



Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung		
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 1/Stand: 02.03.2018		

## Erläuterungen zur statistischen Analyse der Zusammenhänge zwischen Feinstruktur und Landnutzung und der Makrozoobenthos-Besiedelung an Fließgewässern im Rahmen der Landesstudie Gewässerökologie

### 1 Anlass

Im Rahmen der Arbeiten zur Erstellung der Landesstudie Gewässerökologie im Auftrag des Regierungspräsidiums Tübingen wurden durch die Auftragnehmer (Infrastruktur & Umwelt, Büro am Fluss) aus der Studie „Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungen und ihrer Erfolgskontrolle“ (Dahm et al. 2014) Werte zur Prognose von Besiedelungsquellen des Makrozoobenthos anhand der Gewässerstruktur abgeleitet. In Baden-Württemberg durch biologisches Monitoring bestätigte Besiedlungsquellen konnten hiermit jedoch nicht modelliert werden.

Daraufhin wurden die Auftragnehmer bei der Adhoc-Sitzung vom Regierungspräsidium Tübingen und dem Ministerium für Umwelt, Klima und Energiewirtschaft Baden-Württemberg am 9. August 2016 mit der statistischen Auswertung von Zusammenhängen zwischen der Bewertung des Makrozoobenthos und Parametern der Gewässerstruktur sowie der an das Gewässer angrenzenden Landnutzung beauftragt.



Vor dem Hintergrund des Zeitplans der Landesstudie Gewässerökologie wurden folgende Vereinbarungen zu den statistischen Auswertungen getroffen:

- (1) Als Besiedlungsquellen Makrozoobenthos (MZB) gelten folgende Untersuchungsstellen des landesweiten Monitoringnetzes:

- Metric [Fauna-Index-Klasse (NWB)] gut oder sehr gut
- und**
- Metric [EPT-[%]-Klasse (NWB)] gut oder sehr gut

Alle anderen MZB-Untersuchungsstellen wurden unter „nicht als Besiedelungsquelle geeignet“ geführt.

- (2) „Sehr gute“ Untersuchungsstellen, an denen beide Metrics „sehr gut“ sind, sollen nach Möglichkeit getrennt ausgewertet werden.

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 2/Stand: 02.03.2018		

- (3) Die Parameter zur Erfassung der Gewässerstruktur sollen im Bereich der MZB-Messstelle selbst sowie 1 000 m oberhalb und 500 m unterhalb erfasst werden. Oberhalb der Messstelle liegende Zuflüsse werden ggf. mit analysiert.
- (4) Die Analyse der Landnutzung umfasst einen Streifen von 100 m Breite auf einer Länge von bis zu 5 000 m oberhalb der MZB-Untersuchungsstelle. Zur Verwendung kommen ATKIS-Daten des Landes.
- (5) Innerhalb der analysierten Strecke einmündende Nebengewässer werden mit erfasst.
- (6) Die Gewässertypen werden zu Gewässertypengruppen – entsprechend dem Vorgehen der UBA-Studie (Dahm et al. 2014) – zusammengefasst. Die voralpinen Gewässertypen (2.1, 2.2, 3.1, 3.2) sollten bei den Auswertungen in einer eigenen Gruppe zusammengefasst werden

## 2 Methoden: Vorbereitung der Daten

### 2.1 Gewässerstruktur

Zur Vorbereitung der Analyse dienten folgende Datensätze:

- GIS-Datensatz zur Feinstrukturkartierung in Baden-Württemberg, zur Verfügung gestellt durch die LUBW (Stand Juni 2016)
- Excel-Datei mit den Ergebnissen des Monitoring Makrozoobenthos 2012 und 2013 (LUBW 2015), zur Verfügung gestellt durch die LUBW, bzw. öffentlich verfügbar unter <http://www4.lubw.baden-wuerttemberg.de/servlet/is/48288/> (November 2016)

Folgende Arbeitsschritte waren vor Durchführung der statistischen Analyse notwendig:

- (1) Zuordnung der Makrozoobenthos-Untersuchungsstellen des Landes zu einem Liniensegment des GIS-Datensatzes Gewässerstruktur-Feinverfahren.  
Hierbei konnten 892 der 908 Landesuntersuchungsstellen MZB einem Abschnitt der Feinstrukturkartierung zugeordnet werden. In Tabelle 1 sind die Untersuchungsstellen aufgelistet, die nicht zugeordnet werden konnten.

Tabelle 1: dem Datensatz GeStruk nicht zuzuordnende MZB-Untersuchungsstellen

MZB UP	Gewässer	Grund
AC011.00	Acher	Es liegen keine Strukturdaten vor.
AC010.00	Acher	Es liegen keine Strukturdaten vor.
AM039.00	Kirnbach bei Tübingen	Es liegen keine Strukturdaten vor.
AM040.00	Arenbach bei Tübingen	Es liegen keine Strukturdaten vor.
CA001.00	Nonnenbach	Es liegen keine Strukturdaten vor.
CA002.00	Nonnenbach	Es liegen keine Strukturdaten vor.
EF002.00	Mühlkanal Rosenmühle	Es liegen keine Strukturdaten vor.
EN116.00	NN-IS7	Es liegen keine Strukturdaten vor.
EN117.00	NN-IS7	Es liegen keine Strukturdaten vor.
EN205.00	Dürreychbach	Es liegen keine Strukturdaten vor.
KO122.00	Weißer Kocher	Es liegen keine Strukturdaten vor.
QK013.00	Umgehung Ott	Es liegen keine Strukturdaten vor.
XX027.80	Rhein	Gelegen in CH
XX070.50	Rhein	Gelegen in CH
XX167.00	Rhein	Gelegen in CH
YA016.00	Katzenbach	Es liegen keine Strukturdaten vor.

- (2) Erfassung der Abschnitte aus der Feinkartierung 1 000 m oberhalb und 500 m unterhalb der MZB-Untersuchungsstelle, inklusive Abschnitte an weniger als 1 000 m oberhalb einmündenden Nebengewässern mit Feinstrukturkartierung.
- (3) Überprüfung der Angaben zum Gewässertyp aus dem Datensatz MZB und dem Datensatz GeStruk. In den wenigen Fällen, in denen hier Widersprüche auftraten, die nicht auf einen Typwechsel entlang des Gewässers zurückzuführen waren, diente der öffentliche Datensatz „biozönotisch bedeutsamer Fließgewässertyp“ des Daten- und Kartendienstes der LUBW<sup>1</sup> als Referenz.

<sup>1</sup> Grundlage: Daten aus dem Räumlichen Informations- und Planungssystem (RIPS) der Landesanstalt für Umwelt, Messungen und Naturschutz Baden-Württemberg (LUBW)

- (4) Zusammenfassung der Angaben zum Gewässertyp in Gewässertypengruppen nach dem Schema in Tabelle 2.

Tabelle 2: Aggregationsregeln Gewässertyp – Gewässertypengruppe

Gewässertyp nach LAWA		Gewässertypengruppe für Auswertung	Anzahl MZB-Stellen
2.1	Bäche des Alpenvorlands	Bach Alpenvorland	41
2.2	kleine Flüsse des Alpenvorlands	Fluss Alpenvorland	29
3.1	Bäche der Jungmoräne des Alpenvorlands	Bach Alpenvorland	25
3.2	kleine Flüsse der Jungmoräne des Alpenvorlands	Fluss Alpenvorland	24
5	grobmaterialreich, silikatisch Mittelgebirgsbach	Bach Mittelgebirge	129
5.1	feinmaterialreich, silikatisch Mittelgebirgsbach	Bach Mittelgebirge	52
6	feinmaterialreich, karbonatisch Mittelgebirgsbach	Bach Mittelgebirge	30
6K	feinmaterialreich, karbonatisch Mittelgebirgsbach im Keuper	Bach Mittelgebirge	93
7	grobmaterialreich, karbonatisch Mittelgebirgsbach	Bach Mittelgebirge	168
9	Silikatisch fein- bis grobmaterialreich Mittelgebirgsfluss	Fluss Mittelgebirge	76
9.1	Karbonatisch fein- bis grobmaterialreich Mittelgebirgsfluss	Fluss Mittelgebirge	100
9.1K	Karbonatisch fein- bis grobmaterialreich Mittelgebirgsfluss im Keuper	Fluss Mittelgebirge	19
9.2	Große Flüsse des Mittelgebirges	Fluss Mittelgebirge	51
10	Kiesgeprägte Ströme	Strom	42
11	Organisch geprägte Bäche	Bach Tiefland	20
12	Organisch geprägte Flüsse	Fluss Tiefland	2
19	Kleine Niederungsfießgewässer	Bach Tiefland	5
21S	Seeausflussgeprägte Fließgewässer	-	2

- (5) Auftrennung des Parameters 2.5 Strömungsdiversität/Tiefenvarianz anhand der verbalen Beschreibung aus dem Datensatz GeStruk und Überführung in numerische Werte. Hierbei war der Gewässertyp zu berücksichtigen.
- (6) Bildung von Mittelwerten für alle Parameter der Gewässerstruktur, die bei der Erfassung im Gelände für die linke und die rechte Gewässerseite getrennt erfasst werden.

- (7) Bildung des gewichteten Mittels der Bewertung für alle relevanten Parameter der Gewässerstruktur. Für jede MZB-Untersuchungsstelle erfolgte dies mit der Formel:



$$[\text{gewichtetes Mittel}] = \text{Summe} ([\text{Abschnitt-Länge}] * [\text{Parameter-Bewertung}]) / \text{Summe}([\text{Abschnitt-Länge}])$$

Im Ergebnis entstanden zwei Tabellen mit den auf beschriebene Weise berechneten gemittelten Werten für die Parameter der Feinstrukturkartierung für die Abschnitte oberhalb und unterhalb der MZB-Untersuchungsstellen.

Nach Aufarbeitung der Daten für die Analyse ergaben sich 1 782 Datensätze für 891 Makrozoobenthos Stellen. Diese teilen sich wie in Tabelle 3 beschrieben auf.

Tabelle 3: Aufteilung der Datensätze für die Makrozoobenthos Stellen

Gewässertypengruppe	Kategorie	Besiedlungsquellen-Klasse	Anzahl Datensätze
Bach Alpenvorland	NWB	gut und sehr gut	27
Bach Alpenvorland	NWB	schlechter als gut	36
Fluss Alpenvorland	NWB	gut und sehr gut	29
Fluss Alpenvorland	NWB	schlechter als gut	24
Bach Mittelgebirge	NWB	gut und sehr gut	210
Bach Mittelgebirge	NWB	schlechter als gut	239
Fluss Mittelgebirge	NWB	gut und sehr gut	71
Fluss Mittelgebirge	NWB	schlechter als gut	156
Bach Tiefland	NWB	gut und sehr gut	5
Bach Tiefland	NWB	schlechter als gut	18
Fluss Tiefland	NWB	gut und sehr gut	1
Fluss Tiefland	NWB	schlechter als gut	1
Bach Mittelgebirge	AWB/HMWB	gut und sehr gut	1
Bach Mittelgebirge	AWB/HMWB	schlechter als gut	15
Fluss Mittelgebirge	AWB/HMWB	gut und sehr gut	1
Fluss Mittelgebirge	AWB/HMWB	schlechter als gut	16
Bach Tiefland	AWB/HMWB	gut und sehr gut	0
Bach Tiefland	AWB/HMWB	schlechter als gut	1
Fluss Tiefland	AWB/HMWB	gut und sehr gut	0
Fluss Tiefland	AWB/HMWB	schlechter als gut	0
Kiesgeprägter Strom	NWB	n.a.	11

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 6/Stand: 02.03.2018		

Kiesgeprägter Strom	AWB/HMWB	n.a.	27
---------------------	----------	------	----

## 2.2 Landnutzung

Die Erfassung der Landnutzung erfolgte in 100 m breiten Streifen beiderseits entlang der Abschnitte der Feinstrukturkartierung bis zu einer Entfernung von maximal 5 000 m oberhalb der MZB-Untersuchungsstelle. In diesem Abschnitt einmündende Nebengewässer des WRRL-Teilnetzes wurden in einer Länge erfasst, die insgesamt bis einem maximalen Abstand zur MZB-Untersuchungsstelle von 5 000 m reichte. Ggf. wurden auch Zuflüsse höherer Ordnung mit erfasst. Durch die Erfassung der Landnutzung an zuführenden Gewässern wurden im Mündungsbereich Flächen doppelt erfasst, die vor der weiteren Bearbeitung subtrahiert wurden.

Die in den ATKIS-Daten vorliegenden Kategorien zur Landnutzung wurden für die Ableitung von Zusammenhängen zwischen Landnutzung und MZB-Bewertung nach dem Schema in Abbildung 1 aggregiert. Die Aggregation orientierte sich an den Aggregationsregeln des Wasserhaushaltsmodells LARSIM.

Die Landnutzung wurde so schließlich in sechs Nutzungskategorien unterteilt (Tabelle 4).

Die auf diese Weise erzeugte Tabelle enthält für jede MZB-Untersuchungsstelle die Summe der zugeordneten Flächen bis 5 000 m stromaufwärts sowie den prozentualen Anteil der Nutzungskategorien.

*Tabelle 4: Nutzungskategorien*

Nutzungstyp
Städtische Nutzungen
Grünland
Acker
Obst- und Weinbau
Wald
Wasser

**Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung**

**Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider**

Seite 7/Stand: 02.03.2018



Büro am Fluss e.V.



INFRASTRUKTUR & UMWELT  
Professor Böhm und Partner

ATKIS NORA	Zuordnung LARSIM	Aggregation LStGÖ
Wohnbaufläche: Geschlossen Fläche gemischter Nutzung: Geschlossen Fläche besonderer funktionaler Prägung: Geschlossen Platz: Rastplatz Platz: Raststätte Platz: Festplatz	Siedlung dicht	
Wohnbaufläche: (Leer) Wohnbaufläche: Offen Industrie- und Gewerbefläche: Gärtnerei Industrie- und Gewerbefläche: Wasserwerk Fläche gemischter Nutzung: (Leer) Fläche gemischter Nutzung: Offen Fläche besonderer funktionaler Prägung: (Leer) Fläche besonderer funktionaler Prägung: Offen Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: (Leer) Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Gebäude- und Freifläche Erholung Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Zoo Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Freizeitpark Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Freilichttheater Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Freilichtmuseum Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Autokino, Freilichtkino Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Wochenend- und Ferienhausfläche Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Schwimmbad, Freibad Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Campingplatz	Siedlung locker	städtische Nutzungen
Industrie- und Gewerbefläche: (Leer) Industrie- und Gewerbefläche: Ausstellung, Messe Industrie- und Gewerbefläche: Wert Industrie- und Gewerbefläche: Kraftwerk Industrie- und Gewerbefläche: Umspannstation Industrie- und Gewerbefläche: Raffinerie Industrie- und Gewerbefläche: Heizwerk Industrie- und Gewerbefläche: Kläranlage, Klärwerk Industrie- und Gewerbefläche: Abfallbehandlungsanlage Industrie- und Gewerbefläche: Deponie (oberirdisch) Bergbaubetrieb: (Leer) Straßenverkehr: (Leer) Bahnverkehr: (Leer) Flugverkehr: Flughafen Flugverkehr: Verkehrslandeplatz Flugverkehr: Hubschrauberfluggelände Flugverkehr: Landeplatz, Sonderlandeplatz Schiffsverkehr: Hafenanlage (Landfläche) Schiffsverkehr: Schleuse (Landfläche)	Industrie & Verkehr	
Platz: (Leer) Platz: Fußgängerzone Platz: Parkplatz	versiegelt	
Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Freizeitanlage Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Modellfluggelände Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Grünanlage Straßenverkehr: Verkehrsbegleitfläche Straße Bahnverkehr: Verkehrsbegleitfläche Bahnverkehr Flugverkehr: Segelfluggelände Heide: (Leer)	extensives Grünland	Grünland
Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Golfplatz Landwirtschaft: (Leer) Landwirtschaft: Grünland	intensives Grünland	
Landwirtschaft: Ackerland	Ackerflächen	Acker
Landwirtschaft: Hopfen Landwirtschaft: Baumschule Landwirtschaft: Weingarten Landwirtschaft: Obstplantage	Obst- und Weinbau	Obst- und Weinbau
Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Safari- und Wildpark Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Park Sport-, Freizeit- und Erholungsfläche: Schrebergarten Friedhof: (Leer) Landwirtschaft: Streuobstwiese Landwirtschaft: Gartenland Gehölz: (Leer)	locker baumbestanden	Grünland
Wald: (Leer) Wald: Laub- und Nadelholz	Mischwald	Wald
Wald: Laubholz	Laubwald	
Wald: Nadelholz	Nadelwald	
Halde: (Leer) Tagebau/Grube/Steinbruch: (Leer) Unland/Vegetationslose Fläche: (Leer) Unland/Vegetationslose Fläche: Windschutz Unland/Vegetationslose Fläche: Öffentliche Zwecke Fläche zur Zeit unbestimmbar: (Leer)	Vegetationslos	Grünland
Moor: (Leer) Sumpf: (Leer)	Feuchtfelder	
Fließgewässer: (Leer) Fließgewässer: Kanal Hafenbecken: (Leer) Stehendes Gewässer: (Leer) Stehendes Gewässer: Baggersee	Wasser	Wasser

Abbildung 1: Aggregation der Landnutzung aus ATKIS

## 2.3 Datengrundlage für die statistische Analyse

Tabelle 6 und Tabelle 5 zeigen jeweils die Anzahl der Datensätze für die einzelnen Gewässertypengruppen. Aufgrund der geringen Zahl an Datensätzen innerhalb mancher Gewässertypengruppen (Tieflandgewässer und Ströme) konnte nicht für alle Gruppen eine Auswertung mittels BRT durchgeführt werden (Gruppen, die nicht ausgewertet werden konnten, sind in den Tabellen kursiv gedruckt). Die Auswertung mittels BRT konnte somit lediglich für die Bäche und Flüsse der Mittelgebirge erfolgen. Aufgrund der geringen Anzahl an Datensätzen innerhalb der Gruppen der Bäche und Flüsse des Alpenvorlandes wurden zusätzlich jeweils die Bäche bzw. Flüsse des Alpenvorlandes und der Mittelgebirge gemeinsam untersucht. Die Gewässer des Tieflandes sowie die Ströme mussten hierbei wegen zu großer morphologischer und ökologischer Unterschiede außen vor gelassen werden.

