

Foto-trampeo R: Vol.II

Análisis de ocupación y captura-recaptura

Versión: 2020-04-10 17:40:09

Índice general

1. Modelo de ocupación condicional RW para interacción de dos especies: wqid y RPresence	5
<i>Gabriel Andrade-Ponce</i>	5
1.1. Introducción	5
1.2. Base conceptual	6
1.3. Paquetería	8
1.4. Preparación de los datos	9
1.4.1. Uso de covariables	9
1.4.2. Tratamiento de covariables	10
1.4.3. Cargar las historias de detección	10
1.5. Construcción de los modelos	11
1.5.1. Generar el <code>dataframe</code> de RPresence	11
1.5.2. Ajustar los modelos	12
1.6. Sumario	25
1.7. Referencias	26

Capítulo 1

Modelo de ocupación condicional RW para interacción de dos especies: wqid y RPresence

Gabriel Andrade-Ponce

1.1. Introducción

El estudio de la relación en la ocurrencia de múltiples especies con datos de detección y no detección ha sido un tema recurrente en la ecología. Sin embargo, los métodos clásicos asumen que cuando una

¹©Mandujano, S. (Ed.). 2020 *Fototrampeo en R: Análisis de ocupación y captura-recaptura. Volumen II. Instituto de Ecología A.C., Xalapa, Ver., México.*

especie no es detectada quiere decir que esta ausente. Lo anterior supone un problema ya que en muchas ocasiones la no detección de una especie no es un reflejo de su ausencia, si no de una detección imperfecta, lo que ocasiona errores en las conclusiones o inferencias de nuestros resultados (MacKenzie et al. 2004).

El primer modelo estadístico que formalmente corrige la detección imperfecta de las especies para analizar sus patrones de co-ocurrencia espacial fue desarrollado por MacKenzie et al. (2004). No obstante, este modelo presenta problemas de convergencia numérica cuando hay pocos datos y se utilizan covariables. Debido a los problemas de convergencia, posteriormente varios autores desarrollaron una re-parametrización del modelo básico de co-ocurrencia, construyendo modelos condicionales, es decir que asumen *a priori* que una especie es dominante frente a otra (Richmond et al. 2010, Waddle et al. 2010), y modelos no condicionales los cuales no asumen dominancia (Rota et al. 2016).

En este capítulo se explora el modelo desarrollado por Richmond et al. (2010). Sin embargo, debido a sus similitudes con la reparametrización propuesta por Waddle et al. (2010) el mismo año y de manera independiente, de aquí en adelante llamaremos al modelo: modelo RW o parametrización RW (MacKenzie et al. 2018). La reparametrización RW se caracteriza por calcular la ocupación y detección de una especie subordinada, condicionada a la ocupación y detección de una especie dominante, asumiendo *a priori* la dominancia de una sobre la otra. Adicionalmente, este modelo incluye un factor de interacción de especies (FIE o en ingles *species interaction factor* SIF) el cual se interpreta como la probabilidad de que las especies co-ocurran mas o menos de lo esperado bajo una hipótesis de independencia.

1.2. Base conceptual

Al igual que los modelos de ocupación de una especie y una temporada, el modelo RW presenta un componente ecológico (ψ) y uno observacional (p), sin embargo el modelo estima los parámetros de

ocupación de dos especies de manera simultanea.

En este caso la probabilidad de ocupación de la especie A (dominante) se calcula de forma independiente, y la probabilidad de ocupación de la especie B (subordinada) se calcula de forma condicional, ambas siguiendo una distribución de probabilidad *Bernoulli*:

$$Z_{Ai} \sim \text{Bernoulli}(\psi_A)$$

$$Z_{Bi} \sim \text{Bernoulli}(\psi_{Bai} * (1 - \psi_A) + \psi_{BA} * \psi_A)$$

Donde ψ_A es la probabilidad de que la especie A ocurra en el sitio i , ψ_{BA} la probabilidad de ocupación de la especie B dado que la especie A esté presente, y ψ_{Ba} es la probabilidad de ocupación de la especie B dado que A esté ausente.

Por otro lado, la función de probabilidad de la detección de las dos especies varía si solo una de ellas o ambas están presentes en cada unidad, y en estos casos se definen los parámetros de p y r respectivamente. Cuando ambas especies están presentes se utiliza la parametrización condicional-binomial para el proceso de detección (MacKenzie et al. 2018). Lo anterior permite que la probabilidad de la detección de una especie varíe si la otra especie ocupa o no el sitio, es decir bajo la hipótesis de que la presencia de una especie A, puede influir sobre la detección de una especie B.

De esta manera obtenemos todos los parámetros listados en la tabla 1.2

parámetros	descripción
ψ_A	Prob. ocupación A
ψ_{BA}	Prob. ocupación B dado A presente
ψ_{Ba}	Prob. ocupación B dado A ausente
p_A	Prob. detección A solo A esté presente
p_B	Prob. detección B dado solo B esté presente
r_A	Prob. detección A dado AB presentes
r_{BA}	Prob. detección B dado AB presentes y A detectada
r_{Ba}	Prob. detección B dado AB presentes y A no detectada

Richmond et al (2010).

