

# **Fototrampeo en R:** organización y análisis de datos

Volumen I

Salvador Mandujano Rodríguez  
Luz A. Pérez-Solano  
(Editores)



Xalapa, Ver., México

Primera edición impresa, octubre de 2019

D.R. © 2019 Instituto de Ecología A.C.

Carretera Antigua a Coatepec No. 351

Col. El Haya, Xalapa, Veracruz, C.P.91073, México

<https://www.inecol.mx>

ISBN: 978-607-7579-89-2 (Obra completa)

ISBN: 978-607-7579-90-8 (Volumen I versión impresa)

El presente libro es un producto de los proyectos CB-2009-01-13702 y CB-2015-01-256549 financiados por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) a través del proyecto de investigación, y ejecutado en el INECOL en la Red de Biología y Conservación de Vertebrados del Instituto de Ecología A.C.

Sugerencia de cita: “*Mandujano, S. y L.A. Pérez-Solano. (Eds.). 2019. Fototrampeo en R: organización y análisis de datos. Volumen I. Instituto de Ecología A.C., Xalapa, Ver., México. 248 pp.*

Diseño de portada: Tomas Bravo

Fotografías de portada: “*Proyecto monitoreo de venados en la RBTC*” (<http://venadosrbtc.blogspot.com>)

D.R. © Ninguna parte de este libro puede ser reproducida parcial o totalmente, y transmitida de cualquier forma o por cualquier medio, electrónico o mecánico, incluyendo fotocopia, grabación, o por cualquier sistema de almacenamiento o recuperación, sin permiso escrito del propietario del copyright.

*Editado e impreso en México*

## Capítulo 8

# Índice de abundancia relativa: RAI

*Salvador Mandujano*

### 8.1. Introducción

Las cámaras-trampa son uno de los métodos más populares para obtener diferente información de la fauna, principalmente de mamíferos y aves de talla mediana y grande (Meek y Pittet, 2013; McCallum, 2013; Burton *et al.*, 2015b). En particular, con el fototrampeo es muy frecuente calcular el índice de abundancia relativa (IAR o RAI por sus siglas en inglés) (Bengsen *et al.*, 2011; O'Brien, 2011). Por ejemplo, con ungulados (Rovero y Marshall, 2009); Gómez-Valencia y Montenegro (2016)], felinos (Bengsen *et al.*, 2012), lepóridos (Marchandea *et al.*, 2006), entre algunos.

En este capítulo se presenta la aplicación del paquete RAI desarrollado para estimar índices de abundancia relativa para diferentes especies mediante el foto-trampeo. En particular, en este capítulo se presenta el procedimiento para estimar el RAI considerando

dos modelos: 1) RAI tradicional o clásico, y 2) RAI alternativo que permite estimar la variación considerando los datos de cada cámara como replicas, y luego compararlos estadísticamente. Para este fin, se ejemplifica la aplicación de este paquete con un conjunto de datos obtenidos de 13 cámaras en una localidad de estudio en la Reserva de Biósfera Tehuacán-Cuicatlán en Oaxaca, México. Para detalles de este sitio se sugiere consultar los trabajos de Cruz-Jácome *et al.* (2015), (Pérez-Solano *et al.*, 2018) y el blog: <http://venadosrbtc.blogspot.com>.

## 8.2. Supuestos y limitantes del RAI

El cálculo e interpretación del RAI es relativamente simple: basado únicamente en el valor del índice se determina cuáles son las especies “más o menos abundantes”. Esta interpretación es cualitativa y subjetiva pero es muy común reportarla como una medida indirecta de la abundancia de cada especie. Sin embargo, en muchos casos esta comparación carece de rigor estadístico por lo que las conclusiones deben tomarse con mucho cuidado. De manera general, estos son algunos de sus supuestos del RAI:

- 1) Supone una relación lineal positiva entre la abundancia (N) de la población y el RAI.
- 2) Supone que para una misma especie el RAI se comporta similar en diferentes localidades y en diferentes estaciones del año.
- 3) Supone una constante o similar probabilidad de detección (temporal y espacialmente) para una misma especie y entre especies.
- 4) Supone que el RAI no es afectado por la ubicación espacial de las cámaras.

Algunas de las limitantes del RAI son:

- 1) No calcula intervalos de confianza de manera que no se puede evaluar el poder estadístico para detectar cambios en las poblaciones.

