

ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN
DEPARTMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT
INSTITUT UNR

Veränderung der Biodiversität und Artenzusammensetzung der Waldvegetation an der Albis-Uetlibergkette in 26 Jahren

Masterarbeit

Eline Staubli
Masterstudiengang Umwelt und Natürliche Ressourcen
Abgabedatum 20.02.2020

Betreuung:

Prof. Dr. Jürgen Dengler
ZHAW Life Sciences und Facility Management
Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen
Schloss
8820 Wädenswil

Dr. Thomas Wohlgemuth
Eidg. Forschungsanstalt WSL
Zürcherstrasse 111
8903 Birmensdorf

Dr. Regula Billeter
ZHAW Life Sciences und Facility Management
Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen
Schloss
8820 Wädenswil

Zusammenfassung

Die Veränderungen der Artenvielfalt und Artenzusammensetzung ist Gegenstand vieler Vegetation-Resurveys. Trotzdem bleibt auf lokaler Ebene oft unklar, wie und aufgrund welcher Treiber sich die Vegetation verändert. Die vorliegende Untersuchung befasst sich mit der Veränderung der Artenvielfalt auf und an der Albiskette im Kanton Zürich in der Schweiz. Dafür wurde auf der Grundlage eines Datensets aus dem Jahr 1993 eine Wiedererhebung durchgeführt und ausgewertet. Die 46 Erhebungsflächen setzen sich aus 30 m², 200 m² und 500 m² grossen, konzentrisch angeordneten Kreisen zusammen.

Die Artenzahl hat im Vergleich zu den historischen Daten signifikant abgenommen. Auch die Deckung der Krautschicht ist in der aktuellen Erhebung deutlich tiefer. Beide diese Veränderungen sind in allen drei Plotgrössen signifikant. Der Vergleich der Art-Arealbeziehung zeigte bei der Plotvergrösserung von 200 m² auf 500 m² in den Daten von 2019 signifikant tiefere Z-Werte als in den Daten von 1993. Auch die mittleren Lichtzahlen waren in den 500 m²-Plots 2019 signifikant niedriger als 1993. Es konnte einen Zusammenhang zwischen der Veränderung der Deckung durch die Baumschicht und der Veränderung der Biodiversitätsindizes festgestellt werden. So nahmen die Artenzahl, der Shannon-Index und der Pielous-Index mit der zunehmenden Deckung durch die Baumschicht ab. Mit der Zunahme der Krautschichtdeckung stieg die Artenzahl in den 30 m²-Plots und die relativen Artenverluste nahmen in den 30 m²- und 200 m²-Plots ab.

Der Zusammenhang zwischen dem Artenverlust und der Zunahme der Baumschicht zeigt, dass die Lichtverfügbarkeit ein wichtiger Faktor für die Abnahme der Artenvielfalt ist. Der Verlust der Krautschichtdeckung, welche sich ebenfalls negativ auf die Artenvielfalt auswirkte, könnte mit der Austrocknung der Vegetation in vergangenen Hitzesommern zusammenhängen. Die Abnahme der Z-Werte könnte auf weniger heterogene Standorte und eine tiefere Beta-Diversität hinweisen. Die Analyse auf der Ebene der verschiedenen Plotgrössen zeigte, dass die Abnahme der Artenzahl im 500 m²-Plot stärker ausfiel als in den kleineren Flächen. Die erklärenden Variablen hatten häufig nur in den 30 m²- und/ oder 200 m²-Plots einen Effekt auf die Veränderung der Artenvielfalt. Es ist anzunehmen, dass bei den 500 m²-Plots Einflüsse, welche nicht analysiert wurden, auf die Artenzusammensetzung einwirkten, sodass die Effekte nicht nachzuweisen waren. Die Ergebnisse bezüglich der Veränderung der Artenvielfalt und die Treiber dieser Veränderung scheinen demnach skalenabhängig zu sein.

Schlüsselwörter: Artenzahl, Shannon-Index, Pielous-Index, Art-Arealbeziehung, Lichtzahl, gemässigte Wälder, Baumschichtdeckung, Krautschichtdeckung, Resurvey

Abstract

Changes in species diversity and species composition are the subject of many vegetation surveys. Nevertheless, at the local level it is often unclear how vegetation changes and due to which drivers. The present study deals with changes in species diversity at the Albiskette in canton Zurich, Switzerland. For this purpose, a 1993 data set was revisited and evaluated. The 46 survey plots consist of 30 m², 200 m² and 500 m² concentric circles.

The number of species has decreased significantly compared to the 1993 data. The herb layer cover is also significantly lower in the current survey. These changes are significant in all three plot sizes. The comparison of the species-area relationship showed significantly lower Z-values in the 2019 data compared to the 1993 data when the plot was enlarged from 200 m² to 500 m². The mean light value in the 500 m² plots in 2019 were also significantly lower than in 1993. A correlation between the change in tree cover and the change in the biodiversity indices was found. The number of species, the Shannon index and Pielou's index decreased with increasing tree layer cover. With the increase in herb layer cover the number of species increased in the 30 m² plot and the relative species loss decreased in the 30 m² and 200 m² plots.

The correlation between species loss and the increase in tree layer cover shows that the availability of light is an important factor for the decline of species diversity. The loss of herb layer cover, which also had a negative impact on species diversity, may be related to the drying out of vegetation in hot summers. The decrease in Z-values may indicate less heterogeneous sites and a lower beta diversity. The analysis at the level of the different plot sizes showed that the decrease in species numbers was more pronounced in the 500 m² plot than in the smaller plots. In some cases the explanatory variables had an effect on the change in species diversity only in the 30m² and 200 m² plots. In the 500 m² plots it can be assumed that, influences that were not analysed have an effect on the species composition. The change in species diversity and the influencing factors appear to be scale dependent.

Keywords: species number, Shannon index, Pielou's index, species-area relationship, light value, temperate forests, tree layer cover, herb layer cover, resurvey

Inhalt

1	Einleitung	6
2	Methode	9
2.1	Untersuchungsgebiet	9
2.2	Historische Vegetationsdaten	10
2.3	Erhebung der aktuellen Vegetationsdaten	11
2.4	Datenanalyse	11
2.4.1	Datenverarbeitung	11
2.4.2	Struktur- und Standortvariablen	12
2.4.3	Biodiversitätsindizes	12
2.4.4	Art-Arealbeziehung	13
2.4.5	Turnoverarten	13
2.4.6	Zeigerwerte	13
2.4.7	Einflussfaktoren	14
3	Ergebnisse	15
3.1	Veränderung der Struktur- und Standortvariablen	15
3.2	Veränderung der Biodiversität	15
3.3	Turnoverarten	17
3.4	Veränderung der Art-Arealbeziehung	19
3.5	Veränderung der Zeigerwerte	19
3.6	Erklärende Variablen	20
4	Diskussion	25
4.1	Veränderung der Struktur- und Standort Variablen	25
4.2	Veränderung der Artenvielfalt	25
4.3	Art-Arealbeziehung	26

4.4	Turnoverarten.....	26
4.5	Zeigerwertanalyse.....	27
4.6	Erklärende Variablen.....	27
4.7	Methodenkritik.....	28
4.8	Ausblick.....	28
	Literaturverzeichnis	30

1 Einleitung

Im letzten Jahrhundert wurden anthropogen verursachte Umwelteinflüsse, wie veränderte Landnutzung (Poschlod, Bakkerb & Kahmena, 2005), atmosphärische Luftverschmutzung (Bobbink et al. 2010) und die Klimaveränderung (Lachat et al. 2010) zu den Hauptverursachern für die Veränderung der Artenzusammensetzung und Artenvielfalt. Aktuell ist in Zentraleuropa ein Rückgang der Biodiversität zu verzeichnen (Sala et al. 2000). Lachat et al. (2010) beschreiben in ihrem Buch zum Wandel der Biodiversität, dass auch in der Schweiz ein Verlust an Biodiversität zu beobachten ist. Bei den Gefässpflanzen war und ist vor allem die Landnutzungsintensität und die Ausbreitung des Siedlungsgebiets für den Artenverlust verantwortlich (Lachat et al. 2010). Allerdings sind die Veränderungen der Biodiversität abhängig von der Untersuchungsskala (lokal oder global) und Lebensräume sowie Arten reagieren unterschiedlich auf die Veränderungen von Standortbedingungen (Vellend et al. 2017). Es bleibt daher oft unklar, wie sich die Artenvielfalt in spezifischen Regionen und Lebensräumen entwickeln und die Veränderung verschiedener Lebensräume sollten individuell analysiert werden.

Vegetation-Resurveys bieten die Möglichkeit, Veränderungen der Vegetation im Zusammenhang mit der Veränderung der Umwelt zu beobachten. Bei solchen Wiederholungsaufnahmen werden historische Vegetationsplots erneut erhoben und die gewonnenen Daten miteinander verglichen (Kapfer et al. 2016). Pflanzen können als Bioindikatoren mit deren Zeigerwerten auf Veränderungen der Umweltbedingungen hinweisen (Diekmann 2003).

In der Schweiz liegen vor allem Resurvey-Studien vor, welche Grasländer wie Wiesen, Weiden und alpine Rasen untersuchten. Viele befinden sich auf der montanen bis alpinen Stufe (z.B Rumpf et al. 2017; Vittoz et al. 2008; Steinbauer et al. 2018). Deutlich weniger häufig konnten Resurvey-Studien zu Waldlebensräumen gefunden werden. Eine Studie von Kuhn, Amiet & Hufschmid (1987) weist eine Eutrophierung sowie drastische Artenverluste aufgrund von Nutzungsveränderungen in Wäldern nach. Eine weitere Waldresurvey-Studie stellte einen Artenverlust in den tieferen Lagen der Bergwälder fest, sowie eine Zunahme der Artenzahl in den höheren Lagen (Scherrer et al. 2017).

Eine Studie von Walther (1997), welche die Schweizer Wälder der 1950er und 1960er Jahren mit jenen der 1990er Jahren verglich, stellte grosse Veränderungen in der Artenzusammensetzung fest. Als Treiber der Veränderung wurden die Sukzession der Wälder, der Nährstoffeintrag, und der Klimawandel genannt. Aufgrund dessen nahmen die Klimaxarten, nährstoffliebende Arten und laurophylle Arten zu, während mesophile Arten,

montane Arten und Arten mit tiefer Reaktionszahl in Frequenz und Artenzahl abnehmen. Eine Metastudie von Bernhardt-Römermann (2015) fasste die Ergebnisse von Resurveys europäischer Wälder zusammen. Die Studie konnte keine Gesamt-Artenvielfalt-Veränderung nachweisen, sondern zeigen, dass beträchtliche Variationen zwischen der Artenvielfalt der Datensätze vorlagen. Die stärkste Auswirkung auf die Biodiversitätsindizes hatte die Lichtverfügbarkeit. Die Zunahme der Deckung der Strauch- und Baumschicht hatte einen negativen Einfluss auf die Artenvielfalt, den Shannon-Index und den Pielous-Index der Krautschicht. Auch die Zunahme der Gross-Herbivoren führten gemäss dieser Studie zur Abnahme der Artenvielfalt.

Aktuelle Studien über die Veränderungen der Artenvielfalt, welche spezifische Wälder im Mittelland untersuchen, konnten bisher nicht gefunden werden. Die vorliegende Studie befasst sich mit den Wäldern an der Albiskette, die durch meist tiefe, gut mit Wasser versorgte oder zeitweise vernässte oder wechsellrockene Böden geprägt sind (Kuhn 1967). Bei solchen gemässigten Waldstandorten kommen vor allem der Klimawandel (Menzel et al. 2006) und die Veränderung der Pflegeeingriffe als Treiber von Veränderungen der Vegetation in Frage. Der Einfluss des Stickstoffeintrags auf die Vegetation, der in vielen Resurvey-Studien beobachtet wurde (z.B. Bobbnik et al. 2010), ist wahrscheinlich für diese Arbeit mit dem Zeitraum 1993 – 2019 irrelevant, da die Nährstoffdeposition zwischen 1990 und 2010 leicht abgenommen hat (BAFU 2018).

Da es für die gemässigten Wälder des Mittellandes noch keine aktuelle Resurvey- Studie gibt, befasst sich die vorliegenden Masterarbeit mit der Entwicklung der Artenvielfalt und der Artenzusammensetzung der Waldlebensräume an der Albis- Uetlibergkette. Untersucht wird die Veränderung der Artenvielfalt seit einer Testerhebung, die im Rahmen der systematischen Vegetationsstichprobe auf dem Netz des Landesforstinventars (Lfi) von 1993 durchgeführt wurde (Wohlgemuth et al. 2008). Im Gegensatz zu vielen anderen historischen Datensätzen, liegen diese Vegetationsdaten in jeweils drei verschiedenen Plotgrössen vor. Da Biodiversitätsmuster je nach Untersuchungsskala variieren können (Reitalu et al. 2012; Giladi et al. 2011), lohnt es sich, die Untersuchungen in verschieden grossen Plots durchzuführen und die Ergebnisse der verschiedenen Plotgrössen miteinander zu vergleichen. Zudem bietet diese Untersuchung eine gute Beschreibung der Lage der Standorte, was die Relokalisierung genauer macht. Relokalisierungsfehler gelten gemäss Kapfer et al. (2016) zu den wichtigsten Fehlerquellen bei Resurvey-Studien.

Folgende Fragen sollen in diesem Rahmen beantwortet werden:

- Wie veränderte sich die Artenvielfalt zwischen 1993 und 2019 – Veränderung bezüglich Artenzahl, Shannon-Index und, Pielous-Index?
- Welche Arten wurden seltener? Welche wurden häufiger?
- Wie veränderten sich die Zeigerwerte insgesamt und welche Zeigerwerte haben seltener gewordenen Arten, welche Zeigerwerte haben die häufiger gewordenen Arten?
- Wie veränderte sich die Art-Arealbeziehung?
- Welche Faktoren erklären die veränderte Artenvielfalt?

2 Methode

2.1 Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgebiet liegt im Schweizer Mittelland im südwestlichen Teil des Kanton Zürich. Das Gebiet umfasst die Albiskette von Waldegg bis Sihlbrugg, reicht von 490 bis 860 m ü. M. und ist etwa 80 km² gross (Abbildung 1). Die Kuppe der Albiskette ist zu einem Grossteil bewaldet (WEP 2010). Gemäss vegetationskundlicher Kartierung der Wälder im Kanton Zürich befinden sich im Gebiet diverse Buchenwälder, aber auch Erlen- Eschenwälder und wenige Pfeifengras- Föhrenwälder (Amt für Landschaft und Natur 1997). Untersucht wurden 46 Vegetationsplots, welche sich im 1 km-Netz des ersten Landesforstinventars (LFI) befinden und auf welchen T. Wohlgenuth, Eidg. Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL), im Sommer 1993 Vegetationsaufnahmen nach der Methode von Braun-Blanquet durchführte. Fünf Plots befinden sich im Naturwaldreservat Sihlwald, wo grundsätzlich keine Eingriffe getätigt werden. In den anderen Plots erfolgen moderate Pflegeeingriffe oder Holzentnahmen.

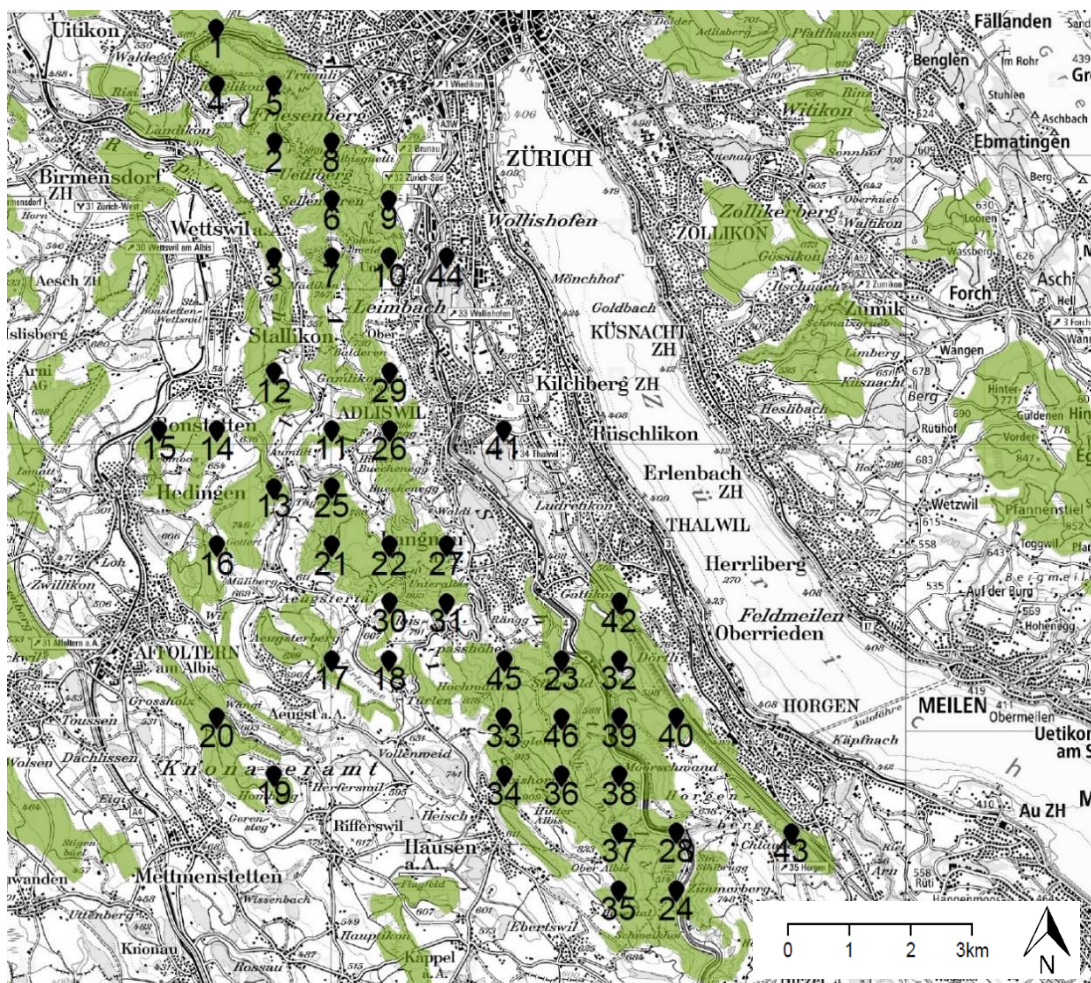


Abbildung 1: Die Ziffern markieren die Untersuchungsstandorte, Die grünen Areale bilden die Waldflächen ab (swissTLM 2019). Hintergrundkarte: swisstopo 2019.

