

Die Zählung von Wildschweinen mit einer Fang-Wiederfang-Methode

Uwe Wunn¹,
Cornelia Ebert¹, Ditmar Huckschlag¹, Karolina Kolodziej², Tim Schikora³,
Holger Schulz², Ulf Hohmann¹

¹ Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt

² Institut für Umweltwissenschaften, Universität Koblenz-Landau

³ Universität Frankfurt, Institut für Ökologie, Evolution und Diversität

Zusammenfassung

Eine Fang-Wiederfang-Methode für die Zählung von Wildschweinen wird beschrieben. Die Identifizierung der Tiere erfolgte über eine genetische Analyse von gefundenem Kot. Die Beprobung wurde an 12 Tagen auf systematisch im Wildforschungsgebiet angelegten Transektlinien durchgeführt. Zur Auswertung wurden die Modelle von BURNHAM et al. (1978) und CHAO (1988) verwendet.

Summary

The application of a capture-recapture method for counting wild boars (*Sus scrofa*)

A capture-recapture method for counting wild boars (*Sus scrofa*) is presented. The identification of individual animals is based on genotyping scat samples found. These excrements were collected during 12 days on systematically established transect lines. The models of BURNHAM et al. (1978) and CHAO (1988) were applied for data analysis.

1. Einleitung

Urnenmodelle waren lange Zeit Basis für die Berechnung der Größe von Wildpopulationen. PETERSEN schätzte 1896 die Fischpopulation in einem Teich. LINCOLN übertrug das Verfahren 1930 auf Wildtiere. Er schätzte eine Entenpopulation über die Jagdstrecke anhand von Beringung. Der Schätzer, auch Peterson-Lincoln-Index genannt, berechnete sich aus den Anzahlen der gefangenen Tiere n_1 und n_2 an zwei Zeitpunkten und der Anzahl der wieder gefangenen Tiere zum zweiten Zeitpunkt m_2 als

$$\hat{N} = \frac{n_1 n_2}{m_2}.$$

Die Verzerrung dieses Schätzers kann in vielen Fällen kompensiert werden über

$$\hat{N}_1 = \frac{(n_1 + 1)(n_2 + 1)}{m_2 + 1} - 1 \text{ (CHAPMAN (1951))}.$$

Weiterhin beschreiben beispielsweise JOHNSON und KOTZ (1977) Fang-Wiederfang-Modelle, die auf einfachen Urnenmodellen basieren. Diese Modelle beschreiben aber in vielen Fällen nur sehr ungenau die Realität, da u. a. die Fangwahrscheinlichkeiten für alle Tiere gleich sind. Die Fangwahrscheinlichkeiten können jedoch von Faktoren wie Zeit, Verhalten nach dem Fang sowie vom Individuum selbst abhängen. Außerdem kann die Population nach einem Fangereignis nicht wie die Kugeln in einer Urne gemischt werden.

OTIS et al. führte 1978 eine Klasse von Modellen ein, mit denen man die Größe von geschlossenen Populationen schätzen kann.

2. Methoden

Die Modelle von OTIS et al. beziehen sich auf folgende Datenstruktur:

$$(X_{ij}) = \begin{pmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1t} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2t} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ X_{N1} & X_{N2} & & X_{Nt} \end{pmatrix} \quad \text{mit } X_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{falls das } i\text{-te Tier zum Zeitpunkt } j \text{ gefangen wird} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

$X_k = X_{k1}, \dots, X_{kt}$ ist die Fanggeschichte des k -ten Tieres.

Die einzelnen Modelle unterscheiden sich in den Annahmen, die für die Fangwahrscheinlichkeiten gemacht werden. Sei p_{ij} die Fangwahrscheinlichkeit des i -ten Tieres zum Zeitpunkt j . Die Darstellung der Modelle findet man in Tabelle 1.

Modell	Fangwahrscheinlichkeit	Beispiele für mögliche Einflüsse
M_0	$p_{ij} = p$	
M_t	$p_{ij} = p_t$	Regen - Sonne - Schneefall
M_h	$p_{ij} = p_j$	♂ ♀, Alter, Home range
M_b	$p_{ij} = p$ bis zum 1. Fang $p_{ij} = c$ danach	trap happy, trap shy
⋮		
M_{thb}	$p_{ij} = p_{ij}$ bis zum 1. Fang $p_{ij} = c_{ij}$ danach	alle kombiniert

Tab. 1: Modelle nach OTIS et al.

Die Relationen der Modelle untereinander sind in Abbildung 1 dargestellt.