- 2) Generalmente se calcula usando pocas cámaras lo cual puede sesgar la estimación, sobre todo si las cámaras no se colocan de manera aleatoria.
- 3) Frecuentemente el diseño de muestreo está hecho para una especie en particular, por ejemplo algún depredador, y luego se utilizan todos los datos de las especies obtenidas en las cámaras.
- 4) Es común poner las cámaras en los senderos y caminos; o bien en sitios seleccionados donde se sabe pasará el animal de interés. También es muy frecuente y discutible el empleo de atrayantes.

### 8.3. Modelo RAI clásico o general

La manera más frecuente para estimar el RAI de cada especie es agrupando la información obtenida en todas las cámaras. Se define un periodo de tiempo en el cual se considera que las fotos de una misma especie son independientes. Habitualmente se emplean dos criterios: 60 min y 1440 min (24h) (O'Brien, 2011). Una vez definido esto, se calcula el número de fotos independientes y se divide entre el total de tiempo de muestreo expresado como días o noche-trampa. Frecuentemente, la tasa obtenida se multiplica por 100 o bien por 1000 si el número de registros es demasiado bajo.

Para calcular el RAI se usa la fórmula:

$$RAI_i = \frac{n_{tot}}{dias_{tot}} \times 100$$

(Eq.1)

donde:  $n_{tot}$  es el número total de registros fotográficos independientes de la  $i$ -especie,  $dias_{tot}$  es el esfuerzo de muestreo o número total de días. Es decir, el RAI simplemente es un índice que expresa el número promedio de fotos por cada 100 días de muestreo. Asume que a mayor valor del RAI la abundancia de la especie es mayor, pero no lo expresa como número de individuos de la población sino simplemente como un índice (O'Brien, 2011).

## 8.4. Modelo RAI alternativo

Al no considerar la ubicación espacial de las cámaras ni las fotos específicas obtenidas en cada una, en el RAI clásico se pierde información relevante relacionada con la distribución espacial de las especies en el área de estudio. Esto se debe a que en el RAI clásico (**Eq.1**) se agrupa la información de todas las cámaras, por lo que no es evidente si la especie fue fotografiada en la mayoría o todas las cámaras, o si la información proviene solo de algunas cámaras. Para ejemplificar, en la Figura 8.1 se muestra el mapa de la localización de varias cámaras en un sitio de estudio (Pérez-Solano *et al.*, 2018). Se muestra información del número de fotos obtenidas para diferentes especies. Es interesante notar la heterogeneidad en la distribución y número de fotos obtenidas de diferentes especies en cada cámara.

Una estadístico alternativo al RAI y que está relacionado con la distribución, es el que se conoce como “ocupación”. Hay modelos para estimar este parámetro, pero uno de los más sencillos es la propoción de sitios ocupados también conocida como “*ocupación naïve*” o bien PAO. Una alternativa más robusta es emplear los modelos que estiman la probabilidad de ocupación.

Una manera muy sencilla de comparar estadísticamente el RAI entre especies en una misma localidad, o de la misma especie en diferentes estaciones y/o localidades diferentes, es calculando el RAI por cámara. Es decir, sin agrupar los datos de todas las cámaras. La fórmula para este caso es:

$$RAI_{ij} = \frac{n_j}{dias_j} \times 100$$

(**Eq.2**)

donde: el subíndice  $i$  se refiere a cada especie y el subíndice  $j$  a cada cámara-trampa. Por lo tanto, la **Eq.2** calcula no solo el promedio (el cual sigue siendo el mismo al obtenido en la **Eq.1**) sino además permite estimar alguna medida de la variación, como por ejemplo la desviación o el error estándar lo cual es relevante para comprobar

