

Datum: 12.06.2023
Name: Zhehao Hu
Matrikel-Nr.: 7436649
Modul: Freilandökologische Methoden

Protokoll

Gradientanalyse Auengrünland: Artengemeinschaften



Einleitung

Die Methode „Gradientenanalyse“ ist seit langen in ökologische Forschung weit angewandt, welche darauf gezielt ist, die Vegetationsstruktur einer Landschaft im Hinblick von Umweltfaktoren, Artenpopulation und Artengemeinschaft zu verstehen (Whittaker, 1967). Wie der Name sich bereits beschreibt, muss für eine Untersuchung entsprechender Umweltgradient vorliegen. Für diesen gilt ein messbarer ökologischer Parameter oder ein Komplex von verschiedenen Faktoren (Spatz, 1975). Eine relevante Annahme der Methode ist das Konzept der Vegetationskontinuum. Die Grundidee dieses Konzepts besagt laut WHITTAKER (1975), dass die weitgehend überlappende Artenzusammensetzung und die verstreute Artenverteilung entlang einer Umweltgradienten darauf hinweisen, dass die meisten Artengemeinschaften einander kontinuierlich und ohne klaren Grenzen. Dieser Gedanke wird häufig mit dem Individualistischen Konzept von GLEASON (1926) assoziiert, welches behauptet, dass jede Pflanzenart auf ihre eigene Weise verteilt, je nach ihren eignen physiologischen Bedürfnissen, nach der Art und Weise, wie sie an die Umwelt reagiert und nach der Interdependenz mit anderen Arten. Daher besitzen keine zwei Pflanzenarten komplett überlappende Verteilungen.

Die Ordinationsverfahren gehört zur Gradientenanalyse und eine der weit verwandten Methode ist DCA (eng. Detrended Correspondence Analysis). Die DCA ermöglicht die Reduzierung von Dimension bei multivariater Analyse und im Vergleich zu anderer häufig verwandter Methode – RA (eng. Reciprocal averaging, auch bekannt als CA, Korrespondenzanalyse), hat DCA den Vorteil, indem die zwei am häufigsten aufgetretenen Fehler von RA zu korrigieren: 1) die zweite Achse ist häufig eine Bogen-förmige Verzerrung von der ersten Achse. 2) der dargestellte Abstand besitzt keine konsistente Bedeutung (Hill & Gauch, 1979).

Für eine ausführliche und genaue Analyse der Beziehung zwischen Vegetation und Umwelt ist das entsprechende Wissen über den ökologischen Prozess, die die Pflanzen beeinflussen, notwendig (Austin, 2005). Auenlandschaft ist eine durch natürliche Überflutung ausgeprägte Landschaft und daher ein sehr dynamischer Lebensraum. Die regelmäßige Überflutung liefert reichen Nährstoff und Sauerstoff an den Boden. Jedoch werden die Pflanzen gefordert, an die regelmäßigen Überflutung anzupassen, da die Wurzeln der Pflanze während der Überflutung keinen Sauerstoff aufnehmen können und ihrer pH-Haushalt davon beeinflusst werden (Lehmann, J. et al. 2021).

Die Dynamische Wechsel von Überflutung und Trockenanfällen schaffen daher sehr unterschiedlichen Standortbedingungen, eine große Vielfalt von Arten ist deswegen in der Auenlandschaft erwartet. Im Kurs wurde es gefragt, welchen Arten im Auengrünland vorkommen und in welchem Muster sie verteilen. Eine der am stärksten verändernden Umweltbedingung hier ist nämlich die Überflutungshäufigkeit. Um diese Frage zu beantworten, kann ein Überblick an der Artengemeinschaft des Auengrünland geschafft werden.

Materialien und Methoden

Datensammlung

Alle Daten wurden am 17.04.2023 gesammelt. Der Kurs wurde in vier Gruppen geteilt und von jeder Gruppe drei 1 m x 1 m Transect ausgewählt, entlang des Gradients in die Höhenanlage des Transects. Es wurde zunächst die vorkommenden Arten bestimmt und anschließend die Deckung von jeweiligen Arten mit Londo-Methode und Frequenz (im Prozentsatz) ausgewertet. Gruppe 1 und 2 waren am Vormittag auf dem Deichvorland Pevestorf neben der Fähre und Gruppe 3 und 4 waren am Nachmittag bei der Fähranlage Pevestorf.

