

Populationen

🎯 Lernziele

- Die fundamentale Gleichung der Populationsgröße
- Bestimmung der Häufigkeit einer Art
- Ungebremses, logistisches und kontinuierliches Populationswachstum
- Altersstruktur und Lebensstadien
- Evolution von Lebenszyklen
- Dichteregulation und Populationschwankungen
- Limitierung und Regulation
- Stochastizität, Zyklen und Chaos
- Systeme von Populationen
- Die Metapopulation
- Das Areal

Als Population bezeichnet man die Summe aller Individuen einer Art, die in einem Siedlungsgebiet leben und dort miteinander in Wechselwirkung treten. Eine Population hat Eigenschaften, die nur für die „Summe der Individuen“ definiert sind (emergente Eigenschaften, S. 2). Dazu gehört die **Populationsgröße** (Gesamtzahl der Individuen im Siedlungsgebiet), die **Populationsdichte** (Individuen pro Flächeneinheit, auch Abundanz, Individuendichte oder schlicht Dichte genannt), die räumliche Verteilung der Individuen und deren Altersstruktur. Die Populationsökologie versucht diese Eigenschaften und ihre Veränderung in Zeit und Raum zu beschreiben. Dazu einige Anmerkungen:

- In der Populationsökologie versteht man unter Wechselwirkungen den Wettbewerb zwischen den Individuen der Population um Ressourcen. Im Gegensatz zum Wettbewerb zwischen Arten (**interspezifische Konkurrenz**; S. 125) bezeichnet man den Wettbewerb zwischen Individuen einer Population als **intraspezifische Konkurrenz**.

- Die Abgrenzung eines Siedlungsgebiets ist nicht immer einfach. Daher erfolgt die räumliche Abgrenzung meist nach pragmatischen Gesichtspunkten. Die Summe aller Siedlungsgebiete einer Art wird als **Areal** bezeichnet (S. 33).
- Unsere Definition einer Population geht von Individuen aus. Die Abgrenzung eines Individuums ist nicht immer eindeutig. Sind alle Polypen eines Korallenstockes als Individuen zu zählen oder die Korallenstöcke selbst?

Das Beispiel Koralle verdeutlicht die Unterscheidung von unitaren und modularen Organismen (Harper 1977; S. 119). Bei **unitaren** Organismen (die meisten Tierarten) ist der Bauplan genetisch fixiert, während bei **modularen** Organismen (viele Pflanzen- und Pilzarten) der Organismus aus formkonstanten Bauelementen besteht (z. B. Blättern). Dadurch kann mittels einer unterschiedlichen Zahl und Größe von Modulen eine beachtliche phänotypische Variabilität erreicht werden (S. 3). Auch die Bildung von neuen „Individuen“ (**Ramets**), die sich mitunter abtrennen und selbstständig werden, ist über Ausläufer möglich (vegetative Vermehrung). Alle Ramets einer solchen Pflanze sind genetisch identisch (Klon) und werden als **Genet** bezeichnet. Die Population eines modularen Organismus kann also auf verschiedenen Ebenen betrachtet werden, auf der Ebene der Genets, auf der Ebene der Ramets, aber auch auf der Ebene der Module. Zur Vereinfachung beschränken wir uns im Weiteren auf unitare Organismen.

