

Résultats bruts de l'analyse de données InSylBioS

C. Emberger, F. Gosselin, M. Gosselin

Ce document rassemble les principaux résultats bruts de l'analyse du jeu de données du projet InSylBioS. Les tableaux présentés ci-après reprennent l'ensemble des relations significatives (au risque d'erreur, p-value, inférieur à 5%), issues du travail de modélisation, quelle que soit leurs magnitudes, pour les hypothèses principales GB1 à GB4 (phase 1) et pour la sélection des covariables environnementales (phase 0). Se référer au [rapport](#) pour les informations relatives aux hypothèses et à la méthodologie d'analyse. Une discussion et synthèse des résultats sont proposées dans la [Ressource 1](#).

Table des matières

Quelques précisions sur les résultats.....	2
Lecture des tableaux	2
Ecart-types des variables explicatives numériques liées à la gestion	4
Covariables retenues (phase 0)	5
Résultat des modèles pour les hypothèses principales (Phase 1)	7
Hypothèse GB1 : les communautés des sols sont influencées par le régime d'éclaircie.....	7
Effet des régimes d'éclaircies.....	7
Effet des taux de prélèvements	10
Effet de la surface terrière	11
Hypothèse GB2 : les communautés des sols sont influencées par l'essence dominante	14
Comparaison de sites en Douglas et en Hêtre (contextes ancienneté et gestion équivalents)	14
Comparaison de l'effet essence sur l'ensemble des sites (variabilité de contextes et gestions)	15
Hypothèse GB3 : les communautés des sols sont influencées par les essences secondaires	17
GB3 : Effet des essences secondaires	17
Hypothèse GB4 : les communautés des sols sont influencées par l'ancienneté de l'état boisé	19
Comparaison de sites en Douglas et en Hêtre, forêts anciennes et récentes (LEA LER)	19
Comparaison de l'effet de variables liées à l'ancienneté	20



Quelques précisions sur les résultats

Lecture des tableaux

Les résultats sont présentés sous forme de tableaux, dont les principales colonnes sont explicitées ci-dessous.

Y	<p>Variable réponse :</p> <ul style="list-style-type: none">- Mesures directes de biodiversité : abondance (N) ou richesse spécifique de groupes taxonomiques (RS)- Mesures intégratrices de fonctionnements biologiques : formes d'humus, indices nématofauniques (voir <i>rapport</i>), minéralisation potentielle de l'azote <p>Le suffixe « .g » ou « .p » fait référence à l'échelle spatiale considérée : .g = échelle site (par ex. une RS .g = le nombre d'espèces recensées sur les 5 placeaux du site) .p = échelle placeau (par ex. une RS .p = le nombre d'espèces recensées sur chaque placeau)</p> <p>Les données flore correspondent ici aux espèces de sous-étage, inférieures à 2 m (herbacées, fougères et ligneux bas).</p>
Echantillon	<p>Les échantillons considérés ne sont pas les mêmes en fonction des hypothèses et des relations testées. Par ailleurs, des mêmes relations ont pu être testées dans plusieurs échantillons.</p> <p>ALL = ensemble des sites (56) DOURHETA = sites de Douglas en forêt récente (LER, G1, G2 – 24 sites) et de Hêtre en forêt ancienne (LEA, G1 – 16 sites), 40 sites au total ; DOUR ou HETA peuvent être utilisés indépendamment. DOUM = Douglas géré, G1 et G2 (16 sites)</p>
Significativité	<p>*** = relation positive (quand X augmente, Y augmente également) ou négative (quand X augmente, Y diminue) observée dans 99,9% des cas, ** = dans 99% des cas, * = dans 95% des cas.</p>
Magnitude	<p>En simulant une variation donnée de la variable explicative X (un écart-type ici), la moyenne* de la variable réponse Y peut répondre plus ou moins fortement. La magnitude de cette réponse peut être qualifiée de très forte (++) ou --, forte (+ ou -), faible (0), très faible (00) ou non informative (NI = parfois forte, parfois faible). Ces 5 catégories s'appuient sur des seuils de variation de la moyenne de Y différents en fonction des variables considérées. Par exemple, pour les valeurs de richesse spécifique, si pour une variation d'un écart-type de la variable X, la variation consécutive de la moyenne de la variable Y :</p> <ul style="list-style-type: none">o Varie (augmente ou diminue) de plus de ~ 20%* en nombre d'espèces, dans plus de 95% des cas, la magnitude est qualifiée de très forte -> la variable apparaît en gras dans les tableaux ++ ou --o Varie de plus de ~ 10% en nombre d'espèces, dans plus de 95% des cas, sans être dans la catégorie précédente, la magnitude est qualifiée de forte -> la variable apparaît en roman dans les tableaux + ou -o Varie entre ~ - 10% et ~ +10% en nombre d'espèces, dans plus de 95% des cas, la magnitude est qualifiée de très faible : 00

