

Trabalho 1 - ME524 - Comp. Estatística

Luiz Felipe De Oliveira Barbosa Nunes (255403)

1 Introdução

Em 2018, o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) publicou o *Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção*, uma obra em sete volumes que envolveu 1.270 cientistas na avaliação de 12.254 espécies. O Volume 2, dedicado aos mamíferos, faz amplo uso da metodologia de captura-recaptura para estimar o tamanho populacional de diversas espécies ameaçadas, com destaque para o estimador de Chapman, uma evolução do método de Lincoln-Petersen, que é amplamente utilizado para essa finalidade.

Entre os animais avaliados, a onça-pintada (*Panthera onca*) merece atenção especial, sendo o maior felino das Américas e classificada como "quase ameaçada" pela lista vermelha da IUCN. A onça-pintada é fundamental para o equilíbrio ecológico, desempenhando o papel de predador de topo e ajudando a controlar as populações de herbívoros. Estudos realizados no Parque Nacional da Serra da Capivara, no Piauí, utilizaram armadilhas fotográficas para monitorar a população local dessa espécie, aplicando modelos de marcação-recaptura para estimar uma densidade de 2.67 ± 1.06 indivíduos por 100 km^2 na Caatinga (Silveira et al., 2009). A identificação dos indivíduos foi baseada nos padrões únicos de manchas em suas pelagens, permitindo uma análise detalhada dos dados de captura.

O trabalho tem como objetivo explorar a metodologia Bayesiana para estimar o tamanho populacional das onças-pintadas utilizando os dados de captura-recaptura do estudo de Silveira et al. (2009). A abordagem inclui a implementação de um amostrador de Gibbs para estimar a população, considerando diferentes distribuições a priori para as probabilidades de captura dos indivíduos.

Os scripts e códigos utilizados neste estudo estão disponíveis em partes no final do artigo e ao todo no repositório GitHub: <https://github.com/LuizNunes2020/ME524.CompEstatistica>.

2 Objetivo e Metodologia

A Tabela 1 apresenta o histórico de capturas de 12 onças identificadas em 2007. As armadilhas foram instaladas por períodos de 6 dias não consecutivos, e uma entrada com valor 1 indica que um indivíduo foi capturado em uma determinada sessão. O indivíduo 4 foi removido do estudo por ser um filhote.

Tabela 1: Histórico de capturas de 12 onças identificadas no Parque Nacional da Serra da Capivara, em 2007

Indivíduo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1
2	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1
3	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1
5	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1
6	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
8	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
9	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1
10	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

O objetivo deste estudo é estimar o tamanho populacional N de onças-pintadas e as probabilidades de captura p_i em cada uma das 14 sessões de captura, usando um modelo Bayesiano. Esse estudo considera dois cenários distintos:

- **Caso 1:** Utilizamos uma priori $\text{Poisson}(\lambda = 30)$ para N e p_i uniformemente distribuídos em $[0, 1]$. As distribuições condicionais completas de N e p_i são empregadas em um amostrador de Gibbs, verificando a convergência das cadeias.
- **Caso 2:** Assumindo que as onças são mais ariscas e inteligentes do que o previsto, adotamos prioris informativas para p_i com uma distribuição $\text{Beta}(a, b)$, ajustada para refletir essa característica.

Em ambos os casos, as estimativas são obtidas por meio de um amostrador de Gibbs, que alterna entre a atualização de N e p_i . As amostras iniciais são provenientes das distribuições a priori, e a convergência das cadeias é avaliada usando trace plots e o método de Gelman e Rubin (1992).

Observação: Em todos os amostradores de Gibbs implementados neste estudo, foi utilizado um período de burn-in de 1000 iterações. Esse período inicial foi desconsiderado nas análises para garantir que as amostras utilizadas fossem provenientes da distribuição estacionária do processo.

