

Muestreo por Métodos de Captura-Recaptura (Sampling via Capture-Recapture Methods)

Badii, M.H., A. Guillen, J. ¹Landeros, E. ¹Cerna, Y. ¹Ochoa & J. ¹Valenzuela
UANL, San Nicolás, N.L., mhbadiiz@gmail.com, ¹UAAAN, Saltillo Coah., México

Abstract. Sampling methods based on capture-marking-recapture are described. Principles, advantages, limitations and applications as well as examples for each noted method are given. Following methods are emphasized in detail. Peterson-Lincon's Method, weighted mean, Jackson's positive Method, Bailey's triple capture Model, Fisher-Ford's method, Schnabel's method, Jolly-Seber's Method, Cormack's Model, Truncated zero Poisson method, Chapman's Model, and Leslie's Method.

Keywords. Capture-marking-recapture, population size, sampling methods

Resumen. Se describen los métodos de muestreo basado en captura-marcaje-recaptura. Se discuten los principios, ventajas, limitaciones, aplicaciones y proveen ejemplos para cada uno de los modelos mencionados en éste trabajo. Se enfatizan los siguientes métodos. Método de Peterson-Lincon, intervalo de confianza (IC), reglas de selección de IC, IC para distribuciones de tipo Poisson, normal y binomial y tamaño óptimo de muestra; media ponderada; Método positivo de Jackson. Método de triple captura de Bailey; Método de Fisher-Ford; Métodos de Schnabel. Método de Jolly-Seber, y la forma de probar los supuestos del método de captura-recaptura. Modelo de Cormack; Método truncado cero de Poisson y el Método de Chapman. Método de Leslie y el Método de Leslie y colaboradores.

Palabras claves. Captura-marcaje-recaptura, métodos de muestreo, tamaño poblacional

Introducción

Capturar individuos, marcarlos, liberarlos, después hacer muestreos para ver qué fracción de los individuos en la muestra llevan marcas. Graunt (1662), citado en White et al., (1982) fue primero quien uso técnicas de pronóstico para estimar población humana en Londres. Peterson (Peterson-Lincon, 1896 citado en White et al., 1982) fue primero que usó esta técnica con peces para estudiar la migración pero después para estimar tamaño de la población y la tasa de mortalidad (Lincoln, 1930). También se utilizó esta técnica para estimar población de aves (patos). Jackson (1933) fue primero que empleo la técnica para estimar población de insectos. Los fundamentos de muestreo incluyendo las técnicas de captura-recaptura han sido descritos e explicados (Badii & Castillo, 2009; Badii et al., 2011).

Ventajas del método

1. Estimar natalidad
2. Estimar mortalidad
3. Estimar movimiento

4. Estimar abundancia absoluta

Limitaciones del método

1. Requiere mucho tiempo y esfuerzo
2. Requiere supuestos muy estrictos

Aplicación del método

1. Poblaciones cerradas sin o con poco cambio en natalidad, mortalidad o movimiento.
2. Poblaciones abiertas con cambia en natalidad, mortalidad y por ende en el tamaño.

Ejemplo del método

1. Poblaciones cerradas: modelo de Peterson con un solo marcaje.
2. Poblaciones cerradas: múltiples marcajes, modelo de Schnabel.
3. Poblaciones abiertas: múltiples marcajes, modelo de Saber.

Método de Peterson-Lincoln (Lincoln, 1930)

Marcar un grupo de individuos una vez, liberarlos, recapturar individuos después de un corto tiempo. La segunda muestra debe ser tomada al azar, es decir, los individuos marcados y no marcados tengan la misma probabilidad de la captura. Se usa la siguiente ecuación para la estimación del tamaño poblacional.

$$\check{N}/M = C/R$$

Por tanto:

$$\check{N} = CM/R$$

Donde,

M = número de individuos marcados en la primera muestra.

C = Número de individuos capturados en la segundo muestreo.

R = Número de individuos con marcaje en la segundo muestreo.

\check{N} = Estimación del tamaño de la población al tiempo de poner la marca.

Desafortunadamente, esta fórmula produce estimaciones sesgadas con mayor sesgo para poblaciones pequeñas.

Según Seber (1982) se usa el estimador $\check{N} = [(M+1)(C+1)/(R+1)] - 1$, que es sin sesgo si se reúne una de las siguiente condiciones:

- a. $(M+C) \geq \check{N}$
- b. $R > 7$

Intervalo de confianza (IC)

1. Un rango de valores que se espera incluir la \check{N} (el parámetro poblacional) en cierto por ciento del tiempo.
2. Los valores altos y bajos de IC Se denominan “Límites de Confianza.”
3. Lo ideal es tener un IC del mínimo rango posible.
4. Usualmente se usa 95% IC pero se puede usar 90%, 99%, etc.
 IC Es una guía para la precisión de las estimaciones, si IC es muy ancho mejor no confiar mucho en la validez de la estimación, lo mejor que puede hacer es tomar una muestra más grande y así reducir el ancho de IC, pero no hay seguridad de que el parámetro no quede afuera del rango de IC.

Reglas de selección de IC

1. Si la fracción de los individuos marcados $(R/C) < 0.10$ y $R < 50$, entonces usar IC en base a la distribución de Poisson, y en caso de que $R > 50$, hay que usar aproximación normal para obtener IC.
2. Si la fracción $(R/C) > 0.10$, usar distribución binomial para obtener IC.

IC en base a la distribución de Poisson

Se capturan 600 individuos en la primera muestra, se los marcan y los liberan. En la segunda muestra se capturan 200 individuos de las cuales 13 ya estaban marcados. Se puede estimar los límites de confianza de la distribución Poisson (usar la tabla de Poisson) con $X = R = 13$ y llegar con:

95% L.I. (Límite inferior) de $R = 6.686$

95% L.S. (Límite superior) de $R = 21.364$

95% IC Para \check{N} se obtiene en base lo siguiente:

$$\check{N} = [(M+1)(C+1)/(R+1)] - 1$$

95% L.I. de IC de $\check{N} = [(601)(201)/21.364+1] - 1 = 5,402$

95% L.S. de IC de $\check{N} = [(601)(201)/6.686+1] - 1 = 15,716$

IC por aproximación normal

Se usa la siguiente ecuación:

$$R/C \pm \{Z_{\alpha}[\sqrt{(1-f)(R/C)(1-R/C)/(C-1)}] + 1/2C\}$$

Donde,

f = Fracción de la población en la segunda muestra $\approx R/M$

$1-f$ = Corrección para población finita

$(1/2C)$ = Corrección por continuidad

Z_{α} = valor normalizado para $(1-\alpha)$ nivel de confianza:

$Z_{\alpha} = 1.960$ para 95% LC

$Z_{\alpha} = 2.576$ para 90% LC

Para muestras grandes y un \check{N} grande se eliminan $(1-f)$ y $(1/2C)$ y por tanto, tendremos:
 $R/C \pm \{Z_{\alpha} \sqrt{(1-f)(R/C)(1-R/C)/(C-1)}\}$

Ejemplo

Si marcamos 1,800 individuos (M), y capturamos en la segunda muestra 800 individuos (C) de los cuales 73 (R) tienen marcas, entonces, en base a la fórmula tendremos:

$$73/800 \pm \{1.96[\sqrt{(1-73/800)(73/800)(1-73/800)/(800-1)}] + 1/2(800)\}$$

$$= 0.09125 \pm 0.020176 \text{ que resulta en } 0.07107 \text{ a } 0.111426$$

Ahora: $\check{N} = C/R(M)$

$$95\% \text{ L.I. de LC sobre } \check{N} = 800/0.111426 (1800) = 16,154$$

$$95\% \text{ L.S. de LC sobre } \check{N} 800/0.07107 (1800) = 25,326$$

IC en base a la distribución binomial

Se marcan 50 (M) aves, y después capturan 22 (C) aves de las cuales 14 (R) tienen marcas, la fracción de $R/C = 14/22 = 0.64$ es más de 0.5, por tanto, de la distribución binomial arrojamos $1-R/C=1-0.64=0.36$. En base de esto, llegamos con la proporción de la población igual a 0.16 que es el límite inferior para $(1 - R/C)$.

Ahora repetir el mismo procedimiento y llegamos con la proporción de población = 0.60 (L.S. de 95% de LC para $(1 - R/C)$).

Debido a que los límites son: 95% de LC para $(1 - R/C) = 0.17$ y 0.60. Entonces los límites de confianza (LC) correspondientes deseados para R/C son: 0.83 y 0.40.

Ahora estos LC para R/C se pueden convertir en LC para \check{N} : $\check{N} = C/R (M)$

$$\text{L.I. de 95\% de LC sobre } \check{N} = C/R (M) = 1/0.83(50) = 60.24$$

$$\text{L.S. de 95\% de LC sobre } \check{N} = C/R (M) = 1/0.4(50) = 125$$

Ejemplo

Liebres en Lake Alexander, Minnesota (1932-1973).

Datos:

$$M = 948$$

$$C = 421$$

$$R = 167$$

$$\text{Estimador sesgado: } \check{N} = C/R(M) = (421)(948)/167 = 2,390$$

$$\text{Y sin sesgo: } \check{N} = [(M+1)(C+1)/(R+1)] - 1 = [949*422/(167+1)] - 1 = 2,383$$

$R/C = 167/421 = 0.3967$, por tanto, estimamos un IC de la distribución binomial, y debido a que $C > 50$ tenemos un muestreo grande y por tanto, podemos usar aproximación normal.

$$R/C \pm \{Z_{\alpha} [\sqrt{(1-f)(R/C)(1-R/C)/(C-1)}] + 1/2C\}$$

Para 95% LC, $Z_{\alpha} = 1.96$:

$$167/421 \pm \{1.96\sqrt{(1-167/948)(167/421)(1-167/421)/(421-1)}\} + 1/2(421) = 0.3967 \pm 0.35302 \text{ a } 0.44033$$

$$\text{L.I. de 95\% de LC sobre } \check{N} = C/R(M) = 1/0.44033(948) = 2,153$$

$$\text{L.S. de 95\% de LC sobre } \check{N} = C/R(M) = 1/0.35302(948) = 2,685$$

Tamaño de muestra para el modelo de Peterson-Lincon

Qué tan grande debe de ser el tamaño de la muestra para obtener una buena estimación de la abundancia, para contestar esta pregunta se requieren dos tipos de información.

