Módulo 6

MODELOS DE OCUPACIÓN DE COMUNIDADES Curas '

Curso de Posgrado: "Modelado y estimación de ocupación para poblaciones y comunidades de especies bajo enfoque Bayesiano"

CCT CONICET Mendoza
24 - 28 Abril 2023















- Comunidad: ensamble de especies que ocurren en un sitio (considerando el sitio de muestreo)
- Metacomunidad: Conjunto de dichas comunidades (lo que modelamos en general)

En estos modelos usamos estos términos indistintamente

• Riqueza de especies es la variable de biodiversidad más ampliamente utilizada.

Modelo jerarquico para comunidades o metacomunidades

- Se puede modelar Riqueza de especies
- Modelos de ocupación de comunidades (Dorazio & Royle 2005 - DR) - 3 niveles:
 - 1. Observación (error de medición)
 - 2. Especies (estado real)
 - 3. Comunidad/ metacomunidad (se agrega este nivel)

Modelo de comunidad como un "hipermodelo" de distribución de un conjunto de especies.

- Los parámetros para cada especie son tratados como variables aleatorias con sus respectivas distribuciones *a priori*
- Los hiperparámetros de esas distribuciones a priori, describen a la comunidad.

Hay muchos modelos, dependiendo de los objetivos y la complejidad deseada/posible...

- Efectos de variables ambientales u otras sobre la distribucion / abundancia ERA RAFINI, CONT
- Falsos negativos
- Dinámicas temporales
- Interacciones entre especies
- Niveles extra (ej. gremios)

- Detección imperfecta de especies puede ser modelada con "Data augmentation"
 - La inferencia sobre Riqueza total inluye especies no registradas, permitiendo modelar cuantas especies podríamos estar perdiendo detectar en la metacomunidad
- Inferencias a escala local (alfa), paisaje (beta) y
 macroescala (gamma) pueden llevarse a cabo como
 función de la matriz de presencia-ausencia, corregida por
 los falsos negativos.

- Modelos de ocupación de comunidades con efectos fijos de las especies (sp. totalmente independientes)
- Modelos de ocupación con las sp. como efectos aleatorios (sólo especies registradas) – los parámetros de las especies vienen de una distribución común (hiperparámetro)
- Modelos de ocupación con las sp. como efectos aleatorios (con DA).

- Modelos de ocupación de comunidades con efectos fijos de las especies (sp. totalmente independientes)
 - No hay un hiperparámetro de la comunidad
 - Lo mismo que ajustar un modelo para cada sp por separado.
 - Tiene la ventaja de poder comparar las especies más fácilmente
 - Especies poco frecuentes no mejoran su estimación

- Modelos de ocupación con las sp. como efectos aleatorios (sólo especies registradas).
 - Sp. siguen una distribución común de la comunidad (hiperparámetro)
 - Mejora la precisión de las estimaciones para especies poco frecuentes
 - Para casos donde no nos interesan las especies no registradas
 la comunidad es conocida
 - Se puede modelar la correlación entre ocupación y detectabilidad (abundancia afecta detección)
 - Covariables (heterogeneidad en detección y/u ocupación
 - Grupos (ej. gremios), etc.

Process model: $z_{ik} \sim Bernoulli(\psi_k)$

Observation model: $ysum_{ik}|z_{ik} \sim Binomial(J_i, z_{ik}p_k)$

Models of species heterogeneity : $logit(\psi_k) \sim Normal(\mu_{lpsi}, \sigma_{lpsi}^2)$

 $logit(p_k) \sim Normal(\mu_{lp}, \sigma_{lp}^2)$

Los parámetros de las especies no son estimados de manera independiente

Las especies son un factor aleatorio

Process model: $z_{ik} \sim Bernoulli(\psi_k)$

Observation model: $ysum_{ik}|z_{ik} \sim Binomial(J_i, z_{ik}p_k)$

 $logit(\psi_k) \sim Normal(\mu_{lpsi}[g], \sigma^2_{lpsi}[g])$ Models of species heterogeneity:

 $logit(p_k) \sim Normal(\mu_{lp}[g], \sigma_{lp}^2[g])$

Ej. g grupos funcionales

JIMAN, SERAFINI, CONTRERAS Quiero modelar un diferencias en grupos de especies, agrego otra jerarquía (otro hiperparámetro).