	<p>-> la variable apparait en <i>italique dans les tableaux (et sans couleur)</i></p> <p>o Varie entre ~ - 20% et ~ + 20% dans plus de 95% des cas, sans être dans les catégories précédentes, la magnitude est qualifiée de faible : 0</p> <p>-> la variable apparait en <i>italique dans les tableaux (et sans couleur)</i></p> <p>o N'est dans aucun des cas précédents, la magnitude est qualifiée de non informative (par ex : le nombre d'espèces augmente de plus de 20% dans 60% des cas et de moins de 10% dans 40% des cas)</p> <p>-> la variable apparait en <i>italique dans les tableaux vert si relation positive, rouge si relation négative</i></p> <p>La logique est la même pour les autres variables (abondances, minéralisation de l'azote, humus index), mais avec des seuils adaptés à leurs particularités. A noter que dans le cadre des extensions de modèles linéaires généralisés mixtes utilisés ici, ça n'est pas directement la moyenne qui est modélisée, mais une fonction de lien de la moyenne : fonctions Log ou Logit en fonction des variables. C'est pourquoi les vraies valeurs seuils utilisées pour les classes de magnitude s'apprécient sur des échelles Log ou Logit qui, traduites en %, donnent lieu à des valeurs décimales et pouvant varier entre les relations positives et négatives (variations marginales pour la RS, mais plus forte pour les autres variables). Par souci de simplification, les valeurs des % indiqués ci-dessus ont été arrondies (d'où des valeurs approximatives), voir Annexe 7 pour plus de détails.</p>
<p>Magnitude moyenne / Multiplicateur</p>	<p>Tel que décrit par le modèle correspondant, pour une variation donnée* de la variable X, la variable Y augmente ou diminue en moyenne de cette valeur (multiplicateur traduit en % pour les modèles de phase 1), l'intervalle de confiance apparaissant entre crochets (95% des valeurs de la distribution augmentent ou diminuent d'une valeur appartenant à cet intervalle).</p> <p>* Cette variation peut correspondre :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Au passage d'une modalité à une autre pour les variables catégorielles, - à l'augmentation d'un écart-type pour les variables numériques. Un tableau des écarts-type pour les variables X est présenté ci-après. <p>Le multiplicateur correspond à la moyenne des variations des valeurs Y calculées par le modèle, centrées-réduites. Ces variations sont obtenues à partir des valeurs Y (calculées par le modèle) :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <u>centrées</u> dans l'échantillon considéré (soustraction de la valeur à la moyenne de l'échantillon), - <u>réduites</u> dans l'échantillon global (division par l'écart-type de l'échantillon global ALL) <p>Dans certains cas (fGmain.g :Douglas ou fGmain.g :Hêtre – effet des surfaces terrières par essence), c'est la moyenne des sites uniquement en Douglas ou en Hêtre qui est considérée au sein de l'échantillon. Les variations de l'essence non considérées sont alors égales à 0.</p>
<p>Covariable</p>	<p>Certaines variables environnementales, lorsque pertinentes pour expliquer une part de la variabilité de certains groupes taxonomiques, ont été ajoutées comme covariables aux modèles. La ou les variables concernées apparaissent alors dans cette colonne. Pour plus de détails sur le processus de sélection des covariables, voir le rapport et l'annexe 7.</p> <p>Abbréviations utilisées dans cette colonne : Hor1 = horizon 1 ; Corg = Carbone organique</p>
<p>Unités</p>	<p>Pour les tableaux de phase 1, l'unité de mesure de la variation de la variable réponse est précisée. A noter :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pour la flore, l'abondance correspond à une notation de recouvrement, exprimé en %. Cependant, dans la mesure où plusieurs strates sont ici prises en compte, avec des superpositions d'espèces (herbacées, arbustes bas) les recouvrements peuvent dépasser 100%. - Nombre d'OTU ou ASV = unités taxonomiques obtenues par metabarcoding.

Écart-types des variables explicatives numériques liées à la gestion

Les écart-type apparaissant dans le tableau ci-dessous sont calculés sur l'ensemble des sites (échantillons ALL – Pour les surfaces terrières par essence, les écart-types sont calculés uniquement au sein des peuplements dominés par l'une ou l'autre des essences).

Variable (code)	Variable (libellé et échelle)	Ecart-type
fGmain.g	Surface terrière de l'essence principale - échelle placette	7,41901996
fGmain.p	Surface terrière de l'essence principale - échelle plateau	8,51524265
fGtot.g	Surface terrière totale – échelle placette	7,22226626
fGtot.p	Surface terrière totale – échelle plateau	8,326448
fGHET.g	Surface terrière de Hêtre – échelle placette	5,78082788
fGHET.p	Surface terrière de Hêtre – échelle plateau	7,35730739
fGDOUG.g	Surface terrière de Douglas- échelle placette	7,00980592
fGDOUG.p	Surface terrière de Douglas – échelle plateau	7,97460346
fG2.g	Surface terrière des essences secondaires (hors Douglas et Hêtre) – échelle placette	1,43180932
fG2.p	Surface terrière des essences secondaires (hors Douglas et Hêtre) – échelle plateau	2,00516486
fHdlt.g	Ancienneté de la dernière éclaircie	3,77070044
fA.g	Ancienneté de la forêt selon la carte d'Etat Major (0 à 1)	0,49412128
fAC.g	Indice de continuité forestière selon la carte d'Etat Major et la photo aérienne 1950-60 (0 à 2)	0,73297118
fH.g	Taux de prélèvement moyen des éclaircies recensées	0,12300132
fHLT.g	Taux de prélèvement de la dernière éclaircie – échelle placette	0,11749751

Covariables retenues (phase 0)

La première phase de modélisation (phase 0) visait à identifier des covariables pouvant jouer sur la biodiversité indépendamment des variables de gestion (voir [rapport](#) et [annexe 7](#) pour les règles de décision des covariables). Les relations étant ressorties significatives et potentiellement retenues comme covariables dans les modèles de la phase 1 apparaissent ci-dessous.

Variable Y	Variable X	Echantillon	Significativité	Magni-tude	Multiplieur 1 ^{er} X	Multiplieur 2 ^{ème} X	Version*
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	<i>Indice de maturité (arbres)</i>	LE	*	NI	1.7566 [1.1088; 2.7944]		v1
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	<i>Argile hor1 (g)</i>	All	**	+	1.3865 [1.1088; 1.7402]		v0
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	<i>Argile hor1 (g)</i>	All	**	+	1.3865 [1.1088; 1.7402]		v1
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	<i>Argile hor1 (g)</i>	LE	*	NI	1.546 [1.0409; 2.5045]		v1
Flore vasculaire forestière (N) .p	<i>Corg hor1 (g)</i>	All	**	+	1.7184 [1.3033; 2.268]		v1
Flore vasculaire forestière (N) .p	<i>Pente & Expo (g)</i>	LE	*	NI	1.4989 [1.0374; 2.152]		v1
Flore vasculaire forestière (RS) .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	All	*	NI	0.8409 [0.722; 0.9742]		v0
Flore vasculaire forestière (RS) .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	All	*	NI	0.8409 [0.722; 0.9742]		v1
Flore vasculaire total (N) .p	<i>Expo (g)</i>	All	*	NI	1.3928 [1.0598; 1.811]		v1
Flore vasculaire total (N) .p	<i>Expo (g)</i>	LE	*	NI	1.336 [1.0083; 1.7993]		v1
Flore vasculaire total (RS) .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	All	*	NI	0.8147 [0.6815; 0.966]		v0
Flore vasculaire total (RS) .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	All	*	NI	0.8147 [0.6815; 0.966]		v1
Bryophytes forestières (RS) .g	<i>Corg hor1 (g)</i>	All	*	NI	1.2187 [1.0437; 1.4208]		v0
Bryophytes forestières (RS) .g	<i>Expo (g)</i>	LE	*	NI	1.2315 [1.0123; 1.5246]		v1
Bryophytes total (N) .p	<i>Corg hor1 (g)</i>	All	*	NI	1.3531 [1.0244; 1.7918]		v1
Bryophytes xerophiles (RS) .g	<i>Couvert flore herbacée (g)</i>	All	**	-	0.6697 [0.4656; 0.9028]		v1
Macrofaune chilopodes (SR) .p	<i>Argile hor1 (g)</i>	All	*	0	1.0813 [1.0175; 1.161]		v1
Macrofaune phytophages (RS) .g	<i>Couvert bryophytes (g)</i>	All	*	NI	1.2176 [1.0012; 1.4847]		v0
Macrofaune phytophages (RS) .g	<i>Expo (g)</i>	All	*	00	1.0525 [1.003; 1.1068]		v1
Macrofaune phytophages (RS) .g	<i>Pente & Expo (g)</i>	LE	*	0	1.0907 [1.0136; 1.172]		v1
Macrofaune prédateurs (N) .p	<i>Topo & Pente (g)</i>	All	*, ns	NI, 0	1.1351 [1.0056; 1.2769]	1.0121 [0.9001; 1.1476]	v1
Macrofaune prédateurs (N) .p	<i>Topo & Pente (g)</i>	All	*, ns	NI, 0	1.1351 [1.0056; 1.2769]	1.0121 [0.9001; 1.1476]	v0
Macrofaune total (N) .p	<i>Couvert bryophytes (g)</i>	All	*	NI	0.8844 [0.7803; 0.9901]		v0
Macrofaune total (N) .p	<i>C/N hor1 (g)</i>	LE	*	NI	0.8689 [0.7655; 0.9861]		v1
Macrofaune total (N) .p	<i>Couvert bryophytes (g)</i>	All	*	NI	0.8844 [0.7803; 0.9901]		v1

