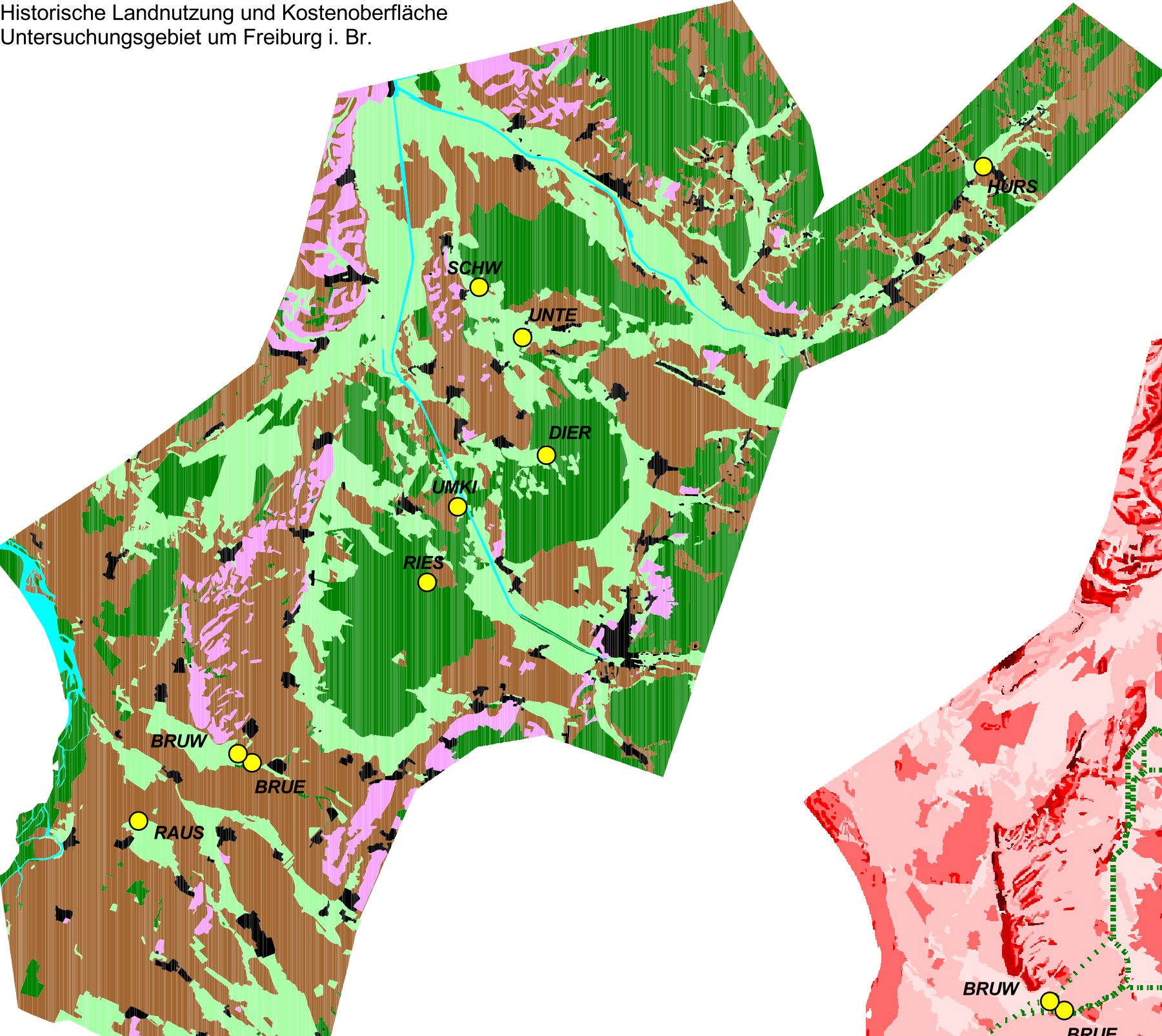


Historische Landnutzung und Kostenoberfläche
 Untersuchungsgebiet um Freiburg i. Br.