También podríamos incluir covariables para distinguir los grupos (covariable en el hiperparámetro).

- Modelos de ocupación con las sp. como efectos aleatorios (con DA).
 - Lo mismo que en el modelo anterior, incluyendo sp. que no fueron vistas, pero sabemos que podrían ser parte de la metacomunidad
 - "imaginamos" una metacomunidad con M especies
 "potenciales", donde detectamos N especies
 - 1. Superpopulation process: $w_k \sim Bernoulli(\Omega)$
 - 2. State process (occurrence): $z_{ik}|w_k \sim Bernoulli(w_k \psi_k)$
 - 3. Observation process (detection): $ysum_{ik}|z_{ik} \sim Binomial(J_i, z_{ik}p_k)$
 - 4. Models of species heterogeneity: $logit(\psi_k) \sim Normal(\mu_{lpsi}, \sigma_{lpsi}^2)$

$$logit(p_k) \sim Normal(\mu_{lp}, \sigma_{lp}^2)$$

MODELOS DE COMUNIDADES con COVARIABLES

Modelo de presencia-ausencia y probabilidad de ocupación de la especie k en el sitio i

```
z_{ik} \sim Bernoulli(\psi_{ik})

logit(\psi_{ik}) = beta0_k + beta1_k * habitat_i

beta0_k \sim Normal(logit(mean.psi), sig.lpsi^2)

beta1_k \sim Normal(mu.beta.lpsi, sig.beta.lpsi^2)
```

```
# True presence/absence

# Occupancy probability affected by habitat

# Species heterogeneity in the intercept

# Species heterogeneity in the slope
```

Detección-no detección (datos) y de especie k en el sitio i en la ocasión j

```
y_{ijk} \sim Bernoulli(z_{ik} * p_{ijk}) # Observed detection/nondetection data logit(p_{ijk}) = alpha0_k + alpha1_k * wind_{ij} # Detection probability affected by wind alpha0_k \sim Normal(logit(mean.p), sig.lp^2) # Species heterogeneity in the intercept alpha1_k \sim Normal(mu.beta.lp, sig.beta.lp^2) # Species heterogeneity in the slope
```

En este caso, las especies pueden responder individualmente (ocurrencia y detección) a las covariables, y también se puede modelar la media de la respuesta de la comunidad

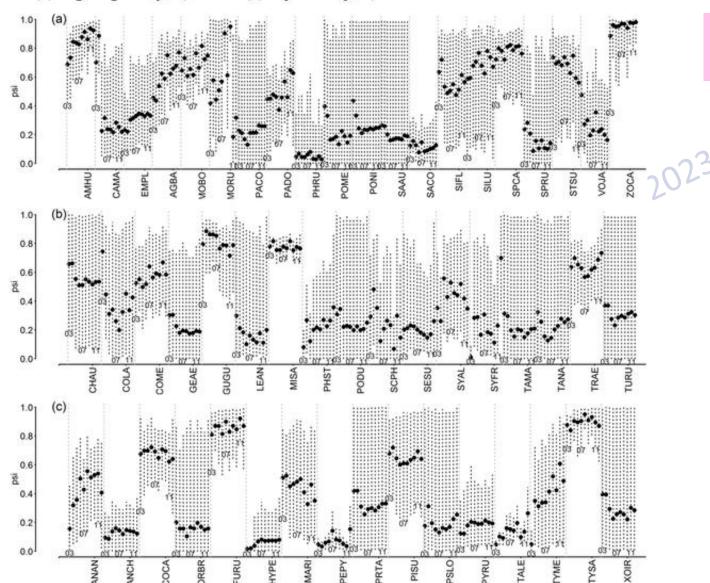
MODELOS DE COMUNIDADES con COVARIABLES

```
    Superpopulation process :

                                                     w_k \sim Bernoulli(\Omega)
2. State process (occurrence):
                                                    z_{ik}|w_k \sim Bernoulli(w_k \psi_k)
3. Observation process (detection):
                                                     y_{ijk}|z_{ik} \sim Bernoulli(z_{ik}p_{ijk})
                                                     logit(\psi_{ik}) = lpsi_k + betalpsi_k * elevation_i + ...
4. Models of species heterogeneity:
                                                     logit(p_{ijk}) = lp_k + betalp_k * date_{ij} + ...
                                                     lpsi_k \sim Normal\left(\mu_{lpsi}, \sigma_{lpsi}^2\right)
with
                                                     betalpsi_k \sim Normal(\mu_{betalpsi}, \sigma_{betalpsi}^2)
                                                     lp_k \sim Normal(\mu_{lp}, \sigma_{lp}^2)
k especie
                                                     betalp_k \sim Normal(\mu_{betalp}, \sigma_{betalp}^2)
i sitio
```

