

Resumo

Em 2003, Royle e Nichols desenvolveram um modelo para estimar a abundância a partir de dados de presenças-ausências em diferentes instantes de visita. Neste modelo assume-se que a detecção numa zona está relacionada com a probabilidade de detecção inerente à espécie em estudo e com a abundância. Baseado neste modelo, Conroy *et al.* (2008) propuseram um delineamento amostral adaptativo em duas fases para populações cuja distribuição apresenta um padrão/agregação. Numa primeira fase estima-se a ocupação verificando apenas se existem ou não animais nas zonas amostradas e na 2ª fase estima-se a abundância com recurso aos modelos de captura-recaptura nas zonas onde foi detectada ocupação. Neste artigo pretende-se adaptar a metodologia desenvolvida por estes autores quando na 2ª fase é realizada uma amostragem por distâncias.

Objectivo

- Amostragem de populações raras ou com tendência para formar agrupamentos.
- Incrementar esforço de amostragem nas zonas com maior abundância.
- Estimar a abundância e a probabilidade de ocupação das zonas.

Delineamento amostral

Amostragem em duas fases adaptativa:

1ª fase Amostragem pouco intensiva para detectar zonas mais ocupadas.

- A região de estudo é dividida em M_1 zonas.
- Cada zona é visitada T vezes.
- Em cada visita regista-se apenas se foram ou não detectados animais nessa zona (zonas a coloridas).

2ª fase Nas $M_2 \leq M_1$ zonas com maior ocupação (i.e., que verificam a condição $x_{tj} > \tau$) utilizar um plano de amostragem mais intensivo, por ex. métodos de captura-recaptura ou amostragem por distâncias (proposta).

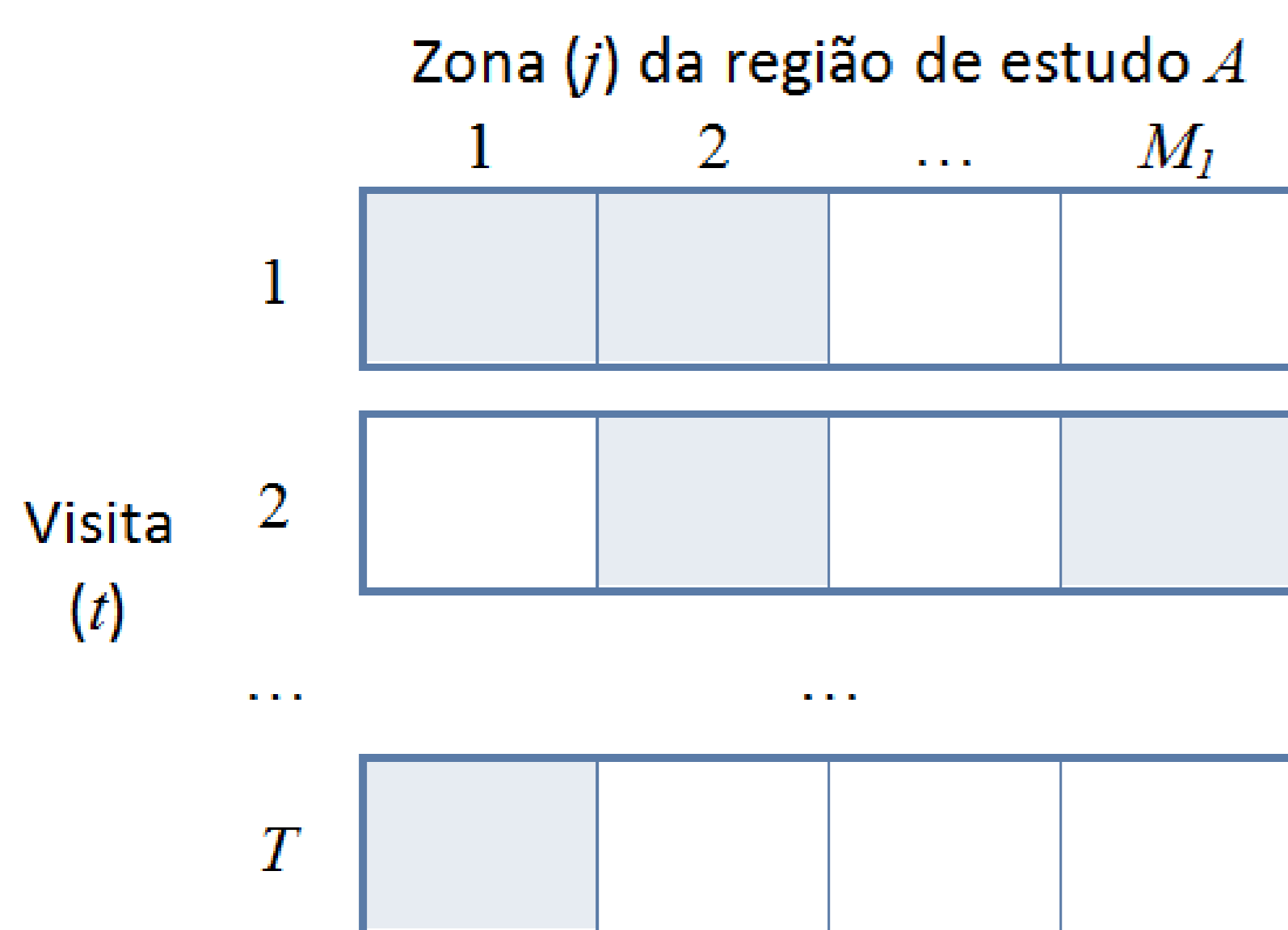
Por simplicidade assume-se $\tau = 0$, ou seja, que foi detectado pelo menos um indivíduo na zona.

