

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE
INSTITUTO DE MATEMÁTICA ESTATÍSTICA E FÍSICA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM COMPUTACIONAL

RAQUEL DA FONTOURA NICOLETTE

**Inferência estatística para modelos
estado-espço não-lineares e não-gaussianos
de dinâmica populacional**

Dissertação apresentada como requisito
parcial para a obtenção do grau de Mestre
em Modelagem Computacional

Prof. Dr. Fernando Kokubun
Orientador

Prof. Dr. Paul G. Kinas
Co-orientador

Rio Grande, Setembro de 2008

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

CIP – CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

Nicolette, Raquel da Fontoura

Inferência estatística para modelos estado-espço não-lineares e não-gaussianos de dinâmica populacional / Raquel da Fontoura Nicolette. – Rio Grande: PPGMC da FURG, 2008.

117 f.: il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Rio Grande. Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional, Rio Grande, BR-RS, 2008. Orientador: Fernando Kokubun; Co-orientador: Paul G. Kinas.

1. Modelos estado-espço. 2. Inferência bayesiana. 3. Dinâmica de populações. 4. Baleia Jubarte. I. Kokubun, Fernando. II. Kinas, Paul G.. III. Título.

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE

Reitor: Prof. Dr. João Carlos Brahm Cousin

Pró-Reitor de Pesquisa e Pós-Graduação: Prof. Dr. Luiz Eduardo Maia Nery

Coordenador do PPGMC: Prof. Dra. Silvia Silva Botelho

“... aos que sabem que merecem...”
— NICOLETTE

AGRADECIMENTOS

Agradeço a CAPES pela bolsa concedida.

Aos professores Dr. Paul G. Kinas e Dr. Fernando Kokubun por terem a gentileza de me orientarem tão bravamente.

Aos professores Dr. Sebastião e Dr. Humber por fazerem parte da minha banca.

Ao PPGMC, principalmente a sua secretária Tatiana pela incrível eficiência, bom-humor e agilidade nos pedidos solicitados.

De forma um pouco menos convencional digo que a tarefa de agradecer é ingrata quando poucos são os verdadeiros merecedores desses agradecimentos...

A e B por me divertirem no laboratório e pela proposta da bolsa *Fica Raquel!*.

C e A pelos nossos risos e choros juntas, além dos nossos programas culinários.

D por só ela me entender quando o assunto é família.

F_{ck} por me divertir nesses tantos anos de FURG.

F por de aluna passar a amiga, ótima companheira de choros e risos.

G.U.R.I.Z.A.D.A por serem especiais, pela presença em momentos difíceis e pela bolsa *Vai Raquel!*

L por e fazer rir em qualquer circunstância e até mesmo me chamando de *dindoca nariz de pipoca*.

M por eu ter que explicar mil vezes a mesma coisa, por me fazer rir sendo "conselheira" e por ser um grande amigo.

N por ter compartilhado cada dia, cada noite, cada momento bom ou ruim e por me cuidar com tanto carinho, por sempre me desejar boa noite não importante o horário...

O_{cs} todas as companheiras *V.I.P.* que compartilham um pouquinho dos meus dias e sabem como a vida é.

P por teres deixado os caleidoscópios de lado e resolvido sonhar comigo.

R por ser eficiente em tudo que precisei.

S e O por me esperarem em casa com tanta ansiedade e serem meus fiéis companheiros.

T por ser amiga acima de tudo, por rir e chorar comigo, por tentar achar uma solução para o que acaba não sendo solucionável.

V e V mesmo não estando fisicamente presentes sei que olharam por mim.

E ainda agradeço a todos aqueles que não atrapalharam na realização deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	vii
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	x
RESUMO	xii
1 INTRODUÇÃO	1
2 FUNDAMENTOS TEÓRICOS	6
2.1 Populações e conceitos relacionados	6
2.1.1 Modelos de dinâmica de populações	8
2.2 Modelos Estado-Espaço	12
2.3 Inferência Bayesiana	15
2.4 Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC)	18
2.4.1 Algoritmo de Metropolis-Hastings (M-H)	22
2.4.2 Amostrador de Gibbs	23
2.4.3 Diagnósticos de convergência	24
2.4.4 R e BUGS	28
3 ESTIMAÇÃO VIA MCMC EM MODELOS POPULACIONAIS ESTADO- ESPAÇO UTILIZANDO DADOS SIMULADOS	30
3.1 Geração dos dados	31
3.2 Formulação do modelo estado-espaço	33
3.3 Definição das distribuições <i>a priori</i>	33
3.4 Implementação do modelo do OpenBUGS no R	35
3.5 Simulações via MCMC	35
3.5.1 Modelo de Beverton-Holt	36
3.5.2 Modelo de Ricker	57
3.6 Discussão e considerações finais	77
4 ESTUDO DE CASO DE JUBARTES-ABROLHOS	80
4.1 Descrição dos dados	83
4.2 Formulação do modelo espaço-estado	84
4.3 Definições das distribuições <i>a priori</i>	86
4.4 Simulação via MCMC	87

4.5	Resultados	88
4.5.1	Análise de convergência	88
4.5.2	Análise descritiva dos resultado	89
4.6	Considerações finais	94
5	CONCLUSÃO	95
ANEXO I	EQUAÇÃO DO MODELO DE BEVERTON-HOLT	97
ANEXO II	EQUAÇÃO DO MODELO DE RICKER	101
ANEXO III	CÓDIGOS - CAPÍTULO 3	103
III.1	Beverton-Holt	103
III.2	Ricker	104
ANEXO IV	CÓDIGOS - CAPÍTULO 4	106
ANEXO V	CÓDIGOS - ROTINA PARA USO DA BIBLIOTECA BRUGS NO R	108
	REFERÊNCIAS	110

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

MC	Monte Carlo
MCMC	Método de Monte Carlo via cadeia de Markov
BUGS	Bayesian inference Using Gibbs Sampling
MSY	Máximo rendimento sustentável
EP	Erro do Processo
EO	Erro de observação
BH	Modelo Beverton-Holt
RK	Modelo de RicKer
ICr	Intervalo de Credibilidade

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1:	Modelos de Ricker e Beverton-Holt	9
Figura 3.1:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para K (3 cadeias)	39
Figura 3.2:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para K (1 cadeia)	39
Figura 3.3:	Histórico para MSY (3 cadeias)	39
Figura 3.4:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para MSY (3 cadeias)	40
Figura 3.5:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para MSY (1 cadeia)	40
Figura 3.6:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para λ (3 cadeias)	41
Figura 3.7:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para λ (1 cadeia)	41
Figura 3.8:	Histograma de N_1 estimados com 3 cadeias	42
Figura 3.9:	Histograma de N_1 estimados com 1 cadeia	42
Figura 3.10:	Histograma de N_5 estimados com 3 cadeias	43
Figura 3.11:	Histograma de N_5 estimados com 1 cadeia	43
Figura 3.12:	Histograma de N_{10} estimados com 3 cadeias	44
Figura 3.13:	Histograma de N_{10} estimados com 1 cadeia	44
Figura 3.14:	Histograma de N_{15} estimados com 3 cadeias	45
Figura 3.15:	Histograma de N_{15} estimados com 1 cadeia	45
Figura 3.16:	Histograma de N_{20} estimados com 3 cadeias	45
Figura 3.17:	Histograma de N_{20} estimados com 1 cadeia	45
Figura 3.18:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para σ_ν	46
Figura 3.19:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para σ_ϵ	46
Figura 3.20:	Diagnóstico de convergência de Geweke para K	46
Figura 3.21:	Diagnóstico de convergência de Geweke para σ_ν	46
Figura 3.22:	Diagnóstico de convergência de Geweke para σ_ϵ	47
Figura 3.23:	Autocorrelação para σ_ν e σ_ϵ para cada cadeia	52
Figura 3.24:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para K (3 cadeias)	60
Figura 3.25:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para K (1 cadeia)	60
Figura 3.26:	Histórico de MSY para 3 cadeias	61
Figura 3.27:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para MSY (3 cadeias)	61
Figura 3.28:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para MSY (1 cadeia)	61
Figura 3.29:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para r (3 cadeias)	62
Figura 3.30:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para r (1 cadeia)	62
Figura 3.31:	Histograma de N_1 estimados (3 cadeias)	63
Figura 3.32:	Histograma de N_1 estimados (1 cadeia)	63
Figura 3.33:	Histograma de N_5 estimados (3 cadeias)	64

Figura 3.34:	Histograma de N_5 estimados (1 cadeia)	64
Figura 3.35:	Histograma de N_{10} estimados (3 cadeias)	64
Figura 3.36:	Histograma de N_{10} estimados (1 cadeia)	64
Figura 3.37:	Histograma de N_{15} estimados (3 cadeias)	65
Figura 3.38:	Histograma de N_{15} estimados (1 cadeia)	65
Figura 3.39:	Histograma de N_{20} estimados para 1ª cadeia (3-1)	65
Figura 3.40:	Histograma de N_{20} estimados para 1ª cadeia (1-1)	65
Figura 3.41:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para σ_ν (3 cadeias)	66
Figura 3.42:	Densidade <i>posteriori</i> marginal para σ_ϵ (3 cadeias)	66
Figura 3.43:	Autocorrelação para σ_ν e σ para cada cadeia	71
Figura 3.44:	Box-plot de $\hat{\lambda}$ para 1 cadeia e diferentes erros	79
Figura 3.45:	Box-plot de \hat{r} para 1 cadeia e diferentes erros	79
Figura 3.46:	Box-plot de $\hat{M}\hat{S}Y$ para 1 cadeia e diferentes erros	79
Figura 3.47:	Box-plot de $\hat{M}\hat{S}Y$ para 1 cadeia e diferentes erros	79
Figura 4.1:	Baleia jubarte	81
Figura 4.2:	Exemplo de foto-identificação de baleias jubarte	82
Figura 4.3:	Histograma representando a distribuição <i>a posteriori</i> marginal K	90
Figura 4.4:	Histograma representando a distribuição <i>a posteriori</i> marginal para N 2004	90
Figura 4.5:	Densidade <i>a posteriori</i> do parâmetro de forma (z)	91
Figura 4.6:	Densidade <i>a posteriori</i> da taxa intrínseca de crescimento (r)	91
Figura 4.7:	Box-plot dos valores estimados para \hat{N}_t	92
Figura 4.8:	Tendência dos valores estimados para \hat{N}_t e $ICr_{95\%}$	93

LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1:	Modelos e parâmetros escolhidos, onde BH representa o modelo de Beverton-Holt, RK o modelo de Ricker, GG ambos os erros grandes, GP erro de processo grande e de observação pequeno e PG erro de processo pequeno e de observação grande	32
Tabela 3.2:	Vetores das observações: conjunto de dados utilizados para cada simulação	32
Tabela 3.3:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> baseadas em 3 cadeias para BH-GG	37
Tabela 3.4:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> baseadas em 1 cadeia para BH-GG	38
Tabela 3.5:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> de MSY para BH-GG	38
Tabela 3.6:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> de λ para BH-GG	40
Tabela 3.7:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> de N para BH-GG	41
Tabela 3.8:	Sumários das distribuições <i>posterioris</i> de N para BH-GG	42
Tabela 3.9:	Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-GG	47
Tabela 3.10:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-GG	48
Tabela 3.11:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-GG	50
Tabela 3.12:	Função de autocorrelação para BH-GG	50
Tabela 3.13:	Função de autocorrelação para BH-GG	51
Tabela 3.14:	Sumário das distribuições <i>a posteriori</i> baseadas em 3 cadeias para BH-GP	51
Tabela 3.15:	Sumário das distribuições <i>a posteriori</i> baseadas em 1 cadeia para BH-GP	51
Tabela 3.16:	Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-GP	53
Tabela 3.17:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-GP	53
Tabela 3.18:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-GP	54
Tabela 3.19:	Função de autocorrelação para BH-GP	54
Tabela 3.20:	Sumário das distribuições <i>a posteriori</i> baseadas em 3 cadeias para BH-PG	55
Tabela 3.21:	Sumário das distribuições <i>a posteriori</i> baseadas em 1 cadeia para BH-PG	55
Tabela 3.22:	Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-PG	56
Tabela 3.23:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-PG	56
Tabela 3.24:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-PG	57
Tabela 3.25:	Função de correlação para BH-PG	57

Tabela 3.26:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> 3 cadeias para RK-GG	58
Tabela 3.27:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> 1 cadeia para RK-GG	59
Tabela 3.28:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> de MSY para RK-GG	60
Tabela 3.29:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> de r para RK-GG	62
Tabela 3.30:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> de N para RK-GG	63
Tabela 3.31:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> dos erros para RK-GG	66
Tabela 3.32:	Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-GG	67
Tabela 3.33:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-GG	68
Tabela 3.34:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-GG	69
Tabela 3.35:	Função de autocorrelação para RK-GG	70
Tabela 3.36:	Função de autocorrelação para RK-GG	70
Tabela 3.37:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> com 3 cadeias para RK-GP	72
Tabela 3.38:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> com 1 cadeia para RK-GP	72
Tabela 3.39:	Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-GP	73
Tabela 3.40:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-GP	73
Tabela 3.41:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-GP	74
Tabela 3.42:	Função de autocorrelação para RK-GP	74
Tabela 3.43:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> com 3 cadeias para RK-PG	75
Tabela 3.44:	Sumários das distribuições <i>a posteriori</i> com 1 cadeia para RK-PG	75
Tabela 3.45:	Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-PG	76
Tabela 3.46:	Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-PG	76
Tabela 3.47:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-PG	77
Tabela 3.48:	Função de autocorrelação para RK-PG	77
Tabela 4.1:	Dados de avistagem e re-avistagem de baleias jubarte no Banco de Abrolhos período de 1996 a 2004. Número total de foto-identificações (n_t), re-avistagens (m_t) e o total de animais foto-identificados e presentes na população no início do período t , (M_t) para o período analisado.	83
Tabela 4.2:	Diagnóstico de convergência de Geweke	88
Tabela 4.3:	Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis	89
Tabela 4.4:	Sumário das distribuições <i>a posteriori</i> dos parâmetros para a população de baleias Jubarte	89

RESUMO

No estudo de uma população animal, como a de baleias, a reconstrução histórica da dinâmica populacional antes, durante e depois da exploração é crucial para restauração ecológica marinha, bem como planejar atividades futuras para o manejo adequado da população.

Modelos matemáticos têm se tornado ferramentas valiosas para o entendimento desse tipo de fenômeno. O uso de simulações é realizado para um maior conhecimento de sua dinâmica populacional. Fazer estimativas de taxas de crescimento, abundância absoluta e índices de abundância relativa de uma determinada população animal, acarreta na estimativa de diversos outros parâmetros, para os quais tem-se como dificuldade a pouca disponibilidade de dados. O uso de modelos estado-espço proporciona uma metodologia unificada para estudar este caso pertinente de dinâmica populacional com séries temporais curtas.

O presente trabalho realiza a inferência estatística para modelos estado-espço não-lineares e não-gaussianos de dinâmica populacional através de Métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov através de estudo simulado e ainda a sua aplicação para a população de baleias jubarte (*Megaptera novaeangliae*) do Banco de Abrolhos (Bahia, Brasil). As distribuições a posteriori dos parâmetros de interesse foram obtidas através de simulação via MCMC implementado no R e utilizando o pacote Brugs, sendo a convergência das cadeias analisadas com o pacote CODA.

Palavras-chave: Modelos estado-espço, Inferência bayesiana, Dinâmica de populações, Baleia Jubarte.

1 INTRODUÇÃO

Um sistema pode ser definido como um conjunto de objetos agrupados por alguma interação ou interdependência, de modo que existem relações de causa e efeito nos fenômenos que ocorrem com elementos desse conjunto (Monteiro, 2002). Quando algumas grandezas que caracterizam os objetos constituintes do sistema variam no tempo, este é chamado de sistema dinâmico (Monteiro, 2002).

A teoria de sistemas dinâmicos permite descrever a evolução temporal de um sistema. Com esta teoria é possível inferir o comportamento futuro de um sistema ou, fazê-lo retroceder no tempo buscando seu provável estado inicial. Um sistema dinâmico pode ser descrito por equações matemáticas ou por regras de comportamento, podendo ainda incluir variáveis aleatórias.

Um sistema dinâmico determinístico que não inclui variáveis aleatórias é representado por um modelo matemático em que o estado de um sistema no tempo é determinado a partir das condições iniciais. Em um sistema dinâmico estocástico ou probabilístico, por outro lado, o estado de um sistema no tempo é uma variável contínua ou discreta, modelado com uma distribuição de probabilidade. Populações animais em geral podem ser representadas por meio desses sistemas dinâmicos e são estudadas em uma área de conhecimento específica conhecida como dinâmica de populações.

A dinâmica de populações estuda as variações do número de indivíduos e dos fatores que influenciam tais variações como taxas de nascimento e de morte. Assim pode-se dizer que tem como objetivos a descrição do número de indivíduos de uma população ao longo do tempo, a investigação das taxas em que se verificam suas perdas e reposições

e a investigação de qualquer processo, regulador ou não, que tende a alterar os estados da população. Os modelos que tratam da dinâmica de populações mostram-se úteis não só para entender seus comportamentos temporais e espaciais, mas também para mostrar como alguns fenômenos como epidemias, organização de um ecossistema e impactos ambientais causados por fatores diversos, se manifestam (Murray, 1993).

A forma de tratar um problema de dinâmica de populações depende dos aspectos que se quer modelar, dos dados disponíveis e das perguntas que se pretende responder. De acordo com McCullagh e Nelder (1989) não existe um modelo certo ou errado, existem modelos que são mais ou menos úteis para alcançar os objetivos delineados. Quanto maior o nível de detalhamento desejado, mais ferramentas matemáticas e computacionais serão necessárias para manipulação dos modelos, além da necessidade de mais informações (dados) para estimar adequadamente os seus parâmetros. Modelos com detalhamento excessivo ajudam a explicar com mais detalhes os dados disponíveis, porém tem menor capacidade inferencial.

Devido à necessidade do conhecimento da dinâmica de algumas populações, matemáticos, físicos, estatísticos, oceanólogos e biólogos têm se unido em um esforço multidisciplinar com a intenção de construir modelos que possibilitem a adequada interpretação de fenômenos ecológicos. A simulação de sistemas dinâmicos no contexto ecológico, tornou-se uma ferramenta importante pois diminui as dificuldades encontradas para analisar problemas em que há observações diretas insuficientes e sua obtenção pode ser demorada ou difícil (Hannon e Ruth, 1997). Além do entendimento do sistema, a modelagem permite simular os impactos ou possíveis cenários resultantes da ação de manejos da população, principalmente onde isto não é possível na prática (Jorgensen, 1995). Por fim, a modelagem também é uma ferramenta importante para se compreender como as estocasticidades ambientais afetam o crescimento e a estrutura de uma população (Boyce, 1992; Ludwig, 1996; Holmes, 2001).

Nestes estudos as informações biológicas são transformadas em hipóteses teóricas básicas que alimentam conceitualmente um modelo probabilístico, cuja finalidade é des-

crever a evolução temporal do sistema em que o próximo estado depende unicamente do estado anterior. Ou seja, a distribuição de probabilidade do seu estado no tempo $t + 1$, X_{t+1} , é condicionado apenas ao estado imediatamente anterior X_t (propriedade markoviana).

Para que seja possível modelar matematicamente tal dinâmica, é preciso entender alguns conceitos ecológicos importantes tais como reprodução, predação, competição, etc (Petreere, 1991). Cada um desses conceitos ecológicos pode ser modelado de várias maneiras, caracterizando modelos dinâmicos distintos. A seleção dos modelos mais plausíveis dependerá da sua maior ou menor capacidade para ajustarem os dados empíricos disponíveis.

Em modelos de dinâmica de populações que integram dados de captura e índices de abundância relativa com estimativas de taxa de crescimento e abundância absoluta, geralmente os conjuntos de dados disponíveis representam séries temporais bastante curtas (seqüências com menos de 30 pontos não são incomuns e com mais de 50 pontos são raras). Surge então dessa restrição nos dados um problema importante da inferência estatística, que é a estimação dos parâmetros do modelo dinâmico a partir de um conjunto limitado de informações (Favoretti, 1995).

Usar modelos de dinâmica de populações para analisar um conjunto de dados é conceitualmente similar a usar modelos de análise de variância (de Valpine e Hastings, 2002). Dados biológicos relacionados temporalmente em modelos lineares ou não-lineares com o uso de um grande número de parâmetros, são de difícil análise por incluírem erros no processo demográfico e erros nas observações (de Valpine e Hastings, 2002).

O método mais simples para solucionar problemas que envolvem o erro no processo e o erro de observação é assumir que um dos dois está ausente (Raftery *et al*, 1995; Kinas, 1996); outros métodos incluem ambos os erros, mas requerem que suas variâncias sejam conhecidas ou que pelo menos a razão entre elas o seja, (Schnute, 1994; Richards *et al*, 1997). O que estes métodos tem em comum é uma única trajetória calculada para a população, sendo que os métodos mais recentes incorporam um ajuste, via distribuição

multivariada de probabilidade, de um conjunto completo de possíveis trajetórias para a população à luz dos dados observados (de Valpine e Hastings, 2002).

Em muitas situações de interesse para a Ecologia, é possível que um modelo linear gaussiano não consiga representar o comportamento da dinâmica dos dados de forma satisfatória. Nestes casos será necessário considerar modelos não-lineares com erro não-gaussiano. A não-linearidade torna a estimação dos parâmetros do modelo e cálculos envolvidos mais complexos (Tanizaki, 2001). e não permite resoluções analítica ou numéricas convencionais, pois tipicamente envolve a resolução de integrais complicadas em dimensões muito elevadas. O avanço computacional permitiu o uso de alguns algoritmos específicos, como o Método de Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC) para efetuar as inferências pertinentes (Gamerman, 1996).

Análises estatísticas bayesianas foram popularizadas em aplicações em pesca e em avaliações de unidades populacionais (Sullivan, 1992; Pella, 1993; Schnute, 1994; Kinas, 1996; Meyer e Millar, 2000). Há alguns anos modelos estado-espço bayesianos (Geweke e Tanizaki, 2001), vem sendo aplicados em estudos de dinâmica de populações para estimar os parâmetros de modelos linearizados de Gompertz utilizados no estudo da dinâmica de mamíferos (Lindley, 2003; Wang *et al*, 2006), e peixes (Meyer e Millar, 2000, 1999).

Meyer e Millar (1999) demonstram a aplicação de modelos estado-espço não-lineares bayesianos através de MCMC no software WinBUGS (Spiegelhalter *et al*, 2000) e de Valpine e Hastings (2002) desenvolveram um método alternativo de integração numérica usando modelos estado-espço (Numerically Integrated State-Space Method - NISS). O NISS usa métodos de máxima verossimilhança para a estimativa dos parâmetros desconhecidos dos modelos de população não-lineares (Kitagawa, 1987). Além de ser mais complexo para implementar, é mais restrita nas suas possibilidades que os modelos bayesianos. Por essa razão não será abordado nesta dissertação.

Objetivos

Objetivo geral

O trabalho desenvolvido nesta dissertação tem como objetivo principal a inferência

bayesiana para modelos estado-espço não-lineares e não-gaussianos de dinâmica populacional.

