

Beispiel 9.1 und Beispiel 9.2: Test auf Geschlossenheit einer Population anhand zweier Populationen von *Gehyra variegata*, Kinchega Nationalpark, Australien, und Modellselektion mithilfe von AIC-Werten für zwei benachbarte geschlossene Populationen des baumbewohnenden Geckos *Gehyra variegata*

Kapitel 9 aus Henle, K., A. Grimm-Seyfarth & B. Gruber: Erfassung und Analyse von Tierpopulationen. Ulmer Verlag

Annegret Grimm-Seyfarth

2025-04-05

Im Kinchega Nationalpark befinden sich zwei räumlich getrennte, benachbarte Geckopopulationen, welche 2016 an sieben (Auwaldgebiet, RI) bzw. sechs (Feldstation, Station) Tagen in Folge mittels Fang-Markierung-Wiederfang untersucht wurden. Wir wissen, dass es keine konstante Fangwahrscheinlichkeit gibt (Beispiel 10.5), sondern individuelle Heterogenität vorliegt (Henle 1990b, Grimm et al. 2014, Grimm-Seyfarth et al. 2018). Anhand des Studiendesigns – Fang am Ende der Reproduktionssaison (d. h., keine neuen Individuen durch Geburten), nur wenige Tage andauernde Primärperiode (d. h., keine Zu- und Abwanderungen sowie vernachlässigbare Mortalität erwartet) – gehen wir von einer geschlossenen Population aus. Während die Feldstation räumlich ohnehin geschlossen ist, was Zu- und Abwanderung in wenigen Tagen unwahrscheinlich macht, untersuchten wir in der Auwaldpopulation zusätzlich 19 umliegende Bäume, um wandernde Individuen zu entdecken. Dabei werden Individuen, die mindestens einmal im Kerngebiet erfasst werden, dem Kerngebiet hinzugeschlagen, während Individuen, die ausschließlich an den 19 umliegenden Bäumen entdeckt werden, nicht zur Population gerechnet werden. Somit können wir in unserem Design bereits sicherstellen, dass die Population geschlossen ist. Von beiden Populationen haben wir nun die Fanggeschichte analog zu Tabelle 9.1 erstellt.

Für diese beiden Beispiele nutzen wir das R-Paket secr (Efford 2025).

```
# check.packages function: install and load multiple R packages.
# Function from: https://gist.github.com/smithdanielle/9913897
check.packages <- function(pkg){
  new.pkg <- pkg[!(pkg %in% installed.packages()[, "Package"])]
  if (length(new.pkg))
    install.packages(new.pkg, dependencies = TRUE, type = "source")
  sapply(pkg, require, character.only = TRUE)
}

# benoetigte R pakete
pakete <- c("secr")

# Pruefe und installiere
check.packages(pakete)
```

```
## secr
## TRUE
```

Weitere Informationen zur Nutzung des Paketes finden sich hier:

<https://cran.r-project.org/web/packages/secr/secr.pdf>

Einlesen der Fangdaten

Wir laden zunächst die Fangdaten der beiden Gebiete ein. Das secr Paket nutzt räumlich explizite Daten. Da wir hier nicht darauf eingehen, nutzen wir nur einen Detektor. Genaue Infos, wie man verschiedene Detektortypen einliest, finden sich hier: <https://cran.r-project.org/web/packages/secr/vignettes/secr-datainput.pdf>

```
# Daten von Auwaldgebiet (RI) einlesen
#xlsname <- system.file("extdata", "stoat.xlsx", package = "secr")
xlsname <- "extdata/GV_RI_2016.xlsx"
CH.RI <- read.caphist(xlsname, sheet = c("GVRIcapt", "GVRItrap"), skip = 1,
detector = "count")
summary(CH.RI)
```

```
## Object class      caphist
## Detector type     count
## Detector number   1
## Average spacing   m
## x-range           1 1 m
## y-range           1 1 m
##
## Counts by occasion
##           1  2  3  4  5  6  7 Total
## n           29 31 32 31 34 33 20  210
## u           29 24 19  9 14 10  3  108
## f           51 26 20  9  1  1  0  108
## M(t+1)       29 53 72 81 95 105 108 108
## losses        0  0  0  0  0  0  0  0
## detections    29 31 32 31 35 33 20  211
## detectors visited 1  1  1  1  1  1  1  7
## detectors used   1  1  1  1  1  1  1  7
```

```
# Daten von Feldstation (Station) einlesen
xlsname <- "extdata/GV_Station_2016.xlsx"
CH.Station <- read.caphist(xlsname, sheet = c("GVScapt", "GVStrap"), skip = 1,
detector = "count")
summary(CH.Station)
```

```
## Object class      caphist
## Detector type     count
## Detector number   1
## Average spacing   m
## x-range           0 0 m
## y-range           0 0 m
```

```
##
## Counts by occasion
##      1  2  3  4  5  6 Total
## n      51 49 48 59 58 62 327
## u      51 24 15 11  4 10 115
## f      35 20 21 15 15  9 115
## M(t+1) 51 75 90 101 105 115 115
## losses      0 0 0  0  0  0  0
## detections 51 49 49 59 59 62 329
## detectors visited 1 1 1  1  1  1  6
## detectors used   1 1 1  1  1  1  6
```

