

Usando o RMark para análise de dados de marcação-captura-recaptura

Carlos Candia-Gallardo, M.Sc.

Laboratório de Ecologia Teórica, IB, USP



Estrutura da apresentação

- Apresentação do Rmark e do modelo Jolly-Seber POPAN
- Apresentação de uma questão biológica passível de ser respondida com esse modelo
- Implementação no RMark

- O que é o RMark?
- Vantagens – facilidade, menos erros
- Desvantagens



THE POPAN JOLLY-SEBER MODEL

Modelos Jolly-Seber

- Originalmente desenvolvido para estimar abundância(1965)
- Com o foco em sobrevivência, atenção voltou-se para modelos Cormack-Jolly-Seber (CJS)
- Crescimento da população(λ), recrutamento (f) e abundância (N_i), além de sobrevivência (ϕ) e probabilidade de captura

Modelos Jolly-Seber

CJS vs. JS: Diferença em como lidar com animais não marcados

Modelos Jolly-Seber

Premissas

- Marcações não se perdem
- Marcações são lidas corretamente.
- Marcação não afeta sobrevivência
- Animais marcados e não marcados têm a mesma prob. de captura.†
- A extensão da área de estudo é constante

Diferentes formulações do modelo Jolly-Seber

Table 12.5: Summary of criteria to choose among the different JS formulations

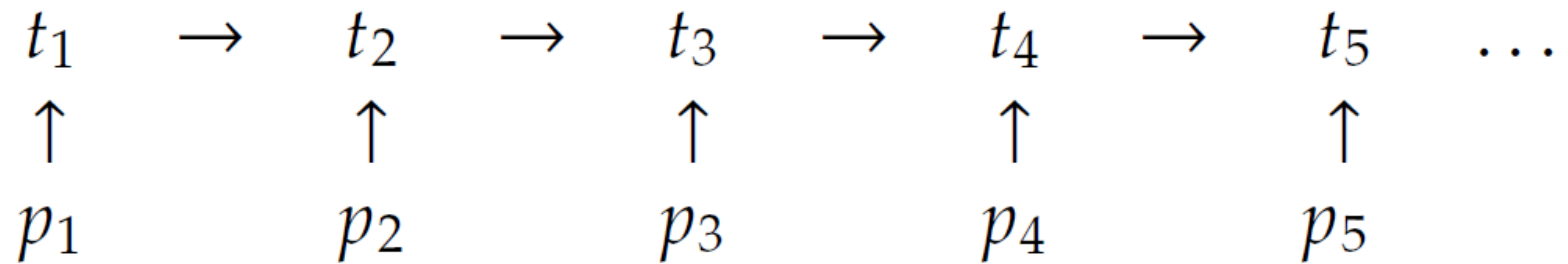
<i>formulation</i>	losses on capture	estimates available for			
		<i>abundance</i>	<i>net births</i>	<i>recruitment</i>	λ
POPAN	yes	yes	yes	no	no
Link-Barker	yes	no	no	yes	yes
Pradel-recruitment	no	no	no	yes	yes
Burnham JS	yes	yes	yes	no	yes
Pradel- λ	yes	no	no	no	yes

- The implementation of Burnham's JS model in MARK often does not converge, and is not recommended (although convergence problems may be minimized for some models if simulated annealing is used for the numerical optimization. - J. Laake & E.G. Cooch, *pers. obs.*)

*POPAN parameterization of the Jolly-Seber
model – **parâmetros reais***

$$t_1 \rightarrow t_2 \rightarrow t_3 \rightarrow t_4 \rightarrow t_5 \dots$$

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros reais*



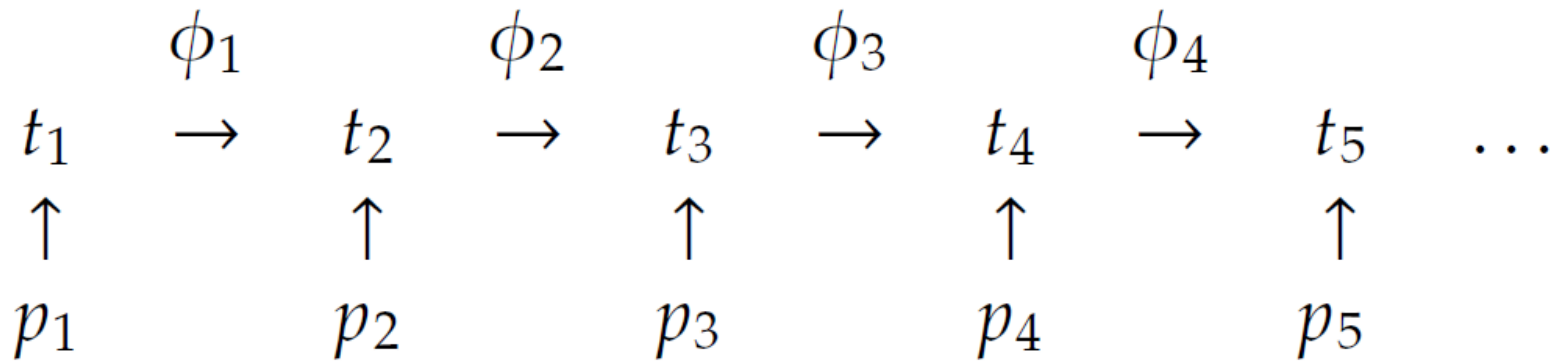
p_i = probability of capture at occasion i ;

ϕ_i = probability of an animal surviving between occasions i and $i + 1$;

b_i (ou p_{ent}) = probability that an animal from the super-population (N) would enter the population between occasions i and $i + 1$ and survive to the next sampling occasion $i + 1$;