Objetivos específicos

- i) Implementar os modelos não-lineares de Ricker e Beverton-Holt com erro não-gaussiano via MCMC no software R, usando dados simulados como forma de checar o funcionamento correto dos modelos
- ii) Realizar o estudo de caso com dados reais de Baleias Jubarte (*Megaptera novaeangliae*) do Banco de Abrolhos, Bahia, Brasil.

O Capítulo II desta dissertação apresenta os fundamentos teóricos de: a) populações; b) modelos estado-espço; c) conceitos gerais de inferência bayesiana e d) método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. No Capítulo III são apresentados estudos simulados via MCMC com dois diferentes modelos de dinâmica de populações (Beverton-Holt e Ricker), . O Capítulo IV é dedicado à estimação do tamanho da população de baleias Jubartes no Bando de Abrolhos(BA - Brasil). O Capítulo V apresenta as conclusões desta dissertação. Finalizando, os anexos são compostos pelas derivações das soluções para os modelos de dinâmica populacional, e pelos códigos na linguagem R usados para implementações das soluções.

Os modelos de dinâmica de populações apresentados no capítulo II são ilustrativos para comparação com a bibliografia utilizada não sendo o modelo utilizado especificamente no estudo de caso.

2 FUNDAMENTOS TEÓRICOS

O objetivo desse capítulo é descrever os principais conceitos relacionados à presente dissertação. São apresentadas as bases teóricas necessárias para capítulos posteriores. Parte-se de definições simples de modelos de dinâmica de populações, seguido de modelos estado-espço e finalmente chega-se a conceitos gerais de inferência bayesiana.

A seção (2.1) apresenta os conceitos de dinâmica de populações; conceitos estes envolvidos no crescimento populacional e os modelos matemáticos pertinentes de crescimento de uma população. A seção (2.2) é dedicada aos modelos estado-espço mostrando sua formulação matemática e a viabilidade de sua utilização em problemas populacionais. A seção (2.3) é destinada à inferência bayesiana e visa apresentar de maneira sucinta suas formulações matemáticas e respectivos conceitos. A seção (2.4) trata especificamente do Método de Monte Carlo via Cadeia de Markov e para finalizar, a seção (2.5) apresenta os softwares usados nesta dissertação: R e OpenBUGS.

2.1 Populações e conceitos relacionados

Uma população é definida como um grupo de organismos, geralmente da mesma espécie, que ocupa uma área definida durante um período de tempo específico (Odum, 1983). A população possui um grupo de características, que quando mensuradas estatisticamente, não podem ser aplicadas ao individual. Tais características podem ser classificadas em três tipos: o primeiro é a densidade; o segundo é representado pelo grupo de parâmetros populacionais primários que afetam a densidade: taxas de natalidade, mortalidade e

migração; o terceiro descreve características secundárias da população como distribuição etária, composição genética e distribuição espacial (Krebs, 1989).

Defini-se *densidade* de uma população como sendo o número de indivíduos por unidade de área, volume ou habitat. Quando o interesse é conhecer esta densidade, implicitamente o se deseja conhecer é a relação entre seus parâmetros primários e secundários (Krebs, 1989). Informações relativas ao número de nascidos e mortos em um determinado período podem ser transformadas em taxas de natalidade e de mortalidade. A estrutura etária e a razão entre sexos podem caracterizar seu potencial reprodutivo, e alterações nestes ou em outros parâmetros, podem influenciar o número de descendentes em um determinado instante t (Bolen e Robinson, 1999).

Seja N_t o número de indivíduos de uma população em um instante de tempo t , a taxa de variação da população neste instante é dada por

$$\frac{dN}{dt} = \text{nascimentos} + \text{imigrações} - \text{mortes naturais} - \text{emigrações} - \text{capturas} \quad (2.1)$$

onde os termos do lado direito da equação representam taxas de nascimento, migrações e assim por diante.

A equação (2.1) é conhecida como equação do *balanço populacional*. O nível no qual a população se estabiliza na ausência de fatores aleatórios e de captura é chamado de *capacidade de suporte* (K), ou seja, é o tamanho máximo que a população pode alcançar em um determinado cenário ecológico. O *rendimento máximo sustentável*, conhecido por sua abreviação em inglês *MSY*, refere-se à captura máxima que um recurso renovável pode repor através do crescimento natural ou reconstituição (Gulland, 1983). O *MSY* juntamente com a *taxa intrínseca de crescimento* são parâmetros que podem ser usados para a análise da viabilidade da população ao longo do tempo.

Cada população animal apresenta características específicas para seus parâmetros, os quais podem ser alterados com o passar dos anos devido a variações ambientais ou es-

truturais na população. Em geral supõe-se que o crescimento populacional depende do tamanho da população (denso-dependência), assim a taxa de crescimento não é somente a diferença entre as taxas de natalidade e mortalidade, mas também uma função do tamanho da população num dado intervalo de tempo (Dennis *et al.*, 1991).

2.1.1 Modelos de dinâmica de populações

Para o estudo da dinâmica de uma população faz-se uso de *modelos populacionais*, que são representações abstratas e simplificadas das características de uma população em uma determinada área. Em geral, os modelos, são bem mais simples que a real população, e em um grande número de vezes interage-se com esses manipulando valores de parâmetros ou incluindo variáveis de controle com o claro objetivo de melhor compreender a população modelada (Murray, 1993). Modelos que representam uma única população são muito utilizados em simulações e são o primeiro passo para o entendimento de sistemas acoplados que representam uma estrutura complexa entre mais de uma população ou entre várias espécies, por exemplo os modelos presa-predador (Krebs, 1989).

Modelos de estoque-recrutamento são exemplos clássicos de modelos bio-matemáticos baseados em equações diferenciais aplicados a ecologia de populações. Estes modelos são utilizados por diversos autores (Ricker, 1975; Gulland, 1983; Pauly, 1984; Meyer e Millar, 2000) em aplicações a estoques pesqueiros. Seu uso é relatado em trabalhos relacionados a recursos de crescimento lento com limitado potencial reprodutivo como populações de baleias (Punt, 1991). Tais modelos são baseados na relação entre o estoque reprodutor, que se refere à população adulta, e o recrutamento. São chamados de recrutas os indivíduos jovens, adicionados ao estoque parental todos os anos, muitas vezes em pulsos sazonais. Desta forma uma equação logística pode ser usada para modelar a dinâmica da densidade da população.

Na figura (2.1) são apresentados os dois modelos de dinâmica de populações que serão utilizados no próximo capítulo, são eles, modelos de Beverton-Holt e Ricker. Descrições destes modelos constam nas próximas seções.

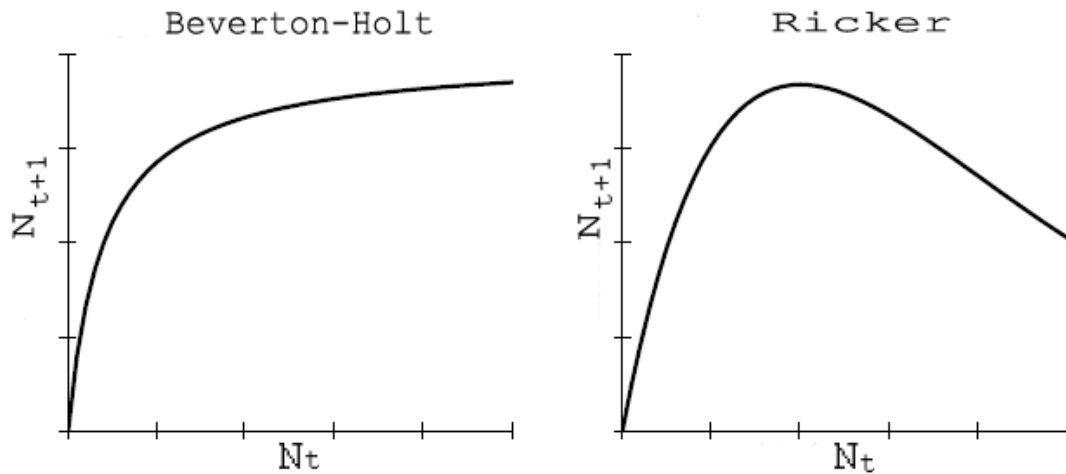


Figura 2.1: Modelos de Ricker e Beverton-Holt

2.1.1.1 Modelo de Beverton-Holt (1957)

O modelo de estoque-recrutamento de Beverton-Holt baseia-se na suposição que a competição de indivíduos juvenis de uma população resulta em uma taxa de mortalidade linearmente dependente do número de indivíduos vivos no grupo a qualquer momento t . É um modelo clássico de dinâmica de populações discreto no tempo, resultando no número de indivíduos N_{t+1} no tempo $t + 1$ em função do número dos indivíduos na geração precedente N_t .

O modelo de Beverton-Holt (BH) pode ser obtido pela resolução da equação diferencial

$$\frac{dN}{dt} = -(M + \alpha \cdot N) \cdot N \quad (2.2)$$

onde M é a taxa denso-independente de mortalidade natural e $\alpha \cdot N$ é a taxa denso-dependente de mortalidade natural. A equação (2.2) pode representar uma grande variedade de fenômenos biológicos (Hilborn e Walters, 1992). A resolução da equação (2.2) escrita na forma de mapa (ver ANEXO I):

$$N_{t+1} = N_t \cdot \frac{\lambda}{1 + \gamma \cdot N_t} \quad (2.3)$$

N_{t+1}	tamanho da população no ano $t + 1$
N_t	tamanho da população no ano t
λ	taxa de crescimento a população quando esta é pequena
$\frac{\lambda-1}{\gamma}$	tamanho de equilíbrio da população
$\frac{\lambda}{\gamma}$	limite máximo de N

Esta equação prevê que N aumenta de forma monotômica a partir de zero, com uma taxa de aumento que diminui gradualmente a medida que N aumenta, pressupondo a estabilidade em $\frac{\lambda}{\gamma}$ que é o limite máximo de crescimento.

O tamanho de equilíbrio população depende do valor da taxa de crescimento e do balanço entre nascimentos e mortes quando a população é muito pequena.

2.1.1.2 Modelo de Ricker (1954)

O modelo de Ricker (RK) é um outro modelo clássico de dinâmica de populações discreto no tempo que dá a densidade N_{t+1} em função do número dos indivíduos na geração precedente N_t .

William Ricker (1908-2001) foi um dos cientistas mais influentes da ecologia marinha, que entre outros trabalhos, dedicou-se ao estudo de salmões que sobem os rios da costa da British Columbia, no Canadá. Como os rios onde as desovas ocorrem são pequenos, um excesso de desovantes torna as condições de sobrevivência sub-ótimas, sendo verificada uma grande mortalidade sobre ovos e larvas pelo canibalismo realizado pelos salmões parentais.

Para obter a curva de Ricker deve-se escrever a taxa de mudança de tamanho da população como

$$\frac{dN}{dt} = -(M + \beta \cdot N_0) \cdot N \quad (2.4)$$

onde N é o tamanho da população em qualquer momento antes de recrutamento, N_0 é o estoque desovante inicial e proporcional ao tamanho da coorte, M é a taxa denso-independente de mortalidade natural e $\beta \cdot N_0$ é a taxa denso-dependente de mortalidade

natural. A presença do termo denso-dependente $\beta.N_0$ significa que a taxa de mortalidade natural é proporcional à abundância da população parental. Esta forma de mortalidade poderia resultar de processos tais como o canibalismo, concentração dos predadores, ou concorrência para a desova em sítios específicos (Hilborn e Walters, 1992).

Ao contrário de Beverton-Holt, este modelo prevê um aumento de N até que o máximo N_{max} seja atingido, após isso N decresce. A resolução da equação (2.4) escrita na forma de mapa (ver ANEXO II) como:

$$N_{t+1} = N_t \cdot e^{r-b.N_t} \quad (2.5)$$

N_{t+1}	tamanho da população no ano $t + 1$
N_t	tamanho da população no ano t
r	taxa intrínseca de crescimento da população

Pode-se concluir basicamente que para o modelo de Ricker um grande N_t produz um pequeno N_{t+1} como resultado do forte efeito da dependência. Para o modelo de Beverton-Holt, um grande N_t , produz N_{t+1} limitado em $\frac{\lambda}{\gamma}$, com isso grandes populações não produzem ruídos no tempo seguinte (de Valpine e Hastings, 2002).

2.1.1.3 *Linearização dos modelos de Beverton-Holt e Ricker e inclusão do termo estocástico*

A inclusão de componentes estocásticos nestes modelos permite que outras variações e ruídos não previstos no componente determinístico façam parte da análise. Para os modelos escolhidos de Beverton-Holt e Ricker, o uso do logaritmo natural é conveniente para a estimação dos parâmetros (Dennis e Taper, 1994), então define-se

$$n_t = \log(N_t) \quad (2.6)$$

e ν_t como a variável aleatória que corresponde ao erro do processo no tempo t .

Para o modelo de Beverton-Holt obtem-se a equação (2.7)

$$\begin{aligned}n_{t+1} &= F_{BH}(n_t, \nu_t) \\ &= n_t + \log(\lambda) - \log(1 - \gamma \cdot e^{n_t}) + \nu_t\end{aligned}\tag{2.7}$$

e para o modelo de Ricker obtem-se a equação (2.8)

$$\begin{aligned}n_{t+1} &= F_R(n_t, \nu_t) \\ &= n_t + r - b \cdot e^{n_t} + \nu_t\end{aligned}\tag{2.8}$$

2.2 Modelos Estado-Espaço

Originalmente desenvolvidos para sistemas de controle em engenharia, os modelos estado-espço são uma família flexível de modelos que permitem a modelagem de variados cenários para séries temporais, nas mais diversas áreas das ciências, sendo uma poderosa ferramenta de análise (Harvey, 1989). Atualmente também são utilizados de forma ampla para estimação de parâmetros e predição em modelos populacionais dinâmicos. Por meio de sistemas dinâmicos estado-espço é possível, por exemplo, modelar o comportamento das diferentes componentes de uma série (tendência, sazonalidade e ciclo) de interesse.

Algumas definições fundamentais para sistemas estado-espço são necessárias: a definição de *estado*, *estado-espço* e *variáveis de estado*.

Definição 2.2.1 (Estado) *O estado de um sistema é o menor conjunto de variáveis (denominadas variáveis de estado) tal que o conhecimento dessas variáveis no tempo $t = t_0$ juntamente com o conhecimento das entradas para $t \geq t_0$ determinam completamente o comportamento do sistema em qualquer tempo $t \geq t_0$ (Hsu, 1995).*

Definição 2.2.2 (Estado-espço) *Define-se estado-espço como o espaço abstrato no qual se realiza o estudo qualitativo de um sistema dinâmico (Monteiro, 2002), recorrendo ao espaço matemático de todas as possíveis verdadeiras trajetórias da população*

que são distribuídas conjuntamente com qualquer conjunto de observações (de Valpine, 2003).

Definição 2.2.3 (Variáveis de estado) *As variáveis de estado de um sistema dinâmico representam o menor conjunto de variáveis que determinam um estado do referido sistema dinâmico. Se pelo menos i variáveis x_1, x_2, \dots, x_i são necessárias para descrever completamente o seu comportamento, então as i variáveis denominam-se variáveis de estado.*

A idéia básica por trás dessa estrutura é que o passado de uma série temporal podem conter informações sobre a variável de estado e podem contribuir para a definição de um novo estado (Casdagli *et al.*, 1991). Os modelos estado-espço incluem três tipos fundamentais de quantidades: as variáveis não-observáveis de estado (X), as variáveis de observações da série (Y), e os parâmetros do modelo (θ).

A forma geral de um modelo estado-espço é aplicado a uma série temporal multivariada Y_t contendo i elementos. Tais variáveis observáveis estão relacionadas ao *vetor de estados* através de uma *equação de observações* (Harvey, 1989).

O vetor de estado contém toda a informação referente ao movimento do sistema no tempo. Assume-se que o estado da população no tempo t é um vetor X_t , e considera-se $X = (X_1, X_2, \dots, X_T)$ a matriz que armazena todos os estados da população no período estudado $1, 2, \dots, T$. Da mesma forma a observação no tempo t é um vetor Y_t , e considera-se $Y = (Y_1, Y_2, \dots, Y_T)$ a matriz que armazena todas as observações no período estudado T .

A evolução temporal dos estados e das observações é dada pelo seguinte sistema.

$$X_{t+1} = F_{\theta_p}(X_t, \nu_t) \quad (2.9)$$

$$Y_t = G_{\theta_o}(X_t, \epsilon_t) \quad (2.10)$$

Esse sistema incorpora o vetor de *erros do processo* (ν_t), que é a estocasticidade nas mudanças de estado e o vetor de *erros de observação* (ϵ_t), sendo este a expressão dos resíduos entre observações e os verdadeiros estados da população. Juntos, esses erros complicam a relação estatística entre parâmetros e dados (de Valpine e Hastings, 2002). Supõe-se que F é uma função conhecida e parametrizada por θ_p e determina o novo estado da população X_{t+1} como função do estado anterior X_t e do erro no processo ν_t ; e G outra função conhecida e parametrizadas por θ_o e determina o processo de observação de Y_t com erro ϵ_t . Onde (2.11) são os parâmetros do modelo.

$$\theta = (\theta_p, \theta_o) \tag{2.11}$$

Após as incorporações desses erros no modelo é possível calcular a distribuição de probabilidade das quantidades desconhecidas (X, θ) condicionadas às quantidades conhecidas (Y), simbolizado por $P(X, \theta|Y)$, ou seja a distribuição do vetor de estados e dos parâmetros condicionada as observações. É oportuno destacar que esses cálculos envolvem integrações em altas dimensões que por via de regra são extremamente difíceis de efetuar. Mais detalhes serão apresentados na seção de Inferência Bayesiana.

O uso de modelos estado-espaco para a dinâmica de uma população animal e suas observações, tipicamente procura descrever a verdadeira, mas não-observável, demografia desta população em cada tempo t bem como suas alterações com o passar do tempo (Newman, Fernandez e Buckland,2008). Obter estimativas do tamanho de uma população (X_t) para um determinado instante t , não é de fácil resolução visto que esses valores são latentes, precisando ser estimados a partir dos dados observados (Y_t) que se associam a X_t através de um modelo probabilístico. As propriedades de densidade-dependência que são bastante relevantes em modelos ecológicos ou de dinâmica de populações implicam não-lineariedade das funções F e/ou G .

Quando os modelos utilizados são lineares algumas simplificações podem ser feitas.

Modelos lineares gaussianos, que são um caso particular de modelos estado-espço (Harvey, 1989), já são usados para o estudo de populações animais (Schnute, 1994) e admitem uma resolução analítica através do uso do filtro de Kalman (Kalman, 1960). O filtro de Kalman é um conjunto de equações matemáticas que constituem um processo recursivo eficiente de estimação de θ , em que o erro quadrático é minimizado. A estrutura para estes modelos estado-espço é dada pelas equações (2.12) e (2.13). Onde A é uma matriz $m \times m$, X_t , X_{t+1} e ν_t são vetores $m \times 1$ que contém as variáveis de estado não-observáveis, Y_t e ϵ_t são vetores $n \times 1$ e B é uma matriz $n \times m$.

$$X_{t+1} = A.X_t + \nu_t \quad (2.12)$$

$$Y_t = B.X_t + \epsilon_t \quad (2.13)$$

Em casos onde o modelo é não-linear e o erro é gaussiano pode-se calcular a verossimilhança através de um filtro de Kalman estendido que lineariza um modelo não-linear em torno de uma trajetória dada.

2.3 Inferência Bayesiana

As equações dos modelos de Beverton-Holt (2.3) e Ricker (2.5) no contexto dos modelos estado-espço são as equações dos *estados do processo*. Como para esses modelos o interesse geral é fazer estimativas de taxa de crescimento, abundância absoluta e índices de abundância relativa de uma determinada população animal, os dados disponíveis são representados por um vetor de observações, que em geral é uma série de capturas, $Y = (y_1, y_2, \dots, y_T)$ sendo T o tamanho da amostra, ou seja, o período estudado.

Há várias maneiras de proceder para encontrar as estimativas desejadas, em especial os método de máxima verossimilhança e a sua generalização, o método Bayesiano (De-groot e Schervish, 2002). Os estimadores bayesianos são vantajosos para modelos com

populações finitas e amostras pequenas pois nestes casos as propriedades assintóticas exigidas pelo método de verossimilhança não são satisfeitas (Degroot e Schervish, 2002). Na *inferência bayesiana* todas as estimativas para as quantidades de interesse são baseadas em distribuições de probabilidades e além da informação proveniente da amostra, todo o conhecimento *a priori* disponível sobre elas é utilizado, o que pode ser de muita utilidade na avaliação de modelos ecológicos (Ellison, 2004).

Quando a informação nos dados é limitada, toda a informação *a priori* é demasiadamente importante para ser ignorada na construção de modelos (Burnham e Anderson, 2002). No contexto bayesiano esta informação é quantificada em termos de uma distribuição de probabilidades $P(\theta)$ nomeada de *distribuição a priori* (Jeffreys, 1998). Esta distribuição *a priori* pode ser considerada como uma medida de credibilidade que é atribuída pelo pesquisador no momento da análise a um parâmetro particular θ , baseado nos conhecimentos científicos disponíveis sobre o fenômeno em estudo. Além da informação *a priori* considera-se a informação obtida da amostra $P(Y|\theta)$ condicionada aos valores de θ . Como função de θ essa probabilidade é denominada verossimilhança e expressa por $L(\theta, Y)$.

Quando o interesse está no conhecimento não só de θ mas também do vetor de estados latentes $X = (x_1, x_2, \dots, x_T)$ então a inferência bayesiana consiste em obter a distribuição de probabilidade de X e θ condicionado aos dados de Y , ou seja, obter $P(X, \theta|Y)$. No jargão estatístico esta distribuição de probabilidade é denominada de *distribuição a posteriori* para (X, θ) . Esta distribuição representa o conhecimento sobre todas as quantidades desconhecidas condicionado a Y no momento da inferência.

A partir da distribuição *posteriori* conjunta $P(X, \theta|Y)$, as distribuições *posteriores* $P(X|Y)$ e $P(\theta|Y)$ podem ser calculadas por marginalização:

$$P(X|Y) = \int P(X, \theta|Y) d\theta \quad (2.14)$$

$$P(\theta|Y) = \int P(X, \theta|Y)dX \quad (2.15)$$

Em (2.14) está sendo estimada a série de estados $X = (x_1, x_2, \dots, x_T)$ e em (2.15) é estimado o vetor dos parâmetros (2.11), ou seja, $P(X|Y)$ que envolve a função de F e $P(\theta|Y)$ é *a posteriori* para θ . Para chegar na distribuição conjunta de interesse $P(X, \theta|Y)$ a partir de $P(Y|\theta)$ e $P(\theta)$ é necessário o uso do *Teorema de Bayes*.