3 Métodos e Resultados

3.1 Caso 1

Neste contexto, assumimos N indivíduos e cada um possui uma probabilidade de captura p_i em cada uma das 14 sessões. Consideramos que a probabilidade de captura em um certo dia é constante para todos os indivíduos e que as capturas são independentes entre si. A função de verossimilhança para este modelo é dada por:

$$L(N, p_1, \dots, p_{14} \mid \text{dados}) \propto \frac{N!}{(N-r)!} \prod_{i=1}^{14} p_i^{n_i} (1-p_i)^{N-n_i} \mathbb{I}_{\{12,13,\dots\}}(N) \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i),$$

onde:

- n_i é o número de indivíduos capturados na armadilha i .
- $r = \sum_{i=1}^{14} n_i - \sum_{j=2}^{14} m_j$, onde m_j é o número de recapturas nas armadilhas subsequentes.
- A função indicadora $\mathbb{I}_{\{12,13,\dots\}}(N)$ assegura que $N \geq 12$, refletindo que o tamanho populacional não pode ser menor que o número de onças observadas.
- A função indicadora $\mathbb{I}_{[0,1]}(p_i)$ garante que as probabilidades de captura p_i estejam no intervalo $[0, 1]$.

3.1.1 Distribuições A Priori de N e p_i

As distribuições a priori para N e p_i são definidas como:

- A priori para N :

$$N \sim \text{Poisson}(\lambda), \quad \pi(N) = \frac{\lambda^N e^{-\lambda}}{N!} \mathbb{I}_{\{0,1,2,\dots\}}(N).$$

- A priori para p_i :

$$p_i \sim \text{Uniform}(0, 1), \quad \pi(p_i) = \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i).$$

3.1.2 Derivação da Distribuição Condicional Completa de N

A distribuição condicional completa de N é obtida ao combinar a verossimilhança com a priori de N . Assim, temos:

$$f(N | p_1, \dots, p_{14}, \text{dados}) \propto \pi(N) \times L(N, p_1, \dots, p_{14} | \text{dados}).$$

Substituindo essas expressões, obtemos:

$$f(N | p_1, \dots, p_{14}, \text{dados}) \propto \left(\frac{\lambda^N e^{-\lambda}}{N!} \right) \times \left(\frac{N!}{(N-r)!} \prod_{i=1}^{14} (1-p_i)^{N-n_i} \right) \mathbb{I}_{\{N \geq r\}}.$$

Podemos simplificar a expressão eliminando o termo $N!$, que aparece tanto no numerador quanto no denominador:

$$f(N | p_1, \dots, p_{14}, \text{dados}) \propto \lambda^N e^{-\lambda} \times \frac{1}{(N-r)!} \prod_{i=1}^{14} (1-p_i)^{N-n_i} \mathbb{I}_{\{N \geq r\}}.$$

Como não achei a forma fechada dessa distribuição, vou amostrar usando o Método de Metrópolis-Hastings.

3.1.3 Algoritmo do Metropolis-Hastings

Para amostrar a partir da distribuição condicional de N , utilizamos o algoritmo de Metropolis-Hastings, conforme descrito abaixo:

1. **Escolha um valor inicial** $N_0 \geq 12$ e uma distribuição proposta $Q(N^* | N^{(t-1)})$. Neste caso, utilizamos uma distribuição de Poisson centrada em $N^{(t-1)}$.
2. **Gere um valor proposto** N^* a partir da distribuição $Q(N^* | N^{(t-1)})$:

$$N^* \sim \text{Poisson}(N^{(t-1)}), \quad N^* \geq 12.$$

3. **Calcule a taxa de aceitação** α :

$$\alpha(N^*, N^{(t-1)}) = \min \left(1, \lambda^{N^* - N^{(t-1)}} \cdot \frac{(N^{(t-1)})^{N^*}}{(N^*)^{N^{(t-1)}}} \cdot \frac{(N^{(t-1)} - r)!}{(N^* - r)!} \cdot \prod_{i=1}^{14} (1-p_i)^{N^* - N^{(t-1)}} \right).$$

4. **Gere um valor** $U \sim \text{Uniforme}(0, 1)$:

- Se $U \leq \alpha$, aceite N^* .
- Caso contrário, rejeite N^* .