FauneADN, horizon sol (RS) .g	<i>Couvert flore ligneuse (g)</i>	All	***	NI	1.1839 [1.0708; 1.3075]		v0
FauneADN, horizon sol (RS) .g	<i>Couvert flore ligneuse (g)</i>	All	***	NI	1.1839 [1.0708; 1.3075]		v1
Indice de structure (nématodes) .g	<i>Topo convexe (g)</i>	All	*	00	0.7935 [0.6451; 0.9706]		v0
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	<i>Pente (g)</i>	All	**	0	1.1054 [1.0284; 1.1886]		v0
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	-	0.8386 [0.7654; 0.9175]		v0
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	-	0.8386 [0.7654; 0.9175]		v1
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	LE	*	NI	0.8281 [0.724; 0.9493]		v1
FongeADN pathotrophes, horizons O (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	-	0.8277 [0.7424; 0.9114]		v0
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	NI	0.8574 [0.7945; 0.9278]		v0
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	NI	0.8574 [0.7945; 0.9278]		v1
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	LE	*	NI	0.8531 [0.7556; 0.9591]		v1
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	0	0.915 [0.8569; 0.9721]		v0
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	<i>S/T horizon 2</i>	LE	*	0	1.0966 [1.0118; 1.1813]		v1
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	<i>Altitude (g)</i>	All	**	0	0.915 [0.8569; 0.9721]		v1
FongeADN total, horizons O (RS) .g	<i>Argile hor1 (g)</i>	All	*	0	0.9173 [0.8493; 0.9974]		v1
Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g	<i>Corg hor1 (g)</i>	All	*	NI	1.2257 [1.0513; 1.4162]		v1
Taux de nitrification (/jour), horizon sol .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	All	*	NI	0.7913 [0.6402; 0.942]		v1
Taux de nitrification (/jour), horizon sol .g	<i>C/N hor1 (g)</i>	LE	**	-	0.6663 [0.4709; 0.9105]		v1

* Version : deux versions de règles de décision ont été utilisées pour sélectionner la meilleure covariable, les résultats de ces 2 versions apparaissent – voir l'annexe 7 pour plus de détails.

Résultat des modèles pour les hypothèses principales (Phase 1)

Hypothèse GB1 : les communautés des sols sont influencées par le régime d'éclaircie.

Effet des régimes d'éclaircies Douglas										
Variable explicative : fM7.g (modalités de gestion G2, G1, LER, LEA par essence)										
Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque l'on passe d'une modalité à une autre ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
GB1, effet éclaircies (fM7) : Douglas, passage de G1 vers G2										
Les résultats en rouge (négatifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G1 par rapport à G2.										
Nématodes libres (N) .g	DOURHETA	*	--	Non	-50%	[-71% ; -12%]	587,5	95	2296	Nombre d'individus
Nématodes libres (N) .g	All	**	--	Non	-49%	[-70% ; -16%]	543,5	95	2296	Nombre d'individus
Nématodes total (N) .g	All	*	-	Non	-43%	[-66% ; -4%]	1103,7	284	3012	Nombre d'individus
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	DOURHETA	*	-	Non	-26%	[-42% ; -6%]	79,0	46	137	Nombre d'OTU*
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	*	NI	Pente (g)	-23%	[-40% ; -3%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*
GB1, effet éclaircies (fM7) : Douglas, passage de LER vers G1										
Les résultats en vert (positifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G1 par rapport à LER.										
Bryophytes de forêts ancienne (RS) .g	DOURHETA	*	+	Non	119%	[4% ; 362%]	3,1	0	9	Nombre d'espèces
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	All	*	NI	Non	34%	[3% ; 74%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	*	NI	Pente (g)	24%	[0% ; 56%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*
GB1, effet éclaircies (fM7) : Douglas, passage de LEA vers G1										
Les résultats en vert (positifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G1 par rapport à LEA										
Flore vasculaire total (RS) .g	All	*	++	C/N hor1 (g)	85%	[13% ; 198%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (N) .p	All	*	+	Non	254%	[21% ; 948%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
Flore vasculaire forestière (RS) .g	All	*	+	Non	72%	[7% ; 169%]	5,6	1	13	Nombre d'espèces

Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	*	+	Argile hor1 (g)	137%	[-1% ; 487%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire héliophile (RS) .g	All	*	+	Non	84%	[14% ; 200%]	6,8	0	14	Nombre d'espèces
Nématodes libres (N) .g	All	*	+	Non	81%	[7% ; 196%]	543,5	95	2296	Nombre d'individus
GB1, effet éclaircies (fM7) : Douglas, passage de LER vers G2										
Les résultats en vert (positifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G2 par rapport à LER										
Flore vasculaire total (N) .p	DOURHETA	**	++	Non	369%	[61% ; 1360%]	29,4	0	162	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (N) .p	All	**	++	Non	388%	[82% ; 1203%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (RS) .g	DOURHETA	*	++	Non	92%	[17% ; 230%]	21,6	5	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (RS) .g	All	**	++	Non	93%	[25% ; 211%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	DOURHETA	*	+	Non	400%	[4% ; 2443%]	2,5	0	64	% (recouvrement*)
GB1, effet éclaircies (fM7) : Douglas, passage de Douglas LEA vers G2										
Les résultats en vert (positifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G2 par rapport à LEA, en rouge favorisé.s par LEA										
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	All	**	++	Non	1079%	[118% ; 6750%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (N) .p	All	***	++	Non	738%	[177% ; 2395%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (RS) .g	All	**	++	Non	135%	[39% ; 296%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	*	+	Non	146%	[-2% ; 525%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire héliophile (RS) .g	All	*	+	Non	72%	[7% ; 183%]	6,8	0	14	Nombre d'espèces
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	**	-	Non	-27%	[-43% ; -7%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*

Effet des régimes d'éclaircies

Hêtre

Variable explicative : **fm7.g** (modalités de gestion G2, G1, LER, LEA par essence)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque l'on passe d'une modalité à une autre ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
GB1, effet éclaircies : Hêtre, passage de LER vers G1										
Les résultats en vert (positifs) indiquent le.s groupe.s favorisé.s en G1 par rapport à LER.										
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	All	**	++	Non	1791%	[200% ; 15890%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	*	++	Non	352%	[35% ; 1617%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (RS) .g	All	**	++	Non	117%	[24% ; 278%]	5,6	1	13	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (RS) .g	All	*	++	C/N hor1 (g)	93%	[15% ; 233%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire héliophile (RS) .g	All	**	++	Non	105%	[17% ; 278%]	6,8	0	14	Nombre d'espèces
GB1, effet éclaircies : Hêtre, passage de LEA vers G1										
Aucun résultat significatif										

Effet des taux de prélèvements

Douglas

Variables explicatives : **fH.g** (taux de prélèvement moyen, sur l'ensemble des éclaircies recensées) et **fHLT.g** (taux de prélèvement de la dernière éclaircie)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque le taux de prélèvement augmente de 12% (un écart-type) ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
GB1, effet éclaircies : fH.g (% de prélèvement moyen)										
<i>Résultats en vert (positifs): plus l'intensité d'éclaircie moyenne est forte, plus le groupe est favorisé. En rouge, plus l'intensité est forte, plus le groupe est défavorisé.</i>										
Nématodes libres (N) .g	DOUM	**	--	Non	-42%	[-57% ; -22%]	546,4	95	1130	Nombre d'individus
Nématodes total (N) .g	DOUM	**	-	Non	-32%	[-49% ; -12%]	866,7	284	1673	Nombre d'individus
<i>FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g</i>	DOUM	*	NI	Non	<i>-21%</i>	<i>[-35% ; -3%]</i>	69,8	46	118	Nombre d'OTU*
<i>FongeADN mycorhiziens, horizons O (RS) .g</i>	DOUM	*	NI	Non	<i>-21%</i>	<i>[-37% ; -2%]</i>	49,8	30	91	Nombre d'OTU*
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	DOUR	*	NI	Non	69%	[6% ; 179%]	2,0	0	39	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (N) .p	DOUR	*	NI	Non	61%	[1% ; 156%]	27,2	0	133	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (RS) .g	DOUR	*	NI	Non	22%	[1% ; 50%]	25,8	6	55	Nombre d'espèces
GB1, effet éclaircies : fHLT.g (% de la dernière éclaircie)										
<i>Résultats en vert (positifs): plus la dernière éclaircie est légère, plus le groupe est favorisé. En rouge, plus l'intensité est forte, plus le groupe est défavorisé.</i>										
Nématodes libres (N) .g	DOUM	**	--	Non	-46%	[-62% ; -23%]	546,4	95	1130	Nombre d'individus
Nématodes total (N) .g	DOUM	**	--	Non	-38%	[-56% ; -15%]	866,7	284	1673	Nombre d'individus
<i>FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g</i>	DOUM	*	NI	Non	<i>-18%</i>	<i>[-33% ; -1%]</i>	69,8	46	118	Nombre d'OTU*
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	DOUR	*	NI	Non	72%	[6% ; 186%]	2,0	0	39	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (N) .p	DOUR	*	NI	Expo (g)	56%	[-1% ; 149%]	27,2	0	133	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (RS) .g	DOUR	*	NI	Non	25%	[3% ; 52%]	25,8	6	55	Nombre d'espèces
Taux de nitrification (/jour), horizon sol .g	DOUM	*	0	Non	25%	[0% ; 57%]	1,7	1	3	%

Effet de la surface terrière Douglas

X	Y	Echantillon	Si- gni- fica- ti- vité	Ma- gni- tude	Covariabile ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque G augmente d'un écart-type (7 à 8 m ² /ha) ?						
						Lors- que G aug- mente de :	La biodi- versité di- minue en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs va- rient entre ces bornes)	La moyenne de l'échan- tillon étant de :	Min	Max	Unité
Effet de la surface terrière du Douglas												
<i>(fGDOUG = G de Douglas sur tous les sites : Hêtre et Douglas - fGmain = G de l'essence principale, sur les sites Douglas uniquement. A noter que les modèles faisant intervenir fGDOUG intègrent aussi, à minima, les variables fGHET et dans certains modèles également fG2, néanmoins les paramètres présentés ici concernent bien uniquement la contribution de fGDOUG sur les variations de biodiversité)</i>												
fGDOUG.g	<i>Flore vasculaire forestière (N) .p</i>	All	**	NI	Corg hor1 (g)	7,0	-32%	[-46% ; -14%]	10,5	0	89	% (recouvrement*)
fGDOUG.g	<i>Flore vasculaire forestière (N) .p</i>	LE	*	NI	Non	7,0	-26%	[-46% ; -1%]	9,6	0	89	% (recouvrement*)
fGDOUG.g	<i>Flore vasculaire total (N) .p</i>	All	**	NI	Non	7,0	-37%	[-54% ; -11%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
fGDOUG.g	<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p</i>	All	*	NI	Non	7,0	-44%	[-66% ; -12%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
fGmain.g	<i>FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	7,4	-18%	[-30% ; -4%]	16,5	5	29	Nombre d'OTU*
fGmain.g	<i>FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	7,4	-14%	[-25% ; 0%]	122,7	46	185	Nombre d'OTU*
fGmain.g	<i>FongeADN total, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	**	NI	Non	7,4	-13%	[-21% ; -2%]	579,2	305	895	Nombre d'OTU*
fGDOUG.g	<i>Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g</i>	All	*	0	Corg hor1 (g)	7,0	-12%	[-22% ; 0%]	2,2	1	6	%
fGDOUG.g	<i>FauneADN, horizons O (RS) .g</i>	All	*	0		7,0	-10%	[-19% ; 0%]	29,4	6	58	Nombre d'ASV*
fGDOUG.g	<i>FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g</i>	All	*	0	Pente (g)	7,0	-7%	[-13% ; -1%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*
fGDOUG.p	<i>Flore vasculaire forestière (N) .p</i>	LE	**	0		8,0	-26%	[-40% ; -11%]	9,6	0	89	% (recouvrement*)
fGDOUG.p	<i>Flore vasculaire total (N) .p</i>	LE	**	0		8,0	-21%	[-34% ; -6%]	14,6	0	129	% (recouvrement*)
fGDOUG.p	<i>Flore vasculaire forestière (N) .p</i>	All	**	0	Corg hor1 (g)	8,0	-24%	[-35% ; -11%]	10,5	0	89	% (recouvrement*)
fGDOUG.p	<i>Flore vasculaire total (N) .p</i>	All	**	0		8,0	-21%	[-33% ; -9%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
fGmain.g	<i>Taux de nitrification (/jour), horizon sol .g</i>	DOURHETA	*	0	sCNhor1.g	7,4	-23%	[-40% ; 0%]	1,6	0	3	%