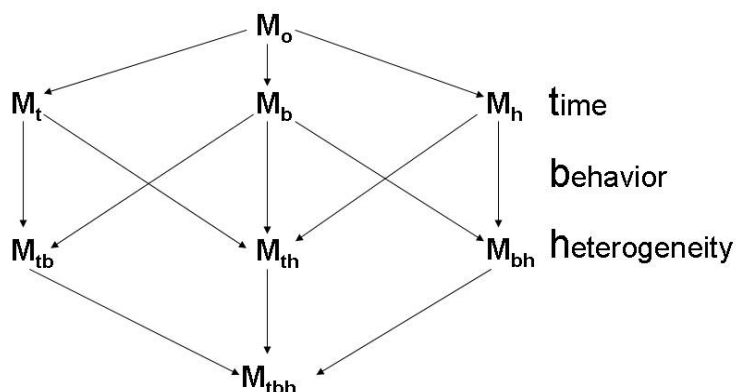


Abb. 1: Relationen der Modelle

Die Modelle bestehen im Wesentlichen aus einer Binomial- bzw. Multinomialverteilung. Beispielsweise ergibt sich bei Modell M_b für die Fanggeschichte $\{X_\omega\}$ folgende Wahrscheinlichkeitsverteilung:

$$P(\{X_\omega\}) = \frac{N!}{\prod_{\omega} X_{\omega}! (N - M_{t+1})!} p^{M_{t+1}} (1-p)^{N-M_{t+1}-M} c^m (1-c)^{M-m}$$

mit $M_j = \sum_{j=1}^t M_j$ Summe der Anzahlen von markierten Tieren in der Population zum Zeitpunkt j ,

$m = \sum_{j=1}^t m_j$ totale Anzahl der markierten Tiere zu der Population,

M_{t+1} = Anzahl verschiedener Tiere im gesamten Experiment.

Als Kriterien für die Modellauswahl können nachstehende Kennwerte herangezogen werden (ARMSTRUP et al., 2005):

$D = 2[\ln(L_1) - \ln(L_2)]$ für verschachtelte Modelle χ^2 -verteilt,

$AIC = -2\ln(L) + 2P$ für jedes Modell, P Anzahl geschätzter Parameter,
kleinster AIC entspricht bestem Modell,

$AIC_c = AIC + \frac{2P(P+1)}{(n-P-1)}$ für kleine Anzahl Beobachtungen (<40),
n Anzahl Beobachtungen,

$QAIC = \frac{-2\ln(L)}{\hat{c}} + 2P$ wenn Daten größere Variation zeigen als im zugrundeliegende Wahrscheinlichkeitsmodell
 $\hat{c} = \frac{\text{beob. Varianz}}{\text{"theor." Varianz}}$.

3. Das Untersuchungsgebiet

Das 2005 gegründete Wildforschungsgebiet liegt im zentralen Pfälzerwald, in einem Teil des UNESCO-Biosphärenreservats „Pfälzerwald – Vosges du Nord“. Zwei unterschiedliche nicht-invasive Verfahren zur Identifizierung von Individuen wurden diskutiert: Haarbeprobung und Kotbeprobung. In beiden Fällen werden die Individuen über eine genetische Analyse identifiziert. Eine ausführliche Beschreibung des Wildforschungsgebiets und der beiden Verfahren findet man bei EBERT et al. (2007).

Die Methode der Haarbeprobung musste leider aufgegeben werden. Es konnte mit dieser Methode keine ausreichend hohe und gleiche Beprobungswahrscheinlichkeit für alle Mitglieder des Wild-

schweinbestandes sichergestellt werden. Dieses Problem kann vermutlich mit der Analyse der Kotproben umgangen werden. Durch die systematisch verteilten Transektlinien erscheint eine gleichmäßige Beprobung eher realisierbar.

Auf einer 4000 ha großen Teilfläche wurden systematisch 16 drei Meter breite Linien gelegt. Jeweils sechsmal wurde im täglichen Wechsel die Hälfte der Linien abgelaufen (Abb. 2) EBERT et al. in prep. (2008).

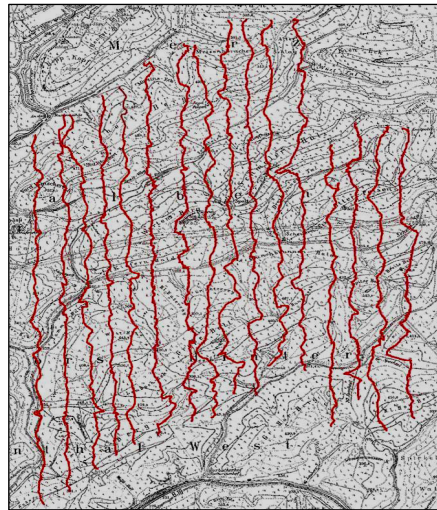


Abb. 2: Anordnung der Transektlinien

4. Ergebnisse

Gefunden wurden 141 Proben, von denen 86 im Labor auswertbar waren. Die Fänge sind in Tabelle 2 auf die zwölf Beprobungstermine aufgeteilt.

