

ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN
DEPARTEMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT
INSTITUT FÜR UMWELT UND NATÜRLICHE RESSOURCEN

Wiederherstellung von Böden im subalpinen Raum - welcher Einfluss haben Bodenverbesserer auf die mikrobielle Biomasse?

Bachelorarbeit

von

Serafin Martig

Bachelorstudiengang UI18

Abgabedatum 13.01.2022

Studienrichtung Umweltingenieurwesen

Fachkorrektorinnen:

Dr. Kirsten Edelkraut

Dr. Beatrice Kulli Honauer

ZHAW Life Sciences und Facility Management

Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen

Schloss

8820 Wädenswil

Impressum

Schlagworte: Alpen, subalpiner Raum, Bodenuntersuchung, Komposttee, Verdyol, mikrobielle Biomasse, mikrobiologische Aktivität, Mikroorganismen, Bodenstörung, Umgraben

Zitiervorschlag: Serafin Martig. (2022): Wiederherstellung von Böden im subalpinen Raum - welcher Einfluss haben Bodenverbesserer auf die mikrobielle Biomasse?

Bachelorarbeit, Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften, Life Sciences und Facility Management, Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen

Serafin Martig, [REDACTED]

Zusammenfassung

Die Störung des Bodens durch Umgraben verringert den mikrobiellen Biomasse-Kohlenstoffgehalt (C_{mic}), den totalen Kohlenstoff (C_{tot})- und den organischen Kohlenstoffgehalt (C_{org}), sowie den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum. Der Unterschied zwischen gestörtem und ungestörtem Boden ist signifikant. Applikationen von organischen Bodenverbesserern, Komposttee und Verdyol führten zu keiner signifikanten Veränderung der gemessenen Werte. Für diese Arbeit wurde der Gehalt von C_{mic} , C_{tot} , C_{org} und der totale Stickstoffgehalt (N_{tot}), das C/N Verhältnis, der C_{mic}/C_{org} Quotient, sowie der pH-Wert des Bodens untersucht. Ziel davon ist es den Einfluss von den beiden organischen Bodenverbesserern, Komposttee und Verdyol, auf gestörtem Boden im subalpinen Raum zu untersuchen. Dafür wurde ein Jahr vor der Durchführung dieser Messungen ein Versuch auf gestörtem Boden im Gebiet Parsenn Davos auf 2100 m. ü. M. angelegt. Die Störung des Bodens geschah durch Bauarbeiten zum Erstellen einer Quellwasserfassung. Für den Versuch wurde der 80m² grosse Perimeter der gestörten Fläche in zwanzig gleich grosse Plots unterteilt. Anschliessend wurden fünf verschiedene Behandlungen mit Komposttee und Verdyol durchgeführt, die sich in der Applikationsmenge unterschieden. Jede Behandlung wurde auf je vier Plots wiederholt. Weiter wurde eine Referenz, bestehend aus zwei Plots auf nicht umgegrabenem Boden angelegt, bei der kein Bodenverbesserer zum Einsatz kam. Die Untersuchung des Bodens ergab, dass die Behandlung des Bodens mit Komposttee und Verdyol keinen Einfluss weder auf den C_{mic} , C_{tot} , C_{org} oder N_{tot} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic}/C_{org} Quotienten noch auf den pH-Wert im Boden hatte. Durch die nach wie vor signifikant tieferen C_{mic} , C_{tot} und C_{org} -Gehalte, sowie pH-Wertes auf der umgegrabenen Fläche, kann gesagt werden, dass die Multifunktionalität des Bodens auch im zweiten Jahr nach der Störung beeinträchtigt ist. Das könnte bedeuten, dass diese Bodenstörung in diesem Perimeter einen Einfluss hat auf die sonst sehr hohe Artenvielfalt in den Alpen.

Abstract

Disturbing the soil by digging over it reduces the microbial biomass carbon content (C_{mic}), total carbon (C_{tot}), and organic carbon content (C_{org}), as well as soil pH in the subalpine region. The difference between disturbed and undisturbed soil is significant. Applications of organic soil enhancers, compost tea, and Verdyol did not significantly change the measured values. For this work, the content of C_{mic} , C_{tot} , C_{org} and total nitrogen content (N_{tot}), C/N ratio, C_{mic}/C_{org} quotient, and soil pH were studied. The aim of this is to investigate the influence of the two organic soil conditioners, compost tea and Verdyol, on disturbed soil in the subalpine area. For this purpose, one year before these measurements were carried out, a study was set up on disturbed soil in the Parsenn Davos area at 2100 m. above sea level. The disturbance of the soil was caused by construction work to build a spring water catchment. For the trial, the 80m² perimeter of the disturbed area was divided into twenty plots of equal size. Subsequently, five different treatments with compost tea and Verdyol were carried out, which differed in the amount of application. Each treatment was repeated on four plots each. Further, a reference consisting of two plots on non-dug soil was established, where no soil conditioner was applied. Examination of the soil showed that treatment of the soil with compost tea and Verdyol had no effect on either C_{mic} , C_{tot} , C_{org} or N_{tot} content, C/N ratio, C_{mic}/C_{org} quotient or soil pH. By the still significantly lower C_{mic} , C_{tot} and C_{org} contents, as well as pH on the dug up area, it can be said that the multifunctionality of the soil is affected even in the second year after the disturbance. This could mean that this soil disturbance in this perimeter has an impact on the otherwise very high species diversity in the Alps.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	6
2	Methoden	9
2.1	Versuchsgebiet	9
2.2	Bodenbeschrieb	10
2.3	Versuchsaufbau	11
2.4	Feldarbeit	13
2.5	Laboranalysen.....	14
2.5.1	Erhobene Parameter	14
2.5.2	Probenvorbereitung.....	15
2.5.3	Bestimmung der mikrobiellen Biomasse-Kohlenstoff	15
2.5.4	CHN Analyse.....	15
2.5.5	pH-Wert.....	16
2.5.6	Körnungsanalyse	16
2.6	Statistische Auswertung	17
3	Resultate	18
3.1	Übersicht.....	18
3.2	Mikrobielle Biomasse-Kohlenstoff.....	18
3.3	Totaler Kohlenstoff, totaler Stickstoff und organischer Kohlenstoff	19
3.4	Quotient mikrobielle Biomasse-Kohlenstoff zu organischem Kohlenstoff.....	22
3.5	Kohlenstoff zu Stickstoff Verhältnis	23
3.6	pH-Wert.....	24
3.7	Körnung	26
4	Diskussion.....	27
5	Schlussfolgerungen und Ausblick.....	31

1 Einleitung

Berge faszinieren Menschen. Die Alpen sind die höchste Bergkette in Europa und sind das Wahrzeichen der Schweiz (EDA, 2021). Daneben erfüllen sie aber auch eine Vielzahl von Funktionen. Sie sind bedeutender Lebensraum für Flora und Fauna. Denn verglichen mit dem Flachland ist der Artenreichtum in den Alpen viel grösser (BAFU, 2010). Auch Energielieferant von Strom durch Wasser- und Windkraftanlagen sind die Alpen. Weiter entspringt aus dieser Zone Trinkwasser für weite Teile von Europa. Zu guter Letzt hat dieses Hochgebirge eine Erholungsfunktion. Weil die Alpen 60% der Fläche der Schweiz ausmachen (EDA, 2021), erstaunt es nicht, dass Sportaktivitäten in den Bergen, wie Skifahren und Wandern zu den beliebtesten Sportarten der Schweizer Bevölkerung gehören (Lamprecht et al., 2020). Um Ski zu fahren braucht es Infrastrukturen, die von den Bergbahnen zur Verfügung gestellt werden. Der Bau und der Unterhalt dieser Infrastruktur bedeutet, dass z.B. für die Erstellung von Quellfassungen in die Natur eingegriffen, Vegetation und Boden abgetragen und gestört werden muss.

Um das aus den Eingriffen folgende Erosionsrisiko des Bodens zu minimieren, dessen Fruchtbarkeit zu erhalten, die Ästhetik des Landschaftsbilds wiederherzustellen und die Natur zu schützen wird der Boden wieder begrünt (Bosshard et al., 2015). Diese Begrünungen sind oft schwierig zu realisieren, weil in den Hochlagen (über 1500 m) extreme Klima-Verhältnisse herrschen, die von starken täglichen Temperaturschwankungen, Frosttagen während der Vegetationsperiode, erhöhter UV-Strahlung und hohen Windgeschwindigkeiten, sowie Niederschlagsmengen geprägt sind (Bosshard et al., 2015). Deshalb sind biologische Prozesse in den Böden der Hochlagen verlangsamt (Bosshard et al., 2015). Das führt dazu, dass in diesen Höhen eine reduzierte Pflanzenverfügbarkeit von Nährstoffen für die Pflanzen besteht und der Wasserhaushalt im Boden ungünstig ist. Weiter ist die Vegetationsperiode kurz und die Bodenerosion hoch (Rixen & Müller, o. J.). Generell sind Begrünungen oberhalb der Waldgrenze immer schwieriger erfolgreich durchzuführen als unterhalb dieser Grenze (Peratoner, 2006). Wenn zudem das zur Begrünung verwendete Saatgut nicht an Hochlagen angepasst ist, kann dies zu Totalausfällen führen, denn die gekeimten Pflanzen sterben durch das harsche Klima ab (Rixen & Müller, o. J.). Auch eine zu starke Düngung der begrünten Fläche kann zum Absterben von Pflanzen führen. Denn durch das verstärkte Wachstum sind Pflanzen bei harschen klimatischen Bedingungen noch anfälliger. Zusätzlich fügen sich zu stark gedüngte Flächen, durch ihre satt grüne Farbe, nicht ins Landschaftsbild der Hochlagen ein (Rixen & Müller, o. J.).

Grundsätzlich wird von der Verwendung von Hilfsstoffen zur Bodenverbesserung abgeraten, weil sie sich negativ auf die Artenvielfalt auswirken können (Bosshard et al., 2015). Da die Begrünung in Hochlagen aber aus den oben beschriebenen Gründen sehr schwierig ist,

werden Hilfsstoffe in Hochlagen bei Bedarf dennoch eingesetzt (Bosshard et al., 2015). Dazu gehören unter anderem Bakterien- und Algenpräparate (Bosshard et al., 2015). Auch Komposttee ist ein solcher, sehr wertvoller, Hilfsstoff. Dieser wird aus Kompost hergestellt, wobei Kompost mit Wasser gemischt und aufgebrüht wird. Danach wird der Kompost wieder abfiltriert und als Endprodukte bleibt ein Aufguss (Tee) übrig. Während des Brühens des Komposttees vermehren sich, unter den aeroben Bedingungen, Mikroorganismen, wie Bakterien, Pilze, Mykorrhiza-Pilze und Nematoden (Ingham, 2000). Weiter enthält Komposttee organisch gebundener Stickstoff, der als Dünger fungieren kann (Ingham, 2000). Ein Vorteil von organischem Dünger, wie er in Komposttee vorhanden ist, im Vergleich z.B. mit mineralischem Dünger, dass organisch gebundener Dünger bei Böden, die eine schlechte Nährstoffspeicherung aufweisen, den Stickstoff erst freisetzen, wenn der Boden Bedarf danach hat. Zur Freisetzung benötigt es Mikroorganismen (Peters et al., 2019). Komposttee kann am Boden oder auf Blättern angewendet werden. Potenziell sind positive Effekte durch solche Behandlungen möglich (Ingham, 2000). Wenn Komposttee auf den Boden entsprechend angewendet wird, kann eine Verbesserung der Bodenstruktur, ein besseres Wasserhaltevermögen des Bodens und eine grössere Durchwurzelungstiefe beobachtet werden. Auch können vorteilhafte Organismen die Ausscheidungen von Pflanzen als Nahrung verwenden, die sonst zur Vermehrung von krankheitsauslösenden Organismen geführt hätte. Pathogene haben durch die Behandlung mit Komposttee zudem weniger Angriffsfläche auf der Pflanze, weil sich die Organismen aus dem Komposttee an der Oberfläche von Pflanzen aufhalten. Weiter kann eine Verbesserung des Nährstoffkreislaufs sowie der Nährstoffspeicherung beobachtet werden (Ingham, 2000). Im Gegensatz zur Anwendung von Hilfsstoffen in Hochlagen gibt es im subalpinen Raum noch wenig Erkenntnisse zu den Effekten von Komposttee auf den Boden.

In dieser Arbeit soll deshalb untersucht werden, ob und welchen Effekt die Behandlung des subalpinen Bodens mit Hilfsstoffen wie z.B. Komposttee hat. Der Komposttee wurde bereits ein Jahr vor Start dieser Untersuchung ausgebracht. Zusätzlich wurde ein weiterer organischer Bodenverbesserer namens VERDYOL® DRY SEEDING (Schutz Filisur Samen und Pflanzen AG, o. J.) zur Behandlung verwendet. Zum Einsatz von Verdyol wurden keine wissenschaftlichen Untersuchungen gefunden.

Um die mikrobielle Biomasse im Boden zu erfassen, wurde für diese Bachelorarbeit der Kohlenstoff der mikrobiellen Biomasse (C_{mic}) auf mit Komposttee behandelten Flächen, sowie auf unbehandelten Flächen, gemessen. Zudem wurde der Quotient aus mikrobieller Biomasse-Kohlenstoff/Organischer Kohlenstoff (C_{mic}/C_{org}) berechnet. Dafür wurde der C_{org} Gehalt analysiert. Der Quotient aus C_{mic}/C_{org} ist ein Indikator für die mikrobielle Verfügbarkeit des organischen Substrates und zeigt an in welchem Ausmass Mikroorganismen organischen

Kohlenstoff aus dem Boden zum Erhalt, sowie Aufbau ihrer Biomasse nutzen können (Anderson & Domsch, 1989).

Weiter wurde das Kohlenstoff zu Stickstoff Verhältnis (C/N) im Boden gemessen, weil dieses Aufschluss über die mikrobiologische Aktivität im Boden gibt (Scheffer & Schachtschabel, 1992; Walthert et al., 2015; WSL, o. J.). Die mikrobiologische Aktivität ist die Stoffumsetzung aller Mikroorganismen zusammen (Trolldenier, 1971). Je enger das C/N Verhältnis ist, desto höher ist diese Aktivität (Scheffer & Schachtschabel, 1992). Die mikrobiologische Aktivität ist neben dem C/N Verhältnis auch von weiteren Parametern abhängig. Dazu gehört der pH, welcher die Milieubedingung für die Mikroorganismen bestimmt (Schlegel & Zaborosch, 1992), sowie der organische Kohlenstoff (C_{org}), der alle erforderlichen Nährelemente der Mikroorganismen enthält (Gisi, 1997) und die Körnung des Bodens (Maurer et al., 2020). Die mikrobielle Aktivität ist nämlich in Ton- und Lehmböden grösser als in sandigen oder schluffigen Böden (Domsch, 1992). Weiter hat die Körnung auch einen Einfluss auf die mikrobielle Biomasse im Boden, denn der grösste Anteil dieser befindet sich in der Schluff-Ton-Fraktion (Kanazawa & Filip, 1986).

Die Fragestellungen dieser Arbeit lauten deshalb wie folgt:

1. Hat Komposttee einen Einfluss auf den C_{mic^-} , C_{tot^-} , C_{org^-} oder N_{tot^-} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic^-}/C_{org^-} Quotienten, oder den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum?
2. Hat Komposttee in Kombination mit Verdyol einen Einfluss auf den C_{mic^-} , C_{tot^-} , C_{org^-} oder N_{tot^-} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic^-}/C_{org^-} Quotienten, oder den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum?
3. Hat die Störung des Bodens durch Umgraben einen Einfluss auf den C_{mic^-} , C_{tot^-} , C_{org^-} oder N_{tot^-} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic^-}/C_{org^-} Quotienten, oder den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum?

Dafür wurden nicht behandelte Flächen mit Flächen verglichen, die nur mit Komposttee behandelt wurden. Es wurden nicht behandelte Flächen mit Flächen verglichen, die mit Komposttee und Verdyol behandelt wurden. Nicht umgegrabene Flächen wurden weiter mit Flächen verglichen, die umgegraben wurden. Es wurde getestet, ob es signifikante Unterschiede gibt.

2 Methoden

2.1 Versuchsgebiet

Das Versuchsgebiet befindet sich im Kanton Graubünden in der Gemeinde Davos im Gebiet Parsenn. Die Koordinaten des Perimeters sind 2'782'841, 1'191'632 (CH1903+/ LV95) und die Fläche liegt auf 2100 Meter über Meer. Sie ist nach Südwesten ausgerichtet. Der Untergrund des Perimeters besteht aus Till (Moräne) und die dominierende Gesteinsart ist Flyschsandstein und Grauwacke (map.geo.admin.ch, o. J.). Für diesen Versuch wurde eine Fläche ausgewählt, bei welcher der Boden gestört war. Der Perimeter auf welchem der Versuch stattfand, war durch einen baulichen Eingriff zum Bau einer Quellwasserfassung gestört. Im Sommer wird diese Fläche normalerweise als Weide genutzt. Seit dem Bau der Quellwasserfassung ist die Fläche aber umzäunt und war dies auch während der Zeit der Bodenentnahme. In Abbildung 1 ist die umzäunte Fläche zu sehen.



Abbildung 1 Eingezäunter Versuchsperimeter in der Gemeinde Davos im Gebiet Parsenn auf 2100 M. ü. M. (2021).

Die Zufahrt zum Versuchsgebiet ist über die im Winter als Talabfahrt für Ski – und Schlittenfahrten genutzte Kiesstrasse möglich.

2.2 Bodenbescrieb

Für die Versuche wurden zwei Bohrkern entnommen. Ein Bohrkern wurde innerhalb des Versuchssperimeters ausgehoben (Abbildung 2), der zweite, ausserhalb des Perimeters, diente als Referenz (Abbildung 23).



Abbildung 2 Bohrkern innerhalb (2021)



Abbildung 3 Bohrkern ausserhalb (2021)

Bei beiden Bohrkernen handelt es sich um einen Mischgesteinsboden. Für den Bohrkern innerhalb der Versuchsfläche wurden die Untertypen Säuregrad neutral (E1) und Horizontorientierung diffus (HD) ermittelt, im Bohrkern ausserhalb des Perimeters der Untertyp Säuregrad schwach sauer (E2). Die Bohrkern wurden mittels Hohlmeissel gestochen. Innerhalb des Versuchssperimeters wurde der Bohrkern mit einer Tiefe von 0-50cm analysiert und drei Horizonte unterschieden. Der Bohrkern ausserhalb des Versuchssperimeters war 0-45cm tief und bestand aus vier Horizonten. Damit konnte der Bodenbescrieb durchgeführt und das Profilblatt ausgefüllt werden. Der Salzsäuretest ergab je nach Horizont mittleren bis keinen Kalk im Boden. Der pH-Wert im Feld wurde pro Horizont gemessen und ist in Tabelle 1 ersichtlich. Dieser liegt in den verschiedenen Horizonten im Versuch zwischen 5.5 und 6. Im Bohrkern ausserhalb des Perimeters war er in allen Horizonten bei 4.5. Die Humusform beider Bohrkern wurde als Mull bestimmt.

Tabelle 1 Kalkgehalt und pH der Bodenhorizonte innerhalb und ausserhalb des Versuchssperimeters: Die pH-Werte, die nicht unterstrichen sind, wurden mit dem AVM Pehameter gemessen. Die unterstrichenen Werte wurden nachträglich im Labor bestimmt, bei welchem eine CaCl₂ Lösung zum Einsatz kam, um den pH der Bodenlösung zu untersuchen.

Bodenhorizont- Nummer	Bohrkern innerhalb des Perimeters				Bohrkern ausserhalb des Perimeters			
	Tiefe cm	Bezeichnung	Kalk CaCO ₃	pH	Tiefe cm	Bezeichnung	Kalk CaCO ₃	pH
1	0-12	Ah	Mittel	5.5 <u>6.3</u>	0-12	Ah	Kein	4.5 <u>5.3</u>
2	12- 23	AC	Kein	5.5 <u>7</u>	12- 23	Acn	Kein	4.5 <u>4.9</u>
3	42- 50	Ccn	Schwach	6 <u>6.9</u>	23- 35	AB	Kein	4.5 <u>4.5</u>
4					35- 45	B	Kein	4.5 <u>6.6</u>

Die Bohrkerne aus den verschiedenen Flächen sind unterschiedlich: Der Bohrkern innerhalb des Versuchssperimeters weist weniger deutliche Horizontgrenzen auf und besitzt auch einen Horizont weniger als der Bohrkern, welcher ausserhalb entnommen wurde. Grund dafür sind die Umgrabungen innerhalb des Versuchssperimeters, denn im Gegensatz dazu wurde der Boden ausserhalb des Versuchssperimeters in seinem natürlichen Zustand belassen. Der hohe pH-Wert in 12-23cm Tiefe im Bohrkern innerhalb des Versuchssperimeters kann damit erklärt werden, dass der Boden dort beim Bau der Wasserfassung weder sachgemäss getrennt und gelagert wurde noch in der korrekten Reihenfolge wieder aufgebaut wurde.

2.3 Versuchsaufbau

Der Versuch wurde von Martin Hefti im Jahr 2020 angelegt. Insgesamt beträgt die Versuchsfläche 80m² und besteht aus 20 gleich grossen Plots. Jeder Plot umfasst zwei Quadratmeter. Es wurden fünf unterschiedliche Behandlungen durchgeführt. Jede Behandlung wurde auf vier Plots wiederholt und randomisiert im Versuch angelegt. Die Behandlungen unterscheiden sich in der Anzahl Komposttee- und Verdyolapplikationen. Der Komposttee hat Martin Hefti mit dem Brausystem EdaLife V40 der EDAPRO GmbH selbst gebraut. Die Betriebsanleitung «Brausysteme EdaLife V60 / V120 / V200 / V400» (EDAPRO GmbH, 2020) wurde zur Herstellung beigezogen. Es wurde die Mikrobennahrung EdaBiom+, sowie das Mikrobensubstrat EdaBiom der EDAPRO GmbH verwendet. Pro Applikation wurde ein Liter unverdünnter Komposttee pro Quadratmeter ausgebracht. Der organische

Bodenverbesserer Verdyol ® DRY SEEDING hat Martin Hefti gebrauchsfertig erworben. Verdyol besteht aus N-P-K-Mg im Verhältnis 8-12-11-1.2 (Schutz Filisur Samen und Pflanzen AG, o. J.). Auf den Flächen, auf denen Verdyol verwendet wurde, hat Martin Hefti 16g Verdyol pro Quadratmeter ausgebracht.