Effet de la surface terrière <u>totale</u> des sites en Douglas												
fGtot.g	<i>Macrofaune phytophages (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	7,2	-18%	[-30% ; -4%]	0,9	0	2	Nombre de taxons*
fGtot.p	<i>Macrofaune phytophages (N) .p</i>	DOURHETA	*	NI	Non	8,3	-11%	[-20% ; -1%]	0,4	0	10	Nombre d'individus
fGtot.g	<i>FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	7,2	-37%	[-62% ; -1%]	16,5	5	29	Nombre d'OTU*
fGtot.g	<i>FongeADN total, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	7,2	-47%	[-74% ; -1%]	579,2	305	895	Nombre d'OTU*

Effet de la surface terrière Hêtre

X	Y	Echantillon	Si- gni- fi- ca- ti- vité	Ma- gni- tude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque G augmente d'un écart-type (5 à 8,5m ² /ha) ?					
						Lors- que G aug- mente de :	La biodi- versité di- minue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs va- rient entre ces bornes)	La moyenne de l'échan- tillon étant de :	Min	Max

Effet de la surface terrière du Hêtre

(fGHet = G de Hêtre sur tous les sites : Hêtre et Douglas - fGmain = G de l'essence principale, sur les sites Hêtre uniquement. A noter que les modèles faisant intervenir fGHET intègrent aussi les variables fGDOUG et fG2, néanmoins les paramètres présentés ici concernent bien uniquement la contribution de fGHET sur les variations de biodiversité)

fGmain.p	<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p</i>	DOURHETA	**	-		8,5	-63%	[-80% ; -34%]	2,5	0	64	% (recouvrement*)
fGHet.g	<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p</i>	All	**	-		5,8	-53%	[-72% ; -24%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
fGHet.p	<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p</i>	All	**	-		7,4	-46%	[-63% ; -20%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
fGHet.g	<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g</i>	All	**	-		5,8	-27%	[-43% ; -7%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces
fGHet.g	<i>Flore vasculaire total (RS) .g</i>	All	**	-	C/N hor1 (g)	5,8	-21%	[-32% ; -9%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
fGmain.g	<i>Flore vasculaire total (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	C/N hor1 (g)	7,4	-27%	[-48% ; 1%]	21,6	5	55	Nombre d'espèces
fGmain.p	<i>Flore vasculaire total (N) .p</i>	DOURHETA	*	NI	Expo (g)	8,5	-25%	[-42% ; -3%]	29,4	0	162	% (recouvrement*)
fGHet.g	<i>Flore vasculaire forestière (RS) .g</i>	All	*	NI	C/N hor1 (g)	5,8	-13%	[-25% ; 0%]	5,9	2	13	Nombre d'espèces

fGHet.g	Macrofaune détrivores (N) .p	LE	**	+		5,8	31%	[7% ; 60%]	7,1	0	30	Nombre d'individus
fGHet.g	Macrofaune détrivores (N) .p	All	*	NI		5,8	21%	[0% ; 46%]	7,0	1	25	Nombre d'individus
fGHet.g	Nématodes total (N) .g	LE	*	NI		5,8	21%	[1% ; 43%]	1418,5	508	2	Nombre d'individus
fGmain.g	FauneADN, horizon sol (RS) .g	DOURHETA	*	NI		7,4	27%	[1% ; 57%]	17,9	8	46	Nombre d'ASV*
fGHet.g	FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	All	*	0	Non	5,8	-8%	[-15 ; 0%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
fGHet.p	Humus index .p	All	*	0	Non	7,4	12%	[0 ; 26%]	5,3	1	8	Echelle de 1 à 8
fGHet.p	Flore vasculaire total (N) .p	All	*	0	Expo (g)	7,4	-15%	[-27 ; -1%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
fGmain.p	Humus index .p	DOURHETA	*	0	Non	8,5	23%	[2 ; 49%]	5,4	2	8	Echelle de 1 à 8

Effet de la surface terrière totale des sites en Hêtre

fGtot.g	Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	DOURHETA	*	-		7,2	-71%	[-90 ; -14%]	3,4	0	64	% (recouvrement*)
fGtot.g	Flore vasculaire total (RS) .g	DOURHETA	*	NI	Oui	7,2	-30%	[-50 ; -2%]	15,1	5	35	Nombre d'espèces
fGtot.p	Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	DOURHETA	**	--		8,3	-67%	[-83 ; -43%]	3,4	0	64	% (recouvrement*)
fGtot.p	Flore vasculaire total (N) .p	DOURHETA	*	NI	Expo (g)	8,3	-26%	[-42 ; -4%]	32,6	1	162	% (recouvrement*)
fGtot.p	Humus index .p	DOURHETA	*	0	Non	8,3	21%	[0 ; 46%]	5,4	2	8	Echelle de 1 à 8

