SEGUIMIENTO DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA

SCR-sin marcar o Conteos Espaciales (UN-SCR)

José Jiménez García-Herrera (IREC-CSIC)

Universidad de Castilla-La Mancha

El último método que vamos a ver es el unmarked-SCR o conteos espaciales (UN-SCR). Los modelos de conteos espaciales son otra extensión de los SCR, para el caso de que ninún animal está marcado y por tanto es reconocible (Chandler y Royle, 2013). Se basa en la información suministrada por la correlación espacial entre capturas. Esta correlación tiene un valor informativo muy limitado, y esa limitación exige suministrar datos adicionales de telemetría, o priors informativo o bien la identificación de algún individuo. Si no se usa con otra información adicional es un método de muy baja precisión. Una cuestión importante a tener en cuenta es que sólo funciona realmente bien para bajas densidades.

Repetid los análisis que se ejecutan aquí, cambiando cada uno de vosotros el valor de *rnd* que controla la aleatoriedad de la simulación. Pegad los resultados en un procesador de texto (valores que habeis seleccionado, resultados numéricos y gráficos) y enviádmelo por e-mail a: Jose.Jimenez@csic.es. Para ampliar conocimientos resulta adecuado el libro *Spatial Capture-Recapture* de Royle et al. (2017) https://www.sciencedirect.com/book/9780124059399/spatial-capture-recapture.

1. Simulación de datos

Vamos a simular datos en `R` y a ejecutar el modelo UN-SCR. En este caso vamos a simular **20 individuos** (que será la población a estimar). Como os he comentado antes, sin información adicional, esta modelo es muy poco preciso. Para solventarlo, voy a utilizar aquí un prior informativo con una distribución gamma.

Para generar los datos simulados vamos a cargar varios paquetes de `R` y una simulación de datos que vamos a hacer directamente (no usaremos una función predefinida).

```
> source("SCR_functions.R")  # Funciones de interés
> library(scrbook)           # Atención, scrbook no está en CRAN
> library(spatstat)
```

```
> library(lattice)
> library(coda)
```

Datos a simular.

```
> tr<-seq(1.5,8.5, length=10)
>  # 100 coord. trampas
> X<-cbind(rep(tr,each=length(tr)),rep(tr,times=length(tr)))
> set.seed(1965)
> xlim <- c(0,10); ylim <- c(0,10)
> N <- 20
> S <- cbind(runif(N, xlim[1], xlim[2]), runif(N, ylim[1], ylim[2]))
```

Vamos a generar nuestros datos:

```
> J <- nrow(X)
> K <- 15
> sigma <- 0.5
> lambda0 <- 0.4
> r<-3
> yy <- array(NA, c(N, J, K))
> for(j in 1:J) {
+   dist <- sqrt((X[j,1]-S[,1])^2 + (X[j,2]-S[,2])^2)
+   lambda <- lambda0*exp(-dist^2/(2*sigma^2))
+   for(k in 1:K) {
+     yy[,j,k] <- rpois(N, lambda)
+   }
+ }
> sum(yy)
```