Nebenbei wurde noch die Bodenfeuchtigkeit mithilfe von einer Messsonde bei jedem Transect gemessen als auch die relativ Höhenlage des Transects mithilfe von einem Pegel.

Datenbearbeitung

Die gesammelten Daten wurden auf Excel-Tabelle eingetragen und sortiert, anschließend mit R Studio weiter analysiert.

Die Datensatz von der Artenhäufigkeit und die Umweltdaten wurden in zwei Matrix ausgeteilt, jeweils mit 12 Zeilen entspricht 12 Transects. Es wurde bei allen Transects insgesamt 49 Pflanzenarten beobachtet, daher besitzt die Artenhäufigkeitsmatrix eine Dimension von 12 x 49. Anhand des Wasserstands der Elbe am 19.04.2023 wurde die absolute Höhenlage über Meeresspiegel ausgerechnet. Die jeweilige Höhe des Transects wurde mit den Tageswerten des Elbewasserstands im letzten Jahrzehnten verglichen und die mittlere Überflutungstage pro Jahr bestimmt.

Die Gradientenanalyse erfolgte durch die Funktion „decorana“ von R Package Vegan (Version: 2.6-4) und das Diagramm wurde mit regulären Funktionen von R erstellt. Der Name der Funktion „decorana“ steht für die Methode „Detrended Correspondence Analysis (DCA)“. Die Programmskript befindet sich im Anhang.

Ergebnis

Datenerhebung

In Tabelle 1 werden die erste 5 am häufigsten vorkommende Arten der jeweiligen Transects angezeigt.

Tabelle 1. Die Arten von jeweiligen Transects mit größten Abundanz.

Gruppe 1 Oben	Gruppe 1 Mitte	Gruppe 1 Unten
Cerastium holosteoides	Glechoma hederacea	Phalaris arundinacea
Ranunculus ficaria	Elymus repens	Carex riparia
Elymus repens	Ranunculus repens	Glyceria fluitans
Plantago lanceolata	Festuca rubra	Galium palustre
Bellis perennis	Urtica dioica	Keimling spec.
Gruppe 2 Oben	Gruppe 2 Mitte	Gruppe 2 Unten

Cerastium holosteoides	Elymus repens	Potamogeton pectinatus
Elymus repens	Glechoma hederacea	Eleocharis palustris
Bellis perennis	Festuca rubra	Galium palustre
Carex spec.	Cerastium holosteoides	
Festuca rubra	Ranunculus repens	

Gruppe 3 Oben	Gruppe 3 Mitte	Gruppe 3 Unten
Poa pratensis	Poa pratensis	Urtica dioica
Alopecurus pratensis	Alopecurus pratensis	Phalaris arundinacea
Geranium pusillum	Ficaria verna	Lythrum salicaria
Ficaria verna	Bromus hordeaceus	Alopecurus pratensis
Cerastium holosteoides	Taraxacum officinale	Ficaria verna

Gruppe 4 Oben	Gruppe 4 Mitte	Gruppe 4 Unten
Medicago lupulina	Poa pratensis	Agrostis stolonifera
Poa pratensis	Cerastium holosteoides	Poa pratensis
Arenaria serpyllifolia	Bellis perennis	Urtica dioica
Bellis perennis	Plantago lanceolata	Ficaria verna
Ficaria verna	Capsella bursa-pastoris	Alopecurus pratensis

Mittlere Überflutungshäufigkeit des jeweiligen Transects

Die Tabelle 1. behandelt sich um die Umweltdaten des Transects. Die Überflutungshäufigkeit wurde in Säulendiagramm vorgestellt (Abbildung 1).

Tabelle 1.

