

# RAI: un paquete R para calcular la abundancia relativa a partir de foto-trampeo

Salvador Mandujano

2018-04-19

## 1 Resumen

*El presente documento describe paso a paso el empleo del paquete R llamado RAI desarrollado para calcular índices de abundancia relativa (IAR) a partir de una misma base de datos obtenidas durante el fototrampeo. El paquete calcula el IAR de tres maneras: 1) de la forma tradicional donde se agrupan los datos y se obtiene un solo valor por especie, 2) considerando cada cámara como una réplica espacial lo que permite un análisis estadístico más robusto al estimar la variación del índice, y 3) como un modelo lineal generalizado (GLM) tipo regresión Poisson considerando como “offsets” dado que el número de días por cámara habitualmente no es el mismo. El paquete RAI tiene varias funciones que generan tablas, figuras y análisis estadísticos. El paquete RAI está disponible libremente.*

**Palabras clave:** índice abundancia, modelo lineal generalizado, regresión Poisson, offsets, etc.

## 2 Introducción

### 2.1 Aspectos generales

Los índices de abundancia relativa (IAR) tienen larga tradición en los estudios y monitoreo de fauna silvestre (Crawford 1991; Caughley and Sinclair 1994); particularmente, para especies raras y/o difíciles de detectar (Thompson 2013). Frecuentemente los IAR son usados como un indicador de la abundancia de la(s) especie(s) en el sitio de estudio (Sutherland 2006; O’Brien 2011). Algunos IAR clásicos son los basados en las estaciones olfativas (Linhart and Knowlton 1975; Conner, Labisky, and Progulske 1983), conteo de aves en puntos por unidad de tiempo (Johnson 2008), conteo de nidos y madrigueras (Mathewson et al. 2008; Hanser et al. 2011), conteo de huellas a lo largo de caminos (Mandujano 2005; Stephens et al. 2006; Winterbach et al. 2016), conteo de excrementos en parcelas (Eberhardt and Van Etten 1956; Campbell, Swanson, and Sales 2004), conteos de senderos (McCaffery 1976) y otros. En algunos casos, los índices son calibrados o convertidos a densidad poblacional, pero en la mayoría se emplean solo para una comparación relativa entre especies y para la misma especie en el mismo sitio de estudio o entre sitios (O’Brien 2011).

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 and Pittet 2013; McCallum 2013; Burton et al. 2015; Rowcliffe 2017). En particular, con el fototrampeo es muy frecuente calcular IAR (A. J. Bengsen et al. 2011; O’Brien 2011). Por ejemplo, con ungulados (Rovero and Marshall 2009; Gómez-Valencia and Montenegro 2016), felinos (A. Bengsen, Butler, and Masters 2012), lepóridos (Marchandean et al. 2006), entre algunos. A partir de esta información se han puesto a prueba diversas hipótesis como...

### 2.2 Limitantes de los IAR

El cálculo e interpretación del IAR es relativamente simple: basado únicamente en el valor del índice se concluye cuáles especies son “más abundantes” y cuáles “menos abundantes” [a]. Esta interpretación es cualitativa y subjetiva pero se reporta en la mayoría de los trabajos como una medida indirecta de la abundancia de cada especie [a]. Sin embargo, esta comparación carece de rigor estadístico por lo que las conclusiones deben tomarse con mucho cuidado [a].

De manera general, estas son algunas limitantes de los IAR.

- 1) Supone relación lineal entre N y IAR, la misma para la especie en diferentes localidades y/o estaciones del año, y la misma entre especies.
- 2) Define la independencia de las fotos de manera arbitraria.
- 3) Supone constante probabilidad de detección para una misma especie (entre local y espacialmente) y entre especies.
- 4) No considera ubicación espacial de las cámaras por lo que se pierde información espacial de las especies.
- 5) No calcula intervalos de confianza de manera que no se puede evaluar el poder estadístico para detectar cambios en las poblaciones.
- 6) Generalmente se emplean pocas cámaras.
- 7) 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.
- 8) Es común poner las cámaras en los senderos y caminos; o bien en sitios seleccionados donde se sabe pasará el animal de interés. Incluso el empleo de atrayentes.

No es objetivo del presente artículo discutir cada una de estas limitantes. En cambio, en este artículo se centra en cómo calcular el IAR considerando los incisos 4) y 5). Para una discusión amplia de varios de estos aspectos, se sugiere consultar los trabajos de: citas.

### 2.2.1 Probabilidad de detección

De manera implícita el IAR 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 IAR. Si bien los IAR son muy populares, la principal limitante es que no consideran el efecto de la probabilidad de detección. De manera implícita el IAR 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 (Rovero y 201x). 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 (CITA). Los IAR 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 (CITA). Estos modelos son más robustos que los IAR pero requieren de comprender el enfoque jerárquico de análisis en ecología (Royle y ). El programa PRESENCE (CITA) y el paquete R `unmarked` (CITA), abordan este aspecto con mayor profundidad y solidez analítica este tipo de modelos. No es objetivo del presente trabajo profundizar...

## 2.3 Objetivos de esta publicación

En este artículo se presenta la aplicación del paquete R llamado **RAI** (Mandujano, en preparación) el cual fue desarrollado para estimar índices de abundancia relativa (IAR) diferentes especies mediante el fototrampeo. En particular, en este artículo se presenta paso a paso el procedimiento para estimar el IAR considerando tres modelos para:

- 1) Calcular el IAR de la manera tradicional;
- 2) presentar un proceso sencillo alternativo que permite estimar la variación del IAR considerando los datos de cada cámara como replicas; y comparar estadísticamente los IAR entre especies, y
- 3) mostrar que el IAR es un modelo lineal generalizado tipo Poisson con efecto de los “*offsets*”.

Para este fin, se ejemplifica la aplicación de este paquete sencillo con un conjunto de datos obtenidos de 13 cámaras en una localidad de estudio.

## 2.4 Paquete RAI

### 2.4.1 Instalación y pasos principales

El paquete **RAI** es muy sencillo de aplicar. La idea principal de este paquete es ofrecer a los interesados en calcular el IAR para las especies en sus sitios de estudio, una manera simple de poder hacer esta tarea. Esto es particularmente importante para aquellas personas con poca o nula experiencia en el empleo de R.

En el siguiente diagrama se ejemplifica las diferentes formas en las que se puede analizar la información del fototrampeo para estimar el tamaño poblacional.

Para este fin, el paquete **RAI** tiene varias funciones ejecutables para obtener los índices de abundancia relativa con las tres aproximaciones ilustradas en la anterior figura. Además, se obtendrán diferentes tablas de resultados, gráficos y análisis estadísticos. Para este fin la aplicación de **RAI** consiste de cuatro pasos sencillos:

1. Se instala el paquete en el directorio de trabajo como cualquier otro paquete R. Para lo cual se debe bajar primero desde: <https://rpubs/SMR8810/RAI.html> (**Nota: en este momento no está en línea**).
2. Se lee los archivos con los datos de las especies en cada cámara y las covariables del hábitat, y
3. Se ejecuta el paquete **RAI**.

Es decir:

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

# -----
# PASO 2 (NO OMITIR NINGUNO DE ESTOS PASOS NI CAMBIAR NOMBRES DE "OBJETOS")

# Leer datos de fototrampeo
wildlife.data <- read.csv("mamiferos.csv", header = T)

# Leer datos de covariables hábitat
habitat.data <- read.csv("habitat.Cuica.csv", header = T)
```

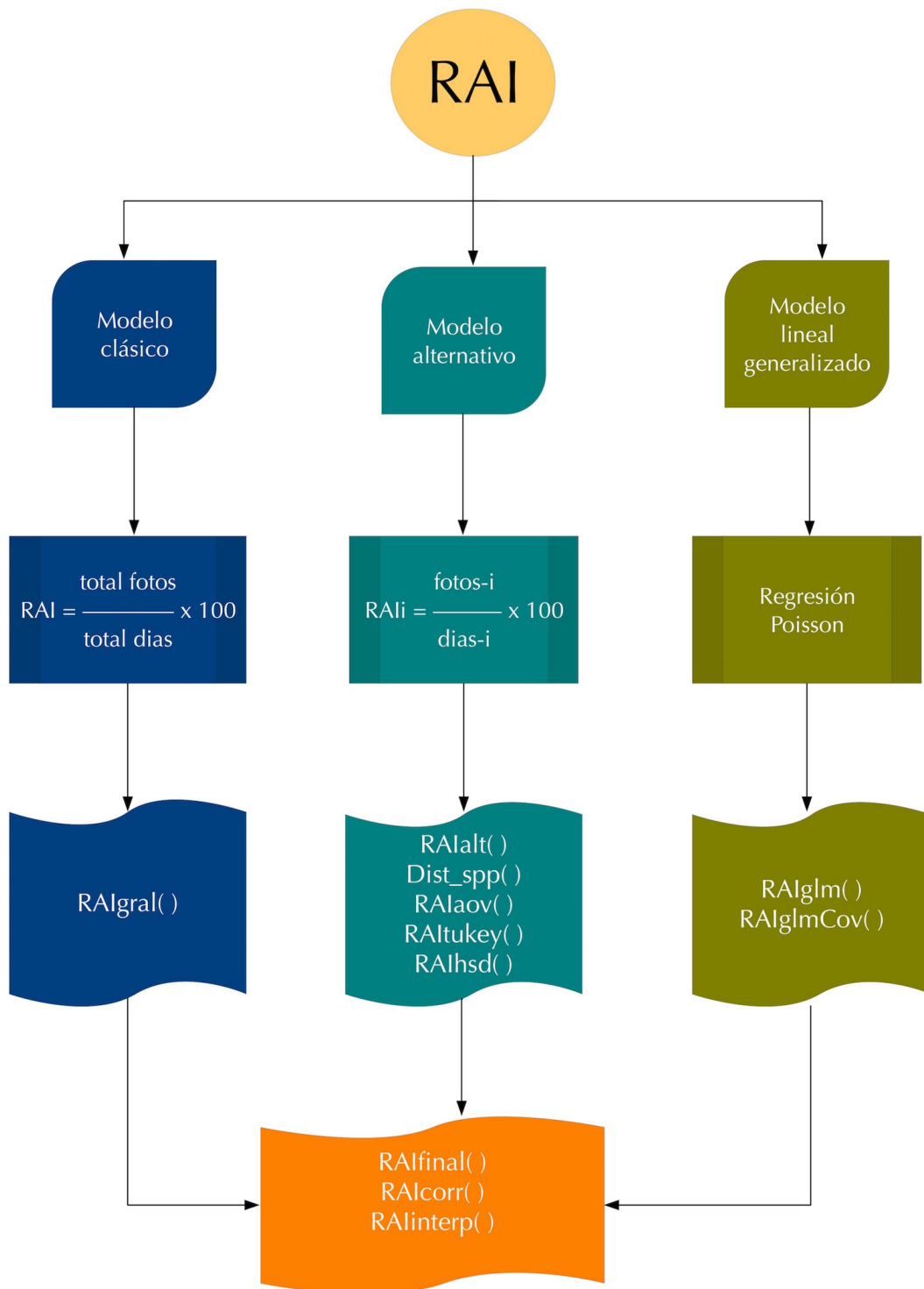


Figure 1: Mandujano (2018).