2.2 Historische Vegetationsdaten

Das historische Datenset wurde im Rahmen einer systematischen Stichprobenerhebung gesammelt und besteht aus 46 Plots. Die Erhebungsflächen setzen sich aus 30 m², 200 m² und 500 m² grossen, konzentrisch angeordneten Kreisen zusammen. Deren Mittelpunkte sind mit einem Metallrohr markiert worden. Zusätzlich wurde die Lage der Plotzentren mittels Einmessungsformularen beschrieben. Diese Einmessungsformulare vermerken markierte Bäume oder andere Orientierungspunkte und beschreiben die Distanz und Richtung zum Plotmittelpunkt. Die Arterhebung erfolgte in allen Plotgrössen. Die Deckungsgrade wurden gemäss der Braun-Blanquet-Skala (Braun-Blanquet 1964) geschätzt, allerdings mit dem Deckungscode + (< 1 %) als tiefste Einheit. In der Tabelle 2 ist die verwendete Skala abgebildet. Die Kraut-, Strauch- und Baumschichten wurden jeweils unabhängig voneinander erhoben und geschätzt. Zusätzlich zur Arterhebung erfolgte die Aufnahme der Struktur- und Standortvariablen in allen Plotgrössen (Tabelle 1).

Tabelle 1: Standorteigenschaften und deren Erhebungsart gemäss Formular der Ersterhebung

Standorteigenschaft	Erhebungsart
Deckung der Schichten	Schätzung in Prozent in allen Plotgrössen separat.
Lage	Auswahl: Ebene, Mulde, Hang, Kuppe/Krete, Schlucht/Graben, Couloir oder Stufung.
Waldform	Auswahl: Hochwald; Mittelwald; Niederwald, Waldweide, Plantage oder Waldrand.
Dynamik	Auswahl: Lichtung/ Schlag, Sturmfläche, Brand oder Überschwemmung.
Sukzession	Auswahl: Jungwuchsphase, Initialphase, Optimalphase, Terminalphase, Zerfallsphase, Verjüngungsphase, Regenerationsphase oder Plenterphase.
Bestandesstruktur	Auswahl: einschichtig, mehrschichtig regemässig, stufig oder Rottenstruktur.
Nadelholzanteil	Prozentangabe der Deckung durch Nadelgehölze.
Kronenschluss	Auswahl: gedrängt, normal, licht, locker räumig, lückig oder inexistent.
Naturschutz	Angabe der Anzahl von: Baumarten; liegende Altholzstämmen, Dürrständer, starkes Baumholz und spezielle Waldgesellschaften.
Störungen	Auswahl: Keine, Strasse, Weg, Bord, Aufschüttung künstlicher Gräben, Schneise, Hanganschnitt, Trittschäden oder Erholungseinrichtung.
Kleinstrukturen	Auswahl: Keine, Fels, Blockschutt Steine, Baumstrünke, Wurzelstöcke, Äste, Mulden, Gräben, Kuppen, Bach, Weiher, Quelle, Geröllhalde, Bestandesgrenze, oder Mosaikstruktur.
Homogenität	Skala von 1 – 5 (1= inhomogen; 5= homogen) sowie Grund der Inhomogenität: Boden, Mensch, Waldbau, Kleinrelief, Licht, andere.

2.3 Erhebung der aktuellen Vegetationsdaten

Die Wiedererhebung der 46 Vegetationsplots erfolgte im Sommer 2019 und orientierte sich bezüglich des Erhebungsdatums möglichst an den ursprünglichen Aufnahmezeitpunkten. Die Lokalisierung der Plotmittelpunkte erfolgte mithilfe von Einmessungsformularen, Differenzial-GPS (Trimble Geo 7x) und Metallsuchgerät (Schonstedt GA-92XTi). In 17 Fällen konnte das Metallrohr gefunden werden oder der Plot war mit Holzpflocken markiert, sodass der Lokalisierungsfehler gleich null war. In 19 Fällen konnte der Plotmittelpunkt anhand der markierten Orientierungspunkte gefunden werden. In diesen Fällen kann es zu kleinen Verschiebungen kommen. In 10 Fällen musste der Plotmittelpunkt ausschliesslich mit dem DGPS gefunden werden, welches einen möglichen Fehler von 2.5 m anzeigte. Die Methode der Vegetationsaufnahmen orientierte sich an der Erhebung der historischen Daten. Als Strauchschicht galten verholzte Arten, welche höher als 70 cm waren. Individuen, über 3 m Höhe, zählten zur Baumschicht. Moose und Flechten wurden nicht berücksichtigt.

2.4 Datenanalyse

2.4.1 Datenverarbeitung

Die Nomenklatur der historischen und aktuellen Vegetationsdaten wurden gemäss Juillerat et al. (2017) vereinheitlicht. Die Auswertung der Vegetations- und Standortdaten erfolgte mit R (R Core Team 2015). Die Zeigerwerte der Plots und der Arten wurden mit Vegedaz (Version 2019: Küchler 2019) ermittelt. Aufgrund der exakten Relokalisierungsmöglichkeit konnten die historischen und aktuellen Vegetationsdaten als Paare verglichen werden (Kapfer et al. 2016). Das Signifikanzniveau lag bei allen Tests bei $\alpha = 0.05$.

Für die Auswertung wurden die Braun-Blanquet Kategorien zu Prozentwerten transformiert, wobei jeweils das geometrische Mittel der unteren und oberen Klassengrenze Anwendung fand (Tabelle 2). Um Arten, welche in der Kraut- Strauch- und Baumschicht vorkamen, in einer Nennung zusammenzufassen, wurden deren Deckungswerte summiert.

Vor der Auswertung erfolgte eine visuelle Inspektion der Daten, um zu prüfen, ob die Residuen normalverteilt sind und ob die Varianzhomogenität gegeben ist. Die Prüfung erfolgte mit Boxplots und der Modelldiagnostik. Die Daten waren näherungsweise normalverteilt und die Varianz näherungsweise homogen. Daher konnten für die statistischen Tests die parametrischen Verfahren angewandt werden.

Tabelle 2: Deckungscodes gemäss Braun-Blanquet-Skala und deren Transformierung (geometrisches Mittel der Deckung in Prozent)

Deckungscodes	Deckung [%]	Transformation [%]
+	< 1	0.3
1	1–5	2.2
2	5–25	11
3	25–50	35
4	50–75	60
5	75–100	87

2.4.2 Struktur- und Standortvariablen

Verglichen wurden die Deckungsgrade der Schichten der historischen Daten mit den Deckungen der aktuellen Erhebung. Die Unterschiede wurden mit gepaarten *t*-Tests geprüft. Zudem wurde mit dem Fisher's Exact-Test geprüft, ob das Auftreten von Störungen (Präsenz/Absenz) vom Erhebungsjahr abhängt.

2.4.3 Biodiversitätsindizes

Als Biodiversitäts-Masse wurden folgende Indizes verwendet:

Artenzahl (S): Die Anzahl Arten in einem Plot

Der Shannon-Index (H) beschreibt die Artenzahl, kombiniert mit der relativen Abundanz der jeweiligen Art (Hill 1973).

Der Pielous-Index (E) beschreibt, wie gleichmässig die Abundanz der verschiedenen Arten ist (Smith & Wilson 1996).

Die Unterschiede zwischen den Indizes von 1993 und 2019 wurden jeweils mit dem gepaarten *t*-Test überprüft. Nebst diesen Indizes wurden der relative Artenverlust und die relative Artenzunahme (Hallet, Flynn & Jones 2019) in den Plots errechnet.

$$\text{relativer Artenverlust} = \frac{\text{Anzahl verschwundener Arten}}{\text{Anzahl Arten in beiden Zeitpunkten}}$$

$$\text{relative Artenzunahme} = \frac{\text{Anzahl neue Arten}}{\text{Anzahl Arten in beiden Zeitpunkten}}$$

2.4.4 Art-Arealbeziehung

Um zu vergleichen, wie sich die Artenzahlen im Verhältnis zu den Plotgrössen (30 m², 200 m², 500 m²) veränderten, wurden die Z-Werte der Standorte ausgerechnet. Diese leiten sich aus der Formel $S = cA^Z$ ab. Hierbei steht S für die Artenzahl und A für die Fläche. c und Z sind die Konstanten, wobei der Exponent Z als Mass für die β -Diversität benutzt werden kann (Jurasinski et al. 2009). Die Z-Werte der Standorte leiten sich aus der unten stehenden Formel ab. Verglichen wurden die mittleren Z-Werte, die sich aus der Plotvergrösserung 30 m²–200 m², 30 m² – 500 m² und 200 m² – 500 m² der historischen Daten und der aktuellen Erhebung ergaben. Die Unterschiede zwischen den historischen und aktuellen Z-Werte wurden mit gepaarten t-Tests überprüft.

$$Z = \frac{\log_{10}(\text{Artenzahl grosse Fläche}) - \log_{10}(\text{Artenzahl kleine Fläche})}{\log_{10}(\text{grosse Fläche}) - \log_{10}(\text{kleine Fläche})}$$

2.4.5 Turnoverarten

Die Turnoverarten (seltener oder häufiger gewordene Arten) wurden mittels Fisher's Exact-Test identifiziert, indem die Abhängigkeit jeder Art zu den zwei Erhebungsjahren gemessen wurde. Als Turnoverarten galten jene, die signifikant abhängig vom Erhebungszeitpunkt waren. Mit der Stetigkeit der Arten ($St = \text{Anzahl Plots wo die Art vorkommt} / \text{Total Plots}$) wurde angezeigt, ob die Art häufiger oder seltener wurde. Zusätzlich wurde für jede Art mit gepaarten t-Tests getestet, ob sich die Deckungs-grade zwischen den zwei Erhebungszeiträumen unterscheiden.

2.4.6 Zeigerwerte

Für die Auswertung der mittleren Zeigerwerte der Plots kamen die ökologischen Zeigerwerte von Landolt et al. (2010) zur Anwendung. Ausgewertet wurden die Temperaturzahl, die Lichtzahl, die Feuchtezahl, die Reaktionszahl und die Nährstoffzahl. Die Gewichtung richtete sich nach der transformierten Braun-Blanquet-Skala (Tabelle 2). Die Zeigerwertanalyse erfolgte ausschliesslich mit den Daten aus der Krautschicht. Die Unterschiede zwischen den Zeigerwerten der Ersterhebung und den Zeigerwerten der aktuellen Daten wurden mittels gepaartem t-Test überprüft.

2.4.7 Einflussfaktoren

Es wurde untersucht, welche Einflussfaktoren (Tabelle 3) Veränderungen bei den Biodiversitätsindizes auslösten. Um die Veränderung der Artenvielfalt zu quantifizieren, kam die Differenz (Wert 2019 – Wert 1993) der Indizes zur Anwendung. Als Einflussfaktor wurde die Veränderung der Lichtverfügbarkeit beigezogen. Getestet wurde der Einfluss der Veränderung der Baum- und Strauchdeckungsgrade auf die Veränderung der Artenvielfalt. Mit der linearen Regression zwischen der Höhenlage der Plots (m ü. M.) und der Veränderung der Artenvielfalt wurde gemessen, ob eine Verschiebung der Artenvielfalt in die höheren Lagen stattfand. Um zu testen, ob die Differenz der Erhebungszeitpunkte einen Einfluss auf die Veränderung der Biodiversitätsindizes hatte, erfolgte eine Regression zwischen den Datumsdifferenzen und den Differenzen der Biodiversitätsindizes. Des Weiteren wurde der Einfluss der Zeigerwerte auf die Veränderung der Biodiversitätsindizes getestet. Bezüglich der Störung wurden die Plots in drei Gruppen aufgeteilt: Störungsquellen vielen weg, Störungsquellen bleiben, Störungsquellen kommen neu hinzu. Mit der ANOVA wurde getestet, ob sich die Indizes-Differenzen dieser Gruppen unterscheiden. Des Weiteren wurde mittels linearer Regression getestet, inwieweit die ursprüngliche Artenvielfalt die Indizes verändert.

Tabelle 3: Herleitung und benutzte R-Funktion der getesteten Variablen. Einfaktorielle Varianzanalyse = aov; lineare Regression= lm.

Variable	Herleitung der Variable	R Funktion
Veränderung Baumschicht Deckung = Δ BS	Schätzung [%] 2019 – Schätzung [%] 1993	lm
Veränderung Strauchschicht Deckung = Δ SS	Schätzung [%] 2019 – Schätzung [%] 1993	lm
Veränderung Krautschicht Deckung = Δ KS	Schätzung [%] 2019 – Schätzung [%] 1993	lm
Indizes 1993 = S 1993	Artenzahl, Shannon-Index, Pielous-Index von 1993	lm
Veränderung Störung = Störung	Bildung von drei Gruppen: Störung (ja/nein) in beiden Jahren vorhanden Störung nur 1993 vorhanden Störung nur 2019 vorhanden	aov
Zeigerwerte 1993, Zeigerwerte 2019, Veränderung der Zeigerwerte	Feuchtzahl, Lichtzahl, Temperaturzahl, Reaktionszahl und Nährstoffzahl gemäss Landolt et al. (2010)	lm
Höhenlage = m ü. M	Höhenlage der Plots in m ü. M	lm
Differenz Erhebungsdatum = Δ Datum	Datum der Erhebung 2019 – Datum der Erhebung 1993	lm

3 Ergebnisse

3.1 Veränderung der Struktur- und Standortvariablen

Hoch signifikante Veränderungen liegen bezüglich der Deckungsgrade in der Krautschicht vor, welche bei der aktuellen Erhebung in allen Plotgrössen deutlich tiefer (-20 %) sind als im Jahr 1993 (Abbildung 2, Tabelle 4). Die Deckungsgrade der Strauch- und Baumschicht haben sich hingegen nicht signifikant verändert (Tabelle 4). Die Anzahl Plots in welchen Störungen auftreten, war 2019 tiefer als 1993, jedoch ist keine signifikante Abhängigkeit zwischen dem Erhebungsjahr und der Störungshäufigkeit vorhanden.

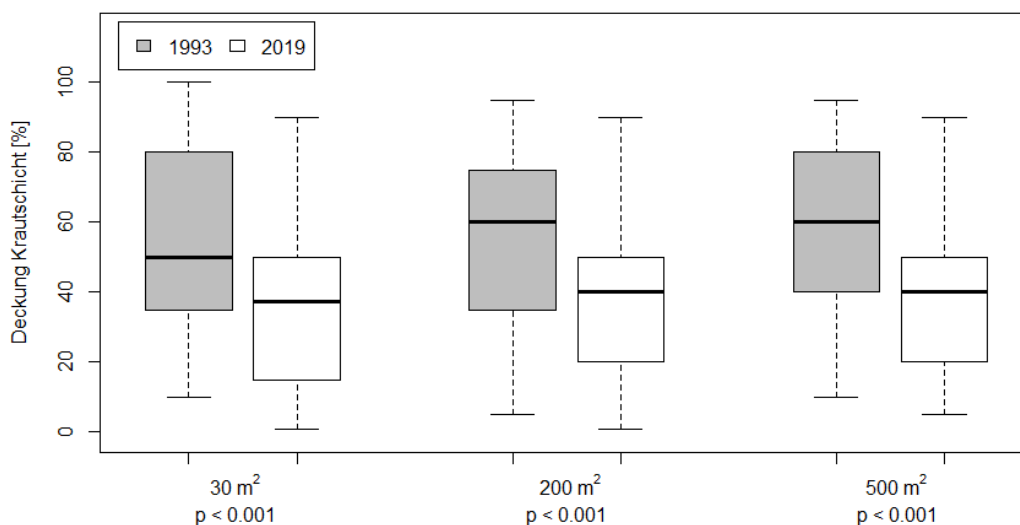


Abbildung 2: Vergleich der Deckungsgrade der Krautschicht in Prozent in den jeweiligen Plotgrössen. Die Unterschiede sind mit gepaarten *t*-Tests geprüft. ($\alpha = 0.05$). Die Boxen repräsentieren die 0.25- und 0.75-Quartile, der Median ist die Linie in der Box, die Whiskers befinden sich im 1.5-Interquartilbereich.

3.2 Veränderung der Biodiversität

Die Artenzahlen sind in allen drei Plotgrössen im Jahr 2019 signifikant tiefer als im Jahr 1993. Der Unterschied im 200 m²- und im 500 m²-Plot ist mit durchschnittlich 4.5, beziehungsweise mit 9 weniger Arten hoch signifikant ($p < 0.001$). Im 30 m²-Plot sind es 2.5 Arten weniger ($p = 0.025$) (Tabelle 4 und Abbildung 3). Der Shannon-Index war im Jahr 2019 zwar tiefer und der Pielous-Index höher, es besteht jedoch kein signifikanter Unterschied zu den historischen Daten.

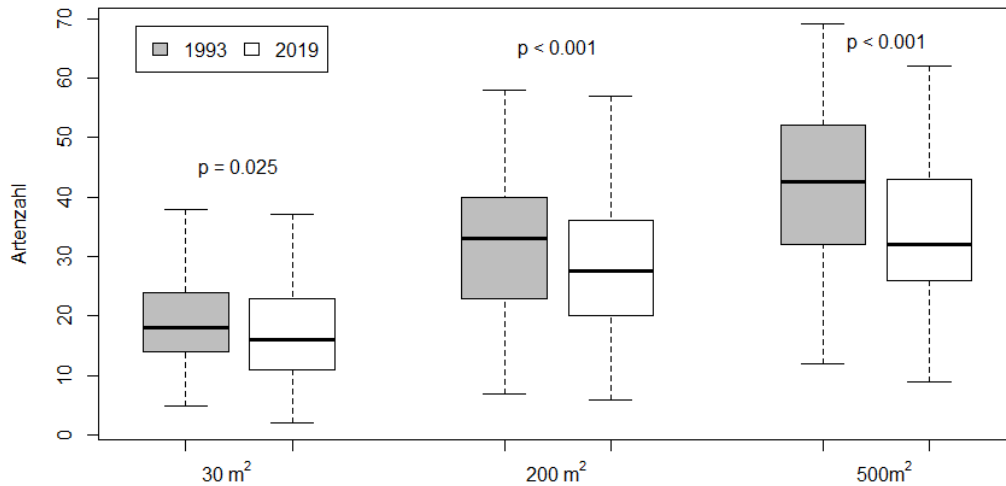


Abbildung 3: Boxplots der Artenzahlen von 1993 und 2019 in den jeweiligen Plotgrössen. Die Unterschiede sind mit gepaarten *t*-Tests geprüft. ($\alpha = 0.05$). Die Boxen repräsentieren die 0.25- und 0.75-Quantile, die Linie in der Box ist der Median und die Whiskers befinden sich im 1.5-Interquartilbereich.