2.1 Die fundamentale Gleichung für die Populationsgröße

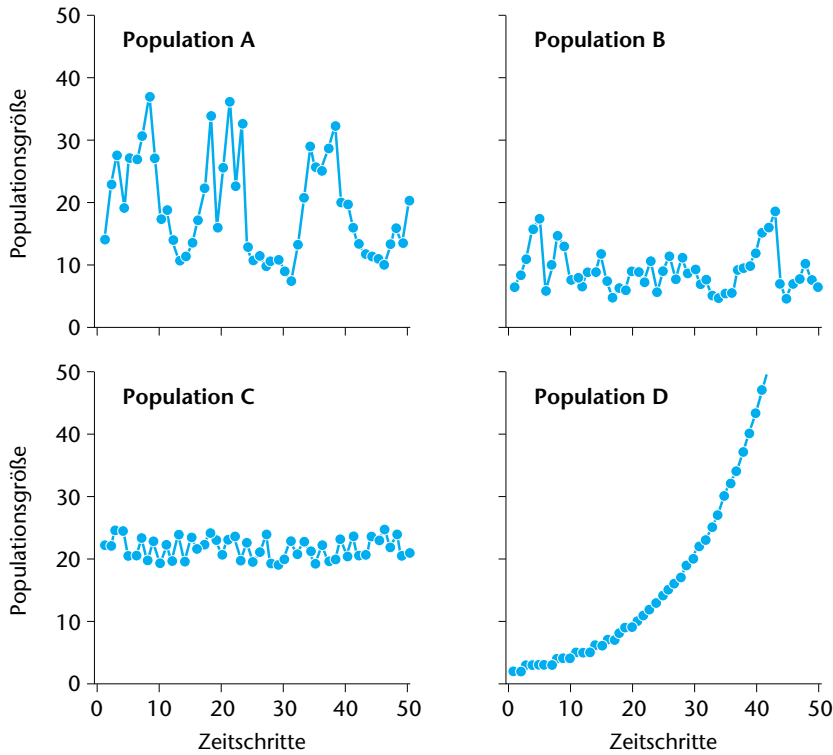
Ziel der Populationsökologie ist es, von einem Zeitpunkt t aus die Populationsgröße zu einem späteren Zeitpunkt $t + \Delta t$ oder auch $t + 3\Delta t$ zu erschließen. Dabei spielen vier primäre Prozesse eine Rolle:

- die Zahl an Geburten in der Population,
- die Sterbefälle in der Population,
- die Zuwanderung von Individuen (Immigration),
- sowie die Abwanderung (Emigration) von Individuen zu anderen Populationen.

Daraus ergibt sich die fundamentale Gleichung:

$$N(t + \Delta t) = N(t) + \text{Geburten} - \text{Sterbefälle} + \text{Zuwanderung} - \text{Abwanderung} \quad (2.1)$$

Im Folgenden wollen wir die fundamentale Gleichung Schritt für Schritt ausarbeiten. Bei der Ausarbeitung unterscheidet man zwischen **Parametern** und **Variablen**. Die Parameter erfassen die Annahmen und Hypothesen, die für die Dynamik des betrachteten Systems von Wichtigkeit sein können. In der Regel handelt es sich dabei um Konstanten, Parameter können aber auch veränderlich sein. Unter Variablen versteht man dagegen die Elemente eines Modells, deren dynamisches Verhalten man untersuchen will. Die Populationsgrößen $N(t)$ bzw. $N(t + \Delta t)$ sind Variablen.



2.1 Mögliche Zeitreihen von Populationen. Die Zeitschritte können je nach Organismus Tage, Wochen oder auch Jahre bedeuten. Aus dem Vergleich der mittleren Populationsgröße und der Veränderung der Populationsgröße mit der Zeit ergeben sich eine Reihe von Fragen, die es für reale Populationen zu beantworten gilt. Warum ist die mittlere Populationsgröße von Population A größer als von Population B? Warum schwankt die Populationsgröße von Population A mehr als von Population C? Warum kann Population D anscheinend unbegrenzt anwachsen?

In natürlichen Populationen ist es sehr unwahrscheinlich, dass sich in einem Zeitintervall Geburten und Zuwanderung mit Sterbefällen und Abwanderung immer exakt ausgleichen. Die Populationsgröße $N(t)$ verändert sich im Laufe der Zeit. Daher ist es für das Verständnis einer Population wichtig, die Populationsgröße in regelmäßigen Zeitabständen zu erfassen (**Zeitreihe**). Trägt man die Populationsgröße über die Zeit auf, bekommt man einen graphischen Eindruck über das „Auf und Ab“ der Populationsgröße. Man spricht von der Dynamik einer Population. Abbildung 2.1 zeigt einige Beispiele, wie die Dynamik natürlicher Populationen aussehen kann (eine Analyse der Populationsdynamik der Weltbevölkerung findet sich in Kasten 2.1). Die Zeitschritte wurden beliebig gewählt, werden aber in realen Populationen von den Eigenschaften des jeweiligen Organismus abhängen.

