

# Beispiel 4.1 Single-Season Berechnung der Abhängigkeit der Vorkommenswahrscheinlichkeit des Koalas (*Phascolarctos cinereus*) von Umweltvariablen

Kapitel 4.1 aus Henle, K., A. Grimm-Seyfarth & B. Gruber: Erfassung und Analyse von Tierpopulationen. Ulmer Verlag

Bernd Gruber

2022-08-29

Dieses Beispiel verwendet das R-Paket “unmarked” (Fiske & Chandler 2011, Kellner et al. 2023) für eine Demonstration, wie die Belegungswahrscheinlichkeit nach MacKenzie et al. (2018) berechnet werden kann.

## Single-Season Occupancy mittels Paket unmarked

Als erstes muss das unmarked Paket geladen werden. Der folgende Code schaut nach, ob es nicht schon installiert ist und installiert es gegebenenfalls. Wir laden ebenfalls die Pakete ggplot2 (Wickham 2016) zur Erstellung von Grafiken.

```
## unmarked ggplot2
##      TRUE      TRUE
```

Für dieses Beispiel verwenden wir Daten von Koalas. Zur Entwicklung von Schutzmaßnahmen für Koalas in New South Wales wurden diese anhand von Kotfunden unter Bäumen erfasst. Hierzu wurde die Abhängigkeit der Vorkommenswahrscheinlichkeit von Umweltvariablen mithilfe von Occupancy-Modellen analysiert.

```
#fn <- system.file('extdata', "koala_ss_occ.csv", package = "UlmerBuch")
#koalas <- read.csv(fn, row.names = "site")
UlmerBuch::beispiel.pfad() #Setze Pfad zu dem Ordner mit den Beispieldaten
```

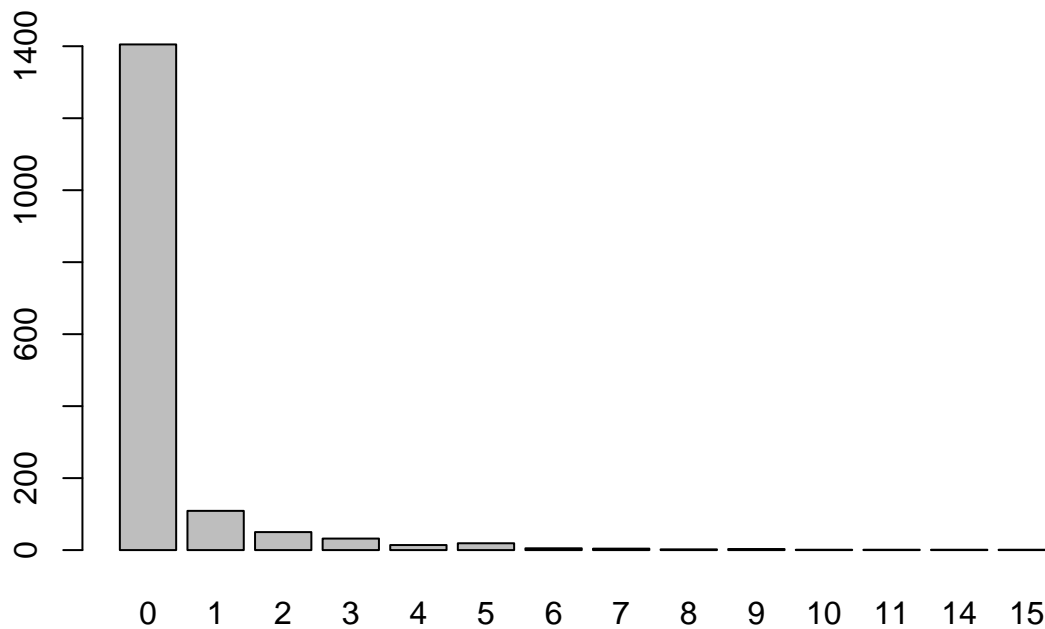
```
## Der Pfad zu den Beispiel Daten wurde gesetzt auf: D:/Bernd/R/UlmerBuch/inst/extdata
koalas <- read.csv("koala_ss_occ.csv", row.names = "site")
```

## Koala an-/abwesend

```
dim(koalas)
```

```
## [1] 1647 30
```

```
#1647 sites mit 30 Besuchen pro site
#Summierte Anzahl der Koala-Pellets unter allen 30 Bäumen
barplot(table(rowSums(koalas)))
```



## Aufbereiten der Daten in das unmarked format

Wir müssen die Daten noch umformatieren mittels der `unmarkedFrameOccu` function.

```
sample.koalas <- unmarkedFrameOccu( y = as.matrix(koalas))
```