Gruppe	Lage	Bodenfeuchte (%)	Geländerhöhe (cm)	Mittlere Überflutungstage pro Jahr
1	Oben	10,62	615	19
1	Mitte	11,10	509	28
1	Unten	53,94	361	99
2	Oben	10,00	623	18
2	Mitte	10,20	540	25
2	Unten	79,10	343	107
3	Oben	28,70	596	21
3	Mitte	42,30	530	27
3	Unten	54,84	446	48
4	Oben	31,18	453	47
4	Mitte	35,94	415	58
4	Unten	58,90	300	168

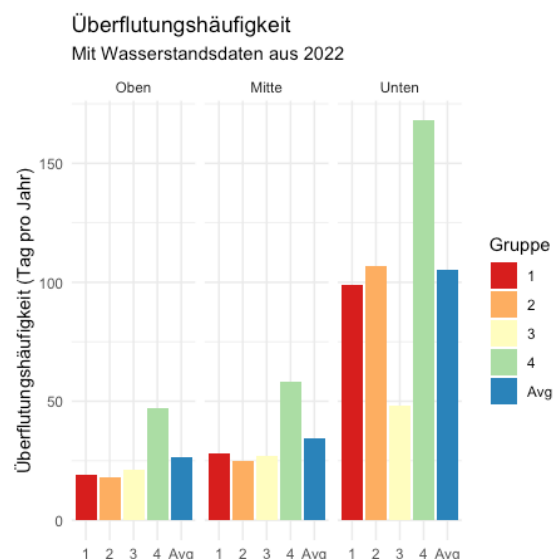


Abbildung 1. Überflutungshäufigkeit von jeden Transects.

Detrended Correspondence Analysis (DCA)

Sowohl die Artenzusammensetzung auch die Umweltdaten wurde mithilfe von R-Funktion `Vegan::decorana` analysiert und in Diagramm dargestellt. Die Abbildung 2 stellt den Überblick von allen Transects und Arten vor, während Abbildung 3, 4 und 5 eine detaillierte Artenzusammensetzung mit Artenname anzeigt.

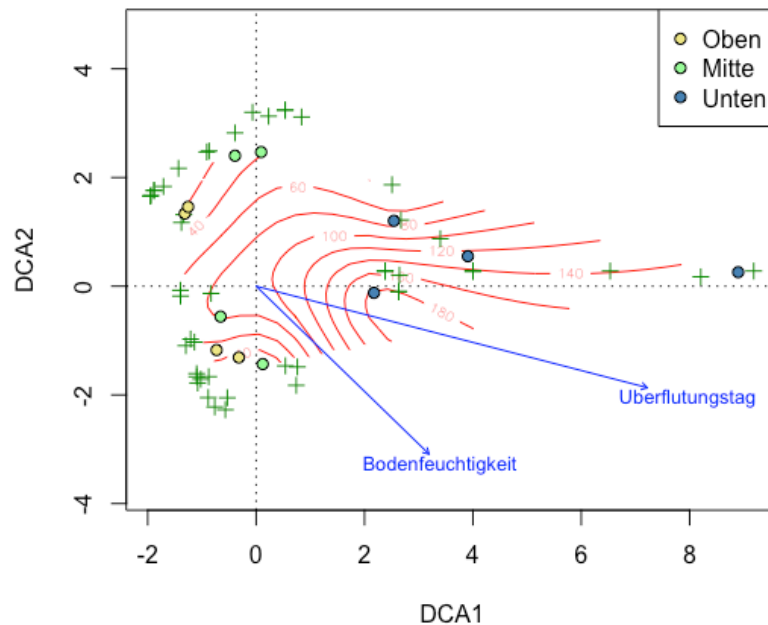


Abbildung 2. Diagrammdarstellung von DCA (Detrended Correspondence Analysis). Punkte stehen für Transects, die jeweiligen Pflanzenarten werden in grünes Kreuz dargestellt. Zwei blaue Pfeile weisen die Gradienten von Bodenfeuchtigkeit und Überflutungshäufigkeit hin. Die rote Linie stellt zusätzlich in 3-Dimensionen der Gradient der Überflutungshäufigkeit dar.

