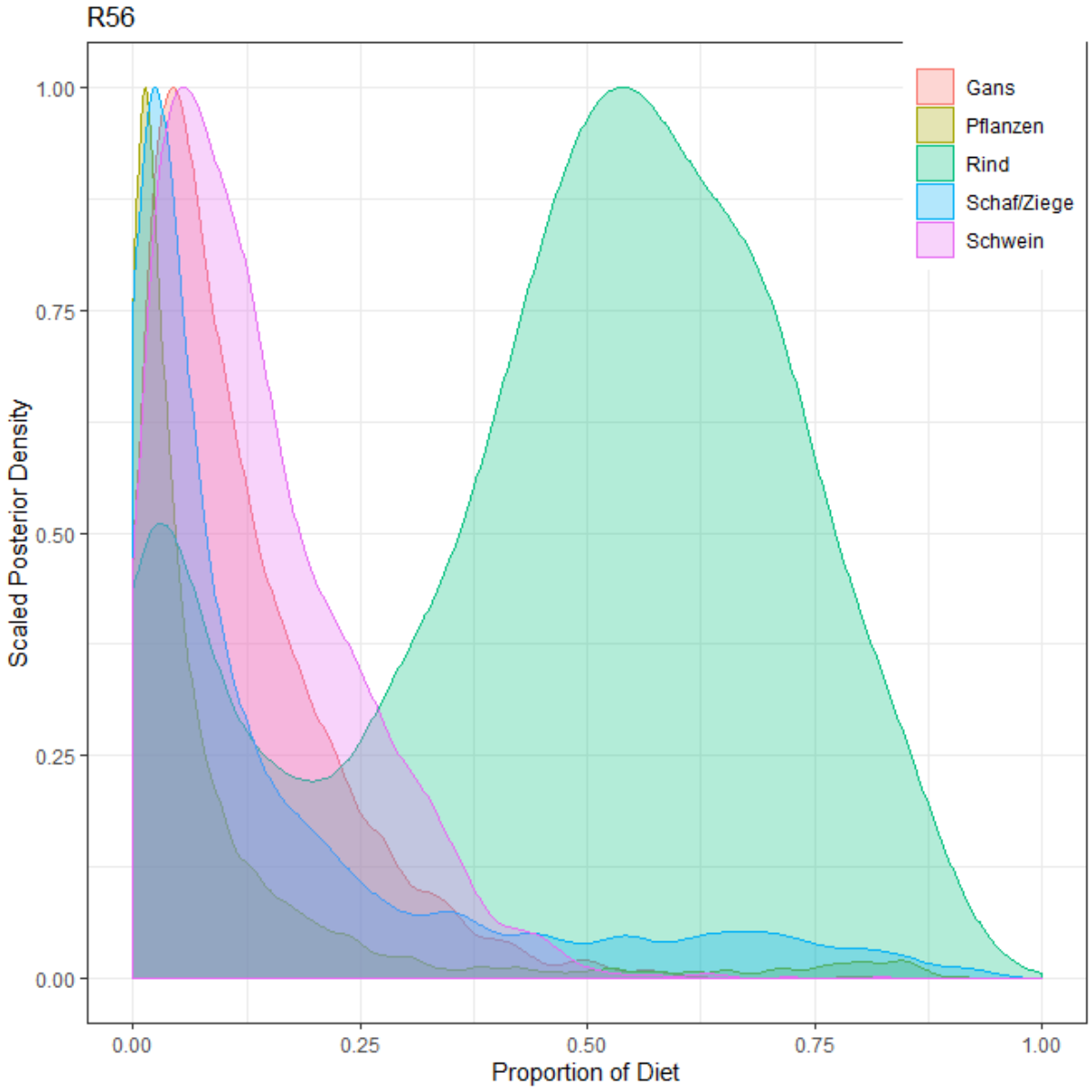


Abbildung 2180: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 56. Erstellt mit MixSIAR.

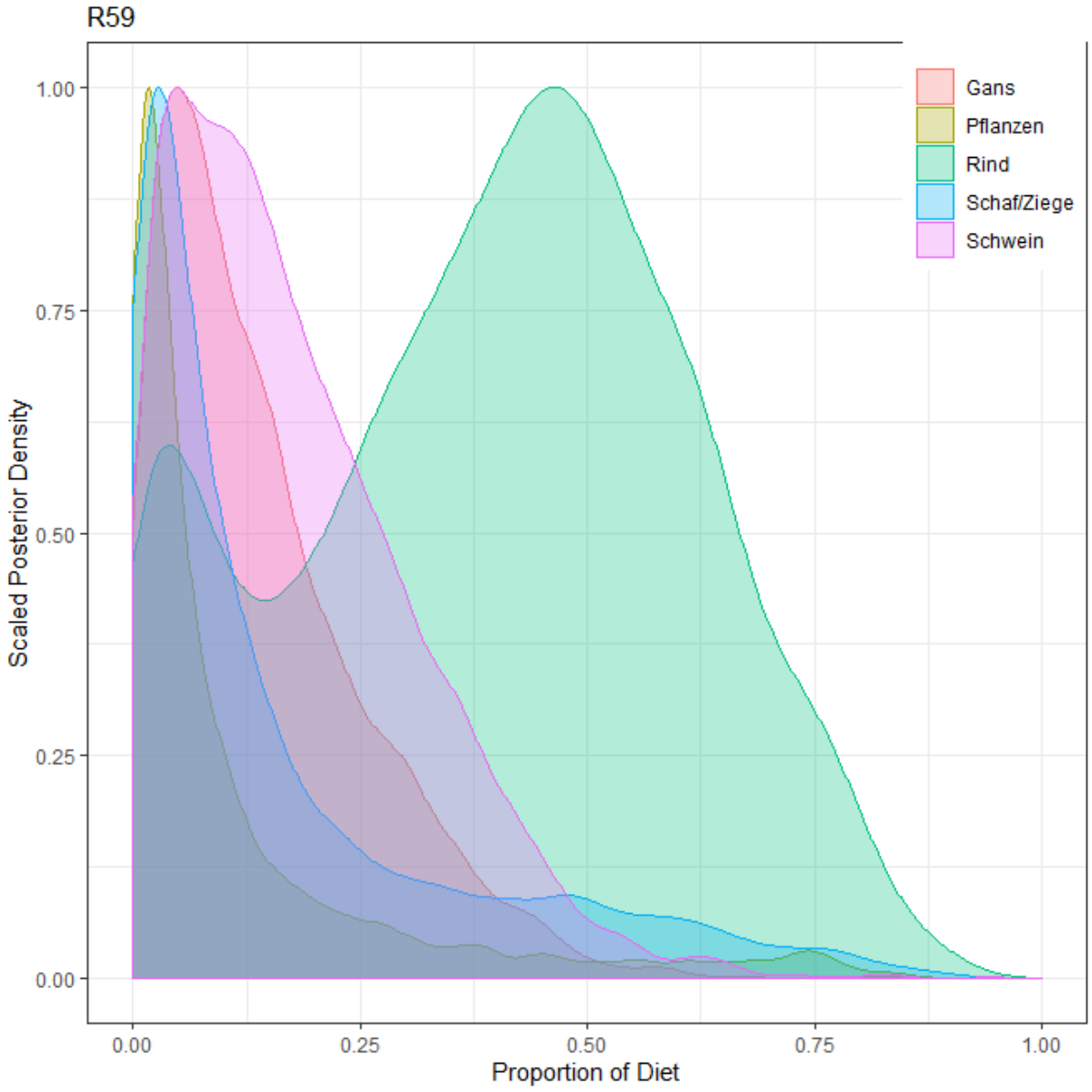


Abbildung 2181: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 59. Erstellt mit MixSIAR.

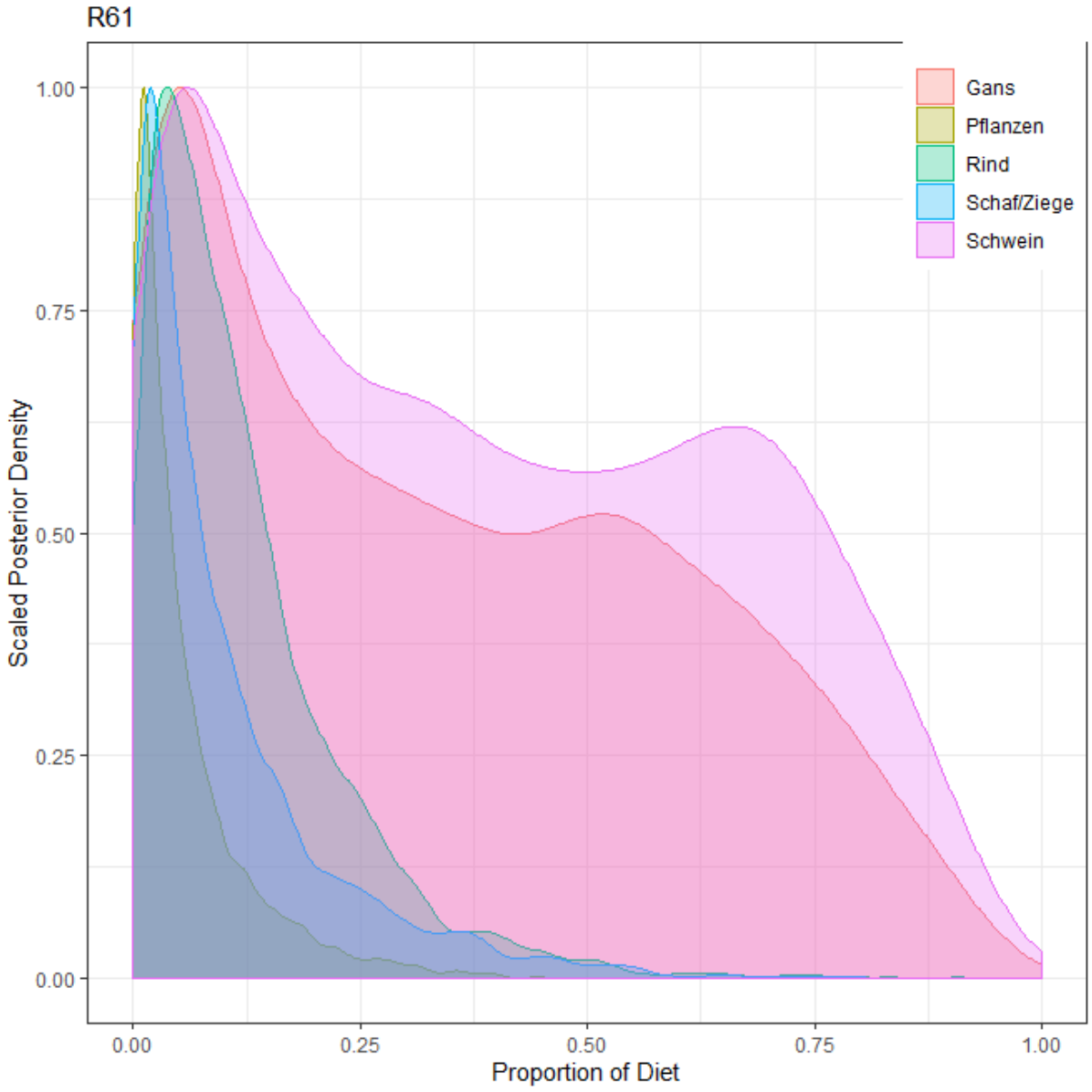


Abbildung 2182: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 61. Erstellt mit MixSIAR.

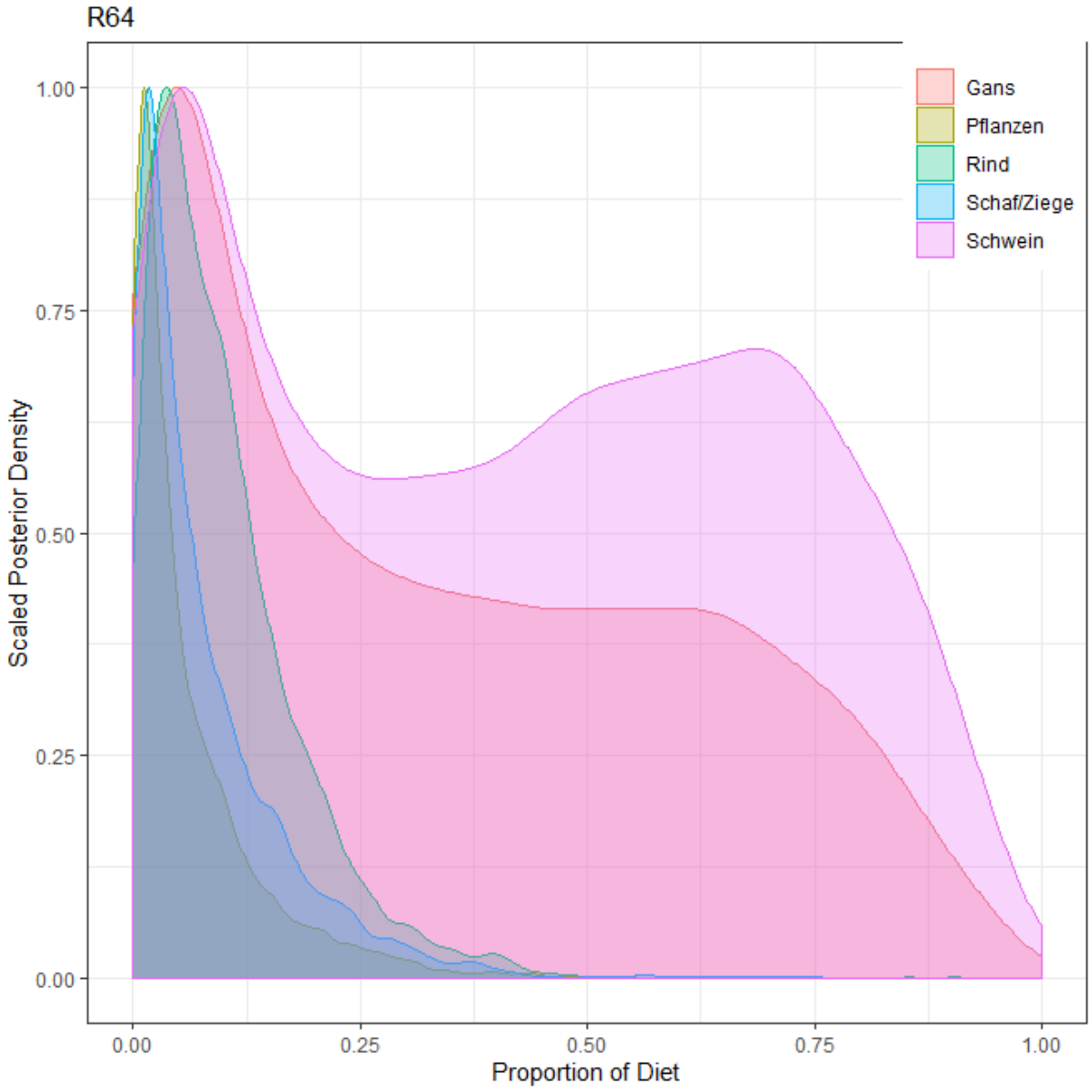


Abbildung 2183: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 64. Erstellt mit MixSIAR.

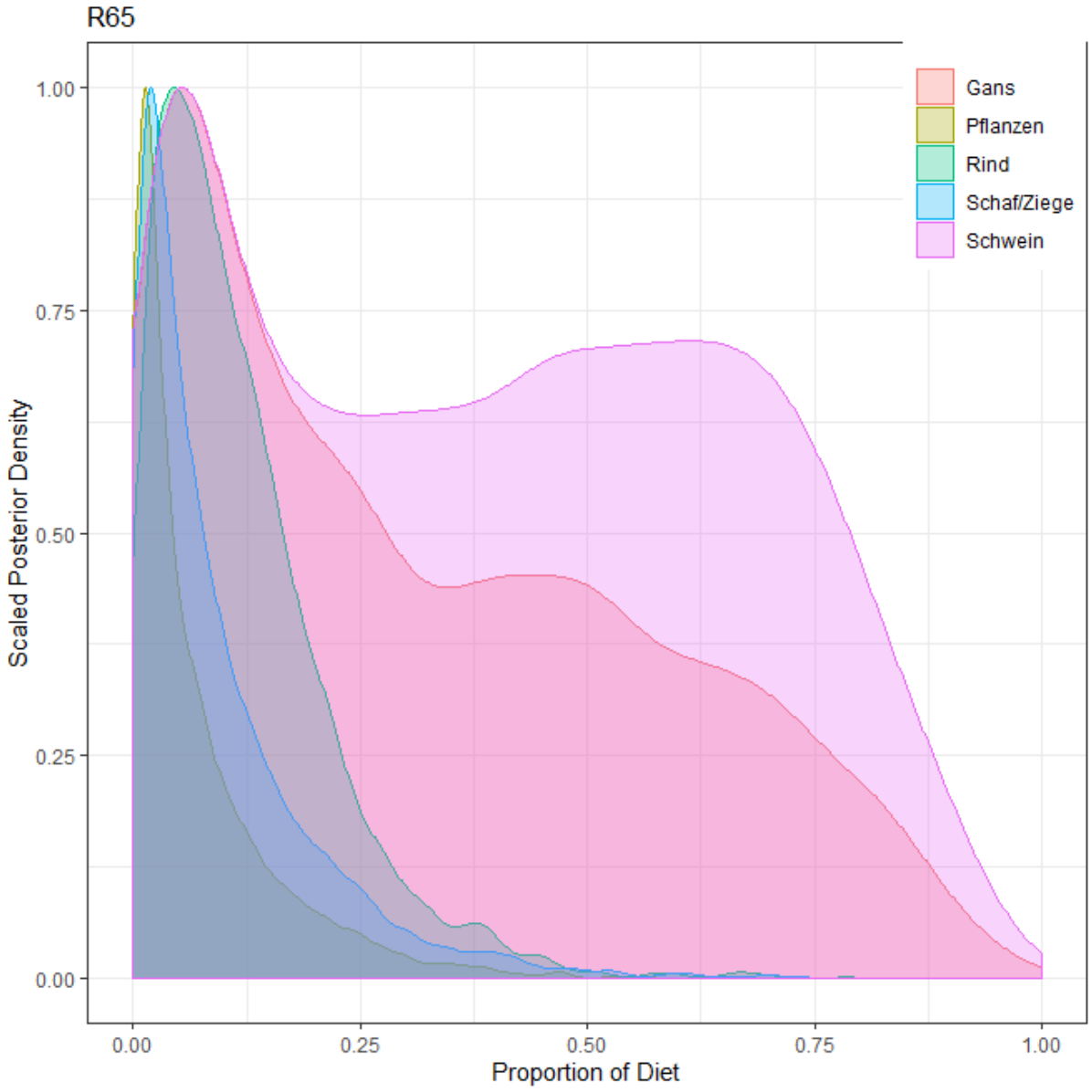


Abbildung 2184: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 65. Erstellt mit MixSIAR.

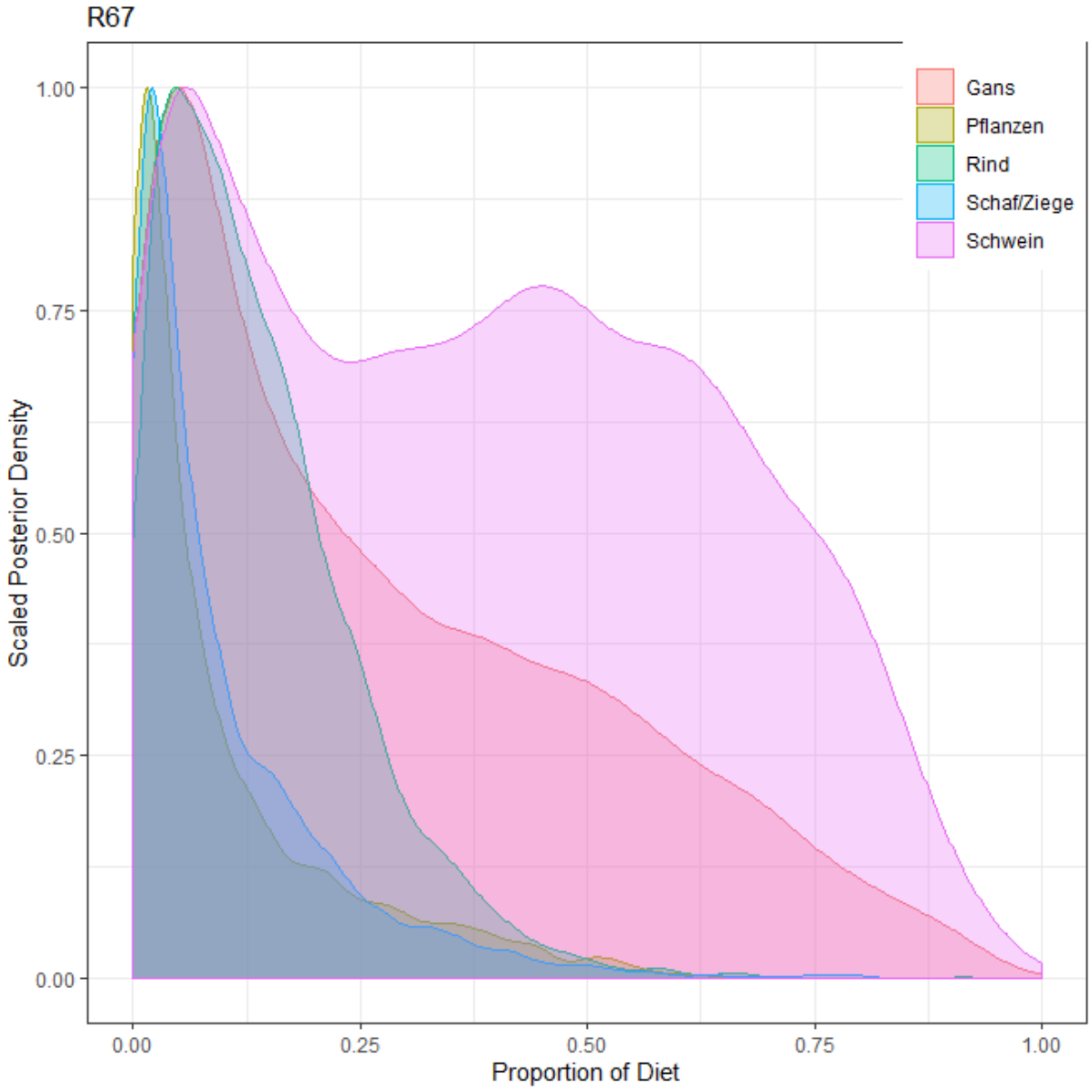


Abbildung 2185: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 67. Erstellt mit MixSIAR.

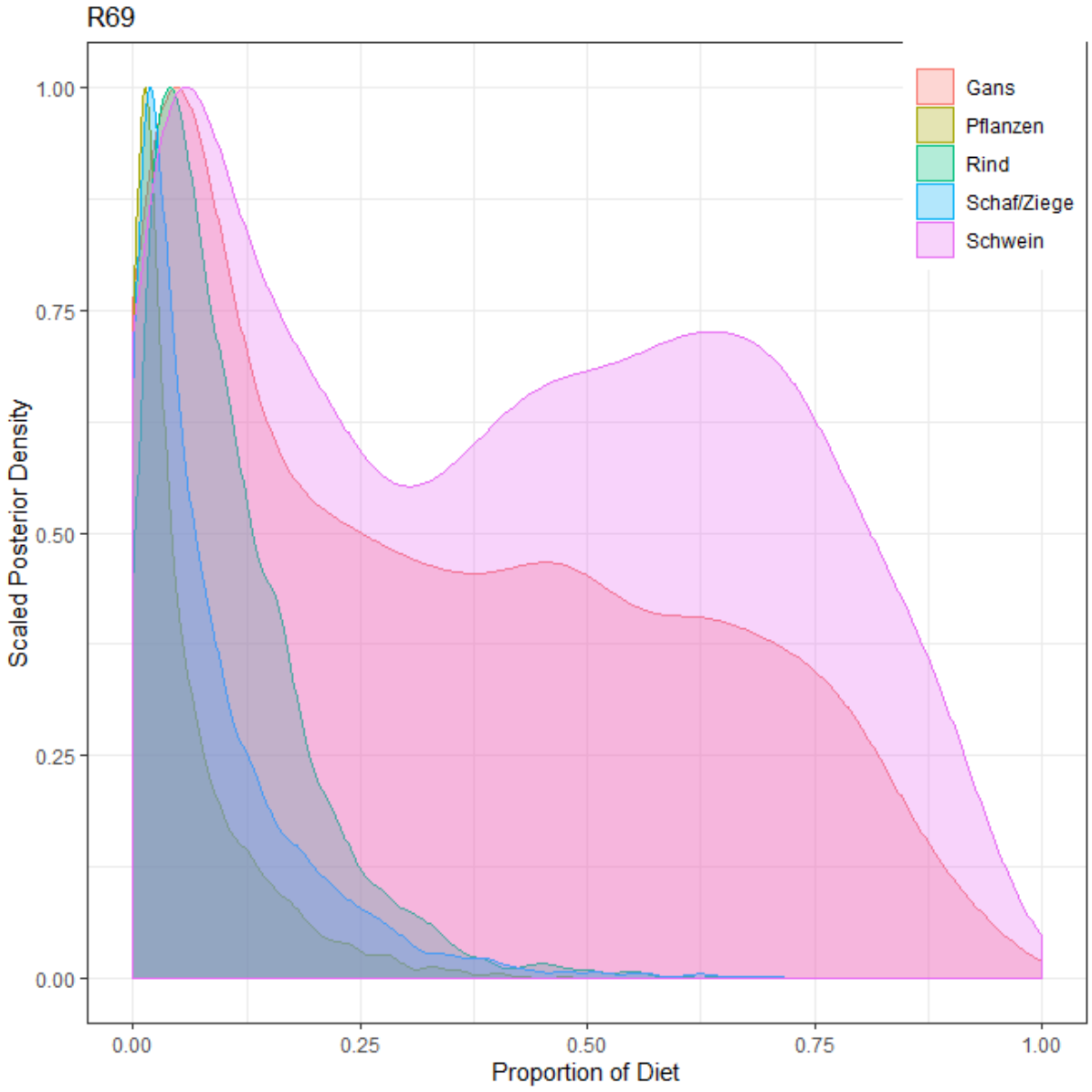


Abbildung 2186: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 69. Erstellt mit MixSIAR.

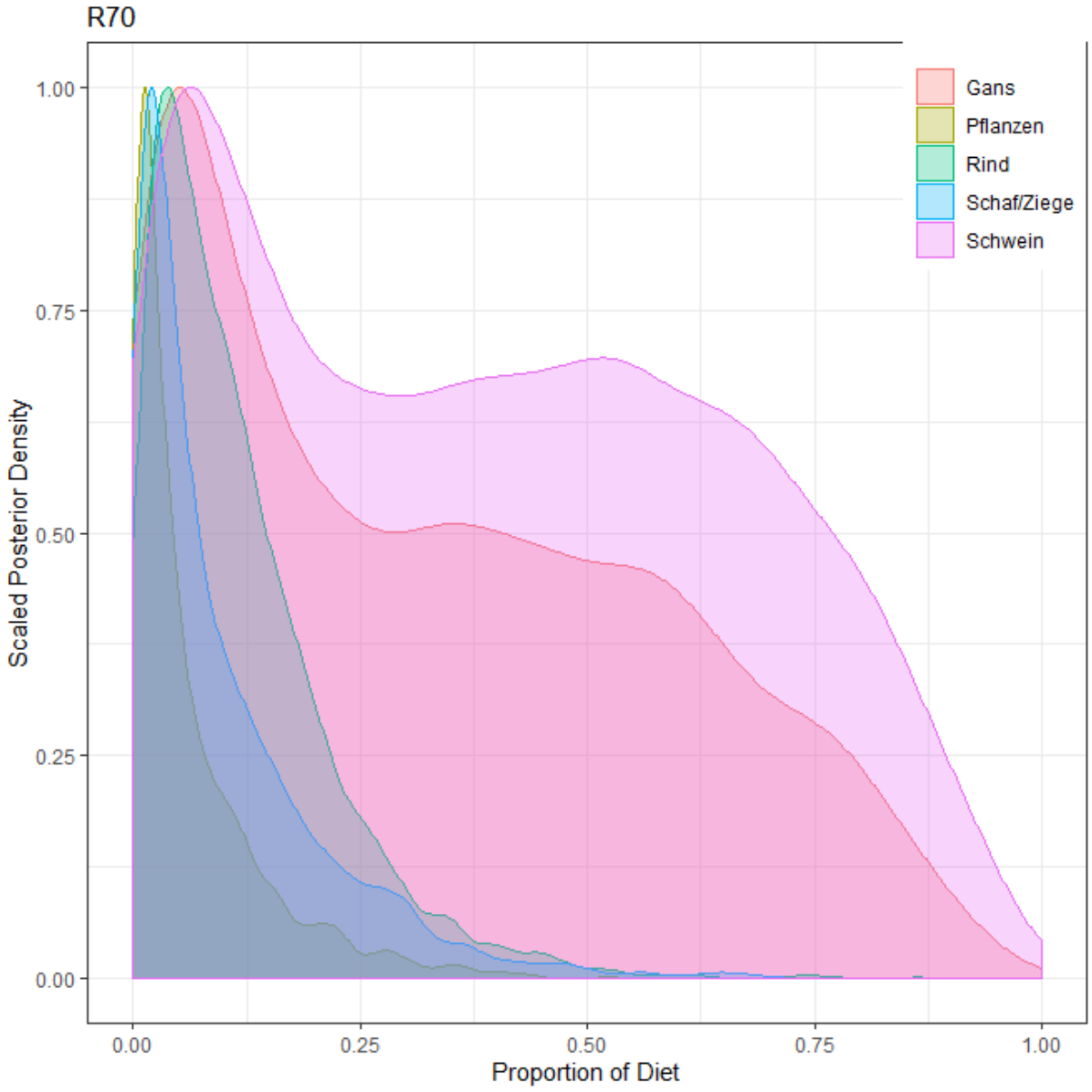


Abbildung 2187: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 70. Erstellt mit MixSIAR.

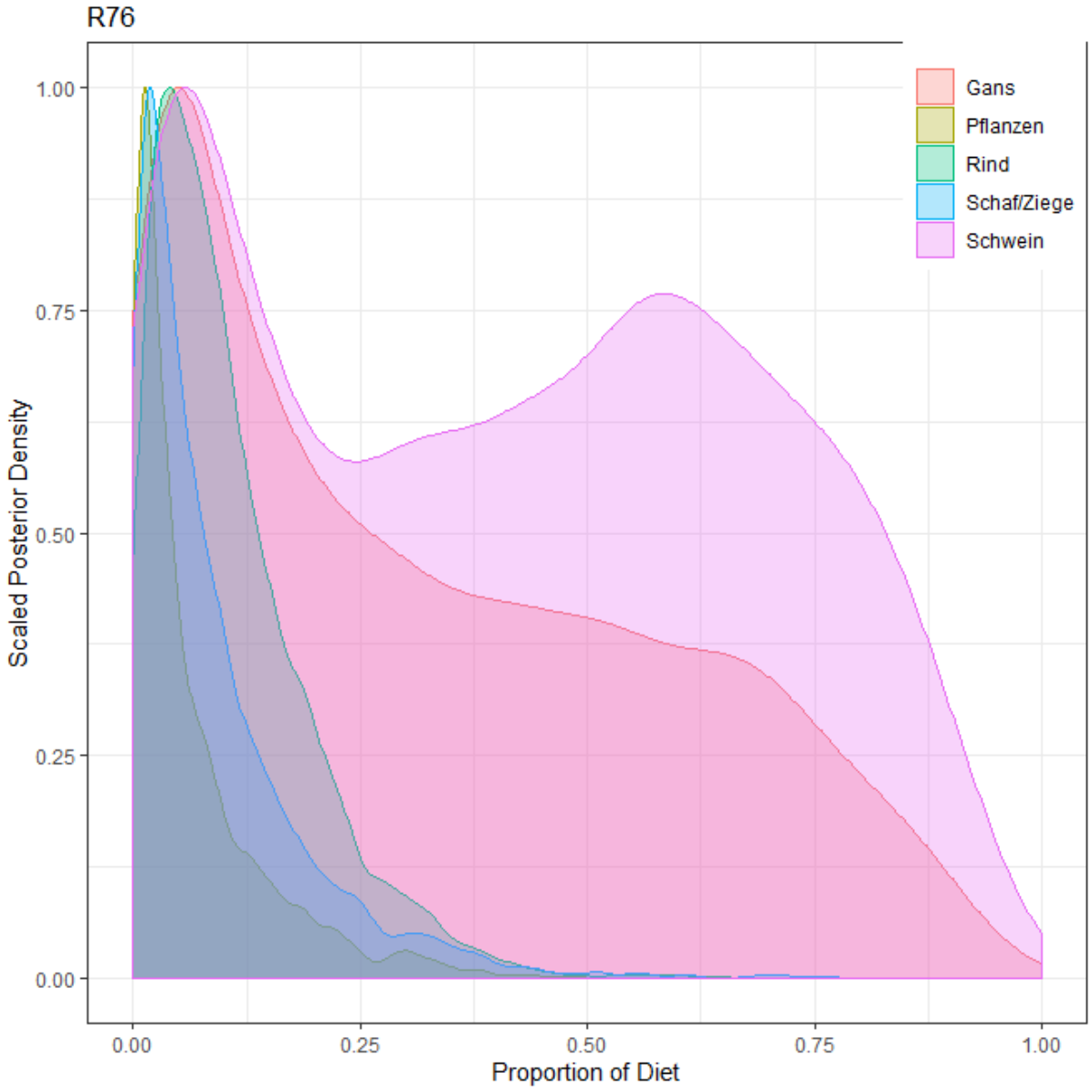


Abbildung 2188: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 76. Erstellt mit MixSIAR.

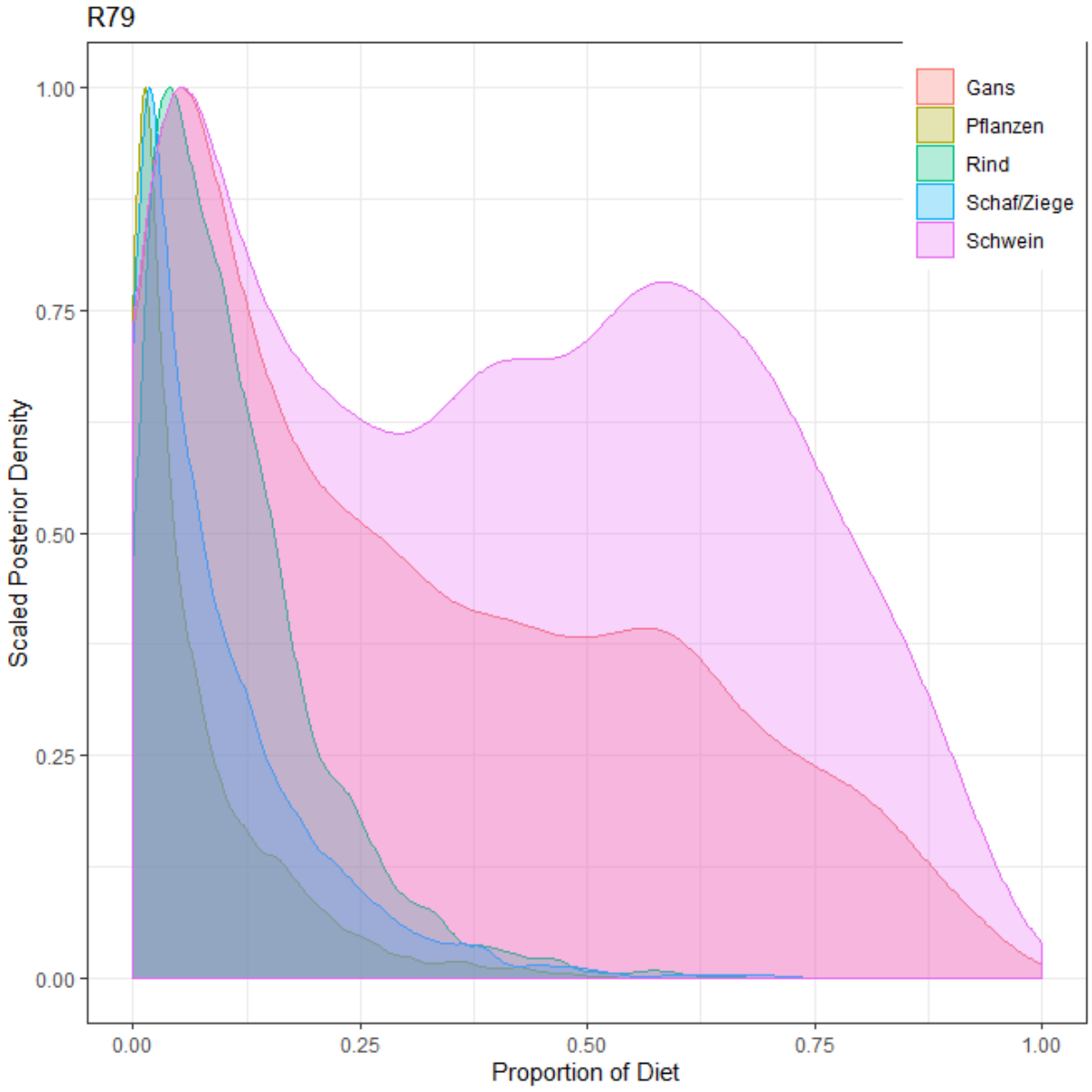


Abbildung 2189: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 79. Erstellt mit MixSIAR.

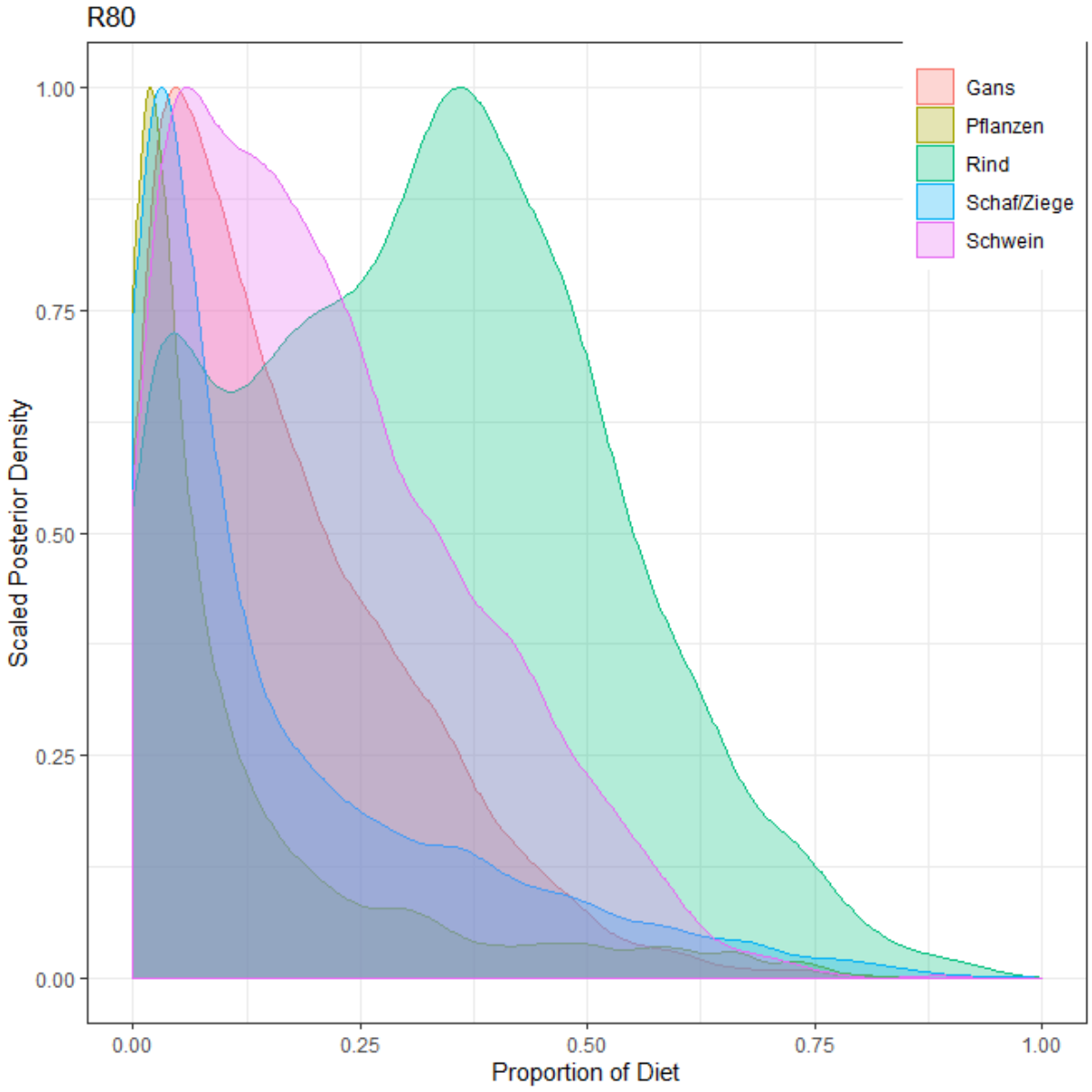


Abbildung 2190: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 80. Erstellt mit MixSIAR.

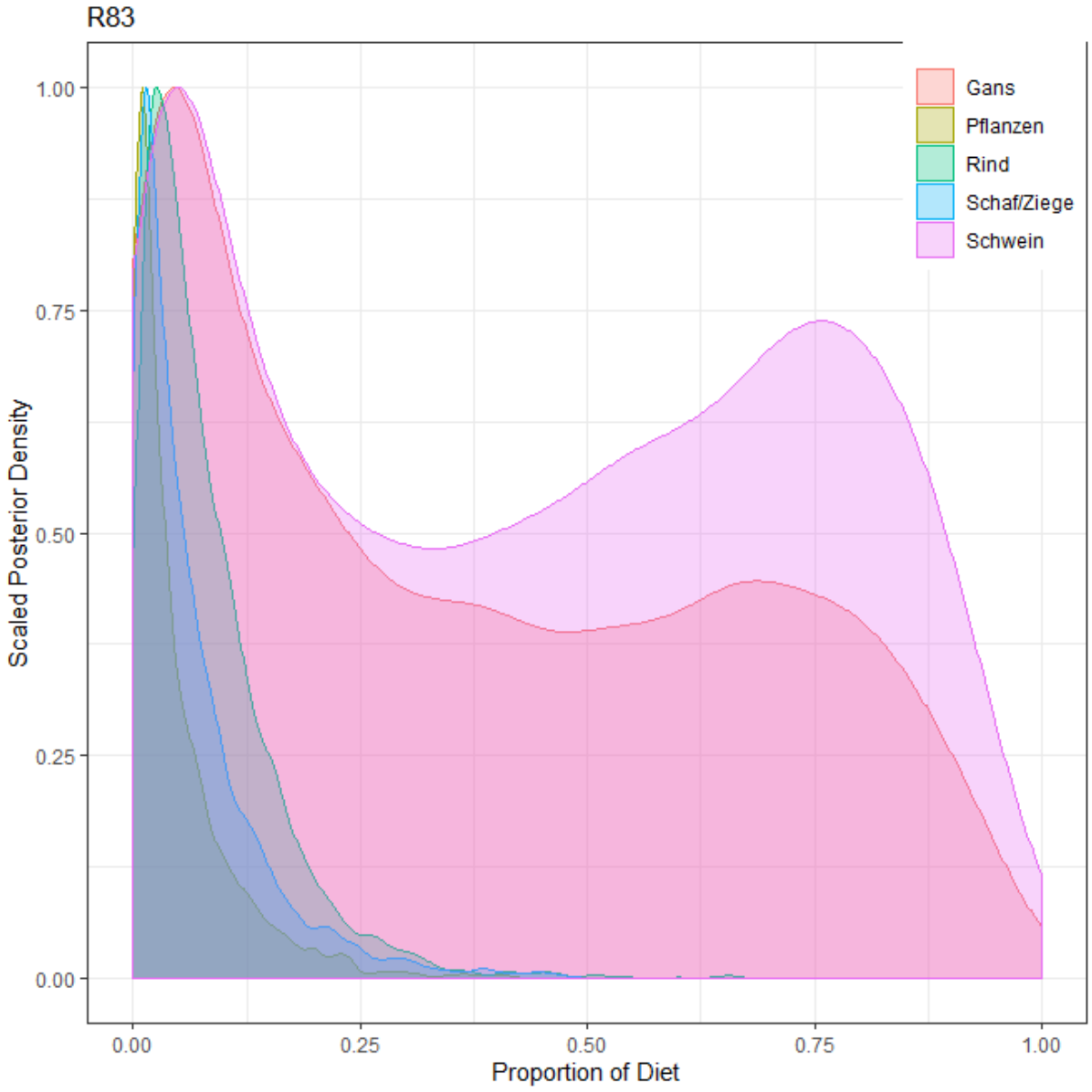


Abbildung 2191: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 83. Erstellt mit MixSIAR.

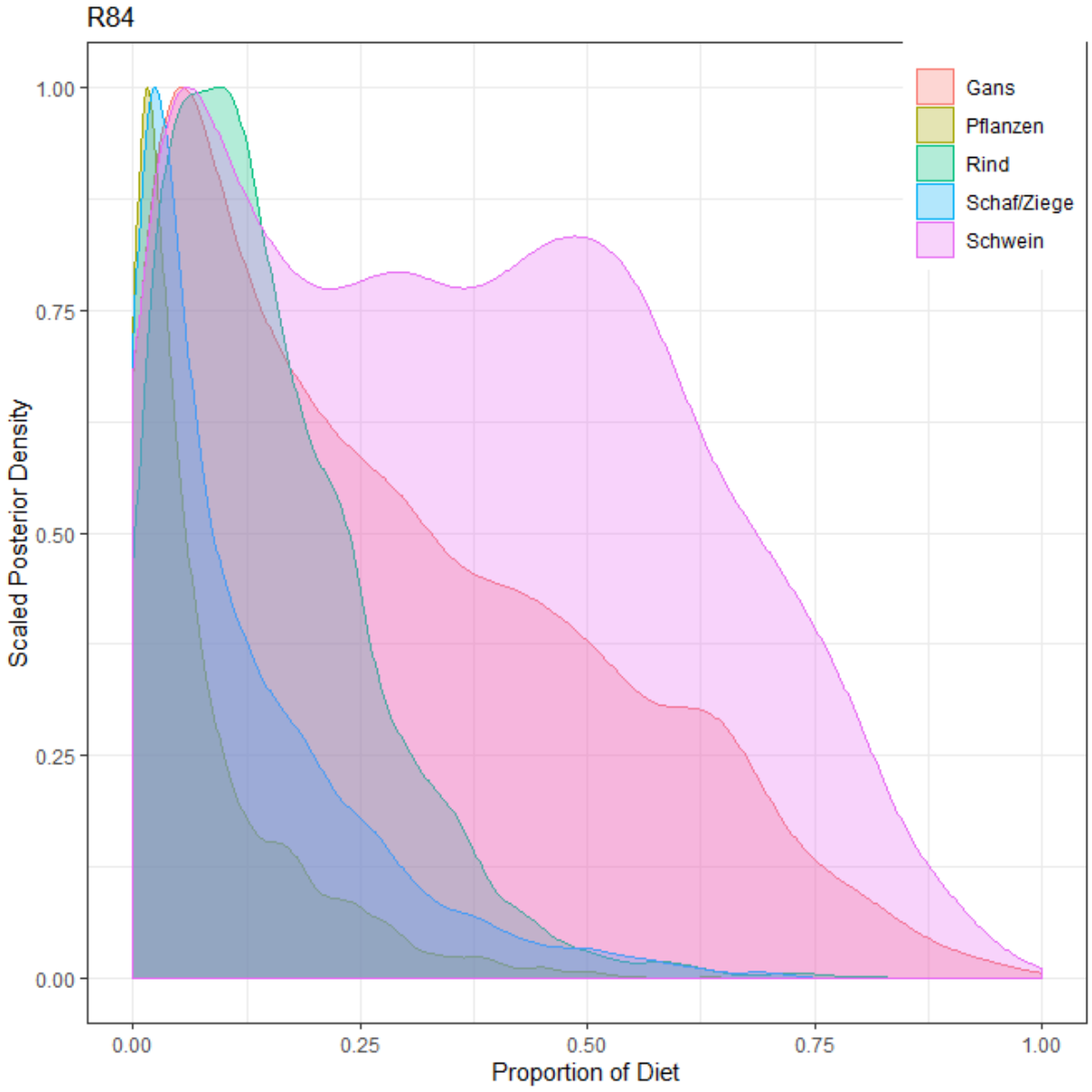


Abbildung 2192: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 84. Erstellt mit MixSIAR.

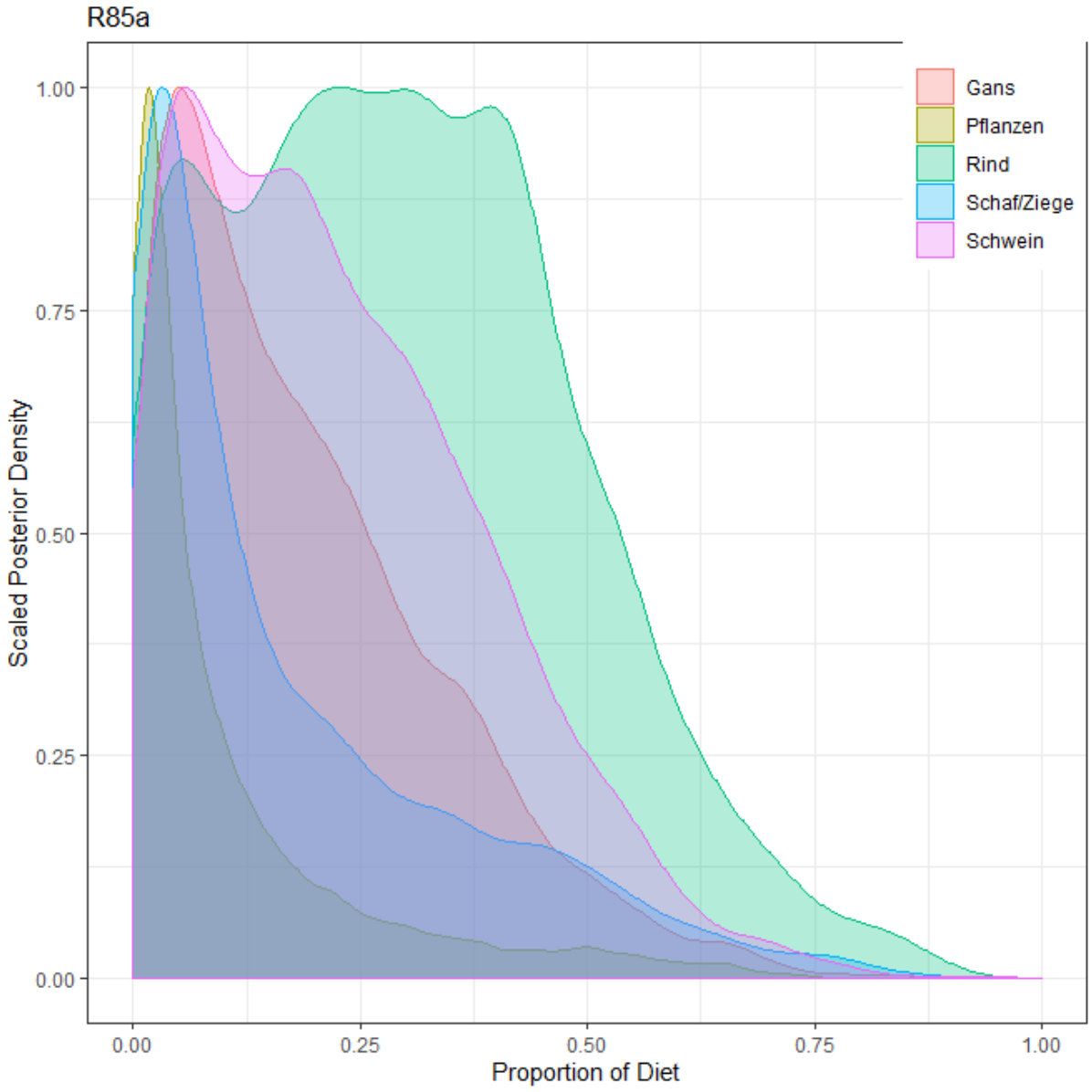


Abbildung 2193: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 85a. Erstellt mit MixSIAR.

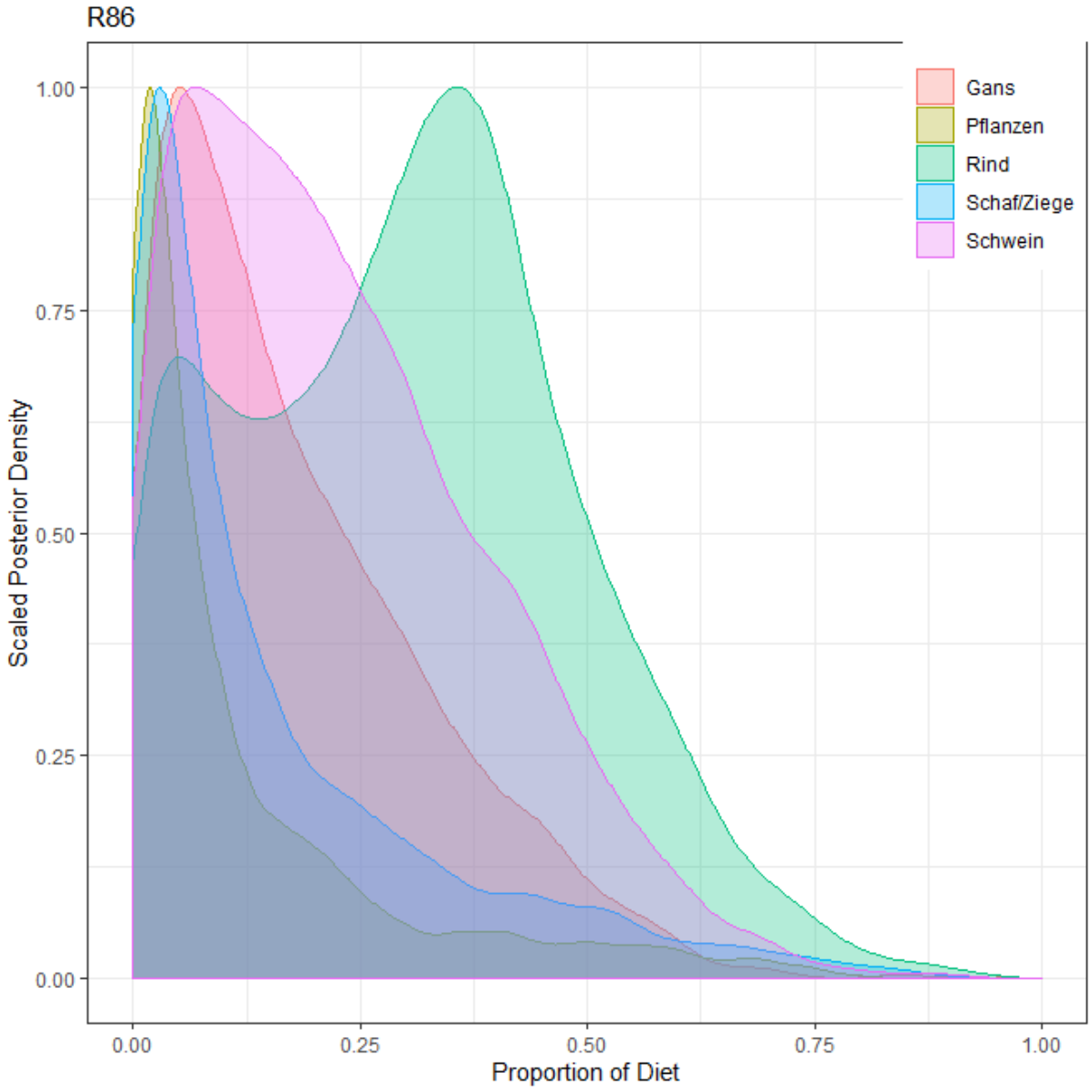


Abbildung 2194: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 86. Erstellt mit MixSIAR.

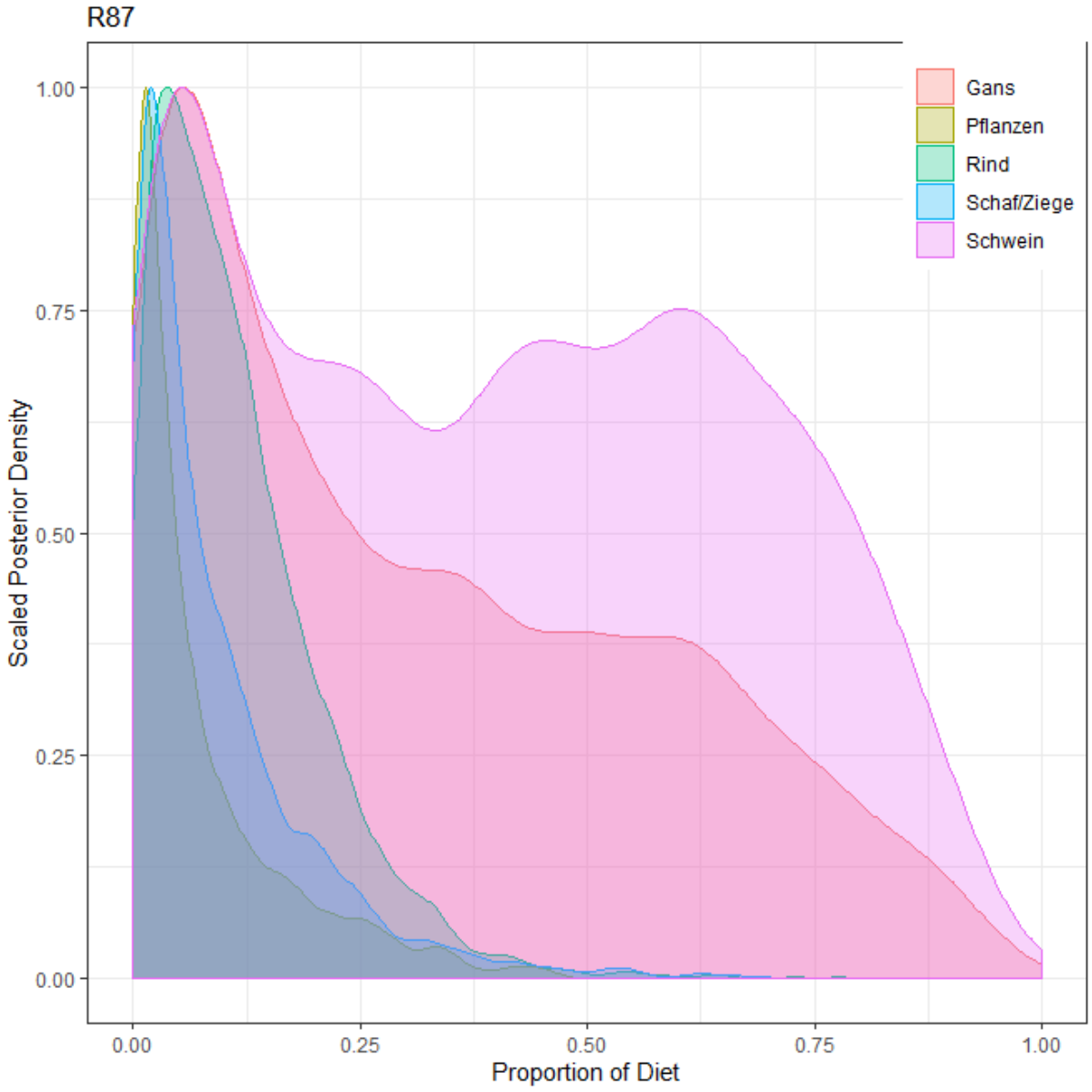


Abbildung 2195: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 87. Erstellt mit MixSIAR.

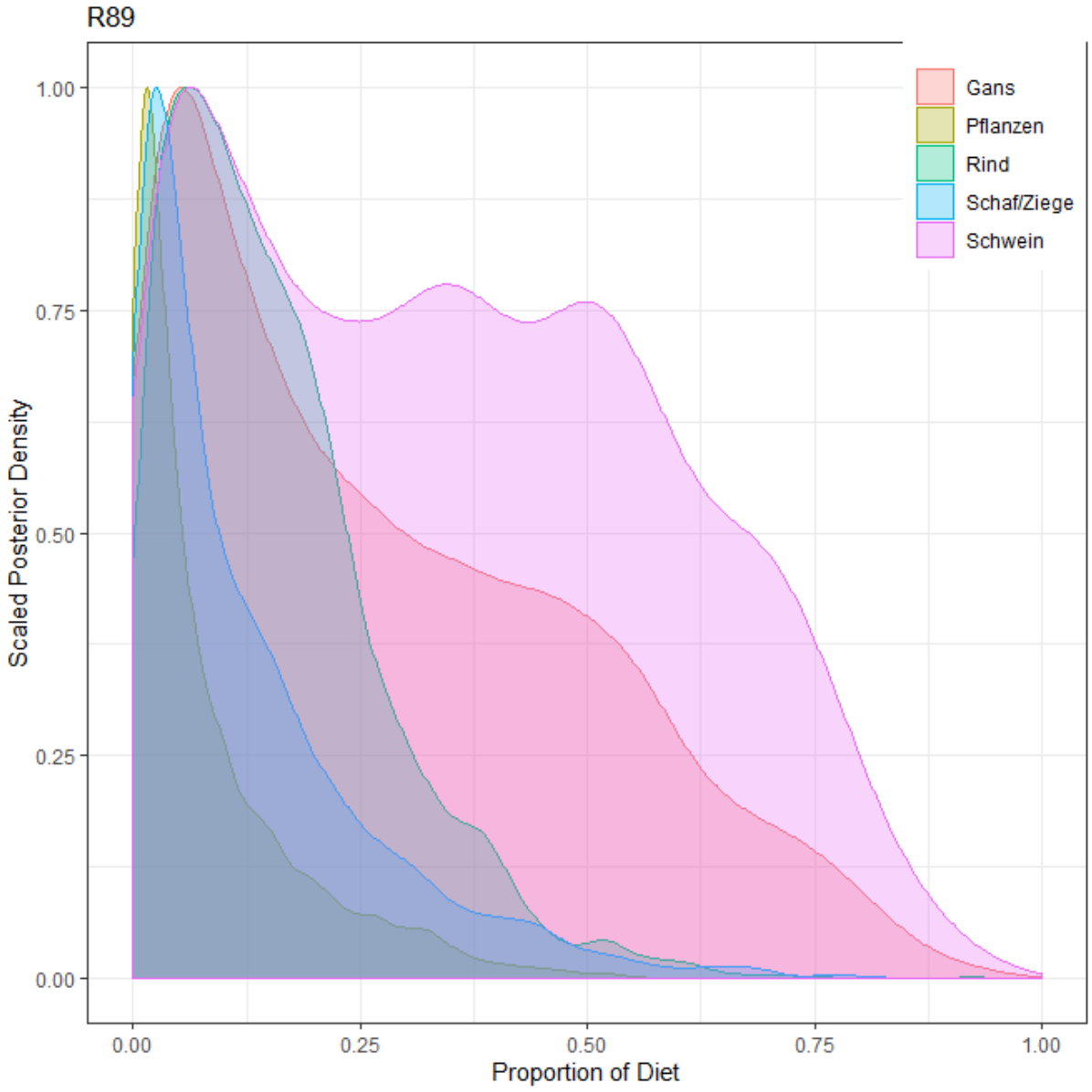


Abbildung 2196: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 89. Erstellt mit MixSIAR.

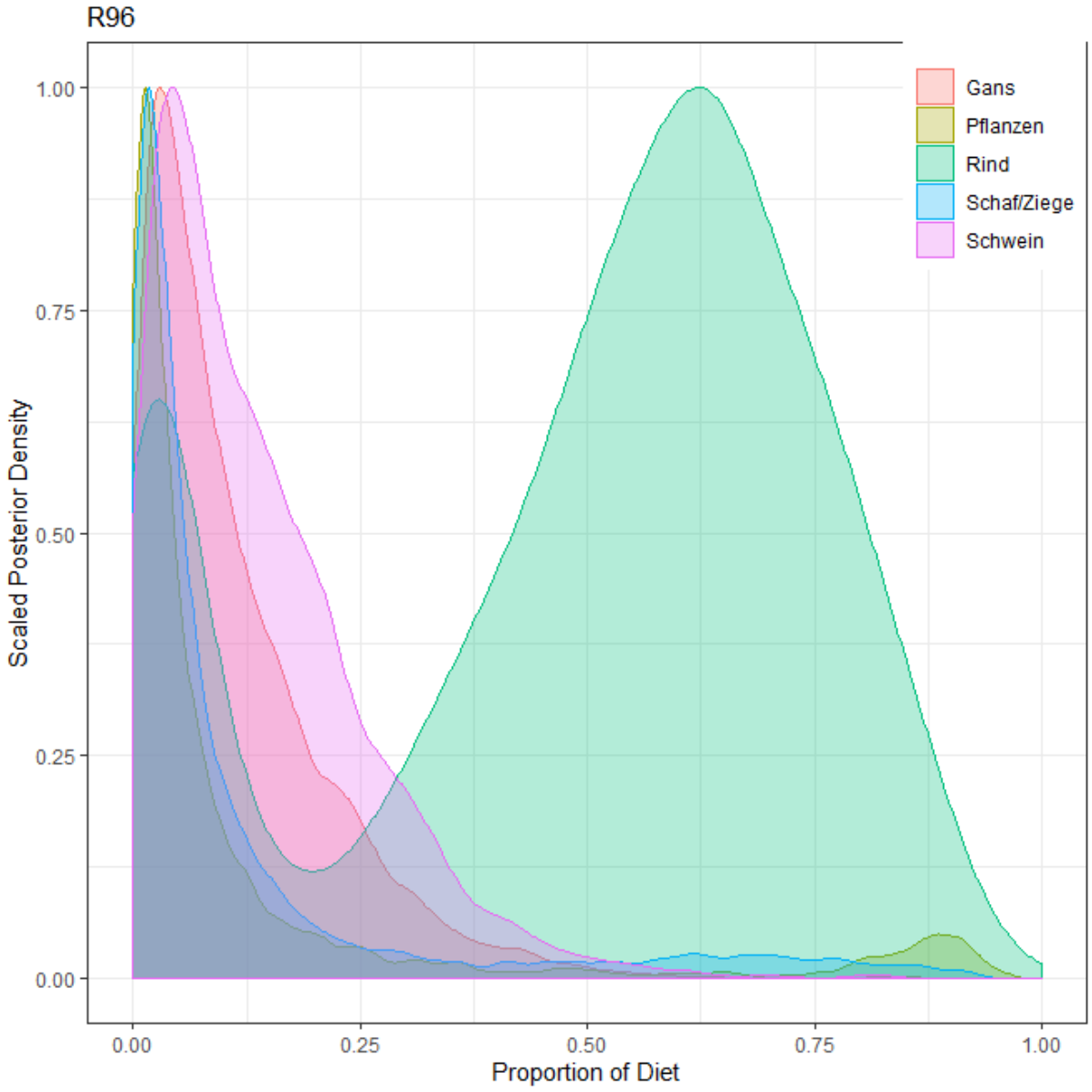


Abbildung 2197: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 96. Erstellt mit MixSIAR.

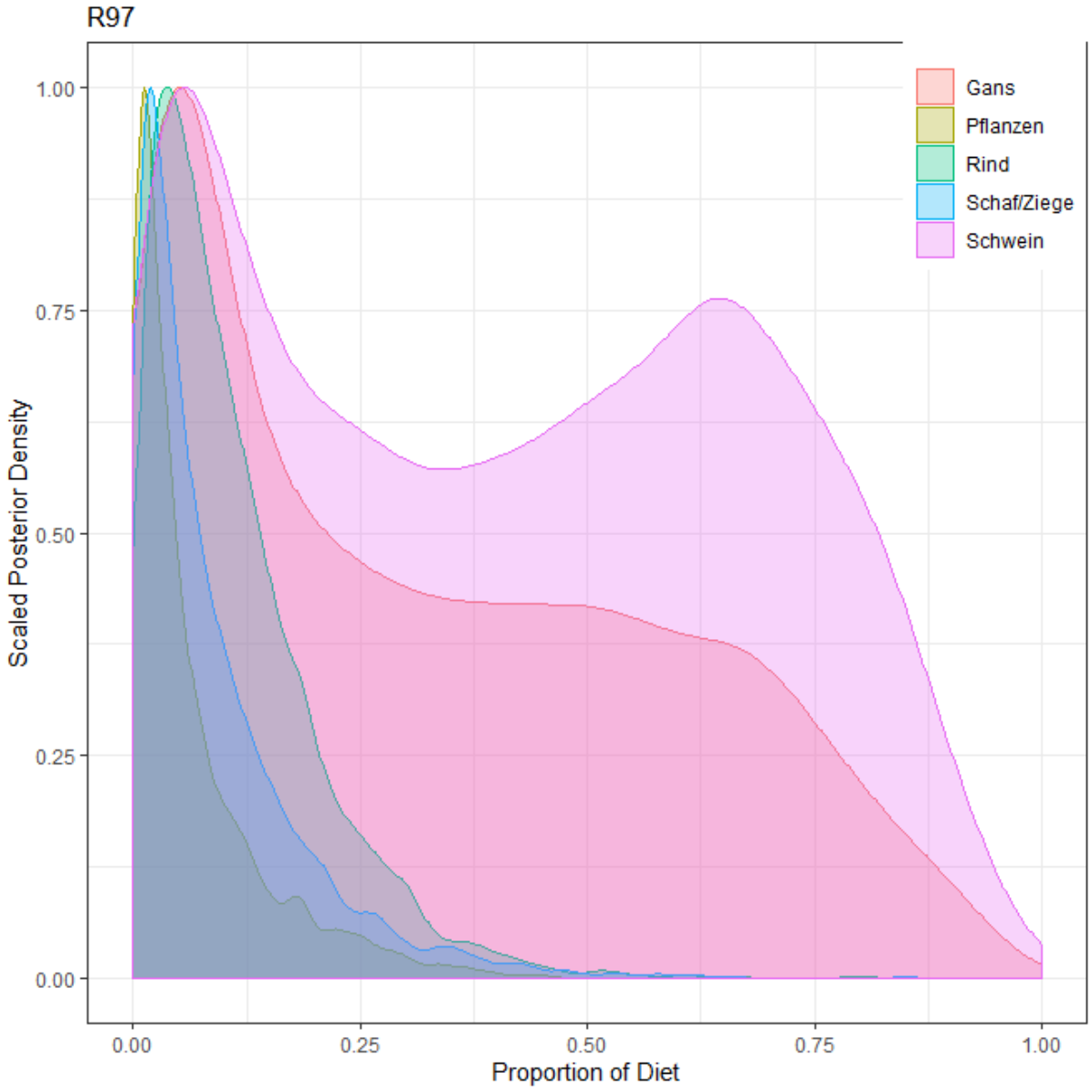


Abbildung 2198: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 97. Erstellt mit MixSIAR.

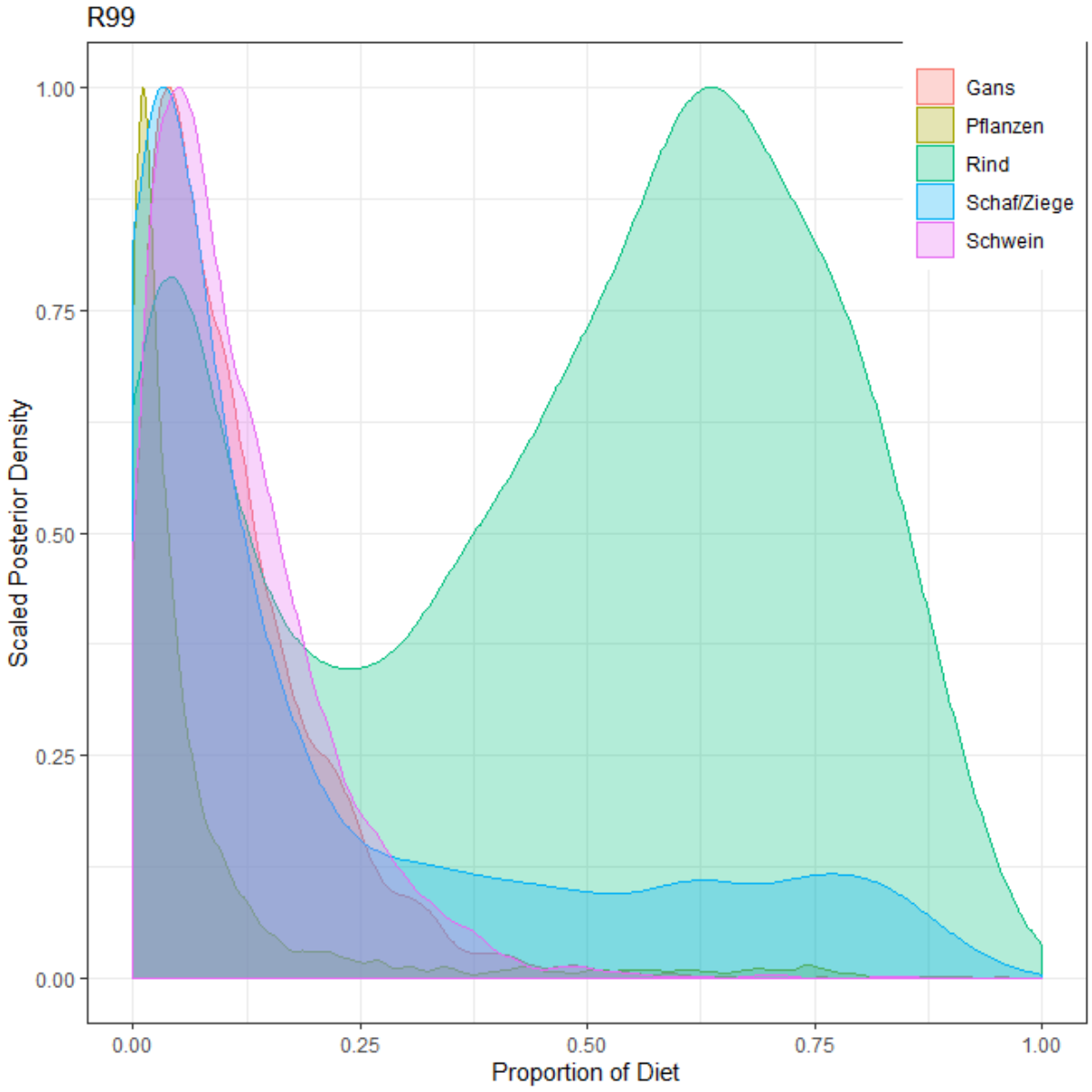


Abbildung 2199: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 99. Erstellt mit MixSIAR.

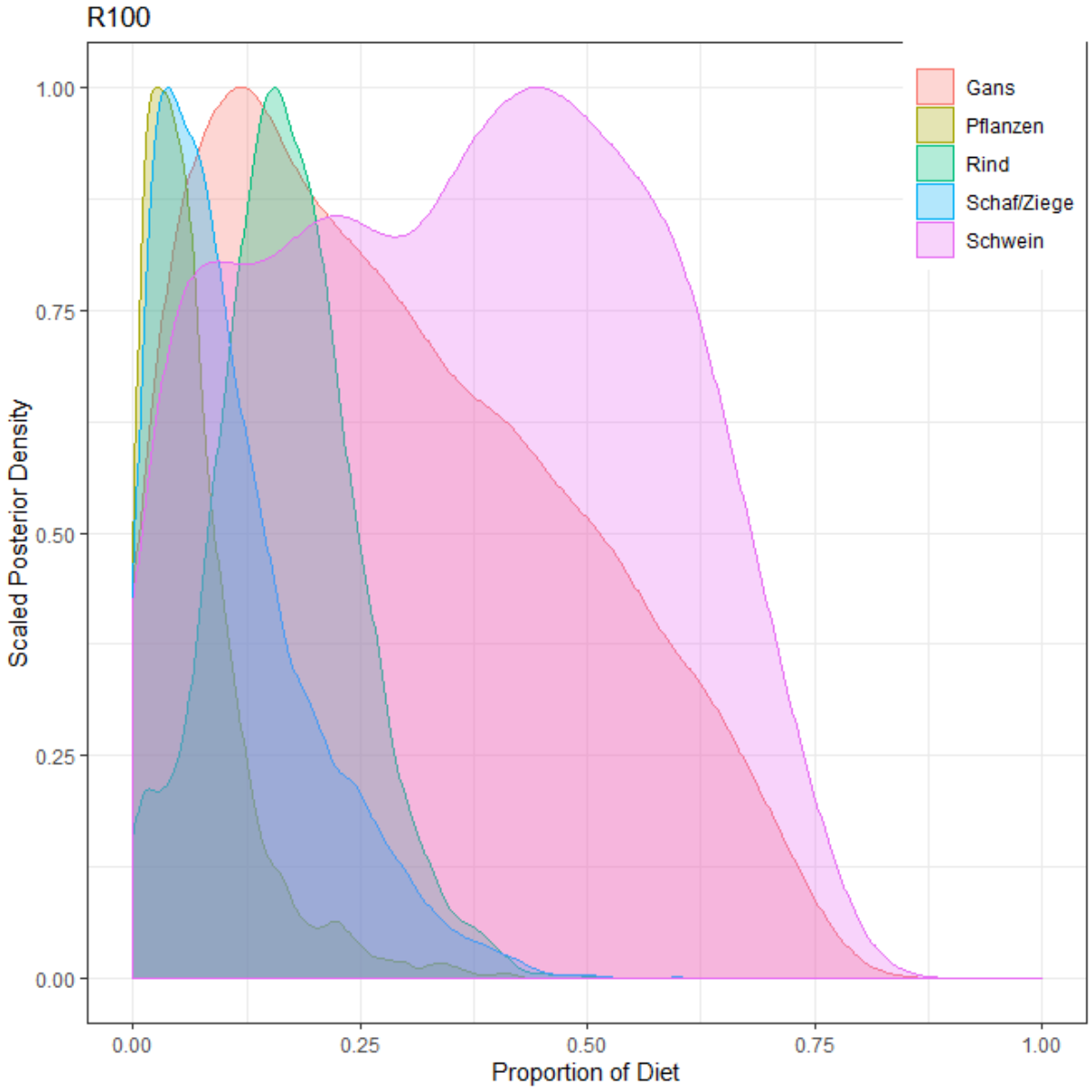


Abbildung 2200: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 100. Erstellt mit MixSIAR.

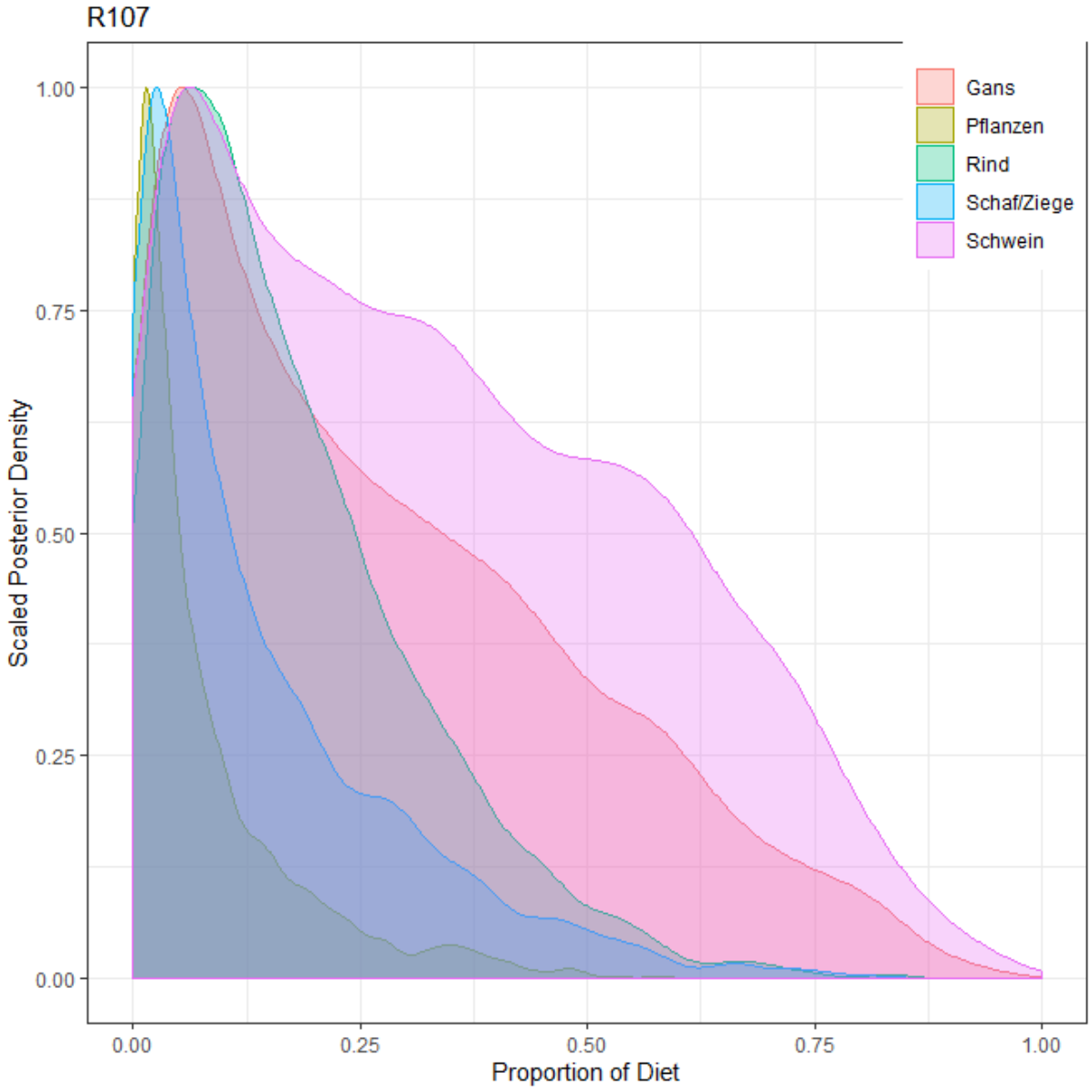


Abbildung 2201: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 107. Erstellt mit MixSIAR.

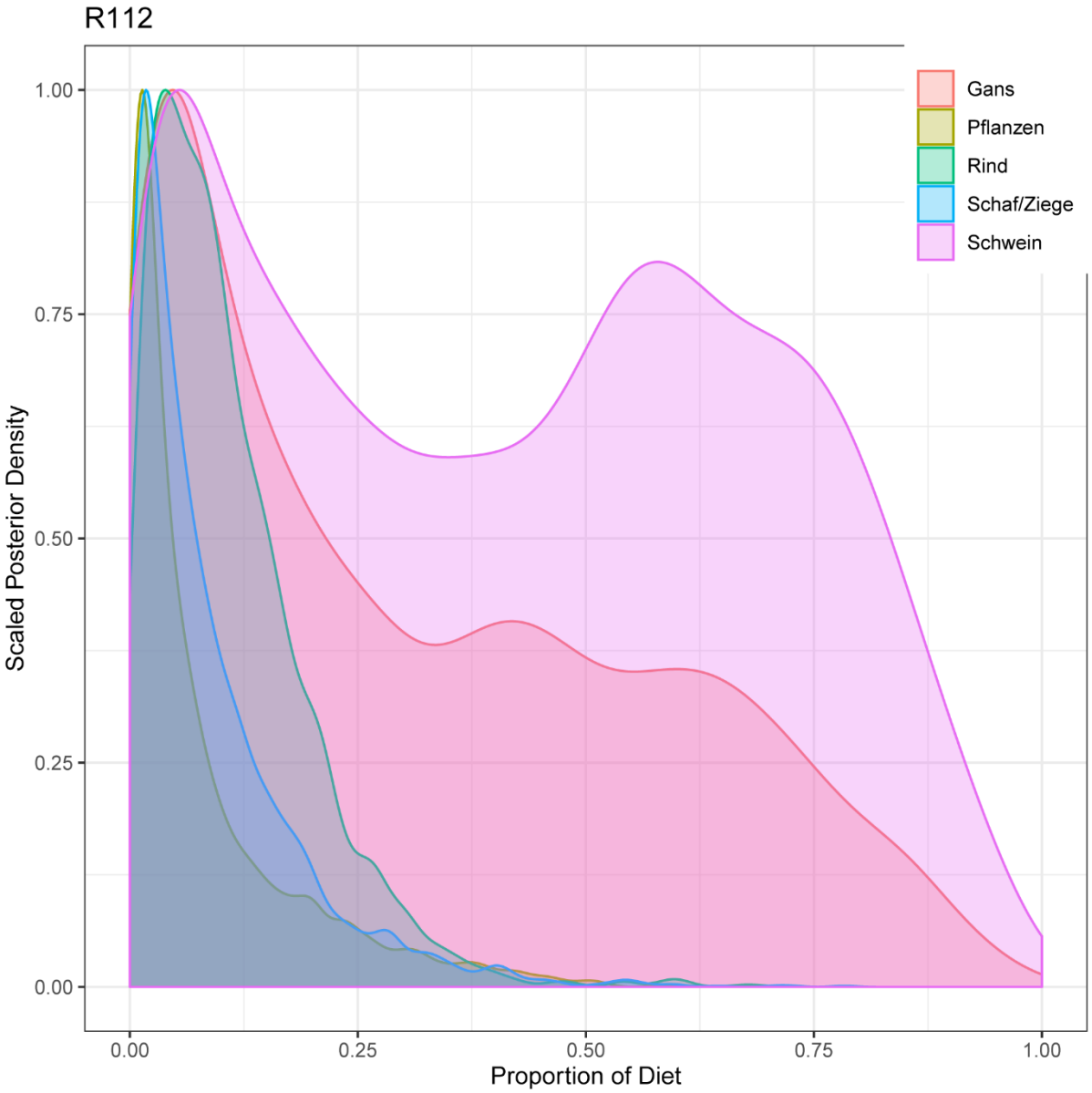


Abbildung 2202: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 112. Erstellt mit MixSIAR.

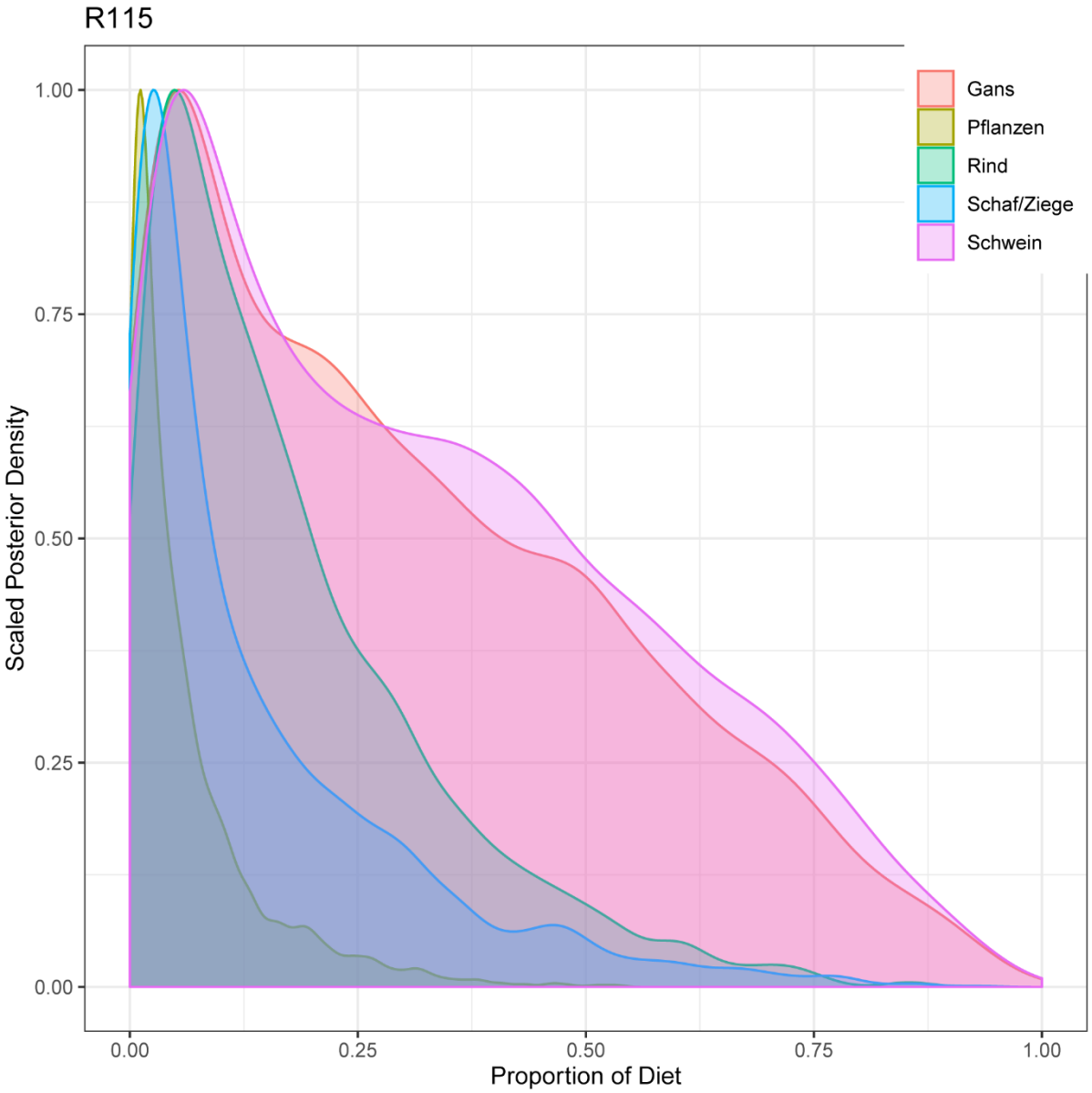


Abbildung 2203: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 115. Erstellt mit MixSIAR.

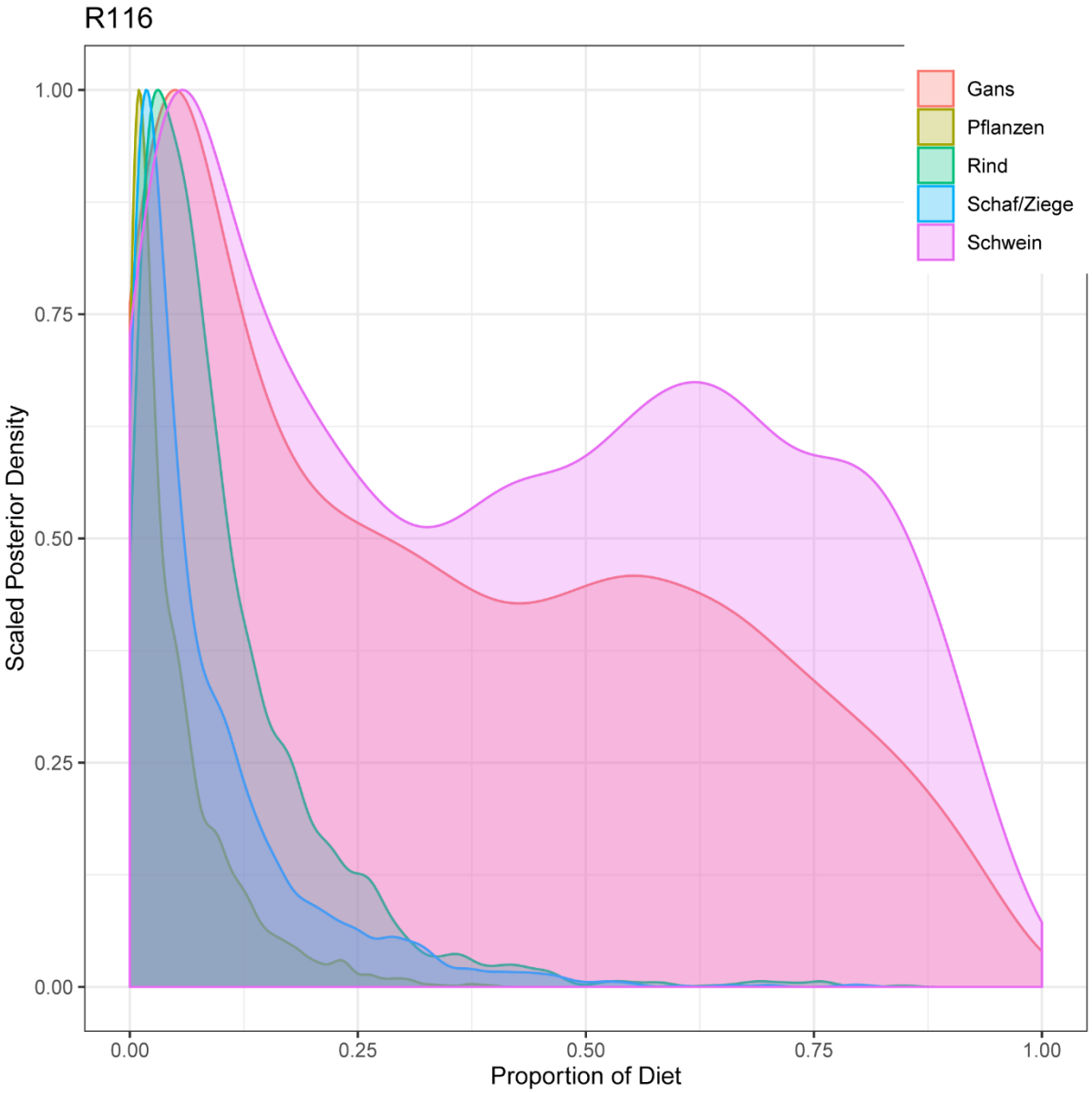


Abbildung 2204: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 116. Erstellt mit MixSIAR.

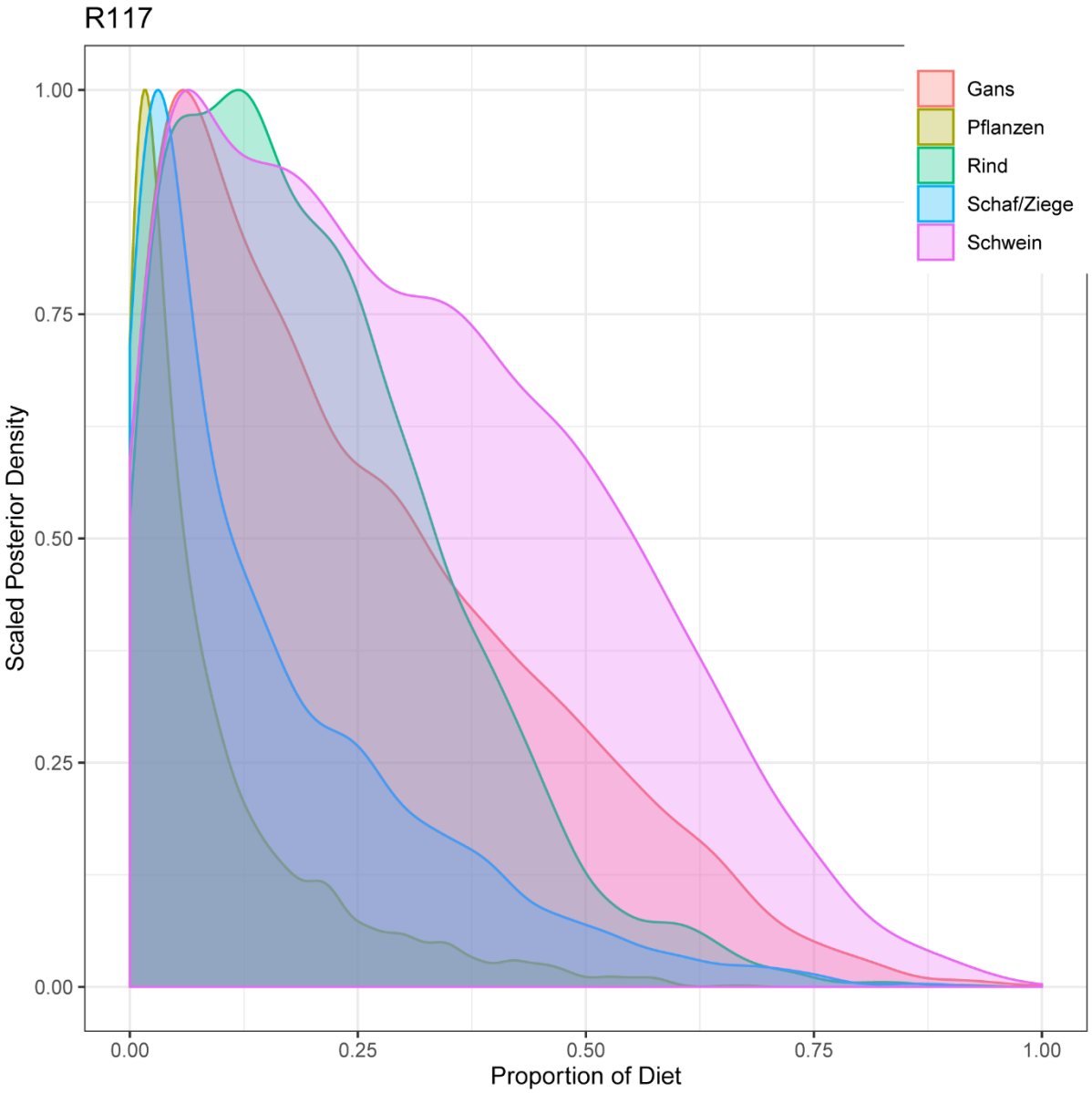


Abbildung 2205: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) .117 Erstellt mit MixSIAR.

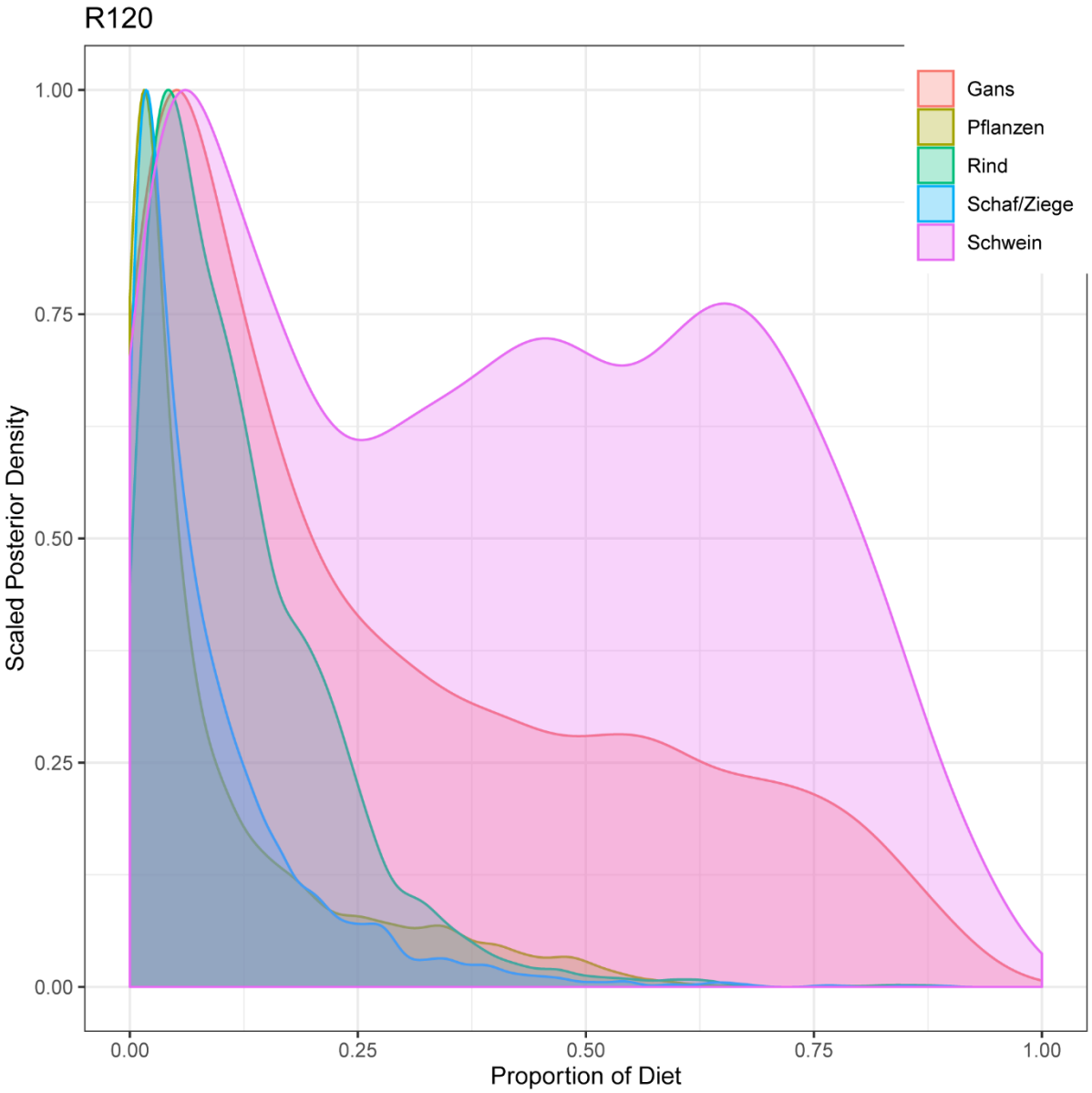


Abbildung 2206: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 120. Erstellt mit MixSIAR.

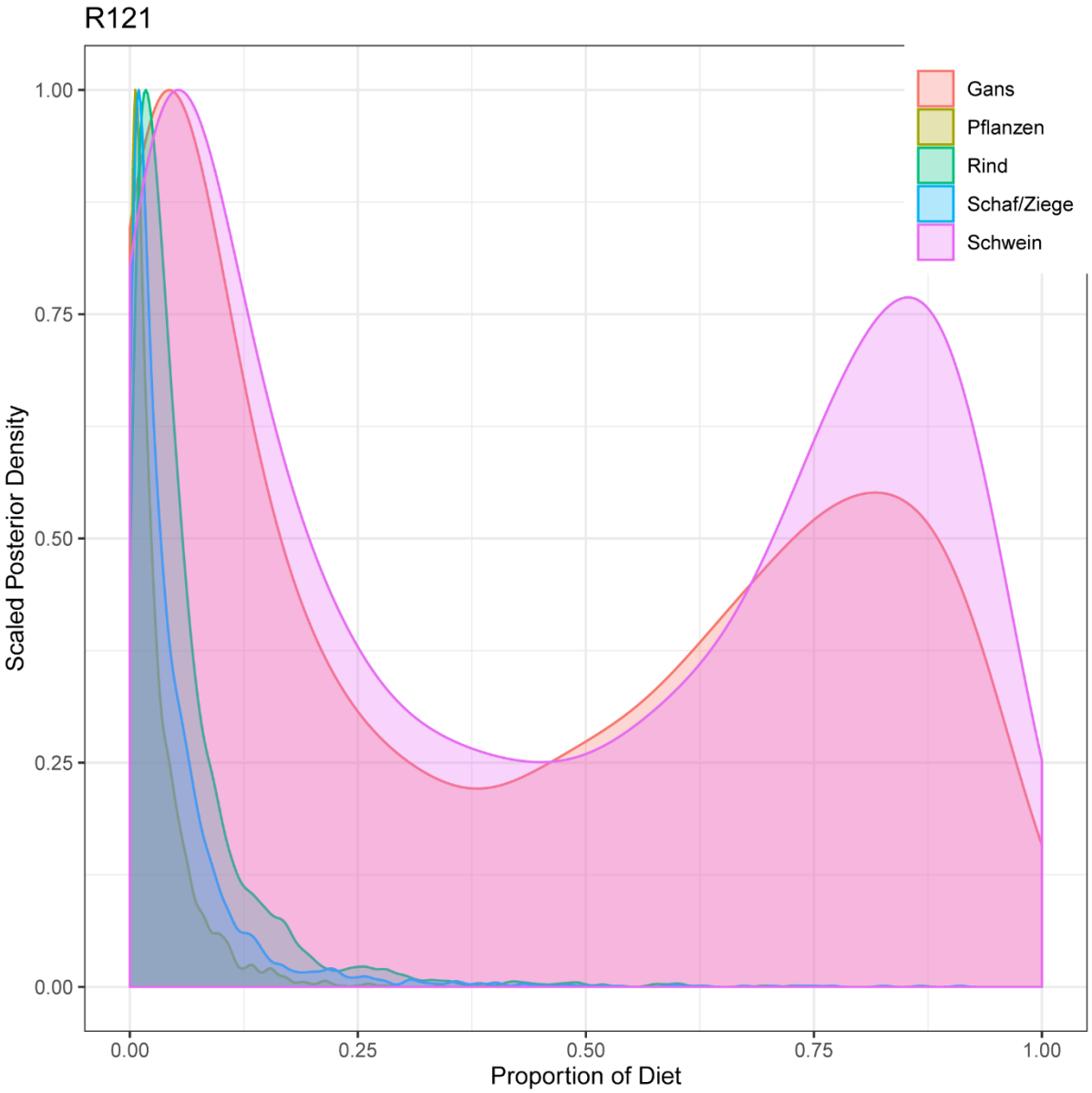


Abbildung 2207: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 121. Erstellt mit MixSIAR.

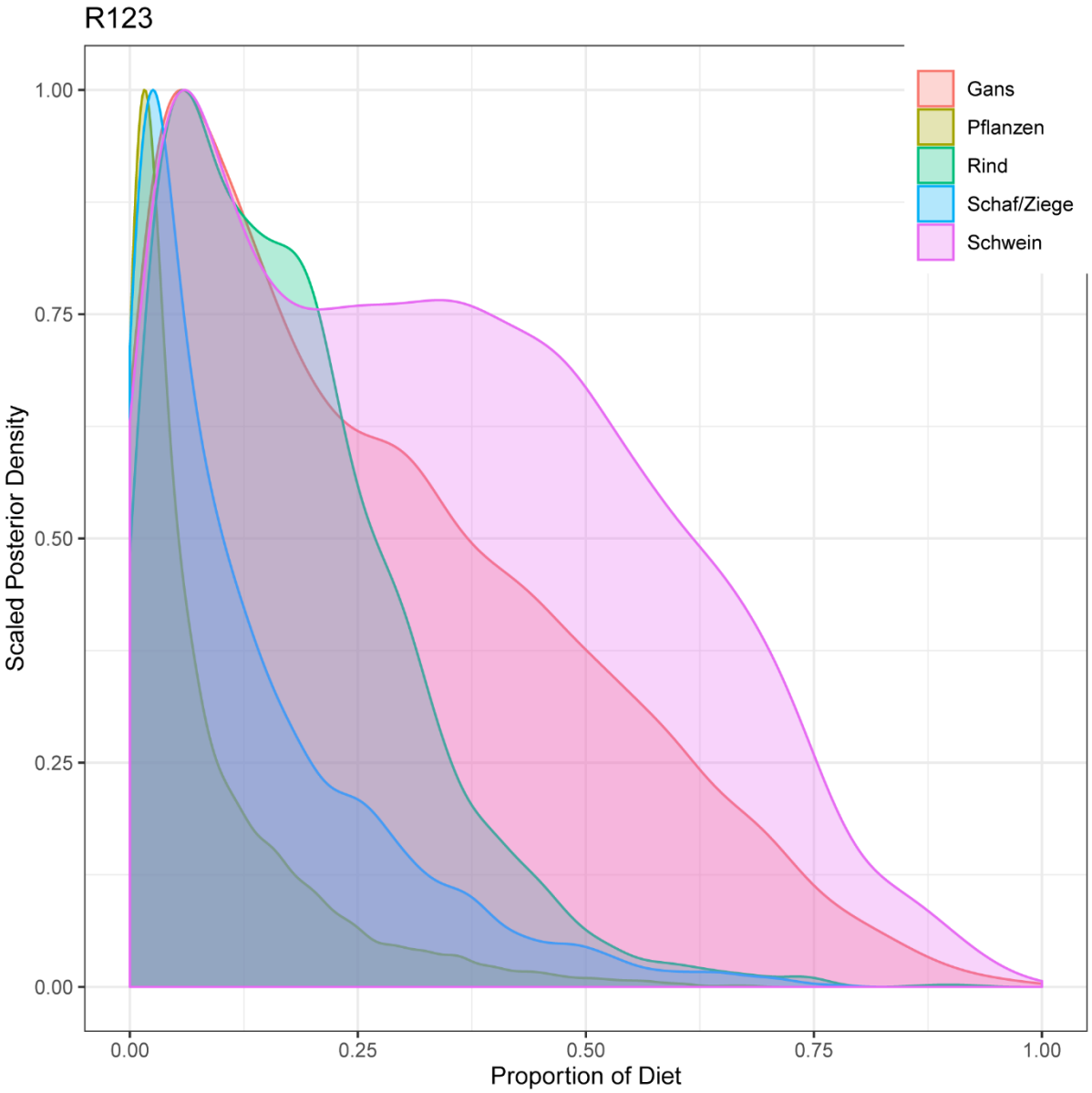


Abbildung 2208: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 123. Erstellt mit MixSIAR.

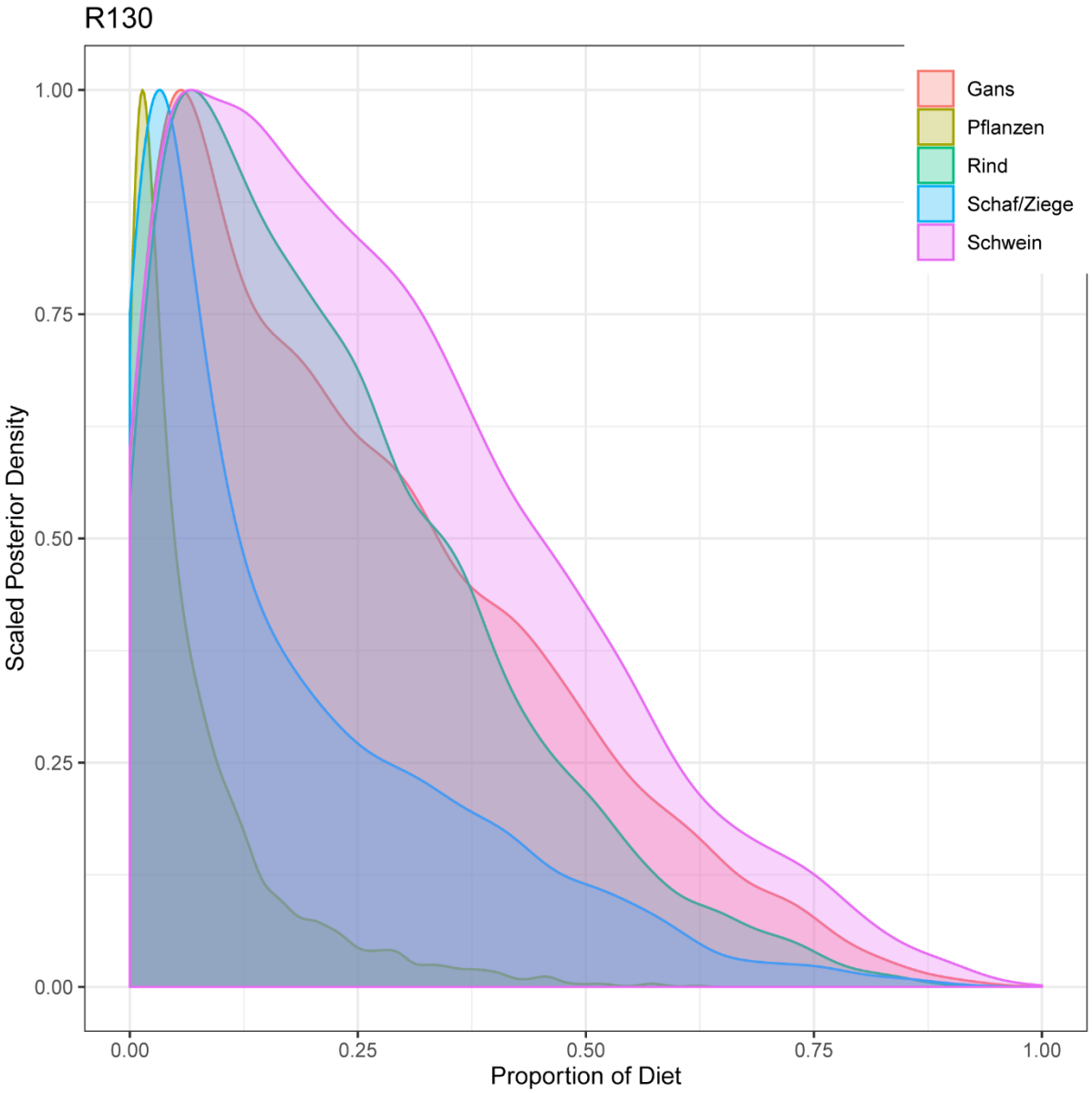


Abbildung 2209: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 130. Erstellt mit MixSIAR.

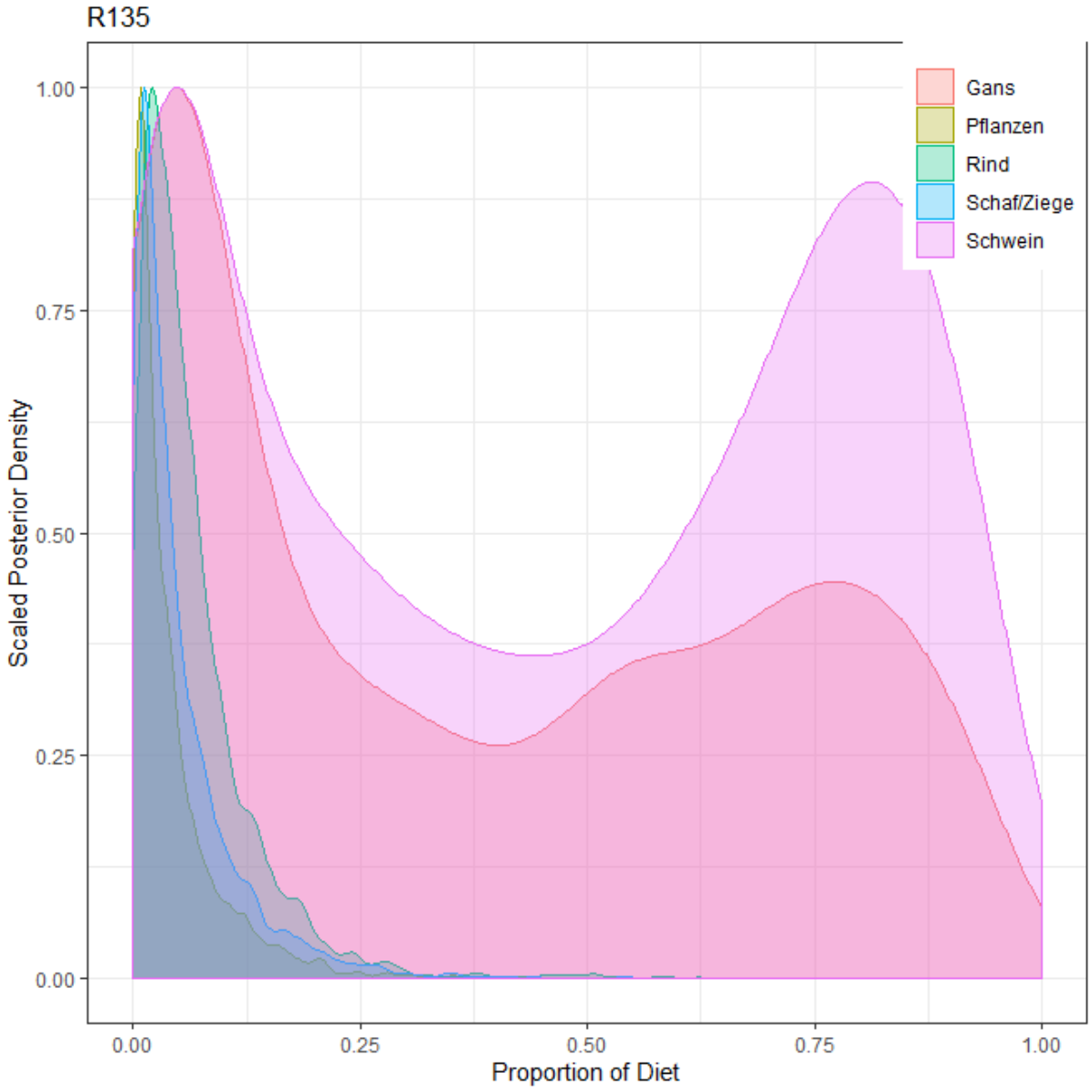


Abbildung 2210: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 135. Erstellt mit MixSIAR.

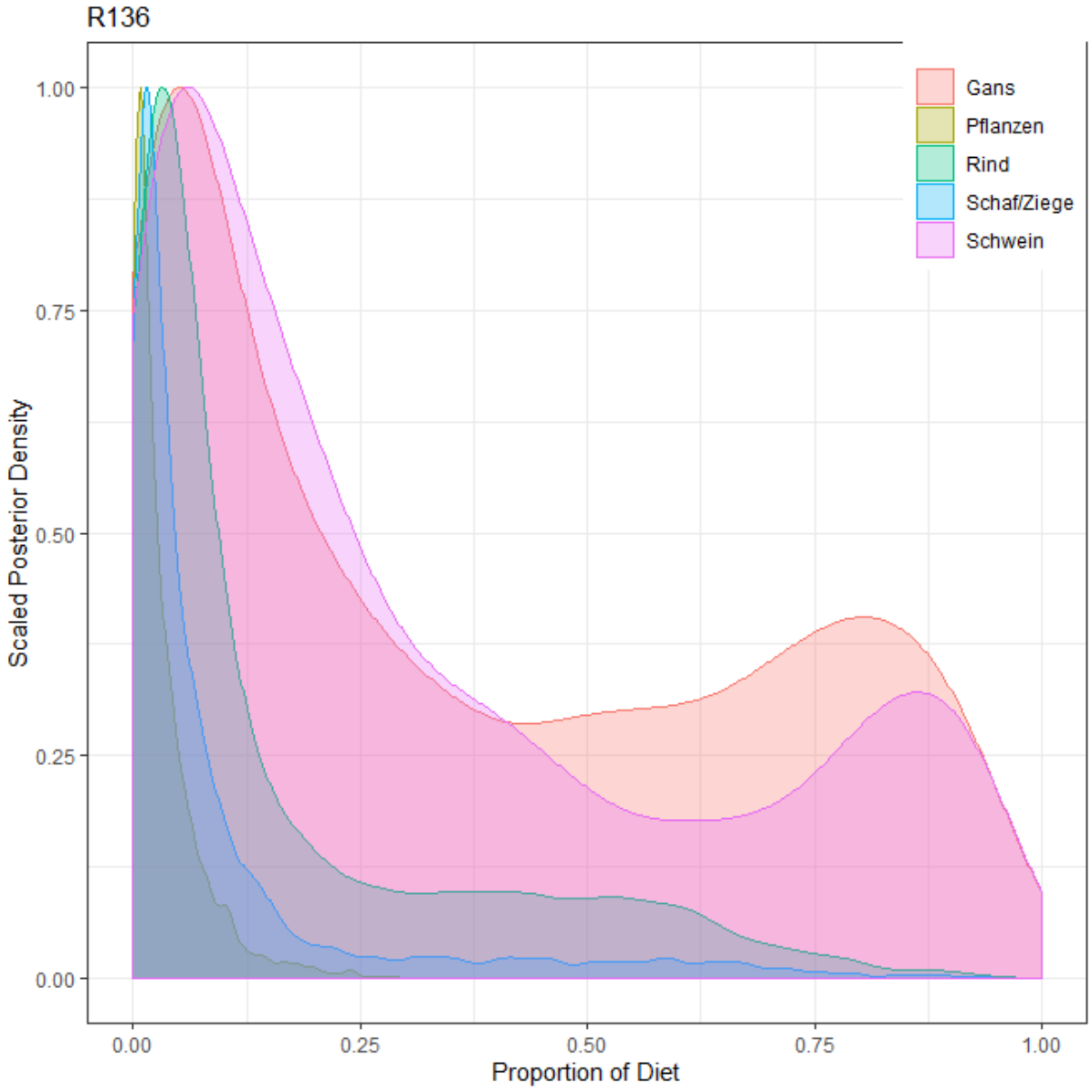


Abbildung 2211: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 136. Erstellt mit MixSIAR.

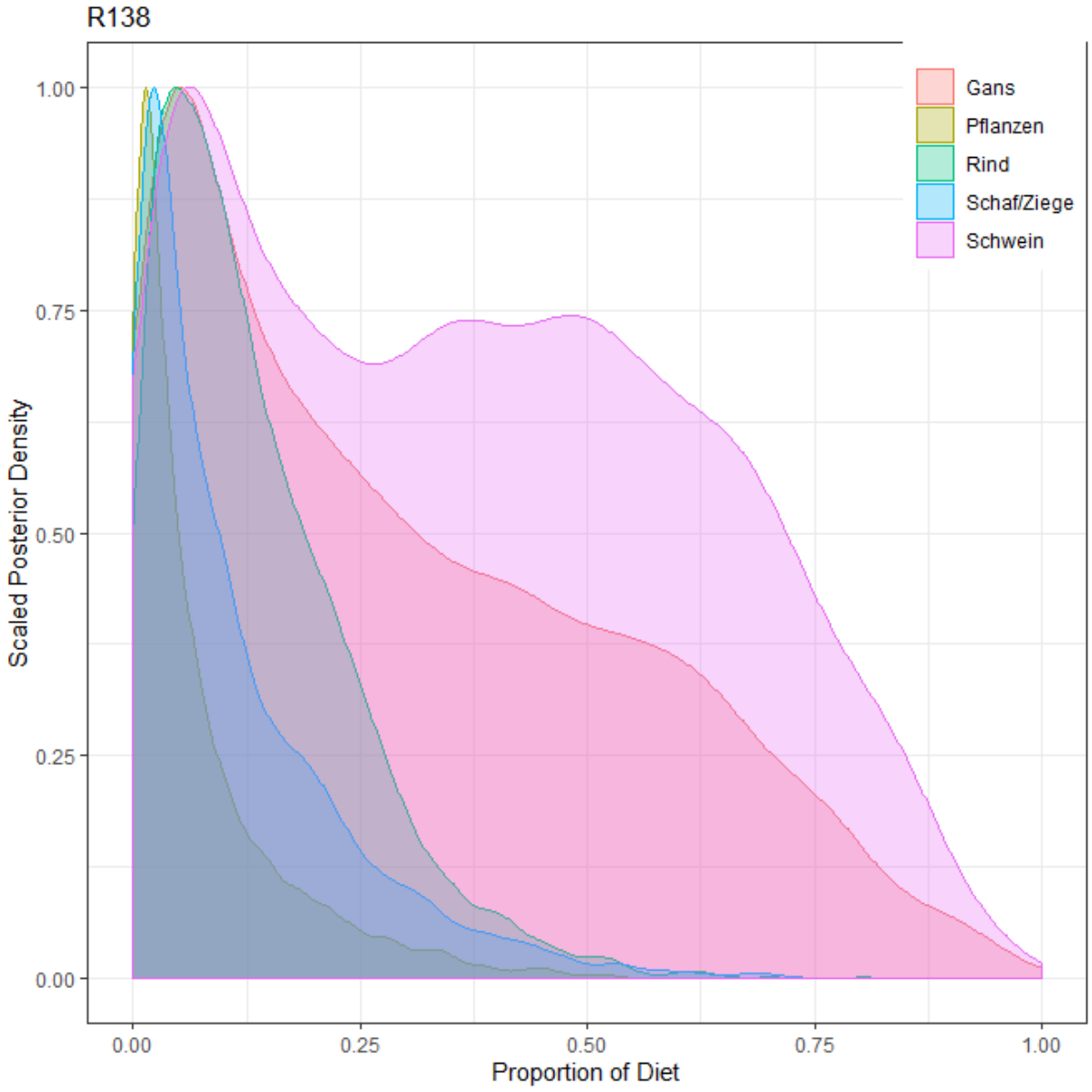


Abbildung 2212: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 138. Erstellt mit MixSIAR.

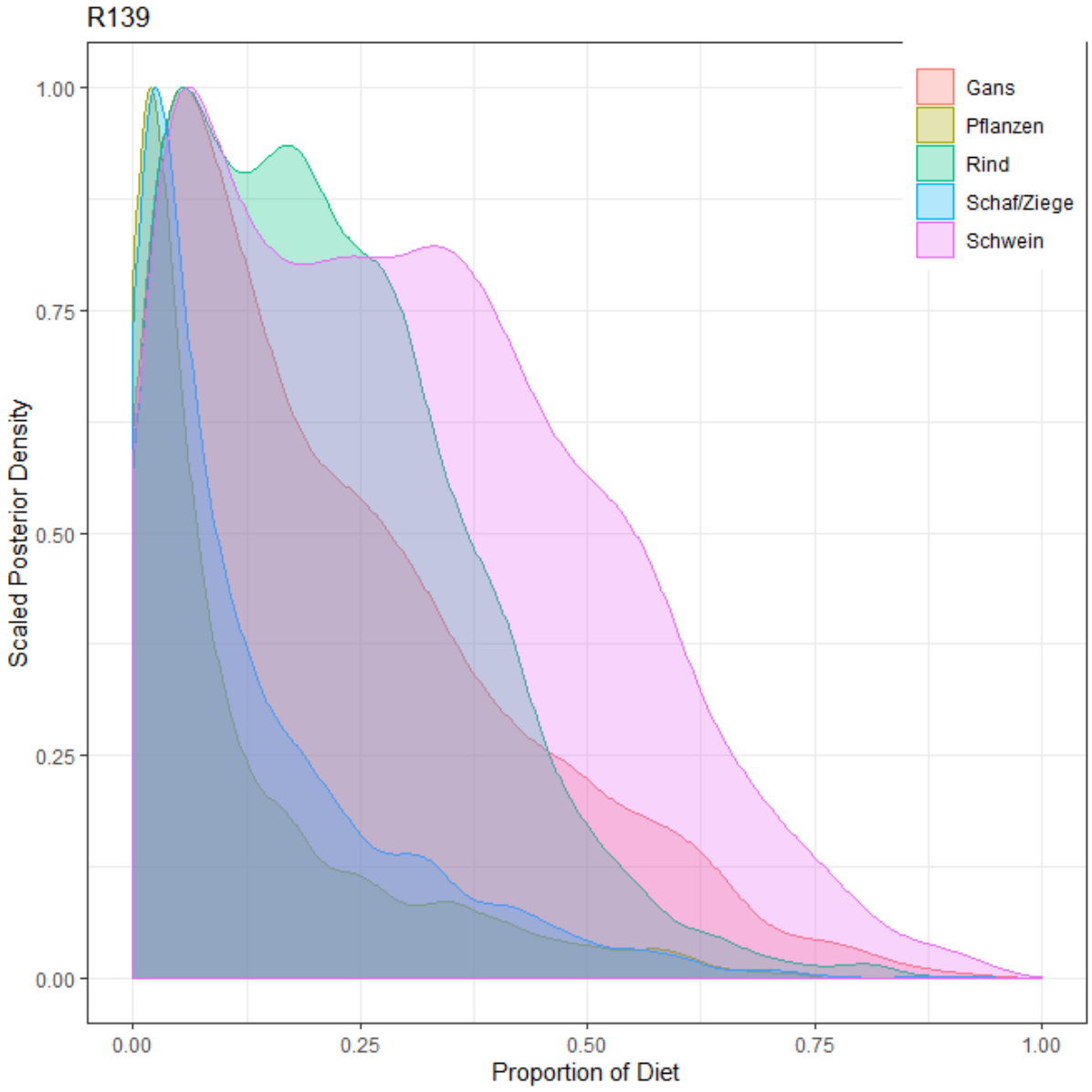


Abbildung 2213: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 139. Erstellt mit MixSIAR.

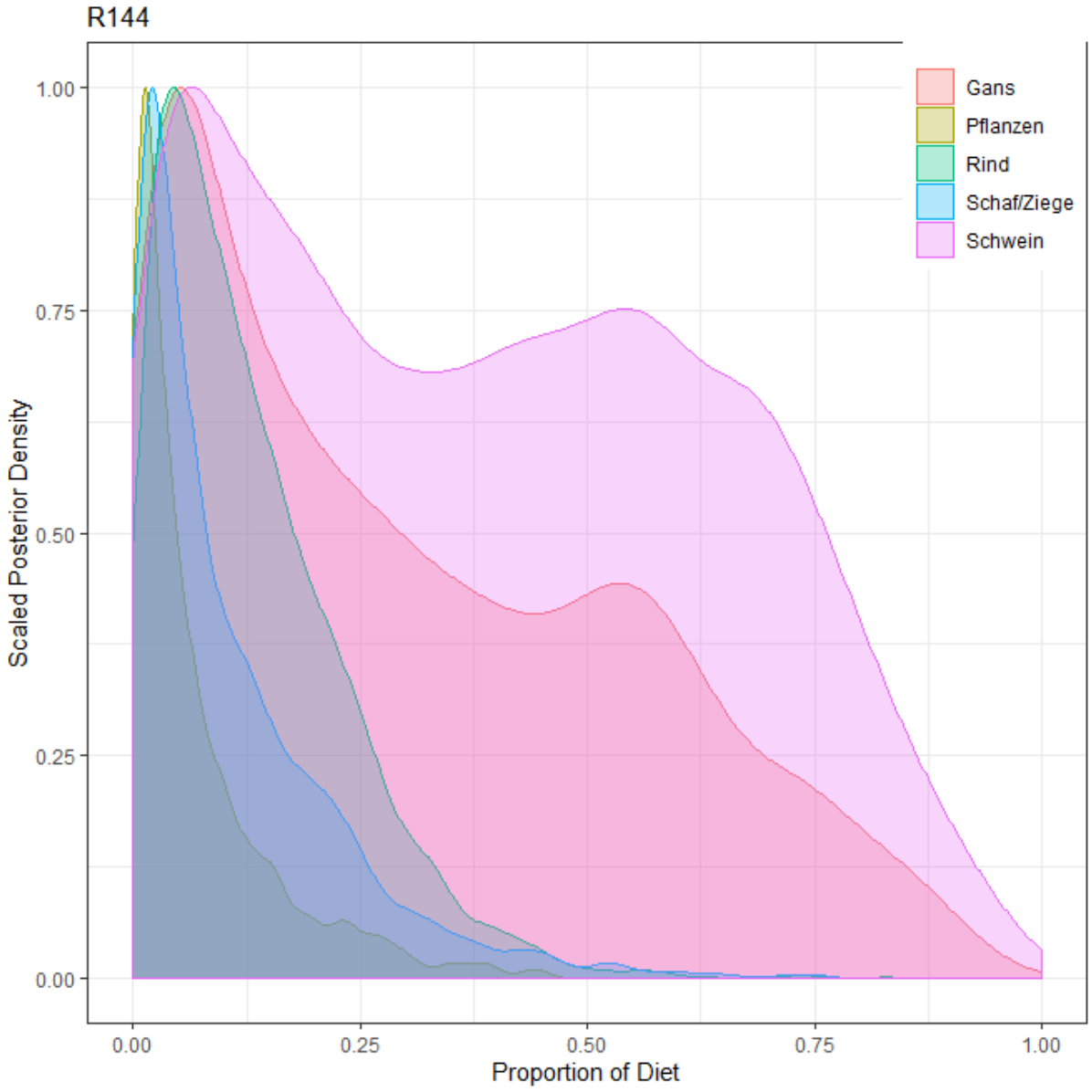


Abbildung 2214: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 144. Erstellt mit MixSIAR.

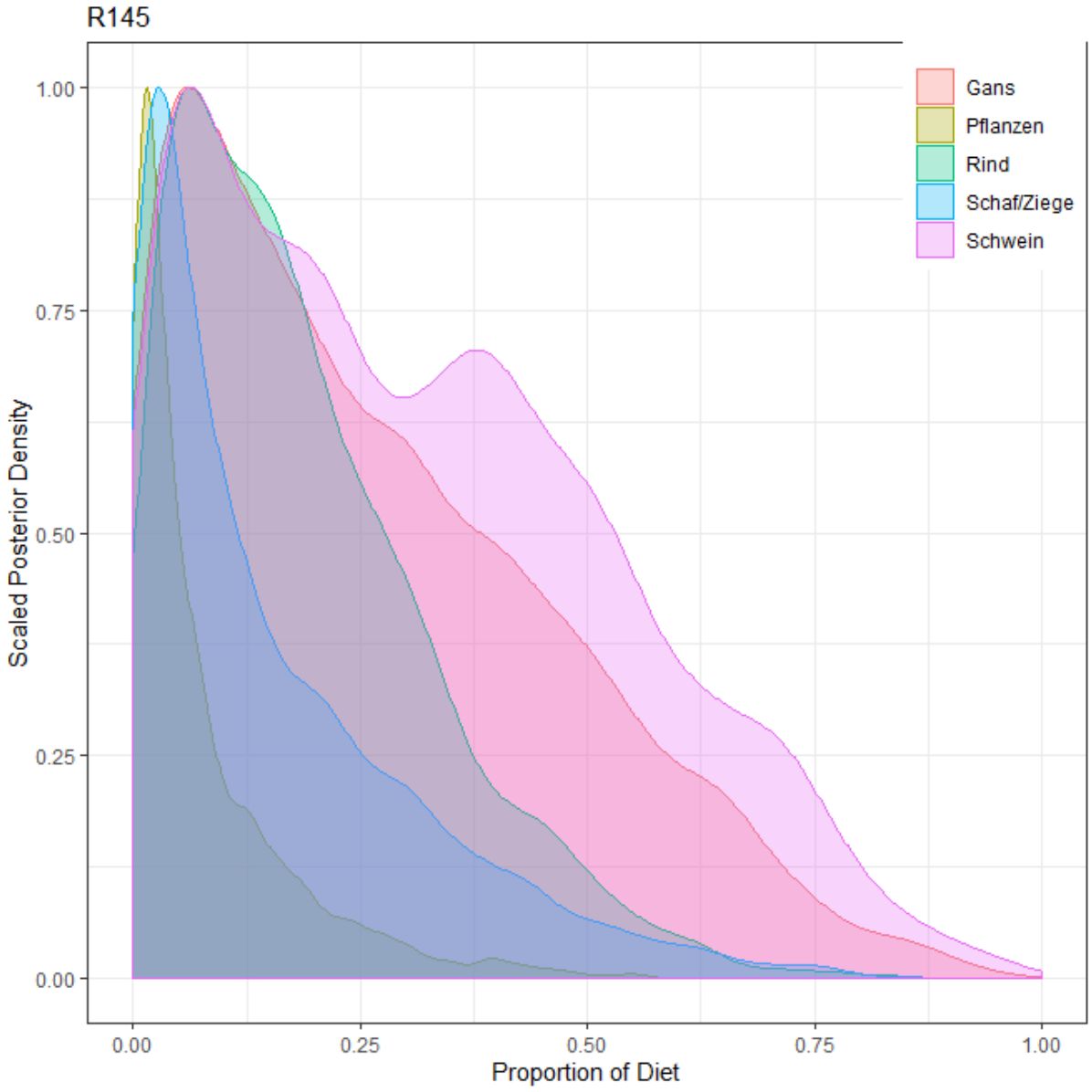


Abbildung 2215: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 145. Erstellt mit MixSIAR.

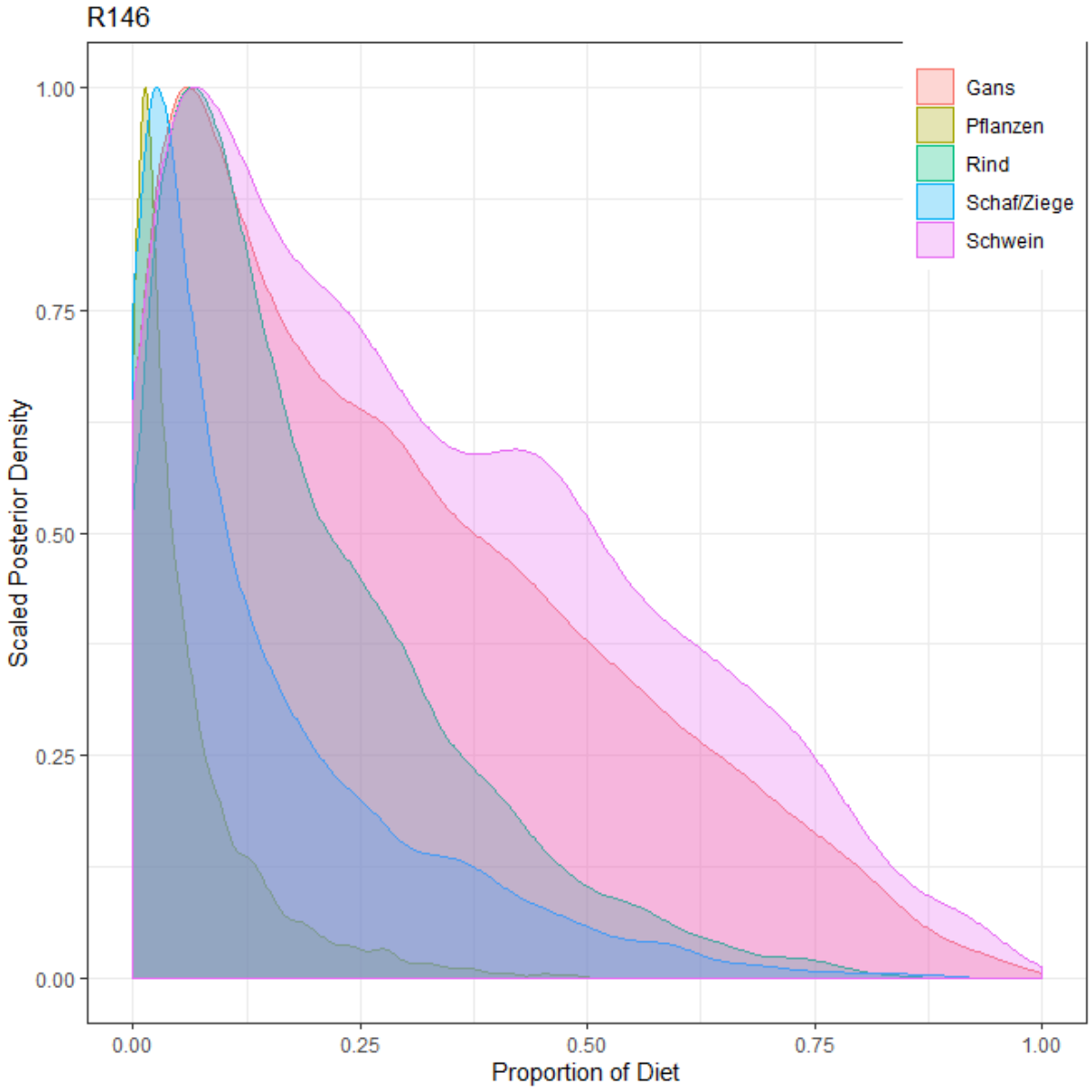


Abbildung 2216: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 146. Erstellt mit MixSIAR.

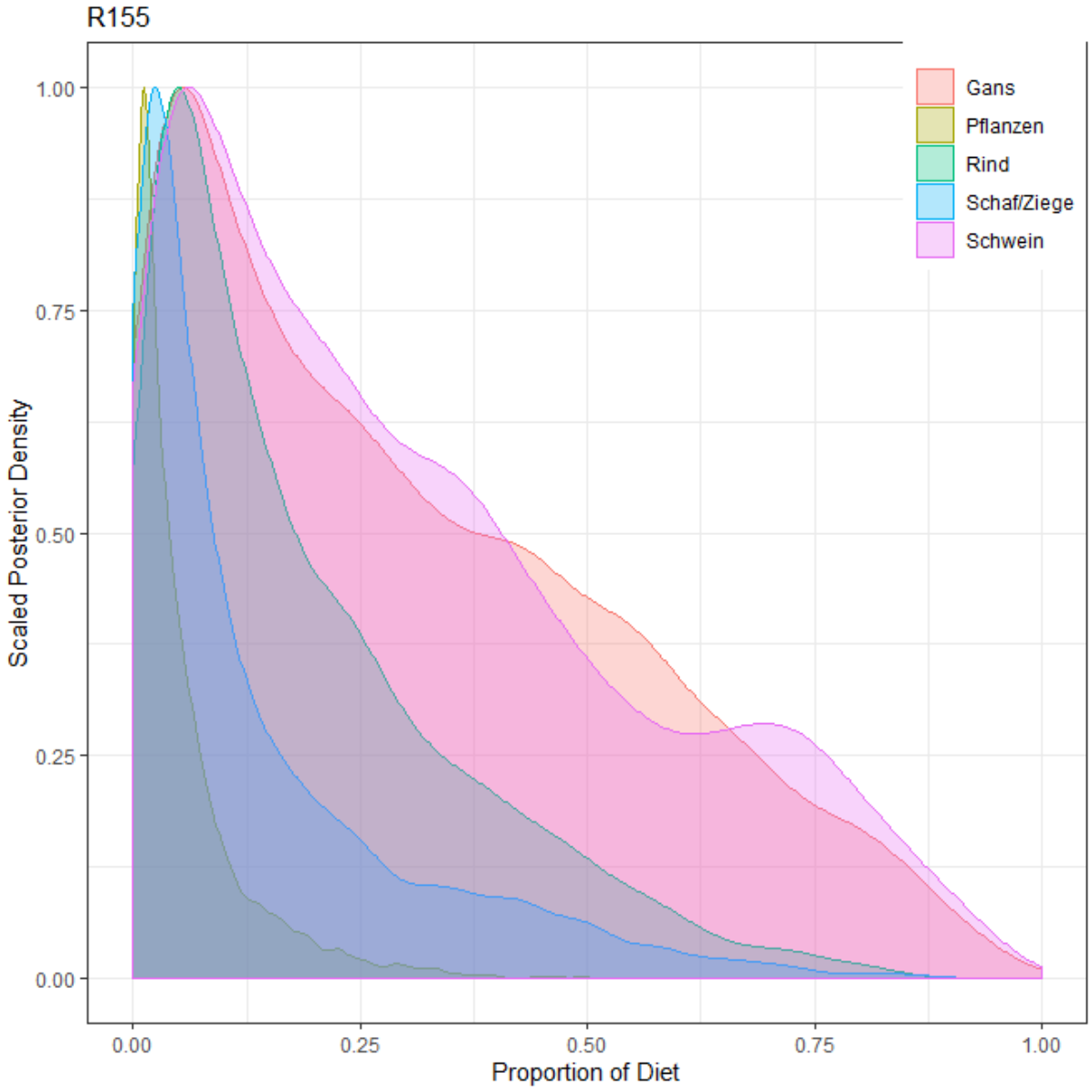


Abbildung 2217: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 155. Erstellt mit MixSIAR.

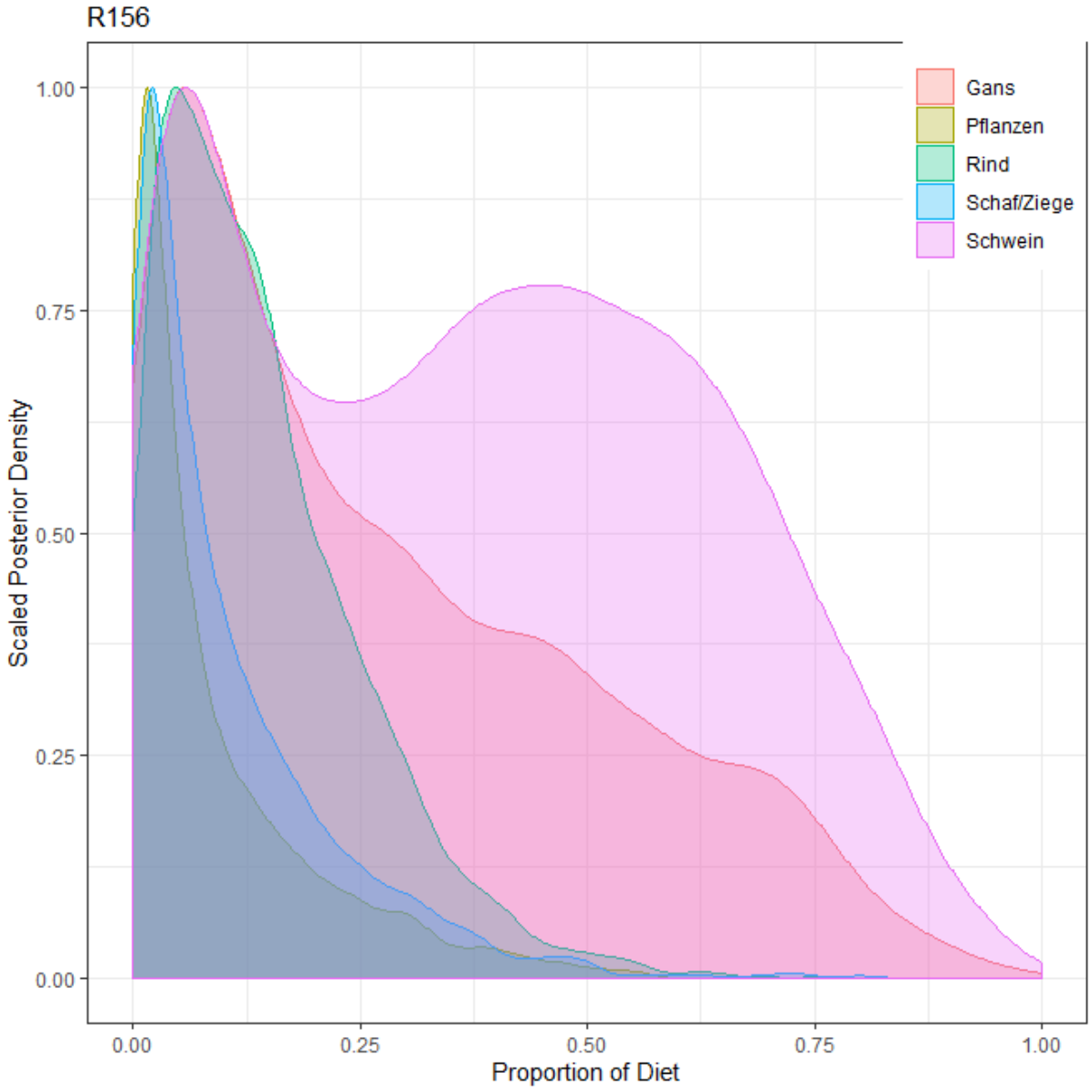


Abbildung 2218: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit MixSIAR.

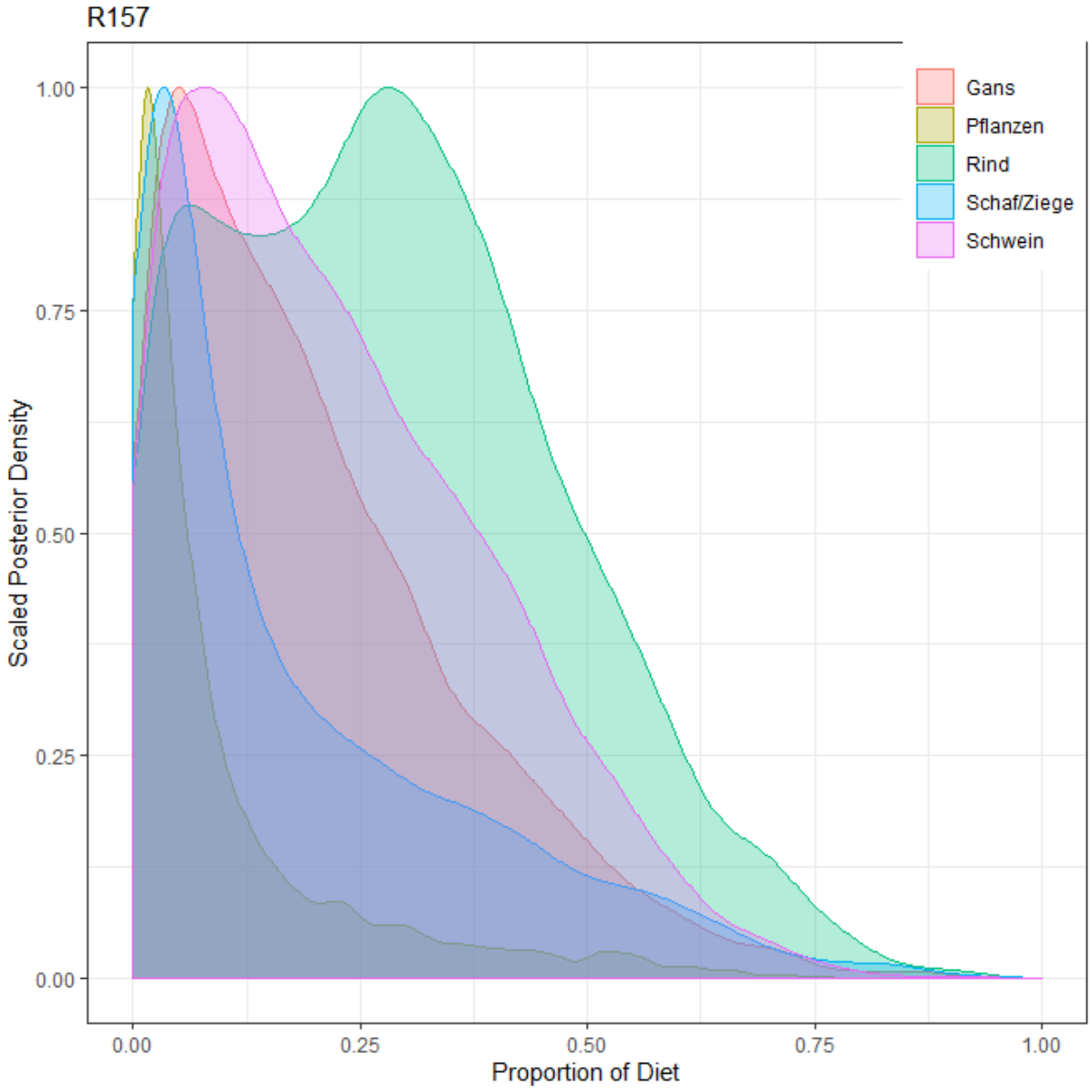


Abbildung 2219: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 157. Erstellt mit MixSIAR.

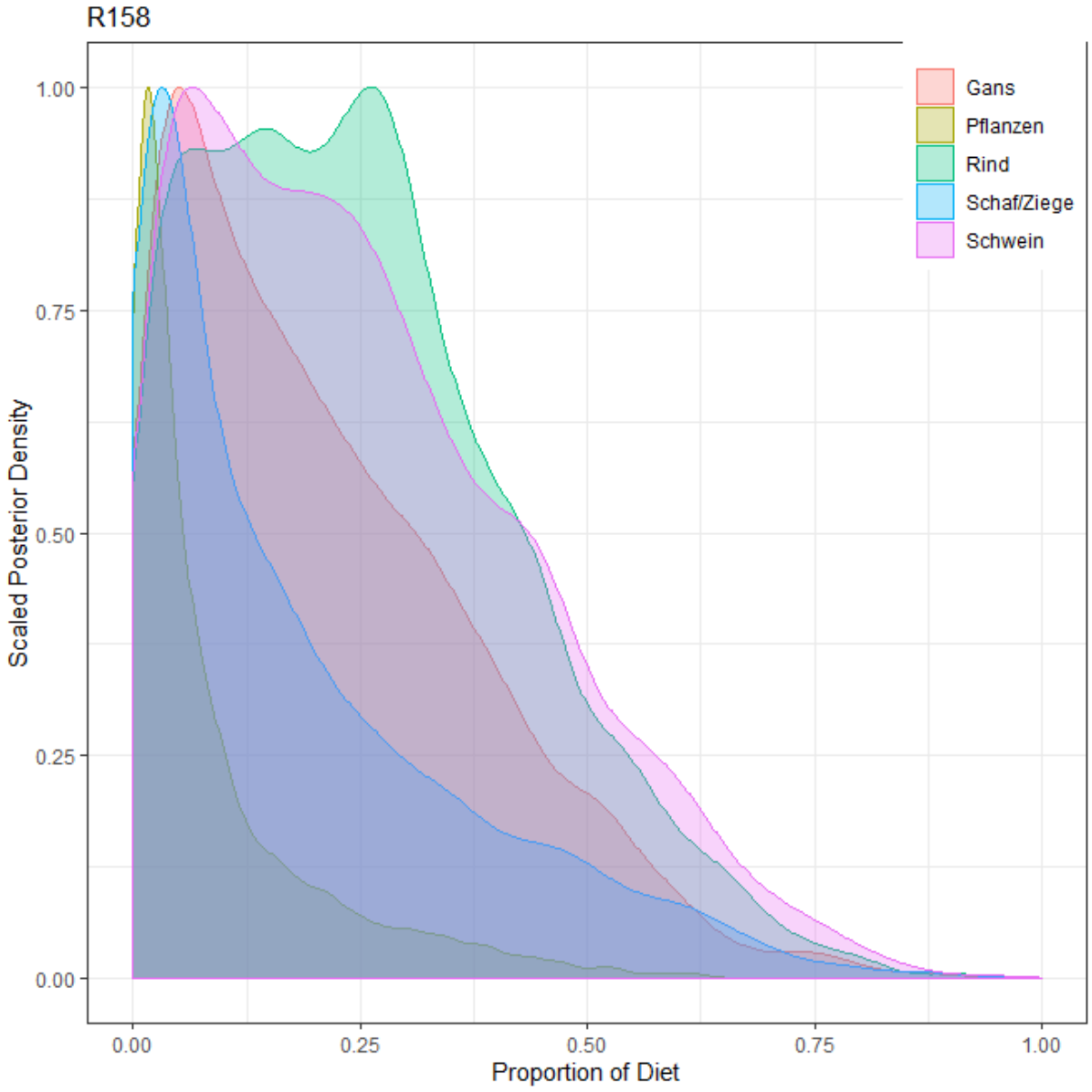


Abbildung 2220: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 158. Erstellt mit MixSIAR.

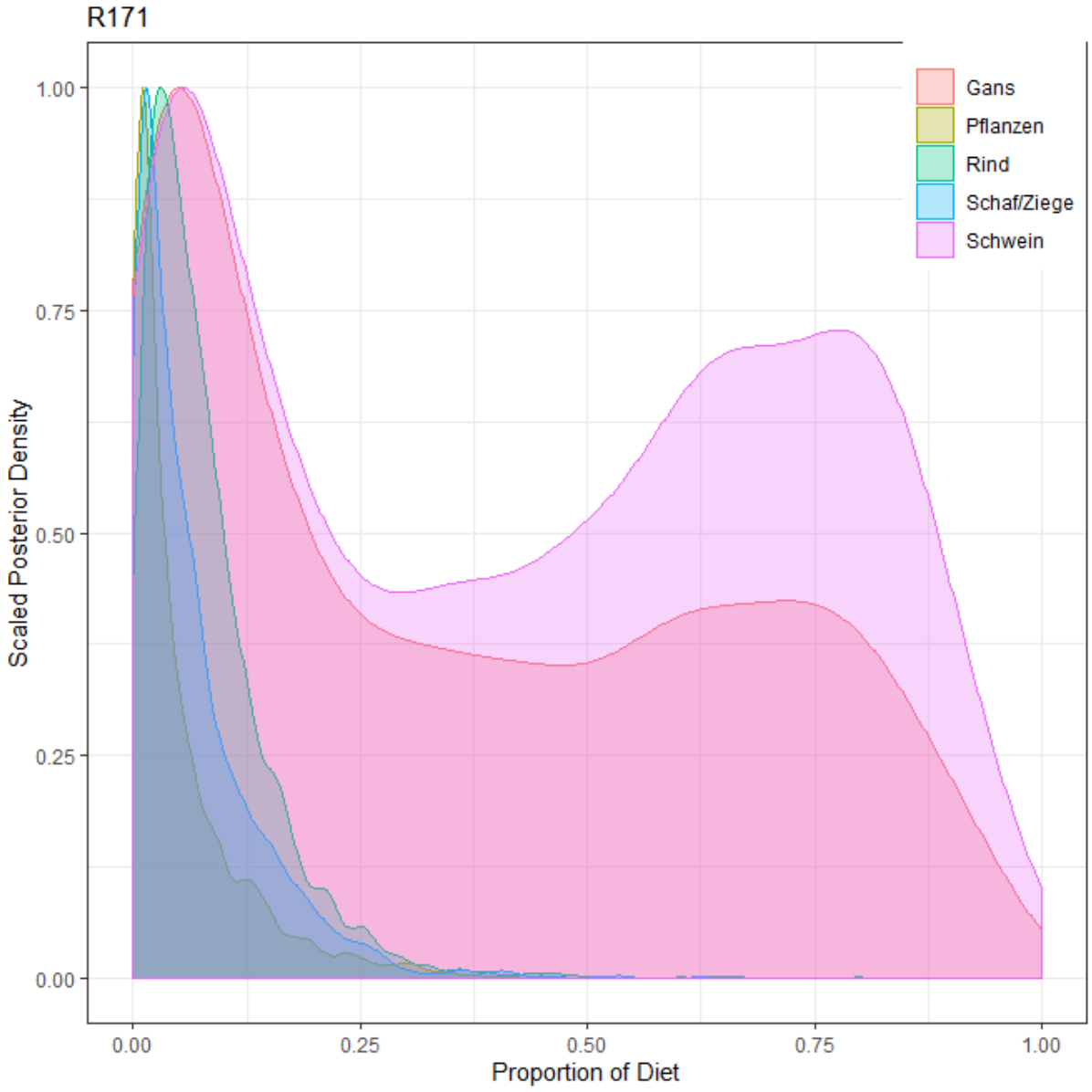


Abbildung 2221: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 171. Erstellt mit MixSIAR.

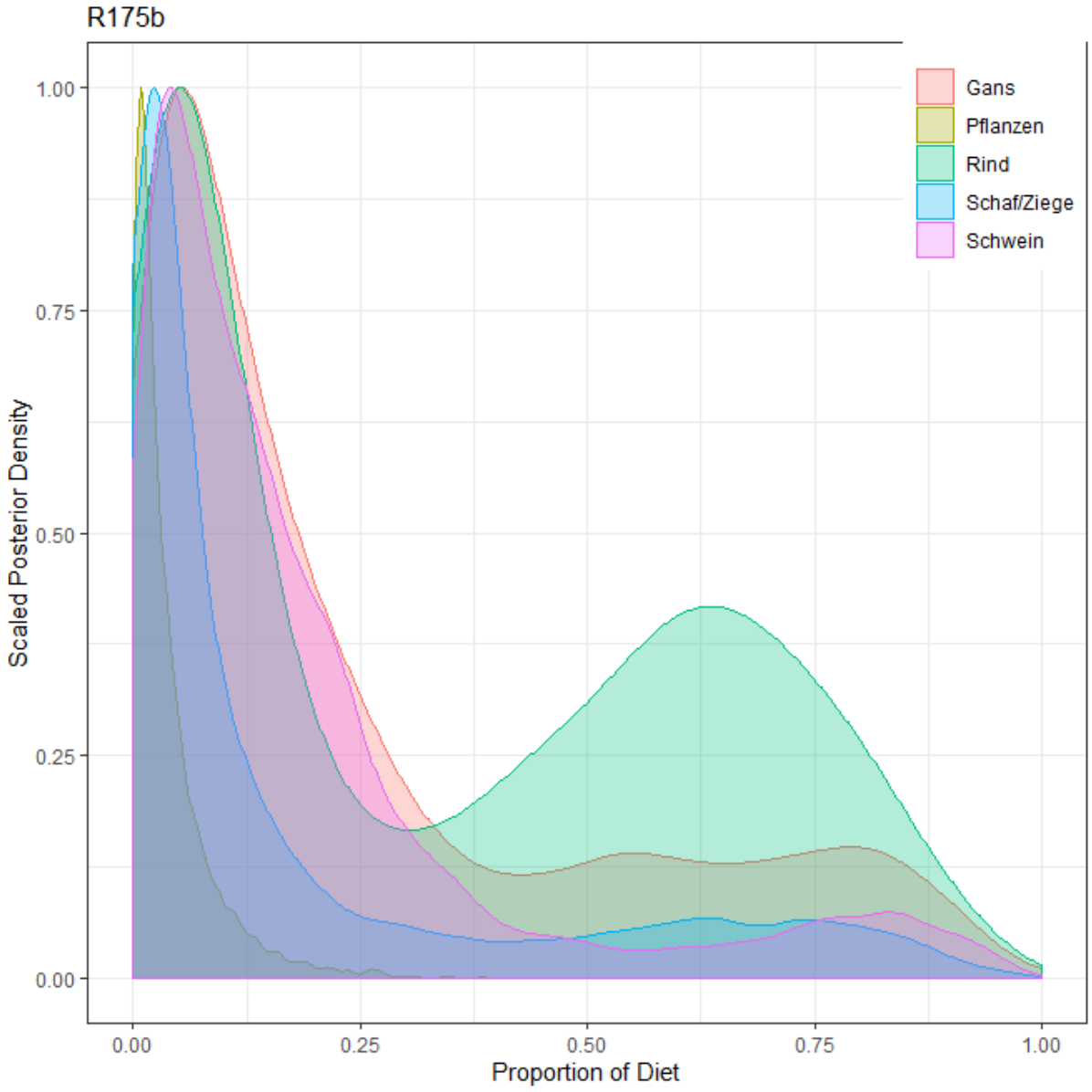


Abbildung 2222: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 175b. Erstellt mit MixSIAR.

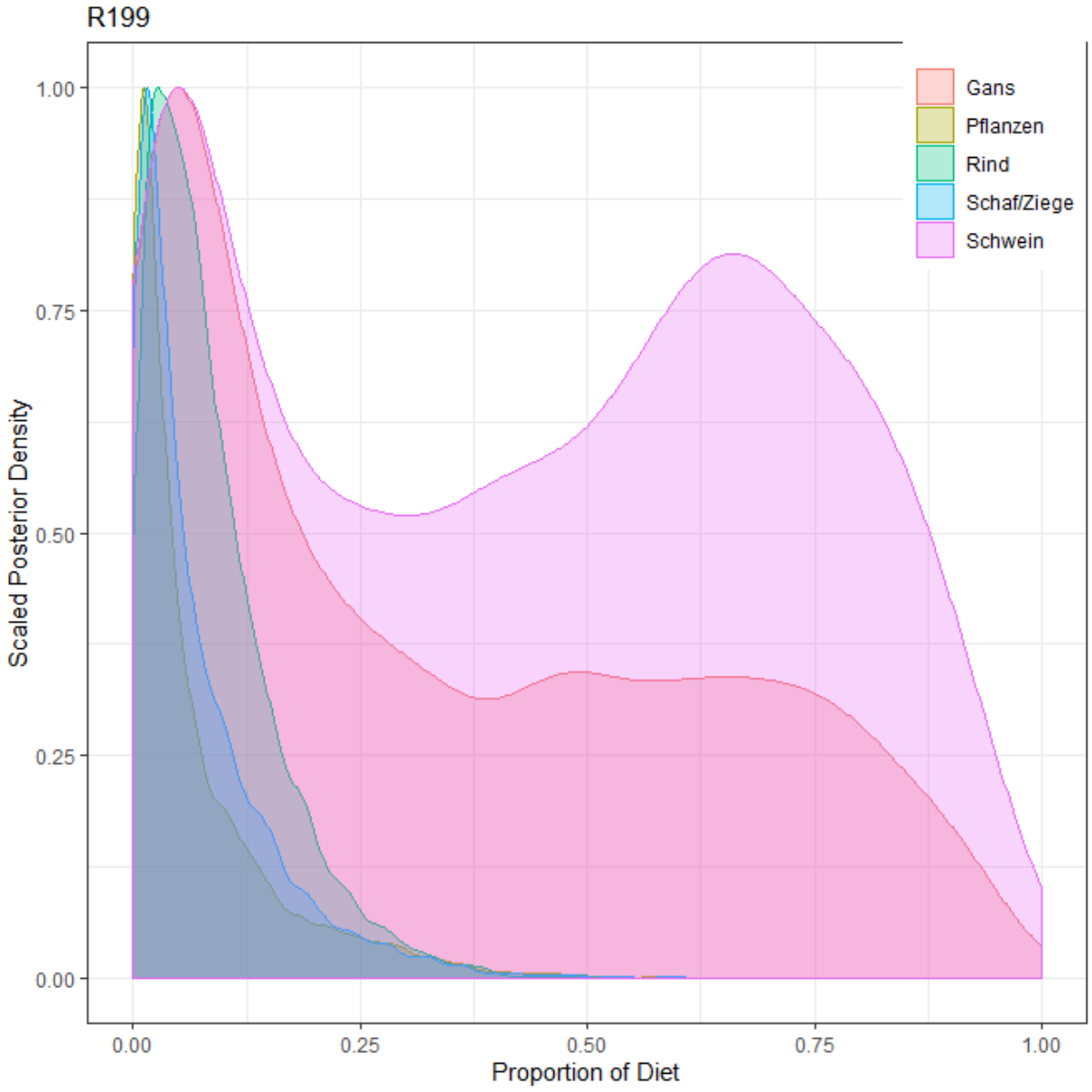


Abbildung 2223: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 199. Erstellt mit MixSIAR.

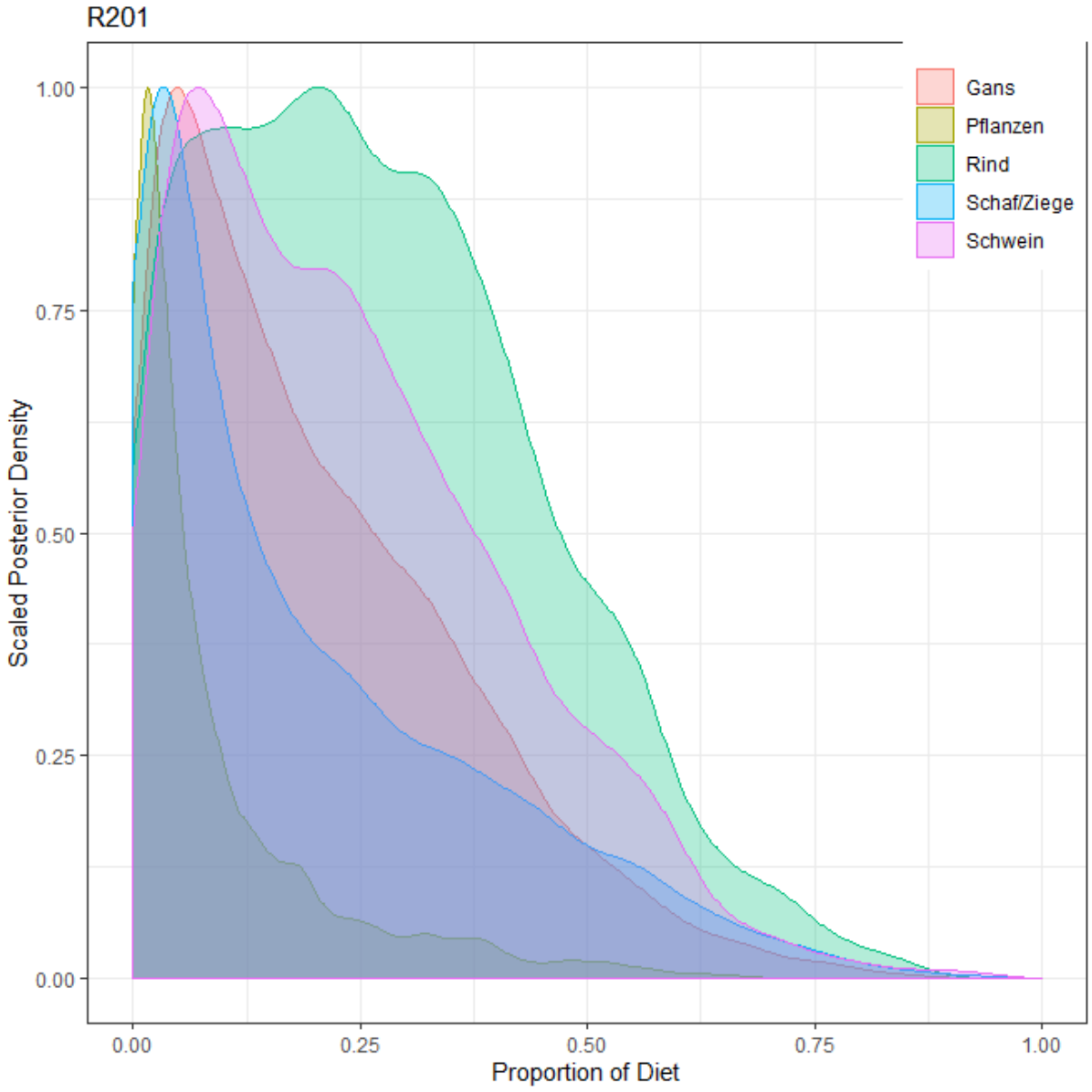


Abbildung 2224: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 201. Erstellt mit MixSIAR.

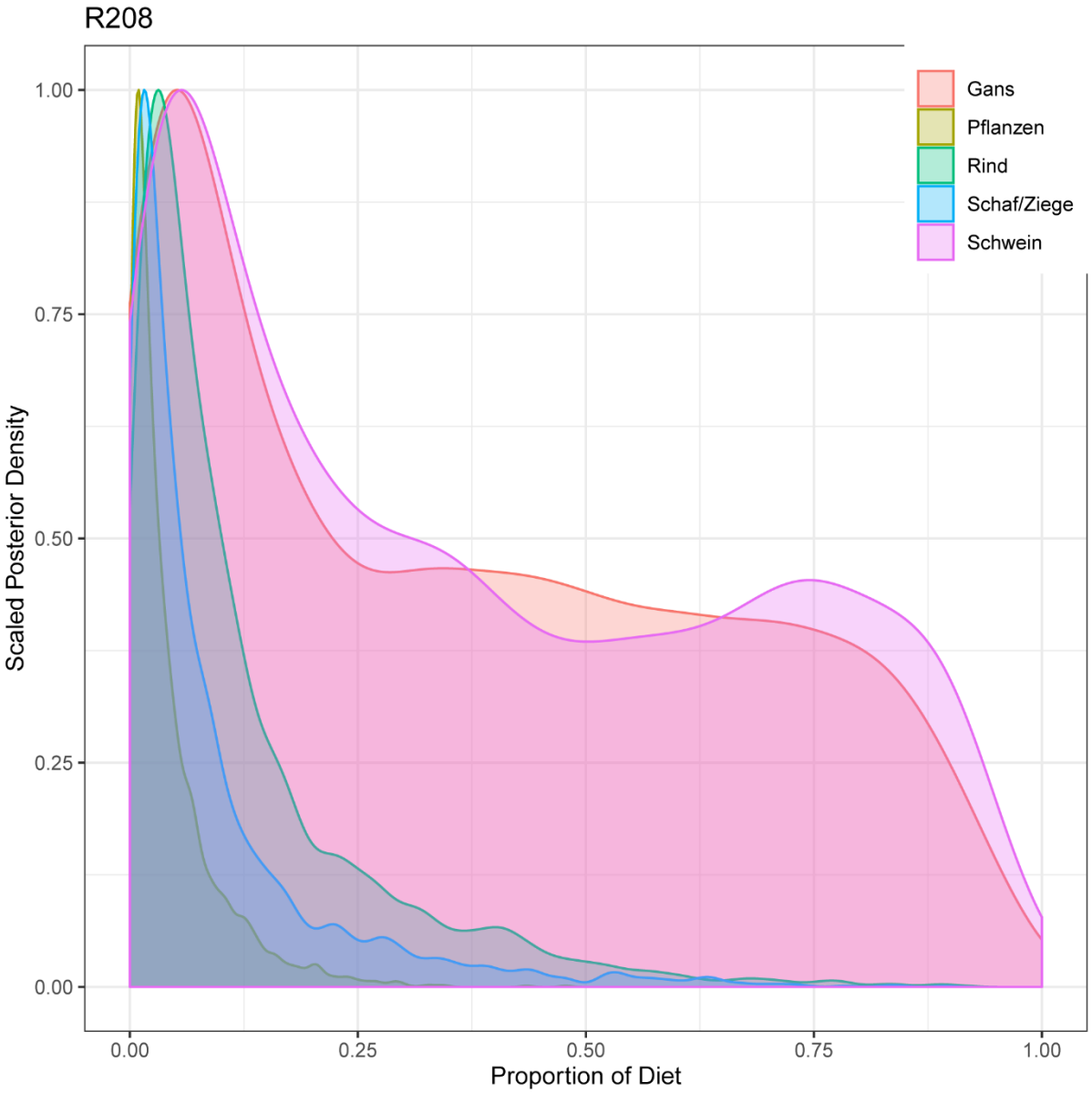


Abbildung 2225: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 208. Erstellt mit MixSIAR.

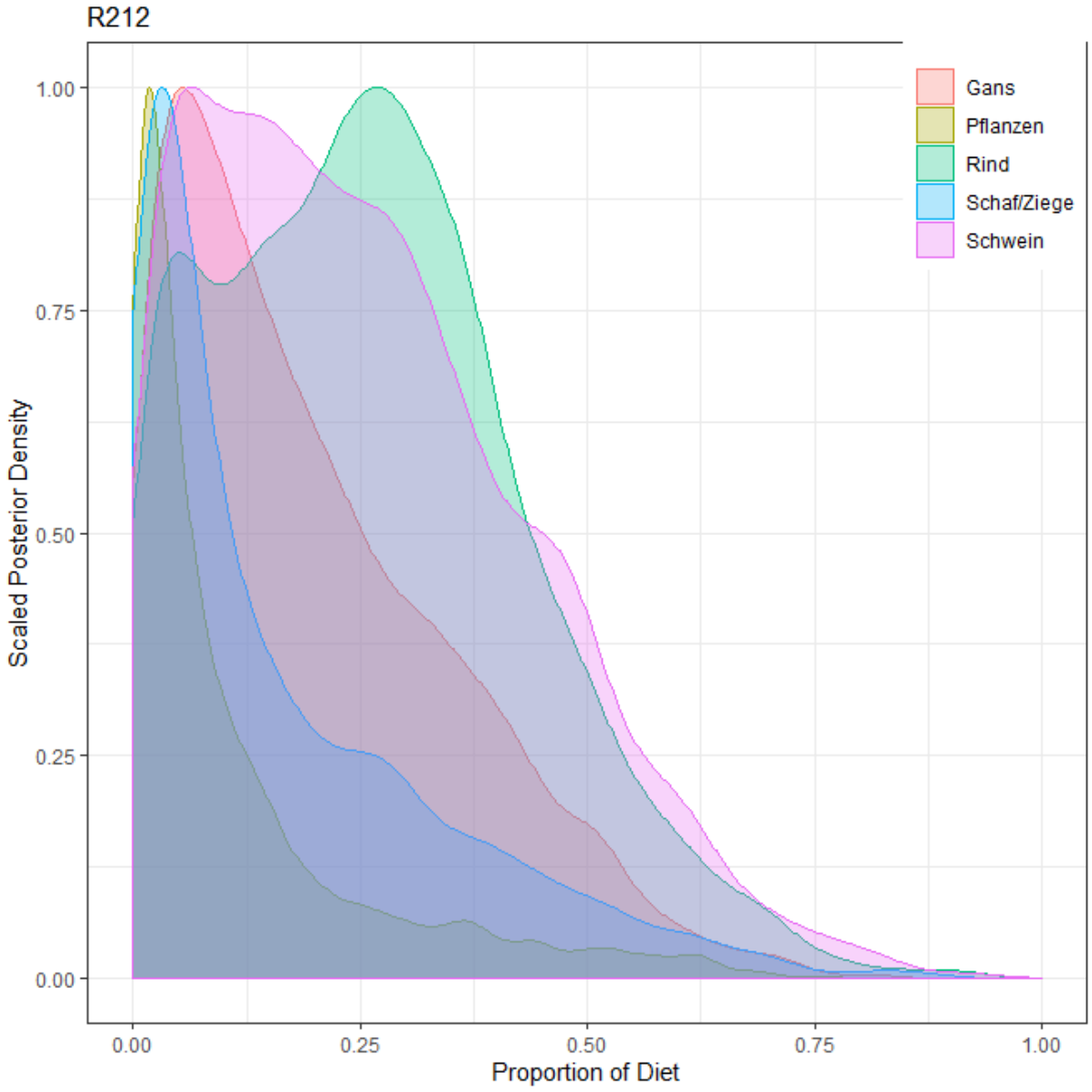


Abbildung 2226: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 212. Erstellt mit MixSIAR.

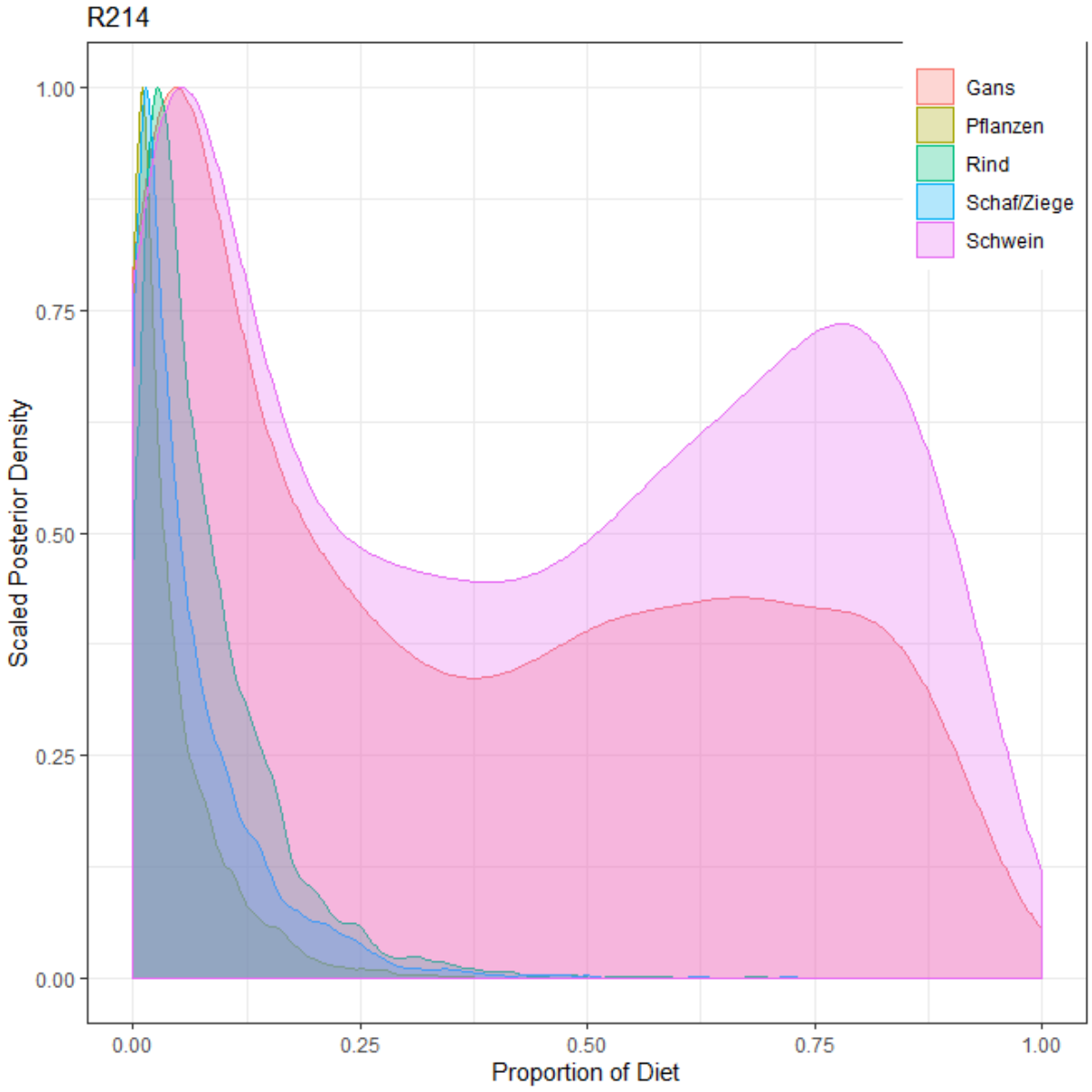


Abbildung 2227: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 214. Erstellt mit MixSIAR.

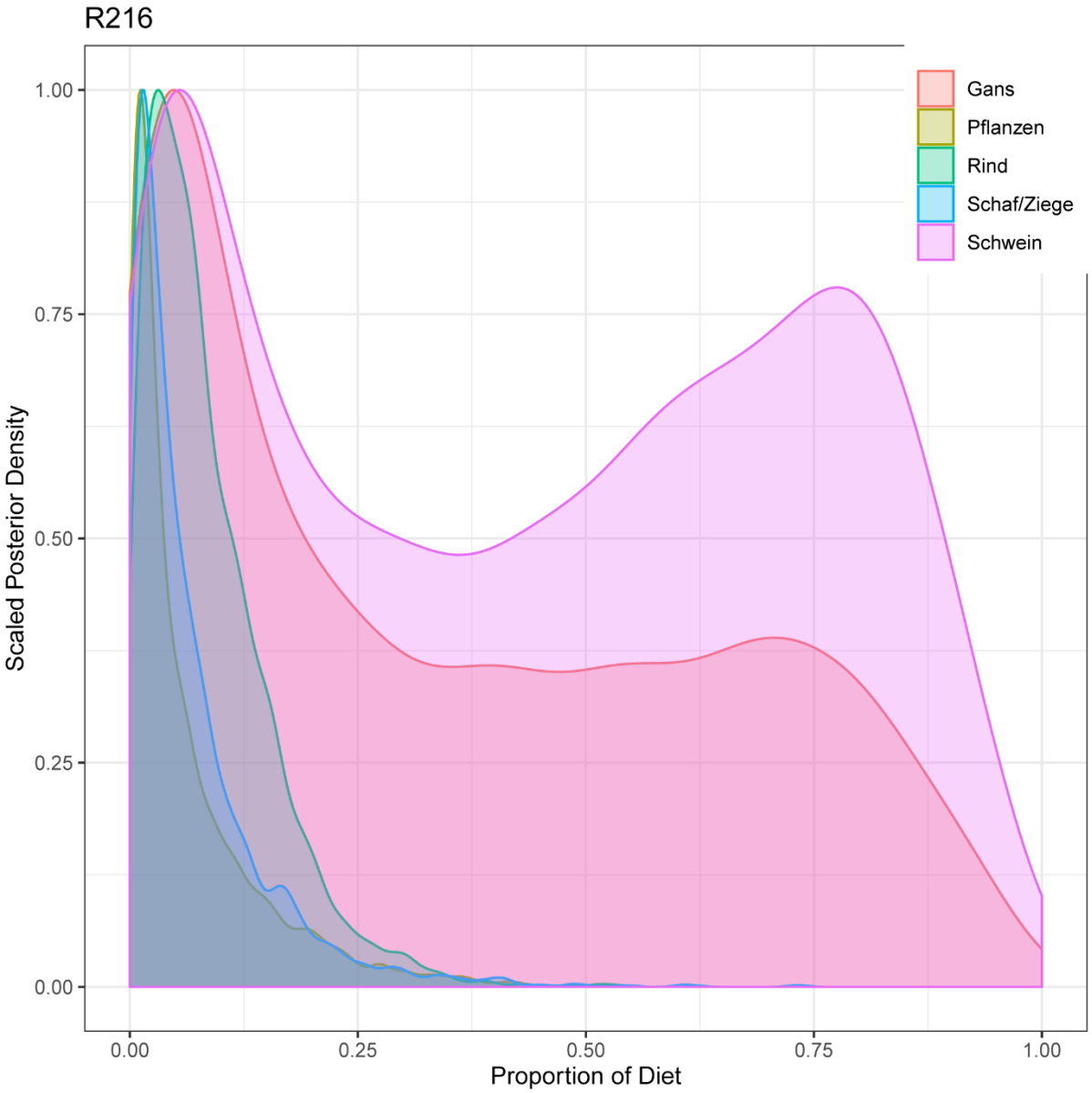


Abbildung 2228: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 216. Erstellt mit MixSIAR.

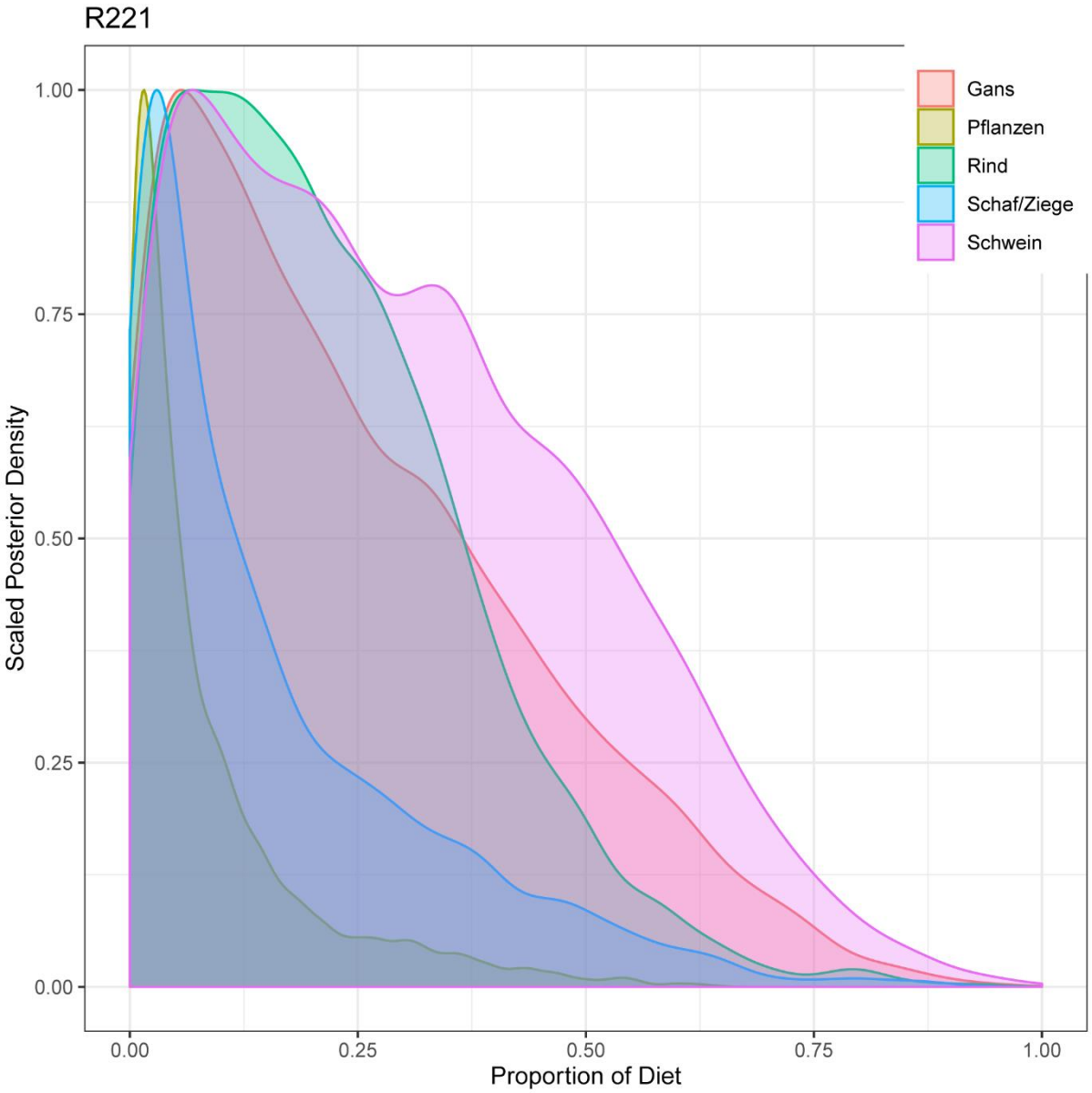


Abbildung 2229: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 221. Erstellt mit MixSIAR.

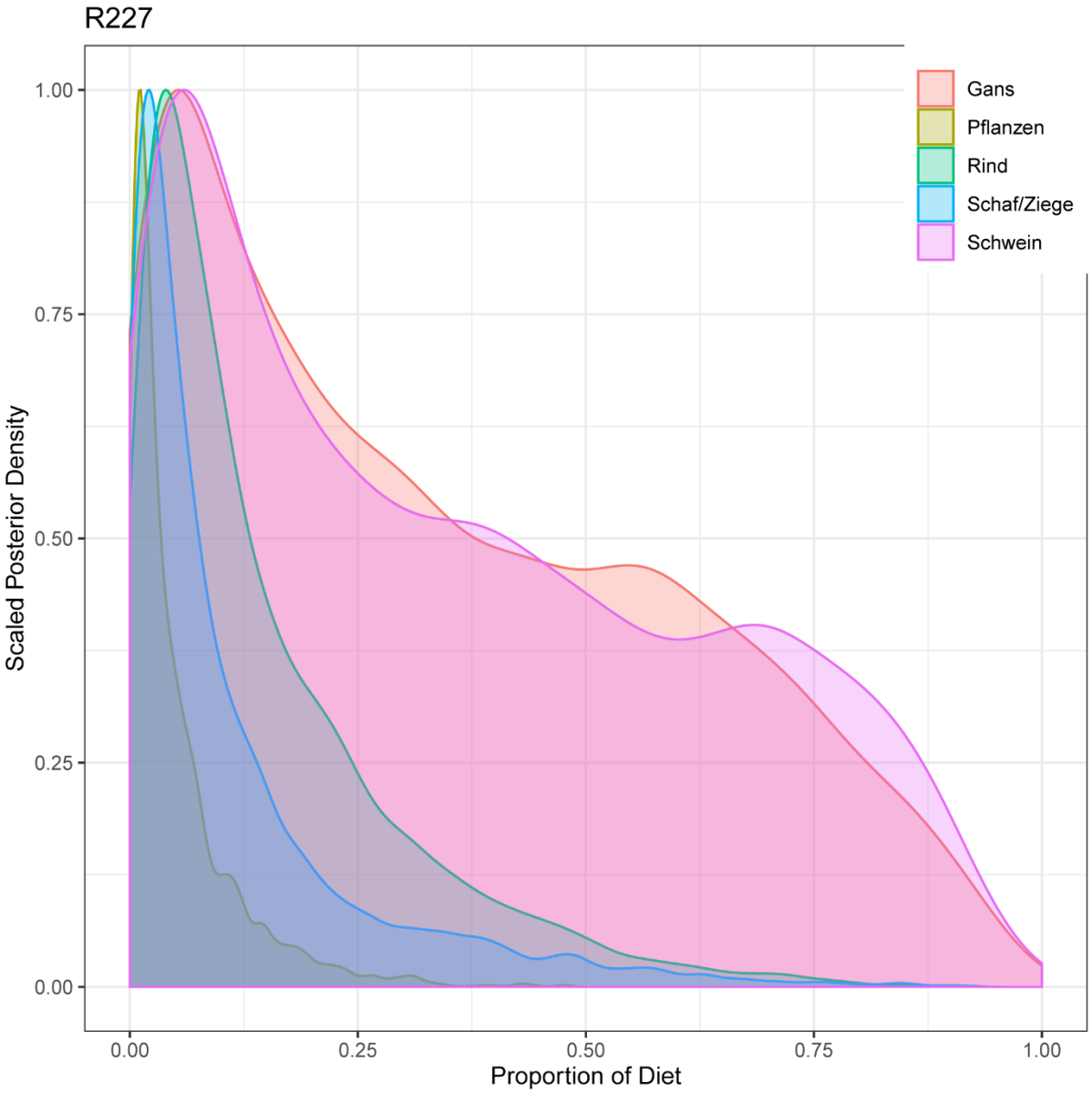


Abbildung 2230: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 227. Erstellt mit MixSIAR.

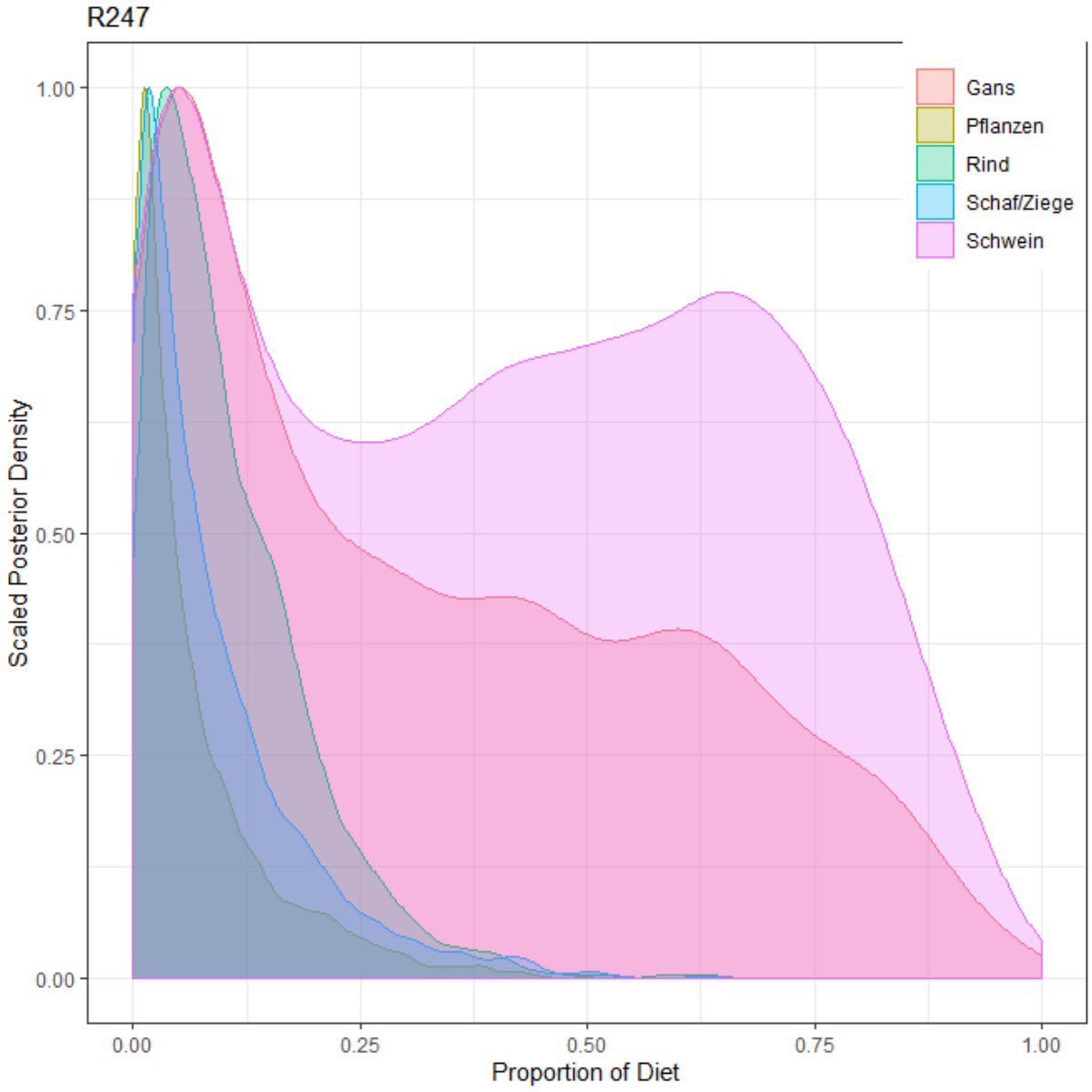


Abbildung 2231: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 247. Erstellt mit MixSIAR.

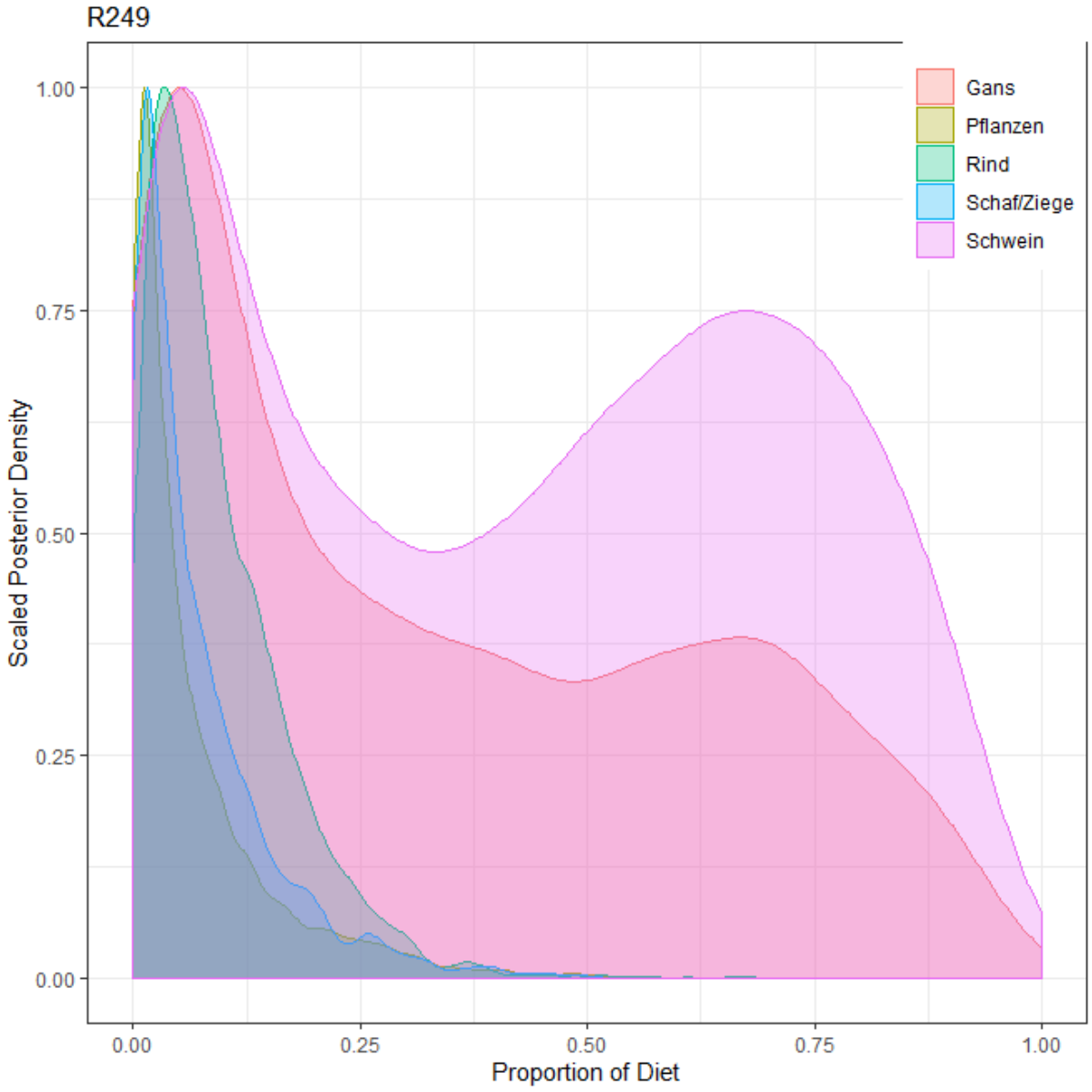


Abbildung 2232: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 249. Erstellt mit MixSIAR.

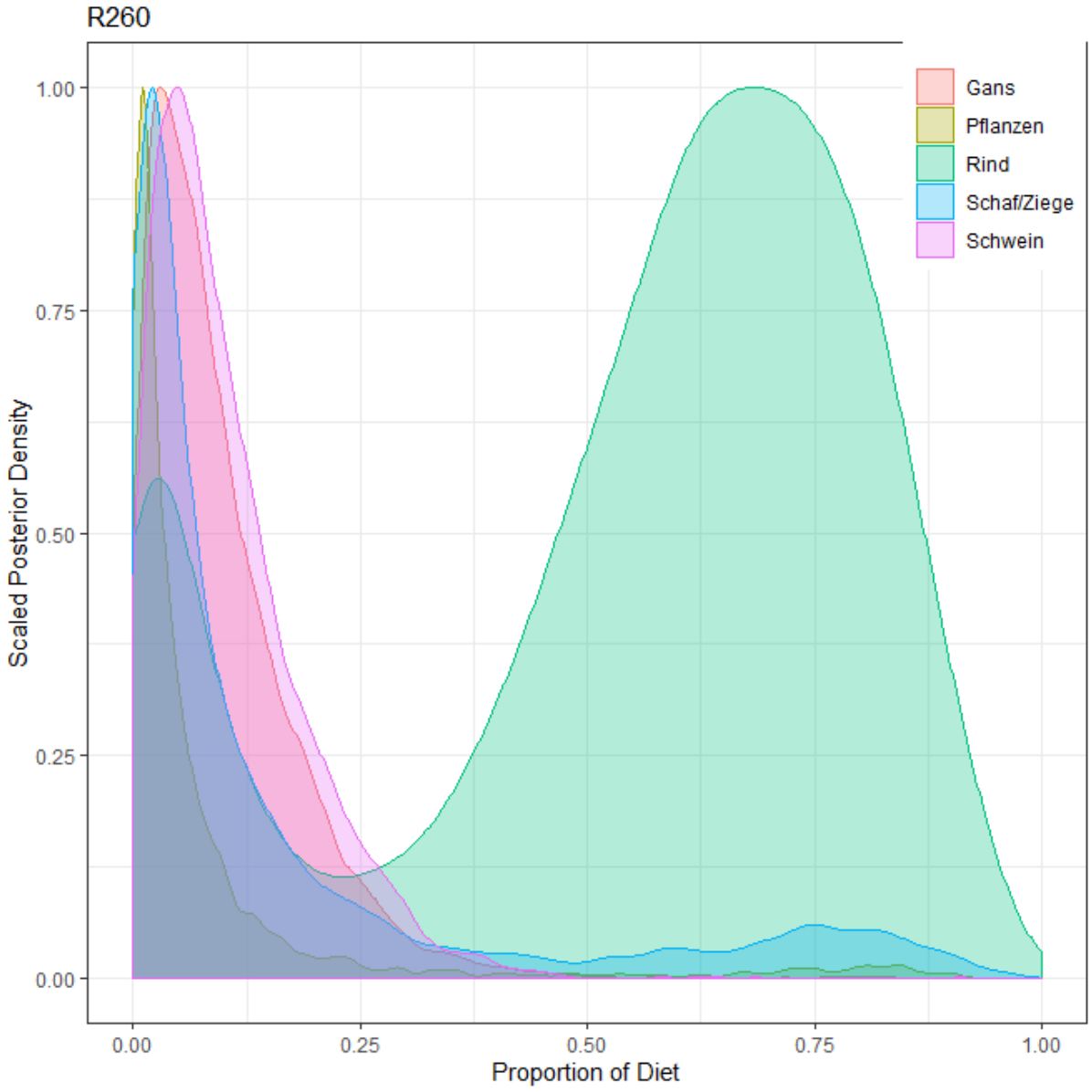


Abbildung 2233: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 260. Erstellt mit MixSIAR.

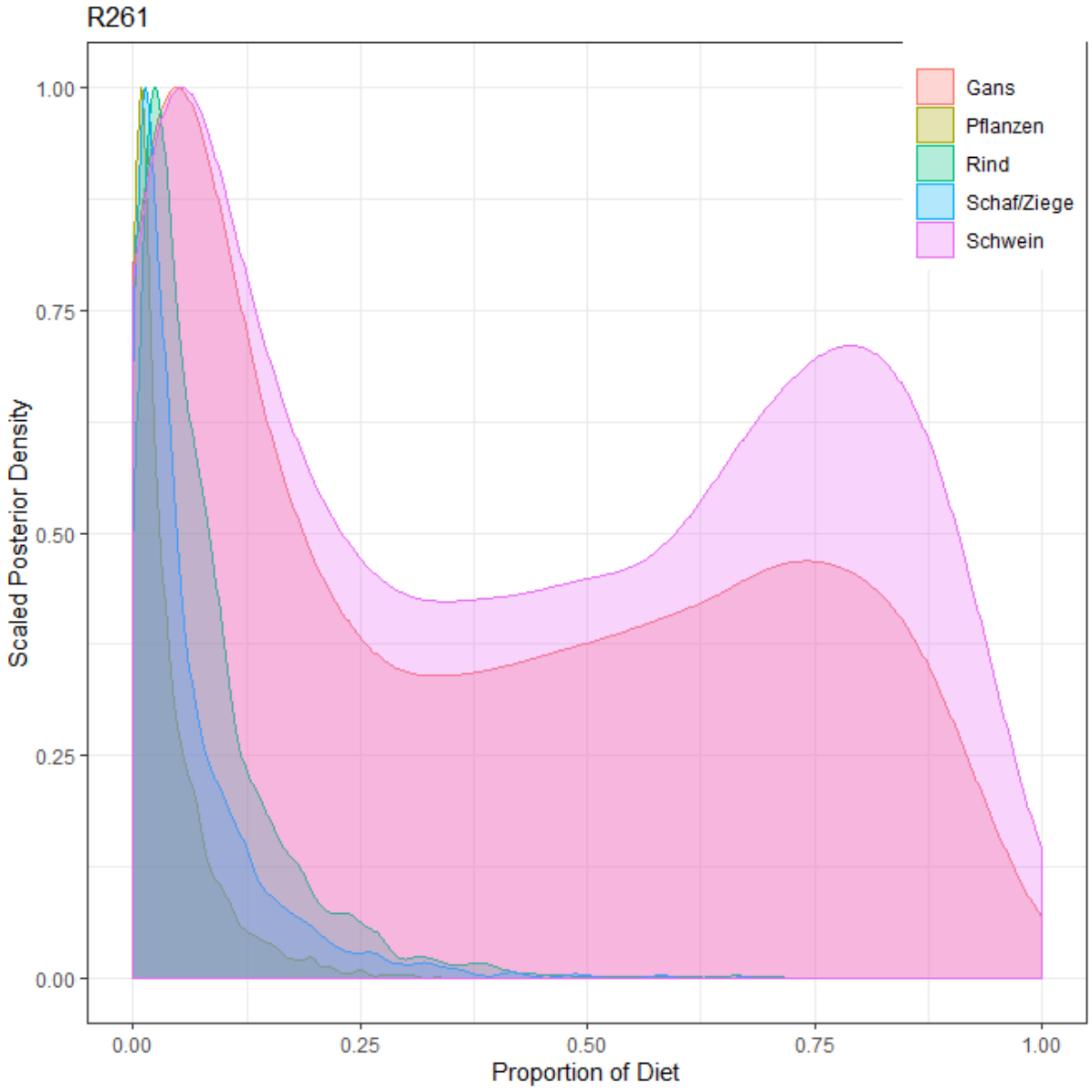


Abbildung 2234: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 261. Erstellt mit MixSIAR.

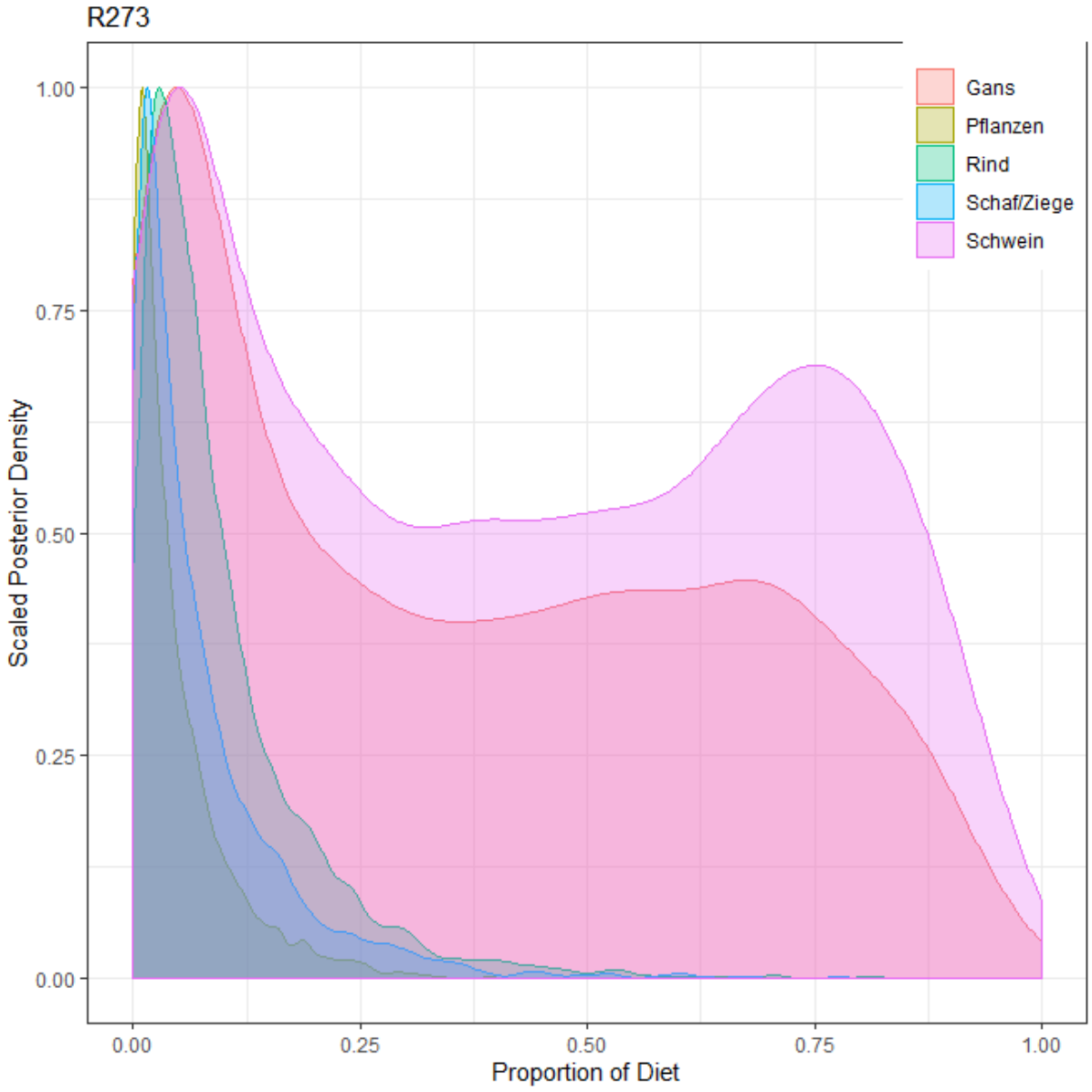


Abbildung 2235: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 273. Erstellt mit MixSIAR.

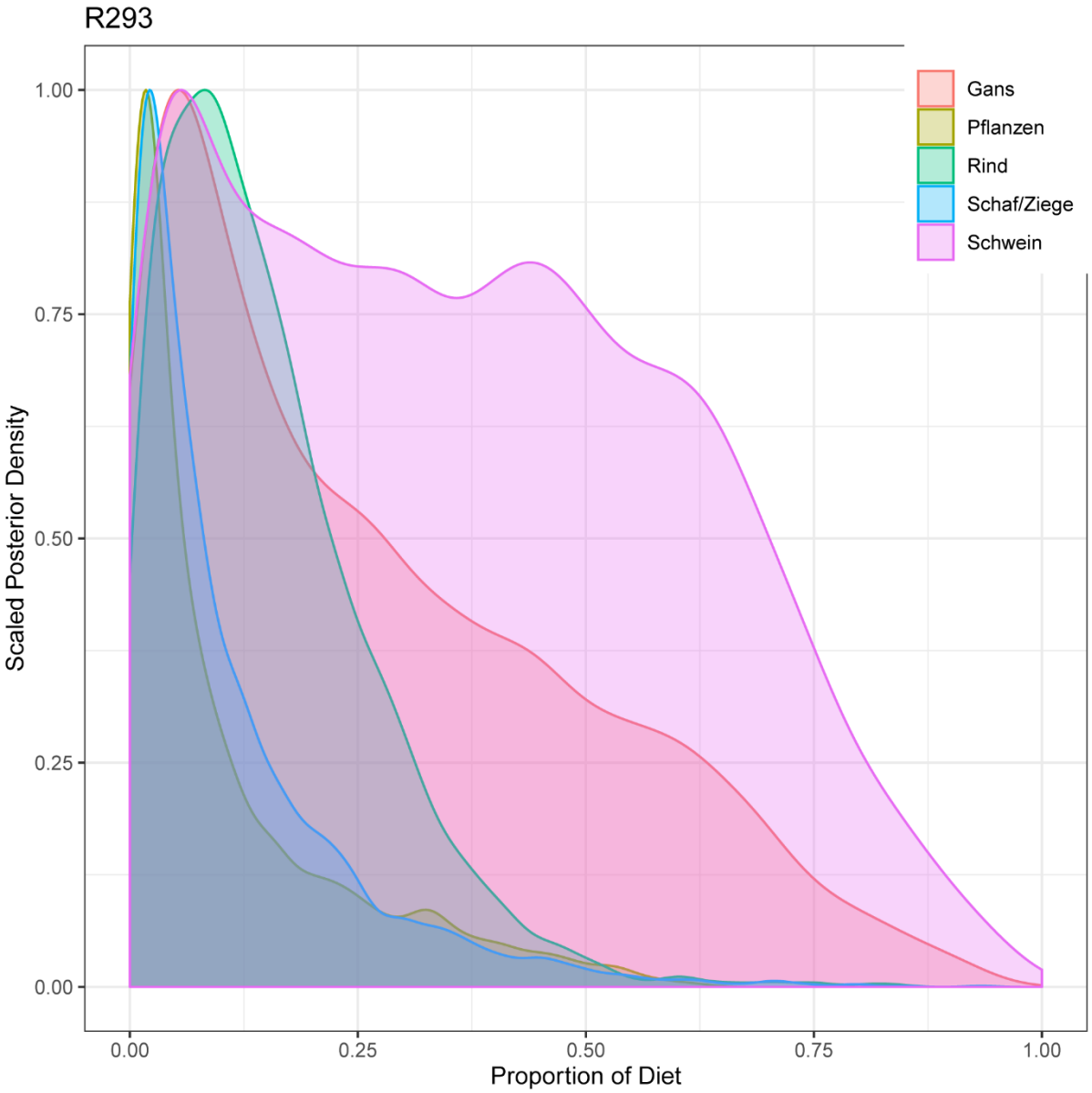


Abbildung 2236: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 293. Erstellt mit MixSIAR.

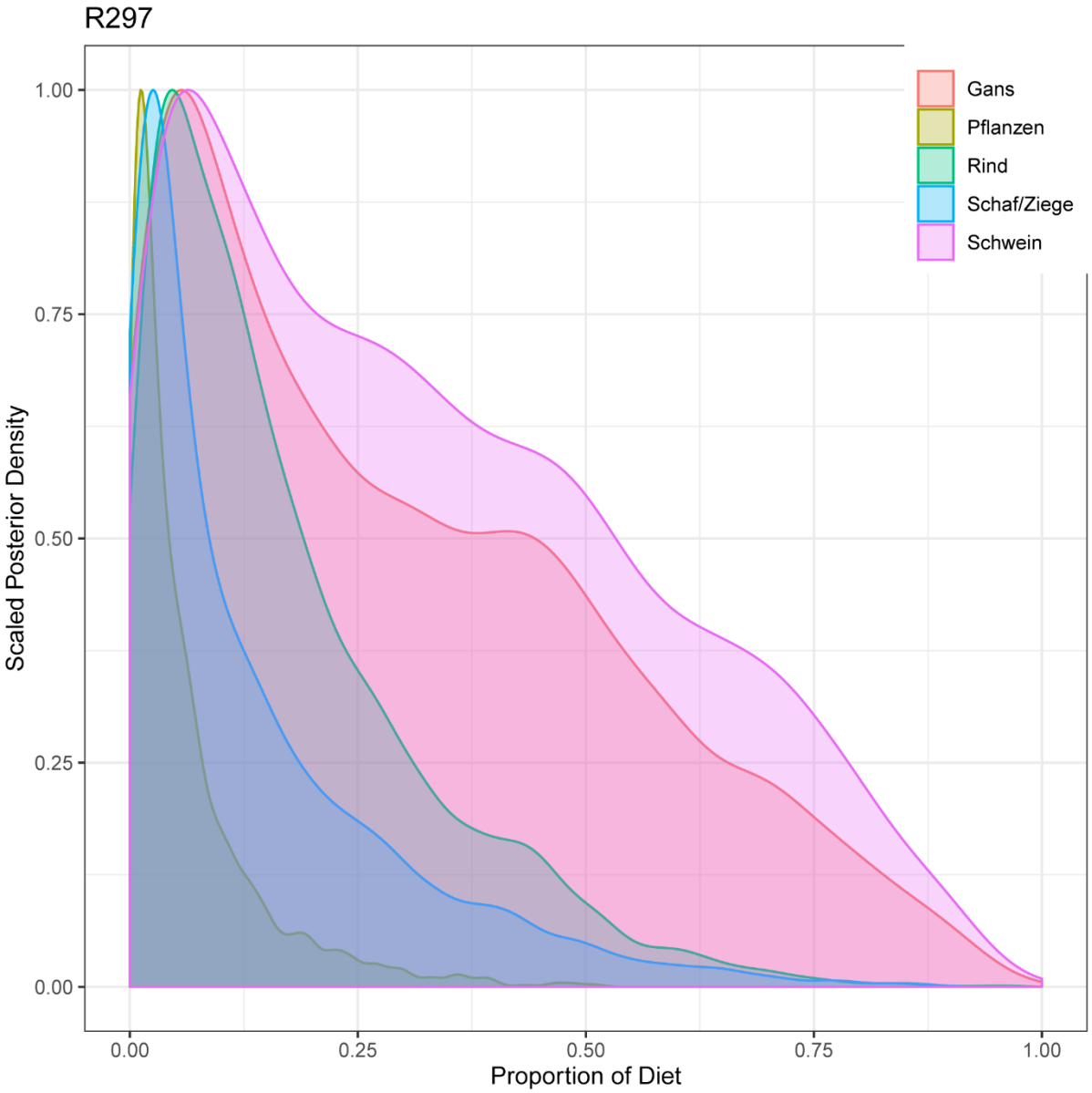


Abbildung 2237: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 297. Erstellt mit MixSIAR.

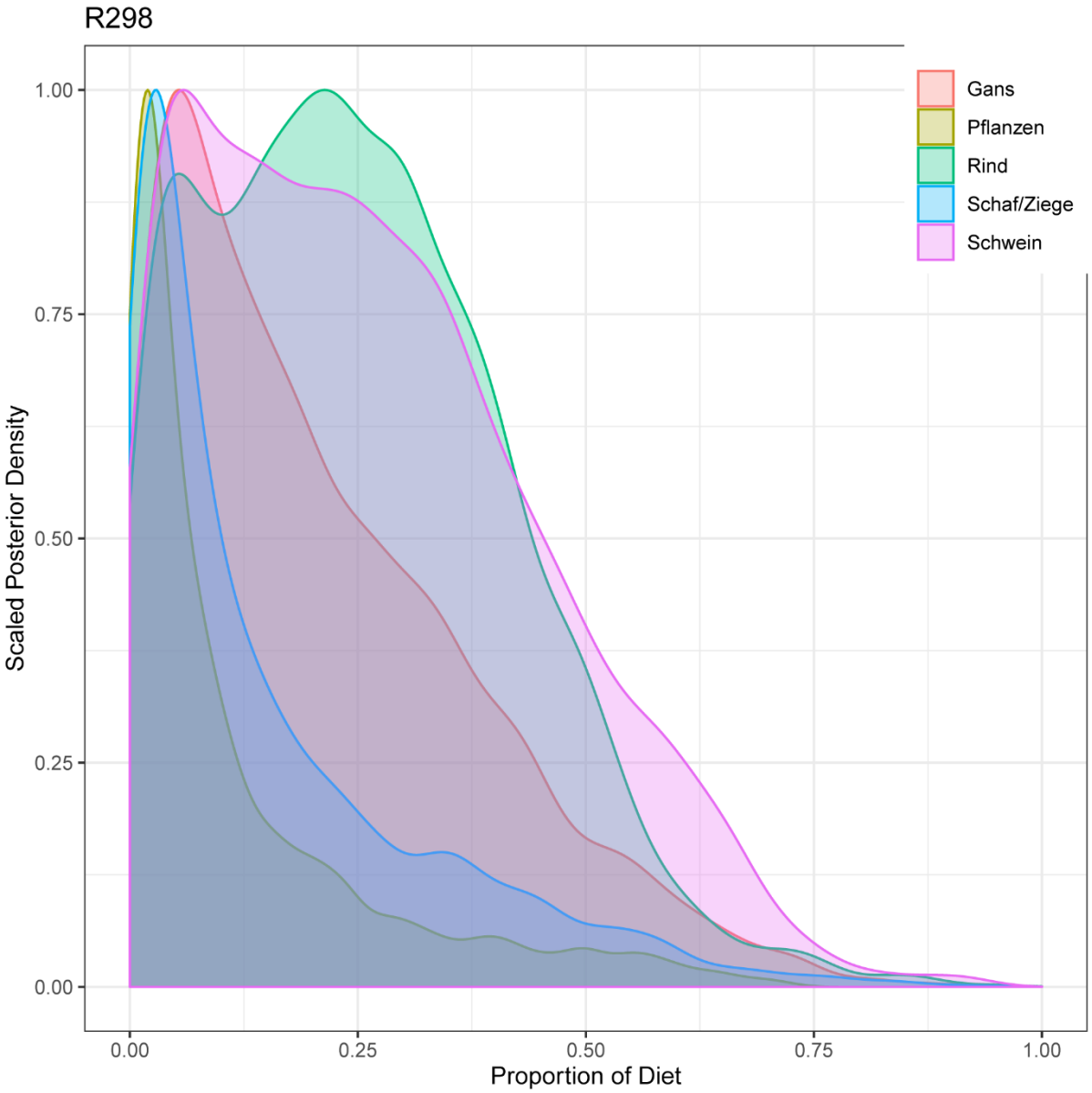


Abbildung 2238: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 298. Erstellt mit MixSIAR.

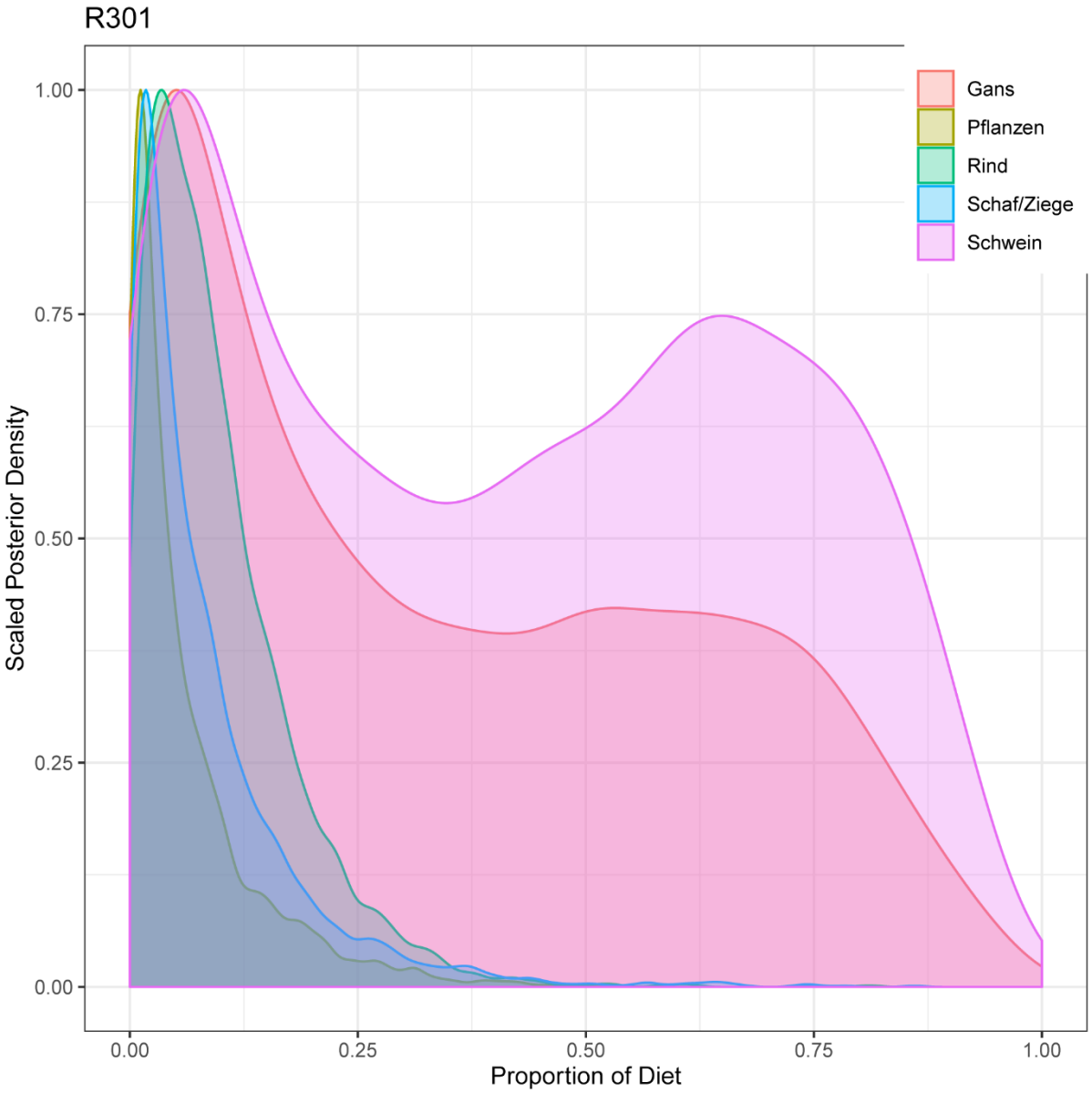


Abbildung 2239: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 301. Erstellt mit MixSIAR.

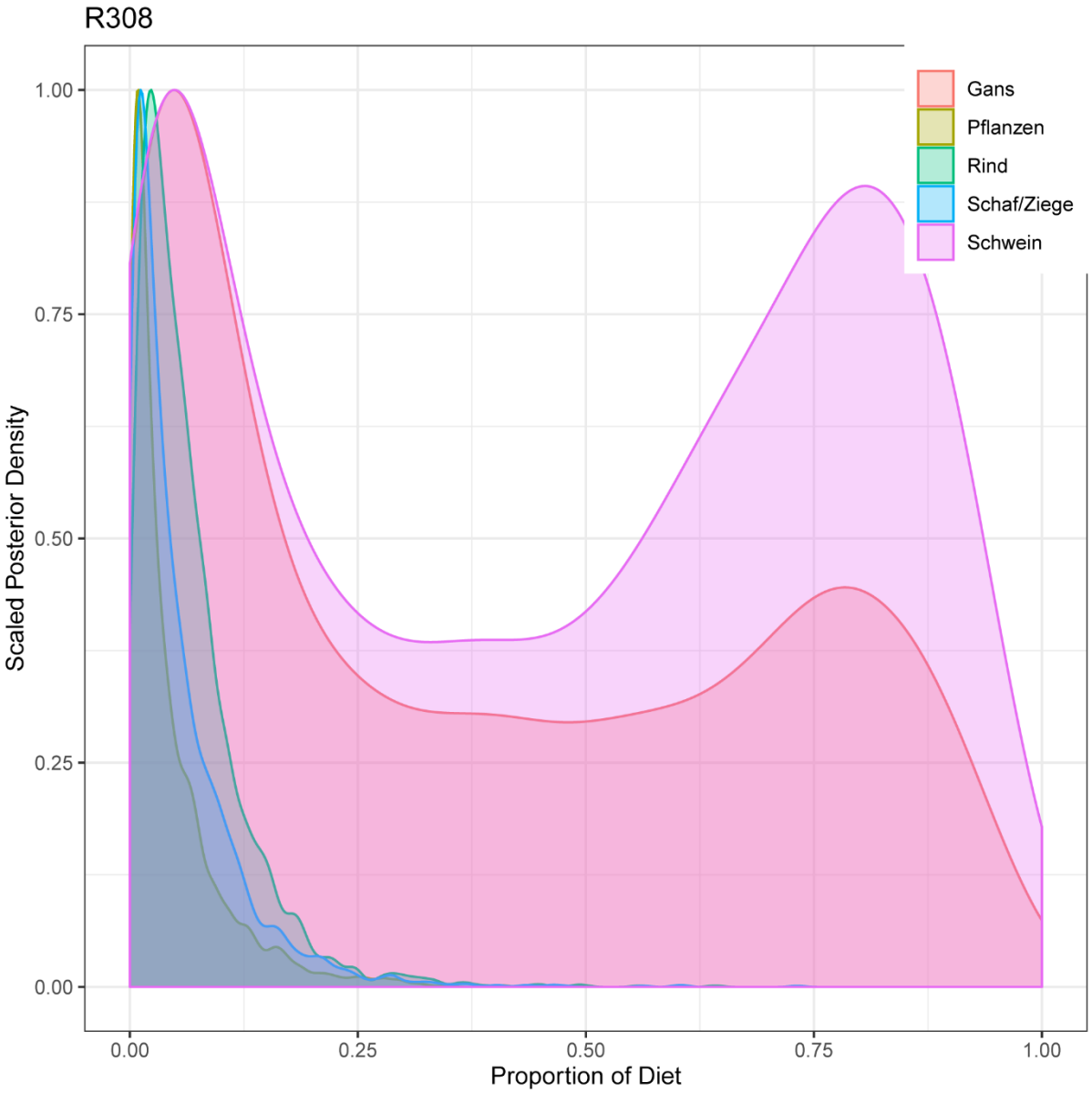


Abbildung 2240: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 308. Erstellt mit MixSIAR.

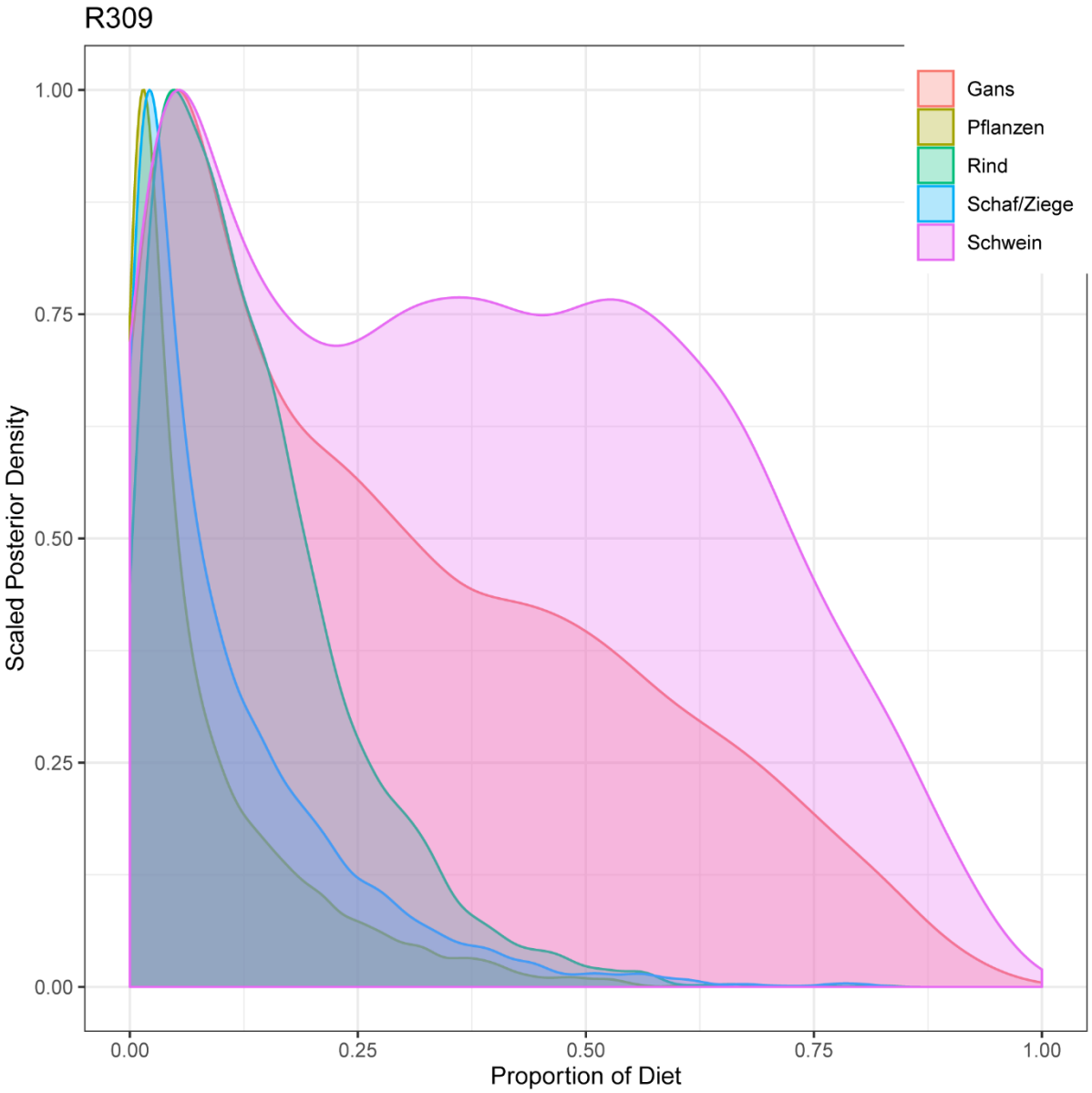


Abbildung 2241: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 309. Erstellt mit MixSIAR.

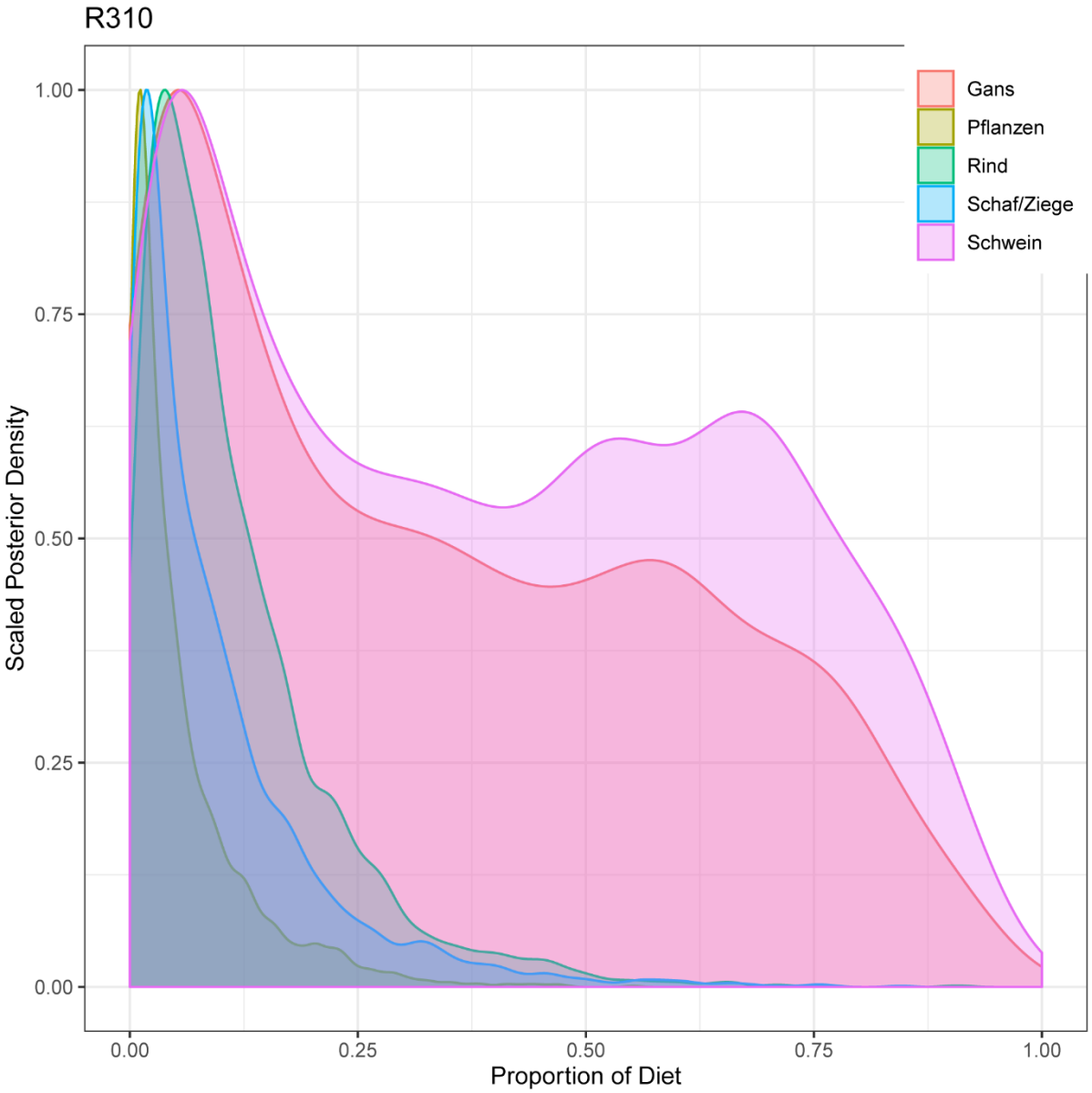


Abbildung 2242: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 310. Erstellt mit MixSIAR.

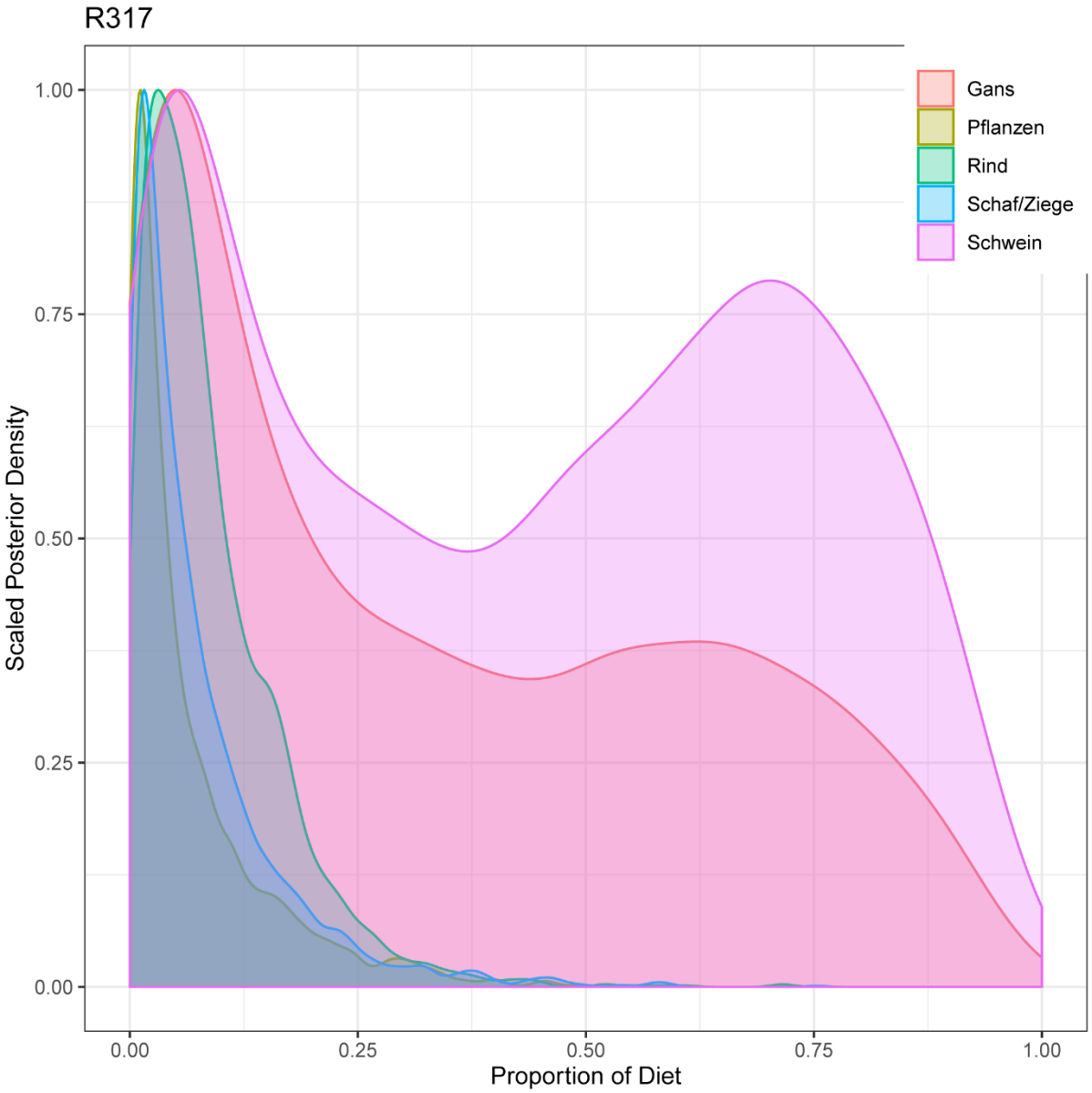


Abbildung 2243: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 317. Erstellt mit MixSIAR.

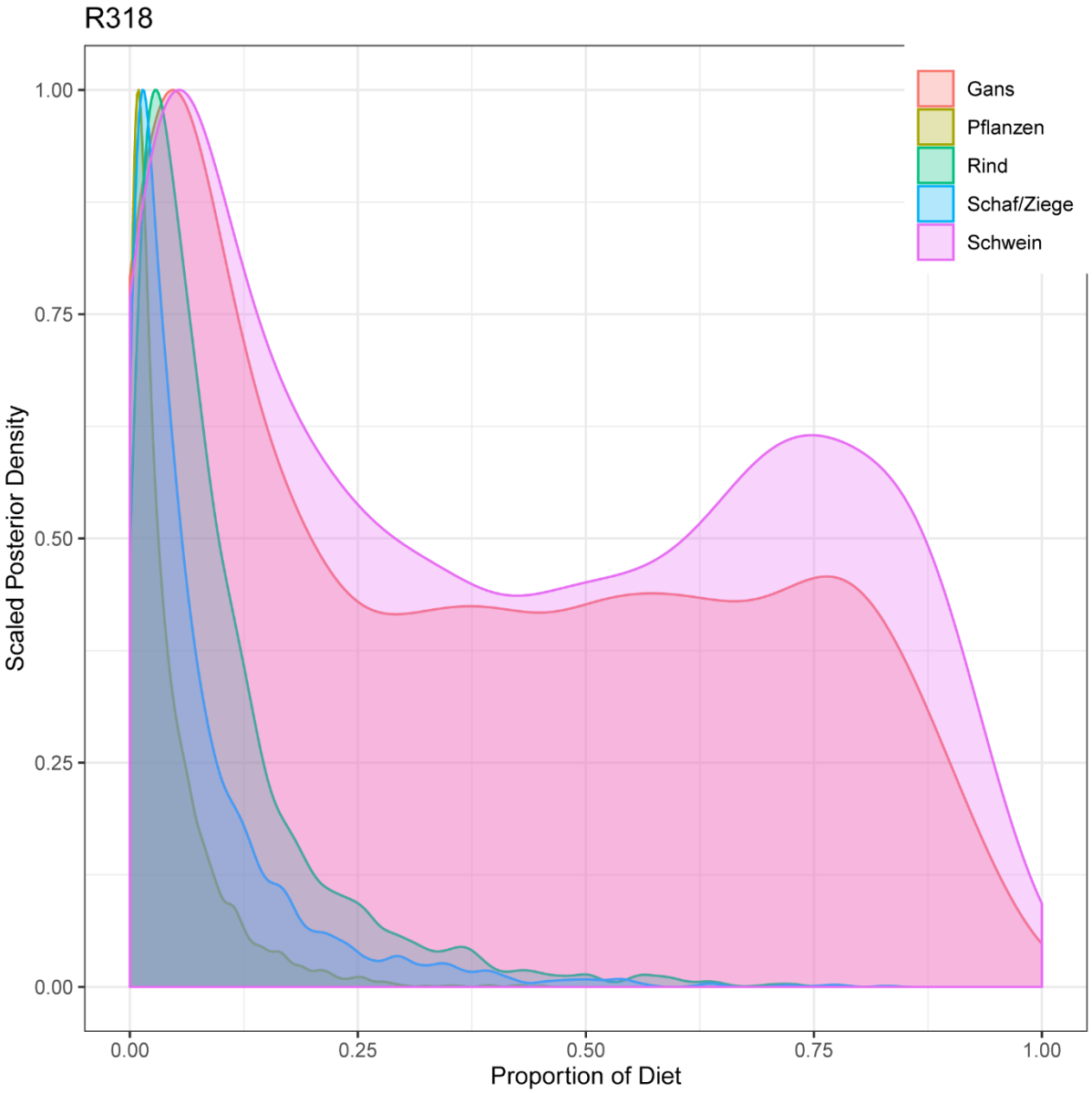


Abbildung 2244: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 318. Erstellt mit MixSIAR.

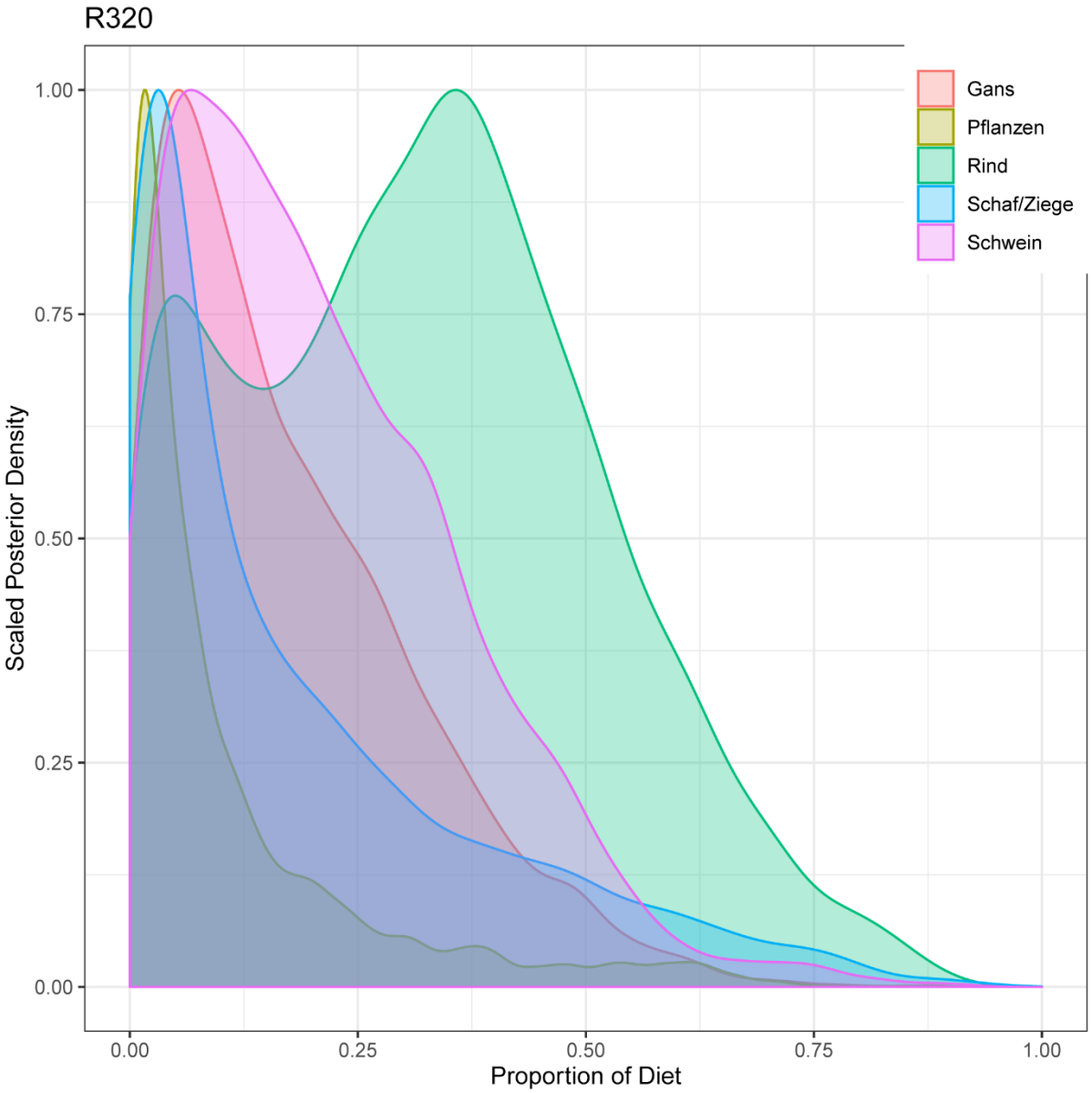


Abbildung 2245: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 320. Erstellt mit MixSIAR.

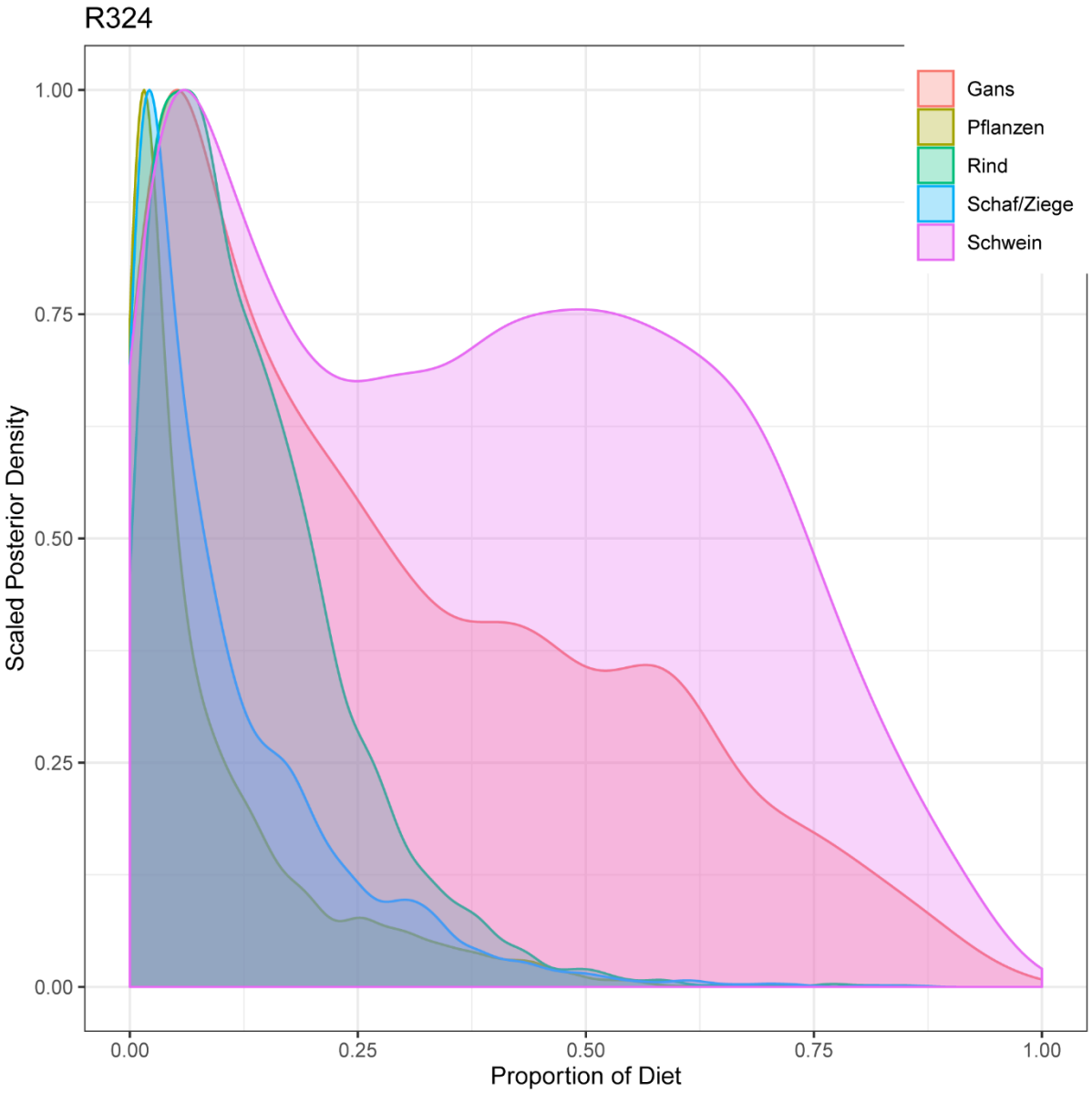


Abbildung 2246: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 324. Erstellt mit MixSIAR.

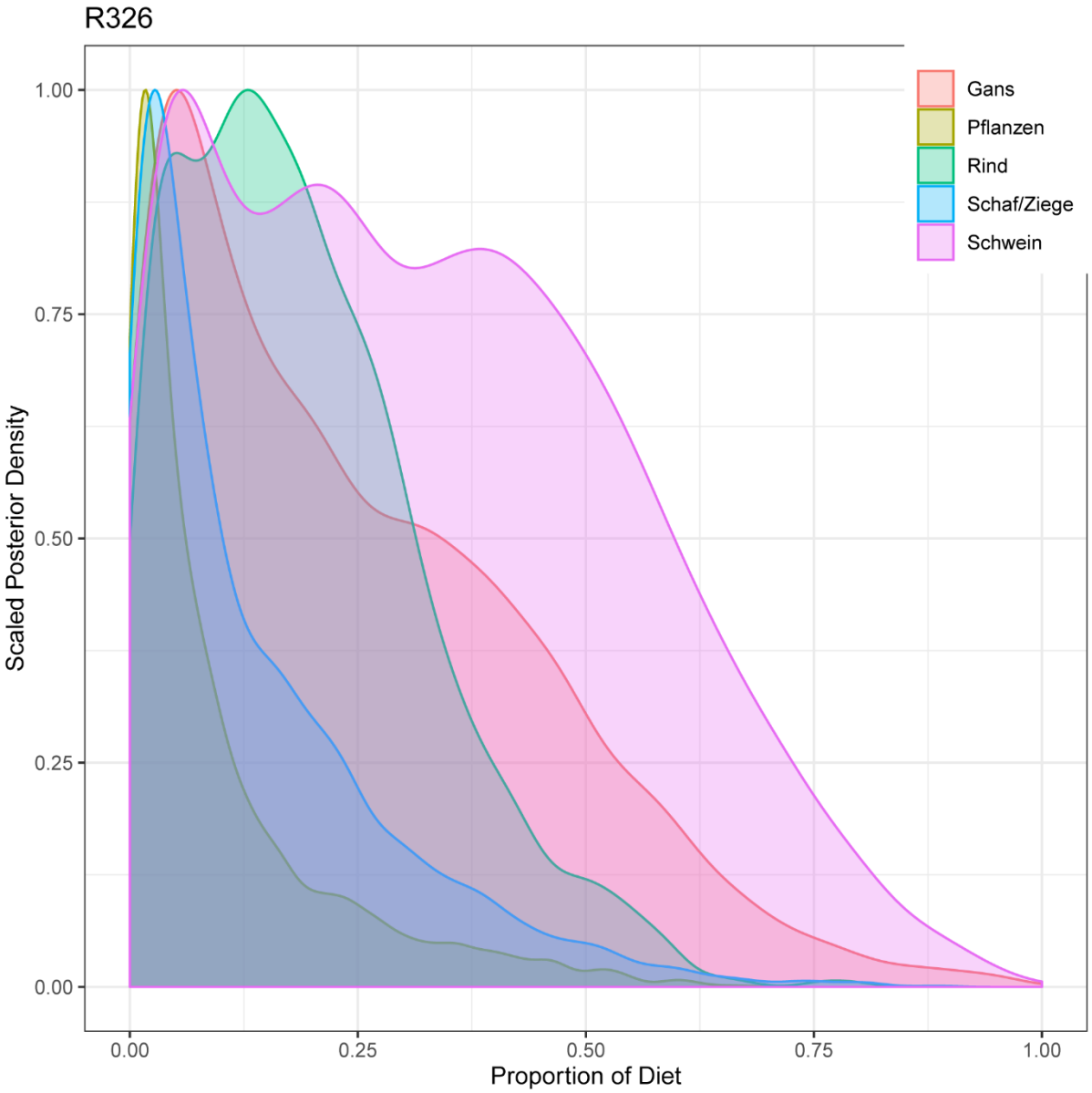


Abbildung 2247: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 326. Erstellt mit MixSIAR.

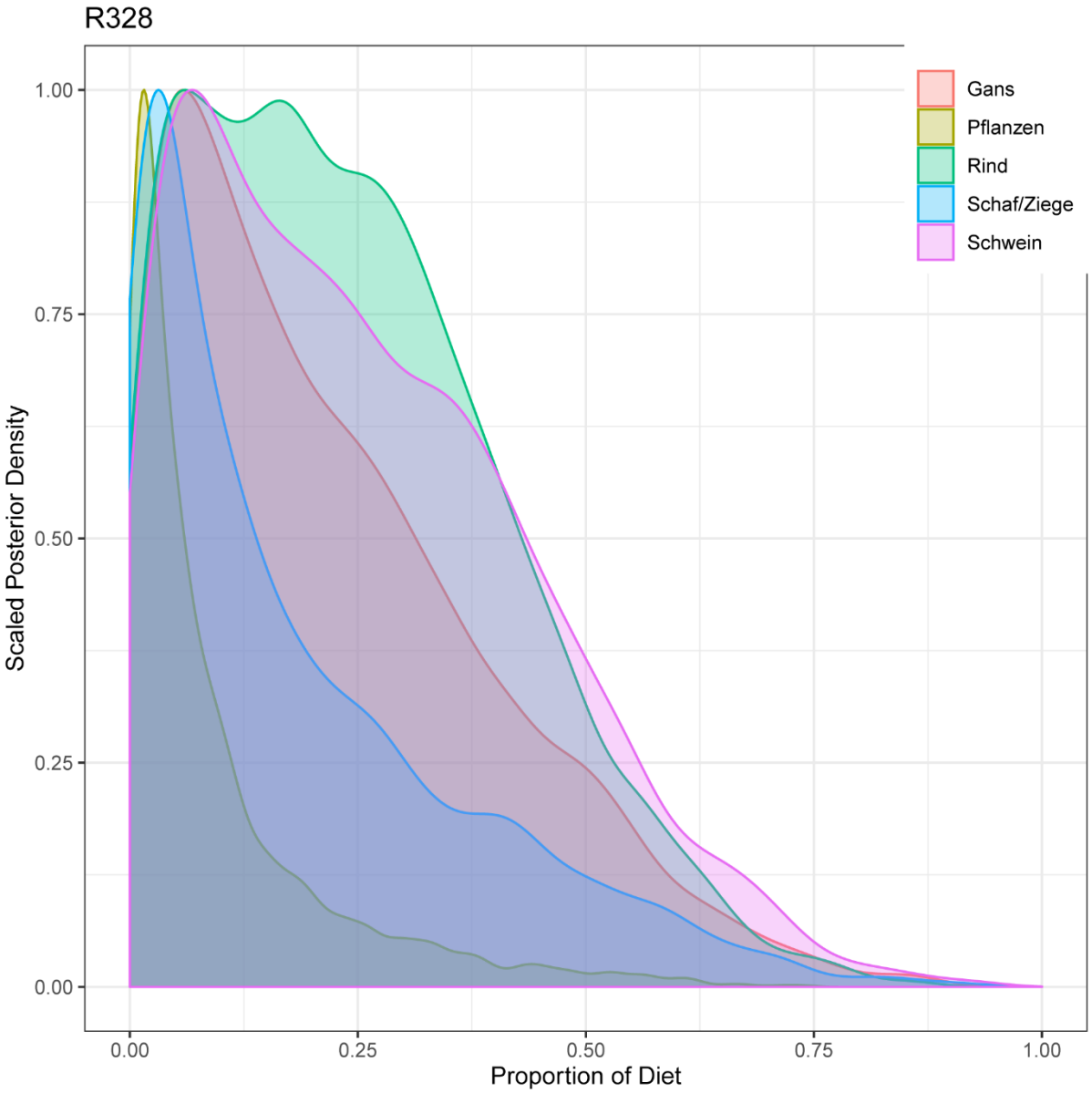


Abbildung 2248: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 328. Erstellt mit MixSIAR.

