Dokumentation Bestandesauswertung BZE 3

# Ausschluss von Plots gemäß Aufnahmestatus

An BZE Probepunkten mit dem Punkstatus … fidnet keine Auswertung statt. Diese werden von der weiteren Analyse ausgeschlossen und

# Waldränder/ Bestandesgrenzen

### Koordiantenberechnung

QUELLE:

<http://www.markusbaumi.ch/schule/formel/azimut.pdf>

<https://juliaw86.files.wordpress.com/2009/01/kreisgleichung.pdf>

Für alle Bäume sowie auf zwei bzw. drei Punkten des Bestandesrandes (falls Bestandesrand mit Knick) werden der Azimut und die Entfernung zum Probekreismittelpunkt (0|0) erfasst.

Hierraus lassen sich mittels der folgenden Formel die X und Y Koordinaten des jeweiligen Punktes bestimmen:



Da es sich hierbei bei um Koordianten mit der x-Achse als gitter Nord und y-Achse um Gitter Ost handelt, müssten X und Y eigentlich genau umgekehrt zum üblichen Koordinatensystem zugewiesen werden. Um jedoch mit Gleichungssystemen und Verkoren rechnen zu können, wurden Gitter-Nord X Korrdinaten y genannt und auf der üblichen (senkrechten) Achse des Koordiantensystems verortet (Latitude, Hochwert, northing), und Y Koordinaten x genannt und auf der üblchen (wagerechten) Achse des Koordiantensystems verortet (Longitude, Rechtswert, easting).



#### Azimut

Dementsprechend konnte problemlos weitergerechnet werden. Lediglich die Funktion um den Azimut zu berechnen musste umgestellt werden von:

⬄ 

Zu:

ß = tan-1 ( ( XB - XA ) / ( YB -YA ) )

Die Korrektur des Azimutes, abhängig von dem Quadranten in dem der Punkt sich befindet, musste ebenfalls angepasst werden von :



Zu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | Bereich | ß = tan-1((XB-XA)/ (YB-YA)) | Azimut |
|  |  |  |  |
| + Δx  + Δy | 0g < Azimut < 100g | Positiv | ß |
| + Δx  - Δy | 100g < Azimut < 200g | Negativ | 200g + (-ß) |
| - Δx  - Δy | 200g < Azimut < 300g | Positiv | 200g + ß |
| - Δx  + Δy | 300g < Azimut < 400g | negativ | 400g + (-ß) |

#### Distanz

Die Distanz eines Punktes zu einem anderen Punkt mit gegebenen X und Y Koordinaten wurde weiterhin durch die nachfolgende Formel berechnet, da es die Addition zu keinen Unterschieden in der Reihenfolge erfordert:



### Schnittpunkte des Waldrandes mit (äußerstem) Probekreis

Für Waldränder ohne Knickpunkt wurde mittels der Koordinaten der zwei Punkte A und B, welche auf der Geraden liegen, die den Probekreis als Bestandesgrenze schneidet, eine Geradengleichung mit

y = b0 + b1 \* x

aufgestellt.

Für Waldrändern mit Knickpunkt wird eine Geradengleichung für die Linie zwischen den Punkten A und T (Turning Point = Knickpunkt) und eine für die Linie zwischen den Punkten B und T bestimmt.

Hierzu wurde zunächst die Steigung (ß1) der Geraden berechnet:

b1 = ( YB -YA ) / ( XB - XA )

und nachfolgend der Y-Achsenabschnitt b0 durch einsetzen eines bekannten Punktes in die Geradengleichung mit der nun berechneten Steigung:

b0 = y - b1 \* x

Anschließend die Lage der Geraden zum 17.84m Kreis der Probekreise und gegebenenfalls die Schnittpunkte der Geraden mit dem Probekreis berechnet. Hierfür wird die Geradengleichung anstelle von y in die allgemeine Kreisgleichung eingesetzt:

Allgemeine Kreisgleichung:



X und Y sind Koordinaten eines Punktes;

XM und YM sind die Koordinaten des Mittelpunktes des Kreises;

r ist der Radius des Kreises

Einsetzen der Geradengleichung in die Kreisgleichung:

(X – XM) + ( (b1 \* X + b0) – YM )2 = r2

Umstellen zu quadratischer Gleichung:

1. Auflösen der Klammern mit binomischen Formeln 1 & 2 :

(a - b) 2 = a2+ 2\*a\*b + b2 ; (a + b) 2 = a2 + 2\*a\*b + b2

*r2 = 1\*X2 - 2\*XM + XM2 + b12\*X2  - 2\*(b1\*X)\*(b0 - YM) + (b0 - YM)2*

1. Ordnen und zusammenfassen:

*r2 = 1\*X2 + b12\*X2  - 2\*XM - 2\*((b1\*X)\*(b0 - YM)) + (b0 - YM)2 + XM2*

*r2 = (1+b12)\*X2 - (2\*XM - 2\*b1\*(b0 - YM))\*X + (b0 - YM)2 + XM2*

1. r2 auf die andere Seite bringen:

*0 = (1+b12)\*X2 - (2\*XM - 2\*b1\*(b0 - YM))\*X + (b0 - YM)2 + XM2 - r2*

1. Quadratische Ergänzung: a \* X2 + b \* X + c

*0 = ((1+b12)\*X2) / (1+b12) - ((2\*XM - 2\*b1\*(b0 - YM))/ (1+b12) )\*X + ((b0 - YM)2 + XM2 - r2) / (1+b12))*

1. P/Q-Formel:

p = b, Zahl vor X = - ((2\*XM - 2\*b1\*(b0 - YM))/ (1+b12) )

q = c, Zahl am Ende der Quadratischen Gleichung = *((b0 - YM)2 + XM2 - r2) / (1+b12))*

1. Einsetzen in P/Q-Formel und ausrechnen von x1 und x2 & zuweisen des Schnittpunkt Status (intersection\_status)

* Hat die Gerade g zwei Schnittpunkte mit dem Kreis so haben x1 und x2 unterschiedliche Ergebnisse und erhalten den Status „zwei Schnittpunkte“ (two I):

x1 != x2 🡪 intersection\_status == two I

* Hat die Gerade g nur einen Schnittpunkt mit dem Kreis so hat nur x1 oder x2 ein Ergebnis, bzw. das Ergebnis von x1 und x2 ist identisch und die Gerade erhält den Status „ein Schnittpunkt“ (one I)

x1 == x2 🡪 intersection\_status == one I

* Hat die Gerade g keinen Schnittpunkt mit dem Kreis so haben weder x1 noch x2 ein Ergebnis, sodass der Schnittpunkt Status „keine Schnittpunkte“ zugeweisen wird:

Is.na(x1) & is.na(x2) 🡪 intersection\_status == no I



1. Einsetzen der X Werte in Geradengleichung um zugehörigen Y Wert zu bestimmen:

Y1 = b0 + b1 \* X1

Y2 = b0 + b1 \* X2



### Aufstellen der Polygone

Da eine reine if-statment coordinierte Berechnung der Flächen mittels Kreissegment- und Kreisbogen-Funktionen zu komplex und fehlerbehaftet war, wird die Flächenberechnung der Bestände, sowie das sortieren der Einzelbäume in ihre Bestände mittels Polygone über das R package „st“ umgesetzt.

Die Flächenberechnung und Bestandeszuweisung findet nur statt, wenn:

* Der Waldrand keinen Knick hat (Waldrandform 1, e\_form == 1) und die Line AB den äußersten Probekreis an 2 Punkten scheidet (inter\_status\_AB\_17 == „two I“)
* Der Waldrand einen Knick hat (Waldrandform 2, e\_form == 2) und mindestens eine der beiden Linien den (AT oder BT) den äußersten Probekreis an 2 Punkten scheidet (inter\_status\_AT\_17 == „two I“ | inter\_status\_BT\_17 == „two I“ )

Sollten diese Bedingungen nicht zutreffen (also der Waldrand den Kreis vollständig einschließen oder nicht berühren, wird dem gesamten Kreis der Hauptbestand A zugewiesen.

#### Waldrandform 1

* Identifizieren der kürzeren Seite bei Überschneidung der AB Linie mit 60m Kreis um Probekreismittelpunkt
  + mittelpunkt der Linie zu ittelpunkt des Kreisses linie aufstellen
  + Intersections mit äußerstem Kreis finden
  + Distanz zwischen inter\_MC\_1 und mittelpunkunkt der AB Linie vs. Distanz zwischen inter\_MC\_2 und mittelpunkunkt der AB Linie
  + Auswählen des inter\_MCs mit geringerer Distanz um kürzere Seite des Kreises zu identifizieren
* Dreickiges polyon aufstellen mit AB inter 1, AB\_inter\_2 und inter\_MC\_shorter side

#### Waldrandform 2

Verfügt eine der Geraden AT und BT über 2 Schnittpunkte mit dem Kreis, muss das Polygon Dreieck in die Richtung aufgespannt werden, in der auch die Punkte A und B im Verhältnis zum Knickpunkt liegen. Denn bei dem Schnittpunkten der AT und BT Linie handelt es sich um eine Verlängerung der Strecke AT oder BT zum Rand des Kreises.

Somit gilt es von den jeweils 2 Schnittpunkten pro Line, jenen zu finden, der mit dem ursprünglich eingemessenen Punkten A oder gleichgerichtet ist. Hierfür wird der Azimut von T zu A mit dem Azimut von T zu Schnittpunkt 1 von AT und dem Azimut von Schnittpunkt 2 von AT verglichen. Es werden die Koordinaten des Schnittpunktes für das Aufstellen des Dreieck Polygons verwendet, dessen Azimut identisch zu dem von T zu A ist. Selbiges wird für die BT Linie durchgeführt.

Da bei einem Dreieck durch die direkten Schnittpunkte mit dem äußersten Probekreis (17.84m) ein Stück des Kreisbogens über die Gegenkathete (Linie zwischen Schnittpunkt A und Schnittpunkt B) „herausragen“ würde, wird der Schnittpunkt in der zuvor bestimmten Richtung Schnittpunkt 1 oder Schnittpunkt 2 der Gerade mit dem Kreis) auf einem 60m Radius Kreis gelegt, um sicher sein zu können, alle Bäume innerhalb des Kreisbogens miteinbezogen zu haben.

### Zuweisung Bestand gemäß Fläche

Nachfolgend werden mittels eines R for-loops (Schleife) und des R packtetes „sf“ die Überschneidungen des Dreieckigen Waldrand Polygons mit einem Kreisförmigen Polygon pro Plot und Probekreis (CCS\_r\_m = 5.64 m, 12.62 m, 17.84m) ermittelt.

Die Flächen die pro Probekreis vom Waldrand bedeckt sind werden unter der jeweiligen Plot\_ID und Waldrand ID abgespeichert. Flächen des verbleibenden Kreises werden unter der Waldrand ID (edge\_ID) 0 abgelegt. Zudem wird pro Waldrand ein Überscheidungsstatus angeben (inter\_stat = „partly intersecting“, „no intersection“, „fully covered“). Dieser Status wird für den verbleibenden Kreis (remaining circle) des jeweiligen Probekreises auf 0 gesetzt. Die Flächenbestimmung bzw. – Unterteilung muss pro Probekreis erfolgen, damit die Einzelbäume gemäß ihres BHDs und ihrer Stamfußkoordianten dem richtigen Probekreis und Bestand zugeordnet werden können und somit den richtigen Flächenbezug erhalten.

Die Zuordnung der Kreisfragmente in Bestände richtet sich nach dem Flächenverhältnis zwischen verbleibenden Kreis und Waldrandfläche im 17.84m Kreis. Hierfür werden die Kreisfragmente im 17.84m Kreis der Größe nach sortiert. Folgend wird dem größten Stück der Hauptbestand A zugewiesen (stand = „A“, „B“, „C“). Da maximal 2 Bestandesgrenzen bzw. Waldränder eingemessen werden können, können maximal zwei Nebenbestände ausgewiesen werden, wobei der flächenmäßig zweitgrößte Bestand bzw. das Flächenmäßig zweitgrößte Kreisfragment den Bestand B und - falls vorhanden - das kleinste Kreisfragment den Bestand C zugewiesen bekommt.

Der Bestand wird dann mittels Plot\_ID und edge\_ID auch auf die kleineren Probekreisfragmenten übertragen, welche dieselbe edge\_ID (also 1, 2, oder 0 ) wie der 17.84m Probekreis haben. Allgemein erfolgt das einsortieren in die Bestände immer gemäß des Polygons bzw. der Koordinaten für den Waldrand bzw. den Verbleibenden Kreis des äußersten Probekreises.

Die hierraus resultierende Tabelle hat folgende Struktur:

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | plot\_ID | e\_ID | CCS\_r\_m | inter\_stat | area\_m2 | stand |
| 1 | 50005 | 1 | 17.84 | partly intersecting | 475.694047855343 | B |
| 2 | 50005 | 0 | 17.84 | 0 | 523.710023058713 | A |
| 3 | 50005 | 1 | 12.62 | partly intersecting | 233.078993982014 | B |
| 4 | 50005 | 0 | 12.62 | 0 | 267.036286185508 | A |
| 5 | 50005 | 1 | 5.64 | partly intersecting | 42.3701787212666 | B |
| 6 | 50005 | 0 | 5.64 | 0 | 57.5169713010662 | A |

Die Plot\_ID zeigt die etsprechende bund\_nr, die e\_ID zeigt ob essich um einen der 2 möglichen Waldränder oder einen verbleienden Probekreis (e\_ID = 0) handelt, und in der Spalte CCR\_r\_m (concentric circle sampling radius in meter)

Zusätzlich werden die Polygone der 17.84m Kreisfragmente (Waldrand und verbleibender Kreis) als sf objecte in einem Dataframe sowie die Koordinaten Polygone der 17.84m Kreisfragmente (Waldrand und verbleibender Kreis) exportiert um für das Sortieren der Bäume des Altbestandes und Verjüngungsprobekreise genutzt zu werden.

### Altbestand: Einordnen der Einzelbäume in Bestände

Um die Einzelbäume einem jeweiligen Bestand zuzuordnen werden zunächst die Polar Koordinaten jedes einzelnen Baumes mittels Distanz und Azimut vom BZE Probekreismittelpunkt bestimmt (siehe 1.1.1.).

Folgend wird jeder Baum auf seine Überscheindung mit einem der Waldrand- bzw. verbleibender Kreis Polygone überprüft. Ja nach dem in welcher der Flächen der Baum sich befindet wird ihm der Bestand der jeweiligen Fläche zuwiesen. Anhand des BHDs wird dem Baum zudem die an die Bestandesgrenzen angepasste Fläche des Probekreises auf dem der Baum erfasst wurde zugewiesen.

### Verjüngung: Einordnen der Verjüngungsprobekreise (VJ PK) in Bestände

Zunächst wird die Lage des Probekreises bestimmt, indem mittels des Azimuts und der Richtung des Probekreises die Koordinaten des Verjüngungsprobekreis-Satelliten bestimmt werden.