Jede Behandlungsart erhielt eine Bezeichnung, die sich aus dem Buchstaben K, einer Ziffer, dem Buchstaben V und einer weiteren Ziffer zusammensetzt. K steht für Komposttee, das V für Verdyol. In Tabelle 2 sind die Bezeichnungen der Behandlungen in der ersten Spalte ersichtlich. Die Ziffer hinter den Buchstaben steht für Anzahl Applikationen mit dem jeweiligen organischen Bodenverbesserer. Die Ziffer hinter dem Buchstaben K ist deckungsgleich mit der Ziffer von Tabelle 2 Spalte «Anzahl Kompostteeapplikationen» und die Ziffer hinter dem Buchstaben V mit derjenigen Zahl in der Spalte mit der Bezeichnung «Anzahl Verdyolapplikationen» der Tabelle 2. Um die einzelnen Plots pro Behandlung zu unterscheiden, wurde den Namen der Behandlungen ein Bindestrich und jeweils eine weitere Ziffer zwischen eins und vier hinzugefügt.

In der ersten Behandlung wurde weder mit Komposttee noch mit Verdyol gearbeitet. Die Bezeichnung dieser Behandlung lautet demnach K0V0. Der erste Plot der Behandlung K0V0 erhielt dann entsprechend die Bezeichnung K0V0-1.

Die zweite Behandlungsart, bestand aus einer einmaligen Kompostteeapplikation, siehe Zeile «K1V0» in Tabelle 2. Die Ausbringung des Tees geschah kurz nach der Ansaat. In der Behandlung K1V1 wurde der Saatmischung einmalig Verdyol beigegeben. Die einmalige Kompostteeapplikation geschah auch hier kurz danach.

Die vierte Versuchsbehandlung erhielt die Bezeichnung K3V0, was folgend auf eine dreimalige Kompostteeapplikation schliessen lässt. Die erste Behandlung geschah kurz nach der Ansaat. Die beiden weiteren Behandlungen passierten jeweils mit drei Wochen Abstand. Bei der Behandlung «K3V1» wurde Verdyol der Saatmischung beigegeben und eine dreimalige Kompostteeapplikation durchgeführt. Auch hier wurde die erste Behandlung kurz nach der Ansaat gemacht und die beiden weiteren Behandlungen in einem Abstand von drei Wochen.

Die Bezeichnungen der Behandlungen wurde für diese Arbeit von Martin Hefti übernommen. Weitere Informationen zum Versuch von Martin Hefti sind in seiner Bachelorarbeit zu finden (Hefti, 2021). Der Versuch wurde durch Martin Hefti erst angelegt, nachdem der Boden zum Bau einer Quellfassung umgegraben wurde.

Um den Einfluss des Umgrabens auf den Boden zu untersuchen, wurde für diese Bachelorarbeit vom Autor selber, zusätzlich eine Referenz erstellt. Diese Referenz besteht aus zwei Plots, die, wie in Tabelle 2 Spalte fünf zu sehen ist, nicht umgegraben wurden. Die Referenz erhielt zudem weder Komposttee- noch Verdyolapplikationen.

Tabelle 2 Behandlung, sowie Anzahl Plots der Behandlung, welche Behandlung bei welchem Plot durchgeführt wurde und ob der Plot umgegraben worden ist.

Behandlung	Anzahl Plots	Anzahl Komposttee-applikationen	Anzahl Verdyol-applikationen	Umgegraben
K0V0	4	0	0	Ja
K1V0	4	1	0	Ja
K1V1	4	1	1	Ja
K3V0	4	3	0	Ja
K3V1	4	3	1	Ja
Referenz	2	0	0	Nein

2.4 Feldarbeit

Wie in Abbildung 4 ersichtlich ist wurden auf 20 Plots, sowie auf beiden definierten Referenzflächen je zwei Mischproben entnommen. Eine mit einem Gewicht von 500 Gramm und eine von 1kg. Die Mischproben wurden zufällig entnommen. Um Randeinflüsse auszuschliessen, wurde im Randbereich von 20cm keine Teilprobe entnommen. Die Proben wurden per Schaufel in einer Tiefe von 0-10cm entnommen. Für die Mischprobe von 500 Gramm wurden vier Teilproben gesammelt. Die Mischproben von 1kg bestand aus acht Teilproben. Die Mischproben von 500 Gramm dienten zur Laborbestimmung des C_{tot} -, C_{org} -, N_{tot} -Gehaltes, des pH-Wertes und der Körnung. Zur Analyse des C_{mic} -Gehalts wurde die grosse Mischprobe von 1kg verwendet.

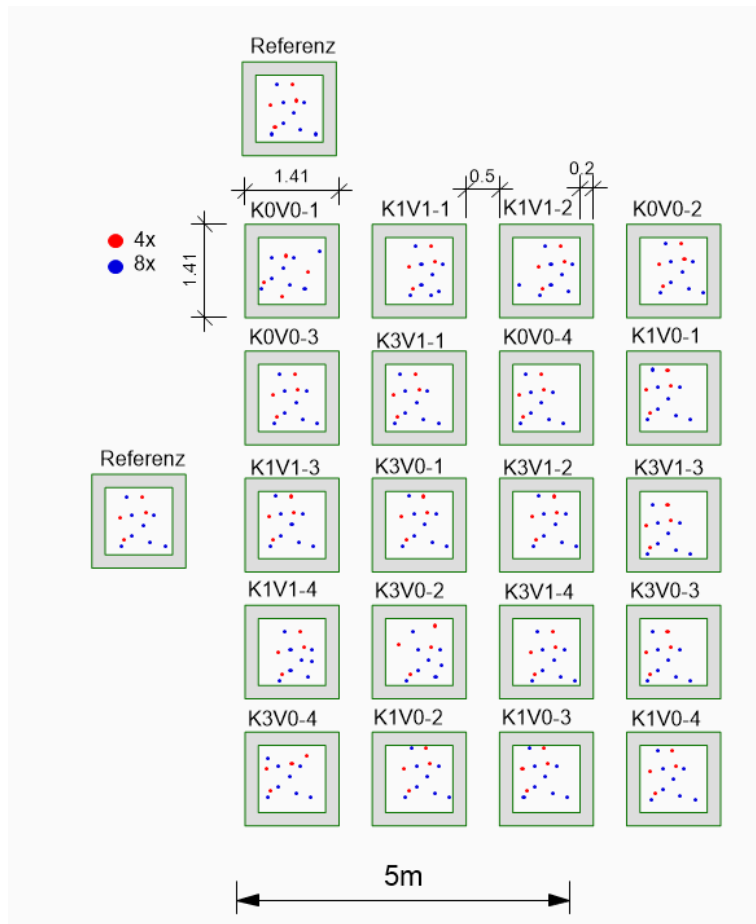


Abbildung 4 Probeentnahmeplan: Pro Plot wurden zwei Mischproben entnommen, die aus acht resp. vier Teilproben zustande kamen. Die Teilproben wurden zufällig auf dem jeweiligen Plot entnommen und sind hier blau resp. rot gekennzeichnet. Die Mischproben aus den blauen Teilproben sind jeweils 1kg schwer. Die Mischproben aus den roten Teilproben wiegen 500 Gramm. Der graue Bereich in den Plots ist der 20cm breite Randbereich auf denen keine Proben entnommen wurden, um Randeinflüsse zu verhindern. Die Darstellung ist schematisch, bedeutet die Punkte auf diesem Plan entsprechen nicht den realen Einstichstellen für die Probenahme im Versuch.

2.5 Laboranalysen

2.5.1 Erhobene Parameter

Die erhobenen Grössen waren der Kohlenstoff den C_{mic} , der totale Kohlenstoff (C_{tot}), der organische Kohlenstoff (C_{org}), der totale Stickstoff (N_{tot}), der pH und die Körnung (Sand, Schluff, Ton). Alle Daten sind metrisch. C_{mic} wurde in mg C_{mic}/kg TS angegeben. C_{tot} , C_{org} und N_{tot} sind Prozentwerte. Der pH ist als absoluter Wert zu verstehen. Die Körnung besteht aus Angaben zum Anteil an Sand, Schluff und Ton am mineralischen Bodenmaterial. Die Körnungsklassen wurden aufgrund dieser Anteile mithilfe des Dreiecks der Klassen der Feinerdekörnung (BGS, 1992) gemacht.

2.5.2 Probenvorbereitung

Die Proben für die Bestimmung der C_{mic} wurden feucht auf 2mm gesiebt. Danach wurden sie bei zwanzig Grad sieben Tage inkubiert.

Die Bodenproben für die CHN-, pH- und Körnungsanalyse wurden bei 105°C bis zur Gewichtskonstante getrocknet. Danach wurden sie auf 2mm gesiebt.

2.5.3 Bestimmung der mikrobiellen Biomasse-Kohlenstoff

Der Kohlenstoff der mikrobiellen Biomasse wurde anhand des Berichts «Bestimmung der mikrobiellen Biomasse» des FIBLs bestimmt (Kuhn, 2014). Diese Methode sieht eine «Chloroform-Fumigation-Extraktionsmethode (CFE)» vor. Dadurch wurden Mikroorganismen über 24 Stunden mit Chloroform begast. Sie starben ab und konnten dann extrahiert werden. Es wurde jeweils die Differenz zwischen einer begasten und einer unbegasten Probe berechnet. Diese Differenz bildete den C_{mic} .

Um die CFE Methode anwenden zu können, mussten die Bodenproben wassergesättigt sein. Die Wassersättigung der Probe wurde mittels der Anleitung zur «Bestimmung der maximalen Wasserhaltekapazität» erreicht (FIBL/AF, 1996). Mit dieser Methode wurden Bodenproben zuerst mit Wasser gesättigt und dann wurde das nicht kapillar gebundene Wasser abgelassen. Das kapillar gebundene Wasser wurde dann durch Wägen auf einer Präzisionswaage bestimmt.

Der C_{mic} -Gehalt wurde schliesslich durch eine Total Organic Carbon (TOC) Messung bestimmt. Dafür wurde ein Additionsverfahren angewendet, bei dem der TOC aus der Summe von dem Purgeable Organic Carbon (POC) und des Non-purgeable Organic Carbon (NPOC) berechnet wurde ($TOC=POC+NPOC$). Dies geschah in einem C/N Analysator mit Autosampler des Herstellers Shimadzu, Modell TOC-L. Die Anleitung zur «Bestimmung des gesamten organischen Kohlenstoffes (TOC) und des gelösten organischen Kohlenstoffes (DOC)» wurde dabei zu Rate gezogen (DIN EN 1484, 1997).

2.5.4 CHN Analyse

Die CHN Analyse zur Bestimmung des C_{tot} , C_{org} und N_{tot} wurde mithilfe eines «TruSpec Makro Analyzer» von Leco gemacht. In einem ersten Schritt wurden die Bodenproben darin von atmosphärischen Gasen gereinigt. Weiter wurde die Probe in der Verbrennungsphase mit Sauerstoff geflutet und bei 550°C der organische Kohlenstoff gemessen und bei 950°C der Gesamtkohlenstoff, der Wasserstoff und der Stickstoffgehalt gemessen. Zur Analyse des Stickstoffs wurde Helium beigegeben. Dafür wurde die Bedienungsanleitung «TruSpec CHN; Instruction Manual» verwendet (TruSpec CHN, 2011).

Zur Durchführung der Messung wurden die getrockneten und gesiebten Proben mit einer Kugelmühle gemahlen und 0.1g Probe in eine Zinnfolie eingewogen.

2.5.5 pH-Wert

Die pH-Messungen wurden mithilfe der «Schweizerischen Referenzmethode der Forschungsanstalten Agroscope, Methode pH-C» ausgeführt (ART & ACW, 2008b). Damit wurde die H_3O^+ Aktivität der Bodenlösung bestimmt. 16g getrockneter und gesiebter Boden wurde in einer 40ml 0.01 molaren $CaCl_2$ -Lösung aufgeschlämmt und während 30min 3-4mal geschüttelt. Nach weiteren 30min Stehenlassens wurde der pH ermittelt. Zur Messung wurde eine Multisonde verwendet.

2.5.6 Körnungsanalyse

Die Korngrößenbestimmung wurde anhand der «Schweizerischen Referenzmethode der Forschungsanstalten Agroscope, Methode KOM» durchgeführt (ART & ACW, 2008a). Die Sandfraktion wurde durch Siebung auf $50\mu m$ bestimmt. Die Ton- und Schlufffraktion durch Suspendierung in einer Flüssigkeit und die Sinkgeschwindigkeit der Fraktionen wurde genutzt. Grundlage dafür war das Stoke'sches Gesetz.

Bei dieser Sedimentationsanalyse wurde 10g der getrockneten und gesiebten Bodenprobe eingewogen und in einen 500ml Mischzylinder mit 150ml H_2O überführt. Weiter wurde 40ml H_2O_2 zugegeben und 12h bei Raumtemperatur stehen gelassen. Danach wurden weitere 150ml H_2O begeben und in einem Wasserbad bei $80^\circ C$ gekocht. Anschliessend wurden die Proben auf $35^\circ C$ ausgekühlt. Schliesslich wurde ihnen 20ml Dispergierungsmittel beigegeben. Der Mischzylinder wurde mit H_2O auf die 450ml Marke aufgefüllt, durchmischt und anschliessend wurde der pH geprüft.

Im nächsten Schritt wurden die Mischzylinder mit H_2O auf die 500ml Marke gestellt und auf $25^\circ C$ ausgekühlt. Der Mischzylinder mit der Suspension wurde 30 Sekunden geschüttelt und stehen gelassen. 40 Sekunden nach dem Schütteln wurde im Mischzylinder in 10cm Tiefe mit einer Vollpipette eine 25ml Fraktion entnommen. Diese Fraktion beinhaltet Ton und Schluff. 3 Stunden 26 Minuten und 17 Sekunden nach dem Schüttelvorgang wurde eine weitere 25ml Fraktion in 5cm Tiefe, ebenfalls mit einer Vollpipette entnommen. Diese Fraktion enthielt nur noch Ton. Der Anteil Schluff berechnet sich aus der Differenz der ersten entnommenen Fraktion und der zweiten. Der restliche Inhalt des Mischzylinder wurde auf $50\mu m$ gesiebt. Die Fraktion, die grösser als $50\mu m$ ist, ergab den Sandanteil. Die entnommenen Fraktionen wurden bei $105^\circ C$ bis zur Gewichtskonstante getrocknet und auf einer Analysewaage gewogen.

2.6 Statistische Auswertung

Die Daten wurden mithilfe von Microsoft Excel 2016 verwaltet. Zur statistischen Analyse wurde R (Version 4.0.3) in Kombination mit RStudio (Version 1.1.456) verwendet.

Alle statistischen Tests wurden zweiseitig durchgeführt, das Signifikanzniveau wurde auf $\alpha = 5\%$ festgelegt. Die Normalverteilung der Daten wurde überprüft mit Hilfe von QQPlots (visuelle Analyse), sowie den Tests nach Kolmogorov-Smirnoff und Shapiro-Wilk. Vergleiche von Lagemassen wurden mit Hilfe einer ANOVA durchgeführt (>2 Faktorstufen), falls die Normalverteilung der Residuen gegeben, waren, was bei allen Daten so war.

Zur Post-hoc Analyse wurden paarweise Welch-Tests (ANOVA) verwendet. Dabei wurde ein Fehlerinflationskorrektur nach Holm angewendet (korrigiertes $\alpha=5\%$). Die Resultate der Post-Hoc Analyse wurden in Buchstaben übersetzt. Faktorstufen, die sich einen Buchstaben teilen unterscheiden sich nicht signifikant voneinander.

Die Resultate wurden mithilfe von Boxplots oder Barplots visualisiert (Standardimplementierung in R, Version 4.0.3). Bei Boxplots bezeichnen das 25% und das 75% Quantil die Ränder der Box, die Linie darin das 50% Quantil (Median). Die Länge der Whisker beträgt nach oben höchstens 1.5-mal die Länge des Quartilabstands, gemessen vom oberen Ende der Box. Analog wurde die Länge der Whisker nach unten definiert. Bei Barplots wurde das 25% und das 75% Quantil als horizontale Linien auf den Balken eingezeichnet. Die obere Kante der Balken bezeichnet den Median. Die Barplots wurde nach C_{tot} , N_{tot} und C_{org} gruppiert. Die verschiedenen Schraffierungen der Balken signalisieren die unterschiedlichen Behandlungen.

Textbausteine zur Beschreibung der statistischen Auswertung sowie Funktionen zur statistischen Auswertung der Daten in R, wurden von Dr. Peter Kauf aus dem Modul Datenanalyse der ZHAW übernommen und verwendet (Kauf, 2016).

3 Resultate

3.1 Übersicht

In Tabelle 3 sind die Resultate der Laborauswertungen dargestellt. Die Werte sind Mittelwerte über die Plots mit der gleichen Behandlung. Die Ergebnisse der einzelnen Plots sind im Anhang A ersichtlich.

Tabelle 3 Übersicht der Ergebnisse aus der Laboranalyse. Diese Ergebnisse sind Mittelwerte der verschiedenen Plots mit der gleichen Behandlung. Die Referenz wurde ausserhalb der umgegrabenen Fläche entnommen (n=2). Alle Behandlungen mit Kombinationen aus den Buchstaben K und V und einer Zahl in der Bezeichnung, sind Flächen innerhalb der umgegrabenen Fläche. Das K steht für Kompostteeapplikation, die Zahl dahinter für wie viele Applikationen auf der Fläche gemacht wurden. Das V für Verdyolapplikationen, ebenfalls mit Angabe der Anzahl der Applikationen als Zahl hinter dem V. Jede dieser Behandlungen im umgegrabenen Perimeter bestehen aus vier Plots (Wiederholung) (n=4).

Behandlung	C _{mic} (mg C _{mic} / kg TS)	C _{tot} (Gew.%)	C _{org} (Gew.%)	N _{tot} (Gew.%)	C/N (C _{org} / N _{tot})	C _{mic} / C _{org} (mg C _{mic} / g C _{org})	pH	Sand (Gew.%)	Schluff (Gew.%)	Ton (Gew.%)
K0V0	976.88	4.75	4.30	0.54	8.02	23.32	6.4	26.27	41.71	32.01
K1V0	663.13	3.61	2.70	0.45	5.93	24.25	6.7	35.24	41.27	23.49
K1V1	1196.92	4.77	4.27	0.60	7.27	27.37	6.2	26.45	39.53	34.02
K3V0	1056.70	5.22	4.82	0.66	7.28	22.65	6.5	25.72	45.62	28.66
K3V1	878.29	4.38	3.57	0.46	7.67	24.79	6.5	34.09	37.75	28.17
Referenz	4042.73	12.93	12.86	1.20	10.63	32.08	5.3	15.32	33.30	51.38

3.2 Mikrobielle Biomasse-Kohlenstoff

Der Kohlenstoff der mikrobiellen Biomasse (C_{mic}) ist in Abbildung 5 visualisiert. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf normalverteilte Daten hin. Dies bestätigte der Shapiro-Wilk (p<0.72) und der Kolmogorov-Smirnoff Test (p<0.771), welche beide nicht signifikant waren. Der Bartlett Test war ebenfalls nicht signifikant (p<0.2008). Dies lässt auf homogene Varianzen schliessen. Somit konnte das ANOVA Verfahren durchgeführt werden. Dieses zeigte einen signifikanten Unterschied (p<2.747*10⁻⁹). Die Referenz hatte im Mittelwert eine signifikant höhere C_{mic} als die Flächen mit den restlichen Behandlungen. In Abbildung 5 ist dieser signifikante Unterschied mit unterschiedlichen grünen Buchstabe dargestellt. Innerhalb der Behandlungen auf der umgegrabenen Fläche, gab es keinen signifikanten Unterschied je nach Behandlung der Plots. Deshalb sind die grünen Buchstaben in Abbildung 5 auch die gleichen. Die Referenz besass 4042.73 mg C_{mic}/kg TS und somit herrschte auf den nicht umgegrabenen Flächen eine etwa viermal höheren C_{mic} als auf den umgegrabenen Flächen ohne Applikation von Bodenverbessern (K0V0). Die Behandlung K0V0 hatte im Mittelwert 976.88 mg C_{mic}/kg TS. Die Behandlung K1V0 ergab im Mittelwert einen C_{mic} von 663.13 mg C_{mic}/kg TS und ist somit der tiefste aller gemessenen Werte. K1V1 besitzt ein 1196.92 mg C_{mic}/kg TS und hat somit nach der Referenz den zweithöchsten C_{mic}-Gehalt. Die Behandlung

K3V0 ergab 1056.7 mg C_{mic} /kg TS im Mittelwert und K3V1 einen C_{mic} -Gehalt im Mittelwert von 878.29 mg C_{mic} /kg TS. In der Behandlung K3V1 wurde am meisten Bodenverbesserer angewendet, der C_{mic} -Gehalt ist aber tiefer als auf den umgegrabenen Flächen, wo kein Bodenverbesserer angewendet wurde (K0V0).

