I. Einleitung

In den Umweltwissenschaften wird es heutzutage immer wichtiger, sich verstärkt mit den quantitativen ökologischen Aspekten auseinanderzusetzen, um zuverlässige Modelle der biotischen und abiotischen Interaktionen in einem Ökosystem aufzustellen.

Bereits 1934 hatte der russische Mikrobiologe Gause Konkurrenzverhalten und Räuber-Beute Beziehungen von Protozoen im Labor untersucht, um deren Interaktionen mit Hilfe der deterministischen Lotka-Volterra Gleichungen zu modellieren (Lotka, 1925, Volterra, 1926). Durch konstante Laborbedingungen wurden seine Ergebnisse replizierbar und erfüllten so eine der wichtigsten Anforderungen, die an ein naturwissenschaftliches Experiment gestellt werden. Birch (1953) machte sich die gezielte Kontrollierbarkeit der Umweltbedingungen in seinen Laborexperimenten zunutze und demonstrierte den Einfluß abiotischer Faktoren auf den Verdrängungswettkampf zweier konkurrierender Kornkäfer-spezies, von denen jede bei einer bestimmten Temperatur die jeweils andere Spezies verdrängen konnte.

Gause und Birch führten ihre Experimente in Mikrokosmen durch, kleinen Modell-ökosystemen unterschiedlicher Komplexizität im Labormaßstab. Die Komplexizität von Mikrokosmenstudien reicht von z.B. einfachen Kompetitionsexperimenten zweier *Paramecium*-Spezies in Petrischalen (Gause, 1934) bis hin zu Multispezies-Experimenten im Chemostat zum Konkurrenzverhalten natürlicher Phytoplankton-populationen bei unterschiedlichen Nährstoffbedingungen (Sommer, 1985).
Mit der Komplexizität der experimentellen Systeme nehmen allerdings in der Regel auch die Schwankungen zwischen den Replikaten zu, was zu höherer Streuung und somit zu geringerer Reproduzierbarkeit führt.

Im Vergleich zu den Mikrokosmen weisen Freilandversuche eine weitaus höhere Komplexizität auf, allerdings ist es dann fast unmöglich, gleiche Versuchs-bedingungen zu garantieren, zudem erschwert die ausgeprägte räumliche Heterogenität die Entnahme repräsentativer Proben.
Auf der anderen Seite sind beim Einsatz von Mikrokosmen Zweifel an der Übertragbarkeit der Ergebnisse auf Freilandsysteme angebracht, denn Mikrokosmenversuche finden unter Laborbedingungen statt und im Freiland herrschen andere Bedingungen als im Labor (Carpenter, 1996, Carpenter et al. 1996). Gerade die für die Reproduzierbarkeit der Ergebnisse so wichtige Konstanz der Versuchsbedingungen ist im Freiland durch die natürlichen, stochastischen Störungen, z.B. im Klima, nicht gegeben (Drake, et al. 1996). Ein häufig geäußerter Vorwurf gegenüber Mikrokosmenstudien ist daher, daß sie künstliche, unnatürliche Lebensräume darstellen, die in dieser Form in der freien Natur nie vorkommen und daher zu unzuverlässigen Ergebnissen führen (Lawton, 1996).

Mikrokosmen werden jedoch nicht konzipiert, um die Natur in ihrer gesamten Komplexität originalgetreu nachzubilden. Sie bieten vielmehr die Möglichkeit, gezielt einzelne im freien Feld vorkommende biologische Prozesse und Interaktionen unter kontrollierten Bedingungen im Labormaßstab zu untersuchen. Dadurch lassen sich einmal theoretische Modelle überprüfen. Man kann jedoch auch neue Erkentnisse gewinnen, die dann später im Feldversuch überprüft werden müssen (Carpenter, 1996). Mikrokosmen überbrücken die Kluft zwischen heuristischen, theoretischen Modellen und der geballten Komplexizität realer Ökosysteme. Es ist nicht möglich, komplexe und miteinander vernetzte ökologische Zusammenhänge zu verstehen, wenn man schon beim Verständnis simplifizierter Systeme scheitert (Lawton, 1996).

In Rahmen meiner Diplomarbeit habe ich untersucht, inwieweit sich die Entwicklung von Planktonabundanzen in parallel angesetzten Mikrokosmen mit Hilfe multipler linearer Regressionen und Zeitreihenanalysen modellieren ließ.
Das Datenmaterial wurde mir freundlicherweise von Dr. Traunspurger zur Verfügung gestellt. Es stammte aus einer 60-wöchigen Mikrokosmenstudie mit 10 Replikaten. Die Mikrokosmen wurden mit natürlichem Sediment und Teichwasser angesetzt. Durch eine regelmäßige Nachdüngung von Phosphat und Nitrat, konstanter Photoperiodik und Temperatur wurden die Produktionsbedingungen für das Phytoplankton weitgehend konstant gehalten.
Die Daten beschreiben den zeitlichen Verlauf der Populationsabundanzen von 10 ausgewählten Phyto- und Zooplanktongruppen, sowie 10 weiterer physikalischer Parameter bei einem Meßintervall von 2 Wochen. Aufgrund der kontrollierten Bedingungen der abiotischen Faktoren waren die Abundanzschwankungen in den Mikrokosmen weitgehend die Folge der biotischen Wechselwirkungen zwischen den einzelnen Planktongruppen.

Die regelmäßige Beobachtungen in dieser Studie über einen definierten Zeitraum hinweg werden Zeitreihen genannt. Der Methodenteil der Arbeit ist bewußt ausführlich gestaltet, um die Einarbeitung in die Theorie der multiplen linearen Regression und der Zeitreihenanalyse zu erleichtern.

Mit Hilfe der statistischen Zeitreihenanalyse sollten anhand der Daten die ökologischen Wechselwirkungen der Planktongruppen untereinander herausgearbeitet werden.
Zum methodischen Teil der Aufgabenstellung gehörte die Verifizierung der Modellabschätzungen, die Untersuchung der Güte der Vorhersagen und die Erarbeitung der statistischen Anforderungen an die untersuchten Datensätze.

Im Materialteil wird die Mikrokosmenstudie detailliert beschrieben, der Methodenteil beginnt mit einer kurzen Einführung in die Matrixalgebra und stellt dann die in der Arbeit verwendeten statistischen Verfahren vor. Der Ergebnisteil beginnt mit einer deskriptiven Übersicht über die Daten und präsentiert dann die Resultate der verschiedenen Untersuchungen anhand von Graphen und Tabellen.
Im Diskussionsteil schließlich werden die verwendeten Methoden kritisch beurteilt und die Ergebnisse im biologischen Kontext diskutiert.

Die Analyse eines solch komplexen Datenmaterials war nur mit Unterstützung von leistungsfähigen Computerprogrammen möglich, die die numerische Lösung der mathematischen Gleichungssysteme übernehmen. In dieser Arbeit wurde dazu das Statistikpaket „SPSS 6.1“ für den Macintosh verwendet.

II. Material und Methoden

Ich beschreibe zunächst den von Dr. Traunspurger durchgeführten Langzeit-versuch, aus dem die hier untersuchten Daten stammten. Nach einer kurzen Einführung in die Matrixalgebra werden dann die hier verwendeten statistischen Methoden vorgestellt.

II.1 Material

Die in dieser Arbeit behandelten Daten beschreiben den Verlauf der Entwicklung 10 ausgewählter Organismengruppen von Zooplankton und Phytoplankton, sowie 12 physikalischer Parameter in 10 parallel angesetzten Mikrokosmenaquarien über 60 Wochen hinweg.
Jedes dieser 10 Vollglasaquarien hatte ein Volumen von 300l und eine Bodenoberfläche von 4800 cm^2. Eine 12 cm dicke Sedimentschicht, welche aus einem extensiv bewirtschafteten Fischteich stammte, wurde ihrer natürlichen Schichtung entsprechend auf dem Grund der Becken ausgebracht. Um die Schichtung des Sediments bei der Probenentnahme möglichst wenig zu stören, wurden Sedimentquader mit einer Fläche von 100cm^2 (10cm x 10cm) 12cm tief ausgestochen und in ein Raster auf den Aquarienboden eingesetzt. Das Raster bestand aus 36 Feldern und wurde nach der Bestückung aus den Aquarien entfernt. Anschließend gab man 250l ungefiltertes Wasser mit den natürlich vorkommenden Planktonorganismen desselben Fischteiches in jedes Aquarium. Die Hauptcharakteristika des Sediments und des Freiwassers sind in Tabelle II.1 beschrieben.
Um kontrollierte klimatische Bedingungen zu schaffen, brachte man die 10 Aquarien in ein klimatisiertes Gewächshaus mit 20°C im Mittel (SD=2,7). Zusätzlich zum natürlichen Licht wurden künstliche Lichtquellen eingesetzt, die die Mikrokosmen im 14h:10h Tag-Nachtrhythmus mit 14000 Lux, gemessen an der Wasseroberfläche, versorgten.
Die Studie begann am 29.10.1991 und wurde nach 60 Wochen am 15.12.1992 beendet. Nach 2 Wochen Akklimatisation wurden erstmals Proben entnommen.
Alle 2 Wochen wurden aus jedem Becken fünf 200 ml Proben mit einem modifizierten Ruttner-Schöpfer entnommen und durch ein 70 μm Netz gefiltert.

Das Phytoplankton im Filtrat wurde sofort bestimmt, die Organismen auf dem Netz wurden zunächst mit 4% Formalin fixiert und später bestimmt.
Es wurden die Abundanzen folgender Organismengruppen gezählt:
Phytoplankton: *Chlorophyceen, Chlorophyceen Flagellaten, übrige Flagellaten, Mikroalgen*, *Cyanobakterien, Diatomeen*
Zooplankton: *Phyllopoden, Rotatorien, Copepoden, Copepoden Nauplien*
In Woche 28, 34, 42, 46, 50, 52 wurden keine Abundanzen bestimmt.
Die gezählten Abundanzen bezogen sich immer auf die Artgruppe und nicht auf einzelne Arten. Allerdings wurden in den Proben die häufigsten Vertreter (≥15% der Gesamthäufigkeit) auf Gattungs- oder Artniveau bestimmt und nach Meßdatum und Artgruppe eingeteilt festgehalten. Die Einteilung ist in Tabelle II.2 nach Artgruppe und Meßperiode aufgeschlüsselt für alle Becken zusammengefaßt.
Die angegebenen Generationszeiten des Phytoplanktons in (Tab. II.2) stammen aus der Übersicht in (Reynolds, 1984 S. 194, S. 204) und gelten für einzelne Arten innerhalb der Planktongruppe bei kontinuierlicher Beleuchtung. Die Generations-zeiten der Rotatorien und der Phyllopoden stammen aus (Wetzel, 1983), die der Copepoden aus (Kiefer, 1960).
In den einzelnen Becken war das Artspektrum der Mikroalgen, Cyanobakterien, Copepoden während der Versuchsdauer äußerst homogen und und das der Chlorophyceen Flagellaten und der übrigen Flagellaten größtenteils homogen verteilt. Nur in der Gruppe der Chlorophyceen, Rotatorien und Phyllopoden kam es im Beckenvergleich zu zeitlichen Variationen im Artenspektrum.
Die physikalischen Parameter wurden alle 7 Tage bestimmt, Tabelle II.3 gibt eine Übersicht der gemessenen Parameter, ihre Meßperiode und die Meßmethode. Nach jeder Messung wurden die Konzentrationen von Nitrat bis Woche 12 auf 10 mg/l, ab Woche 12 auf 5 mg/l gebracht. Phosphat wurde durch Nachdüngung nach jeder Messung auf 0,15 mg/l gehalten. Der Zweck dieser Nachdüngungen war es, konstante Nährbedingungen zu schaffen, um Ressourcenlimitation des Phytoplanktons zu vermeiden.

In dieser Arbeit wurden nur die Beobachtungen von Ammonium, pH, Temperatur, Phosphat, Sauerstoff und Leitfähigkeit verwendet, da die anderen Parameter zuviele Lücken in den Datenreihen hatten. Jede 2. Messung wurde in der Datenmatrix ausgelassen, um die physikalischen Messungen mit dem 14 Tage Intervall der biologischen Beobachtungen zu synchronisieren.
In den Wochen 9, 10, 13-16, 53-57 hatte man die Wassersäulen der 10 Becken miteinander verbunden, um die Bedingungen in den Becken auszugleichen. In der 12. Woche wurden 5 Schnecken der Gattung *Appolaria* in jedes Becken eingesetzt, um epiphytische filamentöse Grünalgen an der Aquarienwand abzuweiden. In der 12. und der 31. Woche setzte man außerdem 4 Exemplare *Puntius semifasciolatus* in Käfigen aus, um das Zooplankton abzuweiden. Um das Zuwachsen der Fisch-käfige mit Aufwuchsalgen zu vermindern, wurden in die Käfige in Woche 31 zusätzlich 3 Schnecken der Gattung *Appolaria* eingesetzt.

Tabelle II.1: Sediment- und Freiwassercharakteristika der Aquarien

Quelle: extensiv genutzter Fischteich
Ort: Heiminghausen, NRW
Datum: 29.10.1991

	Sediment	Freiwasser
organischer C	5.55 %	
Größenfraktionen		
Lehm (<2µm)	14.2 %	
Ton (2-20µm)	75.5 %	
Sand (>63 µm)	10.7 %	
pH	7.04	7,92
Temperatur		10,0 °C
Leitfähigkeit		225.0 µS/cm
Sauerstoff		9,5 mg/l
Gesamthärte		7 °dH
Nitrat		10 mg/l
Phosphat		0,15 mg/l

Tabelle II.2: Übersicht über die häufigsten Arten innerhalb der einzelnen Planktongruppen, eingeteilt nach den Zeitperioden: Woche 0-18, Woche 20-38 und Woche 40-58. Alle Becken wurden zusammengefaßt. Zusätzlich ist die mittlere Generationszeit in Tagen (Genz.) angegeben.

Planktongruppe	Genz.	Woche 0-18	Woche 20-38	Woche 40-58
Chlorophyceen Flagellaten	1,1	Chlamydomonas sp. Carteria multifilis	Chlamydomonas sp. Chlorogonium elongatum	Chlamydomonas sp. Chlorogonium elongatum Spermatozopsis exsultans
Chlorophyceen	0,5	Scenedesmus sp.	Scenedesmus sp. Ankyra sp. Ankistrodesmus sp.	Scenedesmus sp. Planktospheria gelatinosa Ankistrodesmus sp.
Copepoden	>20	Cyclops strenuus Paracyclops fimbriatus	Cyclops strenuus Paracyclops fimbriatus	Cyclops strenuus Paracyclops fimbriatus
Cyanobakterien	0,9	Oscillatoria sp. Merismopedia sp.	Oscillatoria sp.	Oscillatoria sp.
Diatomeen	0,5	Synedra acus	Synedra acus Navicula sp.	Synedra acus
Flagellaten	0,7	Trachelomonas oblonga Chroomonas nordstedtii	Monas sp. Chroomonas nordstedtii	Cystodinium cornifax Chroomonas nordstedtii
Mikroalgen	0,6	Microcystis sp.	Microcystis sp.	Microcystis sp.
Phyllopoden	2,3	Bosmina longirostris Ceriodaphnia reticulata Pseudochydorus globosus Daphnia longispina	Simocephalus vetulus Ceriodaphnia reticulata Daphnia longispina	Ceriodaphnia reticulata Alona costata Iliocryptus sordidus
Rotatorien	0,6	Keratella quadrata Brachionus angularis Lecane lunaris Euchlanis dilatata	Keratella quadrata Lecane lunaris Euchlanis dilatata Testudinella patina	Lecane lunaris Brachionus angularis Keratella quadrata Euchlanis dilatata
				In Becken 1, 7, 8 noch Asplancha priodonta

Tabelle II.3: Übersicht über die im Versuch gemessenen physikalischen Parameter, deren Maßeinheit, Meßperiode und Meßmethode

Parameter	Abkürzung	Maßeinheit	Meßperiode	Meßmethode
Nitrat	NO3	mg/l	0-58	Ionenchromatographie
Ammonium	NH4	mg/l	0-58	Kalorimetrie
Phosphat	PO4	mg/l	0-58	Ionenchromatographie
pH	pH	pH	0-58	Sonde
Sauerstoff	O2	mg/l	0-58	Sonde
Temperatur	T	°C	0-58	Sonde
Leitfähigkeit	Lf	µS	0-58	Sonde
Mangan	Mn	mg/l	22-38	Atomemissionsspektroskopie
Silizium	Si	mg/l	0-38	Atomemissionsspektroskopie
Eisen	Fe	mg/l	0-38	Atomemissionsspektroskopie
Totale Härte	tH	dH	0-32	Atomabsorptionsspektrometrie
gelöster org. Kohlenstoff	DOC	mg/l	24-38	Spektroskopie

II.2 Grundbegriffe der Matrix-Algebra

In den Lehrbüchern über multivariate statistische Verfahren wird üblicherweise die Matrixnotation zur Vereinfachung der Darstellung verwendet. Daher möchte ich basierend auf (Fahrmeir und Hamerle, 1984, S.689) eine kurze Einführung in die Matrix-Algebra geben.

Eine (nxm) Matrix **A** ist ein rechteckiges Schema von n*m Zahlen, bestehend aus n Zeilen und m Spalten:

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1m} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2m} \\ \dots & & & \dots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nm} \end{pmatrix}.$$

In Kurzschreibweise: $\mathbf{A}=[a_{ij}]$ mit i als Zeilenindex (i= 1,2,...,n) und j als Spaltenindex (j=1, 2, ...,m). a_{ij} ist das Element der Matrix **A**, welches in Zeile i und Spalte j steht.
Eine (nx1) Matrix **a** heißt n-dimensionaler Spaltenvektor, bestehend aus n Komponenten:

$$\mathbf{a} = \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \dots \\ a_n \end{pmatrix}.$$

Eine (1xm) Matrix $\mathbf{b}^t$ heißt m-dimensionaler Zeilenvektor, bestehend aus m Komponenten:

$$\mathbf{b}^t = (b_1, b_2, \dots, b_m).$$

Eine (1x1) Matrix **a** ist eine Zahl.
Eine (nxn) Matrix **A** heißt quadratisch. Die Elemente $a_{11}, a_{22}, \dots, a_{nn}$ heißen Hauptdiagonalelemente und bilden die Hauptdiagonale von **A.**
Eine quadratische Matrix **D**, deren Elemente außerhalb der Hauptdiagonale null sind, heißt Diagonalmatrix.

Die (nxn) Einheitsmatrix $\mathbf{I}=\mathbf{I}_n$ ist eine Diagonalmatrix, deren Hauptdiagonalelemente aus lauter Einsen besteht:

$$\mathbf{I}=\mathbf{I}_n=\begin{pmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & 0 \\ \dots & & & \dots \\ 0 & \dots & \dots & 1 \end{pmatrix}.$$

Werden die Zeilen und Spalten einer (nxm) Matrix $\mathbf{A}$ vertauscht, so entsteht die zu $\mathbf{A}$ transponierte Matrix oder die Transponierte von $\mathbf{A}$:

$$\mathbf{A}^t = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{21} & \dots & a_{n1} \\ a_{12} & a_{22} & \dots & a_{n2} \\ \dots & & & \dots \\ a_{1m} & a_{2m} & \dots & a_{nm} \end{pmatrix}.$$

In Kurzschreibweise: wenn $\mathbf{A}=[a_{ij}]$ ist, gilt $\mathbf{A}^t=[a_{ji}]$, (i= 1,2,...,n; j=1, 2, ...,m). $\mathbf{A}^t$ ist dann eine (mxn) Matrix.

Das Produkt einer (nxm) Matrix $\mathbf{A}=[a_{il}]$ mit einer (mxk) Matrix $\mathbf{B}=[b_{lj}]$ ist eine (nxk) Matrix $\mathbf{C}=[c_{ij}]$, deren Elemente c_{ij} sich folgendermaßen berechnen:

$$c_{ij} = \sum_{l=1}^{m} a_{il} b_{lj}$$

, für i=1,...,n ; j=1,...,k

Für zwei Vektoren $\mathbf{a}$ und $\mathbf{b}$

$$\mathbf{a} = \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \dots \\ a_n \end{pmatrix} \quad \mathbf{b} = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_n \end{pmatrix},$$

definiert man das Skalarprodukt:

$$\mathbf{a}^t\mathbf{b}= (a_1,a_2,\dots,a_n) \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_n \end{pmatrix} = \sum_{i=1}^{n} a_i b_i$$

als ein Spezialfall der Matrizenmultiplikation.

Für die Multiplikation mit der Einheitsmatrix gilt: $\mathbf{AI}=\mathbf{A}$.

Eine quadratische Matrix $\mathbf{A}$ heißt invertierbar, wenn es eine quadratische Matrix $\mathbf{A}^{-1}$ gibt, so daß gilt: $\mathbf{AA}^{-1}=\mathbf{A}^{-1}\mathbf{A}=\mathbf{I}$. Die Matrix $\mathbf{A}^{-1}$ heißt Inverse von $\mathbf{A}$.

Die Vektoren $\mathbf{a_1, a_2, \ldots, a_n}$ sind linear abhängig, wenn es reelle Zahlen $z_1, z_2, \ldots, z_n$ gibt, die nicht alle null sind, so daß gilt:

$$\mathbf{0} = z_1\mathbf{a}_1 + z_2\mathbf{a}_2 + \ldots + z_n\mathbf{a}_n = \sum_{i=1}^{n} z_i\mathbf{a}_i$$

Anderenfalls heißen sie linear unabhängig, d.h. der Nullvektor läßt sich nur dann als eine lineare Kombination der Vektoren $\mathbf{a_1, a_2, \ldots, a_n}$ darstellen, wenn $z_1=z_2=\ldots=z_n=0$ ist.

Der Spaltenrang einer Matrix **A** ist die Maximalzahl der linear unabhängigen Spaltenvektoren, der Zeilenrang ist die Maximalzahl der linear unabhängigen Zeilenvektoren. Für jede nxm Matrix gilt, daß der Zeilenrang gleich dem Spaltenrang ist. Diese Zahl wird als `rg(A)` bezeichnet. Es gilt:

$$\mathrm{rg}(\mathbf{A}) \leq \min\{n,m\}.$$

Wenn eine (nxm) Matrix **A** den Rang $\mathrm{rg}(\mathbf{A}) = \min\{n,m\}$ hat, dann besitzt **A** vollen Rang.

Eine quadratische Matrix mit vollem Rang heißt regulär oder invertierbar.

Sei **A** eine nxm Matrix mit vollem Spaltenrang, dann ist die quadratische Matrix $\mathbf{A}^t\mathbf{A}$ invertierbar.

Ein lineares Gleichungssystem mit n Gleichungen und m Unbekannten $x_1, x_2, \ldots, x_m$

$$\begin{aligned}
&a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \ldots a_{1m}x_m = b_1\\
&a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \ldots a_{2m}x_m = b_2\\
&\ldots \qquad\qquad \ldots\\
&a_{n1}x_1 + a_{n2}x_2 + \ldots a_{nm}x_m = b_n
\end{aligned}$$

läßt sich durch Matrixnotation umschreiben in **Ax=b**, wobei

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \ldots & a_{1m} \\ a_{21} & a_{22} & \ldots & a_{2m} \\ \ldots & & & \ldots \\ a_{n1} & a_{n2} & \ldots & a_{nm} \end{pmatrix}, \quad \mathbf{x} = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \ldots \\ x_m \end{pmatrix}, \quad \mathbf{b} = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \ldots \\ b_n \end{pmatrix}$$

ist. **A** heißt Koeffizientenmatrix, **x** ist der Vektor der Unbekannten $x_1, x_2, \ldots, x_m$ und **b** der Spaltenvektor der Koeffizienten auf der rechten Seite.

Das System **Ax=b** besitzt genau dann eine Lösung, wenn es den Rang der Matrix A hat:

$$\mathrm{rg}(\mathbf{A},\mathbf{b}) = \mathrm{rg}(\mathbf{A})$$

II.3 Multiple lineare Regression

II.3.1 Modell

Das hier vorgestellte Modell ist aus (Fahrmeir und Hamerle, 1984) entnommen.
In der linearen Regressionsanalyse wird angenommen, daß zwischen einer Variable Y und p weiteren Variablen $X_1,...,X_p$ eine lineare Beziehung der Form:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + ... + \beta_p X_p + \varepsilon \qquad (2.1)$$

besteht.

ε ist eine Fehlervariable mit Erwartungswert mit $E(\varepsilon)=0$ und Varianz σ^2, deren Wert nicht gemessen werden kann. Die β_j mit j=1...p sind unbekannte Modellparameter. Sie werden partielle Regressionskoeffizienten genannt. Die Variable Y wird als abhängige Variable oder Regressand, die Variablen $X_1,...,X_p$ als unabhängige Variablen oder Regressoren bezeichnet. Ist p=1 so spricht man von einer linearen Einfachregression, für p>1 von einer multiplen linearen Regression.
Im Rahmen dieser Arbeit korrespondiert Y mit der logarithmisierten Abundanz oder der logarithmisierten Wachstumsrate einer Art, während die Variablen $X_1,...,X_p$ für die logarithmisierten Abundanzen der anderen Arten oder für physikalische Parameter stehen.
Wenn die X_j mit j=1,...,p N-mal variiert werden, ergeben sich die Werte:

$$y_n = \beta_0 + \beta_1 x_{n1} + ... + \beta_p x_{np} + \varepsilon_n \text{ , } n=1,...,N. \qquad (2.2)$$

Dabei sind x_{nj}, y_n die n-ten beobachteten Werte von X_j,Y und die ε_n die dazugehörigen, nicht beobachtbaren Fehler.
Führt man eine Scheinvariable x_0 mit $x_{n0}=1$ ein, so läßt sich mit

$$\mathbf{Y} = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \cdots \\ y_n \end{pmatrix}, \quad \mathbf{X} = \begin{pmatrix} x_{10} & x_{11} & \cdots & x_{1p} \\ x_{20} & x_{21} & \cdots & x_{2p} \\ \cdots & & & \cdots \\ x_{N0} & x_{N1} & \cdots & x_{Np} \end{pmatrix}, \quad \boldsymbol{\beta} = \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \cdots \\ \beta_p \end{pmatrix}, \quad \boldsymbol{\varepsilon} = \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \cdots \\ \varepsilon_N \end{pmatrix}$$

Gleichung (2.2) in Matrixschreibweise formulieren:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{\varepsilon}, \qquad (2.3)$$

$\mathbf{X}$ heißt Regressionsmatrix.

Das klassische lineare Modell der Regressionsanalyse macht folgende Annahmen:
1. $\mathbf{Y}$ ist eine beobachtbare metrische Zufallsvariable.
2. $\mathbf{X_j}$ sind beobachtbare deterministische Variablen, die systematisch oder kontrolliert variiert werden können.
3. $\boldsymbol{\beta}$ ist ein fester, unbekannter Parametervektor, dessen Elemente $\beta_1 \ldots \beta_p$ als partielle Regressionskoeffizienten bezeichnet werden. β_0 ist die Konstante in der Regressionsgleichung (2.1), bzw. (2.2).
4. $\boldsymbol{\varepsilon}$ ist ein nicht beobachtbarer Zufallsvektor mit Erwartungswert $E(\boldsymbol{\varepsilon})=0$ und Kovarianz $Cov(\boldsymbol{\varepsilon})=\sigma^2\mathbf{I}$, d.h. die Varianz ist homogen ($Var(\varepsilon_n)=\sigma^2$) und die Kovarianz zwischen den Elementen des Vektors $\boldsymbol{\varepsilon}$ ist Null ($Cov(\varepsilon_m, \varepsilon_n)=0$ für $m \neq n$).
Die Bedingung

$$Cov(\varepsilon_m,\varepsilon_n)=0 \text{ für } m \neq n \qquad (2.4)$$

bedeutet, daß ε_m und ε_n unkorreliert sind.
Für Tests und Vertrauensbereiche wird zusätzlich angenommen, daß die Elemente des Vektors $\boldsymbol{\varepsilon}$ normalverteilt sind.

Vom klassischen linearen Modell ausgehend möchte man eine Reihe von Fragestellungen untersuchen. Zunächst ist der Einfluß der unabhängigen Variablen von Interesse, also Vektor $\boldsymbol{\beta}$, d.h. der Wert der partiellen Regressionskoeffizienten. Dann muß man die Signifikanz der partiellen Regressionskoeffizienten bestimmen, um die Schätzungen abzusichern. Schließlich gilt es noch, aus einer Menge von unabhängigen Variablen X_j diejenigen zu selektieren, die signifikant zur Erklärung der Varianz der abhängigen Variable beitragen.

II.3.2 Parameterabschätzung anhand der Daten

Gesucht sind Schätzwerte für die Parameter β und σ^2 unter der Annahme $\mathrm{cov}(\boldsymbol{\varepsilon})=\sigma^2\mathbf{I}$.
Zur Schätzung von β wird die „Kleinste Quadrat“ Methode (KQ) verwendet. Sie besteht darin, einen KQ-Schätzer β' so zu bestimmen, daß die Summe der Fehlerquadrate minimal wird (Fahrmeir, S.86):

$$\sum_{n=1}^{N} \varepsilon_n^2 = \boldsymbol{\varepsilon}^t \boldsymbol{\varepsilon} = (\mathbf{Y} - \mathbf{X}\beta)^t (\mathbf{Y} - \mathbf{X}\beta) \quad . \qquad (2.5)$$

Jeder minimierende Wert β' erfüllt die Normalengleichung

$$(\mathbf{X}^t \mathbf{X})\, \beta' = \mathbf{X}^t \mathbf{Y}$$

Mit der Vereinbarung, daß die Regressormatrix $\mathbf{X}$ vollen Spaltenrang hat, also $\mathrm{rg}(\mathbf{X}) = p+1$[1] , ist die Normalengleichung eindeutig lösbar. Sie ergibt den KQ–Schätzer

$$\beta' = (\mathbf{X}^t \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^t \mathbf{Y}$$

für den unbekannten Parametervektor β.
Die Abweichungen $\mathbf{e}=\mathbf{Y}-\mathbf{X}\beta'$ bezeichnet man als Residuenvektor.
Die Residuenquadratsumme

$$Q_e = \sum_{n=1}^{N} e_n^2 = \mathbf{e}^t \mathbf{e}$$

ist das für $\beta = \beta'$ angenommene Minimum in (2.5) und ein Maß dafür, wie gut die Variabilität der Y-Werte durch die Regressoren erklärt wird. Sie wird oft auch als „residual sum of squares“ (RSS) bezeichnet.
Als Schätzer für σ^2 verwendet man die gemittelte Residuenquadratsumme

$$\sigma'^2 = \frac{Q_e}{N - (p+1)}$$

[1] p ist Anzahl der unabhängigen Variablen, siehe Gleichung (2.1)

II.3.3 Die Korrelation

Der Zusammenhang zwischen zwei Variablen X und Y wird durch den Korrelationskoeffizienten r(X,Y) beschrieben. Er ist definiert als:

$$r(X,Y) = \frac{Cov(X,Y)}{\sigma(X)\ \sigma(Y)}$$

mit $\sigma(X)$ und $\sigma(Y)$ als Standardabweichung von X, bzw. Y

r(X,Y) wird auch als Pearson-Korrelationskoeffizient oder Produktmoment bezeichnet (Cohen, 1983, S. 36). Er nimmt Werte zwischen -1 und 1 an. Ein Betrag nahe 1 deutet auf eine starke lineare, ein Wert nahe 0 auf eine schwache oder keine lineare Korrelation zwischen X und Y hin. Bei $r(X,Y)>0$ sind X und Y positiv, bei $r(X,Y)<0$ negativ korreliert.