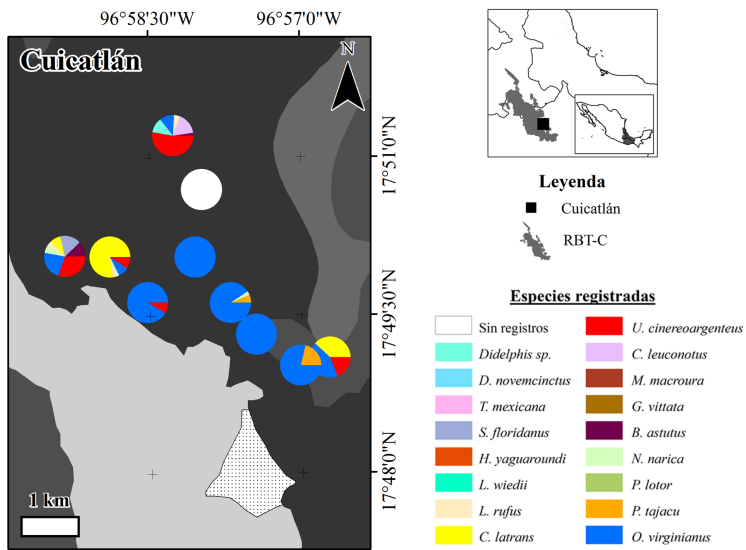


Figura 8.1: Distribución de especies fotografiadas en diferentes cámaras-trampa en Cuicatlán, Oaxaca. Basado en Pérez-Solano et al. (2018).

estadísticamente posibles diferencias significativas.

## 8.5. Descripción del paquete RAI

El paquete está integrado con varias funciones que sirven para calcular los índices y generar cuadros de resultados, gráficos y análisis estadísticos. De manera muy resumida, la aplicación del paquete RAI consiste de cuatro pasos sencillos:

```
#####
# PASO 1
# Cargar el paquete:
source("RAI.R")
# -----

# PASO 2
# Leer datos de fototrampeo:
wildlife.data <- read.csv("mamiferos.csv", header = T)
# Leer datos de covariables hábitat:
habitat.data <- read.csv("habitat.csv", header = T)
# Seleccionar las especies para graficar fotos por cámara,
por ejemplo:
especie <- c("Odo_vir", "Uro_cin", "Can_lat", "Con_leu",
"Did_vir", "Lyn_ruf")
# -----

# PASO 3
# seleccionar funciones del paquete:
RAIgral() # modelo clásico
RAIalt() # modelo alternativo
Dist_spp() # grafica fotos por cámara y PAO especies
OccNaive() # proporción de sitios ocupados
RAIaov() # ANOVA
RAItukey() # prueba post hoc Tukey
RAIhsd() # prueba post hoc HSD
RAIglm() # modelo GLM tipo Poisson
RAIglmCov() # modelo GLM tipo Poisson con covariables
```



```
RAIcorr() # gráfica comparación RAIs
RAIinterp() # interpolación de distribución y abundancia
RAIfinal() # tabla de resultados finales
# -----

# PASO 4: Compilación de documento
#library(rmarkdown)
#rmarkdown::render("rai1.R", "pdf_document")

#####

Sin embargo, para los objetivos del presente capítulo y además para
facilitar el empleo de este paquete, se sugiere cargar primero:

source("pkgRAI_1.R")
```

y luego ejecutar el paquete con una sola función:

```
RAI()
```

Esta sola función está programada para generar cuadros, figuras y pruebas estadísticas y en automático guarda los resultados o bien el usuario puede activar algunas de las funciones eliminando del código del paquete el símbolo de #.

Además, en este capítulo no se analiza el cálculo del RAI como modelo lineal generalizado o regresión tipo Poisson. Un ejemplo de esta aproximación se mostrará en el Volumen II de *Foto-trampeo en R*.

### 8.5.1. Datos de campo

Los datos de foto-trampeo debe contener 4 columnas cada una con los siguientes nombres: *Camera*, *Species*, *Events* y *Effort*; que corresponden a la cámara-trampa, especie, número de fotos independientes y número de días de muestreo, respectivamente. **Es muy importante que los nombres de las columnas sean exactamente como aquí se muestran de lo contrario el paquete no funcionará.** Una vez capturados los datos se deben guar-

Cuadro 8.1: Datos básicos por especie del número de registros independientes y esfuerzo de muestreo en cada cámara. Aquí se presentan solo los primeros 15 renglones de un total de 117.