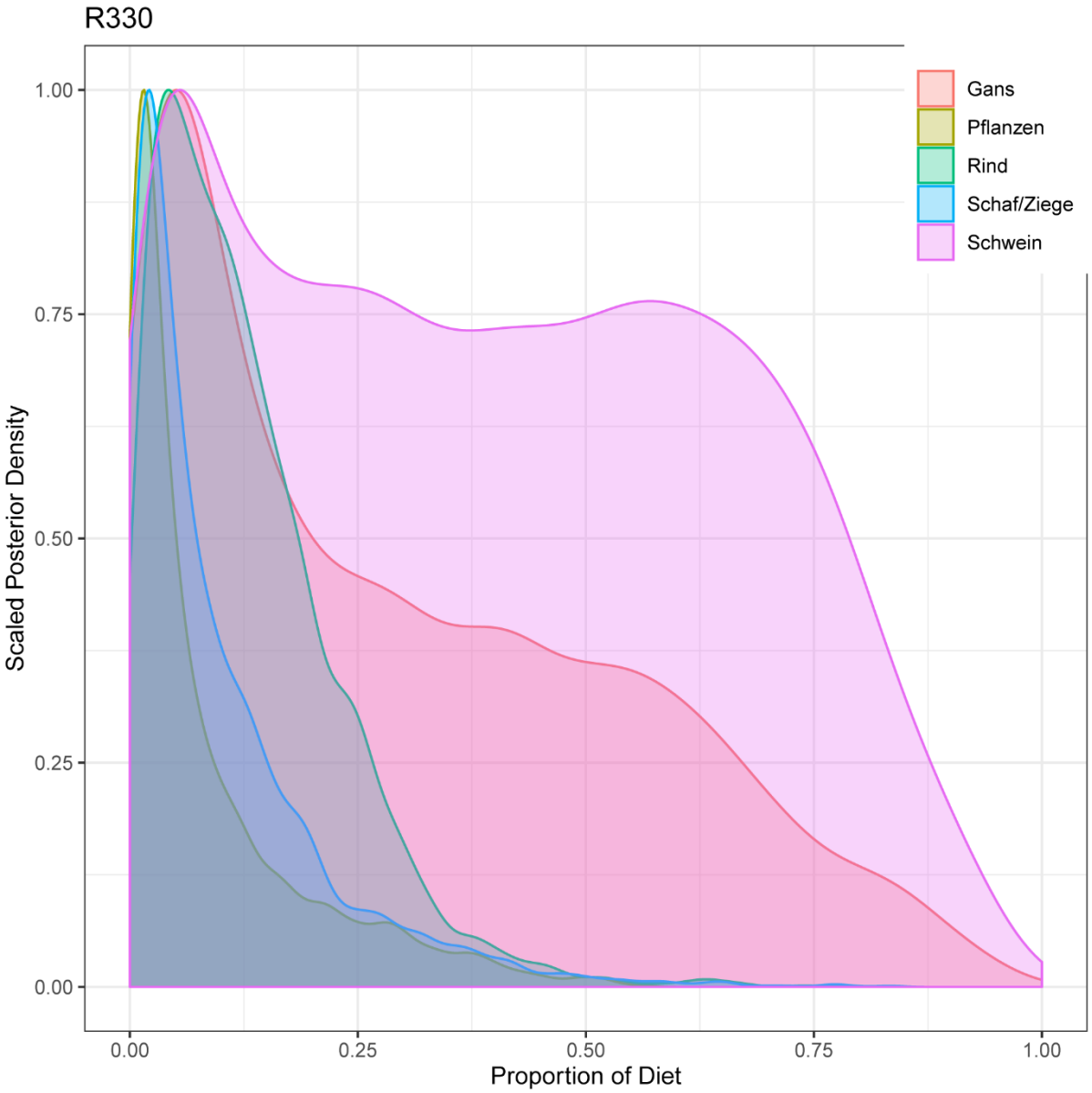


Abbildung 2249: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 330. Erstellt mit MixSIAR.

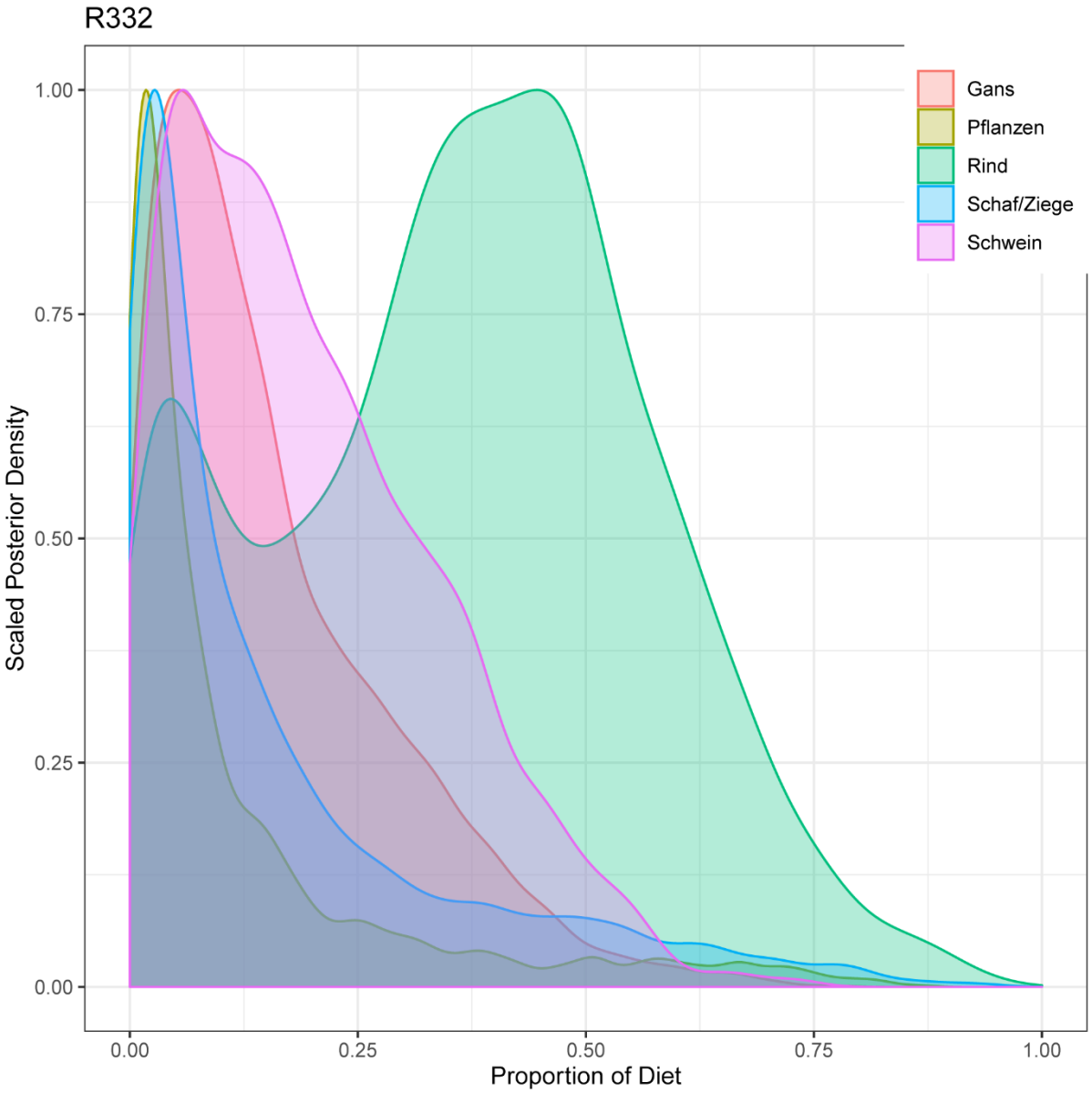


Abbildung 2250: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 332. Erstellt mit MixSIAR.

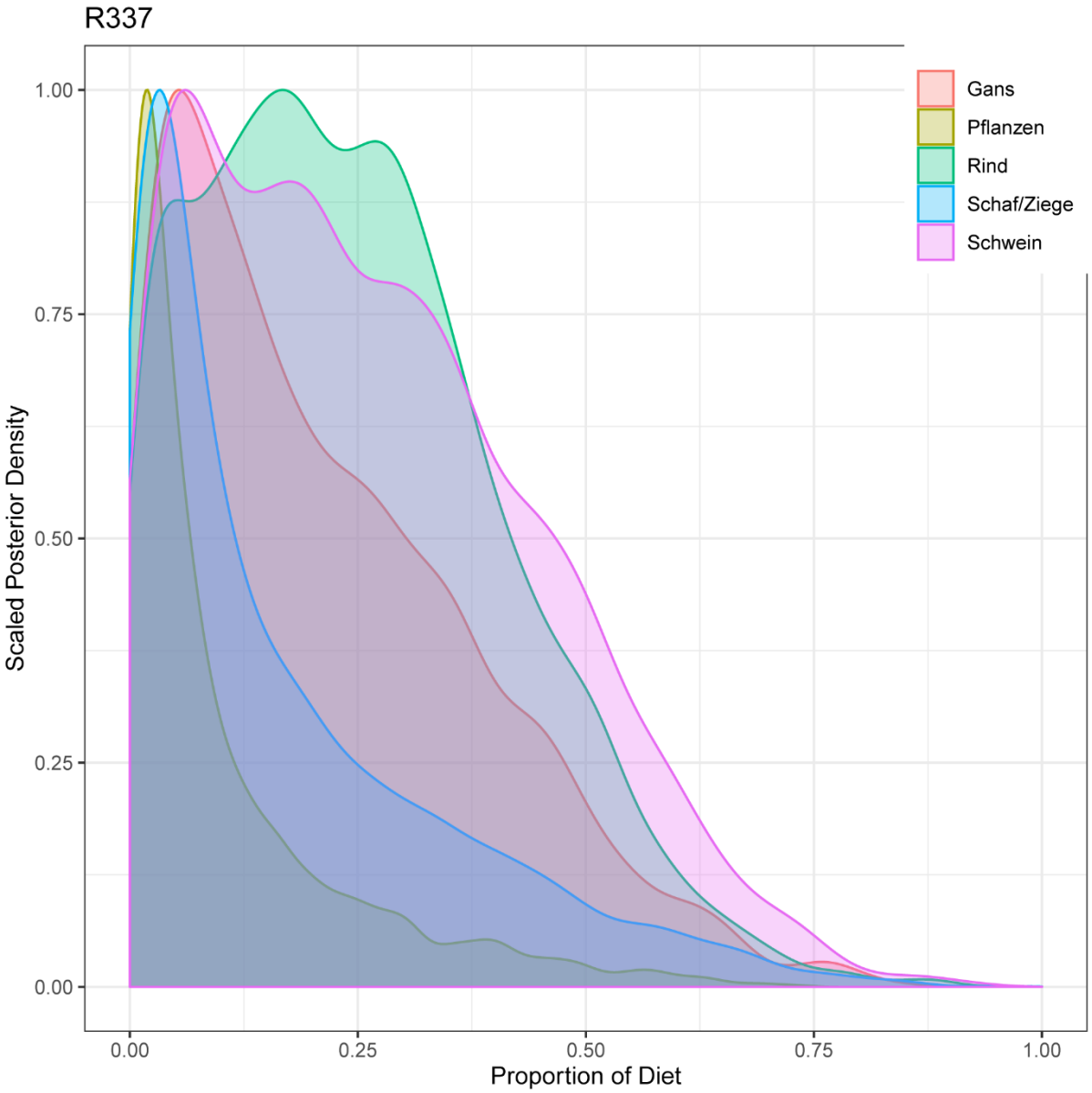


Abbildung 2251: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 337. Erstellt mit MixSIAR.

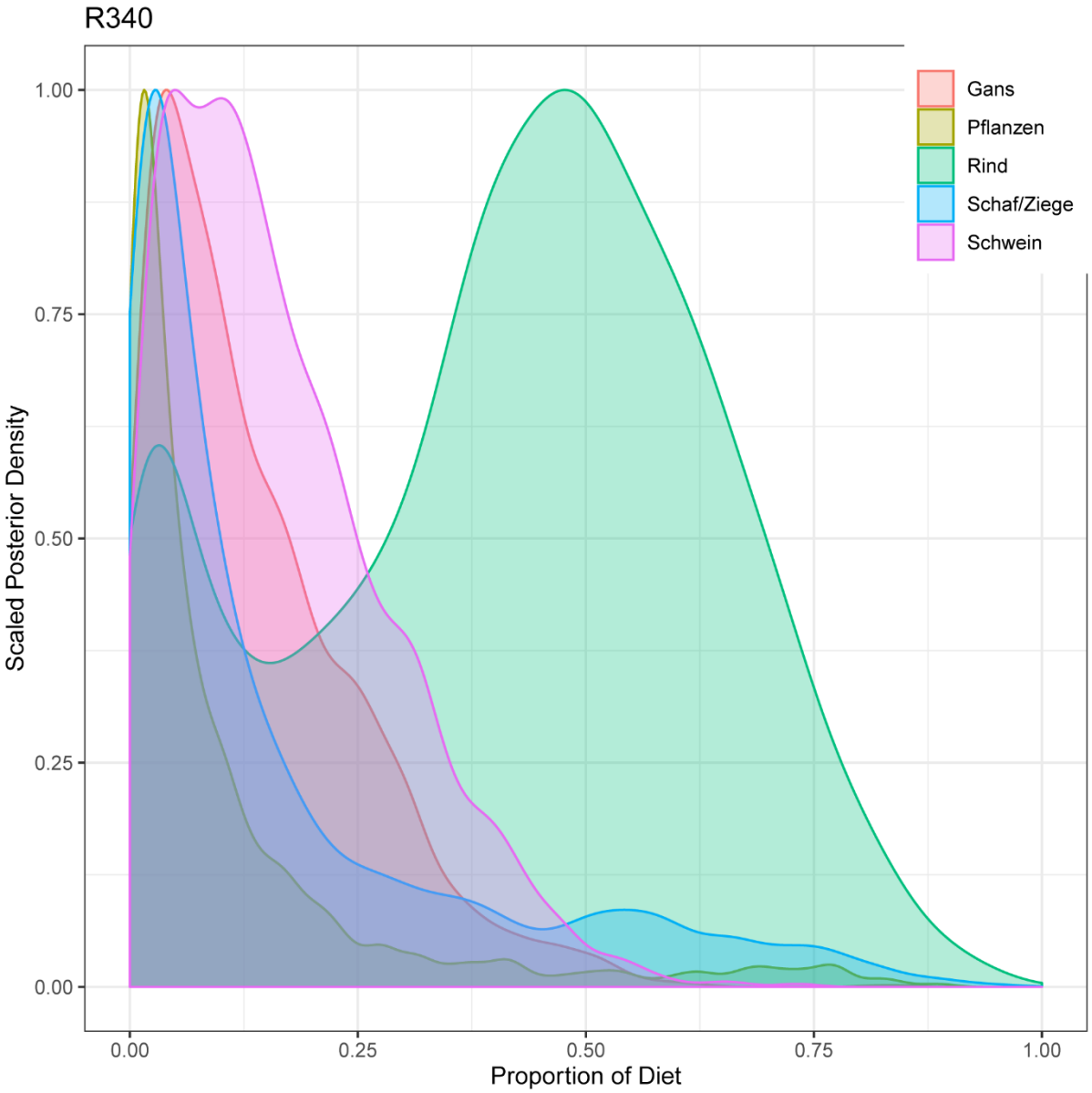


Abbildung 2252: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 340. Erstellt mit MixSIAR.

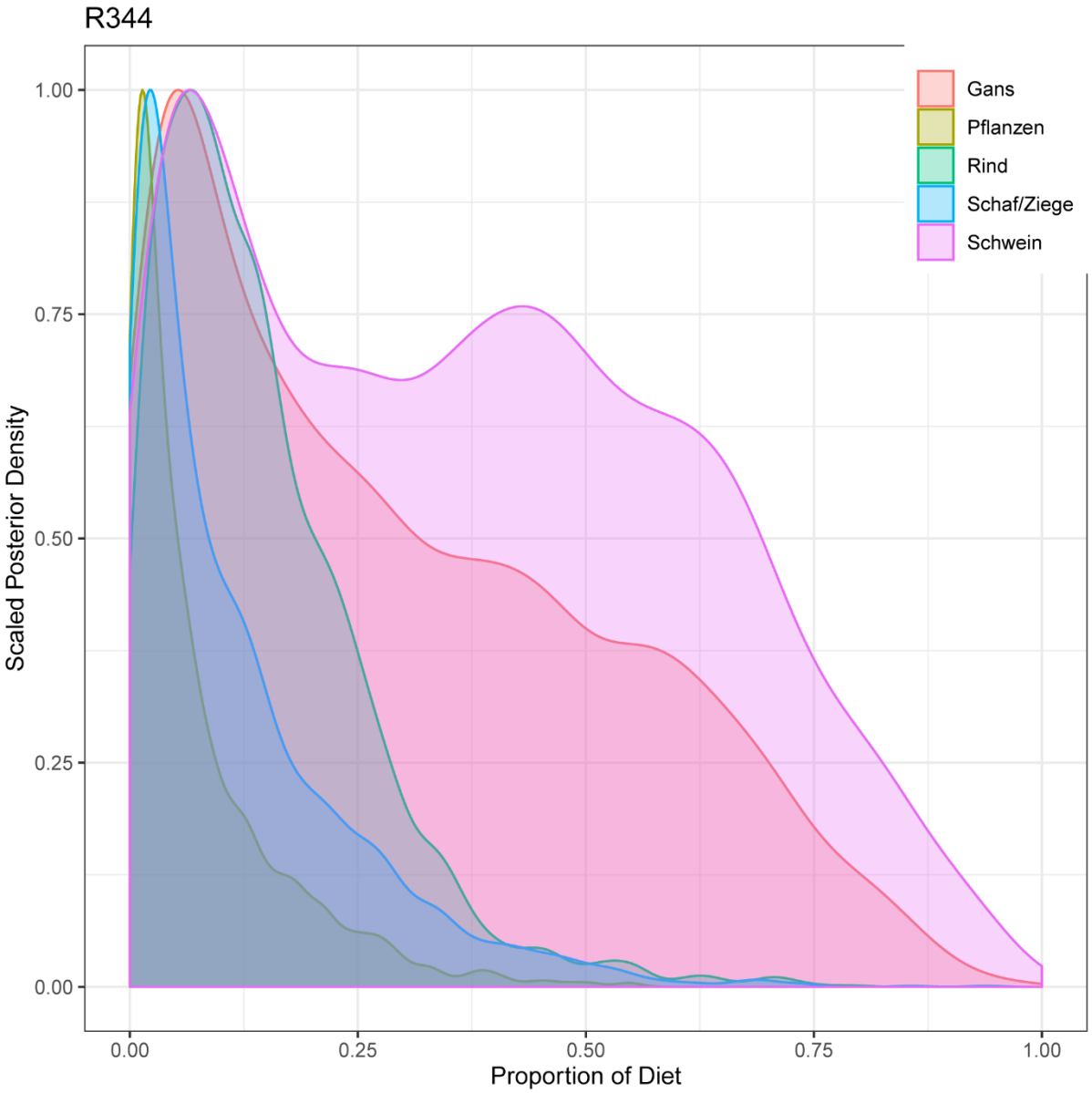


Abbildung 2253: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 344. Erstellt mit MixSIAR.

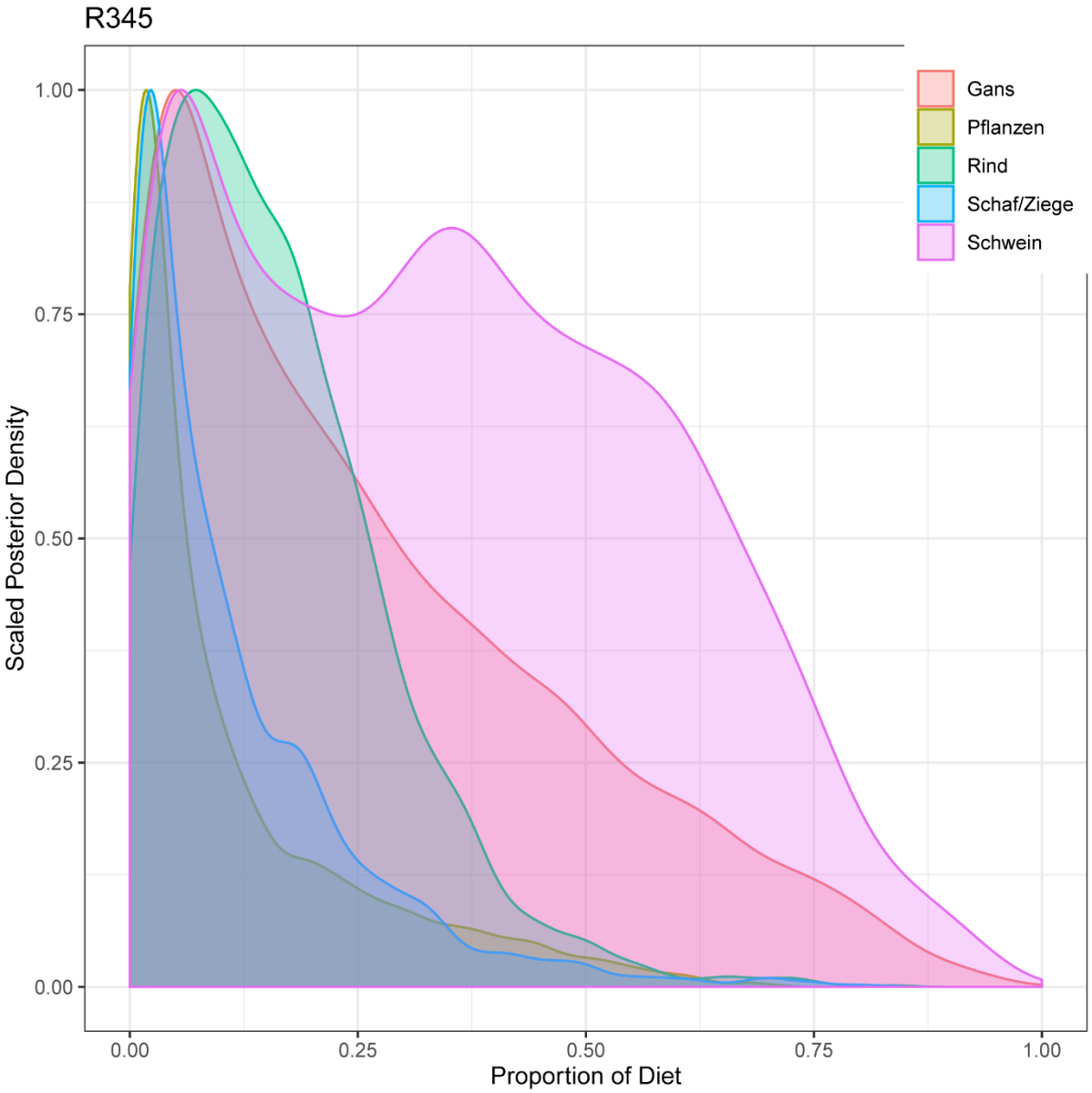


Abbildung 2254: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 345. Erstellt mit MixSIAR.

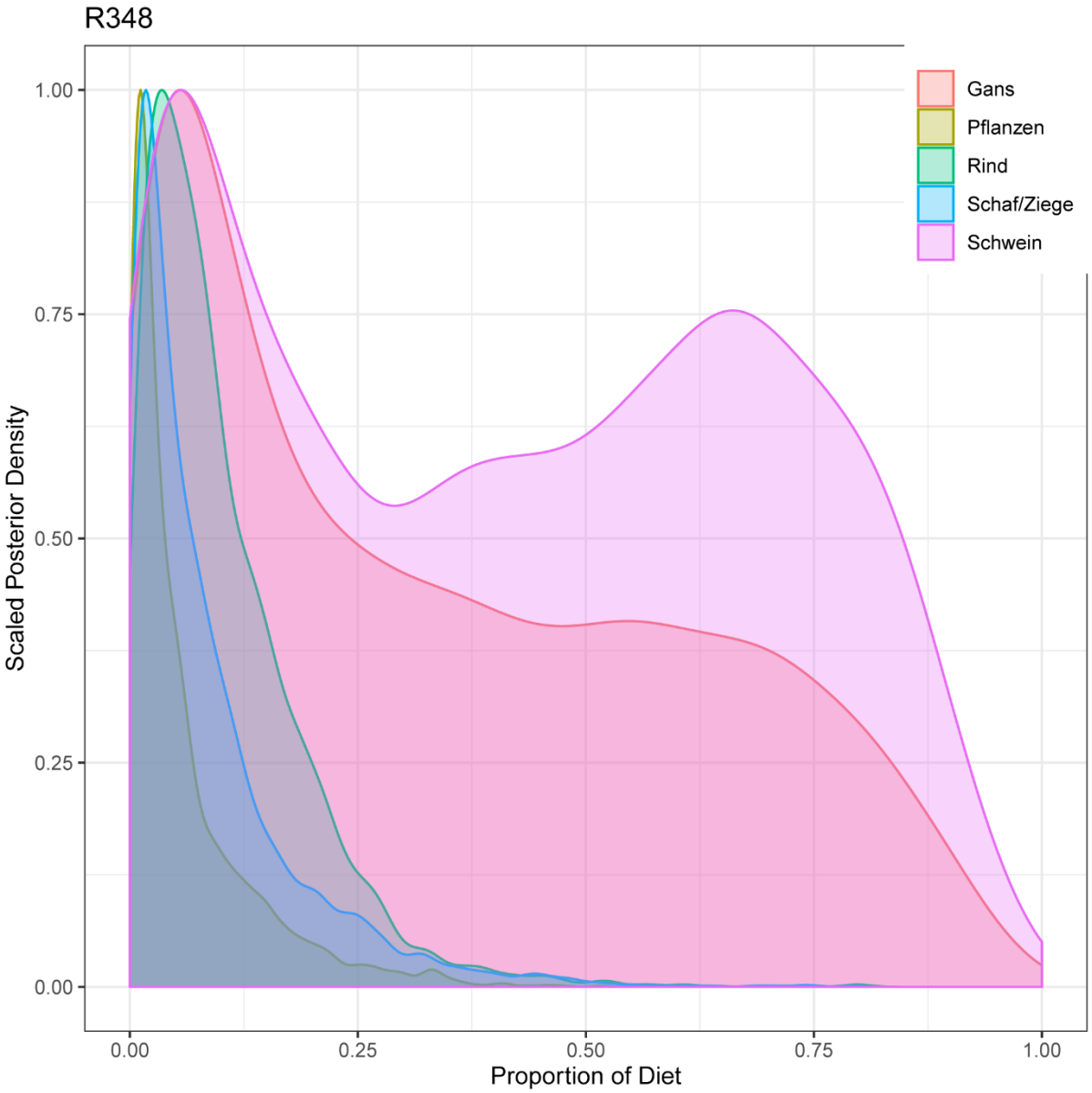


Abbildung 2255: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348. Erstellt mit MixSIAR.

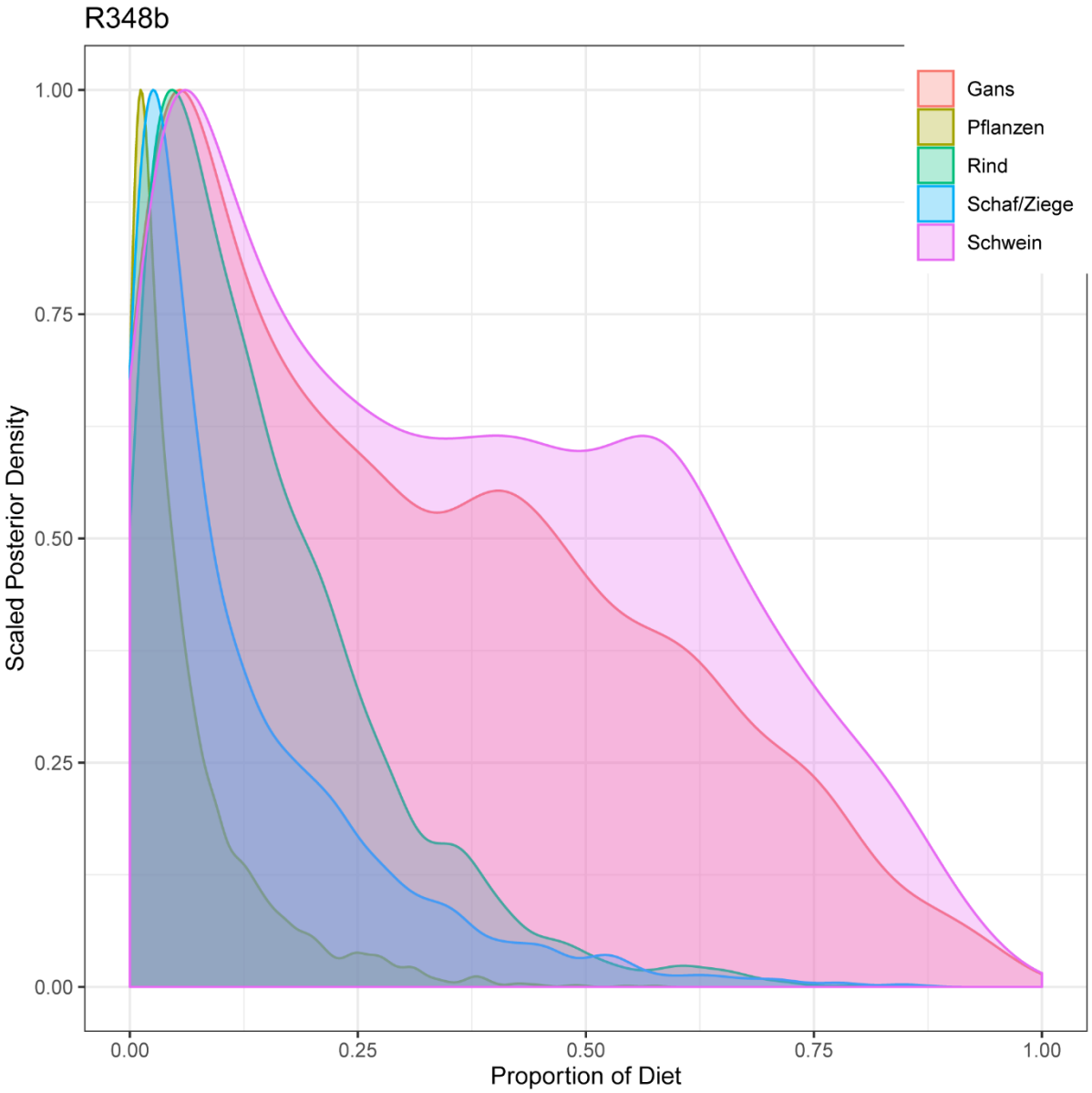


Abbildung 2256: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348b. Erstellt mit MixSIAR.

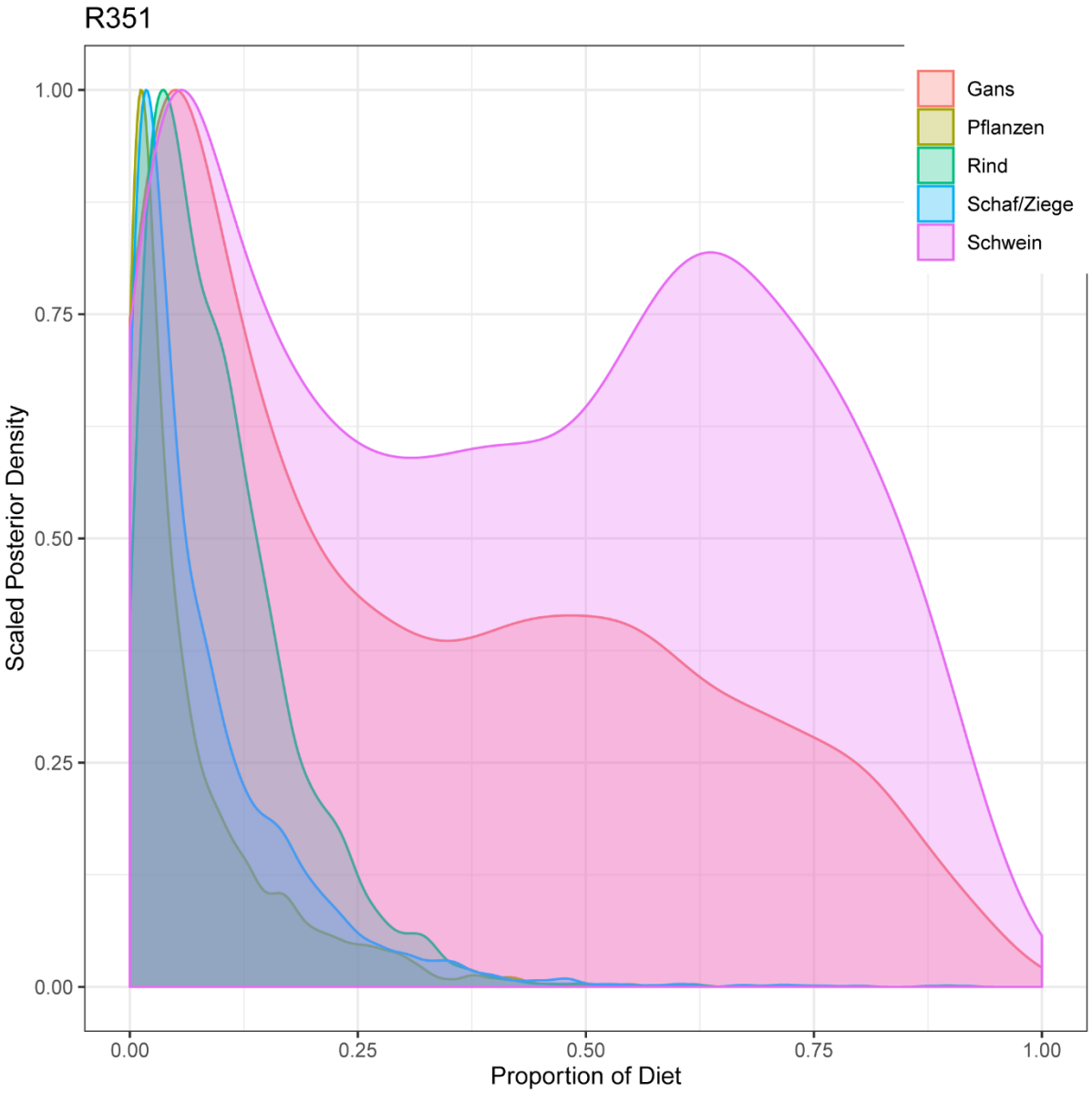


Abbildung 2257: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 351. Erstellt mit MixSIAR.

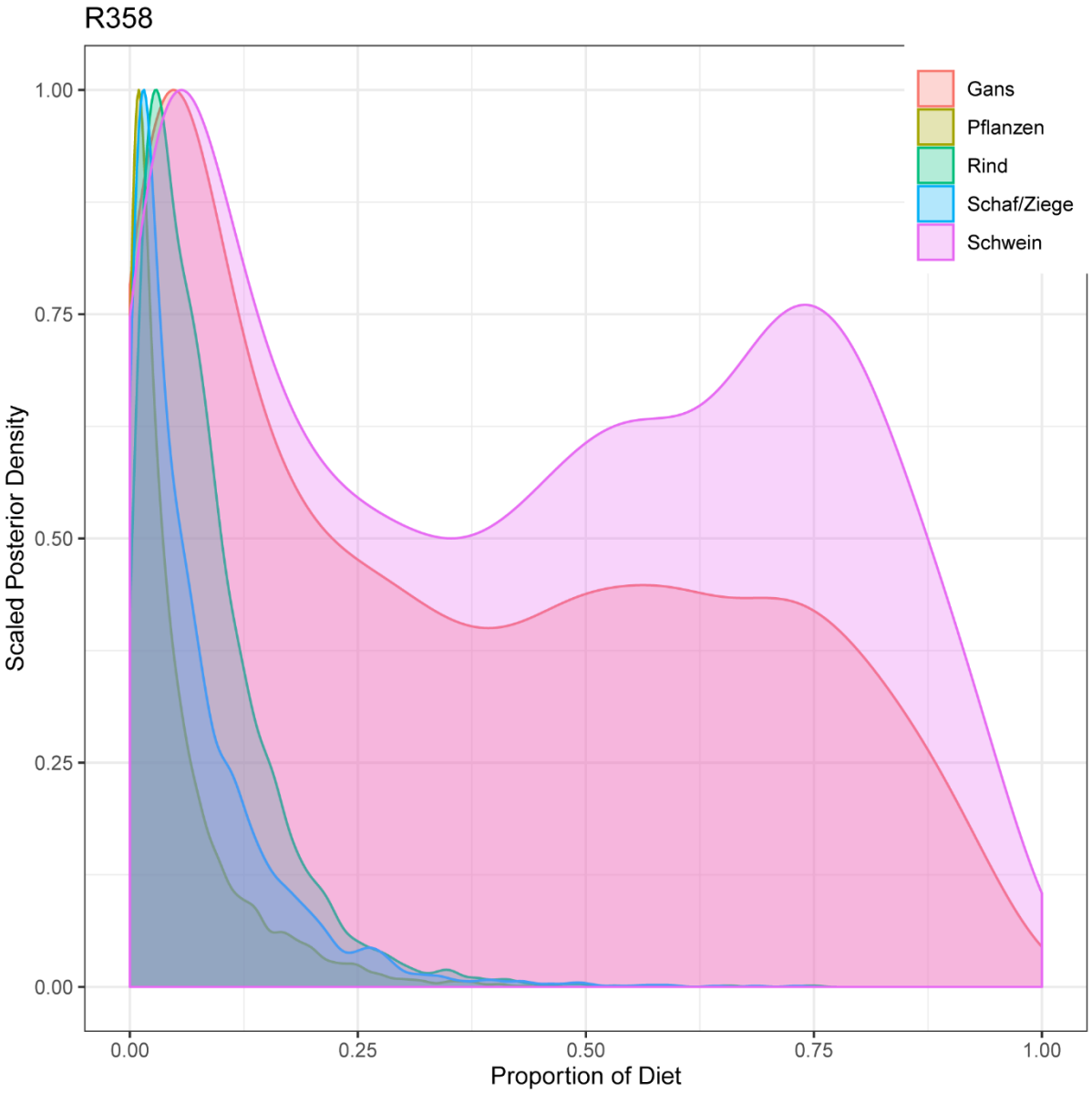


Abbildung 2258: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 358. Erstellt mit MixSIAR.

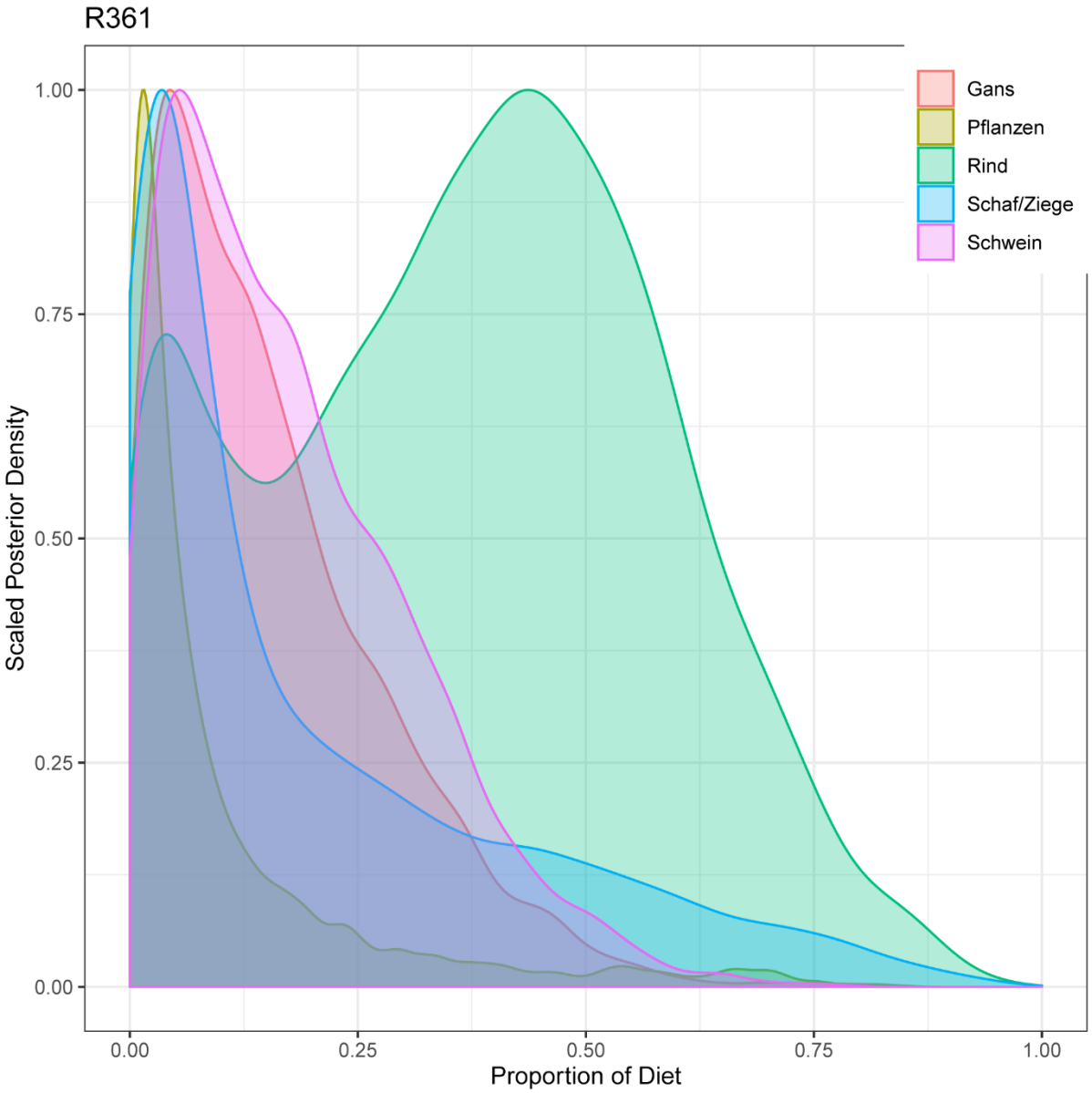


Abbildung 2259: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 361. Erstellt mit MixSIAR.

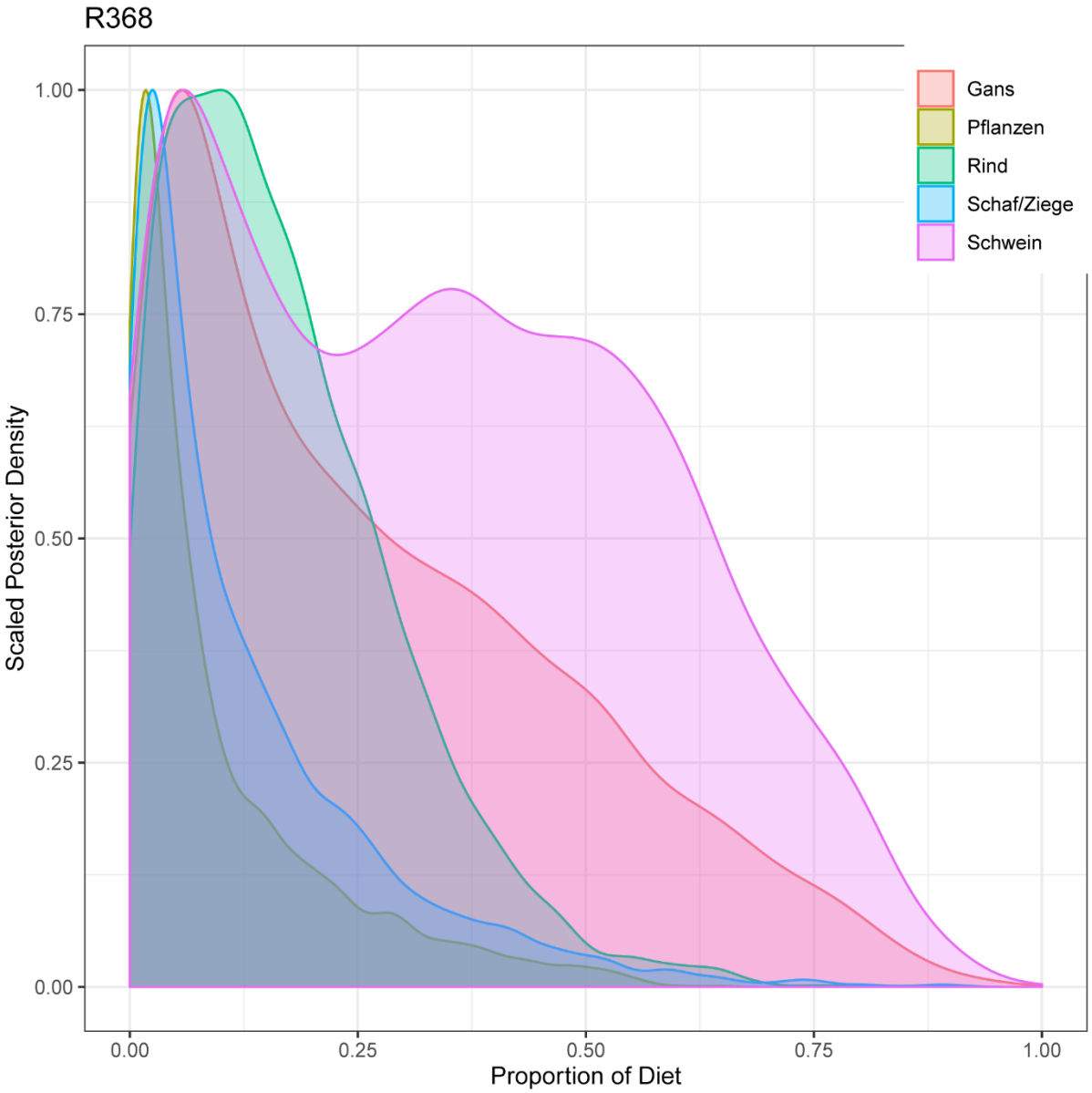


Abbildung 2260: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 368. Erstellt mit MixSIAR.

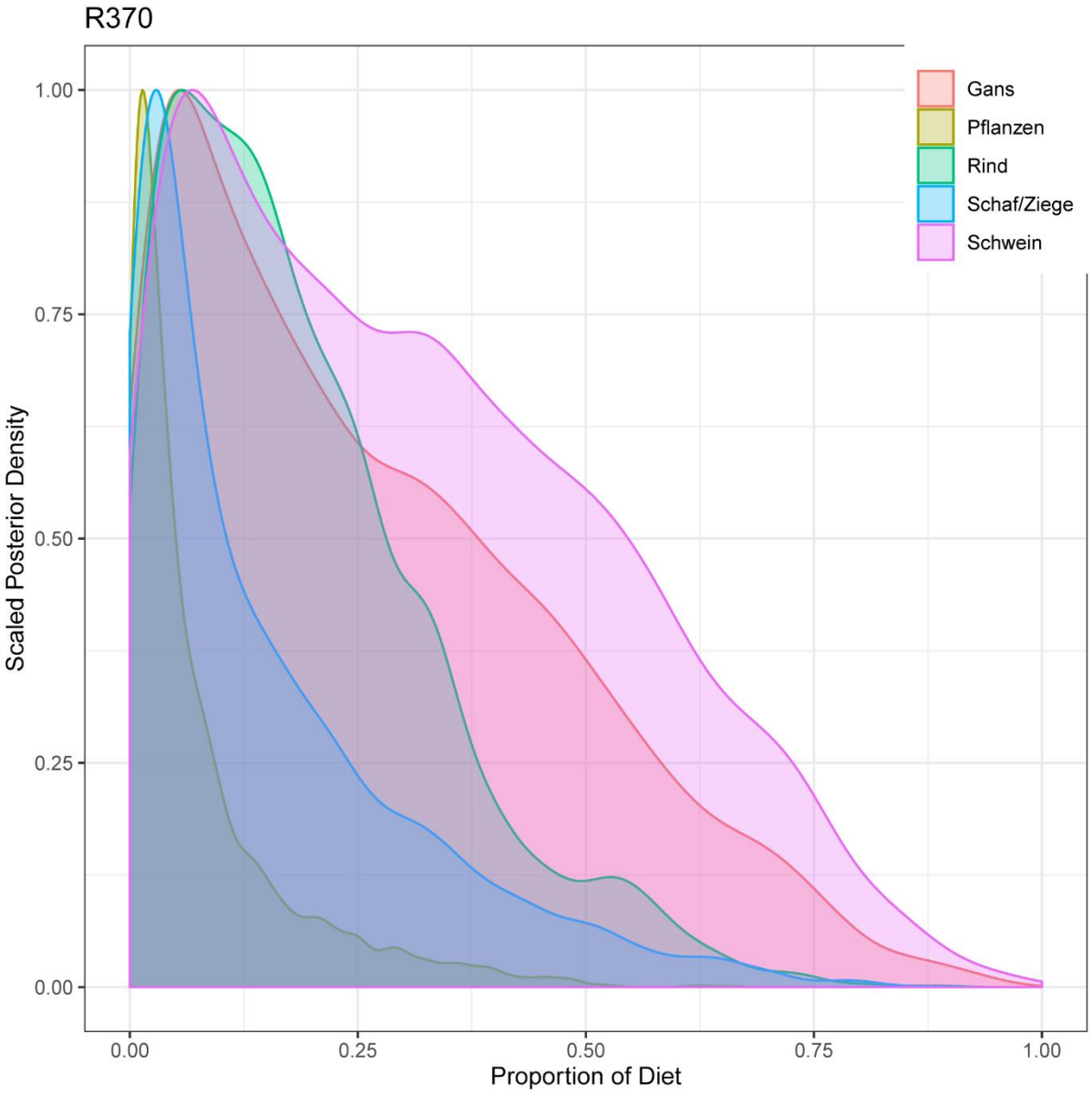


Abbildung 2261: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 370. Erstellt mit MixSIAR.

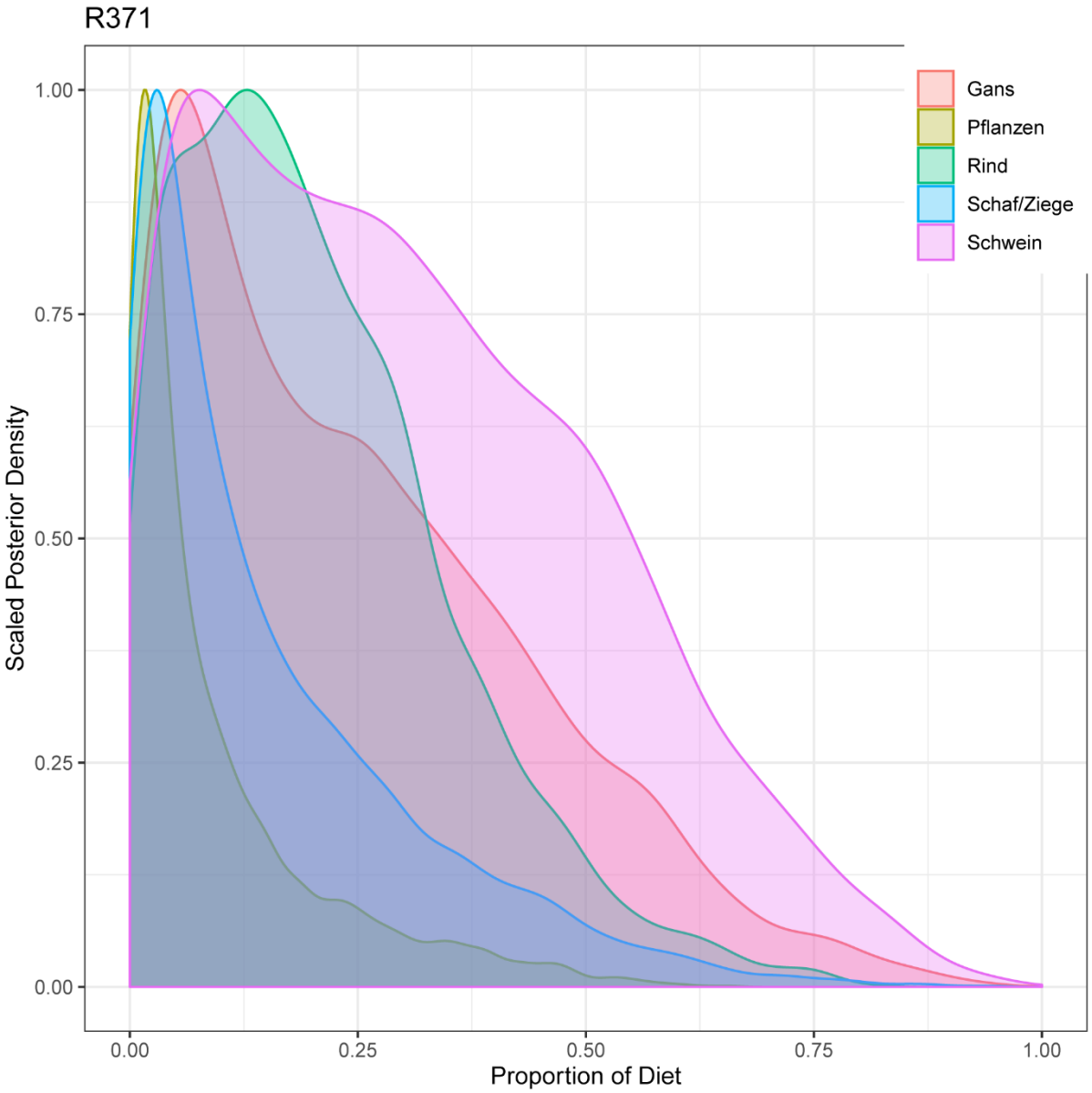


Abbildung 2262: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 371. Erstellt mit MixSIAR.

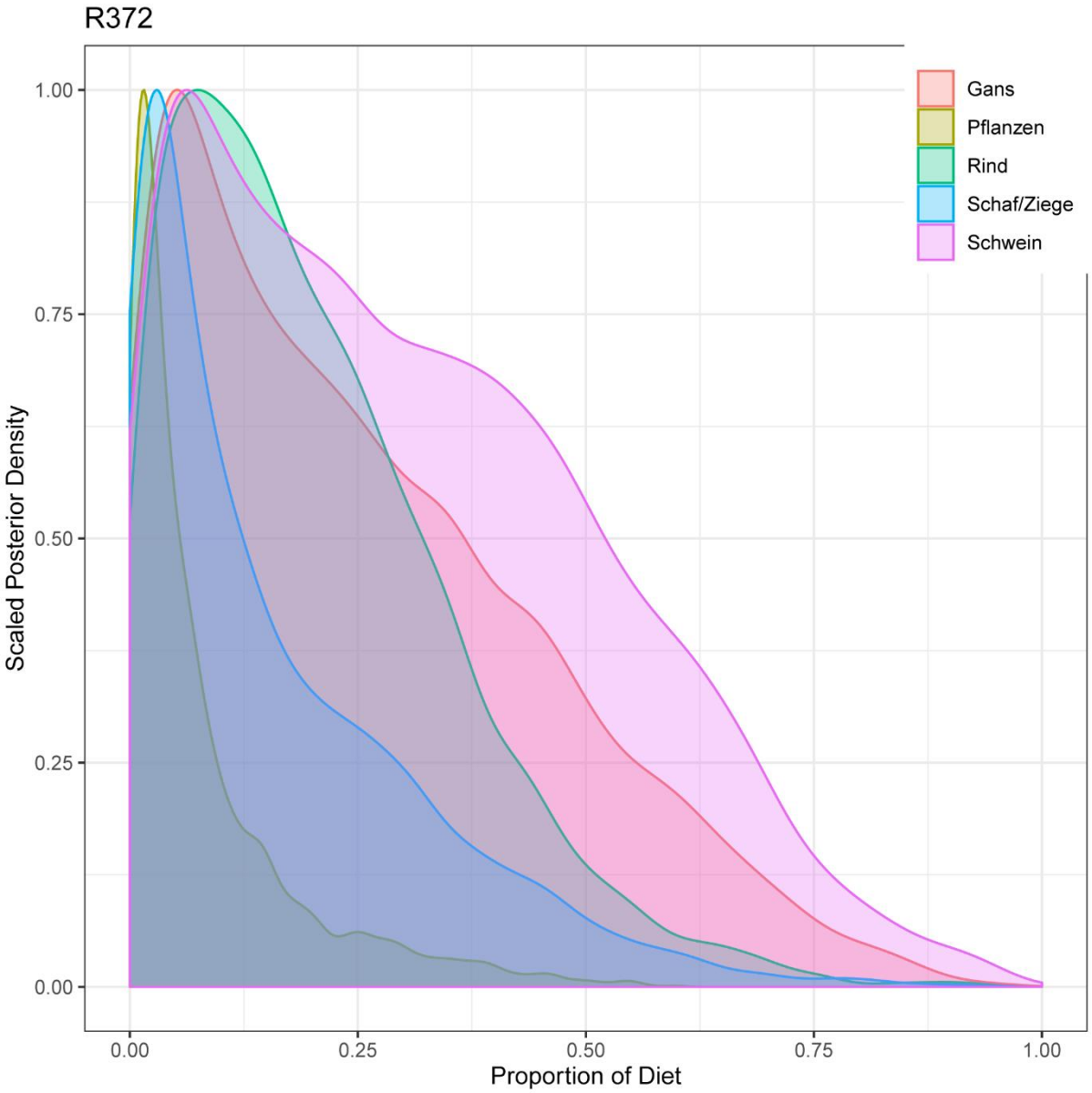


Abbildung 2263: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 372. Erstellt mit MixSIAR.

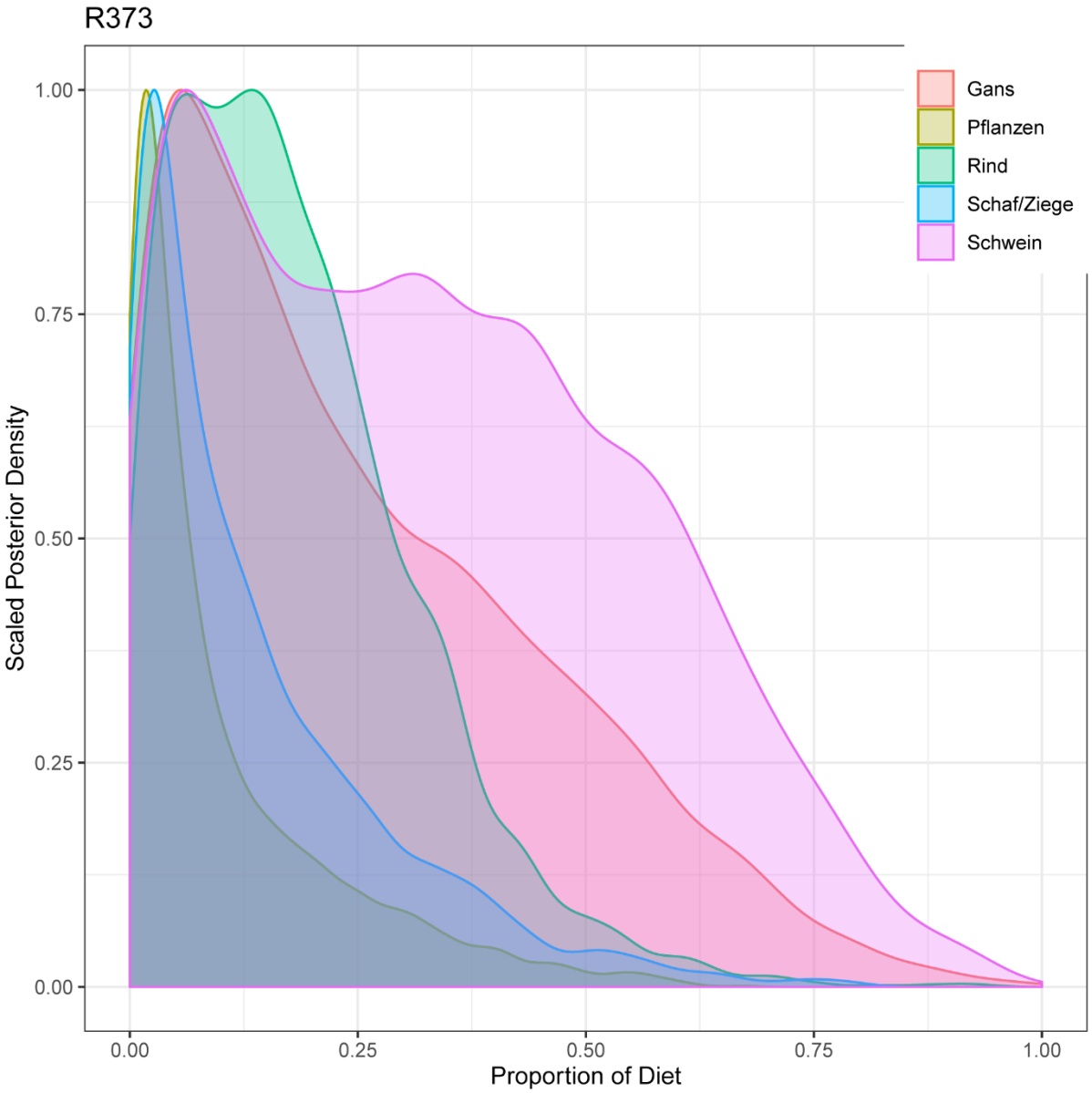


Abbildung 2264: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 373. Erstellt mit MixSIAR.

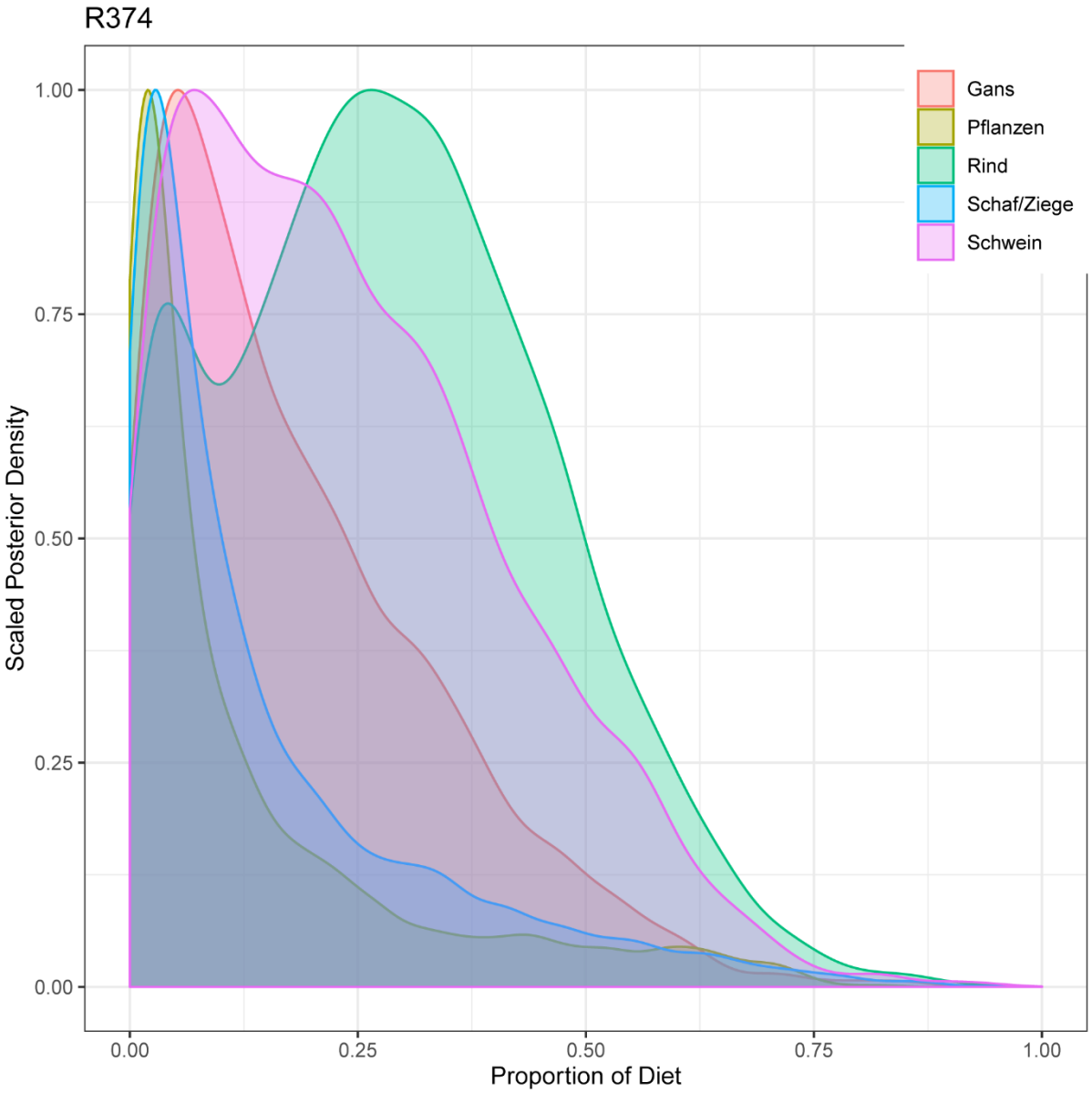


Abbildung 2265: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 374. Erstellt mit MixSIAR.

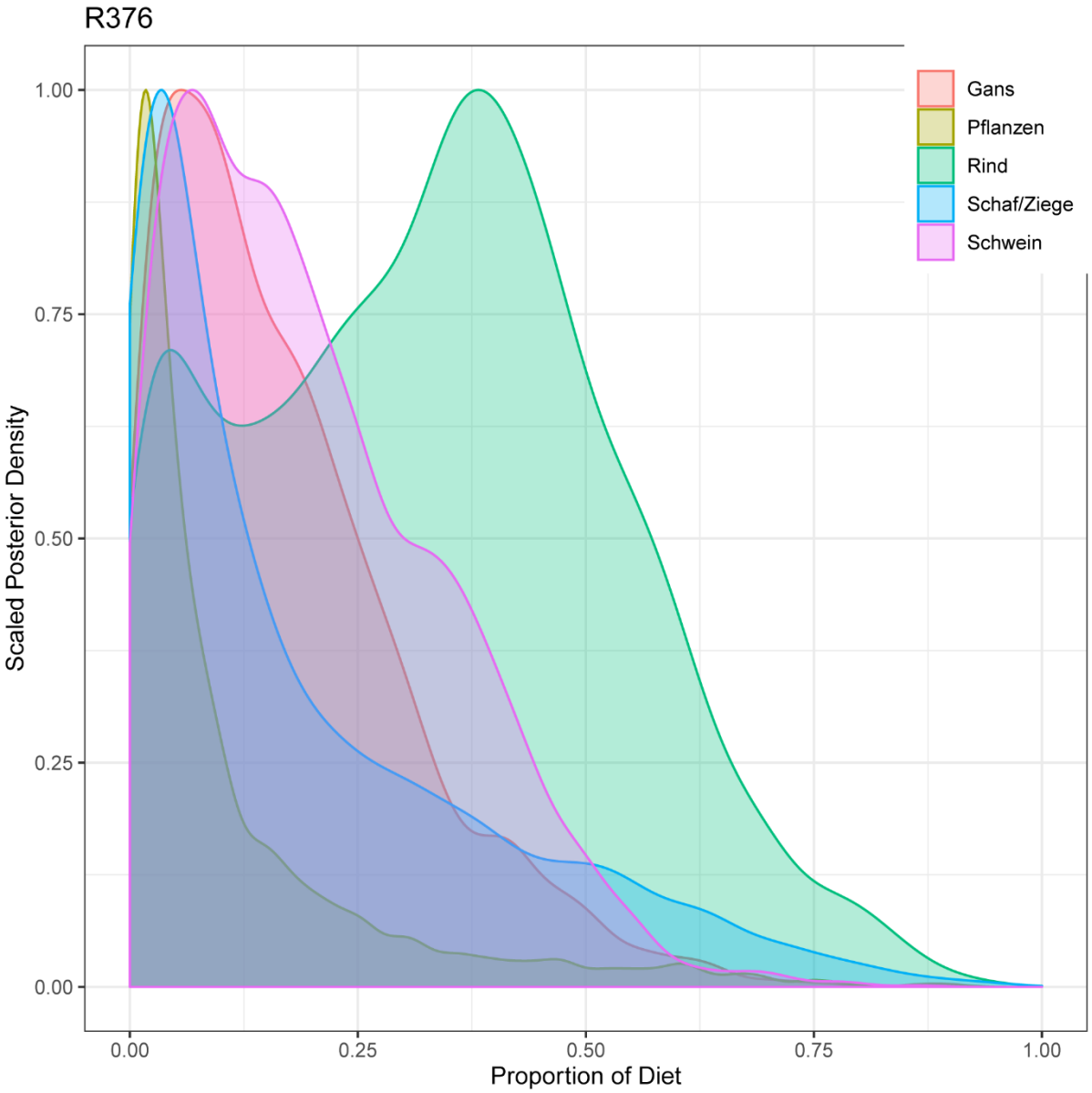


Abbildung 2266: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 376. Erstellt mit MixSIAR.

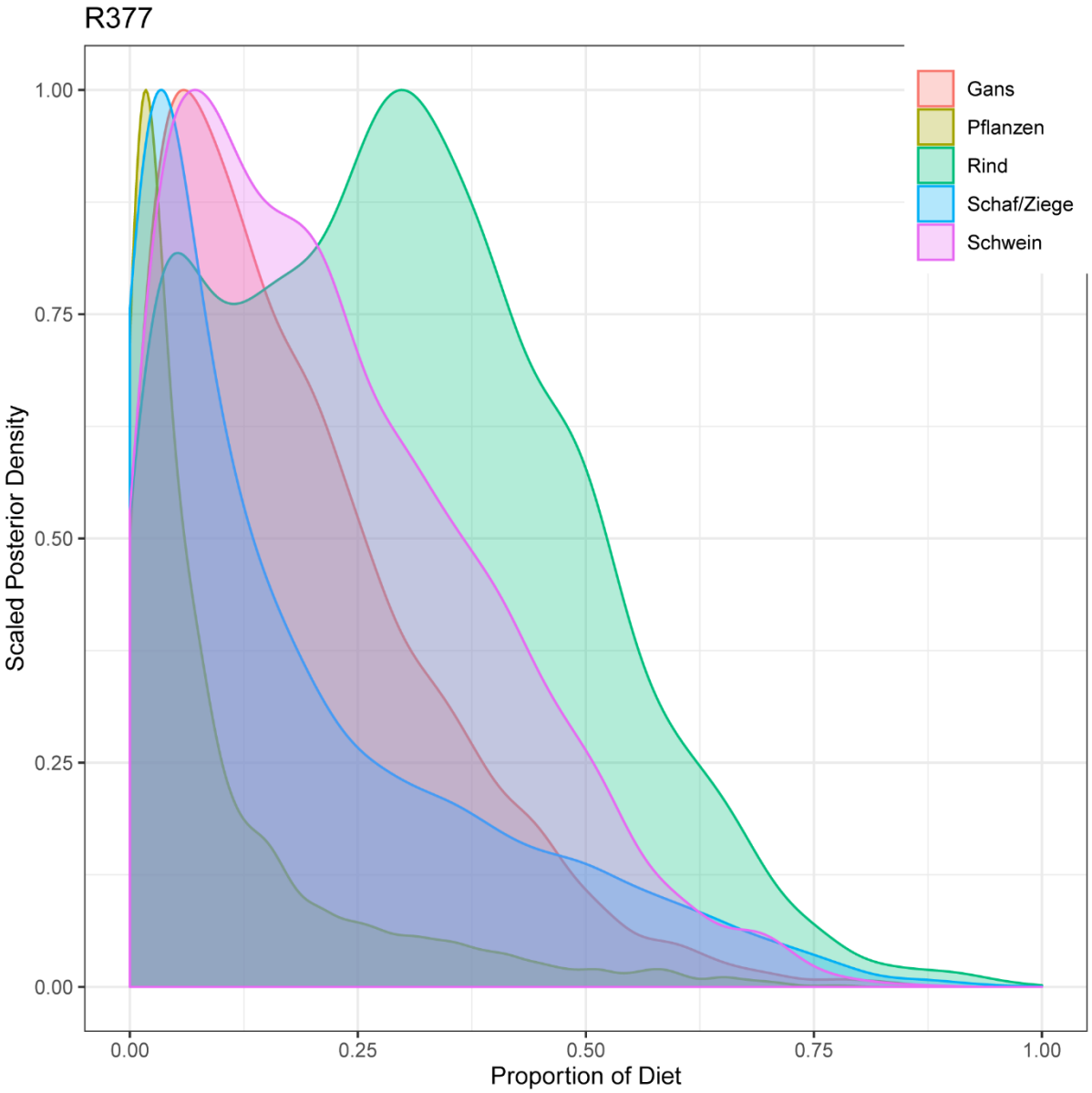


Abbildung 2267: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 377. Erstellt mit MixSIAR.

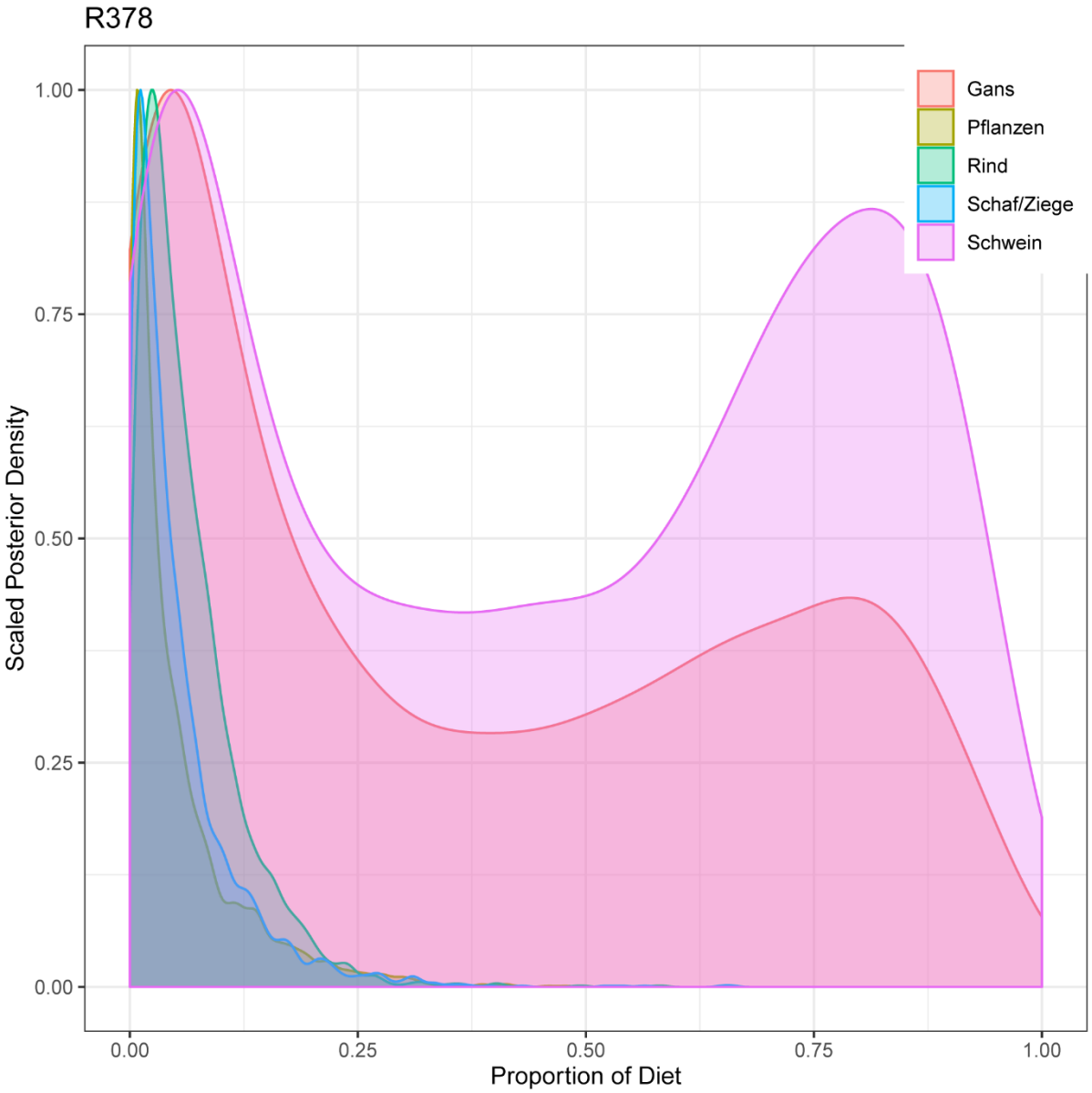


Abbildung 2268: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg) 378. Erstellt mit MixSIAR.

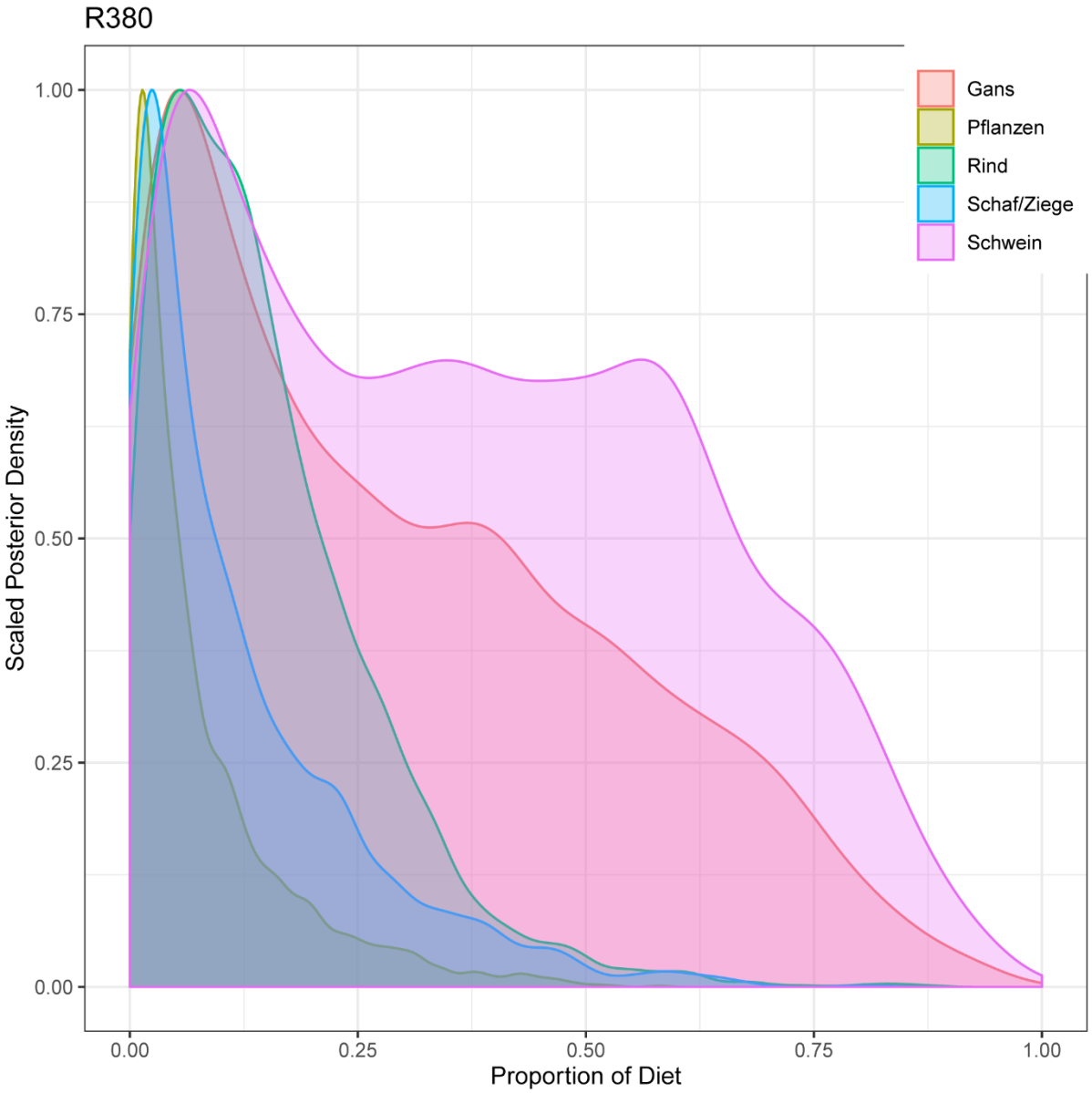


Abbildung 2269: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 380. Erstellt mit MixSIAR.

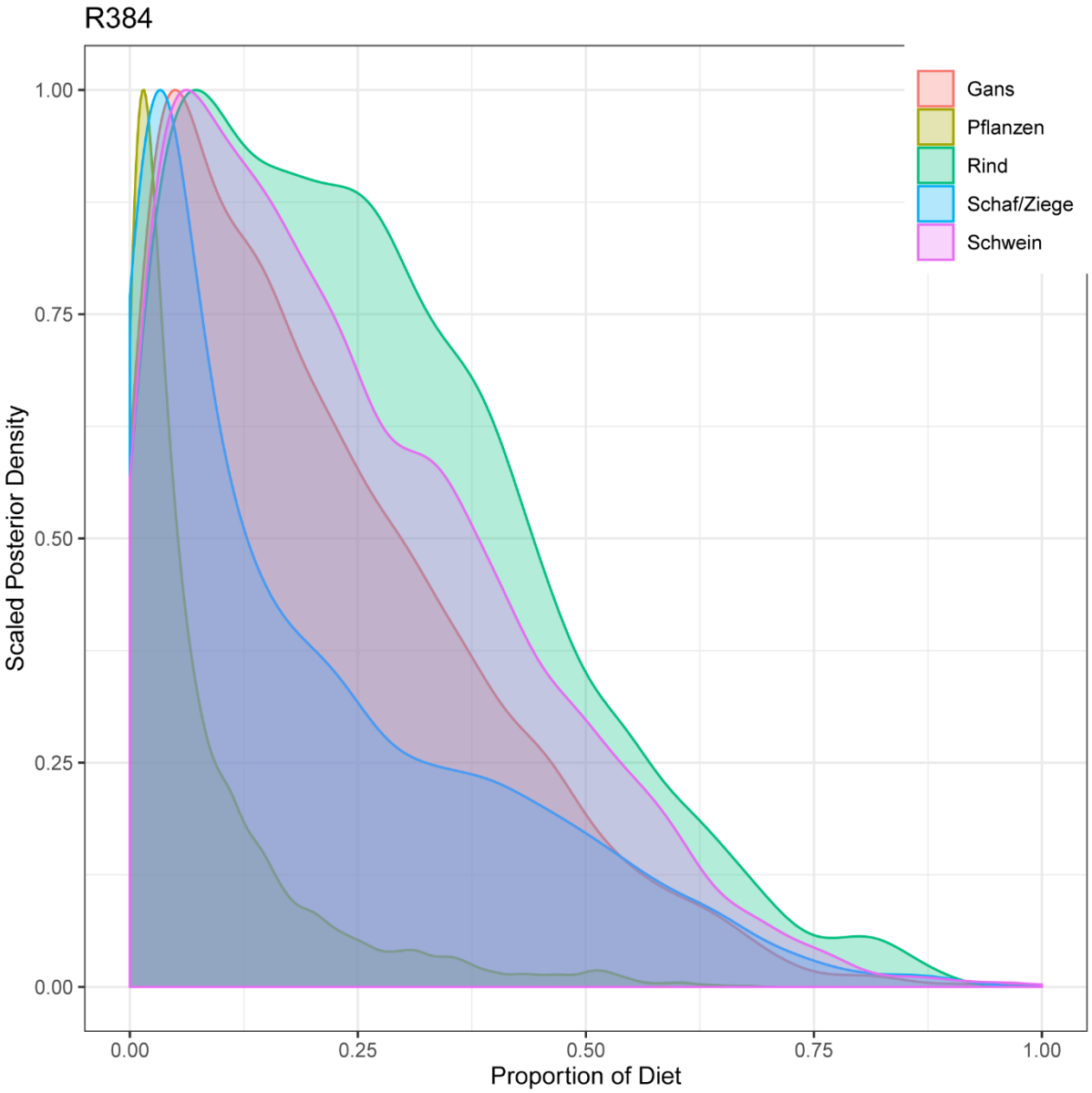


Abbildung 2270: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 384. Erstellt mit MixSIAR.

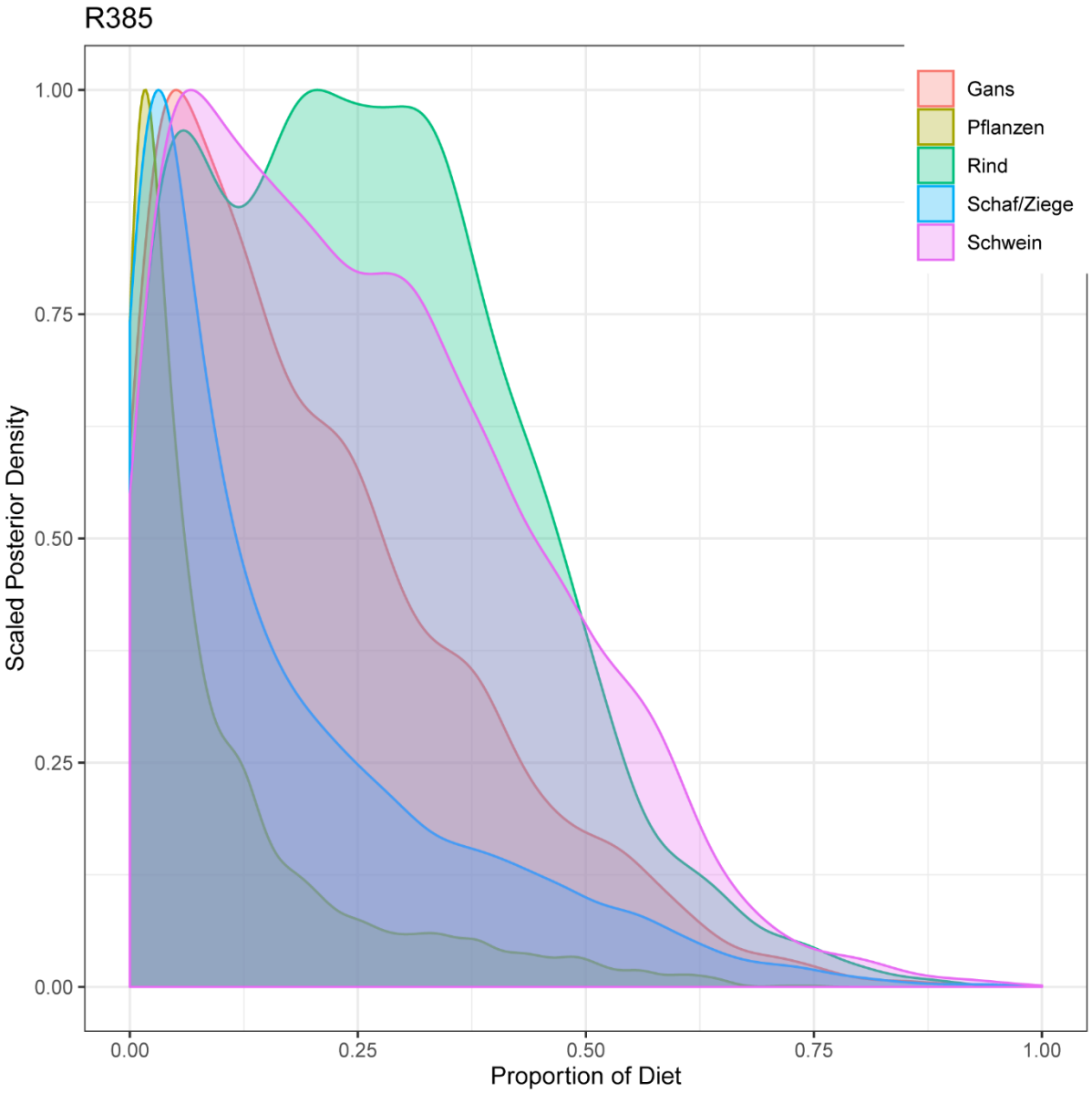


Abbildung 2271: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 385. Erstellt mit MixSIAR.

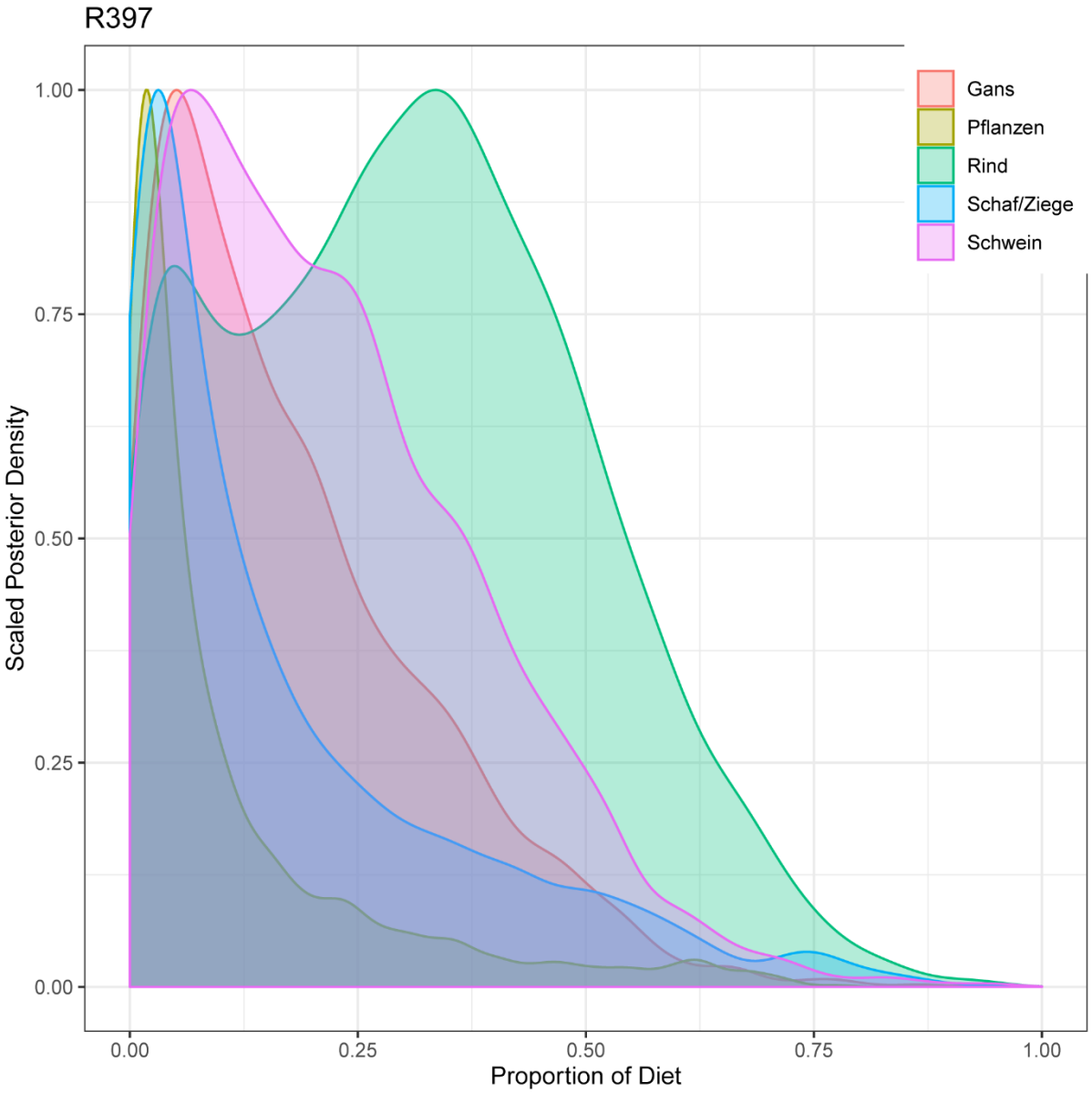


Abbildung 2272: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 397. Erstellt mit MixSIAR.

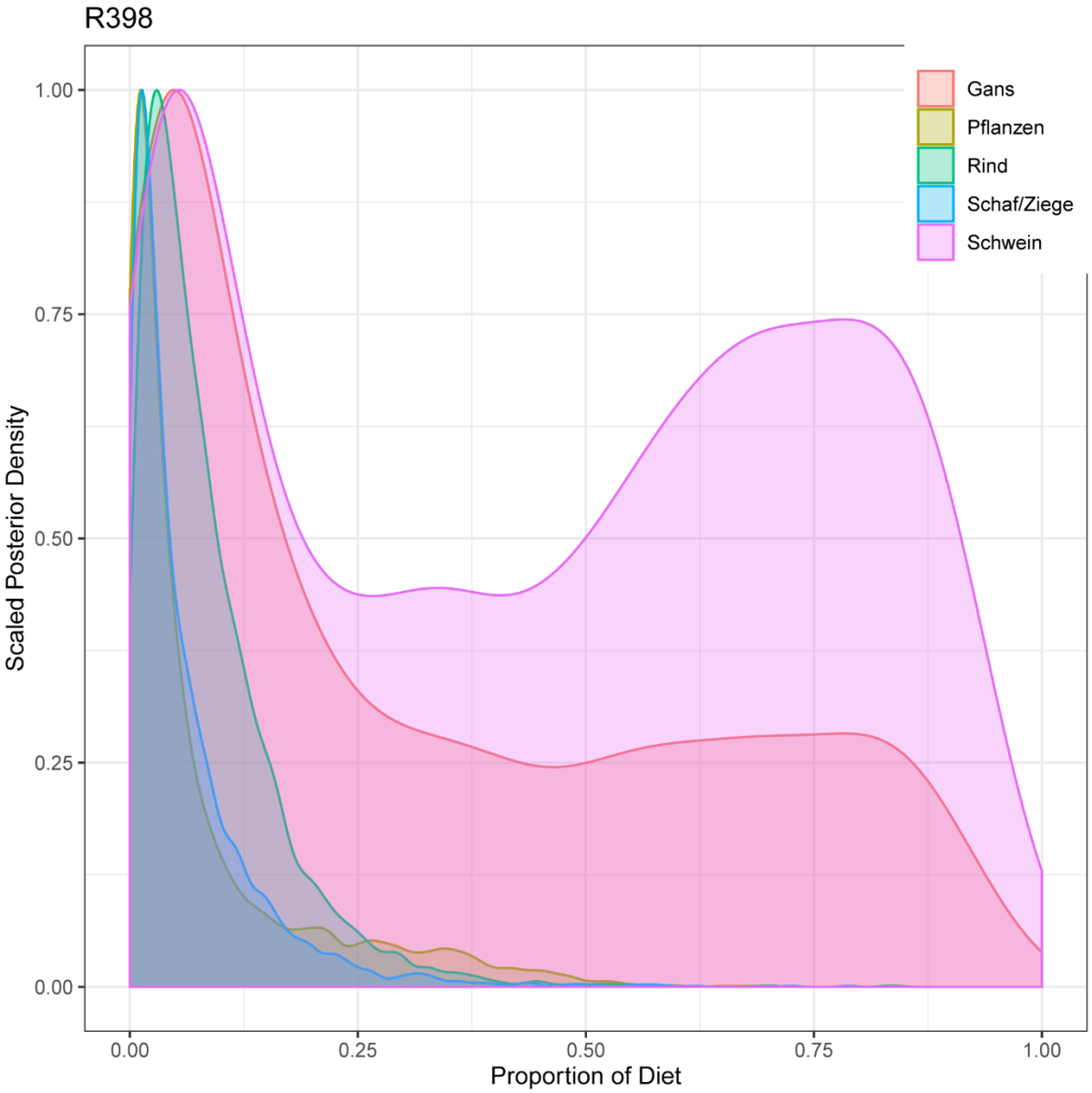


Abbildung 2273: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 398. Erstellt mit MixSIAR.

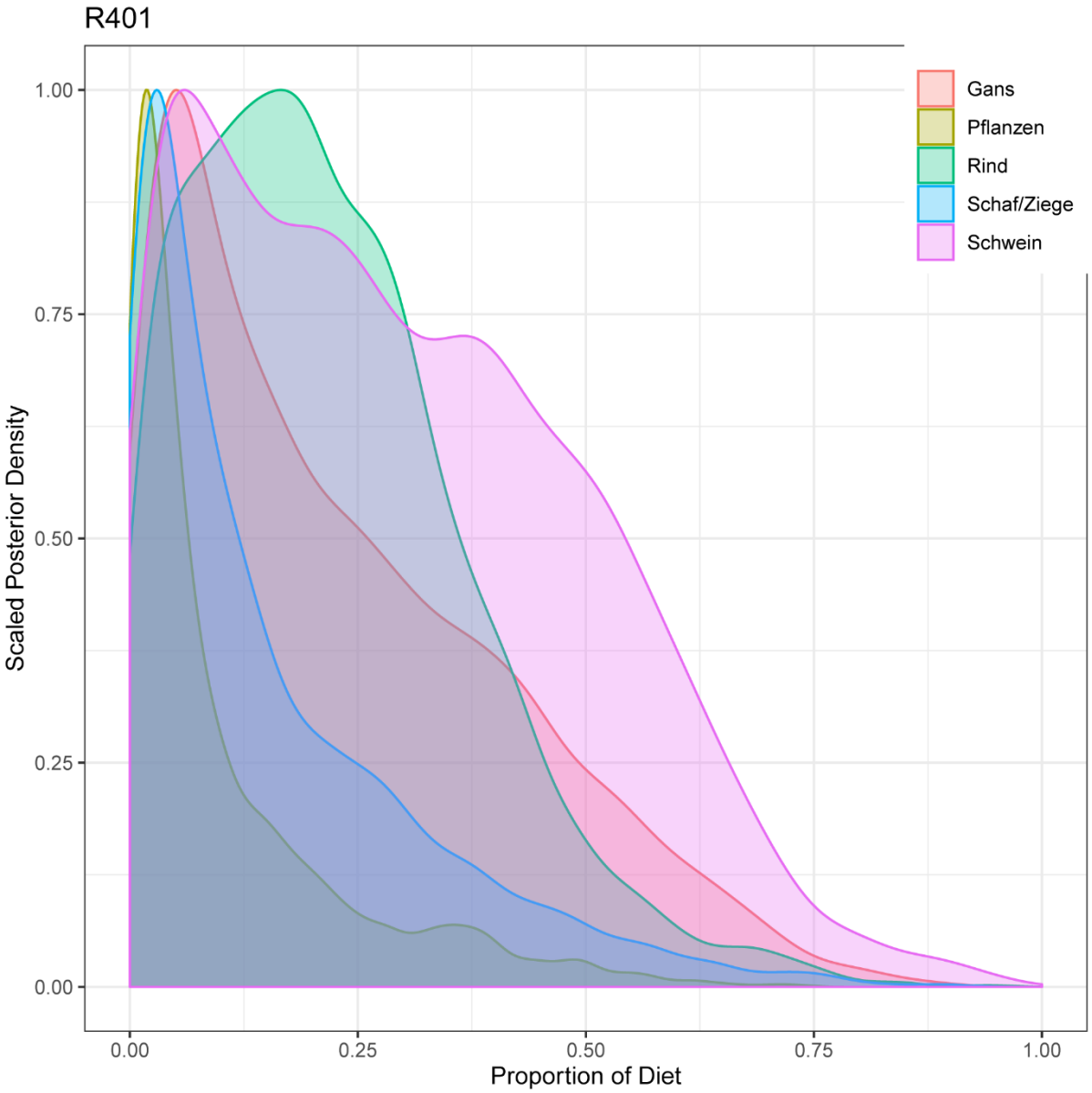


Abbildung 2274: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 401. Erstellt mit MixSIAR.

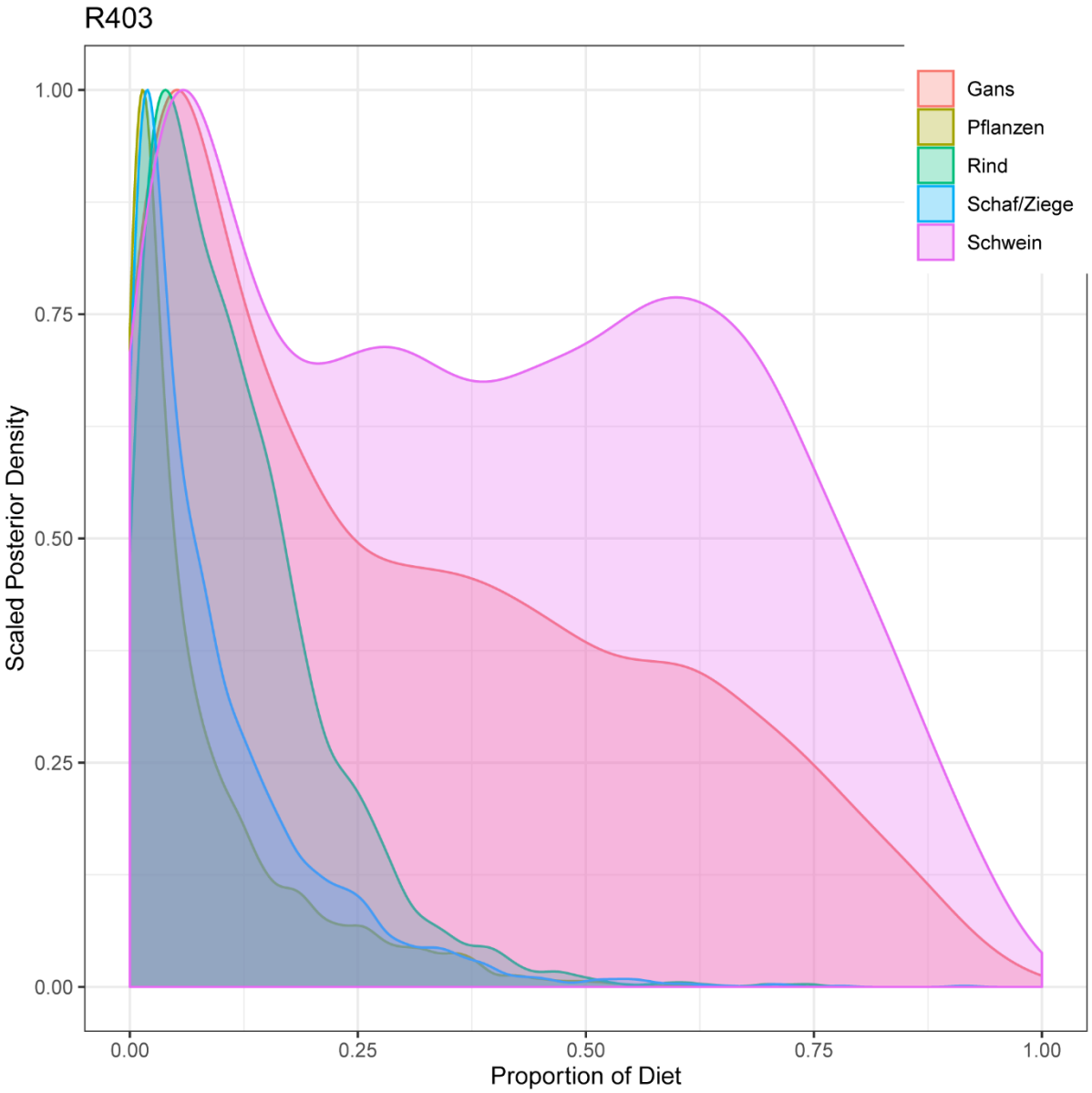


Abbildung 2275: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 403. Erstellt mit MixSIAR.

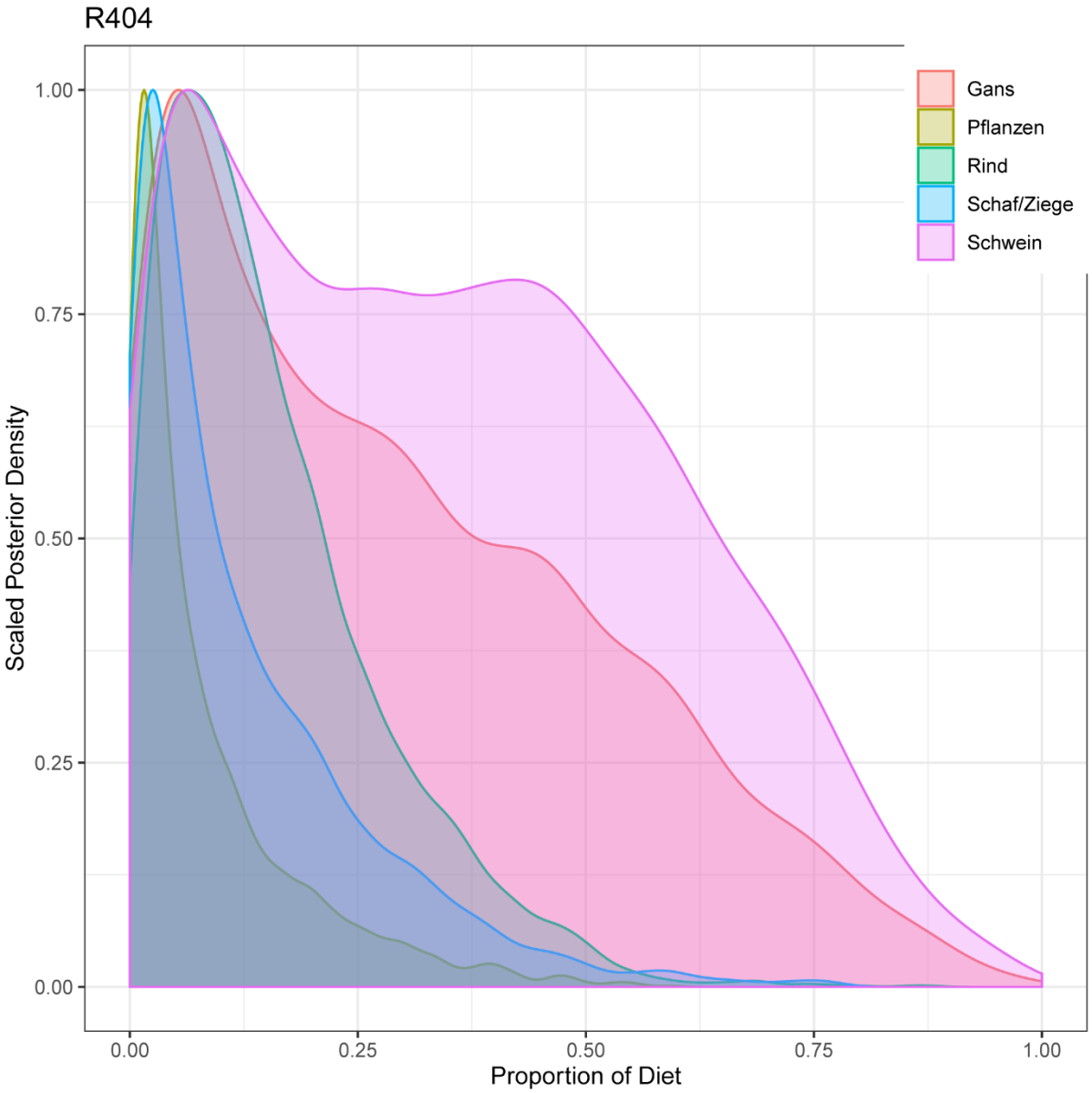


Abbildung 2276: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 404. Erstellt mit MixSIAR.

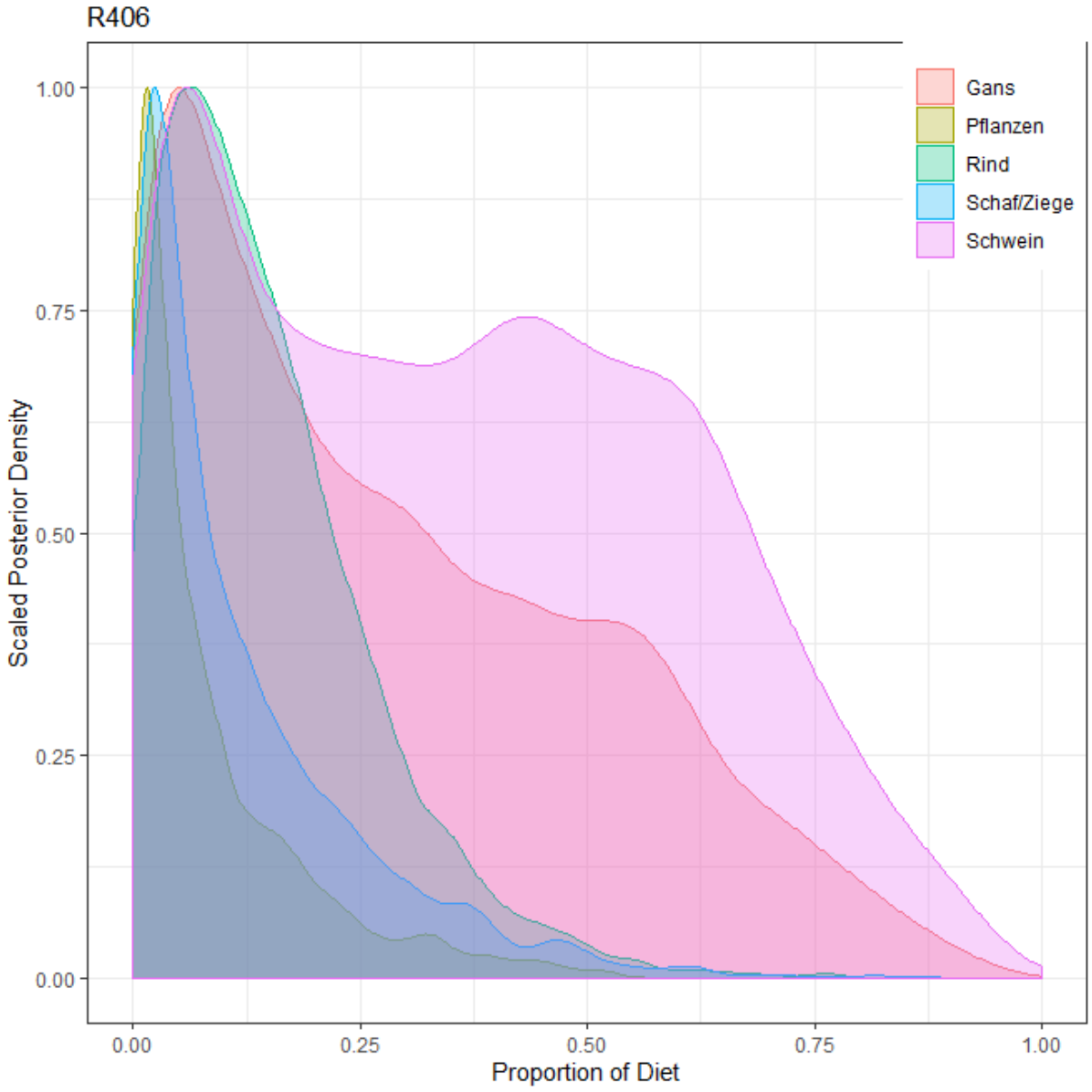


Abbildung 2277: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 406. Erstellt mit MixSIAR.

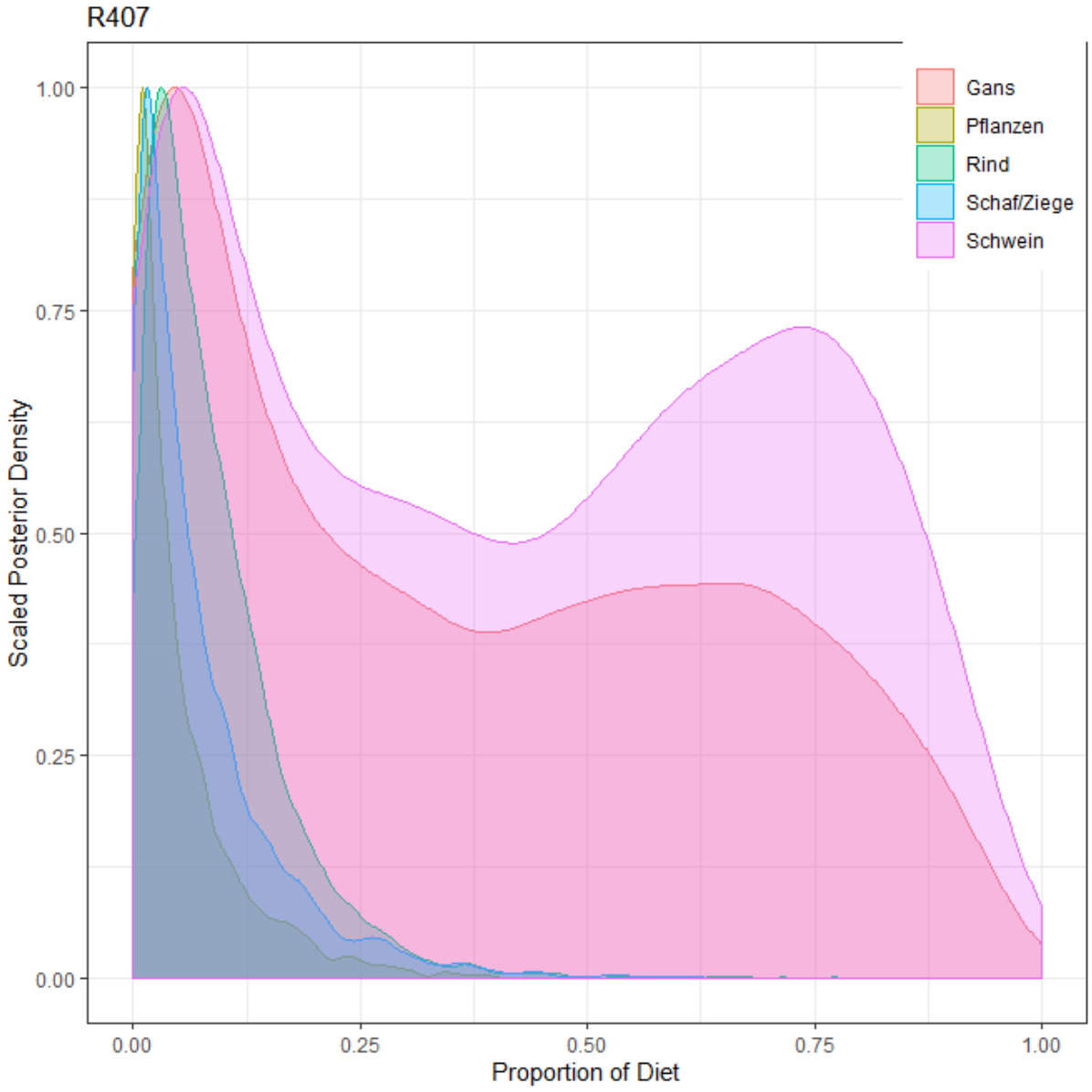


Abbildung 2278: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 407. Erstellt mit MixSIAR.

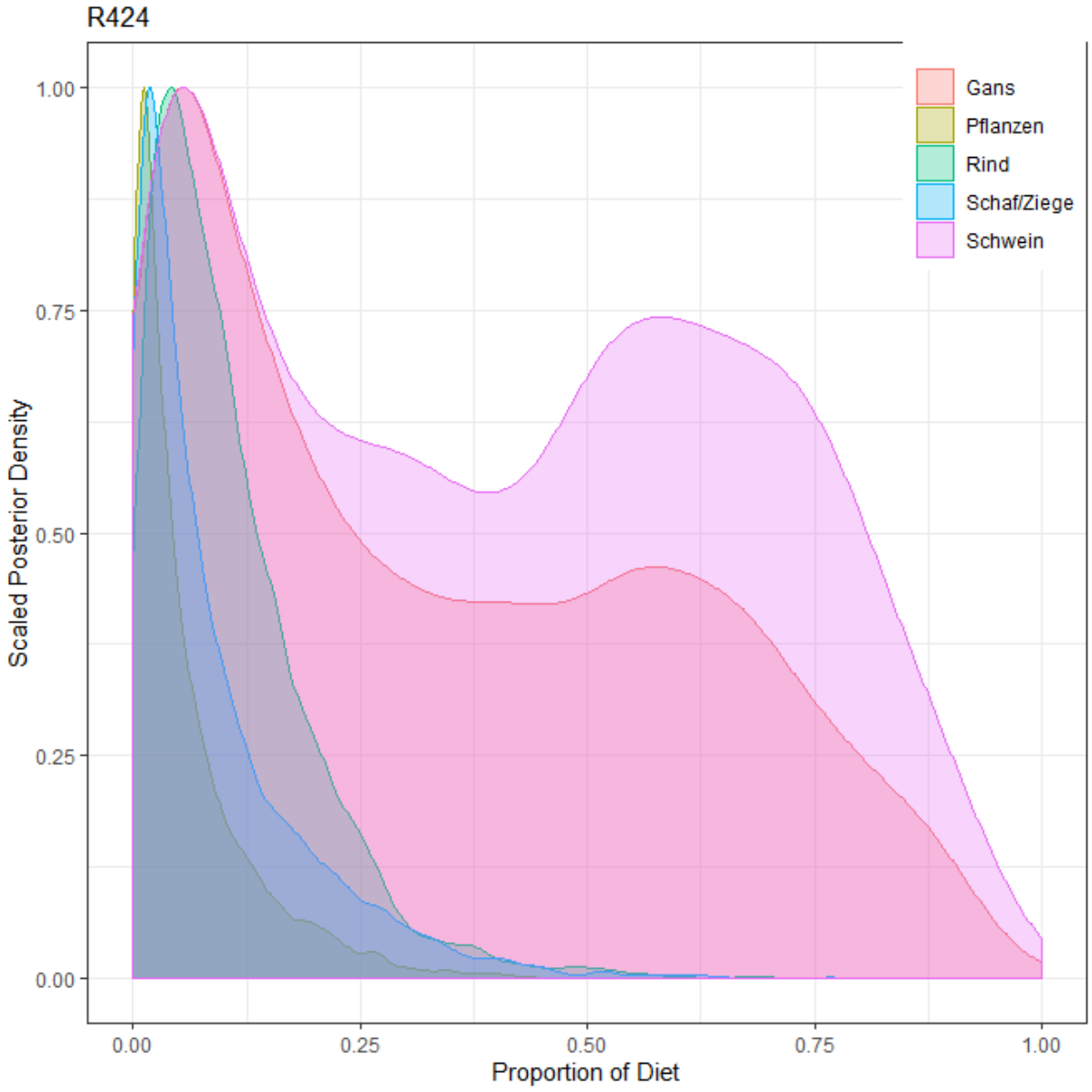


Abbildung 2279: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 424. Erstellt mit MixSIAR.

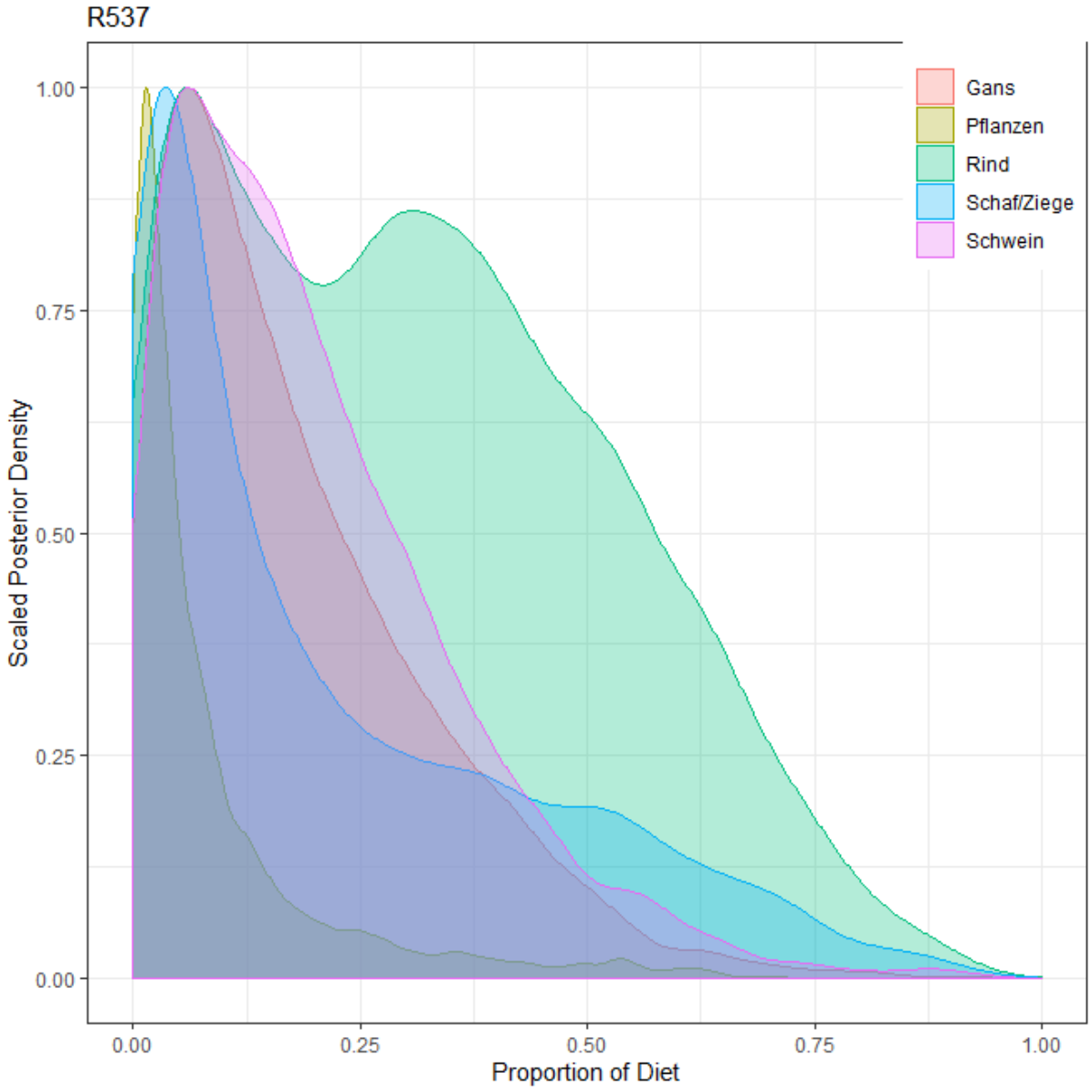


Abbildung 2280: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 537. Erstellt mit MixSIAR.

17.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 47: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Regensburg (R). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
R7	Gans	0,7%	22,4%	18,0%	17,8%	63,8%
	Pflanzen	0,1%	8,9%	10,7%	4,6%	40,8%
	Rind	0,8%	23,5%	16,7%	20,9%	61,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	17,9%	17,6%	11,8%	62,5%
	Schwein	1,0%	27,4%	19,2%	24,9%	70,1%
R12	Gans	0,7%	25,6%	20,5%	20,5%	74,3%
	Pflanzen	0,1%	7,0%	8,6%	3,7%	32,6%
	Rind	0,7%	22,5%	17,8%	18,1%	65,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	17,7%	18,3%	10,9%	65,6%
	Schwein	0,9%	27,2%	21,2%	22,8%	76,4%
R12a	Gans	0,5%	35,5%	27,9%	31,2%	89,2%
	Pflanzen	0,1%	5,1%	5,9%	2,9%	22,5%
	Rind	0,5%	9,6%	9,1%	6,8%	35,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,0%	9,5%	4,8%	35,0%
	Schwein	0,7%	41,9%	29,3%	41,2%	91,0%
R14	Gans	0,5%	33,0%	25,8%	28,8%	86,1%
	Pflanzen	0,1%	5,3%	6,3%	3,0%	22,9%
	Rind	0,5%	15,6%	15,1%	10,6%	56,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,2%	14,5%	6,5%	54,9%
	Schwein	0,7%	33,8%	26,0%	28,9%	87,3%
R22	Gans	0,7%	25,3%	19,8%	20,9%	71,2%
	Pflanzen	0,1%	8,9%	10,7%	4,8%	41,0%
	Rind	0,6%	19,5%	14,4%	17,0%	53,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,4%	15,6%	9,8%	56,2%
	Schwein	0,9%	31,0%	21,8%	28,0%	76,8%
R29	Gans	0,6%	29,8%	23,4%	25,5%	79,1%
	Pflanzen	0,1%	8,0%	9,2%	4,4%	32,9%
	Rind	0,7%	14,2%	11,3%	11,7%	41,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,4%	12,0%	7,1%	43,9%
	Schwein	0,8%	36,6%	24,7%	35,4%	83,1%
R46	Gans	0,4%	35,5%	29,0%	30,2%	89,5%
	Pflanzen	0,1%	5,5%	6,6%	3,0%	24,5%
	Rind	0,5%	8,4%	8,0%	6,0%	28,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,0%	8,1%	4,2%	28,9%
	Schwein	0,6%	43,8%	30,0%	46,0%	91,1%
R47	Gans	0,5%	33,8%	26,1%	30,3%	87,2%
	Pflanzen	0,1%	5,7%	6,9%	3,2%	25,2%
	Rind	0,4%	11,9%	11,0%	8,5%	40,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,7%	10,7%	5,9%	38,4%
	Schwein	0,7%	38,9%	27,3%	36,6%	87,4%
R53	Gans	0,8%	28,3%	21,9%	23,8%	76,6%
	Pflanzen	0,1%	8,1%	9,6%	4,3%	35,6%
	Rind	0,7%	16,6%	13,3%	13,6%	50,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	13,8%	14,4%	8,7%	52,8%
	Schwein	1,0%	33,2%	23,3%	30,9%	80,5%

R56	Gans	0,6%	12,0%	10,4%	9,0%	39,1%
	Pflanzen	0,1%	10,3%	17,3%	3,8%	76,9%
	Rind	0,5%	47,5%	23,6%	51,6%	84,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,3%	21,4%	6,7%	77,5%
	Schwein	0,6%	13,9%	10,7%	11,5%	39,2%
R59	Gans	0,6%	14,3%	11,7%	11,4%	43,0%
	Pflanzen	0,1%	12,1%	17,5%	4,7%	70,8%
	Rind	0,6%	39,3%	21,5%	41,5%	77,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,7%	19,8%	8,3%	70,7%
	Schwein	0,7%	17,7%	13,3%	14,8%	48,0%
R61	Gans	0,6%	34,0%	25,9%	30,2%	85,3%
	Pflanzen	0,1%	5,8%	6,9%	3,4%	26,5%
	Rind	0,5%	12,1%	11,0%	9,2%	41,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,2%	11,7%	6,0%	43,6%
	Schwein	0,7%	37,8%	26,9%	34,9%	87,4%
R64	Gans	0,5%	33,9%	27,2%	29,0%	86,5%
	Pflanzen	0,1%	6,4%	7,7%	3,4%	28,3%
	Rind	0,4%	10,1%	8,6%	8,1%	32,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,2%	9,2%	5,1%	31,6%
	Schwein	0,8%	41,5%	28,3%	42,0%	90,0%
R65	Gans	0,6%	31,9%	25,5%	26,0%	83,6%
	Pflanzen	0,1%	7,2%	8,4%	3,9%	30,7%
	Rind	0,6%	11,9%	9,9%	9,6%	37,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,6%	10,6%	6,0%	38,8%
	Schwein	0,7%	39,4%	26,6%	39,1%	86,6%
R67	Gans	0,6%	27,8%	23,7%	21,6%	81,0%
	Pflanzen	0,1%	10,3%	12,5%	5,1%	44,8%
	Rind	0,6%	13,9%	10,8%	11,6%	40,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,1%	11,6%	5,8%	42,0%
	Schwein	1,0%	37,9%	25,5%	37,2%	84,6%
R69	Gans	0,5%	33,8%	26,6%	29,6%	84,6%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,2%	3,4%	26,9%
	Rind	0,5%	10,6%	8,9%	8,3%	33,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,8%	9,8%	5,4%	35,8%
	Schwein	0,7%	40,6%	27,7%	41,0%	88,9%
R70	Gans	0,5%	32,8%	25,5%	29,0%	83,6%
	Pflanzen	0,1%	6,6%	7,9%	3,6%	29,1%
	Rind	0,5%	11,7%	10,2%	9,2%	38,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,0%	10,9%	6,0%	39,4%
	Schwein	0,7%	38,9%	26,7%	37,5%	88,3%
R76	Gans	0,6%	32,3%	26,2%	26,9%	85,4%
	Pflanzen	0,1%	6,7%	7,9%	3,6%	30,2%
	Rind	0,5%	10,8%	8,9%	8,4%	33,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,2%	10,2%	5,9%	36,8%
	Schwein	0,7%	41,1%	27,7%	41,7%	89,0%
R79	Gans	0,6%	31,5%	25,7%	25,6%	84,8%
	Pflanzen	0,1%	7,4%	8,8%	4,0%	33,2%
	Rind	0,5%	11,4%	9,6%	9,1%	37,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,7%	10,5%	6,1%	38,2%
	Schwein	0,7%	40,0%	26,9%	40,0%	88,1%

R80	Gans	0,6%	17,0%	13,9%	13,3%	50,3%
	Pflanzen	0,1%	12,7%	16,8%	5,5%	63,6%
	Rind	0,7%	32,1%	19,6%	32,6%	72,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,6%	18,7%	8,7%	67,4%
	Schwein	0,8%	21,6%	15,7%	18,6%	56,8%
R83	Gans	0,4%	36,5%	29,3%	31,2%	90,7%
	Pflanzen	0,1%	5,1%	6,1%	2,9%	22,1%
	Rind	0,4%	8,2%	7,6%	6,1%	27,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,8%	7,6%	4,3%	28,8%
	Schwein	0,4%	43,4%	30,3%	44,3%	92,3%
R84	Gans	0,6%	28,2%	22,5%	23,2%	77,0%
	Pflanzen	0,1%	8,3%	9,6%	4,7%	35,6%
	Rind	0,7%	15,3%	11,7%	12,7%	43,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,3%	13,0%	7,6%	49,2%
	Schwein	0,7%	35,9%	23,9%	34,9%	80,9%
R85a	Gans	0,8%	19,0%	15,2%	15,6%	55,7%
	Pflanzen	0,1%	11,1%	14,5%	4,9%	55,2%
	Rind	0,8%	29,4%	18,8%	28,2%	69,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	17,7%	18,4%	10,3%	64,5%
	Schwein	1,0%	22,8%	16,2%	20,1%	58,9%
R86	Gans	0,9%	18,2%	14,7%	14,4%	53,5%
	Pflanzen	0,1%	12,5%	16,3%	5,7%	60,8%
	Rind	0,9%	30,4%	18,3%	31,0%	68,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,0%	17,9%	8,7%	66,0%
	Schwein	0,8%	22,9%	16,3%	20,2%	59,8%
R87	Gans	0,6%	31,6%	25,7%	25,8%	85,5%
	Pflanzen	0,1%	7,7%	9,1%	4,0%	33,4%
	Rind	0,5%	11,5%	9,4%	9,3%	34,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,4%	10,4%	5,7%	38,0%
	Schwein	0,9%	39,8%	26,8%	40,1%	87,5%
R89	Gans	0,8%	27,8%	22,1%	22,9%	76,2%
	Pflanzen	0,1%	8,6%	9,9%	4,6%	35,7%
	Rind	0,7%	15,7%	12,0%	13,3%	45,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	12,9%	13,5%	8,1%	49,0%
	Schwein	0,8%	35,0%	23,6%	33,7%	79,6%
R96	Gans	0,5%	11,3%	10,7%	8,0%	39,2%
	Pflanzen	0,1%	12,9%	23,1%	3,6%	89,3%
	Rind	0,4%	49,2%	26,0%	55,6%	86,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,7%	20,1%	4,5%	77,0%
	Schwein	0,6%	13,9%	11,6%	11,2%	42,6%
R97	Gans	0,6%	32,8%	26,3%	27,7%	85,5%
	Pflanzen	0,1%	6,7%	7,9%	3,7%	28,9%
	Rind	0,5%	11,1%	9,5%	8,5%	35,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,0%	9,9%	5,7%	36,4%
	Schwein	0,8%	40,4%	27,6%	40,4%	87,7%
R99	Gans	0,6%	11,2%	10,0%	8,6%	35,7%
	Pflanzen	0,1%	8,4%	14,8%	3,0%	63,3%
	Rind	0,5%	47,0%	27,5%	52,8%	88,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	21,7%	26,0%	9,1%	83,9%
	Schwein	0,5%	11,7%	9,8%	9,2%	36,3%

R100	Gans	1,4%	29,0%	19,2%	26,2%	68,6%
	Pflanzen	0,3%	6,9%	6,2%	5,4%	24,4%
	Rind	1,3%	16,9%	7,9%	16,6%	34,0%
	Schaf/Ziege	0,6%	11,2%	8,9%	8,9%	33,6%
	Schwein	1,7%	35,9%	20,3%	36,8%	71,3%
R107	Gans	0,7%	27,2%	21,8%	22,3%	76,7%
	Pflanzen	0,1%	8,1%	9,7%	4,3%	36,8%
	Rind	0,7%	17,5%	13,8%	14,1%	52,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,2%	14,7%	8,9%	53,2%
	Schwein	0,8%	33,1%	23,4%	30,3%	80,2%
R112	Gans	0,5%	31,2%	26,0%	24,7%	84,4%
	Pflanzen	0,1%	8,2%	10,0%	4,0%	37,6%
	Rind	0,6%	10,8%	8,7%	8,9%	31,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,7%	9,4%	5,6%	34,4%
	Schwein	0,7%	41,1%	27,7%	41,5%	89,0%
R115	Gans	0,7%	30,3%	23,5%	25,7%	81,9%
	Pflanzen	0,1%	6,4%	7,8%	3,5%	28,9%
	Rind	0,7%	17,5%	15,2%	13,2%	58,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,1%	15,8%	7,9%	58,6%
	Schwein	0,7%	31,7%	24,0%	27,9%	82,5%
R116	Gans	0,4%	34,8%	27,6%	29,9%	88,8%
	Pflanzen	0,1%	5,2%	5,9%	2,9%	22,5%
	Rind	0,5%	10,3%	10,2%	7,2%	37,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,6%	10,0%	4,8%	37,1%
	Schwein	0,6%	41,1%	28,8%	40,8%	90,3%
R117	Gans	0,7%	24,2%	19,1%	19,5%	67,3%
	Pflanzen	0,2%	9,4%	11,3%	4,9%	42,4%
	Rind	0,7%	20,5%	14,7%	18,0%	55,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,7%	16,0%	10,2%	58,0%
	Schwein	1,1%	30,2%	20,9%	27,3%	74,4%
R120	Gans	0,5%	28,7%	25,6%	20,2%	83,5%
	Pflanzen	0,1%	10,2%	12,7%	4,5%	46,7%
	Rind	0,6%	12,2%	10,4%	9,7%	38,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,8%	10,3%	5,3%	37,6%
	Schwein	0,7%	40,1%	26,8%	39,9%	86,8%
R121	Gans	0,3%	41,0%	33,8%	36,2%	94,1%
	Pflanzen	0,1%	3,1%	3,8%	1,8%	13,8%
	Rind	0,3%	6,1%	7,3%	3,9%	26,6%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,0%	7,6%	2,7%	24,4%
	Schwein	0,4%	44,7%	34,6%	43,2%	95,1%
R123	Gans	0,6%	27,1%	21,3%	22,6%	74,5%
	Pflanzen	0,1%	8,8%	10,7%	4,5%	39,6%
	Rind	0,9%	17,4%	13,1%	15,3%	48,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	13,3%	13,9%	8,4%	50,6%
	Schwein	1,1%	33,3%	22,8%	31,5%	78,6%
R130	Gans	0,9%	25,0%	19,5%	20,8%	70,9%
	Pflanzen	0,1%	7,6%	9,2%	4,1%	35,0%
	Rind	0,7%	22,3%	17,0%	18,7%	64,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,7%	17,9%	10,9%	62,1%
	Schwein	1,0%	27,4%	20,1%	24,1%	74,1%

R135	Gans	0,4%	37,7%	31,5%	31,0%	92,3%
	Pflanzen	0,1%	4,2%	5,1%	2,4%	18,8%
	Rind	0,3%	6,6%	6,6%	4,7%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,4%	6,6%	3,2%	22,6%
	Schwein	0,4%	46,1%	32,7%	48,9%	93,9%
R136	Gans	0,4%	36,4%	31,2%	27,1%	93,0%
	Pflanzen	0,1%	3,6%	4,2%	2,2%	16,3%
	Rind	0,3%	16,9%	20,4%	6,9%	69,9%
	Schaf/Ziege	0,1%	10,7%	17,0%	3,8%	65,1%
	Schwein	0,4%	32,4%	30,2%	20,7%	93,5%
R138	Gans	0,6%	30,2%	24,2%	24,9%	81,4%
	Pflanzen	0,1%	7,7%	9,2%	4,2%	34,0%
	Rind	0,7%	13,6%	10,9%	10,9%	40,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,4%	12,0%	7,5%	43,6%
	Schwein	0,9%	37,0%	25,1%	35,7%	84,8%
R139	Gans	0,6%	22,7%	18,9%	17,6%	66,2%
	Pflanzen	0,2%	12,2%	14,8%	5,8%	54,9%
	Rind	0,7%	21,5%	15,2%	19,3%	56,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	13,5%	14,8%	7,8%	53,8%
	Schwein	1,1%	30,1%	20,6%	28,1%	74,1%
R144	Gans	0,6%	30,7%	24,5%	25,4%	82,3%
	Pflanzen	0,1%	7,2%	8,5%	4,0%	31,0%
	Rind	0,6%	13,1%	10,5%	10,6%	38,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,9%	11,7%	6,9%	43,4%
	Schwein	0,7%	38,1%	25,8%	36,8%	86,2%
R145	Gans	0,7%	26,6%	20,6%	22,0%	73,2%
	Pflanzen	0,1%	8,0%	9,5%	4,3%	36,3%
	Rind	0,8%	18,9%	14,3%	15,8%	54,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,6%	15,9%	9,9%	57,7%
	Schwein	1,0%	30,9%	22,2%	27,8%	78,0%
R146	Gans	0,8%	28,6%	22,5%	24,1%	79,0%
	Pflanzen	0,2%	6,6%	7,9%	3,6%	29,4%
	Rind	0,6%	18,6%	15,5%	14,3%	58,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,7%	15,8%	8,7%	57,4%
	Schwein	0,7%	31,6%	23,6%	27,1%	81,8%
R155	Gans	0,6%	30,3%	23,9%	25,1%	82,3%
	Pflanzen	0,1%	5,7%	6,9%	3,3%	25,7%
	Rind	0,6%	19,1%	17,1%	13,8%	61,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	14,2%	16,3%	7,5%	58,4%
	Schwein	0,7%	30,7%	24,5%	24,8%	84,2%
R156	Gans	0,6%	28,1%	23,2%	21,9%	77,9%
	Pflanzen	0,1%	9,4%	11,1%	4,9%	40,9%
	Rind	0,6%	14,3%	11,1%	12,0%	41,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,8%	11,8%	6,6%	42,1%
	Schwein	0,8%	37,5%	25,0%	37,6%	83,5%
R157	Gans	0,8%	20,0%	16,1%	16,2%	59,3%
	Pflanzen	0,1%	10,4%	13,8%	4,8%	52,6%
	Rind	0,8%	28,4%	18,4%	27,3%	69,1%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,2%	19,0%	10,6%	65,5%
	Schwein	0,9%	22,9%	16,6%	19,9%	60,0%

R158	Gans	0,7%	21,6%	16,9%	17,9%	60,6%
	Pflanzen	0,1%	9,4%	11,6%	4,6%	43,2%
	Rind	0,7%	25,0%	17,1%	23,4%	64,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	18,3%	18,3%	12,2%	63,9%
	Schwein	1,0%	25,7%	18,5%	22,7%	67,4%
R171	Gans	0,4%	36,0%	29,5%	30,0%	90,6%
	Pflanzen	0,1%	5,6%	6,9%	2,9%	25,9%
	Rind	0,4%	8,1%	7,4%	6,2%	26,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,9%	7,6%	4,4%	26,0%
	Schwein	0,5%	43,4%	30,3%	45,5%	91,8%
R175b	Gans	0,6%	24,9%	26,0%	13,8%	86,8%
	Pflanzen	0,1%	4,1%	4,9%	2,4%	18,5%
	Rind	0,4%	33,6%	29,2%	23,8%	85,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	18,3%	25,0%	5,7%	83,1%
	Schwein	0,6%	19,3%	21,8%	11,9%	85,3%
R199	Gans	0,5%	33,4%	28,5%	25,7%	89,8%
	Pflanzen	0,1%	7,0%	8,7%	3,5%	32,3%
	Rind	0,4%	8,8%	7,4%	6,8%	27,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,4%	8,4%	4,5%	30,4%
	Schwein	0,6%	43,5%	29,3%	45,2%	91,8%
R201	Gans	0,7%	20,1%	16,2%	16,2%	59,1%
	Pflanzen	0,1%	9,6%	12,2%	4,5%	46,9%
	Rind	0,7%	26,9%	17,9%	24,9%	66,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	19,5%	19,1%	13,0%	65,4%
	Schwein	0,9%	23,9%	17,4%	21,1%	62,2%
R208	Gans	0,5%	36,3%	28,7%	32,2%	90,3%
	Pflanzen	0,1%	4,4%	5,2%	2,5%	19,5%
	Rind	0,4%	12,4%	13,7%	7,5%	50,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,1%	12,2%	4,5%	46,1%
	Schwein	0,6%	37,7%	29,7%	32,3%	91,3%
R212	Gans	0,8%	20,0%	15,7%	16,0%	56,6%
	Pflanzen	0,2%	11,7%	14,7%	5,7%	55,9%
	Rind	0,9%	26,2%	16,9%	25,2%	63,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,6%	17,3%	9,6%	61,3%
	Schwein	0,9%	25,6%	17,9%	22,9%	65,0%
R214	Gans	0,4%	36,9%	29,9%	31,2%	90,2%
	Pflanzen	0,1%	4,8%	5,5%	2,7%	19,9%
	Rind	0,4%	8,1%	7,9%	5,7%	28,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	6,7%	7,8%	4,1%	26,7%
	Schwein	0,6%	43,6%	30,8%	44,4%	92,7%
R216	Gans	0,4%	34,8%	29,0%	28,1%	89,9%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,6%	3,2%	28,0%
	Rind	0,4%	8,5%	7,0%	6,8%	26,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	6,8%	7,8%	4,1%	28,6%
	Schwein	0,6%	43,7%	30,1%	45,3%	91,6%
R221	Gans	0,7%	24,6%	19,2%	20,4%	68,7%
	Pflanzen	0,1%	8,7%	10,8%	4,5%	40,2%
	Rind	0,8%	21,4%	15,4%	18,9%	57,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,9%	16,6%	10,0%	58,6%
	Schwein	0,9%	29,4%	20,5%	26,3%	73,1%

R227	Gans	0,5%	33,6%	26,1%	28,6%	86,2%
	Pflanzen	0,1%	5,2%	6,3%	2,9%	23,1%
	Rind	0,5%	14,9%	14,4%	9,9%	54,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,5%	14,3%	6,1%	53,5%
	Schwein	0,7%	34,8%	27,1%	29,7%	87,6%
R247	Gans	0,5%	32,6%	26,6%	26,9%	86,3%
	Pflanzen	0,1%	6,9%	8,2%	3,8%	29,8%
	Rind	0,5%	10,6%	8,8%	8,4%	32,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,9%	9,5%	5,7%	36,1%
	Schwein	0,6%	41,0%	27,4%	41,5%	87,9%
R249	Gans	0,5%	33,9%	28,3%	27,2%	88,9%
	Pflanzen	0,1%	6,9%	8,5%	3,6%	31,1%
	Rind	0,5%	9,2%	7,8%	7,1%	28,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,4%	8,3%	4,6%	30,0%
	Schwein	0,7%	42,6%	29,2%	44,4%	90,8%
R260	Gans	0,5%	9,7%	8,5%	7,4%	30,4%
	Pflanzen	0,1%	8,8%	16,9%	2,9%	76,4%
	Rind	0,5%	54,5%	26,6%	61,7%	89,8%
	Schaf/Ziege	0,1%	16,6%	24,0%	5,6%	83,8%
	Schwein	0,5%	10,5%	8,5%	8,3%	30,7%
R261	Gans	0,4%	37,8%	30,5%	33,2%	90,8%
	Pflanzen	0,1%	4,1%	4,9%	2,4%	18,2%
	Rind	0,3%	8,2%	8,6%	5,6%	31,5%
	Schaf/Ziege	0,1%	6,6%	8,3%	3,7%	29,7%
	Schwein	0,5%	43,3%	31,5%	42,7%	93,6%
R273	Gans	0,4%	36,1%	28,7%	32,0%	88,7%
	Pflanzen	0,1%	4,9%	5,7%	2,8%	21,3%
	Rind	0,4%	9,5%	9,5%	6,6%	35,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,6%	9,1%	4,5%	32,6%
	Schwein	0,5%	41,8%	29,8%	40,3%	91,1%
R293	Gans	0,6%	27,2%	22,5%	21,8%	77,2%
	Pflanzen	0,2%	10,7%	12,8%	5,3%	46,4%
	Rind	0,6%	15,1%	11,6%	12,6%	42,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,0%	12,5%	6,5%	45,9%
	Schwein	0,9%	35,9%	24,2%	34,1%	84,1%
R297	Gans	0,7%	29,8%	23,5%	25,1%	81,3%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,6%	3,6%	28,8%
	Rind	0,6%	17,2%	15,1%	12,7%	55,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	13,9%	15,3%	8,0%	55,4%
	Schwein	0,8%	32,9%	24,2%	29,0%	82,5%
R298	Gans	0,7%	21,1%	17,0%	17,1%	61,8%
	Pflanzen	0,1%	12,0%	15,0%	5,8%	55,9%
	Rind	0,8%	24,9%	16,3%	23,5%	60,1%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,5%	16,9%	8,8%	59,1%
	Schwein	1,0%	26,4%	18,4%	24,1%	66,1%
R301	Gans	0,6%	34,0%	27,3%	28,4%	86,3%
	Pflanzen	0,1%	6,3%	7,5%	3,6%	27,9%
	Rind	0,5%	9,6%	8,1%	7,6%	30,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,3%	9,7%	5,1%	35,0%
	Schwein	0,7%	41,7%	28,4%	42,2%	89,5%

R308	Gans	0,4%	37,0%	31,4%	29,8%	91,6%
	Pflanzen	0,1%	4,5%	5,4%	2,4%	20,2%
	Rind	0,3%	6,5%	6,0%	4,9%	22,0%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,5%	6,3%	3,4%	22,0%
	Schwein	0,5%	46,6%	32,3%	51,3%	93,2%
R309	Gans	0,6%	29,4%	23,7%	24,1%	80,7%
	Pflanzen	0,1%	8,6%	10,3%	4,4%	38,1%
	Rind	0,6%	13,6%	10,8%	11,1%	40,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,8%	11,9%	6,4%	43,8%
	Schwein	0,8%	37,5%	25,3%	36,5%	84,8%
R310	Gans	0,6%	34,3%	26,7%	30,0%	86,2%
	Pflanzen	0,1%	5,8%	6,9%	3,2%	25,2%
	Rind	0,4%	11,4%	10,4%	8,4%	40,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,4%	10,8%	5,9%	39,8%
	Schwein	0,6%	39,1%	27,7%	37,2%	88,2%
R317	Gans	0,4%	33,9%	28,2%	27,6%	88,8%
	Pflanzen	0,1%	6,6%	8,0%	3,4%	30,1%
	Rind	0,4%	8,8%	7,7%	6,8%	27,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,5%	8,5%	4,6%	32,0%
	Schwein	0,7%	43,2%	29,5%	45,3%	91,1%
R318	Gans	0,4%	37,1%	29,3%	33,4%	89,7%
	Pflanzen	0,1%	4,4%	5,2%	2,5%	19,0%
	Rind	0,3%	9,9%	10,5%	6,6%	39,4%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,8%	9,8%	4,3%	36,4%
	Schwein	0,5%	40,8%	30,3%	37,8%	91,2%
R320	Gans	0,8%	17,6%	14,0%	14,1%	51,2%
	Pflanzen	0,2%	11,0%	14,4%	5,2%	57,3%
	Rind	0,8%	31,7%	19,6%	31,8%	71,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	18,5%	19,6%	11,0%	69,9%
	Schwein	0,8%	21,2%	15,4%	18,3%	55,8%
R324	Gans	0,7%	29,1%	24,0%	23,2%	81,5%
	Pflanzen	0,1%	9,2%	11,1%	4,6%	41,4%
	Rind	0,6%	13,3%	10,5%	10,9%	38,9%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,7%	11,6%	6,5%	41,6%
	Schwein	0,9%	37,7%	25,4%	37,3%	84,7%
R326	Gans	0,7%	24,7%	19,7%	20,4%	69,6%
	Pflanzen	0,1%	10,0%	12,0%	5,3%	45,2%
	Rind	0,9%	19,1%	13,5%	17,0%	51,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	13,9%	14,2%	8,7%	51,7%
	Schwein	1,0%	32,3%	21,8%	30,4%	78,1%
R328	Gans	0,9%	22,4%	17,6%	18,3%	63,6%
	Pflanzen	0,2%	9,7%	12,1%	5,0%	46,1%
	Rind	0,8%	24,2%	16,7%	22,1%	61,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	18,2%	18,1%	11,7%	63,6%
	Schwein	0,9%	25,6%	18,4%	22,6%	67,0%
R330	Gans	0,6%	29,4%	24,5%	23,6%	83,0%
	Pflanzen	0,1%	8,8%	10,6%	4,4%	38,4%
	Rind	0,7%	12,8%	10,0%	10,7%	37,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	10,1%	11,2%	6,1%	41,0%
	Schwein	0,8%	39,0%	26,0%	37,8%	86,4%

R332	Gans	0,8%	15,8%	13,1%	12,1%	47,6%
	Pflanzen	0,1%	12,3%	17,2%	5,0%	66,8%
	Rind	0,8%	36,1%	20,4%	37,5%	75,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	16,0%	18,7%	8,3%	68,4%
	Schwein	0,9%	19,8%	14,1%	17,1%	52,2%
R337	Gans	0,8%	21,6%	16,9%	17,9%	61,7%
	Pflanzen	0,2%	10,8%	13,2%	5,5%	48,8%
	Rind	0,9%	24,4%	16,2%	22,7%	59,9%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,0%	17,6%	10,4%	62,6%
	Schwein	1,1%	26,2%	18,3%	23,5%	65,9%
R340	Gans	0,7%	13,9%	11,5%	10,8%	43,1%
	Pflanzen	0,1%	11,5%	17,0%	4,7%	70,4%
	Rind	0,6%	41,1%	22,3%	43,9%	79,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	17,1%	20,6%	8,0%	73,7%
	Schwein	0,8%	16,5%	12,1%	13,9%	44,5%
R344	Gans	0,7%	29,6%	23,2%	25,0%	79,1%
	Pflanzen	0,1%	7,7%	9,0%	4,3%	32,2%
	Rind	0,6%	14,3%	11,5%	11,9%	44,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,9%	12,5%	7,6%	46,0%
	Schwein	0,8%	36,4%	24,9%	35,6%	84,8%
R345	Gans	0,6%	25,9%	21,7%	20,4%	77,1%
	Pflanzen	0,1%	11,4%	13,8%	5,3%	49,8%
	Rind	0,6%	16,4%	12,1%	14,2%	46,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	11,6%	12,6%	7,3%	46,6%
	Schwein	1,1%	34,7%	23,3%	33,7%	79,9%
R348	Gans	0,6%	33,9%	27,2%	28,4%	87,4%
	Pflanzen	0,1%	6,0%	7,2%	3,2%	27,1%
	Rind	0,4%	10,2%	8,8%	7,8%	32,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,6%	9,6%	5,3%	35,5%
	Schwein	0,6%	41,3%	28,3%	41,2%	89,1%
R348b	Gans	0,6%	31,3%	24,2%	27,0%	82,0%
	Pflanzen	0,1%	6,4%	7,5%	3,7%	28,1%
	Rind	0,6%	14,8%	12,6%	11,6%	47,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,6%	13,8%	7,3%	51,7%
	Schwein	0,8%	35,0%	25,1%	32,3%	84,2%
R351	Gans	0,5%	32,5%	26,8%	26,5%	86,3%
	Pflanzen	0,1%	7,0%	8,6%	3,6%	30,6%
	Rind	0,5%	10,1%	8,2%	8,2%	30,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	8,4%	9,7%	4,9%	34,6%
	Schwein	0,7%	41,9%	28,1%	42,5%	89,2%
R358	Gans	0,3%	36,1%	28,7%	31,0%	89,6%
	Pflanzen	0,1%	5,4%	6,6%	3,0%	24,3%
	Rind	0,4%	8,3%	7,3%	6,4%	27,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,2%	8,1%	4,4%	28,3%
	Schwein	0,6%	43,0%	29,6%	44,1%	92,1%
R361	Gans	0,7%	15,6%	12,5%	12,7%	46,4%
	Pflanzen	0,1%	10,4%	14,9%	4,2%	60,1%
	Rind	0,5%	36,4%	21,3%	37,7%	76,2%
	Schaf/Ziege	0,3%	19,9%	21,6%	10,4%	75,4%
	Schwein	0,8%	17,7%	13,3%	15,2%	49,7%

R368	Gans	0,7%	26,4%	21,4%	21,4%	75,7%
	Pflanzen	0,1%	9,9%	11,7%	5,2%	43,3%
	Rind	0,7%	16,9%	12,4%	14,6%	46,2%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,8%	13,9%	7,9%	50,7%
	Schwein	0,9%	34,0%	23,1%	33,0%	79,5%
R370	Gans	0,8%	26,6%	20,8%	22,2%	73,4%
	Pflanzen	0,1%	7,9%	9,6%	4,1%	36,4%
	Rind	0,7%	19,1%	14,8%	15,8%	56,6%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,4%	15,9%	9,7%	57,5%
	Schwein	1,0%	31,1%	22,1%	28,2%	77,0%
R370b	Gans	0,2%	42,8%	36,8%	38,9%	95,5%
	Pflanzen	0,1%	2,9%	3,7%	1,6%	13,5%
	Rind	0,2%	4,1%	4,2%	2,9%	14,3%
	Schaf/Ziege	0,1%	3,3%	4,0%	2,0%	14,1%
	Schwein	0,3%	46,9%	37,5%	47,5%	96,3%
R371	Gans	0,8%	24,3%	19,2%	20,4%	68,7%
	Pflanzen	0,1%	9,6%	11,5%	4,9%	42,6%
	Rind	0,7%	20,4%	14,6%	17,9%	56,0%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,4%	15,7%	9,9%	56,5%
	Schwein	1,0%	30,2%	20,8%	27,5%	75,4%
R372	Gans	0,7%	25,5%	19,9%	21,5%	70,8%
	Pflanzen	0,1%	8,3%	10,0%	4,4%	38,2%
	Rind	0,8%	20,2%	15,2%	17,1%	56,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	15,9%	16,0%	10,4%	56,9%
	Schwein	0,8%	30,1%	21,5%	27,0%	75,8%
R373	Gans	0,7%	25,2%	20,2%	20,3%	71,0%
	Pflanzen	0,1%	10,3%	12,0%	5,4%	44,4%
	Rind	0,8%	18,2%	13,2%	15,8%	50,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	13,8%	14,2%	9,0%	52,0%
	Schwein	1,1%	32,5%	22,4%	30,6%	77,8%
R374	Gans	0,7%	18,8%	15,4%	14,8%	55,6%
	Pflanzen	0,1%	13,4%	17,2%	5,7%	63,0%
	Rind	0,7%	28,4%	17,4%	27,7%	64,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,1%	17,1%	8,3%	62,6%
	Schwein	0,9%	24,4%	17,2%	21,7%	62,7%
R376	Gans	0,7%	17,1%	13,7%	13,9%	50,9%
	Pflanzen	0,1%	11,0%	14,8%	4,9%	58,5%
	Rind	0,5%	32,8%	19,8%	33,7%	73,5%
	Schaf/Ziege	0,3%	19,1%	19,9%	11,3%	69,8%
	Schwein	0,8%	20,0%	14,4%	17,2%	51,5%
R377	Gans	0,8%	18,6%	14,6%	15,3%	53,8%
	Pflanzen	0,2%	10,4%	13,5%	4,9%	51,4%
	Rind	0,8%	29,4%	18,6%	28,7%	67,8%
	Schaf/Ziege	0,2%	18,8%	19,3%	11,6%	67,5%
	Schwein	0,8%	22,7%	16,5%	19,7%	60,8%
R378	Gans	0,3%	36,9%	31,3%	29,1%	91,8%
	Pflanzen	0,1%	5,1%	6,4%	2,7%	23,5%
	Rind	0,3%	6,3%	5,5%	4,8%	20,2%
	Schaf/Ziege	0,1%	5,3%	6,1%	3,3%	21,7%
	Schwein	0,6%	46,4%	32,2%	49,2%	93,1%

R380	Gans	0,6%	29,4%	23,2%	24,8%	78,8%
	Pflanzen	0,1%	7,7%	9,0%	4,3%	33,5%
	Rind	0,5%	14,7%	11,7%	12,1%	44,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,1%	12,7%	7,8%	46,4%
	Schwein	0,8%	36,1%	24,8%	34,4%	83,3%
R384	Gans	0,7%	21,3%	16,9%	17,4%	62,0%
	Pflanzen	0,1%	8,5%	10,9%	4,2%	42,5%
	Rind	0,7%	26,1%	18,5%	23,5%	68,6%
	Schaf/Ziege	0,2%	20,0%	19,5%	13,1%	65,8%
	Schwein	0,9%	24,0%	18,0%	20,5%	65,5%
R385	Gans	0,6%	20,6%	16,7%	16,6%	60,3%
	Pflanzen	0,2%	10,7%	13,3%	5,2%	49,4%
	Rind	0,8%	25,8%	16,8%	24,6%	62,8%
	Schaf/Ziege	0,3%	16,9%	17,6%	10,1%	61,6%
	Schwein	1,0%	26,0%	18,2%	23,5%	64,6%
R397	Gans	0,7%	18,1%	14,7%	14,4%	53,4%
	Pflanzen	0,2%	11,4%	15,1%	5,0%	60,0%
	Rind	0,8%	30,6%	18,9%	30,4%	68,7%
	Schaf/Ziege	0,3%	17,5%	18,8%	10,1%	67,7%
	Schwein	1,1%	22,4%	16,2%	19,7%	59,5%
R398	Gans	0,4%	32,3%	29,5%	21,3%	89,7%
	Pflanzen	0,1%	8,2%	11,2%	3,4%	40,8%
	Rind	0,4%	8,4%	7,7%	6,3%	28,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	6,2%	7,5%	3,6%	26,5%
	Schwein	0,6%	44,9%	30,9%	48,1%	92,7%
R401	Gans	0,8%	23,0%	18,6%	18,4%	65,7%
	Pflanzen	0,1%	10,6%	12,9%	5,2%	47,7%
	Rind	0,7%	21,9%	15,0%	19,7%	57,3%
	Schaf/Ziege	0,3%	15,4%	16,0%	9,7%	58,1%
	Schwein	1,1%	29,1%	20,3%	26,4%	71,1%
R403	Gans	0,6%	31,1%	25,3%	26,0%	84,0%
	Pflanzen	0,1%	8,2%	9,9%	4,1%	36,1%
	Rind	0,5%	11,8%	9,7%	9,6%	36,3%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,3%	10,3%	5,8%	36,8%
	Schwein	0,8%	39,5%	26,5%	38,8%	87,7%
R404	Gans	0,6%	29,0%	22,6%	24,9%	78,4%
	Pflanzen	0,2%	8,4%	9,8%	4,6%	36,8%
	Rind	0,6%	15,3%	12,0%	12,4%	45,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,6%	13,0%	8,1%	47,2%
	Schwein	0,8%	34,6%	23,5%	32,9%	81,6%
R406	Gans	0,7%	28,5%	22,8%	23,4%	78,3%
	Pflanzen	0,1%	8,7%	10,3%	4,7%	39,0%
	Rind	0,6%	15,0%	11,7%	12,5%	44,7%
	Schaf/Ziege	0,2%	12,1%	13,0%	7,4%	47,3%
	Schwein	0,7%	35,7%	24,4%	34,6%	83,1%
R407	Gans	0,4%	35,8%	28,6%	30,9%	89,7%
	Pflanzen	0,1%	5,4%	6,4%	3,0%	23,9%
	Rind	0,4%	8,9%	7,9%	6,8%	28,5%
	Schaf/Ziege	0,2%	7,6%	8,8%	4,6%	31,1%
	Schwein	0,6%	42,4%	29,5%	42,6%	91,2%

R424	Gans	0,6%	33,6%	26,6%	28,5%	86,4%
	Pflanzen	0,1%	6,1%	7,1%	3,5%	26,2%
	Rind	0,6%	10,8%	9,2%	8,5%	35,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	9,2%	10,2%	5,5%	36,7%
	Schwein	0,7%	40,3%	27,6%	40,5%	88,3%
R537	Gans	0,9%	18,1%	14,8%	14,3%	54,0%
	Pflanzen	0,1%	9,0%	12,3%	4,2%	50,0%
	Rind	0,6%	31,3%	21,3%	29,6%	75,0%
	Schaf/Ziege	0,2%	21,8%	21,9%	13,3%	73,3%
	Schwein	0,7%	19,8%	15,6%	16,3%	58,5%

17.5 SISUS: Abbildungen

R7

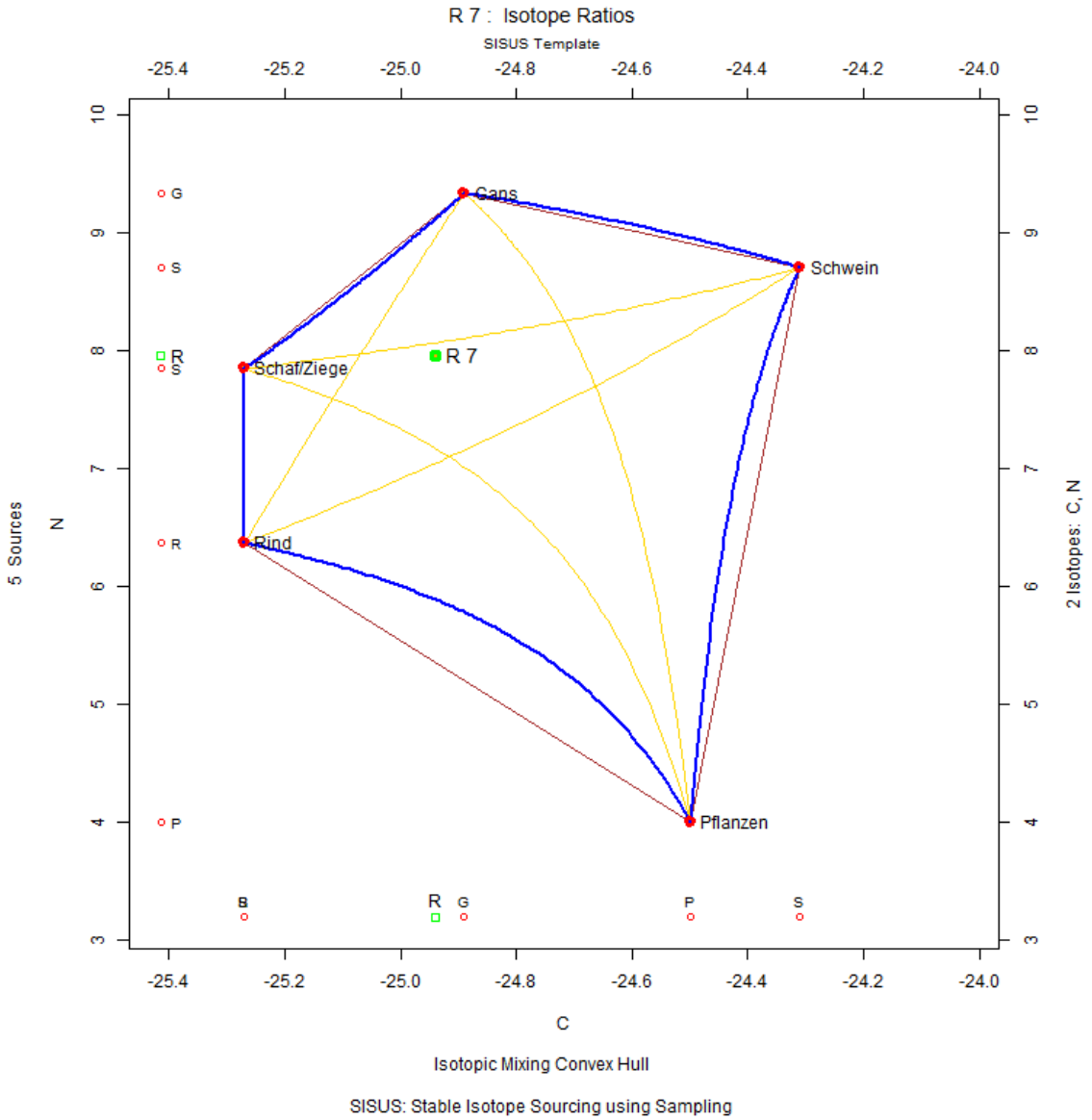


Abbildung 2281: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 7. Erstellt mit SISUS.

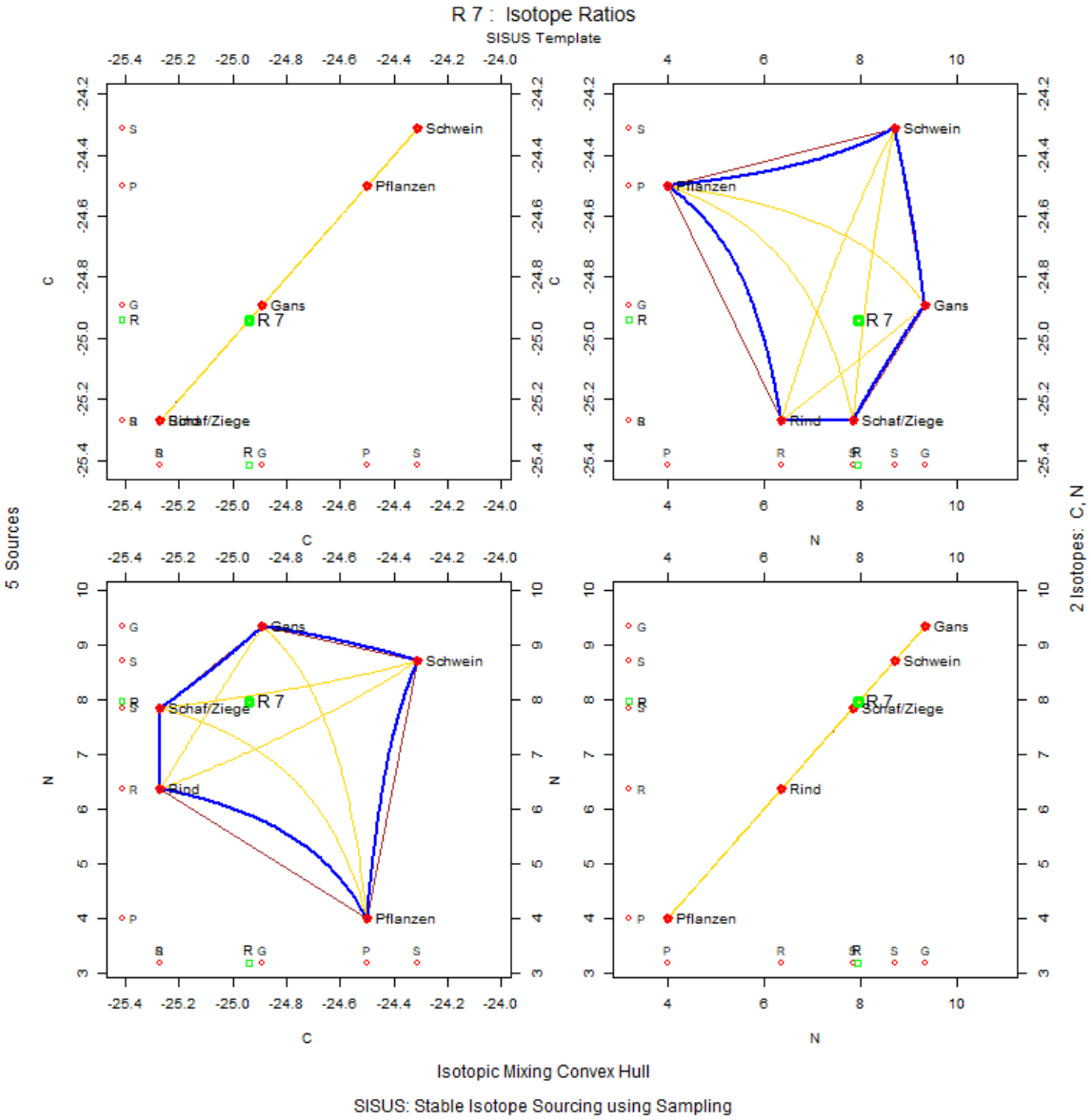


Abbildung 2282: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 7 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

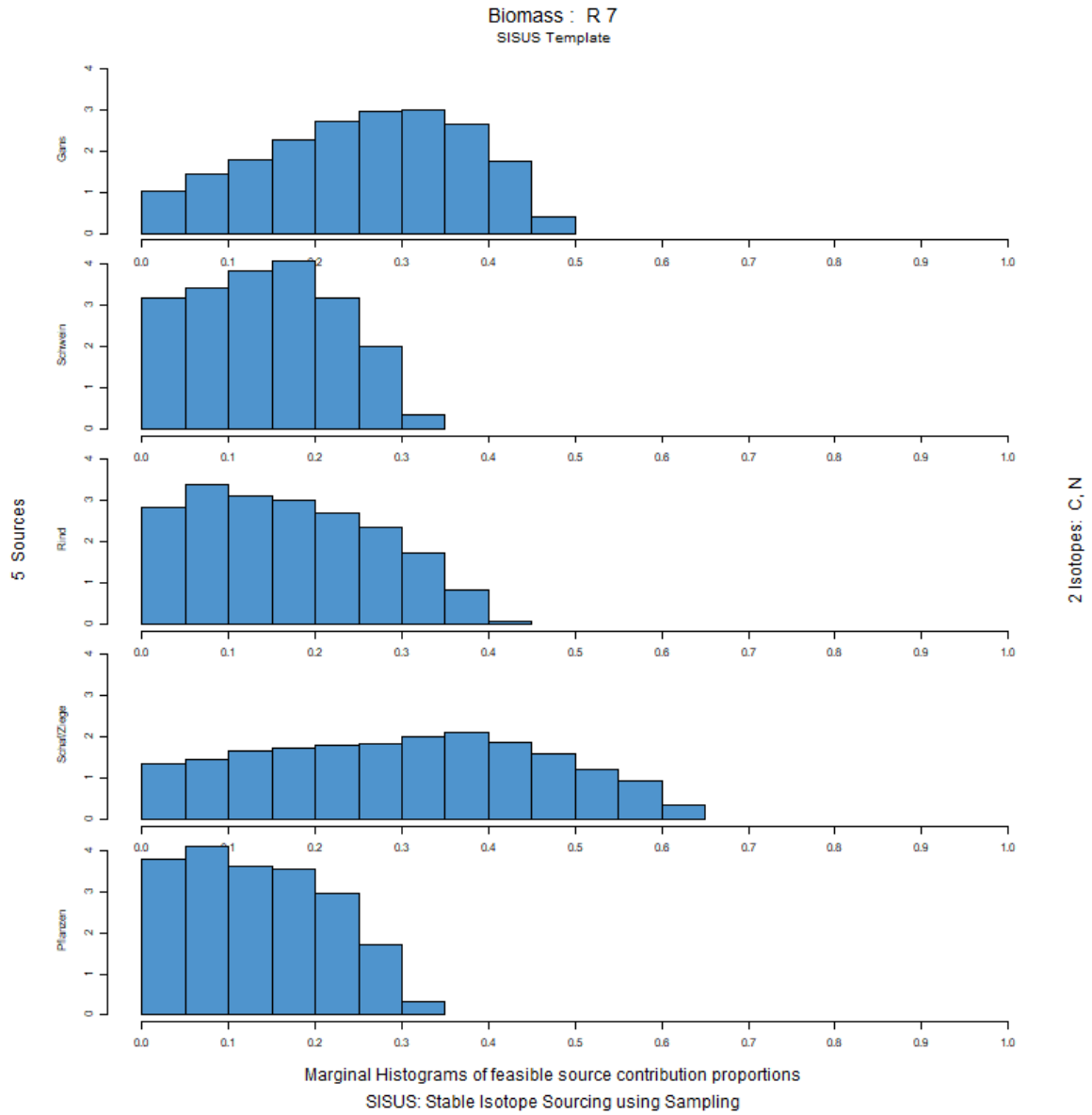


Abbildung 2283: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 7. Erstellt mit SISUS.

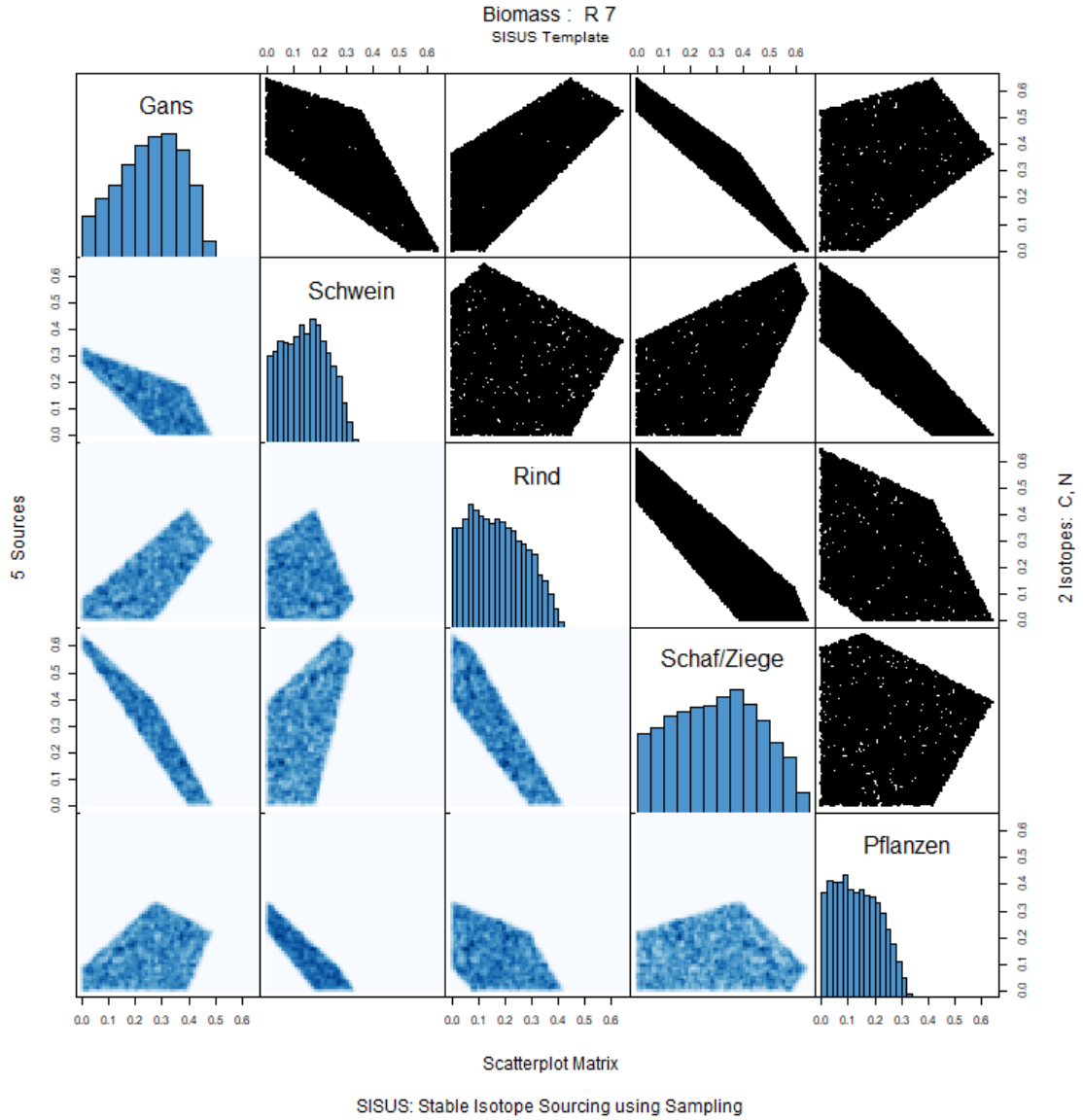


Abbildung 2284: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 7. Erstellt mit SISUS.

R12

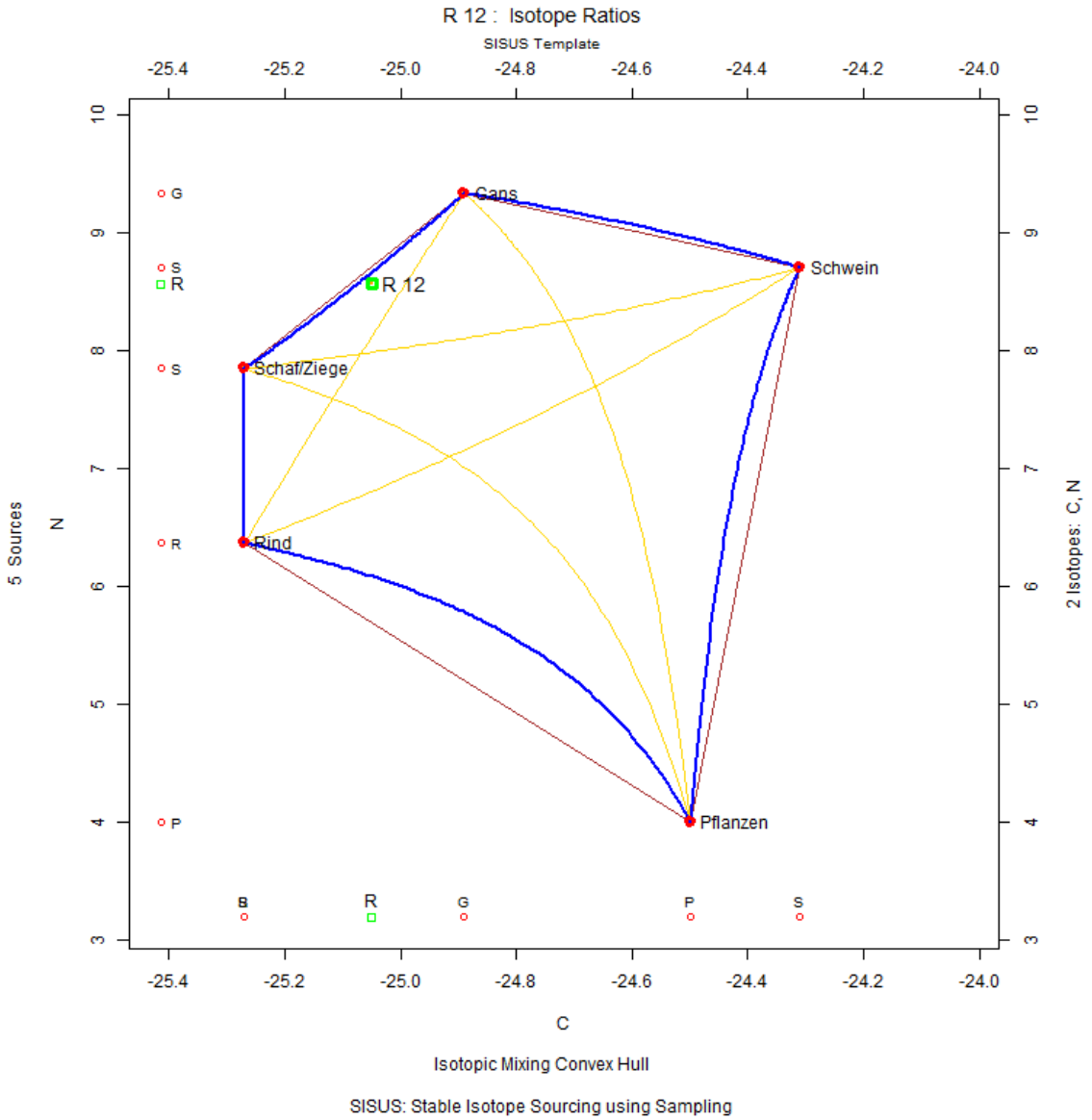


Abbildung 2285: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12. Erstellt mit SISUS.

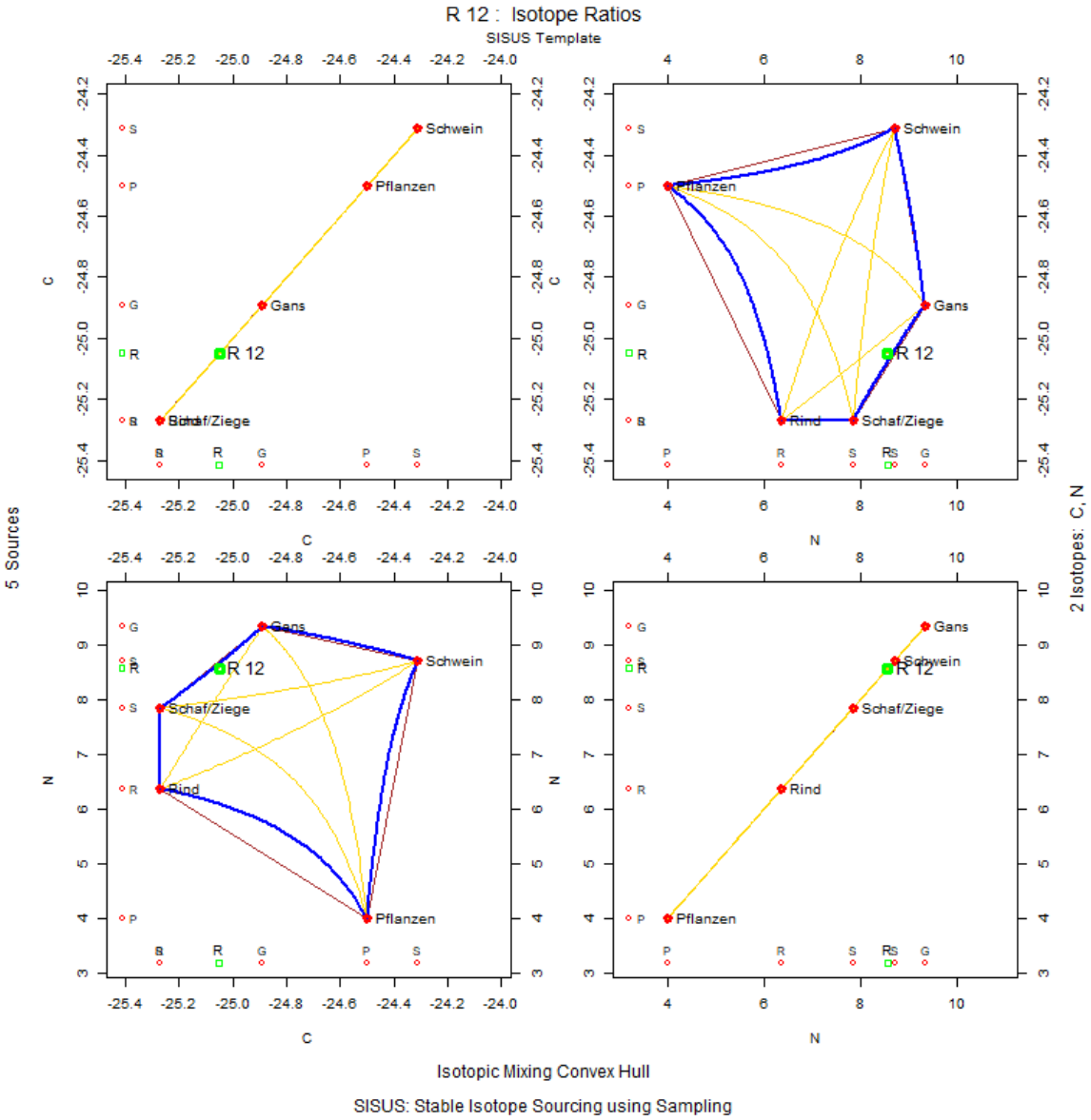


Abbildung 2286: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 12 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

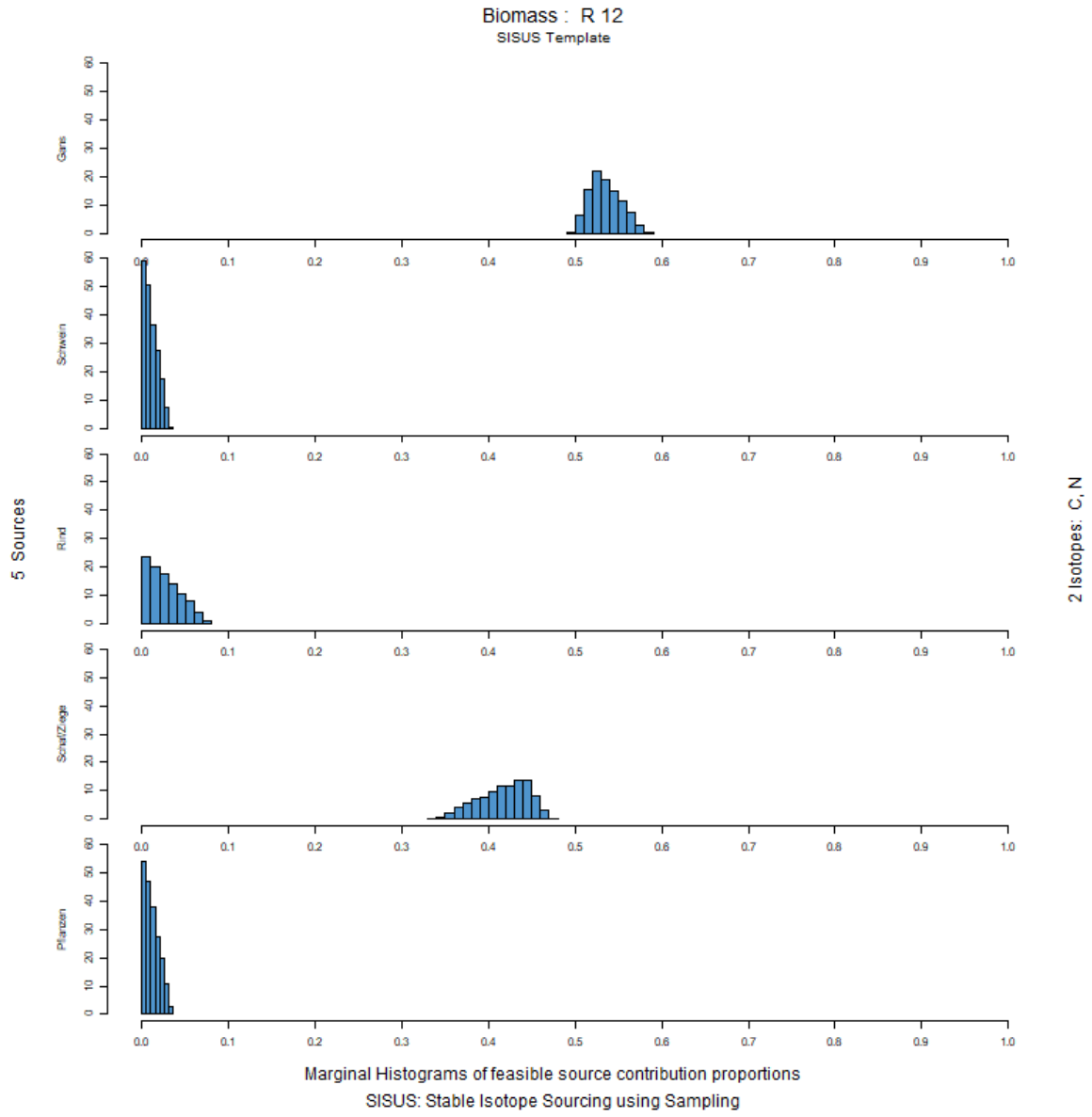


Abbildung 2287: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 12. Erstellt mit SISUS.

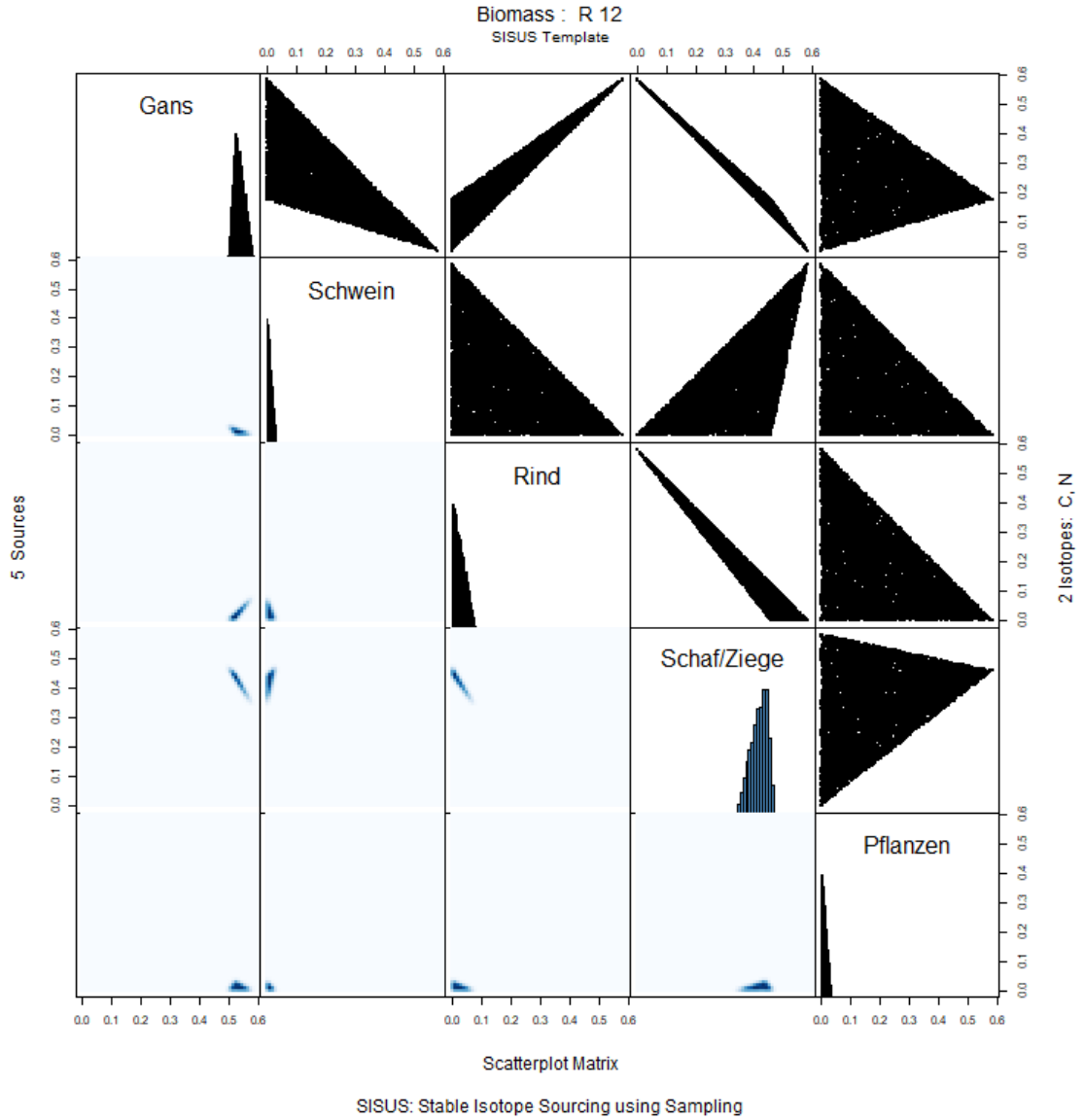


Abbildung 2288: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 12. Erstellt mit SISUS.

R12a

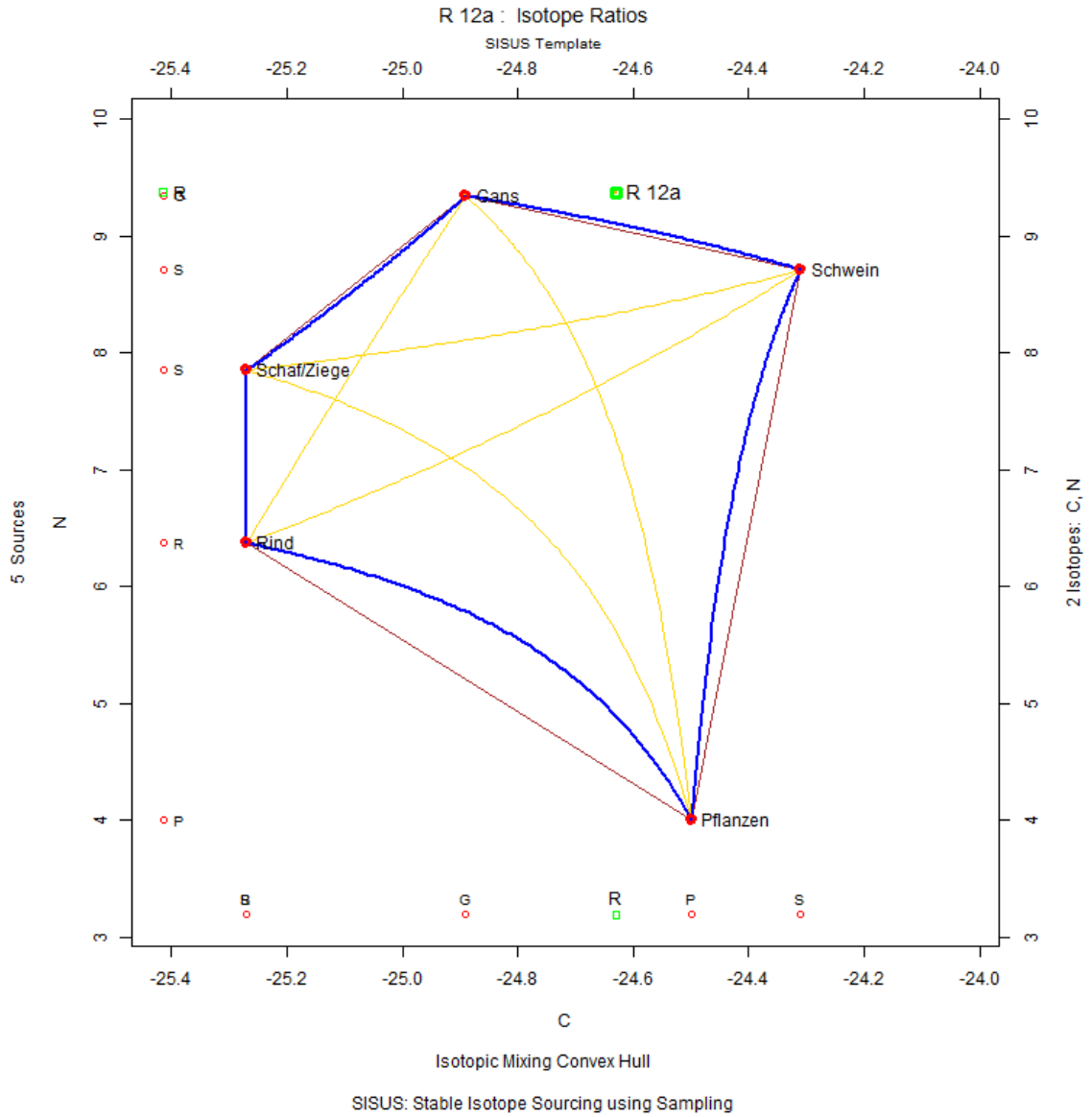


Abbildung 2289: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 12a. Erstellt mit SISUS.

R14

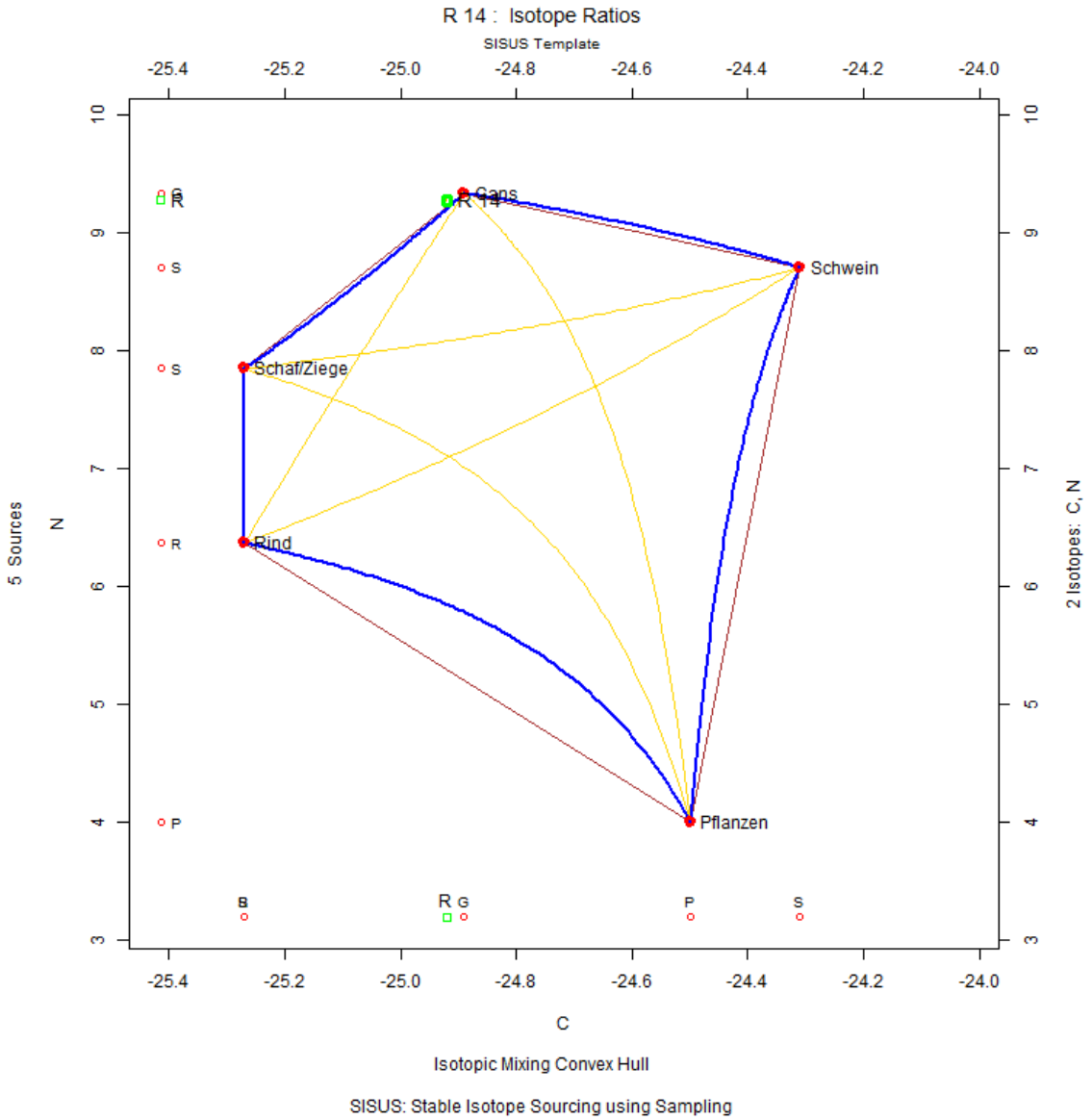


Abbildung 2290: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 14. Erstellt mit SISUS.

R22

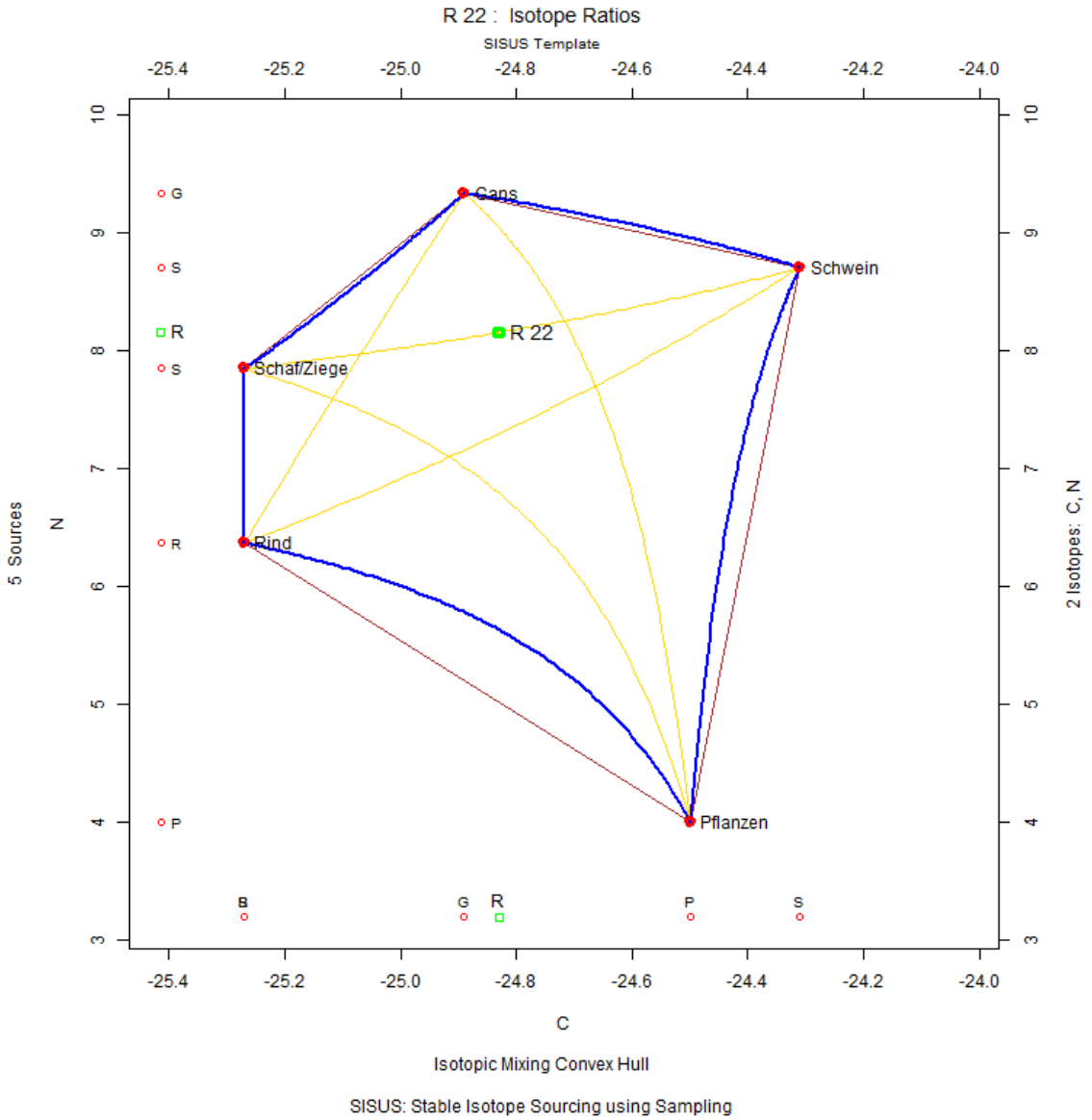


Abbildung 2291: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 22. Erstellt mit SISUS.

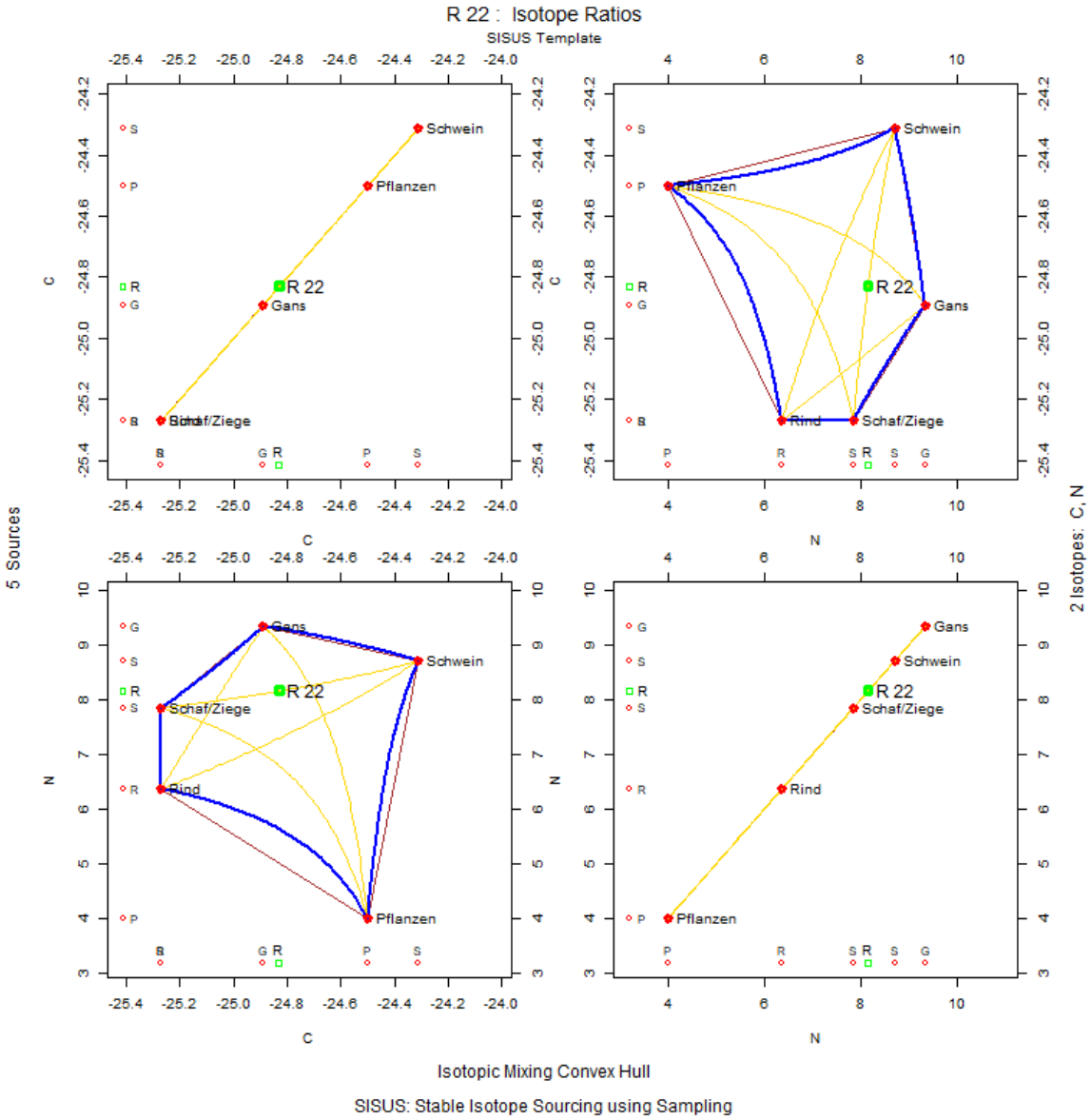


Abbildung 2292: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 22 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

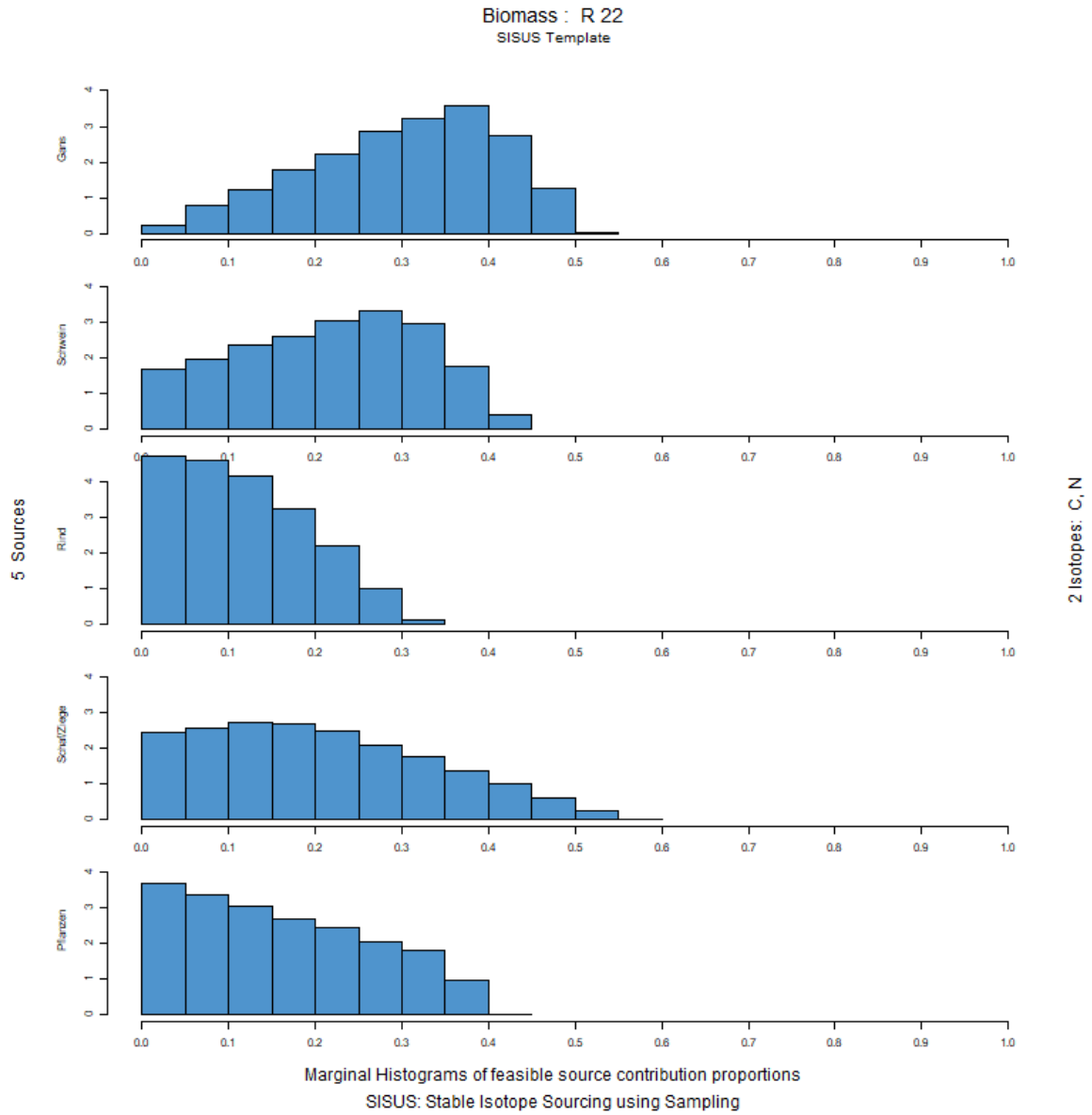


Abbildung 2293: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 22. Erstellt mit SISUS.

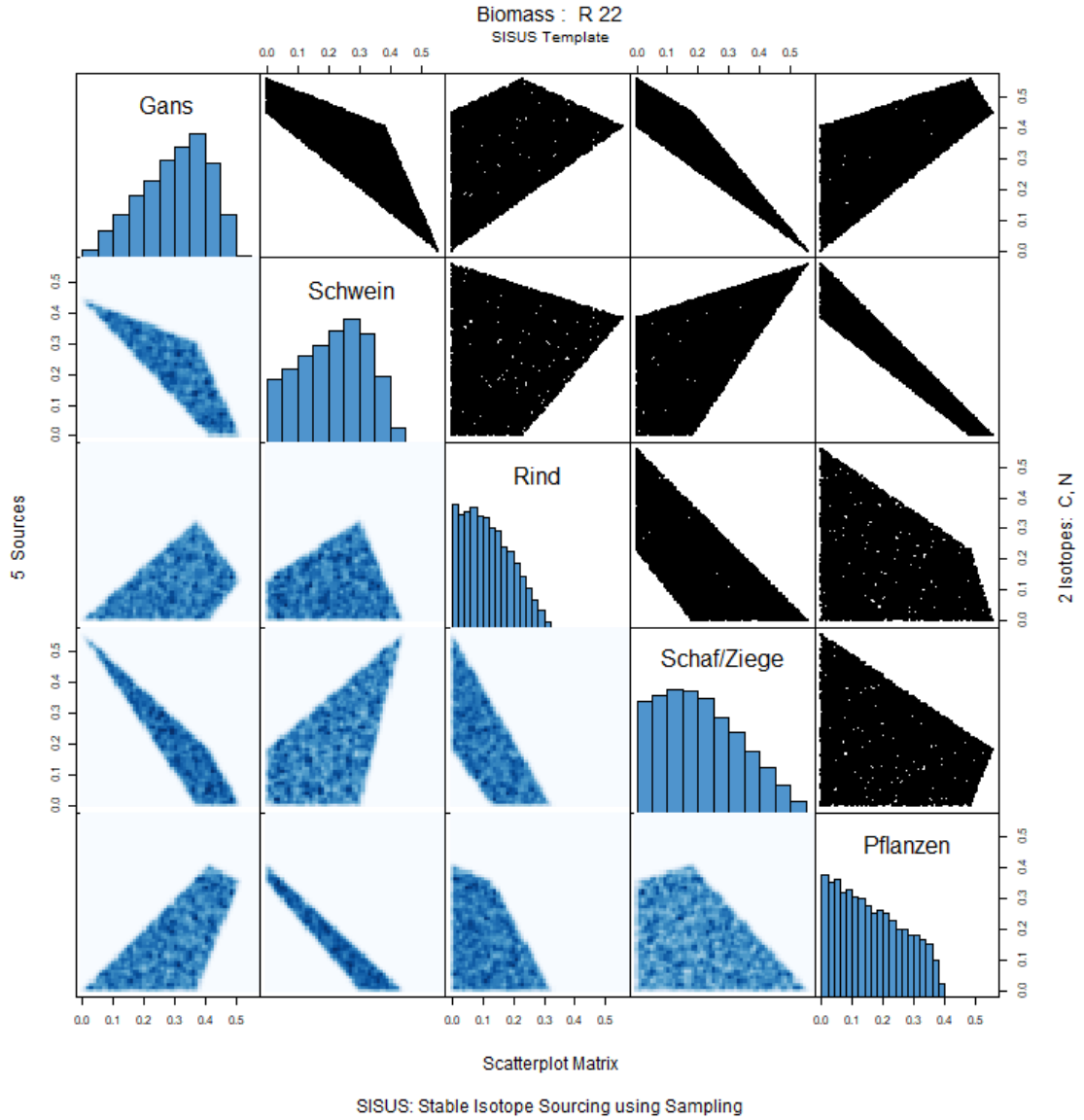


Abbildung 2294: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 22. Erstellt mit SISUS.

R29

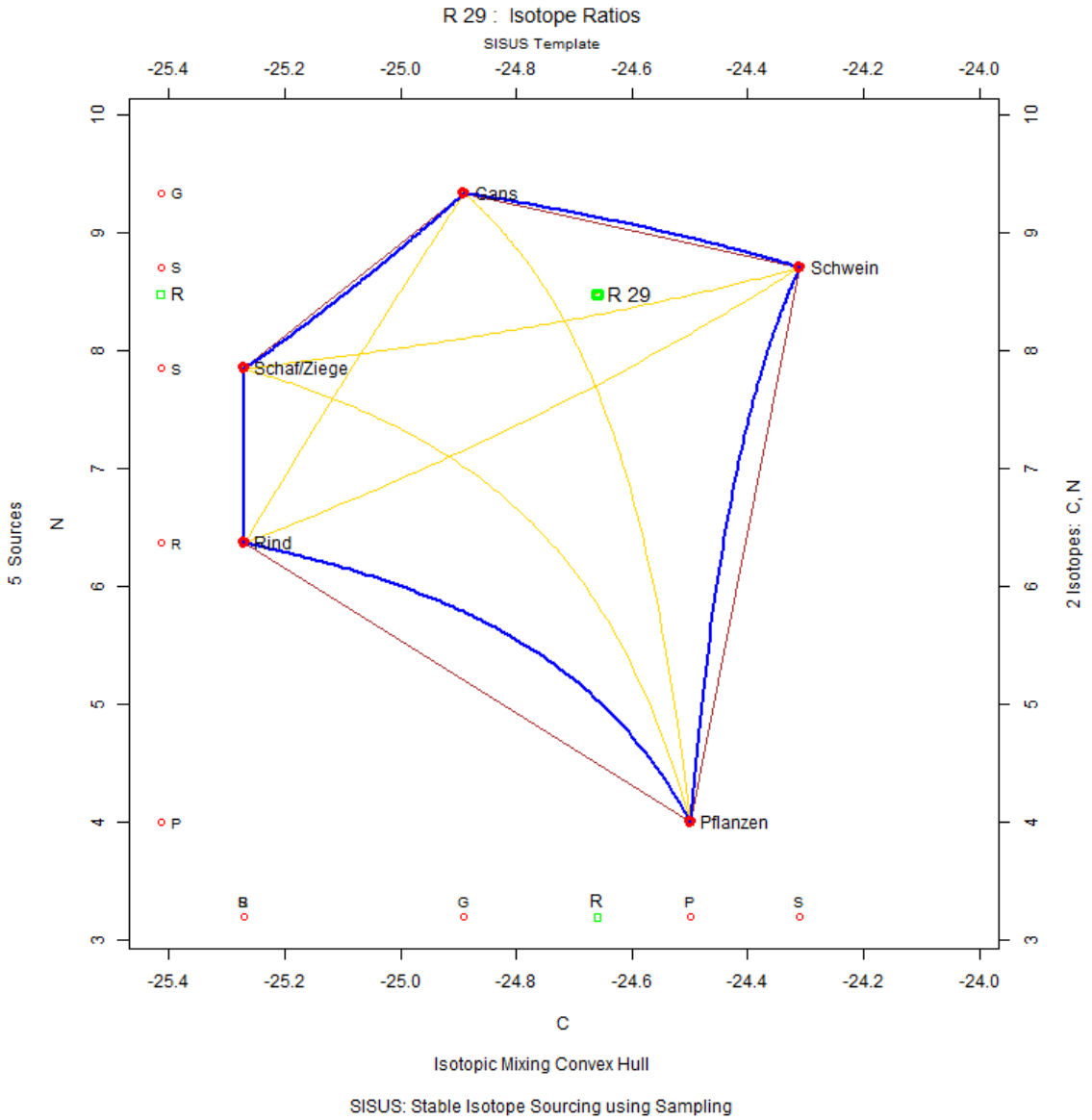


Abbildung 2295: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 29. Erstellt mit SISUS.

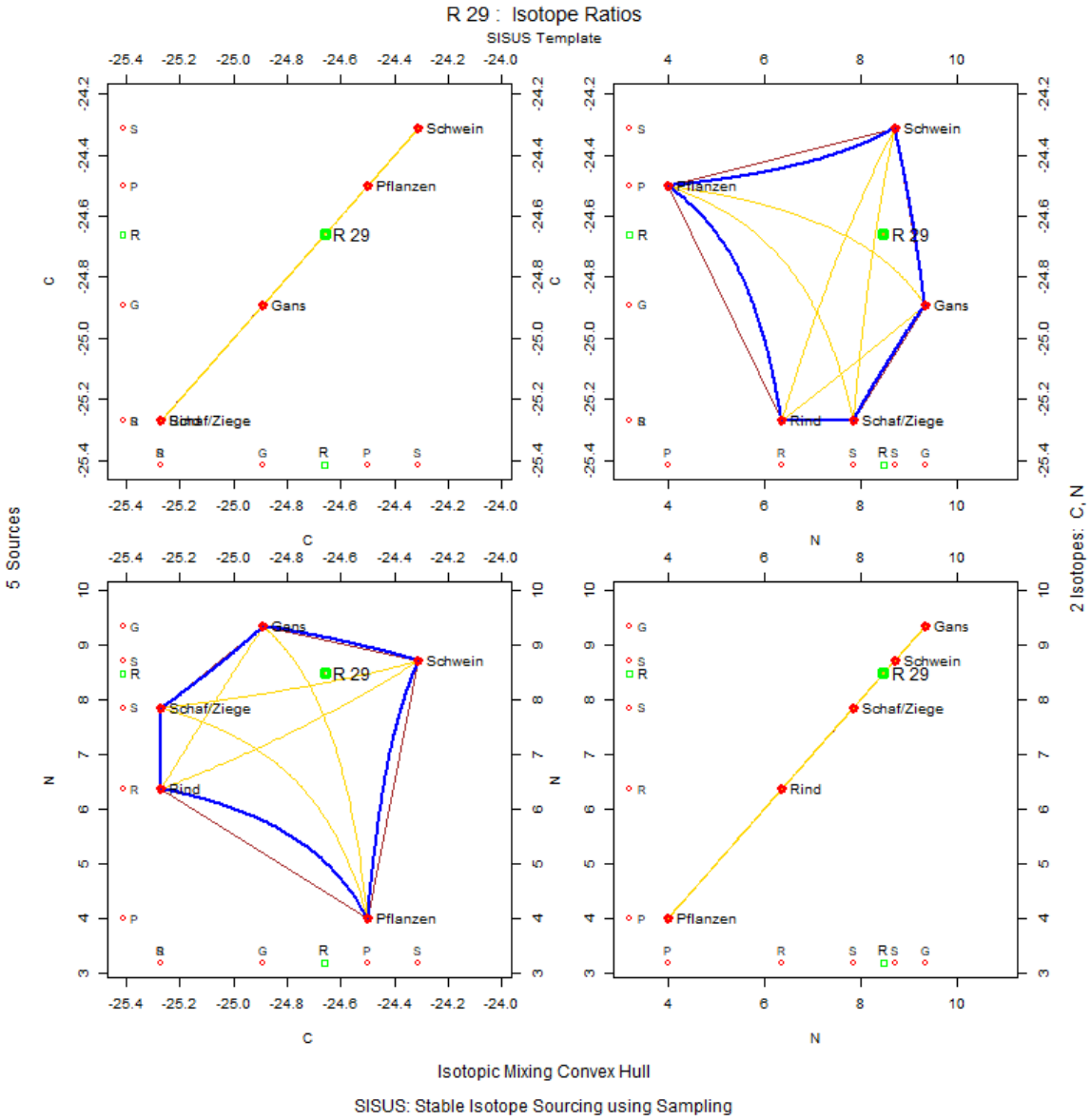


Abbildung 2296: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 29 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

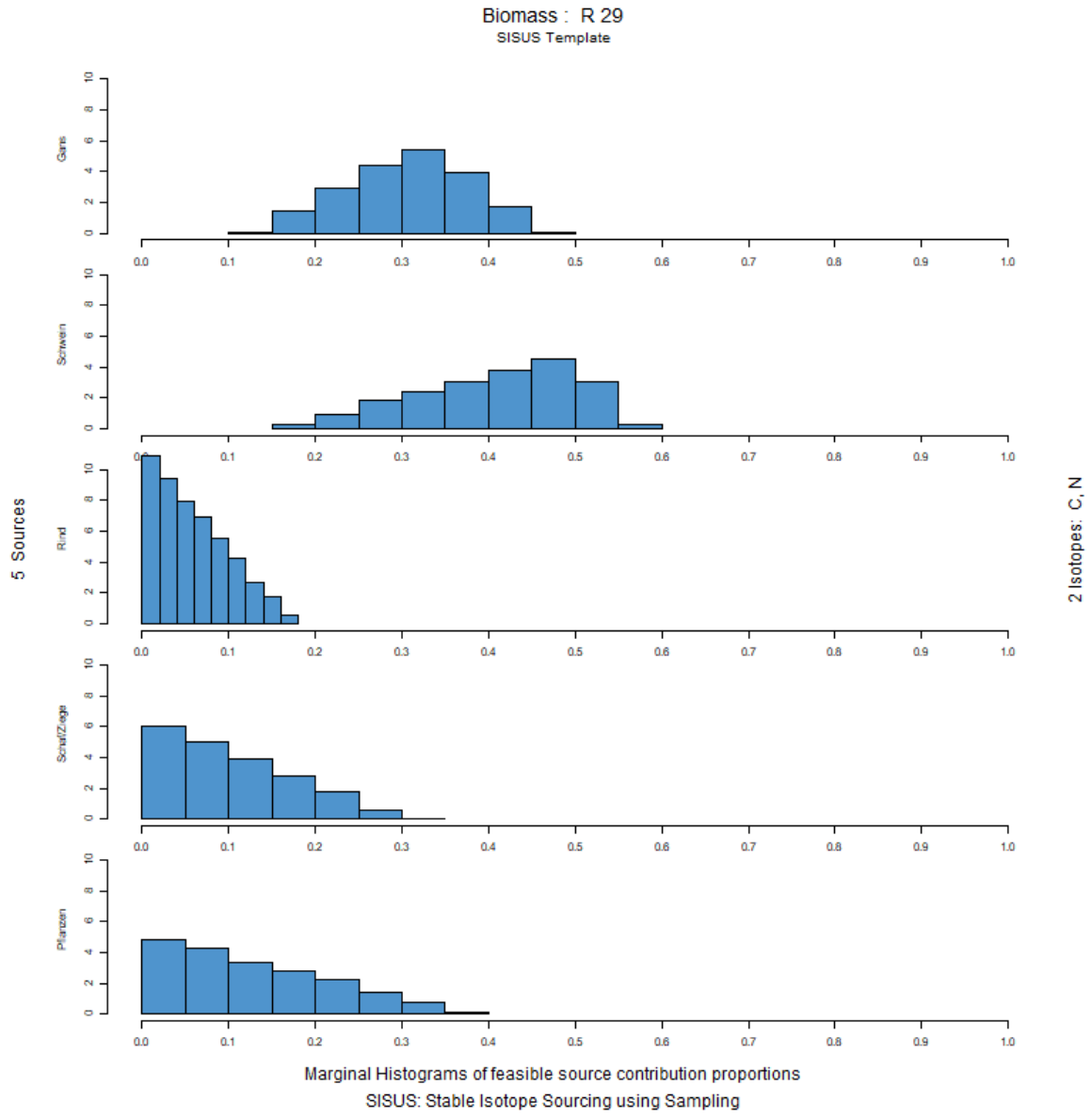


Abbildung 2297: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 29. Erstellt mit SISUS.

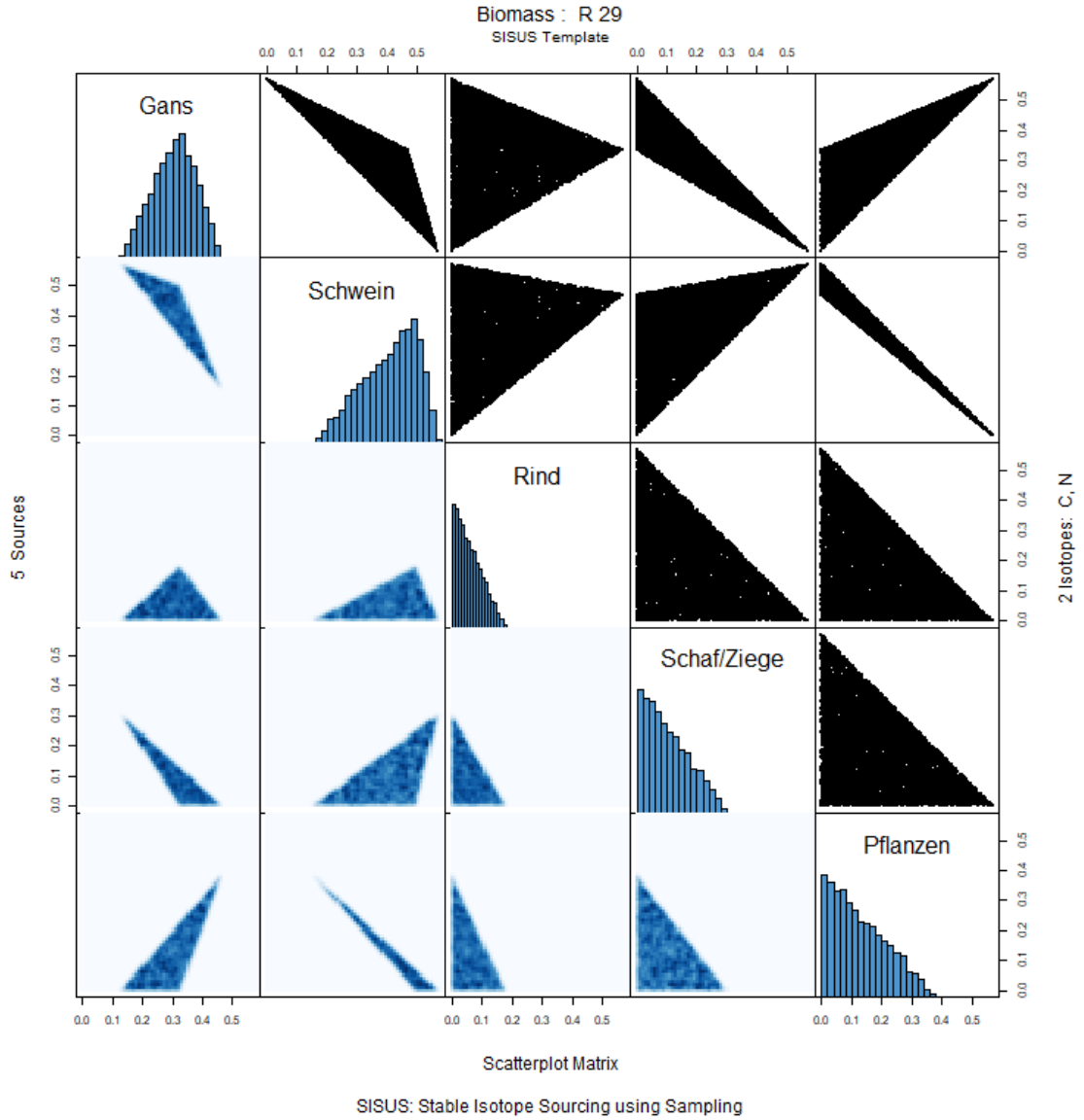


Abbildung 2298: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 29. Erstellt mit SISUS.

R46

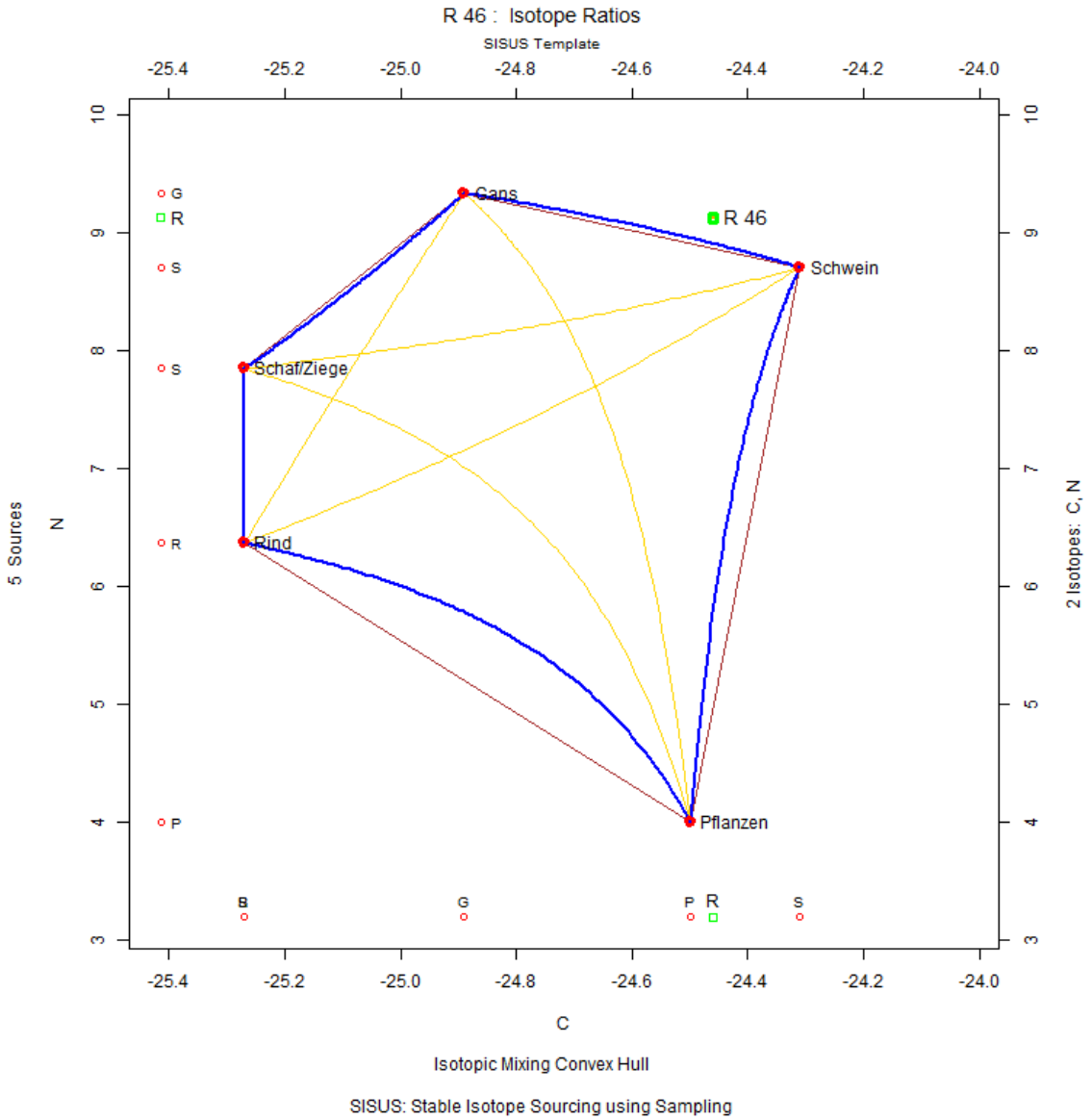


Abbildung 2299: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 46. Erstellt mit SISUS.

R47

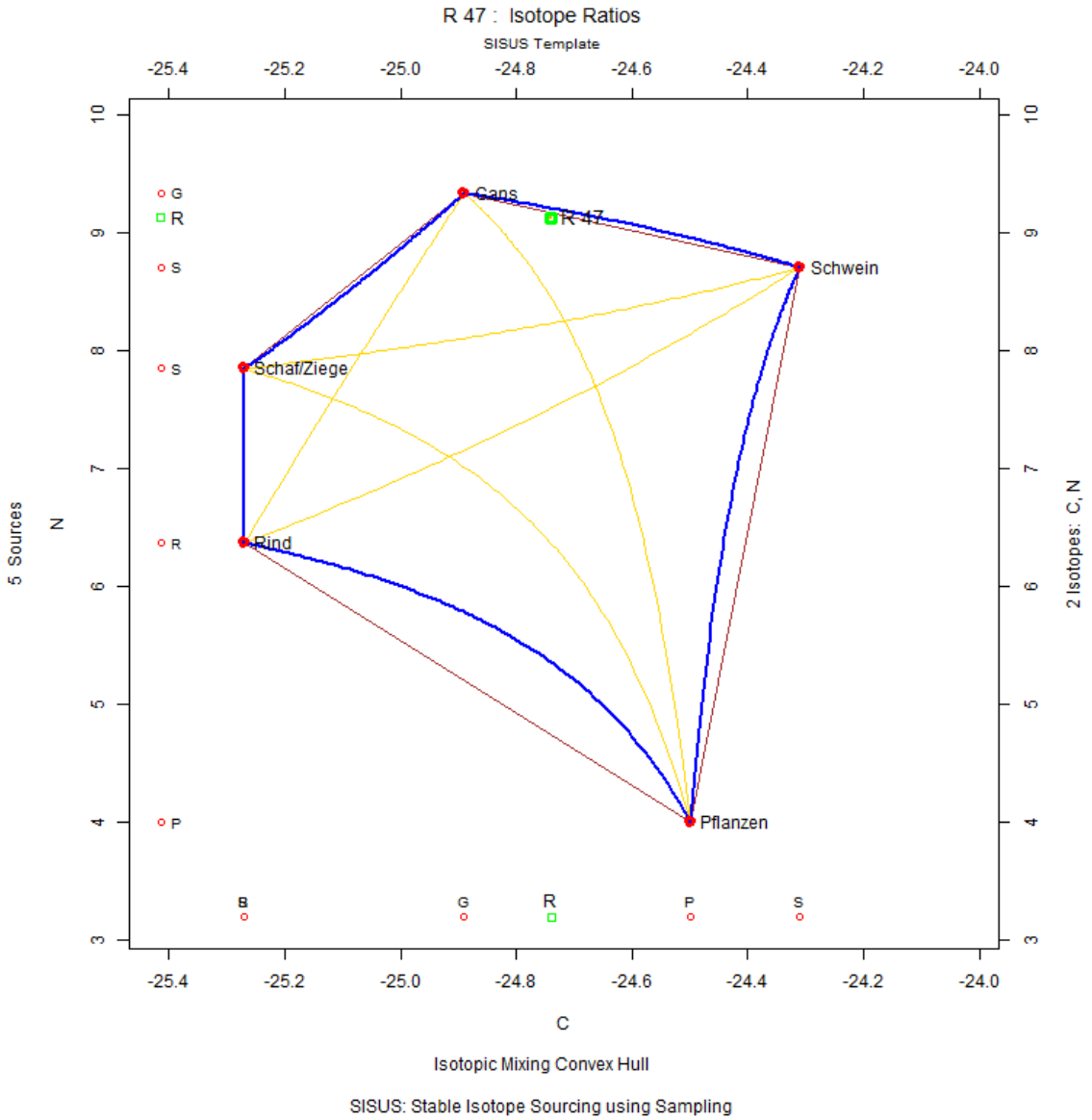


Abbildung 2300: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 47. Erstellt mit SISUS.

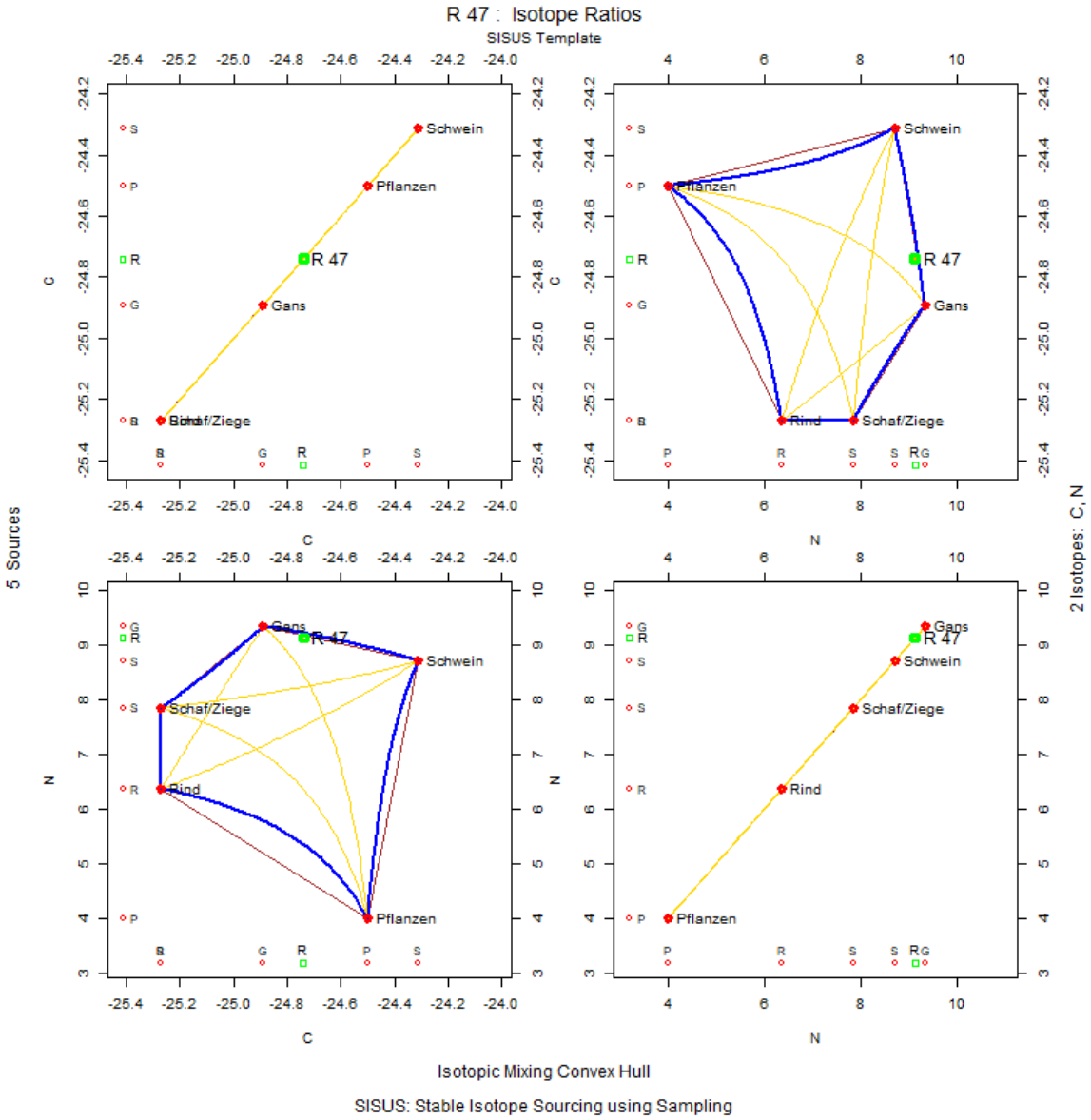


Abbildung 2301: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 47 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

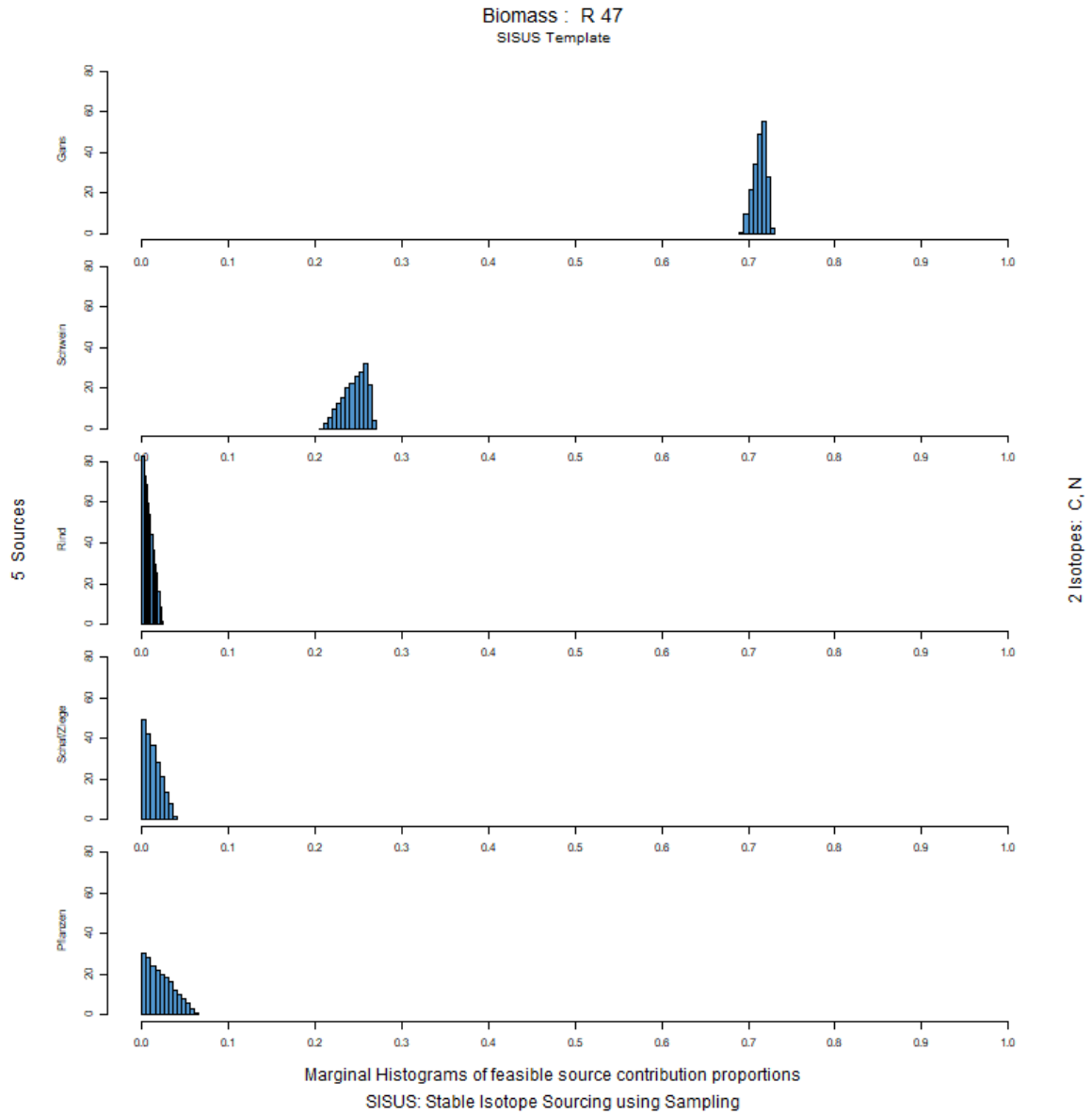


Abbildung 2302: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 47. Erstellt mit SISUS.

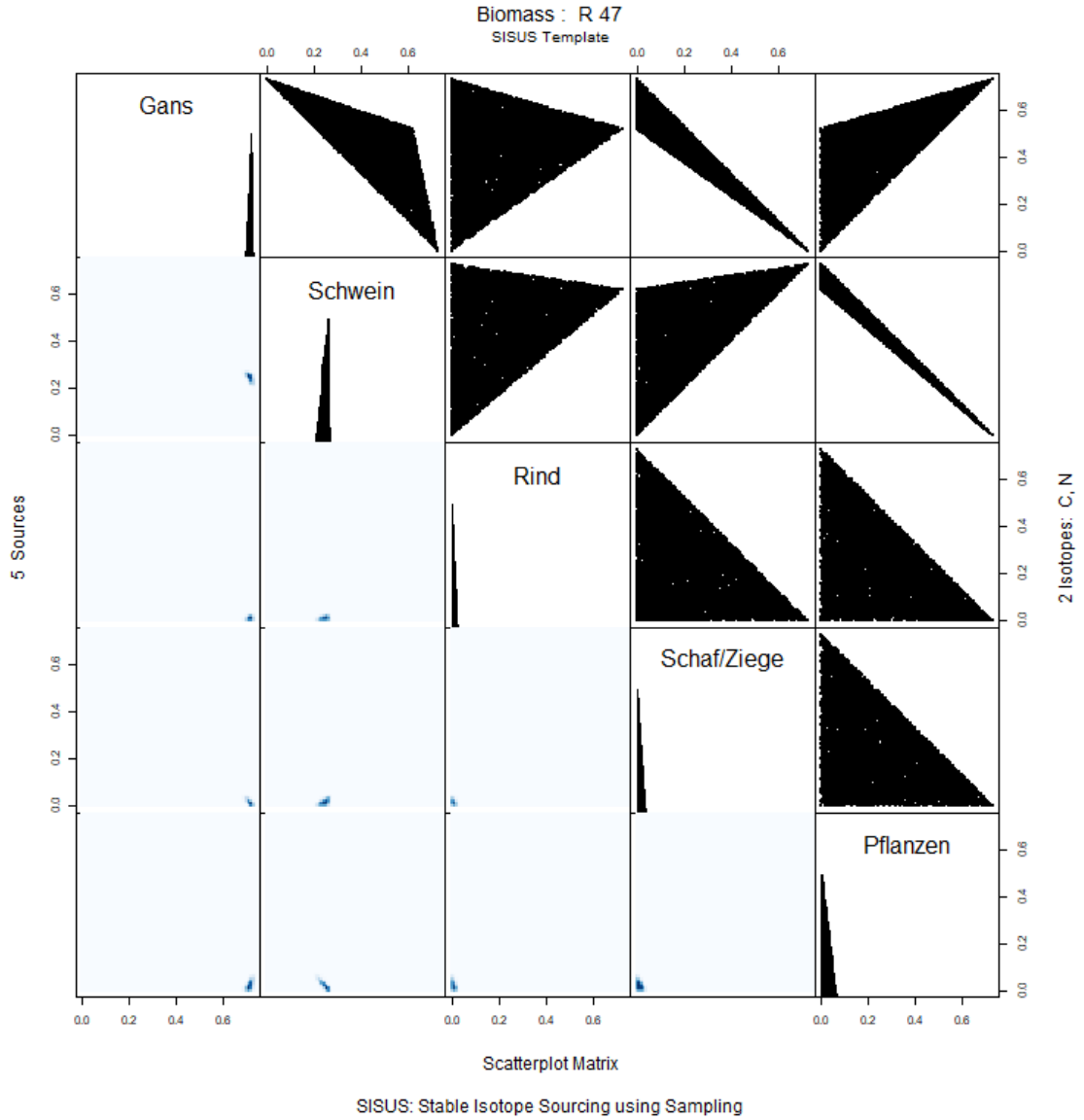


Abbildung 2303: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 47. Erstellt mit SISUS.

R53

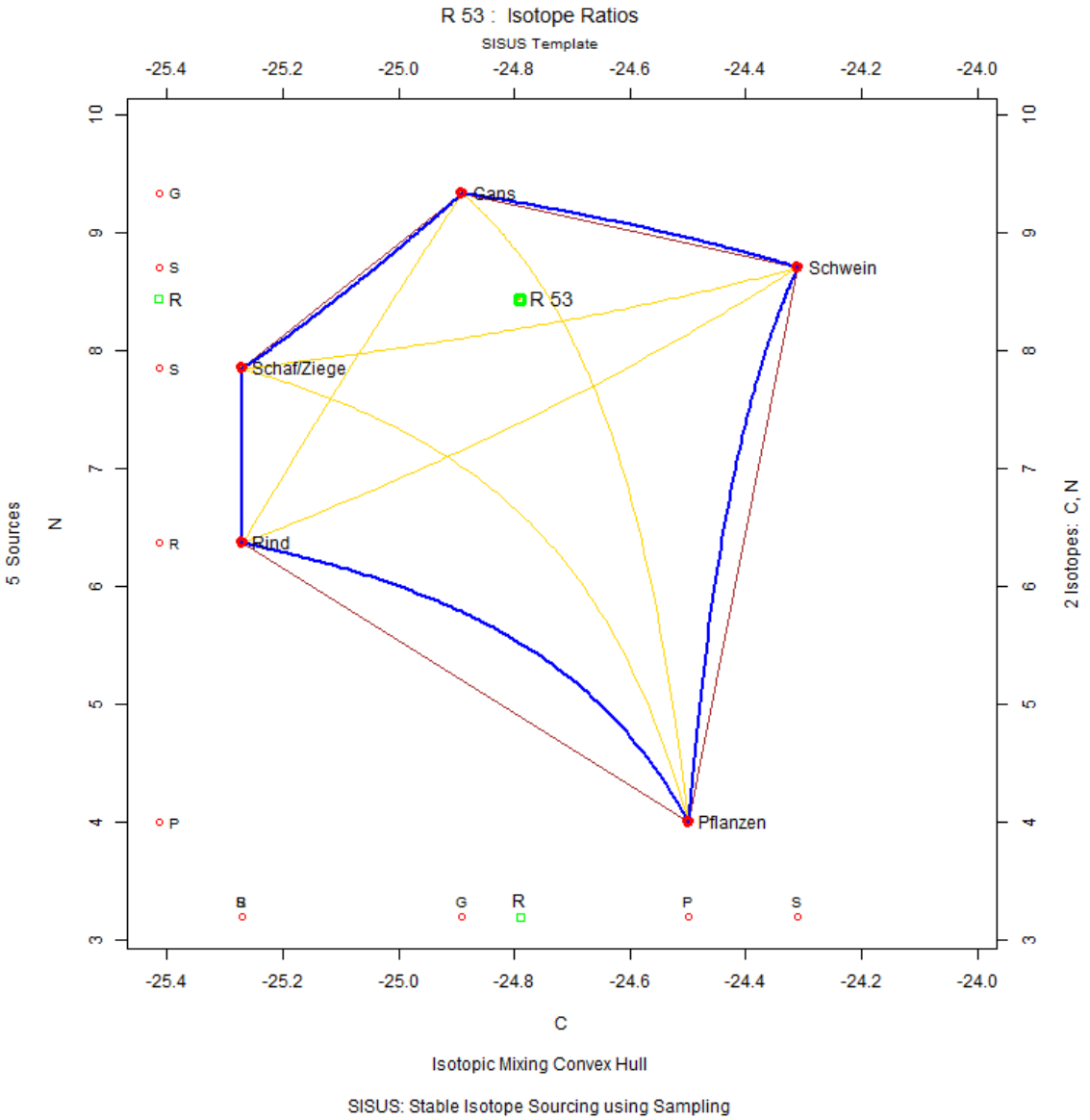


Abbildung 2304: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 53. Erstellt mit SISUS.

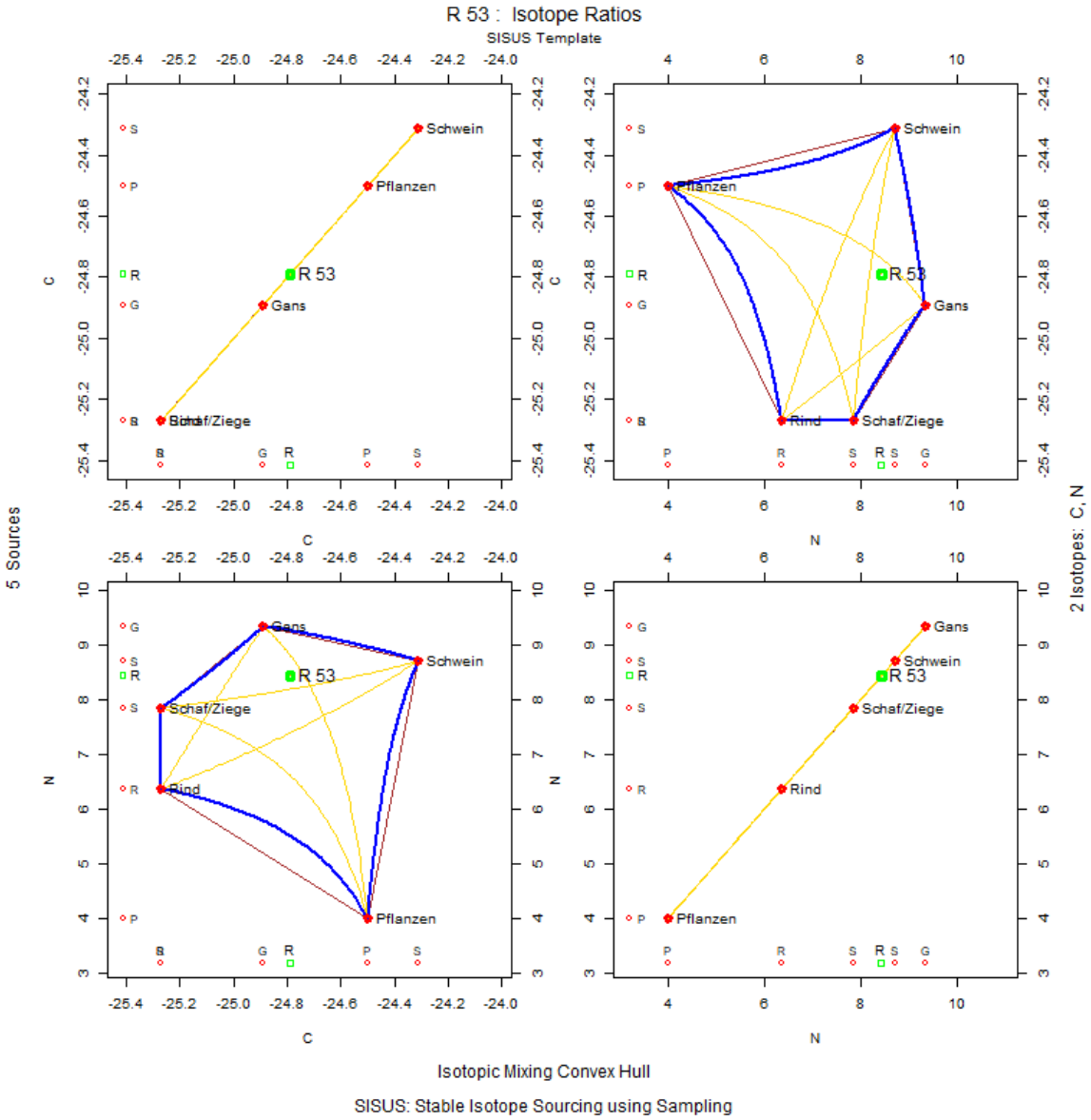


Abbildung 2305: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 53 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

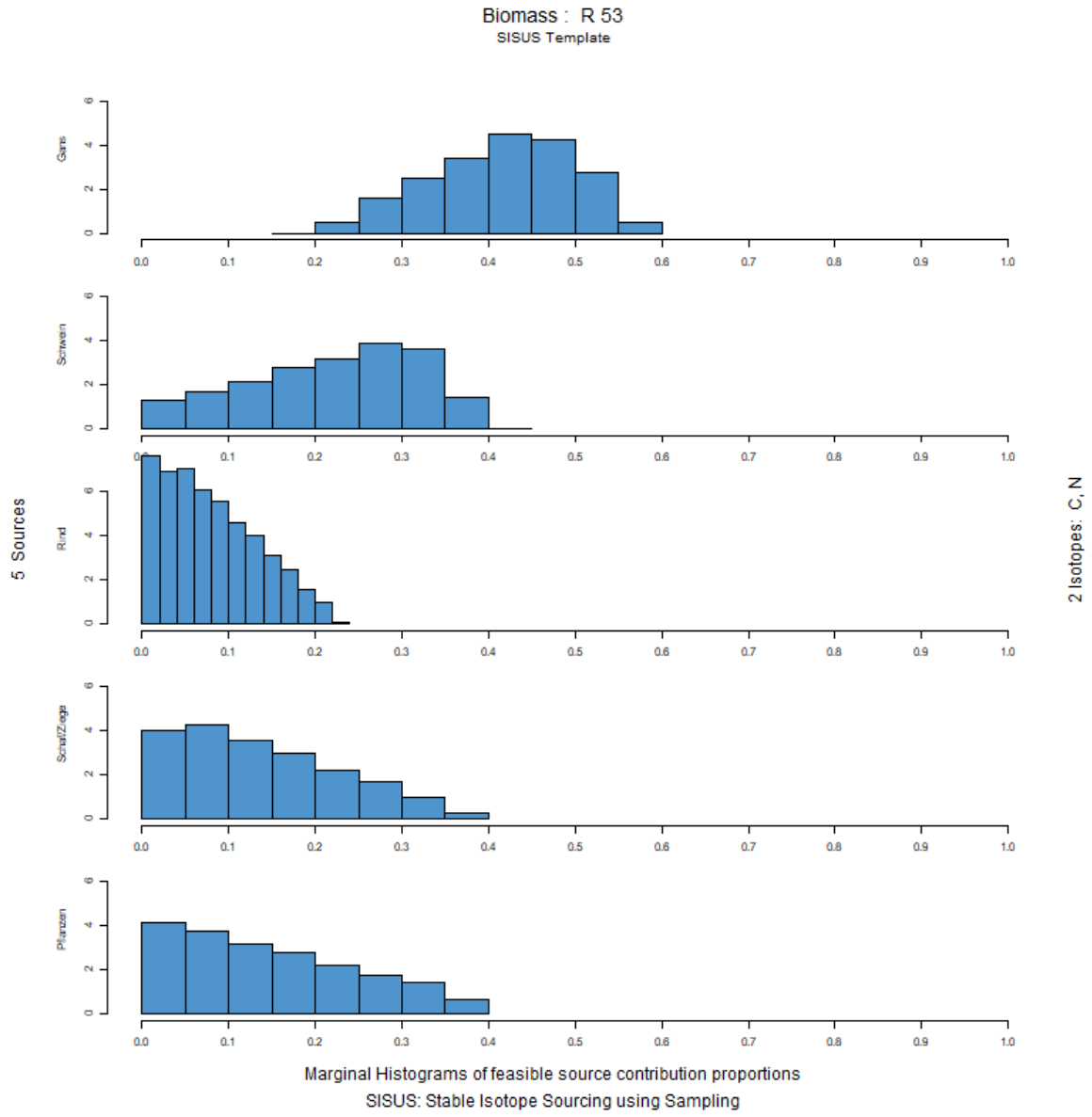


Abbildung 2306: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 53. Erstellt mit SISUS.