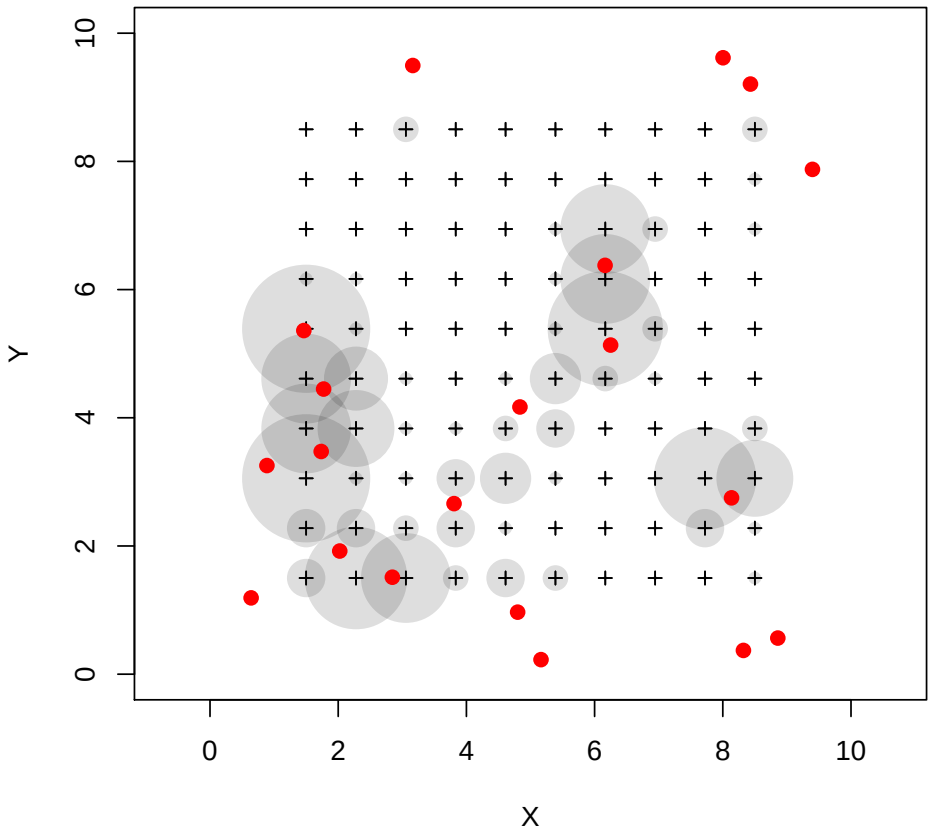
```
[1] 168
```

```
> n <- apply(yy, c(2,3), sum);
> n[is.na(n)] <- 0
> n1<-apply(n, 1, sum)
> sum(n)
```

```
[1] 168
```

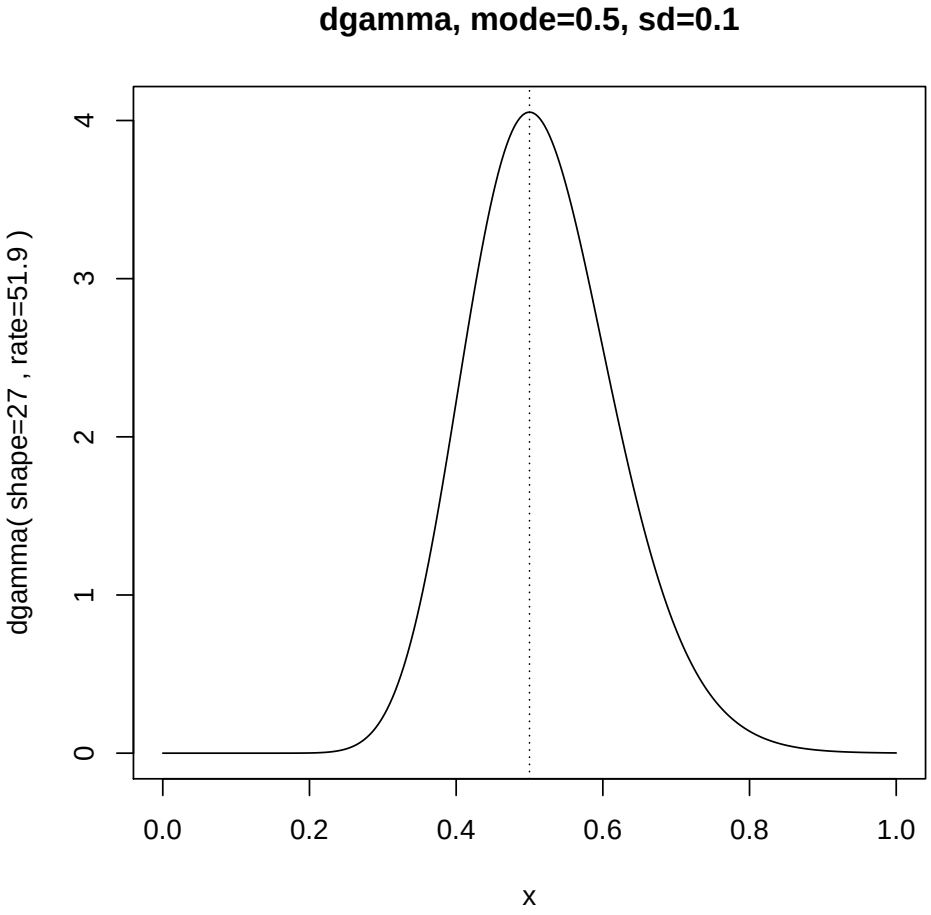
```
> M<-150
> plot(X, xlim=c(0,10), ylim=c(0,10), pch=3, cex=0.75,
```

```
+      xlab="X", ylab="Y", asp=TRUE)
> # Lo anadimos al ploteado:
> tot<-apply(n, 1,sum)
> symbols(X, circles=tot/10, inches=F,bg="#00000022",
+         fg=NULL, add=T)
> points(X, pch=3, cex=0.75); points(S, pch=16, col=2)
> points(S, pch=16, col="red", cex=1.25)
```