	30 m ²				200 m ²				500 m ²			
	Min	Max	Mittel	<i>p</i> -Wert	Min	Max	Mittel	<i>p</i> -Wert	Min	Max	Mittel	<i>p</i> -Wert
S 1993	5	38	19.0	0.025	7	58	32.5	< 0.001	12	69	42.8	< 0.001
S 2019	2	37	16.5		6	57	28.0		9	62	33.8	
H 1993	0.30	2.58	1.50	0.966	0.57	2.61	1.98	0.580	0.64	2.84	2.20	0.180
H 2019	0.05	2.65	1.49		0.32	3.08	1.94		0.54	3.28	2.11	
E 1993	0.16	0.72	0.52	0.418	0.24	0.72	0.57	0.576	0.26	0.74	0.59	0.485
E 2019	0.08	0.78	0.54		0.13	0.88	0.59		0.19	0.91	0.60	
KS [%]1993	10	100	54	< 0.001	5	95	56	< 0.001	10	95	58	< 0.001
KS [%] 2019	1	90	34		1	90	36		5	90	38	
SS [%]1993	0	80	18	0.319	1	60	23	0.360	1	70	25	0.481
SS [%] 2019	0	80	15		1	70	20		1	70	22	
BS [%]1993	5	100	73	0.673	5	95	72	0.972	5	95	72	0.966
BS [%] 2019	0	95	71		35	95	72		35	95	71	
Störung 1993	Anzahl: 17				Anzahl: 24				Anzahl: 28			
Störung 2019	Anzahl: 13				Anzahl: 21				Anzahl: 25			
Höhe	490–860 m ü. M.											

Tabelle 4: Werte der Biodiversitätsindizes (S = Artenzahl; H = Shannon-Index; E = Pielous-Index) und der Strukturvariablen (KS = Krautschicht; SS = Strauchschicht; BS = Baumschicht), die Anzahl von Plots mit Störungen sowie der Höhenlagenbereich der Plots. Die *p*-Werte wurden aus gepaarten *t*-Tests hergeleitet ($\alpha = 0.05$).

3.3 Turnoverarten

In den 30 m²-Plots konnte keine Art mit deutlicher Zu- oder Abnahme der Stetigkeit festgestellt werden. In den 200 m²- und 500 m²-Plots sind acht Arten im Laufe der Zeit signifikant seltener geworden, während nur *Ilex aquifolium* häufiger geworden ist (Tabelle 5).

Auch bezüglich der Deckungsgrade einzelner Arten ergaben sich signifikante Veränderungen (siehe Tabelle 6). Vor allem bei den Gehölzarten ist es zu Zu- und Abnahmen in den Deckungsgraden gekommen. Am stärksten vom Rückgang der Schichtdeckung betroffen war die Art *Fraxinus excelsior*, welche in allen drei Plotgrössen und in allen Schichten an Deckung verloren hat. Im Deckungsgrad zugenommen hat lediglich die Art *Ilex aquifolium*.

Tabelle 5: Auflistung der signifikant seltener oder häufiger (grün markiert) gewordenen Arten. *p*-Wert mit Abhängigkeit der Arten zu den Erhebungsjahren mit Fischer's Exact Test gemessen ($\alpha = 0.05$) und deren Stetigkeiten (St) im jeweiligen Jahr sowie deren Zeigerwerte gemäss Landolt et al. (2010); F = Feuchtzahl; L = Lichtzahl; T = Temperaturzahl; R = Reaktionszahl; N = Nährstoffzahl. Die häufiger gewordene Art ist grün markiert.

200 m ²	Art	<i>p</i> -Wert	St 1993	St 2019	F	L	T	R	N
	<i>Ilex aquifolium</i>	0.010	15	41	3	2	4	3	3
	<i>Galium odoratum</i>	0.040	80	59	3	1	3	3	3

500 m ²	<i>Sorbus aria</i>	0.005	35	9	2	3	4	3	2
	<i>Anemone nemorosa</i>	0.021	61	35	3	2	3	2	3
	<i>Luzula pilosa</i>	0.026	13	0	2	1	3	2	2
	<i>Epilobium montanum</i>	0.030	17	2	3	2	3	3	3
	<i>Taraxacum officinale aggr.</i>	0.039	24	7	3	4	3	3	4
	<i>Brachypodium sylvaticum</i>	0.045	87	67	4	3	4	3	3
	<i>Poa trivialis</i>	0.050	20	4	3	3	3	3	4

Tabelle 6: Arten mit signifikanter Änderung im Deckungsgrad in den verschiedenen Schichten mit deren Deckungsdifferenz (Deckung 2019 – Deckung 1993) und den jeweiligen Zeigerwerten. Die Grün markierte Art hat in ihrer Deckung zugenommen. Die p -Werte wurden aus gepaarten t -Tests hergeleitet ($\alpha = 0.05$). Die Liste ist aufsteigend nach den p -Werten sortiert.

	Schicht	Art	p -Wert	Differenz Deckung [%]	F	L	T	R	N
30 m ²	BS	<i>Fraxinus excelsior</i>	0.011	-6.7	x	x	x	x	x
	KS	<i>Fraxinus excelsior</i>	0.019	-2.1	x	x	x	x	x
	KS	<i>Mercurialis perennis</i>	0.024	-4.8	3	1	3	4	3
	KS	<i>Galium odoratum</i>	0.026	-0.9	3	1	3	3	3
	KS	<i>Fagus sylvatica</i>	0.036	-3.3	3	2	3	x	3
	KS	<i>Acer pseudoplatanus</i>	0.037	-2.2	3	2	3	3	3
	SS	<i>Fraxinus excelsior</i>	0.039	-2.9	x	x	x	x	x

200 m ²	BS	<i>Fraxinus excelsior</i>	< 0.001	-7.4	x	x	x	x	x
	KS	<i>Fraxinus excelsior</i>	0.002	-3.6	x	x	x	x	x
	KS	<i>Mercurialis perennis</i>	0.003	-7.5	3	1	3	4	3
	BS	<i>Picea abies</i>	0.004	-5.5	3	1	2	x	3
	KS	<i>Acer pseudoplatanus</i>	0.009	-3.7	3	2	3	3	3
	SS	<i>Acer pseudoplatanus</i>	0.011	-4.0	3	2	3	3	3
	SS	<i>Fraxinus excelsior</i>	0.012	-3.4	x	x	x	x	x
	KS	<i>Galium odoratum</i>	0.015	-1.1	3	1	3	3	3
	KS	<i>Fagus sylvatica</i>	0.026	-3.1	3	2	3	x	3
	SS	<i>Ilex aquifolium.</i>	0.031	0.6	3	2	4	3	3

500 m ²	BS	<i>Fraxinus excelsior</i>	< 0.001	-9.4	x	x	x	x	x
	KS	<i>Fraxinus excelsior</i>	< 0.001	-5.1	x	x	x	x	x
	SS	<i>Hedera helix</i>	< 0.001	-2.2	3	2	4	2	3
	KS	<i>Mercurialis perennis</i>	0.001	-6.9	3	1	3	4	3
	BS	<i>Picea abies</i>	0.002	-6.7	3	1	2	x	3
	SS	<i>Fraxinus excelsior.</i>	0.004	-5.1	x	x	x	x	x
	KS	<i>Galium odoratum</i>	0.007	-1.3	3	1	3	3	3
	SS	<i>Ilex aquifolium</i>	0.008	0.7	3	2	4	3	3
	SS	<i>Acer pseudoplatanus</i>	0.008	-4.2	3	2	3	3	3
	KS	<i>Lamium galeobdolon</i>	0.013	-1.3	3	1	4	3	3
	BS	<i>Acer pseudoplatanus.</i>	0.023	-4.2	3	2	3	3	3
	SS	<i>Tamus communis.</i>	0.024	-0.1	3	3	4	2	3
	KS	<i>Rubus fruticosus.aggr.</i>	0.024	-7.2	3	3	4	3	4
	BS	<i>Abies alba.</i>	0.026	-2.1	4	1	3	2	3
	SS	<i>Sorbus aria</i>	0.040	-0.3	2	3	4	3	2
	KS	<i>Allium ursinum</i>	0.040	-3.7	4	2	3	4	3

3.4 Veränderung der Art-Arealbeziehung

Die mittleren Z-Werte in der Plotvergrößerung 200 – 500 m² waren 2019 signifikant tiefer als 1993 (Tabelle 7). Das bedeutet, dass die Zunahme der Artenzahlen mit der Vergrößerung der Plotflächen im Jahr 2019 deutlich tiefer war als 1993.

Tabelle 7: Auflistung der mittleren Z-Werte zu den Flächenvergrößerungen. Die *p*-Werte wurden aus gepaarten *t*-Tests hergeleitet ($\alpha = 0.05$).

	Z-Wert 1993	Z-Wert 2019	<i>p</i> -Wert
Artenzahl 30 m ² – 200 m ²	0.295	0.295	0.998
Artenzahl 30 m ² – 500 m ²	0.302	0.275	0.228
Artenzahl 200 m ² – 500 m ²	0.315	0.235	0.01

3.5 Veränderung der Zeigerwerte

Die mittleren Lichtzahlen waren in den 500 m²-Plots 2019 signifikant niedriger als 1993 (Abbildung 4). In den 30 m²- und 200 m²-Plots lag keine signifikante Veränderung vor. Hinsichtlich der Feuchte-, Temperatur-, Reaktions- und Nährstoffzahlen gab es in allen Plotgrößen keine deutlichen Veränderungen (Tabelle 8).

Tabelle 8: Mittlere Zeigerwerte der Plots gemäss Landolt et al. (2010) der Jahre 2019 und 1993 sowie die *p*-Werte der Unterschiede. Analysiert ohne Baum und Strauchschicht. Die *p*-Werte wurden aus gepaarten *t*-Tests hergeleitet ($\alpha = 0.05$).

	30 m ²			200 m ²			500 m ²		
	1993	2019	<i>p</i> -Wert	1993	2019	<i>p</i> -Wert	1993	2019	<i>p</i> -Wert
Feuchtezahl	3.12	3.09	0.601	3.13	3.10	0.345	3.14	3.12	0.633
Lichtzahl	2.19	2.08	0.081	2.27	2.17	0.079	2.34	2.22	0.017
Temperaturzahl	3.31	3.28	0.449	3.30	3.31	0.854	3.31	3.33	0.544
Reaktionszahl	3.18	3.13	0.223	3.17	3.14	0.440	3.17	3.15	0.620
Nährstoffzahl	3.09	3.09	0.898	3.09	3.10	0.9078	3.12	3.11	0.932

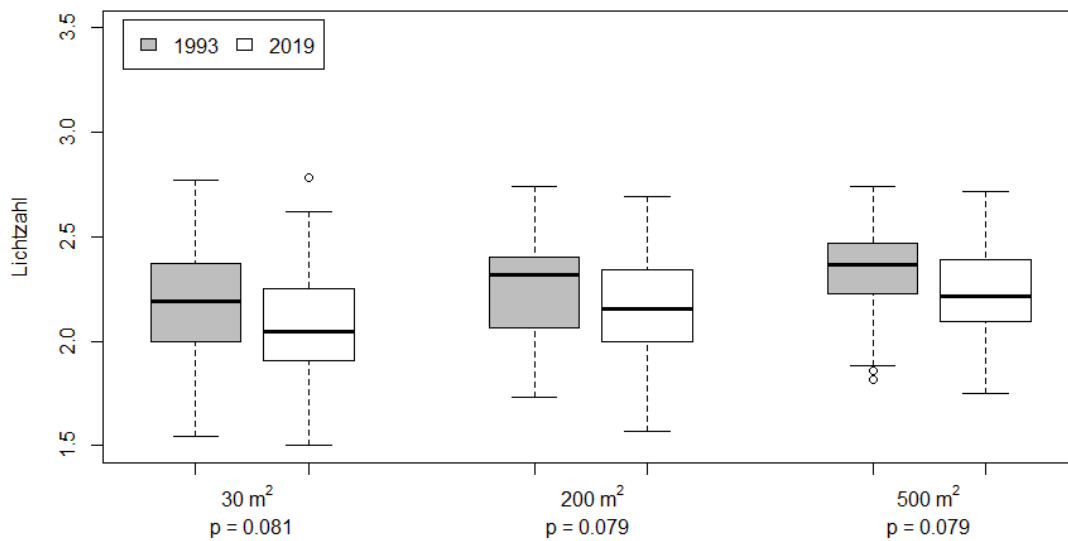


Abbildung 4: Veränderungen der mittleren Lichtzahlen zwischen 1993 und 2019, abhängig von der Plotgröße. Zeigerwerte gemäss Landolt et al. (2010). Die p -Werte wurden aus gepaarten t -Tests hergeleitet ($\alpha = 0.05$). Die Boxen repräsentieren die 0.25- und 0.75-Quartile, die Linie in der Box ist der Median und die Whiskers befinden sich im 1.5-Interquartilbereich und die Ausreisser sind als Punkte dargestellt.

3.6 Erklärende Variablen

Die getesteten Variablen und deren Beziehung zu den Biodiversitätsindizes sind mit den p -Werten in Tabelle 9 aufgelistet. Wo ein signifikanter Zusammenhang besteht, sind die p -Werte fett markiert. Es konnte ein Zusammenhang zwischen der Veränderung der Deckung durch die Baumschicht und der Veränderung der Biodiversitätsindices festgestellt werden. So nahm die Artenzahl, der Shannon-Index und der Pielous-Index mit der zunehmenden Deckung durch die Baumschicht ab und der relative Artenverlust nahm zu (Abbildung 5).

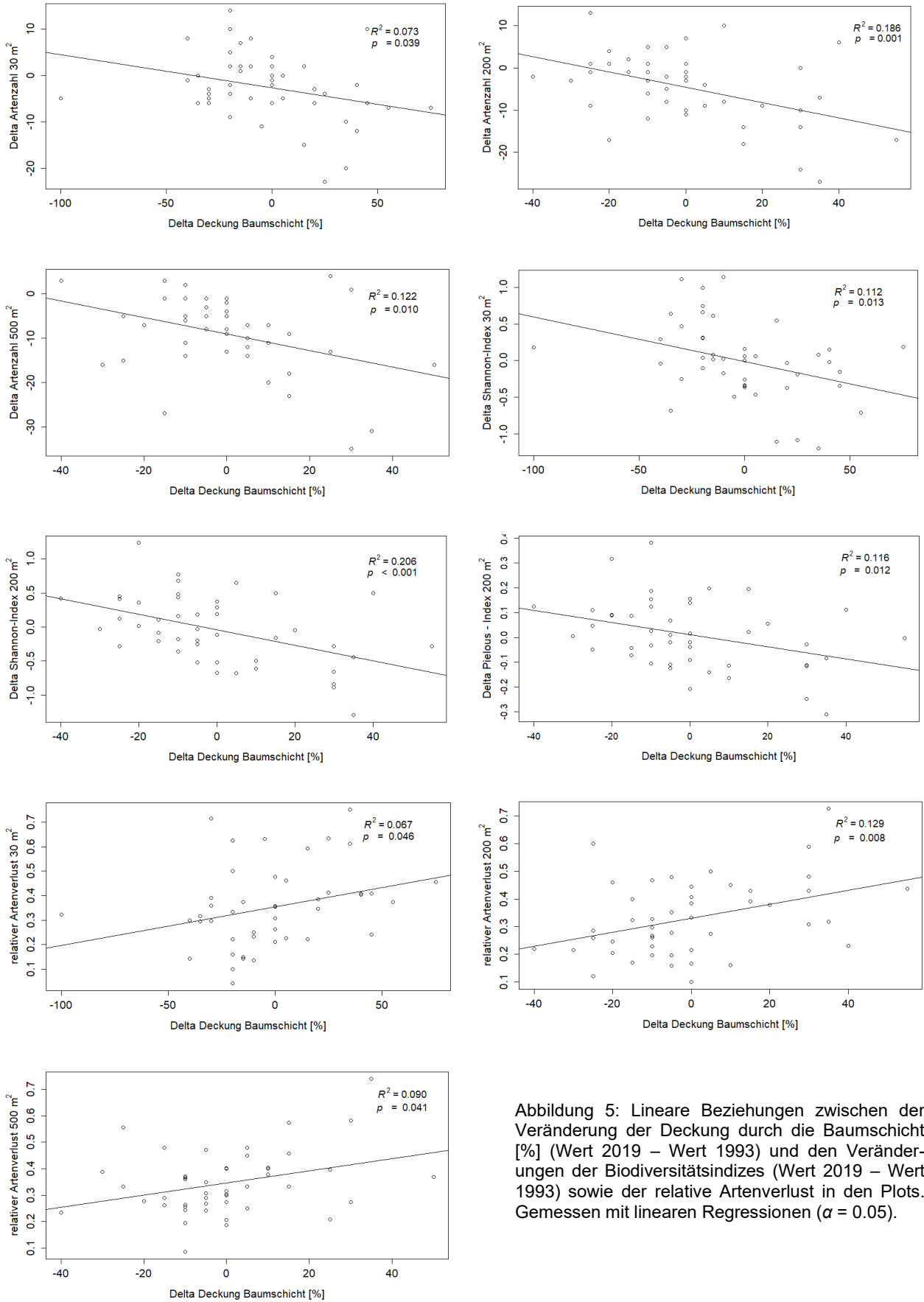


Abbildung 5: Lineare Beziehungen zwischen der Veränderung der Deckung durch die Baumschicht [%] (Wert 2019 – Wert 1993) und den Veränderungen der Biodiversitätsindizes (Wert 2019 – Wert 1993) sowie der relative Artenverlust in den Plots. Gemessen mit linearen Regressionen ($\alpha = 0.05$).

Mit der Zunahme der Krautschichtdeckung stieg die Artenzahl im 30 m²-Plot und die relativen Artenverluste nahmen im 30- und 200 m²-Plot ab (Abbildung 6). Bei der Veränderung der Deckung der Baum- und Strauchschicht (summiert) konnte der Zusammenhang nur bei der Veränderung des Shannon-Indexes im 200 m²-Plot und beim Pielous- Index der 200 m²-Plots festgestellt werden. Der Shannon- und Pielous- Index nahm mit der Zunahme der summierten Baum- und Strauchschicht ab (Abbildung 7).