N = animal that would ever be born to the population

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros reais*



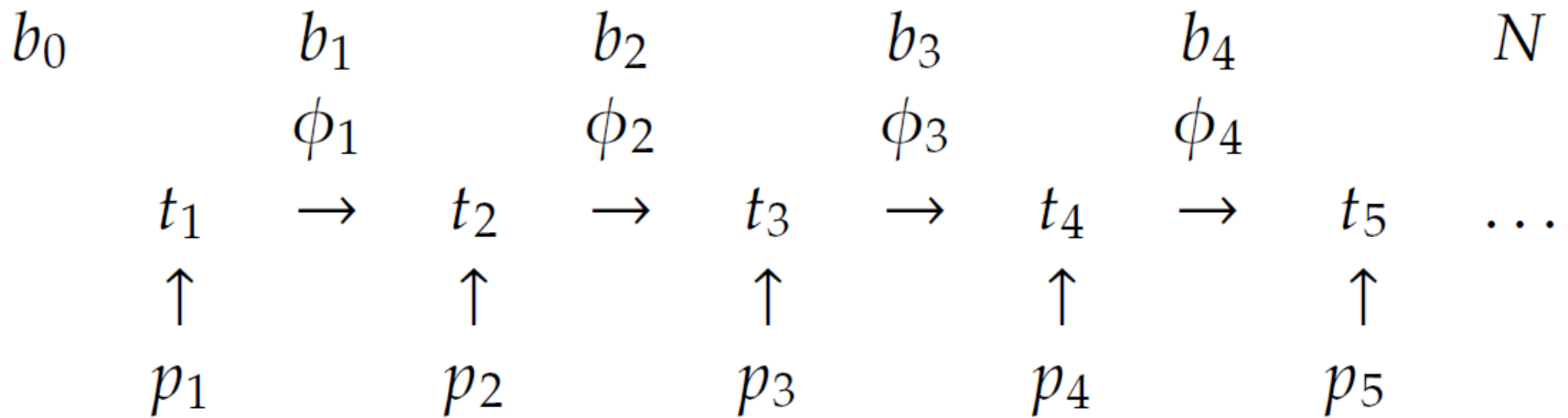
p_i = probability of capture at occasion i ;

ϕ_i = probability of an animal surviving between occasions i and $i + 1$;

b_i (ou p_{ent}) = probability that an animal from the super-population (N) would enter the population between occasions i and $i + 1$ and survive to the next sampling occasion $i + 1$.

N = animal that would ever be born to the population

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros reais*



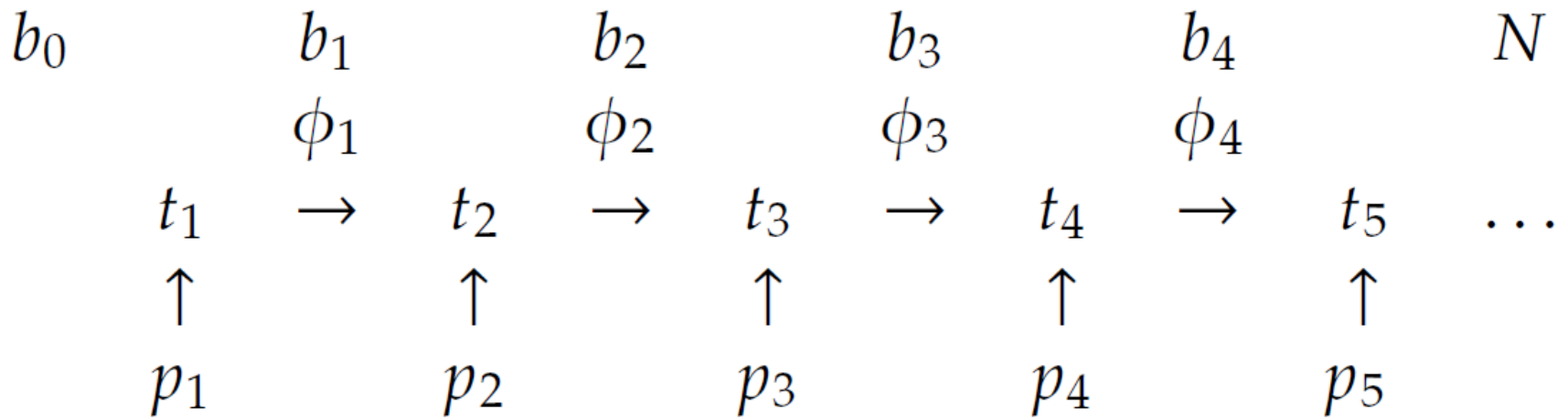
p_i = probability of capture at occasion i ;

ϕ_i = probability of an animal surviving between occasions i and $i + 1$;

b_i (ou **pent**) = probability that an animal from the super-population (N) would enter the population between occasions i and $i + 1$ and survive to the next sampling occasion $i + 1$.