Hierzu muss die Richtung des Probekreises zunächst in Gon „übersetzt“ werden:

|  |  |
| --- | --- |
| Himmelsrichtung | Gon |
| Norden | 0 |
| Nord-Osten | 50 |
| Osten | 100 |
| Süd-Osten | 150 |
| Süden | 200 |
| Süd-Westen | 250 |
| Westen | 300 |
| Nord-Westen | 350 |

Für die Berechnung der Mittelpunkte wurde folgende Funktion angewandt:

x\_CCS\_center = ccs.dist\*sin(ccs.azi \* pi/200) # + my.center.easting

y\_CCS\_center = ccs.dist\*cos(ccs.azi\* pi/200) # + my.center.northing

x\_CCS\_center X Koordinate des Verjüngungsprobekreismittelpunkts “concentric circle samling center”

y\_CCS\_center Y Koordinate des Verjüngungsprobekreismittelpunkts “concentric circle samling center”

ccs.dist Distanz in m des Verjüngungsprobekreismittelpunkts zum Plotmittelpunkt

ccs.azi Azimut in gon des Verjüngungsprobekreismittelpunkts vom Plotmittelpunkt aus

Nachfolgend wird pro VJ-PK ein Polygon des Probekreises gebildet, wobei der Radius des Polygons durch den Abstand (in m) zur 10ten Pflanze definiert wird, bzw. 5m beträgt sollte keine 10te Pflanze gefunden worden sein.

Die so erstellten VJ-PK werden dann auf Überschneidungen mit den dreieckigen Waldrand Polygonen bzw. den daraus resultierenden verbleibenden 17.84m Probekreisen untersucht. Der Probekreis wird dem Bestand zugeordnet, der mindestens 1/3 der Kreisfläche bedeckt. Sollte keiner der Bestände 1/3 der VJ-PK Fläche bedecken, wird der VJ-PK keinem Bestand zugeordnet und die Spalte „stand“ auf NA gesetzt.

Da die einzelnen Pflanzen innerhalb des VJ-PK nicht lokalisiert werden können, werden alle Pflanzen und die gesamte VJ-PK dem jeweiligen Bestand zugeordnet.

### Totholz: Einordnen des Totholzes in Bestände

Da das Einmessen der Totholzelemente nicht obligatorisch für die Totholzinventur der BZE ist, können die Totholzstücken nicht einzeln verortet und somit keinem Bestand zugewiesen werden. In Bezug auf das Totholz ist somit keine Bestandesweise Auswertung möglich.

### Georeferenzierung der Einzelbaum- Waldrand und verbleibende Kreise Koordinaten

Da nicht für alle BZE Probekreismittelpunkte Geokooridnaten vorhanden sind, können nicht alle Probekreise, Bäume und Waldränder mit geokoordianten ausgestattet werden. Daher findet die Auswertung und einordnung der Bäume und VJ-PKs in Bestände mittels der Polarkoordinaten um den Probekreis mittelpunkt (0|0).

Um die Auswertungsergebnisse der BZW mit anderen räumlichen Daten überschneiden zu können, besteht jedoch die Möglichkeit die georefferenzierung der Plots innerhalb des Codes „zuzuschalten“

Hierzu werden die Plots die durch den for-loop laufen zunächst gemäß der Verfügbarkeit für einen georefferenzierten Plotmittelpunkt gefiltert:

#%>%

#remove plots that do now have a corresponding center coordinate in the HBI\_loc document

#semi\_join(HBI\_loc %>% filter(!is.na( RW\_MED) & !is.na(HW\_MED)) %>% #select(plot\_ID) %>% distinct(), by = "plot\_ID")

Um die Zeile zu aktivieren, müssen die markierten `#` entfernt werden. Dieser Schritt erfolgt für jedes Datensubset innerhalb des 01\_01\_tree\_forest\_edges und des 01\_02\_RG\_forest\_edges Skripts.

Anschließend müssen die verfügbaren Geokoordinaten in die Berechnung der Koordinaten der Waldränder, Probekreise, Bäume und VK-PK miteinbezogen werden.

Hierfür werden zunächst die UTM Koordianten des Plotsmittelpunktes, abhänging von der Plotnummer ausgewählt werden:

## select UTM corrdinates of the plot center

# my.center.easting <- HBI\_loc[HBI\_loc$plot\_ID == my.plot.id, "RW\_MED"]

# my.center.northing <- HBI\_loc[HBI\_loc$plot\_ID == my.plot.id, "HW\_MED"]

Um dann mit bereits berechneten Polarkoordianten des Baumes/Waldrandes/VJ-PG aufsummiert zu werden:

# transform polar into cartesian coordiantes

tree.east <- x.tree # + my.center.easting

tree.north <- y.tree # + my.center.northing

# circle data

c.x0 = 0 # + my.center.easting

c.y0 = 0 # + my.center.northing

# UTM coordiantes of corner points

x1.east <- x.1 # + my.center.easting

y1.north <- y.1 #+ my.center.northing

x2.east <- x.2 # + my.center.easting

y2.north <- y.2 # + my.center.northing

Hiernach muss die Auswahl des korrekten Koordianten-Referenz-Systems aktiviert werden:

## georef

## assign crs

#my.utm.epsg <- "+proj=utm +zone=32 +datum=WGS84 +units=m +no\_defs +type=crs"

Anschließend kann das durch die Koordianten erzeugte sf object (Waldrand Dreieck Polygon, Probekreis Polygon, Baum st\_point,…)

## assing crs

#sf::st\_crs(triangle.e1.poly) <- my.utm.epsg

## Sortieren der Probekreise und Plots nach Aufnahmemöglichkeit

## ALL PLOTS & STAND COMPONENTS

# Punktstatus (x\_plotstatus\_bze)

# -9 Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt

# -1 Merkmal nicht erhoben

# 0 BZE-Punkt wurde in allen Erhebungen beprobt

# 1 BZE-Punkt wurde bei BZE II und III, aber nicht BZE I beprobt

# 3 BZE-Punkt wurde bei BZE I und III, aber nicht BZE II beprobt

# -- Neuanlage bei der BZE III

# 11 Neuanlage: Erstaufforstung

# 12 Neuanlage: Wiederaufforstung

# 13 Neuanlage: Sukzession

# 14 Neuanlage: Rasterverschiebung

# 15 Neuanlage: Rasterumstellung

# 16 Neuanlage: BZE-Punkt wurde nicht gefunden / nicht beprobt

# 17 Neuanlage: Punkt wurde bisher nicht aufgenommen, obwohl zur Waldfläche gehörend

# 19 Neuanlage: Sonstiges

# -- Ausfall bei der BZE III

# 21 Ausfall: Umwandlung in Nichtwald oder Nichtholzboden

# 22 Ausfall: Punkt nicht gefunden und deswegen Neuanlage

# 23 Ausfall: Punkt nicht mehr erreichbar (z. B: Truppenübungsplatz, Moorrenaturierung)

# 24 Ausfall: keine Probenahmeerlaubnis

# 25 Ausfall: Rasterverschiebung

# 26 Ausfall: Rasterumstellung (Netzweite geändert)

# 27 Ausfall: Rasterüberprüfung (Punkt gehört nicht zum Rasternetz)

# 28 Ausfall: Eichenprozessionsspinner (EPS)

# 29 Ausfall: Gesundheitsgefahr (außer EPS)

# 30 Ausfall: Arbeitsschutz

# 39 Ausfall: sonstiges

# 40 Ausfall: Koordinaten oder Punktnummernfehler

# 50 Ausfall: WZE-Punkt aber kein BZE-Punkt

# 60 Ausfall: Level II-Punkt

# plots to exclude: everything with ID >=21

## LIVING TREES

# Status der Bestandsaufnahmeplots (x\_hbi\_status) --> reffers to whole assessment of trees

# -9 = Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt - Status is unknown, was not assesed or canot be reconstructed

# -1 = Merkmal nicht erhoben - status was not assessed

# 1 = Aufnahme erfolgte am HBI-Mittelpunkt - the plot is at the same position as an HBI plot --> repetitive inventory

# 2 = Aufnahme erfolgte an neuem Bezugspunkt - plot in not at the same posticion as in the previous invenotry --> new inventory

# 3 = Aufnahme erfolgte an BWI-Punkt (nur BB/BY) - the plot is at the same position as an BWI plot --> repetitive inventory

## plot stati to exclude: 3 ????

## plot stati to change:

## only trees with have bestandesaufnahmeplotstatus of 2 can be used for growth calc

# status der Bestandesaufnahme --> reffers to the respective samping circle

# -9 Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt

# -1 Merkmal nicht erhoben

# 1 Aufnahme wurde erfolgreich durchgeführt

# 2 Aufnahme war nicht möglich, keine Objekte vorhanden

# 3 Aufnahme war nicht möglich, sonst. Gründe (Störung etc.)

## plot stati to exclude: 3 --> find trees that match the CCS and remove them

## create "LT\_CCS\_to\_exclude" dataset

## REGENERATION

# status der Verjüngungsaufnahme

# -9 Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt

# -2 Merkmal nicht vorhanden

# -1 Merkmal nicht erhoben

# 1 Aufnahme wurde erfolgreich durchgeführt

# 2 Aufnahme war nicht möglich, keine Objekte vorhanden

# 3 Aufnahme war nicht möglich, sonst. Gründe (Störung etc.)

## plot stati to exclude: 3 --> find trees that match the CCS and remove them

## create "RT\_CCS\_to\_exclude" dataset

## DEADWOOD

# status der Totholzaufnahme

# -9 Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt

# -1 Merkmal nicht erhoben

# 1 Aufnahme wurde erfolgreich durchgeführt

# 2 Aufnahme war nicht möglich, keine Objekte vorhanden

# 3 Aufnahme war nicht möglich, sonst. Gründe (Störung etc.)

# 4 Aufnahme auf 0,5 der Probekreisfläche

# 5 Aufnahme auf 0,25 der Probekreisfläche

## plot stati to exclude: 3 --> find trees that match the CCS and remove them

## create "DW\_CCS\_to\_exclude" dataset

# Altbestand

## Sortieren der Einzelbäume gemäß „Baumkennzahl“

Gemäß der Baumkennzahl, können Aussagen über den Status des Baumes in Bezug auf die vorrangegangene Bestandeserfassung getroffen werden. Folgend wird erklärt wie mit Bäumen einer jeweiligen Baumkennzahl umgegangen wurde.

Sollte eine änderung der Baumkennzahl stattgefunden haben, wird die neue Baumkennzahl in der Spalte „baumkennzahl“ bzw. „tree\_inv\_status“ eingetragen, während die alte Baumkennzahl in „old\_tree\_inv\_status“ nachfollziehbar bleibt. Genauso wird für eventuelle Änderungen der fortlaufenden Nummer vorgegangen. Sollte die forlaufende Nummer geändert werden, wird diese Änderung unter „tree\_ID“ bzw. "lfd\_nr" eingetragen, währende die ursprünglichen fortlaufenden Nummern weiterhin unter „old\_tree\_ID“ erhalten bleiben.

Ausgeschiedene oder aus anderen Gründen von der weiteren Analyse ausgeschlossene Bäume werden in einem separaten Datenset der hinterlegt (HBI\_trees\_removed/ BZE3\_trees\_removed).

### Baumkennzahl -9 & -1: Baumstatus unbekannt

*-9: Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt*

*-1: Merkmal nicht erhoben*

Bäume der mit der Kennzahl -9 haben keinen bekannten Status. Mittels der Einzelbauminformationen (e.g. Standort, Art, BHD) kann jedoch zumindest festgestellt werden, ob es sich um eine Wiederholungs-Inventur eines Baumes aus der Vorrangegangenen Inventur handelt. Dadurch kann ein Baum-„Paar“ gefunden werden, welches dann für die Berechnung der Zuwächse auf Einzelbaumlevel in Frage kommt.

Hierfür werden zunächst die X- & Y Koordinaten des Stammfußes des Baumes in der BZE Bestandesaufnahme (BZE3, post-Inventur) berechnet und mit den Stammfußkoordianten aller Bäume desselben Plots in dem BZE2/ HBI Datensatz verglichen. wird der geographisch nächste Nachbar und potentitelle „Parnter-Baum“\_Kandidat ermittelt. desselben Plots jener Baum identifiziert welcher:

* In max. 0,5m Distanz zu der Position des BZE3 (post) Baumes steht
* einen gleichen oder geringeren BHD hat
* zur selben Baumart gehört
* die gleiche laufende Nummer hat

Sollte dieser Fall zutreffen wird:

* die Baumkennzahl des BZE3 Baumes von -9 zu 1 geändert und
* Die Baumkennzahl des BZE2/HBI (pre) Baumes zu 0 geändert, sofern sie nicht 1 ist
  + Partner-Baumes in der pre-Inventur die Baumkennzahl 1 haben, wird die Baumkennzahl nicht geändert: Dieser Fall würde aber nur bei Inventuren nach der BZE3 greifen, also z.B. wenn man einen Baum, der in der BZE4 BE die Baumkennzahl -9 erhält, dessen Partner in der BZE3 aber bereits wiederholt aufgenommen wurde.

### Baumkennzahl 4: Baum hätte bei HBI nicht aufgenommen werden dürfen

*BZK 4 wird für „ungültige Probebäume der letzten Inventur“ vergeben und bedeutet, der „Baum hätte bei HBI nicht aufgenommen werden dürfen“*

Bäume welche in der Folge-/Post-/BZE3-Bestandesaufnahme die Baumkennzahl 4 erhalten haben, hätten schon zur vorangegangenen Inventur (Pre-/ BZE2/HBI-Bestandesaufnahme) nicht aufgenommen werden dürfen. Dementsprechend wird basierend auf den Koordinaten, der Baumart, dem Durchmesser und der Baumnummer, sofern möglich, der Partner-Baum des BZE3 Baums in derm HBI Bestandeserhebung Datensatz desselben Plots identifiziert (siehe 3.1.1.). Der Baum wird nachfolgend aus den beiden Datensätzen (Pre/Post bzw. HBI/BZE3) entfernt und geht in den Datensatz „trees\_removed“ der jeweilgien Bestandeserhebung ein.

### Baumkennzahl 6: Baum noch vorhanden jedoch kein Probebaum mehr

*„BKZ = 6 wird vergeben für Probebäume die, obwohl Zwiesel, bei der Vorgängerinventur als ein Baum angesprochen wurden, jedoch aus heutiger Sicht als zwei Bäume aufgenommen werden müssen. Der Baum der Vorgängerinventur bekommt BKZ = 6, die beiden "neuen" Probebäume BKZ = 0“*

Ziel für Bäume der BKZ = 6 ist, ein Paar aus einem der „neuen“ Probebäume mit BKZ = 0 und dem „ursprünglichen“ Baum aus der Vorgänger Inventur herzustellen.

Hierfür wird zunächst der Pre (BZE2/ HBI) Partner-Baum des BKZ = 6 Baumes aus der Post bzw. aktuellen Inventur (BZE3) anhand folgendes Kritetien identifiziert:

* geringsten Distanz zwischen BZE3 und BZE2 Baum
* dieselbe Baumart
* geringerer oder gleicher Durchmesser
* übereinstimmenden laufende Baumnummer

Sollte es keinen Partnerbaum zu dem BKZ = 6 Baum aus der BZE3 geben (tree.found.in.pre.dataset == „no“), kann kein Paar hergestellt werden und die Bäume können nicht für die Zuwachsberechnung miteinbezogen werden.