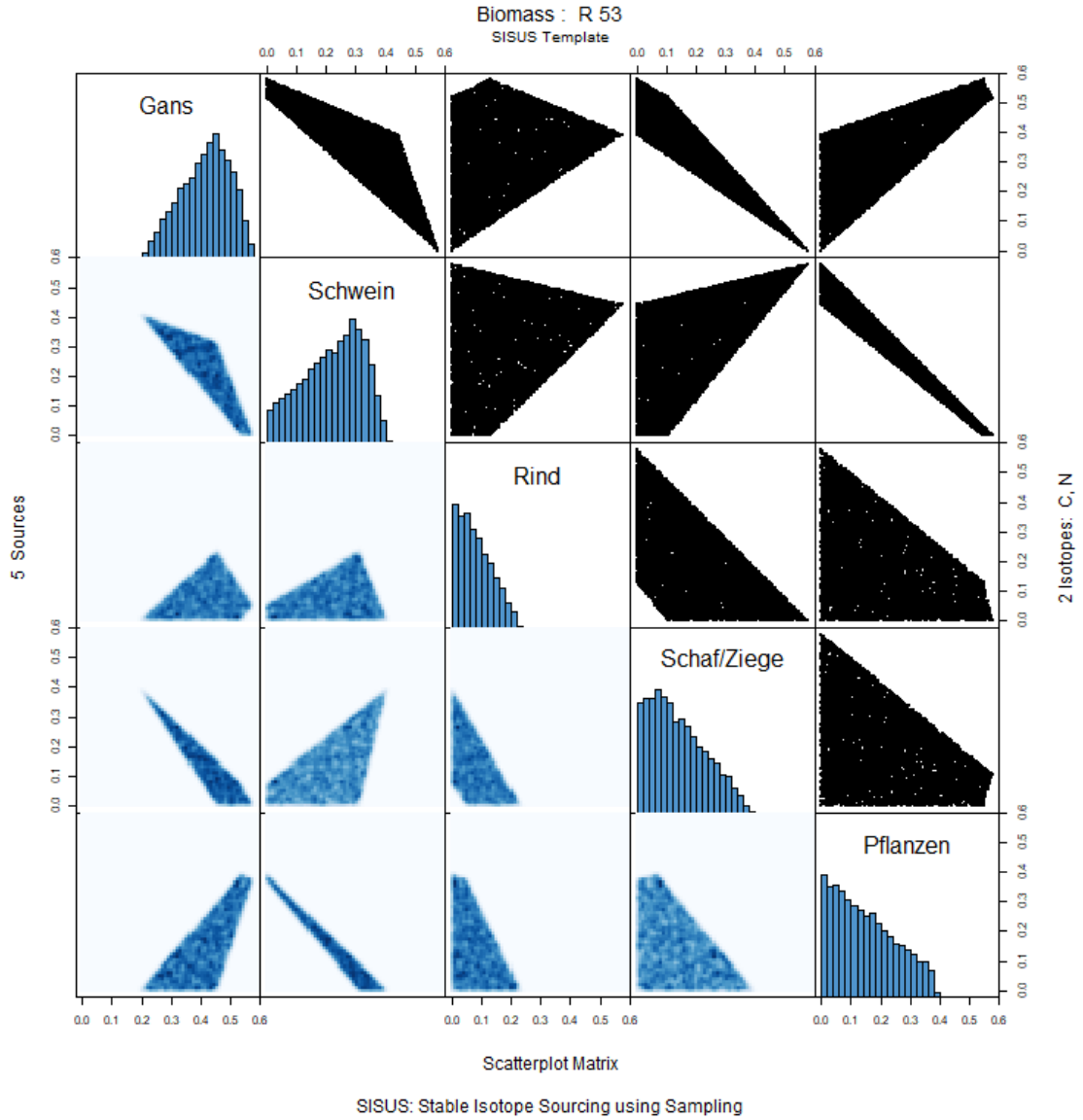


Abbildung 2307: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 53. Erstellt mit SISUS.

R56

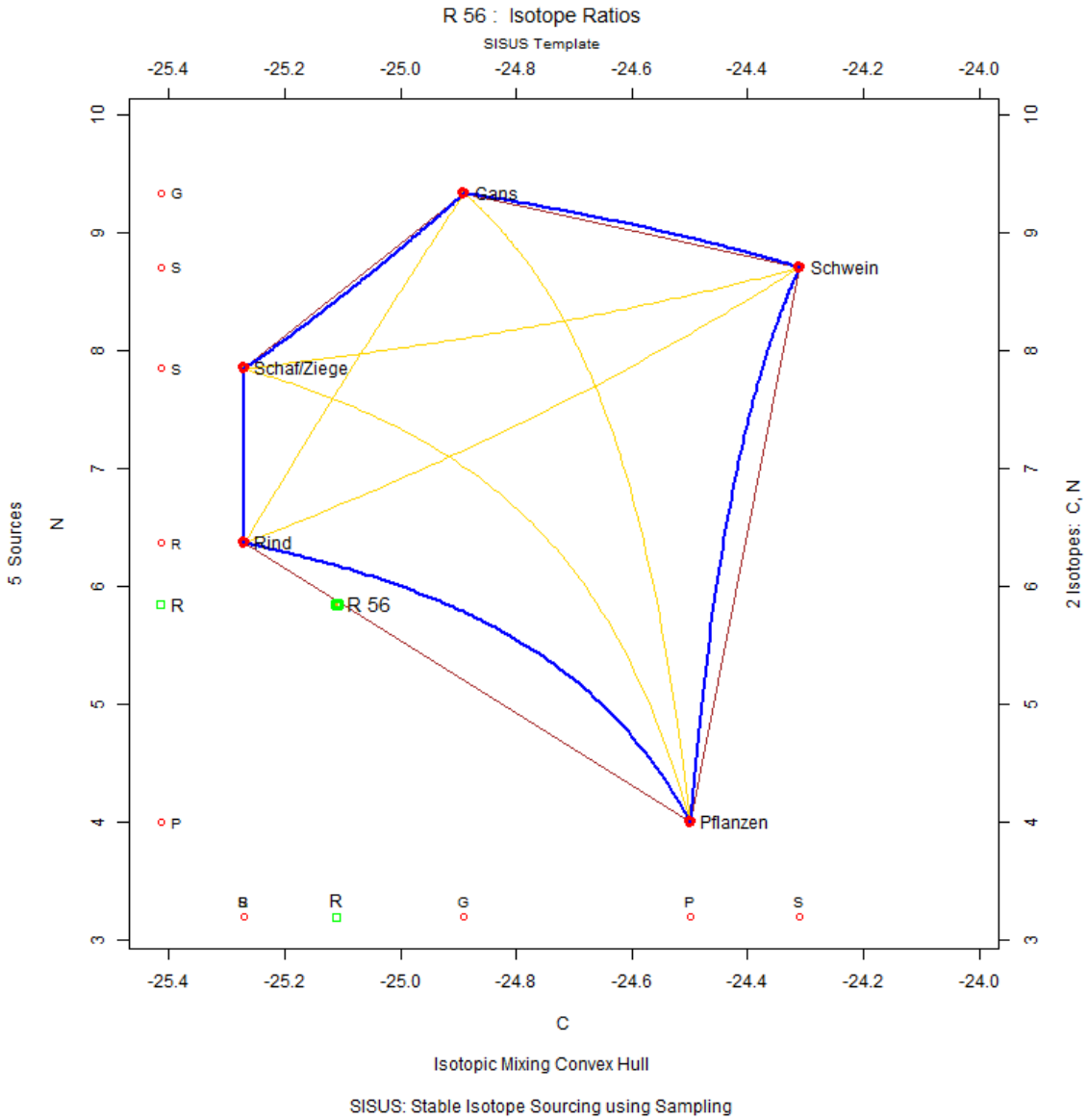


Abbildung 2308: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 56. Erstellt mit SISUS.

R59

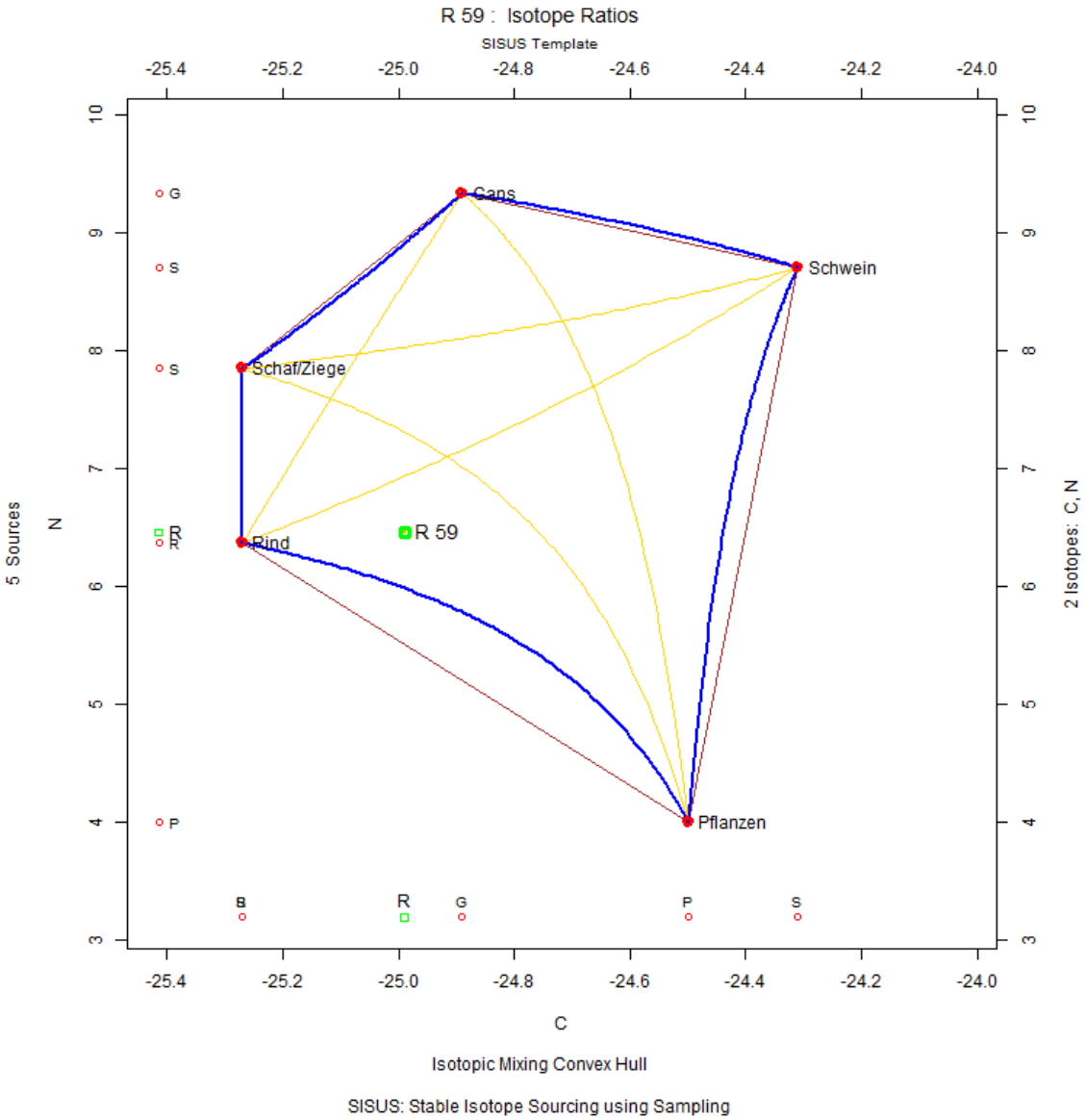


Abbildung 2309: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 59. Erstellt mit SISUS.

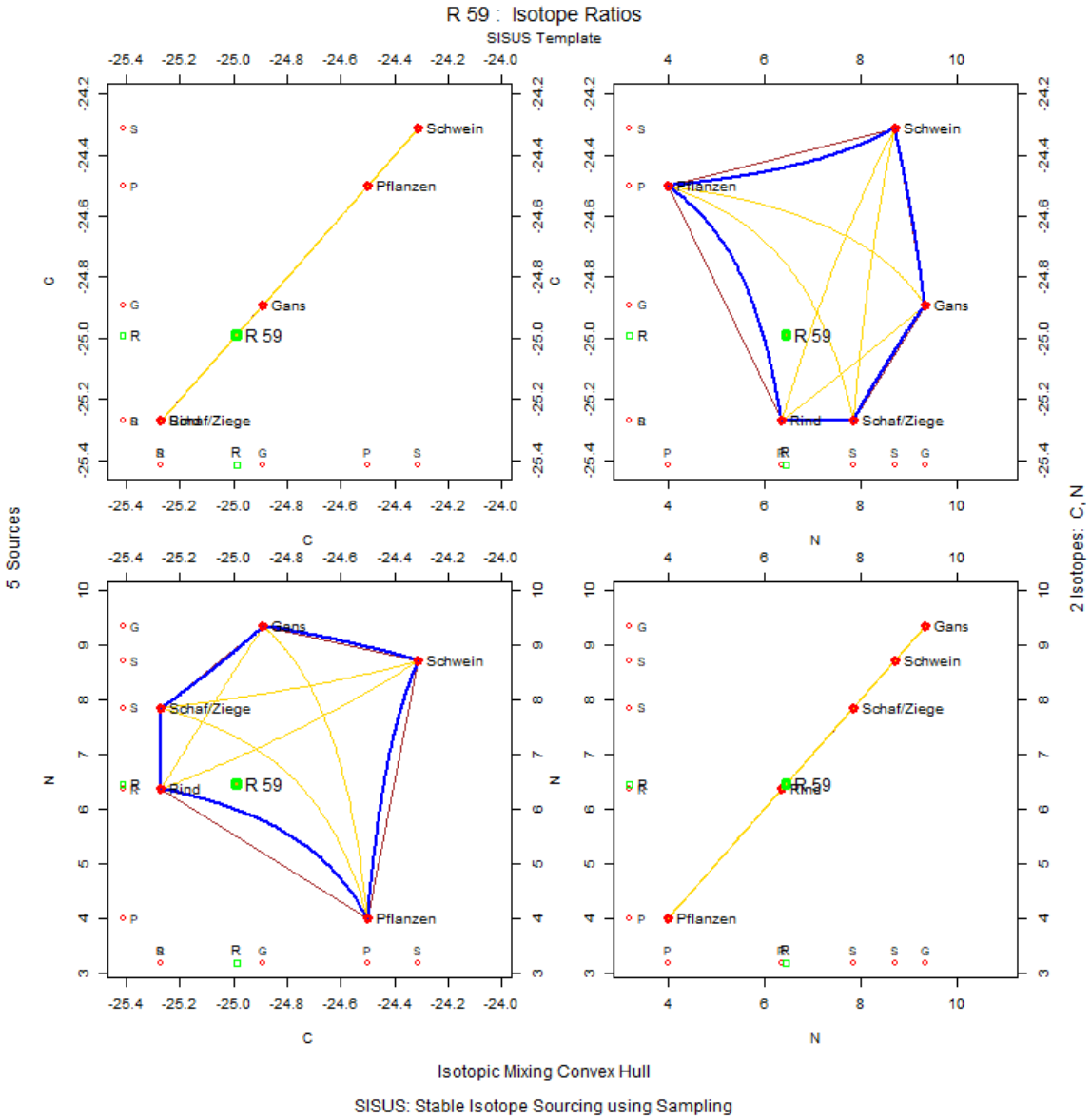


Abbildung 2310: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 59 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

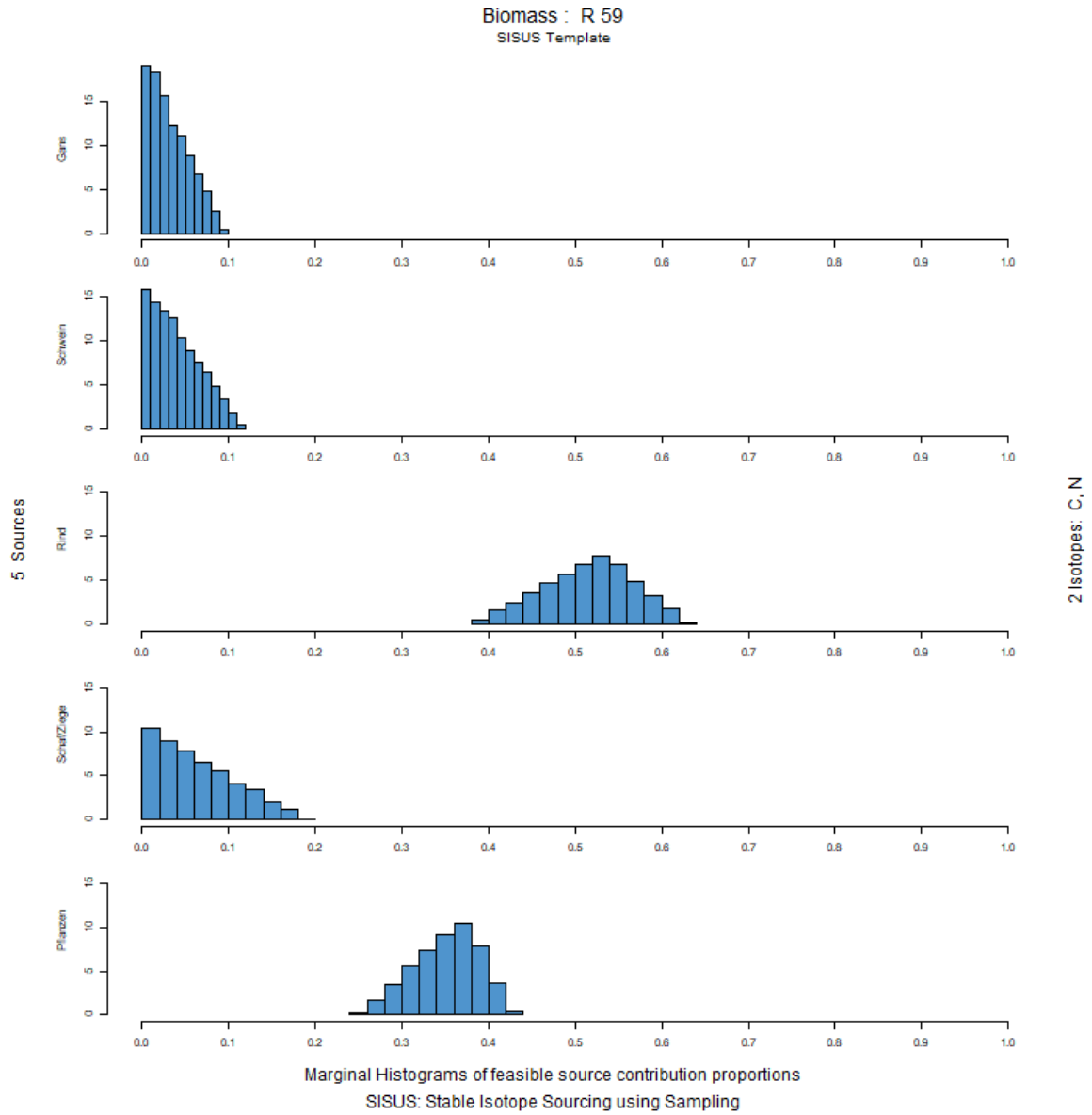


Abbildung 2311: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 59. Erstellt mit SISUS.

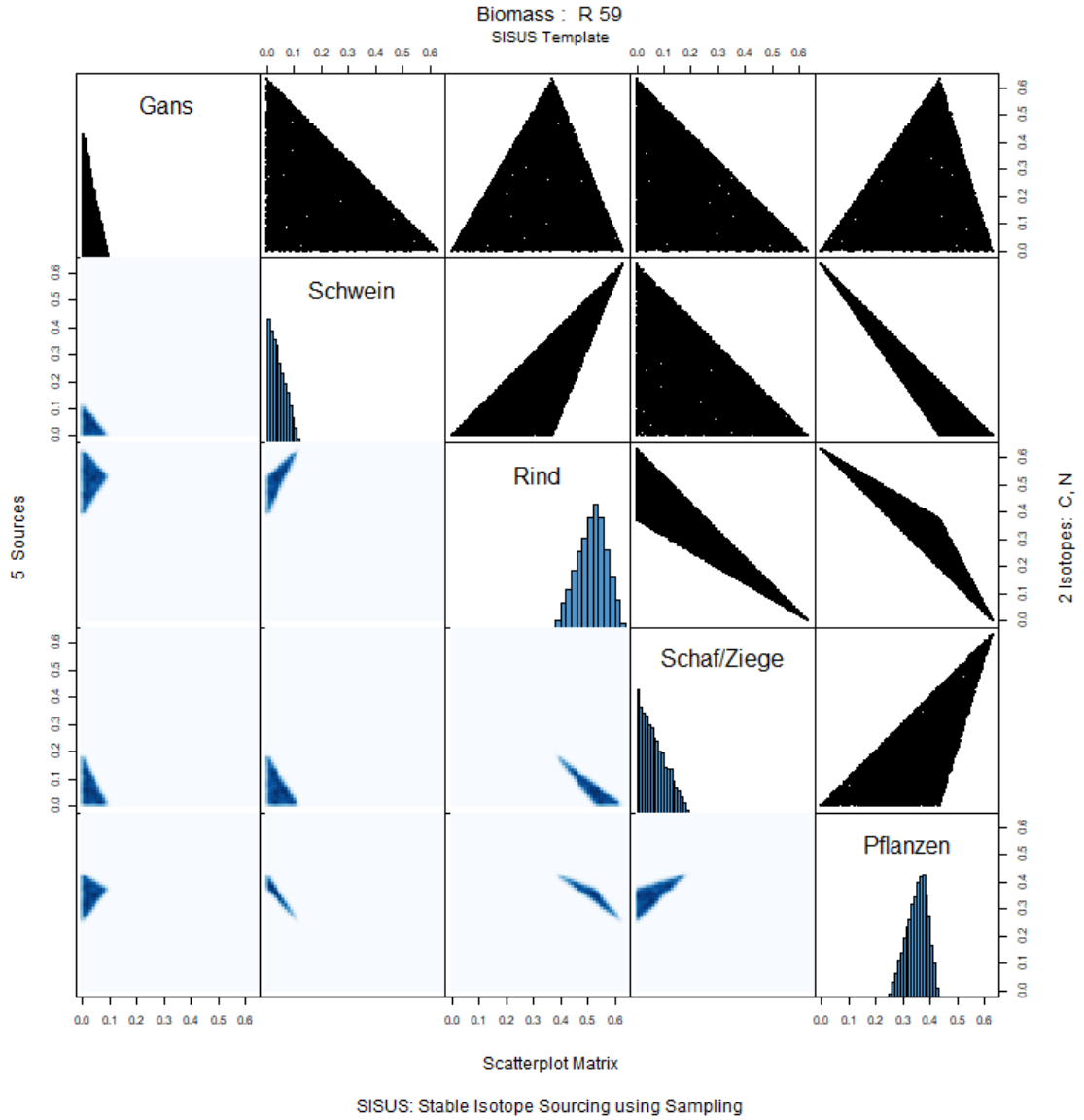


Abbildung 2312: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 59. Erstellt mit SISUS.

R61

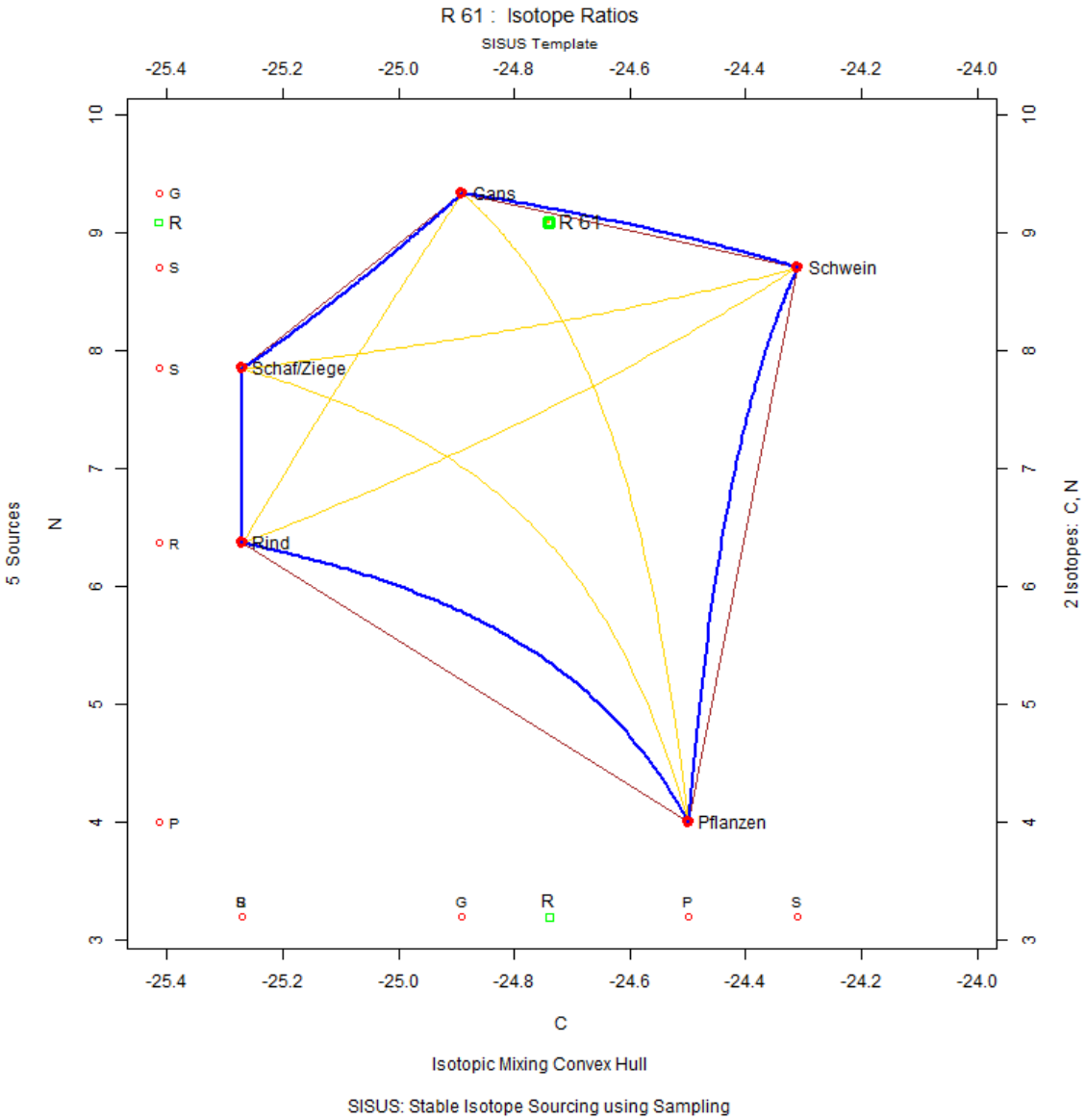


Abbildung 2313: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 61. Erstellt mit SISUS.

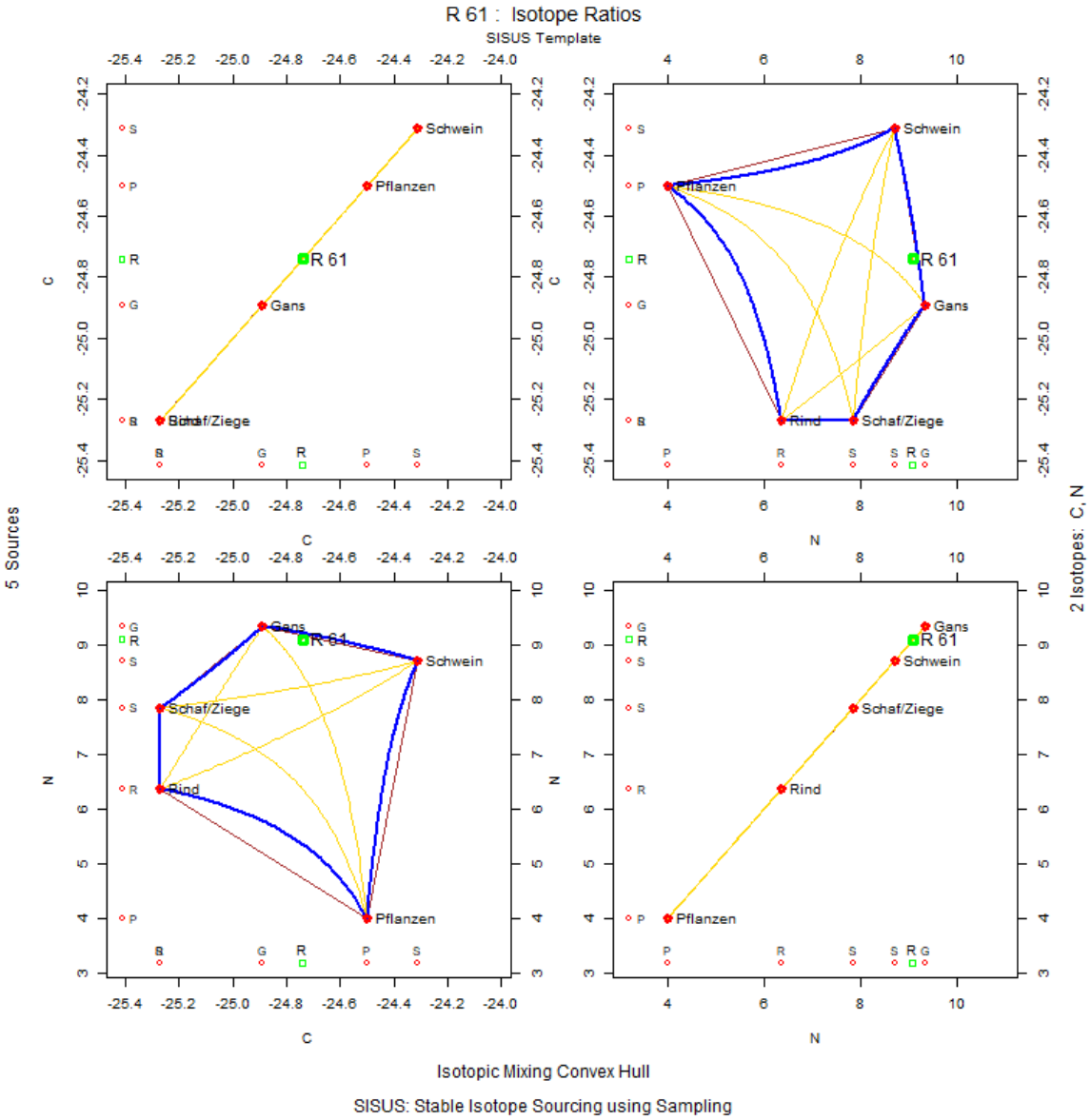


Abbildung 2314: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 61 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

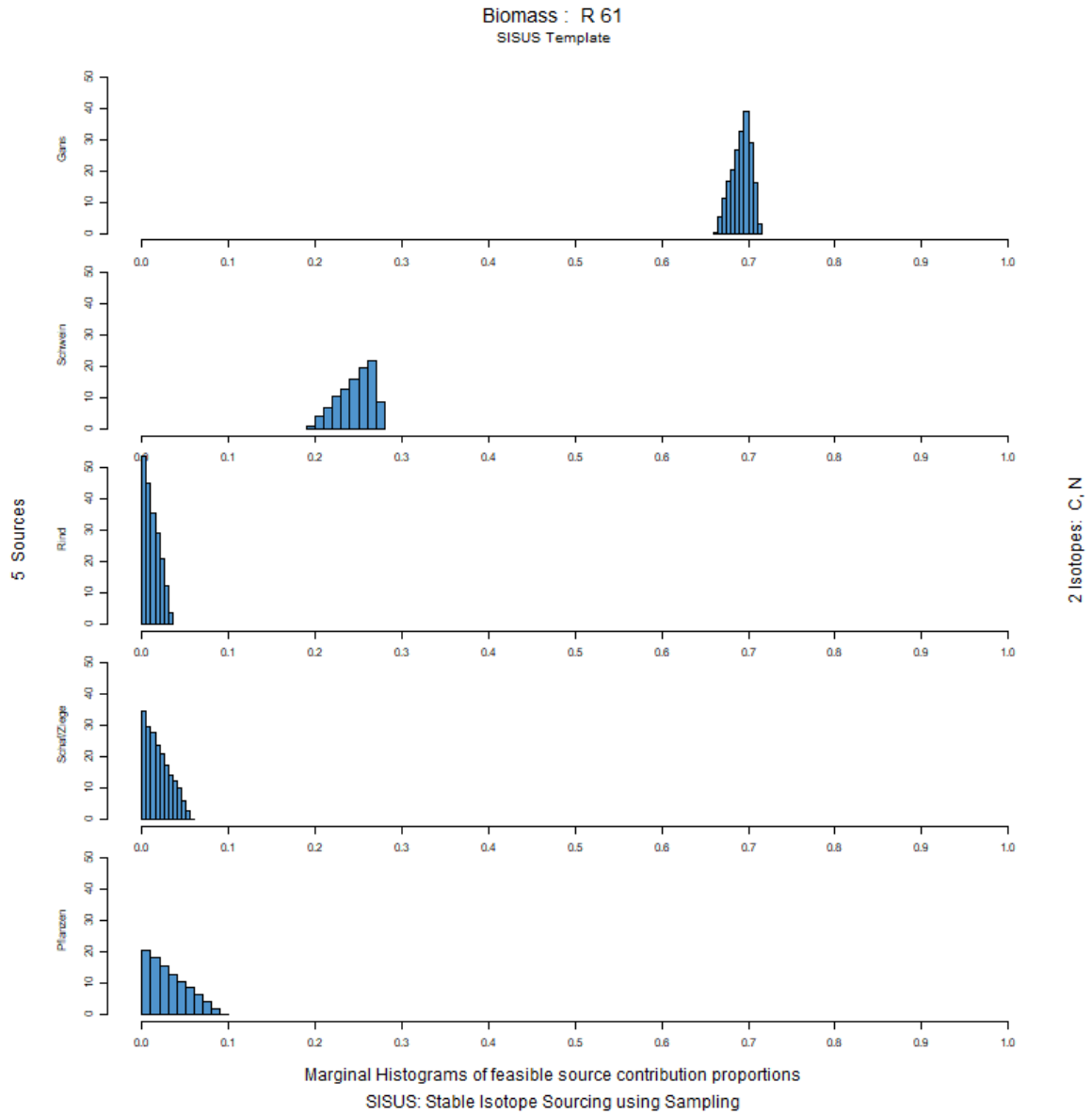


Abbildung 2315: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 61. Erstellt mit SISUS.

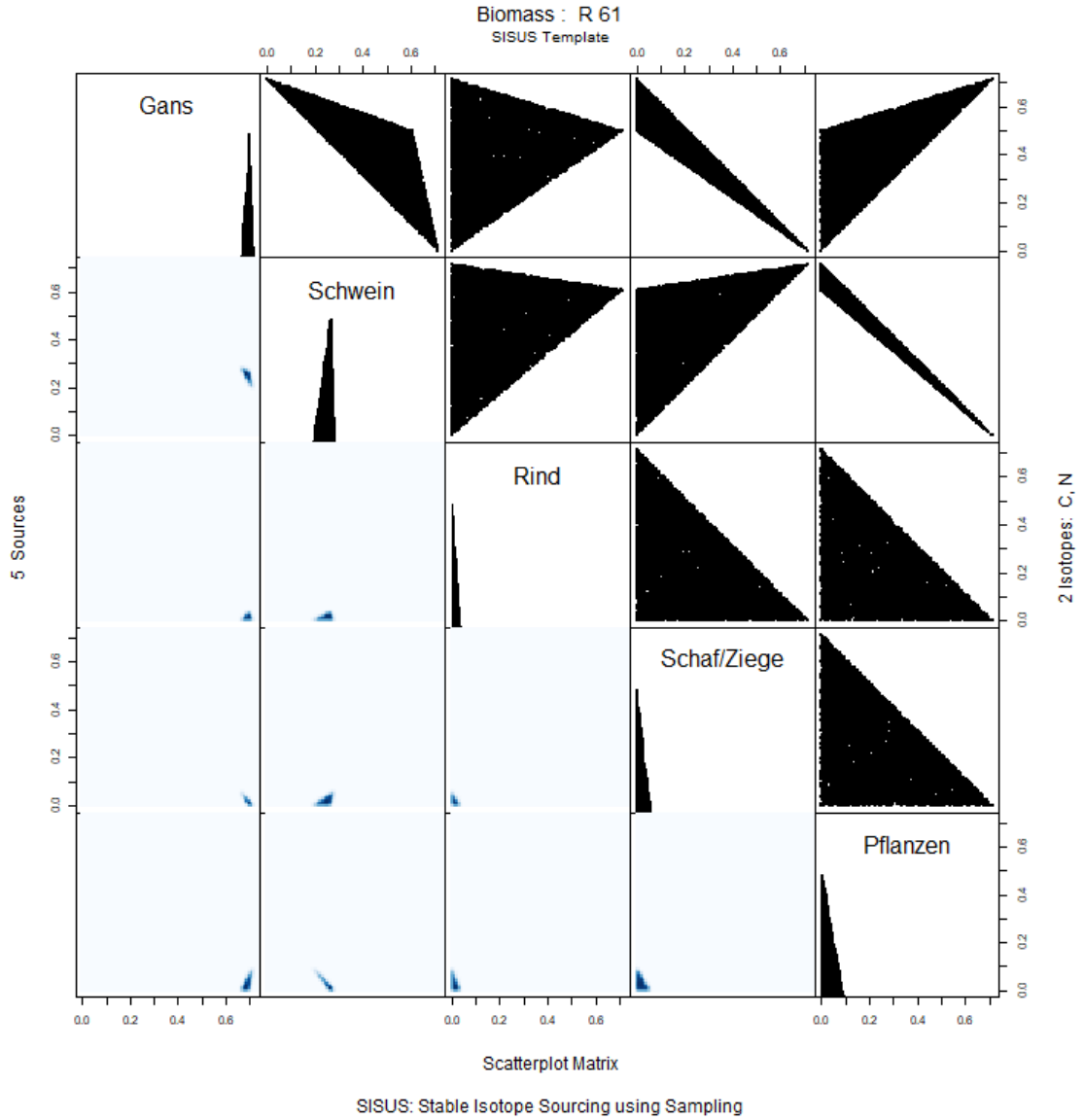


Abbildung 2316: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 61. Erstellt mit SISUS.

R64

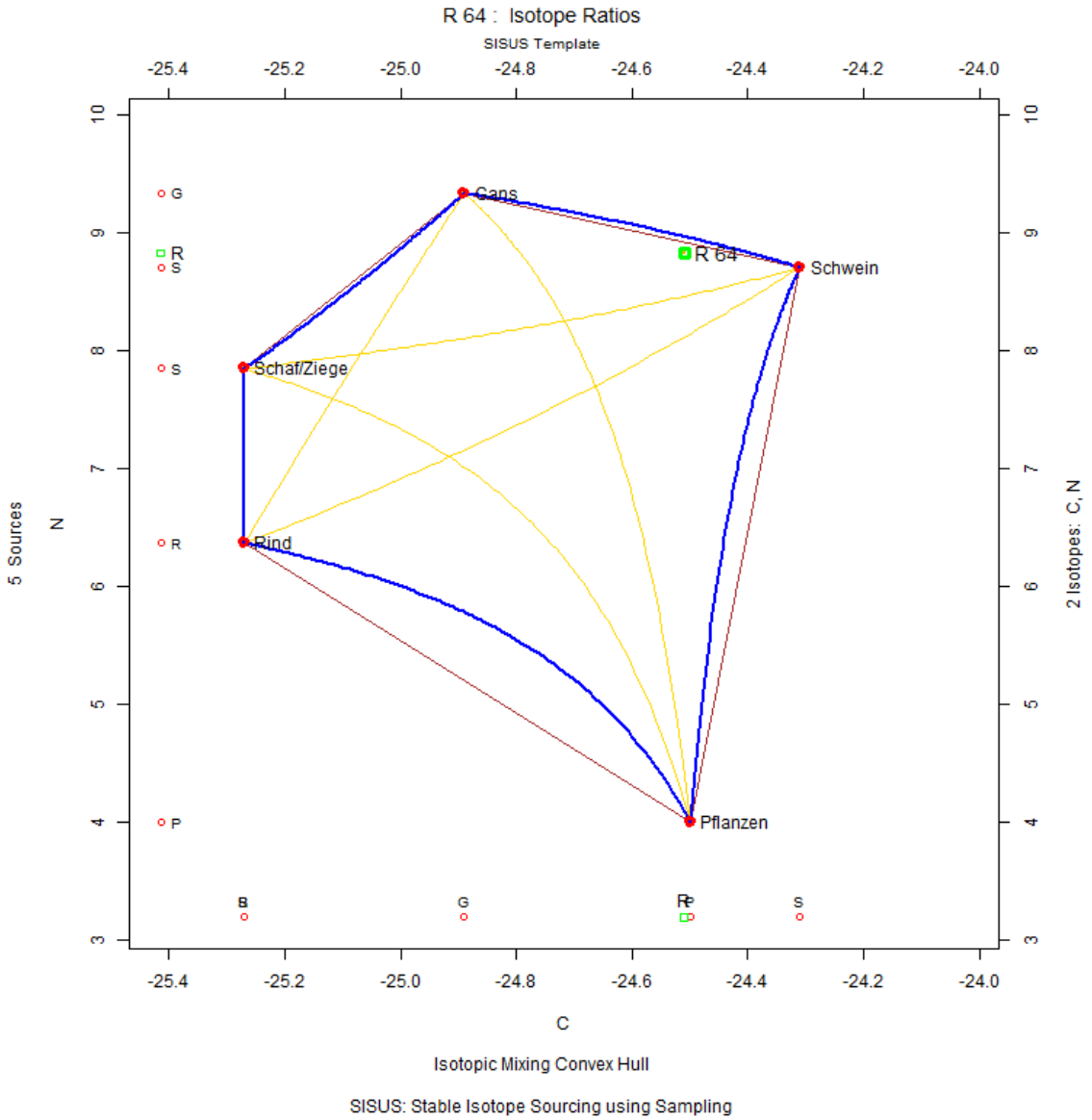


Abbildung 2317: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 64. Erstellt mit SISUS.

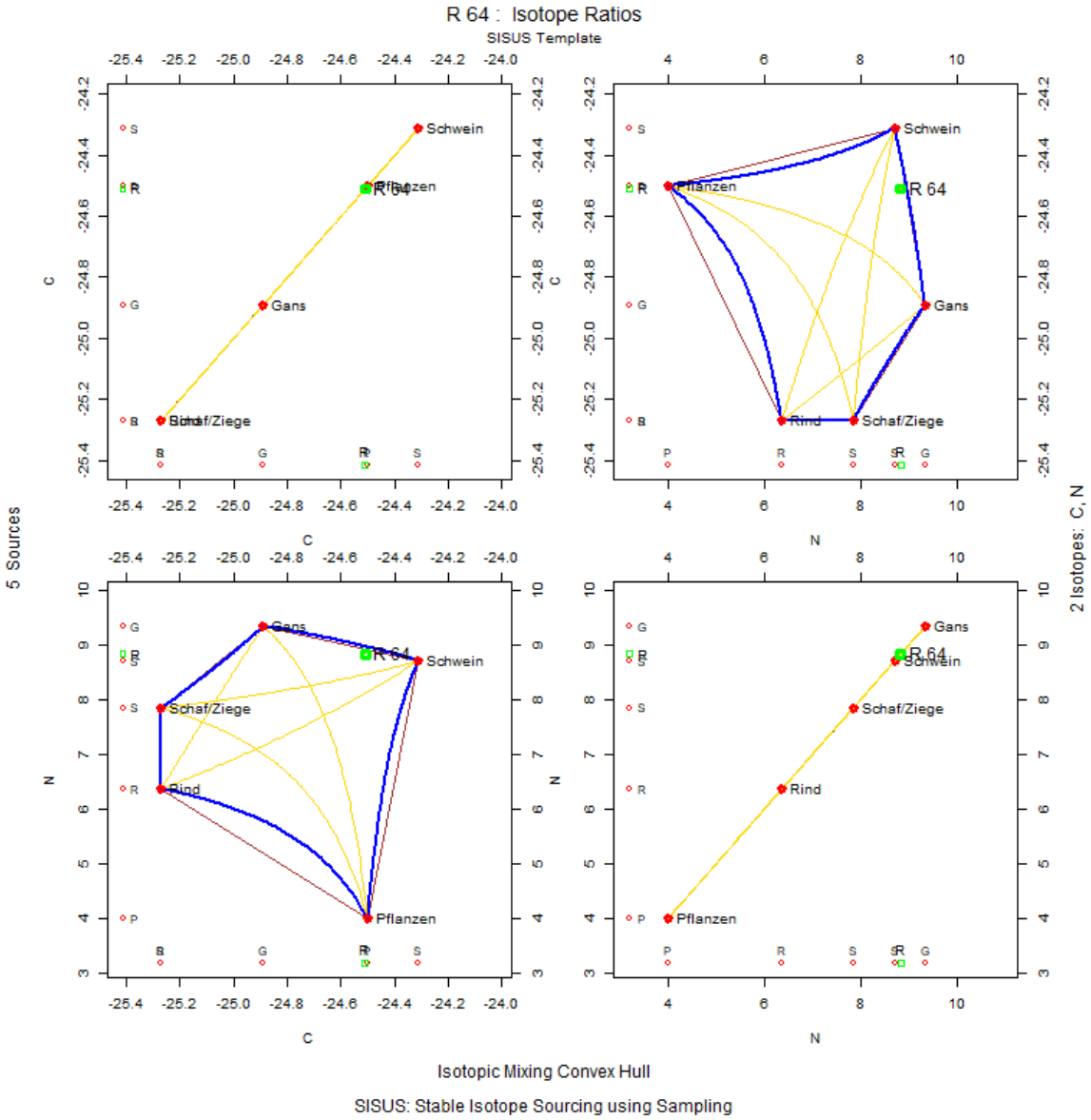


Abbildung 2318: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 64 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

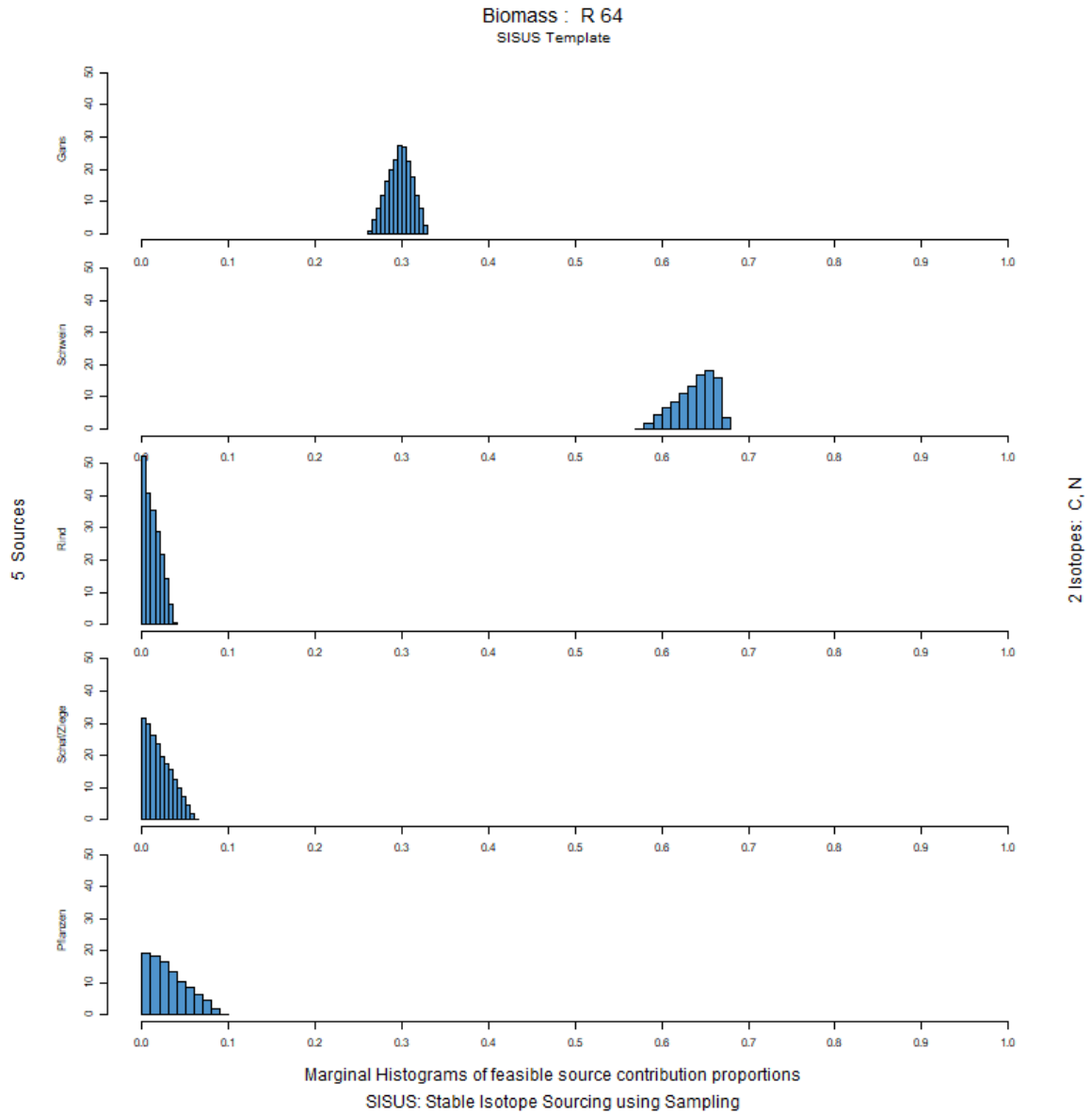


Abbildung 2319: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 64. Erstellt mit SISUS.

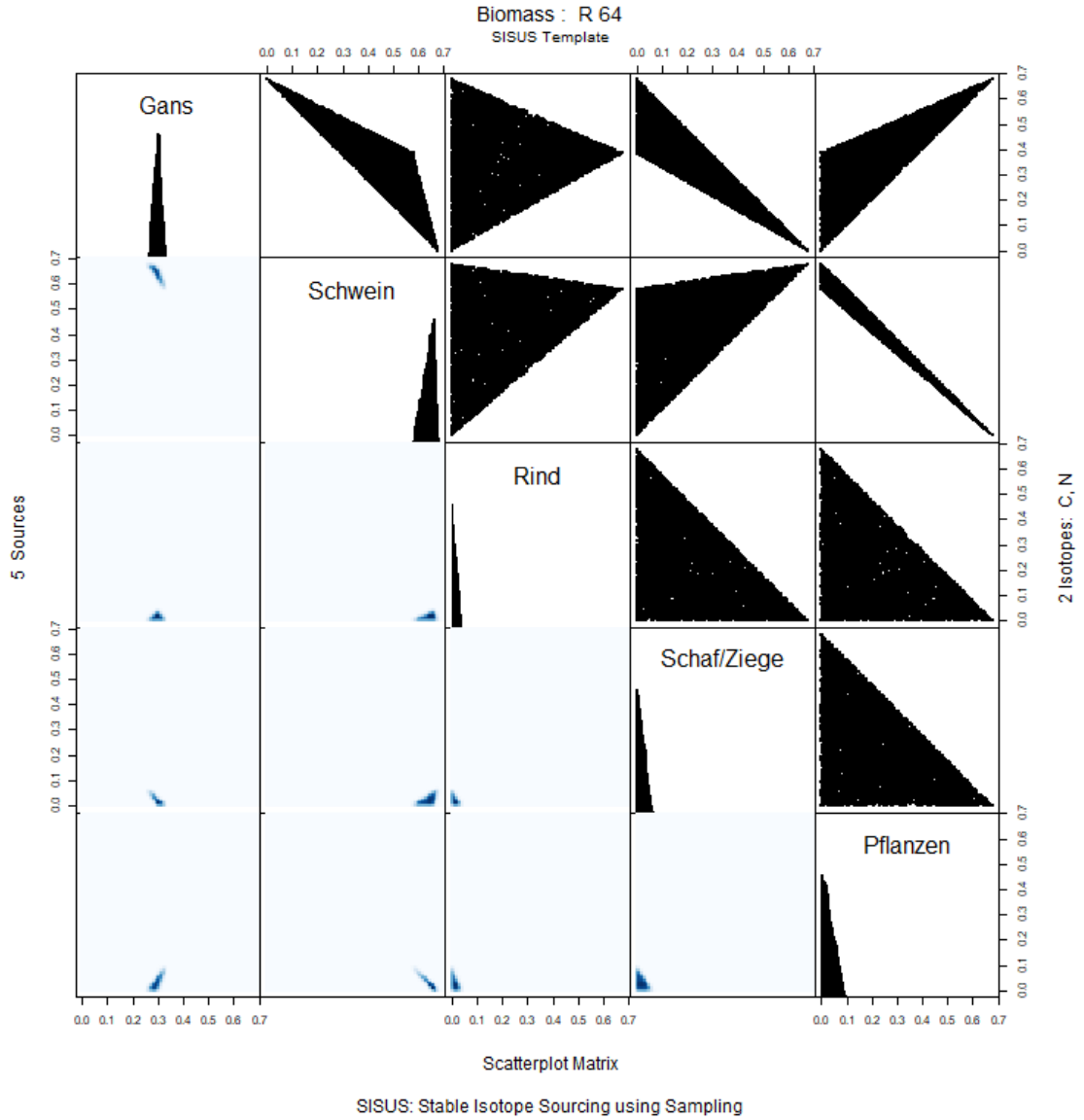


Abbildung 2320: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 64. Erstellt mit SISUS.

R65

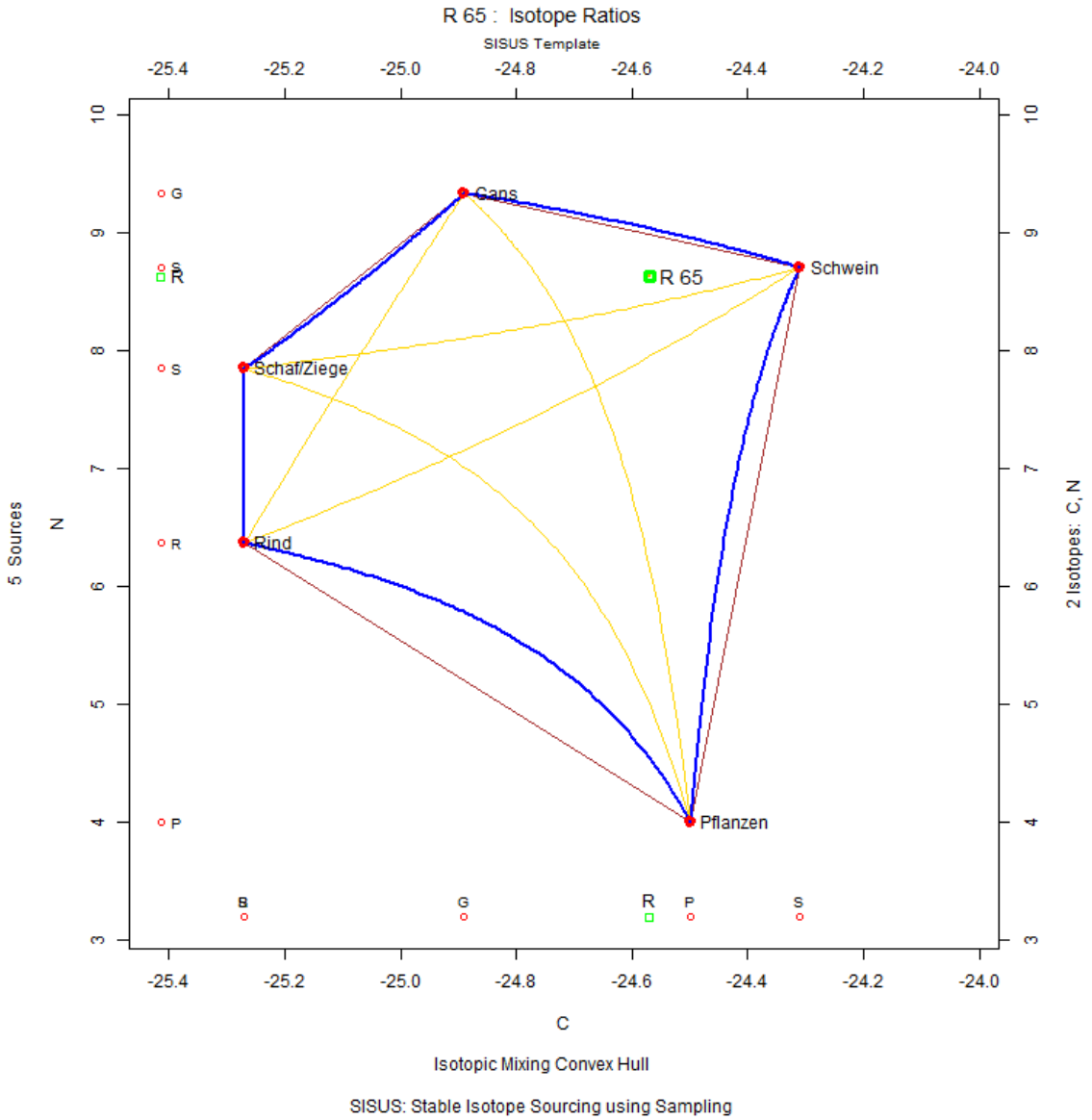


Abbildung 2321: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 65. Erstellt mit SISUS.

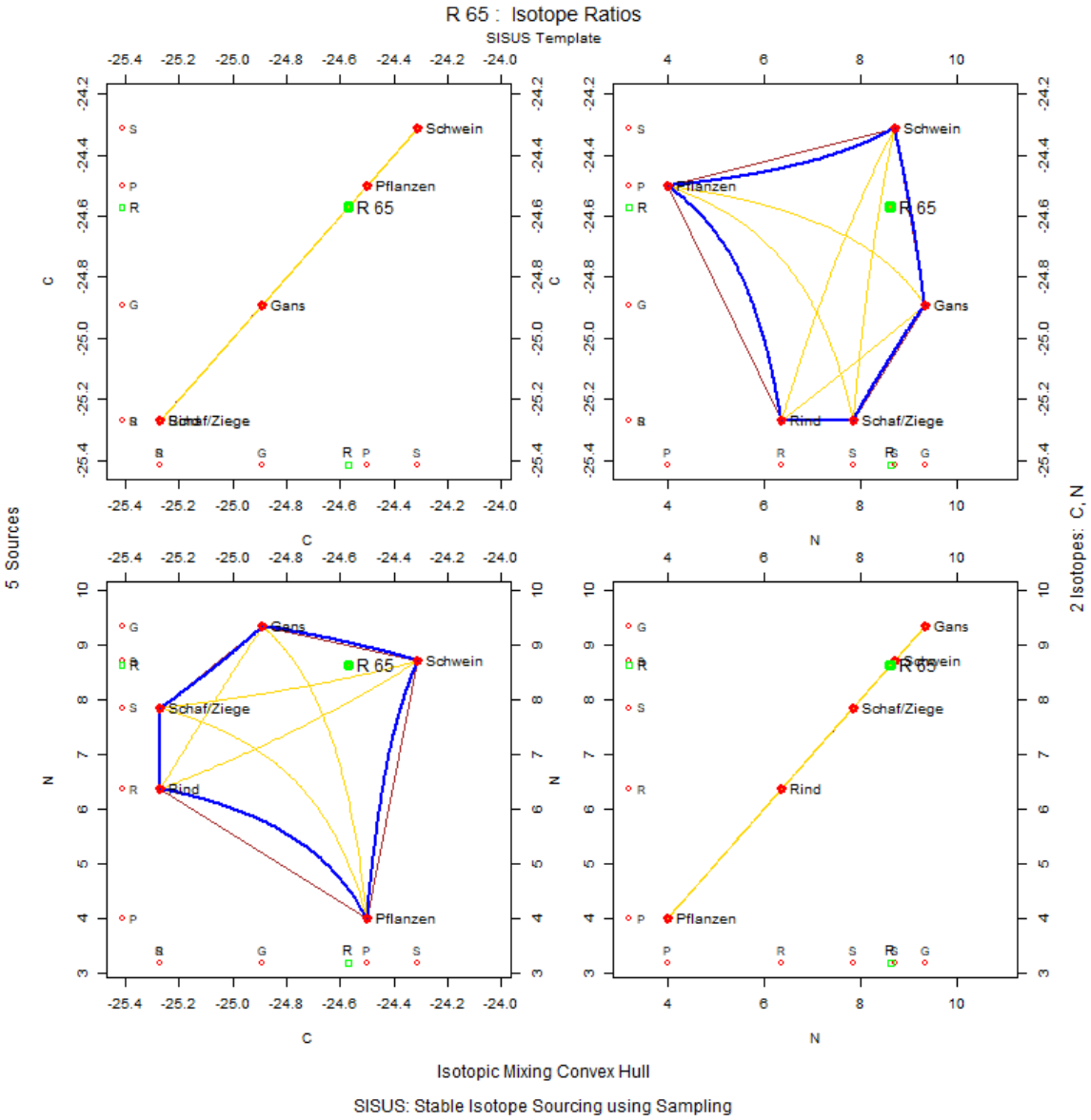


Abbildung 2322: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 65 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

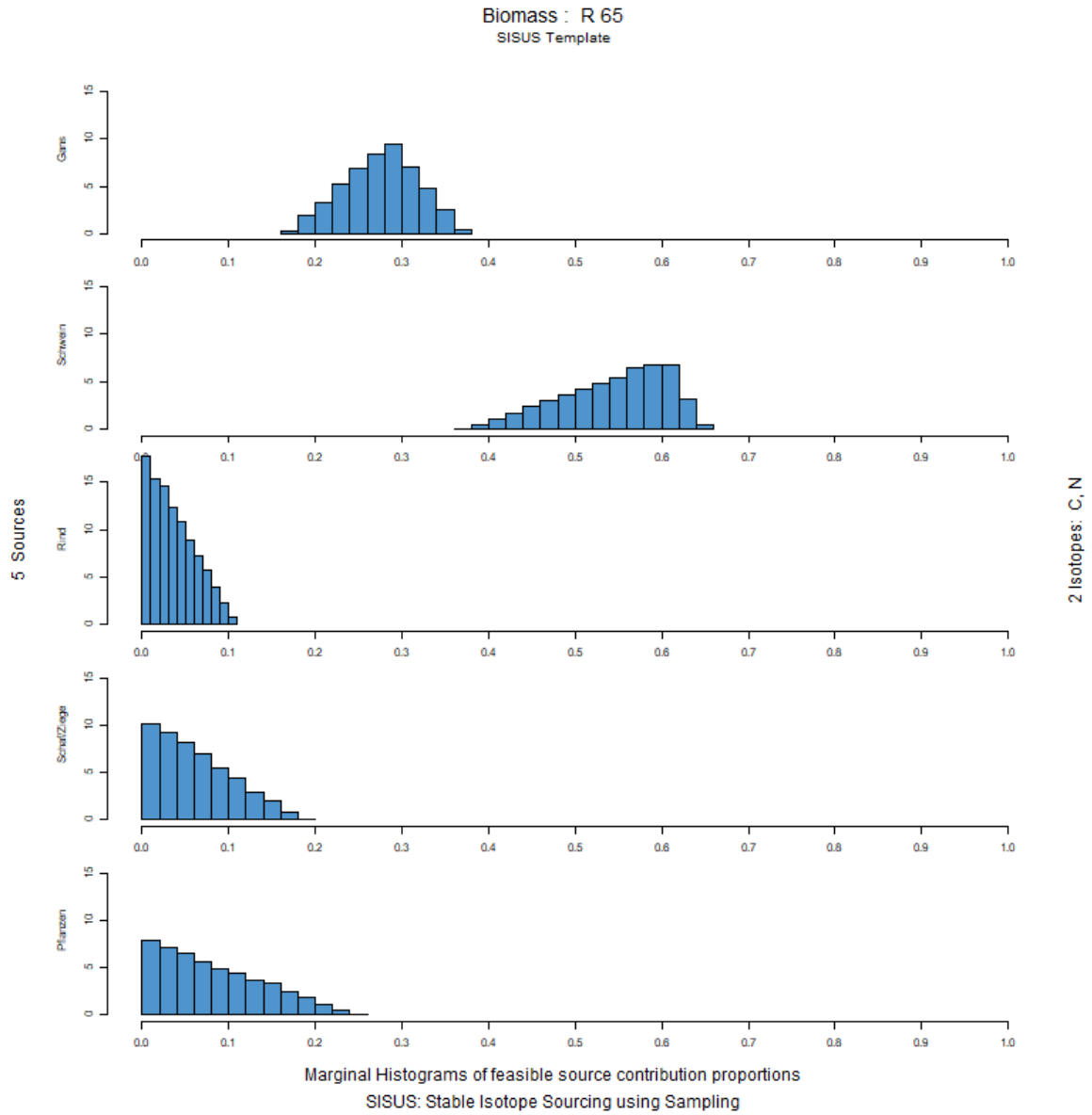


Abbildung 2323: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 65. Erstellt mit SISUS.

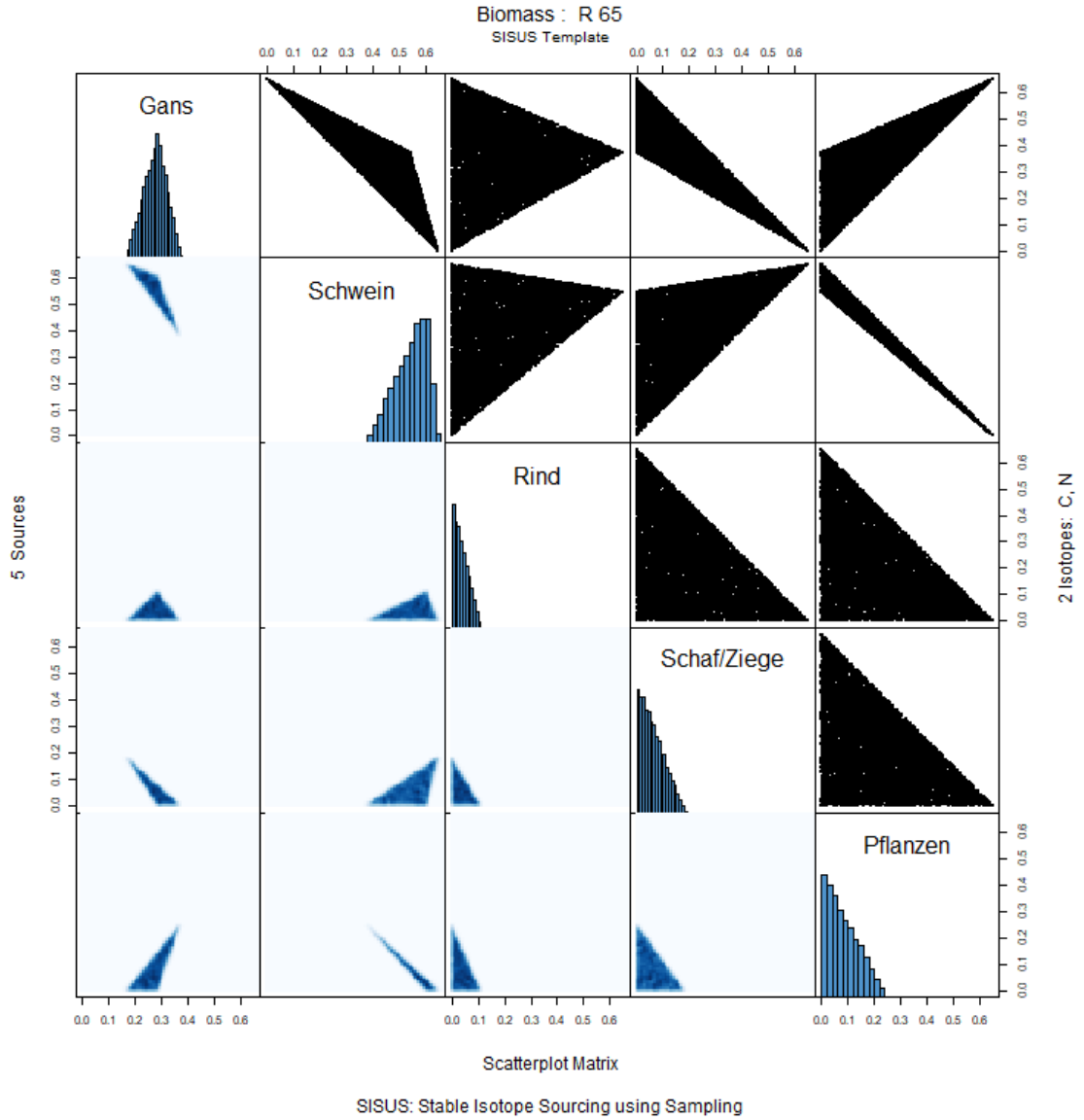


Abbildung 2324: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 65. Erstellt mit SISUS.

R67

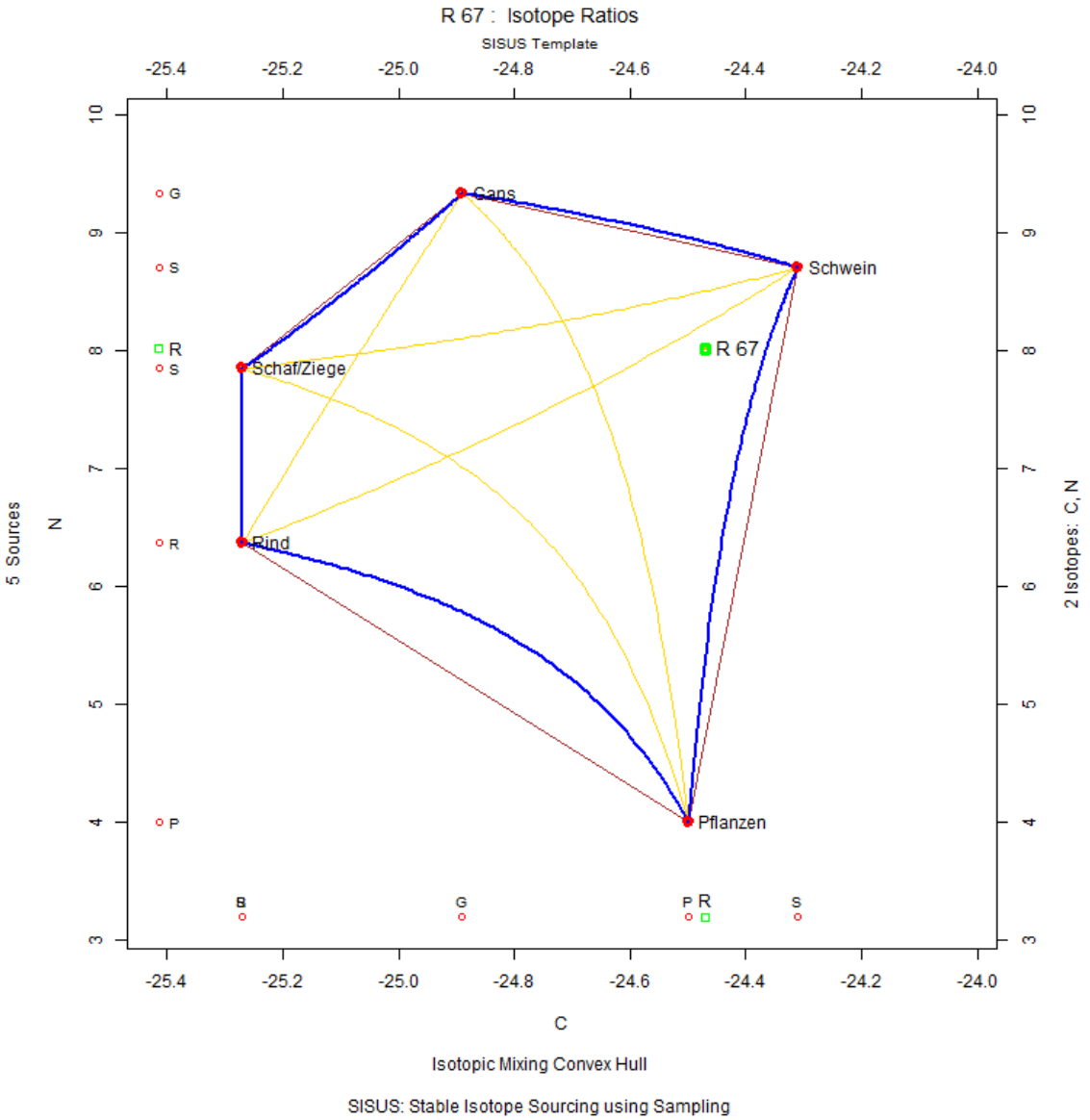


Abbildung 2325: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 67. Erstellt mit SISUS.

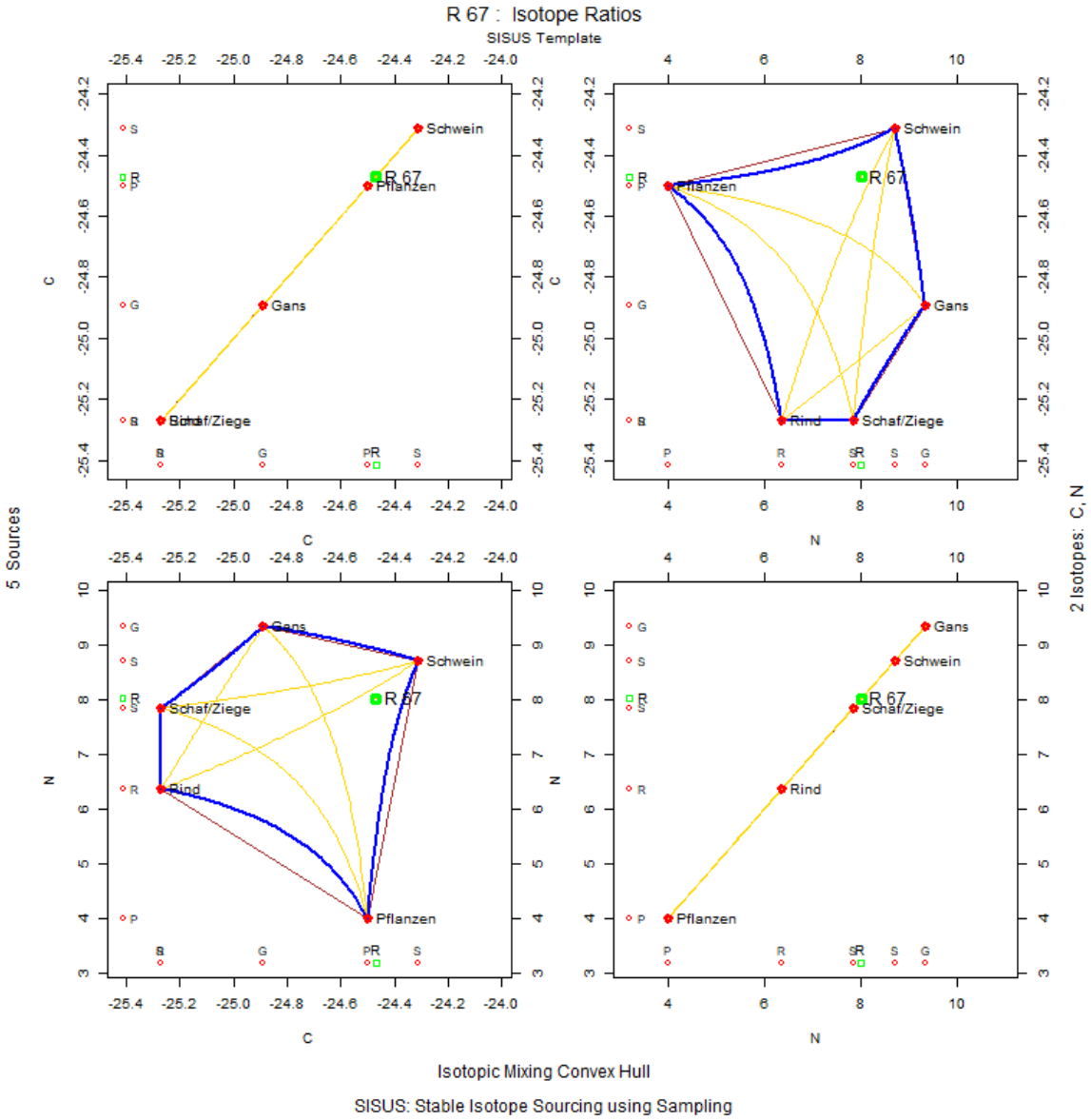


Abbildung 2326: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 67 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

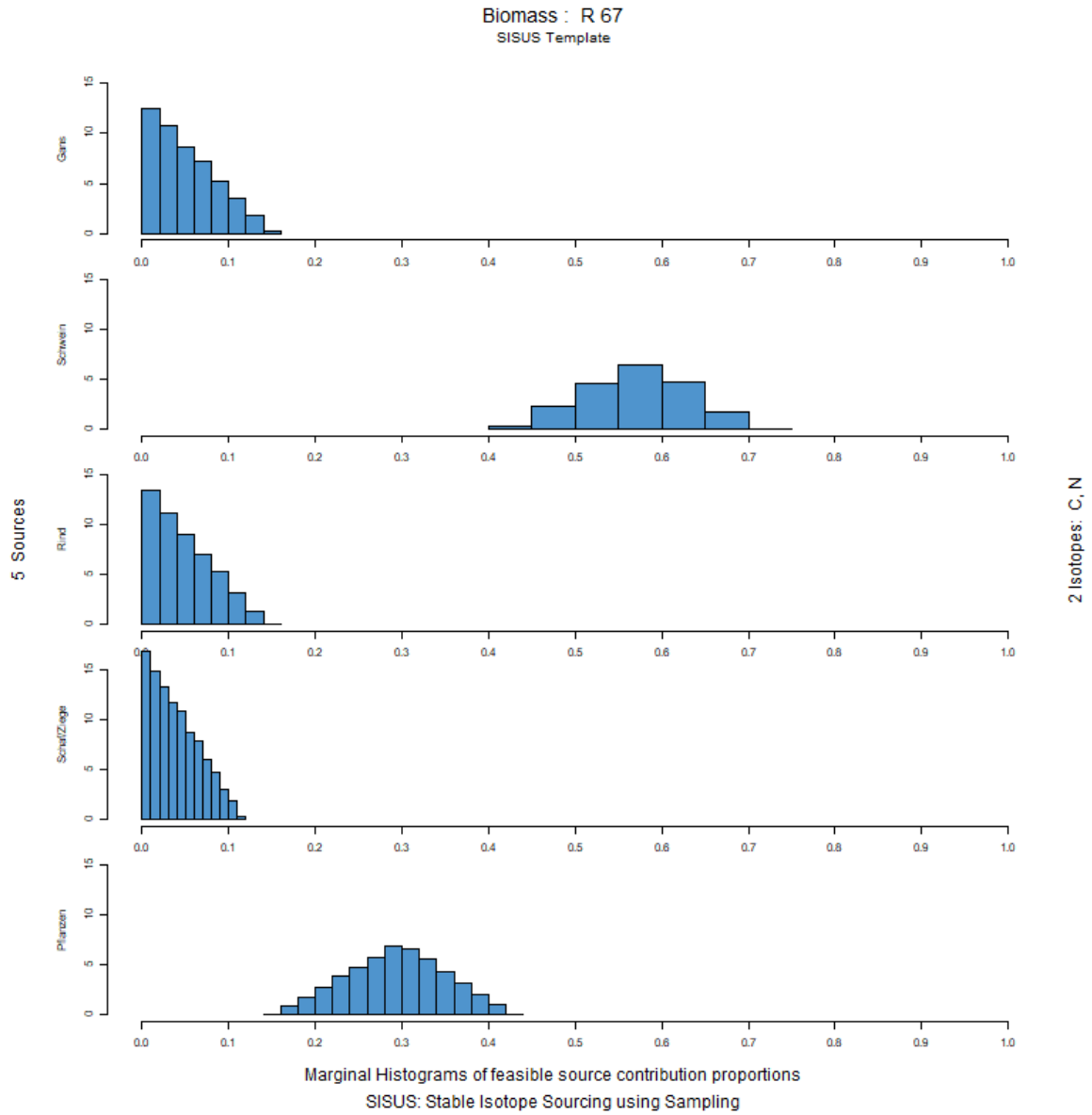


Abbildung 2327: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 67. Erstellt mit SISUS.

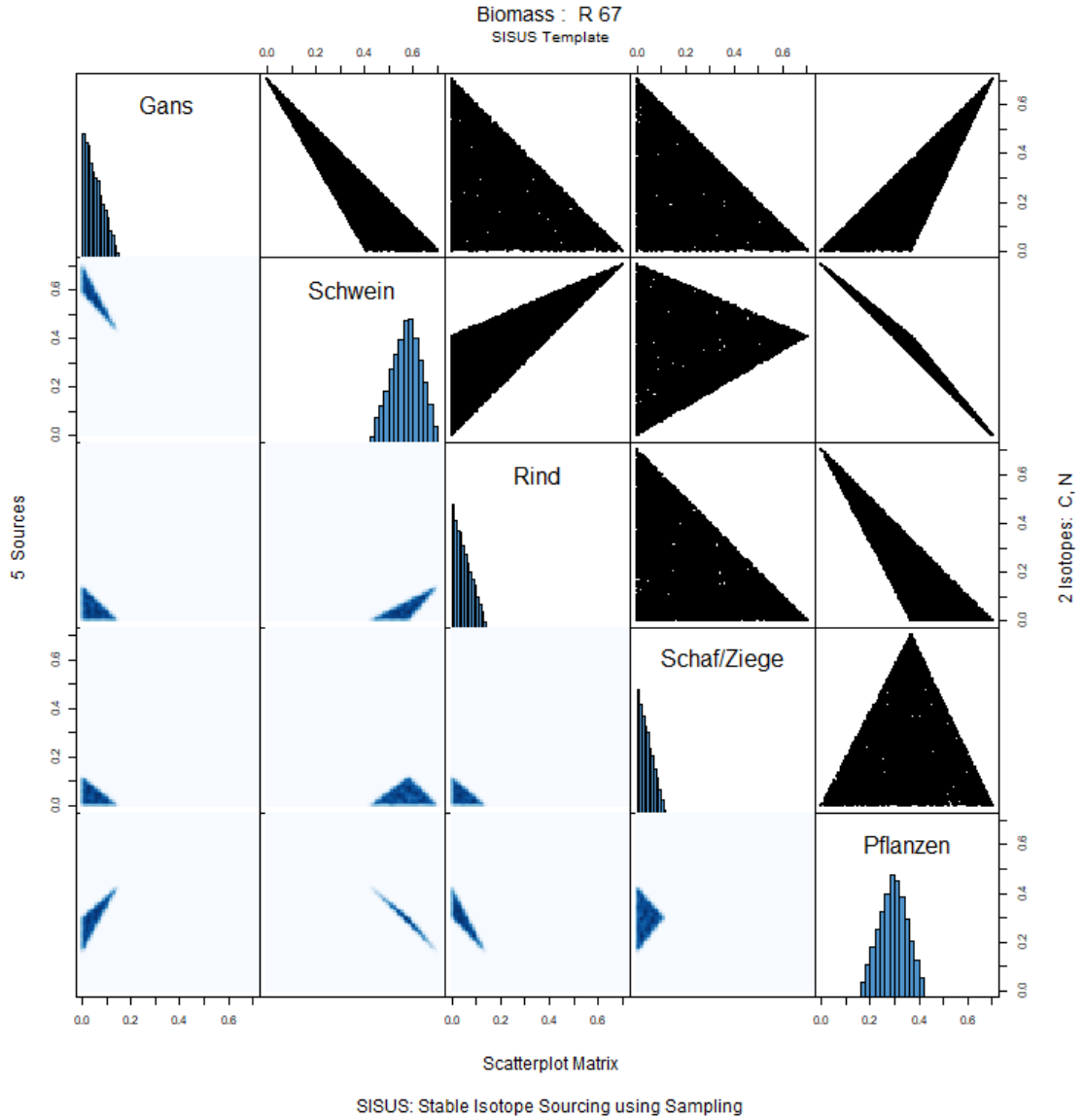


Abbildung 2328: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 67. Erstellt mit SISUS.

R69

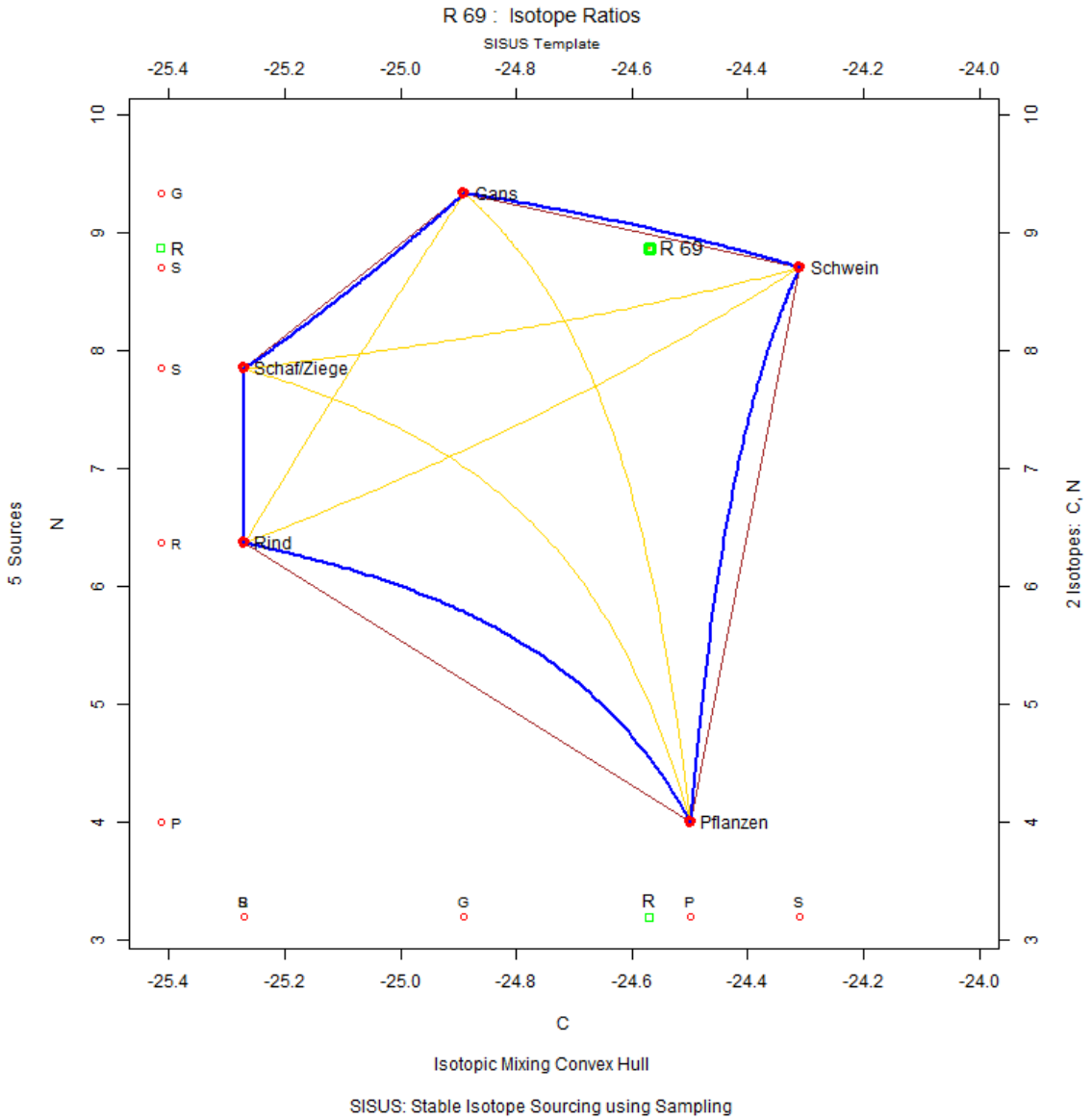


Abbildung 2329: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 69. Erstellt mit SISUS.

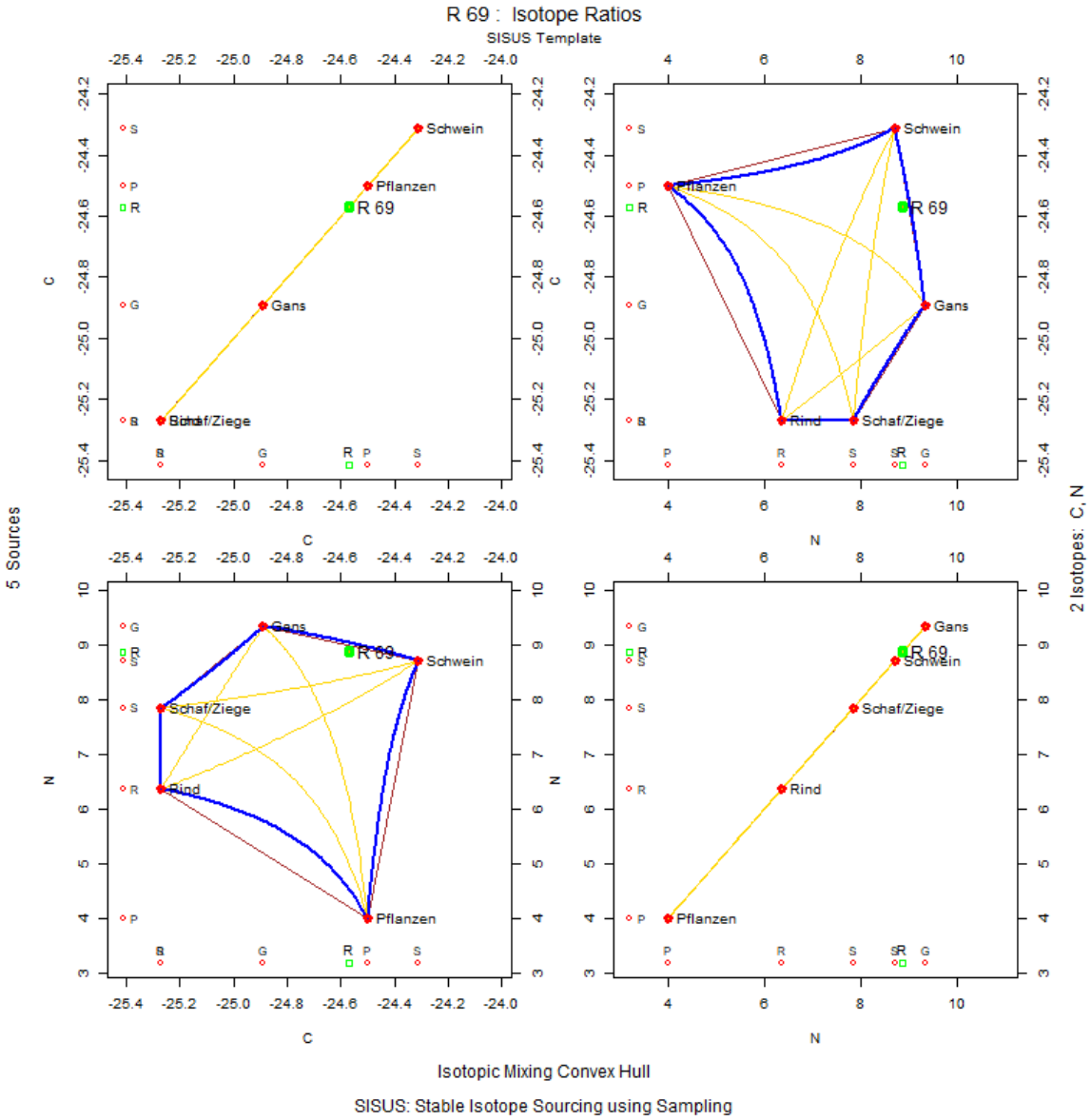


Abbildung 2330: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 69 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

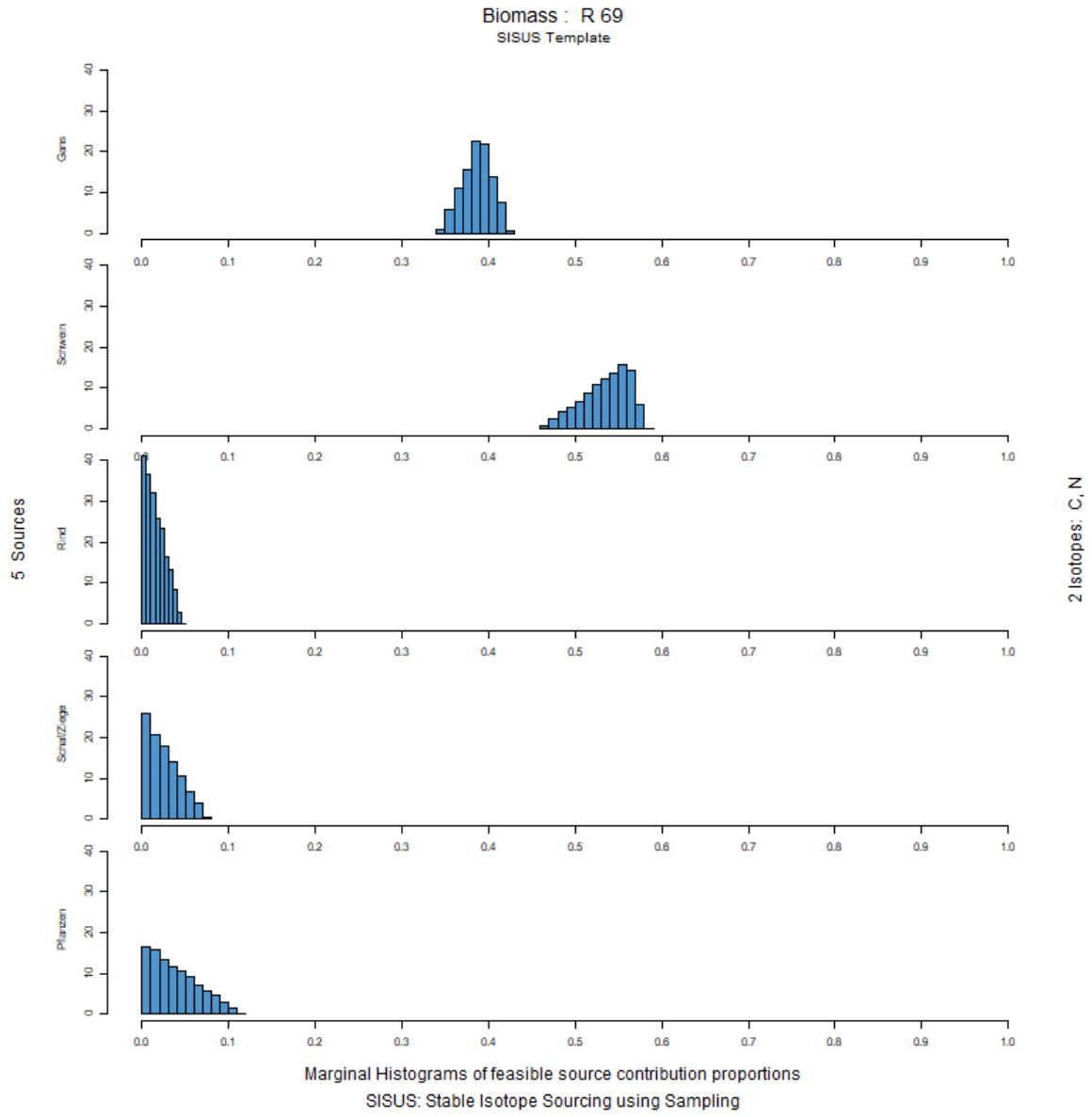


Abbildung 2331: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 69. Erstellt mit SISUS.

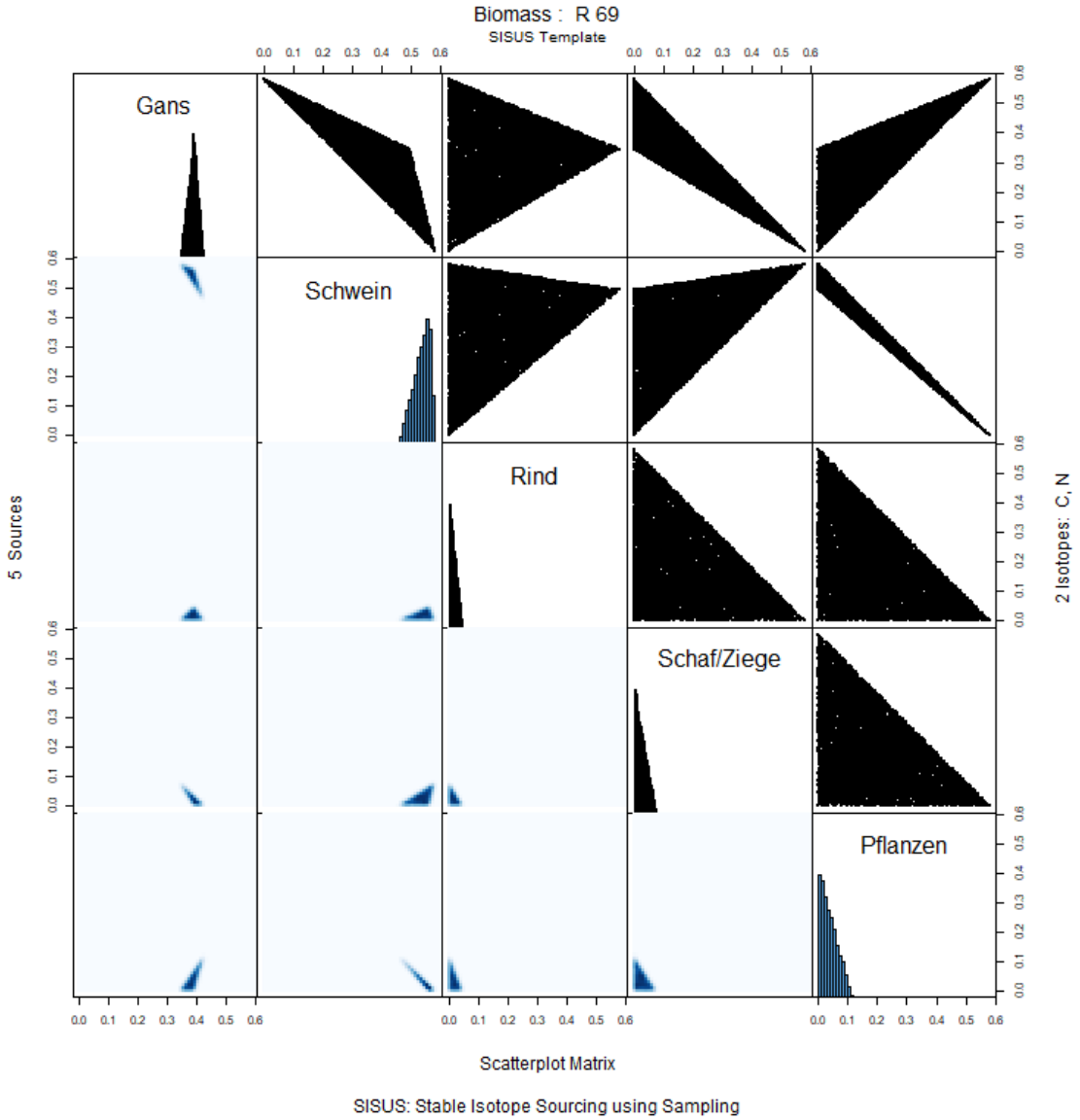


Abbildung 2332: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 69. Erstellt mit SISUS.

R70

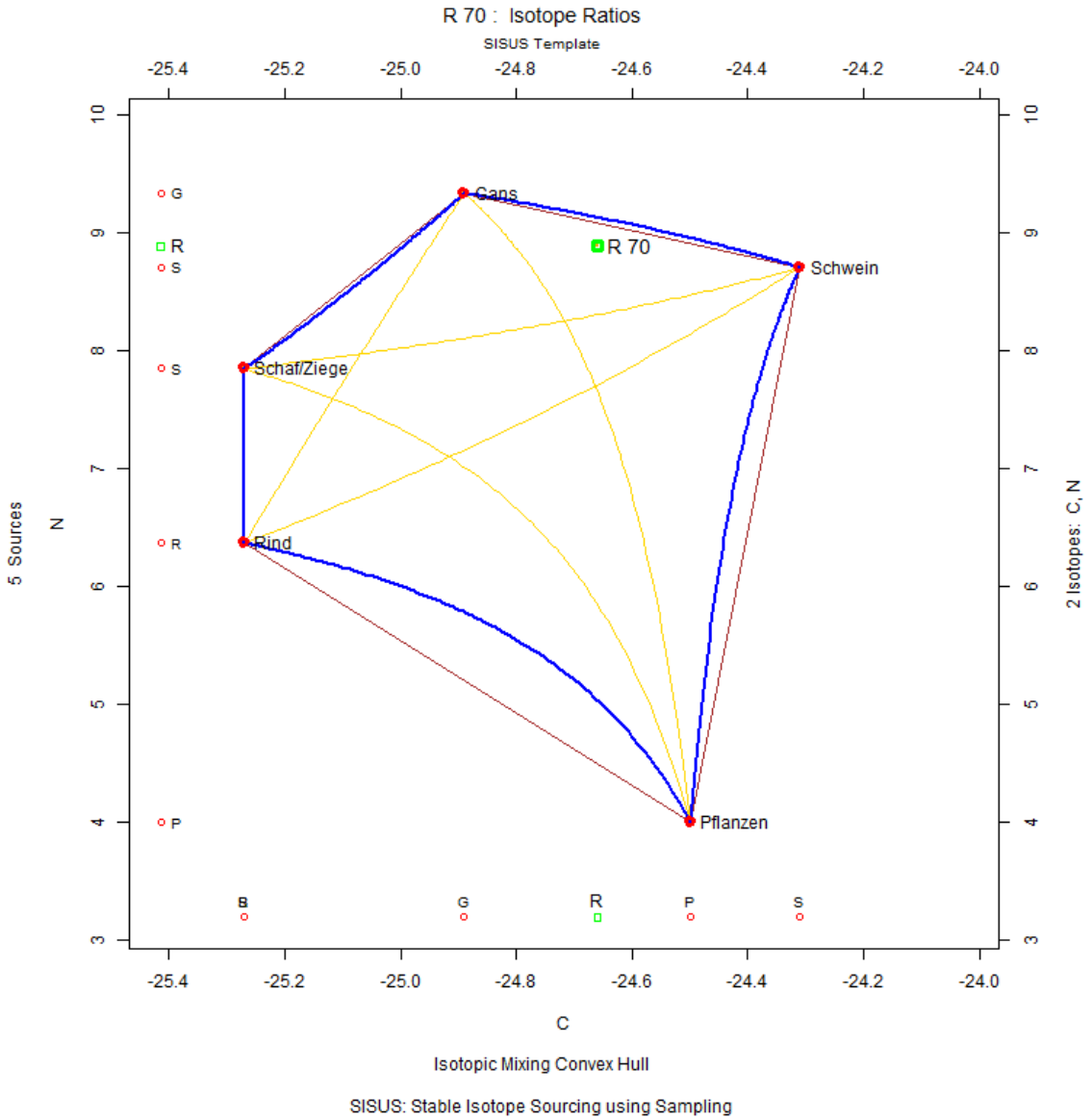


Abbildung 2333: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 70. Erstellt mit SISUS.

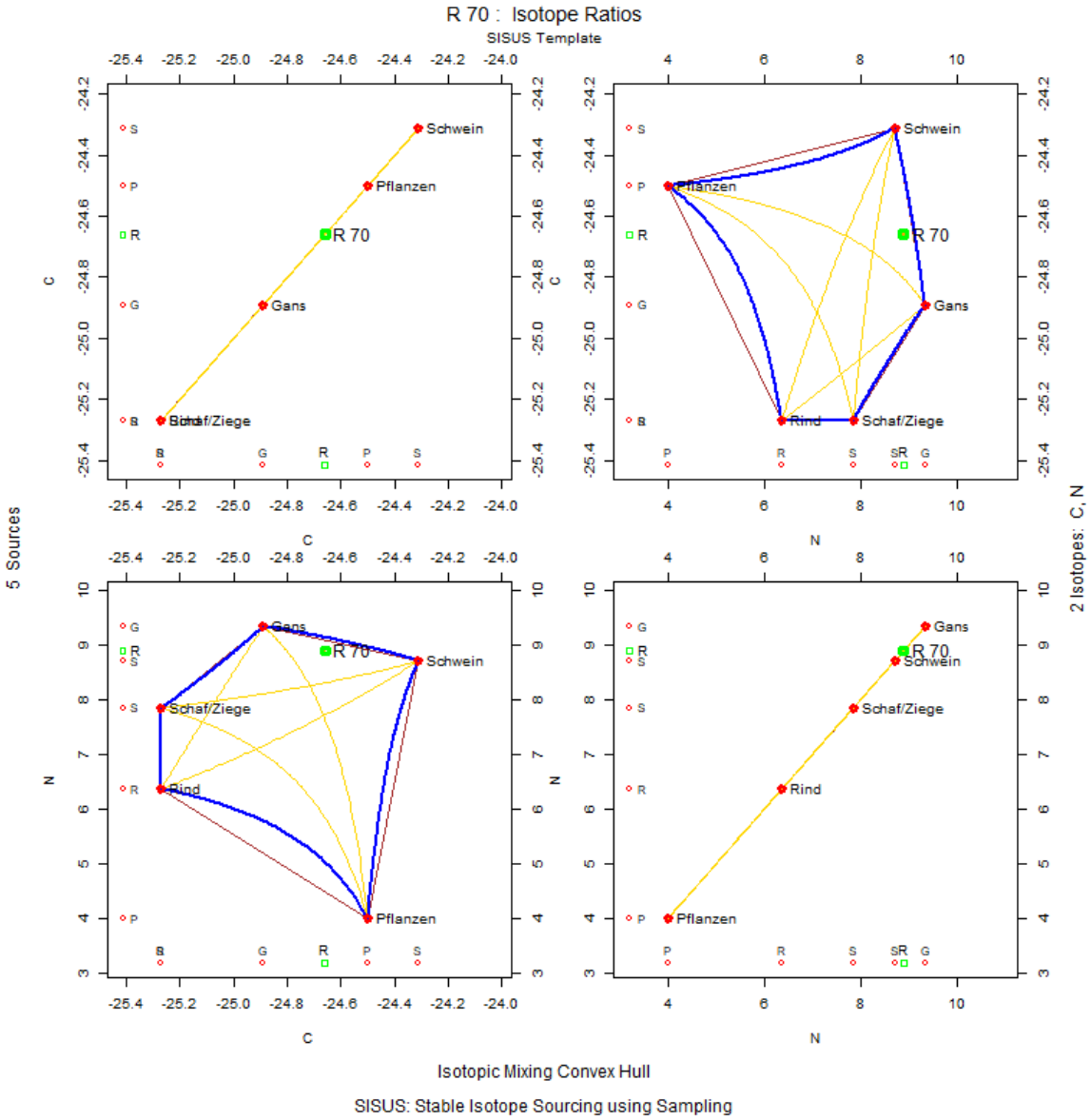


Abbildung 2334: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 70 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

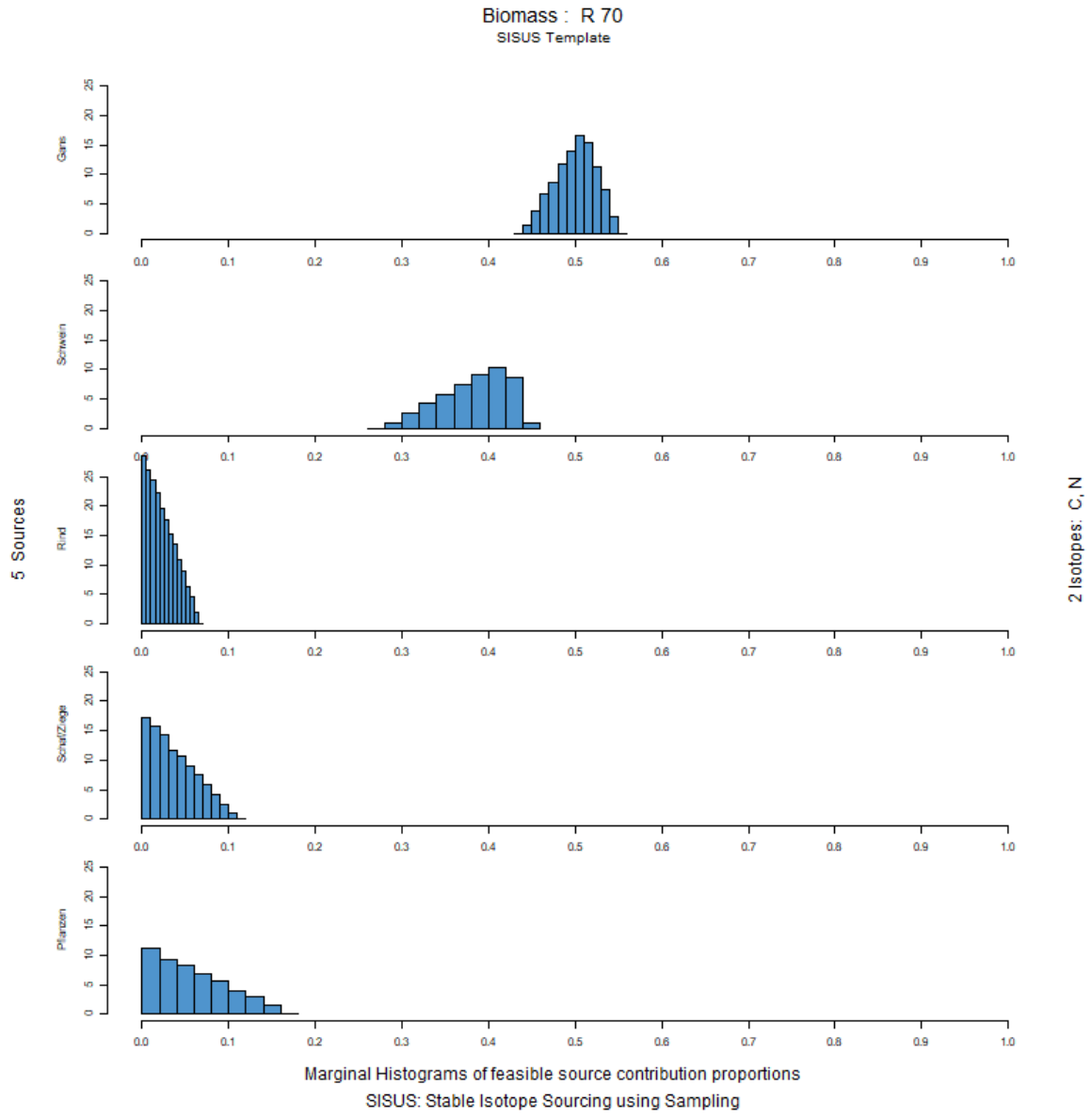


Abbildung 2335: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 70. Erstellt mit SISUS.

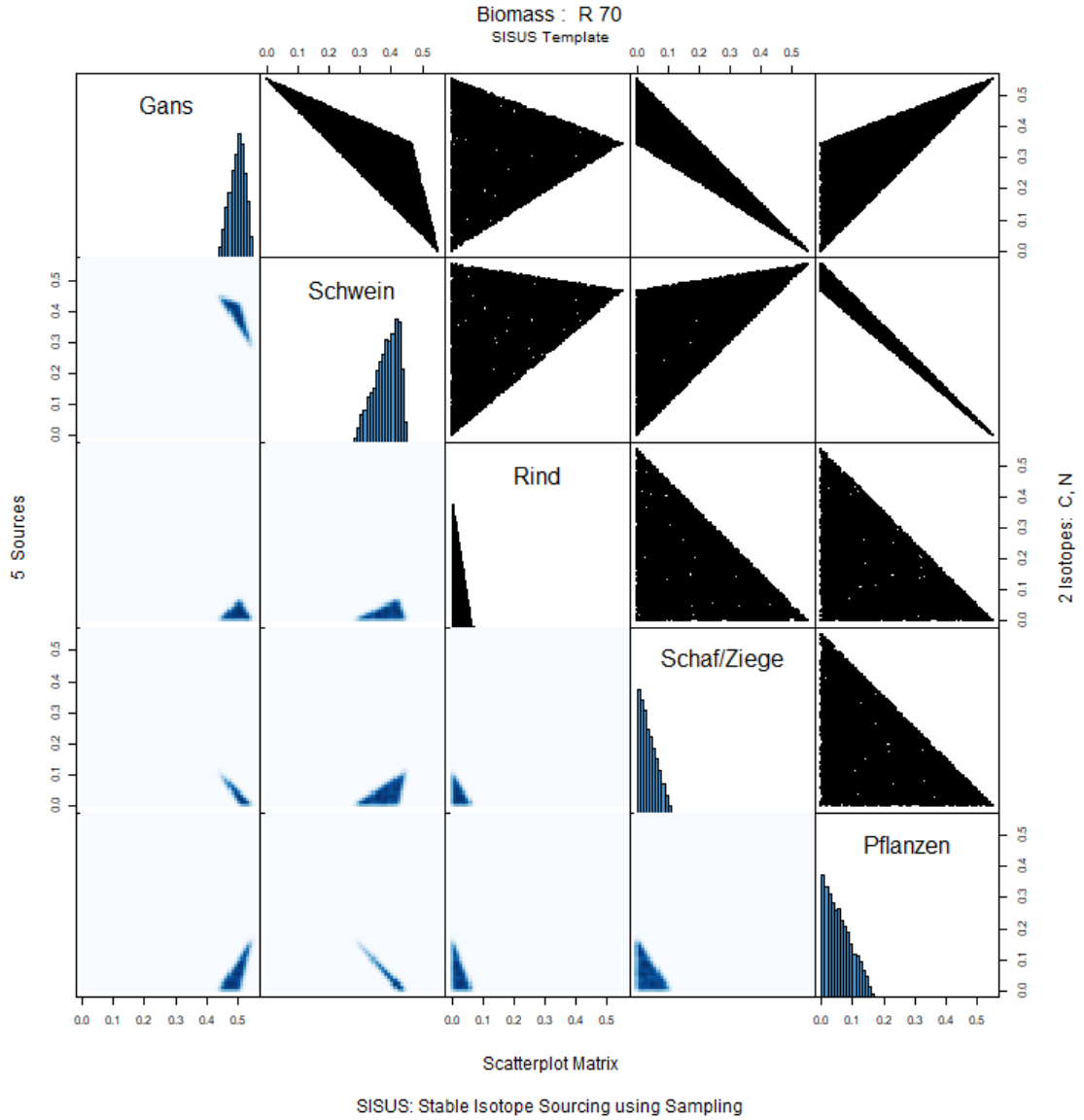


Abbildung 2336: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 70. Erstellt mit SISUS.

R76

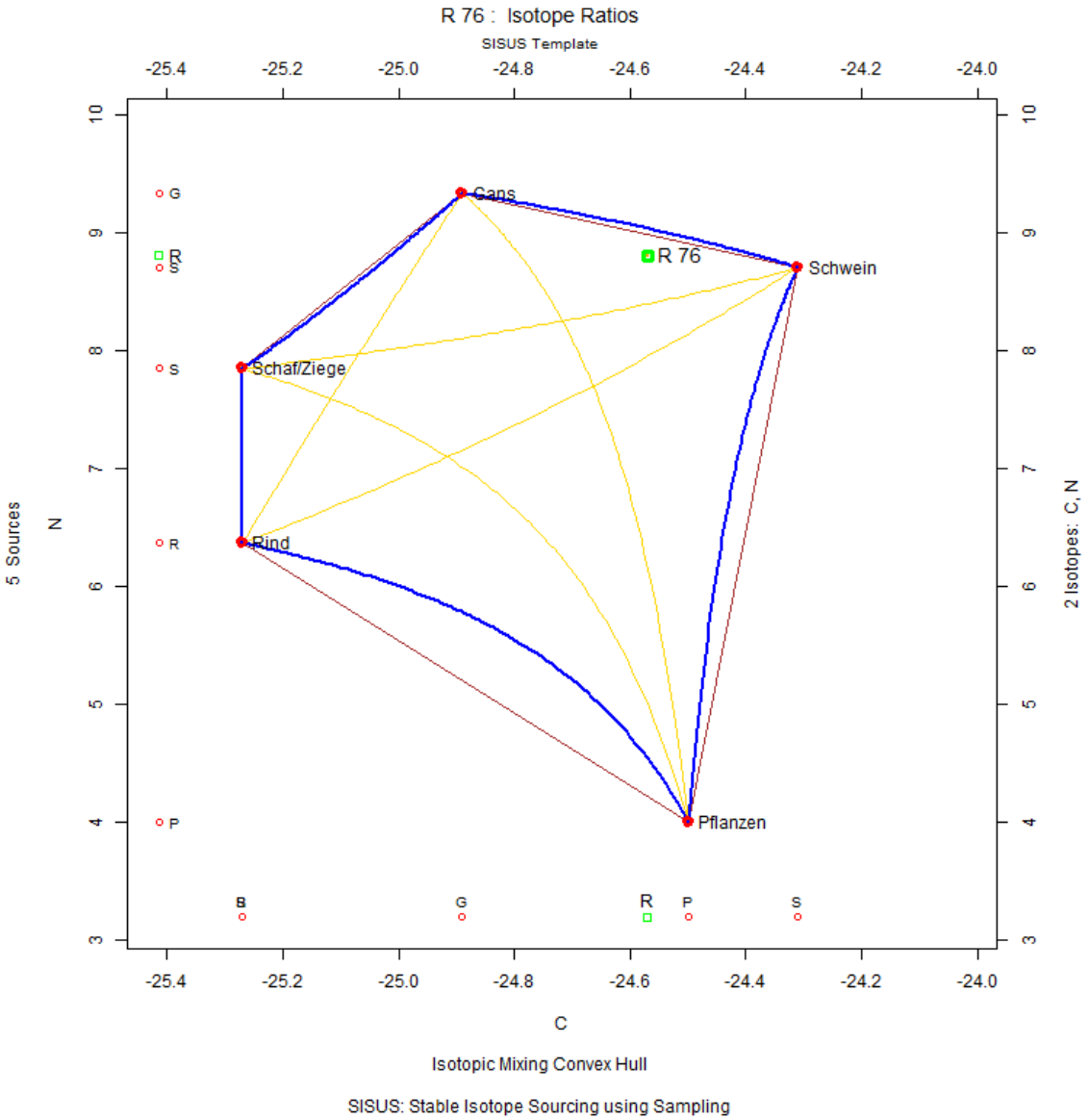


Abbildung 2337: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 76. Erstellt mit SISUS.

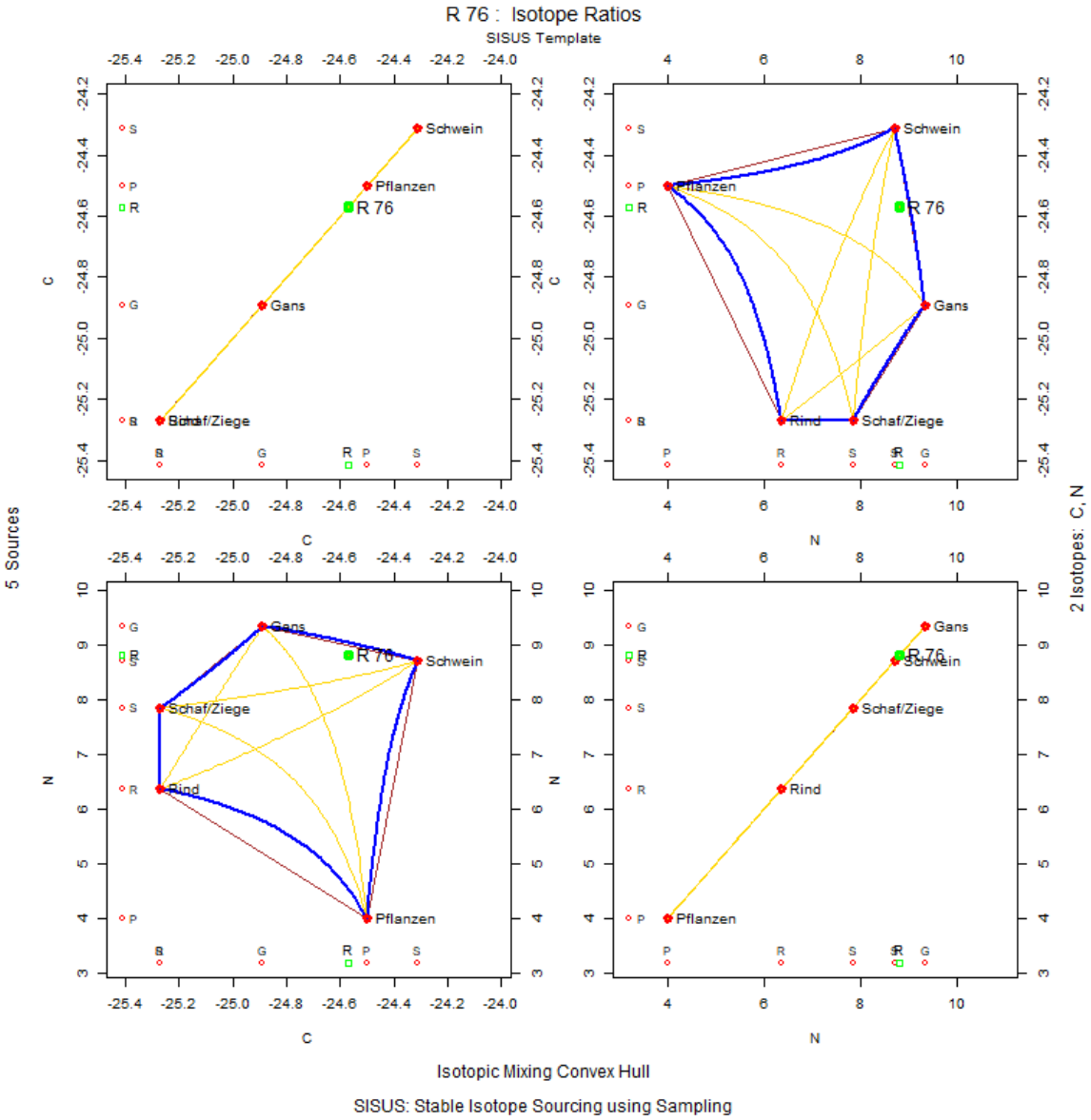


Abbildung 2338: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 76 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

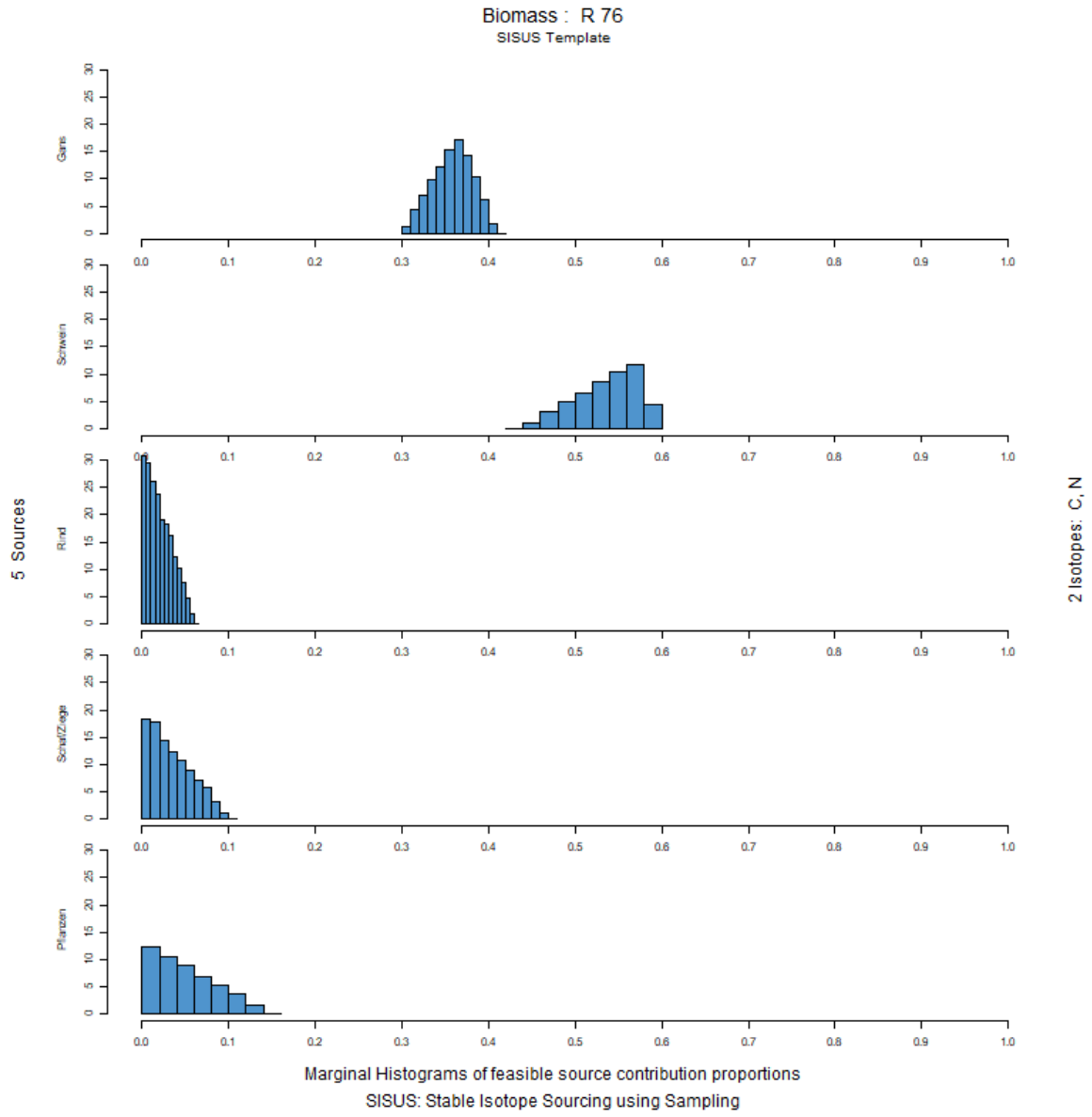


Abbildung 2339: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 76. Erstellt mit SISUS.

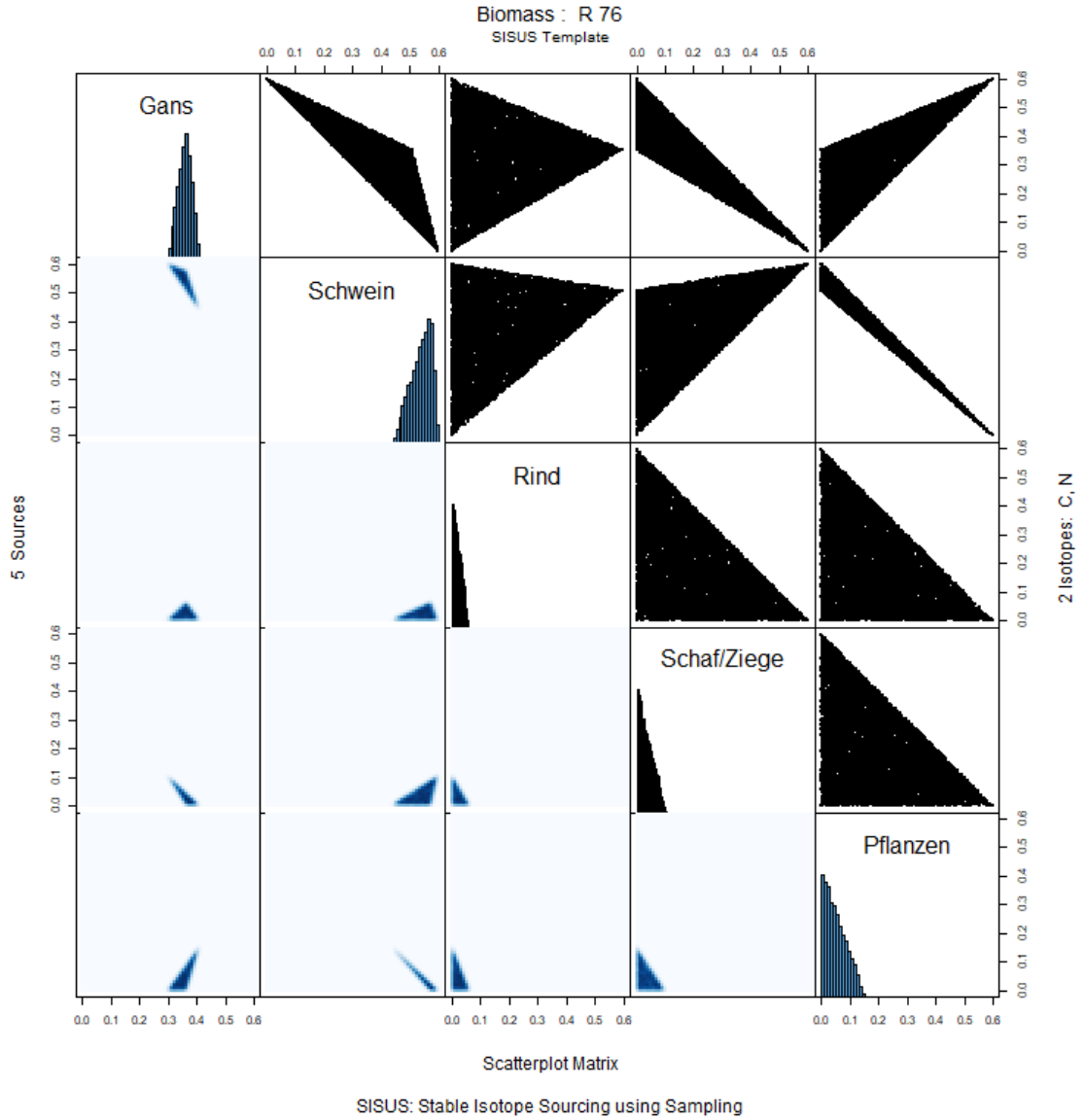


Abbildung 2340: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 76. Erstellt mit SISUS.

R79

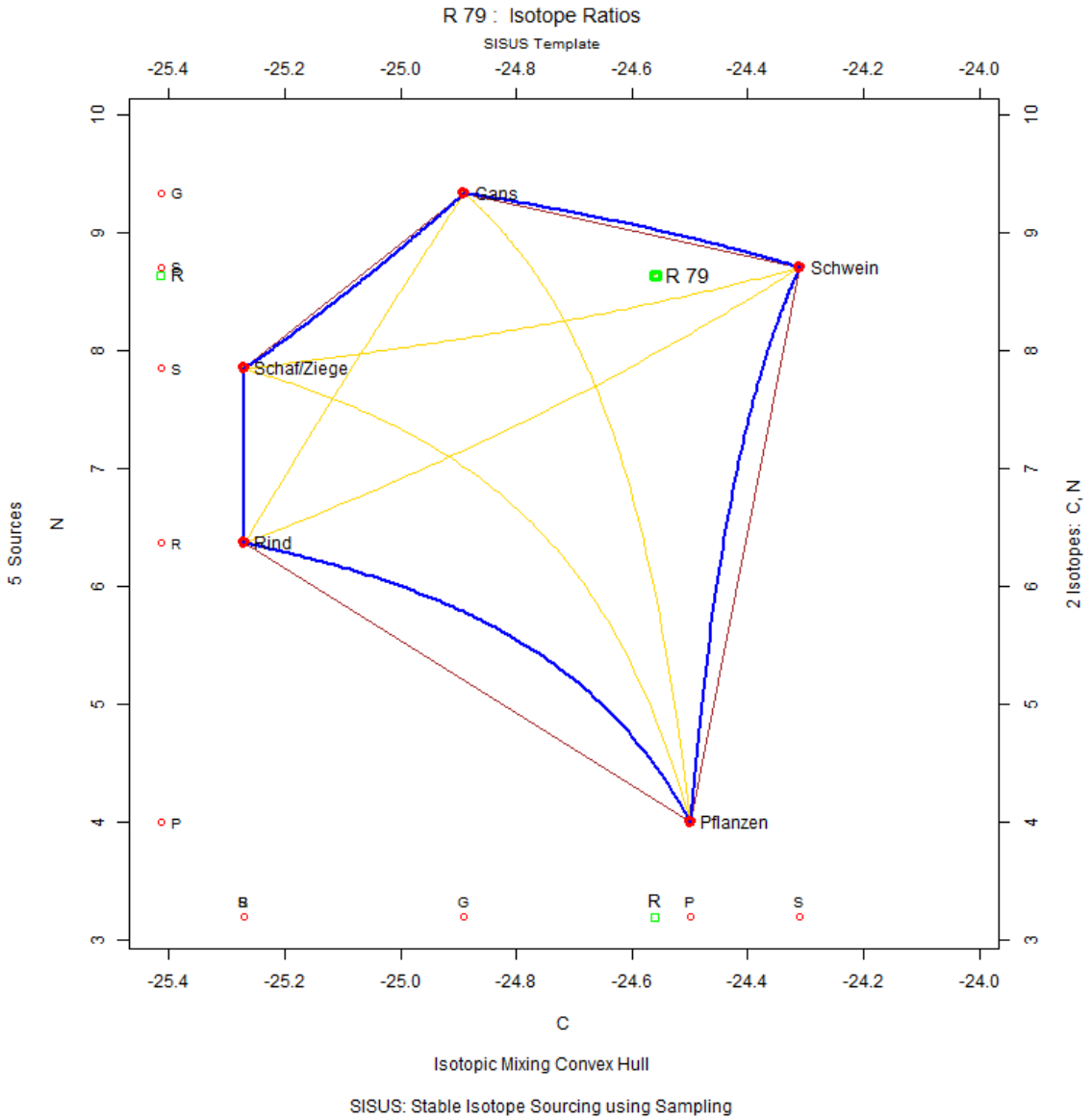


Abbildung 2341: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 79. Erstellt mit SISUS.

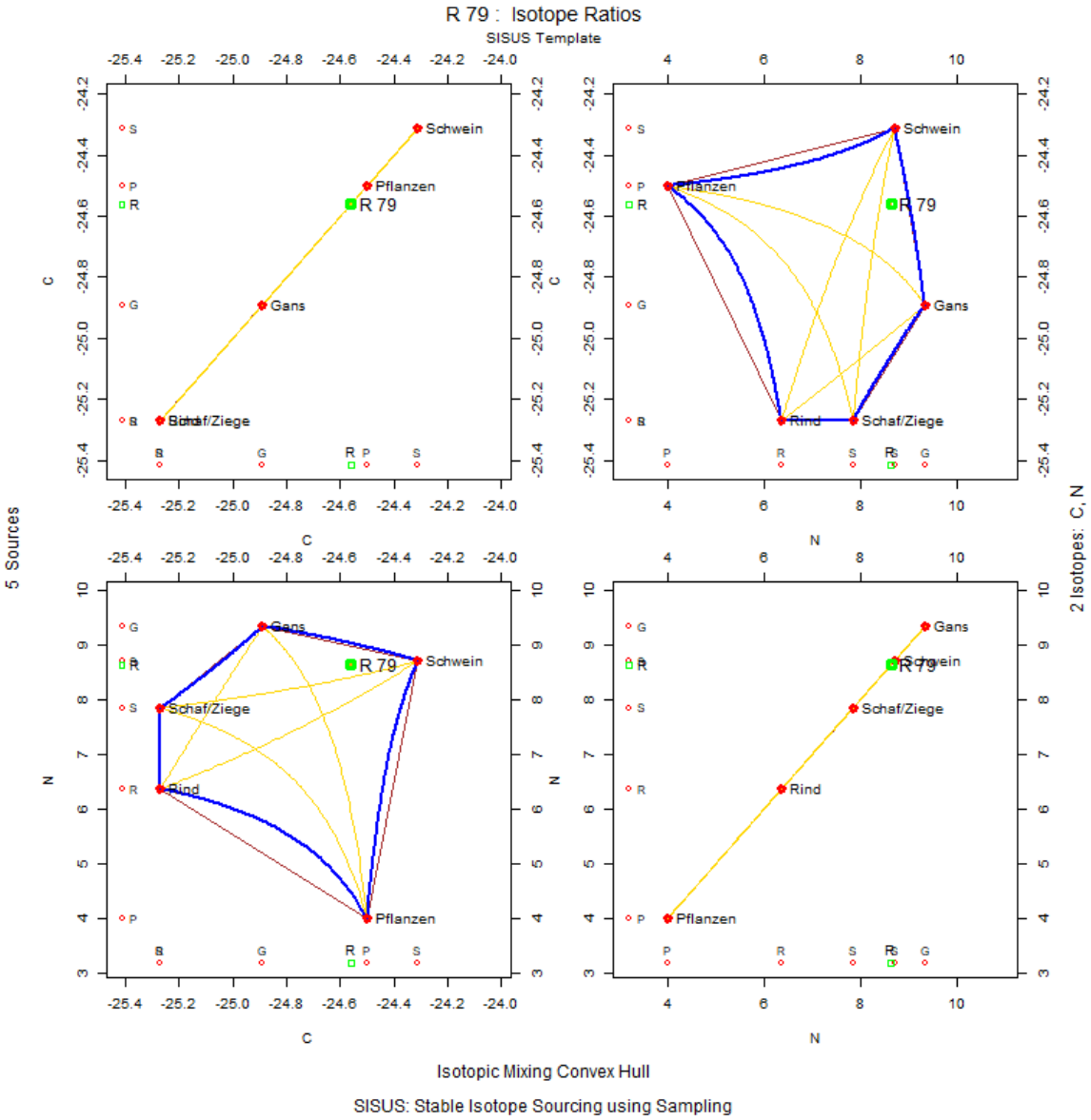


Abbildung 2342: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 79 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

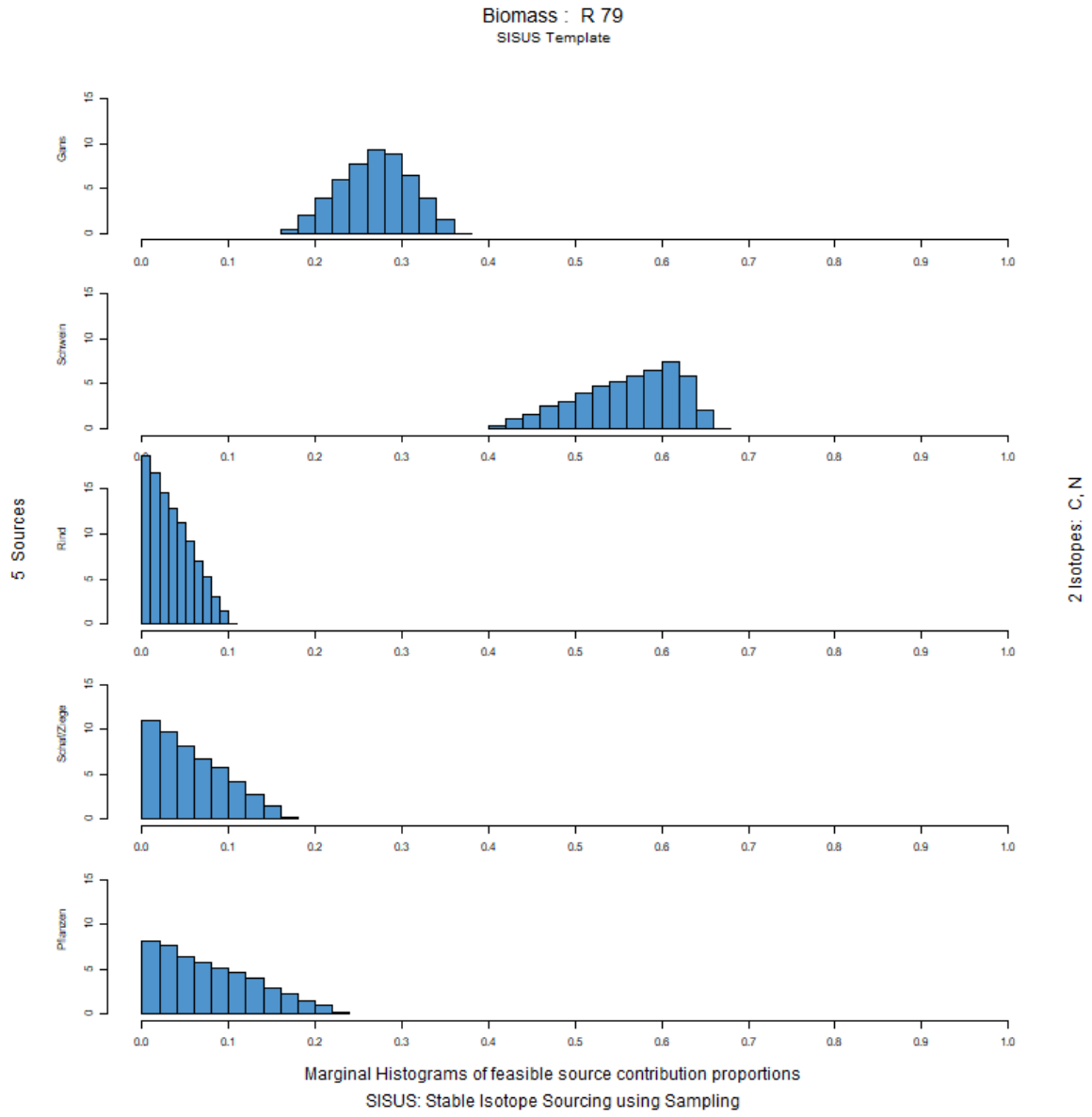


Abbildung 2343: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 79. Erstellt mit SISUS.

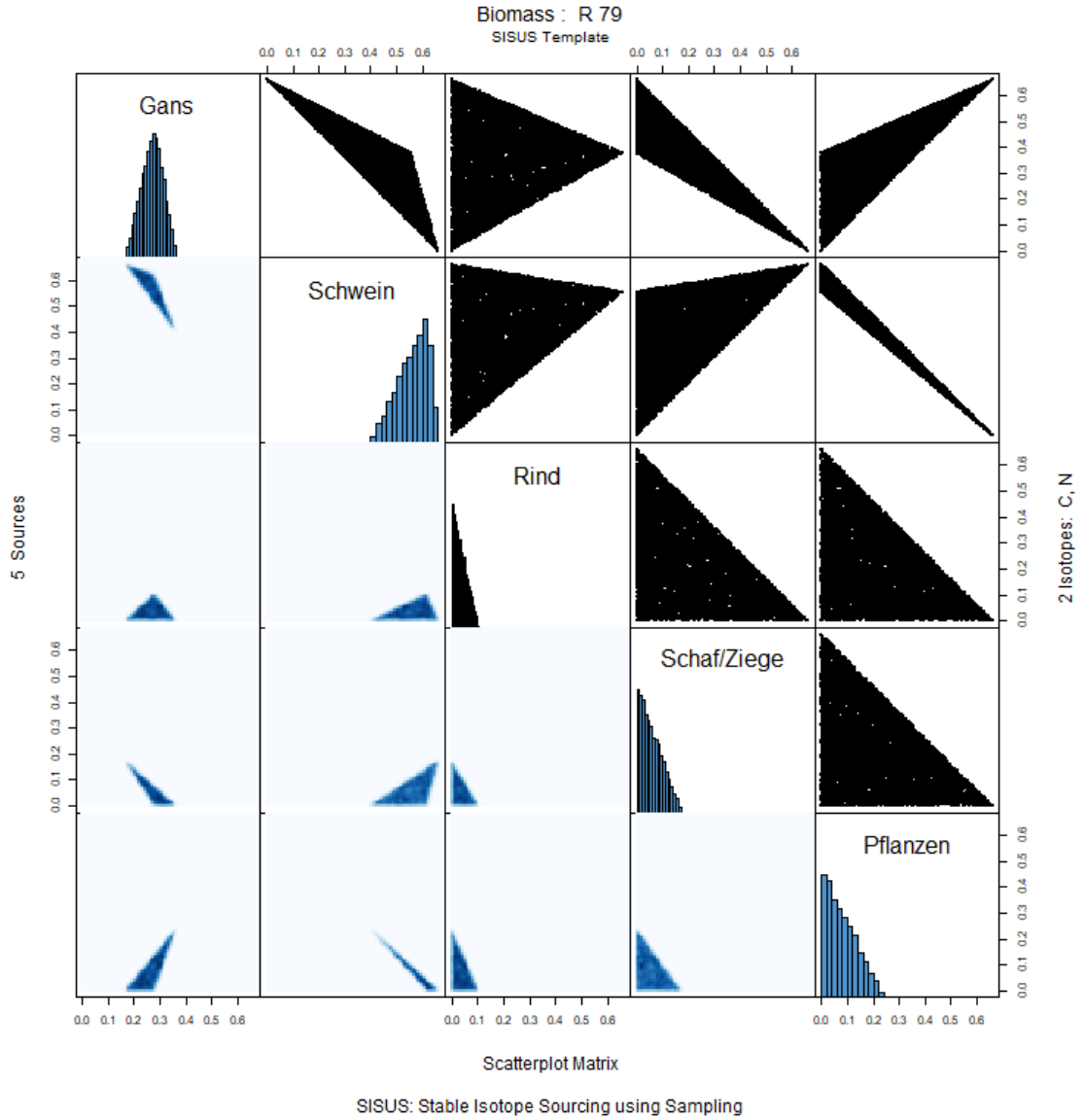


Abbildung 2344: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 79. Erstellt mit SISUS.

R80

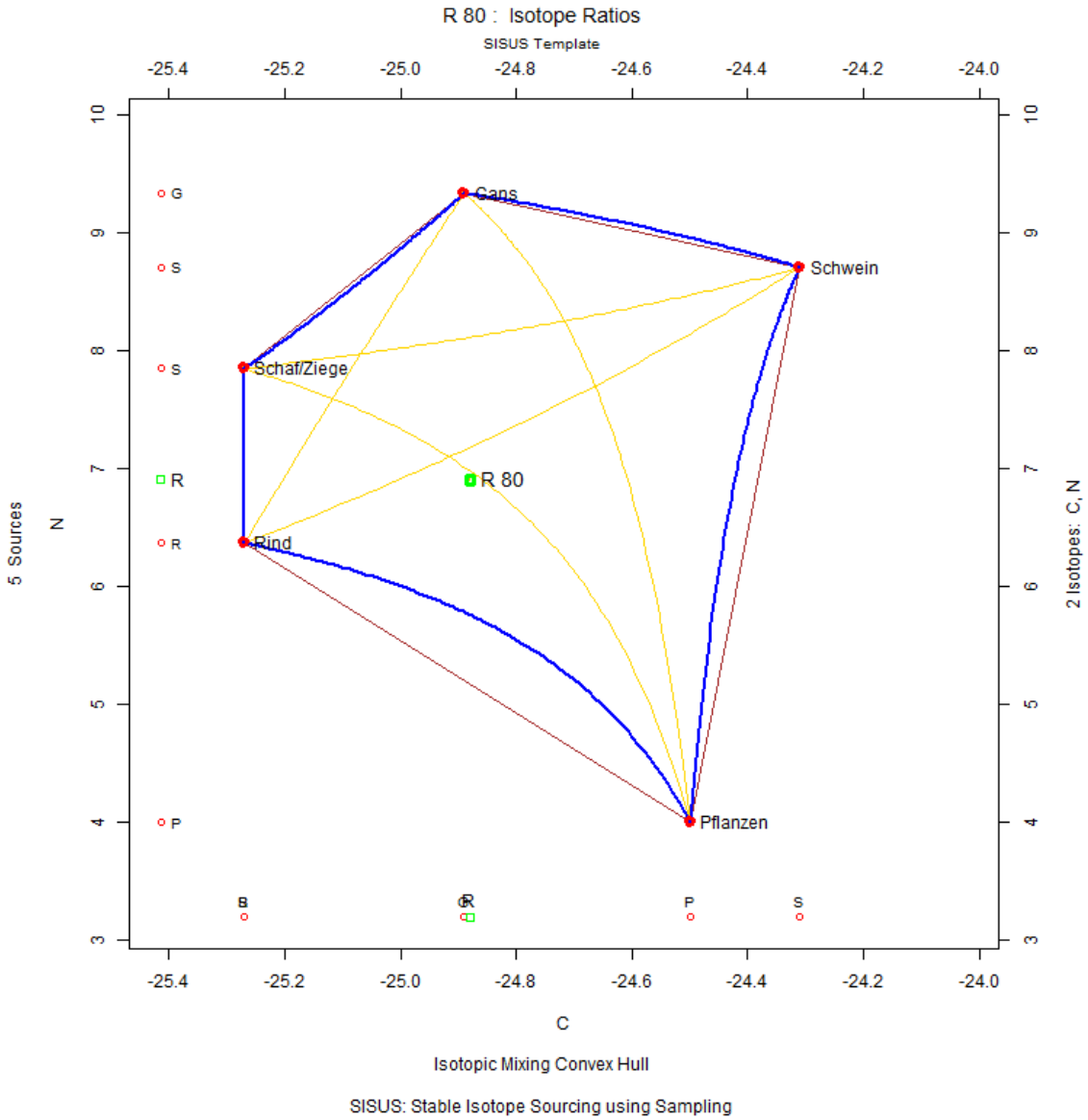


Abbildung 2345: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 80. Erstellt mit SISUS.

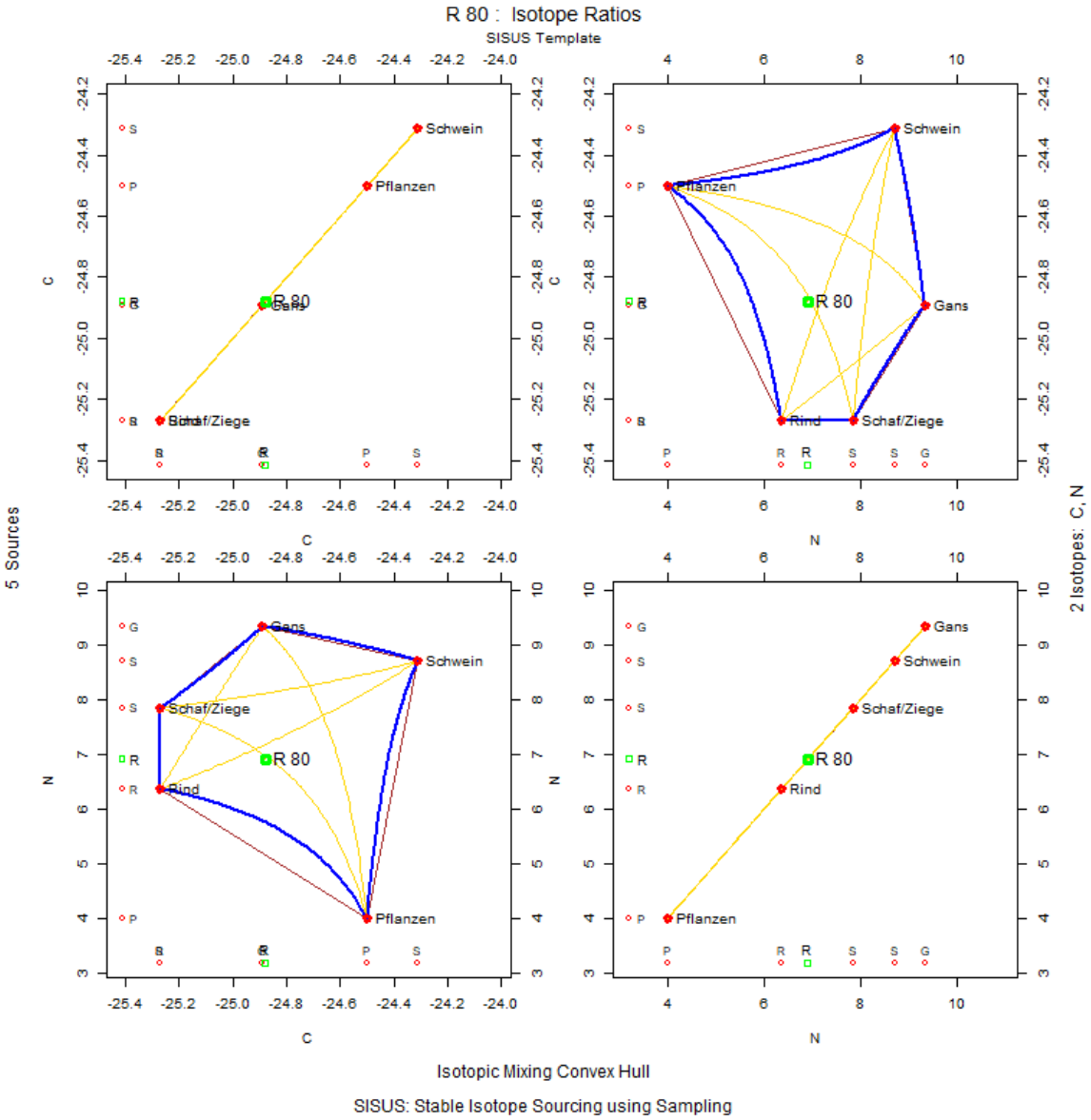


Abbildung 2346: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 80 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

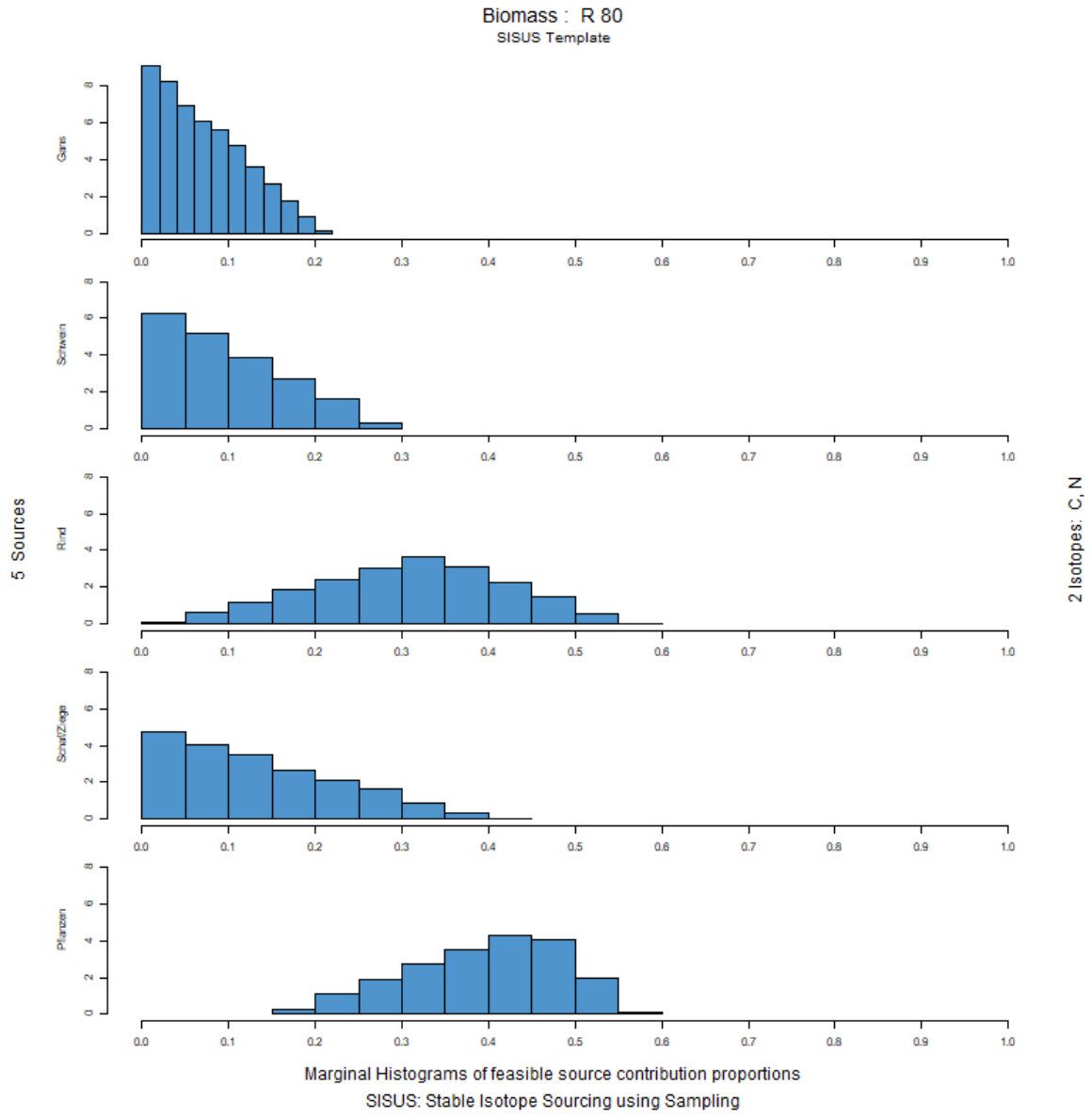


Abbildung 2347: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 80. Erstellt mit SISUS.

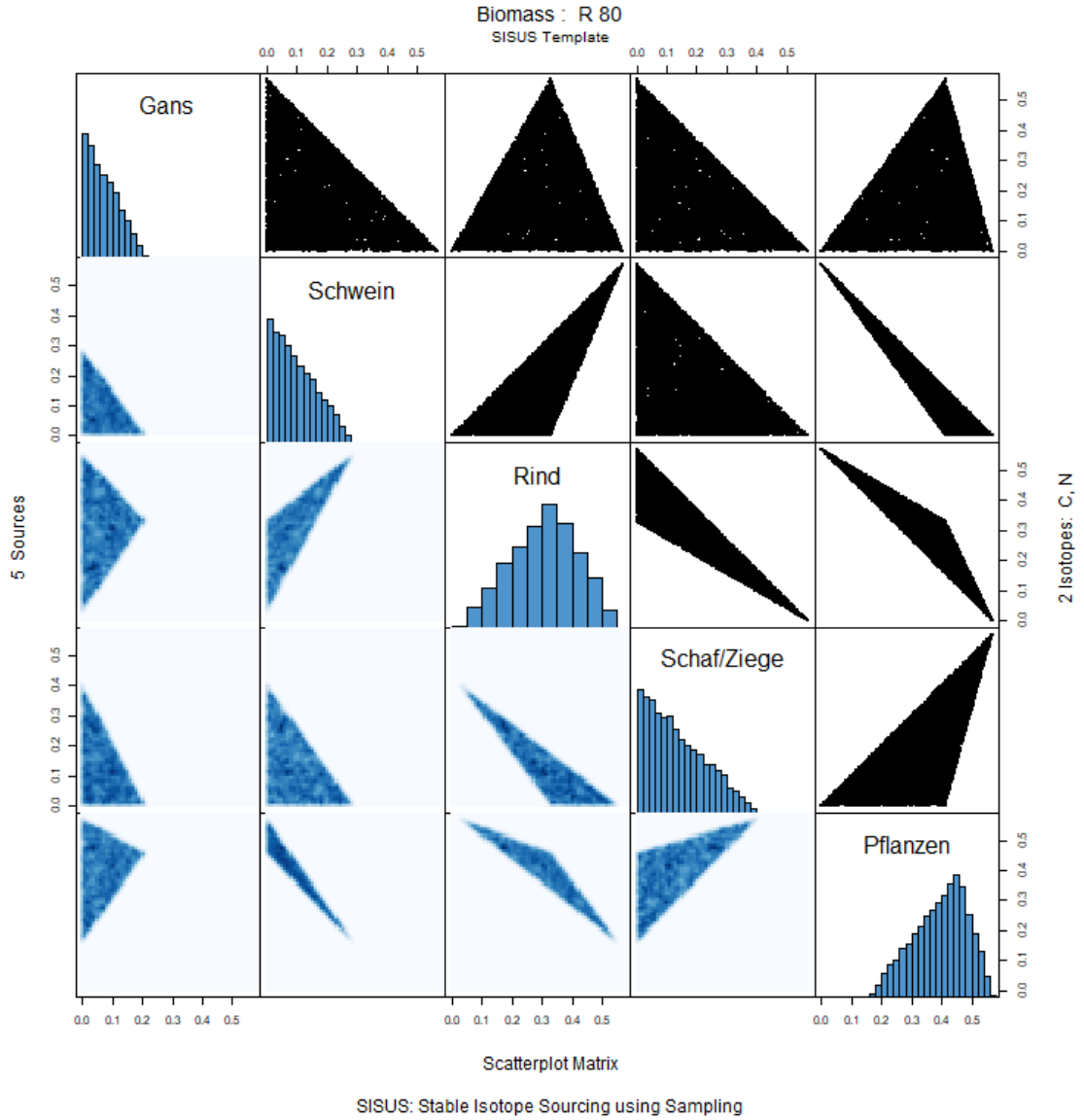


Abbildung 2348: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 80. Erstellt mit SISUS.

R83

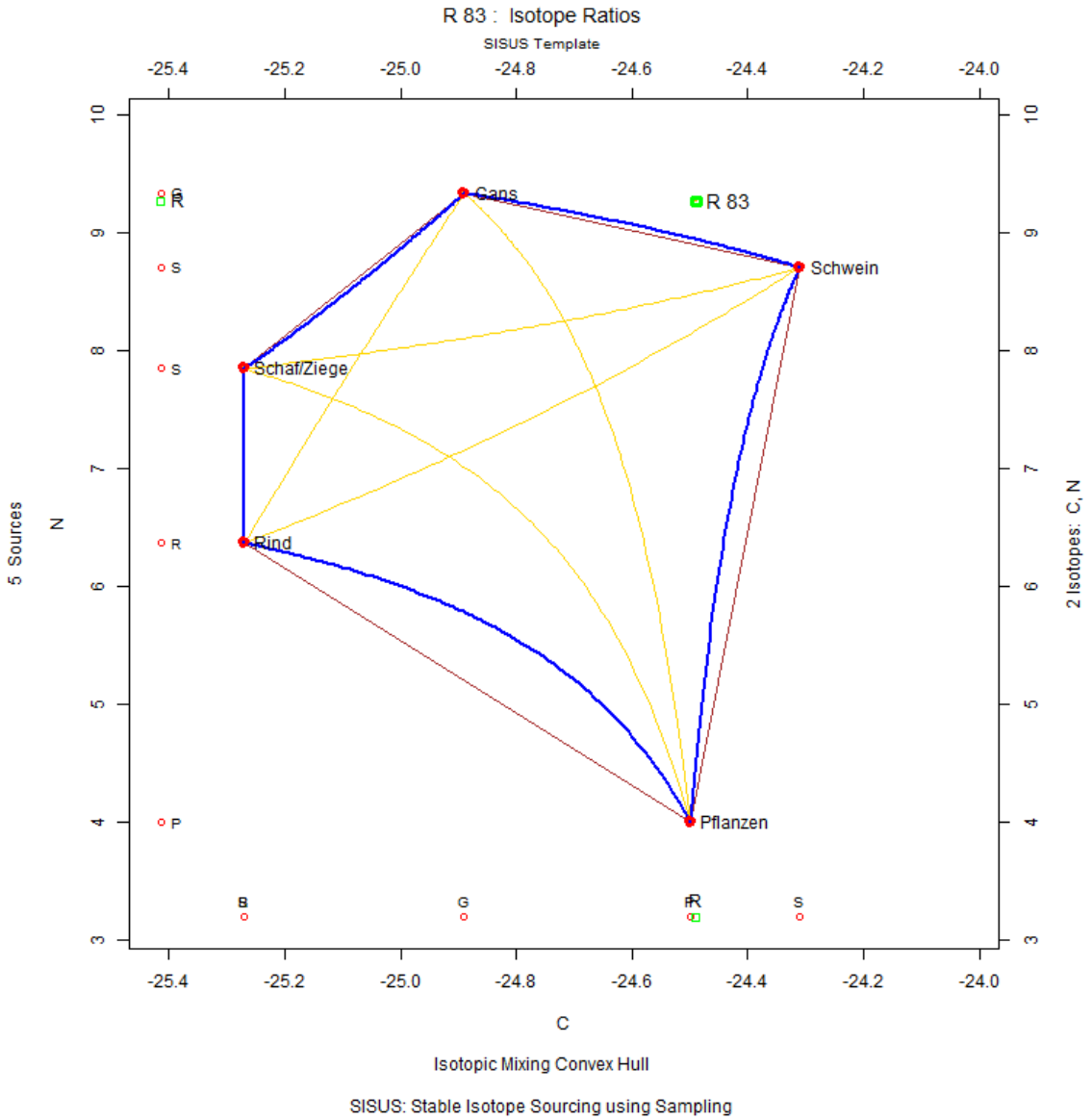


Abbildung 2349: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 63. Erstellt mit SISUS.

R84

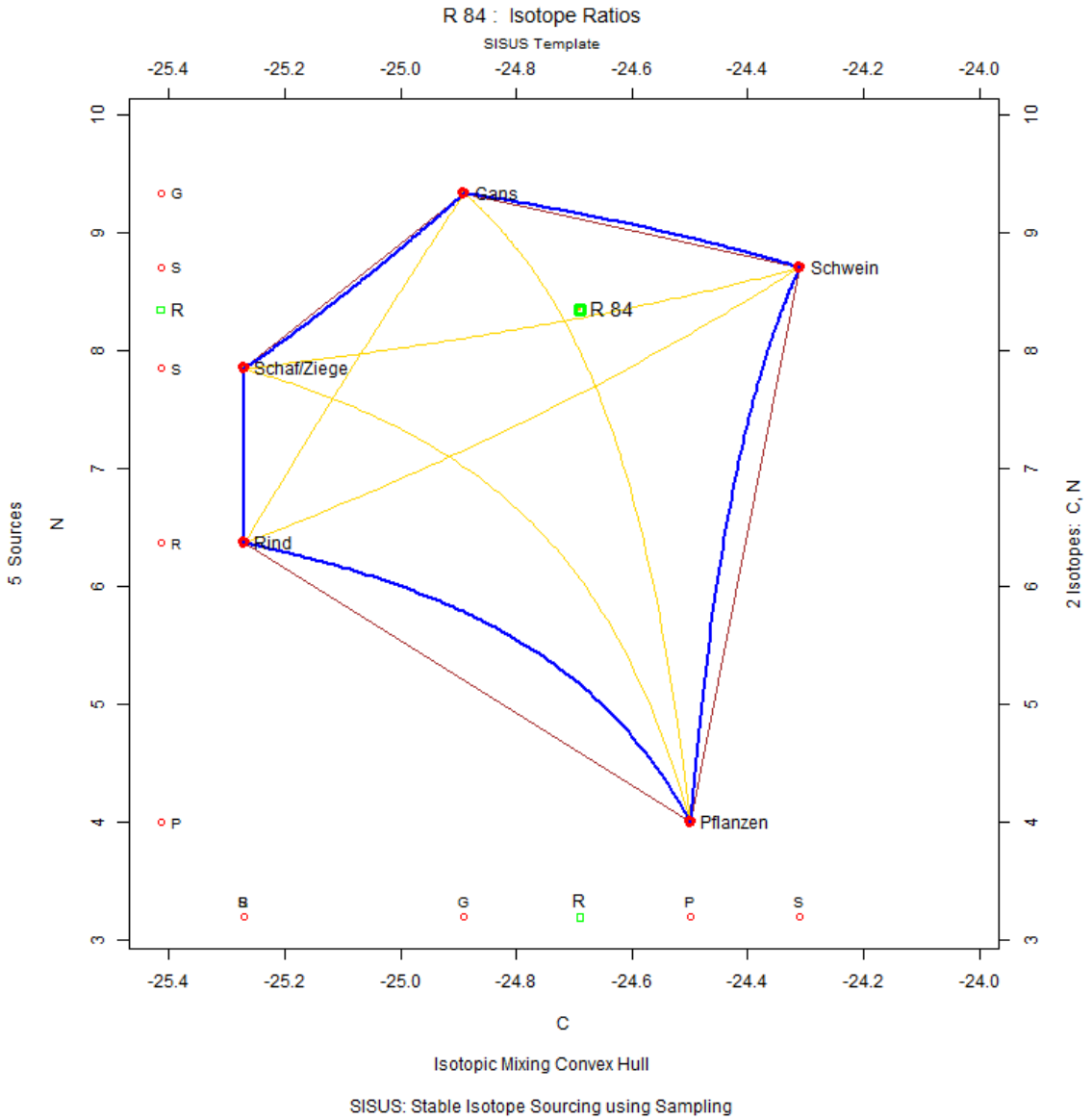


Abbildung 2350: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 84. Erstellt mit SISUS.

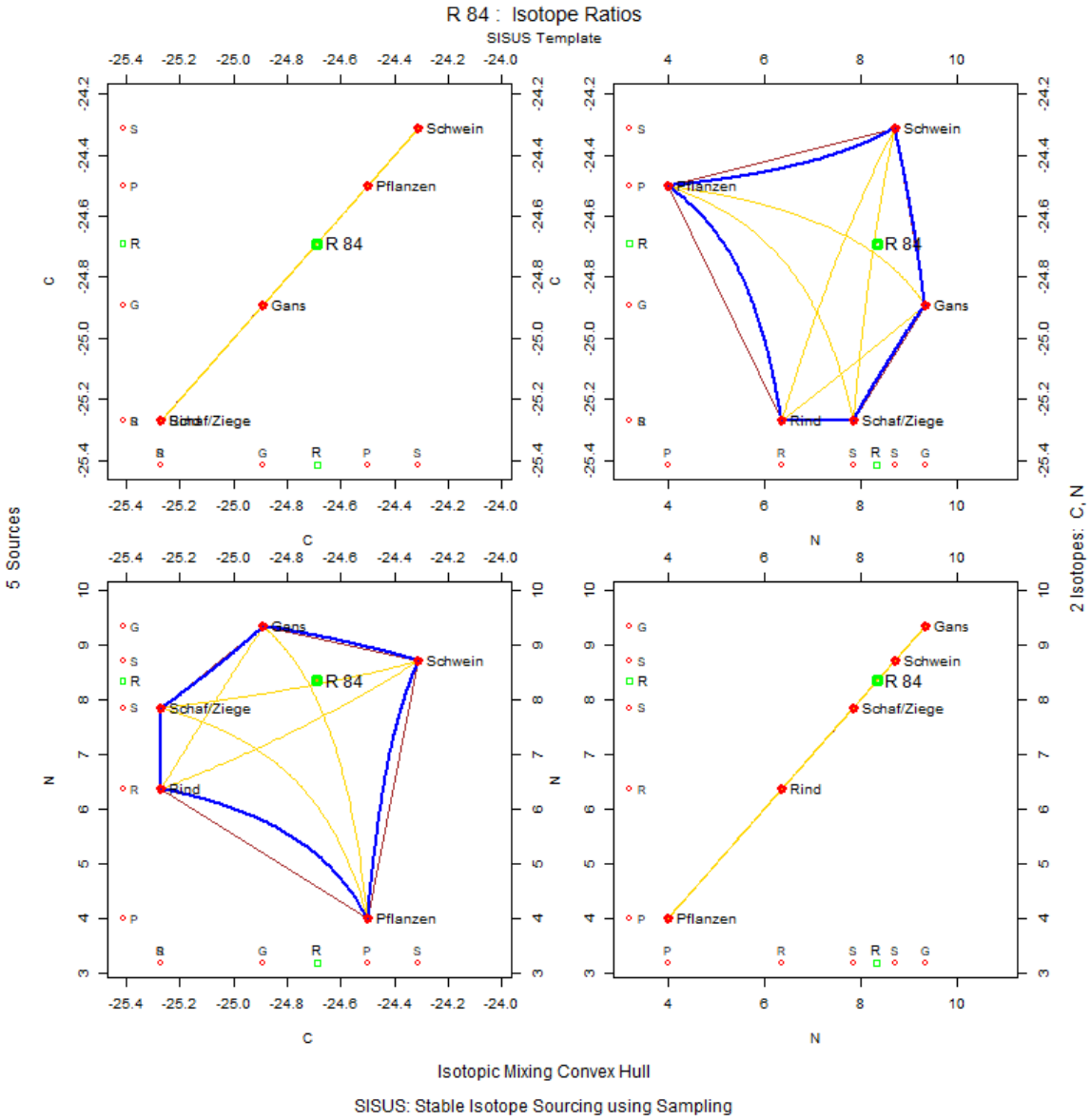


Abbildung 2351: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 84 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

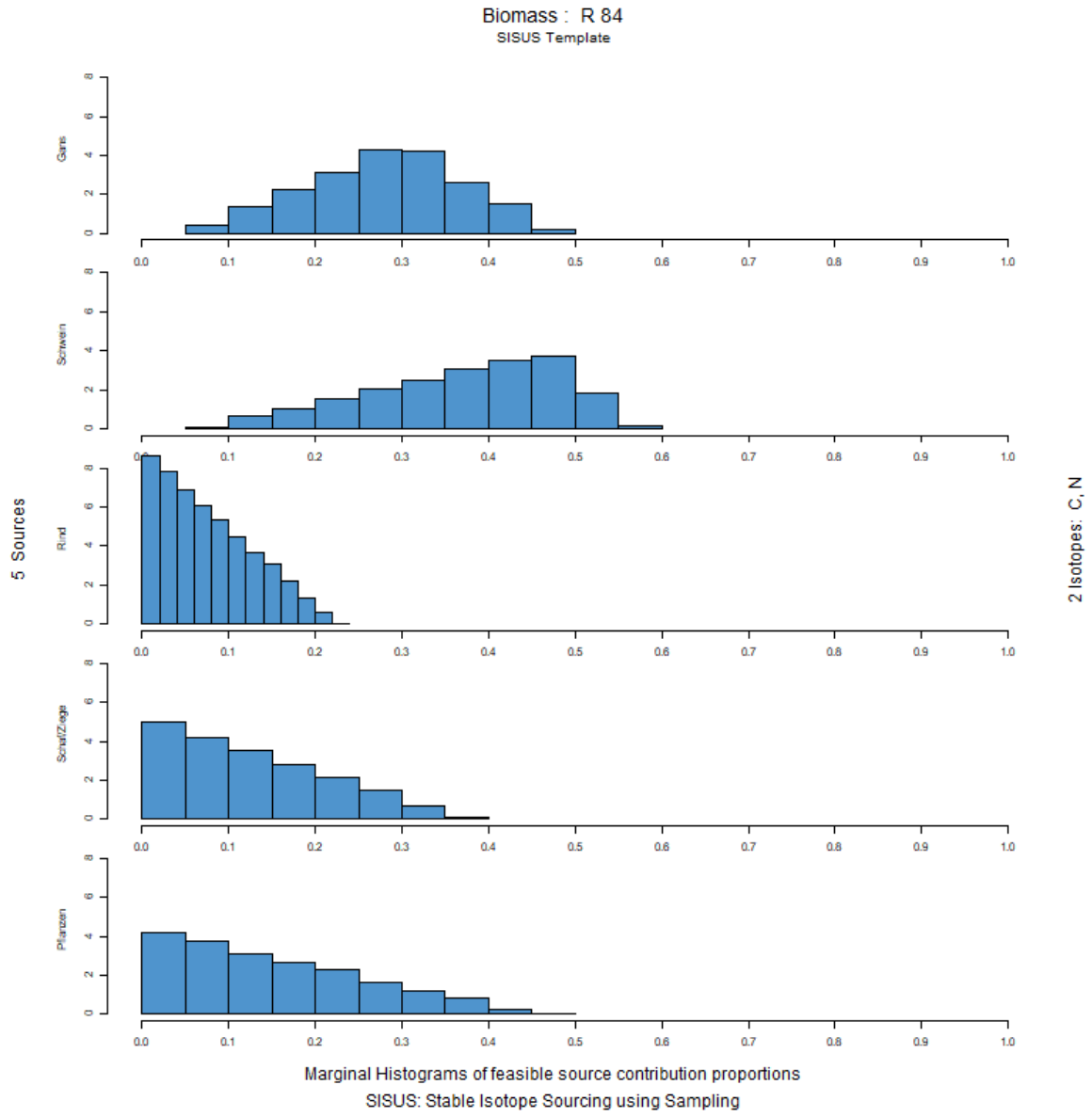


Abbildung 2352: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 8. Erstellt mit SISUS.

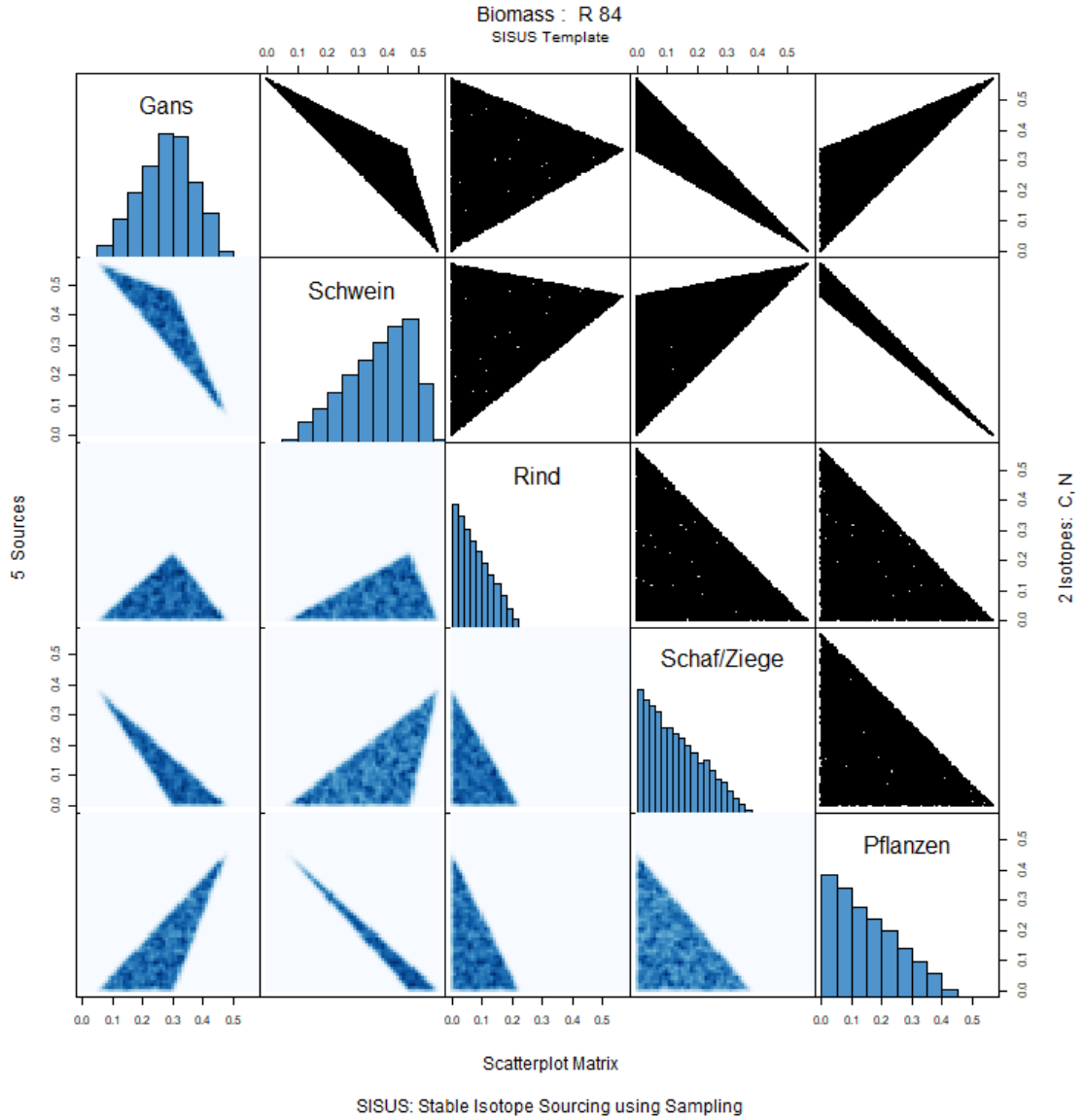


Abbildung 2353: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 84. Erstellt mit SISUS.

R85a

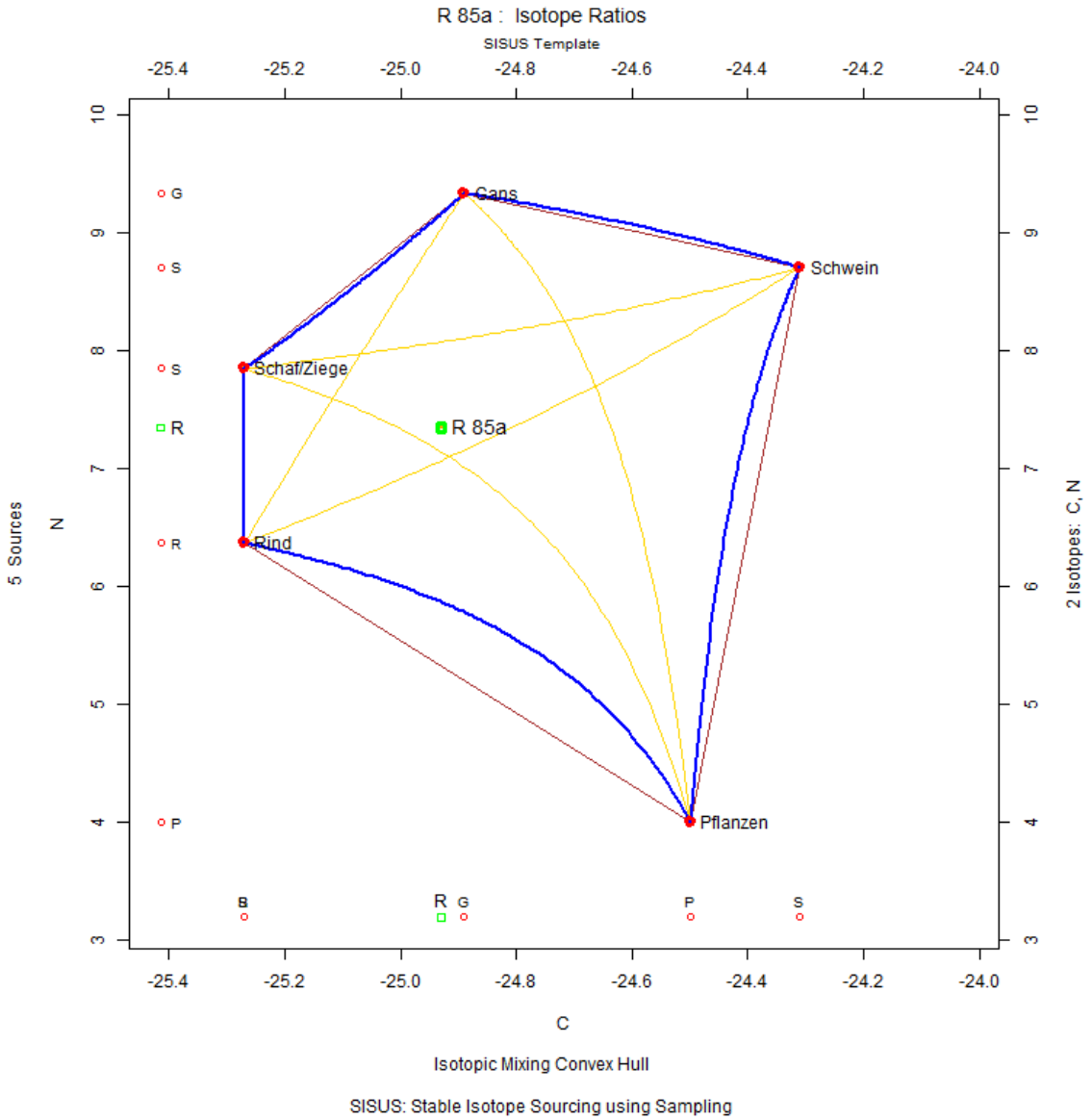


Abbildung 2354: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 85a. Erstellt mit SISUS.

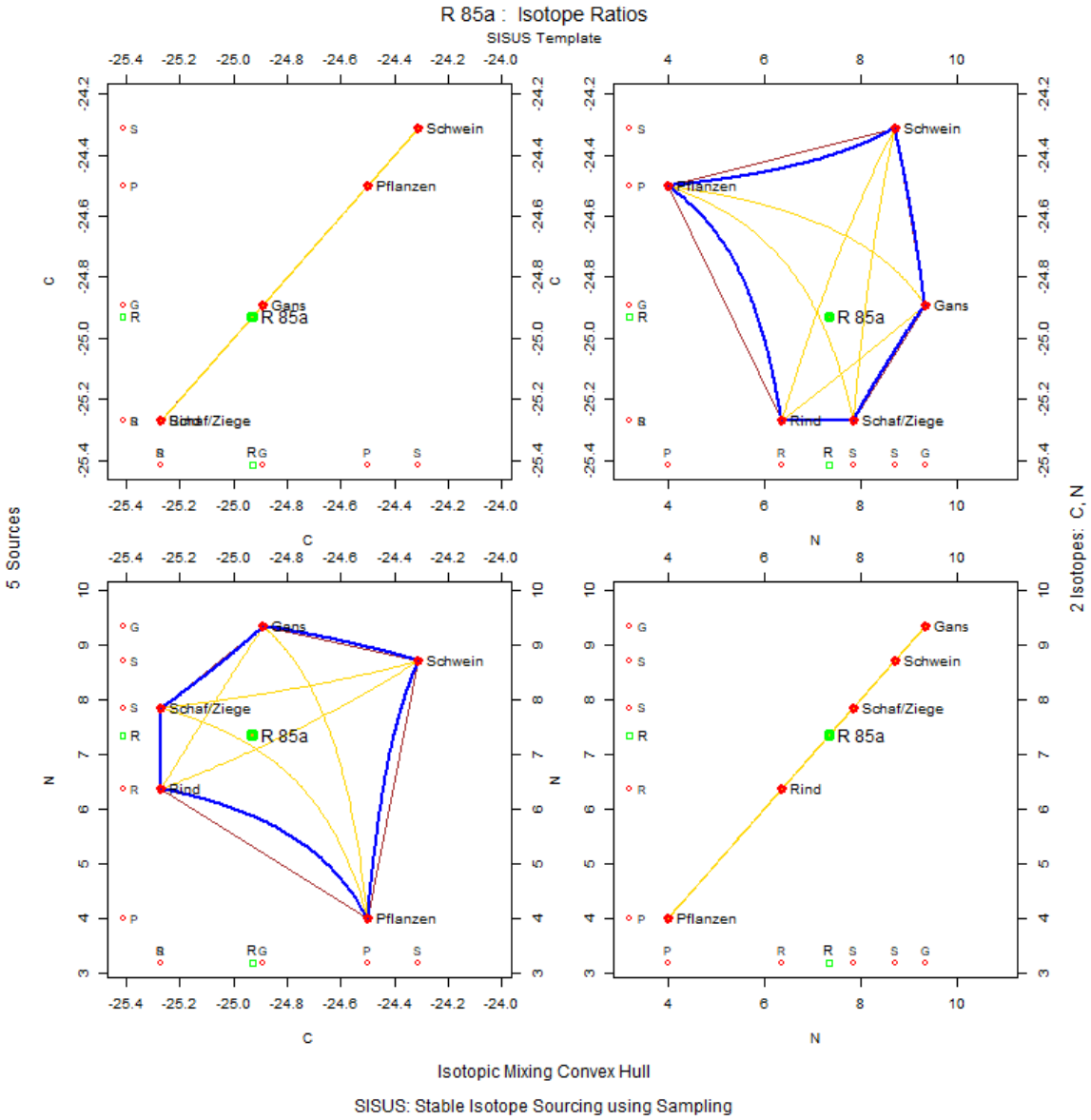


Abbildung 2355: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 85a in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

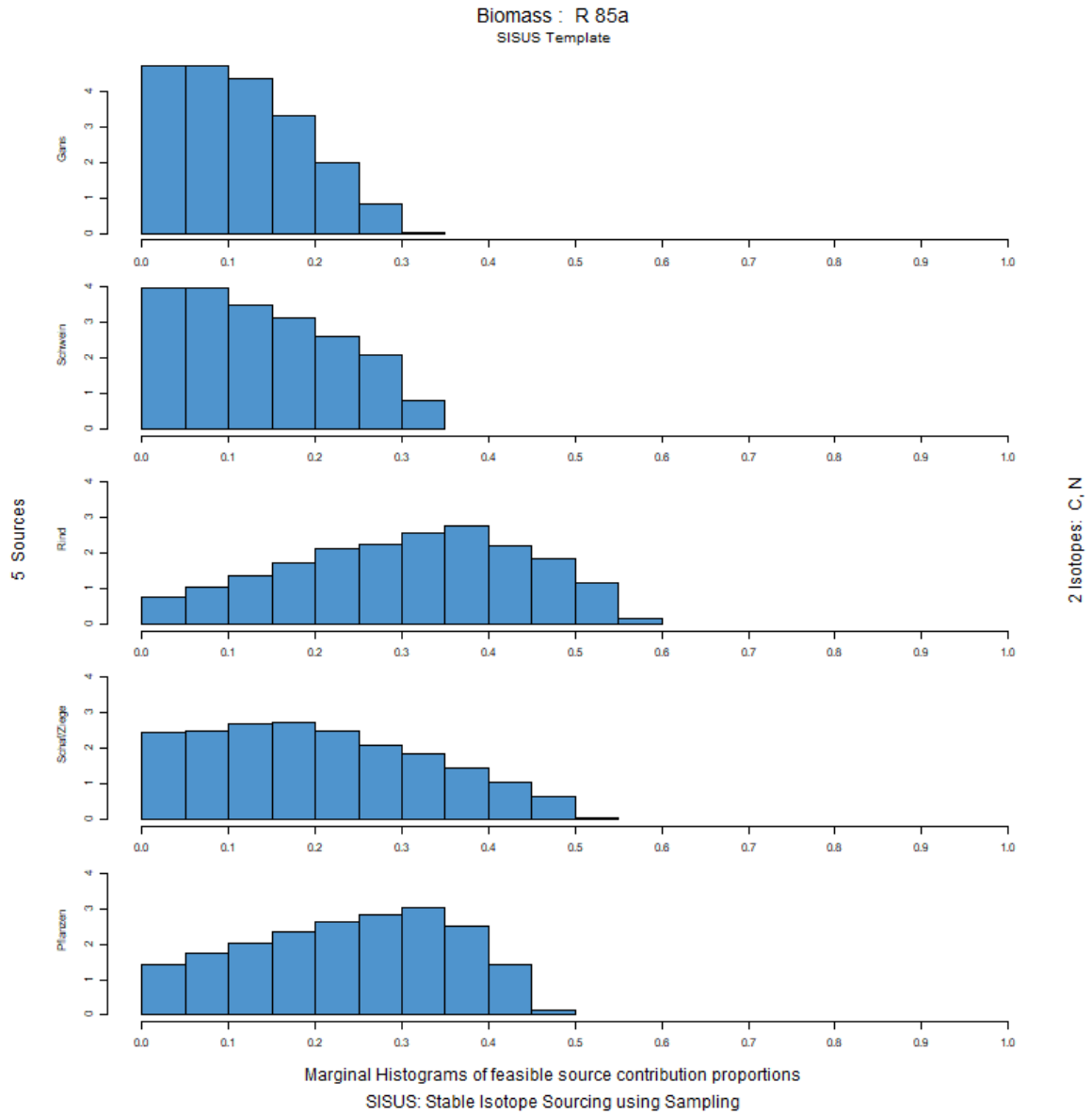


Abbildung 2356: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 85a. Erstellt mit SISUS.

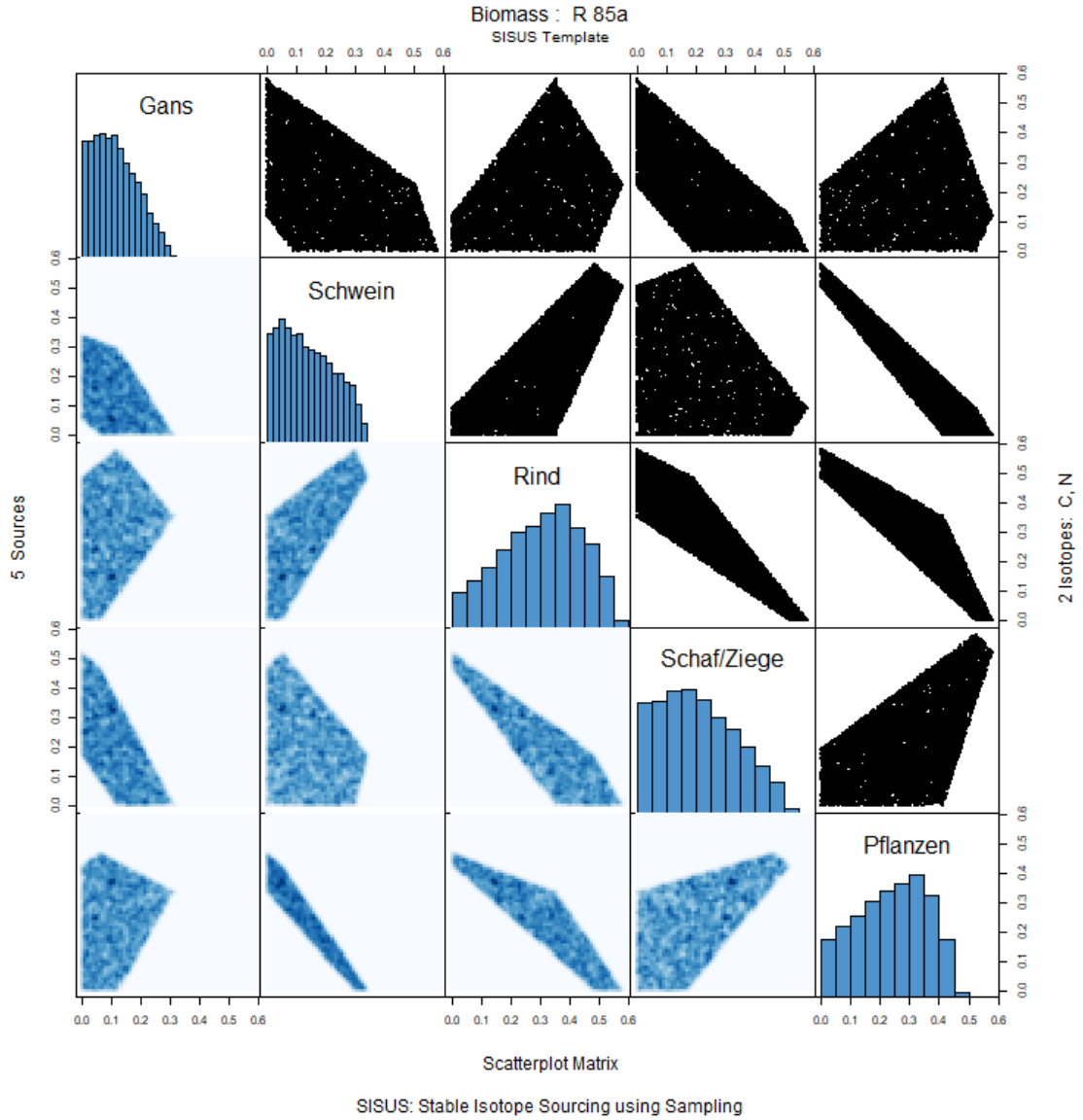


Abbildung 2357: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 85a. Erstellt mit SISUS.

R86

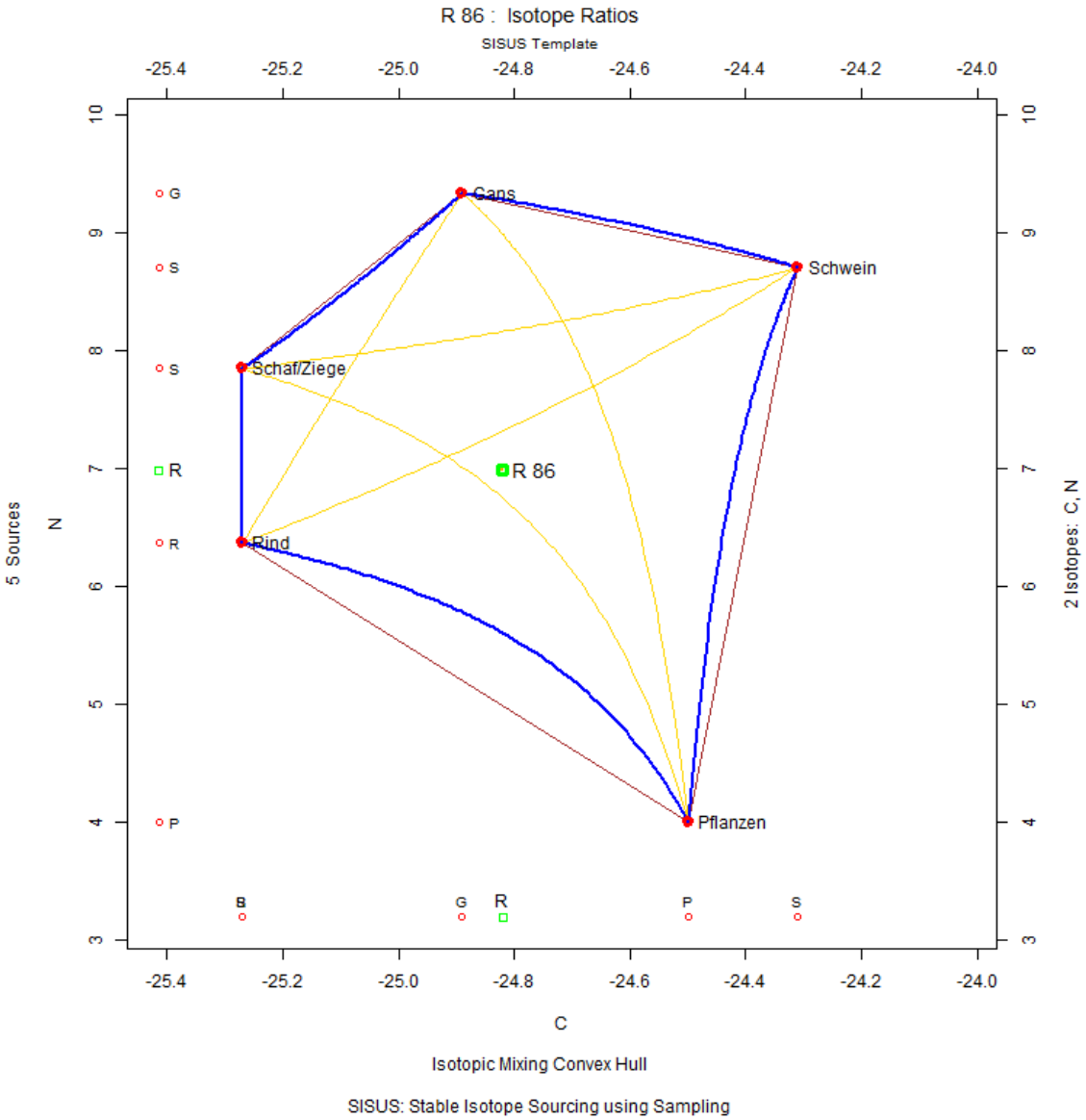


Abbildung 2358: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 86. Erstellt mit SISUS.

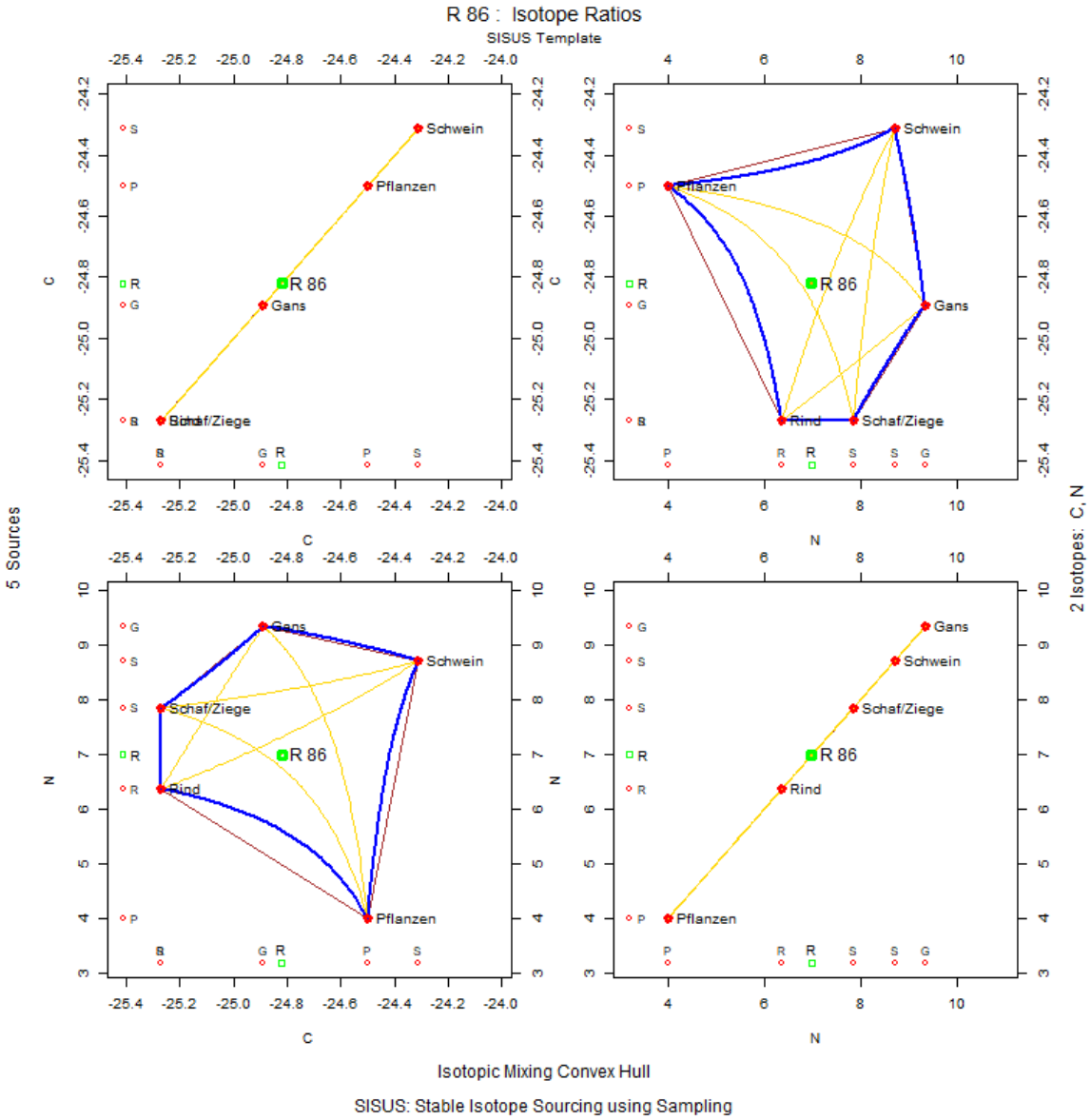


Abbildung 2359: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 86 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

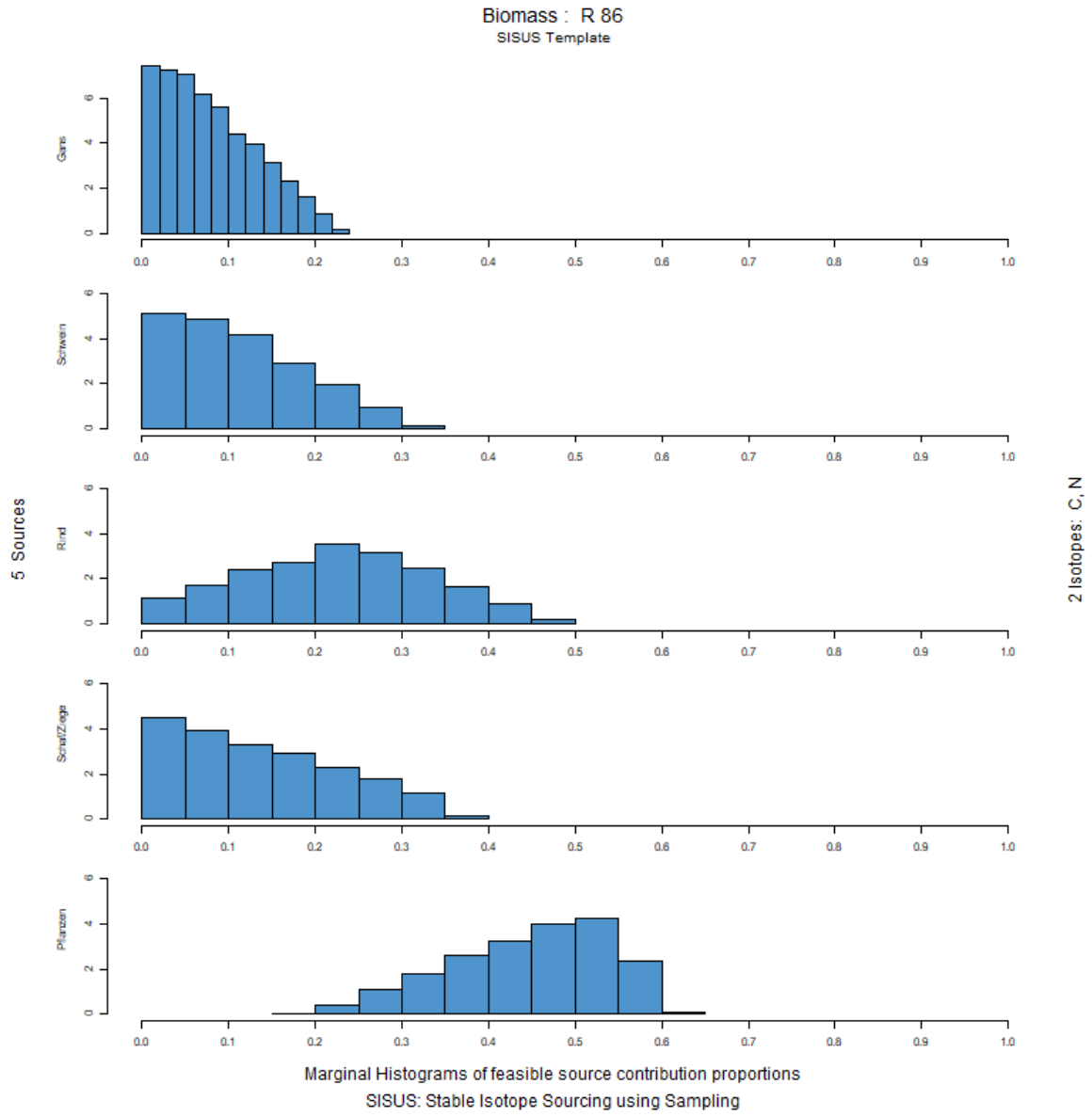


Abbildung 2360: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 86. Erstellt mit SISUS.

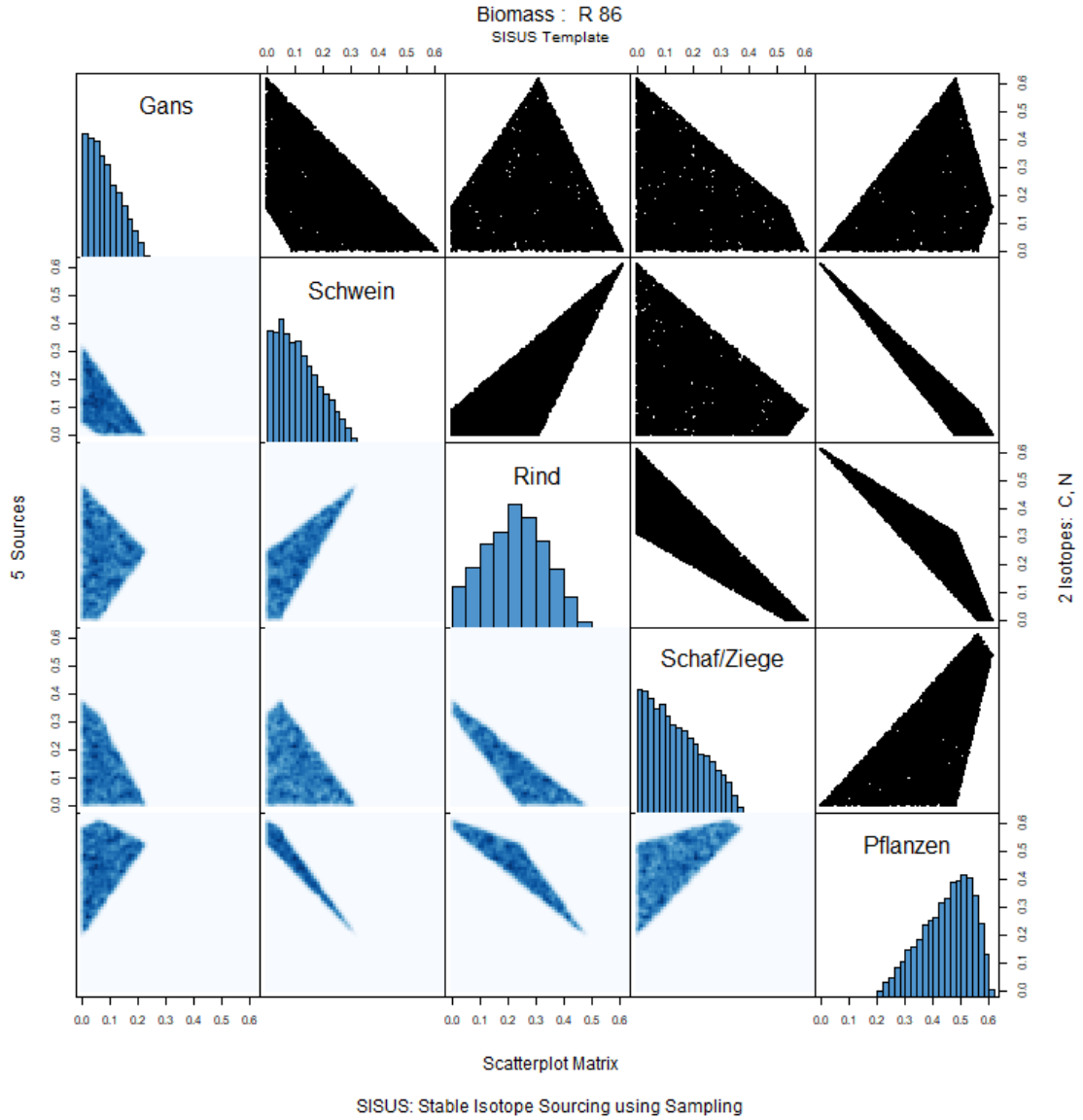


Abbildung 2361: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 86. Erstellt mit SISUS.

R87

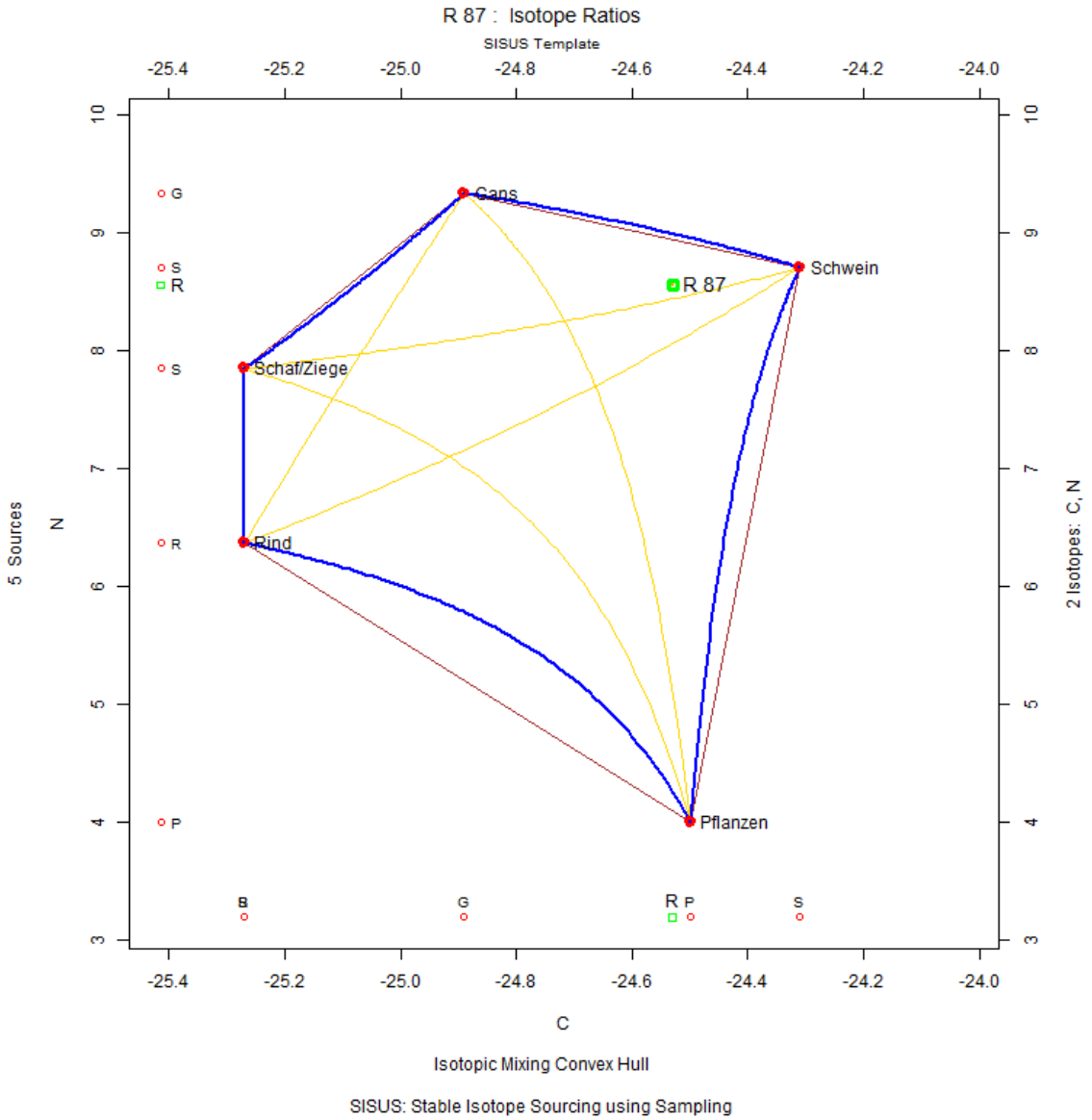


Abbildung 2362: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 87. Erstellt mit SISUS.

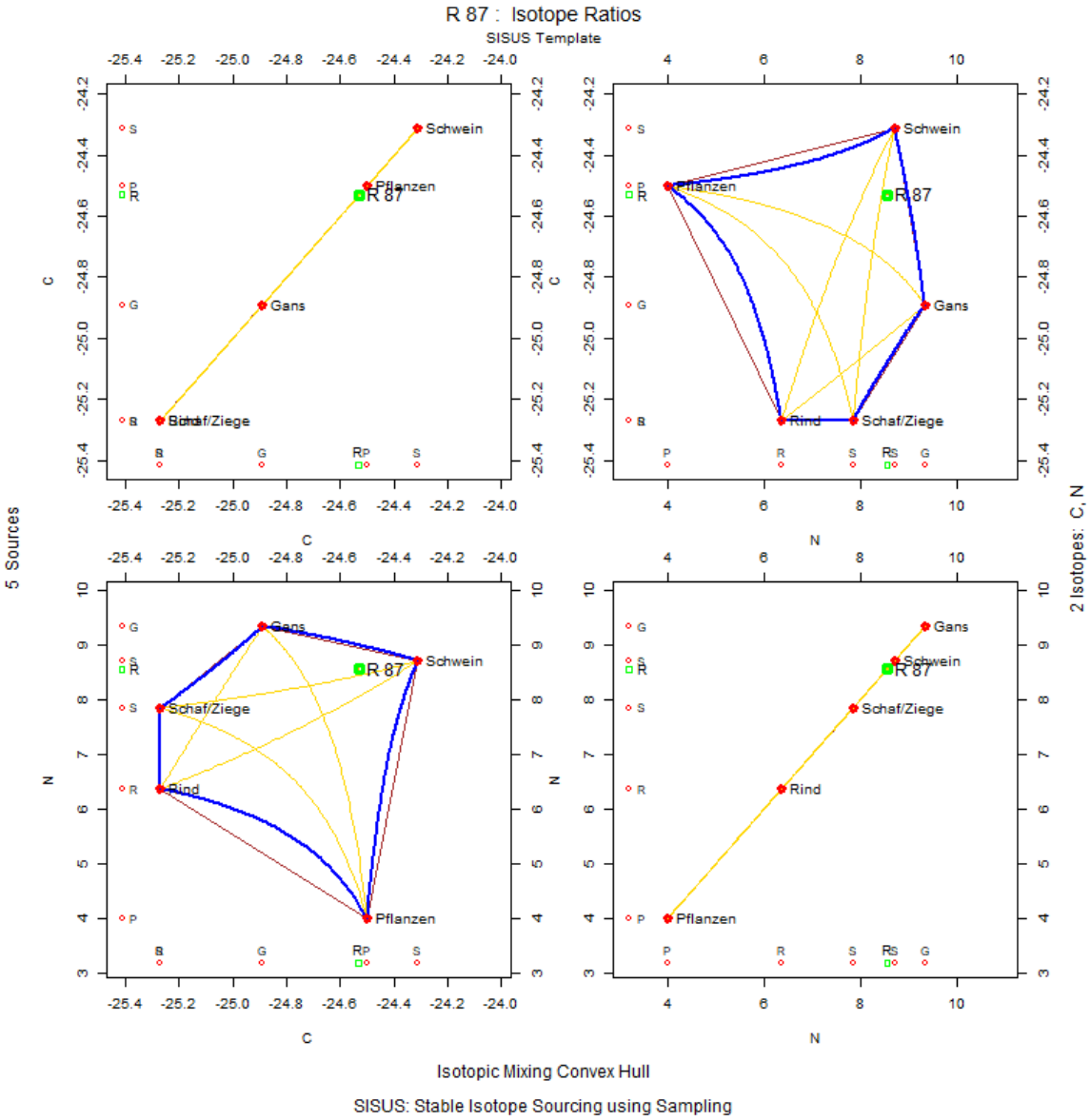


Abbildung 2363: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 87 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

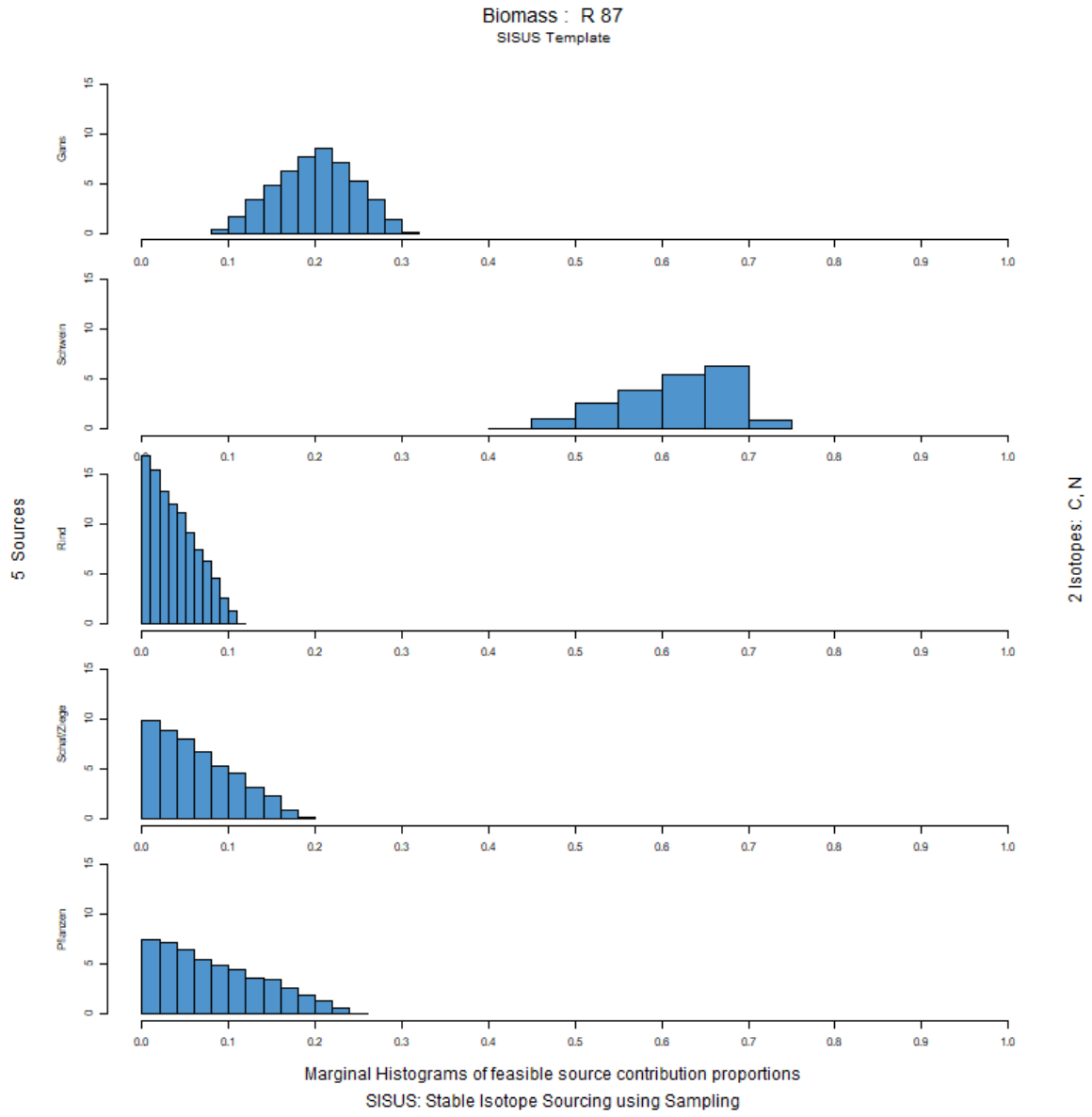


Abbildung 2364: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 87. Erstellt mit SISUS.

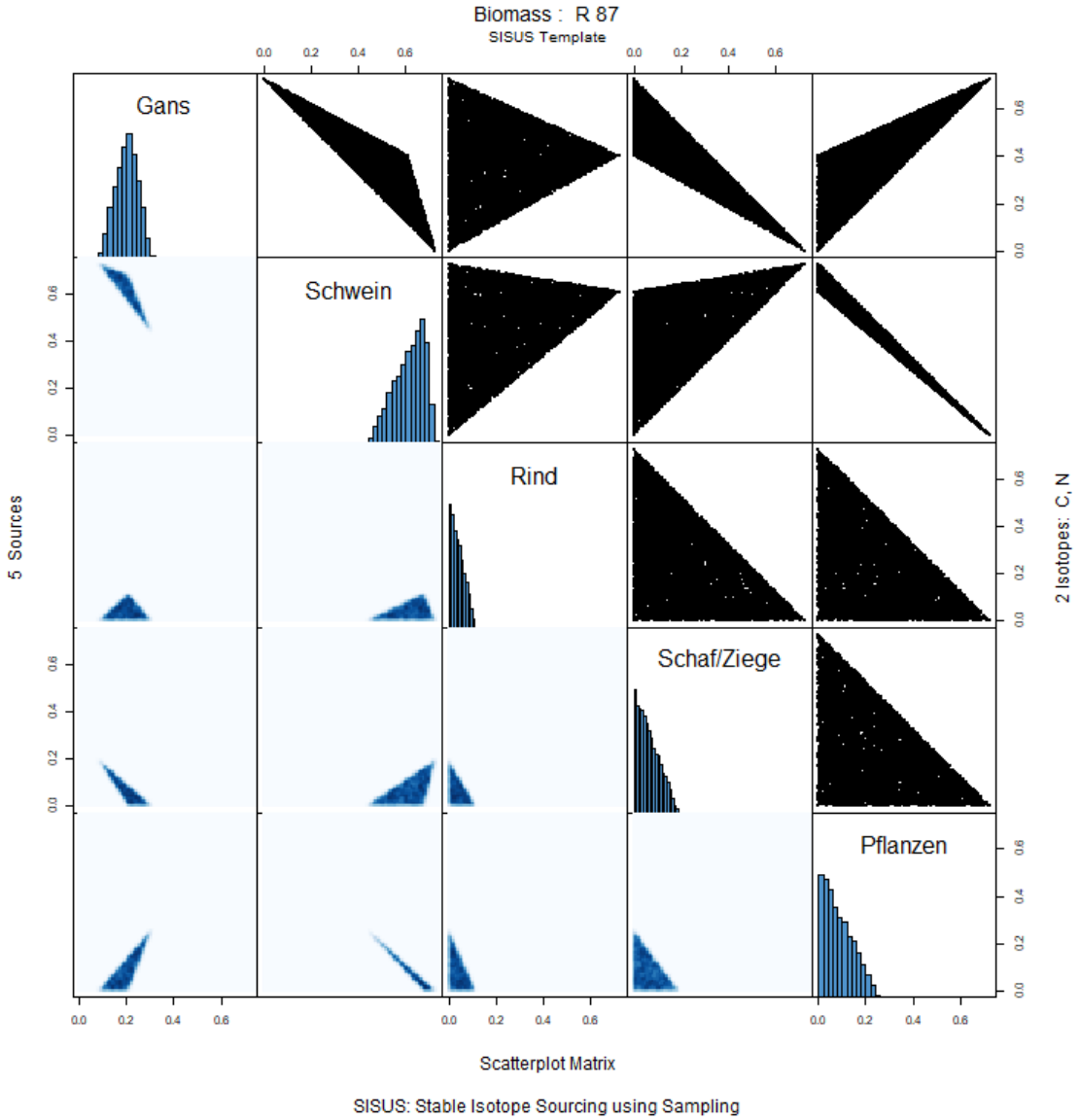


Abbildung 2365: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 87. Erstellt mit SISUS.

R89

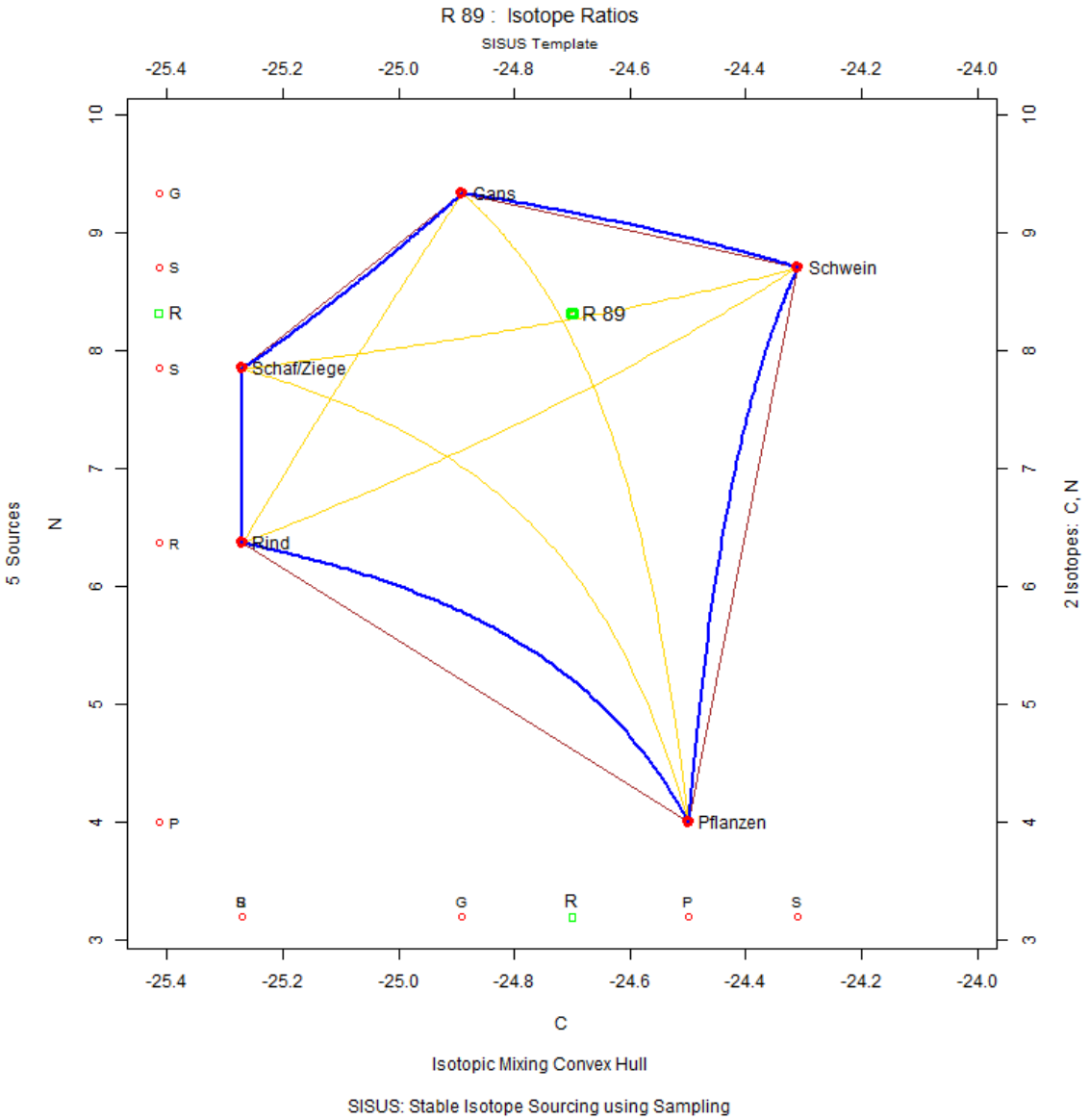


Abbildung 2366: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 89. Erstellt mit SISUS.

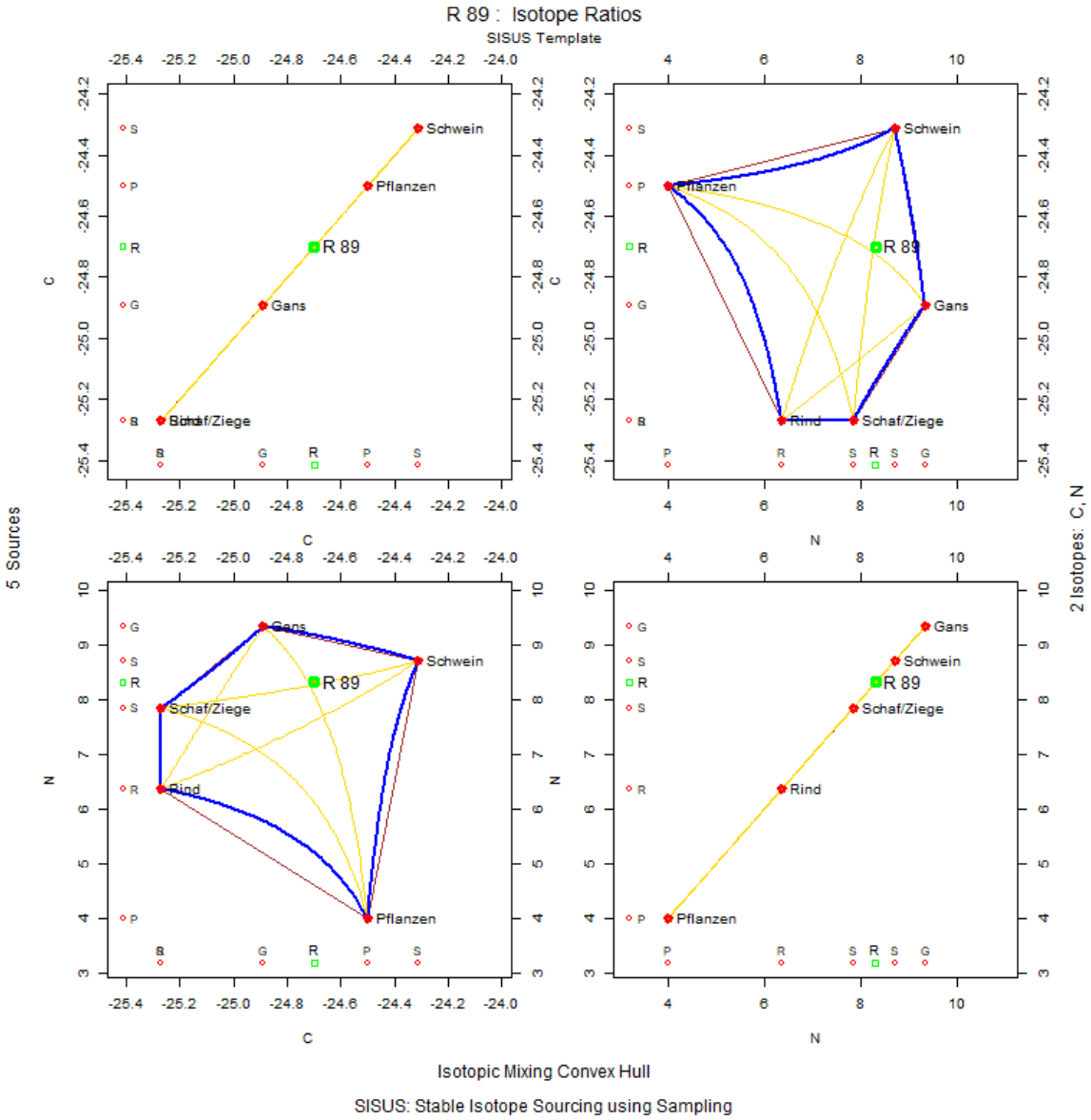


Abbildung 2367: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 89 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

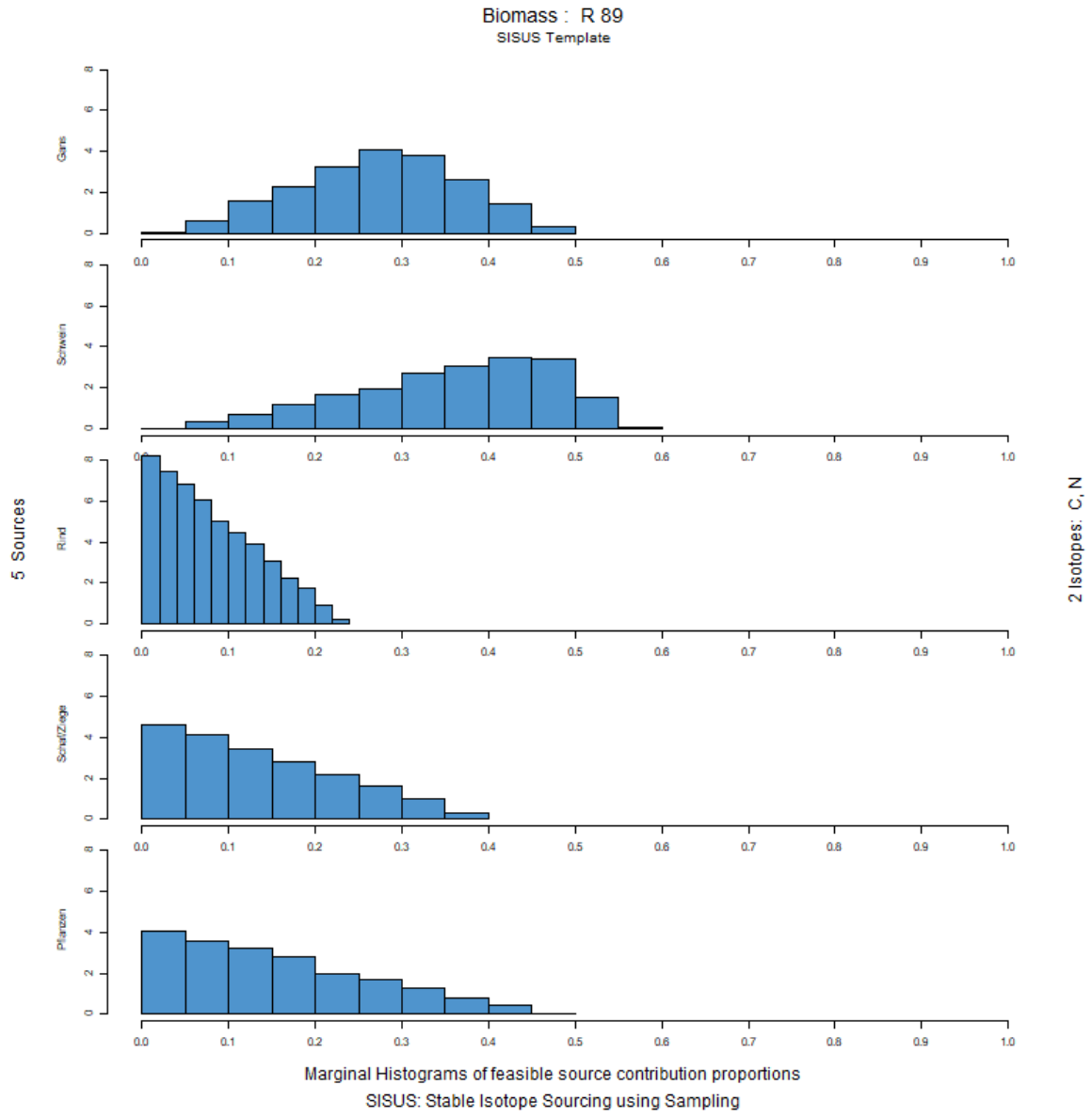


Abbildung 2368: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 89. Erstellt mit SISUS.

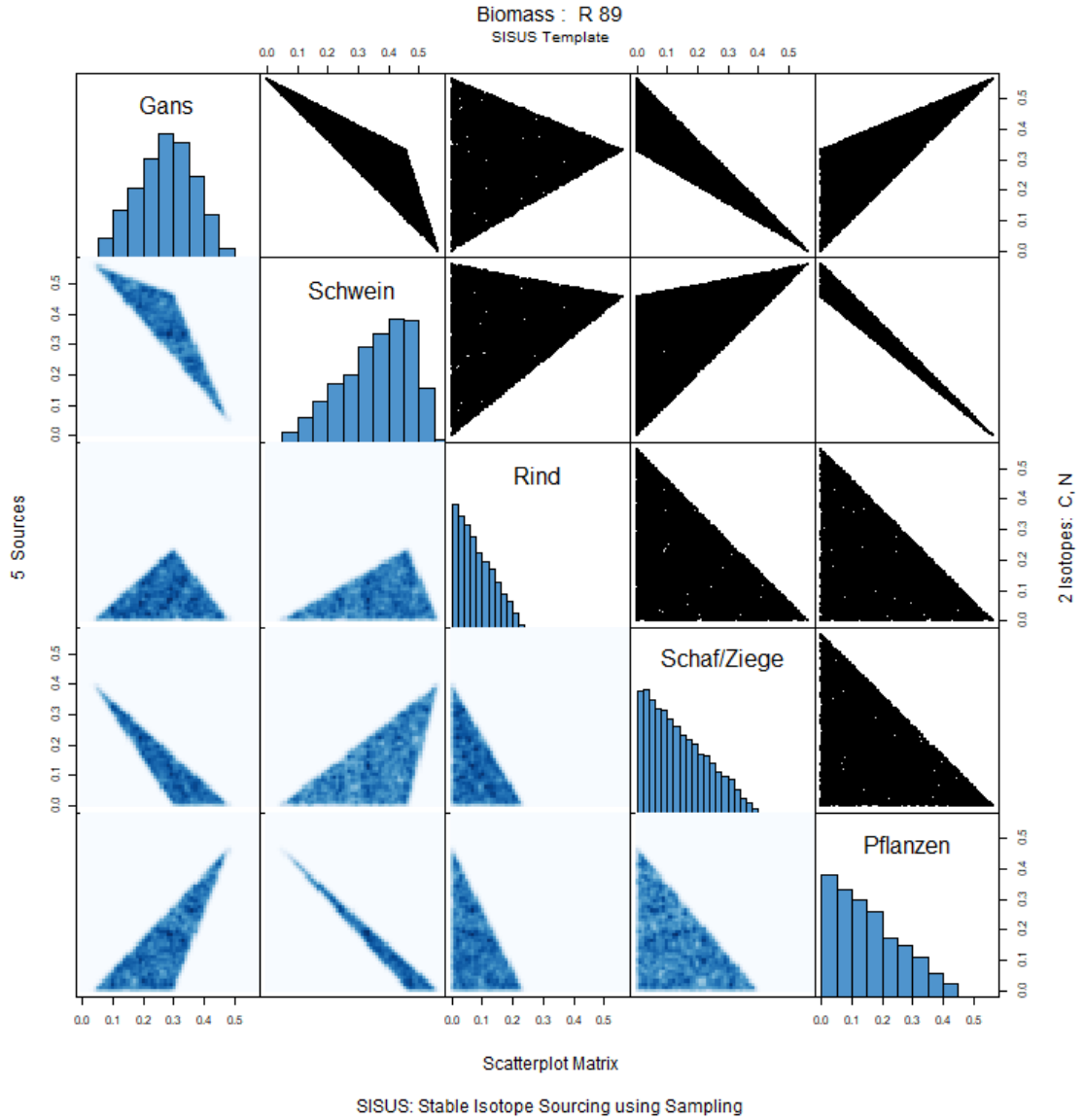


Abbildung 2369: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 89. Erstellt mit SISUS.

R96

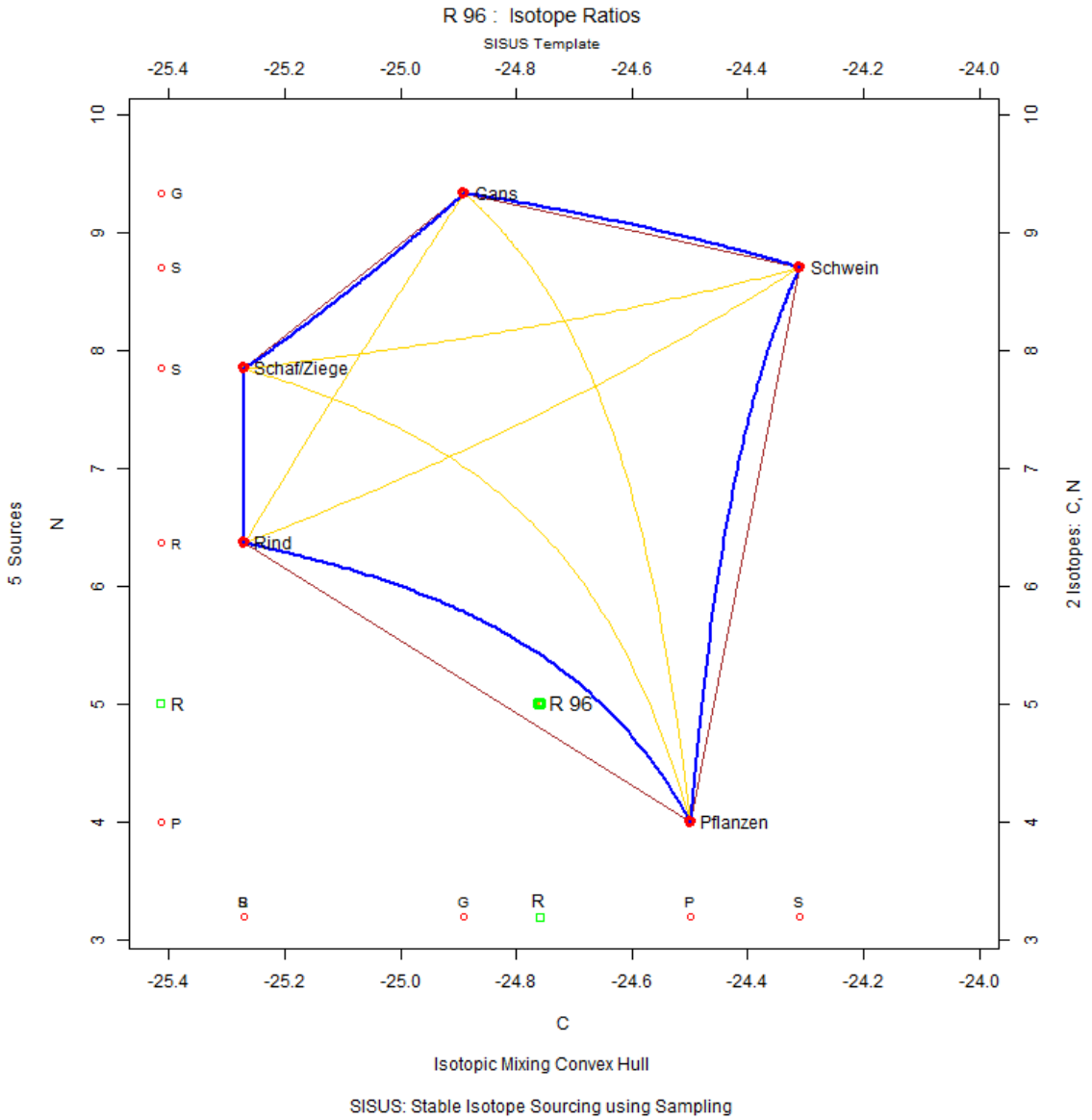


Abbildung 2370: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 96. Erstellt mit SISUS.

R97

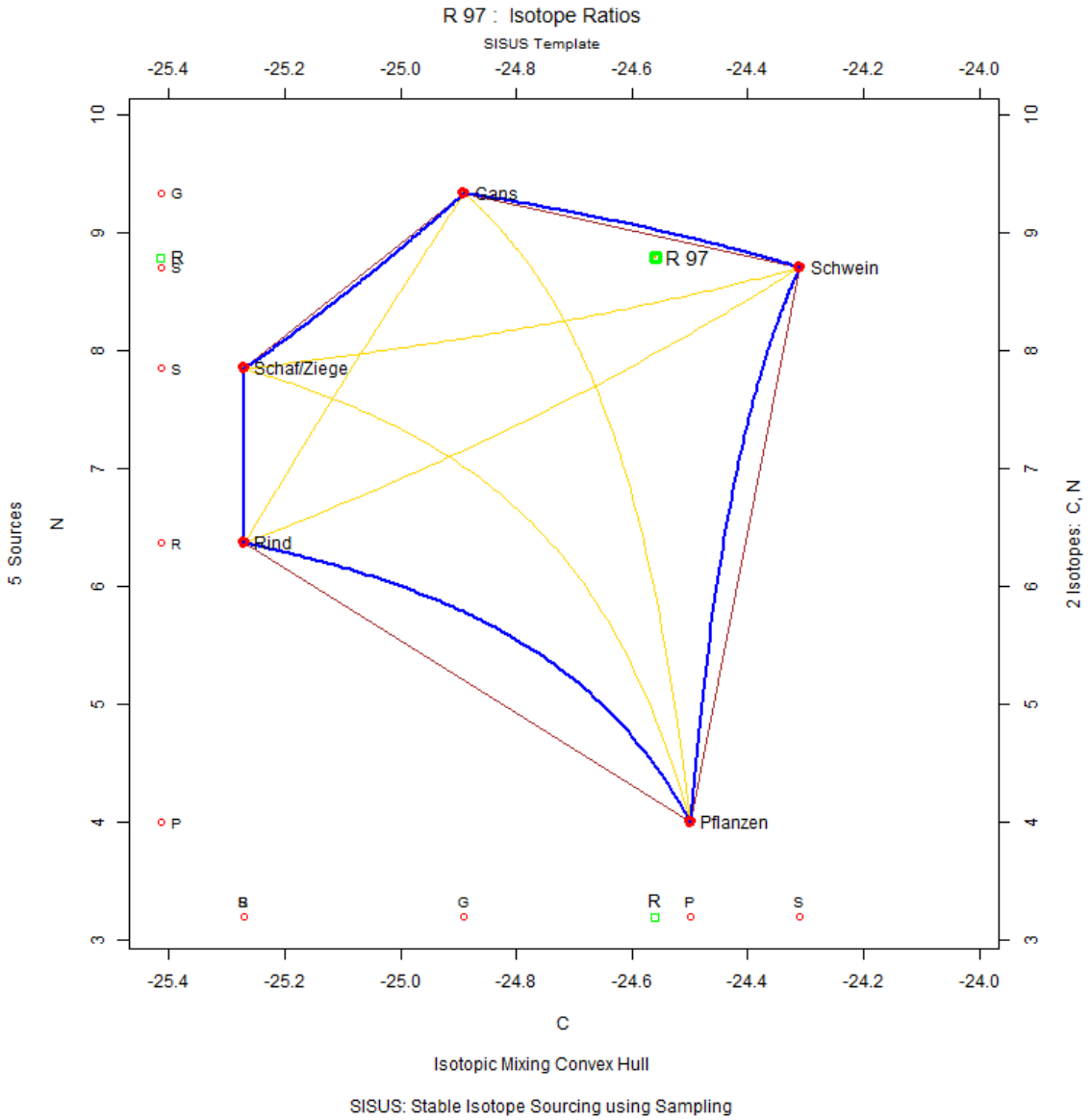


Abbildung 2371: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 97. Erstellt mit SISUS.

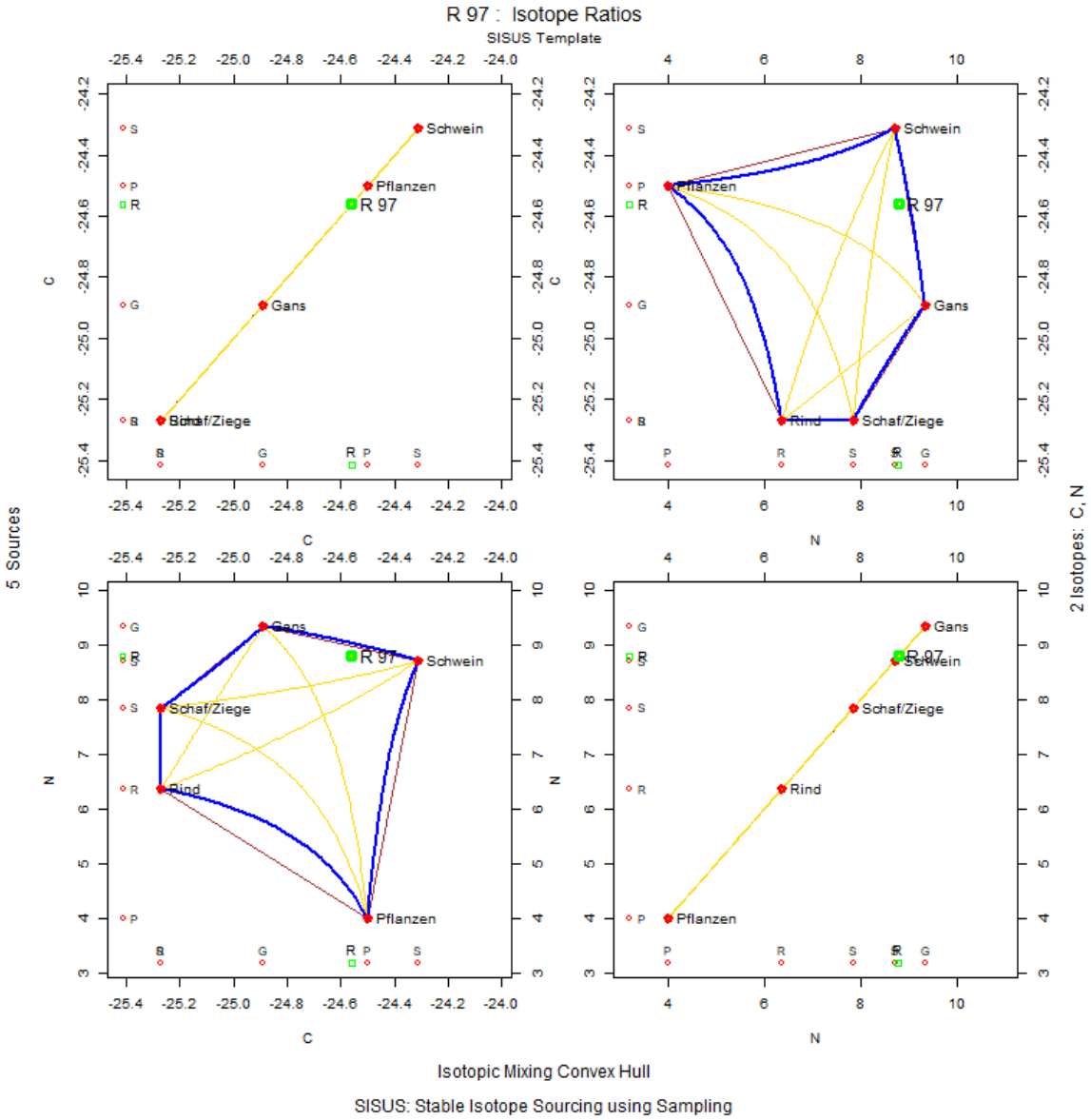


Abbildung 2372: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 97 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

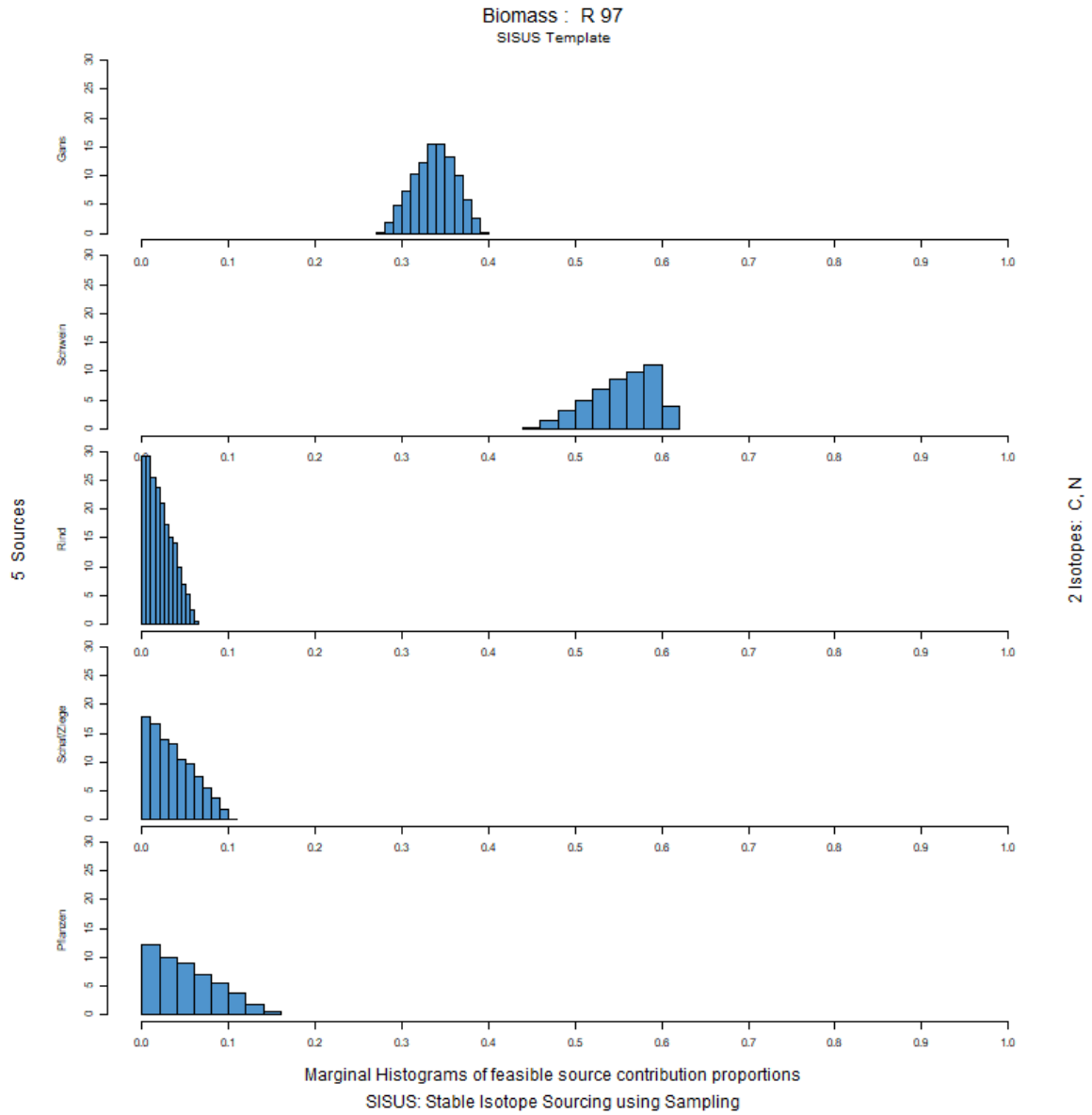


Abbildung 2373: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 97. Erstellt mit SISUS.

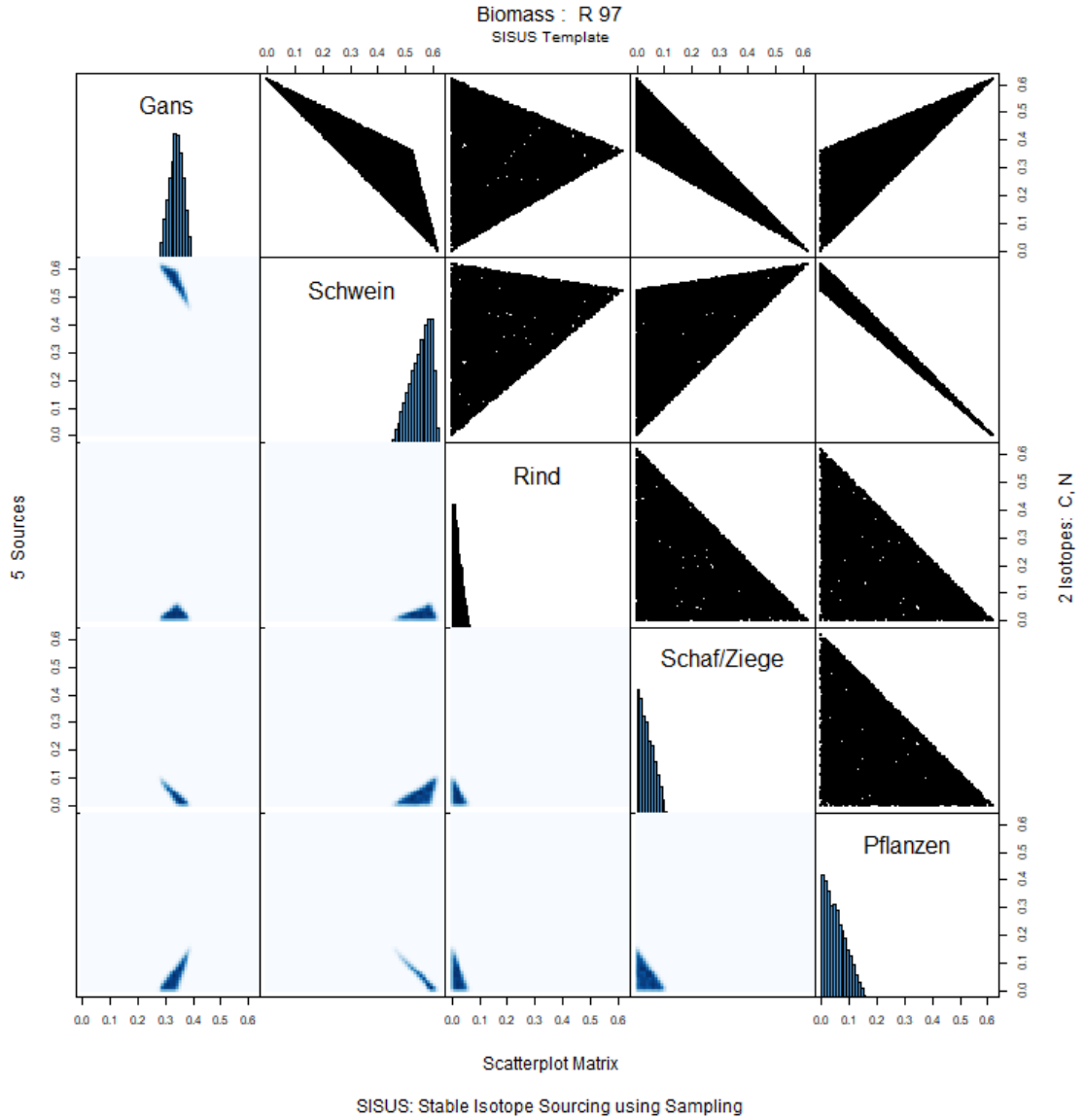


Abbildung 2374: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 97. Erstellt mit SISUS.

R99

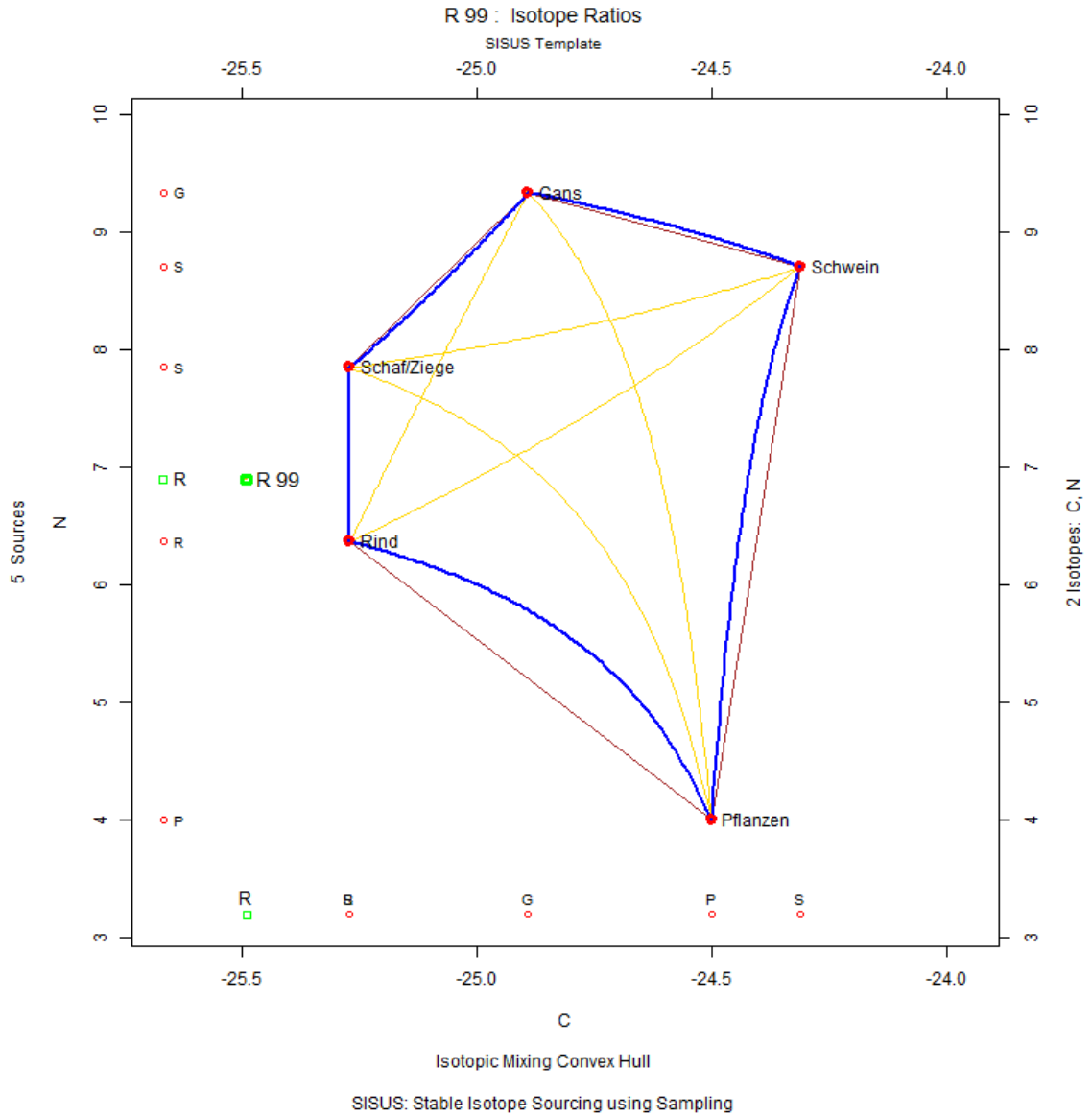


Abbildung 2375: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 99. Erstellt mit SISUS.