Tabelle 5: Anzahl der Datensätze für die statistische Analyse der Gewässerstruktur.

<b>Bäche Mittelgebirge</b>	<b>464</b>
<b>Flüsse Mittelgebirge</b>	<b>244</b>
<i>Bäche Alpenvorland</i>	<i>63</i>
<i>Flüsse Alpenvorland</i>	<i>53</i>
<i>Ströme</i>	<i>42</i>
<i>Bäche Tiefland</i>	<i>24</i>
<i>Flüsse Tiefland</i>	<i>2</i>
<b>Bäche Alpenvorland und Mittelgebirge</b>	<b>528</b>
<b>Flüsse Alpenvorland und Mittelgebirge</b>	<b>297</b>



Tabelle 6: Anzahl der Datensätze für die statistische Analyse der Landnutzung.

<b>Bäche Mittelgebirge</b>	<b>439</b>
<b>Flüsse Mittelgebirge</b>	<b>220</b>
<i>Bäche Alpenvorland</i>	<i>63</i>
<i>Flüsse Alpenvorland</i>	<i>52</i>
<i>Bäche Tiefland</i>	<i>24</i>
<i>Flüsse Tiefland</i>	<i>2</i>
<b>alle Bäche Alpenvorland und Mittelgebirge</b>	<b>502</b>
<b>alle Flüsse Alpenvorland und Mittelgebirge</b>	<b>292</b>

Wenn im Folgenden von „allen Bächen“ oder „allen Flüssen“ gesprochen wird, sind die Bäche oder Flüsse der Mittelgebirge und des Alpenvorlandes – ohne die Gewässer des Tieflandes – gemeint.

Die unterschiedliche Zahl an Datensätzen für die Auswertung der Landnutzung (Tabelle 6) und der Gewässerstruktur (Tabelle 5) ergibt sich aus dem Fehlen von Landnutzungs-Daten für manche Abschnitte.



Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 9/Stand: 02.03.2018		

## 3 Methoden: statistische Analyse

### 3.1 Erklärungsanteil der Abschnitte unterhalb der MZB-Probestellen



Für die Gewässerstruktur lagen zu jeder MZB-Messstelle sowohl ein Datensatz für den Abschnitt oberhalb (1000 m), sowie ein Datensatz für den Abschnitt unterhalb (500 m) der Messstelle vor. Wie in anderen Studien beschrieben (Kail, 2009 #315), beeinflusst die Gewässerstruktur oberhalb einer MZB-Probestelle deren MZB-Artenzusammensetzung deutlich stärker als die Gewässerstruktur unterhalb der Probestelle. Mit Hilfe einer logistischen Regression mit binomial verteilten Fehlern (glm mit logit-Linkfunktion) wurde nachgewiesen, dass bei den Bächen die Gewässerstruktur unterhalb der MZB-Probestelle für alle Feinstrukturparameter keinen zusätzlichen signifikanten Erklärungsanteil an den untersuchten biologischen Metrics zusätzlich zur Gewässerstruktur oberhalb hatte (die detaillierten Ergebnisse der Statistik sind im Anhang in Kapitel 7.1 zu finden). Bei den Flüssen führte diese statistische Auswertung zum selben Ergebnis, bis auf den Strukturparameter Uferbewuchs. Hier hatte die Bewertung des Abschnittes unterhalb der MZB-Stelle zusätzlich zum Abschnitt oberhalb einen signifikanten Einfluss auf die MZB-Besiedelung (die detaillierten Ergebnisse der Statistik sind im Anhang in Kapitel 7.2 zu finden).

In die weiteren Auswertungen ging für die Bäche somit nur die Gewässerstruktur oberhalb der MZB-Probestellen ein. Bei den Flüssen wurde zusätzlich zur Gewässerstruktur oberhalb der MZB-Messstellen die Bewertung des Uferbewuchses unterhalb der MZB-Messstellen betrachtet.

### 3.2 Boosted Regression Trees (BRT)

Um den Einfluss einzelner Landnutzungsformen im Einzugsgebiet bzw. Parameter der Feinstrukturkartierung auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle für Makrozoobenthos zu untersuchen, wurde die Methode „Boosted Regression Trees“ (BRT) angewendet (durchgeführt mit dem Programm R, Version 3.3.1 (2016-06-21)<sup>2</sup>. Dies wurde zunächst für die Landnutzung und die Gewässerstruktur getrennt, später auch zusammen ausgeführt.

<sup>2</sup> R Core Team (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org>

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung		
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 10/Stand: 02.03.2018		

Als abhängige Variable für die BRTs wurde die Eignung als Besiedelungsquelle (BQ) verwendet. Dabei gab es zwei Klassen (siehe Kapitel 0):

- 1 für „als Besiedelungsquelle geeignet“ und
- 0 für „nicht als Besiedelungsquelle geeignet“.



Die unabhängigen Variablen waren die verschiedenen Nutzungsformen im Einzugsgebiet bzw. die einzelnen Strukturparameter (in Form ihrer Bewertung).

Ziel war es, mittels der Boosted Regression Trees diejenigen Nutzungsformen bzw. Strukturparameter zu identifizieren, die den größten Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Makrozoobenthos-Besiedelungsquelle haben. Die Methode „Boosted Regression Trees“ kombiniert die Vorteile von zwei verschiedenen Algorithmen: „Regression Trees“ ordnen die Werte einer abhängigen Variable (Response) den Werten der unabhängigen Variablen (Predictors) zu, indem sie diese rekursiv aufspalten. „Boosting“ ist eine anpassungsfähige Methode, die viele einfache Modelle kombiniert, um so eine bessere Vorhersagekraft zu erreichen. Ein Vorteil der Boosted Regression Trees ist unter anderem, dass sie mit einer großen Zahl an unterschiedlichen unabhängigen Variablen umgehen können, ohne dass zuvor beispielweise eine Transformation der Daten oder das Entfernen von Ausreißern notwendig wäre (Elith et al. 2008a).

Da sich die Ergebnisse bei jedem Durchlauf einer Berechnung der Boosted Regression Trees geringfügig unterscheiden, wurde jede Modellrechnung insgesamt zehnmal wiederholt. Vom relativen Einfluss jedes Parameters wurde der Median gebildet.

Durch Voruntersuchungen hatte sich herausgestellt, dass es bei den Flüssen nicht möglich war, aussagekräftige BRT-Modelle zu berechnen. Dies lag mit hoher Wahrscheinlichkeit an der zu geringen Datenmenge für die Flüsse im Vergleich zu den Bächen. Ein weiterer Grund könnte sein, dass die Einteilung in die Klassen 0 und 1 für die MZB-Besiedelung die Realität im Datensatz nicht gut widerspiegelt. Daraufhin wurde für die Flüsse in den BRTs eine kontinuierliche abhängige Variable verwendet. Dabei wurde eine neue Variable „Besiedelungsquelle Score“ erzeugt, die jeweils den schlechteren Wert für Faunaindex bzw. EPT [%] erhielt.

Als Maß für die Modellgüte wurden jeweils zwei Werte berechnet: die erklärte Varianz und der ROC-Wert. Die Erklärte Varianz gibt den Anteil der Gesamtvarianz in der abhängigen Variablen an, der durch die unabhängigen Variablen erklärt wird (Dahm, 2014 #308). Je größer die erklärte Varianz ist, desto besser ist das

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung		
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 11/Stand: 02.03.2018		

Modell. Der ROC-Wert gibt an, in wie weit das Modell in der Lage ist, zwischen den Kategorien der abhängigen Variable zu unterscheiden (Dahm, 2014 #308). Bei einer perfekten Zuordnung wäre der ROC-Wert 1, bei einer komplett zufälligen Zuordnung 0,5. Damit ein Modell aussagekräftig ist, sollte der ROC-Wert  $> 0,75$  sein. Bei den Flüssen konnte kein ROC-Wert berechnet werden, da dies nur mit einer binomiale erklärten Variablen möglich ist. Diese Werte sind als Maß für die Modellgüte jedoch mit Vorsicht zu genießen, da es auf Grund der relativ geringen Datenmengen nicht möglich war, einen Teil der Daten als Kalibrierungsdatensatz für das Modell zu verwenden und einen anderen, unabhängigen Teil als Validierungssatz zur Überprüfung der Modellgüte. Stattdessen wurde nur eine „Cross-Validation“ durchgeführt, bei der das Modell an einem Teil der Daten aus demselben Datensatz überprüft wird, mit dem das Modell auch kalibriert wurde (Elith, 2008 #311).



### 3.3 Filtern der Struktur-Parameter für die Boosted Regression Trees

Obwohl die Methode „Boosted Regression Trees“ dazu geeignet ist, mit vielen unabhängigen Variablen umzugehen, wurde im Vorfeld versucht, die Anzahl der unabhängigen Variablen etwas einzugrenzen, um das Modell nicht unnötig kompliziert zu halten.

Für die Auswertung der Landnutzung wurden die im GIS zunächst getrennt erfassten Nutzungsformen „Acker“ und „Obst- und Weinbau“ zusammengefasst zur Nutzungsform „Landwirtschaft“. Die Auswirkungen dieser beiden Nutzungsformen auf die Gewässer sind sehr ähnlich. Außerdem war die Nutzungsform „Obst und Weinbau“ nur an sehr wenigen Gewässern im Untersuchungsgebiet gefunden worden. Es wurde in den Modellen also zwischen folgenden Nutzungsformen unterschieden:

- Landwirtschaftliche Nutzung
- Grünland
- Städtische Nutzung
- Wald
- Wasser

Auch bei der der Gewässerstruktur wurden für die BRT-Modellrechnungen einige der insgesamt 16 Strukturparameter aus der Auswertung herausgenommen:

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung		
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 12/Stand: 02.03.2018		

Der Strukturparameter Krümmungserosion wurde in allen folgenden Analysen weggelassen, da nur für Gewässer mit geradem/begradigtem Lauf eine Bewertung vorliegt und somit nur wenige Daten vorhanden waren. Auch die Flächennutzung wurde im Folgenden nicht berücksichtigt. Da die Landnutzung gesondert ausgewertet wird, geht aus der Mitbetrachtung dieser Variable keine zusätzliche Information hervor.

Mit den verbleibenden Strukturparametern wurden eine Spearman's Rangkorrelation sowie eine Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis, PCA) durchgeführt, um zu untersuchen, ob gewisse Strukturparameter miteinander autokorreliert und damit redundant sind.

Daraufhin wurden folgende Parameter in den BRTs nicht berücksichtigt:

**Bäche:**

- f11 Laufform
- f22 Rückstau
- f24 Verrohrung
- f25b Tiefenvarianz
- f41 Sohlenzustand
- f51 Uferbewuchs
- f62 Gewässerrandstreifen

**Flüsse:**

- f21 Durchgängigkeit
- f23 Ausleitung
- f24 Verrohrung
- f25b Tiefenvarianz
- f51 Uferbewuchs oberhalb
- f51 Uferbewuchs unterhalb
- f52 Uferzustand

Die detaillierten Ergebnisse der Spearman's Rangkorrelationen und der Hauptkomponentenanalyse sind im Anhang (Kapitel 7.3) aufgeführt.

Folgende Parameter gingen demnach in die BRT-Modelle mit ein:

**Bäche:**

- |  |   |
|--|---|
| <ul style="list-style-type: none"> <li>• f21 Durchgängigkeit</li> <li>• f23 Ausleitung</li> <li>• f25a Strömungsdiversität</li> <li>• f31 Breitenvarianz</li> <li>• f32 Durchlass</li> <li>• f42 Substratdiversität</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>• f52 Uferzustand</li> <li>• Anteil Landwirtschaft</li> <li>• Anteil städtische Nutzung</li> <li>• Anteil Grünland</li> <li>• Anteil Wald</li> <li>• Anteil Wasserflächen</li> </ul> |
|--|---|

### Flüsse:

- f11 Laufform
- f22 Rückstau
- f25a Strömungsdiversität
- f31 Breitenvarianz
- f32 Durchlass
- f41 Sohlzustand
- f42 Substratdiversität
- f62 Gewässerrandstreifen
- Anteil Landwirtschaft
- Anteil städtische Nutzung
- Anteil Grünland
- Anteil Wald
- Anteil Wasserflächen

### 3.3.1 Modellparameter für die BRTs

Für jeden Datensatz wurden die Modell-Einstellungen zur Berechnung der Boosted Regression Trees im Vorfeld durch Probeläufe angepasst. Die angepassten Modell-Parameter sind in Tabelle 7 aufgelistet. Für die bag fraction wurde bei allen Berechnungen der von Elith (Elith, 2008 #311) empfohlene Wert von 0.5 verwendet.

Tabelle 7: Modelleinstellungen für die Boosted Regression Trees.

untersuchte Gruppe	tree complexity	bag fraction	learning rate
alle Bäche – Gewässerstruktur	3	0.5	0.002
alle Bäche – Landnutzung	2	0.5	0.003
alle Bäche – Gewässerstruktur und Landnutzung	4	0.5	0.002
Mittelgebirgsbäche – Gewässerstruktur	3	0.5	0.002
Mittelgebirgsbäche – Landnutzung	3	0.5	0.002
Mittelgebirgsbäche – Gewässerstruktur und Landnutzung	4	0.5	0.002
alle Flüsse – Gewässerstruktur	2	0.5	0.004
alle Flüsse – Landnutzung	1	0.5	0.002
alle Flüsse – Gewässerstruktur und Landnutzung	7	0.5	0.002
Mittelgebirgsflüsse – Gewässerstruktur	2	0.5	0.004
Mittelgebirgsflüsse – Landnutzung	2	0.5	0.002
Mittelgebirgsflüsse – Gewässerstruktur und Landnutzung	7	0.5	0.002

### 3.4 Definition von Grenzwerten

Nach der Identifikation der Feinstrukturparameter bzw. Landnutzungsformen mit großem Einfluss auf die MZB-Besiedelungsquelle wurde in einem weiteren Schritt versucht, für diese Faktoren Grenzwerte zu definieren. In der Regel können solche Grenzwerte aus den sogenannten „Partial Dependence Plots“ abgeleitet werden (Dahm et al. 2014), die im Zuge der BRT-Analyse erstellt werden. Partial Dependence Plots stellen den Effekt einer unabhängigen Variablen (also eines Strukturparameters oder einer Landnutzungsform) auf die abhängige Variable (die MZB-Besiedelung) dar (Dahm et al. 2014). Dabei wird der Effekt aller anderen im Modell berücksichtigten Variablen herausgerechnet. Abbildung 2 zeigt als Beispiel einen Partial Dependence Plot für die Nutzungsform Landwirtschaft (bei den Mittelgebirgsbächen). Auf der x-Achse ist der Gradient der unabhängigen Variable aufgetragen (in diesem Fall der Anteil landwirtschaftlich genutzter Fläche), auf der y-Achse, die Werte der sogenannten „fitted function“, also der aus dem Modell berechneten Werte der abhängigen Variable (MZB-Besiedelung) in Abhängigkeit von der unabhängigen Variable. Eine positive „fitted function“ indiziert einen positiven Effekt, eine negative „fitted function“ – wie in diesem Fall – einen negativen Effekt. Ein besonders steiler Anstieg bzw. Abfall kann als Grenzwert interpretiert werden. Im Beispiel liegt dieser etwa bei 5 % landwirtschaftlich genutzter Fläche. Dabei muss beachtet werden, dass Partial Dependence Plots keine genaue Abbildung der echten Daten sind, vor allem bei starken Interaktionen zwischen den einzelnen unabhängigen Variablen können sie sich deutlich von der Wirklichkeit unterscheiden (Elith et al. 2008a).

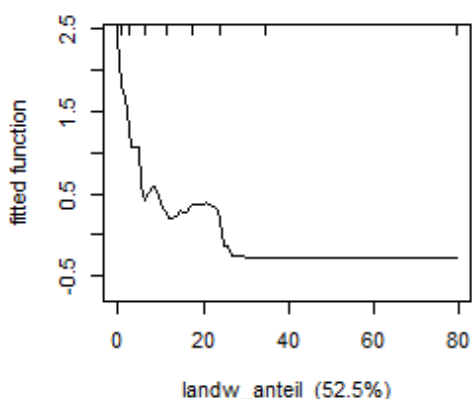


Abbildung 2: Partial Dependence Plot für die Landnutzungsform Landwirtschaft (Beispiel)

Das Ablesen von Grenzwerten aus den Partial Dependence Plots war jedoch in den meisten Fällen nicht eindeutig möglich. Deshalb wurden zur Ableitung der Grenzwerte sogenannte Box-and-Whisker-Plots verwendet. Ein Beispiel eines solchen Box-and-Whisker-Plots ist in Abbildung 3 dargestellt. Bei einem Box-and-Whisker-Plot werden die Werte der abhängigen Variable in Kategorien eingeordnet (im Beispiel MZB-Besiedelungsquelle 0 und 1). Innerhalb jeder Kategorie werden dann bestimmte Kennzahlen der Verteilung der Werte für die abhängige Variable (im Beispiel der Anteil landwirtschaftlich genutzter Fläche) dargestellt (Halle und Müller 2014): Die Linie innerhalb der Box entspricht dem Median, die oberen und unteren Grenzen der Box stellen das obere und untere Quartil (also das 25- und 75-Perzentil) dar. Die Box enthält also 50 % der Werte. Der obere „whisker“ (horizontale Linie) begrenzt die Summe aus dem 75-Perzentil und der 1,5-fachen Differenz zwischen dem 75- und 25-Perzentil, der untere „whisker“ begrenzt entsprechend die Summe aus dem 25-Perzentil und der 1,5-fachen Differenz zwischen dem 75- und 25-Perzentil. Alle Punkte, die ober- bzw. unterhalb der whisker liegen, werden als Ausreißer betrachtet. Als Grenzwert wurde bei einem negativen Effekt die obere Grenze der Box für die MZB-Besiedelungsquelle=1 verwendet, im Beispiel ergibt sich daraus ebenfalls ein Grenzwert von 5 %. Bei einem positiven Effekt wurde die untere Grenze der Box verwendet.