Como?

- Estimar a abundância nas zonas onde não foi detectada ocupação a partir de dados de ocupação (presenças-ausências).
- Estimar a probabilidade de detecção e a abundância nas restantes zonas com métodos de captura-recaptura ou amostragem por distâncias.

1ª fase: Modelo de ocupação

Delineamento amostral



Informação amostral

$$X = [x_{tj}] = \begin{bmatrix} 1 & 1 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

onde o elemento genérico x_{tj} , $t = 1, \dots, T$, $j = 1, \dots, M_1$.

$$x_{tj} = \begin{cases} 1 & \text{se na visita } t \text{ foi detectada ocupação na zona } j \\ 0 & \text{c.c.} \end{cases}$$

Pressupostos

- 1 A probabilidade de detecção na zona j está relacionada com probabilidade de detecção inerente à espécie, P_a , e a abundância nessa zona, N_j , $j = 1, \dots, M_1$.
- 2 Independência entre detecções de animais e zonas.
- 3 Todos os animais têm igual probabilidade de detecção, P_a .

Modelo

- n_j o número de animais detectados na zona j .
- Probabilidade de detectar animais numa zona j com N_j animais é [3]:

$$p_j = P(n_j > 0 | N_j) = 1 - P(n_j = 0 | N_j) = 1 - (1 - P_a)^{N_j} \quad (1)$$

- $x_j = \sum_{t=1}^T x_{tj}$ número visitas em que foi detectada ocupação na zona j , em T visitas. Logo $X_j \sim B(T, p_j)$.

$$L(P_a | \mathbf{x}, \mathbf{N}_.) = \prod_{j=1}^{M_1} \binom{T}{x_j} p_j^{x_j} (1 - p_j)^{T - x_j}, \quad (2)$$

