



MASTERARBEIT

Titel der Masterarbeit

„SDM ausgewählter Pflanzenarten in der alpinen Stufe im Nationalpark Hohe Tauern/ Zentralalpen. Erklärungswerte verschiedener Modellansätze und Sampling-Methoden in einem geologisch komplexen Untersuchungsgebiet“

Verfasser

Günther Klonner, BSc

angestrebter akademischer Grad

Master of Science (MSc)

Wien, 2013

Studienkennzahl lt. Studienblatt:

A 066 879

Studienrichtung lt. Studienblatt:

Masterstudium Naturschutz und Biodiversitätsmanagement

Betreuerin / Betreuer:

Univ.-Prof. Mag. Dr. Stefan Dullinger

Danksagung

Ich möchte mich herzlich bedanken bei Hr. Dr. Wolfgang Pavlik (GBA Österreich) für die fachliche Unterstützung in geologischen Fragen und Unterlagen der Substratklassifikation, Marlies, Bayram und Sven von der Clarahütte und dem DAV Sektion Essen für die vergünstigte Nächtigung, Christian Oblasser vom Berggasthaus Pebellalm im Umbaltal für die angenehme Unterkunft, kulinarische Verwöhnung und die entstandene Freundschaft. Weiters möchte ich meiner Kollegin Fr. Claudia Gstöttl, BSc. und meinem ersten Betreuer Hr. Priv.Doz. Mag. Dr. Michael Gottfried für eine gemeinsame und spannende Zeit im Feld danken. Hr. Priv.Doz. Mag. Dr. Gottfried machte die Bearbeitung dieses Themas erst möglich und half uns mit seiner Expertise beim Entwurf der Fragestellung und den Feldaufnahmen. Da er unglücklicherweise zu Beginn der Auswertungen einen Schlaganfall erlitt musste er die Betreuung abgeben. Ich wünsche ihm gute Besserung und vollkommene Genesung. Mein Dank gilt vor allem Hr. Univ.Prof. Mag. Dr. Stefan Dullinger für die Übernahme des Themas als Betreuer, die fachlich unglaublich wertvolle Unterstützung und das angenehme Arbeitsklima. Finanzielle Unterstützung für die Feldaufnahmen kam vom Klimaforschungsprojekt GLORIA, einen herzlichen Dank dafür an Mag. Dr. Harald Pauli und sein Team. Zuletzt möchte ich mich noch bei Christine Schönberger und meinen Eltern für ihre Geduld und finanzielle Unterstützung in dieser doch sehr anspruchsvollen Zeit bedanken.

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis	5
Einführung	6
Untersuchungsgebiet	7
Ökologische Charakteristika der Zielarten	8
Geologie	10
Fragestellung	12
Material und Methoden	12
Auswahl Zielgebiet	12
Auswahl Zielarten	12
Modellannahmen	12
Random Sampling Design	13
Stratified Sampling Design	18
Datenaufnahme	18
Statistische Formulierung des Modells	19
Modellkalibrierung	20
Modellevaluation	21
Auswertung potentieller Verbreitungsmuster in R	22
Auswertung Methodenvergleich in R	25
Evaluierung des Methodenvergleichs in R	26
Ergebnisse	26
Potentielle Verbreitungsmuster/Habitats	26
Methodenvergleich DS/RS	34
Evaluierung Methodenvergleich	35
Diskussion	40
Random Stratified Sampling Design/ Stratified Sampling Design	40
Aufnahmen im Feld	40
Regressionstechnik (GLM, GAM) und Modellselektion	41
Prädiktion	41
Vergleich DS/RS	42
Schlussfolgerungen	42
Abbildungsverzeichnis	42
Tabellenverzeichnis	43
Referenzen	43
Anhang I	48

Zusammenfassung.....	48
Abstract	49
Anhang II.....	50
Stepwise-selection GAM	50
Stepwise-selection GLM	58
Anhang III.....	65
Lebenslauf	65

Abkürzungsverzeichnis

AIC	=	Akaike Informations-Kriterium
ANDALP	=	<i>Androsace alpina</i>
AUC	=	Area under the ROC-Curve
DEM	=	Digital Elevation Model
df	=	degrees of freedom, Freiheitsgrade
DRAHOP	=	<i>Draba hoppeana</i>
DS	=	Stratified Sampling
GAM	=	Generalized Additive Model
GENACA	=	<i>Gentiana acaulis</i>
GENBAV	=	<i>Gentiana bavarica</i>
GENBRA	=	<i>Gentiana brachyphylla</i>
GENCLU	=	<i>Gentiana clusii</i>
GENNIV	=	<i>Gentiana nivalis</i>
GENORB	=	<i>Gentiana orbicularis</i>
GENPRO	=	<i>Gentiana prostrata</i>
GENVER	=	<i>Gentiana verna s.str.</i>
GLM	=	Generalized Linear Model
GLORIA	=	Global Observation Research Initiative in Alpine Environments
LEOALP	=	<i>Leontopodium alpinum</i>
LEUALP	=	<i>Leucanthemopsis alpina</i>
LR	=	Likelihood ratio
RANGLA	=	<i>Ranunculus glacialis</i>
RHOFER	=	<i>Rhododendron ferrugineum</i>
ROC	=	Receiver Operating Characteristic
RS	=	Random Stratified Sampling
SAXBIF	=	<i>Saxifraga biflora</i>
SAXOPP	=	<i>Saxifraga oppositifolia</i>
SAXRUD	=	<i>Saxifraga rudolphiana</i>
SDM	=	Species Distribution Model

Einführung

Um die Beziehungen zwischen Arten und ihrer Umwelt zu quantifizieren verwendet die Wissenschaft seit der Arbeit von Henry Nix (et al. 1977) sogenannte Species Distribution Models (SDM; Guisan & Thuiller 2005). Vor allem das Klima in Kombination mit anderen Umweltfaktoren wird seither für die Erklärung von Vegetationsmustern weltweit verwendet (u.a. Gottfried et al. 2012; Guisan & Zimmermann 2000). Nach Guisan & Thuiller (2005) definieren sich SDMs folgendermaßen:

“Species distribution models are empirical models relating field observations to environmental predictor variables, based on statistically or theoretically derived response surfaces (Guisan & Zimmermann 2000)”.

Sie basieren auf ökologischen und/oder evolutionären Theorien und sind daher unabdingbar im Beantworten praktischer Fragen in Angewandter Ökologie, Naturschutz, Klima- und Grundlagenforschung (u.a. Biogeografie) geworden (Guisan & Thuiller 2005). Der ideale Aufbau eines SDMs besteht nach Guisan & Zimmermann (2000) aus sechs Stufen: (1) Modellbildung (Konzept), (2) Datenaufbereitung, (3) Modell- Anpassung, (4) Modell- Evaluierung, (5) Räumliche Prognosen, (6) Beurteilung der Anwendbarkeit des Modells.

Ein Ziel dieser Arbeit ist es, anhand von SDMs die potentiellen Verbreitungsgebiete eines alpinen Sets an Arten in einem geologisch komplexen Untersuchungsgebiet zu erforschen. Für die statistische Modellierung (Modell- Anpassung) werden Generalized Linear Models (GLM) und Generalized Additive Models (GAM) verwendet. Die Auswahl dieser beiden Regressionstechniken begründet sich zum einen aus ihrer Fähigkeit mit der Vielzahl an Verteilungen, welche ökologische Daten definieren, umzugehen. Andererseits sind sie gut erforscht und werden in der ökologischen Forschung umfassend angewendet (Guisan et al. 2002). Der zweite Teil der Arbeit befasst sich mit der Evaluierung zweier gängiger Sampling Methoden: Random Stratified Sampling (RS) versus Stratified Sampling (DS).

Die vorliegende Untersuchung wurde von Budgets des globalen Klimaforschungsprojektes GLORIA (www.gloria.ac.at) finanziert. Als global initiiertes Projekt ist es das Ziel von “GLORIA“ folgender Hypothese umfassend auf den Grund zu gehen: Die Erwärmung des Klimas dient als Trigger für Migrationsprozesse welche unweigerlich zu einer Verschiebung der Verbreitungsmuster von Pflanzenarten entlang eines Höhengradienten führen (Borsdorf et al. 2010). Ein standardisiertes Monitoring von Permanent Plots (Pauli et al. 2004) und die Erfassung von quantitativen Effekten bilden die Basis für die wissenschaftlichen Erhebungen (Borsdorf et al. 2010). Die steigende Zahl der Pflanzenarten in den Gipfelregionen der Alpen impliziert eine Verschiebung der realisierten Nische entlang des Höhengradienten (Borsdorf et al. 2010). Im Laufe des 20.ten Jahrhunderts gab es viele wissenschaftliche Untersuchungen in den kältegeprägten Ökotonen der Alpen (Borsdorf et al. 2010)

welche Anzeichen einer wärmebedingten Migration von Gefäßpflanzen indizieren (Klebensberg 1913, Braun-Blanquet 1958, Grabherr et al. 1994, Borsdorf et al. 2010). Die Effekte der Klimaerwärmung können anhand des "Upward-Shifts" eindeutig nachgewiesen werden (Borsdorf et al. 2010, Gottfried et al. 2012). Ein etabliertes globales Netzwerk mit 36 Zielregionen in Europa (77 global) liefert Daten für ein umfassendes Bild (Borsdorf et al. 2010): Durch die anhaltende Klimaerwärmung kommt es zum Effekt der Thermophilisierung alpiner und nivaler Vegetation (Gottfried et al. 2012). Diese führt zu einer Änderung der Artenzusammensetzung von Pflanzengesellschaften im Hochgebirge (Gottfried et al. 2012).

Die Feldarbeit wurde im Sommer 2012 zwischen Juli und September in einem Zweier-Team durchgeführt. Das Team bestand aus Fr. Claudia Gstöttl, BSc. und Hr. Günther Klonner, BSc unter der Betreuung von Priv. Doz. Mag. Dr. Michael Gottfried. Es wurde ein gemeinsamer Datensatz erstellt, der Fokus der Auswertung ist jedoch unterschiedlich. Fr. Claudia Gstöttl, BSc. behandelt die Auswirkungen der Klimaerwärmung auf die potentiellen Habitate der untersuchten Pflanzenarten (2013, unveröffentlicht). Der Fokus dieser Arbeit liegt auf der aktuellen potentiellen Nischenbesetzung der Zielarten und einem Vergleich der unterschiedlichen Erhebungsmethoden.

Untersuchungsgebiet

Das Zielgebiet für diese Untersuchung liegt in den Ostalpen, im Bundesland Tirol, Österreich im Quellgebiet des Flusses Isel. Der nächst gelegene Ort ist Prägraten am Großvenediger im Bezirk Mauttal. Begrenzt wird das Untersuchungsgebiet im Westen durch die Staatsgrenze zu Italien im Ahrntal. Die nördliche Grenze verläuft direkt am Gletschertor des Dreiherrnkees, welcher gleichzeitig den Quellursprung der Isel darstellt. Im Süden bildet das Dabertal die geografische Grenze, im Osten die Wiesbachspitze, ehemals Mullwitzkogel (Abbildung 7). Einzig die Grenze im Osten orientiert sich an dem Verlauf der 1900m Isohypse, alle anderen Grenzen verlaufen entlang von geeigneten natürlichen Begrenzungen (Bergkamm, Gletscherfläche) bzw. im Westen an der Staatsgrenze zu Italien. Als Besonderheiten des Gebietes sind einerseits die vielfältigen geologischen Formationen (Abbildung 11), die ganzjährigen Schmelzwässer der Gletscherbäche und die Gefahr vor Steinschlag, Lawinen, Muren und Hangrutschungen (im Umbaltal) anzuführen. Letzteres ist vor allem auf die enge Talform, die extrem steilen Berghänge und das stark verwitterte phyllitische Gestein zurückzuführen. Die gute Wasserversorgung, eine hohe Sukzessionsdynamik und das geologische Substrat lassen selbst in dieser Höhenstufe eine Vielfalt an Pflanzengesellschaften bzw. Arten zu. Niklfeld (nicht veröffentlicht) fand bereits in den 1980ern eine Vielzahl von im Bereich der Ostalpen seltenen Pflanzenarten wie *Lomatogonium carinthiacum* und *Gentiana prostrata*.

Ökologische Charakteristika der Zielarten

Gentiana acaulis ist eine zerstreut bis häufig vorkommende Art in der montanen, subalpinen und alpinen Stufe über Silikat. Typischerweise findet man den Hemikryptophyt in bodensauren Magerrasen der subalpin-alpinen Stufe. Die Blütezeit von *G. acaulis* ist von Juli bis August (Fischer et al. 2008).

Gentiana clusii ist ein Hemikryptophyt welcher im Gegensatz zu *G. acaulis* auf kalkreichem Substrat der montanen, subalpinen und alpinen Stufe zerstreut bis häufig vorkommt. Im Montanbereich findet man *Gentiana clusii* in Niedermooren und Föhrenwäldern während die Art in höheren Lagen vor allem auf "Kalkreichen Magerrasen" (Blaugras-Horstseggen-Rasen) sowie Fels- und Geröllfluren zu finden ist. Die Blütezeit ist von April bis August (Fischer et al. 2008).

Gentiana bavarica s.str. ist ein Hemikryptophyt bis Chamaephyt mit häufig bis zerstreutem Vorkommen in der subalpinen und alpinen Stufe. *G. bavarica s.str.* blüht zwischen Juli und September und ist typischerweise in feuchten bis nassen Wiesen und Weiderasen, an Bachrändern, in Quellfluren und Polsterfluren der subalpinen bis subnivalen Stufe zu finden (Fischer et al. 2008).

Gentiana bavarica var. subacaulis weist die gleichen Charakteristika auf und wird als Hochlagenrasse von *G. bavarica s.str.* angesehen. Das Vorkommen ist ebenfalls häufig bis zerstreut. Als Differenzierungsmerkmal dienen die rosettigen Laubblätter (Fischer et al. 2008).

Gentiana prostrata gilt als zerstreut bis selten vorkommender Therophyt steiniger, aber feinerde- und nährstoffreicher Rasen und Wegränder über Intermediärgestein. Vorkommend von der subalpinen bis zur alpinen Stufe blüht *G. prostrata* zwischen Juli und September. Die hell- bis dunkelblauen Blütenblätter schließen sich rasch bei Beschattung und Berührung (Fischer et al. 2008).

Gentiana verna s.str. ist ein Hemikryptophyt bis Chamaephyt mit früher häufigem Vorkommen in der collinen, montanen bis alpinen Stufe. In niederen Lagen ist die Art inzwischen sehr selten geworden. Typischerweise zu finden ist *G. verna s.str.* in Magerwiesen und Magerweiden, Niedermooren und Zwergstrauchheiden. Der Hemikryptophyt blüht von März bis Juli. Das Gesamtverbreitungsgebiet der Art ist arktisch-alpin (Fischer et al. 2008).

Gentiana brachyphylla ist ein Hemikryptophyt bis Chamaephyt. Die Art blüht von Juni bis August bevorzugt in meist kalkarmen, basenreichen Magerrasen, Schneetälchen und Felsschuttfluren von der subalpinen bis subnivalen Stufe in den Zentralalpen. Das Vorkommen in den Zentralalpen wird als zerstreut in der Literatur angegeben (Fischer et al. 2008).

Gentiana orbicularis ist ein Hemikryptophyt bis Chamaephyt und blüht zwischen Juli und September auf trockenen Magerrasen und Gesteinsfluren über Intermediärgestein (Kalkschiefer beispielsweise, in Südtirol auch über Dolomit) in der subalpinen bis subnivalen Stufe. Das Vorkommen gilt als zerstreut in den Zentralalpen bis selten in den nördlichen Alpengebieten (Fischer et al. 2008).

Gentiana nivalis gilt als ein zerstreut vorkommender Therophyt der montanen bis alpinen Stufe. *G. nivalis* ist ein arktisch-alpin-kaukasisches Florenelement und bevorzugt steinige Magerwiesen und Magerweiden. Die Blütezeit ist zwischen Juni und August (Fischer et al. 2008).

Leontopodium alpinum ist ein zerstreut bis selten vorkommender Hemikryptophyt in der subalpinen bis alpinen Stufe. Zwischen Juli und September blüht *L. alpinum* auf sonnigen, steinigen Rasen, feinerdearmen Felsböden und Felsfluren. Die Art gilt als pH-indifferent bis kalkliebend (Fischer et al. 2008).

Rhododendron ferrugineum ist ein Nanophanerophyt in meist bodensauren, lichten Nadelwäldern, Krummholzgebüsch und Zwergstrauchheiden. Als ein charakteristisches Element der subalpinen Stufe bildet *Rh. ferrugineum* ein häufiges Florenelement am Übergang zum alpinen Bereich in den Zentralalpen. Die Blütezeit ist von Juni bis Juli. *Rh. ferrugineum* hybridisiert vor allem auf Böden mit intermediärem pH-Wert häufig mit *Rh. hirsutum* (Fischer et al. 2008).

Androsace alpina ist ein Chamaephyt mit Blütezeit zwischen Juli und August in der alpinen bis subnivalen Stufe. *A. alpina* gilt als alpidisches Florenelement, kalkmeidend und zerstreut bis selten vorkommend in frischen, im Winter meist schneebedeckten Gesteinsfluren (Fischer et al. 2008).

Leucanthemopsis alpina ist ein Hemikryptophyt der subalpinen bis subnivalen Stufe mit häufigem Vorkommen in den Silikatalpen (selten in den Kalkalpen). *Leucanthemopsis alpina* bevorzugt feuchte, kalkarme, +/- saure Schneeböden, Krummseggenrasen, Felsschutt- und Moränenfluren mit Blütezeit zwischen Juli und August (Fischer et al. 2008).

Ranunculus glacialis ist ein Hemikryptophyt, Schuttkriecher und Pionierpflanze in nährstoffarmen, silikatischen Steinschuttfluren, Säuerlingsfluren und Moränen. *R. glacialis*, mit zerstreut bis häufigem Vorkommen, zählt zu den arktisch-alpischen Florenelementen der alpinen bis nivalen Stufe und blüht zwischen Juli und August (Fischer et al. 2008).

Saxifraga biflora blüht als Chamaephyt der alpinen Stufe zwischen Juli und August. *S. biflora*, mit einem zerstreuten Vorkommen in den Zentralalpen, bevorzugt feuchte intermediäre Felsschuttfluren und Felsen. Hybridisiert nicht selten mit *S. oppositifolia* (Fischer et al. 2008).

Saxifraga oppositifolia ist ein zerstreut bis häufig vorkommender Chamaephyt frischer, +/- kalkreicher Silikatfelsen und Silikatschuttfluren und offener Magerrasen der alpinen Stufe. Die Blütezeit des arktisch-alpischen Florenelementes ist zwischen April und Juli (Fischer et al. 2008).

Saxifraga rudolphiana ist ein endemischer Chamaephyt der Zentralalpen mit Blütezeit zwischen April bis Juli. Die Art bevorzugt Felsgrus und schattige Felsen über Intermediärgestein (z.B. Kalk-Glimmerschiefer) in der oberalpinen bis subnivalen Stufe (Fischer et al. 2008).

Draba hoppeana ist ein Chamaephyt, welcher als namensgebende Art der Hoppefelsenblümchenflur auf Felsen und Gesteinsgrus sowie Schneetälchen der alpinen Stufe zu

finden ist (vor allem über Kalksilikatschiefern) . *D. hoppeana* gilt als selten bis sehr selten in den Zentralalpen und blüht zwischen Juli und August (Fischer et al. 2008).

Geologie

Das Untersuchungsgebiet im Nationalpark Hohe Tauern liegt geologisch gesehen in einer äußerst komplexen und mineralogisch vielfältigen Zone (Abbildung 11), der Oberen Schieferhülle des Tauernfensters (Krainer 2005). "Das Tauernfenster erstreckt sich mit einer Länge von rund 160km von der Brennerfurche im Westen bis zur Katschbergfurche im Osten und weist eine Breite von ungefähr 30km auf, umfasst somit die Gebirgsgruppen der Hohen Tauern sowie die Zillertaler und Tuxer Alpen"(Krainer 2005). Im Tauernfenster treten mit Gesteinen des mesozoischen penninischen Ozeanbodens und des Europäischen Untergrunds die tiefsten tektonischen Stockwerke der Alpen an die Oberfläche. Der Grund dafür ist die kuppelförmige Aufwölbung der Hohen Tauern und die anschließend erfolgte Erosion der darüber liegenden ostalpinen Gesteinsformationen. Das Penninikum besteht aus folgenden Gesteinseinheiten: "Altes Dach", "Habachserie", "Zentralgneis" und der "Oberen Schieferhülle" (Abbildung 1). Den Rahmen des Tauernfensters bilden im Süden die Altkristallinserien der Sadnig-, Reißeck-, Kreuzeck-, Schobergruppe und der Deferegger Alpen. Im Norden grenzt die Nördliche Grauwackenzone (oberostalpine Gesteine) an das Tauernfenster während im Westen/Nordwesten bzw. Osten/Nordosten unterostalpine Gesteine angrenzen (Tarntaler Berge, Radstätter Tauern; Krainer 2005). Das Tauernfenster weist einen komplizierten tektonischen Bau auf. Die tektonischen Einheiten werden in Decken untergliedert: Zentralgneiskerne, Decken aus dem Alten Dach und Schieferhüldecken. Die alpidische Gebirgsbildung führte generell zu nordgerichteten Auffaltungen und Überschiebungen, die Faltenachsen verlaufen daher von Ost nach West. Innerhalb dieser Einteilung bilden die Zentralgneiskerne das tiefste Stockwerk, ummantelt von Gesteinen des Alten Daches, der Habachserie und der Oberen Schieferhülle (Krainer 2005).

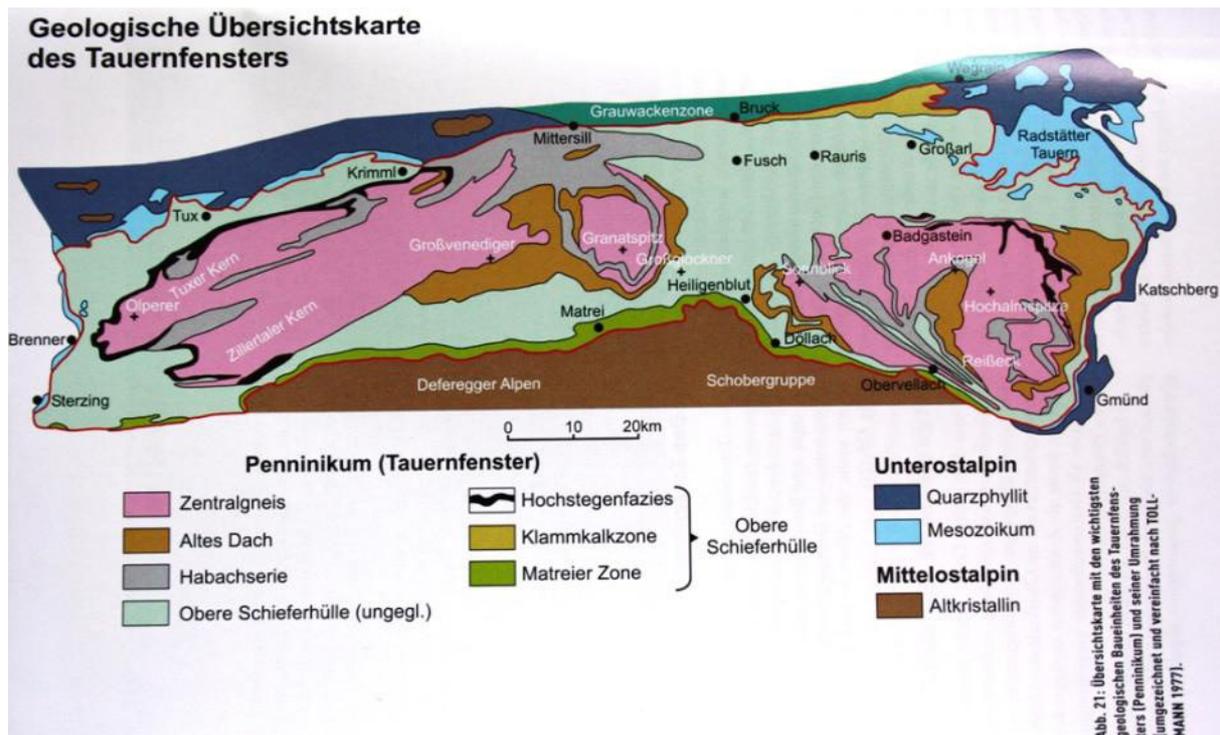


Abbildung 1: Geologische Übersichtskarte des Tauernfensters mit den wichtigsten geologischen Baueinheiten des Penninikums und der Umrahmung (Krainer 2005).

“Die Obere Schieferhülle setzt sich aus einer Abfolge metamorph überprägter klastischer und karbonatischer Sedimente und Vulkanite zusammen, die im Zeitraum Perm bis Kreide in einem ehemaligen Ozean entstanden sind“ (Krainer 2005). In diesem Penninischen Ozean kommt es zu Ablagerungen in verschiedenen Wassertiefen welche in sogenannten Fazieszonen (verschiedene Gesteinsausbildungen) eingeteilt werden (von Norden nach Süden): Hochstegenfazies, Brennkogelfazies, Glocknerfazies, Fuscherfazies, Klammkalkfazies. Anzuführen ist auch noch die sogenannte Matreier Zone welche einen schmalen Mischgesteinsstreifen am Südrand im Übergang des Penninikums zum Unterostalpin bezeichnet (dunkle und helle Phyllite, Kalkglimmerschiefer, Quarzite, Kalke, Dolomite, etc.). Die im Untersuchungsgebiet hauptsächlich vorkommende Glocknerfazies kennzeichnet sich durch mehrere Kilometer mächtige Gesteinsabfolgen aus Bündnerschiefer (Kalkglimmerschiefer inklusive eingeschalteter Phyllite) und metamorpher basischer Vulkanite (v.a. Prasinite, Grünschiefer). Südlich vom Großschober schließt im Untersuchungsgebiet an den Glocknerfazies die Matreier Zone an (mündlich, Dr. Pavlik Wolfgang GBA).

Die Obere Schieferhülle ist selbst auch in Decken und Teildecken untergliedert, die tiefste tektonische Einheit ist die Modereckdecke (Gesteine der Wustkogelserie und Seidlwinkltrias). Darüber liegt die in verschiedene Teildecken gegliederte Glocknerdecke (Krainer 2005).

Fragestellung

Ziel dieser Untersuchung ist der Vergleich zweier Erhebungsdesigns, eines Random Sampling und eines Stratified Sampling im Hinblick auf die Qualität der Verbreitungsmodelle (SDMs), die auf der Basis der erhobenen Daten erstellt werden können. Der Vergleich wird auf der Basis zweier verschiedener Modellierungstechniken (GLM, GAM) durchgeführt.