Unmarked hat eine Summary funktion, welche die Daten übersichtlich zusammenfasst:

```
summary(sample.koalas)
```

```
## unmarkedFrame Object
##
## 1647 sites
## Maximum number of observations per site: 30
## Mean number of observations per site: 30
## Sites with at least one detection: 242
##
## Tabulation of y observations:
##      0      1
## 48803  607
```

## Einfaches Belegungsmodell (= Vorkommensmodell) ohne Kovariable

```
occu.m1 <- occu(formula = ~1 #detection keine Kovariable
                  ~1 #occupancy keine Kovariable
                  , data = sample.koalas)
```

Die normale Zusammenfassung zeigt die Schätzungen auf der logit-Skala, was nicht allzusehr weiterhilft.

```
summary(occu.m1)

##
## Call:
## occu(formula = ~1 ~ 1, data = sample.koalas)
##
## Occupancy (logit-scale):
##   Estimate      SE      z  P(>|z|)
##    -1.64 0.0722 -22.7 1.74e-114
##
## Detection (logit-scale):
##   Estimate      SE      z  P(>|z|)
##    -2.5 0.0489 -51.1      0
##
## AIC: 5511.573
## Number of sites: 1647
```

Mittels der predict function können wir aber die Belegung in Anwesend/Abwesend umwandeln.

```
predict(occu.m1, newdata = data.frame(site = 1), type = "state")

##   Predicted      SE      lower      upper
## 1 0.1622074 0.009811388 0.1438839 0.1823674
```

Als erstes Ergebniss erfahren wir, dass etwa 16% aller Sites besetzt waren.

Weiterhin möchten wir noch die Nachweiswahrscheinlichkeit p berechnen. Da wir in unserem Model die Nachweiswahrscheinlichkeit als konstant für alle Sites angenommen haben, ist es egal, für welche Site wir die Nachweiswahrscheinlichkeit berechnen.

```
predict(occu.m1, newdata = data.frame(site = 1), type = "det")

##   Predicted      SE      lower      upper
## 1 0.07573598 0.003425192 0.06928995 0.08272839
```

Die Nachweiswahrscheinlichkeit betrug damit ca. 7,6%.

## Occupancy mit Kovariablen

Laden wir nun Informationen zu den Futterbäumen ein. Dargestellt ist jeweils, wie viele Futterbäume in einer Site vorhanden sind.

```
#fn <- system.file('extdata',"foodtrees.csv", package = "UlmerBuch")
#food <- read.csv(fn, row.names = "site")
food <- read.csv("foodtrees.csv", row.names = "site")
summary(food)

##   foodtrees
##   Min.   : 0.00
##   1st Qu.:17.00
##   Median :23.00
##   Mean   :21.53
##   3rd Qu.:27.00
##   Max.   :30.00
```

## Umformatierung in ein Beispiel mit Kovariable

Das Beispiel ist ein einfaches Beispiel (nur eine Kovariable für die Sites und keine für die Erfassungen (= Observer). Zum Beispiel könnte das Wetter die Nachweiswahrscheinlichkeiten beeinflussen.

```
sample.koalas_cov <- unmarkedFrameOccu( y = as.matrix(koalas), siteCovs = food)
summary(sample.koalas_cov)

## unmarkedFrame Object
##
## 1647 sites
## Maximum number of observations per site: 30
## Mean number of observations per site: 30
## Sites with at least one detection: 242
##
## Tabulation of y observations:
##      0      1
## 48803  607
##
## Site-level covariates:
##      foodtrees
## Min.      : 0.00
## 1st Qu.:17.00
## Median :23.00
## Mean    :21.53
## 3rd Qu.:27.00
## Max.    :30.00

occu.m2 <- occu(formula = ~1 # konstante Erfassung (=detection)
                ~ foodtrees # Belegung (=occupancy) abhängig Foodtrees
                , data = sample.koalas_cov)

# Zusammenfassung
summary(occu.m2)

##
## Call:
## occu(formula = ~1 ~ foodtrees, data = sample.koalas_cov)
##
## Occupancy (logit-scale):
##      Estimate      SE      z  P(>|z|)
## (Intercept) -2.4420 0.2685 -9.10 9.39e-20
## foodtrees    0.0363 0.0115  3.16 1.56e-03
##
## Detection (logit-scale):
##      Estimate      SE      z  P(>|z|)
##      -2.5 0.0489 -51.1      0
##
## AIC: 5502.884
## Number of sites: 1647
```