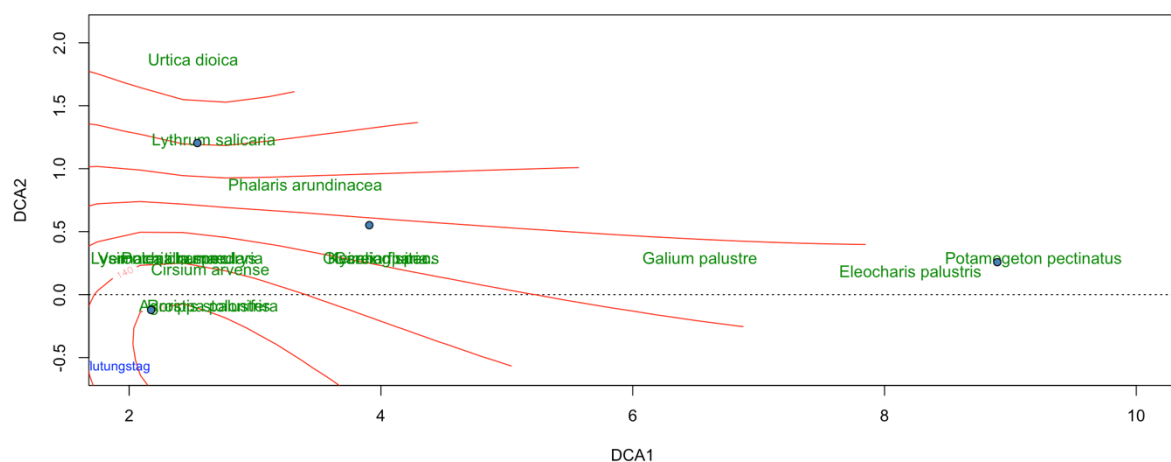


Abbildung 3. Detaillierte Ansicht über Artenzusammensetzung entlang der X-Achse.

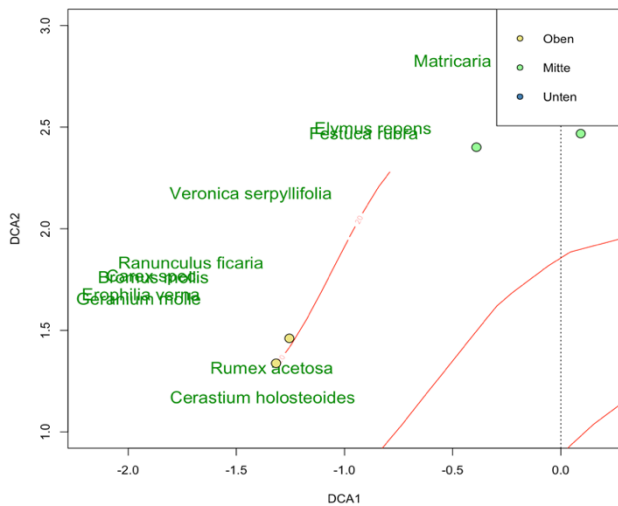


Abbildung 4. Detaillierte Ansicht über Artenzusammensetzung im 3. Quadrant.

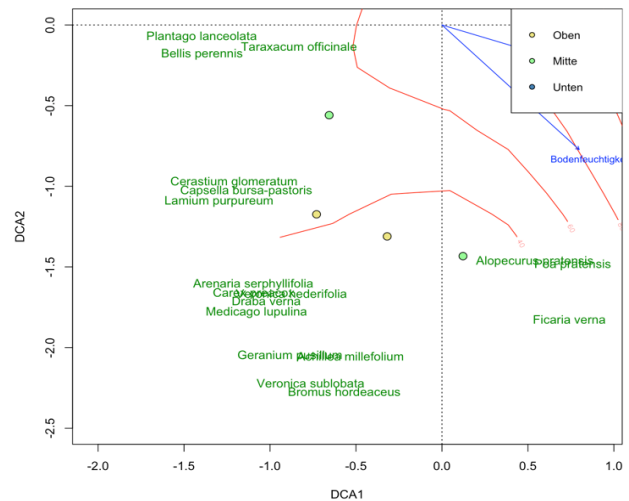


Abbildung 5. Detaillierte Ansicht über Artenzusammensetzung im 4. Quadrant.