II.3.4 Signifikanz von Regressionskoeffizienten und Modellprüfung

II.3.4.1 Das Bestimmtheitsmaß R^2

Die Bestimmtheit gibt an, wie groß der Teil der Streuung der beobachteten Werte ist, der mittels der Gleichung der multiplen Regression durch Unterschiede in den Werten $x_1,...,x_p$ erklärt werden kann.

Eine wichtige Maßzahl zur Beurteilung der Güte eines Regressionsansatzes ist das sogenannte Bestimmtheitsmaß. Sei $\mathbf{y}'=\mathbf{x}\beta'$, $\bar{y}$ das arithmetische Mittel der y_n, $n=1,...,N$. Der Quotient

$$R^2 = \frac{\sum_{n=1}^{N} (y_n' - \bar{y})^2}{\sum_{n=1}^{N} (y_n - \bar{y})^2}$$

aus der durch die Regression erklärten Streuung und der Gesamtstreuung heißt dann Bestimmtheitsmaß R^2.

Je näher R^2 bei 1 liegt, desto mehr tragen die unabhängigen Variablen zur Erklärung der abhängigen Variablen bei. Im Extremfall R^2 =1 gilt $\mathbf{Y}=\mathbf{Y}'$. Je näher R^2 bei 0 liegt, desto weniger tragen die unabhängigen Variablen zur Erklärung der Varianz der abhängigen Variable bei. Im Extremfall R^2 =0 hat $\mathbf{X}$ keinerlei Anteil an der Erklärung der Varianz; diese wird dann nur durch den Fehler ε erklärt.

II.3.4.2 Overall-F-Test (Goodness of Fit-Test)

Dieser Test überprüft, ob die unabhängigen Variablen überhaupt zur Erklärung der abhängigen Variablen beitragen. Es handelt sich um folgendes Testproblem:

H_0: $\beta_1 = \beta_2 = ... = \beta_p = 0$ H_1: $\beta_j \neq 0$ für mindestens ein j.

Es wird also getestet, ob wenigstens einer der Regressoren wesentlich in das Modell eingeht. Die Teststatistik lautet:

$$F = \frac{R^2}{1-R^2} \frac{N-p-1}{p} \qquad (2.6)$$

Unter H_0 ist $F \sim F(p,N-p-1)$, wobei $F(p,N-p-1)$ die F-Verteilung mit p und $N-p-1$ Freiheitsgraden ist. H_0 ist abzulehnen, falls $F>F(p,N-p-1;1-\alpha)$. α ist das Signifikanzniveau.

II.3.4.3 Signifikanztest für einen bestimmten Parameter

Es wird überprüft, ob die j-te unabhängige Variable X_j einen statistisch signifikanten Erklärungswert besitzt. Es handelt sich um folgendes Testproblem:

H_0: $\beta_j = 0$ H_1: $\beta_j \neq 0$

Die Teststatistik lautet:

$$F_p = \frac{\beta_j'^2}{\sigma'^2 \; a_{jj}} \qquad (2.7)$$

wobei a_{jj} das j-te Diagonalelement von $(\mathbf{X}^t\mathbf{X})^{-1}$ ist und σ'^2 die bereits in **II.3.2** beschriebene geschätzte Varianz des Fehlervektors ε.

Unter H_0 ist $F_p \sim F(1,N-p-1)$. H_0 wird abgelehnt, falls $|F_p|>F(1,N-p-1;1-\alpha/2)$. F_p heißt partieller F-Wert im Gegensatz zum Overall-F Wert.

II.3.5 Variablenselektion

Wenn man wie in dieser Arbeit bis zu 9 unabhängige Variablen zzgl. Konstante hat, so kann man durch unterschiedliche Kombination der unabhängigen Variablen $2^{10}=1024$ verschiedenen Regressionsmodelle im Sinne von (2.1):

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \ldots + \beta_p X_p + \varepsilon$$

aufstellen. Man möchte aber nur unabhängige Variablen berücksichtigen, deren β_j signifikant von Null verschieden ist. Genauer gesagt soll aus der Indexmenge $K = \{1,\ldots,p\}$ die Teilmenge $J \subset K$ gefunden werden , so daß alle β'_j, $j \in J$ signifikant und alle β'_i, $i \in K \setminus J$ nicht signifikant von Null verschieden sind[2].

Im Rahmen dieser Arbeit heißt das, daß man versucht, aus den Abundanzen von 9 Planktongruppen, bzw. aus den physikalischen Parametern diejenigen heraus-zusuchen, die die Variabilität des zeitlichen Verlaufs der Abundanz bzw. der Wachstumsrate der verbliebenen Art hinreichend gut beschreiben.

Als Teststatistiken wählt man gemäß (2.7) die unter der Nullhypothese „$\beta_j=0$“ nach $F(1,N-|J|-1)$[3]-verteilten Größen

$$F_p = \frac{\beta_j'^2}{\sigma'^2_{(J)}\, a_{jj}}$$

wobei β'_j die Komponenten des $|J|$ dimensionalen Vektors $\boldsymbol{\beta}'$ sind. a_{jj} sind die Diagonalelemente von $(\mathbf{X}_{(J)}{}^t\, \mathbf{X}_{(J)})^{-1}$, wobei $\mathbf{X}_{(J)}$ die Regressionsmatrix eingeschränkt auf die Menge J ist. $\sigma'_{(J)}=[Q_{e(J)}/(N-|J|-1)]$ ist die Varianz des Teilmodells zur Indexmenge J.

---

2 Erläuterung zur Verwendung von Mengen:
$J \subset K$ heißt „J Teilmenge von K“,
$j \in J$ heißt „j Element aus der Menge J“,
$K \setminus J$ heißt „K ohne J“ oder „Alle Elemente aus K, die nicht gleichzeitig Element von J sind“,

3 $|J|$ heißt „Mächtigkeit der Menge J“ oder „Anzahl der Elemente der Menge J“

Algorithmen, die die Änderung dieser Größen durch Hinzunahme bzw. Weglassen von unabhängigen Variablen mit möglichst wenig Rechenaufwand vornehmen, nennt man schrittweise Verfahren. Es gibt drei Varianten: die Vorwärtsselektion, die Rückwärtseliminierung und die schrittweise Auswahl (Fahrmeir, S.108).
Bei der Vorwärtsselektion geht man vom Modell aus, welches nur β_0 enthält. Schritt für Schritt wird nun unter den bisher nicht berücksichtigten Variablen diejenige ausgewählt, die nach ihrer Aufnahme auf den größten partiellen F-Wert führt. Ist man dann beim Modell mit den Variablen zur Indexmenge J angelangt, so berechnet man für alle Regressoren $x_i, i \notin J$ die Größe $F_{p(i)}$ bezüglich $J \cup \{i\}$[4] und nimmt das x_i mit maximalem partiellem F–Wert auf. Das Verfahren wird abgebrochen, falls der F-Wert unter einer Toleranzgrenze $F_{Tol,v}$ liegt. Oft wird $F_{Tol,v} = F(1, N-|J|-2; 1-\alpha)$ gewählt.
In anderen Worten bedeutet das, daß man nach jeder Aufnahme einer neuen Variable die partiellen F-Werte der verbliebenen Variablen einzeln berechnet unter der Bedingung, daß sie zusätzlich zu den bereits enthaltenen Variablen im Modell wären. Von den verbliebenen Variablen wird dann die mit dem höchsten partiellen F-Wert genommen, sofern dieser über der Toleranzgrenze liegt.
Bei der Rückwärtselimination verfährt man ausgehend vom vollen Modell mit allen unabhängigen Variablen umgekehrt und eliminiert solange Variablen, bis nur noch solche im Modell enthalten sind, deren partielle F-Werte die Schranke $F_{Tol,R}$ überschreiten.
Die schrittweise Auswahl beginnt analog zur Vorwärtsselektion. Bevor dann neue Variablen aufgenommen werden, werden die partiellen F-Werte aller Variablen im Modell berechnet und wie bei der Rückwärtselimination diejenigen ausgeschlossen, deren F-Werte die Grenze $F_{Tol,R}$ unterschritten haben. Um einen Abbruch des Verfahrens zu gewährleisten, muß $F_{Tol,v} > F_{Tol,R}$ sein.
Laut (Fahrmeir und Hamerle, 1984, S.113) zeigt die Erfahrung, daß die Rückwärts-elimination Variablensätze liefert, die mit dem besten Variablensatz, den man durch eine vollständige Suche erhalten würde, im wesentlichen übereinstimmen .
In der Arbeit wird daher die Rückwärtselimination verwendet.

[4] $J \cup \{i\}$ bedeutet „Menge J vereinigt mit Element i“

II.4 Zeitreihen und dynamische Regression

II.4.1 Zeitreihen

Als Zeitreihe bezeichnet man eine Folge von Beobachtungen in regelmäßigen Abständen über einen definierten Zeitraum hinweg. Die Reihenfolge der Meßergebnisse darf dabei nicht vertauscht werden. In dieser Arbeit werden die im 14-tägigen Abstand über 60 Wochen hinweg beobachteten Abundanzen ausgewählter Artengruppen und die gemessenen physikalischen Parameter als Zeitreihe behandelt. Als zugrundeliegende Modelle für viele Zeitreihen eignen sich stochastische Prozesse, also statistische Phänomene, die sich nach den Gesetzen der Wahrscheinlichkeit im Laufe der Zeit entwickeln.

II.4.2 Statistische Kenngrößen von Zeitreihen

II.4.2.1 Mittelwert und Autokovarianz

Ein stochastischer Prozeß $X(t)$ mit t als Zeitindex kann u.a. durch seinen Mittelwert, seine Varianz und seine Kovarianz beschrieben werden.
Die Mittelwertsfunktion lautet:

$$\mu(t) = E[X(t)]$$

Die Kovarianz von $X(t)$ und $X(t+k)$ wird Autokovarianz genannt. Die Autokovarianzfunktion lautet:

$$\gamma(k) = E\{ [X(t)-\mu(t)] [X(t+k)-\mu(t+k)] \}$$

Der Autokovarianzkoeffizient einer Stichprobe x_t, t=1,…,N mit Verschiebung k wird durch:

$$\gamma'(k) = \frac{\sum_{t=1}^{N-k} (x_t-\overline{x})(x_{t+k}-\overline{x})}{N}$$

abgeschätzt (Chatfield, 1996, S. 49), wobei

$$\overline{x} = \frac{1}{N} \sum_{t=1}^{N} x_t$$

Die Varianz ist ein Spezialfall der Autokovarianz, wenn $k=0$. Die Varianzfunktion lautet:

$$\sigma^2(t) = Var[X(t)] = \gamma(0).$$

II.4.2.2 Autokorrelation und Autokorrelogramm

Um die Autokovarianzfunktionen zu standardisieren, bildet man die Autokorrelationsfunktion:

$$\rho(k) = \gamma(k) / \gamma(0)$$

$\rho(k)$ der Stichprobe x_t, t=1,…,n wird durch:

$$\rho'(k) = \frac{\sum_{t=1}^{N-k} (x_t-\bar{x})(x_{t+k}-\bar{x})}{\sum_{t=1}^{N} (x_t-\bar{x})^2}$$

abgeschätzt (Chatfield, 1996, S.50).

Der Graph, der $\rho'(k)$ gegen die Verschiebung k plottet, heißt Autokorrelogramm. Nach (Kendall et al.,1983, chapter 48) ist $\rho'(k)$ approximativ normalverteilt mit Erwartungswert $-1/N$ und Varianz $1/N$. Das 95% Vertrauensintervall für $\rho'(k)$ wird durch:

$$-\frac{1}{N} \pm \frac{2}{\sqrt{N}} \approx 0 \pm \frac{2}{\sqrt{N}}$$

abgeschätzt. Jeder Wert von $\rho'(k)$ außerhalb dieses Intervalls ist also auf dem 5% Niveau signifikant von Null verschieden. Das bedeutet, daß ein Autokorrelogramm von nicht autokorrelierten Variablen mit $k=20$ Verschiebungen auf dem 5% Niveau 1 signifikantes $\rho'(k)$ erwarten läßt.

II.4.2.3 Kreuzkovarianz und Kreuzkorrelation

Autokovarianzen und Autokorrelationen sind für die Realisation jeweils einer Zeitreihe $X(t)$ definiert. Wenn man jedoch zeitliche Beziehungen und Zusammenhänge zwischen zwei Zeitreihen untersuchen möchte, greift man auf die Kreuzkovarianz, bzw. auf die standardisierte Form, die Kreuzkorrelation zurück. Sie ist bei der Untersuchung komplexer Zusammenhänge sehr nützlich, wie sie in einem ökologisch vernetzten System auftreten. In dieser Arbeit konnten durch die Kreuzkorrelation positive oder negative lineare Beziehungen zwischen den biologischen oder physikalischen Zeitreihen zu unterschiedlichen Zeitpunkten untersucht werden. Die Kreuzkorrelation wurde hier in erster Linie als diagnostisches Hilfsmittel zur Auffindung signifikanter Abhängigkeiten zwischen den Zeitreihen verwendet.

Wenn man von zwei Variablen X, Y in gleichmäßigen Abständen über einen gemeinsamen Zeitraum hinweg N–Beobachtungen gesammelt hat, dann lautet die Kreuzkovarianz zwischen ihnen:

$$\gamma_{xy}(k) = \mathrm{Cov}(X_t, Y_{t+k})$$

Ihre Kreuzkorrelation ergibt sich aus:

$$\rho_{xy}(k) = \frac{\gamma_{xy}(k)}{\sqrt{[\gamma_{xx}(0)\gamma_{yy}(0)]}}$$

mit $\gamma_{xx}(k)$ als $\mathrm{Cov}(X_t, X_{t+k})$ und $\gamma_{yy}(k)$ als $\mathrm{Cov}(Y_t, Y_{t+k})$.

Die Kreuzkovarianz der Stichprobe wird durch:

$$\gamma'_{xy}(k) = \begin{cases} \dfrac{\sum_{t=1}^{N-k} (x_t-\overline{x})(y_{t+k}-\overline{y})}{N} & \text{für } k=0,1,\ldots,N-1 \\[2ex] \dfrac{\sum_{t=1-k}^{N} (x_t-\overline{x})(y_{t+k}-\overline{y})}{N} & \text{für } k=-1,\ldots,-(N-1) \end{cases}$$

abgeschätzt und die Kreuzkorrelation der Stichprobe durch:

$$\rho'_{xy}(k) = \frac{\gamma'_{xy}(k)}{\sqrt{[\gamma'_{xx}(0)\gamma'_{yy}(0)]}}$$

Das 95% Konfidenzintervall von $\rho'_{xy}(k)$ wird ebenfalls durch $0 \pm 2/\sqrt{N}$ abgeschätzt. Der Graph, der $\rho'_{xy}(k)$ gegen die Verschiebung k plottet, heißt Kreuzkorrelogramm. Dabei ist zu beachten, daß nicht nur eine Verschiebung nach $t+k$, sondern auch noch nach $t-k$ möglich ist. Ein signifikanter Kreuzkorrelationskoeffizient zwischen X und Y bei Verschiebung $+k$ bedeutet, daß die um k Meßintervalle in die Zukunft verschobene Reihe X mit der Reihe Y signifikant korreliert ist. Analog zeigt ein signifikanter Koeffizient bei $-k$ an, daß die um k Meßintervalle in die Vergangenheit verschobene Reihe X mit der Reihe Y signifikant korreliert ist. Zum besseren Verständnis wird auf die Abbildungen in **III.2** verwiesen.
Aufeinanderfolgende Schätzungen von $\rho'_{xy}(k)$ mit k=1,…,N-1 können bei autokorrelierten Zeitreihen selbst autokorreliert und damit unzuverlässig sein.

(Chatfield, 1996, S.139) empfiehlt daher, autokorrelierte Reihen vor der Kreuzkorrelation mit einer in **II.4.4** beschriebenen Autoregression zu filtern, d.h. letztendlich nur deren Residuen miteinander zu korrelieren.
Zu bedenken ist außerdem, daß in der vorliegenden Arbeit eine signifikante Kreuzkorrelation bei Verschiebungen mit $|k|>2$ einem loglinearen Zusammenhang zwischen zwei Planktongruppen über mehr als 4 Wochen hinweg entsprechen würde, was biologisch aufgrund der kurzen Generationszeiten und Lebenszyklen der meisten Planktonorganismen nur schwer zu interpretieren ist. Lediglich bei den langlebigen Copepoden würden Kreuzkorrelationen über einen Monat hinaus, bzw. bei $|k|>2$ noch Sinn machen. Für eine ausführliche Diskussion möchte ich auf **IV.1.5** verweisen.

II.4.3 Stationarität

Eine Zeitreihe ist stationär, wenn es keine systematische Änderung im Mittel und in der Varianz gibt und wenn zusätzlich noch alle strikt periodischen Schwankungen entfernt wurden (Chatfield, 1996, S. 10). Eine systematische Änderung im Mittel wird Trend genannt.
Eine Zeitreihe $X(t)$ ist stationär, wenn eine Verschiebung um k Zeiteinheiten keinen Effekt auf die gemeinsame Verteilung von $X(t_1),\ldots,X(t_n)$ und $X(t_{1+k}),\ldots,X(t_{n+k})$ hat. Das bedeutet, daß dann der Mittelwert $\mu(t)$ und die Varianz $\sigma^2(t)$ konstant sind und die Autokovarianz nur von der Verschiebung k abhängt. Die Verschiebung von $X(t_n)$ um k Zeiteinheiten nach $X(t_{n+k})$ wird in Anlehnung an ihr englisches Pendant `lag`[5] k genannt, da die Reihe $X(t_n)$ um k Zeiteinheiten verzögert wird.
Das Autokorrelogramm ist ein wichtiges diagnostisches Hilfsmittel zur Bestimmung des einer Zeitreihe zugrundeliegenden stochastischen Prozesses. Die $\rho'(k)$ eines nicht-stationären Prozesses mit stark ausgeprägtem Trend gehen beispielsweise nur sehr langsam bei hohen `lag` k Werten gegen Null, da der langfristige Trend alle übrigen kurzzeitigen Korrelationen zwischen den Beobachtungen überlagert. Eine stationäre Zeitreihe hingegen hat in der Regel nur am Anfang einige signifikante $\rho'(k)$, die aber bald exponentiell abnehmen.

[5] engl. lag = Verzögerung

II.4.4 Autoregressive Prozesse

Autoregressive Prozesse gehören zu den stochastischen Modellen für Zeitreihen und lassen sich immer dann anwenden, wenn man davon ausgehen kann, daß der momentane Wert einer Zeitreihe von den unmittelbar vorangegangenen Werten plus einer reinen Zufallsgröße abhängt. Dies ist bei den in dieser Arbeit untersuchten biologischen Zeitreihen der Fall.
Ein Prozeß $\{X_t\}$ mit $\mu(X_t)=\mu$ ist ein autoregressiver Prozeß der Ordnung p, wenn gilt:

$$X_t-\mu=\alpha_1(X_{t-1}-\mu)+\ldots+\alpha_p(X_{t-p}-\mu)+Z_t$$

mit $\{Z_t\}$ als reinen Zufallsprozeß mit Mittelwert Null und Varianz $\sigma(z)^2$ (Chatfield, 1996, S.39).
Die obige Formel erinnert an die in Kapitel **II.3.1** beschriebenen multiplen linearen Regression mit dem Unterschied, daß X_t nicht Funktion von unabhängigen Variablen, sondern von vorhergehenden Werten des Prozesses $X(t)$ ist. Ein autoregressiver Prozeß der Ordnung p wird $AR(p)$ abgekürzt.
In der hier beschriebenen Analyse des Populationswachstums ausgewählter Arten wird ein $AR(1)$ Prozeß angenommen, da man davon ausgehen kann, daß ein 28 Tage (entspricht $lag\ 2$) zurückliegendes Ereignis keinen gesonderten Einfluß mehr auf die gegenwärtige Beobachtung hat.
Ein $AR(1)$ Prozeß entspricht dem Modell:

$$X_t-\mu = \alpha(X_{t-1}-\mu) + Z_t \qquad (2.8)$$

Ein $AR(1)$ Prozeß wird auch Markov-Prozeß genannt. Er ist stationär, solange $|\alpha|<1$ gilt. Seine Autokovarianzfunktion konvergiert dann gegen:

$$\gamma(k) = \alpha^k * \sigma^2$$

mit σ^2 als Varianz von X.

Die Autokorrelationsfunktion eines $AR(1)$ Prozesses lautet:

$$\rho(k)=\alpha^k \qquad (2.9)$$

Die $\rho'(k)$-Werte des zugehörigen Autokorrelogramms nehmen exponentiell ab (Chatfield, 1996, S.52; siehe auch Kapitel **II.4.3**).

Die Parameter μ und α eines AR(1)-Prozesses der Form:

$$x_t-\mu = \alpha(x_{t-1}-\mu) + z_t$$

mit N Beobachtungen $x_1,\ldots x_n$ werden durch die in Kapitel **II.3.2** beschriebene Kleinste-Quadratmethode geschätzt, indem:

$$S = \sum_{t=1}^{n} [(x_t-\mu)-\alpha(x_{t-1}-\mu)]^2$$

bezüglich μ und α minimiert wird. Nach (Chatfield, 1996, S. 54) wird μ dabei durch den Mittelwert von x und α durch $\rho'(1)$ abgeschätzt.
Letzteres wird deutlich, wenn man bedenkt, daß der Autokorrelationskoeffizient eines AR(1) Prozesses bei lag1 $\rho(1)=\alpha$ ist (siehe 2.9) und $\rho'(1)$ gleichzeitig ein Schätzer für $\rho(1)$ darstellt.
Man bekommt denselben Schätzwert für α, wenn man die autoregressive Gleichung $x_t-\mu=\alpha(x_{t-1}-\mu)+z_t$ als normale Regressionsgleichung mit $(x_{t-1}-\mu)$ als unabhängiger Variable behandelt.

II.4.5 Dynamische Regression

II.4.5.1 Modell

Die Variablen von Zeitreihen sind häufig signifikant autokorreliert. Wenn man nun das klassische lineare Modell der Regressionsanalyse von Kapitel **II.3.1** zur Analyse der autokorrelierten Zeitreihe **Y** verwendet, dann sind die Residuen **e** meist ebenfalls signifikant autokorreliert. Dies widerspricht der Forderung (2.4): $\mathrm{cov}(\varepsilon_m,\varepsilon_n)=0$ für $m\neq n$.
Zusätzlich verletzen die Residuen oft noch die erforderliche Varianzhomogenität.
Nun gibt es zwei Möglichkeiten zur weiteren Bearbeitung dieser Zeitreihen. Zum einen kann die Autokorrelation der abhängigen Variable durch geeignete Transformationen, etwa Differenzenbildung, evtl. beseitigt werden, oder man erweitert das Regressionsmodell zum dynamischen Regressionsmodell, welches auch vergangene Beobachtungen miteinbezieht.

Das allgemein zugrundeliegende Modell mit Y als abhängiger und autoregressiver Variable und p unabhängigen Variablen $X_1,\ldots,X_p$ lautet:

$$Y_{(t)} = \alpha Y_{(t-1)} + \beta_0 + \beta_1 X_{1(t-1)} + \ldots + \beta_p X_{p(t-1)} + \varepsilon \qquad (2.10)$$

mit $E(\varepsilon)=0$.

Der Fehler ε entspricht dem Fehler des klassischen linearen Modells. Y entspricht in dieser Arbeit der logarithmisierten Abundanz einer ausgewählten Art, $X_1,\ldots,X_p$ entspricht den logarithmisierten Abundanzen der übrigen Gruppen, bzw. den gemessenen physikalischen Parametern.

II.4.5.2 Diagnostische Tests

Die Teststatistiken des dynamischen Regressionsmodells entsprechen denen der linearen multiplen Regression (SPSS Statistical Algorithms, 19##, S.27). Das bedeutet, daß das in Kapitel **II.3.5** über die Variablenselektion gesagte auch für das dynamische Regressionsmodell gilt.

Neben den in **II.3.4** beschriebenen Signifikanztests ist die Analyse der Residuen eine weitere wichtige Hilfe zur diagnostischen Prüfung eines Modells, egal ob es sich dabei um ein klassisches lineares oder ein dynamisches Regressionsmodell handelt.

Da nach (2.4): $\mathrm{cov}(\varepsilon_m,\varepsilon_n)=0$ für $m\neq n$ gelten muß, darf der Autokorrelationsplot der Residuen keine signifikanten Werte für den Residuenautokorrelationskoeffizienten $\rho_e'(k)$ besitzen[6] . Speziell für die hier untersuchten AR(1) Prozesse gilt, daß $\rho_e'(1)$ nicht signifikant sein darf.

[6] es gilt die in II.4.2 gemachte Einschränkung, daß ein Autokorrelogramm von nicht autokorrelierten Variablen mit 95% Konfidenzintervall bei $k=20$ Verschiebungen 1 signifikantes $\rho'(k)$ erwarten läßt.

II.5 Allgemeines Vorgehen bei der Modellabschätzung

Es wurde angenommen, daß die Beobachtungen der biologischen Abundanzen zwischen den 10 Becken gleichverteilt sind. Die Becken in 2 Gruppen mit jeweils 5 Becken eingeteilt, eine Schätzgruppe und eine Prüfgruppe. Die Zuordnung eines Beckens zu einer der beiden Gruppen erfolgte zufällig. In der Schätzgruppe sind zunächst aus allen unabhängigen Variablen mittels Rückwärtselimination jene ermittelt worden, die signifikante partielle Regressionskoeffizienten hatten.
Die partiellen Regressionkoeffizienten dieser Variablen wurden dann nochmals in einer Regression mit den Becken der Prüfgruppe bestimmt. Die Schätzung galt als bestätigt, wenn die Koeffizienten auch in der Prüfgruppe signifikant waren und in beiden Gruppen in der gleichen Größenordnung lagen.
Zusätzlich wurde noch der in **II.4.2.2** beschriebene Autokorrelationsplot der Residuen gemacht, um $\mathrm{Cov}(\varepsilon_m,\varepsilon_n)=0$ für $m \neq n$ abzusichern. Auf die Abbildung des Plots wurde verzichtet.

II.6 Datentransformationen

Die beobachteten Abundanzdaten wurden alle mit `log(Abundanz+1)` transformiert. Der Summand 1 im Argument bewirkte, daß eine gemessene Nullabundanz auch in eine Null transformiert wurde, denn sonst wäre eine gemachte Beobachtung ignoriert worden. Die damit einhergehende Verzerrung der Originaldaten war vernachlässigbar.
Im folgenden Text wird anstelle von „logarithmisierte Abundanz+1 der Artgruppe“ der bessereren Lesbarkeit wegen einfach „Art“ oder „Artgruppe“ gesagt. Wenn also beispielsweise von einem signifikanten Einfluß der Phyllopoden gesprochen wird, dann ist damit gemeint, daß der partielle Regressionskoeffizient der Variable `log(Phyllopodenabundanz+1)` nach **II.3.4.3** signifikant ist.
Durch eine Verschiebung um `lag1` entsteht aus der Zeitreihe x_t, t=1,…,N die Reihe x_{t-1}, die der Originalreihe um ein Meßintervall hinterherläuft und zum Zeitpunkt t=1 den Meßwert Null hat.

Die in dieser Arbeit verwendeten differenzierten Reihen $df[\log(X_t)]$ sind die Differenzen der aufeinander folgenden logarithmisierten Werte einer Zeitreihe und entsprechen den logarithmisierten Wachstumsraten:

$$df[\log(X_t)] = \log(X_t)-\log(X_{t-1}) = \log(X_t/X_{t-1}).$$

An den Wochen 28, 34, 42, 46, 50, 52 wurden keine Proben entnommen, es entstanden also Lücken in den Daten. Die Lücken der logarithmisierten Reihen wurden vor der Differenzierung und der Verschiebung durch linear interpolierte Werte ersetzt. Damit durch die Interpolation nicht zuviele Artefakte in den Regressionen durch künstliche Werte entstanden wären, wurden die Zeitpunkte mit fehlenden Beobachtungen in den Originalreihen ausgeschlossen. Auf diese Weise konnten zusätzliche, verschiebungsbedingte fehlende Wertepaare vermieden werden.

II.7 Datenorganisation in SPSS

Die Beobachtungen einzelner Artengruppen, bzw. physikalischer Parameter aller Becken wurden in der SPSS Datenmatrix untereinander angeordnet, d.h. die Meßreihen einer Planktongruppe, bzw. eines Parameters aller Becken sind in SPSS einer Spalte, bzw. Variable zugeordnet worden. Es wurden die transfor-mierten Abundanzreihen, die physikalischen Reihen und ihre jeweils um `lag1` verschobenen Pendants angelegt. Zusätzlich ist noch eine Beckenvariable mit Werten zwischen 1 und 10 angelegt worden, um die untereinander angeordneten Becken eindeutig identifizieren zu können. Außerdem wurden noch zwei weitere kategoriale Variablen erzeugt, die die Einteilung der Becken in Schätz- und Prüfbecken vereinfachten.

Es wurde das „Statistical Package for Social Sciences“ (SPSS), US–Version 6.1.1 der Firma SPSS Inc., 1995 für den Apple-Powermac verwendet. Der Arbeitsrechner war ein Apple Powermac 7500/100 mit 56MB Ram und Systemsoftware D-7.5.5.

III. Ergebnisse

Ich beginne in der ersten Hälfte mit einer deskriptiven Beschreibung der Daten und fahre fort mit den Ergebnisse ausgewählter Kreuzkorrelationen. In der zweiten Hälfte werden die Ergebnisse der durchgeführten Regressionen präsentiert.