1. La estimación inicial del tamaño poblacional (\check{N})
2. Exactitud deseada

La primera información significa conocer la respuesta antes de empezar el trabajo, la mejor adivinanza sería considerar el lado de sobrestimación (para ser conservador).

La segunda información "exactitud" requiere una definición como sigue:

$$\text{Exactitud (\%)} = E = \pm 100 [(tamaño estimado de población - tamaño real de población)/tamaño real de población]$$

Nosotros deseamos que nuestra estimación caiga dentro $\pm 10\%$ de exactitud. No podemos garantizar esta exactitud todo el tiempo, y por tanto debemos permitir una probabilidad de no obtener nuestra exactitud deseada. Robson & Regier (1964) sugieren usar una $\alpha = 0.05$ y tres niveles estándares de exactitud.

1. Un muestreo preliminar: $E \pm 50\%$: se necesita una idea general de la población.
2. Trabajo de aplicación: $E \pm 25\%$: se necesita un nivel moderado de la exactitud para la población.
3. Trabajo de investigación: $E \pm 10\%$: se necesita un nivel alto de la exactitud para la población.

Media ponderada

La ecuación es: $\check{N} = \Sigma M_i n_i / (\Sigma m_i + 1)$. Es importante recalcar que aquí se marcan los individuos en todas las fechas, pero con el mismo marcaje.

Ejemplo. Captura del ratón del campo por trampeo (Tabla 1).

Tabla 1. Captura de individuos por trampeo.

Parámetro	día (i)			
	1	2	3	4
N_i	-	6	4	7
M_i	-	1	2	2
R_i	8	6	4	-
M_i	-	8	13	15
M_i*n_i		48	52	105
$\sum M_i n_i = 48 + 52 + 105 = 205$				

Se marcan en todas las fechas, pero con el mismo marcaje.

$$\sum m_i = r_1 + (r_2 - m_2) + (r_3 - m_3) + \dots + (r_{i-1} - m_{i-1})$$

o

$$M_i = r_1 + r_{i-1} - 1$$

M_i = # de marcados y liberados en el día “i”

Número de marcados adicionales y liberados en todos los días entre día “1” y día “i”:

$$\check{N} = \sum m_i n_i / (\sum m_i) + 1$$

$$\check{N} = (48 + 52 + 105) / [(1+2+2) + 1] = 34.2$$

M_i = Individuos marcados en riesgo de cualquier cosa * # de marcas en riesgo

$$N = 48 + 52 + 105 / (1+2+2) + 1 = 205 / (5+1) = 34.2$$

$$EE_{\check{N}} = \check{N} \sqrt{1 / (\sum m_i + 1) + 2 / (\sum m_i + 1)^2 + 6 / (\sum m_i + 1)^3} = 34.2 \sqrt{1 / (5+1) + 2 / (5+1)^2 + 6 / (5+1)^3} = \sqrt{1/6 + 2/36 + 6/216} = 17.1$$

Método positivo de Jackson (Jackson, 1937)

Principio. Solamente una vez, es decir, al inicio se marcan los individuos y después solo realizan las capturas. En otras palabras, solamente se marca en el fecha cero, y después no hay marcaje nuevo (Tabla 2).

Tabla 2. Ejemplo de mosca Tsetsé (Jackson, 1937).

Parámetro	semana (i)						
	0	1	2	3	4	5	6
R_i	1,558						
N_i		1547	1307	603	1081	1261	1798
M_i		101	81	24	31	10	11
q_i = m_i/n_i		0.0653	0.0620	0.0398	0.0287	0.0079	0.0061
ln q_i		-2.729	-2.781	-3.224	-3.551	-4.8409	-5.099

$$\check{N}_0 = r_0 / q_0 = 1558 / 0.121 = 21,889$$

$$\check{N}_0 = 12,889$$

q_0 = Proporción marcada de la muestra hipotética tomada al azar en la fecha “o” y q_0 debe ser la misma que en la población, por lo tanto,

$$q_0 = r_0 / \check{N}_0$$

y

$$\check{N}_0 = r_0 / q_0$$

q_i disminuye con el tiempo, es decir, hay adiciones en parte no marcada, pero no en marcadas: $q_i = m_i / n_i$.

$$\ln(1-b) = [\sum mi(\ln q_i - \text{media de } \ln q_i)(i - \text{media de } i)] / [\sum mi (i - \text{media de } i)^2]$$

$$= -419.218 / 918.50 = -0.456$$

$$\ln(1 - b) = -0.456$$

$$1 - b = 0.6338$$

$$b = 0.366$$

b = Índice de natalidad por fecha en la población (se trata de los individuos no marcados)

$$-\ln(1-b)i = -3.709 - (-0.456) 3.5 = 2.113$$

$$q_0 = 0.121$$

En cada fecha “i”, la población se divide en dos clases siguientes:

1. La población marcada
2. La población no marcada

Ahora la población no marcada se divide en dos partes siguientes:

- 2a. Ausentes en “i”
- 2b. Presentes en “i”

“b”, el índice por fecha de la natalidad se refiere a **2a (ausentes en “i”)**.

Debido a que los marcados no aumentan en tiempo y hay adiciones por natalidad (b) en la parte no marcada de la población, entonces,

$$q_i = m_i / n_i$$

lo cual se reduce con tiempo.

q_0 = La proporción marcada de una muestra hipotética, tomada al azar en fecha “o” y es la misma para la población:

$$q_0 = r_0 / \check{N}_0$$

$$\check{N}_0 = r_0 / q_0$$

Nosotros tenemos acceso al valor de r_0 , por tanto, hay que estimar q_0 , para poder calcular el valor de \check{N}_0 .

$$q_i = q_0(1 - b)^i$$

Proporción marcado en fecha “i” = proporción marcado en fecha “o” * (proporción no marcado)ⁱ

Si b es constante:

$$\ln q_i = i [\ln q_0 + \ln(1 - b)]$$

$$\ln(1 - b) = [\sum mi(\ln q_i - \text{media de } \ln q_i)(i - \text{media de } i)] / [\sum mi (i - \text{media de } i)^2]$$

$$\ln q_0 = \text{media de } \ln q_i - \ln(1 - b) (\text{media de “i”})$$

Método de triple captura de Bailey (Bailey, 1951)

Los datos (Tabla 3) representan las capturas de las hembras de un grillo (*Gomphoceriphus rufus*).

Tabla 3. Datos de captura de grillo *Gomphoceriphus Rufus*.

Parámetro	Día		
	1	2	3
Capturado (n_i)	-	50(n_2)	38(n_3)
Marcados el día "1" (m_{i1})	-	11(m_{21})	5(m_{31})
Marcados el día "2" (m_{i2})	-	-	9(m_{32})
Liberados (r_i)	42(r_1)	50(r_2)	-

$$M_{21} = [m_{31} (r_2 + 1)/(m_{32} + 1)] + m_{21}$$

Donde,

M_i = Número de marcas en riesgo en día "i"

$$\check{N}_2 = (n_2 + 1)M_{21}/(m_{21} + 1)$$

M_{ij} = Número de individuos con marcaje "j" en riesgo en día "i".

$$\emptyset_1 = M_{21}/r_1$$

\emptyset_i = Proporción de la población del día "i" que sobrevive a un día posterior.

$$b_2 = 1 - [(m_{31} + 1)n_2 / (n_3 + 1)m_{21}]$$

$$\check{N}_3 = \check{N}_2 \emptyset_2 / (1 - b_2)$$

Donde,

b_i = Proporción de la población del día "i + 1" que fue agregado entre el día "i" y el día "i + 1."

$$\check{N}_1 = (1 - b_1) \check{N}_2 / \emptyset_1$$

$$M_{21} = [(50 + 1)5 / (9 + 1)] + 11 = 36.5$$

$$\check{N}_2 = ((50 + 1)36.5 / (11 + 1)) = 155.1$$

$$\emptyset_1 = 36.5/42 = 0.87$$

$$b_2 = 1 - [(5 + 1)50 / (38 + 1)11] = 0.30$$

$$\check{N}_3 = [(155.1 * 0.87) / (1 - 0.30)] = 192.8$$

$$\check{N}_1 = (1 - 0.30)155.1 / 0.87 = 124.8$$

Suponer que la tasa de la natalidad (b) y la tasa de la sobrevivencia (\emptyset) son constantes, es decir, $\emptyset_1 = \emptyset_2$ y $b_1 = b_2$, Esto si $t_1 = t_2$ [el intervalo entre días "1" y "2" es igual al intervalo entre días "2" y "3"], pero si $t_1 \neq t_2$, tendremos, $\emptyset_2 = \emptyset_1^{(t_2/t_1)}$ y $b_1 = 1 - [(m_{31} + 1)n_2 / (n_3 + 1)m_{21}]^{(t_2/t_1)}$.

Si $t_2 = 5$

Por lo tanto,

$$\emptyset_2 = 0.87^{(5/3)} = 0.79$$

Si $t_1 = 3$
 Por lo tanto,
 $b_1 = 0.44$

$\check{N}_3 = 176$
 $\check{N}_1 = 99.7$

Ahora se puede afirmar lo siguiente. De la población del día 2, $N_2\emptyset_2$ sobreviven hasta el día 3. Puesto que b_2 es la proporción de N_3 que se añadió entre días 2 y 3, entonces, $(1 - b_2)$ debe ser la proporción que *no* se añadió a la población.

Por tanto,
 $N_2\emptyset_2$ representa “ $1 - b_2$ ” de N_3 , es decir, $N_2\emptyset_2 = (1 - b_2)N_3$.
 De este modo, $\check{N}_3 = \check{N}_2\emptyset_2 / (1 - b_2)$

Por razonamiento análogo tendremos los siguientes:

$$\check{N}_1\emptyset_1 = (1 - b_1)\check{N}_2$$

$$\check{N}_1 = (1 - b_1)\check{N}_2 / \emptyset_1$$

$$EE_{\check{N}_2} = [\check{N}_2(\check{N}_2 - n_2) \{ (M_{21} - m_{21} + r_2 / M_{21}) [(1/m_{32} - 1/r_2) + (1/m_{21}) - (1/n_2)] \}]^{1/2} = 64.7$$

$$EE_{\emptyset_1} = [(\emptyset_1^2 (M_{21} - m_{21}) (M_{21} - m_{21} + r_2) / M_{21}) \{ (1/m_{32} - 1/r_2) + (1/M_{21}) - (1/r_2) \}]^{1/2} = 0.32$$

En resumen, se concluye lo siguiente:

1. El tamaño estimado de la población del día 2 fue 155, su tasa estimada de sobrevivencia entre días 1 y 2 fue 0.87 y su tasa estimada de ganancia entre días 2 y 3 fue 0.30.
2. El tamaño poblacional aumentó en forma estable de 125 en el día 1 a 193 para el día 3.