R100

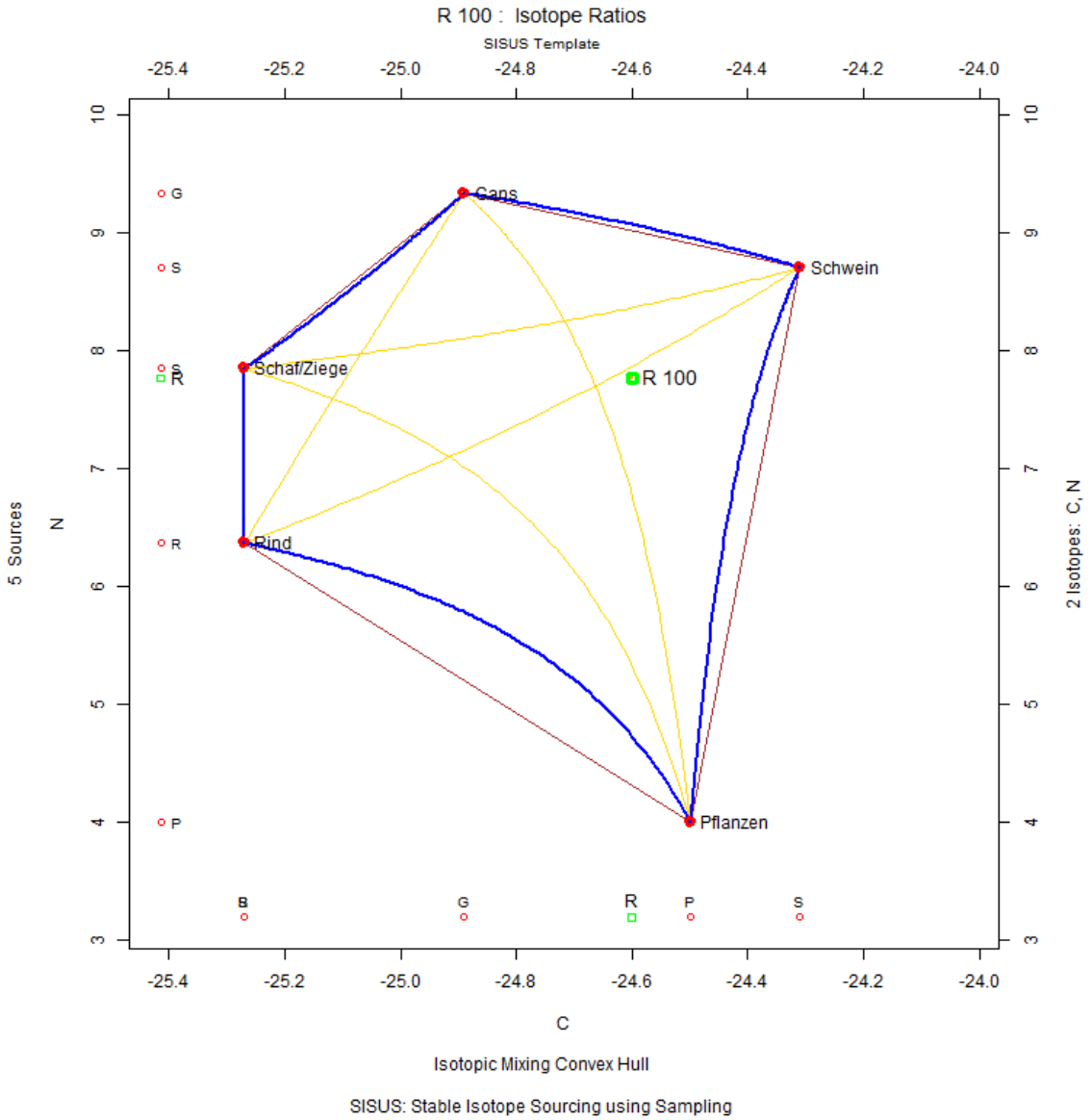


Abbildung 2376: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 100. Erstellt mit SISUS.

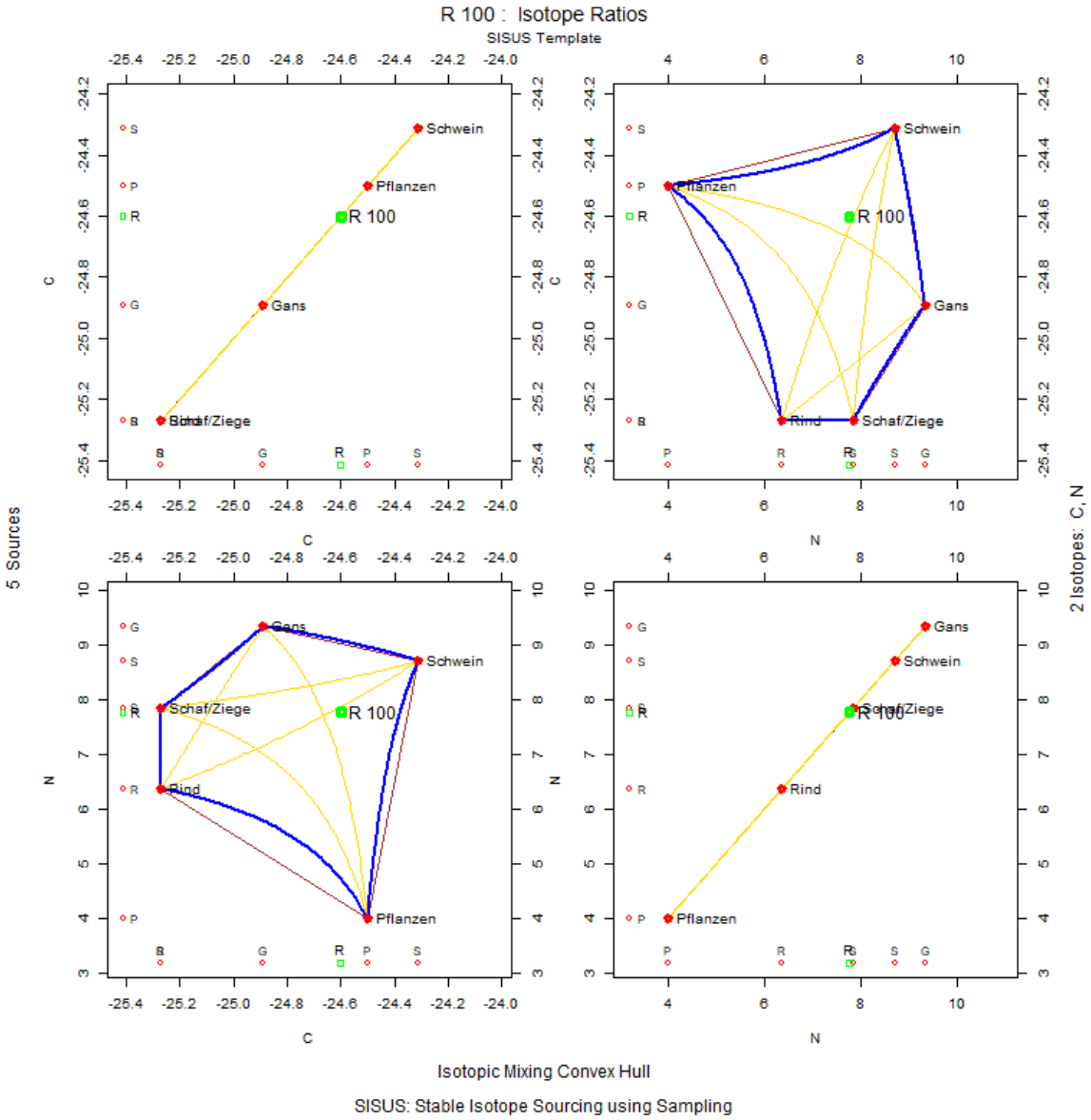


Abbildung 2377: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 100 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

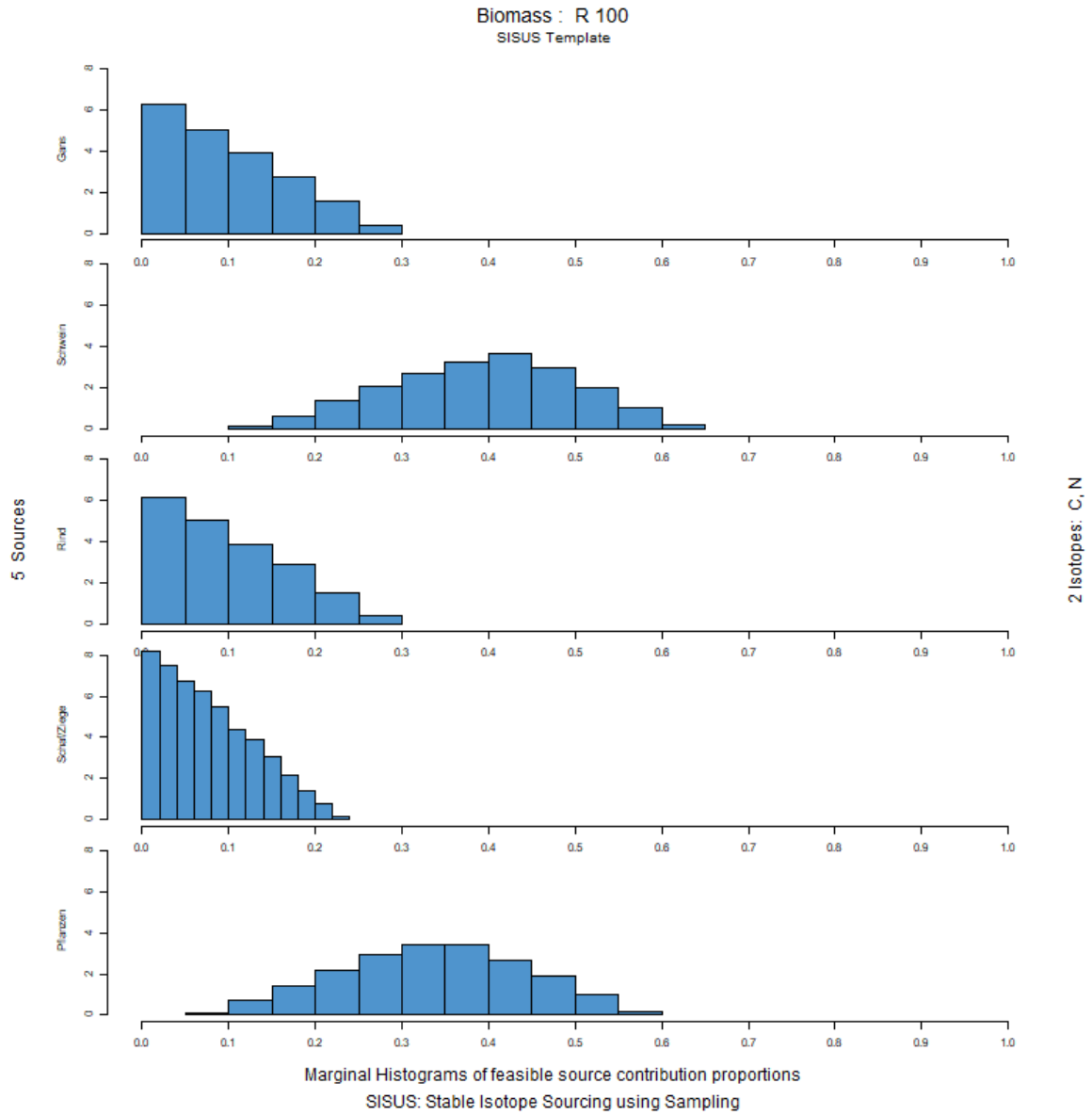


Abbildung 2378: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 100. Erstellt mit SISUS.

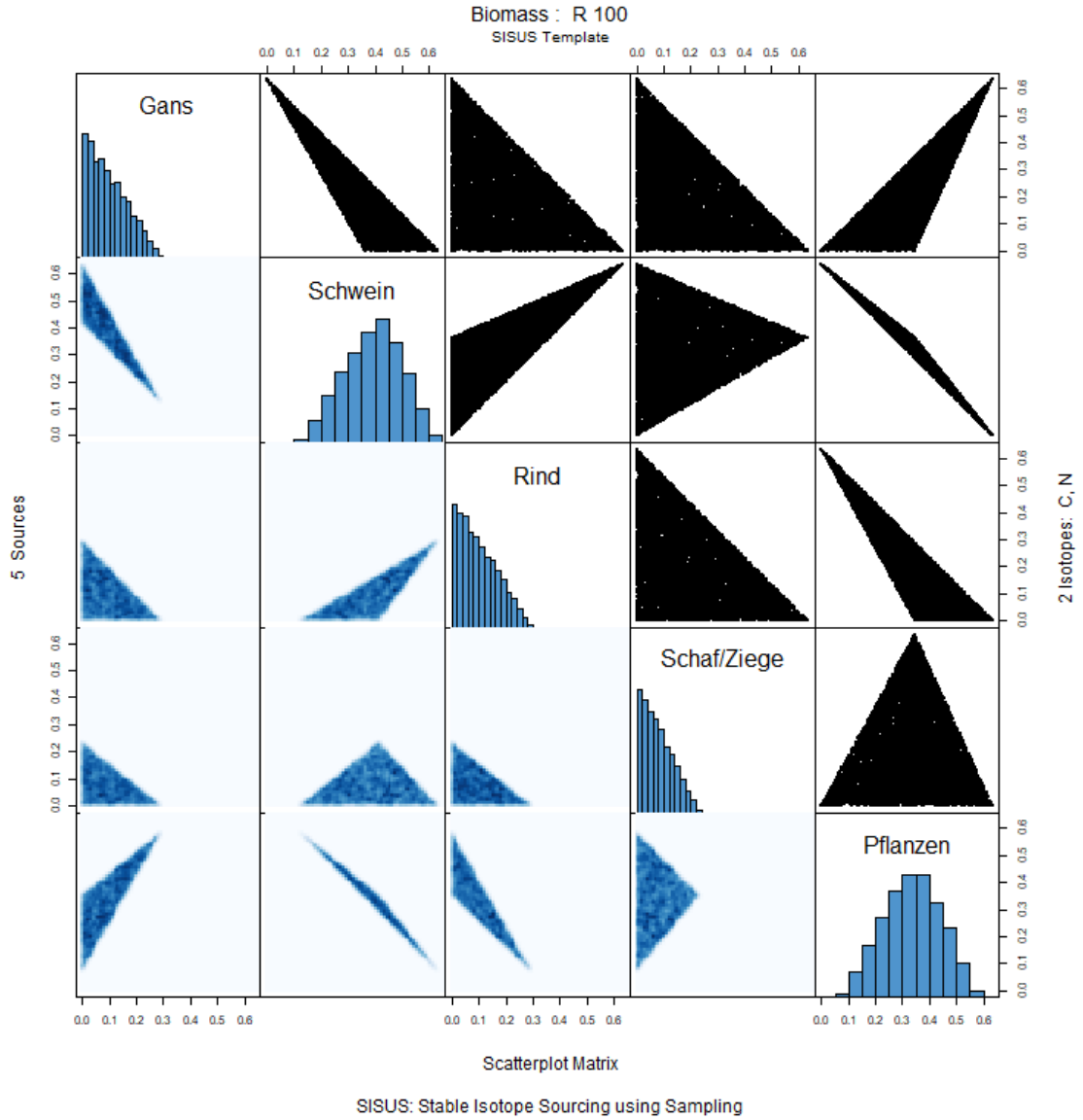


Abbildung 2379: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 100. Erstellt mit SISUS.

R107

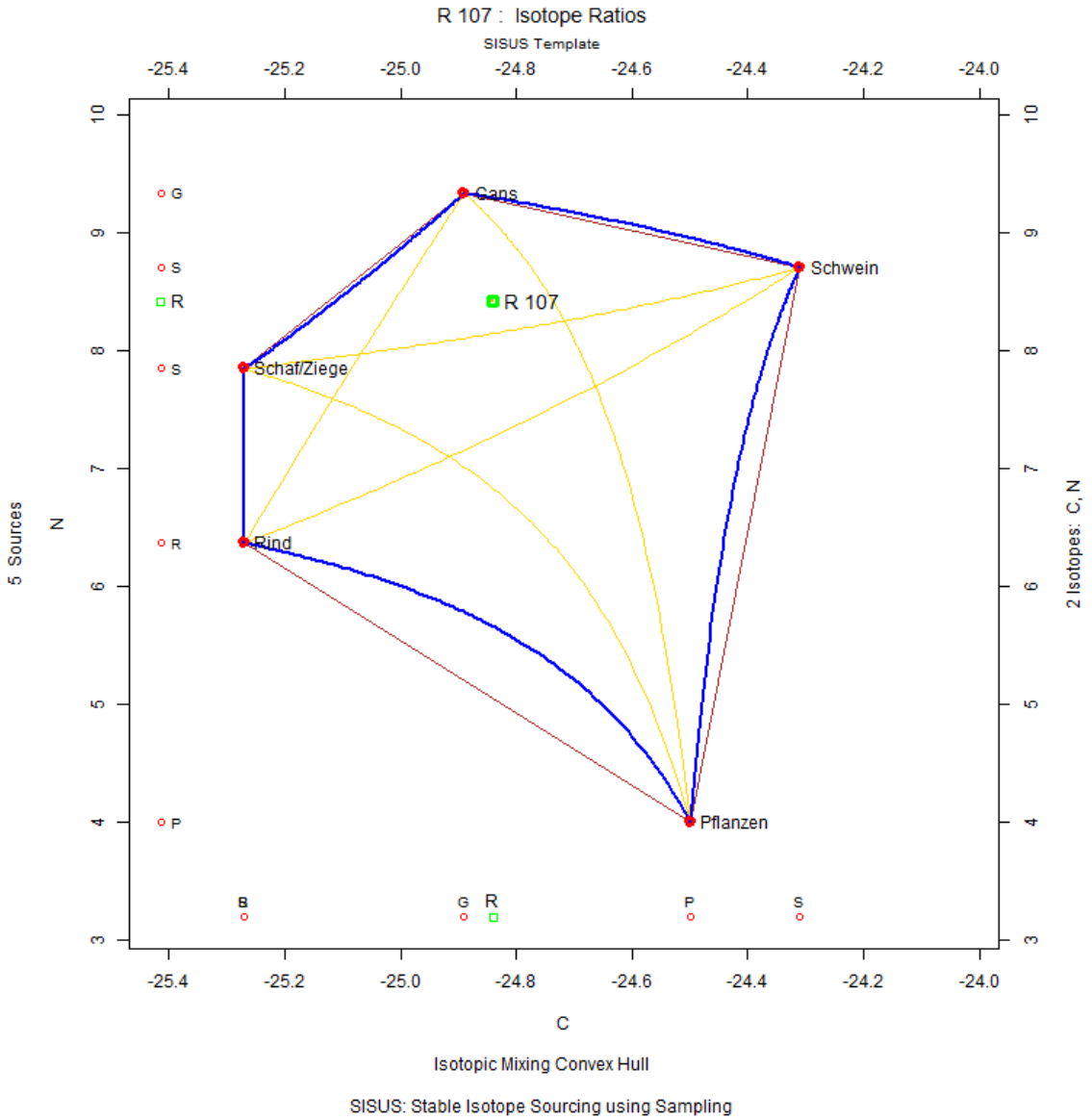


Abbildung 2380: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 107. Erstellt mit SISUS.

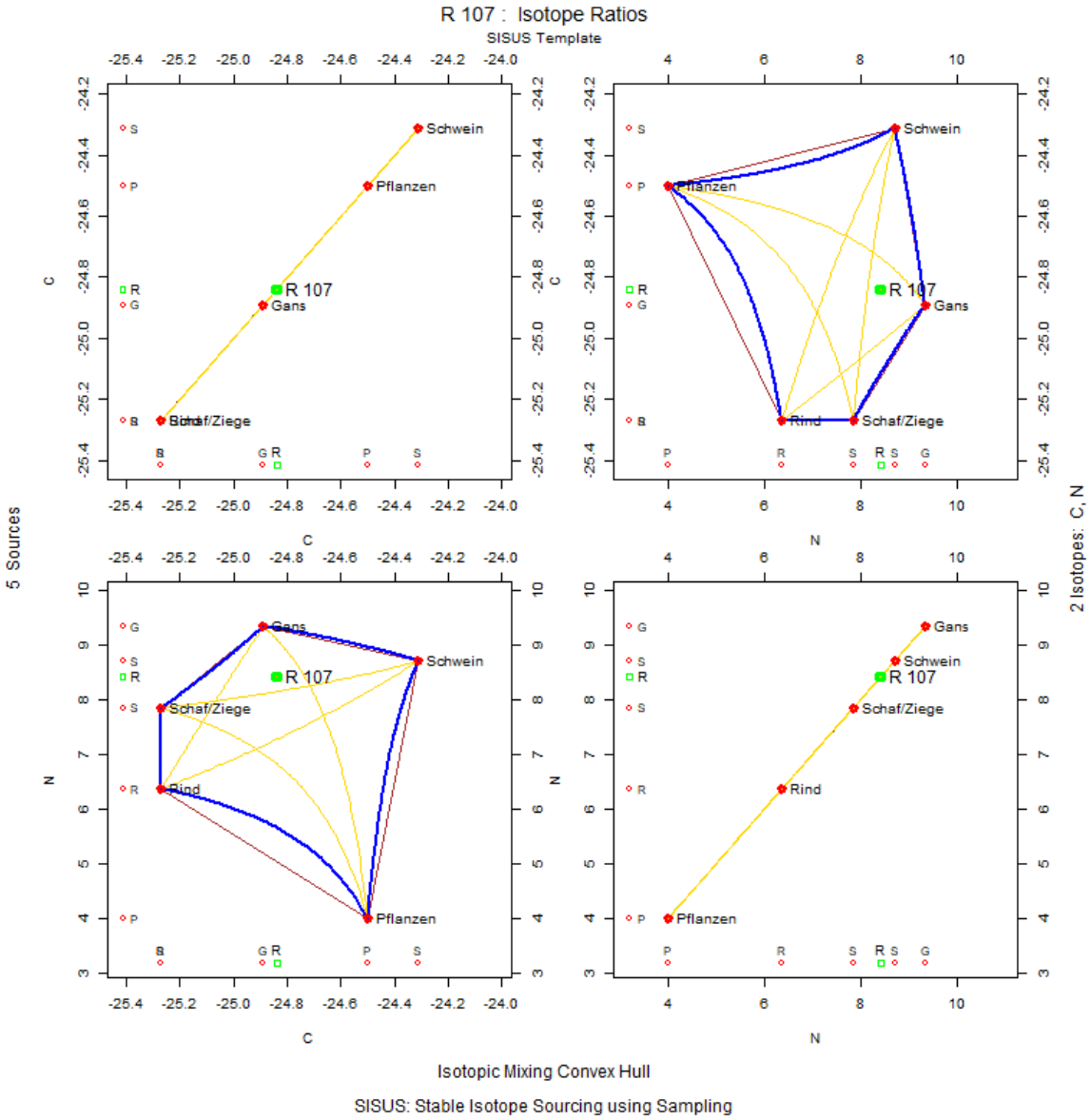


Abbildung 2381: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 107 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

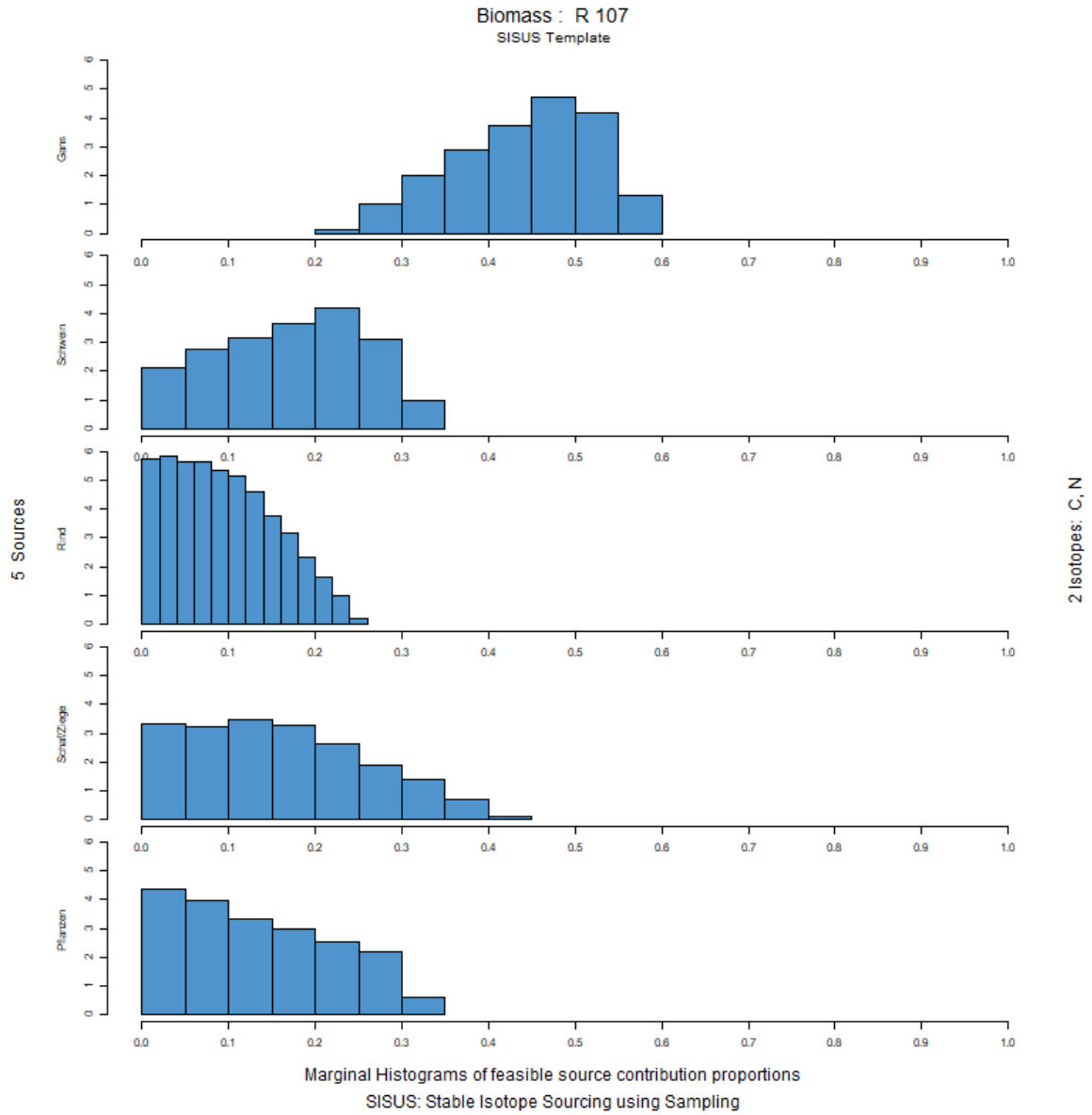


Abbildung 2382: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 107. Erstellt mit SISUS.

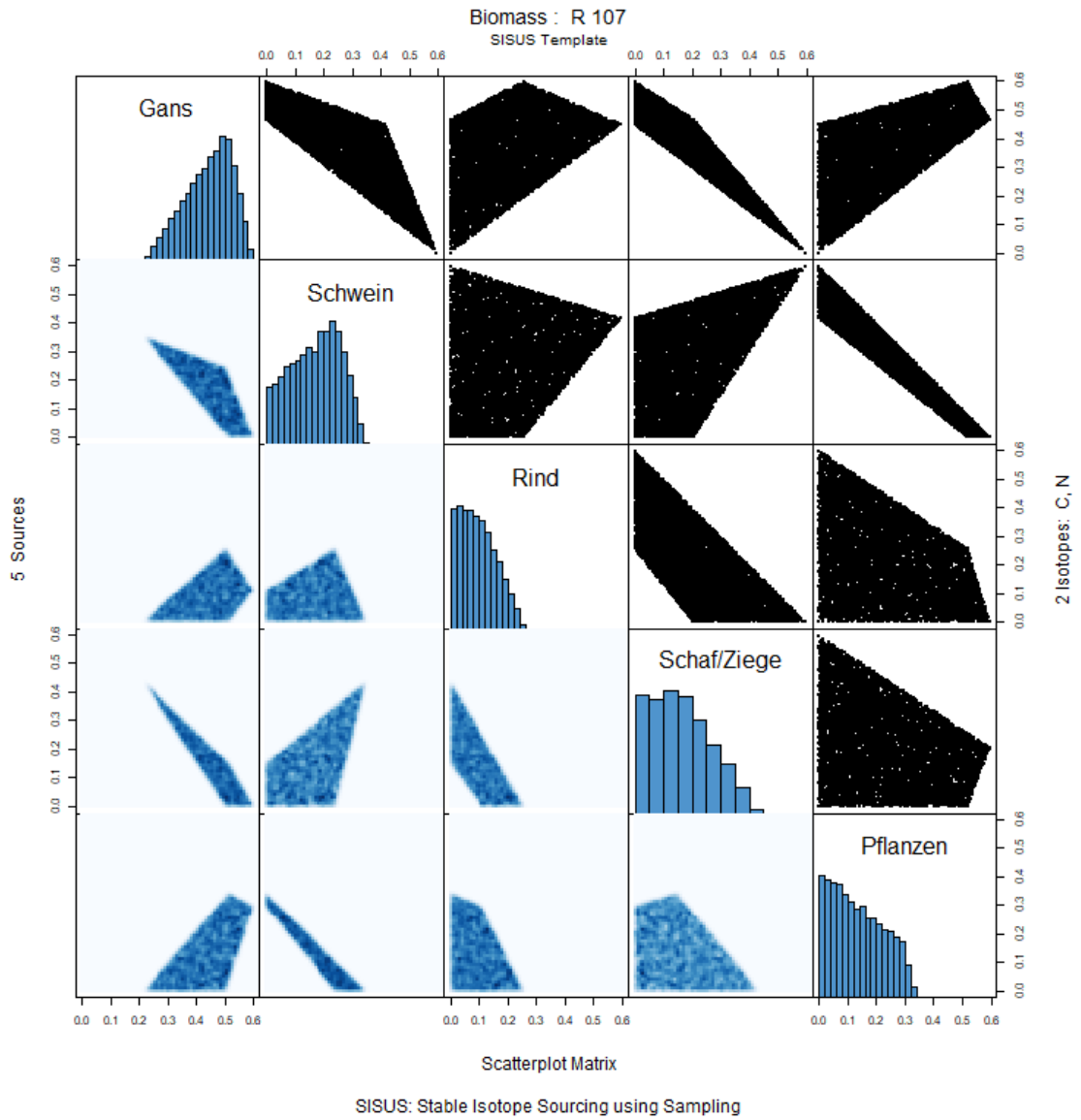


Abbildung 2383: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 107. Erstellt mit SISUS.

R112

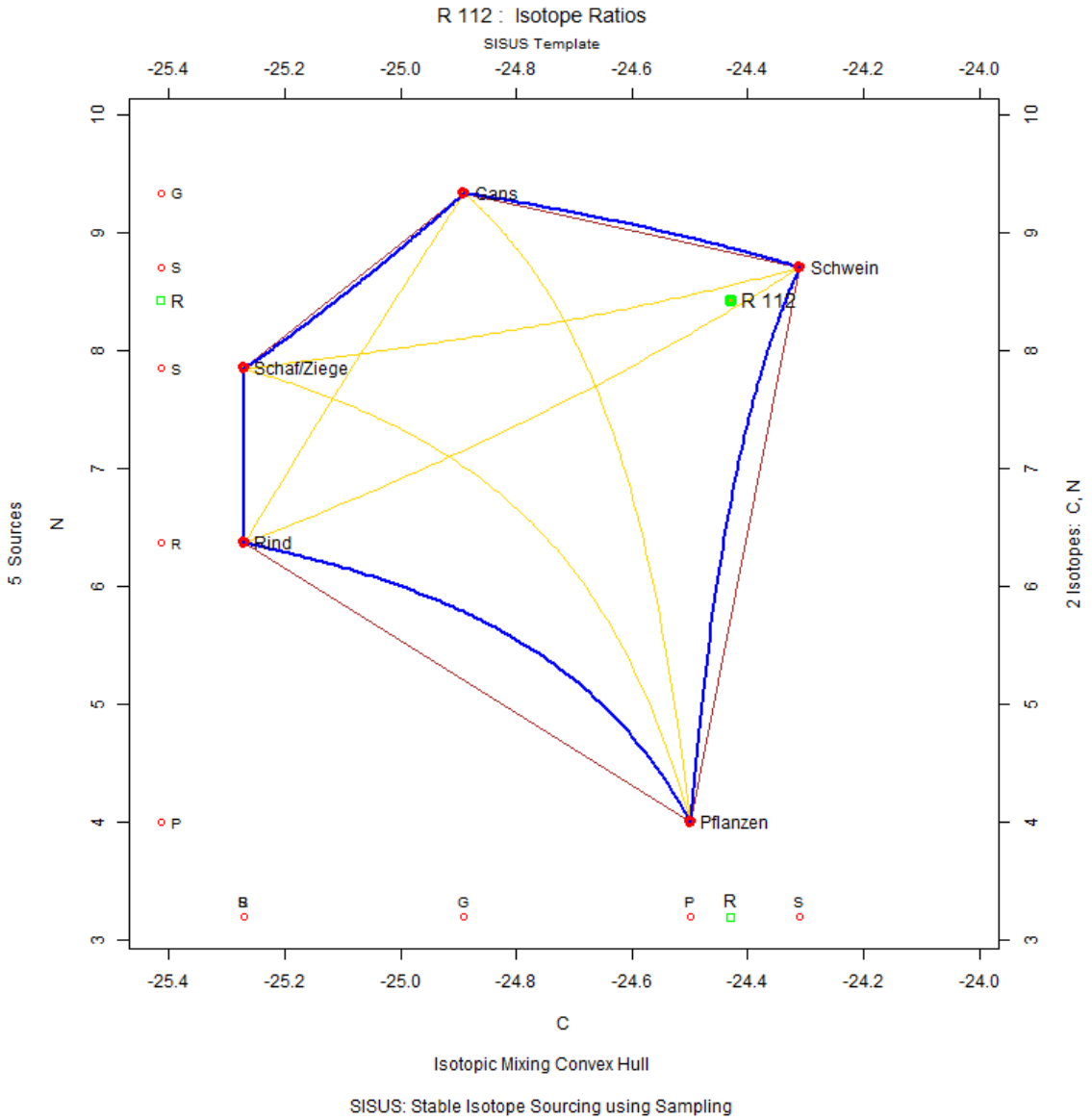


Abbildung 2384: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 112. Erstellt mit SISUS.

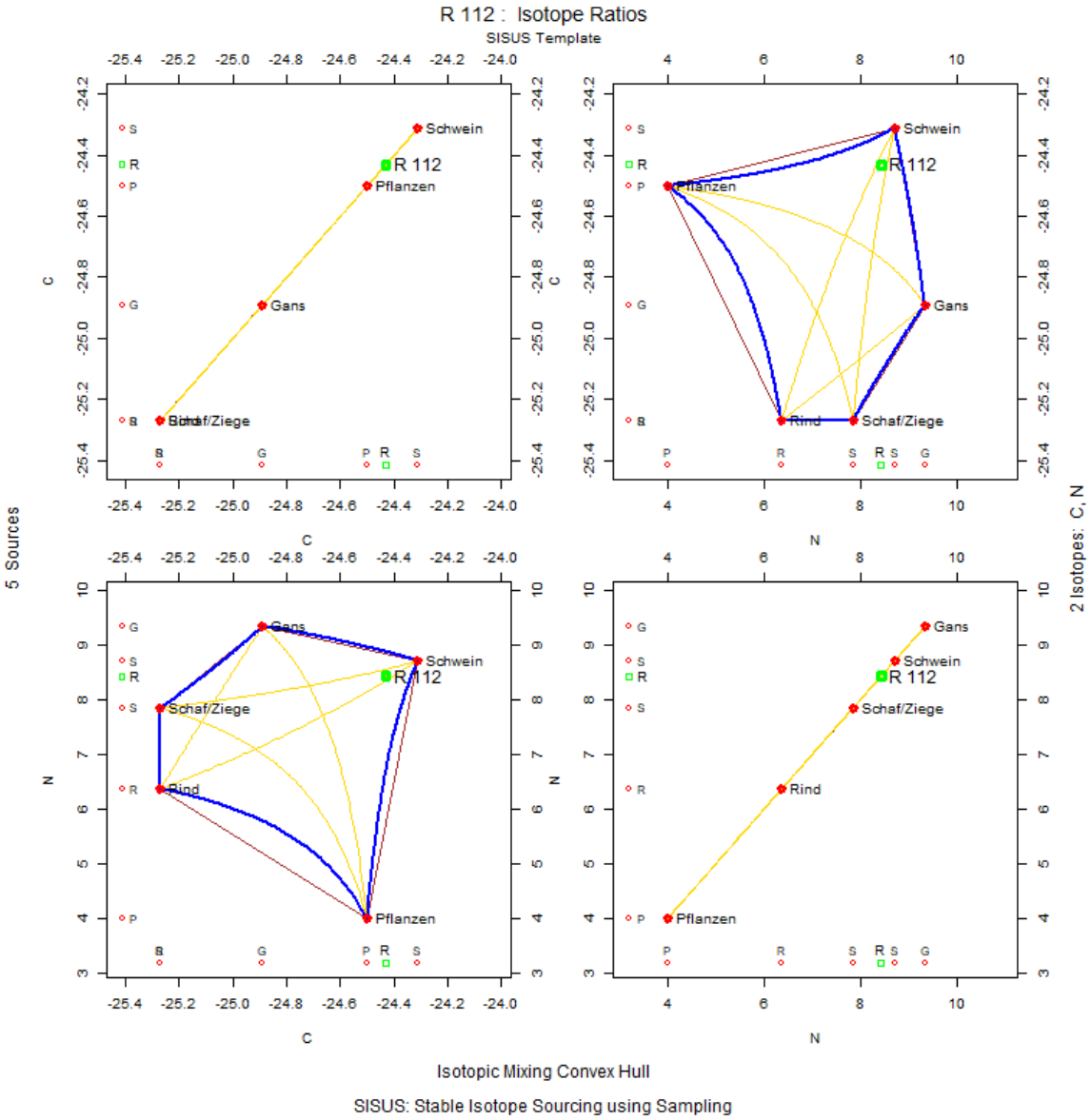


Abbildung 2385: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 112 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

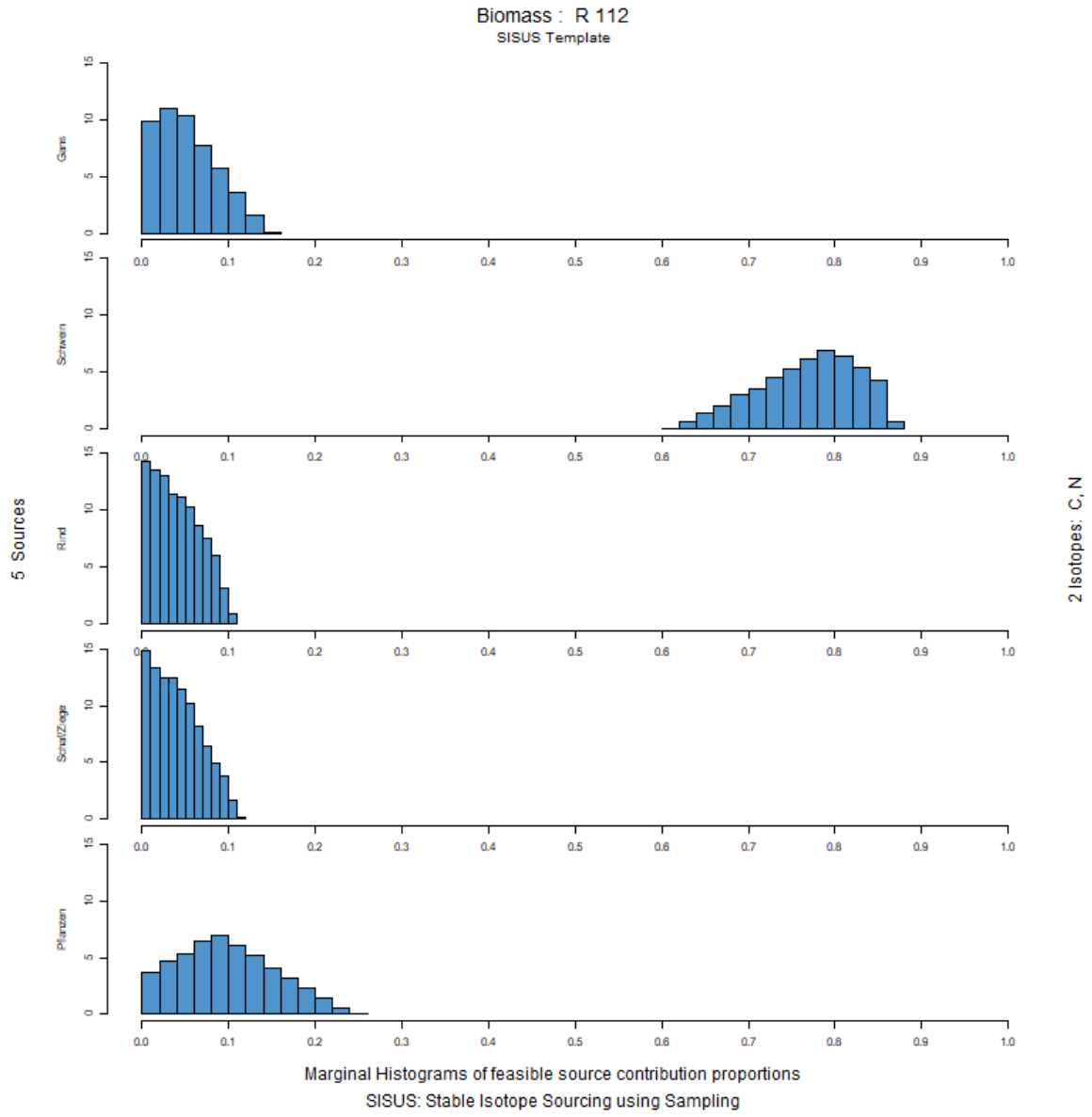


Abbildung 2386: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 112. Erstellt mit SISUS.

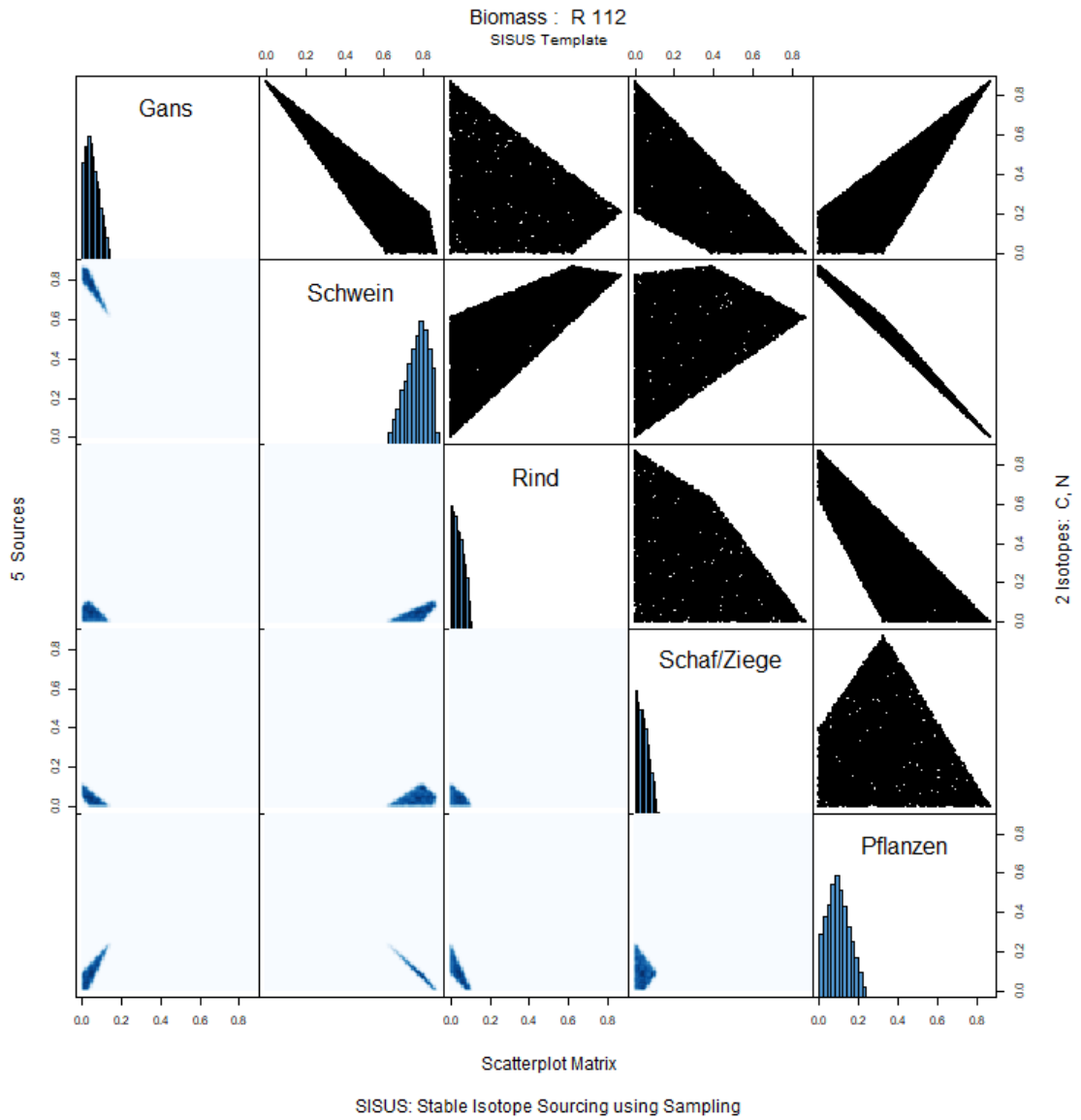


Abbildung 2387: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 112. Erstellt mit SISUS.

R115

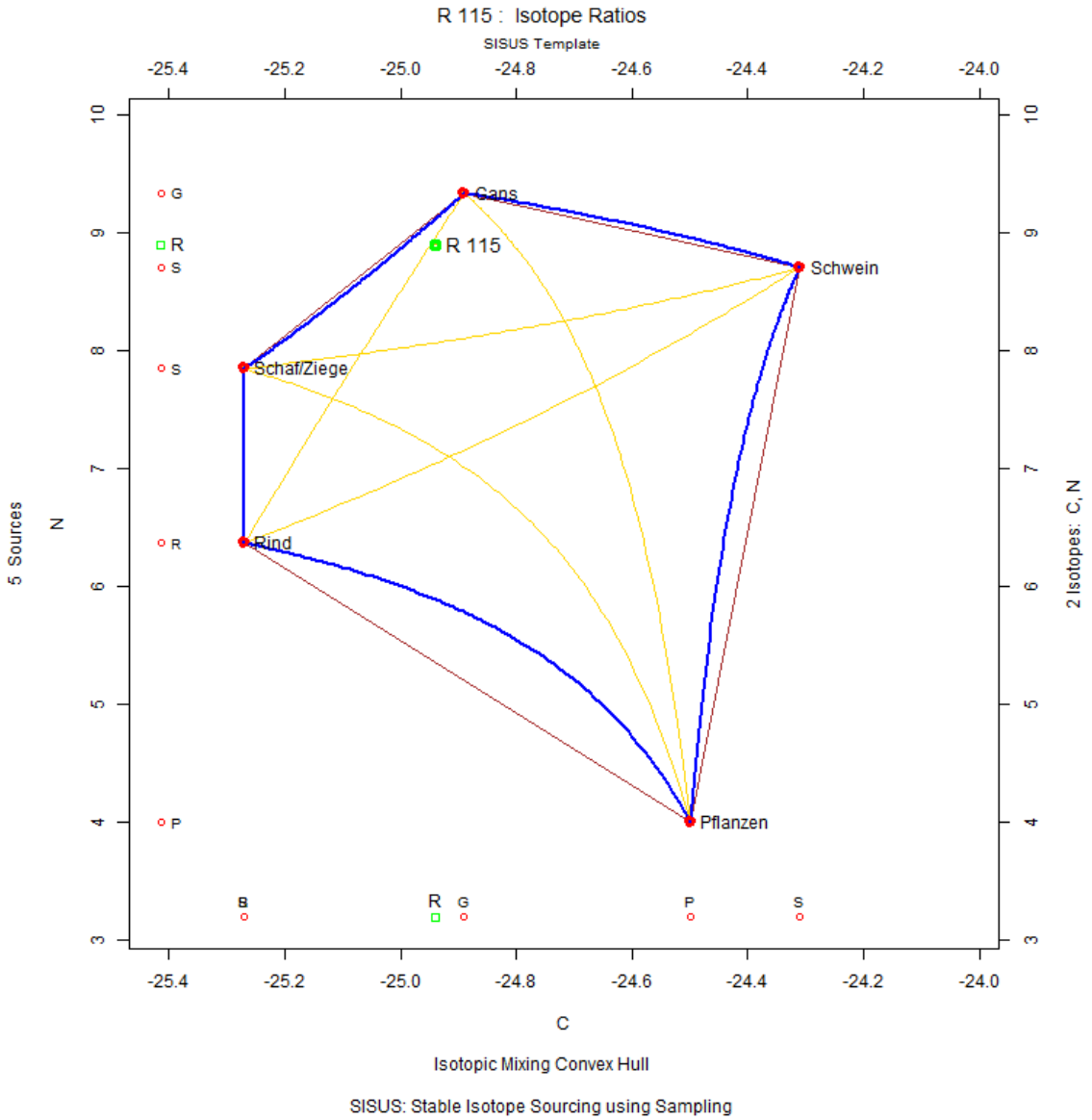


Abbildung 2388: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 115. Erstellt mit SISUS.

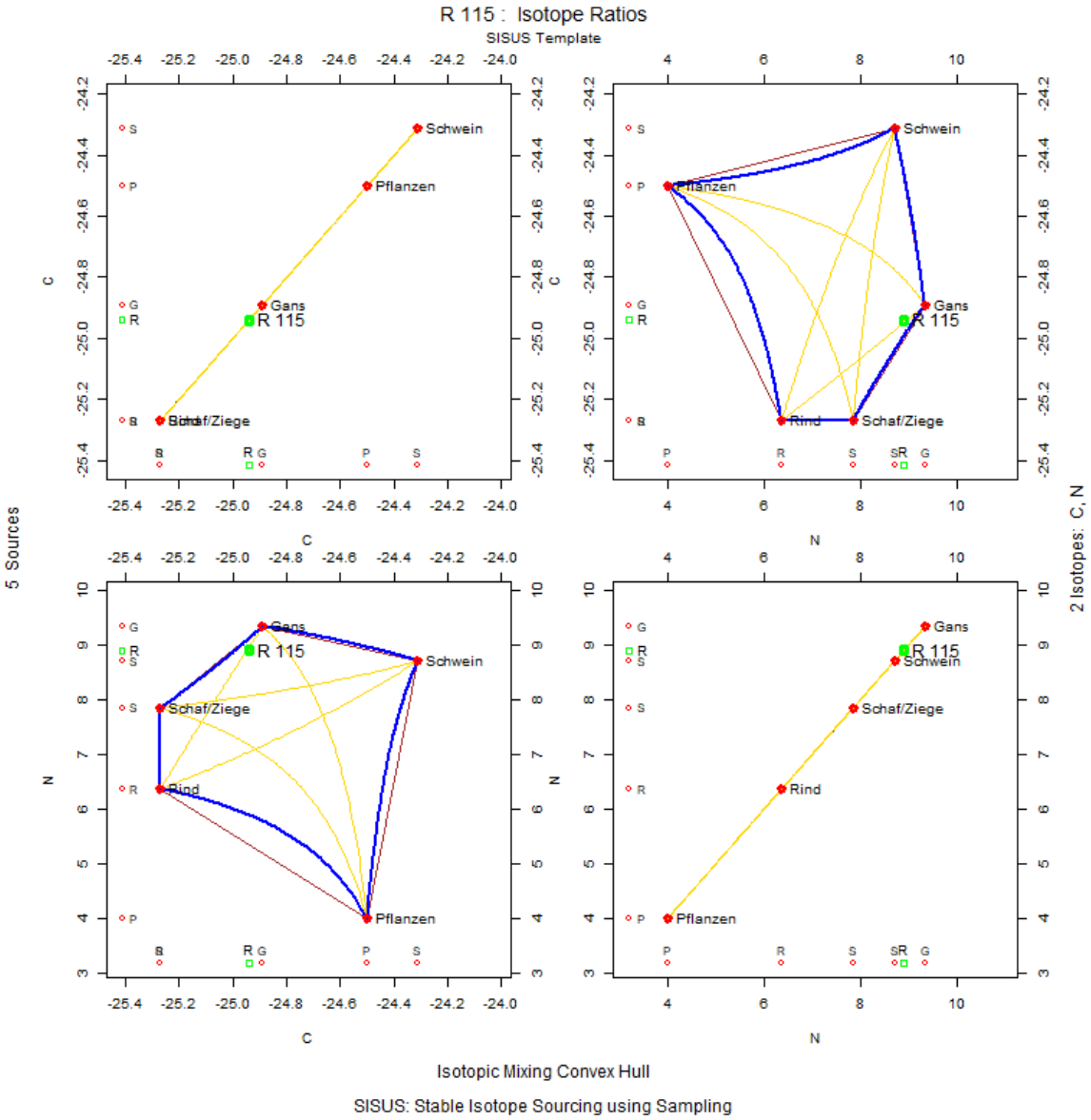


Abbildung 2389: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 115 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

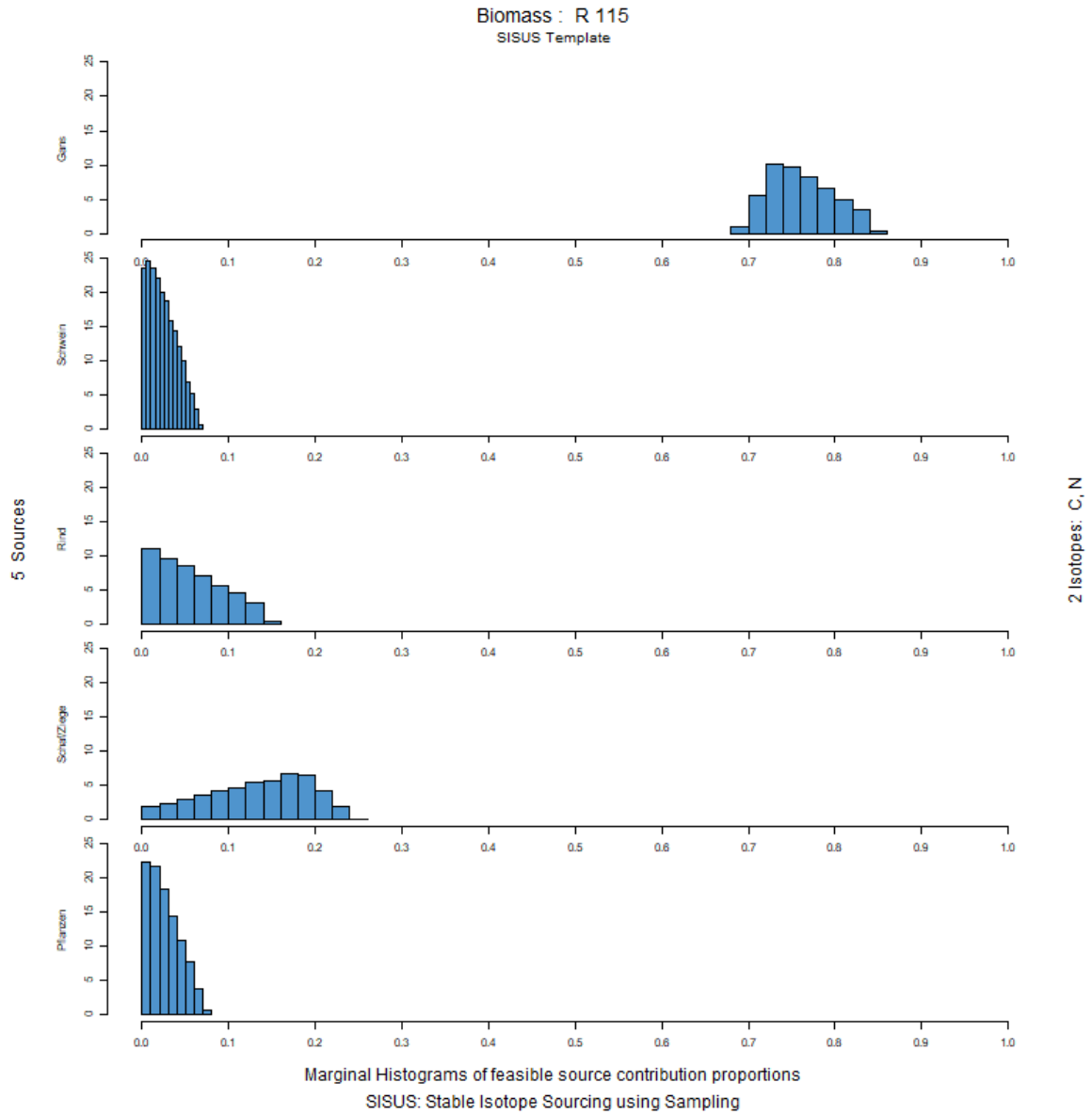


Abbildung 2390: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 115. Erstellt mit SISUS.

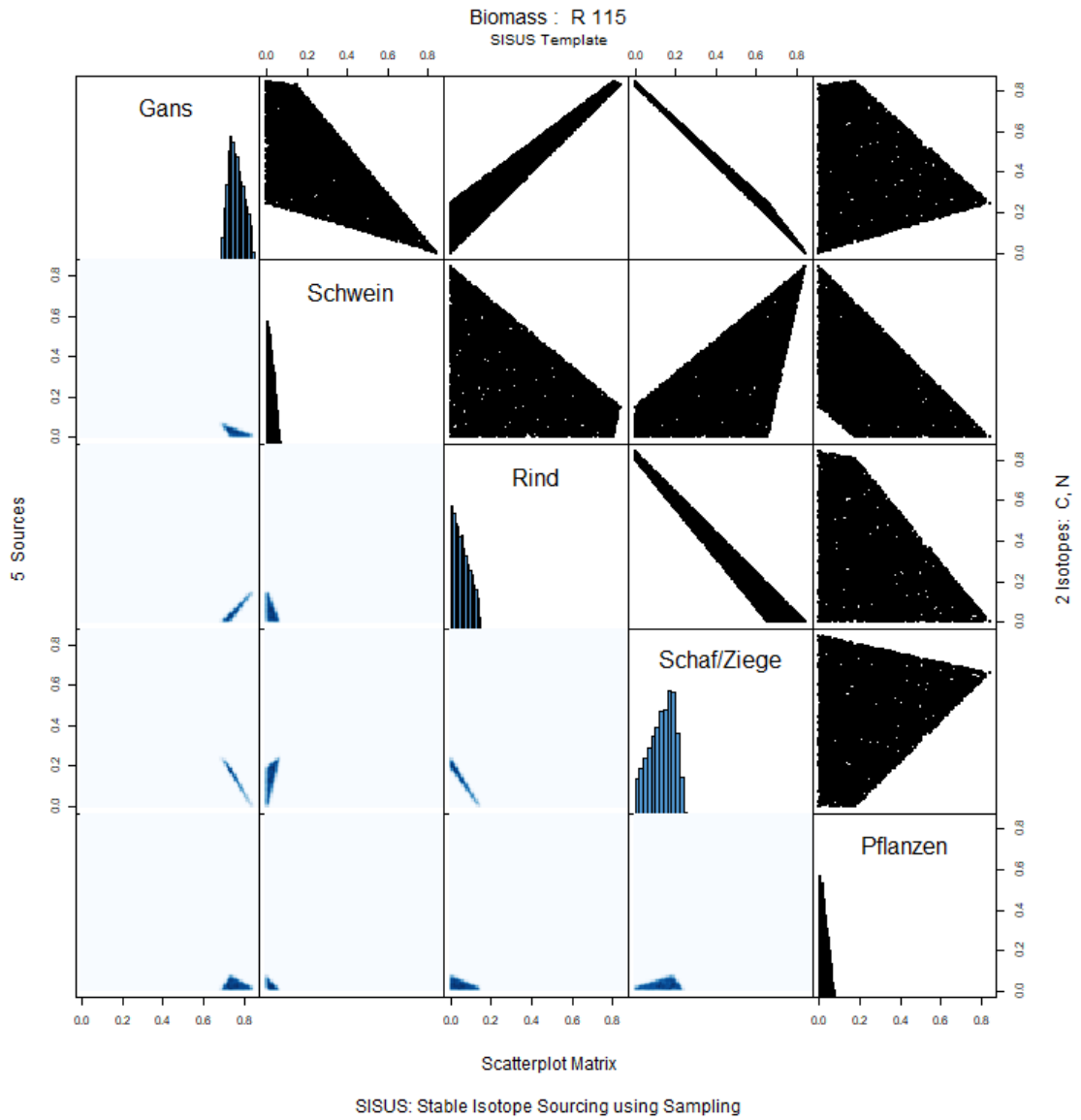


Abbildung 2391: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 115. Erstellt mit SISUS.

R116

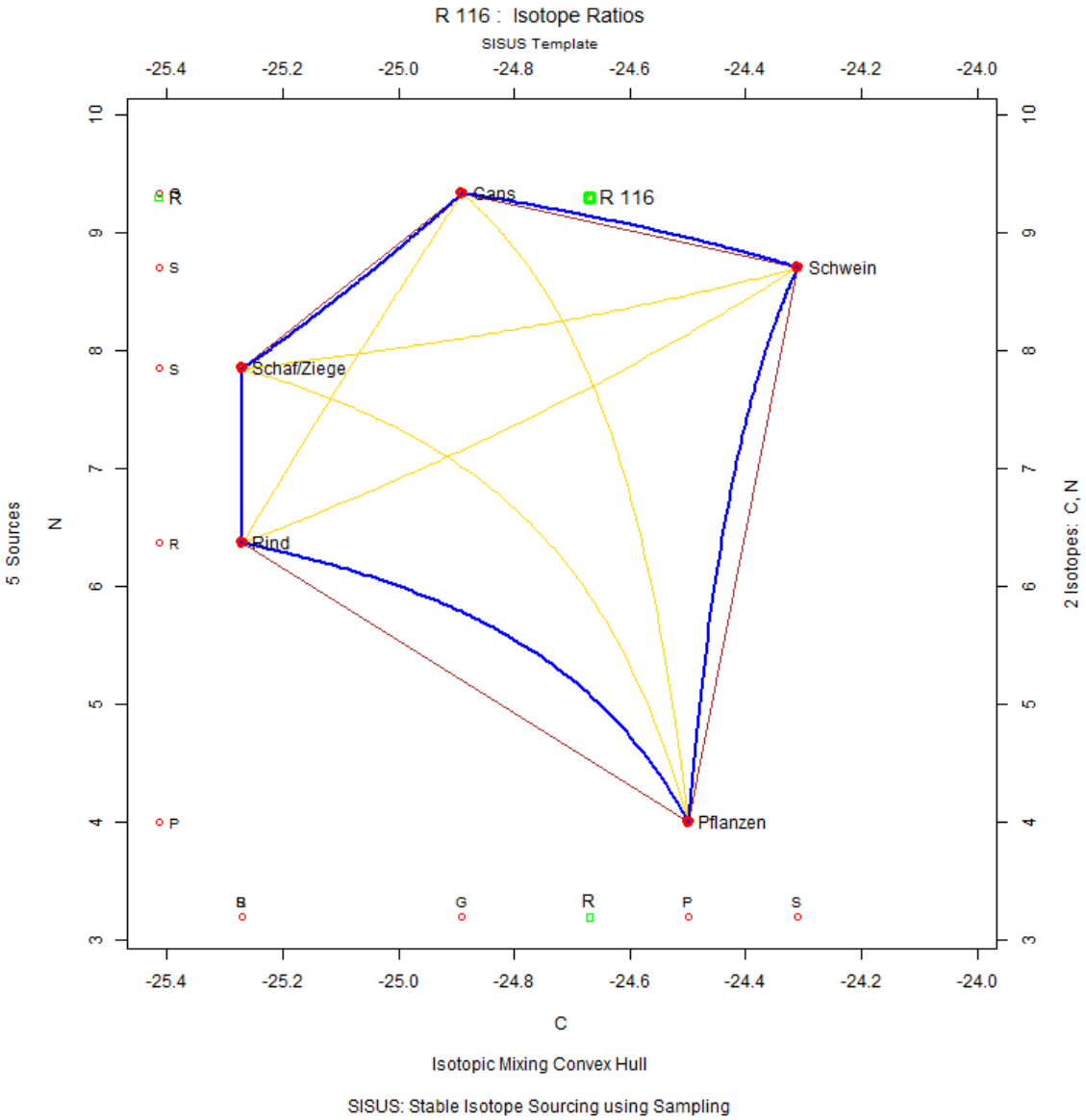


Abbildung 2392: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 116. Erstellt mit SISUS.

R117

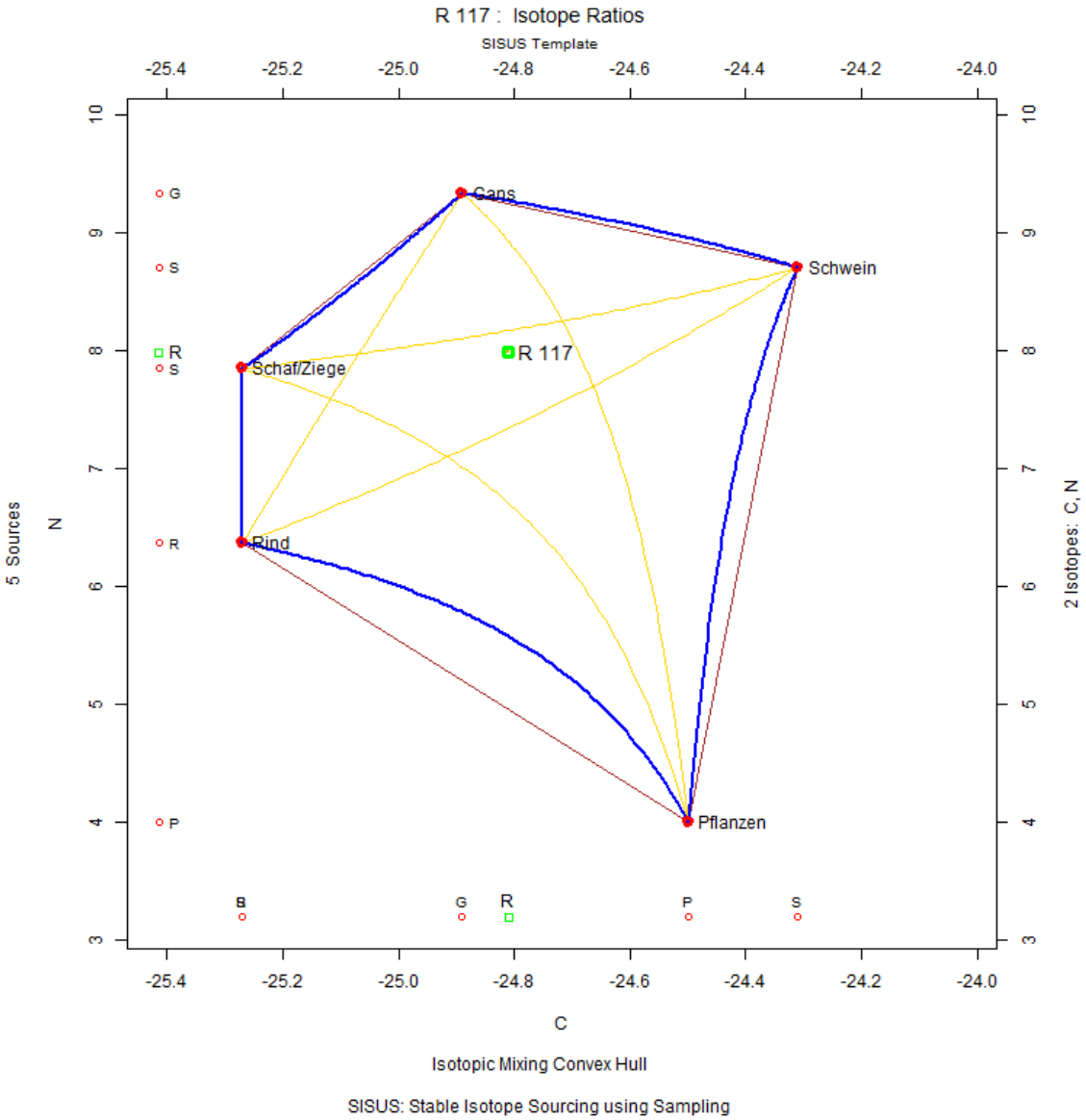


Abbildung 2393: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 117. Erstellt mit SISUS.

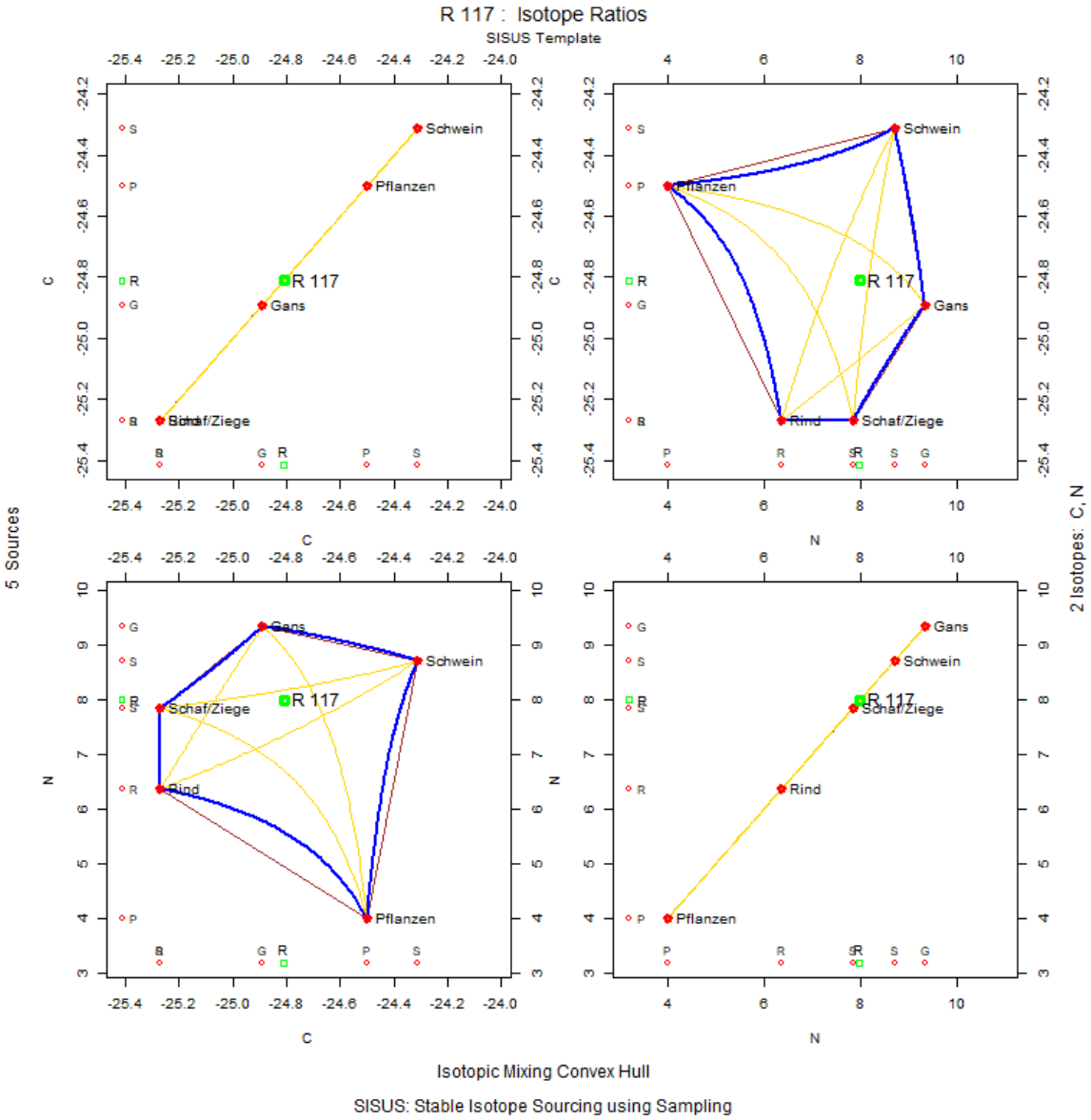


Abbildung 2394: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 117 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

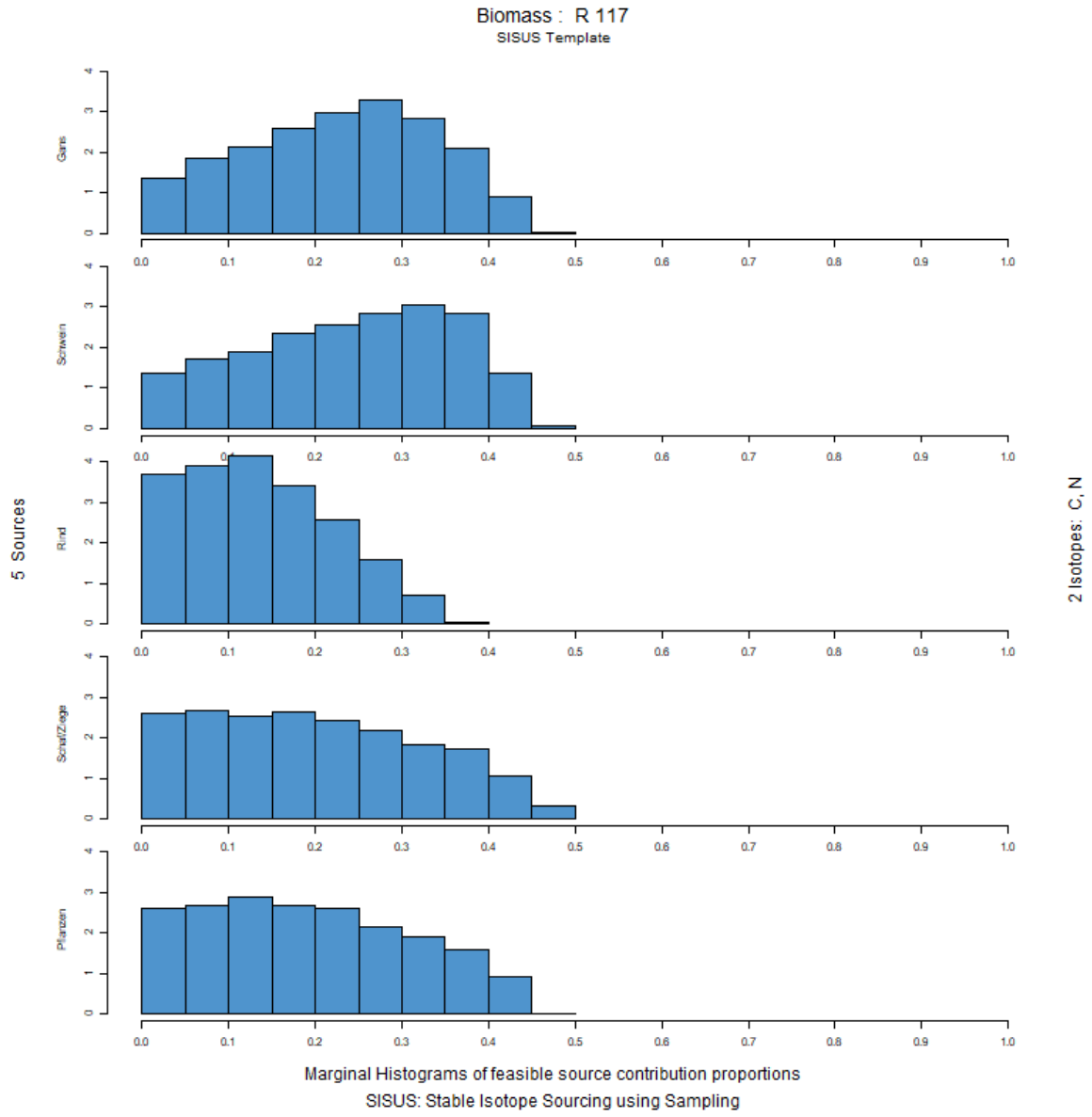


Abbildung 2395: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 117. Erstellt mit SISUS.

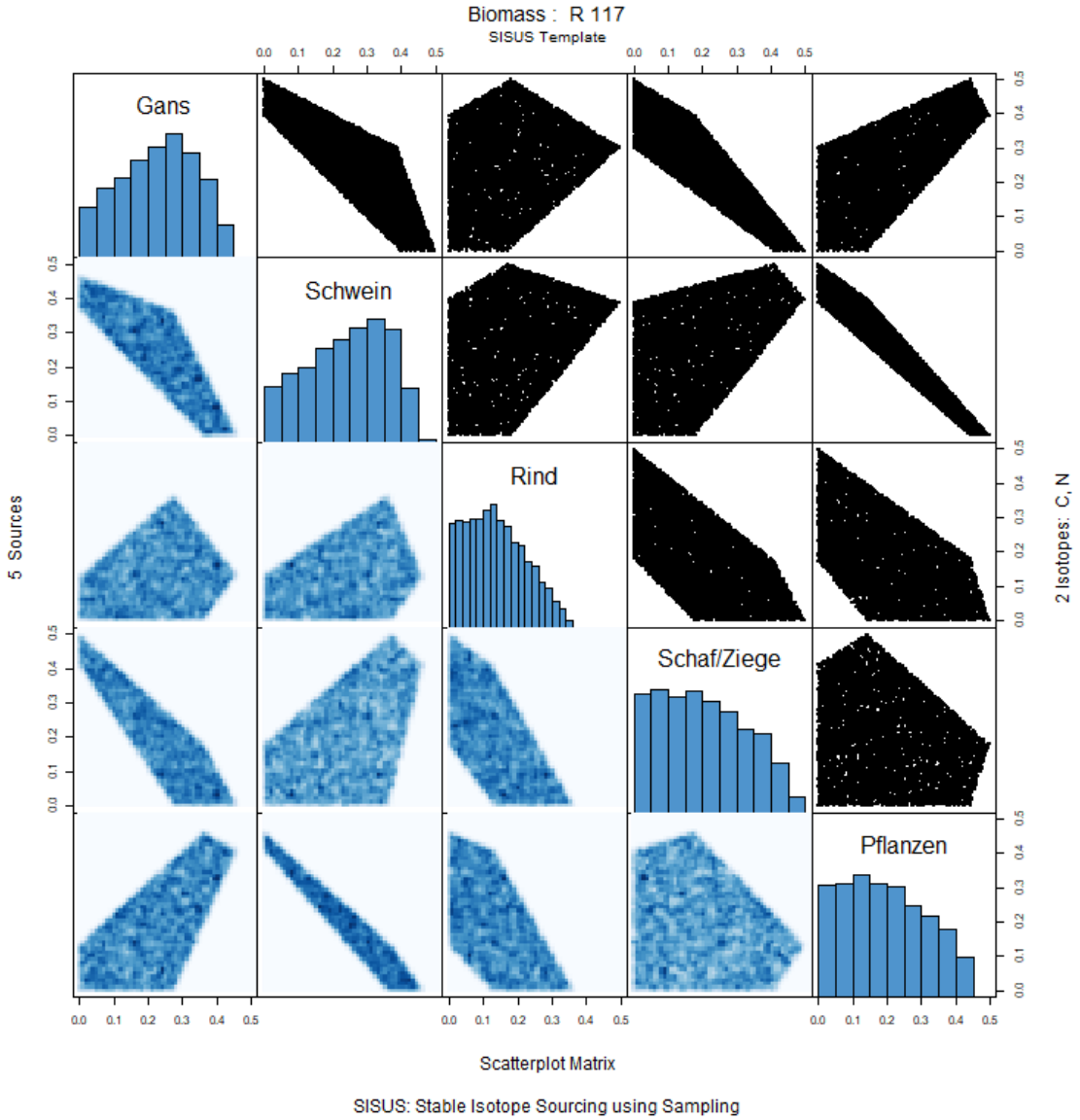


Abbildung 2396: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 117. Erstellt mit SISUS.

R120

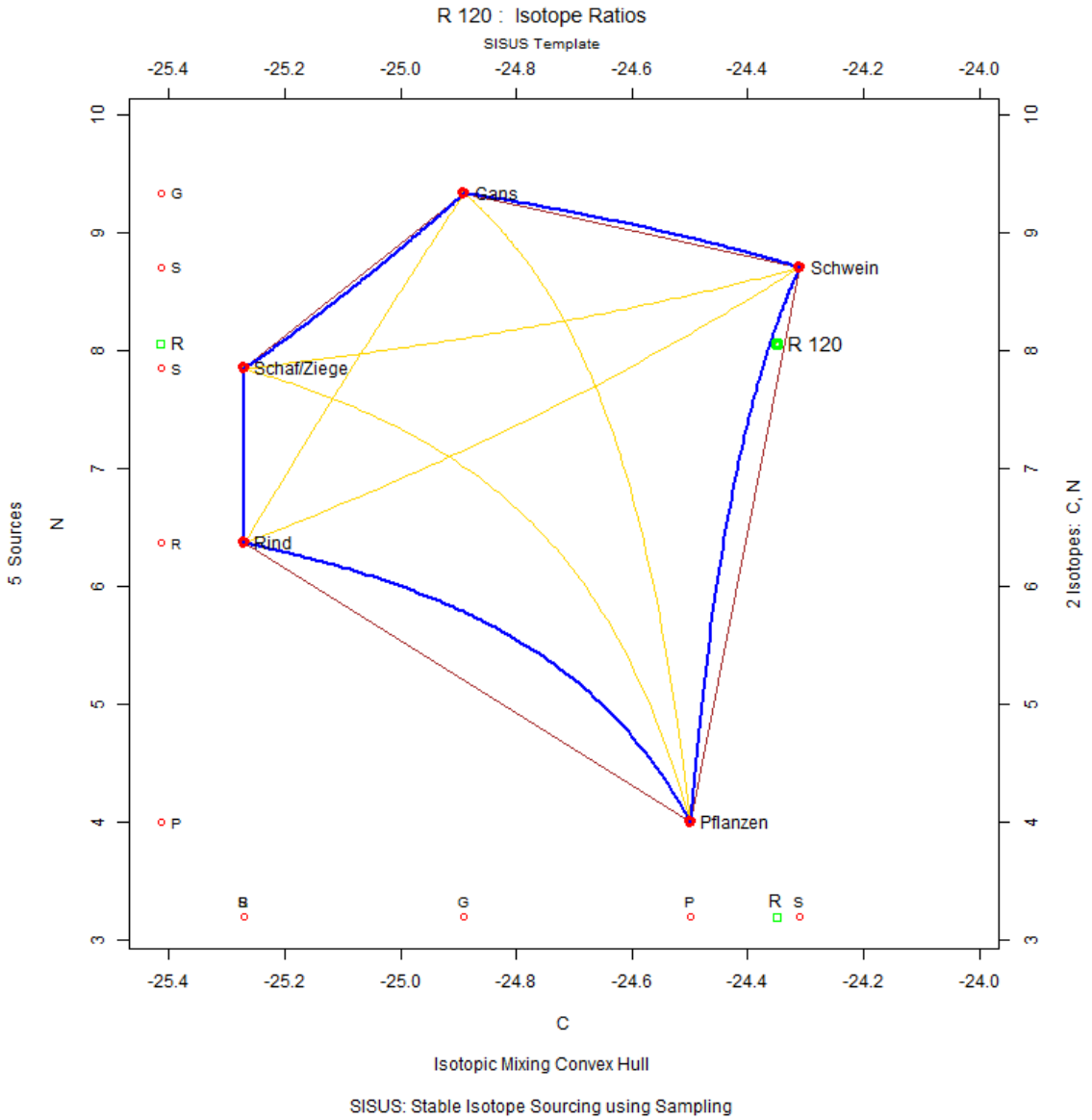


Abbildung 2397: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 120. Erstellt mit SISUS.

R123

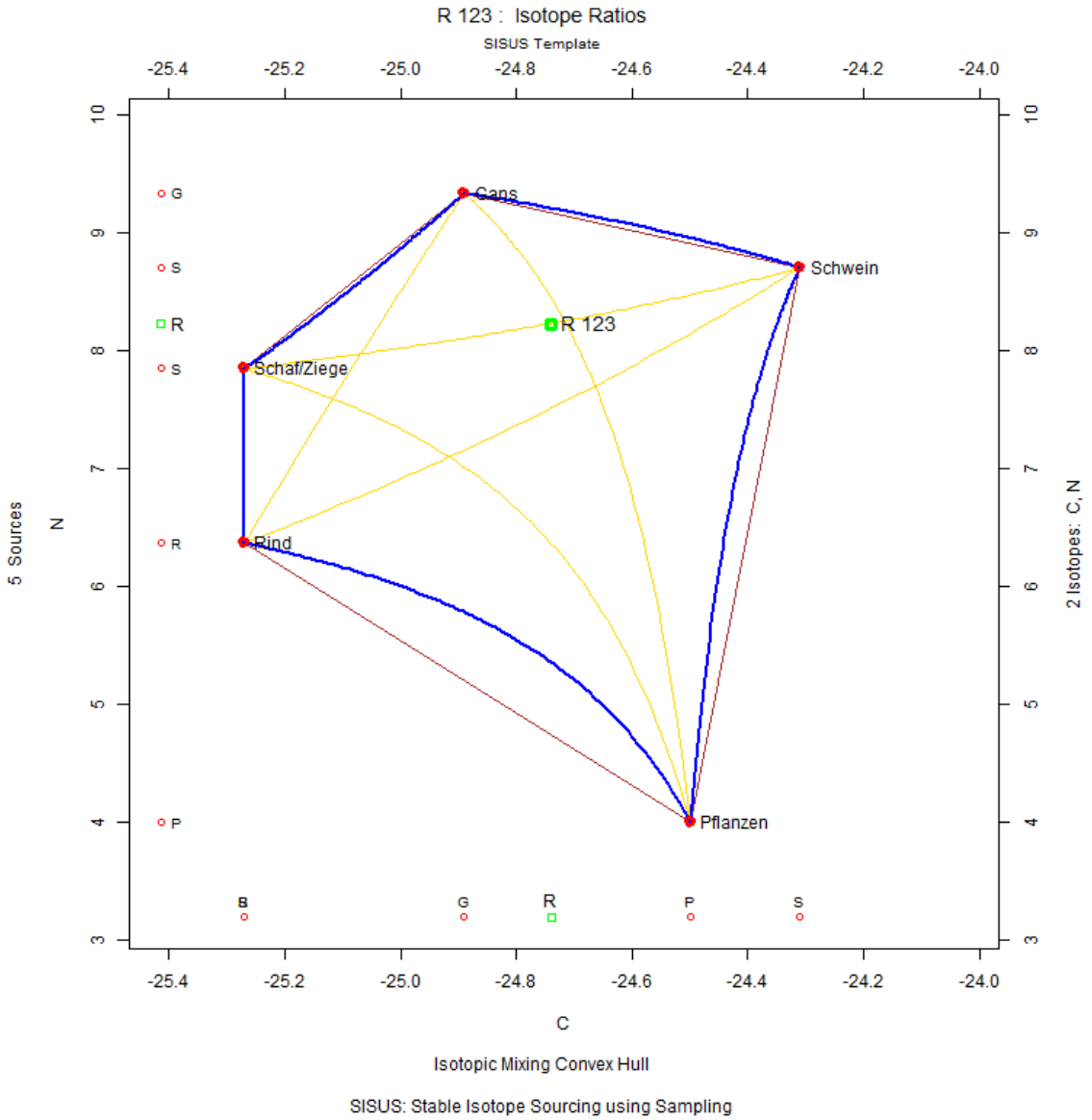


Abbildung 2398: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 123. Erstellt mit SISUS.

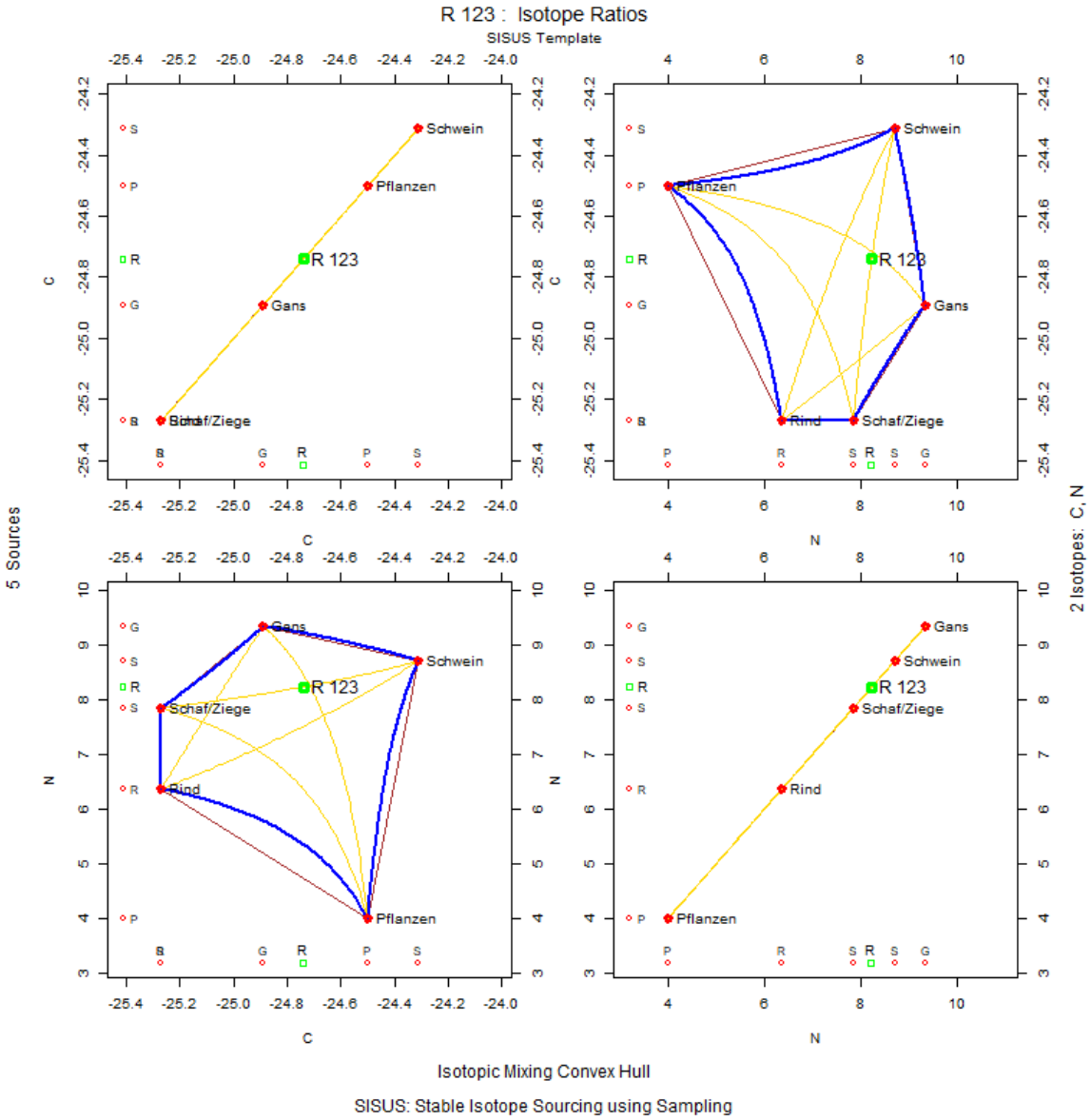


Abbildung 2399: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 123 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

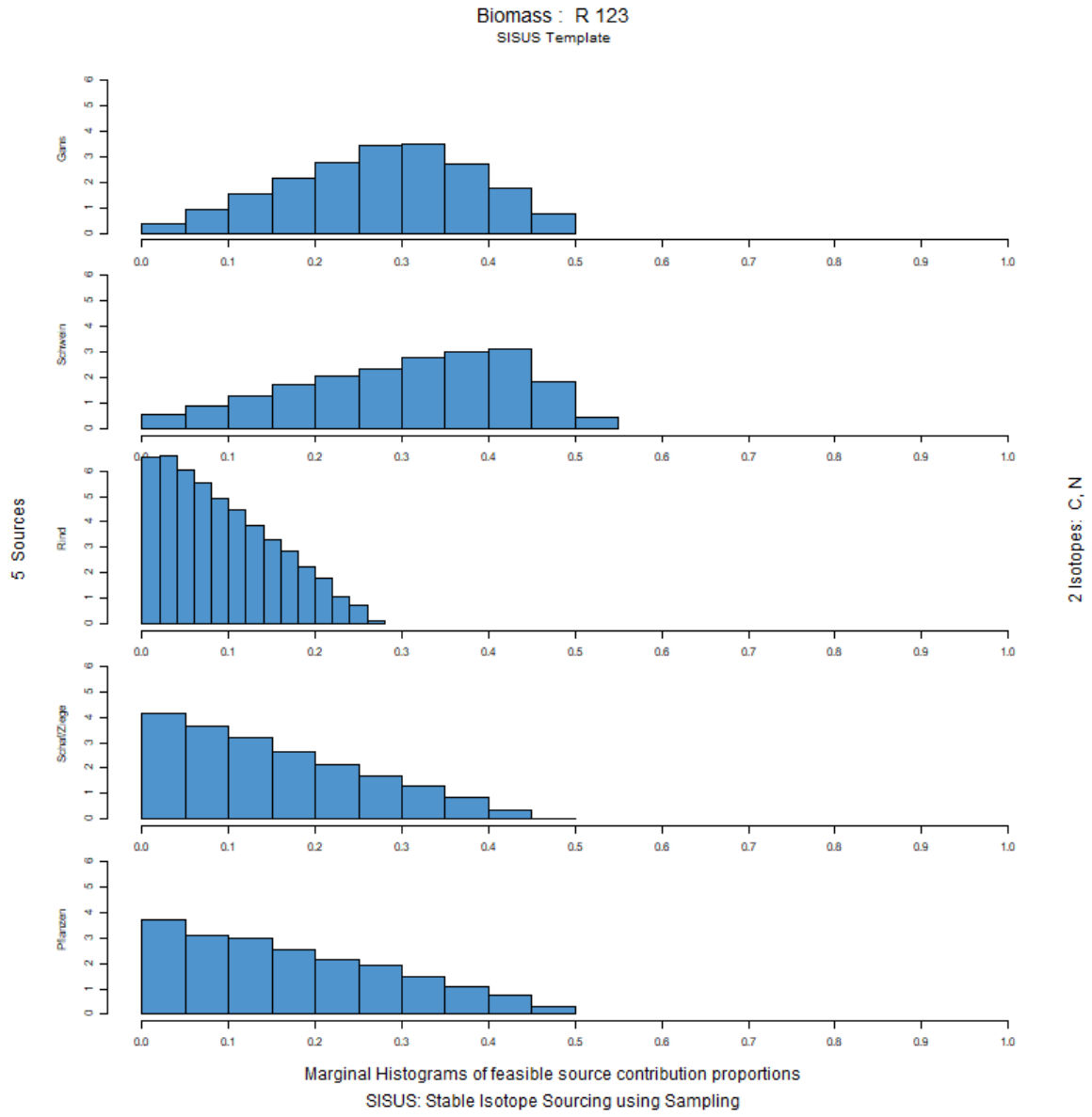


Abbildung 2400: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 123. Erstellt mit SISUS.

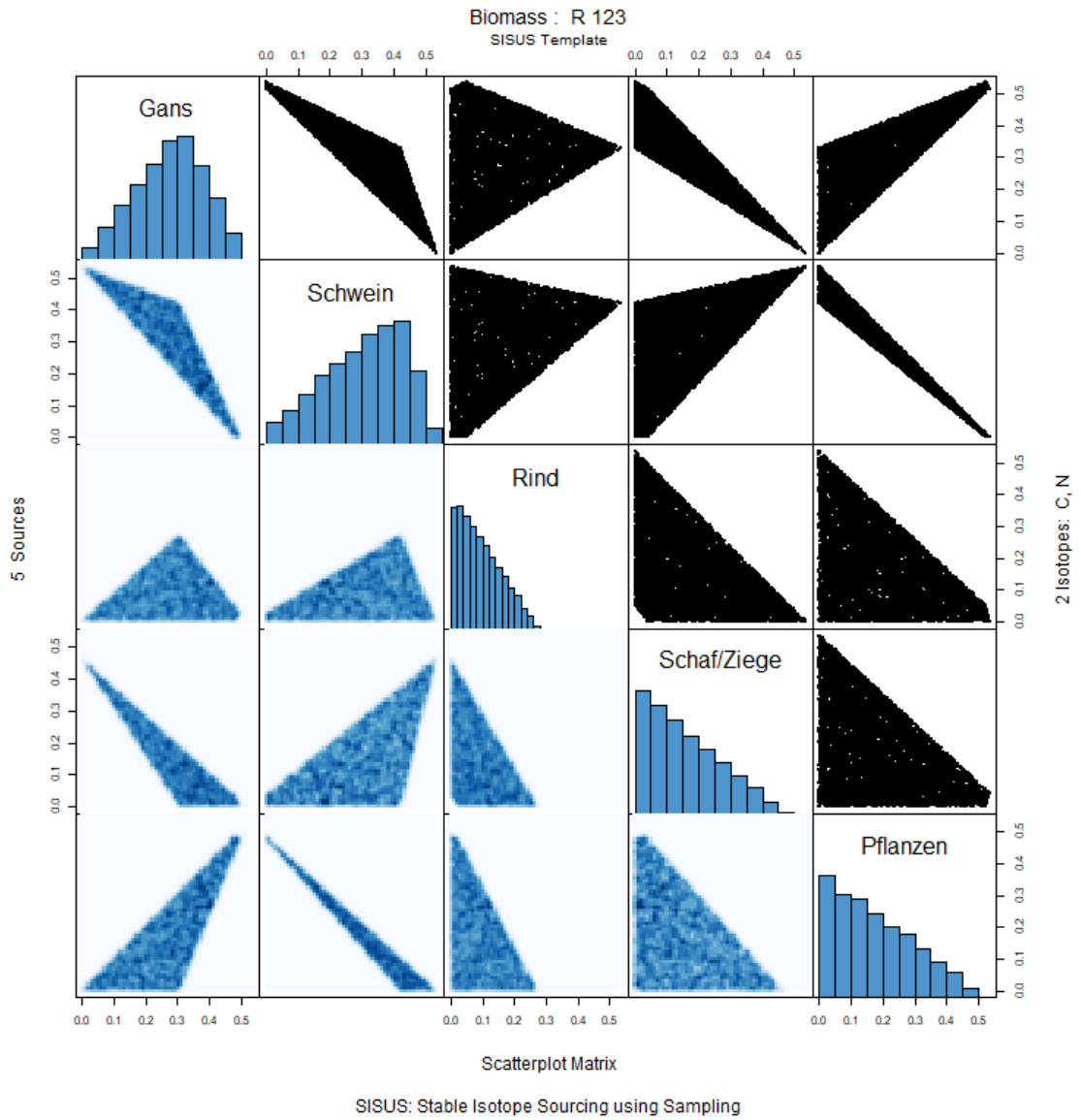


Abbildung 2401: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 123. Erstellt mit SISUS.

R130

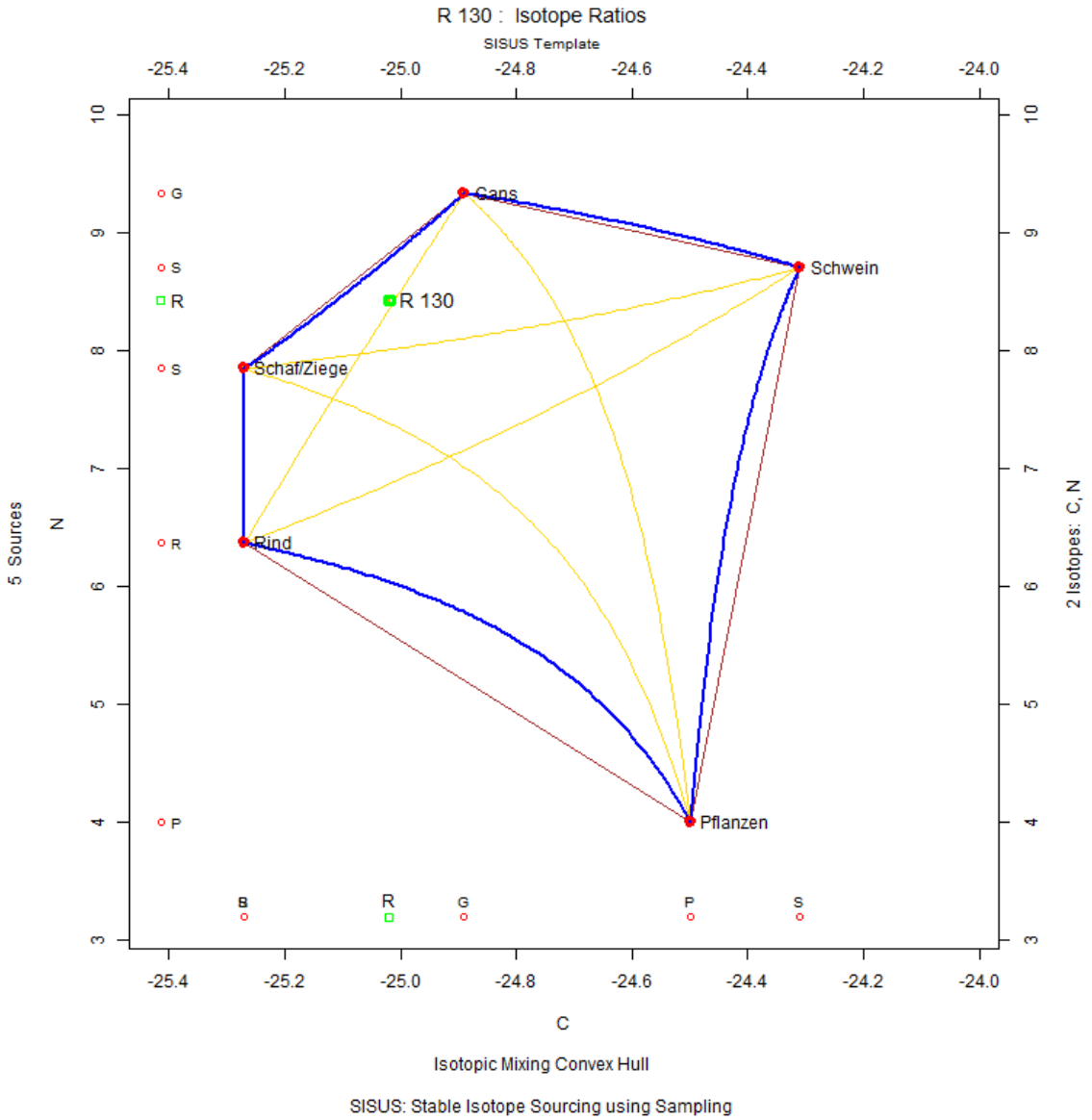


Abbildung 2402: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 130. Erstellt mit SISUS.

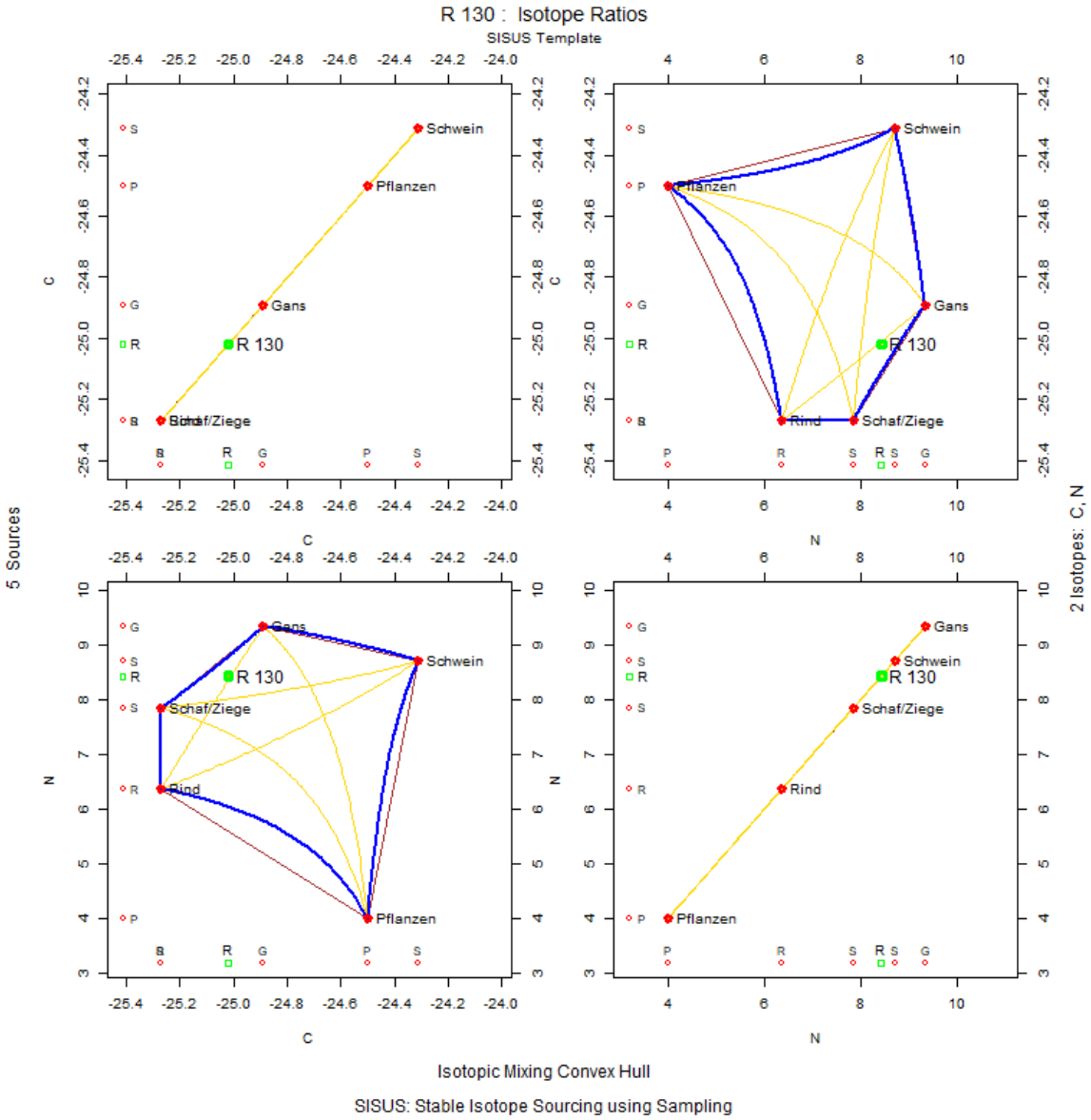


Abbildung 2403: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 130 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

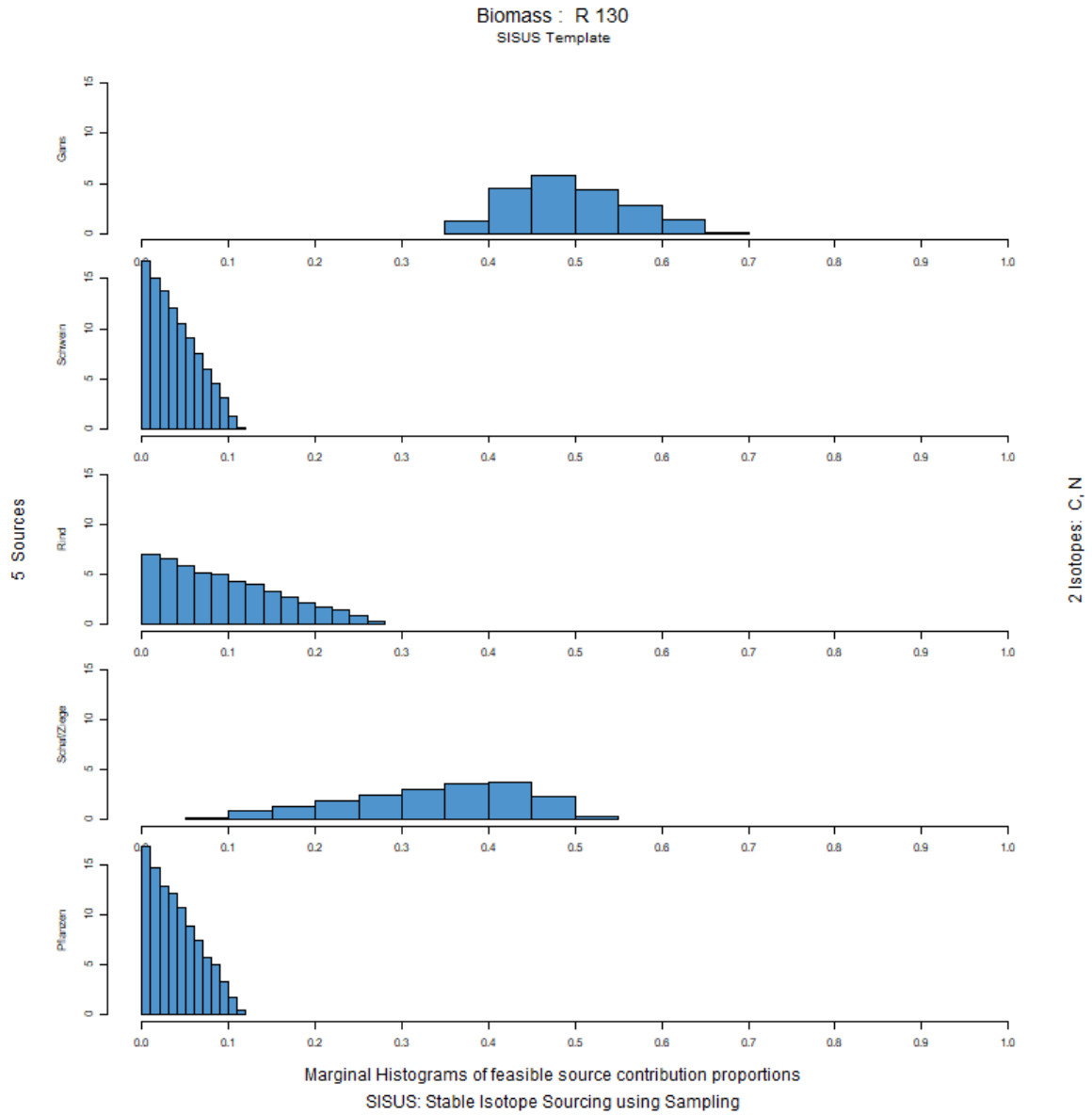


Abbildung 2404: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 130. Erstellt mit SISUS.

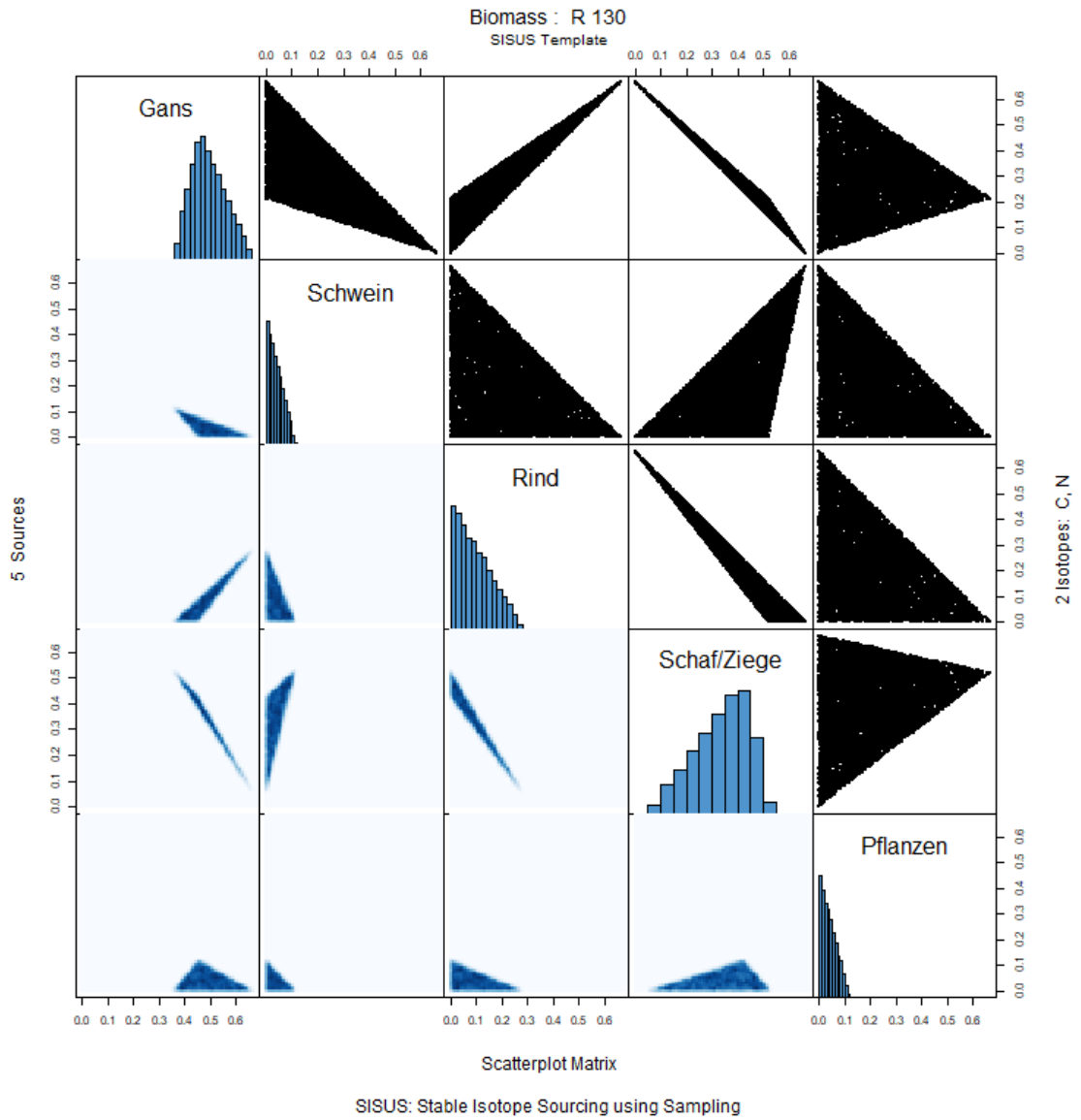


Abbildung 2405: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 130. Erstellt mit SISUS.

R135

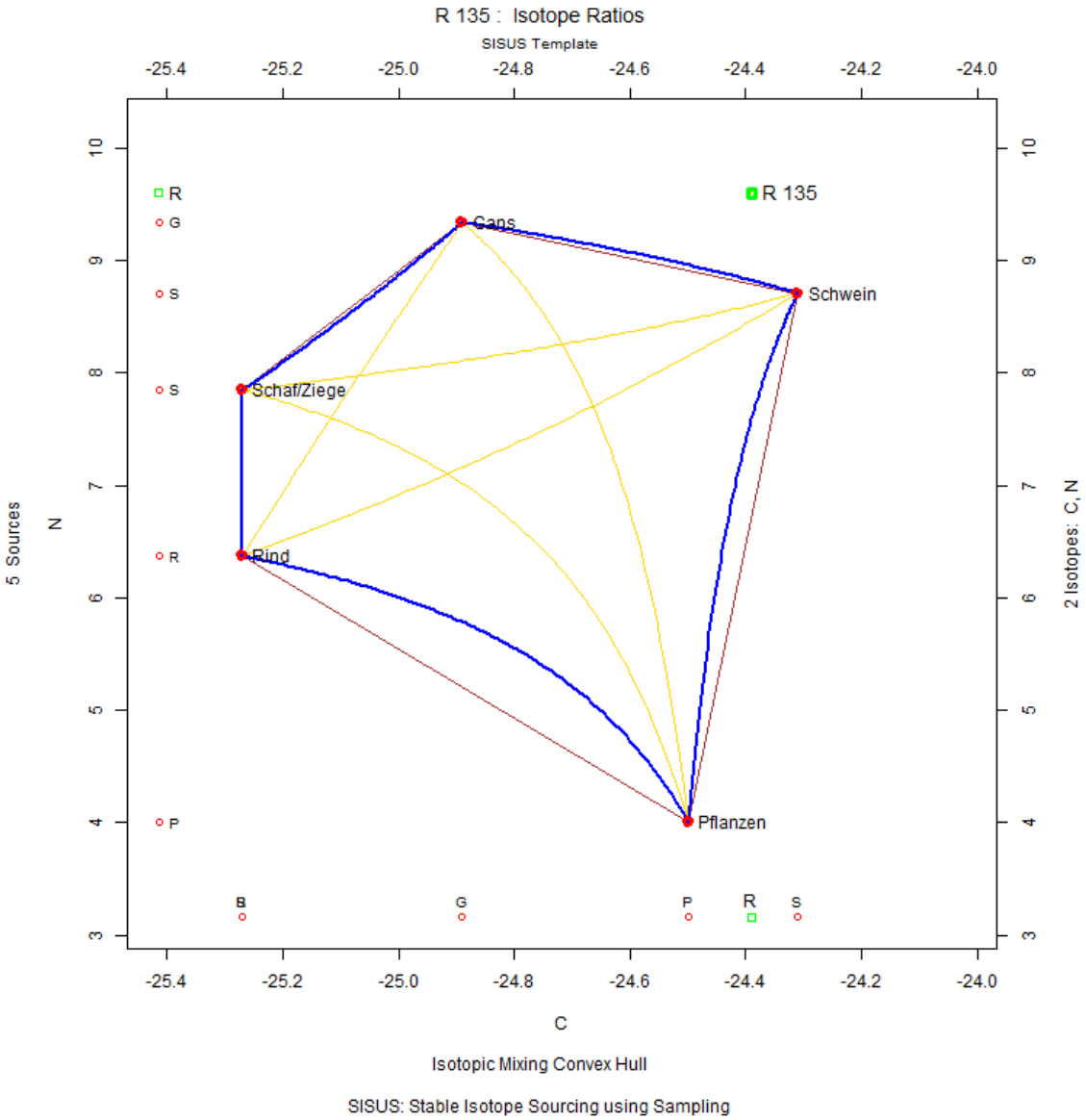


Abbildung 2406: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 135. Erstellt mit SISUS.

R136

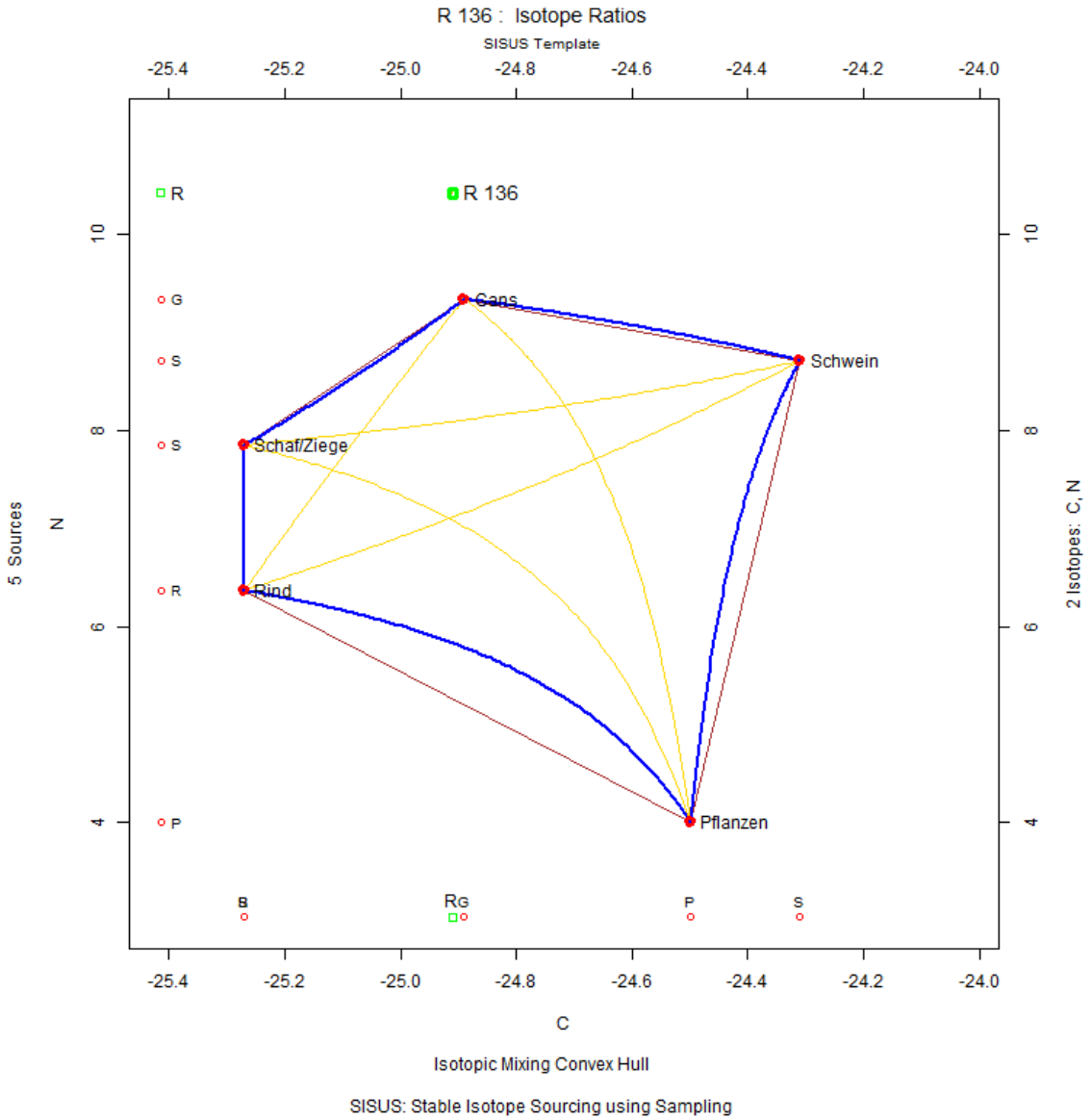


Abbildung 2407: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 136. Erstellt mit SISUS.

R138

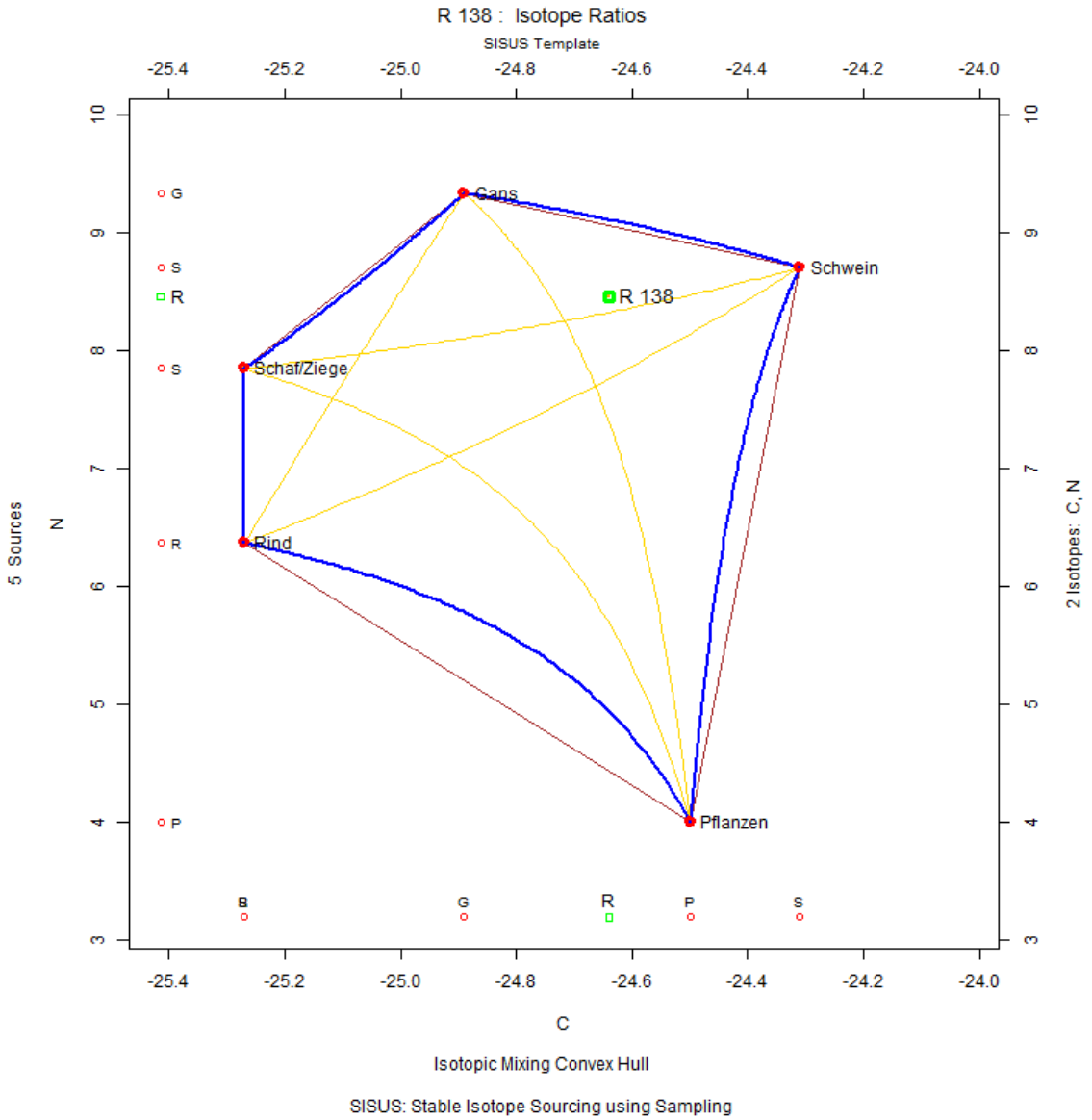


Abbildung 2408: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 138. Erstellt mit SISUS.

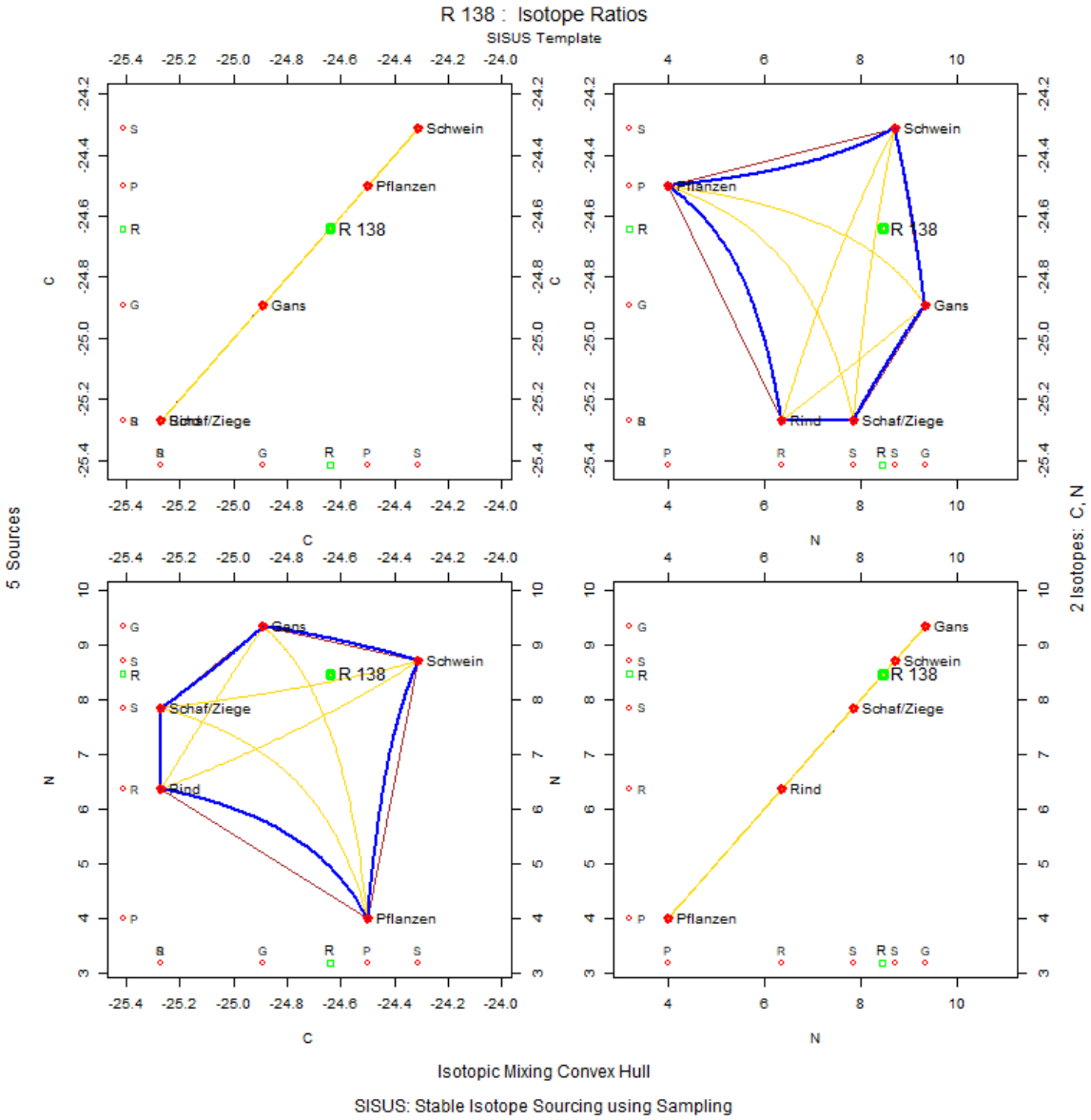


Abbildung 2409: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 138 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

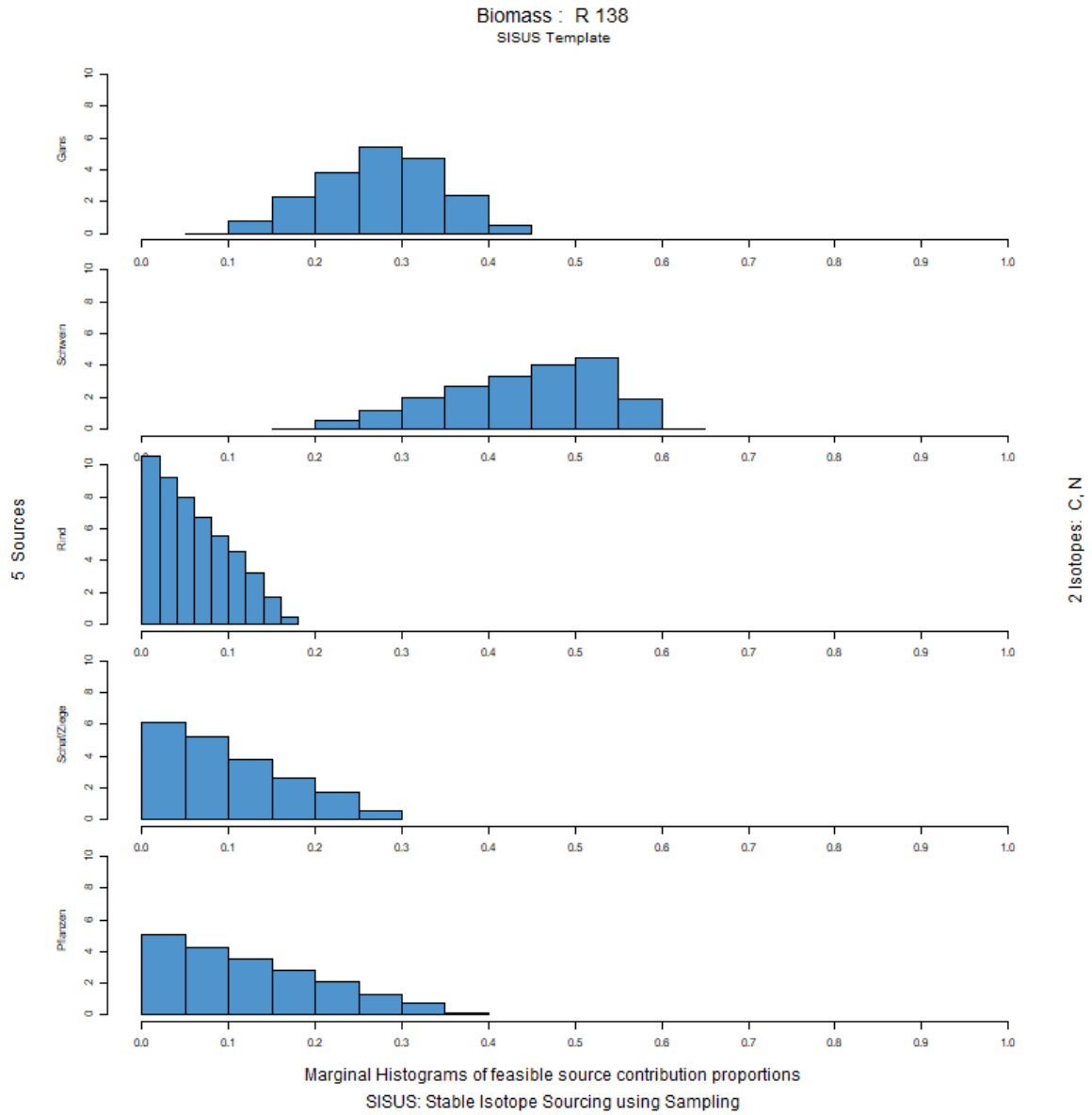


Abbildung 2410: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 138. Erstellt mit SISUS.

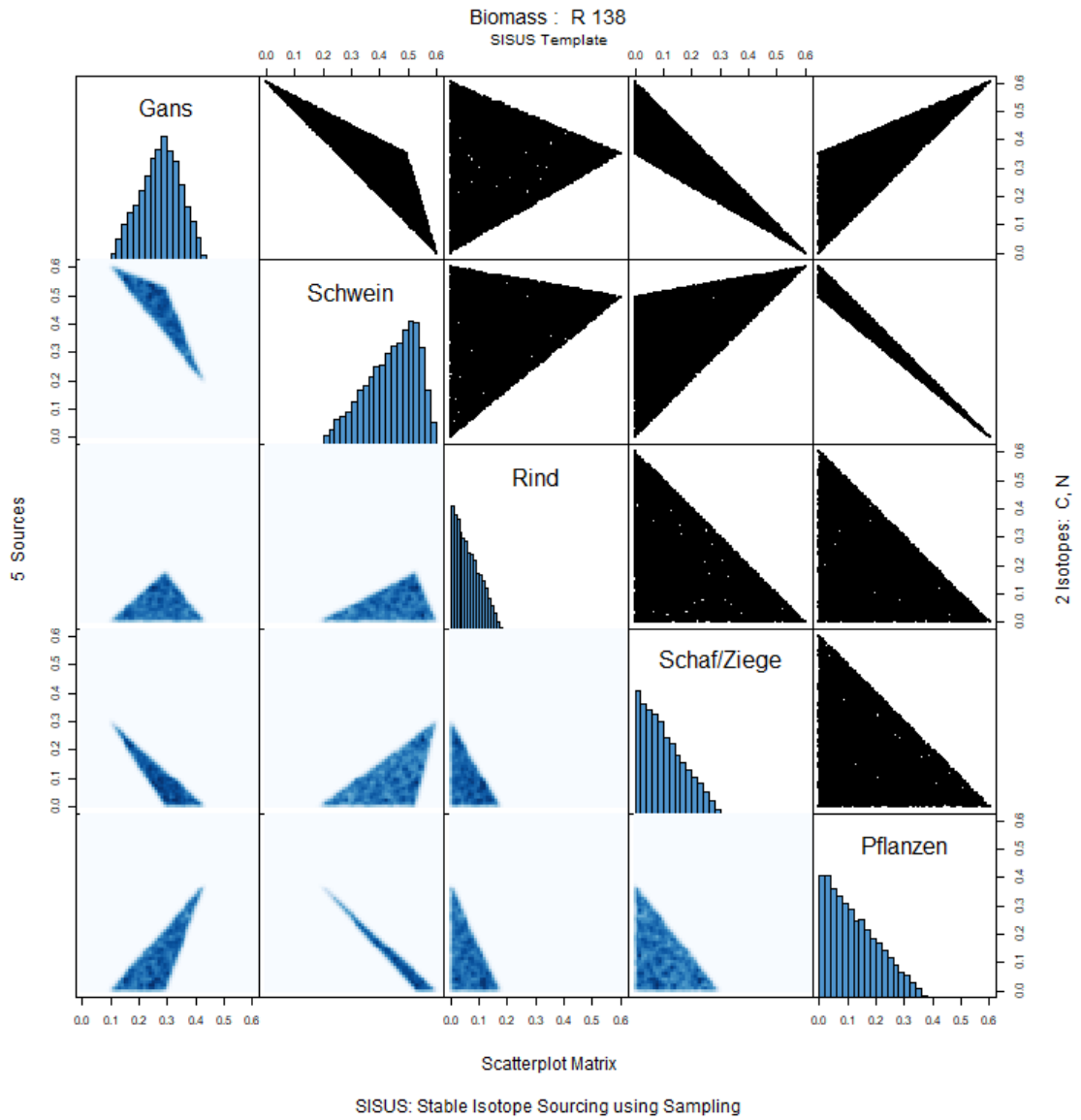


Abbildung 2411: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 138. Erstellt mit SISUS.

R139

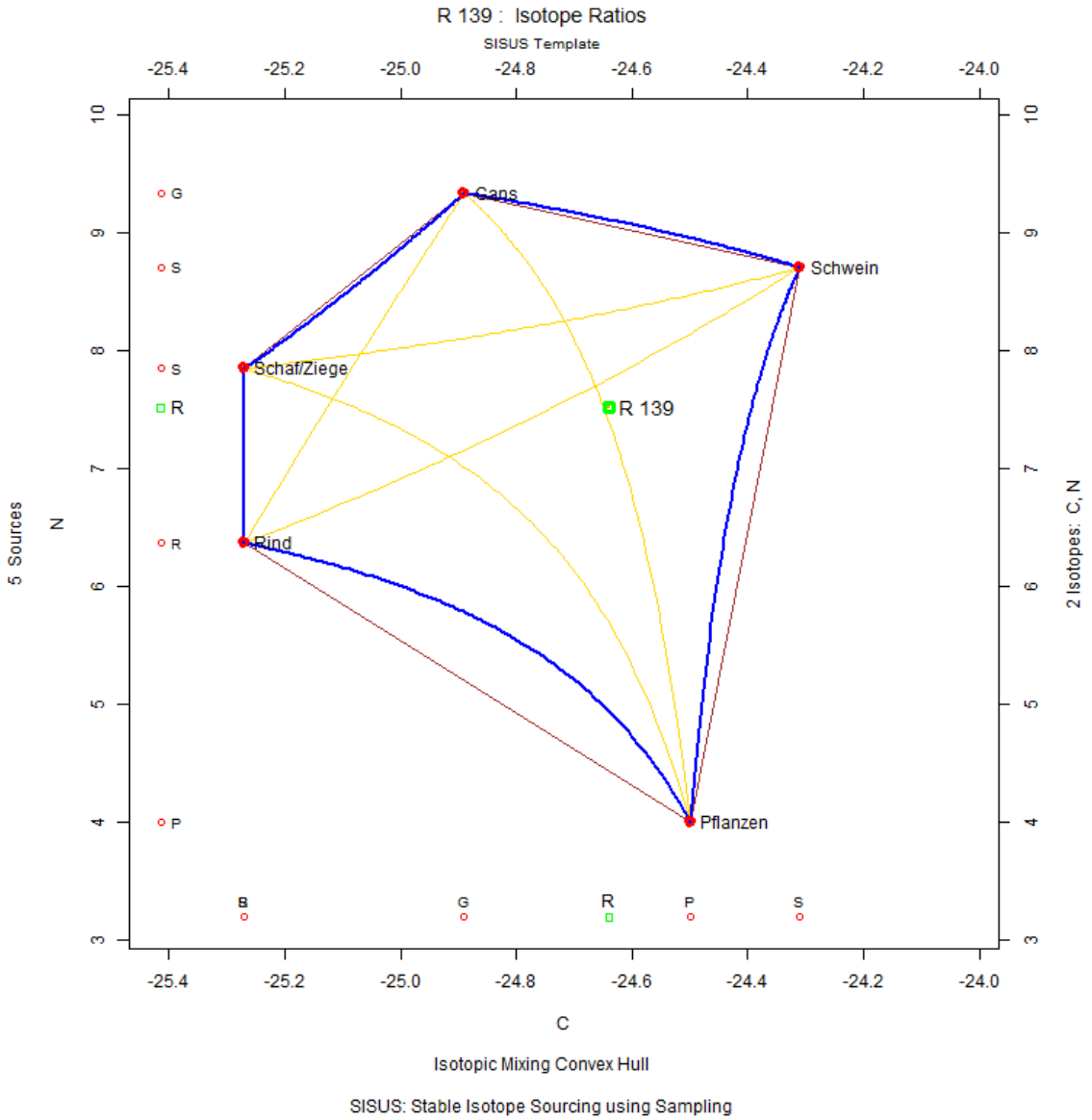


Abbildung 2412: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 139. Erstellt mit SISUS.

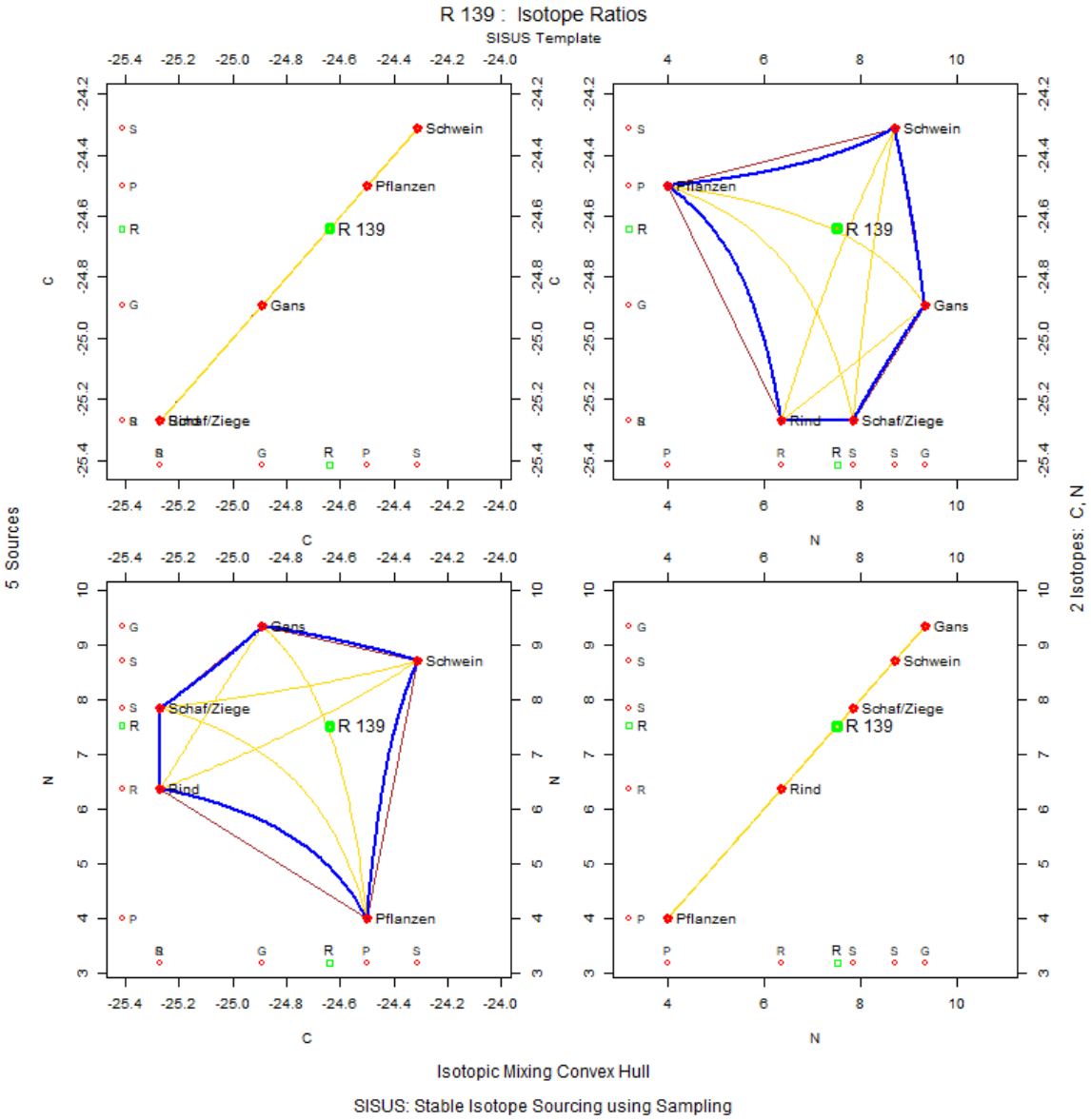


Abbildung 2413: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 139 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

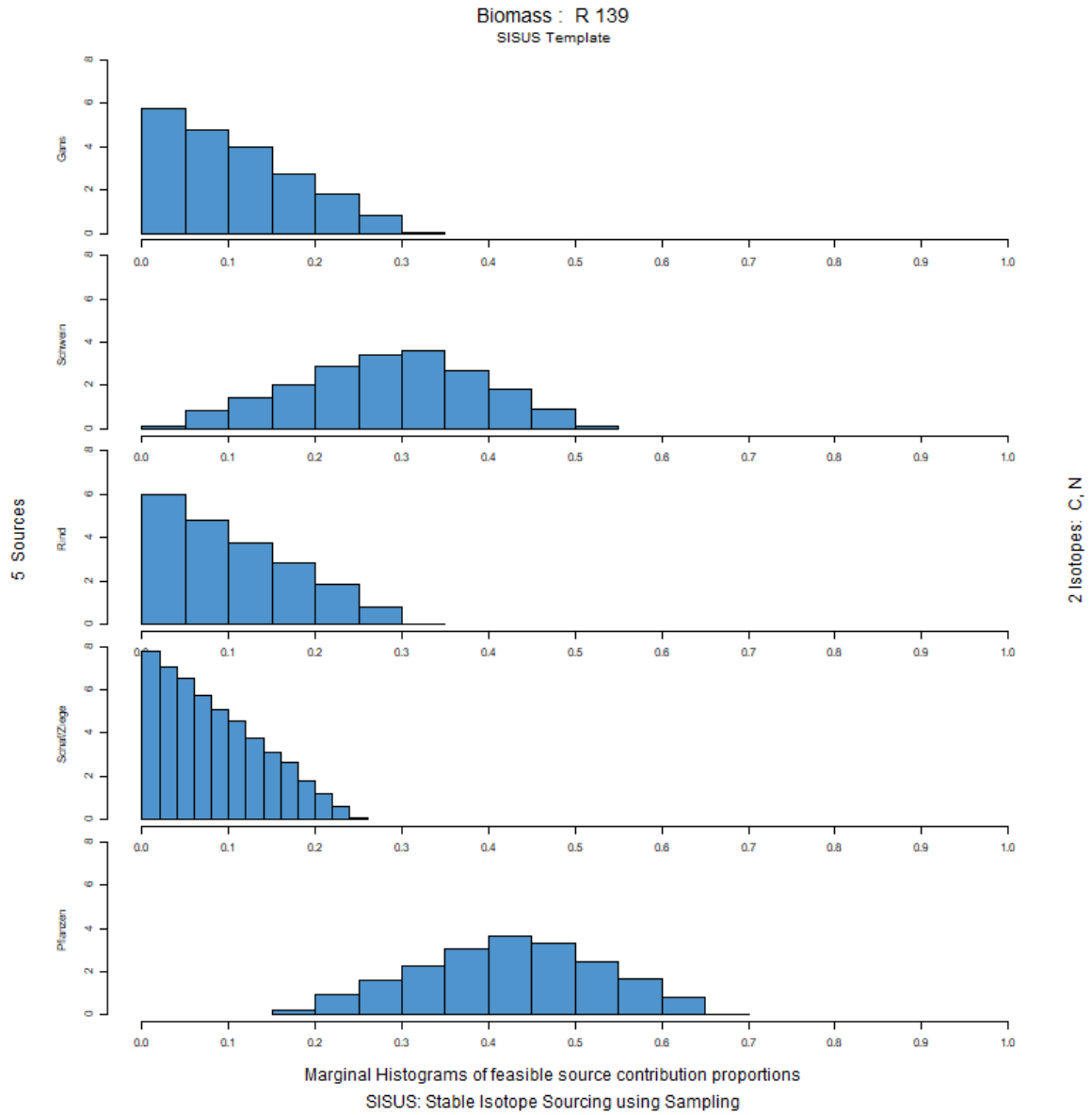


Abbildung 2414: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 139. Erstellt mit SISUS.

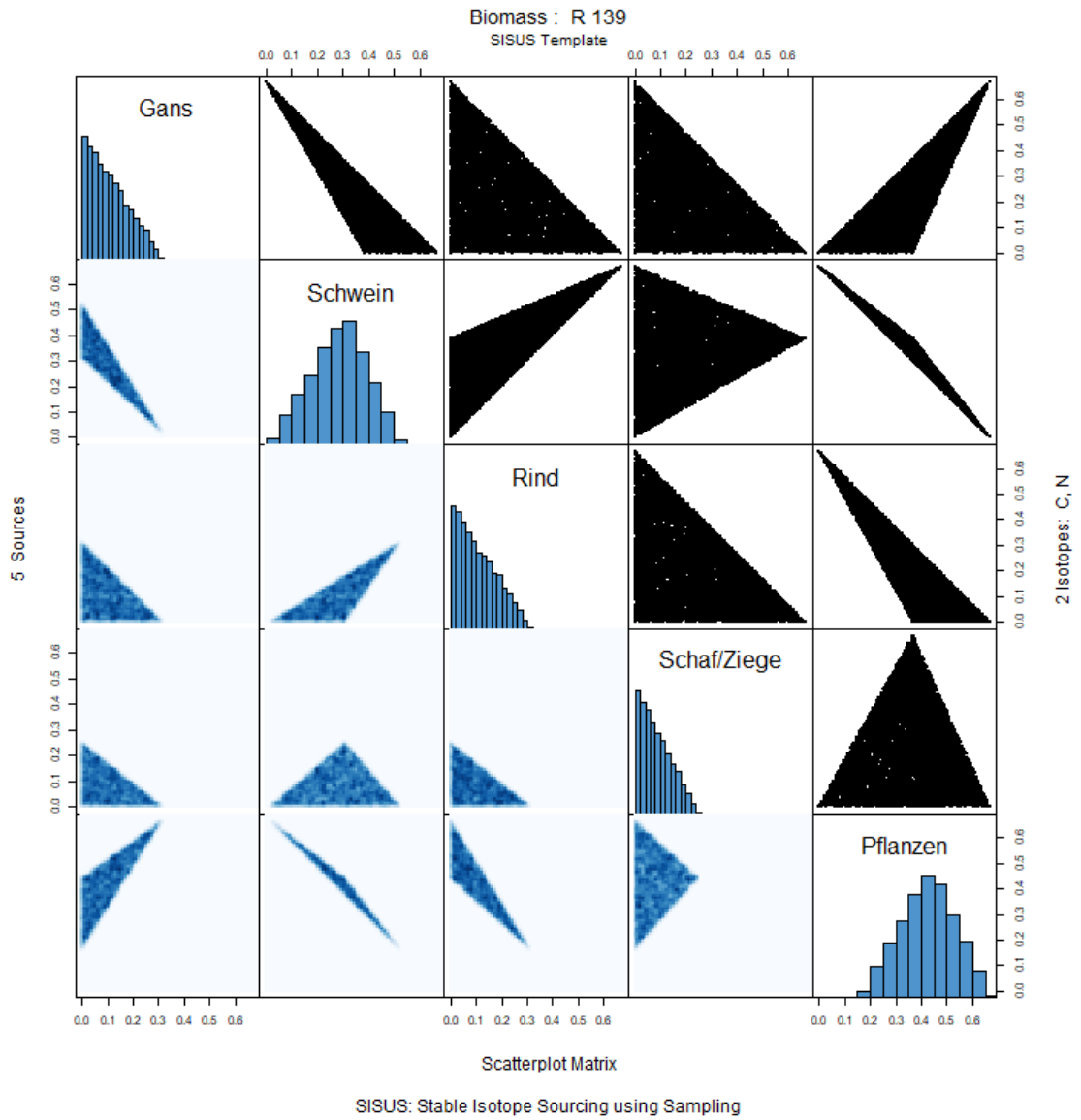


Abbildung 2415: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 139. Erstellt mit SISUS.

R144

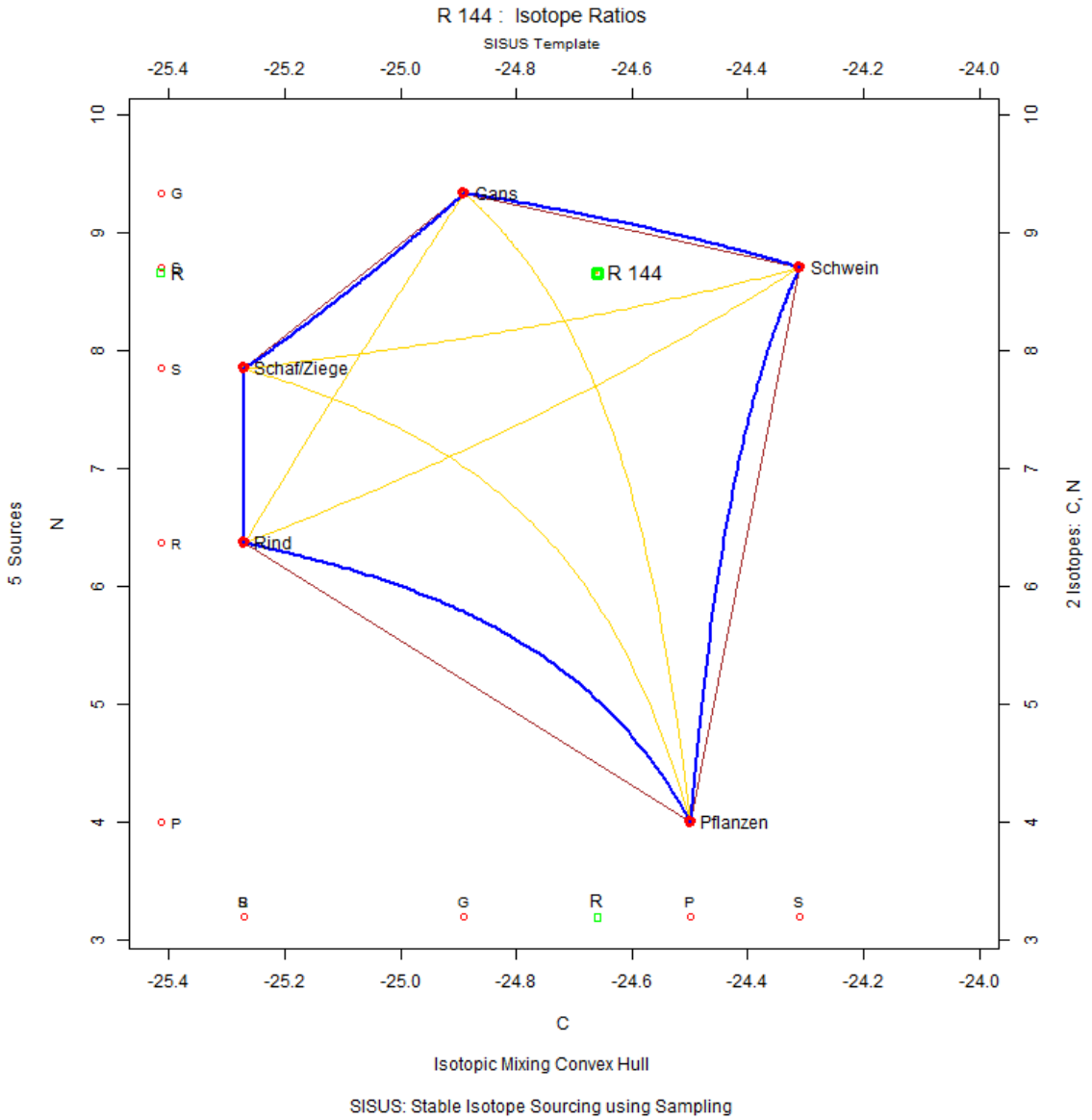


Abbildung 2416: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 144. Erstellt mit SISUS.

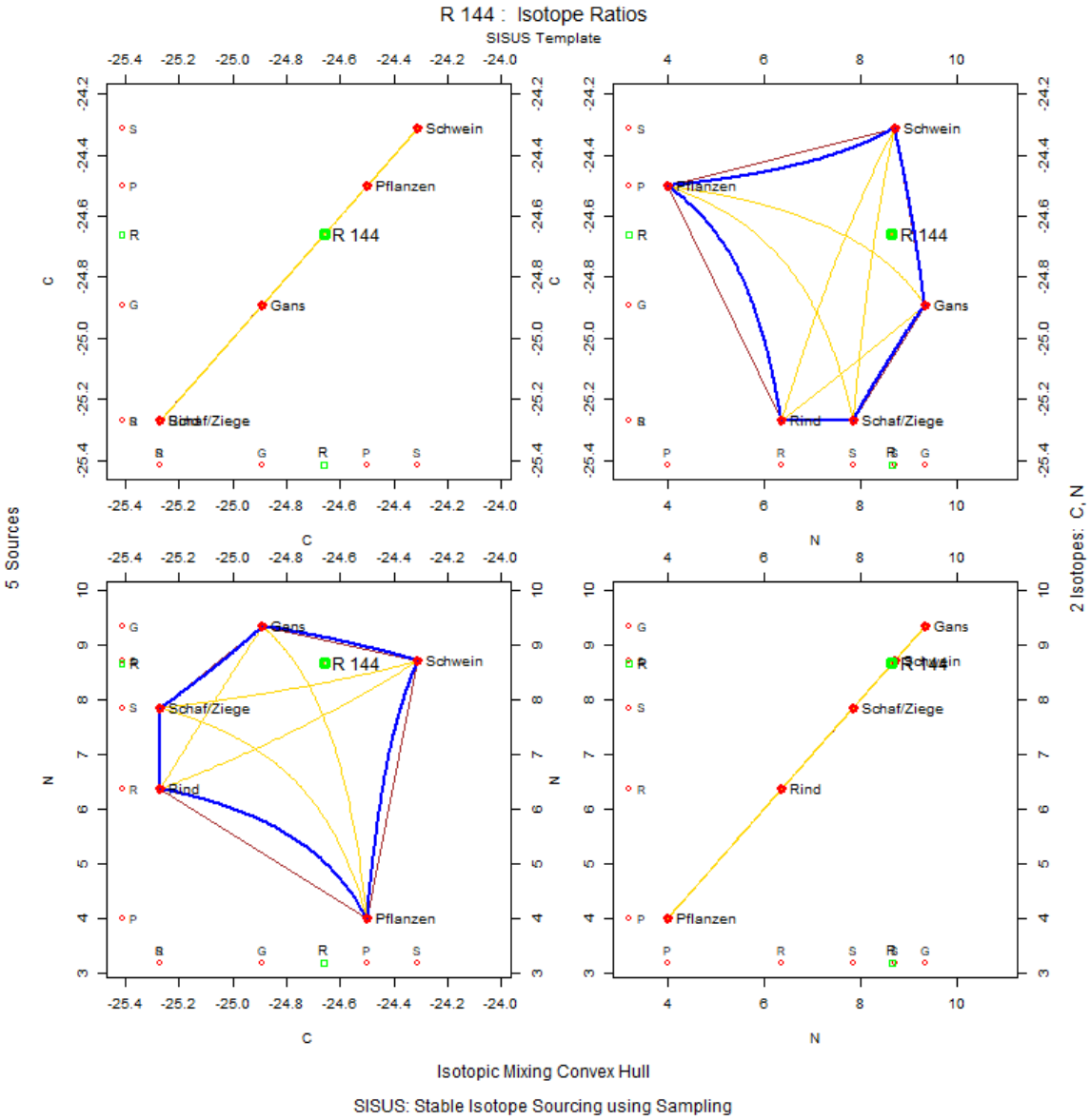


Abbildung 2417: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 144 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

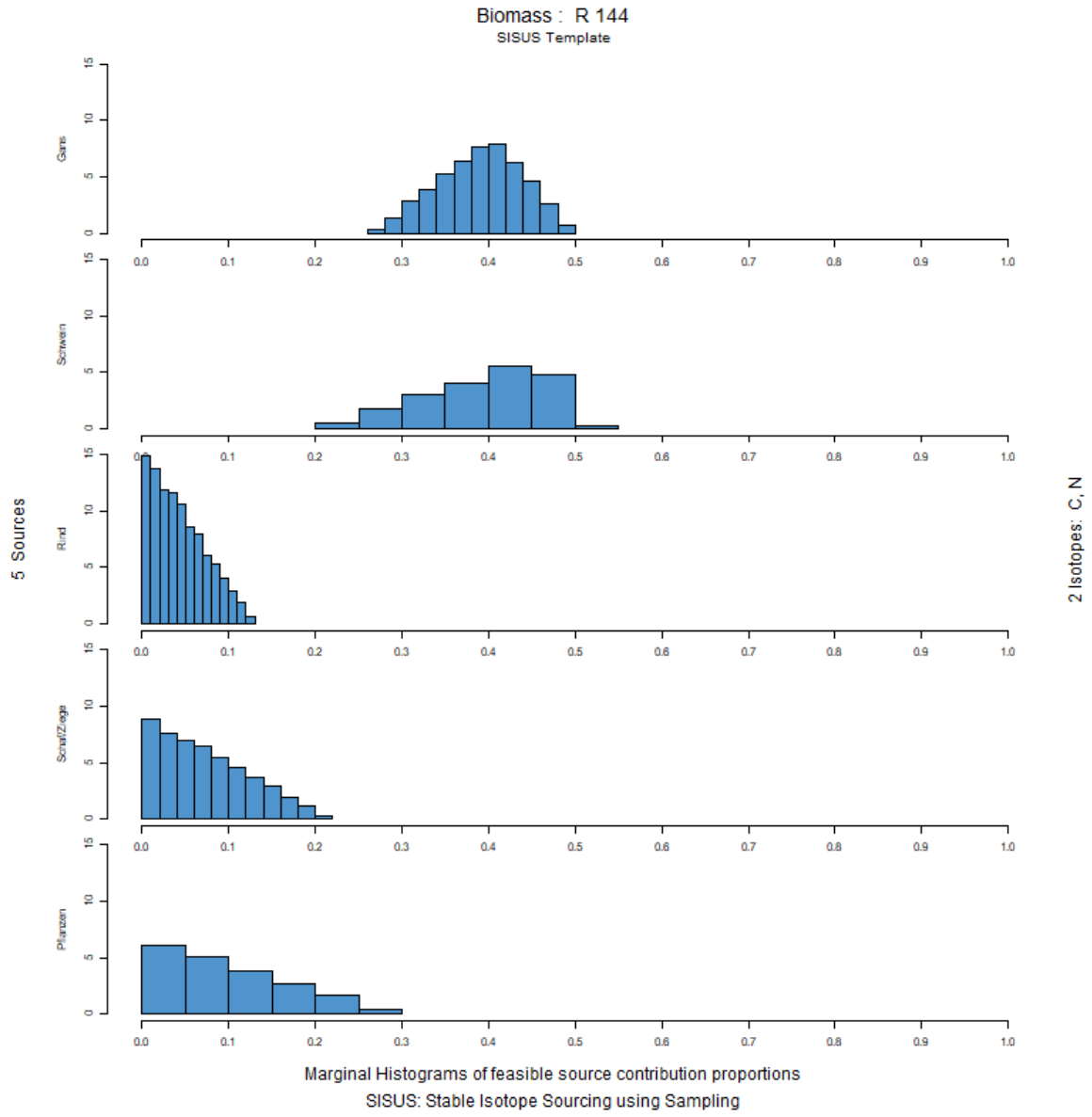


Abbildung 2418: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 144. Erstellt mit SISUS.

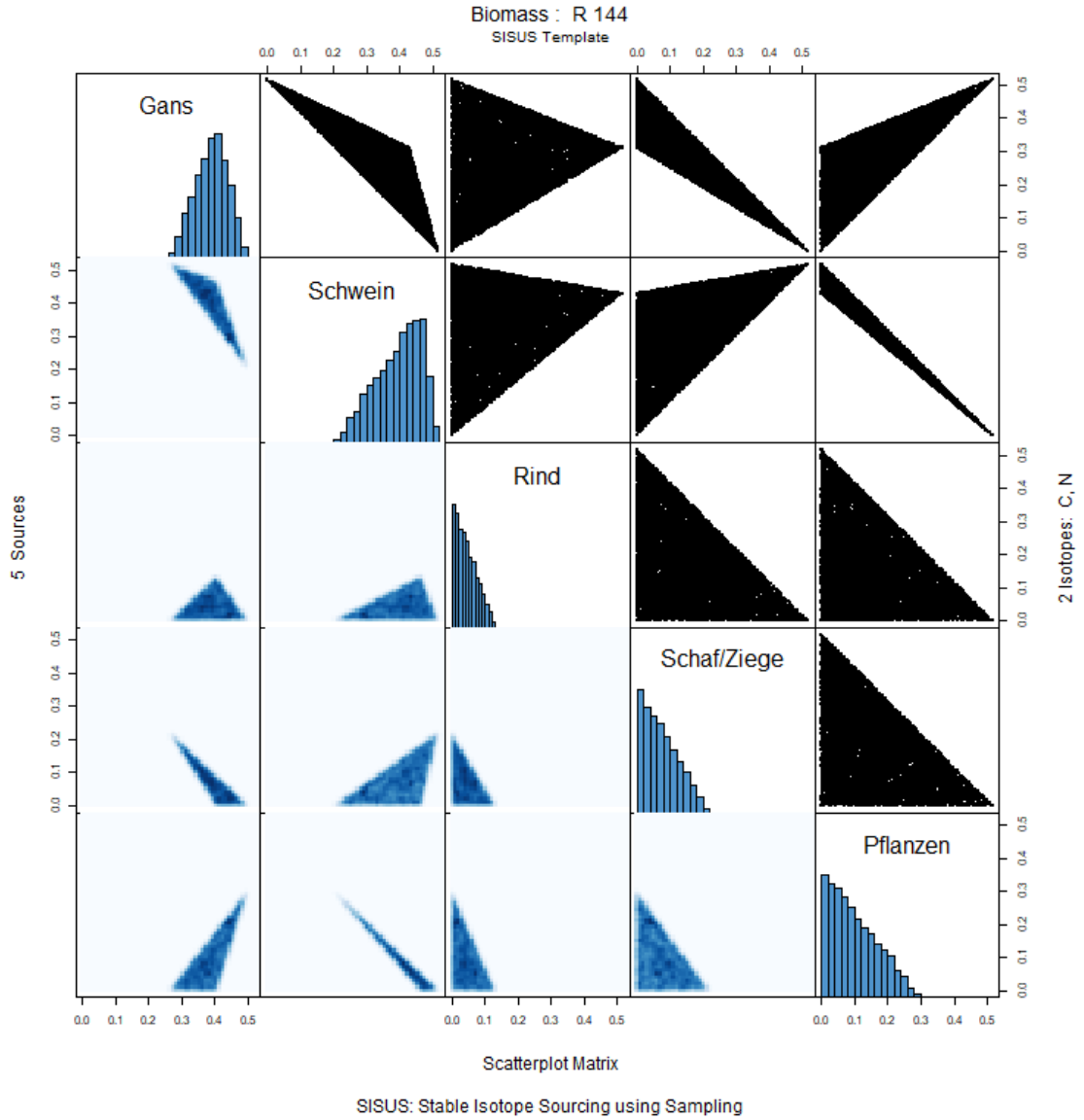


Abbildung 2419: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 144. Erstellt mit SISUS.

R145

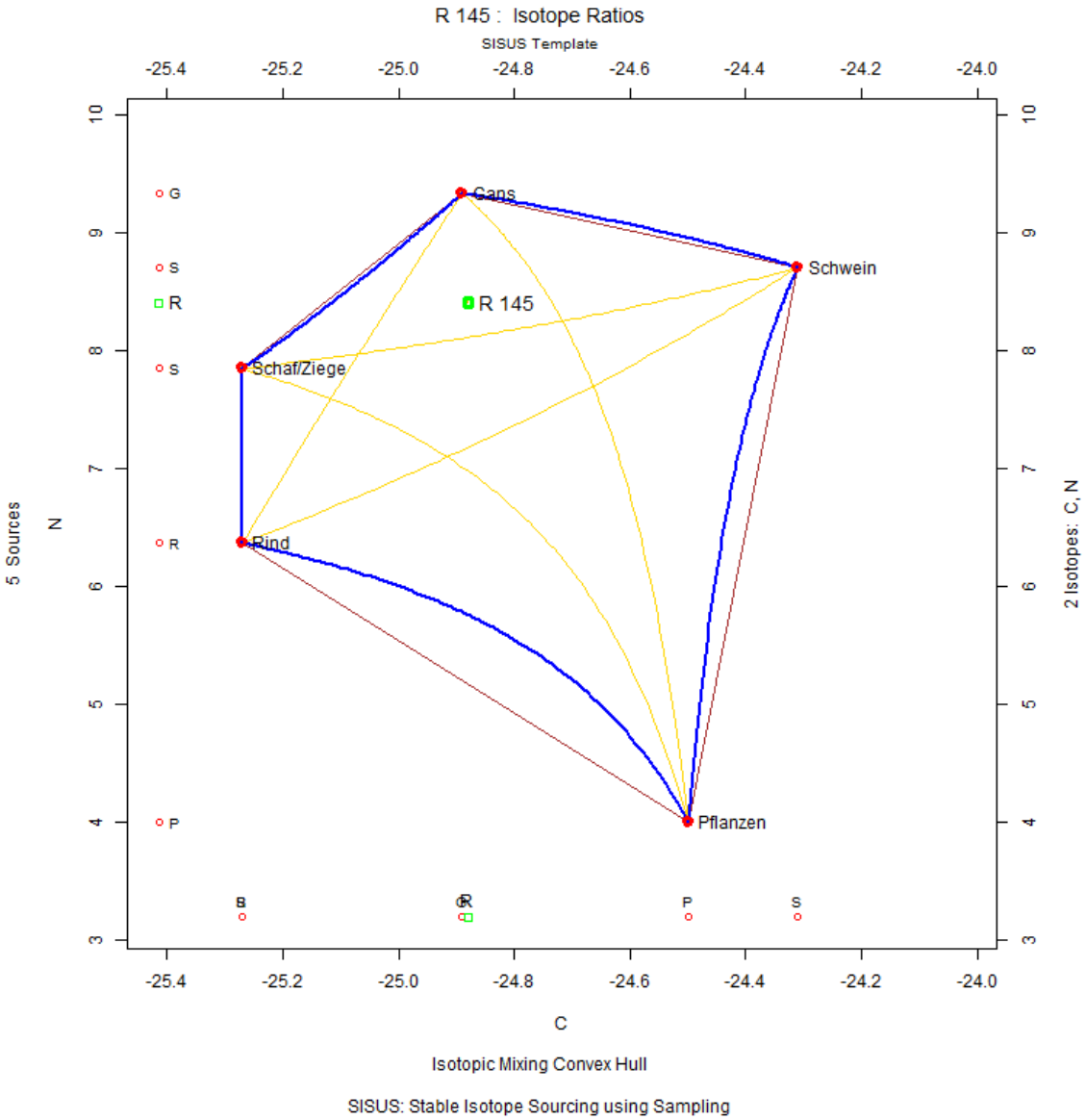


Abbildung 2420: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 145. Erstellt mit SISUS.

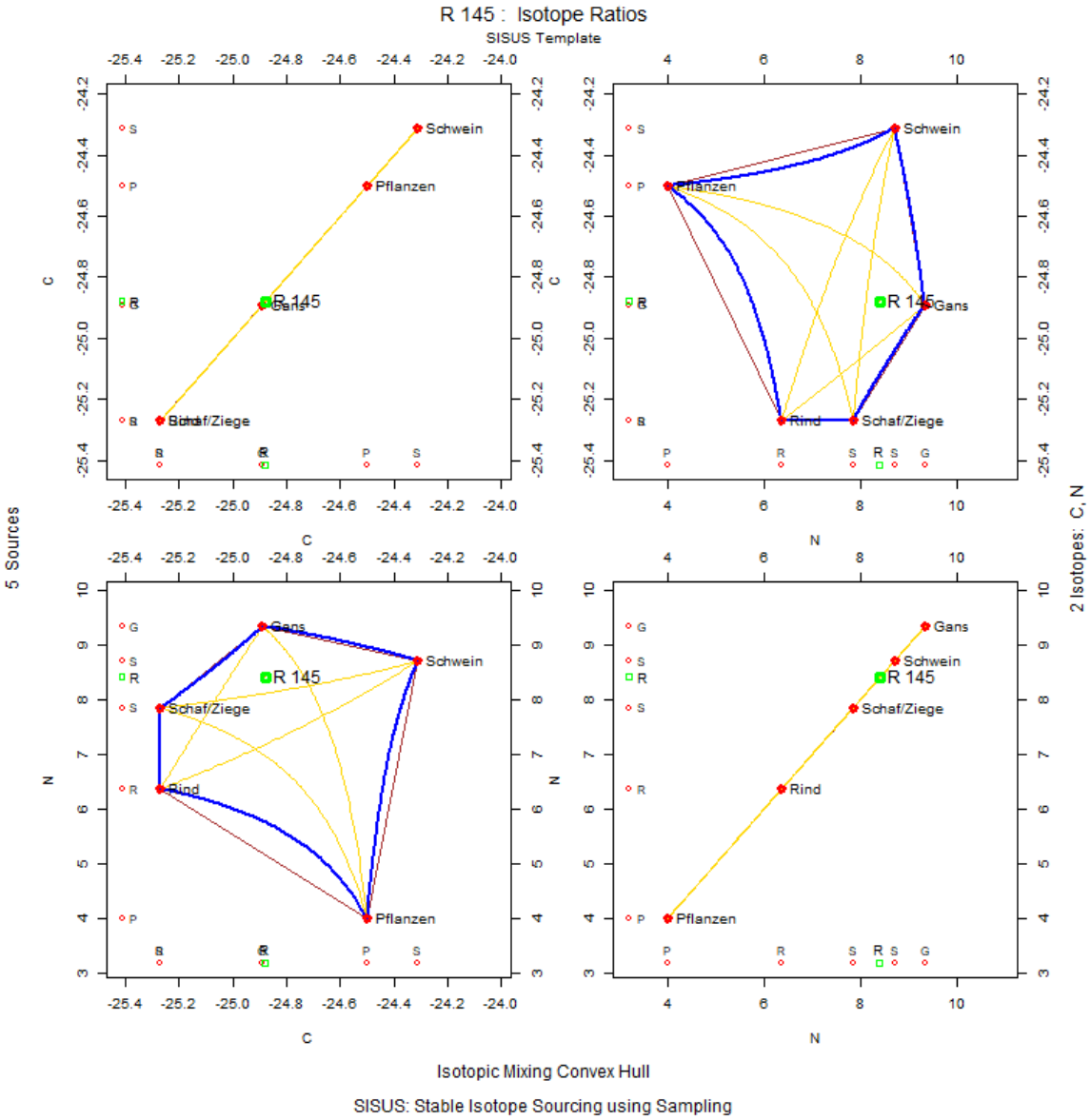


Abbildung 2421: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 145 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

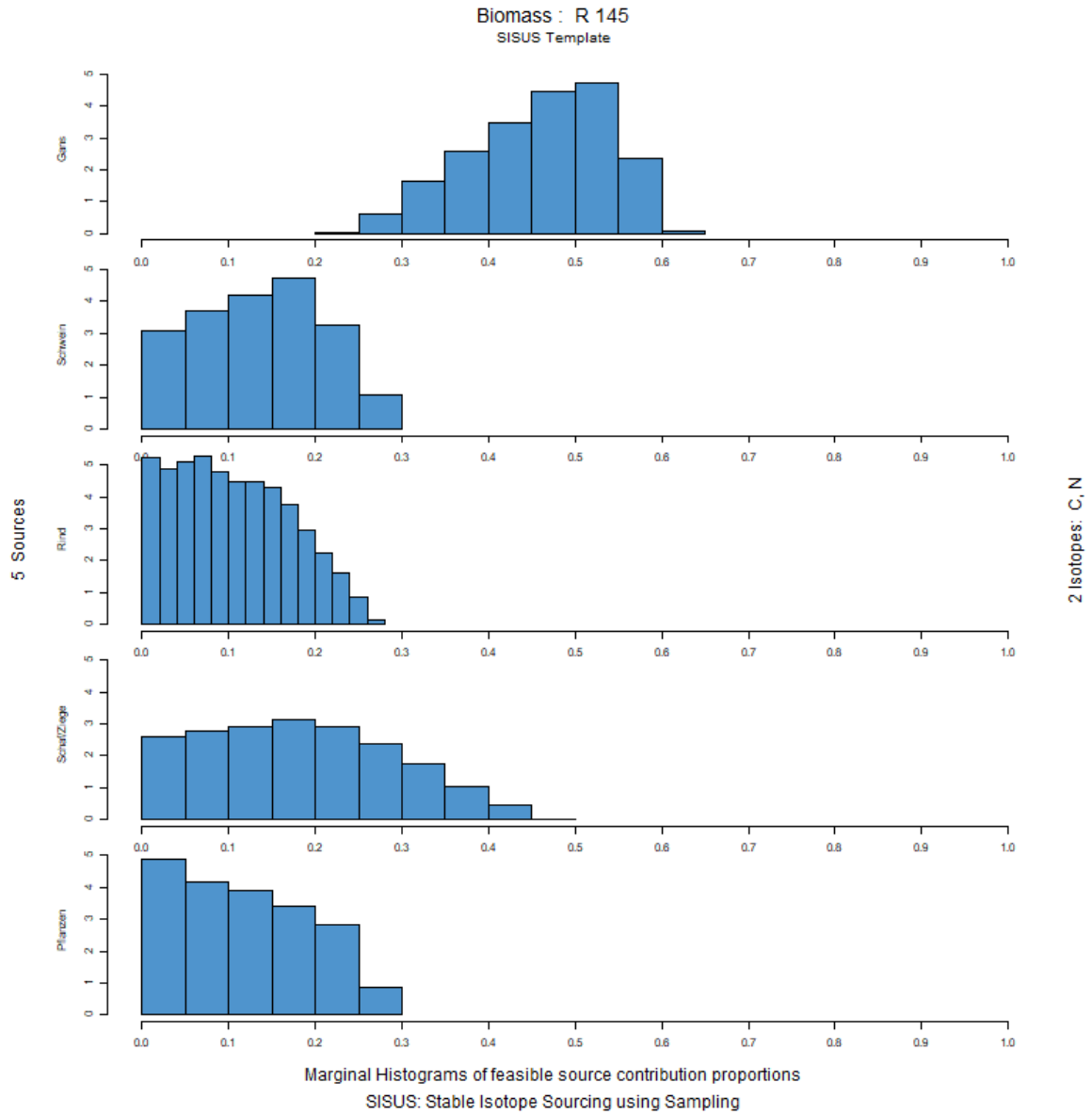


Abbildung 2422: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 145. Erstellt mit SISUS.

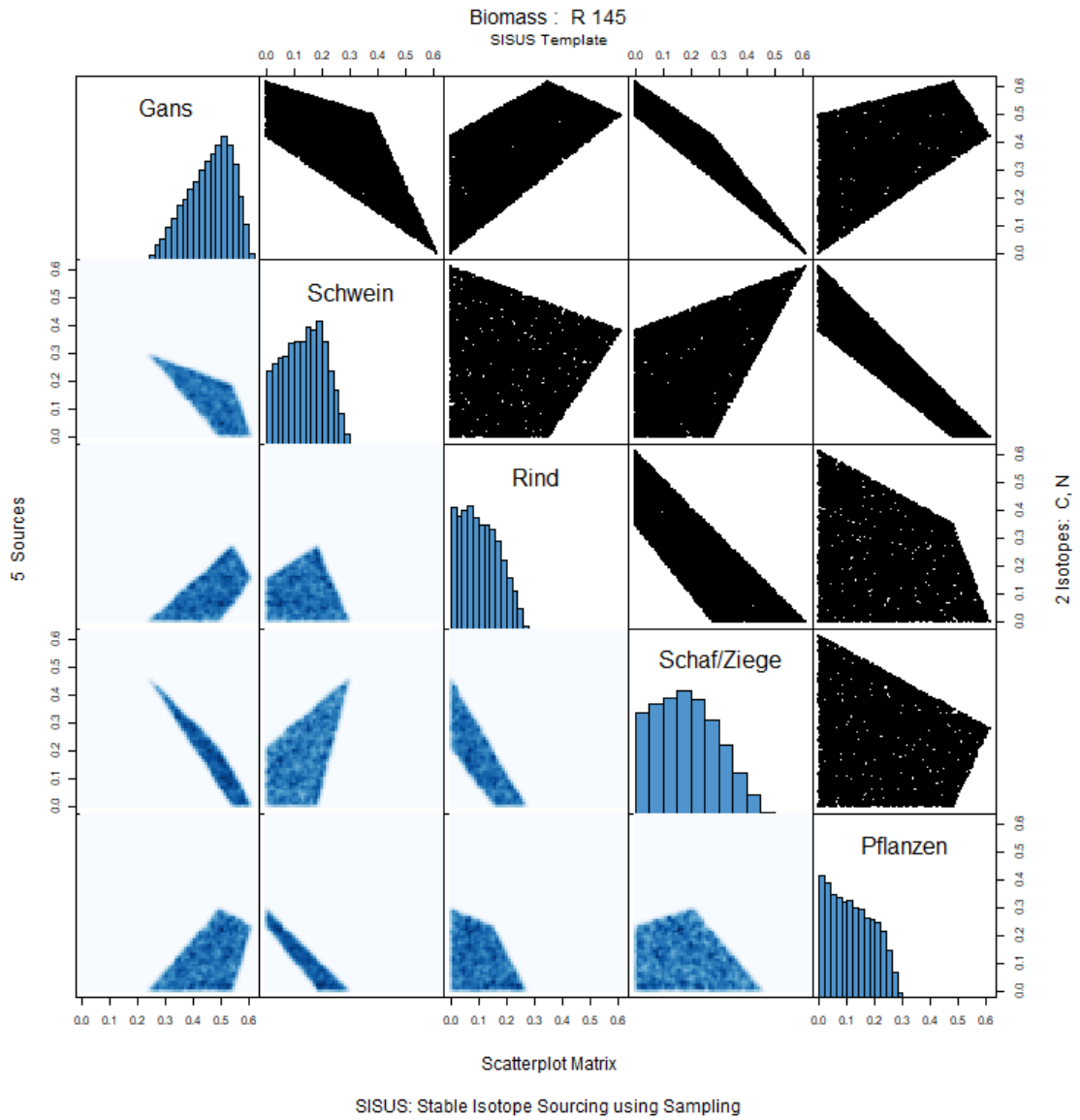


Abbildung 2423: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 145. Erstellt mit SISUS.

R146

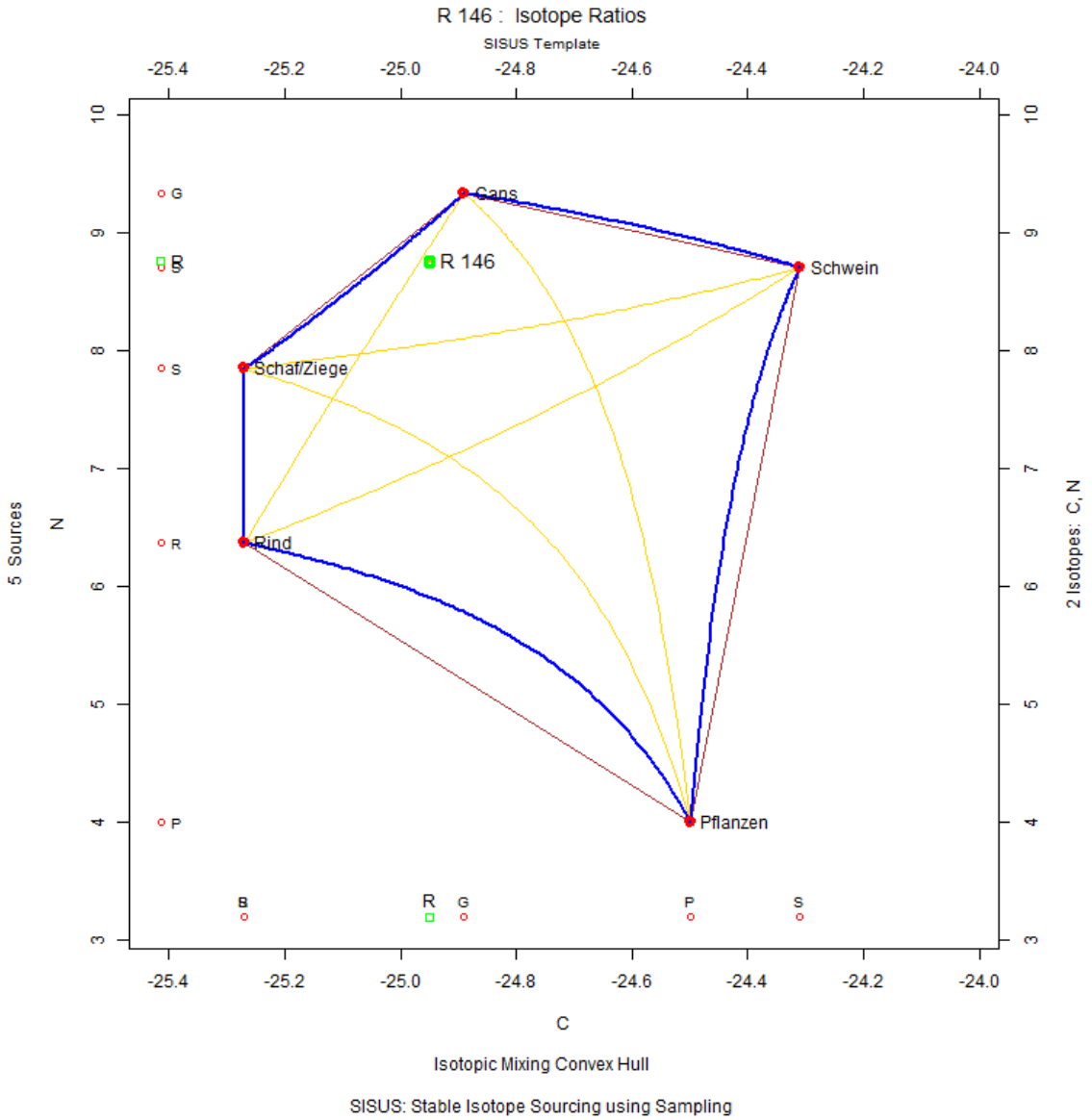


Abbildung 2424: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 146. Erstellt mit SISUS.

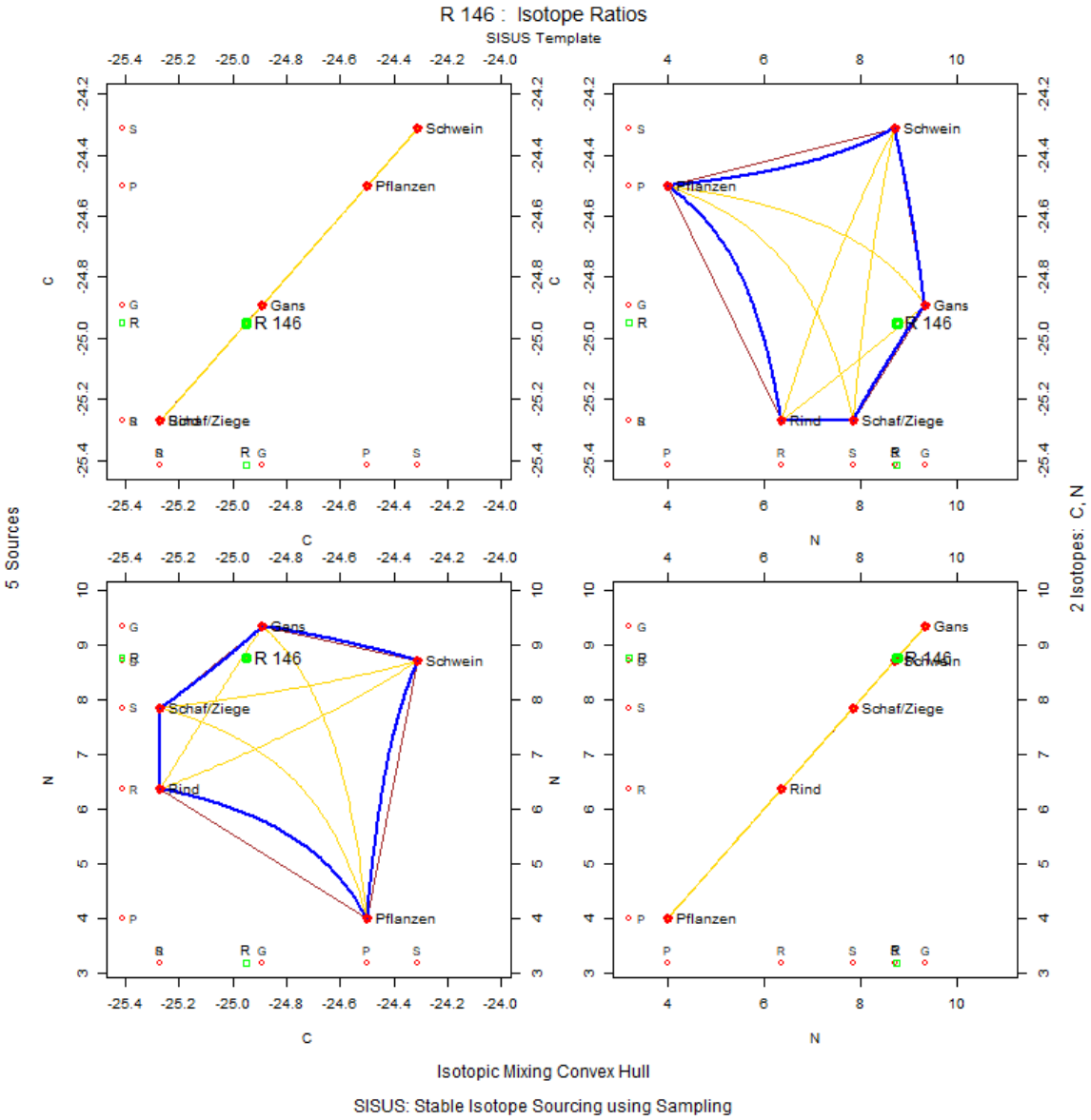


Abbildung 2425: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 146 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

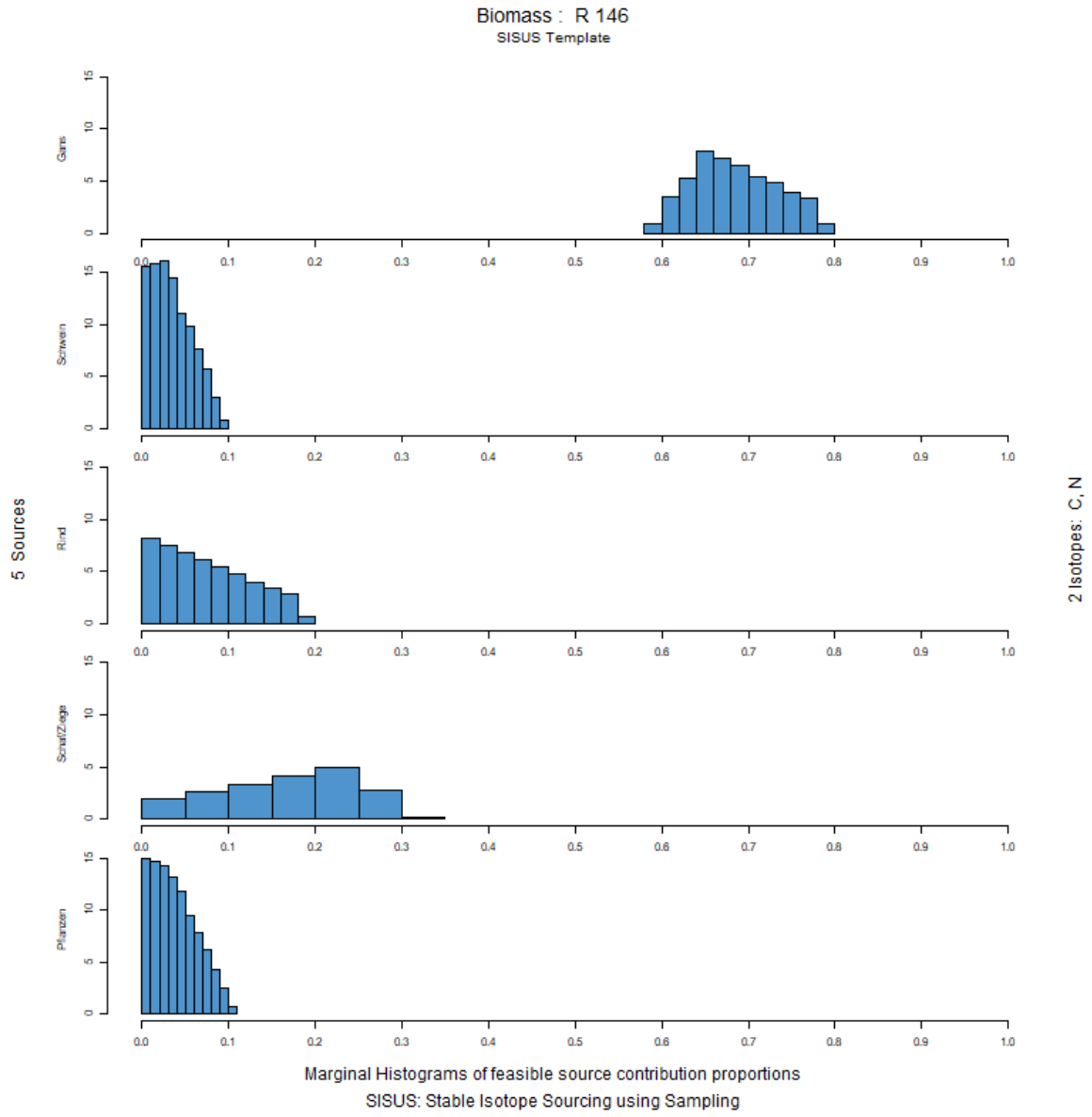


Abbildung 2426: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 146. Erstellt mit SISUS.

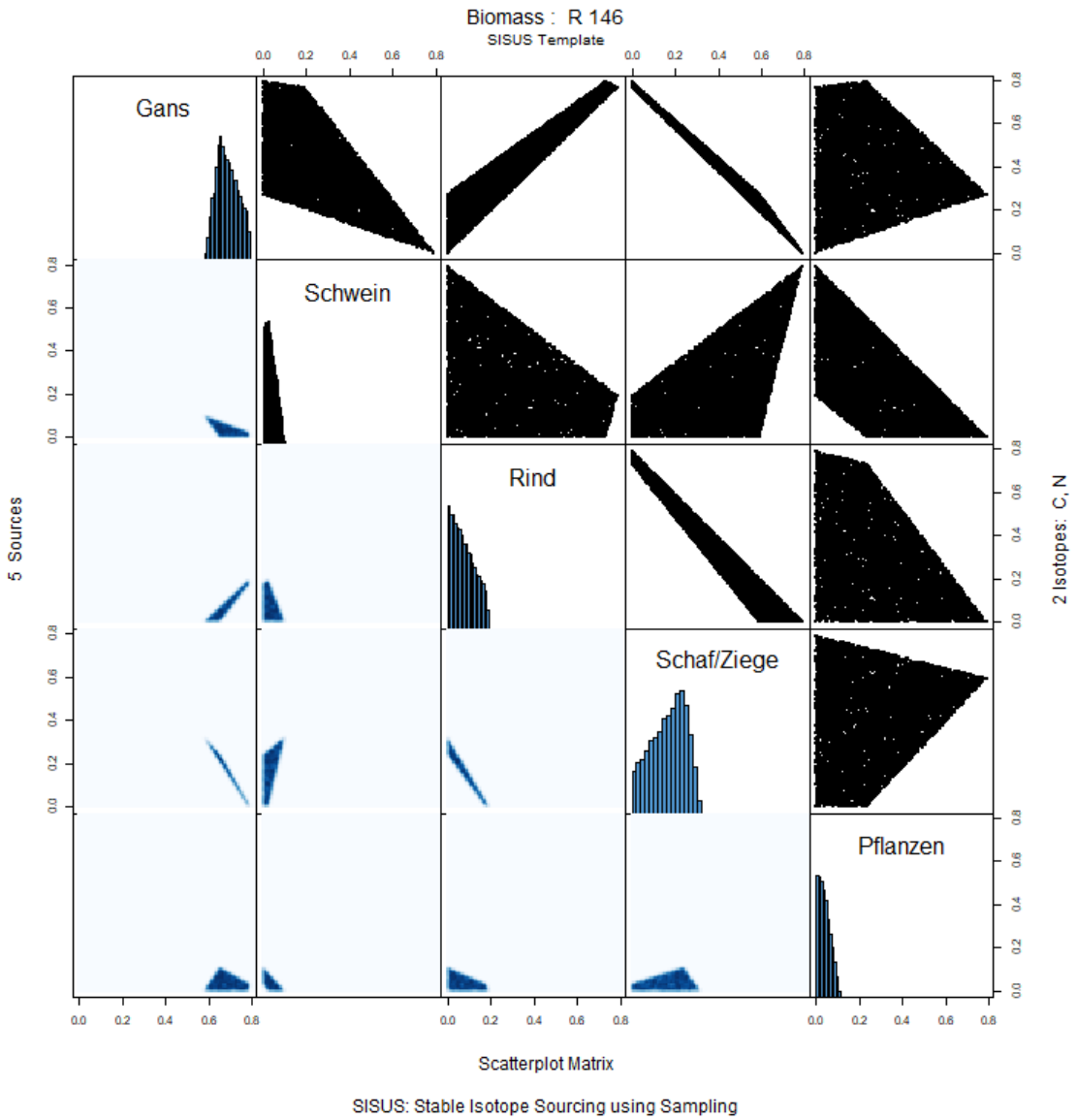


Abbildung 2427: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 146. Erstellt mit SISUS.

R155

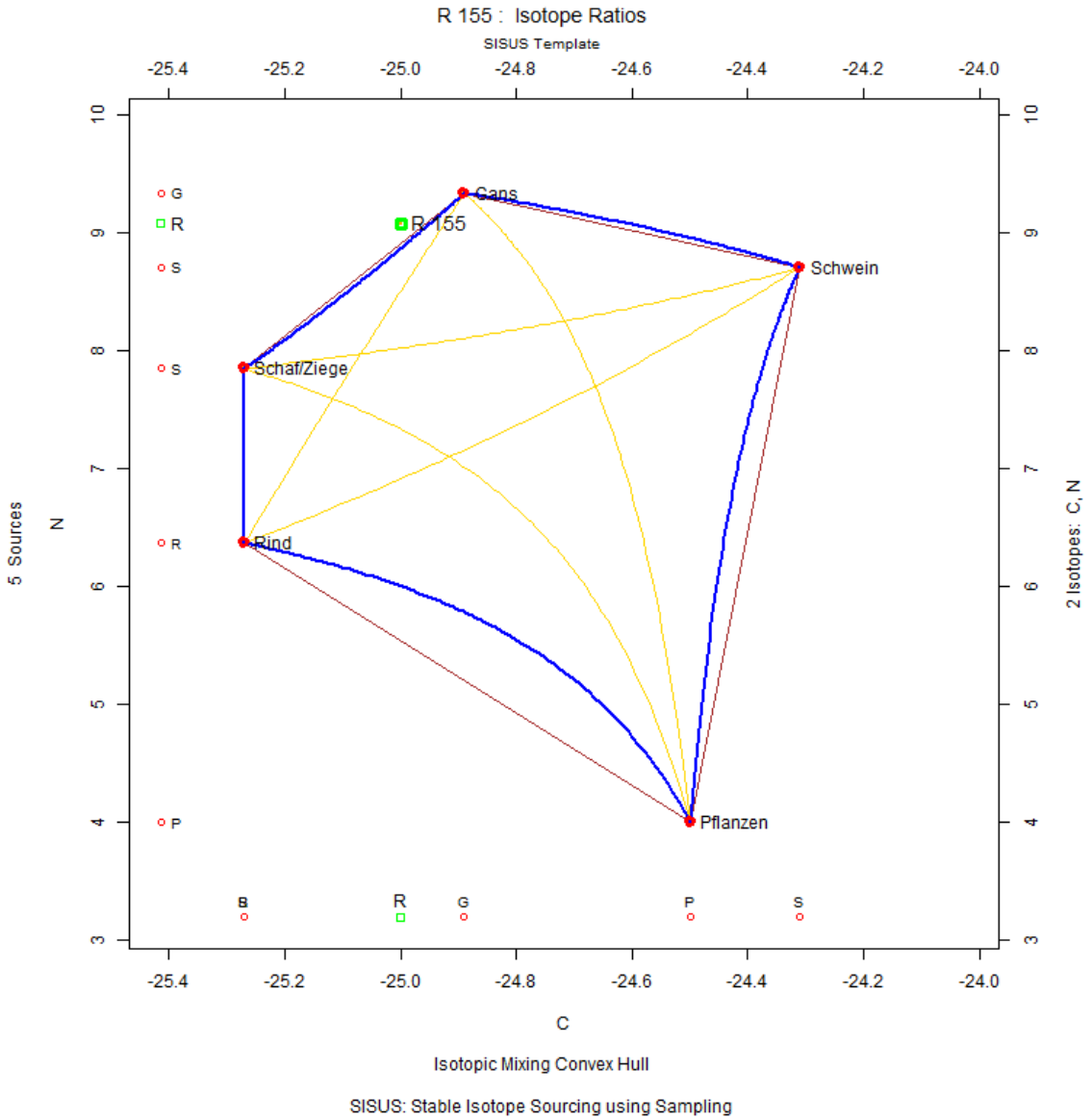


Abbildung 2428: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 155. Erstellt mit SISUS.

R156

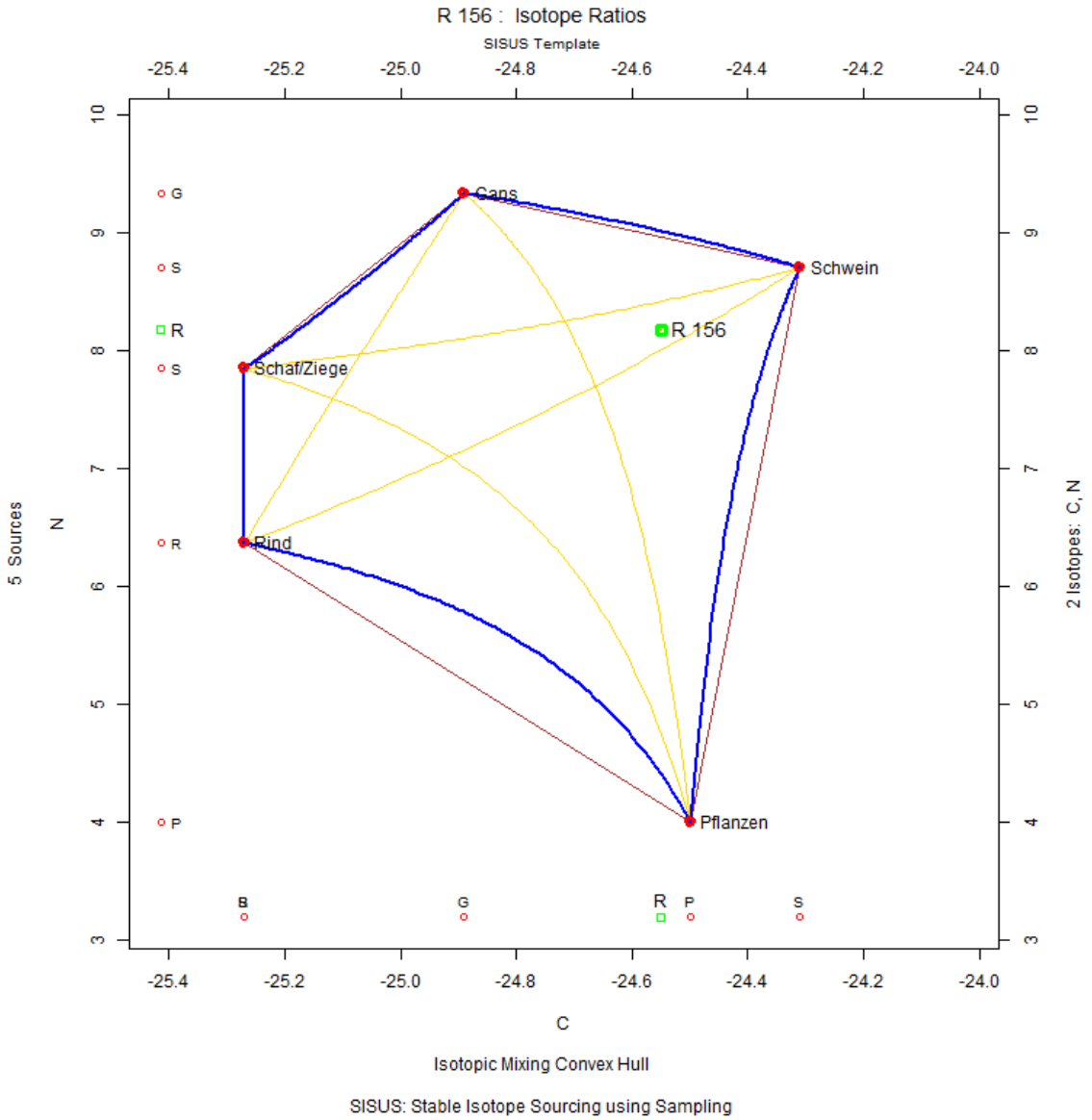


Abbildung 2429: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit SISUS.

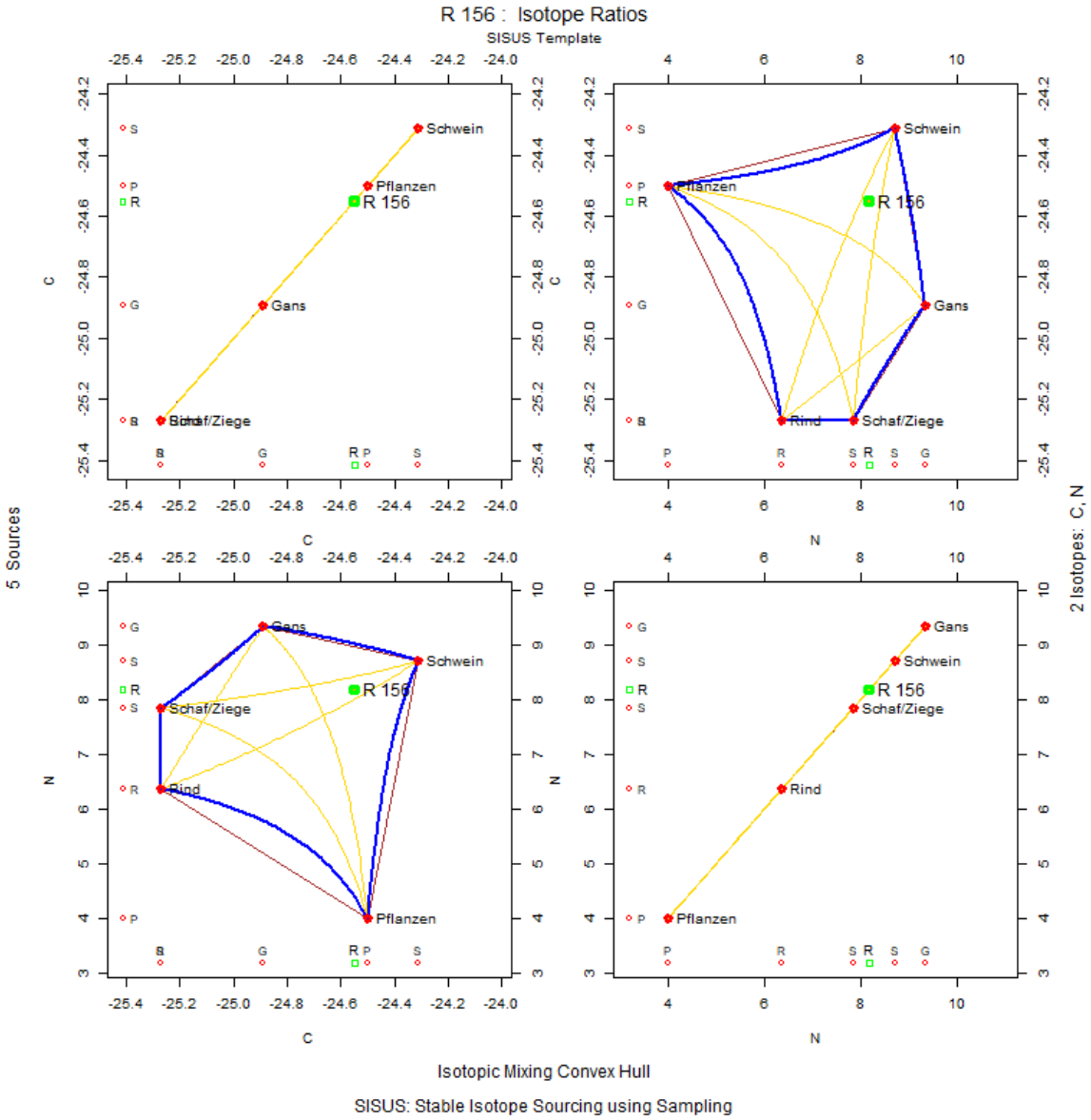


Abbildung 2430: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 156 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

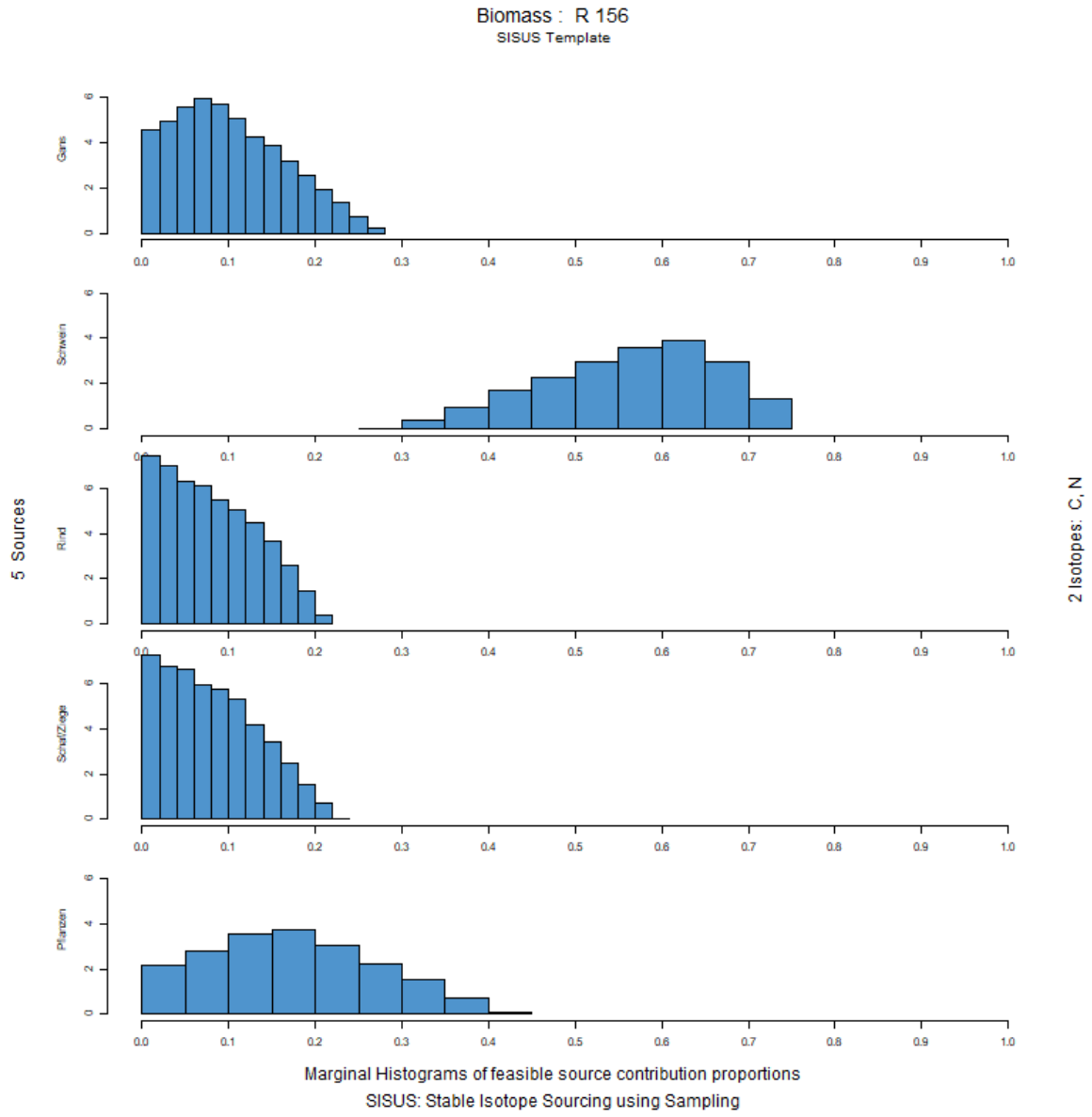


Abbildung 2431: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit SISUS.

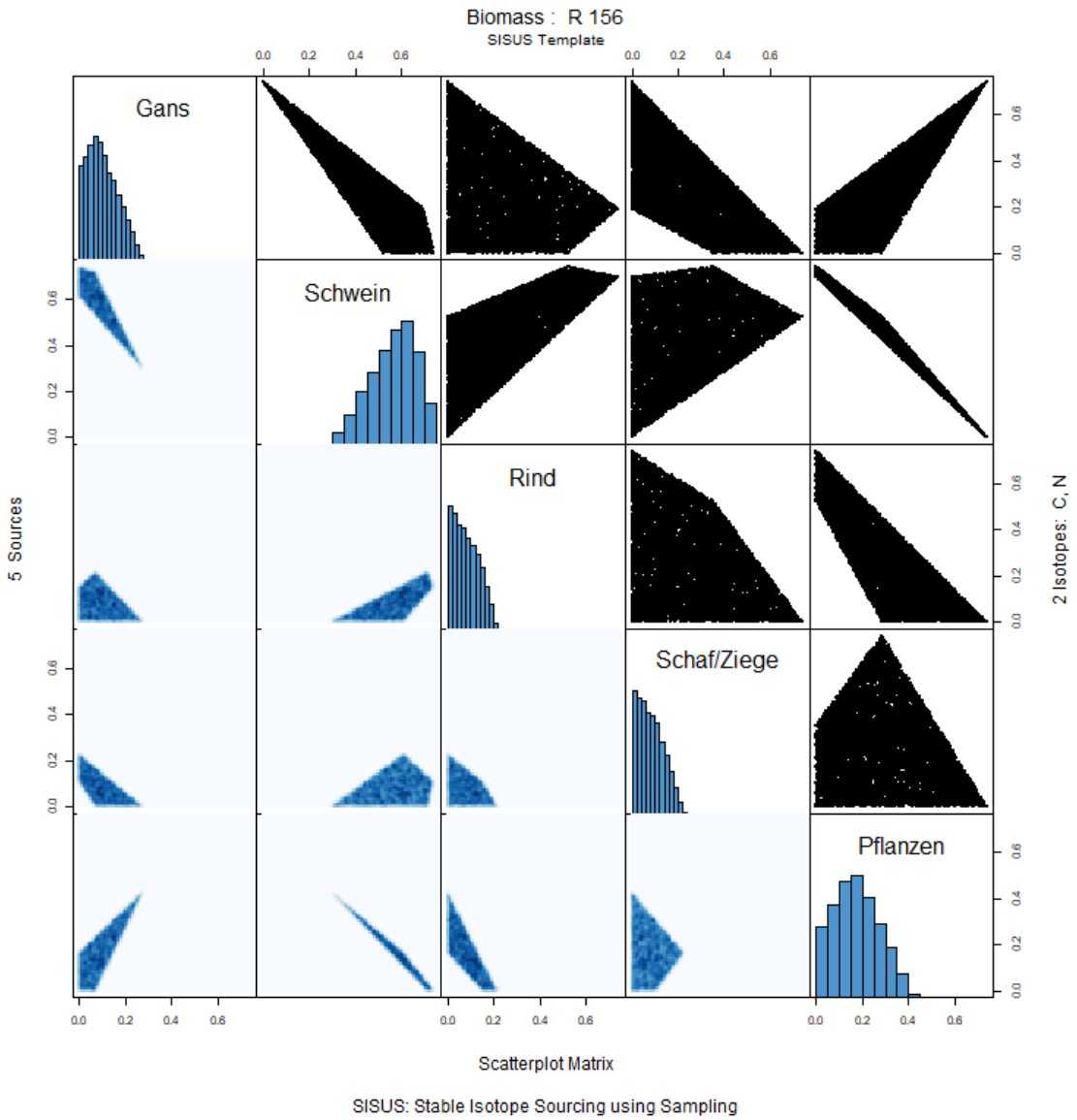


Abbildung 2432: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit SISUS.

R157

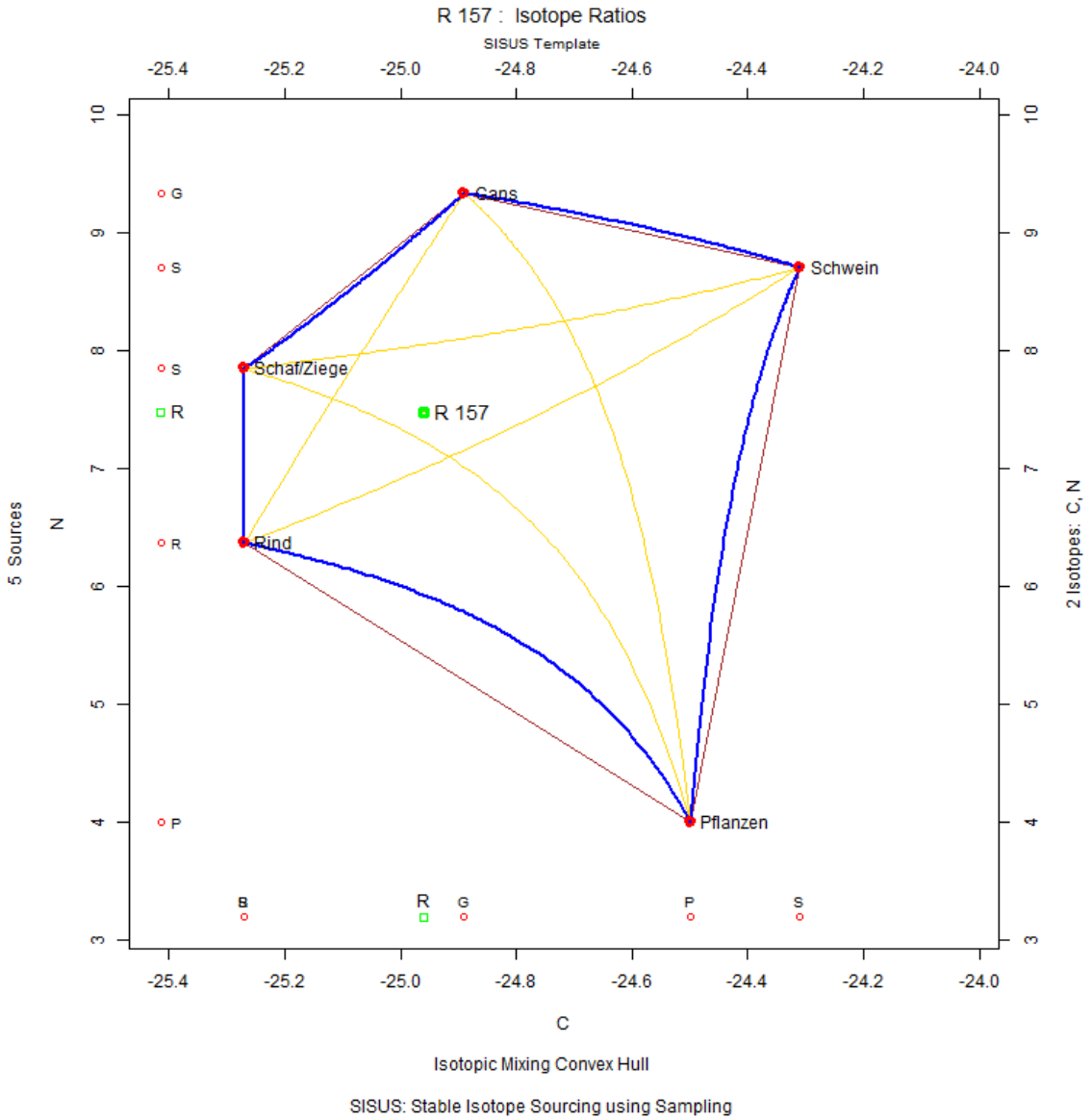


Abbildung 2433: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 157. Erstellt mit SISUS.

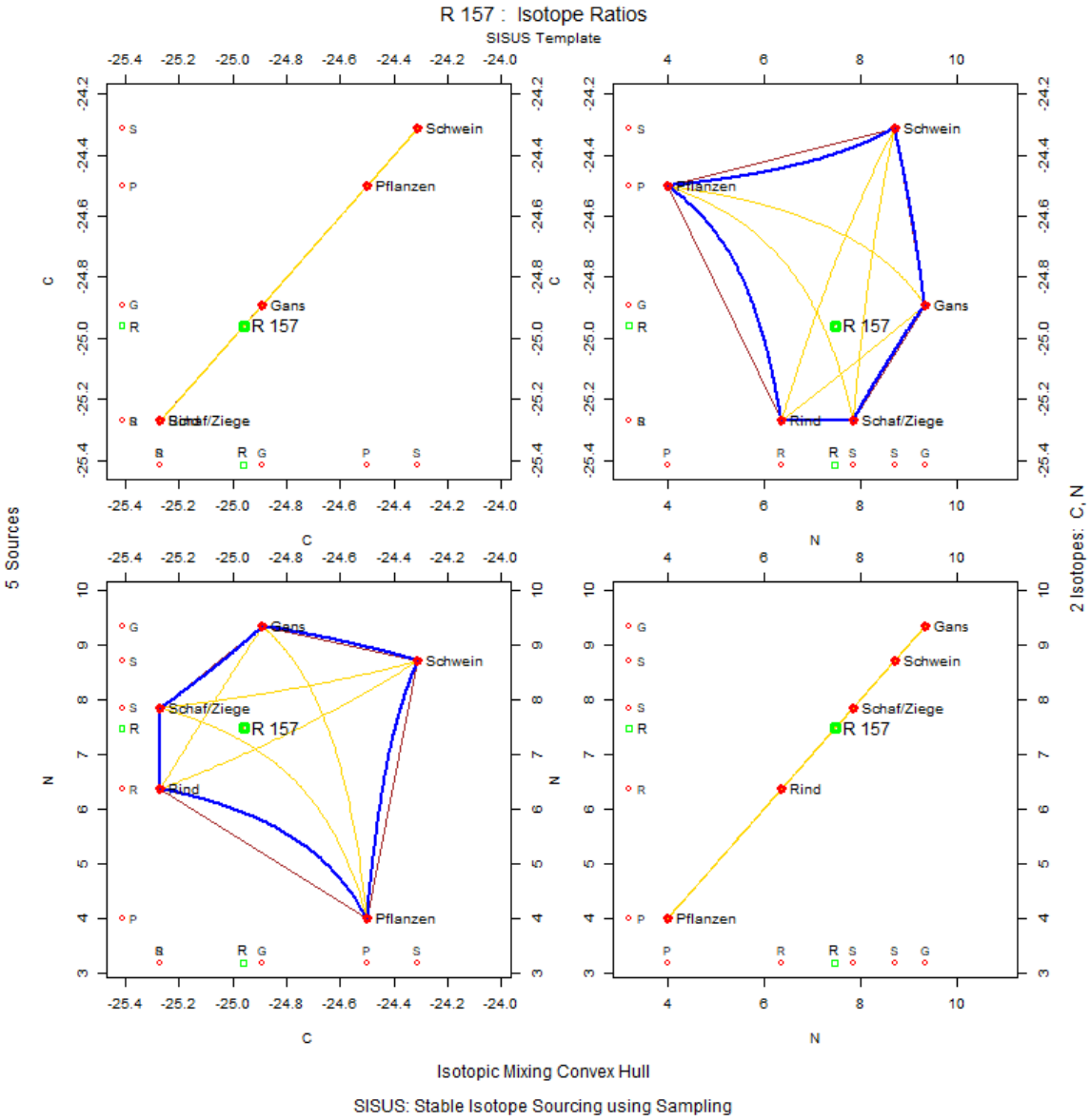


Abbildung 2434: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 157 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

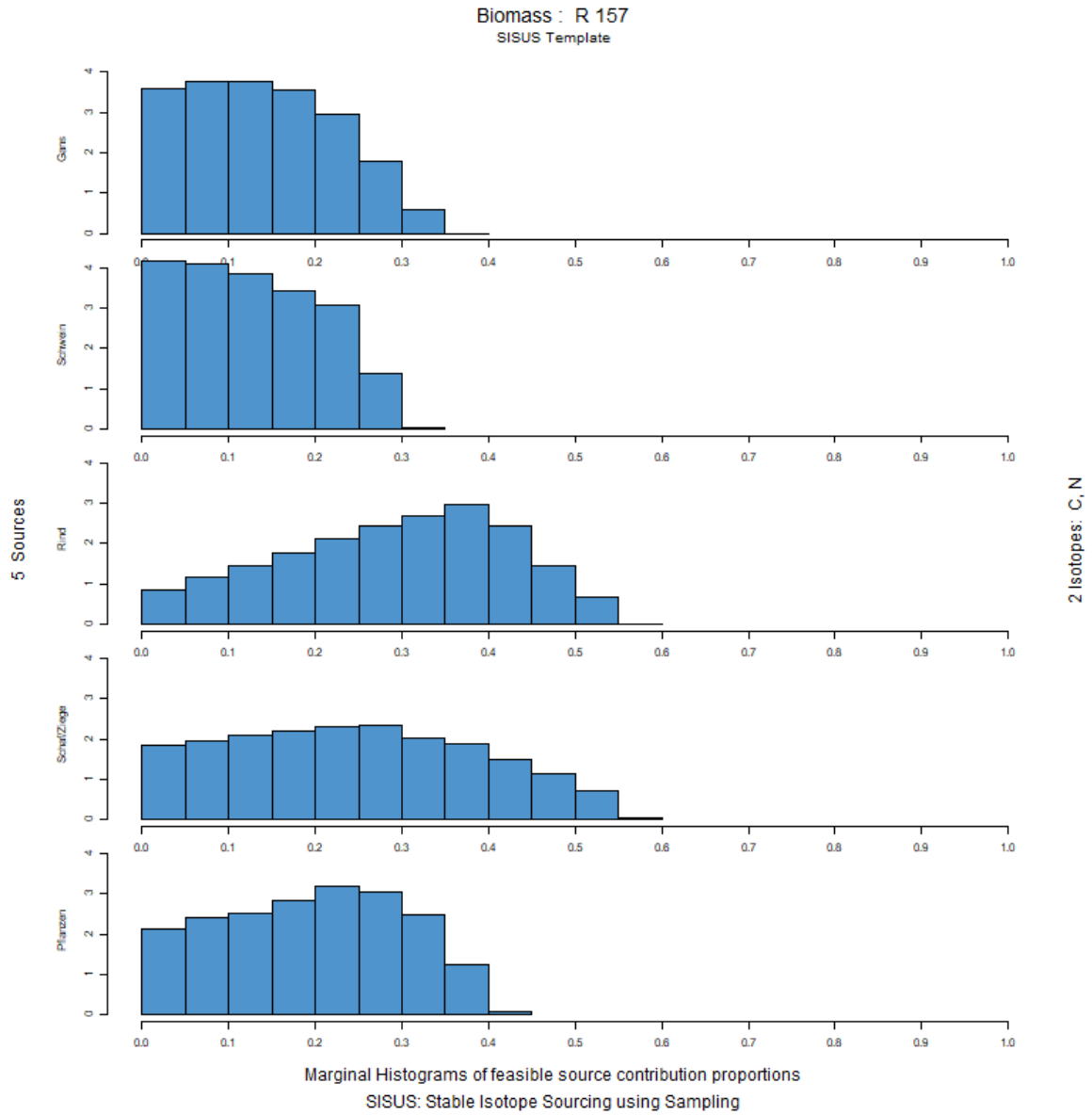


Abbildung 2435: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 157. Erstellt mit SISUS.

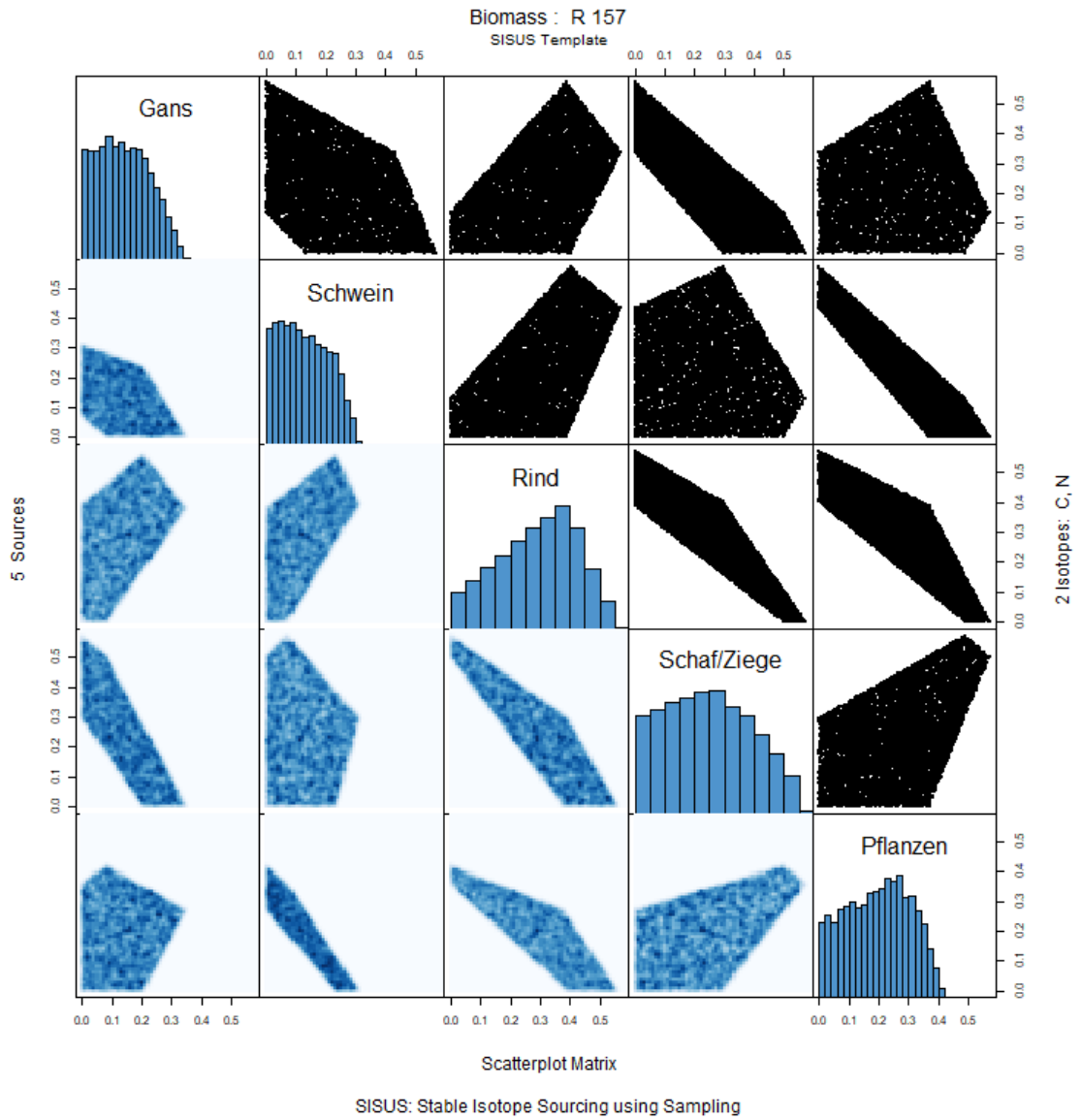


Abbildung 2436: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 157. Erstellt mit SISUS.

R158

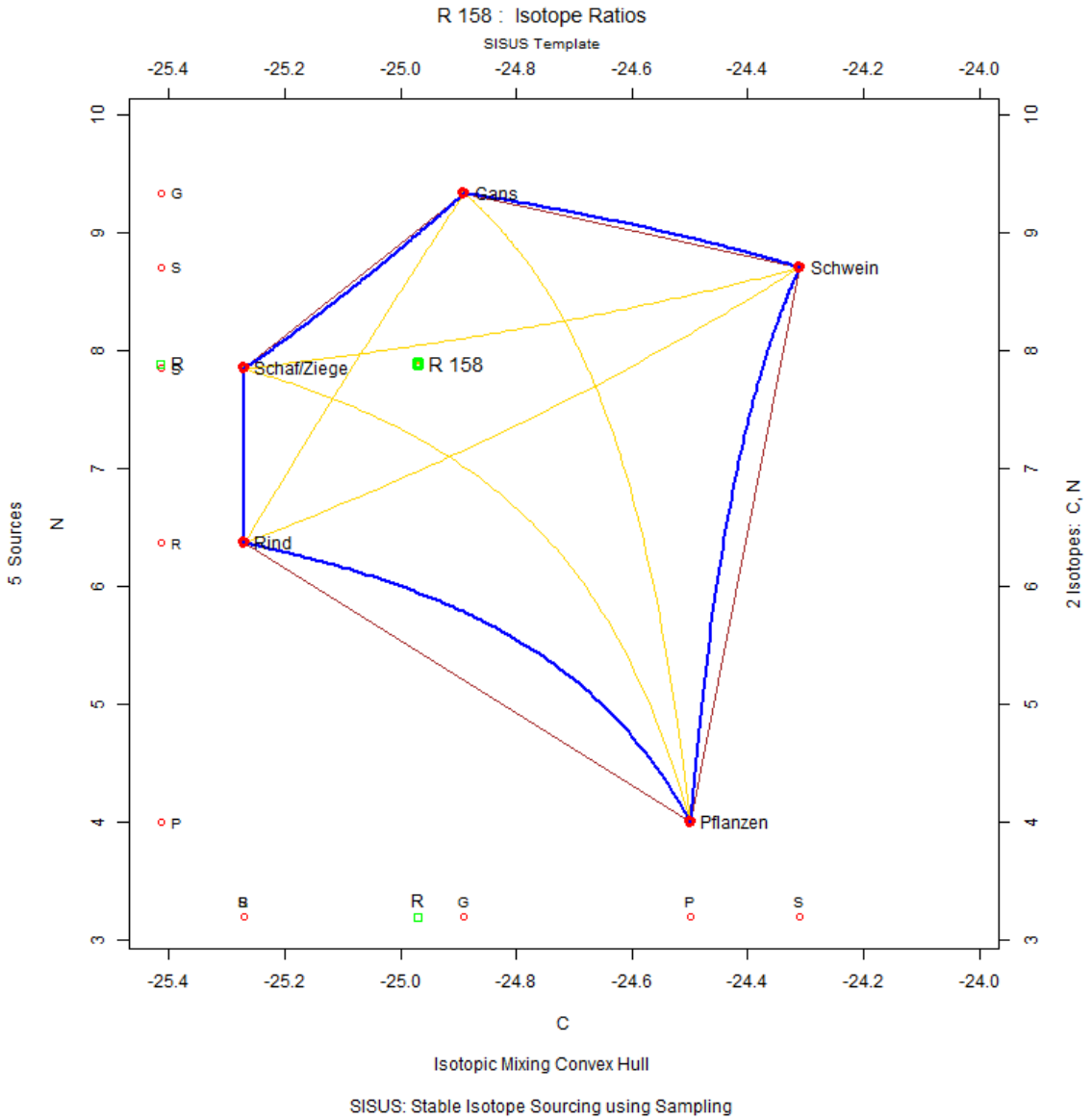


Abbildung 2437: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 156. Erstellt mit SISUS.

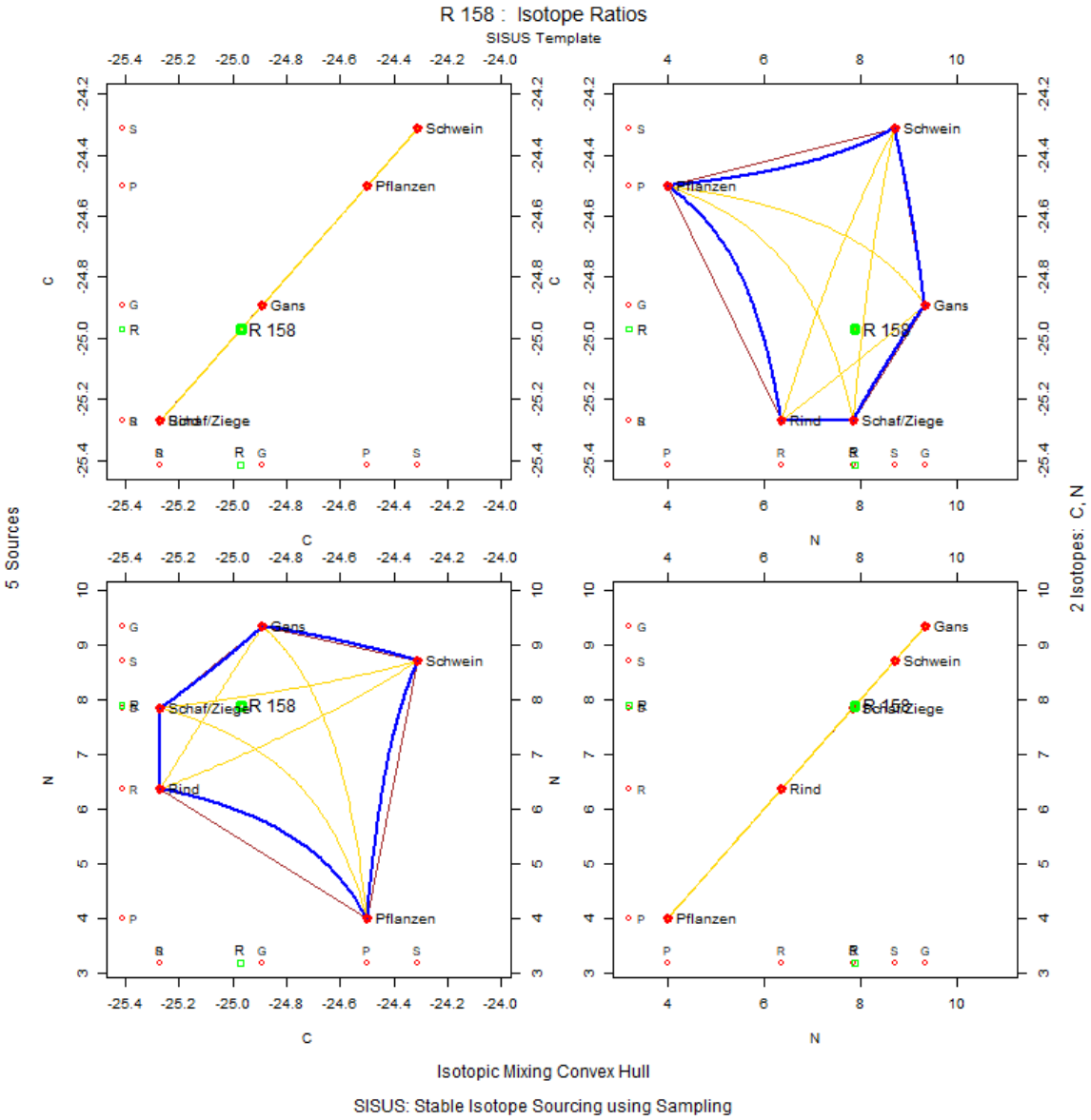


Abbildung 2438: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 158 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

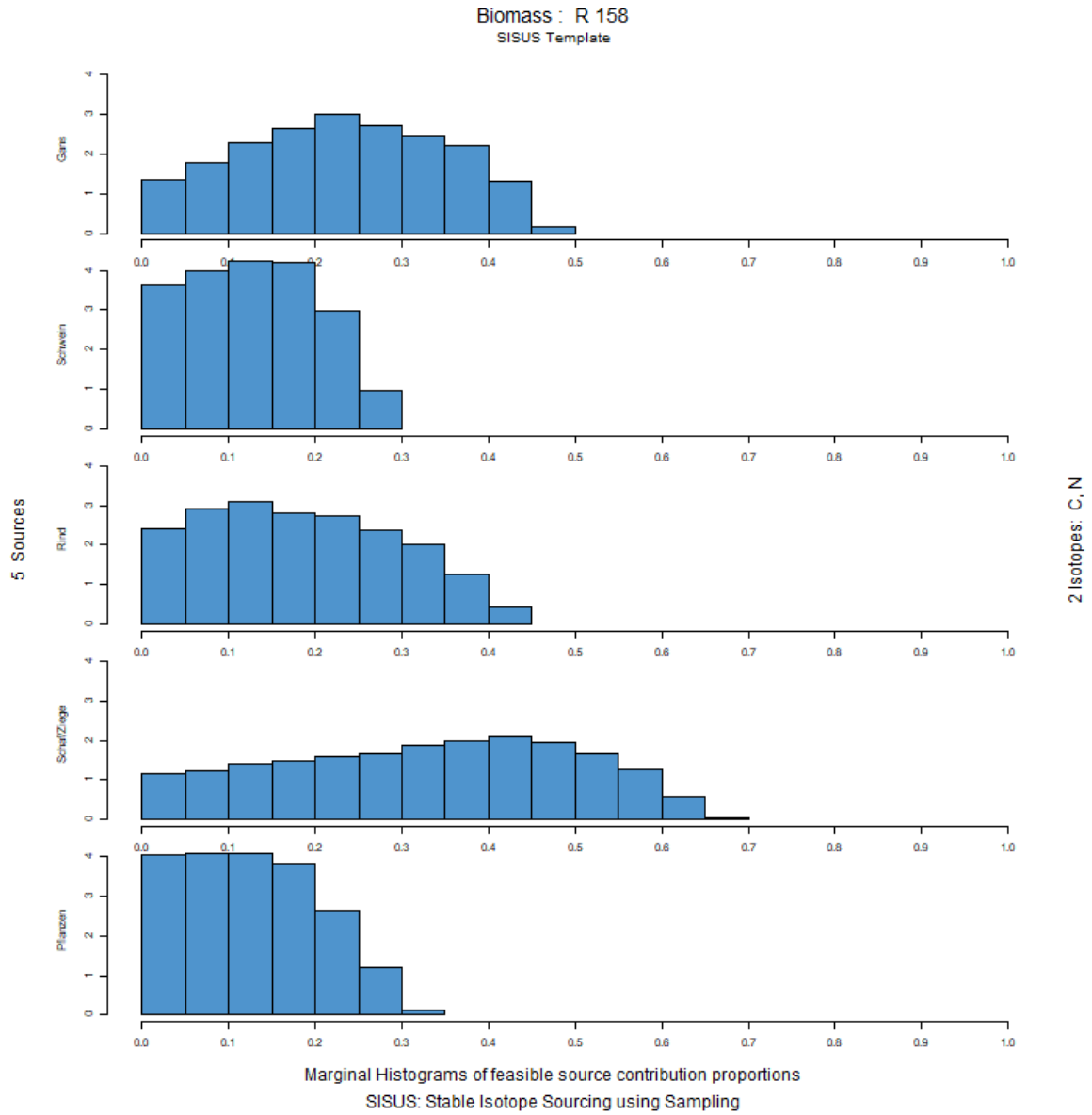


Abbildung 2439: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 158. Erstellt mit SISUS.

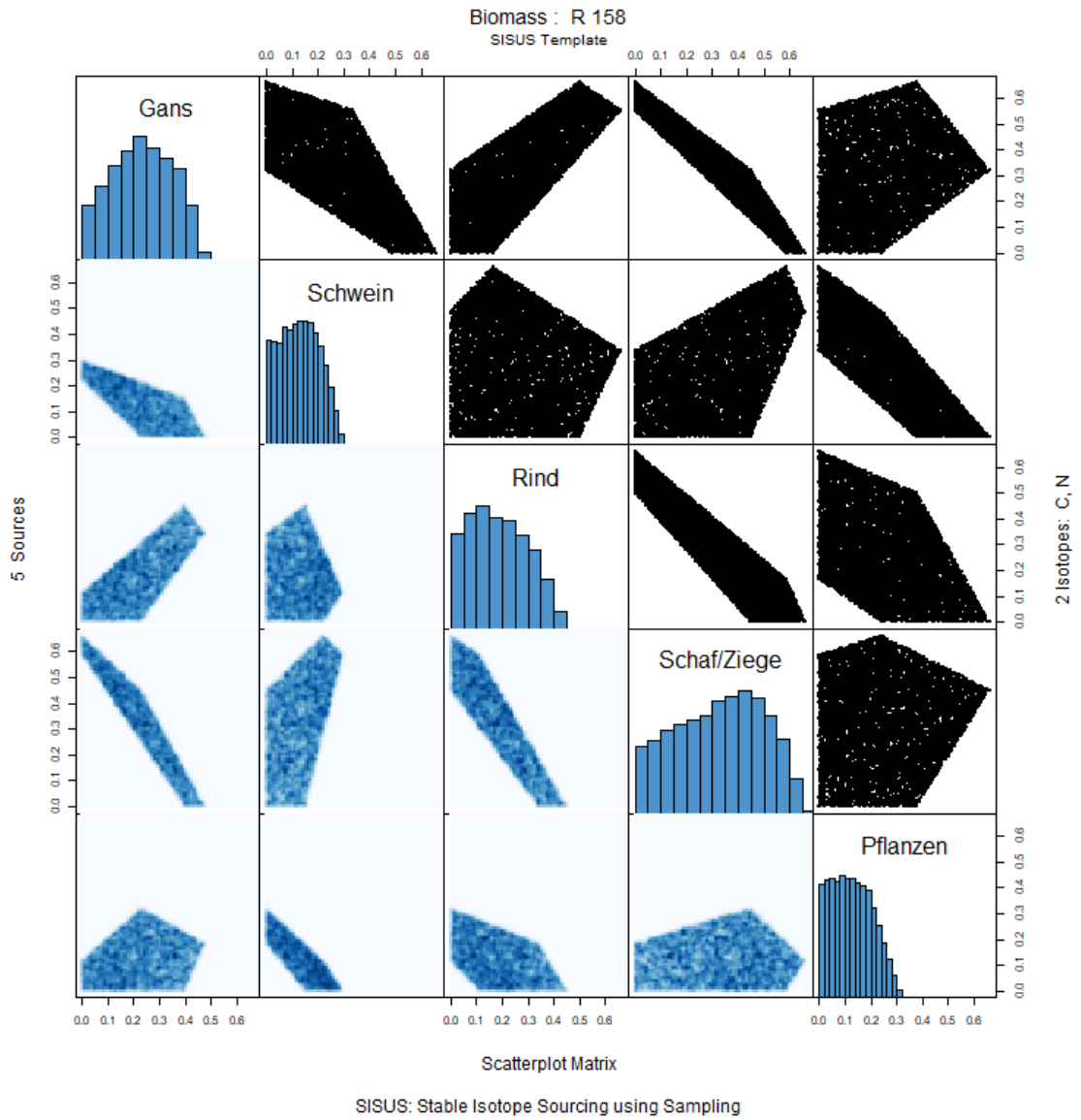


Abbildung 2440: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 158. Erstellt mit SISUS.

R171

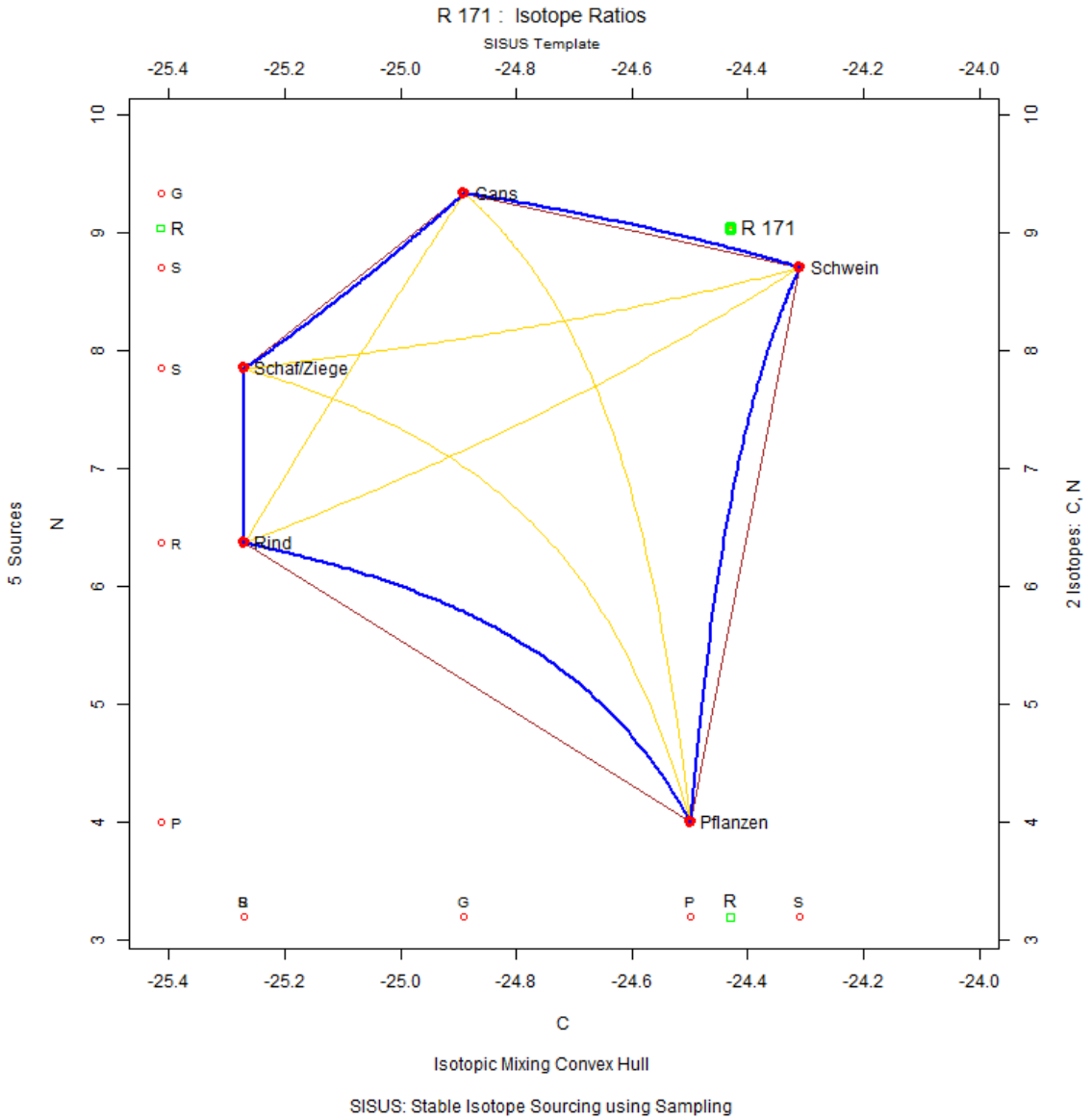


Abbildung 2441: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 171. Erstellt mit SISUS.

R175b

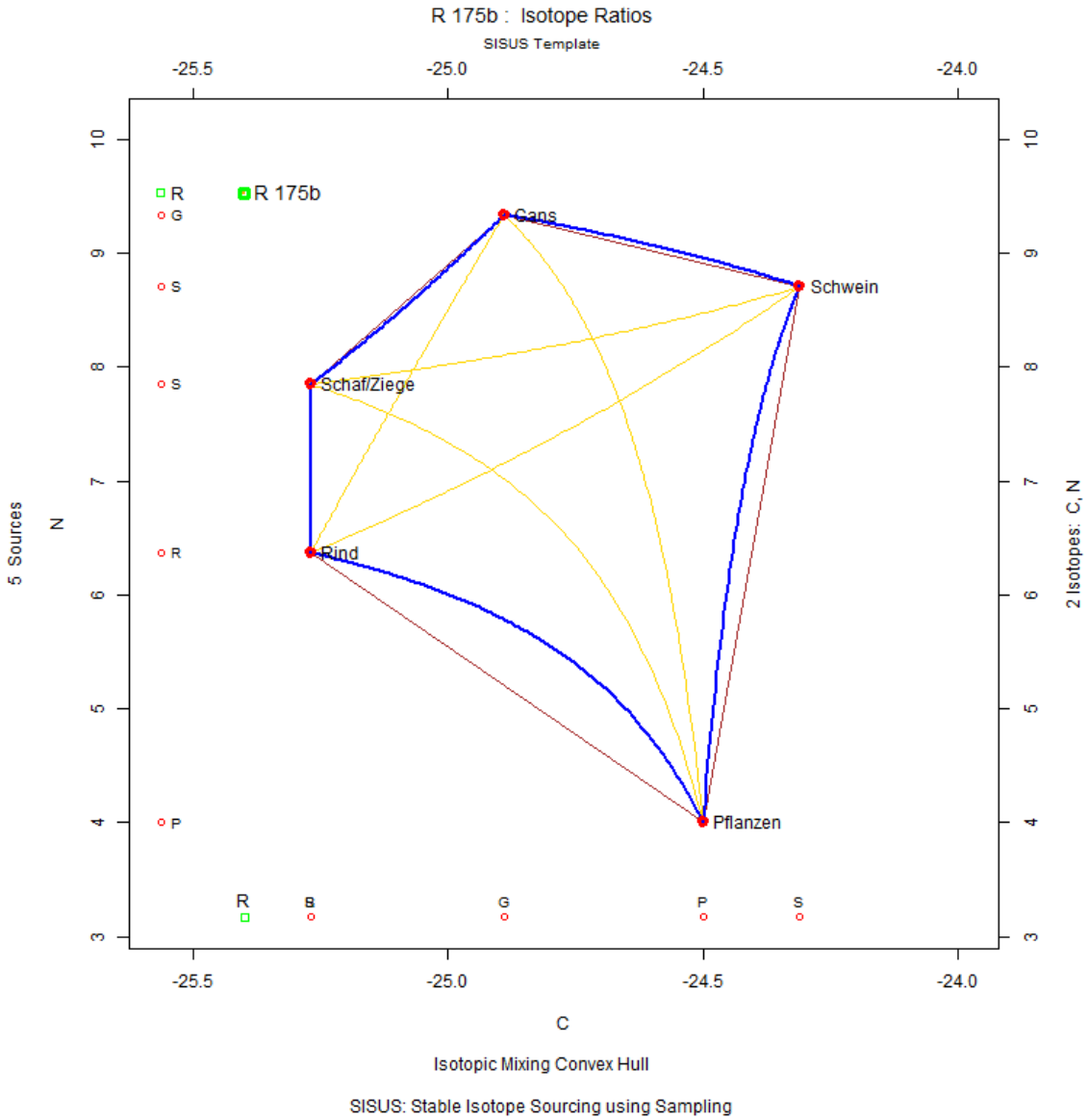


Abbildung 2442: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 175b. Erstellt mit SISUS.

R199

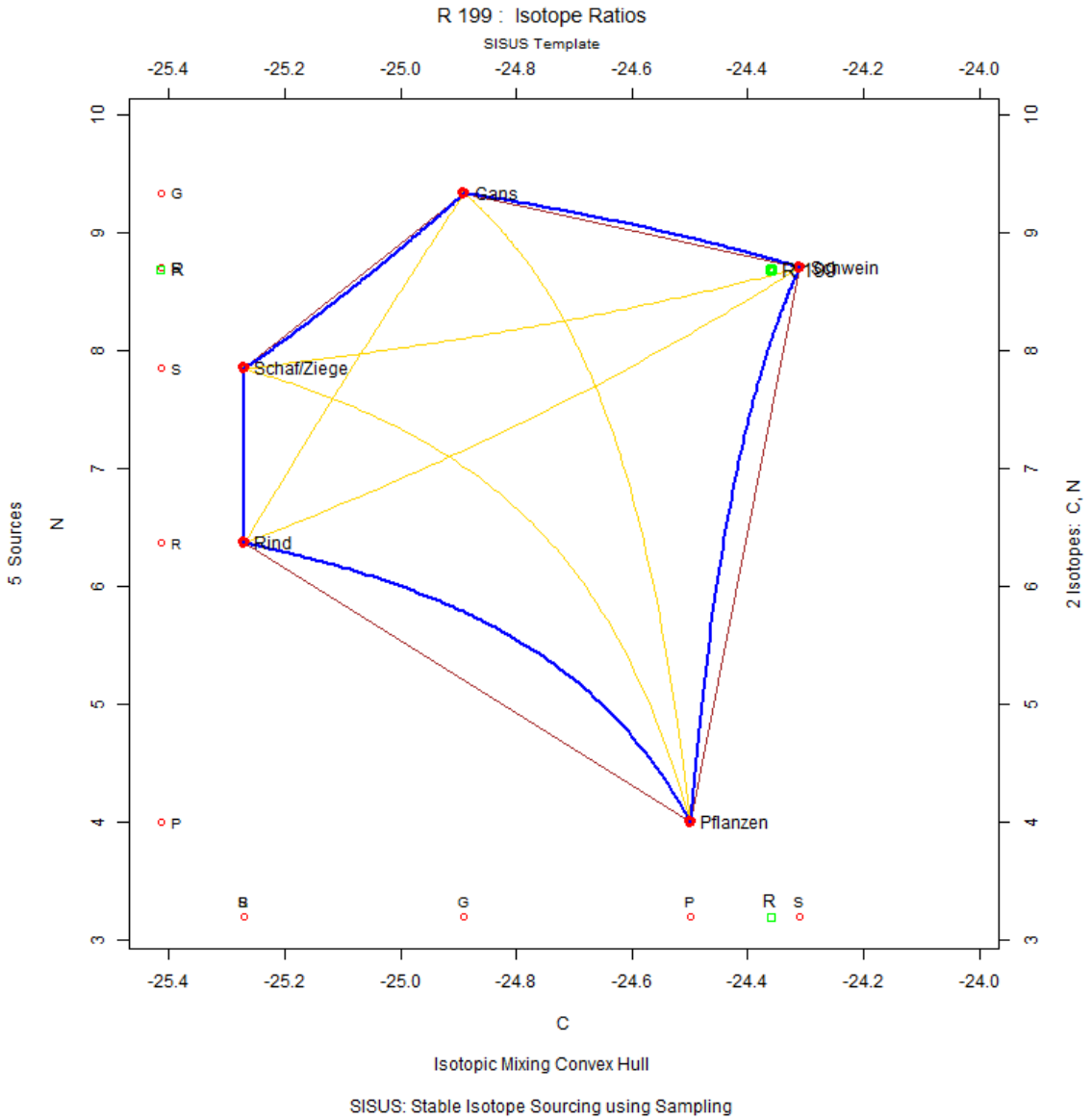


Abbildung 2443: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 199. Erstellt mit SISUS.

