SEGUIMIENTO DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA

Modelos N-mixtos

José Jiménez García-Herrera (IREC-CSIC)

Universidad de Castilla-La Mancha

Los modelos N-mixtos (Royle and Nichols, 2003) son muy similares conceptualmente a los modelos de ocupación, pero en vez de describir presencia/ausencia de una especie en un territorio, describen la abundancia. Se basan en el uso de dos procesos anidados: abundancia en un sitio (Poisson), y caso de estar (condicional), se detecta o no en los muestreos (binomial). La estima se infiere a partir de réplicas espaciales (sitios de muestreo) y temporales (ocasiones de muestreo), entre las cuales las poblaciones deben ser cerradas (sin entradas o salidas geográficas o demográficas). Los modelos N-mixtos pueden abiertos, al añadirles una componente temporal.

Hay que tener en cuenta varias cuestiones 1) en los conteos no puede haber duplicidades 2) los conteos deben ser independientes (atención a las especies gregarias) y 3) En algunas ocasiones, los modelos con la binomial negativa, pese a ser seleccionados por el AIC, pueden estimar valores irreales. Recomiendo los trabajos de Kéry (2018) a este respecto.

Repetid los análisis que se ejecutan aquí con `R` (R Core Team, 2020), 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.

Los scripts que se usan aquí están extraídos del libro de Kéry, M., & Schaub, M. (2012). Bayesian population analysis using WinBUGS. A hierarchical perspective. Bayesian Population Analysis using WinBUGS. Academic Press / Elsevier. http://doi.org/10.1016/B978-0-12-387020-9.00014-6.

1. Modelo sin covariables

Simulación de datos

En los procesos de modelado, emplear simulaciones nos va a permitir comparar datos "perfectos" (no afectados por errores o heterogeneidad) con los resultados de los modelos usando

esos datos. Por otro lado las simulaciones también, en una segunda instancia, nos van a servir para preparar el trabajo de campo y prever el tamaño de muestra a partir de un error máximo deseado. Por último, las simulaciones son muy adecuadas para el aprendizaje. Elegimos el tamaño de muestra y preparamos la matriz para contener los datos observados.

```
> set.seed(24)                  # Para repetir siempre la misma creación de datos
> M <- 150                      # Número de sitios
> J <- 4                        # Número de réplicas por sitios
> C <- matrix(NA, nrow = M, ncol = J) # matriz de datos
```

Valores de los parámetros

```
> lambda <- 14                  # Abundancia esperada
> p <- 0.3                      # Probabilidad de detección (por individuo)
```

Proceso ecológico

Lo que hay. Generamos datos de abundancia de la especie objetivo.

```
> # Generamos datos de abundancia local
> N <- rpois(n = M, lambda = lambda)
```

Proceso de observación

Lo que vemos. Generamos datos de detección/no detección.

```
> # Simulamos la observación "J" veces de esos datos
> for(j in 1:J){
+    C[,j] <- rbinom(n = M, size = N, prob = p)
+ }
```

Veamos los datos creados

```
> table(N)                      # Verdadera distribución de la abundancia
```

```
N
 6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 25
 2  1  5  8  7 18 17 17 13 15 15 12  4  3  4  1  5  2  1
```

```
> sum(N)                        # Tamaño total de población en los M sitios
```

```
[1] 2086
```

```
> sum(N>0)                    # Nómero real de sitios ocupados
[1] 150
> mean(N)                     # Verdadera abundancia media (estima de lambda)
[1] 13.90667
> # ... y lo que observamos
> table(apply(C, 1, max))     # distribución de la abundancia observada (max conteos)
 2  3  4  5  6  7  8  9 10 12
 1 14 22 29 26 28 16 12  1  1
> sum(apply(C, 1, max))       # Tamaño de la población observada en los M sitios
[1] 887
> sum(apply(C, 1, max)>0)     # Número de sitios observados como ocupados
[1] 150
> mean(apply(C, 1, max))      # Media observada de la abundancia
[1] 5.913333
> head(cbind(N=N, count1=C[,1], count2=C[,2], count3=C[,3]))
      N count1 count2 count3
[1,] 11      5      0      5
[2,] 14      4      6      2
[3,] 19      9      6      8
[4,] 16      7      4      6
[5,] 11      1      5      5
[6,] 15      5      7      4
```