5. **Repita os passos 2 a 4** até que o número desejado de iterações seja alcançado.

3.1.4 Derivação da Distribuição Condicional Completa de p_i

Para obter a distribuição condicional completa de p_i , combinamos a verossimilhança com a priori de p_i :

$$f(p_i | N, \text{dados}) \propto \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i) \times p_i^{n_i} (1-p_i)^{N-n_i}.$$

A expressão acima é proporcional à função de densidade de uma distribuição Beta:

$$f(p_i | N, \text{dados}) \sim \text{Beta}(n_i + 1, N - n_i + 1).$$

3.1.5 Algoritmo do Amostrador de Gibbs

Para estimar o tamanho populacional N e as probabilidades de captura p_i , utilizamos um amostrador de Gibbs. O algoritmo consiste nos seguintes passos:

1. Definir valores iniciais para os parâmetros:

- $N^{(0)}, p_i^{(0)}$ para $i = 1, \dots, 14$.
- Hiperparâmetro $\lambda = 30$.

2. Iterar para obter um novo vetor de parâmetros: $\theta^{(i)} = (N^{(i)}, p_1^{(i)}, \dots, p_{14}^{(i)})$.

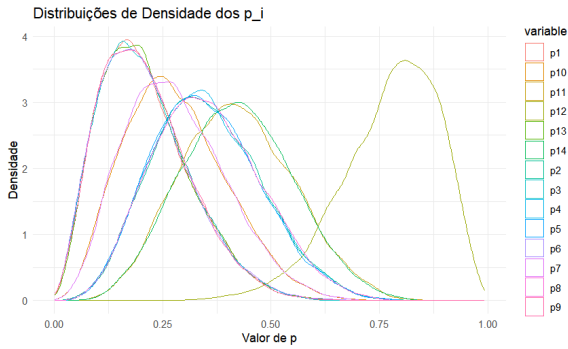
3. Amostragem de N : Amostragem feita por meio do método de Metrópolis-Hastings

4. Amostragem de p_i :

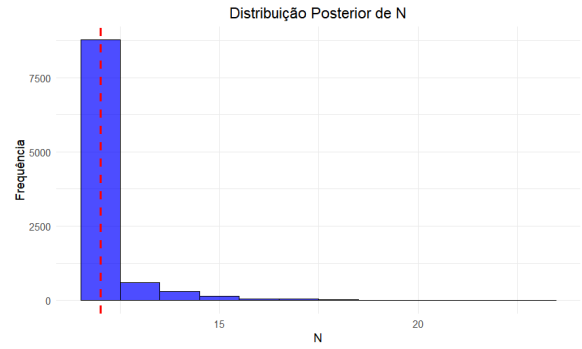
$$p_i^{(i)} \sim \text{Beta}(n_i + 1, N^{(i)} - n_i + 1).$$

5. Repetir até alcançar o número desejado de iterações (no nosso caso, 10000 iterações).

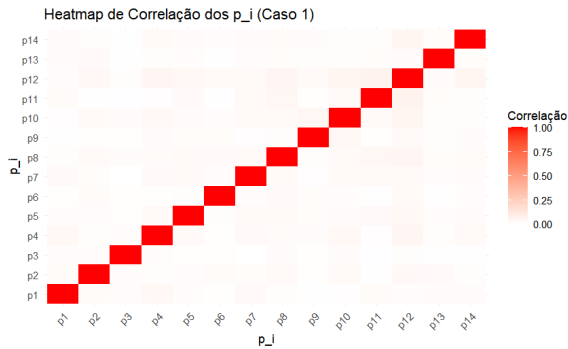
3.1.6 Resultados



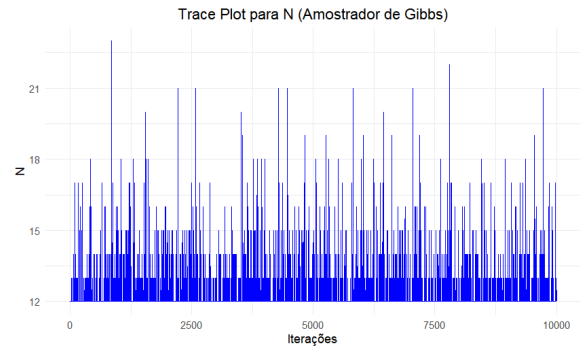
(a) Distribuições de Densidade dos p_i .