Adicionalmente, podemos calcular parámetros derivados como el factor de interacción de especies o (FIE) (Richmond et al. 2010).

$$\phi = \frac{\psi_A \psi_B}{\psi_A(\psi_A \psi_{BA} + (1 - \psi_A)\psi_{Ba})}$$

En donde ϕ es la relación de cuanto las especies tienden a co-ocurrir en una unidad comparada con la hipótesis nula de que ambas ocurren de manera independiente. Valores de $\phi < 1$ indican que las especies co-ocurren menos de lo esperado (exclusión o evasión), valores de $\phi > 1$ sugieren que ambas especies tienden a co-ocurrir mas de lo esperado, y si $\phi = 1$ quiere decir que la ocupación de ambas especies es independiente o aleatoria.

Alternativamente también es posible cuantificar el nivel de dependencia en términos de la razón de cambio de las probabilidad de ocupación y detección de la especie subordinada (MacKenzie et al. 2018). Así tenemos el parámetro ν para la ocupación que se estima así:

$$\nu = \frac{\psi_{BA}/(1 - \psi_{BA})}{\psi_{Ba}/(1 - \psi_{Ba})}$$

Y ρ en el caso de la detección, estimada a partir de la siguiente ecuación

$$\rho = \frac{r_{BA}/(1 - r_{BA})}{r_{Ba}/(1 - r_{Ba})}$$

Nota: tanto ν como ρ pueden ser estimadas directamente, pero dicha funcionalidad solo esta disponible en el software **Presence**

1.3. Paquetería

La reparametrización RW esta disponible en dos paqueterías **RPresence** y **wqid**. Por un lado la paquetería **RPresence** es una in-

terface para R de la mayoría de los modelos de ocupación disponibles en el programa **PRESENCE**, y solo esta disponible para descarga en el sitio: <https://www.mbr-pwrc.usgs.gov/software/presence.html>, por lo cual su instalación se realiza de manera manual. Por otro lado, la paquetería **wiqid** esta enfocada en el uso de modelos para estimar parámetros poblacionales de manera simple y rápida, y esta disponible en el repositorio CRAN <https://CRAN.R-project.org/package=wiqid>.

1.4. Preparación de los datos

1.4.1. Uso de covariables

De manera similar a otros modelos de interacción, el modelo RW permite la inclusión de covariables que influyan sobre cada uno de los parámetros de interés (ψ, p, r) . No obstante, debido a la cantidad de parámetros del modelo el uso de muchas covariables dificulta la construcción de los mismos, así como su optimización y posterior interpretación.

Al igual que en un modelo de ocupación de una especie, es recomendable utilizar covariables siguiendo una hipótesis biológica plausible, es decir que dada la biología o ecología de las especies definimos las variables que puedan influir de manera importante sobre el parámetro ecológico de la especie. Así mismo, utilizar covariables que puedan influir en la probabilidad de detección de una especie y por ende en el componente observacional del modelo (tipo de cámara trampa, cebo utilizado, patrones de forrajeo, etc.).

Una manera de seleccionar variables importantes, es ajustar previamente modelos de ocupación de una especie para determinar aquellas covariables relevantes para la especie y de tal manera solo incluir estas en el modelo de interacción. De igual forma, dependiendo de la pregunta de investigación también es posible probar alguna covariable de interés, por ejemplo: queremos saber ¿cómo el grado de disturbio afecta la co-ocurrencia de las especies?, por lo cual

utilizaríamos la covariable de índice de disturbio para modelar los parámetros.

1.4.2. Tratamiento de covariables

El tratamiento de las covariables es el mismo de un modelo de ocupación para una especie y una temporada, por lo tanto podemos seguir la guía del Capítulo 8:

1. Cargar los datos
2. Revisar su estructura
3. Estandarizar variables
4. Analizar posible correlación entre las variables

1.4.3. Cargar las historias de detección

Las historias de detección utilizadas provienen de registros de la zorra gris *Urocyon cinereoargenteus* y el gato montés *Lynx rufus* obtenidos a partir de información de foto trampeo en la localidad de San Gabriel Casa Blanca, Oaxaca y extraídas mediante **camtrapR** siguiendo la metodología utilizada en el Capítulo 3 del Volumen I de *Fototrampeo en R*. En los modelos de co-ocurrencia las historias de detección de todas las especies deben tener las mismas dimensiones, es decir el mismo número de sitios y ocasiones de muestreo.