Material und Methoden

Auswahl Zielgebiet

Die Auswahl des Zielgebietes erfolgte im Interesse der Projektgruppe GLORIA. Die wissenschaftliche Leitung, unter Priv.Do. Mag. Dr. Michael Gottfried und Dr. Harald Pauli, versuchte über vegetationsökologische Informationen sowie ÖK-Karten potentielle Gebiete als sogenannte "Master-Sites" für das Projekt auszuweisen. Die Untersuchungen im Virgental/NP Hohe Tauern/Osttirol im Rahmen dieser Diplomarbeit sollten auch dazu dienen die Eignung dieses Gebietes als "Master-Site" zu prüfen.

Auswahl Zielarten

Als Anhaltspunkt für die Auswahl der Zielarten galt die österreichische Florenkartierung nach Niklfeld (nicht veröffentlicht). Darüber hinaus bezog sich diese einerseits auf charismatische Pflanzenarten ("iconic species") und auf floristische Besonderheiten in den Hohen Tauern: *Gentiana acaulis*, *Gentiana asclepiadea*, *Gentiana clusii*, *Gentiana bavarica*, *Gentiana prostrata*, *Gentiana verna s.str.*, *Gentiana orbicularis*, *Gentiana brachyphylla*, *Gentiana nivalis*, *Gentiana punctata*; *Leontopodium alpinum*, *Rhododendron ferrugineum*, *Androsace alpina*, *Leucanthemopsis alpina*, *Ranunculus glacialis*, *Saxifraga biflora*, *Saxifraga oppositifolia*, *Saxifraga rudolphiana*, *Draba hoppeana*, *Lomatogonium carinthiacum*. Aufgrund der Seltenheit einiger Arten im Untersuchungsgebiet (alpine und subnivale Stufe) wurden folgende Arten nicht in die Liste der zu untersuchenden Arten aufgenommen: *Gentiana asclepiadea*, *Gentiana punctata* und *Lomatogonium carinthiacum*.

Modellannahmen

Als Basis für die Formulierung eines Modells gelten folgende ökologische Annahmen: Pseudo-Equilibrium zwischen realer Verteilung der Arten im Gelände und Umweltbedingungen, Modellierung der potentiellen realisierten ökologischen Nische nach Hutchinson und Fokus des Modells auf Präzision und Realität. Levins' Klassifikation (Levin 1966) besagt, dass von den drei Modelleigenschaften "Generalität", "Realität" und "Präzision" nur zwei forciert werden können. Guisan & Zimmermann (2000) schlagen aufgrund dieses Konzeptes die Verwendung eines empirischen Modells mit indirekten Variablen (besser beobachtbare Korrelate real bzw. physiologisch wirksamer Faktoren oder Prozesse) vor. Biotische Interaktionen und Konkurrenz als

wichtige Mechanismen in der Verbreitung von Arten werden nicht, oder bestenfalls implizit berücksichtigt (Guisan & Thuiller 2005).

Random Sampling Design

Für das Design einer effizienten Sampling Strategie galt es zuerst jene Gradienten (Prädiktoren) zu identifizieren welche theoretisch eine Schlüsselrolle für die Verteilung der Arten im Gelände spielen (Mohler 1983, Austin & Heyligers 1989, 1991 Wessels et al. 1998). Für das eigentliche Design gibt es verschiedene wissenschaftliche Ansätze, beispielsweise die „Gradsec“-Methode (Helman 1983, Gillison & Brewer 1985, Austin & Heyligers 1989,1991). Für Species Distribution Models (SDM) ist es wichtig alle Kombinationen an Prädiktoren gleichmäßig zu sampeln (Guisan & Zimmermann 2000). Aus diesem Grund wurde in dieser Untersuchung der „Random-Stratified“ Ansatz verwendet (Geodickemeiner et al. 1997, Lischke et al. 1998, Guisan & Zimmermann 2000). Individuelle GIS-Layer wurden stratifiziert und verschnitten. Jedes Polygon repräsentiert eine spezifische Kombination (Stratum) der Prädiktoren, wobei jedes Stratum öfter auftreten kann. Eine zufällige Auswahl an Polygonen pro Stratum wurde beprobt, hierbei nimmt man üblicherweise Grenzwerte für die minimale und maximale Größe der Polygone (um ähnlich große Polygone zu besampeln). Die genaue Verortung des Samples kann zufällig oder systematisch erfolgen (Guisan & Zimmermann 2000). Darüberhinaus ist eine Minimum-Distanz (150m bei alpinen Gesellschaften, Fischer 1994) zwischen zwei Sampling-Flächen einzuhalten um räumliche Autokorrelation zu vermeiden (Legendre 1993). Diese täuscht eine Unabhängigkeit zwischen Observationen und führt zu Pseudoreplikation (Guisan & Zimmermann 2000, Heffner et al. 1996). Im Falle, dass nicht alle Sampling-Punkte aufgesucht werden können, schlagen Guisan & Zimmermann (2000) ein Resampling innerhalb der Straten vor oder das Design eines komplementären Ansatzes. Dessen Ziel soll es sein zusätzliche Sampling-Punkte in unterrepräsentierten Straten zu erhalten.

Diese Untersuchung verwendete folgende Prädiktoren für die Modellierung (nach Fischer 1990; Moore et al. 1991; Brzeziecki et al. 1993; Brown 1994; Guisan et al. 1998, 1999): ELEVATION (in 200m Stufen), SLOPE (5 Klassen: 0-10,10-20,20-30,30-45,>45), ASPECT (4 Klassen: N,E,S,W), GEOLOGIE. Für Austin und Smith (1989) zählen diese zu den „indirekten Gradienten“, sie haben keine direkte physiologische Relevanz für die Performance der Arten, werden aber in SDMs aufgrund ihrer guten Korrelation mit observierten Auftretens- Mustern oft verwendet (Guisan & Zimmermann 2000). Die wichtigste Datengrundlage für SDMs ist ein digitales Höhenmodell (Digital Elevation Model, DEM). Es dient als Basis für die Generierung von Karten („Layern“) verschiedener Umweltfaktoren in einem Geographischen Informationssystem und legt die räumliche Auflösung aller berechneten Layer fest (Guisan & Zimmermann 2000). Elevation (Abbildung 2), Slope (Abbildung 3) und Aspect (Abbildung 4) stellen zwar laut Guisan & Zimmermann (2000) nicht notwendigerweise die Prädiktoren mit dem

besten Vorhersagepotential dar, sind jedoch Basisderivate eines DEM und somit diejenigen mit der höchsten Genauigkeit. Quelle für die Geologie war eine geologische Karte der Region KRIMML (Blatt 151) der Geologischen Bundesanstalt in Wien. Die Geologie wurde aufgrund der Ungenauigkeit der Georeferenzierung (Daten für nördliches Gebiet nur im Maßstab 1:50.000 vorhanden) nicht in die Intersektionierung (Abbildung 5) miteinbezogen. Abweichend von der Literatur (Guisan & Zimmermann 2000) wurden die Polygone innerhalb der Straten nicht zufällig besampelt sondern ihrer Größe nach, insgesamt gab es 3 Sampling- Durchgänge (Resampling) wobei der Reihe nach von jedem Stratum im ersten Durchgang das größte Polygon, im zweiten Durchgang das zweitgrößte Polygon usw. ausgewählt wurden. Die Verortung der Samples innerhalb der Polygone erfolgte zufällig. Output dieser Methode sind 175 Random Sampling Punkte pro Durchlauf, also in Summe 525 Samples (Abbildung 6).

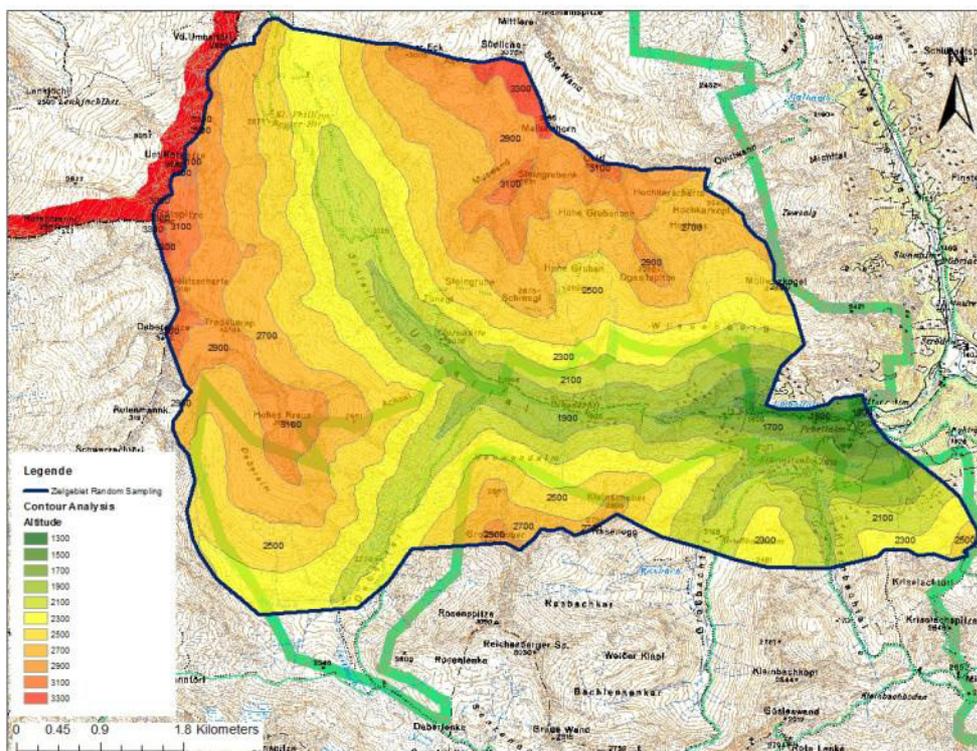


Abbildung 2: Konturanalyse aus dem DEM, Prädiktor Elevation für das Random Stratified Sampling. Die Grenzen des Zielgebietes wurden auf Größe und entlang geografischer Grenzen abgestimmt.

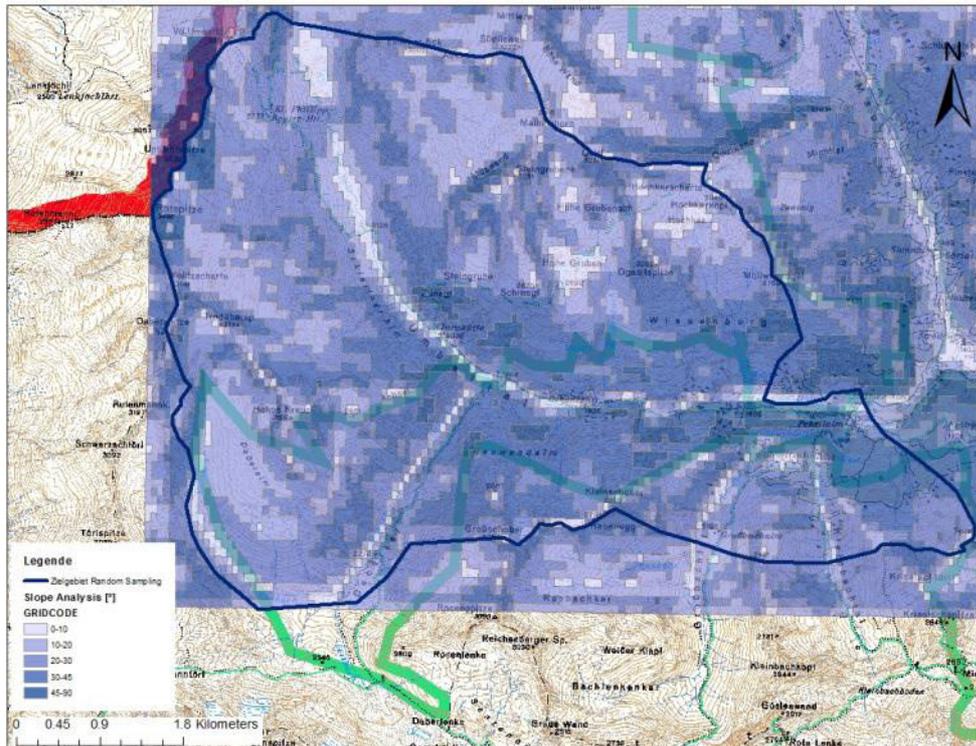


Abbildung 3: Slope-Analyse aus dem DEM, Prädiktor Slope für das Random Stratified Sampling. Die Grenzen des Zielgebietes wurden auf Größe und entlang geografischer Grenzen abgestimmt.

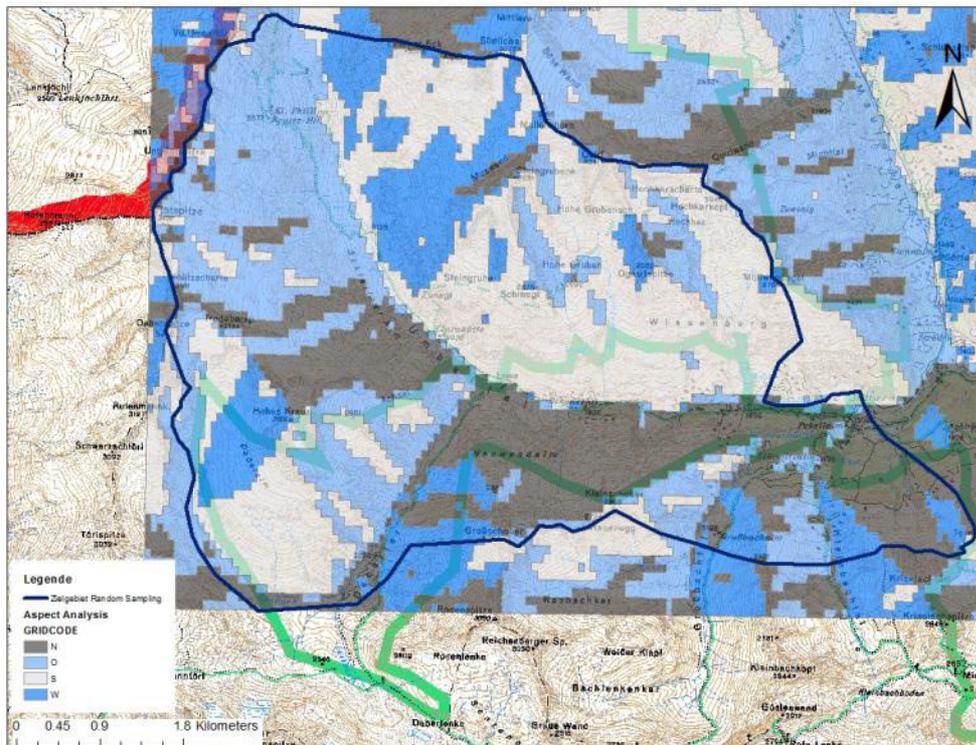


Abbildung 4: Aspect-Analyse aus dem DEM, Prädiktor Aspect für das Random Stratified Sampling. Die Grenzen des Zielgebietes wurden auf Größe und entlang geografischer Grenzen abgestimmt.

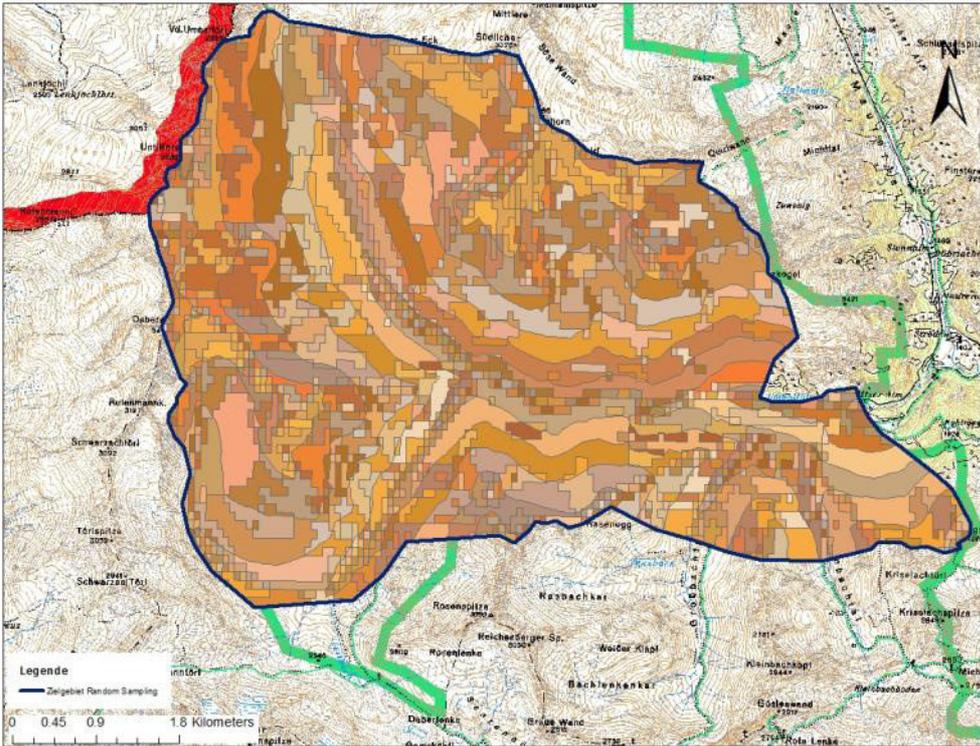


Abbildung 5: Intersect der Prädiktor-Layer als Grundlage für die Auswahl der RS Flächen. Jedes gleichfarbige Polygon repräsentiert ein Stratum (Polygon mit gleicher Elevation, Slope und Aspect).

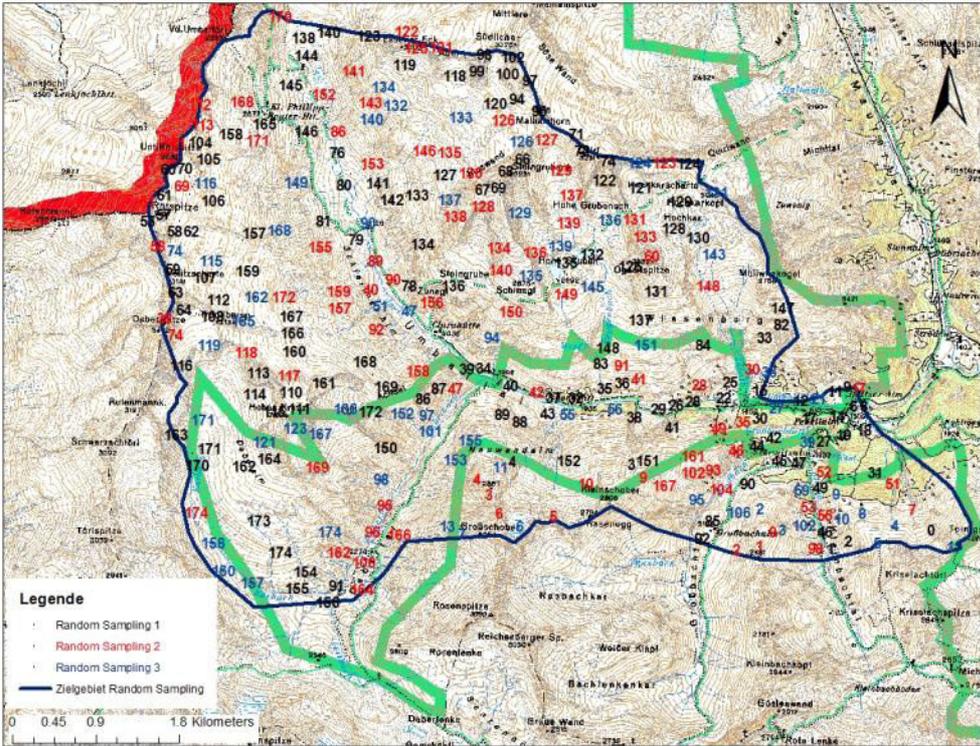


Abbildung 6: Auswahl der Stichprobenpunkte auf der Basis eines Random Stratified Sampling Designs: pro Farbe ein Sampling Durchgang mit 175 Punkten, insgesamt 525 RS Punkte.

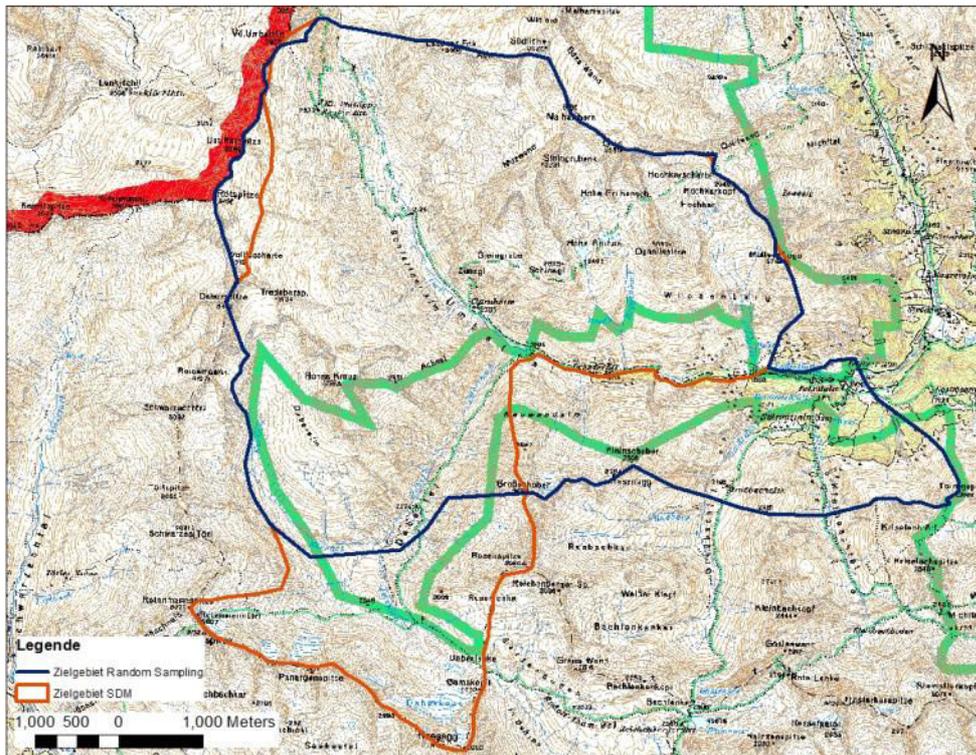


Abbildung 7: Zielgebiet der Untersuchung: das blaue Polygon stellt das Zielgebiet des Random Stratified Sampling dar, Orange dasjenige des Stratified Sampling und zugleich auch des Zielgebietes für die Auswertung der potentiellen Verbreitungsmuster.

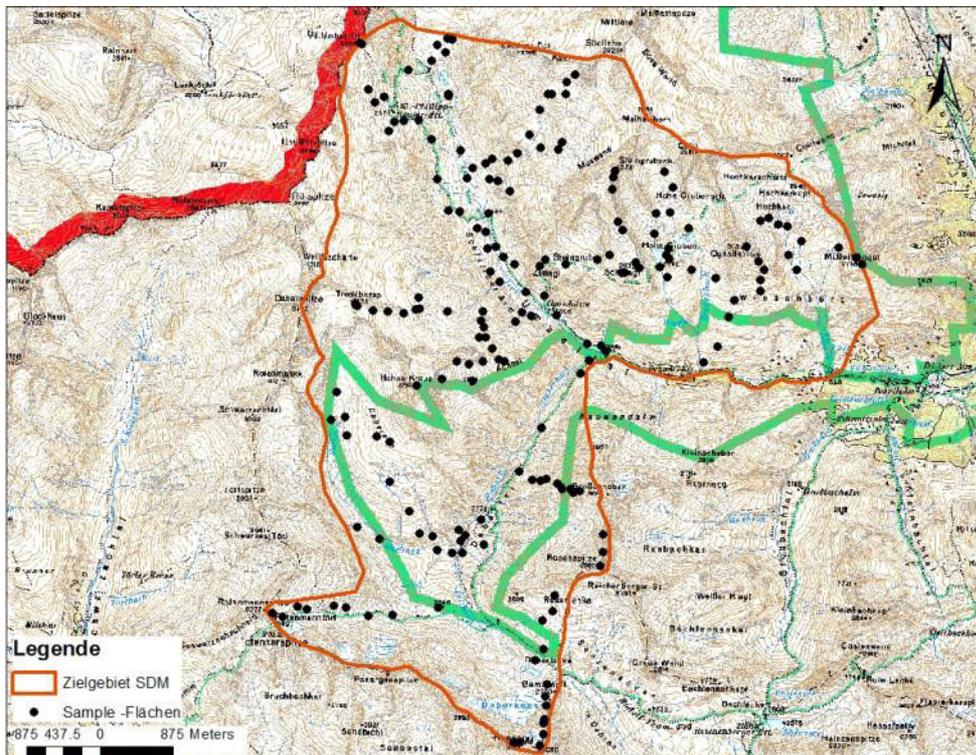


Abbildung 8: Punkte aller 187 Stichproben-Flächen im Untersuchungsgebiet.



Abbildung 9: Beispiel einer Feldaufnahme im Daberbachtal/NP Hohe Tauern. Das Quadrat (10x10m) wird vom Mittelpunkt aus über die Diagonalen aufgezogen. Der Mittelpunkt stellt die GPS Koordinaten dar. Die Ecken werden übersichtlich gekennzeichnet und Maßbänder zur Abgrenzung verlegt. Auf der Aufnahme tafel sind Probennummer, Ausrichtung, Elevation und Datum vermerkt.

Stratified Sampling Design

Zusätzlich zum Random Stratified Sampling Design (RS) diente ein klassischer Stratified Sampling (DS) Ansatz (Guisan & Zimmermann 2000) dazu einerseits unterrepräsentierte Straten zu beproben und andererseits eine qualitative Vergleichsmethode zum ersten Ansatz zu erhalten (Abbildung 7). Auf Basis einer Begehung und Einschätzung des Untersuchungsgebietes Anfang Juli 2012 wurde die Methodik für das DS angepasst. Im Gelände wurden Stichprobenflächen entlang von Vertikaltransekten (Linientransekte: alpine markierte Routen, begehbare Routen im Gelände) angelegt. Die Verortung der Flächen erfolgte nach folgenden Regeln: Mit Hilfe eines GPS wurden in 100 Höhenmeter-Schritten des Vertikaltransektes 10x10m Flächen ausgewählt und deren Mittelpunkte nach Begebarkeit 7m hangauf- oder hangabwärts festgelegt. Die Anzahl der auf diese Weise erhaltenen Stichproben sollte gleich der aus dem RS sein.