Camera	Species	Events	Effort
C1	Odo_vir	15	281
C1	Uro_cin	68	281
C1	Can_lat	0	281
C1	Con_leu	22	281
C1	Did_vir	15	281
C1	Lyn_ruf	6	281
C1	Bas_ast	3	281
C1	Syl_flo	0	281
C1	Nas_nar	1	281
C1	Pec_taj	0	281
C1	Leo_wie	1	281
C1	Pro_lot	1	281
C1	Mep_mac	1	281
C2	Odo_vir	11	250
C2	Uro_cin	20	250

dar como archivo tipo `.csv`. Luego en **RStudio** se carga el archivo de datos como:

```
wildlife.data <- read.csv("mamiferos.csv", header = T)
```

También es muy importante que el nombre del objeto sea exactamente llamado `wildlife.data`. En este ejemplo específico, los datos están constituidos por el registro de 13 especies de mamíferos medianos y grandes en 13 cámaras trampa durante 250 y 281 días de muestreo en el sitio de estudio (Cuadro 8.1). En R se puede emplear la función `View(wildlife.data)` para observar los datos.

Además de los datos de fotos de las especies en las cámaras, con el paquete **RAI** es posible incorporar otros datos o covariables en los análisis, como:

Cuadro 8.2: Datos de UTM's y covariables asociados a cada cámara-trampa. Abreviaciones: distancia a la localidad más cercana

Camera	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type	scrub	grass
C1	758937	2167945	4718	2550	Selva	971	29
C2	758648	2168425	4655	2756	Selva	999	0
C3	759275	2168699	4187	2118	Selva	982	17
C4	758766	2167304	4233	2773	Selva	580	419
C5	757761	2162127	3838	2557	Selva	0	289
C6	758282	2162556	3991	2291	Pastizal	0	86
C7	757714	2163266	3133	2524	Pastizal	0	999
C8	756970	2163804	2223	1883	Pastizal	29	996
C9	755365	2160480	4302	522	Agricultura	360	71
C10	755943	2161023	3876	1120	Pastizal	228	432
C11	755943	2161023	3876	1151	Pastizal	29	423
C12	758766	2167304	4233	2771	Selva	580	400
C13	757761	2162127	3855	2557	Selva	0	289

```
habitat.data <- read.csv("habitat.csv", header = T)
```

Esta segunda matriz contiene los datos de UTM's y covariables de hábitat para cada una de las cámaras (Cuadro 8.2).

### 8.5.2. Modelo general

A partir de los datos de la Cuadro 8.1 y ejecutando la función `RAIgral()`, se calcula el RAI clásico para cada especie de acuerdo a la **Eq.1** y el paquete genera los resultados automáticamente (Cuadro 8.3). A partir de estos resultados en la mayoría de los trabajos se podría concluir que las especies más abundantes (mayor RAI) son: *U. cinereoargenteus*, *O. virginianus* y *C. latrans*; y todas las demás tienen baja abundancia. Sin embargo, esta conclusión es subjetiva ya que no se basa en ninguna prueba estadística que permita objetivamente sustentar cuáles especies tuvieron RAI distinto y significativo.

### 8.5.3. Ocupación naive y distribución de especies/cámara

La proporción de sitios ocupados frecuentemente llamada “ocupación naive”, es una medida simple de la distribución de cada especie

Cuadro 8.3: Estimaciones del índice de abundancia relativa (RAI) y ocupación naive (OccNaive) estimados para cada una de las especies.

	cameras	days	n	RAIgral	OccNaive
Leo_wie	9	2409	1	0.04	0.11
Mep_mac	9	2409	1	0.04	0.11
Pro_lot	9	2409	1	0.04	0.11
Pec_taj	9	2409	5	0.21	0.22
Nas_nar	9	2409	6	0.25	0.44
Syl_flo	9	2409	8	0.33	0.11
Bas_ast	9	2409	9	0.37	0.22
Lyn_ruf	9	2409	12	0.50	0.33
Did_vir	9	2409	15	0.62	0.11
Con_leu	9	2409	22	0.91	0.11
Can_lat	9	2409	87	3.61	0.33
Odo_vir	9	2409	158	6.56	1.00
Uro_cin	9	2409	191	7.93	1.00

en el sitio de estudio. Se calcula como el porcentaje de cámaras donde aparece la especie de interés. En el paquete RAI esto se calcula automáticamente. Por ejemplo, se obtiene que *U. cinereoargenteus* tiene una ocupación de 1.0 (100 %) mientras que *C. latrans* de 0.33 (33 %).