Vamos a usar un prior informativo para sigma, generandolo con una distribucion gamma. Si queremos usar un sigma:

```
> mode = 0.5
> sd = 0.1
> # Obtenemos los parámetros de ratio y forma:
> ra = ( mode + sqrt( mode^2 + 4*sd^2 ) ) / ( 2 * sd^2 )
> sh = 1 + mode * ra
> show(sh)

[1] 26.96291

> show(ra)

[1] 51.92582

> # Ploteamos:
> x = seq(0,mode+5*sd,len=1001)
> plot( x , dgamma( x , shape=sh , rate=ra ) , type="l" ,
+       main=paste("dgamma, mode=",mode,", sd=",sd,sep="") ,
+       ylab=paste("dgamma( shape=",signif(sh,3)," , rate=",signif(ra,3)," )",
+                  sep="") )
> abline( v=mode , lty="dotted")
```


dgamma, mode=0.5, sd=0.1
dgamma(shape=27 , rate=51.9)
0
1
2
3
4
0.0
0.2
0.4
0.6
0.8
1.0
x

Código

```
> library(nimble)
> ## define the model
> code <- nimbleCode({
+
+   sigma ~ dgamma(sh,ra)
+   psi ~ dunif(0,1)
+   lam0 ~ dunif(0,5)
+
+   for(i in 1:M) {
+     z[i] ~ dbern(psi)
+     s[i,1] ~ dunif(xlim[1],xlim[2])
+     s[i,2] ~ dunif(ylim[1],ylim[2])
+     d2[i,1:J] <- (s[i,1]-X[1:J,1])^2 + (s[i,2]-X[1:J,2])^2
+     lam[i,1:J] <- lam0*exp(-d2[i,1:J]/(2*sigma^2))*z[i]*K
+   }
+
+   for(j in 1:J){
+     bigLambda[j] <- sum(lam[1:M,j])
+     n[j] ~ dpois(bigLambda[j])
+   }
+   N <- sum(z[1:M])
+
+ })
```