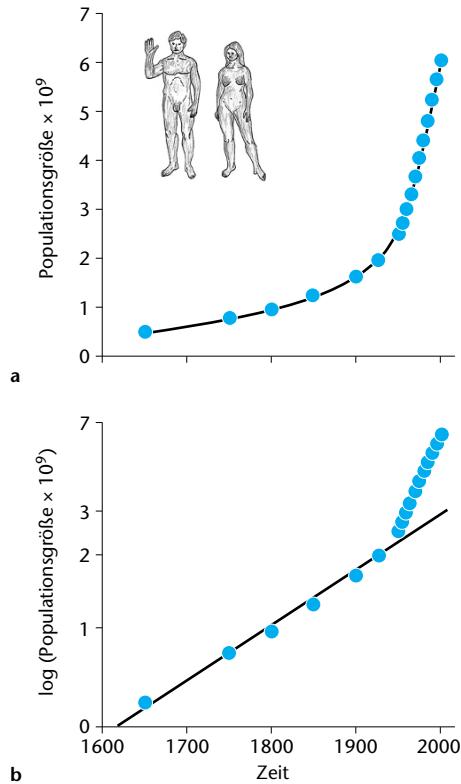
Kasten 2.1 Wachstum der Weltbevölkerung

Abbildung a zeigt das Wachstum der Weltbevölkerung zwischen 1650 und 2000. Dabei stieg die Weltbevölkerung von etwa 0,5 Milliarden Menschen um 1650 auf etwa sechs Milliarden in 2000 (Nentwig 2005). Trägt man die verfügbaren Zahlen auf, so könnte man auf den ersten Blick von einem **exponentiellen** Populationswachstum ausgehen.

Bei exponentiellem Wachstum sollte sich nach Logarithmieren der Populationsgröße ein linearer Zusammenhang zwischen (logarithmierter) Populationsgröße und Zeit ergeben. Die Steigung ist dabei r . Abbildung b zeigt aber nun, dass dies über den gesamten Zeitraum zwischen 1650 und 2000 nicht der Fall war. Bis 1950 ergibt sich in etwa ein linearer Zusammenhang, ab circa 1950 fand aber ein Bruch im Wachstumsmuster der Weltbevölkerung statt. Die Weltbevölkerung ist zumindest im Lauf des 20. Jahrhunderts **überexponentiell** gewachsen.

Die Steigung der Geraden in Abbildung b, berechnet aus den Punkten von 1600 bis 1950, ist etwa 0,2 %. Aus dieser Wachstumsrate ergibt sich eine Verdopplungszeit von 350 Jahren ($\ln(2) / r$; wenn r in %, dann ist das $\ln(2) \times 100/r$ und damit $70/0,2 = 350$). Nach 1950 betrug die Wachstumsrate durchschnittlich 1,7 % (**Verdopplungszeit** etwa 40 Jahre!). Eine genauere Analyse und detailliertere Daten zeigen, dass die Weltbevölkerung 1970 mit 2,0 % wuchs, 1990 mit 1,7 % und 2005 mit 1,3 %. Dabei gibt es erhebliche Unterschiede zwischen Regionen. In den Industrieländern lag die Wachstumsrate 2005 unter 0,1 % (in Europa sogar -0,1 %), in den Entwicklungsländern bei 1,6 % (in Afrika sogar bei 2,3 %).

Es wurde im Lauf der Diskussion über exponentielles Wachstum immer wieder darauf hingewiesen, dass in einer begrenzten Umwelt keine Population unbegrenzt wachsen kann. Die Menschheit scheint dieser logischen Notwendigkeit zu widersprechen. Der Grund liegt wohl darin, dass sich mit dem technischen Fortschritt der Mensch-



Die Zunahme der Weltbevölkerung von 1650 bis 2000. a) lineare, b) logarithmische Darstellung.

heit ständig neue Ressourcen eröffnet haben, wobei fossile Ressourcen einen wichtigen Beitrag leisten. Fossile Ressourcen werden z. B. auch genutzt, um Dünger herzustellen, was die Möglichkeiten der Produktion von Nahrungsmitteln erheblich erweitert hat. Dennoch ist langfristig auch für den Menschen kein unbegrenztes Wachstum möglich (► Kasten 2.3).