Método de Fisher–Ford (Fisher-Ford, 1947)

Se usa este modelo cuando hay pocas capturas y no se reúnen las condiciones del método de Jolly, es decir, $\emptyset = 0.5$, y un mínimo de 10% de captura.

Ejemplo de Fisher -Ford

Los siguientes datos son valores de captura y recaptura de mariposa común Azul (Tabla 4).

Tabla 4. Datos de base para el método de Fisher - Ford.

"i"	n _i	r _i	m _i	j*									
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1	-	40	0	(1)	Marcas recapturadas = m _{ij}								
2	43	40	5	5	(2)								
4	13	12	3	0	3	(4)							
5	52	50	16	3	8	5	(5)						
6	56	51	39	6	12	6	15	(6)					
8	52	52	47	4	10	3	16	14	(8)				
9	50	50	40	4	5	1	11	5	14	(9)			
12	15	15	17	1	1	1	3	1	5	5	(12)		
13	20	20	30	1	1	2	3	2	7	8	6	(13)	
14	7	-	13	0	0	0	2	2	4	1	0	4	

Fórmulas

$$\check{N}_i = [(n_i + 1) / (m_i + 1)] (M_i)$$

$$m_i = \sum_j m_{ij}$$

$\sum_i m_{ij} (i - j)$ = Edad total de todas las marcas

$(A_i M_i + 0) / (m_i + r_i)$ = Edad media de todas las marcas

$$A_{i+1} = [A_i M_i / (M_i + r_i)] + 1$$

$$M_{i+1} = \emptyset (M_i + r_i)$$

$$\check{L}_i = (1 - \emptyset) \check{N}_i$$

$$B_i = \check{N}_{i+1} - \emptyset \check{N}_i$$

A_i = Edad media de las marcas del día "i"

L_i = Número de pérdidas de la población entre "i" y "i + 1"

B_i = Número de adiciones a la población entre "i" y "i + 1"

M_i = Número de marcas en riesgo en fecha "i"

m_i = Número de individuos marcados que fueron recapturados en "i"

m_{ij} = Número de individuos capturados en "i" con una marca de "j"

Pasos

1. Calcular la sobrevivencia vía marcas en las muestras, por ejemplo del día 5:

$$\sum_j m_{5j} (5 - j) = [(3 * \{5-1\}) + (8 * \{5-2\}) + (5 * \{5-4\})] = 41$$

$$\sum_j m_{5j} (5 - j) = [(3 * 4) + (8 * 3) + (5 * 1)] = 41$$

y así para los demás días (Tabla 5).

Tabla 5. Días de sobrevivencia observados a partir de la tabla anterior.

i	m_i	Σ_im_{ij} (i - j)
1	0	0
2	5	5 [5*(2-(1))] = 5 * 1 = 5
4	3	6 [0*(4-(1))] + [3*(4-(2))] = 0 * [3*2] = 6
5	16	41 [3*(5-(1))] + [8*(5-(2))] + [5*(5-(4))] = 12 + 24 + 5 = 41
6	39	105
8	47	176
9	40	145
12	17	91
13	30	152
14	13	67
		788 = ΣΣ _{jimij} (i - j) = Total de Días de Sobrevivencia (TDS)

2. Encontrar una tasa de sobrevivencia (\emptyset) que proporcione un valor equivalente a 788, es decir, de manera arbitraria probamos un $\emptyset = 0.8$, por lo tanto:
 $M_1 =$ Marcas de riesgo antes de la primera muestra lo cual es igual a cero ya que no hay recaptura en el día "1."
 $M_2 = 0.8 (0 + 40) = 32$
 $M_3 = 0.8 (32 + 40) = 57.6$
 $M_{(i+1)} = \emptyset (M_i + r_i)$

Pero no se hizo captura durante el día 3, por lo tanto, procedemos al día 4 usando la siguiente ecuación: $M_4 = \emptyset * M_3$: $M_4 = 0.8 * 57.6 = 46.08$, y de esta manera construir las Tablas 6 y 7.

Tabla 6. Días estimados de sobrevivencia calculados de los datos de Tabla 4 y $\emptyset = 0.8$.

Día (i)	M_i	A_i	A_iM_i
1	0	-	-
2	32.0	1	5
4	46.1	2.44	7.33
5	46.5	2.94	47.2
6	77.2	2.42	94.38
8	82.0	3.46	162.62
9	107.2	3.14	124.40
12	80.5	5.12	87.04
13	76.4	5.32	159.57
14	77.1	5.22	67.73
			755.11 = tasa de sobrevivencia estimados

Tabla 7. Días de sobrevivencia calculados de los datos de Tabla 4 y $\emptyset = 0.828$.

Día (i)	M _i	A _i	A _i M _i
1	0	-	-
2	33.1	1	5
4	50.2	2.45	7.36
5	51.5	2.98	47.66
6	84.1	2.51	97.97
8	92.7	3.56	167.46
9	119.8	3.28	131.32
12	96.5	5.32	90.37
13	92.4	5.60	168.03
14	93.1	5.60	72.85
			788.02

$$A_{(i+1)} = [A_i M_i / (M_i + r_i)] + 1$$

$$A_1 = 0$$

$$A_2 = [A_1 M_1 / (M_1 + r_1)] + 1 = [0 / (0 + 40)] + 1 = 1$$

$$A_3 = [A_2 M_2 / (M_2 + r_2)] + 1 = [(1 * 32) / (32 + 40)] + 1 = 1.44$$

$$A_4 = A_3 + 1 = 1.44 + 1 = 2.44$$

$$A_5 = (A_4 M_4) / (M_4 + r_4) + 1 = [(2.44 * 46.1) / (46.1 + 0.12)] + 1 = 2.94$$

De modo similar:

$$A_2 = 1$$

$$A_3 = [(1 * 32) / (32 + 40)] + 1 = 1.44$$

$$A_4 = 1.44 + 1 = 2.44$$

Total de días de sobrevivencia (TDS) observado es igual a 788 y TDS estimada con $\emptyset = 0.8$ es igual a 755.02, por lo tanto, \emptyset igual a 0.8 es una subestimación. Ahora, al probar con un $\emptyset = 0.9$, llegamos con el resultado de TDS igual a 872.9 lo cual esta superior a la TDS observada (788). Por consiguiente, la \emptyset adecuada debe estar entre 0.8 y 0.9.

Añadimos dos puntos más de \emptyset (0.75 y 0.85), y con esto generamos, en base a iteración el valor correcto de \emptyset (Tabla 8).

Tabla 8. Datos extras de \emptyset para conseguir el valor correcto.

\emptyset	$\Sigma A_i M_i$
0.75	698.04
0.85	813.62

Finalmente, por iteración llegamos con un $\emptyset = 0.828$ que nos lleva a una $\Sigma A_i M_i$ igual a 788.

Ahora a partir de las siguientes formulas se puede calcular la \check{N}_i ,

\check{L}_i y B_i :

$$\check{N}_i = [(n_i + 1) / (m_i + 1)] (M_i)$$

$$\check{L}_i = (1 - \emptyset) \check{N}_i$$

$$B_i = \check{N}_{(i+1)} - \emptyset \check{N}_i$$

Los resultados se indican en la siguiente tabla (Tabla 9).

Tabla 9. Parámetros poblacionales estimados para la mariposa común azul.

I	\check{N}_i	\check{L}_i	B _i
1	-	-	-
2	243	42	-
4	176	30	15
5	161	28	-13
6	120	21	-
8	102	18	65
9	149	26	-
12	86	15	-8
13	63	11	1
14	53	9	-

Por tanto, se concluye que el tamaño poblacional correspondiente entre los días 2 y 14 es de 243 a 53 con un \emptyset (tasa de sobrevivencia diaria) de 0.828.

Método Schnabel (Schnabel, 1938)

Es una extensión del método de Peterson, donde se toman hasta n muestras de forma siguiente:

1. Se examinan los individuos que primeramente fueron capturados en cada muestra para las marcas, después marcan los individuos que no tenían marcaje y los liberan.
2. Se necesita un tipo de marca, ya que en este método debemos distinguir entre solamente dos tipos de individuos:
 - a. Los individuos con marcaje capturados en una o más muestras anteriores.
 - b. Los individuos sin marcaje que nunca han sido capturados anteriormente

Para cada muestra “t” determinamos:

C_t = Suma de individuos capturados en muestra “t.”

R_t = Número de individuos con marcaje (por tanto, habían sido capturados anteriormente) recapturados en muestra “t.”

U_t = Número de individuos marcados por primera vez y liberados en muestra “t.”

Por tanto, $C_t = R_t + U_t$

Además hay que definir lo siguiente:

M_t = Número de individuos marcados (en la población) justo antes de la toma de la muestra “t.”

$$M_t = \sum U_i$$

Por ejemplo, $M_6 = U_1 + U_2 + U_3 + U_4 + U_5$

Si hay muertos accidentales durante el manipuleo debemos restar estos de U_t . A medida que agregamos más individuos en las muestras; números de individuos con marcaje se aumenta.

Existen dos métodos relacionados con respecto al modelo Schnabel: **Métodos A y B.**

1. Método A de Schnabel

Este método utiliza una serie de muestras y obtiene una estimación poblacional como un medio ponderado de tipo Peterson:

$$\check{N} = \Sigma(C_t M_t) / \Sigma R_t$$

Si la fracción de la población total capturada en cada muestra " C_t/\check{N} " y la fracción de la población total con marcaje " M_t/\check{N} ," son siempre <0.1 , entonces, una mejor estimación sería:

$$\check{N} = \Sigma(C_t M_t) / (\Sigma R_t + 1)$$

La varianza y EE serán:

$$V_{(1/N)} = \Sigma R_t / \Sigma(C_t M_t)^2$$

$$EE = \sqrt{V_{(1/N)}}$$

2. Método B de Schnabel

Este método según Seber (1982) es el método ecológico más útil y robusto. Se grafica en la escala aritmética: eje " x " = M_t y eje " y " = R_t/C_t , la pendiente desde el origen es $1/N$. Por tanto, usar regresión lineal para obtener " $1/N$ " y estimación de la población

M_t = Número de individuos marcados justo antes de t .

