

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)
}

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

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

Der Pfad zu den Beispiel Daten wurde gesetzt auf: C:/Program Files/R/R-4.4.1/library/UlmerBuch/extdata

```
xlsname <- "GV_RI_2016.xlsx"
CH.RI <- read.capthist(xlsname, sheet = c("GVRIcapt", "GVRItrap"), 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
xlsname <- "GV_Station_2016.xlsx"
CH.Station <- read.capthist(xlsname, 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
```

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 `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 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 Schätzmethode 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.