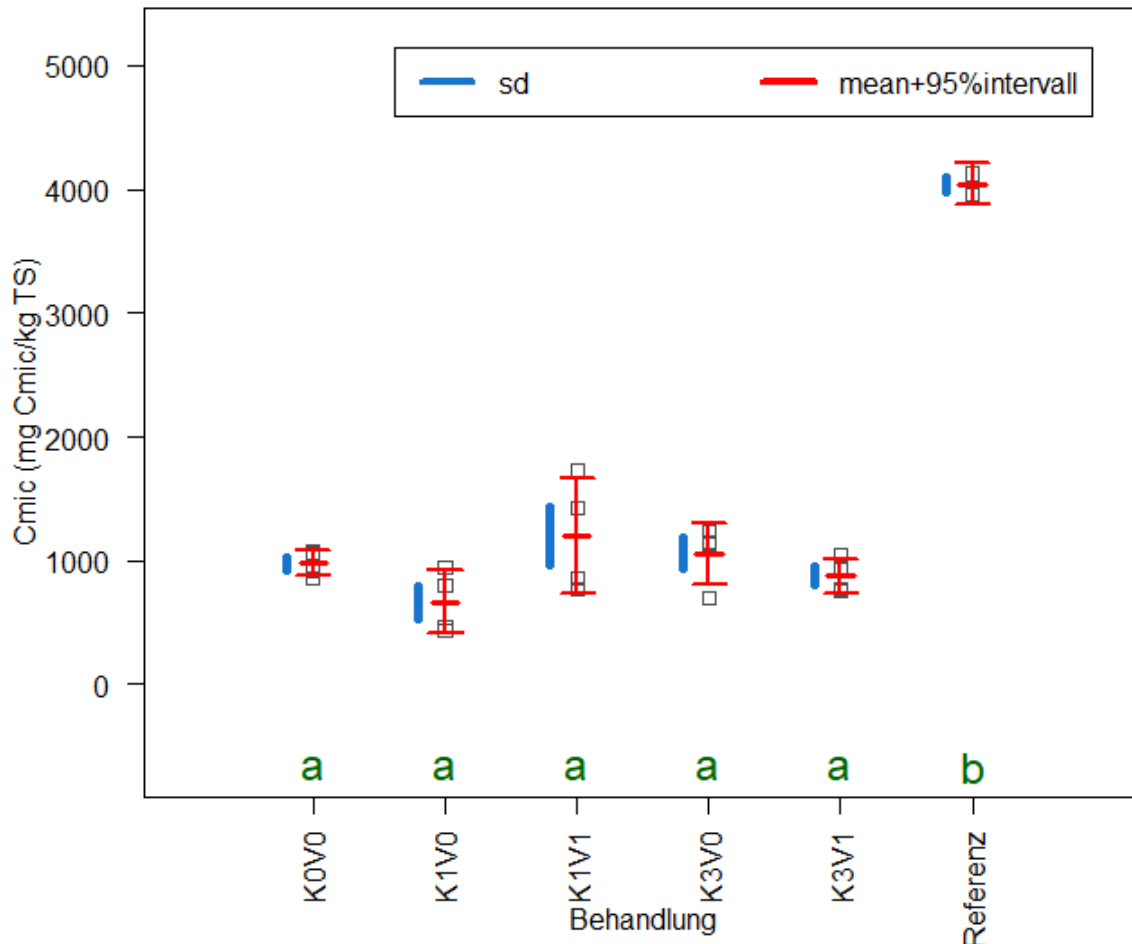


Abbildung 5 Boxplot des C_{mic} nach unterschiedlicher Behandlung. Dargestellt sind die Mittelwerte, sowie die Standardabweichung und das 95%-Konfidenz-Intervalle der analysierten Werte. Die grauen Quadrate sind die einzelnen Messpunkte. In grünen Buchstaben ist das Ergebnis des ANOVA Verfahrens ersichtlich. Behandlungen, die sich einen Buchstaben teilen, haben keinen signifikanten Unterschied zueinander.

3.3 Totaler Kohlenstoff, totaler Stickstoff und organischer Kohlenstoff

In Abbildung 6 ist der totale Kohlenstoffgehalt (C_{tot}), der totale Stickstoffgehalt (N_{tot}), sowie der organische Kohlenstoffgehalt (C_{org}) dargestellt. Diese Werte ergaben sich aus den prozentualen Anteilen am Gesamtgewicht der Probe. Weiter sind sie aufgeschlüsselt nach den Flächen mit unterschiedlicher Behandlung und der Referenz. Der höchste C_{tot} Anteil besitzt im Mittelwert die Referenz mit 12.93%. Der tiefste C_{tot} Anteil die Behandlung K1V0. Dieser liegt bei 3.61%. Auch der N_{tot} Anteil ist auf den Referenzflächen, mit 1.2%, höher als auf den

behandelten Plots. Mit einem Mittelwert von 0.45% liegt der tiefste N_{tot} Anteil bei der Behandlung K1V0. 12.86% im Mittelwert ist der C_{org} Anteil der Referenz und somit der höchste gemessene C_{org} Anteil. Auch im C_{org} Anteil ist die Behandlung K1V0 mit 2.7% am tiefsten.

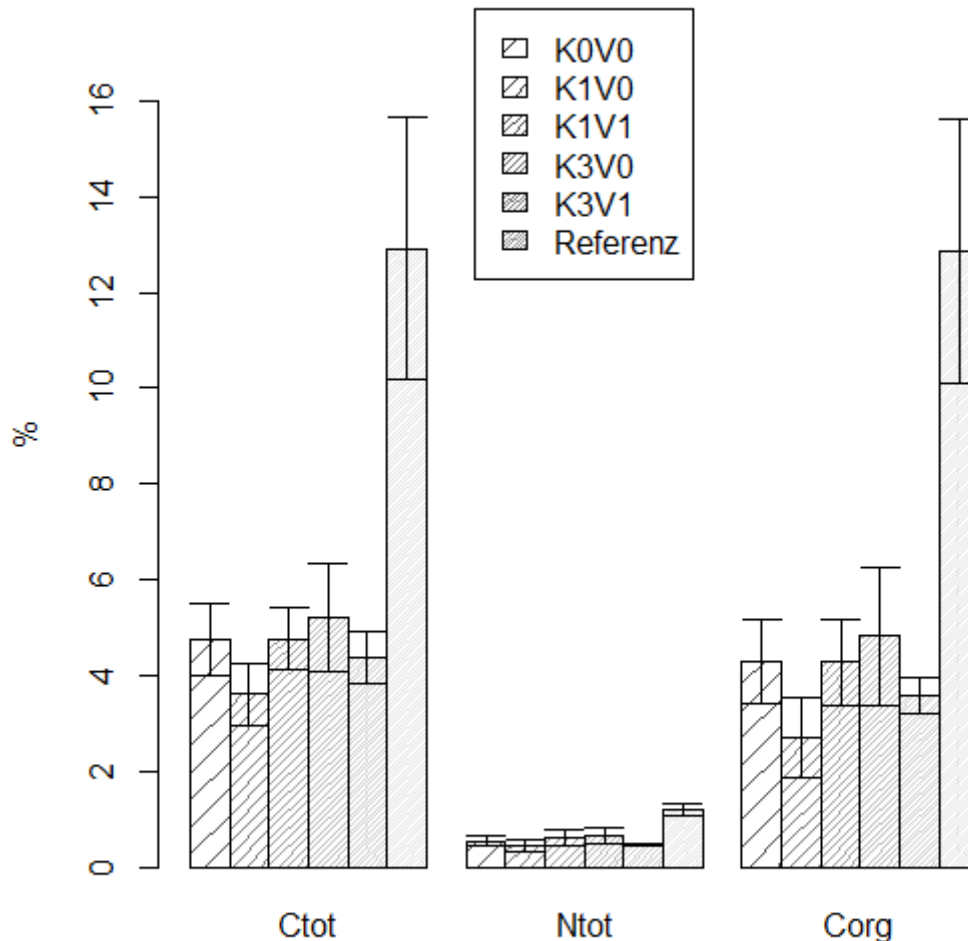


Abbildung 6: Barplot der C_{tot} , N_{tot} und C_{org} Anteile aufgeschlüsselt nach Behandlung. Die obere Ende der Balken sind Mittelwert und die Whisker signalisieren jeweils die Standardabweichung.

Die Referenzproben hatten einen signifikant höheren Anteil an Kohlenstoff als die Proben mit den restlichen Behandlungen. Die statistische Auswertung ergab normalverteilte Daten. Dies wurde durch eine visuelle Analyse über QQPlots, sowie durch einen nicht signifikanten Shapiro-Wilk ($p < 0.617$) und einen Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.974$) überprüft. Der Bartlett Test war auch nicht signifikant ($p < 0.219$). Dies lässt auf homogene Varianzen schliessen. Somit konnte das ANOVA Verfahren durchgeführt werden. Dieses zeigte einen signifikanten Unterschied zwischen der Referenz und den restlichen Behandlungen ($p < 3.43 \cdot 10^{-7}$). Mit einem Kohlenstoffanteil von 12.93% im Mittelwert, hatte die Referenz einen rund dreimal

höheren Kohlenstoffanteil als die restlichen Behandlungen. Innerhalb der umgegrabenen Fläche gab es keinen signifikanten Unterschied zwischen den Mittelwerten der Behandlungen. Mit 3.61% war der Kohlenstoffanteil der Behandlung K1V0 im Mittelwert der tiefste gemessene Anteil. K0V0 hatte im Mittelwert einen Kohlenstoffanteil von 4.75%. K1V1 einen Kohlenstoffanteil von 4.77%, K3V0 einen Anteil von 5.22% und K3V1 einen Kohlenstoffanteil von 4.38%. Die Behandlung K3V1 hatte am meisten Applikationen von Bodenverbesserern erhalten. Trotzdem hatte diese Behandlung im Mittelwert einen tieferen Kohlenstoffanteil als K0V0, bei der kein Bodenverbesserer zum Einsatz kam.

Die statistische Auswertung der N_{tot} Anteile ergab keine signifikanten Unterschiede. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf nicht normalverteilte Daten hin. Dies bestätigte der Shapiro-Wilk Test ($p < 0.024$), der signifikant war. Der Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.484$) war jedoch nicht signifikant. Es wurde das Kruskal-Wallis Verfahren durchgeführt. Das Kruskal-Wallis Verfahren war signifikant ($p < 0.039$). Der höchste N_{tot} Anteil hatte die Referenz mit 1.2% im Mittelwert. Dieser Wert war rund zweimal höher als derjenige mit den Behandlungen im umgegrabenen Versuch. Der tiefste N_{tot} Anteil besass die Behandlung K1V0 mit 0.45% im Mittelwert. K0V0 hat einen N_{tot} Anteil von 0.54%, K1V1 von 0.6%, K3V0 von 0.66% und K3V1 von 0.46%. Auch im N_{tot} -Gehalt hatte die Behandlung mit den meisten Applikationen von Bodenverbesserern (K3V1) einen tieferen Gehalt als K0V0 bei welcher Behandlung kein Bodenverbesserer verwendet wurde.

Die statistische Auswertung zu den prozentualen organischen Kohlenstoffanteilen ergab einen signifikant höheren Wert der Referenz verglichen mit den restlichen Behandlungen. Zwischen den Behandlungen auf der umgegrabenen Fläche ergaben sich keine signifikanten Unterschiede der Mittelwerte. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf normalverteilte Daten hin. Weder der Shapiro-Wilk ($p < 0.99$), noch der Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.999$) waren signifikant. Somit bestätigen diese Tests das Ergebnis der visuellen Analyse. Der Bartlett Test war nicht signifikant ($p < 0.201$). Dies lässt auf homogene Varianzen schließen. Somit konnte auch hier das ANOVA Verfahren durchgeführt werden. Das ANOVA Verfahren zeigte signifikante Unterschiede ($p < 7.802 \cdot 10^{-7}$, ANOVA Verfahren). Die Referenz besass einen organischen Kohlenstoffanteil von 12.86% im Mittelwert. Dies war der grösste gemessene Wert. Er war rund dreimal grösser als in den Behandlungen auf dem umgegrabenen Versuch. Der tiefste C_{org} Anteil besass die Behandlung K1V0 mit 2.7% im Mittelwert. K0V0 hatte einen C_{org} Anteil von 4.3%, K1V1 einen C_{org} Anteil von 4.27%, K3V0 von 4.82% und K3V1 von 3.57% im Mittelwert. Somit besitzt auch hier die Behandlung im umgegrabenen Perimeter, bei welcher kein Bodenverbesserer angewendet wurde, einen höheren C_{org} Anteil als die Behandlung bei welcher am meisten Bodenverbesserer angewendet wurde.

3.4 Quotient mikrobielle Biomasse-Kohlenstoff zu organischem Kohlenstoff

Die statistische Auswertung des C_{mic}/C_{org} Quotienten ergibt keine signifikanten Unterschiede zwischen den Behandlungen. Dies ist in Abbildung 7 ersichtlich. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf normalverteilte Daten hin. Dies bestätigte der Shapiro-Wilk Test ($p < 0.932$) und der Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.974$), die beide nicht signifikant waren. Das ANOVA Verfahren wurde durchgeführt, war aber nicht signifikant ($p < 0.289$). Unterschiede wurden in keinem Vergleich der Vergleiche zwischen den Behandlungen gefunden. Deswegen ist in Abbildung 7 auch überall derselbe Buchstabe in grüner Farbe ersichtlich. Trotzdem besitzt die Referenz mit 32.08 mg $C_{mic}/g C_{org}$ den grössten C_{mic}/C_{org} Quotienten. Die Behandlung K3V0 hat ein C_{mic}/C_{org} von 22.65 mg $C_{mic}/g C_{org}$ und ist der tiefste ermittelte Wert. K0V0 hat einen Quotienten von 23.32, K1V0 von 24.25, K1V1 von 27.37 und K3V1 von 24.79 mg $C_{mic}/g C_{org}$. Die Behandlung K0V0, besitzt einen höheren C_{mic}/C_{org} Wert als die Behandlung K3V0, obwohl bei der Behandlung K3V0 drei Kompostteeapplikationen erfolgten. Dafür hat K3V1 einen höheren C_{mic}/C_{org} Wert als K0V0.

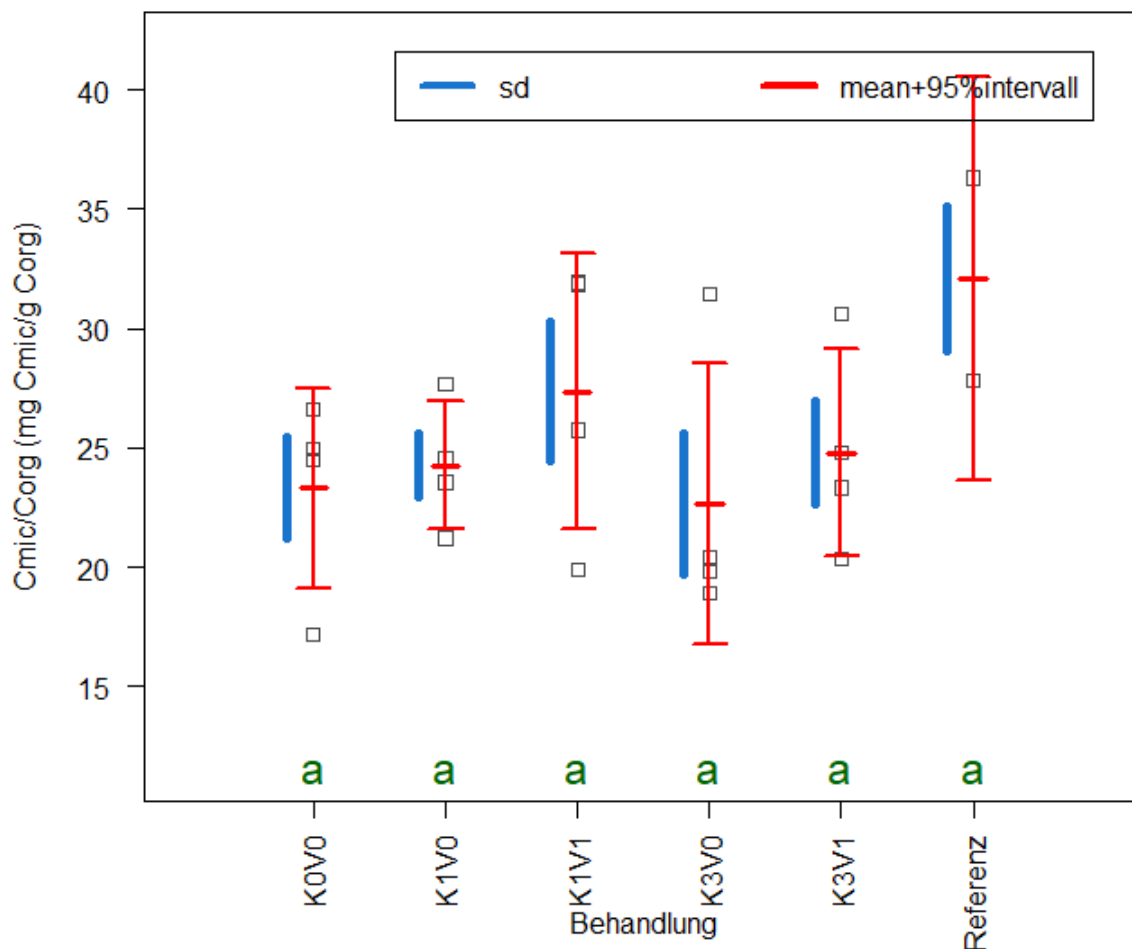


Abbildung 7 Boxplot des C_{mic}/C_{org} Quotienten nach unterschiedlicher Behandlung. Dargestellt sind die Mittelwerte, sowie die Standardabweichung und das 95%-Konfidenz-Intervalle der analysierten Werte. Die grauen Quadrate sind die einzelnen Messpunkte. In grünen Buchstaben ist das Ergebnis des ANOVA Verfahrens ersichtlich. Behandlungen, die sich einen Buchstaben teilen, haben keinen signifikanten Unterschied zueinander.

3.5 Kohlenstoff zu Stickstoff Verhältnis

Die statistische Auswertung des C/N Verhältnis ergab keine signifikanten Unterschiede zwischen den Behandlungen. Dies ist in Abbildung 8 ersichtlich. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf nicht normalverteilte Daten hin. Dies bestätigte der Shapiro-Wilk Test ($p < 0.035$), der signifikant ist. Der Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.343$) war jedoch nicht signifikant. Das Kruskal-Wallis Verfahren wurde durchgeführt, war aber nicht signifikant ($p < 0.051$). Unterschiede wurden in keinem der Vergleiche der Behandlungen gefunden. Deswegen ist in Abbildung 8 auch überall derselbe Buchstabe in grüner Farbe ersichtlich. Trotzdem besitzt die Referenz mit 10.63 das weiteste C/N Verhältnis. Die Behandlung K1V0 hat ein C/N Verhältnis von 5.93 und ist das engste gemessene Verhältnis. K0V0 hat ein Verhältnis von 8.02, K1V1 von 7.27, K3V0 von 7.28 und K3V1 von 7.67. Auch hier besitzt die Behandlung K0V0, die ohne Bodenverbesserer auskam, ein weiteres C/N Verhältnis als die Behandlung K3V1, welche am meisten Applikationen von Bodenverbesserer beinhaltet.

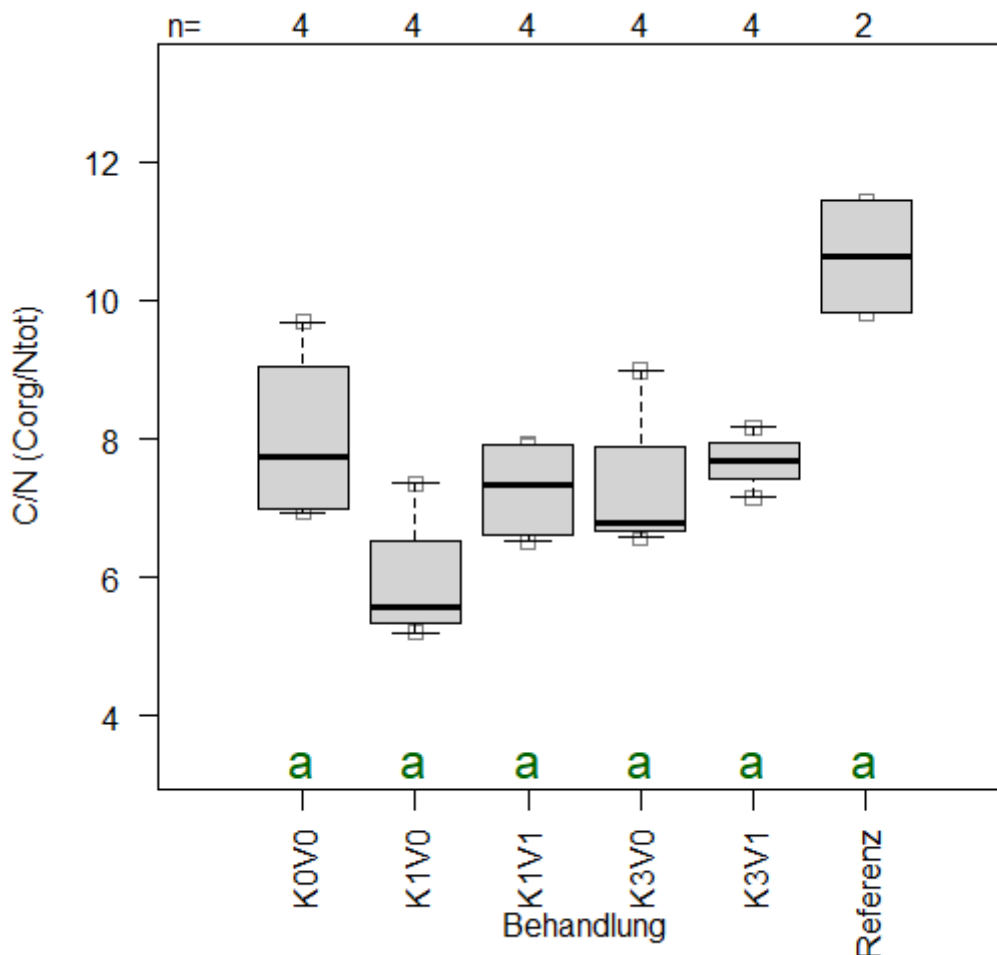


Abbildung 8 Boxplot des C/N Verhältnisses nach unterschiedlicher Behandlung. In grünen Buchstaben das Ergebnis des Kruskal-Wallis Verfahrens. Behandlungen, die sich einen Buchstaben teilen, haben keinen signifikanten Unterschied zueinander.

3.6 pH-Wert

Signifikante Unterschiede im pH-Wert wurden zwischen den Plots auf der umgegrabenen Fläche und den Referenzflächen entdeckt. In Abbildung 9 wird die pH Messung visualisiert. Die visuelle Analyse über QQPlots deutet auf normalverteilte Daten hin. Dies bestätigt der Shapiro-Wilk ($p < 0.644$) und der Kolmogorov-Smirnoff Test ($p < 0.966$), welche beide nicht signifikant waren. Auch der Bartlett Test war nicht signifikant ($p < 0.228$). Dies lässt auf homogene Varianzen schliessen, welche die Möglichkeit ergaben das ANOVA Verfahren durchzuführen. Dieses zeigt einen signifikanten Unterschied ($p < 0.00061$).