R_t/C_t = Proporción de individuos marcados en " t ".

La fórmula para estimar \check{N} :

$$\check{N} = \Sigma C_t M_t^2 / \Sigma R_t / M_t$$

Donde,

La " t " para la Σ varía de uno hasta la S , y la S = suma de las muestras

La varianza es: $V_{(1/N)} = \Sigma(R^2 t / C_t) - [(\Sigma R_t M_t)^2 / \Sigma C_t M_t^2] / (S - 2)$

S = Número de muestras incluidas en la suma (cálculo de M_t)

El Error estándar es: $EE_{(1/N)} = \sqrt{V_{(1/N)}/\Sigma C_t M_t^2}$

Intervalo de Confianza (IC)

Si número total de recapturas (ΣRt) es menor de 50, se obtiene IC vía la distribución de Poisson.

Si $\Sigma Rt > 50$, se usa la aproximación normal para obtener IC. En este caso el procedimiento es:

1. Usar “EE” y la tabla “t” para obtener “IC” para $(1/\check{N})$.
2. Usar el inverso de estos límites de “IC” para obtener \check{N} .

Formula:

$1/\check{N} \pm t\alpha EE$

EE = Error Estándar ($EE_{(1/N)} = \sqrt{V_{(1/N)}/\Sigma C_t M_t^2}$)

$T\alpha$ = valor de la tabla “t” para $(100 - \alpha)$ % límite de IC

Se usa para Schnabel (Método A) los grados de libertad igual a “ $S - 1$.” Los grados de libertad para Schnabel (Método B) = $S - 2$, donde, “ S ” es la suma de número de las muestras (Tabla 10).

Tabla 10. Captura-recaptura de un pez en un lago en Indiana, USA.

Fecha	T	Ct	Rt	# marcados recientes menos muertos	Mt
Junio	2	10	0	10	0
Junio	3	27	0	27	10
Junio	4	17	0	17	37
Junio	5	7	0	7	54
Junio	6	1	0	1	61
Junio	7	5	0	5	62
Junio	8	6	2	4	67
Junio	9	15	1	14	71
Junio	10	9	5	4	85
Junio	11	18	5	13	89
Junio	12	16	4	10	102
Junio	13	5	2	3	112
Junio	14	7	2	4	115
Junio	15	19	3	-	119
Totales		162	24	119	984

De la Tabla 10 obtenemos:

$\Sigma C_t M_t = 10,740$

$\Sigma (C_t M_t^2) = 970,296$

$$\sum R_t M_t = 2,294$$

$$\sum (R_t / C_t) = 7.7452$$

Estimación por Schnabel: Método A (datos de la Tabla 10)

$$\check{N} = \sum (C_t M_t) / \sum R_t = 10,740 / 24 = 447.5$$

$$V_{(1/\check{N})} = 24 / 10,740 = 2.0807 * 10^{-7}$$

$$EE_{(1/\check{N})} = \sqrt{2.0807 * 10^{-7}} = .0004561$$

Se obtiene IC de la tabla Poisson.

Con $\sum R = 24$: 95% de IC llegamos con:

14.921 → límite superior

34.665 → límite inferior.

$$\text{Límite inferior al 95\%} = \sum (C_t M_t) / \sum R_t = 10.740 / 34.665 = 309.8$$

$$\text{Límite superior al 95\%} = \sum (C_t M_t) / \sum R_t = 10.740 / 14.921 = 719.8$$

Concluimos que 95% de IC son casi 310 y 720 para datos de la Tabla 19.

Estimación por Schnabel: Método B (datos de la Tabla 10)

$$\check{N} = \sum (C_t M_t^2) / \sum R_t M_t$$

$$\check{N} = 970,296 / 2,294 = 423$$

$$V_{(1/\check{N})} = \sum (R_t^2 / C_t) - [(\sum R_t M_t)^2 / \sum (C_t M_t^2)] / (S - 2)$$

$$V_{(1/\check{N})} = 7.7745 - [(2,294)^2 / 970,296] / (14 - 2) = 0.1934719$$

$$EE_{(1/\check{N})} = \sqrt{V_{(1/\check{N})} / \sum (C_t M_t^2)} = \sqrt{0.1934719 / 970,296} = .0004465364$$

Los IC de la ecuación $1/\check{N} \pm t_{\alpha} EE$: $1/423 \pm (2.179)(0.0004465364)$

Resultados:

0.0013912 = límite superior

0.0033372 = límite inferior

Tomar recíprocos: 95% de IC Para Schnabel Método B:

$1/0.0013912 = 718.8 = 719 =$ límite superior

$1/0.0033372 = 299.65 = 300 =$ límite inferior

Estos datos son muy similares a los obtenidos por método de Schnabel: Método A.

Conclusión: La población estimada es entre 300 y 719 individuos.

Otro ejemplo de Schnabel: Método B

Datos de las capturas de la población de una especie de rana (Tabla 11).

Tabla 11. Capturas de la población de rana sobre 5 años.

Muestra	# capturados (Ct)	# recapturados (Rt)	# de individuos con marcajes nuevos (Ut - muertos)	# de ind. marcados en población (Mt)
1	32	0	32	0
2	54	18	36	32
3	37	31	6	68
4	60	47	13	74
5	41	36	5	87
		2Rt = 132		

$$\sum(C_t M_t^2) = 32(0)^2 + \dots + 41(87)^2 = 865,273$$

$$\sum R_t M_t = (0)(0) + \dots + 36(87) = 9,294$$

$$\sum R_t^2 / C_t = 18^2/54 + \dots + 36^2/41 = 100.3994$$

$$\check{N} = \sum(C_t M_t^2) / \sum R_t M_t = 865,273 / 9,294 = 93.1$$

Calcular intervalo de confianza (IC)

$$V_{(1/\check{N})} = \sum(R_t^2 / C_t) - [(\sum R_t M_t)^2 / \sum C_t M_t^2] / (S-2)$$

$$V_{(1/\check{N})} = 100.3994 - [9,294/865.273] / (5-2) = 0.1904809$$

$$EE_{(1/\check{N})} = \sqrt{V_{(1/\check{N})} / \sum(C_t M_t^2)}$$

$$EE_{(1/\check{N})} = \sqrt{0.1904809/865,273} = 0.0004692$$

Es importante recalcar que se requiere un gran número de decimales en los cálculos intermedios para preservar la exactitud en las estimaciones finales.

$$1/\check{N} \pm t\alpha EE, \quad t_{.025, \text{gl}=3} = 3.182$$

$$1/93.1 \pm (3.182)(.0004692)$$

Resultados son:

0.009248 = límite superior

0.012234 = límite inferior

Tomar recíprocos de estos valores nos arroja los siguientes datos:

1/0.009248 = 108.13 = 108

1/0.012234 = 81.73 = 82

Se concluye que la población varía de 82 a 108 individuos. Cabe destacar que los límites de IC no son simétricos con respecto a $\check{N} = 93.1$.

Método de Jolly-Seber (Jolly, 1965)

Este método en contraste a los de Peterson y Schnabel, es para las poblaciones abiertas, es decir, con natalidad, mortalidad, inmigración y emigración, los cuales cambian en tiempo.

Los supuestos de éste método son:

1. Cada individuo tiene la misma probabilidad (α) de estar capturado en cada

2. Cada individuo marcado tiene la misma probabilidad (\emptyset) de sobrevivir de una muestra a la siguiente.
3. Los individuos no pierden sus marcas, y las marcas se observan claramente por el observador.
4. Tiempo del muestreo es negligible comparado con los intervalos entre las muestras.

De estos supuestos los que se tienen que validar es el primero, es decir, la capturabilidad igual.

Definir

- \check{N}_t = Tamaño de la población estimada durante el tiempo “t”
- M_t = Número de individuos marcados en la población durante el tiempo “t”
- r_t = Número de individuos marcados y recapturados en tiempo “t”
- n_t = Número de individuos capturados durante el tiempo “t”
- $\alpha_t = r_t / n_t$
- $\check{N}_t = M_t / \alpha_t$
- α_t = Suma de individuos liberados con marcaje en momento “t”
- Z_t = suma de α_t individuos marcados antes de “t”, no capturados en “t”, pero capturados después de “t”
- R_t = Suma de α_t individuos recapturados, marcados y liberados en “t” y que fueron recapturados en muestras posteriores
- \emptyset_t = La probabilidad de sobrevivir para cada individuo de tiempo “t” al tiempo “t + 1”
- B_t = Número de individuos que se agregan a la población entre la muestra “t” y “t + 1”

Los datos siguientes (Tablas 12, 13 y 14) representan la captura, marcaje, recaptura, el análisis de los datos y la estimación de los parámetros poblacionales según el método de Jolly.

Tabla 12. Captura-recaptura según la fecha que el individuo fue capturado la última vez*.

t	n_t	α_t	r_t	Día de último marcaje															
1	54	54	0	1															
2	146	143	10	10	2														
3	169	164	37	3	34	3													
4	209	202	56	5	18	33	4												
5	220	214	53	2	8	13	30	5											
6	209	207	77	2	4	8	20	43	6										
7	250	243	112	1	6	5	10	34	56	7									
8	176	175	86	0	4	0	3	14	19	46	8								
9	172	169	110	0	2	4	2	11	12	28	51	9							
10	127	126	84	0	0	1	2	3	5	17	22	34	10						
11	123	120	77	1	2	3	1	0	4	8	12	16	30	11					
12	120	120	72	0	1	3	1	1	2	7	4	11	16	26	12				
13	142	----	95	0	1	0	2	3	3	2	10	9	12	18	35	13			
R_t				80	70	71	109	101	108	99	70	58	44	35					
				R_2	R_3	R_4	R_5	R_6	R_7	R_8	R_9	R_{10}	R_{11}	R_{12}					

*: t = día de captura e inicio del marcaje, n_t = captura total, α_t = # de individuos liberados, r_t = # de individuos recapturados.

Hay que aclarar que no hay R_1 y R_{13} (ultimo): según la definición de R_t , no hay recaptura en fecha 1, ni liberaciones en la última fecha.

Por ejemplo, $R_2 = 80$, estos son 80 individuos de los 143 que fueron recapturados y liberados en día 2 y que fueron recapturados en muestreos posteriores a la muestra 2.