Modelo en una aproximación MLE (usando unmarked)

```
> library(unmarked)                    # Cargamos la librería
> umf <- unmarkedFramePCount(y = C)    # preparamos datos
> summary(umf)
unmarkedFrame Object
```

```
150 sites
Maximum number of observations per site: 4
Mean number of observations per site: 4
Sites with at least one detection: 150

Tabulation of y observations:
  0   1   2   3   4   5   6   7   8   9  10  12
 13  41  76 112 113 102  57  42  28  14   1   1
```

```
> (fm1 <- pcount(~1 ~1, data = umf, K=150)) # ejecutamos el modelo
```

```
Call:
pcount(formula = ~1 ~ 1, data = umf, K = 150)

Abundance:
 Estimate    SE    z P(>|z|)
     2.74 0.146 18.7 2.1e-78

Detection:
 Estimate    SE  z P(>|z|)
   -0.997 0.199 -5 5.7e-07

AIC: 2505.011
```

```
> backTransform(fm1, "state")               # y lo obtenemos a escala natural
```

```
Backtransformed linear combination(s) of Abundance estimate(s)

 Estimate   SE LinComb (Intercept)
     15.4 2.26    2.74           1

Transformation: exp
```

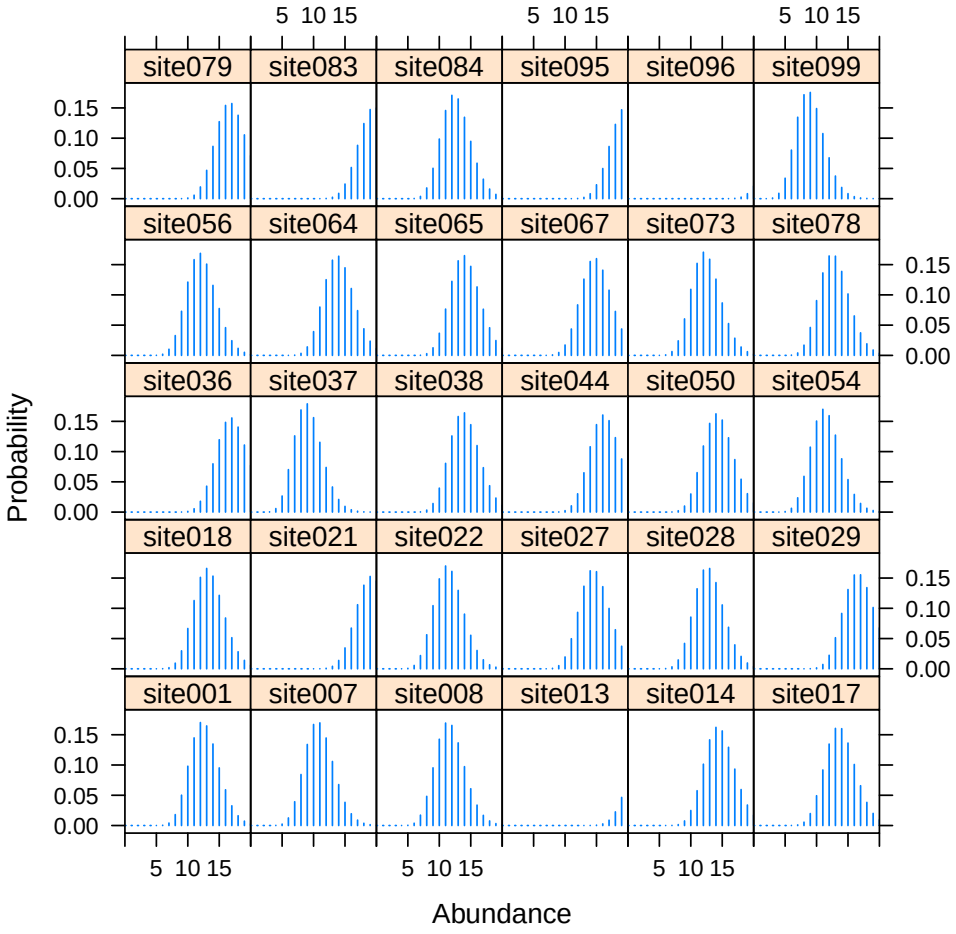
```
> backTransform(fm1, "det")
```

```
Backtransformed linear combination(s) of Detection estimate(s)

 Estimate     SE LinComb (Intercept)
     0.27 0.0392  -0.997           1
```

```
Transformation: logistic
```

... y podemos ver el resultado para cada sitio utilizando métodos bayesianos empíricos

```
> re<-ranef(fm1)
> plot(re, xlim = c(0,20))[sort(sample(1:100, 30))]
```