Dann werden innerhalb des BZE3/ Post Bestandesaufnahme die Bäume herrausgefltert, welche als potentitelle „neuen“ Probebäume die „ursprünglichen“ Baum mit BKZ = 6 hervorgegangen sind infrage kommen. Dafür werden folgende Kriterien über alle Bäume des Plots in der BZE3 mit dem jeweilgein BKZ = 6 Baum (my.tree) aus der BZE3 vergleichen:

* gleiche Bfnr. / plot\_ID wie der BKZ = 6 Baum aus der BZE3/ Post Inventur
* übereinstimmende Baumart mit dem BKZ = 6 aus der BZE3/ Post Inventur
* einer nicht übereinstimmenden laufende Baumnummer
* Baumkennzahl = 0

Von allen Kandidaten für die „neuen“ Probebäume, werden jene ausgewählt welche die geringste Distanz zum „ursprünglichen“ BKZ = 6 Baum aus der BZE3/ Post Inventur (my.tree) aufweisen, da es sich hierbei wahrschienlich um die neu ausgewiesenen Bäume aus demselben „Mutterbaum“ handelt. Sollte der BZE3 Baum mit der BKZ = 6 einen Partnerbaum in der HBI haben, wird diesem der Zwiesel bzw. „neue“ Probebaumkandidat als Partner für die Zuwachsberechnung zugewiesen, welcher den geringsten absoluten Unterschied zum BHD des Partner-Baumes aus der HBI / pre Inventur (nearest.neighbour.pre) aufweist.

Anschließend wird die Laufende Baumnummer des Partner-Baumes im HBI Datenset zu der des „neuen“ Probebaumes in der BZE3 geändert, die alte laufende Baumnummer wird unter „old\_tree\_ID“ beibeihalten. Die Baumkennzahl des HBI-Partner-Baumes wird, sollte sie nicht 1 sein, zu 0 geändert. Die Baumkennzahl des BZE3-Partner-Baumes wird zu 1 geändert.

Sollten sich keine Partner-Bäume finden, wird lediglich der Baum mit der Kennzahl 6 aus dem BZE3 Datenset entfernt und in „trees\_removed“ hinterlegt.

### Baumkennzahl == 5

### Baumkennzahlen 7, 2, 3

Bäume mit der Baumkennzahl 7, 3 und 2 werden aus beiden Datensätzen (pre & post / BZE3 & HBI) entfernt und in einem Datensatz namens „trees\_removed“ gespeichert. Hierin werden auch alle Bäume exportiert, die nach der Bearbeitung und Überprüfung noch eine Baumkennzahl haben die nicht 1 oder 0 ist, ebenso wie die aus der BZE3/ Post Inventur entfernten Bäume mit der Baumkennzahl = 6.

### Baumkennzahl 1 & 0

Bäume mit der Baumkennzahl 1 oder 0 werden im Datenset „LT\_update\_2“ für die Vorrats- & Zuwachsberechung „weitergebenen“.

## Biomassevorrat

### Schätzen fehlender Höhen

Fehlende Höhen werden über verschiedene selbst-gefittete nichtlineare Modelle pro Baumart und Plot geschätzt, welche abhängig von der Modellgüte durch nichtlineare Modelle pro Baumart über alle Plots hinweg bzw. Einheitshöhenkurven von SLOBODA und CURTIS ergänzt werden. Die Koeffizienten der selbst-gefitteten nichtlinearen Modelle werden mittels der nls() Funktion (y = b0 \* (1 - exp( -b1 \* DBH\_cm))^b2)) des R Paketes „forestmangr“ pro Baumart und Plot bzw. pro Baumart für alle Plots in einem Datenset zusammengefasst.

Die Modellauswahl erfolgt nachfolgenden Kriterien:

* Berechnung der Höhe mittels selbst-gefitteten nls pro Baumart und Plot:
* Wenn mindestens 3 Höhenmessungen pro Baumart und Plot vorhanden sind,
* keine Höhe für den jeweiligen Baum gemessen wurde und
* das R2 des entsprechenden Modells über 0.7 liegt, §  Die Entscheidung für die Grenze R2 = 0,7 basiert auf:….
* und es kein ein generelleres, selbst-gefittetes Model (pro Art aber über alle Plots)  für die entsprechende Baumart gibt, dessen R2 höher ist.
* Die Berechnung der Höhe mittels selbst-gefitteten nls pro Baumart, unabhängig vom Standort erfolgt wenn:
* Wenn mindestens 3 Höhenmessungen pro Baumart vorhanden sind
* Keine Höhe für den jeweiligen Baum gemessen wurde
* Es kein Modell pro Baumart und Plot für den entsprechenden Baum gibt (e.g. weil weniger als 3 Höhenmessungen pro Art und Plot verfügbar sind und so kein art- und plot-spezifisches Modell gefittet werden konnte)
* Das R2 des Modells pro Baumart höher ist als das eines zur Auswahl stehenden Modells pro Baumart und Plot
* Das R2 des Modells pro Baumart über alle Plots Höher als < 0.70 ist§  Die Entscheidung für die Grenze R2 = 0,7 basiert auf:….
* Die Einheitshöhenkurven Funktionen gemäß SLOBODA wird verwendet wenn:
  + Keine Höhe für diesen Baum gemessen wurde
  + Pro Baumart und Plot ein Durchmesser des Grundflächenmittelstammes und die Höhe des Grundflächenmittelstammes verfügbar sind, da diese die Eingangsgrößen für die Funktion darstellen
  + Kein selbst-gefittetes Model (weder pro Art & Plot, noch pro Art über alle Plots) vorhanden ist
  + Das R2 des selbst-gefitteten Models < 0.70 ist
  + Die Einheitshöhenkurven Funktionen gemäß CURTIS wird verwendet wenn:
  + Keine Höhe für diesen Baum gemessen wurde
  + Pro Baumart und Plot kein Durchmesser des Grundflächenmittelstammes und die Höhe des Grundflächenmittelstammes verfügbar sind, sodass die Input Variablen für die Einheitshöhenkurvenfunktion von SLOBODA nicht anwendbar sind
  + Kein selbst-gefittetes Model (weder pro Art & Plot, noch pro Art über alle Plots) vorhanden ist
  + Das R2 des selbst-gefitteten Models < 0.70 ist

Die Koeffizienten der Einheitshöhenkurvenfunktionen von Sloboda und Curtis differenzieren folgende Baumartengruppen: Fichte, Tanne, Douglasie, Kiefer, Lärche, Buche, Eiche. Alle anderen Nadelbäume werden der Fichte und alle anderen Laubbäume der Buche zugeordnet. Dementsprechend wurde in dem x\_bart eine Spalte mit dem Namen „H\_SP\_group“ erzeugt, welche die entsprechenden Arten den erforderlichen Gruppen zugeordnet.

### BHD Korrektur bei von 1.30m abweichenden Durchmesser-Messhöhe

Für Bäume, deren Durchmesser nicht in Brusthöhe gemessen wurde, musste der Brusthöhendurchmesser nachträglich mittels der Durchmessermesshöhe berechnet werden. Hierfür wird die folgende von Stephan Dahm entwickelte Funktion für den Brusthöhendurchmesser bei abweichender Meßhöhe nach Abholzigkeitsfunktion verwendet:

Bhd = M\_bhd+2\*(M\_hBhd-130)/Tangenz[Ba, Bl]

BHD Brusthöhendurchmesser [cm]

M\_Bhd gemessener Brusthöhendurchmesser [mm], u.U. in abweichender Meßhöhe von 130cm

M\_hBhd Meßhöhe [cm] des gemessenen Brusthöhendurchmessers

Tangenz der Tangenz ist abhängig von der Baumart (Ba) und dem Bundesland (Bl)

Ba Einzelbaumart (vgl. x\_ba.Icode)

Bl Bundeslandnummer (vgl. x\_bl.Icode)

Wobei der jeweilige Wert für Tangenz von der Art bzw. Artengruppe des Einzelbaumes und der Region in der der Plot sich befindet abhängt.

Die Artengruppen für die BHD Berechnung entsprechen den in x\_bart\_neu.csv in der Spalte BWI hinterlegten Artengruppen.

Die Region bzw. des jeweilige Wuchsgebiet ergibt sich aus dem Bundesland (bzw. der Bundesland Nummer) indem der Plot sich befindet und ist in der Tabelle x\_bl.csv hinterlegt.

Die Kombination aus Region und Baumartengruppe ermöglicht es aus der Tabelle k\_tangenz.csv die korrekten Tangenz Werte zu wählen.

### Harmonierung Artengruppen zwischen TapeS und x\_bart

Die Biomasse der Einzelbäume wird baumartengruppenspezifisch mittels TapeS (<https://gitlab.com/vochr/tapes/-/blob/master/vignettes/tapes.rmd>) berechnet. Die Gruppierung der Bäume in die von TapeS vorgesehenen Artengruppen ist in der Baumarten Code Tabelle x\_bart unter „Tps\_com\_ID“ hinterlegt.

Da die Codes und Abkürzungen die in TapeS zur Biomasseberechnung vorgesehen sind, zunächst nicht mit denen der Baumartenliste der BZE (x\_bart) übereinstimmen, mussten zunächst Artencodes in der Baumarten Code Tabelle x\_bart integriert werden, welche TapeS „lesen“ / „erkennen“ kann um die Anwendung von TapeS auf BZE Bestandesdaten zu ermöglichen.

Hierfür wurde in x\_bart eine Spalte aufgenommen („key variable“ / „common variable“), welche die dort gelisteten Arten in die entsprechenden TapeS Artengruppen einteilt. Durch diese Übereinstimmung können die Abkürzungen sowie die „common ID“ zunächst aus x\_bart den Daten der Bestandeserhebung zugewiesen werden und darüber die Codes aus der TapeS Artenliste in das Datenset der Bestandeserhebung eingeladen werden.

Hierfür wurden zunächst die Baumarten durch verschiedene vergleichende „joins“ aus der x\_bart Liste gefiltert, welche einen übereinstimmenden botanischen Namen in der TapeS Artenliste haben (SP\_names[,bot\_name] = TapeS\_SP[, scientific]). So konnte eine Spalte in x\_bart zu erzeugt werden, die auf den BWI-Abkürzungen für die Deutschen Artnamen beruht. Diese stimmt mit einer vollständig zu Großbuchstaben veränderten Spalte der Abkürzungen für die deutschen Artnamen aus TapeS überein (tpS\_com\_ID).

Über die Einordnung der verbleibenden, nicht zuordenbaren Arten wurde Einzelfallweise entschieden. Generell sind die Arten in x\_bart zahlreicher und genauer aufgelistet. Die Einordnung erfolgte nach folgenden Kriterien:

* sollte(n) eine oder mehrere Arten in x\_bart unterschieden werden, in TapeS jedoch nur der botanische Genus gelistet sein, wurden alle Arten des Genus unter dem entsprechenden Genus zusammen gefasst e.g.: x\_bart: Ulmus minor, Ulmus laecis, etc. → TapeS: Ulmus spp.
* sollte(n) einige oder mehrere Arten in x\_bart und in TapeS unterschieden werden, andere jedoch nur in x\_bart vorkommen, wobei TapeS eine neben den einzelnen Arten eine Zusammenfassung unter dem botanischen Genus vorsieht, so wurden die entsprechend übereinstimmenden Arten gematched und alle in x\_bart verbleibenden, nicht zugeordneten Arten desselben Genus unter dem zugehörigen Genus spp. Eingeordnet
  + e.g.: x\_bart: Acer plataniodes, Acer pseudoplatanus, Acer campestre, Acer negundo, Acer opalus, etc. → TapeS: Acer plataniodes, Acer pseudoplatanus, Acer campestre, Acer spp.
* sollte(n) einige oder mehrere Arten in x\_bart und in TapeS unterschieden werden, andere jedoch nur in x\_bart vorkommen, wobei TapeS neben den einzelnen Arten keine Zusammenfassung unter dem boatnischen Genus vorsieht, so wurden die entsprechend übereinstimmenden Arten gematched und alle in x\_bart verbleibenden, nicht zugeordneten Arten desselben Genus einer der in TapeS gelisteten Arten desseleben Genus zugeordnet.
  + e.g. x\_bart: Abies grandis, Abies alba, Abies amabilis, Abies cilicica, Abies spp., etc. → TapeS: Abies grandis, Abies alba, Abies alba, Abies alba, …
* sollten eine oder mehrere Arten in x\_bart unterschieden werden, wobei in TapeS nur eine Art desselben Genus gelistet ist, wurden alle Arten des Genus in x\_bart unter der in TapeS gelisteten Art desselben Genus zusammengefasst:
  + e.g.: x\_bart : Fagus sylvatica, Fagus orientalis, Fagus moesiaca → TapeS: Fagus sylvatica, Fagus sylvatica, …
* sollte ein Genus in x\_bart nicht in Arten unterschieden werden, in TapeS jedoch schon werden alle Bäume des Genus der in TapeS gelisteten Art zugeordnet
  + e.g.: x\_bart: Tuja spp. → TapeS: Thuja plicata
* alle in x\_bart gelisteten Arten und Geni, welche keine übereinstimmende Art oder Familie in TapeS gelistet haben, werden den Kategorien Magnoliopsida trees (andere Laubholzarten) und Coniferales trees (andere Nadelholzarten)

### Biomasseberechung

#### oberirdische Biomasse

Die Biomasse wird nachfolgend mit TapeS für alle holzigen Kompartimente sowie die Blattmasse and Nadelbäumen berechnet. Die Kompartimente werden folgendermaßen eingeteilt:

* solid wood sw: Derbholz, Holzige Masse über Fällschnitt mit Durchmesser >7cm, ohne Rinde
* solid wood bark sb: Derbholzrinde, Rinde des Derbholzes
* stump wood stw: Stubbenholz, holzige Masse unterhalb des Fällschnittes mit Durchmesser >7cm, ohne Rinde
* stump wood bark stb: Stubbenholzrinde, Rinde des Stubbenholzes
* fine wood including bark fwb: Nicht Derbholz, holzige Masse oberhalb des Fällschnitts mit Durchmesser <7cm, mit Rinde
* foliage ndl: Blattmasse, mit TapeS ist diese Kompartiment nur für Nadelbäume berechenbar

Da TapeS keine Biomassenfunktionen für die Blattmasse von Laubbäumen beinhaltet, wurde diese mittels des Blattbiomasse Modells (dh3, 4a)) für Buchen von Wutzler et. al. 2008 ermittelt.

Durch aufsummieren der Biomasse in oberirdischen holzigen und Blatt-/Nadel-Kompartimenten wurde zudem das Kompartiment „ag“ – „aboveground“ – „gesamte oberirdische Biomasse“ erzeugt. Durch aufaddieren der Biomasse in allen oberirdischen und unterirdischen Kompartimenten wurde das Kompartiment „total“ – „gesamte Biomasse“ berechnet.

#### Unterirdische Biomasse

Die da TapeS keine Funktionen für die Berechnnung der unterirdischen Biomasse beinhaltet, wird diese mittels der Biomassefunktionen der Bundeswaldinventur (BWI) bzw. der Nationalen Treibhausgasinventur (TGHI) berechnet.