Hypothèse GB2 : les communautés des sols sont influencées par l'essence dominante

Comparaison de sites en Douglas et en Hêtre (contextes ancienneté et gestion équivalents)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque l'on passe du Hêtre au Douglas ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
Comparaison de la biodiversité des sites en Hêtre et en Douglas, modalité LEA uniquement (libre évolution forêt ancienne)										
<i>Résultats en vert (positifs) : le groupe est favorisé sous Douglas par rapport au Hêtre. En rouge (négatifs) : le groupe est favorisé sous Hêtre par rapport au Douglas</i>										
FongeADN pathotrophes, horizons O (RS) .g	All	**	++	Non	73%	[23% ; 147%]	31,8	7	62	Nombre d'OTU*
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	All	**	+	Non	59%	[14% ; 124%]	16,1	5	29	Nombre d'OTU*
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	All	**	+	Non	49%	[15% ; 93%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	All	*	NI	Non	31%	[5% ; 63%]	582,2	305	971	Nombre d'OTU*
Nématodes total (N) .g	All	*	--	Non	-45%	[-65% ; -14%]	1103,7	284	3012	Nombre d'individus
Flore vasculaire forestière (N) .p	All	**	--	Corg hor1 (g)	-88%	[-96% ; -69%]	10,5	0	89	% (recouvrement*)
Flore vasculaire total (N) .p	All	**	--	Non	-81%	[-94% ; -46%]	23,9	0	162	% (recouvrement*)
FauneADN, horizon sol (RS) .g	All	*	-	Non	-39%	[-61% ; -6%]	14,4	5	46	Nombre d'ASV*
<i>Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g</i>	All	*	NI	Non	-40%	[-63% ; -2%]	2,2	1	6	%
<i>Macrofaune total (N) .p</i>	All	*	NI	Non	-31%	[-53% ; -1%]	17,1	0	60	Nombre d'individus
<i>Nématodes libres (N) .g</i>	All	*	NI	Non	-38%	[-62% ; 1%]	543,5	95	2296	Nombre d'individus
Comparaison de la biodiversité des sites en Hêtre et en Douglas, modalité LER uniquement (libre évolution forêt récente)										
<i>Résultats en vert (positifs) : le groupe est favorisé sous Douglas par rapport au Hêtre. En rouge (négatifs) : le groupe est favorisé sous Hêtre par rapport au Douglas</i>										
Flore vasculaire forestière (RS) .g	All	*	++	C/N hor1 (g)	98%	[17% ; 234%]	5,6	1	13	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (RS) .g	All	*	++	Non	99%	[19% ; 250%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire héliophile (RS) .g	All	*	++	Non	101%	[21% ; 250%]	6,8	0	14	Nombre d'espèces
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	All	*	++	Non	766%	[35% ; 6574%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	*	+	Non	229%	[4% ; 1217%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces

Flore vasculaire forestière (N) .p	All	**	--	Non	-73%	[-89% ; -35%]	10,5	0	89	% (recouvrement*)
FauneADN, horizons O (RS) .g	All	*	-	Non	-36%	[-58% ; -5%]	29,4	6	58	Nombre d'ASV*
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	**	-	Non	-32%	[-45% ; -15%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*
<i>Nématodes total (N) .g</i>	All	*	NI	Non	-36%	[-59% ; 1%]	1103,7	284	3012	Nombre d'individus
<i>Macrofaune prédateurs (N) .p</i>	All	*	NI	Topo /Pente (g)	-34%	[-57% ; 0%]	10,0	0	48	Nombre d'individus

Comparaison de l'effet essence sur l'ensemble des sites (variabilité de contextes et gestions)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque l'on passe du Hêtre au Douglas ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
Effet de l'essence prédominante, échelle site (ft.g)										
<i>Résultats en vert (positifs): le groupe est favorisé sous Douglas par rapport au Hêtre. En rouge (négatifs) : le groupe est favorisé sous Hêtre par rapport au Douglas</i>										
FongeADN pathotrophes, horizons O (RS) .g	All	**	++	Non	53%	[26 ; 84%]	31,8	7	62	Nombre d'OTU*
Flore vasculaire total (RS) .g	DOURHETA	**	++	Non	65%	[17 ; 139%]	21,6	5	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (RS) .g	All	**	++	Non	70%	[22 ; 141%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	All	**	+	Non	28%	[10 ; 49%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	DOURHETA	**	+	Non	31%	[8 ; 64%]	111,6	46	185	Nombre d'OTU*
FongeADN pathotrophes, horizons O (RS) .g	LE	**	+	Non	48%	[17 ; 90%]	30,4	7	62	Nombre d'OTU*
FongeADN pathotrophes, horizons O (RS) .g	DOURHETA	**	+	Non	49%	[15 ; 93%]	31,2	7	55	Nombre d'OTU*
Bryophytes total (N) .p	DOURHETA	*	+	Corg hor1 (g)	201%	[19 ; 653%]	5,1	0	40	% (recouvrement*)
<i>Nématodes libres (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	Non	16%	[2 ; 33%]	17,4	9	23	Nombre de taxons*
<i>Nématodes libres (RS) .g</i>	All	**	NI	Non	18%	[5 ; 33%]	16,8	8	26	Nombre de taxons*
<i>FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	All	*	NI	Non	26%	[4 ; 52%]	16,1	5	29	Nombre d'OTU*
<i>FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	LE	*	NI	Non	27%	[1 ; 56%]	112,7	46	189	Nombre d'OTU*
<i>Flore vasculaire total (RS) .g</i>	LE	*	NI	Non	45%	[4 ; 107%]	13,1	4	45	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (N) .p	LE	***	--	Pente / Expo (g)	-81%	[-90 ; -62%]	9,6	0	89	% (recouvrement*)
Flore vasculaire forestière (N) .p	All	**	--	Non	-81%	[-89 ; -67%]	10,5	0	89	% (recouvrement*)