Constantes, datos e inicios

```
> constants <- list(M = M, K=K, J=J, sh=sh, ra=ra)
> data<-list(n=n1, X=X, xlim=xlim, ylim=ylim)
> s.start <- cbind(runif(M, 0, 10), runif(M, 0, 10))
> # Funciones de inicio
> d <- e2dist(s.start[1:M,], X)
> lam <- 0.2 * exp( -(d^2)/(2 * 0.5^2))
> yi <- array(0, c(M, J, K)) # resighting array
> for (j in 1:J) {
+   for (k in 1:K) {
```

```
+     if (n[j, k] > 0) {
+       probs <- lam[ ,j]
+       probs <- probs / sum(probs)
+       latent.id <- sample(1:M, n[j,k], prob = probs, replace = FALSE)
+       yi[latent.id , j, k] <- 1
+     }
+   } # end of k
+ }   # end of j
> yis <- apply(yi, c(1,2), sum)
> ytot<- apply(yis,c(1,2),sum)
> ssarr<- array(NA,dim=c(M,2))
>   for(i in 1:M){
+     if(sum(ytot[i,])==0) next
+     s.start[i,1]<- mean( X[ytot[i,]>0,1] )
+     s.start[i,2]<- mean( X[ytot[i,]>0,2] )
+   }
>   ssarr[,]<- s.start
> z<-rep(1,M)
> inits <- list (sigma=5, lam0=0.1, lam=yis, s=s.start, z=z)
```

Ejecutamos el código:

```
> Rmodel <- nimbleModel(code=code, constants=constants,
+                       data=data, inits=inits,
+                       check=FALSE, calculate=FALSE)
> Cmodel <- compileNimble(Rmodel)
> params<-c('N', 'sigma', 'lam0', 'psi')
> mcmcspec<-configureMCMC(Rmodel,
+                         monitors=params,
+                         thin=1)
```

```
===== Monitors =====
thin = 1: N, sigma, lam0, psi
===== Samplers =====
RW sampler (303)
  - sigma
  - psi
```

```
  - lam0
  - s[]  (300 elements)
binary sampler (150)
  - z[]  (150 elements)
```

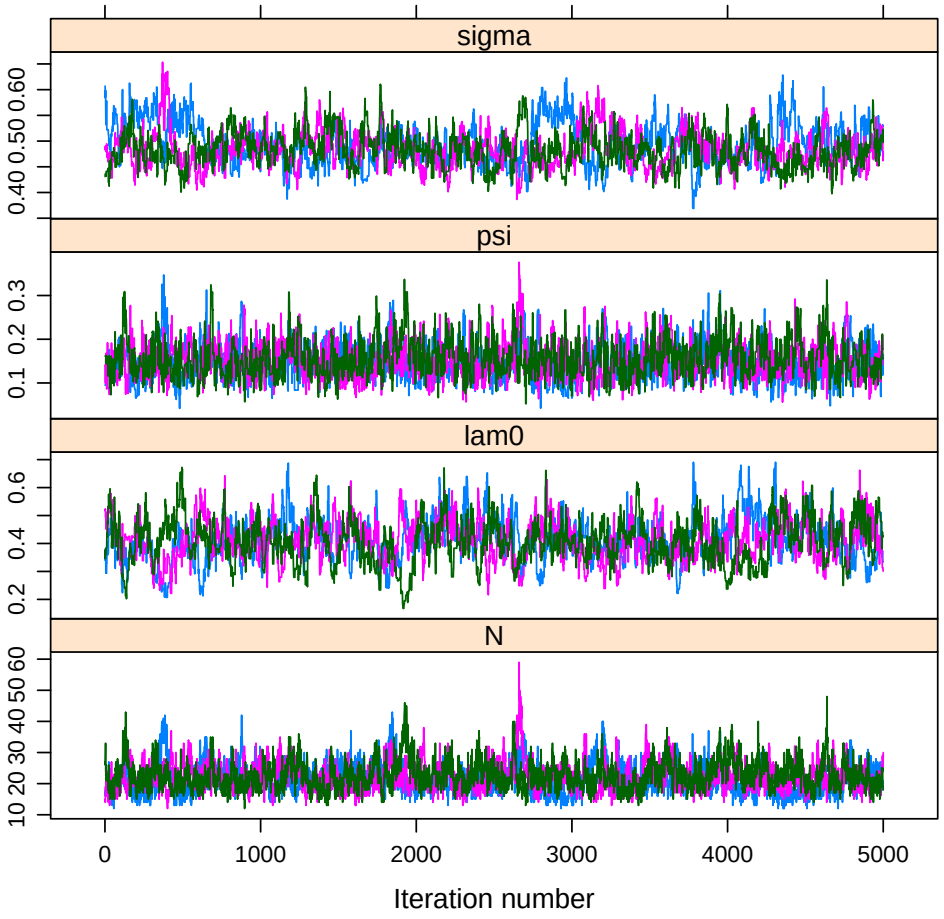
```
> mcmcspec$removeSamplers('z')
> for(node in Rmodel$expandNodeNames('z')) mcmcspec$addSampler(target = node,
+                                                              type = 'slice')
> mcmcspec$removeSamplers("s")
> ACnodes <- paste0("s[", 1:constants$M, ", 1:2]")
> for(node in ACnodes) {
+     mcmcspec$addSampler(target = node,
+                         type = "RW_block",
+                         control = list(adaptScaleOnly = TRUE),
+                         silent = TRUE)
+ }
> pumpMCMC <- buildMCMC(mcmcspec)
> CpumpMCMC <- compileNimble(pumpMCMC, project = Rmodel)
> # Ejecutamos el modelo
> nb=1000      # Iteraciones a desechar
> ni=5000 +nb  # Iteraciones
> nc=3         # Cadenas
> outNim <- runMCMC(CpumpMCMC, niter = ni , nburnin = nb ,
+                   nchains = nc, inits=inits,
+                   setSeed = FALSE, progressBar = TRUE,
+                   samplesAsCodaMCMC = TRUE)
```

```
|-------------|-------------|-------------|-------------|
|-------------------------------------------------------|
|-------------|-------------|-------------|-------------|
|-------------------------------------------------------|
|-------------|-------------|-------------|-------------|
|-------------------------------------------------------|
```