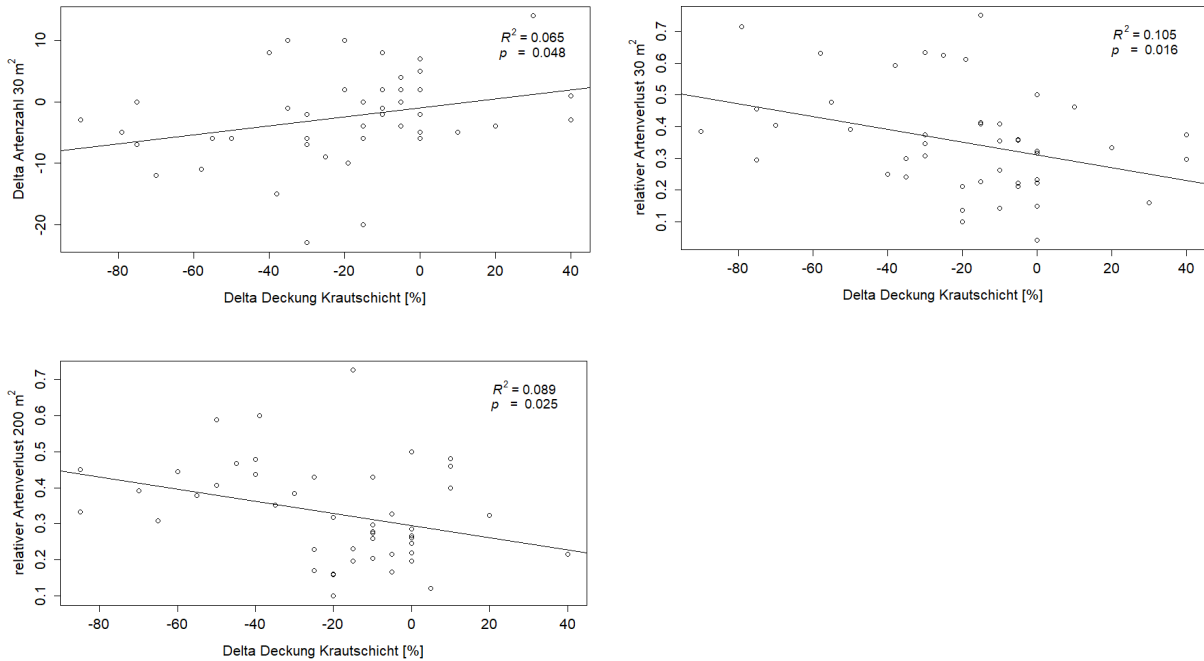


Abbildung 6: Lineare Beziehungen zwischen der Veränderung der Deckung durch die Krautschicht [%] und der Veränderung der Artenzahl (Wert 2019 – Wert 1993) sowie der relative Artenverlust in den Plots. Gemessen mit linearen Regressionen ($\alpha = 0.05$).

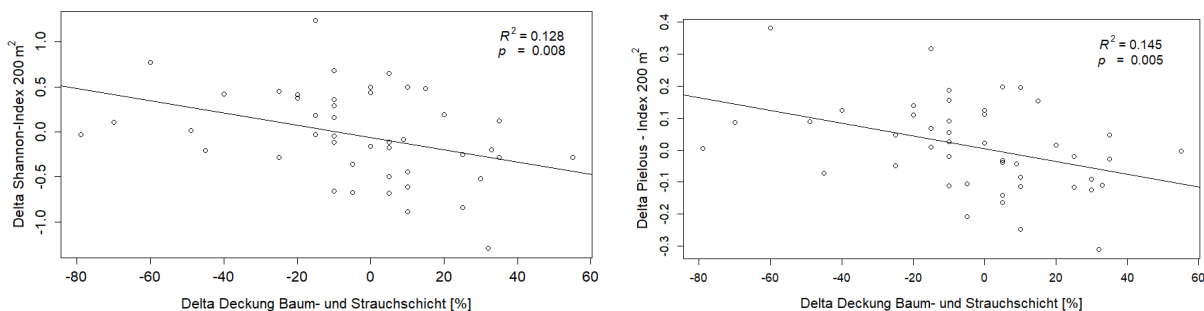


Abbildung 7: Lineare Beziehungen zwischen der Veränderung der Deckung durch die Baum- und Strauchschicht (summiert) [%] und den jeweiligen Veränderungen der Biodiversitätsindizes (Wert 2019 – Wert 1993). Gemessen mit linearen Regressionen ($\alpha = 0.05$).

Zwischen den Artenzahlen von 1993 und der Veränderung der Artenzahlen konnte ebenfalls ein Zusammenhang festgestellt werden. Bei allen Plotgrößen war der Artenverlust grösser, je höher die Artenzahlen 1993 waren. Zudem sinkt die Artenzunahme mit den ursprünglichen Artenzahlen in den 30 m²-Plots (Abbildung 8).

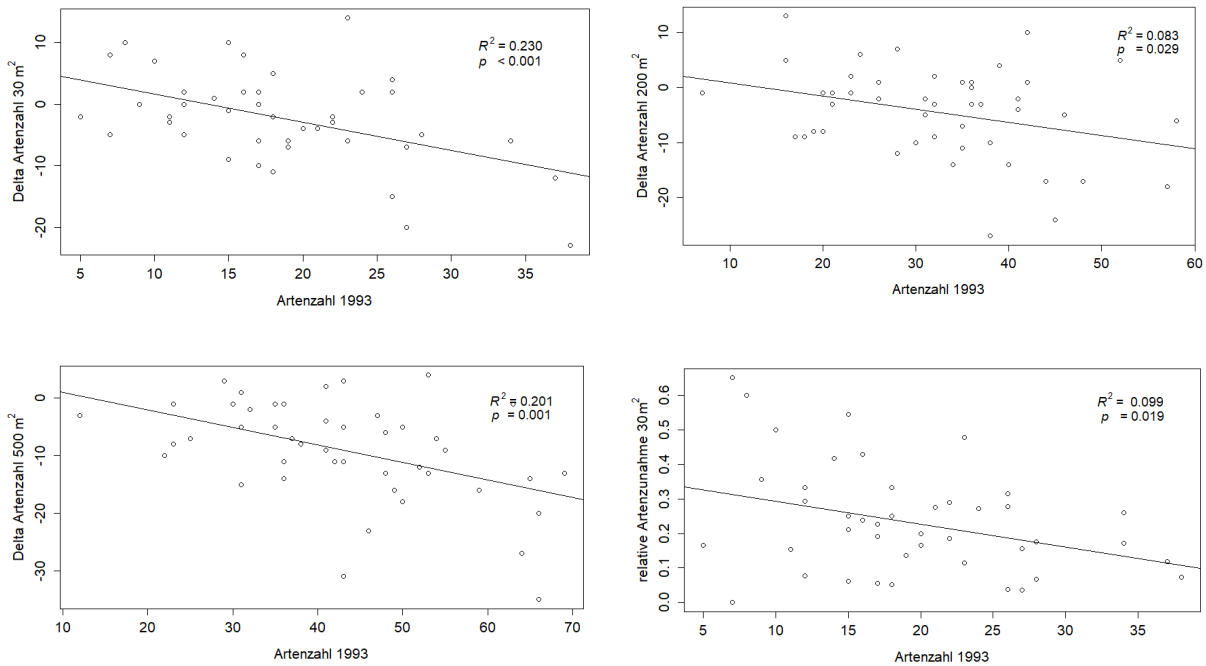


Abbildung 8: Lineare Beziehungen zwischen der Artenzahl 1993 und der Veränderung der Artenzahl (Wert 2019 – Wert 1993) sowie die relative Artenzunahme in den Plots. Gemessen mit linearen Regressionen ($\alpha = 0.05$).

Bei den Regressionen zwischen dem Artenverlust in den Plots und den Zeigerwerten von 2019 zeigte sich, dass je höher die aktuelle Lichtzahl, desto tiefer war der Artenverlust (Abbildung 9). Bei allen anderen Zeigerwerten (Zeigerwerte von 1993, Zeigerwerte von 2019 sowie die Differenz zwischen den neuen und den alten Zeigerwerten) ergaben sich keine signifikanten Beziehungen zu den Biodiversitätsindizes. Bei den Parametern Aufnahmezeitpunkt, Höhe über Meer, Veränderung der Störung, und der Deckung durch die Strauchschicht konnte keine Beziehung zur Veränderung der Biodiversitätsindizes festgestellt werden (Tabelle 9).

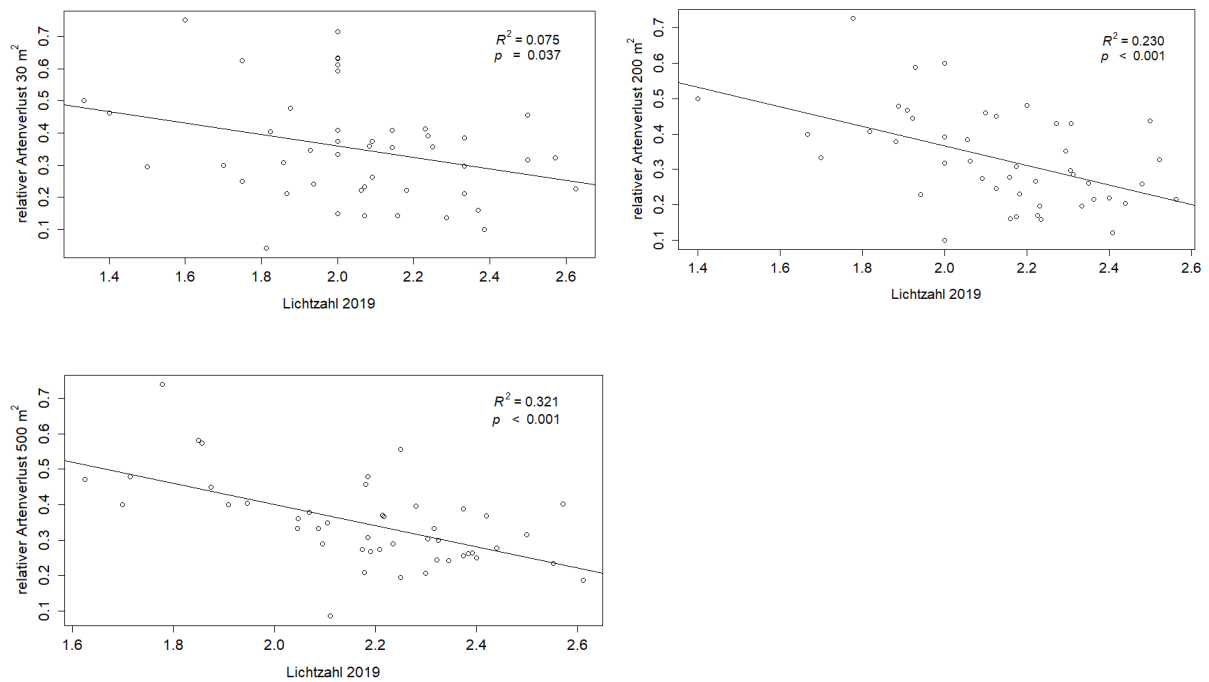


Abbildung 9: Beziehung zwischen der Artenverlust-Rate (Anzahl Arten neu hinzugekommen/ Anzahl Arten zu beiden Erhebungszeitpunkten vorhanden) und der Lichtzahl im Jahr 2019 in den drei verschiedenen Plotgrößen. Gemessen mit linearen Regressionen ($\alpha = 0.05$).

Tabelle 9: p -Werte der Regressionen zwischen den Veränderungen der Biodiversitätsindizes (Artenzahl, Shannon-Index, Pielous-Index, Artenverlust-Rate, Artenzunahme-Rate) und der Veränderung der Schichtdeckungen sowie der Differenz der Erhebungszeitpunkte. In der Spalte Störung sind die p -Werte der Unterschiede der Indizes bei neu hinzukommenden oder verschwindenden Störungsquellen aufgelistet. In der Spalte m.ü. M sind die p -Werte der Beziehung zwischen der Höhenlage und den Biodiversitätsindizes aufgelistet ($\alpha = 0.05$).

	Δ KS	Δ SS	Δ BS	Δ BSS	S 1993	Störung	m.ü. M	Δ Datum
Δ S 30 m ²	0.048	0.548	0.039	0.162	< 0.001	0.169	0.751	0.351
Δ S 200 m ²	0.057	0.258	0.002	0.205	0.029	0.562	0.590	0.489
Δ S 500 m ²	0.360	0.096	0.010	0.937	0.001	0.572	0.291	0.977
Δ H 30 m ²	0.062	0.584	0.013	0.072	0.575	0.261	0.559	0.144
Δ H 200 m ²	0.111	0.811	< 0.001	0.008	0.398	0.850	0.626	0.090
Δ H 500 m ²	0.136	0.695	0.066	0.104	0.302	0.788	0.983	0.113
Δ Pielous 30 m ²	0.156	0.876	0.067	0.075	0.070	0.581	0.755	0.091
Δ Pielous 200 m ²	0.339	0.310	0.012	0.005	0.366	0.734	0.405	0.073
Δ Pielous 500 m ²	0.251	0.229	0.380	0.075	0.992	0.772	0.819	0.083
Artenverlust 30 m ²	0.016	0.160	0.046	0.457	0.397	0.165	0.599	0.432
Artenverlust 200 m ²	0.025	0.326	0.008	0.292	0.760	0.722	0.863	0.332
Artenverlust 300 m ²	0.152	0.136	0.024	0.969	0.915	0.405	0.608	0.549
Artenzunahme 30 m ²	0.106	0.502	0.259	0.602	0.019	0.098	0.181	0.785
Artenzunahme 200 m ²	0.392	0.356	0.137	0.743	0.071	0.389	0.053	0.595
Artenzunahme 500 m ²	0.351	0.252	0.181	0.845	0.108	0.382	0.118	0.945

4 Diskussion

4.1 Veränderung der Struktur- und Standort Variablen

Starke Veränderungen ergaben sich in der Krautschichtdeckung, welche signifikant abnahm. Bezüglich der anderen Struktur- und Standortvariablen (Baumschichtdeckung, Strauchschichtdeckung, Störungshäufigkeit) traten keine signifikanten Veränderungen auf. Ein Grund für den Deckungsgradverlust kann der Trockenheitsstress der vermehrt aufgetretenen Hitzesommer sein (MeteoSchweiz 2019). Helm et al. (2017) fanden in deren Bergwald-Resurvey ebenfalls einen Deckungsgradverlust in der Krautschicht und auch die Studien von Archaux & Wolters (2006) und von Brunet & Tyler (2000) zeigen, dass die Produktivität der Krautschicht aufgrund von Trockenheit reduziert wird. Es besteht daher Grund zur Annahme, dass der Deckungsgradverlust in der Krautschicht auf den Hitzestress während der letzten Sommer zurückzuführen ist. Im Sommer 2018 war die Trockenheit besonders ausgeprägt (MeteoSchweiz 2019). Ob der Deckungsgradverlust auf diesen Sommer zurückzuführen ist oder auf die Serie von mehreren Jahren mit wiederholt trockenheissen Perioden während der Vegetationszeit, ist unklar.

4.2 Veränderung der Artenvielfalt

Im Vergleich zu den historischen Daten konnten in den aktuellen Vegetationsdaten erheblich tiefere Artenzahlen sowie eine höhere Artenverlust-Rate nachgewiesen werden. Dass hingegen keine signifikante Veränderung im Shannon- und Pielous- Index gefunden werden konnte, liegt wahrscheinlich daran, dass keine einzelnen Arten dominant wurden und der Deckungsgrad der Krautschicht beträchtlich abnahm.

Andere Studien von Schweizer Wäldern zeigen bezüglich der Veränderung der Artenvielfalt unterschiedliche Ergebnisse. Auch Walther (1997) hat in seiner Studie einen Rückgang der Artenvielfalt festgestellt, während in der Studie von Scherrer et al. (2017) zwar Zu- und Abnahmen in Plots, aber keine Gesamtveränderung festgestellt werden konnte. Eine Resurvey-Studie von Wäldern der Tschechischen Republik zeigte starke Artenverluste in der Krautschicht seit Mitte des 20. Jahrhunderts. Die Metastudie mit europäischen gemässigten Wäldern zeigte keine allgemeine Veränderung der Artenvielfalt, jedoch grosse Variationen zwischen den einzelnen Studien (Bernhardt-Römermann 2015). Allgemeine Aussagen über Veränderung der Artenvielfalt in gemässigten Wäldern zu machen ist noch nicht möglich, da die Skalen (Europaweit, spezifische Regionen, lokal), die Zeiträume und die untersuchten Lebensräume verschieden sind. Hierfür wären weitere Untersuchungen nötig.

4.3 Art-Arealbeziehung

Die Auswertung der Art-Areal-Beziehung zeigte, dass die Z-Werte des aktuellen Datensatzes in der 200 – 500 m²-Arealvergrößerung signifikant weniger gross waren als in den historischen Daten. Möglich ist, dass der mittlere Lichtdurchlass in den 500 m²-Plots abgenommen hat (siehe die tiefere Lichtzahl in den 500 m²-Plots) und diese Verdunklung zu tieferen Artenzahlen in den 500 m²-Plots führte. Es gibt verschiedene Theorien, welche die Art-Areal-Beziehung zu erklären versuchen (Shen et al. 2009). Eine Theorie zur Erklärung der Art-Areal-Beziehung besagt, dass die Artenzahl mit der Arealgrösse steigt, weil mit der Vergrößerung auch die Heterogenität der Lebensräume zunimmt (Shen et al. 2009; Williams 1964). Der Z-Wert wird auch als Mass für die Beta-Diversität verwendet (Crist & Veech 2006). Die Abnahme des Z-Wertes kann demnach auf homogenere Lebensräume hinweisen. Des Weiteren fand Chiarucci et al. (2006) einen negativen Zusammenhang zwischen Produktivität (Biomasse) und Z-Werten. Die Studie von Dupré & Diekmann (2001) fand höhere Z-Werte in aufgegebenen Weiden als bei beweideten Standorten. Beide diese Studien untersuchten Grünländer und sind deshalb nicht direkt auf Wälder übertragbar. Welche Faktoren die Z-Werte in Wäldern beeinflussen, kann Gegenstand weiterer Untersuchungen sein.

4.4 Turnoverarten

Die seltener gewordenen Arten sind in den meisten Fällen typische Waldarten (*Galium odoratum*, *Anemone nemorosa*, *Brachypodium sylvaticum*, *Luzula pilosa* und *Epilobium montanum*) oder konkurrenzstarke Generalisten (*Taraxacum officinale* aggr. und *Poa trivialis*). Die seltener gewordene Art *Sorbus aria* kommt bevorzugt in Wäldern warmer Lagen und auf felsigen Standorten vor (Lauber, Wagner, Gygax 2018). An Deckung hat insbesondere *Fraxinus excelsior* verloren. Dieser Rückgang der Esche gilt in Europa als weitverbreitet. Als Auslöser wird vor allem das Eschentriebsterben genannt (Cech 2006, Engesser et al. 2007 & Bakys et al. 2009).