Tabla 13. Los marcados y recapturados en un día con marcas del mismo día o un día anterior.

T	Día "t - 1"												
1	1												
2	10	2											
3	3	37	3										
4	5	23	56	4									
5	2	10	23	53	5								
6	2	6	14	34	77	6							
7	1	7	12	22	56	112	7						
8	0	4	4	7	21	40	86	8					
9	0	2	6	8	19	31	59	110	9				
10	0	0	1	3	6	11	28	50	84	10			
11	1	3	4	7	7	11	19	31	47	77	11		
12	0	1	6	5	6	8	15	19	30	46	72	12	
13	0	1	1	3	6	9	11	21	30	42	60	95	13
	14	57	71	89	121	110	132	121	107	88	60		
	Z_2	Z_3	Z_4	Z_5	Z_6	Z_7	Z_8	Z_9	Z_{10}	Z_{11}	Z_{12}		

Debemos aclarar que no hay Z_1 y Z_{13} , debido a que para Z_1 ningún individuo fue marcado antes del día "1" y en caso de Z_{13} ningún individuo fue recapturado después del día "13."

Pasos

Los pasos para el modelo de Jolly-Seber son los siguientes:

1. Los datos del campo están tabulados en la Tabla 12 según la fecha de la captura (o día inicial del marcaje = t). Número de individuos liberados con marcaje (α_t), y número de individuos que se recapturan por fecha (r_t)
2. Para calcular los valores de R_t , se suman los datos de cada columna de "día de último marcaje", es decir, número de individuos que fueron recapturados, marcados y liberados en la fecha "t" y fueron capturados posterior a la fecha "t" (Tabla 12). No hay R_1 para la fecha inicial ni R_{13} para la fecha final.
3. Estimar valores de Z_t : número de individuos marcados antes de "t", no recapturados durante "t" sino después de "t." Se calculan los valores de " Z_t " vía sumar los valores de cada fila para la fecha "t" de izquierda a la derecha (Tabla 12) y llegar con un total acumulado que se coloca a la altura de la fecha "t" y de esta manera para las fechas posteriores a la "t" (Tabla 13), y así formando las columnas de la Tabla 13. Ahora se suman los datos de cada columna de la Tabla 13, con la

excepción del primer dato superior de la columna, para de este modo llegar con los valores de Z_t , por ejemplo, $Z_7 = 110$.

4. Estimar M_t : $M_t = (\alpha_t Z_t / R_t) + r_t$, por ejemplo, $M_7 = (243 * 110 / 108) + 112 = 359.5$. M_t y otros parámetros poblacionales se presentan en la Tabla 3.
5. Estimar α_t : $\alpha_t = r_t / n_t$, por ejemplo, $\alpha_t = 112 / 243 = 0.448$.
6. Estimar \check{N}_t : $\check{N}_t = M_t / \alpha_t$, por ejemplo, $N_7 = 359.5 / 0.448 = 802.5$.
7. Estimar \emptyset_t : $\emptyset_t = M_{t+1} / (M_t - r_t + \alpha_t)$, por ejemplo, $\emptyset_7 = M_8 / (M_7 - r_7 + \alpha_7) = 319.33 / 359.5 - 112 + 243 = 0.651$.

Hay que tomar en cuenta los siguientes dos puntos (a & b):

- a. \emptyset_t puede llegar ligeramente arriba del “1” pero si queda muy arriba del “1” hay error.
 - b. Si se pierden muchas marcas, se puede convertir la tasa de sobrevivencia \emptyset_t a la tasa de perdida δ_t (combinación de mortalidad e emigración) por medio de $\delta_t = 1 - \emptyset_t$.
8. Estimar B_t : por medio de $B_t = \check{N}_{t+1} - [\emptyset_t (\check{N}_t - n_t + \alpha_t)]$, por ejemplo, $B_t = \check{N}_8 - [\emptyset_7 (\check{N}_7 - n_7 + \alpha_7)] = 635.6 - [0.651 (802.5 - 350 + 243)] = 135.7$.
 9. Estimar la tasa de dilución $(1/\beta_t)$ vía: $1/\beta_t = 1 - B_t / \check{N}_{t+1}$, por ejemplo, $1/\beta_7 = 1 - B_7 / \check{N}_8 = 1 - 135.7 / 653.6 = 0.2076$.
 10. Estimar la varianza y EE, por ejemplo, para \emptyset_t :

$$V_{(\emptyset_t)} = (\emptyset_t)^2 \left[\left\{ \frac{M_{t+1}}{M_{t+1} - r_{t+1}} \left(\frac{M_{t+1}}{M_{t+1} - r_{t+1} + \alpha_{t+1}} \right) / (M_{t+1})^2 \right\} \left\{ (1/R_{t+1})(1/\alpha_{t+1})\alpha_t \right\} + \left\{ (M_t - r_t) / (M_t - r_t + \alpha_t) \right\} \left\{ 1/R_t - (1/\alpha_t) \right\} + \left\{ (1 - \emptyset_t) / M_{t+1} \right\} \right]$$

$$EE_{(\emptyset_t)} = \sqrt{V_{(\emptyset_t)}}$$

En caso de la varianza y error estándar para el tiempo 2:

a. La varianza:

$$V_{(\check{N}_t / N_t)} = \check{N}_t (\check{N}_t - n_t) \left\{ (M_t - r_t + \alpha_t) / M_t (1/R_t) - (1/\alpha_t) + (1 - \sigma_t) / r_t \right\}$$

$$V_{(\check{N}_2 / N_2)} = \check{N}_2 (\check{N}_2 - n_2) \left\{ (M_2 - r_2 + \alpha_2) / M_2 (1/R_2) - (1/\alpha_2) + (1 - \sigma_1) / r_2 \right\}$$

$$V_{(\check{N}_2 / N_2)} = 511.2 (511.2 - 146) \left\{ (35.02 - 10 + 143) / 35.02 (1/80) - (1/143) + (1 - 0.06849) / 10 \right\}$$

$$V_{(\check{N}_2 / N_2)} = 22,406.3161$$

b. El error estándar:

$$EE_{(\check{N}_t / N_t)} = \sqrt{V_{(\check{N}_t / N_t)}}$$

$$EE_{(\check{N}_2 / N_2)} = \sqrt{V_{(\check{N}_2 / N_2)}} = \sqrt{22,406.3161} \approx 150$$

Tabla 14. Datos de parámetros poblacionales según modelo de Jolly (1965)*.

T	α_t	M_t	\check{N}_t	\emptyset_t	B_t	EE
1	-	0	-	-	-	-
2	0.0685	35.02	511.2	1.015	263.2	150.8
3	0.2189	170.54	779.2	0.867	291.8	128.9
4	0.2679	258.00	963.0	0.564	4.6.4	140.3
5	0.2409	227.73	945.3	0.836	96.9	124.3
6	0.3484	324.99	882.2	0.790	107.0	94.4
7	0.4480	359.50	802.5	0.651	135.7	72.4
8	0.4886	319.33	653.6	0.985	-13.8	58.9
9	0.6395	402.13	628.8	0.686	49	59.1
10	0.6614	316.45	778.5	0.884	84.1	48.9
11	0.6260	317.00	506.4	0.771	74.5	63.7
12	0.6000	377.71	462.8	-	-	68.4
13	0.6690	-	-	-	-	-

*: t = fecha, α_t = probabilidad de captura, M_t = # de individuos marcados en riesgo de ser capturados, \check{N}_t = población total, \emptyset_t = tasa de sobrevivencia, B_t = # de individuos nuevos en la población, EE = error estándar.

Intervalos de confianza (IC)

Jolly (1965) ofrece formulas para calcular las varianza de unos parámetros ($\check{N}_t, \emptyset_t, 1/\delta_t$), pero según Manly (1971) y basado en los trabajos de simulación aún para muestras grandes, los valores de IC no son confiables, y por tanto, Manly & Parr (1968) sugieren un método alternativo para obtener los IC como sigue.

IC para \check{N}_t

Transformar la estimación de \check{N}_t vía:

$$T_1(\check{N}_t) = \ln(\check{N}_t) + \ln\sqrt{\{(1 - P_t/2) + (1 - P_t)\}/2}$$

Donde,

$$P_t = n_t/\check{N}_t = \text{total capturado a tiempo "t"} / \text{población estimada a tiempo "t"}$$

La varianza de esta transformación está dado por:

$$V_{T_1}(\check{N}_t) = [(M_t - r_t + \alpha_t + 1)/(M_t + 1)][(1/R_t + 1) - (1/(\alpha_t + 1))] + (1/r_t + 1) - (1/\check{N}_t + 1)$$

Los límites superior ($\check{T}_{IL.S}$) e inferior ($\check{T}_{IL.I}$) de 95% de LC para T_1 :

$$\check{T}_{IL.I} = T_1(\check{N}_t) - 1.6\sqrt{V_{T_1}(\check{N}_t)}$$

$$\check{T}_{IL.S} = T_1(\check{N}_t) + 2.4\sqrt{V_{T_1}(\check{N}_t)}$$

$$L.C. \text{ para } \check{N}_t \text{ estan dados por } (4L + n_t)^2/16L < \check{N}_t < (4U + n_t)^2/16U$$

Donde:

$$L = e^{TL.I}$$

$$U = e^{TL.S}$$

Estos LC no son simétricos con respecto a \check{N}_t .

IC para \emptyset

Transformar la estimación de \emptyset_t como sigue:

$$T_2(\emptyset_t) = \ln[(1 - \sqrt{1 - A_t \emptyset_t}) / (1 + \sqrt{1 - A_t \emptyset_t})]$$

Donde,

$$A_t = C_t / (B_t + C_t)$$

$$B_t = [(M_{t+1} - r_{t+1})(M_{t+1} - r_{t+1} + \alpha_{t+1} + 1) / (M_{t+1})^2] [(1 / (R_{t+1} + 1)) - 1 / (\alpha_{t+1} + 1)] + [(M_t - r_t + 1) / (M_t r_t + \alpha_t + 1)] [(1 / (R_t + 1)) - 1 / (\alpha_t + 1)]$$

$$C_t = 1 / (M_{t+1} + 1)$$

Los límites superior e inferior de 95% de LC para T_2 están dados por:

$$T_{2L.I.} = T_2(\emptyset_t) - 1.9 \sqrt{\text{Var}(T_2 \emptyset_t)}$$

$$T_{2L.S.} = T_2(\emptyset_t) + 2.1 \sqrt{\text{Var}(T_2 \emptyset_t)}$$

LC para \emptyset_t

$$[(1/A_t)[1 - (-L)^2 / (1+L)^2] < \emptyset_t < [1 - (1-U)^2 / (1+U)^2]$$

Donde,

$$L = e^{T_{2L.I.}}$$

$$U = e^{T_{2L.S.}}$$

$$A_t = C_t / (B_t + C_t)$$

No hay IC para $1/\delta$.