Obtenemos los intervalos del 95 % y contrastamos con los 10 primeros datos creados

```
> # Para obtener los intervalos de confianza usamos bootstraping, ya que
> # ranef puede subestimar la varianza de la distribución posterior al no
> # tener en cuenta la incertidumbre de los hiperparámetros (lambda y psi).
```

```
> ppd <- posteriorSamples(re, nsims=10000)
> res<-data.frame(Media=round(apply(ppd@samples,1,mean),2),
+                 SD=round(apply(ppd@samples,1,sd),2),
+                 lower=apply(ppd@samples,1,quantile,0.025),
+                 upper=apply(ppd@samples,1,quantile,0.975))
> # Contrastamos con los datos creados en la simulación (N)
> head(cbind(N,res))
```

```
  N Media   SD lower upper
1 11 12.73 2.32     9    18
2 14 14.19 2.40    10    19
3 19 20.95 2.66    16    27
4 16 17.77 2.56    13    23
5 11 13.67 2.40     9    19
6 15 17.27 2.55    13    23
```

Modelo en una aproximación bayesiana con JAGS

Modelo

La estructura del modelo N-mixto es muy sencilla, y similar al modelo de ocupación, pero en vez de una estructura Binomial-Binomial, es Poisson-Binomial. El modelo lo ajustaremos con `JAGS` (Plummer, 2003).

```
> cat(file = "model.jags",
+ "
+ model {
+
+   # Información a priori
+   lambda ~ dgamma(0.005, 0.005) # Información previa para lambda
+   # lambda ~ dunif(0, 10)       # Otra posibilidad
+   p ~ dunif(0, 1)
+
+   # Probabilidad
+   # Modelo ecológico para la abundancia
+     for (i in 1:R) {
+     N[i] ~ dpois(lambda)
+     # Modelo de observación para los conteos replicados
```

```
+     for (j in 1:T) {
+       y[i,j] ~ dbin(p, N[i])
+     } # j
+   } # i
+ }
+
+ ")
```

Preparamos datos

```
> y<-C  # Reutilizamos los mismos datos de antes
> win.data <- list(y = y, R = nrow(y), T = ncol(y))
```

Valores de inicio

```
> Nst <- apply(y, 1, max, na.rm=TRUE) + 1 # Importante!!
> inits <- function() list(N = Nst)
```

Parámetros a monitorizar

```
> params <- c("lambda", "p")
```

Configuración MCMC

```
> ni <- 25000
> nt <- 10
> nb <- 5000
> nc <- 3
```

Ejecución del modelo

Llamamos a JAGS desde R (R Core Team, 2020) utilizando jagsUI (Kellner, 2020).

```
> library(jagsUI)
> out <- jags(win.data, inits, params, "model.jags", n.chains = nc,
+             n.thin = nt, n.iter = ni, n.burnin = nb, parallel=TRUE)
```

```
Processing function input.......

Done.

Beginning parallel processing using 3 cores. Console output will be suppressed.
```