Diskussion

Die Funktion `Vegan::decorana` ermöglicht die Gradientenanalyse mit R, indem die Korrespondenz der Zeilen (Arten) und Spalten (Transect) miteinander zu vergleichen und in vier Werten (DCA1-DCA4) darzustellen. Die DCA1 und DCA2 wurden als X- und Y-Achse des Diagramms verwendet.

```
> summary(ord)

Call:
decorana(veg = spec.t)

Detrended correspondence analysis with 26 segments.
Rescaling of axes with 4 iterations.
Total inertia (scaled Chi-square): NaN

      DCA1  DCA2  DCA3  DCA4
Eigenvalues  0.8421 0.6994 0.2422 0.19099
Additive Eigenvalues 0.0000 0.0000 0.0000 0.00000
Decorana values  0.9528 0.6667 0.1394 0.07582
Axis lengths    10.2120 3.9013 1.8362 1.53682

Species scores:

      DCA1  DCA2  DCA3  DCA4 Totals
Achillea millefolium -0.53186 -2.05289 2.29067 1.88980 27
Alopecurus pratensis  0.54017 -1.46540 1.15738 1.35498 233
Arenaria serpyllifolia -1.09676 -1.60786 -1.28569 -1.25270 145
Bellis perennis      -1.39510 -0.18149 -0.42407 -0.16210 199
Bromus hordeaceus    -0.56765 -2.27250 1.73590 1.99787 73
Capsella bursa-pastoris -1.13841 -1.02854 -0.91586 -0.77003 126
Cerastium holosteoides -1.37807 1.17219 -0.01761 -0.15589 401
Cirsium arvense       2.64459 0.20349 0.10295 -0.28916 9
Draba verna          -1.02177 -1.71055 -0.97810 -1.01917 92
Elymus repens        -0.86771 2.48747 -0.31968 0.79950 290
```

Abbildung 6. Zusammenfassung von R über die Ordination und die Werte von ersten 10 Arten (alphabetisch).

Site scores:					
	DCA1	DCA2	DCA3	DCA4	Totals
[1,]	-1.31625	1.33766	0.87214	-0.61314	378
[2,]	0.09253	2.46813	-0.69196	-0.35430	275
[3,]	3.90736	0.55130	-0.37267	0.23661	70
[4,]	-1.25478	1.46047	-0.42806	0.61584	377
[5,]	-0.39002	2.40100	-0.21488	-0.09702	247
[6,]	8.89577	0.25768	0.00463	-0.22369	122
[7,]	-0.31858	-1.31084	-0.02311	-0.04255	526
[8,]	0.12230	-1.43320	0.86310	0.92368	426
[9,]	2.54191	1.20356	-0.96408	0.45157	73
[10,]	-0.72924	-1.17409	-0.48948	-0.42517	751
[11,]	-0.65593	-0.55946	0.17280	0.13681	495
[12,]	2.17464	-0.12189	0.43724	-0.09315	223

Abbildung 7. Ordinationsergebnis des Transsects.

Ordination ist nichts anders als eine Darstellung mit einem Diagramm, und es ist die beste Möglichkeit, die Ordination zu veranschaulichen. Es weist daher auch darauf hin, dass es nicht zu ernst angenommen werden soll (Oksanen, 2022). Die DCA gibt immer das am meisten interpretierbare Ergebnis aus, die Interpretation erfolgt trotzdem mithilfe von ökologischer Einsicht und den Erkenntnissen auf dem Feld (Hill & Gauch, 1979).

In der bei Abbildung 3 gezeigten Darstellung unterscheiden sich die unteren Transects sehr deutlich von den anderen, während die mittlere und obere Transects sich nicht deutlich voneinander trennen. Die Bodenfeuchtigkeit und mittlere Überflutungstage sind deutlich korreliert (Spearman Korrelationstest: $p=0$), jedoch wird die Überflutungshäufigkeit bei der Auswertung verwendet. Eine sehr deutliche Trennung von Artenverteilung lässt sich auch erkennen: fast allen Arten, die nah von den mittleren und oberen Transects dargestellt sind, nämlich in der Realität auch häufig dort vorkommen, sind bevorzugt für einen Standort mit einer Überflutungshäufigkeit weniger als 40 Tage pro Jahr. Die meiste von den restlichen Arten kommen lieber bei öfter überflutetem Standort vor, nämlich über 100 Überflutungstage pro Jahr, lässt den Bereich dazwischen (40-100 mittlere Überflutungstage pro Jahr) als - „unbesetzt“ – einen Übergangsbereich auswerten.

Es ist von der Tabelle 1 auch zu sehen, dass die Arten bei mittleren und oberen Transects mit größter Abundanz nicht so stark variabel als bei unteren Transects, es gibt nämlich insgesamt vorkommenden 17 Arten auf der List von allen 8 mittleren und oberen Transects, inzwischen in den 4 unteren Transects allein 13 verschiedenen Arten (daneben ein nicht identifizierbarer Keimling) identifiziert wurden, nicht zu erwähnen die stark voneinander unterscheidende Artengemeinschaft. Es weist darauf hin, dass der niedrige Standort mit häufigeren Überflutungen mehr vielfältige Nische für die Pflanzen anbietet.