Teorema 2.3.1 (Teorema de Bayes) *Sejam A e B variáveis aleatórias com funções de densidade de probabilidade P(A) e P(B) respectivamente. O teorema de Bayes relaciona as probabilidade de A e B com as respectivas probabilidades condicionadas mútuas, afirmando que:*

$$P(B|A) = P(A|B) \cdot \frac{P(B)}{P(A)} \quad (2.16)$$

Onde:

$$P(A) = \int P(A|B) \cdot P(B)dB \quad (2.17)$$

Com a aplicação do Teorema de Bayes tomando $A = Y$ e $B = \theta$ tem-se que:

$$P(\theta|Y) = \frac{L(\theta, Y) \cdot P(\theta)}{P(Y)} \quad (2.18)$$

aonde definimos

$$L(\theta, Y) = P(Y|\theta) = \int P(Y|X, \theta)P(X|\theta)dX. \quad (2.19)$$

A função de verossimilhança (2.19) formaliza a contribuição dos dados amostrais para o conhecimento sobre θ , visto que conecta a distribuição *a priori* à distribuição *a*

posteriori e é esta função que carrega a dificuldade e complicação para os cálculos devido ao envolvimento dos estados latentes X .

O problema básico da implementação da análise Bayesiana refere-se às integrações numérica da função densidade de probabilidade *a posteriori* $P(X, \theta|Y)$. Tal integração, por métodos analíticos, é geralmente difícil ou esta solução analítica é conhecida na prática, devido à complexidade envolvida na função de verossimilhança $L(\theta, Y)$. Conseqüentemente recorre-se a procedimentos de simulação estocástica (Gamerman, 1996). O método de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC) tem se popularizado em inferência Bayesiana como uma alternativa apropriada e eficiente para a resolução de integrais principalmente em ambientes multidimensionais (Paulino, Turkman e Murteira, 2003; Gelman e Rubin, 1992).

2.4 Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC)

Os métodos de Monte Carlo (*MC*) englobam o ramo da matemática ligado a experimentos com números aleatórios. A sua aplicação estende-se aos mais diversos ramos das ciências. Segundo Bussab e Morettin (2002) uma das primeiras aplicações desses métodos surgiu do estudo da difusão aleatória de nêutrons num material radioativo durante a Segunda Guerra Mundial.

Tipicamente os métodos de *MC* envolvem a geração de observações de alguma distribuição de probabilidade e o uso da amostra obtida para aproximar a função de interesse, sendo muito úteis sob o ponto de vista de inferência bayesiana, pois permitem resolver integrais do tipo

$$P(Y) = \int P(Y|\theta)P(\theta)d\theta \quad (2.20)$$

O método consiste em gerar uma seqüência suficientemente grande de amostras aleatórias independentes $\theta_i, i = 1, \dots, n$, da distribuição $P(\theta)$, aproximando a integral (2.20) à média empírica da função $P(Y|\theta)$ sobre a amostra gerada. Uma definição geral pode ser dada por:

Definição 2.4.1 (Método de Monte Carlo) *é a aproximação de um valor esperado pela média da amostra de uma função de variáveis aleatórias simuladas (Anderson, 1999).*

$$\int P(Y|\theta)P(\theta)d\theta \approx \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P(Y|\theta_i) \quad (2.21)$$

$$\hat{E}_\theta[P(Y)] \quad (2.22)$$

A limitação do método de *MC* está na dificuldade de gerar amostras da distribuição de interesse $P(\theta)$ quando a sua expressão analítica é muito complexa ou θ é um vetor em alta dimensão (Paulino, Turkman e Murteira, 2003).

Outro conceito que precisa ser estendido é o de *Cadeia de Markov*, que está inserido na teoria de processos estocásticos a qual estuda coleções de variáveis aleatórias, levando em consideração a sua interdependência temporal e o seu comportamento limite (Gamerman, 1996).

Definição 2.4.2 (Processo estocástico) *Processo estocástico é uma coleção de variáveis aleatórias x_t $t \in T$, onde T é o espaço de índices ou parâmetros. (Gamerman, 1996).*

Definição 2.4.3 (Propriedade markoviana) *Um processo satisfaz a propriedade markoviana de 1^a ordem se a sua distribuição de probabilidade no tempo futuro $t + 1$ dados os comportamentos nos tempos passados $t, t - 1, t - 2, \dots, t - n$, depende unicamente do estado atual t (Grimmett e Stirzaker, 1985).*

$$P(X_{t+1}|X_t, X_{t-1}, \dots) = P(X_{t+1}|X_t) \quad (2.23)$$

Definição 2.4.4 (Cadeia de Markov) *Denomina-se Cadeia de Markov uma seqüência $x_1, x_2, x_3, \dots, x_T$ de variáveis aleatórias, que satisfazem a propriedade markoviana.*

Desta forma, as Cadeias de Markov são processos estocásticos que podem ser usados para modelar sistemas de diversas naturezas, sendo que ainda descrevem o movimento probabilístico entre uma série de estados (Albert, 2007). Existe uma série de eventos estocásticos através do qual o estado do processo no próximo passo tempo, $t + 1$, depende:

- a) do estado atual do processo (i.e. contido na matriz de estados)
- b) da probabilidade de alteração de um estado para outro no próximo passo de tempo (i.e. definido na matriz de transição)

As probabilidades de transição de um estado para outro são dadas por:

$$p(i, j) = P(x_{t+1} = i | x_t = j) \quad (2.24)$$

Uma cadeia é chamada *homogênea* no tempo se as probabilidades de transição são as mesmas para todo t . Um conjunto de estados (i, j) que se comunicam entre si formam uma classe de equivalência e uma cadeia de Markov homogênea é *irredutível* se tem apenas uma classe de equivalência.

$$p(i, j)_m = P(x_{t+m} = j | x_t = i) \quad (2.25)$$

Para uma cadeia de Markov discreta irredutível pode-se definir π_j como sendo a proporção de períodos que o processo se encontra no estado j no decorrer da cadeia a longo prazo. A *distribuição estacionária* é definida por

$$\begin{aligned} \pi_j, j = 1, \dots, J \\ \pi_j = \sum_{i=1}^J \pi_i \cdot p(i, j), \\ \sum_{j=1}^J \pi_j = 1 \end{aligned} \quad (2.26)$$

Se a cadeia está em um determinado estado, e se pode voltar a esta situação em intervalos regulares, a cadeia Markov é definida como *periódica*. Se a cadeia não oscila, ou

seja, se para algum $t \geq 0$ e algum j ,

$$\begin{aligned} P(x_t = j | x_0 = j) &> 0 \\ P(x_{t+1} = j | x_0 = j) &> 0 \end{aligned} \tag{2.27}$$

é chamada de uma cadeia *aperiódica* (Albert, 2007).

Ao se iniciar uma cadeia em diferentes lugares do vetor estado-espaco e desenvolvê-la por um tempo suficientemente longo, a cadeia irá convergir para a sua distribuição de equilíbrio, ou seja, sua distribuição *estacionária* (Gamerman, 1996).

A convergência para a distribuição de interesse é obtida a partir de uma cadeia de Markov aperiódica

$$\pi_j = \lim_{t \rightarrow \infty} P(x_t = j), j = 1, \dots, J \tag{2.28}$$

Uma cadeia de Markov *reversível* no tempo é uma cadeia irreduzível na qual a distribuição estacionária de interesse pode ser obtida tanto movendo-se do estado i para j , como de j para i

$$\pi_i \cdot p(i, j) = \pi_j \cdot p(j, i) \tag{2.29}$$

Ao associar os conceitos de método de Monte Carlo e Cadeias de Markov, a idéia do método de MCMC é simular uma cadeia de Markov que tem como sua distribuição estacionária a distribuição de $P(\theta|Y)$ que se pretende simular. A metodologia de MCMC simplifica este cálculo fatorando esta distribuição em um conjunto de distribuições condicionais, de dimensão inferior e que podem ser mais facilmente simuladas.

Como construir a matriz de transição e por quanto tempo a cadeia precisa ser percorrida até que sua amostra reflita a distribuição estacionária, são dois problemas relacionados e relevantes no processo.

Os valores iniciais influenciam o comportamento da cadeia em sua fase inicial. Conforme o número de iterações aumenta, a cadeia gradualmente esquece os valores iniciais

e eventualmente converge para uma distribuição de equilíbrio. Assim, em aplicações práticas é comum que as d iterações iniciais sejam descartadas, como se formassem uma amostra de aquecimento e as $(D - d)$ simulações finais constituem a amostra desejada.

O problema então consiste em construir algoritmos que gerem cadeias de Markov que converge para a distribuição de interesse. Os algoritmos de Metropolis-Hastings e Amostrador de Gibbs são alternativas para a construção das cadeias apropriadas e resolução deste problema.

O amostrador de Gibbs realiza a estimação amostrando diretamente das distribuições condicionais. Uma limitação é que todas as distribuições condicionais precisam ser conhecidas analiticamente. Caso não seja possível amostrar da distribuição condicional analítica, uma idéia alternativa é utilizar o algoritmo de Metropolis-Hastings, que pode ser visto como uma generalização do método de aceitação-rejeição de simulação de variáveis aleatórias para a amostragem de distribuições condicionais.

2.4.1 Algoritmo de Metropolis-Hastings (M-H)

Quando as distribuições condicionais *a posteriori* não são facilmente identificadas como tendo uma forma padrão (Normal, Gama, etc.), e a geração direta de amostras a partir destas distribuições se torna impossível faz-se uso do algoritmo de Metropolis-Hastings. Este algoritmo foi desenvolvido primeiramente por Metropolis *et al.* (1953) e mais tarde aperfeiçoado por Hastings (1970).

A cadeia de Markov usada pelo algoritmo é irredutível e aperiódica cuja distribuição estacionária é a distribuição *posteriori* aqui simbolizada simplesmente por π_j .

Suponha que no tempo t a cadeia esteja no estado i ($x^t = i$) e um valor j é gerado de uma distribuição proposta $q(\cdot|i)$. A distribuição proposta pode depender do estado atual da cadeia, por exemplo usando uma distribuição normal centrada em i . O novo valor $x^{t+1} = j$ é aceito com probabilidade

$$\alpha(i, j) = \min \left(1, \frac{\pi(j)q(i|j)}{\pi(i)q(j|i)} \right) \quad (2.30)$$

Quando rejeitado, mantém-se o valor anterior, $x^{t+1} = i$. O algoritmo de Metropolis-Hastings pode ser descrito da seguinte forma:

1. inicializar o contador de iterações $n = 0$ e especificar um valor inicial $x^{(0)}$;
2. gerar um novo valor w da distribuição $q(\cdot|x^0)$;
3. calcular a probabilidade de aceitação $\alpha(x^0, w)$;
4. gerar $u \sim U(0, 1)$;
5. se $u \leq \alpha$ então $x^{(n+1)} = w$, senão $x^{(n+1)} = x^{(n)}$;
6. incrementar o contador de n para $n + 1$ e voltar para o passo 2.

2.4.2 Amostrador de Gibbs

O Amostrador de Gibbs é um caso particular do algoritmo de Metropolis-Hastings e utilizado por Gelfand e Smith (1990) para simular distribuições *a posteriori*. Este algoritmo é essencialmente um esquema iterativo de amostragem de uma cadeia de Markov cujo núcleo de transição é formado pelas distribuições condicionais completas (Geman, 1996). As amostras são geradas a partir de distribuições arbitrárias complicadas e multidimensionais através de distribuições condicionais complexas de cada variável.

Seja $X = (X_1, X_2, \dots, X_T)$ um vetor aleatório com dimensão T e com função densidade de probabilidade conjunta $P(X) = P(X_1, X_2, \dots, X_T)$. Para cada i uma observação aleatória deve ser gerada a partir da densidade condicional $P_i(X_i|X_{-i})$, com X_{-i} o vetor com a observação X_i removida.

O algoritmo do Amostrador de Gibbs pode ser descrito como:

1. escolher arbitrariamente os valores iniciais $x^{(0)} = (x_1^{(0)}, x_2^{(0)}, \dots, x_T^{(0)})$;
2. obter um novo valor $x^{(j)} = (x_1^{(j)}, x_2^{(j)}, \dots, x_T^{(j)})$ a partir de $x^{(j-1)}$ através de sucessivas gerações de valores

$$x_1^{(j)} = P(x_1|x_{-1}^{(j)}, x_3^{(j-1)}, \dots, x_T^{(j-1)})$$

$$x_2^{(j)} = P(x_2|x_{-2}^{(j-1)})$$

⋮

$$x_T^{(j)} = P(x_1|x_{-T}^{(j)});$$

3. mudar o contador j para $j + 1$ e retornar para o passo 2;
4. realizar D iterações até que ocorra a convergência.

O vetor aleatório $x^{(j)}$ converge para as distribuições verdadeiras de x para $j = 1, 2, \dots, D$ quando D tende ao infinito e as transições baseiam-se nas distribuições condicionais completas das componentes do vetor X .

2.4.3 Diagnósticos de convergência

Sempre que é realizada uma simulação via MCMC, os algoritmos de M-H ou Gibbs geram amostras que convergem para a distribuição desejada, mas nada garante que o tempo estipulado para a simulação seja suficiente para que esta convergência ocorra. Assim é preciso considerar a existência ou não da convergência bem como a existência ou não de independência entre os valores gerados.

Um dos meios mais fáceis de determinar a ocorrência da convergência é simplesmente visualizar o estado da cadeia ao longo das iterações, através da construção gráfica da densidade *a posteriori*, servindo para uma análise preliminar e informal dos resultados (Gamerman, 1996). Outra maneira de verificar a convergência de uma cadeia são métodos baseados em propriedades estatísticas da cadeia de Markov, e que consistem na verificação da estabilidade das estimativas produzidas pelos métodos de simulação (Gamerman, 1996).

Existe um grande número de métodos de diagnóstico sendo estas ferramentas importantes para a verificação da convergência de uma cadeia de Markov. Os testes diagnósticos mais usuais são: de Geweke (1992), Gelman e Rubin (1992), Raftery-Lewis (1992) e de autocorrelação.

2.4.3.1 Diagnóstico de convergência de Geweke (1992)

O método de Geweke é usado para uma única cadeia e consiste na divisão das variáveis geradas por simulação, em duas séries. A primeira das séries contém os primeiros r valores gerados e a segunda contém os últimos s valores gerados, com médias m_r e m_s respectivamente. Se a cadeia como um todo for estacionária, as médias dos valores da primeira e da segunda série serão semelhantes. O método utiliza uma estatística de teste Z para diagnóstico de convergência, calculada como a diferença entre essas duas médias, dividido pelo erro padrão das diferenças. Esta estatística segue assintoticamente uma distribuição normal com média 0 e desvio padrão 1 (Gamerman, 1996).

$$Z_{score} = \frac{m_r - m_s}{\sqrt{\frac{S_r^2}{m_r} + \frac{S_s^2}{m_s}}} \xrightarrow{n \rightarrow \infty} N(0, 1) \quad (2.31)$$

Com a cadeia suficientemente grande, Z_{score} se aproxima da distribuição normal padronizada. Valores de Z_{score} situados nos extremos da distribuição indicam que a cadeia não convergiu completamente e que um número maior de simulações precisa ser executado.

2.4.3.2 Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin (1992)

Neste diagnóstico realiza-se uma análise de variância para duas ou mais cadeias, de mesmo comprimento, com pontos iniciais diferentes. Com cadeias paralelas pode-se obter a variância entre as cadeias e dentro de cada cadeia, havendo convergência quando a variância entre as cadeias for menor ou igual a variância dentro da cadeia.

Considerando m cadeias geradas $U_i^{(1)}, U_i^{(2)}, \dots, U_i^{(n)}, i = 1, 2, \dots, m$ em paralelo e uma função U do parâmetro que se deseja estimar. Dentro de cada cadeia a média é dada por (2.32) e variância por (2.33).

$$\bar{U}_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n U_i^{(j)} \quad (2.32)$$

$$S_i^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^n (U_i^{(j)} - \bar{U}_i)^2 \quad (2.33)$$

Com (2.32) e (2.33) se obtém (2.34) que é a média das variâncias dentro das cadeias (Paulino, Turkman e Murteira,2003).

$$DC = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m S_i^2 \quad (2.34)$$

A variância entre cadeias é dada por (2.36), onde \bar{U}_i é a média da cadeia i (2.32) e \bar{U} é a média global (2.35).

$$\bar{U} = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \bar{U}_i \quad (2.35)$$

$$EC = \frac{n}{m-1} \sum_{i=1}^m (\bar{U}_i - \bar{U})^2 \quad (2.36)$$

A variância alvo pode ser estimada como uma média ponderada de EC e DC:

$$\hat{V}[U] = \left(1 - \frac{1}{n}\right) \cdot DC + \left(\frac{1}{n}\right) \cdot EC, \quad (2.37)$$

e a ocorrência ou não da convergência é obtida por um *fator de redução de escala*:

$$\sqrt{\hat{R}} = \sqrt{\frac{\hat{V}}{EC}} \quad (2.38)$$

O fator \hat{R} pode ser usado como indicador de convergência. Gelman e Rubin (1992) sugerem aceitar que houve convergência para valores $1 \leq \hat{R} \leq 1,1$.

2.4.3.3 Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis (1995)

O método Raftery e Lewis destaca-se em relação aos outros pois visa estimar qual o número de iterações necessárias, ou seja, o comprimento da cadeia, para que se possa garantir a convergência (Gamerman, 1996). O método sugere valores M , N e k , sendo M o número de iterações pré-convergência que devem ser descartadas, N o número de iterações que devem ser efetuadas após M e k o número de iterações que devem usadas como espaçamento entre os valores que serão usados para a inferência. Esse espaçamento pode ser necessário para garantir a independência entre os valores.

Dada uma função U de interesse, deseja-se estimar o quantil q corresponde a $P(U \leq u | \text{dados})$ com probabilidade d e erro $\pm r$. O primeiro passo é formar uma nova cadeia de zeros e uns dada por:

$$Z_{(j)} = I(U_{(j)} \leq u) \quad (2.39)$$

Esta cadeia não é uma cadeia de Markov, então são escolhidos alguns valores de $Z_{(j)}$ a partir de uma cadeia intercalada por k . A cadeia originada é aproximadamente uma cadeia de Markov de segunda ordem, ou seja, com dependência em dois estágios passados, com matriz de transição dada por (2.40) e distribuição estacionária (2.41)

$$T = \begin{pmatrix} 1 - \alpha & \alpha \\ \beta & 1 - \beta \end{pmatrix} \quad (2.40)$$

$$\begin{aligned} \pi &= (\pi_0, \pi_1) = \left(\frac{\beta}{\alpha + \beta}, \frac{\alpha}{\alpha + \beta} \right) \\ \pi_0 &= 1 - \pi_1 = P(U \leq u | \text{dados}) \end{aligned} \quad (2.41)$$

O número de iterações pré-convergência, M é dado por $M = km$, onde m é dado por

$$m \geq \frac{\log \frac{(\alpha + \beta)\epsilon}{\max(\alpha, \beta)}}{\log(1 - \alpha - \beta)} \quad (2.42)$$

sendo ε a distância entre $P(U_m^{(k)} = i | U_0^{(k)} = j)$, para $i, j = 0, 1$.

O número de iterações finais N é dado por $N = kn$ e acontece para valores de n dado por

$$n \geq \frac{(2 - \alpha - \beta)\alpha\beta}{(\alpha + \beta)^3 r^2} \left(\phi \left(\frac{d+1}{2} \right) \right)^2 \quad (2.43)$$

Onde ϕ é a densidade da distribuição normal reduzida.

Desta forma, de maneira simplificada, o número de iterações sugerido pelo método é baseado no valor da variância da distribuição binomial e a estatística do teste é dada por:

$$I = \frac{N}{N_{min}} \quad (2.44)$$

O valor de N_{min} para o padrão do diagnóstico para a precisão de 95% é de 3.746 iterações do amostrador de Gibbs, desta forma caso a cadeia não permita isso é possível que a precisão seja diminuída.

Valores de $I > 5$ indicam que provavelmente a cadeia apresenta problemas de convergência e valores de I próximos a 1 indicam que a cadeia converge.

2.4.4 R e BUGS

O R (www.r-project.org), uma linguagem de programação de código aberto criada originalmente para cálculos estatísticos e gráficos, é também conhecida como GNU S pelo fato de se basear na linguagem S de John Chambers do Bell Labs. Foi desenvolvida por Ross Ihaka e por Robert Gentleman na Universidade de Auckland, Nova Zelândia.

As potencialidades do R são extendidas através de bibliotecas com técnicas estatísticas especializadas, dispositivos gráficos, assim como programações conectadas às potencialidades de importação/exportação para diversos formatos de dados externos. Estas bibliotecas são fornecidas pelos usuários do R. Um conjunto de pacotes é incluído com a instalação padrão do R e outros tantos estão disponíveis nos repositórios por toda rede.

O software *BUGS* (Bayesian inference Using Gibbs Sampling) é um software de

acesso livre, www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs, o qual permite a realização de inferência bayesiana usando amostrador de Gibbs. O *BUGS* é formado por um conjunto de funções que permitem a especificação de modelos e das distribuições de probabilidade para todos componentes aleatórios (observações e parâmetros), através de uma especificação relativamente simples dada a complexidade dos modelos que podem ser contemplados (Gamerman, 1996).

A versão com código aberto deste software é o *OpenBUGS* e a biblioteca *BRugs* é uma das opções para seu uso com o *R* e permite que o método de Monte Carlo via cadeia de Markov seja implementado de uma maneira bastante eficaz.

Para melhor compreensão e verificação da convergência das cadeias criadas, os métodos diagnósticos de convergência citados nas seções anteriores podem ser encontrados no software *CODA*, no qual é possível fazer um estudo exaustivo das cadeias e ainda verificar a existência ou não de autocorrelação. Este software pode ser obtido para uso no *R* através de uma biblioteca de nome *CODA*.

3 ESTIMAÇÃO VIA MCMC EM MODELOS POPULACIONAIS ESTADO-ESPAÇO UTILIZANDO DADOS SIMULADOS

Com a avaliação de um recurso que compreende uma análise histórica da evolução da abundância da sua população pode-se examinar como diferentes estratégias de ação podem contribuir para a exploração sem risco de colapso. A caracterização do seu estado de exploração, a projeção do seu tamanho populacional para anos futuros e a determinação de índices de referência biológica são fundamentais para o manejo sustentável.

O uso de modelos estado-espaco permitem que a variaçao da abundancia de um recurso seja estimada com base nos dados de captura ou por captura por unidade de esforço da populaçao. Neste capítulo um estudo foi realizado para verificar a performance do mecanismo de simulaçao via MCMC, usando biomassas simuladas a partir de modelos com parâmetros conhecidos como dados de entrada. O objetivo primordial é a verificaçao do efeito do uso de uma única ou várias cadeias e da admissao de diferentes intervalos de amostragem (lag) na simulaçao das *posterioris*.

A seçao 1 apresenta a geraçao dos dados; na seçao 2 é definido o modelo estado-espaco utilizado; a seçao 3 define as *prioris*; a implementaçao do modelo no OpenBUGS e no R é apresentada na seçao 4; a seçao 5 apresenta diagnósticos de convergência e a estimaçao via MCMC e a seçao 6 apresenta as consideraçoes finais e conclusoes do capítulo.

3.1 Geração dos dados

Os dados utilizados no estudo deste capítulo foram gerados a partir dos modelos de dinâmica de populações apresentados no Capítulo 2: modelo de Beverton-Holt (BH) (2.3) e modelo de Ricker (RK)(2.5).