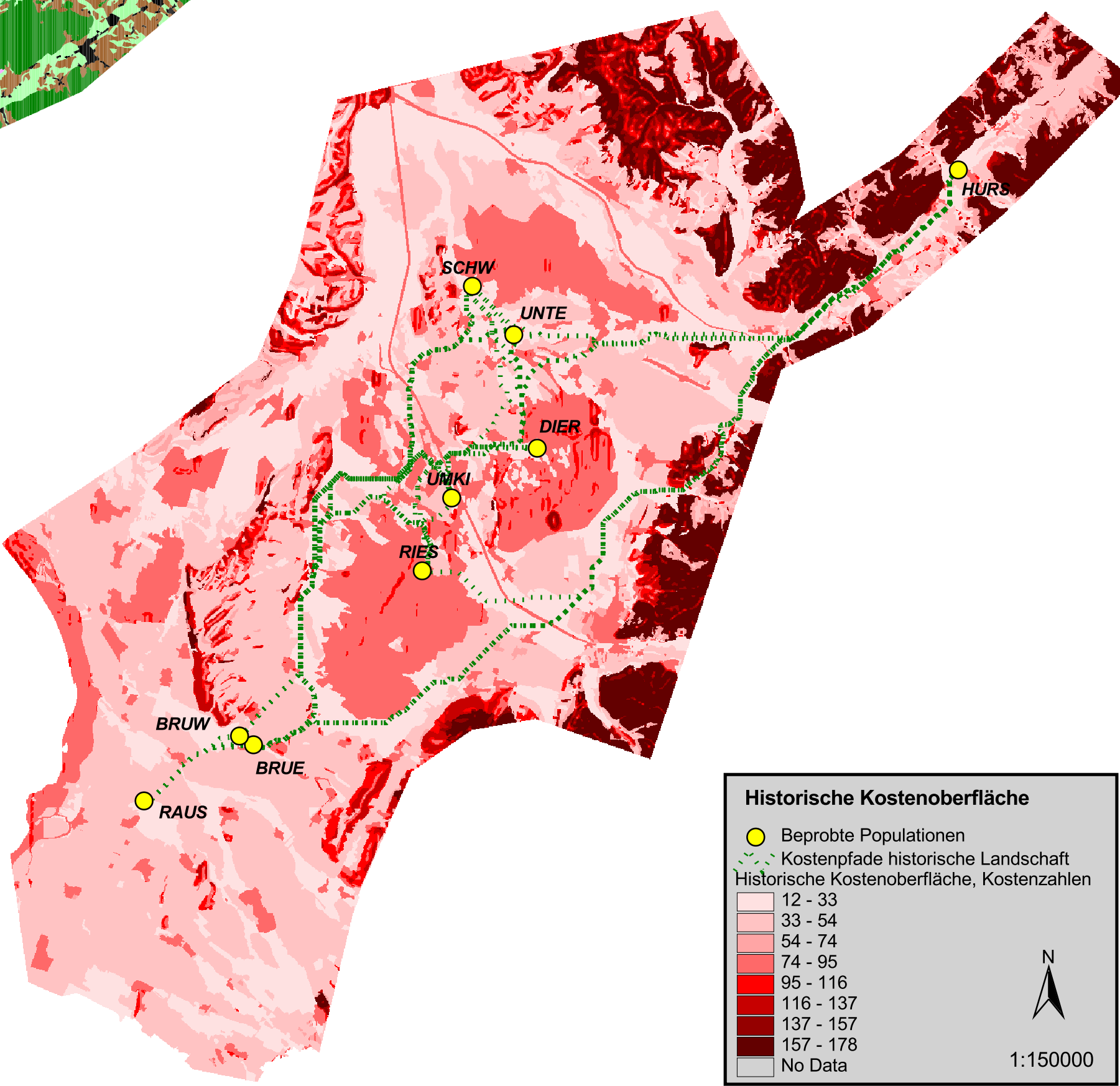


Historische Landnutzung (ca. 1850)

- Beprobte Populationen
- Historische Landnutzung
- Ackerland
- Fließgewässer
- Grünland
- Obstbaumplantage
- Rebland
- Siedlung
- Stillgewässer
- Wald