III.1 Deskriptive Beschreibung der Daten

III.1.1 Nullabundanzen

(Tab. III.1) gibt eine Übersicht über den gemittelten Anteil der von Null verschiedenen Beobachtungen samt deren Standardabweichung, sortiert nach Artengruppen. Im Verlauf der 58 Wochen konnte eine Planktongruppe unter die Nachweisgrenze fallen und daher zwischenzeitlich eine oder mehrere Null-abundanzen haben. Dies ist nicht mit fehlenden Beobachtungen zu verwechseln. Die Nullabundanzen der Artengruppen sind in **III.1.2** nach einzelnen Becken aufgeschlüsselt.
Problematisch wurde es, wenn Nullabundanzen einer Gruppe in einem Becken gehäuft auftraten, was dann zu einer erhöhten Heterogenität zwischen den einzelnen Becken führte und die in **II.5** angenommene Gleichverteilung der Beobachtungen für Schätz- und Prüfbecken verletzte. Dies konnte wiederum bei der computergestützten numerischen Lösung von (2.5) in **II.3.2** zu unzuverlässigen oder widersprüchlichen Ergebnissen bei der Abschätzung der partiellen Regressionskoeffizienten in Schätz- und Prüfbecken führen.
Einen weiteren Anhaltspunkt für die Datenheterogenität gibt die ebenfalls in (Tab. III.1) angegebene Standardabweichung der Anzahl Abundanzen>0 der einzelnen Planktongruppen über die 10 Becken verteilt. Ein hoher Wert bedeutet, daß die Nullabundanzen zwischen den Becken ungleich verteilt waren.
Die Abundanzen von Cyanobakterien, Diatomeen und Flagellaten hatten mehr als 30% Nullwerte.

Tabelle III.1: Mittlere Anzahl (Mittelwerte aller 10 Becken) der Beobachtungen absolut und in Prozent von Abundanzen >0 für die erfaßten Planktongruppen mit Standardabweichung.

Planktongruppe	Abundanzen >0 von 24	in Prozent	Standardabweichung der Abundanzen>0 der Einzelbecken
Chlorophyceen Flagellaten	17,3	72%	2,3
Chlorophyceen	23,6	98%	0,5
Copepoden	23,6	98%	1,0
Copepoden Nauplien	24,0	100%	0,0
Cyanobakterien	13,2	49%	2,7
Diatomeen	14,9	63%	1,9
Flagellaten	15,9	67%	1,9
Mikroalgen	21,9	91%	0,7
Phyllopoden	21,8	91%	2,4
Rotatorien	22,0	92%	0,8

III.1.2 Zusammenfassung der Abundanzdaten

Zunächst werden die allgemeinen Charakteristika der Abundanzentwicklungen aller Planktongruppen beschrieben, anschließend wird auf die Besonderheiten der einzelnen Gruppen eingegangen. Den Einzelbesprechungen folgt jeweils eine Tabelle mit statistischen Eckdaten der untransformierten Abundanzen. Außerdem ist die Anzahl der Abundanzen größer Null mit Standardabweichung angegeben, um einen Eindruck von der Verteilung der Beobachtungen innerhalb der Becken zu bekommen (**III.1.1**).
Die zeitliche Entwicklung der Abundanzen läßt sich anhand der abgebildeten Mittelwertplots der 10 Becken verfolgen; dem Graph der Mittel ist der Graph eines zufällig herausgegriffenen Beckens überlagert, welches durch die individuellen Schwankungen die Abweichungen vom Mittelwert veranschaulicht.
Da angenommen wurde, daß die Entwicklungen in den 10 Becken alle Realisationen desselben Zufallsprozesses waren, war eine Mittelwertbildung erlaubt und ermöglichte allgemeine Aussagen über die Entwicklung der Arten. Die Daten in den Graphen sind alle logarithmisiert.
Wie bereits in **II.1** erwähnt, wurden in den Wochen 9, 10, 13-16, 53-57 die Wassersäulen der 10 Becken miteinander verbunden, in der 12. und 31. Woche wurden planktivore Fische in Käfigen ausgesetzt.

Alle Planktongruppen hatten in Woche 56 ein Maximum, die Phytoplankton-abundanzen brachen alle in Woche 12 ein, gefolgt in Woche 16-18 von einem Einbruch der Zooplankter mit Ausnahme der Phyllopoden.
Die Autokorrelationsplots der logarithmisierten Abundanzen zeigten immer einen signifikanten Wert für die Autokorrelationskoeffizienten $\rho'(1)$ bei lag1, alle Planktonreihen waren also autokorreliert. Hier wird exemplarisch der Autokorrelationsplot der Phyllopoden in Becken 5 gezeigt.

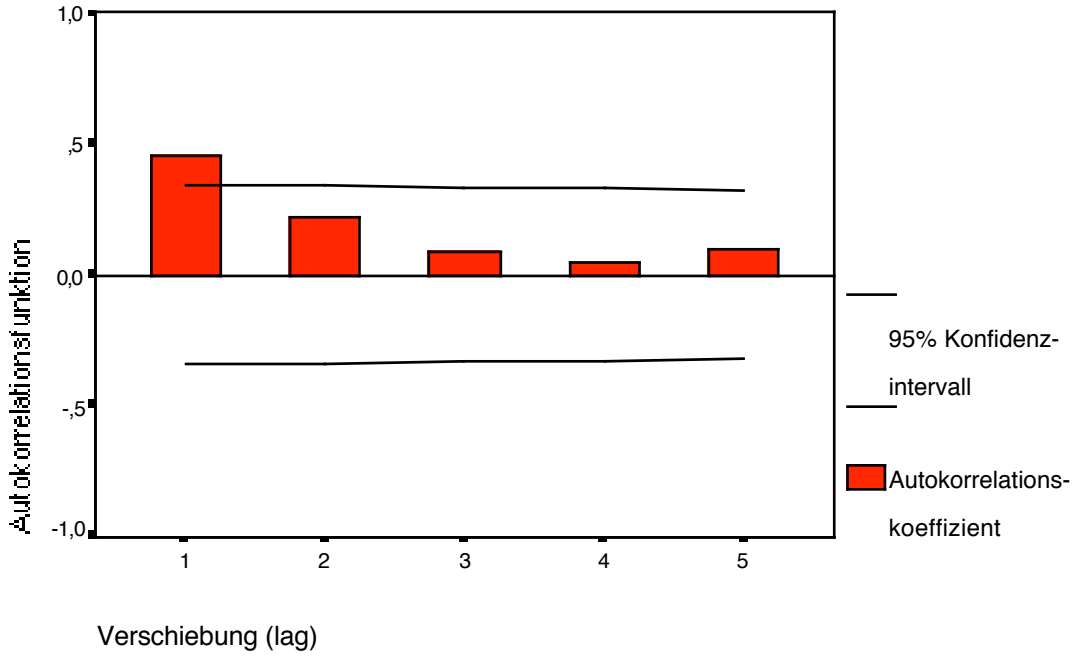

Abbildung III.1: Der Autokorrelationsplot der logarithmisierten Phyllopodenabundanzen in Becken 5 bis zu lag 5

III.1.2.1 Phyllopoden

Nach einem verzögerten Anfangswachstum stieg in Woche 6 die Population im Mittel steil auf ein Maximum von 2,5 in Woche 12 an und schwankte bis Woche 26 zwischen 2 und 2,5. In den Wochen 30-54 pendelte sie um ein Niveau von 1,2; lediglich in Woche 32 kam es nochmal zu einem Wachstum auf 2 log-Einheiten. Dem Maximum von 2,4 in Woche 56 folgt ein Abfall auf Werte um 1,8.
Die Phyllopodenabundanzen wichen an den einzelnen Meßpunkten um höchsten 2 Größenordnungen voneinander ab. Die Nullabundanzen waren unregelmäßig verteilt, was sich in der hohen Standardabweichung in Tab. III.2 niederschlug. In den Wochen 8-20 zeigten alle Becken den gleichen rapiden Anstieg mit anschließendem Einpendeln, dann kam es zu individuellen Abweichungen vom Beckenmittelwert.

Tabelle III.2: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Phyllopoden-Abundanzen in den 10 Becken

Phyllopoden											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	609	1131	1059	2219	854	1589	1449	952	1523	959	2219
unteres Quartil	3	0	28	38	24	4	6	11	8	0	5
Median	16	28	79	214	118	34	53	37	52	7	49
oberes Quartil	160	254	281	404	344	362	270	314	305	149	243
Abundanzen>0 (24)	21	18	24	24	24	23	20	23	23	18	21,8
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											2,4

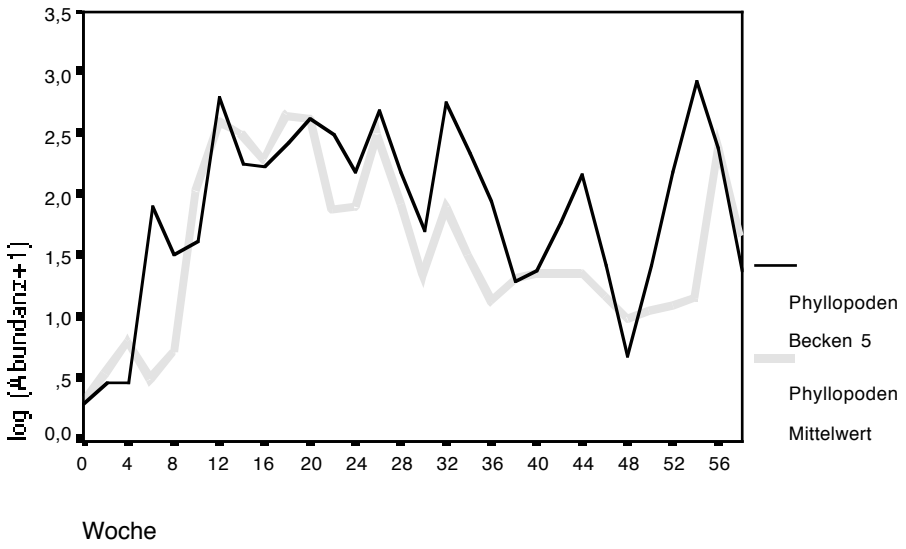

Abbildung III.2: Die logarithmisierten Phyllopodenabundanzen des Becken 5 und die mittleren logarithmisierten Phyllopodenabundanz aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.2 Chlorophyceen

Bis Woche 10 erfolgte im Mittel vom Ausgangswert 2,2 loglineares Wachstum mit anschließendem Abflachen auf Werte um 4. Nach dem Einbruch in Woche 12 auf Werte um 2 kam es erneut zu einem steilen Wachstum mit einem Maximum von 4 in Woche 18, dem wiederum in Woche 20-26 ein Abfall auf Werte um 2 folgte. Es kam also zweimal zu einem 14 wöchigen Wachstumszyklus mit Minimum 2 und Maximum 4. Von Woche 26 an wuchs die Population im Mittel von 2 auf das Maximum von 5 in Woche 56. In der letzten Woche fiel sie auf Werte um 2 ab.
Die Chlorophyceenabundanzen waren in den Einzelbecken bis Woche 26 relativ homogen, in der Periode von Woche 30 bis 48 schwankten sie jedoch um bis zu 3 Zehnerpotenzen voneinander ab, was (Abb. III.3) sehr gut illustriert.

Tabelle III.3: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Chlorophyceen-Abundanzen in den 10 Becken

Chlorophyceen											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	58500	2004000	301500	446250	156625	169500	58500	58500	127750	2000000	2004000
unteres Quartil	215	436	172	273	138	227	164	169	381	250	222
Median	1613	2984	771	5872	795	1326	698	1280	3562	19278	1805
oberes Quartil	8197	23090	2765	61875	12973	22359	9119	8900	38500	125444	22617
Abundanzen>0 (24)	24	24	23	23	24	23	24	23	24	24	23,6
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											0,5

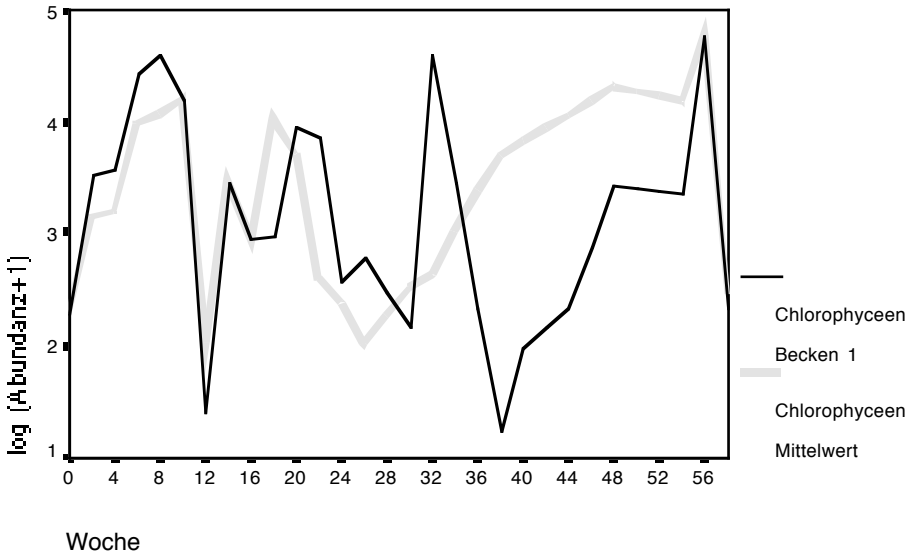

Abbildung III.3: Die logarithmisierten Chlorophyceenabundanzen des Becken 1 und die mittleren logarithmisierten Chlorophyceenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.3 Chlorophyceen Flagellaten

Die Abundanzen stiegen in den ersten vier Wochen zunächst im Mittel steil von 2,5 auf 4,5 an, fielen dann aber ebenso steil von Woche 6 bis Woche 12 auf Werte wenig größer als Null ab und waren in Woche 14 dann Null. Es folgten 3 regel-mäßige Zyklen von etwa 8 Wochen Dauer mit Maxima bis 2,5 und Minima von etwa 1. Dem extrem hohen Maximum von 5 in Woche 56 folgte ein Abfall auf 1,8 in der letzten Woche.
Im allgemeinen schwankten die Werte zwischen den Einzelbecken recht stark um bis zu 2 Zehnerpotenzen um den Mittelwert, lediglich die Entwicklungen zwischen Woche 16 und 26 waren in allen Becken relativ gleich.

Tabelle III.4: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Chlorophyceen Flagellaten-Abundanzen in den 10 Becken

Chlorophyceen Flagellaten											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	78000	78000	78000	78000	78000	173500	111100	87800	135600	122600	173500
unteres Quartil	15	0	0	0	0	25	31	23	0	4	0
Median	251	344	69	72	88	154	259	146	584	238	174
oberes Quartil	1670	3322	522	814	516	1728	8389	2014	24916	1764	2205
Abundanzen>0 (24)	18	17	16	14	14	20	20	19	17	18	17,3
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											2,3

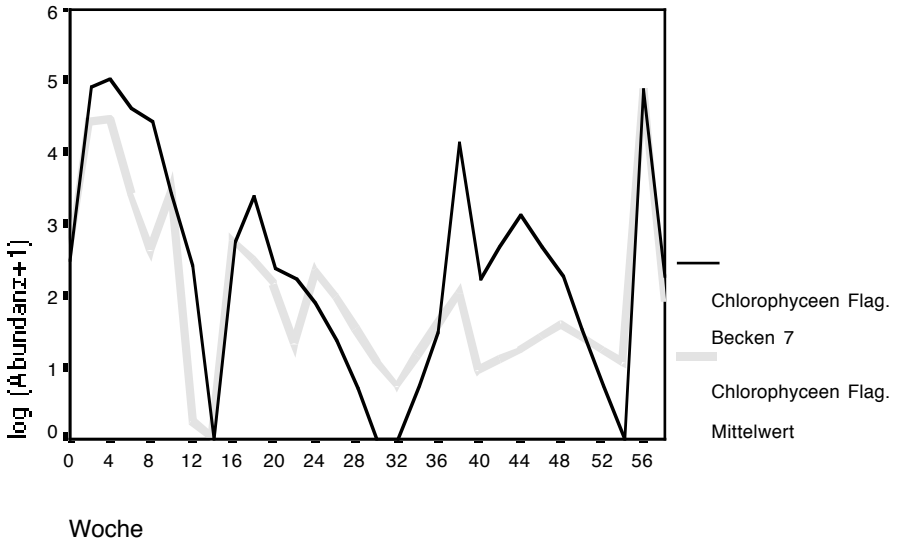

Abbildung III.4: Die logarithmisierten Chlorophyceen Flagellatenabundanzen des Becken 7 und die mittleren logarithmisierten Chlorophyceen Flagellatenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.4 Copepoden

Die Copepoden wuchsen im Mittel nach einer Verzögerung bis Woche 2 von 0,5 auf ein Niveau von 1,5 an, welches sie von Woche 4-8 auch hielten. Dem Anstieg in Woche 10 auf Werte knapp über 2 folgte ein ausgesprochen linearer Abfall auf ein Minimum von 0,4 in Woche 16. Danach stiegen die Populationen wieder auf ein Niveau von 1,5, um das sie bis Woche 56 pendelten. In Woche 58 fiel der Mittelwert auf 1 herab.
Die Entwicklung in den Einzelbecken war bis Woche 18 zunächst sehr gleichförmig (Abb. III.5), dann kam es jedoch bis Woche 54 zu Schwankungen um den Mittelwert um bis zu einer Zehnerpotenz.

Tabelle III.5: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Copepoden-Abundanzen in den 10 Becken

Copepoden											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	142	243	1176	1071	152	193	161	180	135	595	1179
unteres Quartil	4	9	15	10	6	6	5	11	10	12	9
Median	12	35	36	44	24	21	16	16	28	30	25
oberes Quartil	34	99	83	126	71	71	32	44	45	100	55
Abundanzen>0 (24)	21	24	24	24	24	23	24	24	24	24	23,6
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											1,0

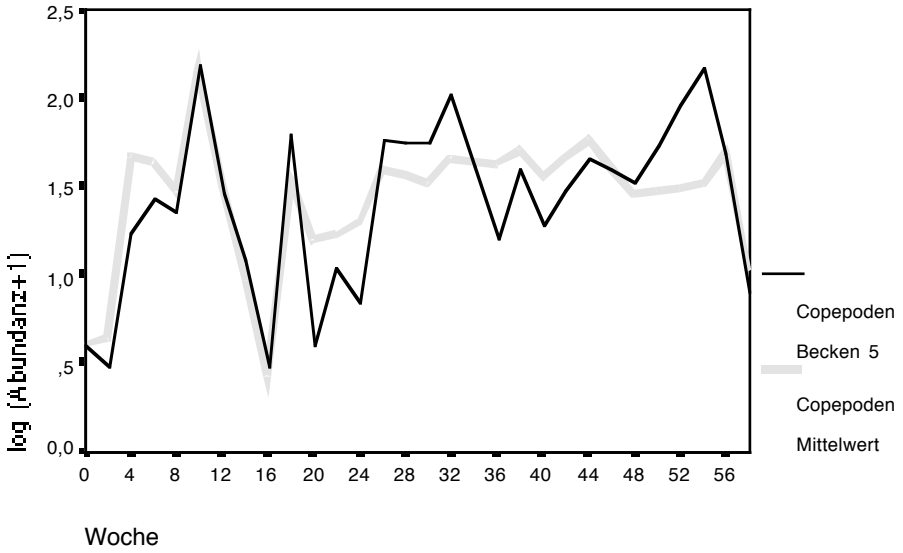

Abbildung III.5: Die logarithmisierten Copepodenabundanzen des Becken 5 und die mittleren logarithmisierten Copepodenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.5 Copepoden Nauplien

Die mittleren Abundanzen der Copepoden Nauplien stiegen ohne Verzögerung in Woche 0 bis 6 steil von 0,5 auf 2,5 an, ihr Wachstum flachte dann in Woche 8-16 etwas ab und stieg in Woche 14 kurzzeitig auf ein Maximum von 3,2 log-Einheiten, bevor die Populationen in Woche 18 auf 1,5 fiel. Dem lokalen Maximum von 2,8 in Woche 20 und 22 schloß sich eine lange Periode von Woche 24 bis zum Ende der Laufzeit an, in der die Abundanzen um 2,5 pendelten. Lediglich in Woche 56 gab es nochmal ein Maximum von 3 log-Einheiten.
Die Entwicklung der Abundanzen in den den einzelnen Becken waren sehr homogen und zeigte nur in Woche 18 und 44 Abweichungen um den Mittelwert von bis zu einer Zehnerpotenz.

Tabelle III.6: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Copepoden Nauplien-Abundanzen in den 10 Becken

Copepoden	Nauplien										alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	2135	1764	3276	2142	2163	2100	1400	2107	1204	1967	3276
unteres Quartil	19	179	383	290	266	166	88	100	147	215	129
Median	141	319	669	484	632	422	166	326	541	363	398
oberes Quartil	569	699	955	1018	952	733	381	791	917	854	806
Abundanzen>0 (24)	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											0,0

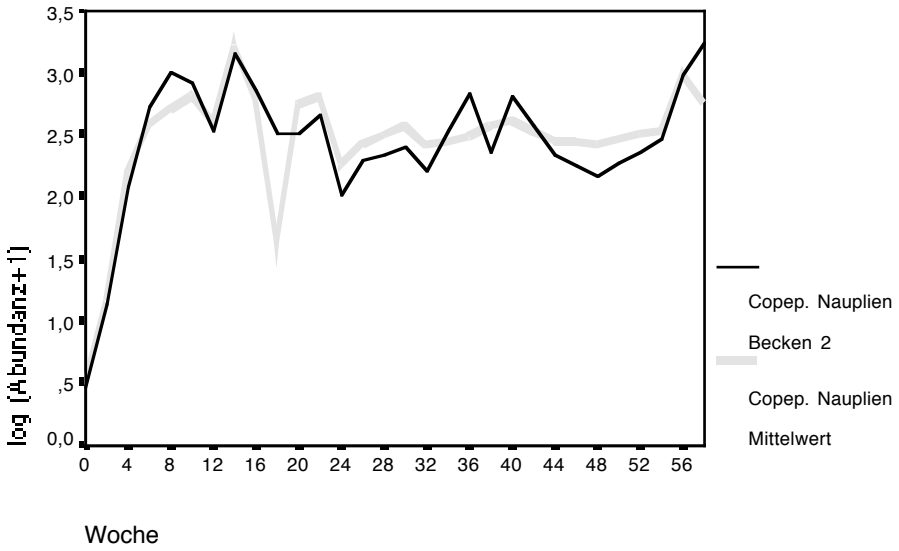

Abbildung III.6: Die logarithmisierten Copepoden Nauplienabundanzen des Becken 2 und die mittleren logarithmisierten Copepoden Nauplienabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.6 Cyanobakterien

Die Cyanobakterien waren in den Wochen 0-4 zunächst abwesend und hatten dann zwischen Woche 6 und 16 eine kurze Wachstumsperiode mit Maxima um 2,2 in Woche 8 und 10. Es folgte von Woche 16-22 wieder eine Periode mit Nullabundanzen, anschließend stiegen einzelne Populationen auf Werte bis 3 in Woche 36. Von Woche 38 bis zum Ende blieb der Mittelwert auf 2, nur in Woche 56 gab es ein bemerkenswertes Maximum von 5 log-Einheiten, fast doppelt soviel wie die übrigen lokalen Maxima in Woche 8, 10 und 36.
Die Abundanzen der Cyanobakterien waren zwischen den einzelnen Becken sehr unregelmäßig um den Mittelwert verteilt und unterschieden sich an manchen Meßpunkten (ohne Nullabundanzen) um bis zu 3 Zehnerpotenzen. Außerdem lagen weniger als die Hälfte der Abundanzen über 0.

Tabelle III.7: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Cyanobakterien-Abundanzen in den 10 Becken

Cyanobakterien											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	132700	2000000	132700	132700	132700	132700	132700	132700	647500	132700	2000000
unteres Quartil	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Median	0	111	2	0	0	30	1	2	0	0	0
oberes Quartil	193	26356	383	309	851	547	329	1562	130	4	289
Abundanzen>0 (24)	11	15	13	9	11	14	12	13	9	6	11,3
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											2,7

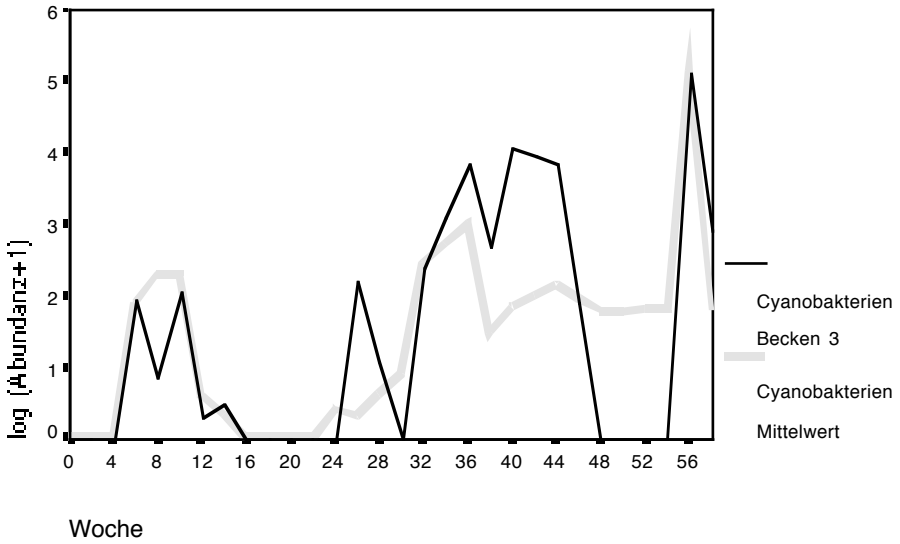

Abbildung III.7: Die logarithmisierten Cyanobakterienabundanzen des Becken 3 und die mittleren logarithmisierten Cyanobakterienabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.7 Diatomeen

Die Diatomeen waren die einzige Planktongruppe, deren Abundanz zu Beginn nicht zunahm, sondern von 4,2 log-Einheiten (Woche 0) auf 1,2 (Woche 4) fiel. In den nächsten 6 Wochen stiegen die Populationen im Mittel auf 3,8 und pendelten zwischen Woche 12 und 20 um den Wert 2, unterbrochen von einer Nullabundanz in Woche 18. Von Woche 22 bis 54 lagen die Abundanzen unter 0,5 und verschwanden sogar wieder völlig in den Wochen 40-48. Dem Maximum von 3 in Woche 56 folgte der Schlußwert mit 1,5 log-Einheiten.
In Woche 4 schwankten die Abundanzen zwischen den Becken um mehr als 2,5 Zehnerpotenzen um den Mittelwert, ansonsten waren die Werte (auch die Nullabundanzen) gerade in der Periode von Woche 22 bis 54 recht homogen verteilt. Lediglich in Woche 36 kam es erneut zu größeren Unterschieden.

Tabelle III.8: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Diatomeen-Abundanzen in den 10 Becken

Diatomeen											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	17300	17300	17300	17300	17300	25800	20000	17300	17300	17300	25773
unteres Quartil	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Median	13	0	33	25	34	40	31	24	14	53	31
oberes Quartil	318	719	250	440	328	709	806	1127	292	357	456
Abundanzen>0 (24)	16	11	14	14	16	18	15	14	15	16	14,9
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											1,9

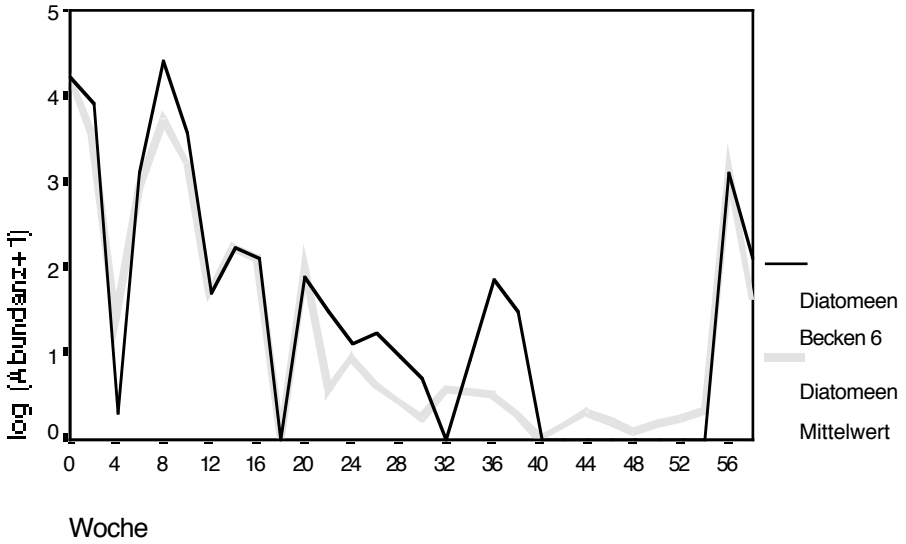

Abbildung III.8: Die logarithmisierten Diatomeenabundanzen des Becken 6 und die mittleren logarithmisierten Diatomeenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.8 Flagellaten

Die Populationsentwicklung der Flagellaten im Mittel war bis Woche 18 durch drei Zyklen von 4 bis 8 Wochen bestimmt mit Maxima von 3,5 (Woche 2 und 10) und 2,3 (Woche 16) sowie Minima von 1,2 (Woche 4), 0,5 (Woche 12) und einer Nullabundanz in Woche 18. Es folgte ein weiterer Anstieg mit lokalem Maximum von 1 in Woche 24, gefolgt von einem kontinuierlichen Abfall auf 0,3 bis Woche 36. Die Abundanzen stiegen wieder auf Werte von 2,5 log-Einheiten und hielten dieses Niveau abgesehen vom Maximum in Woche 56 bis zum Ende. Es ist allerdings nicht ausgeschlossen, daß es ab Woche 20 zu weiteren zyklischen Schwankungen wie in den Wochen davor kam, denn die fehlenden Beobachtungen in Woche 28, 34, 42 oder 50 könnten genau den Minima in Woche 4, 12 und 18 entsprechen (siehe auch Zyklus von Woche 20-26 in Becken 10, Abb. III.9).

Die Meßpunkte der Flagellaten in den Einzelbecken waren nur zu Beginn bis Woche 18 homogen und schwankten danach um bis zu 3 log-Einheiten um den Mittelwert.