Beprobungstermin	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Anzahl gefangener Tiere	12	9	5	7	2	1	12	8	9	9	9	3
Fänge insgesamt	12	20	24	31	33	34	43	50	57	65	72	74
Neu gefangene Tiere	12	8	4	7	2	1	9	7	7	8	7	2

Tab. 2: Fänge aufgeteilt nach den 12 Fangzeitpunkten

Einmal gefangen wurden 65 Tiere, sechs Tiere zweimal und drei Tiere dreimal.

Fasst man jeweils zwei Beprobungstage, d.h. einen kompletten Ablauf aller 16 Transekte, zu einer Stichprobe zusammen, so erhält man die Ergebnisse in Tabelle 3.

Beprobungstermin	1	2	3	4	5	6
Anzahl gefangener Tiere	20	12	3	10	18	12
Fänge insgesamt	20	31	34	50	65	74
Neu gefangene Tiere	20	3	3	16	15	9

Tab. 3: Fänge aufgeteilt nach den 6 Fangzeitpunkten

Einmal gefangen wurde 66 Tiere, sechs Tiere zweimal und zwei Tiere dreimal.

Die Population kann aufgrund der im Vergleich zu den mittleren, individuellen Streifgebietsflächen großen Untersuchungsfläche und der dicht aufeinander folgenden Beprobungszeitpunkte annähernd als geographisch und demographisch geschlossen angesehen werden, da Randeffekte durch Ab- oder Zuwanderungen geringen Einfluss auf die Beprobungsrate haben dürften, bzw. mit vielen Geburten oder Sterbefällen nicht zu rechnen war.

Das Stichprobendesign war so gewählt, dass eine zeitliche Abhängigkeit der Auswahlmöglichkeiten nahezu auszuschließen war. Da die Tiere nicht wirklich mit Fallen gefangen wurden, sondern indirekt über die Beprobung von Kot erkannt wurden, ist eine Änderung des beprobungsrelevanten Verhaltens (Defekationsrate, Defekationsort) der Tiere durch die Beprobung unwahrscheinlich. Allerdings können individuelle Einflüsse auf die Fangwahrscheinlichkeit einwirken. Beispielsweise führen unterschiedlich große Lebensräume verschiedener Tiere zu unterschiedlichen Auswahlwahrscheinlichkeiten. Aus diesem Grund wird das Modell M_h favorisiert. Die Auswertungen wurden mit dem Programm CAPTURE (WHITE ET AL., 1978) durchgeführt. In Tabelle 4 sind die Ergebnisse für das Jackknifeverfahren von BURNHAM und OVERTON (1978), sowie für das Modell von CHAO (1988) dargestellt.

Modell M_h	\hat{N}_{12}	95 % Konfidenz- intervall	$\frac{\hat{N}_{12}}{100 \text{ ha}}$	95 % Konfidenz- intervall	\hat{N}_6	95 % Konfidenz- intervall	$\frac{\hat{N}_6}{100 \text{ ha}}$	95 % Konfidenz- intervall
BURNHAM und OVERTON	292	[231 ; 377]	7	[6 ; 9]	227	[187 ; 282]	6	[5 ; 7]
CHAO	426	[219 ; 934]	11	[6 ; 23]	437	[223 ; 959]	11	[6 ; 24]

Tab. 4: Populations-Schätzwerte \hat{N}_{12} (für 12 Zeitpunkte) und \hat{N}_6 (für 6 Zeitpunkte) sowie deren 95 % Konfidenzbereiche

5. Diskussion

CHAO (1988) verglich insgesamt sechs Modelle anhand einiger Beispiele und Simulationen. Als geeignet stellten sich lediglich das Jackknifeverfahren von BURNHAM und OVERTON und CHAOS Momentschätzer heraus. Für den Fall, dass nur wenige multiple Fänge (mit mehr als einem Wiederfang) vorhanden sind, hat der von CHAO vorgeschlagene Schätzer deutliche Vorteile. CHAO zeigte anhand der Taxidaten von CAROTHERS (1973), dass die Momentmethode unter gewissen Bedingungen reliabler als die Jackknifemethode ist. Bei Verwendung des Jackknifeverfahrens wird die Population unterschätzt und die Konfidenzintervalle enthalten in fast allen Fällen nicht die wahre Populationsgröße, wenn die mittleren Fangwahrscheinlichkeiten klein sind. Dagegen lagen die Schätzungen, die mit CHAOS Momentmethode durchgeführt wurden, deutlich höher, jedoch mit breiteren Konfidenzintervallen, wobei der wahre Wert fast immer im Vertrauensbereich lag.

