

UVa



# EJERCICIOS DE BIOLOGÍA EN EL ENTORNO DE PROGRAMACIÓN R

*Volumen 4: Estimaciones de tamaño poblacional con el  
método de Schnabel*

E. Jordán Muñoz-Adalia

2025



Escuela Técnica Superior  
de Ingenierías Agrarias **Palencia**

## EJERCICIOS DE BIOLOGÍA CON R

### Volumen 4

Estimas de tamaño poblacional con el método de Schnabel

E. Jordán Muñoz-Adalia

 0000-0002-0900-6981

2025



## Índice

Introducción	3
Ejercicio 1. Estimaciones de población basadas en múltiples eventos de captura y recaptura	4
Bibliografía	9

## Introducción

El presente material didáctico surge con la finalidad de proveer de una herramienta práctica para estudiantes de la asignatura de Gestión de Fauna Silvestre de los Grados en Ingenierías Agrarias, Biología, Ciencias Ambientales y afines. En este cuarto volumen, se presenta una actividad de cálculo de estimas poblacionales empleando uno de los modelos más sencillos, el modelo de captura-recaptura en eventos reiterados de Schnabel.

Las cuestiones prácticas propuestas han sido diseñadas para ser resueltas en el entorno de programación R por usuarios sin experiencia previa en programación, pero que estén familiarizados con el uso de hojas de cálculo, navegación en sistema operativo Windows y que conozcan la interfaz de R y RStudio a nivel básico.

El ejercicio cuenta con un planteamiento teórico breve, aportándose la base de datos de ejemplo de un modo intuitivo para que el estudiante pueda utilizarla y seguir el guion paso a paso hasta llegar a la respuesta solicitada. Se espera que el alumnado pueda repetir la actividad con bases de datos simuladas o reales facilitadas por el profesorado, para de este modo poner a prueba lo aprendido, observar diferencias entre bases de datos y comprender en mayor medida el significado de cada una de las líneas de comando requeridas.

En este sentido, se ha recurrido a una sintaxis sencilla para los comandos en R, a fin de facilitar su comprensión por parte de los usuarios sin experiencia previa. Así, cabe mencionar que el ejercicio tiene una finalidad didáctica y no pretende ser base de análisis complejos para investigación, existiendo para ello numerosos repositorios y bases de datos de entrenamiento que exceden la finalidad de este material.

Finalmente, se facilitan recursos bibliográficos de apoyo que podrán ayudar a los estudiantes a ampliar su conocimiento teórico y explorar otras formas de resolver los ejercicios propuestos en el entorno de R.

El autor, mayo de 2025

## Ejercicio 1. Estimaciones de población basadas en múltiples eventos de captura y recaptura

### Planteamiento

En un espacio natural próximo a una gran ciudad, se quiere estimar el tamaño de una población de mapache (*Procyon lotor*), especie exótica invasora, que parece estar asentándose en la zona tras diversas liberaciones ilegales.

Para ello, se han colocado de forma sistemática trampas selectivas durante un total de seis eventos de muestreo entre primavera y verano. Cada ejemplar capturado fue marcado con un microchip antes de ser liberado, de forma que en caso de recaptura resultase sencillo saber si había sido capturado con anterioridad. Los resultados se muestran en la Tabla 1.

Tabla 1. Resultados de trampeo de mapache.

Evento de muestreo (i)	Ejemplares capturados ( $n_i$ )	Ejemplares capturados con marca ( $r_i$ )	Ejemplares capturados sin marca ( $z_i$ )
1	7	0	7
2	2	0	2
3	7	7	0
4	3	1	2
5	8	4	4
6	2	1	1

De forma intuitiva, se aprecia que en el primer evento de muestreo ( $i = 1$ ) se capturaron siete mapaches ( $n_i = 7$ ), resultando evidente que en ese momento ninguno podía portar marca ( $r_i = 0$ ;  $z_i = 7$ ). En un segundo evento, se capturaron solamente 2 mapaches, ninguno de ellos llevaba microchip. En un tercer evento, las capturas subieron a siete ejemplares, de los cuales todos estaban marcados, etc. La proporción de ejemplares recapturados (marcados) varía entre eventos de muestreo.