El funcionamiento de **wqid** es muy sencillo y solo necesitamos cargar nuestras historias de detección por separado creando un objeto para cada archivo **.csv**.

```
#Datos de zorra gris:
Urci <- read.csv("Fox.hist5.csv")
# Datos de lince:
Lyru <- read.csv("Lynx.hist5.csv")
```

Por otro lado, **RPresence** requiere un formato especial y es necesario unir las historias de detección en una sola matriz, donde la primera

mitad de los sitios pertenecen a la especie A y la segunda mitad a la especie B. En este ejemplo tenemos 66 sitios de muestreo, por lo cual la matriz debe tener total de 132 filas (sitios), siendo las primeras 66 la historia de detección del lince y las otras 66 la historia de detección de la zorra gris. Posteriormente mediante un código creamos una versión colapsada de los datos ya que así lo requiere la función. Así, por cada sitio y muestreo: 0 = a ninguna especie detectada, 1 = especie A detectada, 2 = especie B detectada y 3 = ambas especies detectadas.

```
#Datos de las dos especies
twosphist <- (read.csv("lynx_foxRW.csv"))[, -1]
#Colapso
nsites <- nrow(twosphist)/2
nsrvys <- ncol(twosphist)
cov1=cov2=NULL
datos=twosphist[1:nsites,]+2*twosphist[nsites+1:nsites,]
```

1.5. Construcción de los modelos

1.5.1. Generar el dataframe de *RPresence*

Ahora creamos el objeto `.pao`, que es el marco de datos con el que trabaja *RPresence* y *PRESENCE*. Para ello cargaremos la librería y utilizaremos la función `createPao()` que requiere objeto de historias de detección, covariables de sitio y covariables de muestreo. En este ejemplo no tenemos covariables por lo cual solo agregaremos los datos de historias colapsadas.

```
library(RPresence)
pao <- createPao(datos, unitcov = NULL, survcov = NULL,
  title = "Lynx-fox")
```

```
## paoname.pres.pao
## 1 title=Lynx-fox
## 2 Naive occ=0.6060606
## 3 naiveR =0.4545455
```

```
## 4 nunits nsurveys nseasons nsurveyseason nmethods
nunitcov
## 5 66 36 1 36 1 1
## 6 nsurvcov
## 7 1
## 8 unit covariates : TEMP
## 9 survey covariates: SURVEY
## 10 NULL
```

Adicionalmente, utilizamos la función `summary()` para verificar que todos los datos estén bien.

1.5.2. Ajustar los modelos

Ahora podemos empezar a ajustar nuestros modelos. Lo primero que tenemos que considerar es que vamos a modelar teniendo en cuenta posibles hipótesis de interacción entre las especies seleccionadas, en ese sentido el modelo RW puede contestar las siguientes preguntas:

- 1) ¿La ocupación de una especie depende de la otra?
- 2) ¿La detección de ambas especies difiere si la otra especie esta presente?
- 3) ¿La probabilidad de detección de una especie depende de la detección de la otra especie, cuando ambas especies estuvieron presentes?

Para responder a esas preguntas vamos a generar una serie de modelos cambiando los parámetros de la Tabla ??.

Comencemos cargando la librería de `wqid` y generando el modelo más simple, es decir sin interacción. Vamos a utilizar la función `occ2sps()` cuya sintaxis es muy simple; en este caso solo necesitamos poner la historia de captura de la especie dominante (lince) y la especie subordinada (zorra gris) respetando ese orden.

```
library(wqid)
#psiA, psiBa, pA, pB
(m1 <- occ2sps(Lyru, Urci))
```

```
## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values (duplicates omitted):
## est lowCI uppCI
## psiA 0.46199 0.29963 0.6328
## psiBa 0.48011 0.35751 0.6052
## pA 0.07644 0.05238 0.1102
## pB 0.20244 0.17042 0.2388
##
## AIC: 1024.541
```

El objeto `m1` es una lista compleja de la cual nos interesa el objeto *real* que corresponde a los valores de estimados reales (ya transformados) de cada uno de los parámetros estimados. Precisamente estos valores son los que visualizamos en el código y en este caso se asume que `\psiBA = \psiBa` es decir que la probabilidad de ocupación de la especie *B* es igual esté o no presente la especie *A*, lo cual simplemente interpretamos como ψ_B .

Si queremos observar los betas del modelo simplemente lo llamamos del objeto creado. Hay que tener en cuenta que la salida nos va a mostrar todos los parámetros del modelo RW, pero como en este caso no hay interacciones entonces: $\psi_{Ba} = \psi_{BA}$, $p_A = r_A$, $p_B = r_{Ba}$, $= r_{BA}$

```
m1$beta
```

```
##          est          SE      lowCI      uppCI
## psiA -0.15232680 0.3554932 -0.8490806  0.5444270
## psiBa -0.07958452 0.2584832 -0.5862022  0.4270332
## psiBA -0.07958452 0.2584832 -0.5862022  0.4270332
## pA    -2.49177944 0.2058997 -2.8953354 -2.0882234
## pB    -1.37109766 0.1079463 -1.5826686 -1.1595267
## rA    -2.49177944 0.2058997 -2.8953354 -2.0882234
## rBa   -1.37109766 0.1079463 -1.5826686 -1.1595267
## rBA   -1.37109766 0.1079463 -1.5826686 -1.1595267
```

Empecemos a variar las interacciones espaciales de las especies, es decir su componente ecológico.