A geração destes dados apresenta papel fundamental na análise dos resultados das simulações via MCMC, pois com o conhecimento das propriedades dos parâmetros que geram os dados de entrada, é possível que se possa avaliar quão bem o método utilizado realiza a estimação dos parâmetros de interesse.

Foram escolhidas três combinações de parâmetros para a geração das séries de dados a partir dos modelos log-transformados (2.7) e (2.8) com variações do desvio padrão para a geração dos erros do processo (ν_t) e de observação (ϵ_t). Os erros de processo e de observação são aditivos e foram gerados de uma distribuição normal com média = 0 e com parâmetros escolhidos, sendo na escala original os erros multiplicativos com distribuições log-normal.

A primeira série de dados gerada apresenta grande desvio padrão (dp) para ambos os erros(0, 20), a segunda apresenta grande dp para o erro do processo (0, 20) e pequeno dp para o erro observacional (0, 05) e a terceira série de dados com pequeno dp para o erro do processo ($dp = 0, 05$) e grande dp para o erro observacional (0, 20), como os usados por de Valpine e Hastings (2002). A escolha para "grande" e "pequeno" desvio padrão são *ad hoc*: em alguns sistemas 0, 20 pode ser pequeno e em outros 0, 05 pode ser grande (de Valpine e Hastings, 2002).

Em cada modelo (Beverton-Holt e Ricker) foram criadas 300 séries de dados de comprimento 20 para cada uma das 3 combinação de parâmetros, onde a primeira observação de cada série foi escolhida da sua distribuição estacionária após 2000 iterações do modelo para evitar que houvesse influência do ponto inicial.

A combinação dos modelos e variações de parâmetros escolhidos resultam em 6 casos distintos que estão descritos na tabela (3.1).

A taxa intrínseca de crescimento adotada para o modelo de Ricker ($r = 1,5$) cor-

responde a taxa intrínseca de crescimento Beverton-Holt ($\lambda = 4,48$), onde $r = 1,5 = \log(4,48)$. Para ambos os modelos a biomassa virgem da população (capacidade de suporte do ambiente) para a geração dos dados foi fixada em $K = 100$.

Tabela 3.1: Modelos e parâmetros escolhidos, onde BH representa o modelo de Beverton-Holt, RK o modelo de Ricker, GG ambos os erros grandes, GP erro de processo grande e de observação pequeno e PG erro de processo pequeno e de observação grande

Caso	Modelo	Taxa de crescimento	$dp - \sigma_\nu$	$dp - \sigma_\epsilon$
BH-GG	Beverton-Holt	$\lambda = 4,48$	0,20	0,20
BH-GP	Beverton-Holt	$\lambda = 4,48$	0,20	0,05
BH-PG	Beverton-Holt	$\lambda = 4,48$	0,05	0,05
RK-GG	Ricker	$r=1,5$	0,20	0,20
RK-GP	Ricker	$r=1,5$	0,20	0,05
RK-PG	Ricker	$r=1,5$	0,05	0,05

Para cada caso dos modelos de Beverton-Holt e Ricker, das 300 séries geradas foi sorteada uma série ao acaso que foi admitida como dados de entrada nas simulações MCMC subsequentes (tabela 3.2).

Tabela 3.2: Vetores das observações: conjunto de dados utilizados para cada simulação

Caso	y_1	y_2	y_3	y_4	y_5	y_6	y_7	y_8	y_9	y_{10}
BH-GG	93,95	59,32	152,10	118,32	103,70	100,95	119,13	83,12	78,90	77,17
BH-GP	80,42	76,35	107,88	116,28	167,08	94,59	97,48	71,18	101,09	108,49
BH-PG	136,60	79,69	73,30	114,88	110,60	99,47	124,23	96,95	106,11	105,48
RK-GG	87,97	79,04	108,78	86,91	104,55	89,59	51,30	163,19	77,67	203,91
RK-GP	105,10	69,01	68,18	101,46	83,39	96,46	96,27	109,37	80,86	116,58
RK-PG	89,76	101,89	129,17	70,69	129,11	88,70	88,32	192,45	109,639	86,24
Caso	y_{11}	y_{12}	y_{13}	y_{14}	y_{15}	y_{16}	y_{17}	y_{18}	y_{19}	y_{20}
BH-GG	63,74	61,30	131,18	79,42	52,87	83,59	87,32	106,59	116,54	81,73
BH-GP	103,25	78,77	100,68	116,56	90,28	65,75	56,01	90,53	150,63	99,77
BH-PG	85,23	119,05	78,01	106,98	93,85	100,65	97,80	72,01	104,72	110,27
RK-GG	53,31	111,20	141,27	74,72	118,52	47,38	99,56	115,88	92,50	161,14
RK-GP	109,07	120,47	64,39	123,36	91,91	102,69	114,06	104,49	82,57	70,31
RK-PG	126,83	99,31	77,15	95,97	78,56	64,18	93,37	106,52	70,03	82,79

3.2 Formulação do modelo estado-espço

A equação do estado do processo, em geral, é baseada na história de vida da população da qual se deseja obter uma estimativa. A evolução dos estados do processo é dada pelas equações (2.7) e (2.8) e n_t é um vetor não-observável, representando os logaritmos das abundâncias de uma população animal no tempo t .

Para o modelo de Beverton-Holt (2.7) o vetor θ_p é dado pelo seguinte conjunto de parâmetros:

$$\theta_p = \{K, \lambda, \sigma_{\nu_t}, n_1, \dots, n_T\} \quad (3.1)$$

No modelo de Ricker (2.8) o vetor θ_p é dado pelo seguinte conjunto de parâmetros:

$$\theta_p = \{K, r, \sigma_{\nu_t}, n_1, \dots, n_T\} \quad (3.2)$$

Para cada período t as observações são estimativas de n_t , dadas pelo modelo

$$y_t \sim dnorm(n_t, \sigma_\epsilon^{-2}) \quad (3.3)$$

onde n_t é a média e precisão dada por $\frac{1}{\sigma_\epsilon^2}$ e portanto

$$\theta_O = \sigma_\epsilon \quad (3.4)$$

3.3 Definição das distribuições *a priori*

Em uma análise bayesiana as informações existentes sobre os parâmetros de interesse são incorporadas no modelo como distribuições *a priori* destes parâmetros. No OpenBUGS algumas distribuições de probabilidade, como a normal e log-normal, são definidas em função dos parâmetros *média* e *precisão*, sendo a *precisão* definida como *1/variância*.

Estabeleceu-se para $k = 1/K$ uma priori pouco informativa, definindo-se como uma distribuição log-normal com quantis de 10% e 90% de k em $1/300$ e $1/80$. Isto resulta em uma distribuição log-normal com média $-5,043$ e precisão $3,76$. Simbolizamos esta distribuição por

$$k \sim dlnorm(-5, 042905; 3, 7603664) \quad (3.5)$$

As *prioris* das taxas intrínsecas de crescimento também foram definidas de modo que fossem pouco informativas. Para o modelo de Beverton-Holt a *priori* para λ é dada por uma distribuição log-normal cujos quantis de 10% e 90% são $1,96$ e $5,29$. No modelo de Ricker a *priori* para r é dada por uma distribuição log-normal com parâmetros correspondente aos quantis de 10% e 90% iguais a $0,78$ e $3,45$. Isto resulta nas distribuições

$$\begin{aligned} \lambda &\sim dlnorm(1, 17; 6, 65) \\ r &\sim dlnorm(0, 5; 3) \end{aligned} \quad (3.6)$$

Prioris para os parâmetros de precisão dos erros de processo e de observação são menos óbvias de serem definidas. Uma maneira de especificar esta *priori* da precisão é usar uma distribuição uniforme sobre um intervalo muito amplo de valores caracterizando *prioris* não-informativas. As *prioris* para a precisão do erro do processo ($prec.ev = \frac{1}{\sigma_v^2}$) e para a precisão do erro de observação ($prec.obs = \frac{1}{\sigma_\epsilon^2}$) são distribuições uniformes entre zero e 4. Ou seja

$$\begin{aligned} \nu_t &\sim duni.f(0; 4) \\ \epsilon_t &\sim duni.f(0; 4) \end{aligned} \quad (3.7)$$

Desta forma os erros são definidos por distribuições normais com média zero e precisão $prec.ev$ e $prec.obs$ respectivamente.

$$\begin{aligned} erro.ev &\sim dnorm(0; prec.ev) \\ erro.eobs &\sim dnorm(0; prec.eobs) \end{aligned} \quad (3.8)$$

3.4 Implementação do modelo do OpenBUGS no R

A utilização do método MCMC implementado na biblioteca *BRugs* (biblioteca para a utilização do OpenBUGS no R), proporciona a criação de amostras suficientemente grandes para a distribuição *a posteriori* de interesse. A geração desta distribuição *a posteriori* de θ é realizada via Amostrador de Gibbs e o método adequado o próprio OpenBUGS escolhe por conveniência, dentro dos métodos implementados.

A modelagem realizada precisa de três conjuntos de informações: a descrição do modelo, os valores iniciais para as variáveis estocásticas e os dados observados (y_1, \dots, y_T) . Após a estruturação destas informações em arquivos três específicos, é realizada a simulação através da biblioteca de funções do R *BRugs*. A sintaxe apropriada para as descrições dos modelos e valores iniciais podem ser verificadas no ANEXO III.

No período inicial de uma simulação pelo método de MCMC, as observações geradas podem variar em uma ampla gama de valores e este período é chamado de *burn-in*. O *burn-in* representa o período onde os valores da cadeia ainda não atingiram a sua distribuição estacionária. Outra característica do método, é que um conjunto de observações consecutivas geradas via MCMC, de forma geral, são correlacionadas. Para que se obtenha uma amostra aleatória pseudo-independente das observações, pode-se amostrar de forma sistemática da cadeia gerada com espaçamento (*lag*) de j iterações, de modo que a amostra final seja da forma: $x^{(t)}, x^{(t+j)}, x^{(t+2j)}, \dots, x^{(t+nj)}$, sendo ignorados os valores intermediários. Este novo conjunto de dados passa ser a amostra efetivamente utilizada como sendo da distribuição *posteriori* para efetuar as integrações de Monte Carlo.

A análise de convergência das cadeias foi realizada através da biblioteca *CODA*.

3.5 Simulações via MCMC

Para cada um dos casos listados na tabela (3.2) foram realizadas duas análises distintas: com 1 cadeia e com 3 cadeias. Na análise com 3 cadeias, após as suas inicializações para cada cadeia o modelo foi compilado e realizado um *burn-in* de 10.000 iterações,

sucedidas por 50.000 iterações com lag de tamanho 10, resultando em 3 cadeias de comprimento 5.000. Na análise com 1 cadeia, após a sua inicialização o modelo foi compilado e realizado um *burn-in* de 10.000 iterações, sucedidas por 500.000 iterações com lag de tamanho 100, resultando em 1 cadeia de comprimento 5.000.

3.5.1 Modelo de Beverton-Holt

Para o modelo de Beverton-Holt os parâmetros estimados são o tamanho da biomassa original (K), a taxa intrínseca de crescimento (λ), o máximo rendimento sustentável (MSY) definido no capítulo 2, os desvios padrão dos erros de observação (σ_e) e de processo (σ_v) além do tamanho da população em cada instante t (N_t).

As estimativas realizadas com 3 cadeias e com 1 cadeia apresentaram valores muito semelhantes. Desta forma, aqui será apresentada a análise completa somente para o caso (BH-GG), com suas estatísticas descritivas, diagnósticos de convergência e valores de N. Para todos os demais casos apenas sumários das estimativas de alguns parâmetros são apresentados.

3.5.1.1 Caso BH-GG (*grande erro do processo e grande erro de observação*)

•Análise descritiva dos resultados

A tabela (3.3) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias de comprimento $n=5.000$, totalizando uma amostra de tamanho $n=15.000$.

Pode-se verificar que todos os intervalos de credibilidade cobrem os valores reais dos parâmetros utilizados na geração dos dados.

A análise realizada com uma única cadeia obteve estimativas bastante semelhantes as estimativas obtidas ao se fazer uso de três cadeias. A tabela (3.4) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Fazendo uma análise mais detalhada de cada um dos principais parâmetros estima-

Tabela 3.3: Sumários das distribuições *posterioris* baseadas em 3 cadeias para BH-GG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	93,13	11,40	0,15	91,94	74,43 - 118,70
MSY	82,33	32,50	0,52	76,77	36,30 - 161,30
λ	3,55	1,36	0,02	3,31	1,63 - 6,87
σ_ν	0,27	0,10	0,00	0,26	0,10 - 0,52
σ_ϵ	0,28	0,10	0,00	0,27	0,12 - 0,50
N_1	92,70	17,40	0,28	90,99	62,87 - 131,75
N_2	79,23	17,47	0,28	77,41	51,97 - 117,40
N_3	118,90	26,95	0,51	115,90	76,38 - 177,00
N_4	109,50	22,52	0,30	107,40	72,50 - 160,20
N_5	102,10	20,38	0,22	100,00	68,92 - 148,10
N_6	100,60	20,55	0,23	98,48	68,05 - 146,20
N_7	106,20	21,91	0,29	103,90	70,92 - 154,50
N_8	89,27	17,70	0,19	87,56	59,97 - 129,60
N_9	85,01	17,06	0,17	83,26	57,51 - 122,90
N_{10}	82,70	16,86	0,19	81,07	54,77 - 120,00
N_{11}	75,55	16,45	0,25	73,66	49,54 - 111,70
N_{12}	76,53	16,29	0,25	74,87	50,24 - 112,10
N_{13}	107,00	23,65	0,38	104,30	69,26 - 158,40
N_{14}	85,11	17,13	0,20	83,36	57,24 - 123,70
N_{15}	71,18	16,40	0,31	69,02	45,32 - 106,80
N_{16}	85,68	16,80	0,17	83,94	58,10 - 122,60
N_{17}	91,13	18,05	0,20	89,28	61,88 - 131,10
N_{18}	101,30	20,47	0,28	99,44	67,69 - 145,80
N_{19}	105,40	21,64	0,28	103,20	70,01 - 153,40
N_{20}	89,78	18,32	0,19	87,94	59,67 - 131,20

dos em cada uma das cadeias amostradas, pode-se verificar a semelhança dos resultados, embora tenham sido utilizados valores diferentes na inicialização das cadeias.

O $\hat{K} = 93,13$ médio estimado no conjunto das 3 cadeias (tabela 3.3) é dado pela média das cadeias K_{3-1} , K_{3-2} e K_{3-3} e não apresenta grande variação, em termos de erro de Monte Carlo, para o valor médio estimado com uma única cadeia. $K_{1-1} = 92,84$. As densidades a *posteriori* para \hat{K} com 3 cadeias e com 1 cadeia podem ser observadas nas figuras (3.1) e (3.2) respectivamente.

O rendimento máximo sustentável médio estimado para o conjunto das 3 cadeias $M\hat{S}Y = 82,33$ com intervalo de credibilidade de 95% (delimitado pelos percentis 2,5%

Tabela 3.4: Sumários das distribuições *posterioris* baseadas em 1 cadeia para BH-GG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	92,84	11,39	0,14	91,91	74,18 - 117,60
MSY	82,23	32,62	0,46	76,39	36,93 - 160,90
λ	3,56	1,38	0,02	3,31	1,62 - 6,90
σ_ν	0,27	0,10	0,00	0,26	0,11 - 0,49
σ_ϵ	0,27	0,09	0,00	0,26	0,11 - 0,48
N_1	92,71	18,01	0,24	91,20	62,11 - 134,55
N_2	78,64	16,68	0,24	76,95	51,45 - 116,10
N_3	118,50	26,12	0,41	115,80	75,78 - 173,60
N_4	109,10	21,75	0,33	107,00	73,04 - 158,70
N_5	101,80	19,98	0,25	99,95	69,09 - 147,60
N_6	99,77	19,42	0,27	98,15	66,90 - 142,90
N_7	106,50	21,64	0,36	104,50	70,63 - 153,60
N_8	89,05	17,29	0,25	87,13	60,31 - 130,10
N_9	84,55	16,31	0,22	83,08	57,31 - 122,00
N_{10}	82,05	15,84	0,19	80,65	55,36 - 118,50
N_{11}	75,05	15,82	0,21	73,30	49,83 - 111,50
N_{12}	75,98	15,49	0,22	74,45	50,57 - 110,40
N_{13}	106,80	22,89	0,36	104,40	70,17 - 155,80
N_{14}	85,08	16,67	0,21	83,24	57,64 - 122,70
N_{15}	70,61	15,88	0,26	68,93	45,77 - 105,10
N_{16}	85,46	16,58	0,23	84,12	56,88 - 122,60
N_{17}	90,60	17,05	0,24	89,10	61,58 - 129,30
N_{18}	101,40	20,32	0,30	99,42	68,34 - 146,40
N_{19}	105,30	21,36	0,28	103,10	69,99 - 152,80
N_{20}	89,57	17,75	0,23	87,81	60,23 - 129,50

e 97,5% da distribuição *posteriori* do parâmetro) (ICr) igual a (36,30 – 161,30) apresenta valor muito semelhante ao estimado para as cadeias individuais (tabela 3.5). Estes valores podem ser comparados com o valor real do parâmetro $MSY = 112$.

Tabela 3.5: Sumários das distribuições *posterioris* de MSY para BH-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
MSY_3	82,33	32,50	76,77	36,30 - 161,30
MSY_1	82,23	32,61	76,39	36,92 - 160,76

O histórico das cadeias amostradas para MSY pode ser verificado na figura (3.3), a figura (3.4) apresentam as suas densidades a *posteriori* para 3 cadeias, onde o vermelho

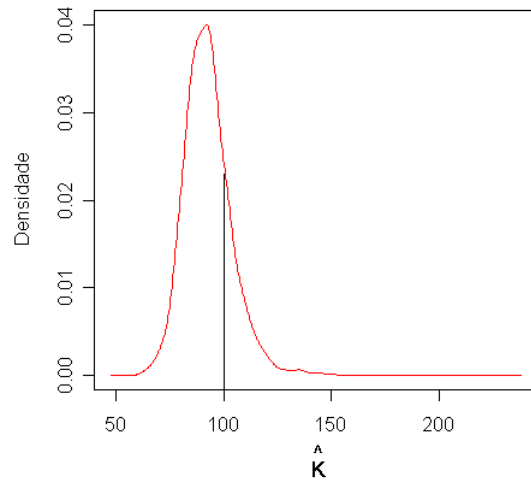
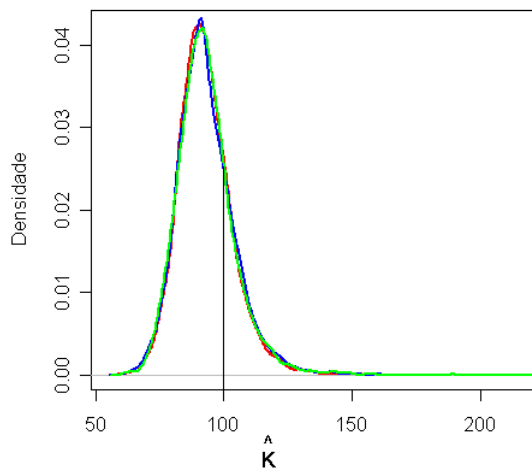


Figura 3.1: Densidade *posteriori* marginal para K (3 cadeias) Figura 3.2: Densidade *posteriori* marginal para K (1 cadeia)(K=100)

identifica a 1ª cadeia, o azul a 2ª cadeia e o verde a 3ª cadeia.

A figura (3.5) apresenta as densidades do máximo rendimento sustentável para o caso MSY_1 .

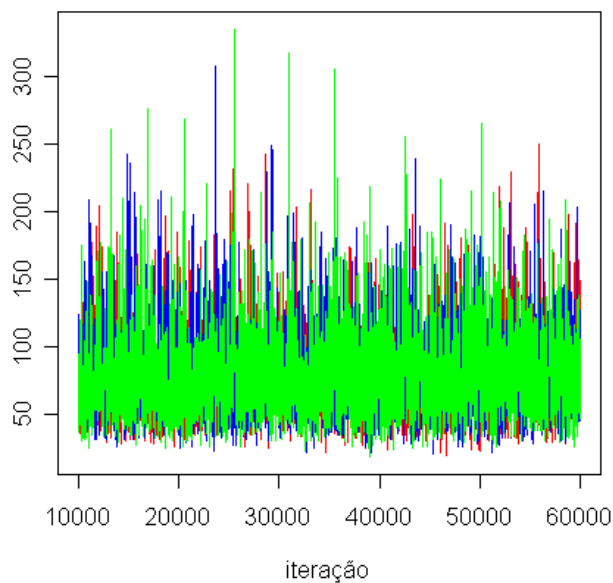


Figura 3.3: Histórico para MSY (3 cadeias)

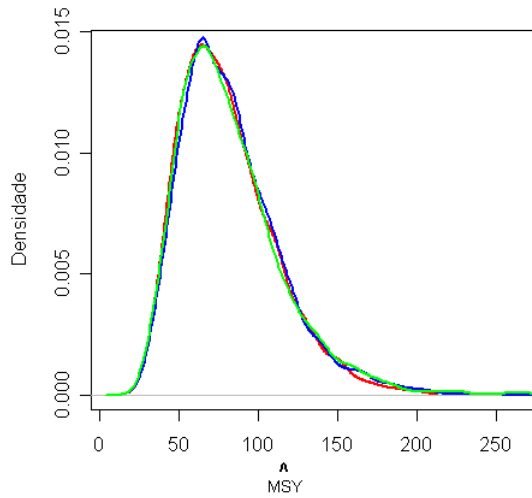


Figura 3.4: Densidade *posteriori* marginal para MSY (3 cadeias)

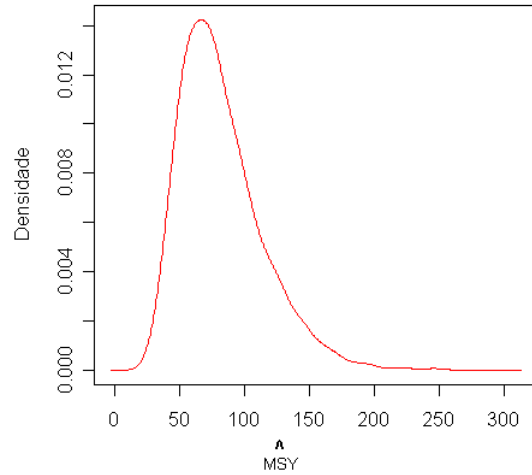


Figura 3.5: Densidade *posteriori* marginal para MSY (1 cadeia)

A taxa intrínseca de crescimento média estimada $\hat{\lambda} = 3,55$ para o conjunto das 3 cadeias apresenta $ICr = (1,63 - 6,87)$ sobre o valor real $\lambda = 4,48$ e para cada cadeia pode ser observado na tabela (3.6).

Tabela 3.6: Sumários das distribuições *posterioris* de λ para BH-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
λ_3	3,55	1,36	3,31	1,63 - 6,87
λ_1	4,27	1,37	3,31	1,61 - 6,89

As densidades de lambda podem ser observadas nas figuras abaixo:

Pode-se verificar que a distribuição de frequência é levemente assimétrica, mostrando que a tendência é de sub-estimar os valores do parâmetro.