Die Art *Ilex aquifolium* ist häufiger geworden und hat im Deckungsgrad zugenommen. Im Zuge der Klimaveränderung und den mildereren Wintern wurden laurophylle Arten auf der Alpennordseite häufiger (Walther 1997). Nebst dem Klimawandel kann eine weniger intensive Nutzung des Waldes für das vermehrte Aufkommen von laurophyllen Arten verantwortlich sein (Wohlgemut et al. 2020). Im Zusammenhang mit der Laurophyllisierung ist oft von exotischen Arten die Rede (Walther 2000), allerdings gab es in der vorliegenden Untersuchung kein vermehrtes Aufkommen von Neophyten. Wahrscheinlich, weil nicht mehr gestörte Stellen auftraten, wo sich diese Arten etablieren könnten und sich die Untersuchungsstandorte nach wie vor nicht in der Nähe von Siedlungen befinden.

4.5 Zeigerwertanalyse

In mehreren Resurveystudien liess sich der Klimawandel anhand von Veränderungen der Zeigerwerte nachweisen (z. B Helm 2017; Felde, Kapfer & Grytnes 2012). Im Vergleich zur vorliegenden Untersuchung, wo keine Veränderung in der Temperatur- und Feuchtezahl gefunden werden konnte, haben diese Studien Berglebensräume zum Gegenstand. Die Veränderung der Artenzusammensetzung ist in Kälte adaptierten Lebensräumen stärker ausgeprägt (Gottfried et al. 2012).

Auch Walther (1997) hatte bei einem Waldresurvey tiefere Lichtzahlen gefunden. Als mögliche Begründung für diesen Prozess kommen in den Wäldern des Untersuchungsgebiets die voranschreitende Sukzession der Wälder, beziehungsweise das Zuwachsen der Kronen durch weniger oft stattfindende Waldöffnungen, in Frage. In der Studie von Becker et al. (2016) wurde bei einem Vergleich der Waldvegetation zwischen 1970 und 2011 ebenfalls signifikant tiefere Lichtzahlen nachgewiesen.

4.6 Erklärende Variablen

Der negative Effekt der zunehmenden Baumschichtdeckung auf die Artenvielfalt wurde auch in den Studien von Walther (1997) und Bernhardt-Römermann (2015) nachgewiesen. Anhaltende Beschattung führt zum lokalen Verschwinden von lichtliebenden Arten (Valverde & Silvertown 1997). Die zunehmende Baumschicht und damit auch die abnehmende Lichtverfügbarkeit scheint einen negativen Einfluss auf die Artenvielfalt zu haben. Der abnehmende Deckungsgrad in der Krautschicht beeinflusste die Artenvielfalt negativ. Wie schon im Zusammenhang mit der Abnahme der Krautschicht erwähnt, könnte dieser Vorgang mit dem Hitzestress der letzten Sommer zusammenhängen. Offene Lebensräume weisen unimodale Artenvielfalt-Biomasse-Beziehungen auf. In gemässigten Wäldern hingegen besteht eine positive Beziehung zwischen der Biomasse und der Artenvielfalt (Axmanová 2012). Die Regression zwischen der aktuellen Lichtzahl und dem Artenverlust zeigt, dass der Artenverlust vor allem in Plots geschah, wo die mittlere Lichtzahl weniger Lichtdurchlass anzeigte. Dieser Zusammenhang bestärkt die Erkenntnis, dass die Artenvielfalt von der Lichtverfügbarkeit abhängt.

In der vorliegenden Untersuchung konnte kein Effekt der Störungsänderung nachgewiesen werden. Die Studie von Schmidt (2005) zeigte, dass die Artenzahl an Gefässpflanzen in bewirtschafteten Wäldern höher ist als in völlig unbewirtschafteten Wäldern. Die Untersuchung von Paillet et al. (2010) zeigte, dass die Artenvielfalt an Bryophyten, Flechten, Pilzen, xylobionten Käfern und Laufkäfern in unbewirtschafteten Wäldern höher ist, die Artenvielfalt der Gefässpflanzen jedoch von einer Bewirtschaftung profitiert. Diese Ergebnisse lassen sich

mit dem Intermediate-Disturbance-Model erklären. Wahrscheinlich wäre es möglich, einen Einfluss der Störung nachzuweisen, wenn genauere Daten über die Bewirtschaftung und die Intensität der störungsquellen vorliegen würden.

Mehrere Studien (z. B. Rumpf et al. 2017; Scherrer 2015 & Kuchler et al. 2015) konnten eine Verschiebung der Artenvielfalt in die höheren Lagen feststellen. In der vorliegenden Studie konnte dieser Effekt nicht nachgewiesen werden. Möglicherweise liegt dies am eher kleinen Höhenunterschied (von 490 bis 860 m ü. M.), was auch zu einem nicht besonders starken Klimaunterschied führt.

4.7 Methodenkritik

Bei Resurvey-Studien gelten der Erhebungszeitpunkt, der Kenntnisstand der Erhebenden und die Lokalisierungsgenauigkeit der Standorte als mögliche Fehlerquellen (Kapfer 2016). In vielen Fällen konnte die versenkte Metallröhre (Plotmittelpunkt) nicht gefunden werden. Deshalb lag die Unsicherheit der Standortbestimmung bei maximal 2.5 m. Der Einfluss der Artenkenntnisse und Felderfahrung sind schwierig einzuschätzen. Allerdings ergaben sich bei den Erhebungen keine erheblichen Bestimmungsschwierigkeiten.

Die Analysen in unterschiedlich grossen Plots zeigen, dass die Veränderungen und Regressionen je nach Untersuchungsskala unterschiedlich ausfallen. Der Artenverlust und die Abnahme des Z-Wertes waren im 500 m²-Plot am höchsten. Auch die Abnahme der Lichtzahl zeigte sich nur im 500 m²-Plot. Die erklärenden Variablen hatten häufig nur in den 30 und/oder 200 m²-Plots einen Effekt auf die Veränderung der Artenvielfalt. Es ist anzunehmen, dass bei den 500 m²-Plots Einflüsse, welche nicht analysiert wurden, auf die Artenzusammensetzung einwirken, sodass die Effekte nicht nachzuweisen waren. Die Analyse auf der Ebene der verschiedenen Plotgrössen ist demnach sehr lohnenswert, obwohl diese mit Zeitaufwand verbunden war.

4.8 Ausblick

Die Baumschichtdeckung im Wald scheint einen negativen Einfluss auf die Veränderung der Artenvielfalt zu haben. Es wäre deshalb interessant zu untersuchen, welchen Einfluss die Bewirtschaftung der Standorte auf die Artenvielfalt und Artenzusammensetzung hat. Ein Ziel des Waldentwicklungsplanes (WEP 2010) ist es, mehr lichte Wälder im Kanton Zürich zu schaffen (WEP 2010). Mit der Umsetzung dieser Massnahme besteht die Möglichkeit, dass die Artenvielfalt wieder ansteigen wird.

Der Artenschwund durch sommerliches Austrocknen der Krautvegetation könnte ein neueres Phänomen darstellen, das weiter untersucht werden sollte. Die Trockenheit in gemässigten

Wäldern könnte zum Verlust der Vielfalt von Gefäßpflanzen führen und die Buchenwald-Krautvegetation könnte an Abundanz verlieren. Wie sich der Deckungsgrad und die Artenzusammensetzung der Krautschicht entwickeln, sollte weiterhin beobachtet werden. Denn mit der Sensitivität auf Störungseinflüsse gibt die Krautschicht Dynamik wichtige Informationen über die Standortmerkmale von Wäldern (Gilliam 2007). Zudem beeinflussen Interaktionen in der Krautschicht die Stauch- und Baumschichten (Gilliam 2007).

Die hier gewonnenen Erkenntnisse könnten in anderen biogeografischen Regionen überprüft und mit den Ergebnissen verglichen werden. Zudem sollten, damit weitere Artenverluste nicht unbemerkt bleiben, Resurvey-Studien und Monitorings fortgeführt und koordiniert werden.

Literaturverzeichnis

- Amt für Landschaft und Natur (1997) Vegetationskundliche Kartierung der Wälder im Kanton Zürich (Waldvegetationskarte).
- Archaux, F & Wolters, F. (2006) Impact of summer drought on forest biodiversity: what do we know? *Annals of Forest Science*, 63: 645–652.
- Axmanová, I., Chytrý, M., Zelený, D., [...] & Diekmann, M. (2012) The species richness-productivity relationship in the herb layer of European deciduous forests. *Global Ecology and Biogeography*, 21: 657–667.
- BAFU (2018) Karte Stickstoffdeposition. Abgerufen am 19.06.2019 von <https://www.bafu.admin.ch/bafu/de/home/themen/luft/zustand/daten/luftbelastung--historische-daten/karten-jahreswerte/karte-stickstoff-deposition.html>.
- Bakys, R, Vasaitis, R., Barklund, P., Thomsen, I.M., & Stenlid, J. (2009) Occurrence and pathogenicity of fungi in necrotic and non-symptomatic shoots of declining common ash (*Fraxinus excelsior*) in Sweden. *European Journal of Forest Research*, 128; 51–60.
- Becker, T., Spanka, J., Schröder, L. & Leuschner, C. (2017) Forty years of vegetation change in former coppice-with-standards woodlands as a result of management change and N deposition. *Applied Vegetation Science*, 20: 304–313.
- Bernhardt-Römermann, M., Baeten, L., Craven, D., [...] & Verheyen, K. (2015) Drivers of temporal changes in temperate forest plant diversity vary across spatial scales. *Global Change Biology*, 21: 3726–3737.
- Bobbink, R., Hicks, K., Galloway, J., [...] & De Vries, W. (2010) Global assessment of nitrogen deposition effects on terrestrial plant diversity: a synthesis. *Ecological Applications*, 20: 30–59.
- Braun-Blanquet, J. (1964) *Pflanzensoziologie*, 3. Auflage. Spriger Verlag, Wien.
- Brunet, J. & Tyler, G. (2000) Interannual variability in abundance of field layer species in a south Swedish deciduous wood. *Flora*, 195: 97–103.
- Cech, T.L. (2006) Auffallende Schadfaktoren an Waldbäumen im Jahr 2005. *Forstschutz Aktuell*, 35: 6–7.
- Crist T.O., Veech J.A. (2006) Additive partitioning of rarefaction curves and species-area relationships: unifying α -, β -, and γ -diversity with sample size and habitat area. *Ecology Letters*, 9: 923–932.

- Diekmann, M. (2003) Species indicator values as an important tool in applied plant ecology – a review. *Basic and Applied Ecology*, 4: 493–506.
- Dupré, C., Diekmann, M. (2001) Differences in species richness and life-history traits between grazed and abandoned grasslands in southern Sweden. *Ecography*, 24: 275–286.
- Engesser, R., Meier, F., Queloz, V., Holdenrieder, O., Kowalski, T. (2009) Das Triebsterben der Esche in der Schweiz. *Wald und Holz*, 6: 24–27.
- Felde, V.A., Kapfer, J. & Grytnes, J.A. (2012) Upward shift in elevational plant species ranges in Sikkildalen, central Norway. *Ecography*, 35: 922– 932.
- Geo.admin (2000). Sturmschadeninventar. Abgerufen am 13.06.2019 von https://map.geo.admin.ch/mobile.html?lang=de&topic=ech&bgLayer=ch.swisstopo.pixelkarte&layers=ch.swisstopo.zeitreihen,ch.bfs.gebaeude_wohnungs_register,ch.bav.haltstellenev,ch.swisstopo.swisstlm3dwanderwege,ch.bafu.waldschadenflaechen-lothar&layers_visibility=false,false,false,false,true&layers_timestamp=18641231,,,,
- Giladi, I., Ziv, Y., May, F. & Jeltsch, F. (2011) Scale-dependent determinants of plant species richness in a semi-arid fragmented agro-ecosystem. *Journal of Vegetation Science*, 22: 983–996.
- Gilliam, F.S. (2007) The Ecological Significance of the Herbaceous Layer in Temperate Forest Ecosystems. *BioScience*, 57: 845–858.
- Gottfried, M., Pauli, H., Futschik, A., [...] & Grabherr, G. (2012) Continent-wide response of mountain vegetation to climate change. *Nature Climate Change*, 2: 111–115.
- Hallet, L.M., Flynn, D.F.B. & Jones, K.J. (2019) *Temporal Diversity Indices. R-Package*. CRAN-R Project.
- Helm, N., Essl, F., Mirtl, M. & Dirnböck, T. (2017). Multiple environmental changes drive forest floor vegetation in a temperate mountain forest. *Ecology and Evolution*, 7: 2155– 2168.
- Hill, M.O. (1973) Diversity and evenness: a unifying notation and its consequences." *Ecology*, 54: 427–473.
- Juillerat, P., Bäumler, B., Bornand, C., Gygax, A., Jutzi, M., Möhl, A., Nyffeler, R., Sager, L., Santiago, H. & Eggenberg, S. (2017) *Checklist 2017 der Gefässpflanzenflora der Schweiz / de la flore vasculaire de la Suisse / della flora vascolare della Svizzera*. Genève: Info Flora.

- Jurasinski, G., Retzer, V. & Beierkuhnlein, C. (2009) Inventory, differentiation, and proportional diversity: a consistent terminology for quantifying species diversity. *Oecologia*, 159: 15–26.
- Kapfer, J., Hédl, R., Jurasinski, G., Kopecký, M., Schei F.H & Grytnes, J. (2016) Resurveying historical vegetation data - opportunities and challenges. *Applied Vegetation Science*, 20: 164–171.
- Küchler, M., Küchler, H., Bedolla, A. & Wohlgemuth, T. (2015) Response of Swiss forests to management and climate change in the last 60 years. *Annals of Forest Science*, 72: 311–320.
- Küchler, M. (2019) *Software VEGEDAZ. Programm für die Erfassung und Auswertung von Vegetationsdaten*. Update 2019. Eidg. Forschungsanstalt WSL, Birmensdorf.
- Kuhn, N. (1967) *Natürliche Waldgesellschaften und Waldstandorte der Umgebung von Zürich*. PhD thesis, Swiss Federal Institute of Technology, Zürich.
- Kuhn, N., Amiet, R. & Hufschmid, N. (1987) Veränderung in der Waldvegetation der Schweiz infolge Nährstoffanreicherungen aus der Atmosphäre. *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*, 158: 77–84.
- Lachat, T., Pauli, D., Gonseth, Y., Klaus, G., Scheidegger, C., Vittoz, P. & Walter, T. (2010) *Wandel der Biodiversität in der Schweiz seit 1900. Ist die Talsohle erreicht?* Haupt Verlag, Bern, Stuttgart, Wien.
- Landolt, E., Bäumler, B., Erhardt, A., [...] & Theurillat, J. (2010) *Flora indicativa: Ecological indicator values and biological attributes of flora of Switzerland and the Alps*. Haupt Verlag, Bern, Stuttgart, Wien.
- Lauber, K; Wagner, G & Gyğax, A. (2018) *Flora Helvetica – Illustrierte Flora der Schweiz*. 6. Auflage. Haupt Verlag, Bern, Stuttgart, Wien.
- Menzel, A., Sparks, T. H., Estrella, N., [...] & Zust, A. (2006) European phenological response to climate change matches the warming pattern. *Global Change Biology*, 12: 1969–1976.
- MeteoSchweiz (2019) *Klimabulletin Sommer 2019*. Zürich.
- Paillet, Y., Bergès, L., Hjältén, J., [...] & Virtaten, R., (2010) Biodiversity differences between managed and unmanaged forests: meta-analysis of species richness in Europe. *Conservation Biology*, 24: 101–112.

- Poschlod, P., Bakkerb, J.P. & Kahmena S. (2005) Changing land use and its impact on biodiversity. *Basic and Applied Ecology*, 6: 93–98.
- R Core Team (2015) *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.
- Reitalu, T., Purschke, O., Johansson, L.J., Hall, K., Sykes, M.T., & Prentice, H.C. (2012) Responses of grassland species richness to local and landscape factors depend on spatial scale and habitat specialization. *Journal of Vegetation Science*, 23: 41–51.
- Rumpf, S.B., Hülber, K., Klöner, G., Moser, D., Schütz, M., Wessely J., Willner, W., Zimmermann, N.E. & Dullinger, S. (2017) Range dynamics of mountain plants decrease with elevation. *PNAS*, 115 (8):1848–1853.
- Sala, O.E., Chapin, F.S., Armesto, J.J., [...] & Wall, D.H. (2000) Global Biodiversity Scenarios for the Year 2100. *Science*, 287: 1770–1774.
- Shen, G., Yu, M., Hu, X., Mi, X., Ren, H., Sun, I. & Ma, K. (2009) Species–area relationships explained by the joint effects of dispersal limitation and habitat heterogeneity. *Ecology*, 90: 3033–3041.
- Scherrer, D., Massy, S., Meier, S., Vittoz, P. & Guisan, A. (2017) Assessing and predicting shifts in mountain forest composition across 25 years of climate change. *Diversity and Distribution*, 23: 517–528.
- Schmidt, W. (2005) Herb layer species as indicators of biodiversity of managed and unmanaged beech forests. *Forest Snow and Landscape Research*, 79: 111–125.
- Schonstedt GA-92XTd, Schonstedt Instrument Company, 100 Edmond Road Kearneysville, WV 25430 USA.
- Smith, B. & Wilson, J.B. (1996) A consumer’s guide to evenness indices. *Oikos*, 76: 70–82.
- Steinbauer, M.J., Grytnes, A., [...] & Wipf, S. (2018) Accelerated increase in plant species richness on mountain summits is linked to warming. *Nature*, 556: 231–234.
- Trimble Geo 7X (2013–2018) Trimble Inc. Germany GmbH Am Prime Parc 11 65479 Raunheim Deutschland.
- Valverde, T. & Silvertown, J. (1997) An integrated model of demography, patch dynamics and seed dispersal in a woodland herb, *Primula vulgaris*. *Oikos*, 80: 67–77.

- Vellend, M., Baeten, L., Becker-Scarpitta, A., Boucher-Lalonde, V., McCune, J.L., Messier, J., Myers-Smith, I.H. & Sax, D.F. (2017) Plant biodiversity change across scales during the Anthropocene. *Annual Review of Plant Biology*, 68: 563–586.
- Vittoz, P., Bodin, J., Ungricht, S., Burga, C.A. & Walther, G. (2008) One century of vegetation change on Isla Persa, a nunatak in the Bernina massif in the Swiss Alps. *Journal of Vegetation Science*, 19: 671–680.
- Walther, G. (1997) Longterm changes in species composition of Swiss beech forests. *Annali di Botanica*, 55: 77–83.
- Walther, G. (2000) *Laurophyllisation in Switzerland*. PhD thesis, Swiss Federal Institute of Technology, Zurich.
- WEP (2015) *Waldentwicklung Kanton Zürich. Zwischenbericht*. Amt für Landschaft und Natur, Abteilung Wald.
- Williams, C. (1964) *Patterns in the balance of nature and related problems in quantitative ecology*. Academic Press, London & New York.
- Wohlgemuth T & Kull, P. (1995) Ist Die Eibe am Uetliberg häufig? Stichprobenerhebung als Ergänzung floristischer Inventare. Informationsblatt Forschungsbereich Landschaftsökologie WSL 26: 1–2.
- Wohlgemuth, T., Del Fabbro, C., Keel, A., Kessler, M. & Nobis, M.P. (Hrsg.) (2020) *Flora des Kantons Zürich*. Zürcherische Botanische Gesellschaft. Haupt Verlag, Bern.