(b) Distribuição Posterior de N .



(c) Heatmap de Correlação dos p_i .



(d) Trace Plot para N .

Figura 1: Resultados do Amostrador de Gibbs para o Caso 1.

A Figura 1a apresenta as distribuições de densidade dos parâmetros p_i para cada sessão de captura. Observa-se que as densidades variam de acordo com os diferentes valores de p_i , sugerindo variações na probabilidade de captura ao longo das sessões, ou seja, como podemos observar o p_{12} está muito a direita, indicando que as onças eram mais propensas a serem capturadas durante a 12ª sessão (o que de fato é verdade).

A Figura 1b apresenta a distribuição posterior de N . A maior parte das amostras está concentrada em torno de $N = 12$, indicando que este é o valor mais provável para o número de indivíduos.

A Figura 1c mostra o heatmap da matriz de correlação entre os p_i . A cor mais intensa ao longo da diagonal indica a correlação perfeita entre cada p_i consigo mesmo. As demais regiões do heatmap mostram a correlação entre diferentes p_i . Como as correlações são bem baixas (ou até nenhuma correlação), pode-se inferir que as probabilidades de captura nas diferentes sessões são independentes.

A Figura 1d apresenta o trace plot de N ao longo das iterações do amostrador de Gibbs. Percebemos que o 12 está bem presente.

3.1.7 Método de Gelman e Rubin

Para avaliar a convergência das cadeias, utilizamos o método de Gelman e Rubin (1992), que compara a variabilidade entre múltiplas cadeias com a variabilidade dentro de cada cadeia. O critério de convergência é alcançado quando o valor de \hat{R} se aproxima de 1. A análise dos resultados, realizada por meio do código no final do relatório, mostrou que a convergência foi satisfatória para todos os parâmetros, com valores de \hat{R} próximos de 1.

4 Caso 2

A verossimilhança dos dados é dada por:

$$L(N, p_1, \dots, p_{14} \mid \text{dados}) \propto \frac{N!}{(N-r)!} \prod_{i=1}^{14} p_i^{n_i} (1-p_i)^{N-n_i} \mathbb{I}_{\{12,13,\dots\}}(N) \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i),$$

4.0.1 Distribuições a Priori de N e p_i

As distribuições a priori para N e p_i são definidas como:

- A priori para N :

$$N \sim \text{Poisson}(\lambda), \quad \pi(N) = \frac{\lambda^N e^{-\lambda}}{N!} \mathbb{I}_{\{N \geq 0\}}.$$

- A priori para p_i :

$$p_i \sim \text{Beta}(a, b), \quad \pi(p_i) = \frac{\Gamma(a+b)}{\Gamma(a)\Gamma(b)} p_i^{a-1} (1-p_i)^{b-1} \mathbb{I}_{\{0 \leq p_i \leq 1\}}.$$

4.0.2 Distribuição Condicional Completa de N

Como mantivemos a mesma priori para N , a distribuição condicional completa de N permanece inalterada, conforme calculado anteriormente:

$$f(N \mid p_1, \dots, p_{14}, \text{dados}) \propto \lambda^N e^{-\lambda} \times \frac{1}{(N-r)!} \prod_{i=1}^{14} (1-p_i)^{N-n_i} \mathbb{I}_{\{N \geq r\}}.$$

Essa expressão corresponde a uma distribuição de Poisson com parâmetro λ , truncada à esquerda em r .