Datenaufnahme

Die Daten für die Erstellung von Nischenmodellen wurden im Freiland (Abbildung 9) in Zweier-Teams erhoben (Fr. Claudia Gstöttl, Masterarbeit bei Gloria). Insgesamt gibt es 187 Probeflächen (Abbildung 8). Jede Fläche wurde im Gelände mittels GPS markiert (GPS Garmin Oregon 450t, Positionsformat: „Österreichisches Gitter“; GPS Garmin ETREX Vista) und hangparallel ein Netz mit 10x10m aufgespannt (Schätzung der Hangparallelität, Netz vom Mittelpunkt aus über Formel: $a \times \sqrt{2} / 2$). Fotos der Probefläche (Infos über Himmelsrichtung, Versuchsflächennummer, Datum) sollen eine

Wiederauffindbarkeit ermöglichen. Für jede Probefläche wurde eine Presence/Absence Liste der Zielarten erstellt. Darüberhinaus wurden folgende Daten jeder Probefläche erhoben: Probenummer (im Format Rxxx, Dxxx; mit x als laufende Zahl beginnend mit 001), Uhrzeit, Dauer der Aufnahme bzw. des Auffindens der Random Punkte ('R'), GPS Koordinaten (im Format Grad° Dezimalminuten“ für East/North), GPS Type (Garmin Etrex/ Garmin Oregon), Altitude (Barometrische- bzw. GPS Höhe), Hangausrichtung (Aspect), Inklination (Slope), Habitat (subalpin/alpin/subnival) und einer Bemerkung mit Besonderheiten zur Probefläche (Heterogenität der Fläche u.a.). Informationen über den geologischen Untergrund wurden bei der Auswertung über geologische Karten der GBA für jeden Probepunkt hinzugefügt (Blatt 151_KRIMML M1:50.000, Blatt 177_StJakobimDeferegggen GEOFAST M1:25.000; Quelle: GBA Wien).

Die Definition der Höhenstufen erfolgte aufgrund der Vegetation in der Probefläche, wobei subalpin gekennzeichnet ist durch das Vorhandensein von Zwergsträuchern-Ericaceen (u.a. *Juniperus communis sp alpinus*, *Alnus alnubetula*, *Rhododendron sp.*, *Vaccinium myrtillus*, *Vaccinium vitis-idea*, *Vaccinium gaulteroides*, *Caluna vulgaris*). Die darauffolgende alpine Stufe (geschlossene Rasengesellschaften) reicht vom Ende der Zwergstrauchgesellschaften bis hin zu einer aufgelösten Vegetation, welche von Polstergesellschaften dominiert wird und typische subnivale Elemente enthält (u.a. *Ranunculus glacialis*, *Saxifraga biflora*, *Androsace alpina*; Reisigl & Pitschmann 1958). Die Übergänge zwischen den einzelnen Höhenstufen verlaufen verzahnt und können nicht scharf gezogen werden. Darüberhinaus gibt es z.B. im alpinen Bereich durchaus azonale Standorte mit denivaler Vegetation (z.B. Lawinenrutschen, Gletscherwasser führende Rutschen; Gottfried et al. 2002, Grabherr et al. 2010).

Statistische Formulierung des Modells

Die abhängige Variable (= Response) aller zu erstellenden SDMs ist binär (Art in der Fläche vorhanden oder nicht) und die zugehörige Verteilungsfunktion dieser Variablen daher eine binomiale. Das adäquate Regressionsmodell für binomial verteilte abhängige Variable ist eine logistische Regression (Guisan & Zimmermann (2000) und die auf diesem Modell basierenden Prädiktionen repräsentieren Vorkommens-Wahrscheinlichkeiten. Zur Schätzung der Regressionsparameter wurde ein Maximum-Likelihood Estimation (ML)-Verfahren verwendet. Vor Auswahl des spezifischen Regressionsmodells wurden die Prädiktoren auf eventuell auftauchende Multikollinearität getestet. Neben klassischen logistischen Regressionsmodellen (GLMs) wurden in dieser Untersuchung vergleichsweise auch General Additive Models (GAMs) verwendet.

GLMs können einerseits Verteilungen wie Gauss'sche, Poisson, Binomial oder Gamma durch die Transformation über eine sogenannte Link-Funktion rechnen, andererseits können auch Polynomiale

Regressionsterme inkludiert werden wie z.B. für unimodale symmetrische Responses (Guisan & Zimmermann 2000). GAMs als alternative Modellierungstechnik verwenden nicht-parametrische Smoothing-Funktionen für die Parametrisierung des Zusammenhangs zwischen abhängigen und unabhängigen Variablen (Guisan & Zimmermann 2000). Der klare Vorteil von GAMs gegenüber GLMs ist die Flexibilität in der funktionalen Form dieses Zusammenhangs. Die Smoother-Funktionen versuchen eine Kurve an die Punktwolke der Verteilung anzupassen, diese kann jede Form annehmen (z.B.: linear, unimodal, bimodal, etc.) während GLMs nur die Parameter einer vordefinierten mathematische Funktion (z.B. einer Geraden oder einer Parabel) schätzen (Wildi 2012). Der Nachteil von GAMs liegt in der möglichen Überinterpretation der Zusammenhänge in der Stichprobe, sogenanntes "overfitting" (Wildi 2012). Zanin und Mara (2012) fassen die Vorteile von GAMs folgendermaßen zusammen:

"The semiparametric model we explore is best known in the regression spline literature as GAM. This model can be viewed as a GLM involving smooth functions of covariates. It allows the researcher to reveal the possible presence of non-linear relationships between covariates and outcome without making any a priori assumption on the degree of non-linearity. This permits us to investigate possible important insights into the phenomenon under study that cannot be captured using a classic GLM approach".

Modellkalibrierung

Mit einem R- Package (RStudio Version 0.96.331, © 2009-2011 RStudio, Inc) wurden über Generalized Linear Models – GLM (Collett 1991, Wildi 2012) und General Additive Models - GAM (Collett 1991, Wildi 2012, Hastie 1992, Venables 2002) Verbreitungs- bzw. Nischenmodelle der Arten erstellt. Darüberhinaus wurden die Ansätze der verschieden angewandten Erhebungsmethoden: RS Design / DS Design auf Qualität bzw. Aussagekraft in der Modellierung geprüft.

Für beide Regressionsmodelle GLM und GAM wurde für die Selektion der Prädiktoren (auch deren möglichen Transformationen wie Polynomial-Terme und Smoothing Funktionen) im Modell eine "stepwise Selection" verwendet (Guisan & Zimmermann 2000). Die Parameterschätzung erfolgt bei GLMs mittels Maximum Likelihood Estimation (MLE, Rudolf & Kuhlisch 2008). GLMs zählen zu den parametrischen Verfahren: z.B.: $y = \alpha + \beta * x$. Sie linearisieren mit Transformationen (Link Funktionen) die rechte Seite der Regressionsgleichung und können so nicht-lineare Zusammenhänge zwischen x und y untersuchen. Für spezielle Verteilungsformen der Daten gibt es sogenannte "Kanonische" Link-Funktionen, in diesem Fall die „Logit-Link“-Funktion für eine Binomialverteilung: $\log \frac{p}{1-p} = \alpha + \beta * x$. Im Gegensatz zu den GLMs zählen GAMs zu den nicht-parametrischen Verfahren: $y = \alpha + f(x)$. Die nicht-parametrischen Zusammenhänge ($f(x)$) werden über sogenannte Smoother berechnet und additiv zusammengesetzt. Die Schätzung der Parameter erfolgt über ein der MLE ähnliches Verfahren: "Local Scoring" (verwendet anstatt des "Log Likelihood" den "Penalized

Log Likelihood“). In beiden Regressionstechniken lassen sich für den Test eines positiven oder negativen Effekts der unabhängigen Variablen auf den Response “Likelihood Ratio“ (LR) Tests verwenden. Gibt es keinen solchen Effekt, dann folgt die LR einer Chi-Quadrat Verteilung (Freiheitsgrade df =Anzahl der zu schätzenden Parameter). Analog erfolgte die Bewertung der Modellgüte (Güte der Abbildung der Daten) über die “Devianz“ und der Vergleich der Qualität verschiedener Modelle mit Hilfe des “Akaike Informations-Kriteriums“ (AIC).

Anhand der Modelle wurden potentielle Verbreitungskarten erstellt (Guisan & Zimmermann 2000). Die Vorhersagewerte liefern Wahrscheinlichkeiten für das Auftreten einer Art welche zur Darstellung in eine GIS Umgebung implementiert werden. Als Wahrscheinlichkeits-Grenzwert für die Differenzierung von vorhergesagter Präsenz bzw. Absenz einer Art an einem Punkt wurde die “Prävalenz“ verwendet. Diese ist definiert als das prozentuelle Auftreten einer Art gemessen an der Gesamtheit der Observationen (Liu et al. 2005).

Modellevaluation

Die Genauigkeit (accuracy) der Modelle für die einzelnen Arten wurde über “Receiver Operating Characteristic (ROC)“ Analysen bewertet. Die “Area under the ROC curve“ (AUC) beruht auf dem Vergleich von vorhergesagten Wahrscheinlichkeiten und beobachteten Zuständen einer binären Variablen und ist damit ein Maß für die Fähigkeit eines Modells, zwischen den beiden möglichen Werten einer solchen Variablen zu unterscheiden (Swets 1988, Lobo et al. 2008). Für die qualitative Beurteilung des AUC (für jede Pflanzenart, GLM und GAM) wurden folgende Grenzwerte verwendet: “excellent $AUC > 0.90$; good $0.80 > AUC < 0.90$; fair $0.70 > AUC < 0.80$; poor $0.60 > AUC < 0.70$; fail $0.50 > AUC < 0.60$ “ (Araujo et al. 2005). Für die Berechnung der AUC wurde in dieser Untersuchung das “pROC“-Paket 1.5.4 für R (Robin et al. 2011) verwendet.

Die Evaluierung der Vorhersagestärke der Modelle erfolgte beim Vergleich der Sampling-Strategien über die “Bootstrap“-Methode (Guisan & Zimmermann 2000, Manly 1997). Bei Verwendung eines identischen Datensatzes für Kalibration und Evaluation von Modellen (z.B. aufgrund kleiner Stichprobenumfänge) wird beim Bootstrap ein multiples Re-Sampling mit Replacements durchgeführt (Guisan & Zimmermann 2000). Jeder Datensatz wird x -mal (hier $x=2000$) re-sampelt (Robin et al. 2011) und für jedes Re-Sample wird das entsprechende Regressionsmodell neu kalibriert und der zugehörige AUC-Wert berechnet. Der Vergleich der Sampling-Methoden hinsichtlich der Genauigkeit der auf ihnen beruhenden Modelle erfolgte dann durch Gegenüberstellung der AUC-Wert-Mengen, die aus den jeweils 2000 Re-Samples berechnet wurden.

Auswertung potentieller Verbreitungsmuster in R

Eine eventuell auftretende Multikollinearität der Prädiktoren ELEVATION (Elevation), SLOPE (Slope), ASPECT(Northing, Easting), GEOLOGIE (Geology) nach Guisan & Zimmermann (2000) wurde vorab grafisch (Abbildung 10) und rechnerisch geprüft. Das Ergebnis gibt keinen Hinweis auf signifikante Kollinearität.

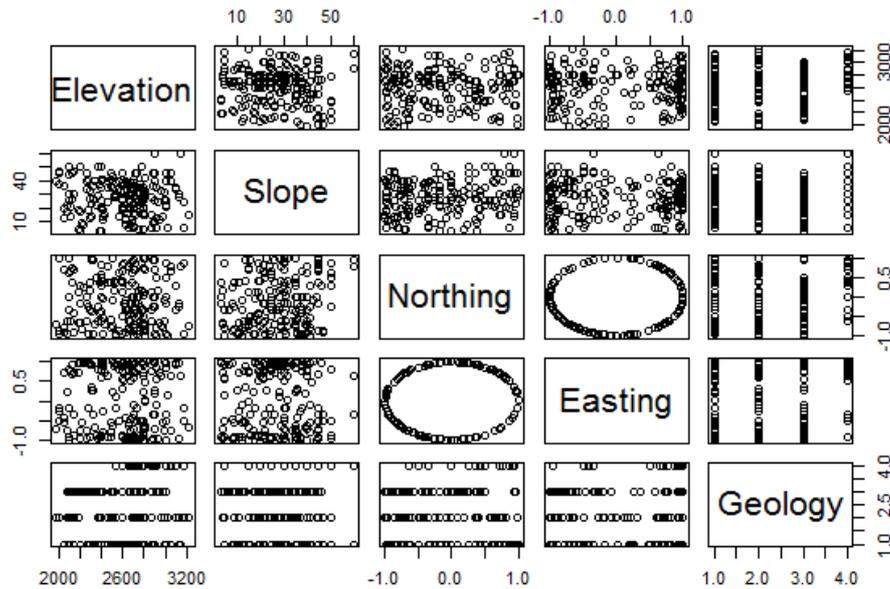


Abbildung 10: Prüfung der Prädiktoren Elevation, Slope, Aspect (Northing, Easting) und Geology auf Multikollinearität. Die grafische Überprüfung suggeriert keine signifikanten Kollinearitäten.

Für die Erstellung der potentiellen Verbreitungsmuster wurde ein Datenframe mit allen Stichproben, bestehend aus den abhängigen (Arten) und unabhängigen Variablen (Prädiktoren) im R definiert. Die Daten wurden aus einer Excel-Datenbank importiert. Die zirkuläre Variable "ASPECT" wurde für die statistische Modellierung in eine "Northing"- und "Easting"- Komponente transformiert. Die Spezifizierung des geologischen Untergrunds bildet bei den Erhebungen eine sogenannte kategoriale Variable. Diese wurden nicht im Feld sondern anhand geologischer Karten (GBA, Blatt 151_KRIMML M1:50.000, Blatt 177_StJakobimDefereggen GEOFAST M1:25.000) in einer GIS Umgebung zugewiesen (Abbildung 11). Dabei wurde versucht Klassen geeigneter Geologie zusammenzufassen um zum einen die pflanzenökologische Relevanz der Differenzierung zu erhöhen und zum anderen die Fehler durch Ungenauigkeiten der geologischen Karte zu minimieren. Um den Faktor Geologie in der statistischen Modellierung verwenden zu können wurde dieser in eine ordinale Skala überführt: Reihung der geologischen Formationen (Tabelle 1) nach ihrer chemischen Zusammensetzung (Mondadori 1978, Krainer 2005) und einer Substrattypenklassifikation der Geologischen Bundesanstalt GBA (Kreus et al. 2011).

Tabelle 1: Einteilung der geologischen Formationen im Untersuchungsgebiet nach ihrer chemischen Zusammensetzung (Mondadori 1978, Krainer 2005) und einer Substrattypenklassifikation der Geologischen Bundesanstalt (Kreus et al. 2011)

Nr	Substrattyp	Kategorien	Geologische Formationen
1	Silikatgestein kalkhaltig	CaSi,CaS- ,CaS+,CaK+,CaK-	Kalkglimmerschiefer, (Silikat-) Marmore, Kalk(ton)schiefer
2	Silikatgestein basenreich	SiBa,SiB-,SiB+	Amphibolith, Prasinit (inkl. Karbonat-haltiger)
3	Silikatgestein intermediär	SiIn,Sil-, Sil+	Chloritschiefer, Glimmerschiefer bis Phyllit, Matreier Glanzschiefer (bei geringem Hellglimmeranteil- Muskovit), Serizitschiefer
4	Silikatgestein sauer	SiSr, SiS-,SiS+	Matreier Glanzschiefer (bei hohem Hellglimmeranteil- Muskovit), Quarzit, Gneise (quarzhältige Magmatite allgemein)

Probepunkte in Alluvionen, Hang- und Fließschutt bzw. Moränenbereich wurden jenen geologischen Formationen zugewiesen welche als Ausgangspunkt des Materials anzusehen sind (mündliche Absprache Dr. Wolfgang Pavlik, GBA Österreich).

Die Einteilung der 4 Klassen erfolgte in Absprache mit Geobotanikerin Fr. Prof. Dr. Brigitte Klug (Universität für Bodenkultur Wien, Institut Botanik) und Geologen Hr. Dr. Wolfgang Pavlik (GBA Österreich). Dennoch ist der Wert des Prädiktors Geologie, aufgrund der groben Auflösung (Maßstab 1:50.000) zu relativieren. Anzuführen sind hier vor allem die Gebiete mit der Markierung '35' ("Prasinit und Chloritschiefer") und '87' bzw. '104' ("Mischzonen von Kalkglimmerschiefer u Matreier Glanzschiefer" im Südrahmen der Schieferhülle). Es sind jeweils beide mit nur einer Farbcodierung dargestellt, jedoch unterschiedlich in ihrem Substrattyp zu bewerten: Prasinit -> basisch, Chloritschiefer -> intermediär, Kalkglimmerschiefer -> karbonatisch, Matreier Glanzschiefer -> intermediär bis sauer. Über 50 Plots liegen innerhalb dieser geologischen Mischform. Eine Differenzierung in 4 Kategorien konnte aufgrund der Karte nicht vorgenommen werden. Die Bewertung der Geologie wurde in 2 Klassen kategorisiert: "1": karbonatisch/basisch; "2": intermediär/sauer (Abbildung 12).

"Prasinit/Chloritschiefer" wurde bei der Modellierung als Kategorie "2" angenommen und "Mischzonen von Kalkglimmerschiefer u Matreier Glanzschiefer" als Kategorie "1".

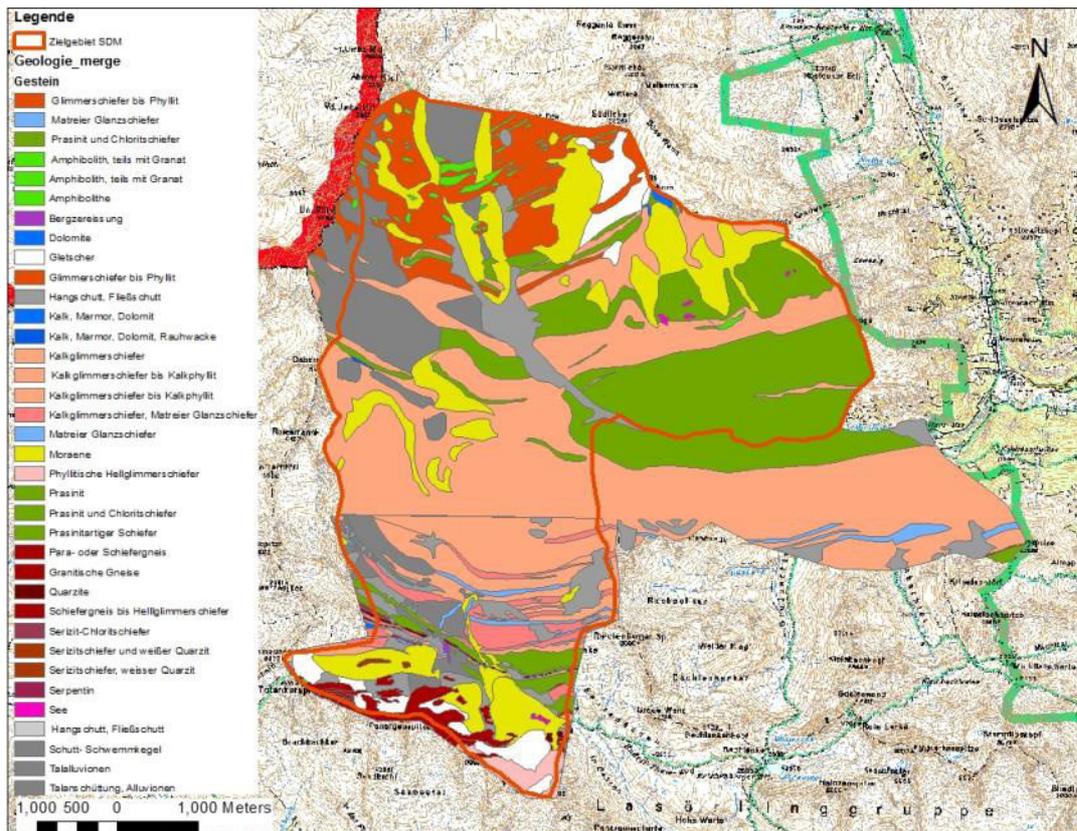


Abbildung 11: Vielfalt der geologischen Formationen im Untersuchungsgebiet. Die Darstellung basiert auf den geologischen Karten Blatt 151_KRIMML M1:50.000, Blatt 177_StJakobimDefereggenGEOFAST M1:25.000 (Quelle: GBA Wien). Blatt 151 wurde georeferenziert und mit Blatt 177 verschnitten.

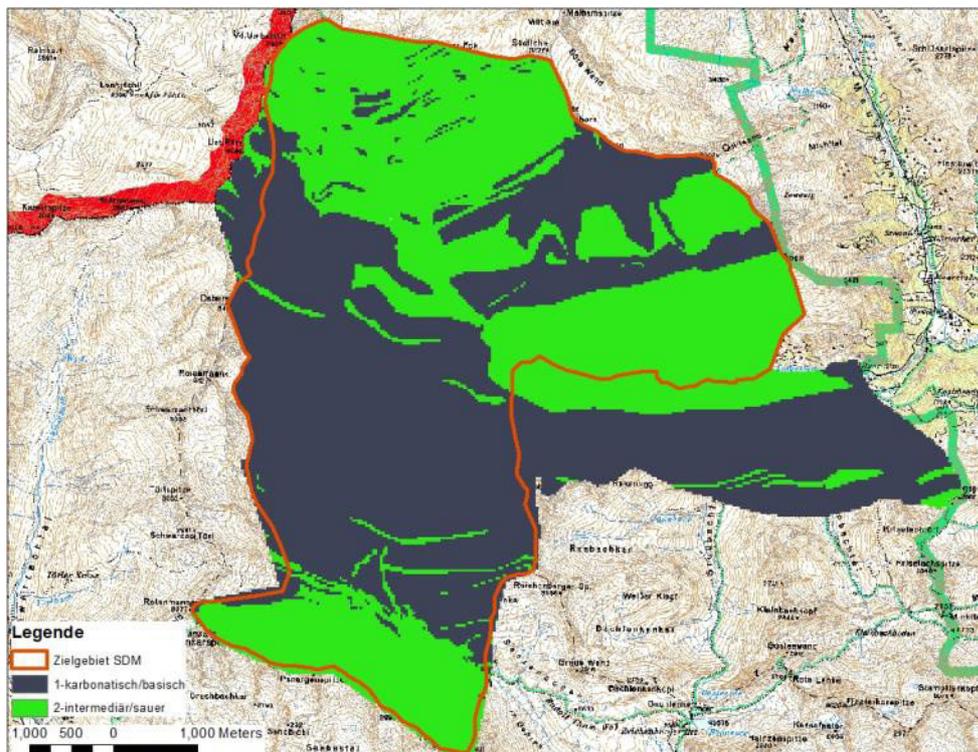


Abbildung 12: Prädiktor-Layer Geologie: Die Substratklassen "karbonatisch" und "basisch" werden in die Kategorie "1" zusammengefasst (dunkle Markierung), die Substratklassen "intermediär" und "sauer" in Kategorie "2" (grün).

Die Auswahl der ins Modell aufgenommenen unabhängigen Variablen erfolgte über eine „stepwise Selection“, basierend auf einem Vergleich des AIC für Modelle mit oder ohne die jeweiligen Prädiktoren- Variable. Für jedes Modell (pro Art) wurde auf ein Raster (90x90m, enthält für jede Rasterzelle die Informationen der zugrundeliegenden Prädiktoren) des Untersuchungsgebietes prädiziert.

Um für jeden Punkt im Zielgebiet eine Wahrscheinlichkeit für das Auftreten einer Art zu erhalten musste in einer GIS Umgebung vorab ein Raster erzeugt werden welches für jedes der Felder im Raster die Informationen über die Prädiktoren enthält. Dazu wurden über die gesamte Fläche des Untersuchungsgebietes Oberflächenanalysen zur Elevation (100m), Aspect (30 Klassen: in 12°Schritten), Slope (13 Klassen -> Quantile) und Geologie (2 Klassen) durchgeführt. Bei der Geologie wurden Gletscher und Seen im Gebiet der Gruppe des umliegenden Gesteins zugewiesen und mussten später bei der Interpretation berücksichtigt werden. Anschließend wurde über Geoprocessing Tools ein Raster (Fishnet) generiert. Dieses ist ein gerasterter Polygon-Layer (Ausmaß: Zielgebiet) mit 90x90m pro Polygon und einer Identifikationsnummer für jedes Polygon. Für die „Zonal Statistics“ musste dieser in ein Rasterfile konvertiert werden. Für jede Rasterzelle wurden statistisch die zugrundeliegenden Werte der Prädiktoren (Elevation: „Mean“, Aspect: „Mean“, Slope: „Mean“, Geologie: „Majority“) ermittelt. Die Ergebnisse wurden mit dem Polygon-Layer verknüpft und als eigenes Shape-File exportiert. Die *.dbf Datei dieses Shape-Files wurde im Excel geöffnet und als MS-DOS Textfile (zum Importieren in R) gespeichert.

In R wurde für jede Art und Regressionstechnik eine Vorhersage für jede Rasterzelle gerechnet. Die ermittelten Wahrscheinlichkeiten wurden in eigenen Spalten in der Matrize des Textfiles gespeichert und als *.csv Datei exportiert. Die *.csv Datei wurde im GIS importiert, mit dem Polygon-Layer über die Identifikationsnummer verknüpft und jeweils für GAM bzw. GLM als eigenes Shape-File exportiert. Die potentielle Verbreitung (potentiellen Habitate) der Arten wurde unter Berücksichtigung der Prävalenz (Liu et al. 2005) als Grenzwert grafisch dargestellt.

Auswertung Methodenvergleich in R

Für den Vergleich von Random Stratified Sampling (RS) und Stratified Sampling (DS) wurde der AUC-Wert herangezogen (Swets 1988, Lobo et al. 2008). Verwendet wurde in R das „pROC“-Package 1.5.4 (Robin et al. 2011). Als Input dienen dem Befehl die Response-Werte („0“= controls, „1“= cases) der Arten sowie die prädizierten Wahrscheinlichkeiten. Als Vorbedingung gilt mindestens ein „Case“ im Response des Input-Datensatzes. Aus diesem Grund wurden bei der AUC-Berechnung alle Arten außer *Gentiana acaulis* einbezogen.

Methodisch wurden für RS und die DS Flächen getrennte Modelle parametrisiert und jeweils auf die Flächen des anderen Samplings prädiziert. Ein höherer AUC-Wert bedeutet eine bessere Performance/Qualität der Vorhersage (Araujo et al. 2005), die Differenz der beiden AUC-Werte gibt also Auskunft über den Unterschied der Qualitäten zwischen RS und DS. Arten welche sowohl bei der GLM als auch GAM-Modellierung einen AUC-Wert unter dem Schwellenwert von 0.6 aufweisen wurden aufgrund unzureichender Modellqualität aus der Auswertung ausgenommen (Araujo et al. 2005).

Evaluierung des Methodenvergleichs in R

Für die Evaluierung des Sampling Vergleichs wurde die Bootstrap Methode (Guisan & Zimmermann 2000, Manly 1997) verwendet um das Ergebnis der Performance-Rechnung statistisch abzusichern. Von jedem prädizierten Datensatz mit n bzw. m Elementen wurden 2000 Stichproben (jede Stichprobe enthält n, m Elemente) gezogen. Innerhalb der Stichprobenpaare werden die AUC-Werte und die dazugehörigen Differenzen berechnet. Abschließend wird für jede Art das 0.025 und 0.975 Konfidenz-Intervall der 2000 Differenzen angegeben und grafisch dargestellt. Fällt der Wert "0" innerhalb des Konfidenz-Intervalls besteht kein statistisch signifikanter Unterschied in der "Accuracy" (Genauigkeit) von RS oder DS basierenden Modellen.