Tabelle III.9: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Flagellaten-Abundanzen in den 10 Becken

Flagellaten											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	8750	18200	6880	9000	6880	55200	6900	18000	28000	8900	55222
unteres Quartil	0	0	0	0	0	0	8	0	8	4	0
Median	32	57	88	141	94	62	82	88	180	258	94
oberes Quartil	441	3889	484	2922	779	500	495	539	1731	1531	911
Abundanzen>0 (24)	15	14	17	13	15	17	18	14	18	18	15,9
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											1,9

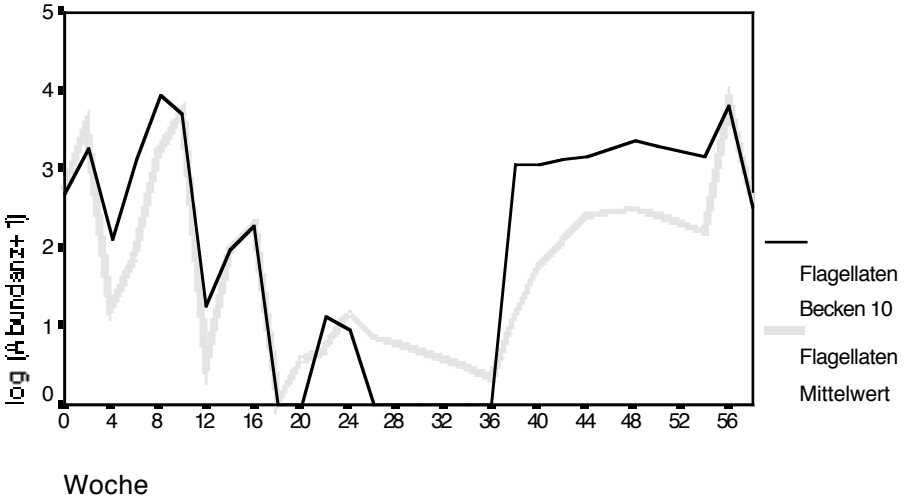

Abbildung III.9: Die logarithmisierten Flagellatenabundanzen des Becken 10 und die mittleren logarithmisierten Flagellatenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.9 Mikroalgen

Das Artenspektrum der Mikroalgen war von allen Planktongruppen am breitesten, denn jede Alge unter 5μm Durchmesser, also alle Juvenilformen des Phytoplanktons, wurde zu den Mikroalgen gezählt. Deshalb erreichten sie auch die höchsten Abundanzen in der ganzen Studie. Das Populationsmittel der Mikroalgen stieg vom Wert 0 (Woche 0) mit kurzer Verzögerung ab Woche 4 sehr schnell auf Spitzenwerte um 5 in Woche 10. Dem Abfall auf 3,2 in Woche 12 folgte bis Woche 26 ein Pendeln um 3. Anschließend liefen die Werte log-linear auf das mittlere absolute Maximum von 6 in Woche 56 zu. In Woche 58 fielen die Abundanzen wieder auf einen log-Wert von 4 ab.
Die Abundanzen zu einem Zeitpunkt waren in den meisten Becken sehr ähnlich, es gab jedoch abwechselnd in einem Einzelbecken Ausreißer, die dann vom Mittel um 3 bis 4 Zehnerpotenzen abwichen.

Tabelle III.10: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Mikroalgen-Abundanzen in den 10 Becken

Mikroalgen	alle Werte x1000										alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	742,5	742,5	99011,2	2235,0	1501,0	21728,0	2143,8	742,5	742,5	53481,0	99011,2
unteres Quartil	3,6	2,3	2,1	3,6	3,9	3,0	3,7	3,2	3,5	2,4	3,2
Median	9,9	7,6	7,1	8,8	12,8	8,7	6,4	7,3	9,6	24,2	8,9
oberes Quartil	36,8	135,7	19,8	138,8	68,1	17,0	17,2	30,2	25,1	189,8	40,8
Abundanzen> 0 (24)	23	21	21	22	22	22	23	22	22	21	21,9
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											0,7

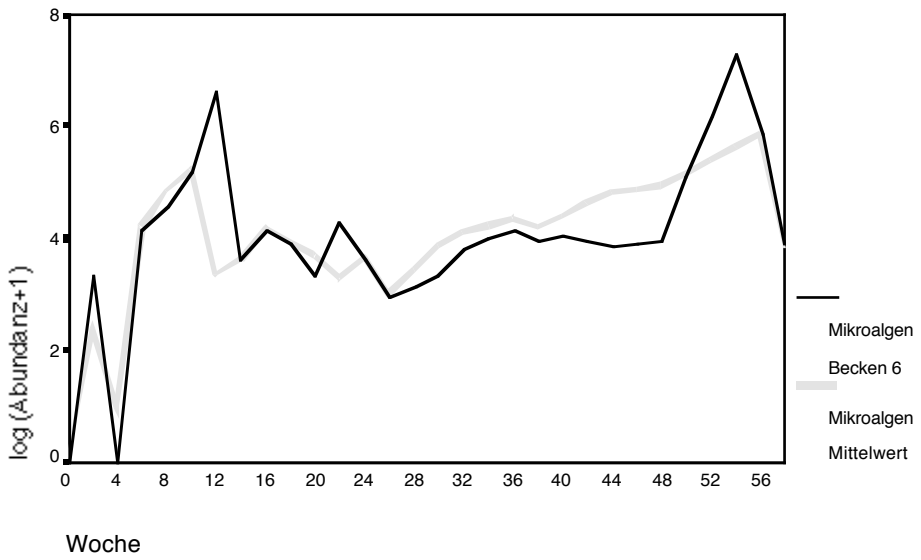

Abbildung III.10: Die logarithmisierten Mikroalgenabundanzen des Becken 6 und die mittleren logarithmisierten Mikroalgenabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.2.10 Rotatorien

Die Populationsentwicklung der Rotatorien war durch eine im Vergleich mit den übrigen Planktonabundanzen einzigartige Entwicklung charakterisiert. Nach einem kurzen Anstieg von 2,5 (Woche 0) auf 3,2 (Woche 2) fielen von Woche 4 bis 14 die Populationen kontinuierlich auf Werte knapp über Null und stiegen ebenso kontinuierlich wieder auf einen mittleren Wert von 3 (Woche 24) an. Es folgte von Woche 26 bis 36 ein Pendeln um 2,5 mit anschließendem Minimum bei 1,2 (Woche 38, 40). Die Abundanzen stiegen danach wieder kontinuierlich auf ein lokales Maximum von 2,8 in Woche 56 und fielen am Ende auf ein Niveau von 1,8.
Die Schwankungen der einzelnen Populationen in den 10 Becken um den Mittelwert waren bis Woche 30 sehr gering und lagen unter einer Zehnerpotenz. Sie nahmen erst ab Woche 30 auf ca. 1,5 Zehnerpotenzen zu.

Tabelle III.11: Zusammenfassende Beschreibung der untransformierten Rotatorien-Abundanzen in den 10 Becken

Rotatorien											alle
Becken	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Becken
Maximum	1254	711	9878	2716	3914	1386	1463	4940	2296	4620	9878
unteres Quartil	13	10	4	5	20	24	19	7	10	13	10
Median	32	44	118	75	207	142	196	65	102	185	99
oberes Quartil	191	191	598	668	1050	595	408	322	364	455	460
Abundanzen>0 (24)	23	22	22	21	23	21	21	22	22	23	22
Standardabweichung der Abundanzen>0 in den 10 Becken											0,8

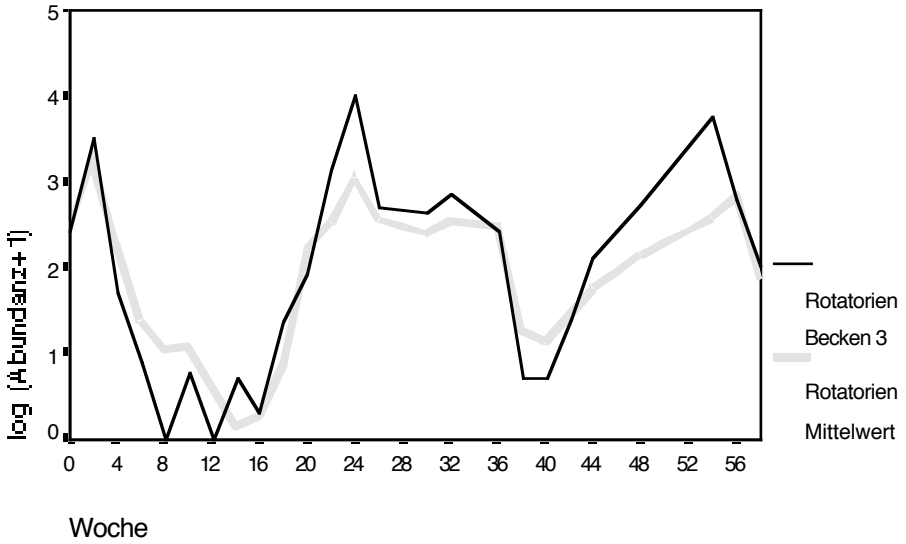

Abbildung III.11: Die logarithmisierten Rotatorienabundanzen des Becken 3 und die mittleren logarithmisierten Rotatorienabundanzen aller Becken gegen die Zeit aufgetragen

III.1.3 Vergleich der zeitlichen Entwicklung zwischen Copepoden und Copepoden Nauplien

Die Graphen der Mittelwerte in (Abb. III.12) zeigten sehr ähnliche Muster der Populationsentwicklung im Laufe der Zeit. Speziell die Folge von Minima und Maxima der Copepoden zwischen Woche 2 und 18 wurde von den Nauplienlarven mit einer Verzögerung von 2 bis 4 Wochen genau nachgebildet (siehe auch Kreuzkorrelation in **III.2.4**). Die restliche Entwicklung von Woche 24 bis zum Ende war bei beiden Planktongruppen ebenfalls sehr ähnlich. Unter Berücksichtigung der Verzögerung von 2-4 Wochen lagen die Abundanzen der Copepoden Nauplien relativ stabil immer eine Zehnerpotenz über den Abundanzen der Copepoden.

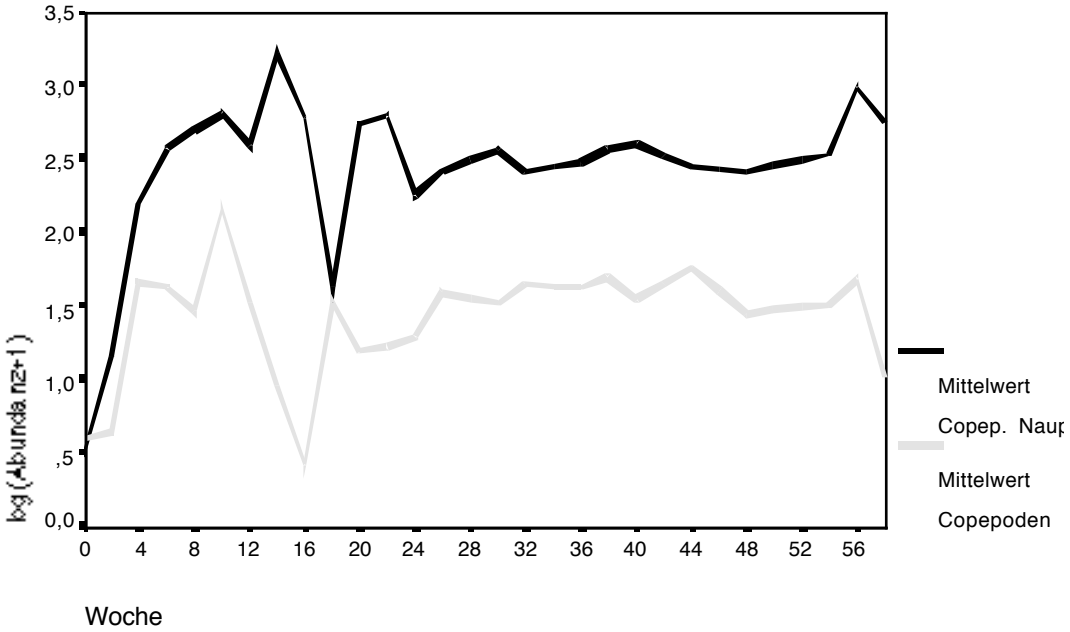

Abbildung III.12: Die mittleren logarithmisierten Abundanzen der Copepoden und der Copepoden Nauplien gegen die Zeit aufgetragen

III.1.4 Vergleich der zeitlichen Entwicklung zwischen Phyllopoden und Chlorophyceen

Eine direkte Gegenüberstellung der Populationsentwicklung von Phytoplankton und Zooplankton macht nur Sinn, wenn die addierten Biomassen der beiden Gruppen verglichen werden. Bei einer bloßen Addition der Abundanzen würden beispielsweise die äußerst zahlreichen aber auch sehr kleinen Mikroalgen zu stark und die wenigen aber großen Phyllopoden zu schwach gewichtet werden. Leider wurden keine kontinuierlichen Biomassedaten aufgezeichnet. Deshalb werden hier die Mittel der Chlorophyceen als Vertreter des Phytoplanktons und die Mittel der Phyllopoden als Vertreter des Zooplanktons gegenübergestellt.
Dem Wachstum der Chlorophyceen bis Woche 10 folgte mit Verzögerung ein steiles Wachstum der Phyllopoden von Woche 6 bis 12. Die Chlorophyceen-populationen brachen in Woche 12 dann um mehr als die Hälfte ein, während die Phyllopodenabundanzen in Woche 16 nur leicht abfielen. Beide Planktongruppen zeigten in Woche 16 bis 22 dasselbe Wachstumsmuster, die Chlorophyceen etwas ausgeprägter als die Phyllopoden. In Woche 26 hatten die Phyllopoden ein lokales Maximum, die Chlorophyceen ein lokales Minimum. Die Abwärtsentwicklung der Phyllopoden von Woche 26 bis 54 ging einher mit einem kontinuierlichen Wachstum der Chlorophyceen. Beide Gruppen hatten in Woche 56 nochmal ein gemeinsames Maximum mit anschließendem Abfall in Woche 58.

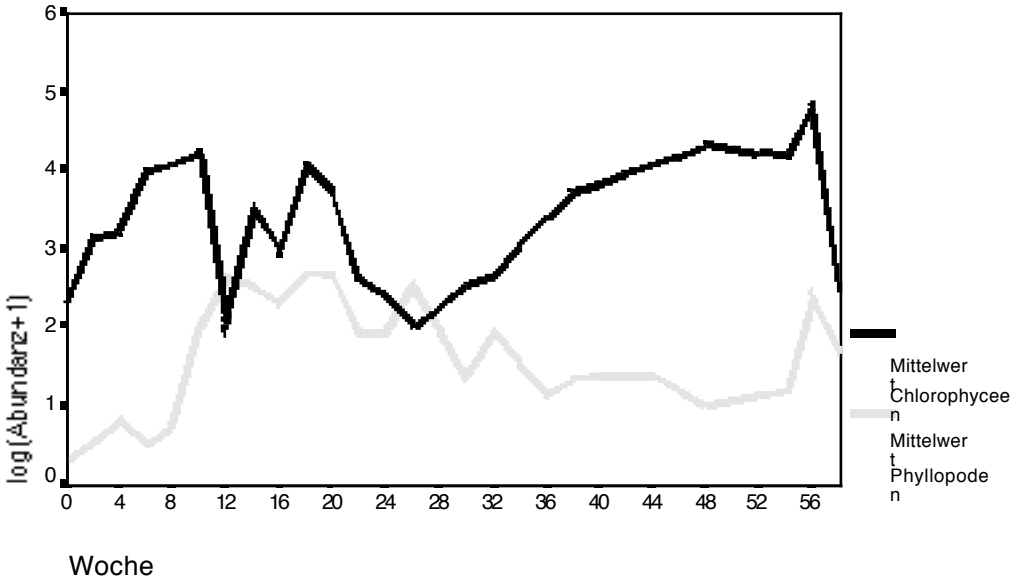

Abbildung III.13: Die mittleren logarithmisierten Abundanzen der Phyllopoden und der Chlorophyceen gegen die Zeit aufgetragen

III.2 Ausgewählte Kreuzkorrelationen

Wie in **II.4.2.3** dargestellt, ermöglicht es die Kreuzkorrelation als diagnostisches Werkzeug, zeitlich verschobene, linearen Zusammenhänge zwischen zwei Zeitreihen graphisch aufzuklären. Da es bei einem Vergleich von 16 Zeitreihen (10 biologischen und 6 physikalischen) 251 verschiedene Zweierkombinationen gibt, würde ihre detaillierte Darstellung den Rahmen dieser Arbeit sprengen. Es wurden daher exemplarisch einmal zwei physikalischen Zeitreihen (pH und Sauerstoff), zweimal eine biologische mit einer physikalischen Zeitreihe (Rotatorien und Phosphat, Sauerstoff und Chlorophyceen) und einmal zwei biologische Zeitreihen (Copepoden und Copepoden Nauplien) miteinander kreuzkorreliert.
Es wurden die Daten aller Becken gleichzeitig verwendet, ein Graph zeigt die zeitliche Entwicklung der beiden verglichenen Datensätze. Ich habe die Beispiele subjektiv ausgewählt, um die diagnostische Relevanz der Kreuzkorrelationen zu demonstrieren.
Die Reihen wurden zunächst gemäß **II.4.2.3** mit einem `AR(1)` Prozeß der Form $Y_t=\beta_0+\alpha Y_{t-1}+e_t$ gefiltert, d.h. letztendlich wurden die Residuen e_t der Reihen miteinander kreuzkorreliert.
`lag1` entspricht hier einer Verschiebung von 14 Tagen. Das Meßintervall von zwei Wochen erschwert das Auffinden von zeitlichen Zusammenhängen zwischen den beobachteten Abundanzen, da die Generationszeiten der untersuchten Organismen von einem Tag bis über 20 Tage variiert (siehe Tab. II.2). Zwischen zwei Meßpunkten liegen also 0,7 bis 13 Generationen, deren Wechselwirkungen untereinander auf das Wachstum nicht direkt erkennbar ist. Es können daher nur Wechselwirkungen zwischen Planktongruppen ohne Zeitverzögerung oder zwischen Planktongruppen mit einer langen Generationszeit wie etwa die der Copepoden (Kiefer, F. 1960) entdeckt werden.

III.2.1 pH - O_2 Kreuzkorrelation

Der pH-Wert und der im Wasser gelöste Sauerstoff waren ohne Zeitverschiebung (`lag0`) sehr stark positiv korreliert mit einem Kreuzkorrelationskoeffizienten von $\rho'_{pH-O2}(0)\approx 0{,}68$. Auf mögliche Ursachen wird in der Diskussion eingegangen.

Der Graph des gemittelten pH Wertes und der gemittelten Konzentration des gelösten Sauerstoffs (Abb. III.15) zeigten bis auf Woche 32 ein qualitativ identisches Muster. Da beide Parameter in unterschiedlichen Maßeinheiten gemessen wurden, sind sie nicht direkt quantitativ vergleichbar.

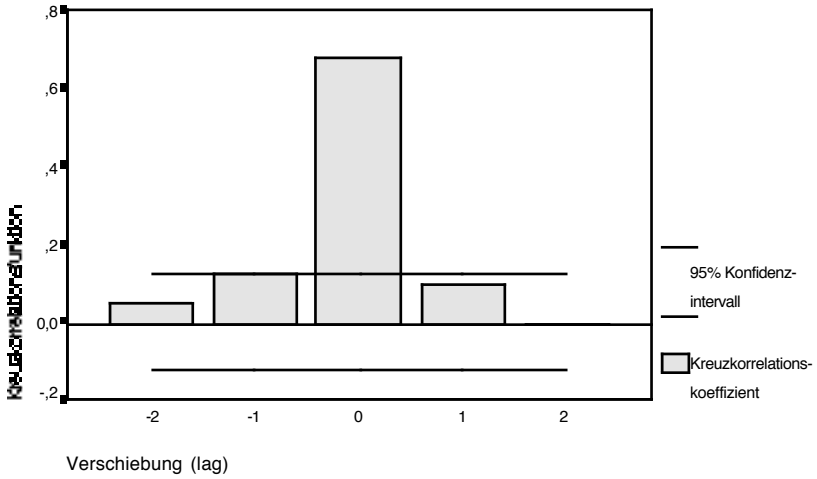

Abbildung III.14: Kreuzkorrelogramm zwischen pH-Wert und Sauerstoffgehalt mit 95% Konfidenzintervall. Die Reihen wurden vorher beide mit einem AR(1) Prozeß gefiltert. pH: α=0,53 β0=3,7. O_2: α=0,54 β0=4,1

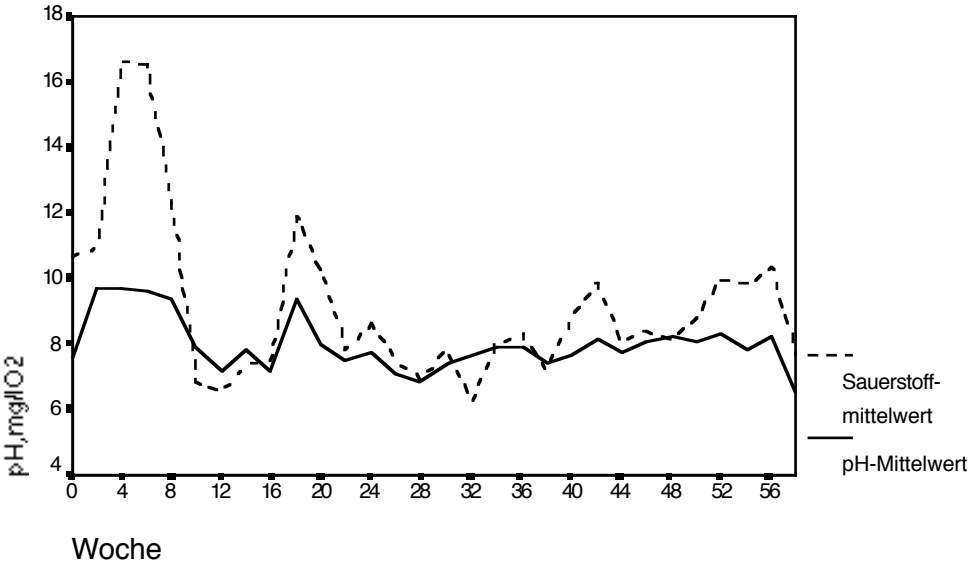

Abbildung III.15: Entwicklung der Mittelwerte der Konzentration des im Wasser gelösten Sauerstoff und des pH Wertes

III.2.2 Rotatorien - Phosphat Kreuzkorrelation

Die Rotatorien standen mit den gemessenen Phosphatwerten von `lag-1` bis `lag2` in negativem semiloglinearen[7] Zusammenhang, wobei der Kreukorrelations-koeffizient bei `lag0` am stärksten negativ war ($\rho'_{\mathtt{Rotat.-PO4}}$ (0)≈-0,3).

Zu beachten ist, daß Phosphat ständig nachgedüngt wurde und dessen Meßpunkte immer die Konzentration vor der Nachdüngung wiedergeben.

Wie in (Abb. III.17) zu sehen ist, entwickelten sich die Rotatorienabundanzen und der Phosphatgehalt jeweils gegenläufig. Da beide Variablen in unterschiedlichen Maßeinheiten gemessen wurden, sind sie nicht direkt quantitativ vergleichbar.

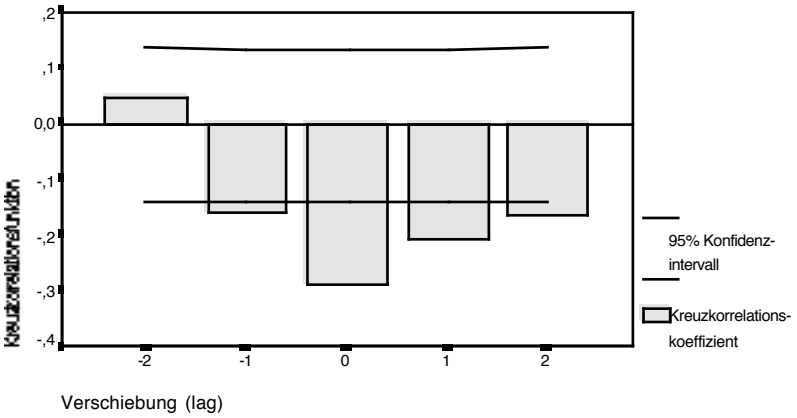

Abbildung III.16: Kreuzkorrelogramm zwischen den logarithmisierten Rotatorienabundanzen und den Phosphatwerten mit 95% Konfidenzintervall. Die Reihen wurden vorher beide mit einem AR(1) Prozeß gefiltert. Rotatorien: α=0,70 β0=0,51. Phosphat: α=0,48 β0=0,2

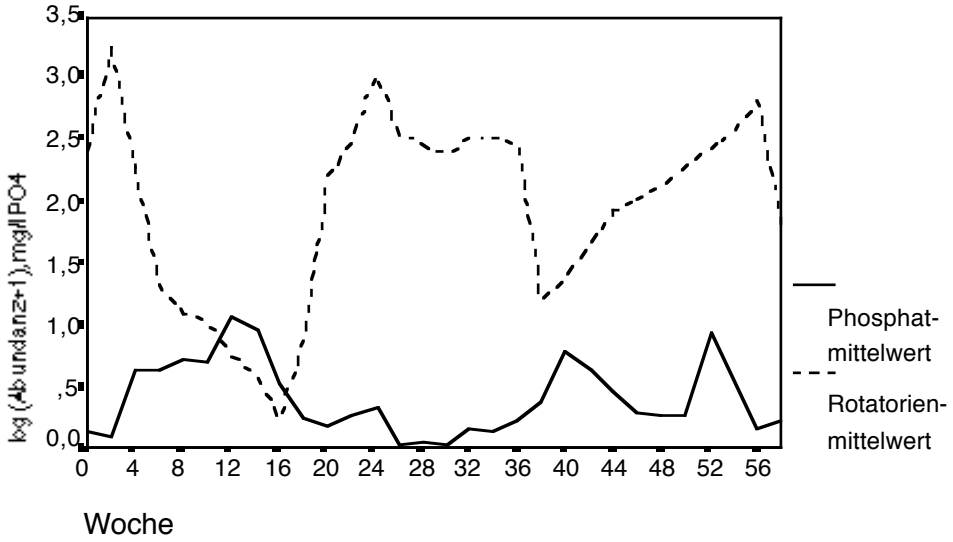

Abbildung III.17: Entwicklung der Mittelwerte der Konzentration des Phosphatgehaltes und der logarithmisierten Rotatorienabundanz

[7] nur die Rotatorienreihen wurden logarithmisiert

III.2.3 Chlorophyceen - Sauerstoff Kreuzkorrelation

Die Chlorophyceen waren mit den Sauerstoffkonzentrationen bei `lag0` und `lag-1` signifikant kreuzkorreliert, wobei der Kreukorrelationskoeffizient bei `lag-1` am höchsten war ($\rho'_{Chloro\text{-}O2}$ (-1)≈0,3).

Bei einer Erhöhung der Sauerstoffkonzentration kam es also gleichzeitig oder 2 Wochen später zu einer Zunahme der Chlorophyceenabundanz. Da beide Variablen in unterschiedlichen Maßeinheiten gemessen wurden, sind sie nicht direkt quantitativ vergleichbar.

Die beiden Graphen in (Abb. III.19) zeigen das gleiche qualitative Verhalten.

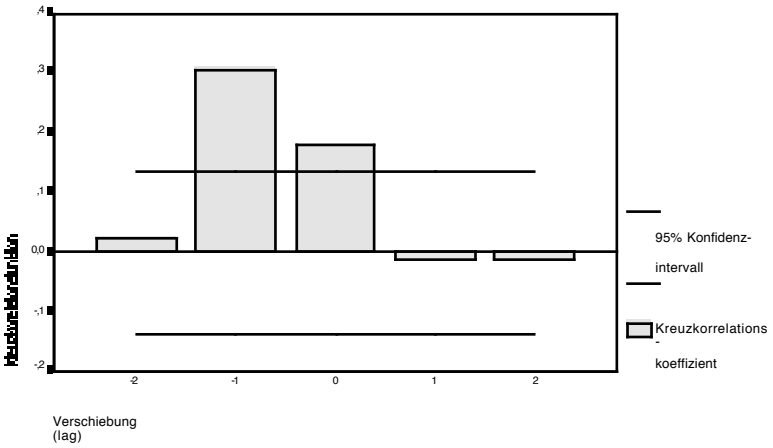

Abbildung III.18: Kreuzkorrelogramm zwischen den logarithmisierten Chlorophyceenabundanzen und der Sauerstoffkonzentration mit 95% Konfidenzintervall. Die Reihen wurden vorher beide mit einem AR(1) Prozeß gefiltert. Chlorophyceen: α=0,53 β0=1,56. Sauerstoff: α=0,54 β0=4,10

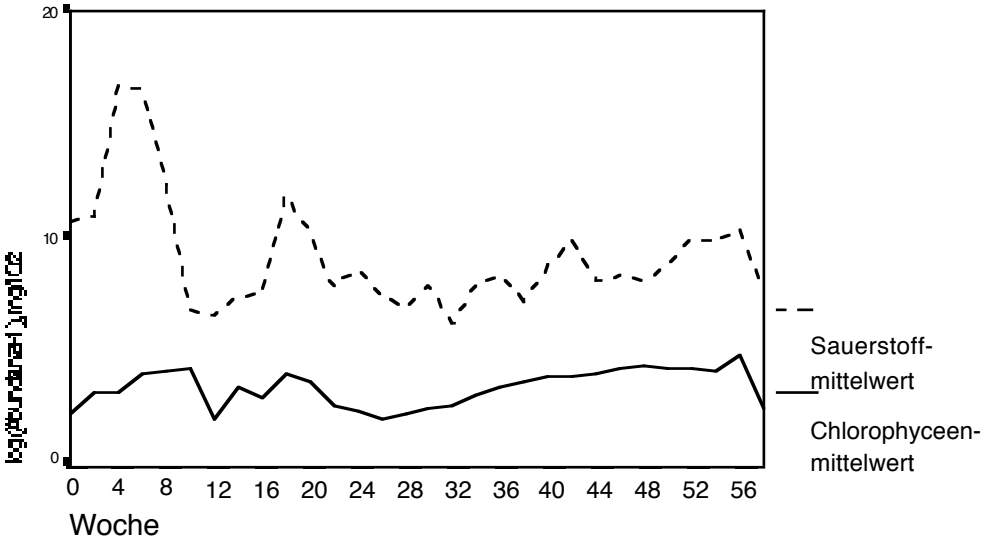

Abbildung III.19: Entwicklung der Mittelwerte der Konzentration der Sauerstoffkonzentration und der logarithmisierten Chlorophyceenabundanz

III.2.4 Copepoden - Copepoden Nauplien Kreuzkorrelation

Zwischen den Copepoden und ihren Nauplienlarven besteht über ihre Generationszeit ein natürlicher zeitlicher Zusammenhang. Die Copepoden waren bei `lag1` knapp signifikant und bei `lag2` deutlich signifikant mit ihren Nauplien loglinear positiv korreliert, d.h. sie liefen ihren Nauplienlarven um 2 bis 4 Wochen voraus. Diese Verschiebung war bereits im Graph in Abb III.12 (siehe **III.1.3**) sichtbar und würde in etwa der Generationszeit der Copepoden entsprechen.