4.0.3 Distribuição Condicional Completa de p_i

$$f(p_i \mid N, p_{\{k:k \neq i\}}, \text{dados}) \propto \pi(p_i) \times L(p_i \mid N, \text{dados}),$$

onde:

$$\pi(p_i) = \frac{\Gamma(a+b)}{\Gamma(a)\Gamma(b)} p_i^{a-1} (1-p_i)^{b-1} \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i).$$

Substituindo, obtemos:

$$f(p_i | N, p_{\{k:k \neq i\}}, \text{dados}) \propto p_i^{a-1} (1 - p_i)^{b-1+N-n_i} \mathbb{I}_{[0,1]}(p_i),$$

o que corresponde a uma $\text{Beta}(a + n_i, b + N - n_i)$.

Escolha dos Parâmetros a e b

Para refletir a maior arisca e maior inteligencia das onças, ajustamos a e b de forma que a média e a variância da $\text{Beta}(a, b)$ sejam baixas:

$$\mathbb{E}(p_i) = \frac{a}{a+b} \quad \text{e} \quad \text{Var}(p_i) = \frac{ab}{(a+b)^2(a+b+1)}.$$

Assumindo uma média de 0.2, temos:

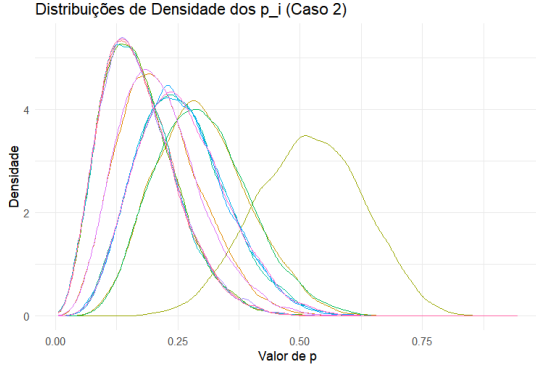
$$\frac{a}{a+b} = 0.2 \implies b = 4a.$$

Com $a = 2$ e $b = 8$:

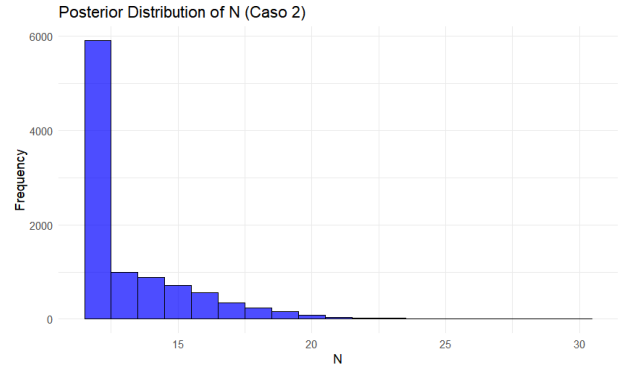
$$a = 2, \quad b = 8 \implies \mathbb{E}(p_i) = \frac{2}{2+8} = 0.2 \quad \text{e} \quad \text{Var}(p_i) = \frac{2 \cdot 8}{(2+8)^2 \cdot (2+8+1)} = \frac{16}{100 \cdot 11} = 0.0145.$$

4.0.4 Amostrador de Gibbs

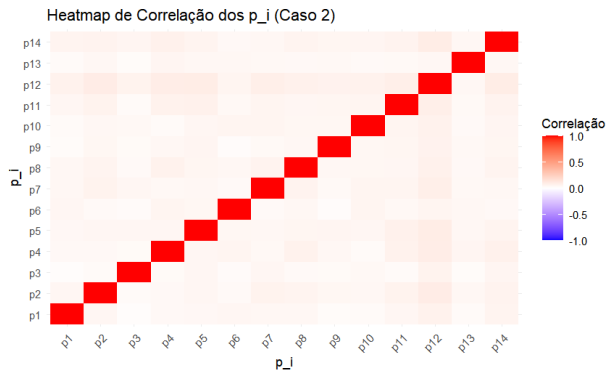
Utilizando o mesmo raciocínio aplicado no algoritmo do amostrador de Gibbs desenvolvido no caso 1, obtemos os seguintes resultados para o caso 2:



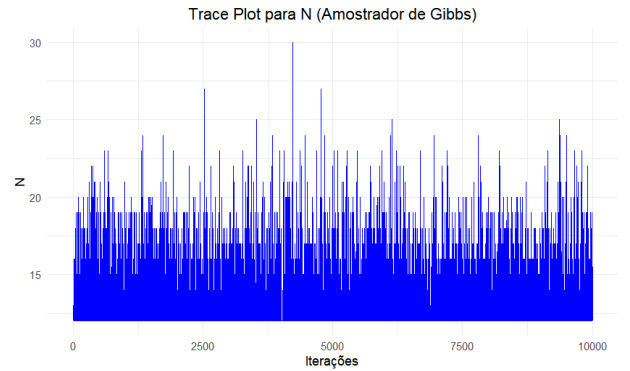
(a) Distribuições de Densidade dos p_i para o Caso 2.



(b) Distribuição Posterior de N para o Caso 2.



(c) Heatmap de Correlação dos p_i (Caso 2).



(d) Trace Plot para N (Amostrador de Gibbs, Caso 2).

Figura 2: Resultados do Amostrador de Gibbs para o Caso 2.

A Figura 2a apresenta as distribuições de densidade dos parâmetros p_i para cada sessão de captura no Caso 2. Observa-se que ainda o p_{12} está a direita, porém não tanto quanto estava no Caso 1.

A Figura 2b apresenta a distribuição posterior de N . A maior parte das amostras está concentrada em torno de 12, porém com mais valores diferentes de 12 (chegando até o 20) do que comparado com o caso 1.

A Figura 2c mostra o heatmap da matriz de correlação entre os p_i . Observamos que está bem parecido com o do caso 1.

A Figura 2d apresenta o trace plot de N ao longo das iterações do amostrador de Gibbs. Podemos concluir, como no caso 1, que o gráfico mostra que a cadeia é estável e converge rapidamente, oscilando em torno de valores próximos a $N = 12$.

4.0.5 Método de Gelman e Rubin

Analogamente ao Caso 1, temos o seguinte resultado: a convergência também foi considerada boa para todos os parâmetros, com valores de \hat{R} próximos de 1.

5 Conclusão

A comparação entre os dois casos analisados resulta:

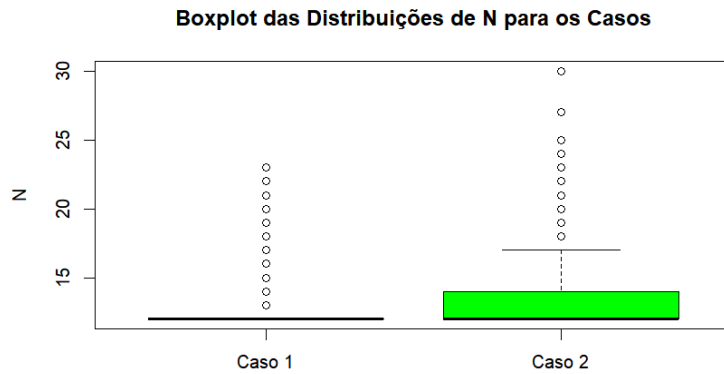


Figura 3: Boxplot das Distribuições de N para os Casos 1 e 2.

Tabela 2: Intervalos de Alta Densidade (HDI) para N nos Casos 1 e 2.

Caso	HDI Inferior	HDI Superior	Intervalo
Caso 1	12	14	[12, 14]
Caso 2	12	18	[12, 18]

A Figura 3 apresenta um boxplot das distribuições de N nos dois casos. No Caso 1, os valores de N estão concentrados em torno de 12, como indicado pelo intervalo de alta densidade (HDI) entre [12, 14]. Já o Caso 2 apresenta uma distribuição mais dispersa, com um HDI de [12, 18], refletindo uma maior incerteza na estimativa de N . Em contraste, o Caso 1 fornece uma estimativa mais precisa, sugerindo menor variabilidade. Ambos os casos apresentam a presença de outliers, evidenciando a variabilidade nas estimativas.