En este caso la sintaxis de la función cambia ligeramente ya que va-

mos a especificar los parámetros del modelo y decirle que diferencie ψ_{BA} de ψ_{Ba} . De manera que bajo una hipótesis de segregación esperaríamos $\psi_{BA} < \psi_{Ba}$, como:

```
#psiA, psiBA, psiBa, pA=rA, pB=rBA=rBa
(m2 <- occ2sps(Lyru, Urci, model = list(psiBA ~ 1)))

## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values (duplicates omitted):
## est lowCI uppCI
## psiA 0.4589 0.29810 0.6288
## psiBa 0.4224 0.24929 0.6169
## psiBA 0.5472 0.33861 0.7405
## pA 0.0767 0.05259 0.1106
## pB 0.2026 0.17055 0.2388
##
## AIC: 1025.949
```

En este modelo observamos que la probabilidad ocupación de la zorra gris es ligeramente mayor en presencia del lince.

Continuemos modelando, pero ahora vamos a investigar la relación en la detección condicionada a la presencia de ambas especies. En este caso le indicamos al modelo que p_A y p_B son diferentes de r_A y r_{BA} respectivamente. De nuevo bajo una hipótesis de segregación esperamos que $p_A, p_B > r_A, r_{BA}$, como:

```
#psiA, psiBA=psiBa, pA, pB, rA, rBA=rBa
(m3 <- occ2sps(Lyru, Urci, model = list(rA~ 1, rBa~ 1)))

## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values (duplicates omitted):
## est lowCI uppCI
## psiA 0.55664 0.39098 0.71059
## psiBa 0.57009 0.40148 0.72386
## pA 0.05095 0.02752 0.09241
## pB 0.04813 0.02356 0.09579
## rA 0.07479 0.05130 0.10782
## rBa 0.28104 0.23509 0.33206
```

```
##
## AIC: 999.5014
#psiA, psiBA, psiBa, pA, pB, rA, rBA=rBa
(m4 <- occ2sps(Lyru, Urci, model = list(psiBA ~ 1, rA~ 1,
                                         rBa~ 1)))

## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values (duplicates omitted):
## est lowCI uppCI
## psiA 0.58273 0.37282 0.76641
## psiBa 0.71177 0.12867 0.97636
## psiBA 0.52946 0.31544 0.73318
## pA 0.04655 0.02227 0.09472
## pB 0.04251 0.01717 0.10141
## rA 0.07481 0.05134 0.10779
## rBa 0.28136 0.23549 0.33227
##
## AIC: 1001.146
```

Como se puede observar en el modelo `m3` si hay cambios en la probabilidad de detectar cada especie con y sin la presencia de la otra. Véase también que el modelo `m4` es igual al anterior, solo que modelamos al mismo tiempo la interacción en la ocupación de las especies (para visualizarlo basta con correr el objeto `m4`).

Por último vamos a analizar como la presencia o ausencia del Lince afecta la detección de la zorra gris en un determinado muestreo. En este caso le indicamos al modelo que rBA y rBa son diferentes. En ese sentido bajo la hipótesis de segregación esperaríamos que $rBa > rBA$, como:

```
#psiA, psiBA=psiBa, pA, pB, rA, rBA, rBa
(m5 <- occ2sps(Lyru, Urci, model = list(rA~ 1, rBA~ 1,
                                         rBa~ 1)))

## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values (duplicates omitted):
## est lowCI uppCI
```

```
## psiA 0.55495 0.38993 0.70869
## psiBa 0.56936 0.40109 0.72300
## pA 0.05097 0.02756 0.09241
## pB 0.04855 0.02386 0.09628
## rA 0.07509 0.05153 0.10817
## rBa 0.28957 0.24122 0.34323
## rBA 0.18416 0.07875 0.37347
##
## AIC: 1000.019

#psiA, psiBA, psiBa, pA, pB, rA, rBA, rBa
(m6 <- occ2sps(Lyru, Urci, model = list(psiBA~1, rA~ 1, rBA~ 1,
rBa~ 1)))

## Call: occ2sps0(DHA = DHA, DHB = DHB, modPars = modPars,
ci = ci)
##
## Real values:
## est lowCI uppCI
## psiA 0.58120 0.37181 0.7649
## psiBa 0.70991 0.13261 0.9751
## psiBA 0.52839 0.31453 0.7323
## pA 0.04656 0.02229 0.0947
## pB 0.04292 0.01745 0.1017
## rA 0.07509 0.05156 0.1081
## rBa 0.28989 0.24163 0.3434
## rBA 0.18425 0.07879 0.3736
##
## AIC: 1001.659
```

Y así sucesivamente teniendo en cuenta cuales interacciones nos interesa analizar en nuestro estudio o pregunta de investigación.