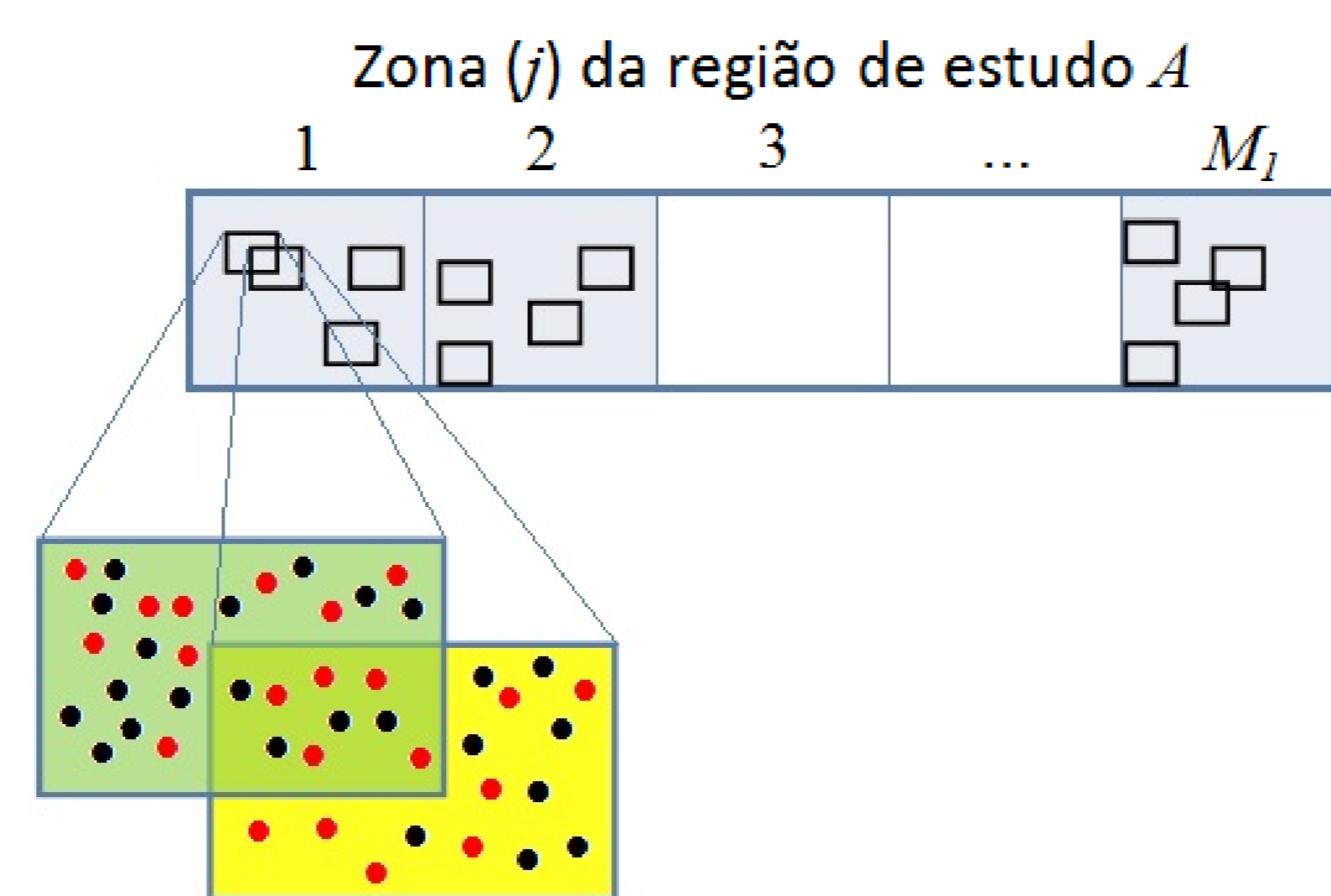
onde $\mathbf{N}_. = (N_{.1}, \dots, N_{.M_1})$, $\mathbf{x}_. = (x_{.1}, \dots, x_{.M_1})$ e p_j é dado por (1) [3].

Agradecimentos

Os autores são membros do CIMA-UE, centro de investigação financiado no âmbito do FEDER, pelo programa de Financiamento Plurianual da FCT.

2ª fase: Métodos de captura-recaptura

Delineamento amostral



Informação amostral

$$x_{tj} = \begin{cases} 1 & \text{se na visita } t \text{ foi detectada ocupação na zona } j \\ 0 & \text{c.c.} \end{cases}$$

com $t = 1, \dots, T$ e $j = 1, \dots, M_1$.

$$u_{ihk} = \begin{cases} 1 & \text{se o animal } i \text{ foi capturado na amostra } h \text{ da zona } k \\ 0 & \text{c.c.} \end{cases}$$

com $i = 1, \dots, N_j$, $h = 1, \dots, H$, H o n.º de amostras de captura por zona j obtidas na 2ª fase e $k = 1, \dots, M_2$.