Para analizar estos datos de censo basados en captura y recaptura de ejemplares con visitas reiteradas, sin extracción de ejemplares capturados, sin mortalidad entre eventos y marcas que no permiten la identificación individual, recurriremos al método de Schnabel (1938), el cual se basa en el modelo básico de Peterson-Lincoln (Lincoln, 1930) aplicable en muestreos sostenidos en el tiempo (Martínez-Vilalta & Piñol, 2005; Krebs, 2014).

De acuerdo con esta metodología, el tamaño poblacional estimado ( $N'$ ) se puede calcular mediante la Ecuación 1.

$$N' = \frac{\sum(n_i \times M_i)}{1 + \sum r_i} \quad (\text{Ecuación 1})$$

Dónde:

$N'$ : tamaño poblacional estimado.

$n_i$ : número de ejemplares capturados en el evento  $i$ .

$M_i$ : número de ejemplares con marca en la población al inicio del evento  $i$ .

$r_i$ : número de ejemplares capturados con marca en el evento  $i$ .

Las funciones que permiten conocer la varianza de la estimación y su error estándar asociado se muestran a continuación (Ecuaciones 2 y 3):

$$Var(1/N') = \frac{\sum r_i}{(\sum n_i \times M_i)^2} \quad (\text{Ecuación 2})$$

$$E(1/N') = \sqrt{Var(1/N')} \quad (\text{Ecuación 3})$$

Como se desprende de las Ecuaciones 1 y 2, resulta esencial conocer el valor de  $M_i$ , que corresponde al número de ejemplares marcados presentes en la población al inicio de cada evento de muestreo ( $i$ ). Así pues, en el evento inicial de cualquier muestreo  $M_i$  será cero, e irá aumentando conforme avance el estudio.

Tomando los valores de la Tabla 1, se tiene que  $M_1 = 0$ , mientras que  $M_2 = 7$  puesto que en el evento 1 se marcaron siete ejemplares y, por tanto, al inicio del evento 2, antes de inspeccionar la primera trampa, seguía habiendo siete ejemplares marcados en el entorno (se asume supervivencia de todos los ejemplares entre muestreos). Así pues,  $M_3 = 9$  pues a los siete ejemplares marcados en el primer evento, se sumaron dos nuevos mapaches sin marca, que fueron marcados en el segundo evento, y así sucesivamente hasta alcanzar un valor  $M_6 = 15$  ejemplares<sup>1</sup>.

Aclarada la metodología de cálculo que permite el uso de las ecuaciones, se pide:

1) Estimar el tamaño de la población de mapaches con el error correspondiente.

---

<sup>1</sup> Se sugiere a los lectores que calculen el valor de  $M_i$  manualmente y comprueben los valores mencionados en este párrafo antes de empezar a trabajar con R, a fin de asegurar que han comprendido el fundamento del modelo.

## Solución

Podemos calcular los valores correspondientes a las Ecuaciones 1, 2 y 3 sin necesidad de emplear paquetes de R específicos, pues se trata de cálculos matemáticos sencillos.

### a. Establecer el directorio de trabajo y cargar la base de datos

Todo usuario debe tener previamente instalado en su ordenador el *software* R (<https://www.r-project.org/>) y se recomienda contar también con RStudio (<https://www.rstudio.com/>) de modo que se pueda seguir fácilmente la línea de comandos dispuesta y anotada a continuación.