Probar los supuestos del método de Captura-recaptura

Según Eberhardt (Eberhardt & Thomas, 1991) captura desigual se debe a los siguientes factores.

1. Comportamiento de los individuos cercanos a las trampas.
2. Aprendizaje de los animales que ya habían sido capturados anteriormente (tímido o adicto a la captura).
3. Captura desigual debido a la posición de las trampas.

Hay dos formas de detectar la captura desigual.

1. Intuición del investigador es que en muchos vertebrados el acceso a las trampas esta controlado por los rangos sociales de los organismos, es decir los individuos subordinados y juveniles son los últimos capturados (Boonstra & Krebs, 1978).
2. Forma estadística (técnicas estadísticas) en donde destacan los siguientes asuntos.
 - 2a. Cambios en técnicas de captura.

- 2b. Reducción en la técnica de la captura.
- 2c. Muestreo aleatorio de estaciones de tiempo, lo cual es un defecto estadístico y no biológico.

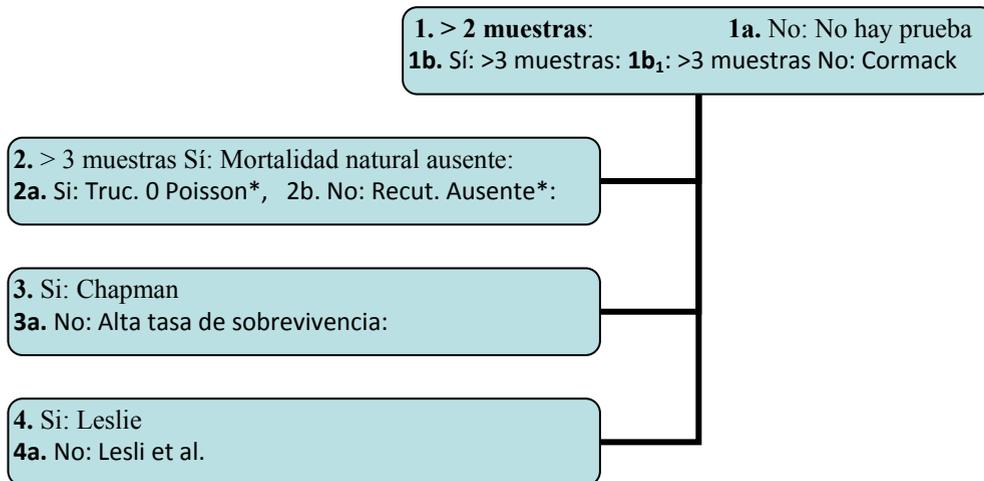


Figura 1. Secuencia de decisiones para seleccionar una prueba estadística para captura igual.

De todos modos hay que recordar que la captura desigual es más una regla que una excepción (Coughley, 1977).

Existe un diagrama de flujo para seleccionar el método adecuado para toda captura desigual (Figura 1).

Probar el supuesto siguiente

Todos los individuos tienen la misma probabilidad de la captura. Este supone que cada individuo tiene una característica llamada “capturabilidad” y que esta característica no está afectada por la historia previa de la captura del individuo.

Método de Cormack (Cormack, 1966)

Cormack (Cormack, 1966) ofrece dos métodos para las técnicas de tipo “Peterson”.

Según este autor debe haber tres ocasiones (tiempos) de muestreo y los individuos deben estar marcados con diferentes tipos de marcas en estas dos ocasiones. En el método 1 se usan diferentes técnicas de muestreo para muestras 1, 2, y 3, y en el método 2 se usan similar equipos (técnicas) de muestreo para técnicas 1, 2 y 3.

Suponer:

$$n_1 = \# \text{ de individuos capturados y marcados en tiempo } 1$$

m_{10} = # de individuos marcados y capturados en tiempo 1 y que nunca fueron observados después

m_{12} = # de individuos marcados y capturados de nuevo en tiempo 2 y que fueron capturados en tiempos 1 y 2

m_{13} = # de individuos marcados y capturados de nuevo en tiempo 3 y que fueron capturados en tiempos 1 y 3

m_{123} = # de individuos marcados y capturados de nuevo en tiempo 2 y 3 y que fueron capturados en tiempos 1, 2 y 3

Por tanto:

$$n_1 = m_{10} + m_{12} + m_{13} + m_{123}$$

Vamos a probar la hipótesis que el coeficiente de variación (CV) de la capturabilidad es igual a cero. Para esto suponemos que cada individuo tiene una capturabilidad (probabilidad de captura) y que la varianza de esta capturabilidad para diferentes individuos es igual a cero.

Método 1 de Cormack

La prueba estadística es.

$$Z = \frac{(m_{123} m_{10} - m_{12} m_{13}) \sqrt{n_1}}{[(m_{12} + m_{123})(m_{123} + m_{13})(n_1 - m_{12} - m_{123})(n_1 - m_{13} - m_{123})]^{1/2}}$$

H₀: CV de capturabilidad = 0

H_a: CV de capturabilidad ≠ 0

Este es una prueba de una cola y si el valor de Z es negativa, aceptamos la H₀, si rechazamos H₀ se rechaza el supuesto de la captura igual, por tanto, no se puede usar la técnica de captura y recaptura.

Ejemplo

Marcan unos individuos de aves, se les liberaron en el día 1 y después fueron capturadas (algunas) en los días siguiente 2 & 3 y se obtuvieron los siguientes datos:

$n_1 = 200$ total captura

Capturados solamente en muestra 1: $m_{10} = 94$

Capturados en muestreos 1 & 2: $m_{12} = 19$

Capturados en muestreo 1 & 3: $m_{13} = 12$

Capturados en todos los muestreos: $m_{123} = 75$

$$n_1 = m_{10} + m_{12} + m_{13} + m_{123}$$

$$200 = 94 + 19 + 12 + 75$$

Ho: individuos marcada en la primera muestra son igualmente capturables

$$Z = (75*94 - 19*12) \sqrt{200} / [(19+75)(12+75)(200-19-75)(200-12-75)]^{1/2} = 9.75$$

$$Z_{\text{tab.}} = 1.645$$

$$9.75 > 1.645$$

Por tanto: Ho Se rechaza

Conclusión: No puede usar esta técnica de trampeo para obtener una estimación válida de las densidades poblacionales.

Merodo 2 de Carmack

Según Carmack (1966), cuando las capturas son bastante desiguales, método 1 es mejor, pero si las capturas son casi iguales y por tanto, son desiguales, el método 2 es más poderoso.

En caso de método 2 primero calcular CV de capturabilidad y su varianza (V).

$$CV = (m_{123} * m_{10}) - (m_{12} * m_{13}) / (m_{12} + m_{123})(m_{13} + m_{123})$$

$$V = [(m_{123})^2 n_1 / (m_{12} + m_{123})^2 (m_{13} + m_{123})^2] [1/m_{123} - (1/n_1) - \{m_{12} + m_{123}\} / \{(m_{12} + m_{123})(m_{13} + m_{123})\}]$$

Después usamos estas estimaciones preliminares para derivar estimaciones finales de los parámetros por las ecuaciones siguientes (CV^* y V^*).

$$CV^* = [(1 - 2 CV) - \sqrt{1 - 8CV}] / 2(1 - CV)$$

$$V^* = \{3 - \sqrt{1 - 8CV}\}^4 (V) / \{16(1 - 8CV)(1 + CV)^4\}$$

Ahora si el valor de CV^* excede 0.125, esto significa que el supuedto de captura igual ha sido violado.

La prueba de método 2 es:

$$Z = CV^* / \sqrt{V}$$

Z es significativo si excede el valor 1.645 a $\alpha = 0.65$, esto significa que se debe descartar el uso de la técnica.

Un punto relevante con el método de Carmack (1966) es si ocurre mortalidad entre la primera y la última (3^a) muestra, se reduce significativamente el poder estadístico del modelo. Por tanto, hay que procurar diseñar el experimento de tal forma que ésta mortalidad sea mínima.

Método Truncado Cero de Poisson (Caughley, 1977) = TCP

Si el tiempo entre el primero y el último muestreo es suficiente corto (en técnicas de multi-captura) para que pueda asegurar poco o nada de mortalidad, existe el método de TCP lo cual es eficiente para estas condiciones.

Los datos de esta prueba se arreglan en una distribución de frecuencias de número de individuos capturados una vez en una serie de muestras, número de individuos capturados dos veces, tres veces, etc.

Para testar la hipótesis de capturabilidad igual se necesita la media de los datos observados (M).

$$M = \sum fxX / \sum fx:$$

X = # de veces capturados (1, 2, 3...)

fx = # de individuos capturados exactamente "X" veces

Se utiliza la razón " m/T " para testar la H_0 (capturabilidad igual), en donde, la T es la suma de número de ocasiones de muestreo.

Si la razón $m/T < 0.25$, se acepta H_0 de capturabilidad igual, es decir, existe ajusta a TCP, y si la razón es grande, entonces, los datos se ajustan a una distribución binomial.

Para ajustar un modelo de Poisson con clase cero eliminado, ya que no sabemos cuántos individuos no fueron capturados (clase cero), calculamos m de la ecuación $M = m / (1 - e^{-m})$. Se ajusta esta ecuación por ensayo y error, es decir, insertar valores de " m " $< M$ hasta llegar a una solución.

Dado el valor de la m , podemos obtener las frecuencias esperadas de individuos capturadas "X" veces (f_{ex}).

$$f_{ex} = \sum fx [\{ e^{-m} / (1 - e^{-m}) \} (m^X / X!)]$$

Después comparar f_{ex} y fx con una prueba de X^2 (debemos combinar la fx pequeñas para que $f_{ex} > 1$).

Ejemplo de datos de libre de nieve, capturas durante siete días (Tabla 15) (White et al., 1982).

Tabla 15. Datos de captura de liebre durante 7 días.