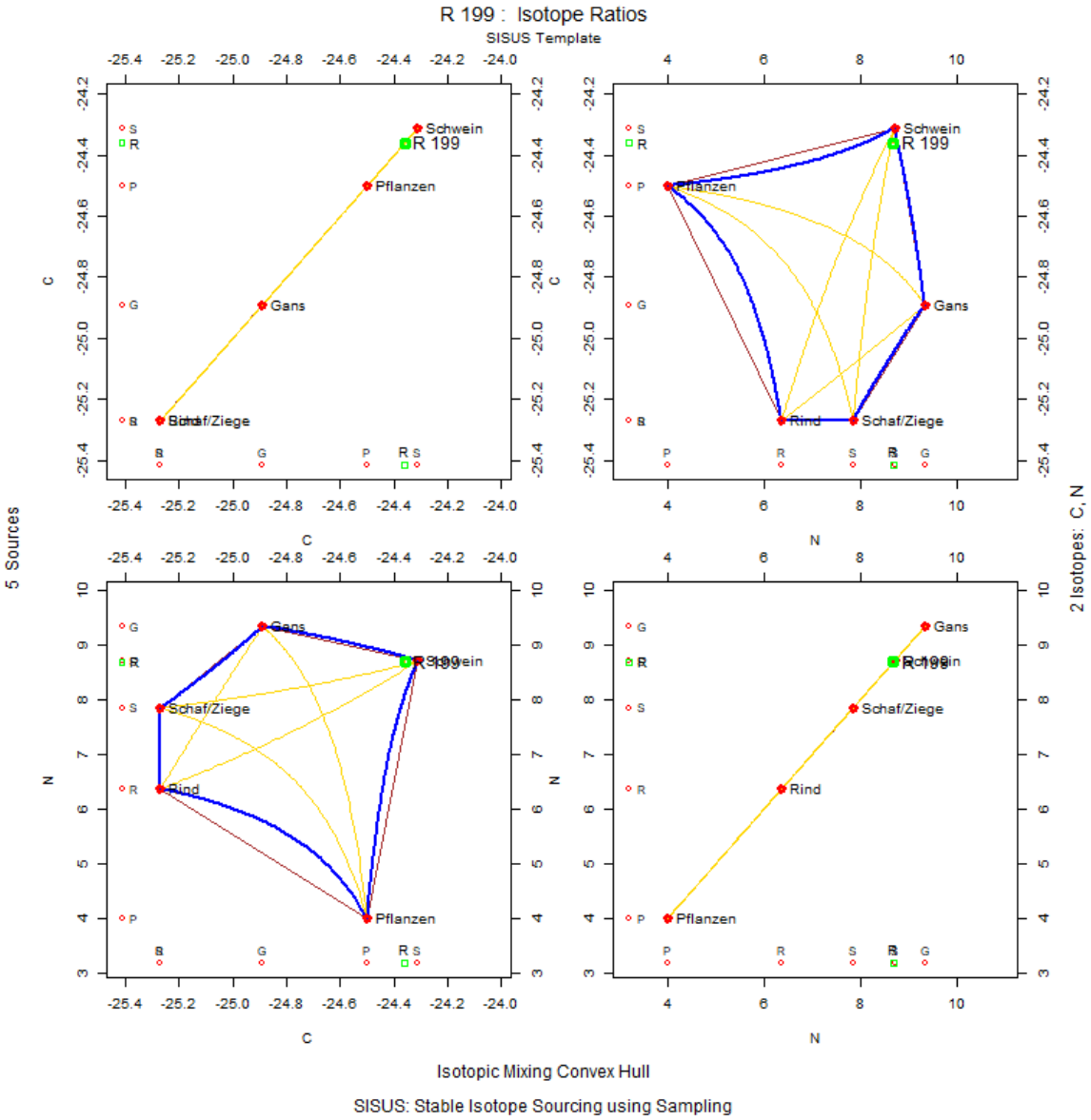


Abbildung 2444: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 199 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

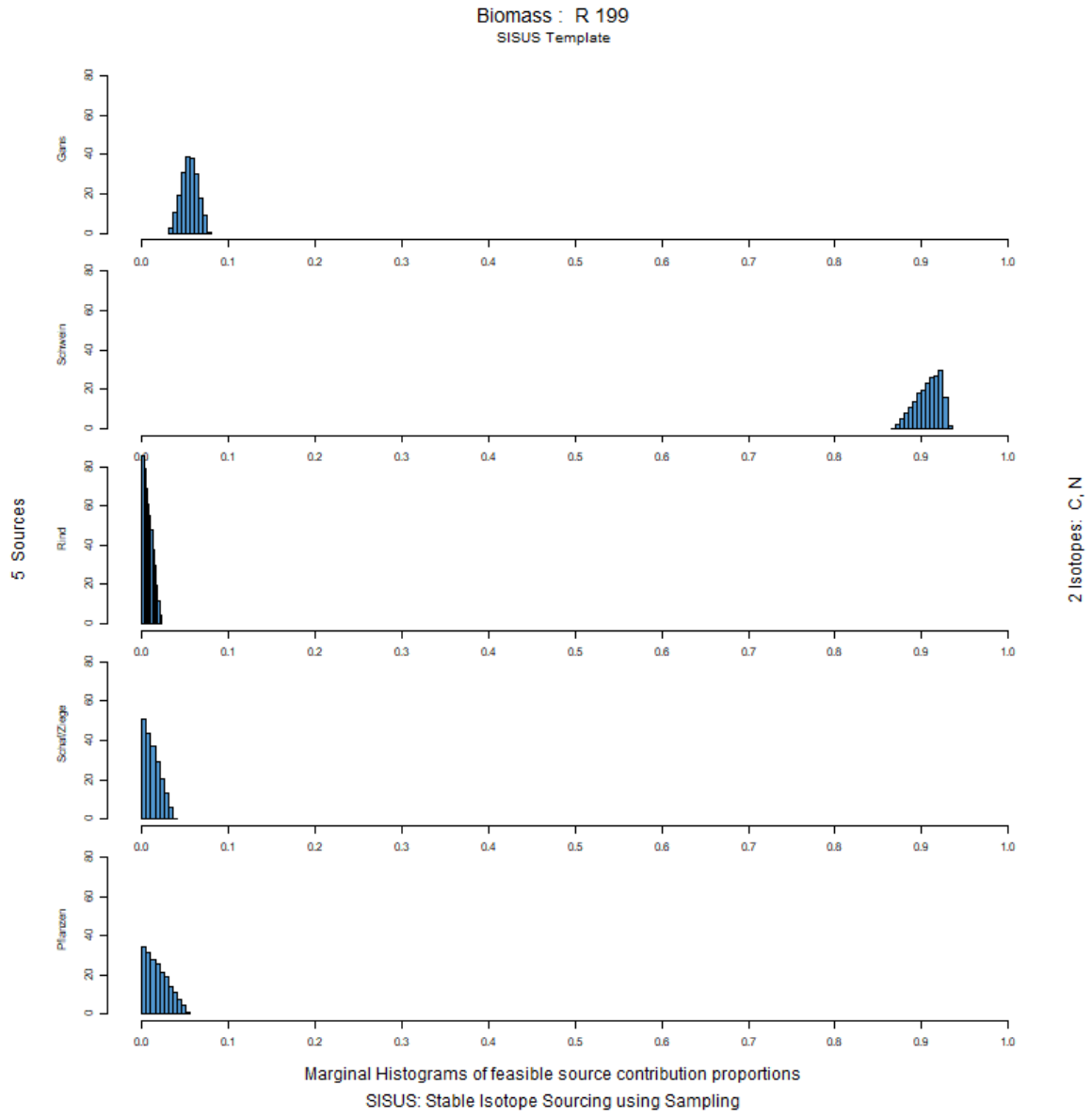


Abbildung 2445: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 199. Erstellt mit SISUS.

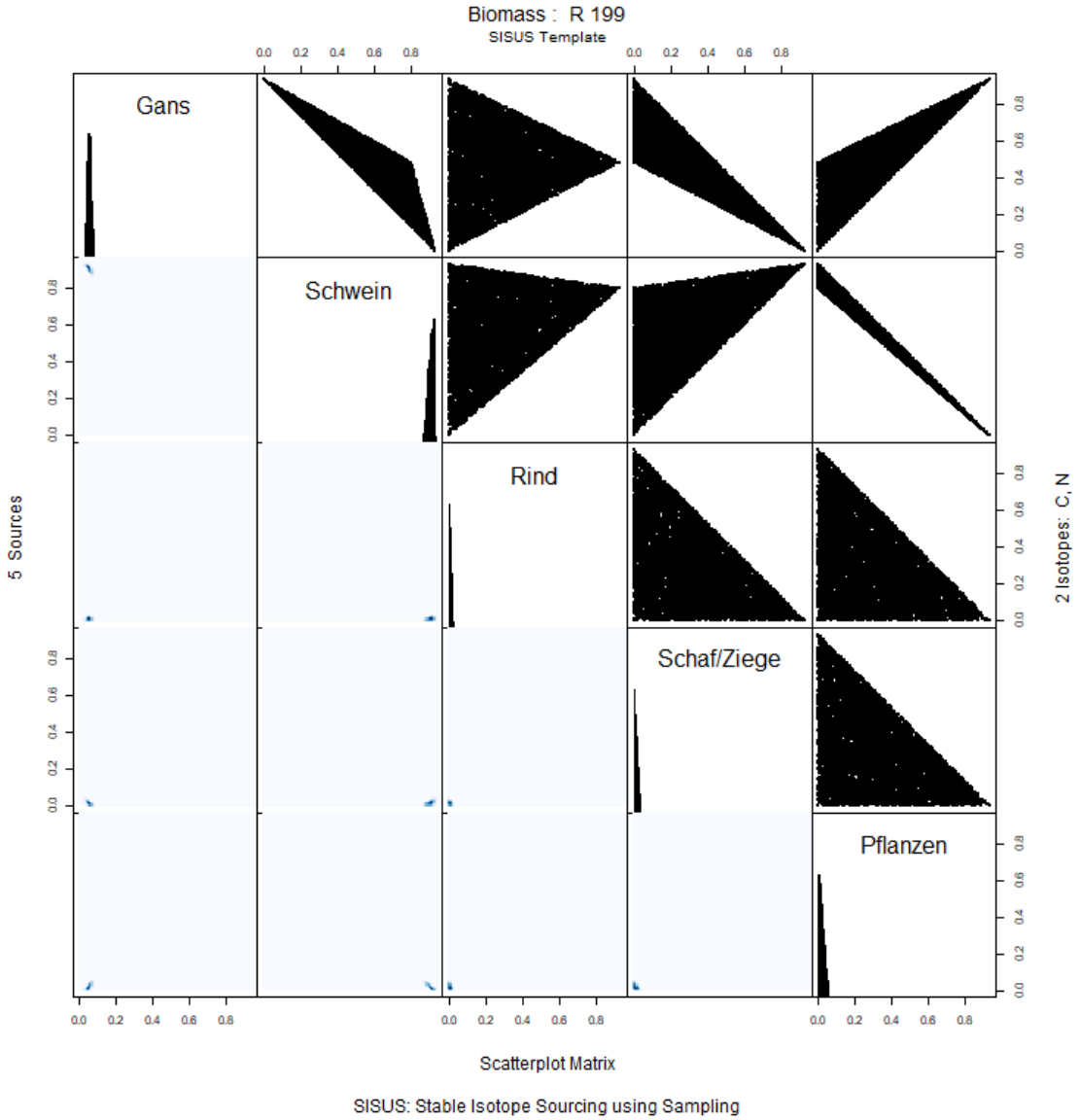


Abbildung 2446: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 199. Erstellt mit SISUS.

R201

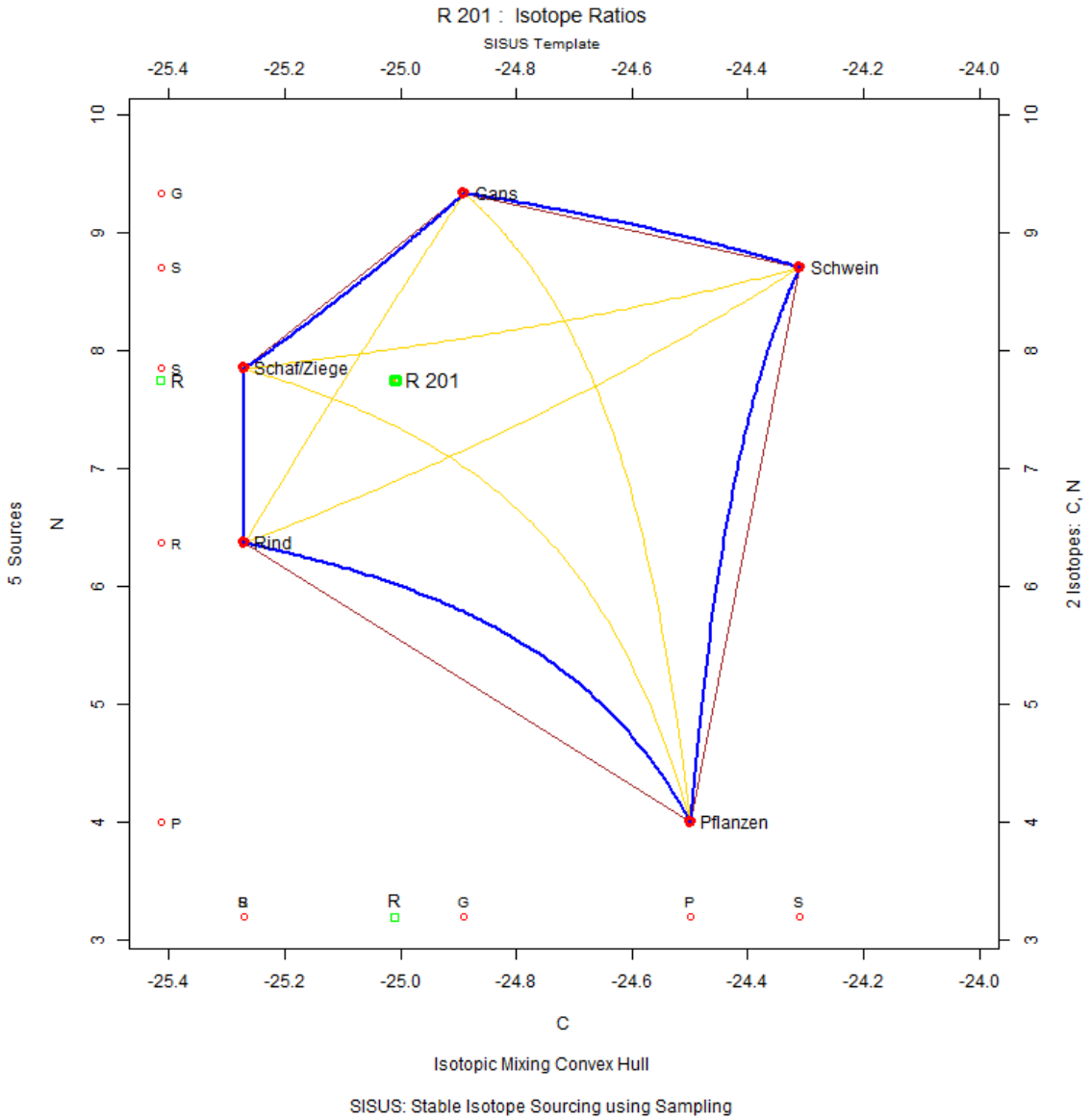


Abbildung 2447: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 201. Erstellt mit SISUS.

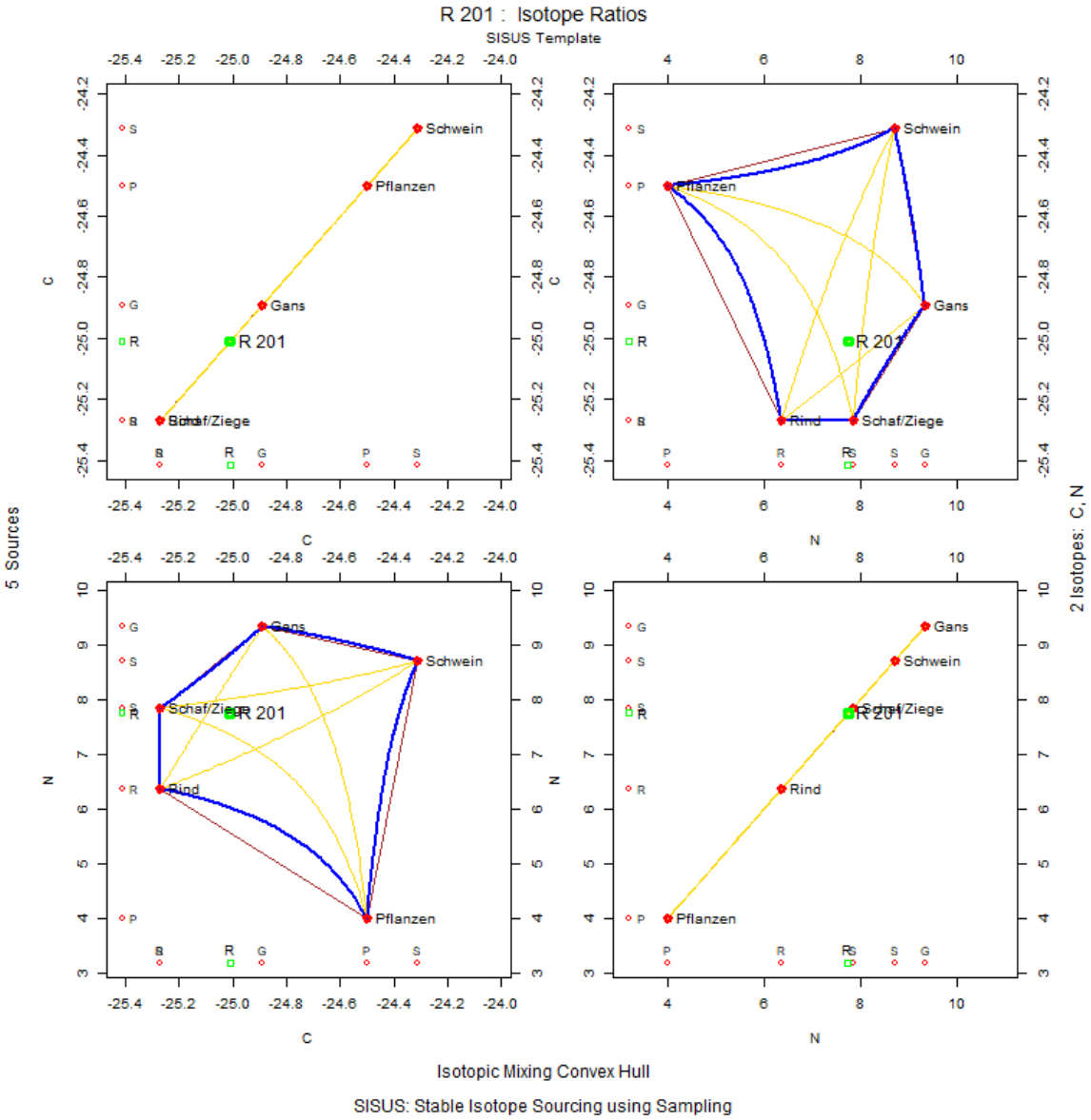


Abbildung 2448: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 201 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

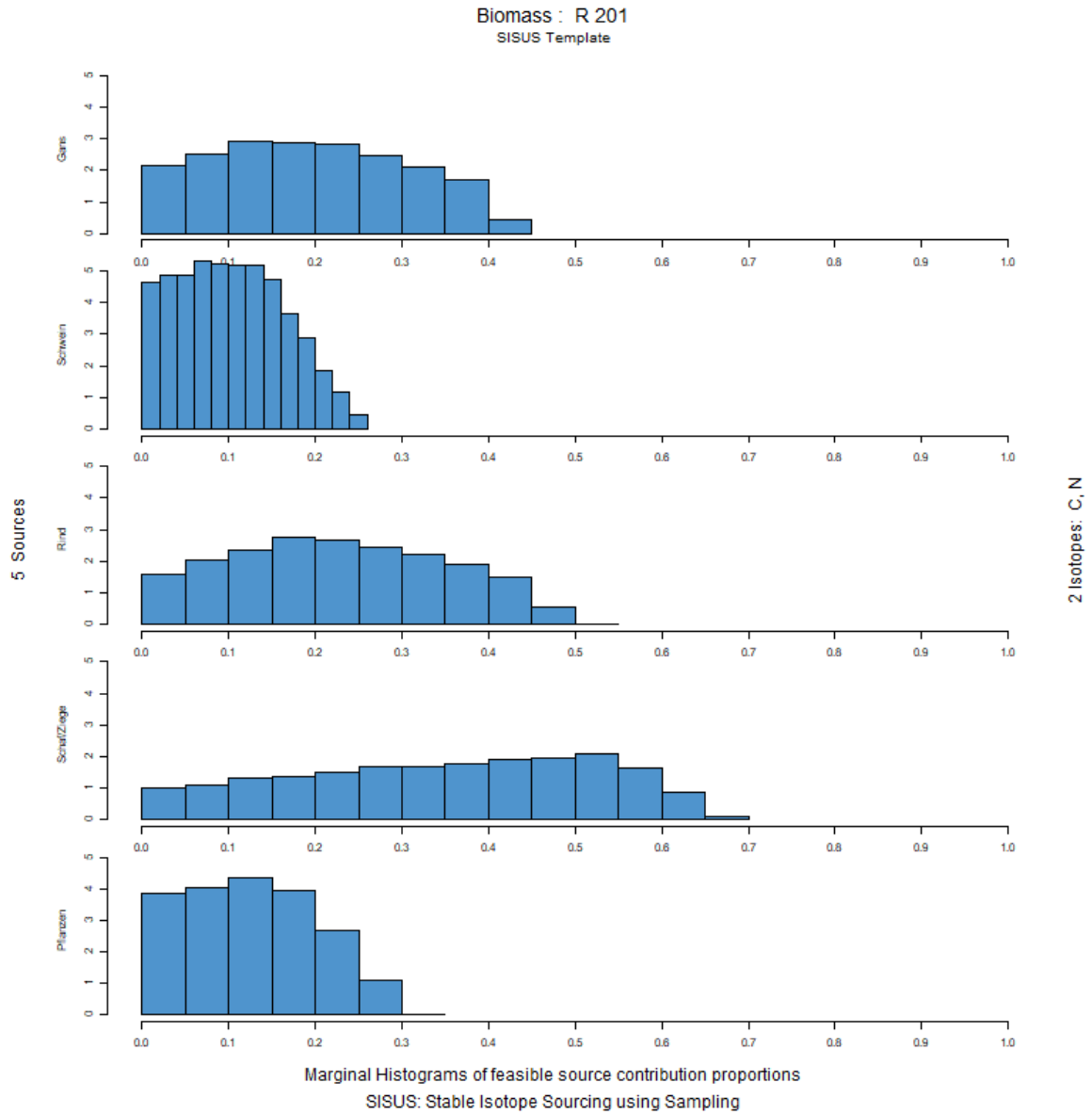


Abbildung 2449: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 201. Erstellt mit SISUS.

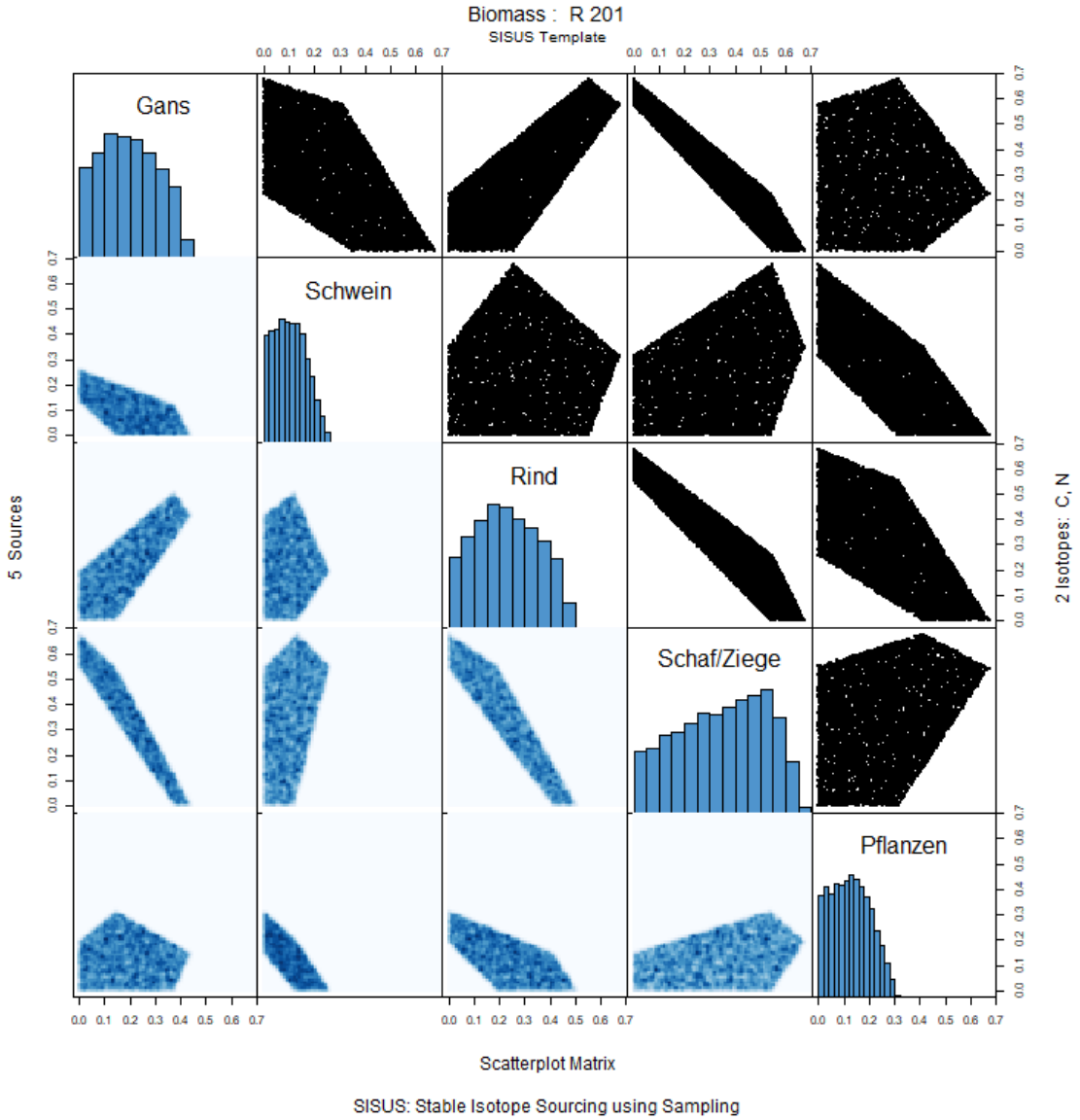


Abbildung 2450: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 201. Erstellt mit SISUS.

R208

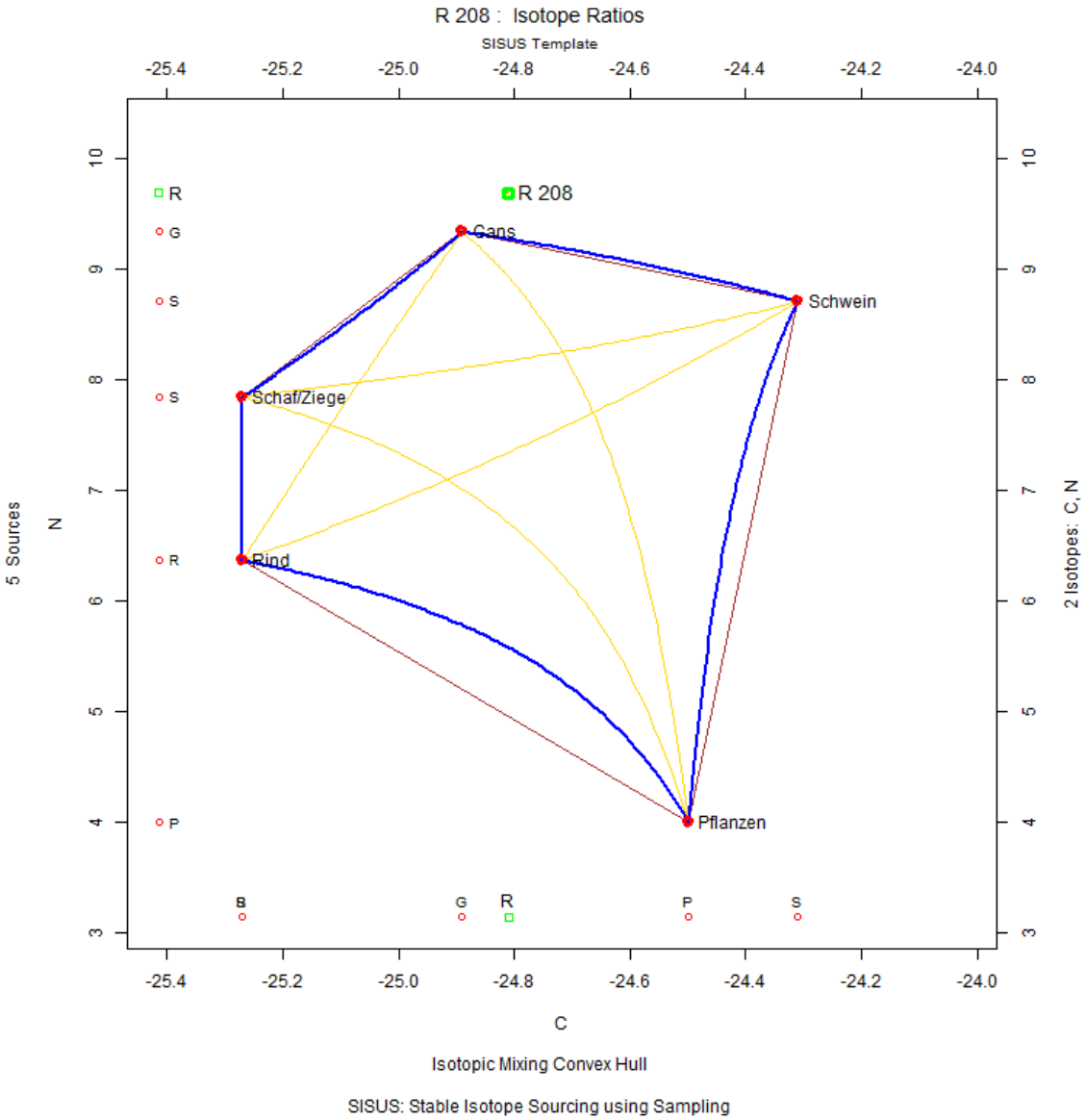


Abbildung 2451: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 208. Erstellt mit SISUS.

R212

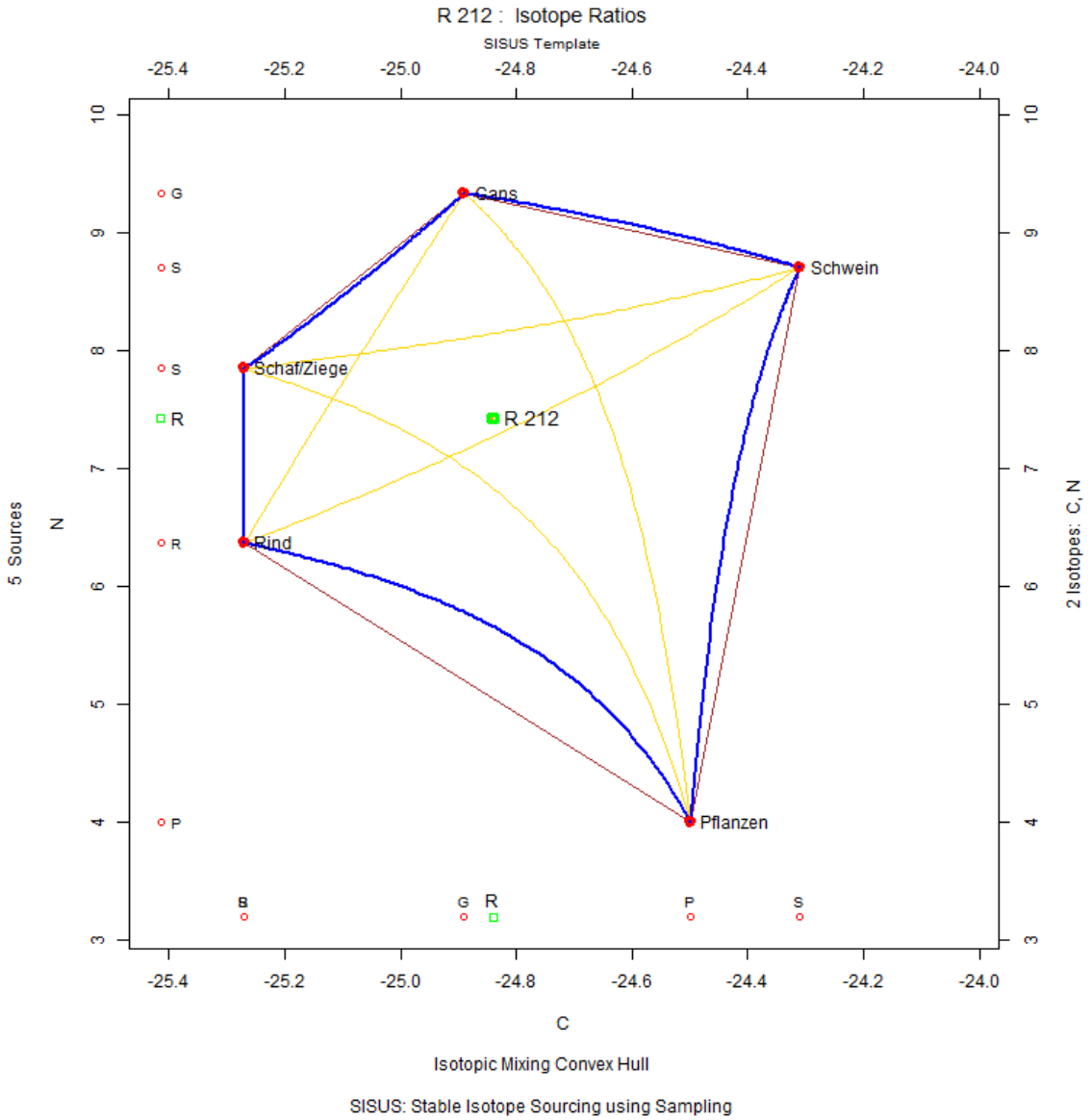


Abbildung 2452: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 212. Erstellt mit SISUS.

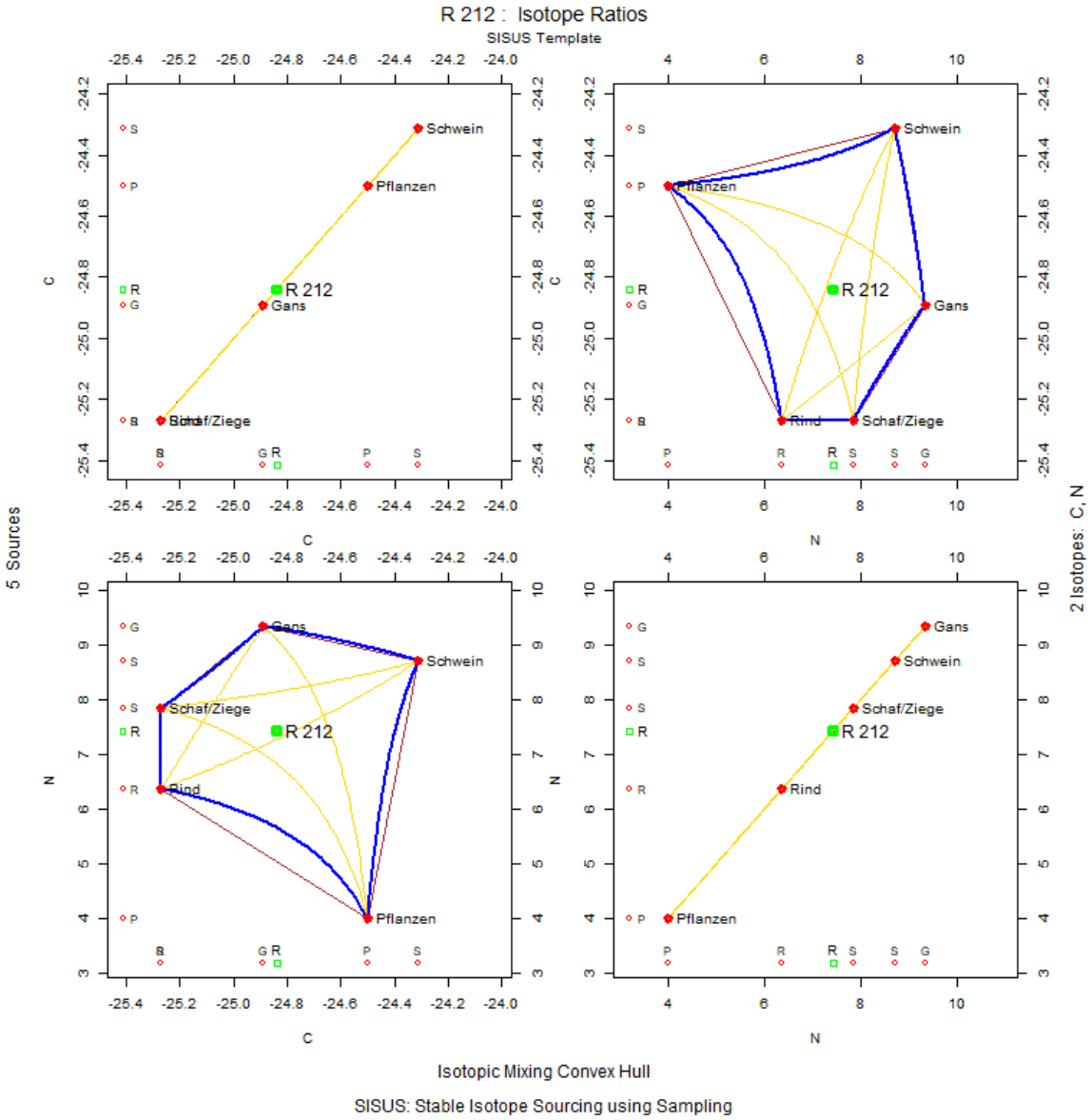


Abbildung 2453: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 212 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

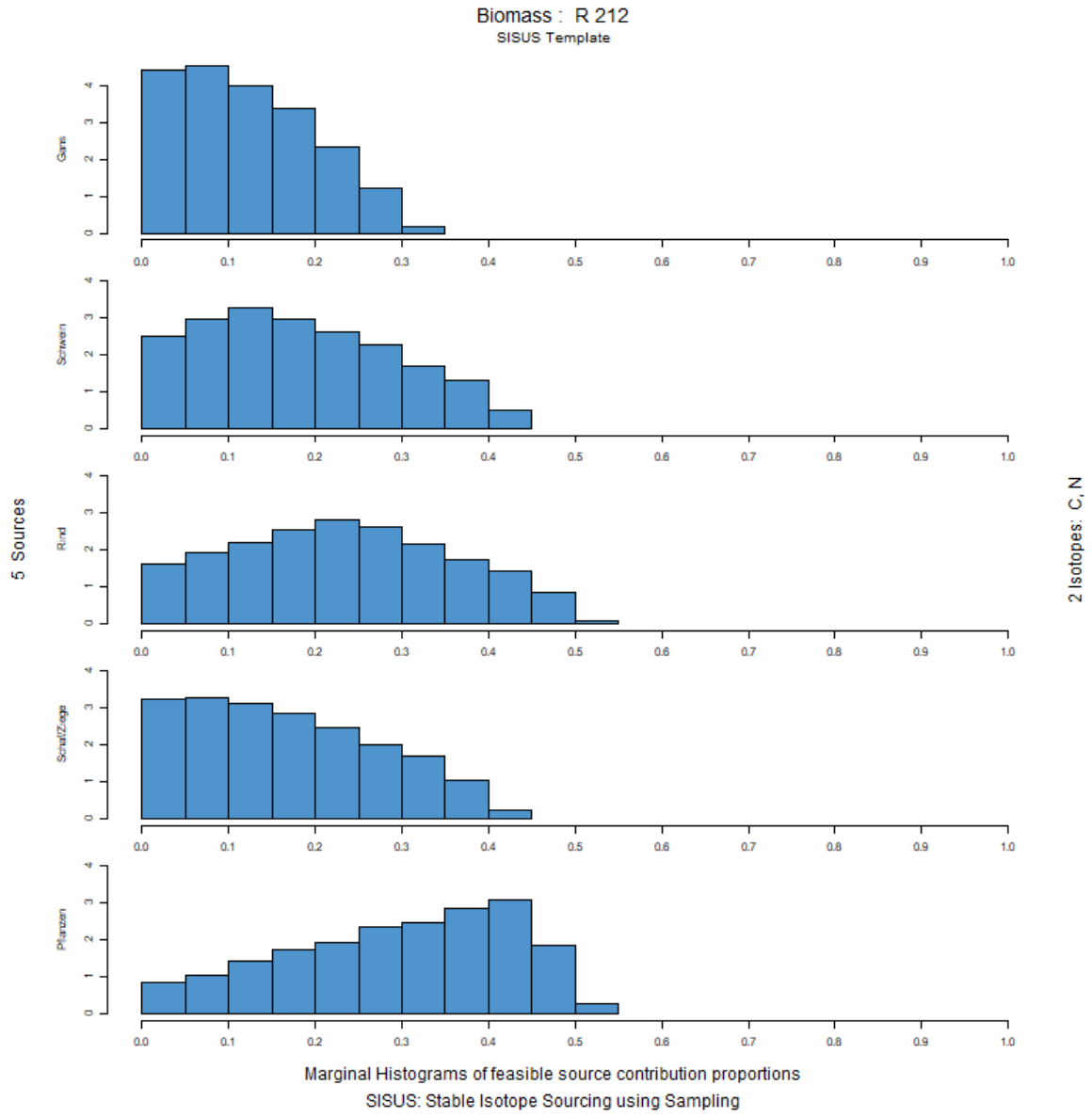


Abbildung 2454: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 212. Erstellt mit SISUS.

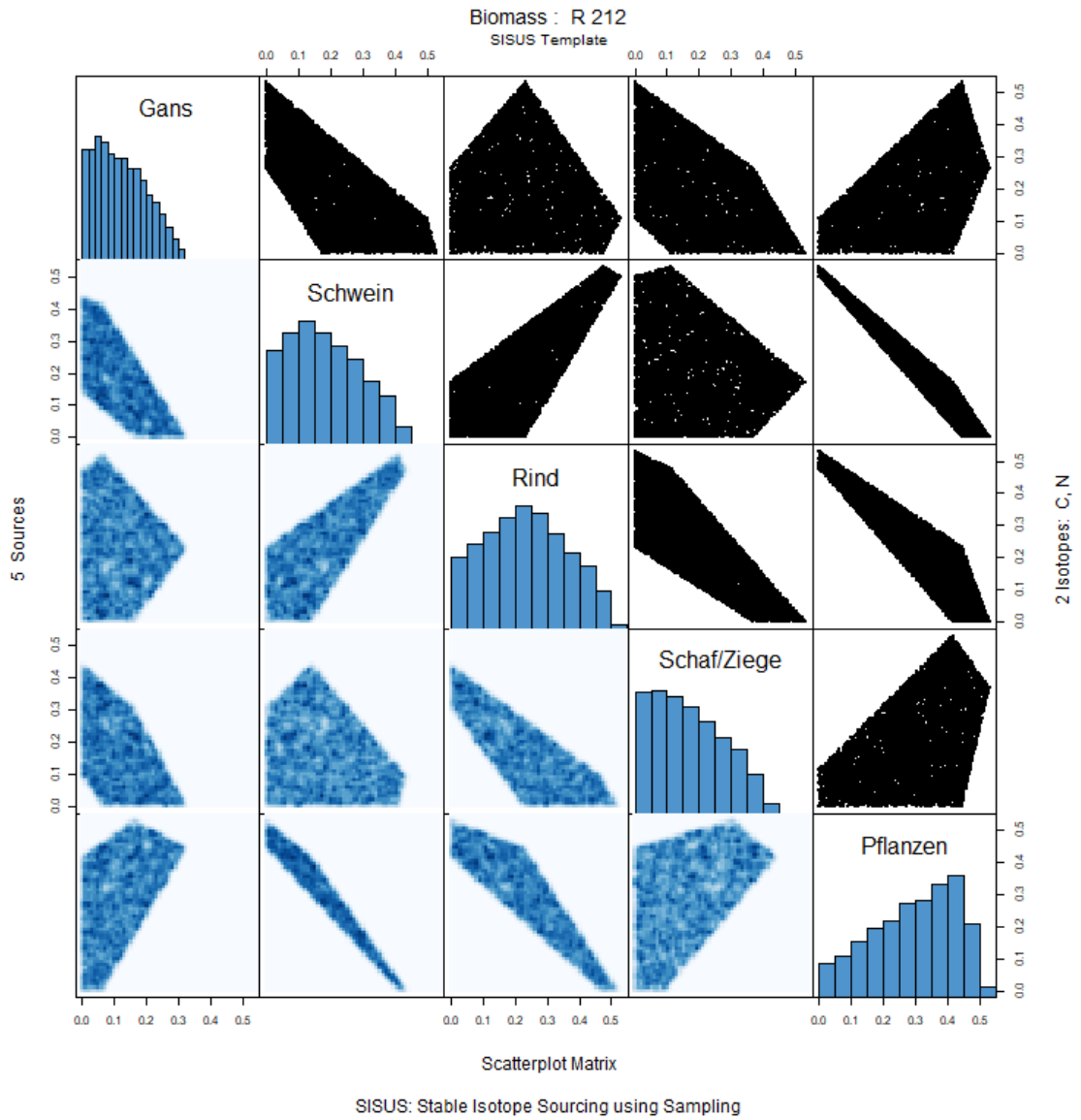


Abbildung 2455: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 212. Erstellt mit SISUS.

R214

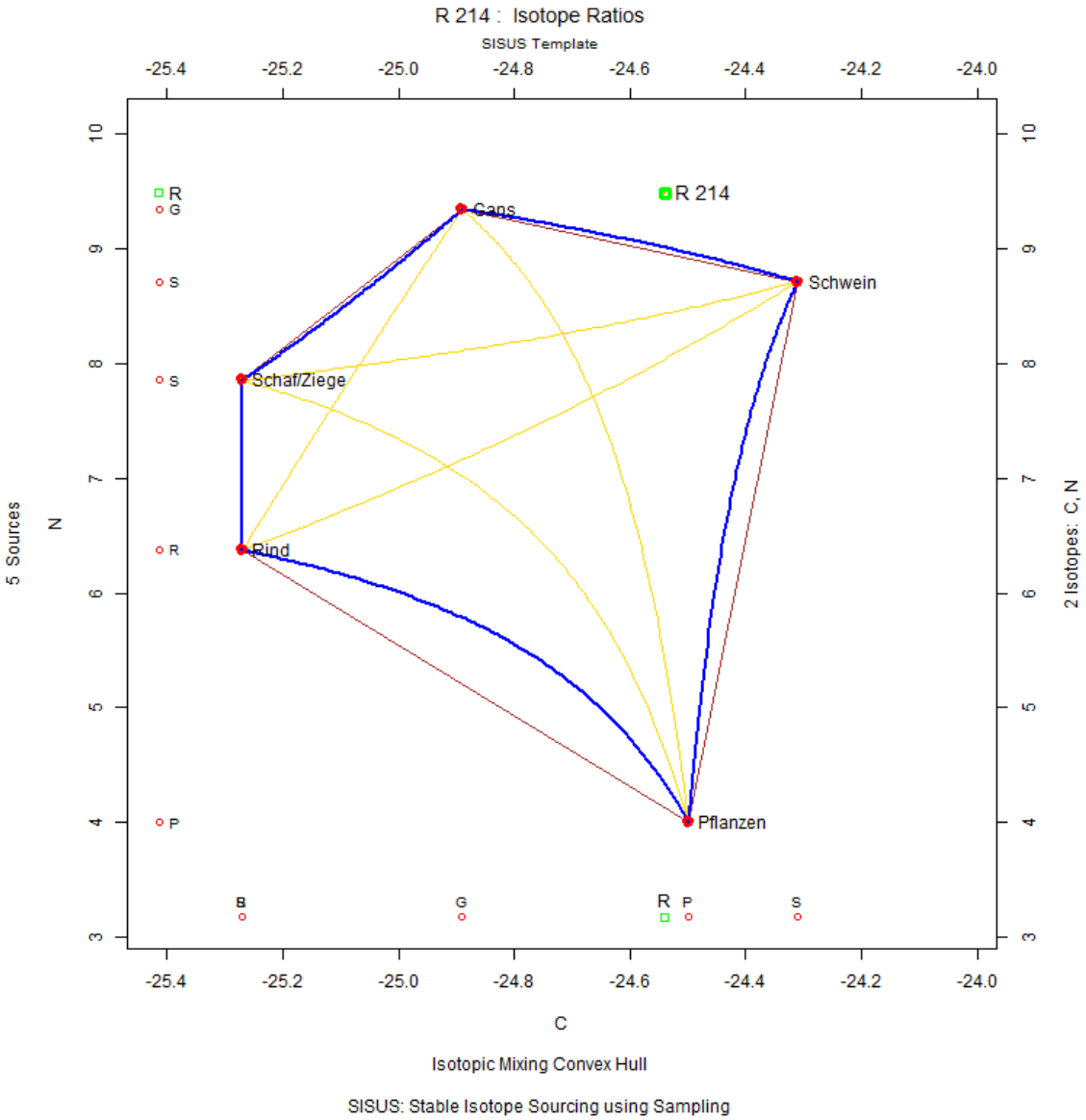


Abbildung 2456: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 214. Erstellt mit SISUS.

R216

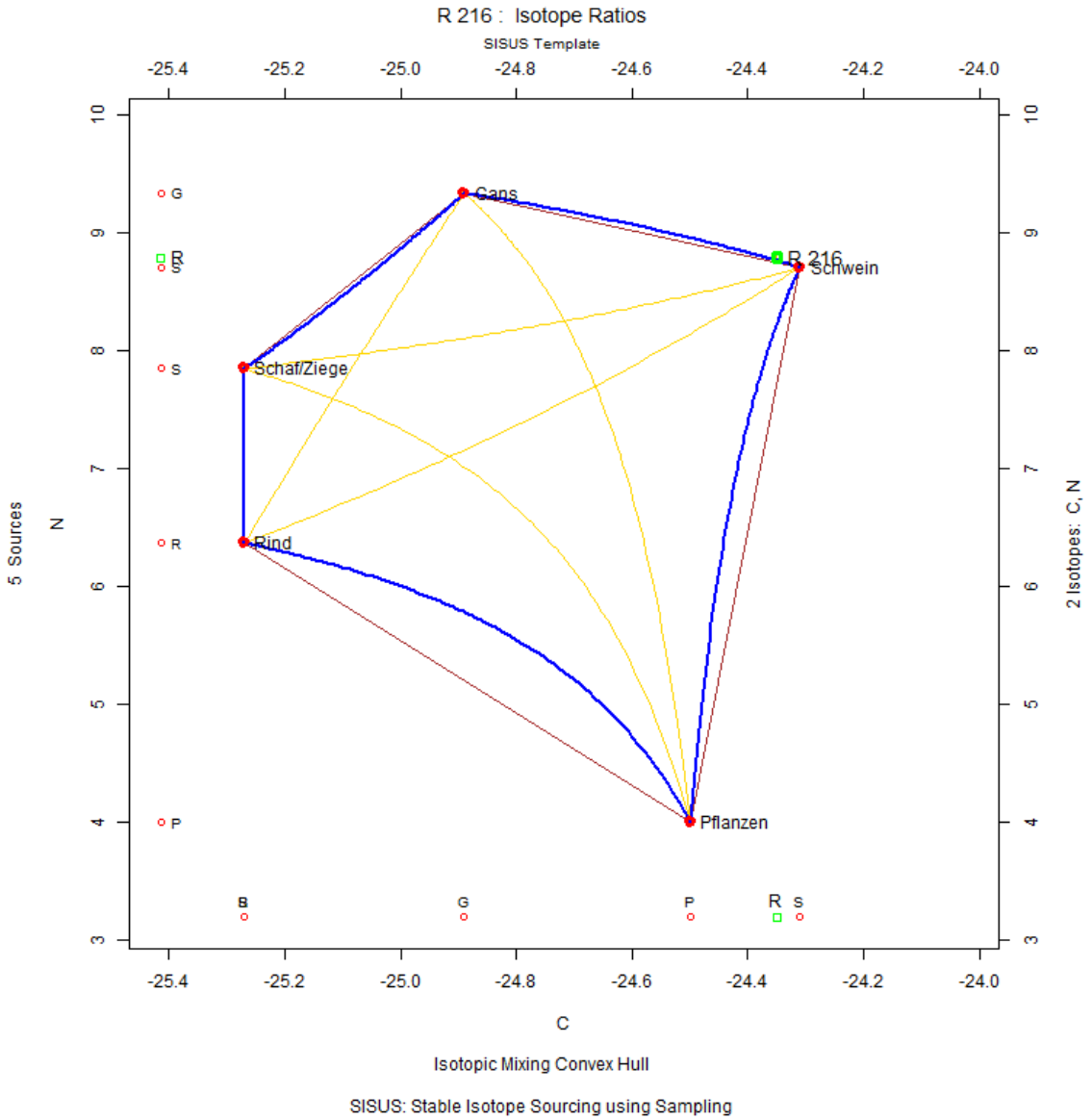


Abbildung 2457: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 216. Erstellt mit SISUS.

R221

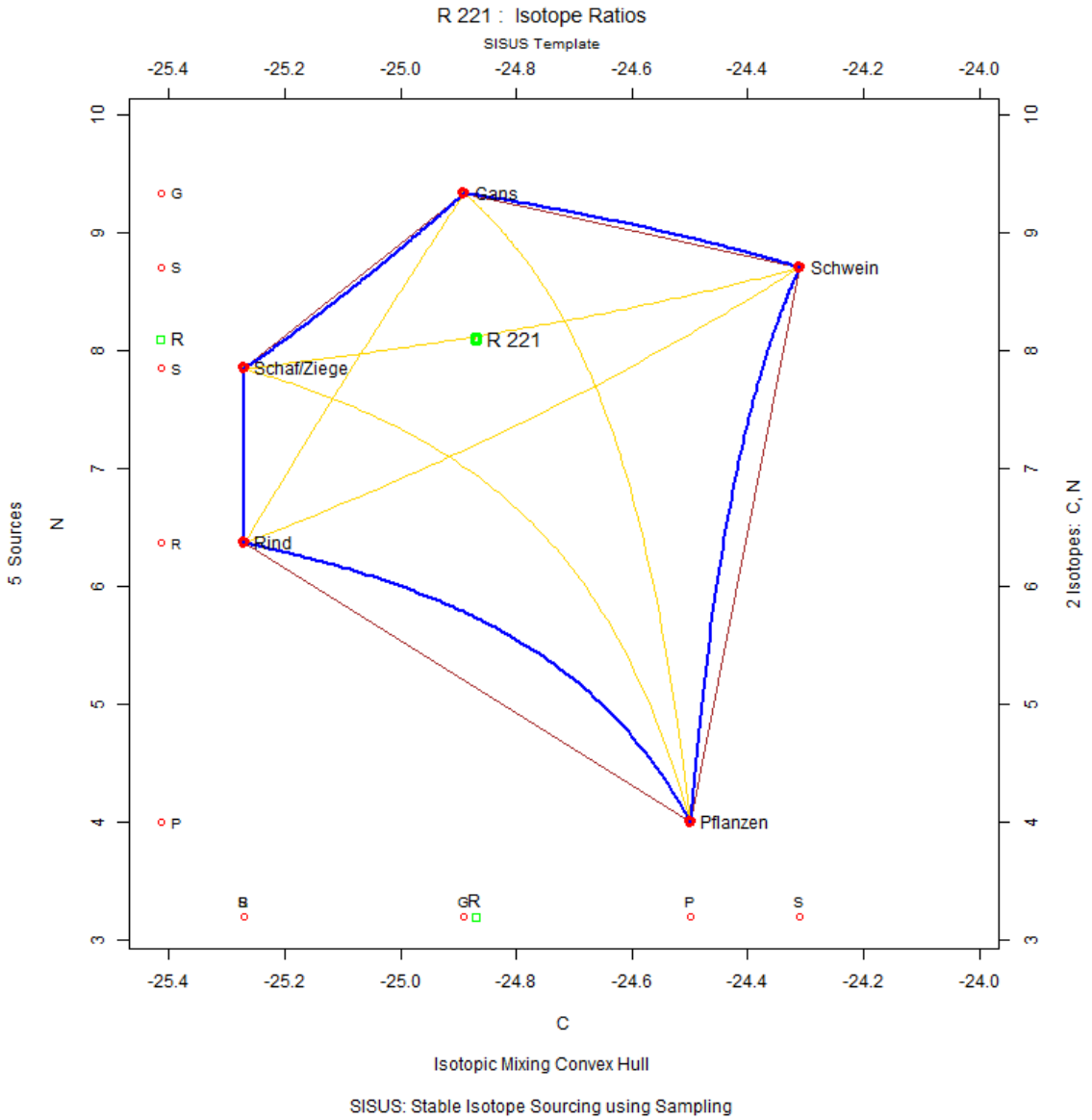


Abbildung 2458: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 221. Erstellt mit SISUS.

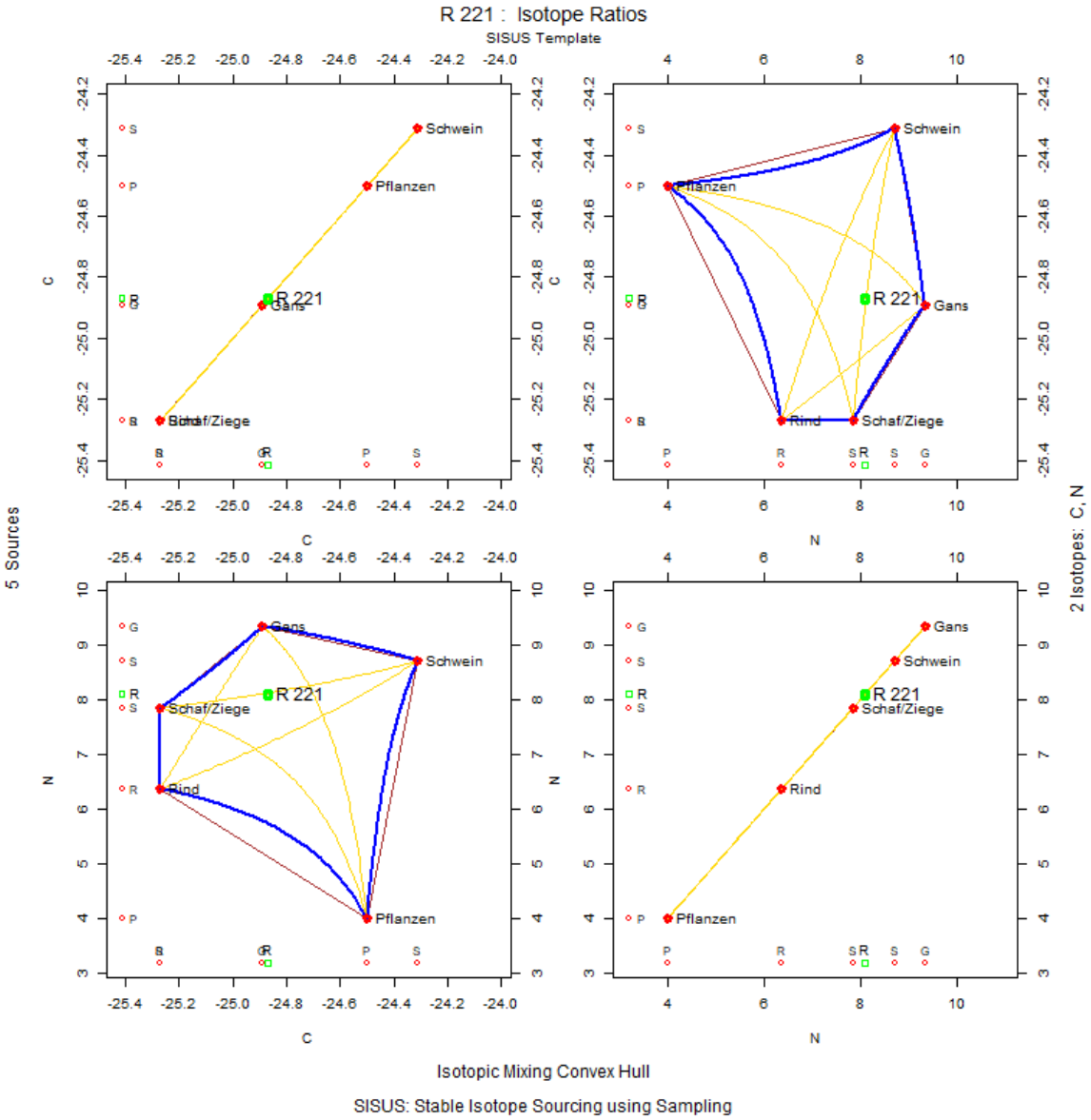


Abbildung 2459: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 221 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

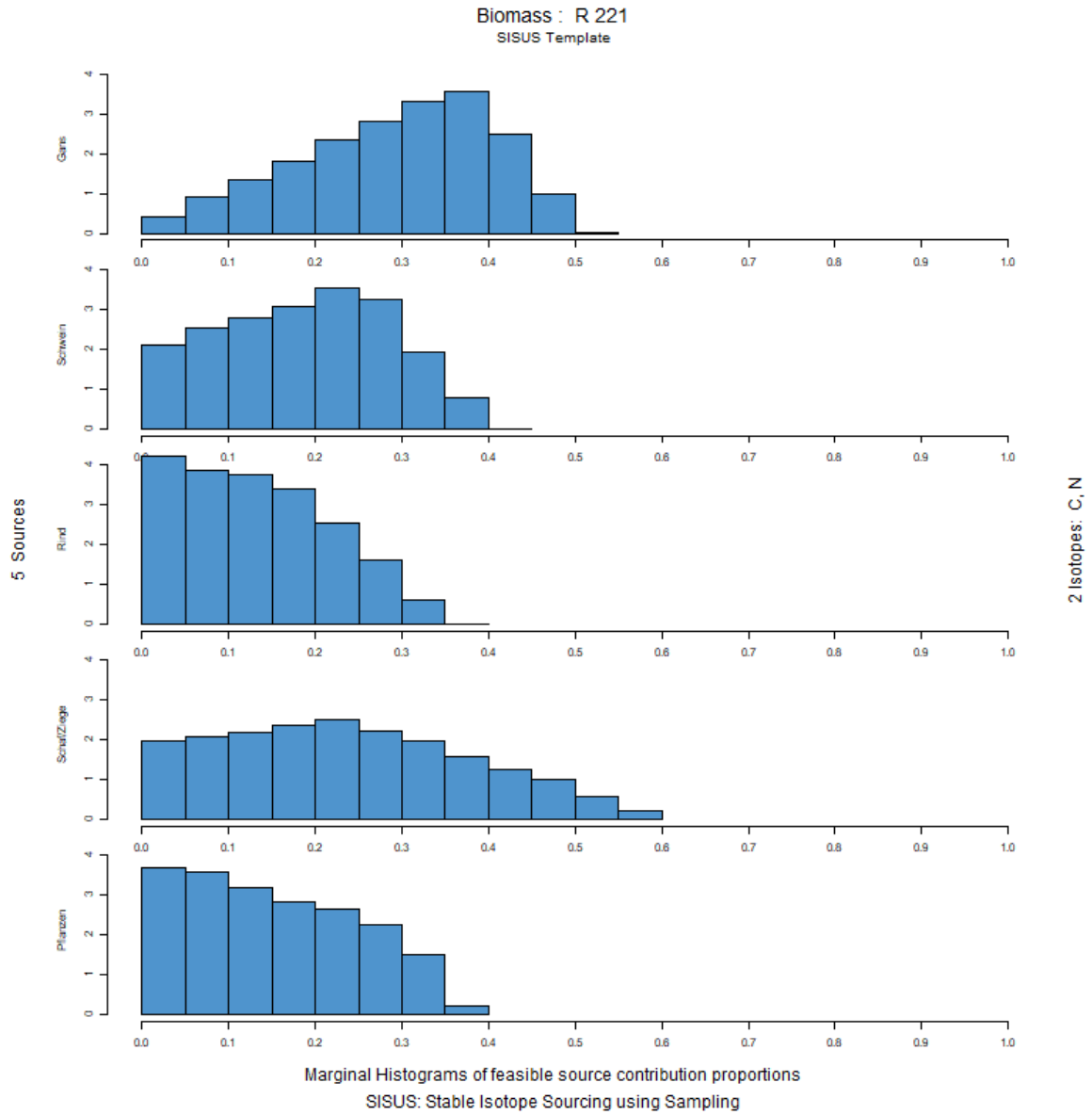


Abbildung 2460: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 221. Erstellt mit SISUS.

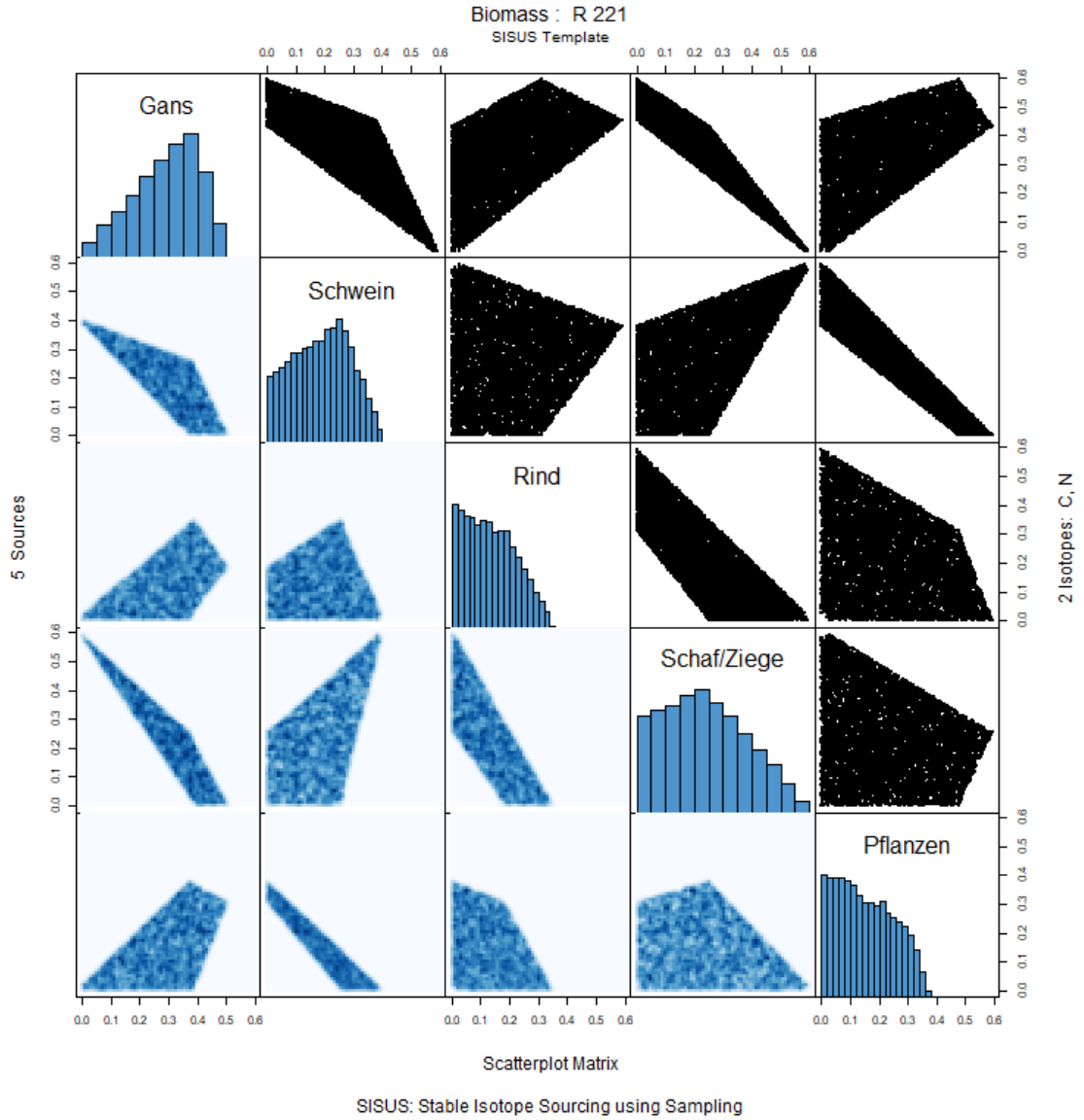


Abbildung 2461: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 221. Erstellt mit SISUS.

R227

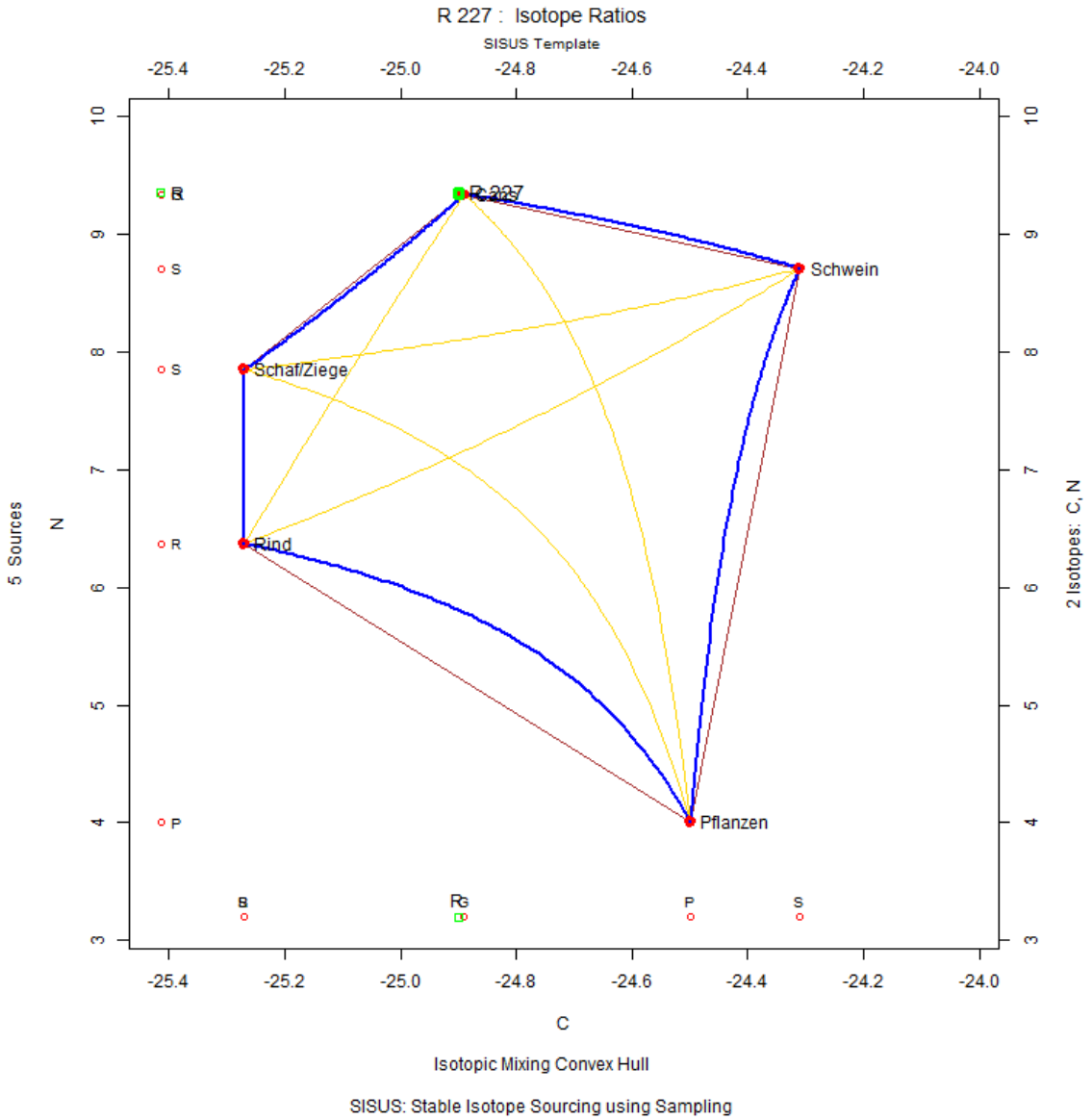


Abbildung 2462: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 227. Erstellt mit SISUS.

R247

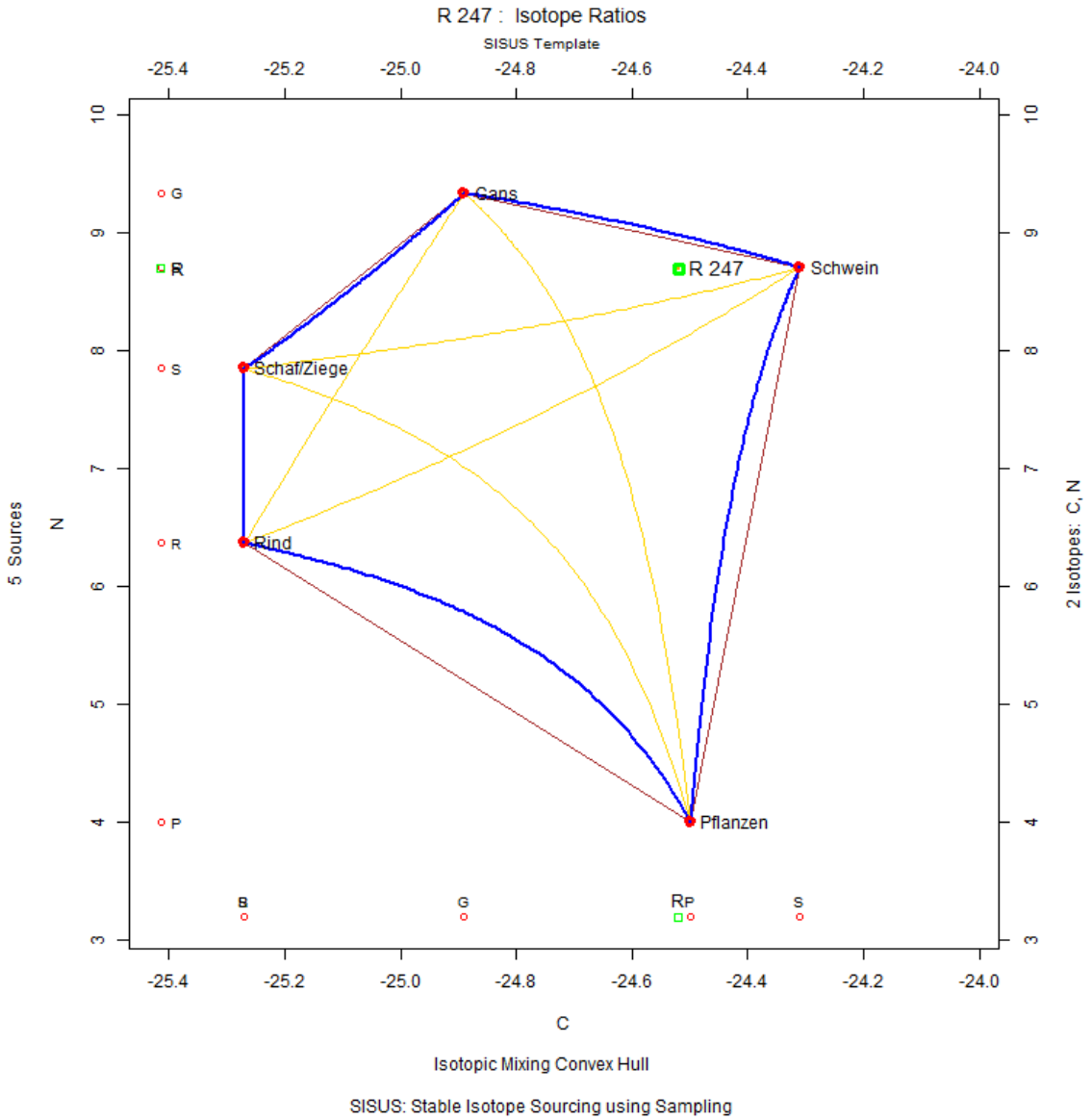


Abbildung 2463: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 247. Erstellt mit SISUS.

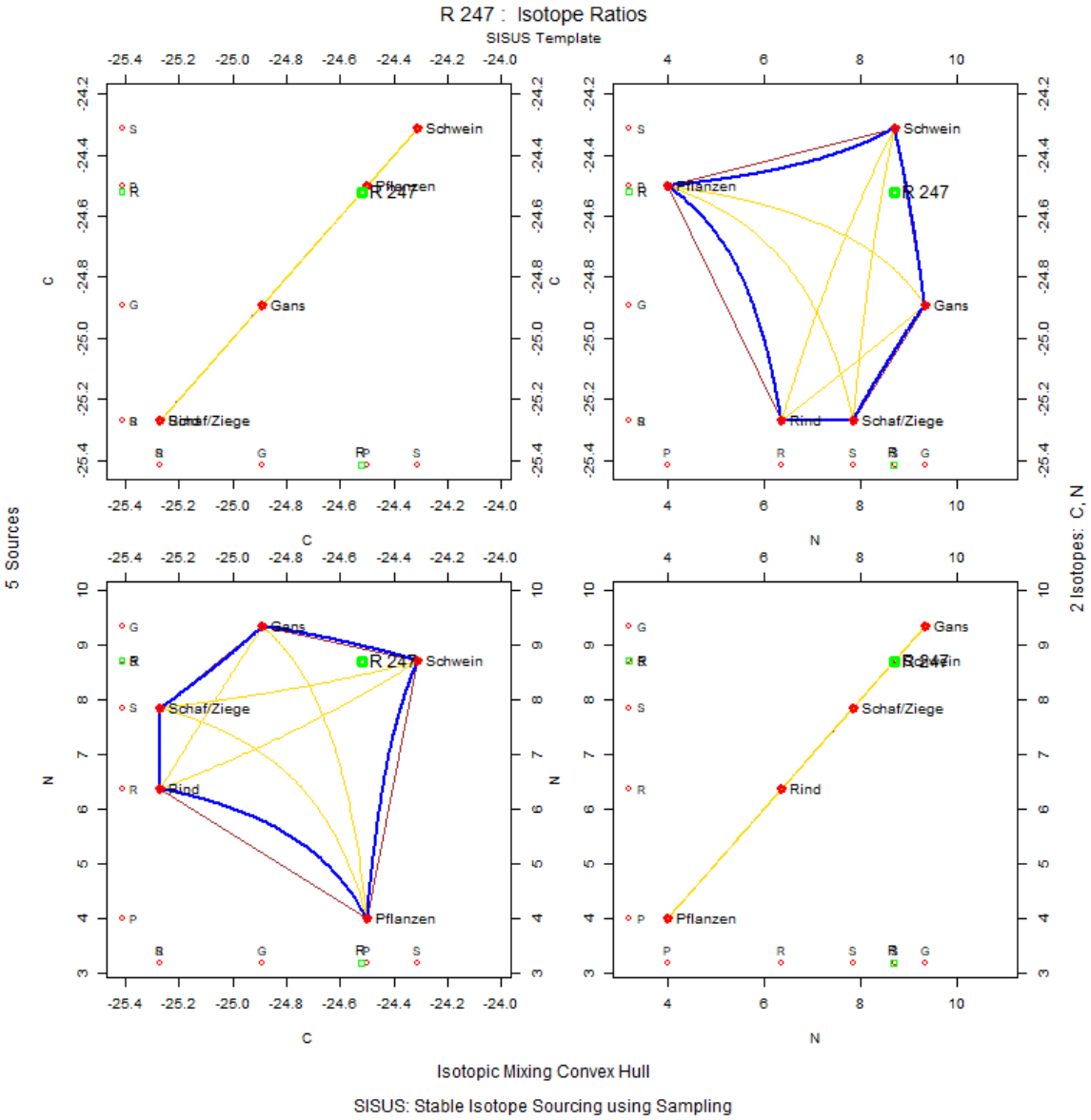


Abbildung 2464: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 247 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

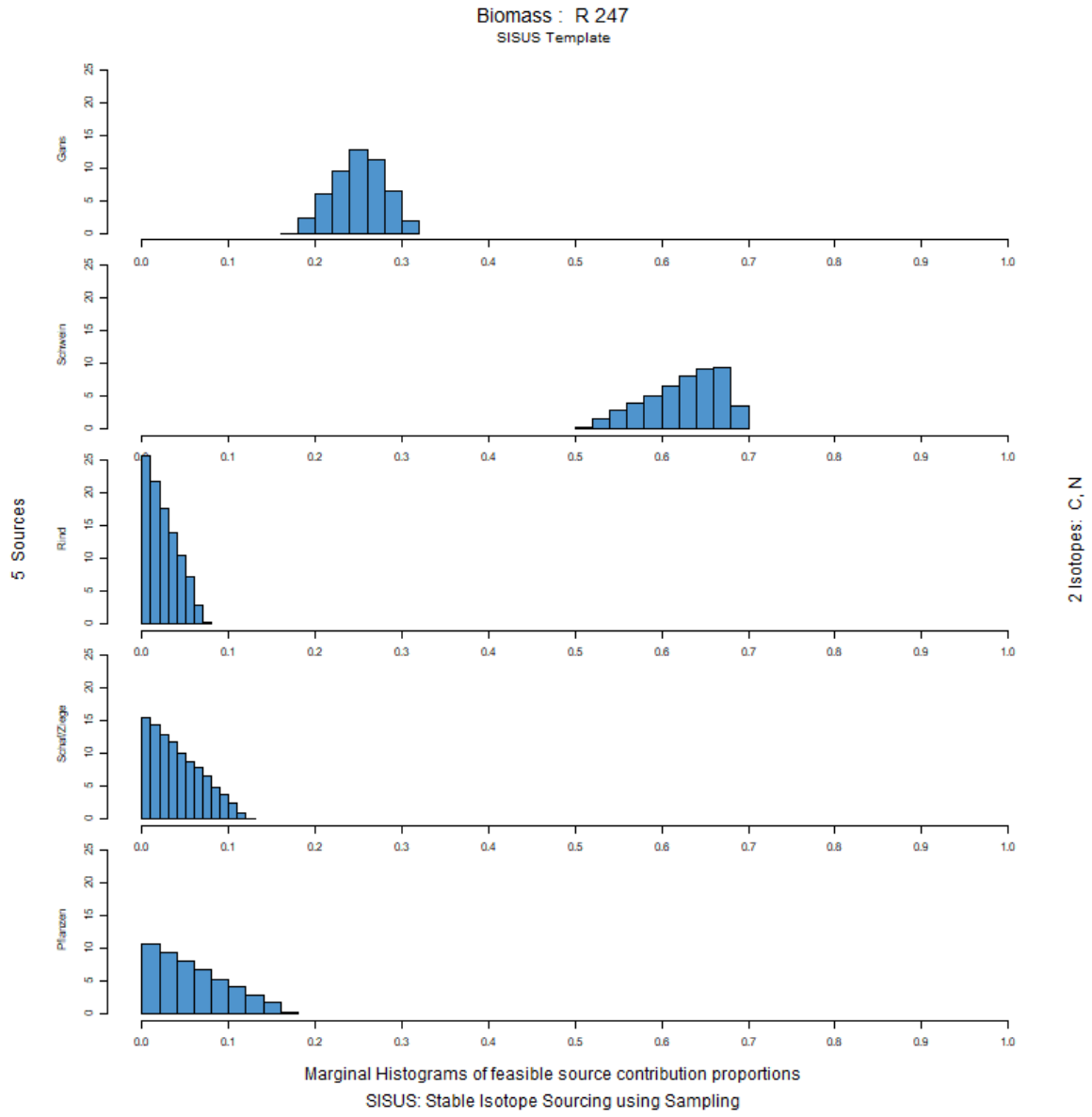


Abbildung 2465: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 247. Erstellt mit SISUS.

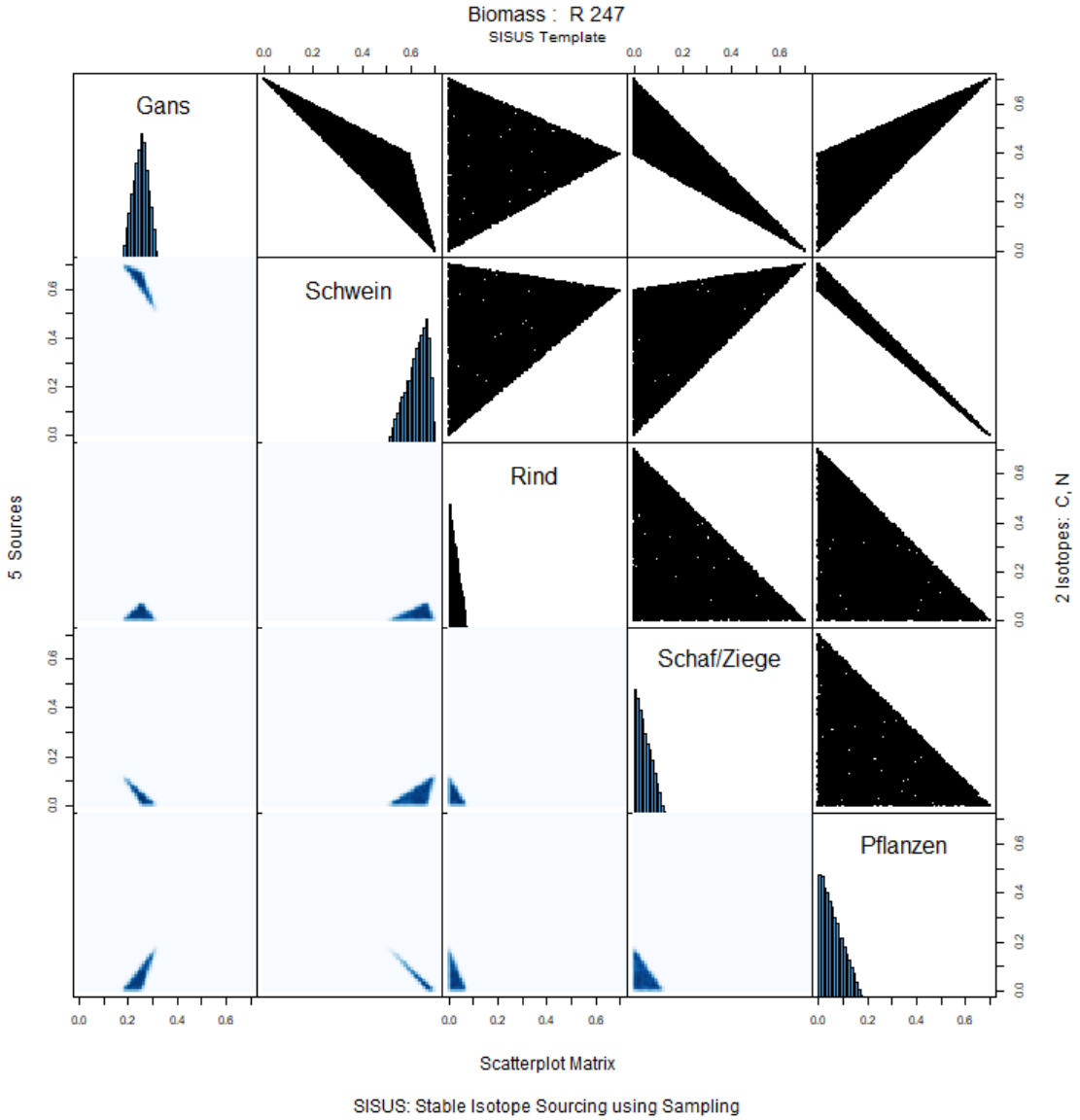


Abbildung 2466: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 247. Erstellt mit SISUS.

R249

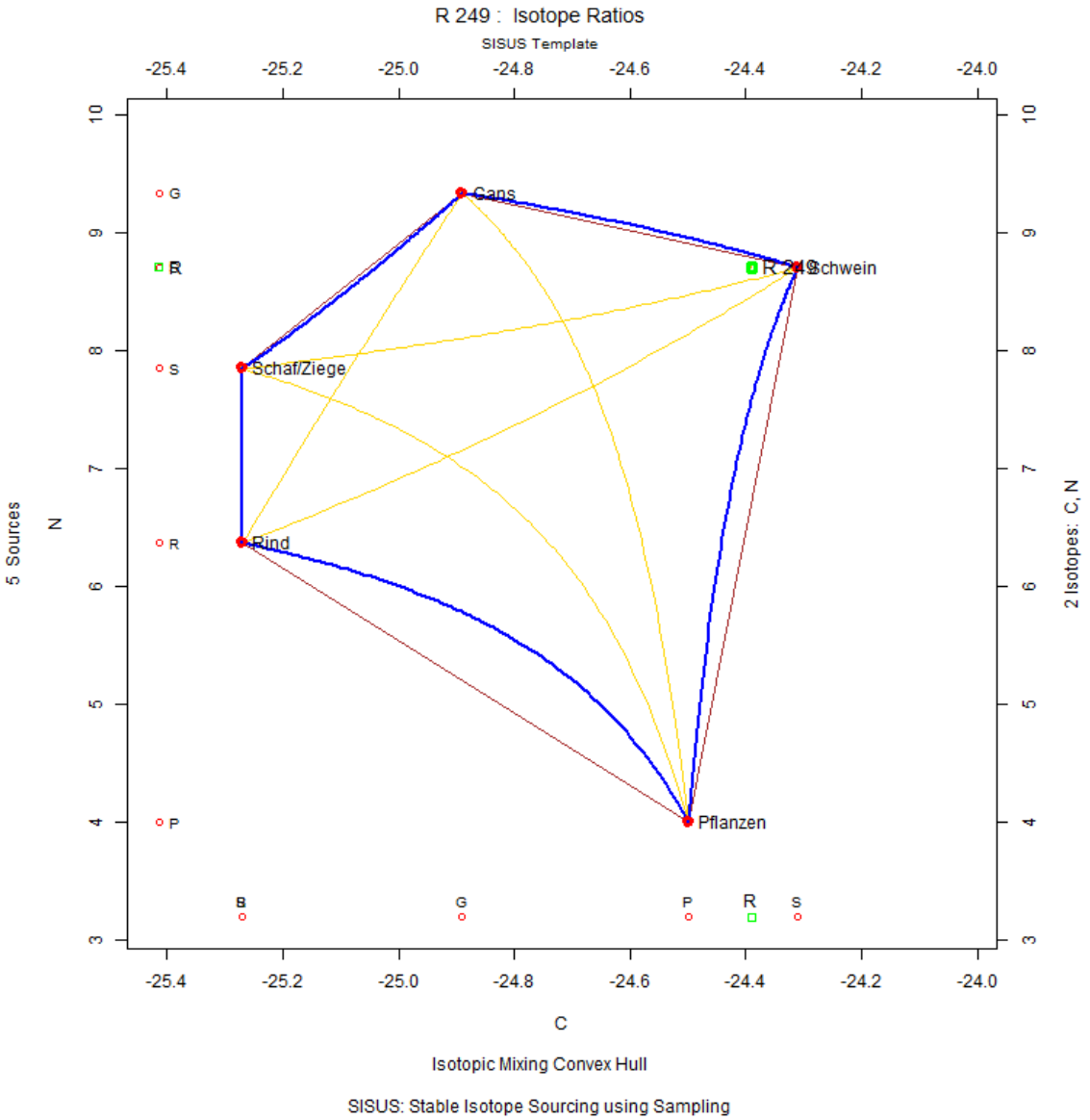


Abbildung 2467: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 249. Erstellt mit SISUS.

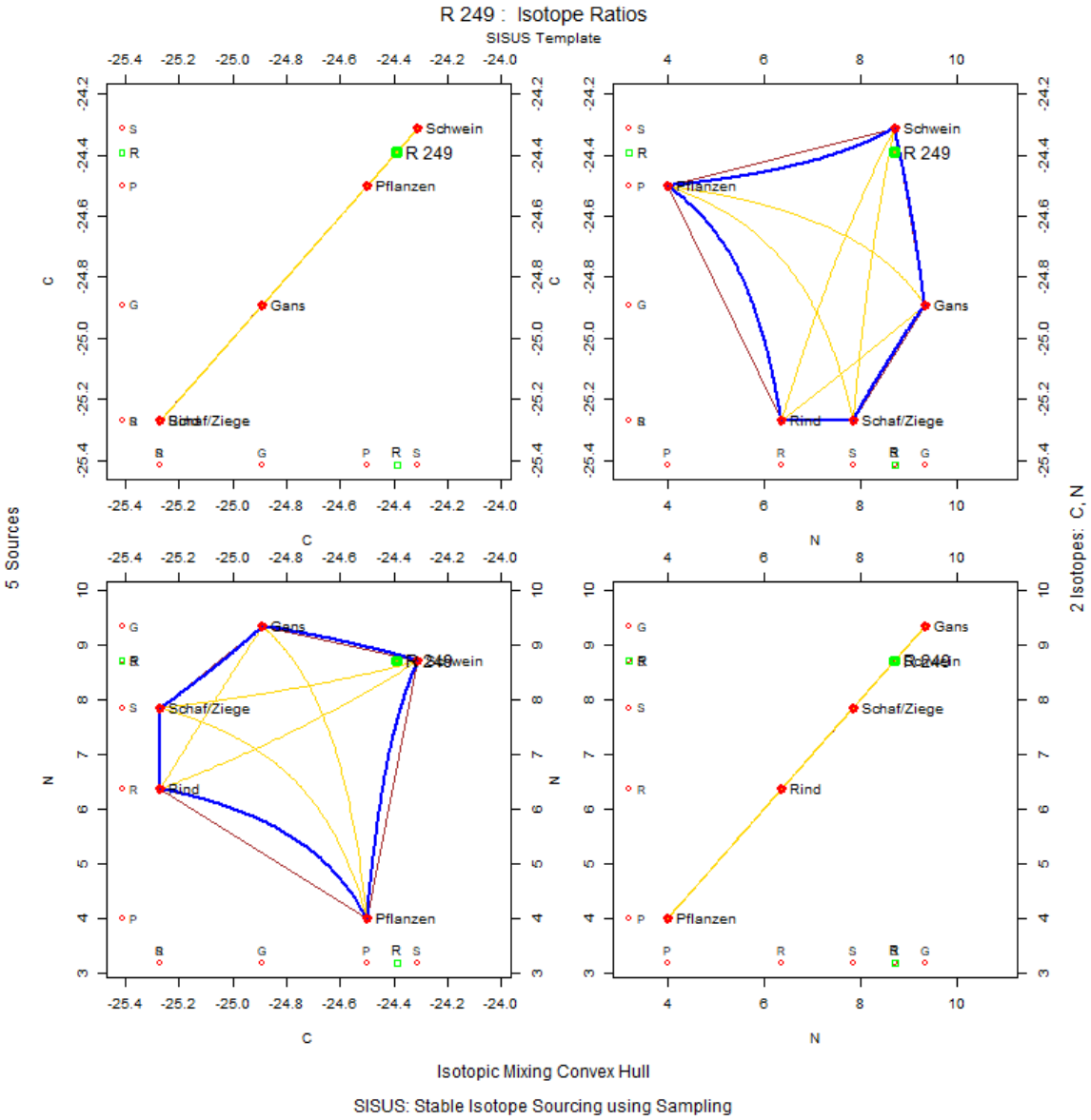


Abbildung 2468: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 249 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

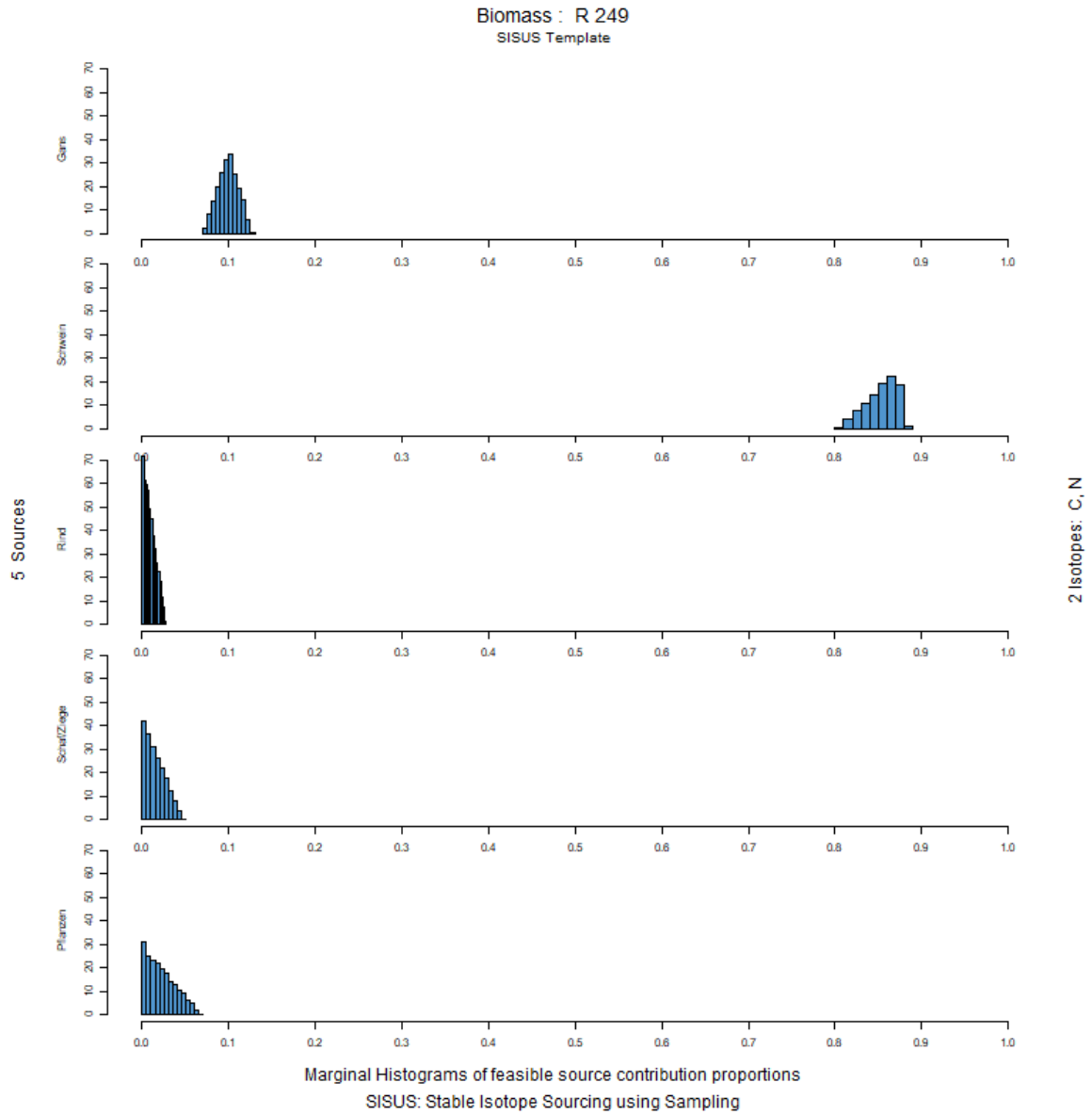


Abbildung 2469: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 249. Erstellt mit SISUS.

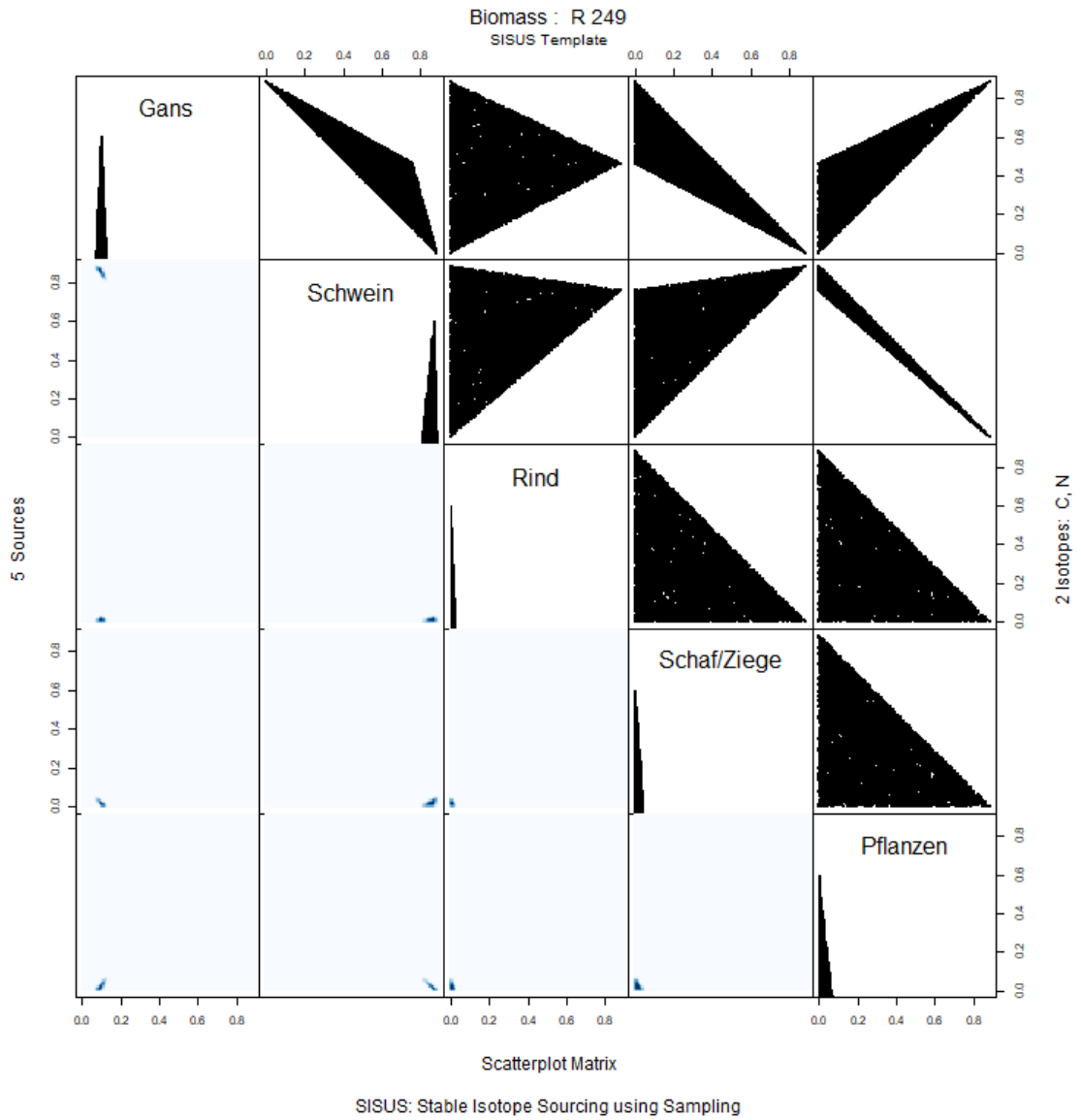


Abbildung 2470: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 249. Erstellt mit SISUS.

R260

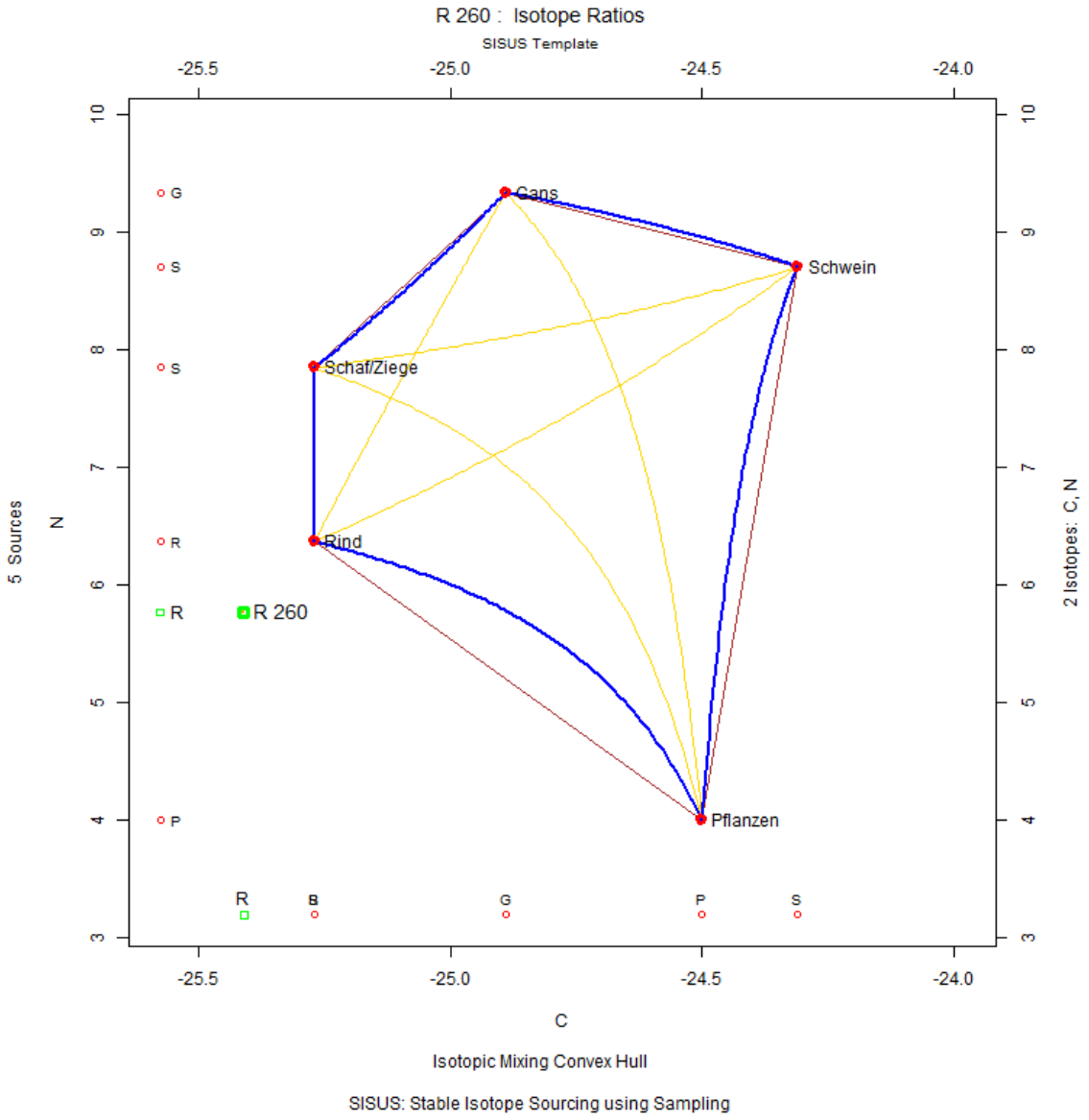


Abbildung 2471: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 260. Erstellt mit SISUS.

R261

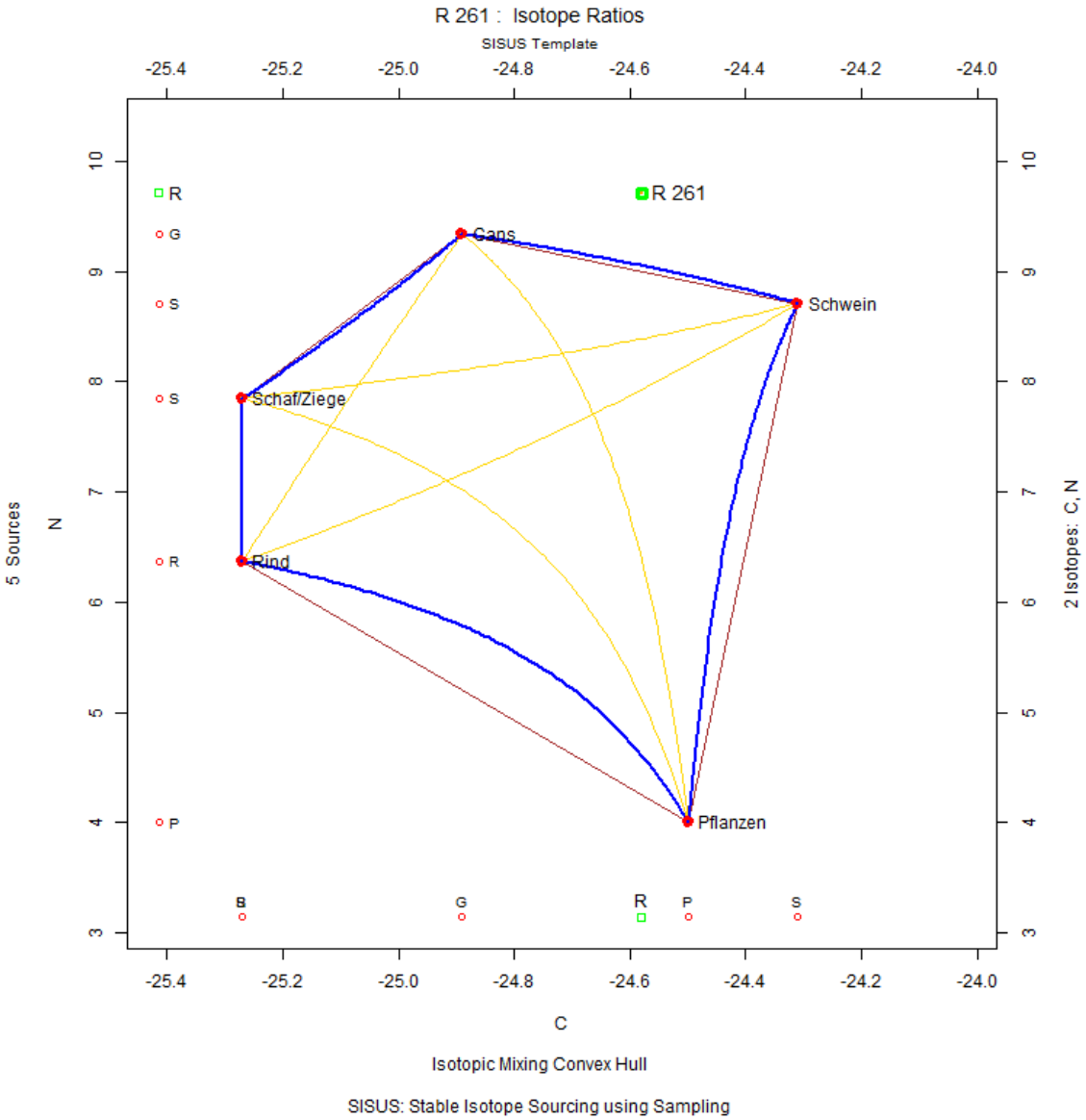


Abbildung 2472: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 261. Erstellt mit SISUS.

R273

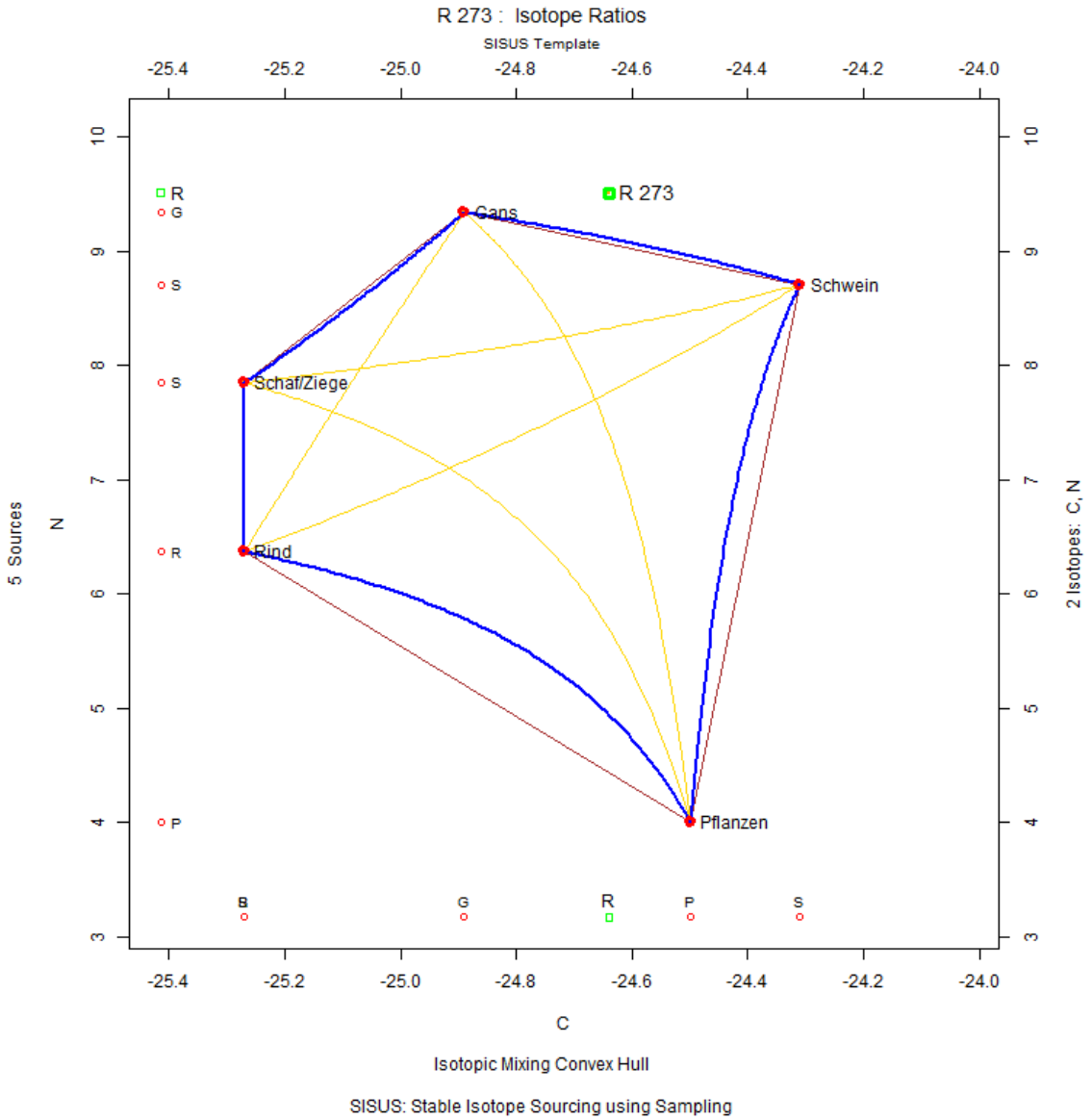


Abbildung 2473: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 273. Erstellt mit SISUS.

R293

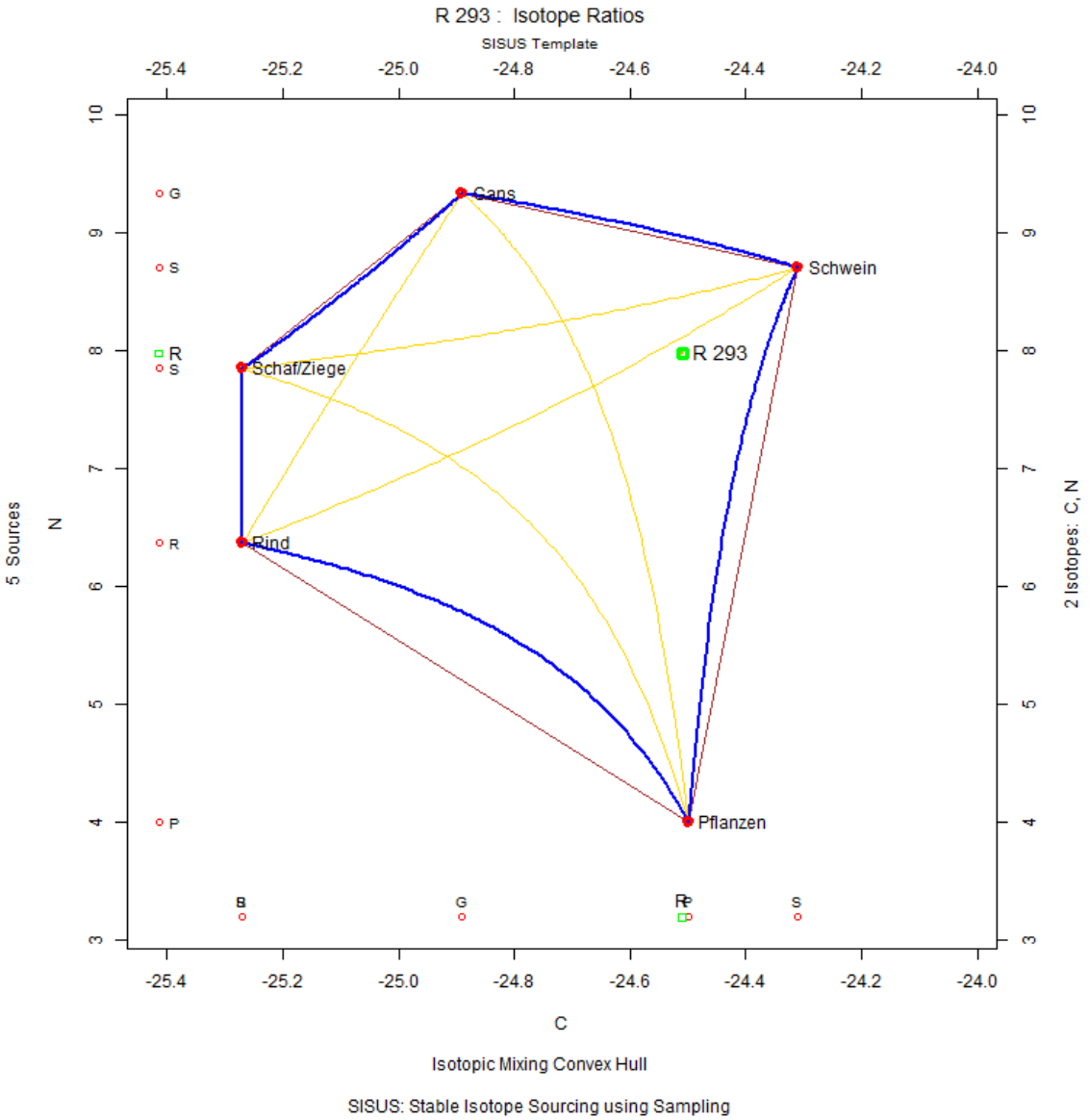


Abbildung 2474: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 293. Erstellt mit SISUS.

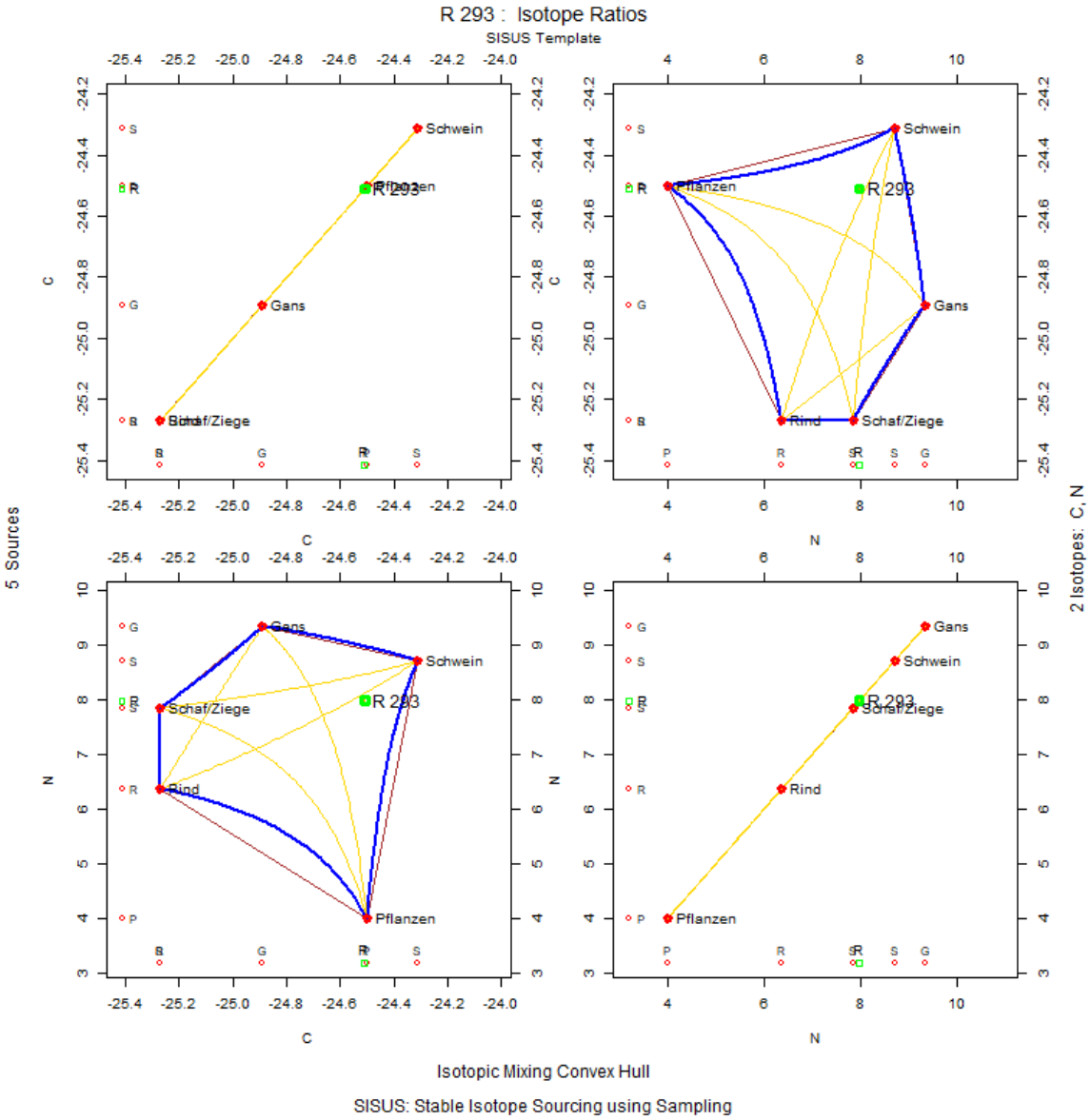


Abbildung 2475: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 293 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

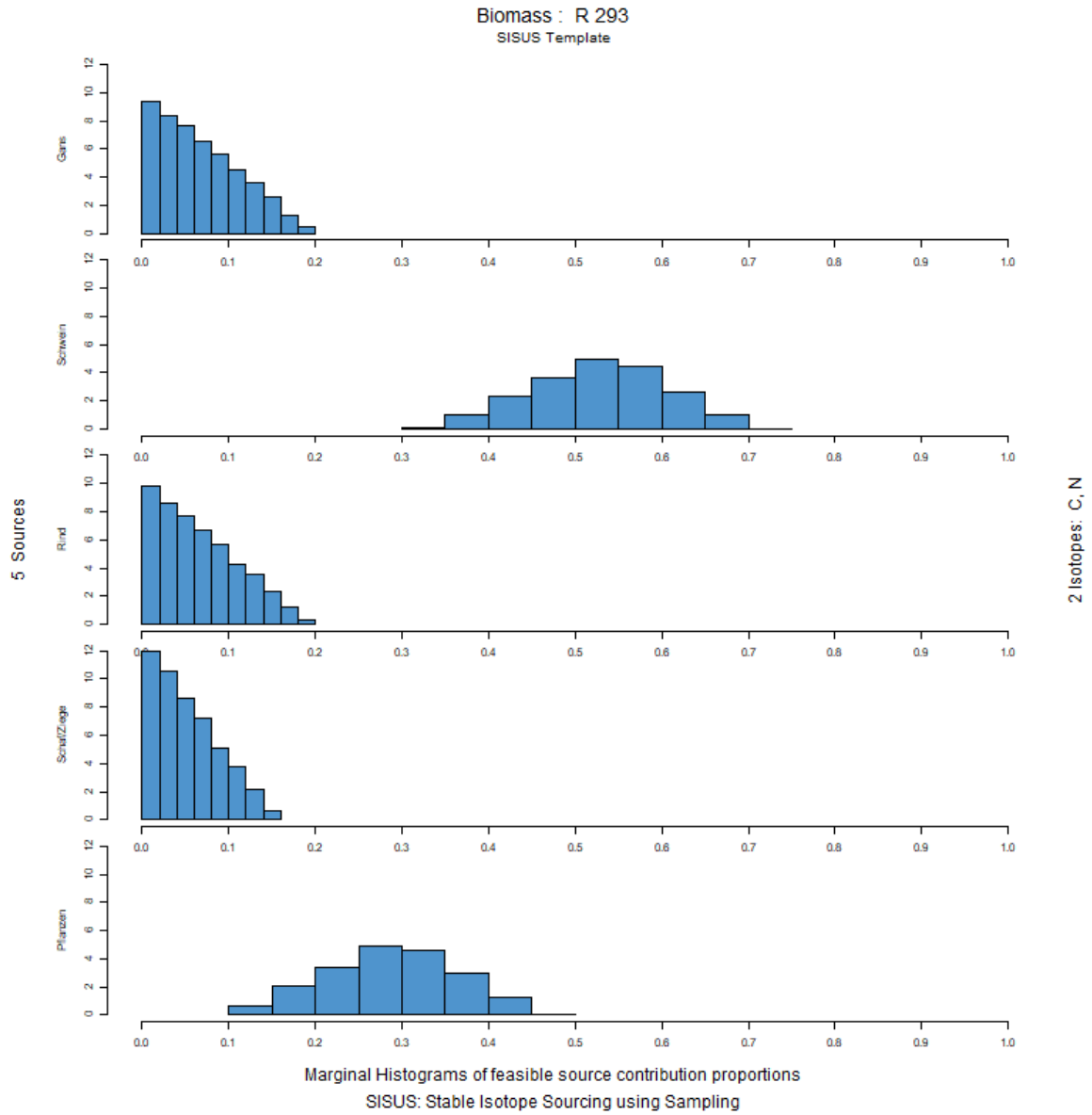


Abbildung 2476: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 293. Erstellt mit SISUS.

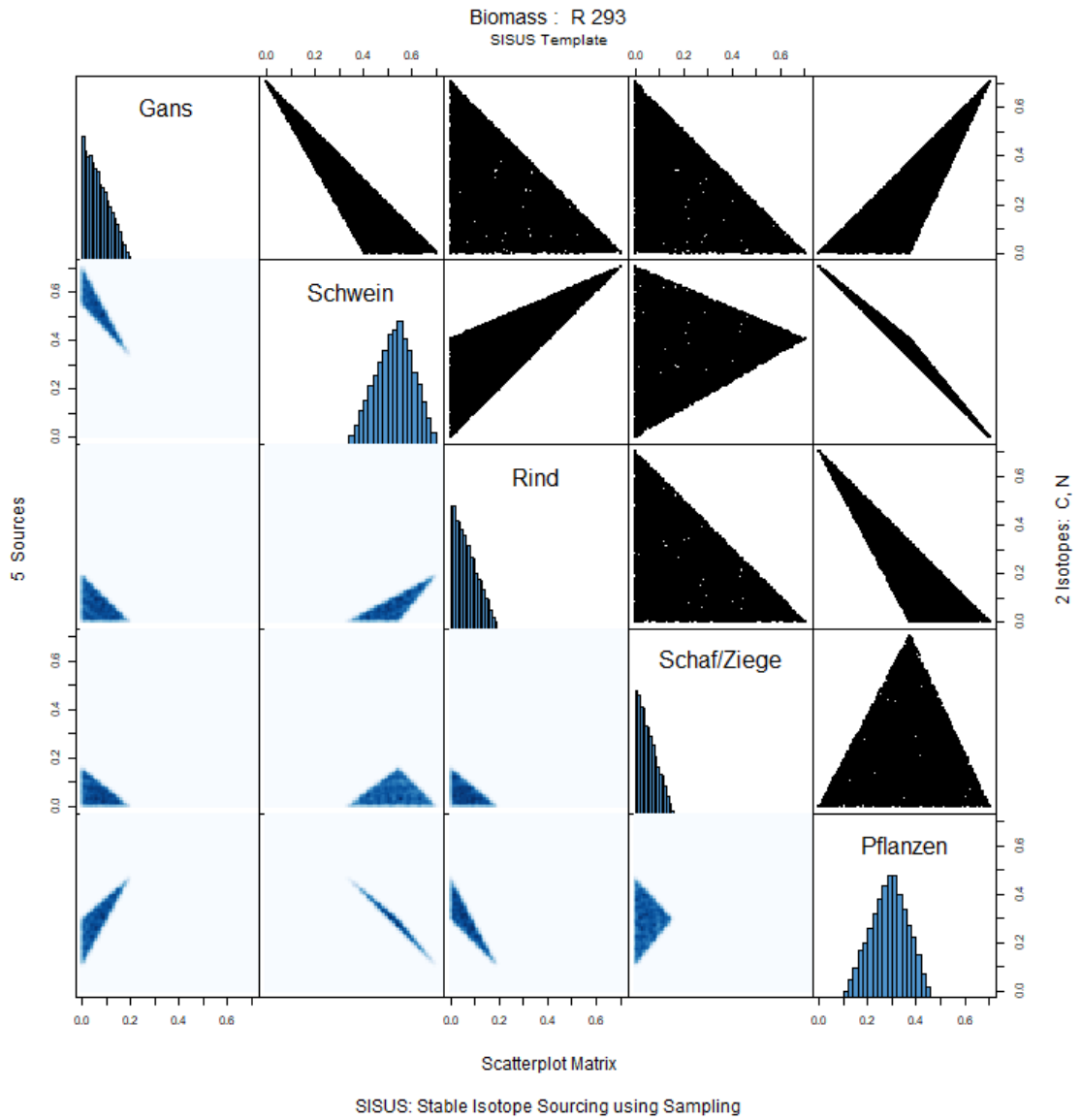


Abbildung 2477: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 293. Erstellt mit SISUS.

R297

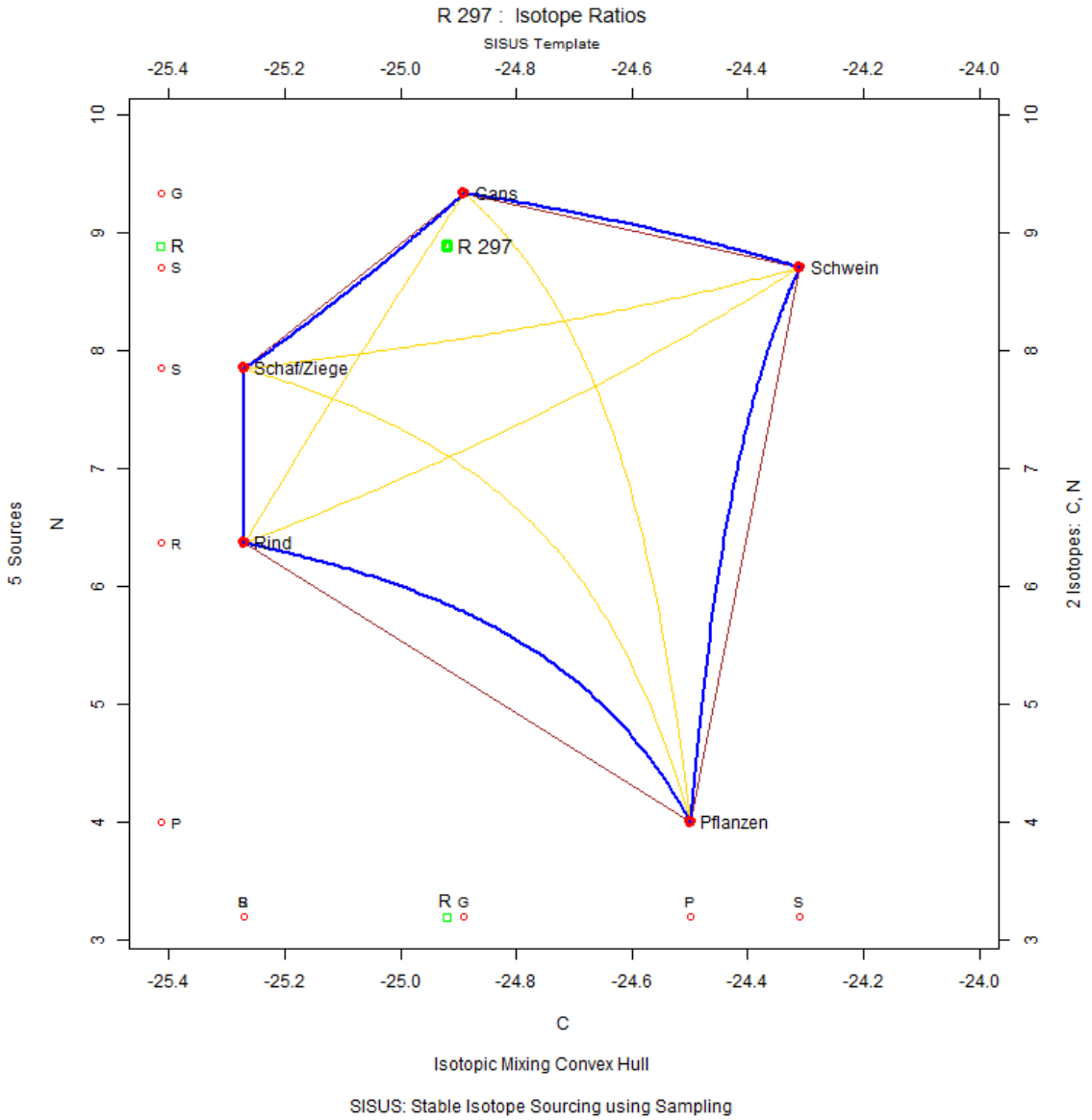


Abbildung 2478: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 297. Erstellt mit SISUS.

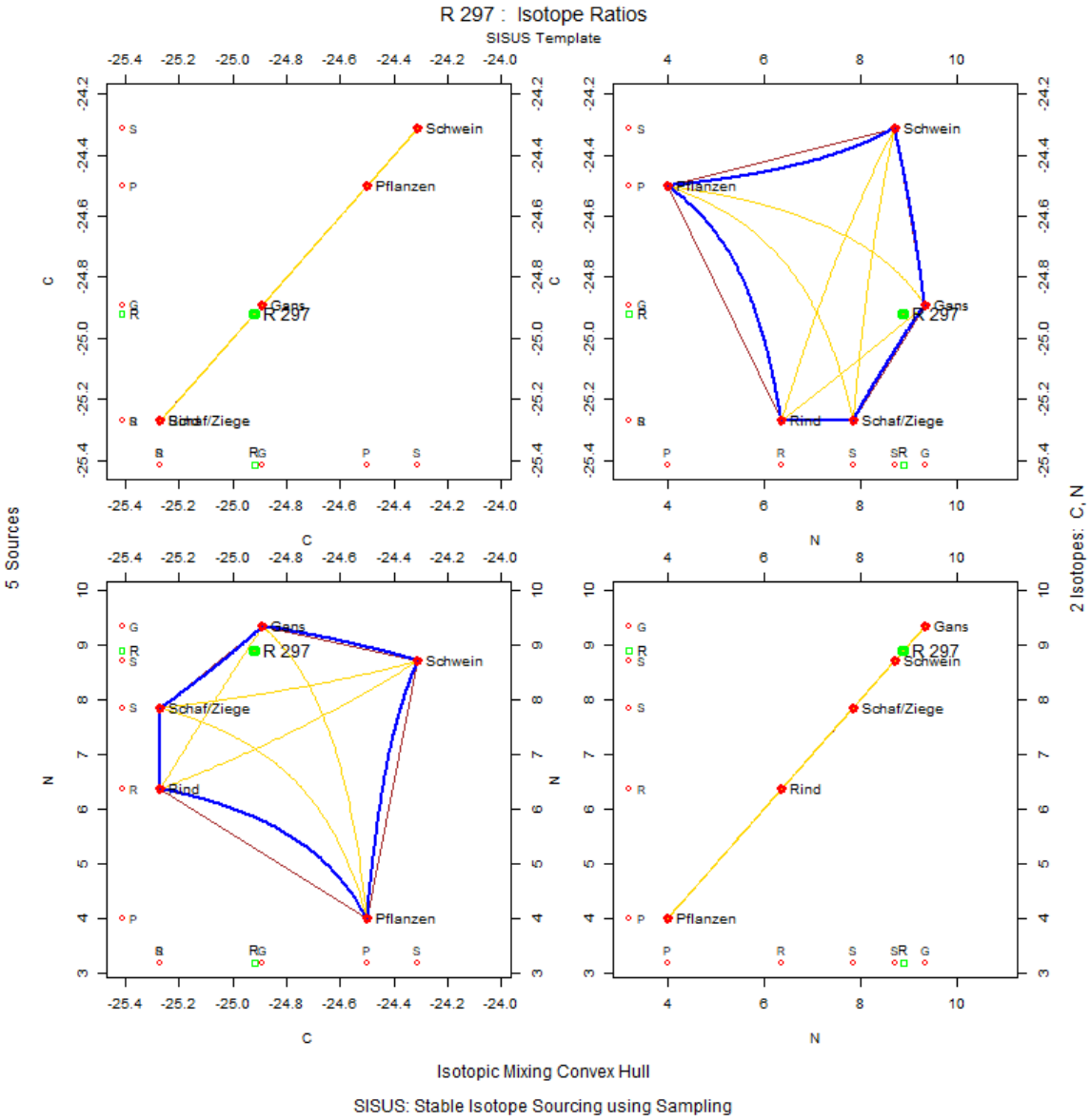


Abbildung 2479: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 297 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

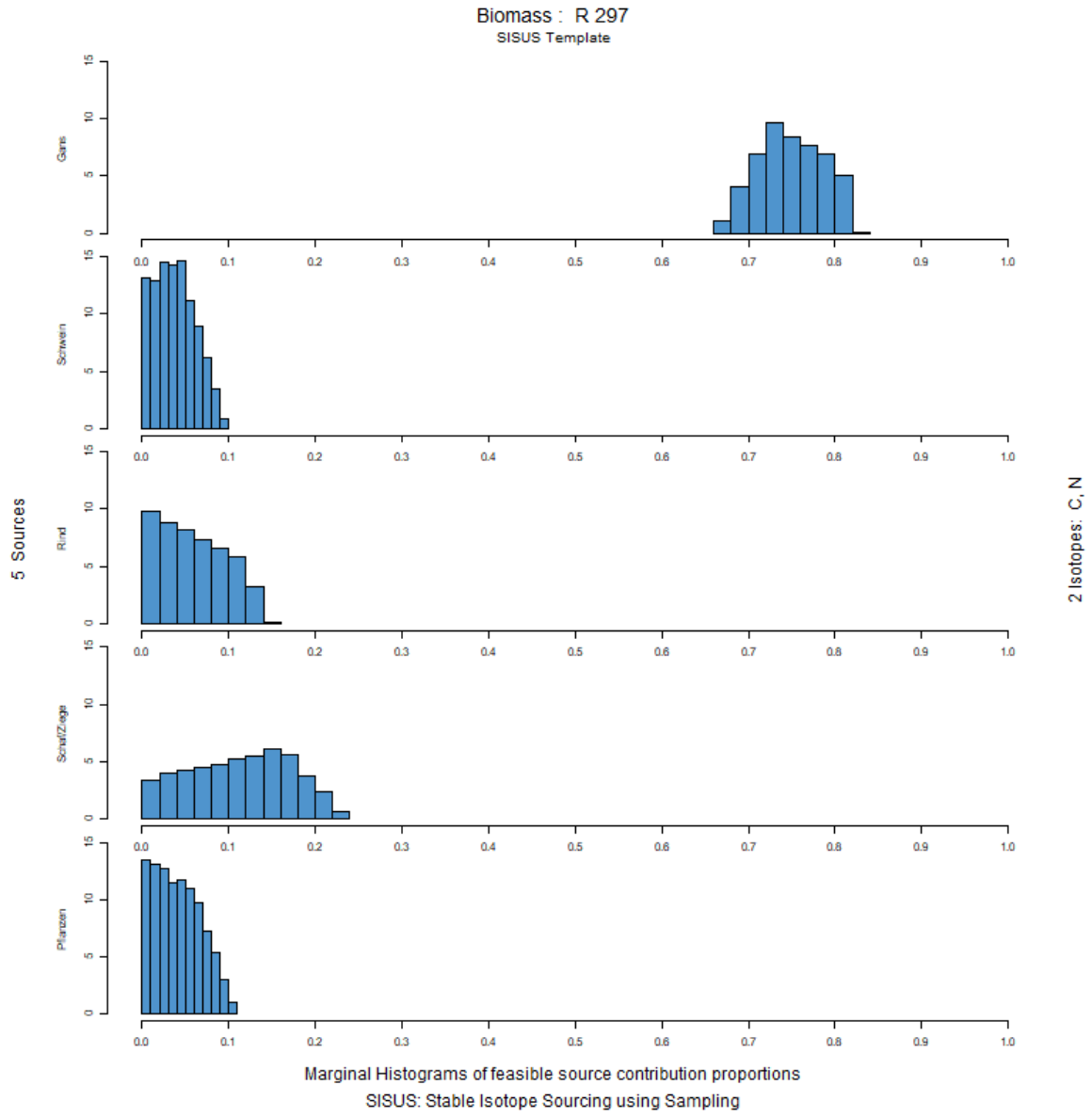


Abbildung 2480: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 297. Erstellt mit SISUS.

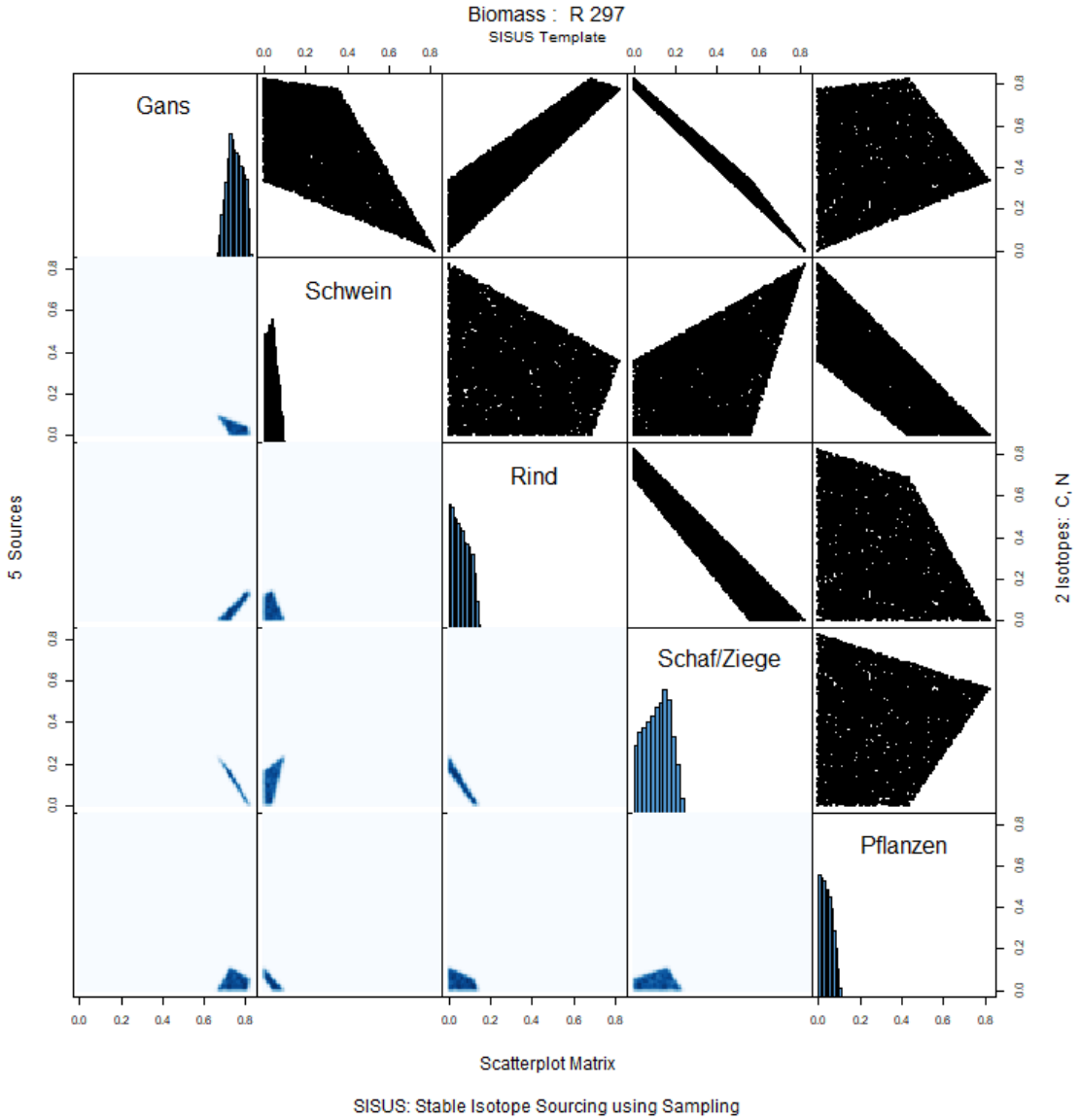


Abbildung 2481: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 297. Erstellt mit SISUS.

R298

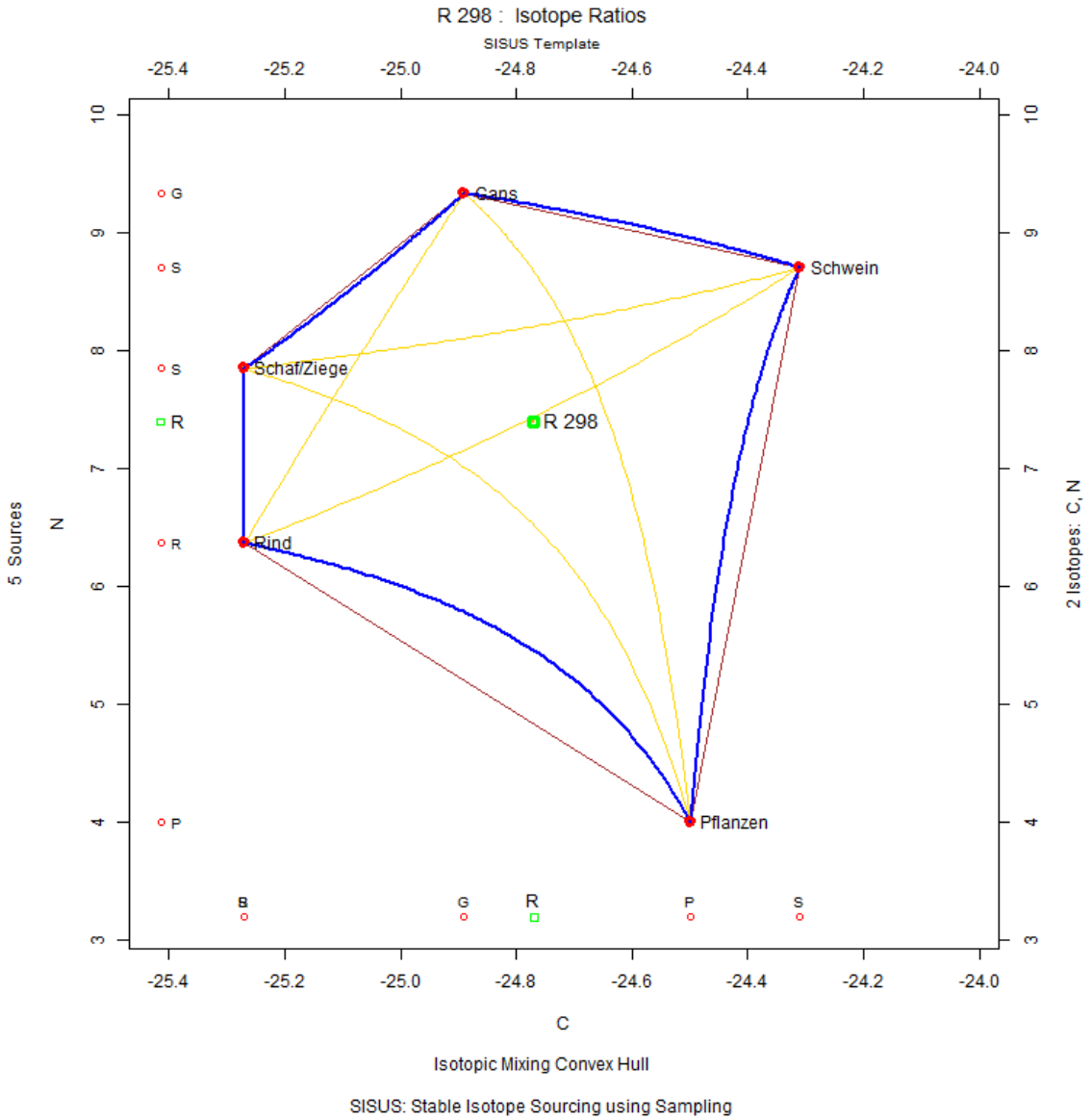


Abbildung 2482: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 298. Erstellt mit SISUS.

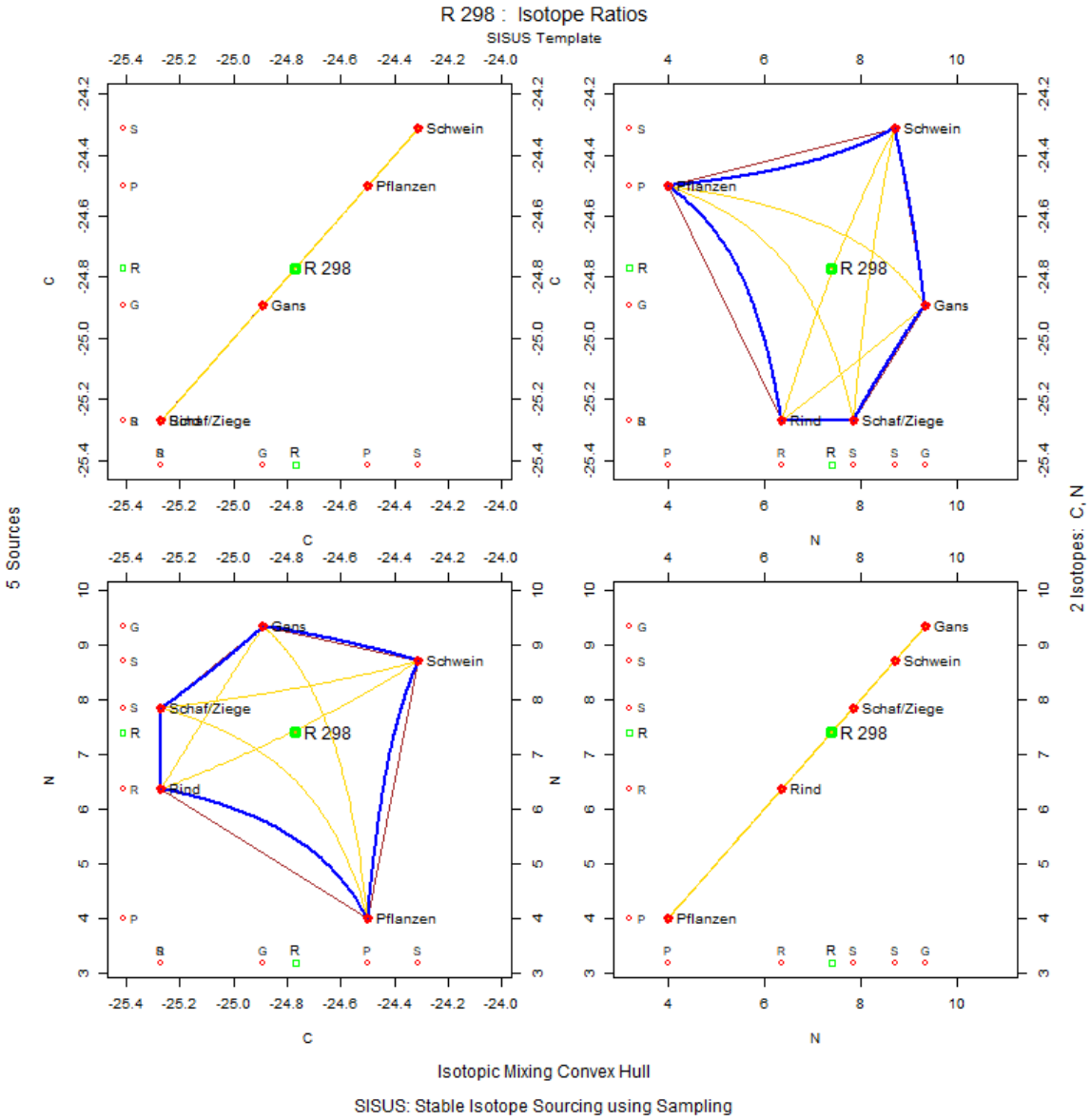


Abbildung 2483: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 298 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

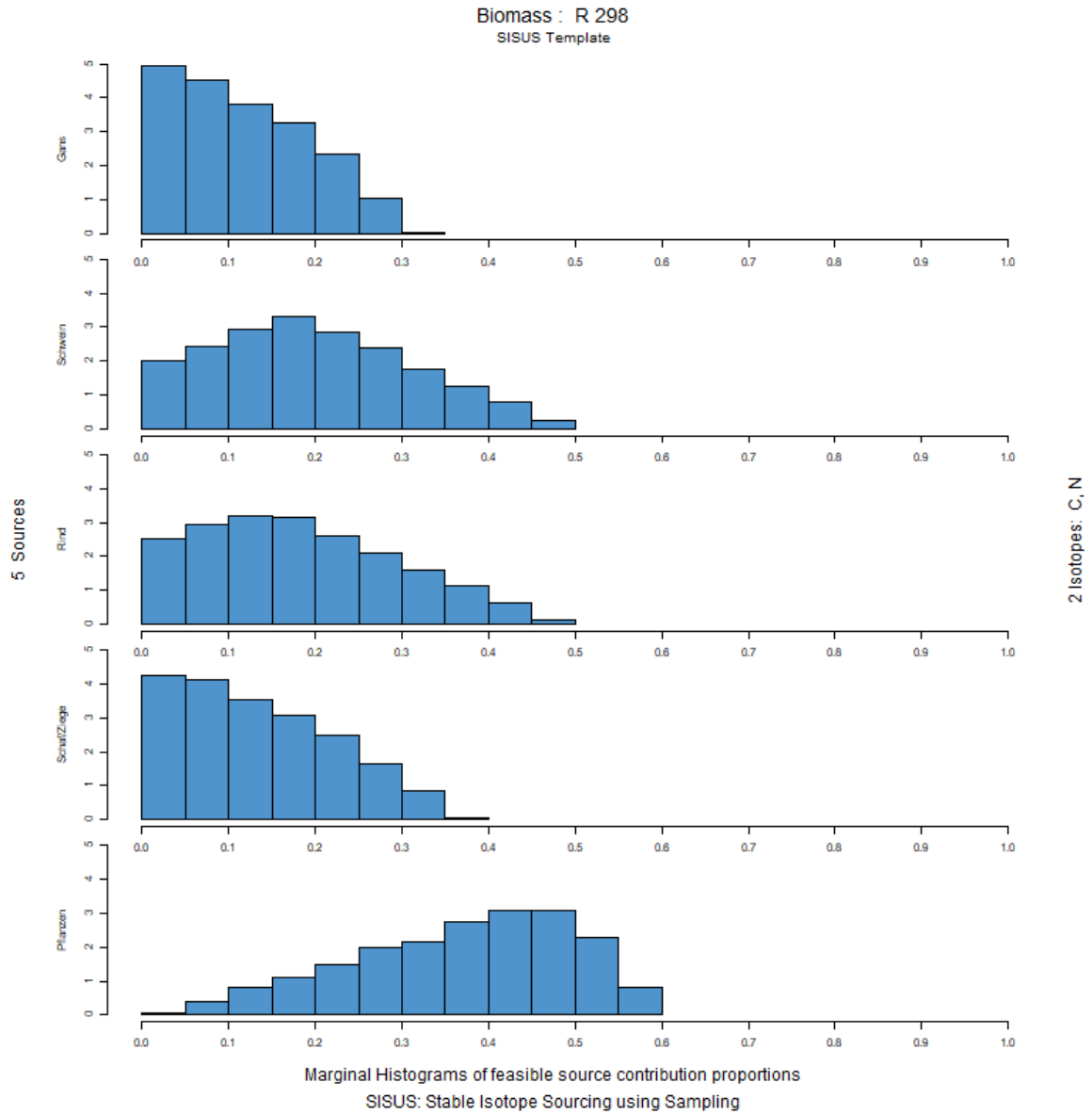


Abbildung 2484: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 298. Erstellt mit SISUS.

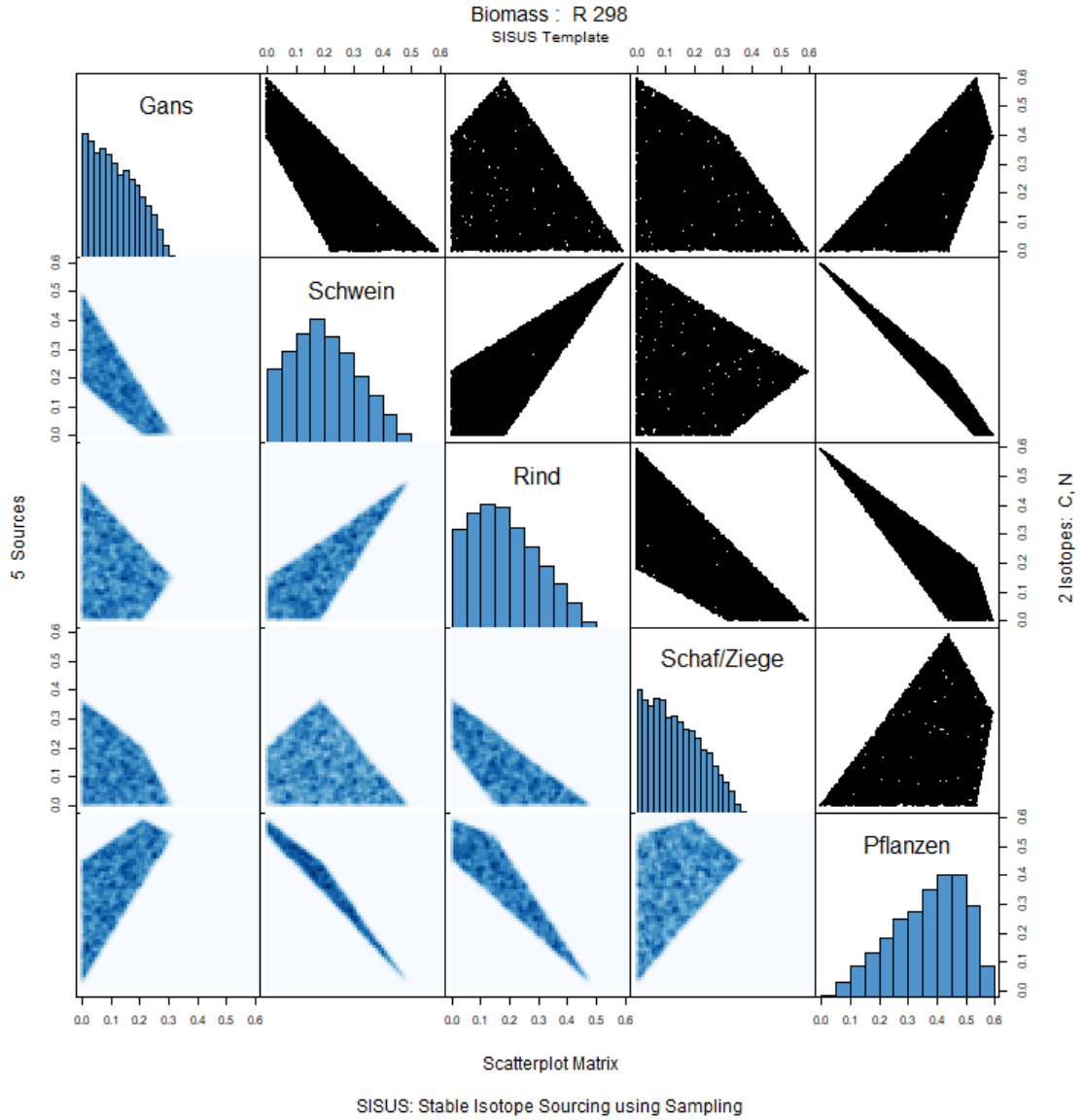


Abbildung 2485: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 298. Erstellt mit SISUS.

R301

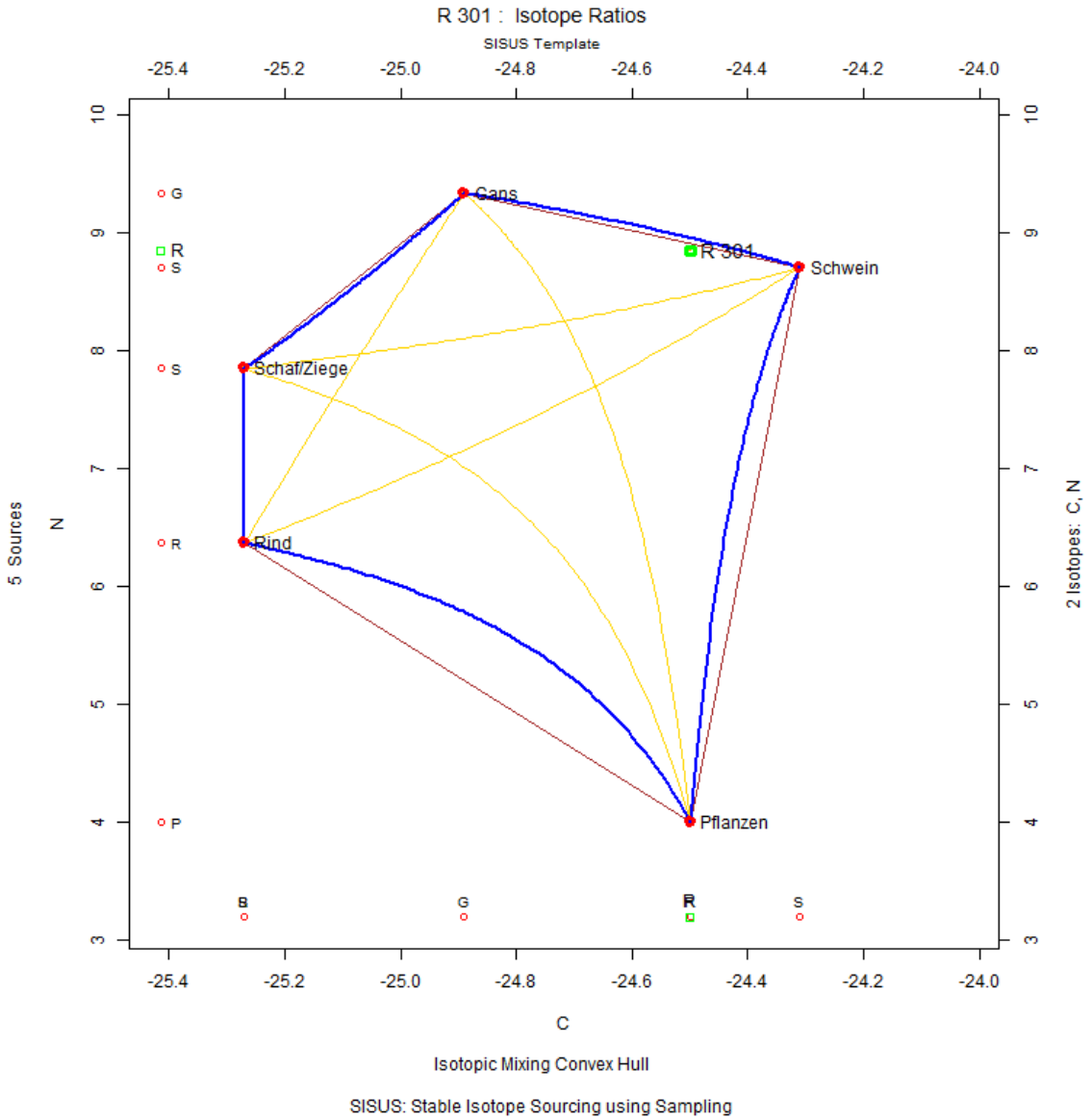


Abbildung 2486: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 301. Erstellt mit SISUS.

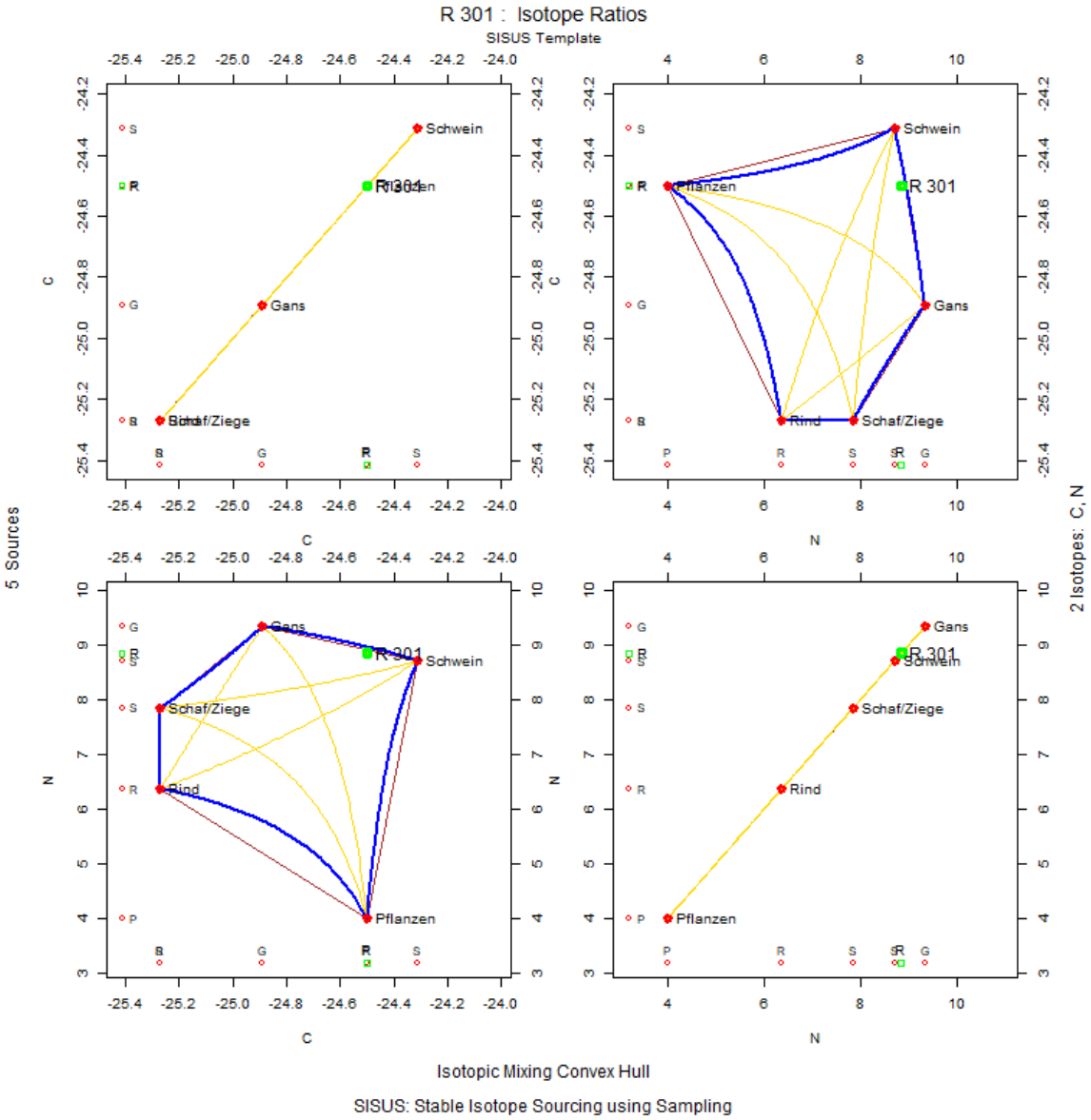


Abbildung 2487: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 301 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

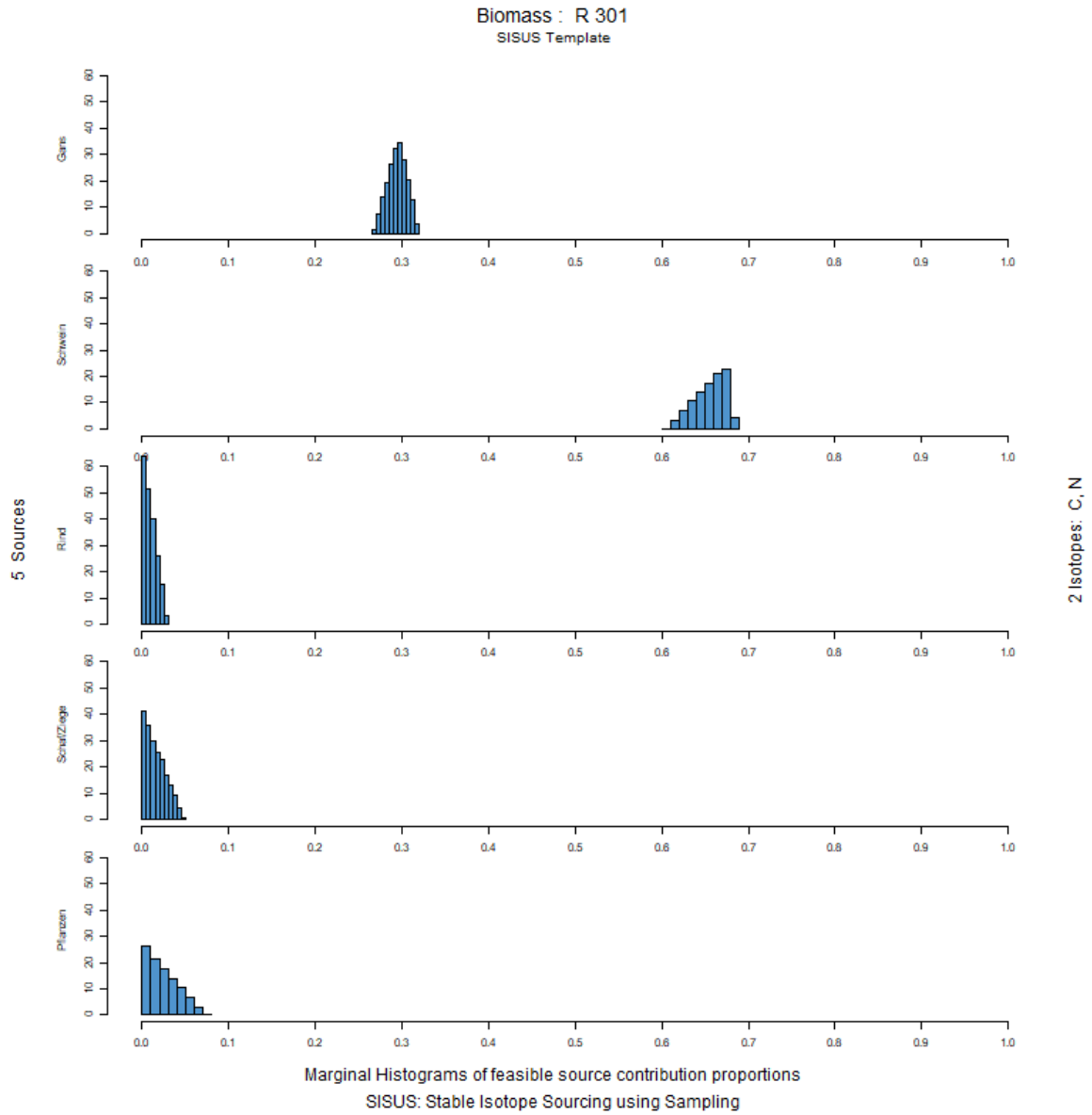


Abbildung 2488: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 301. Erstellt mit SISUS.

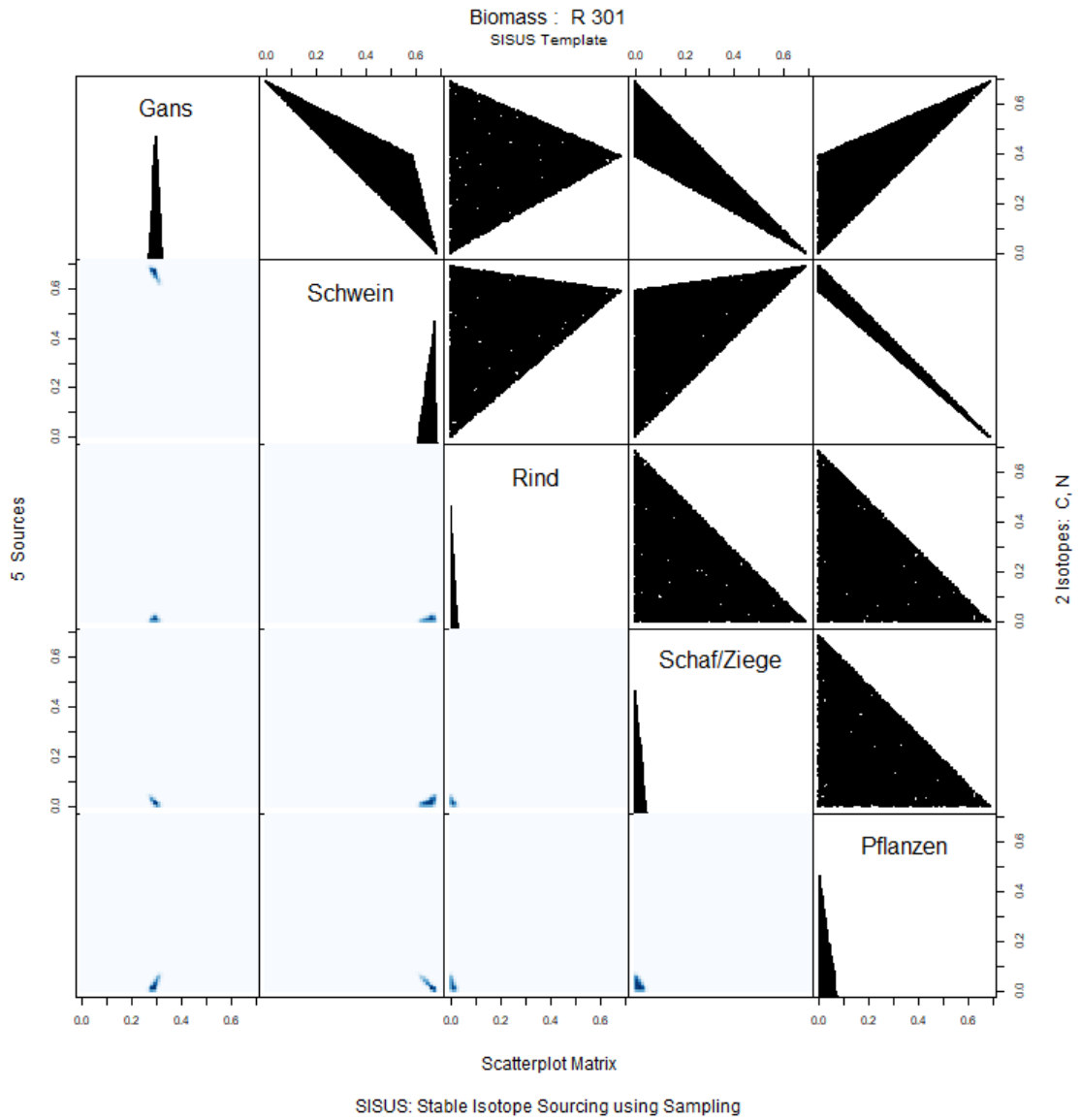


Abbildung 2489: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 301. Erstellt mit SISUS.

R308

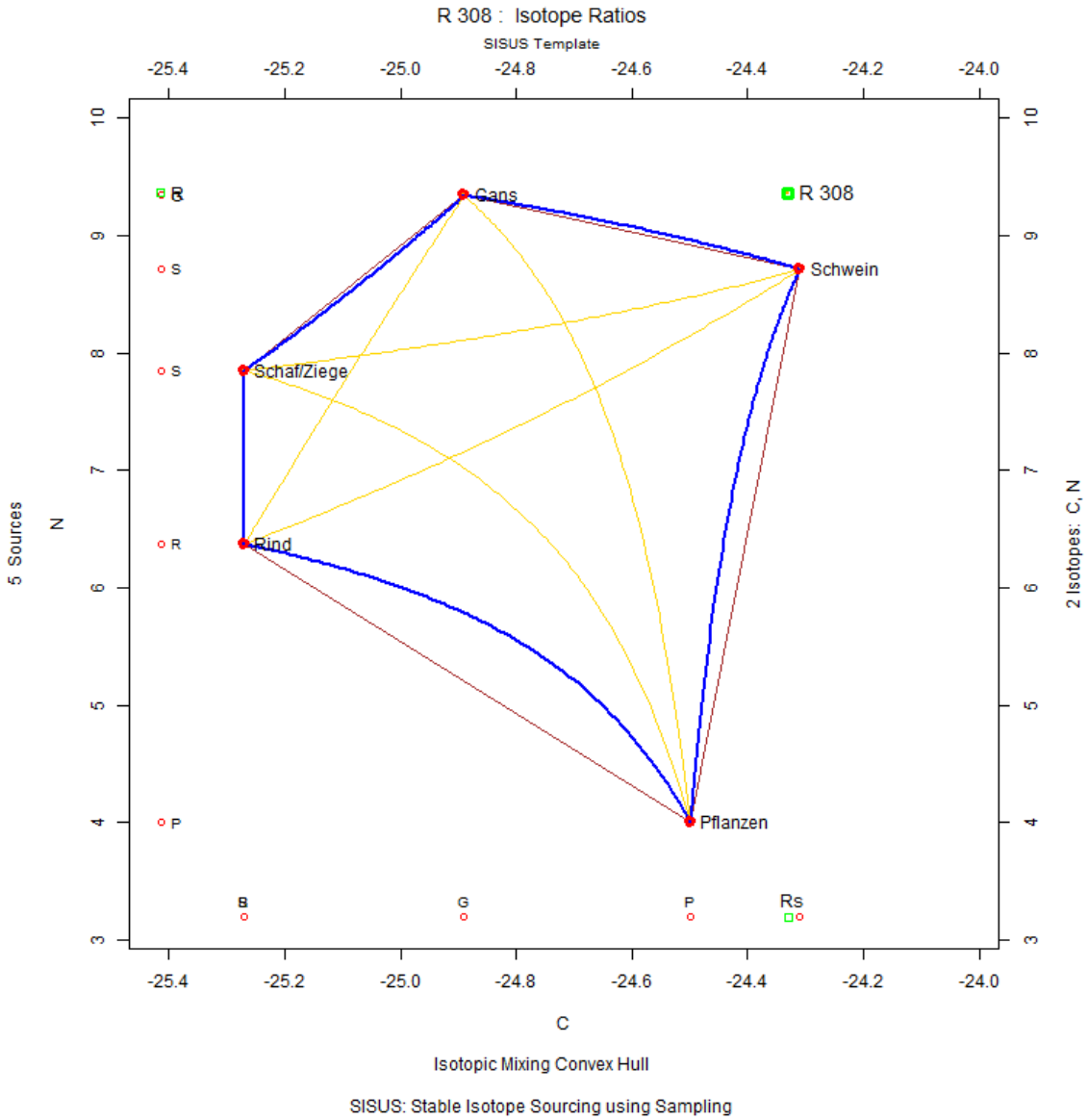


Abbildung 2490: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 308. Erstellt mit SISUS.

R309

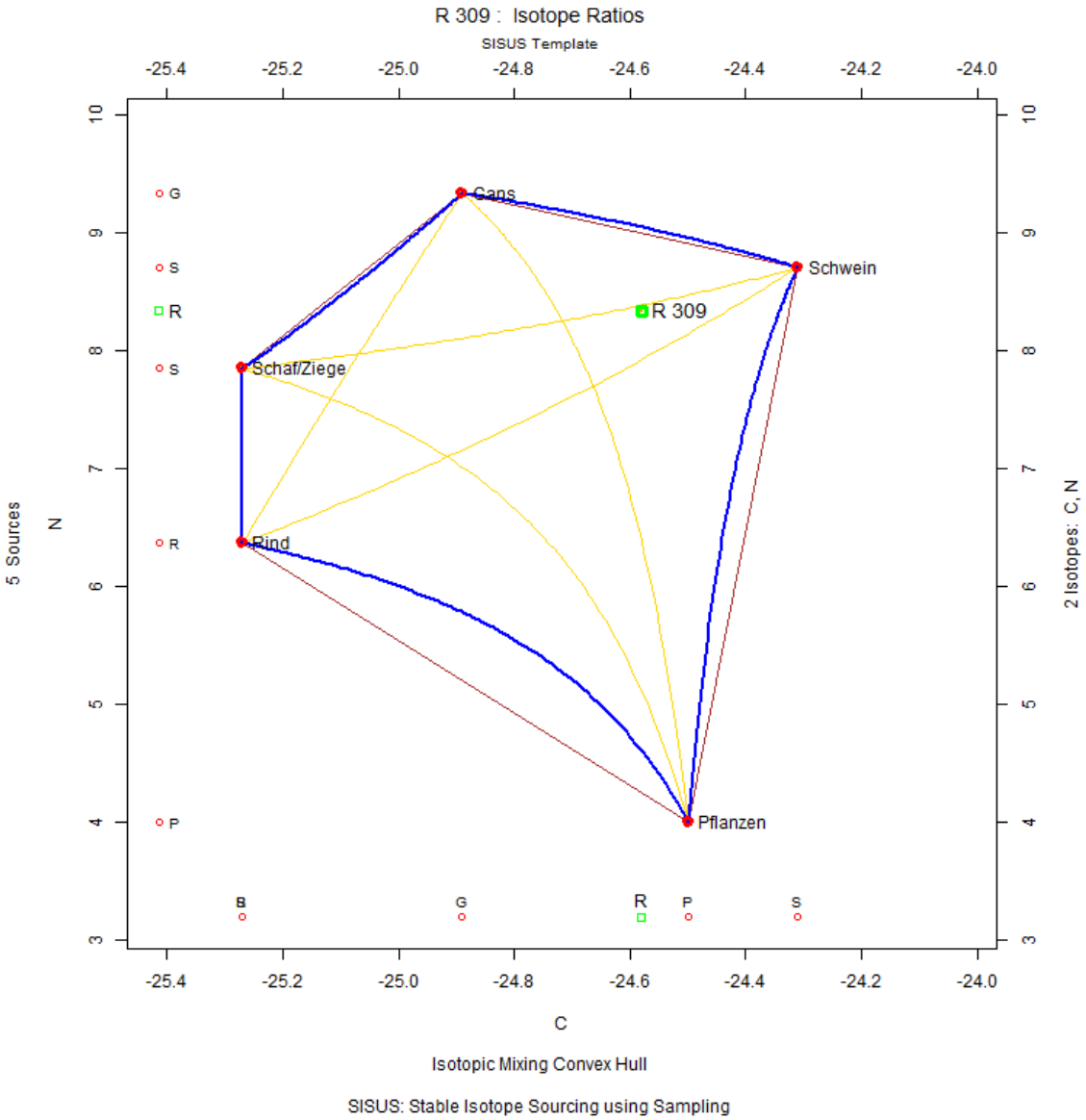


Abbildung 2491: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 309. Erstellt mit SISUS.

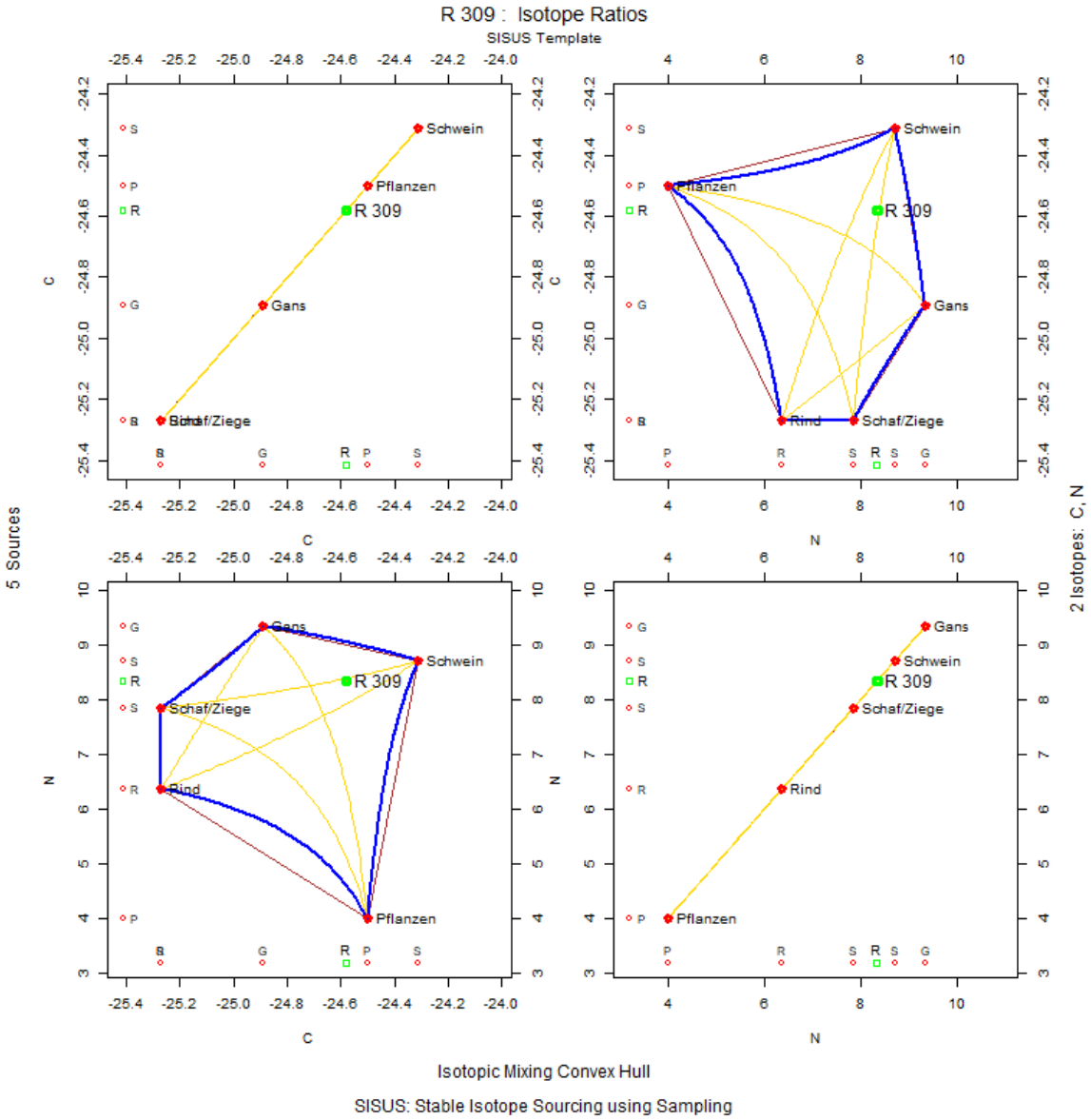


Abbildung 2492: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 309 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

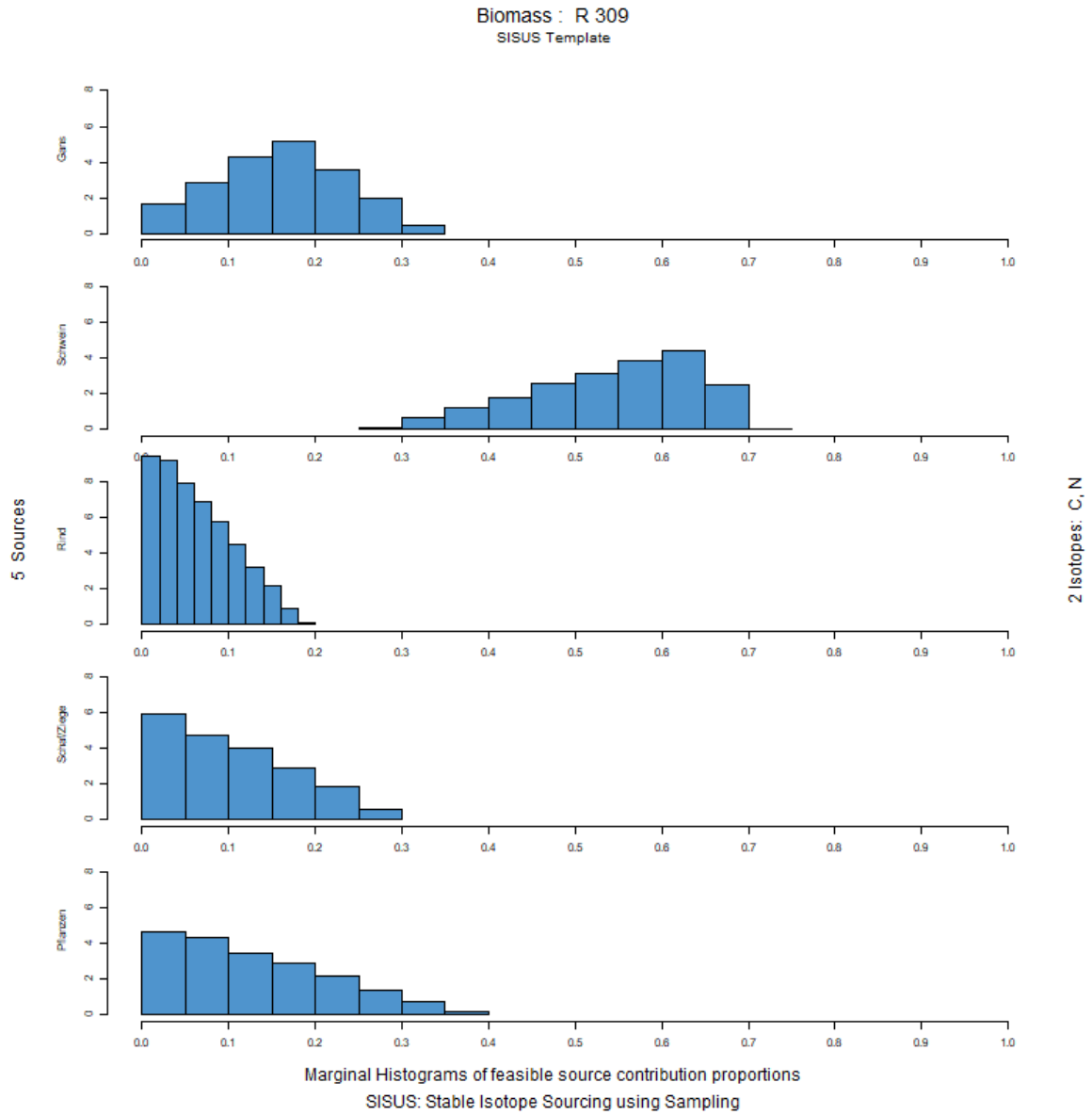


Abbildung 2493: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 309. Erstellt mit SISUS.

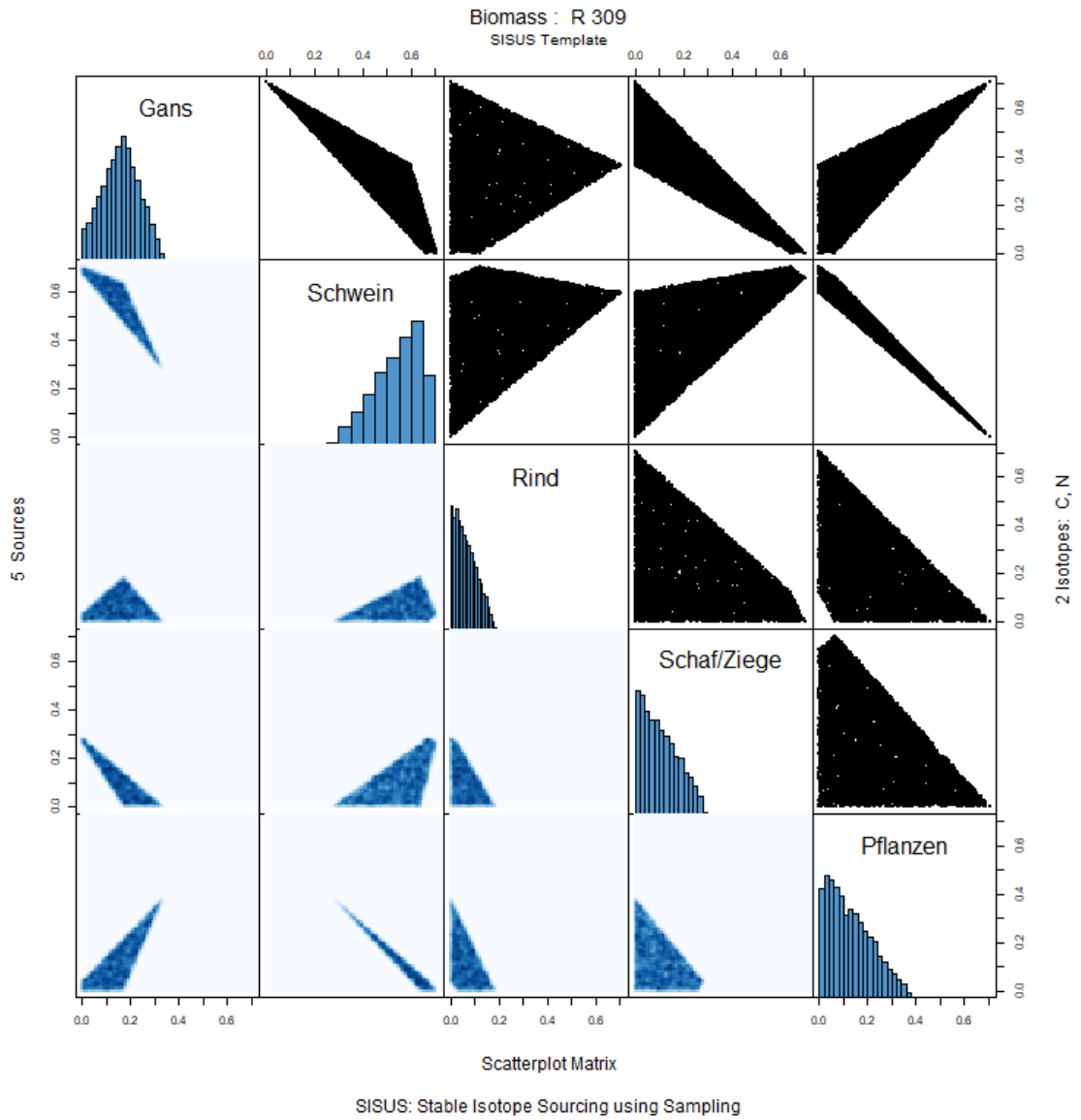


Abbildung 2494: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 309. Erstellt mit SISUS.

R310

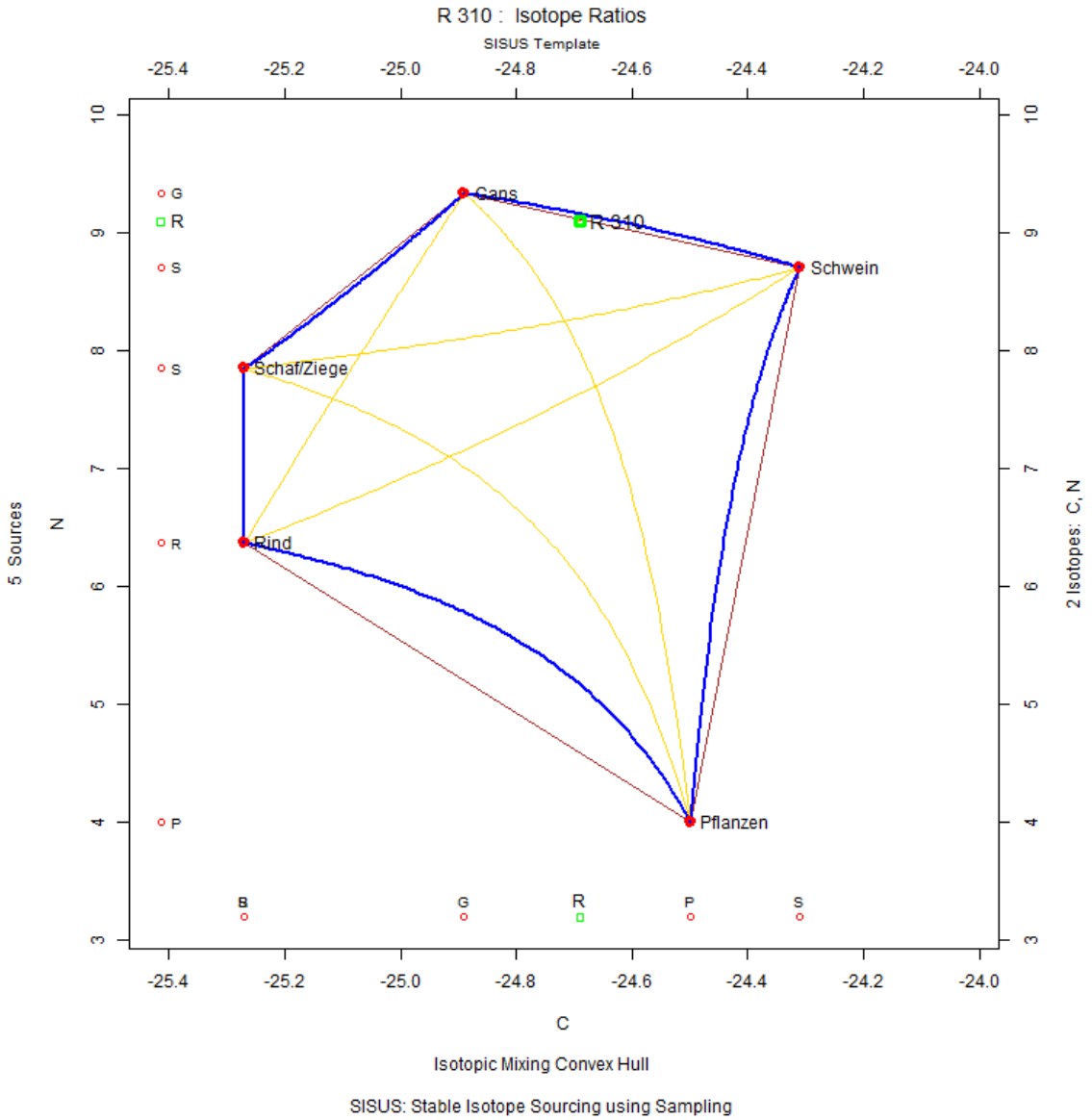


Abbildung 2495: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 310. Erstellt mit SISUS.

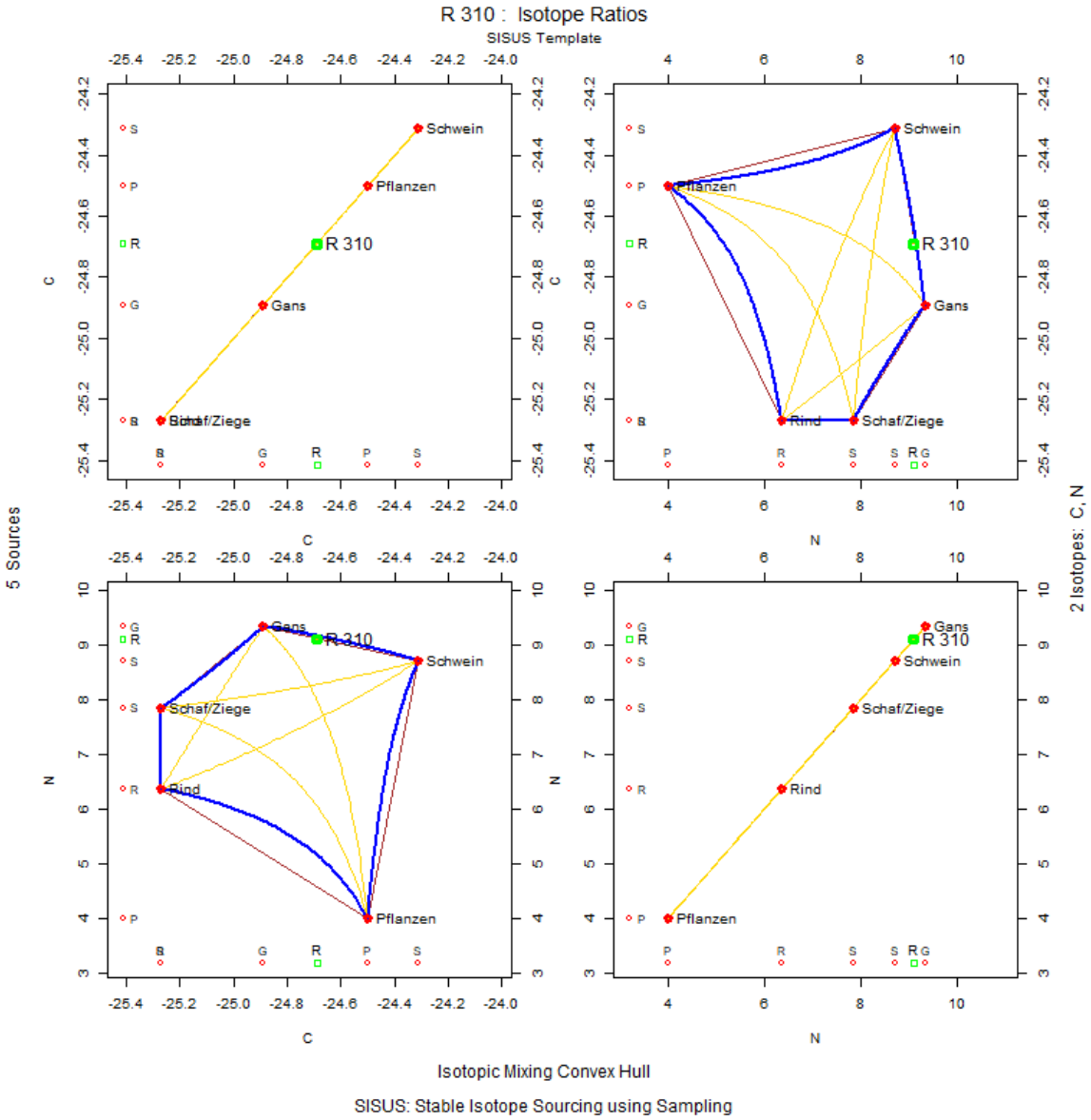


Abbildung 2496: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 310 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

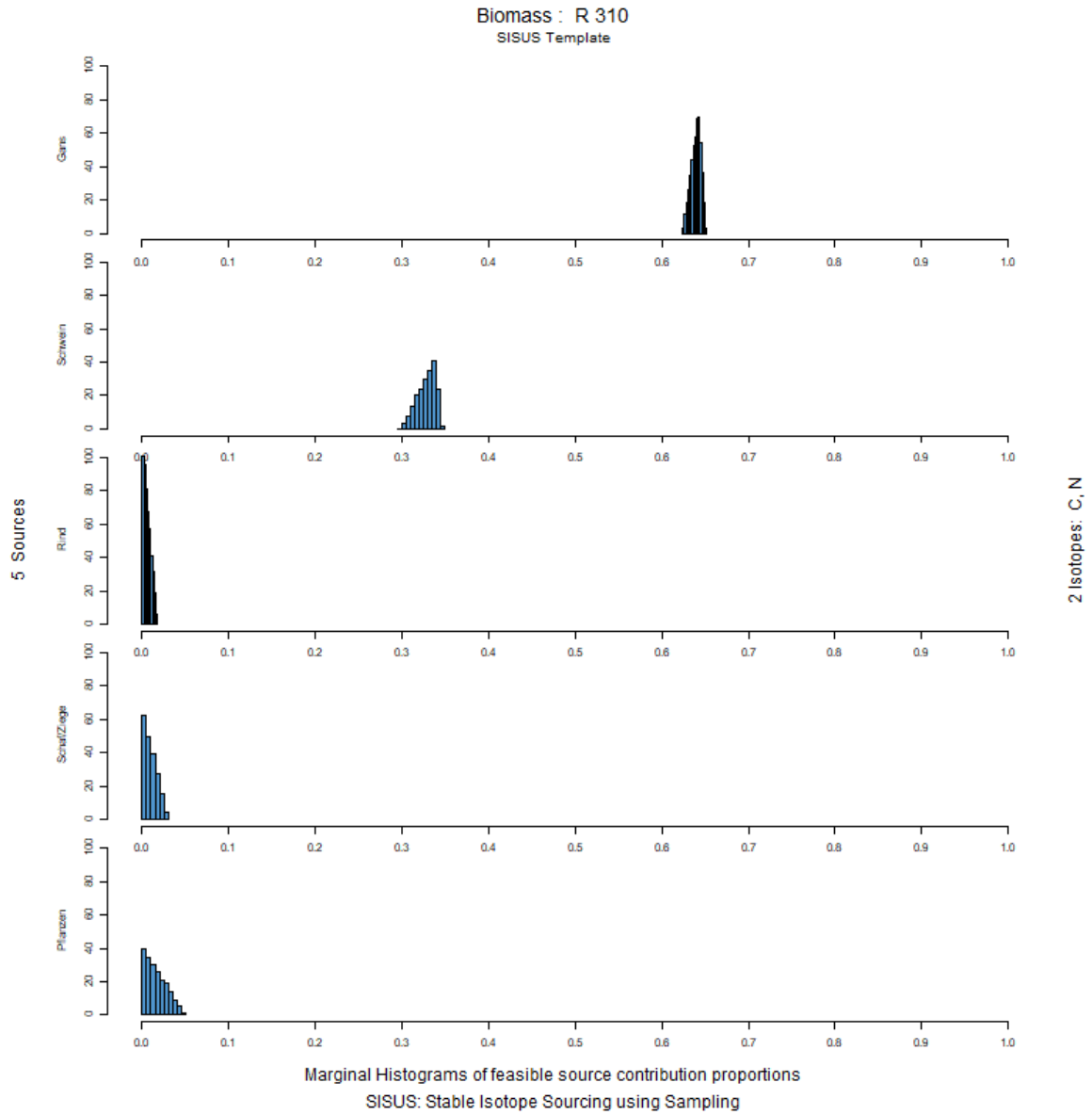


Abbildung 2497: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 310. Erstellt mit SISUS.

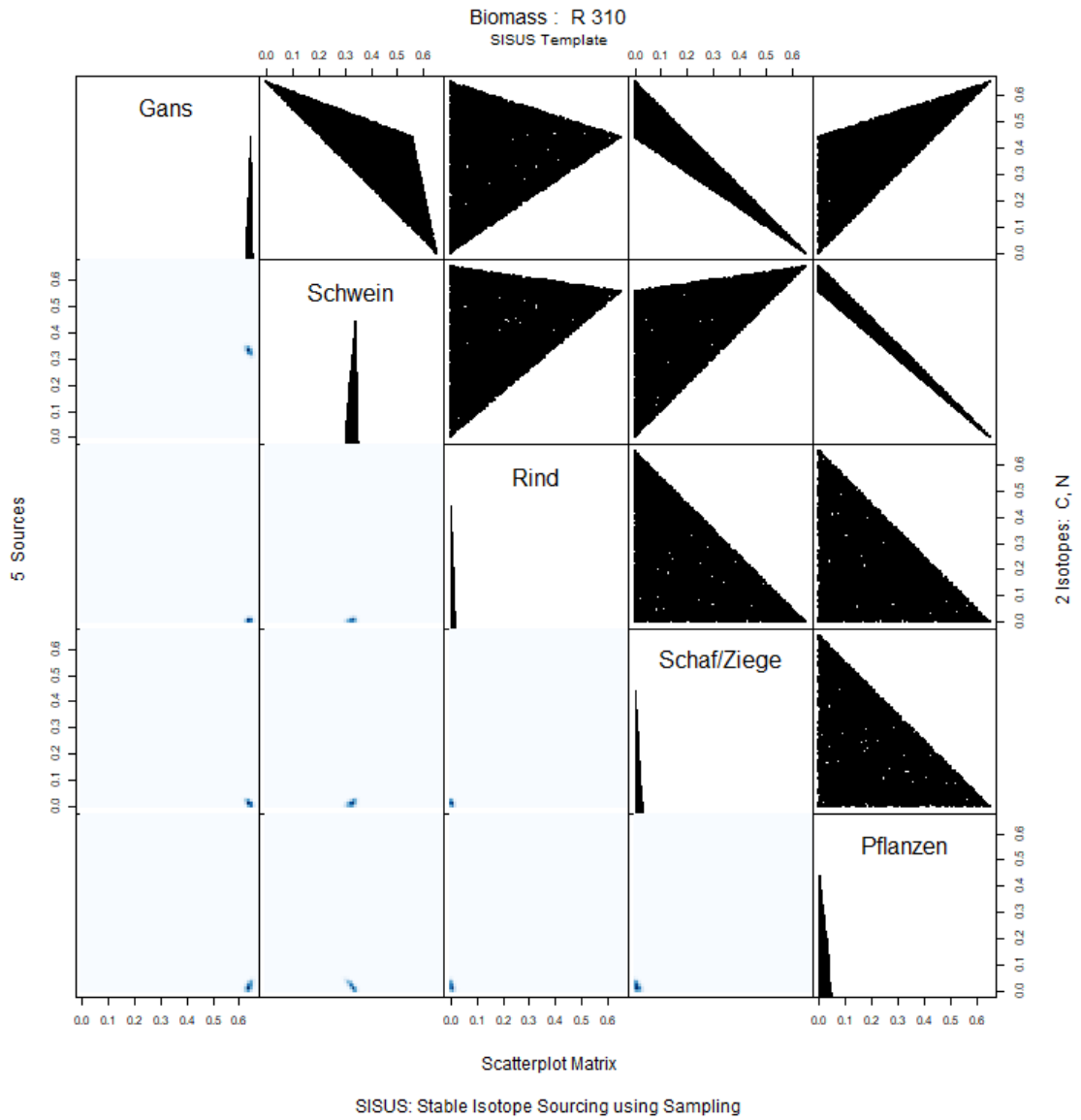


Abbildung 2498: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 310. Erstellt mit SISUS.

R317

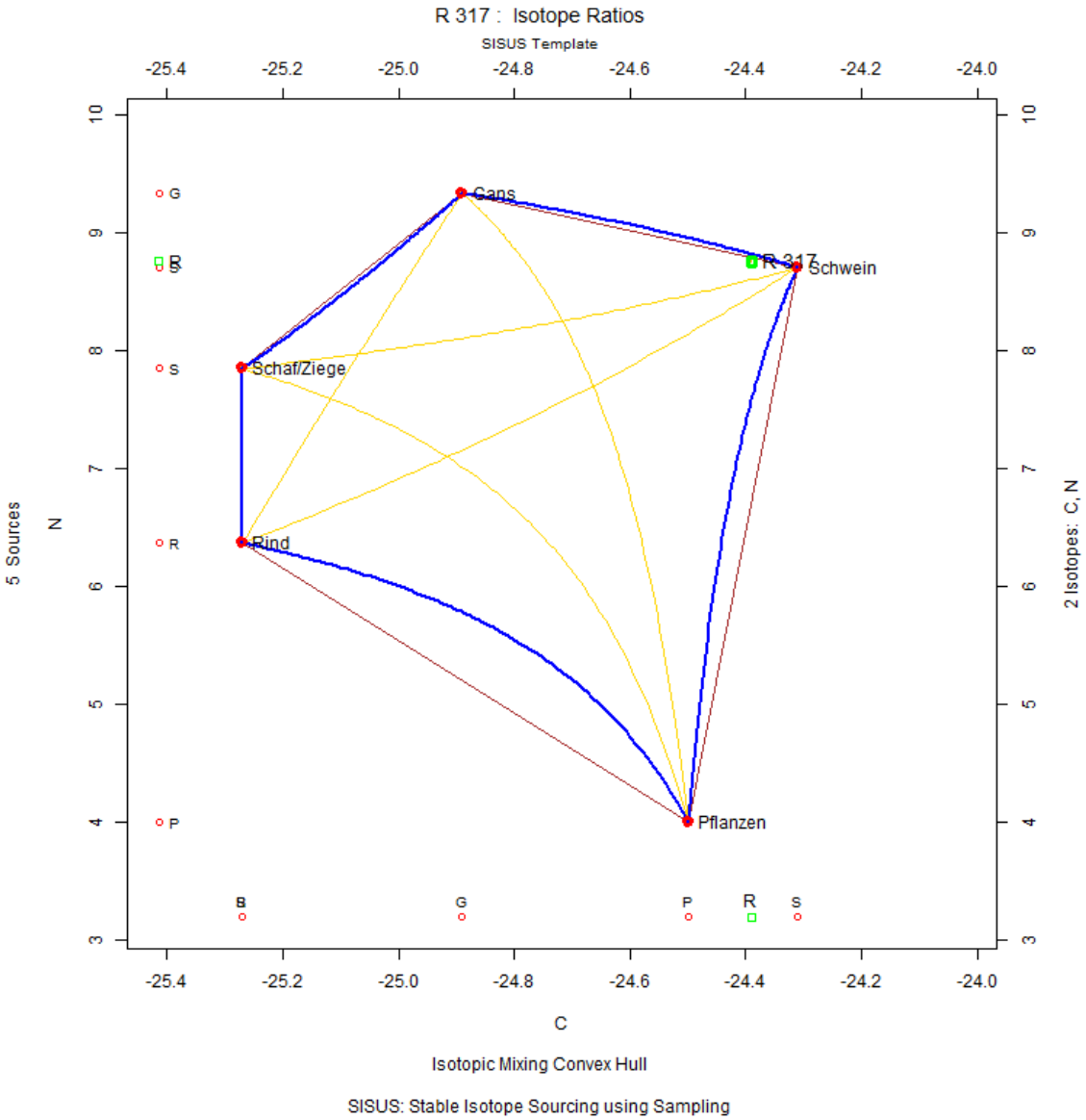


Abbildung 2499: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 317. Erstellt mit SISUS.

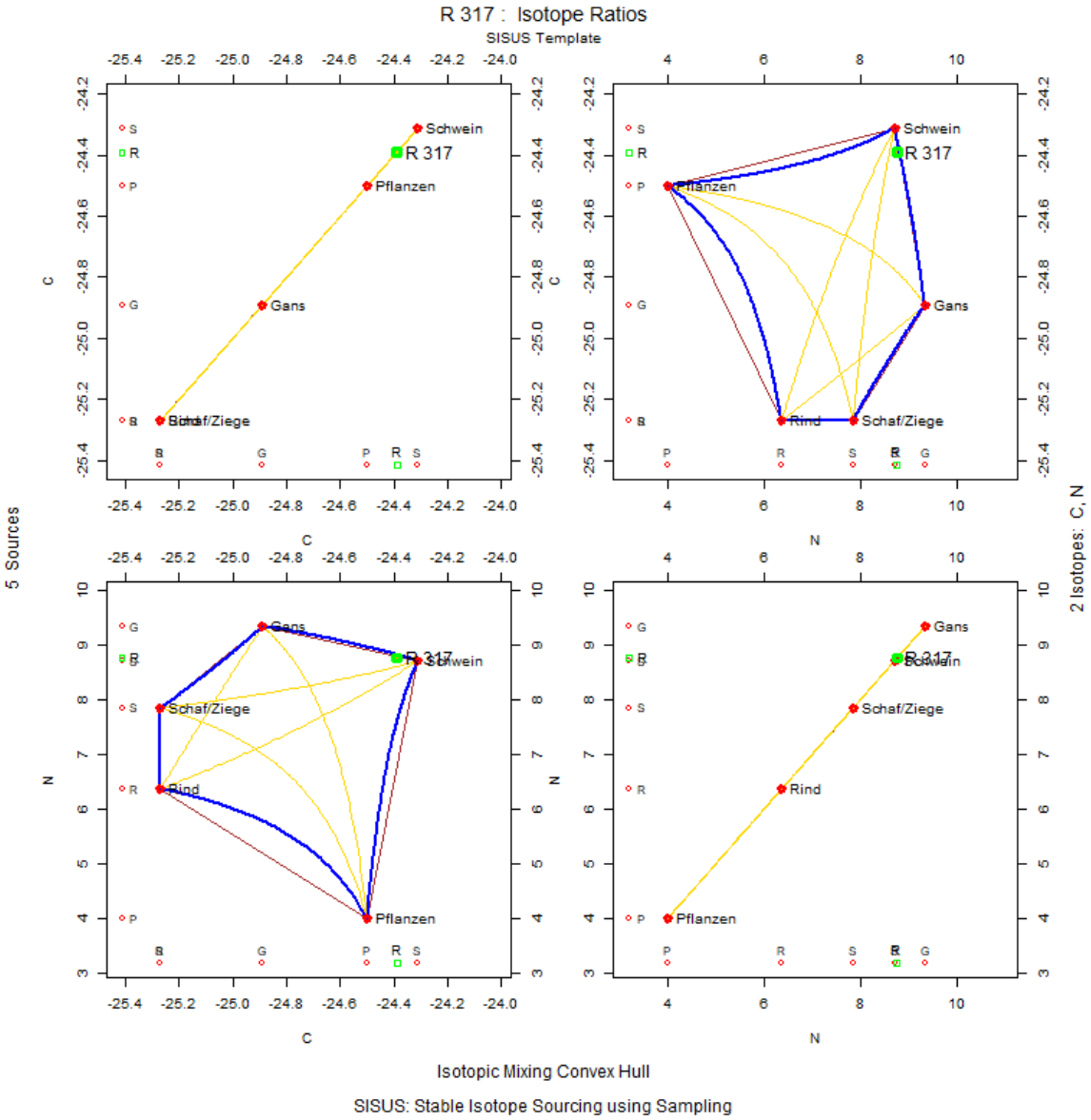


Abbildung 2500: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 317 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

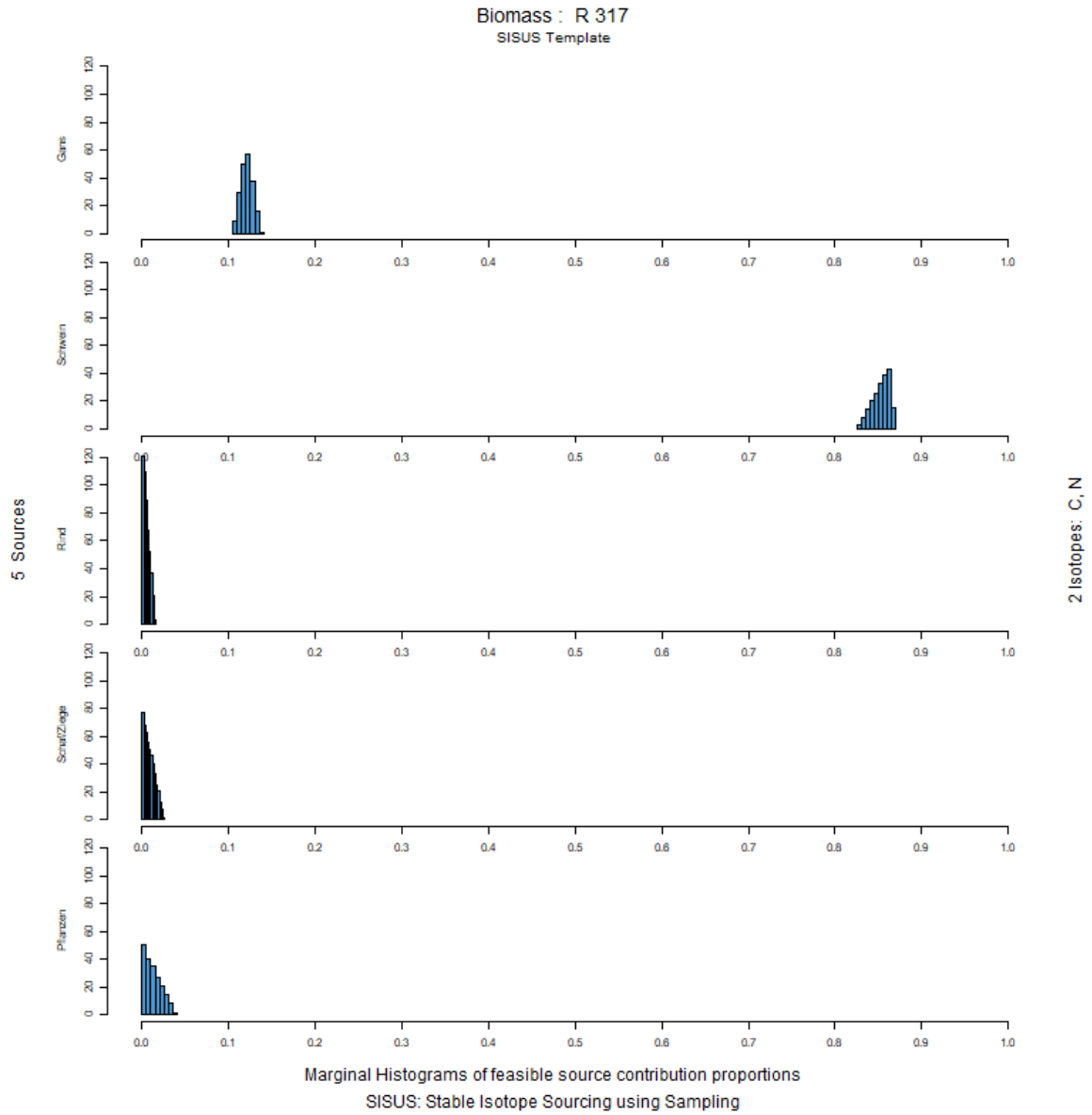


Abbildung 2501: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 317. Erstellt mit SISUS.

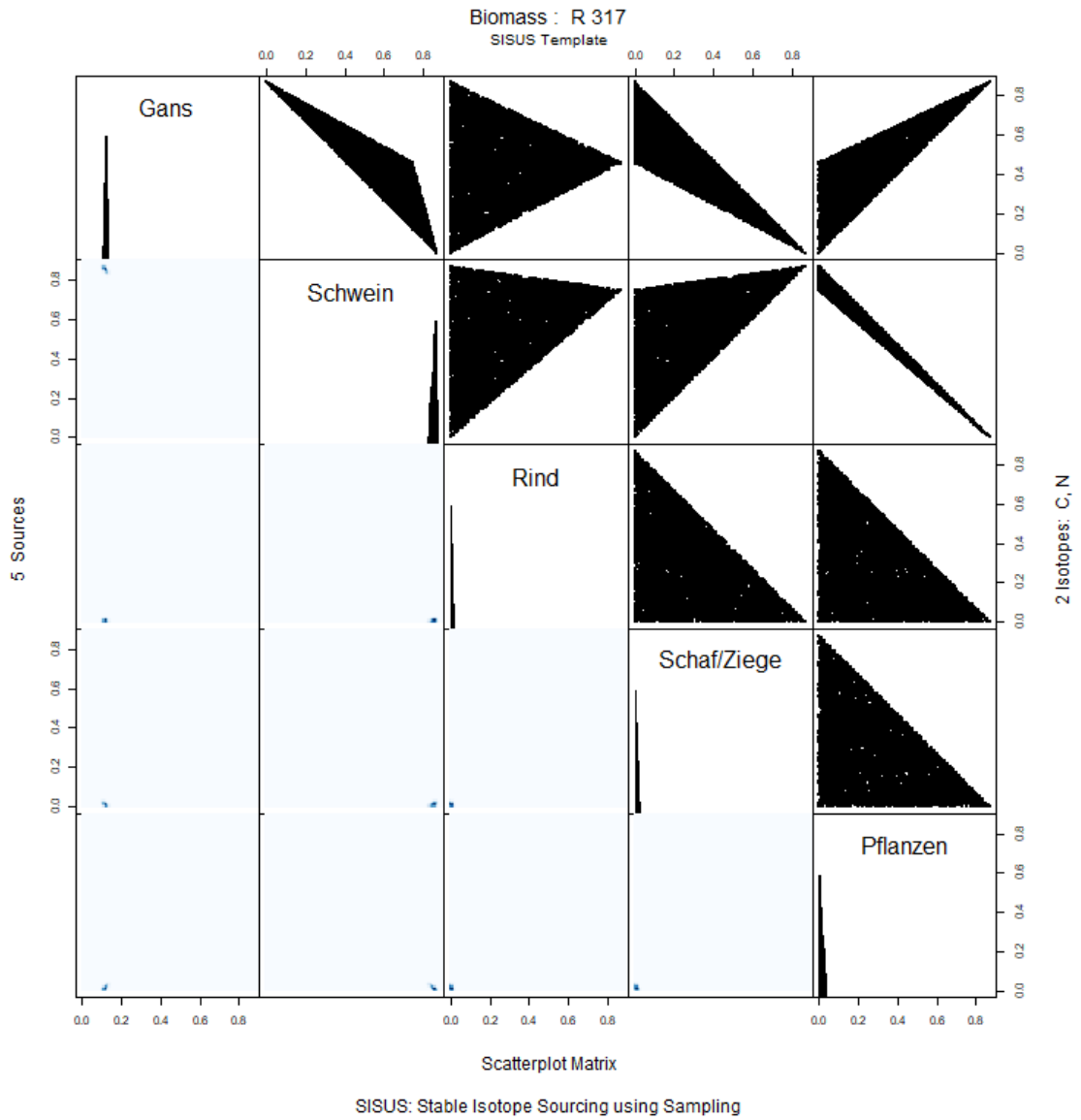


Abbildung 2502: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 317. Erstellt mit SISUS.

R318

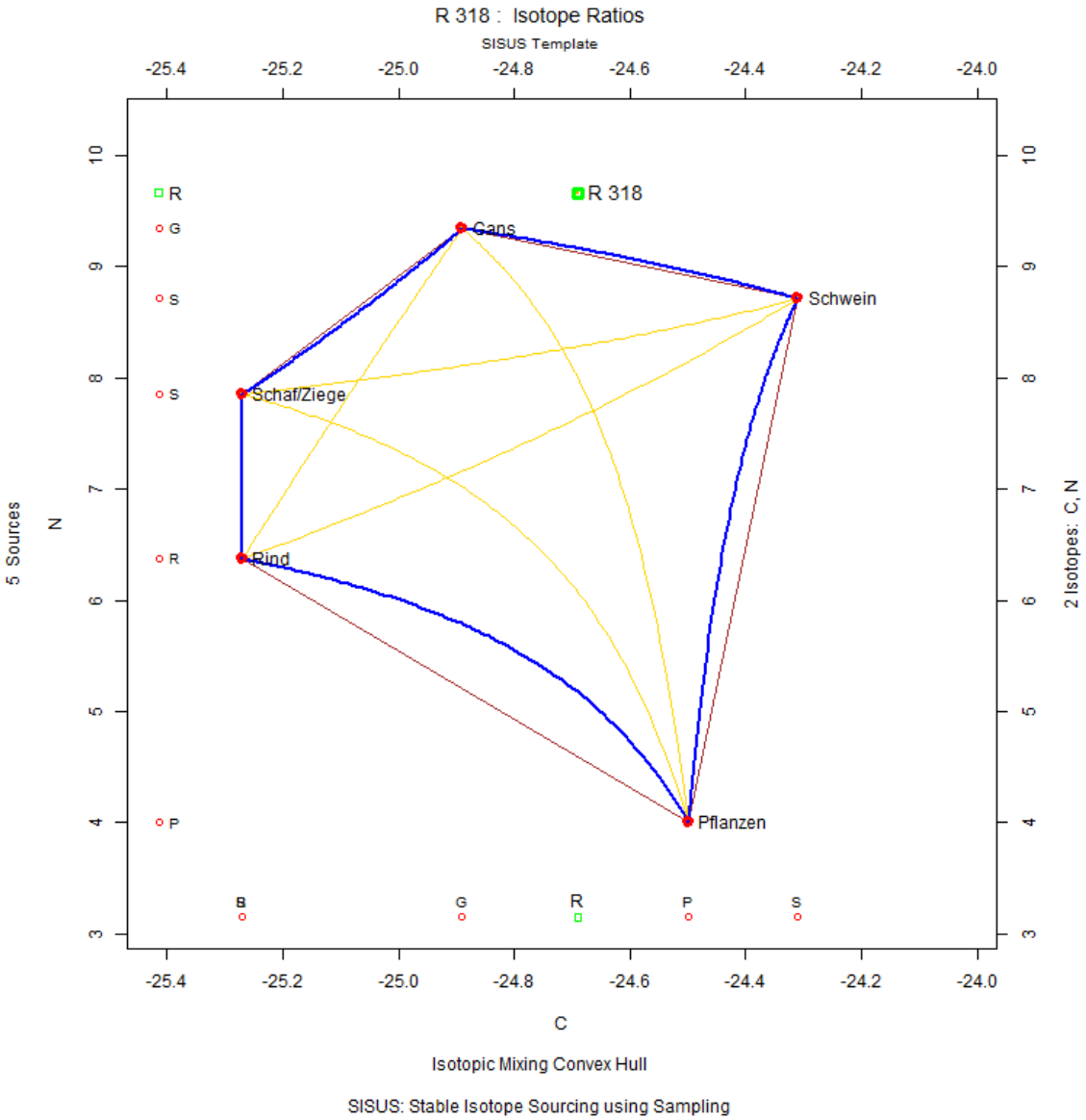


Abbildung 2503: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 318. Erstellt mit SISUS.

R320

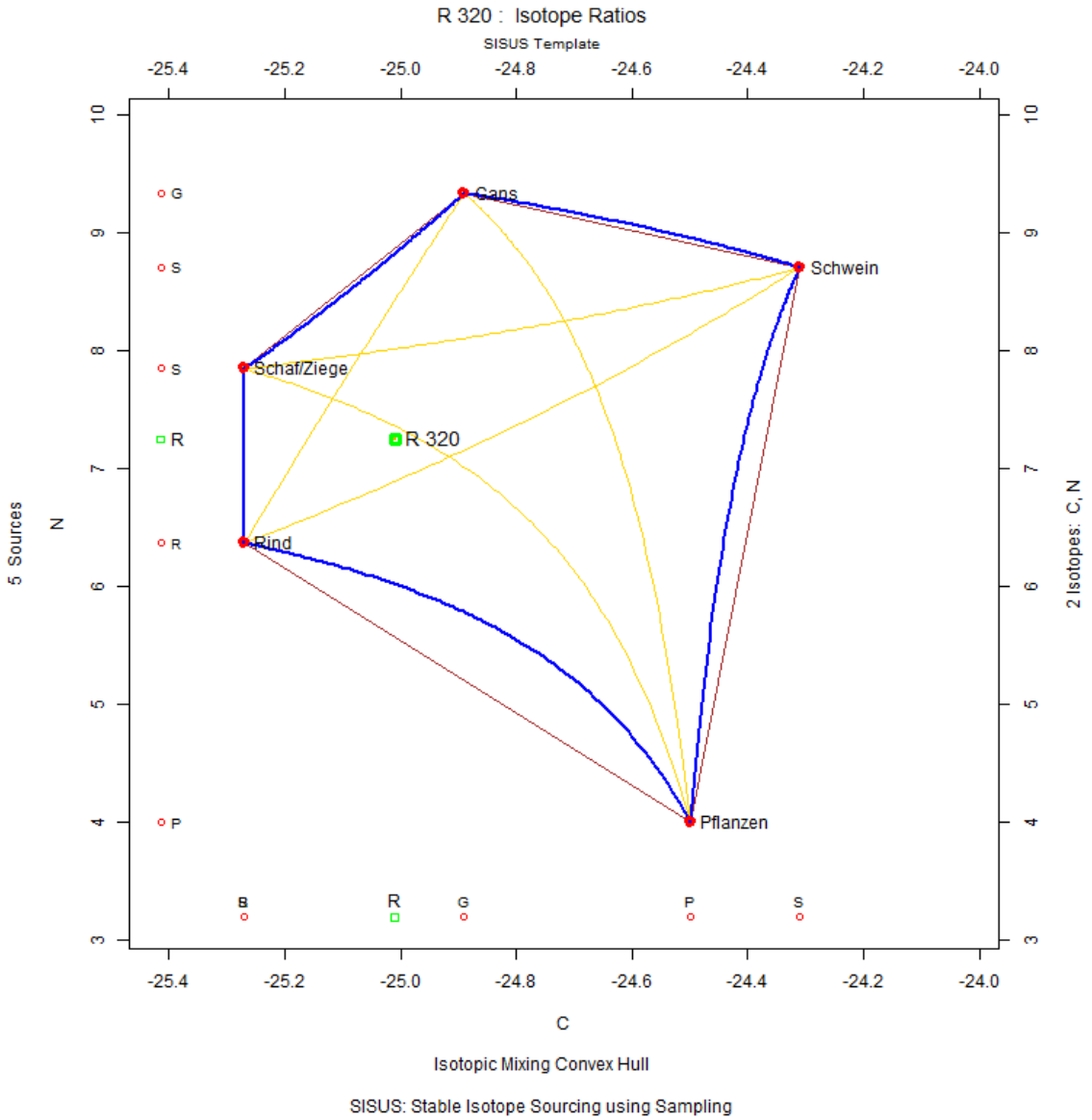


Abbildung 2504: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 320. Erstellt mit SISUS.

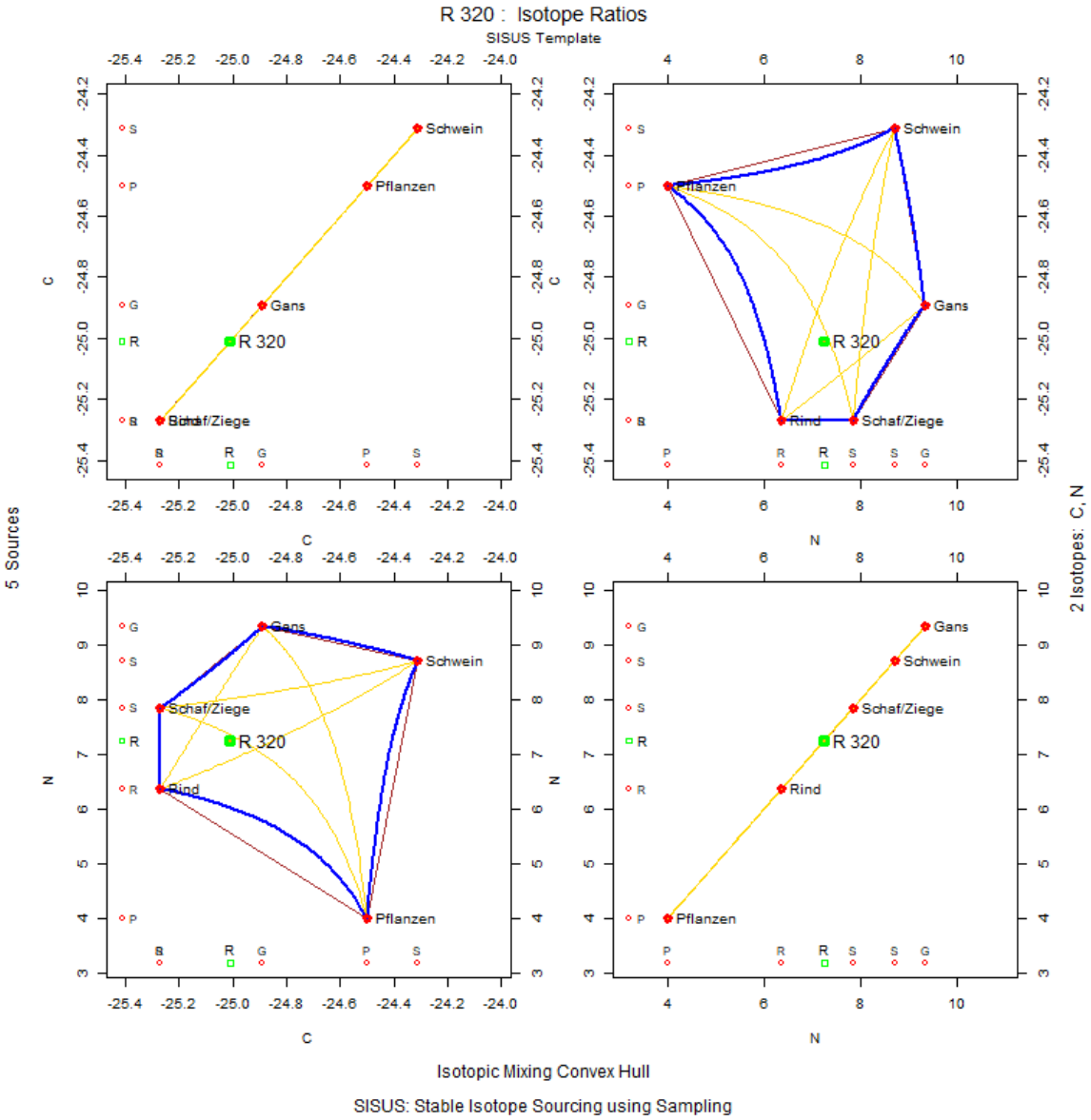


Abbildung 2505: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 320 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

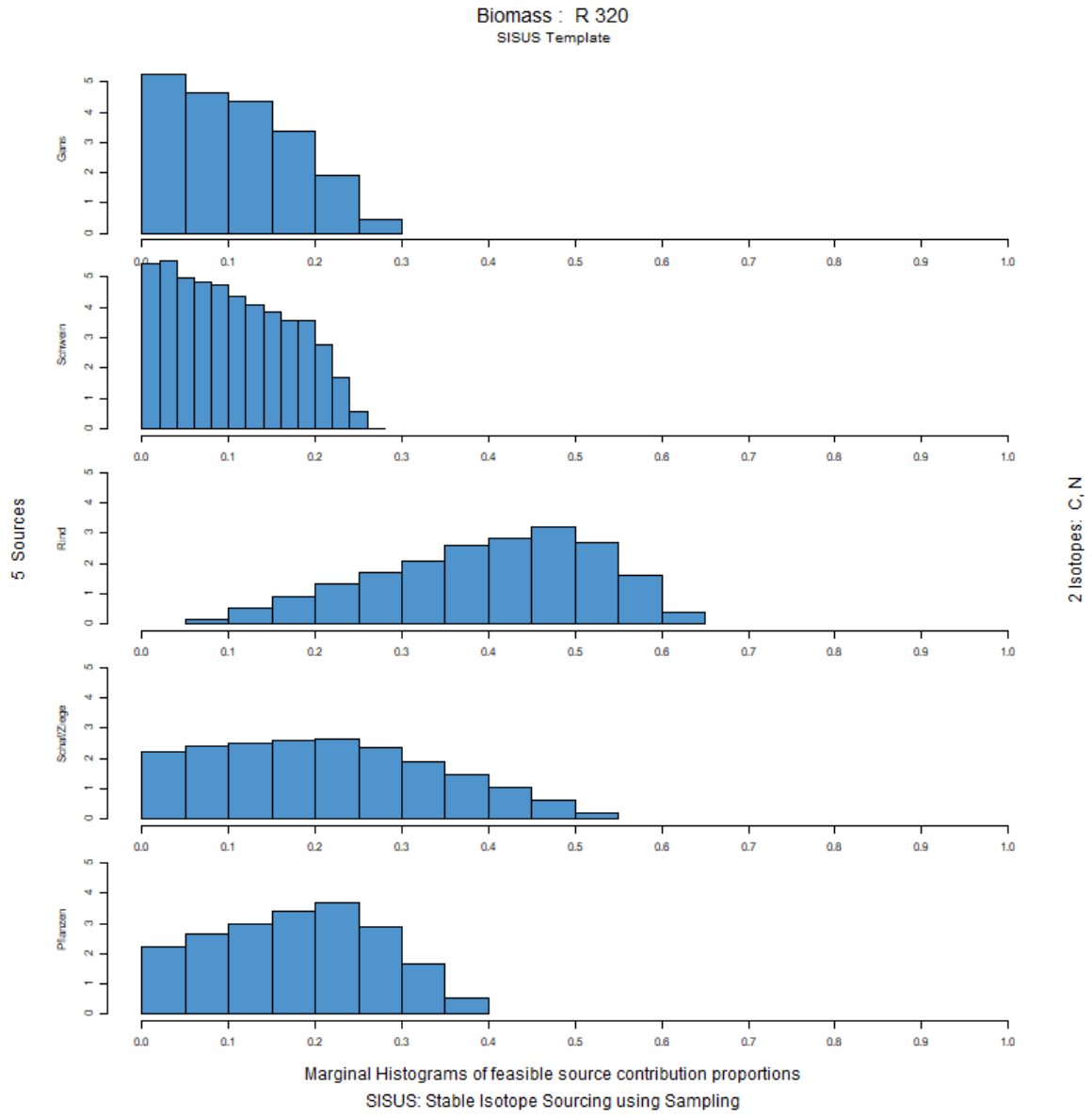


Abbildung 2506: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 320. Erstellt mit SISUS.

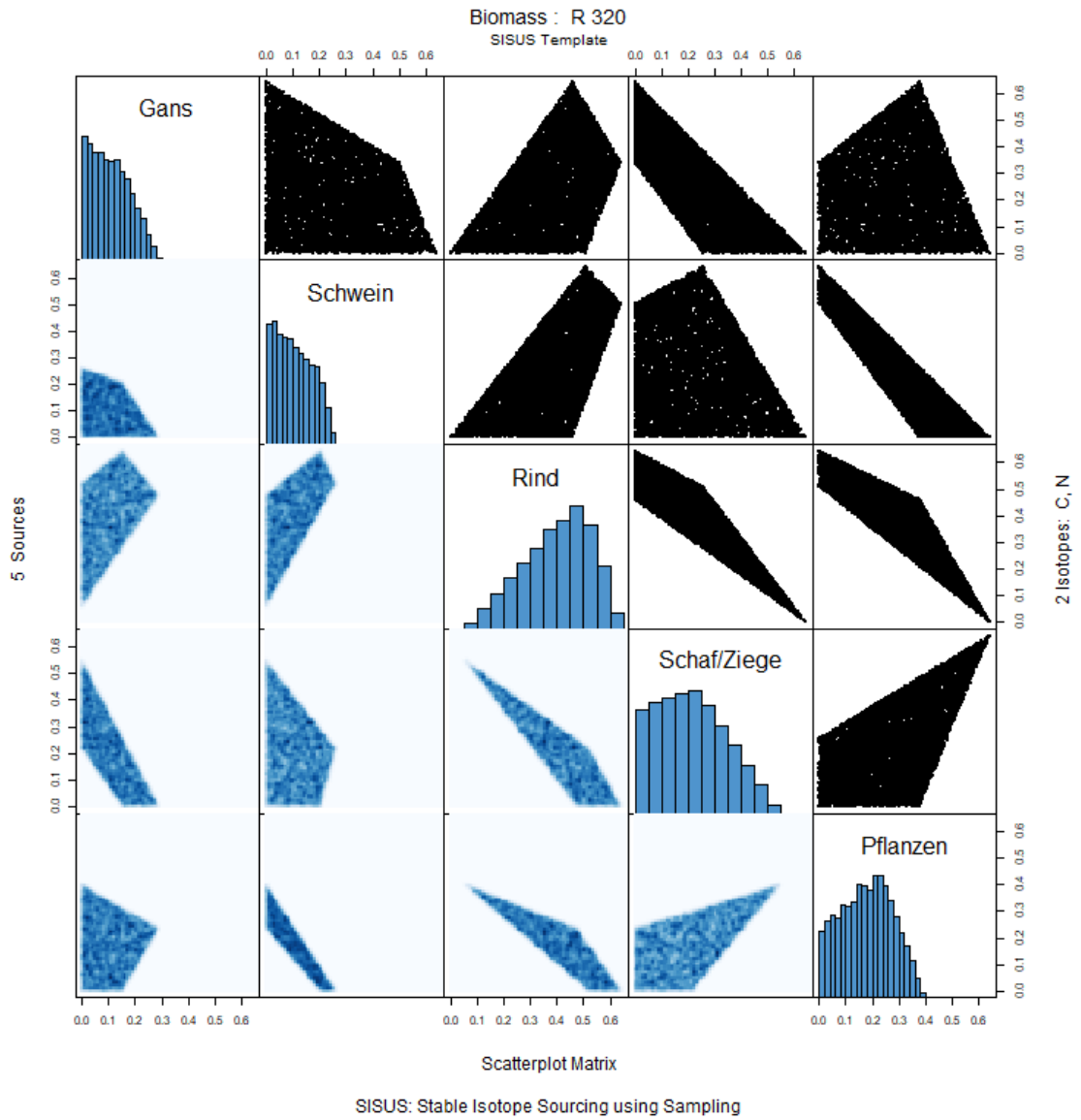


Abbildung 2507: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 320. Erstellt mit SISUS.

R324

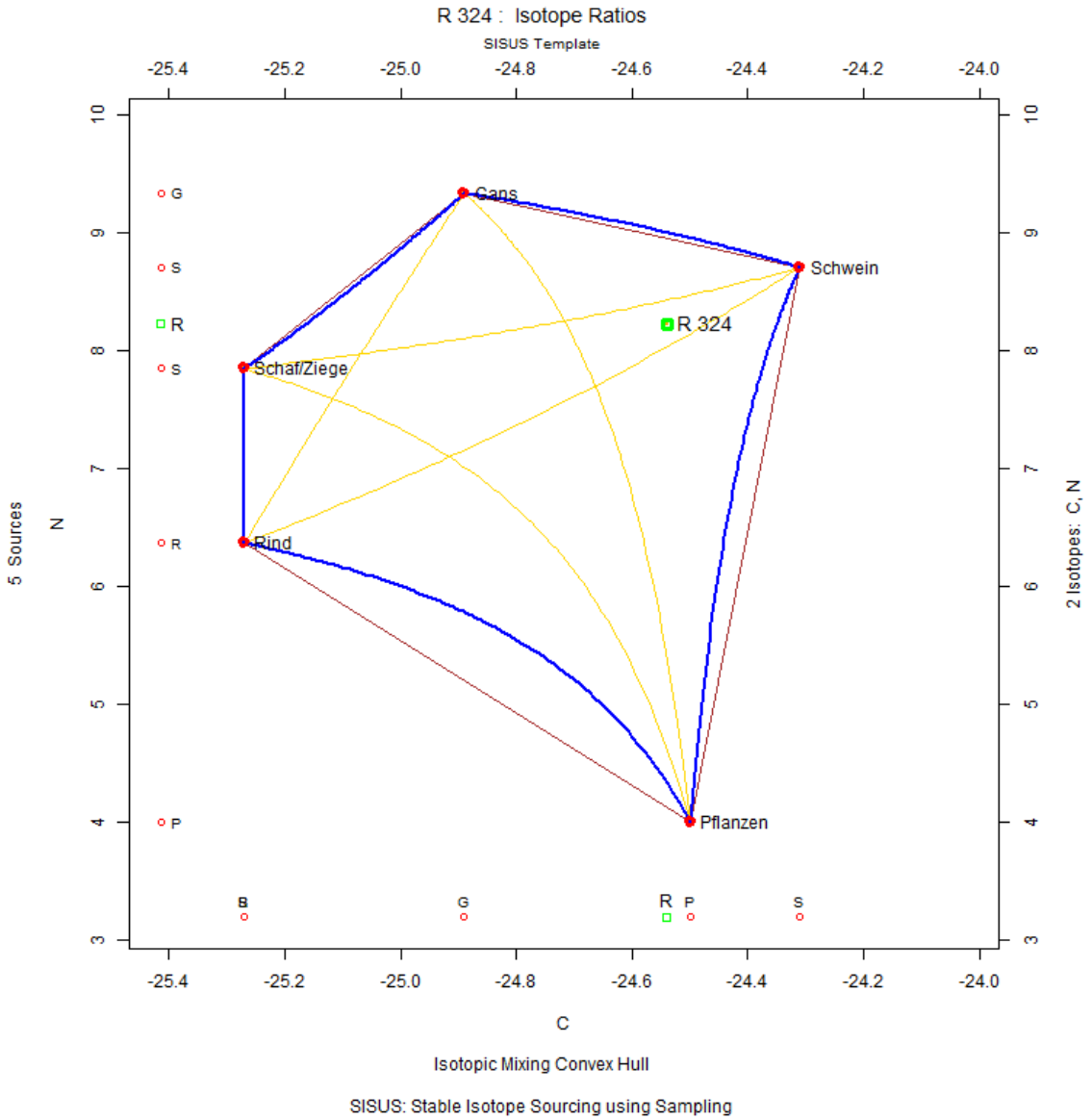


Abbildung 2508: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 324. Erstellt mit SISUS.

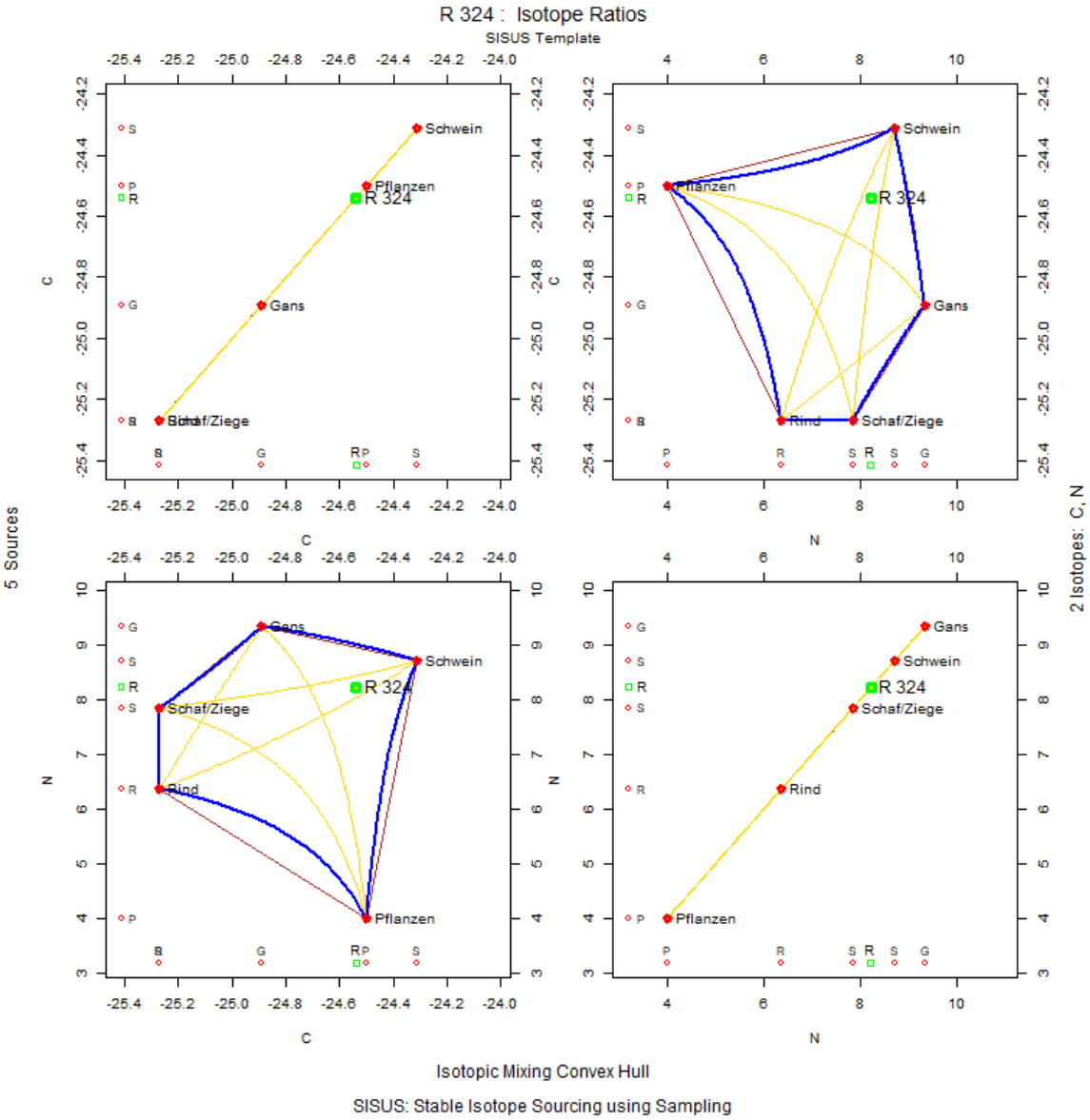


Abbildung 2509: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 324 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

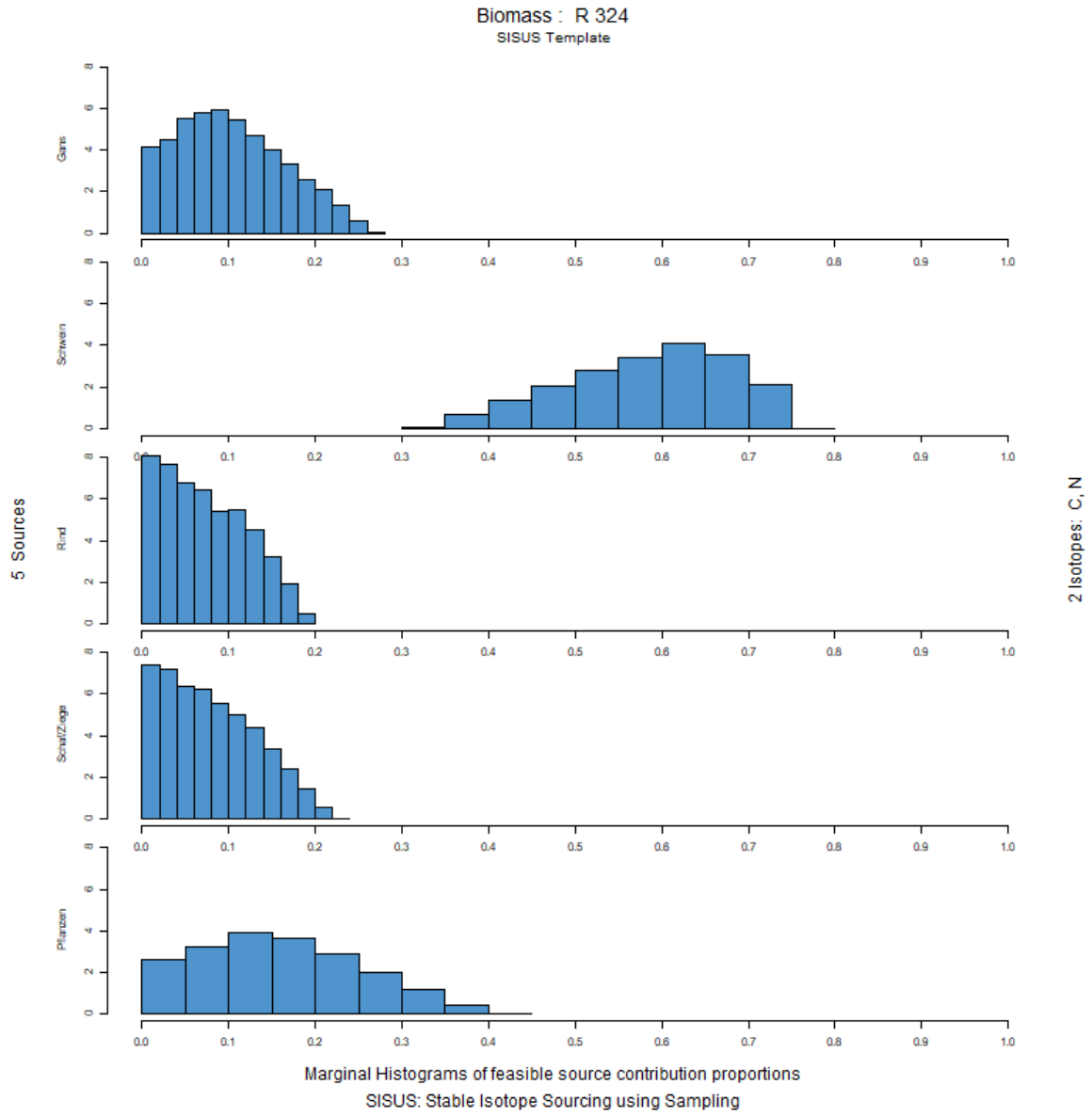


Abbildung 2510: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 324. Erstellt mit SISUS.

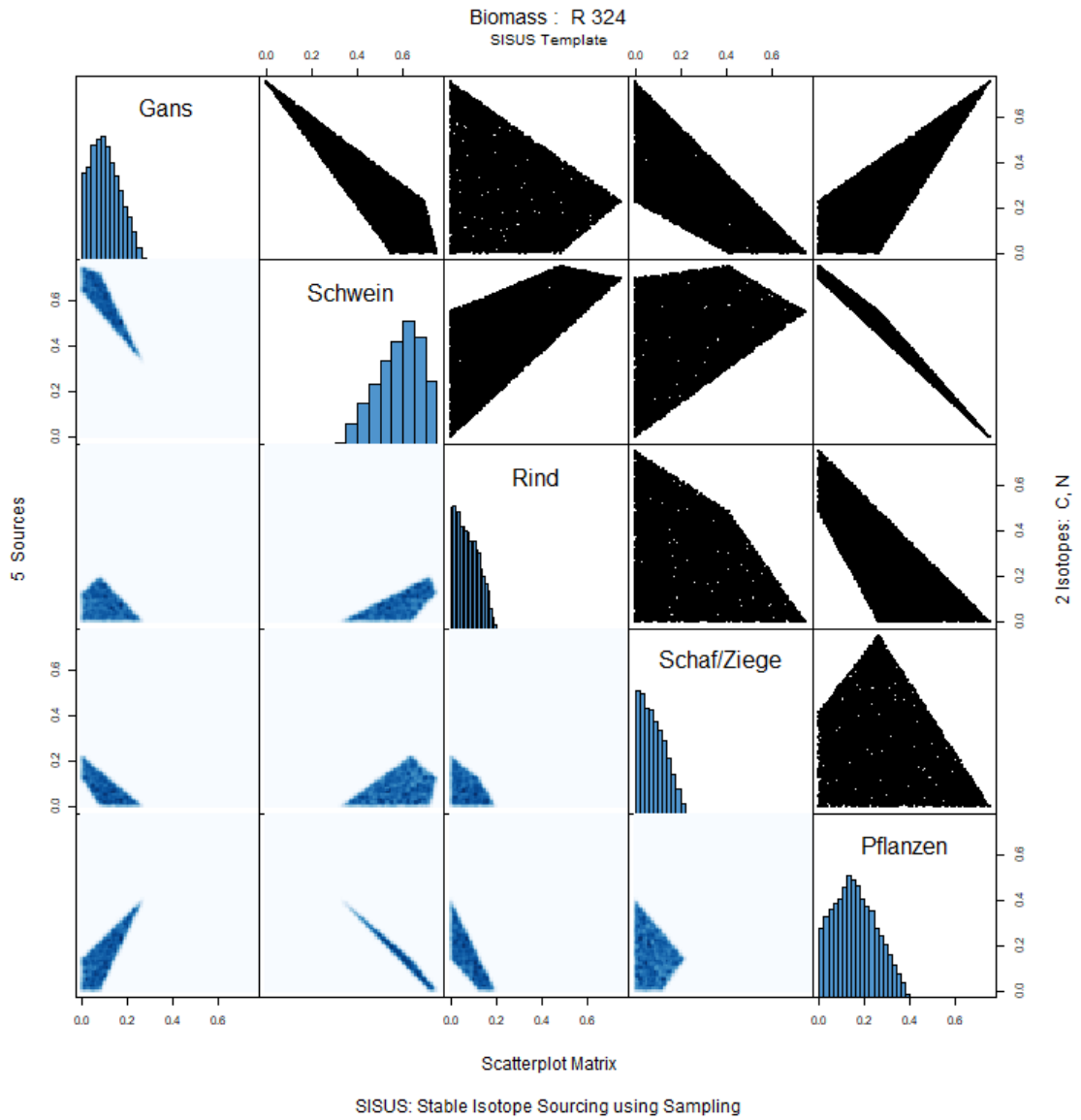


Abbildung 2511: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 324. Erstellt mit SISUS.