N = animal that would ever be born to the population

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros reais*



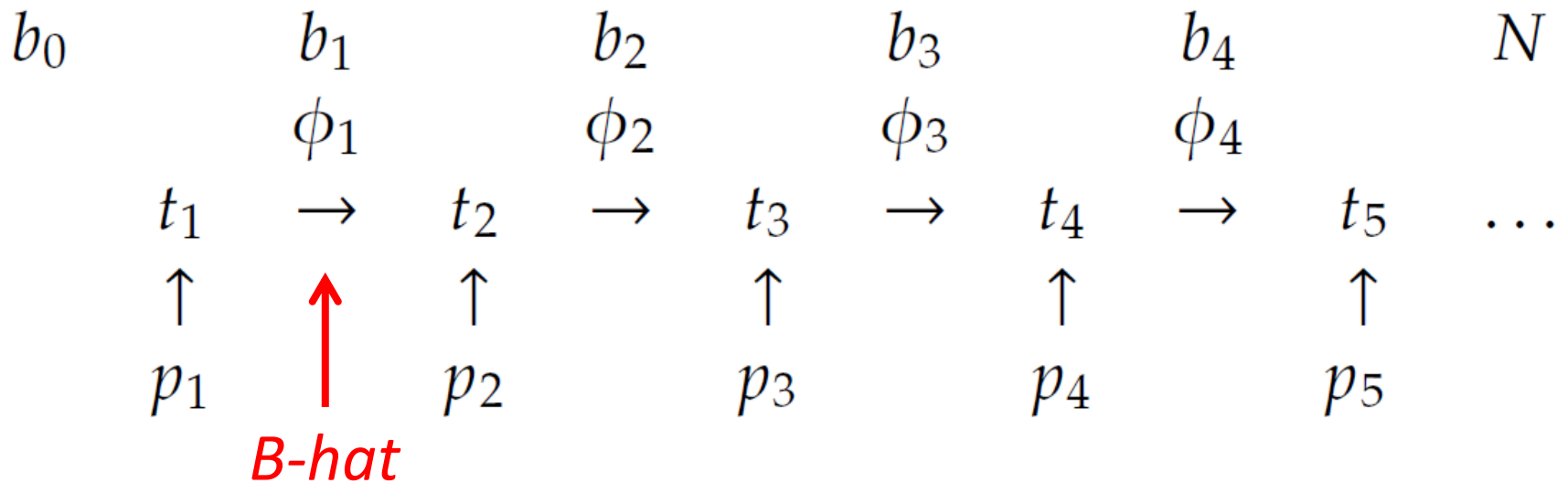
p_i = probability of capture at occasion i ;

ϕ_i = probability of an animal surviving between occasions i and $i + 1$;

b_i (ou **pent**) = probability that an animal from the super-population (N) would enter the population between occasions i and $i + 1$ and survive to the next sampling occasion $i + 1$.

N = animals that would ever be “born” to the population

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros derivados*



$B\text{-hat}_i$ = number of individuals from the super-population (N) that enter the population between occasions i and $i + 1$ and survive to the next sampling occasion $i + 1$.

$N\text{-hat}$ = number of individuals in the population at time i

POPAN parameterization of the Jolly-Seber model – *parâmetros derivados*

$$\widehat{B}_i = N b_i$$

\widehat{N}_i :

$$\widehat{N}_1 = \widehat{B}_0 = 117.03.$$

$$\widehat{N}_2 = (\widehat{N}_1 - \text{loss}_1)\widehat{\phi}_1^{1.5} + \widehat{B}_1 = (117.03 - 0)0.584^{1.5} + 14.92 = 67.2.$$

$$\widehat{N}_3 = (\widehat{N}_2 - \text{loss}_2)\widehat{\phi}_2^{1.0} + \widehat{B}_2 = (67.2 - 1)0.926^{1.0} + 110.39 = 171.72$$

UM POUCO DE BIOLOGIA

Mimetismo Mülleriano

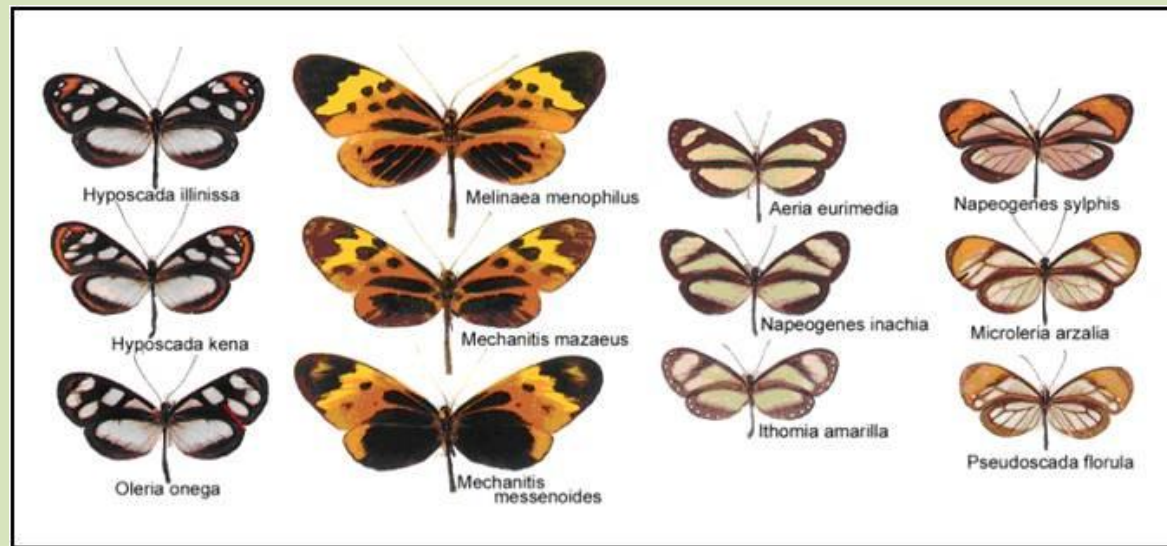
“Duas ou mais espécies com defesas secundárias* efetivas que compartilham uma aparência similar”