Die entsprechenden Funktionen und ihre Herleitung können hier nachvollzogen werden:

* BWI Methodikband 2012, Kapitel 5.2.8
* <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s004420050201.pdf?pdf=inline%20link>
* <https://www.bundeswaldinventur.de/fileadmin/SITE_MASTER/content/Downloads/Riedel2017_Biomassefunktionen.pdf>
* <https://cbmjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13021-016-0053-x#Tab1>
* https://www.openagrar.de/receive/timport\_mods\_00030576
* https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/1410/publikationen/2020-04-15-climate-change\_23-2020\_nir\_2020\_en\_0.pdf

## Kohlenstoffvorrat

Die Berechnung des Kohlenstoffvorrates erfolgt dann durch die Multiplikation der Biomasse in dem jeweiligen Kompartiment oder zusammengefassten Kompartimenten mit dem Kohlenstoffgehalt, welcher gemäß IPCC Methodik zur Treibhausgasinventur 2006 0.5 beträgt und so auch in der TGHI und BWI verwendet wird (QUELLE)

## Stickstoffvorrat

Der Stickstoffvorrat wird für alle Einzelbäume, Totholzstücke und Verjüngungspflanzen berechnet. Da der Stickstoffgehas

### Stickstoffgehalte in oberirdischer holziger Biomasse

Nach dem Vergleich der Verfügbaren Daten über Nährelemente sowie zugehöriger Möglichkeiten nachträglich zu Kompartimentierung, ergibt Rumpf et al. (2018) als die vielversprechendste Datengrundlage, aufgrund (1) der Aktualität der Veröffentlichung, (2) der Anwendbar der Daten für Deutsche Waldökosysteme und Baumarten, (3) der Möglichkeit die Gesamtbiomasse entsprechend der Kompartimente in denen Stickstoff gemessen wurde nachträglich aufzuteilen.

### Kompartimente für o.i. Stickstoffvorrat Berechnung

Die Stickstoffvorräte in holzige Kompartimenten werden somit mittels der Stickstoffwerte in Rumpf et al. 2018 (Rumpf, Sabine & Schönfelder, Egbert & Ahrends, Bernd. (2018). Biometrische Schätzmodelle für Nährelementgehalte in Baumkompartimenten) berechnet.

Rumpf et al. 2018 sieht eine Einteilung in die folgenden Kompartimente vor:

* Nichtderbholz inkl. Rinde,
* Derbholz ohne Rinde,
* Derbholzrinde und
* Nadelmasse

Dementsprechend fehlen Stickstoffgehalte für die Blattmasse in Laubbäumen sowie für die holzigen Kompartimente Stock- und Stockrinde. Der Stickstoffvorrat von Stock & Stockrinde wird demnach mit den Stickstoffgehalten Derbholz & Derbholzrinde berechnet.

### Baumartengruppen für o.i. Stickstoffvorrat Berechnung

Da in Rumpf et al. 2018 nur Stickstoffgehalte für Bestimmte Baumarten bereitgestellt werden, mussten die in der BZE Baumarten Code Tabelle x\_bart gelisteten Baumarten in die in Rumpf et al. 2018 repräsentierten Baumarten gruppiert werden. Hierbei wurde folgendermaßen vorgegangen:

Rumpf et al. 2013 deckt folgende Baumarten ab: Eiche, Buche, Ahorn, Esche, Birke, Erle, Kiefer, Douglasie, Fichte.

Die Artengruppierung für die Stickstoffberechnung orientiert sich an der Artengruppierung der BWI in Buche, Eiche, anderes Laubholz langer Lebensdauer, anderes Laubholz niedriger Lebensdauer, Fichte, Kiefer.

* Bäume des botanischen Genus „Quercus“ werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Eiche (EI) zugeordnet
* Bäume des botanischen Genus „Fagus“ und Bäume der BWI artengruppe Laubholz hoher Lebenserwartung (aLh) (siehe 2.1.3. ) werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Buche (BU) zugeordnet.
* wobei die Arten welche in der BWI in die BWI Artengruppe anderes Laubholz hoher Lebenserwartung (aLh) fallen, jedoch in der Stickstoffdatenbank separat betrachtet werden, aus der Gruppe „herausgenommen“ und gemäß ihres botanischen Genus einer eigenen Stickstoff Artengruppe zugeordnet werden.
* Hierzu zählen: Acer und Fraxinus
* Bäume des botanischen Genus „Acer“ werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Ahorn (AH) zugeordnet
* Bäume des botanischen Genus „Fraxinus“ werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Esche (ES) zugeordnet
* Bäume des botanischen Genus „Betula“ und Bäume der BWI Artengruppe anderes Laubholz niedriger Lebenserwartung (aLn) (siehe 2.1.3.) werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Birke (BI) zugeordnet.
* wobei die Arten welche in der BWI in die BWI Artengruppe anderes Laubholz niedriger Lebenserwartung (aLn) fallen, jedoch in der Stickstoffdatenbank separat betrachtet werden, aus der Gruppe „herausgenommen“ und gemäß ihres botanischen Genus einer eigenen Stickstoff Artengruppe zugeordnet werden.
* Hierzu zählt: Alnus
* Bäume des botanischen Genus „Pinus“ oder „Larix“ werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Kiefer (KI) zugeordnet
* Bäume des botanischen Genus „Pseudotzuga“ werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Douglasie (DGL) zugeordnet
* Bäume des botanischen Genus „Picea“ und alle anderen Nadelbaumarten die nicht den botanischen Genus „Pinus“, „Larix“, „Pseudotzuga“ haben, werden der Stickstoff Artengruppe (N\_SP\_group) Fichte (FI) zugeordnet

### Stickstoffgehalte in Blattmasse

Update vom Treffen 22.11.2023, 10:00, BZE-Plausibilitätstests Gruppe, anwesend: N.Wellbrock, O.Bienert, C.Oertel, P.E.Dühnelt, J.Bielefeldt, J.Gärtner, H.Gercken

Stickstoffvorräte in der Blattmasse sind nicht von Interesse für die BZE Auswertung, dementsprechend werden nur Biomasse und Kohlenstoff in allen Kompartimenten geliefert, Stickstoffvorräte werden hingegen nur für holzige Kompartimente geliefert. Somit wird das nachfolgende Kapitel hinfällig.

Stickstoffgehalte in Blattmasse aus BZE Blatt- & Nadelproben 20.11.23

Im Zuge der BZE werden von jeder am Plot präsenten Baumart im Altbestand Blatt- und Nadelproben genoimmen welche dann auf ihre Nährelementgehalte hin ausgewertet werden.

Somit stehen für die Berechnung des Stickstoffgehaltes in der Blattmasse des Altbestandes Bestandes an BZE Probepunkten Plot- und Baumartspezifische Nährelementgehalte zur Verfügung.

Da jedoch in der Verjüngung zu Waldbaumarten auftreten können, die nicht im Oberstand vertreten sind, für welche demnach keine Plot-Art-spezifischen Stickstoffwerte verfügbar sind, müssen hierfür sinnvolle alternative Datenquellen ausgewählt werden. Folgende Optionen stehen hierfür zur Auswahl:

1. Standortgruppen-Art-spezifische-N-Werte: N-Werte in Blatt oder Nadel für nicht am Plot verfügbare Baumarten werden durch standort-art-spezifische N-Mittelwerte ersetzt:
   1. N-Gehalten in Nadel und Blatt werden nach Baumart und Standortgruppe gruppiert und gemittelt
   2. hierfür müsste man dem jeweiligen BZE BE Punkt einer standtortgruppe zuweisen
   3. und für diese Standortgruppe über mittlere N-Werte in Blatt-/ Nadelmasse aller möglichen Baumarten verfügen
   4. hierfür müssten zudem signifikante Unterscheide zwischen den Stickstoffgehalten in der Blattmasse in Anhängigkeit ihrer Standortgruppe bestehen.
      1. Diese Annahme wird durch die BZE2 Auswertung unterstützt „Die Fichten auf Böden aus basenarmem Festgestein (6) und auf Böden der Alpen (7) haben geringere N-Nadelgehalte als die Fichten auf anderen Bodensubstratgruppen (Abb. I-8-1a). Die N-Nadelgehalte sind an Punkten mit Moder- und Rohhumusform signifikant geringer als an Punkten mit Mull, mullartigem Moder und rohhumusartigem Moder (Abb. I-8-1b). Die N-Nadelgehalte unterscheiden sich je nach Grad der Bodenversauerung; die Unterschiede sind allerdings nicht kausal erklärbar.“

QUELLE: Dynamik und räumliche Muster forstlicher Standorte in Deutschland Ergebnisse der Bodenzustandserhebung im Wald 2006 bis 2008, Nicole Wellbrock, Andreas Bolte, Heinz Flessa (eds), Thünen Report 43

1. Baumart-spezifische-N-Werte:
   1. N-Gehalten in Nadel und Blatt werden nach Baumart gruppiert und gemittelt
   2. Diese Option greift wenn:
      1. Sollten keine signifikanten Unterschiede in den N-Gehalten in der Blattmasse über die verschiedenen Standortgruppen bestehen oder
      2. eine Baumart weder im plot-Art-spezifischen noch dem Baumart-Standortgruppe-Spezifischen Datensatz über einen entsprechenden N-Gehalt verfügen
2. Baumartengruppe-spezifische Werte:
   1. N-Gehalte in der Blattmasse werden nur noch nach „Laubholz“ und „Nadelholz“ gruppiert und gemittelt
   2. Diese Option greift wenn:
      1. zu einer Baumart gar keine N-Werte verfügbar sein
      2. es signifikante unterscheide in den N-Gehalten in der Blattmasse zwischen den Gruppen Laub- bzw. Nadelholz gibt

Hieraus resultiert, dass wir von der BZE einen Datensatz in der folgenden Struktur brauchen:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Plot\_ID/ Bfn\_nr | Standortgruppe | Baumart | N-Gehalt |
| 1 |  |  |  |
| … |  |  |  |
| n |  |  |  |

Um eine möglichst sinnvolle Kette aus „wenn für Gruppe X kein N-Gehalt verfügbar ist, dann wähle Wert Y aus Gruppe Y eines übergeordneten Organisations- / Gruppierungslevel“-Statements aufstellen zu können, sollten sich die gebildeten Starten und Level der Gruppierung an den Variablen orientieren die den Größten Unterschied in den N-Gehalten verursachen, also den größten Einfluss auf Varianz in den N-Gehalten haben.

Hierfür würde es sich anbieten den N-Gehalt in Abhängigkeit der Baumart und Standortsgruppe zu modellieren und auf Zusammenhänge bzw. die Stärke des Zusammenhanges zu untersuchen.

### Stickstoffgehalte in unterirdischer Biomasse

Hierfür wurden, wie in „Kohlenstoff- und Nährelementspeicherung von Waldflächen des forstlichen Umweltmonitorings (BZE) in Rheinland-Pfalz“ (Thuenen Report 2016, Nicole Wellbrock, Judith Bielefeldt, Nadine Eickenscheidt, Andreas Bolte, Barbara Wolff, Joachim Block, Hans Werner Schröck, Julius Schuck, Ralf Moshammer) mittels der Mittelwerte der Stickstoffgehalte im Biomasse-Kompartiment Grobwurzeln berechnet.

Da die Artengruppen in Jacobsen et al. 2002 nicht mit denen aus Rumpf et al. 2018 oder anderen bereits erstellten Artengruppen übereinstimmen, musste für die Berechnung der unterirdischen Stickstoffgehalte zunächst eine Gruppierung der Arten vorgenommen werden, damit die richtigen Stickstoffgehalte angewendet werden. Hierbei wurde sich an der Artengruppierung der BWI orientiert:

* Eiche: alle Eichenarten (einschließlich Rot-Eiche) wurden der Artengruppe Eiche (EI) zugeordnet
* Buche,  und andere Laubbäume mit hoher Lebensdauer (aLh) (Ahornarten, Ahornblättrige Pla- tane, Edelkastanie, Esche, Hainbuche, Lindenarten, Nussbaumarten, Robinie, Ross- kastanie, Speierling, Stechpalme, Ulme, Weißesche) wurden der Baumartengruppe Buche (BU) zugeordnet
* Andere Laubbäume mit niedriger Lebensdauer (aLn) ( Birkenarten, Elsbeere, Erlenar- ten, Pappelarten, Traubenkirsche-Arten, Vogelkirsche, Wildobst, alle weiteren Laub- baumarten, soweit sie nicht gesondert genannt sind) wurden der Baumartengruppe Birke (BI) zugeorndet
* Fichte: alle Fichtenarten und Tannenarten und sonstige Nadelbäume außer Douglasie, Kiefer, Lärche, Pinus nigra, wurden der Artegruppe Fichte (FI) zugeorndet
* Douglasie alle Douglasienarten wurden der Baumartengruppe Douglasie (DGL) zugeordnet
* Kiefer: alle Kiefernarten, außer Pinus nigra (für welche separate Werte verfügbar sind) wurden der Baumartengruppe Kiefer (KI) zugeordnet
* Bäume mit dem Lateinischen Namen „Pinus nigra“ wurden der Argtengruppe Pinus nigra (KIN) zugeordnet
* Lärche: alle Lärchenarten wurden der Artengruppe Lärche (LA) zugeordnet

## Zusammenfassung Einzelbaumdaten auf Plotlevel & Hektar

### Vorräte pro Hektar

Um die Vorräte pro Hektar zu berechnen, werden die Einzelbaumvorräte pro Probekreis aufaddiert und durch die entsprechende Probekreisfläche geteilt um den Vorrat pro Probekreis pro Hektar zu erhalten.

An dieser Stelle werden zudem die Probekreise mit dem Probekreisaufnahmemöglichkeit = 2 miteinbezogen. Hierfür wir zunächst überprüft ob es für den jeweiligen Plot Probekreise mit der Probekreisaufnahmemöglichkeit = 2 gibt. Für diese Probekrise wurden im Rahmen des Skriptes „01\_00\_RG\_LT\_DW\_inventory\_plot\_status“ die Datensätze „DW\_stat\_2“, „RG\_stat\_2“ und „LT\_stat\_2“ erzeugt, welche „leere“ Probekreise enthalten. Der Plot und der entsprechende Probekreisradius in dem sind in dem Datenset gelistet und haben einen mit dem Stickstoff-, Kohlenstoff- und Biomassenvorrat von 0 t/ha hinterlegt. Diese werden dann in das Probekreisweise Datenset hinzugefügt.

Anschließen werden die Vorräte pro Hektar aller Probekreise pro Plot aufsummiert.

### Durchschnittswerte pro Plot

Um der Gewichtung der Durchmesserklassen durch die Probekreise gerecht zu werden, wird zunächst die Stammzahl pro Hektar pro Probekreis berechnet. Diese wird dann durch die Stammzahl pro Probekreis geteilt. Jeder Baum wird dann mit dem sich ergebenden Faktor für den jeweiligen Probekreis und Plot multipliziert.

### Bestandestyp

Anhand der Grundflächenanteile wir der Bestandestyp zugewiesen. Hierbei wird schritweise vorgegagnen. Zunächst wird überprüft ob es sich um einen Reinbestand handelt. Dafür wird zunächst die Grundfläche pro Baumart pro Plot über alle Bestandesschichten in die folgenden Baumartengruppen zusammengefasst:

* Kiefer KI: alle Baumarten mit botanischem Genus „Pinus“
* Fichte FI: alle Baumarten mit botanischem Genus „Picea“
* Sonstige Nadelbaumarten aNH: alle Nadelbäume (NH\_LH == „NB“) die nicht den botanischen Genus „Pinus“ oder „Picea“ haben (!(bot\_genus %in% c(„Picea“, „Pinus“)))
* Buche BU: alle Baumarten mit botanischem Genus „Fagus“
* Eiche EI: alle Baumarten mit botanischem Genus „Quercus“
* Sonstige Laubbaumarten aLH: alle Laubbäume (NH\_LH == „LB“) die nicht den botanischen Genus „Quercus“ oder „Fagus“ haben (!(bot\_genus %in% c(„Quercus“, „Fagus“)))

Sollten Bäume in einer dieser Gruppen >=70% der Gesamtgrundfläche des Bestandes einnehmen wird der Bestand als Reinbestand der respektiven Gruppe eingruppiert:

* Fi-Rein 1: Fichten(rein)bestand (>= 70 % Fichte)
* Ki-Rein 2: Kiefern(rein)bestand (>= 70 % Kiefer)
* sonst-Nd 3: sonstige Nadelbaumart (>= 70 % **einer** sonstigen Nadelholz Baumart)
* Bu-Rein 4: Buchen(rein)bestand (>= 70 % Buche)
* Ei-Rein 5: Eichen(rein)bestand (>= 70 % Eiche)
* sonst-Lb 8: sonstige Laubbaumart (>= 70 % **einer** sonstigen Laubholz Baumart)

Sollte es sich nicht um einen Reinbestand handeln, wird die Grundflächenverteilung auf Laub- bzw. Nadelholzreiche Mischbestände überprüft. Hierfür wird die Grundfläche der Baumarten pro Plot in die Gruppen Laub- und Nadelholz zusammengefasst.