R326

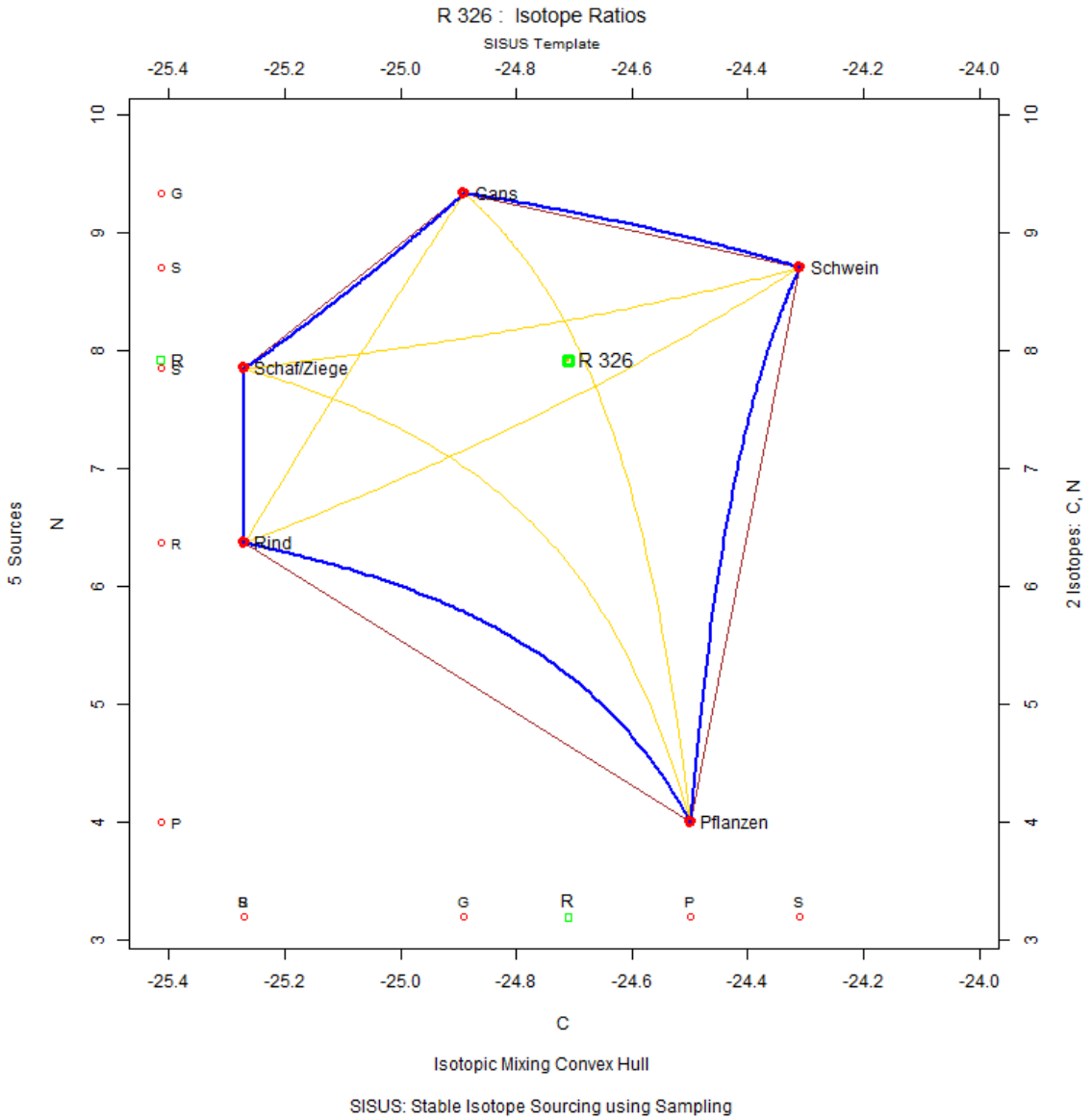


Abbildung 2512: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 326. Erstellt mit SISUS.

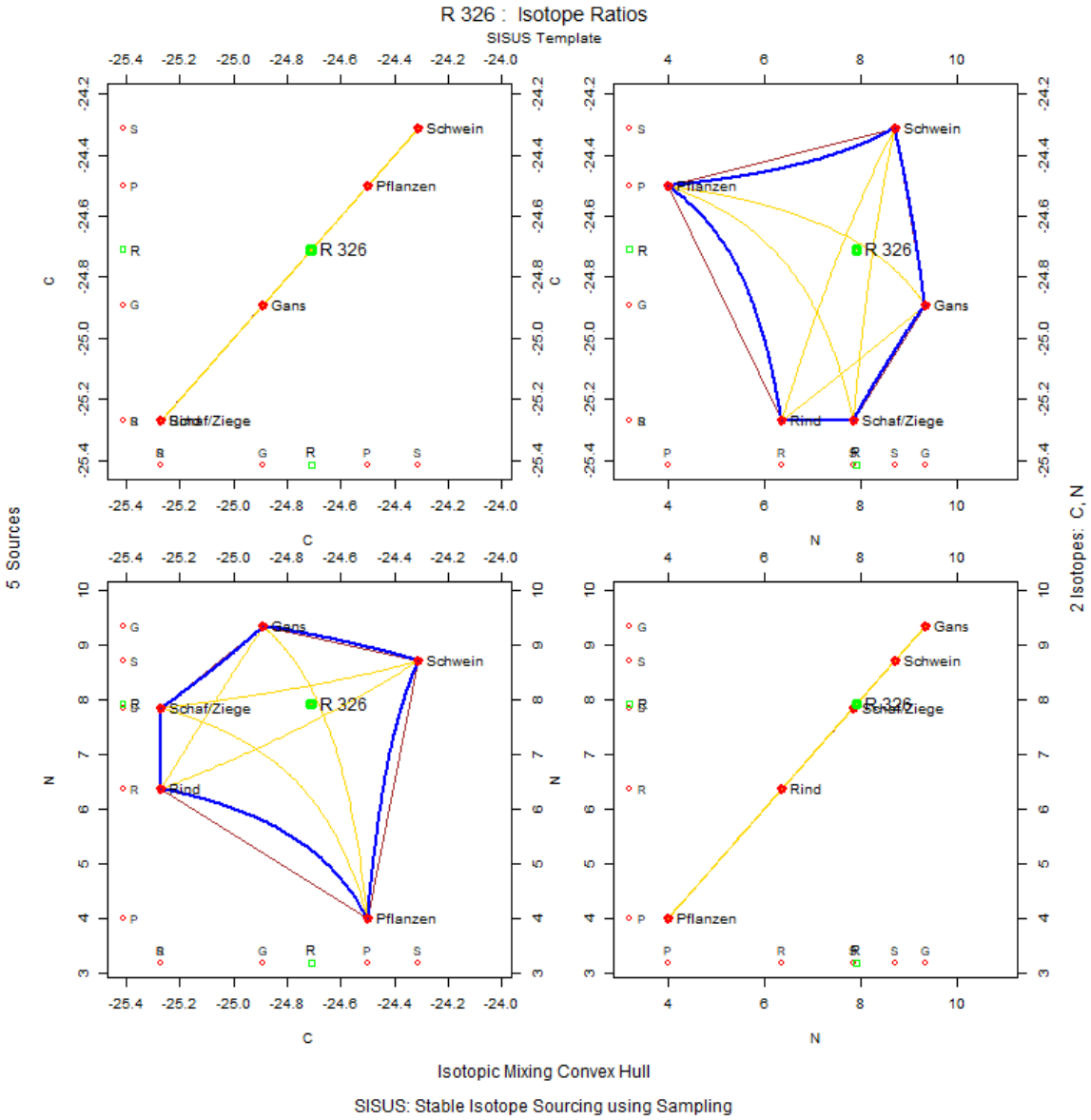


Abbildung 2513: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 326 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

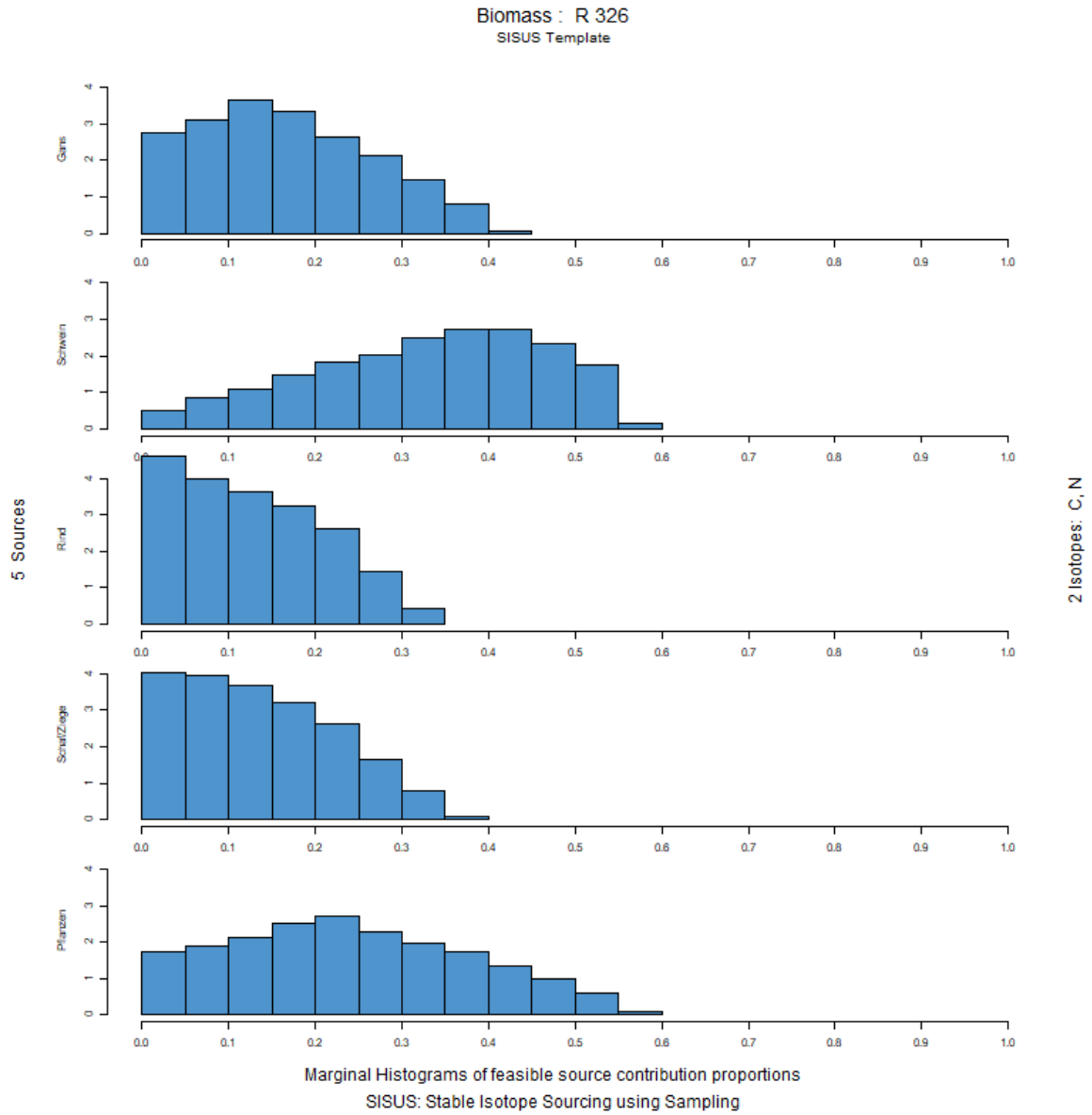


Abbildung 2514: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 326. Erstellt mit SISUS.

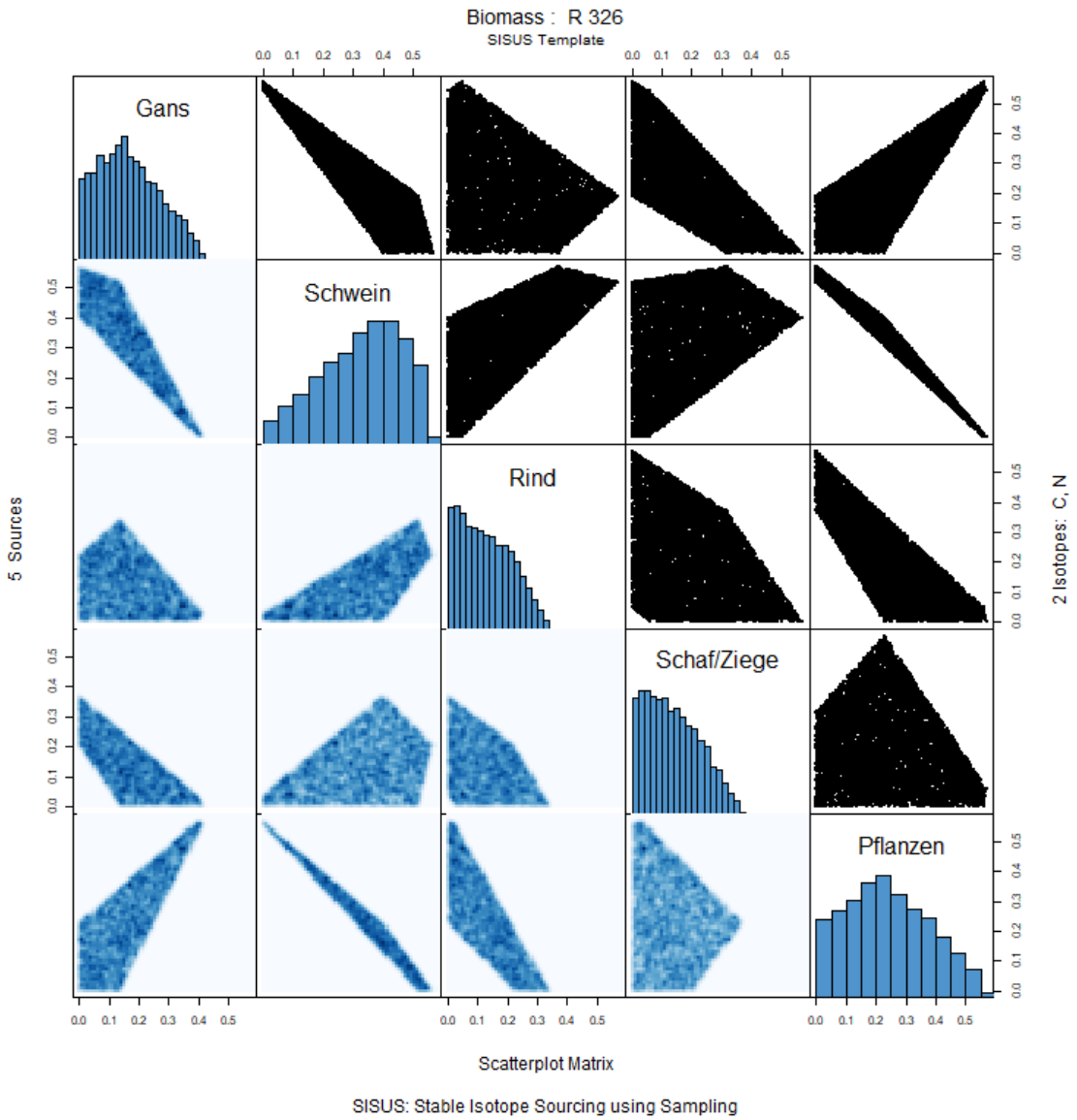


Abbildung 2515: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 326. Erstellt mit SISUS.

R328

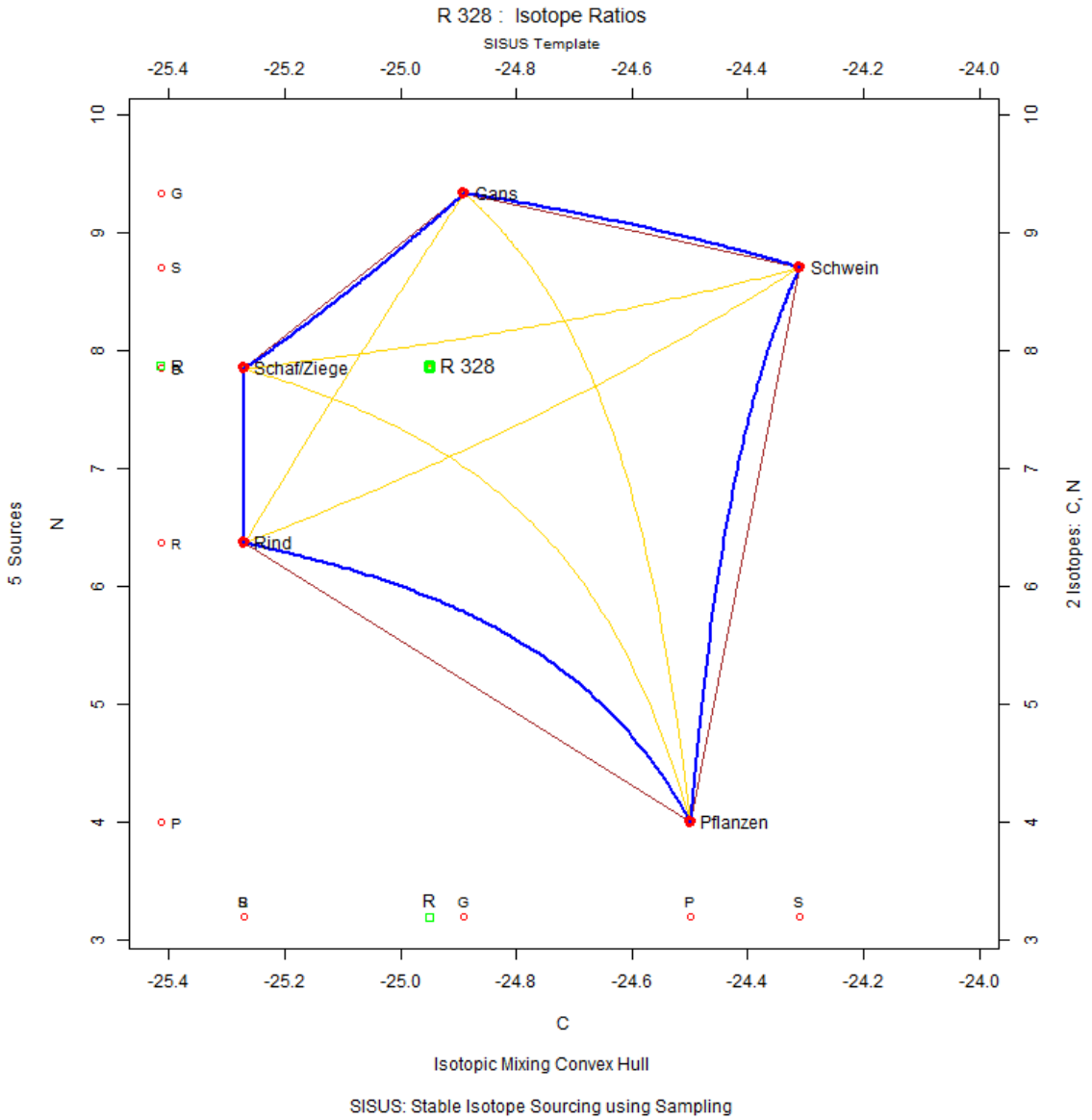


Abbildung 2516: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 328. Erstellt mit SISUS.

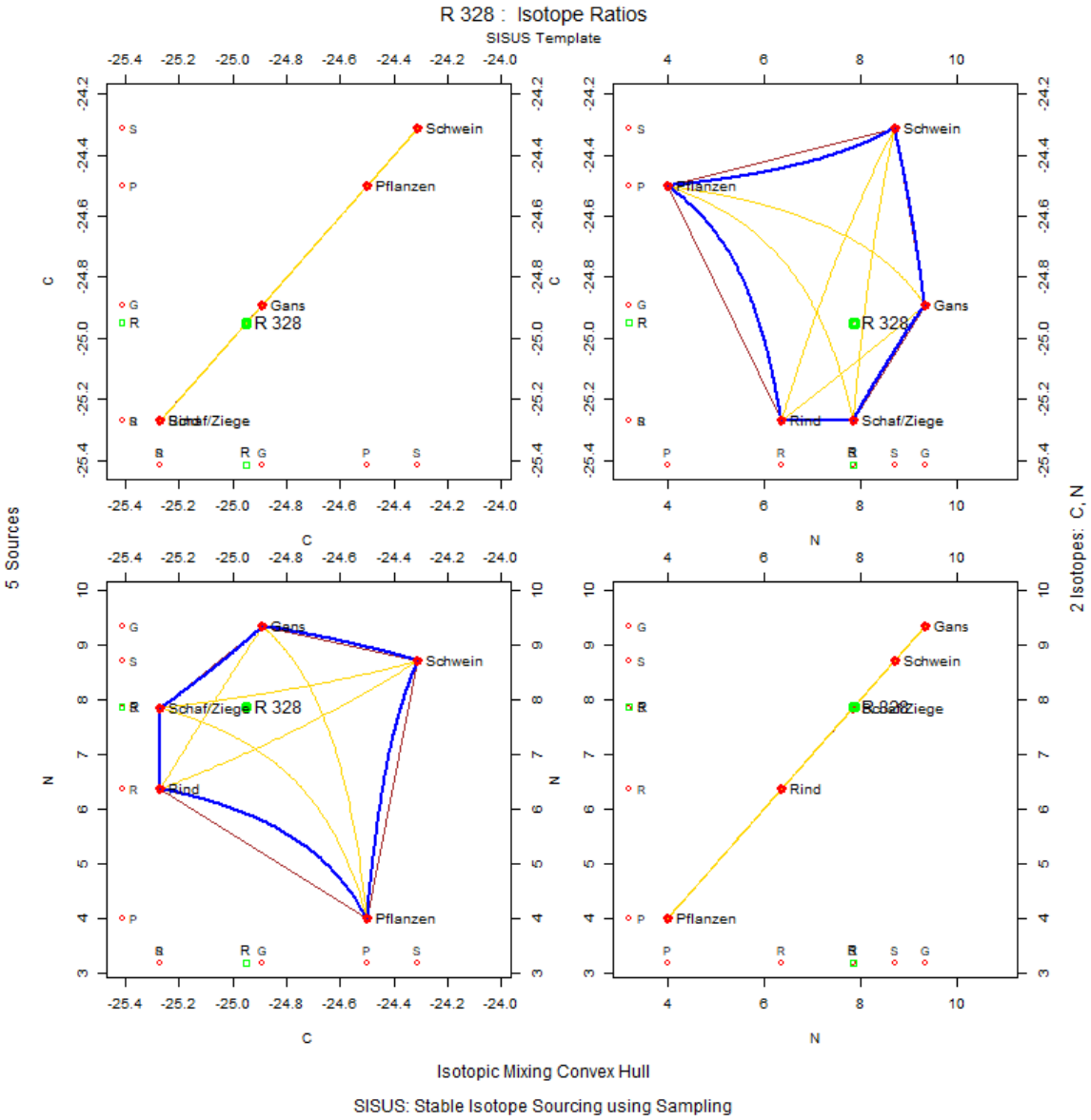


Abbildung 2517: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 328 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

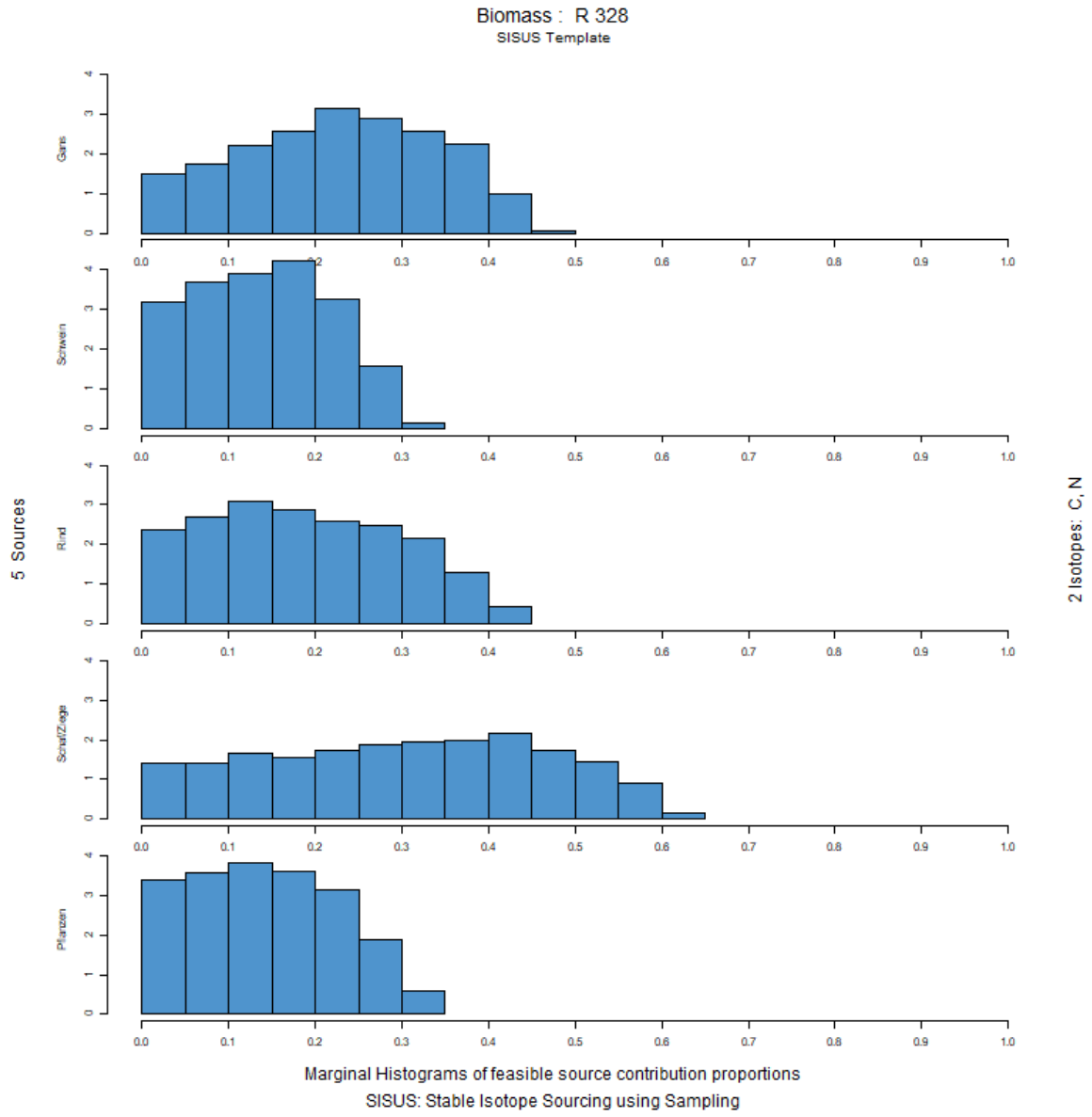


Abbildung 2518: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 328. Erstellt mit SISUS.

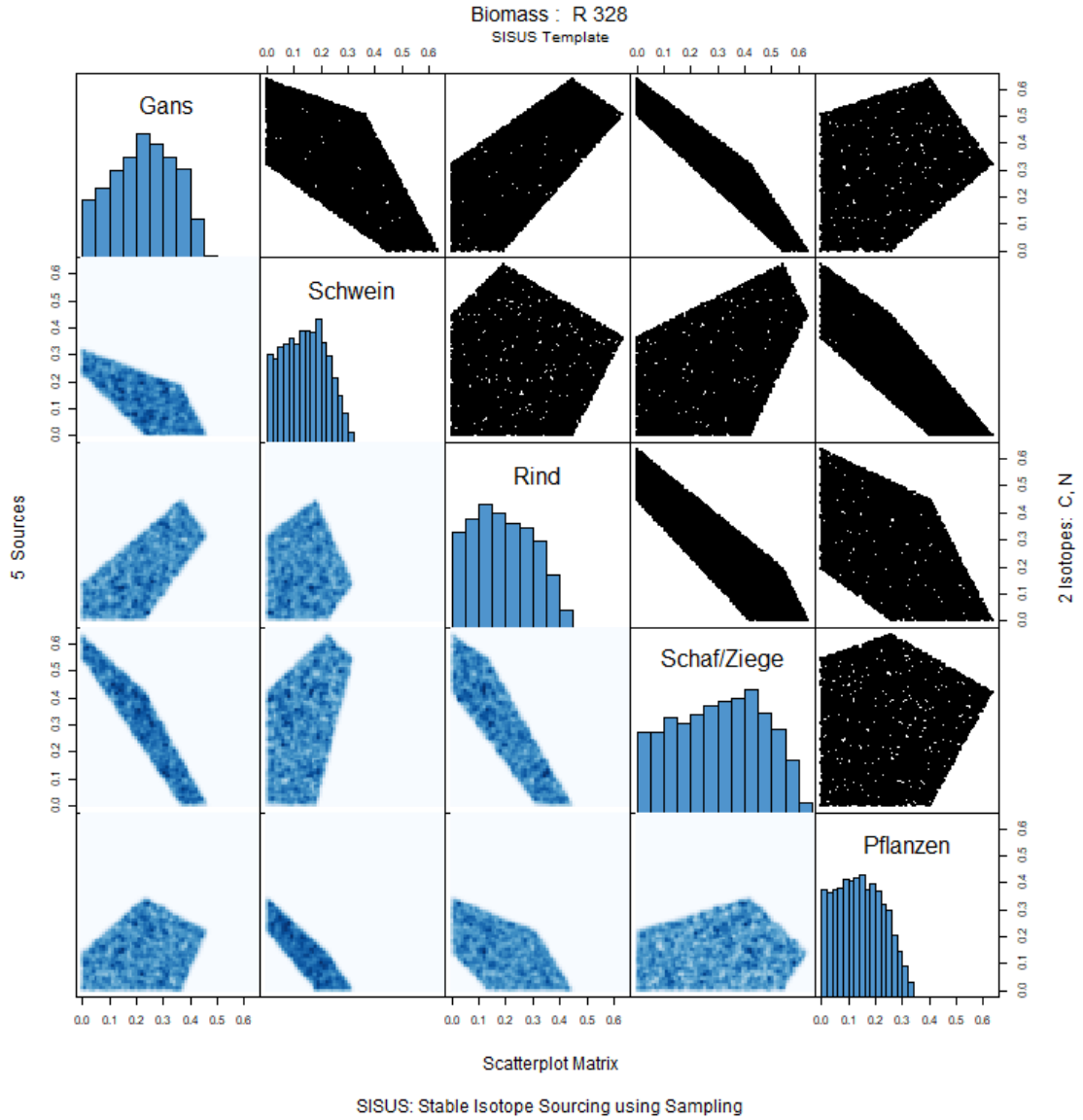


Abbildung 2519: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 328. Erstellt mit SISUS.

R330

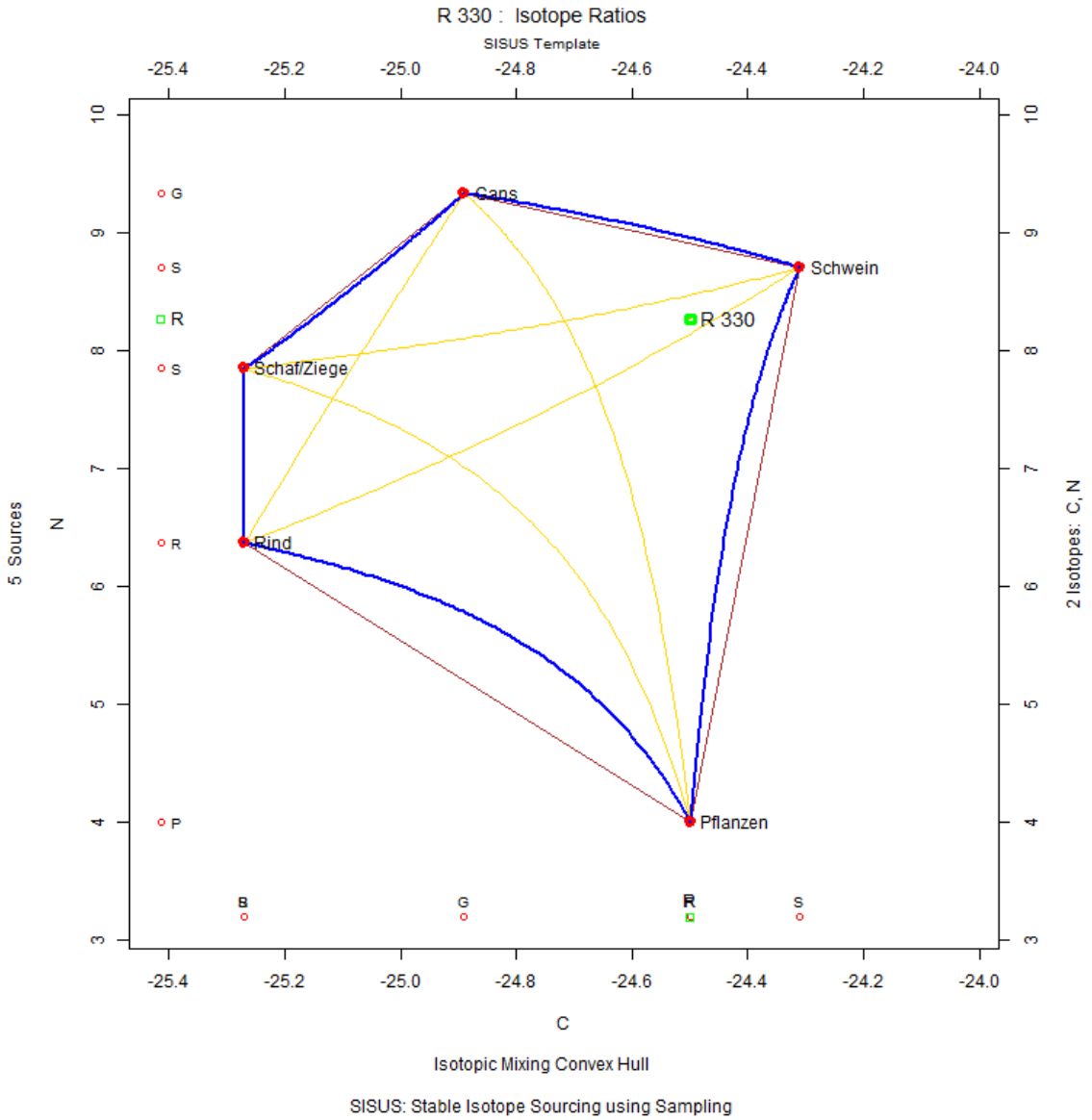


Abbildung 2520: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 330. Erstellt mit SISUS.

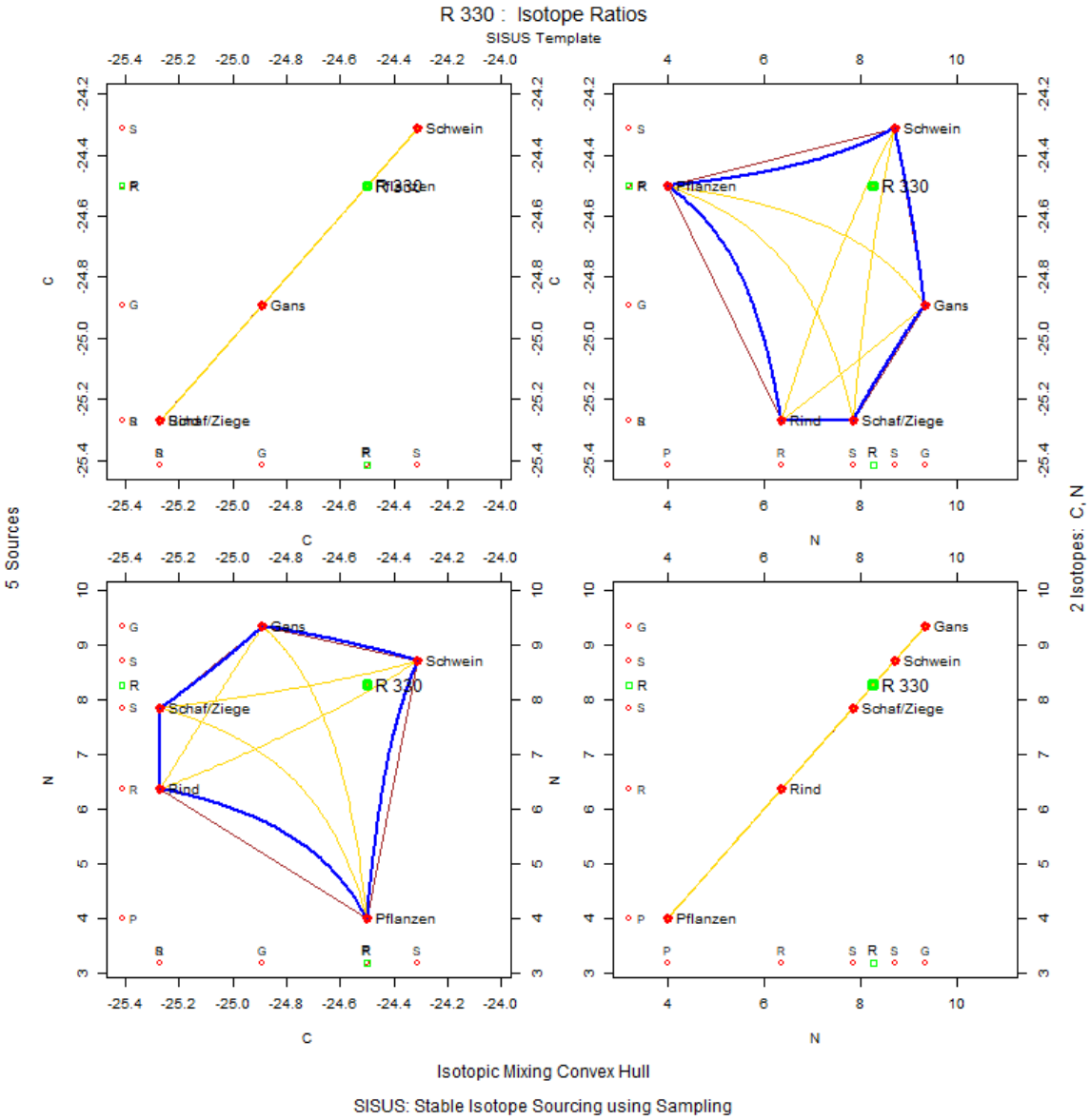


Abbildung 2521: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 320 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

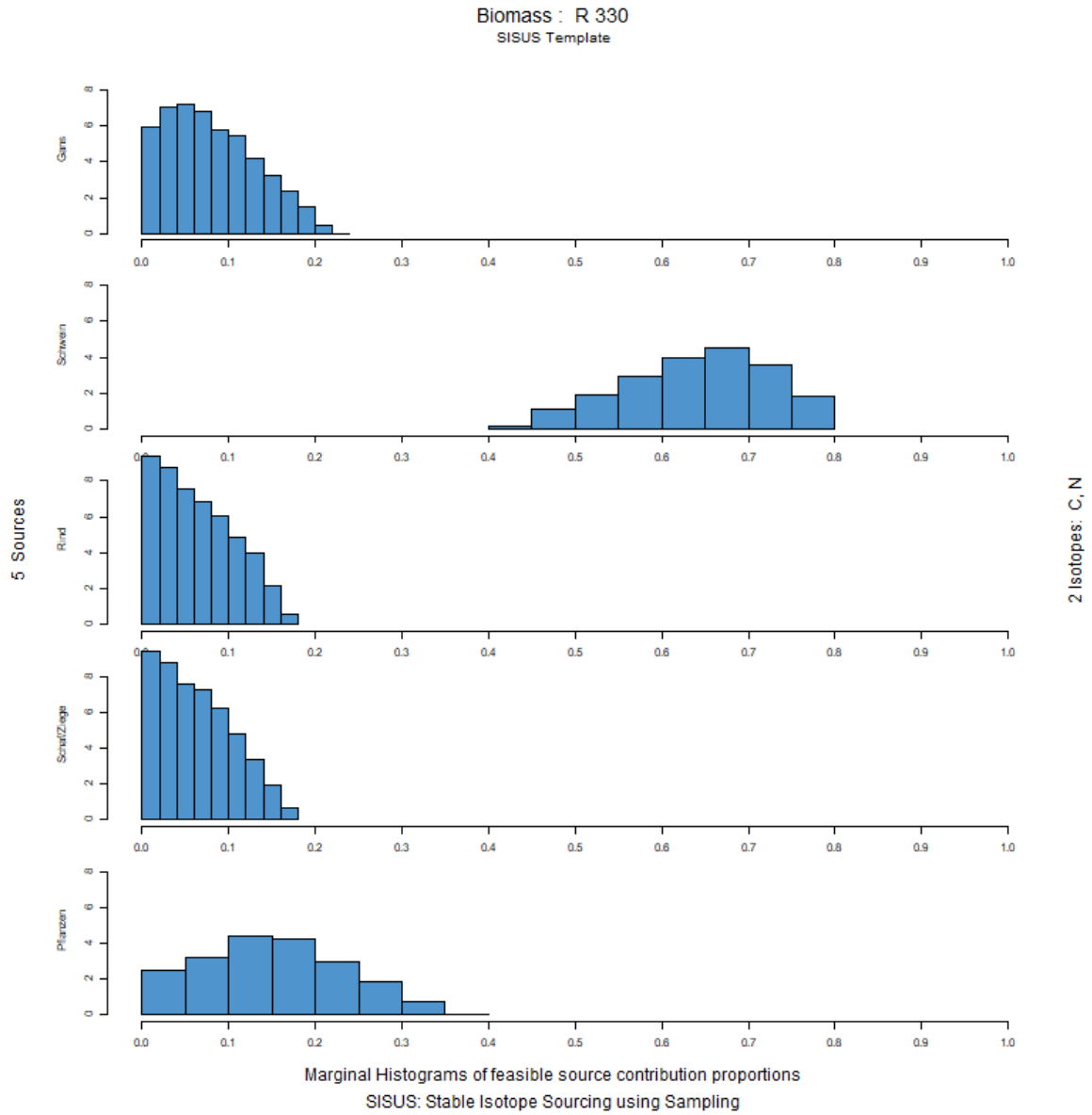


Abbildung 2522: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 330. Erstellt mit SISUS.

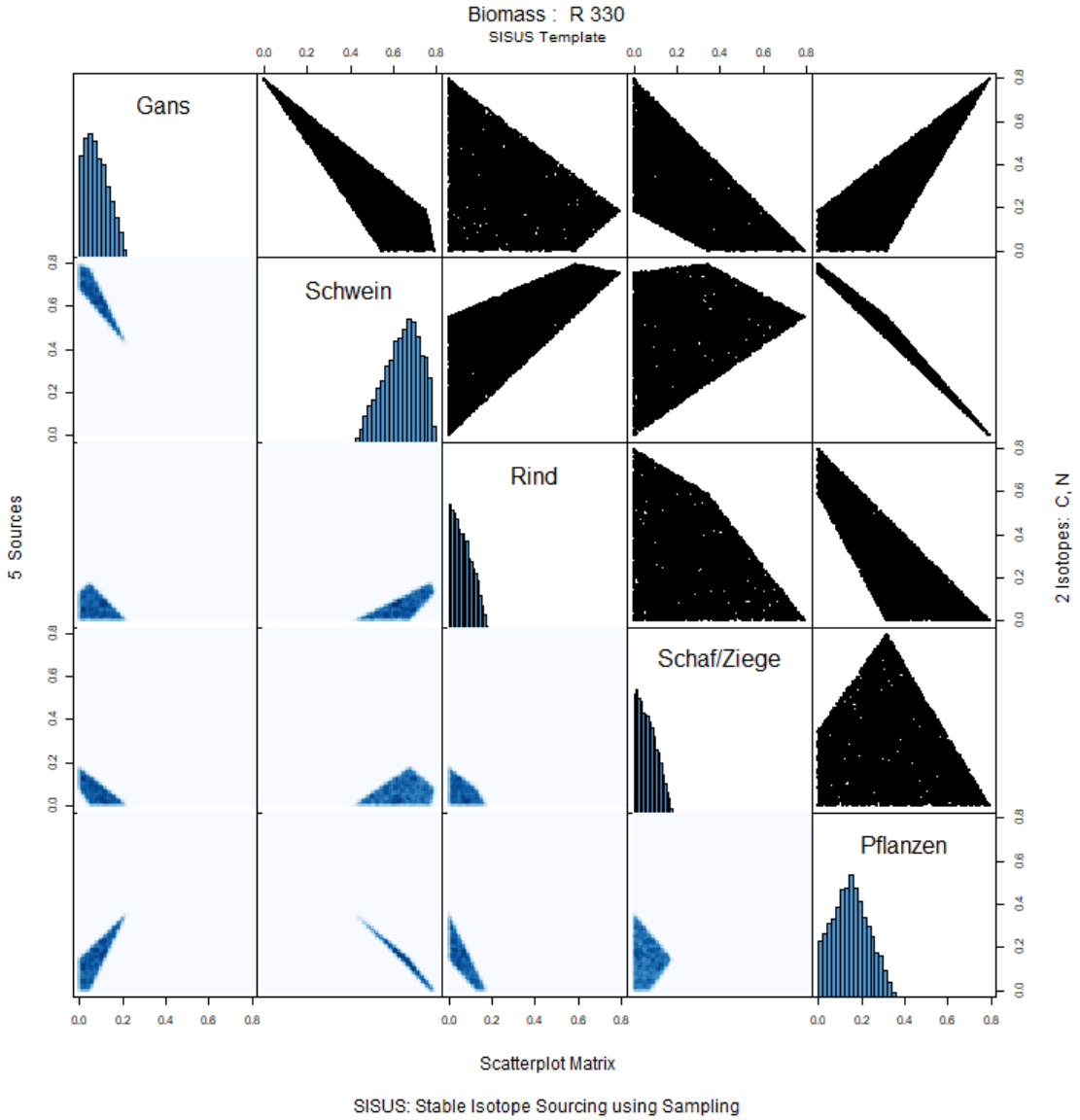


Abbildung 2523: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 330. Erstellt mit SISUS.

R332

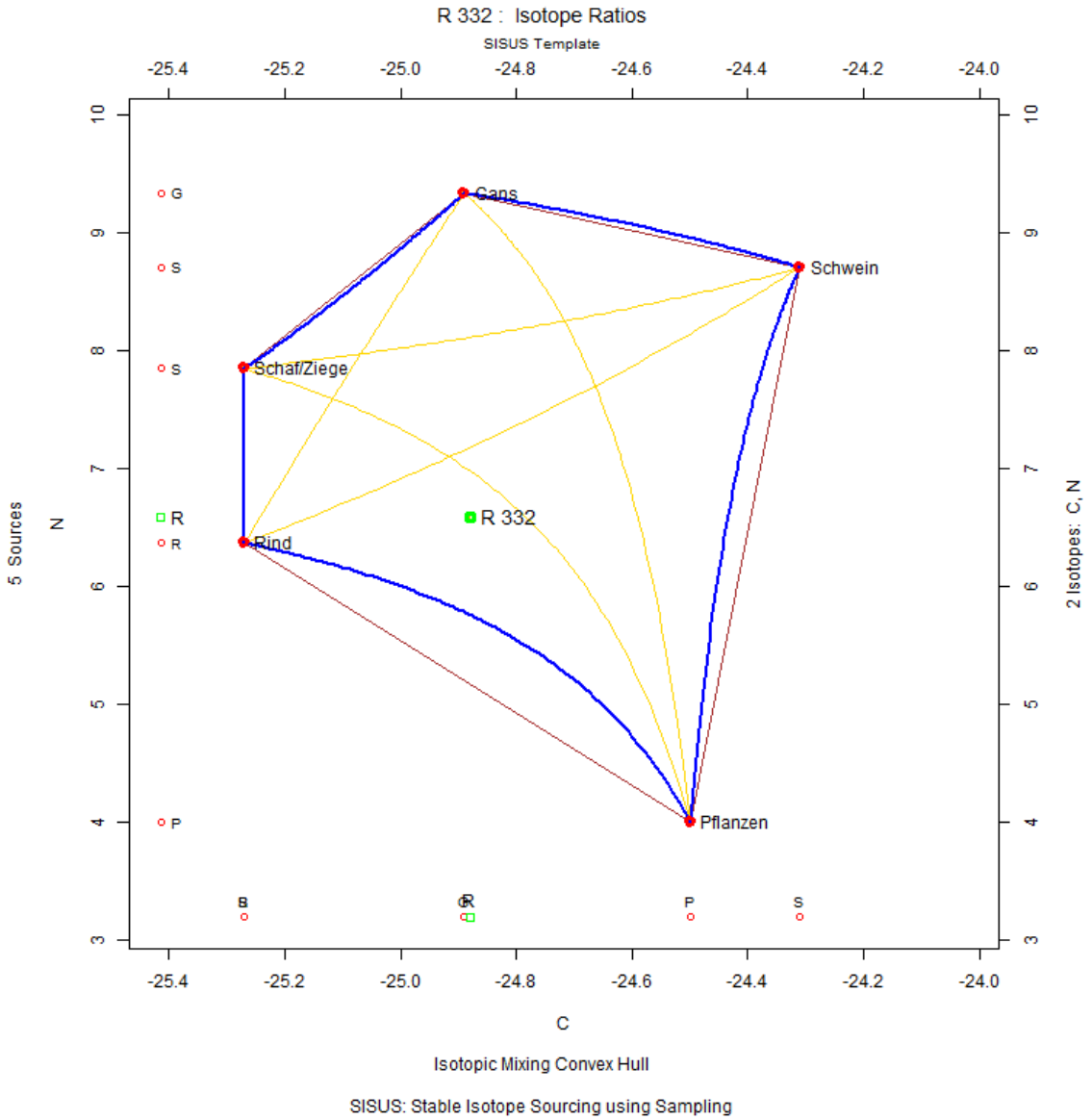


Abbildung 2524: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 332. Erstellt mit SISUS.

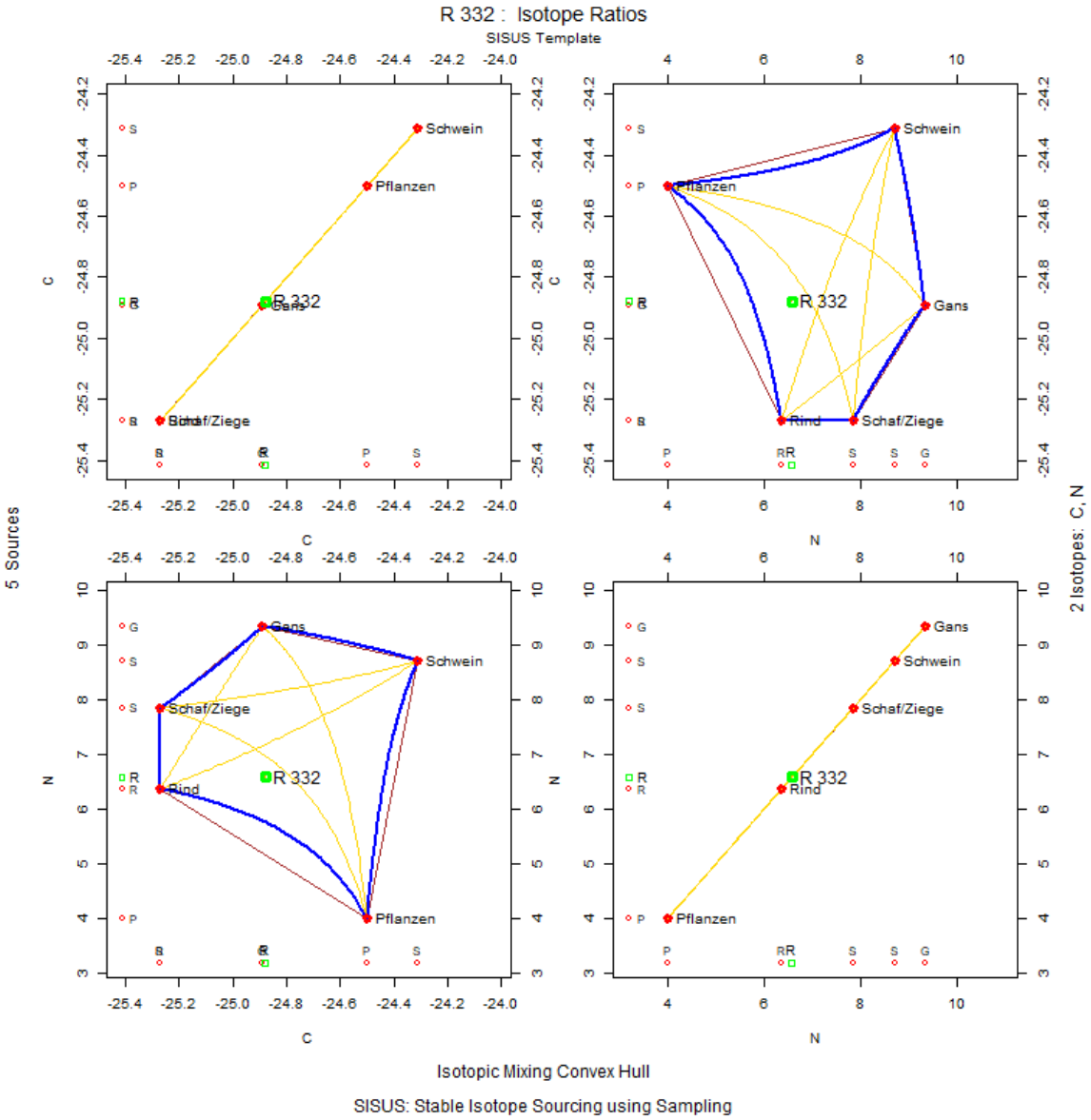


Abbildung 2525: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 332 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

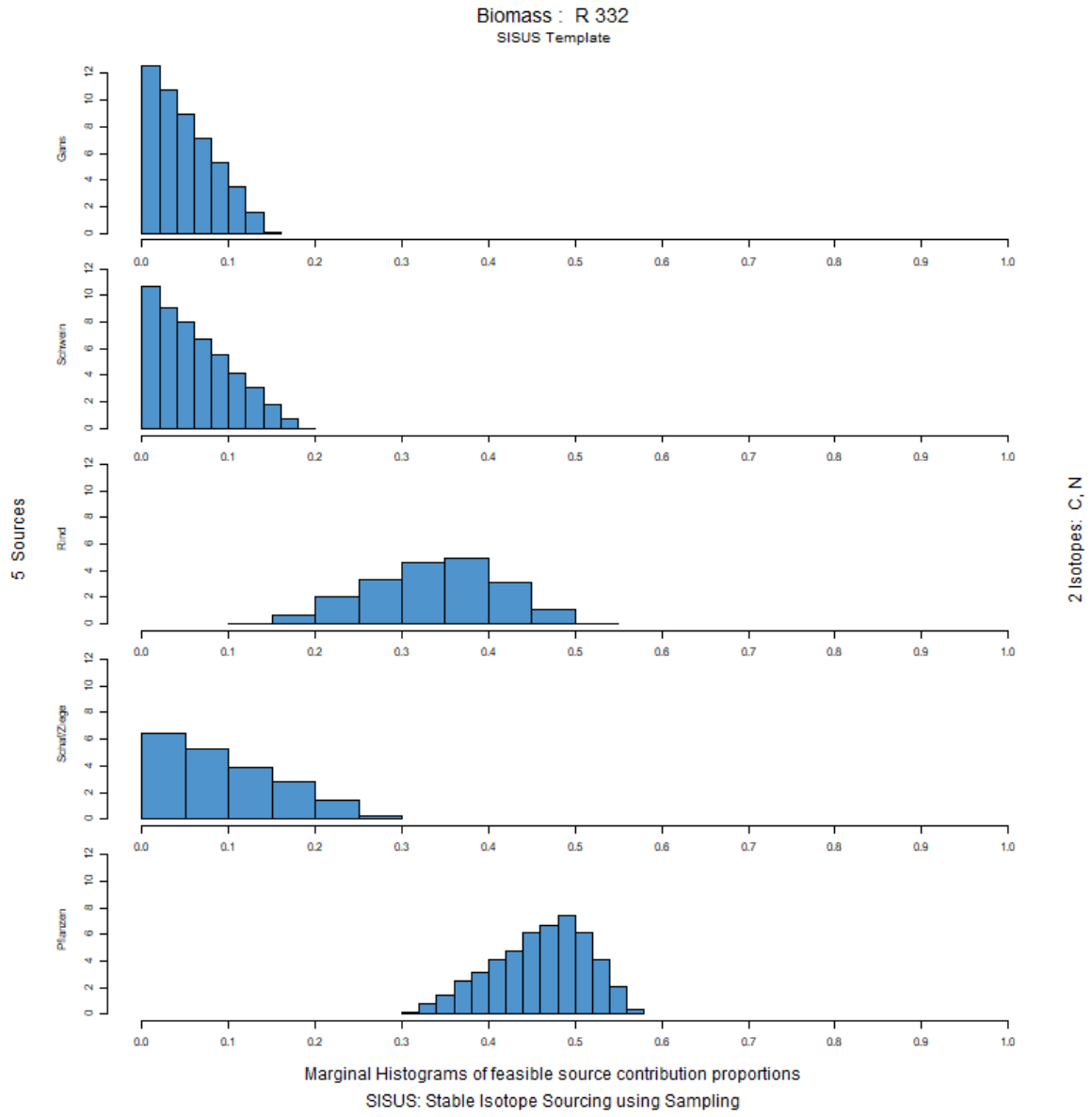


Abbildung 2526: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 332. Erstellt mit SISUS.

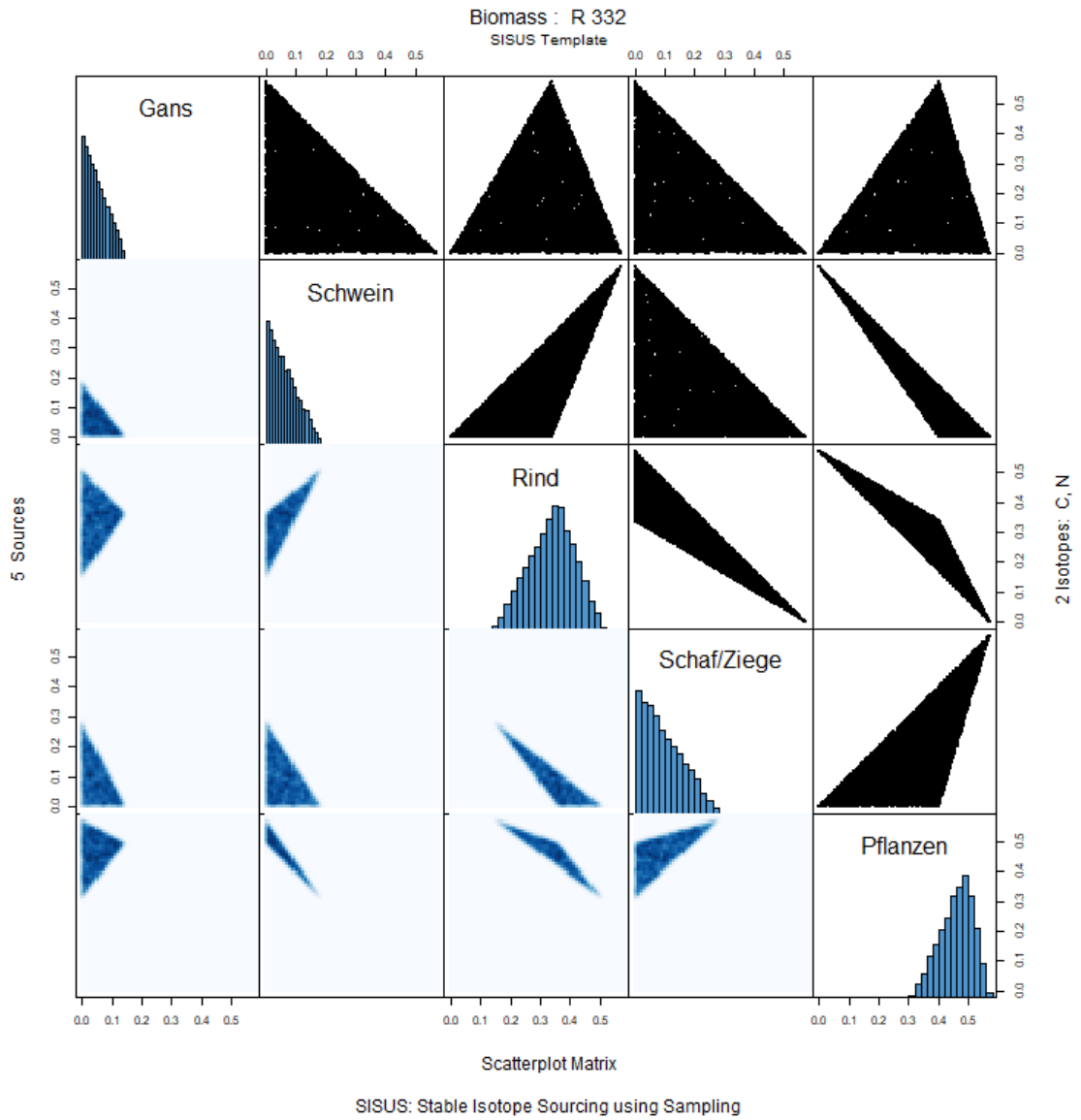


Abbildung 2527: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 332. Erstellt mit SISUS.

R337

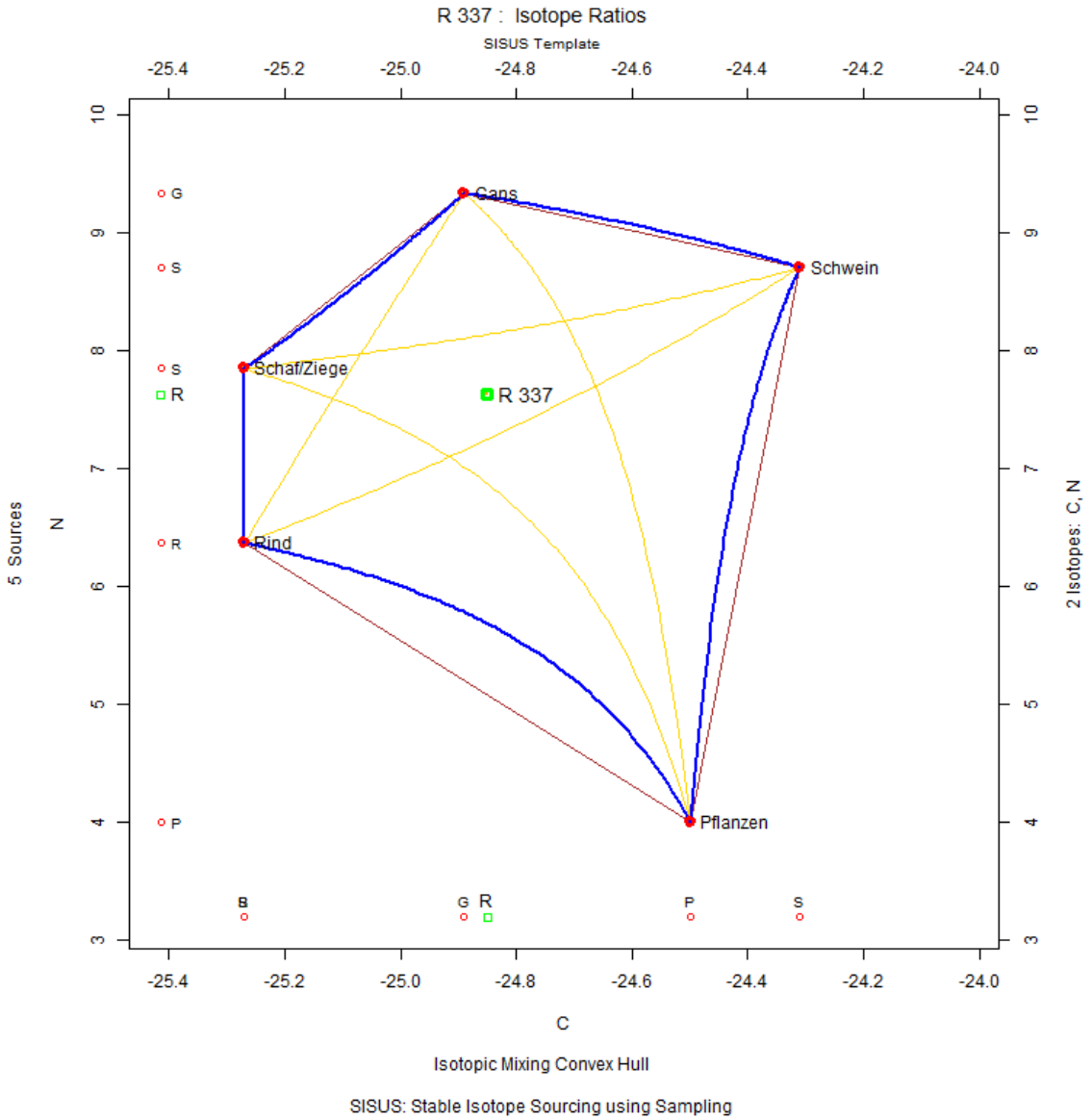


Abbildung 2528: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 337. Erstellt mit SISUS.

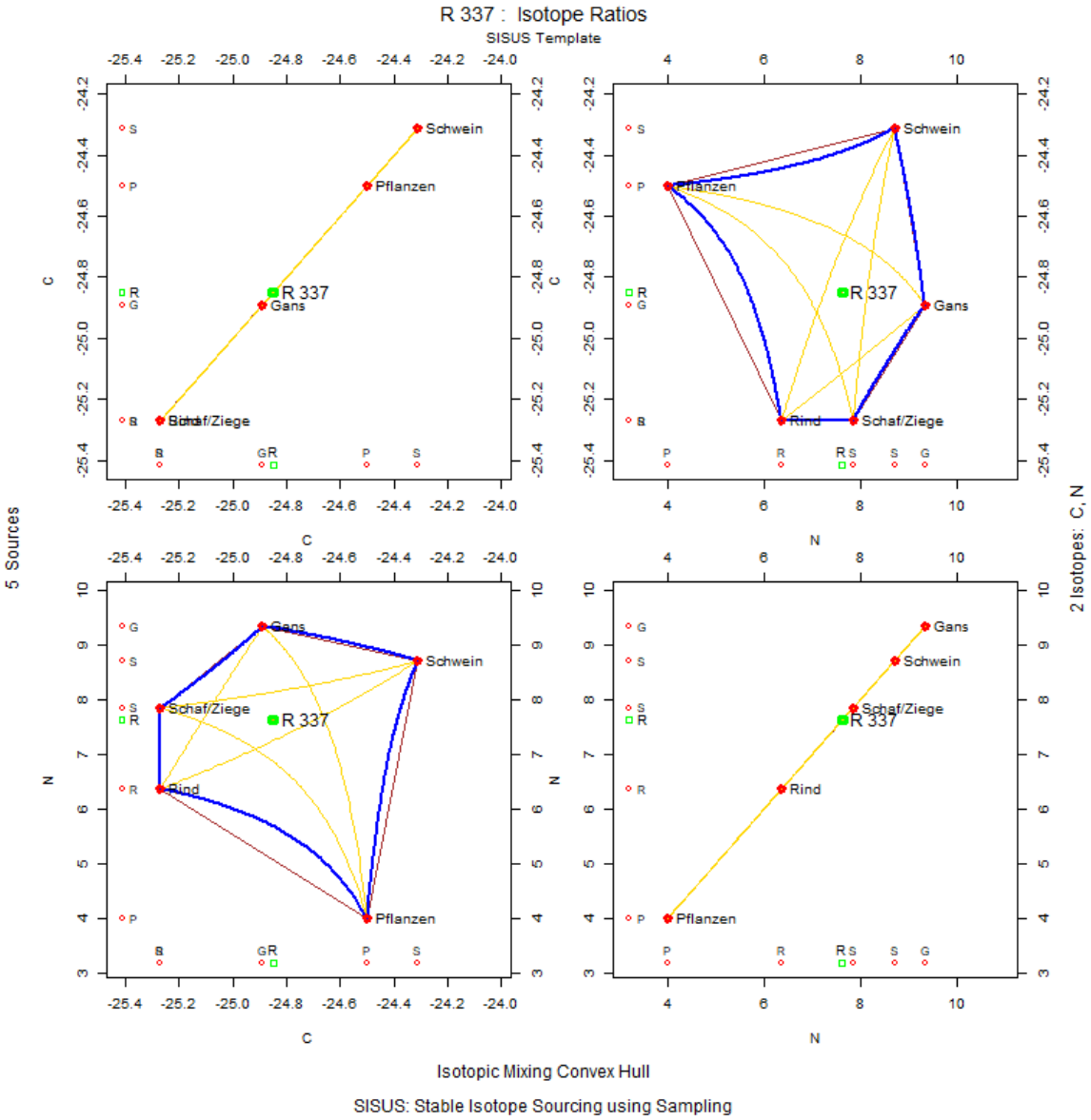


Abbildung 2529: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 337 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

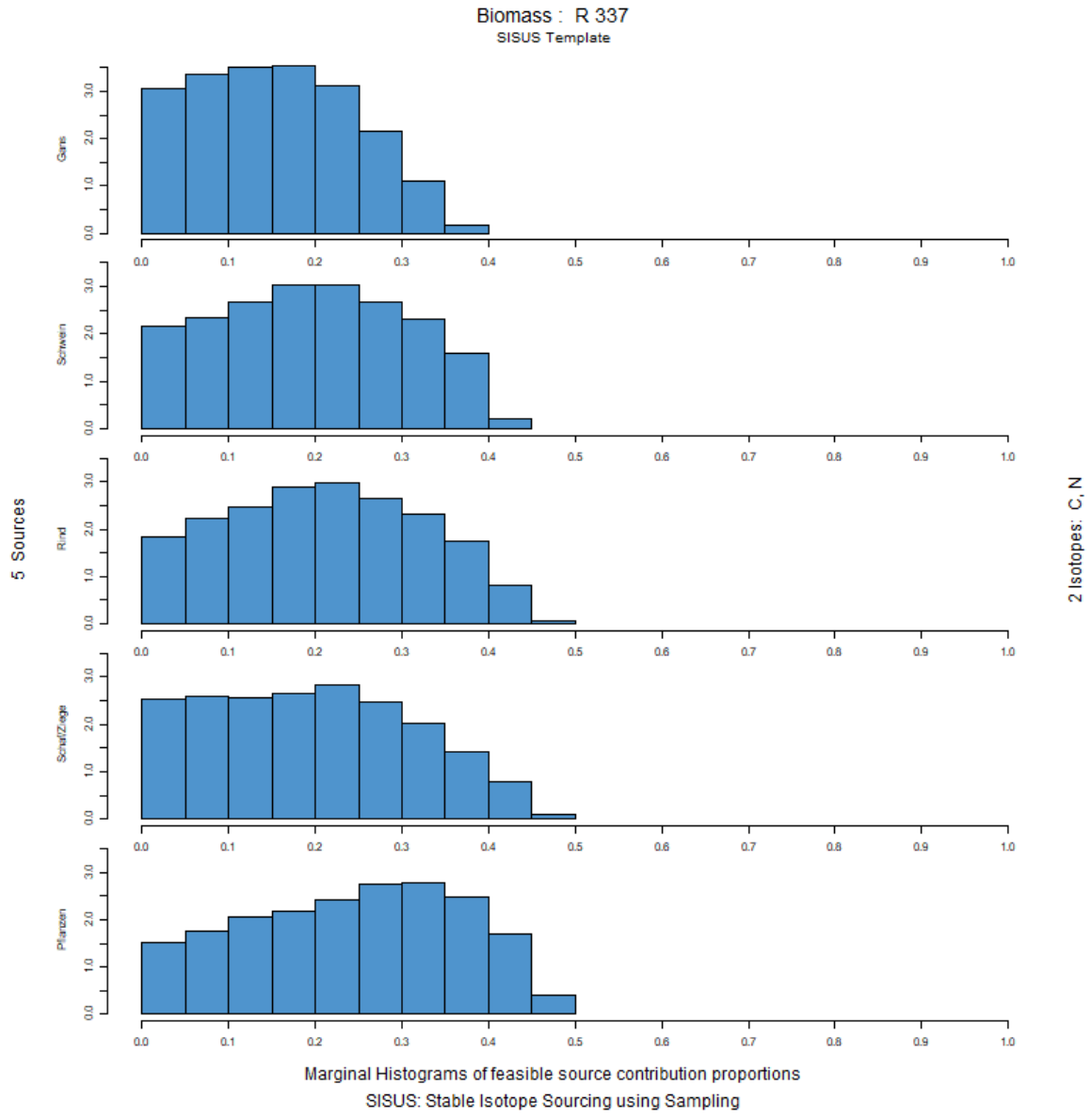


Abbildung 2530: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 337. Erstellt mit SISUS.

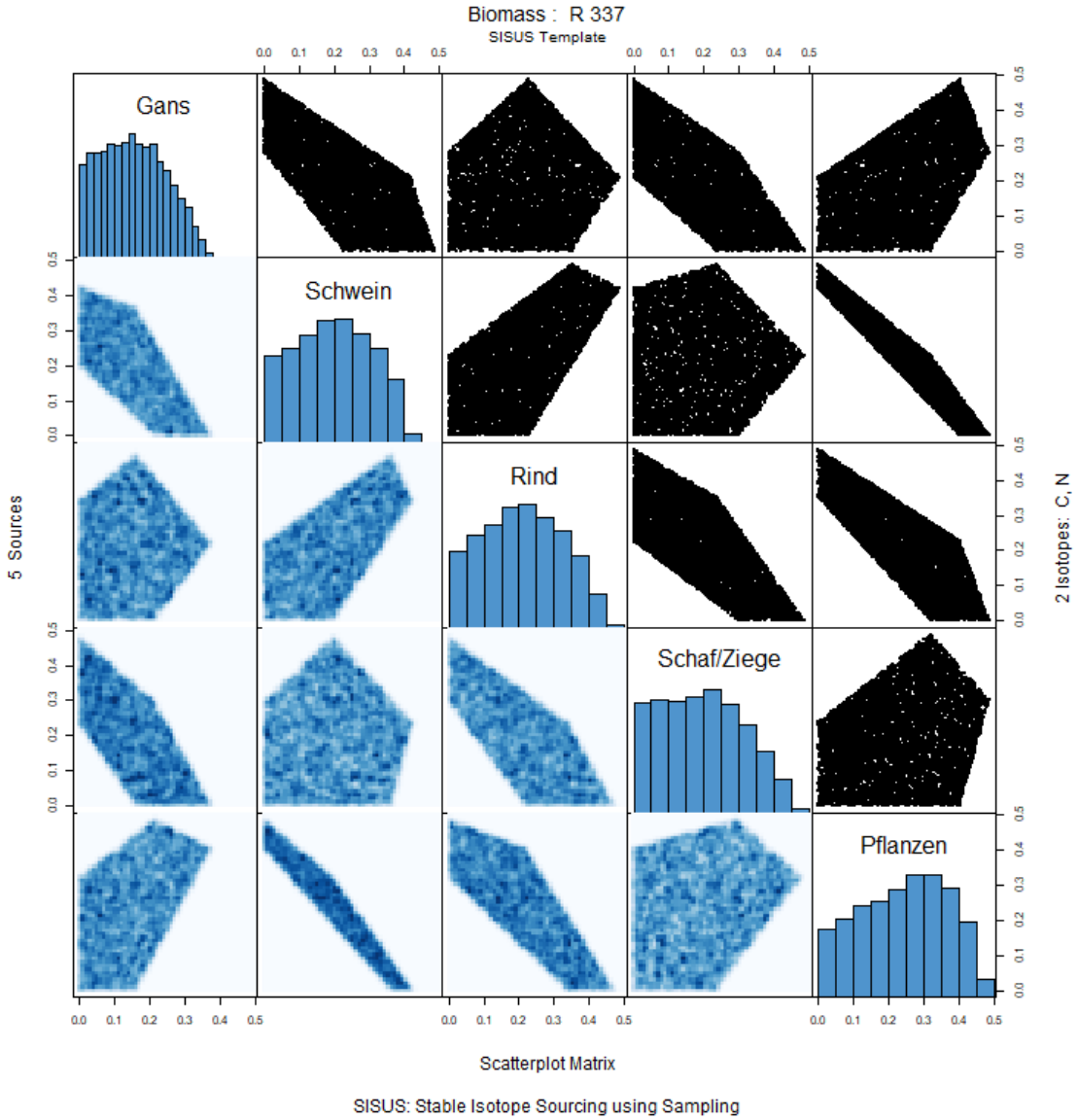


Abbildung 2531: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 337. Erstellt mit SISUS.

R340

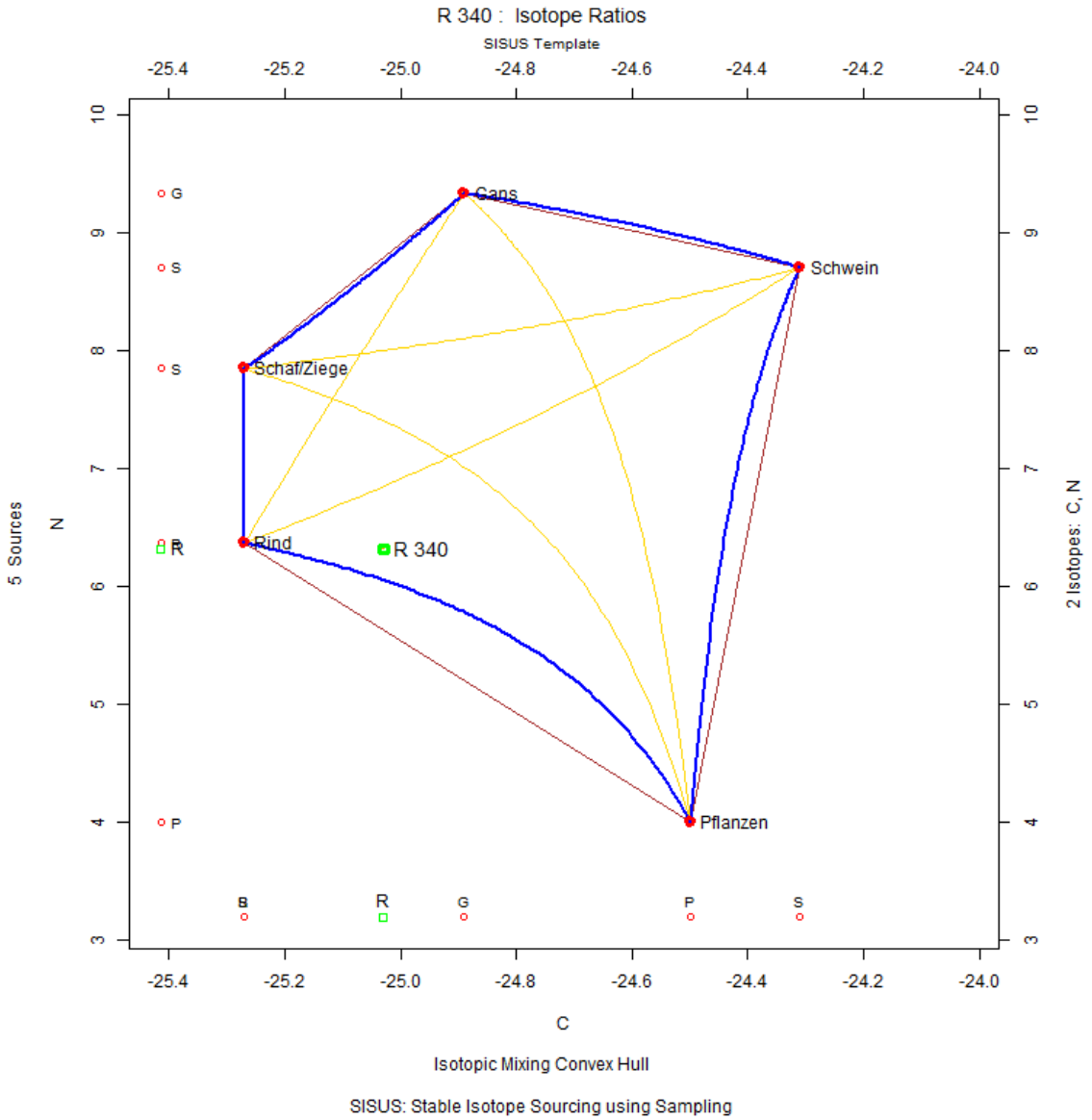


Abbildung 2532: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 340. Erstellt mit SISUS.

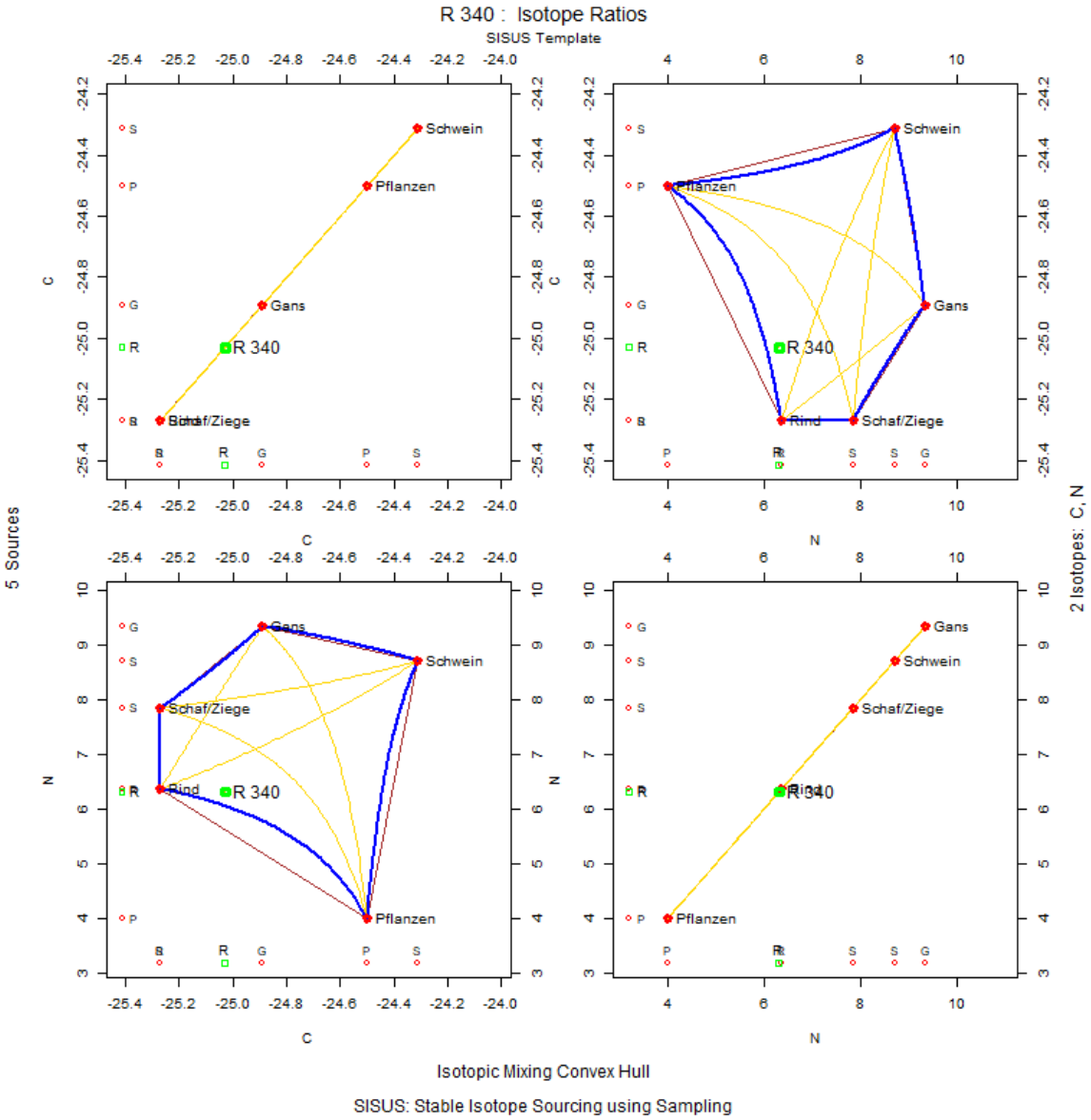


Abbildung 2533: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 340 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

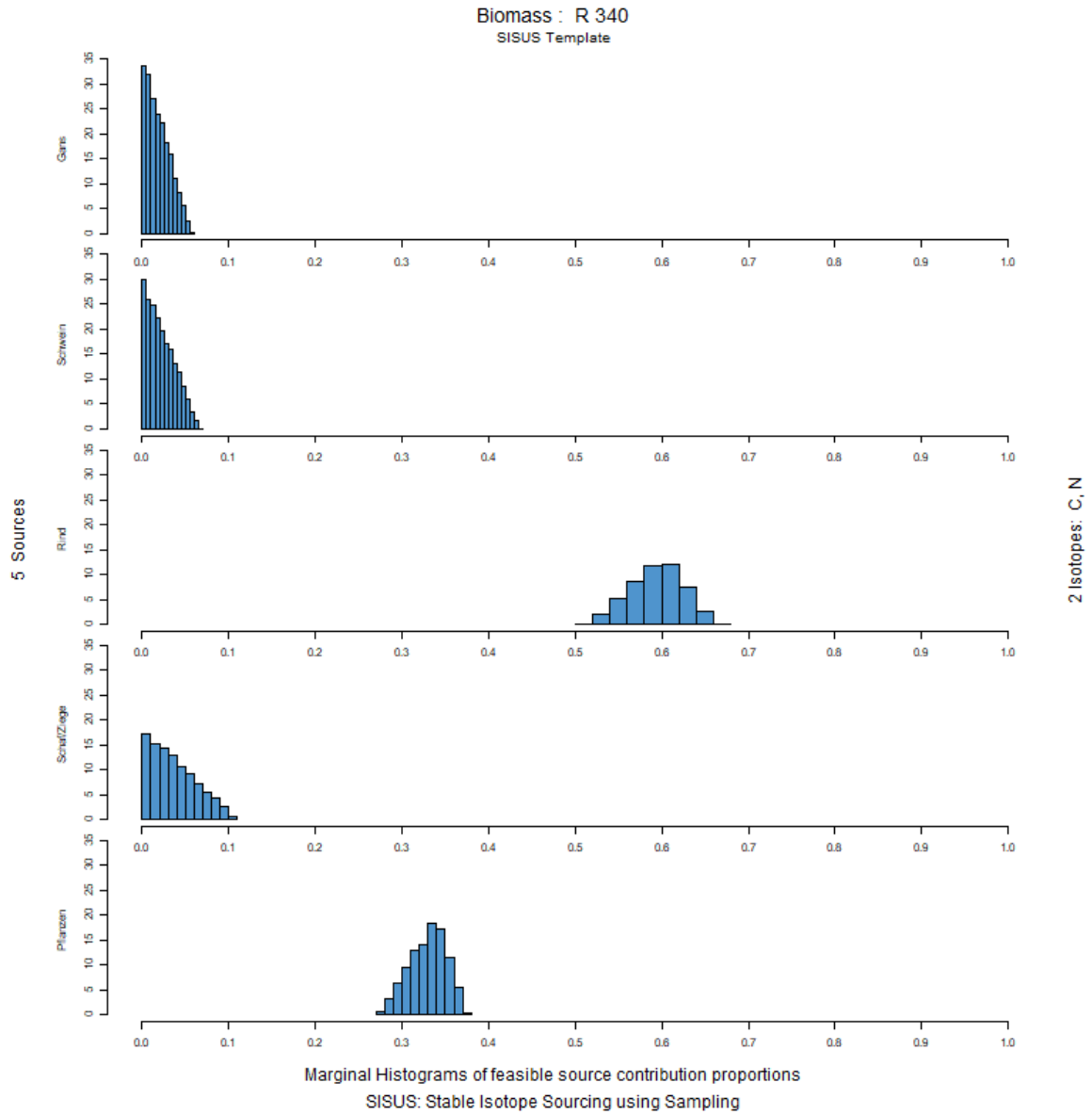


Abbildung 2534: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 340. Erstellt mit SISUS.

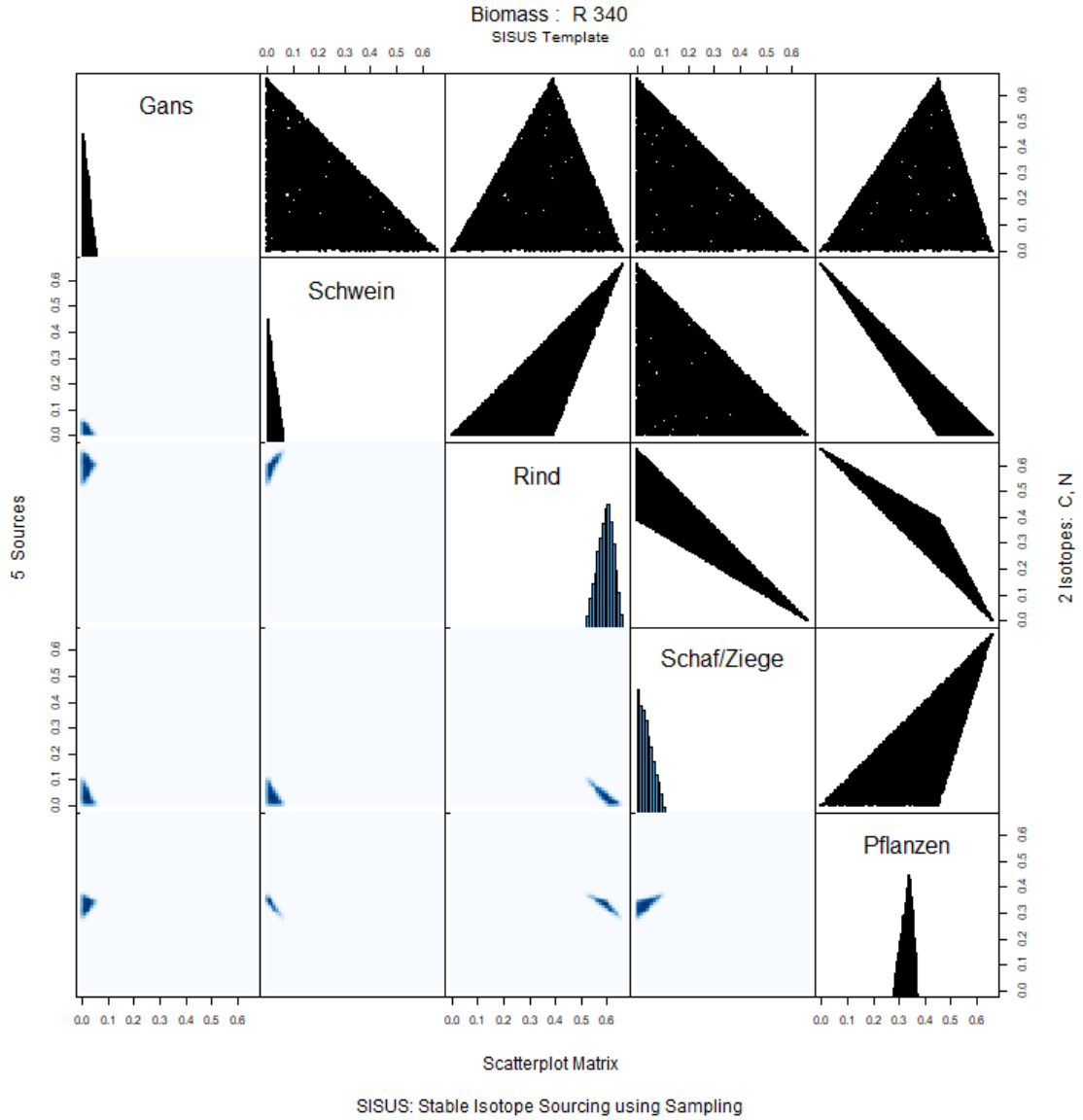


Abbildung 2535: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 340. Erstellt mit SISUS.

R344

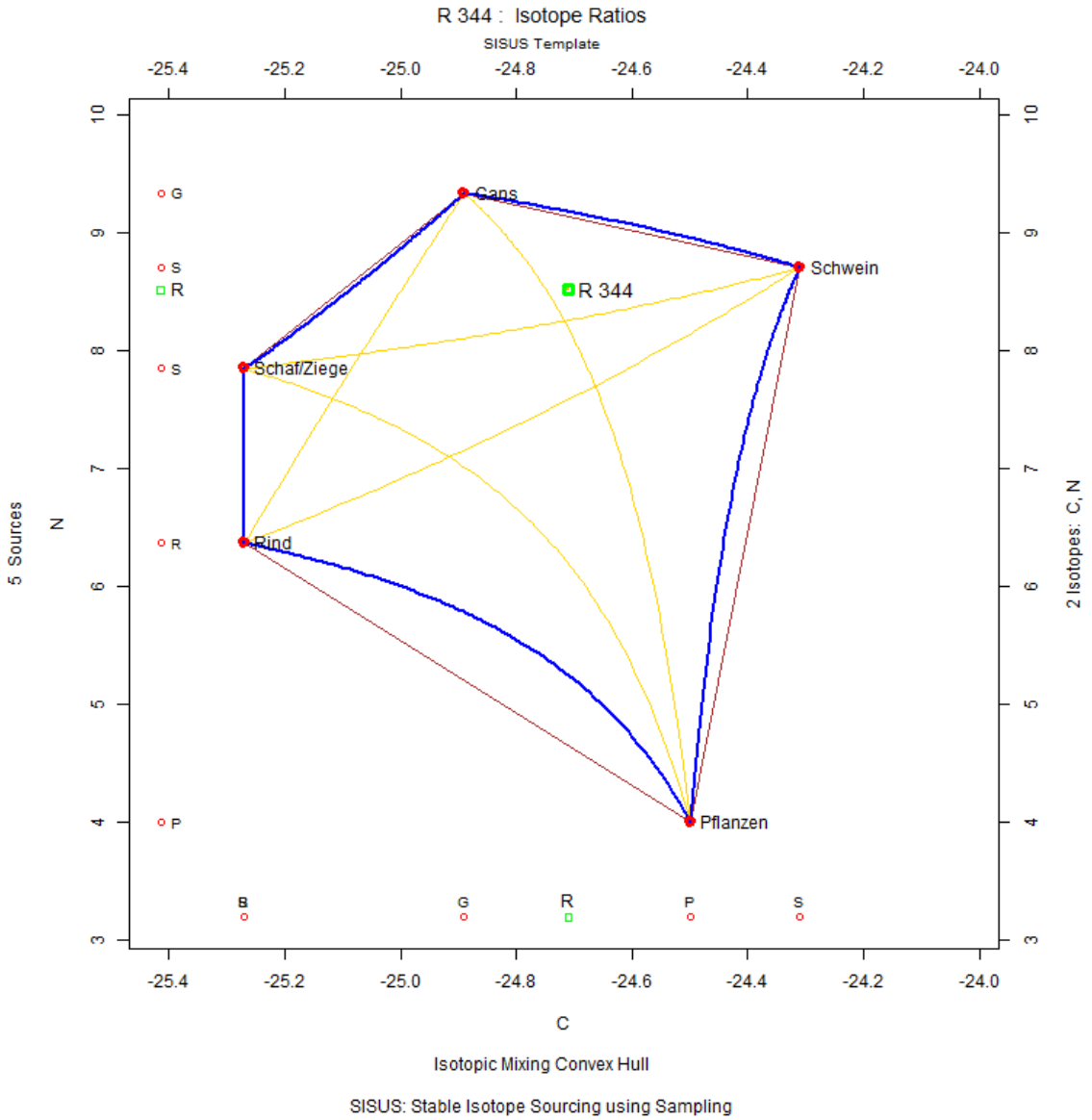


Abbildung 2536: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 344. Erstellt mit SISUS.

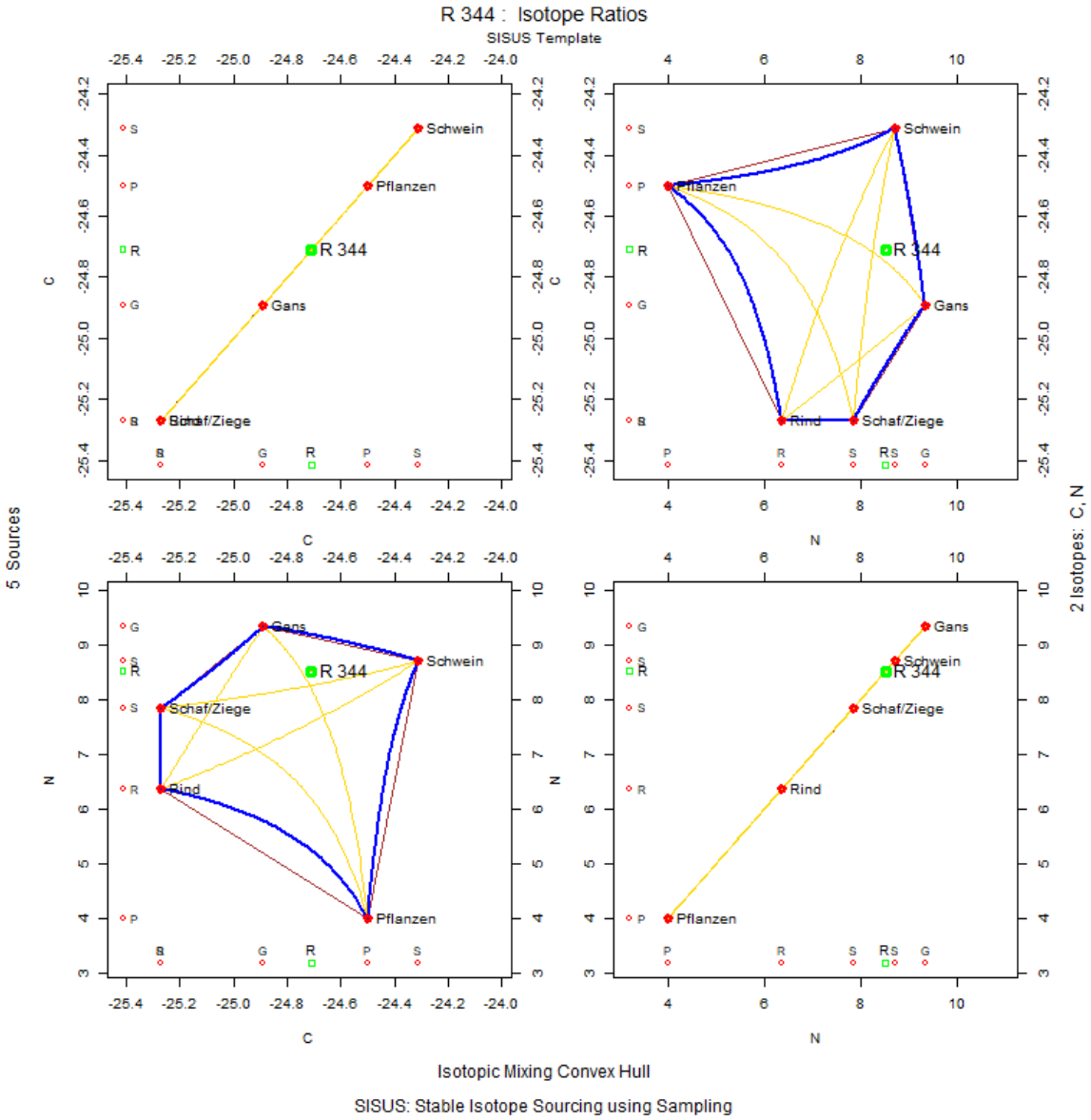


Abbildung 2537: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 344 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

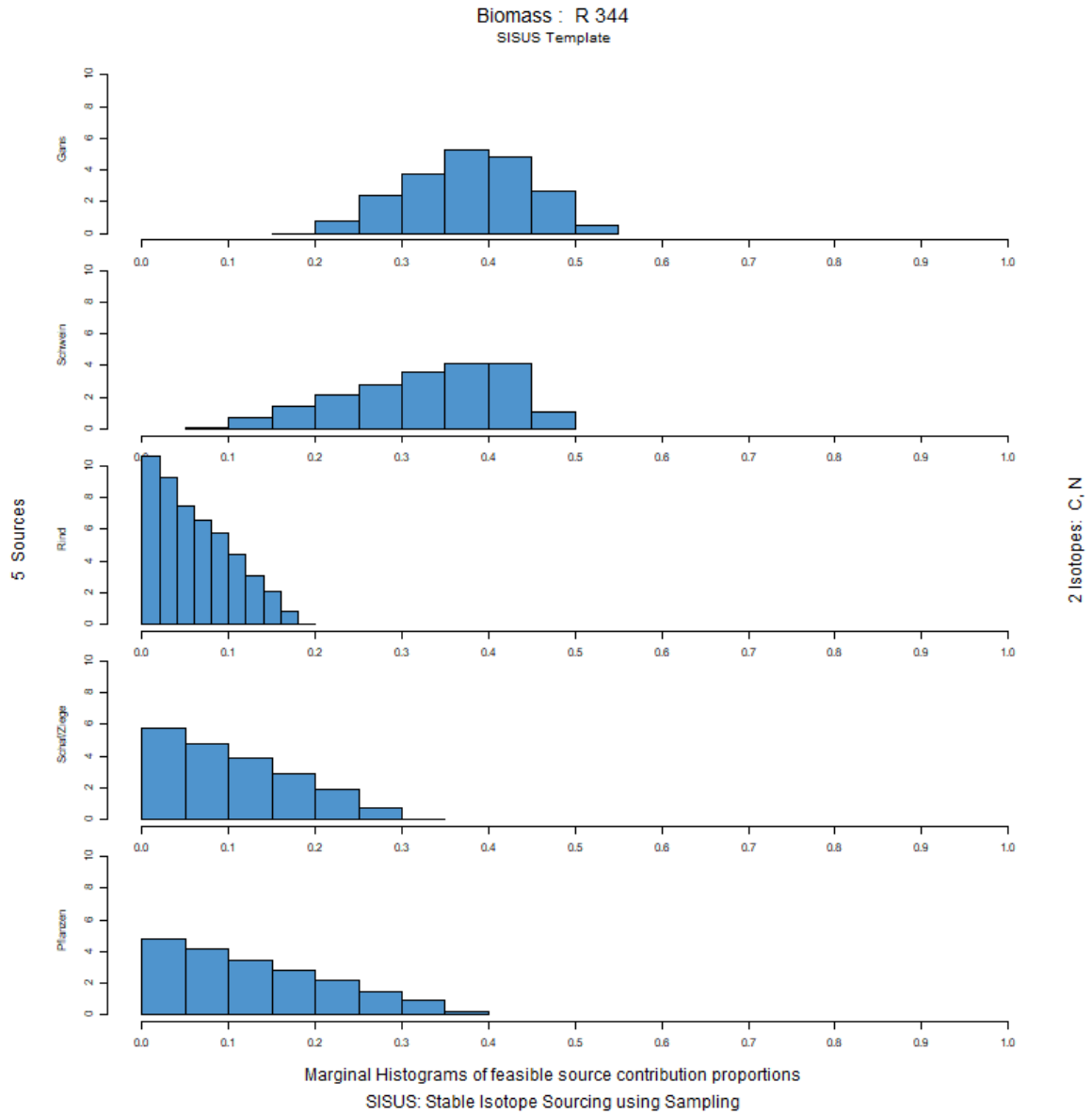


Abbildung 2538: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 344. Erstellt mit SISUS.

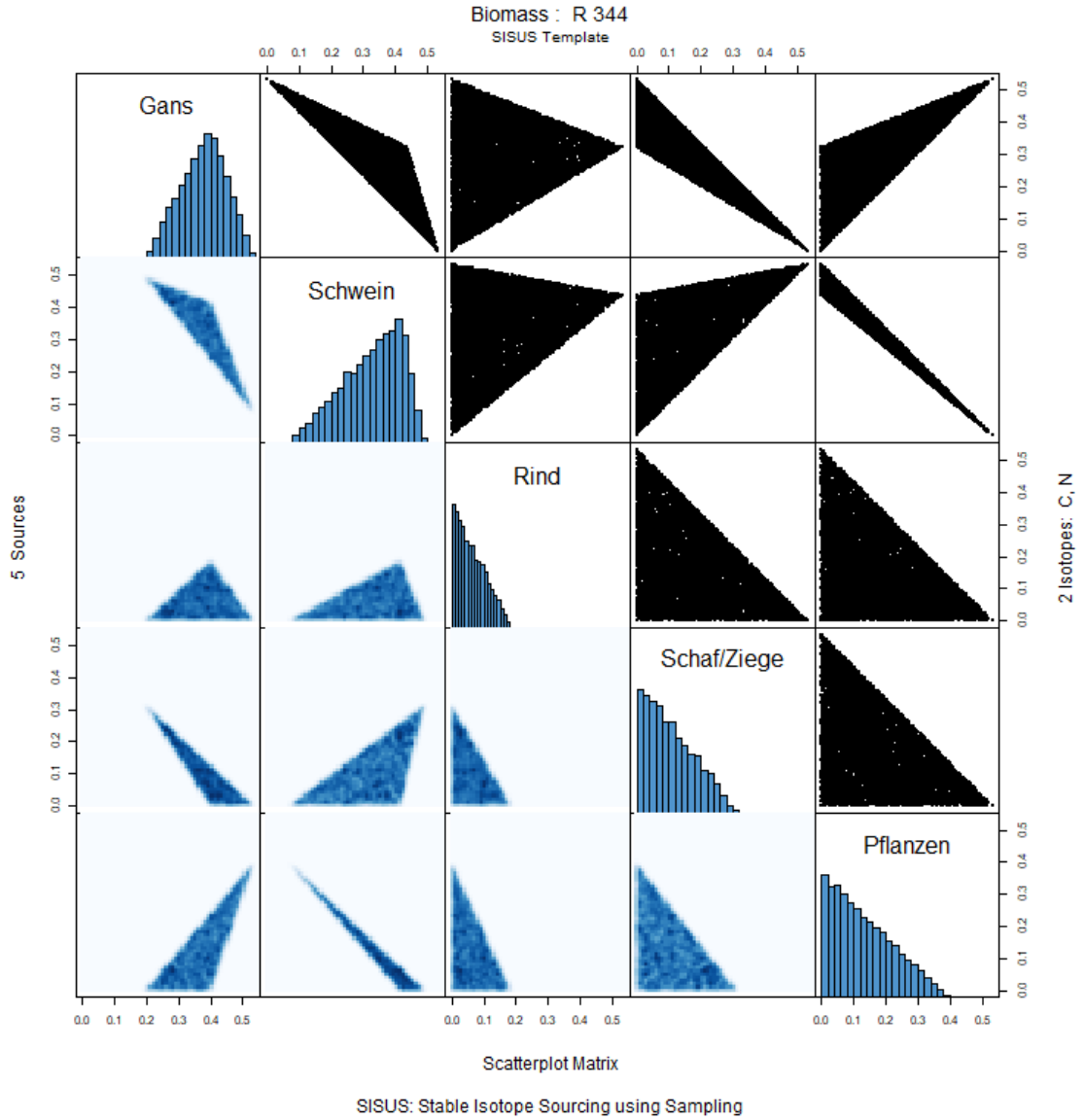


Abbildung 2539: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 344. Erstellt mit SISUS.

R345

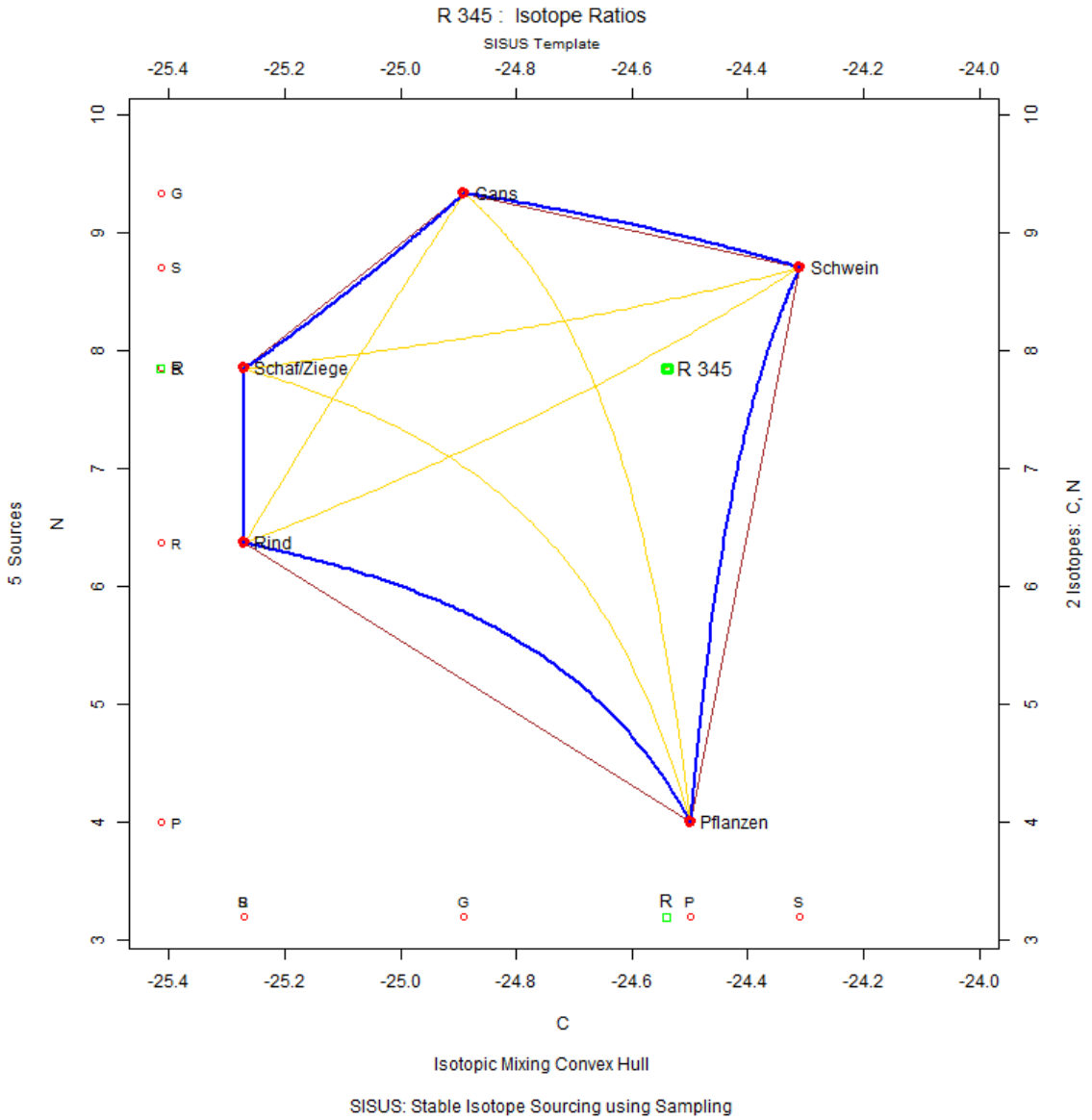


Abbildung 2540: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 345. Erstellt mit SISUS.

R348

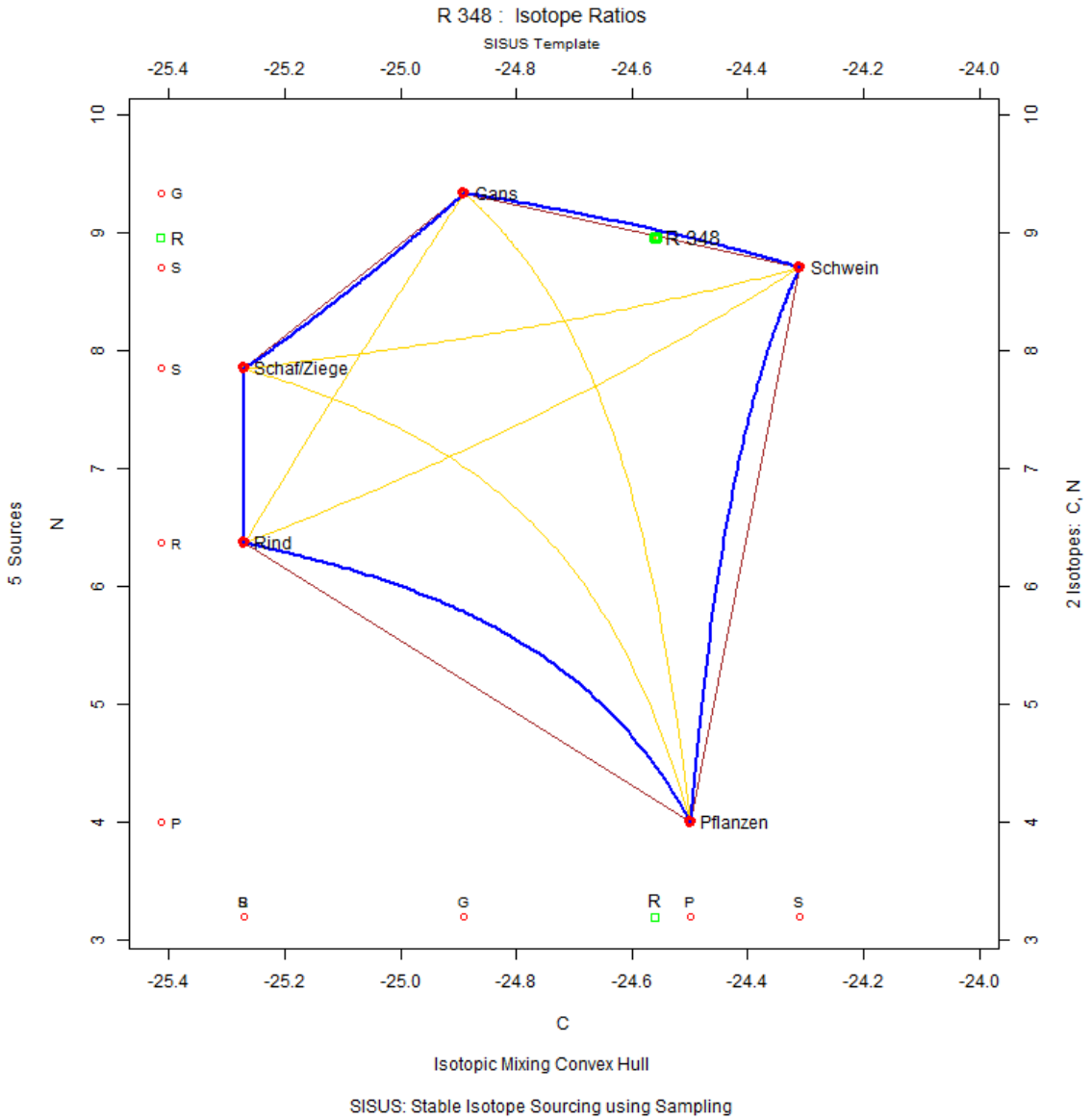


Abbildung 2541: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348. Erstellt mit SISUS.

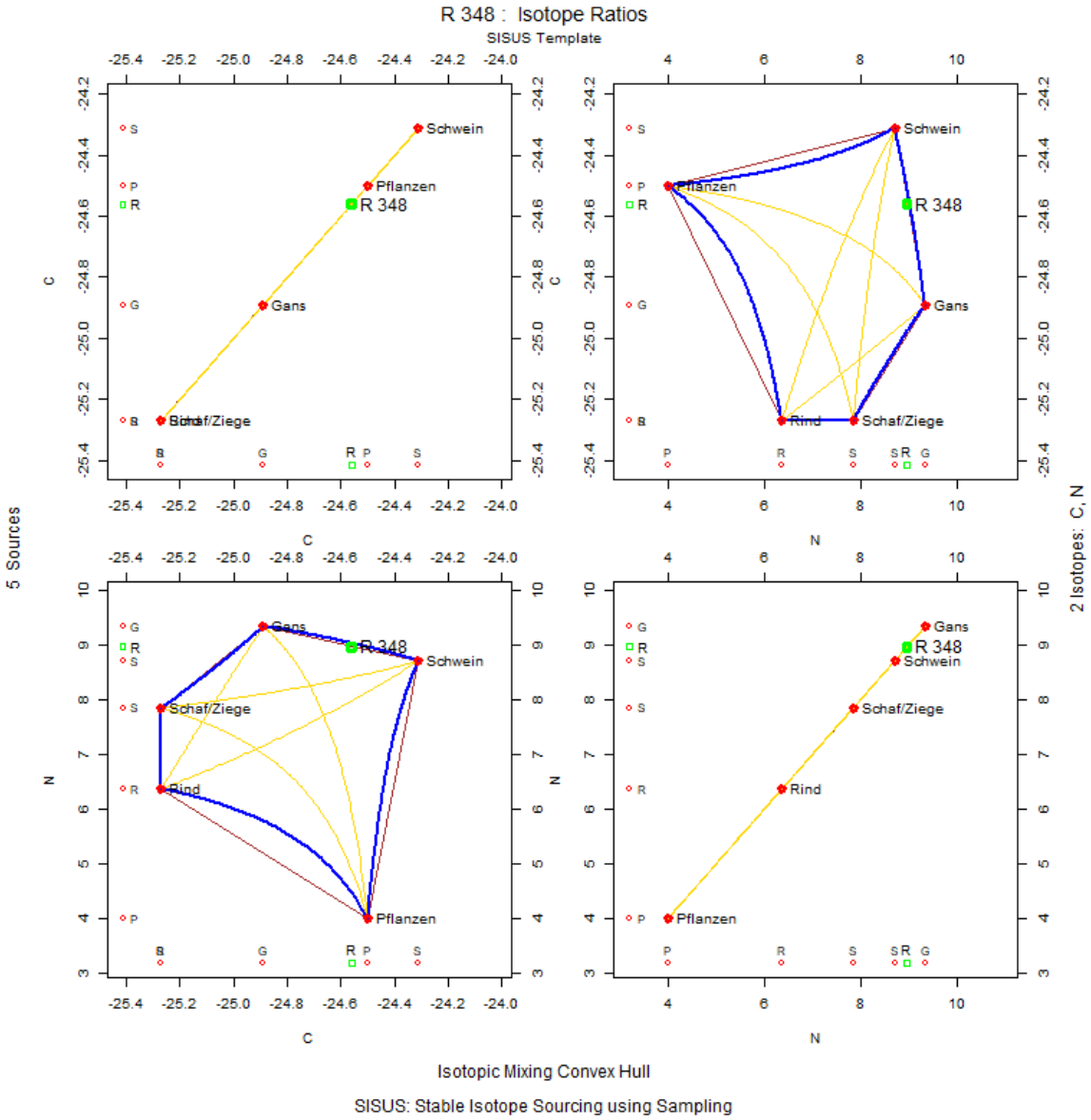


Abbildung 2542: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 348 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

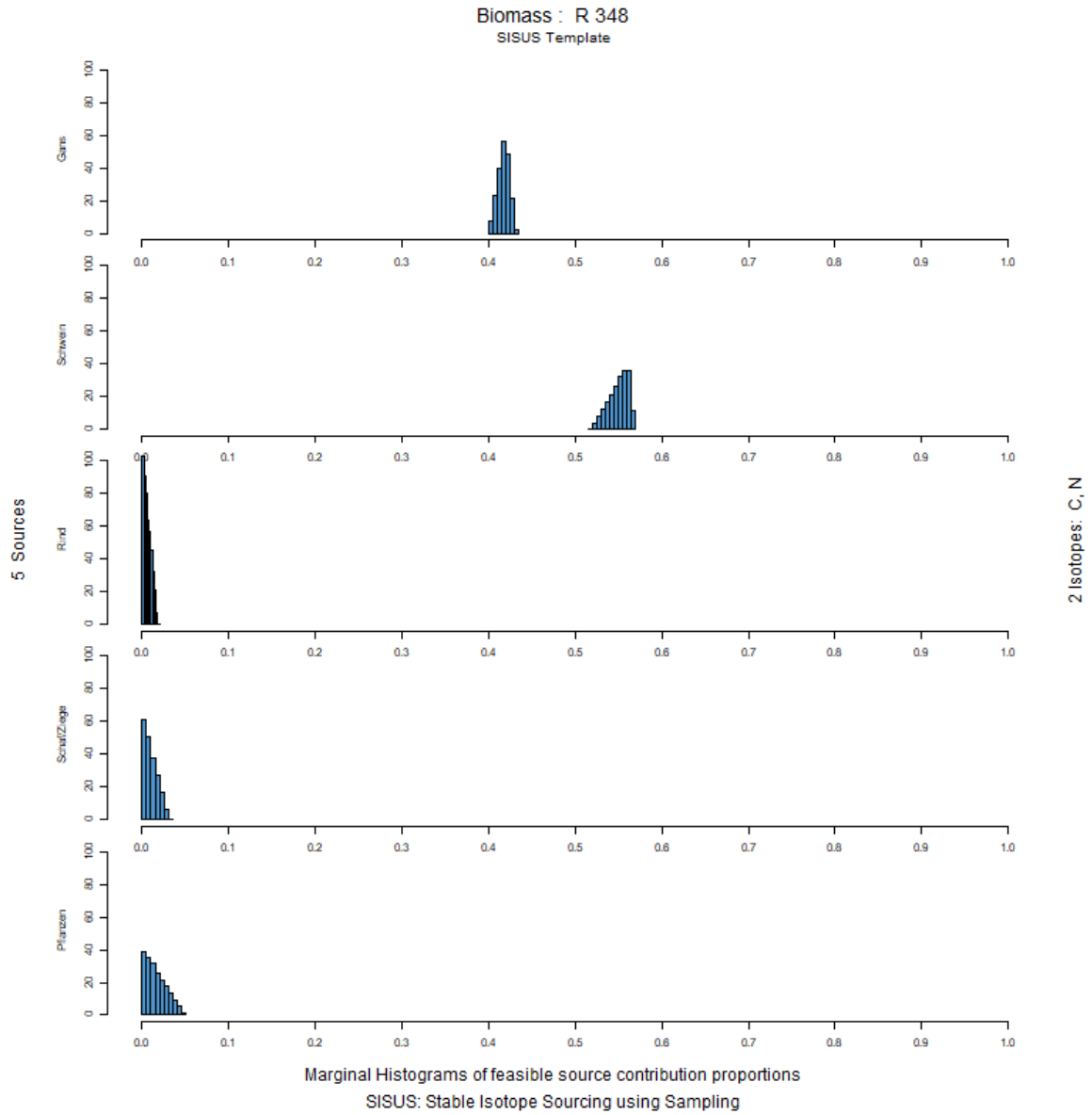


Abbildung 2543: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 348. Erstellt mit SISUS.

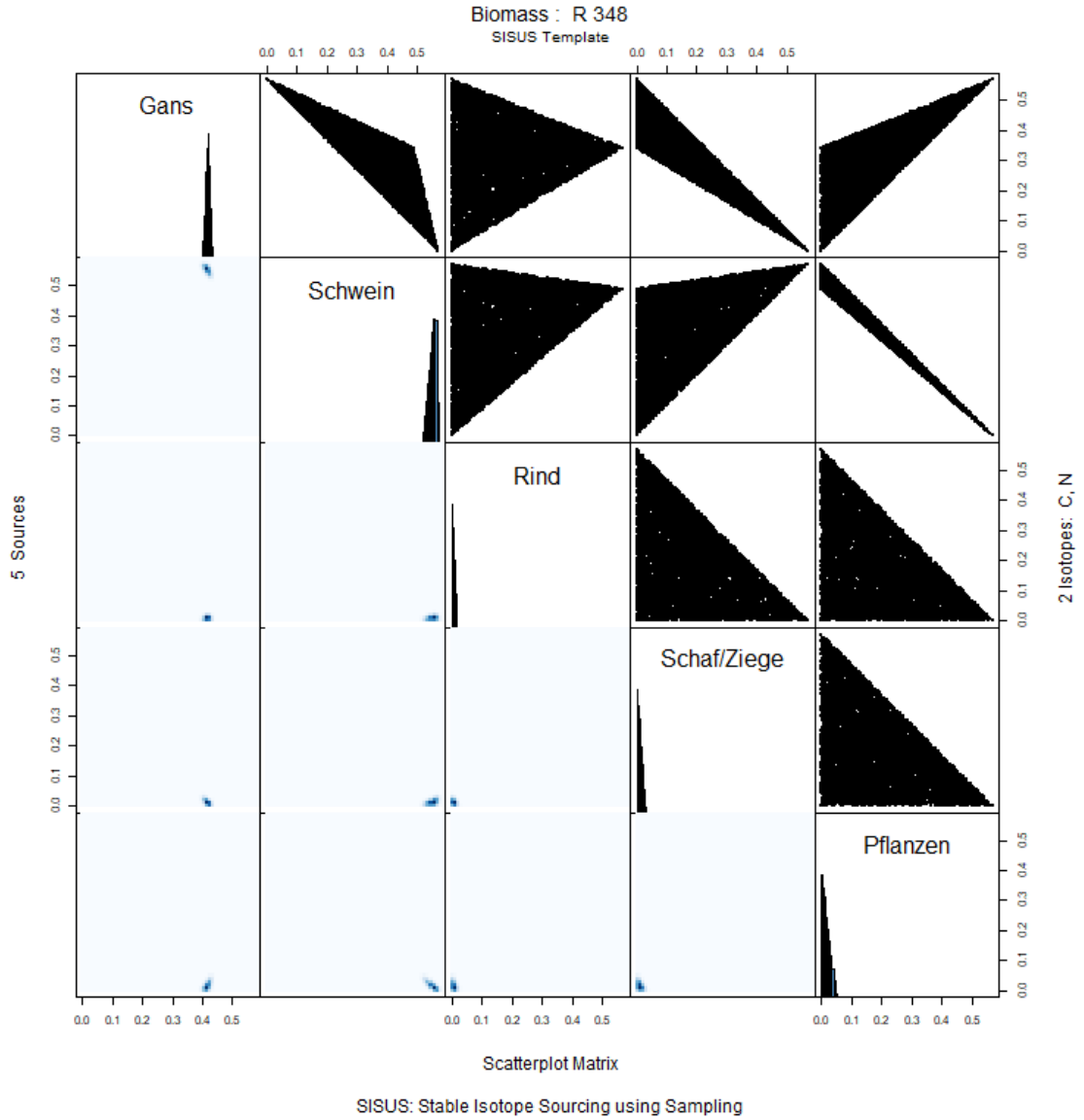


Abbildung 2544: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 348. Erstellt mit SISUS.

R348b

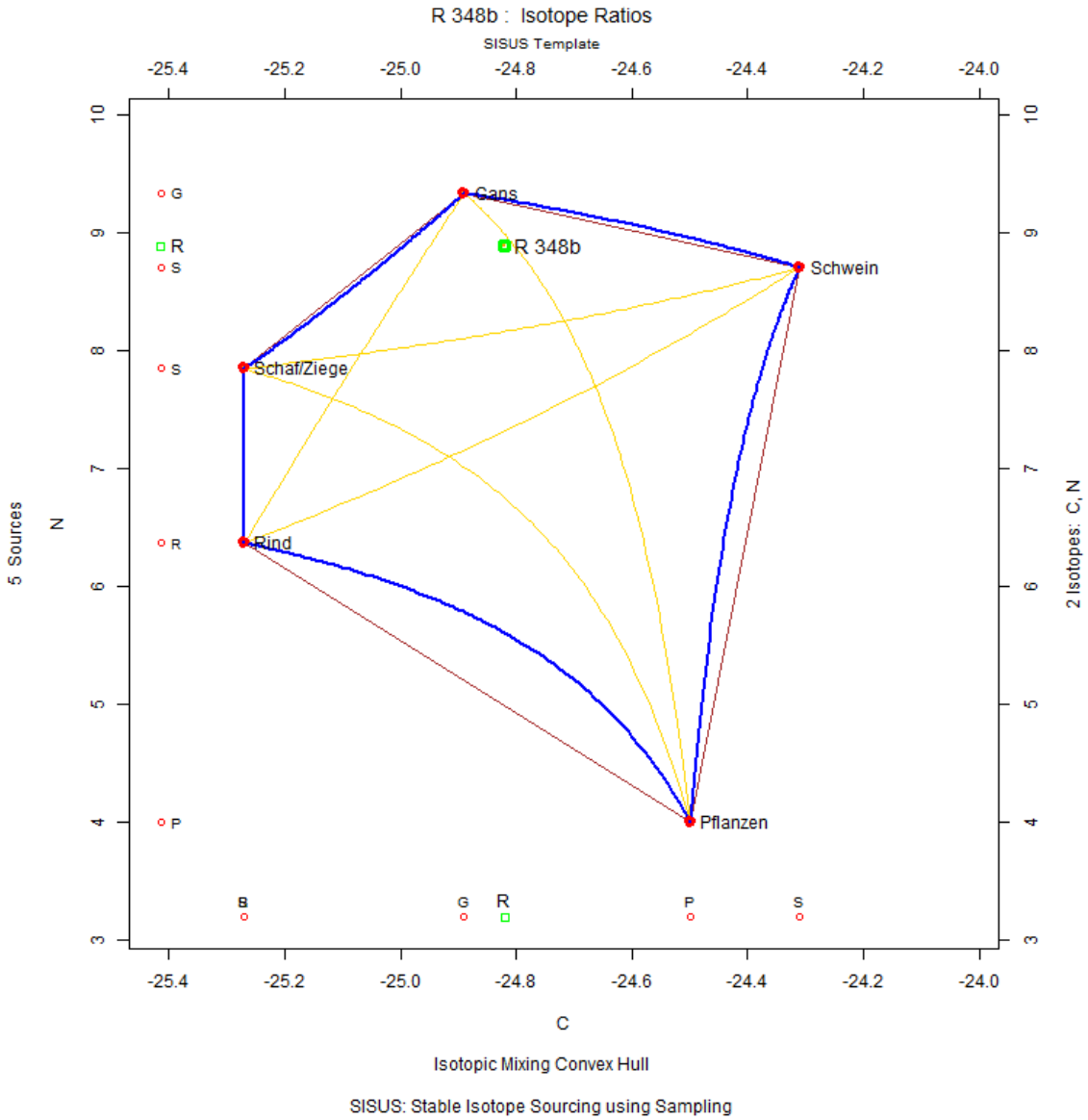


Abbildung 2545: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 348b. Erstellt mit SISUS.

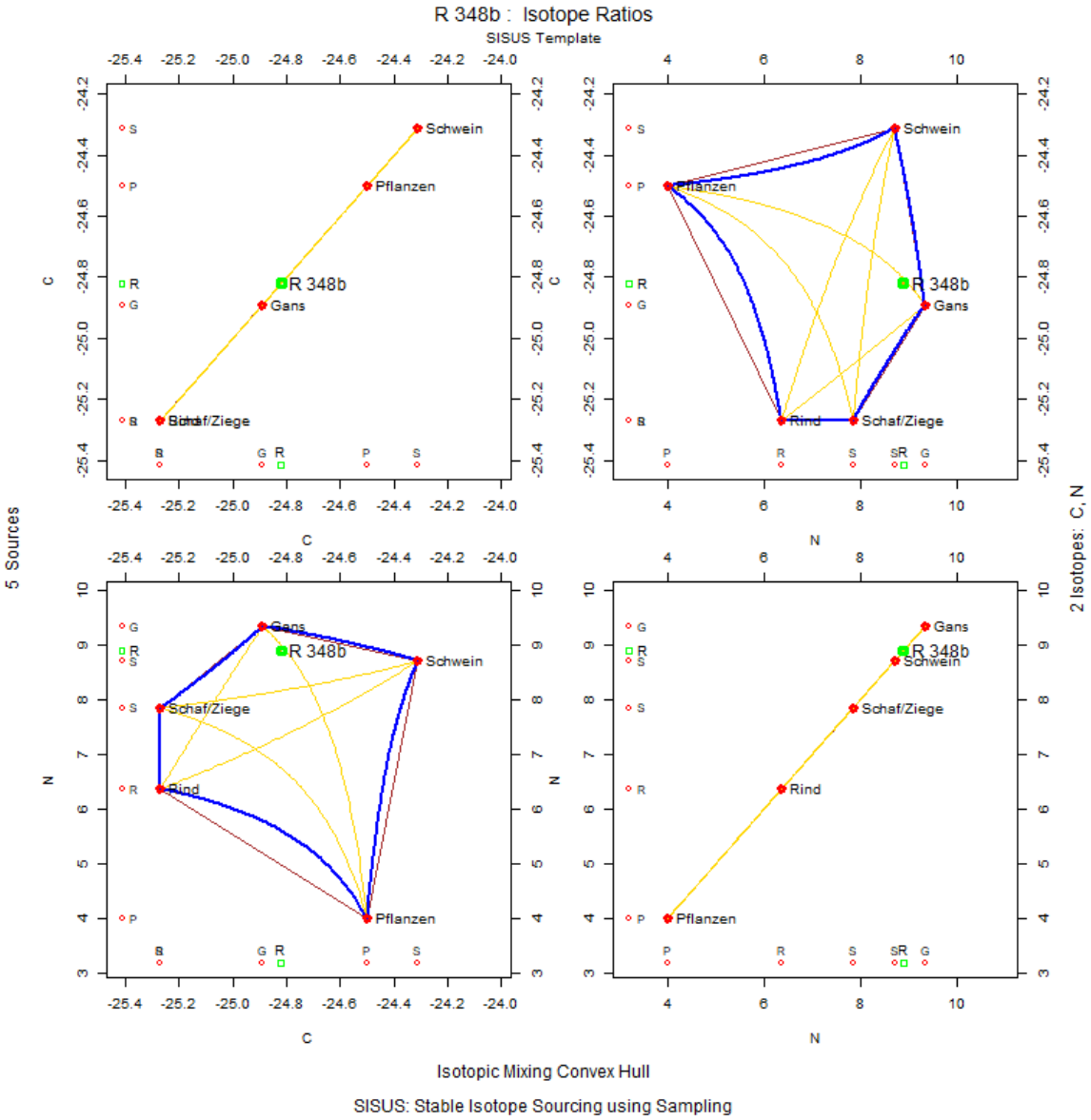


Abbildung 2546: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 348b in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

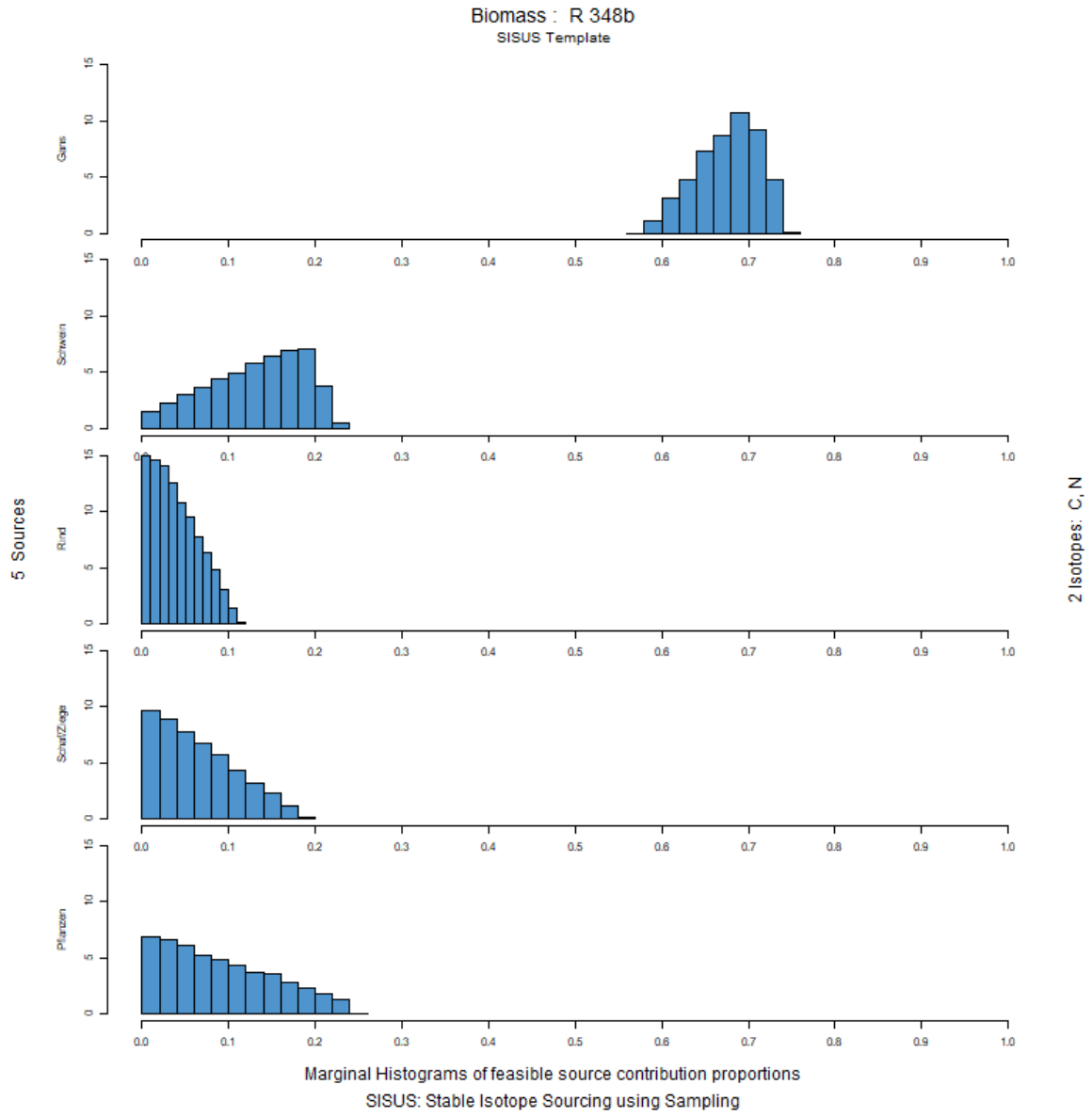


Abbildung 2547: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 348b. Erstellt mit SISUS.

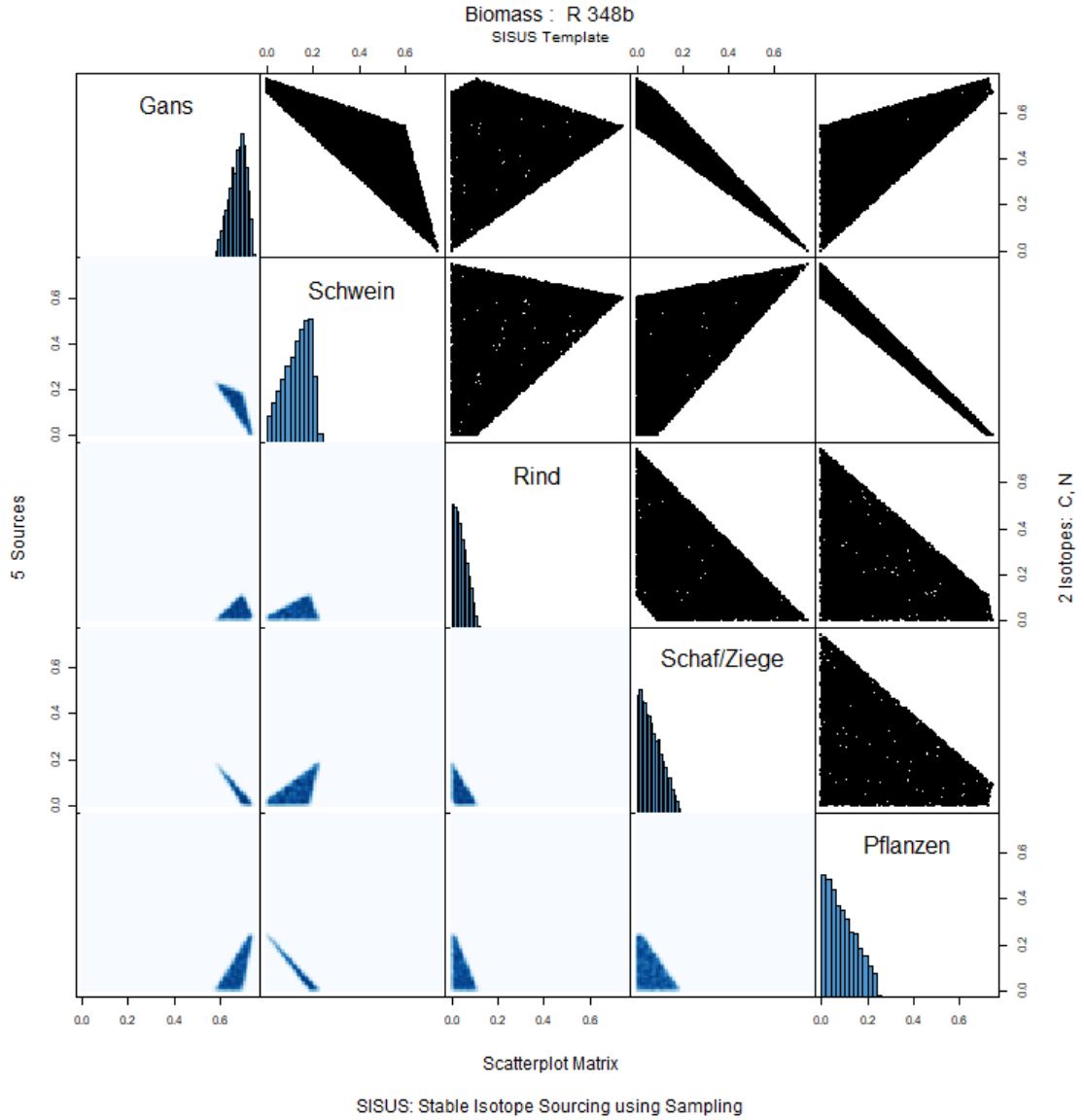


Abbildung 2548: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 348b. Erstellt mit SISUS.

R351

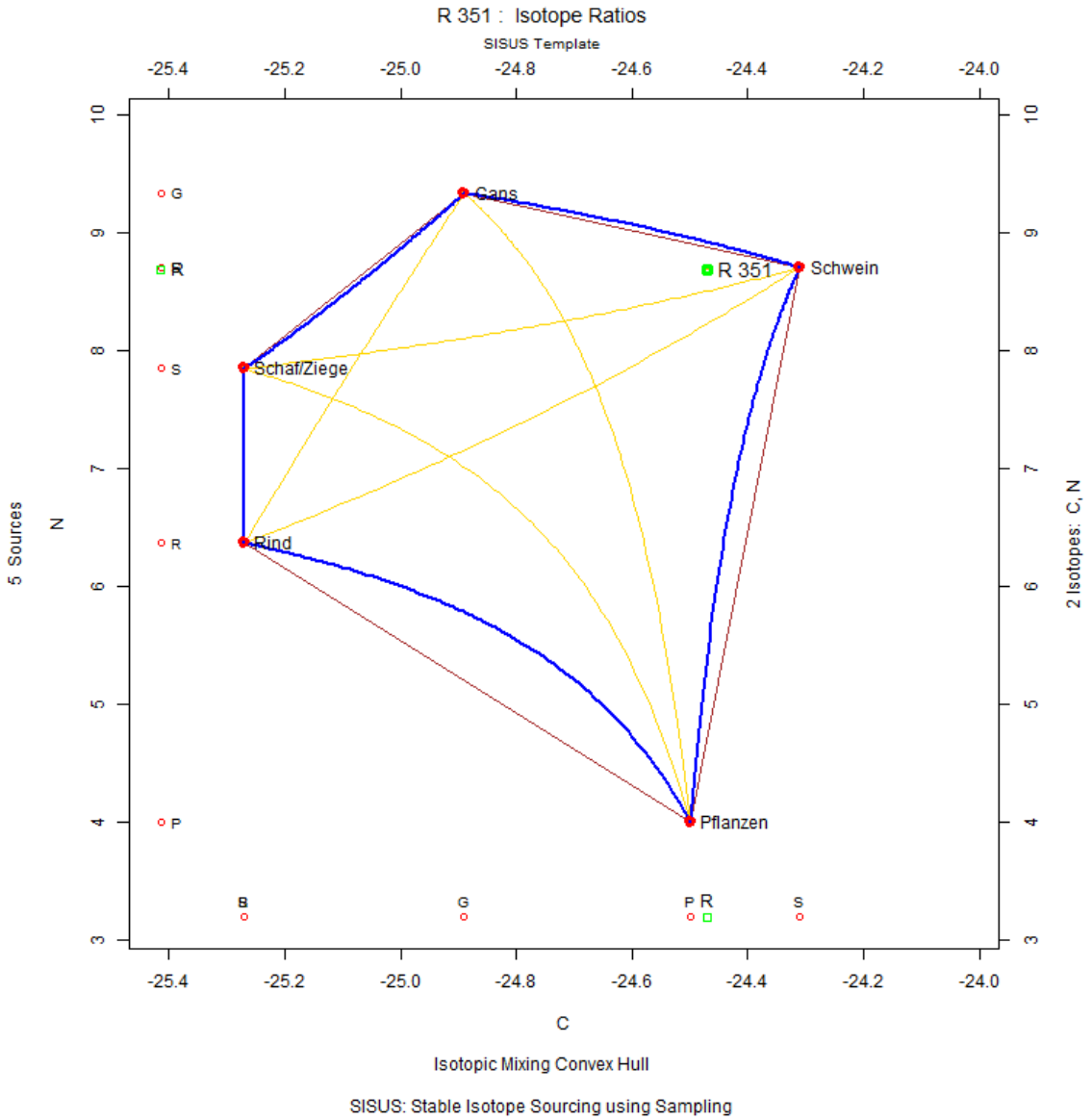


Abbildung 2549: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 351. Erstellt mit SISUS.

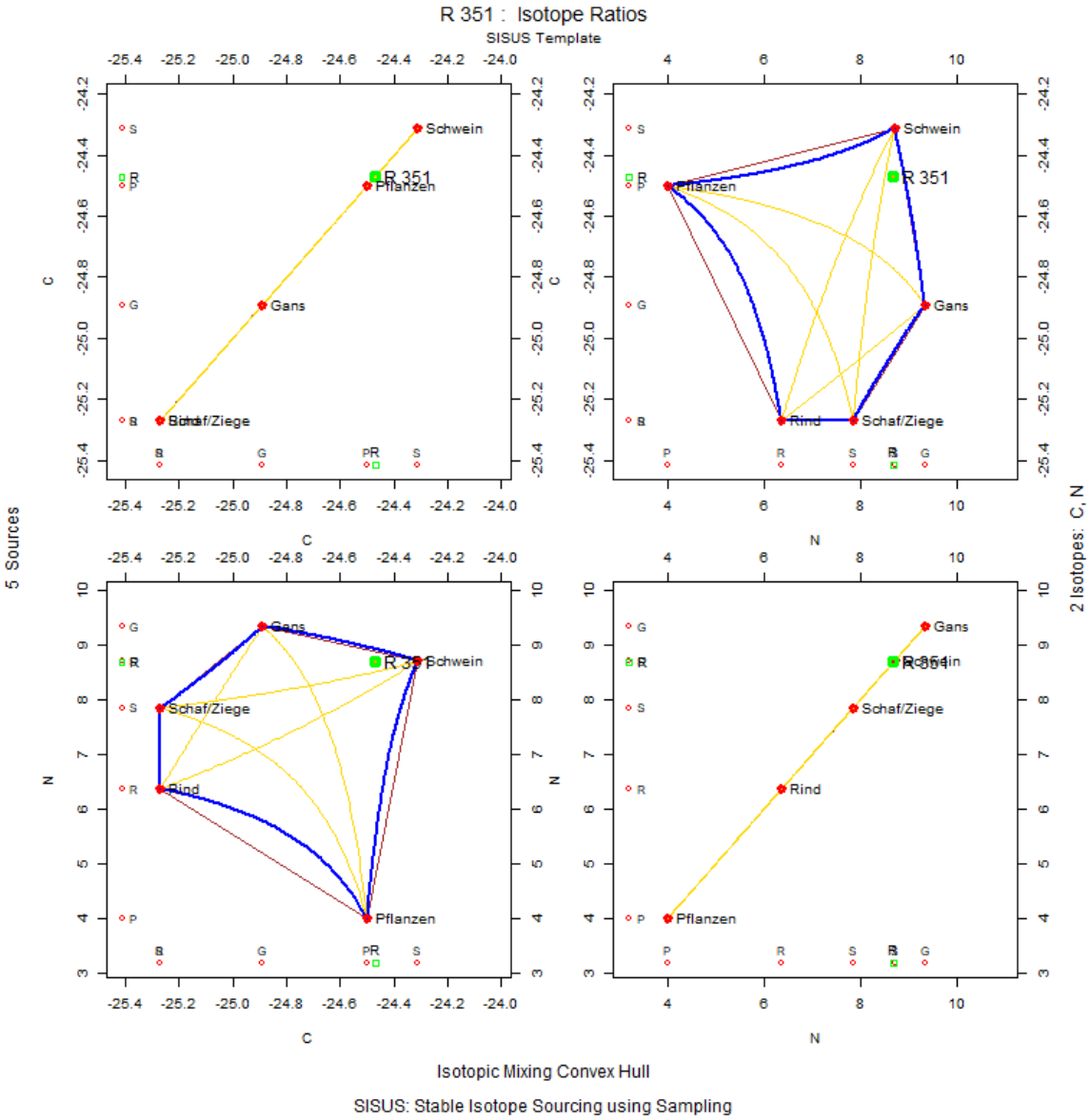


Abbildung 2550: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 351 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

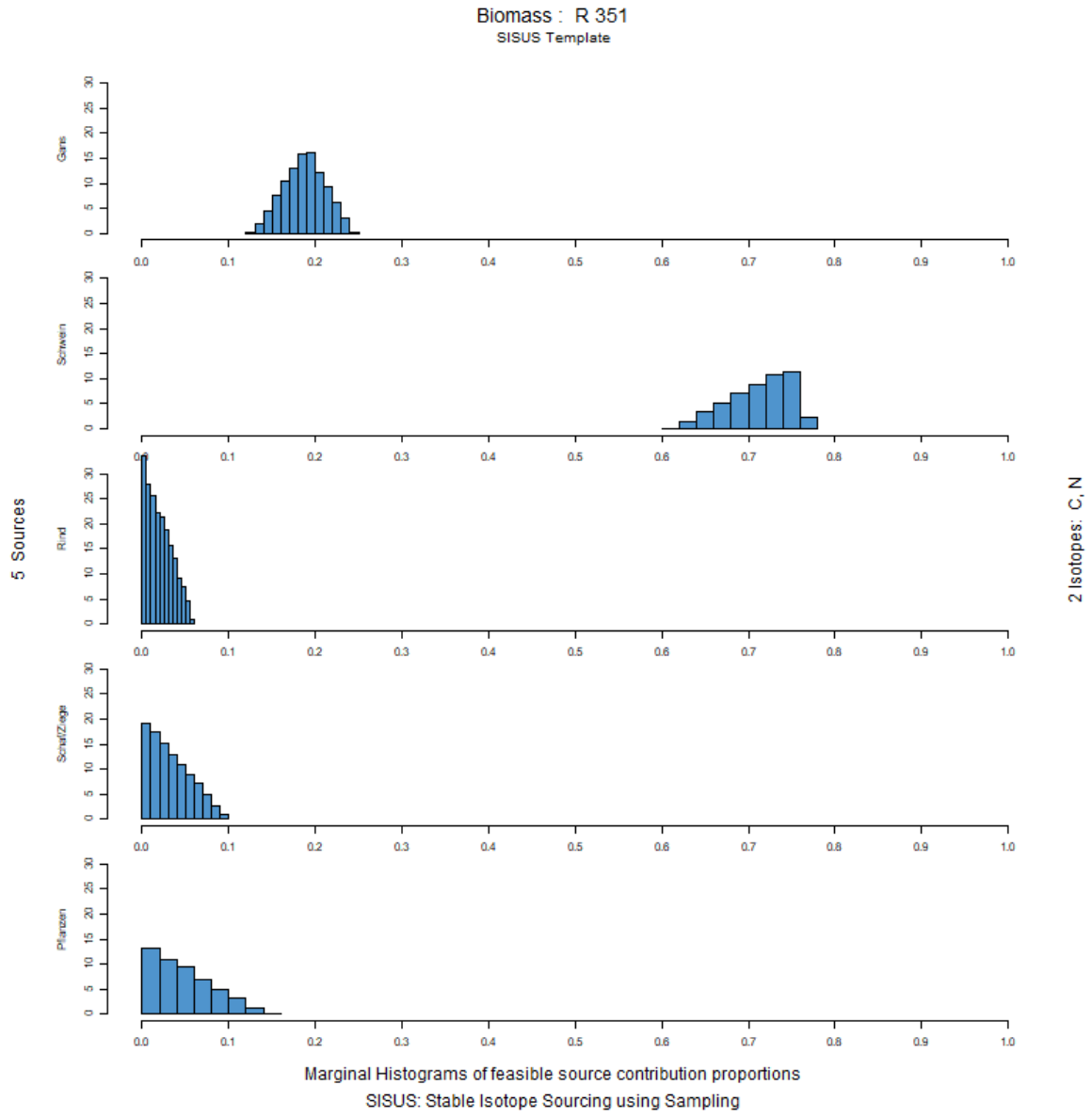


Abbildung 2551: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 351. Erstellt mit SISUS.

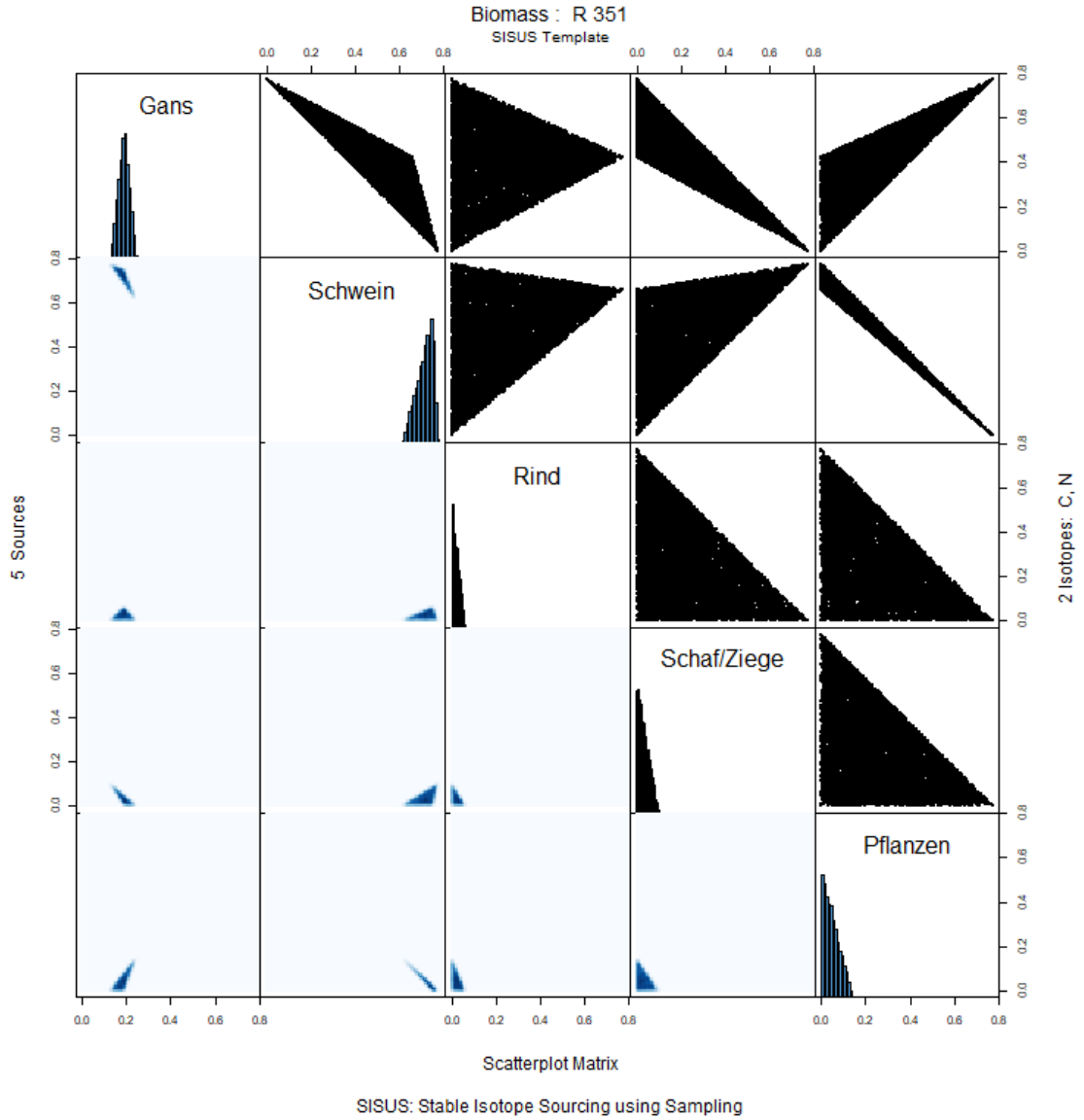


Abbildung 2552: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 351. Erstellt mit SISUS.

R358

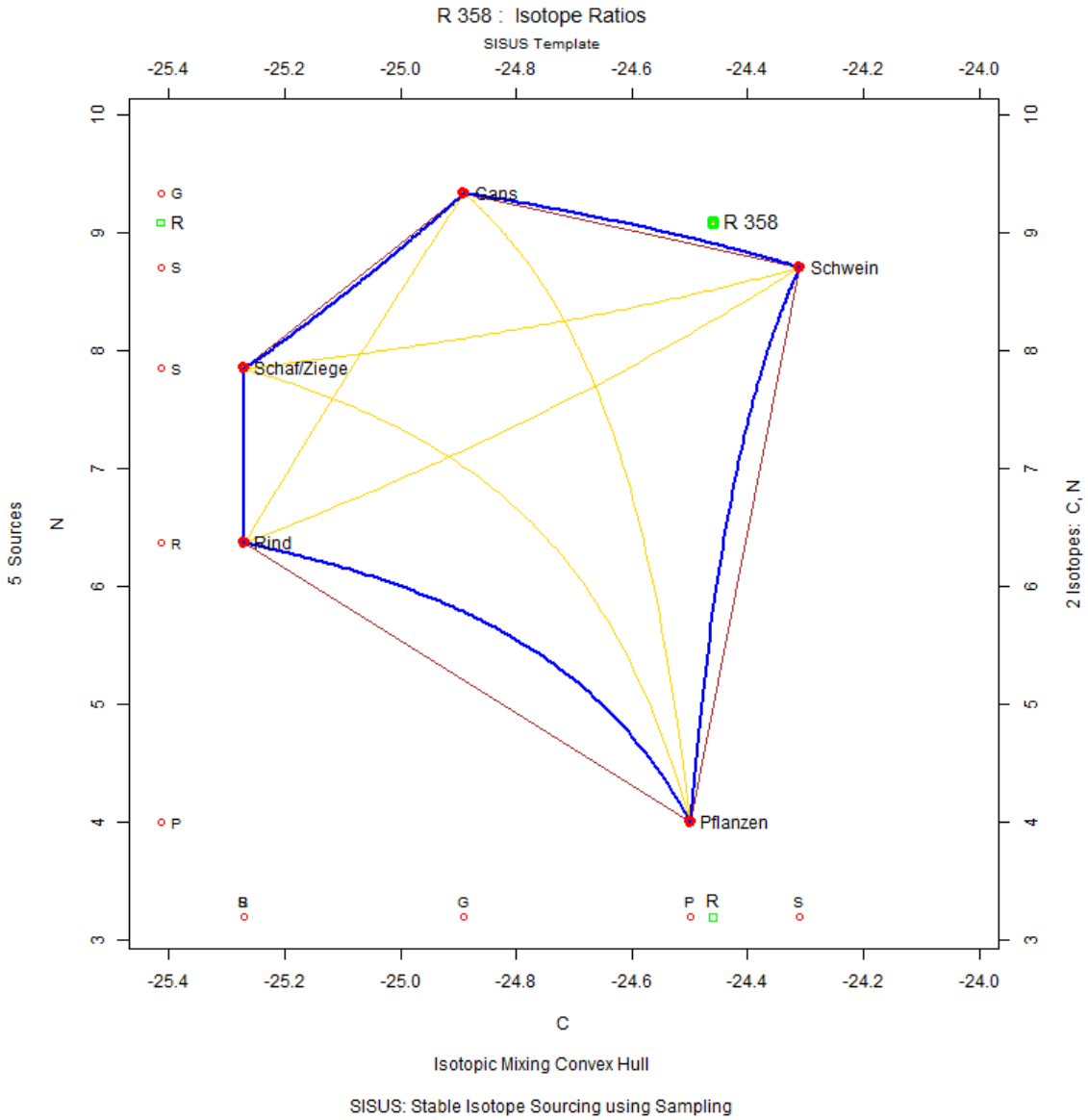


Abbildung 2553: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 358. Erstellt mit SISUS.

R361

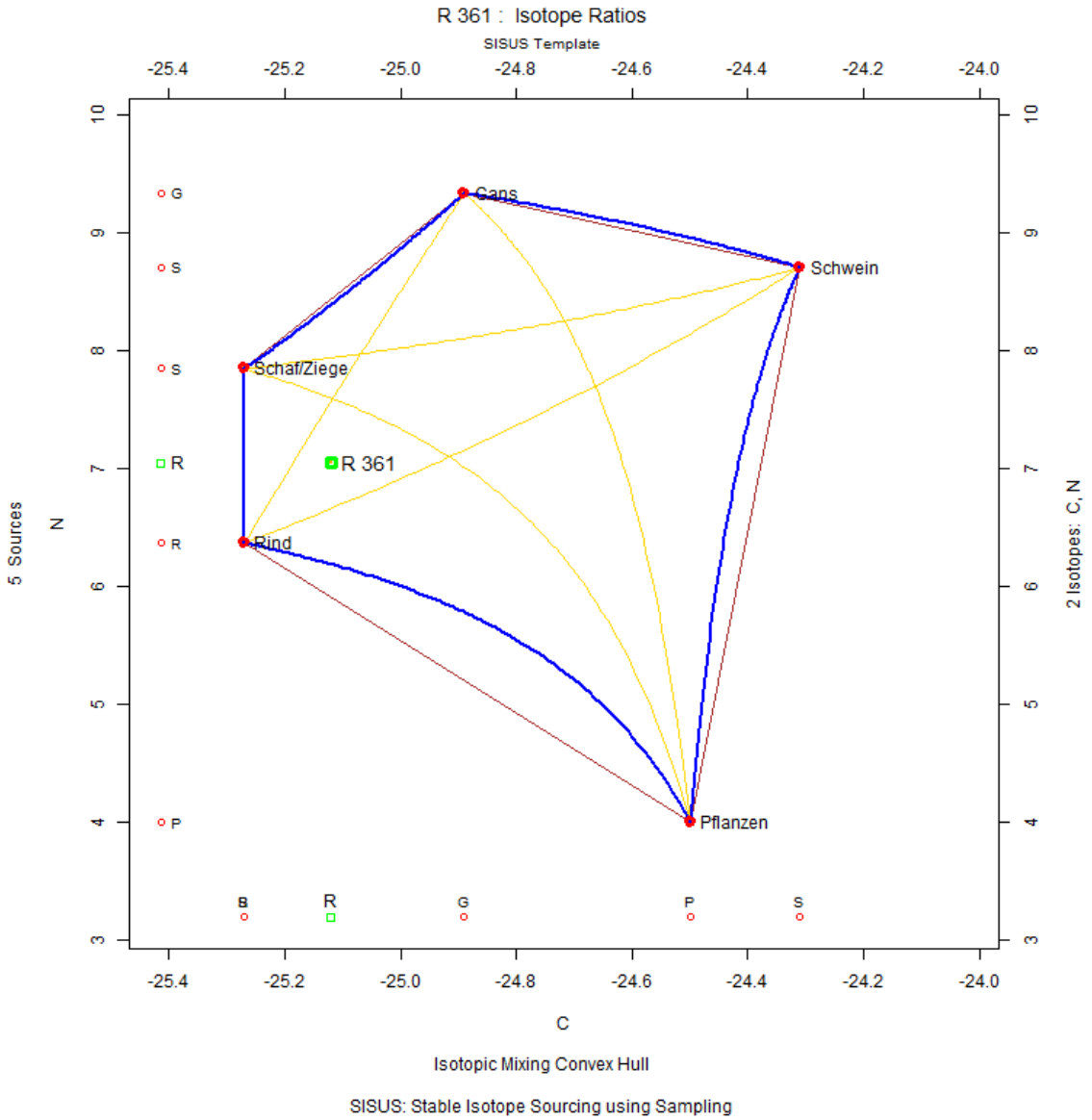


Abbildung 2554: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 361. Erstellt mit SISUS.

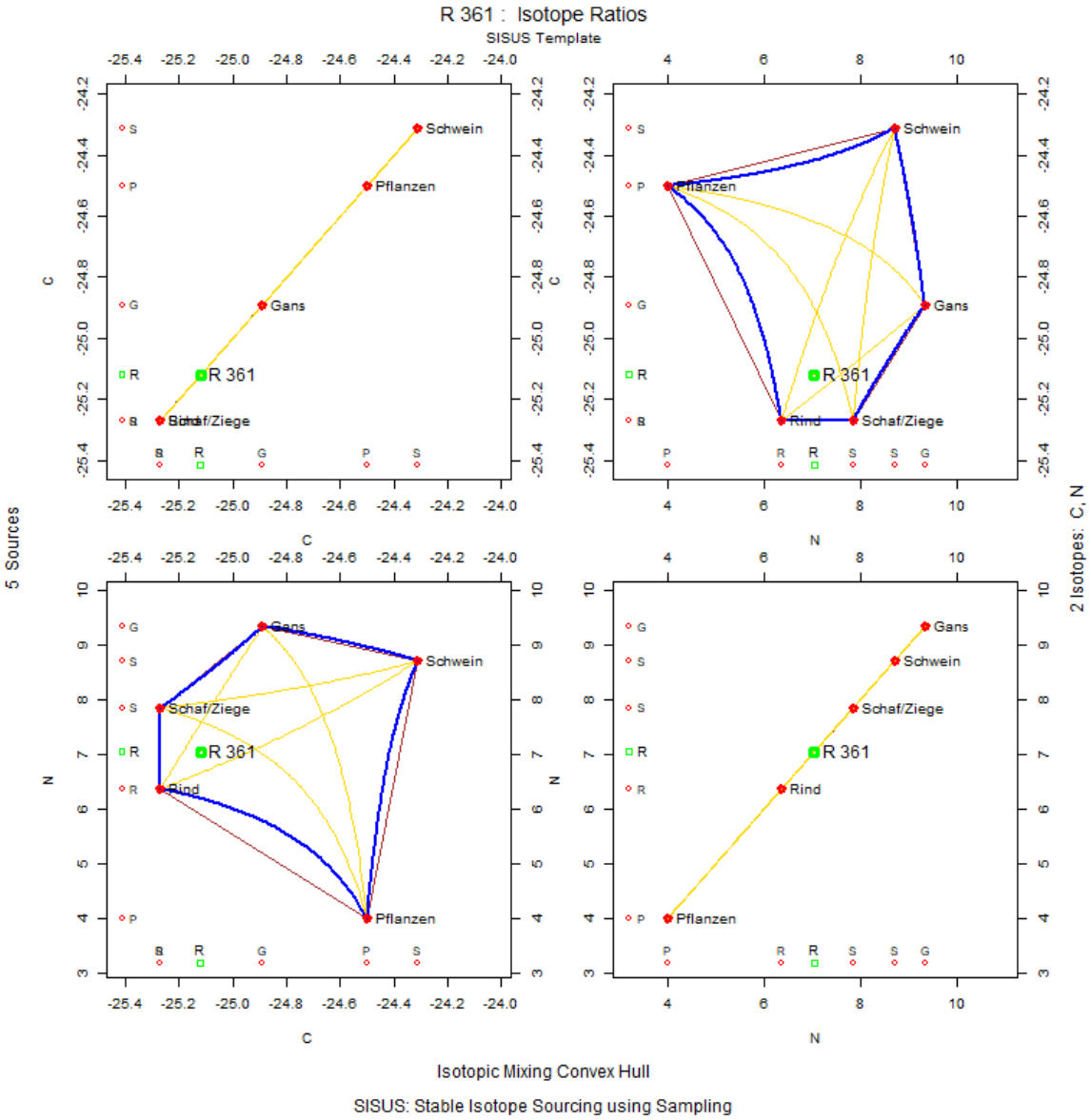


Abbildung 2555: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 361 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

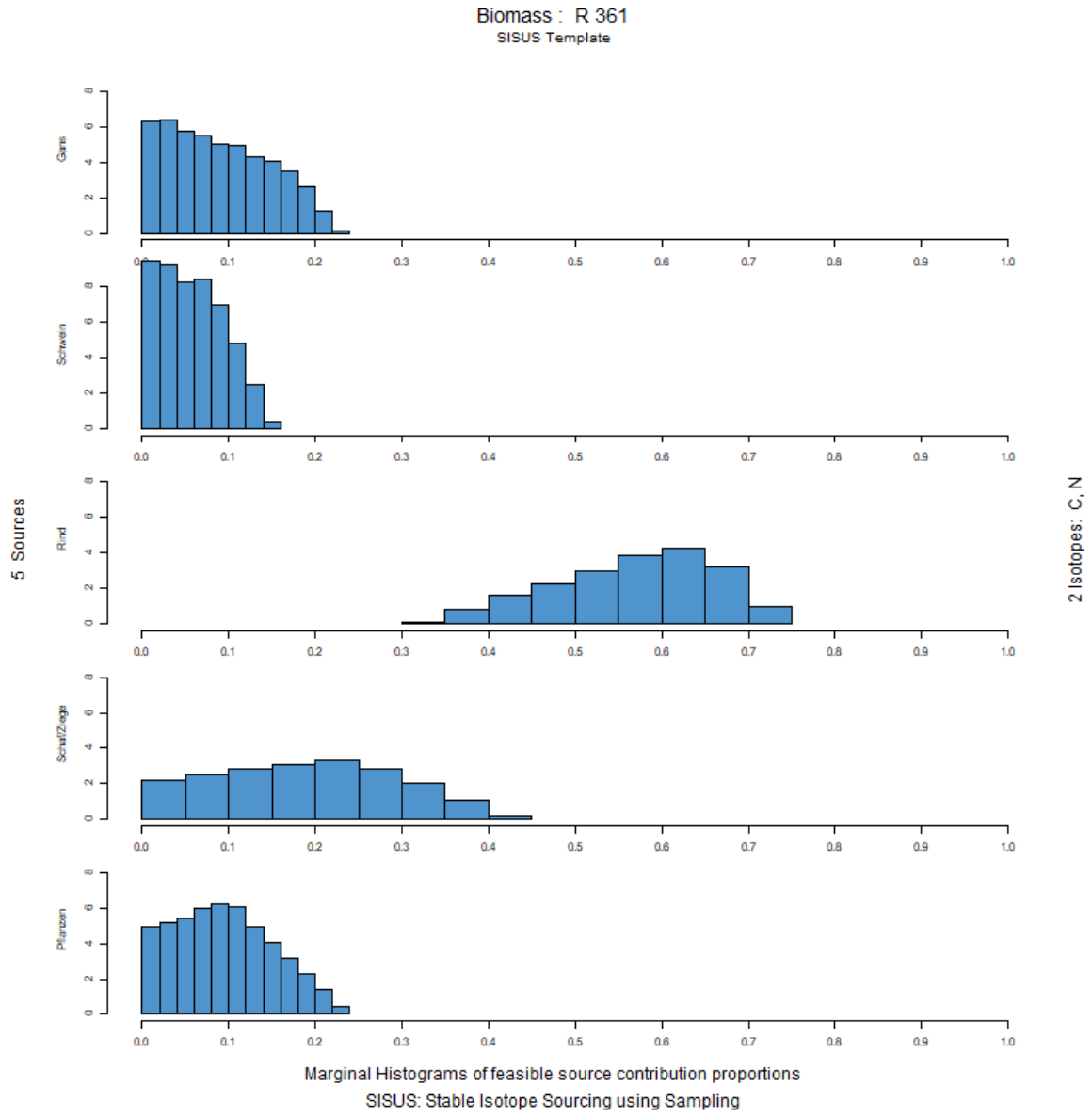


Abbildung 2556: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 361. Erstellt mit SISUS.

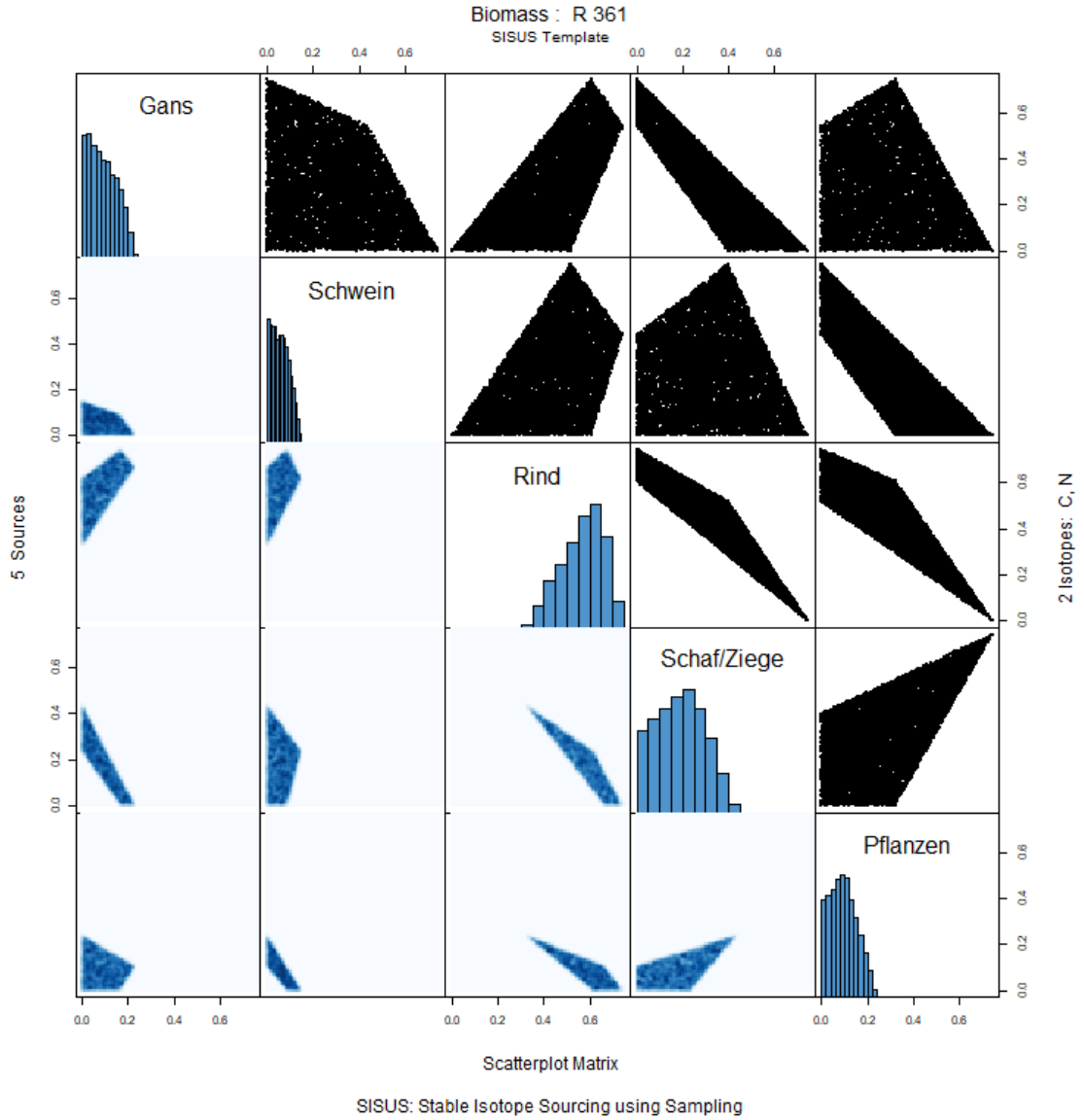


Abbildung 2557: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 361. Erstellt mit SISUS.

R368

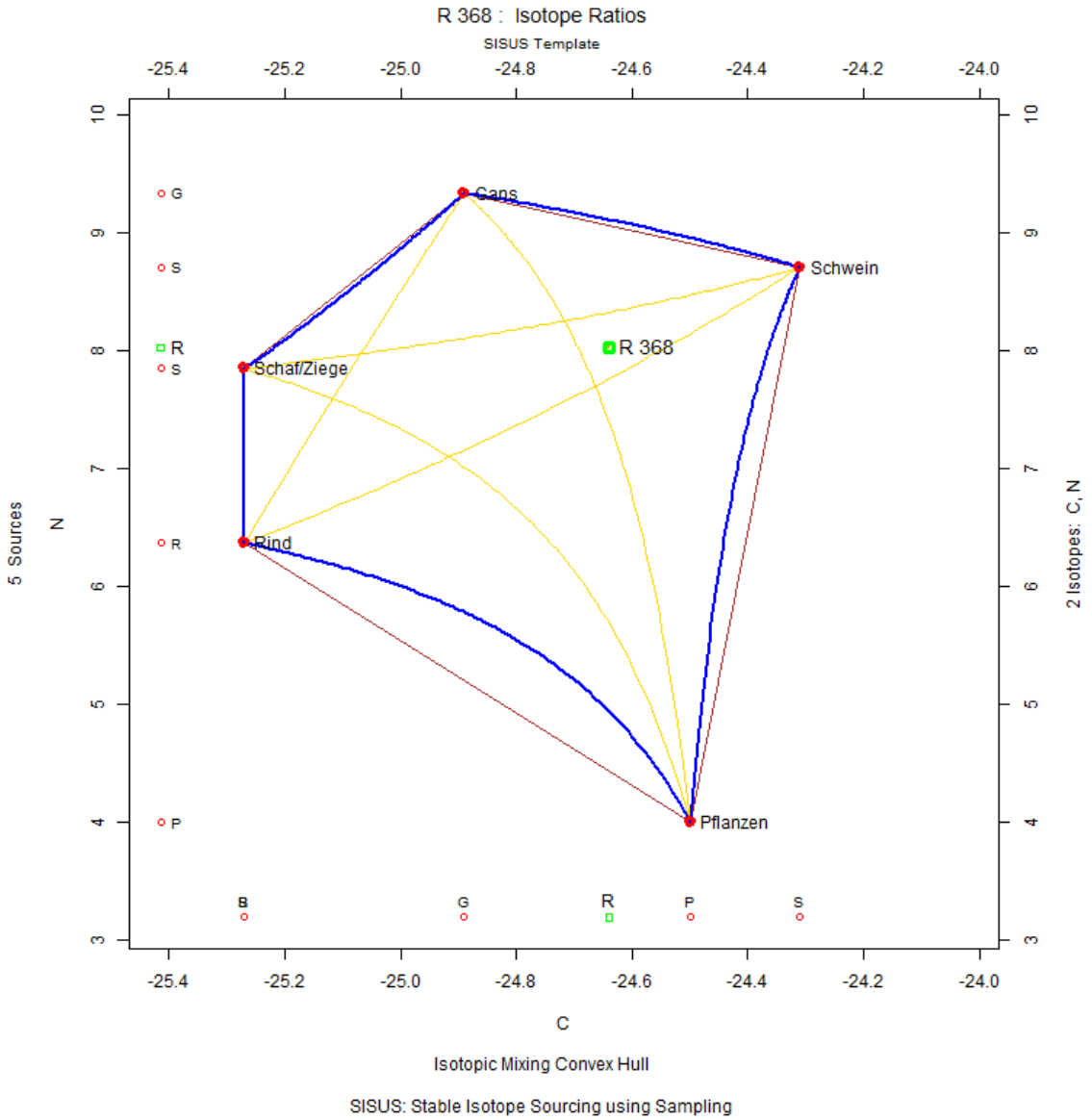


Abbildung 2558: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 368. Erstellt mit SISUS.

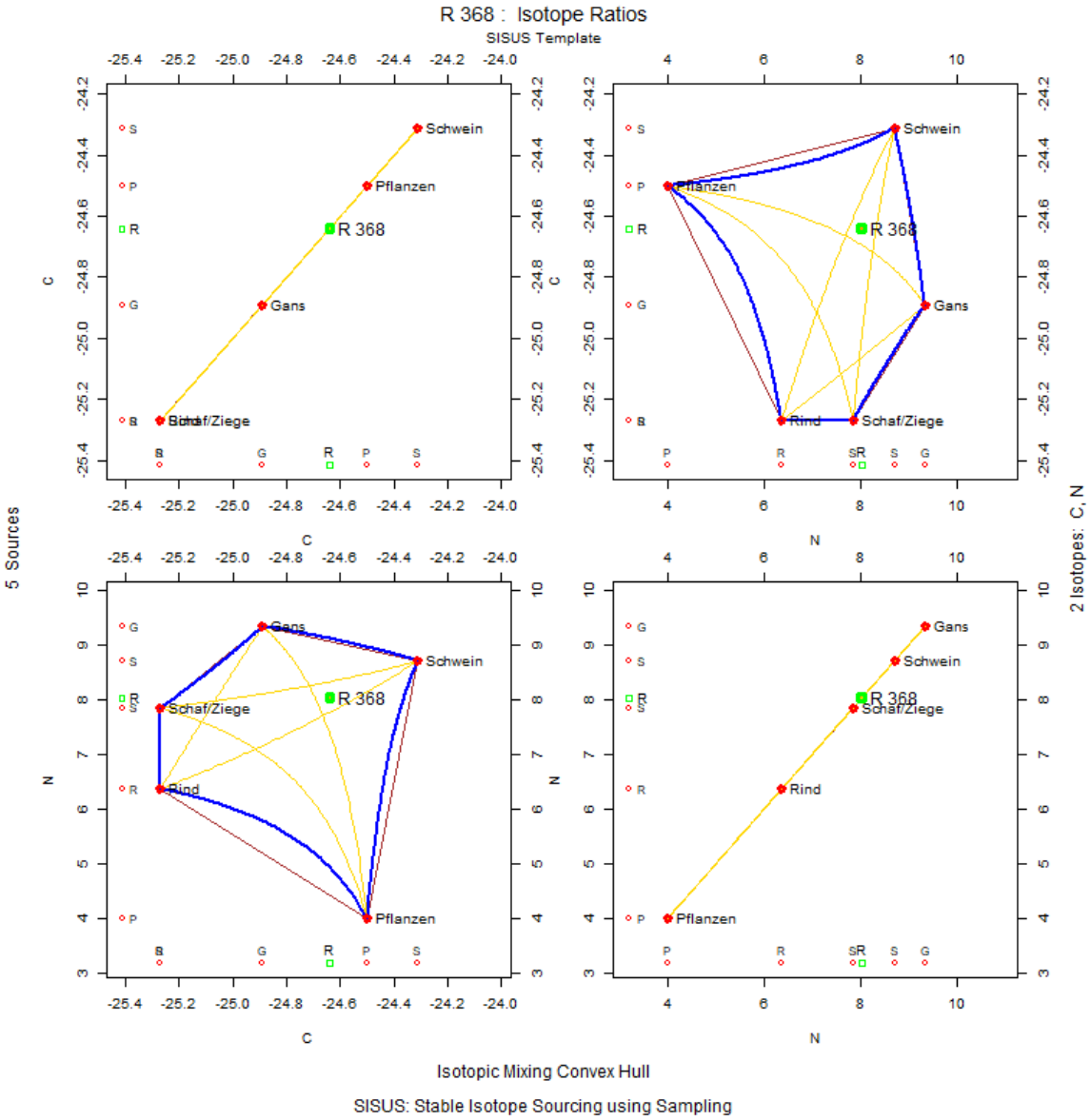


Abbildung 2559: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 368 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

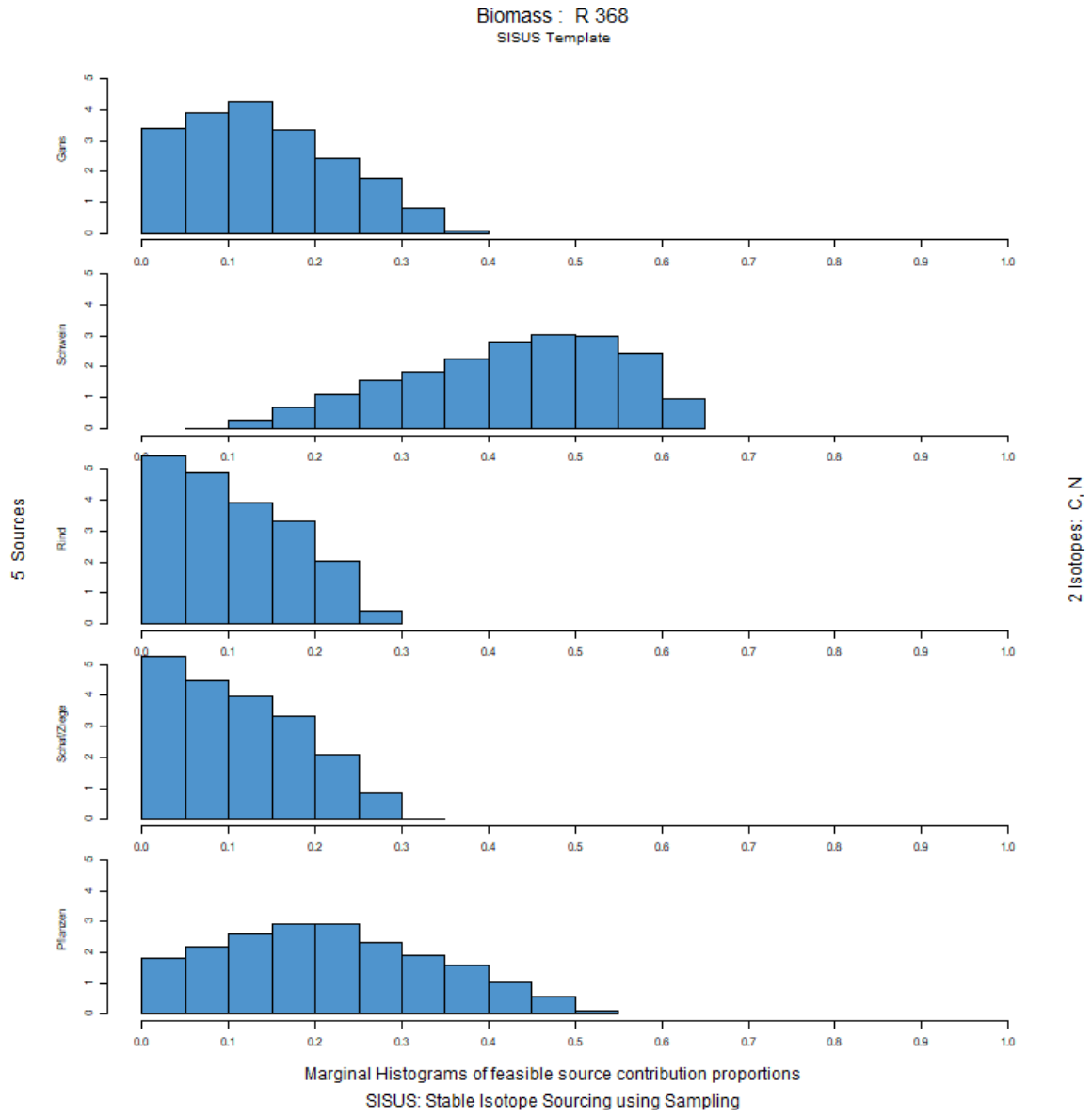


Abbildung 2560: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 368. Erstellt mit SISUS.

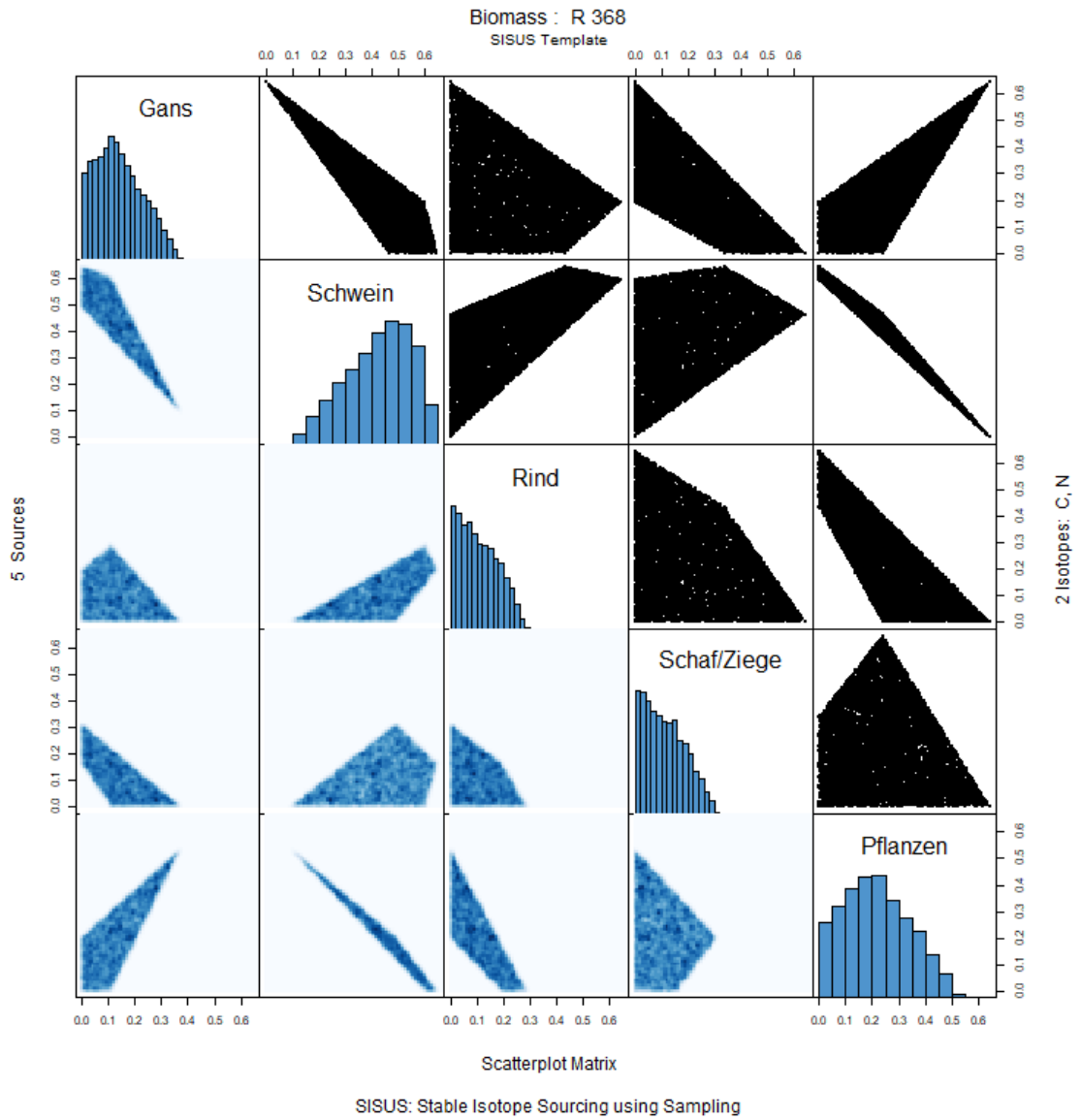


Abbildung 2561: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 368. Erstellt mit SISUS.

R370

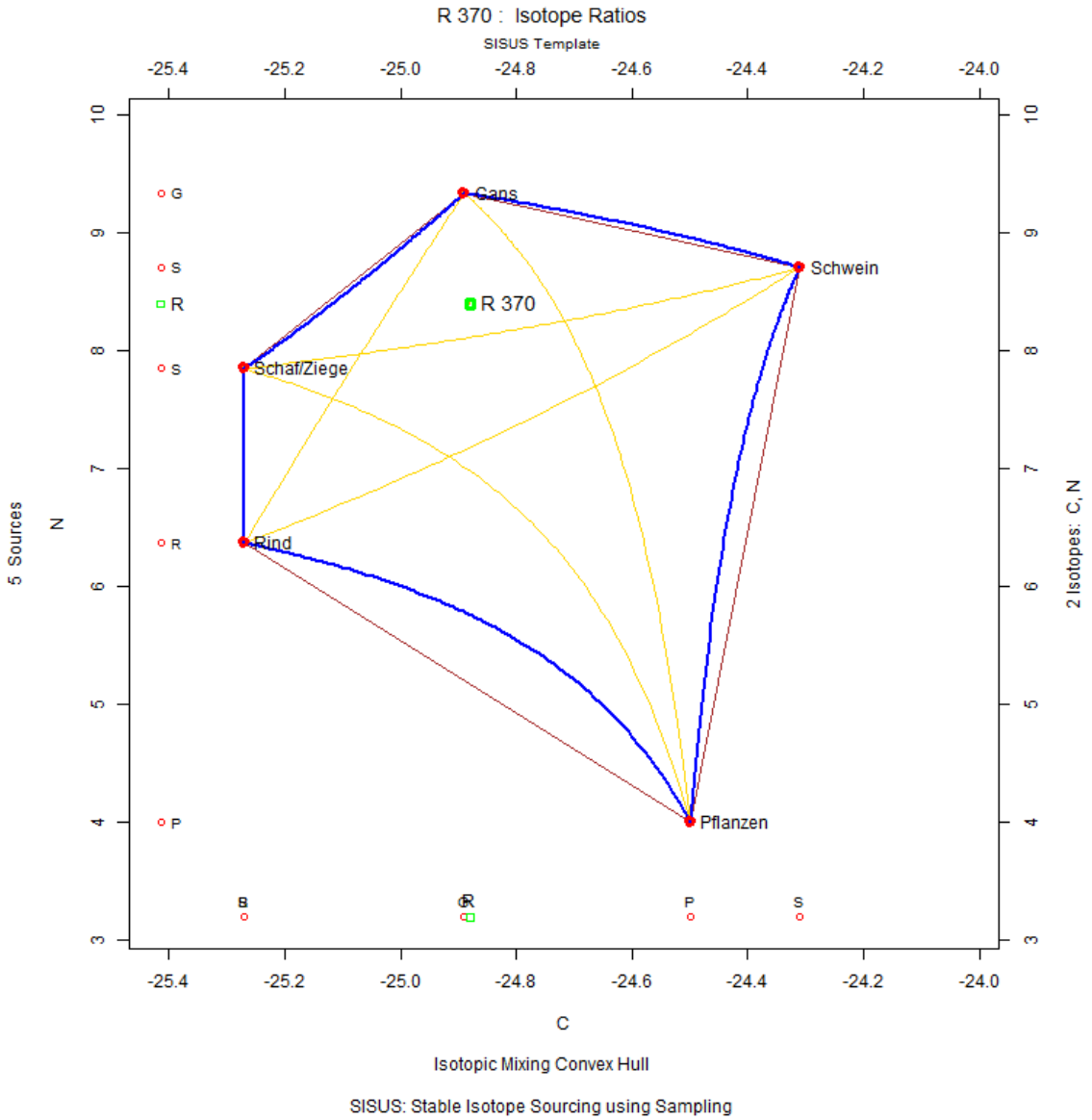


Abbildung 2562: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 370. Erstellt mit SISUS.

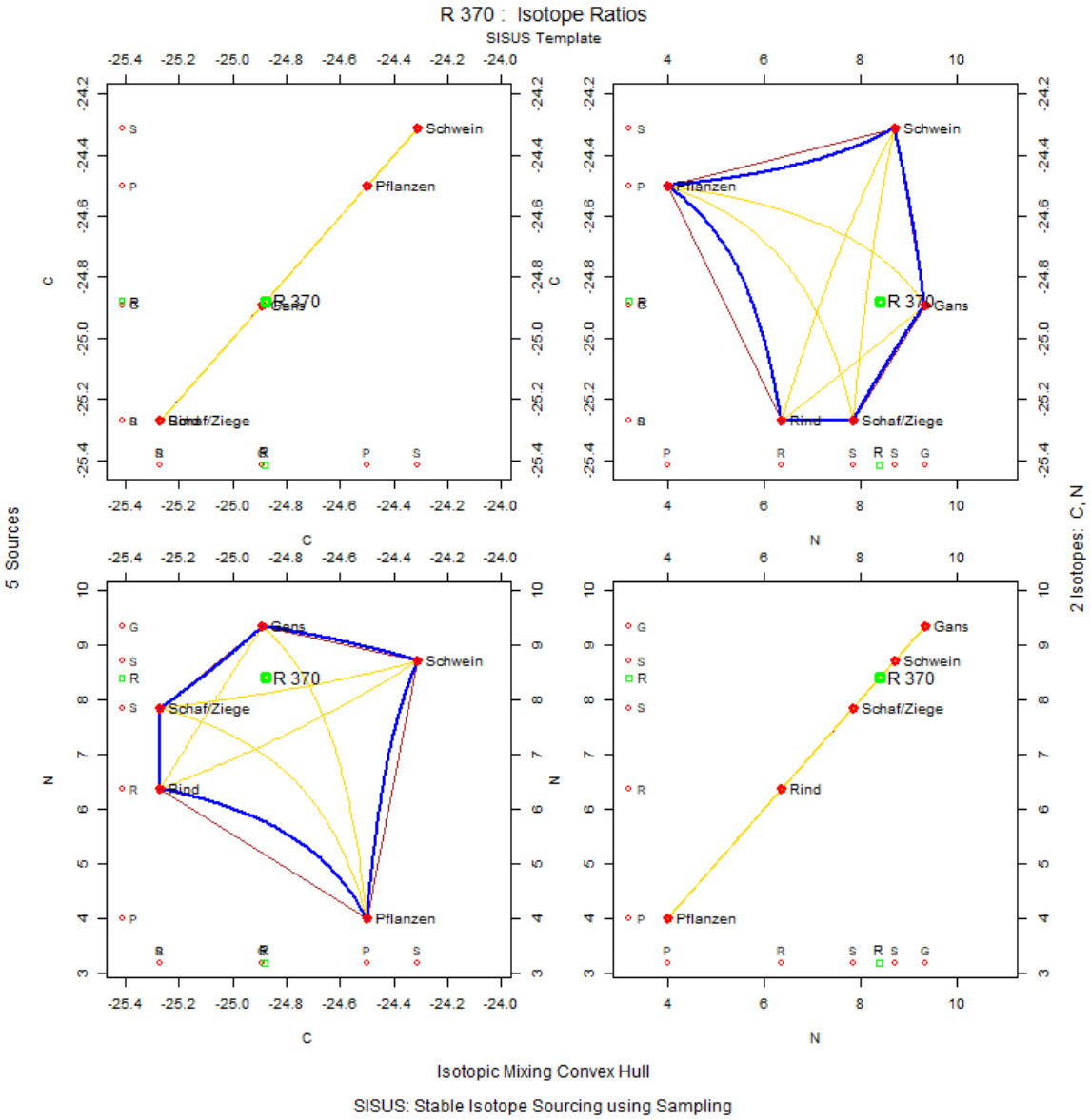


Abbildung 2563: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 370 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

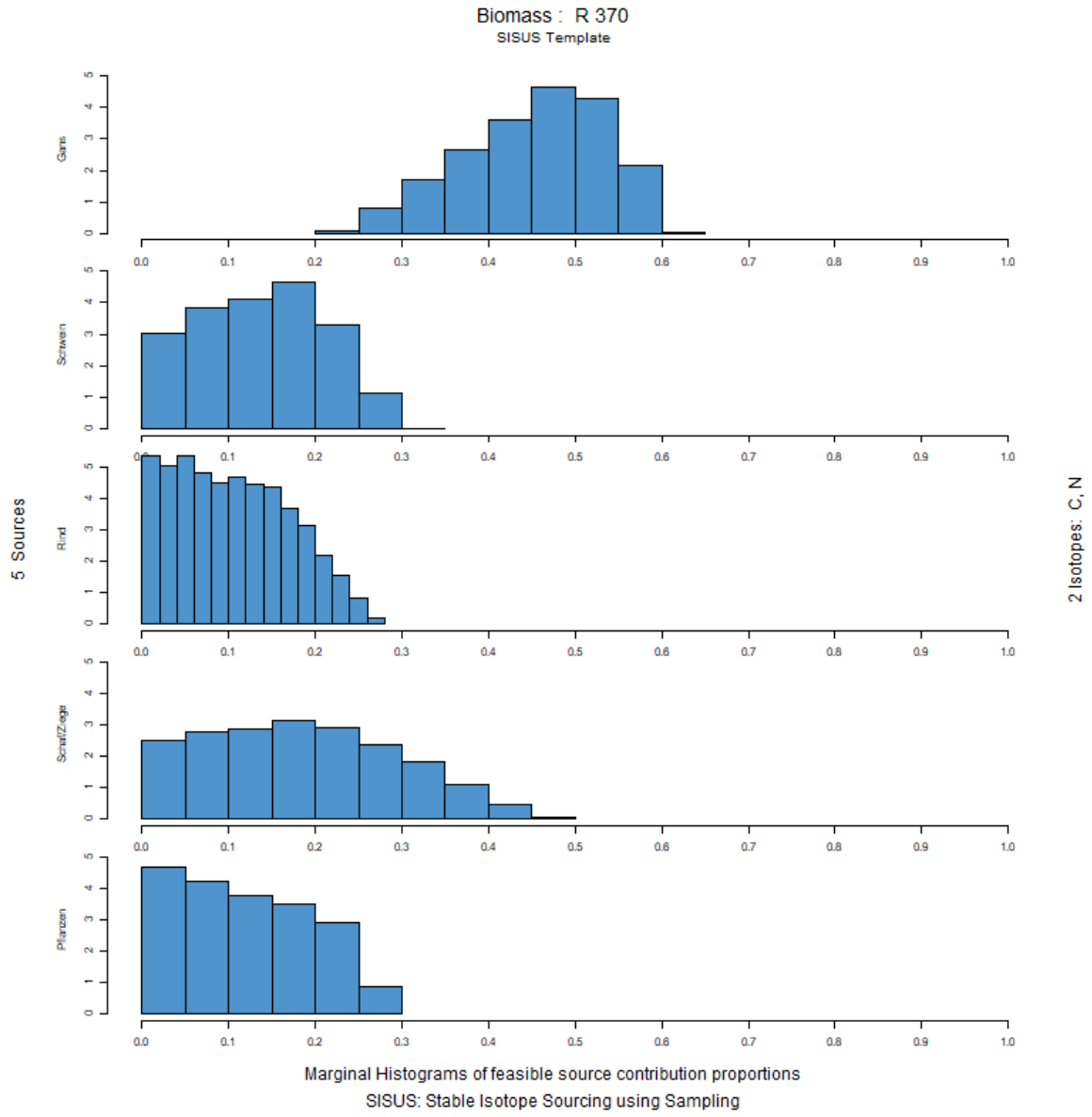


Abbildung 2564: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 370. Erstellt mit SISUS.

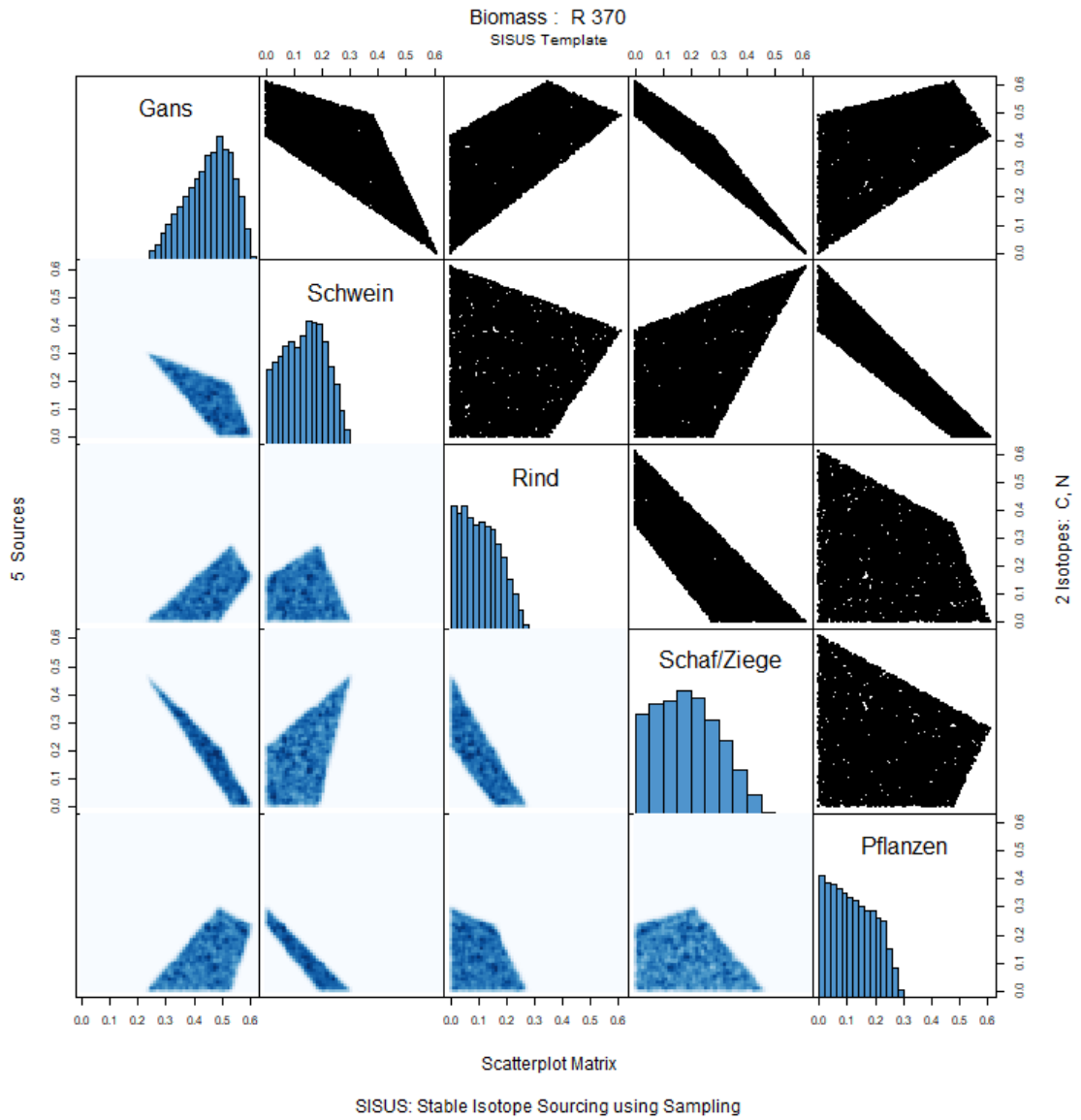


Abbildung 2565: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 370. Erstellt mit SISUS.

R370b

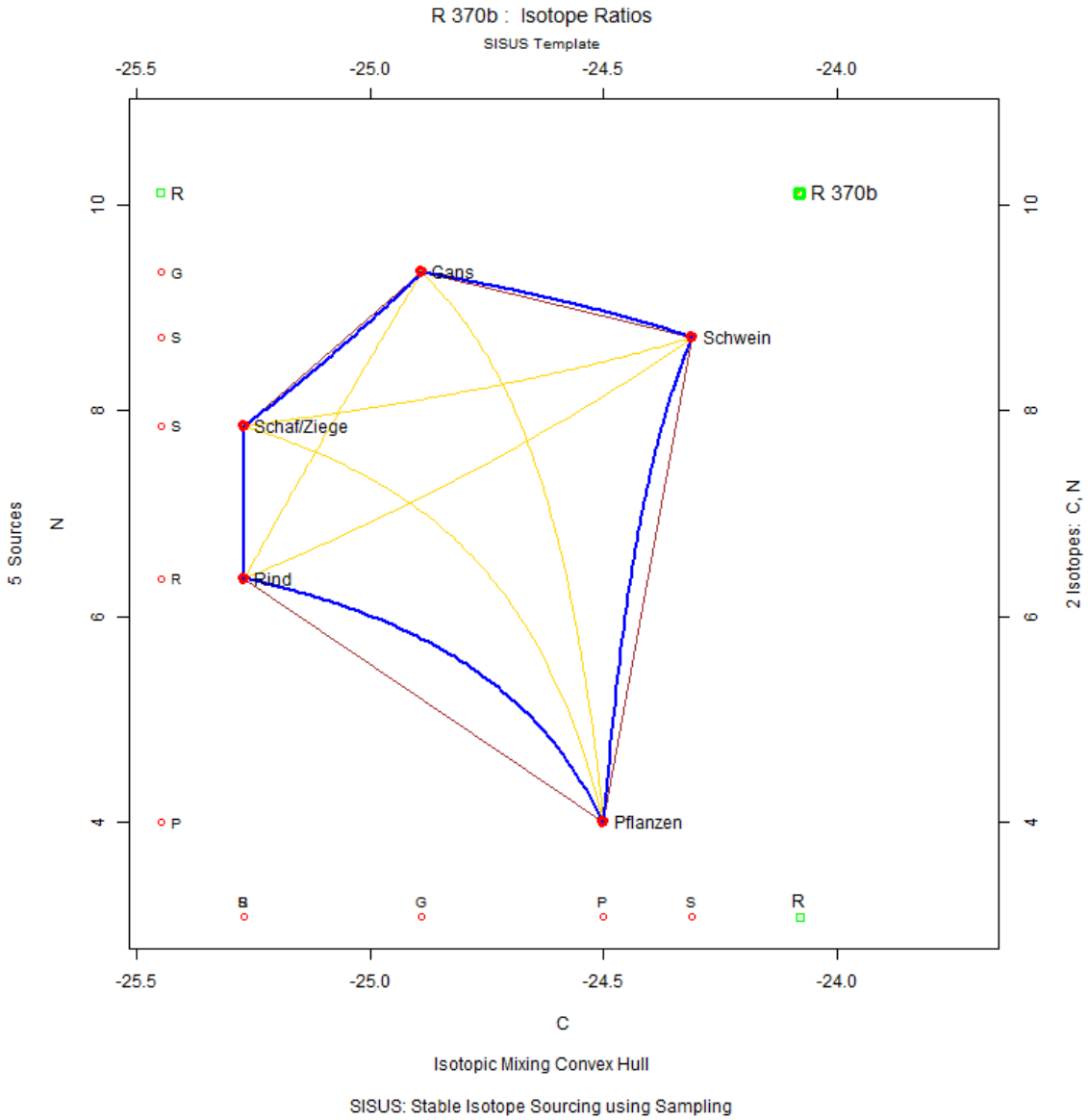


Abbildung 2566: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 370b. Erstellt mit SISUS.

R371

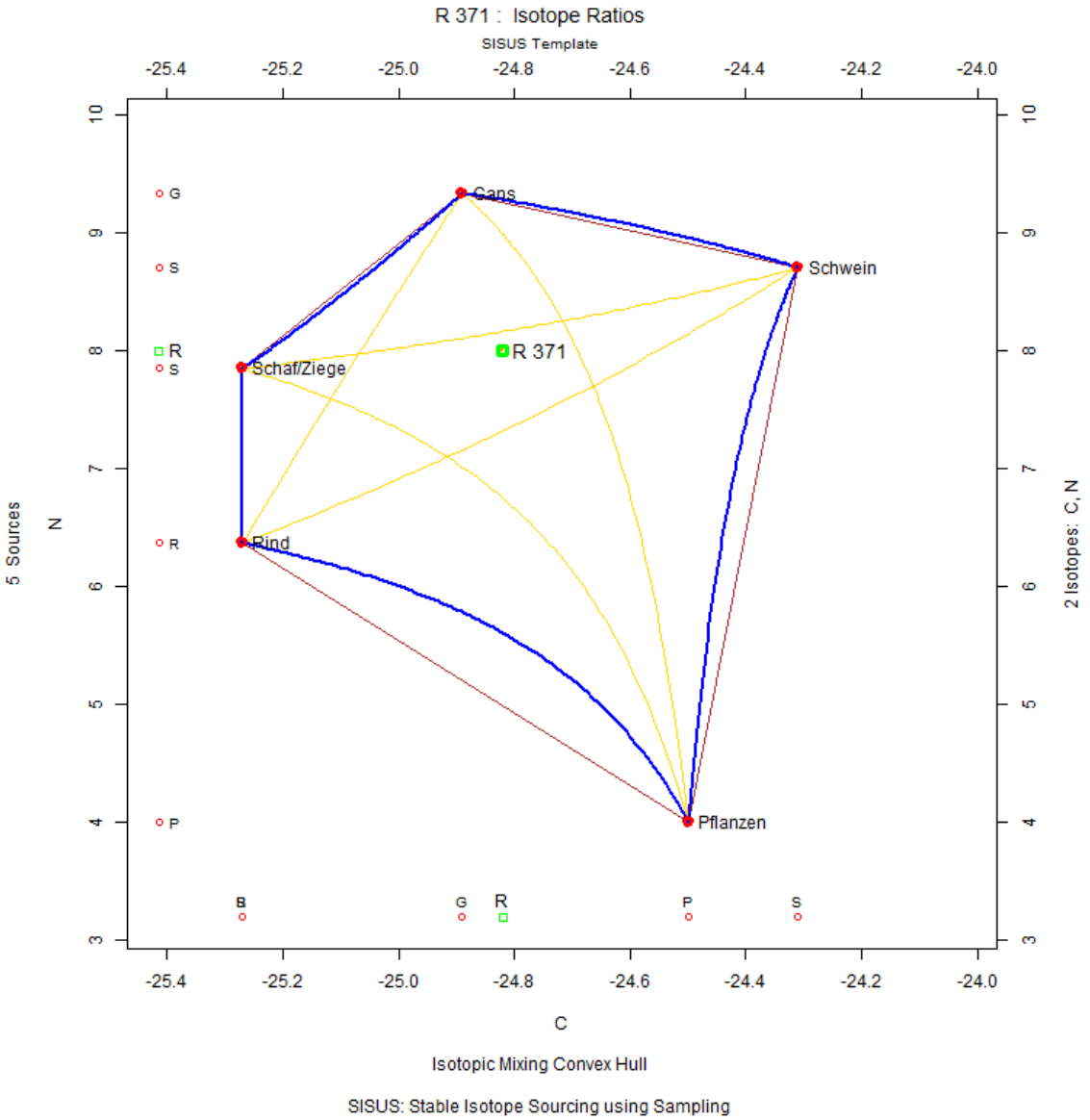


Abbildung 2567: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 371. Erstellt mit SISUS.

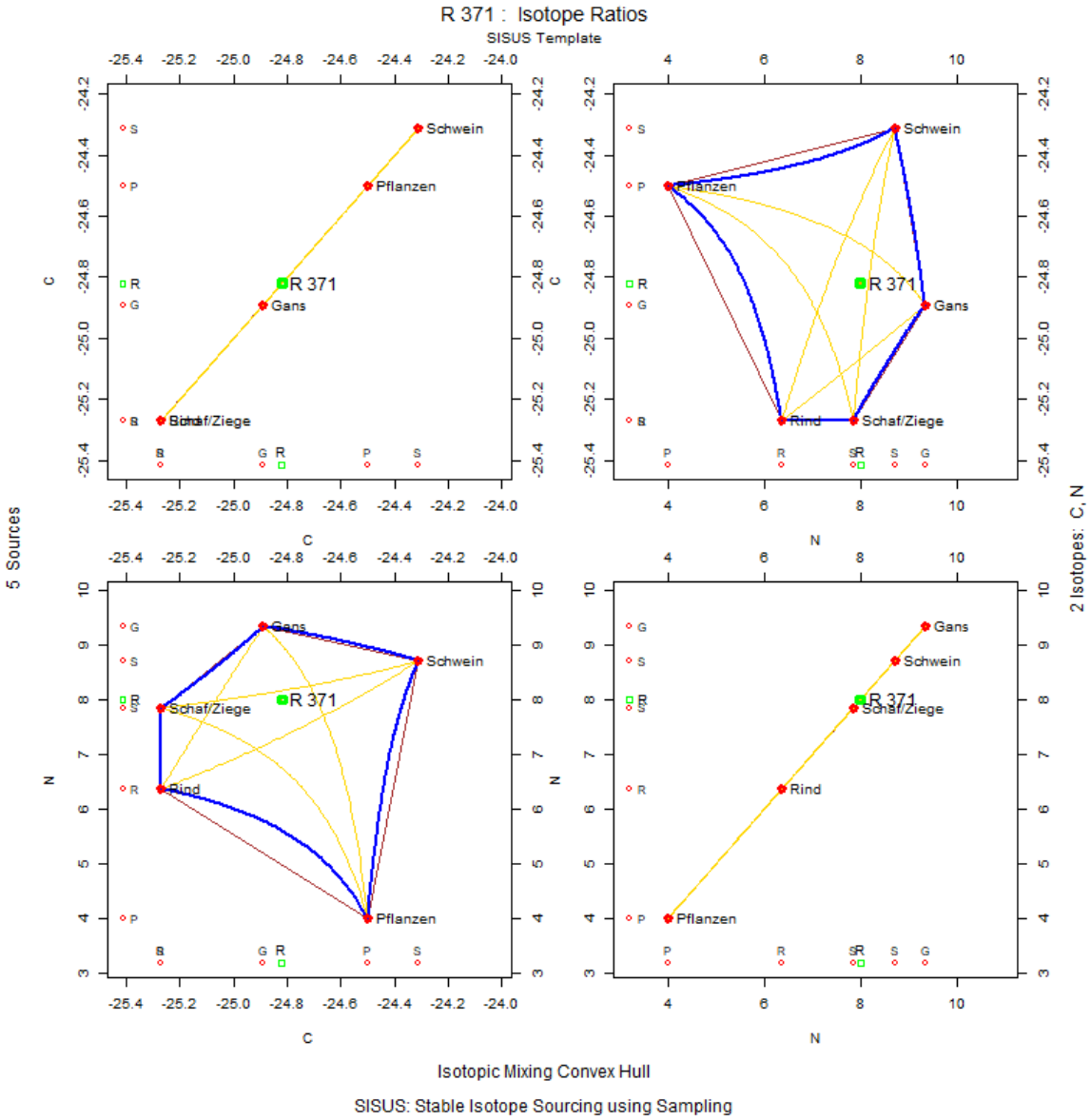


Abbildung 2568: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 371 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

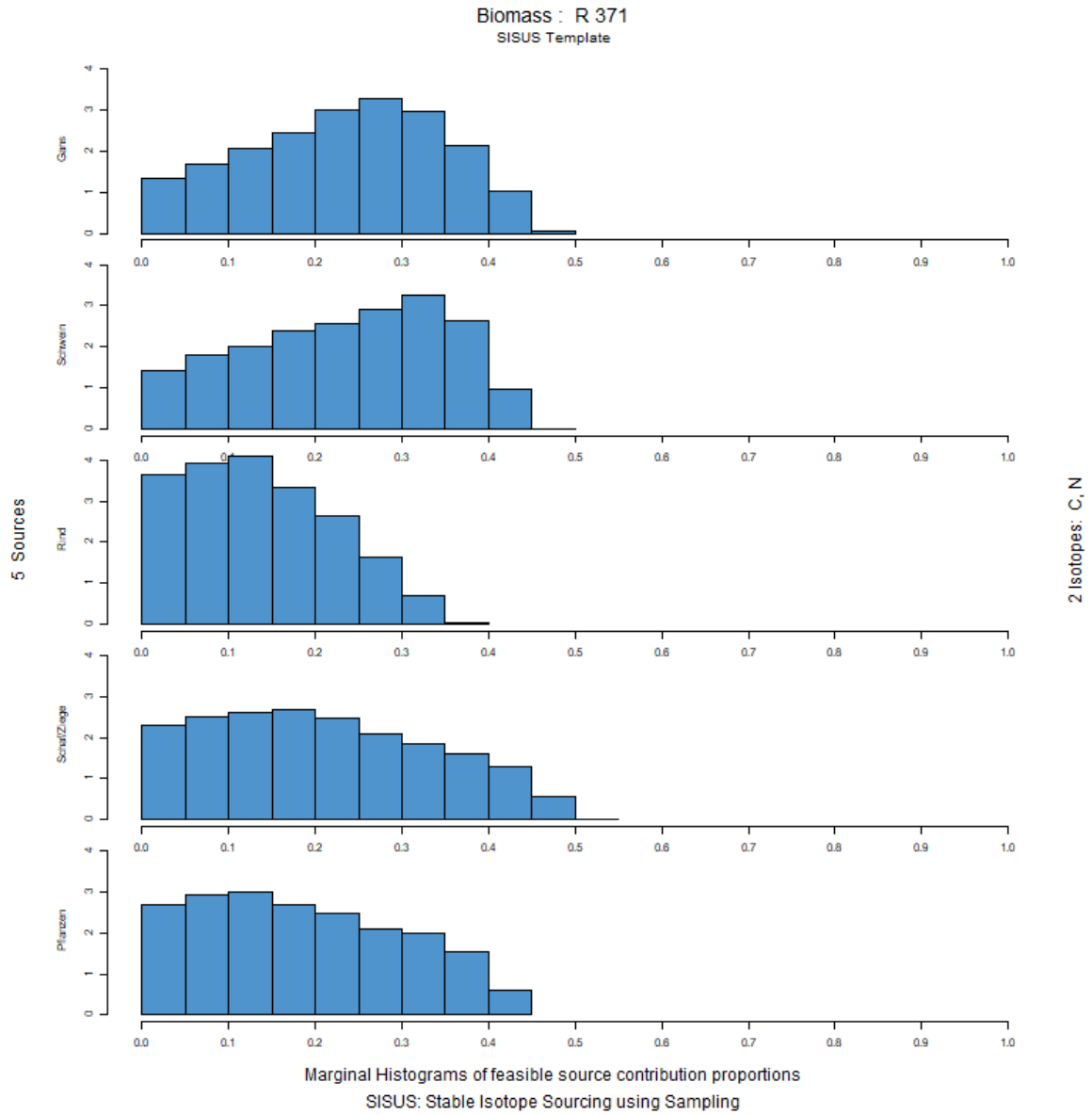


Abbildung 2569: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 371. Erstellt mit SISUS.

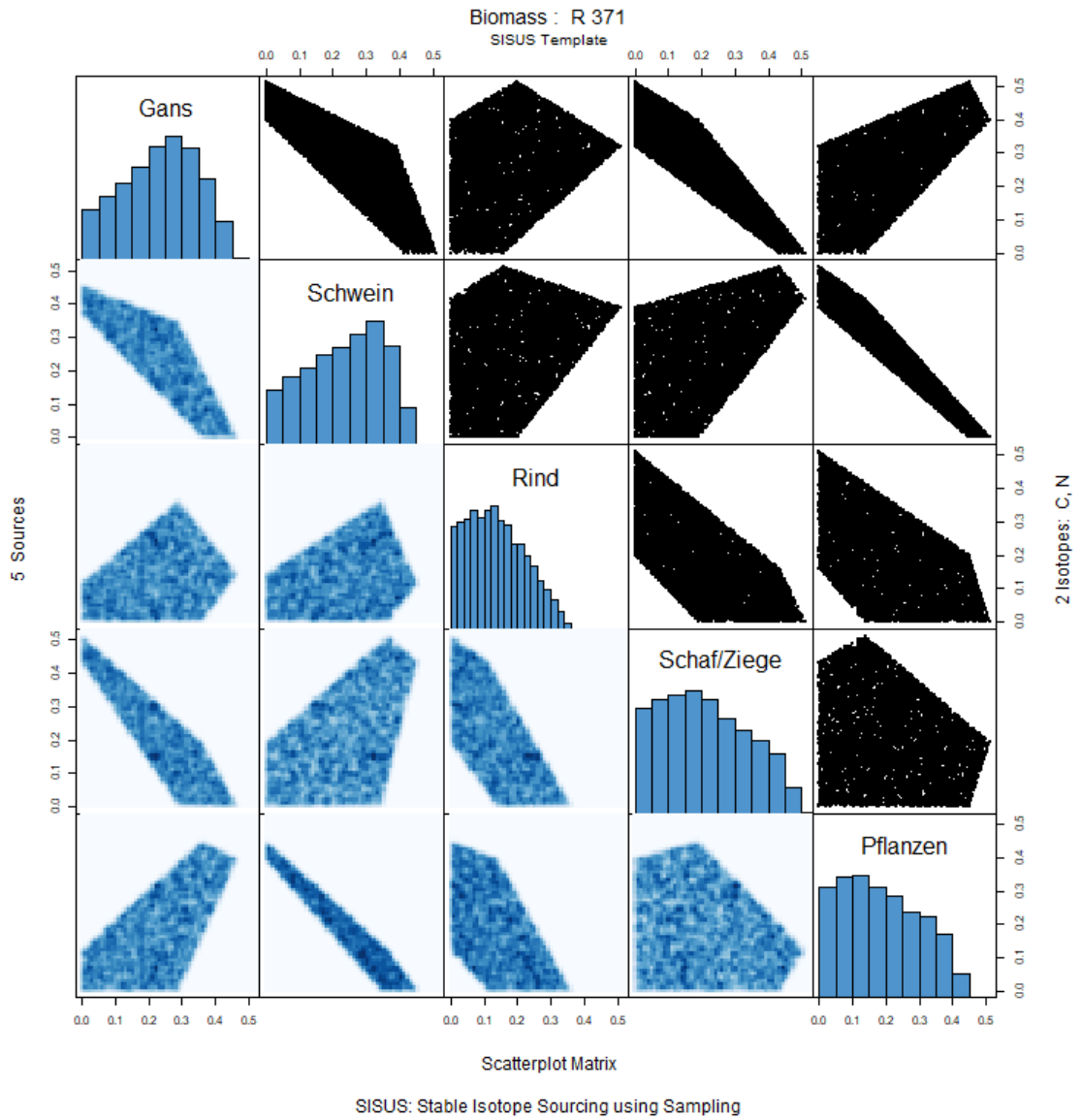


Abbildung 2570: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 371. Erstellt mit SISUS.

R372

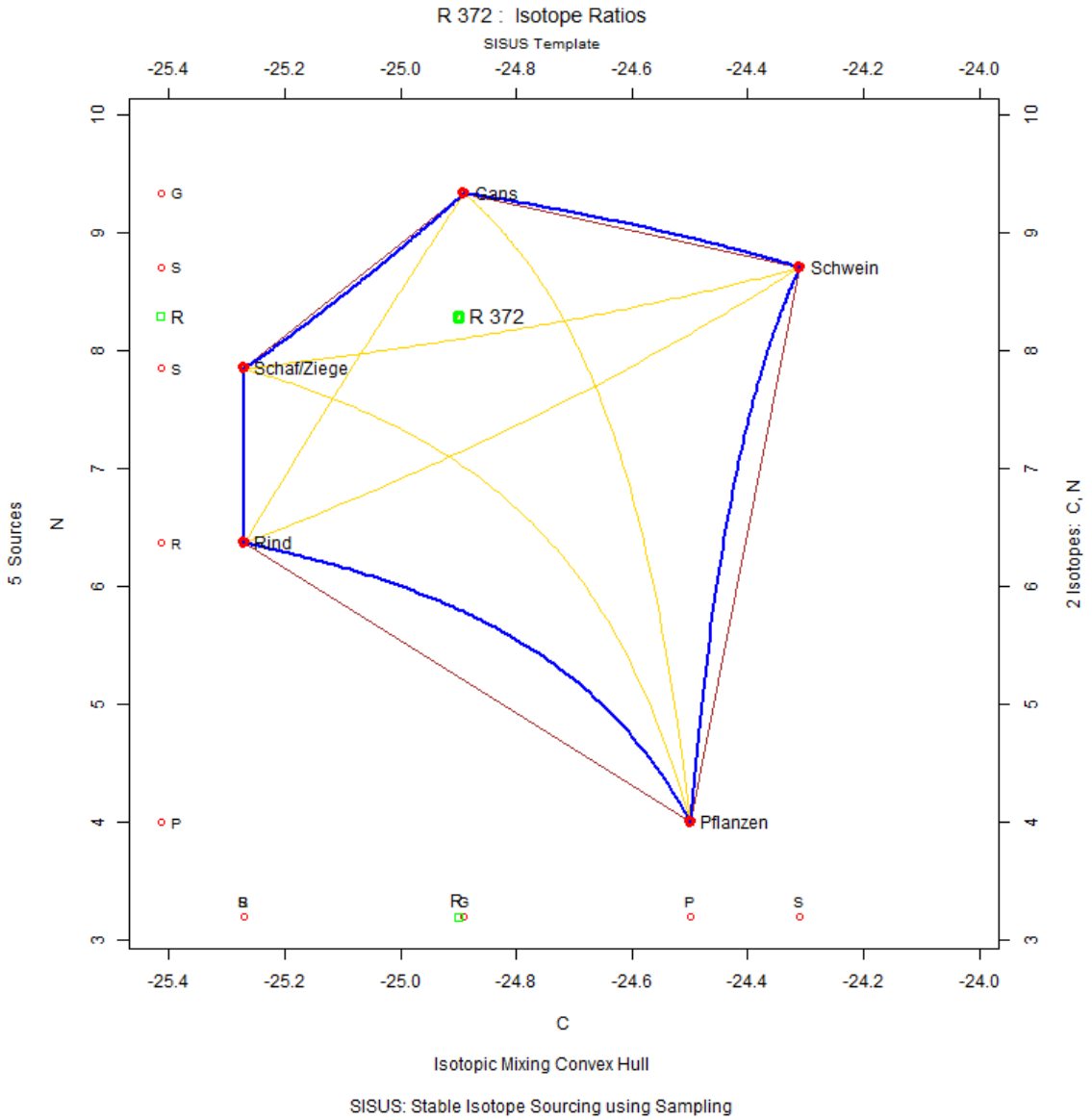


Abbildung 2571: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 372. Erstellt mit SISUS.

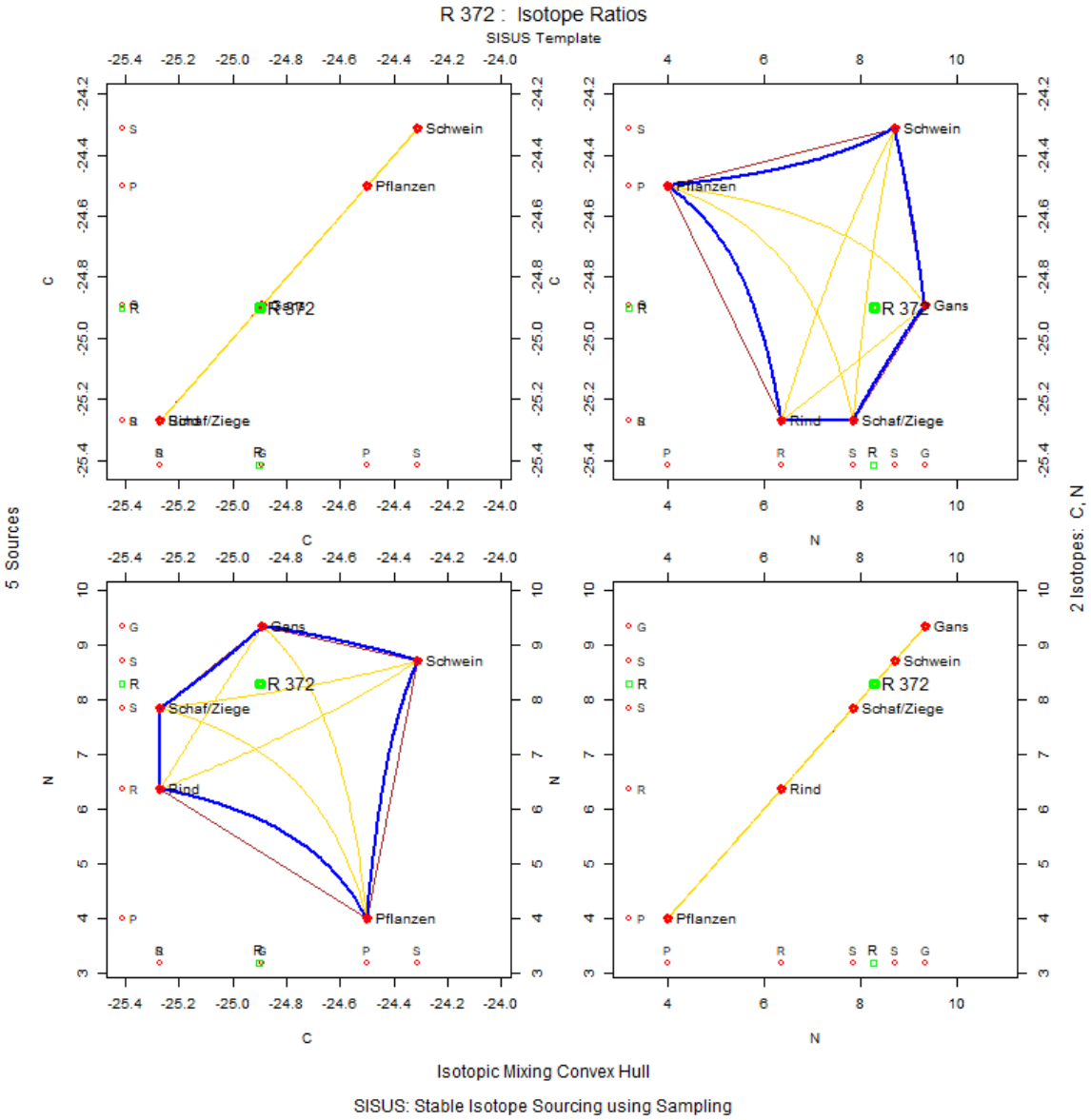


Abbildung 2572: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 372 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

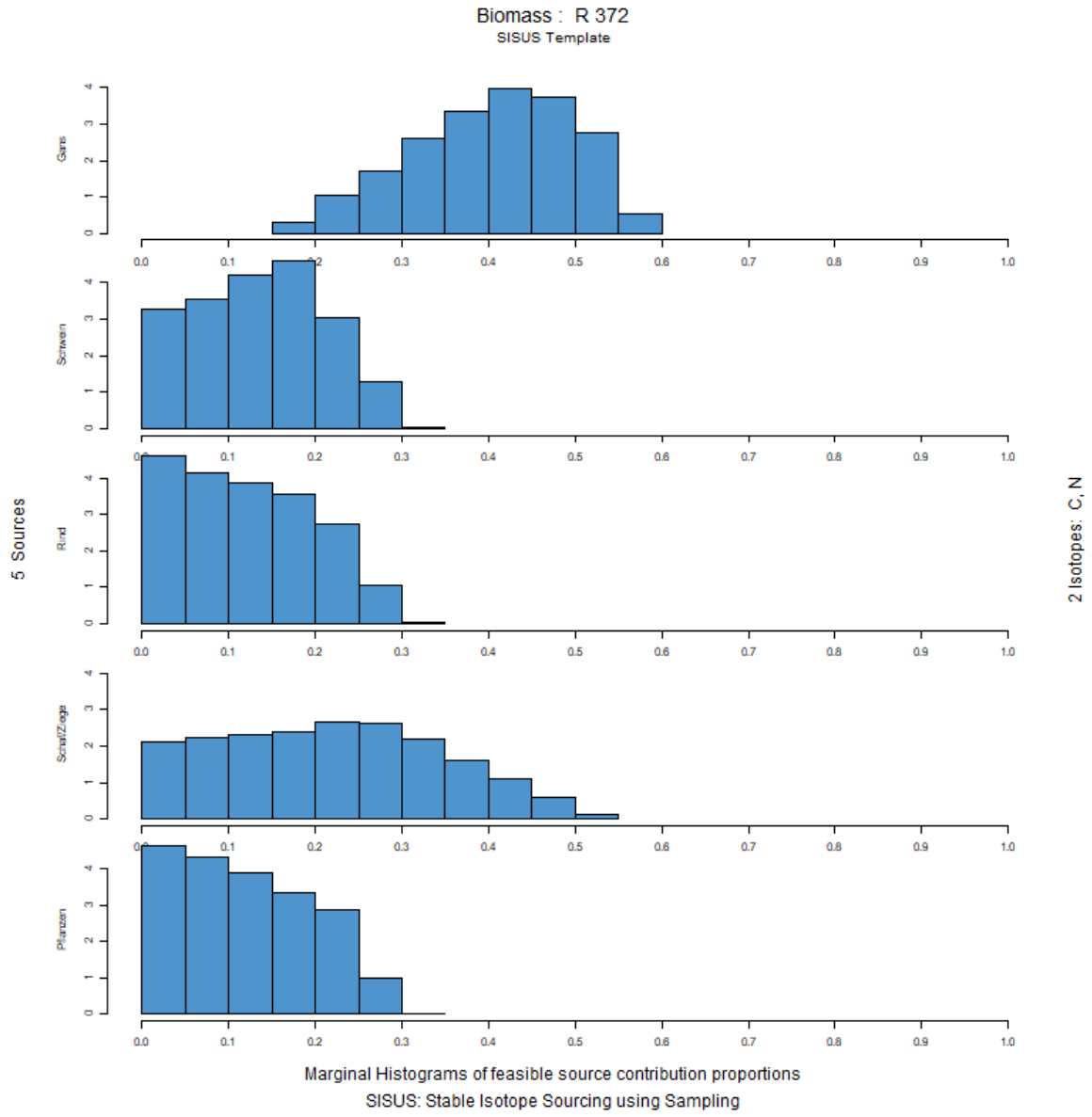


Abbildung 2573: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 372. Erstellt mit SISUS.

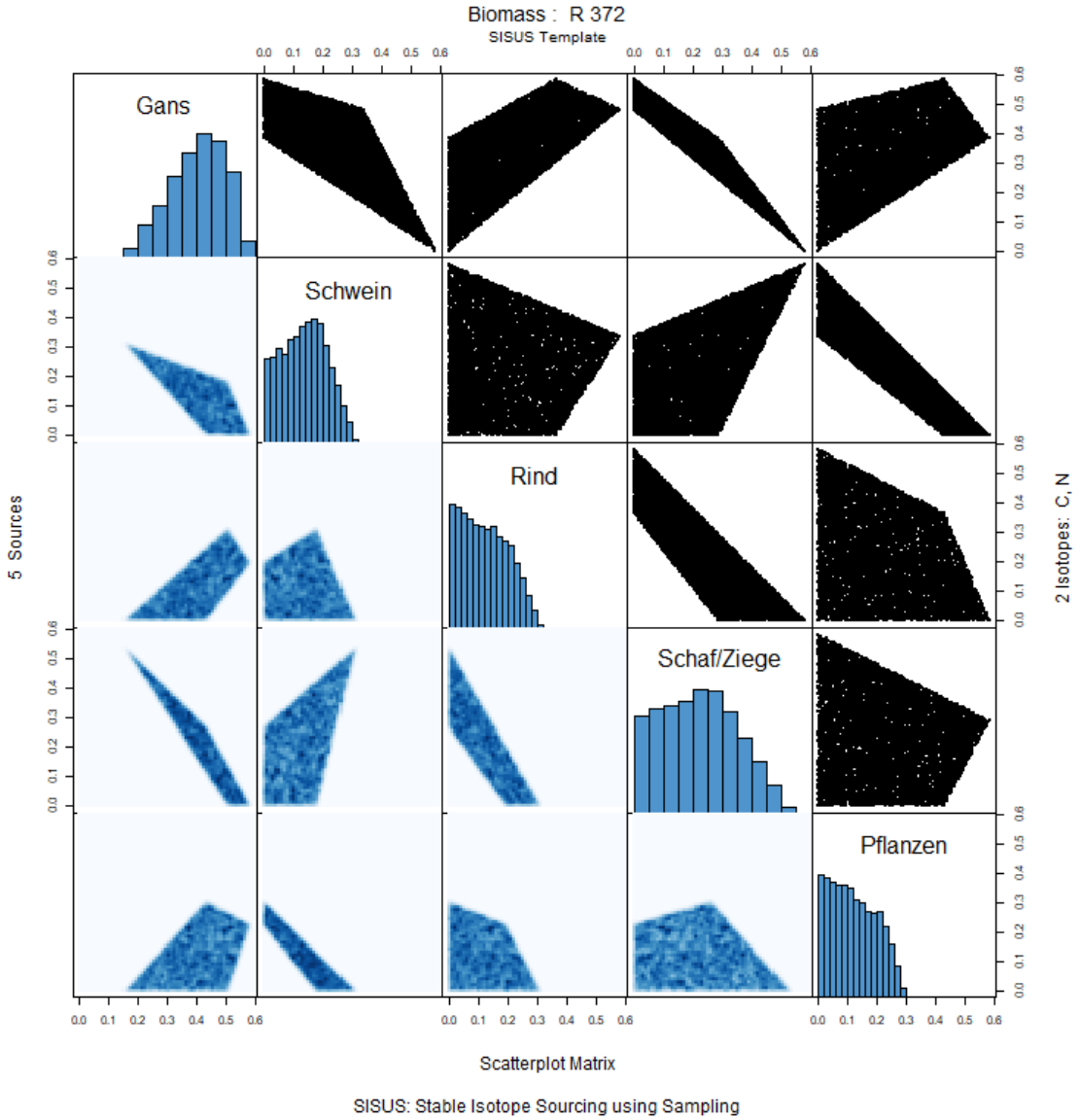


Abbildung 2574: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 372. Erstellt mit SISUS.

R373

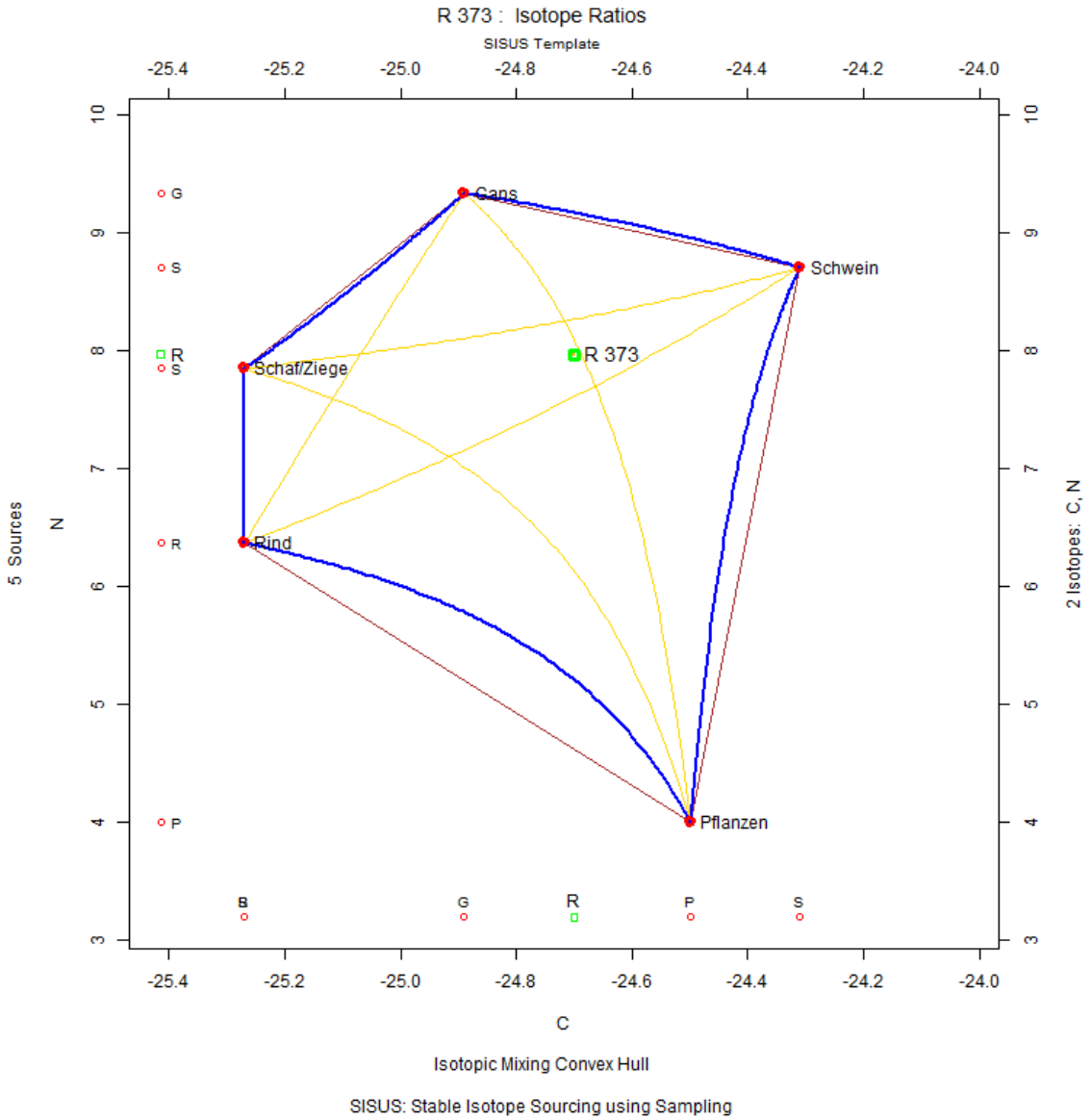


Abbildung 2575: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 373. Erstellt mit SISUS.

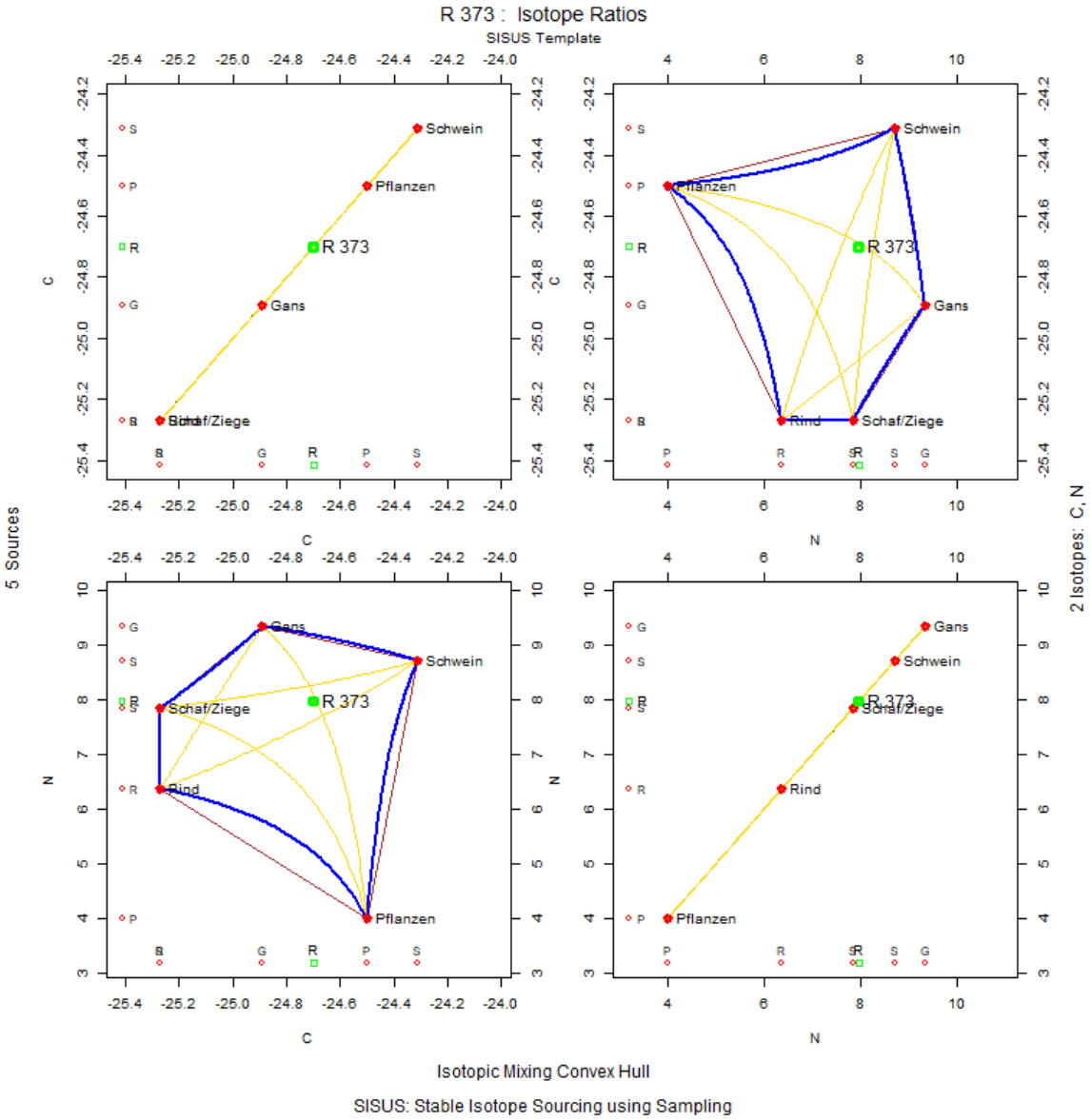


Abbildung 2576: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 373 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

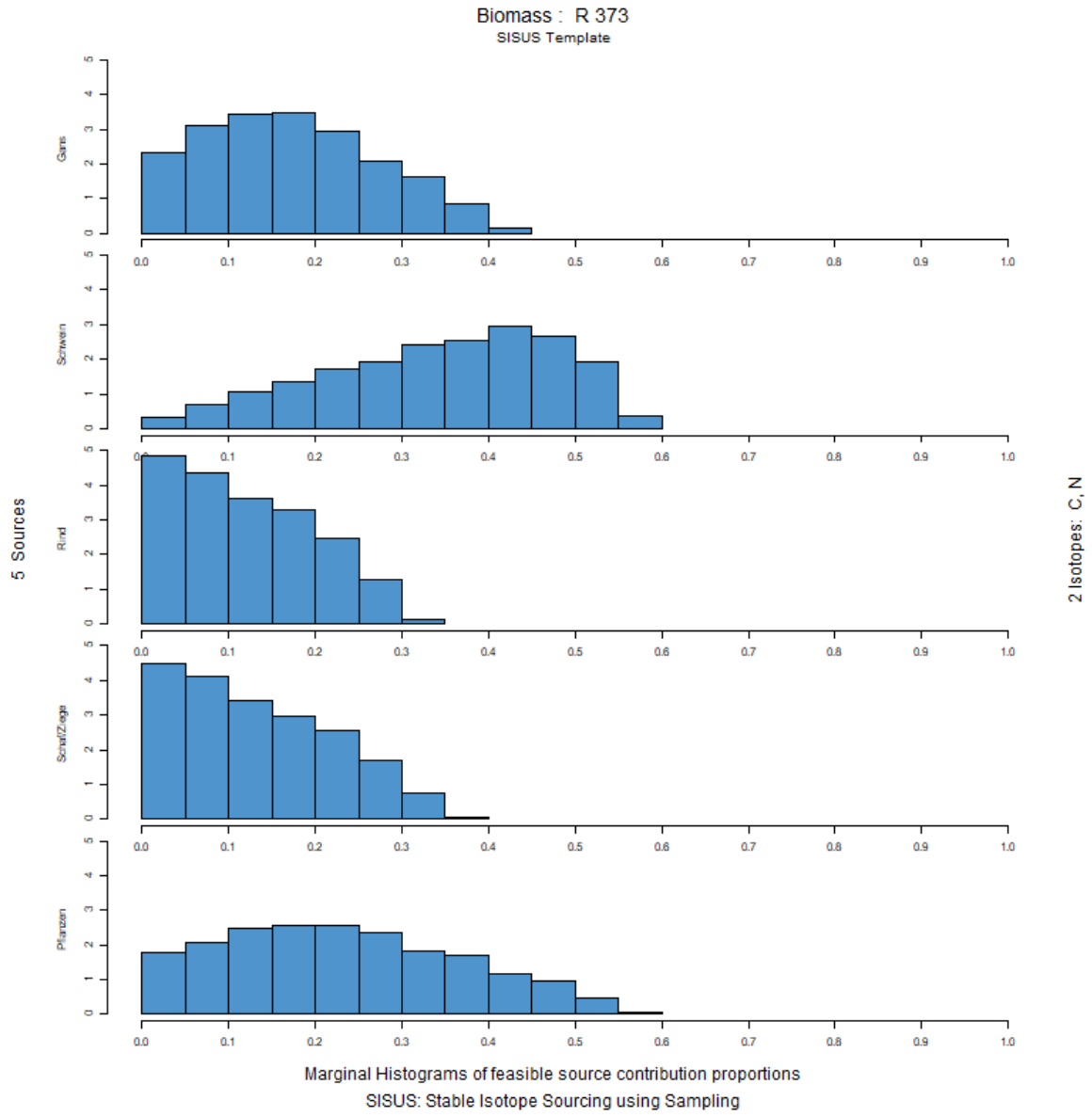


Abbildung 2577: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 373. Erstellt mit SISUS.

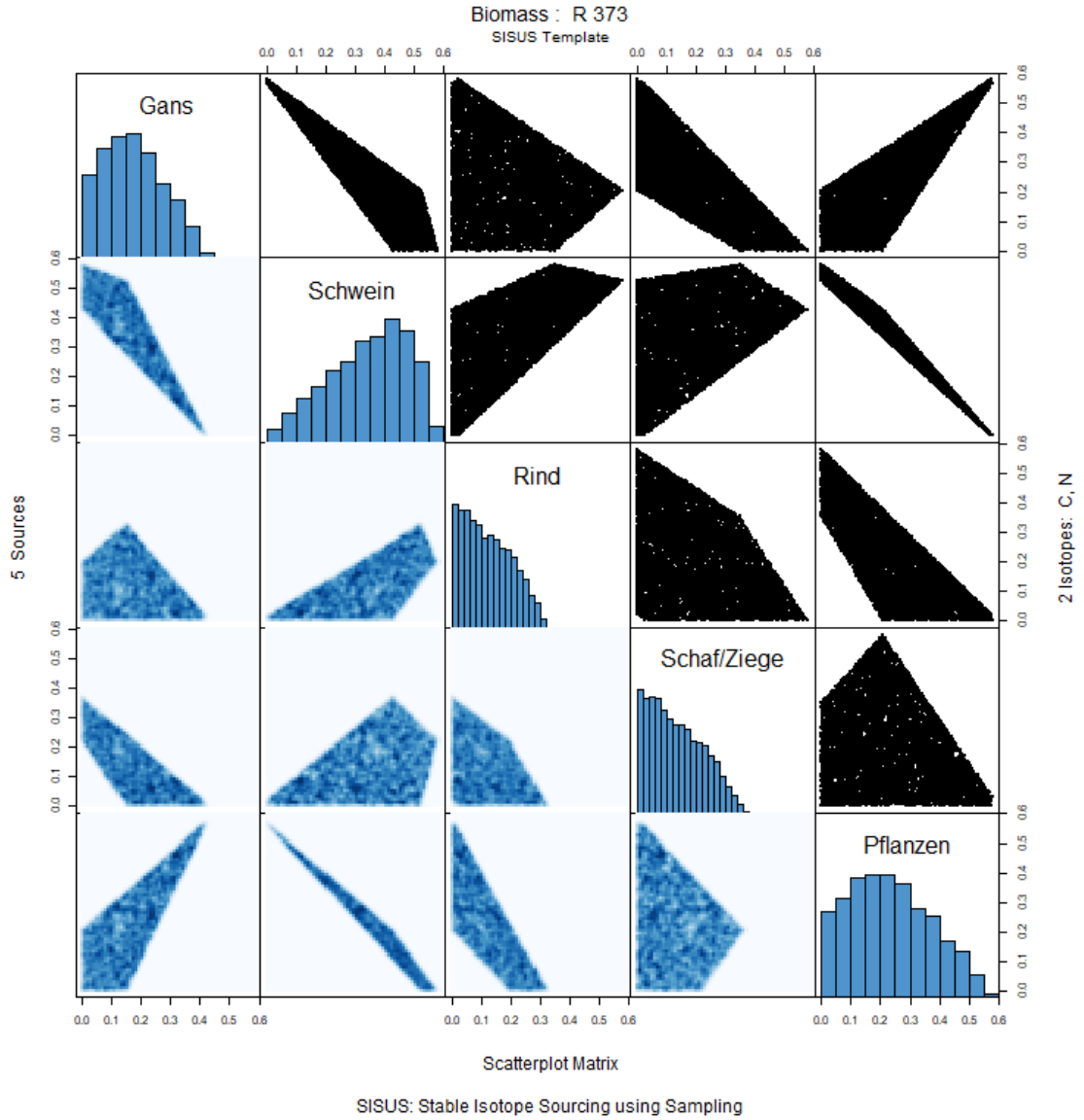


Abbildung 2578: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 373. Erstellt mit SISUS.

R374

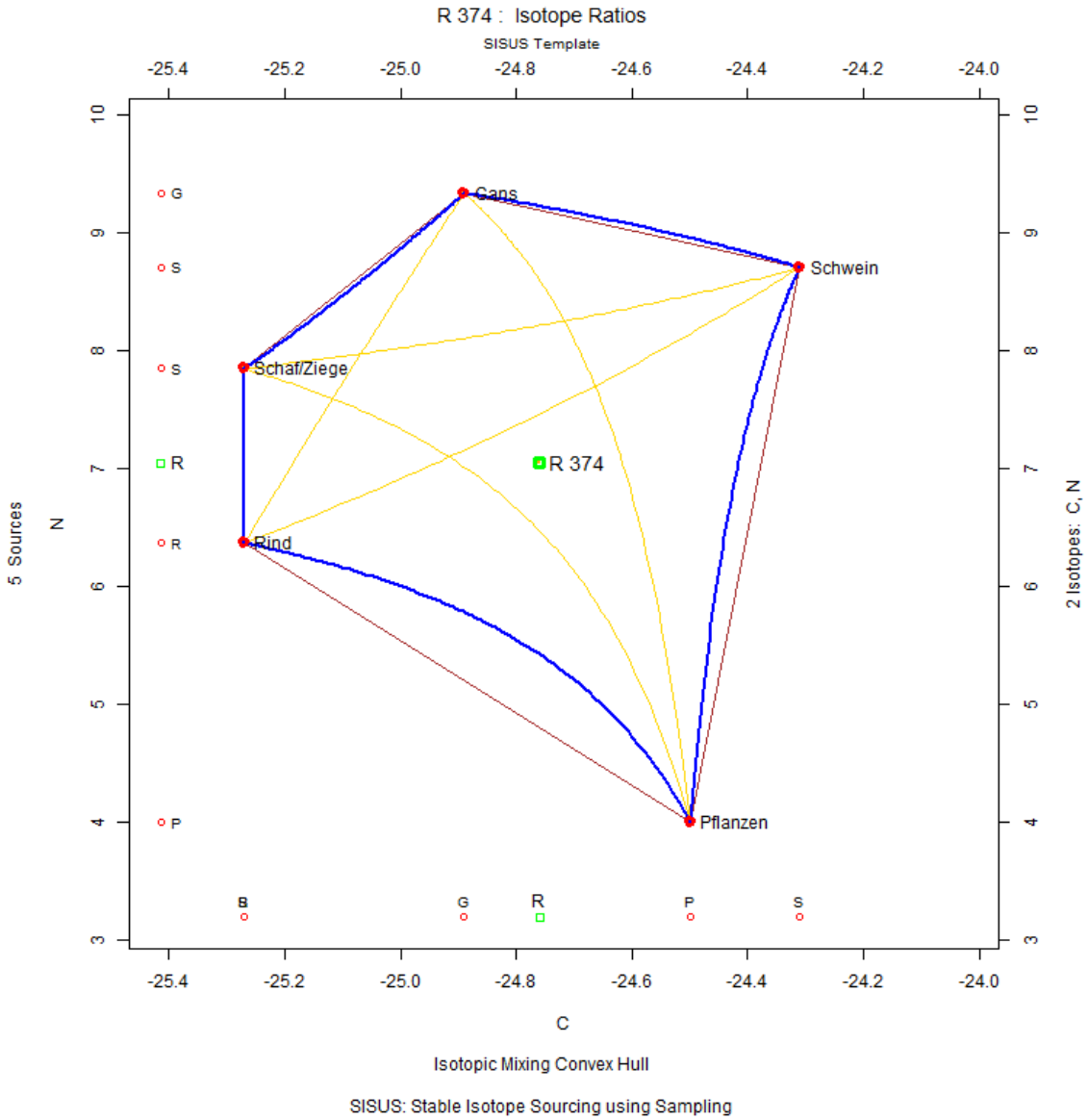


Abbildung 2579: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 374. Erstellt mit SISUS.