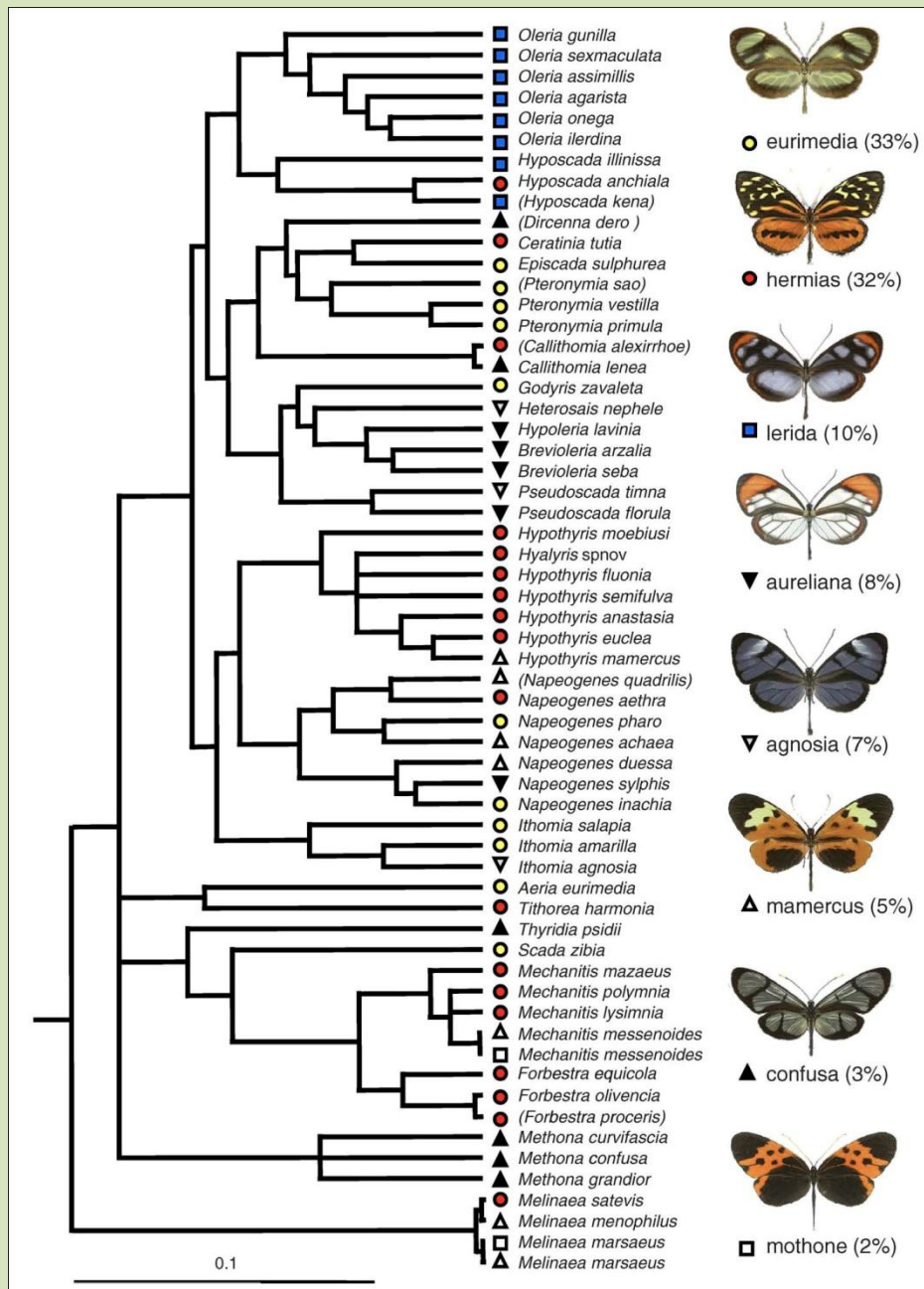
*defesas pós-deteção que servem para fazer um encontro desvantajoso para um predador



Mimetismo Mülleriano

- Semelhança seria causada por convergência (ocasionada por **seleção natural**) e não por ancestralidade comum

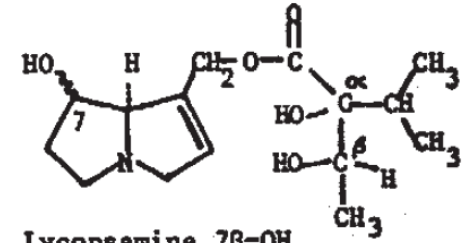




Filogenia dos Ithomiini (Brower et al. 2014)

Ithomiini

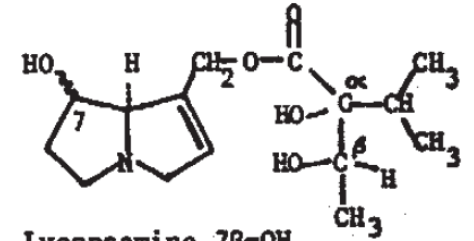
- Defesa química



- e* Lycopsamine 7 β -OH
- f* Echinatine 7 α -OH
- g* Intermedine 7 β -OH, epi- β
- h* Rinderine 7 α -OH, epi- β
- i* Indicine 7 β -OH, epi- α,β

Ithomiini

- Defesa química
- Aposematismo



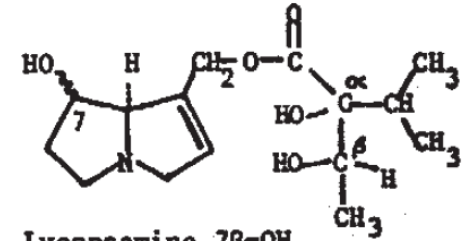
- e Lycoposamine 7 β -OH
- f Echinatine 7 α -OH
- g Intermedine 7 β -OH, epi- β
- h Rinderine 7 α -OH, epi- β
- i Indicine 7 β -OH, epi- α , β