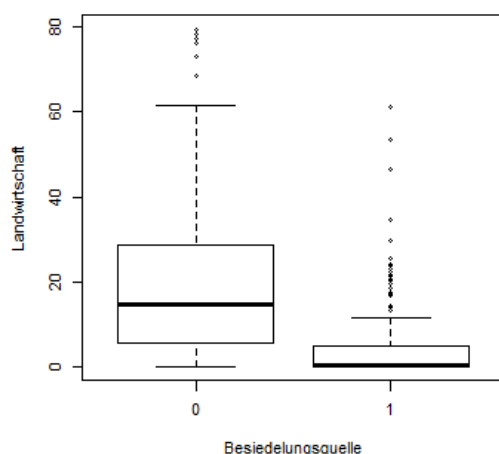


Abbildung 3: Box-and-Whisker-Plot für die Landnutzungsform Landwirtschaft (Beispiel)

Da die Auswertung bei den Flüssen nicht mittels zweier Klassen für die Besiedelungsquelle erfolgte, konnten hier keine Grenzwerte aus Box-and-Whisker-Plots abgelesen werden. Hier müssen entweder die Grenzwerte der Bäche übernommen werden oder es muss auf vorhandene Literatur zurückgegriffen werden.

## 4 Ergebnisse der BRTs für die Bäche

Im Folgenden sind die Ergebnisse der BRT-Modellrechnungen für alle Bäche sowie für die Bäche der Mittelgebirge aufgeführt. Für die Bäche des Tieflandes konnte wie in Kapitel 2.3 begründet kein Modell berechnet werden.

### 4.1 Gewässerstruktur

Die Ergebnisse der BRTs für die Gewässerstruktur bei den Bächen sind in Tabelle 8 dargestellt.

*Tabelle 8: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für die Gewässerstruktur für alle Bäche und Mittelgebirgsbäche. Die Strukturparameter sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle. Grenzwerte wurden (soweit möglich und sinnvoll) aus den Box-and-Whisker-Plots abgeleitet.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	ROC <sup>3</sup>	Erklärte Varianz <sup>4</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>5</sup>	Grenzwert
alle Bäche	528	0,79	0,30	Strömungsdiversität [46,4]	≤4
				Substratdiversität [23,3]	≤4
				Durchgängigkeit [8,1]	-
				Uferzustand [6,9]	-
				Breitenvarianz [6,8]	-
				Durchlass [5,8]	-
				Ausleitung [2,7]	-
Bäche der Mittelgebirge	465	0,78	0,27	Strömungsdiversität [46,9]	≤4
				Substratdiversität [21,9]	≤4
				Durchgängigkeit [7,9]	-
				Breitenvarianz [7,4]	-
				Uferzustand [7,4]	-
				Durchlass [5,8]	-
				Ausleitung [5,8]	-

Den stärksten Einfluss auf die MZB-Besiedelungsquelle hatte sowohl bei den Bächen der Mittelgebirge als auch bei allen Bächen die Strömungsdiversität mit knapp unter 50 %. Etwas geringer war der Einfluss der Substratdiversität, die bei beiden Gruppen mit über 20 % der zweitstärkste Einflussfaktor war. Alle weiteren

<sup>3</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>4</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>5</sup> Median aus 10 Berechnungen



untersuchten Strukturparameter zeigten in den BRT-Modellen sowohl bei allen Bächen als auch bei den Mittelgebirgsbächen einen deutlich geringeren Einfluss auf die MZB-Besiedelung (alle unter zehn Prozent).

Aus den Box- and Whisker-Plots wurde sowohl für die Strömungsdiversität als auch für die Substratdiversität jeweils ein Grenzwert von 4 abgeleitet, das heißt, die Bewertung für diese Feinstrukturparameter muss 4 oder besser sein, damit sich ein Gewässerabschnitt als Besiedelungsquelle für Makrozoobenthos eignet. Dies gilt für alle Bäche (Abbildung 4) wie auch für die Bäche der Mittelgebirge (Abbildung 5).

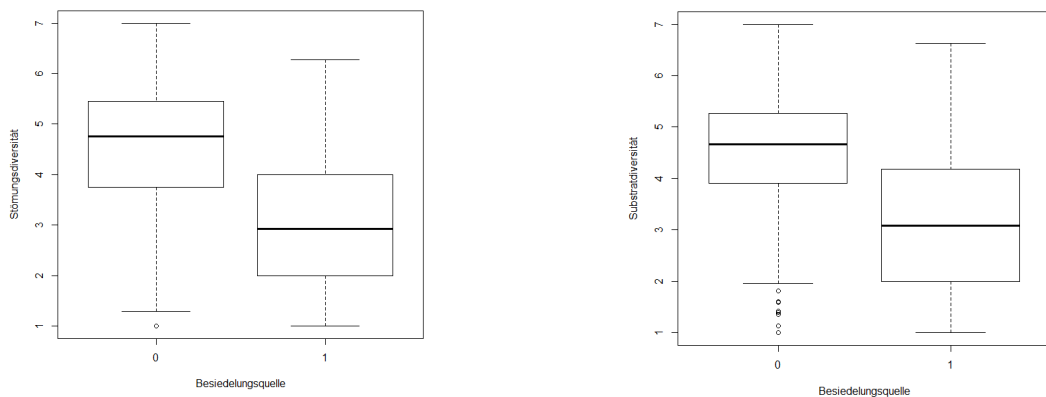


Abbildung 4: Box-and-Whisker-Plot zur Ableitung von Grenzwerten für die Strömungsdiversität (links) und die Substratdiversität (rechts) bei allen Bächen.

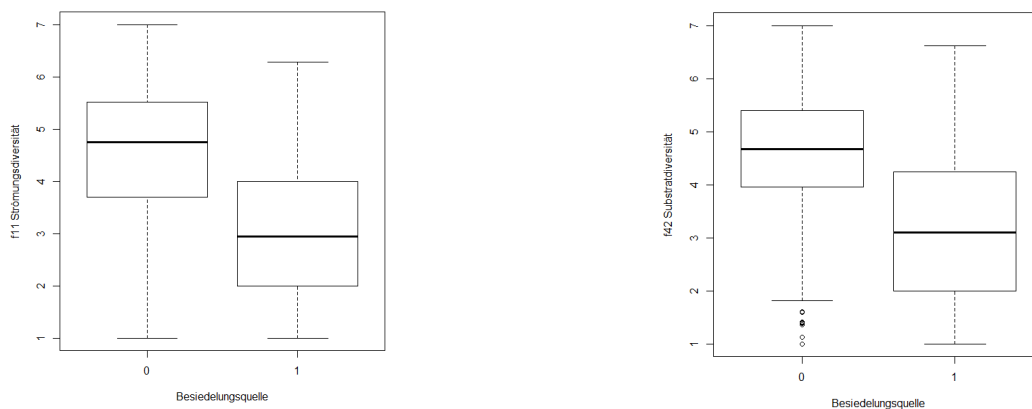


Abbildung 5: Box-and-Whisker-Plot zur Ableitung von Grenzwerten für die Strömungsdiversität (links) und die Substratdiversität (rechts) bei den Bächen der Mittelgebirge.

## 4.2 Landnutzung

Die Ergebnisse der BRTs für die Landnutzung bei den Bächen sind in Tabelle 9 dargestellt.

*Tabelle 9: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für die Landnutzung für alle Bäche und Mittelgebirgsbäche. Die Landnutzungsformen sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle. Grenzwerte wurden (soweit möglich und sinnvoll) aus den Box-and-Whisker-Plots abgeleitet.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	ROC <sup>6</sup>	Erklärte Varianz <sup>7</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>8</sup>	Grenzwert
alle Bäche	502	0,81	0,31	Landwirtschaft [56,8]	<10 %
				städt. Nutzung [16,7]	<10 %
				Wald [14,8]	>20 %
				Grünland [8,6]	-
				Wasser [2,9]	-
Bäche der Mittelgebirge	439	0,83	0,37	Landwirtschaft [55,5]	<5 %
				städt. Nutzung [16,1]	<10 %
				Wald [14,5]	>20 %
				Grünland [9,7]	-
				Wasser [4,0]	-

Den stärksten Einfluss auf die MZB-Besiedelungsquelle hatte sowohl bei den Bächen der Mittelgebirge als auch bei allen Bächen die landwirtschaftliche Nutzung mit über 55 %. Etwas geringer war bei beiden Gruppen der Einfluss der städtischen Nutzung und der forstlichen Nutzung mit jeweils um die 15 %. Der Einfluss von Grünland lag unter zehn Prozent. Zu vernachlässigen ist der Einfluss von Wasserflächen.

Für die landwirtschaftliche Nutzung als einflussstärkste Nutzungsform wurde bei der Betrachtung aller Bäche aus dem Box-and-Whisker-Plot (Abbildung 6) ein Grenzwert von zehn Prozent abgeleitet, d.h. damit eine MZB-Besiedelungsquelle möglich ist, dürfen maximal zehn Prozent eines beiderseits 100 m breiten Streifens bis 5000 m oberhalb landwirtschaftlich genutzt werden. Dasselbe gilt für die städtische Nutzung. Für die Nutzungsform Wald lag der Grenzwert bei 20 %, d.h. es müssen mindestens 20 % des betreffenden Streifens mit Wald bewachsen sein. Bei den Mittelgebirgsbächen (Abbildung 7) entsprachen die Grenzwert-

<sup>6</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>7</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>8</sup> Median aus 10 Berechnungen

te für die städtische Nutzung und den Wald denen aller Bäche (10 % für städtische Nutzung, 20 % für Wald), für die Landwirtschaft lag der Grenzwert hier jedoch bei 5 %.

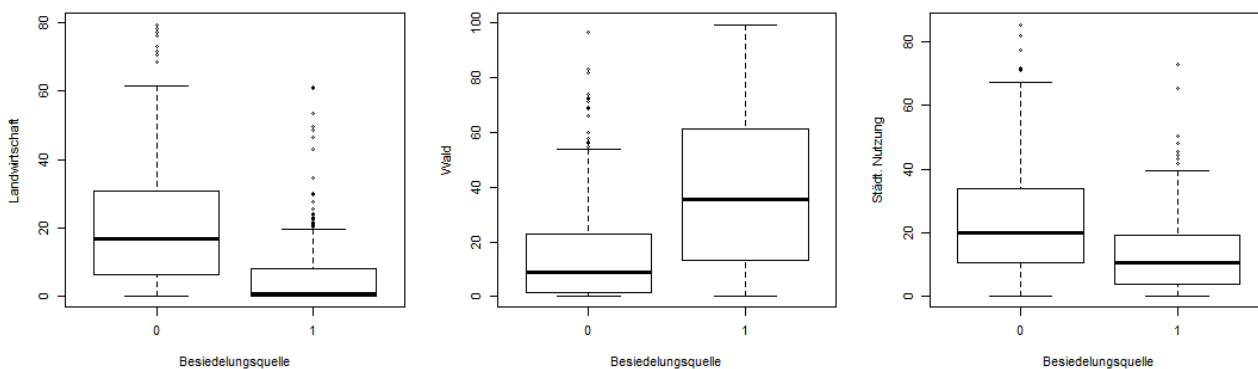


Abbildung 6: Box-and-Whisker-Plots zur Ableitung von Grenzwerten für die Nutzungsformen mit deutlichem Einfluss auf die MZB-Besiedelung bei allen Bächen (ohne Tiefland).

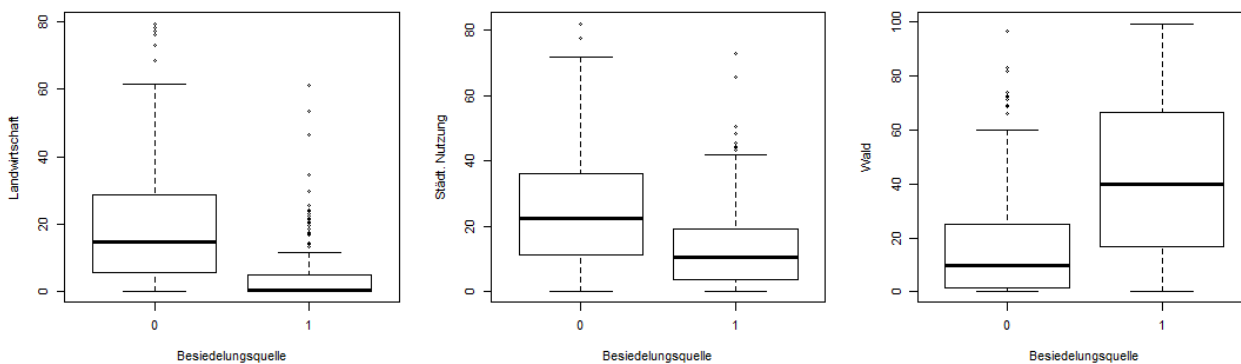


Abbildung 7: Box-and-Whisker-Plots zur Ableitung von Grenzwerten für die Nutzungsformen mit deutlichem Einfluss auf die MZB-Besiedelung bei den Mittelgebirgsbächen.

### 4.3 Gemeinsame Betrachtung von Gewässerstruktur und Landnutzung

Die Ergebnisse der BRT-Modellrechnungen für die gleichzeitige Betrachtung von Gewässerstruktur und Landnutzung für die Bäche sind in Tabelle 10 zusammengefasst.

*Tabelle 10: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für Gewässerstruktur und Landnutzung für alle Bäche und Mittelgebirgsbäche. Die Parameter sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle. Grenzwerte wurden (soweit möglich und sinnvoll) aus den Box-and-Whisker-Plots abgeleitet.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	ROC <sup>9</sup>	Erklärte Varianz <sup>10</sup>	Relativer Einfluss	[%] <sup>11</sup>	Grenzwert
alle Bäche	502	0,85	0,46	Landwirtschaft	31,1	<10 %
				Strömungsdiversität	22,6	≤4
				Substratdiversität	12,4	≤4
				städt. Nutzung	10,0	<10 %
				Wald	7,3	>20 %
				Grünland	6,3	-
				Durchgängigkeit	5,7	-
				Uferzustand	4,4	-
Bäche der Mittelgebirge	439	0,86	0,44	Landwirtschaft	37,9	<5 %
				Strömungsdiversität	18,23	≤4
				städt. Nutzung	10,7	<10 %
				Substratdiversität	9,8	≤4
				Wald	7,9	>20 %
				Grünland	6,1	-
				Uferzustand	5,2	-
				Durchgängigkeit	4,3	-



Faktor mit dem stärksten Einfluss auf die MZB-Besiedelung war sowohl bei allen Bächen als auch bei den Mittelgebirgsbächen die landwirtschaftliche Nutzung, gefolgt von dem Feinstrukturparameter Strömungsdiversität mit rund 20 %. Der Einfluss von städtischer Nutzung und Substratdiversität war mit rund 10 % deutlich geringer. Alle weiteren Strukturparameter und Nutzungsformen hatten nur einen geringen Einfluss auf die MZB-Besiedelung.

Die Grenzwerte wurden aus Kapitel 4.1 und 4.2 übernommen.

<sup>9</sup>Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>10</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>11</sup> Median aus 10 Berechnungen

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>LEBENDIGER NECKAR</b> Büro am Fluss e.V.	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 21/Stand: 02.03.2018		

Alle nicht in Tabelle 10 aufgeführten Feinstrukturparameter bzw. Nutzungsformen wurden im BRT-Modell nicht berücksichtigt, da ihr Einfluss zu vernachlässigen war. Sie entfielen bei der automatischen Vereinfachung des BRT-Modells, bei der alle Parameter eliminiert werden, deren Nichtbeachtung keinen nennenswerten Effekt auf die Vorhersagekraft des Modells hat (Elith et al. 2008b).

## 5 Ergebnisse der BRTs für die Flüsse

Im Folgenden sind die Ergebnisse der BRT-Modellrechnungen für alle Flüsse sowie für die Flüsse der Mittelgebirge aufgeführt. Für die Flüsse des Tieflandes sowie die Ströme konnte wie in Kapitel 2.3 begründet kein Modell berechnet werden.

### 5.1 Gewässerstruktur

Die Ergebnisse der BRTs für die Gewässerstruktur der Flüsse sind in Tabelle 11 dargestellt.