Tests für Geschlossenheit der Population

Nun führen wir die Tests für geschlossene Populationen durch. Beginnen wir mit dem Auwaldgebiet (RI):

```
closure.test(CH.RI, SB=TRUE)
```

```
## $Otis
##      statistic      p
## -1.658245 0.04863402
##
## $Xc
##      statistic df      p
## 13.91941 10 0.1766996
##
## $NRvsJS
##      statistic df      p
## 6.603697 5 0.2518208
##
## $NMvsJS
##      statistic df      p
## 8.705167 5 0.1214179
##
## $MtvvsNR
##      statistic df      p
## 7.315708 5 0.1981994
##
## $MtvvsNM
##      statistic df      p
## 5.214238 5 0.3902978
##
## $compNRvsJS
##      Occasion  Chisquare df      p
## 1      2 0.295768797 1 0.58654725
## 2      3 0.124228645 1 0.72449268
## 3      4 5.625527476 1 0.01770074
## 4      5 0.003846851 1 0.95054453
## 5      6 0.554325674 1 0.45655559
##
## $compNMvsJS
##      Occasion  Chisquare df      p
```

```
## 1      2 1.50902009  1 0.21928867
## 2      3 1.95156375  1 0.16241844
## 3      4 1.26650650  1 0.26042308
## 4      5 3.93979313  1 0.04715658
## 5      6 0.03828391  1 0.84487415
```

Nun wiederholen wir das für die Feldstation (Station):

```
closure.test(CH.Station, SB=TRUE)
```

```
## $Otis
##      statistic      p
## -0.6118294 0.2703253
##
## $Xc
##      statistic df      p
## 56.41909 8 2.337395e-09
##
## $NRvsJS
##      statistic df      p
## 26.79594 4 2.185933e-05
##
## $NMvsJS
##      statistic df      p
## 33.40493 4 9.86837e-07
##
## $MtvvsNR
##      statistic df      p
## 29.62315 4 5.839684e-06
##
## $MtvvsNM
##      statistic df      p
## 23.01416 4 0.0001258039
##
## $compNRvsJS
##      Occasion Chisquare df      p
## 1      2 3.925914 1 0.0475473296
## 2      3 3.242577 1 0.0717477051
## 3      4 5.132109 1 0.0234871714
## 4      5 14.495340 1 0.0001405067
##
## $compNMvsJS
##      Occasion Chisquare df      p
## 1      2 0.7409226 1 0.3893654994
## 2      3 9.5929459 1 0.0019532631
## 3      4 9.8123244 1 0.0017334628
## 4      5 13.2587368 1 0.0002713124
```

Eine Interpretation der Ergebnisse findet sich in Kapitel 9.3 des Buches.

Modellwahl

Aufgrund der Vielzahl möglicher Methoden, um Populationsgrößen einer geschlossenen Population zu schätzen, muss eine Wahl zwischen verschiedenen Modellen getroffen werden. Das Paket `secur` bietet eine Selektion basierend auf dem Akaike-Informationskriterium (AIC). Hierbei werden zahlreiche Modelle gerechnet und ein AIC erstellt. Dies funktioniert für die Maximum-Likelihood-Schätzer M0 (null), Mb removal nach Zippin (zippin, Otis et al. 1978 p.108), Mt nach Darroch (darroch, Otis et al. 1978 p.106-7), Mh Pledgers finite mixture models (h2, Pledger 2000), und Mh Beta-binomiale kontinuierliche mixture models (betabinomial, Dorazio and Royle 2003). Weitere Modelle, die berechnet werden können, jedoch keinen AIC Wert produzieren können, sind Mh Jackknife (Burnham and Overton 1978), Chao's Mh Schätzer (chao, Chao 1987), Chao's modifizierter Mh Schätzer (chaomod, Chao 1987), sowie die Sample Coverage Schätzer 1 und 2 (chao.th1/chao.th2, Lee and Chao 1994). Eine detaillierte Beschreibung der Schätzmethoden findet sich in Kapitel 10.3 des Buches.

