

Räumliche, GIS-gestützte Analyse von Linientransektstichproben

Felix Mader und Joachim Saborowski

Institut für Forstliche Biometrie und Informatik, Universität Göttingen

e-mail: fmader@gwdg.de

Zusammenfassung Das Linientransektverfahren gehört zu den Verfahren des sog. *Distance Sampling* (Buckland et al., 2001), die sich weltweit steigender Beliebtheit zur Dichte- und Abundanzschätzung unterschiedlichster biologischer Populationen erfreuen. Wesentliche Eigenschaft dieser Verfahren ist die Modellierung einer sog. Entdeckungsfunktion in Abhängigkeit von den zu entdeckten Objekten gemessenen Entfernungen. Diese ermöglicht die Schätzung eines Korrekturfaktors für übersehene Objekte. Zusätzliche erklärende (räumliche) Informationen bezieht die klassische Analyse von Linientransektaufnahmen jedoch nicht ein. Nicht zuletzt infolge steigender Verfügbarkeit geographischer Informationen besteht aber zunehmend der Bedarf, diese auch in die Auswertung von Linientransektaufnahmen einzubeziehen, um einerseits Dichte- und Abundanzschätzungen zu präzisieren und andererseits lokale Vorhersagen in Abhängigkeit von (räumlichen) Kovariaten zu ermöglichen.

Eine Möglichkeit, sowohl zusätzliche räumliche Informationen in die Analyse von Linientransektaufnahmen einzubeziehen als auch lokale Vorhersagen zu ermöglichen, bietet die *count*-Methode von Hedley (2000). Hierbei werden Streifen, deren Breite anhand der Entdeckungsfunktion bestimmt wird, um die Transekte gelegt und in Segmente etwa gleicher Länge unterteilt. Die Anzahl der in einem Segment beobachteten Objekte wird dann über ein log-lineares Modell in Abhängigkeit von beliebigen mit den Segmentflächen räumlich verschnittenen geographischen Informationen modelliert. Für die Berechnung lokaler Vorhersagen wird ein Gitter über das Untersuchungsgebiet gelegt, die räumlichen Kovariaten für die einzelnen Zellen bestimmt und die zu erwartende Objektanzahl mit Hilfe des log-linearen Modells und der zuvor bestimmten Parameter ermittelt.

Nachteil der Anwendung eines gewöhnlichen log-linearen Modells ist jedoch, daß es die zu erwartende räumliche Autokorrelation zwischen den Segmenten in der Parametrisierung des Modells und insbesondere in der Berechnung von Vorhersagen nicht berücksichtigt. Es ist jedoch zu vermuten, daß die Objektanzahlen benachbarter Segmente in der Regel ähnlicher sein werden als die weiter voneinander entfernter. Es soll daher eine Erweiterung der *count*-Methode vorgestellt werden, welche die auf Basis des GEE-Ansatzes (generalized estimating equations, Zeger u. Liang, 1986; Liang u. Zeger, 1986) von Albert u. McShane (1995), Gotway u. Stroup (1997) und Gotway u. Wolfinger (2003) entwickelten Möglichkeiten zur Berücksichtigung räumlicher Autokorrelation in verallgemeinerte lineare Modelle (GLM) einbezieht.

Die Anwendung der vorgestellten Methoden, sowie deren software-technische Umsetzung in Standardsoftware (Distance, ArcGIS, SAS) wird anhand der Daten einer Wildzählung in Zentralnamibia vorgestellt.

Literatur

Albert P.S., McShane L.M. (1995) A Generalized Estimating Equations Approach for Spatially Correlated Binary Data: Applications to the Analysis of Neuroimaging Data,

- Biometrics*, 51, 627–638.
- 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, Oxford.
- Gotway C.A., Stroup W.W. (1997) A Generalized Linear Model Approach to Spatial Data Analysis and Prediction, *Journal of the American Statistical Association*, 2, 157–178.
- Gotway C.A., Wolfinger R.D. (2003) Spatial Prediction of Counts and Rates, *Statistics in Medicine*, 22, 1415–1532.
- Hedley S.L. (2000) *Modelling Heterogeneity in Cetacean Surveys*, PhD thesis, University of St Andrews, Scotland.
- Liang K.Y., Zeger S.L. (1986) Longitudinal Data Analysis Using Generalized Linear Models, *Biometrika*, 73, 13–22.
- Zeger, S.L., Liang K.Y. (1986) Longitudinal Data Analysis for Discrete and Continuous Outcomes, *Biometrics*, 42, 121–130.