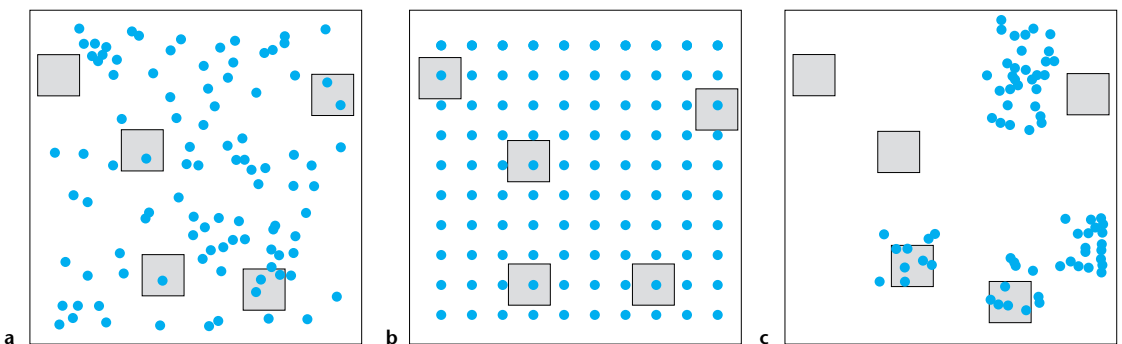
2.2 Die Populationsgröße

Bevor man die Populationsdynamik untersuchen kann, muss die Populationsgröße über mehrere Zeitschritte hinweg bestimmt werden. Am einfachsten ist das Auszählen der Individuen in einem Siedlungsgebiet. Dies ist nur bei seltenen und großen Organismen praktikabel. Daher ist man in den meisten Fällen auf Schätzungen der Populationsgröße angewiesen. Es gibt grundsätzlich zwei Wege: Auszählen von Probeflächen und Fang-Wiederfang-Methoden.

Das **Auszählen von Probeflächen** hat vor allem für Pflanzen eine lange Tradition. Dazu werden Probeflächen angelegt und die Anzahl Individuen in diesen Probeflächen gezählt (► Abb. 2.2). Die Größe der Probeflächen orientiert sich an der untersuchten Art, damit in einer Probefläche nicht zu viele Individuen vorkommen. Jede Probefläche ist eine Stichprobe, und aus den Stichproben berechnet man die mittlere Zahl der Individuen auf den Probeflächen. Damit hat man eine Schätzung der Individuendichte. Ist die Fläche des Siedlungsgebiets der Population bekannt, kann die Populationsgröße geschätzt werden.

In Abbildung 2.2 sind neben einer zufälligen **Verteilung** auch Beispiele für eine gleichmäßige und geklumppte Verteilung der Individuen dargestellt. Bei vollkommen gleichmäßiger Verteilung der Individuen über den Raum würden alle Probeflächen mehr oder weniger die gleiche Anzahl von Individuen enthalten, sodass bereits mit einer Probefläche eine brauchbare Schätzung der Populationsgröße möglich ist. Bei geklumpfter Verteilung kann dagegen die Anzahl der Individuen zwischen einzelnen Probeflächen stark schwanken, je nachdem ob eine der Probeflächen gerade in einen Verbreitungsschwerpunkt von Individuen fällt oder nicht. Dies hat Auswirkungen auf die Schätzung der Populationsdichte und -größe.

Eine Analyse der Verteilung der Individuen im Raum ist nicht nur für die Bestimmung der Populationsgröße wichtig, sondern erlaubt auch Rückschlüsse auf die Biologie und Umwelt der untersuchten Arten. In einer homogenen Umwelt bedeutet eine



2.2 Mögliche Verteilungsformen von Individuen im Siedlungsgebiet einer Population. Die Beispiele veranschaulichen eine zufällige (a), gleichmäßige (b) sowie eine geklumppte Verteilung (c). In allen drei Beispielen beträgt die Populationsgröße 100 Individuen (jedes Individuum symbolisiert durch einen Punkt). In jedem Gebiet wurde die Zahl der Individuen in fünf quadratischen Probeflächen ausgezählt.

zufällige Verteilung, dass sich Interaktionen zwischen Individuen nicht auf deren räumliche Verteilung auswirken. Viele Interaktionen haben aber eine Auswirkung. Pflanzen benutzen chemische Substanzen, um die Ansiedlung von möglichen Konkurrenten in einem gewissen Umkreis zu verhindern (Allelopathie, S. 130), was zu einer regelmäßigen Verteilung der Individuen führt. Eine regelmäßige Verteilung der Individuen findet man auch bei Tierarten, die Territorien verteidigen. In ariden Gebieten ist Wasser in Tälern besser zugänglich als an Hängen oder höher gelegenen Plateaus. Pflanzenindividuen siedeln sich daher vor allem entlang der Täler an (**kontrahierte Vegetation**), was zu einer geklumpten Verteilung führt. Die Verteilung der Individuen ist dabei eine Folge der Verteilung von Ressourcen im Raum.