A estimativa de λ apresenta uma sensível variação no seu valor médio estimado para cada uma das abordagens (tabela 3.6), embora seus ICr e dp sejam bastante próximos.

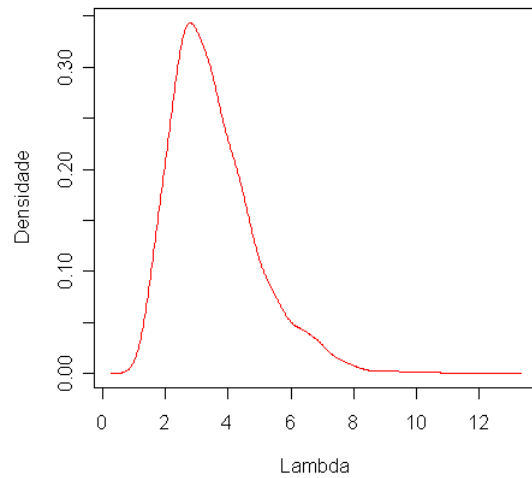
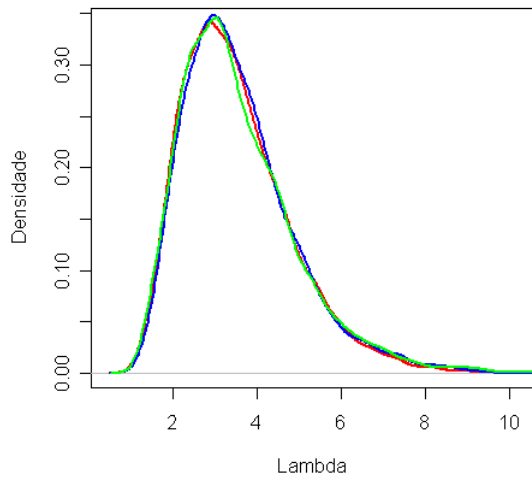


Figura 3.6: Densidade *posteriori* marginal para λ (3 cadeias) Figura 3.7: Densidade *posteriori* marginal para λ (1 cadeia)

A análise realizada para todos estes parâmetros também foi realizada para alguns dos valores de \hat{N} . Neste caso pode-se verificar que os valores estimados (\hat{N}) estão próximos dos seus valores reais dos respectivos N_s (tabela 3.2).

Todos os *ICr* cobrem os valores reais dos respectivos N_s .

Tabela 3.7: Sumários das distribuições *posterioris* de N para BH-GG

Parâmetro	Nº de Cadeias	Média	Mediana	dp	ICr
N_1	3	92,70	17,40	90,99	62,87 - 131,75
N_1	1	92,71	91,20	18,02	62,11 , 134,55
N_5	3	102,10	20,38	100,00	68,92 - 148,10
N_5	1	101,80	99,95	19,98	69,08 - 147,28
N_{10}	3	82,70	16,86	81,07	54,77 - 120,00
N_{10}	1	82,05	80,65	15,84	55,36 - 118,52
N_{15}	3	71,18	16,40	69,02	45,32 - 106,80
N_{15}	1	70,61	68,93	15,88	45,77 - 105,02
N_{20}	3	89,78	18,32	87,94	59,67 - 131,20
N_{20}	1	89,57	87,80	17,75	60,23 - 129,41

As distribuições de frequência de todos os casos apresentados na tabela 3.7 podem ser verificados na seqüência de figuras abaixo. A linha vermelha em cada histograma indica o valor real de N para cada simulação.

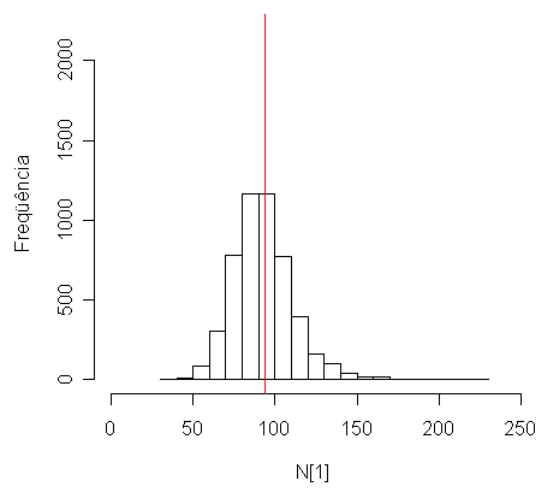
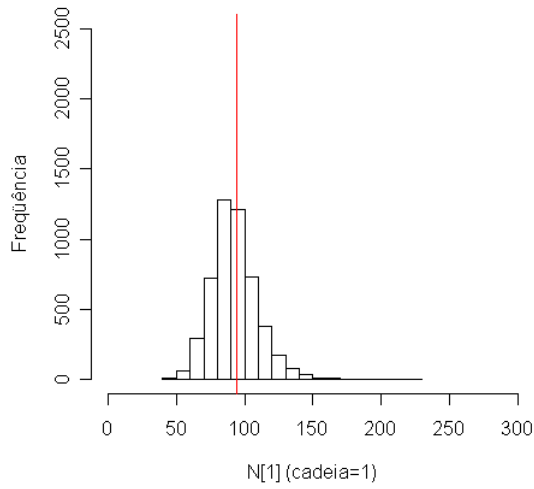


Figura 3.8: Histograma de N_1 (3 cadeias) Figura 3.9: Histograma de N_1 (1 cadeia)

A estimação dos desvio padrão dos erros do processo e de observação, no caso dos dados de entrada apresentarem grande erro de processo e grande erro de observação, apresenta um ICr que cobre o valor real do desvio padrão utilizado. As estatísticas descritivas para $\hat{\sigma}_\nu$ e $\hat{\sigma}_\epsilon$ são apresentadas na tabela (3.8)

Tabela 3.8: Sumários das distribuições *posteriors* de N para BH-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
σ_{ν_3}	0,27	0,10	0,26	0,10 - 0,52
σ_{ν_1}	0,27	0,093	0,26	0,11 - 0,48
σ_{ϵ_3}	0,28	0,10	0,27	0,12 - 0,50
σ_{ϵ_1}	0,27	0,097	0,26	0,10 - 0,48

As densidades para erros médios estimados são apresentadas nas figuras abaixo.

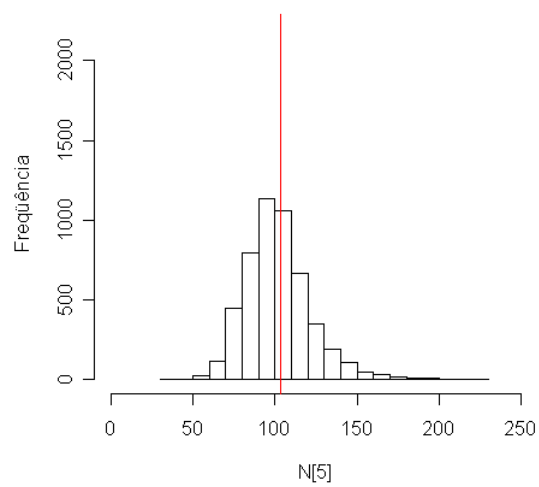
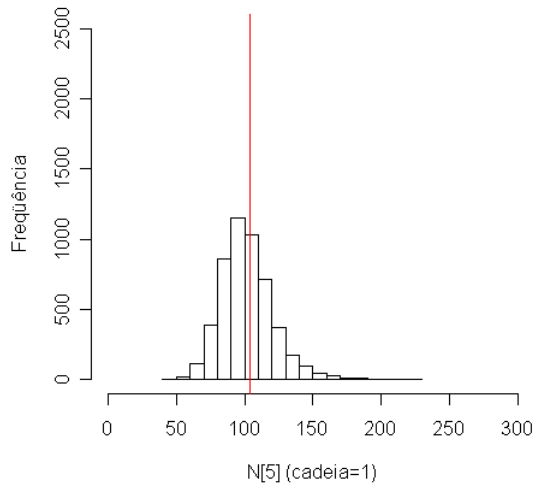


Figura 3.10: Histograma de N_5 (3 cadeias) Figura 3.11: Histograma de N_5 (1 cadeia)

•**Diagnóstico de convergência de Geweke**

Para o diagnóstico de convergência de Geweke, utilizou-se duas partes da cadeia: a primeira formada por 10% dos valores iniciais da cadeia e a segunda formada por 50% dos seus valores finais.

Pode-se observar que, considerando o quantil $Z = |1,96|$ da distribuição normal padronizada, a hipótese de convergência das cadeias, segundo o critério de convergência de Geweke, não pode ser rejeitada na grande maioria dos casos.

Segundo o diagnóstico de Geweke, em quatro situações não houve convergência: no caso $BH - GG_{3-2}$, para os valores de $\hat{\sigma}_\nu$ e $\hat{\sigma}_\epsilon$ e no caso $BH - GG_{3-3}$ para N_8 e N_9 .

A análise gráfica de Geweke pode ser verificada nas figuras (3.20), (3.21) e (3.22). No caso de uma cadeia que apresentou convergência, verifica-se poucos pontos fora do intervalo entre os quantis da normal padronizada, representados pelas linhas horizontais tracejadas das figuras.

As cadeias do parâmetro \hat{K} apresentam poucos pontos fora do intervalo (figura 3.20).

Verificando graficamente o diagnóstico de convergência de Geweke para o parâmetro $\hat{\sigma}_\nu$, verifica-se que no caso $BH - GG_{3-2}$ vários pontos encontram-se distribuídos fora do intervalo dos quantis da normal padronizada, confirmando a não-convergência desta

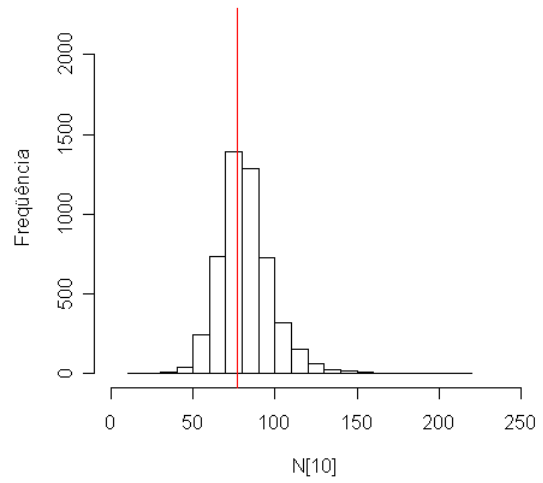
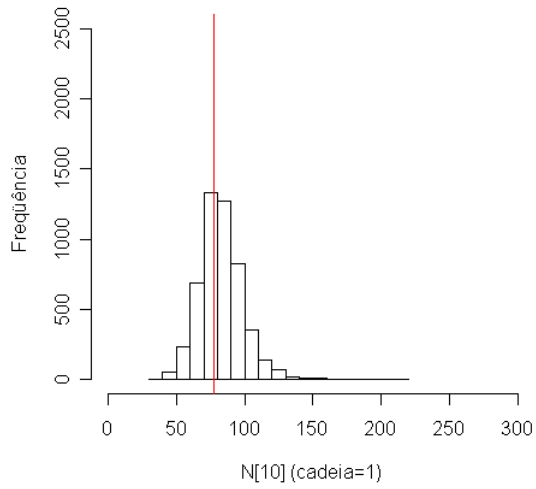


Figura 3.12: Histograma de N_{10} (3 cadeias) Figura 3.13: Histograma de N_{10} (1 cadeia)

cadeia. O mesmo acontece na estimativa do parâmetro $\hat{\sigma}_\epsilon$ e no caso $BH - GG_{3-3}$.

A análise gráfica de Geweke, é uma ferramenta de análise visual, que permite a verificação dos valores apresentados na tabela 3.9.

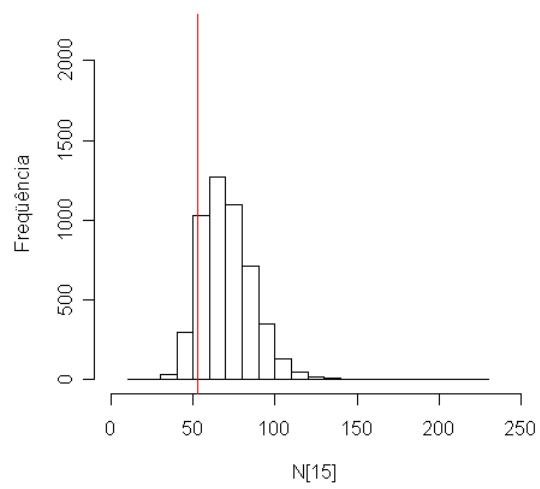
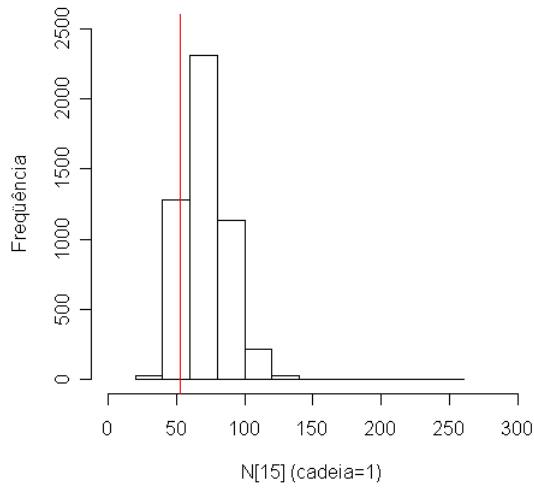


Figura 3.14: Histograma de N_{15} (3 cadeias) Figura 3.15: Histograma de N_{15} (1 cadeia)

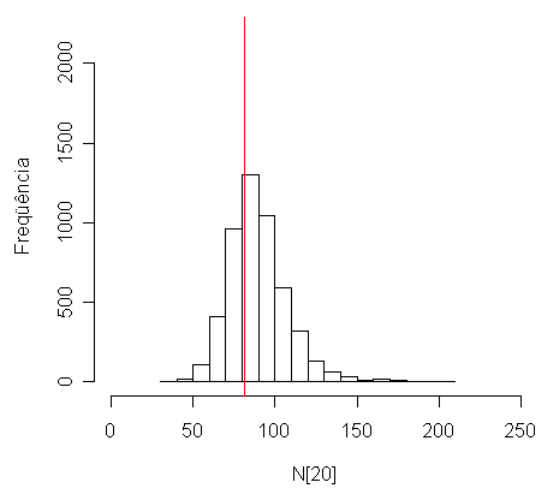
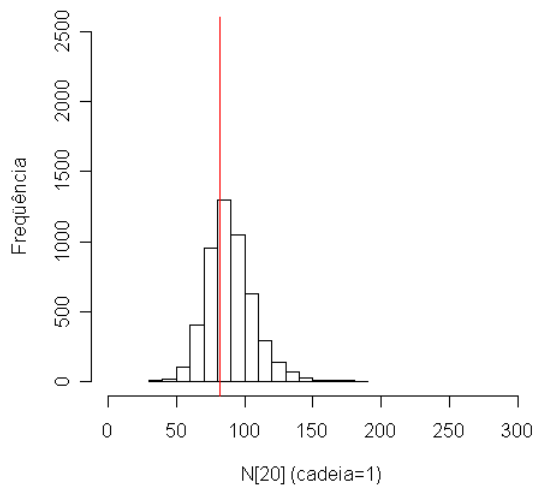


Figura 3.16: Histograma de N_{20} (3 cadeias) Figura 3.17: Histograma de N_{20} (1 cadeia)

•**Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin**

Este diagnóstico de convergência deve ser realizado para múltiplas cadeias, pois como apresentado no Capítulo 2, realiza-se a análise de variância entre duas ou mais cadeias, de mesmo comprimento, com pontos iniciais diferentes .

O diagnóstico foi realizado, desta forma, somente para os casos $BH - GG_3$, ou seja o realizado com 3 cadeias e diferentes valores iniciais.

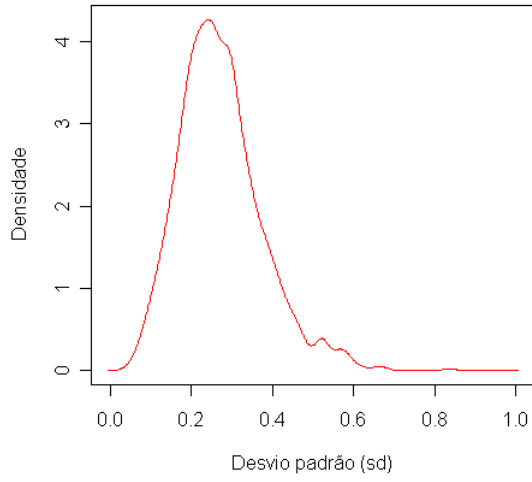


Figura 3.18: Densidade *posteriori* marginal para σ_ν

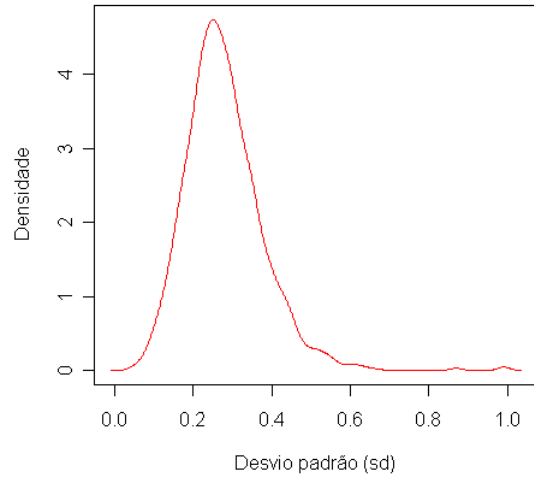


Figura 3.19: Densidade *posteriori* marginal para σ_ϵ

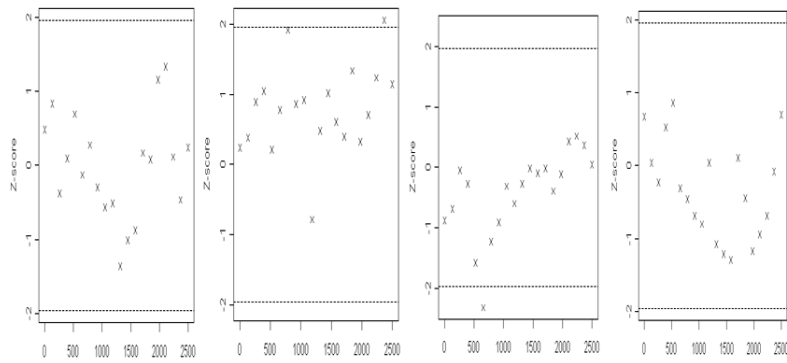


Figura 3.20: Geweke para $\hat{K}(BH - GG_{3-1}, BH - GG_{3-2}, BH - GG_{3-3}$ e $BH - GG_{1-1})$

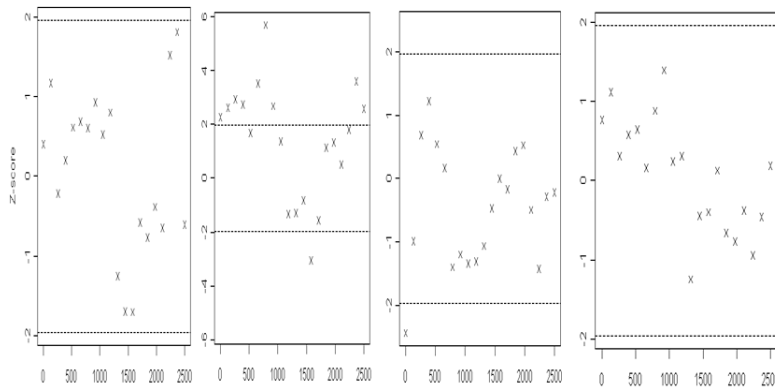


Figura 3.21: Geweke para $\hat{\sigma}_\nu(BH - GG_{3-1}, BH - GG_{3-2}, BH - GG_{3-3}$ e $BH - GG_{1-1})$

Tabela 3.9: Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-GG

	$BH - GG_{3-1}$	$BH - GG_{3-2}$	$BH - GG_{3-3}$	$BH - GG_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	0,48	0,24	-0,88	0,67
MSY	0,50	-0,50	-0,98	-0,45
σ_ν	-0,46	2,18	-1,51	-0,15
σ_ϵ	0,41	2,28	-2,43	0,76
λ	0,45	-0,65	-0,78	-0,65
N_1	-0,44	0,83	-0,57	0,48
N_2	-0,34	0,02	0,55	-0,58
N_3	0,71	0,44	-0,77	1,12
N_4	0,73	-0,07	-0,76	0,36
N_5	0,20	-0,33	-1,80	0,37
N_6	1,19	-0,73	-1,87	1,62
N_7	0,20	0,68	-1,14	1,18
N_8	0,72	0,45	-2,45	-0,78
N_9	0,57	-0,65	-2,29	1,22
N_{10}	-0,07	0,21	-0,42	-0,69
N_{11}	-0,25	-0,37	-1,36	-0,28
N_{12}	0,61	-0,73	0,41	-1,51
N_{13}	1,50	0,05	-1,43	0,37
N_{14}	1,45	1,12	-1,45	-0,51
N_{15}	0,86	-1,12	0,32	-1,74
N_{16}	1,09	-0,60	-0,25	0,81
N_{17}	1,45	1,30	-0,60	1,47
N_{18}	0,00	0,39	-1,59	1,27
N_{19}	-0,77	-0,18	-0,65	-0,84
N_{20}	1,53	0,14	-0,14	0,12

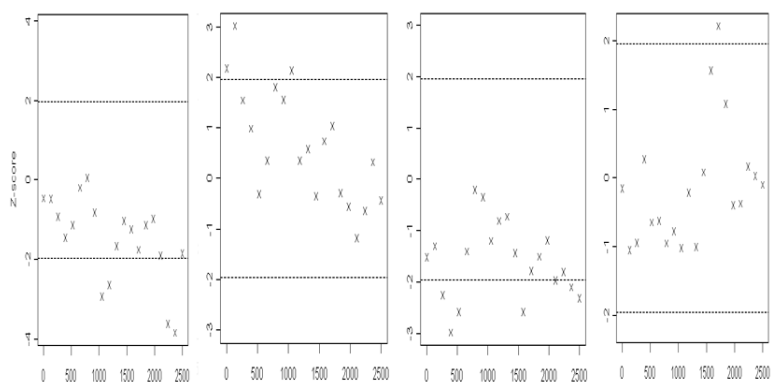


Figura 3.22: Geweke para $\hat{\sigma}_\epsilon$ ($BH - GG_{3-1}, BH - GG_{3-2}, BH - GG_{3-3}$ e $BH - GG_{1-1}$)

A tabela 3.10 apresenta os valores resultantes do diagnóstico. Valores menores que 1,1 evidenciam que a convergência das cadeias foi atingida, desta forma é possível verificar que a convergências das múltiplas cadeias foi obtida para todos os parâmetros estimados.