# capturas (X)	# de liebres capturadas fx	Frecuencias esperadas (f_{ex})
1	184	174.6
2	55	66.0
3	14	16.7
4	4	3.7
5	4	
6	0	
7	0	
		$\Sigma(f_{ex}) = 261$

Pasos

1.

$$M = \sum fxX / \sum fx$$

$$M = (184*1) + (55*2) + (14*3) + (4*4) + (4*5) / (184 + 55 + 14 + 4 + 4) = 1.4253$$

2.

$$M = m / (1 - e^{-m})$$

Seleccionar $m = 1.3$

$$M = m / (1 - e^{-m}) = 1.3 / (1 - e^{-1.3}) = 1.787$$

Nuestra estimación (1.787) es muy alto, y después de una serie de ensayos llegamos con $m = 0.7563$

$$0.7563 / (1 - e^{-0.7563}) = 1.42537$$

3.

Frecuencia esperada de individuos capturados una vez, es decir,

Para $X = 1$:

$$\sum f_1 e^{-m} = \sum f_x (e^{-m} / (1 - e^{-m}) m^x / x!) = 261 (e^{-0.7563} / (1 - e^{-0.7563})) (0.7563^1 / 1!) = 174.6$$

Para $X = 2$:

$$\sum f_2 e^{-m} = \sum f_x (e^{-m} / (1 - e^{-m}) m^x / x!) = 261 (e^{-0.7563} / (1 - e^{-0.7563})) (0.7563^2 / 2!) = 66$$

Para $X = 3$:

$$\sum f_3 e^{-m} = \sum f_x (e^{-m} / (1 - e^{-m}) m^x / x!) = 261 (e^{-0.7563} / (1 - e^{-0.7563})) (0.7563^3 / 3!) = 16.7$$

Hasta ahora de 261 liebres totales, hemos contabilizado 257.3, lo cual es la suma de 174.6, 66 y 16.72. Por tanto, el resto de población tiene 3.7, es decir, $261 - 257.3 = 3.7$ individuos.

4.

$$X^2 = \Sigma [(O-E)^2 / E] = 7.77, \text{ gl} = 4 - 2 = 2 \quad X^2 \text{ tab.} = 5.99$$

5.

Conclusión “Ho” se rechaza, es decir, no se puede usar el método de captura-recaptura.

Método de Chapman (Chapman, 1951)

Se usa el método de Chapman cuando no hay reclutamiento (natalidad o inmigración) en la población. El dato más importante para este método es el tiempo de la primera captura de cada individuo marcado en una serie de muestras.

Definir

b_{ij} = # de individuos capturados en muestreo “j”, marcados y capturados por vez primera en la muestreo “i”

n_i = # de todos los individuos capturados en muestreo “i”

U_i = # de individuos no marcados en muestreo “i”

S = # total de muestras tomadas

Ahora arreglamos las siguientes ecuaciones:

$$b_{12} / U_1 n_2 \quad b_{13} / U_1 n_3 \quad b_{14} / U_1 n_4 \dots b_{1s} / U_1 n_s$$

$$b_{23} / U_2 n_3 \quad b_{24} / U_2 n_4 \dots b_{2s} / U_2 n_s$$

.....

$$b_{(s-1)S} / U_{(s-1)} n_s$$

Notar

1. Cada elemento en diferentes filas es una estimación independiente del valor esperado ($1/n$).
2. En caso de “Ho” valido: Esperamos que estas estimaciones se cambian de forma aleatoria.
3. En caso de “Ho” inválido: Las estimaciones tienden a disminuir de la izquierda hacia la derecha.
4. Para testar esto: Calculamos diferencias sucesivas de todas las observaciones a lo largo de las filas (la 1ª bobservación menos la 2ª observación, la segunada observación menos la tercera observación, etc.) y tomar en cuenta las diferencias negativas.

Definir

La estadística del test (“X”) es:

$$X = D_1 + D_2 + \dots + D_{(s-2)}$$

Donde, D_i = diferencia negativa en la la fila “i”

Valores significativos de X se encuentran en la tabla siguiente (Tabla 16)

Tabla 16. Valores criticos para prueba de captura igual de Chapman (1951)*.

S	Número de diferencias negativas “X”							
	0	1	2	3	4	5	6	7
5	0.0035	0.0590	0.3056	0.6944	0.9410	0.9965	1	1
6	-	0.0012	0.0172	0.1052	0.3392	0.6608	0.8948	0.9828
7	-	-	0.0001	0.0020	0.0166	0.0627	0.2010	-
8	-	-	-	-	0.0001	0.0009	0.0323	0.1103

*: $S = \#$ de muestras.

Los valores son probabilidades acumulativas de tantos o menos signos negativos bajo la hipótesis nula de captura igual.

Ejemplo de Chapman

Datos para la población de un roedor (*Microtus agrestis*) en Gales durante un invierno cuando no hay natalidad en la población (Tabla 17).

Tabla 17. Datos de de un roedor en Gales en invierno sin reproducción*.

Tiempo de 1ª captura (b_{ij})	Tiempo de captura					
	1	2	3	4	5	6
1	-	14	8	7	4	2
2	-	-	5	4	2	1
3	-	-	-	3	2	4
4	-	-	-	-	14	7
5	-	-	-	-	-	12
# de marcados (U_i)	193	25	29	38	34	21
Total capturados (n_i)	193	39	42	52	56	47

*: Datos de Leslie et al. (1953) de un roedor en Gales durante el invierno en ausencia de reproducción.

Leslie (1952) llama a este tipo de agrupación “el método de Tabla C.”

De esta tabla calculamos la Tabla de Chapman como “el Matriz de elementos”: $b_{ij}/U_i n_j$ según la que sigue:
 Primer elemento: $b_{12}/U_1 n_2 = 14/(193)(39) = 0.00186$
 Segundo elemento: $b_{13}/U_1 n_3 = 8/(193)(42) = 0.00099$ y así sucesivamente para construir la Tabla 18.

Tabla 18. Datos para el modelo de Chapman.

Tiempo de 1ª captura	Tiempo de captura				
	2	3	4	5	6
1	0.00186	0.00099	0.00070	0.00037	0.00022
2	-	0.00476	0.00308	0.00143	0.00085
3	-	-	0.00199	0.00123	0.00293
4	-	-	-	0.00658	0.00392
5	-	-	-	-	0.00751

A lo largo de hileras (filas) restamos los elementos sucesivos y registrar solo los signos positivos y negativos de las diferencias:

1ª fila:

- 1^{er} Elemento - 2º Elemento = $0.00186 - 0.00099 = + 0.00087$
- 2º Elemento - 3º Elemento = $0.00099 - 0.00070 = + 0.00029$
- 3º Elemento - 4º Elemento = $0.00070 - 0.00037 = + 0.00033$
- 4º Elemento - 5º Elemento = $0.00037 - 0.00022 = + 0.00015$

Registramos 4 positivas y cero negativas para 1ª Fila, por tanto, $D_1 = 0$ diferencia negativa.

De este modo para otras filas, arrojamos los valores siguientes:

$D_2 = 0: (3+, 0-)$

$D_3 = 1: (1+, 1-)$

$D_4 = 0: (1+, 0-)$

No se puede obtener D_5 , porque solo hay un elemento en esta fila de # 5.

Por lo tanto,

$$X = \Sigma \text{ de diferencias negativas} = D_1 + D_2 + D_3 + D_4 = 0 + 0 + 1 + 0 = 1.$$

Referir a la Tabla 1, vemos que para 6 muestras, la probabilidad es igual a 0.0012. Esto se lea de manera siguiente: la probabilidad de obtener 1 signo negativo bajo “Ho” cuando $S = 6$, es igual a 0.0012.

Resultado

La probabilidad de obtener una diferencia negativa es 0.0021 (bajo la hipótesis nula) que es una probabilidad muy pequeña, por tanto, Ho se rechaza a nivel de $\alpha = 0.01$.

Aplicación

Individuos marcados y no marcados difieren en probabilidad de capturabilidad y esto conlleva a un aumento de individuos no marcados en el invierno como si hubiera ocurrido reproducción o inmigración.

Método de Leslie (Leslie, 1952)

Hay que recordar los siguientes puntos:

1. El método de Chapman puede distinguir las variaciones en capturabilidad entre individuos marcados e individuos no marcados.
2. El de Leslie distingue la captura desigual solamente dentro del segmento de la población con individuos marcados.
Según Leslie et al. (1953), es posible tener captura desigual entre individuos marcados y no marcados, y aún tener captura igual dentro del segmento marcado.

Este punto es muy relevante debido a que:

1. La estimación de la población total depende en igual capturabilidad en toda la población (segmentos con y sin marcaje).
2. La estimación de la probabilidad de sobrevivencia depende en igual capturabilidad en el segmento marcado de la población.

Se puede aplicar el método de Leslie a cualquier grupo de individuos vivos sobre una serie de periodos de muestreo. Necesitamos información sobre un grupo de individuos donde todos tiene historia de captura como sigue (criterio “G”):

Individuos capturados y marcados en algún tiempo antes de “i”	Muestra de interés				Individuos capturados un tiempo después de la última muestra de interés
	i	i+1	i+2	i+3	

Por lo menos debemos de usar tres muestras pero de preferencia 5 o más muestras.

Definimos el cohorte total de individuos que satisface el criterio arriba “G”

Primero contamos los individuos “g_i” capturados en cada una de las muestras (g_i) y la distribución de frecuencia de captura (Tabla 1).

La estadística del test es:

$$X^2 = \sum f_x(X - m)^2 / \{m - (\sum g_i^2 / g^2)\}, \text{ gl} = (G - 1), \text{ donde } m = \sum g_i / G$$

Donde, m = promedio de capturas por individuo

Nota

Leslie sugiere que por lo menos G debe ser igual a 20 para tener un test estadístico satisfactorio y si gl es muy alto (gl>100) hay que convertir los valores de X² a Z en base a Z = $\sqrt{2X^2 - \sqrt{(2G - 3)}}$, donde G es la suma de los individuos.

Datos:

Un cohorte de (G = 32) aves fueron marcadas en 1946 y que estaban vivos en 1952. Cada año tomaron muestras de recapturas y por tanto, tenemos 5 años de datos. A partir de estos datos construimos 2 distribuciones de frecuencias. De estos datos (Tabla 19), se calculan los siguientes.