j repetición

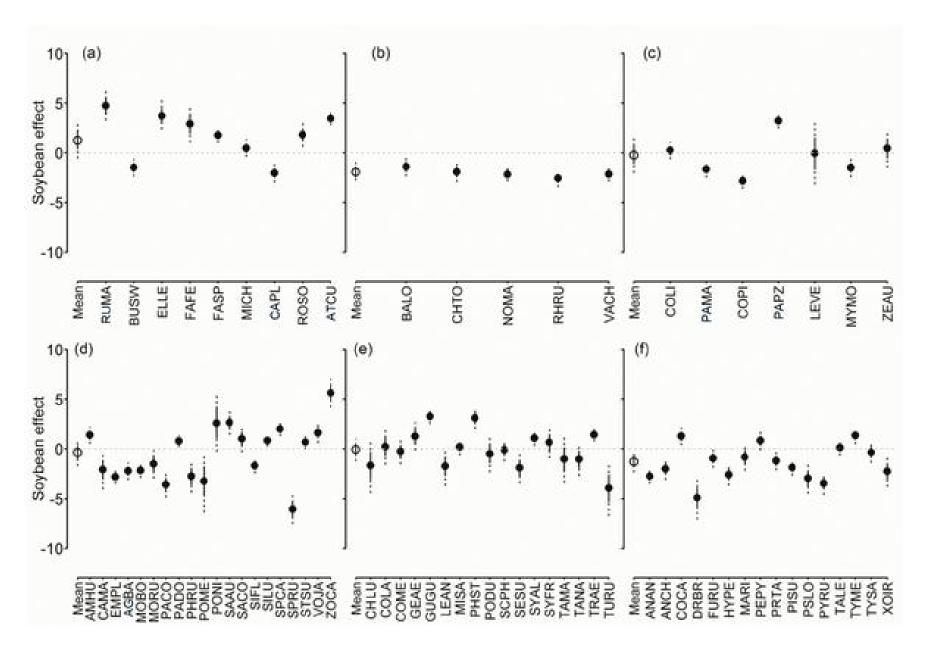
 $\begin{aligned} & \text{logit} \psi(j,i,t) = u(i,t) + a1(i) * lat(j,t) + a2(i) * long(j,t) + a3(i) * soy(j,t) + a4(i) * corn(j,t) + a5(i) * per_past(j,t) + a6(i) * forest(j,t) \end{aligned}$



Efectos en el tiempo (aleatorio)

(Goijman et al. 2015)

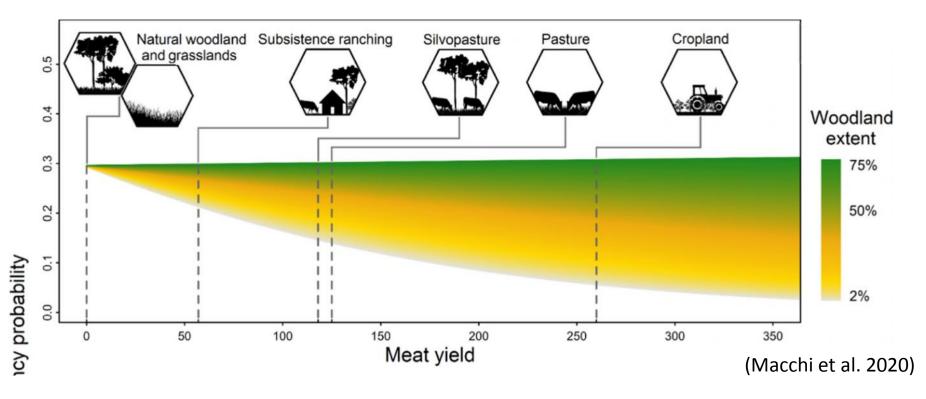
Mean occupancy (^ ±SD, 95% BCI) for the complete study area during 2003–2012, in the regional bird monitoring program in Argentina for mostly Passeriformes species.