Ergebnisse

Potentielle Verbreitungsmuster/Habitate

Tabelle 2: Selektierte Prädiktoren in der GLM- bzw. GAM Modellierung, aufgelistet für die untersuchten Arten. Verwendete Methode ist eine „stepwise-Selection“ (Guisan & Zimmermann 2000).

Pflanzenart	GLM	GAM
ANDALP	Elevation, Geologie, Easting	Elevation, Easting, Geologie
RANGLA	Elevation, Slope, Northing, Geologie	Elevation, Northing, Geologie
DRAHOP	Elevation, Geologie	Elevation, Geologie
SAXOPP	Elevation, Easting, Geologie	Elevation, Easting, Geologie
SAXBIF	Elevation, Northing, Geologie	Elevation, Easting, Northing, Geologie
SAXRUD	Elevation, Slope, Northing, Geologie	Elevation, Slope, Easting, Northing, Geologie
LEOALP	Elevation, Northing, Geologie	Elevation, Easting, Northing, Geologie
LEUALP	Elevation, Slope, Easting, Geologie	Elevation, Slope, Easting, Geologie
GENCLU	Elevation	Elevation
GENNIV	Elevation, Northing, Geologie	Elevation, Northing, Geologie
GENBAV	Elevation, Slope	Elevation, Slope, Geologie
GENVER	Elevation, Slope, Northing, Geologie	Elevation, Slope, Northing, Geologie
GENORB	Elevation, Easting	Elevation, Slope, Easting, Northing
GENBRA	Elevation	1
GENACA	Elevation, Easting, Northing, Geologie	Elevation, Slope, Easting, Northing, Geologie
GENPRO	Elevation, Slope, Northing	Elevation, Slope, Northing, Geologie
RHOFER	Elevation, Slope, Easting, Northing	Elevation, Slope, Easting

Tabelle 2 zeigt die Ergebnisse der Prädiktor-Selektion mit „stepwise-Selection“ für die GLM- bzw. GAM-Modellierung. Ein Vergleich der Auswahl zwischen den Modellierungstechniken zeigt nur geringfügige Unterschiede. In Anhang II findet sich eine detaillierte Auflistung der Ergebnisse der „stepwise-Selection“. Abbildung 13 bis Abbildung 24 zeigen die potentielle Verbreitung der Zielarten im Untersuchungsgebiet. Es werden jeweils die Ergebnisse von den Regressionstechniken GLM und GAM für eine Pflanzenart gegenübergestellt. Modelle von Arten mit einem AUC-Wert < 0.6 (bei RS und DS) sind laut Araujo (et al. 2005) zu verwerfen und werden daher im Ergebnisteil nicht dargestellt (Tabelle 3). Abbildung 13 zeigt das Verbreitungsmuster von *Androsace alpina*. Auf den ersten Blick sieht man an der durchscheinenden ÖK-Karte im Hintergrund, dass sich die potentiellen Habitate auf die höher gelegenen Regionen der alpinen und subnivalen Stufe beschränken. Darüberhinaus ist klar ersichtlich, dass sich der Schwerpunkt über intermediär/saurem Substrat befindet (Abbildung 12). Prinzipiell ist auch kein großer Unterschied zwischen GLM und GAM Modellierung zu erkennen. Die Verbreitungsmuster von *Ranunculus glacialis* (Abbildung 14) sehen im Schwerpunkt sehr ähnlich aus. *Draba hoppeana* (Abbildung 15) ist ebenfalls auf die höheren Elevationen konzentriert, die breitere ökologische Nische gegenüber *A.alpina* und *R.glacialis* liegt im Vorkommen auf Kalksilikatschiefern (Fischer et al. 2008). *S.biflora* (Abbildung 16) konzentriert sich laut SDM auf die höheren Bereiche des Untersuchungsgebietes mit Ausnahme des Nordöstlichen Gebietes, hier zeigt das SDM nur punktuelle Vorkommen. *S.rudolphiana* zeigt im SDM ein ähnliches Auftreten (Abbildung 17), die Gebiete im Nordosten sind bei dieser Art auch als potentielles Habitat ausgewiesen. Beide Arten haben ihren Schwerpunkt auf intermediär-saurem Substrat (Fischer et al. 2008), was im Vergleich mit Abbildung 12 einleuchtet. Abbildung 18 zeigt das potentielle Habitat von *Leontopodium alpinum*. Auffällig ist die potentielle Besiedelung von kalkführenden Substraten fast den ganzen Höhengradienten entlang. *Leucanthemopsis alpina* zeigt im SDM (Abbildung 19) eine klare Präferenz für alpin-subnivale Lagen über Silikat-Substrat. *Gentiana clusii* in Abbildung 20 zeigt im SDM eine Verbreitung in der subalpinen bis alpinen Stufe. Als typischer Kalkstandortbewohner (Fischer et al. 2008) sollte seine Verbreitung im östlichen und nördlichen Bereich des SDM diskutiert werden (siehe Geologische Einteilung Prasinit- basenreich und Chloritschiefer- intermediär). Die potentielle Verbreitung von *Gentiana nivalis* zeigt im SDM (Abbildung 21), dass subalpin-alpine Lagen bevorzugt werden. Eine Präferenz für ein geologisches Substrat (Abbildung 12) ist nicht klar ersichtlich. Auffällig ist im SDM, dass das geologische Substrat generell zwar keine klare Rolle spielt, jedoch die silikatischen und stark sauren Gebiete im Süden keine potentiellen Habitate darstellen (Abbildung 11). *Gentiana bavarica s.str.* zeigt im SDM (Abbildung 22) eine Präferenz der höheren Lagen, bis auf die Gletscherbereiche ist diese fast flächendeckend. Die Variante *G.bavarica subacaulis* ist in der Modellierung von *G.bavarica s.str.* miteinbezogen. Auffällig ist, dass diese Art häufig und in hohen Dichten entlang von Bächen zu finden war. Die basenreiche Umgebung von Bächen kann für

diese Art eine ökologische Nische darstellen (Oberdorfer 2001). Ähnlich dazu zeigt das SDM von *Gentiana verna* s.str. in Abbildung 23 ebenfalls keine klaren Präferenzen. Die potentielle Verbreitung kann oberflächlich gesagt nur auf die subalpinen-alpinen Bereiche festgesetzt werden. Darüberhinaus scheint die Art stark saure Substrate (Abbildung 11) zu meiden. Das SDM von *Rhododendron ferrugineum* (Abbildung 24) zeigt ein zu erwartendes Bild: Verbreitungsschwerpunkt am Übergang subalpin-alpin und in bodensauren Bereichen. Eine Präferenz anhand der geologischen Karte (Abbildung 12) ist nicht klar zu erkennen. Dies lässt sich vermutlich durch Versauerung oberen Bodenschichten durch Laubstreu der Rhododendron- Arten oder durch Basenausschwemmung mit dem Hangwasser erklären.

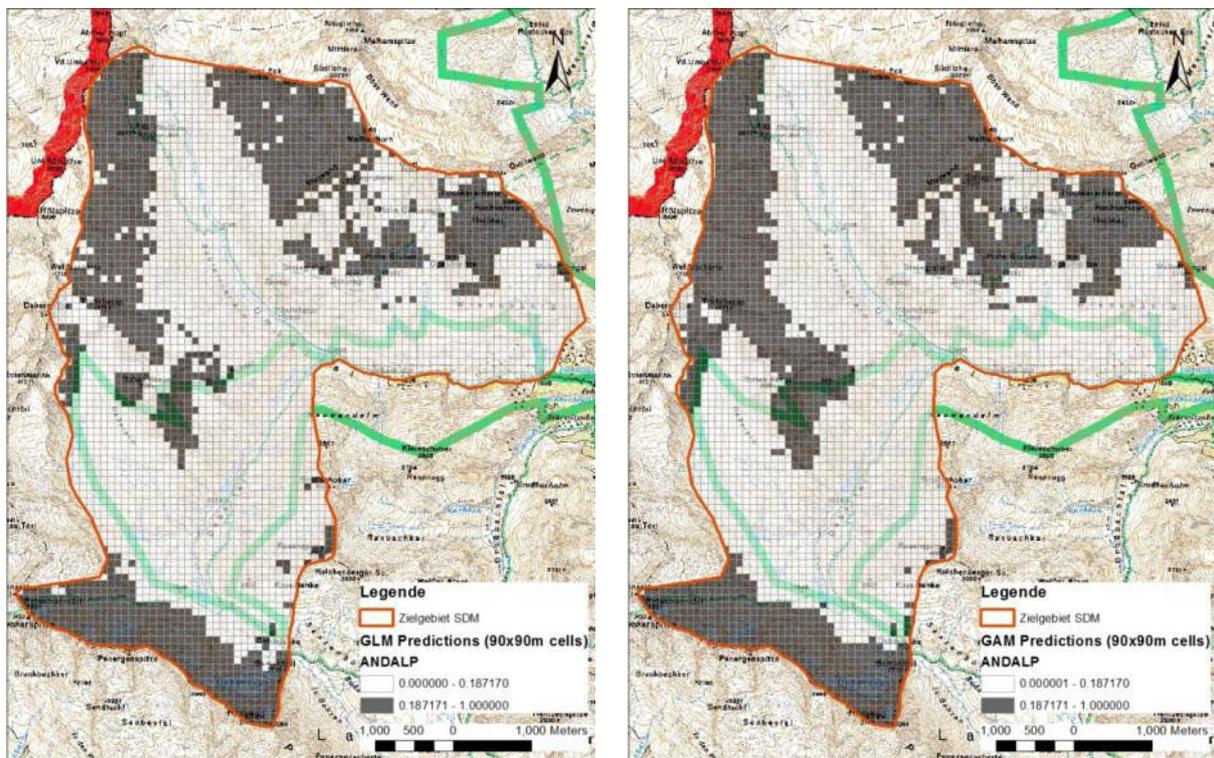


Abbildung 13: Potentielles Habitat von *Androsace alpina* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

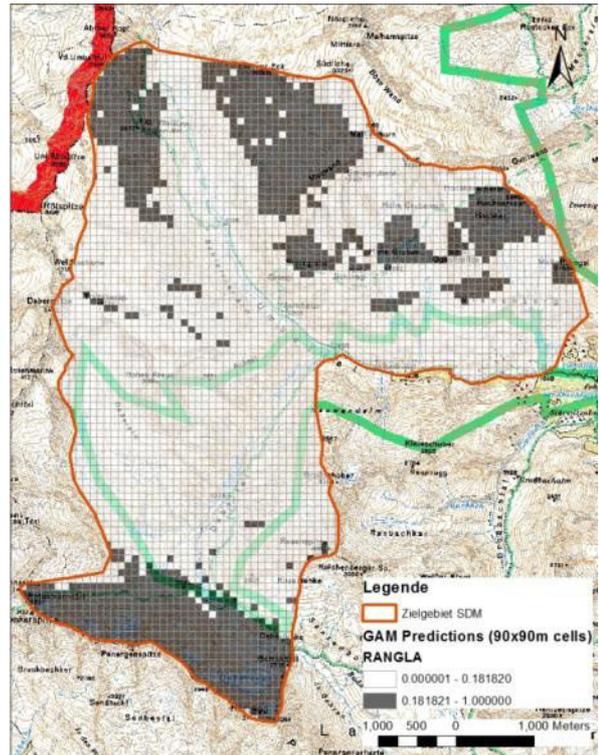
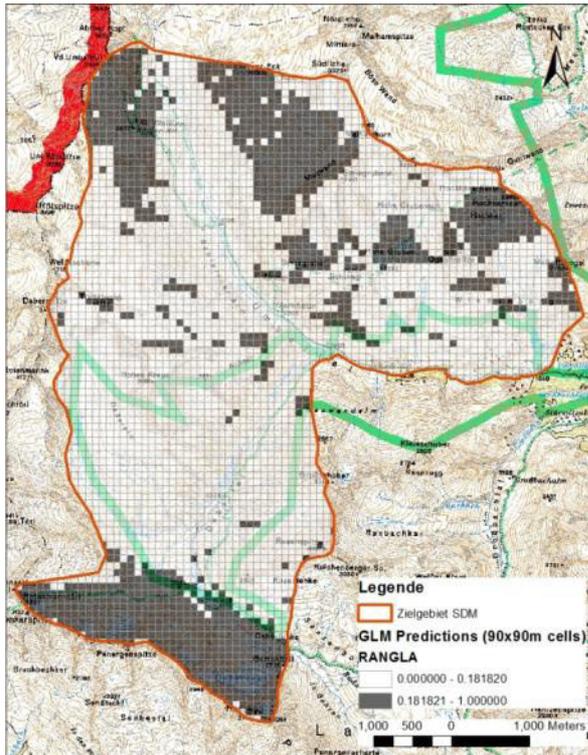


Abbildung 14: Potentielles Habitat von *Ranunculus glacialis* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

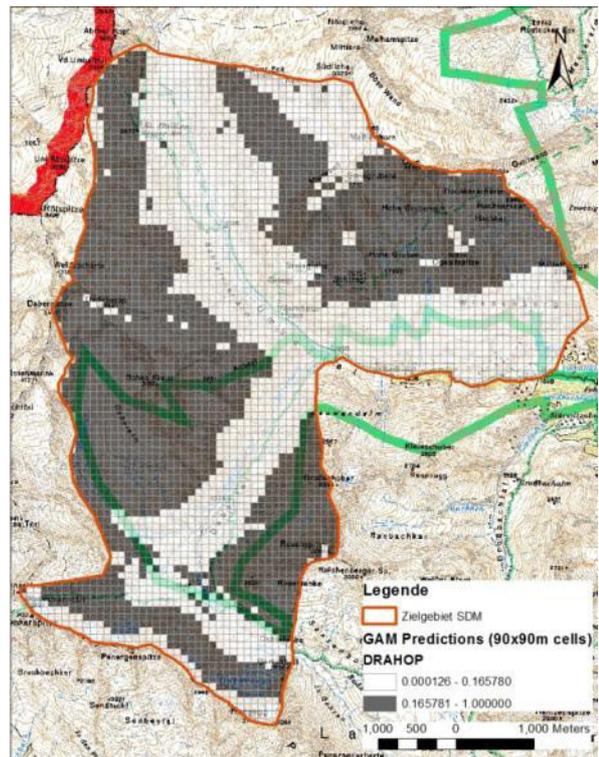
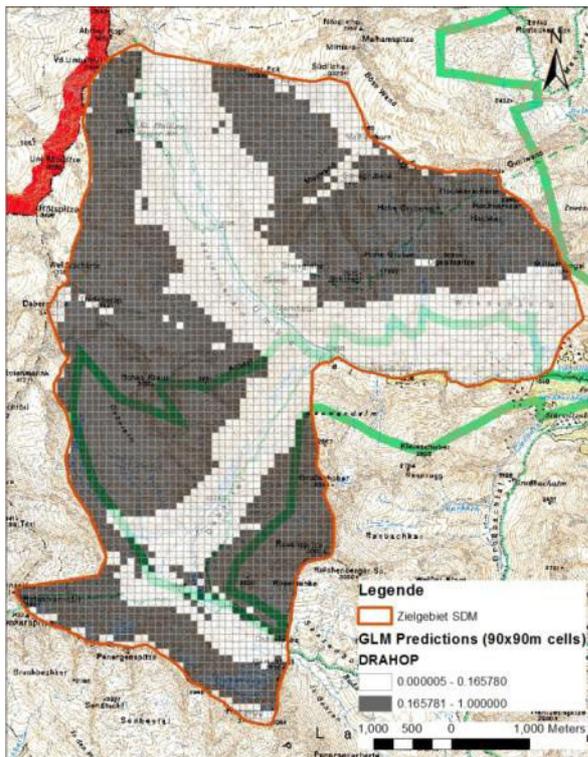


Abbildung 15: Potentielles Habitat von *Draba hoppeana* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

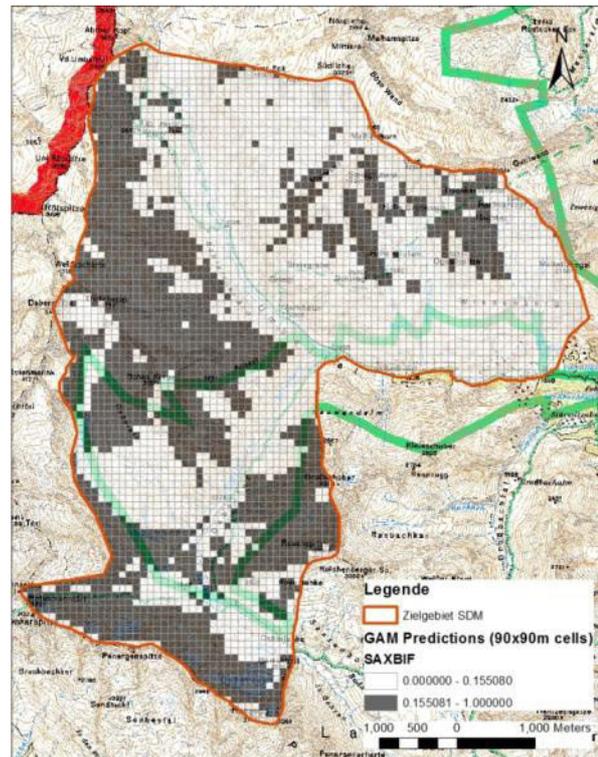
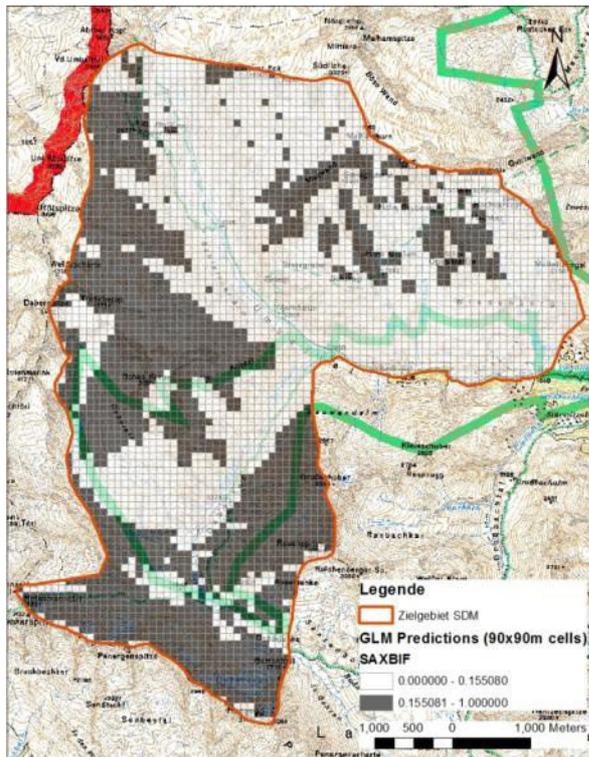


Abbildung 16: Potentielles Habitat von *Saxifraga biflora* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

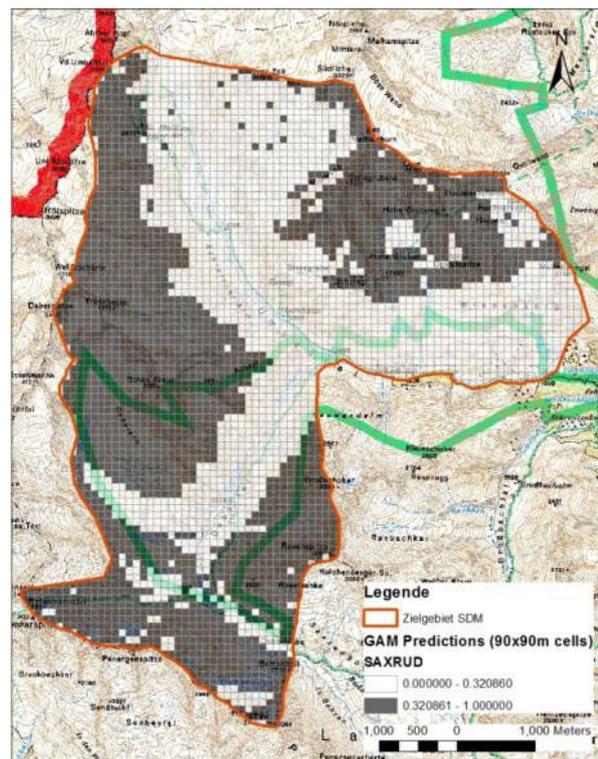
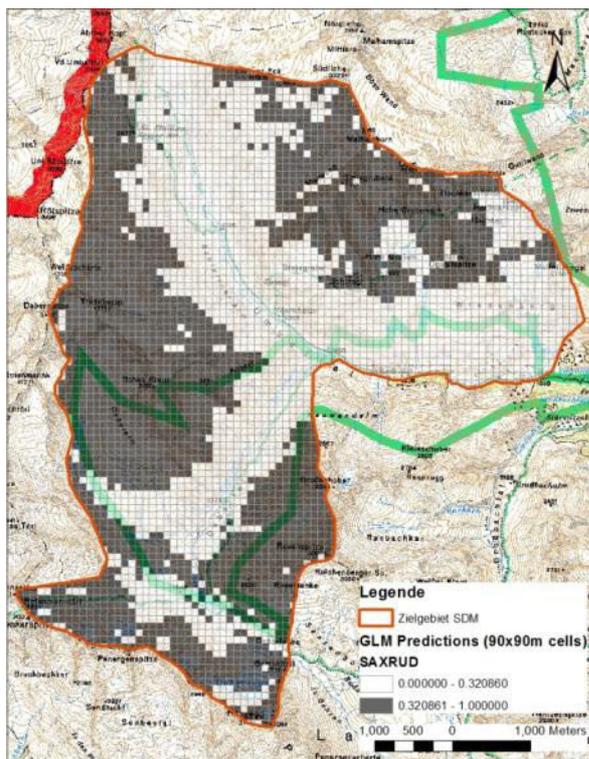


Abbildung 17: Potentielles Habitat von *Saxifraga rudolphiana* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

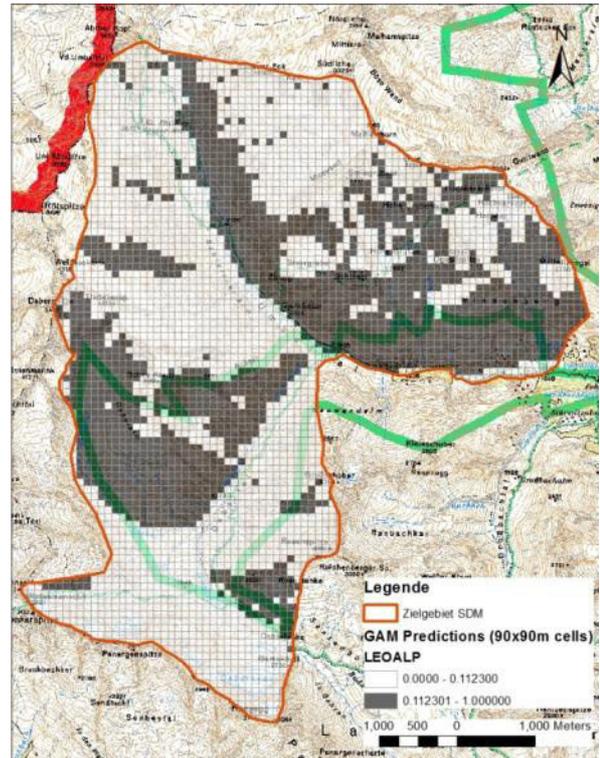
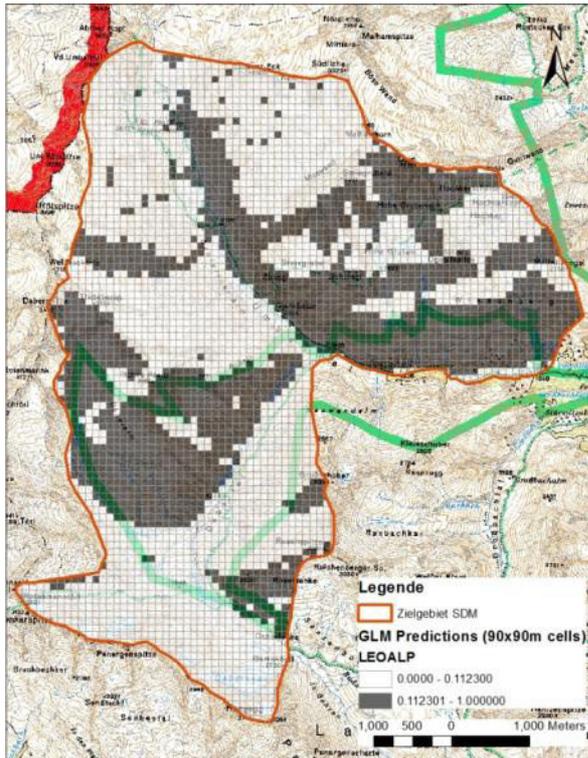


Abbildung 18: Potentielles Habitat von *Leontopodium alpinum* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

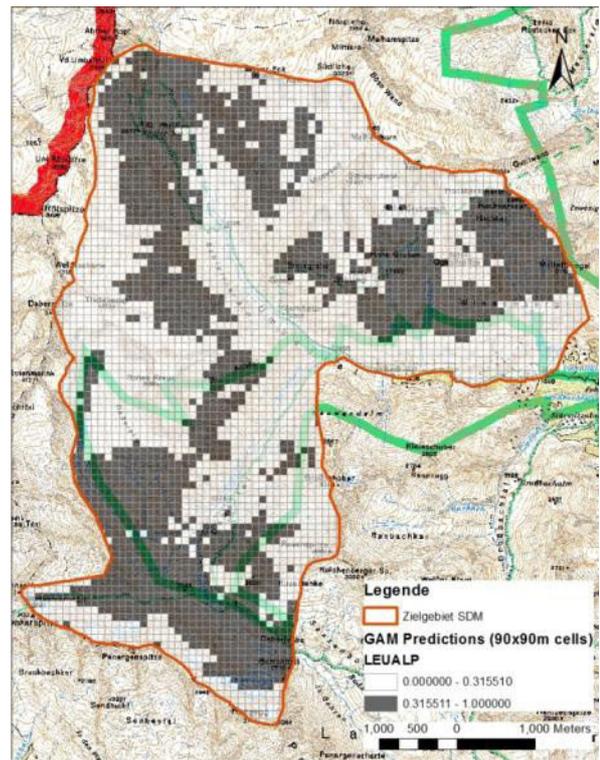
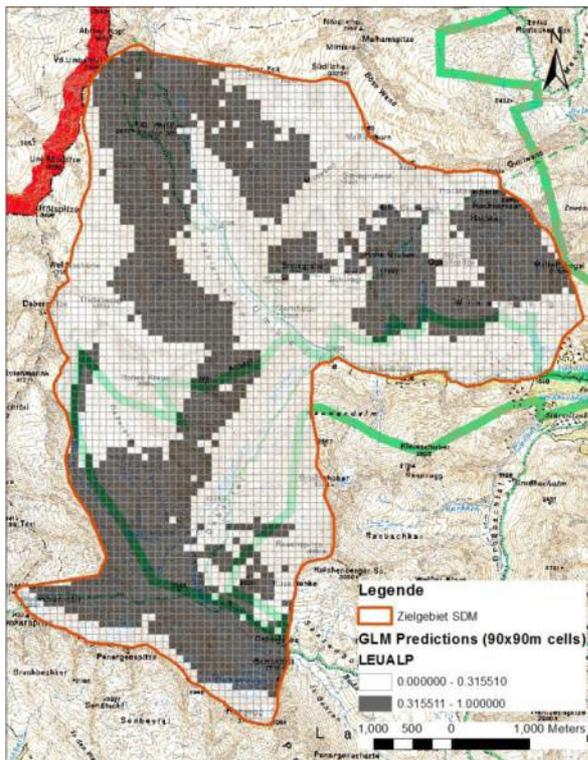