1 cm

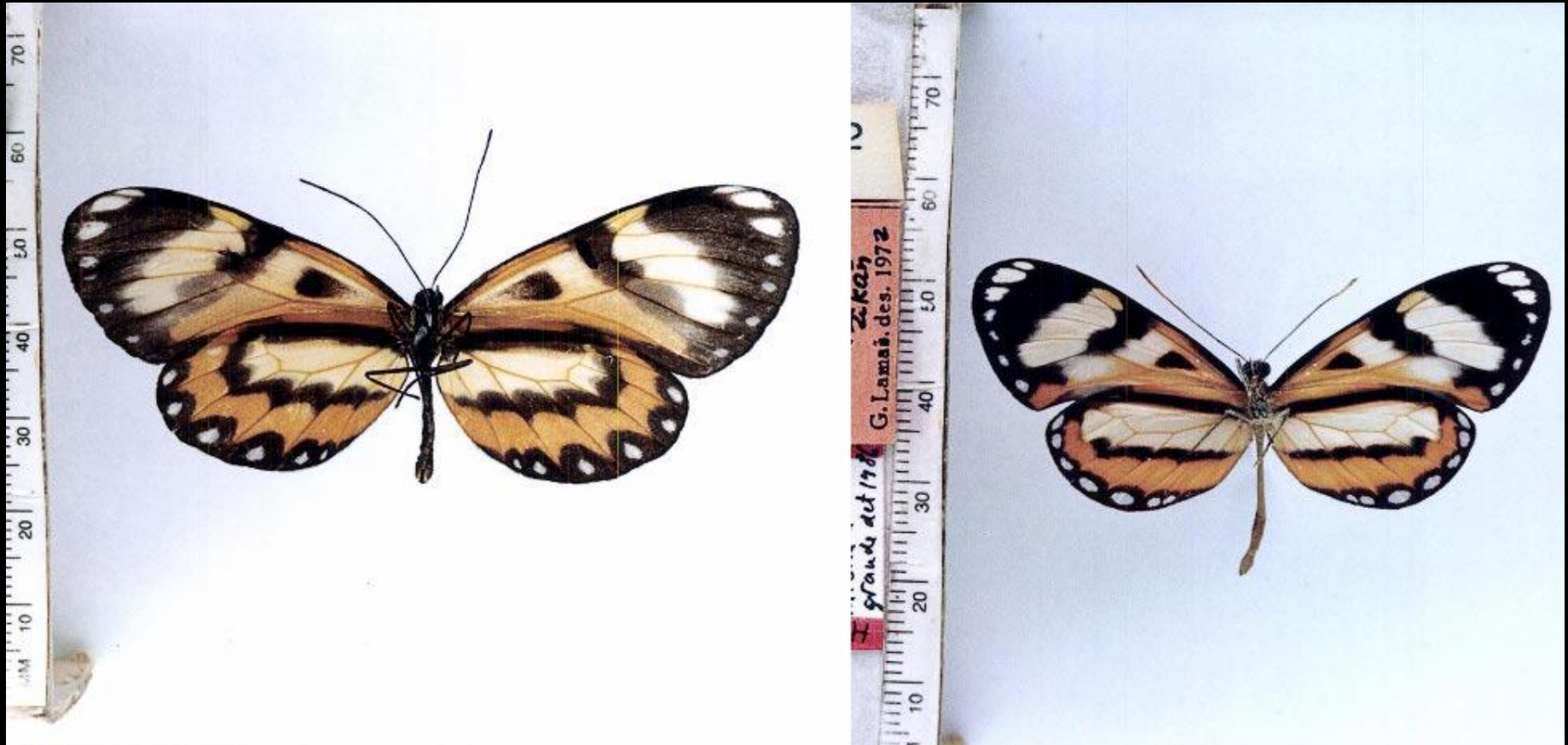
Ithomiini

- Defesa química
- Aposematismo
- Mimetismo



- e Lycopsamine 7β-OH
- f Echinatine 7α-OH
- g Intermedine 7β-OH, epi-β
- h Rinderine 7α-OH, epi-β
- i Indicine 7β-OH, epi-α,β