Keine signifikanten Unterschiede ergaben sich jedoch zwischen den Teilflächen im umgegrabene Perimeter, aufgeteilt nach Behandlungen und den nicht umgegrabene Flächen, welche als Referenzen dienten. Die Referenzfläche hatte im Mittelwert einen pH von 5.3 und war somit der tiefste gemessene pH-Wert. Die Flächen, die nicht behandelt wurden, aber im umgegrabene Perimeter liegen (K0V0), besaßen einen pH von 6.4 im Mittelwert. Die Behandlung K1V0 hatte im Mittelwert einen pH von 6.7. Die Plots mit der Behandlung K1V1 ergaben einen Wert von 6.2 im Mittelwert. Dieser Wert war nach demjenigen der Referenz der zweittiefste. Bei der Behandlung K3V0 herrscht im Mittelwert ein pH von 6.5 und die Flächen, welche zu K3V1 gehören, hatten im Mittelwert einen pH-Wert von 6.5.

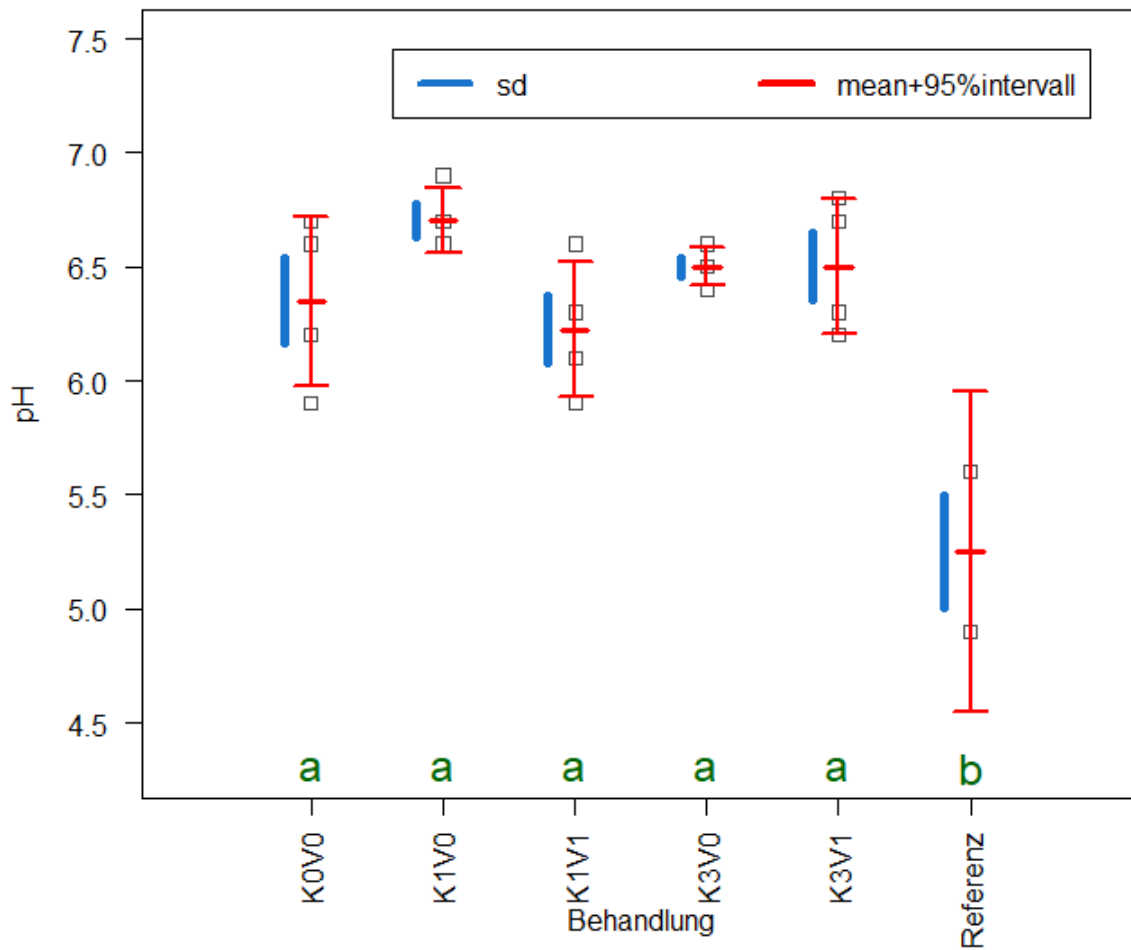


Abbildung 9: Boxplot des pH-Werts nach unterschiedlicher Behandlung. Dargestellt sind die Mittelwerte, sowie die Standardabweichung und das 95%-Konfidenz-Intervalle der analysierten Werte. Die grauen Quadrate sind die einzelnen Messpunkte. In grünen Buchstaben ist das Ergebnis des ANOVA Verfahrens ersichtlich. Behandlungen, die sich einen Buchstaben teilen, haben keinen signifikanten Unterschied zueinander.

3.7 Körnung

In Tabelle 4 sind die Ergebnisse der Körnungsanalyse aufgelistet. Die Körnungsklassen bewegen sich von Lehm über tonigen Lehm bis zu lehmigem Ton. Am häufigsten wurde die Klassen «Lehm» bestimmt.

Tabelle 4 Auflistung der Feinerdekörnung. Es wurde jeweils der Mittelwert (Mean), sowie die Standardabweichung (Sd) der fünf Behandlungen und der Referenz berechnet. Die Mittelwerte sind prozentuale Werte. Pro Behandlung ergeben die Mittelwerte von Sand, Schluff und Ton aufsummiert 100%.

Behandlung	Sand (%)		Schluff (%)		Ton (%)		Körnungsklasse
	Mean	Sd	Mean	Sd	Mean	Sd	
K0V0	26.27	5.00	41.71	7.05	32.01	7.72	Toniger Lehm
K1V0	35.24	5.46	41.27	2.47	23.49	3.82	Lehm
K1V1	26.45	4.43	39.53	3.67	34.02	6.19	toniger Lehm
K3V0	25.72	5.60	45.62	12.66	28.66	14.12	Lehm
K3V1	34.09	4.57	37.75	2.50	28.17	3.51	Lehm
Referenz	15.32	4.33	33.30	4.26	51.38	8.59	Lehmiger Ton

4 Diskussion

Die Bauarbeiten führten zu einer Abnahme des mikrobiellen Biomasse-Kohlenstoffgehalts (C_{mic}). Der C_{mic} -Gehalt war bei der Referenzfläche, die nicht umgegraben wurde, mit 4042.73 mg C_{mic} /kg TS rund viermal höher als auf den umgegrabenen Flächen auch nach dem diese behandelt wurden. Dieser Unterschied war signifikant. Die verschiedenen Behandlungen haben also zu keiner Erhöhung des C_{mic} -Gehalts geführt. Auf der umgegrabenen Fläche hat die Behandlung K0V0, bei der kein Bodenverbesserer zum Einsatz kam, mit 976.88 mg C_{mic} /kg TS sogar einen höheren C_{mic} -Gehalt als die Behandlung K3V1 bei der am meisten Applikationen durch Bodenverbesserer durchgeführt wurde. K3V1 hat einen C_{mic} -Gehalt von 878.29 mg C_{mic} /kg TS.

Der C_{mic} -Gehalt der nicht umgegrabenen Referenz ist mit durchschnittlich 4043 mg C_{mic} /kg TS verglichen mit anderen Grasland Standorten sehr hoch. Typische Graslandstandort in der Schweiz besitzen einen C_{mic} -Gehalt zwischen 1407 und 3001 mg C_{mic} /kg TS. Der Mittelwert liegt bei 2171 mg C_{mic} /kg TS (Oberholzer & Scheid, 2007). Diese Untersuchungen wurden aber auf Standorten zwischen 431 und 1220 m. ü. M. gemacht. Der Versuchstandort von dieser Arbeit liegt auf 2100 m. ü. M. Mit durchschnittlich 954 mg C_{mic} /kg TS liegt der C_{mic} -Gehalt auf den umgegrabenen Flächen in diesem Versuch auf einem Niveau von typischen Schweizer Ackerbau Standorten. Diese besitzen nämlich einen C_{mic} -Gehalt von 269 bis 1254 mg C_{mic} /kg TS oder im Mittelwert 613 mg C_{mic} /kg TS. Aber auch diese untersuchten Ackerbaustandorte liegen auf nur 324-998 m. ü. M. (Oberholzer & Scheid, 2007). In einer weiteren Studie wurden 16 Grasland Standorte in Göttingen, Deutschland auf ihren C_{mic} -Gehalt untersucht (Djajakirana et al., 1996). Dort wurde ein mittlerer C_{mic} -Gehalt von 900 mg C_{mic} /kg TS festgestellt. Dieser C_{mic} -Gehalt wurde auch über die «Chloroform-Fumigation-Extraktionsmethode» analysiert. Göttingen liegt zwar nördlicher als die Versuchsfläche in Parsenn, Davos, dafür aber nur auf 150 m. ü. M. In einem weiteren Versuch wurden Böden aus verschiedenen Ländern in Europa verglichen (Ekschmitt et al., 1999). Die Grasland Standorte in diesem Versuch auf mineralischen Böden bewegen sich zwischen einem C_{mic} -Gehalt von 660 mg C_{mic} /kg TS (in den Niederlanden) über 730 (in Griechenland und Ungarn) bis 800 mg C_{mic} /kg TS (in Deutschland). Aus Grossbritannien und Schweden wurden leider nur Heide und Tundra auf organischen Böden untersucht. Diese haben einen C_{mic} -Gehalt von 4640 mg C_{mic} /kg TS (in Grossbritannien) respektive 39'100 mg C_{mic} /kg TS (in Schweden). Somit sind die C_{mic} -Gehalte nur bedingt mit den Werten der Versuchsfläche in Davos vergleichbar. Im Versuch von Ekschmitt et al. (1999) wurde der C_{mic} -Gehalt ausserdem mit der Methode «Substratinduzierte Respiration (SIR)», anstatt der «Chloroform-Fumigation-Extraktionsmethode (CFE)» analysiert. Anderson & Joergensen (1997) haben diese beiden Methoden in einem anderen Versuch anhand von 40 Waldböden verglichen. Diese Untersuchung hat ergeben, dass die

beiden Methoden stark korrelieren und der C_{mic} -Gehalt über folgende Funktion umgerechnet werden kann: $C_{mic} CFE = 0.75 * C_{mic} SIR$.

In einem weiteren Versuch am Darin Lake, im Nordwesten Kanadas wurden in einer arktischen Tundra Landschaft der C_{mic} -Gehalt von Böden in einer trockenen Heidelandschaft gemessen (Chu & Grogan, 2010). Es wurden 8600 mg C_{mic}/kg TS gemessen. Dieser Wert ist mehr als doppelt so hoch, wie auf derjenige der Referenzfläche in diesem Versuch in Davos.

Diese Versuche liegen in unterschiedlichen klimatischen Zonen. Somit könnte das Klima einen Einfluss auf den C_{mic} -Gehalt haben. Diese These wird durch die Studie von Insam H. (1990) gestützt, welcher eine starke Korrelation zwischen dem C_{mic}/C_{org} Quotienten und dem Niederschlag/der Evaporation entdeckt hat. Dafür war der Einfluss von pH, Stickstoff und Ton in dieser Studie klein.

Die Referenz unterschied sich im C_{org} -Gehalt signifikant von den Flächen im umgegrabenen Perimeter. Auf dieser wurde ein C_{org} -Gehalt von 12.86% gemessen. Dies ist das Dreifache verglichen mit der Behandlung K0V0 im umgegrabenen Perimeter. Diese besitzt nämlich nur einen C_{org} -Gehalt von 4.3%. Innerhalb der umgegrabenen Flächen wurden zwischen den Behandlungen keine signifikanten Unterschiede entdeckt. K1V0 hat einen C_{org} -Gehalt 2.7% und was den tiefsten Gehalt aller Behandlungen entspricht. K1V1 ergab einen C_{org} -Gehalt 4.27% und K3V0 von 4.82%. K0V0 übertrifft den C_{org} -Gehalt von K3V1, bei welchem er nur bei 3.57% liegt, obwohl bei K3V1 am meisten zusätzlichen organischen Kohlenstoff über die Applikationen der Bodenverbesserer eingebracht wurde und bei K0V0 gar keinen.

Beim N_{tot} -Gehalt wurden überhaupt keine signifikanten Unterschiede festgestellt. Dazu muss aber gesagt werden, dass beim N_{tot} -Gehalt zur statistischen Auswertung das Kruskal Wallis Verfahren angewendet wurde und dies ein Grund für die nicht signifikanten Unterschiede sein könnte. Dieses Verfahren hat eine tiefere Teststärke als das ANOVA Verfahren. Grund dafür, wieso nicht überall das ANOVA Verfahren angewendet wurde, ist, dass die Daten des N_{tot} -Gehalts nicht normalverteilt waren. Auch hier hat die Referenzfläche den höchsten Gehalt ergeben, nämlich 1.2% N_{tot} . An zweiter Stelle folgt K3V0 mit 0.66%. Der N_{tot} -Gehalt von K1V1 liegt bei 0.6%, derjenige von K0V0 bei 0.54% und derjenige von K3V1 bei 0.46%. Der tiefste N_{tot} -Gehalt wurde bei K1V0 mit 0.45% gemessen.

Es wurden keine signifikanten Unterschiede der C_{mic}/C_{org} Quotienten zwischen den unterschiedlichen Behandlungen gefunden. Auch die Referenz unterschied sich nicht signifikant von den Behandlungen auf der umgegrabenen Fläche.

Der grösste C_{mic}/C_{org} Quotient besitzt die Referenzfläche mit 32.08 mg $C_{mic}/g C_{org}$. Die Behandlung K3V0 hat ein C_{mic}/C_{org} von 22.65 mg $C_{mic}/g C_{org}$ und ist der tiefste ermittelte Wert. Die Behandlung K0V0, besitzt einen höheren C_{mic}/C_{org} Wert als die Behandlung K3V0, obwohl

bei der Behandlung K3V0 drei Kompostteeapplikationen erfolgten. Dafür hat K3V1 einen höheren C_{mic}/C_{org} Wert als K0V0. Typische Graslandstandorte in der Schweiz zwischen 431 und 1220 m. ü. M. besitzen einen C_{mic}/C_{org} Quotienten zwischen 17.67 und 47.73 mg $C_{mic}/g C_{org}$ mit einem Mittelwert von 31.11 mg $C_{mic}/g C_{org}$ (Oberholzer & Scheid, 2007).

Beim C/N Verhältnis konnten überhaupt keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden. Auch hier wurde zur statistischen Auswertung das Kruskal Wallis Verfahren angewendet und dies könnte ein Grund für die nicht signifikanten Unterschiede sein. Dieses Verfahren hat eine tiefere Teststärke als das ANOVA Verfahren. Grund dafür, wieso nicht überall das ANOVA Verfahren angewendet wurde, ist, dass die Daten des C/N Verhältnis nicht normalverteilt waren.

Das weiteste C/N Verhältnis besitzt die Referenz mit 10.63, gefolgt von der Behandlung K0V0 mit 8.02. K3V1 hat mit 7.67 nur ein minimal engeres C/N Verhältnis wie K0V0. K1V0 hat mit 5.93 das engste C/N Verhältnis. K1V1 mit einem C/N Verhältnis von 7.27 und K3V0 mit 7.28 haben ein etwas weiteres C/N Verhältnis als K1V0.

Grundsätzlich ist in diesen Proben das C/N Verhältnis eng (Referenz) bis sehr eng (restliche Behandlungen). Somit deutet das C/N Verhältnis in allen Behandlungen auf eine hohe Mineralisierungsrate hin (WSL, o. J.). Diese C/N Verhältnisse lassen zudem auf die Humusform Mull schliessen und somit auf günstige Abbaubedingungen des oberirdischen Streus (Stahr et al., 2012). Dies deckt sich mit den Bohrkernen, bei welchen die gleiche Humusform visuell bestimmt wurde. In einem 1.7km entfernten Versuch am Totalhorn wurde im Oberboden ein C/N Verhältnis von 17-21 gemessen (Gasser, 1990). In einem Versuch von Chu & Grogan (2010) am Darin Lake, im Nordwesten Kanadas wurde in einer arktischen Tundra Landschaft sogar ein C/N Verhältnis von 31 gefunden. Im Vergleich mit diesen beiden vergleichbaren Studien ist das C/N Verhältnis selbst auf der Referenz viel enger.

Der pH-Wert der nicht umgegrabenen Referenz ist mit 5.3 signifikant tiefer als auf der umgegrabenen Fläche (Mittelwert 6.5). Der höhere pH-Wert auf der umgegrabenen Fläche könnte damit zusammenhängen, dass bei den Bauarbeiten Boden vermischt worden ist und somit Schichten von weiter unten an die Oberfläche gelangt sind. Da der Untergrund im Versuchsgebiet aus Moräne von Sedimentgestein besteht (map.geo.admin.ch, o. J.), wird der C Horizont im Boden kalkhaltig sein. Dadurch hat dieser einen höheren pH. Eventuell wurden während den Bauarbeiten die verschiedenen Bodenhorizonte durchmischt und dann die entstandene Grube mit diesem Material wieder aufgefüllt. Auf der umgegrabenen Fläche haben die verschiedenen Behandlungen zu keinem signifikant höheren pH-Wert geführt, wenn z.B. Komposttee angewendet wurde. Dies deckt sich auch mit der Literatur, bei der Komposttee keine Erhöhung des pH-Wertes zugesprochen wird (Hargreaves et al., 2009). Zum Einfluss von Verdyol auf den pH-Wert der Bodenlösung wurden keine Studien gefunden.

Die pH-Werte auf der umgegrabenen Fläche bewegen sich zwischen 6.2 (K1V1) und 6.7 (K1V0). Der typische pH-Wert von Schweizer Boden auf Grasland Standorten bewegt sich zwischen 5.1-6.1 (Oberholzer & Scheid, 2007). Nach Domsch (1992) nimmt die mikrobielle Biomasse mit höher werdendem pH zu. Dies konnte im Versuch nicht beobachtet werden.

Der höchste Tongehalt besitzt die Referenz. Dieser liegt bei 51.38%, deswegen wurde ihr die Körnungsklasse «Lehmiger Ton» zugeordnet. K0V0 und K1V1 ergaben die Körnungsklasse «toniger Lehm». Grund dafür war der Tongehalt von 32.01% (K0V0) resp. 34.02% (K1V1) und ein Schluffanteil, welcher sich wie bei allen Behandlungen unter 50% befindet. Die restlichen drei Behandlungen wurden als «Lehm» bestimmt. K1V0 besitzt einen Tongehalt von 23.49%, K3V0 von 28.66% und K3V1 von 28.17%. Zudem befindet sich der grösste Anteil der mikrobiellen Biomasse in der Schluff-Ton-Fraktion (Kanazawa & Filip, 1986). K1V0 besitzt den höchsten Sandanteil (35.24%) und somit auch am wenigsten Schluff und Ton. Diese Behandlung hat mit 663.13 mg C_{mic} /kg TS auch den tiefsten C_{mic} -Gehalt. Die Feinerdekörnung der Referenz besteht aus dem kleinsten Sandanteil (15.32%). Diese besitzt dafür den höchsten C_{mic} -Gehalt von 4042.73 mg C_{mic} /kg TS. In einer Studie von Lynch & Panting (1980) wurde in Tonböden eine knapp zehnmal so hohe mikrobielle Biomasse gemessen wie in einem schluffigen Lehm. Zwischen der Behandlung K1V0 und der Referenz beträgt der Unterschied nur das sechsfache. Es wurde aber auch ein Lehm mit einem lehmigen Ton verglichen.

5 Schlussfolgerungen und Ausblick

Es wurde kein Einfluss von Komposttee auf den C_{mic} -, C_{tot} -, C_{org} - oder N_{tot} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic}/C_{org} Quotienten noch den pH-Wert im Boden entdeckt. Auf der umgegrabenen Fläche ergaben sich zwischen Behandlungen mit Komposttee und ohne Komposttee keine signifikanten Unterschiede.

Auch von Komposttee in Kombination mit Verdyol konnte kein Einfluss auf den C_{mic} -, C_{tot} -, C_{org} - oder N_{tot} -Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic}/C_{org} Quotienten oder den pH-Wert im Boden festgestellt werden. Auf der umgegrabenen Fläche ergaben sich zwischen Behandlungen mit einer Kombination aus Komposttee und Verdyol verglichen mit Behandlungen bei denen gar kein Bodenverbesserer angewendet wurde keine signifikanten Unterschiede.

Auf der umgegrabenen Fläche wurden zwischen den unterschiedlichen Behandlungen mit Komposttee und Verdyol ein Jahr später weder signifikante Unterschiede im C_{mic} -Gehalt, im C_{mic}/C_{org} Quotienten noch im C/N Verhältnis entdeckt.

Der C_{mic} -Gehalt ist in der Behandlung K0V0, bei der kein Bodenverbesserer zum Einsatz kam, mit 976.88 mg C_{mic} /kg TS sogar höher als auf der Behandlung K3V1, bei der am meisten Applikationen durch Bodenverbesserer durchgeführt wurden. K3V1 hat einen C_{mic} -Gehalt von 878.29 mg C_{mic} /kg TS. Auch der C_{tot} - (4.75%), C_{org} - (4.3%) und N_{tot} -Gehalt (0.54%) ist auf K0V0 höher als auf K3V1 (C_{tot} 4.38%, C_{org} 3.57%, N_{tot} 0.46%).

Das zwischen den verschiedenen Behandlungen keine signifikanten Unterschiede feststellbar waren, kann unterschiedliche Ursachen haben.