Por el momento nos quedamos con los modelos construidos y vamos a proceder a escoger el mejor o los mejores modelos mediante el criterio de información de Akaike corregido para muestras pequeñas (AICc).

```
lista <- AICc(m1,m2,m3,m4,m5,m6)
row.names(lista)<- c("PsiA, PsiBA=PsiBa, pA=rA, pB=rB",
"PsiA, PsiBA, PsiBa, pA=rA, pB=rB",
"PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rB",
"PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rB",
```



```
"PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA",
"PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA")

AICtable(lista)

## df AICc Delta Modellik
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rB 6 1000.925 0.000 1.000
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA 7 1001.950 1.025
0.599
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rB 7 1003.077 2.152
0.341
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA 8 1004.185
3.260 0.196
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA=rA, pB=rB 4 1025.196 24.271 0.000
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA=rA, pB=rB 5 1026.949 26.024 0.000
## ModelWt
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rB 0.468
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA 0.280
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rB 0.160
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rBa, rBA 0.092
## PsiA, PsiBA=PsiBa, pA=rA, pB=rB 0.000
## PsiA, PsiBA, PsiBa, pA=rA, pB=rB 0.000
```

Según la la regla de $\Delta < 2$ tanto **m3** como **m5** son igualmente plausibles. ¿Que tienen en común estos dos modelos?. Ambos modelos asumen que $p \neq r$ y según los valores estimados, la probabilidad de detectar una zorra gris cuando no es detectado el lince ($r_{Ba} = 0.28$) es mayor que cuando el lince es detectado en el mismo muestreo ($r_{BA} = 0.18$).

Analicemos gráficamente nuestros resultados de los modelos:

```
best_mod1 <- data.frame(m3$real)
best_mod2 <- data.frame(m5$real)
```

Como se observa en la Figura 1.1 en ambos modelos (**m3a** la izquierda y **m5** a la derecha de la gráfica) la probabilidad de detectar a las especies es mayor en presencia de la otra es decir $p < r$, sin embargo en **m5** se puede observar que la probabilidad de detectar a una zorra gris es mayor cuando en la misma ocasión de muestreo no es detectado el lince, no obstante las barras de error muestran que

Valores estimados para los parámetros de los modelos m3 y m5

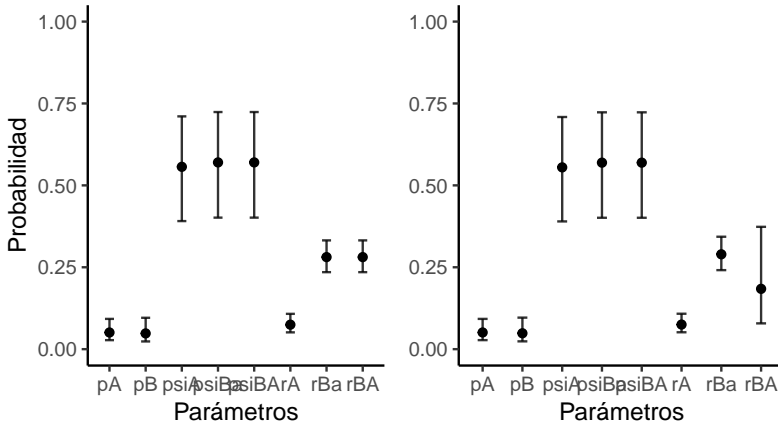


Figura 1.1: Probabilidad de ocupación y detección condicionada del lince y la zorra gris.

rBA también puede tomar valores parecidos a rBa . Otro patrón interesante es que las zorras grises presentan una mayor probabilidad de detección cuando el lince está presente $pB < rBa, rBA$, pero la detección del lince es muy similar en presencia o ausencia de zorra $pA = rA$.

En este momento podríamos calcular un FIE siguiendo la fórmula, para lo cual vamos a extraer los valores reales de nuestro mejor modelo.

```
#Parámetros reales
psiA <- m3$real[1,1]
psiBa <- m3$real[2,1]
psiBA <- m3$real[3,1]

#Factor de interacción de especies
(FIE <- (psiA*psiBA)/(psiA*(psiA*psiBA+(1-psiA)*psiBa)))
```

```
## [1] 1
```

Debido a que en los mejores modelos no se registró interacciones en los parámetros de ocupación de las especies, era de esperarse que el resultado del FIE fuera igual a 1, es decir que no hay ningún patrón evidente en la interacción espacial de ambas especies.

Si embargo, en el modelo `m5` si presentó interacciones en la detección de las especies estudiadas y podemos evaluar dicha interacción con un factor de interacción de especies siguiendo la misma lógica que en el caso de la ocupación.

```
rBa <- m5$real[7,1]
rBA <- m5$real[8,1]
(rho <- (rBa/(1-rBa))/(rBa/(1-rBa)))

## [1] 0.5538039
```

El valor de ρ o ρ se interpreta igual que el SIE, es decir que al tener $\rho < 1$ indica que la zorra gris tiene menor probabilidad de ser detectada si los lince son detectados en la misma historia de detección.