Además, resulta ilustrativo visualizar la distribución de las especies en el sitio de estudio. Esto permite conocer si los datos de fotografías provienen de todas o solo de algunas cámaras. Para esto, el paquete RAI ofrece la oportunidad de seleccionar las especies que se quieren graficar. Por ejemplo aquí se seleccionan cuatro especies:

```
especie <- c("Uro_cin", "Can_lat", "Odo_vir", "Syl_flo")
```

Nuevamente, es importante que no se modifique el nombre del objeto, es decir **especie**. Ejecutando la función `Dist_spp()` se obtienen los gráficos mostrados en la Figura 8.2. En este ejemplo es evidente que *Urocyon cinereoargenteus* tiene más amplia distribución y abundancia relativa; mientras que *Canis latrans* aparece en pocas cámaras, aunque con un número grande de fotos en una de ellas. Lo

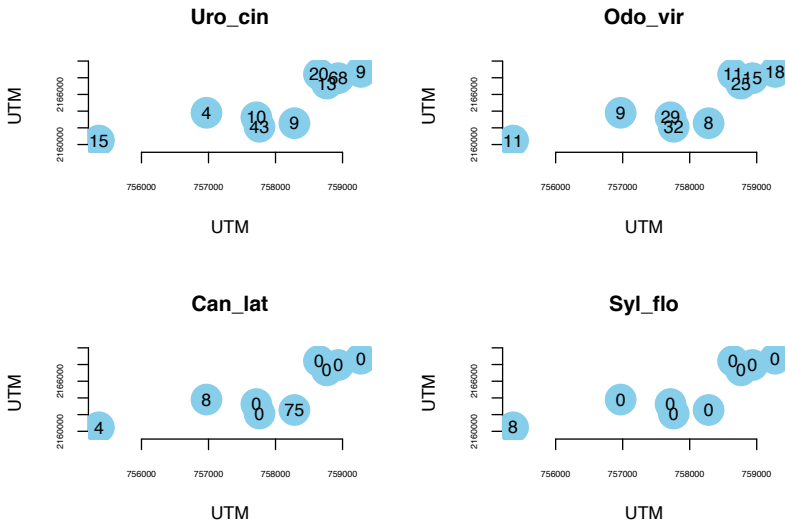


Figura 8.2: Ejemplo de distribución de especies en las cámaras. El número dentro de cada círculo representa el número de fotos. La escala de los ejes está en UTM.

mismo se observa con *Odocoileus virginianus* y *Sylvilagus floridanus*. Esto tiene como consecuencia que el RAI de esta especie sea alto.

#### 8.5.4. Modelo alternativo

Para calcular el RAI de acuerdo a la **Eq.2** en la que se obtiene un índice por especie para cada cámara, simplemente se ejecuta la función `RAIalt()` y se obtiene automáticamente (Cuadro 8.4).

Gráficamente estos resultados se muestran en la Figura 8.3. Atendiendo únicamente al promedio las especies con mayor RAI son: *O. virginianus* y *U. cinereoargenteus*, seguidas de *C. latrans*, *L. rufus* y *N. narica*; mientras que el resto de las especies podrían ser las menos abundantes. Sin embargo, observe las líneas verticales que indican

Cuadro 8.4: Matriz de datos con las estimaciones RAI para cada una de las especies. Observe que el RAI es calculado para cada una de las cámaras basado en el número de fotos independientes (en este ejemplo cada 24 h) y el número de días que estuvo activa cada cámara. Aquí se presentan solo los primeros 15 renglones de un total de 117. Además para fines de presentación se han eliminado algunas columnas.

Camera	Species	Events	Effort	RAIalt
C1	Odo_vir	15	281	5.34
C1	Uro_cin	68	281	24.20
C1	Can_lat	0	281	0.00
C1	Con_leu	22	281	7.83
C1	Did_vir	15	281	5.34
C1	Lyn_ruf	6	281	2.14
C1	Bas_ast	3	281	1.07
C1	Syl_flo	0	281	0.00
C1	Nas_nar	1	281	0.36
C1	Pec_taj	0	281	0.00
C1	Leo_wie	1	281	0.36
C1	Pro_lot	1	281	0.36
C1	Mep_mac	1	281	0.36
C2	Odo_vir	11	250	4.40
C2	Uro_cin	20	250	8.00

la variación (en este caso desviación estándar) del RAI. Esto se debe a que el RAI se estimó por cámara para cada especie de acuerdo a la **Eq.2**.