N

 1:150000



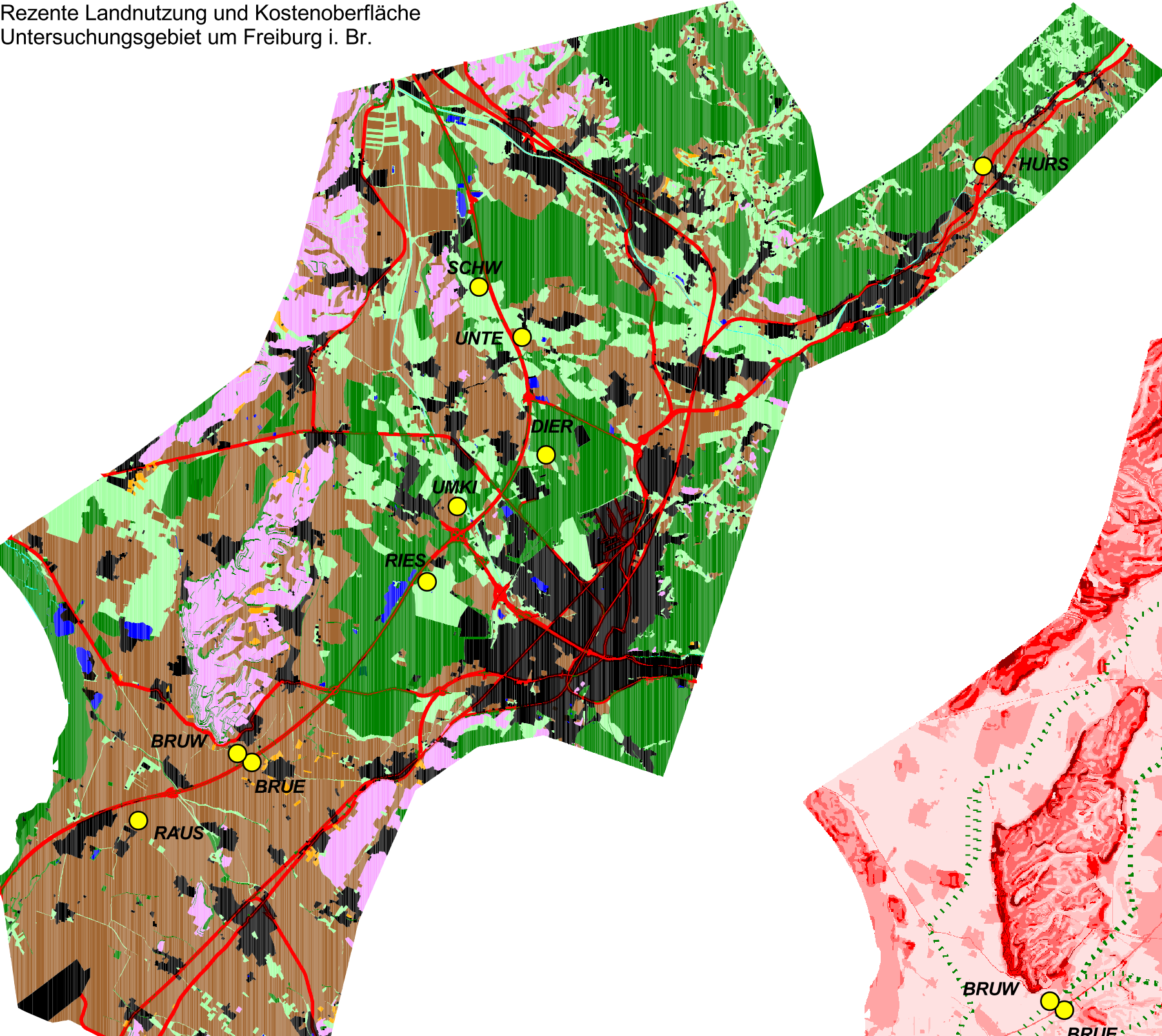
Historische Kostenoberfläche

- Beprobte Populationen
- - - Kostenpfade historische Landschaft
- Historische Kostenoberfläche, Kostenzahlen
- 12 - 33
- 33 - 54
- 54 - 74
- 74 - 95
- 95 - 116
- 116 - 137
- 137 - 157
- 157 - 178
- No Data