1.5.2.1. Modelo RW en *RPresence*

A continuación vamos a realizar el mismo ejercicio que hicimos en *wiqid*, pero esta vez mediante el paquete *RPresence*. La sintaxis de este paquete difiere notoriamente del anterior, especialmente al momento de modelar los parámetros. En este caso tenemos que especificarle varios argumentos a la función. 1) Los parámetros de la ocupación y la detección: Para las interacciones en la ocupación se utilizan los siguientes términos:

SP quiere decir que no hay interacción en la ocupación de las especies
INT Interacción den la ocupación de ambas especies

Para las interacciones en la detección de las especies:

SP No hay interacción en la detección de las especies

INT_o Interacción de la ocupación en la detección

INT_d Interacción de la detección de una especie sobre la detección de la otra

SP:INT_d efecto de la ocupación y detección sobre la detección de las especies

2) Los datos que corresponden al objeto .pao que creamos anteriormente.

- 3) El tipo de modelo; ya que la función `occMod` sirve para ajustar diversos tipos de modelos de ocupación, especificamos en la función que queremos ajustar el modelo de ocupación estático para dos especies `so.2sp.1`.
- 4) El tipo de parametrización: Tenemos la opción de ajustar el modelo RW (`so.2sp.1`) y la reparametrización “nu” (`so.2sp.2`), esta última se puede consultar en MacKenzie et al. (2018).

Vamos a construir el modelo más simple es decir con las misma parametrización de `m1`

```
m1P <- occMod(model = list(psi=SP, p=SP), data = pao,
  type = "so.2sp.1", param = "PsiBA", modname = "PsiA,
  PsiBA=PsiBa, pA=rA, pB=rB")
```

`m1P` es una lista de 12 objetos de los cuales vamos a explorar los que más interesan para este ejercicio

Comencemos con la matriz de diseño.

```
m1P$dmatrix$psi
```

```
##      a1..a2
## 1 psiA  1 0
## 2 psiBA 1 1
## 3 psiBa 1 1
```

La matriz de diseño es un punto importante en `RPresence` por que nos ayuda a saber realmente que estamos haciendo. En este ejemplo vemos la matriz para el componente de ocupación, en la primera columna están los parámetros y en las siguiente tenemos los “betas” que son `a1` y `a2`. El primer parámetro `a1` es el intercepto (la pendiente de `psiA`) y el segundo parámetro `a2` es la diferencia entre `\psiBA` = `\psiBa` y `\psiA`, esto debido a que tanto `psiBA` y `psiBa` poseen

un “1”. También podemos ver los betas de la detección si llamamos `m1P$dmatrix` y siguen la misma lógica de la matriz de la ocupación.

Veamos el valor estimado para los betas

```
m1P$beta$psi
```

```
##                est.se
## 1 A1_psiA -0.152381 0.355451
## 2 A2_psiBA 0.072855 0.439491
```

Aquí tenemos los valores de los beta de `a1` y `a2`. En nuestro ejemplo el beta de `a2` es positivo por lo cual $\psi_A < \psi_B$ en 0.07 unidades. Lo mismo podemos hacer con la matriz de la detección. Cuando tenemos covariables y los parámetros de interacción, interpretar la matriz se hace un poco más complicado, pero solamente hay que seguir la misma lógica del modelo más sencillo.

Finalmente veamos los valores reales y los parámetros derivados:

```
# Valores reales para PsiA
head(m1P$real$psiA)
```

```
##          est      se lower upper
## unit1 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
## unit2 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
## unit3 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
## unit4 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
## unit5 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
## unit6 0.462 0.0883 0.2996 0.6328
```

Aquí hay otra diferencia de la salida de *RPresence* en comparación con otros paquetes, ya que éste estima los valores reales para cada sitio y no un promedio. En el código utilizamos la función `head()` para ver los primeros valores estimados, pero en total son 66 filas (debido a los 66 sitios de muestreo). Notese también que el valor se repite para cada sitio y esto sucede por que no tenemos covariables por lo cual se asume que el valor no cambia de sitio a sitio. Para ver los valores de todos los parámetros ejecutamos `m1P$real`.

Lo mismo sucede para los parámetros derivados

```
head(m1P$derived$nu)
```

```
##      est se lower upper
## unit1  1  0      1      1
## unit2  1  0      1      1
## unit3  1  0      1      1
## unit4  1  0      1      1
## unit5  1  0      1      1
## unit6  1  0      1      1
```

En este caso 1 quiere decir que las especies ocurren de manera independiente.