*Tabelle 11: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für die Gewässerstruktur für alle Flüsse und die Mittelgebirgsflüsse. Die Strukturparameter sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle. Grenzwerte wurden aus Kapitel 4.1 bzw. aus Dahl et al. (2014) übernommen.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	Erklärte Varianz <sup>12</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>13</sup>	Grenzwert	
				Bäche	Dahl et al. 2014
alle Flüsse	528	0,38	Stömungsdiversität [27,5]	≤4	-
			Substratdiversität [13,9]	≤4	-
			Sohlenzustand [13,0]	-	-
			Laufform [12,5]	-	-
			Rückstau [10,5]	-	-
			Breitenvarianz [10,3]	-	-
			Gewässerrandstreifen [8,0]	-	-
Flüsse der Mittelgebirge	238	0,40	Strömungsdiversität [27,0]	≤4	-
			Laufform [15,3]	-	-
			Substratdiversität [12,8]	≤4	-
			Rückstau [10,6]	-	-
			Gewässerrandstreifen [10,3]	-	-
			Sohlenzustand [9,5]	-	-
			Breitenvarianz [8,3]	-	-
Durchlass [6,1]	-	-			

Den stärksten Einfluss auf die MZB-Besiedelungsquelle hatte sowohl bei den Flüssen der Mittelgebirge als auch bei allen Flüssen die Strömungsdiversität mit ca. 27 %. Alle anderen untersuchten Strukturparameter

<sup>12</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>13</sup> Median aus 10 Berechnungen

hatten einen deutlich geringeren Einfluss, wobei sich zwischen ihnen allen – bis auf den Durchlass, dessen Einfluss vernachlässigbar war – keine sehr deutliche Reihenfolge erkennen ließ (zwischen 8 und 15 %).

Da bei den Flüssen keine Grenzwerte aus Grafiken abgeleitet werden konnten, musste hier auf die Ergebnisse der Bäche bzw. auf vorhandene Literatur zurückgegriffen werden. Die Grenzwerte für Strömungsdiversität und Substratdiversität bei den Bächen waren jeweils 4. Aus der Studie „Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungen und ihrer Erfolgskontrolle“ (Dahm et al. 2014) konnten zur Gewässerstruktur der Flüsse keine Grenzwerte übernommen werden, da die betreffenden Strukturparameter Strömungsdiversität und Substratdiversität hier entweder für die entsprechenden Fließgewässertypen nicht als dominierende Faktoren aufgeführt waren oder für sie keine Grenzwerte angegeben waren.

## 5.2 Landnutzung



Die Ergebnisse der BRTs für die Landnutzung der Flüsse sind in Tabelle 12 dargestellt.

*Tabelle 12: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für die Landnutzung für alle Flüsse und Mittelgebirgsflüsse. Die Landnutzungsformen sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedlungsquelle. Grenzwerte wurden aus Kapitel 4.2 bzw. aus Dahm et al. (2014) übernommen.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	Erklärte Varianz <sup>14</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>15</sup>	Grenzwert	
				Bäche	Dahm et al. 2014
alle Flüsse	292	0,14	Landwirtschaft [46,1]	<10 %	<15-20 %
			Wald [20,4]	>20 %	>50 %
			städt. Nutzung [12,2]	<10 %	<10 %
			Wasser [10,5]	-	-
			Grünland [10,4]	-	-
Flüsse der Mittelgebirge	240	0,27	Landwirtschaft [45,2]	<5 %	<15-20 %
			Grünland [16,6]	-	-
			Wasser [16,4]	-	-
			Wald [12,1]	>20 %	>50 %
			städt. Nutzung [10,3]	<10 %	<10 %

<sup>14</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>15</sup> Median aus 10 Berechnungen

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 24/Stand: 02.03.2018		

Den stärksten Einfluss auf die MZB-Besiedelungsquelle hatte sowohl bei den Flüssen der Mittelgebirge als auch bei allen Flüssen die landwirtschaftliche Nutzung mit über 45 %. Der Einfluss aller anderen Nutzungsformen war bei beiden Gruppen deutlich geringer. Bei allen Flüssen war der Wald der zweitstärkste Einflussfaktor mit rund 20 %, der Einfluss von städtischer Nutzung, Grünland und Wasser betrug nur jeweils 10 %. Bei den Mittelgebirgsflüssen hatten Grünland und Wasser jeweils 16 % Einfluss auf die MZB-Besiedelung, während Wald und städtische Nutzung mit nur jeweils 10 % am wenigsten wichtig waren.

Da bei den Flüssen keine Grenzwerte aus Grafiken abgeleitet werden konnten, musste hier auf die Ergebnisse der Bäche bzw. auf vorhandene Literatur zurückgegriffen werden. Bei den Bächen betrug der Grenzwert für die landwirtschaftliche Nutzung 10 % (alle Bäche) bzw. 5 % (Mittelgebirgsbäche), für die städtische Nutzung 10 % und für den Wald 20 %. In der Studie „Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungen und ihrer Erfolgskontrolle“ (Dahm et al. 2014) wurden für die entsprechenden Fließgewässertypen (LAWA-Typ 9, 9.1, 9.2) folgende Grenzwerte angegeben: Landwirtschaft 15-20 %, Wald 50 % und städtische Nutzung 10 %.

### 5.3 Gemeinsame Betrachtung von Gewässerstruktur und Landnutzung

Die Ergebnisse der BRT-Modellrechnungen für die gleichzeitige Betrachtung von Gewässerstruktur und Landnutzung für die Bäche sind in Tabelle 13 zusammengefasst.

*Tabelle 13: Ergebnisse der Boosted Regression Trees für Gewässerstruktur und Landnutzung für alle Flüsse und Mittelgebirgsflüsse. Die Parameter sind sortiert nach ihrem relativen Einfluss auf die Eignung eines Gewässerabschnittes als Besiedelungsquelle. Grenzwerte wurden aus Kapitel 4.1 und 4.2 bzw. aus Dahm et al. (2014) übernommen.*

Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	Erklärte Varianz <sup>16</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>17</sup>	Grenzwert	
				Bäche	Dahm et al. 2014
alle Flüsse	292	0,53	Strömungsdiversität [16,0]	≤4	-
			Landwirtschaft [9,6]	<10 %	<15-20 %
			Gewässerrandstreifen [9,5]	-	-
			Wasser [8,4]	-	-
			Rückstau [7,9]	-	-
			Sohlzustand [7,1]	-	-
			Laufform [6,8]	-	-

<sup>16</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>17</sup> Median aus 10 Berechnungen



Gewässertypengruppe	Anzahl Messstellen	Erklärte Varianz <sup>18</sup>	Relativer Einfluss [%] <sup>19</sup>	Grenzwert	
				Bäche	Dahm et al. 2014
			Substratdiversität [6,5]	≤4	-
			Wald [6,2]	>20 %	>50 %
			städt. Nutzung [6,0]	<10 %	<10 %
			Breitenvarianz [5,9]	-	-
			Grünland [5,5]	-	-
			Durchlass [4,8]	-	-
Flüsse der Mittelgebirge	240	0,59	Landwirtschaft [16,9]	<5 %	<15-20 %
			Strömungsdiversität [14,6]	≤4	-
			Gewässerrandstreifen [8,0]	-	-
			Wasser [8,0]	-	-
			Laufform [8,0]	-	-
			Grünland [7,7]	-	-
			Rückstau [7,5]	-	-
			Durchlass [5,4]	-	-
			städt. Nutzung [5,2]	<10 %	<10 %
			Substratdiversität [5,0]	≤4	-
			Wald [4,8]	>20 %	>50 %
			Breitenvarianz [4,8]	-	-
			Sohlenzustand [4,3]	-	-

Bei den Flüssen konnten auch bei der gemeinsamen Betrachtung von Landnutzung und Gewässerstruktur in den BRTs keine Parameter mit deutlich stärkerem Einfluss auf die MZB-Besiedelung im Vergleich zu den anderen Faktoren identifiziert werden. Zwar waren sowohl bei allen Flüssen als auch bei den Mittelgebirgsflüssen die landwirtschaftliche Nutzung und die Strömungsdiversität die einflussstärksten Faktoren, jedoch nur mit 16,0 % und 9,6 % (alle Flüsse) bzw. 14,6 % und 16,9 % (Mittelgebirgsflüsse). Alle weiteren Faktoren unterschieden sich in ihrem Einfluss auf die MZB-Besiedelung mit 4 bis 9 % nur wenig. Da kein Parameter einen deutlich stärkeren Einfluss hatte als die anderen, konnten auch durch Vereinfachung keine Parameter eliminiert werden, deren Nichtbeachtung keinen nennenswerten Effekt auf die Vorhersagekraft des Modells gehabt hätte (Elith et al. 2008b).

Die vorgeschlagenen Grenzwerte wurden aus den Ergebnissen für die Bäche bzw. aus der Literatur übernommen (siehe Kapitel 5.1 und 5.2)

<sup>18</sup> Mittelwert aus 10 Berechnungen

<sup>19</sup> Median aus 10 Berechnungen

## 5.4 Zusammenfassung der Ergebnisse

Bei den Bächen (sowohl bei allen Bächen als auch bei den Mittelgebirgsbächen) konnten mit Hilfe der Boosted Regression Trees einige wenige dominierende Feinstrukturparameter und Landnutzungsformen identifiziert werden, die die MZB-Besiedelung (anhand DFI und EPT[%]) bestimmen. Mit diesen in Tabelle 14 zusammengefassten Faktoren und ihren aus den Box-and-Whisker-Plots abgeleiteten Grenzwerten kann im nächsten Schritt versucht werden, flächendeckend für Baden-Württemberg Makrozoobenthos-Besiedelungsquellen zu prognostizieren.

*Tabelle 14: Faktoren und Grenzwerte zur Prognose von MZB-Besiedelungsquellen bei den Bächen. Grenzwerte wurden soweit möglich aus den Box-and-Whisker-Plots abgeleitet.*

		dominierende Faktoren	Grenzwert
alle Bäche	LAWA-Typ 2.1 3.1 5 5.1 6 6K 7	Landwirtschaft	<10 %
		Strömungsdiversität	≤4
		Substratdiversität	≤4
		städt. Nutzung	<10 %
Mittelgebirgsbäche	LAWA-Typ 5 5.1 6 6K 7	Landwirtschaft	<5 %
		Strömungsdiversität	≤4
		städt. Nutzung	<10 %
		Substratdiversität	≤4

Bei den Flüssen konnten im Gegensatz zu den Bächen nicht einige wenige dominierende Feinstrukturparameter und Landnutzungsformen identifiziert werden, die die MZB-Besiedelung (DFI und EPT[%]) bestimmen. Dies deutet darauf hin, dass es hier tatsächlich keinen dominanten Faktor gibt, der den DFI und EPT[%] erklärt. Da die erklärte Varianz in den Modellen recht hoch ist, kann davon ausgegangen werden, dass die Modelle relativ gut sind. Zum einen kann dieses Ergebnis eine Folge der relativ geringen Datenmenge bei den Flüssen sein. Es ist möglich, dass die kleine Auswahl an für die BRTs verwendeten Datensätzen nicht unbedingt die Grundgesamtheit der Flüsse in Baden-Württemberg widerspiegelt. Allerdings ist auch aus der Literatur bekannt, dass vor allem bei den Flüssen die lokalen Strukturen oft von einzugsgebietsweiten Parametern (wie z. B. Nutzung im Einzugsgebiet oder stoffliche Belastungen) überprägt werden (Friberg et al. 2016). Nichtsdestotrotz scheinen auch bei den Flüssen vor allem zwei Faktoren dominierend



zu sein: die Strömungsdiversität und die landwirtschaftliche Nutzung. Deren relativer Einfluss war zwar bei den Flüssen nicht so groß wie bei den Bächen, doch setzten sie sich dennoch deutlich von den anderen betrachteten Faktoren ab. Daher kann versucht werden, mit diesen beiden Faktoren und den Grenzwerten, die aus der Studie „Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungen und ihrer Erfolgskontrolle“ (Dahm et al. 2014) bzw. aus den Ergebnissen für die Bäche abgeleitet wurden, Makrozoobenthos-Besiedelungsquellen flächendeckend für Baden-Württemberg zu prognostizieren.

*Tabelle 15: Faktoren und Grenzwerte zur Prognose von MZB-Besiedelungsquellen bei den Bächen. Grenzwerte wurden aus den Ergebnissen für die Bäche bzw aus Dahm et al. (2014) übernommen.*

		dominierende Faktoren	Grenzwert
alle Flüsse	LAWA-Typ 2.2 3.2 9 9.1 9.1K 9.2	Landwirtschaft	<15 % **
		Strömungsdiversität	≤4 *
Mittelgebirgsflüsse	LAWA-Typ 9 9.1 9.1K 9.2	Landwirtschaft	<15 % **
		Strömungsdiversität	≤4 *

\* Grenzwert übernommen von den Bächen

\*\* Grenzwert übernommen als unterer Wert aus Dahm et al. (2014)

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 28/Stand: 02.03.2018		

## 6 Prognose von potenziellen Besiedelungsquellen anhand der Boosted Regression Trees



Nachdem mithilfe der BRT-Methode der Einfluss verschiedener Strukturparameter (Feinverfahren BW) und Landnutzungsformen auf die Eignung eines Gewässerabschnitts als Makrozoobenthos-Besiedelungsquelle untersucht worden war, war nun das Ziel, in einem weiteren Schritt anhand dieser Ergebnisse für alle Gewässer in Baden-Württemberg (Teilnetz WRRL) zu prognostizieren, an welchen Gewässerabschnitten in Abhängigkeit von ihrer Feinstruktur und der angrenzenden Landnutzung Makrozoobenthos-Besiedelungsquellen zu erwarten sind. Aufgrund der in Kapitel 3.4 beschriebenen Schwierigkeiten bei der Definition von Grenzwerten für die entsprechenden Parameter – v. a. bei den Flüssen, wo teilweise Werte aus der Literatur übernommen werden mussten – wurde die Methode, die Grenzwerte zur Prognose zu verwenden, als zu unsicher erachtet. Stattdessen wurde zur Prognose der als MZB-Besiedelungsquelle geeigneten Gewässerabschnitte das BRT-Modell selbst verwendet. Die Vorgehensweise ist im Folgenden kurz beschrieben.

### 6.1 Datengrundlage für die Prognose

Als Datengrundlage dienten die Ergebnisse aus der Strukturkartierung (Feinverfahren Baden-Württemberg, Ergebnisse bereitgestellt durch die LUBW, Stand Juni 2016) sowie die Landnutzungsdaten aus ATKIS (Nutzungskategorien Landwirtschaft, Grünland, städtische Nutzung, Wasser und Wald).

Für jeden Gewässerabschnitt wurden die Bewertungen der Gewässerstruktur bis 1.000 m oberhalb seines unteren Endes erfasst. Aus den Werten aller Abschnitte innerhalb dieser 1.000 m wurde jeweils das gewichtete Mittel gebildet. Die Landnutzung wurde jeweils links und rechts in einem 100 m breiten Streifen und insgesamt 5.000 m oberhalb des unteren Abschnittsendes erfasst.

Zur Prognose wurden die zuvor berechneten BRT-Modelle für alle Bäche (Bäche des Alpenvorlands und Bäche der Mittelgebirge) bzw. für alle Flüsse (Flüsse des Alpenvorlandes und Flüsse der Mittelgebirge) verwendet, in die als Parameter sowohl die Gewässerstruktur als auch die Landnutzung eingegangen waren. Die Tieflandgewässer wurden und werden auch in den weiteren Schritten nicht berücksichtigt, da zu wenige Daten vorhanden waren und die Unterschiede zu den Gewässern des Alpenvorlandes und der Mittelgebirge zu groß sind, als dass man sie zusammenfassen könnte.

Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung	 Büro am Fluss e.V.	 INFRASTRUKTUR & UMWELT Professor Böhm und Partner
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 29/Stand: 02.03.2018		

## 6.2 Prognose von MZB-Besiedlungsquellen

Die mithilfe des Programms R, Version 3.3.1 (2016-06-21)<sup>20</sup> berechneten BRT-Modelle zur Identifikation von Parametern mit Einfluss auf die MZB-Besiedelung (siehe Kapitel 3.2) wurden nun umgekehrt zur Prognose von Besiedlungsquellen angewendet. Dabei wurde das Modell als Vorhersage-Funktion genutzt, die anhand von Daten für die betreffenden Parameter (Gewässerstruktur und Landnutzung) einen Wert für die MZB-Besiedelung berechnet. Die Interpretation dieses Wertes unterscheidet sich bei den Bächen und bei den Flüssen in folgender Weise:

### 6.2.1 Interpretation des Prognosewertes für MZB-Besiedelung bei den Bächen

Bei den Bächen war zur Berechnung des BRT-Modells als abhängige Variable ein binärer Wert für die MZB-Besiedelung verwendet worden (siehe Kapitel 3.2). Hierbei gab es zwei Klassen: 1 für „als Besiedlungsquelle geeignet“ (Metric [Fauna-Index-Klasse (NWB)] gut oder sehr gut und Metric [EPT-[%]-Klasse (NWB)] gut oder sehr gut) und 0 für „nicht als Besiedlungsquelle geeignet“ (mindestens einer der beiden Metrics schlechter als gut). Der mit der Vorhersage-Funktion aus dem Modell berechnete Wert zur Prognose der MZB-Besiedlungsquelle entspricht in diesem Fall einer Wahrscheinlichkeit. Wird also beispielsweise für einen Gewässerabschnitt ein Prognosewert von 0,8 berechnet, entspricht dies einer 80%-igen Wahrscheinlichkeit, dass sich dieser Abschnitt als MZB-Besiedlungsquelle eignet.



### 6.2.2 Interpretation des Prognosewertes für MZB-Besiedelung bei den Flüssen

Bei den Flüssen war für das BRT-Modell keine binäre abhängige Variable verwendet worden, sondern eine kontinuierliche. Hierfür wurden die Scores des Fauna-Index bzw. des EPT-[%]-Wertes verwendet, wobei jeweils der schlechtere Wert zählte (siehe Kapitel 3.2). Der mit der Vorhersage-Funktion aus dem Modell berechnete Wert zur Prognose der MZB-Besiedlungsquelle entspricht also im Fall der Flüsse genau dieser Variablen für die MZB-Besiedelung.