```

# Poner aquí 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
# Ejecutar cálculos

RAIgral() # calcula RAI modelo clásico

RAIalt() # calcula RAI modelo alternativo

Dist_spp() # grafica el número fotos por cámara para especies

RAIaov() # ANOVA RAI modelo alternativo

RAItukey() # prueba post hoc Tukey

RAIhsd() # prueba post hoc HSD

RAIglm() # RAI modelo GLM tipo Poisson

RAIglmCov() # RAI modelo GLM tipo Poisson con covariables

RAIfinal() # genera tabla de resultados finales

RAIcorr() # gráficos adicionales comparación RAIs

RAIinterp() # gráfico de interpolación entre ocupación naive vs RAI

# -----
# PASO 4: Compilación de documento (HTML, PDF, Word), por ejemplo:
rmarkdown::render("rai2.R", "pdf_document")

```

El resto de este artículo consiste en presentar los tres modelos para el cálculo del IAR en el paqueteRAI e ilustrar paso a paso su aplicación.

#### 2.4.2 Cita

Se sugiere citar el presente artículo como:

- Mandujano, S. (2018). RAI: a simple package R to estimate relative abundance indices from camera-traps. *Journal x* (en preparación).

#### 2.4.3 Nota de idioma

Los índices de abundancia relativa son referidos como IAR en español; mientras que en inglés como RAI (*relative abundance index*). El paquete RAI está pensando para un amplio público de potenciales usuarios a nivel internacional. Sin embargo, para los fines de la presente publicación electrónica, se empleará RAI y IAR de manera indistinta en el texto; y solo en los códigos R se empleará solo RAI.

## 3 Cálculo del IAR

### 3.1 Modelo clásico o general del RAI

La manera más frecuente para estimar el IAR de cada especie es agrupando toda la información obtenida en todas las cámaras. Se define un periodo de tiempo en el cual se considera que los datos (fotos) de una misma especie son independientes. Habitualmente se emplean dos criterios: 60 min y 1440 min (24h). Una vez definido esto, se calcula el número de fotos independiente y se divide entre el total de tiempo de muestreo, frecuentemente expresado como días o noche-trampa. La tasa obtenida se multiplica por 100 o en algunos por 1000 en este último caso si el número de registros es demasiado bajo. Es decir, el IAR simplemente es una tasa promedio de observación de cada especie por cada 100 días de muestreo.

Para este caso se emplea la siguiente fórmula:

$$RAI = \frac{n}{dias} \times 100$$

(Eq.1)

donde:  $n$  son los registros fotográficos independientes,  $días$  es el esfuerzo de muestreo, y  $100$  es el factor de corrección estándar o simplemente un multiplicador para expresar el índice en términos de 100 días.

### 3.2 Modelo RAI alternativo

#### 3.2.1 Importancia de la heterogeneidad en la distribución de las especies entre cámaras-trampa

Al no considerar la ubicación espacial de las cámaras ni las fotos específicas obtenidas por cada una de ellas, en el IAR clásico se pierde o enmascara información relevante relacionada con la distribución espacial de las especies en el área de estudio. El IAR clásico agrupa la información de todas las cámaras, por lo que no es evidente si la especie fue fotografiada de manera relativamente constante en todas las cámaras, o si la información proviene solo de algunas cámaras.

Para ejemplificar, en la siguiente figura se muestra el mapa de la localización de varias cámaras en dos sitios de estudio. En cada una de ellas se proporciona información del número de fotos obtenida de las diferentes especies. Es interesante notar la heterogeneidad en la distribución y número de fotos obtenidas de diferentes especies en cada cámara. Por ejemplo, en ambos sitios el número de fotos de coyotes fue alto, pero sin embargo estas fotos solo provienen de 1 ó 2 cámaras. Esto sugiere la posibilidad de que uno o pocos individuos fueron fotografiados constantemente en las cámaras.

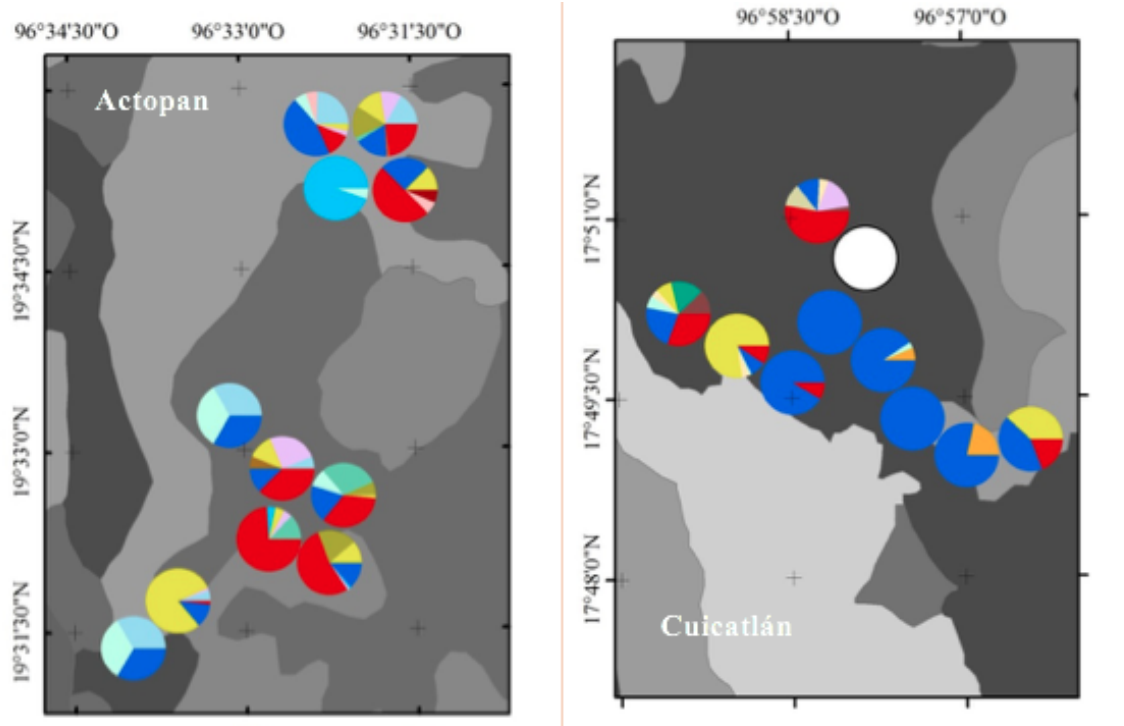
Una estadístico alternativo al IAR y que está relacionado con la distribución, es el que se conoce como “ocupación”. Hay modelos para estimar este parámetro, pero uno de los más sencillos simplemente es la proporción de sitios ocupados también conocida como “ocupación naive” o bien PAO. Alternativamente, se pueden emplear los modelos que estiman la probabilidad de ocupación (CITA).

#### 3.2.2 RAI basado en las cámaras como repeticiones por especie

Una manera muy sencilla de poder comparar estadísticamente el IAR entre especies en una misma localidad, o en la misma especie en momentos y/o localidades diferentes, es calculando el IAR por cámara. Es decir, sin agrupar los datos de todas las cámaras.

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

(Eq.2)



### Leyenda

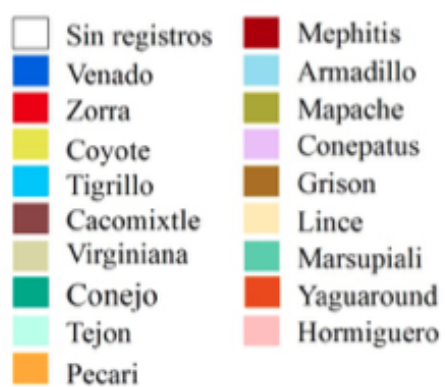


Figure 2:

donde: el subíndice  $i$  se refiere a cada especie y el subíndice  $j$  a cada cámara-trampa. Es decir, se calcula el IAR para cada especie pero ahora se hace para cada cámara en particular.

Esto es importante pues es frecuente observar que las fotos obtenidas no están igualmente repartidas entre todas las cámaras. Dicho de otra manera, la distribución de la especie no es homogénea en el sitio de estudio. Hay cámaras donde aparece en más ocasiones la especie (tal vez uno o pocos individuos que dejan muchas fotos) y cámaras con ninguna fotos (0's). Si se agrupa la información como se hace habitualmente (**Eq.1**), este aspecto de mucho interés biológico (la distribución local) se obvia o elimina. Por el contrario, con la propuesta de la **Eq.2** se toma en cuenta esta posible variación espacial en la distribución de los individuos.

Por lo tanto, el IAR de la **Eq.2** calcula no solo el promedio (el cual sigue siendo el mismo al obtenido en la **Eq.1**) sino además alguna medida de la variación, como por ejemplo la desviación o el error estándar. Esto se puede hacer debido a que ahora el tamaño de muestra dependerá del número de cámaras empleadas.

### 3.3 Modelo lineal generalizado (GLM)

#### 3.3.1 GLM tipo regresión Poisson

Otra manera completamente distinta de analizar los datos del fototrampeo y calcular el IAR, es visualizarlo como un modelo lineal generalizado conocidos o abreviados como GLMs por sus siglas en inglés. Los GLMs extienden el concepto del efecto lineal de las covariables para los casos donde las variables de respuesta o dependiente no se distribuyen de manera normal (Kéry y Royle 2016). Uno de estos modelos GLM son los basados en conteos. Los conteos son un tipo de datos muy frecuentemente empleados en el trabajo ecológico (Royle y Dorazio 2008). En el caso del fototrampeo los conteos que se obtienen es el número de fotos por especie en cada cámara. Los conteos no se distribuyen de manera normal, por lo que es necesario recurrir a alguna otra(s) distribuciones estadísticas, y la candidata inicial es la conocida como distribución Poisson (Hines 201x). Para una introducción amable de los GLMs se sugiere consultar a Kéry (2011).

El modelo más sencillo se puede plantear como:

$$C_i \text{ Poisson}(\lambda_i)$$

$$\log(\lambda_i) = \alpha_j + \beta * x$$

donde  $C_{ij}$  es el número de conteos,  $\lambda_i$  es el número promedio esperado de conteos,  $\alpha$  y  $\beta$  los coeficientes de la regresión, y  $x$  la(s) covariable(s).

#### 3.3.2 Incluyendo los “offsets”

Un aspecto frecuentemente observado es que los conteos obtenidos en las unidades de muestreo (cuadrantes, transectos, redes, cámaras, u otro), no siempre provienen de unidades espaciales o temporalmente homogéneas; es decir, del mismo tamaño. Por ejemplo, si se tuviera un conteo de 10 y 5 animales en cuadrantes de 500 y 100 m<sup>2</sup>, respectivamente, entonces no se puede concluir que la abundancia es mayor en el primer cuadrante. En estos casos se puede obtener la densidad de individuos como 10/500 = 0.02 ind/m<sup>2</sup> y 5/100 = 0.05 ind/m<sup>2</sup>; es decir, la conclusión cambia radicalmente. De similar forma, si se obtiene un conteo de 20 y 8 individuos de la misma especie de ave en parcelas de similar tamaño, pero en una el conteo se hizo en 10 minutos y en la segunda en 5 minutos, no se puede concluir que en la primera parcela hay más aves. Se tiene que calcular la tasa de observación como 20/10 = 2 ind/min y 8/5 = 1.6 ind/min. Es decir, en ambos ejemplos el número de animales observados (contados) fue dependiente del tamaño de la unidad de muestreo o del tiempo invertido en la unidad de muestreo.

En el caso del IAR la tasa de observación se expresa como número de fotos “promedio” por cámara por 100 días (O’Connell 201x). Esto se calcula así debido a que frecuentemente el número de días de muestreo no es