Absolut dominante Arten sind bei höhere Standort *Cerastium holosteoides* und *Poa pratensis*, beide Arten überdecken alleine mehr als ein Drittel der gesamten Flächen (*C. holosteoides* – 50,13%, *P. pratensis* – 49,63%). Im Vergleich dazu zeigen auch zwei Arten von unteren Transects eine vergleichbare Verbreitung, *Agrostis stolonifera* und *Protamogeton pectinatus* sind jeweils bei einem Transect absolut dominant (*A. stolonifera*: 100% Deckung bei Gruppe 4; *P. pectinatus*: 93% Deckung bei Gruppe 2). Unterschiedlich zu den mittleren und oberen

Transects, wobei *C. holosteoides* und *P. pratensis* bei mehreren Transects dominant vorkommen, *A. stolonifera* und *P. pectinatus* lassen sich nur einmal beobachten. Dies liefert auch die Einsicht, wie die Biodiversität sich entlang der Überflutungshäufigkeit ändert.

Für die in dem Diagramm fast überlappenden Pflanzenarten sind jedoch nicht festzustellen, dass dieses gegen den Anspruch der Einleitung hinweist, dass nämlich die überlappenden Pflanzenarten ein komplett gleiches Verteilungsmuster besitzen. Sie besiedeln in dem Auengrünland die ähnlichen oder fast gleichen Standorte bzw. ökologische Nische, bedeutet nicht, dass Sie unter anderen Umweltbedingungen auch identisch voneinander verhalten.

Die Einschränkung dieser Untersuchung liegt daran, dass die Transects von verschiedenen Gruppen im Hinblick der ganzen Untersuchung nicht unbedingt entlang der Höhenlage eingeordnet bzw. ausgewählt waren, dies betrifft besonders die oberen und mittleren Transects, dass die zwei Gruppen der Transects nicht voneinander unterscheiden. Da die Überflutungshäufigkeit mit der Höhenlage stark korreliert (Spearman Korrelationstest: $p=0$), ist es möglich in der Zukunft weiter zu untersuchen und die Einsicht zu gewinnen, ob und wie die Pflanzenarten in dem oberen bzw. mittleren Bereich verteilen.

Literaturverzeichnis

- Austin, M. 2005. Vegetation and environment: discontinuities and continuities. In: Van der Maarel, E. (Ed.), Vegetation ecology, Blackwell Publishing, 52-84.
- Gleason, H. 1926. Individualistic concept of the plant association. Bulletin of the Torrey Botanical Club, Vol. 53, 7-26.
- Hill, M.O & H.G. Gauch, Jr. 1979. Detrended correspondence analysis: an improved ordination technique. Vegetation 42: 47-58
- Lehmann, J. et al. 2021. Acidosis-induced activation of anion channel SLAH3 in the flooding-related stress response of Arabidopsis, Current Biology, 2021, DOI: 10.1016/j.cub.2021.06.018
- Oksanen, J. 2022. Vegan: an introduction to ordination.
- Spatz, G. 1975. Die direkte Gradientenanalyse in der Vegetationskunde[J]. Angew. Botanik, 49: 209-221.
- Whittaker, R.H. 1967. Gradient analysis of vegetation. Biol Rev Camb Philos Soc. May;42(2):207-64. doi: 10.1111/j.1469-185x.1967.tb01419.x. PMID: 4859903.
- Whittaker, Robert Harding. 1970. "Communities and ecosystems." Communities and ecosystems.