* Laubholzreiche Nadelmischbestände 6 Nd-Lb-Misch: Bestände in denen der Nadelholzanteil den Laubholzanteil überwiegt, wobei der Laubholzanteil unter 50% und über 30% liegt
* Nadelholzreiche Laubholzmischbestände 7 Lb-Nd-Misch: Bestände in denen der Laubholzanteil den Nadelholzanteil überwiegt, wobei der Nadelholzanteil unter 50% und über 30% liegt

Sollten die Bedingungen für diesen Bestandestyp nicht erfüllt sein, wird die Grundflächenverteilung auf die Bedingungen für einen Nadel- bzw. Laubholzmischbestand überprüft.

* Laubholzmischbestand Lb-NB<30 10: Der Laubholzanteil überwiegt den Nadelholzanteil wobei der Nadelholzanteil <= 30% ist
* Nadelholzmischbestand Nb-Lb<30 9: der Nadelholzanteil überwiegt den Laubholzantzeil wobei der Laubholzanteil <= 30% ist

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| id | kurz | lang |
| -9 | fehlt | Merkmal vergessen, nicht rekonstruierbar oder unbekannt |
| -2 | nicht ausgeprÃ¤gt | Merkmal nicht ausgeprÃ¤gt/nicht vorhanden |
| -1 | nicht erhoben | Merkmal nicht erhoben |
| 1 | Fi-Rein | Fichten(rein)bestand (>= 70 % Fichte) |
| 2 | Ki-Rein | Kiefern(rein)bestand (>= 70 % Kiefer) |
| 3 | sonst-Nd | sonstige Nadelbaumart (>= 70 % sonstiges Nadelholz) |
| 4 | Bu-Rein | Buchen(rein)bestand (>= 70 % Buche) |
| 5 | Ei-Rein | Eichen(rein)bestand (>= 70 % Eiche) |
| 6 | Nd-Lb-Misch | Laubholzreiche NadelmischbestÃ¤nde (> 30 % Laubholz) |
| 7 | Lb-Nd-Misch | Nadelholzreiche LaubholzmischbestÃ¤nde (> 30 % Nadelholz) |
| 8 | sonst-Lb | sonstige Laubbaumart (>= 70 % sonstiges Laubholz) |
| 9 | Nb-Lb<30 | Nadelholzmischbestand (< 30 % Laubholz) |
| 10 | Lb-NB<30 | Laubholzmischbestand (< 30 % Nadelholz) |
| 11 | abgeleitet | wird aus den Einzelbaumdaten abgeleitet |
| 99 | Unbekannt | Unbekannter Bestandestyp |

## Forest structural diversity index FSI: Strukturindex

QUELLE: Storch, F., Dormann, C.F. & Bauhus, J. Quantifying forest structural diversity based on large-scale inventory data: a new approach to support biodiversity monitoring. *For. Ecosyst.* **5**, 34 (2018). https://doi.org/10.1186/s40663-018-0151-1

Der FSI wird wir in Storch et al. (2018) über verschiedendste Indicaotren für structurelle Vielfals eines waldes ermittelt. Hierzu zählen:

* 1) quadratic mean diameter at breast height (DBH)
* 2) standard deviation of DBH,
* 3) standard deviation of stand height
* 4) number of decay classes,
* 5) bark-diversity index,
* 6) trees with DBH ≥ 40 cm,
* 7) diversity of flowering and fructification,
* 8) average mean diameter of downed deadwood,
* 9) mean DBH of standing deadwood,
* 10) tree species richness and
* 11) tree species richness in the regeneration layer

Die scores der einzelnen Variablen wurden pro Plot im Verhältnis zu allen andern plot-weisen scores mittels der foldenden Formel berechnet:

*Variabe-Score = (X – Xmin)/ (Xmax – Xmin)*

Wobei: X was the measured variable-value at plot-level and Xmin respectively Xmax were the minimum and maximum values observed in NSI2 or NSI3 data for each variable.

Die Variable-scores werden nachfolgend pro Plot aufsummiert und ins Verhältnis zur Gesamtanzahl an miteinbezogen Variablen gesetzt, woraus sich ein Wert zwischen 0 und 1 ergibt, wobei Werte näher 1 eine höhere strukturelle Diversität andeuten, Werte näher 0 eine geringere:

„The sum of scores of the core variables divided by thenumber of variables included in this index yields a value between 0 and 1, where 0 indicates ‘lowest level of structural diversity’ and 1 ‘highest level of structural diversity’.” (Storch et al., 2018)

### Rindendiversität

Um die vorherschende Diversität and Ridnentypen als Proxy für potentielle Mikrohabitate zu berechnen, müssen alle in x\_bart vorhandenen Baumarten in Ridnentypen gruppiert werden.

Hierfür wurden die durch Storch et al. 2018 angelegten Artengruppen, welche im Annex 3 des Papers … hinterlegt sind eingeteilt.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Tree species | Bark Type | DBH Type 1 | DBH Type 2 | DBH Type 3 |
| Abies alba | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Acer campestre | scaly | < 20 cm | >20 cm | omitted |
| Acer platanoides | scaly | < 15 cm | 15 - 35 cm | > 35 cm |
| Acer pseudoplatanus | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Alnus spp. | furrowed | < 15 cm | 15 - 30 cm | > 30 cm |
| Betula spp. | furrowed | < 15 cm | 15 - 25 cm | > 25 cm |
| broadleaf species | ? | ? | ? | ? |
| Carpinus betulus | smooth | < 30 cm | >30 cm | omitted |
| Castanea sativa | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |
| conifer species | ? | ? | ? | ? |
| Fagus sylvatica | smooth | omitted | omitted | omitted |
| Fraxinus excelsior | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |
| Larix decidua | furrowed | < 10 cm | 10 - 30 cm | > 30 cm |
| Larix kaempferi | furrowed | < 10 cm | 10 - 30 cm | > 30 cm |
| Malus sylvestris | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Picea abies | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Pinus nigra | scaly | < 15 cm | 15 - 30 cm | > 30 cm |
| Pinus spp. | scaly | < 15 cm | 15 - 30 cm | > 30 cm |
| Populus balsamifera | furrowed | < 15 cm | 15 - 25 cm | > 25 cm |
| Populus spp. | furrowed | < 15 cm | 15 - 25 cm | > 25 cm |
| Prunus avium | smooth | omitted | omitted | omitted |
| Pseudotsuga menziesii | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |
| Pyrus pyraster | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Quercus rubra | furrowed | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Quercus spp. | furrowed | < 10 cm | 10 - 30 cm | > 30 cm |
| Robinia pseudoacacia | furrowed | < 10 cm | 10 - 25 cm | > 25 cm |
| Salix spp. | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |
| Sorbus aria | smooth/scaly | < 20 cm | >20 cm | omitted |
| Sorbus domestica | scaly | < 20 cm | 20 - 40 cm | > 40 cm |
| Sorbus spp. | smooth | omitted | omitted | omitted |
| Sorbus torminalis | scaly | < 15 cm | >15 cm | omitted |
| Taxus baccata | scaly | < 20 cm | >20 cm | omitted |
| Tilia spp. | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |
| Ulmus spp. | furrowed | < 20 cm | 20 - 35 cm | > 35 cm |

Da die Artengruppen nicht alle in x\_bart\_neu hinterlegten Arten abdecken, wurde die Gruppierung folgendermaßen erweitert:

* Alle Arten für die in Storch et al. 2018 sowie in x\_bart\_neu in ihrem botanischen Namen übereinstimmen, wurde der entsprechende Rindentyp zugeordet.
  + E.g.: Picea abies 🡪 Picea abies
* Für alle Arten, für die in Storch et al. 2018 ein Rindentyp für ein gesamtes botanisches genus gelistet war (e.g. Salix spp.) wurde allen Arten in x\_bart\_neu dieses Genus der entsprechende Rindentyp aus Storch et al. zugewiesen
  + E.g. für alle Salix Arten ist in Storch et al. 2018 nur ein Artenübergreifender Rindentyp gelistet, sodass alle Salix Arten den Rindentyp von Salix spp. aus Storch et al. 2018 erhalten.
    - Salix purpurea, Salix caprea🡪 Salix spp.
* Für botanische Gastungen für die sowohl Rindentypen auf Arbebene als auch auch Geni Ebene in Storch et al. 2018 gelistet waren (e.g. Sorbus aria, Sorbus tomrinalis, Sorbus spp.) wurde Baumarten in x\_bart\_neu, welche zwar in ihrem botanischen genus, jedoch nicht in ihrer Botanischen Art mit den in Storch gelisteten artspezifischen Rindenytpen übereinstimmen, der allgemeinere, genus-spezifische Rindentyp zugeordet
  + e.g. eine Srobus Art erhält den Rindentyp der unter Sorbus spp. In Storch et al. 2018 gelistet ist, falls die Art zwar zum Genus „Sorbus“ gehört, jedoch nicht domestica, torminalis oder aria ist)
    - Sorbus aucuparia (Eberesche) (aucuparia =/= domestica, torminalis, aria) 🡪 Sorbus spp.
* Sollte eine botanische Art in x\_bart\_neu gelistet sein, für die kein Art spezifischer Rindentyp in Storch et al. gelistet ist und für die auch kein allgemeiner genus-spezifischer Rindentyp (e.g. Salix spp. ) in Storch et al. 2018 erstellt wurde, wird dieser Art, sofern vorhanden, ein Rindentyp eines Vertreters desselben Genus gewählt. Sollten die gelisteten Arten des entsprechden genus denselben Ridnentyp haben, wird dieser unter Genus spp. zusammengefasst, andernfalls wird der Rindentyp einer der in Storch gelisteten Arten gewählt:
  + E.g. Im Falle des Genus Acer, welcher artspezifische Rindentypen für die Arten „campestre“, „pseudoplatanus“ und „plataniodes“ in Storch et al. 2018 gelistet hat. Ein Baum der Art Acer opalus wird somit der Rindentyp den die Arten gemeinsam haben zugeordet und die RIdnenartengruppe Acer spp. Erzeugt.
  + E.g. im Falle von Abies alba , wird allen anderen Abies Arten der Rindentyp, der in Storch et al. 2018 für Abies alba gelistet ist, zugewiesen.
    - E.g. Abies glauca 🡪 Abies alba
  + Unzuordnenbare Bäume werden sofern sie Nadelbäume sind als „conifer“ behandelt (sonstiges Nadelholz), bzw. sofern sie Laubbäume sind als „broadleaf“ (sonstiges Laubholz). Dies bedeutet dass sie von der Analyse ausgeschlossen werden.

Gemäß der jeweiligen Artengruppe des Baumes wird dann zum einen ein allgemeiner Rindentyp (scaly, furrowed, …etc.) zugewiesen, sowie - in Abhängigkeit des BHDs - die Ausprägung dessen (Typ 1, Typ 2, Typ3) zugewiesen.

### Fruchtdiversität

Für die Artengruppen der Fruchtdiversität wird genauso wie für die der Rindendiversität vorgegangen. Auch hier werden unzuordnenbare Bäume sofern sie Nadelbäume sind als „conifer“ behandelt, bzw. sofern sie Laubbäume sind als „broadleaf“.

Die einzigen Unterschiede zu den Rindendiversitätsartengruppen sind, dass es

1. eine Artengruppe weniger gibt: während in den Rindenartengruppen, neben Pupulus balsamifera, die Gruppe „Populus spp.“ existiert, werden bei den Fruchtartengruppen alle Populus Arten als Populus balsamifera behandelt werden,
2. für die Artengruppe Acer wurde, wie für die Rindenartengruppen eine allgemeine Artengruppe Acer spp. Erzeugt, da die Artengruppe Acer verschiedene Arten, jedoch keine zusammenfassende Artenfruppe mit dem bot\_species „spp.“ Hat. Allerdings unterscheidet sich das vorgehen hier insofern, dass für die Rindengruppe Acer spp. Die BHD grenzen, welche den Rindentyp 1,2,3 festlegn auf „omitted“ gesetzt wurden. Für die Fruchtartengruppen Acer hingegen wurde das Fructifizierungsalter gemittelt über die 3 Vertreter der Acer Gattung.

In Abhängigkeit der Baumart bzw. der Zugehörigkeit zu einer Fruchtartengruppe und des Baumalters kann dann ein Frucht- und Pollinationstyp zugewiesen werden.

# Verjüngung

## Biomassenvorrat Verjüngung

### Verjüngung unter 1.3m Höhe

#### Oberirdische Biomasse

Die oberirdische Biomasse an Pflanzen der Verjüngung mit einer Höhe unter 1.3m erfolgt mittels der BWI & THGI Funktionen für Bäume mit Durchmesser <10cm und Höhe < 1.3m:





#### Kompartimentierung der oberirdischen Biomasse

Für die Kompartimentierung der oberirdischen Masse stehen aktuell (Stand 01.12.2023) verschiedene optionen zur Verfügung (1) eine nachträgliche Kompartimentierung der bereits berechneten oberirdischen Biomasse mittels der Wurzel:Stam und Wurzel:Blatt Faktoren (root:stem-, root:leaf-ratios) vo Poorter et al. 2012, oder (2) eine direkte Kompartimentierung durch die Kompartimentspezifischen Biomassfunktionen von Wolff et al.(). Die verfügbaren Kompartimentbiomassen pro Einzelbaum wurden daher mit beiden Methoden berechnet und anschließend verglichen um eine Entscheidung für eine Methode oder gegen das Kompartimentieren von Bäumen unter 1.3m Höhe zu treffen (siehe Biomassenvergleich)

##### Wolff et al.

###### Artengruppen

Wolff hat Funktionen für die Baumarten: Bergahorn, Esche, Birke, Buche, Eiche, Fichte, Kiefer, Vogelbeere, Ginster, Holunder und Faulbaum. Für die Berechnung des Wurzelhalsdurchmessers und nachfolgend der Biomasse müssen die BZE Arten in x\_bart daher in die verfügbaren Artengruppen eingeteilt werden.