Einerseits könnte es sein, dass die Applikation oder der Herstellungsprozess des Komposttees nicht sachgemäss durchgeführt worden ist. Denn eine hohe Qualität des Komposttee ist entscheidend. Die Bedingungen im Komposttee müssen so erschaffen werden, dass die nützlichen Mikroorganismen, die nicht nützlichen verdrängen können (Ingham, 2000). Durch eine zu hohe Zugabe von Futter kann der Sauerstoffgehalt im Komposttee sinken, was das Wachstum von unnützlichen Mikroorganismen fördert (Ingham, 2000). Weiter kann der Zusatz des falschen Futtermittels während des Brauprozess dazu führen, dass im Komposttee die falschen Mikroorganismen oder das falsche Verhältnis von verschiedenen Mikroorganismen gezüchtet wird, die das Klima im subalpinen Raum nicht vertragen oder nicht zur Biologie im Boden des Versuchsgebiets passen (Ingham, 2000). Ab einer Brauzeit von mehr als vier Tagen nimmt anhand EDAPRO die mikrobielle Vielfalt im Komposttee ab. Die ideale Brauzeit des Komposttees gibt der Hersteller mit 24-48 Stunden an (EDAPRO GmbH, 2020). Diese Brauzeit wurde von Martin Hefti, der den Komposttee braute und ausbrachte, eingehalten. Anhand EDAPRO spielt auch die Wasserqualität eine Rolle. Der Hersteller empfiehlt Wasser in Trinkwasserqualität ohne Chlor, Regenwasser oder Osmosewasser für den Komposttee zu

verwenden (EDAPRO GmbH, 2020). Martin Hefti hat Wasser aus einem Bach in der Nähe des Versuchsgebiet verwendet. Ob dieser Bach der empfohlenen Wasserqualität von EDAPRO entspricht, wurde nicht weiter untersucht. Um direkte Sonneneinstrahlung und Verdunstung des Komposttees zu vermeiden, hat Martin Hefti den Bodenverbesserer am Abend appliziert. Dies wird vom Hersteller so empfohlen. Der Komposttee sollte auch nicht bei Regen, an sehr heißen Tagen oder bei starkem Wind appliziert werden (EDAPRO GmbH, 2020). Weiter ist nach EDAPRO der Komposttee nach dem Brauvorgang maximal vier Stunden haltbar. Martin Hefti hat genaue Angaben gemacht, wann der Komposttee fertig gebraut war. Dies war jeweils zwischen 18-20 Uhr. Zur Applikation hat Martin Hefti geschrieben, dass diese abends geschah. Es wird davon ausgegangen, dass diese Anwendung des Komposttee noch am gleichen Abend und innerhalb von vier Stunden nach dem Brauende des Komposttees durchgeführt wurde. Da diese Tätigkeiten ein Jahr vor dem Start dieses Versuchs und von Dritten durchgeführt wurden, konnte nicht allen möglichen Fehlern nachgegangen oder ausgeschlossen werden. Bei einem weiterführenden Versuch, wäre es sinnvoll den gebrauten Komposttee auf seine Funktionalität und das richtige Verhältnis von Mikroorganismen zu testen, bevor er ausgebracht wird. Gleiches gilt für die Applikation des Bodenverbesserers Verdyol. Da der Hersteller Schutzfilisur das Verdyol eigenhändig produziert hat, wird davon ausgegangen, dass die Wahrscheinlichkeit eines Fehlers in der Herstellung dieses Bodenverbessers minimal ist. Zu guter Letzt könnten auch während der Probenahme oder den Laboranalysen Fehler aufgetreten sein. Durch mehrfache Wiederholungen und Kontrollproben, die in den jeweiligen Geräten mitgemessen wurden, kann diese Irrtumswahrscheinlichkeit aber auf ein Minimum reduziert werden.

Andererseits könnte die Ursache, wieso kein signifikanter Unterschied zwischen den verschiedenen Behandlungen entdeckt wurde darin liegen, dass die Mikroorganismen zwischen der Applikation der Bodenverbesserer und der Probenahme ein Jahr später bereits abgestorben sind. Die Mikroorganismen, die durch den Komposttee dem Boden zugeführt worden sind, könnten die strengen abiotischen Faktoren, die in den Hochlagen herrschen (Bosshard et al., 2015), nicht überlebt haben. Es könnte auch sein, dass die neu eingebrachten Mikroorganismen sich mit den bereits etablierten Mikroorganismen konkurrenzieren und so sich gegenseitig eliminiert haben (Fredrickson & Stephanopoulos, 1981). Somit würde dies gegen eine nur einmalige Behandlung von Komposttee und Verdyol zur Verbesserung des Bodens im subalpinen Raum sprechen. Möglicherweise müssten diese organischen Bodenverbesserer über mehrere Jahre angewendet werden, um ein anderes Ergebnis in der Analyse dieser gemessenen Bodenparameter zu erhalten (pers. Dr. Beatrice Kulli Honauer). In einem weiteren Versuch wäre es ausserdem interessant die Mikroorganismen bis auf Artniveau zu bestimmen. Somit könnte erfasst werden, ob die etablierten Mikroorganismen die Mikroorganismen aus dem Komposttee eliminiert haben oder umgekehrt. Es wäre auch

spannend, Versuche an gestörten Böden mit Komposttee und Verdyol an verschiedenen Orten im subalpinen Raum durchzuführen. So könnte untersucht werden, ob die Körnung der Feinerde, die Bodenart oder das Ausgangsgestein einen Einfluss auf die Behandlungen haben. Auch ob klimatische Unterschiede einen Einfluss auf die Behandlungen haben, könnte in einem Versuch mit Flächen in unterschiedlichen Höhenstufen oder Klimazonen analysiert werden. Zudem wäre interessant die Interaktion zwischen Mikroorganismen und der Vegetation in Kombination mit den Behandlungen zu untersuchen.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass die Störung des Bodens durch Umgraben nachweislich einen Einfluss auf den C_{mic} -, C_{tot} - und den C_{org} -Gehalt, sowie den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum hat. Es hat sich gezeigt, dass die nicht umgegrabene Fläche (Referenz) jeweils signifikant höhere Werte als die umgegrabene Fläche (K0V0) hat. Keine signifikanten Unterschiede hat die Auswertung des N_{tot} -Gehalts, des C/N Verhältnisses und des C_{mic}/C_{org} Quotienten zwischen K0V0 und der Referenz ergeben. Trotzdem kann gesagt werden, dass die Bauarbeiten zur Abnahme der mikrobiellen Biomasse-Kohlenstoff führten. Der C_{mic} -Gehalt war bei der Referenz nämlich, mit 4042.73 mg C_{mic}/kg TS, rund viermal höher als in der Behandlung K0V0 mit 976.88 mg C_{mic}/kg TS. Der Grund dieses Unterschieds könnte sein, dass sich der Boden seit der Störung durch die Bauarbeiten vor einem Jahr nicht erholt hat. Die Multifunktionalität des Bodens auf der gestörten Fläche ist immer noch beeinträchtigt. Dadurch könnte diese Bodenstörung in diesem Perimeter einen grossen Einfluss, auf die sonst hohe Artenvielfalt in den Alpen, haben.

Literaturverzeichnis

- Anderson, T.-H., & Domsch, K. H. (1989). Ratios of microbial biomass carbon to total organic carbon in arable soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 21(4), 471–479. [https://doi.org/10.1016/0038-0717\(89\)90117-X](https://doi.org/10.1016/0038-0717(89)90117-X)
- Anderson, T.-H., & Joergensen, R. G. (1997). Relationship between SIR and FE estimates of microbial biomass C in deciduous forest soils at different pH. *Soil Biology and Biochemistry*, 29(7), 1033–1042. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(97\)00011-4](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(97)00011-4)
- ART, & ACW. (2008a). *Schweizerische Referenzmethoden der Forschungsanstalten Agroscope, Band 1, E1.056.d, Methode KOM, Version 2008*.
- ART, & ACW. (2008b). *Schweizerische Referenzmethoden der Forschungsanstalten Agroscope, Band 2, E2.056.d, Methode pH-C, Version 2008*.
- BAFU, B. für U. (2010). *Faktenblatt: Zustand der Ökosysteme in der Schweiz*. <https://www.google.com/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&ved=2ahUKEwjjsylwur0AhURhP0HHcnKB1gQFnoECBQQAQ&url=https%3A%2F%2Fwww.news.admin.ch%2Fnewsd%2Fmessage%2Fattachments%2F20682.pdf&usg=AOvVaw0V SJoJRKI91yHDVhFVrosW>
- BGS, B. G. der S. (1992). *KLASSIFIKATION DER BÖDEN DER SCHWEIZ (KLABS)*.
- Bosshard, A., Mayer, P., & Mosimann, A. (2015). *Leitfaden für naturgemässe Begrünungen in der Schweiz*. Ö+L Ökologie und Landschaft GmbH. https://www.google.com/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&ved=2ahUKEwjisveC2fD0AhX0_rsIHQVrCRYQFnoECAQQAQ&url=https%3A%2F%2Fwww.infoflora.ch%2Fde%2Fassets%2Fcontent%2Fdocuments%2Frecommendations_pltes_sauvages_D_F%2FLeitfaden_naturgem_Begrueunungen_final.pdf&usg=AOvVaw1JLRWfv AQBSaiJVuoWMATP
- Chu, H., & Grogan, P. (2010). Soil microbial biomass, nutrient availability and nitrogen mineralization potential among vegetation-types in a low arctic tundra landscape. *Plant and Soil*, 329(1), 411–420. <https://doi.org/10.1007/s11104-009-0167-y>

- DIN EN 1484. (1997). *DIN EN 1484—Wasseranalytik – Anleitung zur Bestimmung des gesamten organischen Kohlenstoffes (TOC) und des gelösten organischen Kohlenstoffes (DOC)*.
- Djajakirana, G., Joergensen, R. G., & Meyer, B. (1996). Ergosterol and microbial biomass relationship in soil. *Biology and Fertility of Soils*, 22(4), 299–304.
<https://doi.org/10.1007/BF00334573>
- Domsch, K. H. (1992). Pestizide im Boden—Mikrobieller Abbau und Nebenwirkungen auf Mikroorganismen. VCH Weinheim, 574 S., 34 Abb. Und 16 Tab.; geb. DM 225,— ISBN 3-527-28431-1. *Zeitschrift Für Pflanzenernährung Und Bodenkunde*, 156(1), 99–99.
<https://doi.org/10.1002/jpln.19931560124>
- EDA, P. S. – P. (2021). *Geografie – Fakten und Zahlen*.
<https://www.eda.admin.ch/aboutswitzerland/de/home/umwelt/geografie/geografie---fakten-und-zahlen.html>
- EDAPRO GmbH. (2020). *Betriebsanleitung Brausysteme EdaLife V60 / V120 / V200 / V400*. (2020).
- Ekschmitt, K., Bakonyi, G., Bongers, M., Bongers, T., Boström, S., Dogan, H., Harrison, A., Kallimanis, A., Nagy, P., O'Donnell, A. G., Sohlenius, B., Stamou, G. P., & Wolters, V. (1999). Effects of the nematofauna on microbial energy and matter transformation rates in European grassland soils. *Plant and Soil*, 212(1), 45–61.
<https://doi.org/10.1023/A:1004682620283>
- FIBL/AF. (1996). *Referenzmethoden der Eidg. Landwirtschaftlichen Forschungsanstalten; Band 2: Bodenuntersuchungen zur Standort-Charakterisierung; Bestimmung der maximalen Wasserhaltekapazität*.
- Fredrickson, A. G., & Stephanopoulos, G. (1981). Microbial Competition. *Science*, 213(4511), 972–979. <https://doi.org/10.1126/science.7268409>
- Gasser, U. G. (1990). *Die Böden am östlichen Abhang des Totalphorns (Davos, Schweiz) unter besonderer Berücksichtigung der Verlagerung von Chrom und Nickel: Mit einem*

- Beitrag zur Synthese von chromhaltigen Eisenoxiden* (S. 197 S.) [ETH Zurich; Application/pdf]. <https://doi.org/10.3929/ETHZ-A-000599565>
- Gisi, U. (Hrsg.). (1997). *Bodenökologie: 51 Tabellen* (2., neu bearb. und erw. Aufl). Thieme.
- Hargreaves, J. C., Adl, M. S., & Warman, P. R. (2009). Are compost teas an effective nutrient amendment in the cultivation of strawberries? Soil and plant tissue effects. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 89(3), 390–397. <https://doi.org/10.1002/jsfa.3456>
- Hefti, M. (2021). *Wie lassen sich alpine Rohböden schneller begrünen – ein Versuch über den Boden*. In *Bachelorarbeit, ZHAW, unveröffentlicht*. Institut für Umwelt und natürliche Ressourcen ZHAW Departement Life Sciences und Facility Management Grüentalstrasse 14, Postfach 8820 Wädenswil.
- Ingham, E. R. (2000). *The Compost Tea Brewing Manual: Fifth Edition*. Soil Foodweb Incorporated.
https://www.google.com/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&ved=2ahUKEwjh-8nYg_D0AhW0gv0HHSgqBZkQFnoECBoQAQ&url=https%3A%2F%2Fforum.lepeuplier.ca%2Fuploads%2Fdefault%2Foriginal%2F1X%2Ff0bada96cecaa70408f5f4b11abeb64b163be032.pdf&usg=AOvVaw0j561NhdmHraMgOeM7HwgO
- Insam, H. (1990). Are the soil microbial biomass and basal respiration governed by the climatic regime? *Soil Biology and Biochemistry*, 22(4), 525–532. [https://doi.org/10.1016/0038-0717\(90\)90189-7](https://doi.org/10.1016/0038-0717(90)90189-7)
- Kanazawa, S., & Filip, Z. (1986). Distribution of microorganisms, total biomass, and enzyme activities in different particles of brown soil. *Microbial Ecology*, 12(2), 205–215. <https://doi.org/10.1007/BF02011205>
- Kauf, P. (2016). *Journal of Cat Science, Volume 26, Modul Datenanalyse*.
- Kuhn, A. (2014). *Bestimmung der mikrobiellen Biomasse*. FIBL Analyselabor.
- Lamprecht, M., Bürgi, R., & Stamm, H. (2020). *Sport Schweiz 2020: Sportaktivität und Sportinteresse der Schweizer Bevölkerung*. Magglingen: Bundesamt für Sport BASPO.

- Lynch, J. M., & Panting, L. N. (1980). *Variations in the size of soil mbiomass. In: Soil Biology and Biochemistry, 12, S. 547-550.*
- map.geo.admin.ch. (o. J.). *Swiss Geoportal. geo.admin.ch.* Abgerufen 31. Oktober 2020, von <https://map.geo.admin.ch>
- Maurer, C., Müller, D., Lafranchi, M., Weisskopf, P., Oberholzer, H., & Walder, F. (2020). *Mikrobiologische Parameter in der Kantonalen Bodenbeobachtung—Eine Synthese.* <https://doi.org/10.34776/AFS11-147>
- Oberholzer, H.-R., & Scheid, S. (2007). *Bodenmikrobiologische Kennwerte: Erfassung des Zustands landwirtschaftlicher Böden im NABO-Referenzmessnetz anhand biologischer Parameter (NABObio).* BAFU. https://www.google.com/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&cad=rja&uact=8&ved=2ahUKEwjnxMuG8_T0AhW28rsIHRU6CNkQFnoECAMQAQ&url=https%3A%2F%2Fwww.bafu.admin.ch%2Fdam%2Fbafu%2Fde%2Fdokumente%2Fboden%2Fuw-umwelt-wissen%2Fbodenmikrobiologischekennwerteerfassungdeszustandslandwirtschaft.pdf.download.pdf%2Fbodenmikrobiologischekennwerteerfassungdeszustandslandwirtschaft.pdf&usg=AOvVaw2nE03vkZ0xmo6kcMsFTltj
- Peratoner, G. (2006). *Extreme sites and their restoration requirements in Arctic-Alpine climatic regions.* In: Krautzer B., Hacker E. (Hg.): *Soil-Bioengineering: Ecological restoration with native plant and seed material.* Tagung 5.-9. September 2006, HBLFA Raumberg-Gumpenstein, S. 37–42.
- Peters, M., Edelkraut, K., & Schenider, M. (2019). *Richtlinien Hochlagenbegrünung. Ingenieurbiologie.*
- Rixen, C., & Müller, U. (o. J.). *Hochlagenbegrünung: Nachhaltige Begrünung oberhalb der Waldgrenze nicht möglich?* http://www.ingenieurbiologie.ch/data/free_docs
- Scheffer, F., & Schachtschabel, P. (1992). *Lehrbuch der Bodenkunde: 102 Tabellen* (13., durchges. Aufl). Enke.

Schlegel, H. G., & Zaborosch, C. (1992). *Allgemeine Mikrobiologie: 41 Tabellen* (7., überarb. Aufl). Thieme.

Schutz Filisur Samen und Pflanzen AG. (o. J.). *Samen Pflanzen | Semi piante | Semences plantes | Seeds plants |. Produktinformation.*

Stahr, K., Kandeler, E., Herrmann, L., & Streck, T. (Hrsg.). (2012). *Bodenkunde und Standortlehre: 42 Tabellen; [Grundwissen Bachelor]* (2., korr. Aufl). Ulmer.

Trolldenier, G. (1971). Bodenbiologie. Die Bodenorganismen im Haushalt der Natur. *Zeitschrift Für Pflanzenernährung Und Bodenkunde*, 130(2), 161–162.
<https://doi.org/10.1002/jpln.19711300210>

TruSpec CHN. (2011). *Bedienungsanleitung TruSpec CHN; Instruction Manual; Version 2.5x; Part Number 200-290.* Leco.

Walthert, Scherler, Stähli, Huber, Baltensweiler, Ramirez-Lopez, & Papritz. (2015). *Böden und Wasserhaushalt von Wäldern und Waldstandorten der Schweiz unter heutigem und zukünftigem Klima (BOWA-CH)*. Eidg. Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL.

https://www.google.com/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=&ved=2ahUKEwjuzfWogfP0AhXbgP0HHf1yCYYQFnoECAUQAQ&url=https%3A%2F%2Fwww.dora.lib4ri.ch%2Fwsl%2Fislandora%2Fobject%2Fwsl%253A16568%2Fdatastream%2FPDF%2FWalthert-2015-B%25C3%25B6den_und_Wasserhaushalt_von_W%25C3%25A4ldern-%2528published_version%2529.pdf&usg=AOvVaw1XakN4_e0Ygh8gMmJcmHVz

WSL. (o. J.). *Humusformen, Hydromorphie, Säurezustand, Kalk und Nährstoffe— Interpretation.*

https://www.wsl.ch/forest/soil/products/zeiger/interpretation/kap2_intbod.php

Anhang

Anhang A Übersicht der Ergebnisse aus den Laborauswertungen

Anhang B Poster

Anhang C R-Skript der statistischen Auswertung

Anhang D Eigenständigkeitserklärung

Anhang A Übersicht der Ergebnisse aus den Laborauswertungen

Plot	C _{mic} (mg C _{mic} / kg TS)	C _{tot} (Gew.%)	C _{org} (Gew.%)	N _{tot} (Gew. %)	C/N (C _{org} / N _{tot})	C _{mic} / C _{org} (mg C _{mic} / g C _{org})	pH	Sand (Gew.%)	Schluff (Gew.%)	Ton (Gew.%)
K0V0-1	921.26	5.78	5.36	0.64	8.42	17.18	6.6	26.93	45.92	27.15
K0V0-2	1070.70	4.66	4.29	0.62	6.94	24.96	5.9	21.82	48.85	29.33
K0V0-3	1056.72	4.51	4.31	0.44	9.69	24.52	6.2	23.30	33.19	43.52
K0V0-4	858.85	4.05	3.23	0.46	7.03	26.62	6.7	33.05	38.90	28.05
K1V0-1	803.25	4.38	3.41	0.62	5.49	23.56	6.6	30.86	41.43	27.70
K1V0-2	951.21	3.90	3.44	0.47	7.35	27.64	6.6	30.28	44.05	25.67
K1V0-3	438.19	3.19	2.07	0.36	5.67	21.21	6.9	40.95	38.04	21.01
K1V0-4	459.86	2.99	1.87	0.36	5.19	24.59	6.7	38.85	41.55	19.59
K1V1-1	767.96	4.66	3.86	0.49	7.92	19.92	6.1	31.98	37.85	30.17
K1V1-2	854.84	4.01	3.32	0.49	6.73	25.74	6.3	27.10	40.75	32.15
K1V1-3	1736.21	5.59	5.45	0.84	6.51	31.86	6.6	21.27	35.52	43.21
K1V1-4	1428.65	4.84	4.47	0.57	7.91	31.94	5.9	25.45	44.01	30.54
K3V0-1	1154.89	6.27	6.11	0.68	8.98	18.90	6.5	22.84	32.77	44.39
K3V0-2	695.99	4.17	3.51	0.53	6.57	19.83	6.6	25.72	62.97	11.30
K3V0-3	1142.52	4.34	3.63	0.54	6.74	31.45	6.5	33.55	41.90	24.55
K3V0-4	1233.40	6.12	6.04	0.89	6.81	20.43	6.4	20.77	44.83	34.40
K3V1-1	759.96	5.03	3.73	0.46	8.16	20.35	6.2	38.47	36.83	24.70
K3V1-2	930.20	4.55	3.99	0.52	7.67	23.33	6.7	27.66	40.26	32.08
K3V1-3	773.45	3.73	3.12	0.44	7.15	24.82	6.3	35.20	34.68	30.12
K3V1-4	1049.55	4.20	3.43	0.44	7.70	30.64	6.8	35.01	39.22	25.77
Referenz 1	3960.12	11.00	10.91	1.11	9.82	36.31	4.9	18.38	36.31	45.30
Referenz 2	4125.34	14.85	14.82	1.30	11.44	27.84	5.6	12.26	30.29	57.45

Anhang B Poster

Wiederherstellung von Böden im subalpinen Raum - welcher Einfluss haben Bodenverbesserer auf die mikrobielle Biomasse?

Bachelorarbeit von Serafin Martig, 13.01.2022
 Bachelorstudiengang UI18 an der ZHAW LFSM IUNR
 Fachkorrektorinnen: Dr. Kirsten Edelkraut, Dr. Beatrice Kulli Honauer

1. Einleitung

Skifahren in den Alpen braucht Infrastruktur. Dazu zählen Quallfassungen, die gebaut werden müssen. Dies bedeutet Vegetation und Boden muss abgetragen und gestört werden. Um das Erosionsrisiko zu minimieren und die Natur zu schützen wird der Boden danach wieder begrünt (Bossard et al., 2015). In Hochlagen kann zu Hilfsstoffen, wie organische Bodenverbesserer, gegriffen werden, um den Erfolg von Begrünungen zu erhöhen (Bossard et al., 2015). Kompostee und Verdylol sind solche organische Bodenverbesserer.