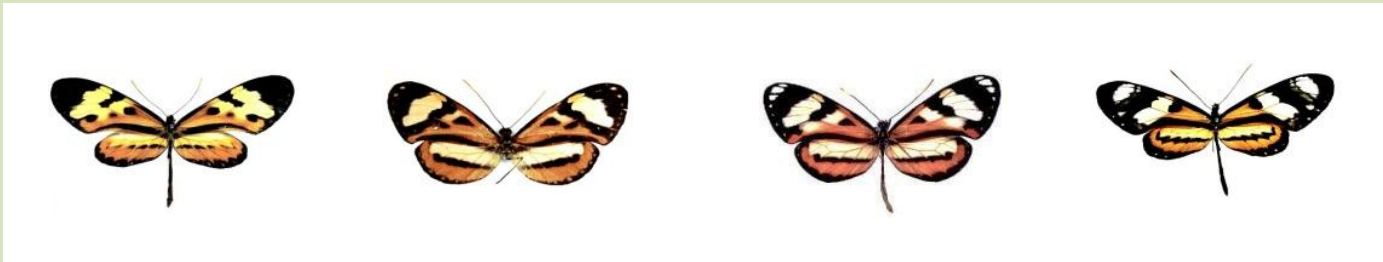




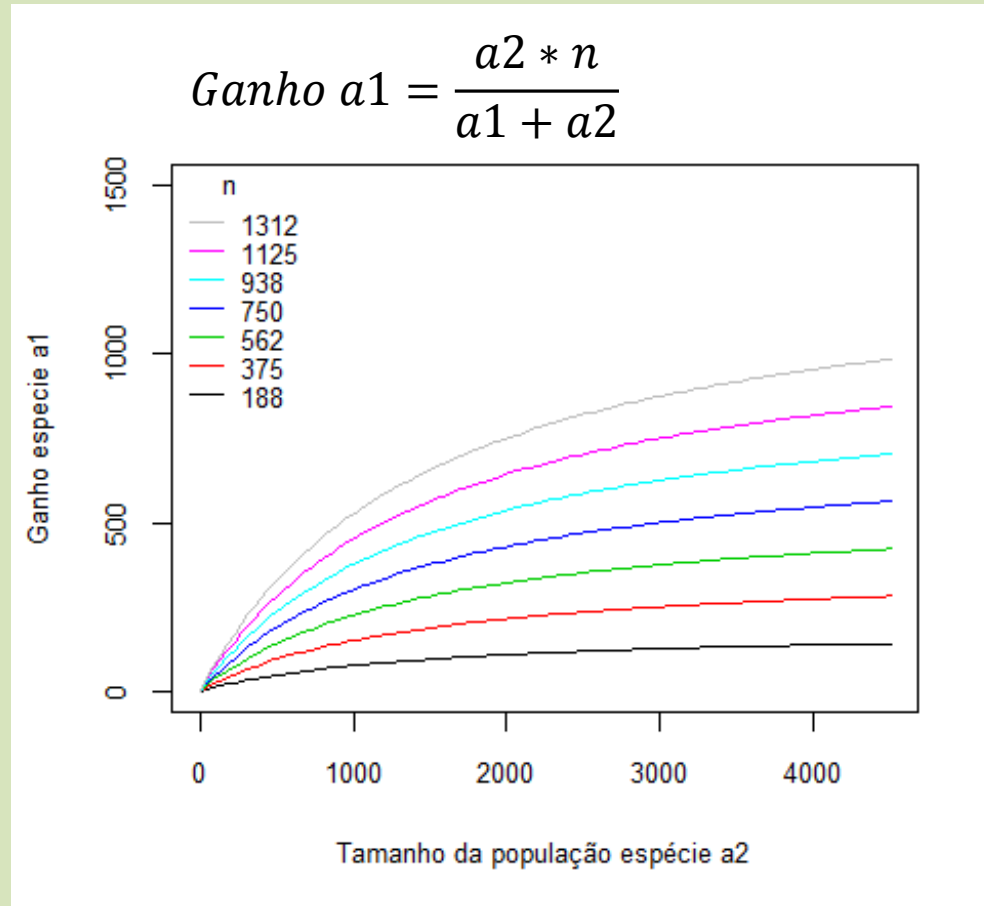
Convergência mimética – morfologia e ecologia (Elias et al. 2008)

Questão:

Será que espécies miméticas também convergem na dinâmica populacional?

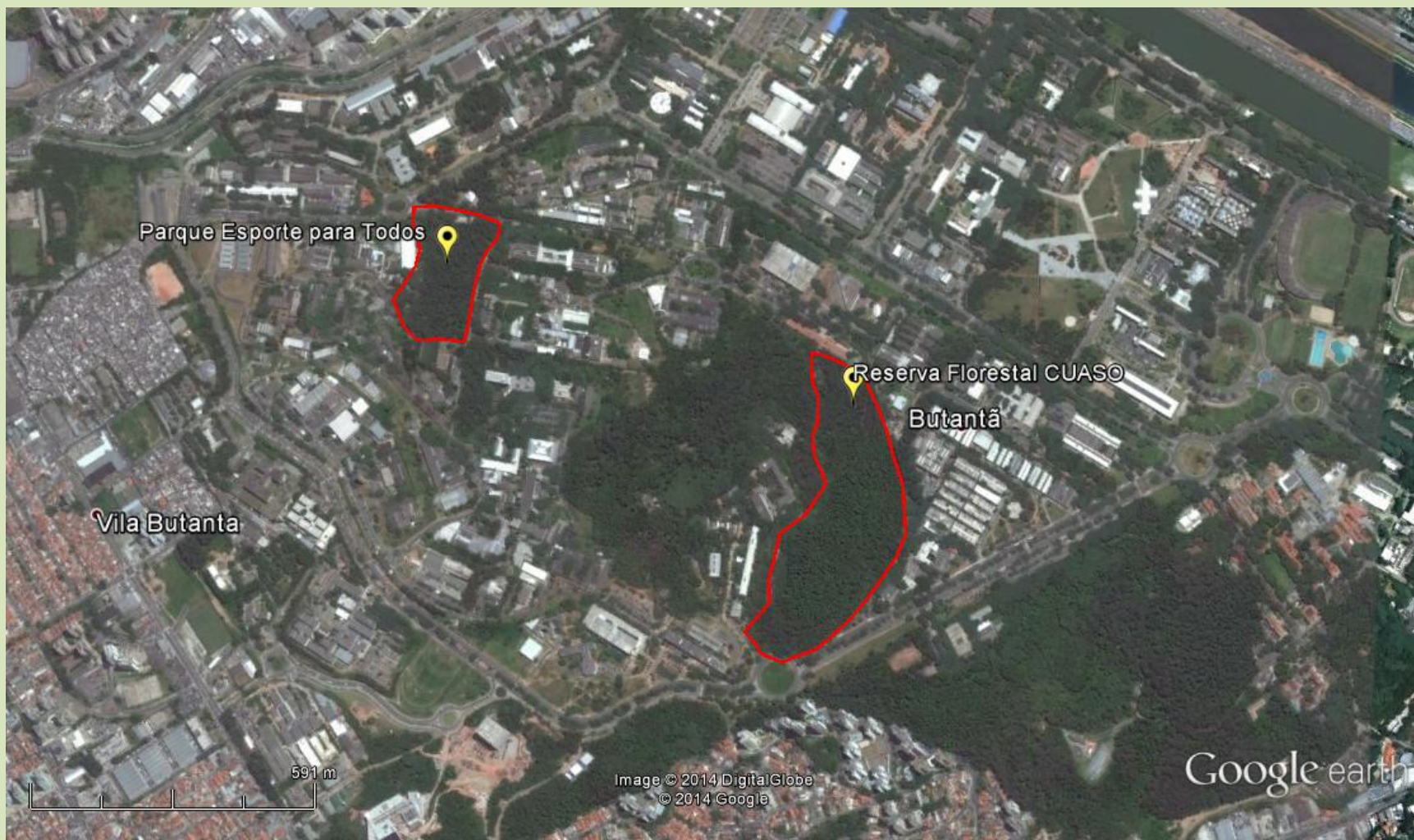


“Strenght in numbers”