## 6.3 Ergebnisse

Anhand von drei beispielhaften Betrachtungsräumen (Kriegbach, Donau und Fils) wurden die Ergebnisse der Prognose überprüft, indem die prognostizierten Werte mit den Ergebnissen der in diesen Betrachtungs-

<sup>20</sup> R Core Team (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org>

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>LEBENDIGER NECKAR</b> Büro am Fluss e.V.	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 30/Stand: 02.03.2018		

räumen gelegenen Makrozoobenthos-Untersuchungsstellen verglichen wurden. Bei allen drei untersuchten Betrachtungsräumen stimmten die Ergebnisse der Prognose im Großen und Ganzen mit den Ergebnissen der MZB-Untersuchungen überein. Da es sich bei der Prognose um Modellrechnungen handelt, die auf stochastischen Zusammenhängen beruhen, kann selbstverständlich keine vollständige Übereinstimmung erwartet werden.

## 7 Anhang

### 7.1 Ergebnisse der logistischen Regression der Strukturparameter für Abschnitte oberhalb und unterhalb der MZB-Probestellen für alle Bäche

R Console (64-bit) Page 1



```
> ##### alle Bäche #####

> glm.Bo_f11 <- glm(gestruk.Bou$bq~gestruk.Bou$f11_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f11)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$bq ~ gestruk.Bou$f11_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.6099 -1.0094 -0.6557 1.0369 1.8127
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.0011 0.1835 5.455 4.90e-08 ***
gestruk.Bou$f11_o -0.3470 0.0478 -7.260 3.87e-13 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 664.05 on 523 degrees of freedom
AIC: 668.05
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Bou_f11 <- glm(gestruk.Bou$bq~gestruk.Bou$f11_o+gestruk.Bou$f11_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f11)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$bq ~ gestruk.Bou$f11_o + gestruk.Bou$f11_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5886 -1.0157 -0.6414 1.0622 1.8344
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.09460 0.19684 5.561 2.68e-08 ***
gestruk.Bou$f11_o -0.28308 0.06637 -4.265 2.00e-05 ***
gestruk.Bou$f11_u -0.08426 0.06145 -1.371 0.17
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 662.18 on 522 degrees of freedom
AIC: 668.18
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f11,glm.Bou_f11,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$bq ~ gestruk.Bou$f11_o
Model 2: gestruk.Bou$bq ~ gestruk.Bou$f11_o + gestruk.Bou$f11_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 664.05
2 522 662.18 1 1.8751 0.1709

> glm.Bo_f21 <- glm(gestruk.Bou$bq~gestruk.Bou$f21_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f21)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$bq ~ gestruk.Bou$f21_o, family = binomial(link = logit))
```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 32/Stand: 02.03.2018		

```

Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.354 -1.083 -1.040 1.260 1.321
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
R Console (64-bit) Page 2
(Intercept) -0.33193 0.12093 -2.745 0.00606 **
gestruk.Bou$f21_o 0.10555 0.06041 1.747 0.08059 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 720.15 on 523 degrees of freedom
AIC: 724.15
Number of Fisher Scoring iterations: 4



> glm.Bou_f21 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f21_o+gestruk.Bou$f21_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f21)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f21_o + gestruk.Bou$f21_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.473 -1.073 -1.010 1.258 1.354
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.40655 0.12741 -3.191 0.00142 **
gestruk.Bou$f21_o 0.03110 0.07171 0.434 0.66454
gestruk.Bou$f21_u 0.12295 0.06329 1.943 0.05206 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 716.34 on 522 degrees of freedom
AIC: 722.34
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f21,glm.Bou_f21,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f21_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f21_o + gestruk.Bou$f21_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 720.15
2 522 716.34 1 3.8085 0.05099 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> glm.Bo_f22 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f22_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f22)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f22_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1397 -1.1397 -0.9675 1.2156 1.6892
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.08939 0.09826 -0.910 0.3630
gestruk.Bou$f22_o -0.18667 0.08785 -2.125 0.0336 *
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 718.33 on 523 degrees of freedom
AIC: 722.33
R Console (64-bit) Page 3
Number of Fisher Scoring iterations: 4

```



<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 33/Stand: 02.03.2018		

```



> glm.Bou_f22 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f22_o+gestruk.Bou$f22_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f22)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f22_o + gestruk.Bou$f22_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1769 -1.1373 -0.9612  1.2181  1.7046
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.09521  0.10284  -0.926  0.3545
gestruk.Bou$f22_o -0.19349  0.09495  -2.038  0.0416 *
gestruk.Bou$f22_u  0.01471  0.07668  0.192  0.8478
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 718.29 on 522 degrees of freedom
AIC: 724.29
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f22,glm.Bou_f22,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f22_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f22_o + gestruk.Bou$f22_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 718.33
2 522 718.29 1 0.036778 0.8479

> glm.Bo_f23 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f23_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f23)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f23_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.542 -1.076 -1.076  1.283  1.283
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.24393  0.09187  -2.655  0.00793 **
gestruk.Bou$f23_o  0.17196  0.08371  2.054  0.03996 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 718.70 on 523 degrees of freedom
AIC: 722.7
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Bou_f23 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f23_o+gestruk.Bou$f23_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f23)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f23_o + gestruk.Bou$f23_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.625 -1.071 -1.071  1.287  1.287
R Console (64-bit) Page 4
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.25459  0.09248  -2.753  0.00591 **
gestruk.Bou$f23_o  0.11443  0.09876  1.159  0.24658
gestruk.Bou$f23_u  0.09604  0.08863  1.084  0.27854
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 34/Stand: 02.03.2018		

```

Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 717.51 on 522 degrees of freedom
AIC: 723.51
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f23,glm.Bou_f23,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f23_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f23_o + gestruk.Bou$f23_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 718.70
2 522 717.51 1 1.1903 0.2753



> glm.Bo_f24 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f24_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f24)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f24_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.103 -1.103 -1.103 1.254 1.389
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.17714 0.08937 -1.982 0.0475 *
gestruk.Bou$f24_o -0.22322 0.39145 -0.570 0.5685
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 722.89 on 523 degrees of freedom
AIC: 726.89
Number of Fisher Scoring iterations: 3

> glm.Bou_f24 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f24_o+gestruk.Bou$f24_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f24)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f24_o + gestruk.Bou$f24_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.105 -1.105 -1.105 1.251 1.624
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.17196 0.08967 -1.918 0.0552 .
gestruk.Bou$f24_o -0.16401 0.40177 -0.408 0.6831
gestruk.Bou$f24_u -0.25418 0.36350 -0.699 0.4844
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 722.36 on 522 degrees of freedom
AIC: 728.36
R Console (64-bit) Page 5
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f24,glm.Bou_f24,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f24_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f24_o + gestruk.Bou$f24_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 722.89
2 522 722.36 1 0.53063 0.4663

> glm.Bo_f25 <- glm(na.exclude(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f25_o, binomial(link=logit)))
> summary(glm.Bo_f25)

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 35/Stand: 02.03.2018		

```



Call:
glm(formula = na.exclude(gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f25_o,
binomial(link = logit)))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.90575 -0.36050 -0.04345 0.40985 0.95655
Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 1.04946 0.05479 19.16 <2e-16 ***
gestruk.Bou$f25_o -0.14372 0.01235 -11.63 <2e-16 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 0.1976178)
Null deviance: 130.11 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 103.35 on 523 degrees of freedom
AIC: 642.64
Number of Fisher Scoring iterations: 2

> glm.Bou_f25 <- glm(na.exclude(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f25_o+gestruk.Bou$f25_u, binomial(l
ink=logit)))
> summary(glm.Bou_f25)
Call:
glm(formula = na.exclude(gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f25_o +
gestruk.Bou$f25_u, binomial(link = logit)))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9233 -0.3571 -0.0630 0.4147 0.9244
Coefficients:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 1.07149 0.05695 18.816 < 2e-16 ***
gestruk.Bou$f25_o -0.11909 0.02147 -5.547 4.63e-08 ***
gestruk.Bou$f25_u -0.02907 0.02074 -1.402 0.162
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 0.1972539)
Null deviance: 130.11 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 102.97 on 522 degrees of freedom
AIC: 642.66
Number of Fisher Scoring iterations: 2

> anova(glm.Bo_f25,glm.Bou_f25,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f25_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f25_o + gestruk.Bou$f25_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 103.35
2 522 102.97 1 0.38755 0.161
R Console (64-bit) Page 6

> glm.Bo_f31 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f31_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f31)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f31_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.8695 -0.9435 -0.7489 1.0980 1.6783
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.0035 0.3077 6.512 7.43e-11 ***
gestruk.Bou$f31_o -0.4474 0.0596 -7.506 6.09e-14 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 658.87 on 523 degrees of freedom
AIC: 662.87

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>LEBENDIGER NECKAR</b> Büro am Fluss e.V.	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 36/Stand: 02.03.2018		



Number of Fisher Scoring iterations: 4

```
> glm.Bou_f31 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f31_o+gestruk.Bou$f31_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f31)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f31_o + gestruk.Bou$f31_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.8742 -0.9377 -0.7503  1.0924  1.6788
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.98626  0.32595  6.094 1.10e-09 ***
gestruk.Bou$f31_o -0.45752  0.08757 -5.225 1.74e-07 ***
gestruk.Bou$f31_u  0.01324  0.08332  0.159  0.874
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 658.84 on 522 degrees of freedom
AIC: 664.84
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
> anova(glm.Bo_f31,glm.Bou_f31,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f31_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f31_o + gestruk.Bou$f31_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 658.87
2 522 658.84 1 0.02528 0.8737
```

```
> glm.Bo_f32 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f32_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f32)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f32_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1907 -1.1146 -0.9701  1.2283  1.5357
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  0.03123  0.13836  0.226  0.8214
R Console (64-bit) Page 7
gestruk.Bou$f32_o -0.15446  0.07634 -2.023  0.0431 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 719.05 on 523 degrees of freedom
AIC: 723.05
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
> glm.Bou_f32 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f32_o+gestruk.Bou$f32_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f32)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f32_o + gestruk.Bou$f32_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2572 -1.1122 -0.9638  1.2230  1.5538
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.01591  0.15453 -0.103  0.918
gestruk.Bou$f32_o -0.16932  0.07943 -2.132  0.033 *
gestruk.Bou$f32_u  0.04032  0.05901  0.683  0.494
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 37/Stand: 02.03.2018		

```

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 718.58 on 522 degrees of freedom
AIC: 724.58
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f32,glm.Bou_f32,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f32_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f32_o + gestruk.Bou$f32_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 719.05
2 522 718.58 1 0.46689 0.4944



> glm.Bo_f41 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f41_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f41)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f41_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.7950 -0.9936 -0.6221 1.0299 2.0402
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.38832 0.21930 6.331 2.44e-10 ***
gestruk.Bou$f41_o -0.58246 0.07518 -7.747 9.39e-15 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 653.66 on 523 degrees of freedom
AIC: 657.66
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Bou_f41 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f41_o+gestruk.Bou$f41_u, binomial(link=logit))
R Console (64-bit) Page 8
> summary(glm.Bou_f41)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f41_o + gestruk.Bou$f41_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.7672 -0.9997 -0.6207 1.0230 2.0484
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.40364 0.22874 6.136 8.44e-10 ***
gestruk.Bou$f41_o -0.56139 0.11599 -4.840 1.30e-06 ***
gestruk.Bou$f41_u -0.02587 0.10882 -0.238 0.812
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 653.60 on 522 degrees of freedom
AIC: 659.6
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f41,glm.Bou_f41,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f41_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f41_o + gestruk.Bou$f41_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 653.66
2 522 653.60 1 0.056446 0.8122

> glm.Bo_f42 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f42_o, binomial(link=logit))

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 38/Stand: 02.03.2018		

```

> summary(glm.Bo_f42)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f42_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-2.0252 -0.9173 -0.4671 0.9395 2.1698
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.65384 0.31172 8.513 <2e-16 ***
gestruk.Bou$f42_o -0.74080 0.07755 -9.552 <2e-16 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 603.12 on 523 degrees of freedom
AIC: 607.12
Number of Fisher Scoring iterations: 3

> glm.Bou_f42 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f42_o+gestruk.Bou$f42_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f42)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f42_o + gestruk.Bou$f42_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-2.0479 -0.9114 -0.4745 0.9189 2.1473
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 2.7226 0.3225 8.443 < 2e-16 ***
R Console (64-bit) Page 9
gestruk.Bou$f42_o -0.6519 0.1252 -5.207 1.92e-07 ***
gestruk.Bou$f42_u -0.1048 0.1178 -0.889 0.374
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 602.33 on 522 degrees of freedom
AIC: 608.33
Number of Fisher Scoring iterations: 3

> anova(glm.Bo_f42,glm.Bou_f42,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f42_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f42_o + gestruk.Bou$f42_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 603.12
2 522 602.33 1 0.78786 0.3747

> glm.Bo_f51 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f51_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f51)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f51_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5224 -1.1057 -0.6985 1.1739 1.8492
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.4768 0.3004 4.917 8.8e-07 ***
gestruk.Bou$f51_o -0.4825 0.0842 -5.731 1.0e-08 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 686.36 on 523 degrees of freedom
AIC: 690.36
Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

```



> glm.Bou_f51 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f51_o+gestruk.Bou$f51_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f51)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f51_o + gestruk.Bou$f51_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.520 -1.106 -0.703  1.168  1.854
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.45850  0.32035  4.553  5.29e-06 ***
gestruk.Bou$f51_o -0.49287  0.10526 -4.682  2.84e-06 ***
gestruk.Bou$f51_u  0.01528  0.09333  0.164  0.87
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 686.34 on 522 degrees of freedom
AIC: 692.34
Number of Fisher Scoring iterations: 4
R Console (64-bit) Page 10

> anova(glm.Bo_f51,glm.Bou_f51,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f51_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f51_o + gestruk.Bou$f51_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 686.36
2 522 686.34 1 0.026836 0.8699

> glm.Bo_f52 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f52_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f52)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f52_o, family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5621 -1.0499 -0.7831  1.1318  1.7711
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.26077  0.26088  4.833  1.35e-06 ***
gestruk.Bou$f52_o -0.39059  0.06644 -5.879  4.13e-09 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 685.78 on 523 degrees of freedom
AIC: 689.78
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Bou_f52 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f52_o+gestruk.Bou$f52_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f52)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f52_o + gestruk.Bou$f52_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5706 -1.0475 -0.7735  1.1270  1.7969
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.18578  0.28409  4.174  2.99e-05 ***
gestruk.Bou$f52_o -0.42922  0.08925 -4.809  1.52e-06 ***
gestruk.Bou$f52_u  0.05552  0.08491  0.654  0.513
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 40/Stand: 02.03.2018		

```

Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 685.35 on 522 degrees of freedom
AIC: 691.35
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f52,glm.Bou_f52,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f52_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f52_o + gestruk.Bou$f52_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 685.78
2 522 685.35 1 0.42955 0.5122

> glm.Bo_f62 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f62_o, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bo_f62)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f62_o, family = binomial(link = logit))
R Console (64-bit) Page 11
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5064 -1.0588 -0.9488 1.2409 1.4247
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.96966 0.30168 3.214 0.00131 **
gestruk.Bou$f62_o -0.21920 0.05458 -4.016 5.92e-05 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 706.53 on 523 degrees of freedom
AIC: 710.53
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Bou_f62 <- glm(gestruk.Bou$Bq~gestruk.Bou$f62_o+gestruk.Bou$f62_u, binomial(link=logit))
> summary(glm.Bou_f62)
Call:
glm(formula = gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f62_o + gestruk.Bou$f62_u,
family = binomial(link = logit))
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.5102 -1.0580 -0.9476 1.2390 1.4261
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.98006 0.32211 3.043 0.00235 **
gestruk.Bou$f62_o -0.21537 0.06853 -3.143 0.00167 **
gestruk.Bou$f62_u -0.00576 0.06238 -0.092 0.92643
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 723.22 on 524 degrees of freedom
Residual deviance: 706.52 on 522 degrees of freedom
AIC: 712.52
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Bo_f62,glm.Bou_f62,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f62_o
Model 2: gestruk.Bou$Bq ~ gestruk.Bou$f62_o + gestruk.Bou$f62_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 523 706.53
2 522 706.52 1 0.0085234 0.9264
>

```



## 7.2 Ergebnisse der logistischen Regression der Strukturparameter für Abschnitte oberhalb und unterhalb der MZB-Probestellen für alle Flüsse

R Console (64-bit) Page 1

```

> ##### alle Flüsse ohne Tiefland #####

> glm.Fo_f11 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f11_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f11)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f11_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1101 -0.9444 -0.7578  1.3577  1.6817
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  0.00200  0.26721  0.007  0.994
gestruk.Fou$f11_o -0.16249  0.06025 -2.697  0.007 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 360.21 on 284 degrees of freedom
AIC: 364.21
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f11 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f11_o+gestruk.Fou$f11_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f11)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f11_o + gestruk.Fou$f11_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1264 -0.9347 -0.7501  1.3411  1.6947
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  0.05277  0.27405  0.193  0.847
gestruk.Fou$f11_o -0.10492  0.09113 -1.151  0.250
gestruk.Fou$f11_u -0.06895  0.08197 -0.841  0.400
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 359.50 on 283 degrees of freedom
AIC: 365.5
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f11,glm.Fou_f11,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f11_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f11_o + gestruk.Fou$f11_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 360.21
2 283 359.50 1 0.70822 0.4

> glm.Fo_f21 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f21_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f21)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f21_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9339 -0.9245 -0.9049  1.4466  1.5312
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.60386  0.18106 -3.335  0.000853 ***

```

```

gestruk.Fou$f21_o -0.02828 0.07857 -0.360 0.718879
R Console (64-bit) Page 2
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 367.54 on 284 degrees of freedom
AIC: 371.54
Number of Fisher Scoring iterations: 4