el mismo para todas las cámaras, durante todo el muestreo y en todas las localidades (suponiendo que hay más de una). Si este número de días fuera exactamente el mismo para todas las cámaras, entonces se podría emplear simplemente el número de fotos como un indicador de la abundancia sin necesidad de calcular el IAR (XXX et al. 2013).

Pero cuando se tiene distinto número de días, se pueden incluir directamente en el análisis. Una manera apropiada para incorporar en los GLMs conteos provenientes de unidades de muestreo con diferente tamaño o esfuerzo de muestreo (tiempo), es considerar lo que se conoce como “*offsets*” que pudiera ser traducido como “calibración”.

### 3.3.3 RAI como modelo GLM Poisson

Un GLM tipo Poisson donde se incorpora esta heterogeneidad en los días de muestreo por  $i$ -cámara puede escribirse como:

$$C_{ij} \sim \text{Poisson}(Dias_i * \lambda_i)$$

$$\log(Dias_i * \lambda_i) = \alpha_j + 1 * \log(Dias_i) + \beta * x$$

(Eq.3)

donde  $j$  respresenta cada especie animal. Además,  $x$  podría ser cualquier característica o covariable que se considere afecta o se relaciona con el IAR de cada especie. Note que el coeficiente  $\alpha$  en este modelo simplemente es el IAR cuando  $\beta * x = 0$ .

## 4 Ejemplos de estimación IAR

### 4.1 Datos de campo

Cargar la matriz de datos previamente creada en Excel y se muestra los nombres de las especies de mamíferos contenidas en ese archivo:

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

El paquete trabaja con 4 columnas llamadas cada una: **Camera**, **Species**, **Events** y **Effort**. En este ejemplo específico, los datos están constituidos por el registro de 13 especies de mamíferos medianos y grandes en 9 cámaras trampa durante 281 días de muestreo en el sitio de estudio (Tabla 1).

Table 1: *Datos basicos por especie del nmero de registros independientes y esfuerzoo de muestreo en cada cmara. Aqu se presentan solo los primeros 20 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

Camera	Species	Events	Effort
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
C2	Can_lat	0	250
C2	Con_leu	0	250
C2	Did_vir	0	250
C2	Lyn_ruf	0	250
C2	Bas_ast	0	250

**Nota:** Esta forma de ingresar los datos es muy útil para diferentes análisis en R. Sin embargo, para los usuarios frecuentes de Excel pareciera más complicada ya que es más frecuente ingresar los datos de cada especie en una columna y cada cámara en un renglón; es decir, en forma matricial. Por muchas razones, en R es más sencillo emplear el arreglo de datos como se muestra en la Tabla 1. La extracción de los mismos es relativamente sencillo empleando algunas funciones básicas como se mostrará en las siguientes líneas.

Significado de las abreviaciones:

Table 2: *Abreviacion y nombre científico de las especies muestreadas durante el fototrampeo.*

Abreviacion	Nombre_cientifico
Odo_vir	<i>Odocoileus virginianus</i>
Uro_cin	<i>Urocyon cinereoargenteus</i>
Can_lat	<i>Canis latrans</i>
Con_leu	<i>Canepatus leuconotus</i>
Did_vir	<i>Didelphis virginiana</i>
Lyn_ruf	<i>Lynx rufus</i>
Bas_ast	<i>Bassariscus astutus</i>
Syl_flo	<i>Sylvilagus floridianus</i>
Nas_nar	<i>Nasua narica</i>
Pec_taj	<i>Pecari tajacu</i>
Leo_wie	<i>Leopardus wiedii</i>
Pro_lot	<i>Procyon lotor</i>
Mep_mac	<i>Mephitis macroura</i>

Además de los datos de fotos de las especies en las cámaras, con el paquete **RAI** es posible incorporar otros datos en los análisis. Para esto, se introduce una segunda matriz conteniendo los datos de UTM's y covariables de hábitat (y cualquier otra que se requiera), para cada una de las cámaras.

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

Los datos se muestran en la siguiente Tabla:

Table 3: *Datos de UTM's y covariables asociados a cada camara-trampa.*

Camera	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type
C1	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C2	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C3	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva
C4	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva
C5	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva
C6	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal
C7	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal
C8	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal
C9	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura
C10	755943	2161023	3876.67	1151.14	Pastizal
C11	755943	2161023	3876.67	1151.14	Pastizal
C12	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva
C13	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva

Luego, directamente desde el paquete **RAI** se genera una nueva matriz de datos como la que se muestra:

Table 4: *Datos por especie en cada cmara. Aqu se presentan solo los primeros 20 renglones de un total de 117.*

Camera	Species	Events	Effort	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type
C1	Odo_vir	15	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Uro_cin	68	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Can_lat	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Con_leu	22	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Did_vir	15	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Lyn_ruf	6	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Bas_ast	3	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Syl_flo	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Nas_nar	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Pec_taj	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Leo_wie	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Pro_lot	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C1	Mep_mac	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva
C2	Odo_vir	11	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Uro_cin	20	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Can_lat	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Con_leu	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Did_vir	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Lyn_ruf	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva
C2	Bas_ast	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva

## 4.2 Modelo general

Para calcular el IAR general o clásico de la **Eq.1**, primero se debe extraer datos generales a partir de la información de la Tabla 1, específicamente y luego se calcula el RAI de acuerdo a la **Eq.1** empleando la función **RAIgral()** y se obtiene los resultados en la siguiente tabla:

Table 5: *Estimaciones del indice de abundancia relativa (RAI) estimado con la Ecuacion 1 para cada una de las especies.*

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

Observe cómo en R se facilita la extracción y el arreglo de la información a partir de los datos originales. Es importante esto, pues independientemente del número de cámaras, especies, días de muestreo y otros, el paquete **RAI** ejecuta los mismos análisis.

A partir de los resultados de la Tabla 5 en la mayoría de los trabajos se habría concluido que las especies más abundantes (mayor IAR) 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 IAR distinto y significativo. Para solventar el paquete **RAI** emplea un cálculo del índice alternativo que a continuación se describe.

### 4.3 Modelo alternativo

Para calcular el IAR 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 la siguiente Tabla:

Table 6: *Matriz de datos con las estimaciones IAR para cada una de las especies. Observe que el IAR 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 (lo cual habitualmente varía).*

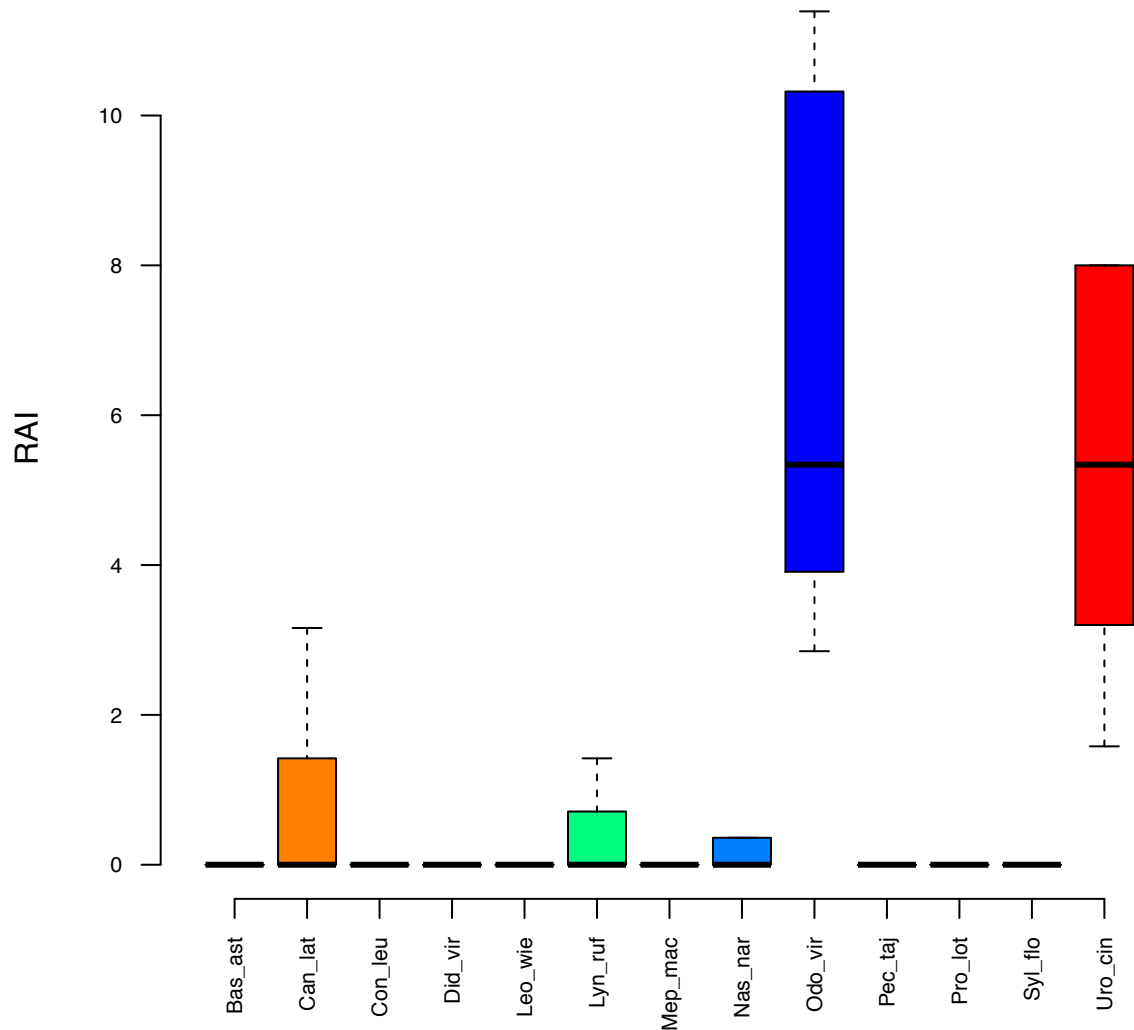
Camera	Species	Events	Effort	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type	RAIalt
C1	Odo_vir	15	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	5.34
C1	Uro_cin	68	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	24.20
C1	Can_lat	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.00
C1	Con_leu	22	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	7.83
C1	Did_vir	15	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	5.34
C1	Lyn_ruf	6	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	2.14
C1	Bas_ast	3	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	1.07
C1	Syl_flo	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.00
C1	Nas_nar	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.36
C1	Pec_taj	0	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.00
C1	Leo_wie	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.36
C1	Pro_lot	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.36