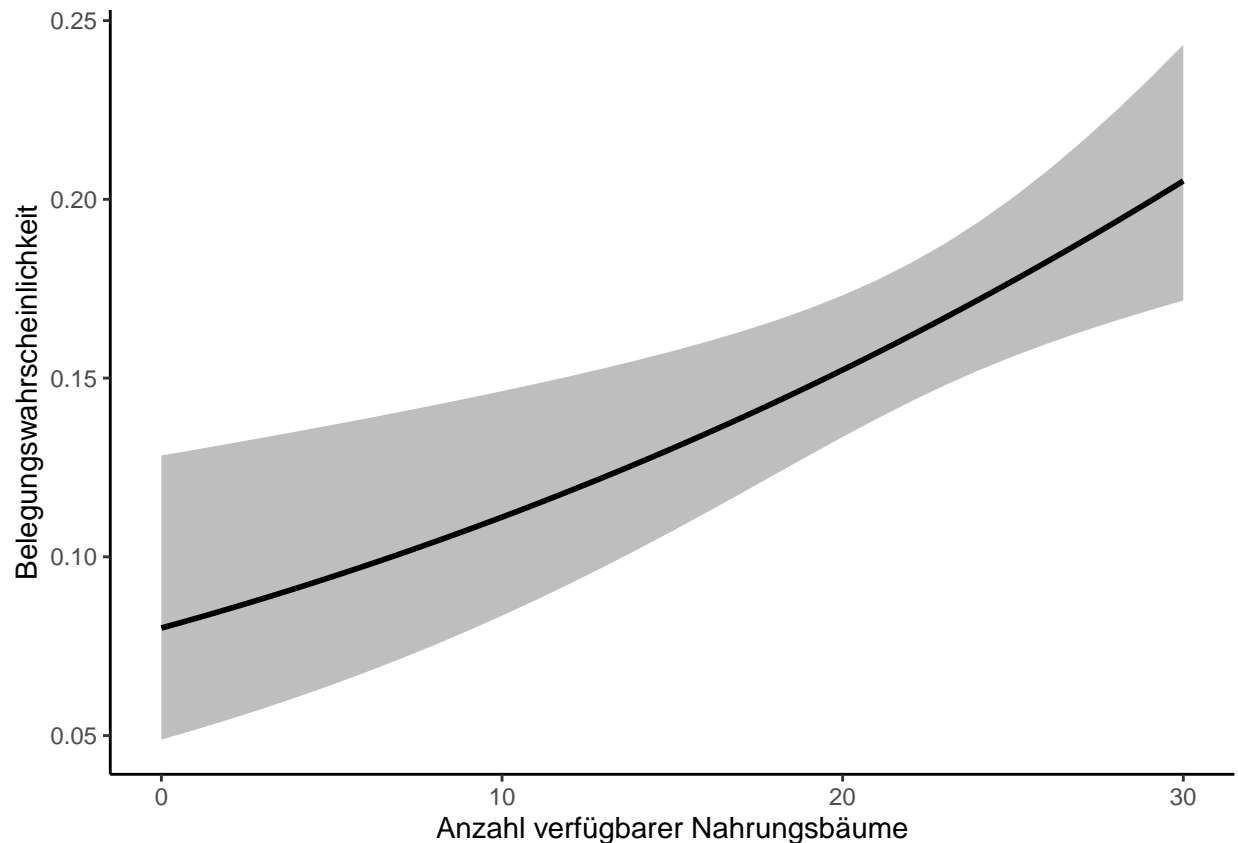
In der Zusammenfassung koennen wir den “Erklärungswert” der Variablen foodtrees erkennen ( $p=1.56e-03 < 0.01$ ), welcher als signifikant geschätzt wird. Die Schätzung des Effekts von 0.0363 bedeutet, dass ein positiver Zusammenhang besteht, das heist, eine Site ist eher besetzt, je mehr Nahrungsbäume vorhanden sind.

## Graphische Darstellung der Abhängigkeit

Wie zuvor verwenden wir die `predict` function und tragen anschließend die Anzahl foodtrees gegen die Belegungswahrscheinlichkeit graphisch auf.

```
predict_m2_food <- predict(occu.m2, newdata = data.frame(foodtrees= 0:30), type="state")
```

```
ggplot(data = predict_m2_food, aes(x = 0:30, y = Predicted)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill = "gray") +  
  stat_smooth(method = "loess", col = "black", se = FALSE) +  
  labs(x = "Anzahl verfügbarer Nahrungsbäume", y = "Belegungswahrscheinlichkeit") +  
  theme_classic()
```



## Literaturverzeichnis

Fiske, I. & R. Chandler. 2011. unmarked: An R Package for Fitting Hierarchical Models of Wildlife Occurrence and Abundance. *Journal of Statistical Software*, 43(10): 1-23.

Kellner K.F., A.D. Smith, J.A. Royle, M. Kery, J.L. Belant, & R.B. Chandler. 2023. The unmarked R package: Twelve years of advances in occurrence and abundance modelling in ecology. *Methods in Ecology and Evolution* 14(6): 1408-1415.

MacKenzie, D.I., J.D. Nichols, J.A. Royle, K.H. Pollock, L.L. Bailey, & J.E. Hines. 2018. *Occupancy Estimation and Modeling. Inferring Patterns and Dynamics of Species Occurrence*. Second Edition. Academic Press, London