

MINICURSO

**Métodos para a estimação da abundância animal**

Tiago Marques

*CREEM, University of St Andrews, tiago.marques@st-andrews.ac.uk*

Russell Alpizar-Jara

*CIMA-UE e DM, Universidade de Évora, alpizar@uevora.pt*

**Palavras-chave:** Amostragem por distâncias, Captura-recaptura, Densidade, Parâmetros demográficos.

**Resumo:** Estimar o tamanho de uma população selvagem é uma componente fundamental para a sua adequada gestão ou conservação [1]. Dado que uma contagem total é raramente possível, é necessário utilizar algum tipo de amostragem em que apenas uma proporção da população é amostrada, a partir da qual o total é estimado. Neste contexto, temos uma situação pouco comum em relação à amostragem tradicional: queremos obter o tamanho da população, e não uma estimativa de um valor médio observado nas unidades de amostragem seleccionadas. Neste mini-curso vamos abordar algumas das metodologias mais amplamente utilizadas na estimação da abundância/densidade de populações animais.

Numa abordagem tradicional podemos dividir a área de estudo de dimensão  $A$  em unidades de amostragem (com área total  $a$ ) e seleccionar uma amostra destas. Nestas podemos então contar todos os  $n$  animais da espécie (ou espécies) em estudo e obter uma estimativa da densidade ( $\hat{D} = n/a$ ) ou abundância ( $\hat{N} = n/(a/A)$ ) na área de estudo. Esta pode ser uma estimativa *model-based* ou *design-based*, no sentido em que se pode basear quer nas propriedades de aleatoriedade do plano de amostragem usado (e.g. amostragem aleatória simples sem reposição) ou baseadas num modelo (e.g. número de animais em função da altitude).

No entanto, para a maior parte das populações animais não é possível garantir que todos os animais nas unidades seleccionadas são detectados, além de que devido ao movimento dos animais pode ser extremamente difícil realizar as contagens. Surge assim a amostragem por distâncias [2]. Nesta metodologia, um conjunto de unidades de amostragem, usualmente referidos como transectos, que podem ser pontos ou linhas, são colocados aleatoriamente na área sobre a qual queremos realizar as inferências. Um ou vários observadores percorrem os transectos (no caso de linhas) ou permanecem no transecto (no caso de pontos) e registam as distâncias aos animais detectados. Um conceito fundamental na amostragem por distâncias é o da função de detecção,  $g(x)$ , que representa a probabilidade de detectar um animal dado que este se encontra a uma distância  $x$  de um transecto. A probabilidade de detecção dos animais em função das distâncias observadas (e eventualmente outras covariáveis) é modelada, e a partir deste modelo podemos obter uma estimativa da probabilidade de detecção de um animal presente no transecto,  $p$ . Dado esta, podemos estimar a densidade na área coberta pelas unidades de amostragem  $\hat{D} = n/(a\hat{p})$ . A amostragem por distâncias tem uma série de pressupostos que serão abordados, bem como as consequências da sua quebra.

Um outro tipo de abordagem frequentemente utilizado é a captura recaptura. Nesta metodologia é a informação contida nas histórias de captura individuais que nos permite estimar a probabilidade de detectar um indivíduo, e assim o tamanho da população. O conceito mais básico refere ao estimador de Lincoln-Petersen, no contexto das populações fechadas [3]. Intuitivamente, trata-se apenas da utilização de uma regra de três simples para estimar a dimensão duma população, como resultado da informação obtida em dois momentos de amostragem. No cenário mais típico, num primeiro

momento de amostragem capturam-se e libertam-se  $n_1$  indivíduos numa população de dimensão desconhecida  $N$ . Os indivíduos libertados foram marcados univocamente com um identificador, de modo a que possam ser reconhecidos num segundo momento de amostragem onde são capturados  $n_2$  indivíduos, dos quais  $m$  tinham sido previamente marcados. Assumindo que a proporção de recapturas no segundo momento de amostragem  $m/n_2$  é representativa da proporção de indivíduos inicialmente marcados na população  $n_1/N$ , a regra de três simples permite-nos obter uma estimativa da dimensão da população, dada por  $\hat{N} = n_1 n_2 / m$ ,  $m > 0$ . Este simples conceito, deu origem a uma panóplia de modelos matemáticos/estatísticos [4], que foram classificados como modelos de populações fechadas ou abertas, dependendo das características biológicas das espécies em que se deseja estimar a dimensão da população ou outros parâmetros demográficos associados ao seu ciclo de vida (recrutamento, sobrevivência, taxas de migração, etc... )

Neste minicurso abordaremos as generalizações destes simples estimadores para modelos mais complexos em populações fechadas e abertas, combinação e extensões destes, com exemplos ilustrativos de aplicações biológicas concretas. Refiriremos também os problemas associados com a violação de pressupostos dos modelos, e os respetivos avanços com o estado-da-arte que envolvem modelos de captura-recaptura espacialmente explícita e a utilização de métodos de captura-recaptura não invasivos baseados em amostragem de tecidos genéticos. Finalmente, referiremos o potencial destes modelos nas aplicações noutras áreas do saber como são as aplicações específicas nas Ciências da Saúde e Sociais.

## Agradecimentos

RAJ agradece o financiamento da FCT no âmbito do projeto PEst-OE/MAT/ UI0117/2014 (CIMA-U.E.).

## Referências

- [1] Williams, B.K., Nichols, J.D., Conroy, M.J. (2002). *Analysis and Management of Animal Populations*. Academic Press, New York.
- [2] Buckland, S.T., Anderson, D.R., Burnham, K.P., Laake, J.L, Borchers, D.L., Thomas, L. (2001). *Introduction to Distance Sampling: Estimating Abundance of Biological Populations*. Oxford University Press, London
- [3] Borchers, D.L., Buckland, S.T., Zucchini, W. (2002). *Estimating Animal Abundance: Closed Populations*. (Statistics for Biology and Health). Springer-Verlag, London.
- [4] Seber (1982). *The Estimation of Animal Abundance and Related Parameters*. Macmillan, New York.