N

 1:150000

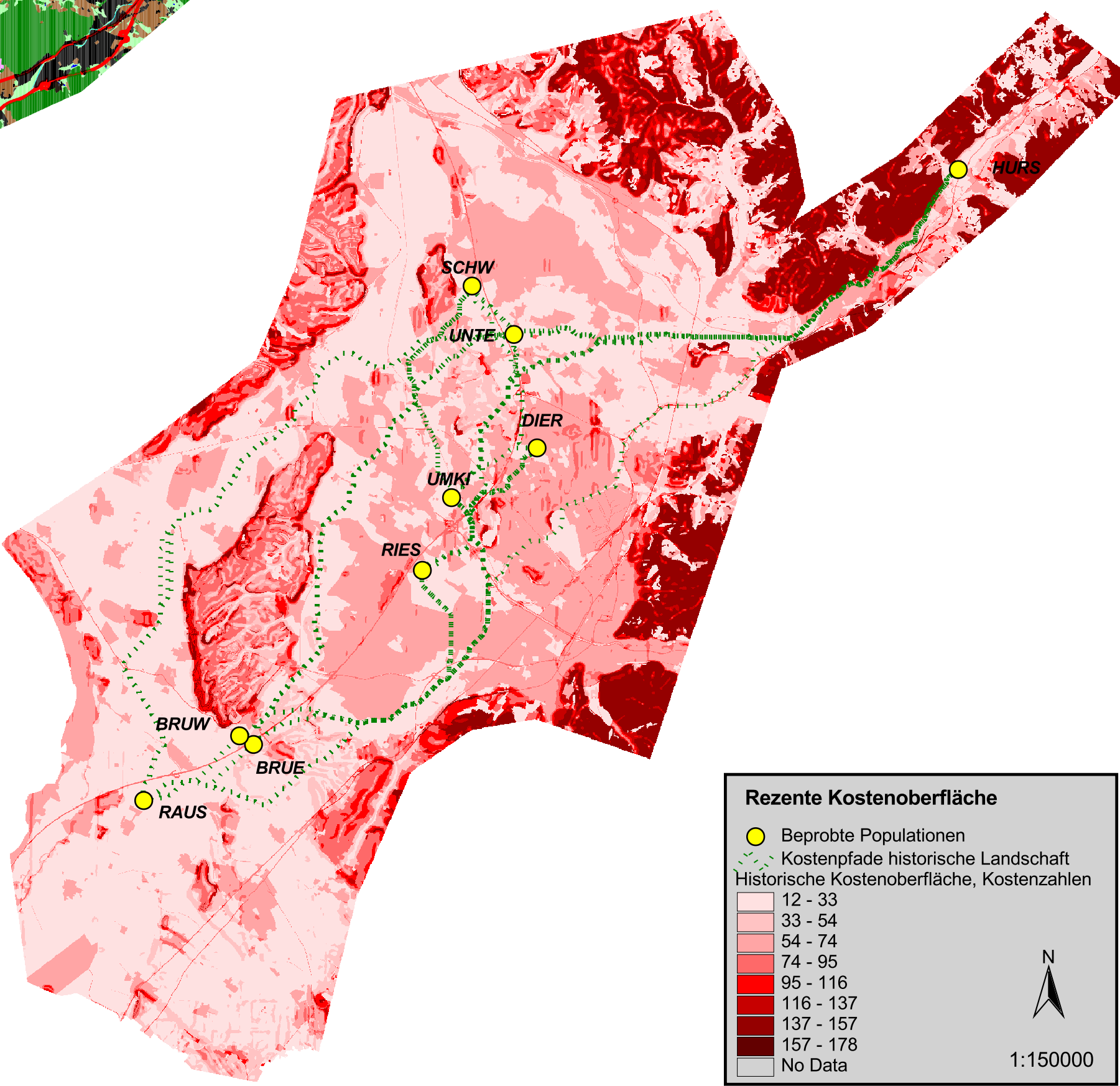
Rezente Landnutzung und Kostenoberfläche
 Untersuchungsgebiet um Freiburg i. Br.



Rezente Landnutzung (ca. 2000)

- Beprobte Populationen
- Historische Landnutzung
- Ackerland
- Fließgewässer
- Grünland
- Obstbauplantage
- Rebland
- Siedlung
- Stillgewässer
- Wald

N
1:150000



Rezente Kostenoberfläche

- Beprobte Populationen
- - - Kostenpfade historische Landschaft
- Historische Kostenoberfläche, Kostenzahlen
- 12 - 33
- 33 - 54
- 54 - 74
- 74 - 95
- 95 - 116
- 116 - 137
- 137 - 157
- 157 - 178
- No Data

N
1:150000

3.2.4 Ergebnisse der IBDWS-Analyse

Die IBDWS-Analysen dienen nach BOHONAK (2002) dazu festzustellen, ob es einen statistisch signifikanten ZUSAMMENHANG zwischen genetischer Distanz und geografischer Distanz gibt und wie stark dieser Zusammenhang ist. Die Signifikanz wird gewöhnlich beurteilt, indem die paarweise genetische Distanz-Matrix mittels eines Mantel-Tests mit der paarweisen geografischen Distanz-Matrix korreliert wird (siehe MANLY 1994).