> glm.Fou_f21 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f21_o+gestruk.Fou$f21_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f21)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f21_o + gestruk.Fou$f21_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9458 -0.9380 -0.8950 1.4331 1.5674
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.572728 0.188974 -3.031 0.00244 **
gestruk.Fou$f21_o -0.009539 0.085150 -0.112 0.91080
gestruk.Fou$f21_u -0.039201 0.068945 -0.569 0.56964
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 367.21 on 283 degrees of freedom
AIC: 373.21
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f21,glm.Fou_f21,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f21_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f21_o + gestruk.Fou$f21_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 367.54
2 283 367.21 1 0.32677 0.5676

> glm.Fo_f22 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f22_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f22)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f22_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9760 -0.9760 -0.8542 1.3932 1.6730
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.49421 0.16039 -3.081 0.00206 **
gestruk.Fou$f22_o -0.08885 0.05924 -1.500 0.13370
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 365.35 on 284 degrees of freedom
AIC: 369.35
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f22 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f22_o+gestruk.Fou$f22_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f22)
R Console (64-bit) Page 3
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f22_o + gestruk.Fou$f22_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 43/Stand: 02.03.2018		

```

-0.9812 -0.9675 -0.8550 1.3872 1.7017
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.48081 0.16518 -2.911 0.0036 **
gestruk.Fou$f22_o -0.07790 0.06745 -1.155 0.2481
gestruk.Fou$f22_u -0.02197 0.06506 -0.338 0.7356
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 365.23 on 283 degrees of freedom
AIC: 371.23
Number of Fisher Scoring iterations: 4



> anova(glm.Fo_f22,glm.Fou_f22,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f22_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f22_o + gestruk.Fou$f22_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 365.35
2 283 365.23 1 0.11459 0.735

> glm.Fo_f23 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f23_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f23)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f23_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9616 -0.9616 -0.8619 1.4097 1.7445
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.53131 0.14270 -3.723 0.000197 ***
gestruk.Fou$f23_o -0.11034 0.06806 -1.621 0.104948
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 364.87 on 284 degrees of freedom
AIC: 368.87
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f23 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f23_o+gestruk.Fou$f23_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f23)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f23_o + gestruk.Fou$f23_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9751 -0.9751 -0.8829 1.3942 1.8907
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.49655 0.14471 -3.431 0.000601 ***
gestruk.Fou$f23_o -0.04758 0.07998 -0.595 0.551864
gestruk.Fou$f23_u -0.11697 0.07984 -1.465 0.142898
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 362.57 on 283 degrees of freedom
AIC: 368.57
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f23,glm.Fou_f23,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f23_o

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 44/Stand: 02.03.2018		

```

Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f23_o + gestruk.Fou$f23_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 364.87
2 283 362.57 1 2.2969 0.1296

```

```

> glm.Fo_f25a <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f25a_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f25a)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f25a_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.3521 -0.9150 -0.7993 1.3606 1.8370
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.7159 0.4531 1.580 0.11411
gestruk.Fou$f25a_o -0.3141 0.1016 -3.092 0.00199 **
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 357.64 on 284 degrees of freedom
AIC: 361.64
Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

```

> glm.Fou_f25a <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f25a_o+gestruk.Fou$f25a_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f25a)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f25a_o + gestruk.Fou$f25a_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.3691 -0.9235 -0.7643 1.3182 1.8814
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.8998 0.4738 1.899 0.0575 .
gestruk.Fou$f25a_o -0.1884 0.1354 -1.392 0.1640
gestruk.Fou$f25a_u -0.1663 0.1197 -1.389 0.1647
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 355.69 on 283 degrees of freedom
AIC: 361.69
Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

```



> anova(glm.Fo_f25a,glm.Fou_f25a,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f25a_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f25a_o + gestruk.Fou$f25a_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 357.64
2 283 355.69 1 1.946 0.163

```

```

> glm.Fo_f25b <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f25b_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f25b)
R Console (64-bit) Page 6
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f25b_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.4680 -0.9059 -0.7773 1.3161 1.8853
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.0484 0.4785 2.191 0.028449 *

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 45/Stand: 02.03.2018		

```

gestruk.Fou$f25b_o -0.3870 0.1068 -3.625 0.000289 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 353.63 on 284 degrees of freedom
AIC: 357.63
Number of Fisher Scoring iterations: 4



> glm.Fou_f25b <- glm(gestruk.Fou$bq~gestruk.Fou$f25b_o+gestruk.Fou$f25b_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f25b)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f25b_o + gestruk.Fou$f25b_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.4710 -0.9207 -0.7676 1.2993 1.8437
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.2032 0.5092 2.363 0.0181 *
gestruk.Fou$f25b_o -0.3007 0.1416 -2.123 0.0337 *
gestruk.Fou$f25b_u -0.1210 0.1324 -0.915 0.3604
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 352.79 on 283 degrees of freedom
AIC: 358.79
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f25b,glm.Fou_f25b,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f25b_o
Model 2: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f25b_o + gestruk.Fou$f25b_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 353.63
2 283 352.79 1 0.83667 0.3604

> glm.Fo_f31 <- glm(gestruk.Fou$bq~gestruk.Fou$f31_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f31)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f31_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1257 -0.9121 -0.8628 1.4136 1.5480
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.003515 0.504020 -0.007 0.994
gestruk.Fou$f31_o -0.119362 0.090447 -1.320 0.187
R Console (64-bit) Page 7
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 365.94 on 284 degrees of freedom
AIC: 369.94
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f31 <- glm(gestruk.Fou$bq~gestruk.Fou$f31_o+gestruk.Fou$f31_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f31)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f31_o + gestruk.Fou$f31_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1704 -0.8922 -0.8299 1.3767 1.5727
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 Büro am Fluss e.V.	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 46/Stand: 02.03.2018		

```

(Intercept) 0.129761 0.515560 0.252 0.801
gestruk.Fou$f31_o -0.002601 0.127678 -0.020 0.984
gestruk.Fou$f31_u -0.143614 0.110104 -1.304 0.192
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 364.24 on 283 degrees of freedom
AIC: 370.24
Number of Fisher Scoring iterations: 4



> anova(glm.Fo_f31,glm.Fou_f31,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f31_o
Model 2: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f31_o + gestruk.Fou$f31_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 365.94
2 283 364.24 1 1.6954 0.1929

> glm.Fo_f32 <- glm(gestruk.Fou$bq~gestruk.Fou$f32_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f32)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f32_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9301 -0.9229 -0.9046 1.4468 1.5138
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.61415 0.17673 -3.475 0.000511 ***
gestruk.Fou$f32_o -0.02485 0.08392 -0.296 0.767174
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 367.58 on 284 degrees of freedom
AIC: 371.58
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f32 <- glm(gestruk.Fou$bq~gestruk.Fou$f32_o+gestruk.Fou$f32_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f32)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f32_o + gestruk.Fou$f32_u,
family = binomial)
R Console (64-bit) Page 8
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-0.9974 -0.9130 -0.8912 1.4421 1.5398
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.66578 0.19621 -3.393 0.000691 ***
gestruk.Fou$f32_o -0.03832 0.08680 -0.441 0.658905
gestruk.Fou$f32_u 0.03854 0.06261 0.616 0.538165
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 367.21 on 283 degrees of freedom
AIC: 373.21
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f32,glm.Fou_f32,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f32_o
Model 2: gestruk.Fou$bq ~ gestruk.Fou$f32_o + gestruk.Fou$f32_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 367.58
2 283 367.21 1 0.3776 0.5389

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 47/Stand: 02.03.2018		

```



> glm.Fo_f41 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f41_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f41)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f41_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2133 -0.8832 -0.7587 1.2700 2.0075
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.4961 0.3440 1.442 0.149193
gestruk.Fou$f41_o -0.4121 0.1175 -3.508 0.000452 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 354.87 on 284 degrees of freedom
AIC: 358.87
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f41 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f41_o+gestruk.Fou$f41_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f41)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f41_o + gestruk.Fou$f41_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2179 -0.8947 -0.7520 1.2634 1.9217
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.5182 0.3459 1.498 0.1341
gestruk.Fou$f41_o -0.3182 0.1904 -1.671 0.0947 .
gestruk.Fou$f41_u -0.1052 0.1690 -0.622 0.5337
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
R Console (64-bit) Page 9
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 354.49 on 283 degrees of freedom
AIC: 360.49
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f41,glm.Fou_f41,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f41_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f41_o + gestruk.Fou$f41_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 354.87
2 283 354.49 1 0.38758 0.5336

> glm.Fo_f42 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f42_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f42)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f42_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2949 -0.9308 -0.8558 1.4151 1.7824
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.5439 0.5088 1.069 0.2850
gestruk.Fou$f42_o -0.2720 0.1134 -2.399 0.0164 *
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom

```

<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>Büro am Fluss e.V.</b>	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 48/Stand: 02.03.2018		

Residual deviance: 361.73 on 284 degrees of freedom  
 AIC: 365.73  
 Number of Fisher Scoring iterations: 4



```
> glm.Fou_f42 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f42_o+gestruk.Fou$f42_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f42)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f42_o + gestruk.Fou$f42_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2974 -0.9227 -0.8499 1.4092 1.8168
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.6795 0.5367 1.266 0.205
gestruk.Fou$f42_o -0.1826 0.1582 -1.154 0.248
gestruk.Fou$f42_u -0.1197 0.1482 -0.808 0.419
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 361.08 on 283 degrees of freedom
AIC: 367.08
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
> anova(glm.Fo_f42,glm.Fou_f42,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f42_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f42_o + gestruk.Fou$f42_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 361.73
2 283 361.08 1 0.65514 0.4183
R Console (64-bit) Page 10
```

```
> glm.Fo_f51 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f51_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f51)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f51_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.2737 -0.9490 -0.7965 1.3320 1.9271
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.6013 0.4355 1.381 0.16739
gestruk.Fou$f51_o -0.3777 0.1285 -2.940 0.00329 **
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 358.25 on 284 degrees of freedom
AIC: 362.25
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
> glm.Fou_f51 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f51_o+gestruk.Fou$f51_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f51)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f51_o + gestruk.Fou$f51_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.3659 -0.9525 -0.7411 1.3028 2.0001
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.9056 0.4613 1.963 0.0496 *
gestruk.Fou$f51_o -0.1116 0.1728 -0.645 0.5186
gestruk.Fou$f51_u -0.3611 0.1656 -2.180 0.0292 *
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



<b>Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung</b>	 <b>LEBENDIGER NECKAR</b> Büro am Fluss e.V.	 <b>INFRASTRUKTUR &amp; UMWELT</b> Professor Böhm und Partner
<b>Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider</b>		
Seite 49/Stand: 02.03.2018		

```

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 353.36 on 283 degrees of freedom
AIC: 359.36
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f51,glm.Fou_f51,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f51_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f51_o + gestruk.Fou$f51_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 358.25
2 283 353.36 1 4.8916 0.02699 *
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> glm.Fo_f52 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f52_o, binomial)
> summary(glm.Fo_f52)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f52_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1548 -0.9254 -0.8464 1.3702 1.6660
Coefficients:
R Console (64-bit) Page 11
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.12833 0.43856 0.293 0.7698
gestruk.Fou$f52_o -0.18178 0.09891 -1.838 0.0661 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 364.27 on 284 degrees of freedom
AIC: 368.27
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f52 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f52_o+gestruk.Fou$f52_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f52)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f52_o + gestruk.Fou$f52_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1664 -0.9260 -0.8444 1.3748 1.6692
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 0.16377 0.46030 0.356 0.722
gestruk.Fou$f52_o -0.15934 0.13265 -1.201 0.230
gestruk.Fou$f52_u -0.03039 0.11982 -0.254 0.800
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 364.20 on 283 degrees of freedom
AIC: 370.2
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f52,glm.Fou_f52,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f52_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f52_o + gestruk.Fou$f52_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 364.27
2 283 364.20 1 0.064193 0.8

> glm.Fo_f62 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f62_o, binomial)

```

```

> summary(glm.Fo_f62)
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f62_o, family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.0107 -0.9164 -0.8837 1.4293 1.5056
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.34908 0.41824 -0.835 0.404
gestruk.Fou$f62_o -0.05655 0.07497 -0.754 0.451
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 367.11 on 284 degrees of freedom
AIC: 371.11
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> glm.Fou_f62 <- glm(gestruk.Fou$Bq~gestruk.Fou$f62_o+gestruk.Fou$f62_u, binomial)
> summary(glm.Fou_f62)
R Console (64-bit) Page 12
Call:
glm(formula = gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f62_o + gestruk.Fou$f62_u,
family = binomial)
Deviance Residuals:
Min 1Q Median 3Q Max
-1.1598 -0.9186 -0.8424 1.3714 1.6426
Coefficients:
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -0.08999 0.44174 -0.204 0.8386
gestruk.Fou$f62_o 0.05891 0.09845 0.598 0.5496
gestruk.Fou$f62_u -0.16771 0.09095 -1.844 0.0652 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
Null deviance: 367.67 on 285 degrees of freedom
Residual deviance: 363.68 on 283 degrees of freedom
AIC: 369.68
Number of Fisher Scoring iterations: 4

> anova(glm.Fo_f62,glm.Fou_f62,test="Chi")
Analysis of Deviance Table
Model 1: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f62_o
Model 2: gestruk.Fou$Bq ~ gestruk.Fou$f62_o + gestruk.Fou$f62_u
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1 284 367.11
2 283 363.68 1 3.4272 0.06413 .
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

## 7.3 Ergebnisse der PCA und Spearman's Rangkorrelation zur Identifikation von autokorrelierten Feinstrukturparametern

### 7.3.1 alle Bäche

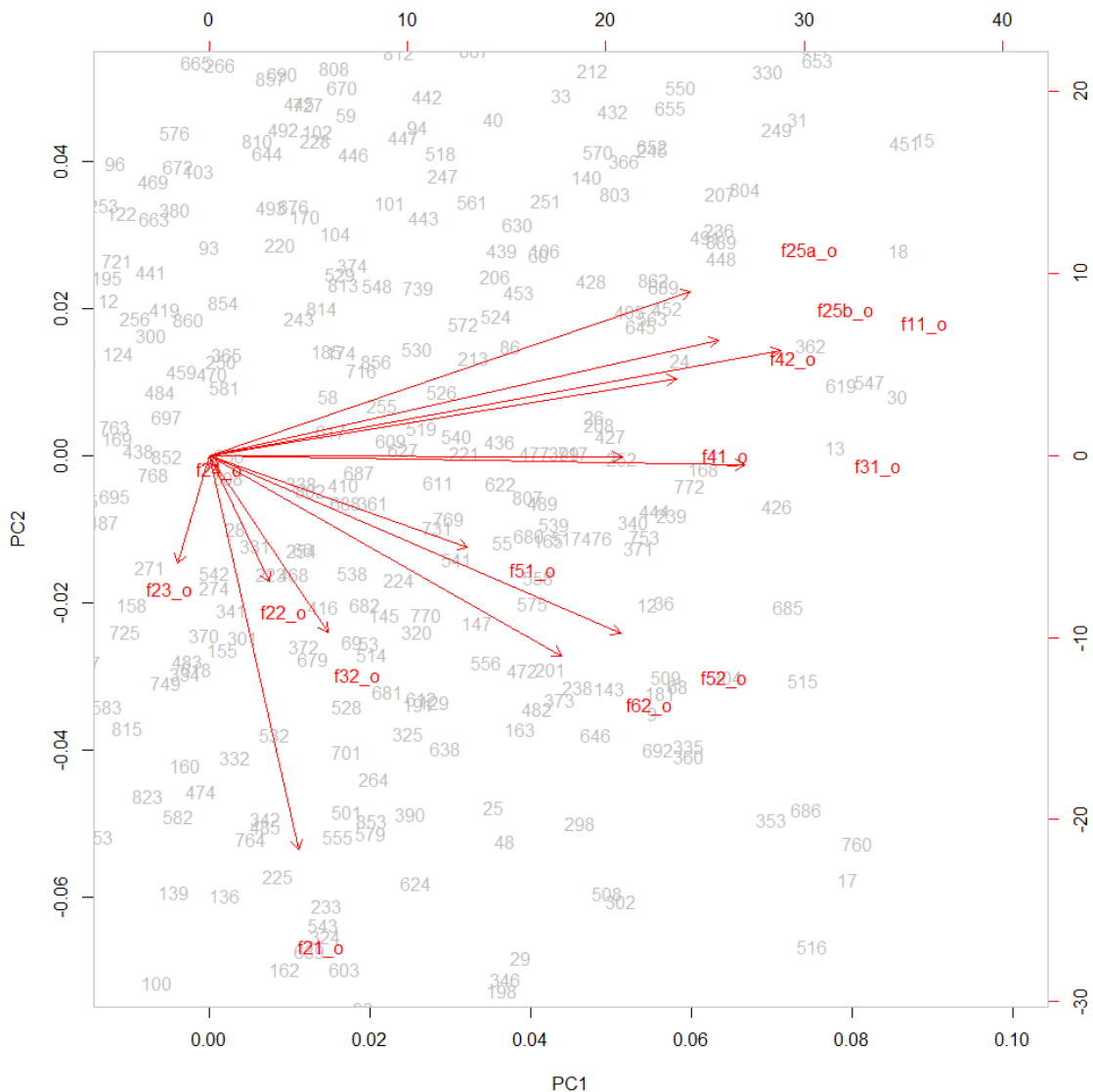
Das Ergebnis der Spearman's Rangkorrelation ist in **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** zusammengefasst. Der Spearman's Rangkorrelations-Koeffizient  $\rho$  zeigt hierbei die Stärke der Korrelation an: 0 steht für gar keine Korrelation, 1 für eine perfekte Korrelation ([Crawley 2005](#), [Crawley 2013](#)).