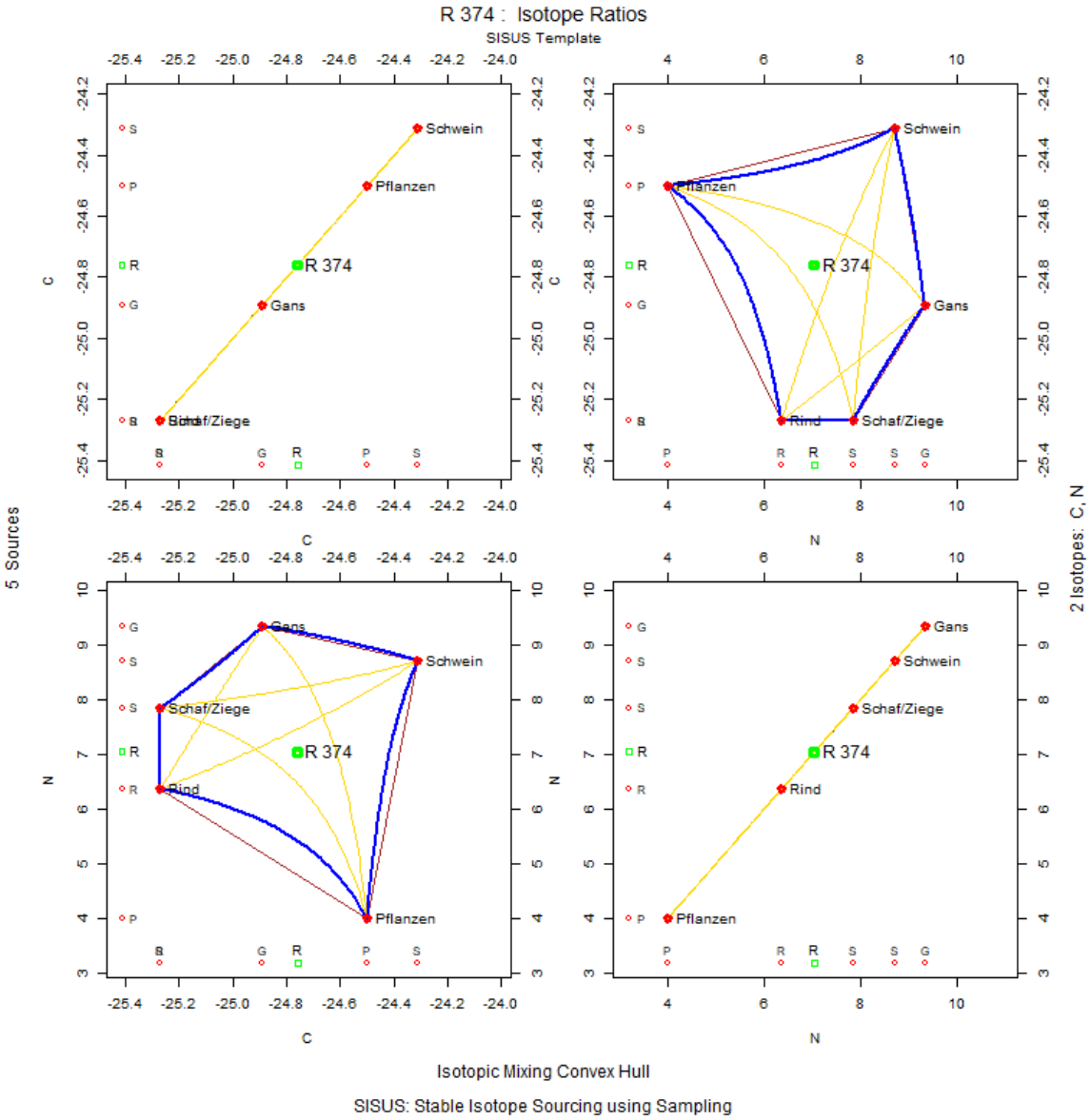


Abbildung 2580: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 374 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

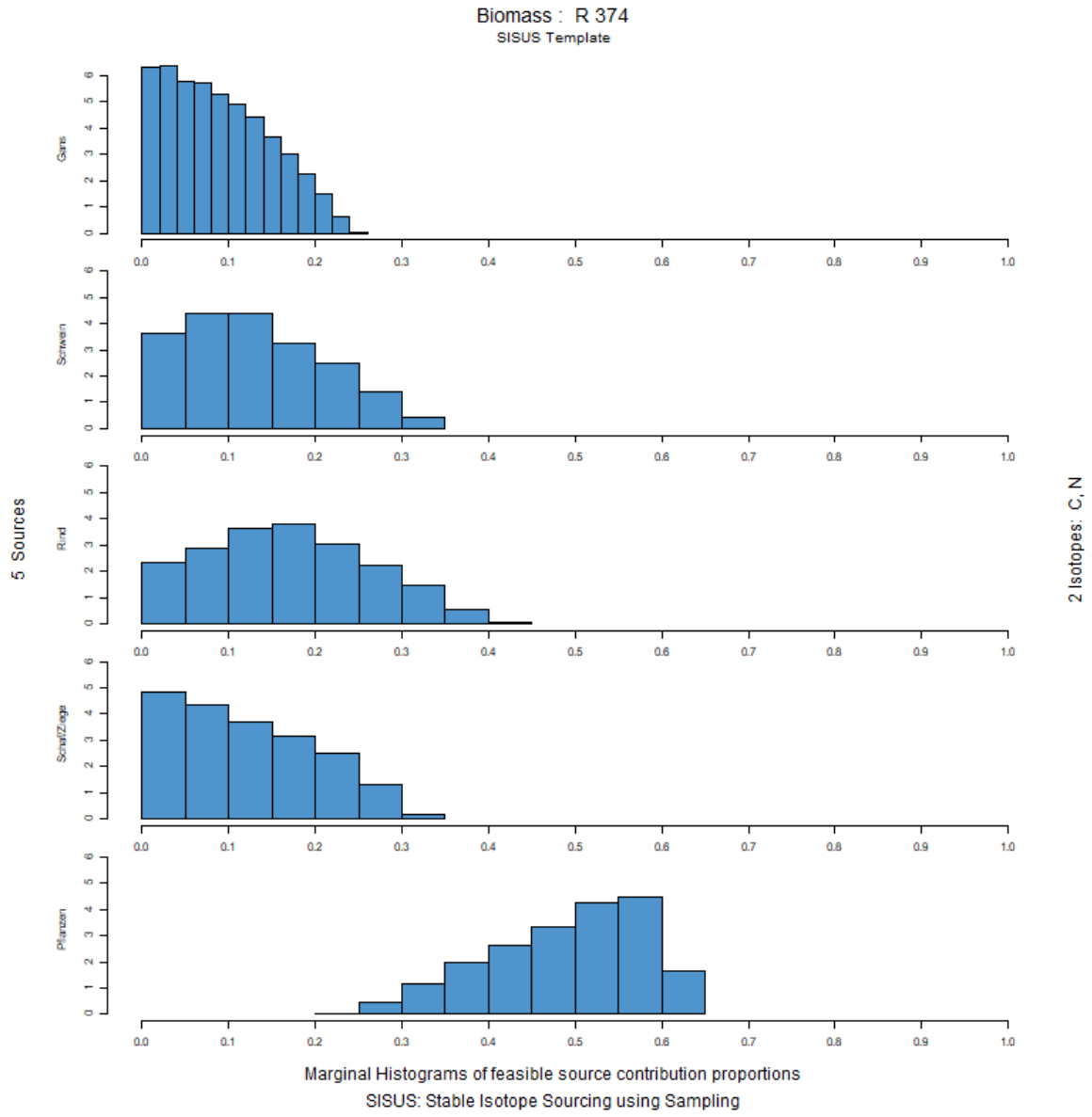


Abbildung 2581: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 374. Erstellt mit SISUS.

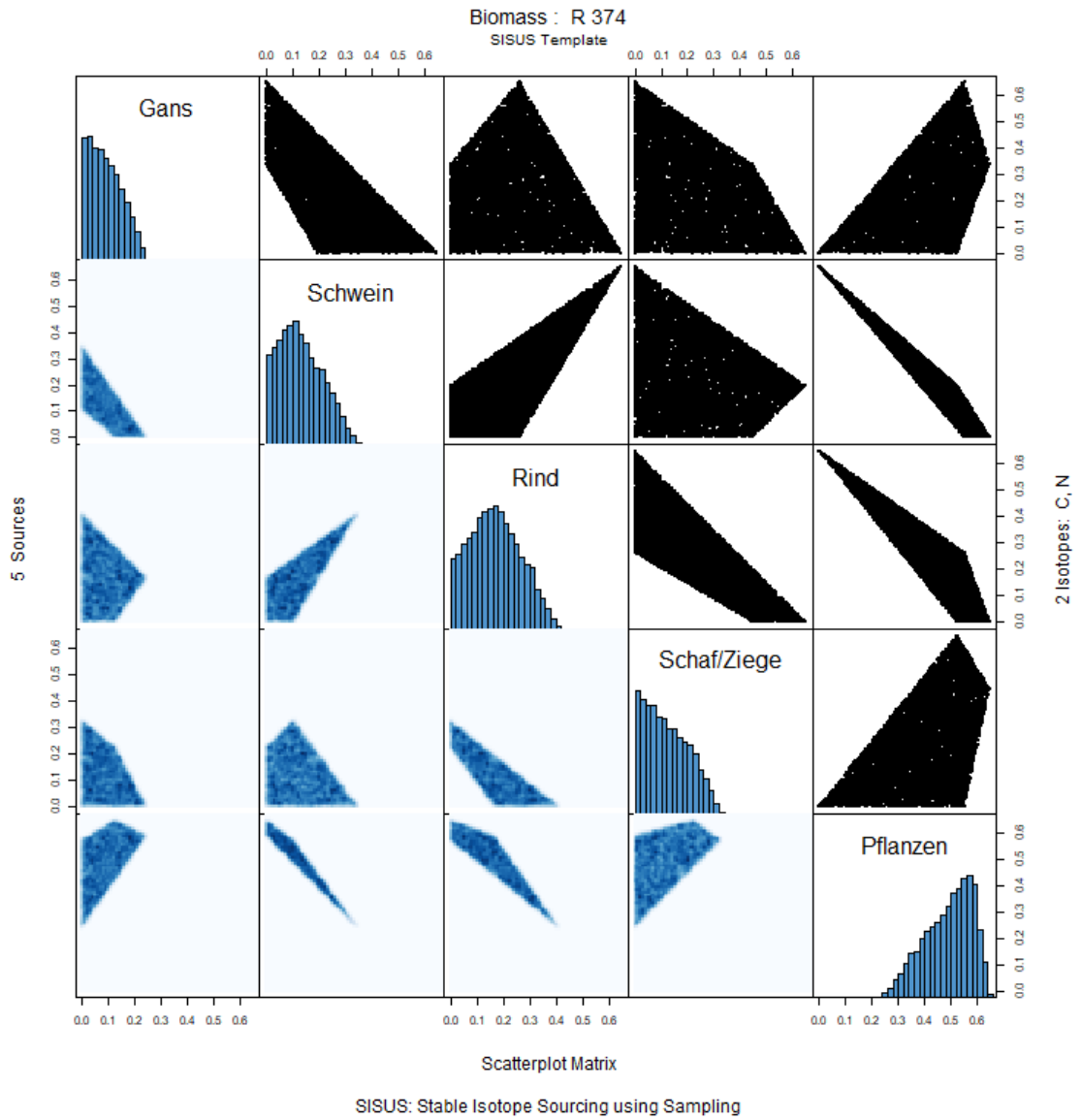


Abbildung 2582: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 374. Erstellt mit SISUS.

R376

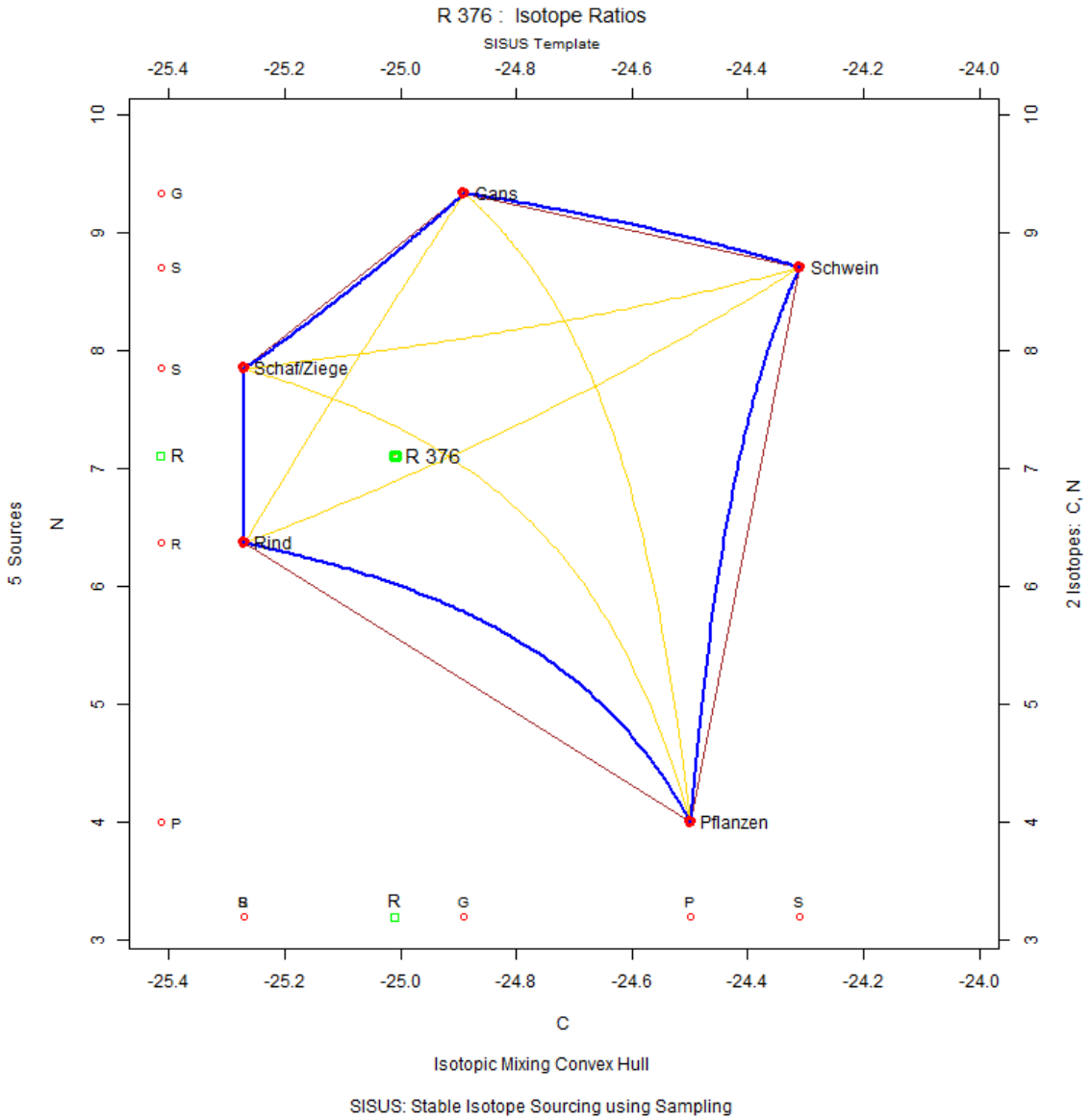


Abbildung 2583: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 376. Erstellt mit SISUS.

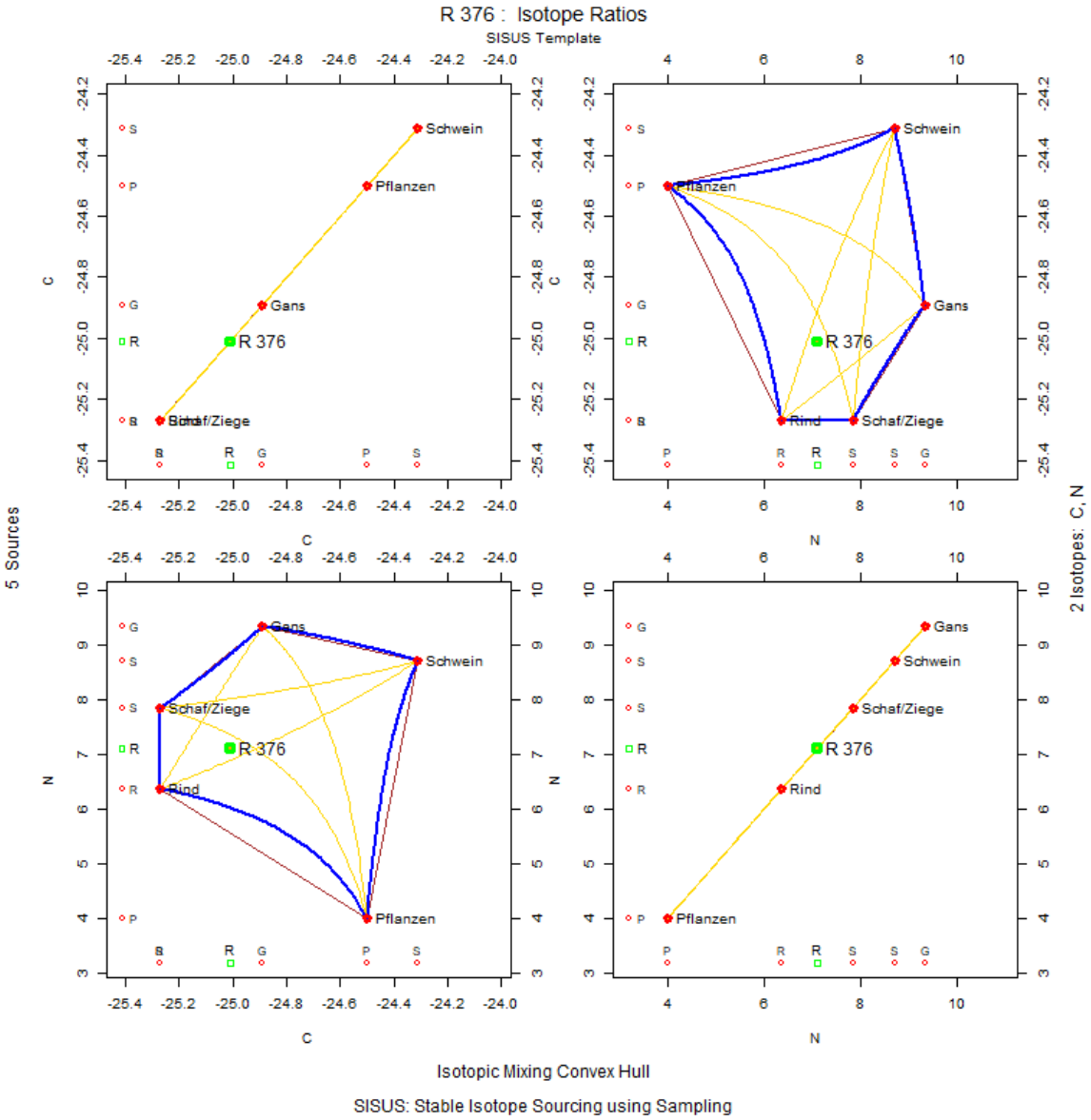


Abbildung 2584: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 376 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

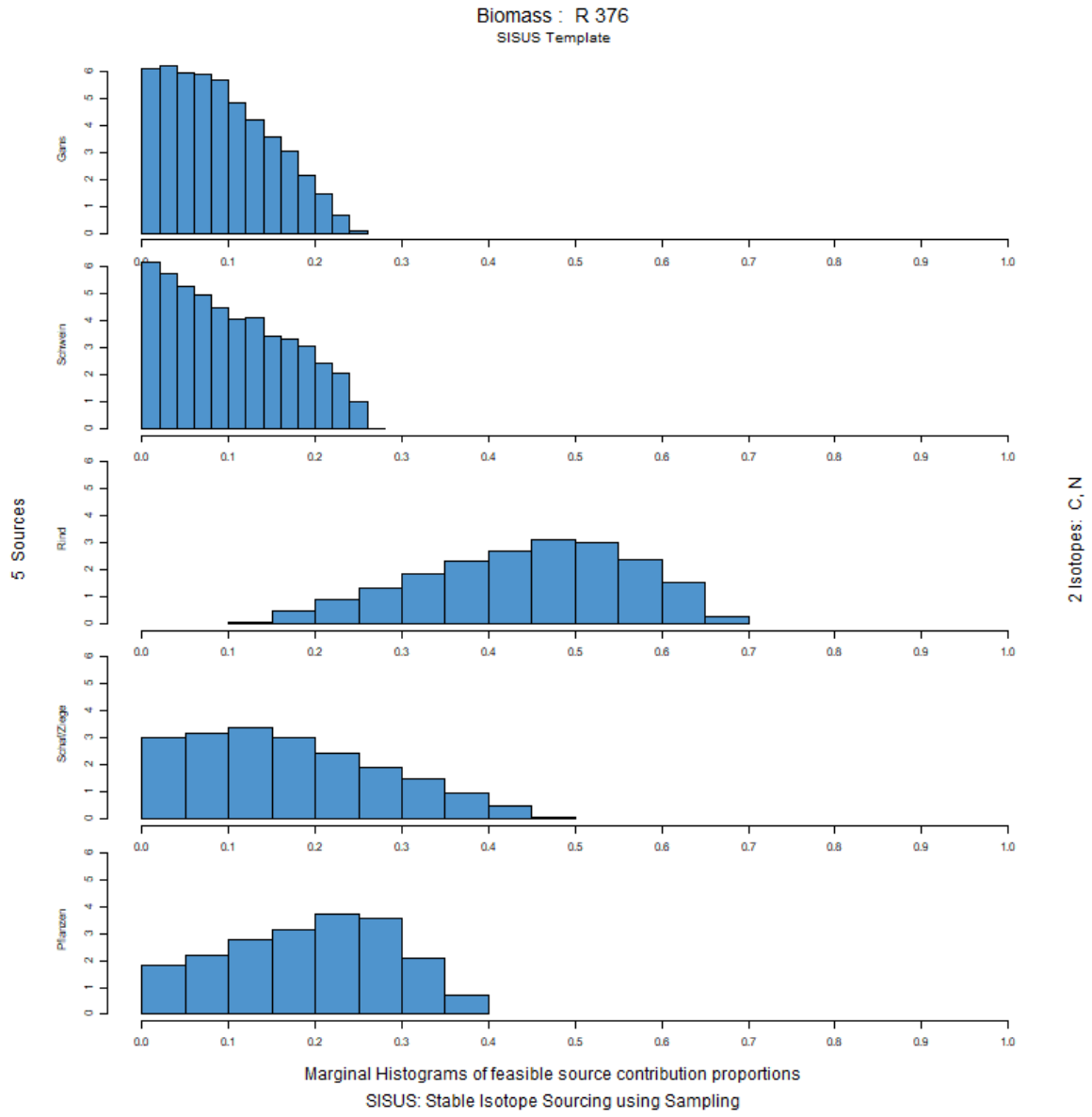


Abbildung 2585: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 376. Erstellt mit SISUS.

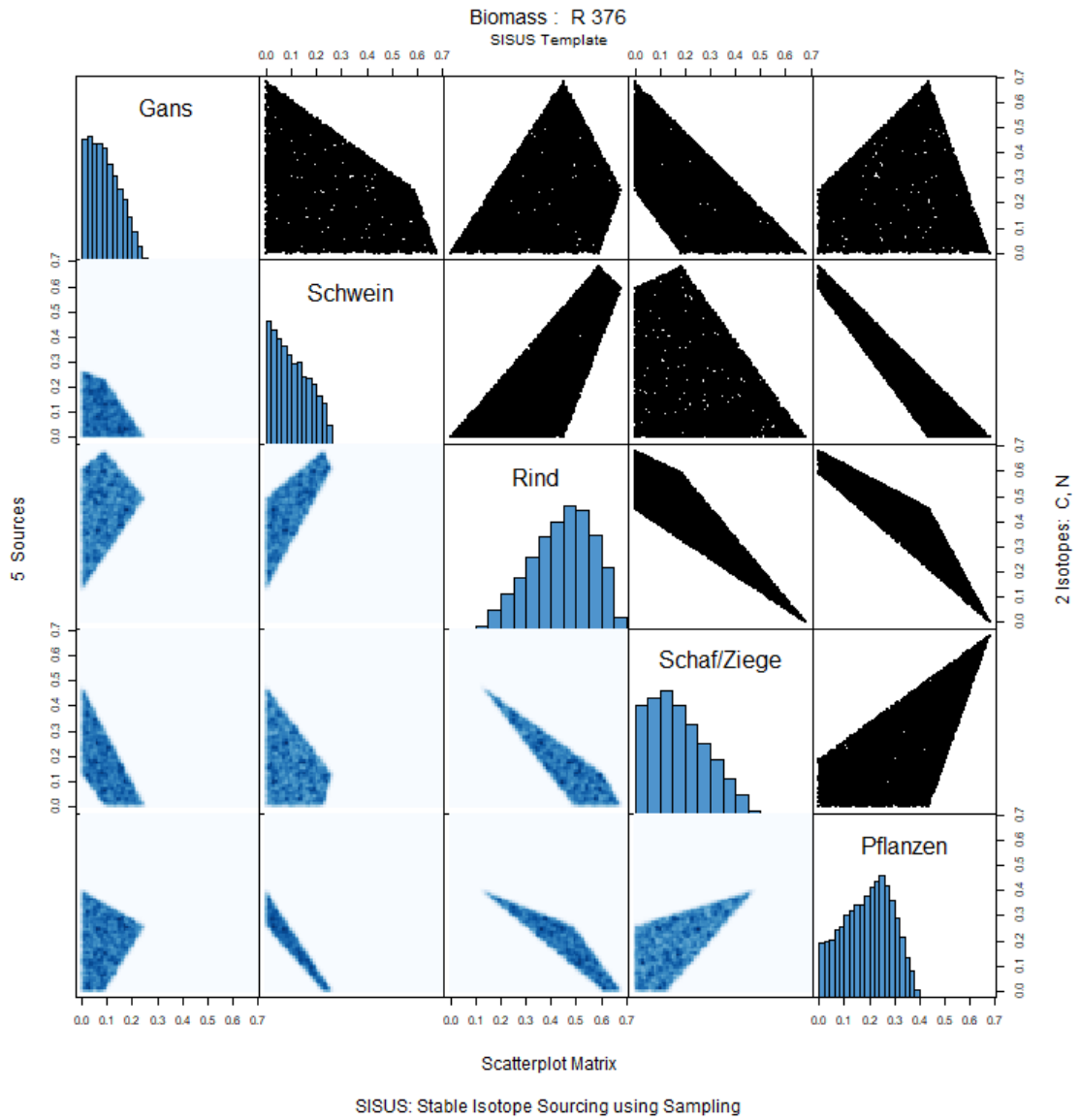


Abbildung 2586: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 376. Erstellt mit SISUS.

R377

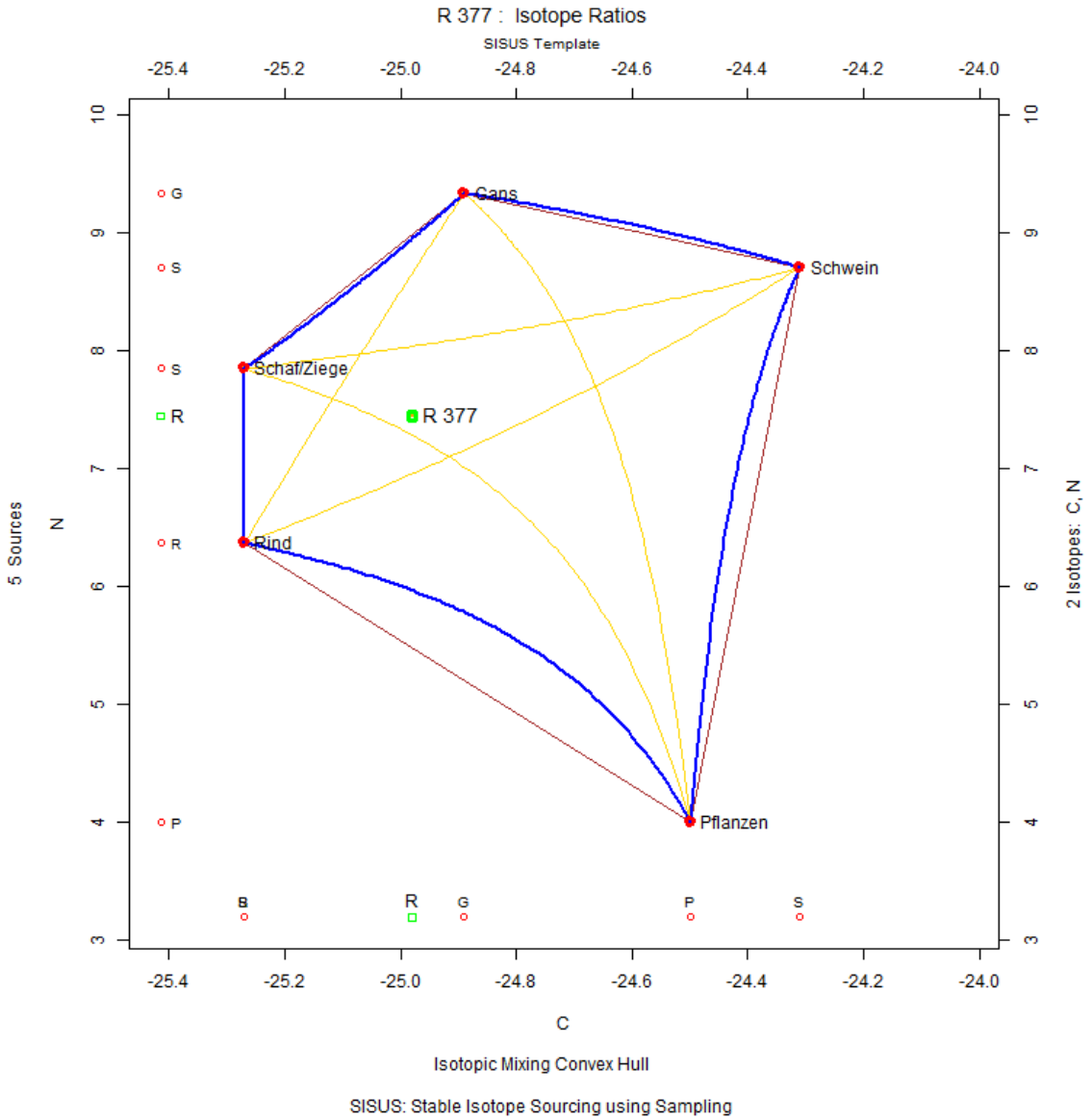


Abbildung 2587: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 377. Erstellt mit SISUS.

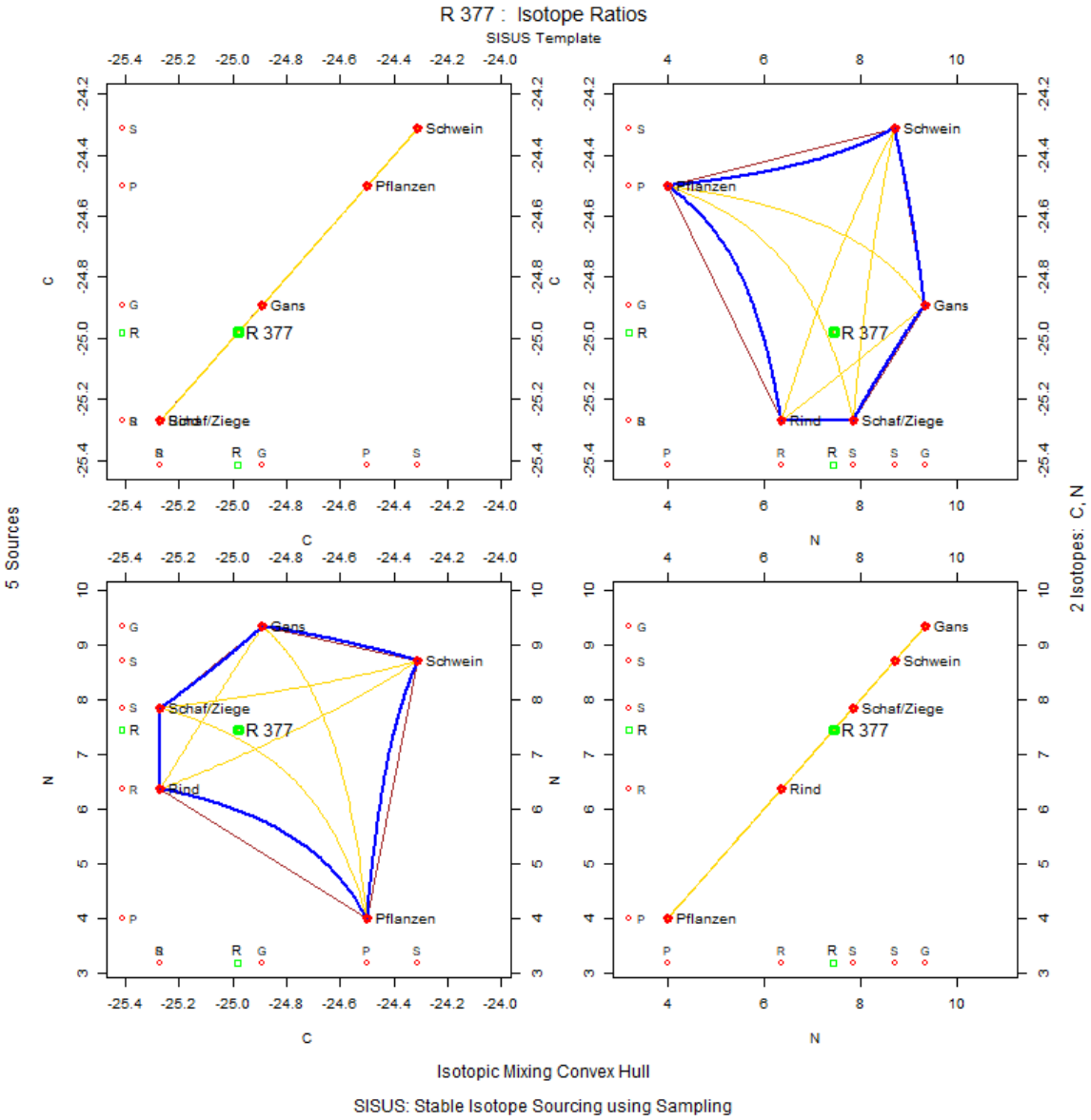


Abbildung 2588: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 377 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

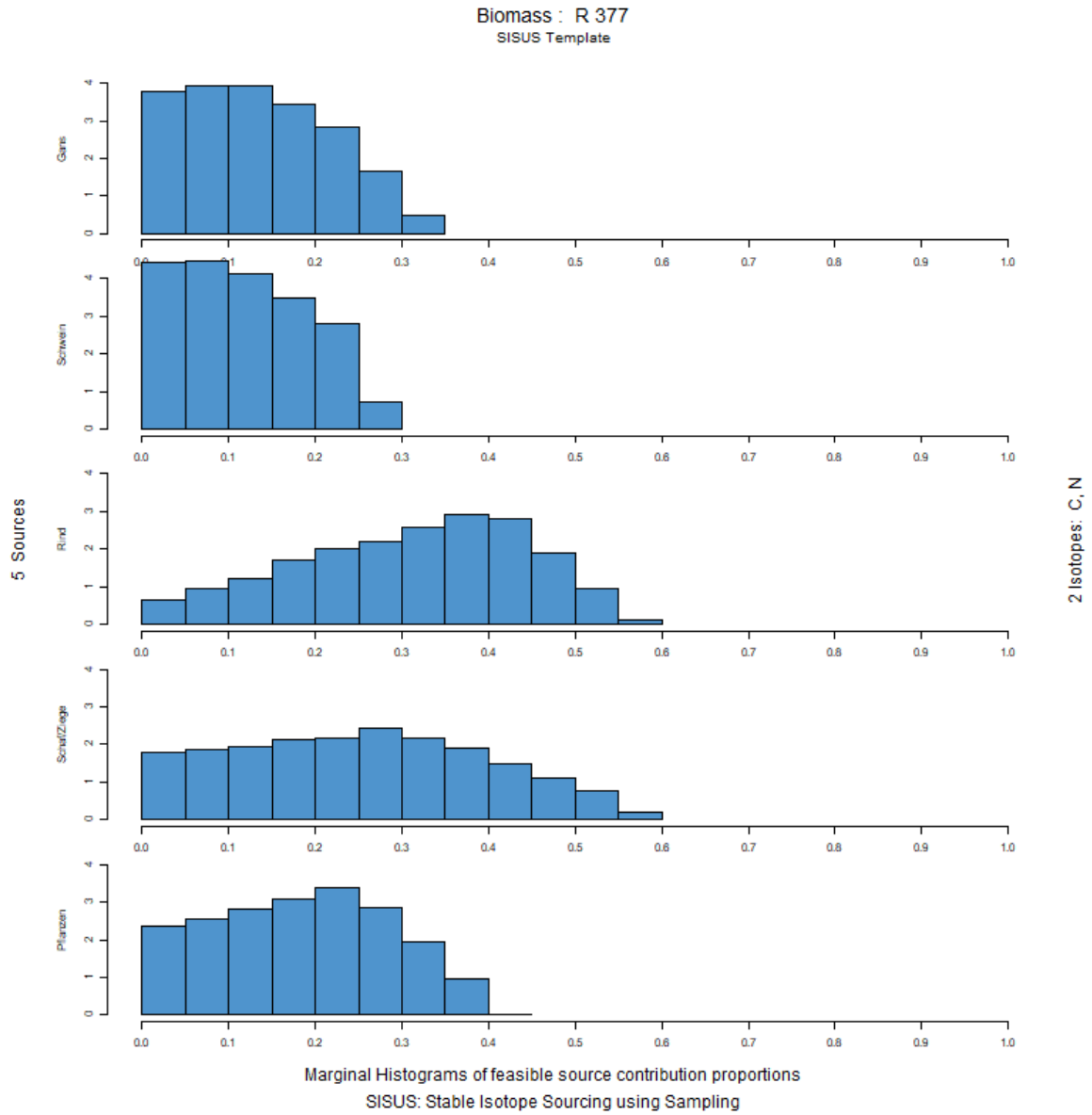


Abbildung 2589: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 377. Erstellt mit SISUS.

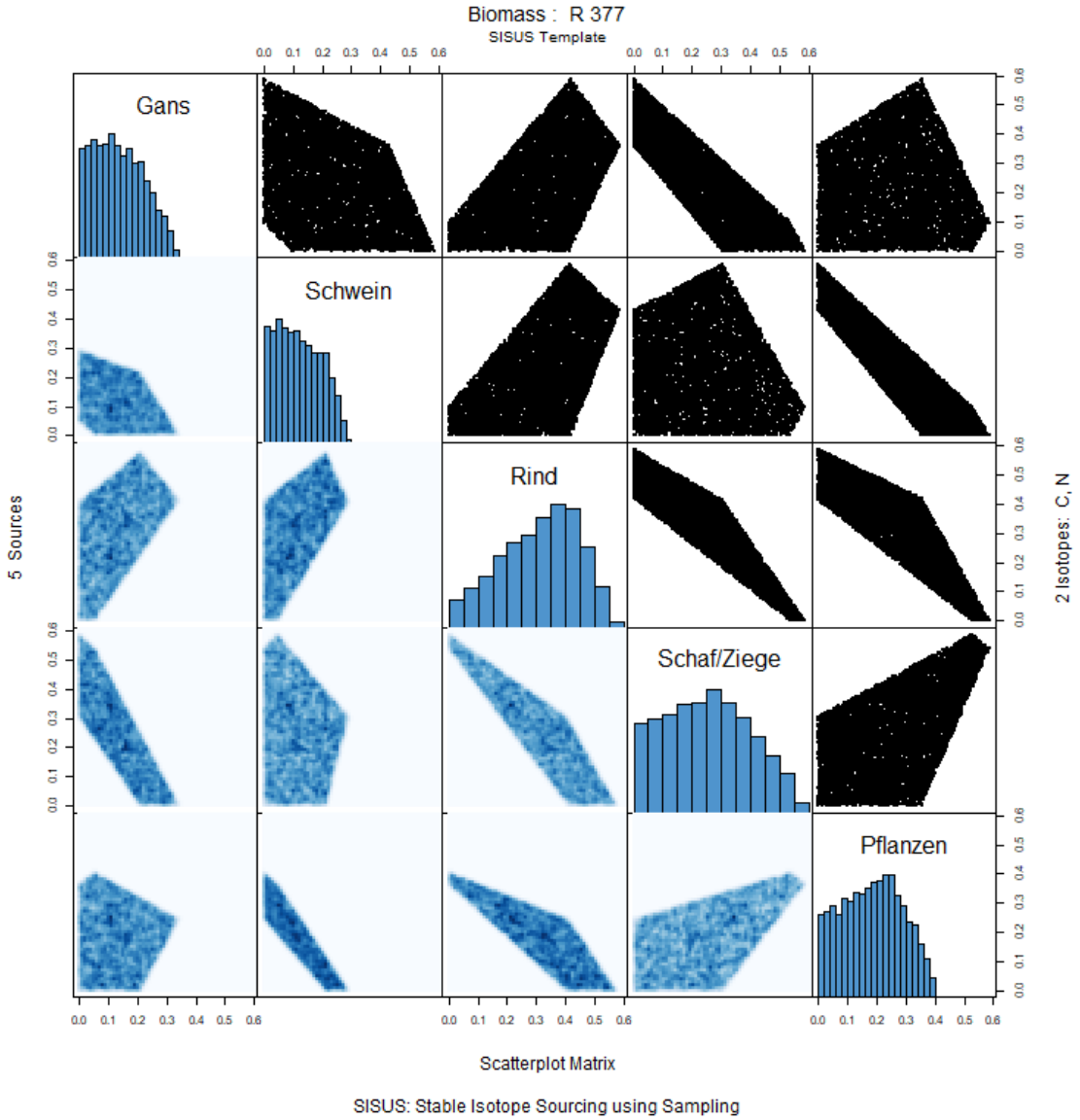


Abbildung 2590: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 377. Erstellt mit SISUS.

R378

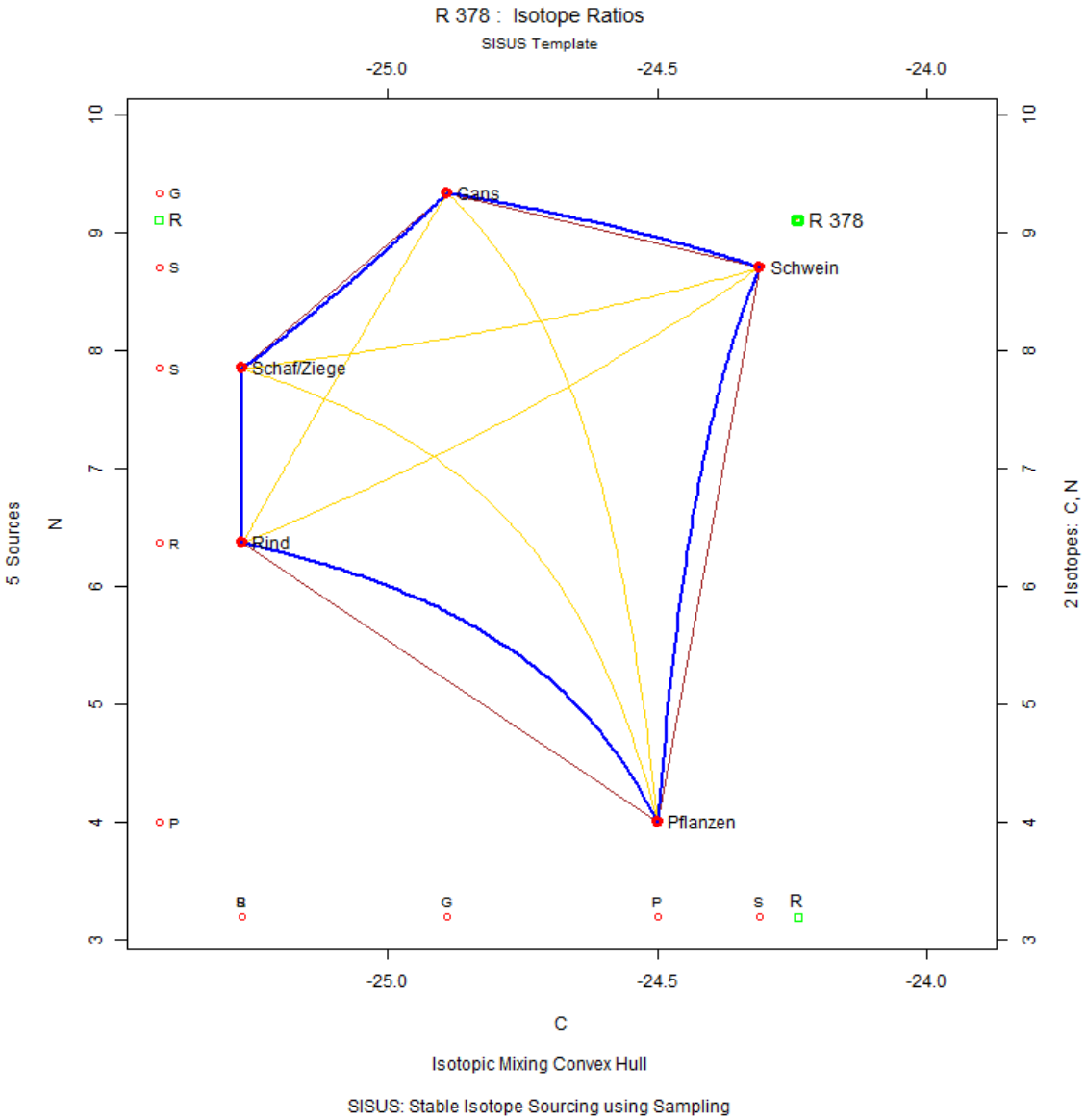


Abbildung 2591: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 378. Erstellt mit SISUS.

R380

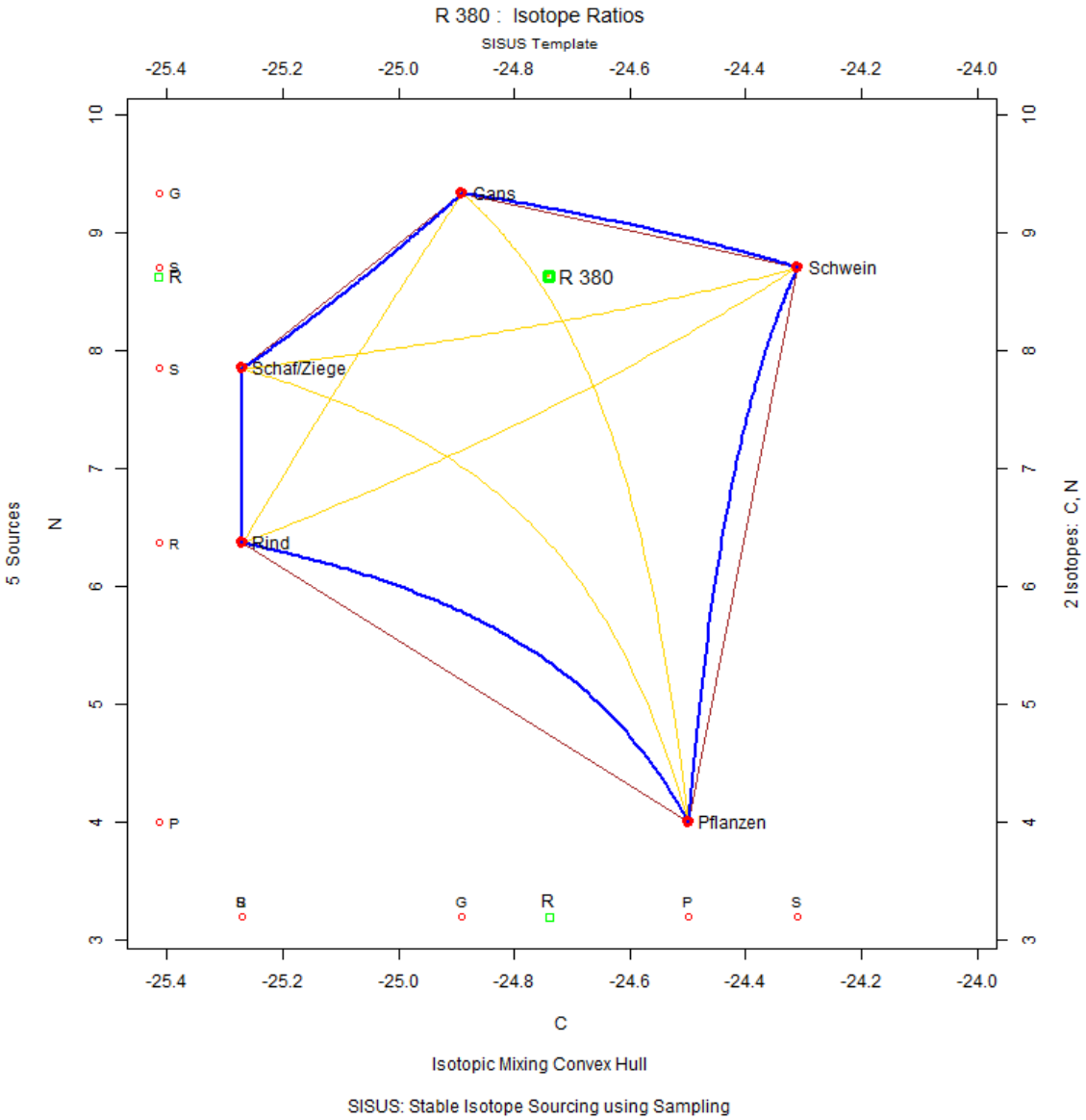


Abbildung 2592: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 380. Erstellt mit SISUS.

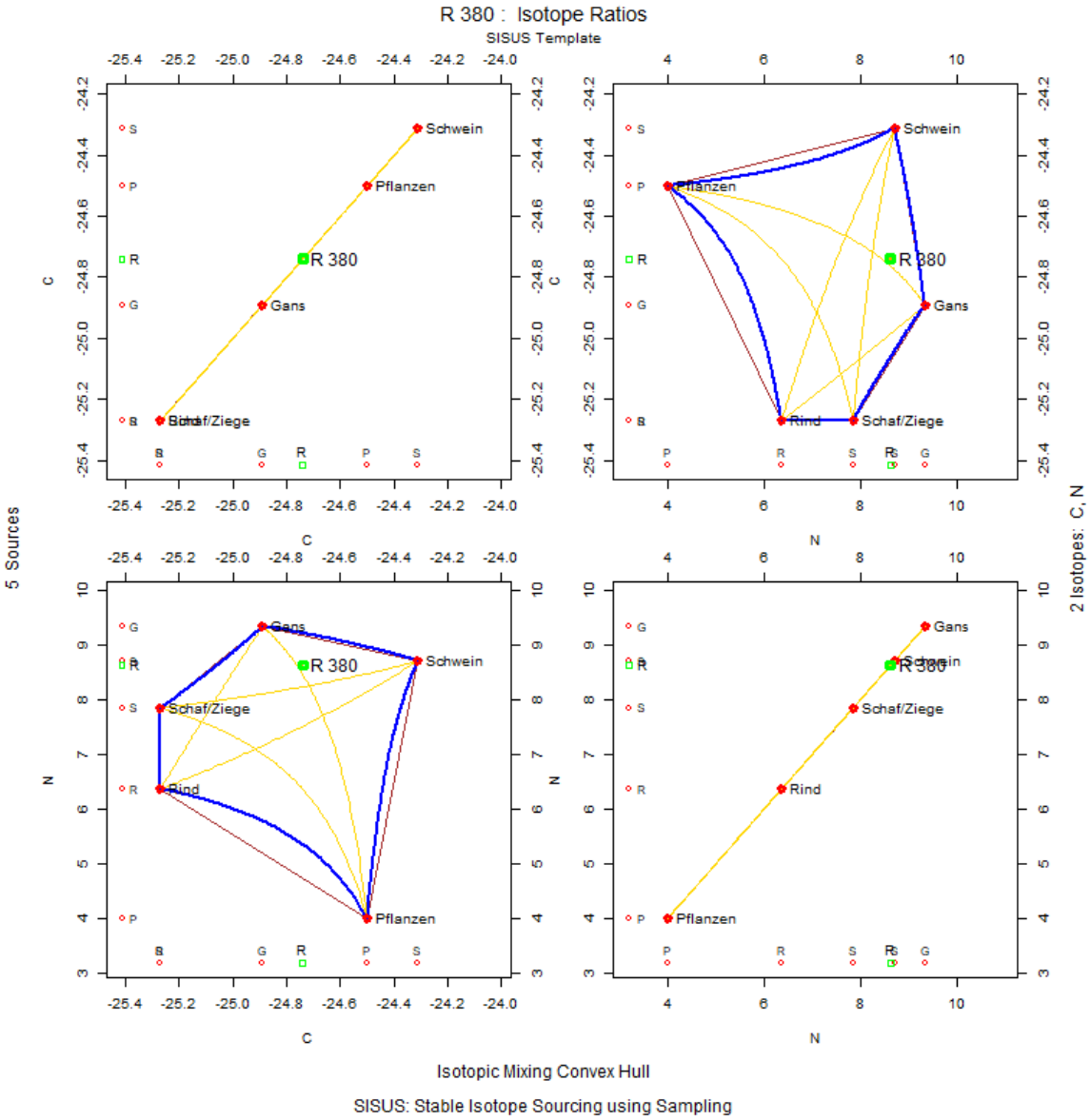


Abbildung 2593: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 380 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

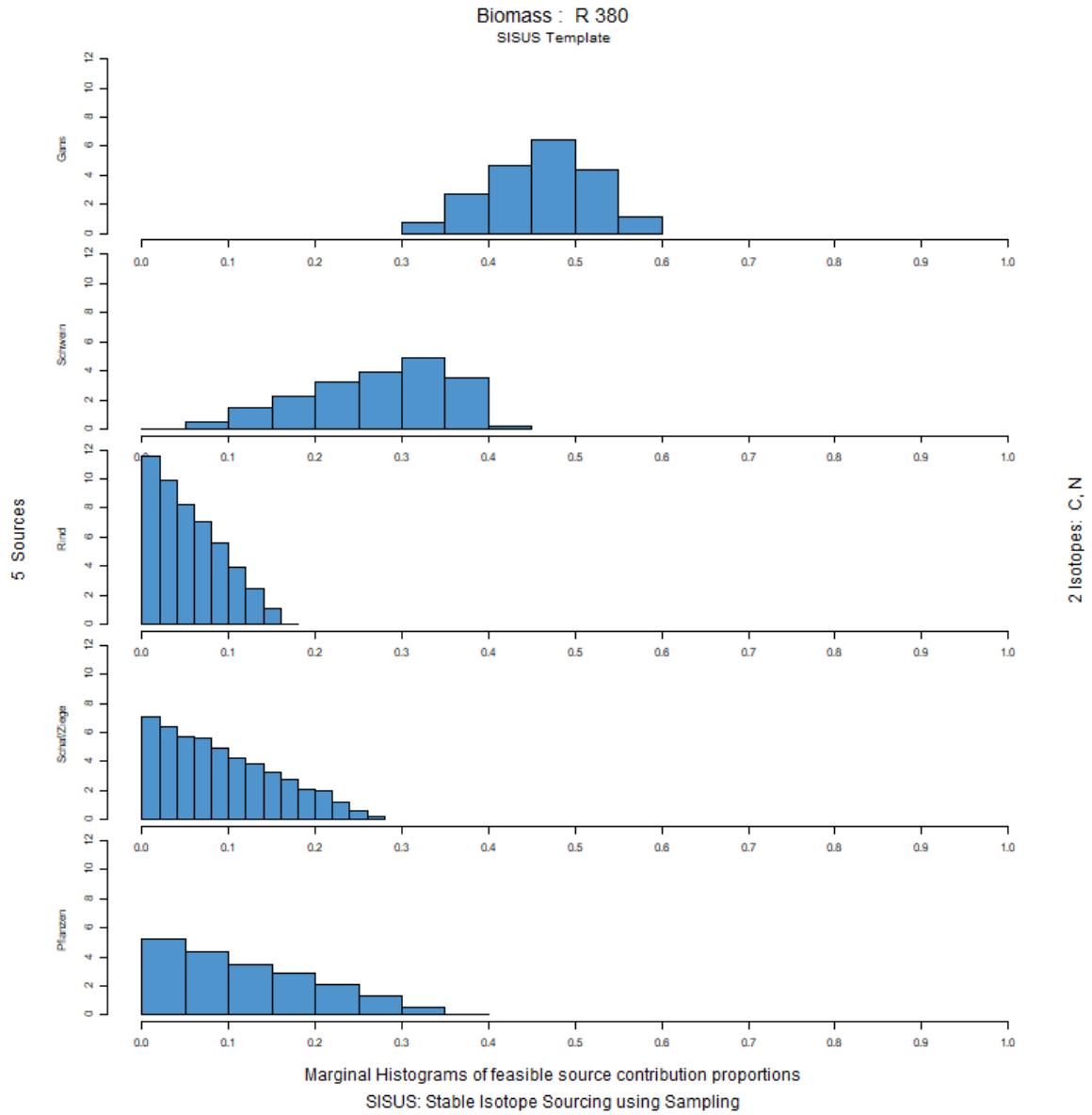


Abbildung 2594: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 380. Erstellt mit SISUS.

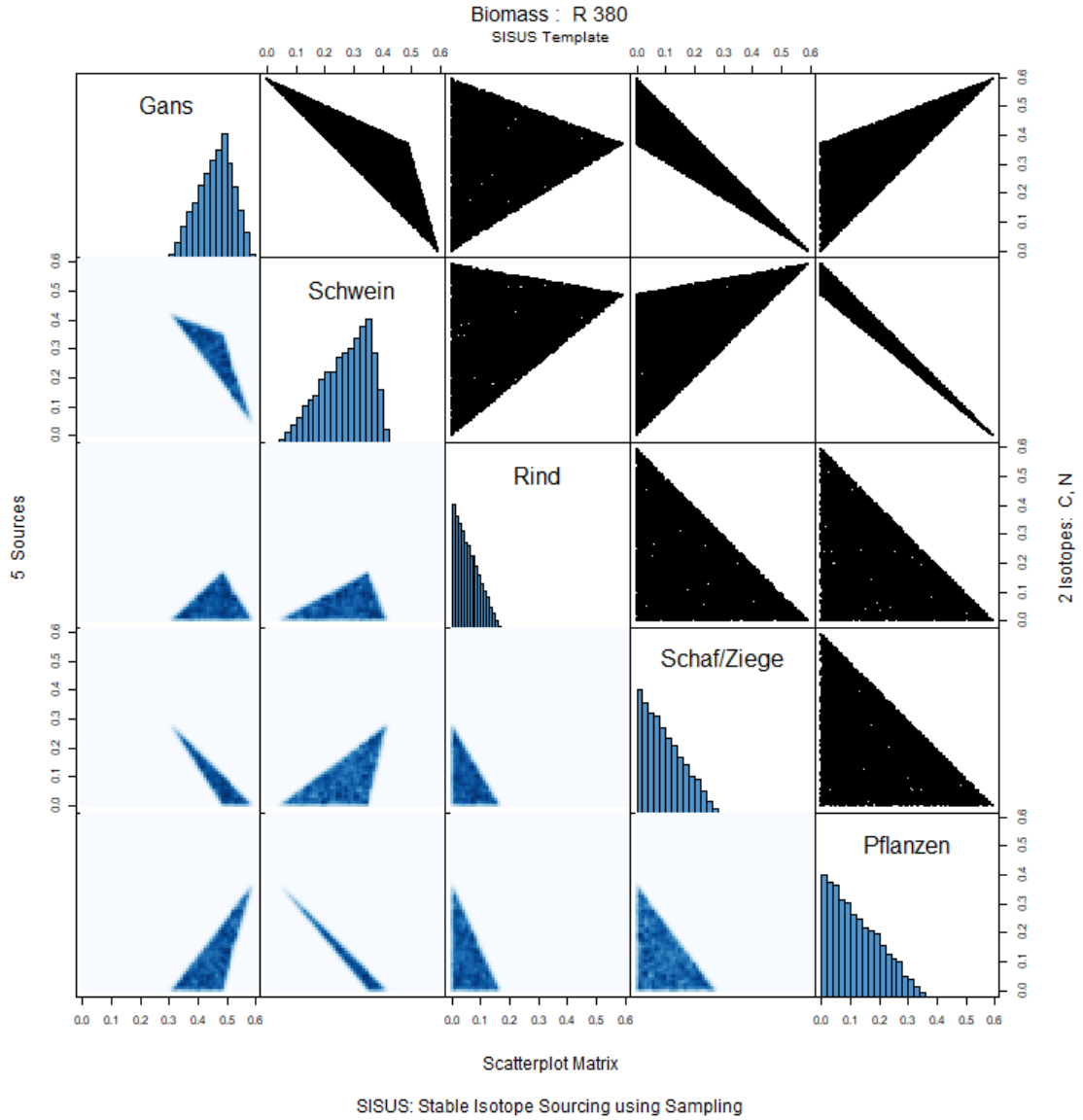


Abbildung 2595: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 380. Erstellt mit SISUS.

R384

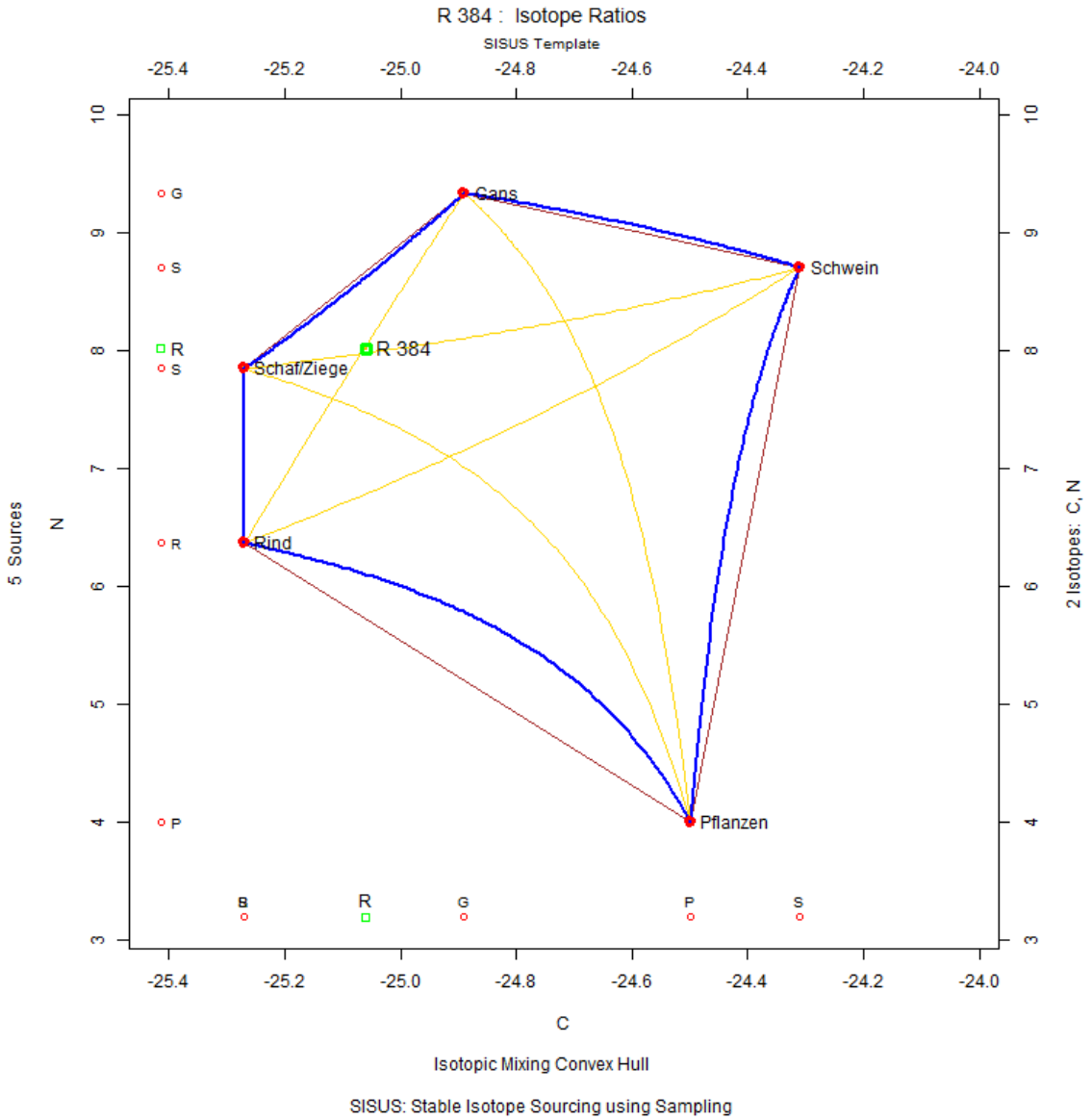


Abbildung 2596: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 384. Erstellt mit SISUS.

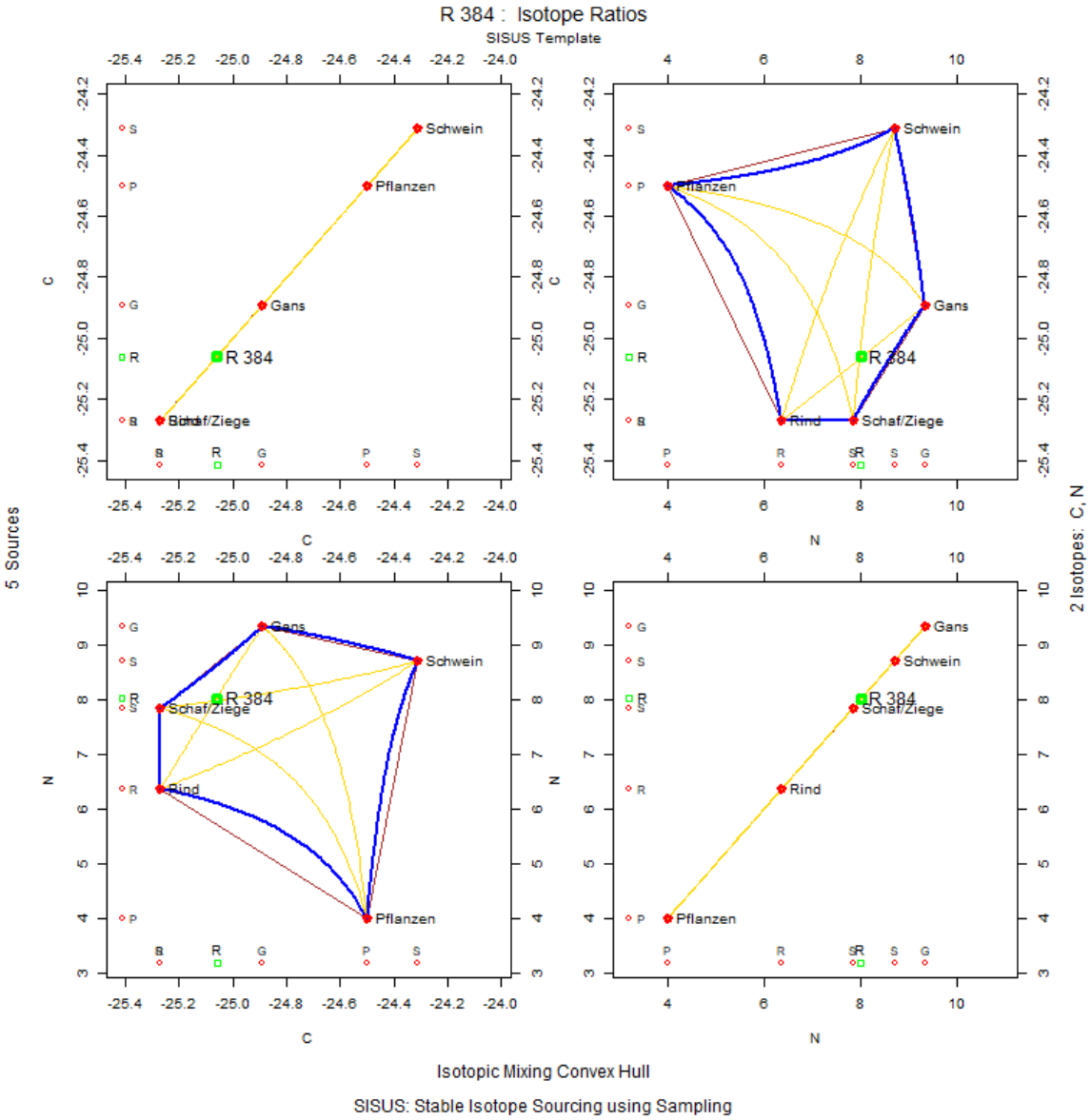


Abbildung 2597: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 384 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

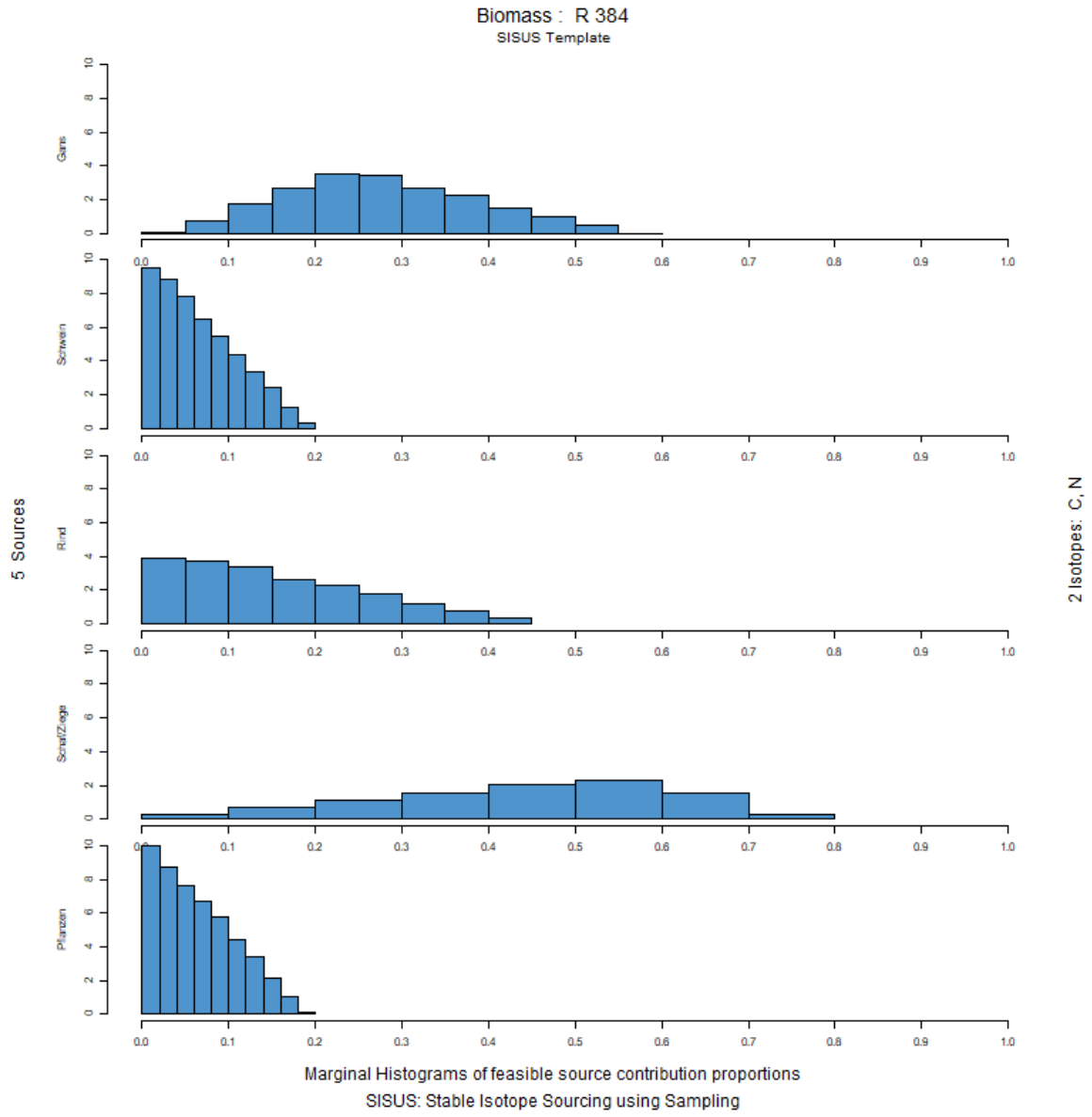


Abbildung 2598: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 384. Erstellt mit SISUS.

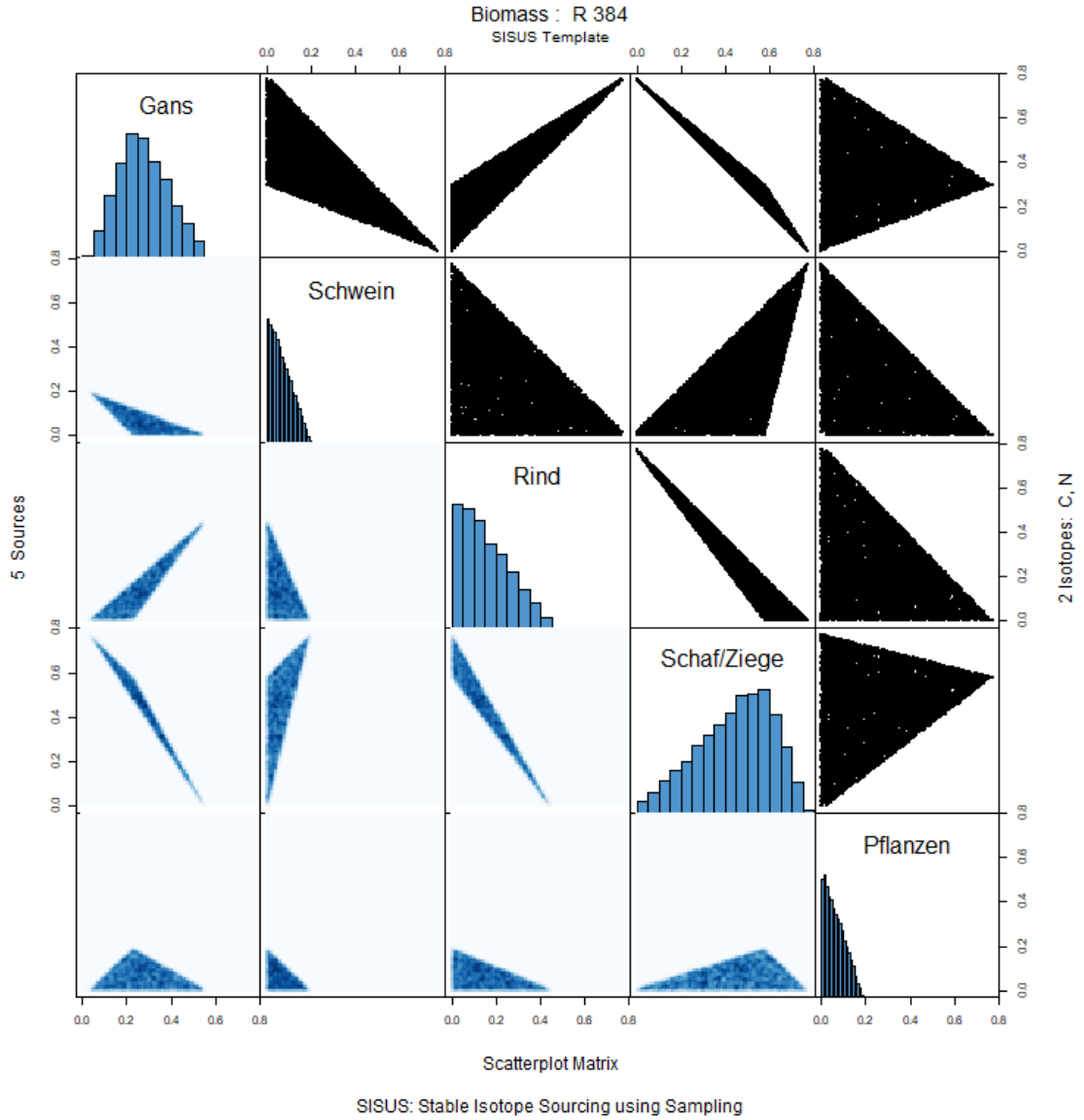


Abbildung 2599: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 384. Erstellt mit SISUS.

R385

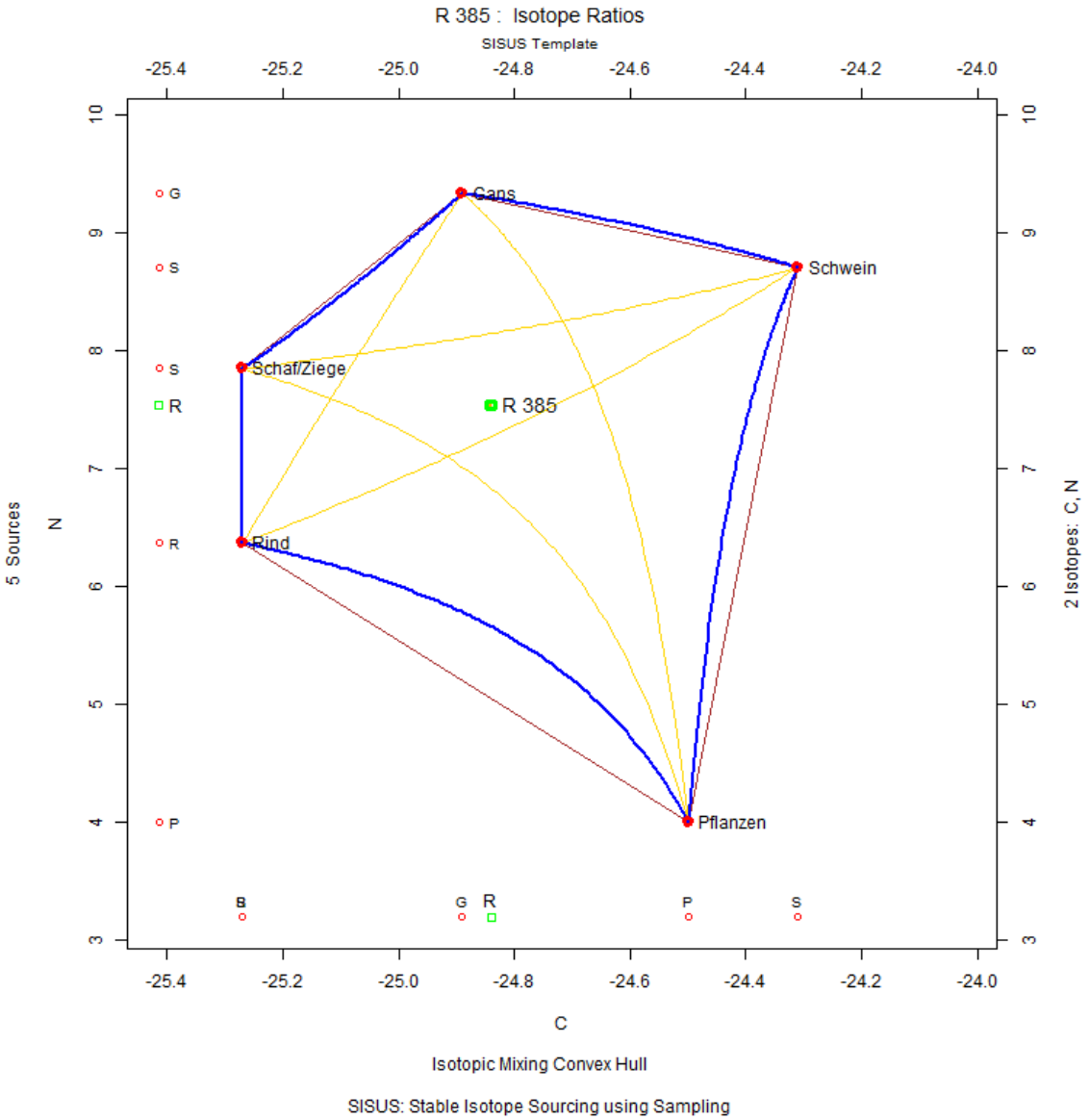


Abbildung 2600: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 385. Erstellt mit SISUS.

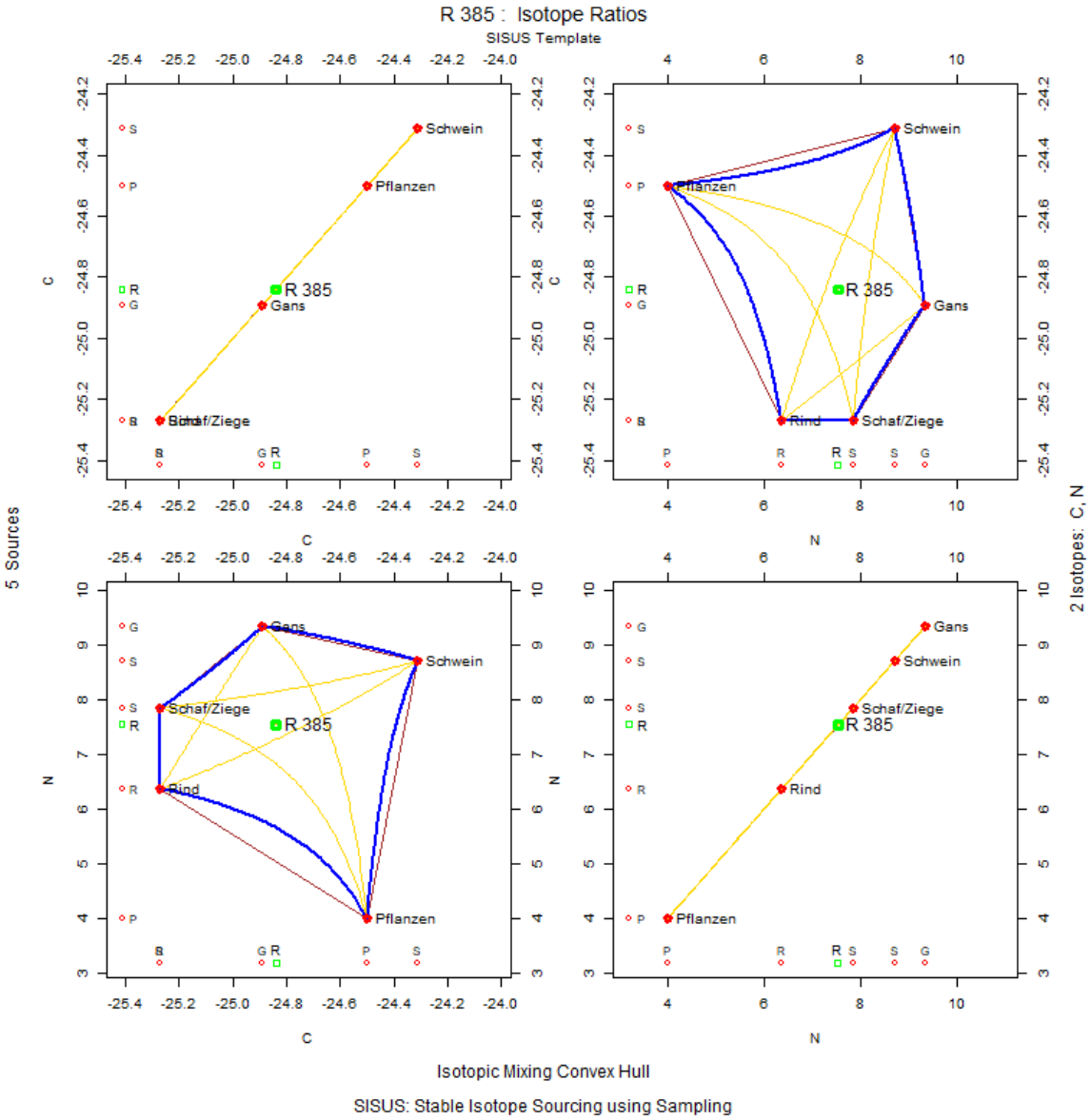


Abbildung 2601: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 385 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

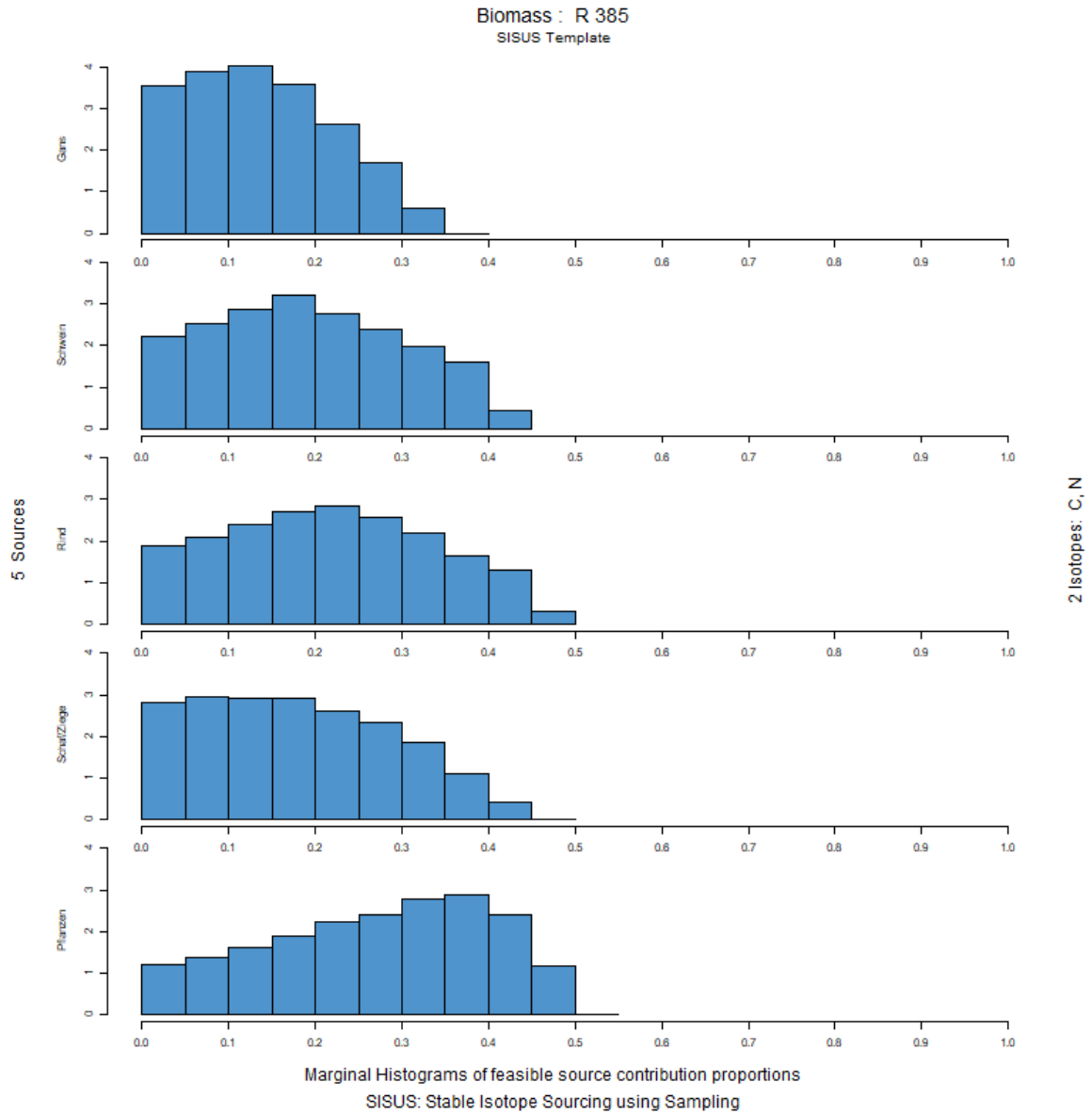


Abbildung 2602: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 385. Erstellt mit SISUS.

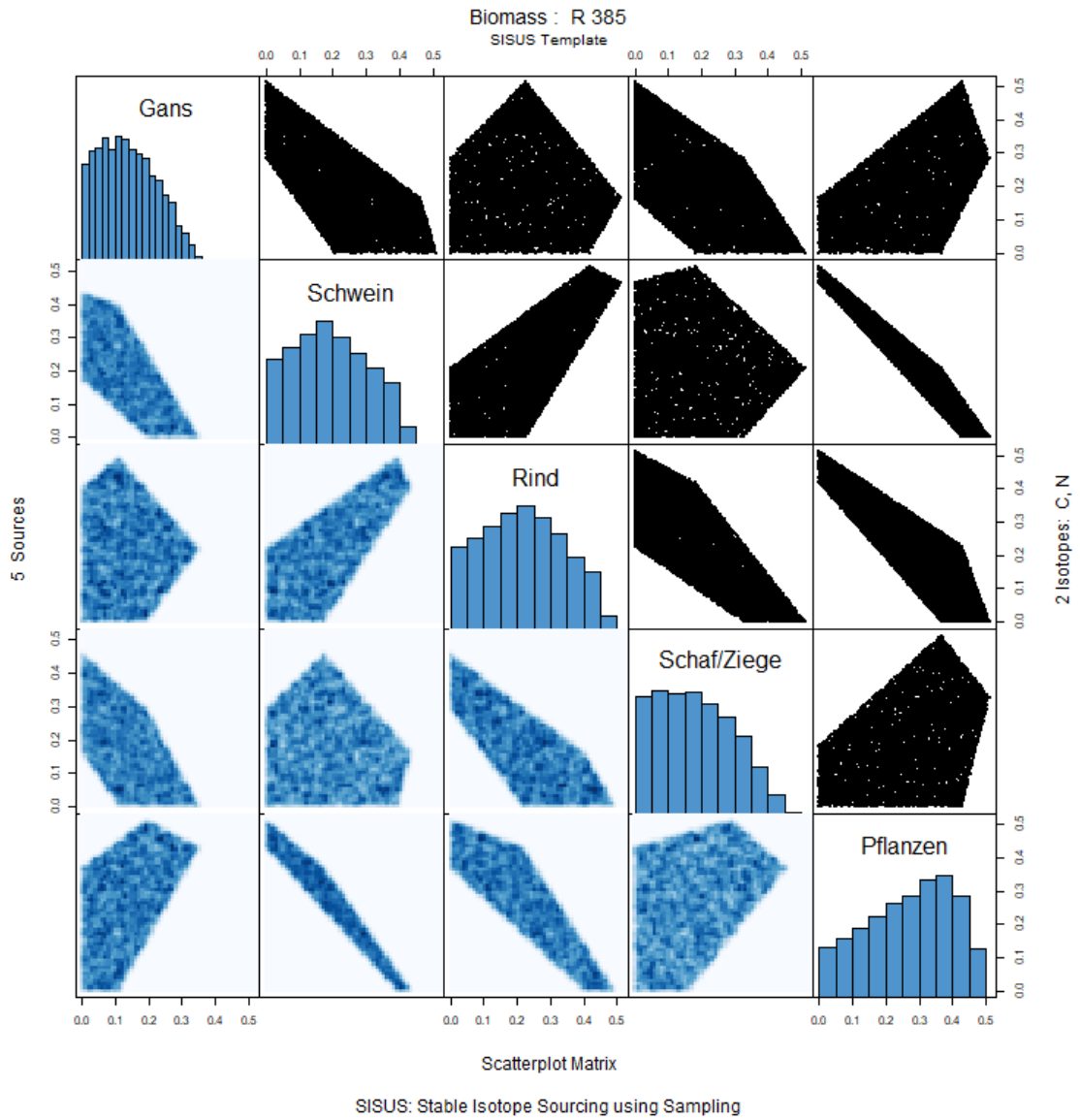


Abbildung 2603: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 385 Erstellt mit SISUS.

R385

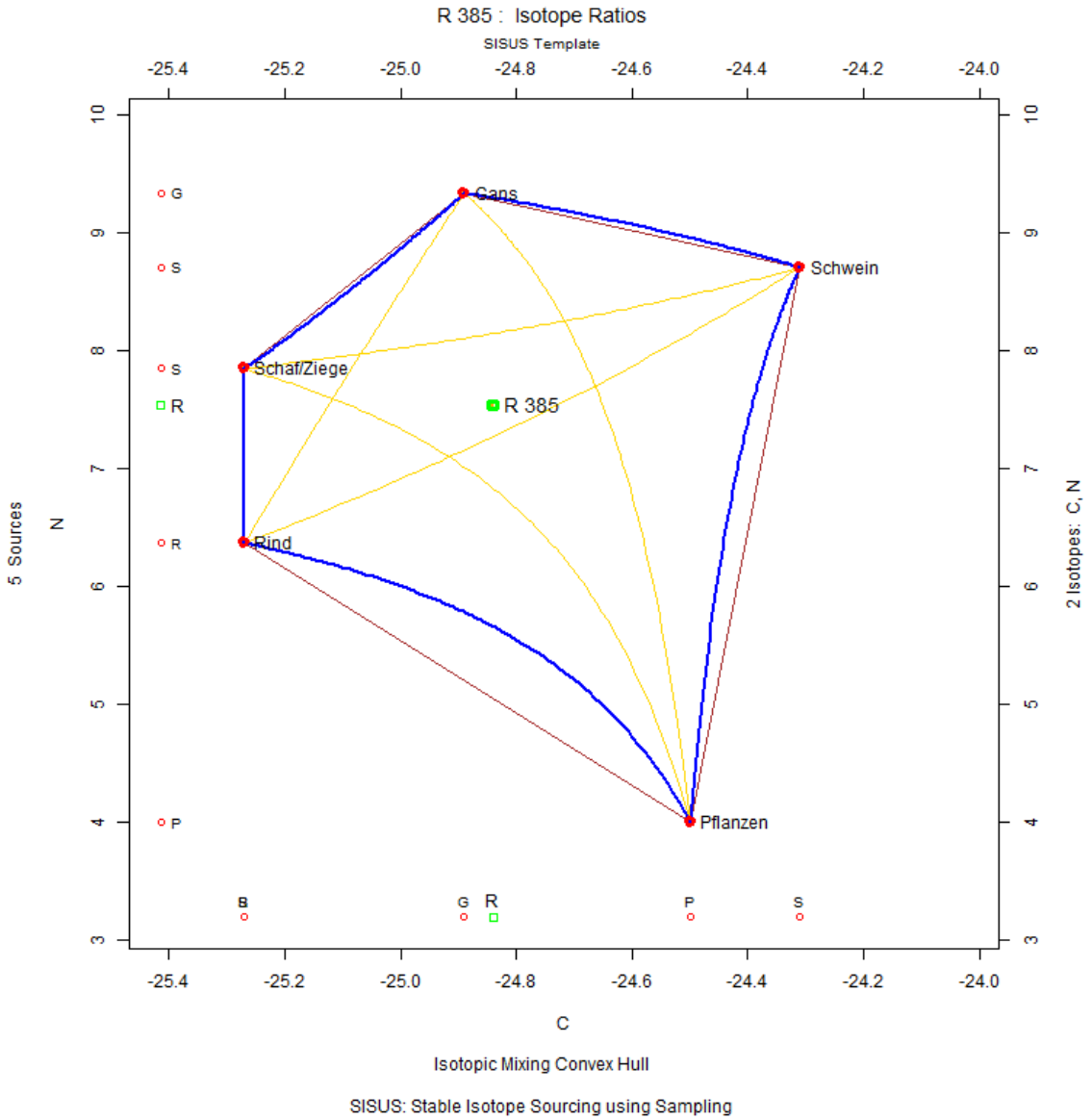


Abbildung 2604: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 385. Erstellt mit SISUS.

R397

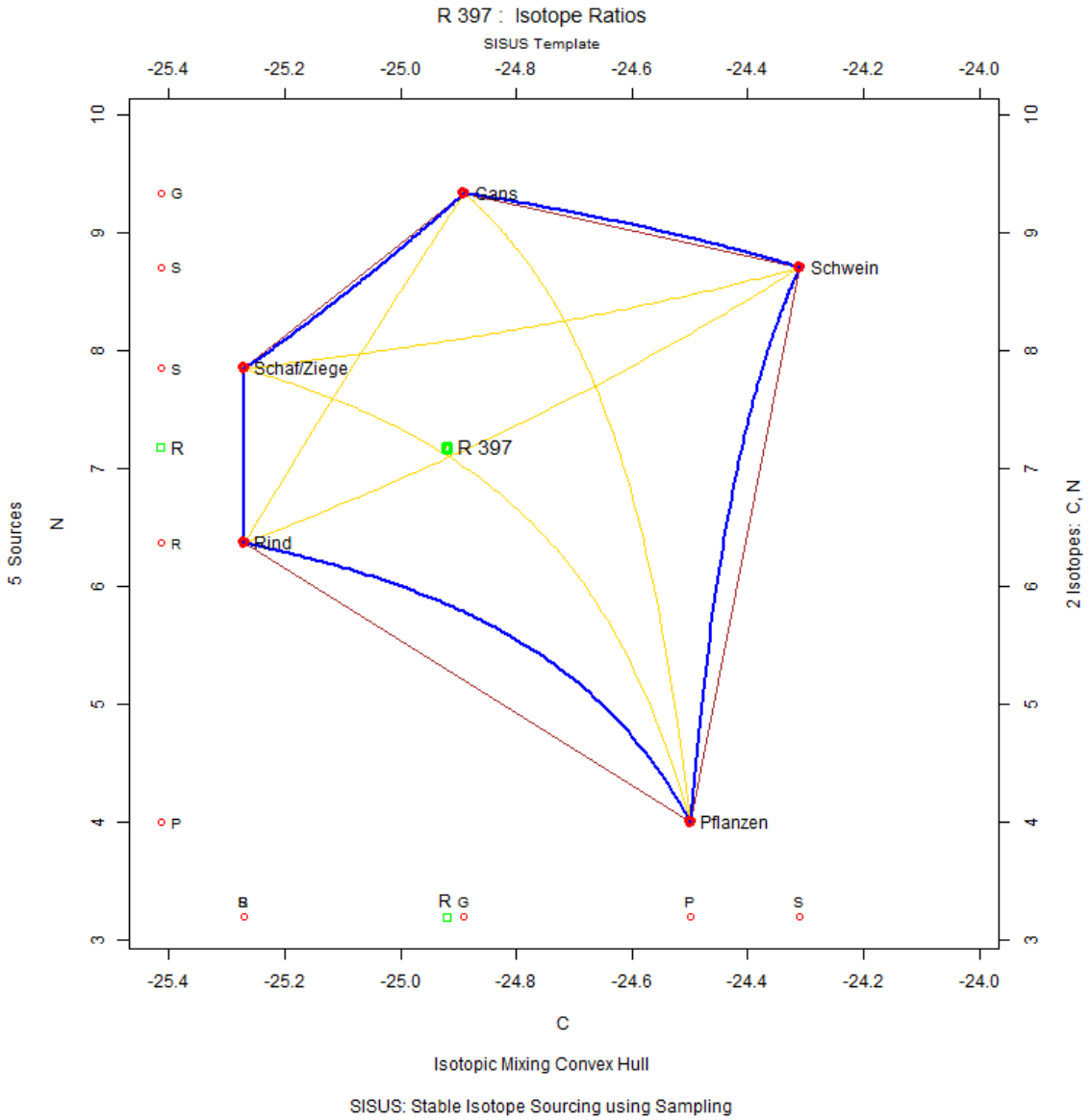


Abbildung 2605: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 397. Erstellt mit SISUS.

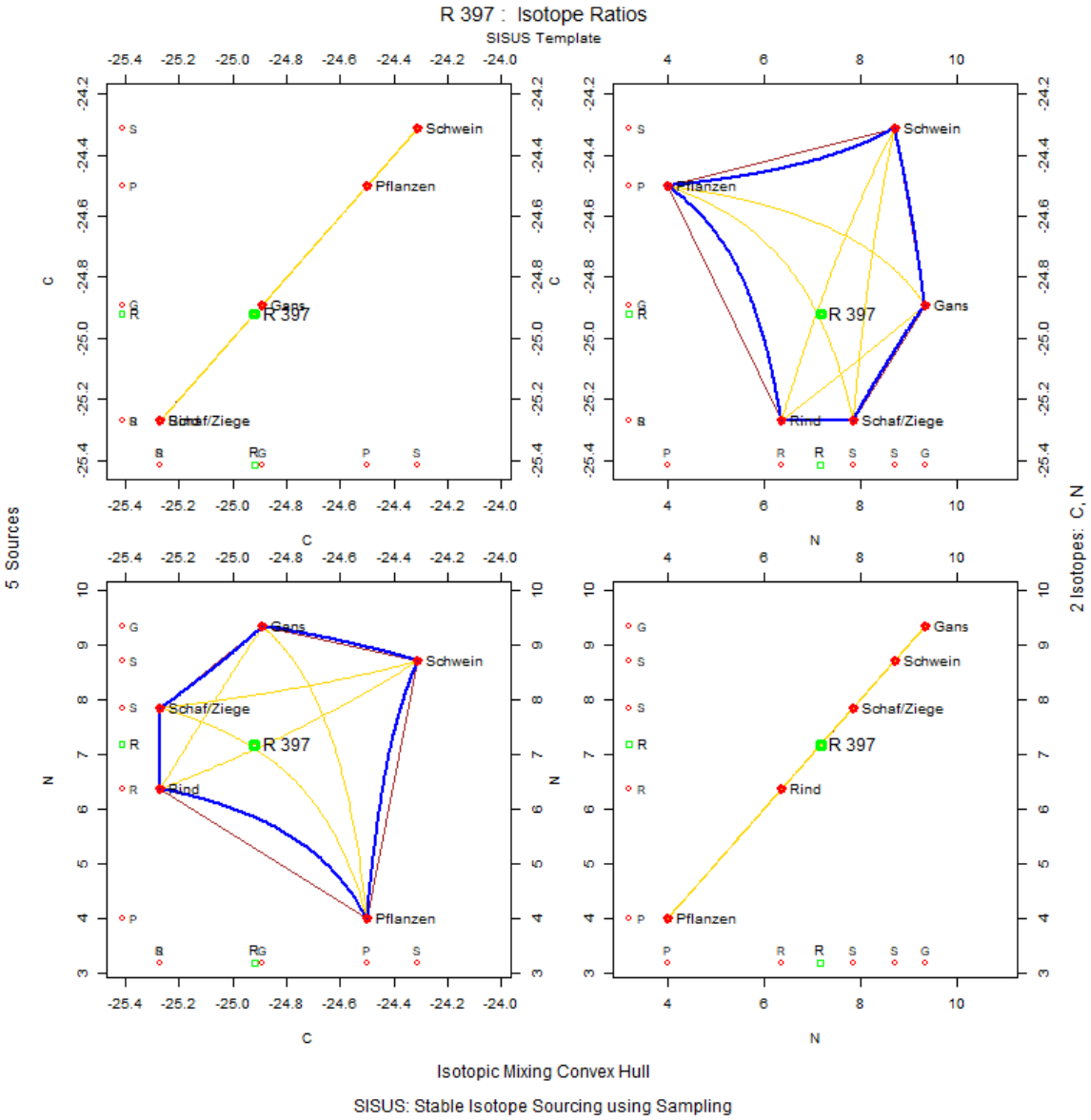


Abbildung 2606: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 397 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

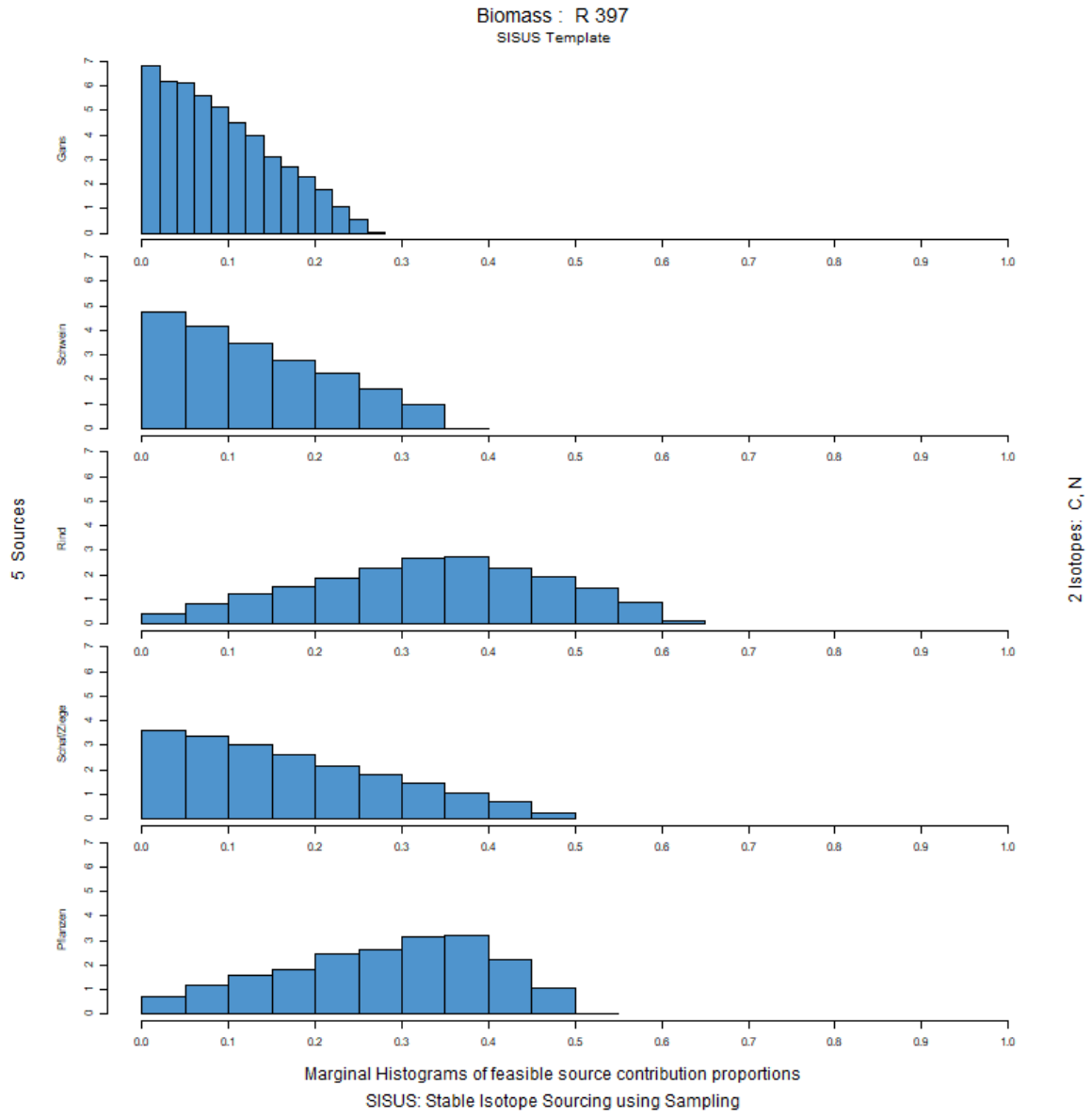


Abbildung 2607: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 397. Erstellt mit SISUS.

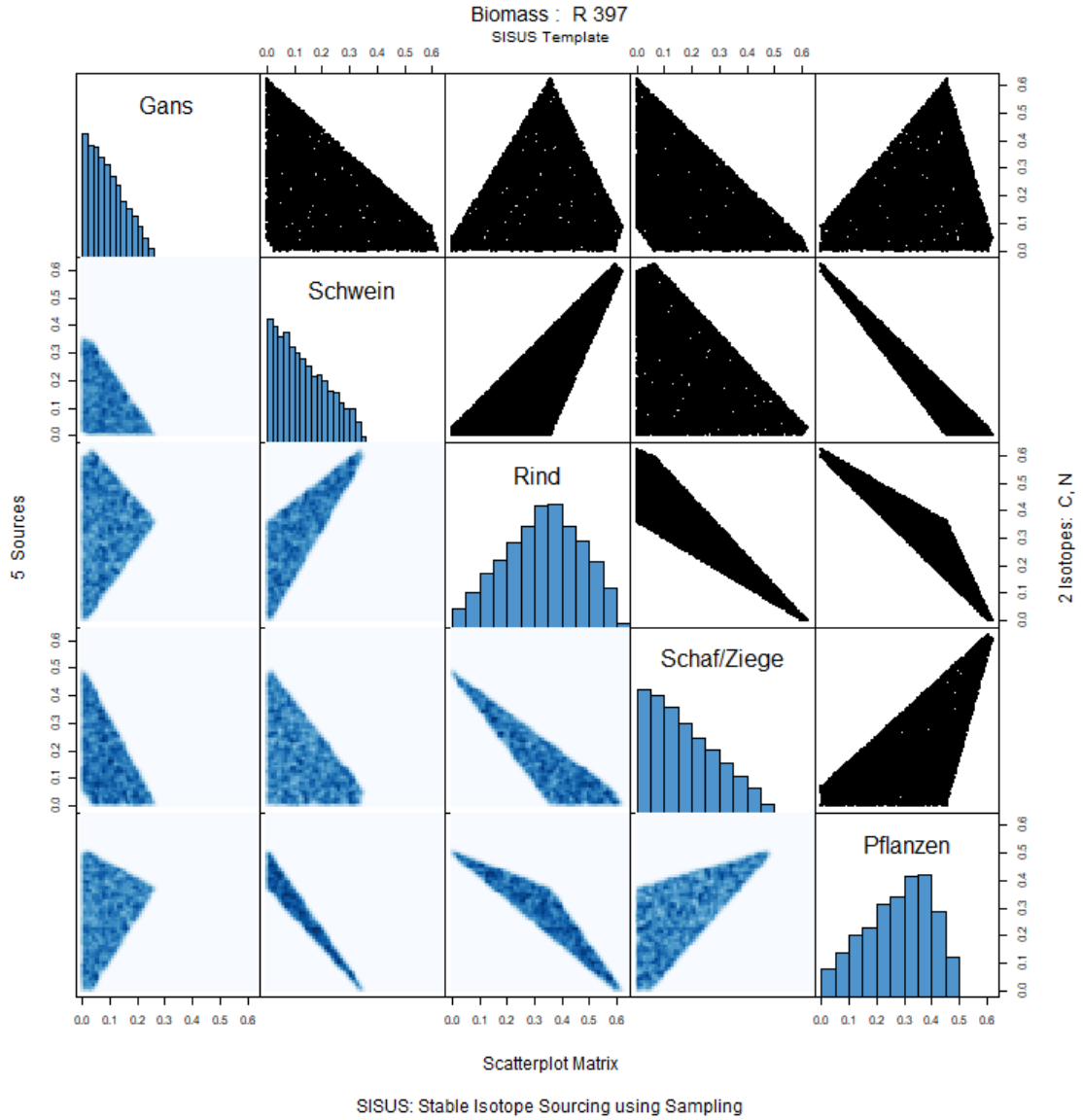


Abbildung 2608: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 397. Erstellt mit SISUS.

R398

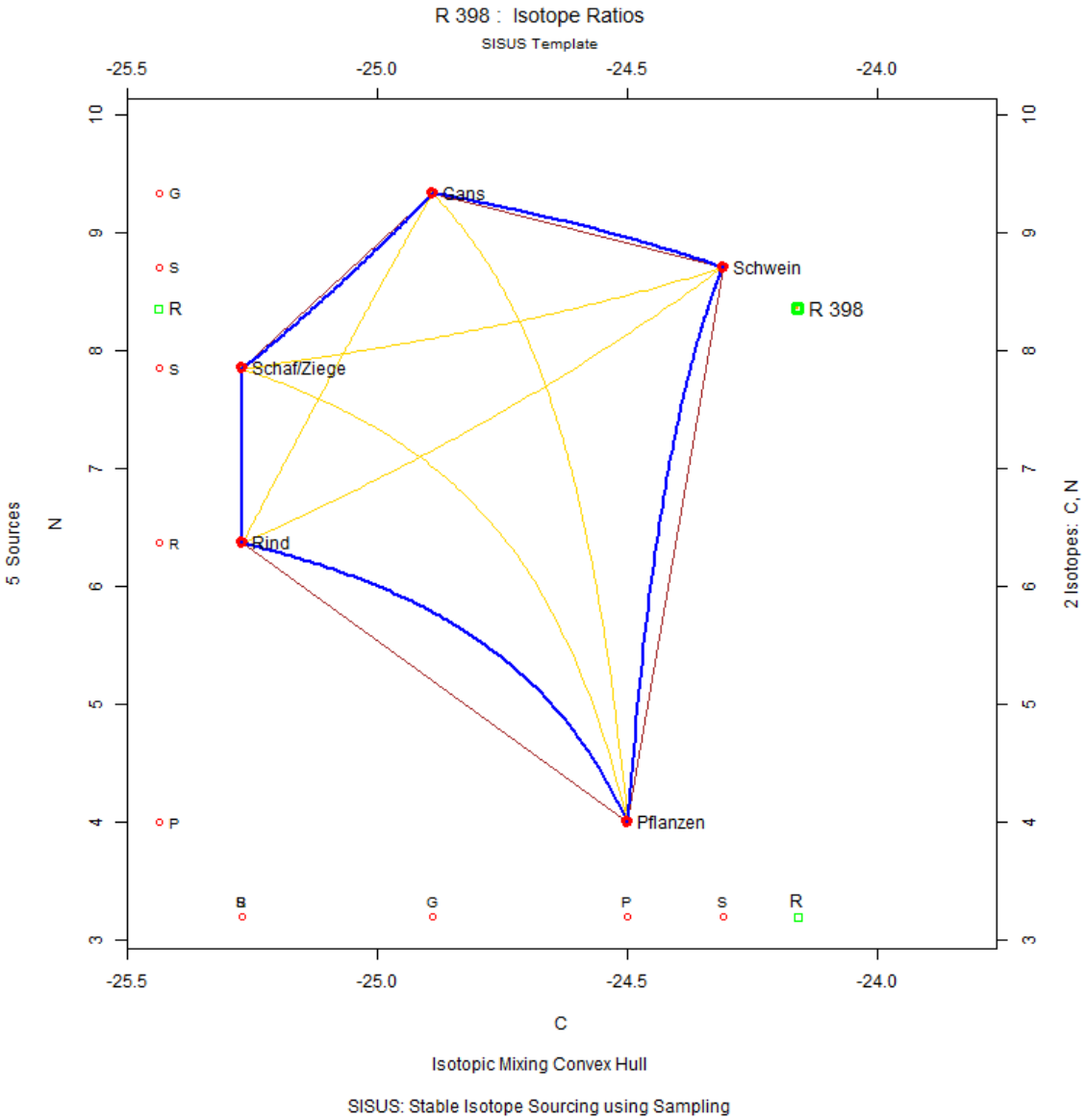


Abbildung 2609: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 398. Erstellt mit SISUS.

R401

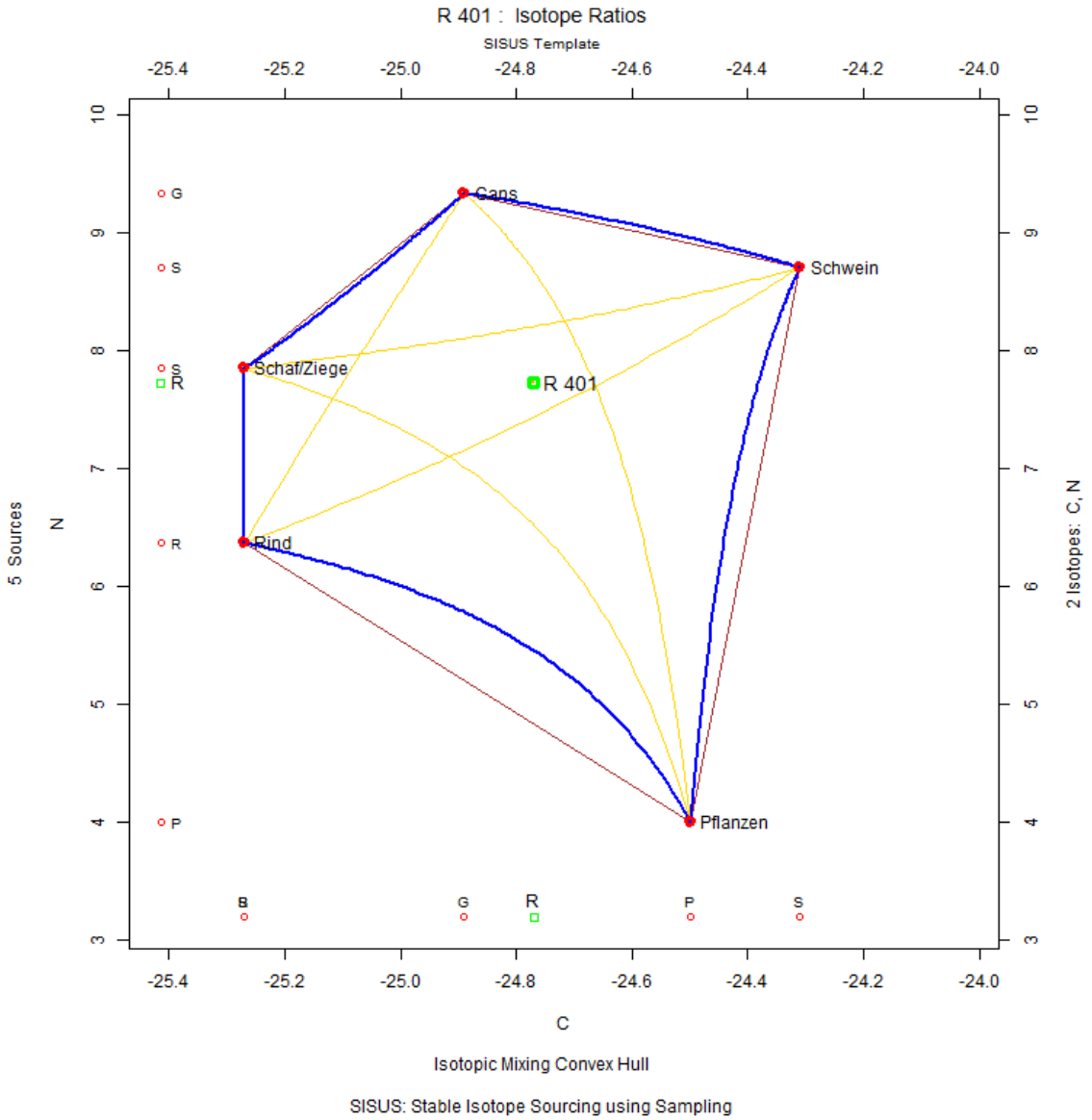


Abbildung 2610: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 401. Erstellt mit SISUS.

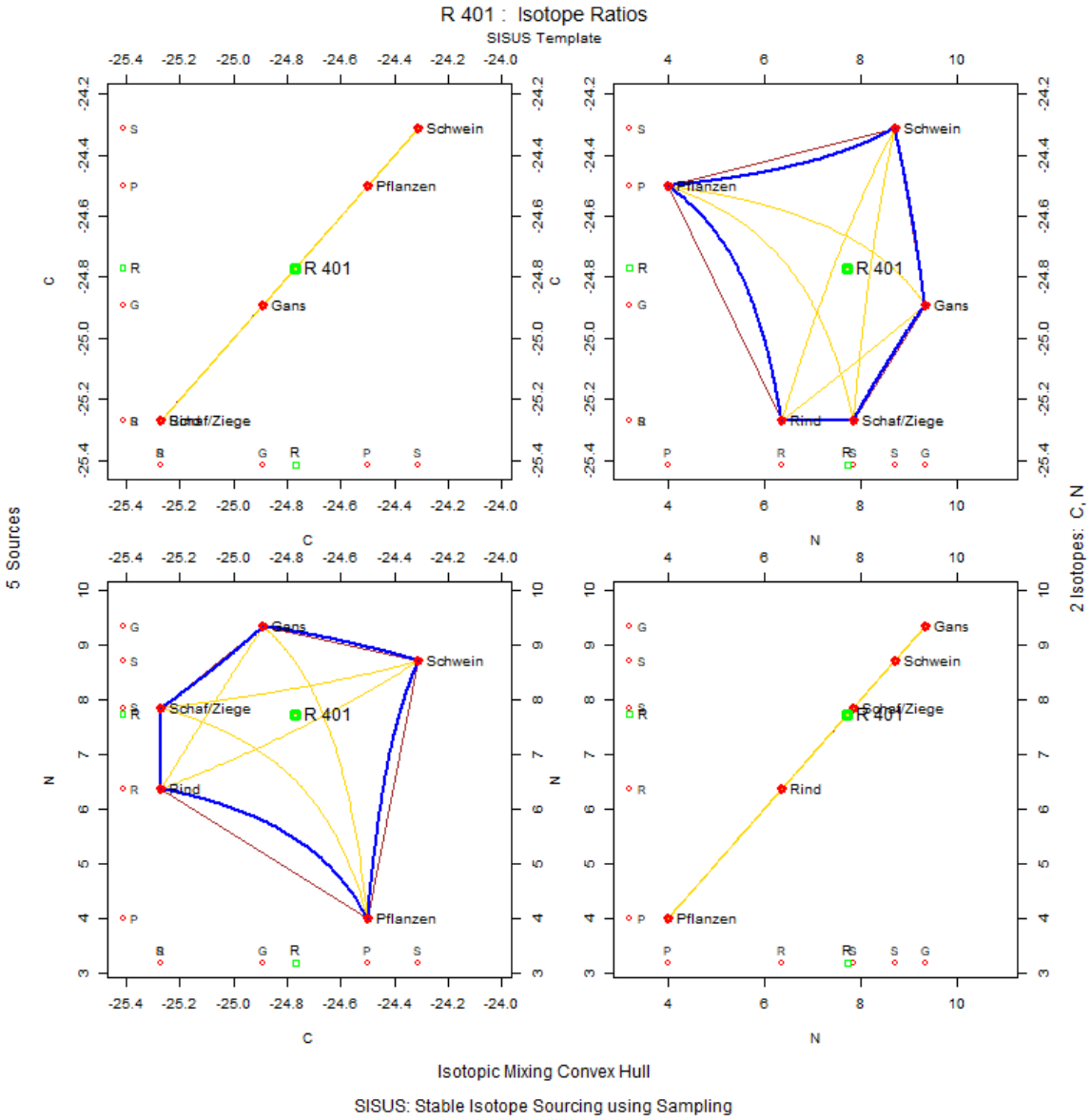


Abbildung 2611: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 401 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

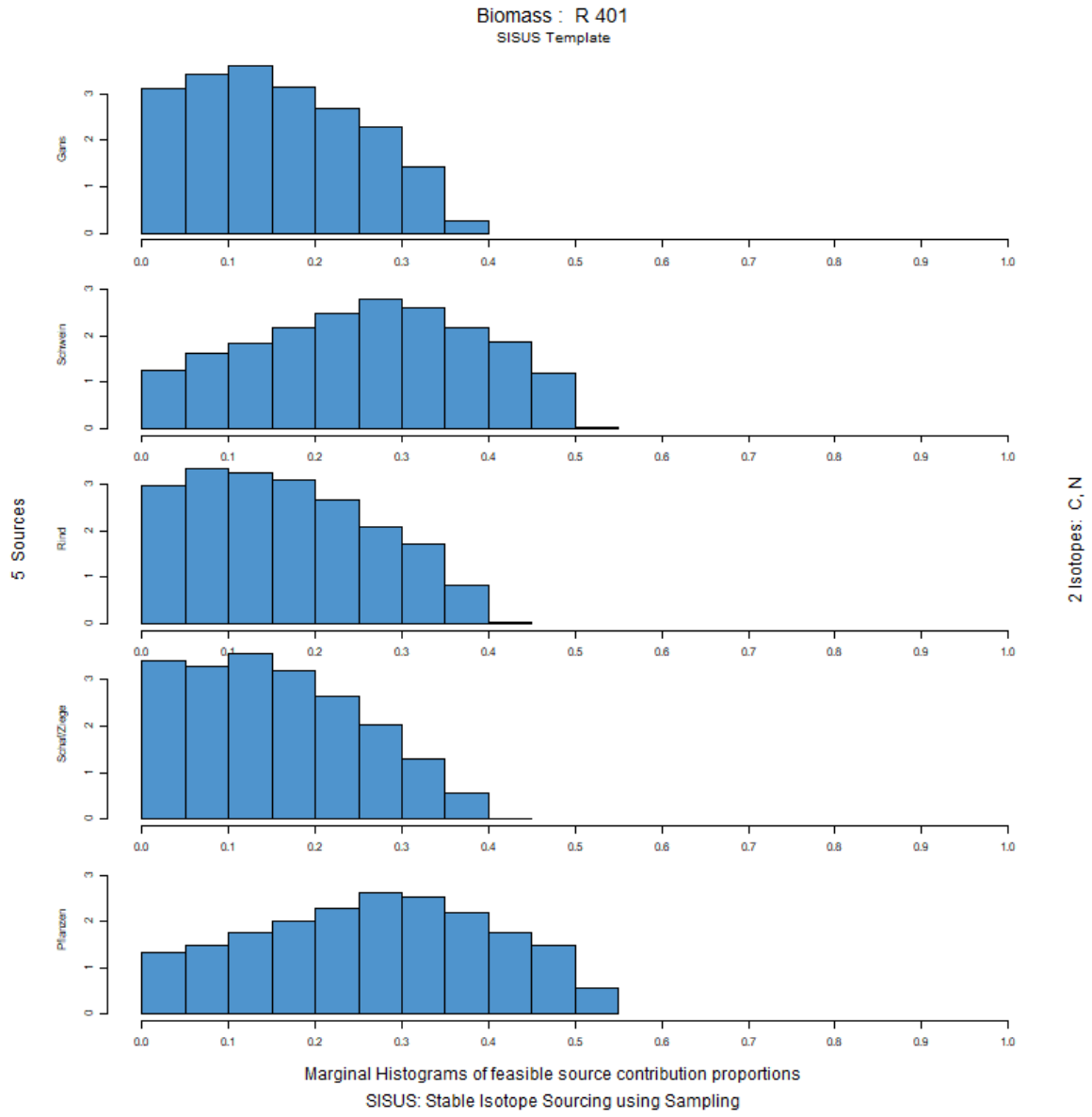


Abbildung 2612: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 401. Erstellt mit SISUS.

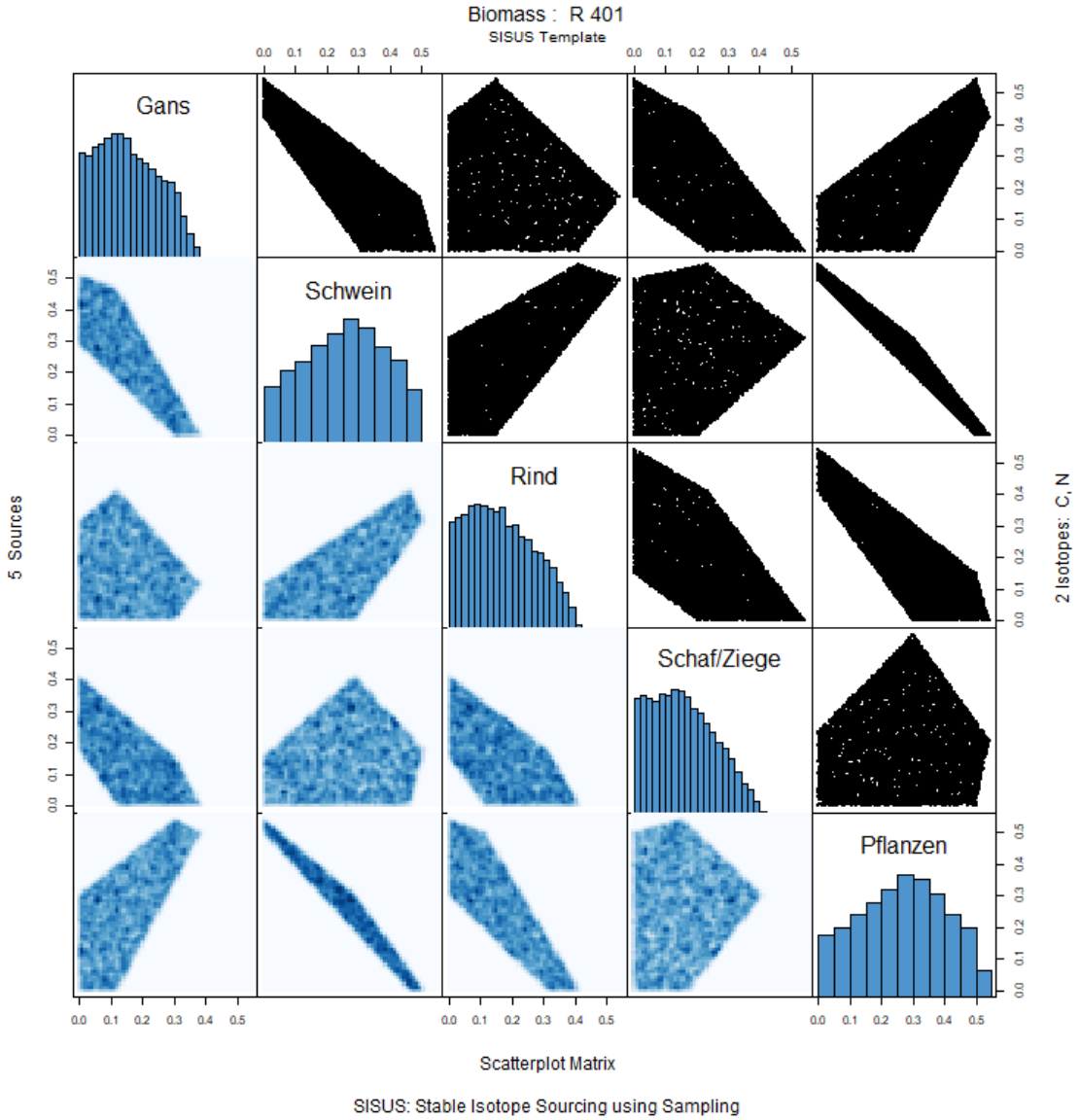


Abbildung 2613: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 401. Erstellt mit SISUS.

R403

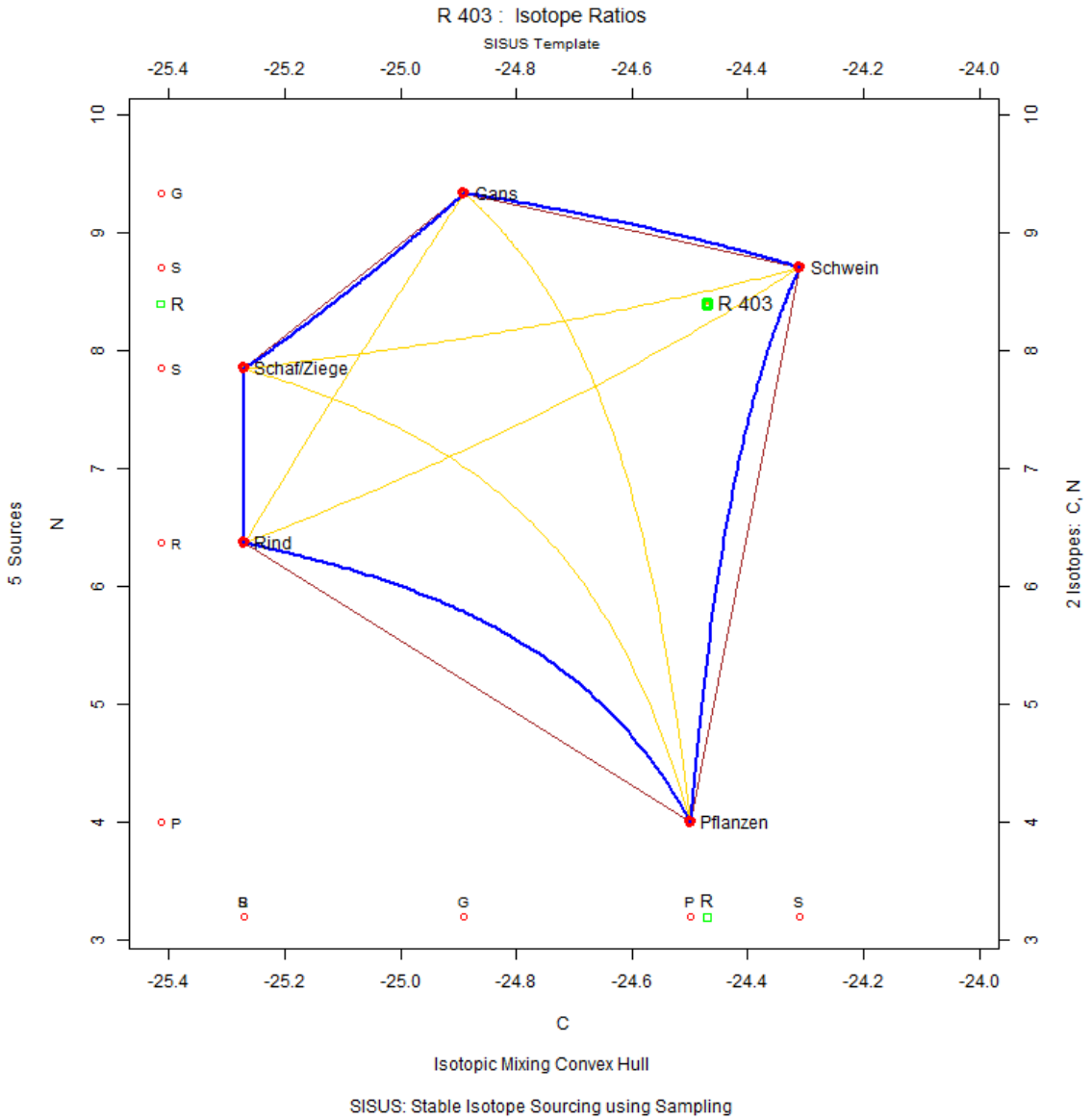


Abbildung 2614: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 403. Erstellt mit SISUS.

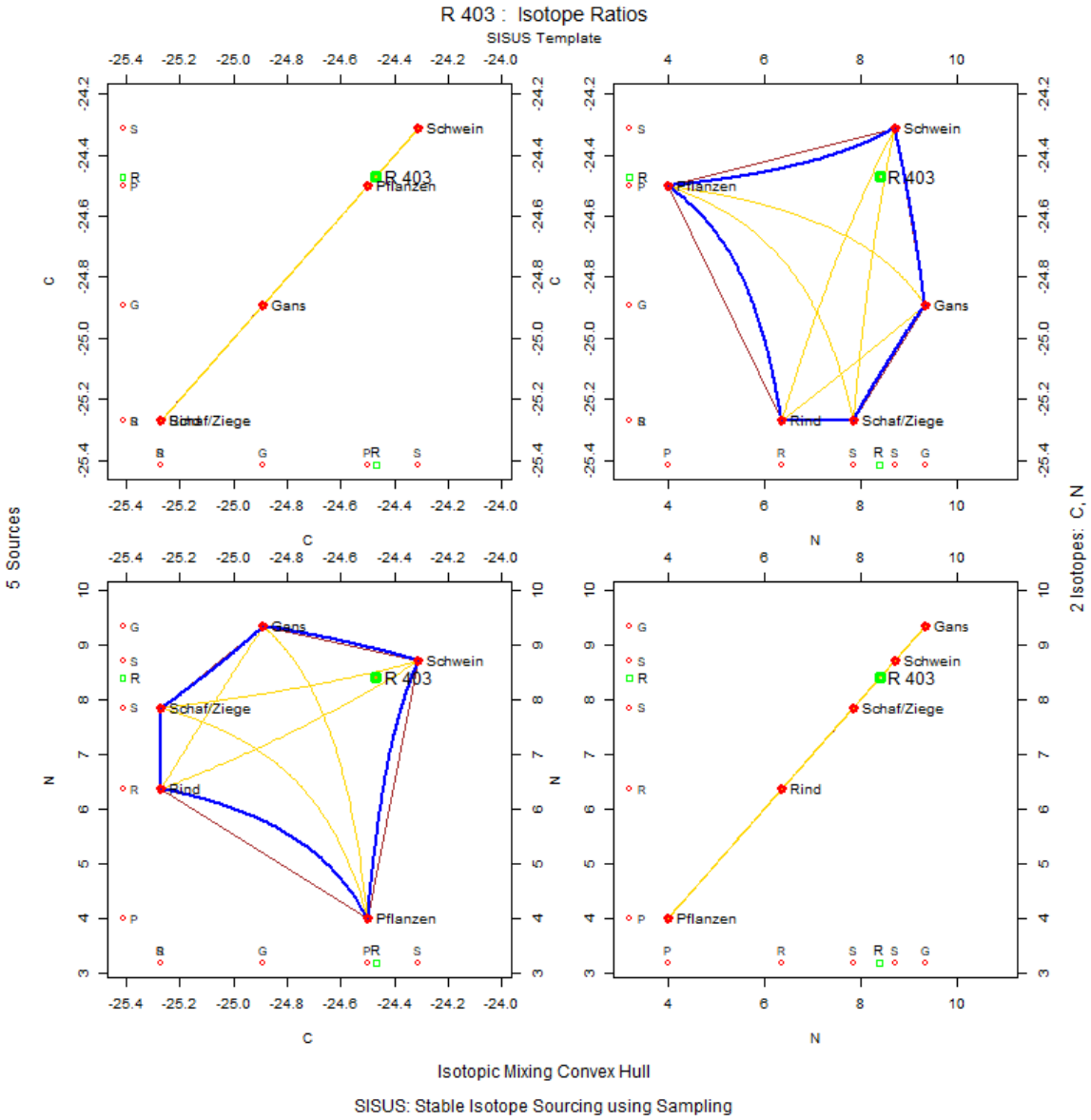


Abbildung 2615: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 403 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

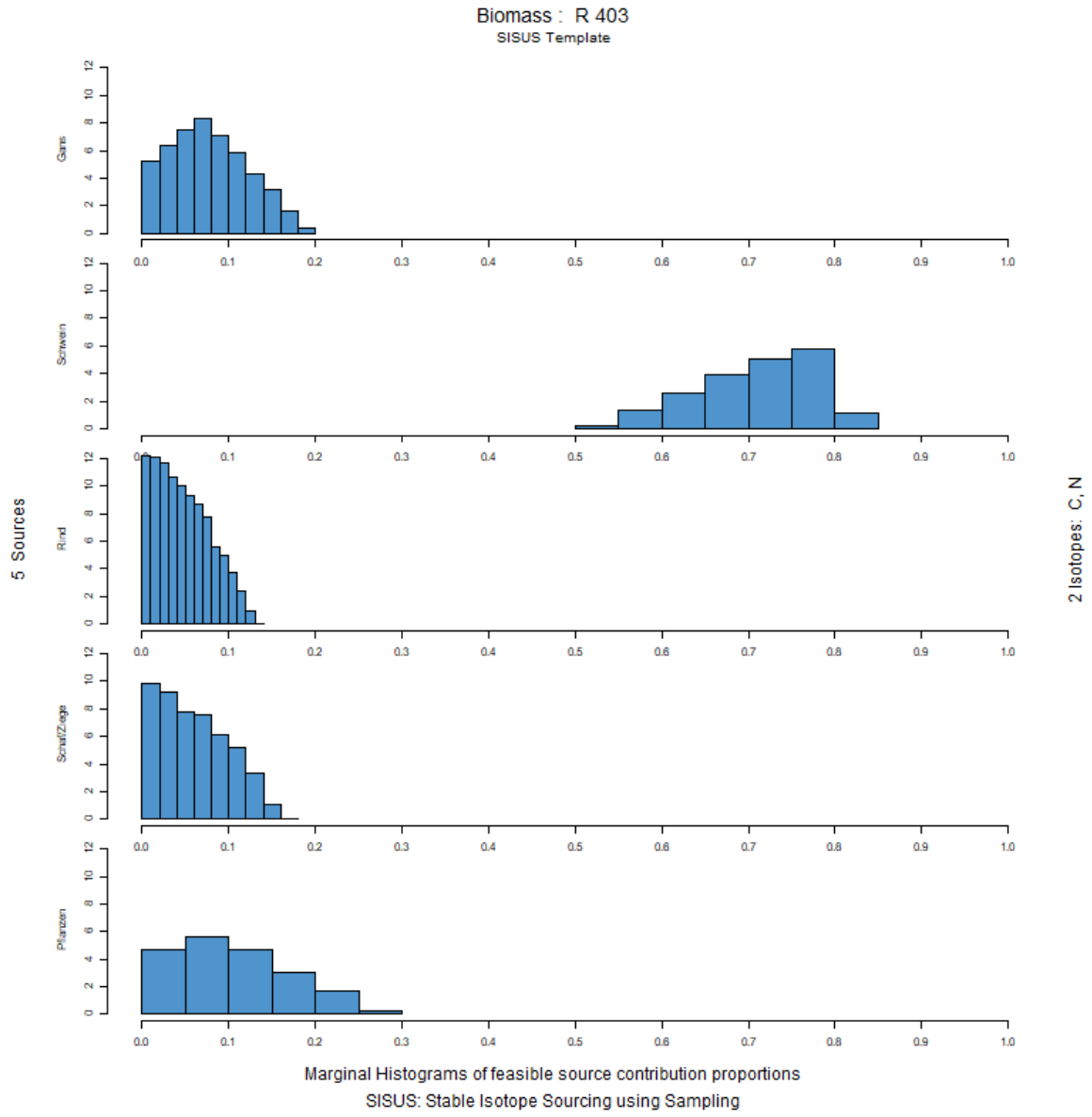


Abbildung 2616: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 403. Erstellt mit SISUS.

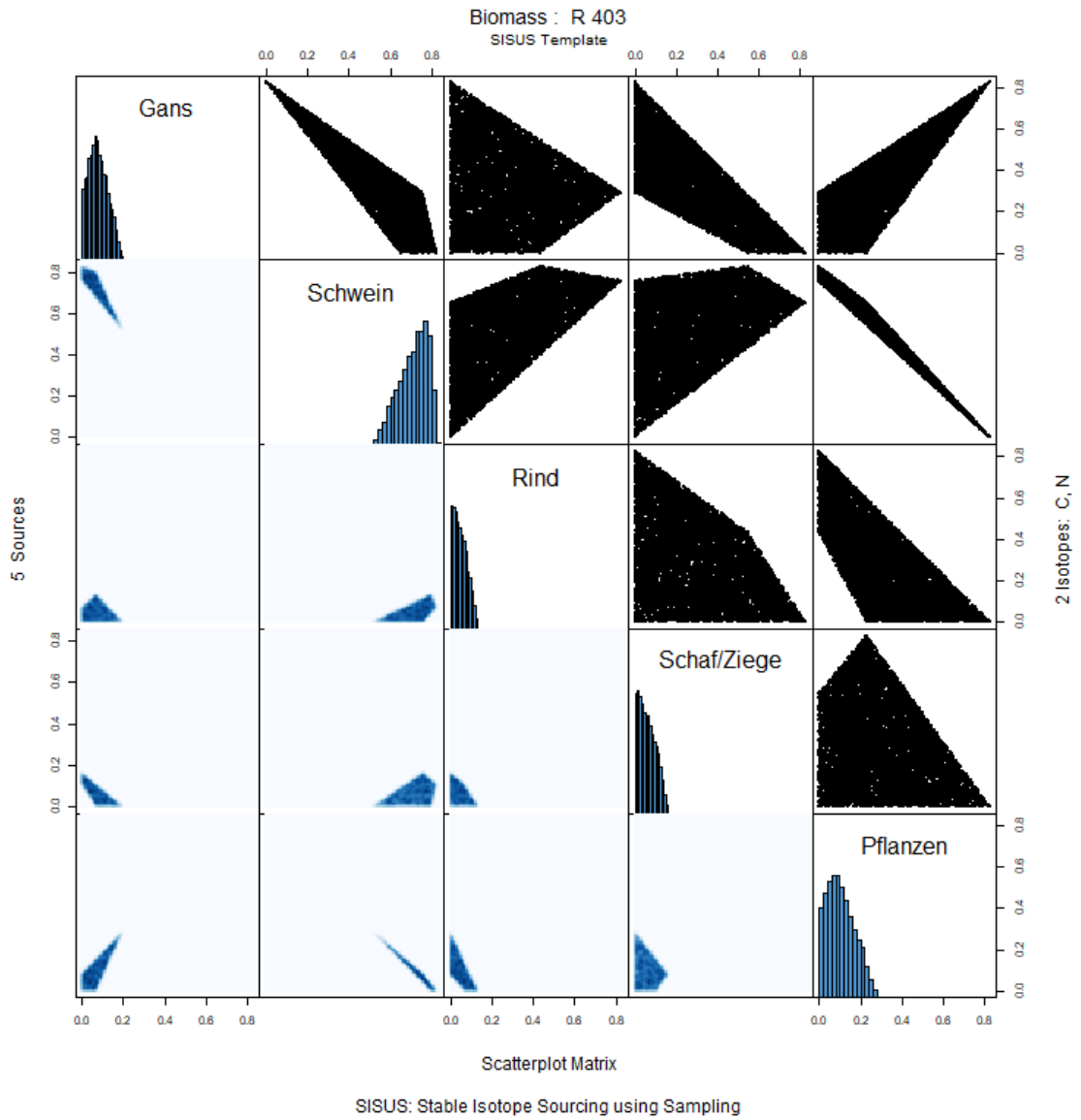


Abbildung 2617: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 403. Erstellt mit SISUS.

R404

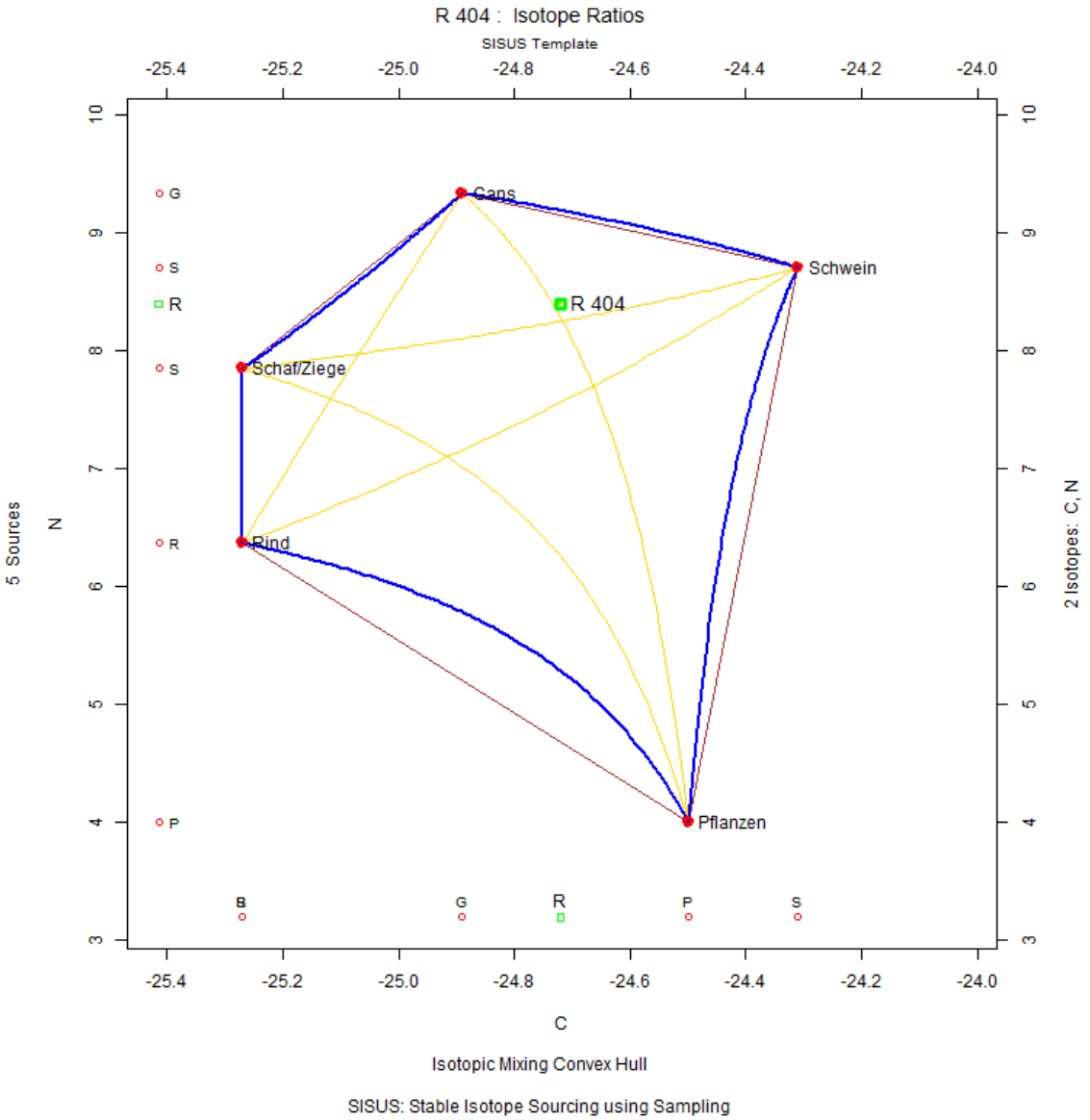


Abbildung 2618: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 404. Erstellt mit SISUS.

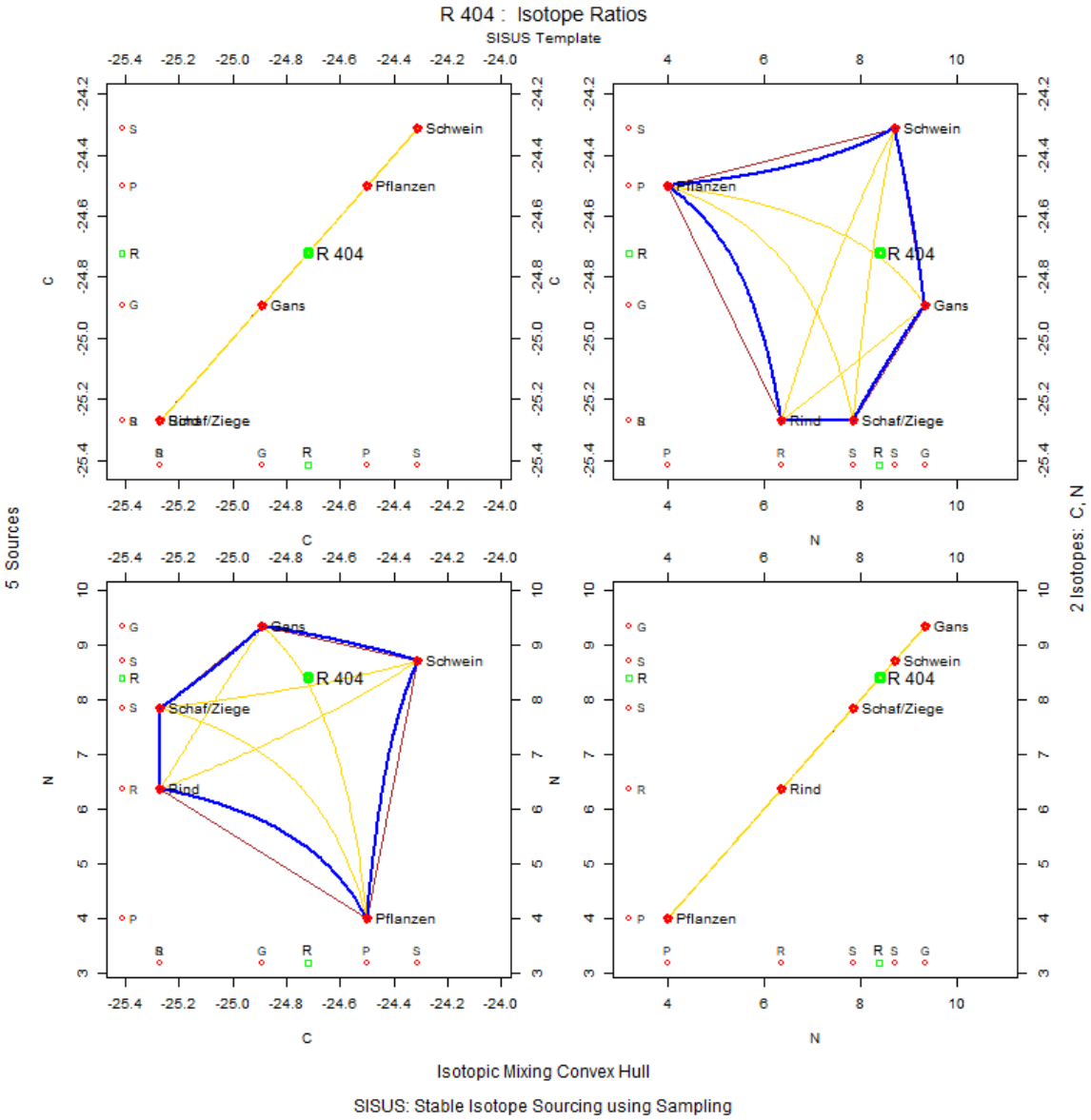


Abbildung 2619: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 404 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

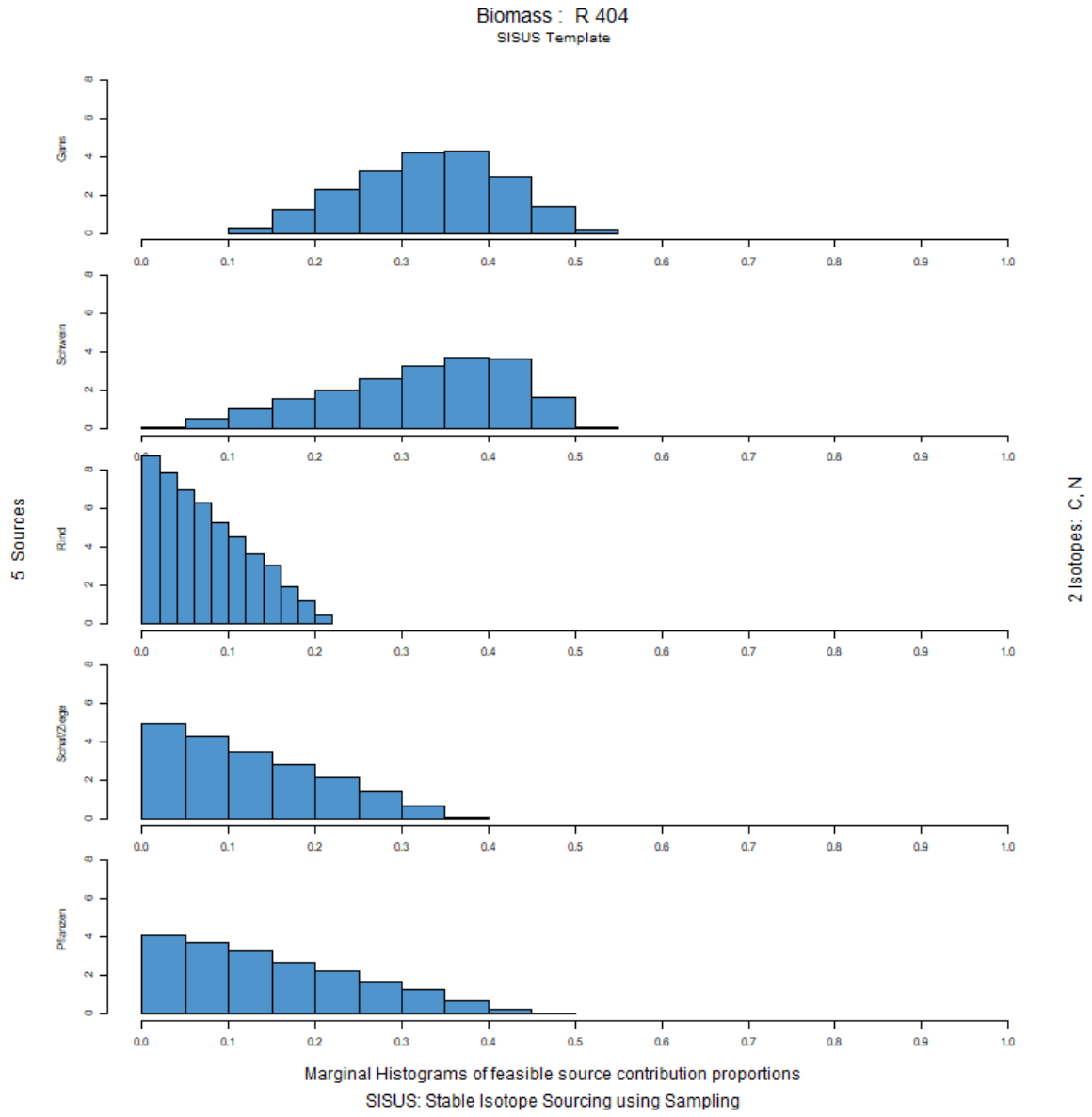


Abbildung 2620: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 404. Erstellt mit SISUS.

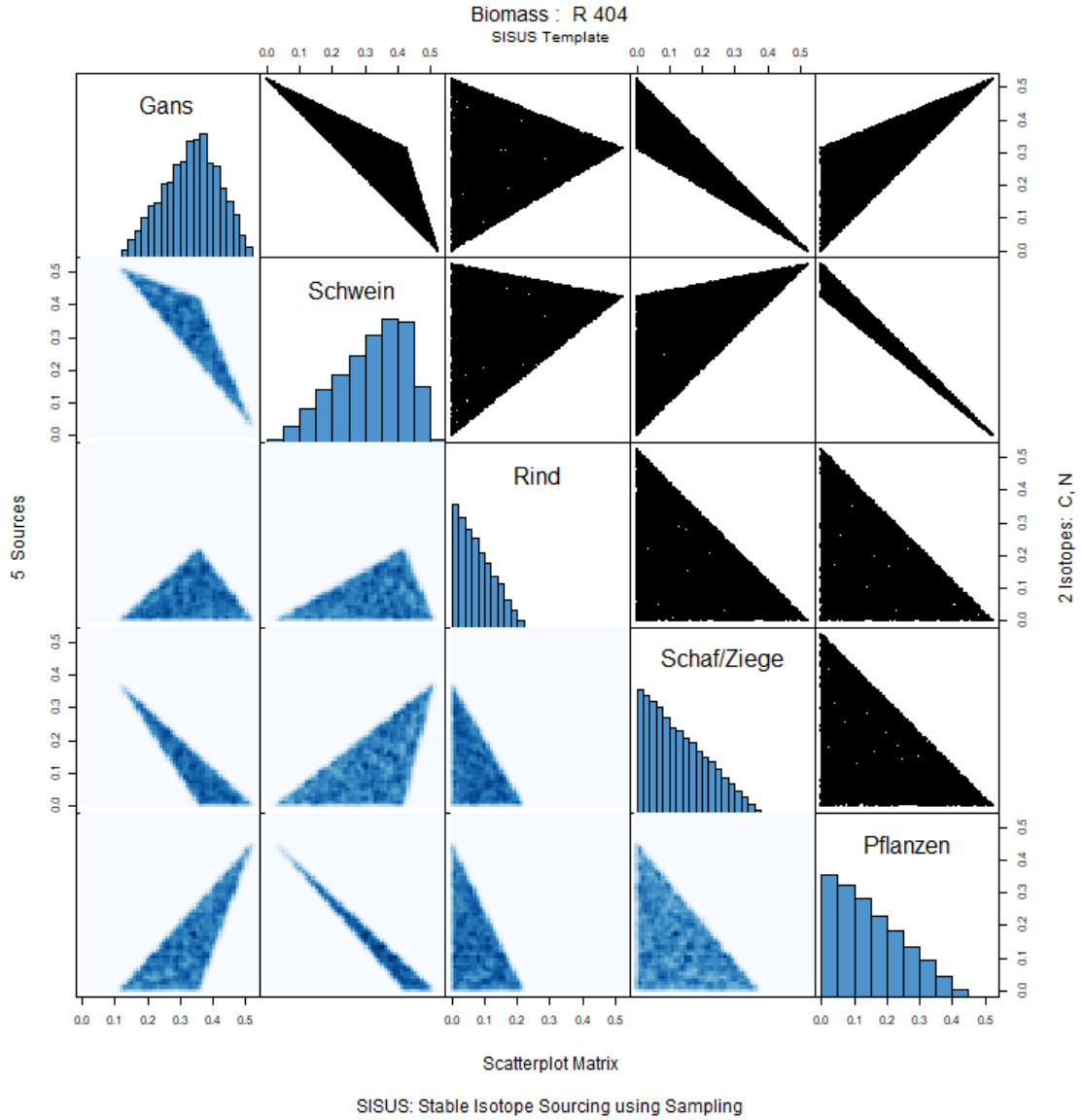


Abbildung 2621: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 404. Erstellt mit SISUS.

R406

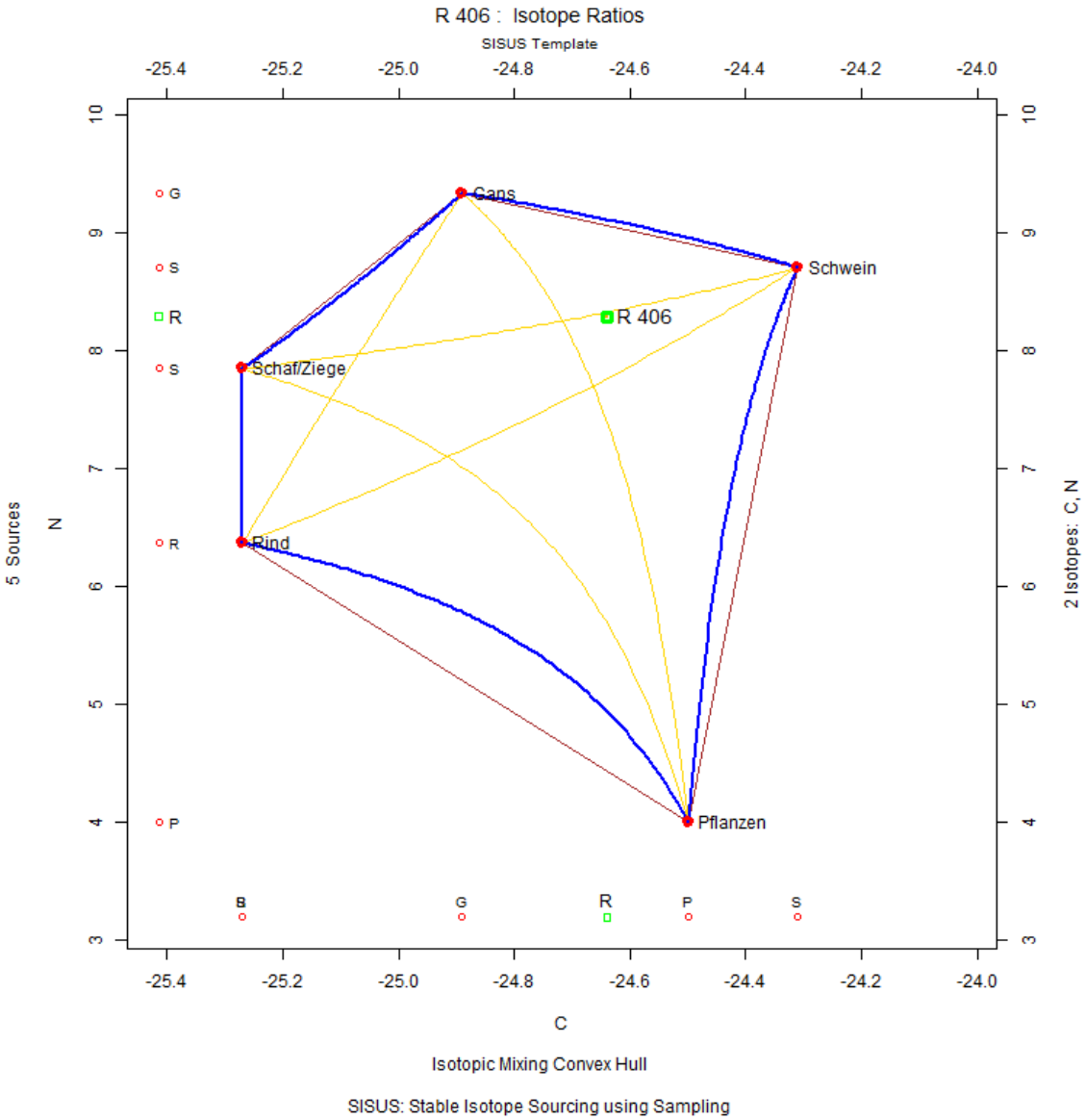


Abbildung 2622: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 406. Erstellt mit SISUS.

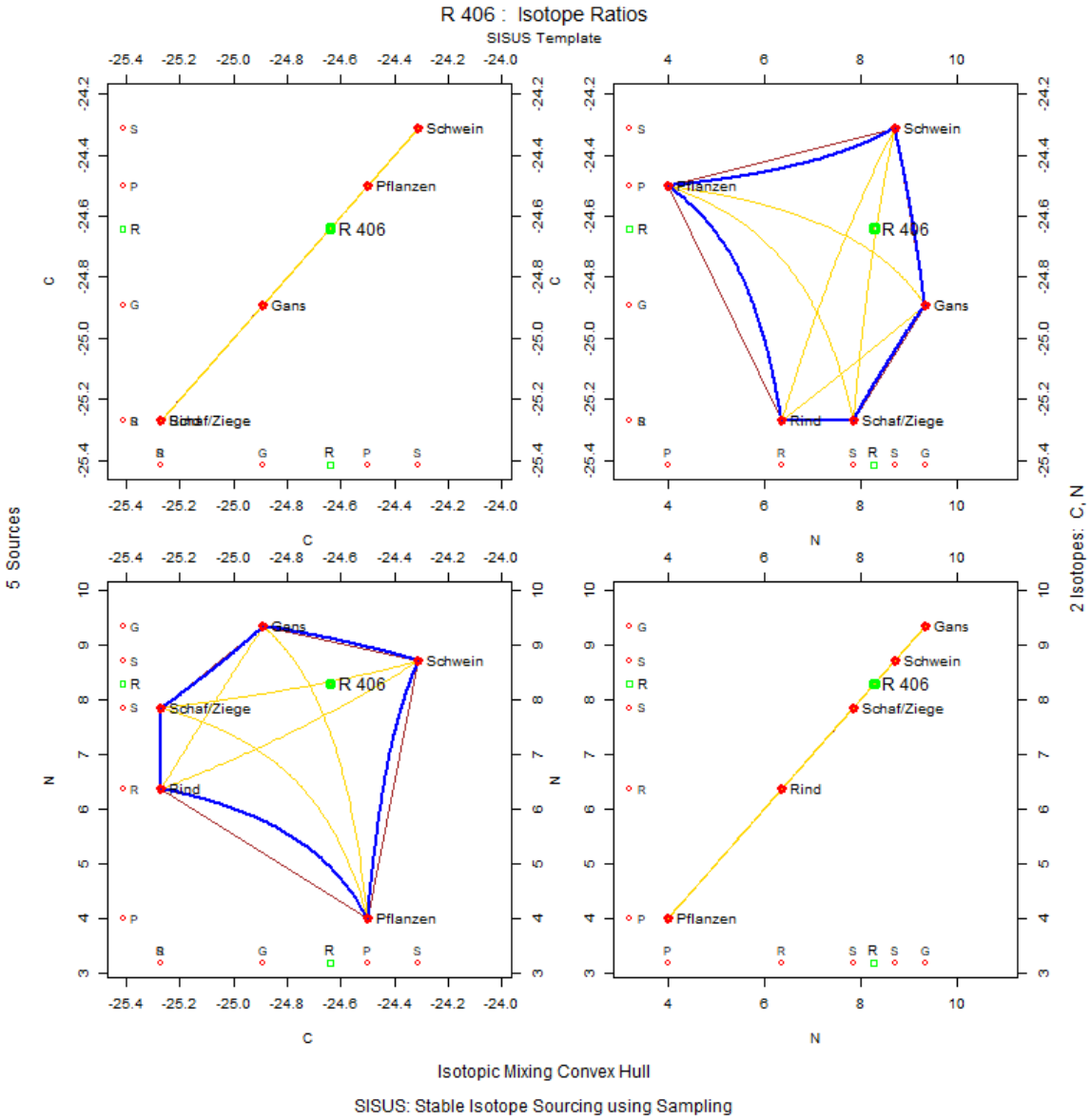


Abbildung 2623: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 406 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

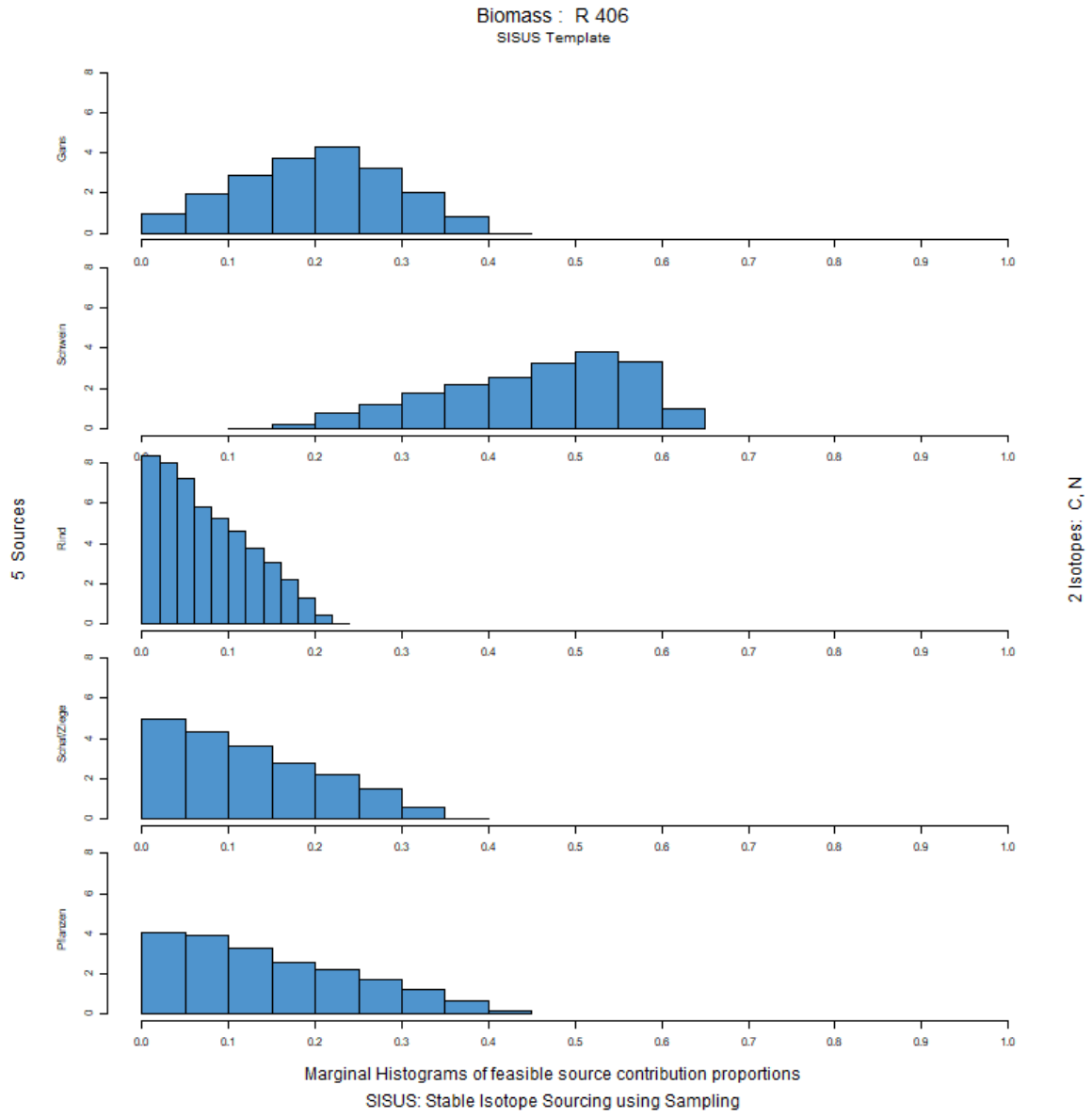


Abbildung 2624: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 406. Erstellt mit SISUS.

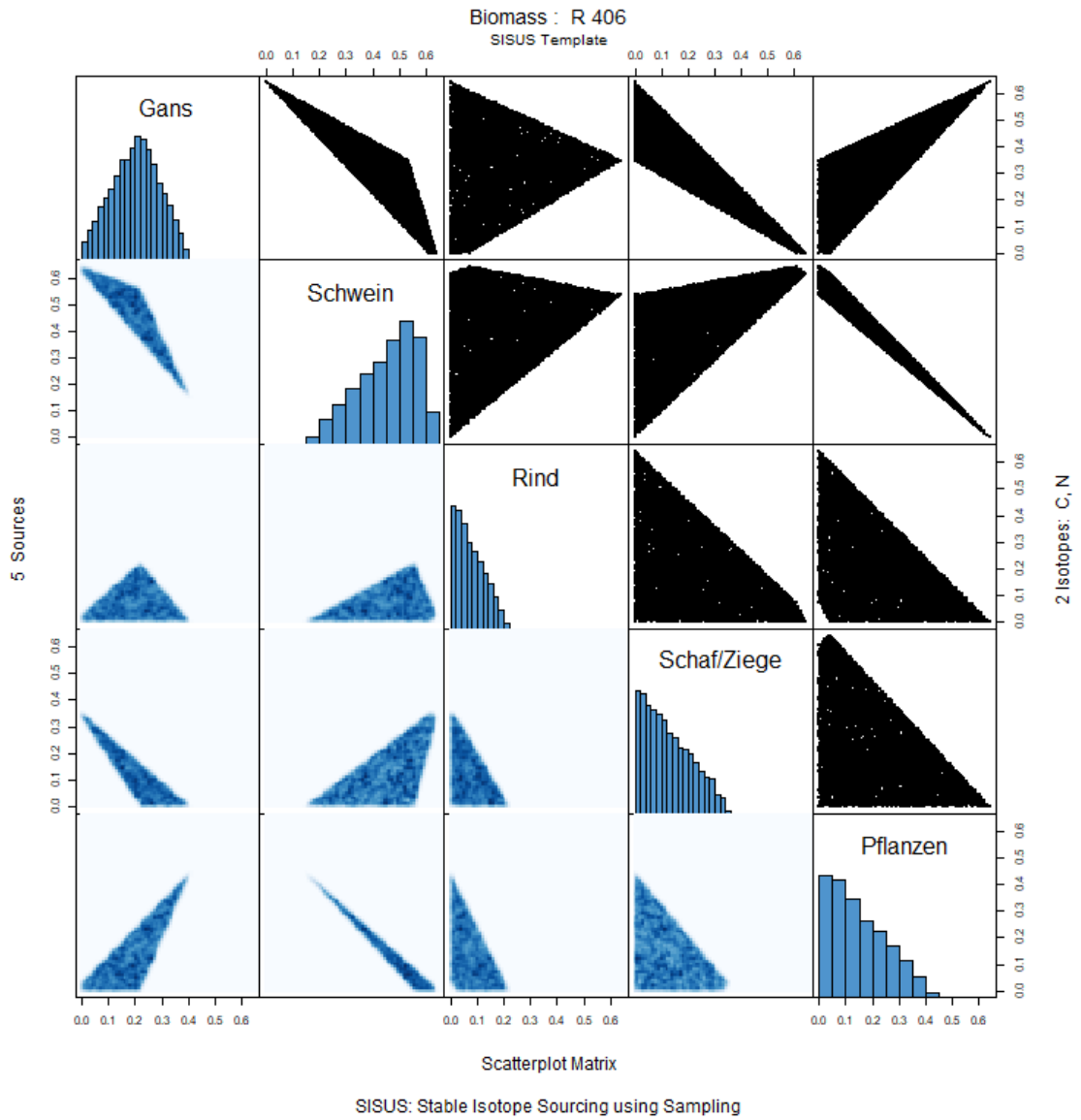


Abbildung 2625: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 406. Erstellt mit SISUS.

R407

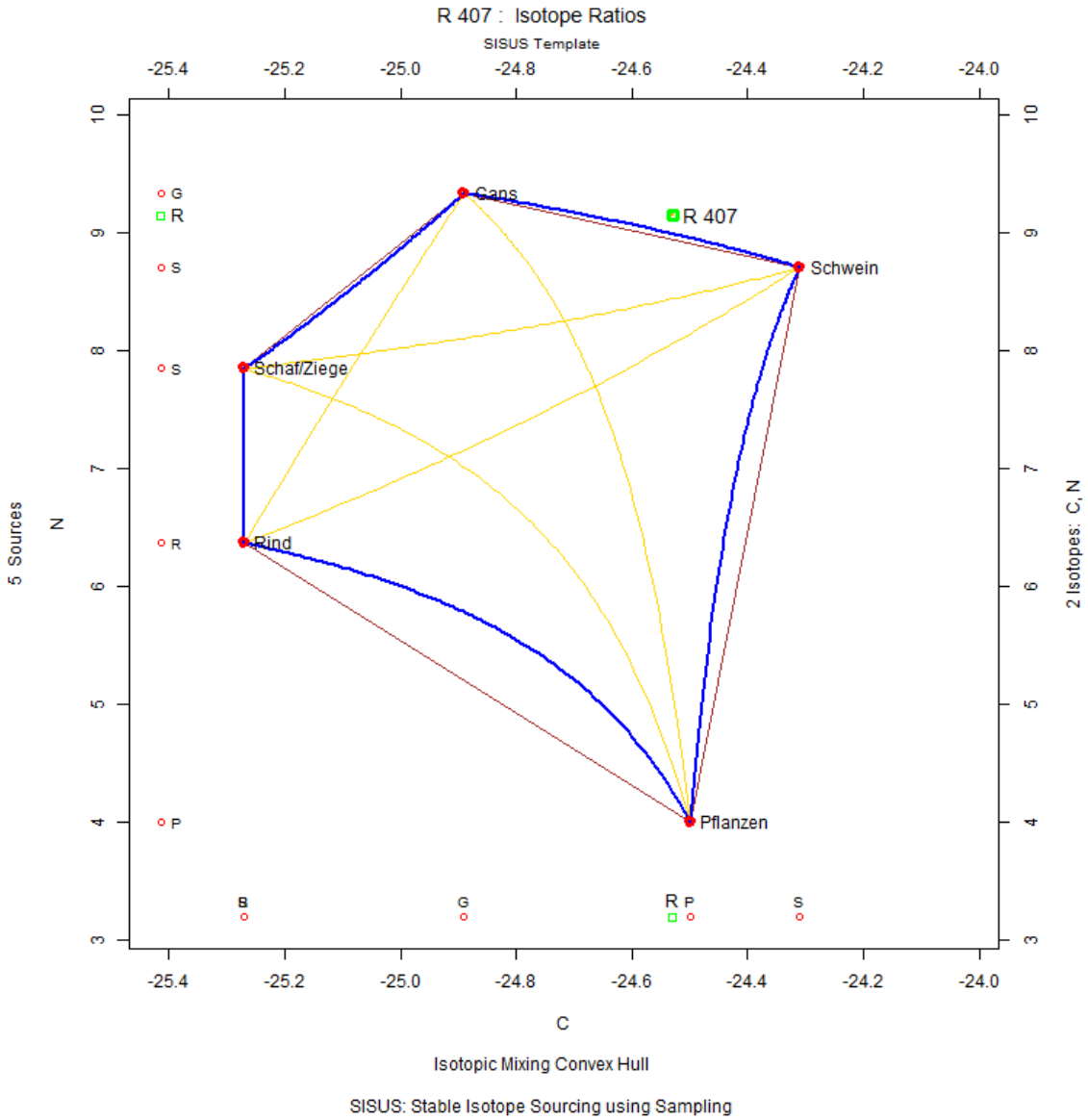


Abbildung 2626: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 407. Erstellt mit SISUS.

R424

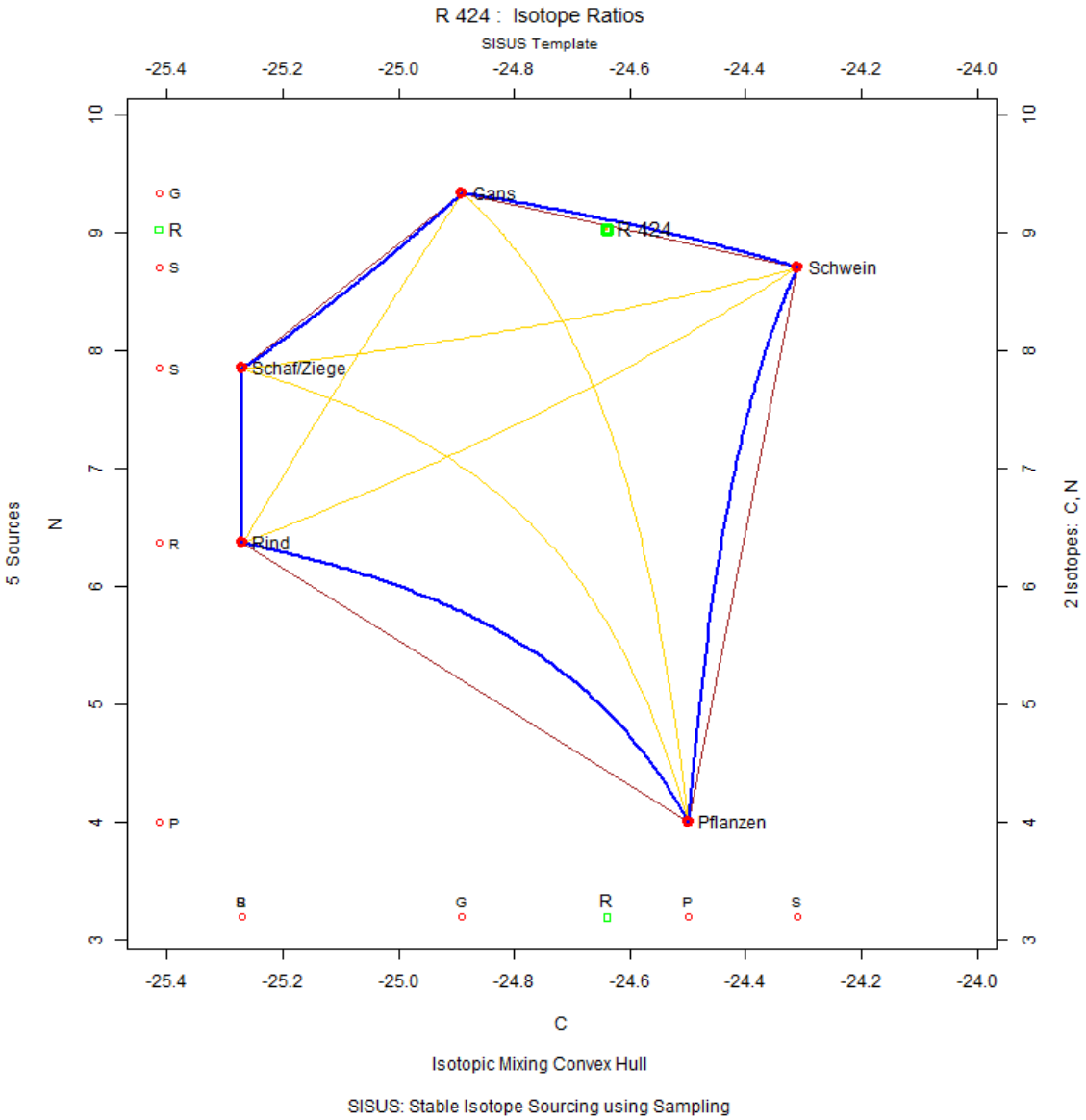


Abbildung 2627: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 424. Erstellt mit SISUS.

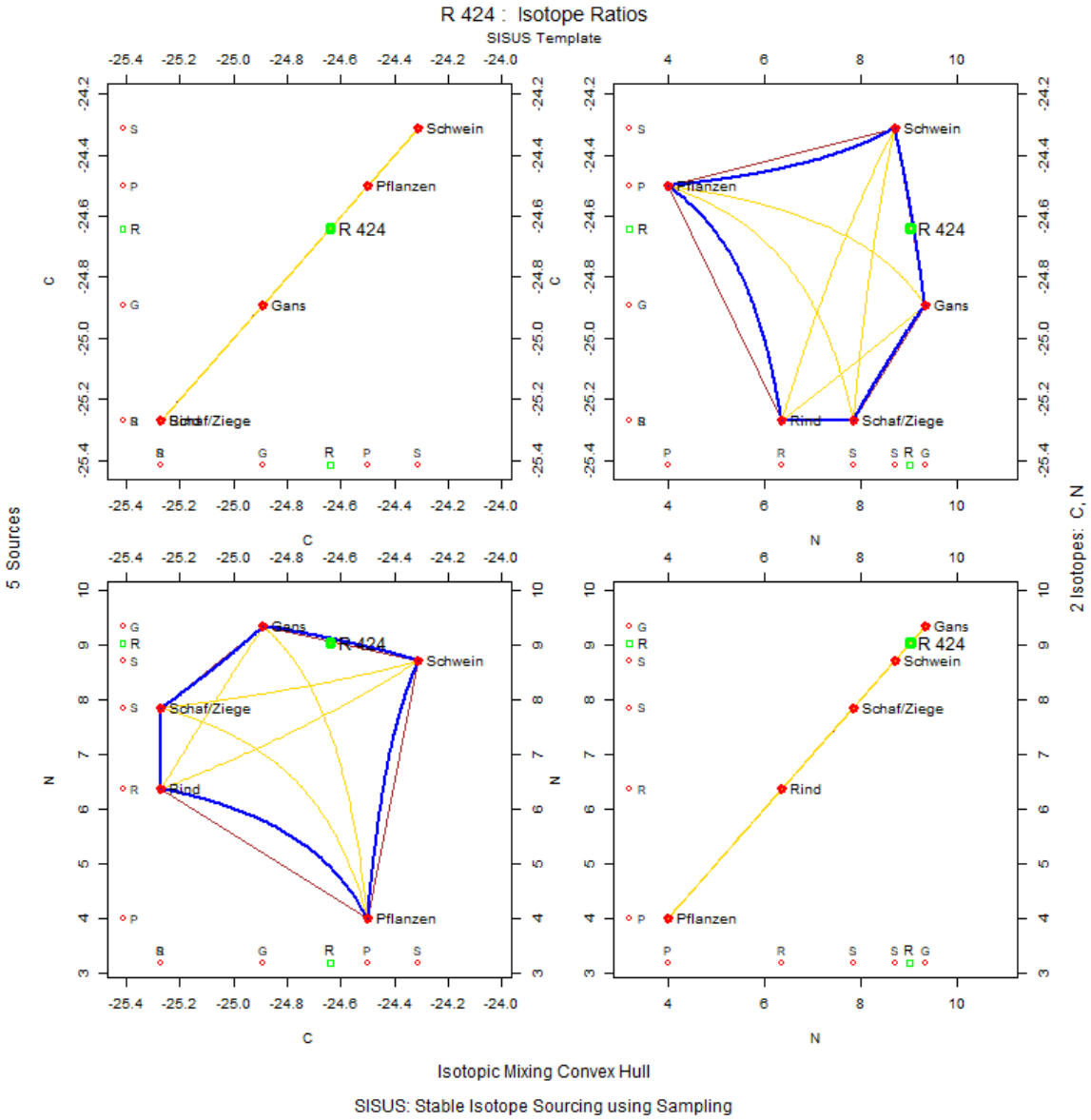


Abbildung 2628: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 424 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

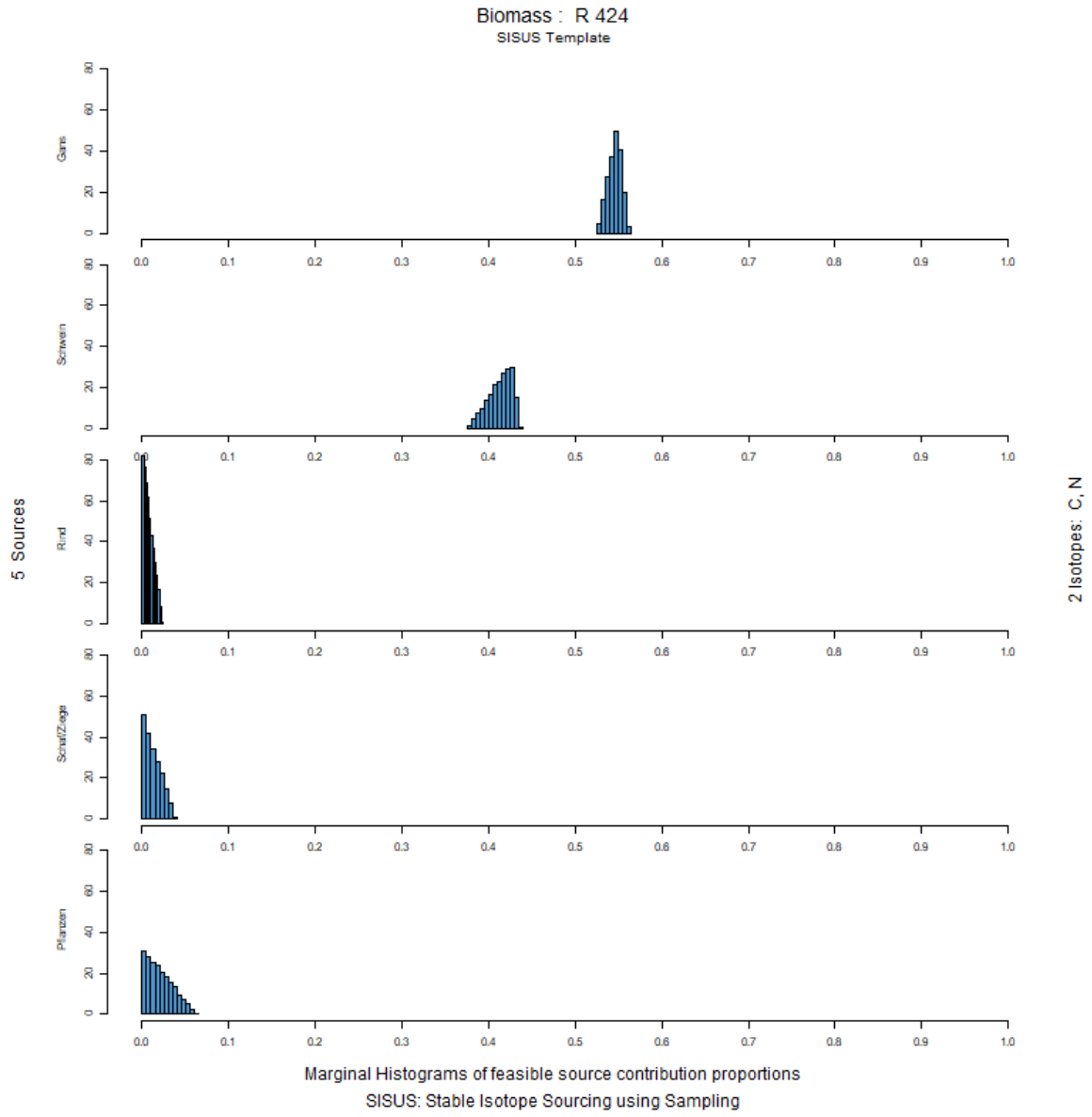


Abbildung 2629: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 424. Erstellt mit SISUS.

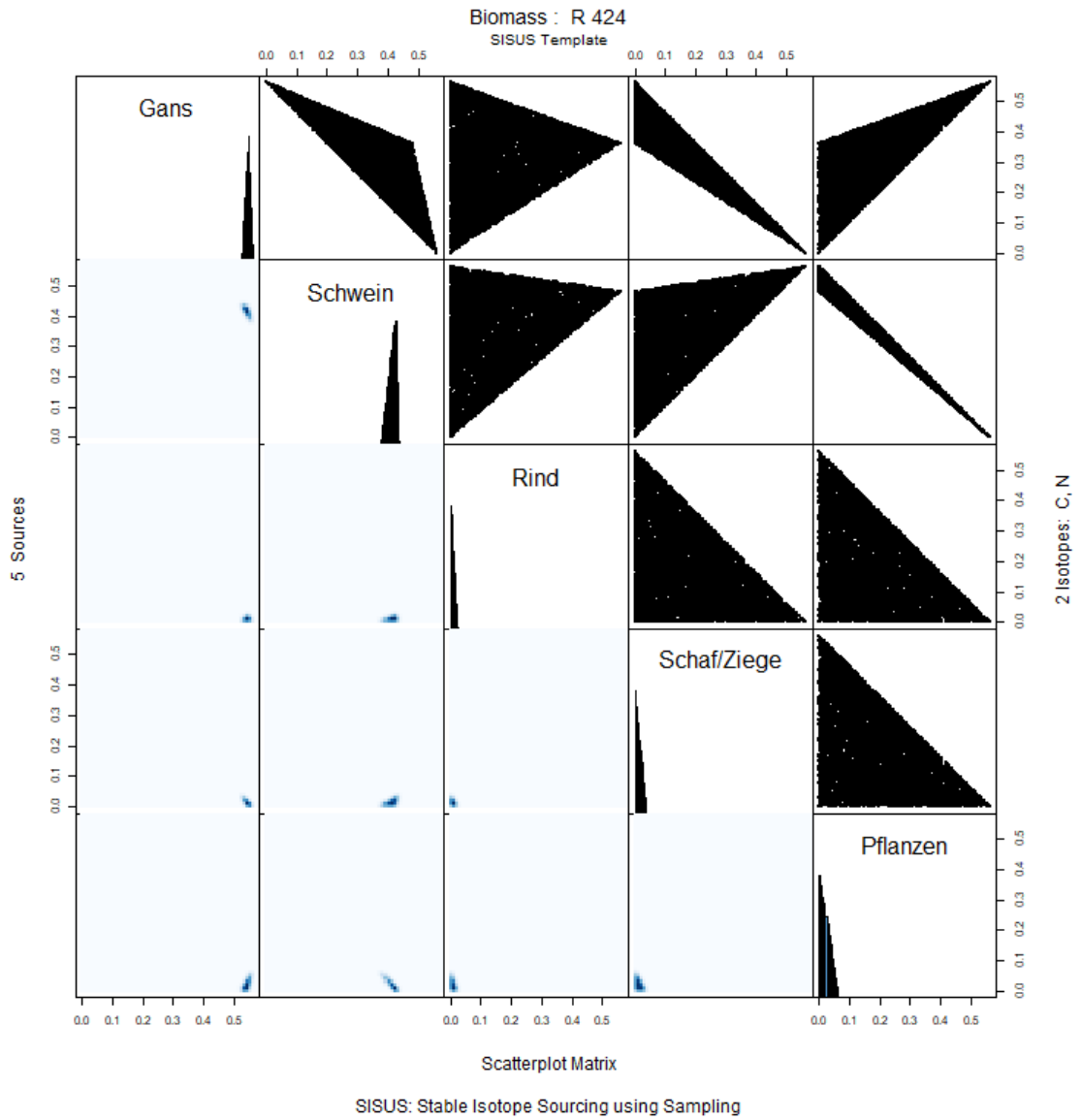


Abbildung 2630: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 424. Erstellt mit SISUS.

R537

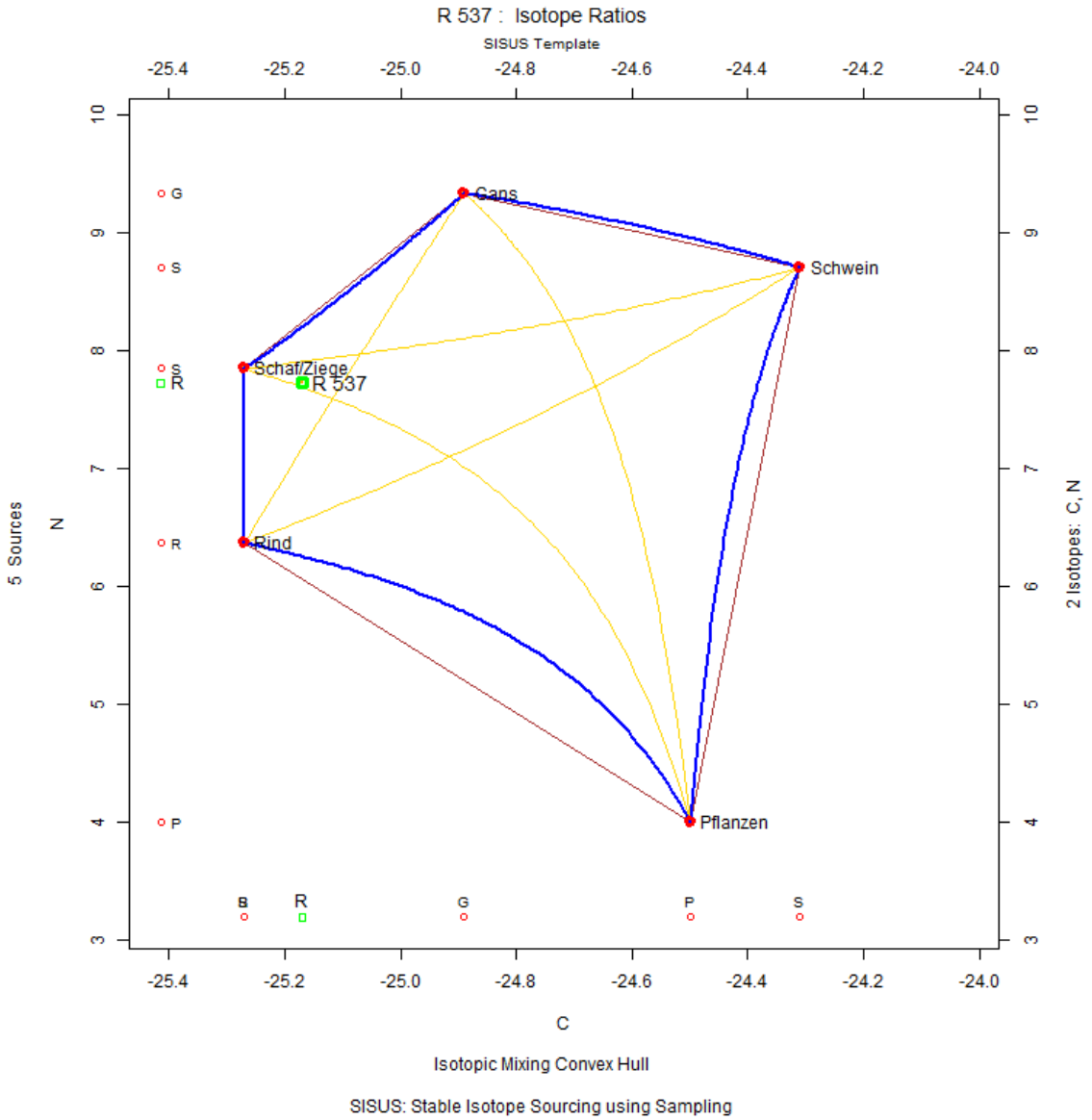


Abbildung 2631: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Regensburg (R) 537. Erstellt mit SISUS.

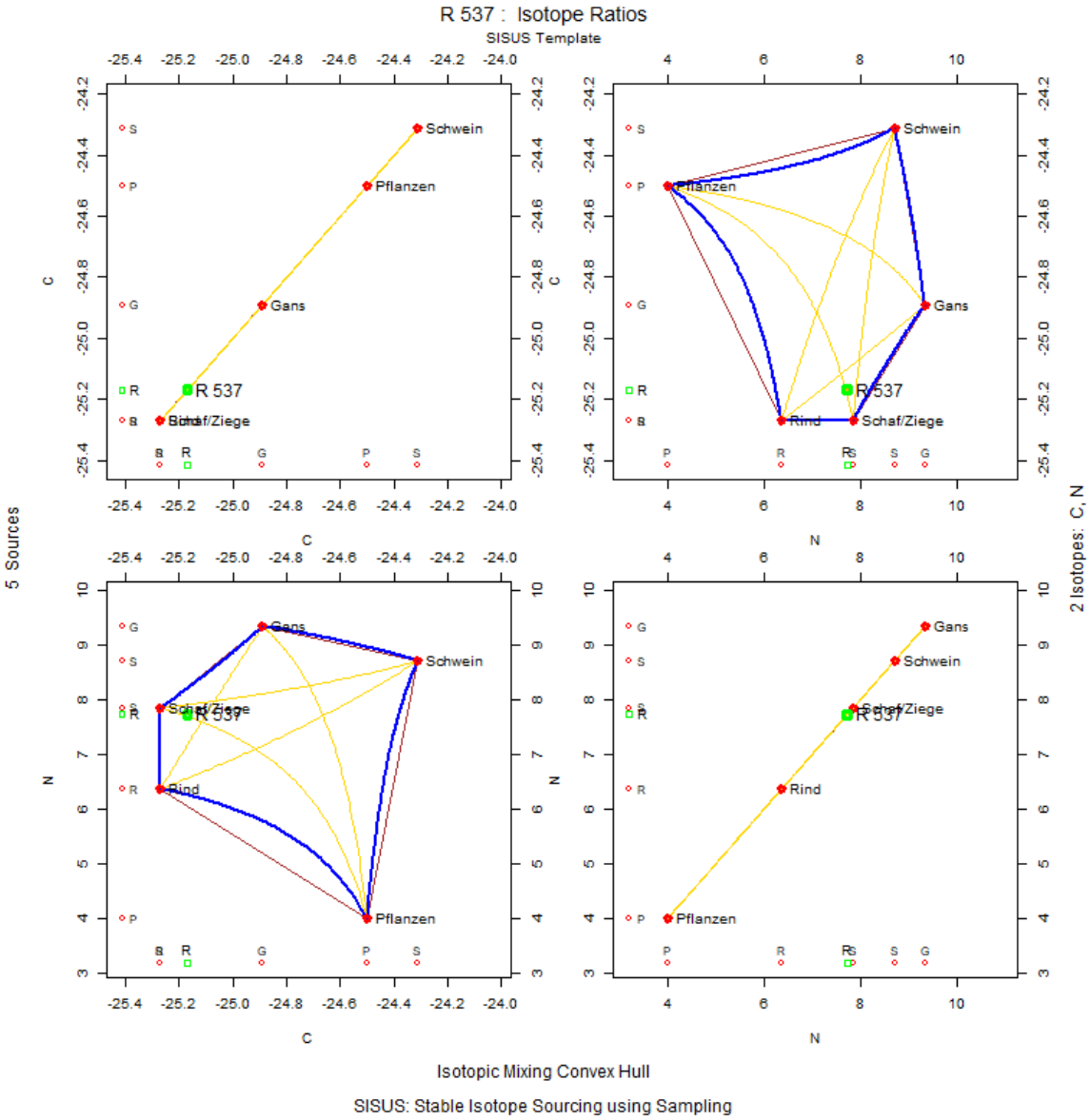


Abbildung 2632: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Regensburg (R) 537 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

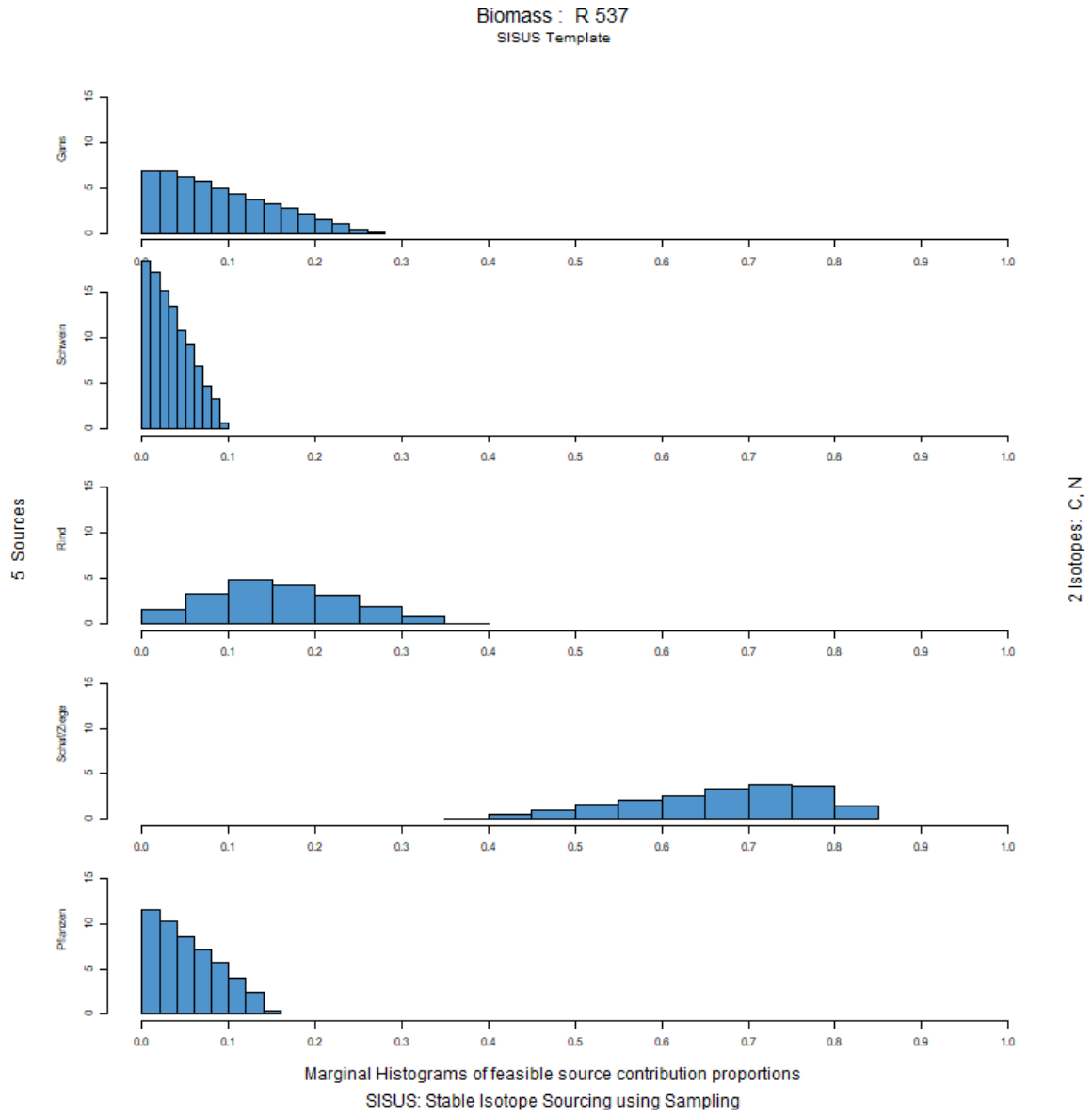


Abbildung 2633: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 537. Erstellt mit SISUS.

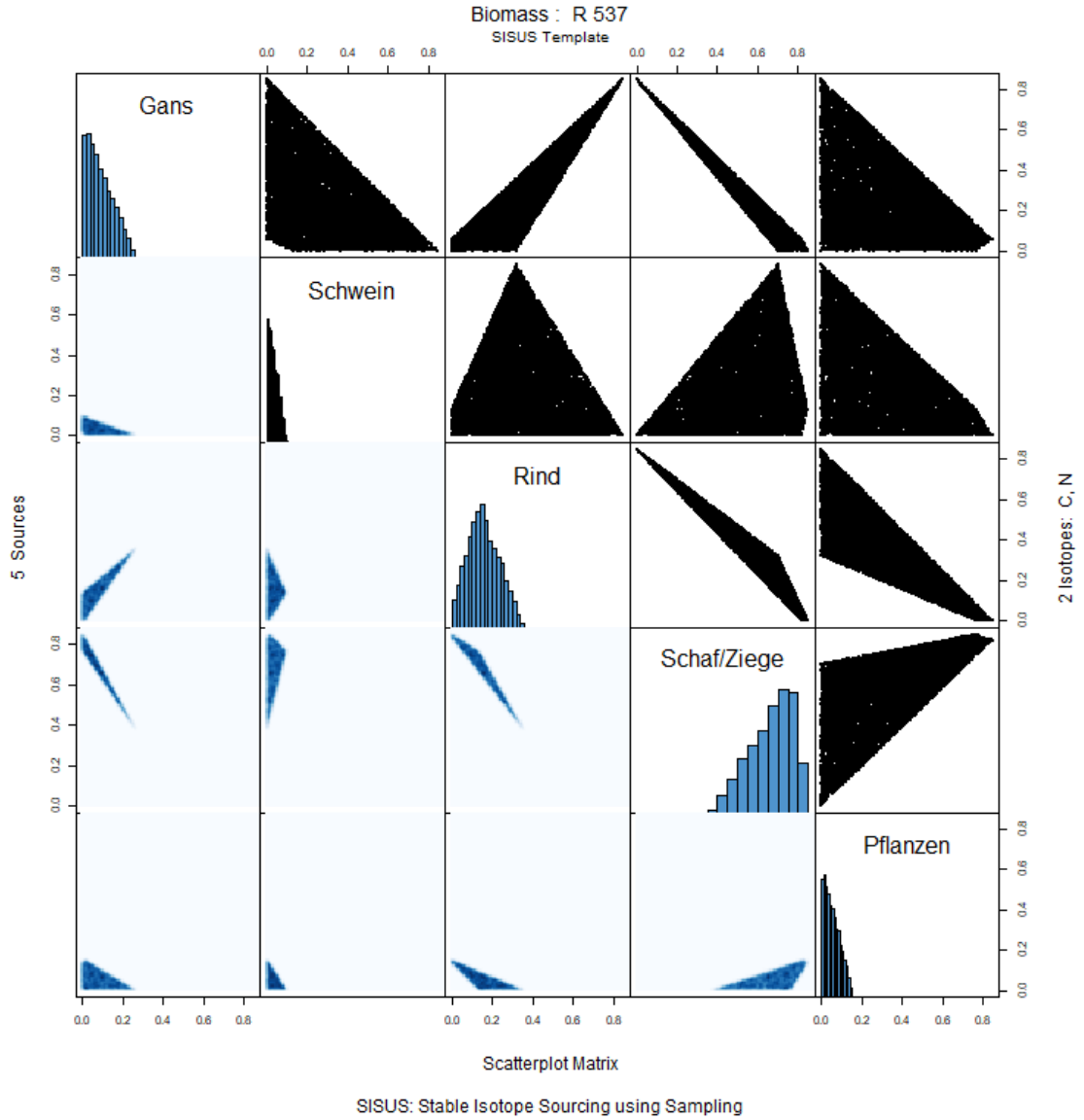


Abbildung 2634: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Regensburg (R) 537. Erstellt mit SISUS.

17.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 48: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Regensburg (R). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
R7	Gans	0,0%	25,4%	11,6%	26,3%	49,0%	49,0%
	Schwein	0,0%	14,4%	8,1%	14,4%	33,0%	33,0%
	Rind	0,0%	16,9%	10,3%	16,2%	41,9%	41,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	29,8%	16,2%	30,3%	64,3%	64,3%
	Pflanzen	0,0%	13,5%	8,2%	1,3%	33,5%	33,5%
R12	Gans	49,8%	53,5%	1,8%	53,3%	58,3%	8,5%
	Schwein	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	3,1%	3,1%
	Rind	0,0%	2,6%	1,8%	2,3%	7,8%	7,8%
	Schaf/Ziege	33,9%	41,7%	2,8%	42,1%	47,1%	13,1%
	Pflanzen	0,0%	1,1%	0,8%	1,0%	3,4%	3,4%
R12a	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R14	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R22	Gans	0,3%	30,0%	10,9%	31,3%	51,3%	51,0%
	Schwein	0,0%	21,5%	10,7%	2,2%	44,1%	44,1%
	Rind	0,0%	11,7%	7,6%	10,9%	32,4%	32,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	20,6%	13,0%	19,2%	55,6%	55,6%
	Pflanzen	0,0%	16,2%	10,7%	14,9%	40,6%	40,6%
R29	Gans	13,0%	30,6%	6,9%	31,0%	46,4%	33,4%
	Schwein	0,0%	10,1%	7,1%	8,9%	30,1%	30,1%
	Rind	0,0%	5,9%	4,2%	5,2%	17,8%	17,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,1%	7,1%	8,9%	30,1%	30,1%
	Pflanzen	0,0%	12,7%	9,0%	11,1%	38,0%	38,0%
R46	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R47	Gans	69,4%	71,3%	0,7%	71,4%	72,7%	3,3%
	Schwein	20,9%	24,5%	1,3%	24,7%	26,8%	5,9%
	Rind	0,0%	0,8%	0,6%	0,7%	2,3%	2,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,8%	3,8%
	Pflanzen	0,0%	2,1%	1,5%	1,9%	6,4%	6,4%
R53	Gans	19,8%	41,5%	8,1%	42,4%	57,8%	38,0%
	Schwein	0,0%	22,0%	9,9%	23,3%	40,8%	40,8%
	Rind	0,0%	8,0%	5,5%	23,3%	40,8%	40,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,7%	9,2%	12,1%	39,5%	39,5%
	Pflanzen	0,0%	14,8%	10,2%	13,2%	39,0%	39,0%

R56	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R59	Gans	0,0%	3,2%	2,3%	2,8%	9,7%	9,7%
	Schwein	0,0%	4,0%	2,8%	3,5%	11,8%	11,8%
	Rind	38,4%	51,5%	5,1%	51,9%	63,1%	24,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,2%	4,5%	5,4%	18,8%	18,8%
	Pflanzen	25,2%	35,1%	3,7%	35,4%	42,8%	17,7%
R61	Gans	66,3%	69,2%	1,1%	69,3%	71,4%	5,1%
	Schwein	19,2%	24,7%	1,9%	25,0%	28,0%	8,7%
	Rind	0,0%	1,2%	0,8%	1,0%	3,5%	3,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,9%	1,4%	1,6%	5,7%	5,7%
	Pflanzen	0,0%	3,1%	2,2%	2,7%	9,4%	9,4%
R64	Gans	26,2%	29,7%	1,4%	29,8%	33,0%	6,8%
	Schwein	57,7%	63,9%	2,2%	6,4%	67,7%	10,0%
	Rind	0,0%	1,2%	0,9%	1,1%	36,8%	3,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	6,1%	6,1%
	Pflanzen	0,0%	3,1%	2,2%	2,7%	9,3%	9,3%
R65	Gans	16,9%	27,6%	4,2%	27,8%	37,4%	20,5%
	Schwein	0,0%	6,1%	4,3%	55,5%	65,0%	27,2%
	Rind	0,0%	3,6%	2,6%	3,2%	10,8%	10,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,1%	4,3%	5,4%	18,1%	18,1%
	Pflanzen	0,0%	8,2%	5,9%	7,2%	24,9%	24,9%
R67	Gans	0,0%	5,0%	3,5%	4,4%	15,0%	15,0%
	Schwein	42,3%	57,1%	5,8%	57,3%	70,3%	28,1%
	Rind	0,0%	4,7%	3,4%	4,1%	14,2%	14,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,9%	2,8%	3,4%	11,7%	11,7%
	Pflanzen	15,5%	29,3%	5,6%	29,4%	27,3%	27,3%
R69	Gans	34,4%	38,7%	1,7%	38,8%	42,4%	8,0%
	Schwein	46,1%	53,5%	2,7%	53,9%	58,1%	12,0%
	Rind	0,0%	1,5%	1,1%	1,3%	4,5%	4,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	2,5%	1,8%	2,2%	7,5%	7,5%
	Pflanzen	0,0%	3,8%	2,7%	3,4%	11,5%	11,5%
R70	Gans	43,9%	50,0%	2,3%	50,2%	55,1%	11,3%
	Schwein	27,9%	38,3%	3,8%	38,8%	44,9%	17,0%
	Rind	0,0%	2,2%	1,6%	2,0%	6,8%	6,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,7%	2,6%	3,2%	11,2%	11,2%
	Pflanzen	0,0%	5,7%	4,0%	5,1%	16,9%	16,9%
R76	Gans	30,0%	35,8%	2,3%	36,0%	41,1%	11,0%
	Schwein	43,8%	53,7%	3,5%	54,3%	59,8%	16,0%
	Rind	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	6,1%	6,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,4%	2,4%	3,0%	10,2%	10,2%
	Pflanzen	0,0%	5,0%	3,5%	4,4%	15,1%	15,1%
R79	Gans	16,8%	26,9%	4,0%	27,1%	36,2%	19,4%
	Schwein	1,2%	56,0%	5,7%	56,9%	66,1%	26,0%
	Rind	0,0%	3,4%	2,4%	3,0%	10,2%	10,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,7%	4,1%	5,0%	17,1%	17,1%
	Pflanzen	0,0%	7,9%	5,6%	7,0%	23,7%	23,7%
R80	Gans	0,0%	7,0%	5,0%	6,2%	21,1%	21,1%
	Schwein	0,0%	9,7%	6,8%	8,5%	28,7%	28,7%
	Rind	2,8%	30,7%	10,8%	31,2%	55,4%	52,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,3%	9,5%	11,5%	40,2%	40,2%
	Pflanzen	15,9%	39,4%	8,7%	40,5%	57,0%	41,0%

R83	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R84	Gans	5,4%	27,9%	8,7%	28,4%	47,9%	42,5%
	Schwein	6,9%	37,0%	10,9%	38,7%	56,7%	49,8%
	Rind	0,0%	7,5%	5,3%	6,5%	22,3%	22,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,6%	8,9%	11,1%	37,9%	37,9%
	Pflanzen	0,0%	15,1%	10,7%	13,2%	45,2%	45,2%
R85a	Gans	0,0%	11,3%	7,2%	10,6%	31,3%	31,3%
	Schwein	0,0%	13,9%	8,9%	12,8%	33,5%	34,3%
	Rind	0,0%	30,3%	13,6%	31,5%	58,1%	58,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	20,6%	12,8%	19,4%	52,2%	52,2%
	Pflanzen	0,0%	23,8%	11,7%	24,8%	46,9%	46,9%
R86	Gans	0,0%	7,9%	5,4%	7,0%	23,1%	23,1%
	Schwein	0,0%	11,1%	7,5%	10,0%	32,2%	32,2%
	Rind	0,0%	22,5%	10,7%	22,8%	48,4%	48,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,8%	9,4%	12,3%	37,6%	37,6%
	Pflanzen	19,4%	44,7%	9,1%	46,1%	61,3%	41,9%
R87	Gans	8,5%	20,0%	4,5%	20,2%	30,6%	22,1%
	Schwein	43,9%	61,5%	6,3%	62,5%	72,5%	28,6%
	Rind	0,0%	3,8%	2,7%	3,3%	11,3%	11,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,3%	4,4%	5,5%	18,9%	18,9%
	Pflanzen	0,0%	8,5%	6,0%	7,5%	25,5%	25,5%
R89	Gans	3,8%	27,4%	9,2%	27,9%	48,6%	44,8%
	Schwein	4,4%	35,9%	11,2%	37,6%	56,3%	51,9%
	Rind	0,0%	7,8%	5,5%	6,8%	23,4%	23,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,4%	9,5%	11,7%	39,9%	39,9%
	Pflanzen	0,0%	15,5%	11,1%	13,6%	47,0%	47,0%
R96	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R97	Gans	27,7%	33,8%	2,4%	33,9%	39,2%	11,5%
	Schwein	45,2%	55,4%	3,6%	56,0%	61,8%	16,6%
	Rind	0,0%	2,1%	1,5%	1,8%	6,3%	6,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,5%	2,5%	3,1%	10,5%	10,5%
	Pflanzen	0,0%	5,2%	3,7%	4,6%	15,5%	15,5%
R99	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R100	Gans	0,0%	9,8%	6,9%	8,6%	29,2%	29,2%
	Schwein	12,4%	39,1%	10,5%	39,8%	63,3%	50,9%
	Rind	0,0%	9,8%	6,9%	8,7%	29,4%	29,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,7%	5,4%	6,8%	23,3%	23,3%
	Pflanzen	7,3%	33,6%	10,5%	33,8%	58,3%	51,1%
R107	Gans	21,9%	44,1%	8,0%	45,2%	59,6%	37,7%
	Schwein	0,0%	17,0%	8,5%	17,8%	38,0%	34,8%
	Rind	0,0%	9,4%	6,0%	8,9%	25,5%	25,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,0%	10,1%	15,0%	43,3%	43,3%
	Pflanzen	0,0%	13,5%	8,9%	12,5%	33,8%	33,8%

R112	Gans	0,0%	5,2%	3,3%	4,8%	14,4%	14,4%
	Schwein	61,4%	76,8%	5,6%	77,5%	86,9%	25,5%
	Rind	0,0%	4,1%	2,7%	3,8%	10,9%	10,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,1%	2,7%	3,8%	11,5%	11,5%
	Pflanzen	0,0%	9,8%	5,5%	9,4%	24,2%	24,2%
R115	Gans	68,8%	76,1%	3,6%	75,7%	84,3%	15,6%
	Schwein	0,0%	2,4%	1,6%	2,2%	6,9%	6,9%
	Rind	0,0%	5,6%	3,8%	5,1%	14,7%	14,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,3%	5,9%	14,0%	24,4%	24,4%
	Pflanzen	0,0%	2,6%	1,8%	2,3%	24,4%	24,4%
R116	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R117	Gans	0,0%	22,7%	11,0%	23,7%	46,0%	46,0%
	Schwein	0,0%	24,1%	11,6%	25,2%	46,4%	46,4%
	Rind	0,0%	13,7%	8,5%	12,9%	36,2%	36,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	20,1%	12,4%	19,1%	49,8%	49,8%
	Pflanzen	0,0%	19,4%	11,8%	18,5%	46,0%	46,0%
R120	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R121	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R123	Gans	0,0%	27,5%	10,6%	28,3%	49,8%	49,8%
	Schwein	0,0%	30,4%	12,4%	32,1%	53,6%	53,6%
	Rind	0,0%	9,2%	6,4%	8,1%	27,2%	27,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,4%	11,0%	13,3%	46,3%	46,3%
	Pflanzen	0,0%	17,5%	12,2%	15,4%	48,5%	48,5%
R130	Gans	35,7%	49,3%	6,5%	48,5%	66,5%	30,8%
	Schwein	0,0%	3,8%	2,7%	3,3%	11,4%	11,4%
	Rind	0,0%	9,4%	6,6%	8,3%	27,9%	27,9%
	Schaf/Ziege	5,6%	33,6%	10,3%	35,1%	52,9%	47,3%
	Pflanzen	0,0%	3,9%	2,8%	3,4%	11,9%	11,9%
R135	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R136	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R138	Gans	9,9%	27,6%	6,9%	28,0%	43,5%	33,6%
	Schwein	18,9%	44,2%	9,0%	45,6%	60,2%	41,3%
	Rind	0,0%	6,0%	4,2%	5,3%	17,6%	17,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,9%	7,0%	8,6%	29,8%	29,8%
	Pflanzen	0,0%	12,4%	8,8%	10,8%	37,6%	37,6%

R139	Gans	0,0%	10,6%	7,5%	9,4%	31,6%	31,6%
	Schwein	1,6%	28,3%	10,5%	28,9%	52,5%	50,9%
	Rind	0,0%	10,5%	7,4%	9,1%	31,4%	31,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,3%	5,9%	7,3%	25,0%	25,0%
	Pflanzen	16,1%	42,3%	10,4%	42,9%	66,8%	50,7%
R144	Gans	26,6%	39,0%	4,8%	39,3%	49,8%	23,3%
	Schwein	20,5%	39,5%	6,8%	40,7%	51,7%	31,2%
	Rind	0,0%	4,3%	3,1%	3,8%	13,0%	13,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,3%	5,1%	6,5%	21,8%	21,8%
	Pflanzen	0,0%	9,9%	7,0%	8,6%	29,7%	29,7%
R145	Gans	24,0%	45,9%	8,0%	46,9%	61,3%	37,3%
	Schwein	0,0%	13,6%	7,2%	13,9%	29,9%	29,9%
	Rind	0,0%	10,5%	6,6%	9,9%	27,2%	27,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,2%	10,8%	17,7%	46,1%	46,1%
	Pflanzen	0,0%	11,8%	7,6%	11,2%	29,5%	29,5%
R146	Gans	58,0%	68,5%	4,9%	68,1%	79,0%	21,0%
	Schwein	0,0%	3,5%	2,3%	3,2%	9,9%	9,9%
	Rind	0,0%	7,5%	5,1%	6,8%	19,2%	19,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,7%	7,8%	17,6%	32,0%	32,0%
	Pflanzen	0,0%	3,8%	2,6%	3,5%	10,8%	10,8%
R155	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R156	Gans	0,0%	10,2%	6,3%	9,3%	27,6%	27,6%
	Schwein	29,8%	56,4%	9,7%	57,5%	74,0%	44,2%
	Rind	0,0%	8,0%	5,3%	7,4%	21,5%	21,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,1%	5,4%	7,5%	22,6%	22,6%
	Pflanzen	0,0%	17,4%	9,6%	16,8%	42,6%	42,6%
R157	Gans	0,0%	14,0%	8,4%	13,5%	35,1%	35,1%
	Schwein	0,0%	12,8%	7,9%	12,2%	31,2%	31,2%
	Rind	0,0%	29,1%	13,1%	30,4%	55,9%	55,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	24,6%	14,2%	24,1%	57,2%	57,2%
	Pflanzen	0,0%	19,6%	10,5%	20,1%	41,8%	41,8%
R158	Gans	0,0%	23,1%	11,6%	23,3%	47,6%	47,6%
	Schwein	0,0%	12,9%	7,3%	12,8%	29,9%	29,9%
	Rind	0,0%	18,6%	11,0%	17,8%	45,0%	45,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	32,7%	16,8%	33,9%	66,2%	66,2%
	Pflanzen	0,0%	12,7%	7,7%	12,3%	32,0%	32,0%
R171	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R175b	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R199	Gans	3,1%	5,5%	0,9%	5,5%	7,7%	4,6%
	Schwein	86,8%	90,8%	1,4%	91,0%	93,2%	6,4%
	Rind	0,0%	0,7%	0,5%	0,7%	2,2%	2,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,2%	0,9%	1,1%	3,7%	3,7%
	Pflanzen	0,0%	1,8%	1,3%	1,6%	5,4%	5,4%

R201	Gans	0,0%	19,6%	11,0%	19,2%	44,1%	44,1%
	Schwein	0,0%	10,3%	6,1%	0,0%	25,9%	25,9%
	Rind	0,0%	22,8%	12,3%	22,3%	50,4%	50,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	34,5%	17,3%	36,0%	67,5%	67,5%
	Pflanzen	0,0%	12,7%	7,5%	12,5%	31,2%	31,2%
R208	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R212	Gans	0,0%	12,1%	7,8%	11,3%	32,6%	32,6%
	Schwein	0,0%	18,2%	11,0%	17,1%	43,7%	43,7%
	Rind	0,0%	23,3%	12,6%	22,9%	52,2%	52,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	16,8%	10,8%	15,6%	44,2%	44,2%
	Pflanzen	0,0%	29,5%	13,0%	31,3%	53,1%	53,1%
R214	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R216	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R221	Gans	0,0%	29,1%	11,8%	30,7%	51,0%	51,0%
	Schwein	0,0%	18,7%	9,8%	19,2%	40,1%	40,1%
	Rind	0,0%	13,3%	8,5%	12,5%	35,5%	35,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	23,8%	14,2%	22,8%	59,3%	59,3%
	Pflanzen	0,0%	15,2%	9,7%	14,1%	37,7%	37,7%
R227	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R247	Gans	17,7%	25,1%	28,8%	25,2%	31,8%	14,0%
	Schwein	50,6%	62,5%	4,3%	63,2%	70,0%	19,3%
	Rind	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,3%	7,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	4,1%	2,9%	3,6%	12,3%	12,3%
	Pflanzen	0,0%	5,9%	4,2%	5,1%	17,6%	17,6%
R249	Gans	7,1%	10,0%	1,2%	10,0%	12,7%	5,6%
	Schwein	80,5%	85,4%	1,7%	85,6%	88,3%	7,8%
	Rind	0,0%	0,9%	0,7%	0,8%	2,7%	2,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,5%	1,1%	1,3%	4,6%	4,6%
	Pflanzen	0,0%	2,2%	1,6%	2,0%	6,8%	6,8%
R260	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R261	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x

R273	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R293	Gans	0,0%	6,6%	4,7%	5,9%	19,9%	19,9%
	Schwein	33,4%	52,8%	7,5%	53,2%	70,4%	37,0%
	Rind	0,0%	6,5%	4,6%	5,7%	19,4%	19,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,2%	3,7%	4,5%	15,7%	15,7%
	Pflanzen	10,2%	28,8%	7,4%	29,1%	46,7%	36,5%
R297	Gans	66,3%	74,9%	3,7%	74,8%	82,2%	16,0%
	Schwein	0,0%	3,8%	2,3%	3,7%	9,8%	9,8%
	Rind	0,0%	5,9%	3,8%	5,5%	14,4%	14,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,3%	5,9%	11,6%	22,4%	23,9%
	Pflanzen	0,0%	4,1%	2,6%	3,9%	10,9%	10,9%
R298	Gans	0,0%	11,6%	7,7%	10,6%	31,4%	31,4%
	Schwein	0,0%	19,8%	11,3%	19,0%	49,1%	49,1%
	Rind	0,0%	18,3%	11,2%	17,1%	48,2%	48,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,4%	8,9%	12,3%	36,8%	36,8%
	Pflanzen	2,7%	36,9%	12,5%	38,8%	59,3%	56,5%
R301	Gans	26,7%	29,4%	1,1%	29,5%	32,0%	5,3%
	Schwein	60,8%	65,6%	1,8%	65,9%	68,6%	7,8%
	Rind	0,0%	0,9%	0,7%	0,8%	2,8%	2,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,6%	1,1%	1,4%	4,7%	4,7%
	Pflanzen	0,0%	2,4%	1,7%	2,1%	7,3%	7,3%
R308	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R309	Gans	0,0%	16,0%	7,4%	16,2%	33,8%	33,8%
	Schwein	27,7%	54,5%	9,4%	56,0%	70,6%	42,9%
	Rind	0,0%	6,3%	4,4%	5,6%	18,6%	18,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,4%	7,2%	9,3%	28,6%	28,4%
	Pflanzen	0,0%	12,9%	9,0%	11,4%	38,5%	38,5%
R310	Gans	62,4%	63,9%	0,6%	64,0%	65,1%	2,7%
	Schwein	30,0%	32,9%	1,0%	33,0%	34,6%	4,7%
	Rind	0,0%	0,6%	0,4%	0,5%	1,8%	17,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	29,4%	2,9%
	Pflanzen	0,0%	1,6%	1,2%	1,4%	4,9%	4,9%
R317	Gans	10,5%	12,1%	0,6%	12,1%	13,6%	3,1%
	Schwein	82,6%	85,3%	1,0%	85,5%	86,9%	4,4%
	Rind	0,0%	0,5%	0,4%	0,4%	1,5%	1,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	0,8%	0,6%	0,8%	2,5%	2,5%
	Pflanzen	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,8%	3,8%
R318	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R320	Gans	0,0%	10,8%	7,0%	10,1%	29,0%	29,0%
	Schwein	0,0%	10,4%	6,7%	9,8%	26,1%	26,1%
	Rind	5,7%	39,8%	12,5%	41,3%	62,1%	58,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	21,2%	12,8%	20,5%	54,6%	54,6%
	Pflanzen	0,0%	17,8%	9,5%	18,1%	39,7%	39,7%

R324	Gans	0,0%	10,3%	6,2%	9,7%	27,0%	27,0%
	Schwein	32,9%	59,6%	9,3%	59,6%	75,1%	42,1%
	Rind	0,0%	7,3%	4,8%	6,8%	19,9%	19,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	7,9%	5,3%	7,2%	22,1%	22,1%
	Pflanzen	0,0%	16,0%	9,1%	15,3%	40,1%	40,1%
R326	Gans	0,0%	16,7%	10,0%	15,7%	41,6%	41,6%
	Schwein	0,0%	32,8%	13,5%	34,5%	57,0%	57,0%
	Rind	0,0%	12,8%	8,4%	11,9%	34,2%	34,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,7%	8,8%	12,6%	37,2%	37,2%
	Pflanzen	0,0%	24,1%	13,8%	23,2%	56,6%	56,6%
R328	Gans	0,0%	22,7%	11,2%	23,1%	46,4%	46,4%
	Schwein	0,0%	13,9%	7,8%	14,0%	32,0%	32,0%
	Rind	0,0%	18,9%	11,0%	18,2%	44,8%	44,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	30,2%	16,2%	30,9%	63,4%	63,4%
	Pflanzen	0,0%	14,3%	8,4%	14,0%	34,5%	34,5%
R330	Gans	0,0%	8,1%	5,1%	7,4%	22,1%	22,1%
	Schwein	42,0%	64,2%	8,2%	65,0%	79,4%	37,4%
	Rind	0,0%	6,4%	4,3%	5,8%	17,4%	17,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,3%	4,2%	5,8%	17,9%	17,9%
	Pflanzen	0,0%	15,1%	8,1%	14,8%	35,9%	35,9%
R332	Gans	0,0%	4,9%	3,5%	4,3%	14,5%	14,5%
	Schwein	0,0%	6,0%	4,3%	5,3%	18,4%	18,4%
	Rind	14,8%	33,8%	7,3%	34,3%	50,7%	35,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,3%	6,6%	8,1%	28,1%	28,1%
	Pflanzen	30,9%	45,9%	5,5%	46,6%	57,2%	26,3%
R337	Gans	0,0%	15,4%	9,0%	15,1%	37,6%	37,6%
	Schwein	0,0%	19,7%	10,7%	19,7%	42,5%	42,5%
	Rind	0,0%	21,1%	11,3%	21,0%	47,4%	47,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	19,6%	11,7%	19,3%	48,1%	48,1%
	Pflanzen	0,0%	24,2%	12,3%	25,2%	48,8%	48,8%
R340	Gans	0,0%	1,9%	13,2%	1,7%	5,6%	5,6%
	Schwein	0,0%	2,2%	1,6%	1,9%	6,6%	6,6%
	Rind	51,7%	59,3%	3,0%	59,5%	66,1%	14,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,7%	2,6%	3,2%	11,0%	11,0%
	Pflanzen	27,3%	32,9%	2,1%	33,2%	37,3%	10,1%
R344	Gans	19,9%	37,7%	6,9%	38,1%	53,4%	33,4%
	Schwein	7,2%	32,7%	9,1%	34,1%	49,0%	41,9%
	Rind	0,0%	6,1%	4,3%	5,4%	18,4%	18,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	10,5%	7,4%	9,3%	31,1%	31,1%
	Pflanzen	0,0%	13,1%	9,3%	11,4%	39,5%	39,5%
R345	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R348	Gans	40,0%	41,7%	0,7%	41,8%	43,2%	3,2%
	Schwein	52,0%	55,1%	1,1%	55,2%	57,0%	5,0%
	Rind	0,0%	0,6%	0,4%	0,5%	1,8%	1,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,0%	0,7%	0,9%	3,0%	3,0%
	Pflanzen	0,0%	1,6%	1,1%	1,4%	4,8%	4,8%
R348b	Gans	57,8%	67,5%	3,6%	68,0%	74,4%	16,7%
	Schwein	0,0%	13,1%	5,5%	13,9%	23,1%	23,1%
	Rind	0,0%	3,9%	2,7%	3,5%	11,5%	11,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,4%	4,5%	5,7%	19,1%	19,1%
	Pflanzen	0,0%	9,0%	6,3%	8,0%	24,6%	24,6%

R351	Gans	12,7%	18,7%	2,4%	18,8%	24,4%	11,7%
	Schwein	61,3%	71,2%	3,5%	71,8%	77,4%	16,1%
	Rind	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	5,9%	5,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	3,3%	2,3%	2,9%	9,9%	9,9%
	Pflanzen	0,0%	4,7%	3,4%	4,1%	14,3%	14,3%
R358	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R361	Gans	0,0%	9,0%	5,8%	8,4%	23,0%	23,0%
	Schwein	0,0%	5,8%	3,7%	5,6%	15,0%	15,0%
	Rind	32,2%	56,9%	9,0%	58,1%	74,4%	41,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,9%	10,3%	19,1%	43,8%	43,8%
	Pflanzen	0,0%	9,4%	5,6%	9,2%	24,0%	24,0%
R368	Gans	0,0%	14,1%	8,6%	13,0%	37,1%	37,1%
	Schwein	9,6%	42,5%	12,2%	44,0%	64,4%	54,8%
	Rind	0,0%	10,6%	7,1%	9,6%	28,7%	28,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	11,2%	7,4%	10,3%	30,9%	30,9%
	Pflanzen	0,0%	21,6%	12,2%	20,8%	53,2%	53,2%
R370	Gans	23,2%	45,3%	8,1%	46,3%	61,0%	37,8%
	Schwein	0,0%	13,7%	7,3%	14,0%	30,2%	30,2%
	Rind	0,0%	10,5%	6,6%	10,0%	27,4%	27,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,5%	10,9%	18,1%	46,6%	46,6%
	Pflanzen	0,0%	12,0%	7,6%	11,5%	29,7%	29,7%
R370b	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R371	Gans	0,0%	23,3%	11,1%	24,1%	46,5%	46,5%
	Schwein	0,0%	23,4%	11,4%	24,7%	45,4%	45,4%
	Rind	0,0%	13,7%	8,5%	12,9%	36,3%	36,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	21,0%	12,8%	19,8%	51,2%	51,2%
	Pflanzen	0,0%	18,7%	11,54%	17,5%	44,8%	44,8%
R372	Gans	15,6%	40,4%	9,2%	41,4%	58,2%	42,6%
	Schwein	0,0%	13,6%	7,4%	13,8%	31,1%	31,1%
	Rind	0,0%	12,1%	8,8%	11,6%	31,2%	31,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	21,9%	12,6%	21,7%	53,3%	53,3%
	Pflanzen	0,0%	12,0%	7,6%	11,3%	30,1%	30,1%
R373	Gans	0,0%	17,3%	10,0%	16,7%	42,4%	42,4%
	Schwein	0,0%	34,2%	13,3%	35,9%	58,1%	58,1%
	Rind	0,0%	12,1%	8,0%	11,1%	32,6%	32,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	13,2%	8,9%	12,1%	36,8%	36,8%
	Pflanzen	0,0%	23,2%	13,5%	22,1%	56,8%	56,8%
R374	Gans	0,0%	9,0%	5,9%	8,2%	24,6%	24,6%
	Schwein	0,0%	13,1%	8,0%	12,1%	34,8%	34,8%
	Rind	0,0%	16,9%	9,4%	16,5%	41,2%	41,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,1%	8,0%	11,1%	32,5%	32,5%
	Pflanzen	24,0%	49,0%	8,9%	50,4%	64,8%	40,8%
R376	Gans	0,0%	9,0%	5,9%	8,3%	25,1%	25,1%
	Schwein	0,0%	10,2%	6,9%	9,2%	26,2%	26,2%
	Rind	12,6%	44,5%	11,9%	45,7%	68,0%	55,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,1%	11,0%	15,5%	47,6%	47,6%
	Pflanzen	0,0%	19,2%	9,5%	20,1%	39,8%	39,8%

R377	Gans	0,0%	13,5%	8,3%	12,9%	34,4%	34,4%
	Schwein	0,0%	11,9%	7,3%	11,3%	29,1%	29,1%
	Rind	0,0%	30,9%	13,2%	32,5%	57,5%	57,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	25,3%	14,4%	25,2%	58,7%	58,7%
	Pflanzen	0,0%	18,4%	10,1%	18,7%	40,7%	40,6%
R378	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R380	Gans	30,8%	46,1%	5,9%	46,7%	59,2%	28,4%
	Schwein	4,4%	27,1%	8,1%	28,4%	41,7%	37,3%
	Rind	0,0%	5,5%	3,9%	4,8%	16,4%	16,4%
	Schaf/Ziege	0,0%	9,2%	6,5%	8,1%	27,5%	27,5%
	Pflanzen	0,0%	12,0%	8,6%	10,6%	36,4%	36,4%
R384	Gans	3,2%	27,6%	10,8%	26,7%	55,2%	52,0%
	Schwein	0,0%	6,5%	4,6%	5,7%	19,6%	19,6%
	Rind	0,0%	15,3%	10,7%	13,4%	44,6%	44,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	44,3%	16,7%	46,5%	77,2%	77,2%
	Pflanzen	0,0%	6,3%	4,4%	5,6%	19,0%	19,0%
R385	Gans	0,0%	13,8%	8,3%	13,0%	35,2%	35,2%
	Schwein	0,0%	19,3%	11,0%	18,7%	43,6%	43,6%
	Rind	0,0%	21,9%	12,0%	21,7%	49,3%	49,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	18,0%	11,1%	17,2%	45,7%	45,7%
	Pflanzen	0,0%	27,0%	12,8%	28,4%	51,2%	51,2%
R397	Gans	0,0%	9,1%	6,3%	8,1%	27,0%	27,0%
	Schwein	0,0%	13,0%	9,0%	11,5%	35,5%	35,5%
	Rind	0,0%	33,0%	13,8%	33,8%	62,2%	62,2%
	Schaf/Ziege	0,0%	17,1%	11,9%	15,0%	49,0%	49,0%
	Pflanzen	0,0%	27,8%	11,9%	29,4%	50,7%	50,7%
R398	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R401	Gans	0,0%	15,6%	9,5%	14,7%	38,6%	38,6%
	Schwein	0,0%	25,6%	12,7%	26,2%	50,8%	50,8%
	Rind	0,0%	16,6%	10,2%	15,6%	41,5%	41,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,6%	9,7%	14,7%	41,0%	41,0%
	Pflanzen	0,0%	26,7%	13,6%	27,3%	54,2%	54,2%
R403	Gans	0,0%	7,8%	4,5%	7,4%	19,7%	19,7%
	Schwein	51,8%	71,0%	6,8%	72,1%	82,5%	30,7%
	Rind	0,0%	4,7%	3,2%	4,4%	13,1%	13,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	6,0%	4,0%	5,5%	16,0%	16,0%
	Pflanzen	0,0%	10,5%	6,5%	9,7%	28,4%	28,4%
R404	Gans	11,4%	33,2%	8,4%	33,8%	52,4%	40,9%
	Schwein	2,5%	32,0%	10,5%	33,7%	51,2%	48,7%
	Rind	0,0%	7,3%	5,2%	6,5%	22,0%	22,0%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,5%	8,9%	10,9%	37,3%	37,3%
	Pflanzen	0,0%	15,0%	10,6%	13,2%	45,1%	45,1%
R406	Gans	0,0%	20,1%	8,7%	20,4%	40,7%	40,7%
	Schwein	14,9%	45,3%	10,8%	47,1%	64,2%	49,3%
	Rind	0,0%	7,4%	5,2%	6,5%	22,1%	22,1%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,4%	8,7%	10,9%	35,2%	35,2%
	Pflanzen	0,0%	14,8%	10,4%	12,8%	44,4%	44,4%

R407	Gans	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
R424	Gans	52,5%	54,6%	0,8%	54,7%	56,2%	3,7%
	Schwein	37,5%	41,3%	1,3%	41,5%	43,7%	6,1%
	Rind	0,0%	0,8%	0,5%	0,7%	2,3%	2,3%
	Schaf/Ziege	0,0%	1,3%	0,9%	1,1%	3,8%	3,8%
	Pflanzen	0,0%	2,1%	1,5%	1,8%	6,2%	6,2%
R537	Gans	0,0%	8,9%	6,3%	7,8%	26,8%	26,8%
	Schwein	0,0%	3,3%	2,3%	2,9%	9,8%	9,8%
	Rind	0,0%	15,7%	7,7%	15,1%	35,8%	35,8%
	Schaf/Ziege	37,4%	66,8%	10,4%	68,5%	84,8%	47,4%
	Pflanzen	0,0%	5,3%	3,7%	4,7%	15,1%	15,1%

18 Deutschland (Hoch-/Spätmittelalter) – Zeholfing

18.1 IsoConc: Abbildungen

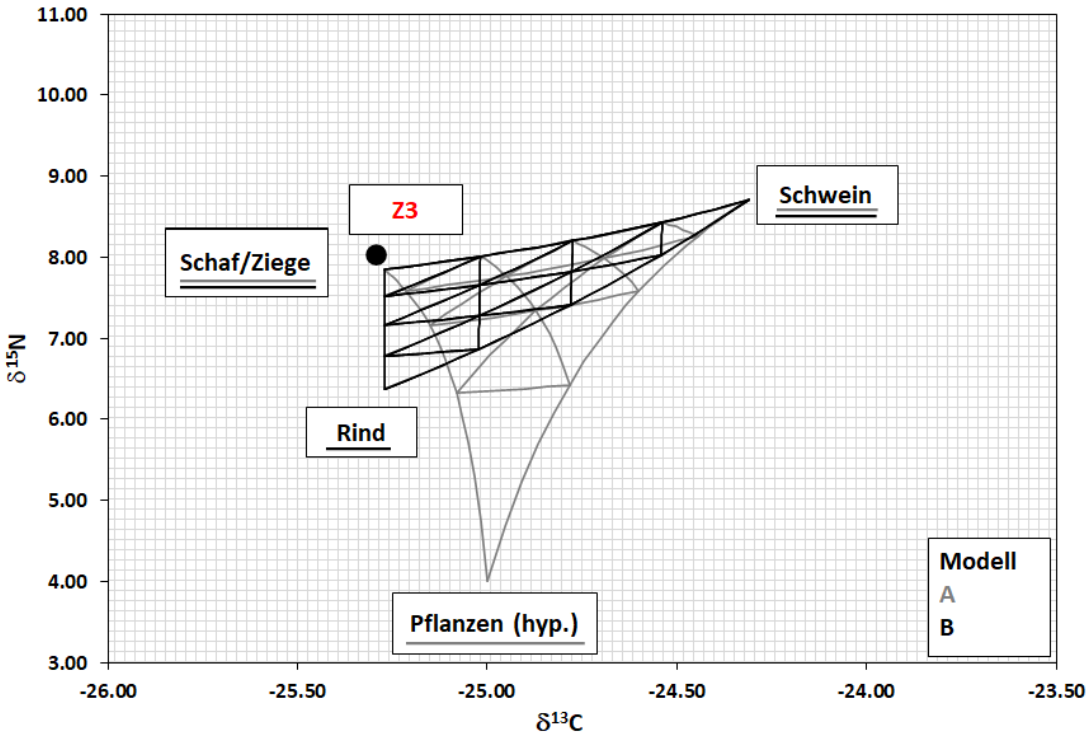


Abbildung 2635: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 3. Erstellt mit IsoConc.

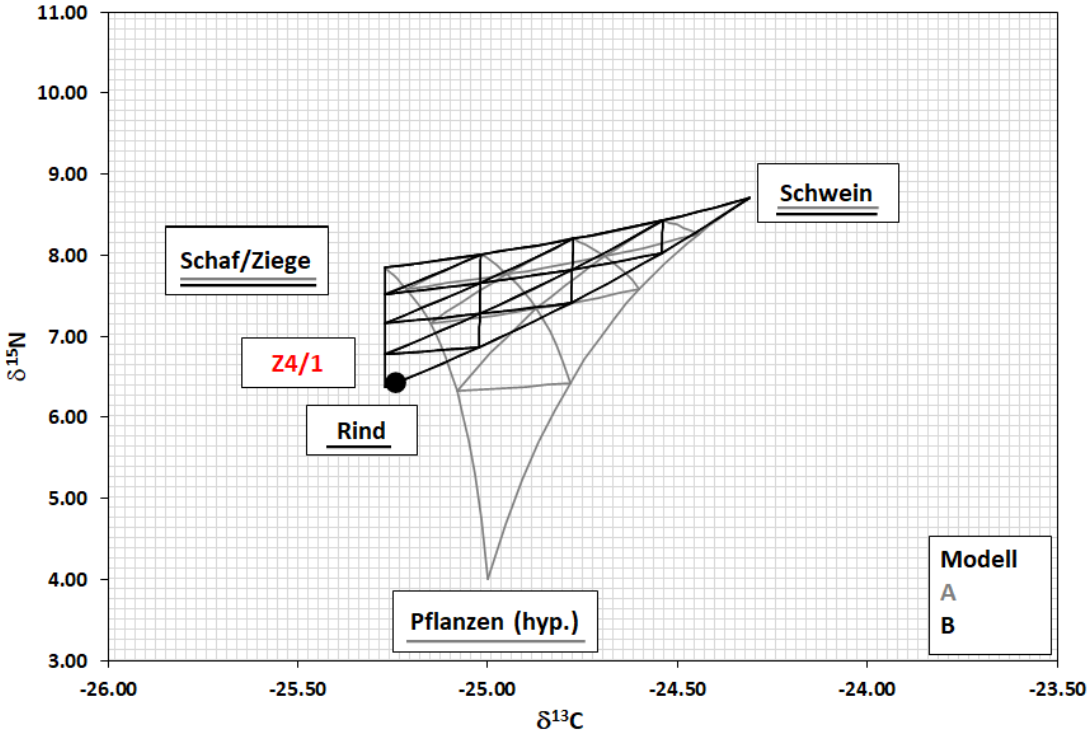


Abbildung 2636: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 4/1. Erstellt mit IsoConc.

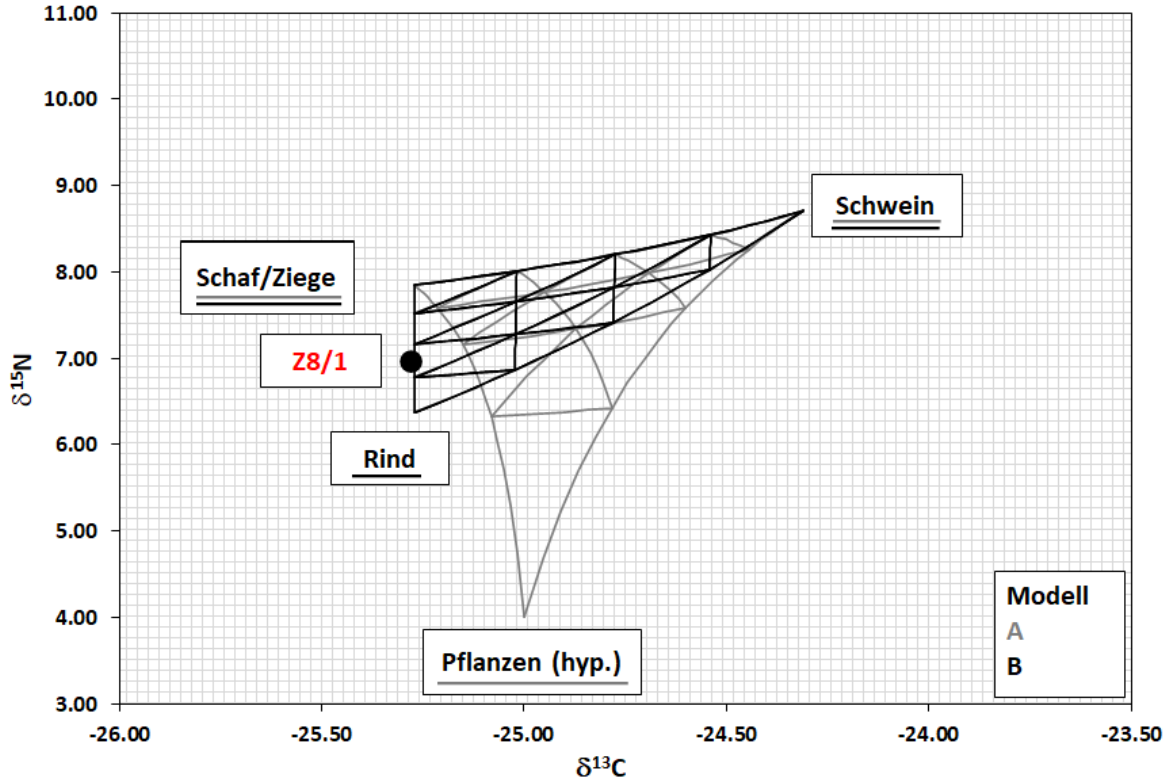


Abbildung 2637: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 8/1. Erstellt mit IsoConc.

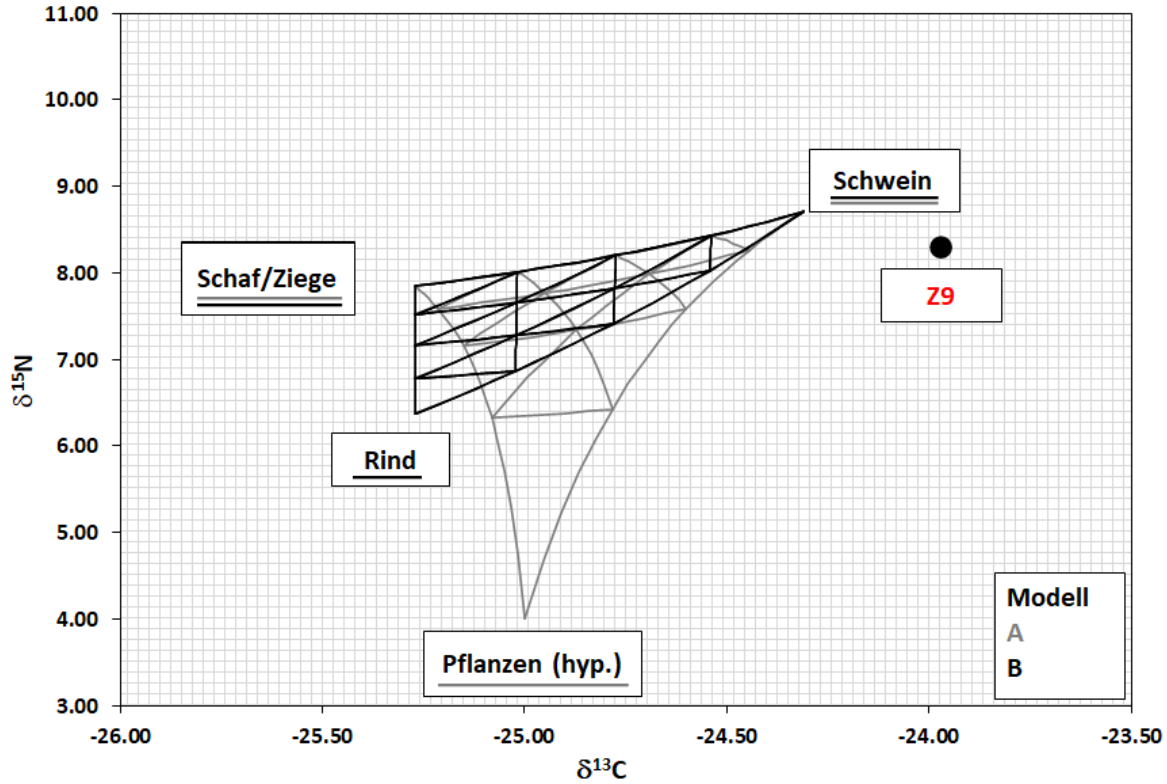


Abbildung 2638: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 9. Erstellt mit IsoConc.

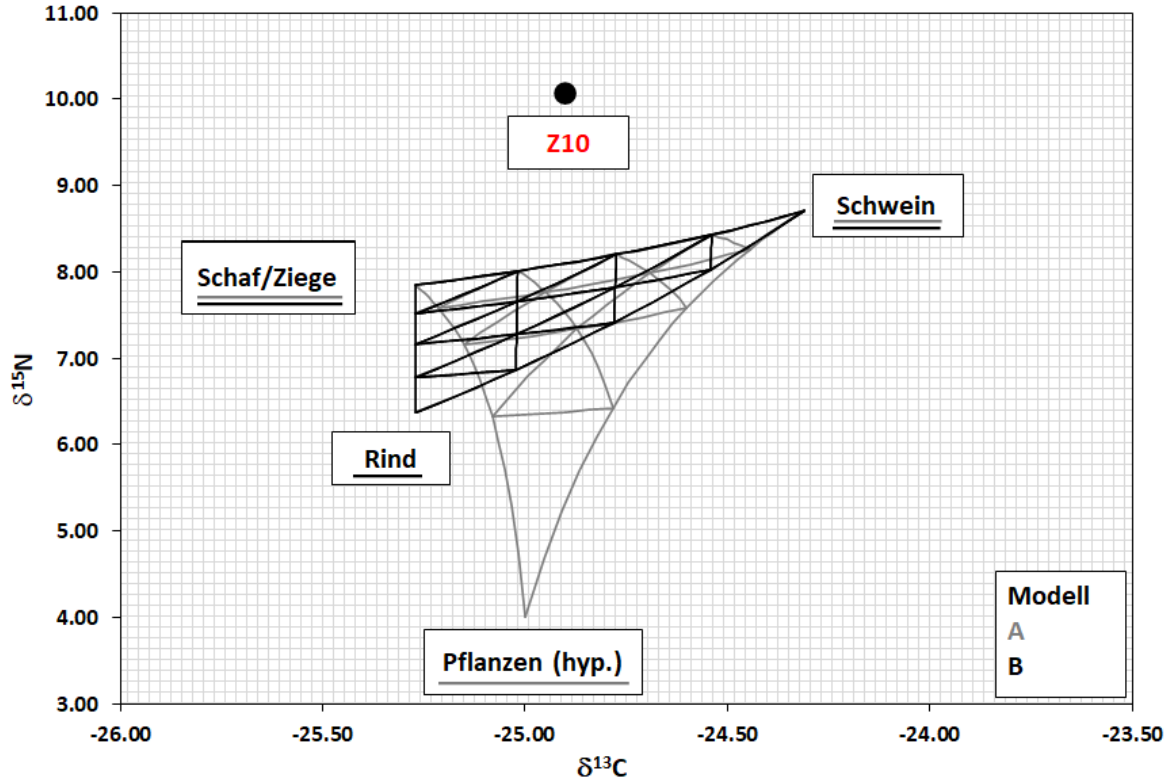


Abbildung 2639: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 10. Erstellt mit IsoConc.

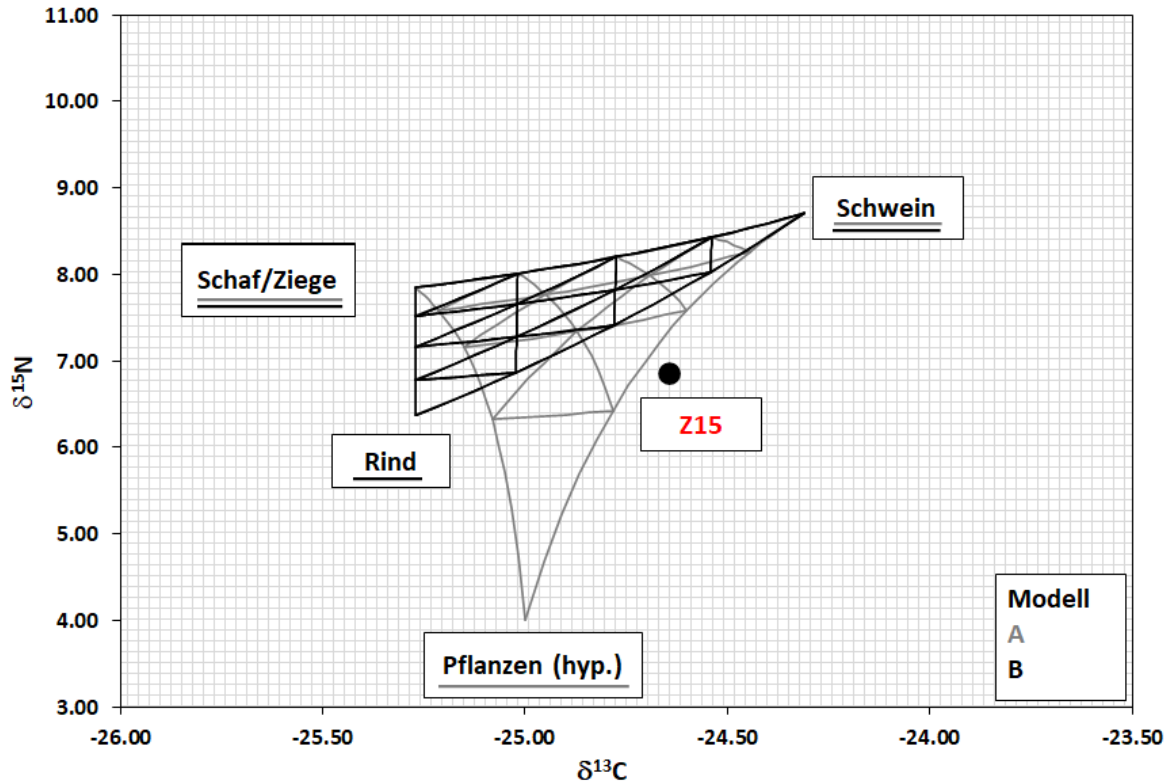


Abbildung 2640: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 15. Erstellt mit IsoConc.

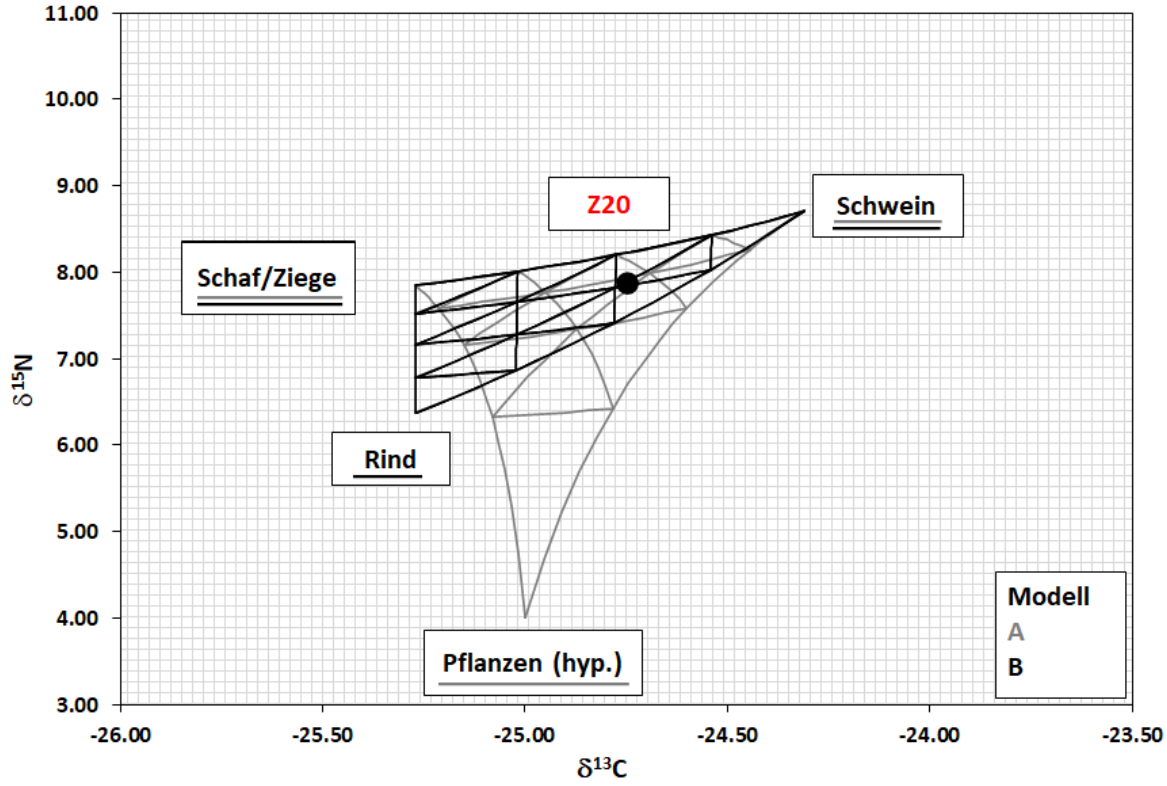


Abbildung 2641: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 20. Erstellt mit IsoConc.