Tabela 3.10: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-GG

	2,5%	97,5%
K	1,003	1,004
MSY	1,005	1,013
σ_ν	1,055	1,123
σ_ϵ	1,021	1,045
λ	1,004	1,011
N_1	1,003	1,004
N_2	1,006	1,012
N_3	1,004	1,011
N_4	1,007	1,012
N_5	1,009	1,013
N_6	1,018	1,021
N_7	1,014	1,015
N_8	1,008	1,010
N_9	1,015	1,019
N_{10}	1,009	1,010
N_{11}	1,013	1,020
N_{12}	1,007	1,012
N_{13}	1,010	1,014
N_{14}	1,014	1,024
N_{15}	1,004	1,009
N_{16}	1,007	1,007
N_{17}	1,008	1,009
N_{18}	1,016	1,018
N_{19}	1,008	1,010
N_{20}	1,016	1,018

•Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis

Com o diagnóstico de Raftery e Lewis (tabela 3.11) determina-se um número mínimo de iterações necessárias para que as amostras da cadeia sejam independentes e a convergência seja alcançada.

Como no diagnóstico de Geweke, os valores de convergência para as distribuições posteriores de $\hat{\sigma}_\nu$ e $\hat{\sigma}_\epsilon$ nos casos $BH - GG_{3-1}$, $BH - GG_{3-2}$ e $BH - GG_{3-3}$ apresentam problemas de convergência. O fato pode ser resultado da alta correlação entre os valores gerados, visto que o lag destas cadeias amostradas foi de apenas 10. No caso $BH - GG_{1-1}$, os valores indicam a convergência. Isto poderia ser decorrência do *lag* igual a 100 utilizado que possibilitaria uma menor auto-correlação entre os valores observados na cadeia.

•Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados

A tabela 3.12 apresenta os valores de autocorrelação gerados.

As cadeias simuladas para os parâmetros λ , ν e ϵ apresentam uma alta correlação quando o lag é pequeno. Altas correlações dentro das cadeias indicam uma mistura lenta e, conseqüentemente, lenta convergência.

Na estimativa dos valores de N, tanto para o procedimento realizado com 3 cadeias, como no procedimento realizado com uma cadeia, poucos são os valores que apresentam uma alta correlação.

Nas estimativas apresentadas na tabela 3.19, somente o valor de \hat{N}_{15} com lag de 1 e 5 apresentam valores mais elevados para a autocorrelação. Pode-se notar que os demais valores de autocorrelação, já iniciam baixos e diminuem ainda mais quando o lag é aumentado, indicando que as amostras simuladas apresentam fortes indícios de independência entre seus elementos.

Tabela 3.11: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-GG

	$BH - GG_{3-1}$			$BH - GG_{3-2}$			$BH - GG_{3-3}$			$BH - GG_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	3	4267	1,14	2	3995	1,07	3	4338	1,16	2	3680	0,98
MSY	4	4713	1,26	3	4267	1,14	4	4636	1,24	2	3866	1,03
σ_ν	14	15086	4,03	16	19446	5,19	27	29388	7,85	4	5038	1,34
σ_ϵ	27	27444	7,33	20	20682	5,52	15	20205	5,39	3	4484	1,20
λ	4	4955	1,32	3	4484	1,2	3	4558	1,22	2	3866	1,03
N_1	2	3930	1,05	2	3930	1,05	3	4267	1,14	2	3741	1,00
N_2	3	4129	1,10	3	4484	1,2	3	4338	1,16	2	3995	1,07
N_3	2	3995	1,07	3	4338	1,16	2	3995	1,07	2	3866	1,03
N_4	3	4129	1,10	3	4558	1,22	3	4338	1,16	2	3803	1,02
N_5	3	4198	1,12	2	3930	1,05	2	3866	1,03	2	3803	1,02
N_6	2	3995	1,07	3	4062	1,08	3	4410	1,18	2	3930	1,05
N_7	2	3741	1,00	3	4267	1,14	6	6972	1,86	2	3995	1,07
N_8	3	4062	1,08	3	4484	1,2	3	4129	1,1	3	4129	1,10
N_9	2	3803	1,02	3	4198	1,12	3	4062	1,08	2	3741	1,00
N_{10}	3	4348	1,16	2	3866	1,03	3	4338	1,16	2	3866	1,03
N_{11}	3	4484	1,20	3	4484	1,2	2	3995	1,07	2	3620	0,97
N_{12}	2	3930	1,05	2	3995	1,07	3	4410	1,18	2	3741	1,00
N_{13}	3	4129	1,10	3	4062	1,08	3	4198	1,12	2	3995	1,07
N_{14}	2	3741	1,00	3	4097	1,09	3	4267	1,14	2	3620	0,97
N_{15}	3	4129	1,10	2	3900	1,04	3	4129	1,1	2	3680	0,98
N_{16}	3	4129	1,10	3	4129	1,1	2	3930	1,05	3	4062	1,08
N_{17}	3	4267	1,14	3	4558	1,22	2	3866	1,03	2	3741	1,00
N_{18}	2	3930	1,05	2	3803	1,02	3	4198	1,12	2	3741	1,00
N_{19}	3	4062	1,08	3	4129	1,1	3	4129	1,1	2	3930	1,05
N_{20}	2	3930	1,05	2	3866	1,03	3	4198	1,12	2	3620	0,97

Tabela 3.12: Função de autocorrelação para BH-GG

Lag	λ_3	λ_1	σ_{ν_3}	σ_{ν_1}	σ_{ϵ_3}	σ_{ϵ_1}
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,5569	0,5337	0,8962	0,8508	0,3084	0,3566
5	0,0828	0,0973	0,6122	0,4949	-0,0139	0,0154
10	-0,0028	0,0086	0,4190	0,3076	-0,0078	-0,0087
50	0,0110	0,0362	0,0938	0,0780	-0,0012	-0,0225

A figura (3.23), representa a análise de autocorrelação de modo gráfico. Pode-se verificar que quanto maior o lag, menor a autocorrelação.

Tabela 3.13: Função de autocorrelação para BH-GG

Lag	$N1_3$	$N1_1$	$N5_3$	$N5_1$	$N10_3$	$N10_1$	$N15_3$	$N15_1$	$N20_3$	$N20_1$
0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	0,0548	0,0194	0,0958	-0,0286	0,0929	0,0007	0,2964	0,2964	0,0828	0,0591
5	0,0104	-0,0021	0,0143	0,00091	0,0287	-0,0154	0,1505	0,1505	-0,0124	0,0114
10	0,0095	0,0097	0,0135	0,0050	0,0113	-0,0057	0,0968	0,0968	0,0060	0,0242
50	0,0031	-0,0097	-0,0006	0,0161	0,0103	-0,0203	0,0073	0,0073	-0,0268	0,0104

3.5.1.2 Caso BH-GP (grande erro do processo e pequeno erro de observação)

•Análise descritiva dos resultados

A tabela (3.14) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias de comprimento $n=5.000$, totalizando uma amostra de tamanho $n=15.000$.

Tabela 3.14: Sumário das distribuições *a posteriori* baseadas em 3 cadeias para BH-GP

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	98,45	10,71	0,11	97,43	80,34 - 122,20
MSY	85,32	33,77	0,59	78,88	38,33 - 168,20
λ	3,47	1,34	0,02	3,23	1,63 - 6,77
σ_ν	0,25	0,09	0,00	0,24	0,11 - 0,44
σ_ϵ	0,23	0,09	0,00	0,22	0,05 - 0,43

A análise realizada com uma única cadeia obteve estimativas bastante semelhantes as estimativas obtidas ao se fazer uso de três cadeias. A tabela (3.15) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Tabela 3.15: Sumário das distribuições *a posteriori* baseadas em 1 cadeia para BH-GP

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	98,63	10,55	0,15	97,67	80,71 - 121,70
MSY	86,39	34,32	0,56	79,09	39,10 - 170,40
λ	3,51	1,36	0,02	3,24	1,63 - 6,94
σ_ν	0,26	0,08	0,00	0,25	0,11 - 0,44
σ_ϵ	0,23	0,09	0,00	0,22	0,05 - 0,43

Os valores médios de \hat{K} são próximos ao valor real ($K = 100$). O valor de $\hat{\lambda} = 3,51$,

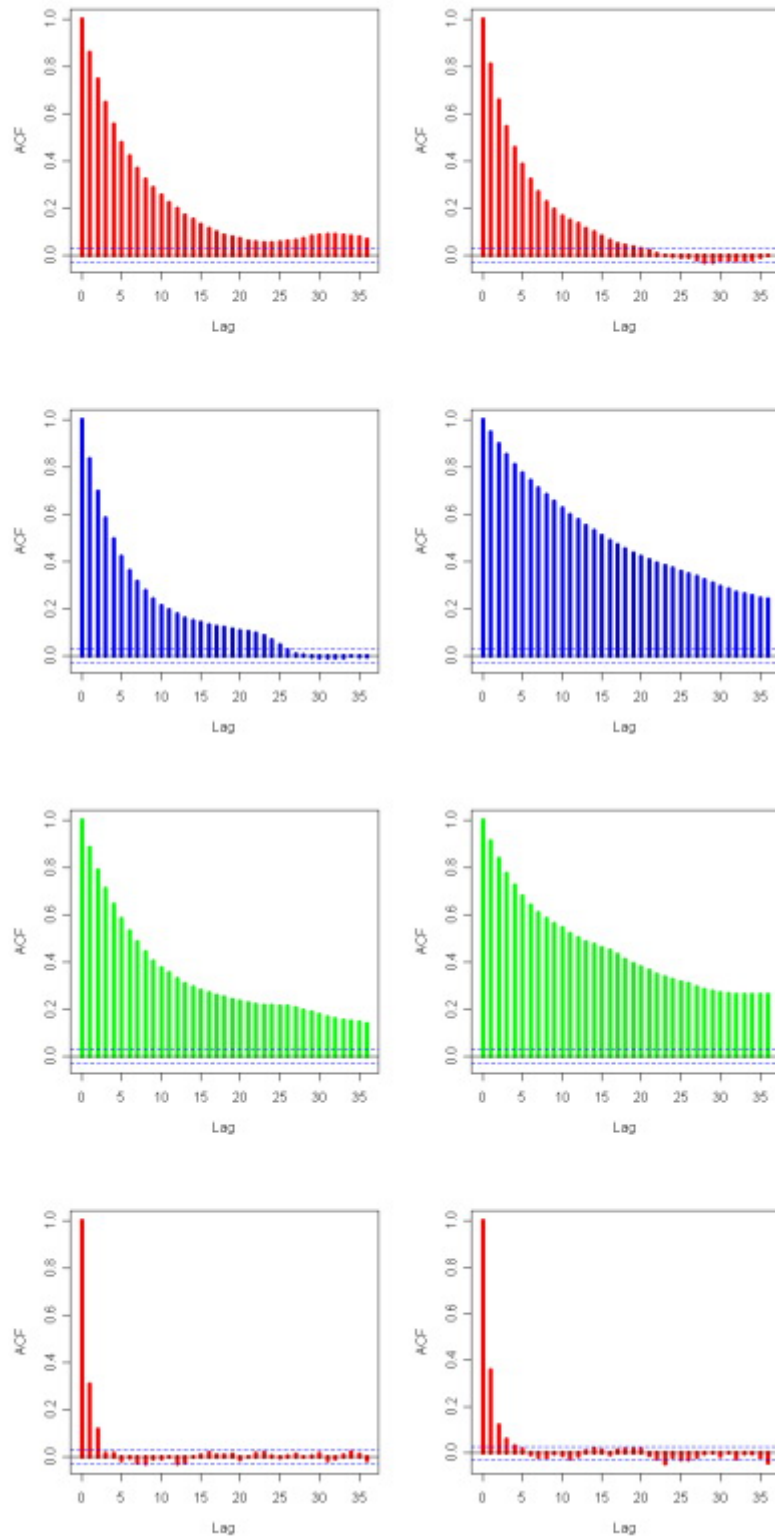


Figura 3.23: Autocorrelação: (a) caso $BH - GG_{3-1}$, (b) caso $BH - GG_{3-2}$, (c) caso $BH - GG_{3-3}$ e (d) caso $BH - GG_{1-1}$

como no caso BH-GG, são inferiores ao valor real ($\lambda = 4,48$) mas seu $ICr_{\hat{\lambda}} = (1,63 - 6,94)$, da mesma forma, cobre o seu valor real.

As estimativas dos erros de observação ($\hat{\sigma}_\epsilon = 0,23$) não foram próximas dos valores utilizados na geração dos dados ($\sigma_\epsilon = 0,05$), mas cabe salientar que os intervalos de credibilidade obtiveram como limite inferior o valor do $dp = 0,05$ ($ICr_{\hat{\sigma}_\epsilon} = (0,05 - 0,43)$). Já o valor de $\hat{\sigma}_\nu = 0,26$, se apresenta próximo ao valor real ($\sigma_\nu = 0,20$) com um $ICr_{\hat{\sigma}_\nu} = (0,11 - 0,44)$, sendo um pouco mais estreito.

•Diagnóstico de convergência de Geweke

Pode-se observar que, considerando o quantil $Z = |1,96|$ da distribuição normal padronizada, que somente não houve convergência da cadeia no caso $BH - GP_{3-2}$ para $\hat{\sigma}_\nu$ e no caso $BH - GP_{1-1}$ para $\hat{\sigma}_\epsilon$.

Tabela 3.16: Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-GP

	$BH - GP_{3-1}$	$BH - GP_{3-2}$	$BH - GP_{3-3}$	$BH - GP_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	0,79	0,60	-0,23	-0,41
MSY	-0,79	-0,65	-0,31	0,30
σ_ν	1,52	-2,60	-0,93	1,07
σ_ϵ	1,02	1,19	-1,38	-2,17
λ	-0,97	-0,85	-0,29	0,56

•Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin

A tabela 3.17 apresenta os valores resultantes deste diagnóstico, com todos os valores menores que 1,1 evidenciando que a convergência das cadeias foi atingida.

Tabela 3.17: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-GP

	2,5%	97,5%
K	1,002	1,003
MSY	1,006	1,011
σ_ν	1,008	1,014
σ_ϵ	1,011	1,029
λ	1,006	1,012

•**Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis**

Os valores de convergência para $\hat{\sigma}_\nu$ e $\hat{\sigma}_\epsilon$ nos casos $BH - GP_{3-1}$, $BH - GP_{3-2}$ e $BH - GP_{3-3}$ apresentam problemas de convergência como no caso anterior ($BH - GG$). E a mesma justificativa pode ser aplicada a este caso, ou seja, quanto maior o lag utilizado menor a correlação entre os valores observados na cadeia, ocorrendo assim a convergência da cadeia.

Tabela 3.18: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-GP

	$BH - GP_{3-1}$			$BH - GP_{3-2}$			$BH - GP_{3-3}$			$BH - GP_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	3	4267	1,14	3	4067	1,09	2	3995	1,07	2	3680	0,98
MSY	4	4713	1,26	4	4650	1,24	4	4636	1,24	2	3620	0,97
σ_ν	27	29193	7,79	20	20026	5,35	22	24682	6,59	4	4955	1,32
σ_ϵ	14	16258	4,34	15	16995	4,54	18	20326	5,43	3	4410	1,18
λ	3	4129	1,10	4	4891	1,31	3	4558	1,22	2	3803	1,02

•**Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados**

A tabela 3.19 apresenta os valores de autocorrelação gerados. Como no caso anterior, as cadeias simuladas para os parâmetros λ , σ_ν e σ_ϵ apresetam uma alta correlação quando o lag é pequeno diminuindo quando o lag é maior.

Tabela 3.19: Função de autocorrelação para BH-GP

Lag	λ_3	λ_1	σ_{ν_3}	σ_{ν_1}	σ_{ϵ_3}	σ_{ϵ_1}
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,5384	0,5670	0,8384	0,1874	0,9053	0,4310
5	0,0439	0,0630	0,4386	0,0045	0,6297	0,0153
10	0,0021	0,0041	0,2108	0,0056	0,4148	-0,0050
50	0,0082	0,0117	0,0082	-0,0077	-0,0119	0,0182

3.5.1.3 *Caso BH-PG (pequeno erro do processo e grande erro de observação)*

•**Análise descritiva dos resultados**

A tabela (3.20) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias de comprimento $n=5.000$, totalizando uma amostra de tamanho $n=15.000$.

Tabela 3.20: Sumário das distribuições *a posteriori* baseadas em 3 cadeias para BH-PG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	101,40	7,76	0,10	100,80	88,06 - 118,20
MSY	94,75	35,59	0,64	88,45	43,76 - 184,40
λ	3,75	1,40	0,03	3,49	1,71 - 7,21
σ_ν	0,17	0,07	0,00	0,17	0,06 - 0,33
σ_ϵ	0,18	0,06	0,00	0,18	0,08 - 0,31

A análise realizada com uma única cadeia obteve estimativas bastante semelhantes as estimativas obtidas ao se fazer uso de três cadeias. A tabela (3.21) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Tabela 3.21: Sumário das distribuições *a posteriori* baseadas em 1 cadeia para BH-PG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	101,30	7,56	0,11	100,80	88,37 - 118,00
MSY	95,18	36,02	0,51	88,70	43,43 - 179,50
λ	3,77	1,42	0,02	3,52	1,71 - 7,17
σ_ν	0,17	0,06	0,00	0,16	0,06 - 0,31
σ_ϵ	0,18	0,06	0,00	0,18	0,12 - 0,31

Como nos casos anteriores o valor médio de $\hat{K} = 101,30$ é próximo do valor real ($K = 100$), e o valor de $\hat{\lambda} = 3,77$ também é inferior ao valor real ($\lambda = 4,48$), e neste caso também seu $ICr_{\hat{\lambda}} = (1,71 - 7,17)$ cobre o valor real do parâmetro.

As estimativas dos erros de observação $\hat{\sigma} = 0,18$) foram próximas dos valores utilizados na geração dos dados ($\sigma_\epsilon = 0,20$), apresentando um intervalo de credibilidade com cobertura do valor real ($ICr_{\hat{\sigma}_\epsilon} = (0,12 - 0,31)$). Os valores de $\hat{\sigma}_\nu = 0,17$ não foram próximos do valor real ($\sigma_\nu = 0,05$) com um $ICr_{\hat{\sigma}_\nu} = (0,06 - 0,31)$, não cobrindo o valor real.

•Diagnóstico de convergência de Geweke

Neste diagnóstico de convergência, todas as cadeias convergiram para todos os parâmetros. Pode-se observar na tabela 3.22 que ao se considerar o quantil $Z = |1, 96|$ da distribuição normal padronizada, todos os valores estão no intervalo desejado $(-1, 96; 1, 96)$.

Tabela 3.22: Diagnóstico de convergência de Geweke para BH-PG

	$BH - PG_{3-1}$	$BH - PG_{3-2}$	$BH - PG_{3-3}$	$BH - PG_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	1,38	-1,54	1,56	-0,65
MSY	-0,08	0,74	1,06	-1,92
σ_ν	0,99	0,06	0,57	-1,18
σ_ϵ	0,85	1,06	-0,17	-0,06
λ	-0,20	0,85	0,79	-1,71

•Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin

Na tabela 3.23 pode-se observar que todos valores resultantes deste diagnóstico, são menores que 1, 1 evidenciando que a convergência das cadeias foi atingida.

Tabela 3.23: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para BH-PG

	2,5%	97,5%
K	1,001	1,003
MSY	1,004	1,007
σ_ν	1,009	1,023
σ_ϵ	1,015	1,033
λ	1,003	1,007

•Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis

Na tabela 3.24 todos os parâmetros que apresentam $N > 5.000$ demonstraram problemas de convergência segundo este diagnóstico. Para todos os casos $BH - PG_3$, este teste sugere que as cadeias convergem, em grande parte, para um número superior a 5.000 iterações. No caso $BH - PG_1$ somente um parâmetro (σ_ϵ) apresenta como número de iterações sugeridas para a cadeia um valor superior a 5.000, e este fato pode ser justificado com o lag maior utilizado para estas observações.

Tabela 3.24: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para BH-PG

	$BH - PG_{3-1}$			$BH - PG_{3-2}$			$BH - PG_{3-3}$			$BH - PG_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	4	5124	1,37	3	4410	1,18	8	9826	2,62	2	3681	0,98
MSY	5	5577	1,49	5	5608	1,50	5	5771	1,54	1	3741	1,00
σ_ν	18	20326	5,43	15	15697	4,19	12	14726	3,93	3	4410	1,18
σ_ϵ	30	35793	9,55	20	22242	5,94	28	35340	9,43	5	5391	1,44
λ	5	5391	1,44	4	5211	1,39	5	5391	1,44	2	3680	0,98

•Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados

A tabela 3.25 apresenta os valores de autocorrelação para os parâmetros de interesse. Como no caso anterior, as cadeias simuladas para os os parâmetros λ , σ_ν e σ_ϵ apresentam uma alta correlação quando usado um lag pequeno diminuindo quando um lag maior é admitido.

Tabela 3.25: Função de correlação para BH-PG

Lag	λ_3	λ_1	σ_{ν_3}	σ_{ν_1}	σ_{ϵ_3}	σ_{ϵ_1}
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,6120	0,5789	0,9099	0,4987	0,7986	0,1714
5	0,0539	0,0650	0,6347	0,0338	0,3753	-0,0075
10	0,0031	0,0039	0,4068	0,0175	0,1610	-0,0077
50	0,0087	0,0130	0,0252	-0,0051	-0,0104	0,0176

3.5.2 Modelo de Ricker

Para o modelo de Ricker os parâmetros estimados são o tamanho da biomassa original (K), a taxa intrínseca de crescimento (r), o máximo rendimento sustentável (MSY), os erros de observação e de processo, e os valores da população em cada instante t , (N_t).

Como no modelo de Beverton-Holt, as estimativas do modelo de Ricker, foram realizadas com 3 cadeias e com 1 cadeia e também apresentaram valores muito semelhantes.

3.5.2.1 Caso RK-GG (grande erro do processo e grande erro de observação)

•Análise descritiva dos resultados

A tabela (3.26) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias. Verifica-se que todos os intervalos de credibilidade cobrem os valores reais dos parâmetros utilizados na geração dos dados.

Tabela 3.26: Sumários das distribuições *a posteriori* 3 cadeias para RK-GG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	103,20	10,72	0,17	102,30	85,29 - 126,60
MSY	37,85	10,32	0,27	38,20	17,39 - 57,50
r	1,47	0,37	0,01	1,49	0,70 - 2,13
σ_ν	0,34	0,11	0,00	0,32	0,15 - 0,59
σ_ϵ	0,32	0,13	0,00	0,30	0,13 - 0,61
N_1	98,77	23,26	0,23	96,01	61,32 - 151,90
N_2	90,96	21,61	0,29	87,97	56,36 - 141,90
N_3	109,10	24,85	0,24	107,10	67,19 - 164,40
N_4	93,93	22,50	0,23	91,20	58,01 - 145,80
N_5	104,70	24,44	0,26	102,40	64,50 - 160,70
N_6	102,30	26,30	0,28	99,51	58,76 - 161,70
N_7	71,44	19,65	0,35	68,06	43,36 - 117,80
N_8	137,10	31,34	0,52	136,30	80,06 - 202,10
N_9	81,04	20,48	0,32	78,39	48,74 - 128,20
N_{10}	159,70	39,27	0,74	159,10	89,12 - 239,90
N_{11}	64,59	20,65	0,42	60,37	35,46 - 114,70
N_{12}	106,60	22,66	0,24	104,70	67,70 - 157,70
N_{13}	124,70	29,62	0,41	123,00	73,21 - 188,30
N_{14}	82,86	20,68	0,30	80,05	50,53 - 133,70
N_{15}	125,00	30,73	0,43	122,70	71,89 - 191,50
N_{16}	65,65	20,57	0,42	61,50	37,30 - 115,10
N_{17}	102,80	22,68	0,24	100,70	63,53 - 153,10
N_{18}	110,60	25,76	0,27	108,70	66,83 - 168,00
N_{19}	93,88	21,50	0,25	91,43	58,47 - 144,10
N_{20}	136,70	35,33	0,46	134,00	78,33 - 213,60

A tabela (3.27) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Fazendo uma análise mais detalhada de cada um dos principais parâmetros estimados em cada uma das cadeias amostradas, pode-se verificar a semelhança dos resultados, embora tenham sido utilizados valores diferentes na inicialização das cadeias.