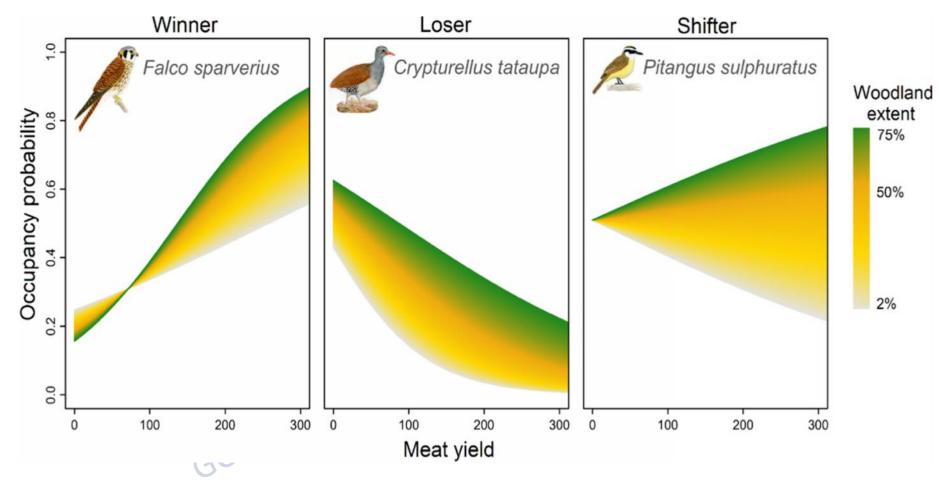
Soybean coefficients in the logit scale (^ ±SD, 95% BCI) on logit occupancy (logit _ ^) of each bird species in the regional bird monitoring program in Argentina, 2003–2012.

```
# Ecological model, process model (true occurrence at site i)
  for (i in 1:nsite) {
    logit(psi[k,i]) <- lpsi[k] + betalpsi1[k]*forest[i] +
    betalpsi2[k]*yield[i]+betalpsi3[k]*aridity[i] + betalpsi4[k]*forest[i]*yield[i]
    mu.psi[k.i]<-w[k]*psi[k.i]
    z[i.k] ~ dbern(mu.psi[k.i])</pre>
```