A análise sugere que o **Caso 1** fornece uma estimativa mais precisa para N .

A comparação entre o meu estudo e o de Silveira et al. (2009) destaca algumas diferenças. Enquanto Silveira utilizam uma abordagem frequentista através do software CAPTURE, com estimativa de $N = 14$ e intervalo de confiança entre 13 e 33, meu estudo adotou uma abordagem Bayesiana com amostrador de Gibbs

e prioris informativas para p_i . No caso 1, obtivemos uma estimativa de N centrada em 12, com uma densidade estimada de 2.34 indivíduos por 100 km², enquanto no caso 2, a inclusão de prioris informativas resultou em um intervalo mais amplo de 12 a 18, com densidade de 2.55 indivíduos por 100 km². Essa diferença reflete a maior flexibilidade da abordagem Bayesiana, que incorpora incerteza e suposições sobre o comportamento das onças. Além disso, as estimativas de densidade em ambos os casos do meu estudo foram ligeiramente inferiores à de Silveira, que estimou uma densidade de 2.67 indivíduos por 100 km² com base em uma área efetiva de amostragem de 524 km².

6 Código em R

```
# Pacotes
library(tidyverse); library(ggplot2); library(coda);
library(GGally); library(reshape2)

# Parâmetros iniciais
set.seed(123456); lambda <- 30; n_iter <- 10000;
a <- 2; b <- 8 ; burn_in <- 1000

# Matriz de capturas (12 indivíduos, 14 sessões)
capturas <- matrix(c(
  0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,0,1,1,1,
  1,0,0,1,1,0,1,1,0,1,1,1,0,1,
  0,1,1,0,0,0,0,0,0,1,1,1,0,1,
  1,0,0,1,1,0,1,0,1,0,1,0,1,1,
  0,1,1,1,1,1,1,0,1,1,1,1,0,0,
  0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,
  0,1,0,1,0,0,0,0,0,0,1,1,0,0,
  0,1,0,0,1,1,0,1,0,0,0,1,0,1,
  0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,0,0,0,0,
  0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,
  0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,
  0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,
  0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0
), nrow=12, byrow=TRUE)

# Capturas por sessão (n_i) e recapturas (m_j)
n <- colSums(capturas)
m <- numeric(length(n) - 1)
for (j in 2:length(n)) {
  if (j == 2) {
    m[j - 1] <- sum(capturas[, 1] > 0 & capturas[, j] == 1)
  } else {
    m[j - 1] <- sum(rowSums(capturas[, 1:(j - 1)]) > 0 & capturas[, j] == 1)
  }
}
r <- sum(n) - sum(m)

# Função para calcular a log-verossimilhança
log_vero_N <- function(N, p, n, r, lambda) {
  if (!is.numeric(N) || length(N) != 1 || N < r || is.na(N)) return(-Inf)
  log_prior <- (N * log(lambda) - lambda)
  log_factorial_terms <- lgamma(N + 1) - lgamma(N - r + 1)
  log_likelihood <- sum((N - n) * log(1 - p))
  return(log_prior + log_factorial_terms + log_likelihood)
}

# Função para amostrar os p_i e Metropolis-Hastings para N
sample_p <- function(N, n) sapply(1:length(n), function(i) rbeta(1, n[i] + 1, N - n[i] + 1))
mh_N <- function(p, n, r, lambda, N_init, n_iter = 1) {
```



```

N_samples <- numeric(n_iter); N_samples[1] <- N_init
for (t in 2:n_iter) {
  N_current <- max(N_samples[t-1], r)
  N_proposal <- max(rpois(1, N_current), r)
  log_alpha <- log_vero_N(N_proposal, p, n, r, lambda) - log_vero_N(N_current, p, n, r, lambda)
  N_samples[t] <- ifelse(runif(1) < exp(log_alpha), N_proposal, N_current)
}
return(N_samples[n_iter])
}

# Amostrador de Gibbs para o Caso 1
gibbs_sampler_1 <- function(n_iter, lambda, n, r, N_init) {
  N_samples <- numeric(n_iter)
  p_samples <- matrix(0, nrow = n_iter, ncol = length(n))
  N_samples[1] <- N_init
  p_samples[1, ] <- runif(length(n), 0, 1)
  for (i in 2:n_iter) {
    N_samples[i] <- mh_N(p_samples[i - 1, ], n, r, lambda, N_samples[i - 1])
    p_samples[i, ] <- sample_p(N_samples[i], n)
  }
  list(N_samples = N_samples, p_samples = p_samples)
}

# burn-in para o Caso 1
resultados_caso1 <- gibbs_sampler_1(n_iter, lambda, n, r, 12)
N_samples_burned_caso1 <- resultados_caso1$N_samples[(burn_in + 1):n_iter]
p_samples_burned_caso1 <- resultados_caso1$p_samples[(burn_in + 1):n_iter, ]
n_iter_burned <- n_iter - burn_in

# Estimativa de densidade e HDI para o Caso 1
densidade_caso1 <- mean(N_samples_burned_caso1) / 524 * 100
hdi_caso1 <- HPDinterval(mcmc(N_samples_burned_caso1), prob = 0.95)

# Função para amostrar os p_i condicionalmente a N, considerando a priori Beta(a, b)
sample_p_caso2 <- function(N, n, a, b) {
  p <- numeric(length(n))
  for (i in 1:length(n)) {
    p[i] <- rbeta(1, a + n[i], b + N - n[i])
  }
  return(p)
}

# Amostrador de Gibbs para o Caso 2
gibbs_sampler_2 <- function(n_iter, lambda, n, r, a, b, N_init) {
  N_samples <- numeric(n_iter)
  p_samples <- matrix(0, nrow = n_iter, ncol = length(n))
  N_samples[1] <- N_init
  p_samples[1, ] <- runif(length(n), 0, 1)
  for (i in 2:n_iter) {
    N_samples[i] <- mh_N(p_samples[i - 1, ], n, r, lambda, N_samples[i - 1])
    p_samples[i, ] <- sample_p_caso2(N_samples[i], n, a, b)
  }
  list(N_samples = N_samples, p_samples = p_samples)
}

# Aplicar o burn-in para o Caso 2
resultados_caso2 <- gibbs_sampler_2(n_iter, lambda, n, r, a, b, 12)
N_samples_burned_caso2 <- resultados_caso2$N_samples[(burn_in + 1):n_iter]
p_samples_burned_caso2 <- resultados_caso2$p_samples[(burn_in + 1):n_iter, ]

# Estimativa de densidade e HDI para o Caso 2