Flore vasculaire forestière (N) .p	DOURHETA	***	--	Non	-81%	[-90 ; -63%]	11,6	0	89	% (recouvrement*)
Nématodes total (N) .g	LE	**	--	Non	-43%	[-61 ; -14%]	1202,4	324	3012	Nombre d'individus
Nématodes total (N) .g	DOURHETA	**	--	Non	-40%	[-57 ; -18%]	1090,8	284	3012	Nombre d'individus
Nématodes total (N) .g	All	**	--	Non	-37%	[-52 ; -17%]	1103,7	284	3012	Nombre d'individus
Macrofaune prédateurs (N) .p	DOURHETA	**	--	Non	-33%	[-47 ; -15%]	9,6	0	48	Nombre d'individus
Flore vasculaire total (N) .p	LE	**	-	Expo (g)	-61%	[-80 ; -23%]	14,6	0	129	% (recouvrement*)
FauneADN, horizons O (RS) .g	LE	**	-	Non	-31%	[-50 ; -8%]	28,7	6	58	Nombre d'ASV*
Macrofaune total (N) .p	LE	**	-	Non	-31%	[-48 ; -10%]	18,3	0	60	Nombre d'individus
Macrofaune prédateurs (N) .p	All	**	-	Non	-31%	[-45 ; -15%]	10,0	0	48	Nombre d'individus
Macrofaune prédateurs (N) .p	LE	*	-	Non	-30%	[-47 ; -8%]	10,4	0	44	Nombre d'individus
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	DOURHETA	**	-	Pente (g)	-27%	[-38 ; -15%]	79,0	46	137	Nombre d'OTU*
Macrofaune total (N) .p	DOURHETA	**	-	Non	-27%	[-41 ; -11%]	16,4	0	57	Nombre d'individus
Macrofaune total (N) .p	All	**	-	Non	-27%	[-40 ; -11%]	17,1	0	60	Nombre d'individus
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	**	-	Non	-26%	[-37 ; -15%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*
FauneADN, horizons O (RS) .g	All	**	-	Non	-26%	[-40 ; -8%]	29,4	6	58	Nombre d'ASV*
<i>Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g</i>	DOURHETA	**	NI	Non	-38%	[-54 ; -16%]	2,3	1	6	%
<i>Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g</i>	All	**	NI	Non	-36%	[-52 ; -16%]	2,2	1	6	%
<i>Taux de minéralisation de l'azote (/jour), horizon sol .g</i>	LE	**	NI	Non	-35%	[-54 ; -11%]	2,0	1	5	%
<i>FongeADN mycorhiziens, horizons O (RS) .g</i>	LE	*	NI	Non	-26%	[-47 ; -1%]	51,5	15	91	Nombre d'OTU*
<i>FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g</i>	LE	**	NI	Non	-24%	[-38 ; -7%]	85,9	51	125	Nombre d'OTU*
<i>FauneADN, horizon sol (RS) .g</i>	DOURHETA	*	NI	N flore li- gneuse (g)	-21%	[-37 ; -2%]	15,3	5	46	Nombre d'ASV*
<i>Macrofaune détrivores (RS) .g</i>	All	*	NI	Non	-16%	[-30 ; 0%]	6,6	3	11	Nombre de taxons*

Hypothèse GB3 : les communautés des sols sont influencées par les essences secondaires

GB3 : Effet des essences secondaires

Variables explicatives : **fG2.g** (surface terrière des essences secondaires : autres que Douglas ou Hêtre, échelle site) et **fG2.p** (idem, échelle plateau)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque G augmente d'un écart type : 1,4 m ² /ha pour fG2.g (échelle site) et 2m ² /ha pour fG2.p (échelle plateau)					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
Effet de la surface terrière des essences secondaires, échelle site (fG2.g)										
<i>Résultats en vert (positifs): plus la surface terrière est forte, plus le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), plus le groupe est défavorisé.</i>										
Macrofaune détritviores (N) .p	LE	**	+	Non	38%	[15% ; 69%]	7,1	0	30	Nombre d'individus
Macrofaune détritviores (N) .p	All	*	NI	Non	27%	[5% ; 55%]	6,4	0	30	Nombre d'individus
FauneADN, horizons O (RS) .g	LE	**	NI	Non	20%	[6% ; 37%]	28,7	6	58	Nombre d'ASV*
Macrofaune total (N) .p	LE	**	NI	N bryo (g)	20%	[7% ; 34%]	18,3	0	60	Nombre d'individus
Macrofaune total (N) .p	All	**	NI	Non	18%	[8% ; 30%]	17,1	0	60	Nombre d'individus
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	LE	**	NI	Non	16%	[4% ; 30%]	112,7	46	189	Nombre d'OTU*
FauneADN, horizons O (RS) .g	All	*	NI	Non	13%	[2% ; 25%]	29,4	6	58	Nombre d'ASV*
Macrofaune prédateurs (N) .p	All	*	NI	Topo et Pente	13%	[0% ; 27%]	10,0	0	48	Nombre d'individus
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	LE	**	--	Non	-76%	[-91% ; -47%]	1,4	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	All	**	--	Non	-70%	[-83% ; -49%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	LE	**	--	Non	-57%	[-76% ; -29%]	1,9	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	**	--	Corg hor1 (g)	-47%	[-63% ; -29%]	2,6	0	8	
Flore vasculaire total (RS) .g	All	**	NI	C/N hor1 (g)	-18%	[-29% ; -6%]	18,4	4	55	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (RS) .g	All	**	NI	C/N hor1 (g)	-17%	[-28% ; -6%]	5,6	1	13	Nombre d'espèces
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	LE	*	0	Non	12%	[2% ; 24%]	582,1	305	971	Nombre d'OTU*
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	All	**	0	Pente (g)	11%	[4% ; 19%]	82,5	46	137	Nombre d'OTU*

<i>FongeADN saprotrophes, horizons O (RS) .g</i>	All	*	0	Non	10%	[0% ; 21%]	134,9	46	225	Nombre d'OTU*
<i>Macrofaune détrivtores (RS) .g</i>	All	*	0	Non	9%	[0% ; 20%]	6,6	3	11	Nombre de taxons*
<i>FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g</i>	LE	*	0	Non	9%	[0% ; 19%]	85,9	51	125	Nombre d'OTU*
<i>FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g</i>	All	*	0	Non	9%	[1% ; 17%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
<i>FongeADN total, horizon sol (RS) .g</i>	All	**	0	Non	9%	[2% ; 16%]	582,2	305	971	Nombre d'OTU*
Effet de la surface terrière des essences secondaires, échelle plateau (fG2.p)										
<i>Résultats en rouge (négatifs): plus la surface terrière est forte, plus le groupe est défavorisé.</i>										
<i>Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p</i>	All	**	-	Non	-46%	[-64% ; -23%]	1,9	0	64	%(recouvrement*)
<i>Flore vasculaire total (N) .p</i>	All	*	0	Non	-12%	[-22% ; -2%]	23,9	0	162	%(recouvrement*)