Einen im Vergleich zum Auszählen von Probeflächen grundsätzlich anderen Ansatz bieten **Fang-Wiederfang-Methoden**. Dazu werden zu einem Zeitpunkt t Individuen gefangen, markiert und wieder entlassen (M). Nach einer Zeitspanne Δt werden wiederum Individuen (W) gefangen, und es wird ausgezählt, wie viele der neu gefangenen Individuen Markierungen tragen (W_{markiert}). Wird die Zeitspanne Δt so kurz gewählt, dass in der Population keine Geburten, Sterbefälle, Immigrationen und Emigrationen auftreten, dann sollte sich die Zahl der beim ersten Termin markierten Individuen zur Populationsgröße $N(t)$ so verhalten wie die Zahl der beim zweiten Termin markiert wiedergefangenen Individuen zur Gesamtzahl gefangener Individuen. Damit kann man $N(t)$ schätzen. Die Schätzung bezeichnet man gern als $\hat{N}(t)$, um sie von der wirklichen Populationsgröße zu unterscheiden. Es gilt:

$$\frac{\hat{N}(t)}{M} = \frac{W}{W_{\text{markiert}}} \text{ und damit} \quad (2.2)$$

$$\hat{N}(t) = \frac{M \times W}{W_{\text{markiert}}}. \quad (2.3)$$

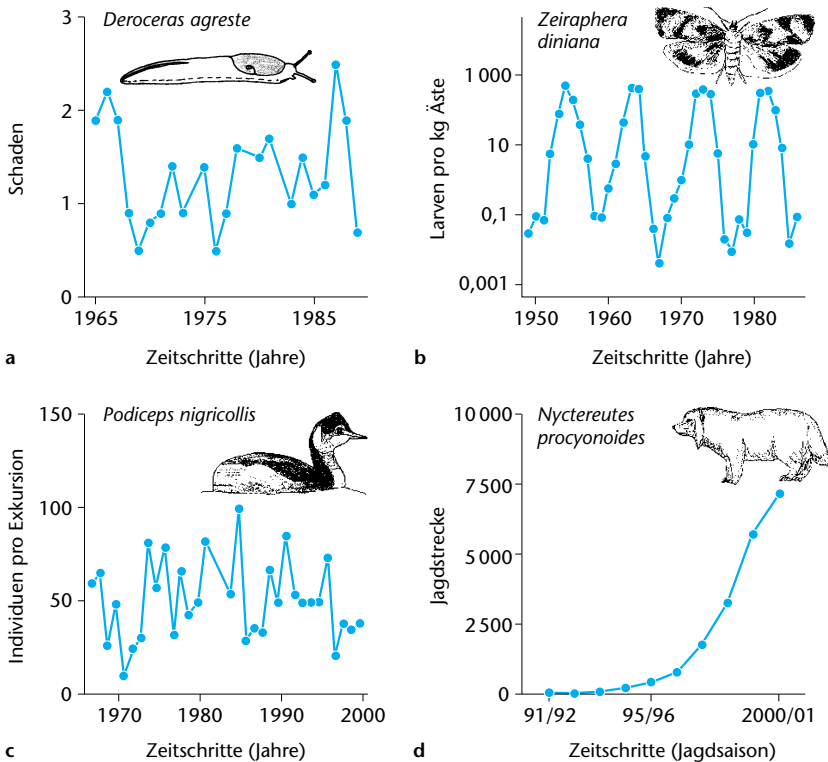
Die Annahme, dass in der Population keine Geburten, Sterbefälle, Immigrationen und Emmigrationen stattfinden (*closed population assumption*), ist sehr restriktiv. Daher wurden Fang-Wiederfang-Methoden ausgearbeitet, die nicht nur die Populationsgröße schätzen, sondern auch Anzahl von Abgängen und Zugängen (Krebs 1999, McCallum 2000, Southwood und Henderson 2000).