Resultado

```
> summary(outNim)

Iterations = 1:5000
Thinning interval = 1
Number of chains = 3
Sample size per chain = 5000

1. Empirical mean and standard deviation for each variable,
   plus standard error of the mean:

          Mean      SD  Naive SE Time-series SE
N     22.0238 4.53756 0.0370490       0.216242
lam0   0.4087 0.07475 0.0006103       0.004145
psi    0.1515 0.04172 0.0003407       0.001539
sigma  0.4866 0.03687 0.0003010       0.002092

2. Quantiles for each variable:

           2.5%     25%     50%     75%   97.5%
N     15.00000 19.0000 21.0000 25.0000 32.0000
lam0   0.26465  0.3601  0.4079  0.4561  0.5622
psi    0.08343  0.1218  0.1478  0.1765  0.2449
sigma  0.42319  0.4612  0.4830  0.5082  0.5690

> xyplot(outNim)
> gelman.diag(outNim, multivariate = FALSE)

Potential scale reduction factors:

      Point est. Upper C.I.
N           1.03       1.11
lam0        1.01       1.03
psi         1.02       1.06
sigma       1.06       1.16

> cat("Poblacion que simulamos = ", N, "individuos", "\n")

Poblacion que simulamos =  20 individuos
```

```
> cat("Fotografias (todos no identificados)", sum(n), "\n")
Fotografias (todos no identificados) 168
```



2. REFERENCIAS

Chandler, R. B., & Royle, J. A. (2013). Spatially-explicit models for inference about density in unmarked populations. The Annals of Applied Statistics, 7(2), 936–954. doi:10.1214/12-AOAS610

R Core Team. (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Retrieved from https://www.r-project.org/.

Royle, J. A., Chandler, R. B., Sollmann, R., & Gardner, B. (2014). *Spatial capture-recapture*. Waltham, Massachusetts: Elsevier, Academic Press. doi:10.1016/B978-0-12-405939-9.00026-8