Abbildung 19: Potentielles Habitat von *Leucanthemopsis alpina* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

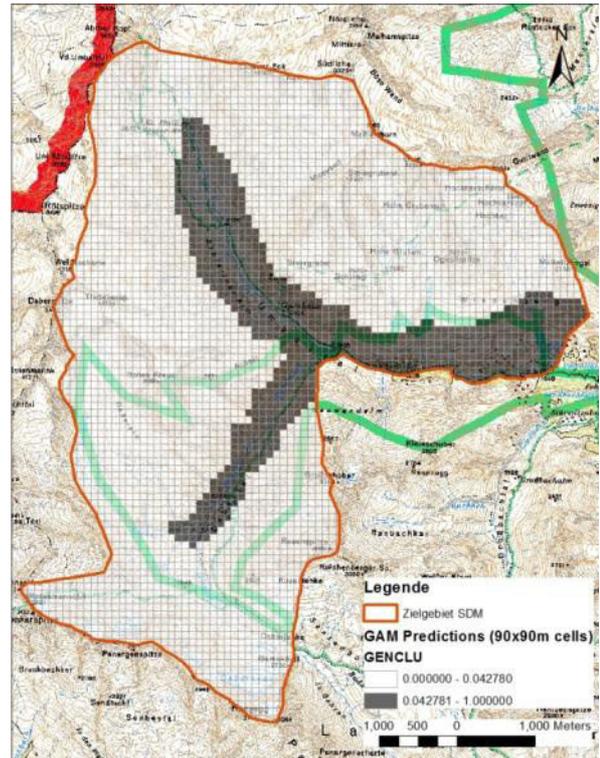
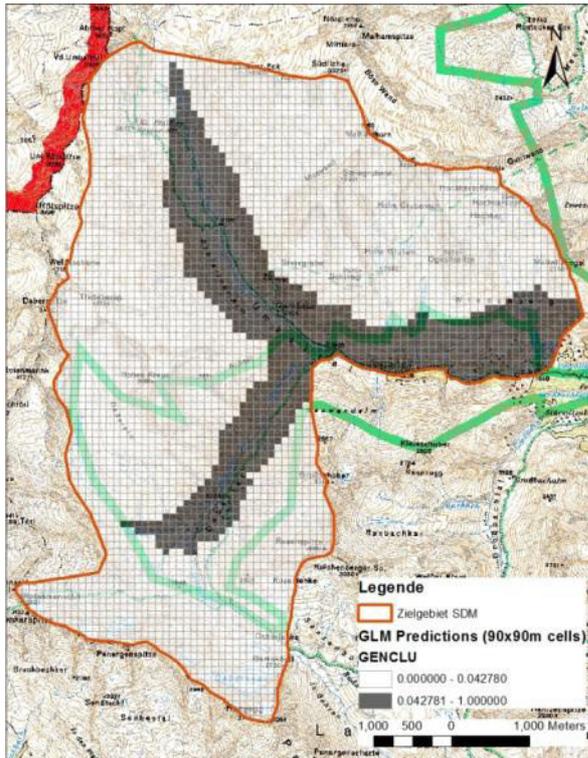


Abbildung 20: Potentielles Habitat von *Gentiana clusii* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

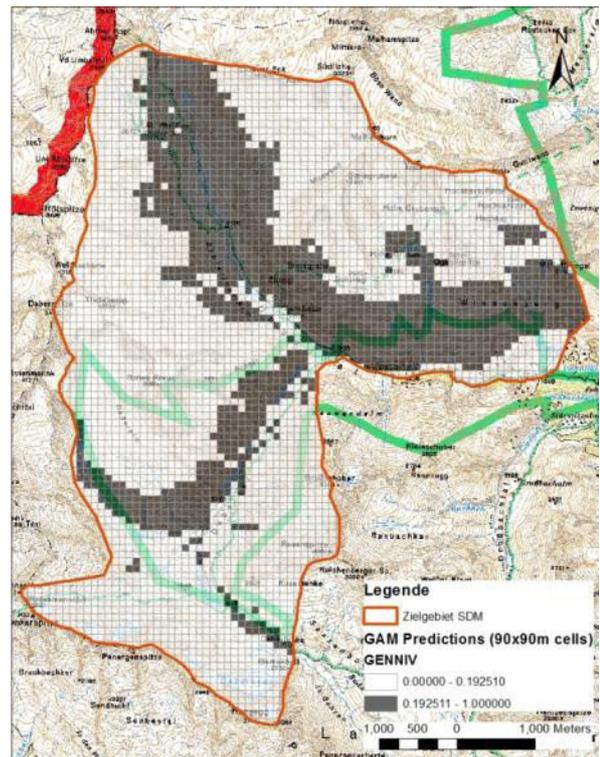
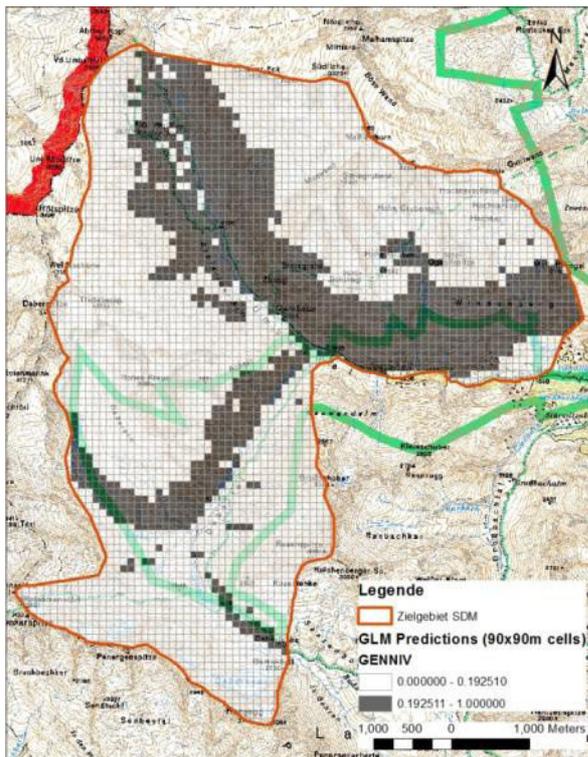


Abbildung 21: Potentielles Habitat von *Gentiana nivalis* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

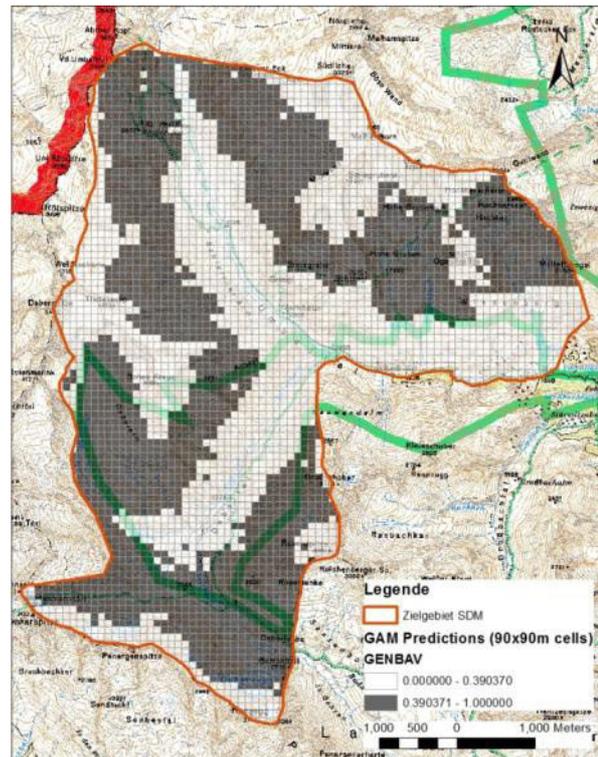
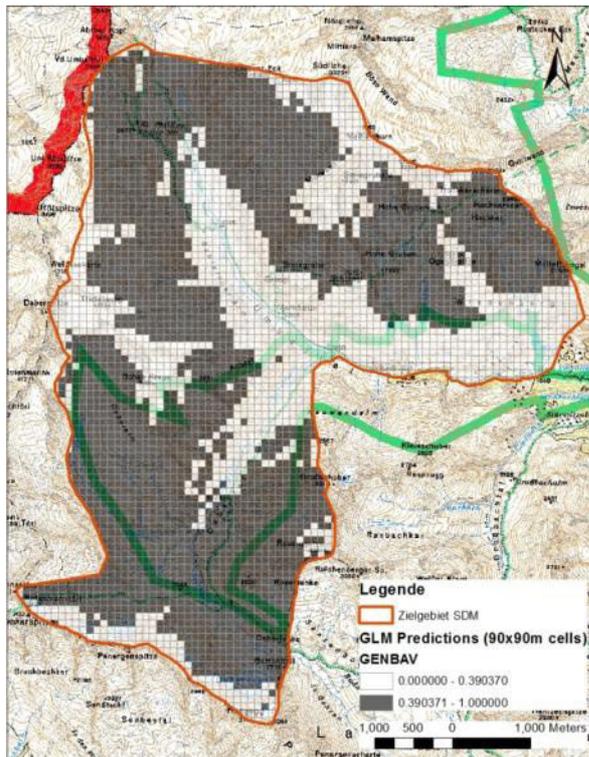


Abbildung 22: Potentielles Habitat von *Gentiana bavarica* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

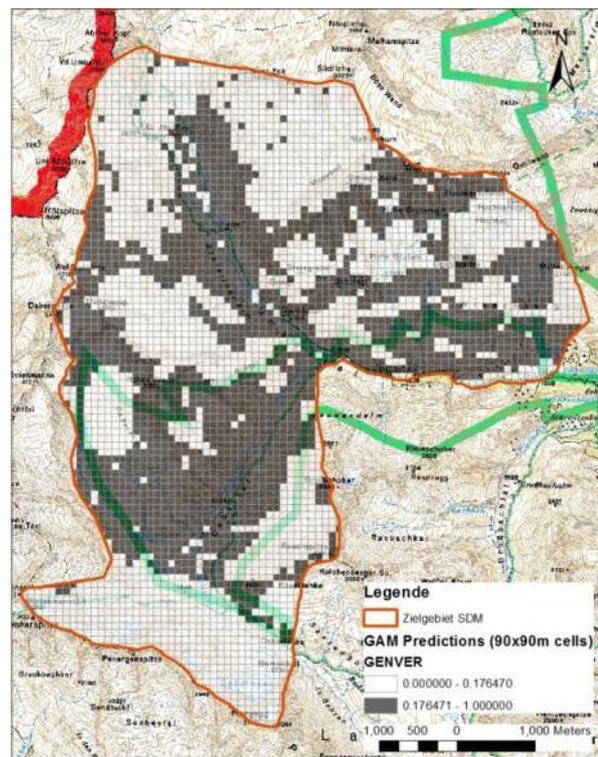
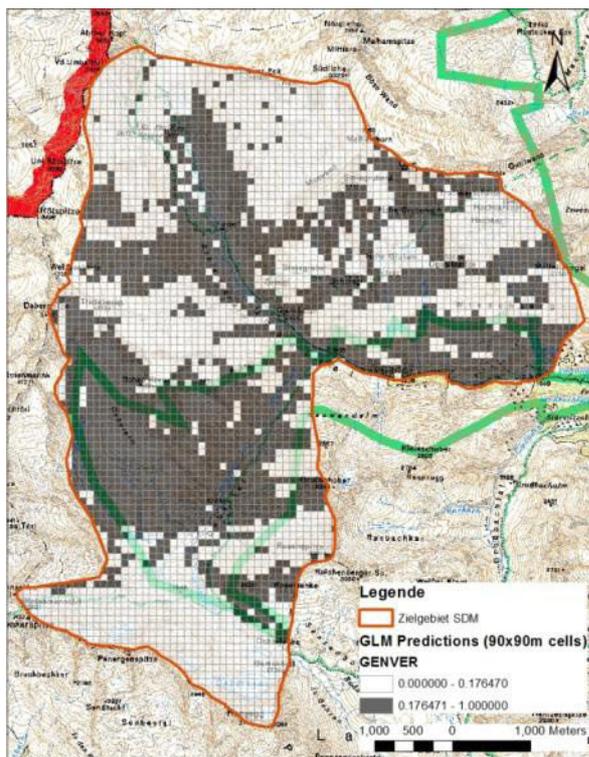


Abbildung 23: Potentielles Habitat von *Gentiana verna* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

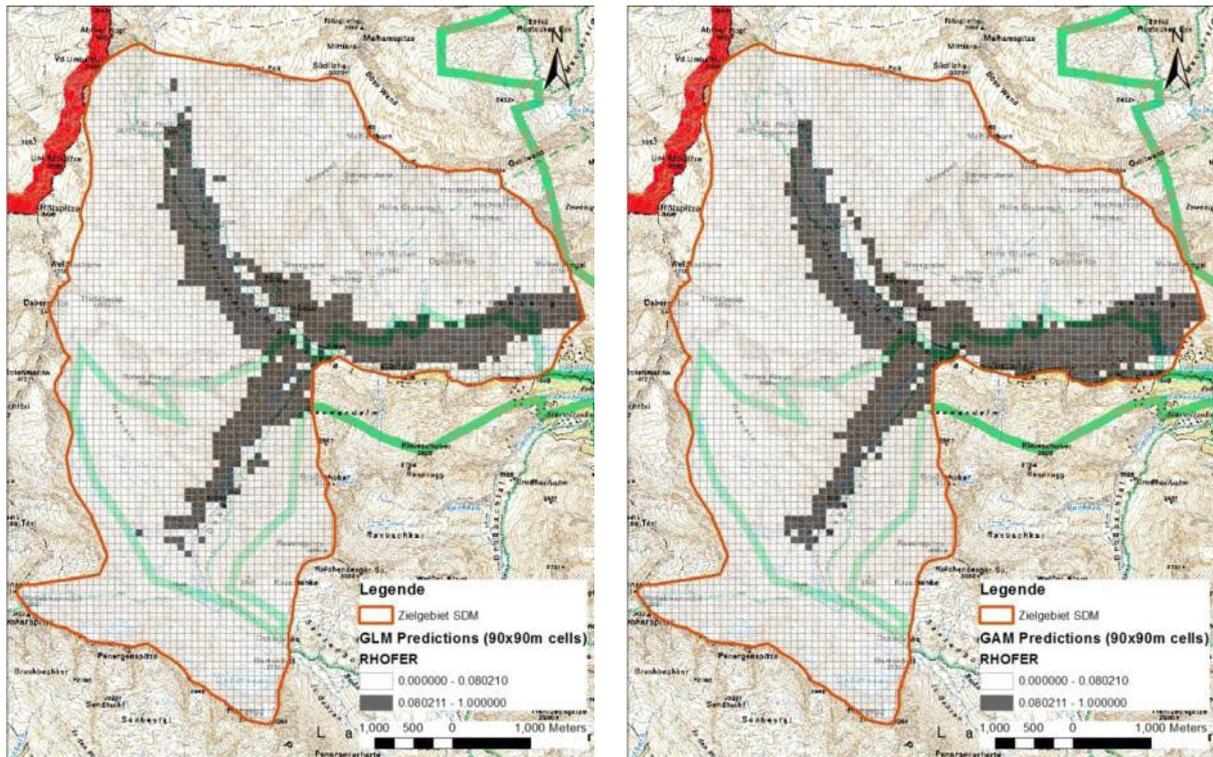


Abbildung 24: Potentielles Habitat von *Rhododendron ferrugineum* im Untersuchungsgebiet, links GLM modelliert, rechts GAM;

Methodenvergleich DS/RS

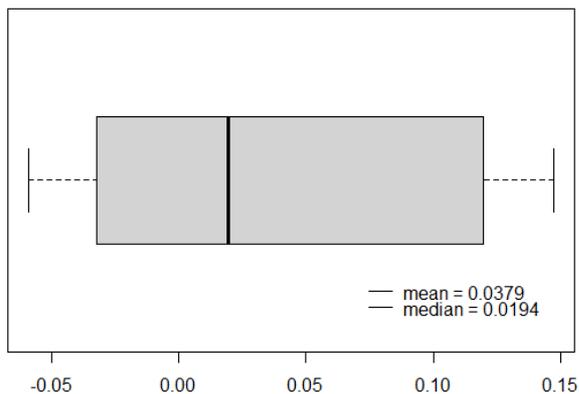
Tabelle 3 zeigt die Berechnung des AUC-Wertes für RS und DS beziehungsweise deren Differenzen (AUC(DS) minus AUC(RS)). Der linke Teil stellt die Berechnungen für die GLM-Regression dar, der rechte die für die GAM-Regression. Interpretation und Grenzwerte der AUC-Werte finden sich im Methodenteil. Modelle von Arten mit einem AUC-Wert < 0.6 (bei RS und DS) sind laut Araujo (et al. 2005) zu verwerfen und werden daher im Ergebnisteil nicht dargestellt (*Gentiana orbicularis*, *Gentiana brachyphylla*, *Gentiana prostrata*, *Saxifraga oppositifolia*). Abbildung 25 zeigt grafisch anhand eines Boxplots (Box-Whisker-Plot) links die Verteilung der AUC-Differenzen der GLM-Modellierung und rechts die der GAM-Modellierung. Der Median der GLM-Regression beträgt 0.0194, der Mittelwert der Differenzen 0.0379. Bei der GAM-Regression beträgt der Median 0.0164 und der Mittelwert 0.0055. Zusammengefasst liegen also die Werte beider Regressionen um den Wert null gestreut, im Mittel sind diese aber leicht positiv. Das heißt, dass die Genauigkeit der Vorhersage durch ein DS höher ist als die eines RS. Die schwarze Markierung in der hellgrau unterlegten Box stellt den Median dar. Die mittleren 50% der Werte liegen in der Box (also der Bereich im 25%-75% Quantil, auch Interquartilsabstand IQR genannt).

Tabelle 3: AUC Werte des RS und DS der GLM- Regression, rechts AUC Werte RS und DS der GAM- Regression.

	row.names	aucR	aucD	aucDiffDR
1	ANDALP	0.7838235	0.7611940	-0.0226294996
2	RANGLA	0.8134921	0.9298507	0.1163586828
3	DRAHOP	0.6651411	0.8122449	0.1471037843
4	SAXOPP	0.5394506	0.4937500	-0.0457006137
5	SAXBIF	0.6418919	0.7644628	0.1225709180
6	SAXRUD	0.6966686	0.7200000	0.0233313852
7	LEOALP	0.5000000	0.6361502	0.1361502347
8	LEUALP	0.6836228	0.6407692	-0.0428535980
9	GENCLU	0.6686047	0.7054795	0.0368748009
10	GENNIV	0.7658991	0.7655367	-0.0003623996
11	GENBAV	0.5285795	0.6307471	0.1021676131
12	GENVER	0.6644573	0.6057692	-0.0586881015
13	GENORB	0.5378205	0.5533333	0.0155128205
14	GENBRA	0.5000000	0.6396396	0.1396396396
15	GENPRO	0.5862069	0.5446009	-0.0416059576
16	RHO FER	0.7019400	0.6806122	-0.0213277904

	row.names	aucR	aucD	aucDiffDR
1	ANDALP	0.7823529	0.8626866	0.080333626
2	RANGLA	0.8555556	0.9179104	0.062354892
3	DRAHOP	0.5644546	0.7204082	0.155953548
4	SAXOPP	0.5902981	0.4736111	-0.116686960
5	SAXBIF	0.6583012	0.7479339	0.089632726
6	SAXRUD	0.7627119	0.7307692	-0.031942634
7	LEOALP	0.6044864	0.6302817	0.025795267
8	LEUALP	0.6761787	0.7007692	0.024590571
9	GENCLU	0.5290698	0.6130137	0.083943931
10	GENNIV	0.7521930	0.7231638	-0.029029141
11	GENBAV	0.6174307	0.6063218	-0.011108834
12	GENVER	0.7299089	0.7031250	-0.026783865
13	GENORB	0.5371795	0.6533333	0.116153846
14	GENBRA	0.5908289	0.5990991	0.008270175
15	GENPRO	0.5057471	0.3873239	-0.118423183
16	RHO FER	0.9470899	0.7224490	-0.224640967

AUC Differenzen DS-RS (GLM Modellierung)



AUC Differenzen DS-RS (GAM Modellierung)

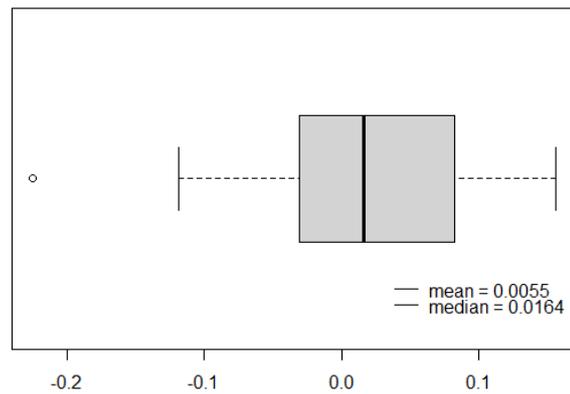


Abbildung 25: Vergleich DS / RS. Die dargestellten Differenzen berechnen sich durch die Subtraktion vom AUC (DS) – AUC (RS). Positive Werte bedeuten eine höhere Qualität des DS, negative Werte eine höhere Qualität des RS. Der schwarze Balken in der Box stellt den Median dar.

Evaluierung Methodenvergleich

Abbildung 26 bis Abbildung 37 zeigen die Ergebnisse der Bootstrap- Evaluierung. Die Boxplots enthalten zusätzliche Markierungen ("rugs") auf der x-Achse. Diese kennzeichnen das 95% Konfidenzintervall. Bei *Androsace alpina* (Abbildung 26), *Draba hoppeana* (Abbildung 28), *Saxifraga biflora* (Abbildung 29), *Saxifraga rudolphiana* (Abbildung 30), *Leontopodium alpinum* (Abbildung 31), *Leucanthemopsis alpina* (Abbildung 32), *Gentiana clusii* (Abbildung 33), *Gentiana nivalis* (Abbildung 34), *Gentiana verna s.str.* (Abbildung 36) und *Rhododendron ferrugineum* (Abbildung 37) liegt der Wert null sowohl bei GLMs als auch bei GAMs innerhalb des 95%-Konfidenzintervalls. Das heißt, dass für diese Arten weder das DS noch das RS eine höhere Accuracy (Genauigkeit) bietet. Bei *Gentiana bavarica* (Abbildung 35) liegt das Konfidenzintervall im negativen Bereich bei der GAM-Regression, die Qualität des RS ist somit als höher zu bewerten. Die klare Ausnahme zum generellen Trend bietet die Evaluierung der AUC-Differenzen von *Ranunculus glacialis* (Abbildung 27): Das 95% Konfidenzintervall liegt klar im positiven Bereich, sowohl für GLMs als auch für GAMs. Das DS liefert daher für diese Art eine bessere Modellierungsgrundlage.