Nicht immer ist es notwendig, mit aufwendigen Verfahren die absolute Populationsgröße zu bestimmen. Ist man nur an der Dynamik der Population interessiert, genügen relative Methoden, solange die Populationsgröße proportional zum gewählten Populationsindex ist (► Abb. 2.3):

- Häufig wird der Anteil der Fläche eines Untersuchungsgebietes, der von der Population bewohnt wird (Verbreitung), erfasst. Dazu wird über das zu untersuchende Gebiet ein regelmäßiges Raster gelegt. Danach werden alle Raster auf das Vorkommen der zu erfassenden Art hin untersucht. Als Populationsindex dient der relative Anteil an Rastern, in denen die untersuchte Art nachgewiesen wurde (**Rasterfrequenz**).
- Der Einsatz von **Fallen** beruht auf der Annahme, dass die in einer gegebenen Zahl von Fallen gefangenen Individuen streng monoton mit der Populationsgröße steigt. Je nach Organismus kommt eine Vielzahl von Fallentypen zum Einsatz

(Boden-, Licht-, Fensterfallen; Southwood und Henderson 2000). Häufig werden die aus dem Einsatz von Fallen abgeleiteten Indices der Populationsgröße als **Aktivitätsdichte** bezeichnet, da sie nicht nur von der Populationsgröße abhängen, sondern auch von der Aktivität der Individuen.

- Der Fangerfolg pro Zeitaufwand ist ein relatives Maß der Populationsgröße, und kann damit als Index für die Populationsgröße dienen (**Zeitsammelmethoden**). Zu dieser Gruppe von Indices gehören auch Jagdstatistiken bzw. Erfassungen von Verkehrsoptionen.
- Es ist auch nicht immer notwendig, die Individuen selbst zu erfassen. Manchmal genügt bereits die Zählung von Anzeichen der Anwesenheit (Kot, Verbiss, Nester oder auch Spuren; Southwood und Henderson 2000).

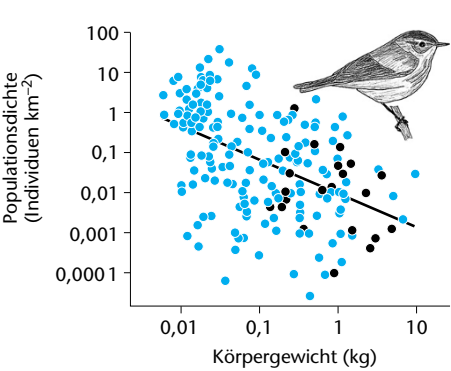


2.3 Beispiel für die Dynamik von Populationen im Freiland: a) Fraßschäden der Einfarbig-
 gen Ackerschnecke. Die Fraßschäden wurden auf einer Rangskala geschätzt und stellen
 einen Index für die Populationsgröße dar. b) Dynamik des Lärchentriebwicklers. Die Ordina-
 te ist logarithmisch skaliert. Die Populationsdichte wurde durch Auszählen von Larven
 auf Ästen bestimmt. c) Dynamik des Schwarzhalstauchers. Auf standardisierten Exkursionen
 durch ein Gebiet wurden alle angetroffenen Schwarzhalstaucher gezählt. Jeder Punkt
 ist ein Mittelwert aus mehreren Exkursionen. d) Entwicklung der Jagdstrecke des Marder-
 hundes in Deutschland. a) und b) nach Global Population Dynamics Database
<http://cpbnts1.bio.ic.ac.uk/gpdd>, c) nach Schmidtke et al. 2001, d) nach Kraft und van der
 Sant (2002).

Tabelle 2.1: Beispiele für Individuendichten einiger Gruppen von Organismen. Die angegebenen Werte sollen eine Vorstellung der Größenordnungen vermitteln. Man beachte aber, dass innerhalb der Gruppen die Dichten erheblich schwanken können, was auch durch den Vergleich der Individuendichte von Menschen in Kanada und Europa deutlich wird. In der ersten Spalte werden die Individuendichten auf Flächen bezogen, wie sie für die jeweilige Gruppe bevorzugt werden. In der zweiten Spalte wurden die Dichten auf einen gemeinsamen Flächenbezug (hier m²) umgerechnet. Dadurch werden die Angaben vergleichbar.