*Tabelle 16: Ergebnisse der Spearman's Rangkorrelation zwischen den einzelnen Strukturparametern bei allen Bächen. Die angegebenen Werte entsprechen dem Spearman's Rangkorrelationskoeffizienten  $\rho$ . Starke Korrelationen sind hervorgehoben ( $\rho > 0,6$  und  $\rho > 0,8$ , Signifikanzniveau: \*\*\*  $p < 0,001$ ).*

	f11_o	f21_o	f22_o	f23_o	f24_o	f25a_o	f25b_o	f31_o	f32_o	f41_o	f42_o	f51_o	f52_o	f62_o
f11_o		0.1178	0.0648	-0.0776	0.0379	0.5852	0.5944	0.5787	0.1747	0.5886	0.5436	0.4149	0.4921	0.3145
f21_o	0.1178		0.4921	0.2162	0.1684	-0.0907	-0.0178	0.1422	0.2673	0.1851	0.0821	0.1474	0.3924	0.1195
f22_o	0.0648	0.4921		0.1725	0.0395	0.0671	0.0450	0.0741	0.0402	0.1183	0.0860	0.0135	0.1849	-0.0010
f23_o	-0.0776	0.2162	0.1725		0.1075	-0.0683	-0.0670	-0.0660	0.1132	-0.0986	-0.0969	-0.0296	0.0184	-0.0356
f24_o	0.0379	0.1684	0.0395	0.1075		-0.0029	0.0185	0.0834	0.0870	0.0621	0.0253	0.1426	0.1405	0.0747
f25a_o	0.5852	-0.0907	0.0671	-0.0683	-0.0029		<b>0.9290</b>	<b>0.7258</b>	0.0947	<b>0.7096</b>	<b>0.8029</b>	0.3978	0.5122	0.3586
f25b_o	0.5944	-0.0178	0.0450	-0.0670	0.0185	<b>0.9290</b>		<b>0.7981</b>	0.1572	<b>0.7799</b>	<b>0.8206</b>	0.4196	<b>0.6157</b>	0.3976
f31_o	0.5787	0.1422	0.0741	-0.0660	0.0834	<b>0.7258</b>	<b>0.7981</b>		0.1819	<b>0.7311</b>	<b>0.7617</b>	0.4497	<b>0.7098</b>	0.4554
f32_o	0.1747	0.2673	0.0402	0.1132	0.0870	0.0947	0.1572	0.1819		0.2219	0.1127	0.2432	0.3279	0.2939
f41_o	0.5886	0.1851	0.1183	-0.0986	0.0621	<b>0.7096</b>	<b>0.7799</b>	<b>0.7311</b>	0.2219		<b>0.6854</b>	0.4118	<b>0.7146</b>	0.3457
f42_o	0.5436	0.0821	0.0860	-0.0969	0.0253	<b>0.8029</b>	<b>0.8206</b>	<b>0.7617</b>	0.1127	<b>0.6854</b>		0.3954	0.5818	0.3888
f51_o	0.4149	0.1474	0.0135	-0.0296	0.1426	0.3978	0.4196	0.4497	0.2432	0.4118	0.3954		0.5304	0.4938
f52_o	0.4921	0.3924	0.1849	0.0184	0.1405	0.5122	<b>0.6157</b>	<b>0.7098</b>	0.3279	<b>0.7146</b>	0.5818	0.5304		0.5039
f62_o	0.3145	0.1195	-0.0010	-0.0356	0.0747	0.3586	0.3976	0.4554	0.2939	0.3457	0.3888	0.4938	0.5039	

(Abkürzungen für Strukturparameter: f11\_o = Laufform oberhalb, f21\_o = Durchgängigkeit oberhalb, f22\_o = Rückstau oberhalb, f23\_o = Ausleitung oberhalb, f24\_o = Verrohrung oberhalb, f25a\_o = Strömungsdiversität oberhalb, f25b\_o = Tiefenvarianz oberhalb, f31\_o = Breitenvarianz oberhalb, f32\_o = Durchlass oberhalb, f41\_o = Sohlzustand oberhalb, f42\_o = Substratdiversität oberhalb, f51\_o = Uferbewuchs oberhalb, f52\_o = Uferzustand oberhalb)

Das Ergebnis der PCA mit allen Feinstrukturparametern der Bäche (Abschnitte oberhalb der MZB-Messstellen) ist in Abbildung 8 dargestellt.



```
> summary(PCA.Bo)
Importance of components:
      PC1      PC2      PC3      PC4      PC5      PC6      PC7      PC8      PC9      PC10     PC11     PC12     PC13     PC14
Standard deviation  3.7641  1.7748  1.5235  1.40937  1.16627  1.09967  0.92753  0.8916  0.83568  0.74903  0.64665  0.6068  0.38858  0.22308
Proportion of Variance  0.5043  0.1121  0.0826  0.07069  0.04841  0.04304  0.03062  0.0283  0.02486  0.01997  0.01488  0.0131  0.00537  0.00177
Cumulative Proportion  0.5043  0.6164  0.6990  0.76968  0.81809  0.86113  0.89175  0.9201  0.94490  0.96487  0.97975  0.9929  0.99823  1.00000
```

Abbildung 8: Ergebnis der PCA für die Strukturparameter bei allen Bächen.

(Abkürzungen für Strukturparameter: f11\_o = Laufform oberhalb, F21\_o = Durchgängigkeit oberhalb, f22\_o = Rückstau oberhalb, f23\_o = Ausleitung oberhalb, f24\_o = Verrohrung oberhalb, f25a\_o = Strömungsdiversität oberhalb, f25b\_o = Tiefenvarianz oberhalb, f31\_o = Breitenvarianz oberhalb, f32\_o = Durchlass oberhalb, f41\_o = Sohlezustand oberhalb, f42\_o = Substratdiversität oberhalb, f51\_o = Uferbewuchs oberhalb, f52\_o = Uferzustand oberhalb)

### 7.3.2 alle Flüsse

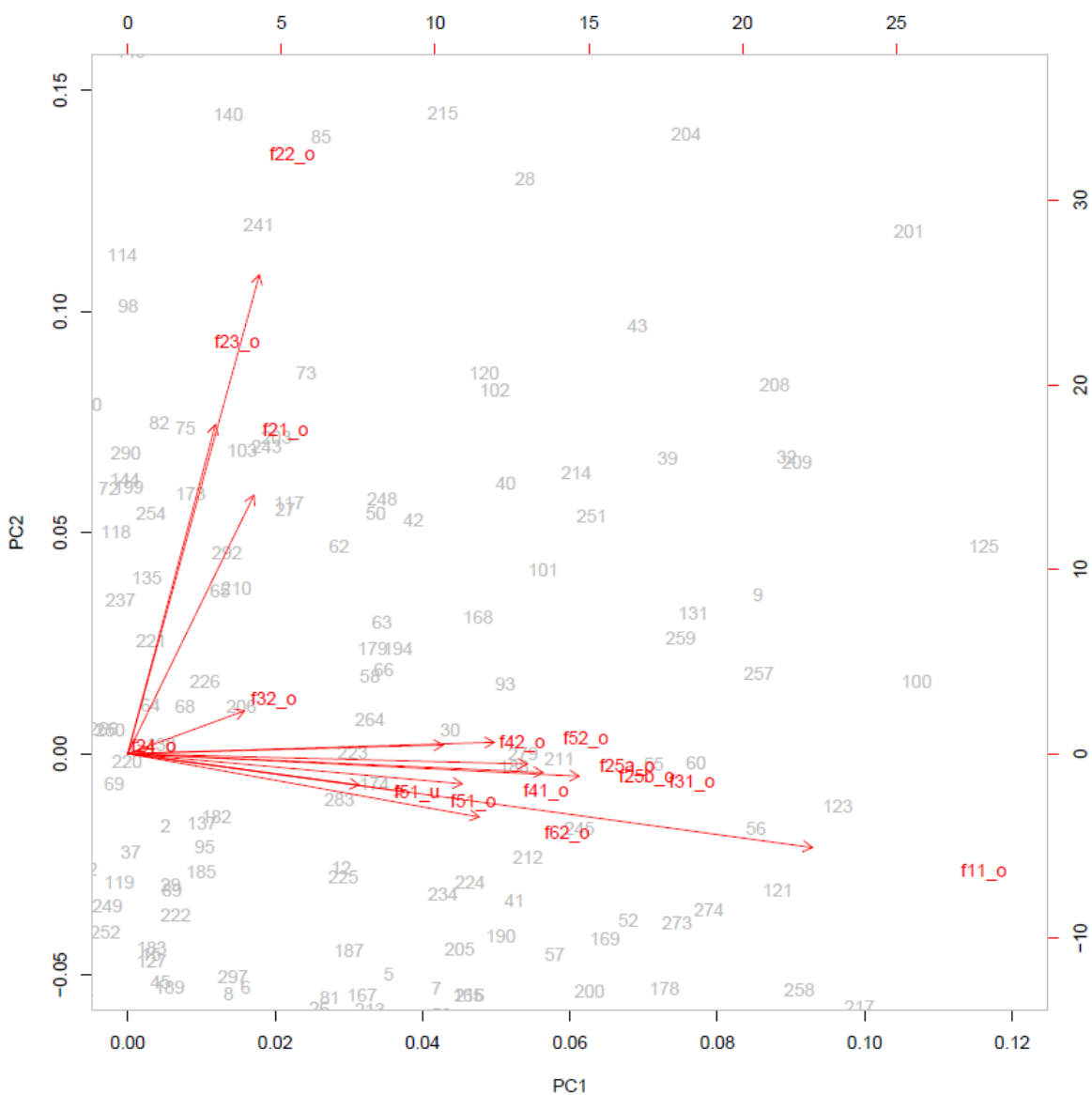
Das Ergebnis der Spearman's Rangkorrelation ist in Tabelle 17 zusammengefasst. Der Spearman's Rangkorrelations-Koeffizient  $\rho$  zeigt hierbei die Stärke der Korrelation an: 0 steht für gar keine Korrelation, 1 für eine perfekte Korrelation ([Crawley 2005](#), [Crawley 2013](#)).

Tabelle 17: Ergebnisse der Spearman's Rangkorrelation zwischen den einzelnen Strukturparametern bei allen Bächen. Die angegebenen Werte entsprechen dem Spearman's Rangkorrelationskoeffizienten  $\rho$ . Starke Korrelationen sind hervorgehoben ( $\rho > 0,6$  und  $\rho > 0,8$ , Signifikanzniveau: \*\*\*  $p < 0.001$ ).

	f11_o	f21_o	f22_o	f23_o	f24_o	f25a_o	f25b_o	f31_o	f32_o	f41_o	f42_o	f51_o	f52_o	f62_o	f51_u
f11_o		0.044	-0.015	-0.044	0.131	0.415	0.504	0.533	0.087	0.496	0.299	0.360	0.408	0.273	0.261
f21_o	0.044		0.579	0.295	0.088	-0.059	-0.026	0.125	0.230	0.105	0.023	0.149	0.265	0.087	0.082
f22_o	-0.015	0.579		0.414	0.099	0.083	0.033	0.005	0.038	-0.002	0.123	-0.018	0.067	-0.045	-0.025
f23_o	-0.044	0.295	0.414		0.042	-0.011	-0.045	-0.077	0.052	-0.108	0.003	-0.039	0.034	-0.080	0.050
f24_o	0.131	0.088	0.099	0.042		0.097	0.092	0.094	0.134	0.112	0.025	0.170	0.045	0.088	0.045
f25a_o	0.415	-0.059	0.083	-0.011	0.097		<b>0.881</b>	<b>0.603</b>	0.073	0.589	<b>0.670</b>	0.308	0.297	0.195	0.259
f25b_o	0.504	-0.026	0.033	-0.045	0.092	<b>0.881</b>		<b>0.656</b>	0.104	<b>0.641</b>	<b>0.679</b>	0.369	0.388	0.227	0.308
f31_o	0.533	0.125	0.005	-0.077	0.094	<b>0.603</b>	<b>0.656</b>		0.114	<b>0.614</b>	0.485	0.407	0.586	0.363	0.266
f32_o	0.087	0.230	0.038	0.052	0.134	0.073	0.104	0.114		0.100	0.059	0.229	0.121	0.115	0.074
f41_o	0.496	0.105	-0.002	-0.108	0.112	0.589	<b>0.641</b>	<b>0.614</b>	0.100		0.431	0.369	0.521	0.283	0.243
f42_o	0.299	0.023	0.123	0.003	0.025	<b>0.670</b>	<b>0.679</b>	0.485	0.059	0.431		0.330	0.297	0.171	0.261
f51_o	0.360	0.149	-0.018	-0.039	0.170	0.308	0.369	0.407	0.229	0.369	0.330		0.460	0.425	<b>0.706</b>
f52_o	0.408	0.265	0.067	0.034	0.045	0.297	0.388	0.586	0.121	0.521	0.297	0.460		0.358	0.295
f62_o	0.273	0.087	-0.045	-0.080	0.088	0.195	0.227	0.363	0.115	0.283	0.171	0.425	0.358		0.327
f51_u	0.261	0.082	-0.025	0.050	0.045	0.259	0.308	0.266	0.074	0.243	0.261	<b>0.706</b>	0.295	0.327	

(Abkürzungen für Strukturparameter: f11\_o = Laufform oberhalb, f21\_o = Durchgängigkeit oberhalb, f22\_o = Rückstau oberhalb, f23\_o = Ausleitung oberhalb, f24\_o = Verrohrung oberhalb, f25a\_o = Strömungsdiversität oberhalb, f25b\_o = Tiefenvarianz oberhalb, f31\_o = Breitenvarianz oberhalb, f32\_o = Durchlass oberhalb, f41\_o = Sohlzustand oberhalb, f42\_o = Substratdiversität oberhalb, f51\_o = Uferbewuchs oberhalb, f52\_o = Uferzustand oberhalb, f51\_u = Uferbewuchs unterhalb)

Das Ergebnis der PCA mit allen Feinstrukturparametern der Bäche (Abschnitte oberhalb der MZB-Messstellen) ist in Abbildung 9 und Abbildung 10 dargestellt.



```
> summary(PCA.F)
Importance of components:
      PC1    PC2    PC3    PC4    PC5    PC6    PC7    PC8    PC9    PC10   PC11   PC12   PC13   PC14   PC15
Standard deviation  3.0976  2.6084  1.79252  1.6813  1.54091  1.4164  1.26651  1.15291  0.94171  0.72788  0.7242  0.58250  0.52829  0.40530  0.29980
Proportion of Variance 0.2946  0.2089  0.09866  0.0868  0.07291  0.0616  0.04926  0.04082  0.02723  0.01627  0.0161  0.01042  0.00857  0.00504  0.00276
Cumulative Proportion 0.2946  0.5036  0.60222  0.6890  0.76194  0.8235  0.87279  0.91360  0.94084  0.95710  0.9732  0.98363  0.99220  0.99724  1.00000
```

Abbildung 9: Ergebnis der PCA für die Strukturparameter bei allen Flüssen.

(Abkürzungen für Strukturparameter: f11\_o = Laufform oberhalb, F21\_o = Durchgängigkeit oberhalb, f22\_o = Rückstau oberhalb, f23\_o = Ausleitung oberhalb, f24\_o = Verrohrung oberhalb, f25a\_o = Strömungsdiversität oberhalb, f25b\_o = Tiefenvarianz oberhalb, f31\_o = Breitenvarianz oberhalb, f32\_o = Durchlass oberhalb, f41\_o = Sohlzustand oberhalb, f42\_o = Substratdiversität oberhalb, f51\_o = Uferbewuchs oberhalb, f52\_o = Uferzustand oberhalb)