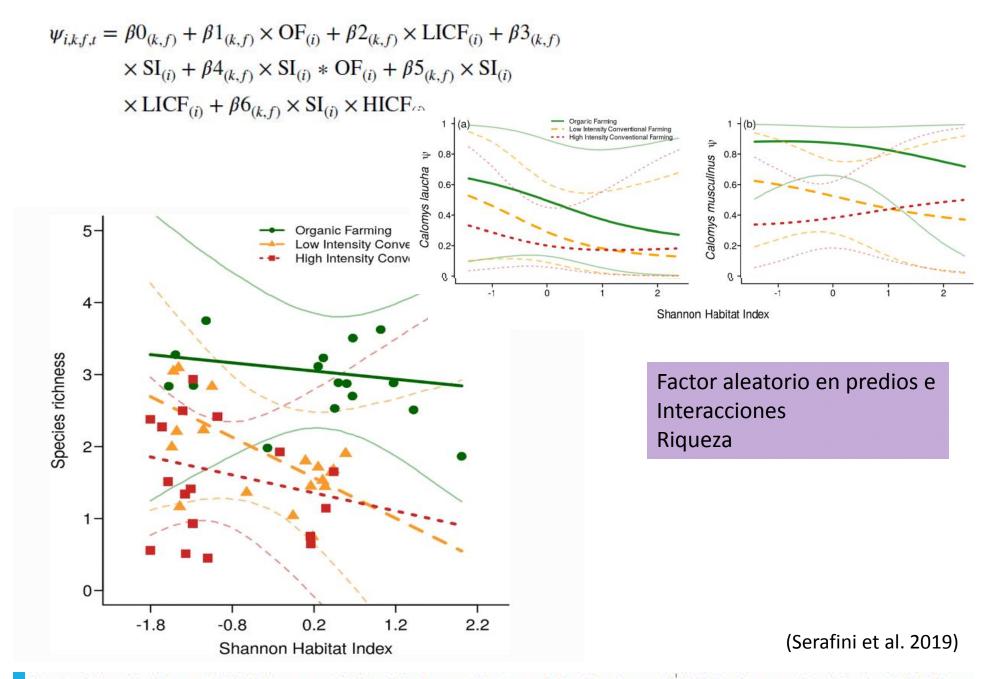
DA Interacciones



Community-level occupancy along the agricultural intensity gradient. Average response of the avian community to increasing agricultural intensity (left: low; right: high). Agricultural intensity was measured in meat (kg/ha*year, top panel), energy (GJ/ha*year, bottom-left panel) and profit (USD/ha*year, bottom-right panel). The colour gradient shows how this response varies with changes in woodland extent in a 10-km buffer around the sampling site. Icons and vertical grey lines indicate average yields for specific land systems found in the study region

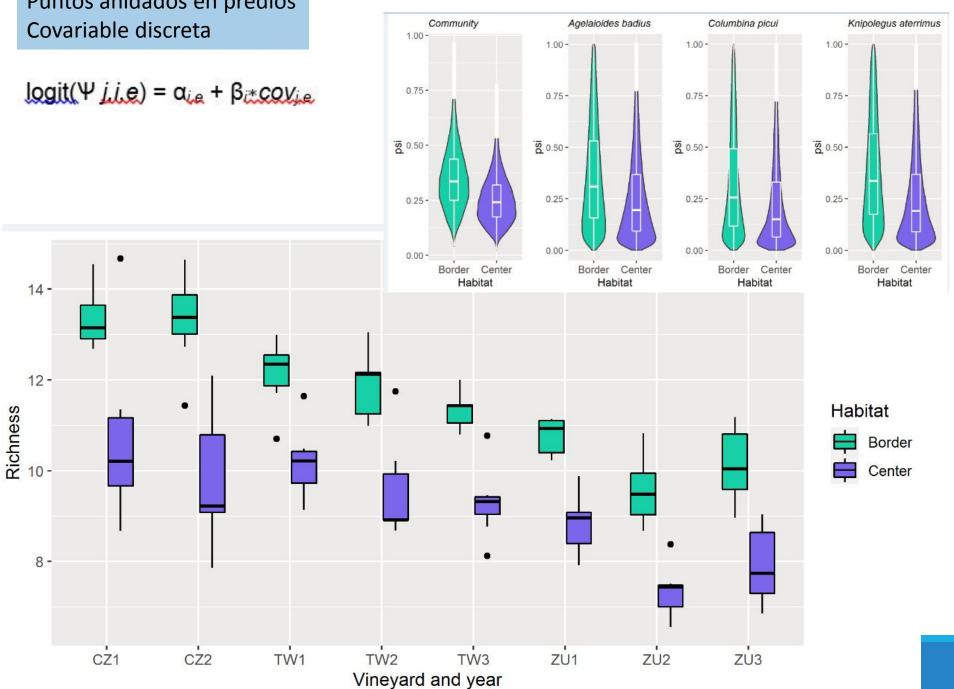


Individual species' responses to agricultural intensity, depending on woodland extent in the landscape. Left: winner species have consistently increasing occupancy as agricultural intensity increases (example: American Kestrel). Note the beneficial effect of woodland extent where agricultural intensification is higher (green colour vs. yellow colour). Middle: loser species are consistently negatively impacted by agricultural intensification, but this effect is weaker in landscapes with more woodland (example: Tataupa Tinamou). Right: shifter species respond either negatively to agricultural intensity where woodland extent is low (yellow colour) or benefit from agricultural intensification where woodland extent is high (example: Great Kiskadee)



Species richness for Shannon habitat index range at different farming practices (organic farming, low- and high-intensity conventional farming). Thick lines: predicted species richness, thin lines: 95% CRI