Ahora generemos los otros modelos

```
m2P <- occMod(model = list(psi ~ SP + INT, p ~ SP),
  data = pao, type = "so.2sp.1", param = "PsiBA",
  modname = "PsiA, PsiBA, PsiBa, pA=rA, pB=rB")

m3P <- occMod(model = list(psi ~ SP, p ~ SP + INT_o +
  SP:INT_o), data = pao, type = "so.2sp.1",
  param = "PsiBA", modname = "PsiA, PsiBA=PsiBa, pA,
  rA, pB, rB")

m4P <- occMod(model = list(psi ~ SP + INT,
  p ~ SP + INT_o + SP:INT_o), data = pao,
  type = "so.2sp.1", param = "PsiBA",
  modname = "PsiA, PsiBA, PsiBa, pA, rA, pB, rB")

m5P <- occMod(model = list(psi ~ SP, p ~ SP + INT_d +
  INT_o + SP:INT_o), data = pao, type = "so.2sp.1",
  param = "PsiBA", modname = "PsiA, PsiBA=PsiBa, pA,
  rA, pB, rBa, rBA")

m6P <- occMod(model = list(psi ~ SP + INT, p ~ SP +
  INT_d + INT_o + SP:INT_o),
  data = pao, type = "so.2sp.1",
  param = "PsiBA", modname = "PsiA, PsiBA, PsiBa, pA,
  rA, pB, rBa, rBA")
```

Antes de seguir con la moderación veamos como cambia la matriz de diseño para el modelo m2P

```
m2P$dmatrix$psi
```

```
##      a1 a2 a3
## psiA   1  0  0
## psiBA  1  1  0
## psiBa  1  1  1
```

Como se puede observar ahora existe un parámetro a3 el cual indica que en este modelo consideramos la diferencia entre psiBA y psiBa.

Ahora vamos a escoger un modelo utilizando el criterio de información de Akaike corregido para muestras pequeñas (AICC)

```
models <- list(m1P, m2P, m3P, m4P, m5P, m6P)
results <- createAicTable(models, use.aicc = TRUE )
summary(results)
```

```
## Model DAIC wgt npar neg2ll warn.conv
## 1 PsiA,PsiBA=PsiBa,pA,rA,pB,rB 0.00 0.468 6 987.50 0
## 2 PsiA,PsiBA=PsiBa,pA,rA,pB,rBa,rBA 1.02 0.281 7 986.02
0
## 3 PsiA,PsiBA,PsiBa,pA,rA,pB,rB 2.15 0.160 7 987.15 0
## 4 PsiA,PsiBA,PsiBa,pA,rA,pB,rBa,rBA 3.26 0.092 8 985.66
0
## 5 PsiA,PsiBA=PsiBa,pA=rA,pB=rB 24.27 0.000 4 1016.54 0
## 6 PsiA,PsiBA,PsiBa,pA=rA,pB=rB 26.02 0.000 5 1015.95 0
## warn.VC
## 1 0
## 2 0
## 3 0
## 4 0
## 5 0
## 6 0
```

Como se puede observar obtuvimos los mismos resultados que con *wiqid*, pero a diferencia de ese paquete, *RPresence* es un poco menos intuitivo, sin embargo tiene la ventaja de calcular los valores reales de todos los parámetros, para cada sitio, lo cual puede ser una ventaja cuando se utilizan covariables y adicionalmente calcula

directamente los valores derivados de ν y ρ . Vamos a verlo para el modelo m5P

```
m5P$derived$nu[1,1]
```

```
## [1] 1
```

```
m5P$derived$rho[1,1]
```

```
## [1] 0.5538546
```

Como vemos obtenemos los mismos valores con las ecuaciones utilizadas anteriormente, pero de nuevo la ventaja de este paquete es el calculo de estos parámetros para cada sitio, solo que utilizamos el comando `[1,1]` para mostrar solo el primer resultado.

También podemos ver las razones de cambio en términos de los betas obtenidos de la matriz de diseño

```
m3P$beta$psi
```

```
##                               est.se
## 1  A1_psiA 0.227598 0.342068
## 2  A2_psiBA 0.054521 0.546204
```

A2es un valor positivo lo que indica que la probabilidad de ocupación de la especie B es mayor que la especie A en 0.054 veces.

```
m3P$beta$p
```

```
##               est      se
## B1_pA[1] -2.924741 0.325368
## B2_pB[1] -0.059719 0.546935
## B3_rA[1]  0.409461 0.383887
## B4_rBA[1] 1.635650 0.599890
```

En el caso de la detección tenemos a B2 que es la diferencia de la detección de la especie del Lince y la zorra es decir p_A y p_B , siendo un valor negativo indica que la detección del lince es mayor, cuando las dos especies están solas. Por su parte B3 hace referencia la diferencia de la detección de r_A y p_A , y como es un valor positivo, quiere decir que el lince es detectado con mayor probabilidad en sitios donde es detectada la zorra gris. Finalmente, B4 hace referencia a

la diferencia entre r_{BA} y p_B y como también es un valor positivo, quiere decir que tenemos una mayor probabilidad de detectar a la zorra gris en presencia de Lince. Si observáramos los betas de `m5P` tendríamos otro parámetro `B5` el cual sería la diferencia entre r_{BA} y r_{Ba} , el usuario curioso puede verificar la información en la matriz de diseño `m5P$dmatrix` y en los valores beta estimados de detección `m5P$beta`.