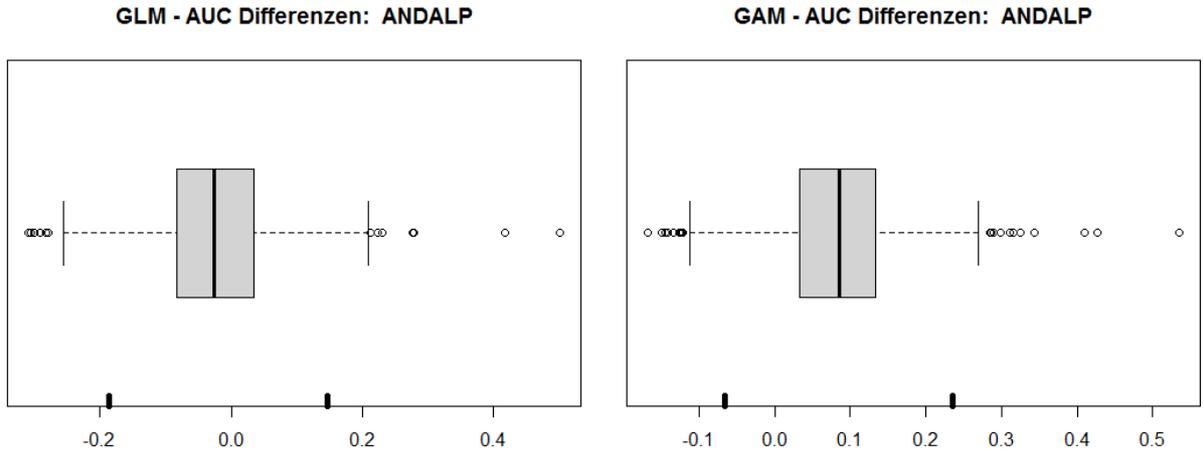


Abbildung 26: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Androsace alpina*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

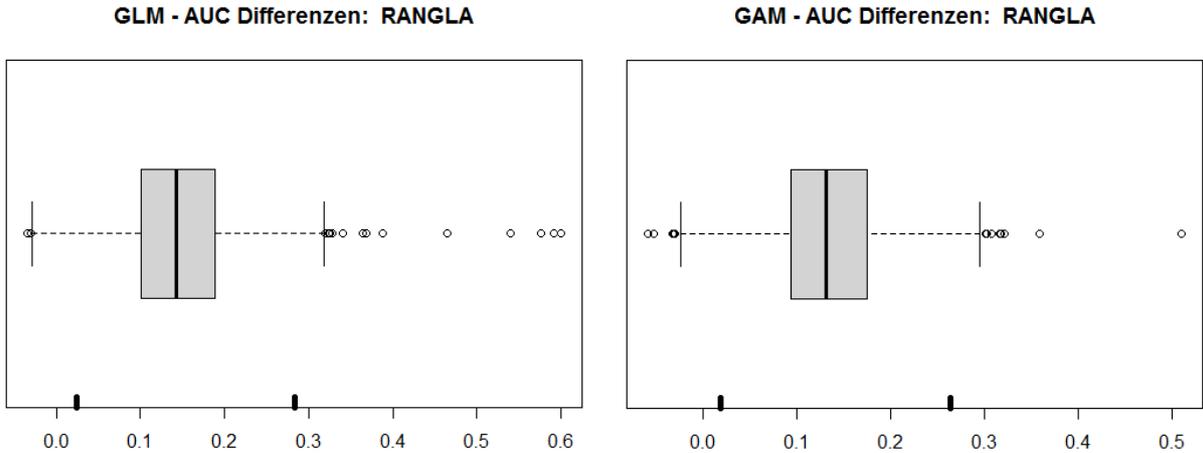


Abbildung 27: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Ranunculus glacialis*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

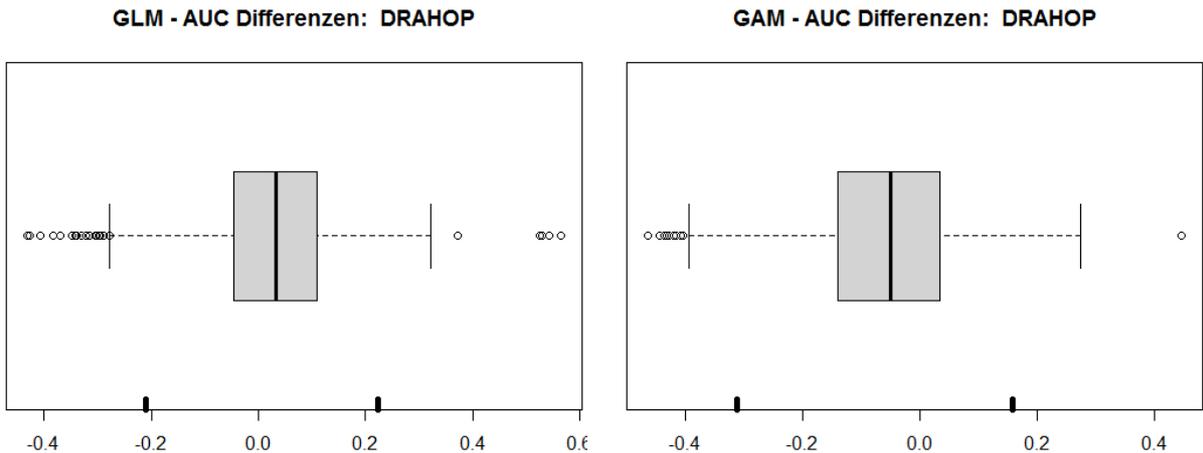


Abbildung 28: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Draba hoppeana*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

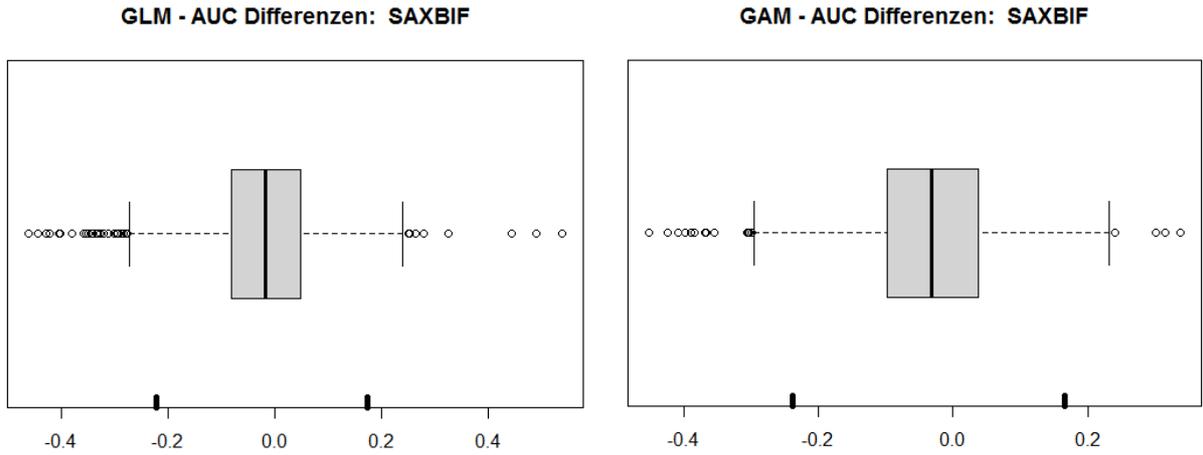


Abbildung 29: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Saxifraga biflora*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

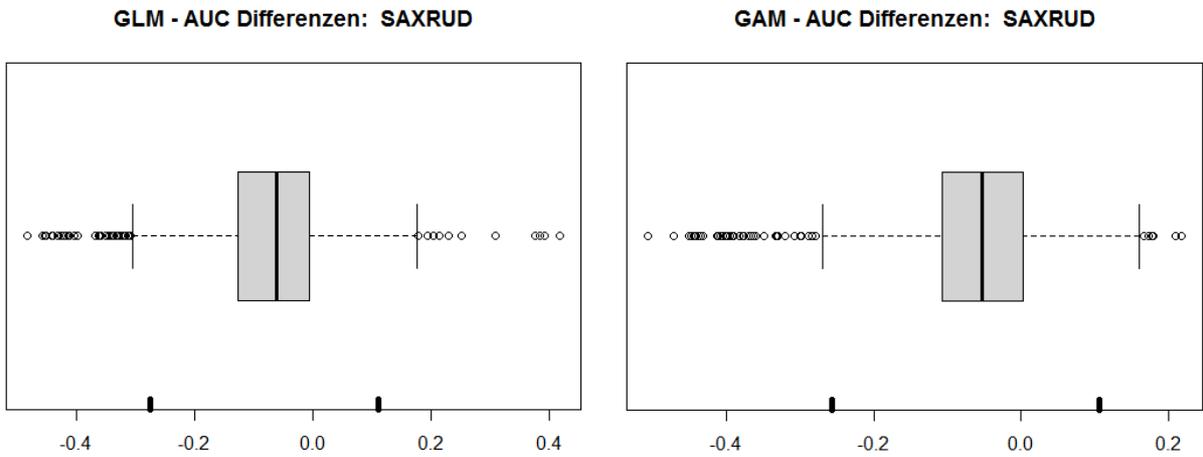


Abbildung 30: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Saxifraga rudolphiana*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

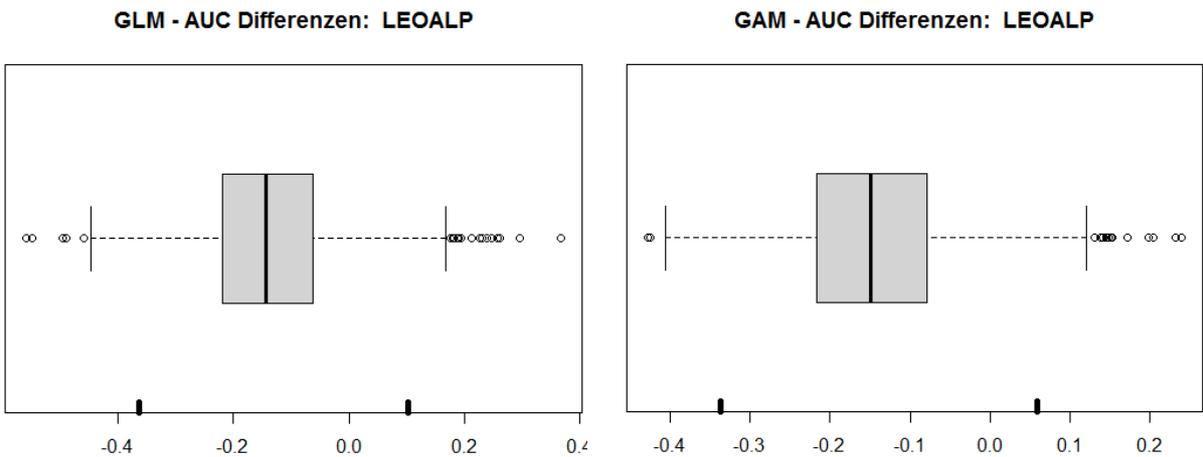


Abbildung 31: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Leontopodium alpinum*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

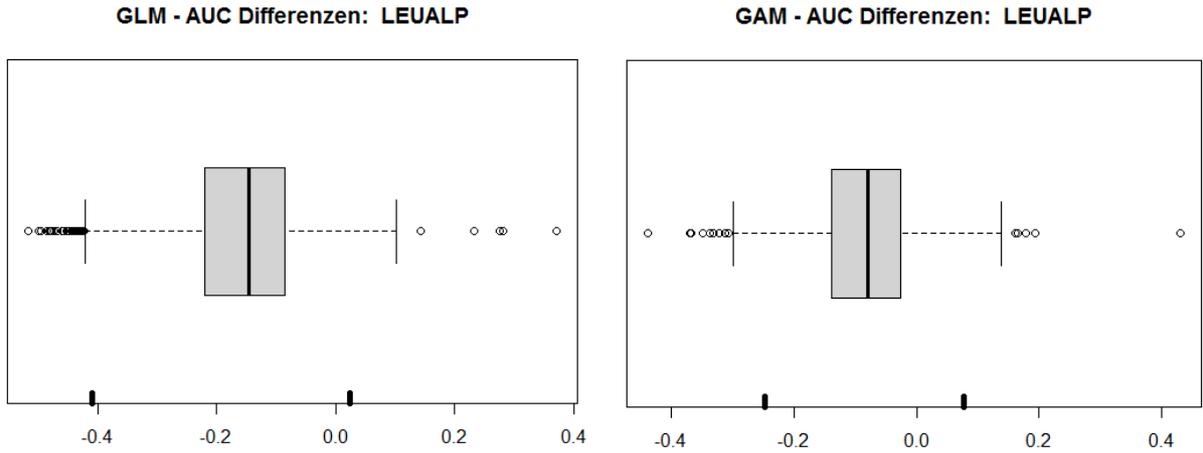


Abbildung 32: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Leucanthemopsis alpina*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz-Intervall.

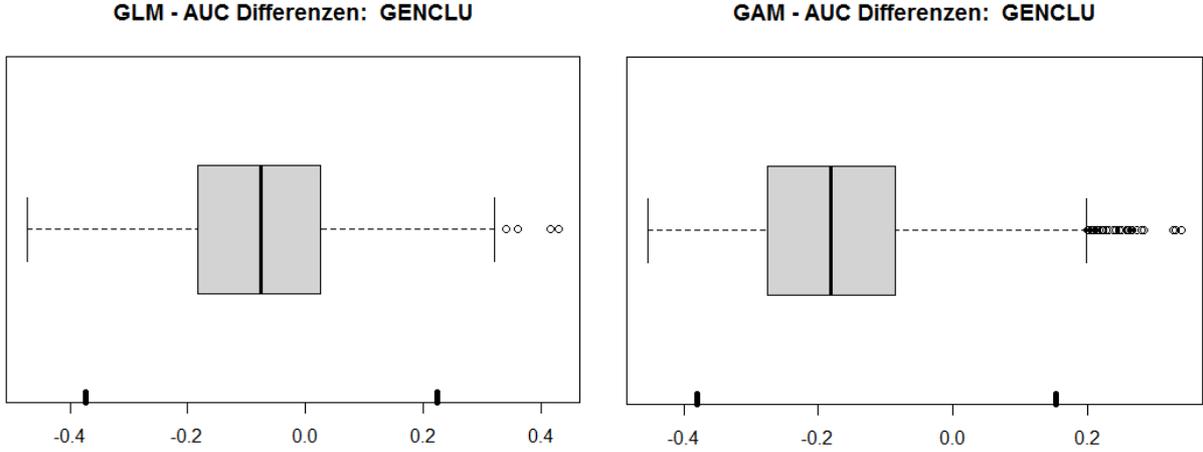


Abbildung 33: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Gentiana clusii*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz-Intervall.

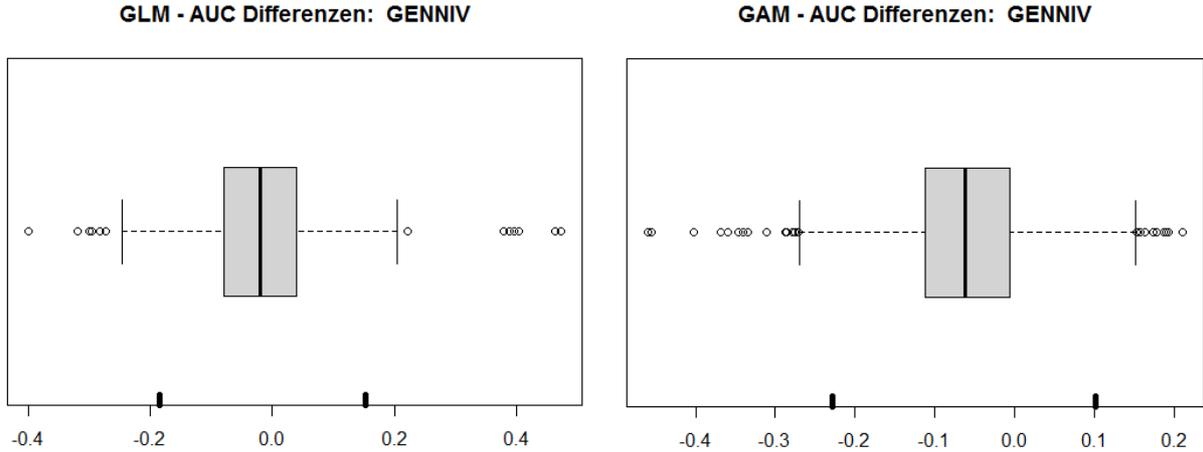
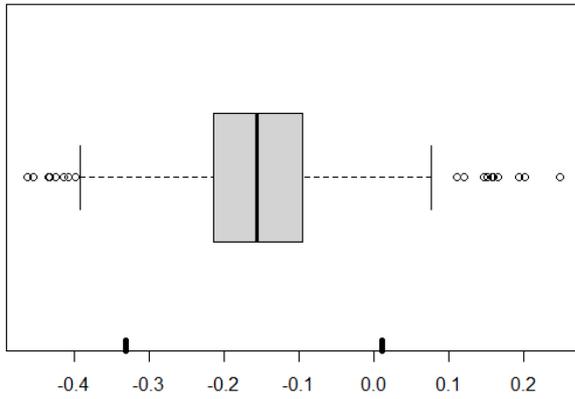


Abbildung 34: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Gentiana nivalis*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz-Intervall.

GLM - AUC Differenzen: GENBAV



GAM - AUC Differenzen: GENBAV

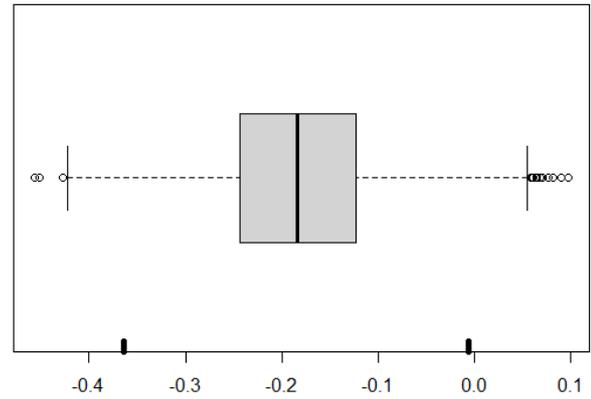
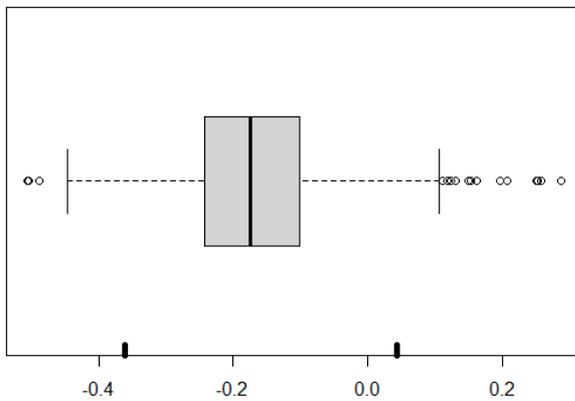


Abbildung 35: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Gentiana bavarica*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

GLM - AUC Differenzen: GENVER



GAM - AUC Differenzen: GENVER

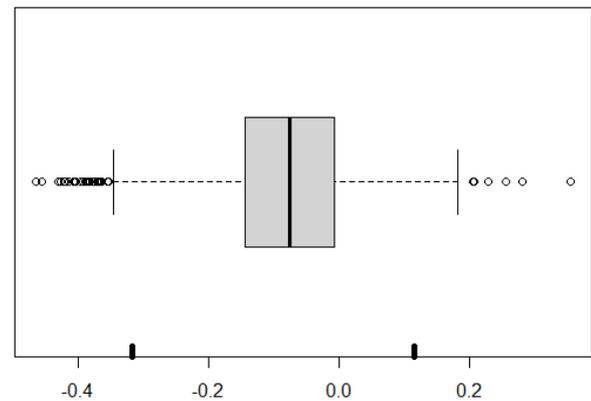
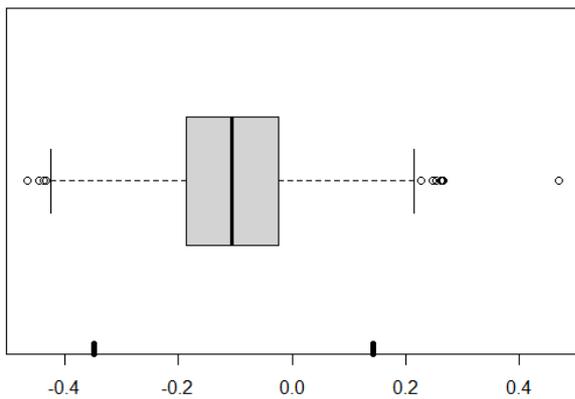


Abbildung 36: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Gentiana verna*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

GLM - AUC Differenzen: RHOFER



GAM - AUC Differenzen: RHOFER

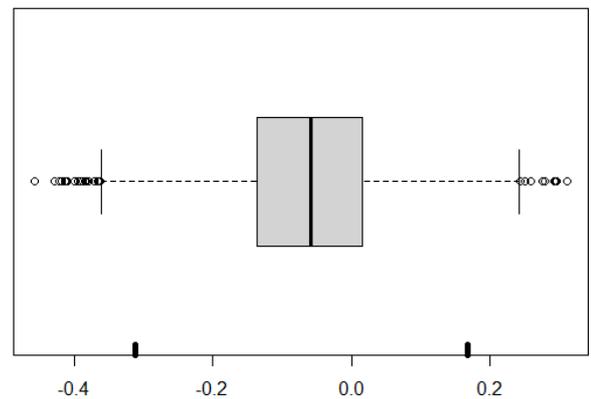


Abbildung 37: Bootstrap Ergebnisse (2000 Samples mit Resampling) der GLM und GAM Regression für *Rhododendron ferrugineum*, dargestellt sind die AUC Differenzen zwischen DS und RS, der Median, Markierungen für das 95% Konfidenz- Intervall.

Diskussion

Random Stratified Sampling Design/ Stratified Sampling Design

Guisan & Zimmermann (2000) weisen bereits auf eine wissenschaftliche Arbeit mit einer Kosten optimierten Methodik, dem Gradsec approach, hin:

“The gradsect approach – originally proposed by Helman (1983) and later improved by Gillison and Brewer (1985) and by Austin and Heyligers (1989, 1991) – represents a compromise between randomized sampling (distribution and replication) of multiple gradients along transects (stratification) and minimizing survey costs (“accessibility”)”.

Auf Basis dieser Aussage kann man versucht sein, eine erste Schlussfolgerung zu ziehen: Demzufolge hätte eine Aufstellung eines Gradsec-Approaches zur Auswahl der Punkte bereits vorab am meisten Zeit gespart, bei einem qualitativ gleichwertigen Output. Ziel dieser Arbeit ist es jedoch die Vor- und Nachteile von RS vs. DS aufzuzeigen und die geeignetere Methode bei SDMs im Hochgebirge vorzuschlagen. Vor allem in einem vorab unbekanntem Gebiet, welches ein schwierig begehbare Gelände aufweist, können so qualitativ geeignete und quantitativ ausreichende Daten mit einem Minimum an Aufwand und Risiko erhoben werden. Als Vorbereitung für eine solche Untersuchung sollte aber nach Ergebnissen und Erfahrungen dieser Arbeit vorab sichergestellt werden, dass für die Prädiktoren wie z.B. Geologie eine genaue Datenbasis (mindestens im Maßstab 1:25.000) vorhanden ist. Ein Vorschlag innerhalb von Österreich sind hier die sogenannten GEOFAST Karten der GBA in Wien, diese sind im Maßstab 1:25.000 und liegen seitens der GBA als GIS-Shapefiles vor. Dieser Vorteil spart eine Georeferenzierung und erhöht somit die Genauigkeit des Prädiktors. Nachteilig ist jedoch anzumerken, dass die GEOFAST Karten nicht flächendeckend für Österreich vorliegen (mündliche Auskunft Dr. Wolfgang Pavlik, GBA).

Aufnahmen im Feld

Ein erwähnenswertes Problem stellte, abgesehen von der Ungenauigkeit der verwendeten GPS Geräte (3-10m, je nach Bewölkungsgrad), auch die Datenerhebung auf den Probeflächen dar. Viele der Zielarten sind oft nur im vegetativen Zustand anzutreffen, vor allem von August bis September. Vegetative Ähnlichkeiten verschiedener Arten, Nichtauffinden potentiell vorhandener Arten auf alpinen nährstoffreichen beweideten Rasen und die geologische Situation konnten eine falsche Artenansprache oder ein Übersehen von Arten zur Folge haben.

Anzuführen an dieser Stelle sind auch die topographischen und geologischen Besonderheiten, welche bei der Aufnahme einen entscheidende Rolle spielten. Besonders das Untersuchungsgebiet im Umbaltal ist extrem steil und aufgrund des hoch metamorphen Gesteins (brüchig) war die Begehung nicht ungefährlich. Daher war es schwierig alle Straten gleich zu beproben. Diese Abweichungen führten zu Datenlücken in bestimmten Straten und somit zu Abweichungen in den Modellierungsergebnissen.

Regressionstechnik (GLM, GAM) und Modellselektion

Die verwendeten Regressionstechniken GLM und GAM sind laut Guisan (et al. 1999) und Elith (et al. 2006) ideal für die Modellierung von räumlichen Verbreitungsmustern von Pflanzenarten geeignet. Für seltene Arten gibt es bei einem Modellierungsmethoden- Vergleich von Elith (et al. 2008) Ansätze welche eine bessere Performance in der Erstellung von SDMs erzielen. Unter den etablierten Methoden sind dies z.B. GARP und BIOCLIM, neuere Ansätze welche generell eine höhere Performance in der Untersuchung von Elith (et al. 2008) aufwiesen sind z.B. MARS-COMM, BRT (Boosted Regression Tree), MAXENT und GDM. Bei den etablierten Methoden (inkl. GAM und GLM) zeigte sich klar, dass Techniken, die gewichtete Variablen verwenden bessere Ergebnisse liefern, z.B. BIOCLIM (Elith et al. 2008).

Um die Unsicherheit der Prädiktionen zu verringern, werden bei der Modellierung in der Wissenschaft Consensus Methoden verwendet. Die verwendete "stepwise Selection" stellt eine Standardmethode in SDM dar. Marmion (et al. 2009) zeigte jedoch bei einem Vergleich von 5 verschiedenen Consensus- Methoden klar auf, dass Methoden basierend auf Durchschnitts- Algorithmen die Genauigkeit von SDM Prädiktionen signifikant erhöhen können. Die Consensus- Methoden "Weighted Average" und "Mean" lieferten die robustesten Prädiktionen in Marmions Vergleich.

Prädiktion

Die zugrundeliegende geologische Zuteilung in karbonatisch/basisch, intermediär/sauer kann durch die nicht eindeutige Zuordnung zweier geologischer Formationen ("35" Prasinit und Chloritschiefer; "87", "104" Kalkglimmerschiefer und Matreier Glanzschiefer Mischzone) die Ergebnisse der Modellierung erheblich verschlechtern (GBA Wien, mündlich Fr. Prof. Dr. Brigitte Klug, BOKU Wien). Als Verbesserungsvorschlag sind an dieser Stelle wieder die GEOFAST-Karten im Maßstab 1:25.000 anzuführen. Da diese für dieses Gebiet nicht vollständig vorhanden sind kann man bei einer ähnlichen Untersuchung vorab die Artenauswahl auf diese Begebenheit abstimmen.

Die Prädiktion für eine Rasterzelle basiert auf dem Durchschnitt (Elevation, Slope, Aspect) oder dem prozentuell am höchsten vertretenen Wert (Geologie) des zugrundeliegenden Prädiktor. Daher trifft die Prädiktion oft nur auf einen Teil der Rasterzelle zu. Die Aussage der Prädiktion ist daher fallweise zu relativieren. Im Gesamtbild der Ergebnisse der Verbreitungsmuster spielt dieser Faktor jedoch eine untergeordnete Rolle.

Vergleich DS/RS

Das Ergebnis des Methodenvergleichs zeigt eine, wenn auch nur geringfügig bessere Performance des Stratified Sampling Designs DS. Dieses Ergebnis ist allerdings aufgrund der generell geringen Präzision der Modelle (AUC Werte, Tabelle 3) wahrscheinlich nicht sehr aussagekräftig. Das zeigt auch das Ergebnis der Evaluierung mit der Bootstrap- Methode. Beide Methoden, RS sowie DS zeigen bei den meisten untersuchten Arten keinen signifikanten Vorteil der einen oder anderen Sampling-Strategie. Auf der Basis dieser Untersuchung schlage ich jedoch DS als die geeignetere wissenschaftliche Sampling-Methode in schwer einzuschätzenden Untersuchungsgebieten vor. Begründet wird diese Entscheidung in dem eindeutig geringeren Zeit- und Kostenaufwand zum Auffinden von Probepunkten im Gelände. Um eine wissenschaftliche Objektivität und ein Minimum an Kosten zu gewährleisten schlagen Helman 1983, Gillison & Brewer 1985, Austin & Heyligers 1989, 1991 die Anwendung der Gradsec-Methode vor. Sind jedoch Gelände und Begebenheiten im Untersuchungsgebiet schwer zu beurteilen kann der DS Ansatz dieser Untersuchung eine optimale Alternative bieten.

Schlussfolgerungen

Insgesamt liefern die potentiellen Verbreitungsmuster der untersuchten Arten für das Untersuchungsgebiet aussagekräftige, wenn auch eher unpräzise Ergebnisse. Die Stratified Sampling Methode DS dieser Untersuchung kann als Mittel der Wahl für die kosteneffektive Erhebung von Daten für SDMs im Hochgebirge dienen. Eine wichtige Schlussfolgerung ist auch die, dass Basisdaten (wie z.B. die Geologie) vorab auf Genauigkeit zu überprüfen und die Auswahl der Arten sinnvoll anzusetzen sind: für Modellierung sollte man zu seltene und zu häufige Arten meiden.