Anhang

Anhang 1. R Script: Gradientenanalyse

```
#### import data ####
library(readxl)
wasserstand2013_2022 <- read_xlsx("1929-2023_Wasserstande_Lenzen_Tageswerte.xlsx", range =
"A30382:B34033", col_names = c("Datum", "Wasserstand"))
spec <- read_xlsx("auswertung_transsekt+auengrunland_sose2023+(Gruppe_3+4_fertig).xlsx",
range = "A16:AC65", col_names = TRUE)

#### data preperation ####
library(dplyr)
library(tidyr)
library(tibble)
library(stringr)
library(purrr)

spec <- spec %>% select(-c(2,3,4,5))
dim(spec)
londo <- as.character(str_detect(names(spec), "f"))
spec <- spec %>% select(c(1,which(londo == "TRUE"))) # entfernen londo daten
spec <- spec %>% mutate(across(where(is.character), str_trim))
spec.t <- as.tibble(t(spec))# transposition
colnames(spec.t) <- as.vector(spec.t[1,])
spec.t <- spec.t[2:13,]# artenname als colname
spec.t <- spec.t %>% mutate(across(where(is.character), str_trim))
spec.t <- mutate_all(spec.t, function(x){
  as.numeric(as.character(x))
})
spec.t[is.na(spec.t)] <- 0 # na als 0

env <- as.tibble(names(spec)[2:13])
env <- env %>%
  mutate(Lage = replace(value, str_detect(value, "o"), "Oben")) %>%
  mutate(Lage = replace(Lage, str_detect(Lage, "m"), "Mitte")) %>%
  mutate(Lage = replace(Lage, str_detect(Lage, "u"), "Unten")) %>%
  mutate(value = replace(value, str_detect(value, "1"), "1")) %>%
  mutate(value = replace(value, str_detect(value, "2"), "2")) %>%
  mutate(value = replace(value, str_detect(value, "3"), "3")) %>%
  mutate(value = replace(value, str_detect(value, "4"), "4"))
#import plot art

bdf <- read_xlsx("auswertung_transsekt+auengrunland_sose2023+(Gruppe_3+4_fertig).xlsx",
range = "G11:AB11", col_names = FALSE)
bdf <- bdf %>% gather() %>% filter(!is.na(value)) %>% select(2) #import bodenfeuchtigkeit

h <- read_xlsx("auswertung_transsekt+auengrunland_sose2023+(Gruppe_3+4_fertig).xlsx", range
= "G12:AB12", col_names = FALSE)
h <- h %>% gather() %>% filter(!is.na(value)) %>% select(2) #import gelaenderhoehe

env <- bind_cols(env, bdf, h)
colnames(env) <- c("Gruppe", "Lage", "Bodenfeuchtigkeit", "Gelaenderhoehe") #unite env data
```

```

env$Gelaenderhoehe <- env$Gelaenderhoehe + 352 # in absoluten Hoehe (Wasserhöhe 19.4 = 352)
env <- env %>%
  mutate(Uberflutungstag = sapply(Gelaenderhoehe, function (x)
    round(sum(wasserstand2013_2022$Wasserstand[wasserstand2013_2022$Wasserstand] > x)/10,
    digits = 0)))
# calculate average flooding frequency (for dca)

wasserstand2013_2022$Datum <- as.Date(wasserstand2013_2022$Datum)
wasserstand2013_2022 <- wasserstand2013_2022 %>%
  mutate(year = format(Datum, "%Y"))
wasserstand <- split(wasserstand2013_2022, f = wasserstand2013_2022$year)

#### Stat. Analysis ####
library(rstatix)
shapiro_test(env$Bodenfeuchtigkeit) # -> normal distribution
shapiro_test(env$Überflutungstag) # -> non-normal distribution
# -> Spearman test for correlation
env %>% cor_test(Gelaenderhoehe, Überflutungstag, method = "spearman")

shapiro_test(env$Gelaenderhoehe) # -> normal distribution
shapiro_test(env$Überflutungstag) # -> non-normal distribution
# -> Spearman test for correlation
env %>% cor_test(Gelaenderhoehe, Überflutungstag, method = "spearman")

#### Visualize Data ####
library(ggplot2)
env %>%
  group_by(Lage) %>%
  summarise_each(funs(mean)) %>%
  mutate(Gruppe = "Avg") %>%
  bind_rows(env) %>%
  ggplot(aes(Gruppe, Überflutungstag, fill = Gruppe)) +
  geom_col() +
  facet_grid(.~factor(Lage, levels = c("Oben", "Mitte", "Unten"))) +
  theme_minimal() +
  scale_fill_brewer(palette = "Spectral") +
  labs(
    title = "Überflutungshäufigkeit",
    subtitle = "Mit Wasserstandsdaten aus 2022"
  ) +
  ylab("Überflutungshäufigkeit (Tag pro Jahr)") +
  xlab("Lage") # Überflutungshäufigkeit graphisch dargestellt

#### Calculate Ordination ####
library(vegan)
ord <- decorana(spec.t)
summary(ord)

#### Visualize Ordination ####