	Individuendichte	Individuendichte pro m ²
Bäume	500 ha ⁻¹	0,05
Ackerunkräuter	200 m ⁻²	200
Bodenarthropoden	500 000 m ⁻²	500 000
Feldmäuse	50 ha ⁻¹	0,005
Reh	10 km ⁻²	0,000 01
Mensch (Kanada)	2 km ⁻²	0,000 000 2
Mensch (Mitteleuropa)	100 km ⁻²	0,000 1

Die Individuendichte kann zwischen Arten enorm schwanken. Die Angaben reichen pro Quadratmeter von Bruchteilen bis hin zu Millionen von Individuen (► Tab. 2.1). Der Raumbezug wird meist so gewählt, dass die Individuendichte Werte größer als 1 erreicht. Bei tierischen Organismen fällt die Dichte mit zunehmendem Körpergewicht: Je größer eine Art, umso geringer ist die Populationsdichte. Bei Insekten mit einem Körpergewicht von etwa 1 mg = 10⁻⁶ kg hat man Individuendichten von etwa 10⁶ bis 10⁸ Individuen pro km² geschätzt. Bei Säugetieren mit einem Körpergewicht von etwa 1 kg ist auf einem km² mit nur 30 Individuen zu rechnen. Diese Beziehung zwischen Körpergewicht und Populationsdichte (bzw. bei gleichem Siedlungsgebiet Populationsgröße) gilt auch innerhalb von Organismengruppen (Vögel in Abb. 2.4). Im Vergleich zum Körpergewicht spielen andere biologische Eigenschaften der Organismen oft nur eine untergeordnete Rolle. So ist in Abbildung 2.4 die Populationsdichte unabhängig von der Nahrungsnische.



2.4 Beziehung zwischen Populationsdichte und Körpergröße für die Brutvögel Ostdeutschlands (Daten aus Nicolai 1993, Abszisse und Ordinate logarithmisch skaliert). Die Dichte wurde durch Division der Populationsgröße durch die Gesamtfläche des Kartierungsgebietes berechnet (108 333 km²). Vögel, die vorzugsweise größere Nahrungstiere erbeuten (z. B. Greifvögel; schwarz gefüllte Symbole,) haben zwar im Mittel eine größere Körpergröße, aber die Dichte unterscheidet sich nicht von anderen Vogelarten ähnlicher Körpergröße.

2.3 Populationsdynamik

Bestimmt man die Populationsgröße bzw. -dichte über einen längeren Zeitraum, dann ergibt sich eine Zeitreihe (► Abb. 2.3). Dabei stellt sich die Frage, welche Muster in einer Population überhaupt zu erwarten sind. Wir gehen dabei von unserer Grundgleichung aus und machen zunächst einige vereinfachende Annahmen.

2.3.1 Ungebremstes Populationswachstum

Wir betrachten eine Population, bei der es keine Ein- und Auswanderung gibt:

$$N(t + \Delta t) = N(t) + \text{Geburten} - \text{Sterbefälle} \quad (2.4)$$

Geburten und Sterbefälle beziehen sich auf den gewählten Zeitschritt. Zur weiteren Vereinfachung betrachten wir eine Art, die sich in diskreten Zeitschritten (z. B. Jahresschritten) fortpflanzt. Dann ist es günstig, die Zeit in Generationen t zu betrachten. $N(t)$ sei dann die Populationsgröße in der Generation t , $N(t + 1)$ in der folgenden Generation und damit

$$N(t + 1) = N(t) + \text{Geburten} - \text{Sterbefälle} \quad (2.5)$$

Aus dieser Gleichung lassen sich zwei weitere Größen ableiten, die für das Verständnis der Dynamik von Populationen wichtig sind: die **Wachstumsrate der Population** sowie die Wachstumsrate pro Individuum (Pro-Kopf-Wachstumsrate, relative Netto-Wachstumsrate oder auch **individuelle Wachstumsrate**). Die Wachstumsrate der Population ist die Veränderung der Populationsgröße während eines Zeitschrittes, also von t nach $t + 1$:

$$\text{Wachstumsrate der Population} = N(t + 1) - N(t) = \text{Geburten} - \text{Sterbefälle} \quad (2.6)$$

Man beachte, dass auch negative Wachstumsraten auftreten können (die Zahl der Sterbefälle ist größer als die Zahl der Geburten). Die Populationsgröße wird dann von t nach $t + 1$ abnehmen. Die individuelle Wachstumsrate ergibt sich aus der Wachstumsrate der Population geteilt durch die Populationsgröße zur Ausgangszeit:

$$\begin{aligned} \text{individuelle Wachstumsrate} &= \frac{\text{Wachstumsrate der Population}}{\text{Populationsgröße}} = \frac{N(t+1) - N(t)}{N(t)} \\ &= \frac{\text{Geburten} - \text{Sterbefälle}}{\text{Populationsgröße}} = \frac{\text{Geburten}}{N(t)} - \frac{\text{Sterbefälle}}{N(t)} \end{aligned} \quad (2.7)$$