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Geologische Übersichtskarte des Tauernfensters	11
Abbildung 2: Konturanalyse aus dem DEM, Prädiktor Elevation für das Random Stratified Sampling.....	14
Abbildung 3: Slope-Analyse aus dem DEM, Prädiktor Slope für das Random Stratified Sampling.....	15
Abbildung 4: Aspect-Analyse aus dem DEM, Prädiktor Aspect für das Random Stratified Sampling... ..	15
Abbildung 5: Intersect der Prädiktor-Layer	16
Abbildung 6: Random Stratified Sampling Punkte	16
Abbildung 7: Zielgebiet der Untersuchung:	17
Abbildung 8: Punkte aller 187 Sampling Flächen im Untersuchungsgebiet.	17
Abbildung 9: Beispiel einer Feldaufnahme im Daberbachtal/NP Hohe Tauern.....	18
Abbildung 10: Prüfung der Prädiktoren Elevation, Slope, Aspect (Northing, Easting) und Geology auf Multikollinearität.....	22
Abbildung 11: Vielfalt der Geologische Formationen im Untersuchungsgebiet.....	24
Abbildung 12: Prädiktor-Layer Geologie:	24
Abbildung 13: Potentielles Habitat von <i>Androsace alpina</i> im Untersuchungsgebiet	28
Abbildung 14: Potentielles Habitat von <i>Ranunculus glacialis</i> im Untersuchungsgebiet.....	29

Abbildung 15: Potentielles Habitat von <i>Draba hoppeana</i> im Untersuchungsgebiet	29
Abbildung 16: Potentielles Habitat von <i>Saxifraga biflora</i> im Untersuchungsgebiet	30
Abbildung 17: Potentielles Habitat von <i>Saxifraga rudolphiana</i> im Untersuchungsgebiet	30
Abbildung 18: Potentielles Habitat von <i>Leontopodium alpinum</i> im Untersuchungsgebiet.....	31
Abbildung 19: Potentielles Habitat von <i>Leucanthemopsis alpina</i> im Untersuchungsgebiet	31
Abbildung 20: Potentielles Habitat von <i>Gentiana clusii</i> im Untersuchungsgebiet	32
Abbildung 21: Potentielles Habitat von <i>Gentiana nivalis</i> im Untersuchungsgebiet	32
Abbildung 22: Potentielles Habitat von <i>Gentiana bavarica</i> im Untersuchungsgebiet	33
Abbildung 23: Potentielles Habitat von <i>Gentiana verna</i> im Untersuchungsgebiet	33
Abbildung 24: Potentielles Habitat von <i>Rhododendron ferrugineum</i> im Untersuchungsgebiet	34
Abbildung 25: Vergleich DS / RS.....	35
Abbildung 26: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Androsace alpina</i>	36
Abbildung 27: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Ranunculus glacialis</i>	36
Abbildung 28: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Draba hoppeana</i>	36
Abbildung 29: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Saxifraga biflora</i>	37
Abbildung 30: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Saxifraga rudolphiana</i>	37
Abbildung 31: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Leontopodium alpinum</i>	37
Abbildung 32: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Leucanthemopsis alpina</i>	38
Abbildung 33: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Gentiana clusii</i>	38
Abbildung 34: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Gentiana nivalis</i>	38
Abbildung 35: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Gentiana bavarica</i>	39
Abbildung 36: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Gentiana verna</i>	39
Abbildung 37: Bootstrap Ergebnisse der GLM und GAM Regression für <i>Rhododendron ferrugineum</i>	39

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Einteilung der geologischen Formationen im Untersuchungsgebiet nach ihrer chemischen Zusammensetzung	23
Tabelle 2: Selektierte Prädiktoren in der GLM- bzw. GAM Modellierung, aufgelistet für die untersuchten Arten. Verwendete Methode ist eine „stepwise-Selection“ (Guisan & Zimmermann 2000).....	26
Tabelle 3: AUC Werte des RS und DS der GLM- Regression, rechts AUC Werte RS und DS der GAM- Regression.	35

Referenzen

ARAUJO M.B., PEARSON R.G., THUILLER W. & ERHARD M. (2005): Validation of species – climate impact models under climate change. *Global Change Biology* 11: 1504-1513.

AUSTIN M.P. & HEYLIGERS P.C. (1989): Vegetation survey design for conservation: gradsect sampling of forests in Northeast New South Wales. *Biol. Conserv.* 50, 13–32.

- AUSTIN M.P. & HEYLIGERS P.C. (1991): New approach to vegetation survey design: gradsect sampling. In: Margules, C.R., Austin, M.P. (Eds.), *Nature Conservation: Cost Effective Biological Surveys and Data Analysis*. CSIRO, Australia, pp. 31–36.
- BORSODORF, A., G. GRABHERR, K. HEINRICH, B. SCOTT & J. STÖTTER (EDS.): *Challenges for Mountain Regions - Tackling Complexity*. Vienna: Böhlau, 2010.
- BRAUN-BLANQUET J. (1958): Über die obersten Grenzen pflanzlichen Lebens im Gipfelbereich des Schweizerischen Nationalparks. *Ergebnisse der wissenschaftlichen Untersuchungen des schweizerischen Nationalparks* 6 (39): 119–142.
- BROWN D.G. (1994): Predicting vegetation types at treeline using topography and biophysical disturbance variables. *J. Veg. Sci.* 5, 641–656.
- BRZEZIECKI B., KIENAST F. & WILDI O. (1993): A simulated map of the potential natural forest vegetation of Switzerland. *J. Veg. Sci.* 4, 499–508.
- COLLETT D. (1991): *Modelling binary Data*. 2nd edition, Chapman & Hall/CRC, London.
- ELITH J. & GRAHAM C.H. (2008): Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29, 129–151.
- FISCHER H.S. (1990): Simulating the distribution of plant communities in an alpine landscape. *Coenoses* 5, 37–43.
- FISCHER H.S. (1994): Simulation of the spatial distribution of plant communities based on maps of site factors: investigated in the MaB test site Davos. *Veröff. Geobot. Inst. Eidgenöss. Tech. Hochsch. Stift. Rübel Zürich* 122, 1–136.
- FISCHER M.A., ADLER W. & OSWALD K. (2005): *Exkursionsflora für Österreich, Liechtenstein und Südtirol*. – 2. Aufl. – Linz: Land Oberösterreich, Biologiezentrum der OÖ Landesmuseen, 1392pp.
- GILLISON A.N. & BREWER K.R.W. (1985): The use of gradient directed transects or gradsects in natural resource surveys. *J. Environ. Manage.* 20, 103–127.
- GOEDICKEMEIER I., WILDI O. & KIENAST F. (1997): Sampling for vegetation survey: some properties of a GIS-based stratification compared to other statistical sampling methods. *Coenoses* 12, 43–50.
- GOTTFRIED M., PAULI H. & FUTSCHIK A. (2012): Continent-wide response of mountain vegetation to climate change. *Nature climate change* 1329: 111.

- GOTTFRIED M., PAULI H., REITER K. & GRABHERR G. (2002): Potential effects of Climate Change on Alpine and Nival Plants in the Alps. IN: Mountain Biodiversity A Global Assessment. The Parthenon Publishing Group, London.
- GRABHERR G., GOTTFRIED M. & PAULI H. (1994): Climate effects on mountain plants. *Nature* 369: 448.
- GRABHERR G., GOTTFRIED M. & PAULI H. (2010): Climate change impacts in Alpine Environments. *Geography Compass* 4/8:1133-1153.
- GUISAN A., THEURILLAT J.-P. & KIENAST F. (1998): Predicting the potential distribution of plant species in an alpine environment. *J. Veg. Sci.* 9, 65–74.
- GUISAN A., WEISS S.B. & WEISS A.D. (1999): GLM versus CCA Spatial Modeling of Plant Species Distribution. *Plant Ecology* 143, No.1: 107–122.
- GUISAN A. & ZIMMERMANN N.E. (2000): Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecol. Model.* 135, 147–186.
- GUISAN A., EDWARDS T.C. & HASTIE T. (2002): Generalized linear and generalized additive models in studies of species distribution: setting the scene. *Ecol. Model.* 157, 89–100.
- GUISAN A., THUILLER W. (2005): Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Blackwell Publishing Ltd/CNRS, Ecology Letters* 8: 993-1009.
- HASTIE T. J. (1992): Generalized additive models. Chapter 7 of *Statistical Models in S* eds J. M. Chambers and T. J. Hastie, *Wadsworth & Brooks/Cole*.
- HELMAN C. (1983): Inventory analysis of southern New South Wales rainforest vegetation. MS Thesis, University of New England, Biddeford, MN.
- KLEBELSBERG R. (1913): Das Vordringen der Hochgebirgsvegetation in den Tiroler Alpen. *Österreichische Botanische Zeitschrift* 63: 177–187, 241–254.
- KRAINER K. (2005): Nationalpark Hohe Tauern- Geologie. Carinthia GmbH & Co KG, Klagenfurt.
- KREUSS O., MOSER M., BENOLD C., BARBIR L., DENK W., GRABALA S., HOBIGER G., LEVACIC D., RABEDER J., WIMMER-FREY I. & PAVLIK W. (2011): Geologische Basisdaten und Bodenklassifizierung für Schutzwälder: Arbeitsgebiet III Juni 2011. Geologische Bundesanstalt GBA.
- LEGENDRE P. (1993): Spatial autocorrelation: trouble or new paradigm? *Ecology* 74, 1659–1673.
- LEVINS R. (1966): The strategy of model building in population ecology. *Am. Sci.* 54, 421–431.

- LISCHKE H., GUISAN A., FISCHLIN A. & BUGMANN H. (1998): Vegetation responses to climate change in the Alps-Modeling studies. In: Cebon, P., Dahinden, U., Davies, H., Imboden, D., Jaeger, C. (Eds.), *A View from the Alps: Regional Perspectives on Climate Change*. MIT Press, Boston, pp. 309–350.
- LIU C., BERRY P.M., DAWSON T.P. & PEARSON R.G. (2005): Selecting thresholds of occurrence in the prediction of species distributions. *Ecography* 28: 385-393.
- LOBO J.M., JIMENEZ-VALVERDE A. & REAL R. (2008): AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. *Global Ecology and Biogeography* 17: 145-151.
- KRAINER K. (2005): Nationalpark Hohe Tauern: Geologie. Sekretariat des Nationalparkrates Hohe Tauern, Matrei in Osttirol.
- MANLY B.F.J. (1997): *Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methodology Methods in Biology*, second ed., Chapman & Hall, New York.
- MARMION M., PARVIAINEN M., LUOTO M., HEIKKINEN R.K. & THUILLER W. (2009): Evaluation of consensus methods in predictive species distribution modelling. *Diversity and Distributions* 15, 59-69.
- MOHLER C.L. (1983): Effect of sampling pattern on estimation of species distributions along gradients. *Vegetation* 54, 97–102.
- MONDADORI A. (1978): *Simon & Schuster's Guide to Rocks and Minerals*. Fireside, Simon & Schuster Inc., New York: 352pp.
- MOORE D.M., LEES B.G. & DAVEY S.M. (1991): A new method for predicting vegetation distributions using decision tree analysis in a geographic information system. *Environ. Manage.* 15, 59–71.
- NIX H., MCMAHON J. & MACKENZIE D. (1977): Potential areas of production and the future of pigeon pea and other grain legumes in Australia. In: *The potential for pigeon pea in Australia. Proceedings of Pigeon Pea (Cajanus cajan (L.) Millsp.) Field Day* (eds Wallis, E.S. & Whiteman, P.C.). University of Queensland, Queensland, Australia, pp. 5/1-1/12.
- OBERDORFER E. (2001): *Pflanzensoziologische Exkursionsflora für Deutschland und angrenzende Gebiete*. Ulmer Verlag, 8.Auflage.
- PAULI H. ET AL. (EDS.) 2004: *The GLORIA Field Manual – Multi-Summit Approach*. European Commission DG Research, EUR 21213. Luxembourg.
- REISIGL H. & PITSCHMANN H. (1958): Obere Grenzen von Flora und Vegetation in der Nivalstufe der zentralen Öztaler Alpen (Tirol). *Vegetation* 8:93-129.

ROBIN X., TURCK N., HAINARD A., TIBERTI N., LISACEK F., SANCHEZ J. & MÜLLER M. (2011): pROC: an open-source package for R and S+ to analyze and compare ROC curves. BMC Bioinformatics, 12, p. 77. DOI: 10.1186/1471-2105-12-77

RUDOLF M. & KUHLISCH W. (2008): Biostatistik- Eine Einführung für Biowissenschaftler. Pearson Studium München: 81pp.

SWETS J.A. (1988): Measuring the accuracy of diagnostic systems. Science 240: 1285-1293.

VENABLES W. N. & RIPLEY B. D. (2002): Modern Applied Statistics with S. New York: Springer.

WESSELS K.J., VAN JAARSVELD A.S., GRIMBEEK J.D. & VAN DER LINDE M.J. (1998): An evaluation of the gradsect biological survey method. Biodivers.Conserv. 7, 1093–1121.

WILDI O. (2012): Data Analysis in Vegetation Ecology 2nd Edition, using R. WSL Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research, Switzerland: 141pp.

ZANIN L. & MARA G. (2012): A Comparative Study of the Use of Generalized Additive Models and Generalized Linear Models in Tourism Research. International Journal of Tourism Research, 14: 451–468.

Internetquellen (Stand 03.04.2013):

Global Observation Research Initiative in Alpine Environments	http://www.gloria.ac.at
Ressourcen-Center für Papers (ISI)	http://www.webofknowledge.com
Geologische Bundesanstalt Wien	http://www.geologie.ac.at
GPS Kommunikations- Software	http://www.expertgps.com
GPS Hersteller und Treibersupport	http://www.garmin.com
Nachschlagewerk für Statistik-Software R	http://de.wikibooks.org
statistische Grundbegriffe	http://www.wikipedia.org
R Software	http://www.r-project.org
R editor	http://www.rstudio.com
ArcGIS Ressourcen Center	http://resources.arcgis.com
EPSG – Codes für Kartenprojektionen in ArcGIS	http://www.esri-austria.at

Anhang I

Zusammenfassung

Ziel Das Ziel dieser wissenschaftlichen Arbeit ist es die realisierte Nische von 16 Pflanzenarten in einem Untersuchungsgebiet der alpinen Stufe der Hohen Tauern mithilfe von Generalized Linear Models (GLM) und Generalized Additive Models (GAM) zu modellieren und daraus ihre räumlichen Verbreitungsmuster im Untersuchungsgebiet abzuleiten. Basierend auf den Ergebnissen sollen die unterschiedlichen Erhebungsmethoden, Random Stratified Sampling (RS) vs. Stratified Sampling (DS) auf ihre wissenschaftliche Aussagekraft hin evaluiert werden. Die Arbeit soll aufzeigen, inwiefern ein DS als Alternative (oder zusätzlich) zu einem RS die Qualität der Ergebnisse beeinflusst und somit als Erhebungs- Methode aufgrund einer positiven Kosten-Nutzen Analyse in Betracht gezogen werden sollte.

Ort Umbaltal/ Virgental, Osttirol, Tirol, Österreich

Methoden Als Basis für die Erhebungen im Freiland diente ein RS-Design nach den Parametern Elevation, Inklination und Aspekt. Darüberhinaus wurde ein Stratified Sampling nach einem eigenen Ruleset entwickelt. Für jeden der Punkte im Gelände wurde neben der GPS Daten das Habitat (sub-, alpin, subnival), Elevation, Inklination (slope), Exposition (aspect) und das Vorkommen (presence/absence) der Zielarten festgestellt. Die Auswahl der Zielarten umfasst botanische Besonderheiten im Untersuchungsgebiet (u.a. *Androsace alpina*, *Ranunculus glacialis*, *Leucanthemopsis alpina*, *Draba hoppeana*, *Saxifraga rudolphiana*, *Gentiana verna*, etc.). Mit einem R-Package wurden mithilfe von GLMs bzw. GAMs potentielle Verbreitungs- bzw. Nischenmodelle der Arten erstellt, die Modellauswahl erfolgte über "stepwise-selection". Die Modelle und Methoden wurden unter Verwendung der "Area under the ROC curve" (AUC) hinsichtlich ihrer Genauigkeit bewertet. Die Visualisierung der potentiellen Verbreitungsgebiete erfolgte mit einer ArcGIS Desktop 10.0 Software. Die Darstellung der prädizierten Werte verwendete die Prävalenz als Grenzwert.

Ergebnisse 13 von 16 Arten zeigen in ihren SDMs sowohl bei GLM als auch GAM – Modellierungen überzufällig genaue Prädiktionen (AUC>0.6). Die SDMs beider Regressionstechniken liefern in etwa gleich gute Modelle und basieren auf einer im Wesentlichen identischen Auswahl von Prädiktoren in der "stepwise-Selection". Die prädizierten Verbreitungsmuster entsprechen den Erwartungen und erscheinen plausibel. Der Vergleich der beiden Methodenansätze RS und DS mit Bootstrap zeigt bei 14 Arten keinen Unterschied in der Qualität der Genauigkeit der Vorhersagewerte. Einzig bei *Ranunculus glacialis* zeigen GLM und GAM eine geringfügig höhere Qualität des DS.

Schlussfolgerungen Die Ergebnisse zeigen klar, dass das DS als methodischer Ansatz in wissenschaftlichen Untersuchungen im Hochgebirge einen qualitativ geeigneten und im Hinblick auf eine Kosten-Nutzen-Rechnung sinnvollen alternativen Ansatz zu einem RS darstellt. Die Performance-Werte (AUC) der Prädiktion zeigen laut Literatur eine schwache Genauigkeit der Vorhersagewerte. Die Gründe dafür liegen in der Artenauswahl, einer zu grob aufgelösten geologischen Karte (Prädiktor) und den schwierigen topografischen Verhältnissen im Untersuchungsgebiet.

Abstract

Aim The purpose of this study is to develop a model of the realized niche of 16 plant species which occur in the alpine zone of the Hohe Tauern. Generalized Linear Models (GLM) and Generalized Additive Models (GAM) are used to derive their spatial distribution patterns in the study area. Random Stratified Sampling (RS) and Stratified Sampling (DS) are evaluated in terms of their scientific significance based on the results of the different survey methods. The influence of a DS on the quality of the results is analyzed. Furthermore a conclusion is made whether a DS can be a useful alternative (or addition) to a RS and can therefore be considered as a cost-effective scientific method.

Location Umbaltal/ Virgental, Osttirol, Tirol, Austria

Methods An RS design was used during field work with the parameters elevation, inclination and aspect. In addition, a stratified sampling was developed following a separate set of rules. For each point in the field the GPS coordinates, habitat (subalpine, alpine, subnival), elevation, inclination (slope), exposure (aspect) and the presence/absence of the target species were recorded. The selection of target species includes species peculiar to the study area (including *Androsace alpina*, *Ranunculus glacialis*, *Leucanthemopsis alpina*, *Draba hoppeana*, *Saxifraga rudolphiana*, *Gentiana verna*). Niche models of species (GLMs, GAMs) were established in R. The predictor selection was based on a "stepwise selection" algorithm. Subsequently, models and methods were evaluated using the area under the ROC curve (AUC). The potential distribution range was visualized utilizing ArcGIS 10.0 Software. The figures representing the predicted distribution used prevalences as a threshold to distinguish predicted presences and absences.

Results For both GAM and GLM regression the SDM from 13 out of 16 species resulted in predictions that are more accurate than random (AUC>0.6). GLMs and GAMs differ just slightly in terms of AUC values as well as in terms of selected predictor sets. The predicted distributions meet ecological meet expectations and appear plausible. The comparison of the two methods and approaches RS and DS

with a bootstrap shows no difference in the accuracy of the predicted values in 14 species. GLM and GAM slightly improve the quality of the DS only for *Ranunculus glacialis*.

Conclusions The results clearly show that a DS is a useful and cost-efficient alternative to an RS in scientific research in alpine regions. The models (AUC) have a rather low accuracy on average. Reasons are for instance the selection of too rare species, a too coarse resolution of the geological map and the difficult and hence partly inaccessible terrain.

Anhang II

Stepwise-selection GAM

Start: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 146.6284
Trial: ANDALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 155.9958
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 144.3893
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 144.2005
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 144.3508
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 151.5504
Step : ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 144.2005
Trial: ANDALP ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 153.205
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 141.5894
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 145.2669
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 143.3715
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 150.029
Step : ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 141.5894
Trial: ANDALP ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 150.1159
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 140.2562
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 143.0567
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 140.7177
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 147.4074
Step : ANDALP ~ s(ELE, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 140.2562
Trial: ANDALP ~ ELE + 1 + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 149.0286
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 141.5642
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 143.3025
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 139.9375
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 146.914
Step : ANDALP ~ s(ELE, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 139.9375
Trial: ANDALP ~ ELE + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 148.9993
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 142.366
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 141.091
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 137.937
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + 1; AIC= 146.4064
Step : ANDALP ~ s(ELE, 4) + EAST + GEO2 ; AIC= 137.937
Trial: ANDALP ~ ELE + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 147.0677
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 138.8181
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 140.3686
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 139.1667
Trial: ANDALP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + 1 + 1; AIC= 144.4111

Start: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 127.6545
Trial: RANGLA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 146.1102
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 126.6633
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 124.1395
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 122.1552
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 156.7069
Step : RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 122.1552
Trial: RANGLA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 140.6078
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 121.1543
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 119.1283
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 124.7804
Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 153.7302
Step : RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 119.1283
Trial: RANGLA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 136.6583

Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 118.3837
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 117.1635
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 122.2646
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 154.0069
 Step : RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 117.1635
 Trial: RANGLA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 135.4348
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 116.5068
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 120.2853
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 122.1604
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + 1; AIC= 152.0117
 Step : RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + NORTH + GEO2 ; AIC= 116.5068
 Trial: RANGLA ~ ELE + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 133.3396
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 116.4053
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 120.9088
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 121.3838
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + 1; AIC= 152.8274
 Step : RANGLA ~ s(ELE, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 116.4053
 Trial: RANGLA ~ ELE + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 132.7509
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 118.2779
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 119.3672
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 121.4992
 Trial: RANGLA ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + 1; AIC= 153.0578

 Start: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 170.9013
 Trial: DRAHOP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 172.3296
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 169.0199
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 166.0504
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 166.2187
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 173.6047
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 166.0504
 Trial: DRAHOP ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 167.3627
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.2684
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.7876
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 162.11
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 168.532
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 162.11
 Trial: DRAHOP ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 162.9721
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 160.6529
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 161.061
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 160.1803
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 165.0127
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + GEO2 ; AIC= 160.1803
 Trial: DRAHOP ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 161.0152
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 158.6958
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 159.0799
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 164.2691
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + 1; AIC= 163.0229
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + GEO2 ; AIC= 158.6958
 Trial: DRAHOP ~ ELE + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 161.1126
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 156.7915
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 158.239
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 162.5289
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + 1; AIC= 161.2297
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + EAST + GEO2 ; AIC= 156.7915
 Trial: DRAHOP ~ ELE + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 159.1151
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 156.3692
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 160.5804
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 158.7734
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + 1 + 1; AIC= 159.4984
 Step : DRAHOP ~ s(ELE, 4) + GEO2 ; AIC= 156.3692
 Trial: DRAHOP ~ ELE + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 158.2914
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 158.3693
 Trial: DRAHOP ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 158.9262

 Start: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 235.0007
 Trial: SAXOPP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 232.8455
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 231.2937
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 234.2171
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 229.7323
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 252.4518
 Step : SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 229.7323
 Trial: SAXOPP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 227.5652

Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 226.0857
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 239.1423
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 228.0962
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 248.1596
 Step : SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 226.0857
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 223.857
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 225.3602
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 236.3187
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 224.6092
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 243.5058
 Step : SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 223.857
 Trial: SAXOPP ~ 1 + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 227.3281
 Trial: SAXOPP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 222.7417
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 232.0262
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 222.337
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 229.0848
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 240.5455
 Step : SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + GEO2 ; AIC= 222.337
 Trial: SAXOPP ~ 1 + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 225.769
 Trial: SAXOPP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 221.0199
 Trial: SAXOPP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 225.8835
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 231.6232
 Trial: SAXOPP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 238.8837
 Step : SAXOPP ~ ELE + s(EAST, 4) + GEO2 ; AIC= 221.0199
 Trial: SAXOPP ~ 1 + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 224.7184
 Trial: SAXOPP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 223.6458
 Trial: SAXOPP ~ ELE + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 230.443
 Trial: SAXOPP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 236.9066

Start: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 150.2715
 Trial: SAXBIF ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 153.3838
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 147.331
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 147.8207
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 146.7961
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 156.8595
 Step : SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 146.7961
 Trial: SAXBIF ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 149.9438
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 143.8669
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 147.3463
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 152.9394
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 153.1916
 Step : SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 143.8669
 Trial: SAXBIF ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 146.9703
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 143.6001
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 144.3108
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 150.0297
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 149.7956
 Step : SAXBIF ~ s(ELE, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 143.6001
 Trial: SAXBIF ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 148.1123
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 144.9106
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 148.4474
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 147.104
 Trial: SAXBIF ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 148.6316

Start: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 182.129
 Trial: SAXRUD ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 183.9526
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 179.3622
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 179.7659
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 177.5177
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 197.7858
 Step : SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 177.5177
 Trial: SAXRUD ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 179.6169
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 174.7554
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 176.8289
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 177.7464
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 195.3505
 Step : SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 174.7554
 Trial: SAXRUD ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 176.4075
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 175.9824
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 172.9853
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 176.0689
 Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 191.3622

Step : SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 172.9853

Trial: SAXRUD ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 174.8924
Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 175.6399
Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 174.996
Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 175.7285
Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 176.2469
Trial: SAXRUD ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + 1; AIC= 190.9952

Start: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 126.4443

Trial: LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 122.4948
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 122.4227
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 127.4195
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 122.0754
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 130.2108
Step : LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 122.0754
Trial: LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 117.976
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 118.0798
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 125.0455
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 136.7006
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 125.9407
Step : LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 117.976
Trial: LEOALP ~ 1 + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 125.5734
Trial: LEOALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 114.0651
Trial: LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 120.3469
Trial: LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 133.0659
Trial: LEOALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 121.8692
Step : LEOALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 114.0651
Trial: LEOALP ~ 1 + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 121.8333
Trial: LEOALP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 112.1746
Trial: LEOALP ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 116.2812
Trial: LEOALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 131.0205
Trial: LEOALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 118.4987
Trial: LEOALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 117.7281

Step : LEOALP ~ ELE + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 112.1746

Trial: LEOALP ~ 1 + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 120.6731
Trial: LEOALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 116.1826
Trial: LEOALP ~ ELE + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 114.2813
Trial: LEOALP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 129.2589
Trial: LEOALP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 116.6478
Trial: LEOALP ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 115.9298

Start: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 202.8025

Trial: LEUALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 237.2751
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 198.9939
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 203.4707
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 198.8915
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 207.8793
Step : LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 198.8915
Trial: LEUALP ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 234.0184
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 194.9896
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 203.3053
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 198.1938
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 203.8234
Step : LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 194.9896
Trial: LEUALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 230.5603
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 202.8152
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 199.9528
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 194.4538
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 199.6371

Step : LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + GEO2 ; AIC= 194.4538

Trial: LEUALP ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 229.9848
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 201.3688
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 198.2254
Trial: LEUALP ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 198.8195