```

```

attach(env)
plot(ord, type = "n")
ordisurf(ord, Uberflutungstag, add = TRUE)
plot(envfit(ord ~ Bodenfeuchtigkeit, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Uberflutungstag, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Gelaenderhoehe, perm = 999), cex = 0.8)
points(ord, display = "spec", pch = 3, col = "green4", cex = 1)
sitescol <- c("khaki2", "palegreen", "steelblue")
with(env, points(ord, disp = "sites", pch = 21, col = "black", bg = sitescol, cex = 1))
sitesname <- c("Oben", "Mitte", "Unten")
with(env, legend("topright", legend = sitesname, col = "black", pch = 21, pt.bg = sitescol, cex = 0.6))

# left top
attach(env)
plot(ord, type = "n", xlim = c(-2,0), ylim = c(1,3))
ordisurf(ord, Uberflutungstag, add = TRUE)
plot(envfit(ord ~ Bodenfeuchtigkeit, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Uberflutungstag, perm = 999), cex = 0.8)
text(ord, display = "spec", pch = 3, col = "green4", cex = 0.5)
sitescol <- c("khaki2", "palegreen", "steelblue")
with(env, points(ord, disp = "sites", pch = 21, col = "black", bg = sitescol, cex = 1))
sitesname <- c("Oben", "Mitte", "Unten")
with(env, legend("topright", legend = sitesname, col = "black", pch = 21, pt.bg = sitescol, cex = 0.6))

# links oben
attach(env)
plot(ord, type = "n", xlim = c(-2,0), ylim = c(1,3))
ordisurf(ord, Uberflutungstag, add = TRUE)
plot(envfit(ord ~ Bodenfeuchtigkeit, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Uberflutungstag, perm = 999), cex = 0.8)
text(ord, display = "spec", pch = 3, col = "green4", cex = 1.4)
sitescol <- c("khaki2", "palegreen", "steelblue")
with(env, points(ord, disp = "sites", pch = 21, col = "black", bg = sitescol, cex = 1.6))
sitesname <- c("Oben", "Mitte", "Unten")
with(env, legend("topright", legend = sitesname, col = "black", pch = 21, pt.bg = sitescol, cex = 1.0))

# links unten
attach(env)
plot(ord, type = "n", xlim = c(-1.8,0.7), ylim = c(-2.5,0))
ordisurf(ord, Uberflutungstag, add = TRUE)
plot(envfit(ord ~ Bodenfeuchtigkeit, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Uberflutungstag, perm = 999), cex = 0.8)
text(ord, display = "spec", pch = 3, col = "green4", cex = 1.0)
sitescol <- c("khaki2", "palegreen", "steelblue")
with(env, points(ord, disp = "sites", pch = 21, col = "black", bg = sitescol, cex = 1.4))
sitesname <- c("Oben", "Mitte", "Unten")
with(env, legend("topright", legend = sitesname, col = "black", pch = 21, pt.bg = sitescol, cex = 0.9))

# rechts
attach(env)
plot(ord, type = "n", xlim = c(2,10), ylim = c(-0.5,2))

```

```
ordisurf(ord, Überflutungstag, add = TRUE)
plot(envfit(ord ~ Bodenfeuchtigkeit, perm = 999), cex = 0.8)
plot(envfit(ord ~ Überflutungstag, perm = 999), cex = 0.8)
text(ord, display = "spec", pch = 3, col = "green4", cex = 1.0)
sitescol <- c("khaki2", "palegreen", "steelblue")
with(env, points(ord, disp = "sites", pch = 21, col = "black", bg = sitescol, cex = 1))
sitesname <- c("Oben", "Mitte", "Unten")
with(env, legend("topright", legend = sitesname, col = "black", pch = 21, pt.bg = sitescol, cex = 1.0))
```

Anhang 2. Transect Daten aus Auengrünland, 17.04.2023 (.xlsx)

Anhang 3. 1929-2023 Wasserstände Lenzen, Tageswerte (.xlsx)