O $\hat{K}_3 = 103,20$ médio estimado no conjunto das 3 cadeias (tabela 3.26) não apresenta

Tabela 3.27: Sumários das distribuições *a posteriori* 1 cadeia para RK-GG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	96,04	6,85	0,12	95,64	84,33 - 110,20
MSY	28,03	8,97	0,14	27,52	11,84 - 46,39
r	1,47	0,36	0,01	1,35	0,51 - 1,90
σ_ν	0,19	0,08	0,00	0,18	0,07 - 0,36
σ_ϵ	0,20	0,07	0,00	0,20	0,08 - 0,36
N_1	101,60	14,79	0,24	100,30	76,52 - 134,50
N_2	82,01	13,31	0,23	81,06	59,07 - 111,10
N_3	82,36	12,79	0,20	81,48	60,48 - 110,10
N_4	99,58	13,92	0,21	98,77	74,23 - 130,30
N_5	89,41	12,99	0,18	88,75	65,77 - 117,60
N_6	97,24	13,51	0,17	96,62	71,67 - 126,70
N_7	95,26	13,70	0,21	94,50	71,40 - 124,40
N_8	103,40	15,19	0,21	102,70	76,21 - 135,60
N_9	87,97	12,76	0,16	86,84	65,64 - 117,00
N_{10}	105,90	15,36	0,23	104,70	79,56 - 139,20
N_{11}	99,38	14,92	0,24	98,88	72,69 - 130,60
N_{12}	109,80	16,90	0,30	108,80	80,27 - 146,70
N_{13}	78,78	12,84	0,22	77,68	57,04 - 106,50
N_{14}	109,40	16,17	0,28	108,70	81,40 - 144,40
N_{15}	92,40	13,12	0,20	91,45	68,16 - 121,40
N_{16}	99,42	13,58	0,18	98,54	75,30 - 127,90
N_{17}	103,10	15,28	0,22	102,00	76,32 - 135,80
N_{18}	99,71	14,22	0,21	98,75	74,62 - 131,00
N_{19}	90,33	13,55	0,23	89,12	66,06 - 119,20
N_{20}	83,29	13,20	0,23	82,07	60,98 - 112,10

grande variação, em termos de erro de Monte Carlo, em relação ao valor médio estimado com uma única cadeia, $\hat{K}_1 = 96,04$.

As densidades de K podem ser observadas nas figuras a seguir, onde na figura (3.24) a linha vermelha representa seu valor em K_{3-1} , a linha azul seu valor em K_{3-2} e o valor em K_{3-3} é representado pela linha verde.

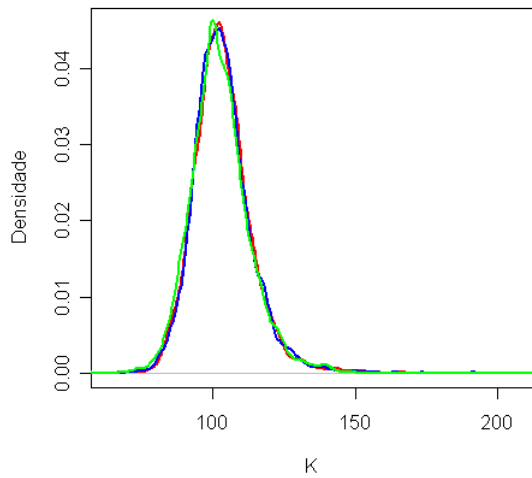


Figura 3.24: Densidade *posteriori* marginal para K (3 cadeias)

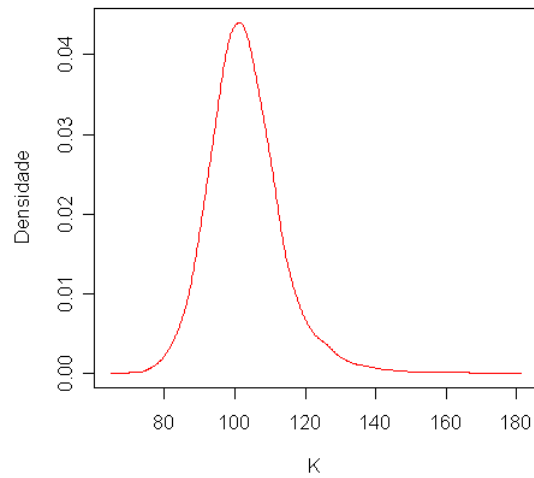


Figura 3.25: Densidade *posteriori* marginal para K (1 cadeia)

O rendimento máximo sustentável médio estimado para o conjunto das 3 cadeias $M\hat{S}Y = 28,03$ com $ICr = (11,84 - 46,39)$ apresenta valor semelhante ao estimado para uma cadeia. Estes valores podem ser observados na tabela (3.28) e comparados com o real valor do parâmetro $MSY = 37,5$.

Tabela 3.28: Sumários das distribuições *a posteriori* de MSY para RK-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
MSY_3	37,85	10,32	38,20	17,39 - 57,50
MSY_1	27,52	8,970	28,03	11,840 - 46,380

O histórico das cadeias amostradas para MSY pode ser verificado na figura (3.26) e a figura (3.27) apresenta as suas densidades *a posteriori* para os casos com 3 cadeias. Em ambas figuras, onde o vermelho identifica a 1ª cadeia, o azul a 2ª cadeia e o verde a 3ª cadeia. A figura (3.28) apresenta as densidades do máximo rendimento sustentável para o caso MSY_1 .

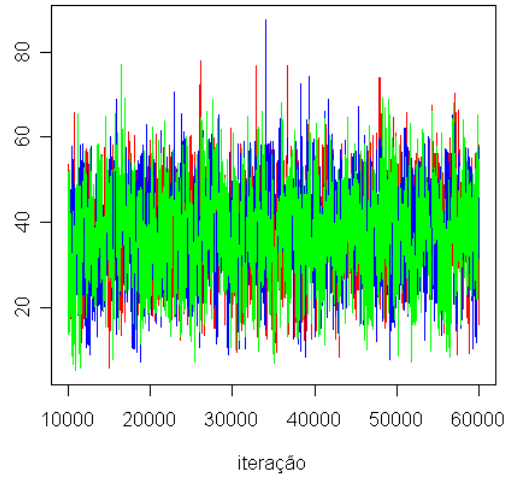


Figura 3.26: Histórico MSY -3 cadeias

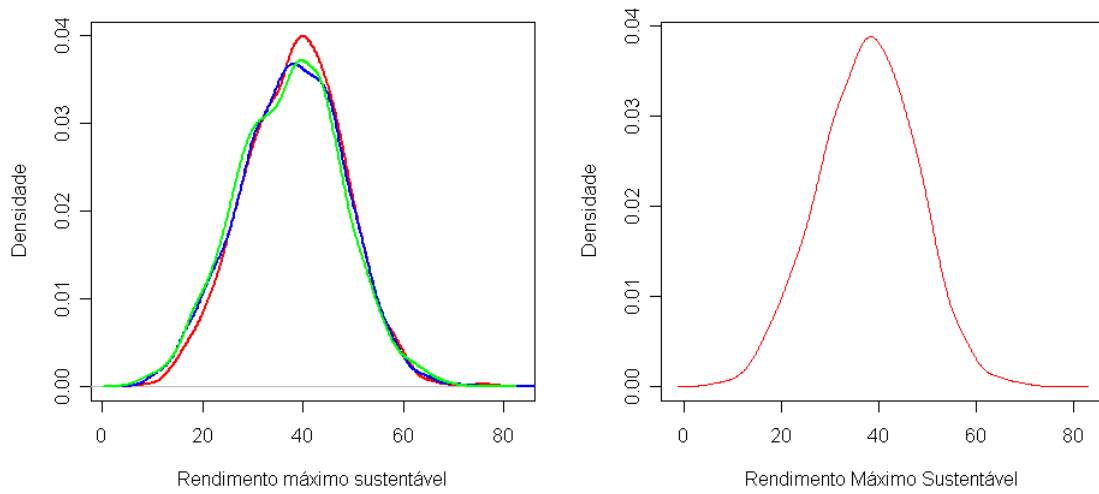


Figura 3.27: Densidade *posteriori* marginal para MSY (3 cadeias) Figura 3.28: Densidade *posteriori* marginal para MSY (1 cadeia)

A taxa intrínseca de crescimento média estimada $\hat{r} = 1,47$ para o conjunto das 3 cadeias apresenta $ICr = (0,70 - 2,13)$ sobre o valor real $r = 1,50$ e para cada cadeia pode ser observado na na tabela (3.29).

As densidades de \hat{r} podem ser observadas nas figuras (3.29) e (3.30):

Tabela 3.29: Sumários das distribuições *a posteriori* de r para RK-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
r_3	1,47	0,37	1,49	0,70 - 2,13
r_1	1,47	0,36	1,49	0,51 - 1,90

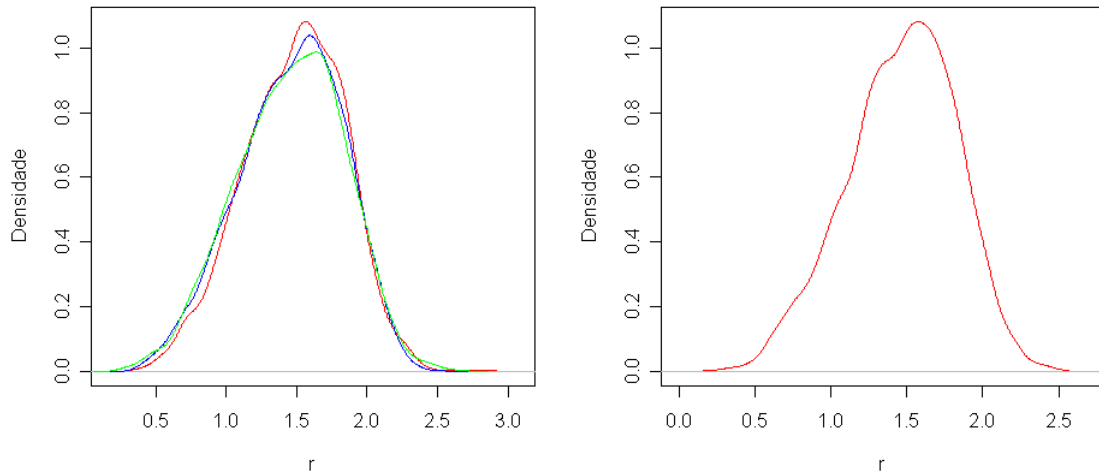


Figura 3.29: Densidade *posteriori* marginal para r (3 ca-
deias) Figura 3.30: Densidade *posteriori* marginal para r (1 cadeia)

A análise realizada para todos estes parâmetros também foi realizada para alguns dos valores de \hat{N} . Neste caso pode-se verificar que os valores de (\hat{N}) com 3 cadeias apresentam *ICr* mais amplos e seus *dp* são maiores que dos valores estimados com uma única cadeia.

Mesmo com a maior amplitude dos *ICr*, todos os valores reais para os N estão cobertos pelos intervalos.

As distribuições de frequência de todos os casos apresentados na tabela 3.30 podem ser verificados na seqüência de figuras a seguir. A linha vermelha em cada histograma indica o valor real de N para cada simulação.

Tabela 3.30: Sumários das distribuições *a posteriori* de N para RK-GG

Parâmetro	Nº de Cadeias	Média	Mediana	dp	ICr
N_1	3	98,77	96,01	23,26	61,32 - 151,90
N_1	1	101,60	100,30	14,79	76,52 - 134,50
N_5	3	104,70	102,40	24,44	64,50 - 160,70
N_5	1	89,41	88,75	12,99	65,77 - 117,62
N_{10}	3	159,70	159,10	39,27	89,12 - 239,90
N_{10}	1	105,90	104,70	15,36	79,56 - 139,11
N_{15}	3	125,00	122,70	30,73	71,89 - 191,50
N_{15}	1	92,40	91,45	13,12	68,16 - 121,42
N_{20}	3	136,70	134,00	35,33	78,33 - 213,60
N_{20}	1	83,29	82,06	13,20	60,98 - 112,09

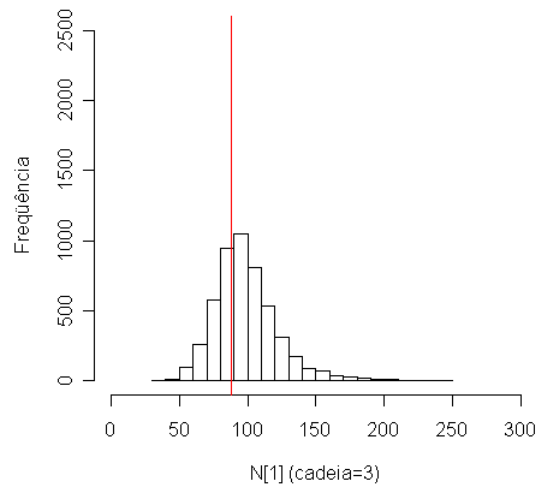
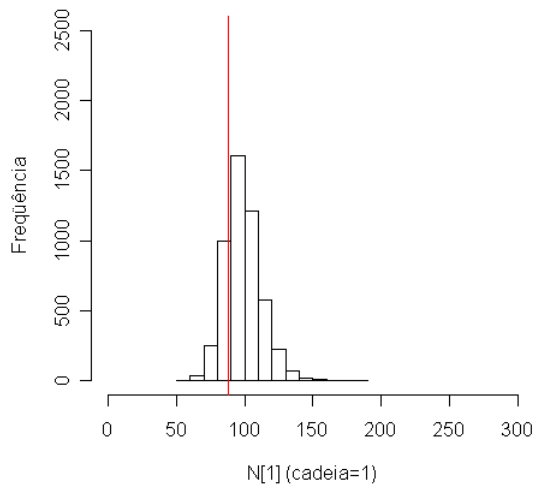


Figura 3.31: Histograma de N_1 (3 cadeias)

Figura 3.32: Histograma de N_1 (1 cadeia)

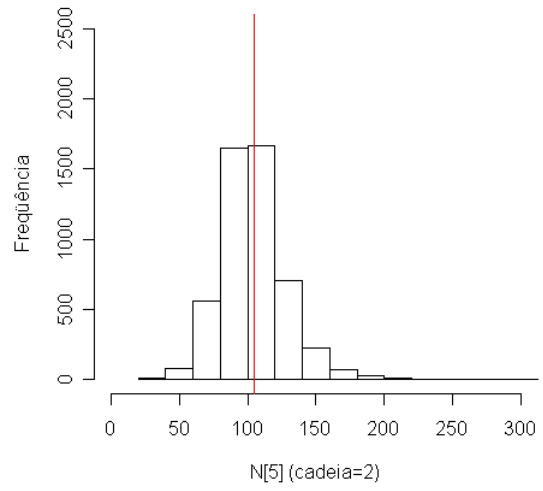
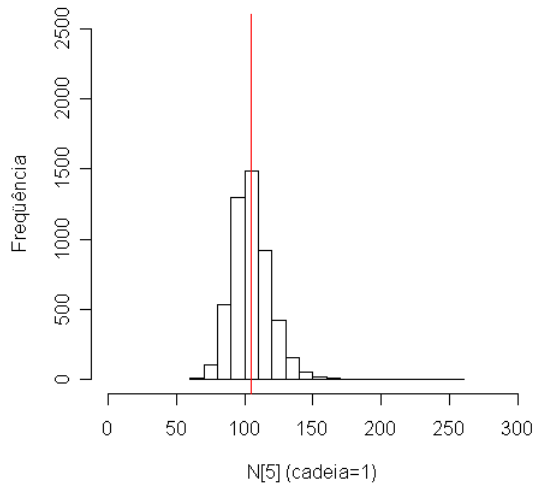


Figura 3.33: Histograma de N_5 (3 cadeias) Figura 3.34: Histograma de N_5 (1 cadeia)

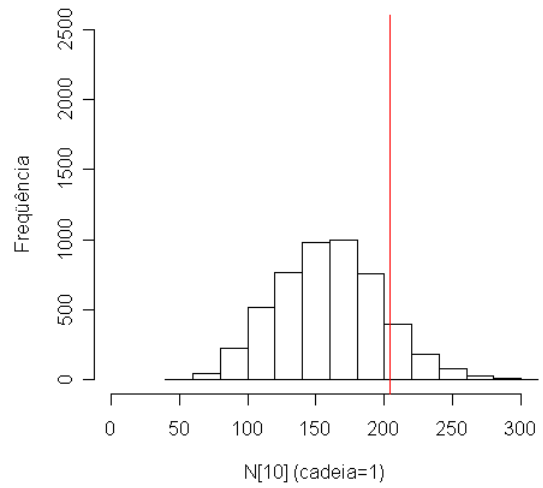
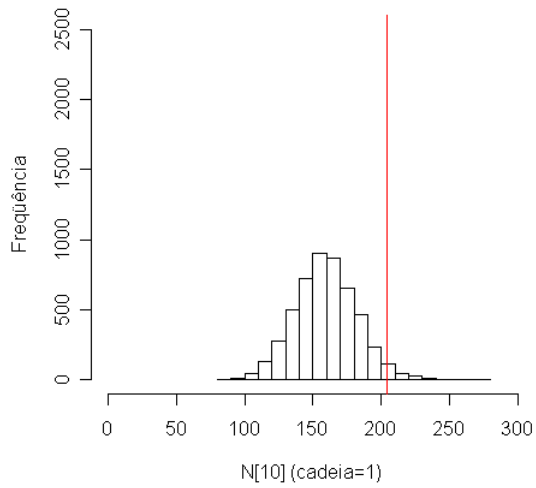


Figura 3.35: Histograma de N_{10} (3 cadeias) Figura 3.36: Histograma de N_{10} (1 cadeia)

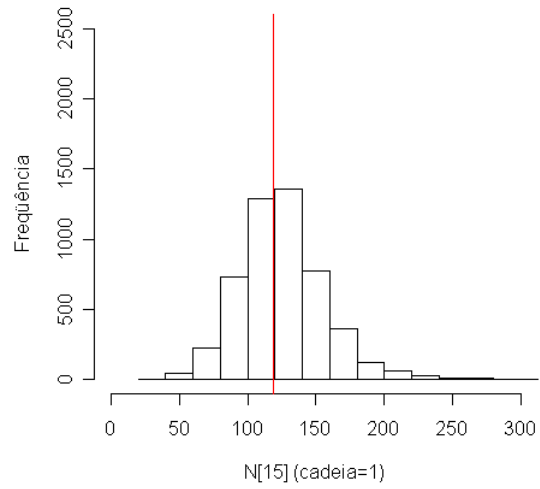
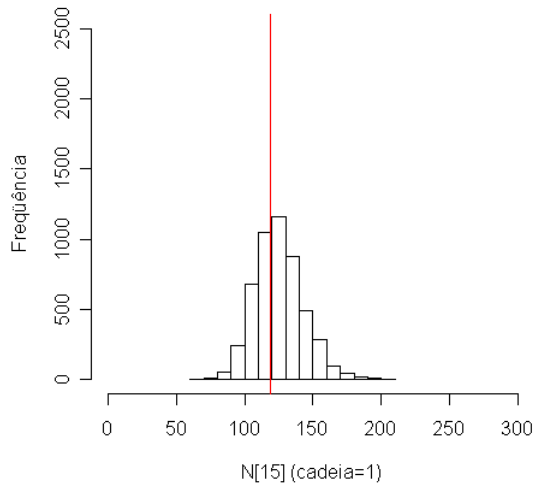


Figura 3.37: Histograma de N_{15} (3 cadeias) Figura 3.38: Histograma de N_{15} (1 cadeia)

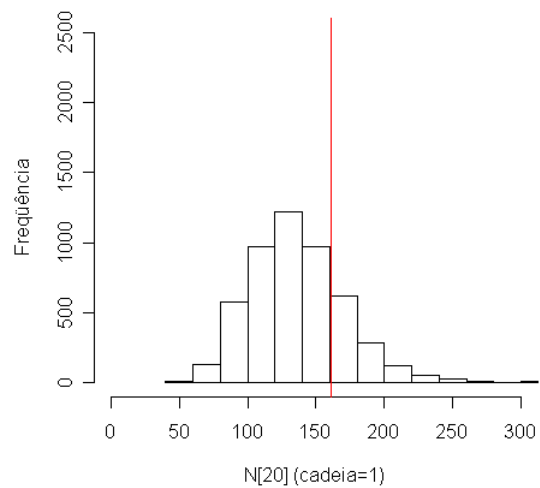
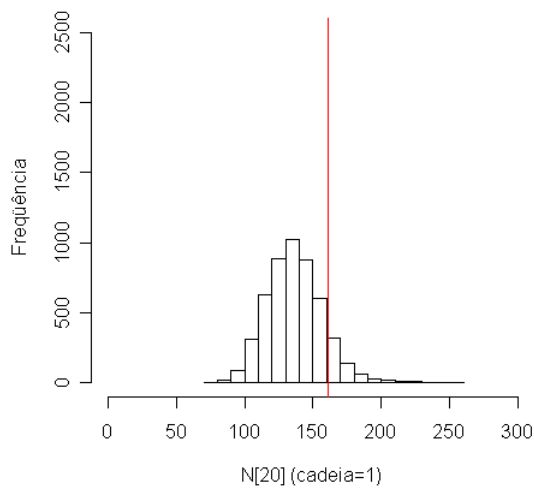


Figura 3.39: Histograma de N_{20} (3-1) Figura 3.40: Histograma de N_{20} (1 cadeia)

A estimação dos erros do processo e de observação, no caso dos dados de entrada apresentarem grande erro de processo e grande erro de observação, apresenta um ICr que cobre o valor real do desvio padrão utilizado. As estatísticas descritivas para $\hat{\sigma}_v$ e $\hat{\sigma}_\epsilon$ são apresentadas na tabela (3.31). Pode-se verificar que as estimativas obtidas com uma única cadeia obtiveram uma maior aproximação dos valores reais.

As densidades para erros médios estimados são apresentadas nas figuras a seguir.