Pressupostos

- 1 A população é fechada.
- 2 As marcas não se perdem e não passam despercebidas.
- 3 Homogeneidade na probabilidade de captura.

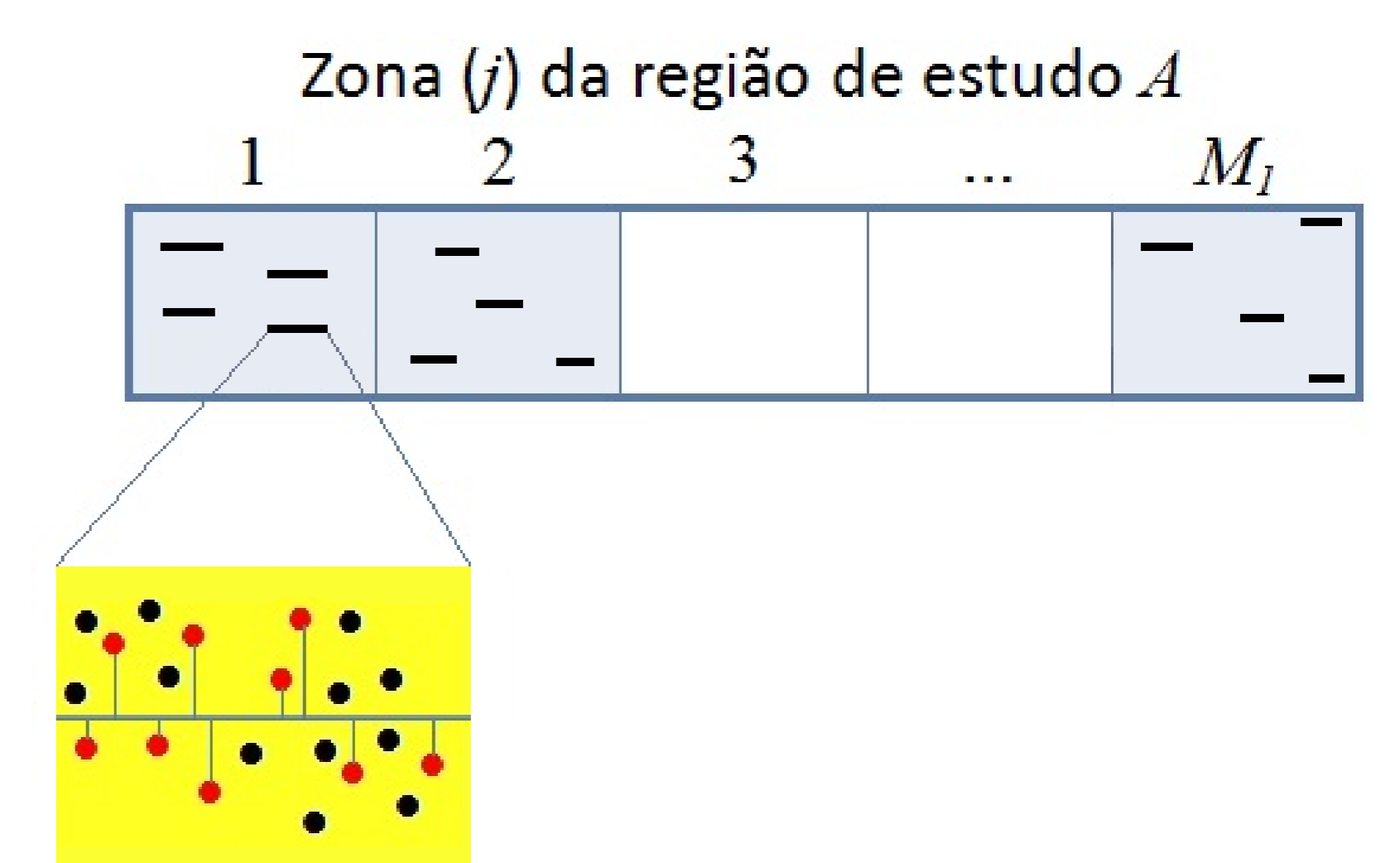
Modelo

$$L(P_a, \mathbf{N}_., \beta | \mathbf{x}_., U) = L(P_a | \mathbf{x}_., \mathbf{N}_.) \prod_{k=1}^{M_2} f(u_{.k} | N_k, \pi_k). \quad (3)$$

onde $f(u_{.k} | N_k, \pi_k)$ é a função de probabilidade conjunta da história das capturas, $U = [u_{ihk}]$, na zona k para um determinado modelo de captura-recaptura [4] e β é um vector de parâmetros utilizado para definir os π_k quando modelados numa abordagem log-linear [2].

2ª fase: Amostragem por distâncias

Delineamento amostral proposto



Informação amostral

$$x_{tj} = \begin{cases} 1 & \text{se na visita } t \text{ foi detectada ocupação na zona } j \\ 0 & \text{c.c.} \end{cases}$$

com $t = 1, \dots, T$ e $j = 1, \dots, M_1$.

$n = \sum_{k=1}^{M_2} n_k$, onde n_k é o número de animais detectados na zona k , $k = 1, \dots, M_2$.

y_{ik} distância perpendicular (ou radial) ao animal i , $i = 1, \dots, n_k$, na zona k , $k = 1, \dots, M_2$.

Pressupostos

- 1 Todos os animais sobre a linha ou ponto são detectados.
- 2 Não há erros de medição.
- 3 Os animais não se movem em reacção ao observador.

Modelo proposto

$$L(P_a, \mathbf{N}_., \beta | \mathbf{x}_., \mathbf{y}_., n) = L(P_a | \mathbf{x}_., \mathbf{N}_.) L(\mathbf{P}_a, \mathbf{N}_., \beta | \mathbf{y}_., \mathbf{n}_.) \quad (4)$$

onde