Puntos anidados en predios



$$\operatorname{logit} \Psi_{j,i,e} = \beta 0_{i,e} + \beta 1_i * \operatorname{cov} 1_{j,e} + \beta 2_i * \operatorname{cov} 2_{j,e} + \beta 3_i * \operatorname{cov} 1_{j,e} * \operatorname{cov} 2_{j,e}$$

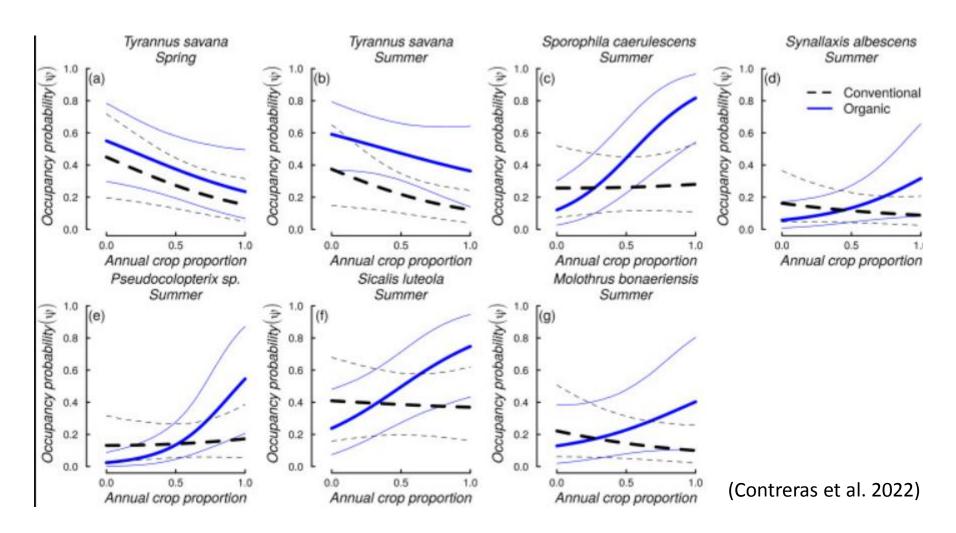


Fig. 2. Occupancy probabilities and annual crop proportion for each insectivore species and farming practice (organic farming and conventional farming). Thick lines: predicted occupancy probabilities, thin lines: 95% CRI.

REFERENCIAS

Contreras, F., Goijman, A.P., Coda, J.A., Serafini, V.N., Priotto, J.W., 2022. Bird occupancy in intensively managed agroecosystems under large-scale organic and conventional farming in Argentina: A multi-species approach. Sci. Total Environ. 805, 150301. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150301

Dorazio, R.M., Royle, J.A., 2005. Estimating Size and Composition of Biological Communities by Modeling the Occurrence of Species. J.Am. Stat. Assoc. 100, 389–398.

Goijman, A.P., Conroy, Michael J., Bernardos, J.N., Zaccagnini, M.E., 2015. Multi-Season Regional Analysis of Multi-Species Occupancy: Implications for Bird Conservation in Agricultural Lands in East-Central Argentina. PLOS ONE 10, e0130874. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0130874

Macchi, L., Decarre, J., Goijman, A.P., Mastrangelo, M., Blendinger, P.G., Gavier-Pizarro, G.I., Murray, F., Piquer-Rodriguez, M., Semper-Pascual, A., Kuemmerle, T., 2020. Trade-offs between biodiversity and agriculture are moving targets in dynamic landscapes. J. Appl. Ecol. 57, 2054–2063. https://doi.org/10.1171/1365-2664.13699

Serafini, V.N., Coda, J.A., Contreras, F., Conroy, M.J., Gomez, M.D., Priotto, J.W., 2019. The landscape complexity relevance to farming effect assessment on small mammal occupancy in Argentinian farmlands. Oecologia 191, 995–1002. https://doi.org/10.1007/s00442-019-04545-3

Kery, M., J. Royle, A. 2016. Applied hierarchical modeling in ecology. Modeling distribution, abundance and species richness using R and BUGS. Volume 1: Prelude and Static models. Academic Press.