Da die beobachteten Wildschweindaten ähnlich wie die Taxidaten von CAHROTHERS strukturiert sind, sollten CHAOS Schätzwerte mehr Vertrauen entgegen gebracht werden. Leider ist das Konfidenzintervall für die Bestandsdichte mit [6 ; 23] sehr groß, so dass die Schätzung sehr ungenau ist.

Da es sich nicht um eine strenge geschlossene Population handelt, sollten die Modelle mit einer „Randkorrektur“ versehen werden, die mögliche Zu- bzw. Abgänge berücksichtigt.

Weiterhin sollte untersucht werden, ob Mehrfachbeobachtungen an einem Tag in den Modellen berücksichtigt werden können.

Eine Erhöhung des Stichprobenumfangs und damit einhergehend eine Erhöhung der Wiederfänge könnte die Konfidenzbereiche der Schätzer deutlich verkleinern. Dieser Effekt könnte neben einer Steigerung des Beprobungsaufwandes im Feld auch durch eine Verbesserung der Genotypisierung und damit zur Reduzierung der Probenausfälle erreicht werden.

Ein größerer Stichprobenumfang würde auch die Anwendung offener Populationsmodelle, die die Wirklichkeit vermutlich besser beschreiben könnten, ermöglichen.

Die Ansätze von LEE und CHAO (1994) sowie CHAO ET AL. (2001) wurden bisher noch nicht berücksichtigt. Es handelt sich dabei um ein nicht-parametrisches Schätzverfahren, das die Idee des „sample coverage“ benutzt, das definiert ist als der Anteil der Fangwahrscheinlichkeiten der tatsächlich gefangenen Tiere zur Summe der Fangwahrscheinlichkeiten aller Individuen. Aus diesem Schätzwert und der insgesamt gefangenen Tiere kann dann auf die Populationsgröße geschlossen werden.

Literatur

- ARMSTRUP, S.C., McDONALD, T.L., MANLY, B.F.J. (2005): Handbook of Capture-Recapture Analysis. Princeton University Press, Princeton und Oxford.
- BURNHAM, K.P., OVERTON, W.S. (1978): Estimating of the size of a closed population when capture probabilities vary among animals. *Biometrika* 65(3): 625-633.
- CAROTHERS, A.D. (1973): Capture-recapture methods applied to a population with known parameters. *J. Anim. Ecol.* 42: 125-146.
- CHAO, A. (1988): Estimating Animal Abundance with Capture Frequency Data. *J. Wildl. Manage.* 52(2): 295-300.
- CHAO, A., YIP, P.S.F., LEE, S.-M., CHU, W. (2001): Population size estimation based on estimating functions for closed capture-recapture models. *Journal of Statistical Planning and Inference* 92, S. 213-232.
- CHAPMAN, D.H. (1951): Some properties of the hypergeometric distribution with applications to zoological census. *University of California Publications in Statistics*, 1, S. 131-160.
- EBERT, C., BERGER, K., HUCKSCHLAG, D., NIKOLOV, I., SCHIKORA, T., SCHULZ, H., HOHMANN, U. (2007): Kann man Wildschweine zählen? Eine Untersuchung über die nicht-invasive Gewinnung von Gewebeproben zur Verwendung bei der Bestandesschätzung von Wildschweinen. In: DEGENHARDT, A., WUNN, U. (Hrsg.): 18. Tagungsband „Die Grüne Reihe“ der Sektion forstliche Biometrie und Informatik. S. 63-72.
- EBERT, C. HUCKSCHLAG, D., SCHIKORA, T., SCHULZ, H.K., HOHMANN, U. (in prep.) (2008): Heterogeneity bias in non-invasive sampling - occurrence and treatment in reviewed literature and example of a hair sampling pilot study on wild boar (*Sus scrofa*).
- LEE, S.M., CHAO, A.(1994): Estimating population size via sampling coverage for closed capture-recapture models. *Biometrics* 50, S. 88-97.
- JOHNSON, N.L., KOTZ, S. (1977): *Urn Models and Their Application*. John Wiley & Sons, New York, London, Sydney, Toronto.
- OTIS, D.L., BURNHAM, K.P., WHITE, G.C., ANDERSON, D.R. (1978): *Statistical Inference from Capture Data on Closed Animal Populations*. Wildlife Monographs No. 62.
- WHITE, G.C., BURNHAM, K.P., OTIS, D.L., ANDERSON, D.R. (1978): *Users' Manual for Program Capture*. Utah State University.