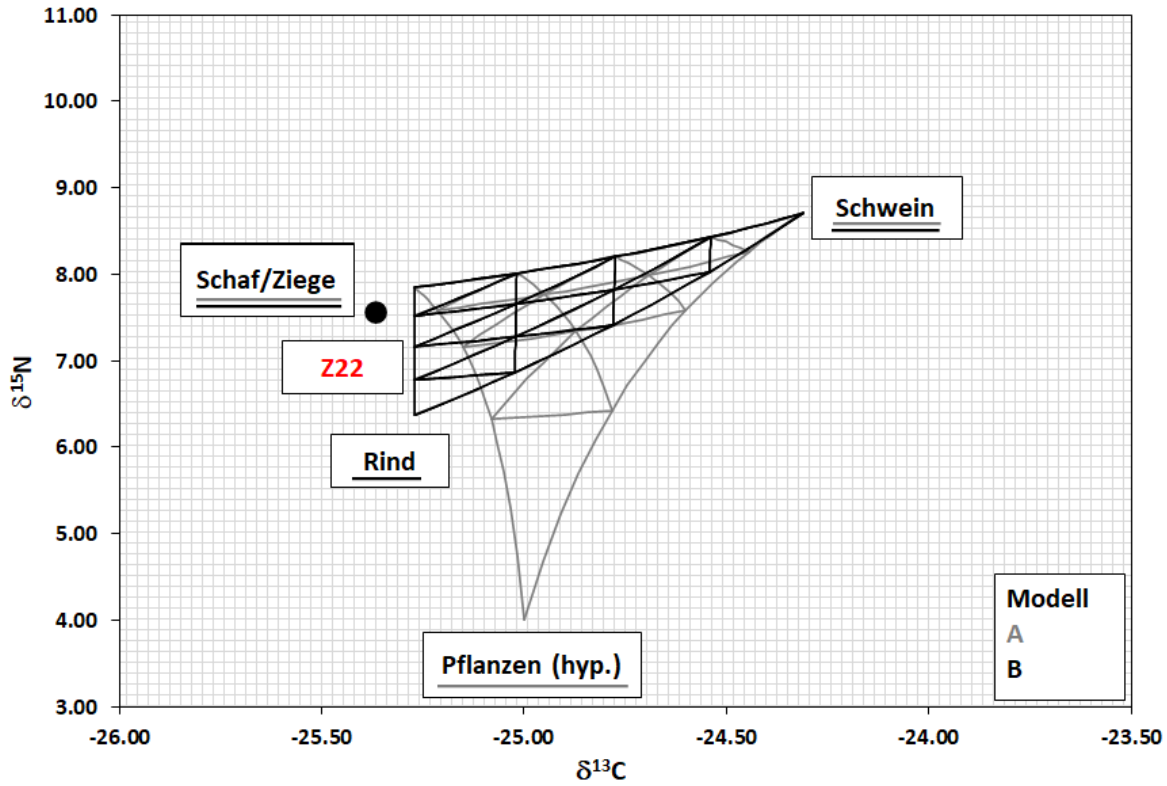


Abbildung 2642: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 22. Erstellt mit IsoConc.

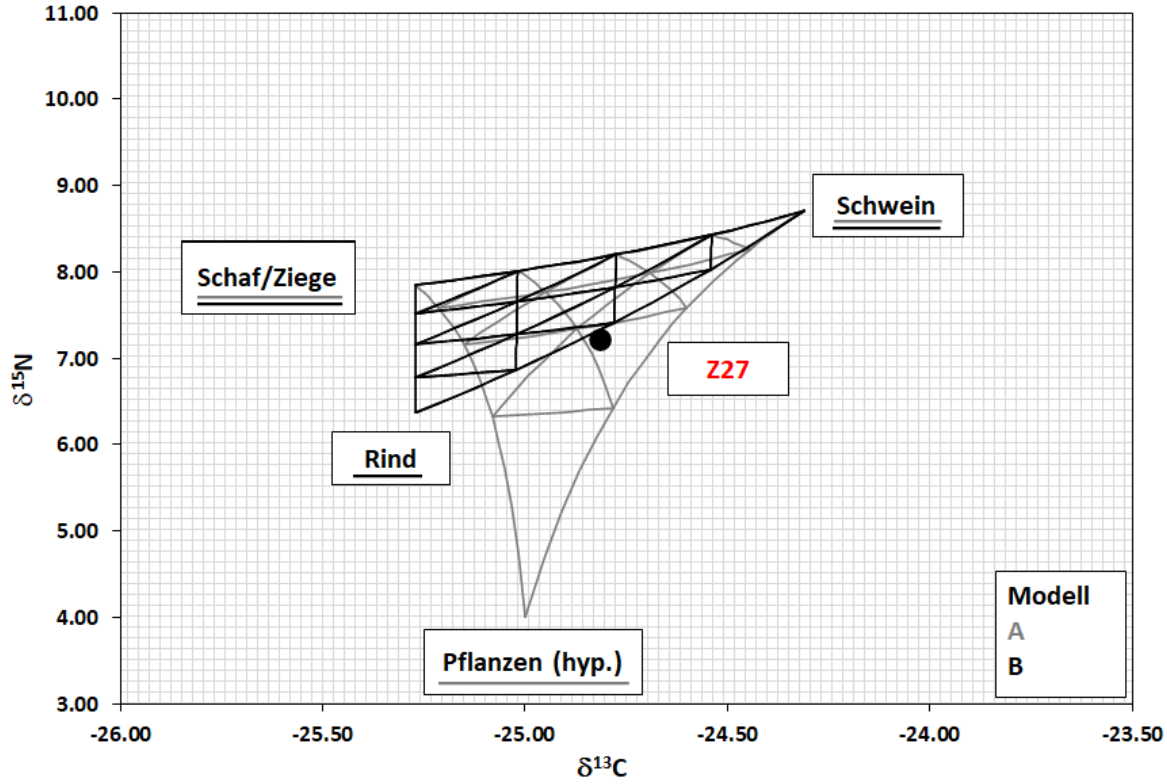


Abbildung 2643: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 27. Erstellt mit IsoConc.

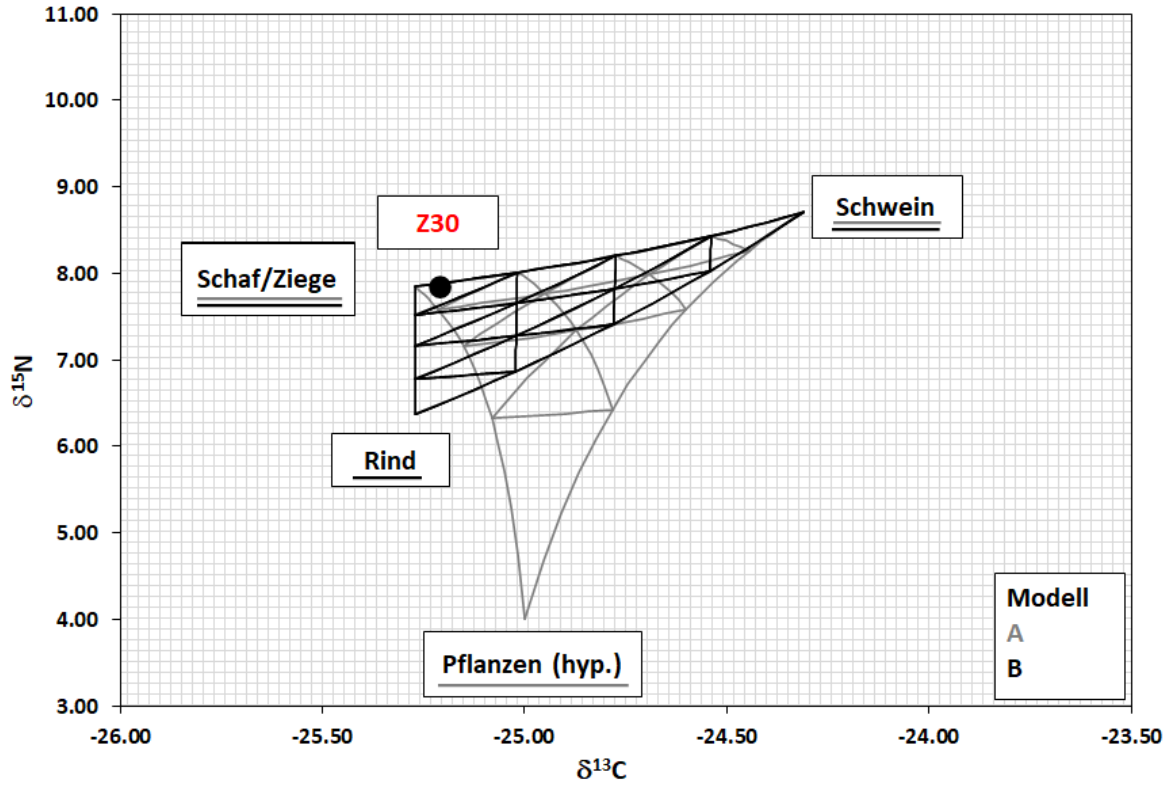


Abbildung 2644: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 30. Erstellt mit IsoConc.

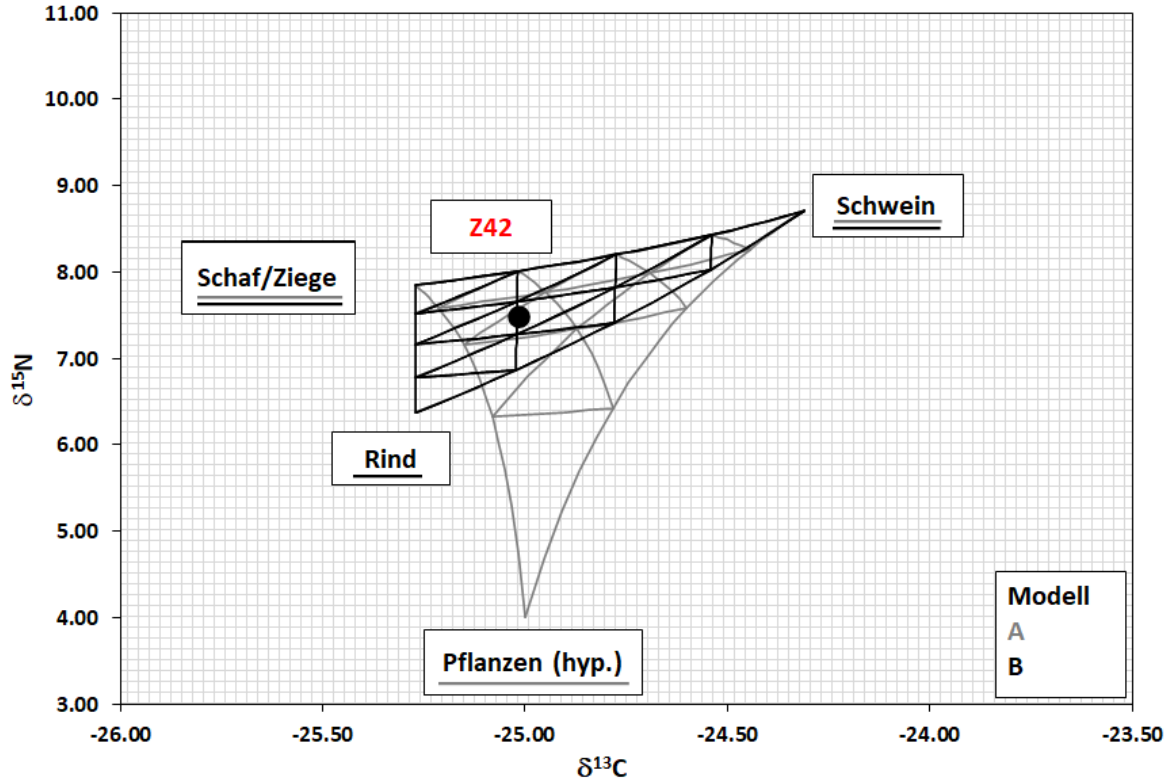


Abbildung 2645: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 42. Erstellt mit IsoConc.

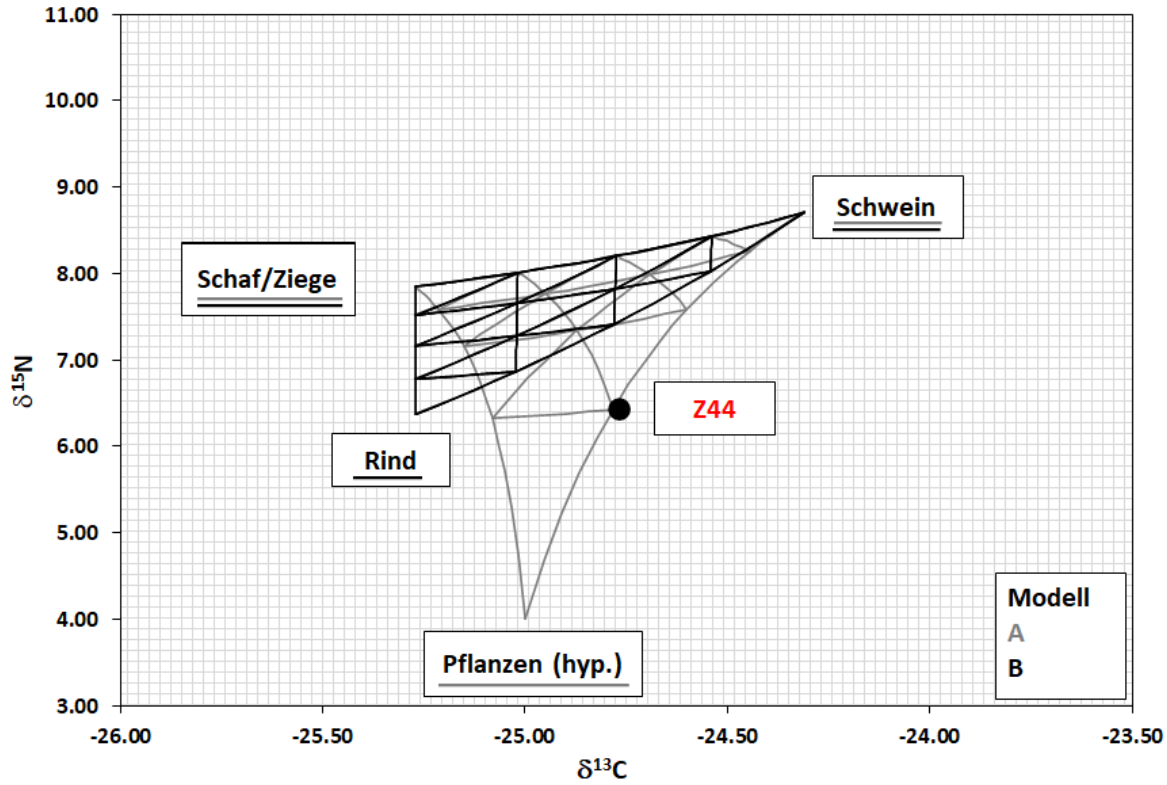


Abbildung 2646: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 44. Erstellt mit IsoConc.

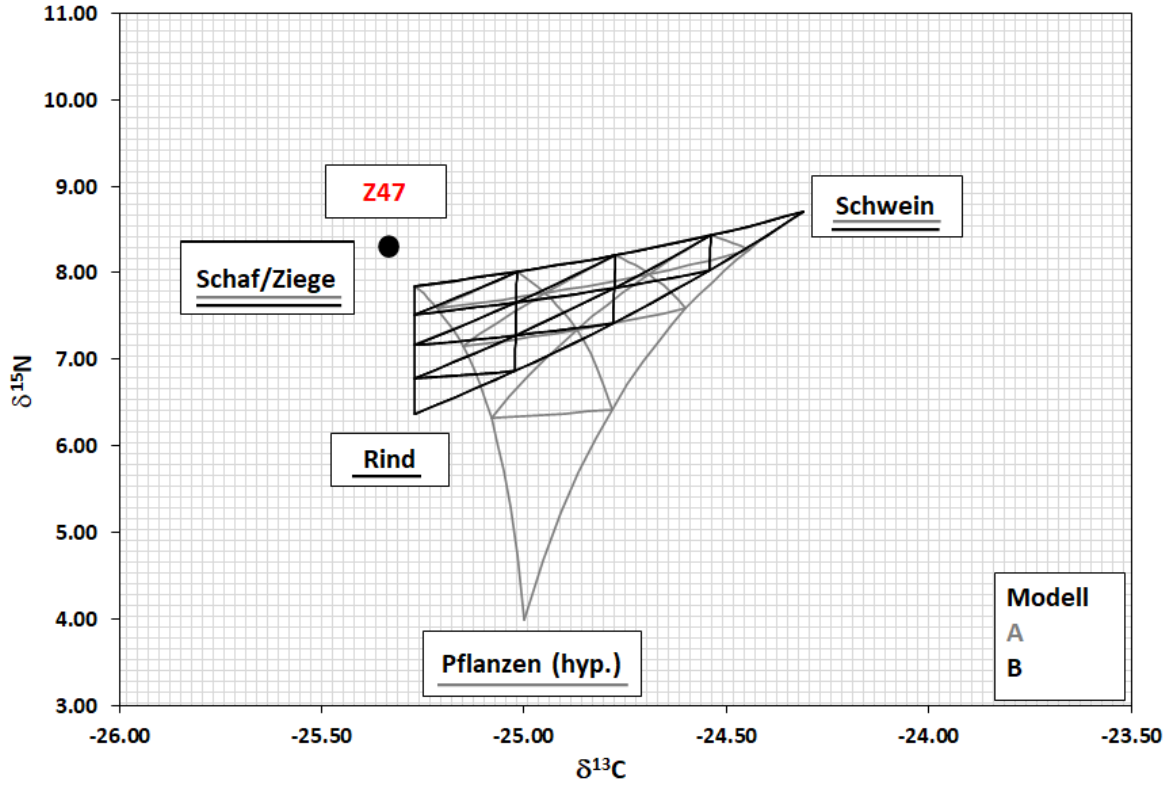


Abbildung 2647: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 47. Erstellt mit IsoConc.

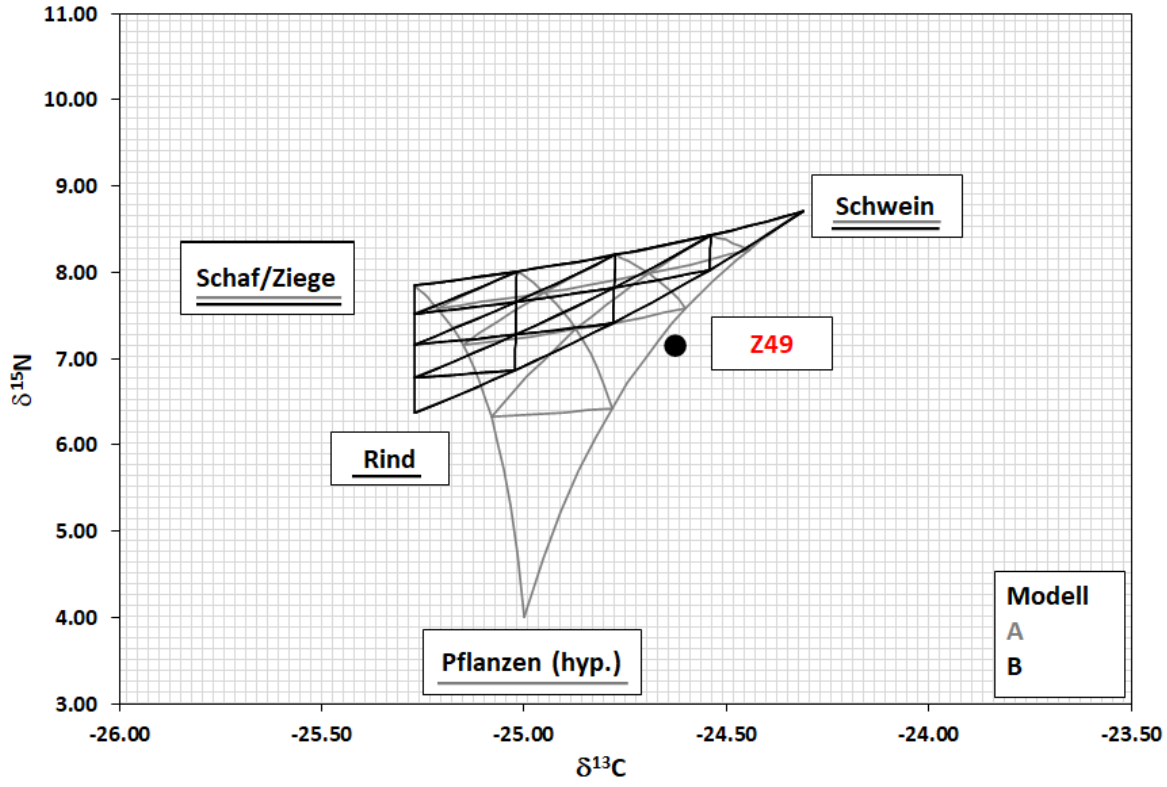


Abbildung 2648: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 49. Erstellt mit IsoConc.

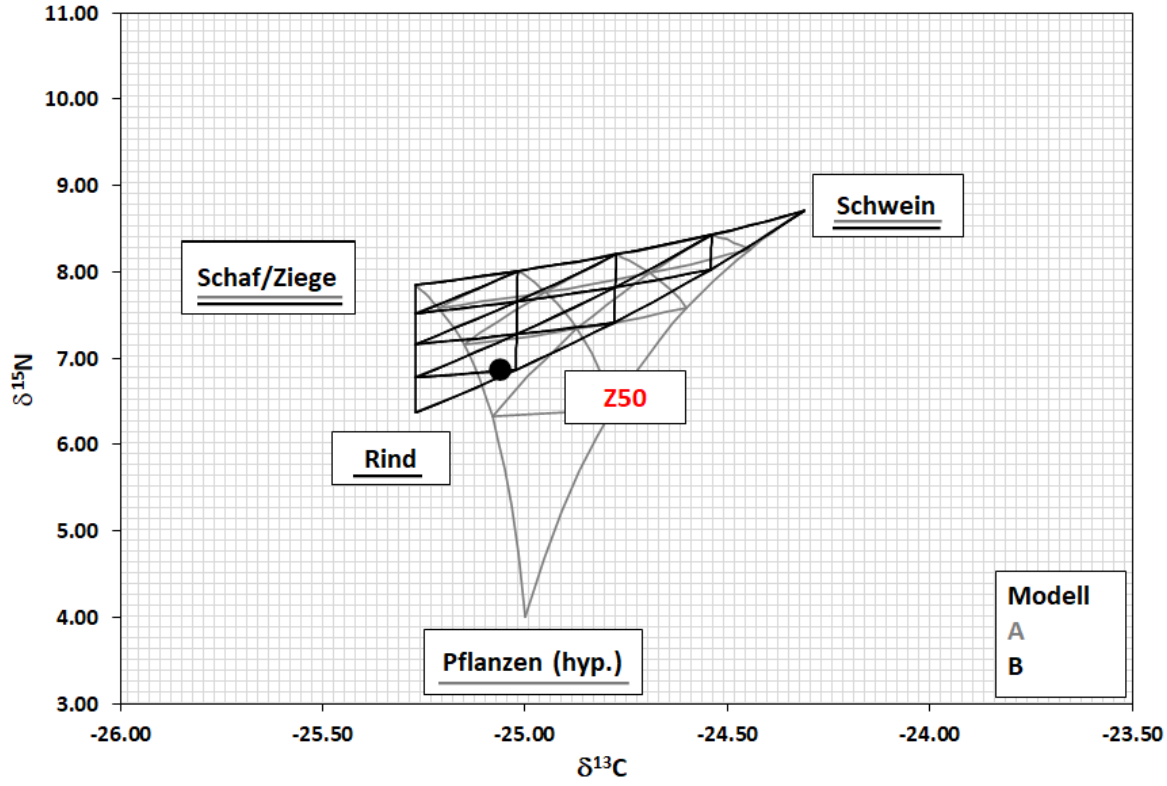


Abbildung 2649: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 50. Erstellt mit IsoConc.

18.2 IsoConc: Tabellen

Tabelle 49: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem IsoConc-Mischungsmodell für die Individuen aus Zeholfing (Z). Linke Spalte: Modell A, Rechte Spalte: Modell B.

IsoConc - Modell A		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
Z3	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z4/1	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z8/1	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z9	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z10	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z15	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z20	Schaf/Ziege	28,0%
	Schwein	43,0%
	Pflanzen	29,0%
Z22	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z27	Schaf/Ziege	17,1%
	Schwein	28,2%
	Pflanzen	54,7%
Z30	Schaf/Ziege	86,9%
	Schwein	3,9%
	Pflanzen	9,2%
Z42	Schaf/Ziege	46,9%
	Schwein	15,9%
	Pflanzen	37,2%
Z44	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z47	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z49	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Pflanzen	x
Z50	Schaf/Ziege	35,2%
	Schwein	4,7%
	Pflanzen	60,1%

IsoConc - Modell B		
Individuum	**Endmember**	**Anteil**
Z3	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z4/1	Schaf/Ziege	5.4%
	Schwein	2.0%
	Rind	92.6%
Z8/1	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z9	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z10	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z15	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z20	Schaf/Ziege	23,6%
	Schwein	52,8%
	Rind	23,5%
Z22	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z27	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z30	Schaf/Ziege	86,8%
	Schwein	5,9%
	Rind	7,3%
Z42	Schaf/Ziege	39,2%
	Schwein	26,0%
	Rind	34,7%
Z44	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z47	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z49	Schaf/Ziege	x
	Schwein	x
	Rind	x
Z50	Schaf/Ziege	9,1%
	Schwein	20,1%
	Rind	70,7%

18.3 MixSIAR: Abbildungen

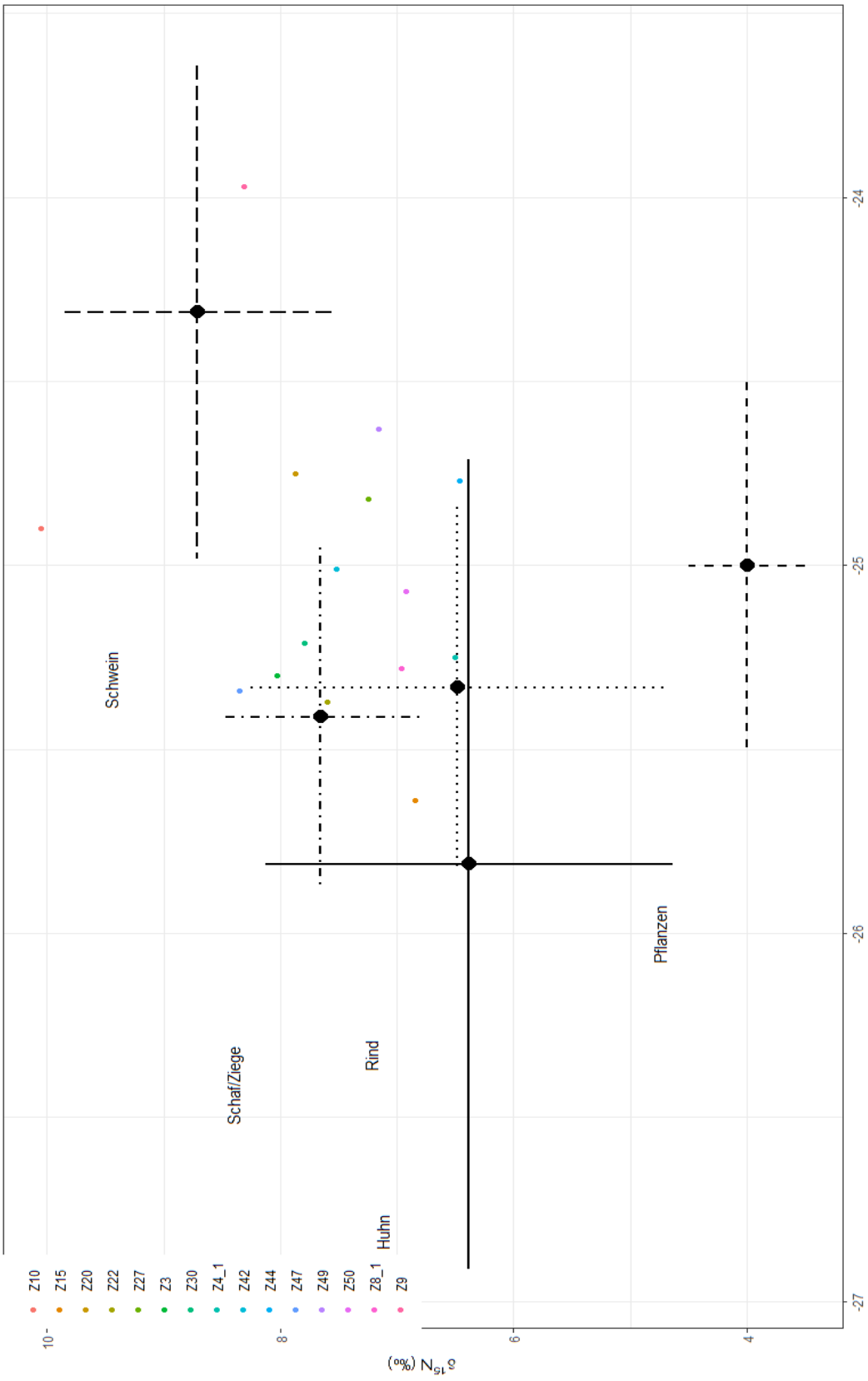


Abbildung 2650: Isospace Plot der Individuen aus Zeholfing. Erstellt mit MixSIAR.

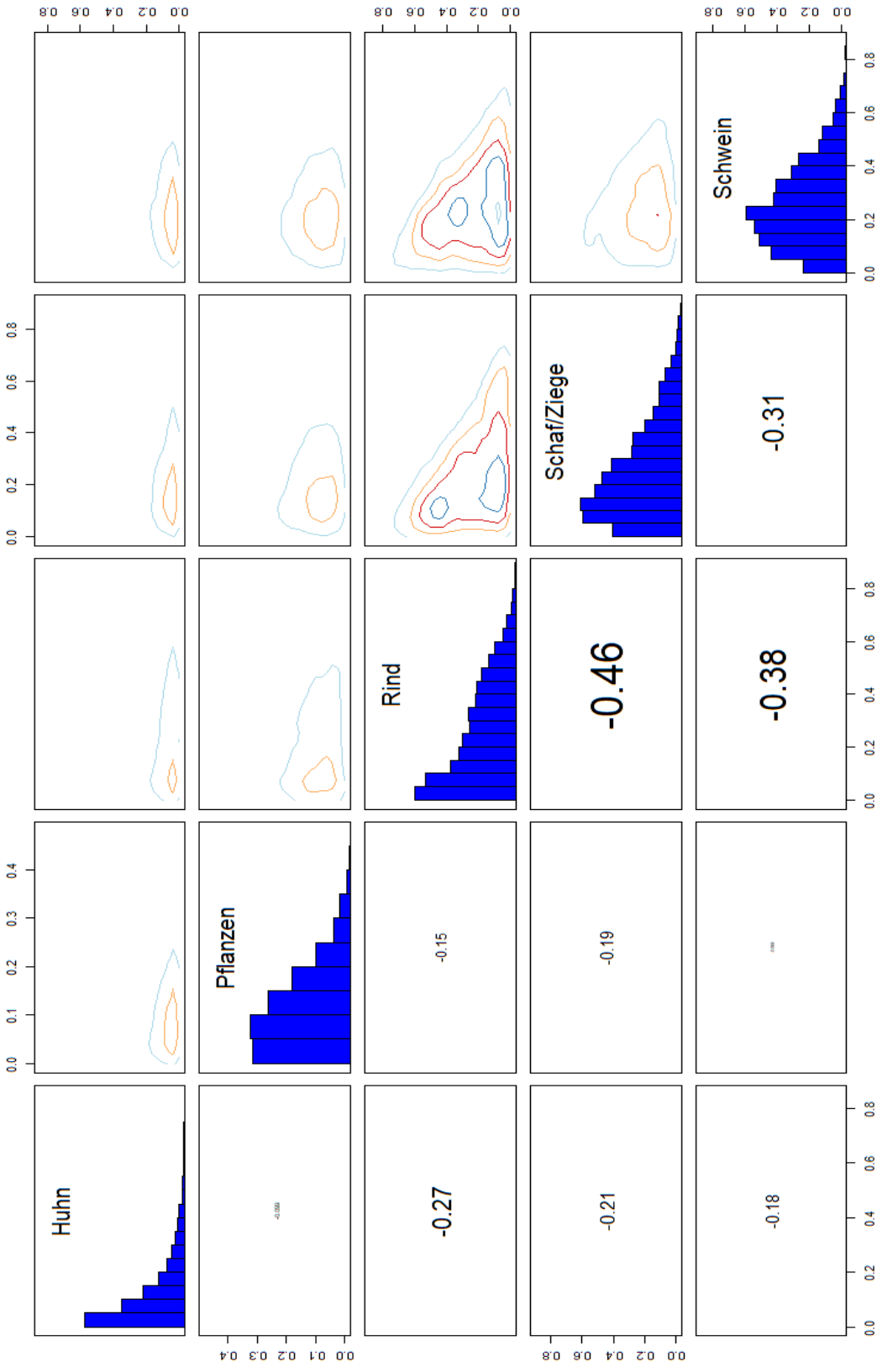


Abbildung 2651: Pairs Plot der Population aus Zeholfing. Oberes diagonales Eck: Konturdiagramme der Endmember. Schräge: Histogramme der Nahrungsquellen. Unteres diagonales Eck: Korrelation der Endmember.

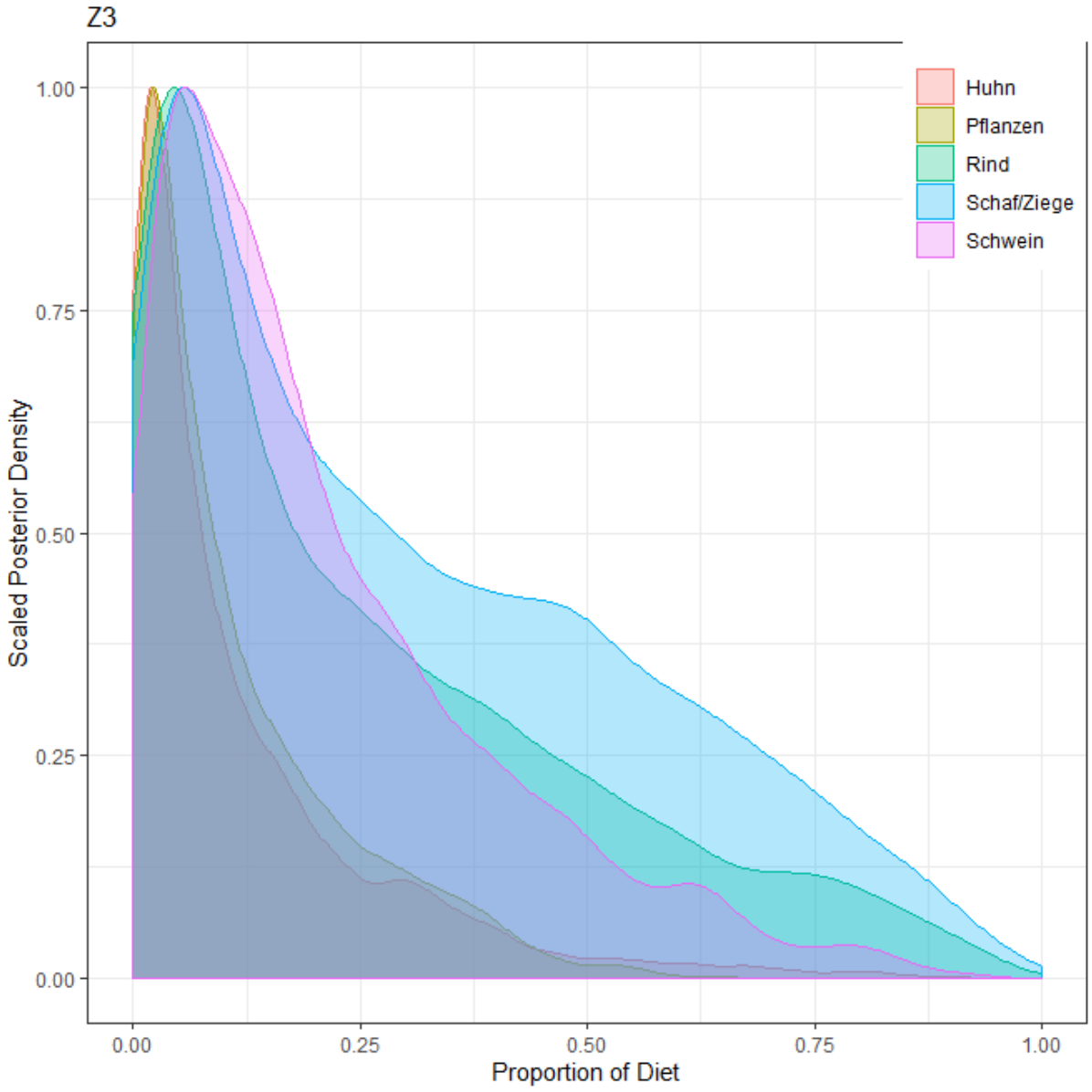


Abbildung 2652: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 3. Erstellt mit MixSIAR.

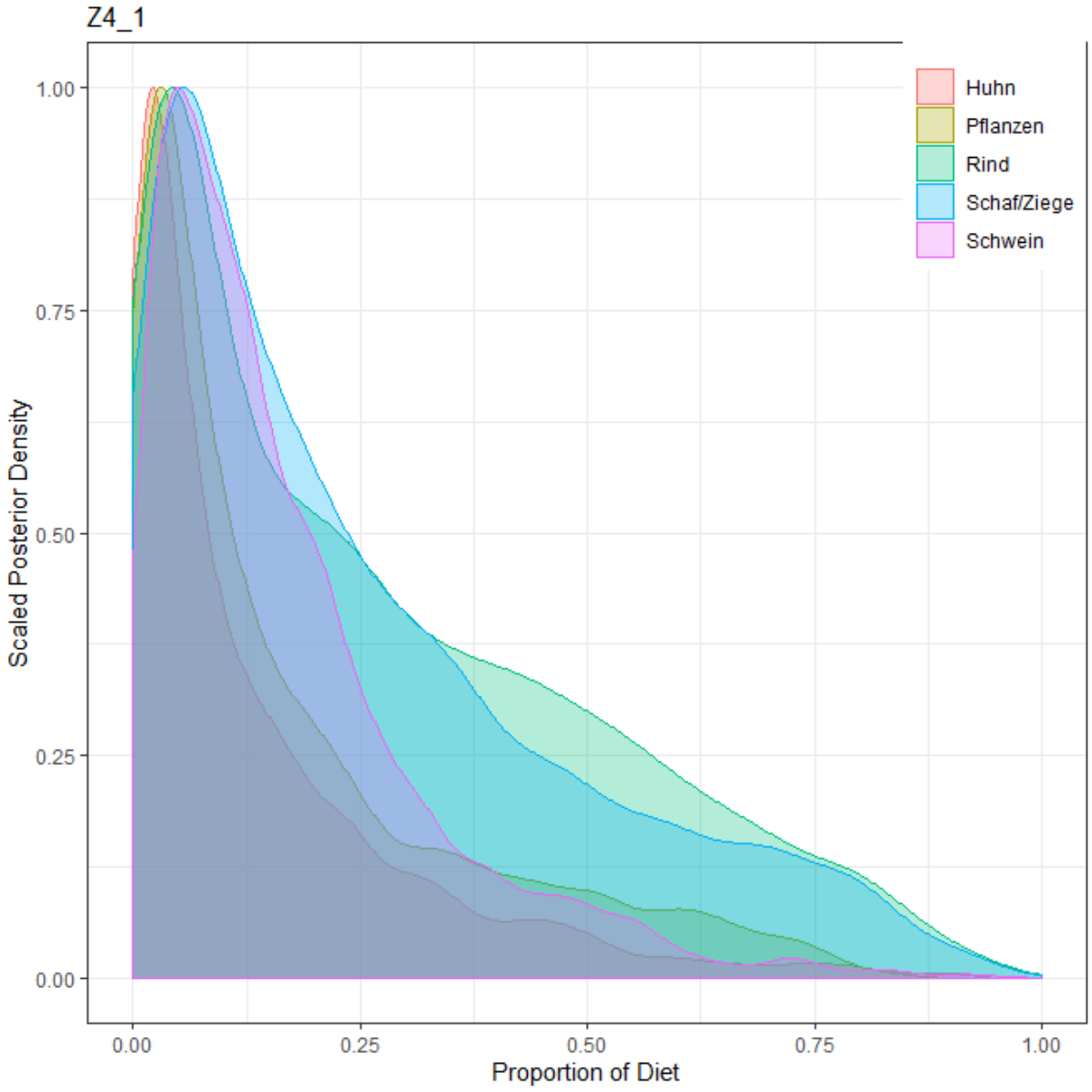


Abbildung 2653: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 4 1. Erstellt mit MixSIAR.

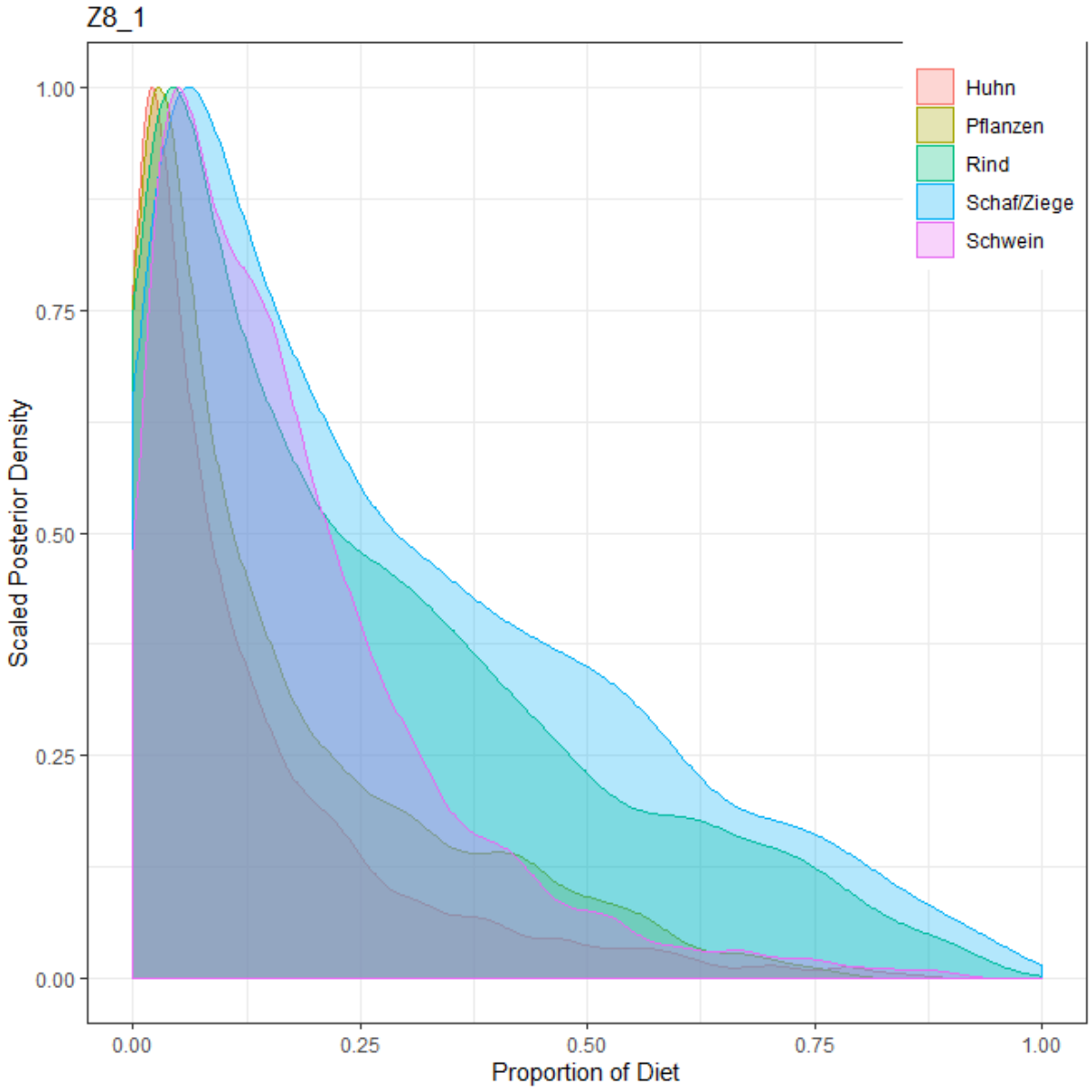


Abbildung 2654: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 8 1. Erstellt mit MixSIAR.

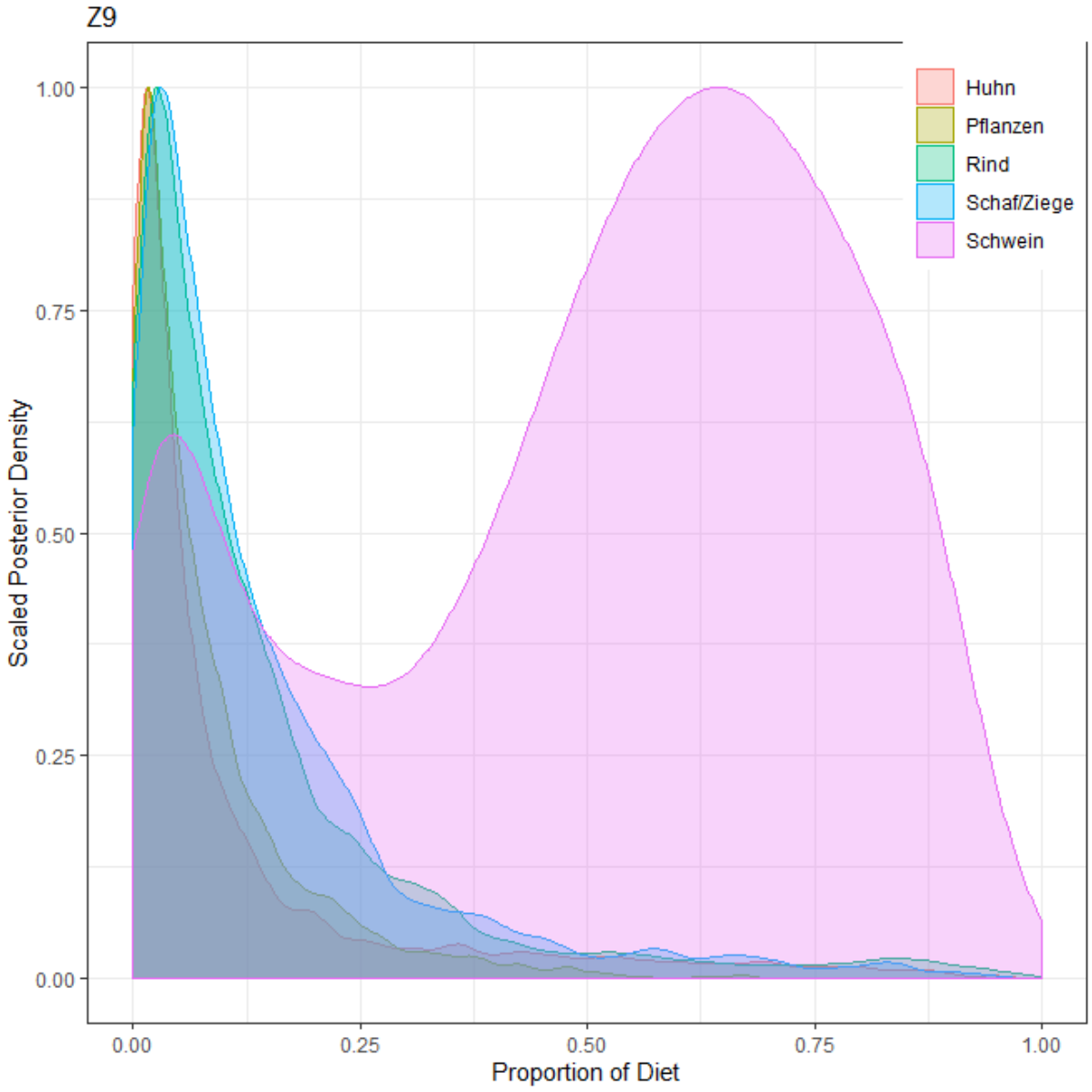


Abbildung 2655: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 9. Erstellt mit MixSIAR.

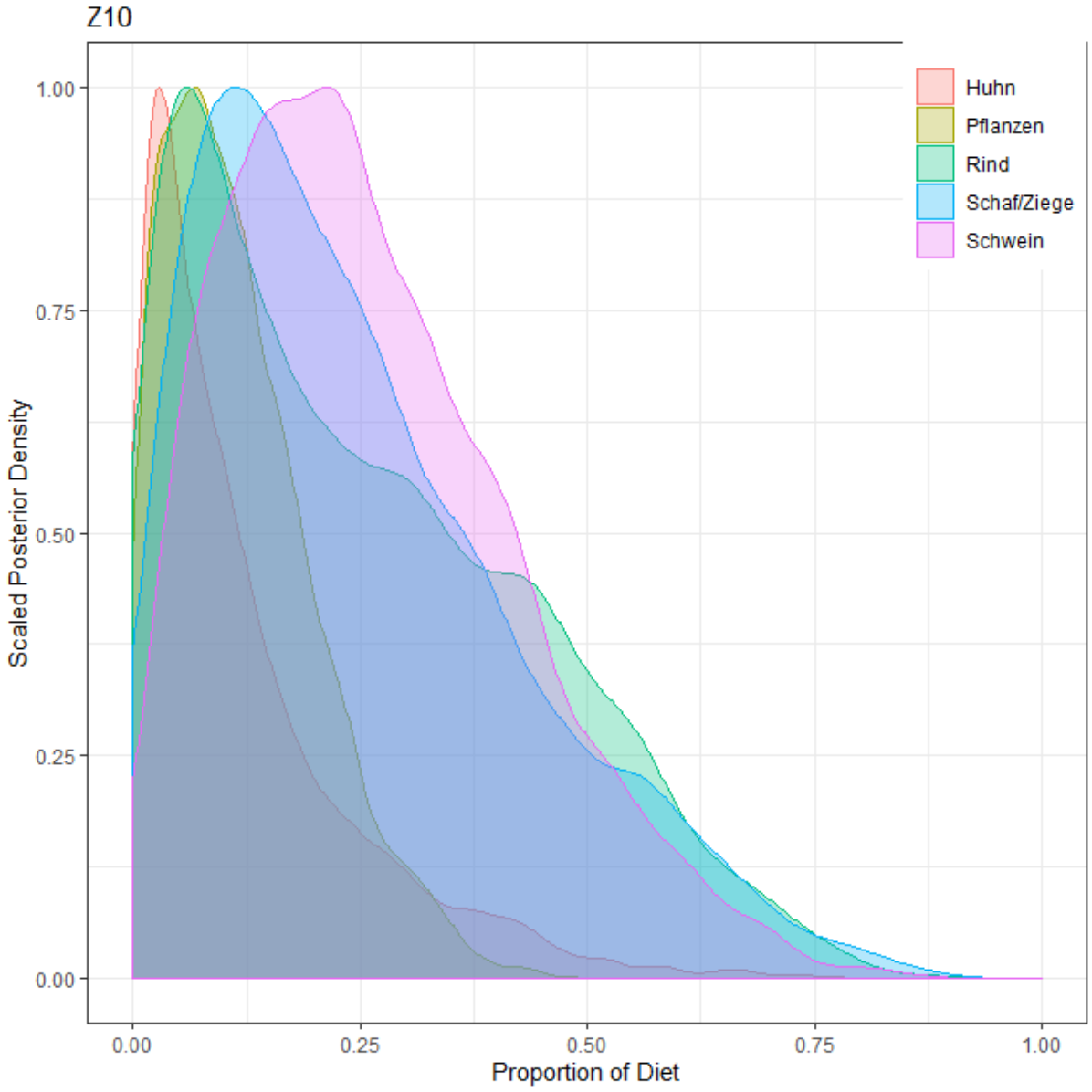


Abbildung 2656: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 10. Erstellt mit MixSIAR.

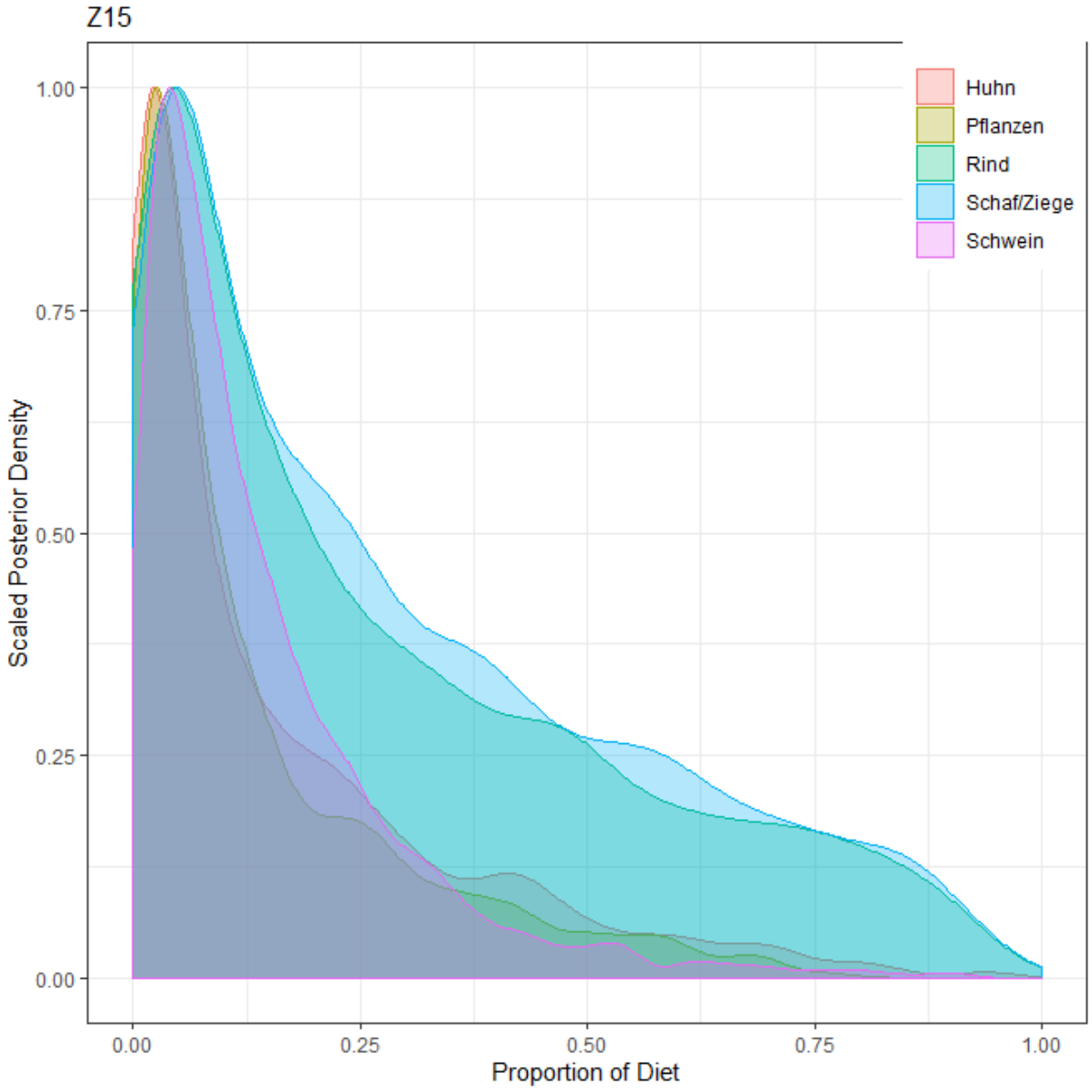


Abbildung 2657: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 15. Erstellt mit MixSIAR.

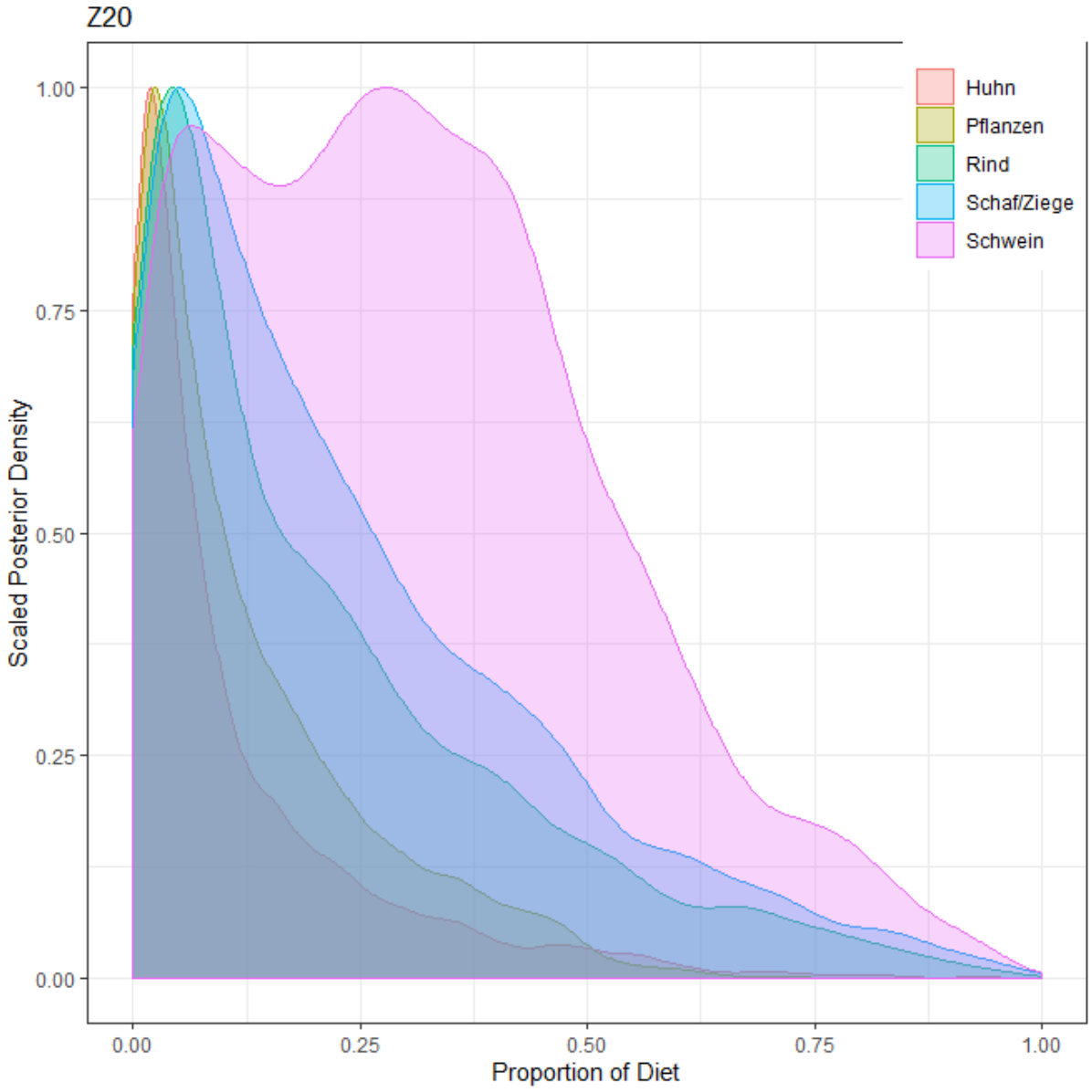


Abbildung 2658: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 20. Erstellt mit MixSIAR.

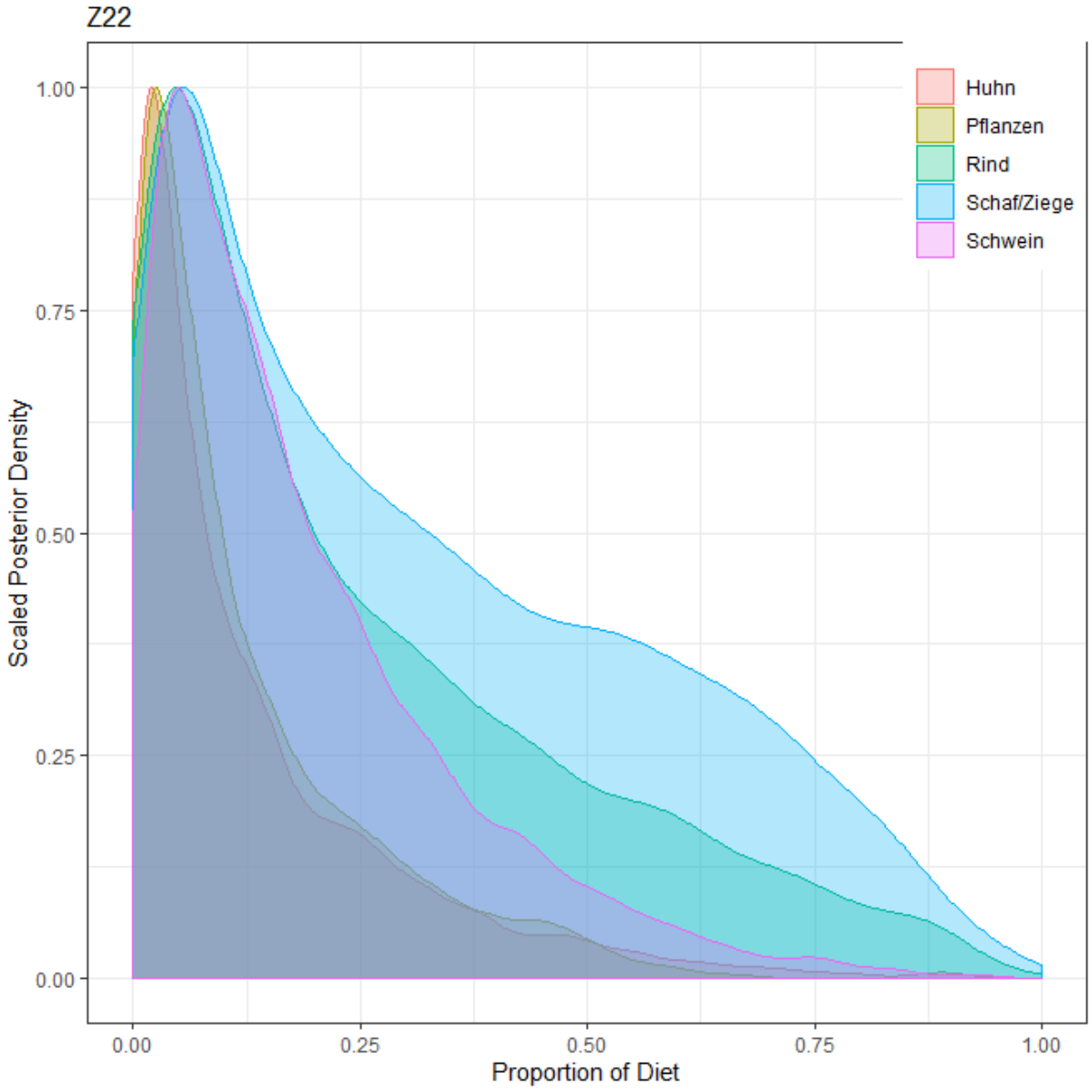


Abbildung 2659: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 22. Erstellt mit MixSIAR.

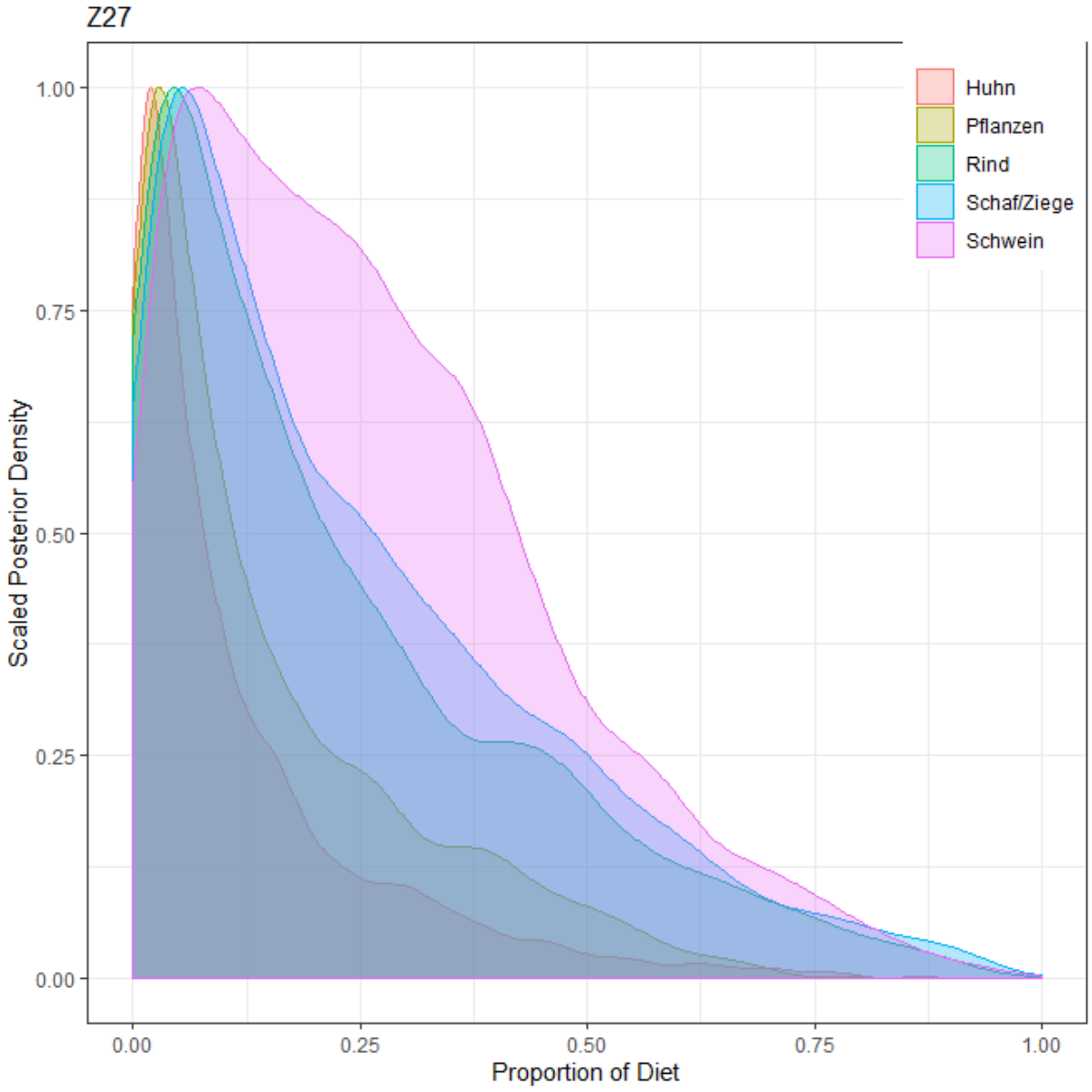


Abbildung 2660: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 27. Erstellt mit MixSIAR.

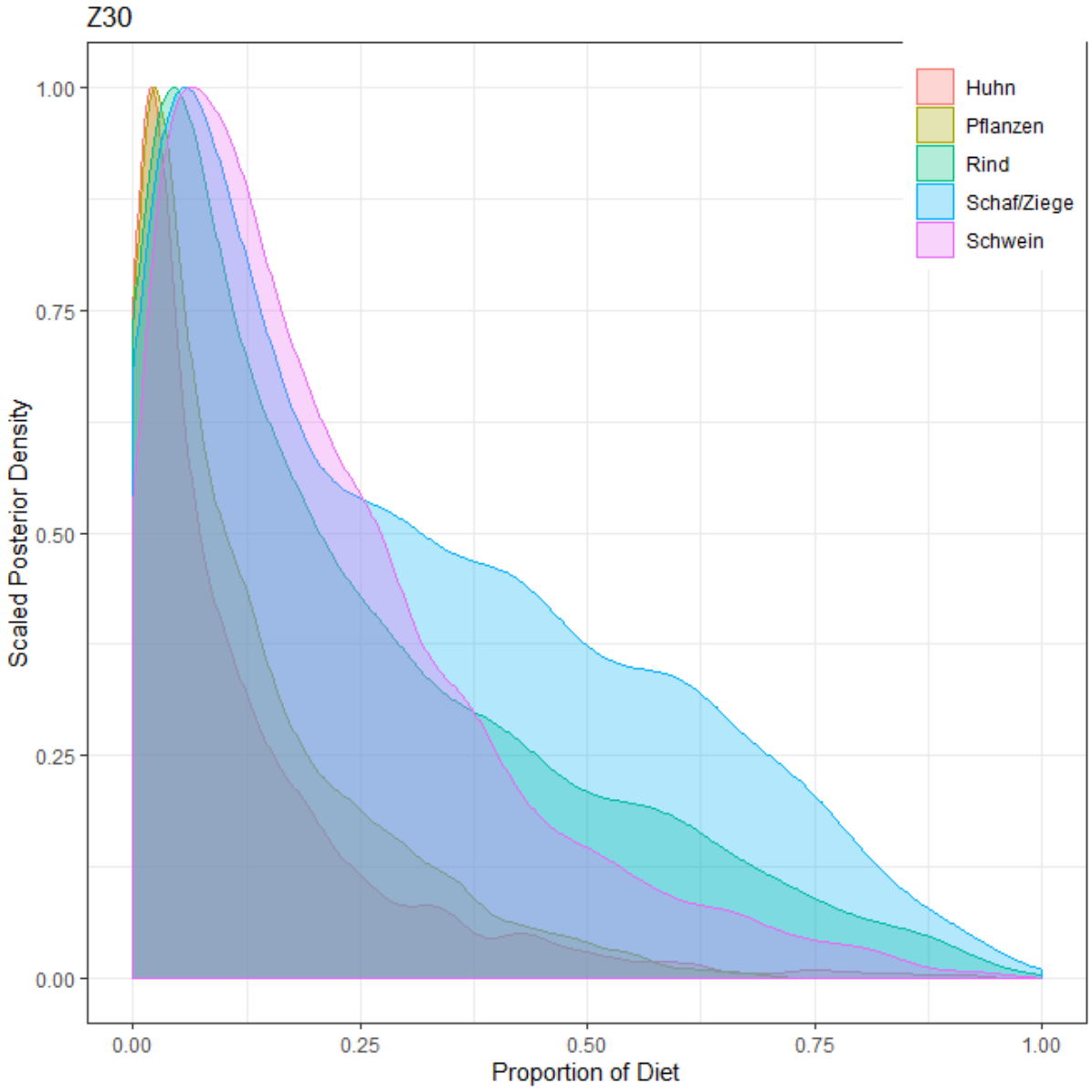


Abbildung 2661: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 30. Erstellt mit MixSIAR.

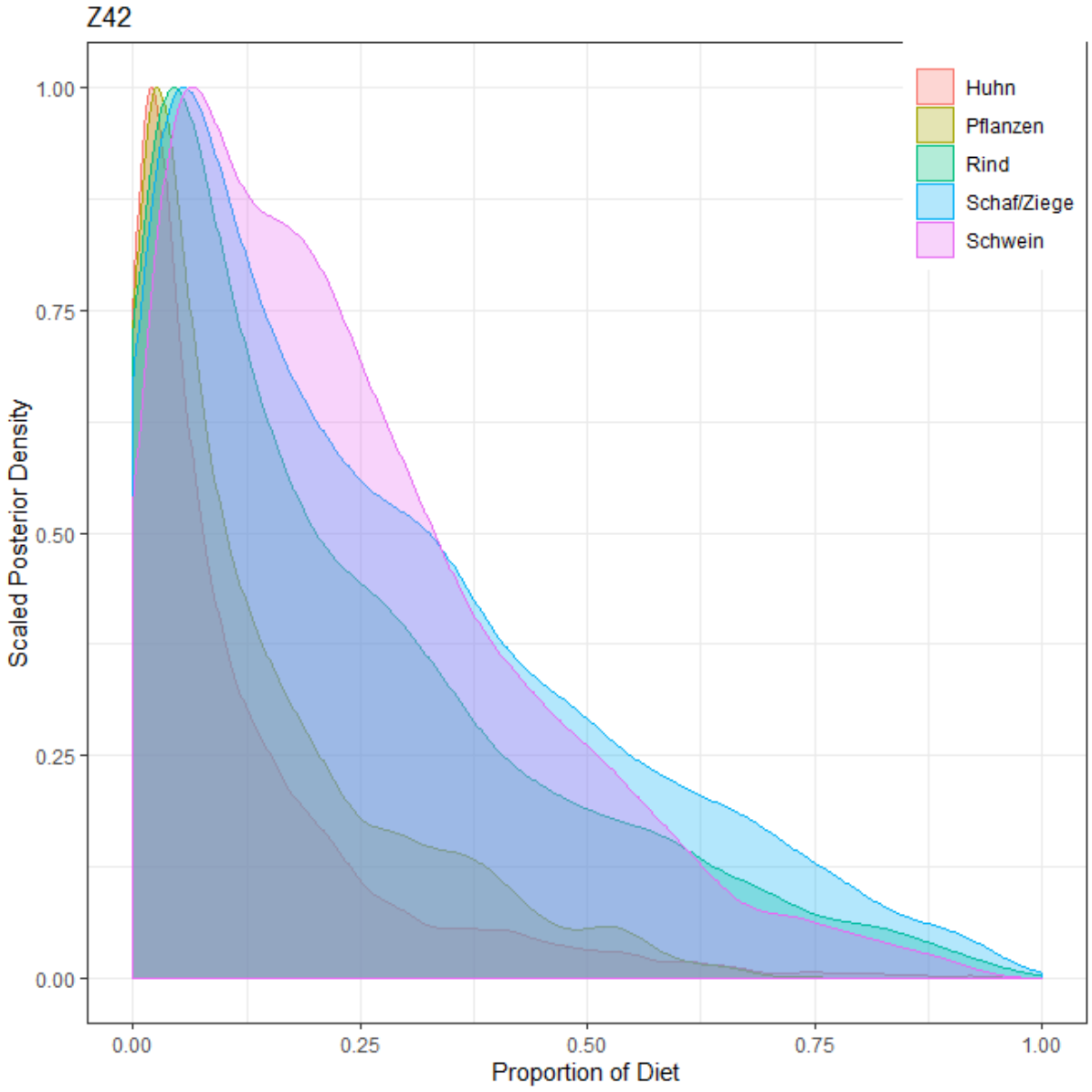


Abbildung 2662: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 42. Erstellt mit MixSIAR.

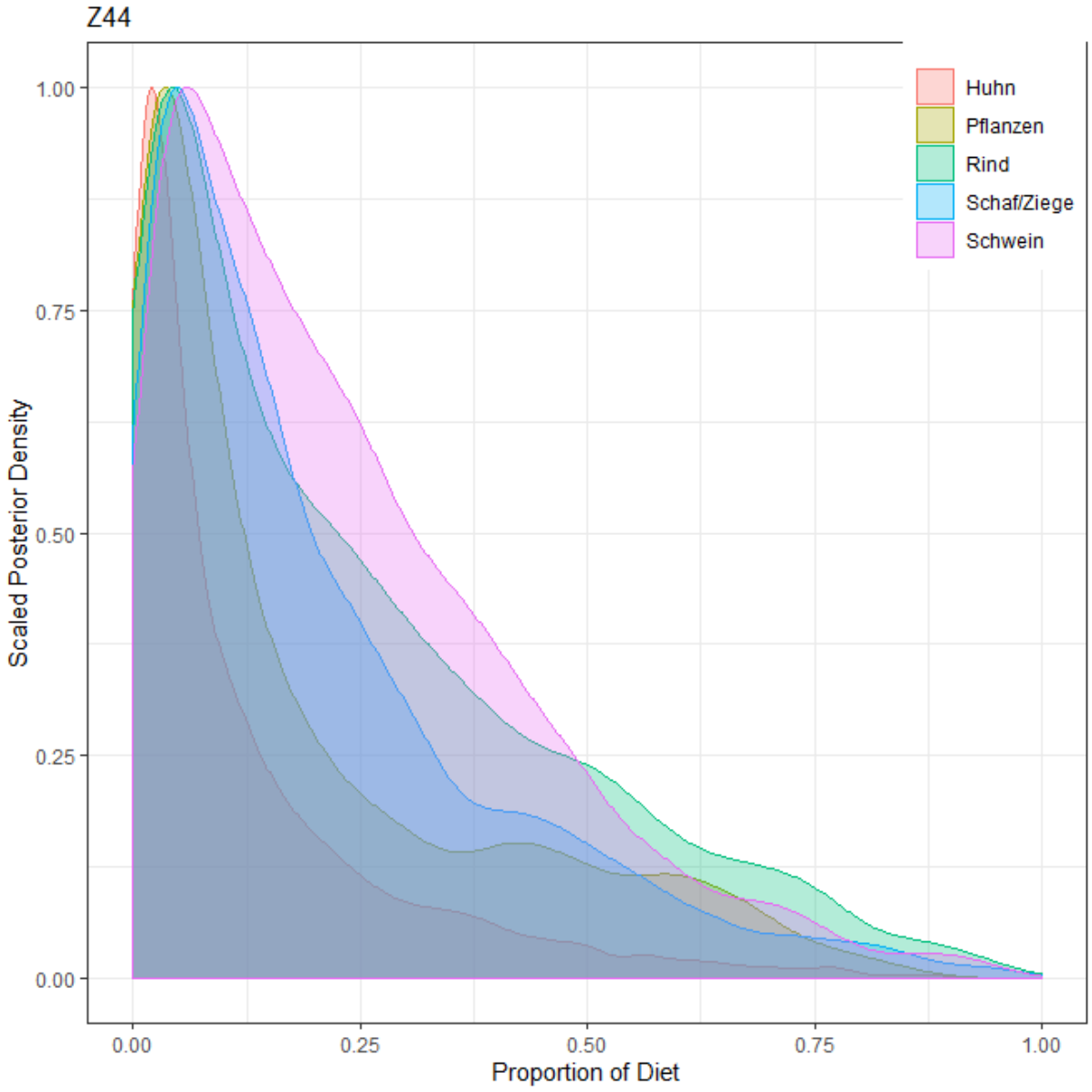


Abbildung 2663: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 44. Erstellt mit MixSIAR.

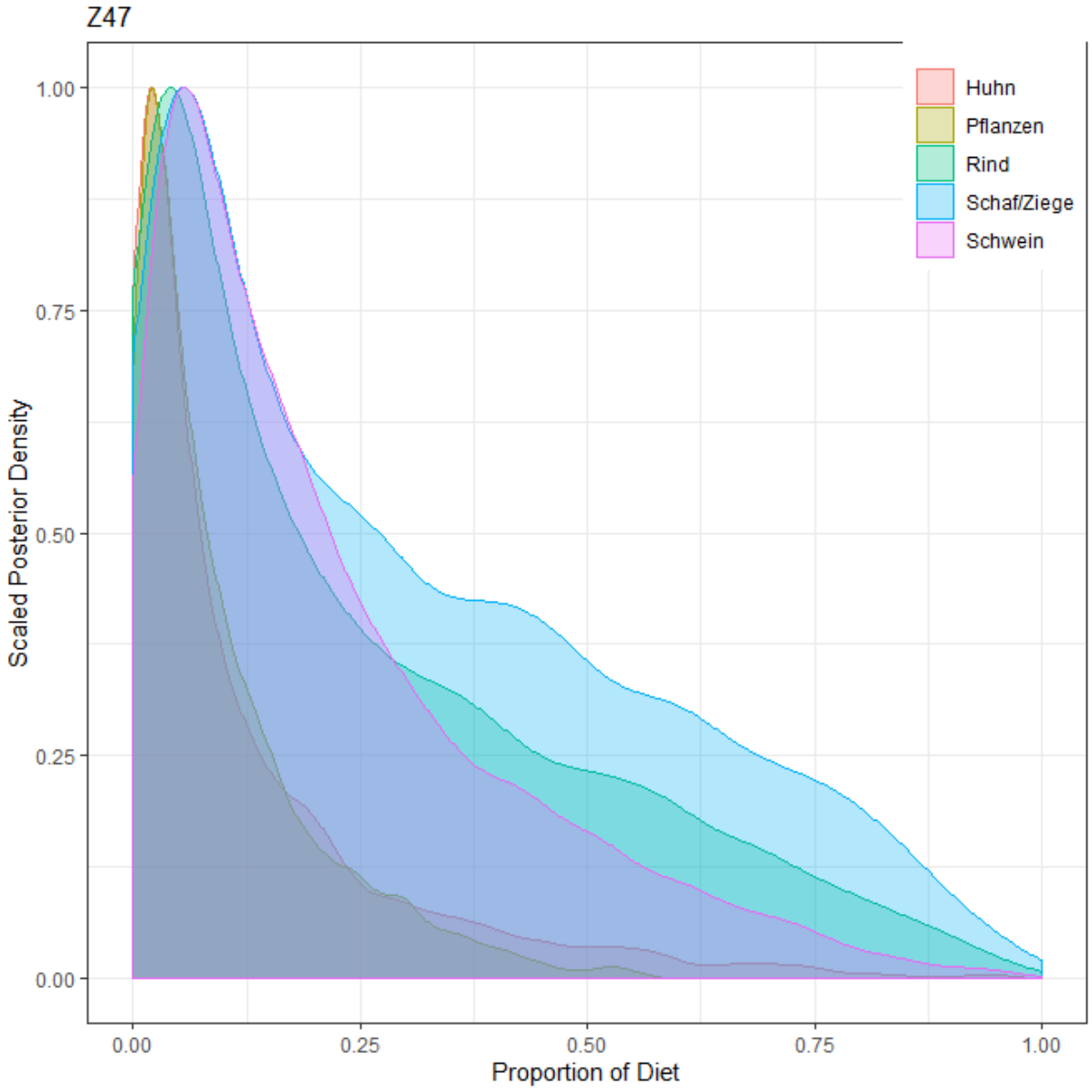


Abbildung 2664: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 47. Erstellt mit MixSIAR.

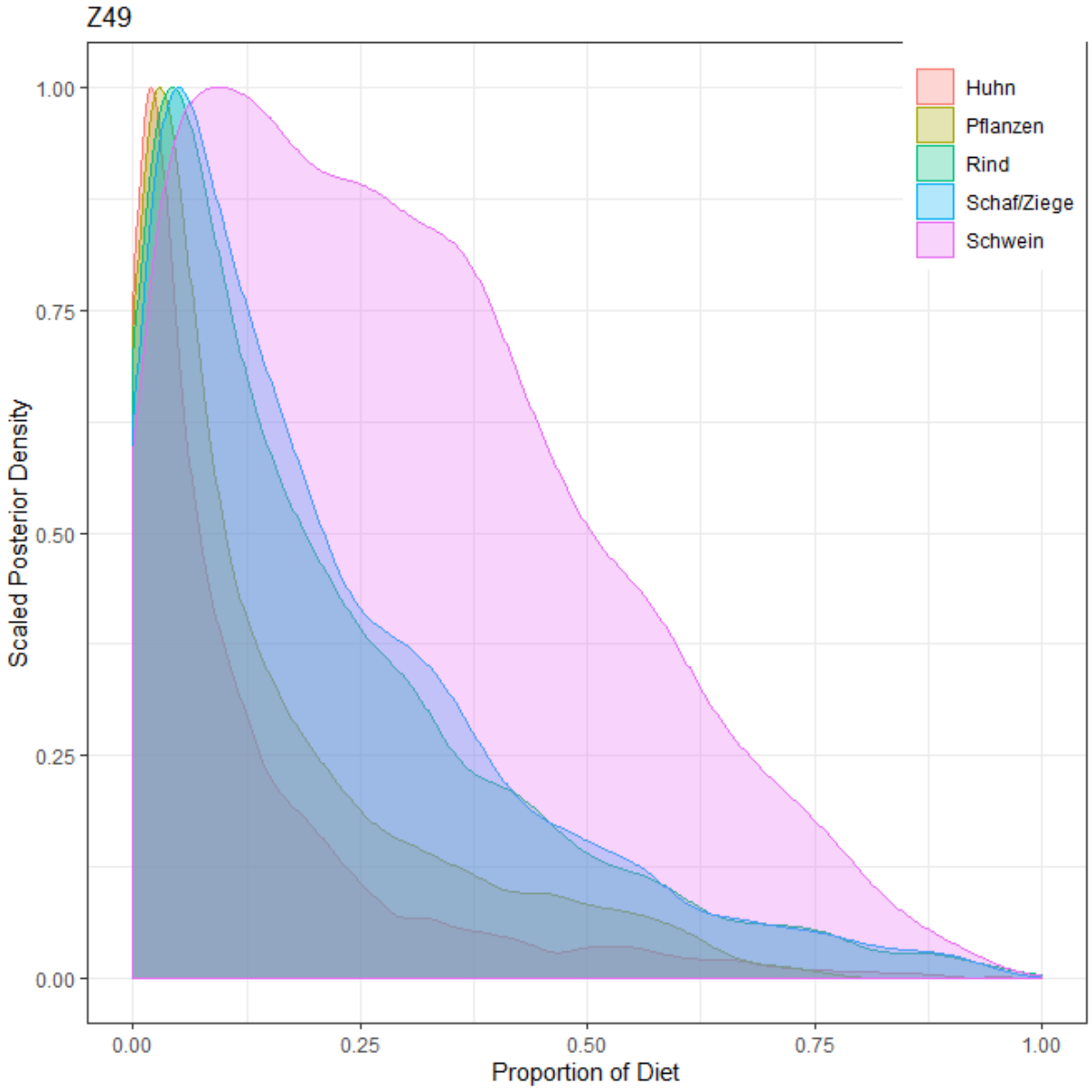


Abbildung 2665: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 49. Erstellt mit MixSIAR.

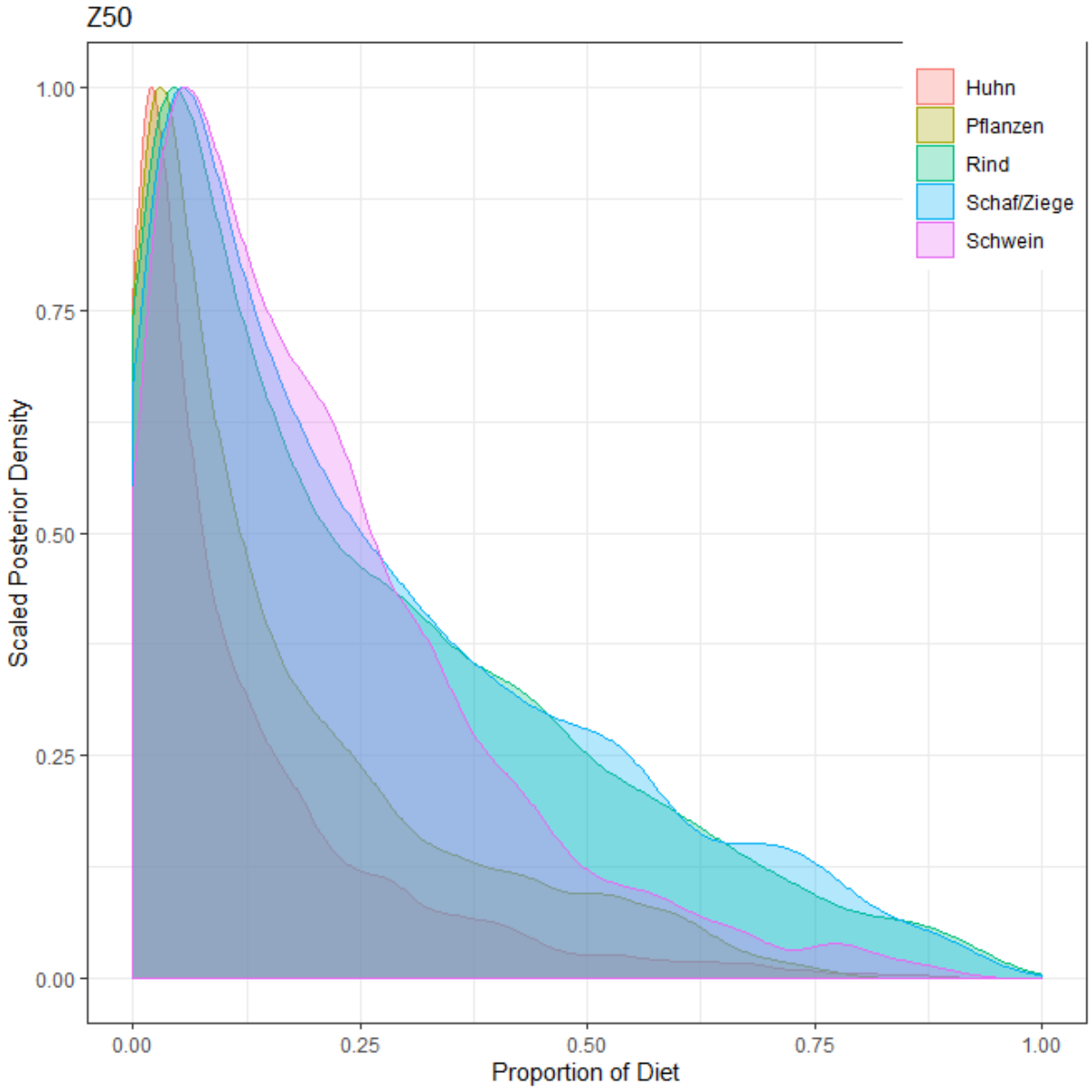


Abbildung 2666: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 50. Erstellt mit MixSIAR.

18.4 MixSIAR: Tabellen

Tabelle 50: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem MixSIAR-Mischungsmodell für die Individuen aus Zeholfing (Z). MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; 2,50%: 0,25-Quartil; 97,50%: 0,975-Quartil.

MixSIAR						
Individuum	**Endmember**	**2,50%**	**MW**	**SD**	**50 % (= Median)**	**97,50%**
Z3	Huhn	0,1%	12,3%	15,0%	6,5%	56,5%
	Pflanzen	0,2%	11,4%	11,7%	7,2%	41,6%
	Rind	0,3%	24,8%	23,3%	17,2%	81,4%
	Schaf/Ziege	0,6%	30,4%	24,8%	24,7%	84,5%
	Schwein	0,9%	21,0%	18,1%	15,6%	66,9%
Z4/1	Huhn	0,1%	13,9%	16,5%	7,4%	61,3%
	Pflanzen	0,2%	17,4%	19,0%	9,8%	67,7%
	Rind	0,3%	26,7%	23,6%	20,5%	80,2%
	Schaf/Ziege	0,6%	25,2%	22,6%	18,3%	79,5%
	Schwein	0,9%	16,8%	15,3%	12,4%	56,9%
Z8/1	Huhn	0,1%	13,0%	15,6%	7,2%	58,7%
	Pflanzen	0,2%	16,0%	16,7%	9,7%	57,9%
	Rind	0,3%	25,1%	22,5%	18,4%	78,3%
	Schaf/Ziege	0,6%	28,3%	23,6%	21,8%	82,5%
	Schwein	1,0%	17,6%	15,3%	13,8%	59,8%
Z9	Huhn	0,1%	12,0%	18,4%	4,2%	70,9%
	Pflanzen	0,2%	8,4%	9,7%	5,0%	37,2%
	Rind	0,2%	14,3%	17,6%	8,1%	74,3%
	Schaf/Ziege	0,4%	14,2%	16,1%	8,7%	65,4%
	Schwein	1,0%	51,2%	26,8%	56,6%	90,5%
Z10	Huhn	0,4%	12,5%	12,6%	8,4%	46,0%
	Pflanzen	0,5%	11,7%	8,4%	10,2%	31,8%
	Rind	0,7%	24,9%	18,9%	21,3%	66,4%
	Schaf/Ziege	1,4%	25,0%	17,8%	21,3%	67,3%
	Schwein	2,7%	25,9%	15,7%	23,6%	61,6%
Z15	Huhn	0,1%	16,1%	18,8%	8,2%	68,6%
	Pflanzen	0,2%	14,1%	16,1%	7,6%	59,3%
	Rind	0,3%	27,1%	25,3%	18,7%	85,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	28,3%	25,1%	21,3%	85,8%
	Schwein	0,8%	14,3%	14,3%	9,6%	54,5%
Z20	Huhn	0,1%	11,7%	14,6%	5,8%	54,2%
	Pflanzen	0,2%	12,8%	13,0%	8,2%	46,6%
	Rind	0,3%	20,9%	20,3%	14,4%	74,5%
	Schaf/Ziege	0,5%	23,5%	20,7%	17,7%	75,5%
	Schwein	0,9%	31,0%	20,9%	29,1%	78,6%
Z22	Huhn	0,1%	13,2%	15,5%	7,2%	56,4%
	Pflanzen	0,2%	12,5%	13,1%	7,7%	48,1%
	Rind	0,3%	24,6%	22,9%	17,1%	81,1%
	Schaf/Ziege	0,6%	31,2%	25,1%	25,6%	83,4%
	Schwein	0,8%	18,5%	16,3%	13,7%	61,0%
Z27	Huhn	0,1%	12,2%	14,6%	6,6%	54,5%
	Pflanzen	0,2%	15,1%	15,5%	9,3%	54,3%
	Rind	0,3%	22,3%	20,5%	15,7%	73,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	24,2%	20,9%	18,1%	76,4%
	Schwein	1,1%	26,2%	19,3%	23,1%	72,8%

Z30	Huhn	0,1%	12,2%	14,9%	6,7%	54,4%
	Pflanzen	0,2%	12,8%	13,2%	8,2%	48,4%
	Rind	0,3%	24,0%	22,2%	17,0%	78,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	29,9%	24,1%	25,1%	81,3%
	Schwein	0,9%	21,1%	17,8%	16,1%	68,6%
Z42	Huhn	0,2%	12,2%	15,0%	6,4%	55,5%
	Pflanzen	0,2%	14,1%	14,5%	8,7%	52,7%
	Rind	0,3%	23,0%	21,4%	16,3%	77,6%
	Schaf/Ziege	0,6%	26,7%	22,5%	20,8%	79,9%
	Schwein	1,0%	24,0%	18,8%	19,9%	71,3%
Z44	Huhn	0,1%	12,7%	15,8%	6,2%	59,5%
	Pflanzen	0,2%	19,1%	20,6%	10,2%	69,6%
	Rind	0,3%	24,2%	22,0%	17,8%	76,8%
	Schaf/Ziege	0,5%	20,5%	19,3%	14,0%	72,7%
	Schwein	1,0%	23,5%	19,1%	18,7%	71,8%
Z47	Huhn	0,1%	12,8%	16,1%	6,4%	59,7%
	Pflanzen	0,2%	10,0%	10,4%	6,3%	38,5%
	Rind	0,3%	25,1%	23,6%	17,4%	81,3%
	Schaf/Ziege	0,5%	30,5%	25,4%	24,5%	85,3%
	Schwein	0,8%	21,5%	19,3%	15,4%	71,3%
Z49	Huhn	0,1%	12,6%	16,1%	6,4%	61,3%
	Pflanzen	0,2%	15,4%	16,5%	8,7%	58,8%
	Rind	0,3%	20,7%	19,9%	14,3%	73,9%
	Schaf/Ziege	0,6%	21,3%	19,5%	15,3%	73,9%
	Schwein	0,9%	30,0%	21,0%	27,1%	76,5%
Z50	Huhn	0,1%	12,5%	15,1%	6,7%	57,2%
	Pflanzen	0,2%	16,3%	17,0%	10,0%	60,2%
	Rind	0,3%	25,0%	22,4%	18,4%	80,0%
	Schaf/Ziege	0,5%	25,8%	22,4%	19,2%	78,4%
	Schwein	1,1%	20,5%	17,3%	16,2%	66,0%

18.5 SISUS: Abbildungen

Z3

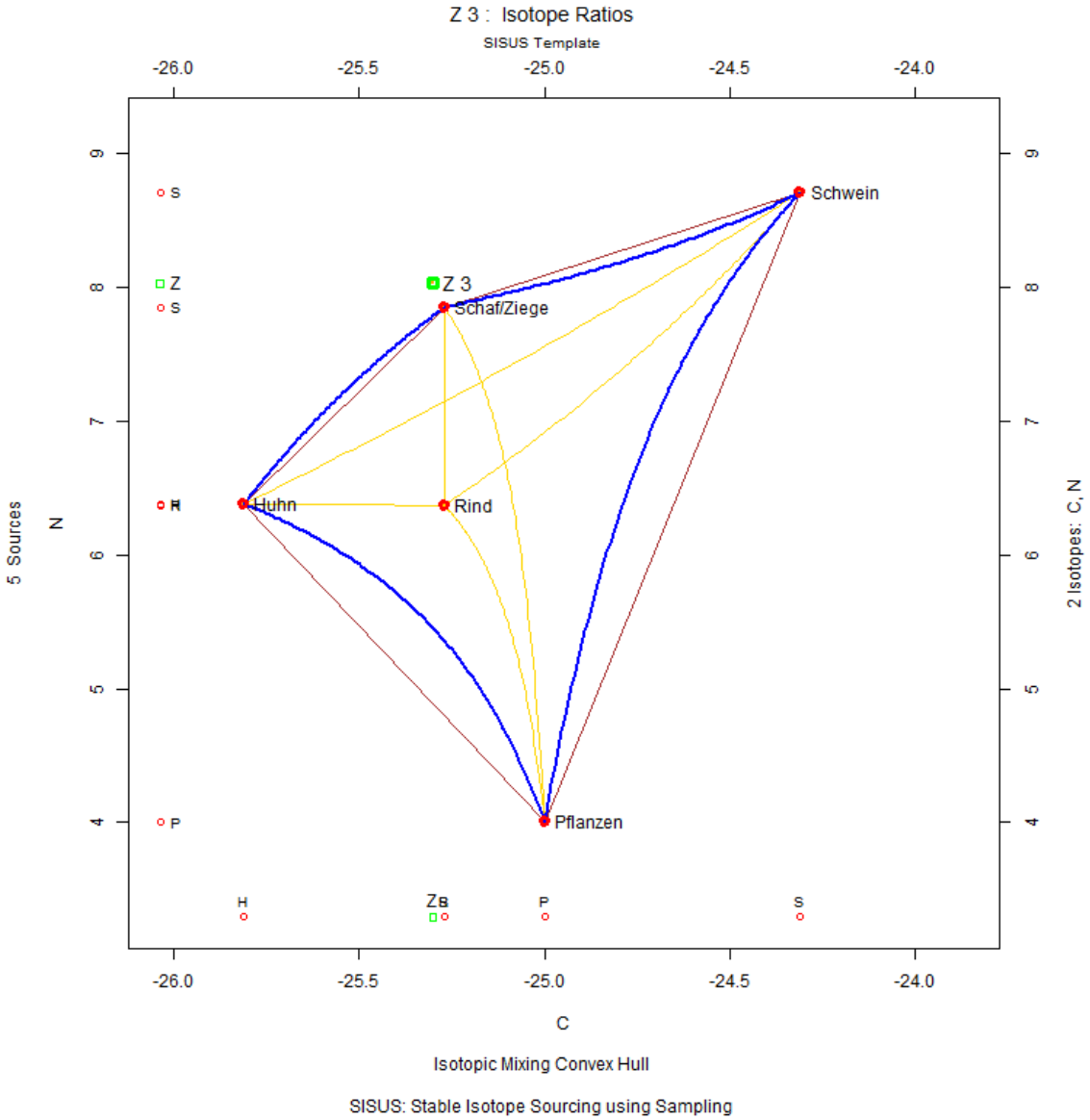


Abbildung 2667: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 3. Erstellt mit SISUS.

Z4/1

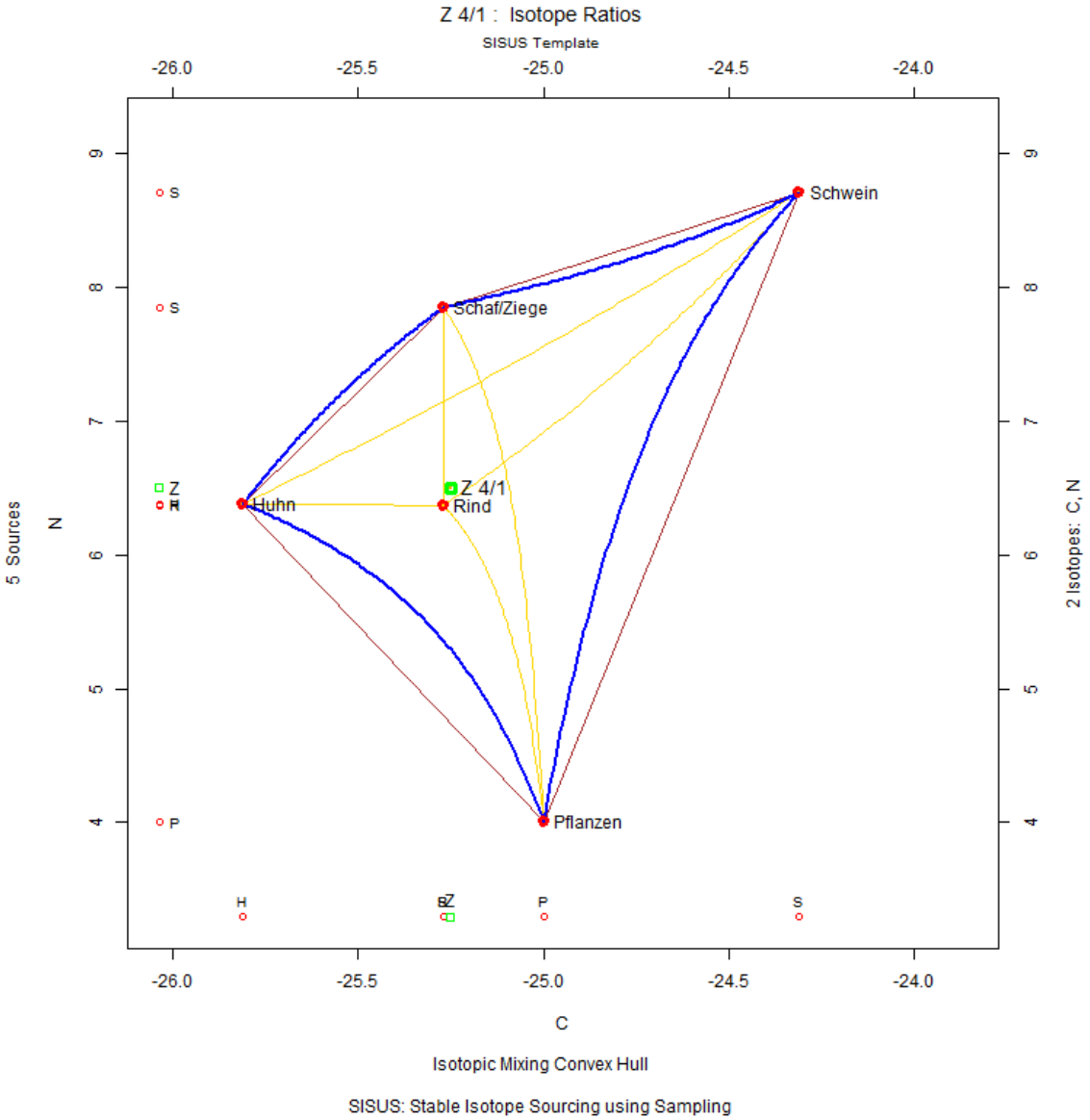


Abbildung 2668: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 4/1. Erstellt mit SISUS.

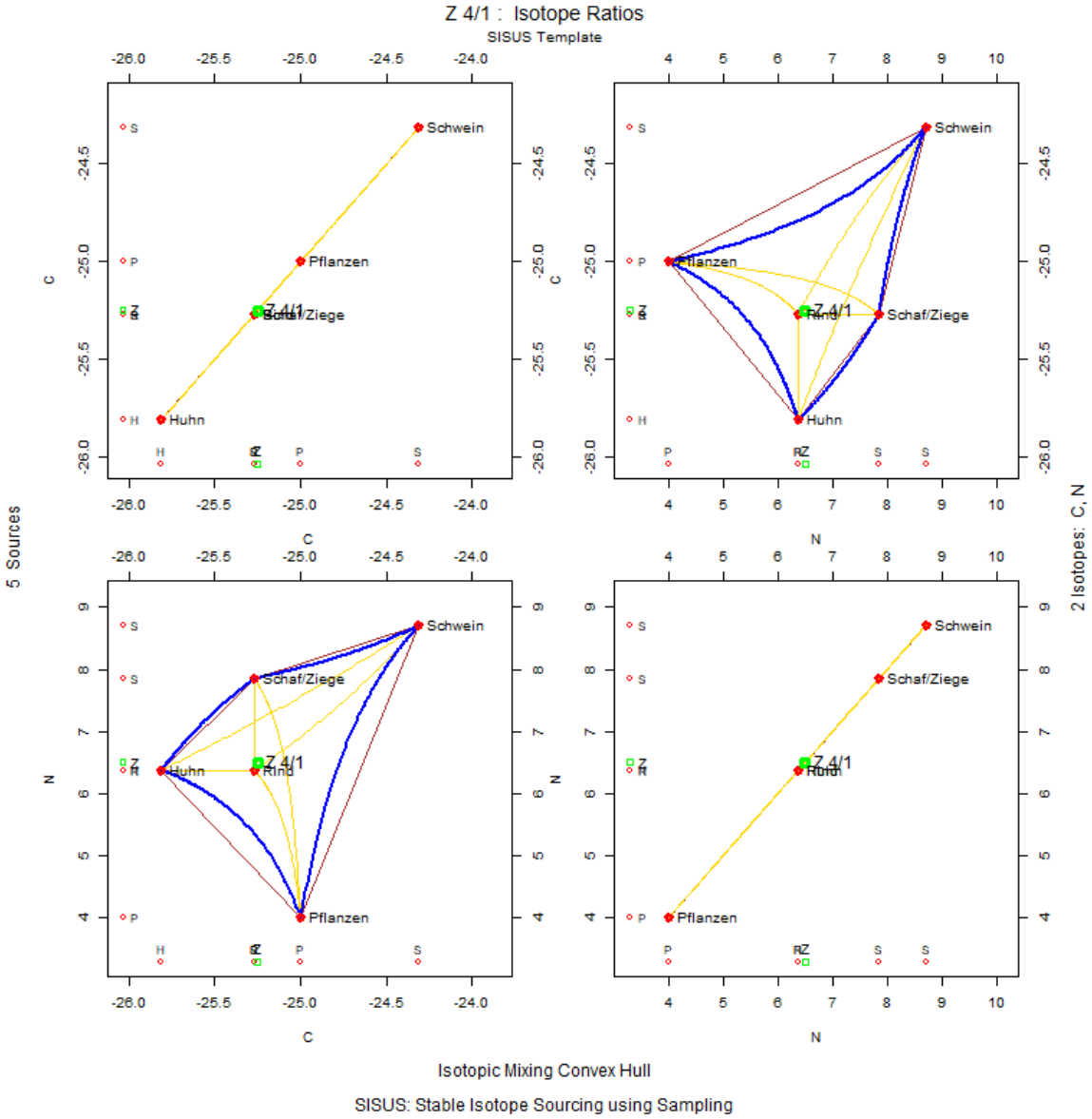


Abbildung 2669: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 4/1 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

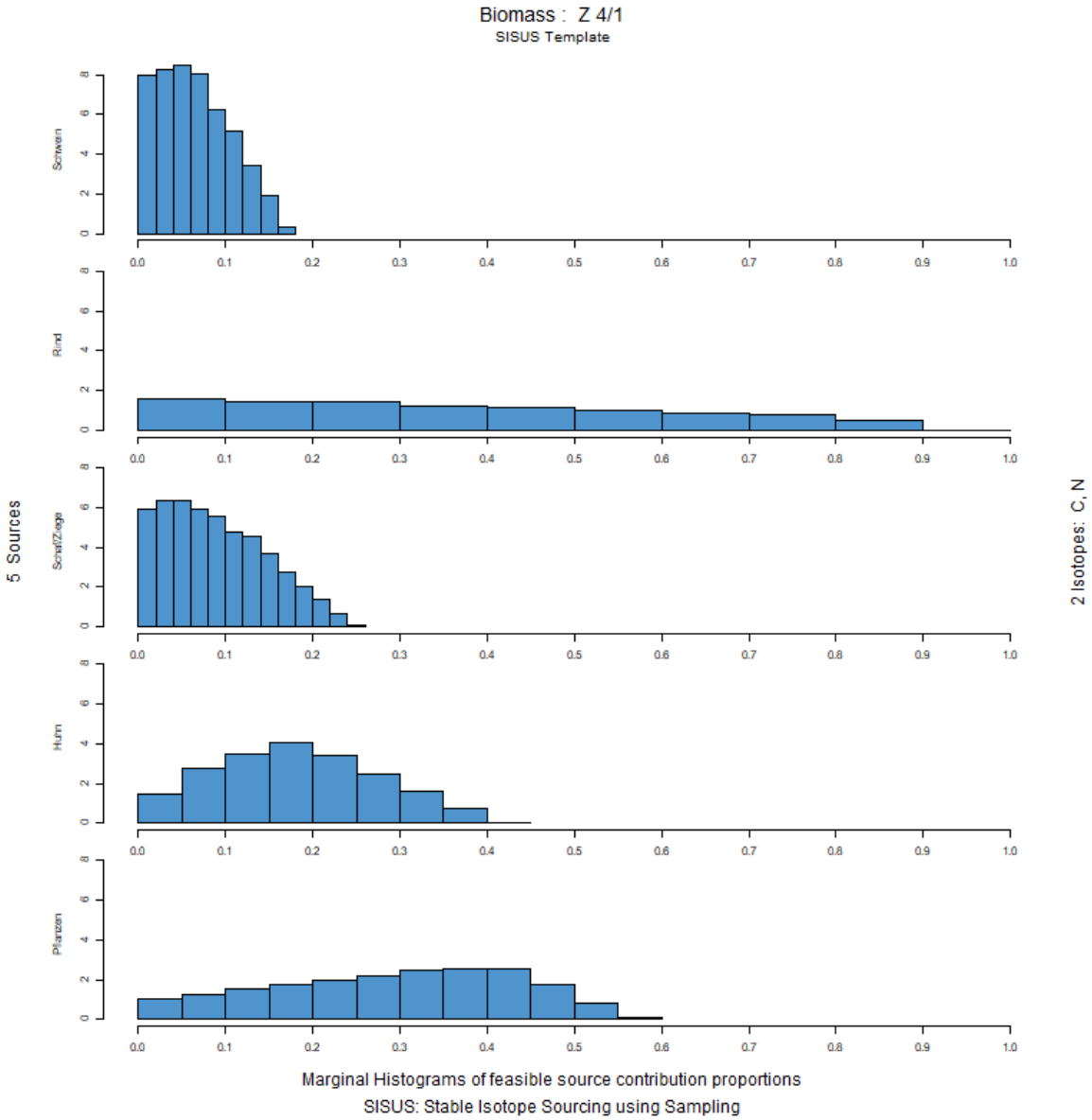


Abbildung 2670: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 4/1. Erstellt mit SISUS.

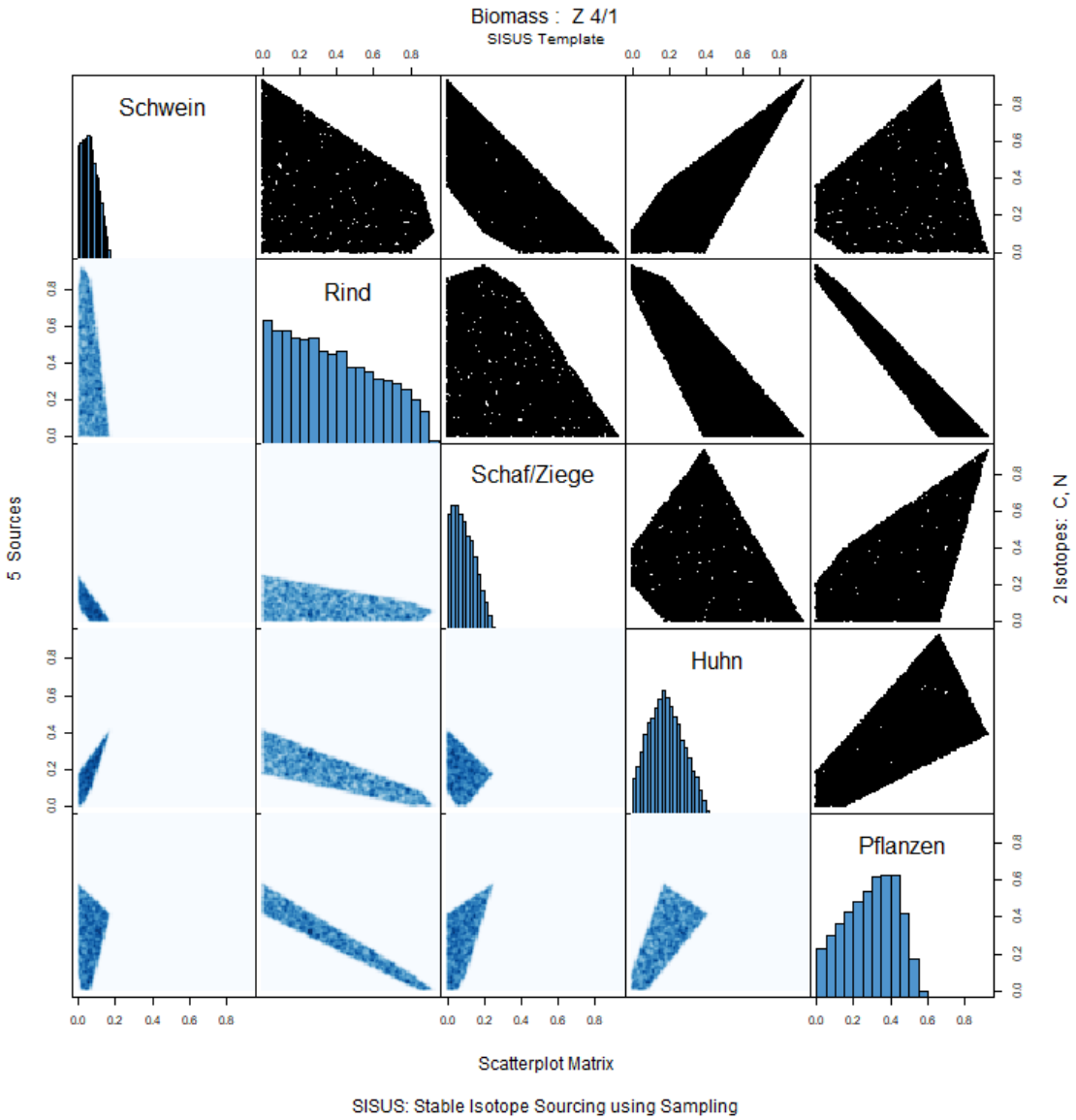


Abbildung 2671: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 4/1. Erstellt mit SISUS.

Z8/1

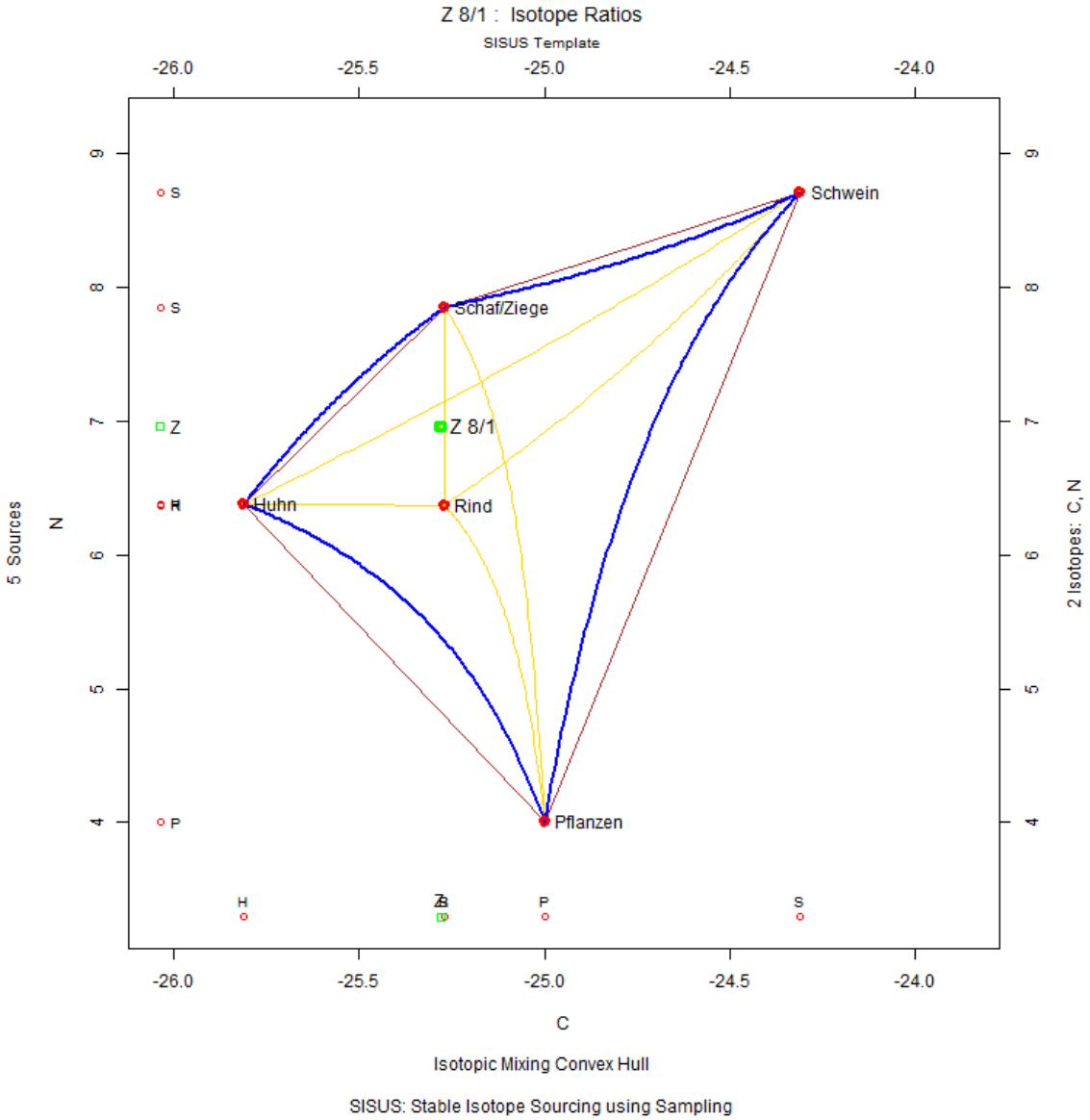


Abbildung 2672: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 8/1. Erstellt mit SISUS.

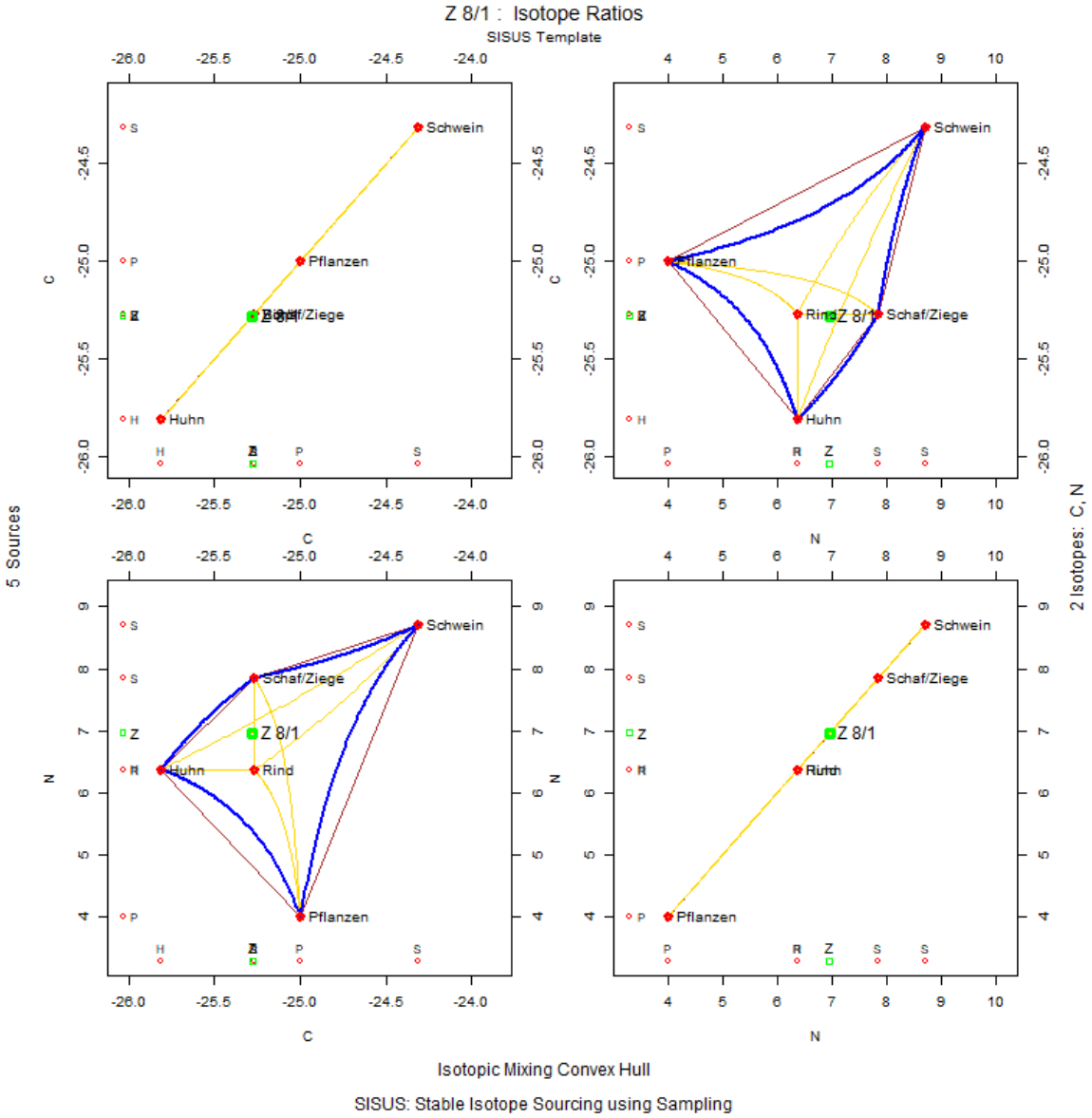


Abbildung 2673: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 8/1 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

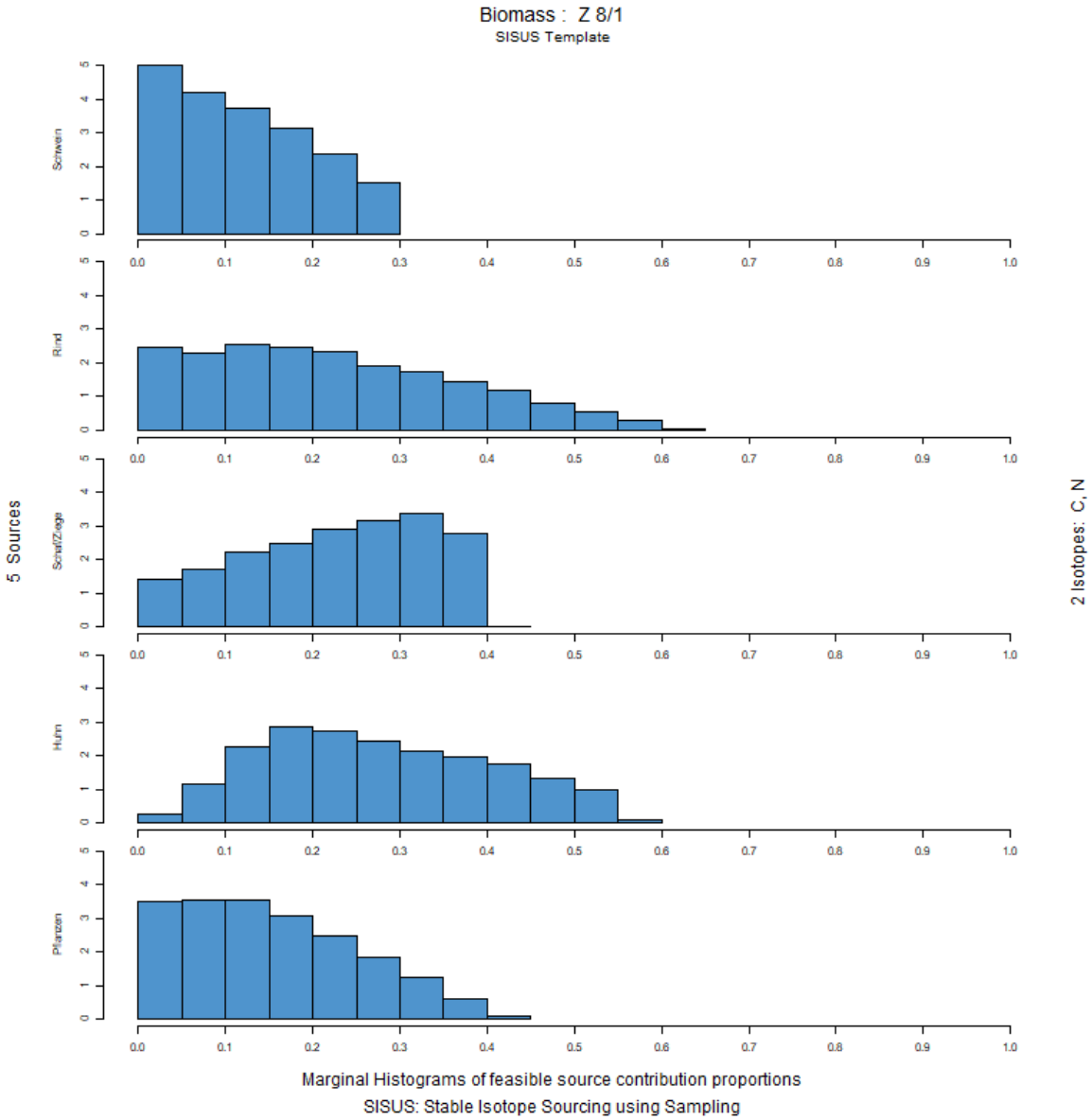


Abbildung 2674: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 8/1. Erstellt mit SISUS.

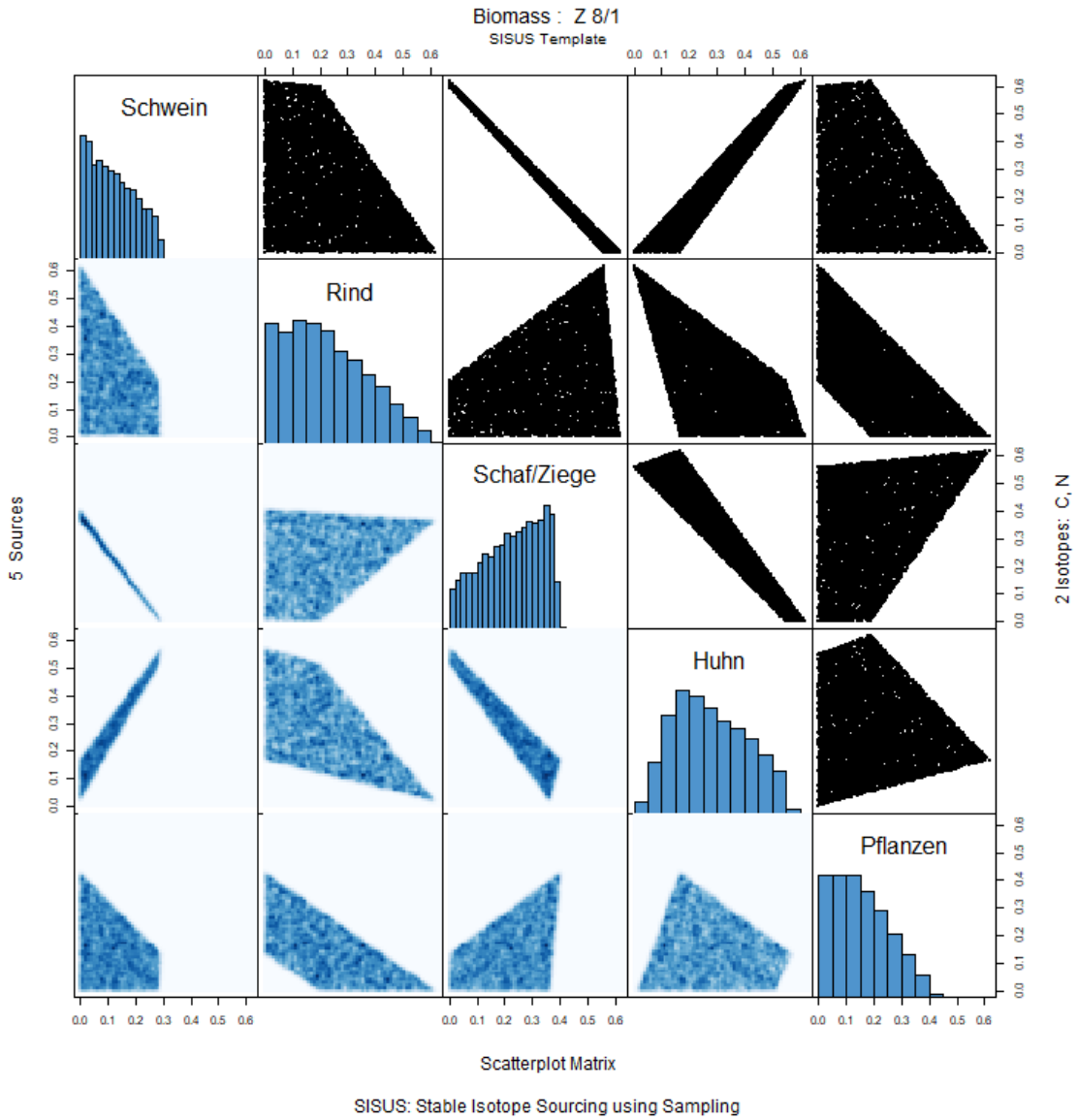


Abbildung 2675: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 8/1. Erstellt mit SISUS.

Z9

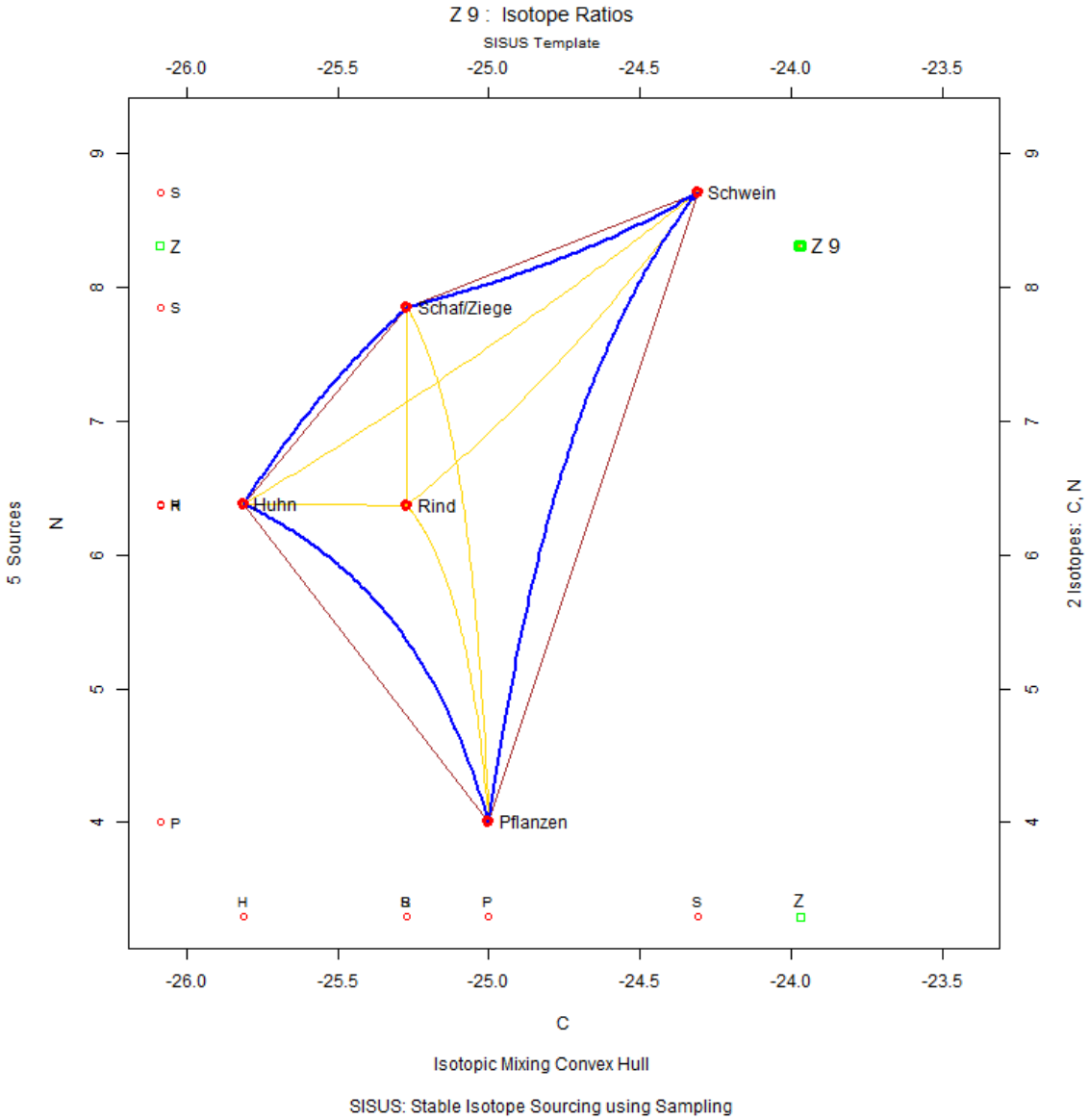


Abbildung 2676: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 9. Erstellt mit SISUS.

Z10

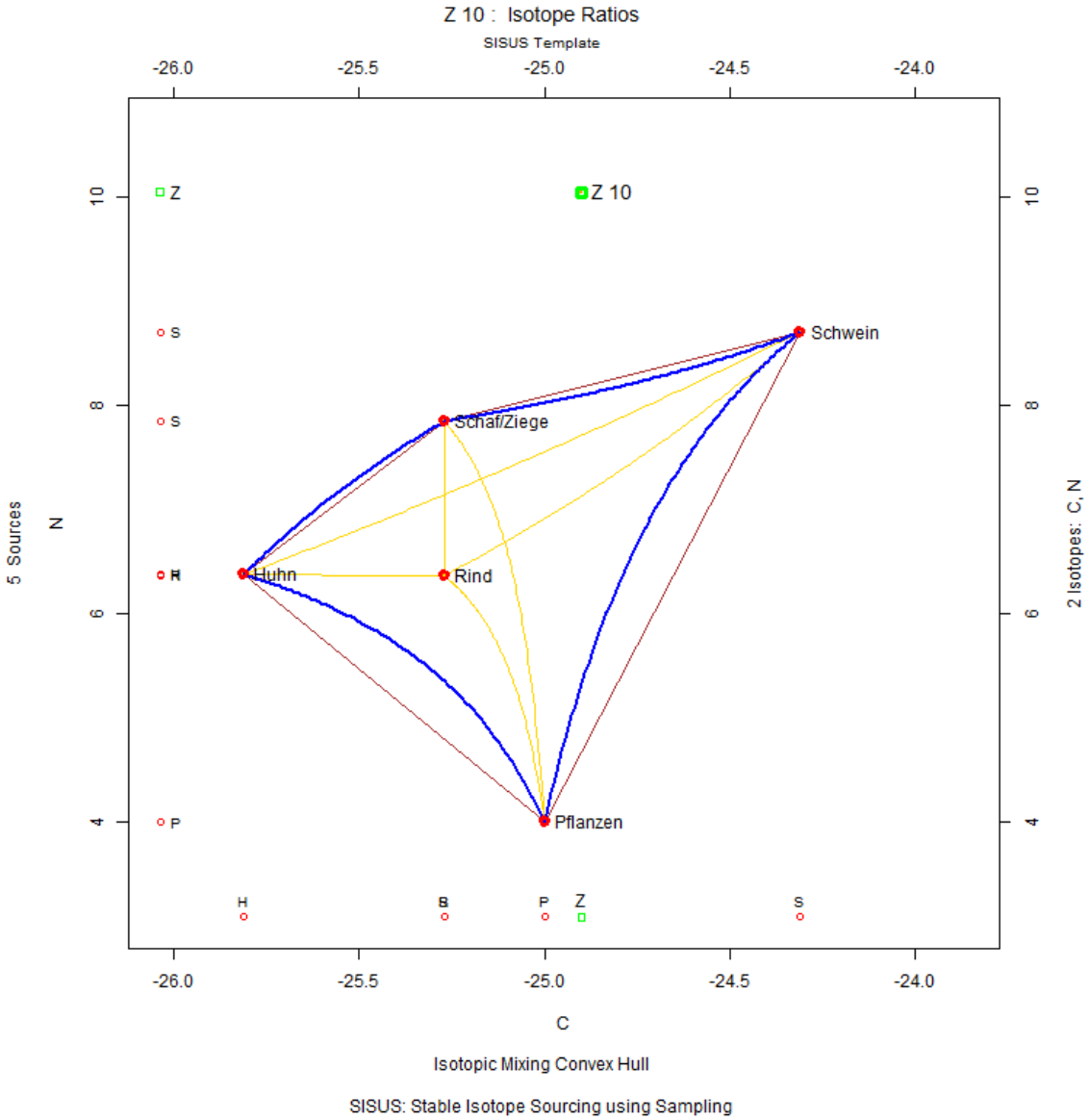


Abbildung 2677: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 10. Erstellt mit SISUS.

Z15

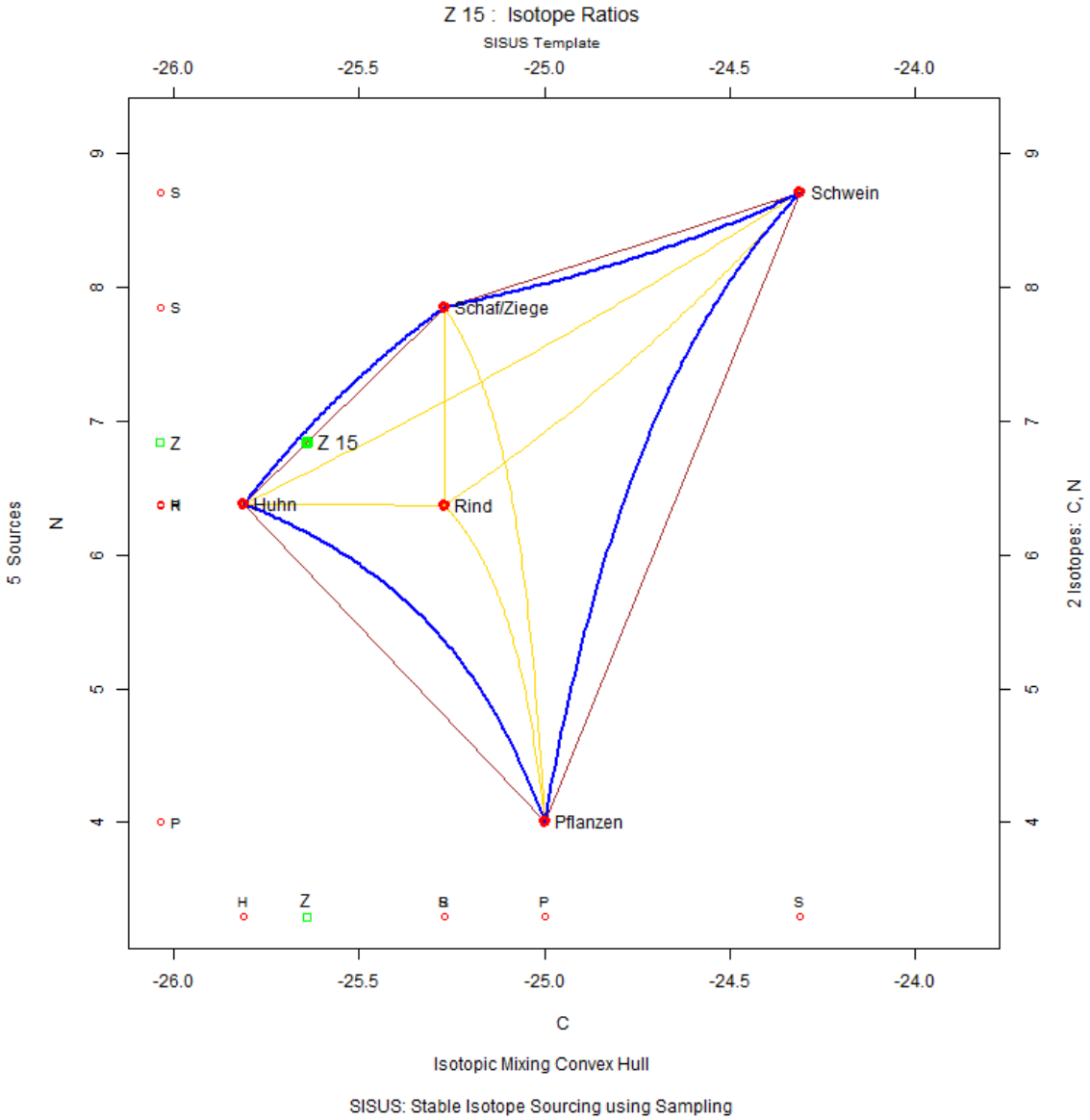


Abbildung 2678: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 15. Erstellt mit SISUS.

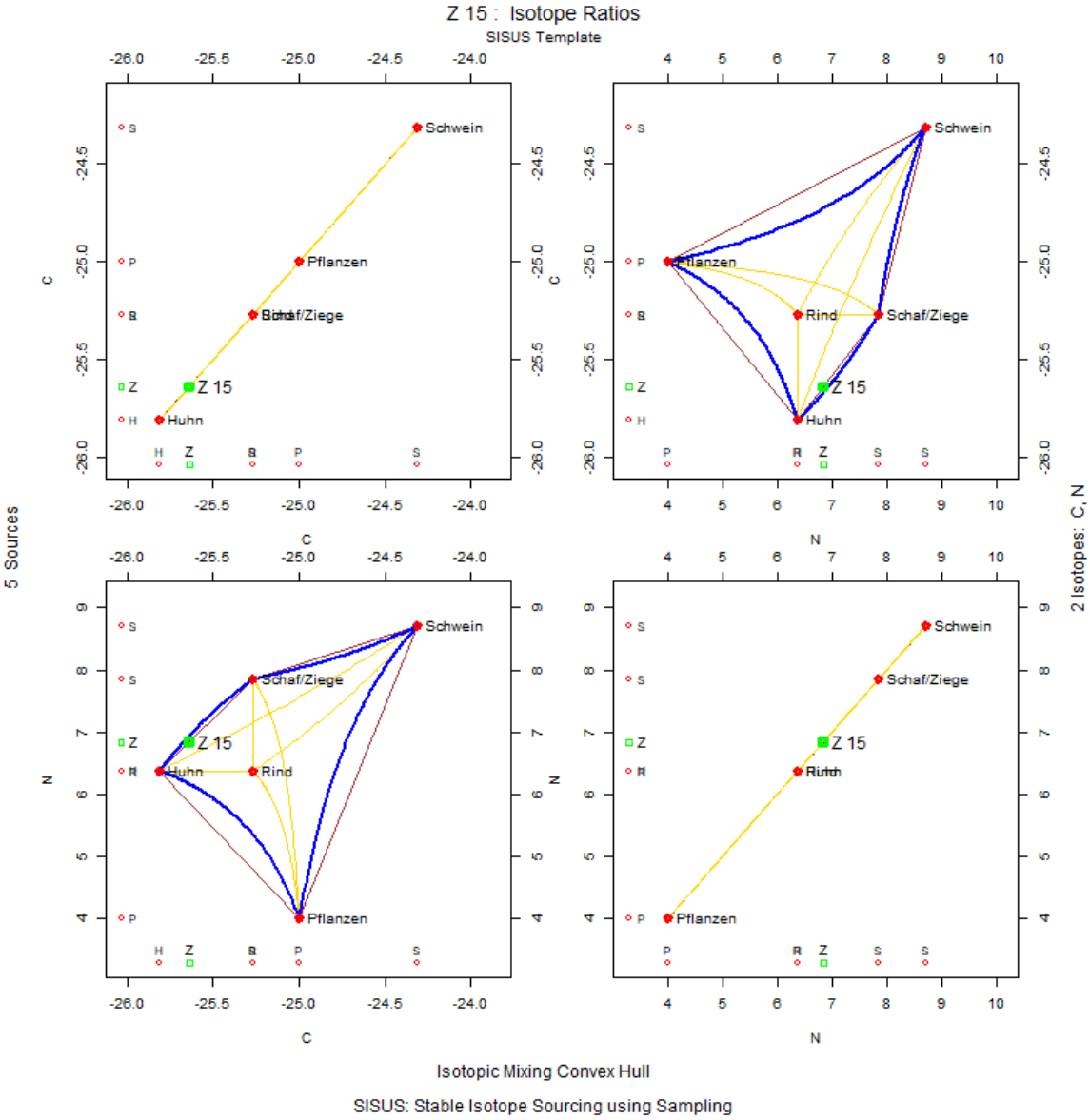


Abbildung 2679: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 15i n Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

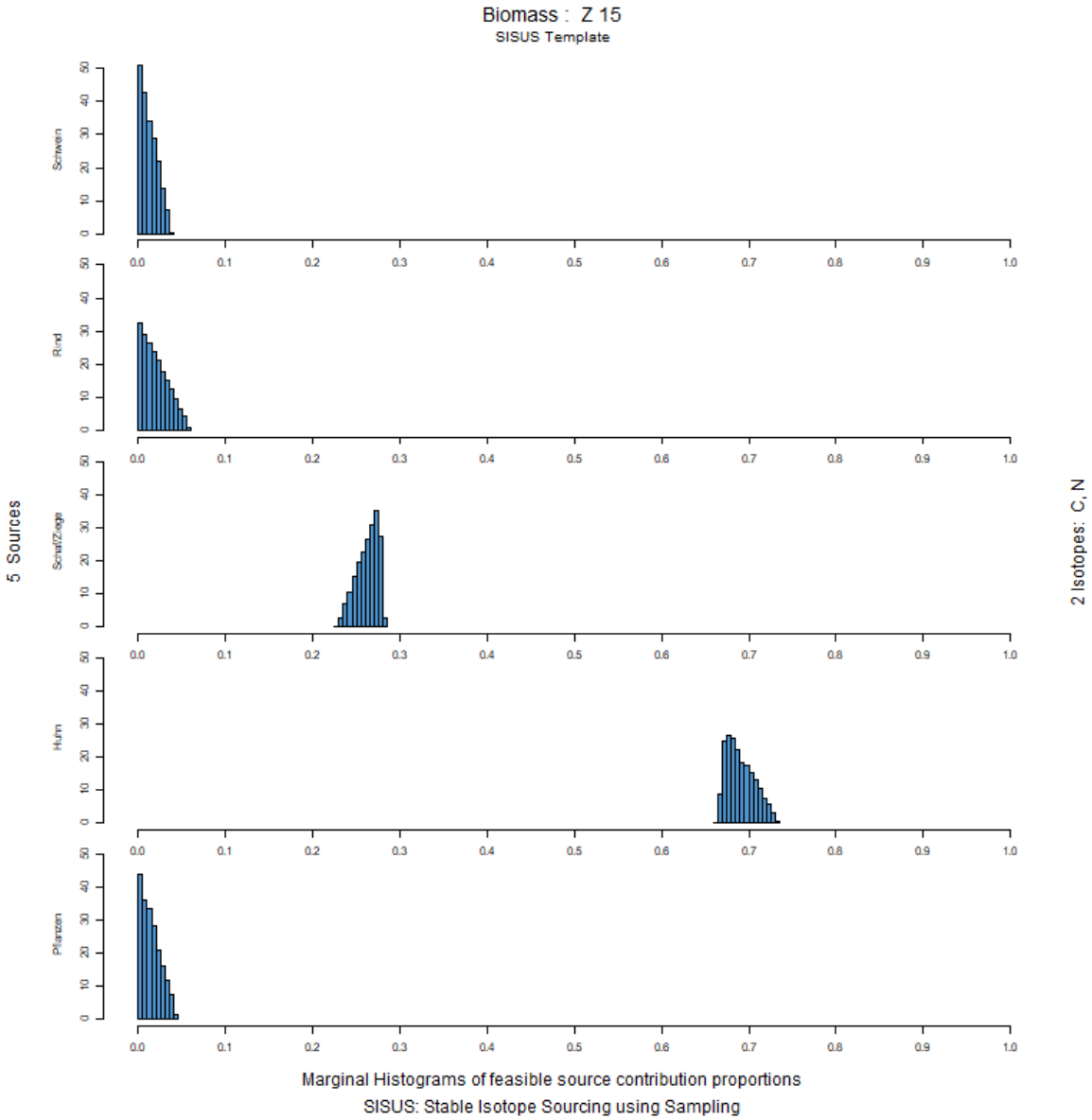


Abbildung 2680: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 15. Erstellt mit SISUS.

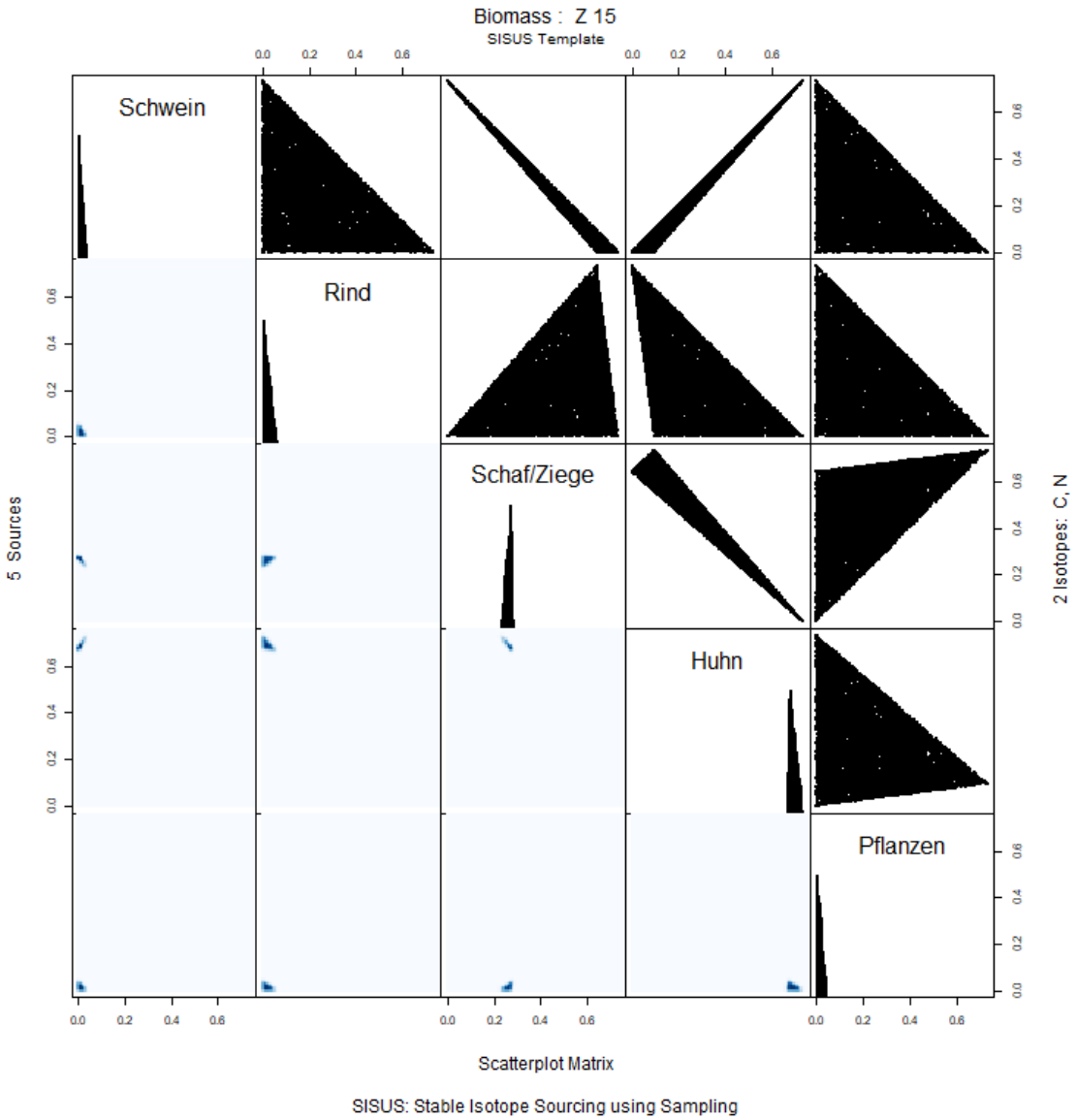


Abbildung 2681: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 15. Erstellt mit SISUS.

Z20

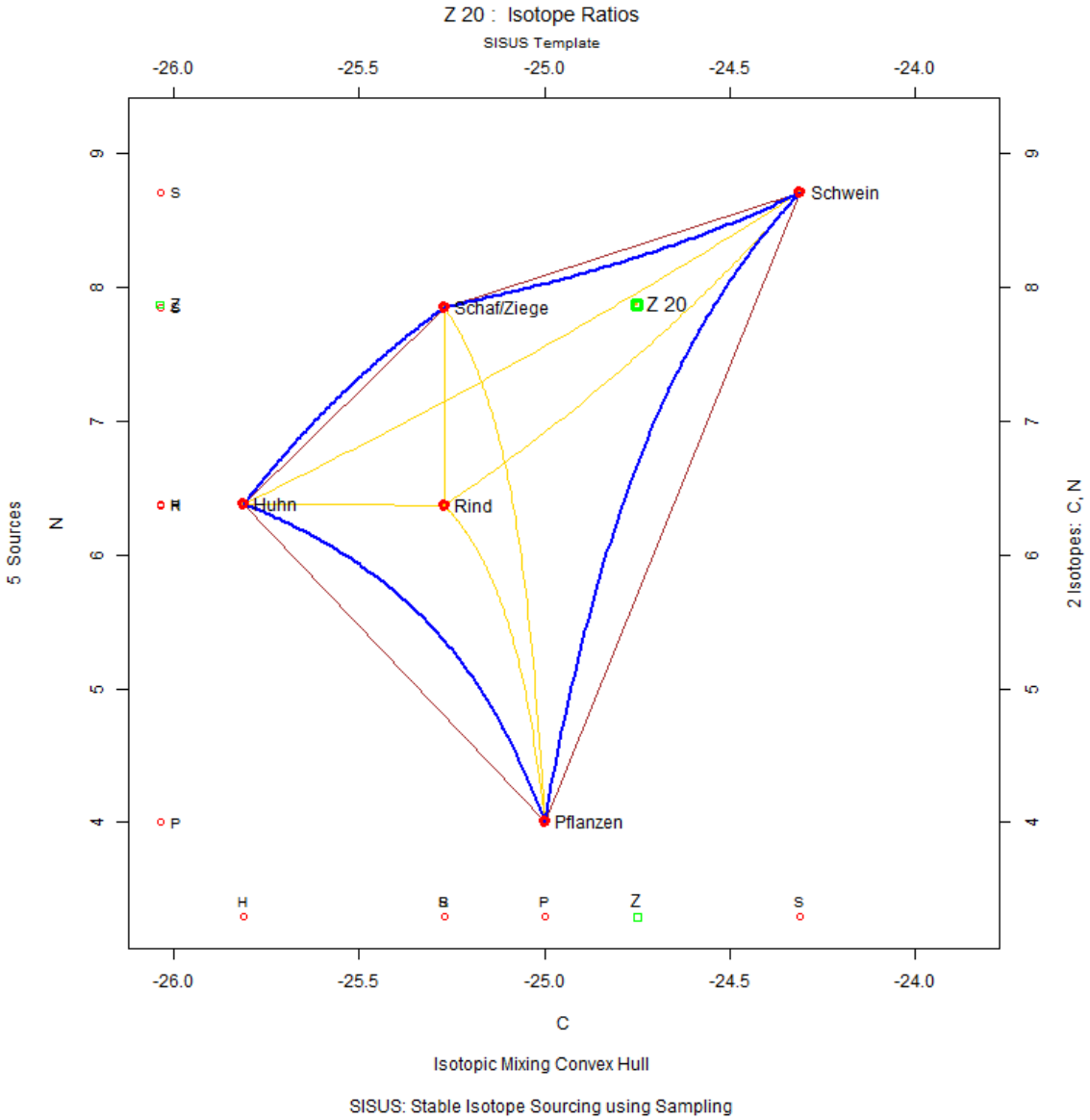


Abbildung 2682: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 20. Erstellt mit SISUS.

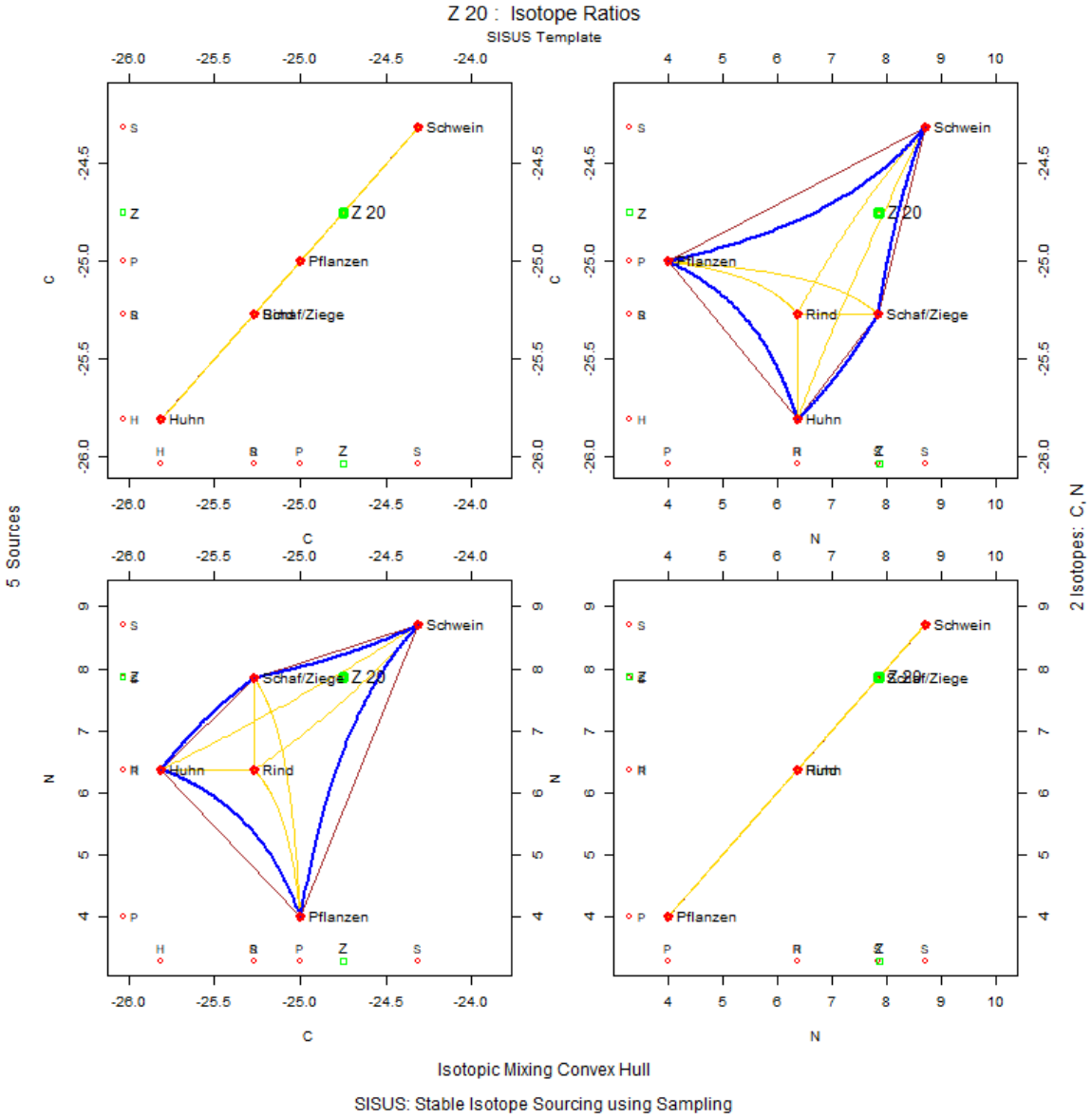


Abbildung 2683: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 15 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

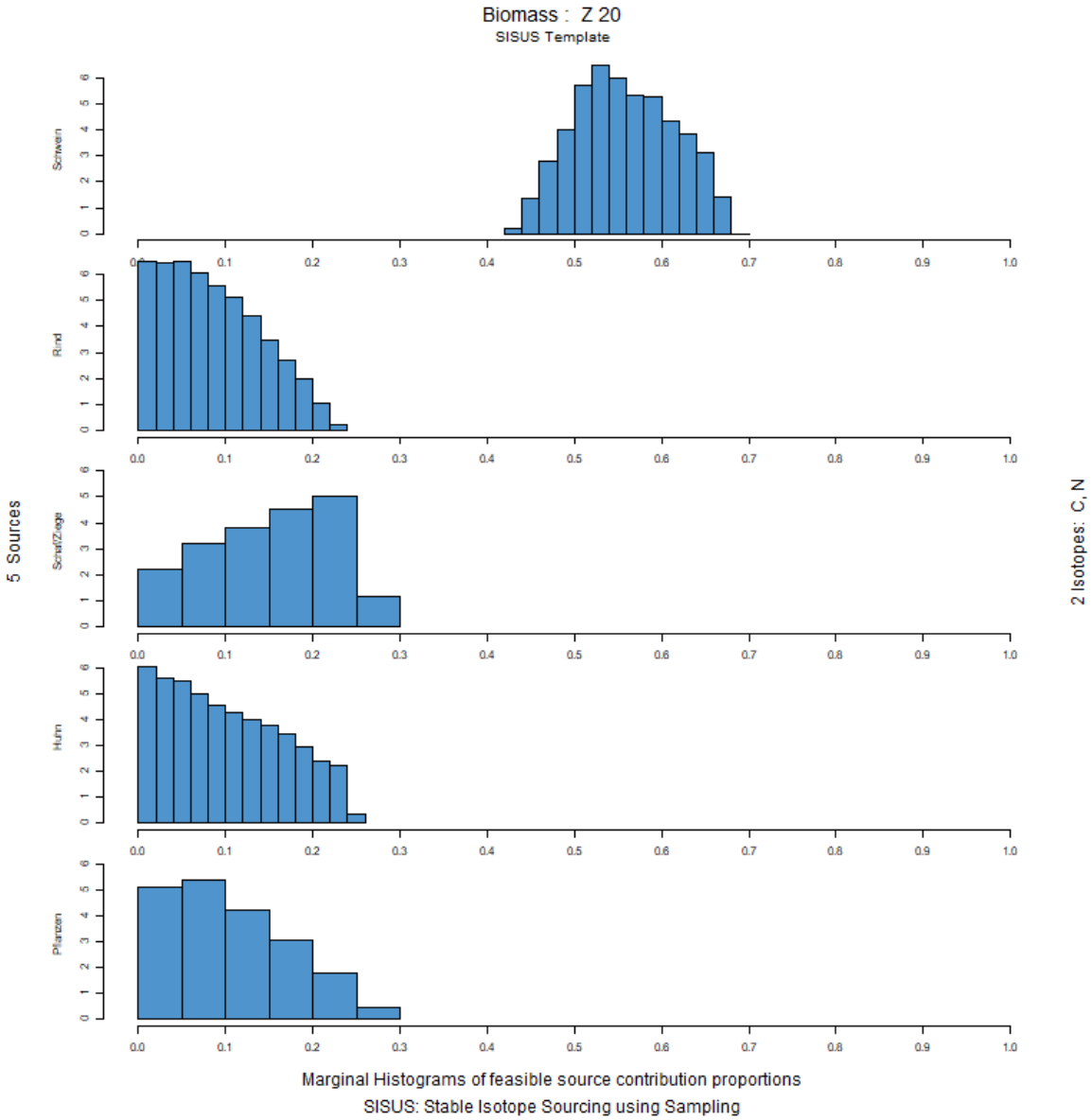


Abbildung 2684: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 20. Erstellt mit SISUS.

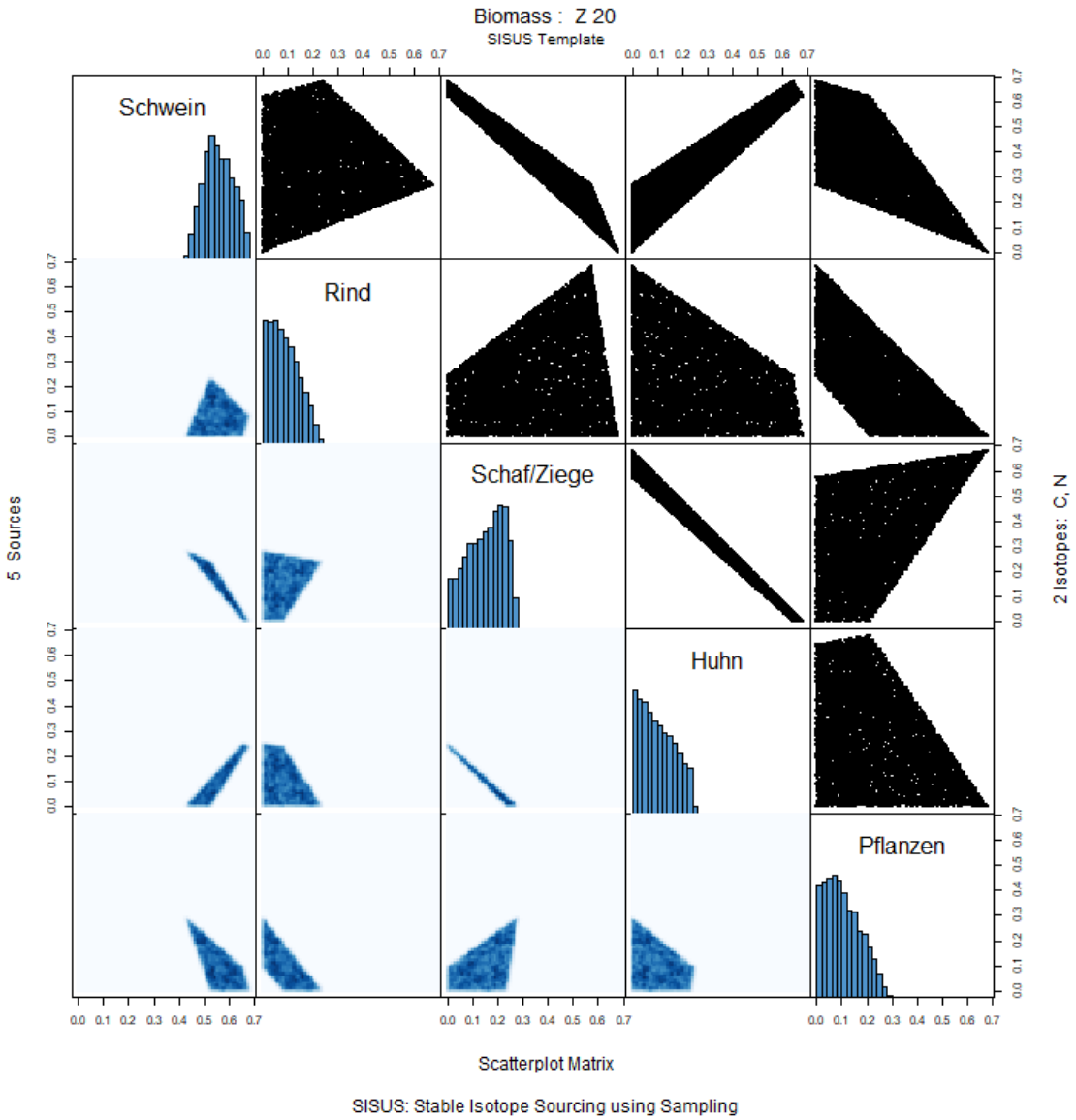


Abbildung 2685: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 20. Erstellt mit SISUS.

Z22

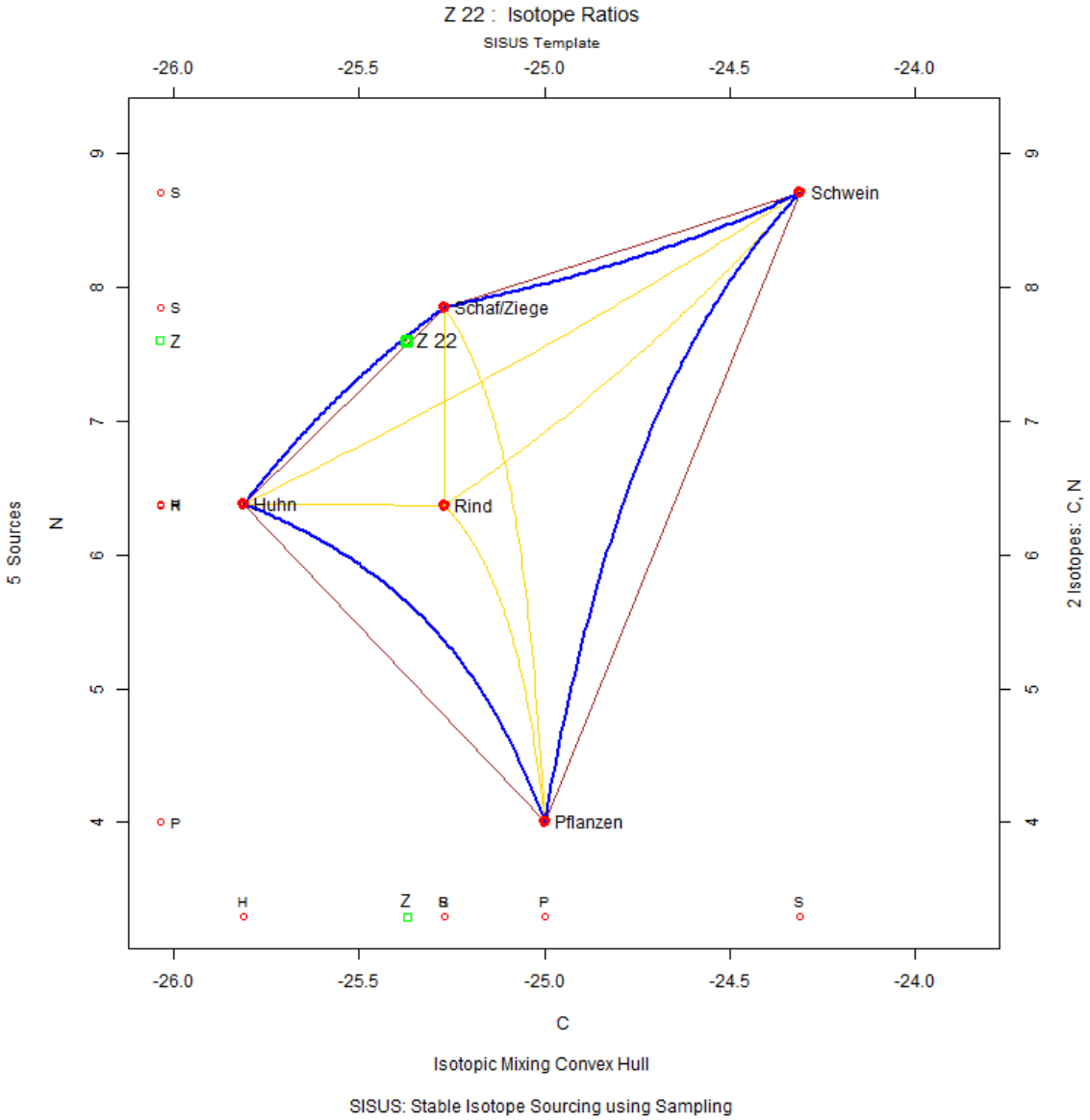


Abbildung 2686: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 22. Erstellt mit SISUS.

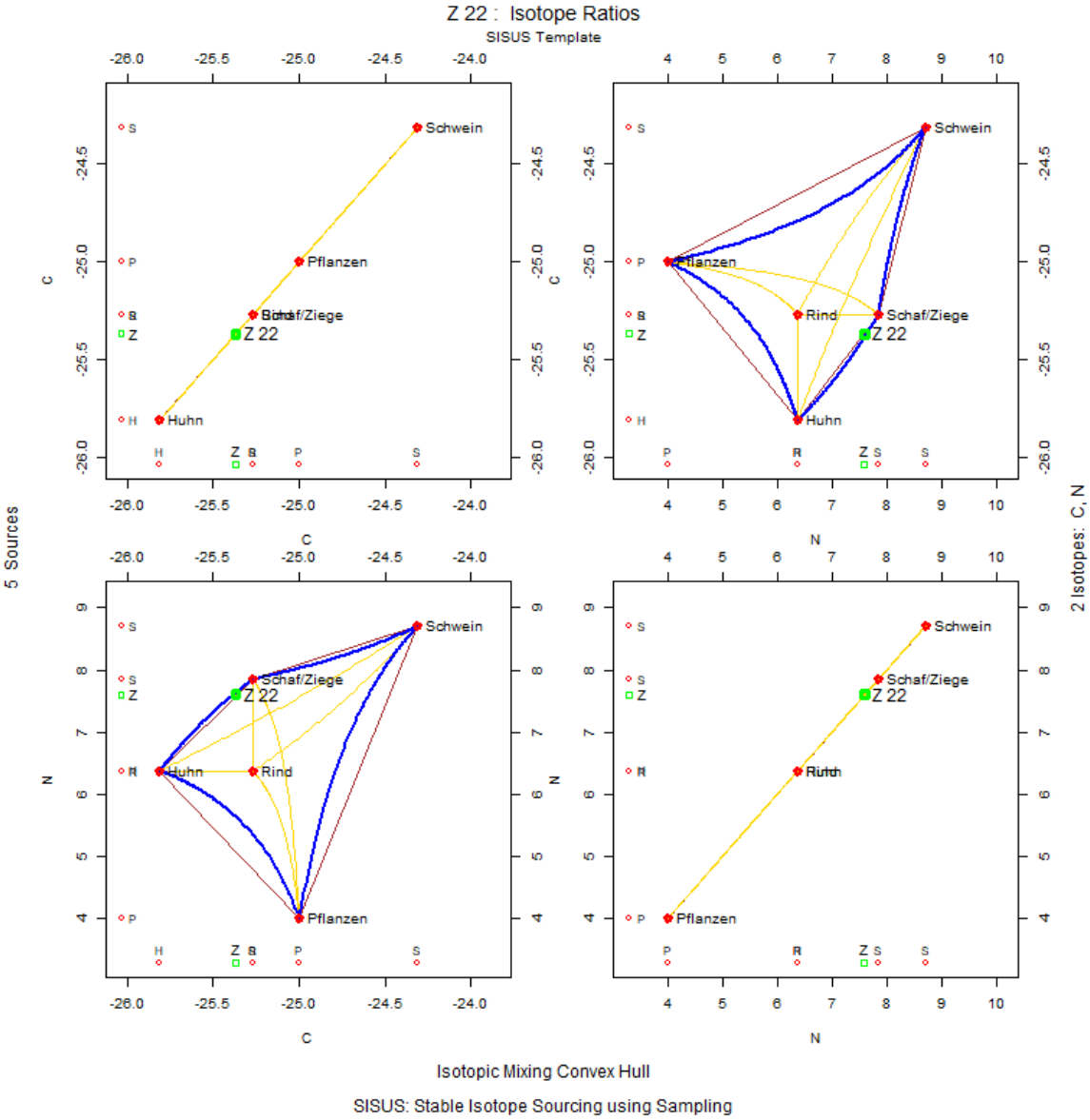


Abbildung 2687: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 22 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

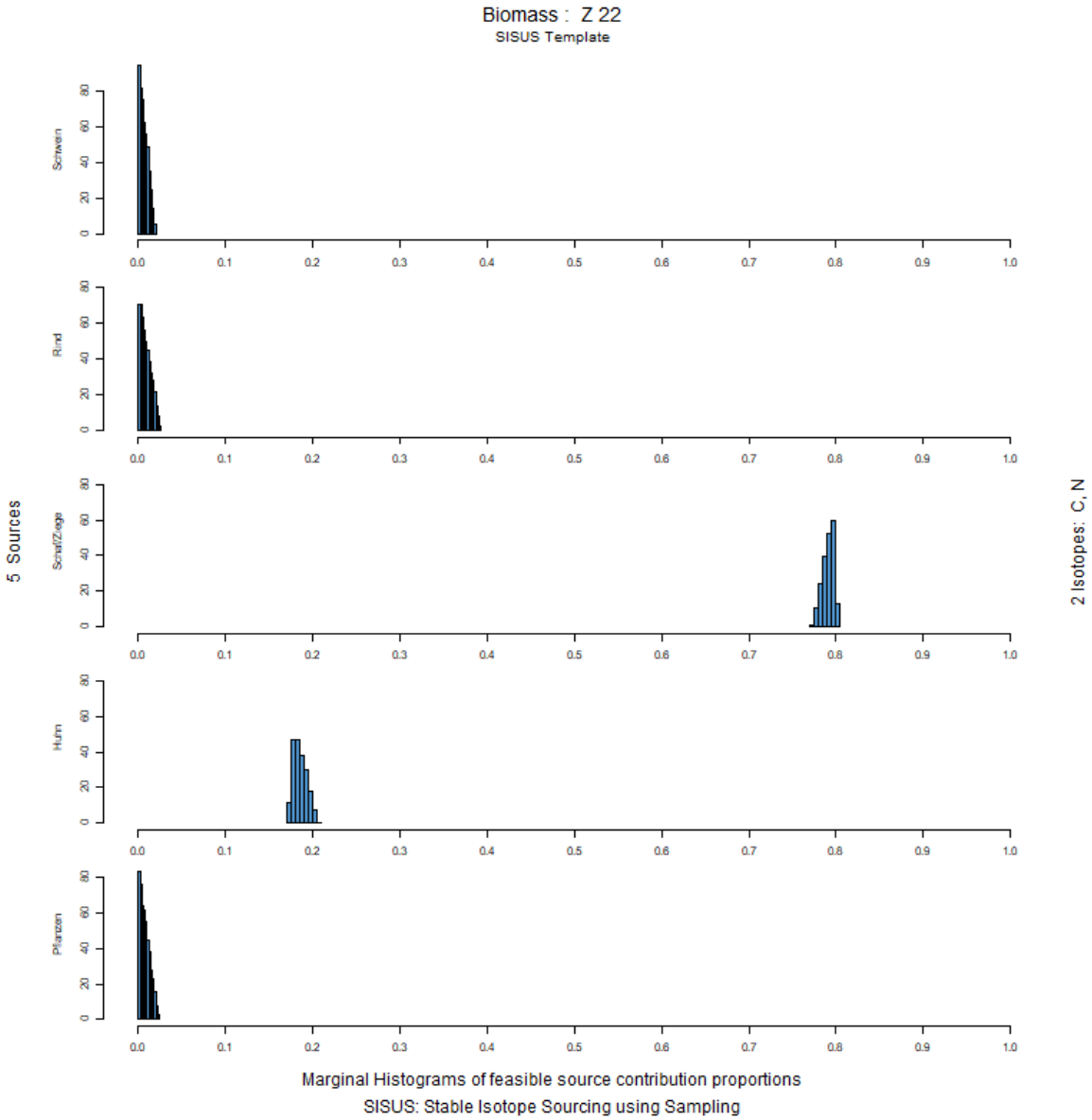


Abbildung 2688: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 22. Erstellt mit SISUS.

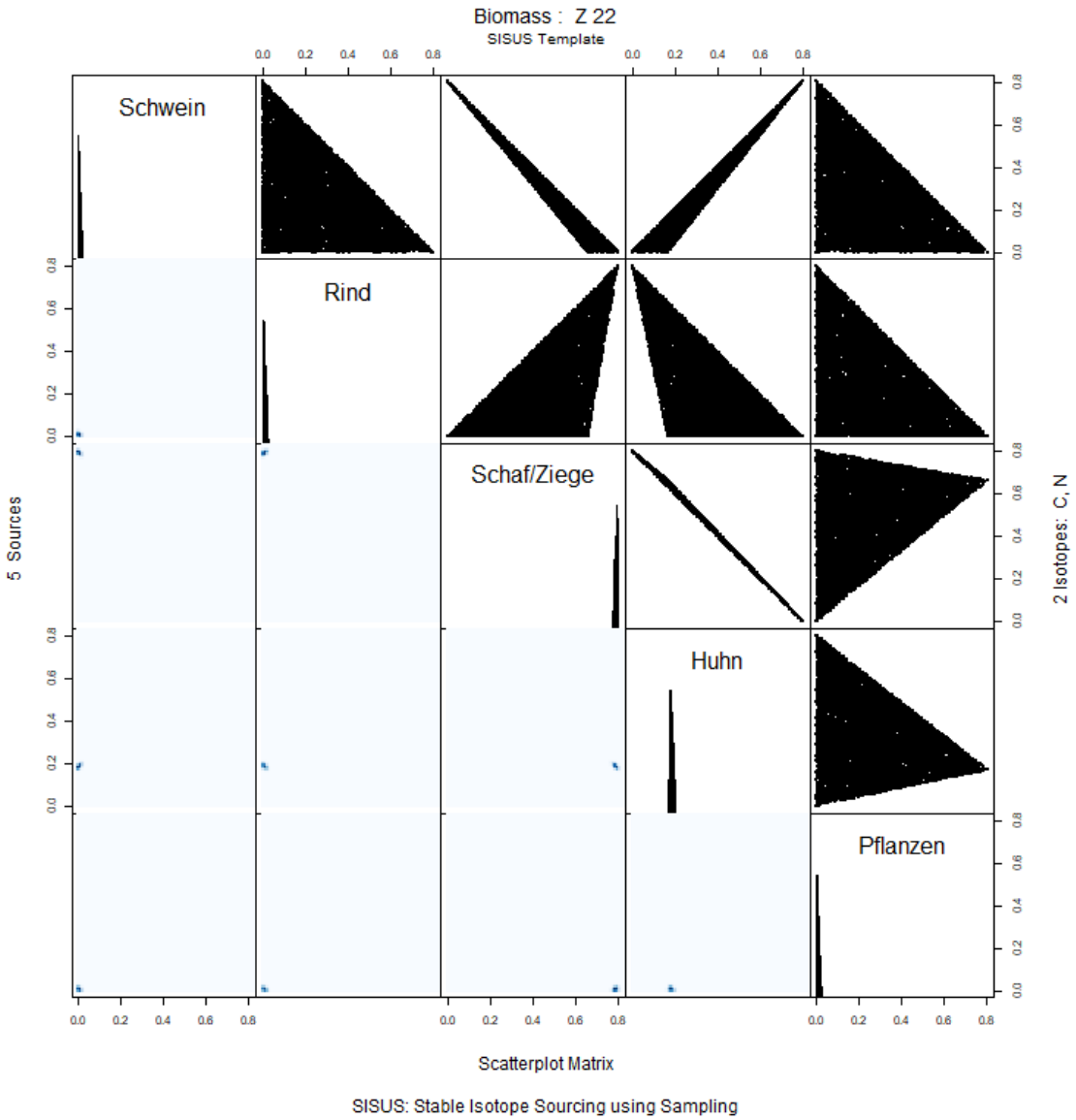


Abbildung 2689: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 22. Erstellt mit SISUS.

Z27

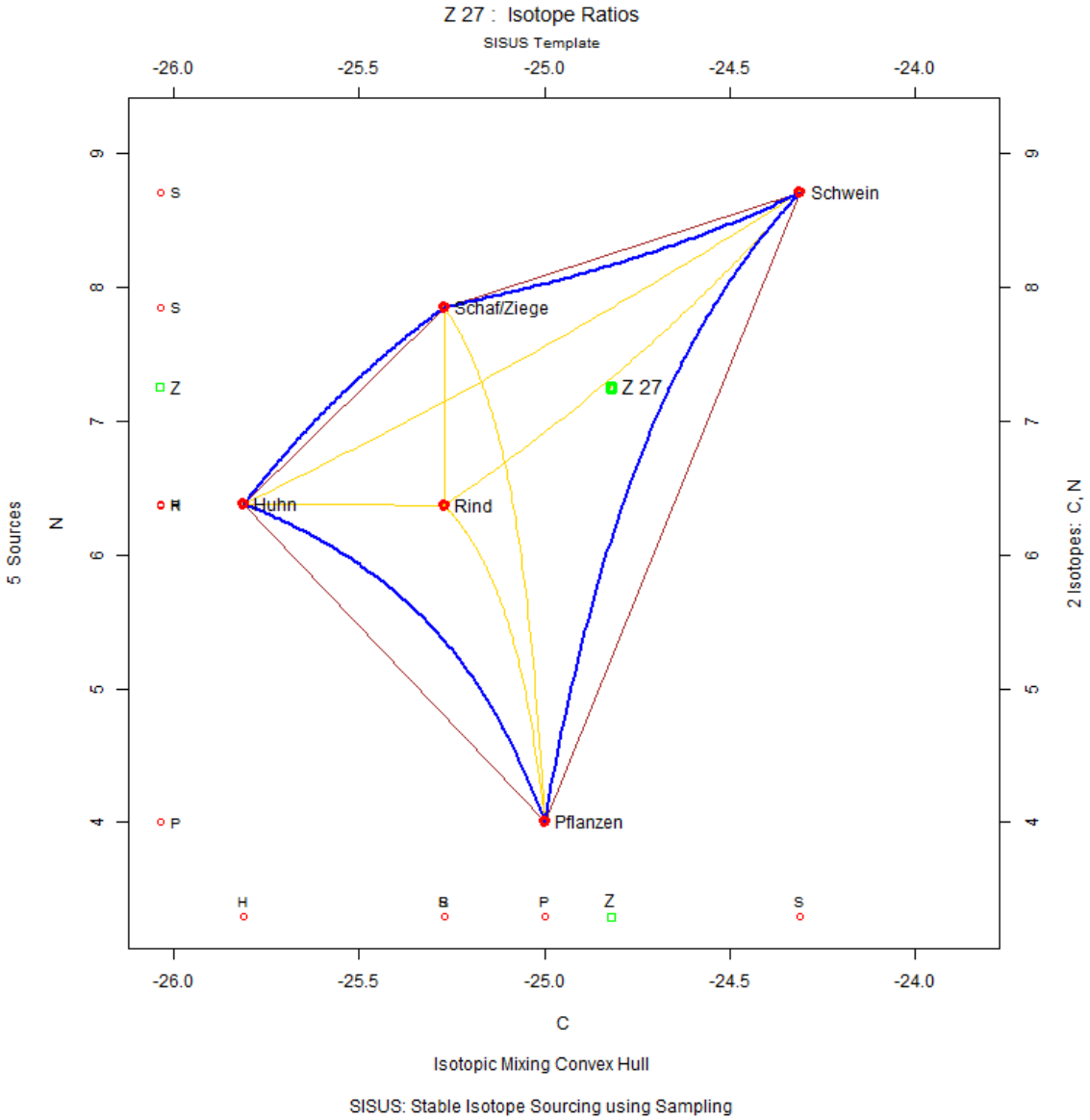


Abbildung 2690: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 27. Erstellt mit SISUS.

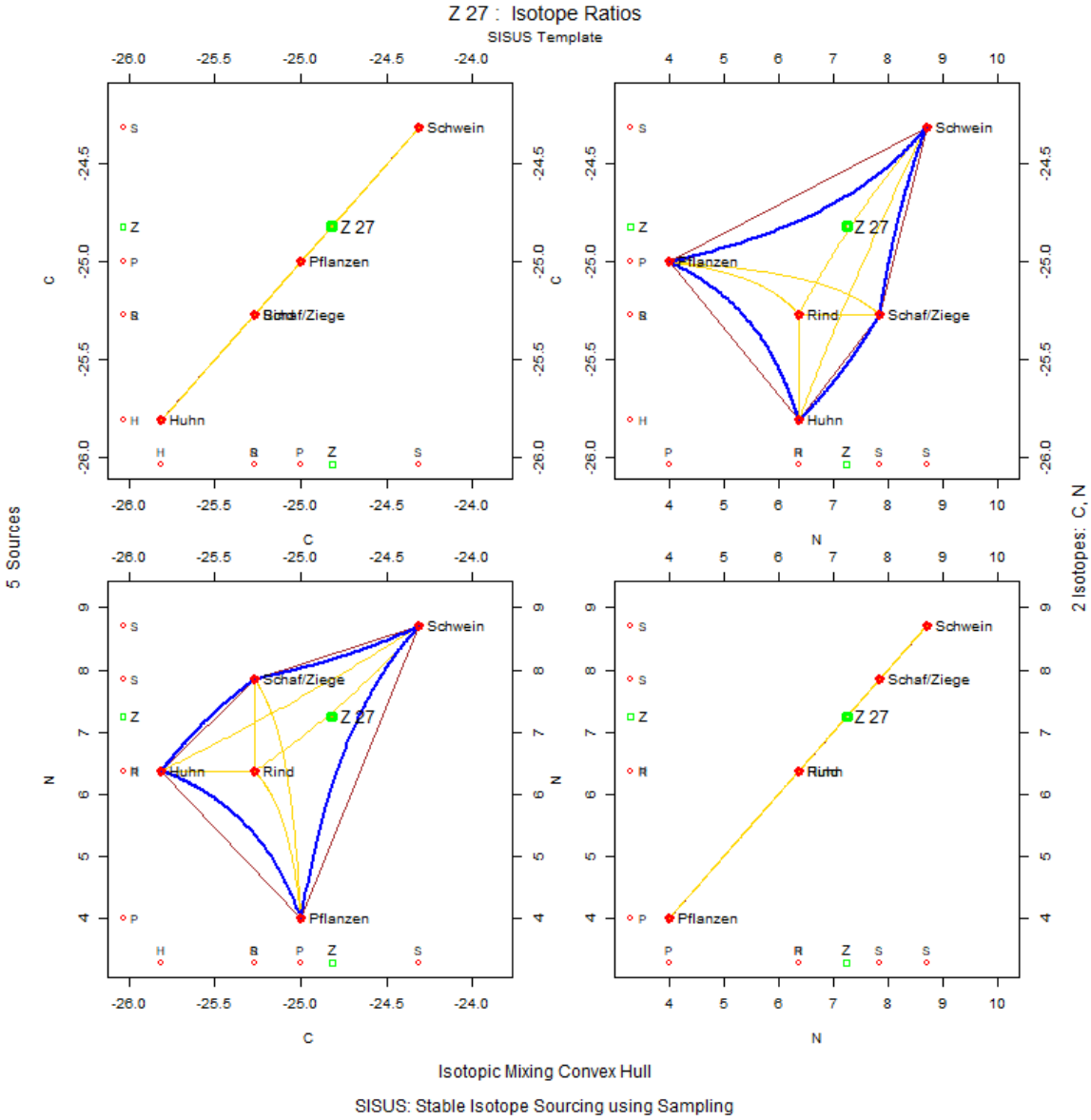


Abbildung 2691: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 27 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

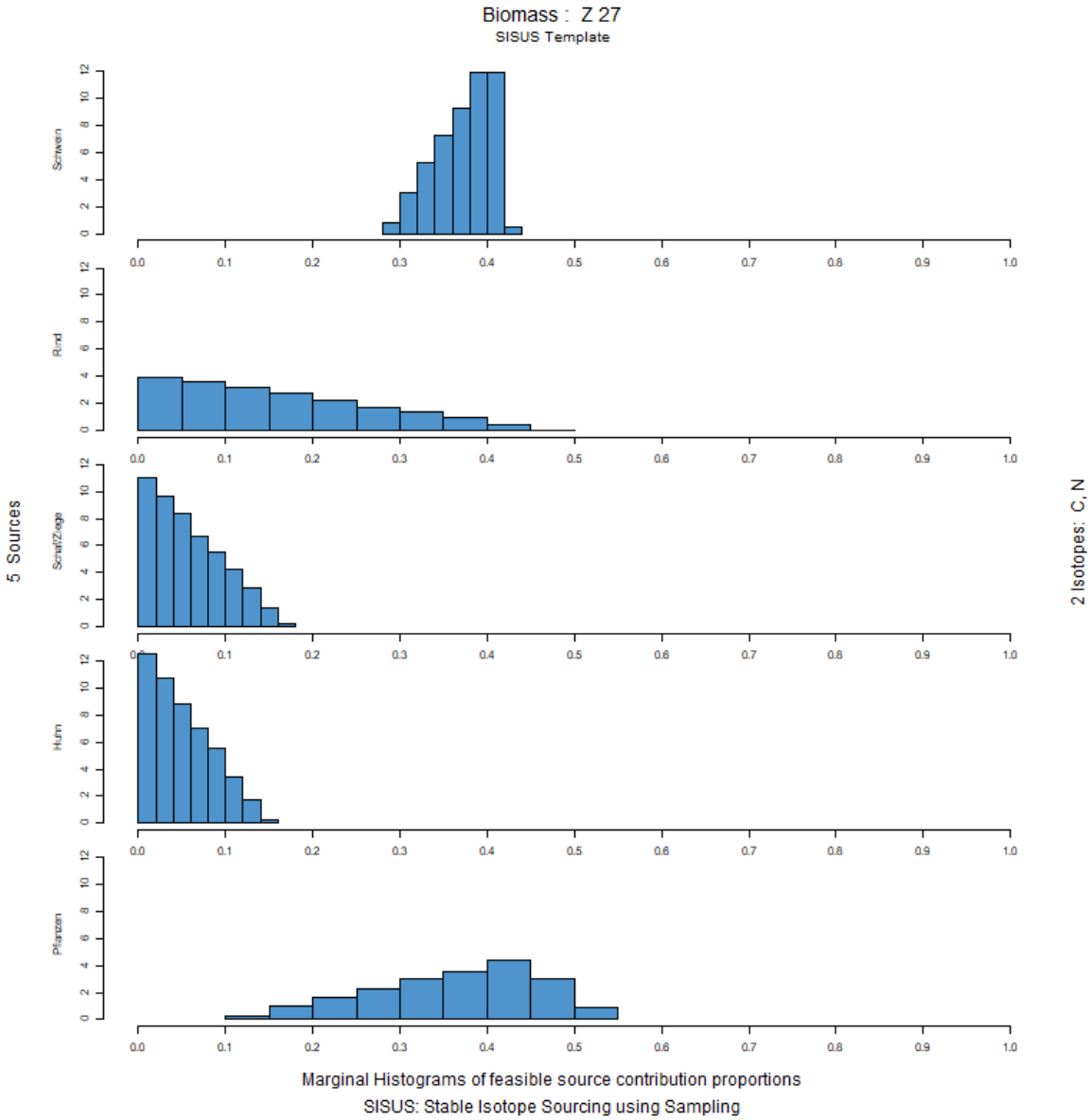


Abbildung 2692: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 27. Erstellt mit SISUS.

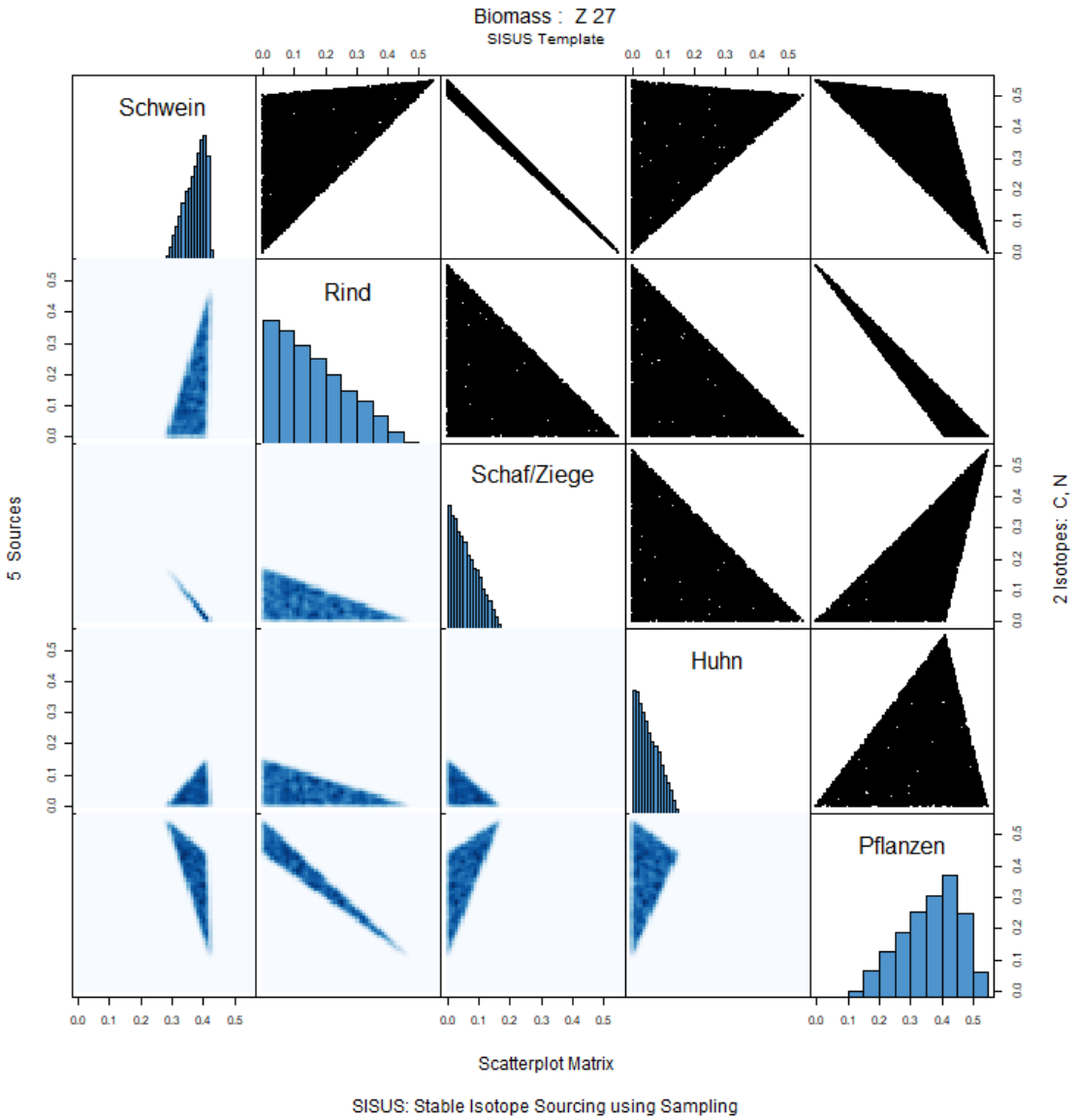


Abbildung 2693: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 27. Erstellt mit SISUS.

Z30

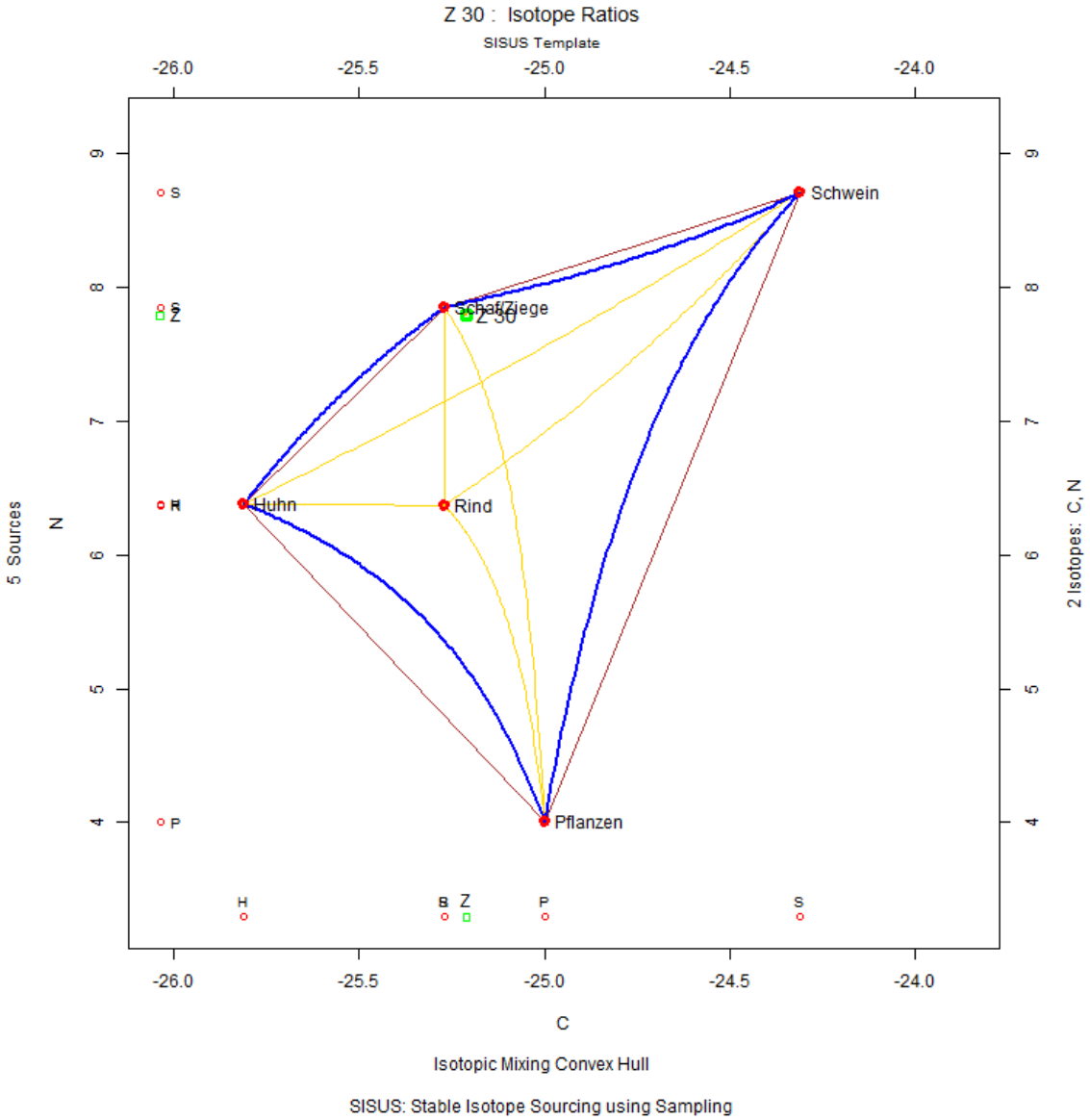


Abbildung 2694: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 30. Erstellt mit SISUS.

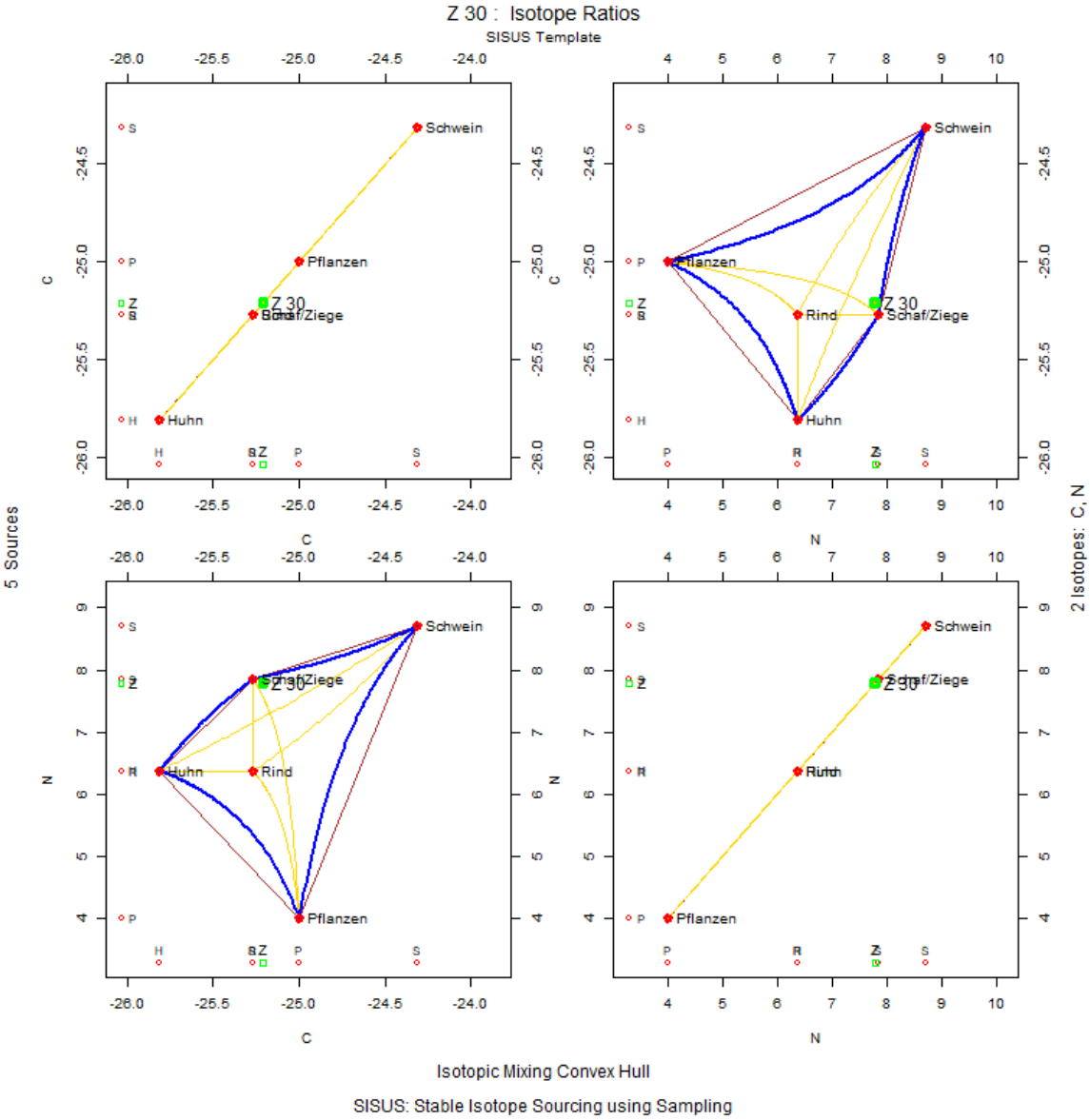
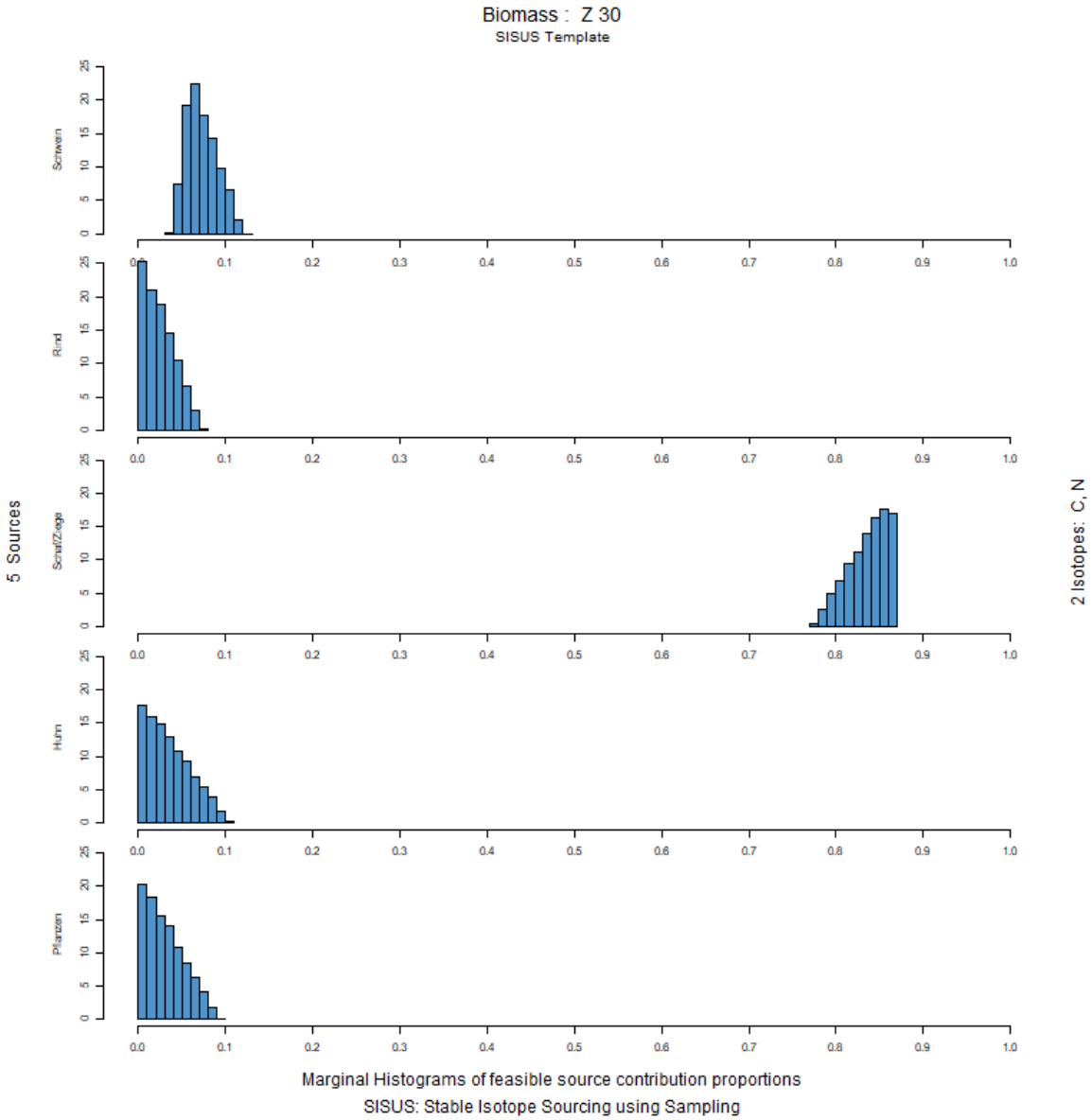


Abbildung 2695: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 30 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.



A**bbildung 2696**: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 30. Erstellt mit SISUS.

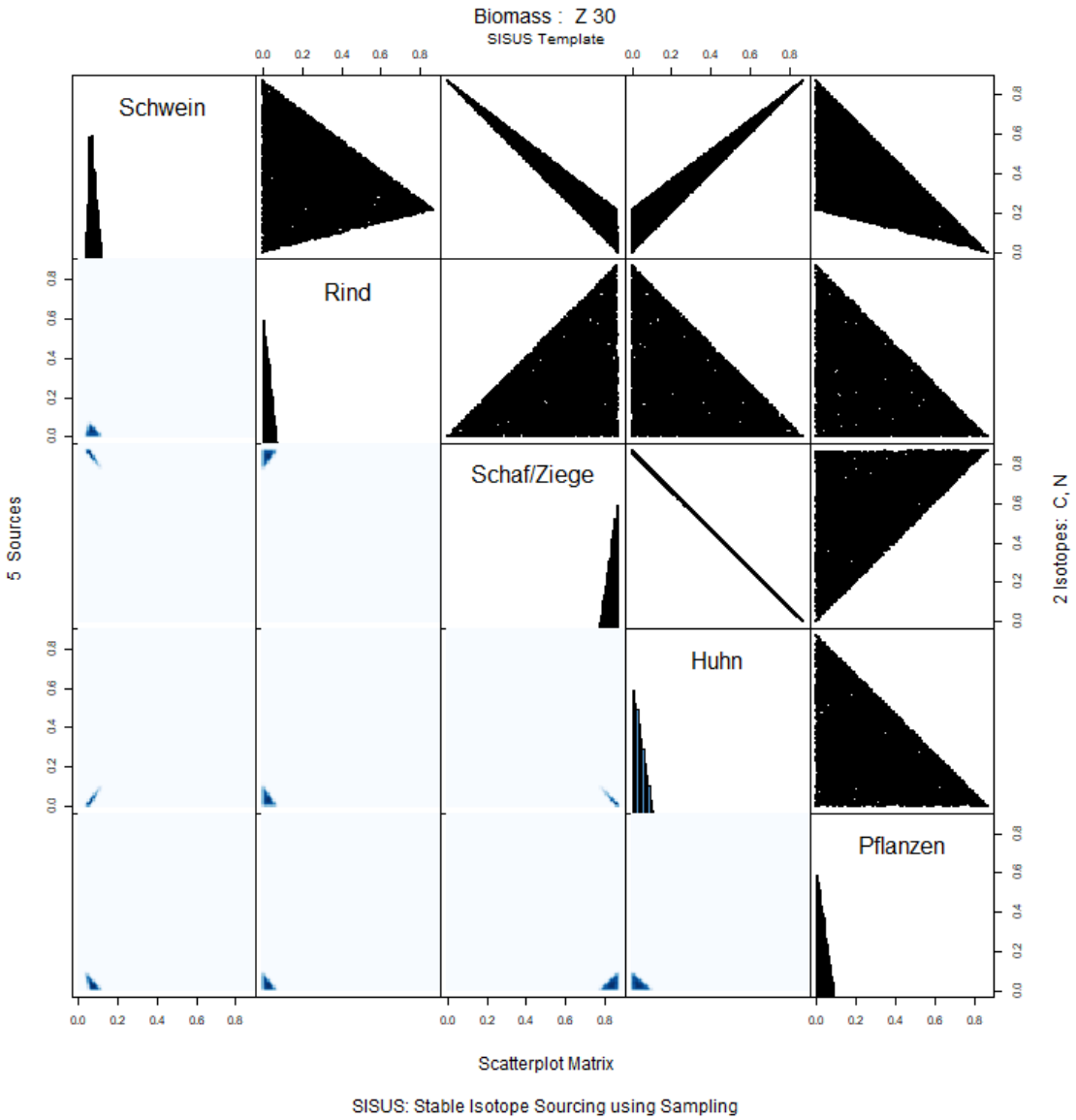


Abbildung 2697: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 30. Erstellt mit SISUS.

Z42

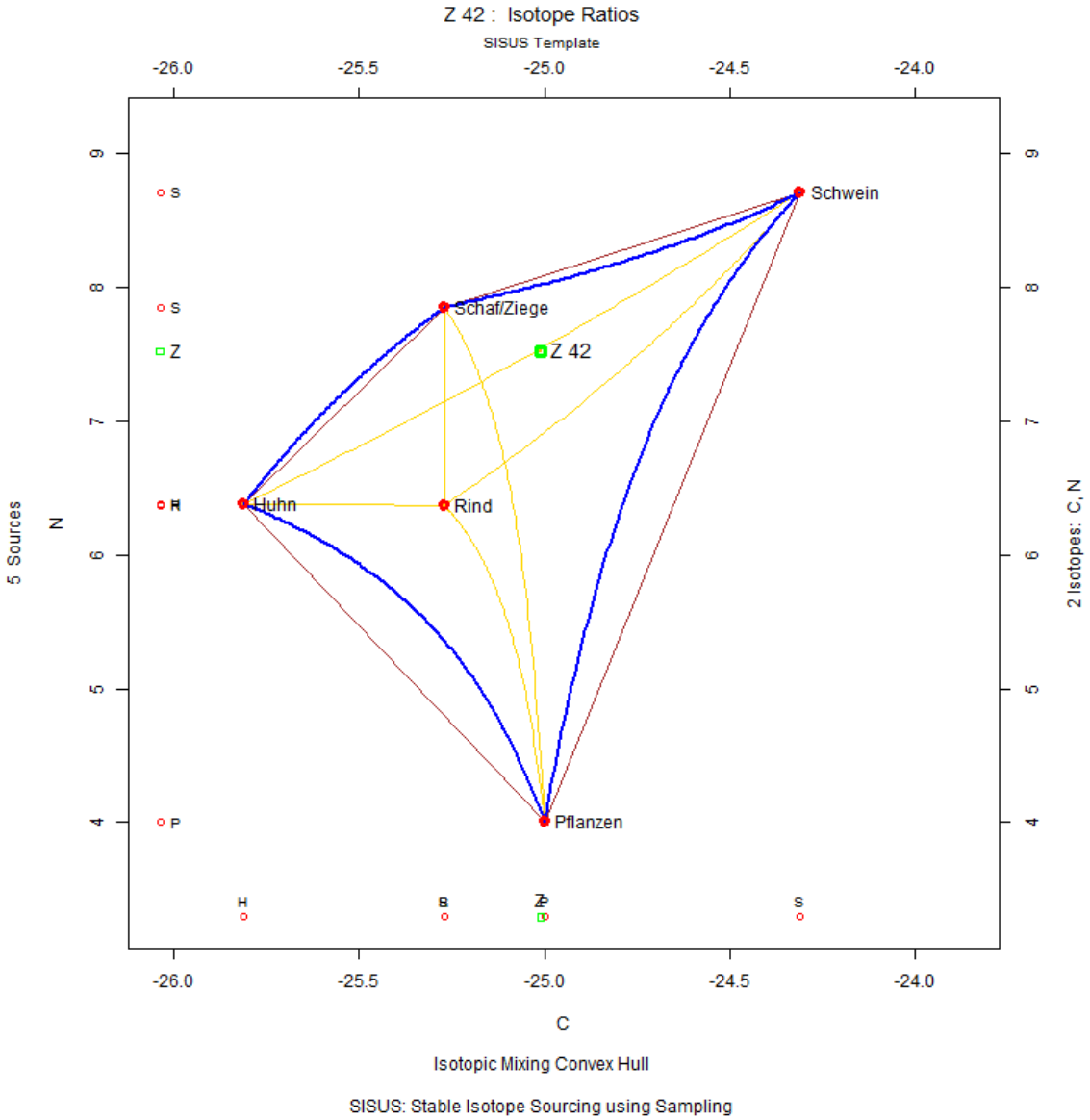


Abbildung 2698: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 42. Erstellt mit SISUS.

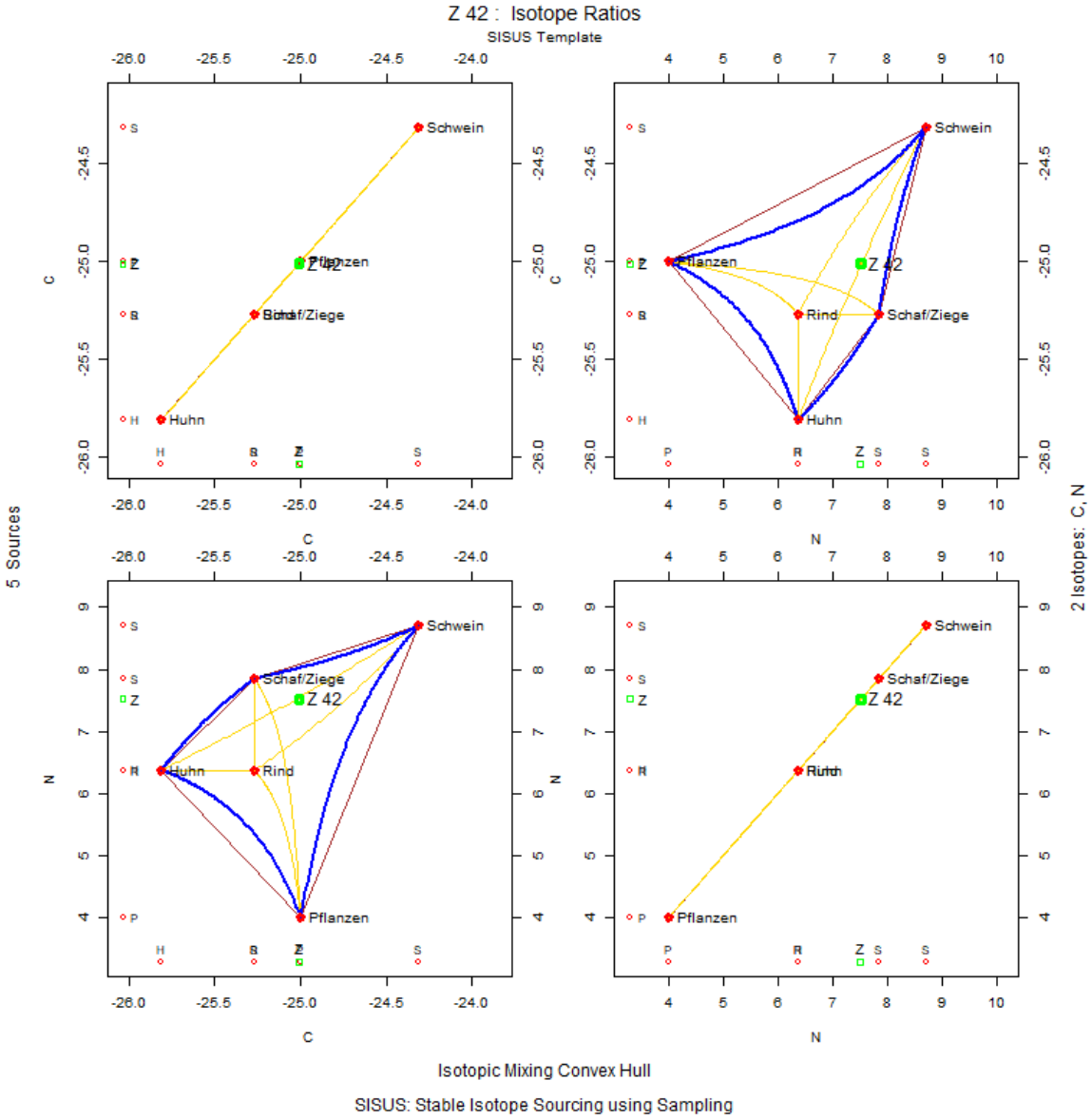


Abbildung 2699: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 42 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

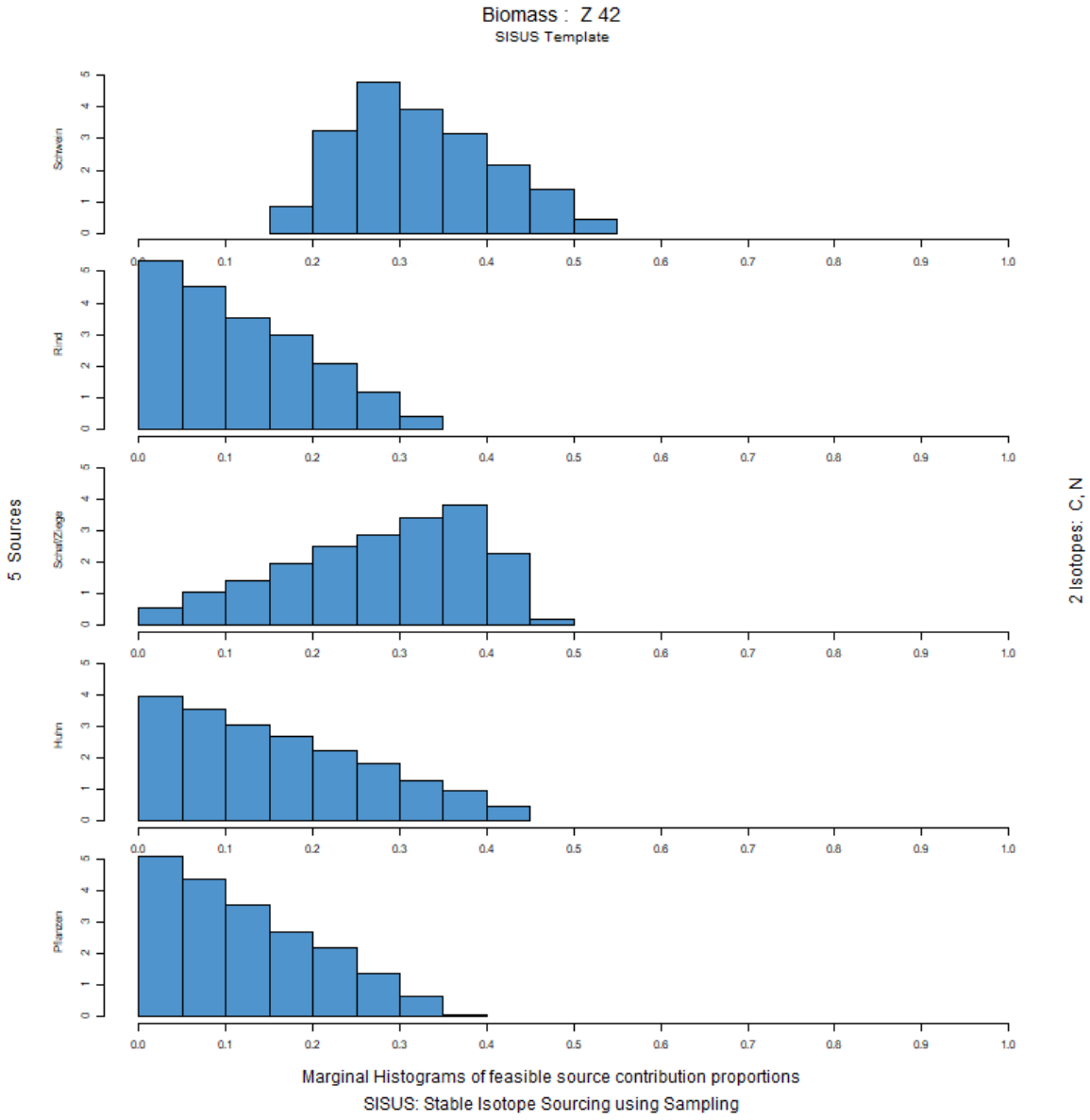


Abbildung 2700: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 42. Erstellt mit SISUS.

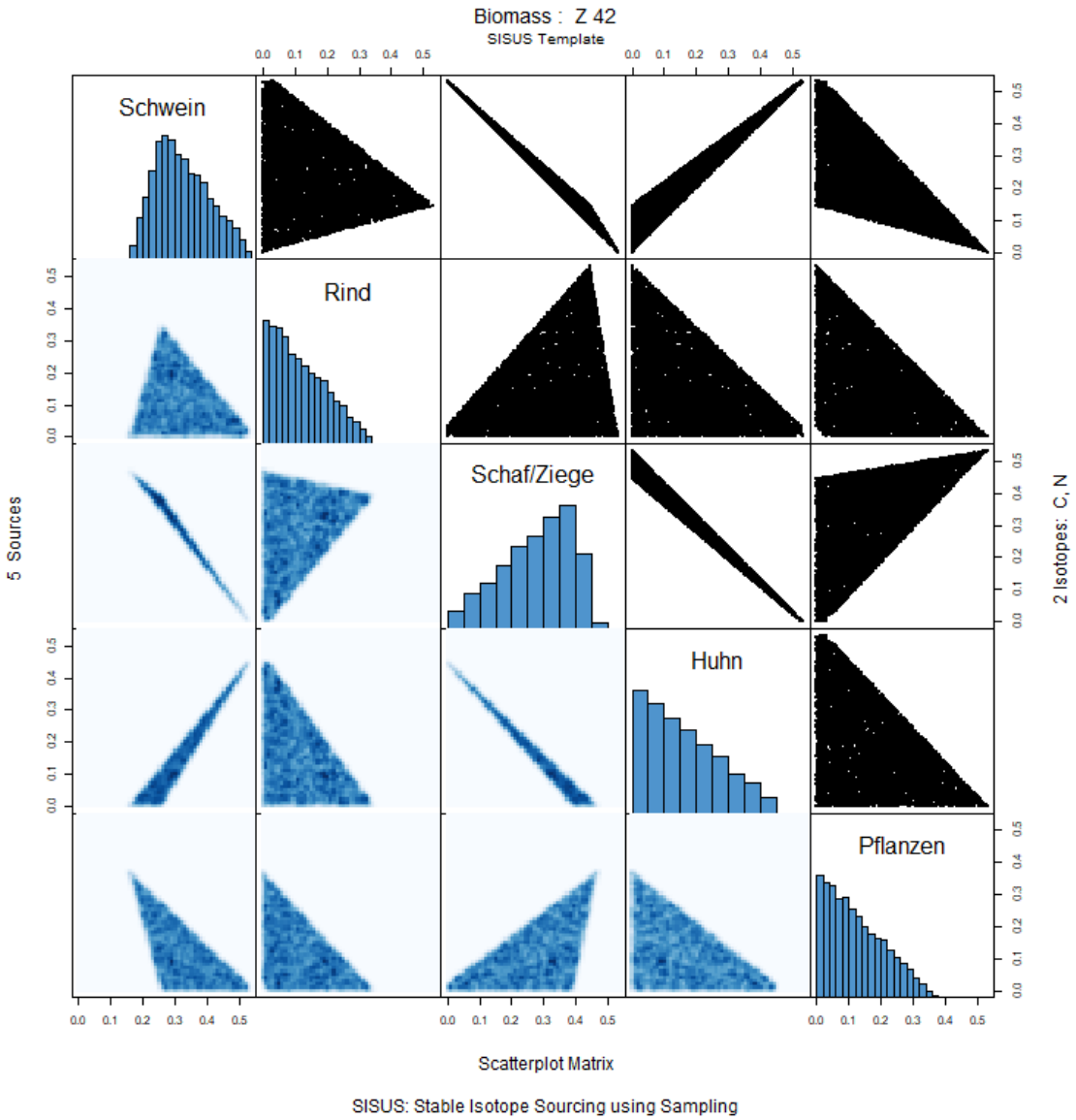


Abbildung 2701: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 42. Erstellt mit SISUS.

Z44

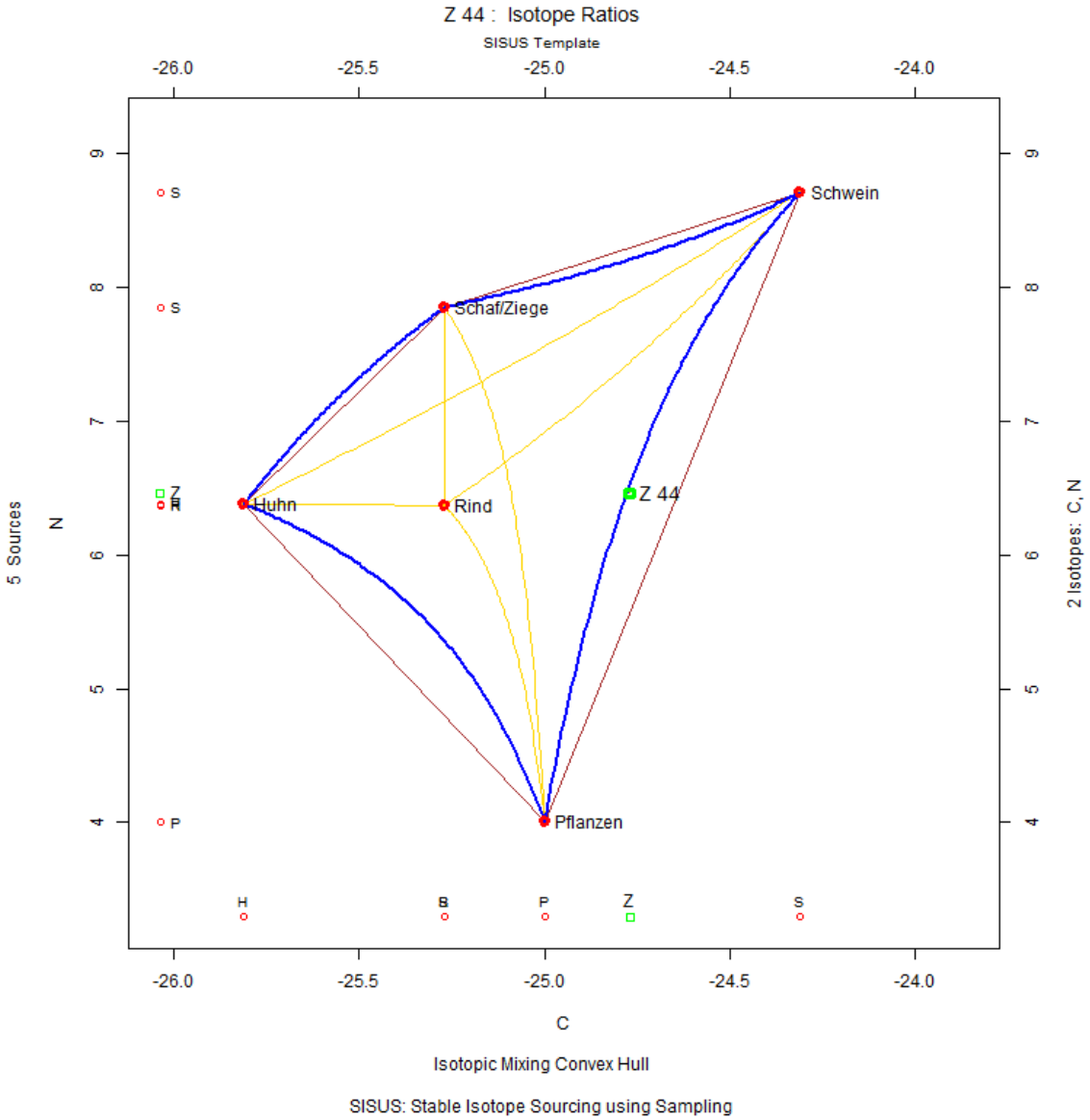


Abbildung 2702: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 44. Erstellt mit SISUS.

Z47

,

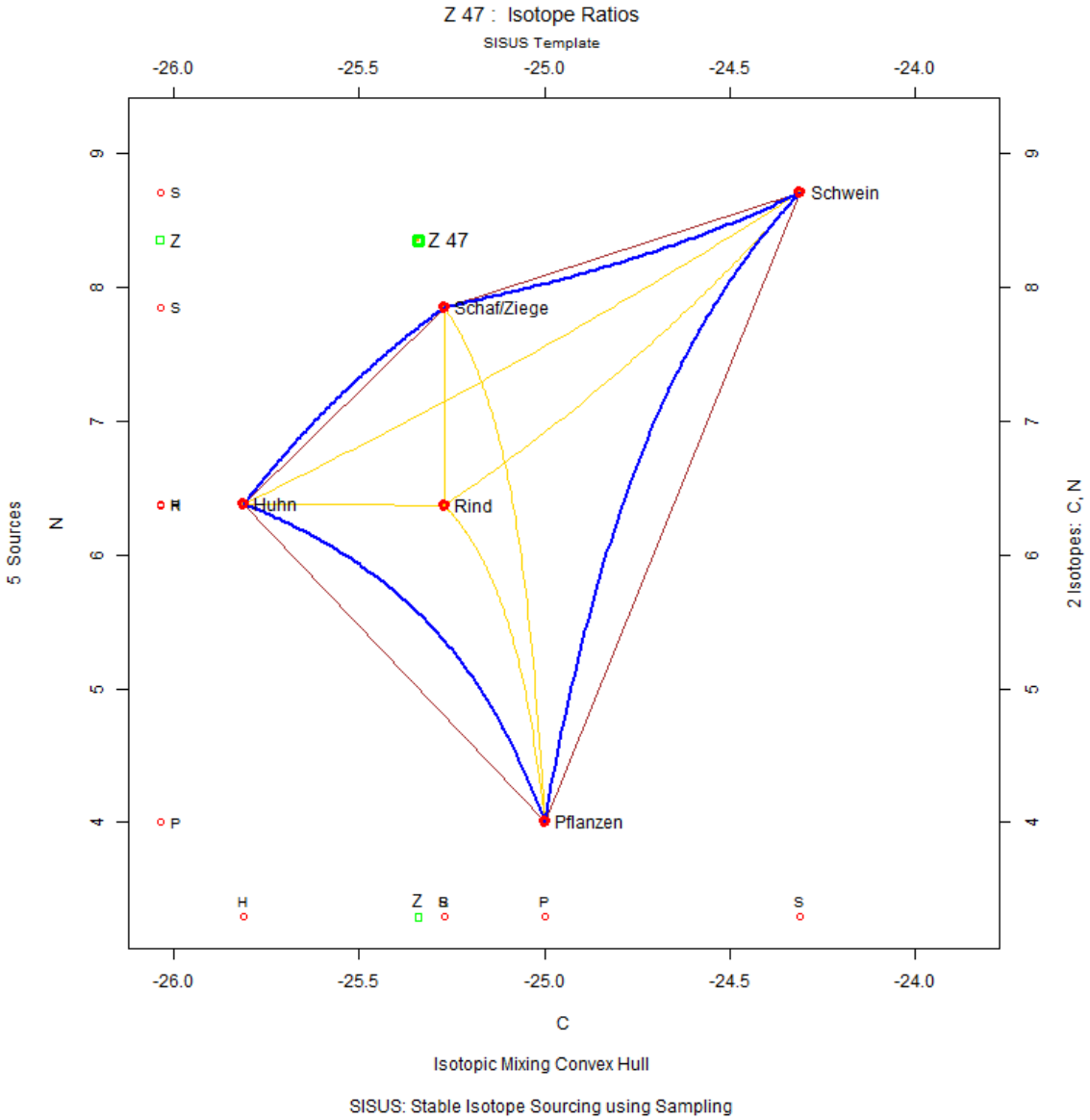


Abbildung 2703: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 47. Erstellt mit SISUS.

Z49

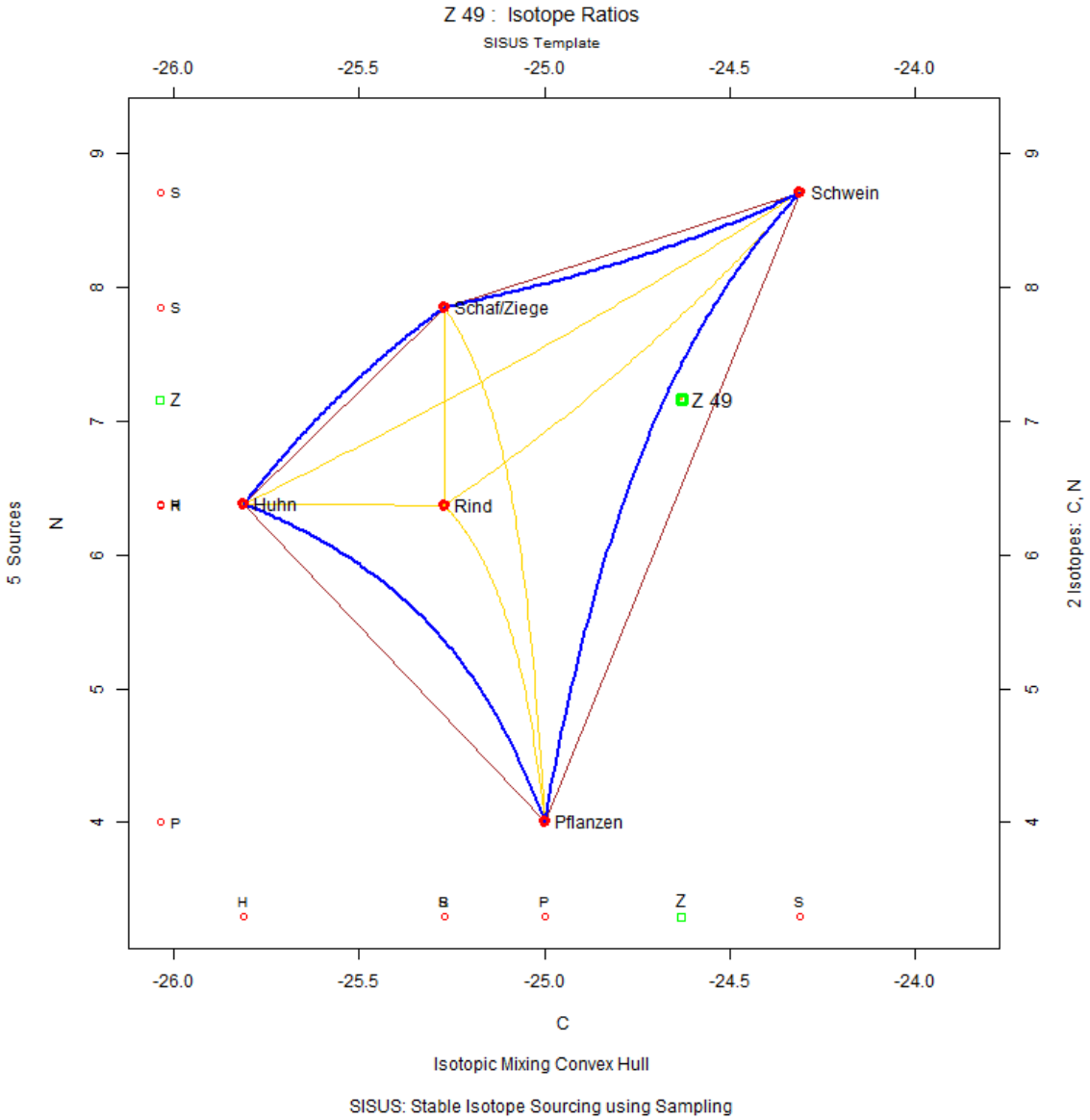


Abbildung 2704: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 49. Erstellt mit SISUS.

Z50

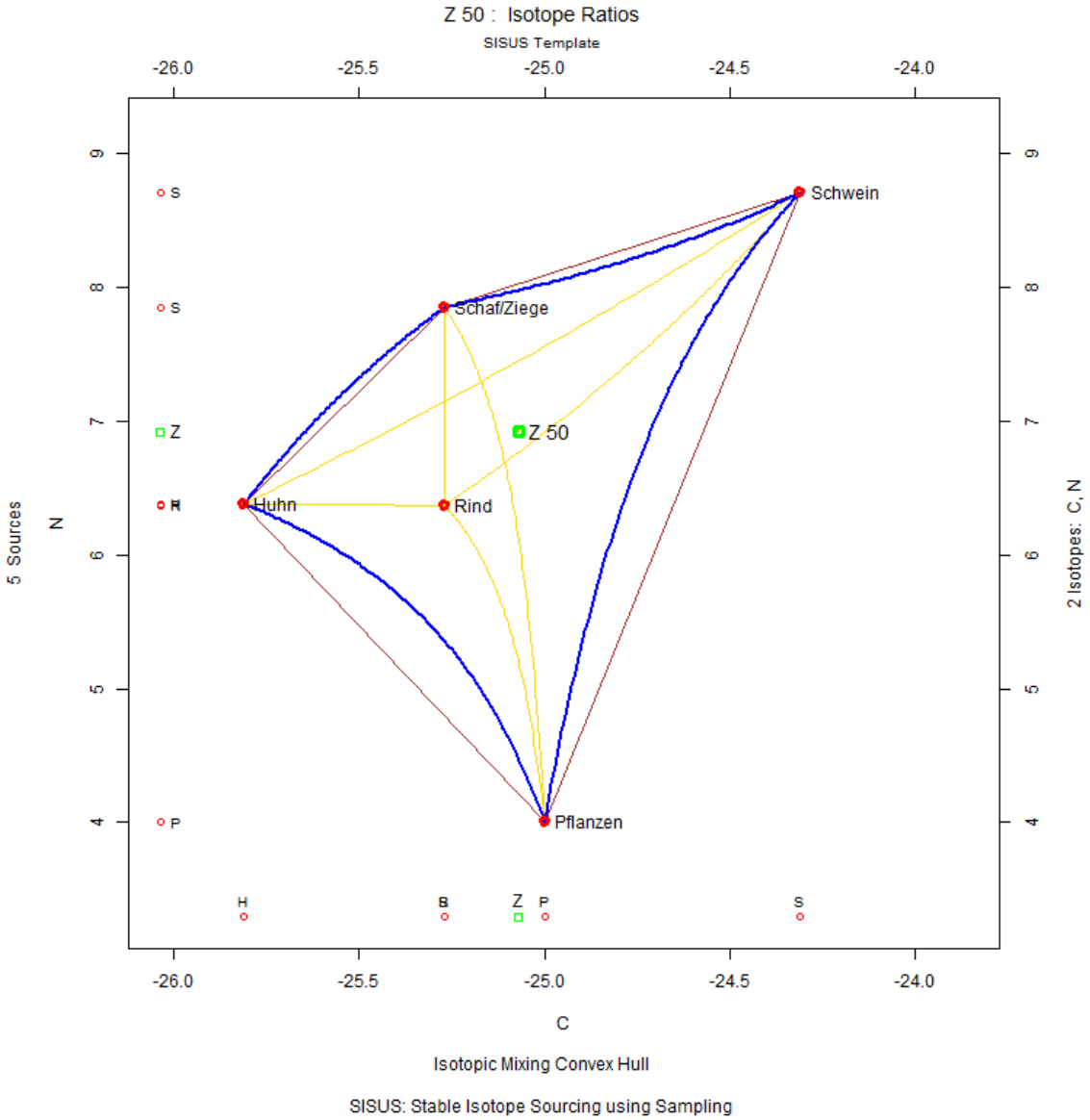


Abbildung 2705: Konzentrationsbasiertes Mischungsmodell des Individuums Zeholfing (Z) 50. Erstellt mit SISUS.

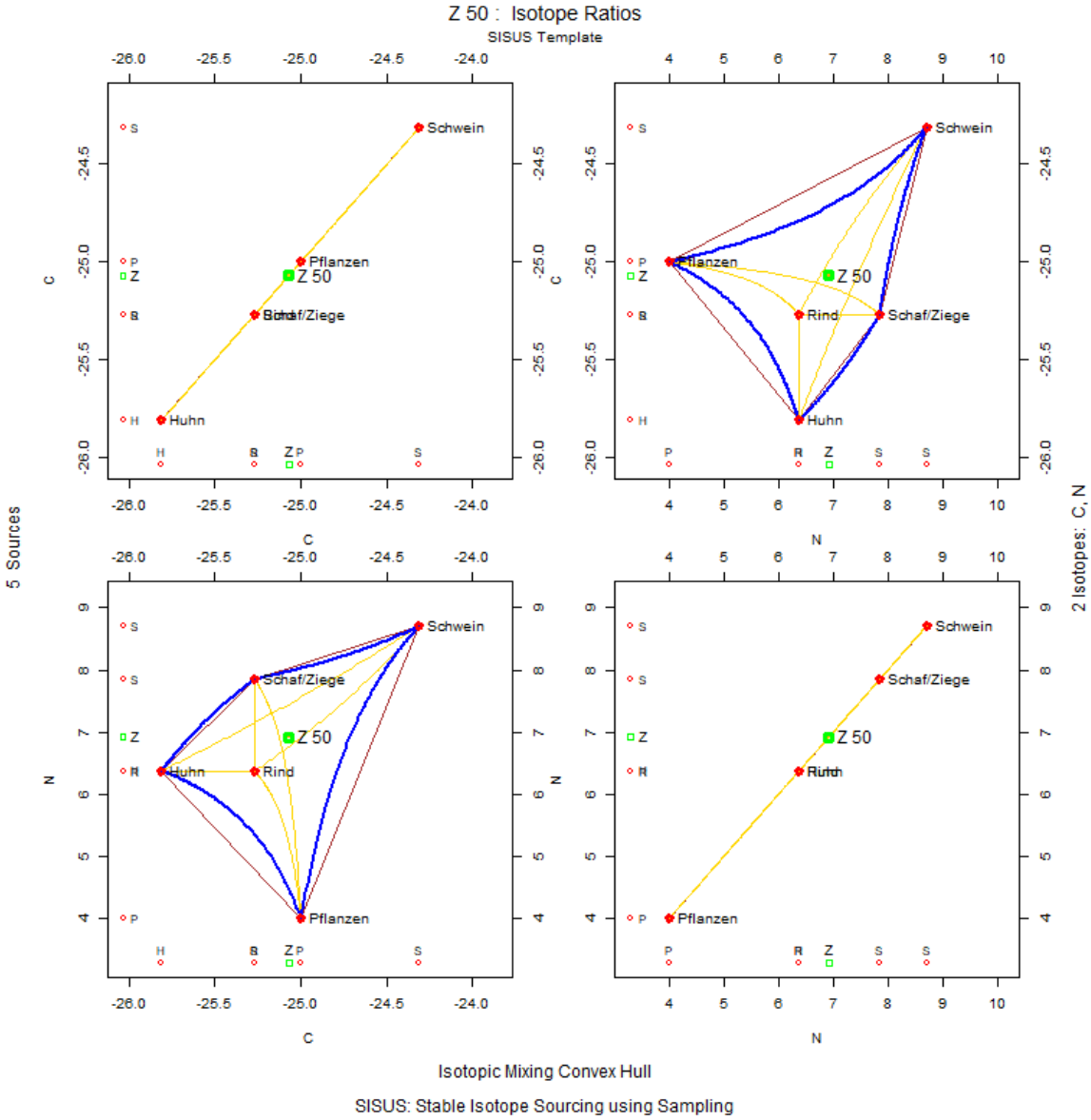


Abbildung 2706: Convex Hull Matrizenplot mit Verteilung des Individuums Zeholfing (Z) 50 in Kontext zu Isotopensystem 1 ($\delta^{13}C$) und zu Isotopensystem 2 ($\delta^{15}N$). Erstellt mit SISUS.

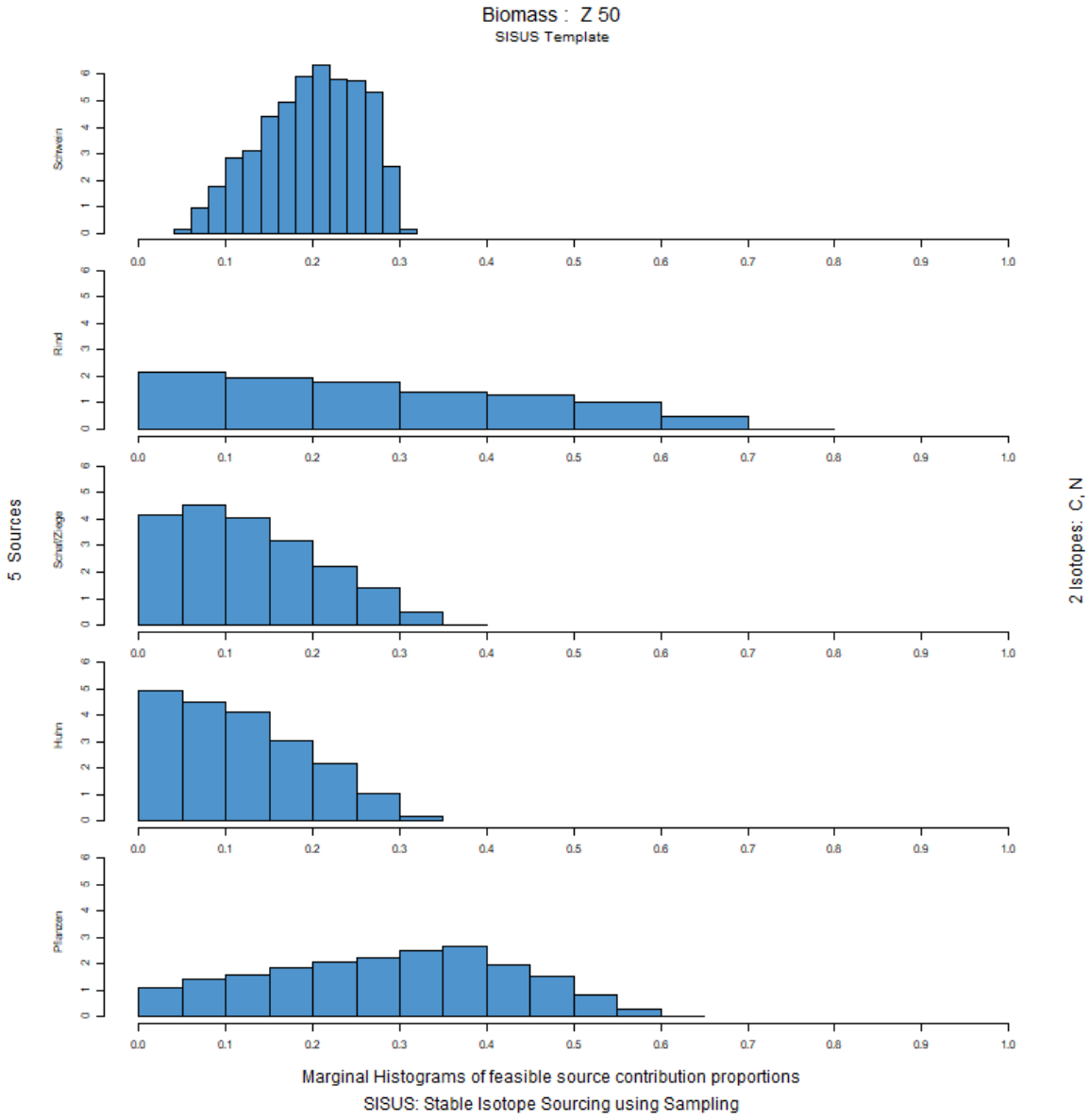


Abbildung 2707: Histogramm der Anteilsverteilung der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 50. Erstellt mit SISUS.

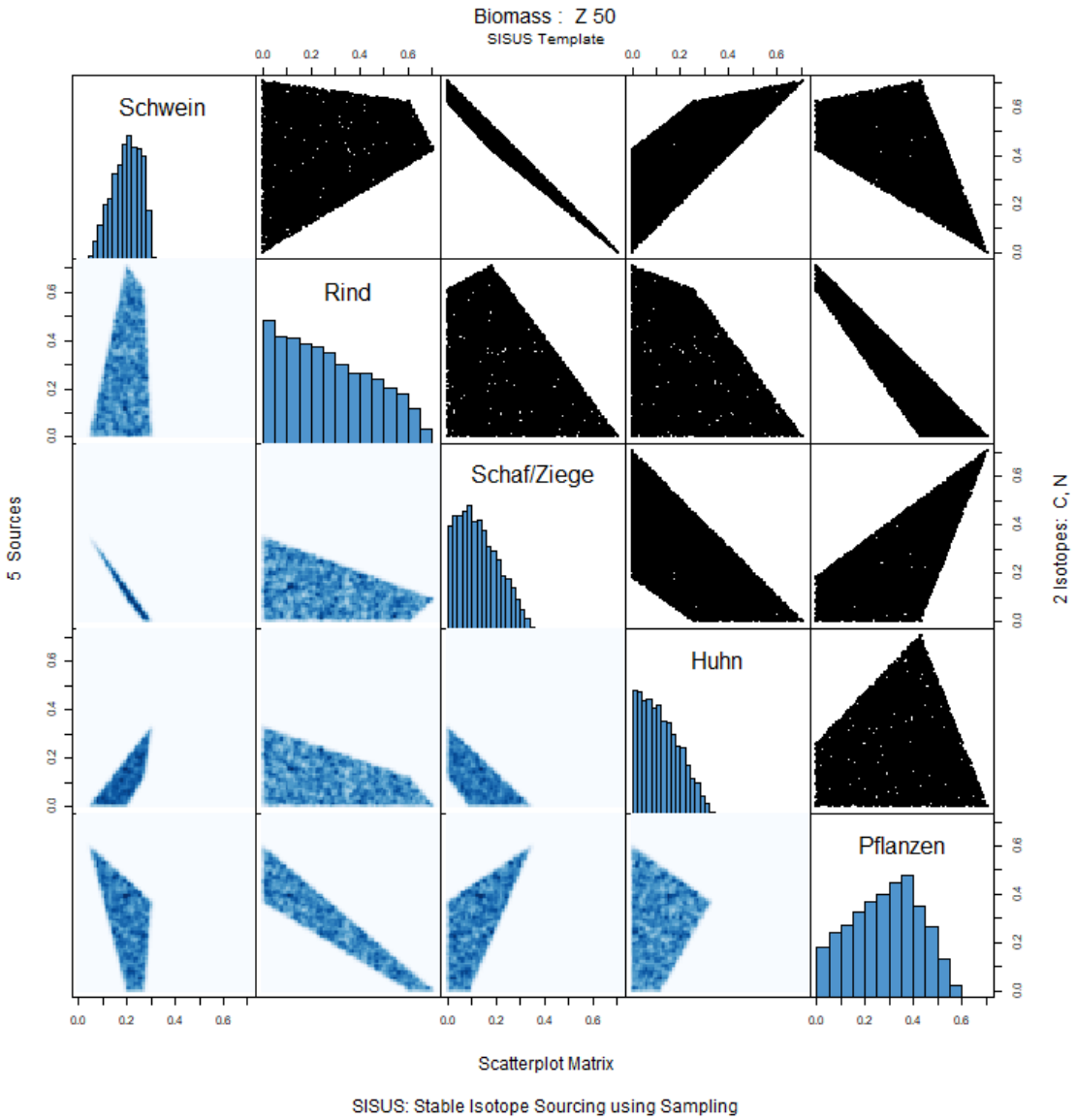


Abbildung 2708: Scatterplot Matrix der verschiedenen Endmember in der gesamten Biomasse des Individuums Zeholfing (Z) 50. Erstellt mit SISUS.

18.6 SISUS: Tabellen

Tabelle 51: Prozentuale Biomassenanteile der Endmember aus dem SISUS-Mischungsmodell für die Individuen aus Zeholfing (Z). Min: Minimaler Anteil; MW: Mittelwert; SD: Standardabweichung; Max: Maximaler Anteil; Spanne: Max-Min.

SISUS							
Individuum	**Endmember**	**Min**	**MW**	**SD**	**Median**	**Max**	**Spanne**
Z3	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z4/1	Huhn	0,0%	18,2%	9,1%	17,8%	41,3%	41,3%
	Pflanzen	0,0%	29,1%	13,9%	30,5%	57,8%	57,8%
	Rind	0,0%	37,3%	24,6%	34,3%	95,7%	92,6%
	Schaf/Ziege	0,0%	8,9%	5,8%	8,2%	24,8%	24,8%
	Schwein	0,0%	6,5%	4,1%	6,1%	17,4%	17,4%
Z8/1	Huhn	1,7%	27,7%	12,9%	26,3%	57,3%	55,8%
	Pflanzen	0,0%	15,4%	10,0%	14,1%	42,9%	42,9%
	Rind	0,0%	22,3%	15,2%	20,4%	61,8%	61,8%
	Schaf/Ziege	0,0%	22,6%	10,6%	23,9%	40,4%	40,4%
	Schwein	0,0%	11,9%	8,0%	11,0%	29,5%	29,5%
Z9	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z10	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z15	Huhn	66,5%	69,1%	1,5%	68,8%	73,3%	6,9%
	Pflanzen	0,0%	1,5%	1,0%	1,3%	4,4%	4,4%
	Rind	0,0%	2,0%	1,4%	1,8%	59,6%	6,0%
	Schaf/Ziege	23,0%	26,2%	1,2%	26,4%	28,2%	2,5%
	Schwein	0,0%	1,2%	0,9%	1,1%	3,7%	3,7%
Z20	Huhn	0,0%	10,1%	6,7%	9,3%	25,0%	25,0%
	Pflanzen	0,0%	10,5%	6,8%	9,5%	29,0%	29,0%
	Rind	0,0%	8,5%	5,6%	7,8%	23,5%	23,5%
	Schaf/Ziege	0,0%	15,1%	7,2%	15,9%	28,0%	28,0%
	Schwein	43,0%	55,8%	5,6%	55,5%	68,1%	25,1%
Z22	Huhn	17,1%	18,5%	0,8%	18,4%	20,6%	3,5%
	Pflanzen	0,0%	0,8%	0,5%	0,7%	2,4%	2,4%
	Rind	0,0%	0,9%	0,6%	0,8%	2,6%	2,6%
	Schaf/Ziege	77,4%	79,2%	0,6%	79,3%	80,3%	2,9%
	Schwein	0,0%	0,7%	0,5%	0,6%	2,0%	2,0%
Z27	Huhn	0,0%	5,0%	3,5%	4,4%	15,0%	15,0%
	Pflanzen	10,7%	36,3%	9,3%	37,7%	54,7%	44,0%
	Rind	0,0%	15,7%	11,0%	13,7%	46,9%	46,9%
	Schaf/Ziege	0,0%	5,7%	4,0%	5,0%	17,1%	17,1%
	Schwein	28,2%	37,3%	3,2%	37,9%	42,4%	14,3%

Z30	Huhn	0,0%	3,5%	2,5%	3,1%	10,6%	10,6%
	Pflanzen	0,0%	3,1%	2,2%	2,7%	9,2%	9,2%
	Rind	0,0%	2,4%	1,7%	2,2%	7,3%	7,3%
	Schaf/Ziege	77,2%	83,7%	2,2%	84,0%	86,9%	9,7%
	Schwein	3,9%	7,3%	1,7%	7,0%	12,1%	8,3%
Z42	Huhn	0,0%	15,9%	11,2%	14,0%	45,0%	45,0%
	Pflanzen	0,0%	12,3%	8,8%	10,7%	37,2%	37,2%
	Rind	0,0%	11,6%	8,2%	10,2%	34,7%	34,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	27,8%	10,9%	29,4%	46,9%	46,9%
	Schwein	15,9%	32,4%	8,3%	31,2%	53,3%	37,3%
Z44	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z47	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z49	Huhn	x	x	x	x	x	x
	Pflanzen	x	x	x	x	x	x
	Rind	x	x	x	x	x	x
	Schaf/Ziege	x	x	x	x	x	x
	Schwein	x	x	x	x	x	x
Z50	Huhn	0,0%	11,6%	7,7%	10,6%	32,8%	32,8%
	Pflanzen	0,0%	28,5%	14,1%	29,5%	60,1%	60,1%
	Rind	0,0%	27,4%	18,3%	25,1%	70,7%	70,7%
	Schaf/Ziege	0,0%	12,7%	8,2%	11,7%	35,2%	35,2%
	Schwein	4,7%	19,8%	5,7%	20,3%	30,5%	25,9%