N : “number of individuals of a distinct species which are destroyed in the course of a summer before its distastefulness is generally known (Müller 1879)”

COLETA DE DADOS



Um circuito em cada área

Coleta de dados

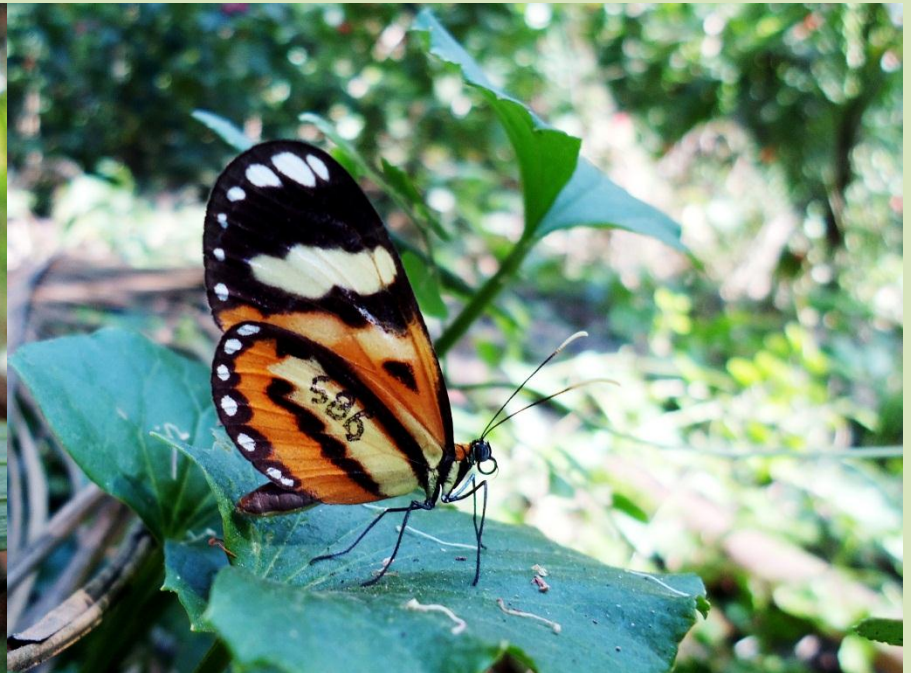
- Captura-marcação-recaptura



Foto: Karlla Barbosa

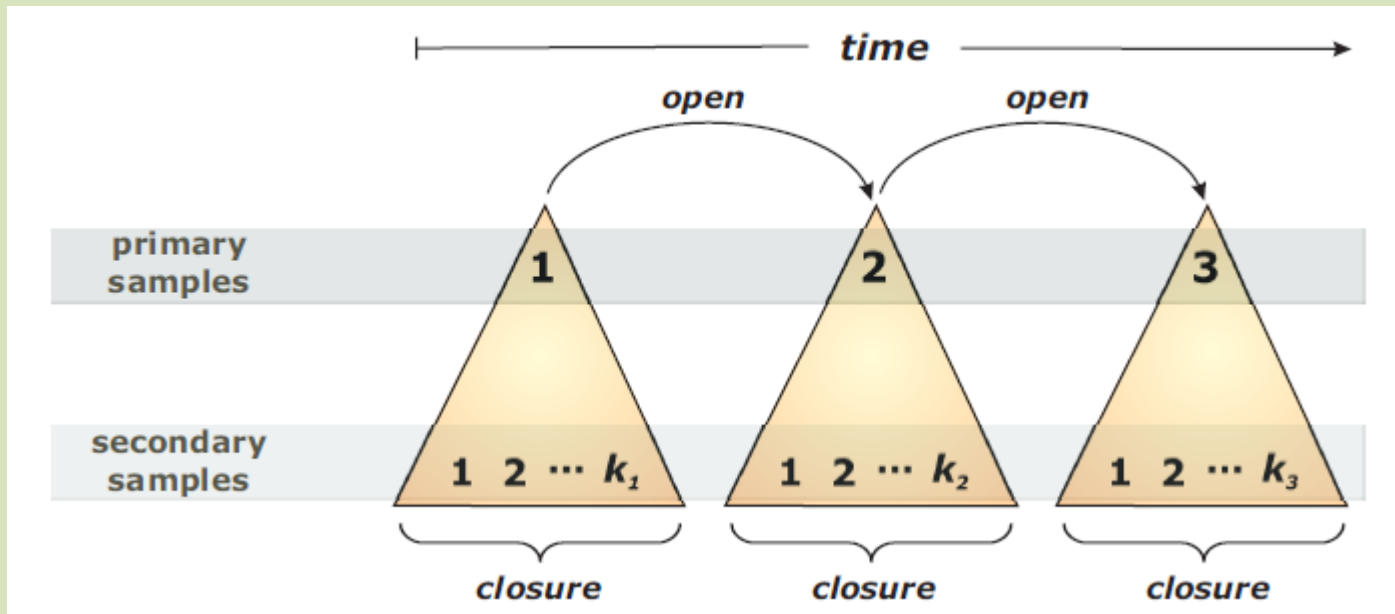
Coleta de dados

- Captura-marcação-recaptura



Coleta de dados

- Desenho robusto de Pollock

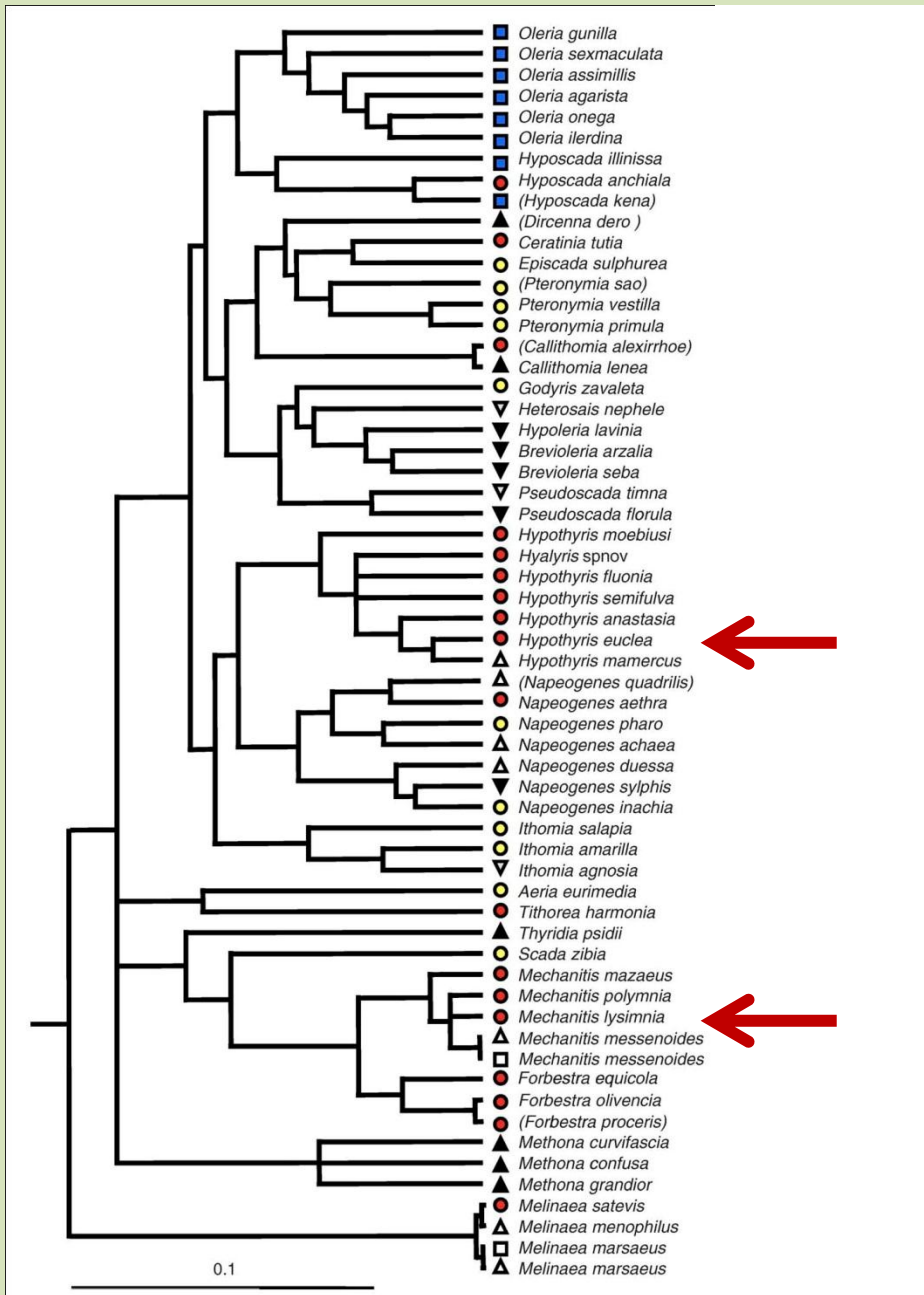


- Abril/13 a janeiro/2015 – 25 ocasiões

Resultados

- 23 espécies
- + de 10 mil capturas+ 35% de recapturas

Ithomiini (Brower et al. 2014)	Willmot & Mallet 1993	Class b.	Core spp.
Melinaeina			
Melinaea ludovica paraiya	ETHRA*	tigre	
Methonina			
Methona themisto	THEMISTO	caramelo	
Tithoreina			
Aeria olena	AGNA	preto e amarelo	
Mechanitina			
Mechanitis lysimnia	LYSIMNIA	tigre	1
Mechanitis polymnia	ETHRA	tigre	1
Dircennina			
Dircenna dero	THEMISTO	caramelo	
Pteronymia sylvo	AQUATA	transparente	
Episcada carcinia	AQUATA*	transparente	
Episcada clausina	AQUATA*	transparente	
Episcada hymenaea	HYMENAEA	transparente	