Start: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 70.1897

Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 67.2129
Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 68.2896
Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 66.3601
Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 66.8702
Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 70.8428
Step : GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 66.3601

Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 63.5809
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 64.3929
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 64.437
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 63.3513
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 67.0766
 Step : GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 63.3513
 Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 60.906
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 61.5166
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 61.3702
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 61.5767
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 62.8097
 Step : GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 60.906
 Trial: GENCLU ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 77.4543
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 58.2858
 Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 59.1233
 Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 63.4815
 Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 59.1219
 Trial: GENCLU ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 61.2692
 Step : GENCLU ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 58.2858
 Trial: GENCLU ~ 1 + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 74.5941
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 56.2858
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 56.7697
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 61.282
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 56.4347
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 61.1662
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + 1; AIC= 58.0386
 Step : GENCLU ~ ELE + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 56.2858
 Trial: GENCLU ~ 1 + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 73.1191
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 59.5588
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 54.8062
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 59.2943
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 54.4485
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 59.1671
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + EAST + NORTH + 1; AIC= 56.273
 Step : GENCLU ~ ELE + EAST + GEO2 ; AIC= 54.4485
 Trial: GENCLU ~ 1 + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 71.179
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + 1 + GEO2; AIC= 57.6682
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 53.3103
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 57.2903
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + EAST + 1 + 1; AIC= 54.316
 Step : GENCLU ~ ELE + GEO2 ; AIC= 53.3103
 Trial: GENCLU ~ 1 + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 69.5802
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 56.1119
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 55.309
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 53.2558
 Step : GENCLU ~ ELE ; AIC= 53.2558
 Trial: GENCLU ~ 1 + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 68.0794
 Trial: GENCLU ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 55.4828
 Trial: GENCLU ~ ELE + SLO + 1 + 1 + 1; AIC= 55.1824
 Trial: GENCLU ~ ELE + 1 + 1 + NORTH + 1; AIC= 54.9511

Start: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 167.4361
 Trial: GENNIV ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 176.685
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.1916
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.3064
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 163.7936
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 167.9326
 Step : GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 163.7936
 Trial: GENNIV ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 173.1365
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 160.8371
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 161.1799
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 164.4053
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 164.7334
 Step : GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 160.8371
 Trial: GENNIV ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 170.6784
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 159.1925
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 158.3747
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 162.9425
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 161.902
 Step : GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 158.3747
 Trial: GENNIV ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 170.4092
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 156.9798

Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 156.4037
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 161.9905
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 161.3984
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + 1; AIC= 160.3917
 Step : GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + NORTH + GEO2 ; AIC= 156.4037
 Trial: GENNIV ~ ELE + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 168.4142
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 155.0608
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 159.3179
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 160.6018
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 159.3989
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + 1; AIC= 158.4886
 Step : GENNIV ~ s(ELE, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 155.0608
 Trial: GENNIV ~ ELE + 1 + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 166.6491
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 159.1926
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 157.9771
 Trial: GENNIV ~ s(ELE, 4) + 1 + 1 + NORTH + 1; AIC= 156.7525

Start: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 212.8014
 Trial: GENBAV ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 245.5508
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 220.716
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 209.0891
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 207.9207
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 212.046
 Step : GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 207.9207
 Trial: GENBAV ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 240.7221
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 215.8284
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 207.0276
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 206.0883
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 207.4876
 Step : GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + GEO2 ; AIC= 206.0883
 Trial: GENBAV ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 238.7375
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 213.8463
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 205.302
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 205.7364
 Step : GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + GEO2 ; AIC= 205.302
 Trial: GENBAV ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 238.1804
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 212.1635
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 204.1286
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + 1; AIC= 205.6481
 Step : GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 ; AIC= 204.1286
 Trial: GENBAV ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 236.287
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 211.8224
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 206.0115
 Trial: GENBAV ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + 1 + 1; AIC= 204.3909

Start: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 166.3383
 Trial: GENVER ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 168.5025
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 167.6618
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 162.4507
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 162.6294
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 172.4086
 Step : GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 162.4507
 Trial: GENVER ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.7144
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 164.1729
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 161.5437
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 159.0474
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 168.5448
 Step : GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 159.0474
 Trial: GENVER ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 161.4859
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 160.5396
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 158.4282
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 161.7222
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 165.6025
 Step : GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 158.4282
 Trial: GENVER ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 161.3543
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 160.9144
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 160.0314
 Trial: GENVER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + 1; AIC= 165.5161

Start: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 117.9159
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 115.2252
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 119.9922

Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 113.5911
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 117.9878
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 116.0048
 Step : GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 113.5911
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 110.6769
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 115.3058
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 117.9902
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 116.0257
 Trial: GENORB ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 111.6366
 Step : GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 110.6769
 Trial: GENORB ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 114.8654
 Trial: GENORB ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 112.4795
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 115.0181
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 113.9528
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 108.8507
 Step : GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) ; AIC= 108.8507
 Trial: GENORB ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 112.8622
 Trial: GENORB ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 110.477
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 113.0957
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 113.4773
 Trial: GENORB ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 112.1573

Start: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 98.9009
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 95.6955
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 97.0655
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 97.3355
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 94.2747
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 97.7697
 Step : GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 94.2747
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 91.418
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 93.1366
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 93.0468
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 94.6566
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 93.0542
 Step : GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 91.418
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 91.6646
 Trial: GENBRA ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 91.9692
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 90.1994
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 92.1896
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 90.9085
 Step : GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2 ; AIC= 90.1994
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 90.4254
 Trial: GENBRA ~ ELE + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 90.4757
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 88.5074
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + 1 + GEO2; AIC= 89.3469
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 94.3173
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 89.2702
 Step : GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 88.5074
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 88.7138
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 91.3074
 Trial: GENBRA ~ ELE + SLO + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 89.4597
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 88.1425
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 92.855
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + 1; AIC= 87.729
 Step : GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + NORTH ; AIC= 87.729
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + 1; AIC= 87.4697
 Trial: GENBRA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + 1; AIC= 90.0419
 Trial: GENBRA ~ ELE + SLO + 1 + NORTH + 1; AIC= 88.8837
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + 1 + 1; AIC= 87.6963
 Trial: GENBRA ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 92.2903
 Step : GENBRA ~ s(SLO, 4) + NORTH ; AIC= 87.4697
 Trial: GENBRA ~ 1 + SLO + 1 + NORTH + 1; AIC= 88.2187
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + 1; AIC= 89.1236
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + 1 + 1; AIC= 87.3755
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 92.0575
 Step : GENBRA ~ s(SLO, 4) ; AIC= 87.3755
 Trial: GENBRA ~ 1 + SLO + 1 + 1 + 1; AIC= 87.0556
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + 1 + 1; AIC= 88.5084
 Trial: GENBRA ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + 1 + GEO2; AIC= 88.3238
 Step : GENBRA ~ SLO ; AIC= 87.0556
 Trial: GENBRA ~ ELE + SLO + 1 + 1 + 1; AIC= 87.7943
 Trial: GENBRA ~ 1 + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 85.6706

Trial: GENBRA ~ 1 + SLO + EAST + 1 + 1; AIC= 87.5905
 Trial: GENBRA ~ 1 + SLO + 1 + 1 + GEO2; AIC= 87.9326
 Step : GENBRA ~ 1 ; AIC= 85.6706
 Trial: GENBRA ~ ELE + 1 + 1 + 1 + 1; AIC= 86.2639
 Trial: GENBRA ~ 1 + 1 + EAST + 1 + 1; AIC= 86.3456
 Trial: GENBRA ~ 1 + 1 + 1 + NORTH + 1; AIC= 86.5876
 Trial: GENBRA ~ 1 + 1 + 1 + 1 + GEO2; AIC= 86.3519

Start: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 36.0013
 Trial: GENACA ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 38.7588
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 30.1625
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 30.0605
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 30.8337
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 34.0006
 Step : GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 30.0605
 Trial: GENACA ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 36.8422
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 24.9732
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 34.1086
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 32.4502
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 28.8339
 Step : GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 24.9732
 Trial: GENACA ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 34.0822
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + 1 + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 27.0117
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 36.7549
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 32.0758
 Trial: GENACA ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 26.685

Start: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 77.2329
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 72.9697
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 82.3394
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 72.2643
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 73.2449
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 77.2783
 Step : GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 72.2643
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 68.0624
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 77.5493
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 70.6908
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 73.3851
 Trial: GENPRO ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 72.746
 Step : GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 68.0624
 Trial: GENPRO ~ 1 + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 70.5337
 Trial: GENPRO ~ ELE + SLO + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 72.78
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 66.2853
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 70.1942
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 69.4123
 Step : GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2 ; AIC= 66.2853
 Trial: GENPRO ~ 1 + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 68.5678
 Trial: GENPRO ~ ELE + SLO + 1 + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 70.8545
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + NORTH + GEO2; AIC= 68.2493
 Trial: GENPRO ~ ELE + s(SLO, 4) + 1 + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 67.5414

Start: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + GEO2 + s(NORTH, 4) + s(EAST, 4); AIC= 65.4387
 Trial: RHOFE ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 75.1664
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 61.768
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + s(NORTH, 4) + GEO2; AIC= 64.59
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 61.368
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + s(NORTH, 4) + 1; AIC= 64.741
 Step : RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 61.368
 Trial: RHOFE ~ ELE + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 72.1591
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 58.9664
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 65.7309
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 59.946
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 61.0605
 Step : RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2 ; AIC= 58.9664
 Trial: RHOFE ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 68.9593
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + NORTH + GEO2; AIC= 64.019
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + NORTH + GEO2; AIC= 62.7704
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 58.1047
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + NORTH + 1; AIC= 58.2504
 Step : RHOFE ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + GEO2 ; AIC= 58.1047
 Trial: RHOFE ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 67.9653
 Trial: RHOFE ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + GEO2; AIC= 62.0138

Trial: RHO FER ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + GEO2; AIC= 60.8572
 Trial: RHO FER ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 56.6543
 Step : RHO FER ~ s(ELE, 4) + SLO + s(EAST, 4) ; AIC= 56.6543
 Trial: RHO FER ~ ELE + SLO + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 65.9735
 Trial: RHO FER ~ s(ELE, 4) + 1 + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 60.5506
 Trial: RHO FER ~ s(ELE, 4) + s(SLO, 4) + s(EAST, 4) + 1 + 1; AIC= 59.0932
 Trial: RHO FER ~ s(ELE, 4) + SLO + EAST + 1 + 1; AIC= 58.9441

Stepwise-selection GLM

Start: AIC=142.65
 ANDALP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(SLO, 2) 2 123.61 139.61
 - poly(NORTH, 2) 2 124.49 140.49
 <none> 122.65 142.65
 - poly(EAST, 2) 2 127.48 143.49
 - GEO2 1 130.64 148.64
 - poly(ELE, 2) 2 163.30 179.30

Step: AIC=139.61
 ANDALP ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(NORTH, 2) 2 125.46 137.46
 <none> 123.61 139.61
 - poly(EAST, 2) 2 128.32 140.32
 - GEO2 1 132.16 146.16
 - poly(ELE, 2) 2 165.10 177.10

Step: AIC=137.46
 ANDALP ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 125.46 137.46
 - poly(EAST, 2) 2 130.62 138.62
 - GEO2 1 134.36 144.36
 - poly(ELE, 2) 2 169.91 177.91

Start: AIC=118.69
 RANGLA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(EAST, 2) 2 98.765 114.77
 <none> 98.694 118.69
 - poly(SLO, 2) 2 102.877 118.88
 - poly(NORTH, 2) 2 103.093 119.09
 - GEO2 1 135.656 153.66
 - poly(ELE, 2) 2 140.680 156.68

Step: AIC=114.77
 RANGLA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 98.765 114.77
 - poly(SLO, 2) 2 103.056 115.06
 - poly(NORTH, 2) 2 103.882 115.88
 - GEO2 1 135.801 149.80
 - poly(ELE, 2) 2 143.168 155.17

Start: AIC=161.42
 DRAHOP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(NORTH, 2) 2 141.61 157.61
 - poly(EAST, 2) 2 142.20 158.20
 - poly(SLO, 2) 2 143.60 159.60
 <none> 141.42 161.42
 - GEO2 1 145.82 163.82
 - poly(ELE, 2) 2 155.77 171.77

Step: AIC=157.61
 DRAHOP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(EAST, 2) 2 142.66 154.66
 - poly(SLO, 2) 2 143.87 155.87
 <none> 141.61 157.61

- GEO2 1 146.05 160.05
- poly(ELE, 2) 2 155.95 167.95

Step: AIC=154.66

DRAHOP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 145.77 153.77

<none> 142.66 154.66

- GEO2 1 146.80 156.80

- poly(ELE, 2) 2 157.01 165.01

Step: AIC=153.77

DRAHOP ~ poly(ELE, 2) + GEO2

Df Deviance AIC

<none> 145.77 153.77

- GEO2 1 150.12 156.12

- poly(ELE, 2) 2 161.79 165.79

Start: AIC=228.27

SAXOPP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(NORTH, 2) 2 209.93 225.93

- poly(SLO, 2) 2 210.73 226.73

- poly(EAST, 2) 2 212.19 228.19

<none> 208.27 228.27

- poly(ELE, 2) 2 214.87 230.87

- GEO2 1 230.42 248.42

Step: AIC=225.93

SAXOPP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 212.06 224.06

<none> 209.93 225.93

- poly(ELE, 2) 2 216.14 228.14

- poly(EAST, 2) 2 221.51 233.51

- GEO2 1 231.66 245.66

Step: AIC=224.06

SAXOPP ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

<none> 212.06 224.06

- poly(ELE, 2) 2 218.14 226.14

- poly(EAST, 2) 2 223.12 231.12

- GEO2 1 232.63 242.63

Start: AIC=148.45

SAXBIF ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(EAST, 2) 2 130.61 146.61

- poly(SLO, 2) 2 131.16 147.16

<none> 128.45 148.45

- poly(NORTH, 2) 2 136.98 152.98

- GEO2 1 136.11 154.11

- poly(ELE, 2) 2 139.10 155.10

Step: AIC=146.61

SAXBIF ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 133.06 145.06

<none> 130.61 146.61

- GEO2 1 137.85 151.85

- poly(NORTH, 2) 2 140.90 152.90

- poly(ELE, 2) 2 141.38 153.38

Step: AIC=145.06

SAXBIF ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

<none> 133.06 145.06

- GEO2 1 139.39 149.39

- poly(NORTH, 2) 2 141.72 149.72

- poly(ELE, 2) 2 145.03 153.03

Start: AIC=177.74
 SAXRUD ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(EAST, 2) 2 160.46 176.46
 - poly(NORTH, 2) 2 161.56 177.56
 <none> 157.74 177.74
 - poly(SLO, 2) 2 162.75 178.75
 - GEO2 1 177.90 195.90
 - poly(ELE, 2) 2 206.10 222.10

Step: AIC=176.46
 SAXRUD ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 160.46 176.46
 - poly(SLO, 2) 2 164.92 176.92
 - poly(NORTH, 2) 2 167.41 179.41
 - GEO2 1 179.92 193.92
 - poly(ELE, 2) 2 207.44 219.44

Start: AIC=121.84
 LEOALP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(SLO, 2) 2 101.89 117.89
 - poly(EAST, 2) 2 102.27 118.27
 <none> 101.84 121.84
 - GEO2 1 107.59 125.59
 - poly(ELE, 2) 2 110.26 126.26
 - poly(NORTH, 2) 2 115.93 131.93

Step: AIC=117.89
 LEOALP ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(EAST, 2) 2 102.30 114.30
 <none> 101.89 117.89
 - GEO2 1 107.64 121.64
 - poly(ELE, 2) 2 110.74 122.74
 - poly(NORTH, 2) 2 116.62 128.62

Step: AIC=114.3
 LEOALP ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 102.30 114.30
 - GEO2 1 108.42 118.42
 - poly(ELE, 2) 2 111.48 119.48
 - poly(NORTH, 2) 2 118.42 126.42

Start: AIC=203.16
 LEUALP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(NORTH, 2) 2 183.83 199.83
 <none> 183.16 203.16
 - poly(EAST, 2) 2 188.75 204.75
 - poly(SLO, 2) 2 189.50 205.50
 - GEO2 1 190.98 208.98
 - poly(ELE, 2) 2 217.41 233.41

Step: AIC=199.83
 LEUALP ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 183.83 199.83
 - poly(SLO, 2) 2 189.78 201.78
 - poly(EAST, 2) 2 191.24 203.24
 - GEO2 1 191.37 205.37
 - poly(ELE, 2) 2 218.38 230.38

Start: AIC=63.59
 GENCLU ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - poly(EAST, 2) 2 43.734 59.734
 - poly(NORTH, 2) 2 43.763 59.763
 - poly(SLO, 2) 2 45.265 61.265
 <none> 43.591 63.591

- GEO2 1 46.622 64.622
- poly(ELE, 2) 2 64.470 80.470

Step: AIC=59.73

GENCLU ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 45.667 57.667
- poly(NORTH, 2) 2 45.728 57.728
<none> 43.734 59.734
- GEO2 1 47.307 61.307
- poly(ELE, 2) 2 64.797 76.797

Step: AIC=57.67

GENCLU ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

- poly(NORTH, 2) 2 47.048 55.048
<none> 45.667 57.667
- GEO2 1 48.157 58.157
- poly(ELE, 2) 2 65.418 73.418

Step: AIC=55.05

GENCLU ~ poly(ELE, 2) + GEO2

Df Deviance AIC

- GEO2 1 48.984 54.984
<none> 47.048 55.048
- poly(ELE, 2) 2 65.580 69.580

Step: AIC=54.98

GENCLU ~ poly(ELE, 2)

Df Deviance AIC

<none> 48.984 54.984
- poly(ELE, 2) 2 66.079 68.079

Start: AIC=166.41

GENNIV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(EAST, 2) 2 146.44 162.44
- poly(SLO, 2) 2 146.91 162.91
<none> 146.41 166.41
- GEO2 1 150.08 168.08
- poly(NORTH, 2) 2 152.95 168.95
- poly(ELE, 2) 2 171.41 187.41

Step: AIC=162.44

GENNIV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 146.94 158.94
<none> 146.44 162.44
- GEO2 1 150.16 164.16
- poly(NORTH, 2) 2 153.75 165.75
- poly(ELE, 2) 2 171.54 183.54

Step: AIC=158.95

GENNIV ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC

<none> 146.94 158.94
- GEO2 1 150.55 160.55
- poly(NORTH, 2) 2 154.02 162.02
- poly(ELE, 2) 2 172.61 180.61

Start: AIC=214.39

GENBAV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(EAST, 2) 2 194.54 210.54
- poly(NORTH, 2) 2 195.08 211.08
- GEO2 1 195.70 213.70
<none> 194.39 214.39
- poly(SLO, 2) 2 213.08 229.08
- poly(ELE, 2) 2 223.54 239.54

Step: AIC=210.55

GENBAV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC
- poly(NORTH, 2) 2 196.98 208.98
- GEO2 1 195.85 209.85
<none> 194.54 210.54
- poly(SLO, 2) 2 214.19 226.19
- poly(ELE, 2) 2 223.59 235.59

Step: AIC=208.98
GENBAV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2

Df Deviance AIC
- GEO2 1 198.72 208.72
<none> 196.98 208.98
- poly(SLO, 2) 2 216.50 224.50
- poly(ELE, 2) 2 227.17 235.17

Step: AIC=208.72
GENBAV ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2)

Df Deviance AIC
<none> 198.72 208.72
- poly(SLO, 2) 2 218.45 224.45
- poly(ELE, 2) 2 227.20 233.20

Start: AIC=162.73
GENVER ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC
- poly(EAST, 2) 2 144.93 160.93
<none> 142.73 162.73
- poly(SLO, 2) 2 147.60 163.60
- poly(NORTH, 2) 2 149.80 165.80
- GEO2 1 151.43 169.43
- poly(ELE, 2) 2 160.56 176.56

Step: AIC=160.93
GENVER ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)

Df Deviance AIC
<none> 144.93 160.93
- poly(SLO, 2) 2 150.42 162.42
- poly(NORTH, 2) 2 150.78 162.78
- GEO2 1 153.89 167.89
- poly(ELE, 2) 2 162.36 174.36

Start: AIC=113.93
GENORB ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC
- poly(NORTH, 2) 2 95.975 111.97
- GEO2 1 94.054 112.05
- poly(SLO, 2) 2 96.827 112.83
<none> 93.930 113.93
- poly(EAST, 2) 2 99.630 115.63
- poly(ELE, 2) 2 101.807 117.81

Step: AIC=111.97
GENORB ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC
- GEO2 1 96.129 110.13
- poly(SLO, 2) 2 98.498 110.50
<none> 95.975 111.97
- poly(EAST, 2) 2 101.426 113.43
- poly(ELE, 2) 2 103.067 115.07

Step: AIC=110.13
GENORB ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC
- poly(SLO, 2) 2 98.584 108.58
<none> 96.129 110.13
- poly(EAST, 2) 2 101.428 111.43
- poly(ELE, 2) 2 103.068 113.07

Step: AIC=108.58
GENORB ~ poly(ELE, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC
<none> 98.584 108.58

- poly(EAST, 2) 2 102.903 108.90
- poly(ELE, 2) 2 104.944 110.94

Start: AIC=92.84

GENBRA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(NORTH, 2) 2 73.862 89.862
- poly(EAST, 2) 2 73.896 89.896
- GEO2 1 73.855 91.855
- poly(SLO, 2) 2 76.140 92.140
- poly(ELE, 2) 2 76.618 92.618
<none> 72.844 92.844

Step: AIC=89.86

GENBRA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(EAST, 2) 2 74.352 86.352
- GEO2 1 74.981 88.981
- poly(SLO, 2) 2 77.105 89.105
- poly(ELE, 2) 2 77.660 89.660
<none> 73.862 89.862

Step: AIC=86.35

GENBRA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2

Df Deviance AIC

- GEO2 1 75.777 85.777
- poly(SLO, 2) 2 78.208 86.208
<none> 74.352 86.352
- poly(ELE, 2) 2 78.509 86.509

Step: AIC=85.78

GENBRA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 79.570 85.570
- poly(ELE, 2) 2 79.762 85.762
<none> 75.777 85.777

Step: AIC=85.57

GENBRA ~ poly(ELE, 2)

Df Deviance AIC

<none> 79.570 85.570
- poly(ELE, 2) 2 83.671 85.671

Start: AIC=20

GENACA ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(SLO, 2) 2 0.000 16.000
- GEO2 1 0.000 18.000
<none> 0.000 20.000
- poly(EAST, 2) 2 16.013 32.013
- poly(ELE, 2) 2 20.224 36.224
- poly(NORTH, 2) 2 22.372 38.372

Step: AIC=16

GENACA ~ poly(ELE, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

<none> 0.000 16.000
- GEO2 1 12.857 26.857
- poly(EAST, 2) 2 17.655 29.655
- poly(ELE, 2) 2 25.145 37.145
- poly(NORTH, 2) 2 25.961 37.961

Start: AIC=70.78

GENPRO ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)

Df Deviance AIC

- poly(EAST, 2) 2 52.366 68.366
- poly(NORTH, 2) 2 54.167 70.167
- GEO2 1 52.248 70.248
<none> 50.775 70.775
- poly(ELE, 2) 2 58.587 74.587
- poly(SLO, 2) 2 59.986 75.986

Step: AIC=68.37
 GENPRO ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2)
 Df Deviance AIC
 - GEO2 1 53.866 67.866
 <none> 52.366 68.366
 - poly(NORTH, 2) 2 58.990 70.990
 - poly(ELE, 2) 2 58.991 70.991
 - poly(SLO, 2) 2 60.530 72.530

Step: AIC=67.87
 GENPRO ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + poly(NORTH, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 53.866 67.866
 - poly(NORTH, 2) 2 59.514 69.514
 - poly(ELE, 2) 2 59.844 69.844
 - poly(SLO, 2) 2 60.811 70.811

Start: AIC=56.02
 RHOFER ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + GEO2 + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 - GEO2 1 36.324 54.324
 <none> 36.023 56.023
 - poly(NORTH, 2) 2 43.168 59.168
 - poly(SLO, 2) 2 45.810 61.810
 - poly(EAST, 2) 2 56.483 72.483
 - poly(ELE, 2) 2 85.997 101.997

Step: AIC=54.32
 RHOFER ~ poly(ELE, 2) + poly(SLO, 2) + poly(NORTH, 2) + poly(EAST, 2)
 Df Deviance AIC
 <none> 36.324 54.324
 - poly(NORTH, 2) 2 44.873 58.873
 - poly(SLO, 2) 2 47.025 61.025
 - poly(EAST, 2) 2 56.483 70.483
 - poly(ELE, 2) 2 86.565 100.565

Anhang III

Lebenslauf



AUSBILDUNG

- Seit Mai 2012 Masterarbeit für das Masterstudium Naturschutz und Biodiversitätsmanagement, am Department für Vegetationsökologie, Projektgruppe für Klimaforschung: GLORIA
Thema: “ SDM ausgewählter Pflanzenarten in der alpinen Stufe im Nationalpark Hohe Tauern/ Zentralalpen. Erklärungswerte verschiedener Modellansätze und Sampling-Methoden in einem geologisch komplexen Untersuchungsgebiet“
- März 2012 Geologische Exkursion Patagonien
- Feb 2012 Forschungspraktikum Brasilien
Thema: “Botanik und Ökologie der Cerrados in Ostbrasilien“
- Okt 2011 Masterstudium Wildtierökologie und Wildtiermanagement an der Universität für Bodenkultur Wien
- Okt 2010 GIS- Data Handling an der Universität für Bodenkultur Wien
- Okt 2010 Masterstudium Naturschutz und Biodiversitätsmanagement an der Universität Wien
- Aug 2010 Jagdschein NÖ

- Okt 2009 Mitbelegung Studium Integrative Biologie an der Universität für Bodenkultur Wien
- März – Juni 2009 Spanisch II auf dem LAI Wien
- Feb 2009 Forschungspraktikum in Costa Rica
 - Thema: "Polarization Pattern of butterflies"
 - Teamorganisation
 - Verfassung eines wissenschaftlichen Papers
- Okt 2007 bis 2010 Bachelorstudium Ökologie/ Biologie an der Universität Wien
- Mai 2007 – Jun 2009 Softwareentwickler im Automobilentwicklungsbereich Fa. Bosch AG Wien
- Juni 2004 Matura an der HTBL Hollabrunn Abt. Technische Informatik

SONSTIGE PRAXISERFAHRUNG

- seit Mai 2012 freier Dienstnehmer bei Birdlife Österreich
- Sept – Dez 2011 Praktikum bei Birdlife Austria
- Feb – April 2010 Angestellt bei WBA Beratende Ingenieure in Wien
- Aug 2008 Angestellter bei Fa. Trenkwalder Personaldienste Austro Control

SPRACHKENNTNISSE

- Deutsch: Muttersprache
- Englisch: fließend in Wort und Schrift
- Spanisch: fortgeschrittene Kenntnisse in Wort und Schrift