# ¿Cómo diseñar el muestreo?

Salvador Mandujano

25/11/2018

#### Introducción

- Una pregunta frecuente durante el diseño del muestreo es determinar la distancia óptima entre cámaras-trampa. No hay una respuesta sencilla.
- Frecuentemente la decisión se toma basado en el conocimiento que se tiene acerca de las distancias de desplazamiento o del ámbito hogareño de la especie de interés.
- Si el animal se mueve grandes distancias, entonces las cámaras se colocan separadas varios kilómetros unas de otras.
- Si la distancia de desplazamiento es pequeña, entonces la distancia entre cámaras será de unos cientos de metros.

- La finalidad última es tratar de detectar al mayor número posible de individuos que habitan en el área de estudio.
- Aunque en este libro se centra en el empleo de cámaras-trampa, en realidad este es un problema o pregunta asociada a cualquier otro método de muestreo como por ejemplo redes, trampas tipo sherman u otras, transectos, estaciones olfativas, entre algunos.

## Detección dependiente de:

- Inherentes al animal mismo como por ejemplo: distancia de desplazamiento promedio al día, tamaño promedio del ámbito hogareño, selección y preferencias de hábitat, patrones diurnos de actividad, abundancia poblacional, entre los principales.
- Inherentes al hábitat: visibilidad, caminos, recursos como agua y alimento, época del año, entre algunos.
- Inherentes al muestreo: modelo de cámaras, número de cámaras, distancia entre las mismas, tiempo (días) de muestreo, entre los principales.

## ¿Cómo diseñar el muestreo?

Para responder a la pregunta, se realizarán simulaciones considerando los siguientes parámetros:

- I) dos tamaños de ámbito hogareño (podrían ser por ejemplo hectáreas o kilómetros cuadrados): HR=100 y HR=1000 unidades de superficie;
- 2) dos abundancias: N = 1 y N = 10; y
- dos tamaños de retículas o grillas con 100 cámaras-trampa con diferente distancia de separación entre las mismas (podrían ser metros por ejemplo): grid1 = 100 y grid2 = 500. Esto da como resultado la simulación de ocho escenarios:

### Paquete sim\_JW

#### Función caminata aleatoria

```
JW <- function(x, y, HR) {
  for (j in 1:N) {
    x \leftarrow runif(1,1,99)
    y \leftarrow runif(1,1,99)
  points(x,y,pch=16,col="black",cex=1.2)
  for (i in 1:HR) {
    xi <- sample(c(1,0,-1),1)
    yi <- sample(c(1,0,-1),1)
    points(c(x, x + xi), c(y, y + yi), pch = 16,
            cex = 0.3, col = "blue")
    x \leftarrow x + xi
    y <- y + yi
    if (x > 100 | x < 0 | y > 100 | y < 0) break
```

#### Función retícula de muestreo

#### **Datos**

Se leen los datos de una retícula de muestreo pequeña de 100 cámaras-trampas separadas cada 100 unidades espaciales:

```
grid1 <- read.csv("data/grid1.csv", header = T)
grid2 <- read.csv("data/grid2.csv", header = T)</pre>
```

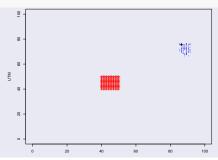
# Ejemplo 1

En las siguientes simulaciones se presenta el centro de actividad del animal en un punto negro y los movimientos dentro del ámbito hogareño en color azul claro. Por su parte, las unidades de muestreo dentro de la retícula se presentan en un punto color rojo. Las simulaciones se corrieron en R.

- Abundancia muy baja (N = 1), ámbito hogareño pequeño (HR = 100) y una reticula de muestreo pequeña.
- 2 Abundancia alta (N = 10), ámbito hogareño pequeño (HR = 100) y una reticula de muestreo pequeña.
- Abundancia alta (N = 1), ámbito hogareño grande (HR = 1000) y una reticula de muestreo pequeña.
- 4 Abundancia alta (N = 10), ámbito hogareño grande (HR = 1000) y una retigula de muestros paguaño.

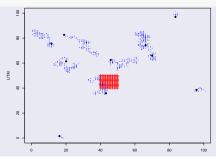
### Caso 1A

N <- 1
HR <- 100
reticula <- grid1
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



### Caso 1B

N <- 10
HR <- 100
reticula <- grid1
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>

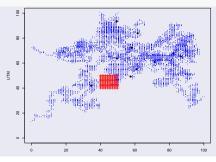


### Caso 1C

N <- 1
HR <- 1000
reticula <- grid1
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>

### Caso 1D

N <- 10
HR <- 1000
reticula <- grid1
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



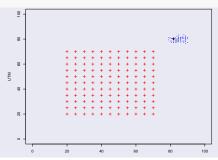
# Ejemplo 2

En este caso la retícula de muestreo es grande de 100 cámaras-trampas separadas cada 500 unidades espaciales (podrían ser metros):

- Abundancia muy baja (N = 1), ámbito hogareño pequeño (HR = 100) y una reticula de muestreo grande.
- 2 Abundancia alta (N = 10), ámbito hogareño pequeño (HR = 100) y una reticula de muestreo grande.
- 3 Abundancia alta (N = 1), ámbito hogareño grande (HR = 1000) y una reticula de muestreo grande.
- 4 Abundancia alta (N = 10), ámbito hogareño grande (HR = 1000) y una reticula de muestreo grande.

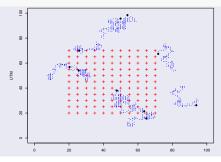
### Caso 2A

N <- 1
HR <- 100
reticula <- grid2
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



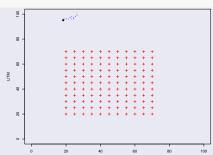
### Caso 2B

N <- 10
HR <- 100
reticula <- grid2
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



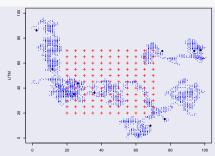
### Caso 2C

N <- 1
HR <- 1000
reticula <- grid2
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



### Caso 2D

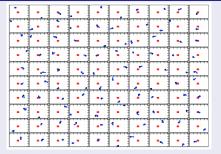
N <- 10
HR <- 1000
reticula <- grid2
muestreo(reticula)
JW(x, y, HR)</pre>



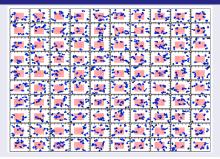
## Simulación general

Para tener un patrón general, se simula cada caso un total de 100 veces considerando lo siguiente:

#### Ejemplo 1 Caso 1A:

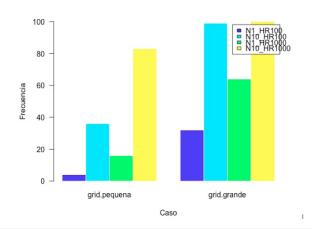


### Ejemplo 2 Caso 2B:



#### Resultado de simular todos los casos

Gráfico resultante a partir de las simulaciones (n=100) de cada caso:



## ¿Cómo diseñar el muestreo?

Con base en las simulaciones se puede concluir lo siguiente:

- Si la abundancia de la población es baja la detección de los individuos en las unidades de muestreo es baja.
- Si el ámbito hogareño de los animales en estudio es pequeño, la detección de los mismos en las unidades de muestreo, es baja.
- Conforme aumenta la abundancia y el tamaño del ámbito hogareño, se detectan un mayor número de individuos.
- Si las unidades de muestreo están más espaciadas en el área de estudio, aumenta la probabilidad de detectar a los individuos.