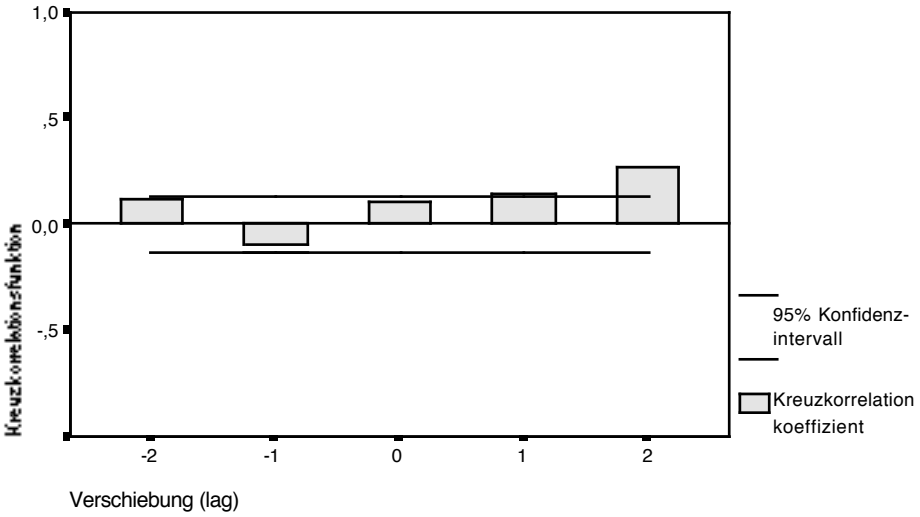

Abbildung III.20: Kreuzkorrelogramm zwischen logarithmisierten Copepoden- und logarithmisierten Copepoden Nauplien-Abundanzen mit 95% Konfidenzintervall. Die Reihen wurden vorher beide mit einem AR(1) Prozeß gefiltert. Copepoden: α=0,50 β0=0,72. Copepepoden Nauplien: α=0,43 β0=1,5

III.3 Regressionen

III.3.1 Allgemeine Bemerkungen zu den Modellabschätzungen

Bei den Modellabschätzungen mittels multipler linearer Regression und dynamischer Regression wurden die 10 Becken wie in **II.5** beschrieben in eine Schätz- und eine Prüfgruppe eingeteilt. Die Zuordnung eines Beckens zu einer der beiden Gruppen erfolgte zufällig. In der Schätzgruppe sind zunächst aus allen unabhängigen Variablen mittels Rückwärtselimination jene ermittelt worden, die signifikante partielle Regressionskoeffizienten hatten. Die partiellen Regressions-koeffizienten dieser Variablen wurden dann nochmals in einer Regression mit den Becken der Prüfgruppe bestimmt. Die Schätzung galt als bestätigt, wenn die Koeffizienten auch in der Prüfgruppe signifikant waren und in beiden Gruppen in der gleichen Größenordnung lagen. Allerdings sollte man die Prüfkriterien nicht zu strikt auslegen, da man pro Beckengruppe nur 5 Stichproben hatte.
Um die Güte des Modells optisch zu überprüfen, wurden aus den Daten der Prüfbecken mit den Modellparametern der Schätzbecken Vorhersagen berechnet und mit den Originaldaten der Prüfbecken überlagert in einem Graph gegen die Zeit aufgetragen. Zusätzlich wurde für jedes Modell noch der in **II.4.2.2** beschriebene Autokorrelationsplot der Residuen gemacht, um $\mathrm{Cov}(\varepsilon_m,\varepsilon_n)=0$ für $m\neq n$ abzusichern. Die Residuen waren in keiner Regression autokorreliert. Auf die Abbildung der Plots wurde verzichtet.

III.3.2 Multiple lineare Regressionen mit differenzierten Abundanzen

Es wurde die klassische lineare Regression der Form

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + ... + \beta_p x_p + \varepsilon$$

wie in **II.3.1** beschrieben mit differenzierter Reihe als abhängiger Variablen gewählt. Differenzieren bedeutet, daß die Differenzen $df[\log(X_t)]$ der aufeinander folgenden logarithmisierten Werte einer Zeitreihe gebildet wurden (siehe **II.6**). Dies entsprach den logarithmisierten Wachstumsraten:

$$df[\log(X_t)] = \log(X_{t+1}) - \log(X_t) = \log(X_{t+1}/X_t).$$

Durch die Differenzenbildung hatten die Reihen ihre Autokorrelation verloren, was ein Autokorrelationsplot der Residuen bestätigte (nicht abgebildet, siehe auch **II.4.5.1**).
Die Variablenselektion in den Schätzbecken erfolgte durch Rückwärtselimination. Da alle unabhängigen Variablen dieselbe Einheit hatten, konnten die Werte ihrer partiellen Regressionkoeffizienten untereinander verglichen werden.
(Tab. III.12) gibt eine Übersicht über die signifikanten partiellen Regressions-koeffizienten aller Regressionen mit differenzierten Reihen. Zwischen 3 und 5 unabhängige Variablen von insgesamt 10 hatten in den Regressionen einen signifikant von Null verschiedenen Einfluß auf die jeweiligen differenzierten Planktonabundanzen.
Die negative Beziehung der partiellen Regressions-koeffizienten einer Planktongruppe zu ihrer Wachstumsrate bedeutet, daß ihr Wachstum bei zunehmender Individuenzahl abnimmt. Die positive Konstante bedeutet, daß es bei geringer Populationsdichte (alle unabhängige Variablen nahe Null) zu einem Wachstum kommt.
Die Phyllopoden hatten bis auf die Copepoden Nauplien und die Rotatorien auf alle anderen Planktongruppen im Schätz- und Prüfbecken einen signifikant negativen Einfluß.
Die geschätzten Koeffizienten der Cyanobakterien konnten in 5 von 6 Fällen nicht bestätigt werden. Hier macht sich der in **III.1.1** angesprochene negative Einfluß der Nullabundanzen bemerkbar.
Die Regressionen der Phyllopoden und der Chlorophyceen werden in **III.3.2.1** und **III.3.2.2** stellvertretend für die übrigen ausführlich besprochen.

Tabelle III.12: Übersicht über die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller berechneten Regressionen der differenzierten Reihen in den Schätzbecken. Jede Zeile entspricht einer Regression. In der Tabelle wird nur das Vorzeichen der signifikanten β-Werte angegeben. Ein Stern bedeutet, daß der partielle Regressionskoeffizient in den Prüfbecken dasselbe Vorzeichen hatte und ebenfalls signifikant war. Als abhängige Variablen wurden die differenzierten log(Abundanz+1)-Werte der einzelnen Artengruppen gewählt, als unabhängige Variablen die log(Abundanz+1)-Werte aller Artengruppen. Es gelten folgende Abkürzungen: Konstante=β0, Chlorophyceen Flagellaten=Chlfl, Chlorophyceen=Chlor, Copepoden=Copep, Copepoden Nauplien=Copna, Cyanobakterien=Cyano, Diatomeen=Diato, Flagellaten=Flagl, Mikroalgen=Mikro, Phyllopoden=Phylo, Rotatorien=Rotat, Bestimmtheitsmaß der Prüfbecken=Rsqr

unabh. Variablen	β0	Chlfl	Chlor	Copep	Copna	Cyano	Diato	Flagl	Mikro	Phylo	Rotat	Rsqr
abh. Variablen												
df(Chlfl)	+*	-*				-				-*		0,49
df(Chlor)	+*		-*			-	-*			-*	-*	0,45
df(Copep)	+*		-	-*					+	-*		0,47
df(Copna)	+*			+*	-*							0,49
df(Cyano)	+*			+		-*	-*		+	-*		0,44
df(Diato)	+*			+*		-	-*			-*	+*	0,46
df(Flagl)	+*	-*						-*		-*		0,37
df(Mikro)	+*				+*		-*		-*	-*		0,59
df(Phylo)	+*					-			+	-*		0,42
df(Rotat)	+*				-*	-	-*				-*	0,28

III.3.2.1 Phyllopoden

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.13) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Die partiellen Regressionskoeffizienten waren in den Schätzbecken höchst signifikant, in den Prüfbecken war jedoch nur der partielle Regressionskoeffizient der logarithmisierten Phyllopodengruppe signifikant, jedoch lag er um 0,2 über dem Wert der Schätzbecken. Laut Modell (3.1) haben also Phyllopoden und Cyanobakterien einen negativen, Mikroalgen einen positiven Einfluß auf die Wachstumsrate der Phyllopoden.
Modell (3.1) konnte die Wachstumsraten in den Prüfbecken nur ungenügend beschreiben, was sich auch in dem niedrigen Wert des Bestimmtheitsmaßes äußert. Dementsprechend stimmten die aus den Prüfbecken gemachten Vorhersagen mit den tatsächlichen Werten schlecht überein. Speziell in Becken 1 und 10 divergierten zwischen Woche 32 und 52 Vorhersage und tatsächlicher Wert beträchtlich.

Tabelle III.13: Zusammenfassung des Phyllopodenmodells mit differenzierten logarithmisierten Phyllopodenreihen als abhängige Variable Y. Die unabhängigen Variablen X1 bis X3 waren die logarithmisierten biologischen Abundanzen, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Zuwachsrate beitrugen. Das Bestimmtheitsmaß ist Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt.

Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken	
	Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y = df(Phyllopoden)				
X1 = Phyllopoden	$\beta 1$ = -0,58	<0,001	$\beta 1$ = -0,38	<0,001
X2 = Cyanobakterien	$\beta 2$ = -0,16	<0,001	$\beta 2$ = 0,07	<0,07
X3 = Mikroalgen	$\beta 3$ = 0,21	<0,001	$\beta 3$ = 0,04	<0,44
$\beta 0$ = Konstante	$\beta 0$ = 0,49	<0,1	$\beta 0$ = 0,42	<0,01
	Rsqr = 0,43		Rsqr = 0,25	
	pOF <0,001		pOF <0,001	

$$Y = 0,49 - 0,58*X1 - 0,16*X2 + 0,21*X3 \qquad (3.1)$$

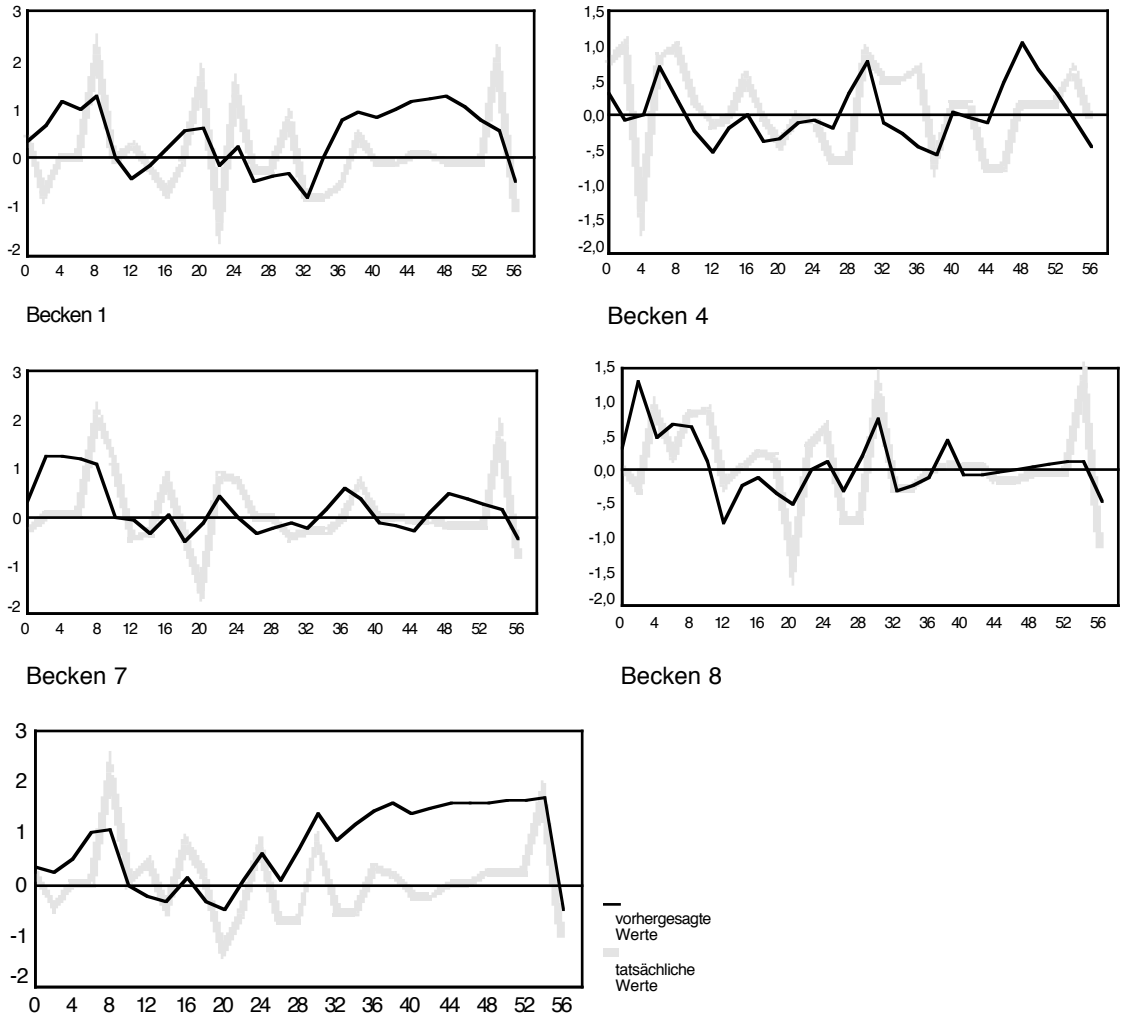

Abbildung III.21: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Wachstumsrate der Phyllopoden (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.1) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.3.2.2 Chlorophyceen

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.14) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Die partiellen Regressionskoeffizienten waren alle in den Schätzbecken alle negativ und bis auf den der Cyanobakterien alle höchst signifikant. In den Prüfbecken waren die Koeffizienten ebenfalls alle negativ und bis auf den der Cyanobakterien mindestens signifikant auf dem 0,05 Niveau.
Laut Modell (3.2) haben also Chlorophyceen, Cyanobakterien, Diatomeen, Phyllopoden und Rotatorien einen negativen Einfluß auf die Wachstumsrate der Chlorophyceen.
Die mit Modell (3.2) aus den Prüfbecken gemachte Vorhersagen stimmen mit den tatsächlichen Werten in den Prüfbecken gut überein (Abb. III.22), lediglich in Woche 30 Becken 8 und Woche 34, 36 in Becken 4 decken sich die Werte nicht. Außerdem sind die vorhergesagten Werte im Allgemeinen gedämpfter als die Originalwerte.

Tabelle III.14: Zusammenfassung des Chlorophyceenmodells mit differenzierten logarithmisierten Chlorophyceenreihen als abhängige Variable Y. Die unabhängigen Variablen X1 bis X5 waren die logarithmisierten biologischen Abundanzen, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Zuwachsrate beitrugen. Das Bestimmtheitsmaß ist Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt.

Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken	
	Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y = df(Chlorophyceen)				
X1 = Chlorophyceen	β_1 = -0,52	<0,001	β_1 = -0,46	<0,001
X2 = Cyanobakterien	β_2 = -0,11	<0,05	β_2 = -0,07	<0,23
X3 = Diatomeen	β_3 = -0,23	<0,001	β_3 = -0,14	<0,05
X4 = Phyllopoden	β_4 = -0,44	<0,001	β_4 = -0,48	<0,001
X5 = Rotatorien	β_5 = -0,31	<0,001	β_5 = -0,26	<0,01
β_0 = Konstante	β_0 = 3,54	<0,001	β_0 = 3,07	<0,001
	Rsqr = 0,45		Rsqr = 0,39	
	pOF <0,001		pOF <0,001	

$$Y = 3{,}54 - 0{,}52 \cdot X1 - 0{,}11 \cdot X2 - 0{,}23 \cdot X3 - 0{,}44 \cdot X4 - 0{,}31 \cdot X5 \qquad (3.2)$$

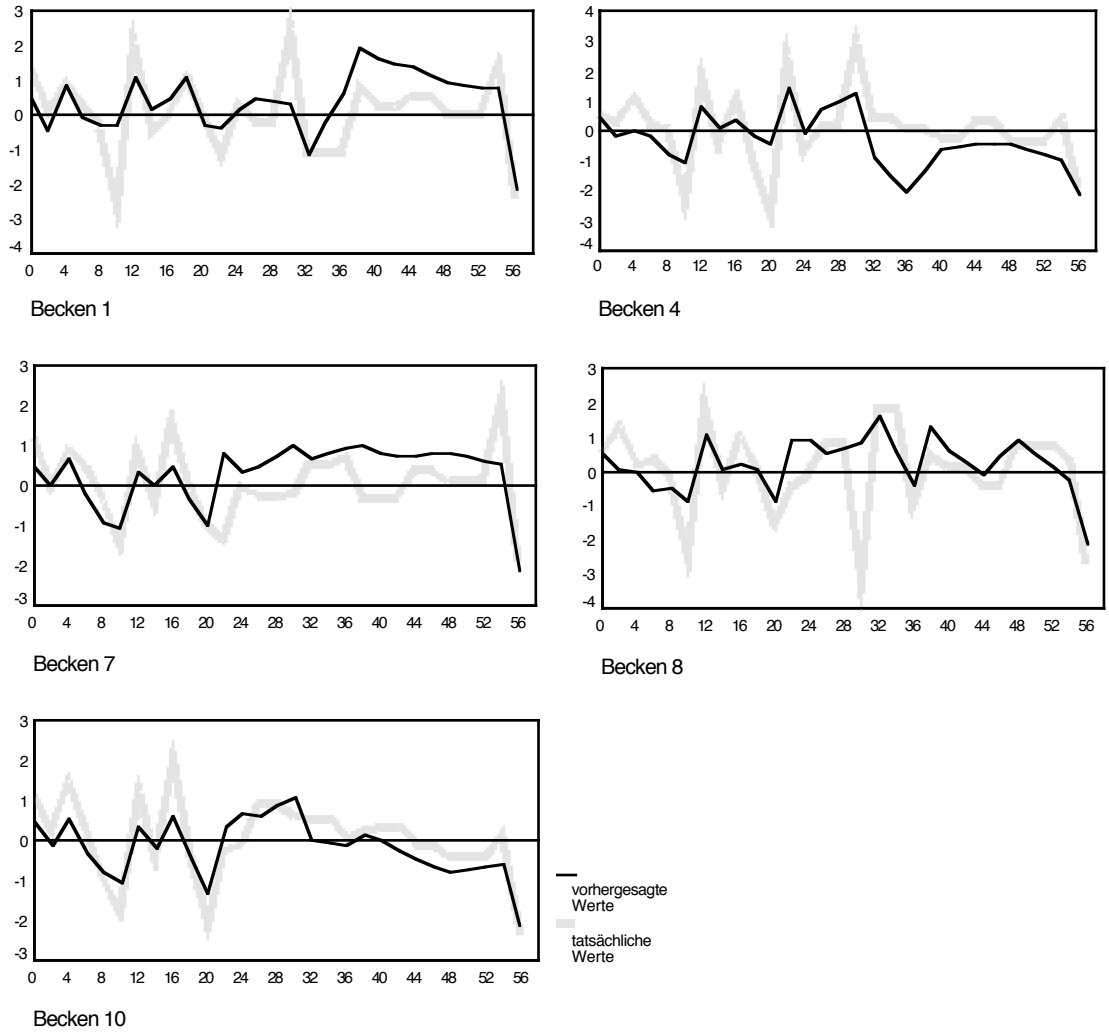

Abbildung III.22: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Wachstumsrate der Chlorophyceen Flagellaten (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.2) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.3.3 Dynamische Regressionen mit Planktonabundanzen als Regressoren

Es wurde die dynamische Regression der Form

$$Y_{(t)} = \alpha Y_{(t-1)} + \beta_0 + \beta_1 X_{1(t-1)} + \ldots + \beta_p X_{p(t-1)} + \varepsilon$$

wie in **II.4.5** beschrieben gewählt mit den logarithmisierten Planktonabundanzen als abhängiger Variable und den um `lag1` verschobenen übrigen Plankton-abundanzen als unabhängige Variablen. Das dynamische Glied $Y_{(t-1)}$ hob die Autokorrelation der Residuen auf, was ein Autokorrelationsplot der Residuen bestätigte (nicht abgebildet, siehe auch **II.4.5.1**).
Die Variablenselektion in den Schätzbecken erfolgte durch Rückwärtselimination. Der autoregressive Faktor entsprach dabei dem partiellen Regressionskoeffizienten der um `lag1` verschobenen Abundanz der abhängigen Variable.
Da alle unabhängigen Variablen dieselbe Einheit hatten, konnten die Werte ihrer partiellen Regressionkoeffizienten untereinander verglichen werden.
(Tab. III.15) gibt eine Übersicht über die signifikanten partiellen Regressions-koeffizienten aller dynamischen Regressionen mit den Planktongruppen als unabhängige Variablen. In den Regressionen waren jeweils zwischen 1 (Copepoden) und 4 (Chlorophyceen) von 9 partiellen Regressionskoeffizienten signifikant von Null verschieden.
Auffallend ist besonders, daß die in den Schätzbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten der Cyanobakterien wie in **III.3.2** in den Prüfbecken nicht bestätigt wurden. Die Phyllopoden hatten auf alle anderen Planktongruppen bis auf die Rotatorien und Copepoden Nauplien einen signifikant negativen Einfluß sowohl im Schätz-, als auch im Prüfbecken.
Die dynamischen Regressionen der Copepoden Nauplien und der Chlorophyceen werden in **III.3.3.1** und **III.3.3.2** stellvertretend für die übrigen Planktongruppen ausführlich besprochen.
Bei den abgebildeten Graphen mit vorhergesagten und tatsächlichen Werten muß man beachten, daß die Vorhersagen im Vergleich zu den Originaldaten durch das dynamische Glied $Y_{(t-1)}$ sowohl gedämpft als auch verzögert wurden. Außerdem war für den ersten Meßpunkt keine Vorhersage möglich, da es ja für ihn keinen vorangegangenen Wert gab.

Tabelle III.15: Übersicht über die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller in den Schätzbecken berechneten dynamischen Regressionen mit den biologischen Abundanzen. Jede Zeile entspricht einer Regression. In der Tabelle wird nur das Vorzeichen der signifikanten β-Werte angegeben. Ein Stern bedeutet, daß der partielle Regressionskoeffizient in den Prüfbecken dasselbe Vorzeichen hatte und ebenfalls signifikant war. Als abhängige Variablen wurden jeweils die log(Abundanz+1)-Werte der einzelnen Artengruppen gewählt, als unabhängige Variablen die um `lag1` verschobenen log(Abundanz+1)-Werte aller Artengruppen und das autoregressive Glied, d.h. die um `lag1` verschobenen log(Abundanz+1)-Werte der abhängigen Variable. Es gelten folgende Abkürzungen: Konstante=$\beta 0$, Chlorophyceen Flagellaten=Chlfl, Chlorophyceen=Chlor, Copepoden=Copep, Copepoden Nauplien=Copna, Cyanobakterien=Cyano, Diatomeen=Diato, Flagellaten=Flagl, Mikroalgen=Mikro, Phyllopoden=Phylo, Rotatorien=Rotat, Bestimmtheitsmaß der Prüfbecken=Rsqr. In der Hauptdiagonalen stehen die autoregressiven Faktoren der jeweiligen Planktongruppen.

unabh. Variablen	$\beta 0$	Chlfl	Chlor	Copep	Copna	Cyano	Diato	Flagl	Mikro	Phylo	Rotat	Rsqr
abh. Variablen												
Chlorophyc. Flag.	+*	+*	-							-*		0,23
Chlorophyceen	+*		+*			-	-*			-*	-*	0,38
Copepoden	+*		-	+*					+	-*		0,31
Copep. Naupl.	+*			+*	+*							0,42
Cyanobakterien	+*			+		+*	-*			-*		0,51
Diatomeen				+		-	+*			-*		0,37
Flagellaten	+*	-*						+*		-*		0,29
Mikroalgen	+*				+*		-*		+*	-*		0,40
Phyllopoden	+*					-			+	+*		0,52
Rotatorien	+*				-*	-	-*				+*	0,61

III.3.3.1 Copepoden Nauplien

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.16) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Alle Parameter waren in den Schätzbecken wie Prüfbecken höchst signifikant. Auffallend ist, daß von allen Planktongruppen lediglich die Copepoden einen signifikanten Einfluß auf die Nauplienlarven hatten. Vergleicht man die Werte der Regressionskoeffizienten in Schätz- und Prüfbecken, dann kann man sagen, daß Copepoden und Copepoden Nauplien einen ähnlichen, positiven Einfluß auf die Copepoden Nauplien-Abundanzen des nächsten Meßzeitpunktes hatten.
Die Vorhersagen in den 5 Becken deckten sich gut mit den tatsächlichen Werten, lediglich die Extrema der Originalreihen wurden gedämpft. Die in **III.3.3** erwähnte Verzögerung der Graphen war hier anhand der in den Vorhersagen verschobenen Maxima und Minima gut zu erkennen.

Tabelle III.16: Zusammenfassung des dynamischen Regressionsmodells mit Copepoden Nauplien als abhängiger Variable Y und α als autoregressiven Faktor. Die unabhängige Variable X1 war die um `lag1` verschobene logarithmisierte biologische Abundanz, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Abundanz beitrug. Das Bestimmtheitsmaß wurde Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt.

	Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken	
		Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y =	Copep. Naupl.	α = 0,36	<0,001	α = 0,24	<0,001
X1 =	Copepoden	$\beta 1$ = 0,28	<0,001	$\beta 1$ = 0,38	<0,001
$\beta 0$ =	Konstante	$\beta 0$ = 1,29	<0,001	$\beta 0$ = 1,34	<0,001
		Rsqr = 0,42		Rsqr = 0,32	
		pOF <0,001		pOF <0,001	

$$Y_t = 1{,}29 + 0{,}36 * Y_{t-1} + 0{,}28 * X1_{t-1} \qquad (3.3)$$

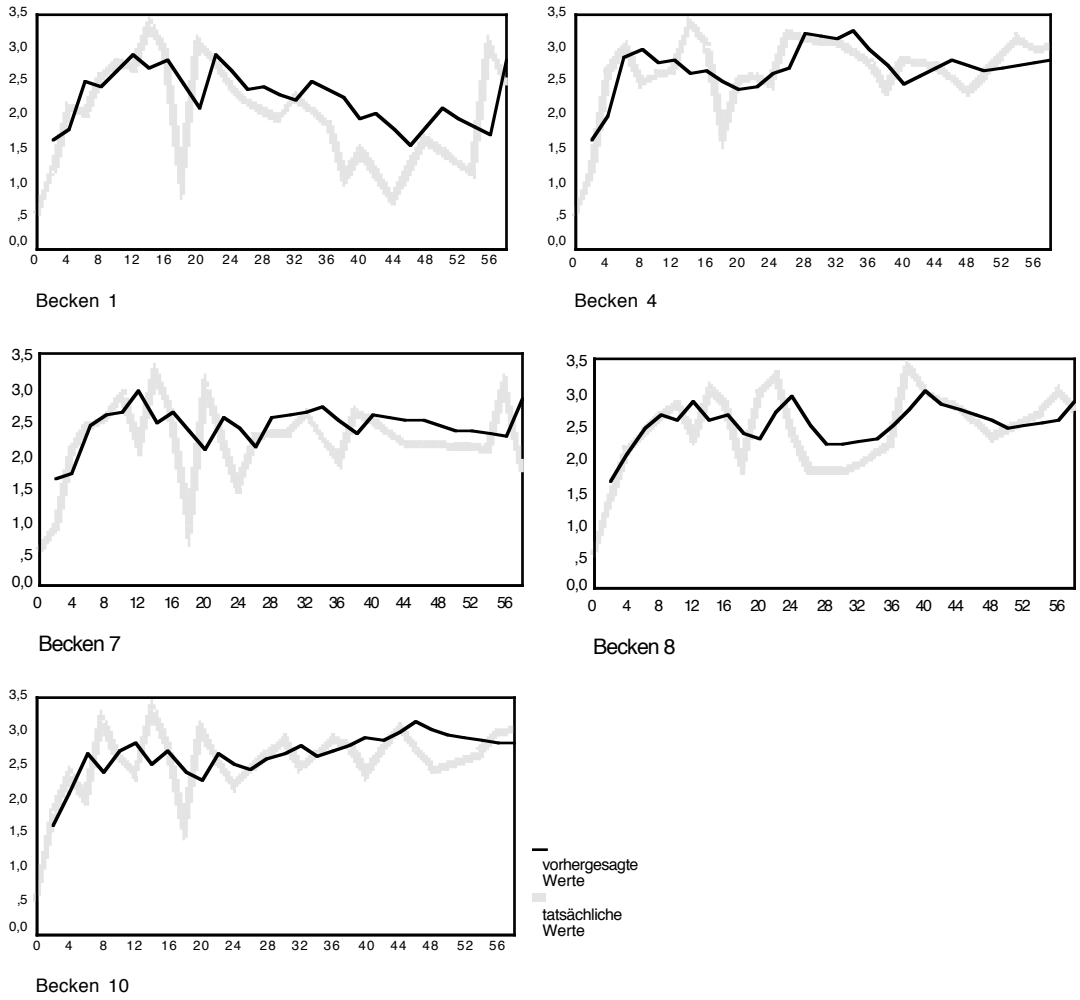

Abbildung III.23: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Abundanzen der Copepoden Nauplien (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.3) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.3.3.2 Chlorophyceen

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.17) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Bis auf die Abundanzen der Cyanobakterien waren alle Parameter in den Schätzbecken höchst signifikant und in den Prüfbecken ebenfalls signifikant. Der partielle Regressionskoeffizient der Cyanobakterien war in den Schätzbecken zwar signifikant, jedoch nicht in den Prüfbecken.
Cyanobakterien, Diatomeen, Phyllopoden und Rotatorien hatten alle einen negativen Einfluß auf die Chlorophyceen, die Zooplankter erreichten mit -0,43 (Phyllopoden) und -0,30 (Rotatorien) die negativsten partiellen Regressions-koeffizienten. Auffallend ist das um 0,05 höhere Bestimmtheitsmaß in den Prüfbecken.
In Becken 1, Woche 38-54 und Becken 4, Woche 32-40 wichen die vorhergesagten Werte von den tatsächlichen Werten ab, ansonsten waren die Vorhersagen, speziell in Becken 10, recht genau. Die Graphen in Becken 7 (Abb. III.24) illustrieren die in **III.3.3** erwähnte Verzögerung, die in Becken 1 die Dämpfung der Vorhersagen.

