

# Onlinebeispiel 9.2: 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

05.04.2025

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-Methode untersucht wurden. Wir wissen, dass es keine konstante Fangwahrscheinlichkeit gibt (Beispiel 10.5), sondern individuelle Heterogenität vorliegt (Henle 1990, 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 des Buches erstellt.

Für die beiden Onlinebeispiele 9.1 und 9.2 nutzen wir das R-Paket `secr` (Efford 2025). Der Beginn ist hier daher identisch mit Onlinebeispiel 9.1.

```
# 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
UlmerBuch::beispiel.pfad()
```

```
## Der Pfad zu den Beispieldaten wurde gesetzt auf:
## C:/Users/grimm/AppData/Local/Programs/R/R-4.4.3/library/UlmerBuch/extdata
```

```
xlsxname <- "GV_RI_2016.xlsx"
CH.RI <- read.capthist (xlsxname, sheet = c("GVRIfapt", "GVRIttrap"), skip = 1,
detector = "count")
summary(CH.RI)
```

```
## Object class      capthist
## 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
xlsxname <- "GV_Station_2016.xlsx"
CH.Station <- read.capthist (xlsxname, sheet = c("GVScapt", "GVStrap"), skip = 1,
detector = "count")
summary(CH.Station)
```

```
## Object class      capthist
## 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
```

## Modellwahl

Aufgrund der Vielzahl möglicher Methoden, um Populationsgrößen einer geschlossenen Population zu schätzen, muss eine Wahl zwischen verschiedenen Modellen getroffen werden. Das Paket `secr` 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 endlich gemischte Modelle (`h2`, Pledger 2000), und Mh Beta-binomiale kontinuierliche gemischte Modelle (`betabinomial`, Dorazio & Royle 2003). Weitere Modelle, die berechnet werden können, jedoch keinen AIC Wert produzieren können, sind Mh Jackknife (`jackknife`, Burnham & 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 & Chao 1994). Eine detaillierte Beschreibung der Schätzmethoden findet sich in Kap. 10.3 des Buches.

## Population RI

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
```

Die Ergebnistabelle zeigt zunächst die verschiedenen Schätzer wie oben beschrieben, dann das zugehörige Modell, die Anzahl Parameter (bei parametrischen Methoden), die negative Log-Likelihood, den AIC sowie AICc (d. h., AIC korrigiert für kleine Stichprobengrößen - bei ausreichend großen Stichproben nähern sich beide Werte annähernd identisch an), die Differenz der AICc-Werte zum besten Modell (d. h., das Modell mit dem geringsten AICc) sowie einer AICc-Wichtung (je höher, umso besser ist das Modell). Schließlich finden wir unter `Nhat` die geschätzte Populationsgröße, deren Standardfehler (`seNhat`), sowie das untere (`lclNhat`) und obere Konfidenzintervall der geschätzten Populationsgröße (`uclNhat`).

Wie zu erwarten, haben die Mh-Modelle am besten geschätzt und weisen die geringsten AIC(c)-Werte auf, folglich liegt individuelle Heterogenität in der Fängigkeit vor. Die Wahl sollte daher auf einen der Mh-Schätzer fallen, die sich, mit einer Ausnahme, nicht gravierend voneinander unterscheiden. Weitere Entscheidungshinweise für die verschiedenen Mh-Modelle geben Grimm et al. (2014). Würden wir diese individuelle Heterogenität nicht berücksichtigen, würde die Populationsgröße stark unterschätzt werden, wie die Ergebnisse der anderen Schätzer zeigen.

## Population Station

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(c)-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. Auch hier würde ein Nicht-Beachten der individuellen Heterogenität zu einer massiven Unterschätzung der tatsächlichen Populationsgröße führen.

## 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.