cf. Episcada philoclea	PHILOCLEA	transparente	
Ithomiina			
Ithomia agnosia zikani	AQUATA	transparente	1
Ithomia drymo	AQUATA	transparente	
Placidina euryanassa	LYSIMNIA*	tigre	
Napeogenina			
Epityches eupompe	PHILOCLEA	caramelo	1
Hypothyris euclea laphria	ETHRA	tigre	1
Hypothyris ninonia daeta	LYSIMNIA	tigre	1
Oleriina			
Oleria aquata	AQUATA	transparente	
Godyridina			
Hypoleria lavinia	AQUATA*	transparente	1
Heterosais edessa	AQUATA*	transparente	
Mcclungia cymo salonina	PHILOCLEA	transparente	1
Pseudoscada acilla	AQUATA*	transparente	
Pseudoscada erruca	AQUATA	transparente	



Hypothyris ninonia



Mechanitis polymnia

VOLTANDO AO POPAN

Covariáveis

- ϕ – *constante, tempo, precipitação, espécie;*
- p – *constante, tempo, espécie;*
- b_i – *constante, tempo, precipitação, espécie;*
- N – *constante, espécie*

Vamos ao Rmark!

- Script para rodar as análises: POPAN.R
- Histórico de capturas: dados_nl.txt (25 ocasiões, duas espécies)
- Aponte um diretório de trabalho na sua máquina e salve lá os arquivos acima

Exemplo para apontar um diretório:

```
setwd("C:/Users/acer/Google Drive/bie5703")
```