Die individuelle Wachstumsrate ergibt sich aus der Differenz Geburten minus Sterbefälle pro Individuum. Man bezeichnet diese Parameter als Pro-Kopf-Geburtenrate bzw. Sterberate, die wir mit g und s symbolisieren. Man beachte, dass g und s von der Länge des gewählten Zeitschrittes abhängen. Im einfachsten Fall sind diese Parameter Konstanten und von Zeitschritt zu Zeitschritt gleich. Biologisch bedeutet dies, dass g

und s weder durch Umweltfaktoren noch durch andere Prozesse in der Population beeinflusst werden. Die absolute Zahl an Geburten in einem Zeitschritt ergibt sich dann aus dem Produkt von g und der Populationsgröße. Die Pro-Kopf-Sterberate ist die Wahrscheinlichkeit, mit der ein Individuum während eines Zeitschrittes stirbt. Multipliziert man diese Wahrscheinlichkeit s wiederum mit der Populationsgröße, ergibt sich die Zahl der Sterbefälle. Aus den Überlegungen ergibt sich dann folgende Gleichung zur Veränderung der Populationsgröße von Zeitschritt zu Zeitschritt:

$$N(t+1) = N(t) + g N(t) - s N(t) \quad (2.8)$$

$$N(t+1) = N(t) + (g - s) N(t) \quad (2.9)$$

$$N(t+1) = N(t) + R N(t) = (1 + R) N(t) \quad (2.10)$$

Die Differenz $g - s$ ist die individuelle Wachstumsrate und wird mit R symbolisiert. Die Wachstumsrate der Population ergibt sich zu $N(t+1) - N(t) = R N(t)$ und steigt bzw. fällt **linear** mit der Populationsgröße (► Abb. 2.5). R ist unabhängig von der Populationsgröße.

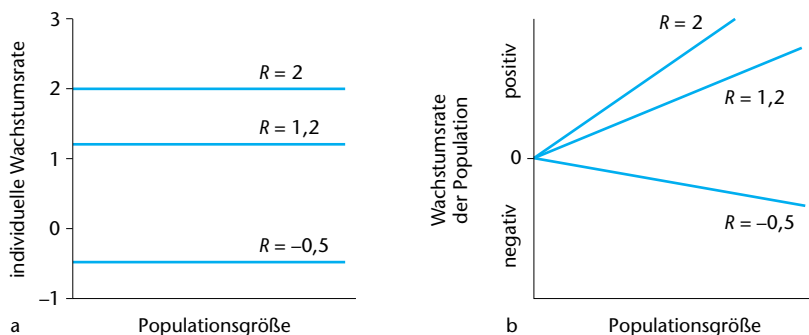
Letztlich interessiert uns die Dynamik der Population, also die Entwicklung der Populationsgröße mit der Zeit. Dazu wäre es angebracht, wenn man die Populationsgröße bei Kenntnis von R für jede beliebige Zahl von Zeitschritten aus einer anfänglichen Populationsgröße $N(0)$ berechnen könnte. Die Population im nächsten Zeitschritt $t = 1$ ist dann

$$N(1) = (1 + R) N(0) \quad (2.11)$$

Zur Vereinfachung setzen wir $(1 + R) = \lambda$:

$$N(1) = \lambda N(0) \quad (2.12)$$

$$N(2) = \lambda N(1) = \lambda \lambda N(0) = \lambda^2 N(0) \quad (2.13)$$



2.5 Exponentielles Wachstum der Population: Individuelle Wachstumsrate (a) und Wachstumsrate der Population (b) in Abhängigkeit von der Populationsgröße. Man beachte, dass die individuelle Wachstumsrate von der Populationsgröße unabhängig ist, aber die Wachstumsrate der Population linear mit der Populationsgröße ansteigt (positive individuelle Wachstumsrate) bzw. abfällt (negative individuelle Wachstumsrate). Die individuelle Wachstumsrate kann nicht kleiner als -1 werden.

Ökologie kompakt

Nentwig, W.; Bacher, S.; Brandl, R.

2017, XVI, 369 S. 138 Abb., Softcover

ISBN: 978-3-662-54351-1