Tabelle III.17: Zusammenfassung des dynamischen Regressionsmodells mit Chlorophyceen als abhängiger Variable Y und α als autoregressiven Faktor. Die unabhängigen Variablen X1 bis X4 waren die um `lag1` verschobenen logarithmisierten biologischen Abundanzen, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Abundanz beitrugen. Das Bestimmtheitsmaß wurde Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt.

	Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken	
		Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y =	Chlorophyceen	α = 0,49	<0,001	α = 0,57	<0,001
X1 =	Cyanobakterien	$\beta 1$ = -0,11	<0,05	$\beta 1$ = -0,07	<0,23
X2 =	Diatomeen	$\beta 2$ = -0,23	<0,001	$\beta 2$ = -0,16	<0,05
X3 =	Phyllopoden	$\beta 3$ = -0,43	<0,001	$\beta 3$ = -0,49	<0,001
X4 =	Rotatorien	$\beta 4$ = -0,30	<0,001	$\beta 4$ = -0,25	<0,05
$\beta 0$ =	Konstante	$\beta 0$ = 3,45	<0,001	$\beta 0$ = 2,98	<0,001
		Rsqr = 0,39		**Rsqr = 0,44**	

$$Y_t=3,45+0,49*Y_{t-1}-0,11*X1_{t-1}-0,23*X2_{t-1}-0,43*X3_{t-1}-0,3*X4_{t-1} \quad (3.4)$$

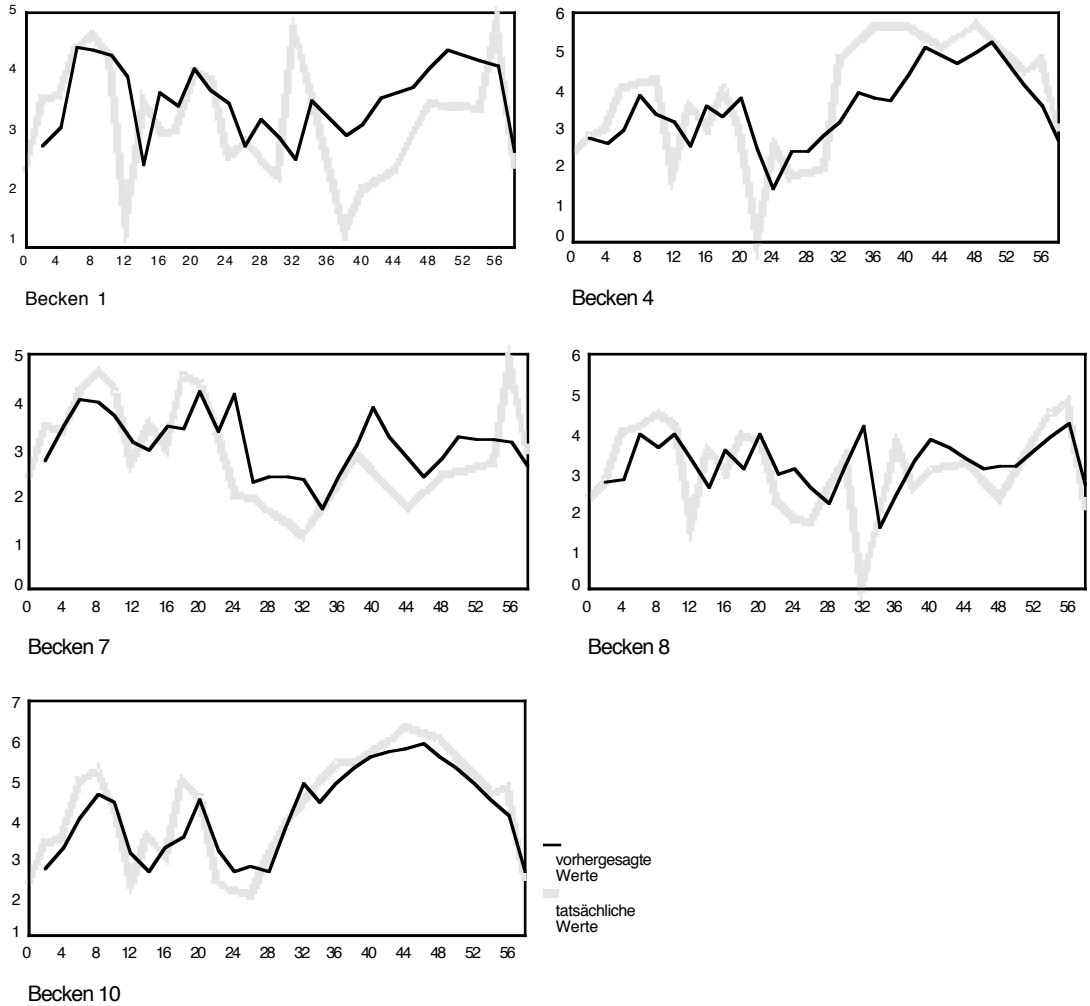

Abbildung III.24: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Abundanzen der Chlorophyceen (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.4) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.3.4 Dynamische Regressionen mit physikalischen Regressoren

Es wurde die dynamische Regression der Form

$$Y_{(t)} = \alpha Y_{(t-1)} + \beta_0 + \beta_1 X_{1(t-1)} + \ldots + \beta_p X_{p(t-1)} + \varepsilon$$

wie in **II.4.5** beschrieben gewählt mit den um `lag1` verschobenen physikalischen Parametern pH, Ammonium, Leitfähigkeit, Temperatur, Phosphat und Sauerstoff als unabhängige Variablen und der logarithmisierten Planktonabundanz als abhängige Variable. Das dynamische Glied $Y_{(t-1)}$ hob die Autokorrelation der Residuen auf, was ein Autokorrelationsplot der Residuen bestätigte (nicht abgebildet, siehe auch **II.4.5.1**). Da die entsprechenden unabhängigen Variablen in unterschiedlichen Dimensionen gemessen wurden, waren die Beträge der partiellen Regressions-koeffizienten nicht untereinander vergleichbar, denn die unterschiedlichen Größenordnungen der Meßwerte schlugen sich in den unterschiedlichen Größenordnungen ihrer partiellen Regressionskoeffizienten nieder. So lagen die gemessenen Werte der Leitfähigkeit zwischen 120-220 μS, die der Phosphat-konzentration typischerweise zwischen 0,1 und 2,0 mg/l. Die Beträge der partiellen Regressionskoeffizienten der Leitfähigkeit schwankten zwischen 0,006 und 0,02, die der Phosphatkonzentration zwischen 0,6 und 1,2.

(Tab. III.18) gibt eine Übersicht über die Variabilität der in den Regressionen verwendeten physikalischen Parameter. Lediglich die Werte für Ammonium und Phosphat unterschieden sich innerhalb eines Beckens um bis zu 2 Größen-ordnungen, insgesamt waren die Schwankungen der physikalischen Zeitreihen wesentlich geringer als die der biologischen.

Die Variablenselektion in den Schätzbecken erfolgte durch Rückwärtselimination. (Tab. III.19) faßt die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller dynamischen Regressionen mit den physikalischen Parametern als unabhängige Variablen zusammen. In den Regressionen waren jeweils zwischen 1 (Rotatorien, Copepoden) und 4 (Mikroalgen) partielle Regressionskoeffizienten von insgesamt 6 signifikant von Null verschieden.

Auffallend war die durchweg positive Beziehung der Sauerstoffkonzentration zum Phytoplankton und die hohen Werte des autoregressiven Faktors und des Bestimmtheitsmaßes bei den Cyanobakterien.
Die dynamischen Regressionen der Rotatorien und der Mikroalgen werden in **III.3.4.1** und **III.3.4.2** stellvertretend für die übrigen Planktongruppen ausführlich besprochen.
Die Phosphatkonzentration des Prüfbeckens 7 in Woche 54 war höchstwahr-scheinlich ein Artefakt, da sie 22 Standardabweichungen über dem Mittelwert der anderen Becken zu diesem Zeitpunkt lag. Die Abweichungen der Phosphat-konzentrationen der einzelnen Becken vom Mittelwert betrug zu den übrigen Zeitpunkten höchstens 2,8 Standardabweichungen. Daher wurde in den Prüfbecken eine Regression mit und eine ohne den Wert der Phosphat-konzentration von Becken 7, Woche 54 berechnet.
Bei den abgebildeten Graphen mit vorhergesagten und tatsächlichen Werten muß man beachten, daß die Vorhersagen im Vergleich zu den Originaldaten durch das dynamische Glied $Y_{(t-1)}$ sowohl gedämpft als auch verzögert wurden. Außerdem war für den ersten Meßpunkt keine Vorhersage möglich, da es ja für ihn keinen vorangegangenen Wert gab.

Tabelle III.18: Übersicht über die Minimal- und Maximalwerte (Min., Max.) der in den Regressionen verwendeten physikalischen Parameter nach Becken geordnet. Es gelten folgende Abkürzungen: Leitfähigkeit=LF, Ammonium=NH4, Sauerstoff=O2, pH=pH, Phosphat=PO4, Temperatur=T

phys. Parameter	LF in µS		NH4 in mg/l		O2 in mg/l		pH		PO4 in mg/l		T in °C	
	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.
Becken 1	114	234	0,01	4,4	4,3	15,9	6,51	9,76	0,02	0,97	14,9	25,3
Becken 2	132	224	0,01	4,4	2,6	18,0	6,58	9,81	0,03	1,83	14,8	25,3
Becken 3	73	238	0,01	4,4	3,5	12,0	6,39	9,8	0,03	1,24	14,8	25,4
Becken 4	113	234	0,01	4,4	1,2	16,1	6,53	9,68	0,04	1,31	14,6	25,3
Becken 5	94	230	0,01	4,4	5,7	14,4	6,43	9,64	0,05	0,97	14,4	25,7
Becken 6	126	224	0,01	4,4	4,8	20,2	6,28	10,23	0,03	0,97	14,9	25,9
Becken 7	97	224	0,01	4,4	5,5	19,2	6,34	10,45	0,01	5,48	14,9	25,5
Becken 8	107	224	0,01	4,4	1,4	20,1	6,13	10,22	0,01	1,63	14,9	25,4
Becken 9	108	224	0,01	4,4	3,0	20,6	6,53	10,47	0,02	1,33	14,9	25,4
Becken 10	128	234	0,01	4,4	2,4	20,0	6,54	10,62	0,02	1,38	14,9	25,5

Tabelle III.19: Übersicht über die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller berechneten dynamischen Regressionen mit physikalischen Parametern in den Schätzbecken. Jede Zeile entspricht einer Regression. In der Tabelle wird nur das Vorzeichen der signifikanten β-Werte angegeben. Ein Stern bedeutet, daß der partielle Regressionskoeffizient in den Prüfbecken dasselbe Vorzeichen hatte und ebenfalls signifikant war. Als abhängige Variablen wurden jeweils die log(Abundanz+1)-Werte der einzelnen Artengruppen gewählt, als unabhängige Variablen die um `lag1` verschobenen physikalischen Zeitreihen und das autoregressive Glied, d.h. die um `lag1` verschobenen log(Abundanz+1)-Werte der abhängigen Variable. Es gelten folgende Abkürzungen: autoregressives Glied=α, Konstante=$\beta 0$, Leitfähigkeit=LF, Ammonium=NH4, Sauerstoff=O2, pH=pH, Phosphat=PO4, Temperatur=T, Bestimmtheitsmaß der Prüfbecken=Rsqr

unabhängige Variablen	$\beta 0$	α	LF	NH4	O2	pH	PO4	T	Rsqr
abhängige Variable									
Chlorophyceen Flagellaten	-*	+*	+*		+*		-		0,33
Chlorophyceen	+*	+*			+*		+		0,26
Copepoden	+*	+*		-*					0,30
Copepoden Nauplien	+	+*				+*			0,36
Cyanobakterien	+*	+*							0,54
Diatomeen	+	+*	+*		+*	-		-*	0,62
Flagellaten		+*			+*				0,25
Mikroalgen	+*	+*	-*	+*	+*			-*	0,42
Phyllopoden	+*	+*			-			-*	0,49
Rotatorien	+*	+*					-*		0,60

III.3.4.1 Rotatorien

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.20) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Die Regressionsparameter in den Schätzbecken waren alle höchst signifikant, der partielle Regressionskoeffizient des Phosphats war in den Prüfbecken nicht mehr signifikant. Das Bestimmtheitsmaß hatte im Schätzbecken den zweithöchsten Wert aller berechneten Regressionen überhaupt.
Die Kreuzkorrelation in **III.2.2** legte bereits einen negativen Zusammenhang zwischen Rotatorien und Phosphat nahe, der durch die Variablenselektion in den Schätzbecken bestätigt wurde. Phosphat war von den übrigen physikalischen Parametern pH, Sauerstoff, Ammonium, Leitfähigkeit und Temperatur der einzige, der in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Rotatorienabundanzen beitrug.
Die Vorhersagen deckten sich sehr gut mit den Originalwerten, wenn man von der den dynamischen Regressionsplots eigenen Verzögerung absieht. In Woche 54, Becken 7 (Abb. III.25) kam es jedoch zu einer außergewöhnlich starken Abweichung des vorhergesagten Wertes vom tatsächlichen Wert. Bei genauer Untersuchung dieser Vorhersageanomalie stellte ich fest, daß zu Woche 54 der Wert der um `lag1` verschobenen Phosphatkonzentration in Becken 7 (5,48 mg/l) den Mittelwert der übrigen 9 Becken (Mittelwert: 0,43; Standardabweichung: 0,22) um mehr als 22 Standardabweichungen übertraf, während die Abweichungen der einzelnen Beckenwerte vom Mittelwert zu den übrigen Zeitpunkten maximal 2,8 Standardabweichungen betrugen. Dieser Befund legte die Vermutung nahe, daß in Becken 7 ein falscher Wert beobachtet wurde.
Eine Regression in den Prüfbecken ohne den Phosphatwert von Woche 54 in Becken 7 bestätigte zudem die Regressionsparameter der Schätzbecken (Tab. III.20).

Tabelle III.20: Zusammenfassung des dynamischen Regressionsmodells mit Rotatorien als abhängiger Variable Y und α als autoregressiven Faktor. Die unabhängige Variable X1 war die um `lag1` verschobene physikalische Zeitreihe, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Abundanz beitrug. Das Bestimmtheitsmaß wurde Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt. Zusätzlich ist die Regression in den Prüfbecken angegeben, wenn der Phosphatwert in Woche 54 von Becken 7 weggelassen worden wäre (siehe Erklärung im Text).

Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken		Prüfbecken ohne B7, W54	
	Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y = Rotatorien	α = 0,56	<0,001	α = 0,65	<0,001	α = 0,59	<0,001
X1 = Phosphat	$\beta 1$ = -0,94	<0,001	$\beta 1$ = -0,13	<0,28	$\beta 1$ = -0,42	<0,05
$\beta 0$ = Konstante	$\beta 0$ = 1,13	<0,001	$\beta 0$ = 0,61	<0,001	$\beta 0$ = 0,84	<0,001
	Rsqr = 0,60	**pOF <0,001**	**Rsqr = 0,44**	**pOF <0,001**	**Rsqr = 0,47**	**pOF <0,001**

$$Y_t = 1{,}13 + 0{,}56 * Y_{t-1} - 0{,}94 * X1_{t-1} \qquad (3.5)$$

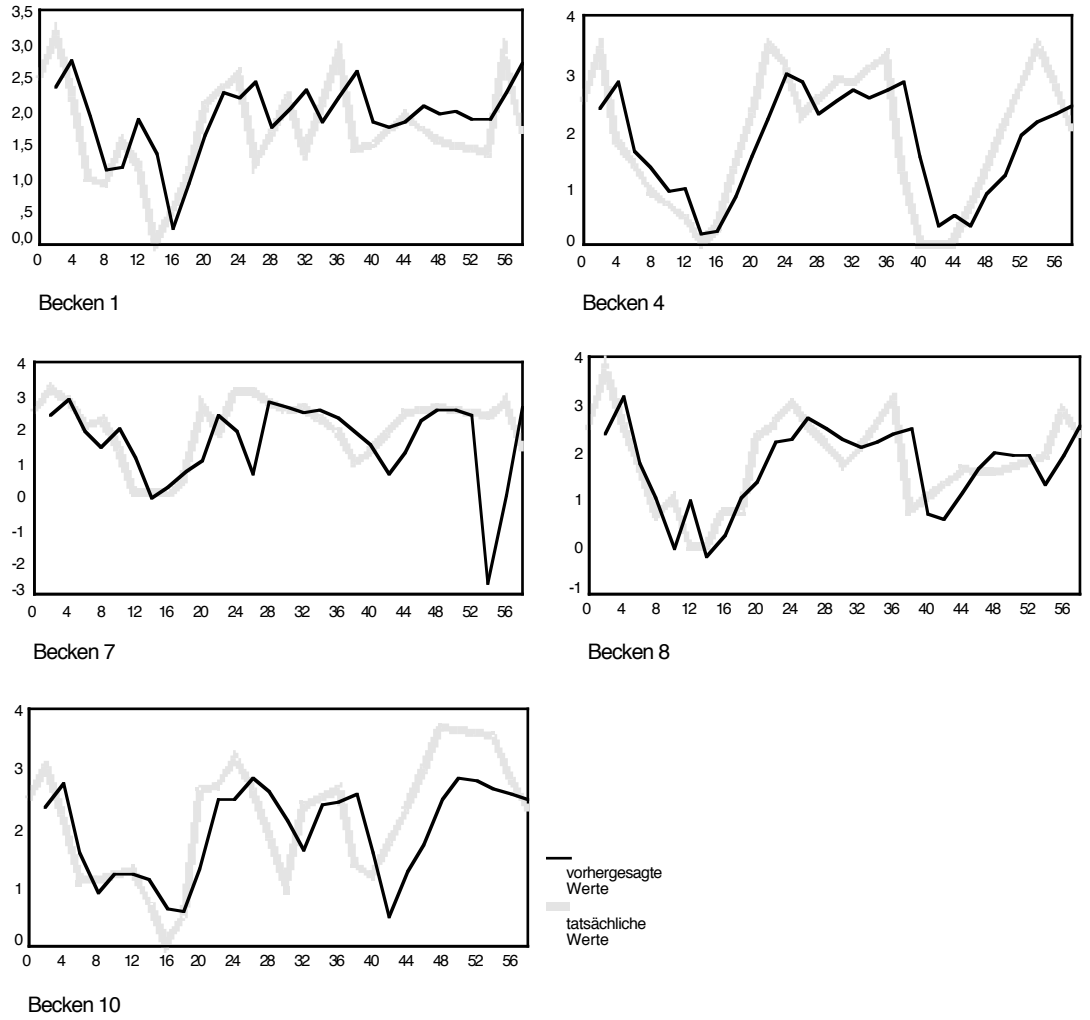

Abbildung III.25: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Abundanzen der Rotatorien (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.5) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.2.4.2 Mikroalgen

Die Größe der partiellen Regressionskoeffizienten, ihre Signifikanz, das Bestimmtheitsmaß (**II.3.4.1**) und die Signifikanz des Overall F-Tests (**II.3.4.2**) sind in (Tab. III.21) nach Schätzbecken und Prüfbecken geordnet zusammengefaßt.
Alle Regressionsparameter der Schätz- und Prüfbecken waren sehr signifikant bis höchst signifikant. Die Leitfähigkeit und die Temperatur hatten einen negativen, die Ammonium- und Sauerstoffkonzentration einen positiven Einfluß auf die Mikroalgenabundanzen. Wie schon in **III.3.3.1** war auch hier das Bestimmtheits-maß in den Prüfbecken größer als in den Schätzbecken.
Die Vorhersagen in Becken 7 waren sehr gut, die in Becken 4 und 10 stimmten ebenfalls recht gut mit den Originalwerten überein. Lediglich von Woche 20-40 in Becken 1 und von Woche 30-48 in Becken 8 zeigten die Graphen der nach Modell 3.6 berechneten Werte und der tatsächlichen Werte eine gegenläufige Entwicklung (Abb. III.26).

Tabelle III.21: Zusammenfassung des dynamischen Regressionsmodells mit Mikroalgen als abhängiger Variable Y und α als autoregressiven Faktor. Die unabhängigen Variablen X1 bis X4 waren die um lag1 verschobenen physikalischen Zeitreihen, die in den Schätzbecken signifikant zur Änderung der Abundanz beitrugen. Das Bestimmtheitsmaß wurde Rsqr, der Overall-F Wert pOF abgekürzt.

Artengruppe	Schätzbecken		Prüfbecken	
	Partreg.	p-Wert	Partreg.	p-Wert
Y = Mikroalgen	α = 0,24	<0,001	α = 0,25	<0,001
X1 = Leitfähigkeit	$\beta 1$ = -0,02	<0,001	$\beta 1$ = -0,03	<0,001
X2 = Ammonium	$\beta 2$ = 0,51	<0,001	$\beta 2$ = 0,58	<0,001
X3 = Sauerstoff	$\beta 3$ = 0,15	<0,001	$\beta 3$ = 0,19	<0,001
X4 = Temperatur	$\beta 4$ = -0,23	<0,001	$\beta 4$ = -0,12	<0,01
$\beta 0$ = Konstante	$\beta 0$ = 9,70	<0,001	$\beta 0$ = 7,35	<0,001
	Rsqr = 0,39		Rsqr = 0,49	
	pOF <0,001		pOF <0,001	

$$Y_t=9,7+0,24*Y_{t-1}-0,02*X1_{t-1}+0,51*X2_{t-1}+0,15*X3_{t-1}-0,23*X4_{t-1} \quad (3.6)$$

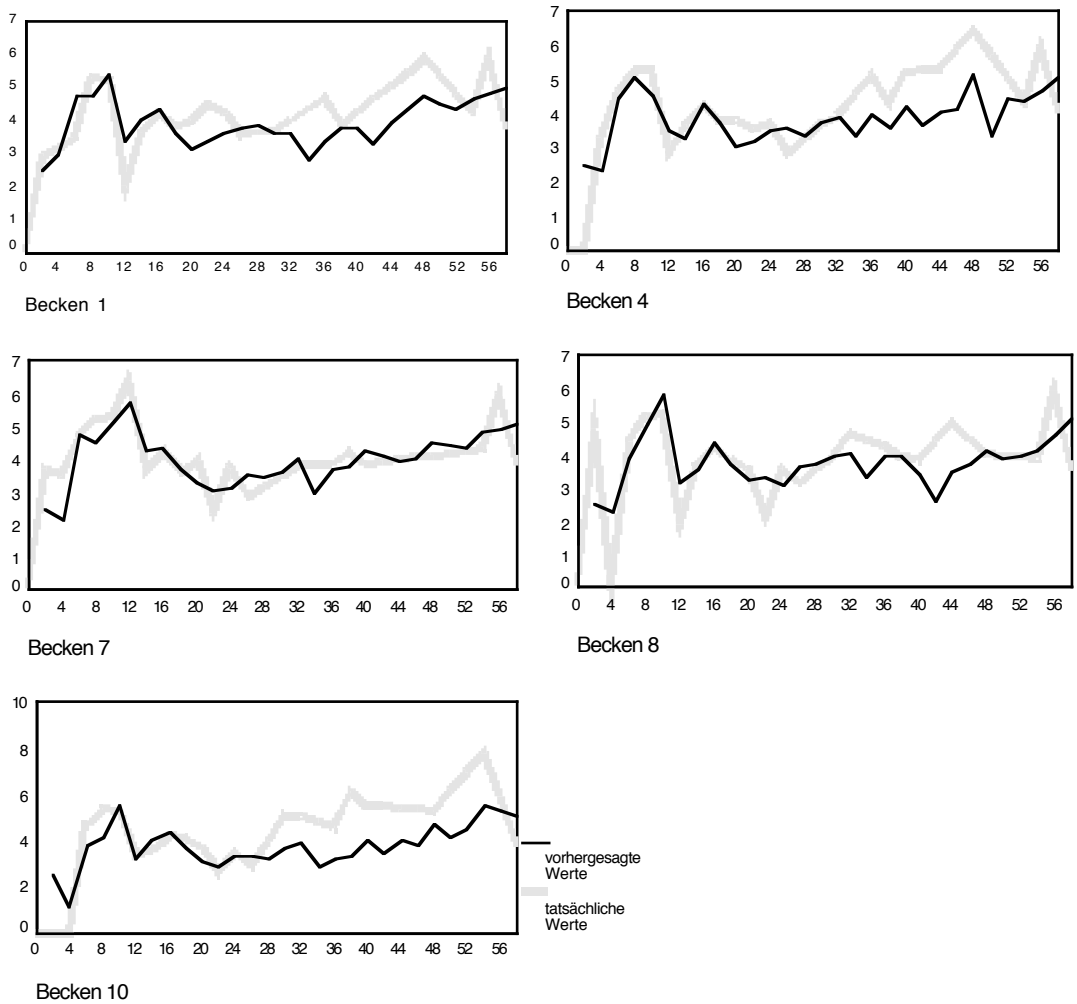

Abbildung III.26: Die 5 Graphen zeigen die tatsächlichen Werte der logarithmisierten Abundanzen der Mikroalgen (dicke graue Linie) und die nach Modell (3.6) aus den Daten der Prüfbecken berechneten Werte (schwarze Linie). Auf der X-Achse ist die Zeit aufgetragen, auf der Y-Achse die logarithmisierte Wachstumsrate.

III.3.5 Dynamische Regressionen mit Planktonabundanzen und physikalischen Parametern als Regressoren

Es wurde die dynamische Regression der Form

$$Y_{(t)} = \alpha Y_{(t-1)} + \beta_0 + \beta_1 X_{1(t-1)} + ... + \beta_p X_{p(t-1)} + \varepsilon$$

wie in **II.4.5** beschrieben gewählt mit der logarithmisierten Planktonabundanz als abhängige Variable. Die Gruppe der unabhängigen Variablen setzten sich aus den um `lag1` verschobenen physikalischen Parametern pH, Ammonium, Leitfähigkeit, Temperatur, Phosphat, Sauerstoff und den um `lag1` verschobenen übrigen Planktonabundanzen zusammen. Das dynamische Glied $Y_{(t-1)}$ hob die Autokorrelation der Residuen auf.
Da die unabhängigen Variablen in unterschiedlichen Dimensionen gemessen wurden, sind die Beträge der partiellen Regressionskoeffizienten nicht untereinander vergleichbar (siehe **III.3.4**). Die Variablenselektion in den Schätzbecken erfolgte durch Rückwärtselimination. (Tab. III.22) gibt eine Übersicht über die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller dynamischen Regressionen mit den physikalischen Parametern und den logarithmisierten Planktonabundanzen als unabhängige Variablen. Die Anzahl der signifikant von Null verschiedenen partiellen Regressionskoeffizienten schwankte zwischen 4 und 8 von insgesamt 15, lediglich bei den Copepoden Nauplien waren es 2.
Die Ergebnisse der Regressionen von **III.3.3** und **III.3.4** wurden in Tab.III.21 zum Vergleich noch einmal aufgeführt. Die in **III.3.3** und **III.3.4** getrennt ausgewählten Variablen deckten sich in etwa mit den in **III.3.5** gemeinsam ausgewählten bei folgenden Gruppen: Chlorophyceen, Cyanobakterien, Flagellaten, Mikroalgen, Phyllopoden, Rotatorien. Besonders die bei der Rückwärtselimination ermittelten Regressoren der Mikroalgen waren immer die gleichen. Bei den Regressionen der Copepoden und der Diatomeen divergierten die ausgewählten Variablensätze von **III.3.3** und **III.3.4** gegenüber **III.3.5** stärker, während sie sich bei den Chlorophyceen Flagellaten völlig unterschieden.

'abelle III.22: Übersicht über die signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten aller berechneten dynamischen Regressionen mit physikalischen 'arametern und den log+1 transformierten Abundanzen in den Schätzbecken. Jede Zeile entspricht einer Regression. In der Tabelle wird nur das 'orzeichen der signifikanten β-Werte angegeben. Ein Stern bedeutet, daß der partielle Regressionskoeffizient in den Prüfbecken dasselbe Vor-eichen hatte und ebenfalls signifikant war. Als abhängige Variablen wurden jeweils die log(Abundanz+1)-Werte der einzelnen Artengruppen gewählt, ls unabhängige Variablen die um `lag1` verschobenen physikalischen Zeitreihen, die um `lag1` verschobenen log(Abundanz+1)-Werte aller Arten-ruppen und das autoregressive Glied, d.h. die um `lag1` verschobenen log(Abundanz+1)-Werte der abhängigen Variable.
:s gelten folgende Abkürzungen: autoregressives Glied=α, Konstante=β0, Leitfähigkeit=LF, Ammonium=NH4, Sauerstoff=O2, pH=pH, 'hosphat=PO4, Temperatur=T, Chlorophyceen Flagellaten=Chlfl, Chlorophyceen=Chlor, Copepoden=Copep, Copepoden Nauplien=Copna, ;yanobakterien=Cyano, Diatomeen=Diato, Flagellaten=Flagl, Mikroalgen=Mikro, Phyllopoden=Phylo, Rotatorien=Rotat, Bestimmtheitsmaß der 'rüfbecken=Rsqr. Unter den Ergebnissen der Regressionen sind in *Kursivdruck* die Ergebnisse der Regressionen aus Tab. III.15 und Tab. III.19 zum 'ergleich angegeben. Das *kursive* Bestimmtheitsmaß ist das höhere Bestimmtheitsmaß der Regressionen aus Tab. III.15 und Tab. III.19.

unabhängige Variablen	β0	α	LF	NH4	O2	pH	PO4	T	Chlfl	Chlor	Copep	Copna	Cyano	Diato	Flagl	Mikro	Phylo	Rotat	Rsqr
abhängige Variable																			
Chlorophyceen Flagellaten		+*				+*			+*		-*					-*			0,38
Chlorophyceen Flagellaten	*-**	*+**	*+**		*+**		*-*		*+**	*-*							*-**		*0,33*
Chlorophyceen	+*	+*			+*					+*				-*			-*	-*	0,41
Chlorophyceen	*+**	*+**			*+**		*+*			*+**			*-*	*-**			*-**	*-**	*0,38*
Copepoden		+*		-*	-	+				-	+*	+*					-*	-	0,42
Copepoden	*+**	*+**		*-**						*-*	*+**					*+*	*-**		*0,31*
Copepoden Nauplien	+	+*									+*	+*							0,40
Copepoden Nauplien	*+*	*+**				*+**					*+**	*+**							*0,43*
Cyanobakterien	+*	+*								-			+*	-*			-*		0,63
Cyanobakterien	*+**	*+**									*+*		*+**	*-**			*-**		*0,55*
Diatomeen	+	+*		+*	+*			-*			+*	-*		+*	-				0,70
Diatomeen	*+*	*+**	*+**		*+**	*-*		*-**			*+*		*-*	*+**			*-**		*0,63*
Flagellaten		+*			+*				-*						+*				0,31
Flagellaten		*+**			*+**				*-**						*+**		*-**		*0,29*
Mikroalgen	+*	+*	-*	+*	+*			-*				+		-*		+*	-*		0,57
Mikroalgen	*+**	*+**	*-**	*+**	*+**			*-**				*+**		*-**		*+**	*-**		*0,42*
Phyllopoden	+	+*			-								-	+		+	+*		0,57
Phyllopoden	*+**	*+**			*-*			*-**					*-*			*+*	*+**	*-**	*0,53*
Rotatorien	+*	+*			+	-	-					-*	-	-*		+		+*	0,70
Rotatorien	*+**	*+**					*-**					*-**	*-*	*-**				*+**	*0,61*

III.4 Qualitative Zusammenfassung der Modelle mit ausschließlich biologischen Regressoren

In (Tab. III.23) sind die partiellen Regressionskoeffizienten der Modelle aus **III.3.2** und **III.3.3** mit ausschließlich biologischen Regressoren nach Planktongruppen geordnet zusammengefaßt. Die Koeffizienten der signifikanten unabhängigen Variablen aus **III.3.2** und **III.3.3** widersprachen sich nicht, d.h. sie hatten in den verschiedenen Regressionen nie entgegengesetzte Vorzeichen.[8] Auffallend ist besonders, daß die 9 Koeffizienten der Cyanobakterien nie bestätigt wurden, wohingegen die 14 negativen Koeffizienten der Phyllopoden in den Schätz- und in den Prüfbecken immer signifikant waren. Die 7 negativen partiellen Regressionskoeffizienten der Diatomeen wurden ebenfalls jedesmal bestätigt.