2. Versuchsgebiet und Methoden

Der Versuch wurde auf gestörtem Boden im Gebiet Parsenn, Davos auf 2100 m. ü. M. angelegt. Um den Bodentyp zu bestimmen, wurde sowohl ein Bohrkern auf dem gestörten Boden als auch auf dem nicht gestörten Boden entnommen (Abb. 1&2). Es handelt sich bei beiden Bohrkernen um einen Mischgesteinsboden. Der Perimeter der gestörten Fläche misst 80m². Dieser wurde in zwanzig gleich grosse Plots unterteilt. Anschliessend wurden fünf verschiedene Behandlungen à vier Plots (Wiederholungen) mit Kompostee und Verdylol durchgeführt. Weiter wurde eine Referenz, bestehend aus zwei Plots auf nicht umgegrabenen Boden angelegt. Die Referenz wurde nicht mit Bodenverbesserer behandelt. Auf diesen Plots wurden Bodenproben entnommen und im Labor analysiert. Auf Abb. 3 ist der Probenentnahmepan ersichtlich.



Abbildung 1 Bohrkern aus gestörtem Boden (2021)



Abbildung 2 Bohrkern aus nicht gestörtem Boden (2021)

Tabelle 1 Übersicht der Ergebnisse aus der Laboranalyse. Diese Ergebnisse sind Mittelwerte der verschiedenen Plots mit der gleichen Behandlung. Die Referenz wurde ausserhalb der umgegrabenen Fläche entnommen (n=2). Die Behandlungen KOV0 bis K3V1 liegen im umgegrabenen Perimeter und bestehen jeweils aus vier Plots (n=4).

Behandlung	C _{mic} (mg C _{mic} /kg TS)	C _{tot} (Gew. %)	C _{org} (Gew. %)	N _{tot} (Gew. %)	C/N (C _{tot} /N _{tot})	C _{mic} /C _{org} (mg C _{mic} /g C _{org})	pH
KOV0	976.88	4.75	4.30	0.54	8.02	23.32	6.4
K1V0	663.13	3.61	2.70	0.45	5.93	24.25	6.7
K1V1	1196.92	4.77	4.27	0.60	7.27	27.37	6.2
K3V0	1056.70	5.22	4.82	0.66	7.28	22.65	6.5
K3V1	878.29	4.38	3.57	0.46	7.67	24.79	6.5
Referenz	4042.73	12.93	12.86	1.20	10.63	32.08	5.3

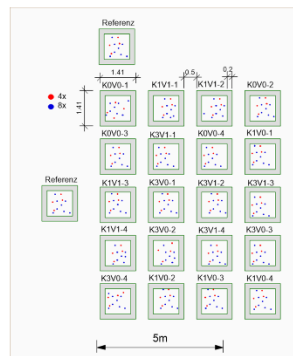


Abbildung 3 Probenentnahmepan: Pro Plot wurden zwei Mischproben entnommen, die aus acht (blau) resp. vier (rot) Teilproben zustande kamen. Sie wurden zufällig entnommen. Der graue Bereich in den Plots ist der Randbereich auf dem keine Proben entnommen wurden, um Randeinflüsse zu verhindern. Die Darstellung ist schematisch.

3. Resultate

Grundsätzlich besitzt die Referenz die höchsten gemessenen Werte resp. das weiteste Verhältnis. Beim pH-Wert ergab die Referenz den tiefsten Wert (Tab. 1).
 • Der mikrobielle Biomassa-Kohlenstoffgehalt (C_{mic}) ist auf der Referenz signifikant höher als auf KOV0 (unbehandelt aber gestörter Boden). Keine signifikanten Unterschiede wurden zwischen dem C_{mic}-Gehalt der verschiedenen Behandlungen auf der gestörten Fläche entdeckt (Abb. 4).
 • Im CN Verhältnis wurden zwischen den Behandlungen überhaupt keine signifikanten Unterschiede entdeckt.
 • Auch der C_{mic}/C_{org} Quotient ergab überhaupt keine signifikanten Unterschiede zwischen den verschiedenen Behandlungen.
 • Der pH ist auf der Referenz signifikant tiefer als auf den restlichen Behandlungen. Zwischen den Behandlungen auf dem gestörten Boden ergaben sich keine signifikanten Unterschiede.

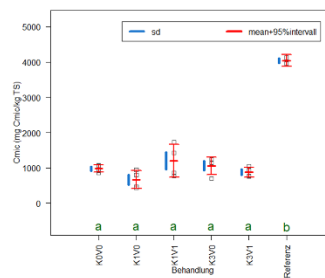


Abbildung 4 Boxplot des C_{mic} nach unterschiedlicher Behandlung. Dargestellt sind die Mittelwerte, sowie die Standardabweichung und das 95%-Konfidenzintervalle der analysierten Werte. Die grauen Quadrate sind die einzelnen Messpunkte. In grünen Buchstaben ist das Ergebnis des ANOVA Verfahrens ersichtlich. Behandlungen, die sich einen Buchstaben teilen, haben keinen signifikanten Unterschied zueinander.

Schlussfolgerung

Die Untersuchung des Bodens ergab, dass die Behandlung des Bodens mit Kompostee und Verdylol keinen Einfluss weder auf den C_{mic}, C_{tot}, C_{org} oder N_{tot}-Gehalt, das C/N Verhältnis, den C_{mic}/C_{org} Quotienten noch auf den pH-Wert im Boden hatte. Durch die nach wie vor signifikant tieferen C_{mic}, C_{tot} und C_{org}-Gehalte, sowie pH-Wertes auf der umgegrabenen Fläche, kann gesagt werden, dass die Multifunktionalität des Bodens auch im zweiten Jahr nach der Störung beeinträchtigt ist. Das könnte bedeuten, dass diese Bodenstörung in diesem Perimeter einen Einfluss hat auf die sonst sehr hohe Artenvielfalt in den Alpen.

4. Diskussion

Die Störung des Bodens durch Umgraben verringert den mikrobiellen Biomassa-Kohlenstoffgehalt (C_{mic}), den totalen Kohlenstoff (C_{tot}) und den organischen Kohlenstoffgehalt (C_{org}), sowie den pH-Wert des Bodens im subalpinen Raum. Der Unterschied zwischen gestörtem und ungestörtem Boden ist signifikant. Applikationen von organischen Bodenverbesserern, Kompostee und Verdylol führten zu keiner signifikanten Veränderung der gemessenen Werte.

Kontakt

Serafin Martig
 martise2@students.zhaw.ch

Literatur

Bossard, A., Mayer, P. & Mosimann, A. (2015). Leitfaden für naturgemässe Begrünungen in der Schweiz. C+L Ökologie und Landschaft GmbH.

Anhang C R-Skript der statistischen Auswertung

```
#### R-Skript der statistischen Auswertungen
```

```
#choose workingdirectory
```

```
setwd("~/ZHAW/BscArbeit")
```

```
#rm(list = ls())
```

```
#Function to plot error bars on top of a graphic
```

```
error.bars = function(x, y, upper, lower=upper, length=0.1,...){
```

```
  #input arguments:
```

```
  #x: x values, is usually the plot handle
```

```
  #y: values around which the intervals are built
```

```
  #upper: length of upper interval
```

```
  #lower: length of lower interval
```

```
  #length: plotting parameter
```

```
  if(length(x) != length(y) | length(y) !=length(lower) | length(lower) != length(upper)){
```

```
    stop("vectors must be same length")
```

```
  }
```

```
  arrows(x,y+upper, x, y-lower, angle=90, code=3, length=length, ...)
```

```
}
```

```
#####pH#####
```

```
pHtotal=read.delim("pH.csv", sep=";", dec=".")
```

```
pHtotal
```

```
##Boxplot der pHs geordnet nach Behandlungen, mit "~" wird gekennzeichnet nach was Daten  
geordnet werden. "ylab" und "xlab" sind die Beschriftungen der Achsen.
```

```
boxplot(pHtotal$pH~pHtotal$Behandlung,          main="pH",          nach
        Behandlung",ylab="pH",xlab="Behandlungen")

?boxplot

##Unterschied testen

#t.test

#t.test(pHK0V0$pH,pHK3V0$pH)

pHaov=aov(pHtotal$pH~pHtotal$Behandlung)

summary(pHaov)

source("tests_and_visuuls.R") # mit Ctrl-Enter auszufuehren.

vis_ANOVA_clusters(pHtotal$pH,pHtotal$Behandlung,alpha=0.05,
xlab="Behandlung",ylab="pH")

#bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht
zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden

bartlett.test(pHtotal$pH~pHtotal$Behandlung)

# ohne Paarung:

#two_sample_tTest_twoSided(pHK0V0$pH,pHK3V0$pH,factor(pHK3V0$pH),alpha=0.05)

#####anschauen wie diese funktionieren

#one_sample_tTest_twoSided(pHK0V0$pH,alpha=0.05,6)

#mean(pHK0V0$pH)

#str(pHK3V0$pH)

#str(restaurants$rating)

#str(restaurants$year)

#vis_ANOVA_clusters
```

```
#Normalverteilung testen
#hist(pHK3V0$pH)
#qqnorm(pHK3V0$pH)
#qqline(pHK3V0$pH,col="red",lwd=2)
#shapiro.test(pHK3V0$pH)
#x=pHK3V0$pH
#ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
#source("tests_and_visuals.R")
#test_norm_vis(pHK3V0$pH,y_axis_hist = c(0,0.2))
#test_norm_vis(pHK0V0$pH,y_axis_hist = c(0,0.2))
#test_norm_vis(pHReferenz$pH,y_axis_hist = c(0,0.2))

#für rangierungen (evtl behandlungen): wilcox.test(data,data, "two.sided", 0.05, TRUE)
#an=aov(pHK0V0$pH~pHK3V0$pH)
#summary(an)
#source("tests_and_visuals.R")
#vis_ANOVA_clusters(pHK0V0$pH,pHK3V0$pH)

#####cmic#####
#cmic einlesen
Cmic=read.delim("CFE/Cmic2.csv", sep=";", dec=".")

##Boxplot
boxplot(Cmic$"..Cmic~Cmic$Behandlung, main="Cmic nach Behandlung",ylab="Cmic (mg
Cmic/kg TS)",xlab="Behandlung")
```

```
##Unterschied testen
```

```
aov1=aov(Cmic$ï..Cmic~Cmic$Behandlung)
```

```
summary(aov1)
```

```
vis_ANOVA_clusters(Cmic$ï..Cmic,Cmic$Behandlung,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="Cmic (mg Cmic/kg TS)")
```

```
#bartlett test: H0 Hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht  
zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden
```

```
bartlett.test(Cmic$ï..Cmic~Cmic$Behandlung)
```

```
#####C/N-Verhältnis#####3
```

```
#sep = wie im csv getrennt wird, dec = wie dezimalstellen getrennt werden
```

```
CHN=read.delim("20210727_CHN_Corg_Serafin3.csv", sep=";", dec=".")
```

```
CHN
```

```
#View(tCHN)
```

```
?anova
```

```
#Median berechnen von Ctot pro Behandlung
```

```
Ctot=tapply(CHN$Ctot, CHN$Behandlung, mean)
```

```
Ctot
```

```
#Unterschied testen
```

```
vis_ANOVA_clusters(CHN$Ctot,CHN$Behandlung,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="Ctot in %")
```

```
#bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht  
zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden
```

```
bartlett.test(CHN$Ctot~CHN$Behandlung)
```

```
#Durchschnitt berechnen von Htot pro Behandlung
```

```
#Htot=tapply(CHN$Htot, CHN$Behandlung, mean)
```

```
#Htot
```

```
#Median berechnen von Ntot pro Behandlung
```

```
Ntot=tapply(CHN$Ntot, CHN$Behandlung, mean)
```

```
Ntot
```

```
#Unterschied testen: shapiro test H0 zurückgewiesen--> Daten nicht normalverteilt: evtl. Ntot  
gar nicht in Arbeit nehmen
```

```
vis_ANOVA_clusters(CHN$Ntot,CHN$Behandlung,alpha=0.05)
```

```
CHN$Behandlung2 = factor(CHN$Behandlung)
```

```
vis_Kruskal_Wallis_clusters(CHN$Ntot,CHN$Behandlung2,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="Ntot in %")
```

```
#bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht  
zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden
```

```
#bartlett.test(CHN$Ntot~CHN$Behandlung)
```

```
##kruskal wallis test macht probleme:
```

```
#vis_Kruskal_Wallis_clusters(CHN$Ntot,CHN$Behandlung,alpha=0.05)
```

```
#Median berechnen von Corg pro Behandlung
```

```
Corg=tapply(CHN$Corg, CHN$Behandlung, mean)
```

```
Corg
```

```
#Unterschied testen
```

```
vis_ANOVA_clusters(CHN$Corg,CHN$Behandlung,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="Corg in %")
```

```
#bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht  
zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden
```

```
bartlett.test(CHN$Corg~CHN$Behandlung)
```

```
#visualisierung
```

```
#Htot rausgenommen
```

```
CHNCorg= as.data.frame(cbind(Ctot,Ntot,Corg))
```

```
CHNCorg
```

```
rownames(CHNCorg) = c("K0V0", "K1V0", "K1V1", "K3V0","K3V1", "Referenz")
```

```
str(CHNCorg)
```

```
CHNbp=barplot(as.matrix(CHNCorg), ylab="%",beside = TRUE, ylim = c(0,18), density =  
c(10,20,30,40,50,60),axes = F)
```

```
legend("top", inset=0.005, rownames(CHNCorg),  
fill=c("grey10","grey20","grey30","grey40","grey50","grey60"), density = c(10,20,30,40,50,60))
```

```
axis (side=2,at=c(0,2,4,6,8,10,12,14,16),labels=c(0,2,4,6,8,10,12,14,16))
```

```
#Zeilen aus Dataframe extrahieren:
```

```
CHNK0V0=CHN[1:4,]
```

```
CHNK0V0
```

```
CHNK1V0=CHN[5:8,]
```

```
CHNK1V0
```

```
CHNK1V1=CHN[9:12,]
```

```
CHNK1V1
```

```
CHNK3V0=CHN[13:16,]
```

```
CHNK3V0
```

```
CHNK3V1=CHN[17:20,]
```

```
CHNK3V1
```

```
CHNReferenz=CHN[21:22,]
```

```
CHNReferenz
```

```
#standarddeviation (Standardabweichung) Umscheiben:
```

```
#für ctot
```

$C_{totK0V0sd} = sd(CHNK0V0\$C_{tot})$

$C_{totK0V0sd}$

$C_{totK1V0sd} = sd(CHNK1V0\$C_{tot})$

$C_{totK1V0sd}$

$C_{totK1V1sd} = sd(CHNK1V1\$C_{tot})$

$C_{totK1V1sd}$

$C_{totK3V0sd} = sd(CHNK3V0\$C_{tot})$

$C_{totK3V0sd}$

$C_{totK3V1sd} = sd(CHNK3V1\$C_{tot})$

$C_{totK3V1sd}$

$C_{totReferenzsd} = sd(CHNReferenz\$C_{tot})$

$C_{totReferenzsd}$

$C_{totsd} = c(C_{totK0V0sd}, C_{totK1V0sd}, C_{totK1V1sd}, C_{totK3V0sd}, C_{totK3V1sd}, C_{totReferenzsd})$

C_{totsd}

#für H_{tot}

$\#H_{totK0V0sd} = sd(CHNK0V0\$H_{tot})$

$\#H_{totK0V0sd}$

$\#H_{totK1V0sd} = sd(CHNK1V0\$H_{tot})$

$\#H_{totK1V0sd}$

$\#H_{totK1V1sd} = sd(CHNK1V1\$H_{tot})$

$\#H_{totK1V1sd}$

$\#H_{totK3V0sd} = sd(CHNK3V0\$H_{tot})$

$\#H_{totK3V0sd}$

$\#H_{totK3V1sd} = sd(CHNK3V1\$H_{tot})$

$\#H_{totK3V1sd}$

#HtotReferenzsd=sd(CHNReferenz\$Htot)

#HtotReferenzsd

#Htotsd=c(HtotK0V0sd,HtotK1V0sd,HtotK1V1sd,HtotK3V0sd,HtotK3V1sd,HtotReferenzsd)

#Htotsd

#für Ntot

NtotK0V0sd=sd(CHNK0V0\$Ntot)

NtotK0V0sd

NtotK1V0sd=sd(CHNK1V0\$Ntot)

NtotK1V0sd

NtotK1V1sd=sd(CHNK1V1\$Ntot)

NtotK1V1sd

NtotK3V0sd=sd(CHNK3V0\$Ntot)

NtotK3V0sd

NtotK3V1sd=sd(CHNK3V1\$Ntot)

NtotK3V1sd

NtotReferenzsd=sd(CHNReferenz\$Ntot)

NtotReferenzsd

Ntotsd=c(NtotK0V0sd,NtotK1V0sd,NtotK1V1sd,NtotK3V0sd,NtotK3V1sd,NtotReferenzsd)

Ntotsd

#für Corg

CorgK0V0sd=sd(CHNK0V0\$Corg)

CorgK0V0sd

CorgK1V0sd=sd(CHNK1V0\$Corg)

CorgK1V0sd


```
CorgK1V1sd=sd(CHNK1V1$Corg)
```

```
CorgK1V1sd
```

```
CorgK3V0sd=sd(CHNK3V0$Corg)
```

```
CorgK3V0sd
```

```
CorgK3V1sd=sd(CHNK3V1$Corg)
```

```
CorgK3V1sd
```

```
CorgReferenzsd=sd(CHNReferenz$Corg)
```

```
CorgReferenzsd
```

```
Corgsd=c(CorgK0V0sd,CorgK1V0sd,CorgK1V1sd,CorgK3V0sd,CorgK3V1sd,CorgReferenzsd)
```

```
Corgsd
```

```
#htot rausgenommen Htotsd
```

```
CHNsdc=cbind(Ctotsd,Ntotsd,Corgsd))
```

```
str(CHNbp)
```

```
str(CHNCorg)
```

```
CHNCorg
```

```
str(CHNsdc)
```

```
CHNCorgfuerError=cbind(Ctot,Ntot,Corg)
```

```
str(CHNCorgfuerError)
```

```
CHNCorgfuerError
```

```
#errorbar visualisieren
```

```
error.bars(CHNbp,CHNCorgfuerError,CHNsdc)
```

```
##Varianzen berechnen:
```

#Ctot

CtotK0V0var=var(CHNK0V0\$Ctot)

CtotK0V0var

CtotK1V0var=var(CHNK1V0\$Ctot)

CtotK1V0var

CtotK1V1var=var(CHNK1V1\$Ctot)

CtotK1V1var

CtotK3V0var=var(CHNK3V0\$Ctot)

CtotK3V0var

CtotK3V1var=var(CHNK3V1\$Ctot)

CtotK3V1var

CtotReferenzvar=var(CHNReferenz\$Ctot)

CtotReferenzvar

#Ntot

NtotK0V0var=var(CHNK0V0\$Ntot)

NtotK0V0var

NtotK1V0var=var(CHNK1V0\$Ntot)

NtotK1V0var

NtotK1V1var=var(CHNK1V1\$Ntot)

NtotK1V1var

NtotK3V0var=var(CHNK3V0\$Ntot)

NtotK3V0var

NtotK3V1var=var(CHNK3V1\$Ntot)

NtotK3V1var

NtotReferenzvar=var(CHNReferenz\$Ntot)

NtotReferenzvar

#Corg

CorgK0V0var=var(CHNK0V0\$Corg)

CorgK0V0var

CorgK1V0var=var(CHNK1V0\$Corg)

CorgK1V0var

CorgK1V1var=var(CHNK1V1\$Corg)

CorgK1V1var

CorgK3V0var=var(CHNK3V0\$Corg)

CorgK3V0var

CorgK3V1var=var(CHNK3V1\$Corg)

CorgK3V1var

CorgReferenzvar=var(CHNReferenz\$Corg)

CorgReferenzvar

##C zu N Verhältnis (Corg/Ntot)

#Median

CzuNK0V0median=median(CHNK0V0\$CzuN)

CzuNK0V0median

CzuNK1V0median=median(CHNK1V0\$CzuN)

CzuNK1V0median

CzuNK1V1median=median(CHNK1V1\$CzuN)

CzuNK1V1median

CzuNK3V0median=median(CHNK3V0\$CzuN)

CzuNK3V0median

CzuNK3V1median=median(CHNK3V1\$CzuN)

CzuNK3V1median

CzuNReferenzmedian=median(CHNReferenz\$CzuN)

CzuNReferenzmedian

#Standardabweichung

CzuNK0V0sd=sd(CHNK0V0\$CzuN)

CzuNK0V0sd

CzuNK1V0sd=sd(CHNK1V0\$CzuN)

CzuNK1V0sd

CzuNK1V1sd=sd(CHNK1V1\$CzuN)

CzuNK1V1sd

CzuNK3V0sd=sd(CHNK3V0\$CzuN)

CzuNK3V0sd

CzuNK3V1sd=sd(CHNK3V1\$CzuN)

CzuNK3V1sd

CzuNReferenzsd=sd(CHNReferenz\$CzuN)

CzuNReferenzsd

#Varianz

CzuNK0V0var=var(CHNK0V0\$CzuN)

CzuNK0V0var

CzuNK1V0var=var(CHNK1V0\$CzuN)

CzuNK1V0var

CzuNK1V1var=var(CHNK1V1\$CzuN)