### 8.5.5. Comparación estadística entre especies

Para conocer si hay diferencias se puede contrastar estadísticamente los RAI de las especies mediante un análisis de varianza de una vía especificado en R como `lm(RAI ~ Especie)`. Para este fin, la ejecución del ANOVA se realiza con la función `RAIaov()`.

Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
----	--------	---------	---------	--------

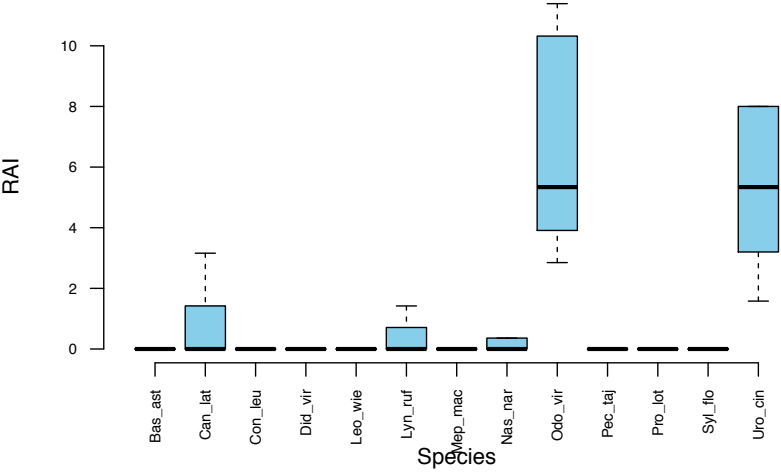


Figura 8.3: Estimación del índice de abundancia relativa (RAI) para cada especie.

Species 13 1066 82.04 6.85 2.29e-09 \*\*\* Residuals 104 1246 11.98  
— Signif. codes: 0 ‘’ **0.001** ’’ 0.01 ’’ 0.05 ‘:’ 0.1 ‘ ’ 1 4 observations  
deleted due to missingness

### 8.5.5.1. Comparación posterior: prueba HSD

Alternativamente, se puede generar un gráfico empleando, por ejemplo el paquete R llamado **agricolae**; luego se ejecuta la función **RAIhsd()** y se obtiene la Figura 8.4. En este gráfico las letras encima de las barras indican el resultado de la prueba *a posteriori* HSD. Letras similares indican que no existe diferencia entre esas especies ( $P > 0.05$ ); letras diferentes que sí hay diferencias ( $P < 0.05$ ). De acuerdo a esto, las dos especies con el RAI mayor fueron *O. virginianus* y *U. cinereoargenteus* (letra “a”) y significativamente diferente a las demás (letra “b”). Note que *C. latrans* con un RAI alto, resultó estadísticamente no significativo con el venado y la zorra, pero tampoco con las demás especies con menor RAI. En el caso del coyote

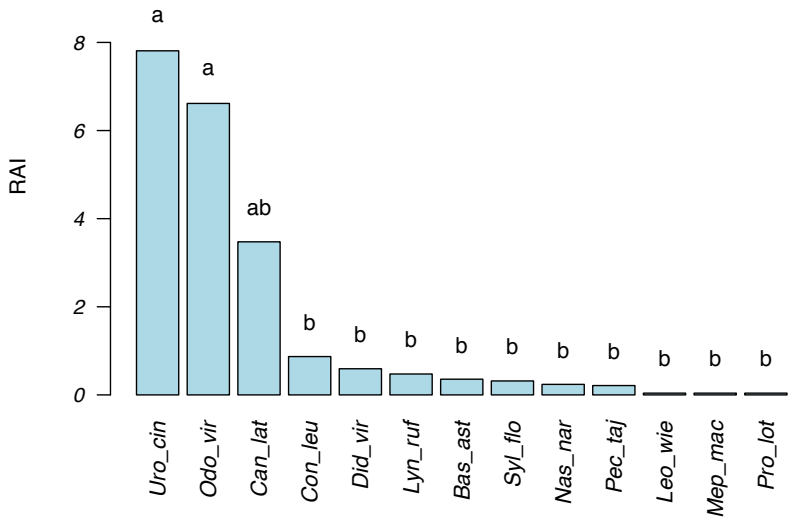


Figura 8.4: Comparación posterior de la prueba de HSD.

esto se debe a que la mayoría de las fotos se detectaron en ua sola cámara, muy probablemente del mismo o pocos individuos.