Camera	Species	Events	Effort	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type	RAIalt
C1	Mep_mac	1	281	758937	2167945	4719.08	2550.71	Selva	0.36
C2	Odo_vir	11	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	4.40
C2	Uro_cin	20	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	8.00
C2	Can_lat	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Con_leu	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Did_vir	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Lyn_ruf	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Bas_ast	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Syl_flo	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Nas_nar	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Pec_taj	3	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	1.20
C2	Leo_wie	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Pro_lot	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C2	Mep_mac	0	250	758648	2168425	4647.71	2725.60	Selva	0.00
C3	Odo_vir	18	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	6.41
C3	Uro_cin	9	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	3.20
C3	Can_lat	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Con_leu	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Did_vir	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Lyn_ruf	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Bas_ast	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Syl_flo	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Nas_nar	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Pec_taj	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Leo_wie	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Pro_lot	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C3	Mep_mac	0	281	759275	2168699	4187.72	2118.58	Selva	0.00
C4	Odo_vir	25	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	11.36
C4	Uro_cin	13	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	5.91
C4	Can_lat	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Con_leu	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Did_vir	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Lyn_ruf	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Bas_ast	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Syl_flo	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Nas_nar	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Pec_taj	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Leo_wie	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Pro_lot	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C4	Mep_mac	0	220	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	0.00
C5	Odo_vir	32	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	11.39
C5	Uro_cin	43	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	15.30
C5	Can_lat	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Con_leu	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Did_vir	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Lyn_ruf	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Bas_ast	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Syl_flo	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Nas_nar	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Pec_taj	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Leo_wie	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C5	Pro_lot	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00

Camera	Species	Events	Effort	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type	RAIalt
C5	Mep_mac	0	281	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	0.00
C6	Odo_vir	8	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	2.85
C6	Uro_cin	9	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	3.20
C6	Can_lat	75	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	26.69
C6	Con_leu	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Did_vir	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Lyn_ruf	4	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	1.42
C6	Bas_ast	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Syl_flo	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Nas_nar	1	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.36
C6	Pec_taj	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Leo_wie	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Pro_lot	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C6	Mep_mac	0	281	758282	2162556	3991.89	2291.08	Pastizal	0.00
C7	Odo_vir	29	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	10.32
C7	Uro_cin	10	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	3.56
C7	Can_lat	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Con_leu	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Did_vir	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Lyn_ruf	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Bas_ast	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Syl_flo	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Nas_nar	1	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.36
C7	Pec_taj	2	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.71
C7	Leo_wie	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Pro_lot	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C7	Mep_mac	0	281	757714	2163266	3133.67	2524.81	Pastizal	0.00
C8	Odo_vir	9	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	3.56
C8	Uro_cin	4	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	1.58
C8	Can_lat	8	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	3.16
C8	Con_leu	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Did_vir	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Lyn_ruf	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Bas_ast	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Syl_flo	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Nas_nar	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Pec_taj	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Leo_wie	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Pro_lot	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C8	Mep_mac	0	253	756970	2163804	2223.60	1883.01	Pastizal	0.00
C9	Odo_vir	11	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	3.91
C9	Uro_cin	15	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	5.34
C9	Can_lat	4	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	1.42
C9	Con_leu	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00
C9	Did_vir	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00
C9	Lyn_ruf	2	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.71
C9	Bas_ast	6	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	2.14
C9	Syl_flo	8	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	2.85
C9	Nas_nar	3	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	1.07
C9	Pec_taj	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00
C9	Leo_wie	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00
C9	Pro_lot	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00

Camera	Species	Events	Effort	X	Y	Loc_dist	Road_dist	Veg_type	RAIalt
C9	Mep_mac	0	281	755365	2160480	4302.88	552.16	Agricultura	0.00
C10	NA	NA	NA	755943	2161023	3876.67	1151.14	Pastizal	NA
C11	NA	NA	NA	755943	2161023	3876.67	1151.14	Pastizal	NA
C12	NA	NA	NA	758766	2167304	4233.74	2773.31	Selva	NA
C13	NA	NA	NA	757761	2162127	3858.52	2557.93	Selva	NA

Gráficamente estos resultados son:



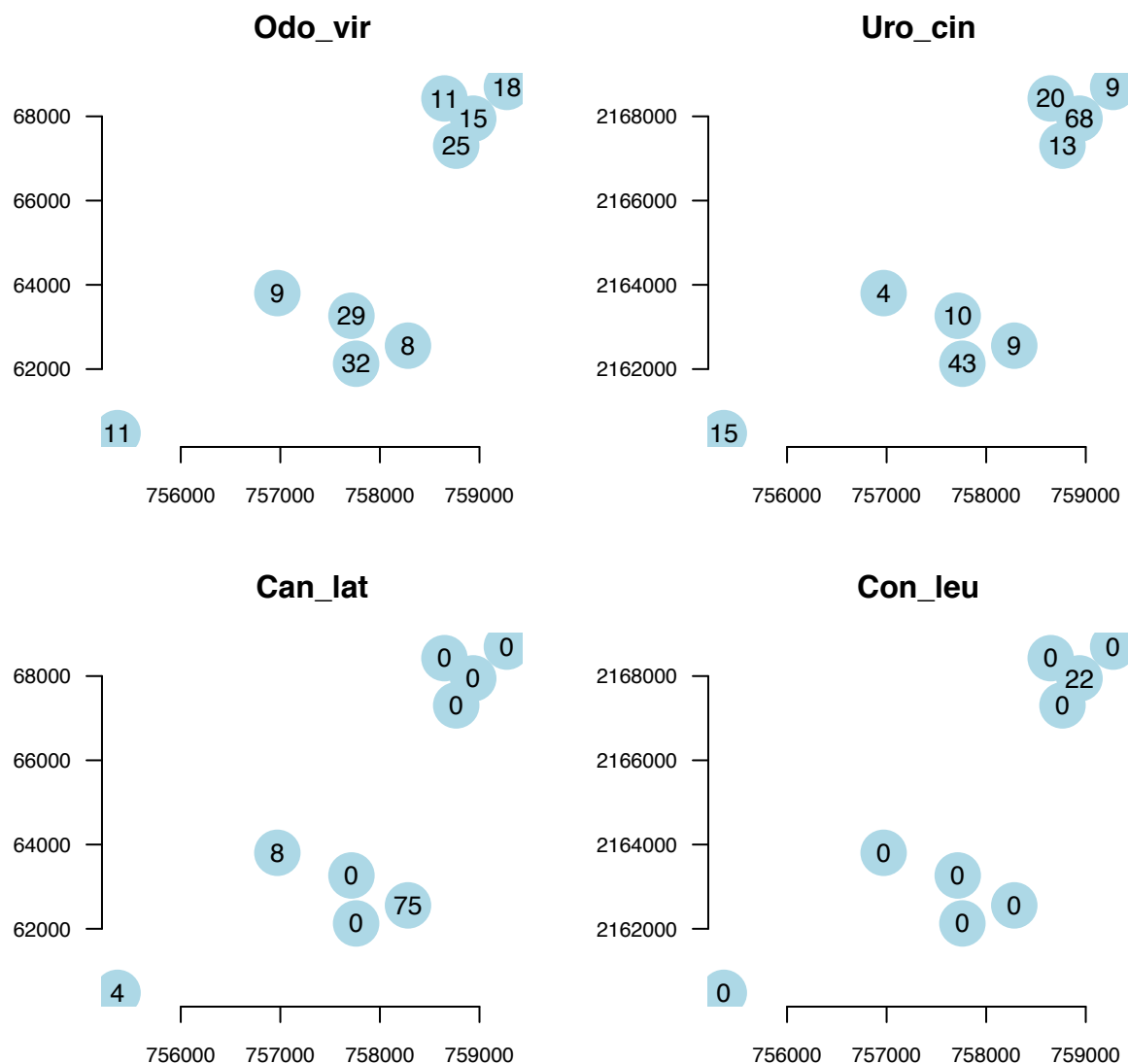
Atendiendo únicamente al promedio las especies con mayor IAR son: *O. virginianus* y *U. cinereoargenteus*, seguidas de *C. latrans*, *L. rufus* y *N. narica*; mientras que el resto de las especies serían (o interpretaríamos) las menos abundantes. Sin embargo, observe las líneas verticales que indican la variación (en este caso desviación estándar) del IAR. Esto se debe a que el IAR se estimó por cámara para cada especie de acuerdo a la **Eq.2**. Como se observa, estas líneas son muy amplias lo cual indica que hay mucha variación en el número de fotos entre cámaras para una misma especie. Observe la Tabla 1. Por ejemplo, el coyote solo aparece en una cámara (C5) con un total de 75 observaciones independientes. En el resto de las cámaras no se detectó!

## 4.4 Distribución especies por cámara

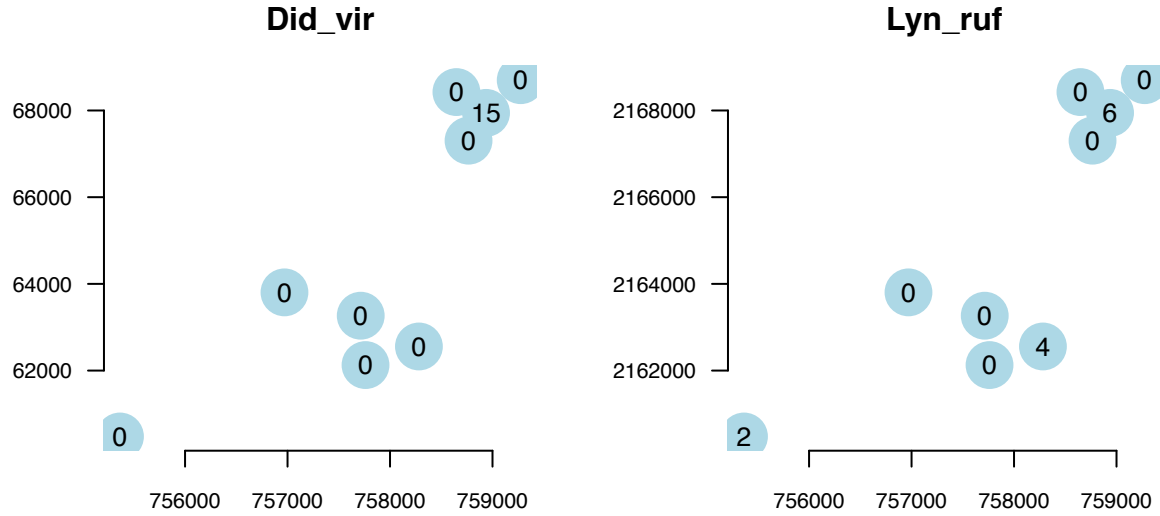
Resulta muy útil visualizar la distribución de las especies en las diferentes cámaras. Esto permite conocer si los datos de fotografías provienen de todas o solo de algunas cámaras. Para esto, el paquete **RAI** ofrece la oportunidad de seleccionar las especies que se quieren graficar, por ejemplo:

```
especie <- c("Odo_vir", "Uro_cin", "Can_lat", "Con_leu", "Did_vir", "Lyn_ruf")  
# es importante no modificar el nombre del objeto, es decir "especie"
```

Ejctutando la función `Dist_spp()` se obtiene:







En este ejemplo es evidente que las especies *Odocoileus virginianus* y *Urocyon cinereoargenteus* tiene amplia distribución y abundancia relativa; mientras que otras aparecen solo en una o pocas cámaras. De interés particular para la interpretación del RAI, note cómo las especies *Canis latrans* y *Conepatus leuconotus* tiene un número de fotos relativamente alto, pero éstas provienen solo de una o dos cámaras.

## 4.5 Comparación estadística entre especies

Mediante un análisis de varianza de una vía (ANOVA) especificado como: `lm(RAI ~ Especie)` se puede contrastar los IAR de las especies lo cual permite conocer si hay alguna que sea más abundante que otra. La ejecución del ANOVA se realiza con la función `RAIaov` y genera:

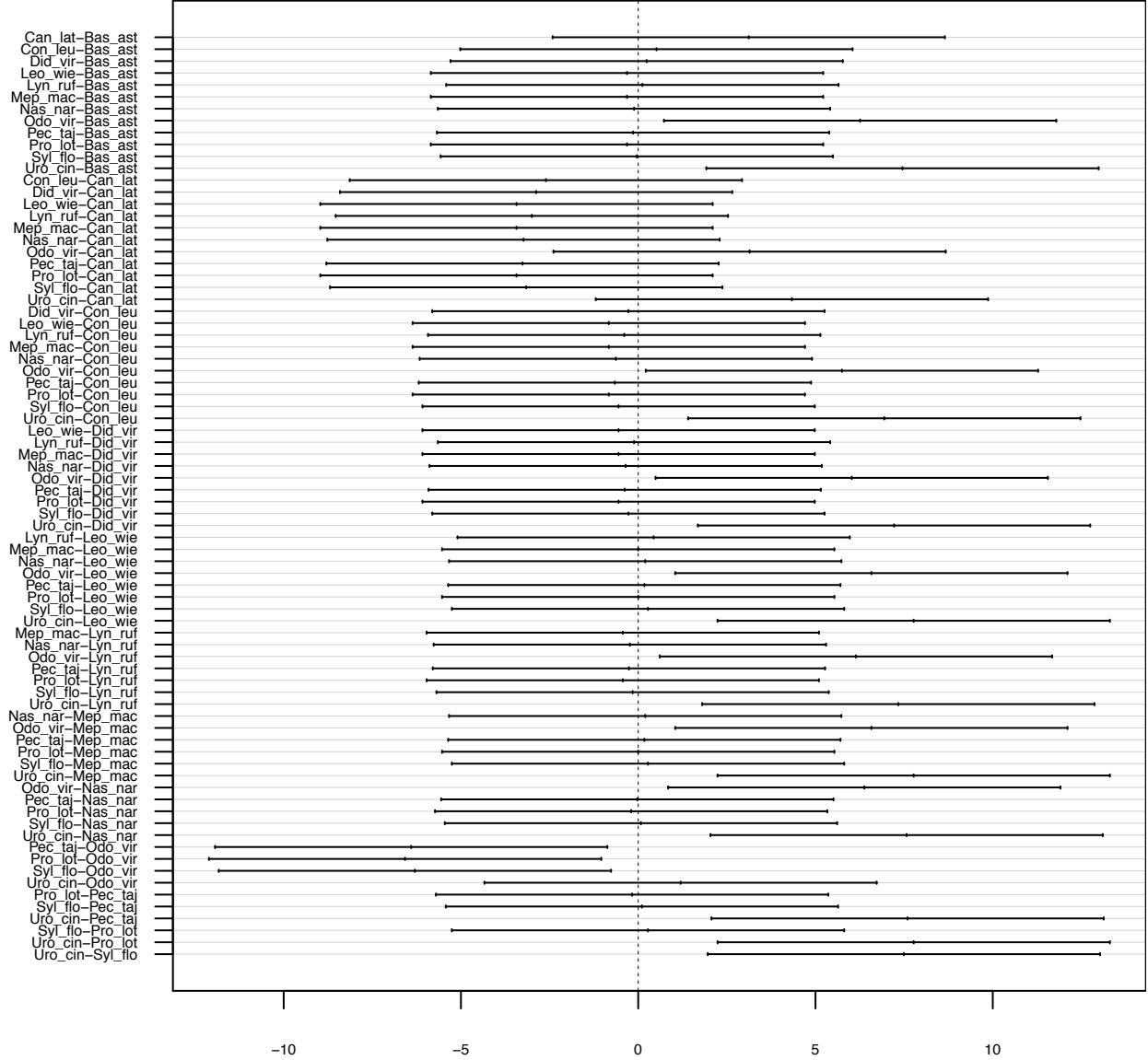
Table 7: *Analisis de varianza para comparar el RAI entre especies empelando el modelo alternativo.*

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Species	13	1066.517	82.03976	6.849626	0
Residuals	104	1245.635	11.97726	NA	NA

### 4.5.1 Comparación posterior: prueba 1

De acuerdo a la prueba, hay evidencia estadística de que el IAR varía entre especies. Ahora se debe comparar el IAR entre especies para definir cuáles son las diferentes. Esto se puede hacer con la prueba *a posteriori* Tukey, con la función `RAItukey()` y se obtiene:

Gráficamente, las diferencias se pueden generar como:



Para definir cuales pares de especies son diferentes estadísticamente hablando al comparar sus IAR, se emplea como criterio el valor 0: si la línea horizontal cruza este valor entonces no hay diferencia; pero si no la cruza y queda del lado derecho o izquierdo del 0, entonces se interpreta como diferencia significativa. Dado que en el ejemplo hay 13 especies lo cual genera muchas combinaciones de pares, es complicado apreciar a simple vista. Sin embargo, note que las comparaciones donde están involucradas *O. virginianus* y *U. cinereoargenteus* son significativas.

#### 4.5.2 Comparación posterior: prueba 2

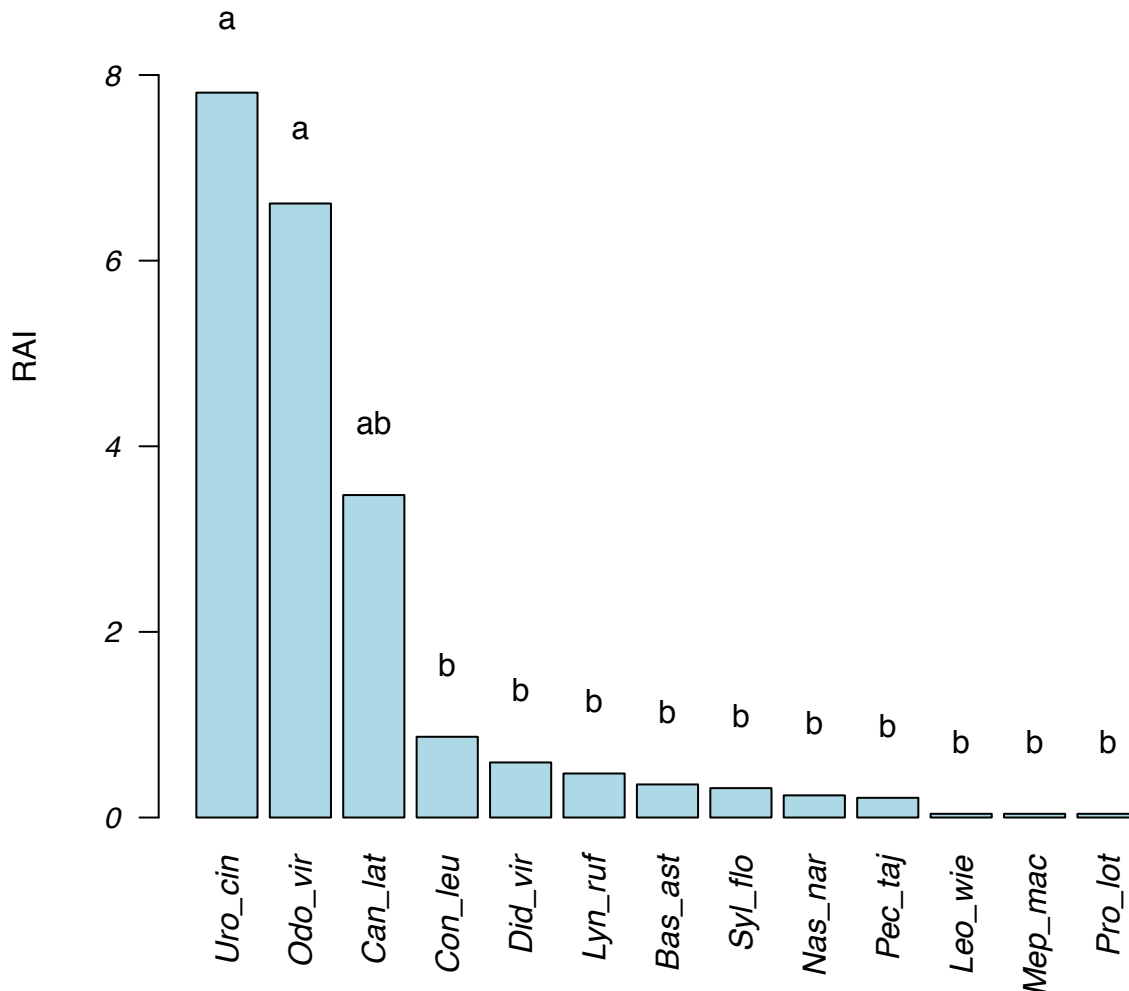
Alternativamente se puede generar un gráfico empleando, por ejemplo el paquete R llamado **agricolae** el cual se debe instalar previamente. Mediante la función `RAIhsd()` se obtiene la siguiente tabla y gráfica:

Table 8: *Comparacion posterior del RAI entre especies.*

	RAIalt	groups
Uro_cin	7.8100000	a

	RAIalt	groups
Odo_vir	6.6155556	a
Can_lat	3.4744444	ab
Con_leu	0.8700000	b
Did_vir	0.5933333	b
Lyn_ruf	0.4744444	b
Bas_ast	0.3566667	b
Syl_flo	0.3166667	b
Nas_nar	0.2388889	b
Pec_taj	0.2122222	b
Leo_wie	0.0400000	b
Mep_mac	0.0400000	b
Pro_lot	0.0400000	b

Se grafican estos resultados:



En este gráfico las letras encima de las barras indican el resultado de la prueba *a posteriori* Tukey. Letras similares indican que no existe diferencia entre esas especies; letras diferentes que sí hay diferencias.

De acuerdo a esto, las dos especies con el IAR mayor fueron *O. virginianus* y *U. cinereoargenteus* (letra a) y significativamente diferente a las demás (letra b). Note que *C. latrans* con un IAR alto, resultó estadísticamente no significativo con el venado y la zorra, pero tampoco con las demás especies con menor IAR...!

Es decir, calculando el IAR para cada cámara hemos ganado en poder estadístico al comparar entre especies. Esto se logra de manera muy sencilla empleando la **Eq.2** y arreglando la base datos inicial por cámara, no agrupandolas...!

## 4.6 Modelo RAI tipo GLM regresión Poisson

Entonces a partir de la matriz donde se incluyen los datos por especie y cámara, se calcula el nuevo IAR basado en la siguiente regresión lineal generalizada tipo Poisson de la **Eq.3** empleando la función `RAIglm()` y se obtiene:

```
##
## Call:
## glm(formula = Events ~ Species - 1, family = quasipoisson, offset = log(Effort))
##
## Deviance Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -4.5052  -1.6732  -1.0800  -0.4556   13.0509
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## SpeciesBas_ast    -5.5897     1.0950  -5.105 1.50e-06 ***
## SpeciesCan_lat    -3.3211     0.3522  -9.430 1.26e-15 ***
## SpeciesCon_leu    -4.6959     0.7004  -6.705 1.07e-09 ***
## SpeciesDid_vir    -5.0789     0.8482  -5.988 3.07e-08 ***
## SpeciesLeo_wie    -7.7870     3.2849  -2.371  0.0196 *
## SpeciesLyn_ruf    -5.3021     0.9483  -5.591 1.83e-07 ***
## SpeciesMep_mac    -7.7870     3.2849  -2.371  0.0196 *
## SpeciesNas_nar    -5.9952     1.3411  -4.470 2.00e-05 ***
## SpeciesOdo_vir    -2.7244     0.2613 -10.425 < 2e-16 ***
## SpeciesPec_taj    -6.1775     1.4691  -4.205 5.54e-05 ***
## SpeciesPro_lot    -7.7870     3.2849  -2.371  0.0196 *
## SpeciesSyl_flo    -5.7075     1.1614  -4.914 3.33e-06 ***
## SpeciesUro_cin    -2.5347     0.2377 -10.664 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 10.79086)
##
##      Null deviance: 59079.09  on 117  degrees of freedom
## Residual deviance:   742.72  on 104  degrees of freedom
##      (4 observations deleted due to missingness)
## AIC: NA
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Table 9: *Modelo lineal generalizado tipo regresion Poisson.*