CzuNK1V1var

```
CzuNK3V0var=var(CHNK3V0$CzuN)
```

```
CzuNK3V0var
```

```
CzuNK3V1var=var(CHNK3V1$CzuN)
```

```
CzuNK3V1var
```

```
CzuNReferenzvar=var(CHNReferenz$CzuN)
```

```
CzuNReferenzvar
```

```
#boxplot
```

```
boxplot(CHN$CzuN~CHN$Behandlung, main="C zu N Verhältnis (Corg zu Ntot)", xlab =  
"Behandlung", ylab= "C/N-Verhältnis")
```

```
#Durchschnitt berechnen von C zu N Verhältnis
```

```
CzuN=tapply(CHN$CzuN, CHN$Behandlung, mean)
```

```
CzuN
```

```
#Unterschied testen
```

```
#####Kruskal Wallis funktioniert evtl nicht nötig
```

```
shapiro.test(CHN$CzuN) #wenn der Test aufgeschlüsselt nach Behandlungen gemacht wird,  
ist er signifikant
```

```
kruskal.test(CHN$CzuN,CHN$Behandlung)
```

```
#Anova nur falls falls normalverteilte Daten vorliegen, hier nicht der fall
```

```
vis_ANOVA_clusters(CHN$CzuN,CHN$Behandlung,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="C/N (Corg/Ntot)")
```

```
CHN$Behandlung2 = factor(CHN$Behandlung)
```

```
vis_Kruskal_Wallis_clusters(CHN$CzuN,CHN$Behandlung2,alpha=0.05,  
xlab="Behandlung",ylab="C/N (Corg/Ntot)")
```

```
#weglassen, weil daten nicht normalverteilt: (bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value,  
welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst  
ANova kann gemacht werden)
```

```
#bartlett.test(CHN$CzuN~CHN$Behandlung)
```

```
#####Körnung
```

```
#Einlesen Körnung
```

```
Koernung=read.delim("AuwertungKoernung.csv", sep=";", dec=".")
```

```
Koernung
```

```
#Durchschnitt berechnen von Koernung pro Behandlung
```

```
Sandmedian=tapply(Koernung$Sand.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, median)
```

```
Sandmedian
```

```
Sandmean=tapply(Koernung$Sand.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, mean)
```

```
Sandmean
```

```
Sandsd=tapply(Koernung$Sand.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, sd)
```

```
Sandsd
```

```
#Durchschnitt berechnen von Koernung pro Behandlung
```

```
Schluffmedian=tapply(Koernung$Schluff.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, median)
```

```
Schluffmedian
```

```
Schluffmean=tapply(Koernung$Schluff.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, mean)
```

```
Schluffmean
```

```
Schluffsd=tapply(Koernung$Schluff.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, sd)
```

```
Schluffsd
```

```
#Durchschnitt berechnen von Koernung pro Behandlung
```

```
Tonmedian=tapply(Koernung$Ton.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, median)
```

```
Tonmedian
```

```
Tonmean=tapply(Koernung$Ton.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, mean)
```

```
Tonmean
```

```
Tonsd=tapply(Koernung$Ton.ca..korrigiert, Koernung$Behandlung, sd)
```

```
Tonsd
```

```
#tabelle machen
```

```
Koernungmedian=cbind(Sandmedian,Schluffmedian,Tonmedian)
```

```
Koernungmedian
```

```
Koernungmean=cbind(Sandmean,Schluffmean,Tonmean)
```

```
Koernungmean
```

```
Koernungsd=cbind(Sandsd,Schluffsd,Tonsd)
```

```
Koernungsd
```

```
str(Koernung)
```

```
#Reihen und Spaltenname tauschen
```

```
Koernungmeangetauscht = as.data.frame(t(Koernungmean))
```

```
Koernungmeangetauscht
```

```
#matrix draus machen für proportionaler Barplot
```

```
Koernungmeanmatrix=as.matrix(Koernungmeangetauscht)
```

```
Koernungmeanmatrix
```

```
#proportionaler Barplot
```

```
str(Koernungmeanmatrix)
```

```
perc_Koernungmeanmatrix= 100*prop.table(Koernungmeanmatrix, margin = 2)
```

```
#Tabellebegleitparameter für in Arbeit
```

```
TabelleBegleitparameter=cbind(Sandmean,Sandsd,Schluffmean,Schluffsd,Tonmean,Tonsd)
```

```
as.data.frame(TabelleBegleitparameter)
```

```
#CSV mit Daten erstellen
```

```
#write.csv(TabelleBegleitparameter, "TabelleBegleitparameterV5.csv")
```

```
#Visualisierung
```

```
#barplot(as.matrix(perc_Koernungmeanmatrix), main="Körnung: proportionaler Anteil",legend.text = TRUE)
```

```
#evtl noch verwenden: rownames(Koernungmeangetauscht) = c("Sand","Schluff","Ton")
```

```
#####Korrelationsvisualisierung#####
```

```
#hier werden alle Felder miteinander verglichen
```

```
pHmean=tapply(pHtotal$pH, pHtotal$Behandlung,mean)
```

```
pHmean
```

```
pHmean_df =as.data.frame(pHmean)
```

```
pHmean_df
```

```
str(pHmean_df)
```

```
Cmicmean=tapply(Cmic$i..Cmic,Cmic$Behandlung,mean)
```

```
Cmicmean_df = as.data.frame(Cmicmean)
```

```
Cmicmean_df
```

```
str(Cmicmean_df)
```

```
CHNCorg
```

```
str(CHNCorg)
```

```
#Koernung und Anzahl Behandlungen
```

```
KoernungohneReferenz=read.delim("AuwertungKoernungohneReferenz.csv", sep=";",  
dec=".")
```

```
KoernungohneReferenz
```

```
AnzahlBehandlungen=tapply(KoernungohneReferenz$Anzahl.Behandlungen,  
KoernungohneReferenz$Behandlung, mean)
```

```
AnzahlBehandlungen
```



```
KoernungmitBehandlung=cbind(Koernungmean,AnzahlBehandlungen)
```

```
KoernungmitBehandlung
```

```
Koernungmean_dfmitBehandlung = as.data.frame(KoernungmitBehandlung)
```

```
Koernungmean_dfmitBehandlung
```

```
Korrelation=c(pHmean_df, Cmicmean_df,CHNCorg,Koernungmean_dfmitBehandlung)
```

```
Korrelation
```

```
Korrelation_df=as.data.frame(Korrelation)
```

```
Korrelation_df
```

```
cor_tabelle=cor(Korrelation_df,method="pearson") #besser pearson statt spearman nehmen  
für numerische Daten
```

```
cor_tabelle
```

```
#install.packages("ellipse")
```

```
#library("ellipse")
```

```
#plotcorr(cor_tabelle, main="Korrelation aller Felder")
```

```
#text(x=0,y=13.5,"aufsteigende Gerade = positive Korrelation von 1
```

```
# Absteigende = negative Korrelation von -1
```

```
# Kreis = Korreliert nicht",cex=0.8)
```

```
UebersichtResultate=as.data.frame(cbind(pHtotal$Name,Cmic$Cmic,CHN$Ctot,CHN$Corg,  
CHN$Ntot,CHN$CzuN,pHtotal$pH,Koernung$Sand.ca..korrigiert,Koernung$Schluff.ca..korrigiert,  
Koernung$Ton.ca..korrigiert))
```

```
UebersichtResultate
```

```
#Cmic/Corg
```

```
UebersichtResultate$CmicCorg=(Cmic$Cmic)/10/(CHN$Corg)
```

```
#write.csv(UebersichtResultate, "UebersichtResultate3.csv")
```

```
pHtotal
```

```
Cmic
```

```
CHN
```

```
Koernung
```

```
median (c(39.329,
```

```
60.156
```

```
))
```

```
#vis und Unterschied testen Cmic/Corg
```

```
boxplot(UebersichtResultate$CmicCorg~CHN$Behandlung, xlab = "Behandlung", ylab=
"Cmic / Corg (mg Cmic / g Corg)")
```

```
#Durchschnitt berechnen von Cmic zu Corg Verhältnis
```

```
CmicCorg=tapply(UebersichtResultate$CmicCorg,CHN$Behandlung, mean)
```

```
#Unterschied testen
```

```
#####Kruskal Wallis funktioniert
```

```
shapiro.test(UebersichtResultate$CmicCorg) #nicht signifikant
```

```
kruskal.test(UebersichtResultate$CmicCorg,CHN$Behandlung) #nicht signifikant
```

```
CHN$Behandlung2 = factor(CHN$Behandlung)
```

```
vis_ANOVA_clusters(UebersichtResultate$CmicCorg,CHN$Behandlung2,alpha=0.05,
xlab="Behandlung",ylab="Cmic/Corg (mg Cmic/g Corg)")
```

```
#wenn nicht normalverteilt wäre
```

```
#vis_Kruskal_Wallis_clusters(UebersichtResultate$CmicCorg,CHN$Behandlung2,alpha=0.05, xlab="Behandlung",ylab="Cmic/Corg (mg Cmic/g Corg)")
```

#weglassen, weil daten nicht normalverteilt: (bartlett test: H0 hypothese kann wegen p-value, welcher nicht kleiner als 0.05 ist, nicht zurückgewiesen werden--> Daten sind homogen, heisst ANova kann gemacht werden)

```
bartlett.test(UebersichtResultate$CmicCorg~CHN$Behandlung)
```

#####Funktionen von Peter Kauf:

####wurden über eine zweite Datei «tests_and_visuals.R» eingelesen

Feedback highly welcome: kauf@zhaw.ch

Testing for Normality and Visualization

```
test_norm_vis=function(x,y_axis_hist = c(0,0.4)){
```

```
  par(mfrow=c(1,2),oma = c(0, 0,3, 0))
```

```
  n=length(x)
```

breaks can be changed manually here:

```
  hist(x,freq=FALSE, col="grey",breaks="Sturges",
```

```
        xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)
```

```
  norm_dens = function(z){dnorm(z,mean(x),sd(x))}
```

```
  curve(norm_dens,col="red",add=TRUE,lwd=2)
```

```

par(new=TRUE)

plot(density(x),col="blue",xlab="",ylab="",
      axes=FALSE,main="",lwd=2,
      xlim=c(mean(x)-5*sd(x),mean(x)+5*sd(x)),ylim=y_axis_hist)

legend("topright", inset=0.05,c("fitted normal","estimated density"),
      lty=1,lwd=2,col=c("red","blue"))

box()

qqnorm(x)
qqline(x,col="red",lwd=2)

KS = ks.test(x,pnorm,mean(x),sd(x))
p_KS = round(KS$p.value,3)
SH = shapiro.test(x)
p_SH = round(SH$p.value,3)

mtext(paste("Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,"\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS,
           "\n Nullhypothesis: Data is normally distributed" ),
      outer = TRUE)

}

#####
####

#####
####

```

```
##### One-Sample t-Test #####
```

```
one_sample_tTest_twoSided = function(x,alpha,eff_mean){  
  
  windows()  
  
  par(oma=c(0,0,3,0))  
  
  stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")  
  axis(side=1,at=1,label="Sample 1")  
  
  points(mean(x),col=2,pch=1,lwd=3)  
  
  correction = qt(1-alpha,length(x)-1)*sd(x)/sqrt(length(x))  
  
  arrows(1,mean(x)+correction, 1, mean(x)-correction, angle=90, code=3,  
         col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)  
  
  lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_mean,eff_mean),col="blue",lwd=3)  
  
  legend("topright",inset=0.05,c("known mean","sample mean"),  
        col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))  
  
  t = t.test(x,mu=eff_mean,alternative="two.sided",)  
  
  p_value=t$p.value  
  
  p_value = round(p_value,3)
```

```

mtext(paste("One Sample t-Test (two-sided): P = ",p_value,
           "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)

# assumptions...

windows(xpos=-500)

test_norm_vis(x)

}

##### One-Sample t-Test #####

one_sample_tTest_less = function(x,alpha,eff_mean){

windows()

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")

axis(side=1,at=1,label="Sample 1")

points(mean(x),col=2,pch=1,lwd=3)

correction = qt(1-alpha,length(x)-1)*sd(x)/sqrt(length(x))

arrows(1,mean(x)+correction, 1, mean(x)-correction, angle=90, code=3,
       col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)

```

```
lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_mean,eff_mean),col="blue",lwd=3)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("known mean","sample mean"),
      col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))
```

```
t = t.test(x,mu=eff_mean,alternative="less",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("One Sample t-Test (sample less): P = ",p_value,
           "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
# assumptions...
```

```
windows(xpos=-500)
```

```
test_norm_vis(x)
```

```
}
```

```
##### One-Sample t-Test #####
```

```
one_sample_tTest_greater = function(x,alpha,eff_mean){
```

```
  windows()
```

```
  par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
  stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")
```

```
  axis(side=1,at=1,label="Sample 1")
```

```
points(mean(x),col=2,pch=1,lwd=3)
```

```
correction = qt(1-alpha,length(x)-1)*sd(x)/sqrt(length(x))
```

```
arrows(1,mean(x)+correction, 1, mean(x)-correction, angle=90, code=3,  
      col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_mean,eff_mean),col="blue",lwd=3)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("known mean","sample mean"),  
      col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))
```

```
t = t.test(x,mu=eff_mean,alternative="greater",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("One Sample t-Test (sample greater): P = ",p_value,  
          "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
# assumptions...
```

```
windows(xpos=-500)
```

```
test_norm_vis(x)
```

```
}
```



```
#####
```

```
## Alle 2-sample Tests: Intervalle gem. t-Test, konkrete
```

```
## Rechnungen mit Welch-Test, kleine Diskrepanzen moeglich
```

```
##### Two-Sample t-Test #####
```

```
two_sample_tTest_twoSided = function(samples,fact,alpha){
```

```
  levels = unique(sort(fact))
```

```
  x1 = samples[fact==levels[1]]
```

```
  x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
  x = c(x1,x2)
```

```
  sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;
```

```
  x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )
```

```
  windows()
```

```
  par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
  stripchart(samples~fact,vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),
```

```
  col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)
```

```
  axis(side=2)
```

```
  axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
```

```
  box()
```

```
points(1,mean(x1),col=2,pch=1,lwd=3)
```

```
points(2,mean(x2),col=2,pch=1,lwd=3)
```

```
alpha_c = 1 - sqrt(1-alpha);
```

```
correction1 = qt(1-0.5*alpha_c,length(x1)-1)*sd(x1)/sqrt(length(x1))
```

```
correction2 = qt(1-0.5*alpha_c,length(x2)-1)*sd(x2)/sqrt(length(x2))
```

```
arrows(1,mean(x1)+0.5*correction1, 1, mean(x1)-0.5*correction1, angle=90, code=3,  
       col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
arrows(2,mean(x2)+0.5*correction2, 2, mean(x2)-0.5*correction2, angle=90, code=3,  
       col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
abline(h=mean(x1)+0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
abline(h=mean(x1)-0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("means and alpha corrected confidence Intervalls"),  
       col=c("red"),lwd=2)
```

```
t = t.test(x1,x2,alternative="two.sided")
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Two Sample Welch-Test (two-sided): P = ",p_value,  
           "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
# assumptions...

windows(xpos=-500)

test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[1]])

windows(xpos=-600)

test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[2]])

}

##### Two-Sample t-Test #####

two_sample_tTest_less = function(samples,fact,alpha){

levels = unique(sort(fact))

x1 = samples[fact==levels[1]]
x2 = samples[fact==levels[2]]

x = c(x1,x2)

sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;
x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )

windows()

par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
stripchart(x[,1]~x[,2],vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),  
col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)
```

```
axis(side=2)
```

```
axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
```

```
box()
```

```
points(1,mean(x1),col=2,pch=1,lwd=3)
```

```
points(2,mean(x2),col=2,pch=1,lwd=3)
```

```
alpha_c = 1 - sqrt(1-alpha);
```

```
correction1 = qt(1-alpha_c,length(x1)-1)*sd(x1)/sqrt(length(x1))
```

```
correction2 = qt(1-alpha_c,length(x2)-1)*sd(x2)/sqrt(length(x2))
```

```
arrows(1,mean(x1)+0.5*correction1, 1, mean(x1)-0.5*correction1, angle=90, code=3,  
col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
arrows(2,mean(x2)+0.5*correction2, 2, mean(x2)-0.5*correction2, angle=90, code=3,  
col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
abline(h=mean(x1)+0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
abline(h=mean(x1)-0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("means and alpha corrected confidence Intervalls"),  
col=c("red"),lwd=2)
```

```
t = t.test(x1,x2,alternative="less",)
p_value=t$p.value
p_value = round(p_value,3)

mtext(paste("Two Sample Welch-Test (1<2): P = ",p_value,
           "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)

# assumptions...
windows(xpos=-500)
test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[1]])

windows(xpos=-600)
test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[2]])

}

##### Two-Sample t-Test #####

two_sample_tTest_greater = function(samples,fact,alpha){

levels = unique(sort(fact))

x1 = samples[fact==levels[1]]
x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
x = c(x1,x2)

sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;

x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )

windows()

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(x[,1]~x[,2],vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),
col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)

axis(side=2)

axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)

box()

points(1,mean(x1),col=2,pch=1,lwd=3)

points(2,mean(x2),col=2,pch=1,lwd=3)

alpha_c = 1 - sqrt(1-alpha);

correction1 = qt(1-alpha_c,length(x1)-1)*sd(x1)/sqrt(length(x1))

correction2 = qt(1-alpha_c,length(x2)-1)*sd(x2)/sqrt(length(x2))

arrows(1,mean(x1)+0.5*correction1, 1, mean(x1)-0.5*correction1, angle=90, code=3,
col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)

arrows(2,mean(x2)+0.5*correction2, 2, mean(x2)-0.5*correction2, angle=90, code=3,
col=2,lty=1,lwd=2,length=0.1)
```

```
abline(h=mean(x1)+0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
abline(h=mean(x1)-0.5*correction1,col="grey30",lty=2,lwd=1)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("means and alpha corrected confidence Intervalls"),  
      col=c("red"),lwd=2)
```

```
t = t.test(x1,x2,alternative="greater",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Two Sample Welch-Test ( $2 < 1$ ): P = ",p_value,  
           "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
# assumptions...
```

```
windows(xpos=-500)
```

```
test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[1]])
```

```
windows(xpos=-600)
```

```
test_norm_vis(samples[fact==unique(fact)[2]])
```

```
}
```

```
#####
```

```
####
```

```
#####
```

```
####
```

```
##### One-Sample U-Test / Vorzeichentest #####
```

```
one_sample_WilcoxonTest_twoSided = function(x,alpha,eff_med){
```

```
  par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
  stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")
```

```
  axis(side=1,at=1,label="Sample 1")
```

```
  boxplot(x,notch=F,border="red",add=TRUE)
```

```
  lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_med,eff_med),col="blue",lwd=3)
```

```
  legend("topright",inset=0.05,c("known median","sample median"),
```

```
        col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))
```

```
  t = wilcox.test(x,mu=eff_med,alternative="two.sided",)
```

```
  p_value=t$p.value
```

```
  p_value = round(p_value,3)
```

```
  mtext(paste("Sign-Test (two-sided): P = ",p_value,
```

```
          "\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)
```

```
}
```

```
##### One-Sample U-Test / Vorzeichentest #####
```

```
one_sample_WilcoxonTest_less = function(x,alpha,eff_med){
```



```

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")

axis(side=1,at=1,label="Sample 1")

boxplot(x,notch=F,border="red",add=TRUE)

lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_med,eff_med),col="blue",lwd=3)

legend("topright",inset=0.05,c("known median","sample median"),
      col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))

t = wilcox.test(x,mu=eff_med,alternative="less",)

p_value=t$p.value

p_value = round(p_value,3)

mtext(paste("Sign-Test (sample less): P = ",p_value,
          "\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)
}

##### One-Sample U-Test / Vorzeichentest #####

one_sample_WilcoxonTest_greater = function(x,alpha,eff_med){

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(x,vertical=TRUE,xlim=c(0,2.5),col="grey50",xlab="")

```

```
axis(side=1,at=1,label="Sample 1")
```

```
boxplot(x,notch=F,border="red",add=TRUE)
```

```
lines(x=c(0.7,1.3),y=c(eff_med,eff_med),col="blue",lwd=3)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("known median","sample median"),  
      col=c("blue","red"),lwd=c(3,2))
```

```
t = wilcox.test(x,mu=eff_med,alternative="greater",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Sign-Test (sample greater): P = ",p_value,  
          "\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)  
}
```

```
##### Two-Sample U-Test / Vorzeichentest #####
```

```
two_sample_WilcoxonTest_twoSided = function(samples,fact,alpha){
```

```
  levels = unique(sort(fact))
```

```
  x1 = samples[fact==levels[1]]
```

```
  x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
x = c(x1,x2)

sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;

x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(samples~fact,vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),
col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)

axis(side=2)

axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)

box()

boxplot(samples~fact,notch=F,border="red",add=TRUE,
axes=FALSE,xlab="",ylab="",boxwex=0.3)

legend("topright",inset=0.05,
c("medians, 0.25- and 0.75 quantiles, range and outliers"),
col=c("red"),lwd=2)

t = wilcox.test(samples~fact,alternative="two.sided")

p_value=t$p.value

p_value = round(p_value,3)

mtext(paste("Two Sample Wilcoxon-Test (two-sided): P = ",p_value,
"\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)

}
```

```
##### One-Sample U-Test / Vorzeichentest #####
```

```
two_sample_WilcoxonTest_less = function(samples,fact,alpha){
```

```
  levels = unique(sort(fact))
```

```
  x1 = samples[fact==levels[1]]
```

```
  x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
  x = c(x1,x2)
```

```
  sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;
```

```
  x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )
```

```
  par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
  stripchart(samples~fact,vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),
```

```
  col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)
```

```
  axis(side=2)
```

```
  axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
```

```
  box()
```

```
  boxplot(samples~fact,notch=F,border="red",add=TRUE,
```

```
    axes=FALSE,xlab="",ylab="",boxwex=0.3)
```

```
  legend("topright",inset=0.05,
```

```

c("medians, 0.25- and 0.75 quantiles, range and outliers"),
col=c("red"),lwd=2)

t = wilcox.test(x1,x2,alternative="less")

p_value=t$p.value
p_value = round(p_value,3)

mtext(paste("Two Sample Wilcoxon-Test (1<2): P = ",p_value,
"\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)
}

##### One-Sample U-Test / Vorzeichentest #####

two_sample_WilcoxonTest_greater = function(samples,fact,alpha){

levels = unique(sort(fact))

x1 = samples[fact==levels[1]]
x2 = samples[fact==levels[2]]

x = c(x1,x2)

sp = max(x)-min(x); mi = min(x)-0.05*sp; ma = max(x)+0.2*sp;
x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(samples~fact,vertical=TRUE,xlim=c(0,3),ylim=c(mi,ma),

```

```
col=c("grey70","grey80"),ylab="samples",xlab="",axes=FALSE)
```

```
axis(side=2)
```

```
axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
```

```
box()
```

```
boxplot(samples~fact,notch=F,border="red",add=TRUE,
```

```
axes=FALSE,xlab="",ylab="",boxwex=0.3)
```

```
legend("topright",inset=0.05,
```

```
c("medians, 0.25- and 0.75 quantiles, range and outliers"),
```

```
col=c("red"),lwd=2)
```

```
t = wilcox.test(x1,x2,alternative="greater")
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Two Sample Wilcoxon-Test ( $2 < 1$ ): P = ",p_value,
```

```
"\n Confidence Level of notches appr. 0.95"), outer = TRUE)
```

```
}
```

```
#####
```

```
####
```

```
#####
```

```
####
```

```
##### Two-Sample F-Test #####
```