Tabelle III.23: Zusammenfassung der partiellen Regressionskoeffizienten (part. Regr.) aus Tab. III.12 und Tab. III.15 nach Artengruppen geordnet. Die Zahl hinter dem Schrägstrich bezieht sich auf die Anzahl signifikanter partieller Regressionskoeffizienten in den Schätzbecken, die Zahl vor dem Schrägstrich auf die Anzahl in den Prüfbecken bestätigten Koeffizienten. Die Vorzeichen der in den Schätzbecken signifikanten Regressionskoeffizienten wurden zusätzlich aufgeschlüsselt. Jede Zeile bezieht sich auf die Koeffizienten der Planktongruppe in den Regressionen der *anderen* Gruppen.

Planktongruppe	part. Regr.	davon positiv	davon negativ
Chlorophyceen Flagellaten	1/1	0	1
Chlorophyceen	0/3	0	3
Copepoden	3/6	6	0
Copepoden Nauplien	4/4	2	2
Cyanobakterien	0/9	0	9
Diatomeen	7/7	0	7
Flagellaten	1/1	0	1
Mikroalgen	0/5	5	0
Phyllopoden	14/14	0	14
Rotatorien	3/4	1	3

[8] Beachte: die beiden Hauptdiagonalen von Tab. III.12 und Tab. III.15 entsprachen sich nicht. Sie sind nicht vergleichbar, da sie im Fall von Tab.III.15 die autoregressiven Faktoren darstellen und daher keine unabhängigen Variablen sind.

IV. Diskussion

Der Diskussionsteil ist eingeteilt in eine Diskussion der Methoden und eine Diskussion der Ergebnisse, in der die biologisch relevanten Resultate besprochen werden.

IV.1 Diskussion der Methoden

In dieser Arbeit wurde versucht, die Entwicklung von Planktonabundanzen in parallel angesetzten Mikrokosmen mit Hilfe multipler linearer Regressionen und Zeitreihenanalysen zu modellieren. Die dazu notwendige Methodik erfordert ein Verfahren zur Überprüfung von Modellabschätzungen, zur Untersuchung der Güte der Vorhersagen und das Aufstellen definierter Randbedingungen, die vom Datenmaterial erfüllt werden müssen.

IV.1.1 Verifizierung der Modellabschätzungen

Die gleichzeitige Analyse der Daten aller 10 Becken und die Überprüfung der Modellabschätzungen durch Regressionen aus den Daten verschiedener Becken wurden durch eine spezielle Datenorganisation ermöglicht. Alle Daten einer Planktongruppe aus den verschieden Becken wurden in der Datenmatrix des Statistikprogramms SPSS in einer Spalte, beginnend mit Woche 0 in Becken 1 untereinander angeordnet und in zwei gleichgroße Kategorien á 5 Becken eingeteilt, eine Schätzkategorie und eine Prüfkategorie. Bei der Einteilung der Becken in Schätz- und Prüfbecken wurde angenommen, daß die Beobachtungen der biologischen Abundanzen zwischen den 10 Replikaten gleichverteilt waren. Die Zuordnung eines Beckens zu einer der beiden Gruppen erfolgte zufällig. Durch diese Einteilung wurden alle Daten einer Organismengruppe von SPSS als eine Variable behandelt und konnten gleichzeitig in die Abschätzungen der Regressionsparameter einfließen. Die Daten der einzelnen Becken konnten abhängig von ihrer Kategorie selektiv ausgeblendet werden. Die unabhängigen Variablen mit signifikant von Null verschiedenen partiellen Regressionskoeffizienten wurden dann zunächst in den Schätzbecken durch Rückwärtselimination bestimmt (**II.3.5**) und anschließend als unabhängige Variablen in Regressionen mit den Prüfbecken eingesetzt und auf Signifikanz geprüft. Die Schätzung galt als bestätigt, wenn die Koeffizienten auch in der Prüfgruppe signifikant waren und in beiden Gruppen in der gleichen Größen-ordnung lagen. Allerdings durfte man die Prüfkriterien nicht zu strikt auslegen, da jede Beckengruppe nur 5 Stichproben hatte.
Ich halte diese Methode unter praktischen Gesichtspunkten für ideal, um Daten parallel angesetzter Mikrokosmen mittels Regressionsanalyse gleichzeitig zu modellieren und die Modelle anschließend zu verifizieren. Sie ermöglichte es, von einer Variable pro Regression anstatt 24 Stichproben (=Anzahl Meßpunkte in einem Becken) 5*24=120 Stichproben zu verwenden, was die Teststärke der Abschätzungen deutlich erhöhte (Cohen, 1983, S. 59).

IV.1.2 Güte der Modellabschätzungen

Die Güte der statistischen Anpassung eines Regressionsmodells an die Daten wird durch das Bestimmtheitsmaß R^2 ausgedrückt und ist gleichbedeutend mit dem Anteil der Varianz der abhängigen Variable, welcher durch das Modell erklärt werden kann. Je näher R^2 bei 1 liegt, desto mehr tragen die unabhängigen Variablen zur Erklärung der Varianz der abhängigen Variablen bei und je näher R^2 bei 0 liegt, desto weniger tragen sie zur Erklärung bei.
Mit zunehmender Zahl an unabhängigen Variablen steigt in der Regel auch das Bestimmtheitsmaß, was die Regressionen in **III.3.5** (Tab. III.21) bestätigen. Allerdings nimmt mit der Zahl an unabhängigen Variablen auch die Zahl der im Modell getesteten Nullhypothesen zu (**II.4.5**). Je mehr Hypothesen getestet werden, desto höher ist die Wahrscheinlichkeit, einen falsch signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten zu finden (Fehler I. Art; Cohen,1983, S. 169). Daher ist es ratsam, mit Hilfe der Variablenselektion (**II.3.5**) in einer Regression nicht mehr unabhängige Variablen als nötig zu verwenden. Die Modelle in **III.3.2**, **III.3.3** und **III.3.4** hatten im Mittel vier unabhängige Variablen, pro Modell wurden also im Mittel vier Nullhypothesen getestet. Bei einem Signifikanzniveau von α=0,05 war die Wahrscheinlichkeit, mindestens einen falsch signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten zu finden ca. 0,19. Bei α=0,01 betrug sie noch etwa 0,04.[9] Zusätzlich wird durch den Verlust an Freiheitsgraden durch Hinzunahme von unabhängigen Variablen die Teststärke der Regression reduziert (Cohen, 1983, S. 170).
Ein hoher R^2-Wert in einer Regression kann bei der Modelldiagnose irreführend sein, wenn man nicht die zugrundeliegende Datenstruktur kennt. So war beispielsweise das Bestimmtheitsmaß der dynamischen Regressionen mit den logarithmisierten Cyanobakterienabundanzen als abhängiger Variable immer überdurchschnittlich hoch (Tab. III.15 und Tab. III.18). Die Cyanobakterien hatten jedoch viele aufeinanderfolgende Nullabundanzen, so daß ein aus einem vorangegangenen Nullwert „vorhergesagter“ Nullwert dann auch mit dem tatsächlichen Nullwert übereinstimmte und so zu einem Anstieg des Bestimmtheitsmaßes führte.

[9] Da die 4 partiellen F-Tests nicht unabhängig sind, kann kein genauer Fehler angegeben werden. Wären sie unabhängig, würden die Fehler $1-0{,}95^4 = 0{,}185$ und $1-0{,}99^4 = 0{,}039$ betragen.

Die Güte der Modelle wurde außerdem graphisch überprüft, indem aus den Daten der Prüfbecken mit den Modellparametern der Schätzbecken berechnete Vorher-sagen in einem Graph mit den tatsächlichen Werten verglichen wurden. Auf diese Weise konnten Art und Umfang der Abweichungen an einzelnen Meßpunkten optisch geprüft werden, etwa ob die Abweichungen an bestimmten Zeitpunkten gehäuft auftraten oder ob es sich nur um singuläre Ausreißer handelte.
Keines der Modelle in **III.3.2** bis **III.3.4** vermochte abrupte, hohe Änderungen der abhängigen Variable vorherzusagen, d.h. die Varianz der abhängigen Variable zu Zeitpunkten starker Änderungen machte einen Großteil der nicht durch die Regression erklärten und im Bestimmtheitsmaß enthaltenen Varianz aus.
Die graphische Überprüfung der Vorhersage anhand von (Abb. III.25) ermöglichte es, die Phosphatkonzentration in Becken 7, Woche 54 mit hoher Wahr-scheinlichkeit einem Meßfehler zuzuordnen, da sie 22 Standardabweichungen über dem Mittelwert der anderen Becken zu diesem Zeitpunkt lag (**III.3.4.1**).
Durch das Bestimmtheitsmaß läßt sich bei gleichzeitig sorgfältiger Betrachtung der Datenstruktur und in Kombination mit einer graphischen Analyse der Vorhersagen die Güte der Modellabschätzungen zuverlässig überprüfen.

IV.1.3 Generelle Anforderungen an die zu untersuchenden Datensätze

Da die Abundanzdaten der verschiedenen Artengruppen zeitlich oftmals um mehrere Zehnerpotenzen schwankten, wurden sie alle mit `log(Abundanz+1)` transformiert. Die damit einhergehende Verzerrung der Originaldaten war vernachlässigbar. Die Logarithmisierung von Zeitreihen bewirkte zudem eine Stabilisierung der Varianz (Chatfield, 1996, S.11).
Große Probleme bei den Regressionen machten Folgen von Nullabundanzen, wenn sie in den einzelnen Becken heterogen verteilt waren. Durch diese erhöhte Heterogenität wurde die in **II.5** angenommene Gleichverteilung der Beobachtungen für Schätz- und Prüfbecken verletzt. Dies führte insbesondere im Fall der Cyanobakterien bei der computergestützten numerischen Lösung von `(2.5)` in **II.3.2** dazu, daß von 9 in den Schätzbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten kein einziger in den Prüfbecken bestätigt wurde (Tab. III.22).

Wie die Gruppe der Diatomeen in (Tab. III.22) demonstrierte, konnten jedoch auch Datenreihen mit relativ viel Nullabundanzen (Tab. III.1) bei gleichmäßiger Verteilung derselben verifizierbare Ergebnisse liefern.
Die Mikroalgen hatten anders als die Cyanobakterienabundanzen in den verschiedenen Becken wenige und gleichmäßig verteilte Nullabundanzen. Dennoch wurde keiner der fünf in den Schätzbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten in den Prüfbecken bestätigt (Tab. III.22). Ihre Abundanzen waren zwar in den meisten Becken sehr ähnlich, es gab jedoch öfters an einigen Meßpunkten in einzelnen Becken Ausreißer, die dann vom Mittel um 3 bis 4 Zehnerpotenzen abwichen (**III.1.2.9**).
Ich vermute daher, daß durch diese starken Abweichungen die bei der Einteilung in Schätz- und Prüfbecken angenommene Gleichverteilung der Beobachtungen zwischen den Replikaten verletzt wurde und deshalb bei der numerischen Lösung von (2.5) in **II.3.2** die partiellen Regressionskoeffizienten in den Prüfbecken nicht bestätigt werden konnten.
Im Gegensatz zu den Mikroalgen und Cyanobakterien hatten die Phyllopoden von 18 möglichen Regressionen[10] in 14 davon sowohl im Schätzbecken, als auch im Prüfbecken signifikante partielle Regressionskoeffizienten (Tab. III.12 und Tab. III.15). Ihre Meßwerte waren zu den verschiedenen Zeitpunkten zwischen den einzelnen Replikaten sehr ähnlich verteilt und unterschieden sich nur selten um maximal 2 Größenordnungen.
Zusammenfassend kann man also festhalten, daß die Daten verschiedener Replikate für eine Regressionsanalyse möglichst gleichmäßig verteilt sein müssen und an einzelnen Meßpunkten sich um höchstens zwei Größenordnungen unterscheiden dürfen[11]. Nullabundanzen sollten, wenn überhaupt vorhanden, ebenfalls gleichmäßig zwischen den Replikaten verteilt sein.

---

[10] jeweils 9 Regressionen in **III.3.2** und **III.3.3**

[11] die Unterschiede beziehen sich auf die Werte vor der Logarithmisierung

IV.1.4 Auswirkungen des Meßintervalls auf die Analyse

Das Meßintervall von zwei Wochen erschwerte das Auffinden von zeitlichen Zusammenhängen zwischen den gemessenen Abundanzen, da die Generationszeiten der untersuchten Organismen von etwa einem Tag für schnellwachsende Algen (Tab. II.2) bis über 20 Tage für Copepoden (Tab. II.2) variierte. Zwischen zwei Meßpunkten lagen also 0,7 bis 13 Generationen. Zwar sind in Freilandstudien bei Daphnien unter Ressourcenmangel Generationszeiten von 25-40 Tagen beobachtet worden (McCauley und Murdoch, 1986), in den Laborexperimenten gehen Daphnien jedoch in ein kontinuierliches, schnelles Wachstum mit Generationszeiten von etwa 2-3 Tagen über (Taylor, 1988; Wetzel, 1983). Über einen Zeitraum von 2 Wochen (1 Meßpunkt) hinaus werden etwaige Wechselwirkungen zwischen den Arten meiner Meinung nach durch die vielen Zwischengenerationen so sehr abgeschwächt, daß sie nicht mehr nachweisbar sind. Lediglich die Copepoden und ihre Nauplien haben eine recht lange Generationszeit und gehören zu den langlebigsten Zooplanktern (Wetzel, 1983, S. 445), weshalb zwischen ihnen auch Wechselwirkungen über einen Zeitraum von 3–4 Wochen hinweg möglich sind. Ihre Beziehungen untereinander werden in der Ergebnisdiskussion besprochen.
Die Wahl des Meßintervalls hat auch einen Einfluß auf die Frequenz der anhand der Daten beobachtbaren Zyklen, deren Obergrenze durch die Nyquist-Frequenz f_N gegeben ist (Chatfield, 1996, S. 108, Dowse und Ringo, 1989). In Zyklen pro Zeiteinheit Δt ausgedrückt ergibt sie sich aus $f_N=(2*\Delta t)^{-1}$. Möchte man beispiels-weise eintägige Wachstumszyklen untersuchen, muß man mindestens zweimal pro Tag Messungen durchführen.
Mit dem Datensatz dieser Arbeit konnten also nur Zyklen mit einer Periode von mindestens 4 Wochen untersucht werden. Der Schwerpunkt dieser Arbeit lag allerdings im Modellieren der Beziehungen der Planktongruppen untereinander, so daß den zyklischen Schwankungen einer Einzelgruppe nur eine untergeordnete Rolle zukam und sie daher lediglich in den deskriptiven Beschreibungen der Daten kurz erwähnt wurden (**III.1.2.3** und **III.1.2.8**).

Für das Erkennen von ökologischen Wechselwirkungen zwischen den Plankton-gruppen und für die Güte der Modelle wäre ein kürzeres Meßintervall auf jeden Fall förderlich gewesen. Allerdings mußte bereits beim Versuchsdesign zwischen populationstheoretischen Aspekten und experimenteller Durchführbarkeit der Datensammlung abgewägt werden, denn eine Meßintervallverkürzung von zwei Wochen auf eine Woche hätte bei 10 Parallelproben zu einem unvertretbar hohen Zeitaufwand bei der Auszählung der Planktonabundanzen geführt.
Aus dem gleichen Grund wurden auch die Abundanzen gruppenweise bestimmt und nicht nach Einzelspezies.
In diesem Zusammenhang darf nicht unerwähnt bleiben, daß die in vergleichbaren Studien verwendeten Meßintervalle eine Woche (Sommer, 1988) bis ein Monat (Broekhuizen und McKenzie, 1995) betrugen.

IV.1.5 Auswirkungen der Meßlücken auf die Analyse

An den Wochen 28, 34, 42, 46, 50, 52 wurden keine Proben entnommen, es entstanden also Lücken in den Daten. Da aber für diese Arbeit das Meßintervall gleich bleiben mußte, wurde den obigen Wochen eine „fehlende“ Beobachtung zugeordnet. Zeitreihen mit fehlenden Beobachtungen stellten ein besonderes Problem bei den notwendigen Transformationen Verschiebung und Differenzen-bildung dar. Wenn eine Zeitreihe mit fehlender Beobachtung verschoben wird, wird natürlich auch die Lücke verschoben, so daß bei einer Regression mit z.B. zwei Variablen aus einem fehlenden Wertepaar durch die Verschiebung zwei fehlende Wertepaare entstehen. Eine Differenzenbildung ist bei Datensätzen mit Lücken nur sehr eingeschränkt möglich, da Differenzen lediglich zwischen benachbarten, tatsächlich vorhandenen Werten gebildet werden können.
Um diese Probleme zu umgehen, wurden die fehlenden Meßwerte der logarithmisierten Reihen vor den Transformationen durch linear interpolierte Werte ersetzt. Damit die Interpolationen ihrerseits nicht zuviele Artefakte in den Regressionen durch künstliche Werte erzeugt hätten, wurden in den Regressionen die Meßpunkte mit fehlenden Beobachtungen in den Originalreihen ausgeschlossen. Auf diese Weise konnten zusätzliche, verschiebungsbedingte fehlende Wertepaare vermieden werden.
Durch die Lücken in den Meßreihen wurde auch das Erkennen von gruppen-spezifischen Populationszyklen erschwert, denn die fehlenden Daten hätten ja Maxima oder Minima der Zyklen sein können. Allerdings traten lediglich bei den Flagellaten (**III.1.2.8**) und Chlorophyceen-Flagellaten (**III.1.2.3**) zu Beginn der Beobachtungsperiode regelmäßige Zyklen auf.

IV.2 Diskussion der Ergebnisse

IV.2.1 Einleitung

Der ökologisch orientierte Teil der Aufgabenstellung bestand darin, mittels Regressionen die Wechselwirkungen der Planktongruppen anhand des Datenmaterials herauszuarbeiten. In der Biologie werden multiple lineare Regressionen der Art

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p + \varepsilon$$

wie in **II.3.1** vorgestellt immer dann verwendet, wenn man den linearen Einfluß verschiedener unabhängiger Meßgrößen auf eine abhängige Meßgröße bestimmen möchte (Laws und Chalup, 1990; Lehman und Sandgren, 1985; Cohen, 1983). Allerdings kann man aus der statistischen Signifikanz eines Regressions-koeffizienten nicht auf einen kausalen Einfluß der unabhängigen Variable schließen, denn es kann sich auch um eine indirekte oder zufällige Korrelation zwischen abhängiger und unabhängiger Variable handeln. Auf der anderen Seite äußert sich ein Kausalzusammenhang zwischen zwei Größen in ihrer Korrelation miteinander. Eine multiple lineare Regression als Kausalmodell muß drei Grundvoraussetzungen erfüllen: die Ursachen müssen dem Effekt in der Zeit vorauslaufen, ein Wechsel im Wert der ursächlichen Größen muß mit einem Wechsel im Wert der Effektgröße einhergehen und dem Effekt muß ein erklärbarer Wirkungsmechanismus zugrundeliegen (Cohen, 1983, S.80).
In dieser Arbeit wurde die erste Voraussetzung durch geeignete Wahl, bzw. Transformation der unabhängigen Variablen erfüllt. Es ließ sich auch leicht überprüfen, ob ein Wechsel der ursächlichen Größe mit einem Wechsel der Effektgröße einherging. Die dritte Voraussetzung konnte nur annähernd durch Vergleiche mit empirischen Befunden anderer Studien erfüllt werden.
Ein Kausalmodell kann durch die Analyse der Daten nie bewiesen werden, es kann lediglich gezeigt werden, daß die gegebenen Daten mit dem Modell konsistent sind oder nicht. Der Wert eines Modells wird also ebenso durch die ihm zugrundeliegende Logik wie durch die empirisch überprüfte Anpassung an einen gegebenen Datensatz bestimmt.

Biologischen Zeitreihen wie etwa die regelmäßige Beobachtungen der Populationsdichte über einen definierten Zeitraum hinweg, sind meistens autokorreliert. Eine klassische Regression nach (2.1) mit solchen Zeitreihen als abhängiger Variable ohne Rücksicht auf ihre Autokorrelation würde zu ebenfalls autokorrelierten Residuen führen, was gegen eine der Grundannahmen der Regressionsanalyse, die der Unabhängigkeit der Residuen (**II.3.1**), verstößt.
Ich habe in dieser Arbeit zwei Möglichkeiten demonstriert, autokorrelierte biologische Zeitreihen mit Hilfe der Regressionsanalyse zu beschreiben.
Die erste Methode entfernte die Autokorrelation der abhängigen Variable durch Differenzenbildung und ermöglichte dadurch die klassische Regression nach **II.3.1**, die zweite Methode erweiterte Modell (2.1) um einen autoregressiven Faktor (**II.4.5**) und hob dadurch die Autokorrelation der Residuen auf.
Vor den eigentlichen Regressionen wurden Kreuzkorrelationen durchgeführt, da sie es als diagnostisches Hilfsmittel in Vorversuchen ermöglichen, zeitlich verschobene, lineare Zusammenhänge zwischen zwei Zeitreihen aufzuklären (**II.4.2.3**). Aus der Menge der 251 möglichen Korrelationen wurden vier ausgewählt, von denen drei die Übereinstimmung der erhobenen Daten mit theoretischen Erkenntnissen gut demonstrierten (**III.2.1**, **III.2.3**, **III.2.4**), während eine noch Raum für weiterführende Interpretationen und Diskussionen ließ (**III.2.2**).

IV.2.2 Diskussion der Kreuzkorrelationen

Die Kreuzkorrelation in **III.2.1** zwischen dem pH-Wert und dem im Wasser gelösten Sauerstoff zeigt, wie genau der Zusammenhang zweier stark voneinander abhängigen physikalischen Parametern in den gemessenen Daten abgebildet ist. Ihr Kreuzkorrelationskoeffizient bei `lag0` betrug $\rho'_{pH-O2}(0) \approx 0{,}68$. Sauerstoff und pH–Wert sind also ohne zeitliche Verzögerung stark positiv miteinander korreliert. Dies stimmt mit den chemischen und biochemischen Theorien überein, da zwischen Sauerstoff und pH-Wert über das CO_2-Kohlensäuregleichgewicht im Wasser (Lampert, 1993, S.32) und die Photosynthese (Stryer, 1988, S. 517), bzw. Respiration (Stryer, 1988, S.389) folgender Zusammenhang besteht:

$$2H^+ + CO_3^{2-} \overset{\text{CO2-Kohlensäure Gleichgewicht}}{\longleftrightarrow} H_2O + CO_2 \underset{\text{Respiration}}{\overset{\text{Photosynthese}}{\rightleftharpoons}} (CH_2O) + O_2$$

wobei (CH_2O) für die Kohlenhydrate steht, die assimiliert, bzw. katabolisiert werden. Bei der Sauerstoffproduktion durch die Photosynthese wurden dem Wasser also Protonen entzogen, umgekehrt wurde bei Sauerstoffverbrauch durch Respiration CO_2 freigesetzt, welches den pH-Wert erniedrigte.
Die enge Vernetzung der physikalischen Parameter durch chemische und biochemische Prozesse wurde durch die experimentellen Befunde bestätigt.

In der Kreuzkorrelation zwischen der Phosphatkonzentration und der logarithmisierten Rotatorienabundanz (**III.2.2**) bestand von `lag-1` bis `lag2` ein negativer Zusammenhang, wobei der Kreuzkorrelationskoeffizient bei `lag0` mit $\rho'_{Rotat.-PO4}(0) \approx -0{,}3$ am stärksten negativ war. Außerdem war Phosphat von den übrigen physikalischen Parametern pH, Sauerstoff, Ammonium, Leitfähigkeit und Temperatur der einzige, der in der Regression von **III.3.4.1** signifikant zur Änderung der Rotatorienabundanzen beitrug.
Da der Betrag von $\rho'_{Rotat.-PO4}(0)$ kleiner ist als der Betrag von $\rho'_{pH-O2}(0)$, vermute ich im Gegensatzt zur Beziehung Sauerstoff-O_2 keinen direkten Zusammenhang zwischen Phosphatkonzentration und Rotatorienabundanz, sondern einen oder mehrere indirekte Mechanismen.

Eine mögliche Erklärung wäre, daß durch starken Fraßdruck des Zooplanktons auf das Phytoplankton das gelöste Phosphat nicht assimiliert werden konnte und deshalb im Überfluß vorlag. Ein starker Fraßdruck hätte aber gleichzeitig Ressourcenkompetition zwischen den Zooplanktern bedeutet. Rotatorien können sich aber beim Konkurrenzkampf speziell gegen Daphnien schlecht durchsetzen (Gilbert, 1988) und wären daher verdrängt worden.

Die Kreuzkorrelation von **III.2.3** hatte bei `lag0` und `lag-1` einen signifikant positiven Korrelationkoeffizienten zwischen der Chlorophyceenabundanz und der Sauerstoffkonzentration. Der Kreukorrelationskoeffizient bei `lag-1` betrug $\rho'_{Chlor-O2}(-1) \approx 0{,}3$. Einer Erhöhung der Sauerstoffkonzentration folgte also gleichzeitig oder 2 Wochen später eine Zunahme der Chlorophyceenabundanz, wobei kein quantitativer Vergleich möglich ist, da beide Variablen in unterschied-lichen Maßeinheiten gemessen wurden.
Die Sauerstoffkonzentration spiegelte die Differenz zwischen der Photosynthese-leistung des gesamten Phytoplanktons und der Respiration hauptsächlich des Zooplanktons wieder. Ein hoher Wert ließ also auf hohe Phytoplanktonabundanzen im Vergleich zum Zooplankton schließen. Für die Chlorophyceen als repräsentative Phytoplankter bedeutete daher ein hoher Sauerstoffgehalt zum Zeitpunkt `t` gute Wachstumsbedingungen zum Zeitpunkt `t` und eine erhöhte Abundanz zum Zeitpunkt `t+1`.

In der Kreuzkorrelation von **III.2.4** waren die logarithmisierten Copepoden-abundanzen mit den logarithmisierten Abundanzen der Copepoden Nauplien bei `lag1` knapp signifikant und bei `lag2` deutlich signifikant positiv korreliert, d.h. die Copepoden liefen den Nauplien um 2 bis 4 Wochen voraus. Diese Verschiebung war bereits im Graph in (Abb III.12) sichtbar. Da die Nauplienlarven die Juvenil-formen der Copepoden sind, entspricht die in der Kreuzkorrelation erkennbare Verschiebung um 2-4 Wochen der Generationszeit. Dieser Befund wird durch den Literaturwert von etwa 20 Tagen von Megacyclops in (Kiefer, 1960) unterstützt.

IV.2.3 Regressionen

Die in **III.3.2** bis **III.3.5** beschriebenen Regressionsmodelle versuchen, die Ursachen der Variation der abhängigen Variable „Wachstumsrate“, bzw. „Abundanz“ zu erklären. In den Mikrokosmenexperimenten wurden durch die regelmäßige Beleuchtung und die Nachdüngung von Nitrat und Phosphat die Produktionsbedingungen für das Phytoplankton weitgehend konstant gehalten. Außerdem sorgte die konstante Temperatur zusätzlich für gleichbleibende Bedingungen.
Aufgrund dieser Minimierung der Abhängigkeit von abiotischen Faktoren waren die Abundanzschwankungen in den Mikrokosmen weitgehend die Folge der biotischen Wechselwirkungen zwischen den einzelnen Planktongruppen.
Alle Planktonabundanzen wurden zu Beginn logarithmisiert (**II.6**, **IV.1.3**), d.h. alle Regressionsmodelle beziehen sich auf die logarithmisierten Werte. Lediglich die physikalischen Parameter gingen untransformiert in die Modellabschätzungen ein. Durch die Delogarithmisierung werden aus den additiven Modellen multiplikative Modelle. So wird aus einer Regressionsgleichung mit logarithmisierten Variablen der Form:

$$\log(Y) = \beta 0 + \beta 1 * \log(X)$$

durch die Delogarithmisierung die Gleichung:

$$10^{\log(Y)} = 10^{[\beta 0 + \beta 1 * \log(X)]} \Leftrightarrow Y = 10^{\beta 0} * X^{\beta 1} .$$

Aus der additiven Konstante $\beta 0$ wird also die multiplikative Konstante $10^{\beta 0}$, während aus dem Faktor $\beta 1$ der Exponent $\beta 1$ wird. In den Regressionen mit den Planktonabundanzen als unabhängige Variablen (**III.3.2** und **III.3.3**) ist X im obigen Beispiel nie kleiner Eins, d.h. ein negativer partieller Regressionskoeffizient $\beta 1$ bewirkt dann eine Verringerung von Y, während ein positives $\beta 1$ die abhängige Variable Y vergrößert. Der Betrag von $\beta 1$ gibt dabei das Gewicht des Einflusses an, den X auf Y ausübt.