## 8.6. Tabla general de resultados

El paquete RAI tiene la función `RAIfinal()` la cual genera el Cuadro 8.5 con los resultados del RAI obtenidos para cada especie y modelo.



Cuadro 8.5: Resumen final de los resultados de los RAI obtenidos con los diferentes modelos para cada especie en la localidad de estudio.

	cameras	days	n	RAIgral	RAImean	RAIsd	OccNaive
Leo_wie	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.11
Mep_mac	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.11
Pro_lot	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.11
Pec_taj	9	2409	5	0.21	0.21	0.44	0.22
Nas_nar	9	2409	6	0.25	0.24	0.36	0.44
Syl_flo	9	2409	8	0.33	0.32	0.95	0.11
Bas_ast	9	2409	9	0.37	0.36	0.76	0.22
Lyn_ruf	9	2409	12	0.50	0.47	0.80	0.33
Did_vir	9	2409	15	0.62	0.59	1.78	0.11
Con_leu	9	2409	22	0.91	0.87	2.61	0.11
Can_lat	9	2409	87	3.61	3.47	8.77	0.33
Odo_vir	9	2409	158	6.56	6.62	3.47	1.00
Uro_cin	9	2409	191	7.93	7.81	7.36	1.00

## 8.7. Importancia de la probabilidad de detección

De manera implícita el RAI se basa en un supuesto débil: la probabilidad de detección es la misma para todas las especies, o para la misma especie en diferentes épocas del año y localidades. Es decir, la probabilidad de detección no es considerada en la estimación del RAI. De manera implícita el RAI asume estos supuestos:

- 1) Los valores de 0 indican ausencia real de la especie; es decir, la probabilidad de detección es exactamente igual a 1.
- 2) Entre especies, la probabilidad de detección es la misma para todas.
- 3) Para una misma especie, la probabilidad de detección es la misma entre tipos de hábitats y entre temporadas del año.

A partir de la experiencia en el trabajo de campo, se sabe que un 0 no significa necesariamente que la especie no está presente. Es posible que la especie habite la localidad de estudio y sin embargo no fue fotografiada o detectada en las cámaras. Esto es lo que se conoce como falso negativo o un falso cero (MacKenzie *et al.*, 2006). Los RAI no están diseñados para estimar ni incorporar los falsos

negativos.

Para este fin afortunadamente existe otra familia de modelos los cuales estiman tanto la probabilidad de detección como la de ocupación (MacKenzie *et al.*, 2006). Estos modelos son más robustos que los RAI pero requieren de comprender el enfoque jerárquico de análisis en ecología (Kéry y Royle, 2015). El programa PRESENCE (Hines, 2006) y el paquete R `unmarked` (Fiske y Chandler, 2011), abordan este aspecto con mayor profundidad y solidez analítica este tipo de modelos.

## 8.8. Sumario

En este capítulo se presentan diferentes modelos para estimar el índice de abundancia relativa (RAI). El proceso descrito permite de manera muy sencilla mejorar la interpretación y conclusiones del RAI basado en criterios estadísticos sencillos, pero más robusto. Sin embargo, este proceso no soluciona el punto más crítico y controversial de los RAI: el supuesto falso de que la probabilidad de detección es similar para una misma especie entre hábitats y periodos, y entre diferentes especies en una misma localidad. La sugerencia es por lo menos calcular el llamado índice de ocupación naive o proporción de sitios ocupados (PAO) el cual provee de información espacial elemental en la variación de la abundancia de cada especie en el sitio de estudio. Alternativamente, con el foto-trampeo se pueden emplear otros modelos con mayor sustento teórico: modelos de ocupación, modelos N-mixtos, modelos de captura-recaptura simples o espacialmente explícitos (Royle y Dorazio, 2008; Royle *et al.*, 2013; Kéry y Royle, 2015). Lo único que se requiere es conocer estos modelos opcionales, ya que la base de información se tiene con el mismo foto-trampeo. Simplemente se debe organizar los datos de otra manera (nada complicada) y considerar además la ubicación espacial de cada cámara.