```

```
densidade_caso2 <- mean(N_samples_burned_caso2) / 524 * 100  
hdi_caso2 <- HPDinterval(mcmc(N_samples_burned_caso2), prob = 0.95)
```

Referências

- [1] Chapman, D. G. (1951). *Some properties of the hypergeometric distribution with applications to zoological sample censuses*.
- [2] George, E. I., & Robert, C. P. (1992). Capture-recapture estimation via Gibbs sampling. *Biometrika*, 79(4), 677–683.
- [3] ICMBio. (2018). *Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção*. Available at: <https://www.icmbio.gov.br/portal/component/content/article/10187>.
- [4] Lincoln, F. C. (1930). Calculating waterfowl abundance on the basis of banding returns. *United States Department of Agriculture Circular*, 118.
- [5] Petersen, C. G. J. (1896). The yearly immigration of young plaice in the limfjord from the German sea. *Report of the Danish Biological Station*, 6:1–48.
- [6] Robert, C., & Casella, G. (2004). *Monte Carlo Statistical Methods*. Springer.
- [7] Silveira, L., Jácomo, A. T., Astete, S., Sollmann, R., Tôrres, N. M., Furtado, M. M., & Marinho-Filho, J. (2009). Density of the near threatened jaguar *Panthera onca* in the caatinga of north-eastern Brazil. *Oryx*, 44(1), 104–109.