Hypothèse GB4 : les communautés des sols sont influencées par l'ancienneté de l'état boisé

Effet de l'ancienneté de l'état boisé

Comparaison de sites en Douglas et en Hêtre, forêts anciennes et récentes (LEA LER)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque l'on passe de forêt ancienne à forêt récente ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
Comparaison de la biodiversité des sites LEA (forêt ancienne) et LER (forêt récente) en Douglas										
<i>Résultats en vert (positifs): le groupe est favorisé en forêt récente (LER) par rapport à la forêt ancienne (LEA). En rouge (négatifs) : le groupe est favorisé en forêt ancienne (LEA).</i>										
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	All	*	-	Non	-34%	[-52% ; -6%]	16,1	5	29	Nombre d'OTU*
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	All	**	-	Non	-30%	[-44% ; -11%]	582,2	305	971	Nombre d'OTU*
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	All	*	NI	Non	-26%	[-42% ; -3%]	114,9	46	189	Nombre d'OTU*
Comparaison de la biodiversité des sites LEA (forêt ancienne) et LER (forêt récente) en Hêtre										
<i>Résultats en vert (positifs): le groupe est favorisé en forêt récente (LER) par rapport à la forêt ancienne (LEA). En rouge (négatifs) : le groupe est favorisé en forêt ancienne (LEA).</i>										
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	All	**	--	Non	-92%	[-99% ; -44%]	1,9	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	All	**	--	Non	-79%	[-95% ; -37%]	2,6	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (RS) .g	All	**	--	Non	-53%	[-71% ; -22%]	5,6	1	13	Nombre d'espèces
Flore vasculaire héliophile (RS) .g	All	**	--	Non	-49%	[-70% ; -14%]	6,8	0	14	Nombre d'espèces

Comparaison de l'effet de variables liées à l'ancienneté

fAC = indice de continuité correspondant à la somme du taux de boisement sur la carte d'Etat Major (presque systématiquement égal à 0 ou 1, absence ou présence de forêt) et du taux de boisement sur la photo aérienne. Il peut varier de 0 à 2.

fA = ancienneté de l'état boisé selon la carte d'Etat Major uniquement. Presque systématiquement égal à 0 ou 1 (forêt absente ou présente sur la carte d'Etat-Major – quelques rares cas ambigus dans lesquels valeur de 0.5)

Variable expliquée Y	Echantillon	Significativité	Magnitude	Covariable ?	Quelle est la magnitude moyenne de la variation, lorsque fAC augmente de 0,7 ou fA augmente de 0,5 (indices de continuité) ?					
					La biodiversité diminue ou augmente en moyenne de :	Intervalle de confiance (95% des valeurs varient entre ces bornes)	La moyenne de l'échantillon étant de :	Min	Max	Unité
Effet de l'indice de continuité (Etat-major + photo aériennes), échelle site (fAC.g) - Douglas										
<i>Résultats en vert (positifs): plus l'indice de continuité est élevé, plus le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), plus le groupe est défavorisé.</i>										
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	LE	**	+	Non	34%	[9% ; 69%]	15,7	5	29	Nombre d'OTU*
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	LE	**	+	Altitude (g)	26%	[11% ; 43%]	582,1	305	971	Nombre d'OTU*
FongeADN saprotrophes, horizon sol (RS) .g	LE	**	NI	Non	25%	[5% ; 51%]	112,7	46	189	Nombre d'OTU*
FongeADN mycorhiziens, horizon sol (RS) .g	LE	*	NI	Non	17%	[2% ; 35%]	85,9	51	125	Nombre d'OTU*
Effet de l'ancienneté de l'état boisé (basé uniquement sur la carte d'Etat major), échelle site (fA.g) - Douglas										
<i>Résultats en vert (positifs): en situation de forêt ancienne, le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), il est est défavorisé.</i>										
FongeADN pathotrophes, horizon sol (RS) .g	LE	*	NI	Non	19%	[0% ; 45%]	15,7	5	29	Nombre d'OTU*
FongeADN total, horizon sol (RS) .g	LE	**	NI	Altitude (g)	19%	[5% ; 34%]	582,1	305	971	Nombre d'OTU*
Effet de l'indice de continuité (état major + photo aériennes), échelle site (fAC.g) - Hêtre										
<i>Résultats en vert (positifs): plus l'indice de continuité est élevé, plus le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), plus le groupe est défavorisé.</i>										
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	LE	*	++	Non	330%	[31% ; 1500%]	1,4	0	64	% (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	LE	**	++	Non	163%	[31% ; 512%]	1,9	0	8	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (RS) .g	LE	**	+	Non	54%	[15% ; 108%]	4,8	2	11	Nombre d'espèces
Flore vasculaire total (RS) .g	LE	*	NI	Non	35%	[3% ; 79%]	13,1	4	45	Nombre d'espèces

Effet de l'ancienneté de l'état boisé (basé uniquement sur la carte d'Etat major), échelle site (fA.g) - Hêtre

Résultats en vert (positifs): en situation de forêt ancienne, le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), il est est défavorisé.

Flore vasculaire de forêt ancienne (RS) .g	LE	**	++	Non	114%	[22% ; 327%]	1,9	0	8	Nombre d'espèces % (recouvrement*)
Flore vasculaire de forêt ancienne (N) .p	LE	*	+	Non	252%	[30% ; 1035%]	1,4	0	64	Nombre d'espèces
Flore vasculaire forestière (RS) .g	LE	**	+	Non	45%	[14% ; 85%]	4,8	2	11	Nombre d'espèces
<i>Flore vasculaire total (RS) .g</i>	LE	*	NI	Non	31%	[3% ; 60%]	13,1	4	45	Nombre d'espèces

Effet de l'indice de continuité (état major + photo aériennes), échelle site (fAC.g) - Hêtre & Douglas

Résultats en vert (positifs): plus l'indice de continuité est élevé, plus le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), plus le groupe est défavorisé.

<i>FongeADN total, horizon sol (RS) .g</i>	LE	*	0	sAlt.g	11%	[1% ; 23%]	582,1	305	971	Nombre d'OTU*
--	----	---	---	--------	-----	------------	-------	-----	-----	---------------

Effet de l'indice de continuité (état major + photo aériennes), échelle site (fA.g) - Hêtre & Douglas

Résultats en vert (positifs): plus l'indice de continuité est élevé, plus le groupe est favorisé. En rouge (négatifs), plus le groupe est défavorisé.

Aucun résultat significatif