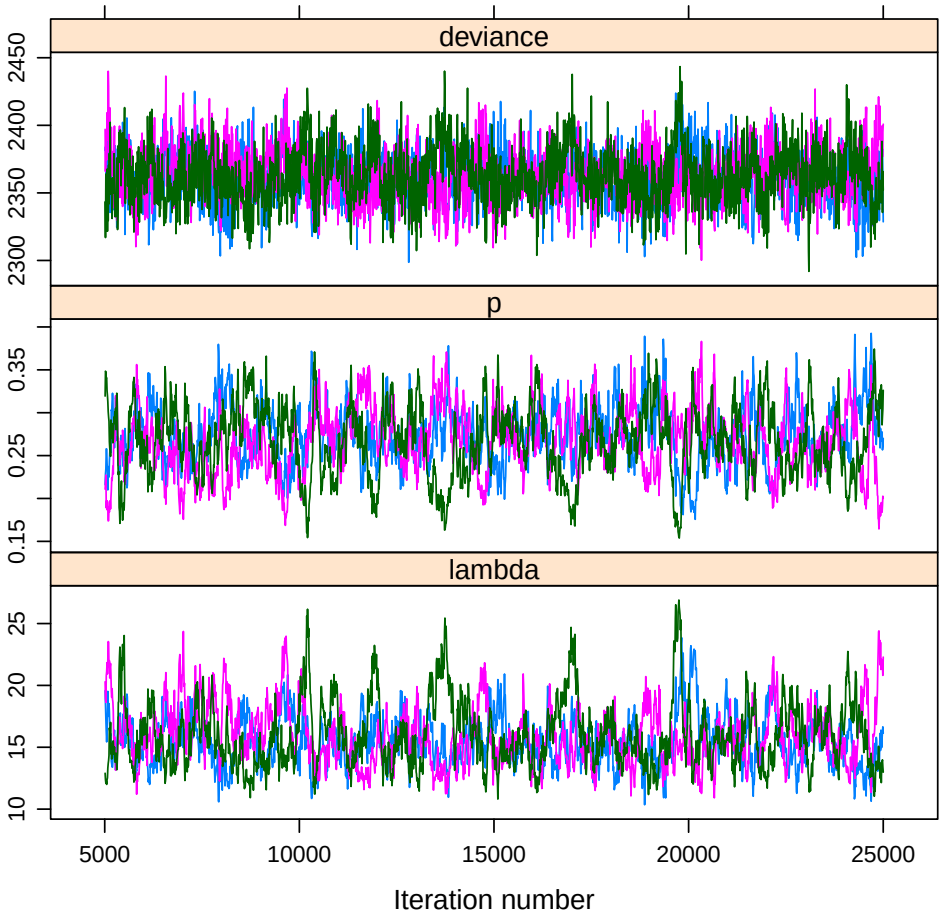
```
Parallel processing completed.

Calculating statistics.......

Done.
```

```
> #Resumimos resultados
> print(out, dig = 2)
```

```
JAGS output for model 'model.jags', generated by jagsUI.
Estimates based on 3 chains of 25000 iterations,
adaptation = 100 iterations (sufficient),
burn-in = 5000 iterations and thin rate = 10,
yielding 6000 total samples from the joint posterior.
MCMC ran in parallel for 0.937 minutes at time 2020-12-29 20:00:47.

            mean    sd    2.5%     50%   97.5% overlap0 f Rhat n.eff
lambda     15.80  2.37   12.10   15.49   21.54    FALSE 1 1.02   199
p           0.27  0.04    0.19    0.27    0.34    FALSE 1 1.01   262
deviance 2362.29 20.31 2323.48 2361.65 2403.99    FALSE 1 1.00   733

Successful convergence based on Rhat values (all < 1.1).
Rhat is the potential scale reduction factor (at convergence, Rhat=1).
For each parameter, n.eff is a crude measure of effective sample size.

overlap0 checks if 0 falls in the parameter's 95% credible interval.
f is the proportion of the posterior with the same sign as the mean;
i.e., our confidence that the parameter is positive or negative.

DIC info: (pD = var(deviance)/2)
pD = 205.8 and DIC = 2568.04
DIC is an estimate of expected predictive error (lower is better).
```

Vemos la convergencia de las cadenas de Markov

```
> library(lattice)
> xyplot(out$samples)
```


deviance
p
lambda
2300
2350
2400
2450
0.15
0.25
0.35
10
15
20
25
5000
10000
15000
20000
25000
Iteration number

2. REFERENCIAS

Fiske, I. J., & Chandler, R. B. (2011). `unmarked`: An R package for fitting hierarchical models of wildlife occurrence and abundance. *Journal of Statistical Software*, 43(10), 1–23. doi:10.1002/wics.10.

Kellner, K. (2020). jagsUI: A Wrapper Around 'rjags' to Streamline 'JAGS' Analyses. R package version 1.5.1.9100. Retrieved from https://github.com/kenkellner/jagsUI.

Kéry, M., & Schaub, M. (2012). *Bayesian population analysis using WinBUGS. A hierarchical perspective*. Academic Press / Elsevier. doi:10.1016/B978-0-12-387020-9.00014-6.

Kéry, M. (2018). Identifiability in N-mixture models: a large-scale screening test with bird data. Ecology, 99(2), 281–288. doi:10.1002/ecy.2093

Plummer, M. (2003). JAGS: A program for analysis of Bayesian graphical models using Gibbs sampling. 3rd International Workshop on Distributed Statistical Computing (DSC 2003). Vienna, Austria. Retrieved from http://www.ci.tuwien.ac.at/Conferences/DSC-2003/Proceedings/

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., & Nichols, J. D. (2003). Estimating abundance from repeated presence-absence data or point counts. Ecology, 84, 777–790. doi:10.1890/0012-9658(2003) 084[0777: EAFRPA] 2.0.CO;2