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev
NULL	NA	NA	117	59079.0857
Species	13	58336.37	104	742.7174

En este GLM el coeficiente  $\alpha$  (la columna “Estimate” en el modelo) está en escala logarítmica. Para extraer y linealizar el IAR simplemente se emplea la función `exp` y se obtiene:

```
## SpeciesBas_ast SpeciesCan_lat SpeciesCon_leu SpeciesDid_vir SpeciesLeo_wie
##          0.3736          3.6115          0.9132          0.6227          0.0415
## SpeciesLyn_ruf SpeciesMep_mac SpeciesNas_nar SpeciesOdo_vir SpeciesPec_taj
##          0.4981          0.0415          0.2491          6.5587          0.2076
## SpeciesPro_lot SpeciesSyl_flo SpeciesUro_cin
##          0.0415          0.3321          7.9286
```

Esto da como resultado exactamente el mismo IAR calculado en el primer método. Solo que en este caso está expresado como la tasa de observación por día, mientras que en el IAR clásico se expresa por cada 100 días. Pero si se analizara este mismo modelo empleando covariables, entonces el poder del análisis se incrementa empleando los GLMs en este caso tipo Poisson al basarse en conteos (número de fotos).

## 5 Resumen final de resultados

El paquete RAI tiene la función `RAIfinal()` la cual genera la siguiente tabla con los resultados de cada modelo:

Table 10: *Resumen final de los resultados de los RAI obtenidos con los diferentes modelos para cada especie en la localidad de estudio.*

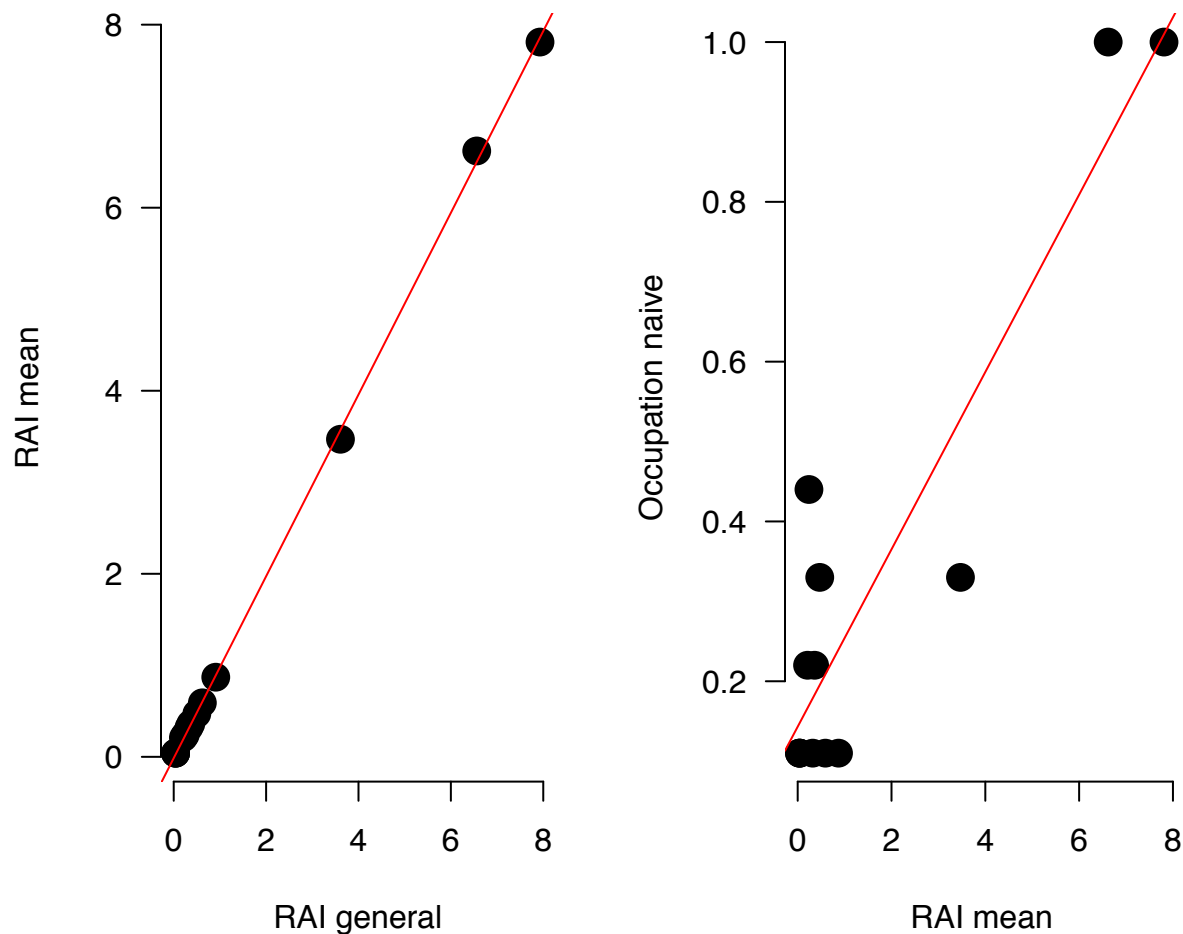
	cameras	days	n	RAIgral	RAImean	RAIsd	RAIpoisson	OccNaive
Leo_wie	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.0415	0.11
Mep_mac	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.0415	0.11
Pro_lot	9	2409	1	0.04	0.04	0.12	0.0415	0.11
Pec_taj	9	2409	5	0.21	0.21	0.44	0.2076	0.22
Nas_nar	9	2409	6	0.25	0.24	0.36	0.2491	0.44
Syl_flo	9	2409	8	0.33	0.32	0.95	0.3321	0.11
Bas_ast	9	2409	9	0.37	0.36	0.76	0.3736	0.22
Lyn_ruf	9	2409	12	0.50	0.47	0.80	0.4981	0.33
Did_vir	9	2409	15	0.62	0.59	1.78	0.6227	0.11
Con_leu	9	2409	22	0.91	0.87	2.61	0.9132	0.11
Can_lat	9	2409	87	3.61	3.47	8.77	3.6115	0.33
Odo_vir	9	2409	158	6.56	6.62	3.47	6.5587	1.00
Uro_cin	9	2409	191	7.93	7.81	7.36	7.9286	1.00

Note que se ha generado además otro estimativo previamente mencionado, llamado como ocupación naive (*OccNaive*) el cual simplemente es la proporción de sitios-cámaras ocupados por la especie. De otro modo, es el porcentaje de cámaras donde la especie apareció al menos una vez dividido entre el total de cámaras empleado. Este parámetro tiene valores entre 0 (ausencia en las cámaras) y 1 (presencia en todas las cámaras). Por ejemplo, un valor de  $OccNaive = 0.20$ , se interpreta como que la especie estuvo presente en el 20% de las cámaras.

### 5.1 Relación entre los índices

Nuevamente, el IAR obtenido de la manera habitual con la **Eq.1** es muy similar al promedio del IAR obtenido con la **Eq.2**. Esto se puede comprobar gráficamente estimado el coeficiente de correlación empleando la función `RAIcorr()`:

```
## [1] 0.9998297
```