Finalmente hay que mencionar que el código de *RPresence* puede cambiar en un futuro, ya que en el documento de ayuda los autores mencionan que pretenden cambiar el funcionamiento del modelo de dos especies, por lo cual es recomendable seguir las actualizaciones en la página *web* de *PRESENCE*.

Queda a elección del usuario que paquetería escoger para realizar sus análisis, teniendo en cuenta las ventajas y desventajas del funcionamiento básico de ambas funciones expuestas en este capítulo. Así mismo hay que tener en cuenta que el modelo RW tiene la desventaja de asumir una relación asimétrica entre solo dos especies (relación de dominancia), lo cual no siempre es deseado. No obstante, es un modelo que permite analizar de manera sencilla las relaciones de detección de ambas especies, lo cual es ventajoso cuando en un determinado diseño metodológico la probabilidad de ocupación de las especies no sea aleatoria o cuando se quieren ver relaciones a una escala más fina de interacción y no solo espacialmente, es decir en como la detección de una especie afecta a la otra especie.

1.6. Sumario

En este capítulo se utilizan dos paqueterías, *wiqid* y *RPresence*, para desarrollar los modelos de ocupación RW para la interacción de dos especies. Se ejemplifica el uso básico de de ambas paqueterías teniendo como referencia datos de foto trampeo de zorra gris y lince. Se ajustan varios modelos partiendo de hipótesis de interacción entre las dos especies y se comparan los resultados proveniente de las dos paqueterías analizadas. Por un lado, *wiqid* presenta una sintaxis sencilla y amigable al usuario, lo que permite parametrizar los

modelos de manera rápida y fácil. Por otro lado, **RPesence** requiere de una sintaxis más compleja pero permite obtener valores de ocupación, detección y parámetros derivados para cada sitio y ocasión de muestreo respectivamente, lo que permite verificar y analizar cambios cuando se usan covariables. En ambas paqueterías el resultado coincidió en que no existe una interacción en la ocupación de ambas especies, no obstante la detección de la zorra gris si presentó una interacción con la detección de los lince.

1.7. Referencias

- Kéry, M., and J. A. Royle. 2015. *Applied Hierarchical Modeling in Ecology: Analysis of Distribution, Abundance and Species Richness in R and Bugs: Volume 1: Prelude and Static Models*. Academic Press.
- MacKenzie, D. I., and L. L. Bailey. 2004. "Assessing the Fit of Site-Occupancy Models." *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 9 (3). Springer: 300–318.
- MacKenzie, D. I., L. L. Bailey, and J. D. Nichols. 2004. "Investigating Species Co-Occurrence Patterns When Species Are Detected Imperfectly." *Journal of Animal Ecology* 73 (3). Wiley Online Library: 546–55.
- MacKenzie, D. I., J. D. Nichols, G. B. Lachman, S. Droege, J. A. Royle, and C. A. Langtimm. 2002. "Estimating Site Occupancy Rates When Detection Probabilities Are Less Than One." *Ecology* 83 (8). Wiley Online Library: 2248–55.
- MacKenzie, D. I., J. D. Nichols, J. A. Royle, K. H. Pollock, L. L. Bailey, and J. E. Hines. 2006. *Occupancy Estimation and Modelling*. Academic Press, Burlington, Massachusetts. ——. 2018. "Chapter 14 - Species Co-Occurrence." In *Occupancy Estimation and Modeling (Second Edition)*, edited by D. I. MacKenzie, J. D. Nichols, J. A. Royle, K. H. Pollock, L. L. Bailey, and J. E. Hines, Second Edition, 509–56. Boston: Academic Press. doi:10.1016/B978-0-12-407197-1.00019-3.
- MacKenzie, D. I., J. D. Nichols, J. A. Royle, K. H. Pollock, L.L. Bailey, and J. E. Hines. 2017. *Occupancy Estimation and*

Modeling: Inferring Patterns and Dynamics of Species Occurrence. Elsevier.

- Richmond, O. M. W., J. E. Hines, and S. R. Beissinger. 2010. “Two-Species Occupancy Models: A New Parameterization Applied to Co-Occurrence of Secretive Rails.” *Ecological Applications* 20 (7). Wiley Online Library: 2036–46.
- Rota, C. T., M. A.R. Ferreira, R. W. Kays, T. D. Forrester, Elizabeth L Kalies, William J McShea, A. W. Parsons, and J. J. Millspaugh. 2016. “A Multispecies Occupancy Model for Two or More Interacting Species.” *Methods in Ecology and Evolution* 7 (10). Wiley Online Library: 1164–73.
- Tadesse, S. A. 2017. “Community Structure and Trophic Level Interactions in the Terrestrial Ecosystems: A Review.” *Int J Avian & Wildlife Biol* 2 (6): 00040.
- Waddle, J. H., R. M. Dorazio, S. C. Walls, K. G. Rice, J. Beauchamp, M. J. Schuman, and F. J. Mazzotti. 2010. “A New Parameterization for Estimating Co-Occurrence of Interacting Species.” *Ecological Applications* 20 (5). Wiley Online Library: 1467–75.