Die Zuordnung wird in x\_bart unter der Spalte „RG\_Wolff\_bio“ abgelegt. Bei der Einteilung in die Gruppen wurde folgendermaßen vorgegangen:

* Artengruppe Buche BU: Alle Arten mit bot\_genus == Fagus und sonstige (unzuordbare) Laubbaumarten
* Artengruppe Eiche EI: alle Arten mit bot\_genus == Quercus
* Artengruppe Birke BI : alle Birkenarten und andere Laubbaumarten niedriger Lebenserwartung außer !(bot\_genus %in% c("Acer", "Fagus", "Quercus", "Rhamnus", "Sorbus", "Sambucus"))
* Artengruppe Fichte FI: alle Arten mit bot\_genus == Picea und alle anderen Nadelbbäume die nicht Kiefer (Pinus) sind
* Artengruppe Kiefer KI : alle Arten mit bot\_genus == Pinus
* Artengruppe Vogelbeere VB: Vogelbeere – alle Sorbus Arten, bot\_genus == „Sorbus“
* Artengruppe Ginster GIN : Ginster 🡪 wurde nicht zugewiesen
* Artengruppe Hollunder HOL: alle Hollunderarten, bot\_genus == „Sambucus“
* Artengruppe Faulbaum FKD : alle Arten mit bot\_genus == „Rhamnus“
* Artengruppe Bergahorn BAH: alle Arten mit bot\_genus == „Acer“
* Artengruppe Esche ES : alle Eschenarten (bot\_genus == Fraxinus) und alle anderen Arten in der BWI Artengruppe „Laubbäume hoher Lebenserwartung“ außer Acer, Fagus, Quercus, Rhamnus, Sorbus, Sambucus.
  + Für die Zuordnung der verbleibenden Bäume in der „andere Laubbäume mit hoher Lebenserwartung“ Gruppe standen die Artengruppe BAH oder ES zur Auswahl. Die Enscheidung verbleibende (nicht zugeordnete) Baumarten in der BWI Artgengruppe "andere Laubbäume hoher Lebenserwartung" der Wolff Artengruppe ES zuzuordnen beruht darauf, dass Bergahorn auch auf extremeren Standortbedingungen vorkommt, was die Representativität der Artgengruppe reduzieren könnte.

###### Schätzen fehlender Wurzelhalsdurchmesser über Höhe

Die Input Variable für die Biomassenschätzfunktionen von Wolff et al. ist der Wurzelhalsdurchmesser. Dieser wurde in der Verjüngungsaufnahme der BZE nicht erfasst. Durch allometrische Funktionen von Wolff et al. kann dieser jedoch mittels der Pflanzenhöhe geschätzt werden. Hierzu muss die lineare Funktion die die ursprünglich die Höhe mit dem WHD als erklärender Variable schätzt umgestellt werden:

*H = a\*WHD + b ⬄ (H-b)/a = WHD*

###### Wolff Biomassenberechnung & Kompartimentierung

Nachfolgend wird für jede Pflanze der WHD geschätzt und damit die Biomasse in den jeweiligen Kompartimenten berechnet. Für Bäume unter 1m Höhe stellt Wolff et al. Biomassefunktionen für die Kompartimente „Blätter/Nadeln“, „Stamm+Äste“ und „gesamte oberirdische Trockenmasse“ bereit.

Die Segmentgrenze für TapeS sowie für TGHI & BWI Biomassefunktionen verläuft bei 1.3m. Da Wolff in über 1m Höhe und unter 1m Höhe segmentiert, müssen die Funktionen bzw. Koeffizienten für Bäume über 1m angewendet werden um das gesamte das Segment unter 1.3m abzudecken. Für Bäume über 1m Höhe wird in die Kompartimente „Stamm“, „Äste“, „Blätter/Nadeln“ und „gesamte oberirdische Trockenmasse“ unterschieden.

#### Poorter et al. 2011

Poorter, H., Niklas, K.J., Reich, P.B., Oleksyn, J., Poot, P. and Mommer, L. (2012), Biomass allocation to leaves, stems and roots: meta-analyses of interspecific variation and environmental control. New Phytologist, 193: 30-50. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2011.03952.x>

Die Biomassenfunktionen von Poorter schätzen auf der Grundlage einer bereit gemessenen oder anderweitig ermittelten Biomasse in einem Kompartiment, die Biomasse in einem anderen. Poorter ermöglicht die Kompartimentierung in Stamm-, Blatt- und Wurzelmasse, wobei die Wurzelmasse als input Variable für die Funktion dient.

###### Artengruppen

In Bezug auf Artengruppen unterscheidet Poorter in Krautige und Holzige Pflanzen und innerhalb dieser Kategorien in Gynmo- und Angiosperme Arten. Demnach werden die Koeffizienten der Funktion gemäß den Kategorien Laub- und Nadelholz (x\_bart.csv Spalte: laub\_nadel) angewendet.

###### Umstellen Biomassenschätzfunktion

Da die Berechnung der Unterirdischen Biomasse für Bäume unter 1m durch die Zur Verfügung stehenden Biomassefunktionen (BWI&THGI oder Wolff) nicht möglich ist, muss die Funktion derart ungestellt werden, dass die Stammasse als erklärende Variable genutzt werden kann um die zugehörige unterirdische Biomasse (Wurzelmasse) zu schätzen und damit wiederum auf die Blattmasse zu schließen.

Hierbei ist zu bedenken, dass, sofern man die THGI& BWI Biomasse Funktionen verwendet um die „input Biomasse“ zu berechnen, diese für Nadelbäume nicht nur den Holzige Kompartimente miteinschließt, sondern auch die Nadelmasse. Somit wird die Masse in den Kompartimenten „Nadel“ und „Wurzeln“ für Nadelbäume überschätzt werden, da die Input Biomasse auch nicht-holzige Kompartimente einschließt und somit die tatsächliche Masse des Kompartiments „Stamm+Äste“ überschreitet.

Umstellen Biomassenschätzfunktion Poorter mit Quadratischer Ergänzung

y = a + b1\*x + b2\*x2

y = b2\*x2+ b1\*x + a | -a

y-a = b2\*x2 + b1\*x | :b2

(y-a)/b2 = x2 + (b1/b2)\*x | quadratische Ergänzung von b: a2+ 2\*a\*b + b2

Wenn man unsere Funktion x2 + (b1/b2)\*x mittels der Binomischen Formel (a+b)2 = a2+ 2\*a\*b + b2 quadratisch ergänzen will, dann ist x = a und (b1/b2) enthält den Teil 2\*a\*b. Wenn wir also b berechnen wollen, müssen wir den Faktor mit dem a (bzw. x) multipliziert wird durch 2 dividieren.

a2 + 2\*b\*a + b2

x2 + (b1/b2)\*x + ((b1/b2)/2)2 - ((b1/b2)/2)2

Das sieht dann so aus:

(y-a)/b2 = x2 + (b1/b2)\*x + ((b1/b2)/2)2 - ((b1/b2)/2)2 | binomische Formel anwenden: (a+b)2

(y-a)/b2 = (x+((b1/b2)/2))2 - ((b1/b2)/2)2 | + ((b1/b2)/2)2

((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2 = (x+((b1/b2)/2))2 | Wurzel ziehen

Sqrt(((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) = x + ((b1/b2)/2) | - ((b1/b2)/2)

Sqrt(((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) - ((b1/b2)/2) = x

Da in Poorter et al. steht, dass es sich bei y und x um die log10-transformed Wurzel (x) und Stamholz (y) Masse in g handelt, muss die Formel also folgendermaßen aussehen:

Sqrt(((log10(y)-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) - ((b1/b2)/2) = log10(x)

Die Input Variable Stammasse in kg (y\_kg) habe ich darum in Gramm umgerechnet und log10 transformed:

Log10(y\_kg\*1000)

Und am Ende habe ich das Ergebnis für x (welches nicht negativ sein kann, daher Betrag) dann rücktransformed und in Kilo umgerechet:

x\_kg = 10 |x| / 1000

Umstellen Biomassenschätzfunktion Poorter mit Quadratischer Formel

y = a + b1\*x + b2\*x2

y = b2\*x2+ b1\*x + a | -y

0 = b2\*x2+ b1\*x + a-y | a, b, c für quadratische Funktion ablesen

Das hier ist die quadratische Formel:

a\*x2 + b\*x + c = 0 🡪 

In unserem Fall also:

x1 = ( - b1 **+** sqrt( b12 – [4\*b2\*(a-y)] ) ) / 2\* b2

und

x2 = ( - b1 **–** sqrt( b12 – [4\*b2\*(a-y)] ) ) / 2\* b2

Hier weiß ich nicht, wie ich zwischen den beiden Nullstellen wählen soll. Aktuell gehe ich so vor, dass ich den größere der beiden Werte für auswähle, wobei der Wert über 0 sein muss und über eine geringere absolute Differenz zu der Input Biomasse verfügen muss:

ifelse(bg.kg.x1 >= 0 & abs(ag\_minus\_x1) < abs(ag\_minus\_x2), bg.kg.x1,

ifelse(bg.kg.x2 >= 0 & abs(ag\_minus\_x2) < abs(ag\_minus\_x1), bg.kg.x2,

NA))

wobei:

bg.kg.x1 x1

bg.kg.x2 x2

ag\_minus\_x1 Betrag der oberirdischen (aboveground) Biomasse in kg (Stammasse) minus x1

ag\_minus\_x2 Betrag der oberirdischen (aboveground) Biomasse in kg (Stammasse) minus x2

Update nach Meeting mit Helge Rölleke 05.12.2023

Nach Absprache mit Helge Rölleke (Dienstag, 05.12.2012, 10:00) erfolgt die Berechnung der unterirdischen Biomasse nach Poorter mittels des Ansatzes über die Quadratische Formel (Mitternachtsformel). Von den beiden Ergebnissen die sich aus der Formel Ergeben, wird jenes ausgewählt, welches (1) den geringsten Unterschied zu der Input Biomasse (Stamm oder oberirdisch) aufweist und (2) positiv ist.

###### Poorter Biomassenberechnung & Kompartimentierung

Um die Biomasse mit Poroters Root:leaf, root:stem-ratios zu schätzen, wird die Stam- und Astmasse des jeweiligen Baumes mit Wolff et al. oder die gesamte oberirdische Masse (für Nadelbäume inklusive Nadelmasse) mittels der TGHI Funktionen berechnet. Die oberidische Biomass oder Stam- und Astmasse dient dann als Input variable für die umgestellte Poorter root:stem-ratio Funktion (siehe Umstellen Biomasseschätzfunktion). Hiermit wird dann die unteridsiche Biomasse der jeweiligen Pflanze geschätzt, welche dann wiederum als Input für die „ursprüngliche“ root:leaf-ratio Funktion von Poorter dient.

Die gesamte oberirdische Biomasse „ag“ ergibt sich aus der Summe von Wollfscher Stamm-&Astmasse und der mit Poorter geschätzten Blatt-/Nadelmasse.

#### Biomassenvergleich

Um feststellen zu können, ob eine Kompartimentierung an Bäumen unter 1.3m bzw. unter 1m sinnvoll bzw. probabel ist wurde ein Vergleich der Biomasse in durch Wolff et al. Berechneten Kompartimenten vs. Durch Poorter berechnete Kompartimente verglichen. Als Input Variable für die umgestellte root:stem-ration Funktion von Poorter wurde die mit Wolff et al. geschätzte Holzige oberirdische Biomasse verwendet, um eine bessere Vergleichbarkeit sicherzustellen.

Vergleicht man die Biomasse in den Kompartimenten „leave“ und „aboveground“, zeigen sich signifikante unterschiede zwischen den Beiden Methoden. Daher kann keine der beiden Kompartimentierungsmethoden als plausibel angenommen werden und es muss von der Kompartimentierung von Bäumen unter 1m bzw. 1.3m Höhe abgesehen werden.

## Verjüngung über 1.3m Höhe

### Oberirdische Biomasse

Die gesammte oberridiche Biomasse von Bäumen der Verjüngung mit einer Höhe >1.3m kann mittels des segmentierten Biomassemodels der Treibhausgasinventur/ BWI berechent werden.





Referenz: Röhling, S., Dunger, K., Kändler, G. *et al.* Comparison of calculation methods for estimating annual carbon stock change in German forests under forest management in the German greenhouse gas inventory. *Carbon Balance Manage* **11**, 12 (2016). https://doi.org/10.1186/s13021-016-0053-x

#### Komaprtimentiertung Verjüngung über 1.3m Höhe

Für Bäume der Verjüngung mit einer Höhe über 1.3m bestanden ursprünglich folgende Möglichkeiten zu Kompartimentieren:

* TapeS:
  + alle oberirdischen Kompartimente außer Blätter an Laubbäumen für TapeS Baumartengruppen
  + Blattmasse an Laubbäumen durch Wutzler oder Poorter
  + input: BHD, Höhe, BHD Messhöhe, Tapes Artengruppe
  + wir wissen aber nicht genau, ob die Funktionen auch für so kleindimensionierte Bäume geeignet ist
* Wolff:
  + oberirdsiche Biomasse in Ästen, Blättern, Stamm für in RLP Bericht veröfftenlichte Baumartengruppe
  + Höhe oder BHD um auf WHD zu schließen, WHD um Biomasse zu berechnen
* Poorter:
  + oberirdische Biomasse in Blätter/ Nadeln, Stamm und Wurzeln
  + input: Stammmasse oder Blattmasse oder Wurzelmasse
* unterirdiche Biomasse
  + mittels Poorter: geht nur wenn man die Masse im Kompartiment Blätter oder Stamm kennt (das geht aber nur wenn man die oberirdsiche Biomasse kompartimentieren kann)
  + mittels THGI: dafür braucht man den BHD, wir wissen aber nicht genau, ob die Funktion auch für so kleindimensionierte Bäume geeignet ist

Update: Biomasseberechnung mit TapeS ist nicht möglich

Da für kleinere Durchmesser und Höhen negative Kompartimentmassen ausgegeben werden, ist die Kompartientierung für Bäume der Verjüngung mit BHD durch TapeS nicht möglich. Stattdessen wird hier Poorter et al. abgewandt. Als input Vairable in die umgestellte root:stem-ratio Funktion (siehe „Umstellen Biomassenschätzfunktion“) dient die mittels THGI berechente oberidische Biomasse. Der segmentierte Ansatz der GHGI Biomasse Funktionen erlaubt eine akurate Berechnung der oberirdischen Biomasse für Bäume dieses Bestandessegments.

Nachdem die unteridsiche Biomasse mittels Poorter geschätzt wurde, dient sie als Input Masse für die root:leaf-ratio Funktion, womit dann die Blatt-/Nadelmasse berechnet wird.

Die so geschätze Blatt-/Nadelmasse wird dann für Nadelbäume von der gesamten oberidsiche Biomasse abgezogen, um die Stamm-&Astmasse des Baumes zu erhalten. Für Laubbäume ist das nicht notwendig.

Um die gesamte oberridische Biomasse zu berechnen wird die geschätzte Blattmasse mit die mittels TGHI/BWI berechnete oberirdische Biomasse summiert, da diese noch keine Blattmasse beinhaltet.

Die Berechnung läuft wie folgt ab:

1. Berechnen der oberridischen Biomasse mittels THGI Funktionen:

*Biomass\_GHGag = b0 + ((bs – b0)/ds2) + b3 \* (BHD - ds)) \* BHD2*

1. Berechnend er unteridischen Biomasse mittels Poorter und THGI Biomasse als Input:

*Biomasse\_ Poorterbg\_x1 = ( - b1* ***+*** *sqrt( b12 – [4\*b2\*(a - Biomass\_GHGag)] ) ) / 2\* b2*

*Biomasse\_Poorterbg\_x2 = ( - b1* ***-*** *sqrt( b12 – [4\*b2\*( a - Biomass\_GHGag)] ) ) / 2\* b2*

Zwischen Biomasse\_ Poorterbg\_x1 und Biomasse\_Poorterbg\_x2 wird jener Wert ausgewählt, welcher größer/ gleich Null ist und die geringste absoluten Differenz (Betrag der Differenz) zur oberirdischen Biomasse (Biomass\_GHGag) aufzeigt.