En primer lugar, se carga el directorio de trabajo, en este caso una carpeta ubicada en la unidad C del PC denominada "CursoBio". En esta carpeta habremos depositado el fichero de datos previamente.

```
setwd("C:/CursoBio")
```

A continuación, se cargan los datos, los cuales estarán disponibles como archivo en extensión ".csv" en el repositorio de recursos docentes de la Universidad de Valladolid donde se depositará asimismo el presente manual. Llamaremos a nuestra base de datos sch, como elemento de R.

```
sch<-read.csv2(file.choose(), header=T) # se abrirá una ventana en el navegador para seleccionar con el ratón el archivo que contiene los datos. Indicamos en esta línea de comandos que los datos tienen encabezados, por lo que la primera línea del archivo ".csv" se incorporará de este modo en R.
```

```
view(sch) # visualizamos la base de datos.
```

```
str(sch) # comprobamos que todas las variables son numéricas. En este ejercicio, esta cuestión será irrelevante, pero debemos asegurarnos siempre de que R interprete los datos con su tipología correcta.
```

### b. Cálculo de Mi

Como ya se ha comentado, es importante calcular el número de mapaches marcados en la población al inicio de cada evento de muestreo. Por ello, aplicaremos la siguiente función para generar una nueva columna en nuestra base de datos que contenga dicha información.

```
sch$Mi <- numeric(nrow(sch))
```

```
for (i in 2:nrow(sch)) {sch$Mi[i] <- sch$Mi[i - 1] + sch$zi[i - 1]} # aplicamos la fórmula para que se calcule el valor de forma automatizada evento
```

por evento. Es importante notar que el valor  $M_i$  se calcula sumando el número de ejemplares con marca existentes en la población en el evento anterior a  $i$  y el número de ejemplares capturados sin marca en el evento anterior a  $i$  (pues se marcarán antes de ser liberados, por lo que al inicio del evento  $i$  llevarán marca). La sintaxis de esta línea de comandos expresa precisamente cómo tiene que tomar R los datos fila por fila para ir calculando  $M_i$  siguiendo las instrucciones que se acaban de señalar.

```
sch$Mi # exploramos el elemento creado y observamos que contiene los valores correctos.
```

```
#
```

```
[1] 0 7 9 9 11 15
```

```
#
```

### c. Cálculo de la población estimada

Para facilitar la comprensión del proceso, se generarán dos objetos independientes, uno con el numerador y otro con el denominador de la Ecuación 1, y se procederá al cálculo.

```
sch$ni_Mi <- sch$ni * sch$Mi # generamos una columna con el producto de los valores ni y  $M_i$  evento por evento.
```

```
numerador <- sum(sch$ni_Mi)
```

```
denominador <- sum(sch$ri)
```

```
N <- numerador / (1 + denominador)
```

```
N # obtenemos el valor de la estimación.
```

```
#
```

```
[1] 15.85714
```

```
#
```

### b. Cálculo de varianza y error estándar

```
varN <- denominador / numerador^2
```

```
errN <- varN^0.5
```

```
errN # obtenemos el valor calculado.
```

```
#
```

```
[1] 0.01624122
```

#

Tenemos, en consecuencia, que la población de mapaches estimada asciende a  $15,85 \pm 0,01$  ejemplares, lo que sugiere que la población no es todavía muy grande y que la estimación ha sido bastante precisa a juzgar por el reducido error obtenido.

Si deseáramos guardar la tabla con los datos calculados en extensión “.txt” para usos posteriores, podemos recurrir a la siguiente línea de comandos guardando el fichero en el directorio de trabajo.

```
write.table(sch,"C:/CursoBio/Schnabel_final.txt", sep="\t") #
```

indicamos separación por tabulador.

## **Bibliografía**

- Krebs C.J. 2014. Ecological methodology. University of British Columbia. 745 pp.
- Lincoln F.C. 1930. Calculating waterfowl abundance on the basis of banding returns. U.S. Department of Agriculture Circular, 118, 134.
- Martínez-Vilalta J. & Piñol J. 2005. Ecología con números: Una introducción a la ecología con problemas y ejercicios de simulación. Lynx Edicions. 440 pp.
- Schnabel Z.E. 1938. The Estimation of the total fish population of a Lake. The American Mathematics Monthly, 45, 348-352.