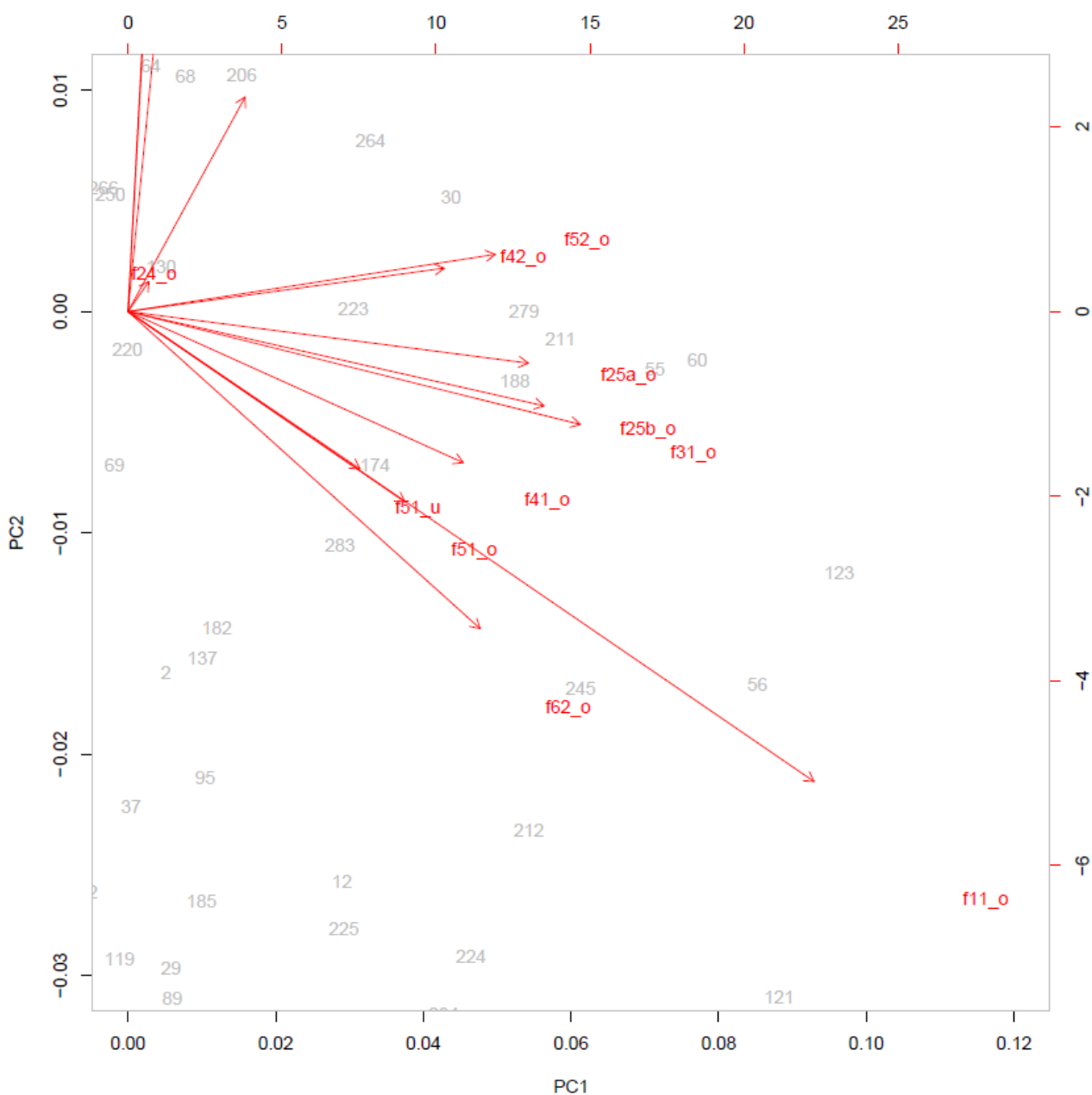
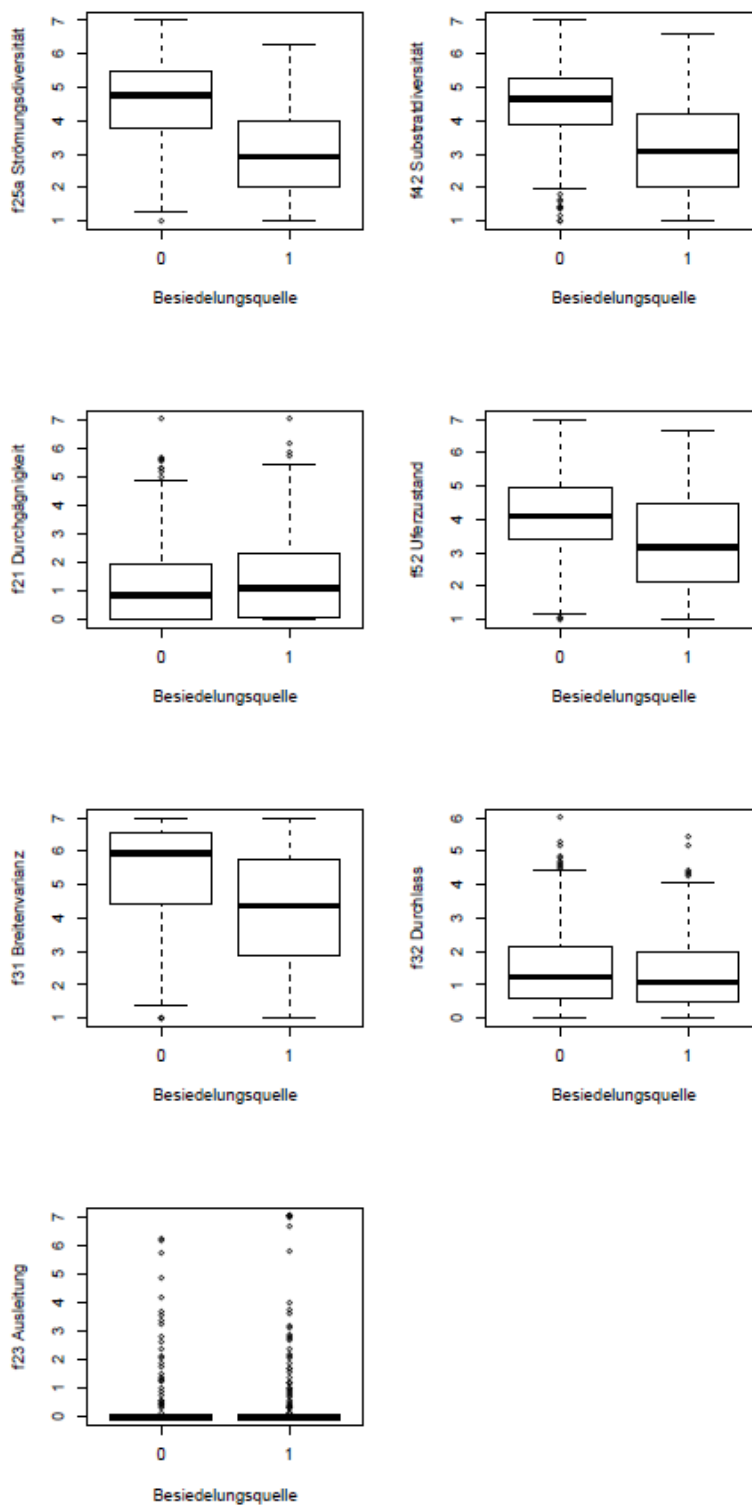


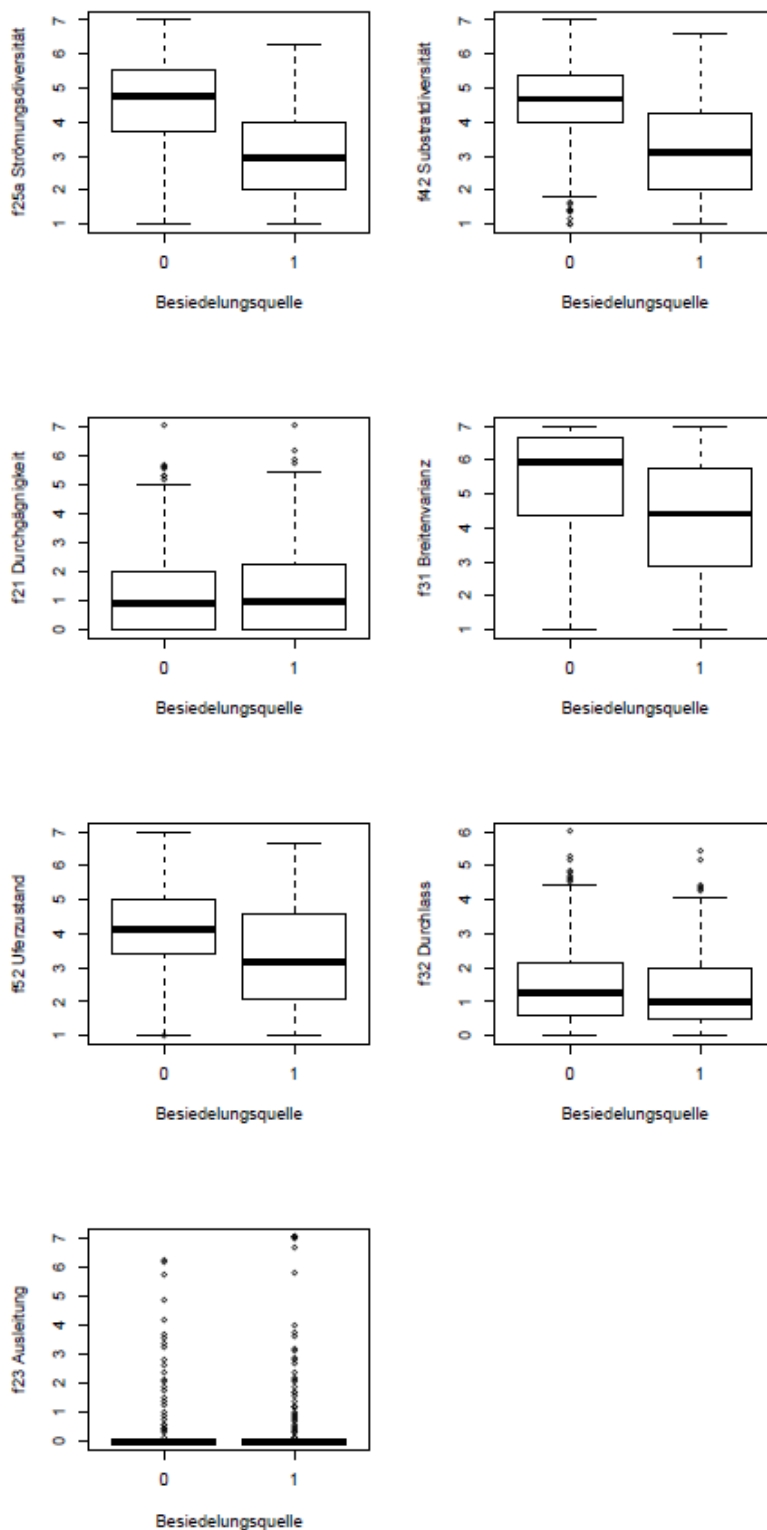
Abbildung 10: Ergebnis der PCA für die Strukturparameter bei allen Flüssen (Ausschnitt).

## 7.4 Boxplots Gewässerstruktur: alle Bäche

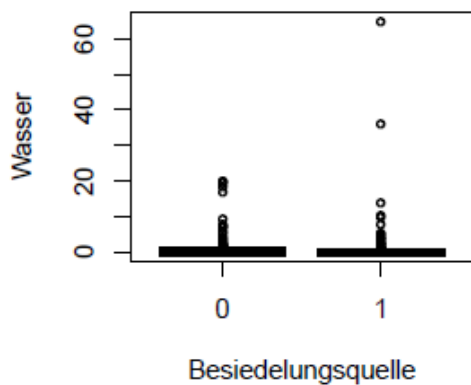
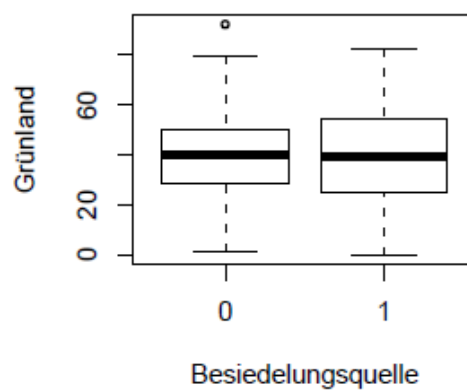
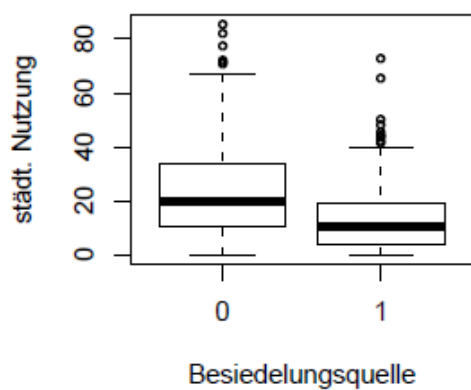
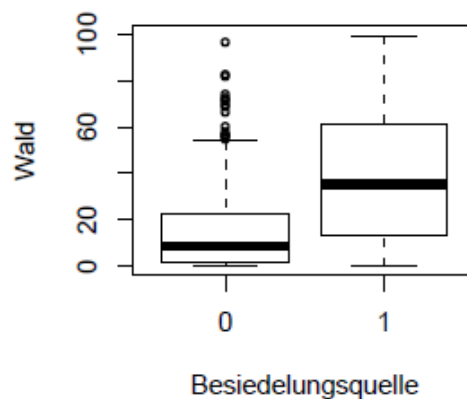
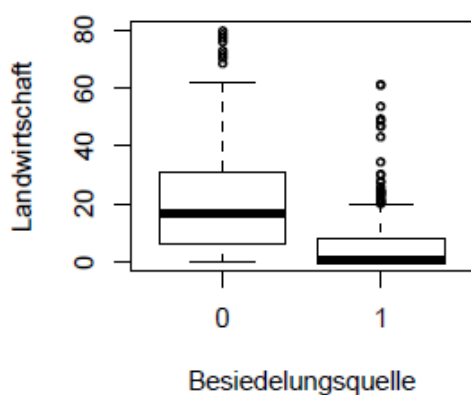




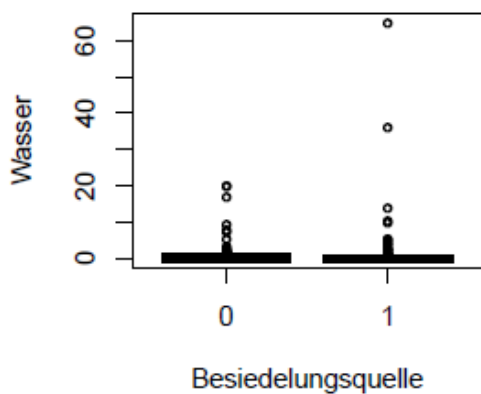
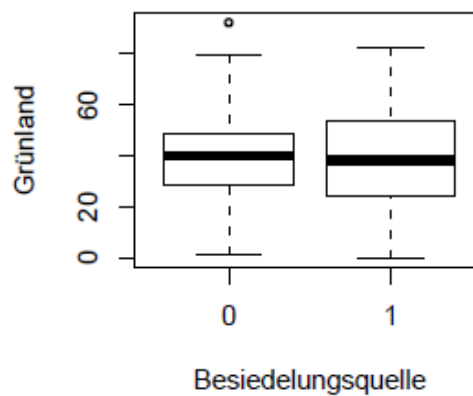
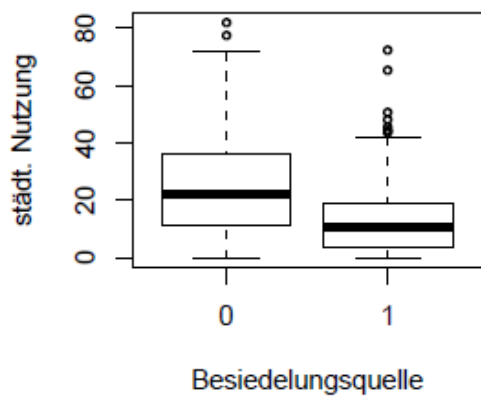
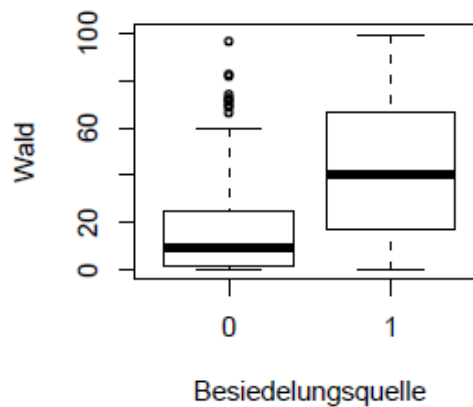
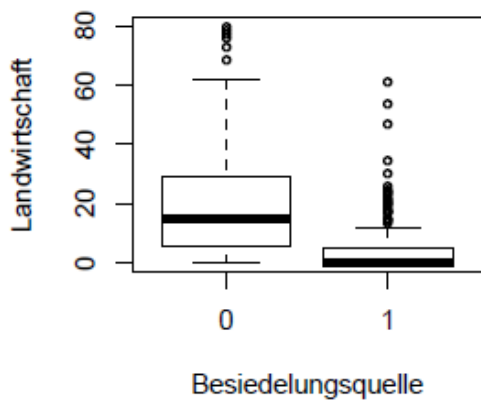
## 7.5 Boxplots Gewässerstruktur: Mittelgebirgsbäche





## 7.6 Boxplots Landnutzung: alle Bäche



## 7.7 Boxplots Landnutzung: Mittelgebirgsbäche



Landesstudie Gewässerökologie – Analyse statistischer Zusammenhänge MZB – Struktur / Landnutzung		
Bearbeiter: Johannes Reiss, Annette Schneider		
Seite 60/Stand: 02.03.2018		

## 8 Literatur

Crawley, M. J. (2005): Statistics - An Introduction using R. West Sussex, John Wiley & Sons Ltd.

Crawley, M. J. (2013): The R Book. West Sussex, John Wiley & Sons Ltd.

Dahm, V., S. Döbbelt-Grüne, P. Haase, C. Hartmann, H. Kappes, U. Koenzen, B. Kupilas, M. Leps, C. Reuvers, P. Rolauuffs, A. Sundermann, F. Wagner, U. Zellmer, C. Zins und D. Hering (2014): Strategien zur Optimierung von Fließgewässer-Renaturierungsmaßnahmen und ihrer Erfolgskontrolle. Dessau-Roßlau, Umweltbundesamt.

Elith, J., J. R. Leathwick und T. Hastie (2008a): "A working guide to boosted regression trees." Journal of Animal Ecology **77**: 802-813.

Elith, J., J. R. Leathwick und T. Hastie (2008b): A working guide to boosted regression Trees (Online Appendix 2).

Friberg, N., N. V. Angelopoulos, A. D. Buijse, I. G. Cowx, J. Kail, T. F. Moe, H. Moirk, M. T. O'Hare, P. F. M. Verdonschot und C. Wolter (2016): "Effective River Restoration in the 21st Century: From Trial and Error to Novel Evidence-Based Approaches." Advances in Ecological Research 55.

Halle, M. und D. A. Müller (2014): Korrelationen zwischen biologischen Qualitätskomponenten und allgemeinen chemischen und physikalisch-chemischen Parametern in Fließgewässern. Essen/Velbert, Bund/Länder- Arbeitsgemeinschaft Wasser (LAWA).

LUBW (2015): Überwachungsergebnisse Makrozoobenthos 2012-2013 - Biologisches Monitoring der Fließgewässer gemäß EG-Wasserrahmenrichtlinie. Karlsruhe, Landesanstalt für Umwelt, Messungen und Naturschutz Baden-Württemberg.