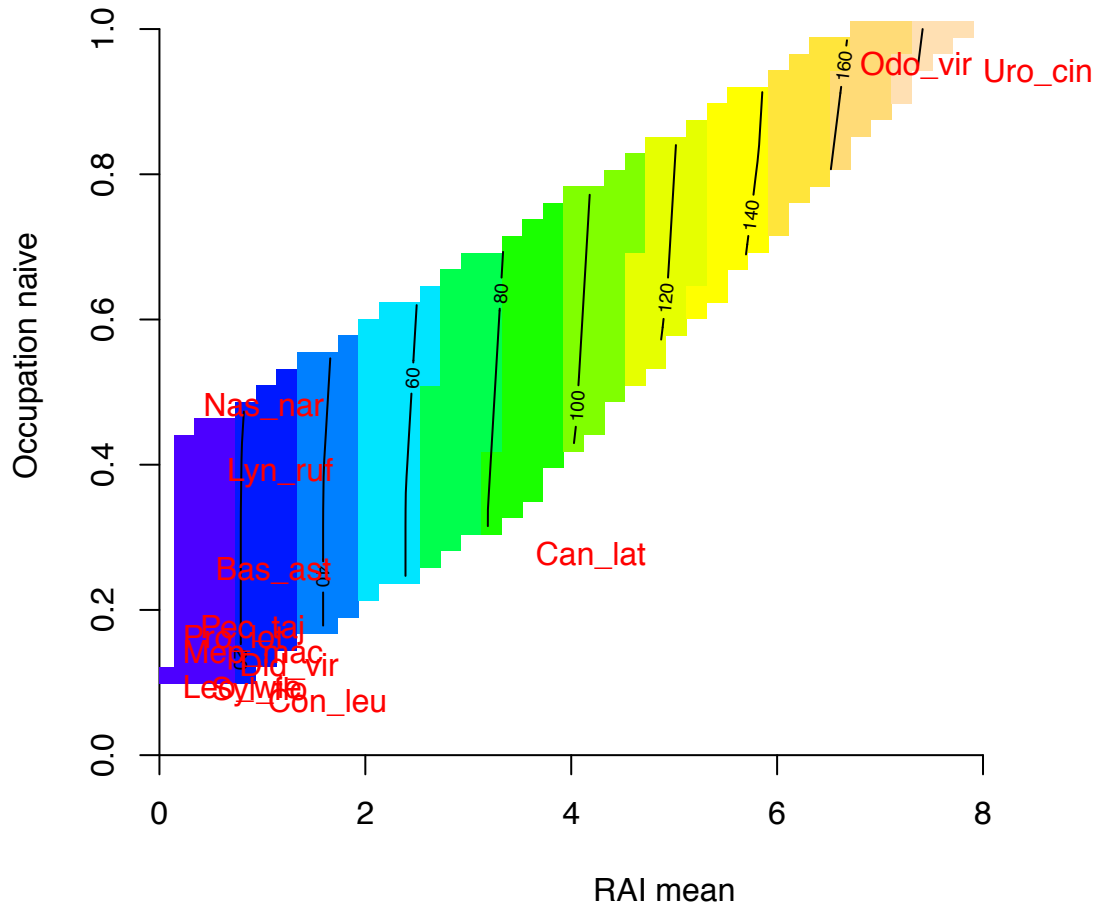
```
## [1] 0.9173611
```

La diferencia esencial es que con el procedimiento de la **Eq.2** podemos analizar cuantitativamente el índice para probar posibles diferencias estadísticamente significativas. Por otro lado, para probar si el IAR está relacionado con la ocupación, nuevamente podemos graficar y/o calcular el coeficiente correlación entre ambas variables. Como se aprecia, la ocupación y el IAR no necesariamente están correlacionados. Esto refuerza la importancia de calcular el IAR por cámara.

## 5.2 Análisis de interpolación

Otra manera interesante de presentar los resultados relacionando el IAR\_promedio con la ocupación naive por especie, se muestra en el siguiente código el cual se basa en un análisis sencillos de interpolación de datos. Se cargan directamente desde RAI las siguientes paqueterías **akima**, **MASSy** **RColorBrewer**, y se ejecuta la función **RAIinterp()** la cual arroja la siguiente gráfica:

Se preparan los datos y se obtiene la gráfica:



En esta gráfica se muestra que a medida que aumenta el valor promedio del IAR la ocupación de las especies aumenta de forma lineal. Pero en el caso de las especies con muy bajo IAR, se puede observar que la ocupación puede ser diferente. Esto es importante de notar y es el resultado de la heterogeneidad en la distribución de las especies en el sitio de estudio. Es decir, el IAR no solo es producto del número de fotos de cada especie, sino además del número de sitios (cámaras) donde se obtuvieron estas fotos.

## 6 Conclusiones

El proceso descrito en este artículo permite de manera muy sencilla mejorar la interpretación y conclusiones del IAR basado en criterios estadísticos sencillos, pero más robusto. Sin embargo, este proceso no soluciona el punto más crítico y controversial de los IAR: 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.

Preferentemente, 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. 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. Sencillo!

## Bibliografía

- Bengsen, Andrew J, Luke K-P Leung, Steven J Lapidge, and Iain J Gordon. 2011. "Using a General Index Approach to Analyze Camera-Trap Abundance Indices." *The Journal of Wildlife Management* 75 (5). Wiley Online Library: 1222–7.
- Bengsen, Andrew, John Butler, and Pip Masters. 2012. "Estimating and Indexing Feral Cat Population Abundances Using Camera Traps." *Wildlife Research* 38 (8). CSIRO: 732–39.
- Burton, A. C., E. Neilson, D. Moreira, A. Ladle, R. Steenweg, J. T. Fisher, E. Bayne, and S. Boutin. 2015. "Wildlife Camera Trapping: A Review and Recommendations for Linking Surveys to Ecological Processes." *Journal of Applied Ecology* 52 (3): 675–85.
- Campbell, D, GM Swanson, and J Sales. 2004. "Methodological Insights: Comparing the Precision and Cost-Effectiveness of Faecal Pellet Group Count Methods." *Journal of Applied Ecology* 41 (6). Wiley Online Library: 1185–96.
- Caughley, Graeme, and Anthony Ronald Entrican Sinclair. 1994. *Wildlife Ecology and Management*. Blackwell Science.
- Conner, Mark C, Ronald F Labisky, and Donald R Progulske. 1983. "Scent-Station Indices as Measures of Population Abundance for Bobcats, Raccoons, Gray Foxes, and Opossums." *Wildlife Society Bulletin (1973-2006)* 11 (2). JSTOR: 146–52.
- Crawford, Terence J. 1991. "The Calculation of Index Numbers from Wildlife Monitoring Data." In *Monitoring for Conservation and Ecology*, 225–48. Springer.
- Eberhardt, Lee, and Robert C Van Etten. 1956. "Evaluation of the Pellet Group Count as a Deer Census Method." *The Journal of Wildlife Management* 20 (1). JSTOR: 70–74.
- Gómez-Valencia, Bibiana, and Olga Montenegro. 2016. "¿ DENSIDAD, ABUNDANCIA RELATIVA U OCUPACIÓN DEL PECARÍ DE COLLAR? OPTIMIZANDO EL ESFUERZO DE MUESTREO." *Mastozoología Neotropical* 23 (2). Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos.
- Hanser, Steven E, Cameron L Aldridge, Matthias Leu, Mary M Rowland, Scott E Nielsen, and Steven T Knick. 2011. "Greater Sage-Grouse: General Use and Roost Site Occurrence with Pellet Counts as a Measure of Relative Abundance." *Sagebrush Ecosystem Conservation and Management: Ecoregional Assessment Tools and Models for the Wyoming Basins*. Allen Press, Lawrence, Kansas, USA, 112–40.
- Johnson, Douglas H. 2008. "In Defense of Indices: The Case of Bird Surveys." *Journal of Wildlife Management* 72 (4). BioOne: 857–68.
- Linhart, Samuel B, and Frederick F Knowlton. 1975. "Determining the Relative Abundance of Coyotes by Scent Station Lines." *Wildlife Society Bulletin*. JSTOR, 119–24.
- Mandujano, Salvador. 2005. "Track Count Calibration to Estimate Density of White-Tailed Deer (*Odocoileus virginianus*) in Mexican Dry Tropical Forest." *The Southwestern Naturalist* 50 (2). BioOne: 223–29.
- Marchandea, Stéphane, Jacky Aubineau, Francis Berger, Jean-Charles Gaudin, Alain Roobrouck, Eve Corda, and François Reitz. 2006. "Abundance Indices: Reliability Testing Is Crucial-a Field Case of Wild Rabbit *Oryctolagus cuniculus*." *Wildlife Biology* 12 (1). BioOne: 19–27.
- Mathewson, PD, SN Spehar, Erik Meijaard, A Sasmirul, and Andrew J Marshall. 2008. "Evaluating Orangutan Census Techniques Using Nest Decay Rates: Implications for Population Estimates." *Ecological Applications* 18 (1). Wiley Online Library: 208–21.
- McCaffery, Keith R. 1976. "Deer Trail Counts as an Index to Populations and Habitat Use." *The Journal of Wildlife Management*. JSTOR, 308–16.
- McCallum, J. 2013. "Changing Use of Camera Traps in Mammalian Field Research: Habitats, Taxa and Study Types." *Mammal Review* 43 (3): 196–206.
- Meek, P. D., and A. Pittet. 2013. "User-Based Design Specifications for the Ultimate Camera Trap for



Wildlife Research.” *Wildlife Research* 39 (8): 649–60.

O’Brien, Timothy G. 2011. “Abundance, Density and Relative Abundance: A Conceptual Framework.” In *Camera Traps in Animal Ecology*, 71–96. Springer.

Rovero, Francesco, and Andrew R Marshall. 2009. “Camera Trapping Photographic Rate as an Index of Density in Forest Ungulates.” *Journal of Applied Ecology* 46 (5). Wiley Online Library: 1011–7.

Rowcliffe, M. J. 2017. “Key Frontiers in Camera Trapping Research.” *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 3 (3): 107–8.

Stephens, PA, O Yu Zaumyslova, DG Miquelle, AI Myslenkov, and GD Hayward. 2006. “Estimating Population Density from Indirect Sign: Track Counts and the Formozov–Malyshev–Pereleshin Formula.” *Animal Conservation* 9 (3). Wiley Online Library: 339–48.

Sutherland, William J. 2006. *Ecological Census Techniques: A Handbook*. Cambridge University Press.

Thompson, W. 2013. *Sampling Rare or Elusive Species: Concepts, Designs, and Techniques for Estimating Population Parameters*. Island Press.

Winterbach, Christiaan W, Sam M Ferreira, Paul J Funston, and Michael J Somers. 2016. “Simplified Large African Carnivore Density Estimators from Track Indices.” *PeerJ* 4. PeerJ Inc.: e2662.