

## Beispiel 8.5. Wachstumsrate einer Erdkrötenpopulation an einem Amphibienschutzzaun

Kapitel 8.3.2 aus Henle, K., A. Grimm-Seyfarth & B. Gruber: Erfassung und Analyse von Tierpopulationen. Ulmer Verlag

Annegret Grimm-Seyfarth

2025-04-22

In diesem Beispiel zeigen wir eine Regressionsanalyse in R. Für klassische Regressionsanalysen mittels *lm* und *glm* sind keine weiteren Pakete nötig. Als Datensatz nutzen wir das Beispiel aus 8.2. Wir laden hier die Daten noch einmal neu ein, mit leichten Anpassungen.

### Daten einladen

Am Wasserwerk Hedem, Preußisch-Oldendorf, wurden vom Kreis Minden von 1996 bis 2012 Erdkröten an den Amphibienschutzzäunen erfasst. Die Bestandsentwicklung ist in untenstehender Tabelle dargestellt. Zusätzlich kreieren wir die Zeitspalte, die die Datenlücke von 2008 berücksichtigt.

```
kroeten <- data.frame(jahr = c(1996:2007,2009:2012),  
                      t = c(0:11,13:16),  
                      anzahl = c(311,564,257,645,797,589,412,177,398,138,235,265,315,138,112,37))  
kroeten
```

##	jahr	t	anzahl
## 1	1996	0	311
## 2	1997	1	564
## 3	1998	2	257
## 4	1999	3	645
## 5	2000	4	797
## 6	2001	5	589
## 7	2002	6	412
## 8	2003	7	177
## 9	2004	8	398
## 10	2005	9	138
## 11	2006	10	235
## 12	2007	11	265
## 13	2009	13	315
## 14	2010	14	138
## 15	2011	15	112
## 16	2012	16	37

Alternativ hätten wir einen Datensatz kreieren können, in dem das fehlende Jahr 2008 als NA dargestellt wird. Dies macht für die Analyse keinen Unterschied.

```
kroeten2 <- data.frame(jahr = c(1996:2012),
                        t = 0:16,
                        anzahl = c(311,564,257,645,797,589,412,177,398,138,235,265,NA,315,138,112,37))
kroeten2
```

```
##   jahr  t anzahl
## 1 1996  0    311
## 2 1997  1    564
## 3 1998  2    257
## 4 1999  3    645
## 5 2000  4    797
## 6 2001  5    589
## 7 2002  6    412
## 8 2003  7    177
## 9 2004  8    398
##10 2005  9    138
##11 2006 10    235
##12 2007 11    265
##13 2008 12     NA
##14 2009 13    315
##15 2010 14    138
##16 2011 15    112
##17 2012 16     37
```

## Logarithmisches Wachstumsmodell

Wir logarithmieren die Populationsgröße und lassen sie von der Zeit abhängen. Dabei ist wichtig, dass das fehlende Jahr berücksichtigt wird (ein Zeitschritt in  $t$  wird übersprungen).

```
mod1 <- lm(log(anzahl)~t, data=kroeten)
# Zusammenfassung des Modells
summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = log(anzahl) ~ t, data = kroeten)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.04639 -0.49609  0.08778  0.37963  0.75902
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  6.45064    0.25953   24.86 5.55e-13 ***
## t           -0.11208    0.02823   -3.97  0.0014 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 0.5583 on 14 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5296, Adjusted R-squared:  0.496
## F-statistic: 15.76 on 1 and 14 DF,  p-value: 0.001396
```

Das Modell ist signifikant (gesamt-p-Wert: 0,001, in diesem Fall kann der p-Wert aus der summary Funktion genutzt werden) und zeigt einen Wachstumsfaktor von -0,11. Eine Nicht-Beachtung des fehlenden Jahres würde jedoch einen stärkeren Trend ergeben.