IV.2.3.1 Diskussion der Regressionen mit differenzierten Abundanzen

Die hier verwendete Differenzenbildung zwischen aufeinander folgenden logarithmisierten Abundanzen entfernte die Korrelation der Daten mit sich selbst und ist interpretierbar als Logarithmus der Wachstumsrate:

$$df[\log(X_t)] = \log(X_{t+1}) - \log(X_t) = \log(X_{t+1}/X_t).$$

Die Wachstumsrate wurde jeweils für das Intervall zwischen 2 Meßpunkten berechnet und stellte daher einen gemittelten Wert dar (Taylor, 1988). Für die transformierten Daten ließen sich klassische Regressionen nach **II.3.1** berechnen. Im biologischen Kontext gesehen ermöglichen sie es, die Wachstumsrate der einzelnen Planktongruppen abhängig von den Abundanzen der übrigen Gruppen zu berechnen. Dabei laufen die Ursachen (Abundanzen) dem Effekt (Wachstumsrate) in der Zeit voraus[12] , was eine der drei Voraussetzungen der Kausalmodelle erfüllt. Durch Delogarithmisieren der Regressionen ergibt sich:

$$\text{Wachstumsrate(Art Y)} = 10^{\beta 0} * \text{ Abundanz(Art X)}^{\beta 1},$$

mit der Wachstumsrate von Art Y als abhängiger und der Abundanz von Art X als unabhängiger Variable. Die Wachstumsrate ist also das Produkt einer Konstanten mit der durch den Exponent $\beta 1$ gewichteten Abundanz der Art X. Wenn $\beta 1$ positiv ist, fördert Art X die Wachstumsrate von Art Y, ansonsten verringert sie die Rate.

Alle in (Tab. III.12) zusammengefaßten Regressionen hatten eine signifikant positive Konstante. Bei geringer Individuendichte (alle unabhängigen Variablen nahe Null) war die Wachstumsrate also immer positiv, d.h. die Population wuchs. Jede Art hatte auf ihre eigene Wachstumsrate einen negativen Einfluß (Hauptdiagonale in Tab. III.12), was bei zunehmender Individuenzahl einer Abnahme der Wachstumsrate gleichkam.

Auffallend war, daß der negative Einfluß der Phyllopoden auf die Wachstumsraten der übrigen Planktongruppen in 7 von 9 Regressionen signifikant war. Dies deckte sich mit den Erfahrungswerten von Freilandstudien und anderen Laborexperimenten, wonach die Phyllopoden, insbesondere *Daphnia spp.* bei Nahrungsüberfluß besonders effektive Konsumenten, bzw. starke Konkurrenten sind (Gilbert, 1988; Lampert und Muck, 1985).

---

[12] Die logarithmisierte Wachstumsrate zum Zeitpunkt t ist der Logarithmus des Quotienten aus der *zukünftigen* Abundanz zum Zeitpunkt t+1 und der gegenwärtigen Abundanz zum Zeitpunkt t.

Die in den Schätzbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten der Cyanobakterien konnten in den Prüfbecken nicht bestätigt werden. Ursache war sicherlich die ungleiche Verteilung der Nullabundanzen zwischen den Becken (**IV.1.3**). Die Copepoden hatten einen signifikant positiven Einfluß auf die differenzierten Copepoden Nauplien Abundanzen, d.h. je mehr adulte Copepoden es gab, desto höher war der Zuwachs der juvenilen Nauplienlarven. Die Copepoden Nauplien hatten umgekehrt einen positiven Einfluß auf die Wachstumsrate der Copepoden, der aber nicht signifikant war und deshalb in Tab. III.12 fehlt.
Die Diatomeen hatten in 5 von 10 Regressionen signifikante partielle Regressions-koeffizienten (Spalten in Tab. III.12). Da sie gleichzeitig die zweithöchste Zahl von Nullabundanzen hatten (Tab. III.1), würde das bedeuten, daß in fünf Regressionen ein Wechsel der Effektgröße „Wachstumsrate“ zeitweise ohne Wechsel der Ursache „Diatomeenabundanz“ erfolgt wäre. Dies widerspricht aber einer der Grundvoraussetzung der Kausalmodelle, weshalb ich den statistisch signifikanten Einfluß der Diatomeen für eine zufällige Assoziation mit den Wachstumsraten halte. Der positive Einfluß der Copepoden und der Rotatorien auf die Wachstumsrate der Diatomeen könnte ebenfalls durch eine zufällige Assoziation entstanden sein, denn hier würde es auch zu einem logischen Widerspsruch kommen, da sich dann trotz Änderung der Ursachen „Rotatorien-“, bzw. „Copepodenabundanz“ die Effektgröße „Diatomeenwachstumsrate“ zeitweise nicht geändert hätte.
Der positive Einfluß der Copepoden Nauplien auf die Wachstumsrate der Mikroalgen deckte sich mit experimentellen Befunden, die beim Grazing durch kleine Zooplankter ein erhöhtes Wachstum der kleinen Algen ($< 25\mu m$) festgestellt hatten. Als mögliche Ursache wurde ein beschleunigter Nährstoffkreislauf durch die Ausscheidungen kleine Zooplankter diskutiert (Berquist et al, 1985, Peters, 1983).
Der negative Einfluß der Rotatorien auf die Wachstumsrate der Chlorophyceen war sicher Ausdruck der Räuber-Beute Beziehung, während der negative Einfluß der Chlorophyceen Flagellaten auf die Flagellaten und der Copepoden Nauplien auf die Rotatorien wahrscheinlich durch die Konkurrenzbeziehung der beiden Planktongruppen zustandekam.

Allgemein kann man also sagen, daß die Wachstumsrate nach den Modellen in **III.3.2** bei niedriger Populationsdichte und geringer Konkurrenz, bzw. Räuberzahl positiv ist und bei Überbevölkerung und starker Konkurrenz, bzw. Räuberzahl abnimmt und sogar negativ werden kann. Dieser Mechanismus ist konsistent mit den populationsbiologischen Wachstumstheorien (Renshaw, 1991).

IV.2.3.2 Diskussion der dynamischen Regressionen mit logarithmisierten Planktonabundanzen

Durch Hinzufügen eines autoregressiven Gliedes wurde Modell (2.1) zum dynamischen Regressionsmodell (**II.4.5**) erweitert:

$$Y_{(t)} = \alpha Y_{(t-1)} + \beta_0 + \beta_1 X_{1(t-1)} + \ldots + \beta_p X_{p(t-1)} + \varepsilon$$

und dadurch die Autokorrelation der Residuen vermieden.

Im biologischen Kontext gesehen ermöglichen es die dynamischen Regressionen von **III.3.3**, die Abundanz der einzelnen Planktongruppen abhängig von den Abundanzen der übrigen Gruppen zum Zeitpunkt davor zu berechnen. Dabei liefen die Ursachen (Abundanzen zum Zeitpunkt $t-1$) dem Effekt (Abundanzen zum Zeitpunkt t) in der Zeit voraus, was eine der drei Voraussetzungen der Kausalmodelle erfüllt.

Ein einfacher Wachstumsprozeß mit N_t als Populationsgröße zum Zeitpunkt t, N_{t-1} als Populationsgröße zum Zeitpunkt $t-1$ und Wachstumsrate r läßt sich in der Form

$$N_t = r * N_{t-1} \qquad (4.1)$$

beschreiben.

Durch die Delogarithmisierung der Regressionsgleichung mit der Abundanz von Art N als abhängiger und der Abundanz von Art X als unabhängiger Variable ergibt sich:

$$\text{Abundanz}(N_t) = 10^{\beta 0} * \text{Abundanz}(N_{t-1})^{\alpha} * \text{Abundanz}(X_{t-1})^{\beta 1}. \qquad (4.2)$$

Gleichung (4.2) könnte man wie folgt interpretieren:

- bei $\alpha=1$, $\beta 0 \neq 0$ und $\beta 1=0$ entspricht $10^{\beta 0}$ der Wachstumsrate r aus (4.1).

- da in allen Regressionen $0<\alpha<1$ war, ist der Exponent α bei beliebigem $\beta 0$ und $\beta 1$ das Gewicht, welches den tatsächlichen Beitrag der Generation N_{t-1} zur nächsten Generation angibt.

Die partiellen Regressionskoeffizienten der unabhängigen Variablen waren dem Betrag nach immer<1. Analog zu α ist $\beta 1$ daher das Gewicht, welches den Einfluß der Art X auf die nächste Generation von Art N angibt. Die Abundanzen waren immer >1. Ein negativer Koeffizient $\beta 1$ läßt daher im obigen Beispiel den Faktor [Abundanz$(X_{t-1})^{\beta 1}$] <1 werden, die Abundanz der Art X zum Zeitpunkt $t-1$ verringert also die Abundanz der Art Y zum Zeitpunkt t. Ein positiver Koeffizient $\beta 1$ hingegen wirkt umgekehrt und fördert die Abundanz der Art N zum Zeitpunkt t.

Bis auf die Diatomeen hatten alle in (Tab.III.15) zusammengefaßten Regressionen eine signifikante, positive Konstante. Der autoregressive Faktor war ebenfalls immer signifikant positiv. Jede Planktongruppe würde also ohne den Einfluß der anderen Gruppen unbegrenzt wachsen.
Die in den Schätzbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten der Cyanobakterien konnten wie bereits in **III.3.2** in den Prüfbecken nicht bestätigt werden. Hier machte sich die heterogene Verteilung der Cyanobakterien in den verschiedenen Becken bemerkbar (**IV.1.3**). Die hohen Werte des autoregressiven Faktors und des Bestimmtheitsmaßes der Cyanobakterien veranschaulichen den störenden Einfluß von aufeinanderfolgenden Nullabundanzen auf die numerische Kleinste-Quadrat Abschätzung nach (2.5) denn in einer Zeitreihe mit vielen aufeinanderfolgenden Nullen ist die Autokorrelation groß und demnach auch das autoregressive Glied α. Ein aus einem vorangegangenem Nullwert vorhergesagter Nullwert stimmt dann auch mit dem tatsächlichen Nullwert überein, d.h. das Bestimmtheitsmaß ist groß.
Die Phyllopoden hatten wieder in 7 von 9 möglichen Regressionen signifikant negative partielle Regressionskoeffizienten, was ihre Rolle als effektive Grazer und überlegene Konkurrenten bestätigt. Überhaupt entsprachen alle in den Schätz- und Prüfbecken signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten von **III.3.3** denen in **III.3.2**[13], weshalb auf eine Wiederholung der Diskussion der übrigen Ergebnisse verzichtet und auf **IV.2.3.1** verwiesen wird.

[13] Beachte: die beiden Hauptdiagonalen von Tab. III.12 und Tab. III.15 entsprachen sich nicht. Sie sind nicht vergleichbar, da sie im Fall von Tab.III.15 die autoregressiven Faktoren darstellen und daher keine unabhängigen Variablen sind.

IV.2.3.3 Diskussion der dynamischen Regressionen mit physikalischen Regressoren

Die dynamischen Regressionen von **III.3.4** berechneten die Abundanz einer Planktongruppen abhängig von der Abundanzen der Gruppe zum Zeitpunkt davor und von den Werten der physikalischen Parameter pH, Ammonium, Leitfähigkeit, Temperatur, Phosphat und Sauerstoff, ebenfalls zum Zeitpunkt davor.
Bei der Delogarithmisierung verbleiben die unabhängigen Variablen in der Regressionsgleichung als Zehnerpotenz, da sie ja vorher nicht logarithmisiert wurden. Mit der Abundanz der Art Y als abhängiger und dem physikalischen Parameter Art X als unabhängiger Variable ergibt sich:

$$\text{Abundanz}(Y_t) = 10^{\beta 0} * \text{Abundanz}(Y_{t-1})^{\alpha} * 10^{[\beta 1 * X(t-1)]}.$$

Die Abundanz von Art Y zum Zeitpunkt t ist also das Produkt einer Konstanten mit der durch den Exponent α gewichteten Abundanz der Art Y zum Zeitpunkt $t-1$ und der Zehnerpotenz mit dem Produkt aus dem physikalischen Parameter zum Zeitpunkt $t-1$ mit seinem Regressionskoeffizienten als Exponent.
Die physikalischen Parameter wurden in unterschiedlichen Dimensionen gemessen, deshalb waren die Beträge der partiellen Regressionskoeffizienten nicht untereinander vergleichbar.
Die Regressionen mit physikalischen Parametern (**III.3.4**) sind schwieriger zu diskutieren als die vorangegangenen, da einige der Parameter wie gelöster Sauerstoffgehalt oder pH Wert eher durch das Plankton beeinflußt wurden als das Plankton durch die Parameter, wenn man von extremen, toxischen Konzentrationen einmal absieht. Dadurch wurde aber eine Grundvoraussetzung der Kausalmodelle verletzt, in denen dem Effekt, hier die Planktonabundanz, ein erklärbarer Wirkungsmechanismus zugrundeliegen muß.
Speziell die Schwankungen der Leitfähigkeit und der Temperatur waren im Lauf der Zeit sehr gering (Tab. III.18), so daß ein kausaler Einfluß dieser Größen auf die Abundanzdynamik trotz Signifikanz einiger Regressionskoeffizienten (Tab. III.19) fraglich war.

Das Meßintervall von 14 Tagen erschwerte außerdem die Interpretation, da im Wasser gelöste Stoffe mit der Planktonbiozönose besonders intensiv vernetzt sind und ihre Konzentration schnell auf Veränderungen der biotischen Faktoren reagieren.
Die autoregressiven Glieder α waren zwar alle signifikant, aber die Konstanten der Flagellaten waren überhaupt nicht und die der Diatomeen nur in den Schätzbecken signifikant von Null verschieden. Die Konstante der Chlorophyceen Flagellaten war sogar negativ, was bedeuten würde daß die Population bei geringer Dichte von alleine aussterben würde.
Der negative Einfluß der Temperatur, die ja weitgehend konstant blieb, auf Diatomeen, Mikroalgen und Phyllopoden würde bedeuten, daß diese Artengruppen bei hohen Temperaturen in ihrem Wachstum gehemmt wurden. Zwar steigt zumindest bei großen Phyllopoden der Gattung *Daphnia* mit der Temperatur auch die Menge der benötigten Nahrung, um sich fortzupflanzen (Tillmann und Lampert, 1984). Dann hätte sich aber innerhalb der Gruppe der Phyllopoden der Schwer-punkt von wenigen, großen Arten hin zu zahlreichen, kleinen Arten verschoben, die Phyllopodenabundanz hätte also bei steigender Temperatur zugenommen. Eine andere mögliche Erklärung wäre, daß Diatomeen, Mikroalgen und Phyllopoden von sinkenden Temperaturen profitieren. Von Diatomeen ist bekannt, daß sie bei niedrigen Temperaturen um 8-10°C über andere Phytoplankter dominieren (Reynolds,1984, S. 198), allerdings betrug die Temperatur im Mittel 20°C mit Standardabweichung 2,7.
Lediglich der positive Einfluß des Sauerstoffs, der bei allen Phytoplanktern mit Ausnahme der Cyanobakterien signifikant war, ließ sich als indirekte Folge der Sauerstoffproduktion durch das Phytoplankton einen Meßpunkt vorher erklären und wurde bereits in **IV.2.2** diskutiert. Der negative Einfluß des Phosphats auf die Rotatorienabundanzen wurde ebenfalls in **IV.2.2** ausführlich diskutiert.
Die Ergebnisse der Regressionen mit den physikalischen Parametern waren schwierig zu interpretieren, was meiner Meinung an gehäuft nicht-kausalen Korrelationen mit den Planktonabundanzen und dem für diese Zwecke zu großen Meßintervall lag.

IV.2.3.4 Diskussion der dynamische Regressionen mit Planktonabundanzen und physikalischen Parametern als Regressoren

In (Tab. III.21) wurden die Ergebnisse der Regressionen von **III.3.3** und **III.3.4** mit denen aus **III.3.5** verglichen. Die in **III.3.3** und **III.3.4** getrennt ausgewählten Variablen deckten sich in der Grundtendenz mit den in **III.3.5** gemeinsam ausgewählten. Bei den Mikroalgen stimmte die Auswahl exakt, bei den Chlorophyceen überhaupt nicht überein. Mit der Zahl der Regressoren stieg die Fähigkeit der Regressionsgleichung, die Varianz der abhängigen Variable zu erklären, was sich in den teilweise deutlich höheren Werten des Bestimmtheitsmaßes R^2 niederschlug: der R^2-Wert der Copepoden mit 2, bzw. 1 unabhängigen Variablen in **III.3.3** und **III.3.4** betrug 0,31 bzw. 0,30. Der R^2-Wert der Regression mit 7 unabhängigen Variablen in **III.3.5** betrug 0,42. Ebenso die Regressionen der Mikroalgen: der R^2-Wert mit 4, bzw. 3 unabhängigen Variablen in **III.3.3** und **III.3.4** betrug 0,40 bzw. 0,42. Der R^2-Wert der Regression mit 7 unabhängigen Variablen in **III.3.5** betrug 0,57. Ansonsten fiel die Zunahme des R^2 Wertes minimal aus, bei den Copepoden Nauplien nahm er sogar ab.
Neben der durch die zahlreichen signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten erschwerten Interpretation stieg mit zunehmender Zahl an unabhängigen Variablen auch die Zahl der in der Variablenselektion getesteten Nullhypothesen und damit die Wahrscheinlichkeit, falsch signifikante partielle Regressionskoeffizienten zu finden (**IV.1.2**). Die Modelle in **III.3.5** hatten im Mittel 7 unabhängige Variablen. Bei einem Signifikanzniveau von α=0,05 betrug die Wahrscheinlichkeit etwa 0,30, mindestens einen falsch signifikanten partiellen Regressionskoeffizienten zu finden. Selbst bei α=0,01 betrug sie noch etwa 0,07.[14]
Von den Modellen in **III.3.5** halte ich lediglich das der Mikroalgen für sinnvoll, da die Ergebnisse von **III.3.3** und **III.3.4** bestätigt wurden und die Hinzunahme von drei Variablen das Bestimmtheitsmaß um 0,15 erhöhte. Der Wert der restlichen Modelle ist hingegen sehr fragwürdig.

[14] Da die 7 partiellen F-Tests nicht unabhängig sind, kann kein genauer Fehler angegeben werden. Wären sie unabhängig, würden die Fehler $1-0{,}95^7$ = 0,0,301 und $1-0{,}99^7$ = 0,068 betragen.

IV.2.4 Zusammenfassung der wichtigsten biologischen Zusammenhänge

In **III.3.2** und **III.3.3** gingen die Planktonabundanzen nach Delogarithmisierung der Regressionsgleichung gewichtet durch den Betrag ihrer partiellen Regressionskoeffizienten in die Berechnung der Wachstumsrate, bzw. der Abundanz der abhängigen Variable ein. Dabei entschied das Vorzeichen ihrer Koeffizienten, ob die unabhängigen Variablen die Wachstumsrate, bzw. Abundanz erhöhten oder verringerten.
Die Ergebnisse der Regressionen in **III.3.2** und **III.3.3** entsprachen sowohl den statistischen Kriterien wie Signifikanz, als auch den populationsbiologischen Erkenntnissen und Erfahrungswerten. So war bei niedriger Populationsdichte der Planktongruppen ihre Wachstumsrate durchweg positiv. Hohe Dichten hingegen verringerten die eigenen Wachstumsraten. Starke Konkurrenz, bzw. Räuberdruck verminderte außerdem die Wachstumsrate zusätzlich. Ich möchte besonders hervorheben, daß jede Planktongruppe unter den anderen unabhängigen Variablen über die Variablenselektion als signifikanter Regressor für die eigene Wachstumsrate ausgewählt wurde.
In den dynamischen Regressionen von **III.3.3** waren die Konstante und der autoregressive Faktor immer positiv, was ohne Konkurrenz zu einem unlimitierten Wachstum der einzelnen Planktongruppen geführt hätte. Der autoregressive Faktor entsprach dem partiellen Regressionskoeffizienten der um `lag1` verschobenen Abundanz der abhängigen Variable und wurde in jeder Regression durch die Variablenselektion als signifikant ausgewählt.
Besonders auffallend war in **III.3.2** und **III.3.3** der überdeutlich gehäufte, negative Einfluß der Phyllopoden auf die übrigen Planktongruppen, was den empirischen Befunden ihres Konsum- und Konkurrenzverhaltens entsprach (Gilbert, 1988; Lampert und Muck, 1985).
Die enge biologische Verflechtung der Copepoden mit ihren Nauplienlarven spiegelte sich in den Daten durch die Übereinstimmung der empirischen Generationszeit (Kiefer, 1960) mit den Ergebnissen dieser Arbeit in **III.2.4**, **III.3.2** und **III.3.3** wieder.

V. Zusammenfassung

In dieser Arbeit wurden die aus der Ökonometrie stammenden Methoden der Zeitreihenanalyse auf biologische Datensätze aus 10 parallel angesetzten Mikrokosmenexperimenten mit einer Laufzeit von 60 Wochen angewandt, um die biotischen und abiotischen Interaktionen ausgewählter Planktongruppen im Ökosystem Mikrokosmos mittels Regressionen zu modellieren.
Die Aufgabenstellung bestand darin, aus der Vielzahl der Methoden der Zeitreihenanalyse diejenigen auszuwählen und zu beschreiben, die sich für die Analyse biologischer Zeitreihen am besten eignen. Die im Rahmen der Analyse aufgestellten statistischen Modelle wurden anschließend auf ihre biologische Validität hin untersucht.

Von entscheidender Bedeutung für die statistische Analyse war die besondere Anordnung der Daten untereinander in der Regressionsmatrix des verwendeten Statistikprogrammes SPSS und ihre Einteilung in Schätz- und Prüfgruppe. Auf diese Weise konnte die Anzahl Stichproben pro Regression verfünffacht und damit die Teststärke deutlich erhöht werden, außerdem konnten die in den Schätzbecken ermittelten Modellparameter in den Prüfbecken verifiziert werden. Die für die Analysen verwendeten Daten mußten möglichst gleichmäßig verteilt sein und durften sich an einzelnen Meßpunkten um höchstens zwei Größenordnungen unterscheiden. Nullabundanzen sollten, wenn überhaupt vorhanden, ebenfalls gleichmäßig zwischen den Replikaten verteilt sein.

Die Daten eigneten sich gut zum Modellieren der biologischen Wechselwirkungen der Planktongruppen untereinander, während die Interaktionen zwischen den Planktonabundanzen und den physikalischen Parametern wegen des 14-tägigen Meßintervalls nicht zufriedenstellend modellierbar waren.

Bei niedriger Populationsdichte der Planktongruppen war ihre jeweilige Wachstumsrate positiv. Zu hohe Dichten hingegen verringerten die eigenen Wachstumsraten. Starke Konkurrenz und Räuberdruck verminderten die Wachstumsrate zusätzlich.
Die Phyllopoden hatten in fast allen Regressionen einen signifikant negativen Einfluß auf die Wachstumsraten und die Abundanzen der übrigen Plankton-gruppen. Die Kreuzkorrelation der Copepoden mit ihren Nauplienlarven ergab eine Generationszeit der Copepoden von 2 bis 4 Wochen.

Die weitgehende Übereinstimmung der Kreuzkorrelations- und Regressions-ergebnisse mit empirischen, biologischen Befunden bestätigt die Validität der Analysen und unterstreicht die Notwendigkeit der korrekten statistischen Auswertung biologischer Zeitreihendaten.

VI. Literaturverzeichnis

Berquist, A. M. , Carpenter, S.R., Lattino, J.C. (1985) „Shifts in phytoplankton size structure and community composition during grazing by contrasting zooplankton assemblages“, Limnol. Oceanogr. 30, 1037-1045

Birch, L.C. (1953) „Experimental background to the study of the distribution and abundance of insects.“, Evolution 7, S. 136-144

Broekhuizen, N. und McKenzie, E. (1995) „Patterns of abundance for *Calanus* and smaller Copepods in the North Sea: time series decomposition of two CPR data sets“, Mar. Ecol. Progr. Ser. 118: 103-120, 1995

Carpenter, S. R. (1996) „Microcosms Have Limited Relevance for Community and Ecosystem Ecology“, Ecology 77, S. 677-680

Carpenter, S. R., Kitchell, J. F., Cottingham, K. L., Schindler, D. E., Christensen, D. L., Post, D. M., Voichick, N. (1996) „Chlorophyll Variability, Nutrient Input, and Grazing Evidence from Whole-Lake Experiments“, Ecology 77, S. 725-735

Chatfield, C. (1996) „The Analysis of Time Series“, 5th edition, Chapman & Hall

Cohen, J. und Cohen, P. (1983) „Applied Multiple Regression/ Correlation Analysis for the Behavioral Sciences“, 2nd edition, Lawrence Erlbaum Associates

Drake, J.A, Huxel, G. R., Hewitt, C. L. (1996) „Microcosms as Models for Generating and Testing Community Theory“, Ecology 77, S. 670-677

Dowse, H. B. and Ringo, M. (1989) „The Search for Hidden Periodicities in Biological Time Series Revisited“, J. theor. Biol: 139, S.487-515

Fahrmeir, L. und Hamerle, A. (1984) „Multivariate statistische Verfahren“, de Gruyter

Gause, G.F. (1934) „The Struggle for Existencet“, Baltimore: Williams & Wilkins
Gilbert, J. J. (1988) „Suppression of rotifer populations by *Daphnia*: A review of the evidence, the mechanisms, and the effects on zooplankton community structures“, Limnol. Oceanogr. 33, S. 1286-1303

Kendall, M.G., Stuart, A. und Ord, J.K. (1983) „The Advanced Theory of Statistics“, Vol. 3, 4th edition, London:Griffith

Kiefer, F. (1960) „Ruderfußkrebse“, Frankh´sche Verlagshandlung Stuttgart

Lampert, W. (ed.) (1985) „Food limitations and the structure of Zooplankton communities“, Proceedings of an International Symposium held at Plön, W. Germany, E. Schweizerbart‘ sche Verlagsbuchhandlung

Lampert, W. und Muck, P. (1985) „Multiple aspects of food limitation in zooplankton communities: the Daphnia-Eudiaptomus example“, Arch. Hydrobiol. Beih., S. 666

Lampert, W. (1993) „Limnoökologie“, Thieme-Verlag

Laws, E. A. und Chalup, M. S. (1990), „A microalgal growth model“, Limnol. Oceanogr. 35, S. 597-608

Lawton, J. H. (1996), „The Ecotron Facility at Silwood Park: The Value of ‚Big Bottle‘ Experiments“, Ecology 77, S. 665-669

Lehman, J.T. und Sandgren, C. D. (1985), „Species-specific rates of growth and grazing loss among freshwater algae“, Limnol. Oceanogr. 30, S. 34-46

Lotka, A.J. (1925). „Elements of Physical Biology“, Baltimore: Williams and Wilkins

McCauley, E. und Murdoch, W. M. (1986)„Cyclic and stable populations: plankton as paradigm“, Am. Nat. 129, S.97

Peters, R. H. (1983) „The ecological implications of body size“, Cambridge

Renshaw, E. (1991), „Modelling Biological Populations in Space and Time“, Cambridge Studies in Mathematical Biology, Cambridge Universitiy Press

Reynolds, C.S. (1984) „The ecology of frehwater phytoplankton“, Cambridge University Press

Sommer, U. (1985) „Comparison between steady state and non-steady state competition: Experiments with natural Phytoplankton“, Limnol. Oceanogr. 30, S. 335-346

Sommer, U. (1988) „Phytoplankton succession in microcosm experiments under simultaneous grazing pressure and resource limitations“, Limnol. Oceanogr. 33, 1037-1054

SPSS (1991) „Stastistical Algorithms for SPSS“, 2nd edition, SPSS Inc.

Stryer, L. (1988) „Biochemistry“, 3rd edition, Freeman and Company

Taylor, B. E. (1988), „Analyzing population dynamics of zooplankton“, Limnol. Oceanogr. 33, S.1266-1273

Tillmann, U. und Lampert, W. (1984), „Competitive ability of differently sized *Daphnia* species: An experimental test“, J. Freswater Ecol. 2, S. 311-323

Volterra, V. (1926) „Fluctuations in the abundance of a species considered mathematically“, Nature 118, S.558-560

Wetzel, R.G. (1983) „Limnology“, 2nd edition, Saunders

VII. Danksagung

Mein besonderer Dank geht an Dr. Walter Traunspurger, der mir das Thema vorgeschlagen hat und der mir neben den in dieser Arbeit verwendeten Daten auch seinen Rat zur Verfügung stellte.

Für die Durchsicht des Manuskripts danke ich Prof. Dr. Sebastian Diehl und P.D. Dr. Arndt von Haeseler; Arndt für seinen mathematischen Beistand und Sebastian dafür, daß auch die Biologie nicht zu kurz kam. Durch ihre fachliche Unterstützung und stete Diskussionsbereitschaft haben sie sehr zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen.

Außerdem möchte ich mich bei Markus Thamerus und Dr. Küchenhoff, Seminar für Ökonometrie und Statistik der Universität München bedanken, die sich Zeit genommen und Rat gegeben haben.

Special thanks to „Dusty“ Dowse, who has pointed me running dog into the right direction.

Dem Dank an meine Eltern, die mir das Studium ermöglichten, schließt sich ein herzliches „Mahlzeit“ an die Damen der TU-Mensa an, die mir in den letzten neun Monaten das Überleben sicherten und mir die Ressourcenkompetition ersparten.

Neben den Abermilliarden Taktzyklen meines Computers, der mich nur selten im Stich ließ, möchte ich mich bei Matt Burch von Ambrosia für sein hervorragendes Spiel „Escape Velocity“ bedanken, welches mir über die schwersten Stunden hinweg half.

Blaues Formblatt

Name: Burckhardt

Vorname: Florian

Titel der Arbeit: Auswertung der Abundanzen ausgewählter Planktongruppen in parallel angesetzten Mikrokosmen mittels theoretischer Methoden

Betreuer der Arbeit: P.D. Dr. Arndt von Haeseler

Fachgebiet: Zoologie

Institut, an dem die Arbeit angefertigt wurde: Zoologisches Institut der Universität München

Datum der Vergabe der Arbeit: 1.6.1996

_____

Unterschrift des Betreuers der Arbeit

Datum der Abgabe der Arbeit beim Prüfungsausschuß: 27.2.1997

_____

Unterschrift des Vorsitzenden des
Prüfungsausschusses