Für die Matrix der genetischen Distanzen **A** und die Matrix der geografischen Distanzen **B**, wird die Statistik als $Z = \sum_{i,j} A_{ij} B_{ij}$ berechnet.

Daneben berechnet IBDWS eine alternative Statistik, r , die einen standardisierten Z-Wert ausgibt, der von -1 bis 1 reicht, wobei 1 eine perfekte Korrelation bedeutet. Die Signifikanz wird bewertet, indem der tatsächliche Wert Z_{actual} mit einer Verteilung von Z-Werten verglichen wird, die durch Randomisierung der Spalten und Zeilen der **B**-Matrix bei konstanter **A**-Matrix erzeugt werden. Es werden einseitige p-Werte ausgegeben.

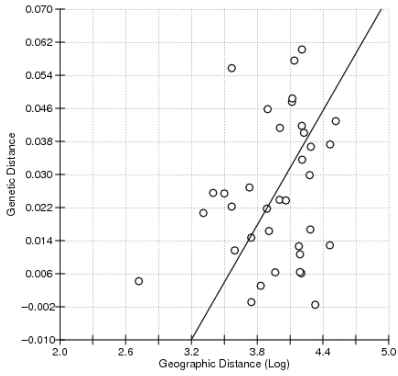
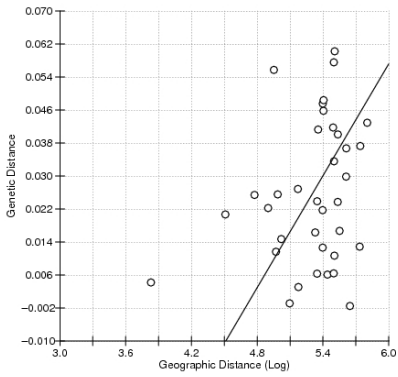
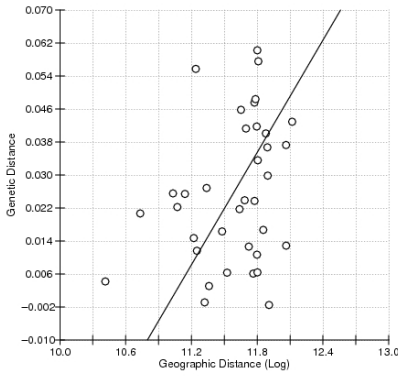
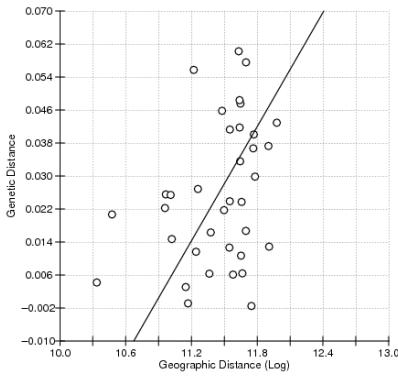
Die IBDWS-Analysen zeigen in folgender Reihenfolge ansteigende r -Werte, also besser werdende Korrelationen zwischen den genetischen Distanzen und den euklidischen bzw. den unterschiedlichen Kostendistanzen:

Euklidische Distanzen – Kostendistanzen des historischen Modells – Kostendistanzen des generalisierten aktuellen Modells – Kostendistanzen des aktuellen Modells nach HUNGER (2004).

Entsprechend steigen die Signifikanzen in dieser Reihenfolge an, $p < 0,05$ wird nur mit dem Modell nach HUNGER (2004) erreicht.

Die Ergebnisse sind in Tab. 5 zusammengefasst.

Tab. 5: Ergebnisse der IBDWS-Analysen

	<p>Genetische Distanzen und euklidische Distanzen.</p> <p>$r=0,228$ $p=0,114$</p>
	<p>Genetische Distanzen und Kostendistanzen historisches Modell.</p> <p>$r=0,257$ $p=0,077$</p>
	<p>Genetische Distanzen und Kostendistanzen generalisiertes aktuelles Modell.</p> <p>$r=0,294$ $p=0,058$</p>
	<p>Genetische Distanzen und Kostendistanzen aktuelles Modell (HUNGER 2004).</p> <p>$r=0,322$ $p=0,044$</p>