Anhang A: R-Skript

```

library(vegan)
library(BiodiversityR)
library(codyn)
library(tidyr)
library(dplyr)
library(BAT)

#Schichten summiert
spec_matrix_new_m<- read.csv("matrix_layerbereinigt_new.csv",sep=";",header=T)
spec_matrix_old_m<- read.csv("matrix_layerbereinigt_old.csv",sep=";",header=T)

#Schichten getrennt
cover2019<- read.csv("cover2019.csv",sep=";",header=T)
cover1993<- read.csv("cover1993.csv",sep=";",header=T)

#nach Plotgrößen gefiltert
spec_matrix_new_m_30<- filter(matrix_layerbereinigt_new, Plotgroesse == 30)
spec_matrix_new_m_30<- spec_matrix_new_m_30[c(2:208)]
spec_matrix_new_m_200<- filter(matrix_layerbereinigt_new, Plotgroesse == 200)
spec_matrix_new_m_200<- spec_matrix_new_m_200[c(2:208)]
spec_matrix_new_m_500<- filter(matrix_layerbereinigt_new, Plotgroesse == 500)
spec_matrix_new_m_500<- spec_matrix_new_m_500[c(2:208)]
spec_matrix_new_m_500[is.na(spec_matrix_new_m_500)] <- 0

spec_matrix_old_m_30<- filter(matrix_layerbereinigt_old, Plotgroesse == 30)
spec_matrix_old_m_30<- spec_matrix_old_m_30[c(2:255)]
spec_matrix_old_m_200<- filter(matrix_layerbereinigt_old, Plotgroesse == 200)
spec_matrix_old_m_200<- spec_matrix_old_m_200[c(2:255)]
spec_matrix_old_m_500<- filter(matrix_layerbereinigt_old, Plotgroesse == 500)
spec_matrix_old_m_500<- spec_matrix_old_m_500[c(2:255)]

list_new<- gather(spec_matrix_new_m, "species", "abundance", 4:210)
list_old<- gather(spec_matrix_old_m, "species", "abundance", 4:257)
join_m<- bind_rows(list_new, list_old)
spec_combined_m<- spread(join_m, key = "species", value = "abundance")

gather_cover2019<- gather(cover2019, "species", "abundance", 4:269)
gather_cover1993<- gather(cover1993, "species", "abundance", 4:322)
join_cover<- bind_rows(gather_cover2019, gather_cover1993)
cover_combined<- spread(join_cover, key = "species", value = "abundance")
write.table(cover_combined, "comb_anhang.txt", sep="\t")

#Artenzahlen
R_new<- specnumber(spec_matrix_new_m)
R_new_30<- specnumber(spec_matrix_new_m_30)
R_new_200<- specnumber(spec_matrix_new_m_200)
R_new_500<- specnumber(spec_matrix_new_m_500)

R_old<- specnumber(spec_matrix_old_m)
R_old_30<- specnumber(spec_matrix_old_m_30)
R_old_200<- specnumber(spec_matrix_old_m_200)
R_old_500<- specnumber(spec_matrix_old_m_500)

```

```

#Boxplots zum checken der Normalverteilung und Varianzhomogenität
boxplot(R_new_30, R_old_30)
boxplot(R_new_200, R_old_200)
boxplot(R_new_500, R_old_500)

t.testR30 <- t.test(R_new_30, R_old_30, paired = TRUE)
t.testR200 <- t.test(R_new_200, R_old_200, paired = TRUE)
t.testR500 <- t.test(R_new_500, R_old_500, paired = TRUE)

t.testR30
t.testR200
t.testR500

#Plot Artenzahl
plot<- boxplot(R_old_30, R_new_30, R_old_200, R_new_200, R_old_500, R_new_500,
  ylab = "Artenzahl",
  at = c(1:2, 4:5, 7:8),
  col=c("grey", "white", "grey", "white", "grey", "white"),
  text(1.5, 45, "p = 0.025"),
  text(4.5, 65, "p = < 0.001"),
  text(7.6, 66, "p = < 0.001"),
  legend("topleft", inset = .04, c("1993", "2019"), fill=c("grey", "white"), horiz=TRUE))
title(xlab = expression(paste("30 ", m^2, "                200 "
  , m^2, "                500", m^2)), line=1)

#Shannon-Index
H_new<- diversity(spec_matrix_new_m)
H_old<- diversity(spec_matrix_old_m)

H_new_30<- diversity(spec_matrix_new_m_30)
H_new_200<- diversity(spec_matrix_new_m_200)
H_new_500<- diversity(spec_matrix_new_m_500)

H_old_30<- diversity(spec_matrix_old_m_30)
H_old_200<- diversity(spec_matrix_old_m_200)
H_old_500<- diversity(spec_matrix_old_m_500)

#Plots zum Normalverteilung checken
boxplot(H_old_30, H_new_30, H_old_200, H_new_200, H_old_500, H_new_500,
  ylab = "Shannon-Index", names= c("1993 30m2", "2019 30m2", "1993 200m2",
  "2019 200m2", "1993 500m2", "2019 500m2" ), at = c(1:2, 4:5,
  7:8))

t.testS30 <- t.test(H_new_30, H_old_30, paired = TRUE)
t.testS200 <- t.test(H_new_200, H_old_200, paired = TRUE)
t.testS500 <- t.test(H_new_500, H_old_500, paired = TRUE)

t.testS30
t.testS200
t.testS500

#Evenness Pielous-Index:  $J = H'/\ln(S)$ 
E_new_30<- S_new_30/log(R_new_30)
E_new_200<- S_new_200/log(R_new_200)

```

```

E_new_500<- S_new_500/log(R_new_500)

E_old_30<- S_old_30/log(R_old_30)
E_old_200<- S_old_200/log(R_old_200)
E_old_500<- S_old_500/log(R_old_500)

boxplot(E_old_30, E_new_30, E_old_200, E_new_200, E_old_500, E_new_500,
        ylab = "Pielou-Index", names= c("1993 30m2", "2019 30m2", "1993 200m2",
        "2019 200m2", "1993 500m2", "2019 500m2" ))

t.test30E <- t.test(E_new_30, E_old_30, paired = TRUE)
t.test200E <- t.test(E_new_200, E_old_200, paired = TRUE)
t.test500E <- t.test(E_new_500, E_old_500, paired = TRUE)

t.test30E#nicht signifikant
t.test200E#nicht signifikant
t.test500E#nicht signifikant

#Veränderung Schichtdeckung
#Boxplots zum checken der Varianzhomogenität und Normalverteilung
plot<- boxplot(Standort_1993$KS.30, Standort_2019$KS.30, Standort_1993$KS.200,
Standort_2019$KS.200,
        Standort_1993$KS.500, Standort_2019$KS.500)
plot<- boxplot(Standort_1993$SS.30, Standort_2019$SS.30, Standort_1993$SS.200,
Standort_2019$SS.200,
        Standort_1993$SS.500, Standort_2019$SS.500)
plot<- boxplot(Standort_1993$BS.30, Standort_2019$BS.30, Standort_1993$BS.200,
Standort_2019$BS.200,
        Standort_1993$BS.500, Standort_2019$BS.500)

t.test(Standort_1993$KS.30, Standort_2019$KS.30, paired = T)
t.test(Standort_1993$KS.200, Standort_2019$KS.200, paired = T)
t.test(Standort_1993$KS.500, Standort_2019$KS.500, paired = T)

t.test(Standort_1993$SS.30, Standort_2019$SS.30, paired = T)
t.test(Standort_1993$SS.200, Standort_2019$SS.200, paired = T)
t.test(Standort_1993$SS.500, Standort_2019$SS.500, paired = T)

t.test(Standort_1993$BS.30, Standort_2019$BS.30, paired = T)
t.test(Standort_1993$BS.200, Standort_2019$BS.200, paired = T)
t.test(Standort_1993$BS.500, Standort_2019$BS.500, paired = T)

t.test(Standort_1993$BSS30sum, Standort_2019$BSS30sum, paired = T)
t.test(Standort_1993$BSS200sum, Standort_2019$BSS200sum, paired = T)
t.test(Standort_1993$BSS500sum, Standort_2019$BSS500sum, paired = T)

plot<- boxplot(Standort_1993$KS.30, Standort_2019$KS.30, Standort_1993$KS.200,
Standort_2019$KS.200,
        Standort_1993$KS.500, Standort_2019$KS.500,
        ylab = "Deckung Krautschicht [%]",
        at = c(1:2, 4:5, 7:8),
        col=c("grey", "white", "grey", "white", "grey", "white"),
        ylim=c(-1, 115),
        legend("topleft", inset=.02, c("1993", "2019"), fill=c("grey", "white"), horiz=TRUE))
title(xlab = expression(paste("30 ", m^2, "
200 "

```

```

                                ,m^2,"                                500 ",m^2)), line=1)
title(xlab = expression(paste("p = < 0.001 ", "                                p = < 0.001"
                                , "                                p = < 0.001")), line=2.3)

#Fishers Exact Test für jede Art
comb_pres_abs<- read.csv("spec_combined_pres_abs.csv",sep=";",header=T)
comb_pres_abs30<- read.csv("comb_pres_abs30.csv",sep=";",header=T)
comb_pres_abs200<- read.csv("comb_pres_abs200.csv",sep=";",header=T)
comb_pres_abs500<- read.csv("comb_pres_abs500.csv",sep=";",header=T)

fish_30_m<- lapply(comb_pres_abs30, fisher.test, y = comb_pres_abs30$Jahr)
lapply(fish_30_m, function(x) x$p.value)
fish_30_m_test<- unlist(lapply(fish_30_m, function(x) x$p.value))

fish_200_m<- lapply(comb_pres_abs200, fisher.test, y = comb_pres_abs200$Jahr)
lapply(fish_200_m, function(x) x$p.value)
fish_200_m_test<- unlist(lapply(fish_200_m, function(x) x$p.value))

fish_500_m<- lapply(comb_pres_abs500, fisher.test, y = comb_pres_abs500$Jahr)
lapply(fish_500_m, function(x) x$p.value)
fish_500_m_test<- unlist(lapply(fish_500_m, function(x) x$p.value))

#fishers exact test überprüfen -> stimmt überein.
S.aria_500<- matrix(c(16, 30, 4, 42),
                    nrow = 2,
                    dimnames =
                      list(c("Präsenz", "Absenz"),
                           c("neu", "alt")))
fisher.test(S.aria_500)

#veränderung der Deckungsgraden mit p wert loop
cover30<- filter(cover_combined, Plotgrösse==30)
cover200<- filter(cover_combined, Plotgrösse==200)
cover500<- filter(cover_combined, Plotgrösse==500)

cover30<- read.csv("cover30m.csv",sep=";",header=T)

cover200<- read.csv("cover200m.csv",sep=";",header=T)

cover500<- read.csv("cover500m.csv",sep=";",header=T)

cover30_test<- t(sapply(cover30[-1], function(x)
  unlist(t.test(x~cover30$Jahr, paired=TRUE)[c("estimate", "p.value", "statistic", "conf.int"])])))
write.table(cover30_test, "cover30_test.txt", sep="\t")
View(cover30_test)

cover200_test<- t(sapply(cover200[-1], function(x)
  unlist(t.test(x~cover200$Jahr, paired=TRUE)[c("estimate", "p.value", "statistic", "conf.int"])])))
write.table(cover200_test, "cover200_test.txt", sep="\t")

cover500_test<- t(sapply(cover500[-1], function(x)
  unlist(t.test(x~cover500$Jahr, paired=TRUE)[c("estimate", "p.value", "statistic", "conf.int"])])))
write.table(cover500_test, "cover500_test.txt", sep="\t")

cover500_test

```

```

# überprüfen
abies.alba<- read.csv("kontr_abies.csv",sep=";",header=T)
t.test(abies.alba$abies_1993, abies.alba$abies_2019, paired = TRUE)

#Regressionen
#Delta Artenzahlen
delta_R_30<- (R_new_30-R_old_30)
delta_R_200<- (R_new_200-R_old_200)
delta_R_500<- (R_new_500-R_old_500)

#Standortdaten
Standort_2019<- read.csv("Standort_2019.csv",sep=";",header=T)
Standort_1993<- read.csv("Standort_1993.csv",sep=";",header=T)

# Delta Datum und Delta Artenzahl
Datum2019<- strptime(Standort_2019$Datum, format = "%d.%m") # convert to datetime
objects
Datum1993<- strptime(Standort_1993$Datum, format = "%d.%m") # convert to datetime
objects
delta_Datum<- difftime(Datum2019, Datum1993, units = "days")

dat_vs_R_30<- lm(delta_R_30~delta_Datum)
dat_vs_R_200<- lm(delta_R_200~delta_Datum)
dat_vs_R_500<- lm(delta_R_500~delta_Datum)
summary(dat_vs_R_30)
summary(dat_vs_R_200)
summary(dat_vs_R_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_500~delta_Datum))

#delta Deckung vs Delta Artenzahl
delta_CoverBSS_30<- Standort_2019$BSS30sum - Standort_1993$BSS30sum
delta_CoverBSS_200<- Standort_2019$BSS200sum - Standort_1993$BSS200sum
delta_CoverBSS_500<- Standort_2019$BSS500sum - Standort_1993$BSS500sum

CoverBSS_vs_S30<- lm(delta_R_30~delta_CoverBSS_30)
CoverBSS_vs_S200<- lm(delta_R_200~delta_CoverBSS_200)
CoverBSS_vs_S500<- lm(delta_R_500~delta_CoverBSS_500)
summary(CoverBSS_vs_S30)
summary(CoverBSS_vs_S200)
summary(CoverBSS_vs_S500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~delta_CoverBSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~delta_CoverBSS_200))
par(mfrow=c(2,2))

```

```

plot(lm(delta_R_500~delta_CoverBSS_500))

#Nur Baumschicht
delta_CoverB_30<- Standort_2019$BS.30 - Standort_1993$BS.30
delta_CoverB_200<- Standort_2019$BS.200 - Standort_1993$BS.200
delta_CoverB_500<- Standort_2019$BS.500 - Standort_1993$BS.500

CoverB_vs_S30<- lm(delta_R_30~delta_CoverB_30)
CoverB_vs_S200<- lm(delta_R_200~delta_CoverB_200)
CoverB_vs_S500<- lm(delta_R_500~delta_CoverB_500)

summary(CoverB_vs_S30)
summary(CoverB_vs_S200)
summary(CoverB_vs_S500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~delta_CoverB_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~delta_CoverB_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_500~delta_CoverB_500))

#Plots
plot(delta_R_30~delta_CoverB_30, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 58, y = 10, expression(paste(italic(R)^2," = 0.073")), cex = 1.2)
text(x = 58.5, y = 7, expression(paste(italic(p)," = 0.039")), cex = 1.2)
abline(lm(delta_R_30~delta_CoverB_30))

plot(delta_R_200~delta_CoverB_200, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
abline(lm(delta_R_200~delta_CoverB_200))
text(x = 50, y = 10, expression(paste(italic(R)^2," = 0.186")), cex = 1.2)
text(x = 50.5, y = 7, expression(paste(italic(p)," = 0.001")), cex = 1.2)

plot(delta_R_500~delta_CoverB_500, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 500 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
abline(lm(delta_R_500~delta_CoverB_500))
text(x = 40, y = 0, expression(paste(italic(R)^2," = 0.122")), cex = 1.2)
text(x = 40.5, y = -3.5, expression(paste(italic(p)," = 0.010")), cex = 1.2)

#Nur Strauchschicht
delta_CoverSS_30<- Standort_2019$SS.30 - Standort_1993$SS.30
delta_CoverSS_200<- Standort_2019$SS.200 - Standort_1993$SS.200
delta_CoverSS_500<- Standort_2019$SS.500 - Standort_1993$SS.500

CoverS_vs_S30<- lm(delta_R_30~delta_CoverSS_30)
CoverS_vs_S200<- lm(delta_R_200~delta_CoverSS_200)

```



```

CoverS_vs_S500<- lm(delta_R_500~delta_CoverSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~delta_CoverSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~delta_CoverSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_500~delta_CoverSS_500))

summary(CoverS_vs_S30)
summary(CoverS_vs_S200)
summary(CoverS_vs_S500)

#Veränderung Artenzahl vs ursprüngliche Artenzahlen, was bedeutet das?
Salt_vs_S30<- lm(delta_R_30~R_old_30)
Salt_vs_S200<- lm(delta_R_200~R_old_200)
Salt_vs_S500<- lm(delta_R_500~R_old_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~R_old_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~R_old_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_500~R_old_500))

summary(Salt_vs_S30)
summary(Salt_vs_S200)
summary(Salt_vs_S500)

plot(delta_R_30~R_old_30, xlab="Artenzahl 1993", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_R_30~R_old_30))
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 34, y = 10, expression(paste(italic(R)^2," = 0.230")), cex = 1.2)
text(x = 34, y = 7, expression(paste(italic(p)," < 0.001")), cex = 1.2)

plot(delta_R_200~R_old_200, xlab="Artenzahl 1993", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_R_200~R_old_200))
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 55, y = 10, expression(paste(italic(R)^2," = 0.083")), cex = 1.2)
text(x = 55, y = 7, expression(paste(italic(p)," = 0.029")), cex = 1.2)

plot(delta_R_500~R_old_500, xlab="Artenzahl 1993", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_R_500~R_old_500))
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 500 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 64, y = 0, expression(paste(italic(R)^2," = 0.201")), cex = 1.2)
text(x = 64, y = -3, expression(paste(italic(p)," = 0.001")), cex = 1.2)