Tabla 19. Datos para test de Leslie de capturabilidad igual.

Año	# de aves recapturados	# de capturas (X)	# de aves (fx)
1947	7	0	15
1948	7	1	7
1949	6	2	7
1950	4	3	2
1951	7	4	1
	Σ = 31	5	0
			Σ aves = 32

$$m = \sum g_i / G$$

$$= 31 / 32 = 0.9687$$

$$X^2 = \sum f_x(X - m)^2 / \{m - (\sum g_i^2 / g^2)\}$$

$$\sum g_i^2 = 7^2 + 7^2 + 6^2 + 4^2 + 7^2 = 199$$

$$= \{15(0-.9687)^2 + 7(1-.9687)^2 + \dots + 0(4-.9687)^2\} / \{.9687 - (199/32^2)\} = 38.97 / 0.77436 = 50.32$$

$$\text{gl} = (32 - 1) = 31$$

$$X^2_{\text{tab}, 31} = 44.98$$

Se rechaza la hipótesis nula (Ho), es decir, no hay captura igual. Una desventaja del modelo es que utiliza una fracción pequeña de los datos colectados.

Un ejemplo del método de Leslie

Según Manly (1992), se marcaron y liberaron una palomilla (*Zigaema filipéndula*) durante 5 días. Para la marca, ellos usaron un código de pinturas sobre las alas de palomillas de manera siguiente:

Día 1: color verde (g)

Días 2: color blanco (w)

Días 3: color azul (b)

Días 4: color naranja (o)

Y obtuvieron los siguientes juegos de capturas.

Día 1: (Julio 19): 57 marcados “g” y liberados.

Día 2: (Julio 20): 52 capturados de los cuales 25 “g” y 27 no tenían marca.

Día 3: (Julio 21): 52 capturados: 8 “g”, 9 “w”, 11 “gw”, y 24 sin marca.

Día 4: (Julio 22): 31 capturados: 2 “g”, 3 “w”, 4 “b”, 5 “gb”, 1 “wb”, 2 “gwb”, y 14 sin marcas.

Día 5: (Julio 23): 54 capturados: **1 “g”**, 2 “w”, 7 “b”, 5 “o”, **4 “gw”**, **2 “gb”**, **2 “go”**, 4 “wb”, 1 “wo”, 1 “bo”, 5 “gbo”, **1 “gwbo”**, y 19 sin marcas.

De todos estos datos podemos usar 15 individuos (datos en negritas y itálicos) capturados en la 5ª muestra y también capturados en la primera muestra (estos individuos están identificados con **15** marcas verdes (g) en el día de la muestra # 5.

Para estos 15 individuos sus historias de captura con respecto a muestras en días 2, 3, y 4 son (Tabla 20 y 21).

Tabla 20. Historias de captura de los 15 individuos.

Día	g_i	Explicación
2	5 (4gw, 1gwbo)	Donde aparece el color “w”
3	8 (2gb, 5gbo, 1gwbo)	Donde aparece el color “b”
4	8 (2go, 5gbo, 1gwbo)	Donde aparece el color “o”
	$\Sigma g_i = 21$	
*: g_i = Número de individuos recapturados.		

Tabla 21. Continuación de explicación de los datos*.

X	f_x	Explicación
0	1 (1g)	# de recapturados = 1 - # de colores
1	8 (4gw, 2gb, 2go)	Ejemplo: gwbo = 4 - 1 = 3 gbo = 3 - 1 = 2
2	5 (5gwbo)	Gw, gb, go = 2 - 1 = 1
3	1 (1gwbo)	G = 1 - 1 = 0
4	$\Sigma g_i = 15$	
*: f_x = Número de individuos recapturados.		

$$m = \Sigma g_i / G = \Sigma \text{individuos capturados} / \Sigma \text{total de individuos} = 21 / 15 = 1.4$$

$$\Sigma g_i^2 = 5^2 + 8^2 + 8^2 = 153$$

$$X^2 = \Sigma f_x (X - m)^2 / \{m - (\Sigma g_i^2 / g^2)\}$$

$$= [1(0-1.4)^2 + 8(1-2.4)^2 + 5(2-1.4)^2 + 1(3-1.4)^2] / (1.4 - (153/15^2)) = 10.56$$

$$g1 = 14, X^2_{\text{tab}, 14} = 23.68$$

$$10.56 (X^2_{\text{calculada}}) < 23.68 (X^2_{\text{tab}, 14})$$

Conclusión. Aceptar la Ho de igual capturabilidad.

m_t	0	0	5	12	32	57	65	62	8
U_t	-	15	11	25	32	22	16	14	0
n_t	-	15	16	37	64	79	81	76	8
S_t	-	15	16	37	64	78	80	75	8

Tabla 23. Parámetros estimados por el método Leslie et al (1953)*.

N	α_t	M_t	Z'_t	$EE_{(Z'_t)}$
2	0	-	-	-
3	0.3529	6.21	32.7	13.4
4	0.3421	14.30	35.6	13.8
5	0.5077	34.20	24.0	10.5
6	0.7250	61.72	18.6	8.2
7	0.8049	72.0	17.9	7.6
8	0.8182	62.00	0.2	4.1
9	1	-	-	-

*: n = numero de la muestra, α_t = proporción de individuos marcados, M_t = población marcada, Z'_t = número de individuos marcados por primera vez, $EE_{(Z'_t)}$ = error estándar de Z'_t

Proporción de individuos marcados: $\alpha_t = (m_t + 1)/(n_t + 1)$. Por ejemplo, $\alpha_6 = (57 + 1) / (79+1) = 0.725$. $Z_6 = \{(61.72 - 57 + 78)/0.8049 - (61.72/0.725) + 1 = 18.6$. $Z'_t = S_t - m_t$, estos valores para las muestras 3 a 8 son: 30, 45, 24, 20, 25, y 14; un total de 158 nuevos individuos adicionales que comparados con 129 individuos esperados, se arroja 18% de sub-estimación, es decir, se rechaza la H_0 de igual capturabilidad, se puede también comprobar esto con una prueba de X^2 .

Conclusiones

Los investigadores de distintos campos de las ciencias naturales y sociales, han desarrollado métodos y técnicas específicas para estimar los parámetros poblacionales. La selección adecuada de cada método está basado, como siempre, en la dualidad existente en la ciencia de muestreo. Esta dualidad está basada en el grado de las ganancias o beneficio o la cantidad de información precisa y sin sesgo que se adquiere sobre la población bajo del estudio lo cual se contrasta con el nivel de la inversión de los recursos, es decir, el costo del muestreo. La adquisición de la información sobre los parámetros poblaciones como el propósito principal de muestreo, puede ocasionar uno de los dos riesgos, es decir, la sobreestimación o subestimación. Ninguno de estos se puede permitir, ya que la subestimación nos aleja de la realidad y sobreestimación significa gasto innecesario (excesivo) de los recursos financieros, temporales, energéticos, estructurales, etc., lo cual tampoco es permisible, particularmente, para los investigadores que siempre carecen de estos recursos. Es con este objetivo que en esta sección se presentan diferentes técnicas y métodos de marcaje-captura-recaptura, para las estimaciones de los parámetros poblacionales.

Referencias

- Badii, M.H. & J. Castillo. 2009. Muestreo Estadístico: Conceptos y Aplicaciones. UANL, Monterrey, 225 pp.
- Badii, M.H., A. Guillen, E. Cerna & J. Valenzuela. 2011. Nociones introductorias de muestreo estadístico. Daena, 6(1): 89-105.
- Bailey, N.T.J. 1951. On estimating the size of mobile populations from capture data. Biometrika, 38: 293-306.
- Boonstra, R. & C.J. Krebs. 1978. Pitfall trapping of *Microtus townsendii*. Ecology, 60: 567-573.
- Chapman, D.G. 1951. Some properties of hypergeometric distribution with applications to zoological sample censuses. University of California publ. Stat. 1(17): 131-160.
- Cormack, R.M. 1966. A test of equal catchability. Biometrika, 22(2): 330-342.
- Coughley, G. 1977. Analysis of Vertebrate Populations. Chichester, Wiley, N.Y.
- Eberhardt, L.L. & J.M. Thomas. 1991. Designing Environmental Field Studies. Ecolo. Mono. 61: 53-73.
- Fisher, R.A. & E.B. Ford. 1947. The spread of a gene in natural populations in a colony of the moth *Panaxia dominula* (L). Heredity, 1: 143-174.
- Jackson, C.H.N. 1933. On a method of marking testse flies. J. Anim. Ecol. 2: 204-209.
- Jackson, C.H.N. 1937. Some new methods en the study of *Glossina morsitans*. J. Anim. Ecol. 2: 289-290.
- Jolly, G.M. 1965. Explicit estimates from captur-recapture data with both death and immigration-stochastic model. Biométrica, 52: 225-247.
- Leslie, P.H. 1952. The estimation of population parameters from data obtained by means of capture-recapture method: II. The estimation of total numbers. Biometrika. 38(3/4): 368-388.
- Leslie, P.H., D. Chitty & H. Chitty. 1953. The estimation of population parameters from data obtained by means of capture-recapture method: II. An example of practical application of the method. Biometrika, 40(1/2): 137-169.
- Lincoln, F.C. 1930. Calculating waterfowl abundance on the basis of banding returns. U.S.D.A. Circ. 118: 1-4.
- Manly, B.F.J. 1971. A simulation study of Jolly's method for analysing capture-recapture data. Biometrika, 27(2): 415-524.
- Manly, B.F.J. 1992. The Design and Analysis of Research Studies. Cambridge, CUP.
- Manly, B.F.J. & M.J. Parr. 1968. A new method of estimating population size, survivorship, and birth rate from capture-recapture data. Trans. Soc. Br. Entomol. 189: 81-89.
- Robson, D.S. & H.A. Regier. 1964. Sample size in Peterson mark-recapture experiments. Trans. Am. Fish. Soc. 93: 215-216.
- Schnabel, Z.E. 1938. The estimation of the total fish population of a lake. Amer. Math. Mon. 45(6): 348-352.
- Seber, G.A.F. 1982. The Estimation of Animal Abundanceand Related Parameters. Macmillan, N.Y.
- White, G.C., D.R. Anderson, K.P. Burnham & D.L. Otis. 1982. Capture-Recapture and Removal Methods for Sampling Closed Populations. Los Alamos National Laboratory. Los Alamos, N.M.