$$L(\mathbf{P}_a, \mathbf{N}_., \beta | \mathbf{y}_., \mathbf{n}_.) = \prod_{k=1}^{M_2} L(N_k, P_{ak} | n_k) L(\beta_k | \mathbf{y}_{.k}, n_k), \quad (5)$$

$$L(N_k, P_{ak} | n_k) = \binom{N_k}{n_k} (P_{ak})^{n_k} (1 - P_{ak})^{N_k - n_k}, \quad (6)$$

$$L(\beta_k | \mathbf{y}_{.k}, n_k) = \prod_{l=1}^{n_k} f(y_{lk} | \beta_k), \quad (7)$$

e f é a f. d. p. das distâncias y que permitem estimar a probabilidade de detecção na zona k , P_{ak} [1].

A primeira parte das verosimilhanças (3) e (4) permite estimar a ocupação em todas as zonas e a segunda parte permite estimar a abundância nas zonas onde se efectuou a 2ª fase da amostragem bem como as probabilidades de captura ou detecção nos diferentes instantes de captura.

Referências bibliográficas

- [1] Buckland, S. T., Anderson, D. R., Burnham, K. P., Laake, J. L., Borchers, D. L. e Thomas, L. (2004). *Advanced distance sampling: estimating abundance of biological populations*. Oxford University Press, New York.
- [2] Conroy, M. J., Runge, J. P., Barker, R. J., Schofield, M. R., Fonnesebeck, C. J. (2008). Efficient estimation of abundance for patchily distributed populations via two-phase, adaptive sampling. *Ecology*, 89(12), pp. 3362-3370.
- [3] Royle, J. A., Nichols, J. D. (2003). Estimating abundance from repeated presence-absence data or points counts. *Ecology*, 84(3), pp. 777-790.
- [4] Williams, B. K., Nichols, J. D., Conroy, M. J. (2002). *Analysis and Management of Animal Populations*. Academic Press.