```

```

#Krautschicht
delta_KS_30<- Standort_2019$KS.30 - Standort_1993$KS.30
delta_KS_200<- Standort_2019$KS.200 - Standort_1993$KS.200
delta_KS_500<- Standort_2019$KS.500 - Standort_1993$KS.500

delta_KS_vs_S30<- lm(delta_R_30~delta_KS_30)
delta_KS_vs_S200<- lm(delta_R_200~delta_KS_200)
delta_KS_vs_S500<- lm(delta_R_500~delta_KS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_30~delta_KS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_200~delta_KS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_R_500~delta_KS_500))

summary(delta_KS_vs_S30)
summary(delta_KS_vs_S200)
summary(delta_KS_vs_S500)

plot(delta_R_30~delta_KS_30, xlab="Delta Deckung Krautschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_R_30~delta_KS_30))
title(ylab = expression(paste("Delta Artenzahl 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 30, y = 11, expression(paste(italic(R)^2," = 0.065")), cex = 1.2)
text(x = 30, y = 8, expression(paste(italic(p)," = 0.048")), cex = 1.2)

#s vs müM (wegen Klimaerwärmung)
muM_vs_S30<- lm(delta_S_30_m~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_S200<- lm(delta_S_200_m~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_S500<- lm(delta_S_500_m~Standort_1993$Hoehe)

summary(muM_vs_S30)
summary(muM_vs_S200)
summary(muM_vs_S500)

# Regression disap vs Baumschicht
disap30<- read.csv("disappearance30.csv",sep=";",header=T)
disap200<- read.csv("disappearance200.csv",sep=";",header=T)
disap500<- read.csv("disappearance500.csv",sep=";",header=T)

delta_CoverB_30<- Standort_2019$BS.30 - Standort_1993$BS.30
delta_CoverB_200<- Standort_2019$BS.200 - Standort_1993$BS.200
delta_CoverB_500<- Standort_2019$BS.500 - Standort_1993$BS.500

CoverB_vs_disap30<- lm(disap30$disap~delta_CoverB_30)
CoverB_vs_disap200<- lm(disap200$disap~delta_CoverB_200)
CoverB_vs_disap500<- lm(disap500$disap~delta_CoverB_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~delta_CoverB_30))
par(mfrow=c(2,2))

```

```

plot(lm(disap200$disap~delta_CoverB_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~delta_CoverB_500))

summary(CoverB_vs_disap30)
summary(CoverB_vs_disap200)
summary(CoverB_vs_disap500)

plot(disap30$disap~delta_CoverB_30, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(disap30$disap~delta_CoverB_30))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 53, y = 0.7, expression(paste(italic(R)^2," = 0.067")), cex = 1.2)
text(x = 53, y = 0.64, expression(paste(italic( p )," = 0.046")), cex = 1.2)

plot(disap200$disap~delta_CoverB_200, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(disap200$disap~delta_CoverB_200))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 43, y = 0.68, expression(paste(italic(R)^2," = 0.129")), cex = 1.2)
text(x = 43, y = 0.62, expression(paste(italic( p )," = 0.008")), cex = 1.2)

plot(disap500$disap~delta_CoverB_500, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(disap500$disap~delta_CoverB_500))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 500 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 42.5, y = 0.69, expression(paste(italic(R)^2," = 0.090")), cex = 1.2)
text(x = 42.5, y = 0.63, expression(paste(italic( p )," = 0.041")), cex = 1.2)

# Regression disap vs Baum-und Strauchschticht
CoverBSS_vs_disap30<- lm(disap30$disap~delta_CoverBSS_30)
CoverBSS_vs_disap200<- lm(disap200$disap~delta_CoverBSS_200)
CoverBSS_vs_disap500<- lm(disap500$disap~delta_CoverBSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~delta_CoverBSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~delta_CoverBSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~delta_CoverBSS_500))

summary(CoverBSS_vs_disap30)
summary(CoverBSS_vs_disap200)
summary(CoverBSS_vs_disap500)

# Regression disap vs Krautschicht
CoverKS_vs_disap30<- lm(disap30$disap~delta_KS_30)
CoverKS_vs_disap200<- lm(disap200$disap~delta_KS_200)
CoverKS_vs_disap500<- lm(disap500$disap~delta_KS_500)

#Modelldiagnostik

```

```

par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~delta_KS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~delta_KS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~delta_KS_500))

summary(CoverKS_vs_disap30)
summary(CoverKS_vs_disap200)
summary(CoverKS_vs_disap500)

plot(disap30$disap~delta_KS_30, xlab="Delta Deckung Krautschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(disap30$disap~delta_KS_30))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 29, y = 0.7, expression(paste(italic(R)^2, " = 0.105")), cex = 1.2)
text(x = 29, y = 0.64, expression(paste(italic(p), " = 0.016")), cex = 1.2)

plot(disap200$disap~delta_KS_200, xlab="Delta Deckung Krautschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(disap200$disap~delta_KS_200))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 29, y = 0.68, expression(paste(italic(R)^2, " = 0.089")), cex = 1.2)
text(x = 29, y = 0.63, expression(paste(italic(p), " = 0.025")), cex = 1.2)

#Nur Strauchschicht
CoverS_vs_disap30<- lm(disap30$disap~delta_CoverSS_30)
CoverS_vs_disap200<- lm(disap200$disap~delta_CoverSS_200)
CoverS_vs_disap500<- lm(disap500$disap~delta_CoverSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~delta_CoverSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~delta_CoverSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~delta_CoverSS_500))

summary(CoverS_vs_disap30)
summary(CoverS_vs_disap200)
summary(CoverS_vs_disap500)

#disap vs müM (wegen Klimaerwärmung)
muM_vs_disap30<- lm(disap30$disap~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_disap200<- lm(disap200$disap~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_disap500<- lm(disap500$disap~Standort_1993$Hoehe)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))

```

```

plot(lm(disap500$disap~Standort_1993$Hoehe))

summary(muM_vs_disap30)
summary(muM_vs_disap200)
summary(muM_vs_disap500)

#disap vs ursprüngliche Artenzahlen
Salt_vs_disap30<- lm(disap30$disap~R_old_30)
Salt_vs_disap200<- lm(disap200$disap~R_old_200)
Salt_vs_disap500<- lm(disap500$disap~R_old_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~R_old_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~R_old_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~R_old_500))

summary(Salt_vs_disap30)
summary(Salt_vs_disap200)
summary(Salt_vs_disap500)

#Störung und disap
Standort_2019<- read.csv("Standort_2019.csv",sep=";",header=T)
Standort_1993<- read.csv("Standort_1993.csv",sep=";",header=T)

boxplot(disap30$disap~Standort_2019$v_30)
summary(aov(disap30$disap ~ Standort_2019$v_30))

boxplot(disap200$disap~Standort_2019$v_200)
summary(aov(disap200$disap ~ Standort_2019$v_200))

boxplot(disap500$disap~Standort_2019$v_500)
summary(aov(disap500$disap ~ Standort_2019$v_500))

#disap vs datum
dat_vs_disap30<- lm(disap30$disap~delta_Datum)
dat_vs_disap200<- lm(disap200$disap~delta_Datum)
dat_vs_disap500<- lm(disap500$disap~delta_Datum)
summary(dat_vs_disap30)
summary(dat_vs_disap200)
summary(dat_vs_disap500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap30$disap~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap200$disap~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(disap500$disap~delta_Datum))

# Regression appearance vs Baumschicht
appearance30<- read.csv("appearance30.csv",sep=";",header=T)
appearance200<- read.csv("appearance200.csv",sep=";",header=T)

```

```

appearance500<- read.csv("appearance500.csv",sep=";",header=T)

delta_CoverB_30<- Standort_2019$BS.30 - Standort_1993$BS.30
delta_CoverB_200<- Standort_2019$BS.200 - Standort_1993$BS.200
delta_CoverB_500<- Standort_2019$BS.500 - Standort_1993$BS.500

CoverB_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~delta_CoverB_30)
CoverB_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~delta_CoverB_200)
CoverB_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~delta_CoverB_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_CoverB_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance200$appearance~delta_CoverB_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance500$appearance~delta_CoverB_500))

summary(CoverB_vs_appea30)
summary(CoverB_vs_appea200)
summary(CoverB_vs_appea500)

# Regression appearance vs Baum-und Strauchschicht
CoverBSS_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~delta_CoverBSS_30)
CoverBSS_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~delta_CoverBSS_200)
CoverBSS_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~delta_CoverBSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_CoverBSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance200$appearance~delta_CoverBSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance500$appearance~delta_CoverBSS_500))

summary(CoverBSS_vs_appea30)
summary(CoverBSS_vs_appea200)
summary(CoverBSS_vs_appea500)

# Regression appearance vs Krautschicht. Ja sollte funktionieren
CoverKS_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~delta_KS_30)
CoverKS_vs_appea200<- lm(appearance30$appearance~delta_KS_200)
CoverKS_vs_appea500<- lm(appearance30$appearance~delta_KS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_KS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_KS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_KS_500))

summary(CoverKS_vs_appea30)
summary(CoverKS_vs_appea200)
summary(CoverKS_vs_appea500)

```

```

#Nur Strauchschicht
CoverS_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~delta_CoverSS_30)
CoverS_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~delta_CoverSS_200)
CoverS_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~delta_CoverSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~delta_CoverSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance200$appearance~delta_CoverSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance500$appearance~delta_CoverSS_500))

summary(CoverS_vs_appea30)
summary(CoverS_vs_appea200)
summary(CoverS_vs_appea500)

#appearance vs müM (wegen Klimaerwärmung)
muM_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~Standort_1993$Hoehe)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance200$appearance~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance500$appearance~Standort_1993$Hoehe))

summary(muM_vs_appea30)
summary(muM_vs_appea200)
summary(muM_vs_appea500)

#appearance vs ursprüngliche Artenzahlen, was bedeutet das?
Salt_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~R_old_30)
Salt_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~R_old_200)
Salt_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~R_old_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance30$appearance~R_old_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance200$appearance~R_old_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(appearance500$appearance~R_old_500))

summary(Salt_vs_appea30)
summary(Salt_vs_appea200)
summary(Salt_vs_appea500)

plot(appearance30$appearance~R_old_30, xlab="Artenzahl 1993", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(appearance30$appearance~R_old_30))

```

```

title(ylab = expression(paste("relative Artenzunahme 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 34.5, y = 0.59, expression(paste(italic(R)^2," = 0.099")), cex = 1.2)
text(x = 34.65, y = 0.537, expression(paste(italic( p )," = 0.019")), cex = 1.2)

```

```
#Störung und appearance
```

```
Standort_2019<- read.csv("Standort_2019.csv",sep=";",header=T)
```

```
Standort_1993<- read.csv("Standort_1993.csv",sep=";",header=T)
```

```
boxplot(appearance30$appearance~Standort_2019$v_30)
```

```
summary(aov(appearance30$appearance ~ Standort_2019$v_30))
```

```
boxplot(appearance200$appearance~Standort_2019$v_200)
```

```
summary(aov(appearance200$appearance ~ Standort_2019$v_200))
```

```
boxplot(appearance500$appearance~Standort_2019$v_500)
```

```
summary(aov(appearance500$appearance ~ Standort_2019$v_500))
```

```
#appearance vs datum
```

```
dat_vs_appea30<- lm(appearance30$appearance~delta_Datum)
```

```
dat_vs_appea200<- lm(appearance200$appearance~delta_Datum)
```

```
dat_vs_appea500<- lm(appearance500$appearance~delta_Datum)
```

```
#Modelldiagnostik
```

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

```
plot(lm(appearance30$appearance~delta_Datum))
```

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

```
plot(lm(appearance200$appearance~delta_Datum))
```

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

```
plot(lm(appearance200$appearance~delta_Datum))
```

```
summary(dat_vs_appea30)
```

```
summary(dat_vs_appea200)
```

```
summary(dat_vs_appea500)
```

```
# Regression shannon vs Baumschicht
```

```
delta_H30<- H_new_30 - H_old_30
```

```
delta_H200<- H_new_200 - H_old_200
```

```
delta_H500<- H_new_500 - H_old_500
```

```
CoverB_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~delta_CoverB_30)
```

```
CoverB_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~delta_CoverB_200)
```

```
CoverB_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~delta_CoverB_500)
```

```
#Modelldiagnostik
```

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

```
plot(lm(delta_H30~delta_CoverB_30))
```

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

```
plot(lm(delta_H200~delta_CoverB_200))
```

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

```
plot(lm(delta_H500~delta_CoverB_500))
```

```
summary(CoverB_vs_delta_H30)
```

```
summary(CoverB_vs_delta_H200)
```



```

summary(CoverB_vs_delta_H500)

plot(delta_H30~delta_CoverB_30, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_H30~delta_CoverB_30))
title(ylab = expression(paste("Delta Shannon-Index 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 54, y = 0.97, expression(paste(italic(R)^2," = 0.112")), cex = 1.2)
text(x = 54, y = 0.79, expression(paste(italic( p )," = 0.013")), cex = 1.2)

plot(delta_H200~delta_CoverB_200, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_H200~delta_CoverB_200))
title(ylab = expression(paste("Delta Shannon-Index 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 45, y = 1, expression(paste(italic(R)^2," = 0.206")), cex = 1.2)
text(x = 45, y = 0.8, expression(paste(italic( p )," < 0.001")), cex = 1.2)

# Regression H vs Baum-und Strauchschicht
CoverBSS_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~delta_CoverBSS_30)
CoverBSS_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~delta_CoverBSS_200)
CoverBSS_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~delta_CoverBSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~delta_CoverBSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~delta_CoverBSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~delta_CoverBSS_500))

summary(CoverBSS_vs_delta_H30)
summary(CoverBSS_vs_delta_H200)
summary(CoverBSS_vs_delta_H500)

plot(delta_H200~delta_CoverBSS_200, xlab="Delta Deckung Baum- und Strauchschicht
[%]", ylab=" ",
      cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(delta_H200~delta_CoverBSS_200))
title(ylab = expression(paste("Delta Shannon-Index 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
      line=2.7)
text(x = 44, y = 1.1, expression(paste(italic(R)^2," = 0.128")), cex = 1.2)
text(x = 44, y = 0.9, expression(paste(italic( p )," = 0.008")), cex = 1.2)

# Regression H vs Krautschicht. Ja sollte funktionieren
CoverKS_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~delta_KS_30)
CoverKS_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~delta_KS_200)
CoverKS_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~delta_KS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~delta_KS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~delta_KS_200))

```

```

par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~delta_KS_500))

summary(CoverKS_vs_delta_H30)
summary(CoverKS_vs_delta_H200)
summary(CoverKS_vs_delta_H500)

#Nur Strauchschicht
CoverS_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~delta_CoverSS_30)
CoverS_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~delta_CoverSS_200)
CoverS_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~delta_CoverSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~delta_CoverSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~delta_CoverSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~delta_CoverSS_500))

summary(CoverS_vs_delta_H30)
summary(CoverS_vs_delta_H200)
summary(CoverS_vs_delta_H500)

#H vs müM (wegen Klimaerwärmung)
muM_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~Standort_1993$Hoehe)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~Standort_1993$Hoehe))

summary(muM_vs_delta_H30)
summary(muM_vs_delta_H200)
summary(muM_vs_delta_H500)

#H vs ursprüngliche Artenzahlen, was bedeutet das?
Salt_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~R_old_30)
Salt_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~R_old_200)
Salt_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~R_old_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~R_old_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~R_old_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~R_old_500))

summary(Salt_vs_delta_H30)

```

```

summary(Salt_vs_delta_H200)
summary(Salt_vs_delta_H500)

#Störung und H
Standort_2019<- read.csv("Standort_2019.csv",sep=";",header=T)
Standort_1993<- read.csv("Standort_1993.csv",sep=";",header=T)

boxplot(delta_H30~Standort_2019$v_30)
summary(aov(delta_H30 ~ Standort_2019$v_30))

boxplot(delta_H200~Standort_2019$v_200)
summary(aov(delta_H200 ~ Standort_2019$v_200))

boxplot(delta_H500~Standort_2019$v_500)
summary(aov(delta_H500 ~ Standort_2019$v_500))

#H vs datum
dat_vs_delta_H30<- lm(delta_H30~delta_Datum)
dat_vs_delta_H200<- lm(delta_H200~delta_Datum)
dat_vs_delta_H500<- lm(delta_H500~delta_Datum)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H30~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H200~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_H500~delta_Datum))

summary(dat_vs_delta_H30)
summary(dat_vs_delta_H200)
summary(dat_vs_delta_H500)

# Regression Evenness vs Baumschicht
delta_E30<- E_new_30 - E_old_30
delta_E200<- E_new_200 - E_old_200
delta_E500<- E_new_500 - E_old_500

CoverB_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~delta_CoverB_30)
CoverB_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~delta_CoverB_200)
CoverB_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~delta_CoverB_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~delta_CoverB_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~delta_CoverB_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~delta_CoverB_500))

summary(CoverB_vs_delta_E30)
summary(CoverB_vs_delta_E200)
summary(CoverB_vs_delta_E500)

plot(delta_E200~delta_CoverB_200, xlab="Delta Deckung Baumschicht [%]", ylab=" ",

```

```

    cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.15)
abline(lm(delta_E200~delta_CoverB_200))
title(ylab = expression(paste("Delta Pielous - Index 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 45, y = 0.33, expression(paste(italic(R)^2," = 0.116")), cex = 1.2)
text(x = 45, y = 0.27, expression(paste(italic( p )," = 0.012")), cex = 1.2)

# Regression E vs Baum-und Strauchschicht
CoverBSS_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~delta_CoverBSS_30)
CoverBSS_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~delta_CoverBSS_200)
CoverBSS_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~delta_CoverBSS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~delta_CoverBSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~delta_CoverBSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~delta_CoverBSS_500))

summary(CoverBSS_vs_delta_E30)
summary(CoverBSS_vs_delta_E200)
summary(CoverBSS_vs_delta_E500)

plot(delta_E200~delta_CoverBSS_200, xlab="Delta Deckung Baum- und Strauchschicht
[%]", ylab=" ",
    cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.15)
abline(lm(delta_E200~delta_CoverBSS_200))
title(ylab = expression(paste("Delta Pielous - Index 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 41, y = 0.34, expression(paste(italic(R)^2," = 0.145")), cex = 1.2)
text(x = 41, y = 0.28, expression(paste(italic( p )," = 0.005")), cex = 1.2)

# Regression E vs Krautschicht. Ja sollte funktionieren
CoverKS_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~delta_KS_30)
CoverKS_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~delta_KS_200)
CoverKS_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~delta_KS_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~delta_KS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~delta_KS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~delta_KS_500))

summary(CoverKS_vs_delta_E30)
summary(CoverKS_vs_delta_E200)
summary(CoverKS_vs_delta_E500)

#Nur Strauchschicht
CoverS_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~delta_CoverSS_30)
CoverS_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~delta_CoverSS_200)
CoverS_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~delta_CoverSS_500)