Wir schätzen die Populationsgröße zunächst für die RI Population:

```
closedN(CH.RI)
```

##	model	npar	loglik	AIC	AICc	dAICc	AICcwt	Mt1	Nhat	seNhat
## null	M0	2	-434.718	873.44	873.55	3.73	0.085	108	126.67	6.05
## zippin	Mb	3	-434.686	875.37	875.60	5.78	0.030	108	124.88	8.70
## darroch	Mt	8	-431.643	879.29	880.74	10.92	0.000	108	126.43	6.00
## h2	Mh	4	-431.197	870.39	870.78	0.96	0.338	108	205.30	1611.91
## betabinomial	Mh	3	-431.797	869.59	869.83	0.00	0.546	108	160.21	18.14
## jackknife	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	108	177.52	19.99
## chao	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	108	158.02	18.51
## chaomod	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	108	171.75	23.21
## chao.th1	Mth	NA	NA	NA	NA	NA	NA	108	159.46	15.84
## chao.th2	Mth	NA	NA	NA	NA	NA	NA	108	147.09	14.05
##	lclNhat	uclNhat								
## null	118.05	142.69								
## zippin	114.52	151.71								
## darroch	117.89	142.33								
## h2	108.93	10240.78								
## betabinomial	134.94	209.18								
## jackknife	148.01	228.80								
## chao	132.79	208.93								
## chaomod	139.93	235.30								
## chao.th1	136.54	200.79								
## chao.th2	127.74	185.39								

Wie zu erwarten, sind die Mh Modelle am besten geschätzt und weisen den geringsten AIC Wert auf. Die Wahl sollte folglich auf einen der Mh Schätzer fallen. Weitere Entscheidungshinweise für Mh Modelle geben Grimm et al. (2014). Eine Interpretation der Ergebnisse erfolgt in Kapitel 9.3.3 des Buches.

Schauen wir uns noch die Population an der Station an:

```
closedN(CH.Station)
```

##	model	npar	loglik	AIC	AICc	dAICc	AICcwt	Mt1	Nhat	seNhat
## null	M0	2	-476.114	956.23	956.34	55.84	0.000	115	117.25	1.80
## zippin	Mb	3	-472.010	950.02	950.24	49.74	0.000	115	122.20	4.30
## darroch	Mt	7	-473.135	960.27	961.32	60.82	0.000	115	117.18	1.77
## h2	Mh	4	-447.598	903.20	903.56	3.06	0.178	115	132.27	4.84

## betabinomial	Mh	3	-447.142	900.28	900.50	0.00	0.822	115	175.07	28.81
## jackknife	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	115	155.94	14.37
## chao	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	115	145.62	13.59
## chaomod	Mh	NA	NA	NA	NA	NA	NA	115	167.19	22.35
## chao.th1	Mth	NA	NA	NA	NA	NA	NA	115	141.58	9.04
## chao.th2	Mth	NA	NA	NA	NA	NA	NA	115	136.45	8.27
##	lclNhat	uclNhat								
## null			115.57	123.91						
## zippin			117.44	136.26						
## darroch			115.54	123.80						
## h2			125.07	144.59						
## betabinomial			139.62	261.55						
## jackknife			136.00	194.84						
## chao			128.34	185.30						
## chaomod			138.35	231.67						
## chao.th1			128.90	165.84						
## chao.th2			125.34	159.51						

Auch hier sind die Mh Modelle deutlich am besten und weisen die geringsten AIC Werte auf. Der Unterschied zu weiteren Modellen ist hier allerdings ungleich größer als in der RI Population. Auch dies unterstreicht nochmals, dass die individuelle Heterogenität in dieser Population deutlich stärker ausgeprägt sein muss. Eine Interpretation der Ergebnisse erfolgt in Kapitel 9.3.3 des Buches.

Literaturverzeichnis

- Burnham, K.P., Overton, W.S. 1978. Estimating the size of a closed population when capture probabilities vary among animals. *Biometrika* 65: 625–633.
- Chao, A. 1987. Estimating the population size for capture–recapture data with unequal catchability. *Biometrics* 43: 783–791.
- Dorazio, R.M., Royle, J. A. 2003. Mixture models for estimating the size of a closed population when capture rates vary among individuals. *Biometrics* 59: 351–364.
- Efford, M.G. 2025. secr: Spatially explicit capture-recapture models. R package version 5.2.1. <https://CRAN.R-project.org/package=secr>
- Grimm, A., Gruber, B., Henle, K. 2014. Reliability of different mark-recapture methods for population size estimation tested against reference population sizes constructed from field data. *Plos One* 9: e98840.
- Grimm-Seyfarth, A., Mihoub, J.-B., Gruber, B., Henle, K. 2018. Some like it hot: from individual to population responses of an arboreal arid-zone gecko to local and distant climate. *Ecological Monographs* 88: 336–352.
- Henle, K. 1990. Population ecology and life history of the arboreal gecko *Gehyra variegata* in arid Australia. *Herpetological Monographs* 4: 30–60.
- Lee, S.-M., Chao, A. 1994. Estimating population size via sample coverage for closed capture-recapture models. *Biometrics* 50: 88–97.
- Otis, D.L., Burnham, K.P., White, G.C., Anderson, D.R. 1978. Statistical inference from capture data on closed animal populations. *Wildlife Monographs* 62: 1–135.
- Pledger, S. 2000. Unified maximum likelihood estimates for closed capture-recapture models using mixtures. *Biometrics* 56: 434–442.