1. Berechnen der Blattmasse mittels Poorter:

*log10(Biomasse\_ Poorterf )* = a + b1\*log10(Biomasse\_ Poorterbg) + b2\* log10(Biomasse\_ Poorterbg)2

da die Poorter Funktionen die log10 transformierte Biomasse ausgeben, muss diese zunächst „backtransformed“ werden:

*Biomasse\_ Poorterf* = 10 |*log10(Biomasse\_ Poorter\_f )*|

1. Berechnen der Holzigen Masse bzw. gesammten oberidsichen Biomasse:

Da die GHG Funktionen die Blattmasse für Nadelholz miteinschließen, kann die holzige Biomasse (fw –finewood – Nichtderbholz, da unter 7cm Durchmesser) an Nadelbäumen dadurch berechnet werden, dass von der mittels THGI berechneten gesamten oberidischen biomasse die mittels Poorter berechnete Blattmasse abgezogen wird.

Biomassfw = *Biomass\_GHGag - Biomasse\_ Poorterf*

Die gesamte oberidische Biomasse ist damit gleich der gesamten oberidischen Biomasse die durch die THGI berechnet wurde:

Biomassag = *Biomass\_GHGag*

Im Gegensatz dazu entspricht die durch die TGHI berechneten oberidischen Biomasse an Laubhölzern der holzige oberidische Biomasse (fw-compartiment, finewood, Nichtderbholz):

Biomassfw = *Biomass\_GHGag*

Um die gesamte Biomasse zu berechnen, muss TGHI oberidischen Biomasse an Laubhözern die Poorter Blattmasse dazu addiert werden:

Biomassag = *Biomass\_GHGag + Biomasse\_ Poorterf*

### unterirdische Biomasse Verjüngung

Die unterirdische Biomasse wird ebenfalls mit Poorter geschätzt, wobei die mittels GHGI Funktionen berechnete Masse aller holzigen oberirdischen Kompartimente (für Laubholz) bzw. die gesamte oberirdische Biomasse (für Nadelholz) als Input Variable dient.

## Stickstoffvorrat Verjüngung

### Stickstoffgehalt Baumartengruppen

Um den richtigen Stickstoffgehalt pro Kompartiment und Einzelbaum auszuwählen werden Pflanzen der Verjüngung, wie im Altbestand, in die von Rumpf et al. 2018 vorgesehenen Artengruppen eingeteilt.

### Stickstoffgehalt

Der Stickstoffvorrat der holzigen Kompartimente (für Baume der Verjüngung mit einer Höhe über 1.3m) bzw. in der gesamten oberirdische Biomasse (für Bäume der Verjüngung mit einer Höhe unter 1.3 für die keine Kompartimentmassen bestimmt werden) wird mittels der **Stickstoffgehalte für Nichtderbholz** aus Rumpf et al. 2018 berechnet. Dies ist dadurch zu begründen, dass zu erwarten ist, dass (1) es sich in beiden Fällen (Verjüngungspflanzen und Nichtderbholz im Altbestand) um die Biomasse inklusive Rinde an Stücken unter 7cm Durchmesser handelt und somit zu anzunehmen ist, (2) dass das Rinde-Holz-Verhältnis an Bäume der Verjüngung am ehesten mit jenem des Nichtderbholzes an Bäumen des Altbestandes zu vergleichen ist und (3) dass das Nichtderbholz-Kompartiment in Rumpf et al. 2018 die Rinde miteinschließt, welche im Falle der hier vorgenommenen Verjüngungskompartimentierung ebenfalls nicht separat berechnet wird, sondern in der holzigen Biomasse miteinbezogen ist.

## Kohlenstoff Verjüngung

Die Biomasse pro Kompartiment und Einzelbaum wird mit dem Faktor 0.5 multipiziert um den Kohlenstoffvorrat pro Pflanze und Kompartiment zu berechnen.

## Hochrechnen der Vorräte Verjüngung

Um die Vorrate der Verjüngung auf die entsprechenden Hektar Werte hochzurechnen, werden die Vorräte aller Probekreissatelliten in Tonnen aufaddiert und anschließend auf die gesamte Fläche aller Probekreissatelliten in Hektar bezogen. Hierfür muss zunächst sichergestellt werden, dass der korrekte Flächenbezug gewählt wird. Das bedeutet, dass auch die Flächeninhalte von Kreisen miteinbezogen werden, die zwar vorhanden, aber „leer“ sind, also in „bej.csv“ die „aufnahmemoegl“ 2 zugewiesen bekommen haben („Aufnahme nicht möglich, keine Objekte vorhanden“). Für diesen Fall wurde unter und in 01\_00\_LT\_RG\_DW\_inventory\_plot\_status.R eine Tabelle erzeugt („inventur“\_RG\_stat\_2.csv), , welce die Bfhnr. (plot\_ID), Probekreissatelitnummer (CCS\_nr), das Inventurjahr (inv\_year) und dem Standard Flächeninhalt eines Verjüngungsprobekreises (5m Radius) sowie die auf Null gesetzen Biomasse-, Kohlenstoff- und Stickstoffvorräten in Tonnen pro Probekreis enthält. Wobei letztere für die nachfolgenden Analyseschritte nicht relevant sein werden, da wir uns dazu entschieden haben, zunächst ein Datenset mit den zusammengefaste Probekreissatelitelflächen, also des gesamten Flächenbezugs pro Plot zu erzeugen und mit diesem alle nachfolgenden Hochrechnungen durchzuführen, indem die Plotfläche erst dann dem Datenset zugefügt wird, wenn eine eventuelle Stratenbildung bereits erfolgt ist.

# Totholz

## Artengruppen & Zuweisen von Kategorie Laub- vs. Nadelholz Bestände zu Bestandestyp

Um die auf die x\_bart hinterlegten Artengruppen z.B. für die Berechnung der Biomasse mittels TapeS oder die Zuweisung der korrekten Stickstoffgehalte zurückzugreifen, muss eine gemeinsame Spalte zwischen dem Totholzinventur Datenset und x\_bart erzeugt werden. Hierfür werden die Artengruppencodes der Totholzinventur in BZE Artenabkürzungen „übersetzt“:

* 1 – Fichte wird mit „gfi“ codiert,
* 2 – Buche mit „rbu“
* und 3 – Eiche mit „sei“

Für Bäume mit der Artengruppe 4 (unbekannt) wir entweder die Artengruppe „rbu“ zugewiesen, sollte der Bestandestyp laubbholzdominiert sein, oder aber der Artengruppe “gfi“, sollte der Bestandestyp nadelholzdominiert sein. Hierfür werden die Bestandestypen in den Kategorien Laubholz und Nadelholz unterteilt:

* Die Bestandestypen 4, 5, 7, 8, 10, 91 werden der Kategorie Laubholz (LB) zugeordet.
* Die Bestandestypen 92, 1, 2, 3, 6, 9 werden der Kategorie Nadelholz (NB) zugeordet.

Die Bestandestypen können aus dem Formblatt forst.csv für jede bund\_nr entnommen und dem Totholzinventur Datenset hinzugefügt werden.

## Biomasse

Die Biomassenberechnung erfolgt in Abhängigkeit des Totholztypes und des Zersetzungsgrades. Hierbei werden, orientiert an Wellbrock et al. 2014, Totholzstücken in den Zersetzungsstadien 1 oder 2 wie lebende Bäume oder Baumstücken kompartimentiert. Für alle anderen Zersetzungsgrade werden keine Kompartimentmassen berechnet. Stattdessen wird für diese Totholztypen und Zersetzungsgrade die Walzenformel (g\*h = v) zur Volumenberechnung verwendet.

Die nachfolgende Tabelle gibt einen Überblick über die Kompartimentierung und Biomasseberechnung je Totholztyp und Zersetzungsgrad

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Totholztyp | Code | | Zerset-zungs-grad | Kompartimente | Biomasse Berechnung |
| stehend; ganzer Baum  liegend, ganzer Baum | | 2  5 | 1, 2 | Nichtderbholz, Derbholz o.R., Derbholzrinde, Stock o.R., Stock;  Kompartimentspezifische Stickstoffgehalte werden verwendet | 1. Kompartimentmassen mittels TapeS 2. Umrechnung von TapeS Biomasse in Totholzbiomasse mittels relativer Dichte |
| stehend; ganzer Baum  liegend, ganzer Baum | | 2  5 | 3, 4, 5 | Keine Kompartimente;  Stickstoffgehalt des Derbholzes wird verwendet | 1. Volumen mittels Walzenformel 2. Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |
| Stehendes Bruchstück | 3 | | 1,2 | Derbholz o.R., Derbholzrinde;  Kompartimentspezifische Stickstoffgehalte werden verwendet | 1. Volumen für Stammsegment mit und ohne Rinde mittels TapeS 2. Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |
| Stehendes Bruchstück | 3 | | 3, 4, 5 | Keine Kompartimente;  Stickstoffgehalt des Derbholzes wird verwendet | 1. Volumen mittels Walzenformel 2. Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |
| Liegend; starkes Totholz | 1 | | alle | Keine Kompartimente;  Stickstoffgehalt des Derbholzes wird verwendet | 1. Volumen mittels Walzenformel 2. Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |
| in Haufen vorkommendes Totholz | 6 | | alle | Keine Kompartimente; Stickstoffgehalt des Derbholzes wird verwendet | 1. Volumen mittels Walzenformel 2. Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |
| Wurzelstock | 4 | | 1, 2 | Kompartimentierung mittels Rindenprozent über TapeS Biomasse in Stock o.R, Stockrinde | 1. Biomasse an Vergleichsbaum mittels TapeS 2. Umrechnung TapeS Biomasse in Totholzbiomasse 3. Brechnung Rindenprozent aus TapeS Kompartimentmassen 4. Volumen- & Biomasseberechnung mittels Walze und Totholzdichte 5. Kompartimentmasse mittels Rindenprozent |
| Wurzelstock | 4 | | 3, 4,5 | Keine Kompartimente, Stickstoffgehalt des Derbholzes wird verwendet | 1. Volumen mittels Walzenformel   Umrechnen in Biomasse mittels Dichte |

### Zersetzungsgrad

Um die von der BWI, und THGI genutzten Biomass extension factor für Trockenrohdichte des Totholzes anwenden zu können, welche sich auf vier anstatt fünf (wie in BioSoil und MoMoK klassifiziert) Zersetzungstypen beziehen, müssen die Zersetzungstypen zunächst harmonisiert werden. Hierfür müssen zwei der MoMoK & Biosoil Zersetzungsklassen zusammengefasst werden. Hierfür wurden die Zersetzungsgrade 1&2 wie in [ThnenReport16\_C\_und\_Nhrelementspeicherung\_Wald\_RP\_2014.pdf](file:///C:\INSTITUT\a7forum\LEVEL%20I\ZZ_Literatur_Publikationen\BZE2\ThnenReport16_C_und_Nhrelementspeicherung_Wald_RP_2014.pdf) zusammengefasst.

Totholz Zersetzungstypen gemäß BZE3 & BioSoil

|  |  |
| --- | --- |
| **Kurzzeichen** | **Zersetzungsgrad** |
| 1 | keine Anzeichen von Zersetzung. |
| 2 | festes Holz; weniger als 10 % des Holzes zeigt eine veränderte Struktur, das Holz hat eine feste Oberfläche. Das Totholzobjekt ist nur zu einem sehr geringen Anteil von holzzersetzenden Organismen besiedelt. |
| 3 | leichte Zersetzung; 10-25 % des Holzes zeigen aufgrund der Zersetzungsprozesse eine veränderte Struktur. Dies kann durch das Hereinstecken eines scharfen Gegenstandes in das Totholzobjekt getestet werden. |
| 4 | zersetztes, angerottetes Holz; 26 %-75 % des Holzes sind weich bis sehr weich. |
| 5 | stark zersetztes, angerottetes Holz; 76 %-100 % des Holzes sind weich. |

### Totholzdichte

Die Totholzdichte (deadwood bulk density) wird gemäß des Zersetzungsgrades zugewiesen (Abbildung 2). Die entsprechenden Dichten wurden der TGHI & BWI Methodik (Abbildung 1) entnommen, wobei sie ursprünglich aus Veröffentlichungen von Fraver et al. 2002 (Nadelholz) und Müller-Ursing und Bartsch (2009) entnommen wurden.

Abbildung 1: Berechnung der Totholz Biomasse (Quelle: <https://bwi.info/Download/de/Methodik/BMEL_BWI_Methodenband_Web_BWI3.pdf> Seite 44Abbildung 1



Abbildung : Holzdichten (g/cm³]) nach Totholzgruppe und Zersetzungsgrad (Quelle: [https://bwi.info/Download/de/Methodik/BMEL\_BWI\_Methodenband\_Web\_BWI3.pdf, Seite 44](https://bwi.info/Download/de/Methodik/BMEL_BWI_Methodenband_Web_BWI3.pdf,%20Seite%2044))

****

### Relative Totholzdichte

Um die Biomasse der durch TapeS berechneten Biomasse in den jeweiligen Kompartimenten um den Biomassenverlust durch Zersetzung reduzieren zu können, wurde die relative Dichte auf basis der Totholzdichten in den jeweiligen Zersetzungsgraden bestimmt und dann auf die berechnete Biomasse bezogen.

Die Berechnung der relativen Dichte erfolgte wie folgt:

1. die Totholzdichte in Zersetzungsgrad 1 entspricht 100% (Abbildung 2)
2. Demnach muss die Biomasse im selben Maß reduziert werden, wie die Dichte mit dem Zersetzungsgrad im Vergleich zum unzersetzten Zustand abnimmt
3. Das bedeutet, dass die berechnete Biomasse, um den prozentualen Unterschied in der Dichte zwischen Zersetzungsgrad 1 und jedem anderen Zersetzungsgrad reduziert werden muss
4. Hierfür wird zunächst der prozentuale Unterschied zwischen Zersetzungsgrad 1 und dem jeweiligen späteren Zersetzungsgrad berechnet:

*Prozentualer unterschied = (Dichte Z1 – Dichte Zx)/ Dichte Z1*

* + - So entstehen für jede Baumartengruppe und jeden Zersetzungsgrad ein Biomasse-Reduktionsfaktor

1. Hieraus wird der Dichte-Reduktionsfaktor berechnen, indem man der Prozentualen Unterschied zwischen unzersetzter und zersetzter Dichte von 100% abziehen, sodass die Prozent die von der üblichen Dichte (und daraus berechneter unzersetzter Biomasse) übrigbleiben berechnet werden:

*Biomasse Reduktionsfaktor = 1-prozentualer unterschied*

1. Nachfolgend kann die Biomasse in dem Kompartiment um den Biomasse Reduktionsfaktor reduziert werden:

*Um die Reduzierte Biomasse im Kompartiment = Biomasse Kompartiment \* Biomasse Reduktionsfaktor*

### Ganze Bäume – Totholztyp 2 & 5

Die Biomasse von Totholz mit dem Totholztyp 2 oder 5 (ganzer Baum, stehend oder liegend) in frühen Stadien der Zersetzung wird wie für Bäume des Altbestandes mit Tapes berechnet. Als Input Variablen dienen:

* Spp = Die unter 4.6.1. erklärte TapeS Artengruppe als Baumartencode,
* Ht = die Länge des Totholzes als Höhe,
* Dm = der Durchmesser (für Totholztyp 2 & 5 in 1.3m Höhe gemessen) als BHD
* Hm = die Messhöhe des Brusthöhendurchmessers wird auf 1.3m gesetzt

Es werden jedoch nur die holzigen Biomassenkompartimente berechnet, das Kompartiment Nadel/Blatt wird nicht berechnet.