```

```

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~delta_CoverSS_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~delta_CoverSS_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~delta_CoverSS_500))

summary(CoverS_vs_delta_E30)
summary(CoverS_vs_delta_E200)
summary(CoverS_vs_delta_E500)

#E vs müM (wegen Klimaerwärmung)
muM_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~Standort_1993$Hoehe)
muM_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~Standort_1993$Hoehe)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~Standort_1993$Hoehe))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~Standort_1993$Hoehe))

summary(muM_vs_delta_E30)
summary(muM_vs_delta_E200)
summary(muM_vs_delta_E500)

#E vs ursprüngliche Artenzahlen, was bedeutet das?
Salt_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~E_old_30)
Salt_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~E_old_200)
Salt_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~E_old_500)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~E_old_30))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~E_old_200))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~E_old_500))

summary(Salt_vs_delta_E30)
summary(Salt_vs_delta_E200)
summary(Salt_vs_delta_E500)

#Störung und E
Standort_2019<- read.csv("Standort_2019.csv",sep=";",header=T)
Standort_1993<- read.csv("Standort_1993.csv",sep=";",header=T)

boxplot(delta_E30~Standort_2019$v_30)
summary(aov(delta_E30 ~ Standort_2019$v_30))

boxplot(delta_E200~Standort_2019$v_200)
summary(aov(delta_E200 ~ Standort_2019$v_200))

```

```

boxplot(delta_E500~Standort_2019$v_500)
summary(aov(delta_E500 ~ Standort_2019$v_500))

#E vs Datum
dat_vs_delta_E30<- lm(delta_E30~delta_Datum)
dat_vs_delta_E200<- lm(delta_E200~delta_Datum)
dat_vs_delta_E500<- lm(delta_E500~delta_Datum)

#Modelldiagnostik
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E30~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E200~delta_Datum))
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(delta_E500~delta_Datum))

summary(dat_vs_delta_E30)
summary(dat_vs_delta_E200)
summary(dat_vs_delta_E500)

#in welchen Plots gibt es turnover? Total Turnover= (spec_gained + species_lost)/spec
observed in both years)
turnovertable_new<- gather(spec_matrix_new_m, "species", "abundance", 4:210)
turnovertable_old<- gather(spec_matrix_old_m, "species", "abundance", 4:257)

turnovertable<- bind_rows(turnovertable_new, turnovertable_old)
turnovertable30<- filter(turnovertable, Plotgroesse==30)
turnovertable200<- filter(turnovertable, Plotgroesse==200)
turnovertable500<- filter(turnovertable, Plotgroesse==500)

appearance30 <- turnover(df = turnovertable30,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "appearance")
summary(appearance30)

appearance200 <- turnover(df = turnovertable200,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "appearance")
summary(appearance200)

appearance500 <- turnover(df = turnovertable500,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "appearance")
summary(appearance500)

```

```

disappearance30 <- turnover(df = turnovertable30,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "disappearance")
summary(disappearance30)

disappearance200 <- turnover(df = turnovertable200,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "disappearance")
summary(disappearance200)

disappearance500 <- turnover(df = turnovertable500,
  time.var = "Jahr",
  species.var = "species",
  abundance.var = "abundance",
  replicate.var = "Nr",
  metric = "disappearance")
summary(disappearance500)

# Signifikanz veränderung der Zeigerwerte
Zeigerwerte<- read.csv("Zeig_combo.csv",sep=";",header=T)# nur Krautschicht

Zeigerwerte_1993_30<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==30, Jahr==1993)
Zeigerwerte_1993_200<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==200, Jahr==1993)
Zeigerwerte_1993_500<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==500, Jahr==1993)

Zeigerwerte_2019_30<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==30, Jahr==2019)
Zeigerwerte_2019_200<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==200, Jahr==2019)
Zeigerwerte_2019_500<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==500, Jahr==2019)

#Voraussetzungen für parametrische Tests checken
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Feuchtezahl, Zeigerwerte_2019_30$Feuchtezahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_200$Feuchtezahl, Zeigerwerte_2019_200$Feuchtezahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_500$Feuchtezahl, Zeigerwerte_2019_500$Feuchtezahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Temperaturzahl, Zeigerwerte_2019_30$Temperaturzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_200$Temperaturzahl, Zeigerwerte_2019_200$Temperaturzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_500$Temperaturzahl, Zeigerwerte_2019_500$Temperaturzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Reaktionszahl, Zeigerwerte_2019_30$Reaktionszahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_200$Reaktionszahl, Zeigerwerte_2019_200$Reaktionszahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_500$Reaktionszahl, Zeigerwerte_2019_500$Reaktionszahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Naehrstoffzahl, Zeigerwerte_2019_30$Naehrstoffzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_200$Naehrstoffzahl, Zeigerwerte_2019_200$Naehrstoffzahl)
boxplot(Zeigerwerte_1993_500$Naehrstoffzahl, Zeigerwerte_2019_500$Naehrstoffzahl)

Test_F_30<- t.test(Zeigerwerte_1993_30$Feuchtezahl, Zeigerwerte_2019_30$Feuchtezahl)
Test_F_200<- t.test(Zeigerwerte_1993_200$Feuchtezahl,
Zeigerwerte_2019_200$Feuchtezahl)

```

```
Test_F_500<- t.test(Zeigerwerte_1993_500$Feuchtezahl,
Zeigerwerte_2019_500$Feuchtezahl)
```

```
Test_L_30<- t.test(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl)
Test_L_200<- t.test(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl)
Test_L_500<- t.test(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl)
```

```
Test_T_30<- t.test(Zeigerwerte_1993_30$Temperaturzahl,
Zeigerwerte_2019_30$Temperaturzahl)
Test_T_200<- t.test(Zeigerwerte_1993_200$Temperaturzahl,
Zeigerwerte_2019_200$Temperaturzahl)
Test_T_500<- t.test(Zeigerwerte_1993_500$Temperaturzahl,
Zeigerwerte_2019_500$Temperaturzahl)
```

```
Test_R_30<- t.test(Zeigerwerte_1993_30$Reaktionszahl,
Zeigerwerte_2019_30$Reaktionszahl)
Test_R_200<- t.test(Zeigerwerte_1993_200$Reaktionszahl,
Zeigerwerte_2019_200$Reaktionszahl)
Test_R_500<- t.test(Zeigerwerte_1993_500$Reaktionszahl,
Zeigerwerte_2019_500$Reaktionszahl)
```

```
Test_N_30<- t.test(Zeigerwerte_1993_30$Naehrstoffzahl,
Zeigerwerte_2019_30$Naehrstoffzahl)
Test_N_200<- t.test(Zeigerwerte_1993_200$Naehrstoffzahl,
Zeigerwerte_2019_200$Naehrstoffzahl)
Test_N_500<- t.test(Zeigerwerte_1993_500$Naehrstoffzahl,
Zeigerwerte_2019_500$Naehrstoffzahl)
```

```
Test_F_30
Test_F_200
Test_F_500
```

```
Test_L_30
Test_L_200
Test_L_500
```

```
boxplot(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl,
Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl,
Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl, Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl,
ylab = "Lichtzahl",
col=c("grey","white", "grey", "white", "grey", "white"),
at = c(1:2, 4:5, 7:8), ylim=c(1.5, 3.5),
legend("topleft", inset=.02, c("1993", "2019"), fill=c("grey", "white"), horiz=TRUE))
```

```
title(xlab = expression(paste("30 ",m^2," 200 "
,m^2," 500 ",m^2)), line=1)
title(xlab = expression(paste("p = 0.081 ", "
", " p = 0.079")), line=2.3)
```

```
Test_T_30
Test_T_200
Test_T_500
```

```
Test_R_30
Test_R_200
```


Test_R_500

Test_N_30

Test_N_200

Test_N_500

#Zeigerwerte vs. disappearance

```
Zeigerwerte_disa200<- read.csv("disappearance200.csv",sep=";",header=T)
```

```
F1993<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$F1993)
```

```
summary(F1993)
```

```
L1993<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$L1993)
```

```
summary(L1993)
```

```
T1993<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$T1993)
```

```
summary(T1993)
```

```
R1993<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$R1993)
```

```
summary(R1993)
```

```
N1993<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$N1993)
```

```
summary(N1993)
```

```
F2019<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$F2019)
```

```
summary(F2019)
```

```
L2019<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$L2019)
```

```
summary(L2019) ### signifikan
```

```
T2019<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$T2019)
```

```
summary(T2019)
```

```
R2019<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$R2019)
```

```
summary(R2019)
```

```
N2019<- lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$N2019)
```

```
summary(N2019)
```

```
Fdiff<- lm(Zeigerwerte_disa$disap~Zeigerwerte_disa$Fdiff)
```

```
summary(Fdiff)
```

```
Ldiff<- lm(Zeigerwerte_disa$disap~Zeigerwerte_disa$Ldiff)
```

```
summary(Ldiff) ### signifikan
```

```
Tdiff<- lm(Zeigerwerte_disa$disap~Zeigerwerte_disa$Tdiff)
```

```
summary(Tdiff)
```

```
Rdiff<- lm(Zeigerwerte_disa$disap~Zeigerwerte_disa$Rdiff)
```

```
summary(Rdiff)
```

```
Ndiff<- lm(Zeigerwerte_disa$disap~Zeigerwerte_disa$Ndiff)
```

```
summary(Ndiff)
```

```
Zeigerwerte_disa30<- read.csv("disappearance30.csv",sep=";",header=T)
```

```
F1993_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$F1993)
```

```
summary(F1993_30)
```

```
L1993_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$L1993)
```

```
summary(L1993_30)
```

```
T1993_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$T1993)
```

```
summary(T1993_30)
```

```
R1993_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$R1993)
```

```
summary(R1993_30)
```

```
N1993_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$N1993)
```

```
summary(N1993_30)
```

```
F2019_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$F2019)
```

```
summary(F2019_30)
```

```

L2019_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$L2019)
summary(L2019_30) ### signifikan
T2019_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$T2019)
summary(T2019_30)
R2019_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$R2019)
summary(R2019_30)
N2019_30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$N2019)
summary(N2019_30)

```

```

Fdiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Fdiff)
summary(Fdiff30)
Ldiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Ldiff)
summary(Ldiff30)
Tdiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Tdiff)
summary(Tdiff30)
Rdiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Rdiff)
summary(Rdiff30)
Ndiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Ndiff)
summary(Ndiff30)

```

```

Zeigerwerte_disa500<- read.csv("disappearance500.csv",sep=";",header=T)
F1993_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$F1993)
summary(F1993_500)
L1993_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$L1993)
summary(L1993_500)
T1993_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$T1993)
summary(T1993_500)
R1993_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$R1993)
summary(R1993_500)
N1993_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$N1993)
summary(N1993_500)

```

```

F2019_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$F2019)
summary(F2019_500)
L2019_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$L2019)
summary(L2019_500) ### signifikant
T2019_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$T2019)
summary(T2019_500)
R2019_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$R2019)
summary(R2019_500)
N2019_500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$N2019)
summary(N2019_500)

```

```

Fdiff500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$Fdiff)
summary(Fdiff500)
Ldiff500<- lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$Ldiff)
summary(Ldiff500)#signif
Tdiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Tdiff)
summary(Tdiff30)
Rdiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Rdiff)
summary(Rdiff30)
Ndiff30<- lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$Ndiff)
summary(Ndiff30)

```

```

plot(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$L2019, xlab="Lichtzahl 2019",
ylab=" ",
  cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(Zeigerwerte_disa200$disap~Zeigerwerte_disa200$L2019))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 200 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 2.46, y = 0.67, expression(paste(italic(R)^2," = 0.230")), cex = 1.2)
text(x = 2.46, y = 0.62, expression(paste(italic( p )," < 0.001")), cex = 1.2)

plot(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$L2019, xlab="Lichtzahl 2019",
ylab=" ",
  cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(Zeigerwerte_disa500$disap~Zeigerwerte_disa500$L2019))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 500 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 2.5, y = 0.7, expression(paste(italic(R)^2," = 0.321")), cex = 1.2)
text(x = 2.5, y = 0.64, expression(paste(italic( p )," < 0.001")), cex = 1.2)

plot(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$L2019, xlab="Lichtzahl 2019", ylab="",
  cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3)
abline(lm(Zeigerwerte_disa30$disap~Zeigerwerte_disa30$L2019))
title(ylab = expression(paste("relativer Artenverlust 30 ", m^2)), cex.lab= 1.3, cex.axis= 1.3,
line=2.7)
text(x = 2.5, y = 0.7, expression(paste(italic(R)^2," = 0.075")), cex = 1.2)
text(x = 2.5, y = 0.64, expression(paste(italic( p )," = 0.037")), cex = 1.2)

###Lichtzahl vs Krautschicht
Zeigerwerte<- read.csv("Zeig_combo.csv",sep=";",header=T)

Zeigerwerte_1993_30<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==30, Jahr==1993)
Zeigerwerte_1993_200<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==200, Jahr==1993)
Zeigerwerte_1993_500<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==500, Jahr==1993)

Zeigerwerte_2019_30<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==30, Jahr==2019)
Zeigerwerte_2019_200<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==200, Jahr==2019)
Zeigerwerte_2019_500<- filter(Zeigerwerte, Plotgroesse==500, Jahr==2019)

delta_KS_30<- Standort_2019$KS.30 - Standort_1993$KS.30
delta_KS_200<- Standort_2019$KS.200 - Standort_1993$KS.200
delta_KS_500<- Standort_2019$KS.500 - Standort_1993$KS.500

delta_L_30<- Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl - Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl
delta_L_200<- Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl - Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl
delta_L_500<- Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl - Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl

KS_vs_L30<- lm(Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl~delta_KS_30)
KS_vs_L200<- lm(Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl~delta_KS_200)
KS_vs_L500<- lm(Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl~delta_KS_500)

summary(KS_vs_L30)
summary(KS_vs_L200)
summary(KS_vs_L500)

KS_vs_L30alt<- lm(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl~delta_KS_30)

```

```
KS_vs_L200alt<- lm(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl~delta_KS_200)
KS_vs_L500alt<- lm(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl~delta_KS_500)
```

```
summary(KS_vs_L30alt)
summary(KS_vs_L200alt)
summary(KS_vs_L500alt)
```

```
KS_vs_L30d<- lm(delta_L_30~delta_KS_30)
KS_vs_L200d<- lm(delta_L_200~delta_KS_200)
KS_vs_L500d<- lm(delta_L_500~delta_KS_500)
```

```
summary(KS_vs_L30d)
summary(KS_vs_L200d)
summary(KS_vs_L500d)
```

```
#####
#####
```

```
B_vs_L30<- lm(Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl~delta_CoverB_30)
B_vs_L200<- lm(Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl~delta_CoverB_200)
B_vs_L500<- lm(Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl~delta_CoverB_500)
```

```
summary(B_vs_L30)
summary(B_vs_L200)
summary(B_vs_L500)
```

```
B_vs_L30alt<- lm(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl~delta_CoverB_30)
B_vs_L200alt<- lm(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl~delta_CoverB_200)
B_vs_L500alt<- lm(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl~delta_CoverB_500)
```

```
summary(B_vs_L30alt)
summary(B_vs_L200alt)
summary(B_vs_L500alt)
```

```
B_vs_L30d<- lm(delta_L_30~delta_CoverB_30)
B_vs_L200d<- lm(delta_L_200~delta_CoverB_200)
B_vs_L500d<- lm(delta_L_500~delta_CoverB_500)
```

```
summary(B_vs_L30d)
summary(B_vs_L200d)
summary(B_vs_L500d)
```

```
#####
#####
```

```
BSS_vs_L30<- lm(Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl~delta_CoverBSS_30)
BSS_vs_L200<- lm(Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl~delta_CoverBSS_200)
BSS_vs_L500<- lm(Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl~delta_CoverBSS_500)
```

```
summary(BSS_vs_L30)
summary(BSS_vs_L200)
summary(BSS_vs_L500)
```

```
BSS_vs_L30alt<- lm(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl~delta_CoverBSS_30)
BSS_vs_L200alt<- lm(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl~delta_CoverBSS_200)
BSS_vs_L500alt<- lm(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl~delta_CoverBSS_500)
```

```
summary(BSS_vs_L30alt)
summary(BSS_vs_L200alt)
summary(BSS_vs_L500alt)
```

```
BSS_vs_L30d<- lm(delta_L_30~delta_CoverBSS_30)
BSS_vs_L200d<- lm(delta_L_200~delta_CoverBSS_200)
BSS_vs_L500d<- lm(delta_L_500~delta_CoverBSS_500)
```

```
summary(BSS_vs_L30d)
summary(BSS_vs_L200d)
summary(BSS_vs_L500d)
```

```
#####
#####
```

```
S_vs_L30<- lm(Zeigerwerte_2019_30$Lichtzahl~delta_CoverSS_30)
S_vs_L200<- lm(Zeigerwerte_2019_200$Lichtzahl~delta_CoverSS_200)
S_vs_L500<- lm(Zeigerwerte_2019_500$Lichtzahl~delta_CoverSS_500)
```

```
summary(S_vs_L30)
summary(S_vs_L200)
summary(S_vs_L500)
```

```
S_vs_L30alt<- lm(Zeigerwerte_1993_30$Lichtzahl~delta_CoverSS_30)
S_vs_L200alt<- lm(Zeigerwerte_1993_200$Lichtzahl~delta_CoverSS_200)
S_vs_L500alt<- lm(Zeigerwerte_1993_500$Lichtzahl~delta_CoverSS_500)
```

```
summary(S_vs_L30alt)
summary(S_vs_L200alt)
summary(S_vs_L500alt)
```

```
S_vs_L30d<- lm(delta_L_30~delta_CoverSS_30)
S_vs_L200d<- lm(delta_L_200~delta_CoverSS_200)
S_vs_L500d<- lm(delta_L_500~delta_CoverSS_500)
```

```
summary(S_vs_L30d)
summary(S_vs_L200d)
summary(S_vs_L500d)
```

```
#Z-Werte
#(log10 (Artenzahl gr. Fläche) – log10 (Artenzahl kl. Fläche)) / (log10 (gr. Fläche) – log10 (kl. Fläche))
```

```
old200_500_Z <- ((log10(R_old_500))-log10(R_old_200))/
                ((log10(500)-log10(200)))
```

```
old30_200_Z<- ((log10(R_old_200))-log10(R_old_30))/
               ((log10(200)-log10(30)))
```

```
old30_500_Z<- ((log10(R_old_500))-log10(R_old_30))/
               ((log10(500)-log10(30)))
```

```
new200_500_Z <- ((log10(R_new_500))-log10(R_new_200))/
                ((log10(500)-log10(200)))
```

```
new30_200_Z<- ((log10(R_new_200))-log10(R_new_30))/  
((log10(200)-log10(30)))
```

```
new30_500_Z<- ((log10(R_new_500))-log10(R_new_30))/  
((log10(500)-log10(30)))
```

```
t.testz1<- t.test(old200_500_Z, new200_500_Z, paired= TRUE)
```

```
t.testz2<- t.test(old30_200_Z, new30_200_Z, paired= TRUE)
```

```
t.testz3<- t.test(old30_500_Z, new30_500_Z, paired= TRUE)
```

```
t.testz1
```

```
t.testz2
```

```
t.testz3
```