#subtract means; two lines according to variances.

```
two_sample_FTest_twoSided = function(samples,fact,alpha){  
  
  levels = unique(sort(fact))  
  
  x1 = samples[fact==levels[1]]  
  x2 = samples[fact==levels[2]]  
  
  x1 = x1-mean(x1);  
  x2 = x2-mean(x2);  
  
  x = c(x1,x2)  
  
  sp = max(x)-min(x); sp = max(sp,var(x1),var(x2));  
  mi = min(x)-0.3*sp; ma = max(x)+0.3*sp;  
  x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )  
  
  par(oma=c(0,0,3,0))  
  stripchart(x[,1]~x[,2],vertical=TRUE,xlim=c(0.5,3),ylim=c(mi,ma),  
  col=c("grey70","grey80"),ylab="centered samples",xlab="",axes=FALSE)  
  
  axis(side=2)  
  axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)  
  box()  
  
  lines(x=c(1.1,1.1),y=c(-0.5*var(x1),0.5*var(x1)),col="blue",lwd=5)
```

```
lines(x=c(1.9,1.9),y=c(-0.5*var(x2),0.5*var(x2)),col="blue",lwd=5)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("variances"),
```

```
col=c("blue"),lwd=2)
```

```
t = var.test(x1,x2,alternative="two.sided",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Two Sample F-Test (two sided): P = ",p_value,
```

```
"\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
}
```

```
##### Two-Sample F-Test #####
```

```
#subtract means; two lines according to variances.
```

```
two_sample_FTest_less = function(samples,fact,alpha){
```

```
levels = unique(sort(fact))
```

```
x1 = samples[fact==levels[1]]
```

```
x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
x1 = x1-mean(x1);
```

```
x2 = x2-mean(x2);
```



```
x = c(x1,x2)
sp = max(x)-min(x); sp = max(sp,var(x1),var(x2));
mi = min(x)-0.3*sp; ma = max(x)+0.3*sp;
x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) ) )

par(oma=c(0,0,3,0))
stripchart(x[,1]~x[,2],vertical=TRUE,xlim=c(0.5,3),ylim=c(mi,ma),
col=c("grey70","grey80"),ylab="centered samples",xlab="",axes=FALSE)

axis(side=2)
axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
box()

lines(x=c(1.1,1.1),y=c(-0.5*var(x1),0.5*var(x1)),col="blue",lwd=5)
lines(x=c(1.9,1.9),y=c(-0.5*var(x2),0.5*var(x2)),col="blue",lwd=5)

legend("topright",inset=0.05,c("variances"),
      col=c("blue"),lwd=2)

t = var.test(x1,x2,alternative="less",)
p_value=t$p.value
p_value = round(p_value,3)

mtext(paste("Two Sample F-Test (1<2): P = ",p_value,
"\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
}
```

```
##### Two-Sample F-Test #####
```

```
#subtract means; two lines according to variances.
```

```
two_sample_FTest_greater = function(samples,fact,alpha){
```

```
  levels = unique(sort(fact))
```

```
  x1 = samples[fact==levels[1]]
```

```
  x2 = samples[fact==levels[2]]
```

```
  x1 = x1-mean(x1);
```

```
  x2 = x2-mean(x2);
```

```
  x = c(x1,x2)
```

```
  sp = max(x)-min(x); sp = max(sp,var(x1),var(x2));
```

```
  mi = min(x)-0.3*sp; ma = max(x)+0.3*sp;
```

```
  x = cbind(x,factor( c( rep(1,length(x1)),rep(2,length(x2)) ) ) )
```

```
  par(oma=c(0,0,3,0))
```

```
  stripchart(x[,1]~x[,2],vertical=TRUE,xlim=c(0.5,3),ylim=c(mi,ma),
```

```
  col=c("grey70","grey80"),ylab="centered samples",xlab="",axes=FALSE)
```

```
  axis(side=2)
```

```
  axis(side=1,at=c(1,2),label=levels)
```

```
  box()
```

```
lines(x=c(1.1,1.1),y=c(-0.5*var(x1),0.5*var(x1)),col="blue",lwd=5)
```

```
lines(x=c(1.9,1.9),y=c(-0.5*var(x2),0.5*var(x2)),col="blue",lwd=5)
```

```
legend("topright",inset=0.05,c("variances"),
```

```
  col=c("blue"),lwd=2)
```

```
t = var.test(x1,x2,alternative="greater",)
```

```
p_value=t$p.value
```

```
p_value = round(p_value,3)
```

```
mtext(paste("Two Sample F-Test (1>2): P = ",p_value,
```

```
  "\n Confidence Level = ",1-alpha), outer = TRUE)
```

```
}
```

```
#####
```

```
####
```

```
#####
```

```
####
```

```
##### chi squared Test #####
```

```
chi_squared_test_vis = function( counts,
```

```
  count_labels = colnames(counts),
```

```
  category_names = rownames(counts) ){
```

```
  norm_counts = counts;
```

```
for (i in 1:nrow(counts)){  
  norm = sum(counts[i,]);  
  norm_counts[i,] = counts[i,]/norm;  
}  
max_val_y = max(norm_counts)  
  
col_vec_full = rainbow(nrow(counts))  
col_vec_fade=rainbow(nrow(counts),s=0.5)  
x_val=seq(-0.5,ncol(norm_counts)+0.5,1)  
y_val=c(0,norm_counts[1,],0)  
  
par(oma=c(0,0,3,0))  
  
plot(x_val,y_val,type="b",xlim=c(-0.5,ncol(counts)+1),  
      ylim=c(0,1.4*max_val_y),axes=FALSE,xlab="classes",ylab="probability",  
      col=col_vec_full[1],lwd=3)  
  
for (i in 2:nrow(counts)){  
  y_val=c(0,norm_counts[i,],0)  
  
  par(new=TRUE)  
  plot(x_val,y_val,type="b",xlim=c(-0.5,ncol(counts)+1),  
        ylim=c(0,1.4*max_val_y),axes=FALSE,xlab="classes",ylab="probability",  
        col=col_vec_full[i],lwd=3)  
}
```

```
barplot(norm_counts,names.arg=count_labels,  
        xlim=c(-0.5,ncol(counts)+1),  
        ylim=c(0,1.4*max_val_y),  
        width=1/(nrow(counts)+1),space=c(0,1),add=TRUE,col=col_vec_fade,  
        density=rep(20,nrow(counts)), border=col_vec_fade,  
        beside=TRUE)  
  
box()  
  
category_names = as.character(category_names)  
  
legend("topright",inset=0.05,category_names,  
       col=col_vec_full,lwd=2)  
  
chi = chisq.test(counts)  
p_value=chi$p.value  
p_value = round(p_value,3)  
  
mtext(paste("Chi Squared Test: P = ",p_value), outer = TRUE)  
  
}  
  
#####  
####
```

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

```
##### Visualize ANOVA #####
```

```
## performs ANOVA, oneway test and post-hoc t.test
```

```
install.packages("multcompView")
```

```
vis_ANOVA_clusters=function(samples,factor,alpha=0.05,xlab="groups",ylab="samples"){
```

```
  n_classes = length(unique(factor))
```

```
  s = tapply(samples,factor,sd)
```

```
  m = tapply(samples,factor,mean)
```

```
  samples_per_class = c()
```

```
  for (i in 1:n_classes){
```

```
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
```

```
  }
```

```
  an = aov(samples~factor)
```

```
  a = summary(an)
```

```
  oneway=oneway.test(samples~factor)
```

```
  maximum = max(samples,na.rm=T);
```

```
  minimum = min(samples,na.rm=T);
```

```
  sp = maximum - minimum;
```

```
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;
```

```
windows()

par(oma=c(0,0,3,0))

stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,xlim=c(0,n_classes+1),
          ylim=c(mi,ma),
          col=rep("grey30",n_classes),
          ylab=ylab,xlab=xlab,las=2)

# sd:

for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),
        col=colors()[131],lwd=5)
}

for (i in 1:n_classes){
  lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),
        col=colors()[552],lwd=3)
  arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),
         i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,
         col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)
}

tuk = TukeyHSD(an)

library(multcompView)

s = multcompLetters(tuk[[1]][,4],threshold=alpha)
```

```
ord = c();

v = attributes(s$Letters)$names

f_levels = sort(unique(factor))

for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)

mtext(paste("ANOVA: P = ",a[[1]][["Pr(>F)"]][1]),"\n",
      "OneWay: P = ",oneway$p.value), outer = TRUE)

legend("topright",inset=0.05,horiz=TRUE,
      c("sd","mean+95%intervall"),
      col=c(colors()[131],colors()[552]),lwd=4)

windows(xpos=-500)

par(mfrow=c(1,2), oma=c(0,0,3,0))

plot(an$fitted,rstandard(an),main="std. Residuals vs. Group Means",xlab="Group
Means",ylab="Standardized Residuals")

abline(h=0,col=1,lwd=2)

qqnorm(rstandard(an),ylab="Sample Quantiles of Std. Residuals")

qqline(rstandard(an),col="red",lwd=2)

KS = ks.test(rstandard(an),pnorm,mean(rstandard(an)),sd(rstandard(an)))

p_KS = round(KS$p.value,3)
```



```

SH = shapiro.test(rstandard(an))

p_SH = round(SH$p.value,3)

mtext(paste("Residual Analysis\n Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,
           "\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS ),
      outer = TRUE)

}

##### Visualize ANOVA #####

#vis_ANOVA_interaction=function(samples,factor){...}

#####

####

### helper for Kruskal Wallis and post-hoc Wilcox:

sig_diffs_nongauss <- function(samples, factor)
{
  # function to produce a table similar to that produced for TukeyHSD
  # but for non-normally distributed data

  # calculate p values for each data classification

  ufactor = levels(factor)

  pwt = pairwise.wilcox.test(samples, factor)

  factormeans = matrix(0,length(ufactor),1)

  for(ii in 1:length(ufactor)){

```

```
pos = which(factor == ufactor[ii]);  
factormeans[ii] = mean(samples[pos]);  
}  
  
# make a matrix with a row for every possible combination of  
# 2 data classifications and populate it with the calculated  
# p values  
  
xcomb = combn(length(ufactor), 2)  
tukeylike = matrix(0,ncol(xcomb),4)  
colnames(tukeylike) <- c("diff", "lwr", "upr", "p adj")  
tukeynames = vector("list",ncol(xcomb))  
for(ii in 1:ncol(xcomb)){  
  tukeynames[ii] =  
    paste(ufactor[xcomb[2,ii]], "-", ufactor[xcomb[1,ii]], sep="");  
  
  p_value = pwt$p.value[xcomb[2,ii]-1, xcomb[1,ii]];  
  if (is.na(p_value)){p_value=1}  
  tukeylike[ii,4] = p_value  
  tukeylike[ii,1] = 0;  
  tukeylike[ii,2] = 0;  
  tukeylike[ii,3] = 0;  
}  
rownames(tukeylike) = tukeynames  
  
# re-format the table slightly so it is the same as that produced
```

```
# by TukeyHSD and output

tukeylike2 = list(tukeylike)

print(tukeylike2)

return(tukeylike2)

}

##### Visualize Kruskal_Wallis #####

## performs Kruskal Wallis and post-hoc Wilcoxon:

vis_Kruskal_Wallis_clusters=function(samples,factor,alpha=0.05,xlab="groups",ylab="samples"){

  n_classes = length(unique(factor))

  s = tapply(samples,factor,sd)

  m = tapply(samples,factor,mean)

  samples_per_class = c()

  for (i in 1:n_classes){

    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])

  }

  kk = kruskal.test(samples~factor)

  maximum = max(samples,na.rm=T);

  minimum = min(samples,na.rm=T);
```

```
sp = maximum - minimum;
mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;

par(oma=c(1,0,2,0),las=3)
stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,xlim=c(0,n_classes+1),
           ylim=c(mi,ma),
           col=rep("grey50",n_classes),
           ylab=ylab,xlab=xlab,las=2)
b = boxplot(samples~factor,add=TRUE,axes=F)
mtext(c("n= ",b$n),at=seq(0,n_classes),las=1)

tuk = sig_diffs_nongauss(samples,factor)
library(multcompView)
s = multcompLetters(tuk[[1]][,4],threshold=alpha)

ord = c();
v = attributes(s$Letters)$names
f_levels = sort(unique(factor))
for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)

title(paste("Kruskal Wallis: P = ",kk$p.value), outer = TRUE)
}
```

```
vis_Kruskal_Wallis_clusters1=function(samples,factor,alpha=0.05,xlab="groups",ylab="samples"){
```

```
  n_classes = length(unique(factor))
```

```
  s = tapply(samples,factor,sd)
```

```
  m = tapply(samples,factor,mean)
```

```
  samples_per_class = c()
```

```
  for (i in 1:n_classes){
```

```
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])
```

```
  }
```

```
  kk = kruskal.test(samples~factor)
```

```
  maximum = max(samples,na.rm=T);
```

```
  minimum = min(samples,na.rm=T);
```

```
  sp = maximum - minimum;
```

```
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;
```

```
  par(oma=c(1,0,2,0),las=3)
```

```
  stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,xlim=c(0,n_classes+1),
```

```
    ylim=c(mi,ma),
```

```
    col=rep("grey50",n_classes),
```

```
    ylab=ylab,xlab=xlab,las=2,axes=F)
```

```
  b = boxplot(samples~factor,add=TRUE,axes=F)
```

```

mtext(c("n= ",b$n),at=seq(0,n_classes),las=1)

tuk = sig_diffs_nongauss(samples,factor)

library(multcompView)

s = multcompLetters(tuk[[1]][,4],threshold=alpha)

ord = c();

v = attributes(s$Letters)$names

f_levels = sort(unique(factor))

for (i in 1:n_classes){
  ord[i] = which(v == f_levels[i])
}

text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)

title(paste("Kruskal Wallis: P = ",kk$p.value), outer = TRUE)
}

#####
###

#####
###

##### Visualize ANOVA #####
## performs 2way ANOVA

```

```
vis_2wayANOVA_clusters=function(samples,factor_1,factor_2){  
  
  n_classes = length(unique(factor))  
  
  s = tapply(samples,list(factor_1,factor_2),sd)  
  m = tapply(samples,list(factor_1,factor_2),mean)  
  
  samples_per_class = c()  
  for (i in 1:n_classes){  
    samples_per_class[i] = sum(factor==unique(factor)[i])  
  }  
  
  an = aov(samples~factor_1*factor_2)  
  a = summary(an)  
  
  maximum = max(samples);  
  minimum = min(samples);  
  sp = maximum - minimum;  
  mi = minimum-0.3*sp; ma = maximum+0.3*sp;  
  
  # par(oma=c(0,0,3,0))  
  # stripchart(samples~factor,vertical=TRUE,xlim=c(0,n_classes+1),  
  #           ylim=c(mi,ma),  
  #           col=rep("grey30",n_classes),  
  #           ylab="samples")
```

```
# sd:

#for (i in 1:n_classes){

# lines(x=c(i-0.2,i-0.2),y=c(m[[i]]-0.5*s[[i]],m[[i]]+0.5*s[[i]]),

#   col=colors()[131],lwd=5)

#}

#for (i in 1:n_classes){

# lines(x=c(i-0.1,i+0.1),y=c(m[[i]],m[[i]]),

#   col=colors()[552],lwd=3)

# arrows(i, m[[i]]+2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]),

#   i, m[[i]]-2*s[[i]]/sqrt(samples_per_class[i]), angle=90, code=3,

#   col=colors()[552],lty=1,lwd=2,length=0.1)

#

#}

# tuk = TukeyHSD(an)

# library(multcompView)

# s = multcompLetters(tuk[[1]][,4])

# ord = c();

# v = attributes(s$Letters)$names

# f_levels = sort(unique(factor))

# for (i in 1:n_classes){

#   ord[i] = which(v == f_levels[i])

# }
```



```

# text(seq(1:n_classes+1),mi,s$Letters[ord],col=colors()[81],cex=1.5,lwd=2)

# mtext(paste("Oneway: P = ",one_way$p.value), outer = TRUE)

# legend("topright",inset=0.05,horiz=TRUE,
#       c("sd","mean+95%intervall"),
#       col=c(colors())[131],colors())[552],lwd=4)

}

#####
###

#####
###

### helper functions for regression: ###

conf_band = function(x,reg,P,up){
  a = reg$coefficients[2]
  b = reg$coefficients[1]
  md = x-mean(x);
  result=x;
  for (i in 1:length(x)){
    result[i] = a*x[i] + b + up*qt(P,length(x)-2)* sqrt(sum(reg$resid*reg$resid)/(length(x)-2))*
sqrt(1/(length(x)-2) + md[i]^2/sum(md*md))
  }
  return(result)
}

```

```
}

```

```

progn_band = function(x,reg,P,up){
  a = reg$coefficients[2]
  b = reg$coefficients[1]
  md = x-mean(x);
  result=x;
  for (i in 1:length(x)){
    result[i] = a*x[i] + b + up*qt(P,length(x)-2)* sqrt(sum(reg$resid*reg$resid)/(length(x)-2))*
sqrt(1 + 1/(length(x)-2) + md[i]^2/sum(md*md))
  }
  return(result)
}

```

```
##### Visualize Regression #####

```

```
vis_regr = function(x,y,ylim,alpha=0.05,xlab="x",ylab="y"){

```

```
  P=alpha

```

```
  ord = order(x);

```

```
  x = sort(x)

```

```
  y = y[ord]

```

```
  reg = lm(y~x)

```

```
  summary(reg)

```

```
## error bands:

```

```
  y_conf_low = conf_band(x,reg,P,-1);

```

```
  y_conf_up = conf_band(x,reg,P,1);

```

```
  y_progn_low = progn_band(x,reg,P,-1);

```

```
y_progn_up = progn_band(x,reg,P,1);

ma = max(y,reg$fitted,y_progn_up);
mi = min(y,reg$fitted,y_progn_low);
sp = ma - mi;

windows()

par(oma=c(0,0,6,0))

# plot(x,y,ylim=c(mi-0.1*sp,ma+0.4*sp))
plot(x,y,ylim=ylim,xlab=xlab,ylab=ylab)
points(x,reg$fitted,type="l",col=2,lwd=2)

points(x,y_conf_low,type="l",lwd=2,lty=2,col=colors())[84]
points(x,y_conf_up,type="l",lwd=2,lty=2,col=colors())[84]
points(x,y_progn_low,type="l",lwd=2,lty=3,col=colors())[85]
points(x,y_progn_up,type="l",lwd=2,lty=3,col=colors())[85]

legend("topleft",inset=0.05,c("regr. line","confidence band","prognosis band"),
      lwd=2,col=c(2,colors())[84],colors())[85],lty=c(1,2,3))

s = summary(reg);
b = confint(reg);

#mtext("test", outer = TRUE)

mtext(paste("Regression: y = ax + b.\n Confidence 1-alpha = ", 1-P,"\n\n"),outer=TRUE,cex=1.5)
```

```

mtext(paste("\n\n a = ",round(reg$coefficients[2],4), ", Interval [",
          round(b[2,1],4),"",round(b[2,2],4),"]",
          ", p = ", round(s$coefficients[2,4],3),
          "\n b = ",round(reg$coefficients[1],4), ", Interval [",
          round(b[1,1],4),"",round(b[1,2],4),"]",
          ", p = ", round(s$coefficients[1,4],3),
          "\n adjusted R^2 = ", round(s$adj.r.squared,3)),
      outer = TRUE)

# mtext(paste("\n\n a = ",reg$coefficients[2]), ", p = ", s$coefficients[2,4],
#       "\n\n b = ",reg$coefficients[1]), ", p = ", s$coefficients[1,4]),
#       outer = TRUE)

windows(xpos=-500)

par(mfrow=c(1,2), oma=c(0,0,3,0))

plot(reg$fitted,rstandard(reg),main="std. Residuals vs. Fitted",xlab="Fitted
Values",ylab="Standardized Residuals")

abline(h=0,col=1,lwd=2)

qqnorm(rstandard(reg),ylab="Sample Quantiles of Std. Residuals")

qqline(rstandard(reg),col="red",lwd=2)

KS = ks.test(rstandard(reg),pnorm,mean(rstandard(reg)),sd(rstandard(reg)))

p_KS = round(KS$p.value,3)

SH = shapiro.test(rstandard(reg))

p_SH = round(SH$p.value,3)

```

```
mtext(paste("Residual Analysis\n Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,
           "\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS ),
      outer = TRUE)

}

##### Visualize Residuals #####

vis_resid = function(resid,fitted){

par(mfrow=c(1,2), oma=c(0,0,3,0))

plot(fitted,resid,main="Residuals vs. Fitted")

abline(h=0,col=1,lwd=2)

qqnorm(resid)

qqline(resid,col="red",lwd=2)

KS = ks.test(resid,pnorm,mean(resid),sd(resid))

p_KS = round(KS$p.value,3)

SH = shapiro.test(resid)

p_SH = round(SH$p.value,3)

mtext(paste("Residual Analysis\n Shapiro-Wilk: P = ",p_SH,
           "\n Kolmogorov-Smirnoff: P = ",p_KS ),
      outer = TRUE)

}
```

Anhang D Eigenständigkeitserklärung

Erklärung betreffend das selbstständige Verfassen einer Bachelorarbeit im Departement Life Sciences und Facility Management

Mit der Abgabe dieser Bachelorarbeit versichert der/die Studierende, dass er/sie die Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst hat.

Der/die unterzeichnende Studierende erklärt, dass alle verwendeten Quellen (auch Internetseiten) im Text oder Anhang korrekt ausgewiesen sind, d.h. dass die Bachelorarbeit keine Plagiate enthält, also keine Teile, die teilweise oder vollständig aus einem fremden Text oder einer fremden Arbeit unter Vorgabe der eigenen Urheberschaft bzw. ohne Quellenangabe übernommen worden sind.

Bei Verfehlungen aller Art kann ein Disziplinarverfahren gemäss den §§ 39 und 40 der Rahmenprüfungsordnung für die Bachelor- und Masterstudiengänge an der Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften vom 29. Januar 2008 i.V.m. der Verordnung zum Fachhochschulgesetz des Kantons Zürich eröffnet werden.

.....
Wädenswil, 13.01.2022

(Ort, Datum)



(Unterschrift)