Die so errechnete Biomasse wird dann um die relative Dichte reduziert (siehe 4.6.2.1.).

Nachfolgend werden alle einzelnen Kompartimentbiomassen pro Totholzstück aufsummiert und so das Kompartiment „ag“ – aboveground – oberirdisch generiert.

### Bruchstücke - 3

Für Totholztyp 3 (stehend, Bruchstück; Baumstumpf ohne Äste BHD ≥ 10 cm, Höhe ≥ 13 dm) in frühen Stadien der Zersetzung wird das Volumen des Stammsegments zwischen Stammfuß und Bruchkante (Länge) mittels TapeS berechnet. Die Input variablen sind identisch mit denen für ganze Bäume.

TapeS ermöglicht die Berechnung des Volumens mit und ohne Rinde für Stammabschnitte mit mehr als 1.3m Länge. Dementsprechend werden die Segmentgrenzen A (unter) und B (ober) auf A=0 bzw. B=Länge des Bruchstückes gesetzt. Folgend wird das Volumen mit und ohne Rinde bestimmt und mittels des Biomasseexpansionsfactors (Totholzdichte) in Biomasse umgerechnet. Die Differenz der Biomasse mit Rinde zur Biomasse ohne Rinde wird dem Kompartiment „sb“ – stem wood bark – Derbholzrinde zugewiesen. Die gesamte Segmentmasse inklusive Rinde erhält das Kompartiment „ag“, die Segmentmasse ohne Rinde wird dem Kompartiment „sb“ zugewiesen.

Zu beachten ist, dass die über das Volumen berechnete Biomasse nicht in Stamm und Stumpf unterteilt werden kann. Sie schließt jedoch die Stumpfmasse mit ein, da die Segmentuntergrenze auf 0 gesetzt wurde. Da die Stickstoffgehalte in Rumpf et al. 2018 ohnehin keine separaten Stickstoffgehalte für den Stumpf bzw. die Stumpfrinde enthält, sondern der Stickstoffgehalt in diesen Kompartimenten ohnehin mit dem Derbholz N-gehalten berechnet wird, sollte dies jedoch nicht zu Abweichungen zur Stickstoffberechnung in genauer kompartimentierten Totholzstücken führen.

### Wurzelstöcke - 4

Für die Berechnung der Wurzelstockbiomasse in den Kompartimenten Stockholz und Stockholzrinde in frühen Stadien der Zersetzung wird zunächst das gesamte Volumen des Stubbens mittel der Zylinderformel berechnet,:

*V = ((d/2)^2\*pi)\*l , wobei d = Druchmesser in m und l = Länge in m*

Mittels des Biomassenexpansionfactors für Totholz (Totholzdichte) wird das Volumen in die entsprendende Biomasse in kg umgewandelt.

Die Kompartimentierung in Stumpfholz – „stw“ und Stumpfholzrinde – „stb“ erfolgt mittels TapeS. Hierfür aus Grundlage des Mittendurchmessers und der Wurzelstockhöhe eine Art „Pseudobaum“ auf den Stubben „aufgebaut“.

Um alle Variablen zu schätzen, die für das erzeugen eines TapeS objectes benötig werden wird zunächst mit der Burchmesserschätzfunktion nach Dahm (siehe 3.2) berechnet, Die Input Varieanlen sind:

* die aus x\_bart zugewiesenen BWI Baumart,
* das Bundesland des Plots,
* der gemessene Durchmesser in mm und
* die Messhöhe des Durchmessers, also die Höhe/ Länge des Stubbens in m

Hiermit kann dann über die TapeS Funktion estHeight die Höhe (in m) eines Baumes der entsprechenden Baumart(engruppe), mit der BHD Messhöhe 1.3 und dem geschätzten BHD geschätzt werden.

Nun kann ein TapeS TprTees Objekt mit der geschätzen Höhe (m), dem geschätzte BHD (cm), der Baumartengruppe ( TapeS Artencode) und die Messhöhe des BHD 1.3m erzeugt werden, welche dann zur Berechnung der Biomasse mittels TprBiomass in den Kompartimenten „stb“ und „stw“ genutzt wird. Mitterls der relativen Dichte wird die Biomasse in Totholzbiomasse umgewandelt. Dann wird die Rindenbiomasse mit der gesamten Masse des Stubbens (Rinde + Holz) miteinander ins Verhältnis gesetzt, sodass ein Baumspezifisches „Rindenprozent“ errechnen lässt:

*Rindenprozent = Biomasse Rinde / (Biomasse Stubben Rinde + Biomasse Stubben Holz)*

Dieser Faktor gibt Auskunft darüber, wie viel Prozent der gesamten Stubbenmasse vehätnissmäßig auf die Rinde entfallen. Das Rindenprozent wird dann mit der über das Volumen errechneten Biomasse des ursprünglichen Wurzelstumpfes multipliziert und das Erbeniss dem Kompartiment „stb“ zugewiesen. Die Verbleibende Biomasse gehört zum Kompartiment „stw“. Die gesamte Stubbenmasse, die mittels des Volumens und der Totholzdichte geschätzt wurde wird dem Kompartiment „ag“ zugeordet.

### Totholzstücken und Totholzhaufen – 1 & 6 und anderen Totholztypen in Zerstungsstadien > 2

Für die Berechnung der Biomasse von Totholzstücken, im Haufen vorkommenden Totholz und den Totholztypen 2, 3, 4 und 5 in späteren Stadien der Zersetzung ( > 2) wird zunächst das Volumen mittels der Zylinderformel berechnet:

*V = ((d/2)^2\*pi)\*l , wobei d = Druchmesser in m und l = Länge in m*

Mittels des Biomassenexpansionfactors für Totholz (Totholzdichte) wird das Volumen in die entsprendende Biomasse in kg umgewandelt.

Es wird nicht kompartimentiert.

## Stickstoffvorrat Totholz

Sofern kompartimentweise Biomassenvorräte zur Verfügung stehen, wird er Stickstoffvorrat des jeweiligen Totholzstückes zunächst pro Kompartiment berechnet. Aus der Summe der kompartimentspezifischen Stickstoffvorräte ergibt sich dann der gesamte Stickstoffvorrat des Totholzstückes. Sollte keine Kompartimentierung möglich sein, wird der Stickstoffvorrat mit dem Stickstoffgehalt des Kompartimentes „Derbholz“ in der jeweiligen Artengruppe multipliziert.

Die Artengruppen werden aus x\_bart, gemäß des BZE Artencodes der Totholzartengruppe (Buche, Eiche, Fichte, siehe ) zugewiesen,

NOTIZEN

## Überarbeitung der Bestandes Zuordnung und Probekreisflächenberechnung

Dieser abschnitt bezieht sich auf die folgenden notizen Kapitel:

Da sich die Auswertung rein über functionen die auf if-statements über den die Schnittpunkte mit dem 17.84m Kreis beruhen nicht fehlerfrei umsetzen ließen, wurde die Methodik zu Flächen- und Bestandesbestimmung leicht angepasst.

Grundlage der Berechnung stellen weiterhin nur Plots dar, die über mindestens eine Line mit zwei Überschneidung mit dem äußersten der Konzentrischen Probekreise verfügen.

### Waldränder mit Knickpunkt (Waldrandform 2)

#### Lage von Bäumen und Bestandesgrenze zueinander Bestimmen

Zunächst wird genauso vorgegangen wie unter 1.1.2.1., wobei jedoch zwei Geraden aufgestellt werden (1) von Knickpunkt T zu Bestandesgrenzenpunkt A und (2) von Knickpunkt T zu Bestandesgrenzenpunkt B.

Folgend wird überprüft, ob die Koordianten des jeweiligen Baumes innerhalb des Dreiecks liegen, was zwiaschen dem Knickpunkt und den Schnittpunkten mit dem Probekreis gebildet wird.

Der Geraden wird, wie bei den geraden Waldrändern ein Schnittpunkt Status zugewiesen.

Hierbei gilt es folgendes zu beachten:

Baum Lage Waldrandform == 2, T < 17.84m, AT\_inter\_status == „two I“ & BT\_inter\_status == „two I“

Liegt der Knickpunkt innerhalb des Kreises (ist also die Distanzt zwischen T und dem Mittelpunkt geringer als 17.84 m) und die Geraden AT und BT verfügen über 2 Schnittpunkte mit dem Kreis, so ist davon auszugehen, dass beide Schenkel des Dreiecks aus dem Kreis herraus ragen. Demensprechend muss das Dreieck in die Richtung aufgespannt werden, in der auch die Punkte A und B im Verhältniss zum Knickpunkt liegen. Denn bei dem Schnittpunkten der AT und BT Linie handelt es sich nur um eine Verpängerung/ Anpassung der Strecke AT oder BT zum Rand des Kreises.

Somit gilt es von den jeweils 2 Schnittpunkten pro Line, den jeweils mit A oder B gleichgericheteten zu finden. Hierfür wird der Azimut von T zu A mit dem Azimut von T zu Schnittpunkt 1 von AT und dem Azimut von Schnittpunkt 2 von AT verglichen. Es werden die Koordinaten des Schnittpunktes für das Dreieck verwendet, dessen Azimut identisch zu dem von T zu A ist. Selbiges wird für die BT Linie durchgeführt.

Da bei einem Dreieck durch die direkten Schnittpunkte mit dem äußersten Probekreis ein Stück des Kreisbogens über die Gegenkathere (Linie zwischen Schnittpunkt A und Schnittpunkt B) „herrausragen“ würde, wird der Schnittpunkt in der zuvor bestimmten Richtung Schnittpunkt 1 oder Schnittpunkt 2 der Gerade mit dem Kreis) auf einem 60m Radius Kreis gelegt, um sicher sein zu können, alle Bäume innerhalb des Kreisbogens miteinbezogen zu haben.

Wenn



Nachfolgend werden die Koordinaten des Baumes in die folgende Funtkion eingesetzt, welche das so aufgespannte Dreieck im Raum verortet und somit erlaubt zu identifizieren, ob der Baum innerhalb oder außerhalb des Dreiecks liegt:



<https://www.chegg.com/homework-help/questions-and-answers/2-points-barycentric-coordinates-let-mathbf-p-1-left-x-1-y-1-z-1-right-t-mathbf-p-2-left-x-q101952449>

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T < 17.84m, AT\_inter\_status == „two I“ & BT\_inter\_status == „two I“

Für den Flächeninhalt wird in diesem Fall der Schnittwinkel zwischen der Geraden von AT und BT im Punkt T bestimmt. Dieser wird dann genutzt um den Flächeninhalt des zwischen ABT aufgespannten Kreisbogens zu berechnen

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T < 17.84m, AT\_inter\_status != „two I“ & BT\_inter\_status == „two I“ oder: Flächeninhalt Waldrandform == 2, T < 17.84m, AT\_inter\_status == „two I“ & BT\_inter\_status != „two I“

Für den unwahrscheinlichen Fall, dass T innerhalb des Kreises liegt, aber nur ein Schenkel des Dreiecks 2 Schnittpunkte mit dem Kreis hat, dann wird die Gerade welche die Schnittpunkte mit dem Kreis hat (AT oder BT) wie ein Waldrand der Form 1 behandelt. Somit werden diese Schnittpunkte (S1, S2) genutzt um zunächst den Flächeninhalt des Kreisbogens zu mit dem Schnittwinkel von S1 und S2 im Mittelpunkt des Kreisses zu berechnen. Hiervon wird dann der Flächeninhalt des Dreieck zwischen S1, S2 und dem Mittelpunkt des Kreises abgezogen.

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T < 17.84m, AT\_inter\_status != „two I“ & BT\_inter\_status != „two I“

Haben beide Schenkel keine oder nur eine Schnittstelle mit dem Kreis, wird kein Teil des Kreises durch die Geraden abgerennt und somit gelten Alle Bäume als Teil des Bestandes und es wird keine Teilfl#äche brechnet.

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T > 17.84m, AT\_inter\_status == „two I“ & BT\_inter\_status == „two I“

Liegt der Knisckpunkt außerhalb des Kreises, und beide Schenkel ragen in den Kreis hinein und schneiden diesen zweimal, so werden 2 Dreiecke und 2 Kreissegmente berechnet. Zwischen den Schnittpunkten der Gerade AT und dem Mittelpunkt des Kreises und den SChnittpuntkend er Gerade BT und dem Mittelpunkt des Kreises. Zieht man den Flächeninhalt des Dreiecks von dem des Kreisegmentes ab, erhält man die Abschnitte des Kreises die durch die Hineinragenden Schenkel des Dreieckes abgeschnitten werden.

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T > 17.84m, AT\_inter\_status != „two I“ & BT\_inter\_status == „two I“ oder: Flächeninhalt Waldrandform == 2, T > 17.84m, AT\_inter\_status == „two I“ & BT\_inter\_status != „two I“

Liegt T außerhalb des Kreises und nur eine der Geraden (AT oder BT) 2 Schnittpunkte mit dem Kreis hat, dann wird die Gerade welche die Schnittpunkte mit dem Kreis hat (AT oder BT) wie ein Waldrand der Form 1 behandelt. Somit werden diese Schnittpunkte (S1, S2) genutzt um zunächst den Flächeninhalt des Kreisbogens zu mit dem Schnittwinkel von S1 und S2 im Mittelpunkt des Kreisses zu berechnen. Hiervon wird dann der Flächeninhalt des Dreieck zwischen S1, S2 und dem Mittelpunkt des Kreises abgezogen.

Flächeninhalt Waldrandform == 2, T > 17.84m, AT\_inter\_status != „two I“ & BT\_inter\_status != „two I“

Haben beide Schenkel keine oder nur eine Schnittstelle mit dem Kreis, wird kein Teil des Kreises durch die Geraden abgetrennt und somit gelten Alle Bäume als Teil des Bestandes und es wird keine Teilflfäche berechnet.

### Zuweisen der Bäume in Bestände

Folgend wird die Lage der Bäume zur Gerade bestimmt indem die Geradengleichung nach 0 umgestellt und die Koordianten des Baumes (XT | YT) für X und Y in die Geradengleichung eingesetzt:

0 = b0 + b1 \* XM - YM

* Wenn das Ergebnis der impliziten Gleichung < 0 ist, liegt der Baum „innerhalb“ des Bestandes und erhält die Gruppe C
* Wenn das Ergebnis der impliziten Gleichung = 0 ist, liegt der Baum genau auf der Bestandesgrenze und erhält die „on the line“
* Wenn das Ergebnis der impliziten Gleichung > 0 ist, liegt der Baum „außerhalb“ des Bestandes und erhält die Gruppe D

 

1. Zuweisen des abschließenden tree\_status:

* Um den Bäumen die korrekte Fläche, gemäß ihres Baumstatus
* Nachfolgend wird der Gruppe mit den meisten Bäumen die Gruppe „main“ zugewiesen, um sie als Hauptbestand auszuweisen, während der Gruppe mit weniger Bäumen die Gruppe „side“ zugewiesen wird um sie als Nebenbestand zu kennzeichnen.