Tabela 3.31: Sumários das distribuições *a posteriori* dos erros para RK-GG

Parâmetro	Média	dp	Mediana	ICr
σ_{ν_3}	0,34	0,11	0,32	0,15 - 0,59
σ_{ν_1}	0,20	0,069	0,19	0,08 - 0,35
σ_{ϵ_3}	0,32	0,13	0,30	0,13 - 0,61
σ_{ϵ_1}	0,19	0,078	0,18	0,07 - 0,35

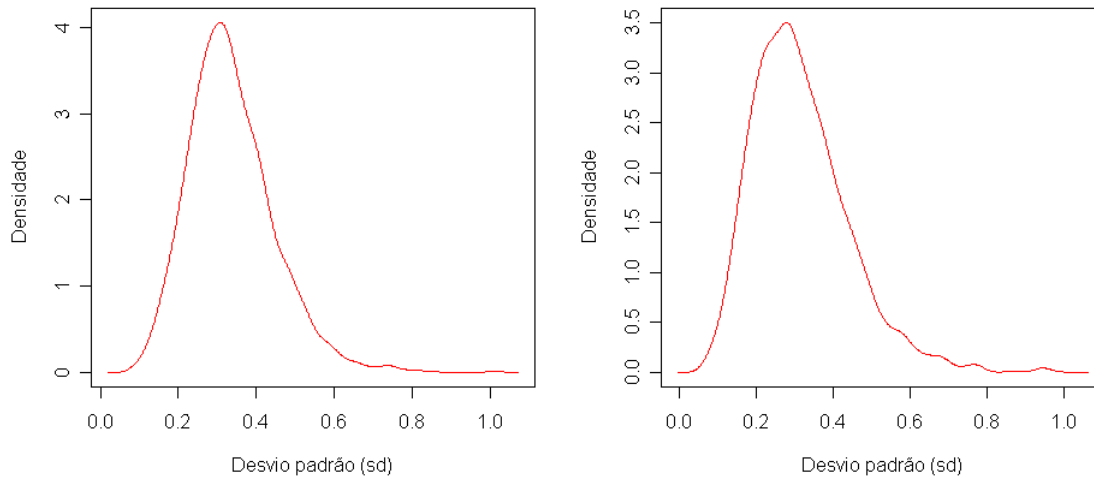


Figura 3.41: Densidade *posteriori* marginal para $\sigma\nu$ (3 cadeias)

Figura 3.42: Densidade *posteriori* marginal para $\sigma\epsilon$ (3 cadeias)

•Diagnóstico de convergência de Geweke

Para o diagnóstico de convergência de Geweke, utilizou-se duas partes da cadeia: a primeira formada por 10% dos valores iniciais da cadeia e a segunda formada por 50% dos seus valores finais.

Segundo o diagnóstico de Geweke, a situação em que não houve convergência é para o caso $RK - GG_{3-2}$, para diversas estimativas que podem ser observadas na tabela 3.32. Nos demais casos pode-se observar que, considerando o quantil $Z = |1,96|$ da distribuição normal padronizada, a hipótese de convergência das cadeias, segundo o critério de convergência de Geweke, não pode ser rejeitada.

Tabela 3.32: Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-GG

	$RK - GG_{3-1}$	$RK - GG_{3-2}$	$RK - GG_{3-3}$	$RK - GG_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	-1,19	-3,90	0,30	-0,11
MSY	-0,70	-2,01	0,21	0,66
σ_ν	0,12	-0,66	0,54	-0,03
σ_ϵ	-0,25	-2,77	-0,72	0,50
r	-2,51	-3,37	-0,89	-1,06
N_1	-0,38	0,55	0,55	-1,40
N_2	0,55	-0,73	-0,20	-0,42
N_3	-2,30	-2,61	-0,90	-1,10
N_4	-1,02	-0,46	0,21	-1,12
N_5	-0,85	-1,38	-0,37	0,97
N_6	-0,89	-0,01	-1,01	0,37
N_7	-0,71	-0,05	-0,07	0,21
N_8	-0,90	-0,75	-1,71	-0,17
N_9	-0,72	-0,76	0,43	-0,84
N_{10}	0,03	-0,19	0,61	1,82
N_{11}	-0,70	-2,41	-0,63	-0,65
N_{12}	1,22	0,96	1,13	-0,97
N_{13}	-0,24	-2,07	-0,60	1,30
N_{14}	1,38	1,12	0,66	-1,61
N_{15}	-0,35	-3,35	1,02	0,15
N_{16}	-0,17	-2,45	-0,71	-1,97
N_{17}	-0,34	0,31	0,14	1,01
N_{18}	-0,02	-2,00	-1,20	-1,00
N_{19}	-0,24	0,38	0,27	1,01
N_{20}	-1,47	-2,38	-0,97	0,82

•Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin

A tabela 3.33 apresenta os valores resultantes do diagnóstico. Valores menores que 1,1 evidenciam que a convergência das cadeias foi atingida, desta forma é possível verificar que a convergências das múltiplas cadeias foi obtida para todos os parâmetros estimados.

Tabela 3.33: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-GG

	2,5%	97,5%
K	1,003	1,009
MSY	1,000	1,001
σ_ν	1,001	1,003
σ_ϵ	1,000	1,001
r	1,004	1,014
N_1	1,002	1,008
N_2	1,001	1,002
N_3	1,003	1,012
N_4	1,001	1,003
N_5	1,000	1,001
N_6	1,001	1,001
N_7	1,001	1,002
N_8	1,000	1,001
N_9	1,000	1,000
N_{10}	1,000	1,001
N_{11}	1,002	1,005
N_{12}	1,001	1,001
N_{13}	1,001	1,004
N_{14}	1,002	1,008
N_{15}	1,002	1,007
N_{16}	1,001	1,004
N_{17}	1,000	1,001
N_{18}	1,002	1,003
N_{19}	1,002	1,003
N_{20}	1,001	1,001

•Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis

Com o diagnóstico de Raftery e Lewis determina-se um número mínimo de iterações necessárias para que as amostras da cadeia sejam independentes e a convergência seja alcançada.

Os valores de convergência para $\hat{\sigma}_\nu$, $\hat{\sigma}_\epsilon$, MSY , r e K nos casos $RK - GG_{3-1}$, $RK - GG_{3-2}$ e $RK - GG_{3-1}$ apresentam problemas de convergência. O fato pode ser resultado da alta correlação entre os valores gerados, visto que o lag destas cadeias amostradas foi de 10. No caso $RK - GG_{1-1}$, os valores indicam a convergência podendo ser decorrência do lag = 100 utilizado, possibilitando uma menor correlação entre os valores observados

na cadeia.

Tabela 3.34: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-GG

	$RK - GG_{3-1}$			$RK - GG_{3-2}$			$RK - GG_{3-3}$			$RK - GG_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	5	5391	1,44	4	5124	1,37	10	10924	2,92	2	3930	1,05
MSY	10	11096	2,96	15	19275	5,15	7	7263	1,94	2	3803	1,02
σ_ν	18	18320	4,89	12	15832	4,23	12	14134	3,77	2	3680	0,98
σ_ϵ	12	14064	3,75	12	13718	3,66	16	17266	4,61	3	4198	1,12
r	12	14358	3,83	8	8945	2,39	7	7675	2,05	2	3741	1,00
N_1	3	4129	1,10	3	4484	1,20	3	4484	1,20	4	5038	1,34
N_2	3	4198	1,12	3	4410	1,18	3	4129	1,10	6	6295	1,68
N_3	3	4062	1,08	3	4198	1,12	2	3995	1,07	2	3866	1,03
N_4	2	3803	1,02	3	4267	1,14	3	4410	1,18	2	3803	1,02
N_5	2	3741	1,00	3	4410	1,18	2	3995	1,07	3	4198	1,12
N_6	3	4062	1,08	2	3995	1,07	3	4198	1,12	3	4062	1,08
N_7	3	4267	1,14	3	4062	1,08	3	4129	1,10	2	3995	1,07
N_8	3	4062	1,08	3	4410	1,18	3	4198	1,12	2	3741	1,00
N_9	3	4062	1,08	3	4129	1,10	3	4129	1,10	3	4062	1,08
N_{10}	2	3995	1,07	3	4129	1,10	3	4198	1,12	2	3930	1,05
N_{11}	3	4267	1,14	3	4267	1,14	8	9864	2,63	2	3930	1,05
N_{12}	2	3995	1,07	3	4338	1,16	3	4267	1,14	2	3803	1,02
N_{13}	4	4636	1,24	4	4636	1,24	8	10478	2,80	3	4129	1,10
N_{14}	4	4713	1,26	3	4484	1,20	3	4129	1,10	3	4062	1,08
N_{15}	2	3930	1,05	3	4558	1,22	3	4129	1,10	3	4062	1,08
N_{16}	3	4129	1,10	3	4267	1,14	4	4636	1,24	2	3995	1,07
N_{17}	3	4338	1,16	3	4267	1,14	2	3866	1,03	2	3680	0,98
N_{18}	3	4484	1,20	4	4636	1,24	3	4338	1,16	2	3995	1,07
N_{19}	3	4558	1,22	2	3930	1,05	3	4558	1,22	2	3866	1,03
N_{20}	2	3681	0,98	4	4636	1,24	3	4558	1,22	2	3930	1,05

●Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados

A tabela 3.35 apresenta os valores de autocorrelação gerados. Os parâmetros λ , ν e ϵ apresetam uma alta correlação quando usado um lag pequeno. Altas correlações dentro das cadeias indicam uma mistura lenta e, conseqüentemente, lenta convergência.

Tabela 3.35: Função de autocorrelação para RK-GG

Lag	r_3	r_1	σ_{ν_3}	σ_{ν_1}	σ_{ϵ_3}	σ_{ϵ_1}
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,7708	0,1447	0,7753	0,1733	0,8911	0,4017
5	0,3555	0,0066	0,3116	0,0082	0,5872	0,0117
10	0,1758	-0,0082	0,1292	-0,0023	0,3539	-0,0094
50	0,0073	0,0167	-0,0059	0,0009	-0,0324	0,0053

Tabela 3.36: Função de autocorrelação para RK-GG

Lag	$N1_3$	$N1_1$	$N5_3$	$N5_1$	$N10_3$	$N10_1$	$N15_3$	$N15_1$	$N20_3$	$N20_1$
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,0868	0,0046	0,1238	-0,0049	0,3763	0,0846	0,2064	0,0255	0,1382	0,0528
5	0,0114	0,0118	0,0113	-0,0001	0,1497	0,0058	0,0647	-0,0092	0,0571	0,0046
10	-0,0023	-0,0169	0,0006	0,0136	0,0744	-0,0045	0,0355	-0,0039	0,0215	-0,0096
50	-0,0072	0,0125	0,0118	-0,0231	-0,0069	-0,0082	0,0075	0,0054	0,0007	0,0036

A figura 3.43, representa a análise de autocorrelação de modo gráfico para os erros de processo (1ª coluna) e erros de observação (2ª coluna), onde as três primeiras linhas são para RK_3 e a última linha é para RK_1 . Pode-se verificar que quanto maior o lag, menor a autocorrelação.

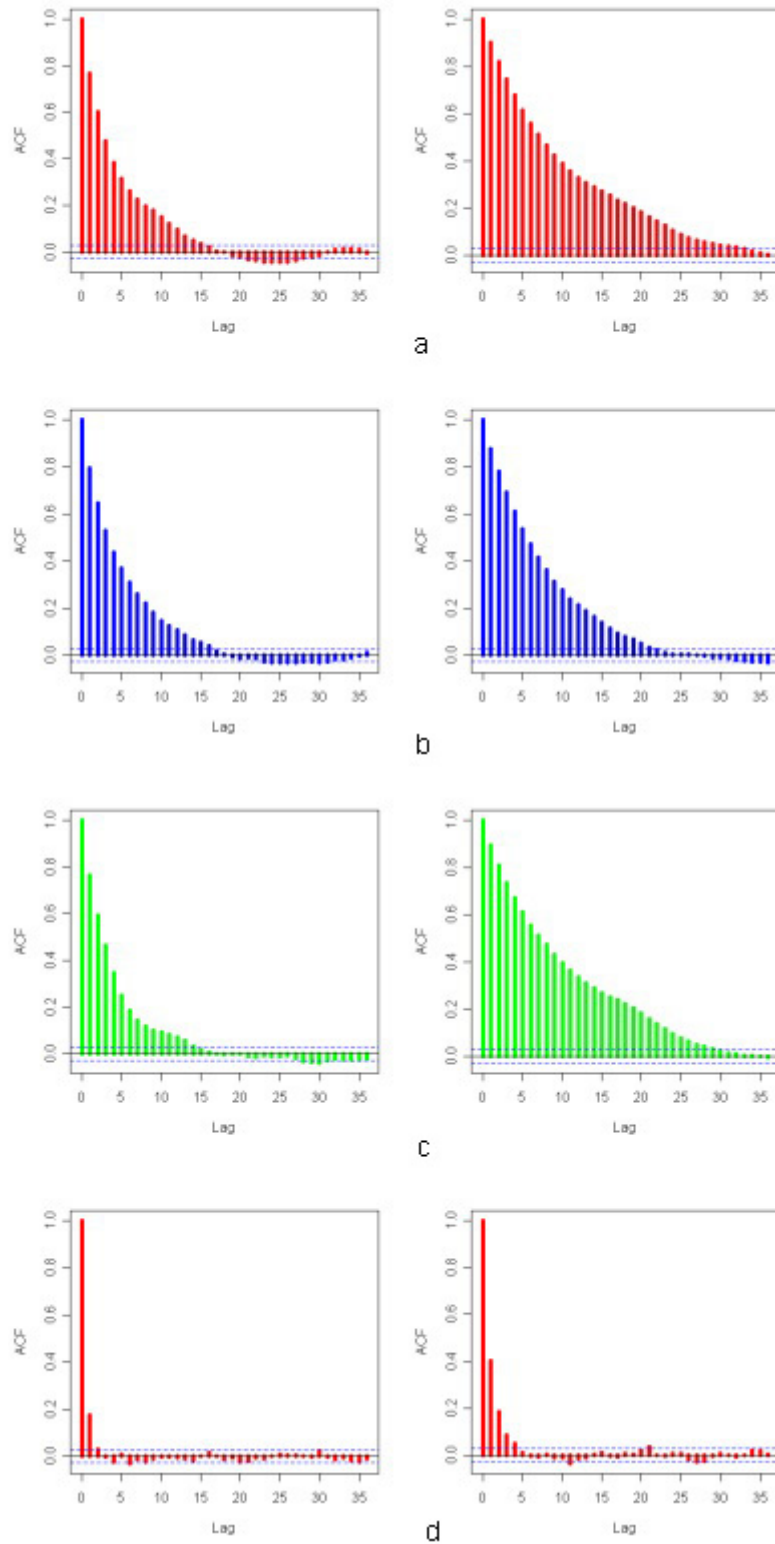


Figura 3.43: Autocorrelação: (a) caso $RK - GG_{3-1}$, (b) caso $RK - GG_{3-2}$, (c) caso $RK - GG_{3-3}$ e (d) caso $RK - GG_{1-1}$

3.5.2.2 Caso RK-GP (grande erro do processo e pequeno erro de observação)

•Análise descritiva dos resultados

A tabela (3.37) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias de comprimento $n=5.000$, totalizando uma amostra de tamanho $n=15.000$.

Tabela 3.37: Sumários das distribuições *a posteriori* com 3 cadeias para RK-GP

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	95,90	6,45	0,11	95,68	83,96 - 109,70
MSY	28,09	9,01	0,23	27,62	12,09 - 46,63
r	1,37	0,37	0,01	1,35	0,70 - 2,12
σ_ν	0,19	0,07	0,00	0,18	0,07 - 0,36
σ_ϵ	0,20	0,07	0,00	0,19	0,04 - 0,36

A análise realizada com uma única cadeia obteve estimativas bastante semelhantes as estimativas obtidas ao se fazer uso de três cadeias. A tabela (3.38) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Tabela 3.38: Sumários das distribuições *a posteriori* com 1 cadeia para RK-GP

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	96,04	6,85	0,12	95,64	84,33 - 110,20
MSY	28,03	8,97	0,14	27,52	11,84 - 46,39
r	1,17	0,36	0,01	1,15	0,51 - 1,90
σ_ν	0,20	0,07	0,00	0,20	0,08 - 0,36
σ_ϵ	0,19	0,08	0,00	0,18	0,03 - 0,36

Os valores médios de \hat{K} são próximos ao valor real ($K = 100$). Os valores de $\hat{r} = 1,37$, como no caso RK-GG, são inferiores ao valor real ($r = 1,50$) mas seu $ICr_{\hat{r}} = (0,70 - 2,12)$ o cobre.

As estimativas dos erros de observação ($\hat{\sigma}_\epsilon = 0,19$), não foram próximas dos valores utilizados na geração dos dados ($\sigma_\epsilon = 0,05$), mas cabe salientar que os intervalos de credibilidade obtiveram como $ICr_{\hat{\sigma}_\epsilon} = (0,04 - 0,36)$. Já os valores de $\hat{\nu} = 0,20$, foi igual ao valor real ($\sigma_\nu = 0,20$) com um $ICr_{\hat{\sigma}_\nu} = (0,07 - 0,36)$.

•**Diagnóstico de convergência de Geweke**

Pode-se observar que, considerando o quantil $Z = 1,96$ da distribuição normal padronizada, que somente não houve convergência da cadeia no caso $RK - GP_{3-1}$ para K , $\hat{\sigma}_\nu$, $\hat{\sigma}_\epsilon$ e r .

Tabela 3.39: Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-GP

	$RK - GP_{3-1}$	$RK - GP_{3-2}$	$RK - GP_{3-3}$	$RK - GP_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	-3,03	0,91	-0,65	-0,11
MSY	-2,27	0,94	0,52	0,66
σ_ν	-2,14	-0,97	-1,90	-0,03
σ_ϵ	-0,06	-0,20	0,12	0,50
r	-2,49	-0,91	-0,59	-1,06

•**Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin**

A tabela 3.40 apresenta os valores resultantes deste diagnóstico, com todos os valores menores que 1,1 evidenciando que a convergência das cadeias foi atingida.

Tabela 3.40: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-GP

	2,5%	97,5%
K	1,0028	1,0090
MSY	1,0035	1,0100
σ_ν	1,0029	1,0090
σ_ϵ	1,0012	1,0046
r	1,0114	1,0321

•**Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis**

O tamanho mínimo da cadeia para os casos $RK - GP_{3-1}$, $RK - GP_{3-2}$ e $RK - GP_{3-3}$ sugerem que a cadeia deveria ser maior para os valores amostrados com um lag de 10, sugerindo um problema de convergência. No caso $RK - GP_{1-1}$, onde o lag utilizado é de 50, as cadeias convergem para valores inferiores a 5.000, que é o tamanho da cadeia amostrada.

Tabela 3.41: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-GP

	$RK - GP_{3-1}$			$RK - GP_{3-2}$			$RK - GP_{3-3}$			$RK - GP_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	6	6295	1,68	10	10380	2,77	5	5871	1,57	2	3930	1,05
MSY	8	9248	2,47	6	6756	1,80	6	7131	1,90	2	3803	1,02
σ_ν	13	14423	3,85	16	16882	4,51	26	28556	7,62	2	3680	0,98
σ_ϵ	36	35298	9,42	18	19066	5,09	24	30078	8,03	3	4198	1,12
r	7	7415	1,98	7	7397	1,97	7	7397	1,97	2	3741	1,00

●**Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados**

A tabela 3.42 apresenta os valores de autocorrelação das cadeias simuladas. Como no caso anterior, os parâmetros r , σ_ν e σ_ϵ apresentam uma alta autocorrelação quando o lag é pequeno diminuindo quando o lag maior.

Tabela 3.42: Função de autocorrelação para RK-GP

Lag	r_3	r_1	ν_3	ν_1	ϵ_3	ϵ_1
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,8099	0,1848	0,9005	0,5945	0,8821	0,3967
5	0,4094	-0,0170	0,6241	0,1826	0,5639	0,0460
10	0,1851	-0,0035	0,4105	0,0430	0,3576	0,0394
50	-0,0176	-0,0036	0,0607	0,0513	0,0588	0,0095

3.5.2.3 *Caso RK-PG (pequeno erro do processo e grande erro de observação)*

●**Análise descritiva dos resultados**

A tabela (3.43) apresenta o sumário das estatísticas para as estimativas realizadas com 3 cadeias de comprimento $n=5.000$, totalizando uma amostra de tamanho $n=15.000$.

A análise realizada com uma única cadeia obteve estimativas bastante semelhantes as estimativas obtidas ao se fazer uso de três cadeias. A tabela (3.44) apresenta o sumário das estatísticas para a simulação realizada com 1 cadeia de comprimento $n=5.000$.

Como nos casos anteriores os valores médios de \hat{K} são próximos do valor real ($K = 100$). Os valores de $\hat{r} = 1,26$ também são inferiores ao valor real ($r = 1,50$), e neste

Tabela 3.43: Sumários das distribuições *a posteriori* com 3 cadeias para RK-PG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	99,80	9,51	0,16	98,97	83,73 - 120,50
MSY	26,84	8,82	0,20	26,08	11,79 - 45,74
<i>r</i>	1,26	0,34	0,01	1,28	0,69 - 1,97
σ_ν	0,24	0,10	0,00	0,23	0,09 - 0,46
σ_ϵ	0,27	0,09	0,00	0,26	0,11 - 0,49

Tabela 3.44: Sumários das distribuições *a posteriori* com 1 cadeia para RK-PG

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	ICr
K	99,69	9,32	0,14	99,00	83,78 - 119,60
MSY	26,81	8,83	0,15	26,38	11,79 - 45,17
<i>r</i>	1,08	0,34	0,01	1,06	0,48 - 1,79
σ_ν	0,24	0,09	0,00	0,23	0,09 - 0,45
σ_ϵ	0,26	0,09	0,00	0,26	0,12 - 0,46

caso também seu $ICr_{\hat{r}} = (0,69 - 1,97)$ também cobre o seu valor real.

As estimativas dos erros de observação ($\hat{\sigma}_\epsilon = 0,27$) foram mais altos do que os valores utilizados na geração dos dados ($\sigma_\epsilon = 0,20$), apresentando um intervalos de credibilidade que cobre o valor real ($ICr_{\hat{\sigma}_\epsilon} = (0,11 - 0,49)$). Os valores de $\hat{\sigma}_\nu = 0,24$ não foram próximos do valor real ($\sigma_\nu = 0,05$) com um $ICr_{\hat{\sigma}_\nu} = (0,09 - 0,46)$, não cobrindo o valor real.

•Diagnóstico de convergência de Geweke

Neste diagnóstico de convergência, todas as cadeias convergiram para todos os parâmetros. Pode-se observar na tabela 3.45 que ao se considerar o quantil $Z = 1,96$ da distribuição normal padronizada, todos os valores estão no intervalo $(-1,96; 1,96)$.

Tabela 3.45: Diagnóstico de convergência de Geweke para RK-PG

	$BH - PG_{3-1}$	$BH - PG_{3-2}$	$BH - PG_{3-3}$	$BH - PG_{1-1}$
	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}	Z_{score}
K	-0,05	0,87	-0,11	-1,02
MSY	-0,62	-0,20	0,66	1,04
σ_ν	0,62	-1,24	-1,86	1,23
σ_ϵ	0,38	-1,48	-0,45	1,35
r	-1,05	-0,30	-1,42	0,70

•**Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin**

Na tabela 3.46 pode-se observar que todos valores resultantes deste diagnóstico, são menores que 1, 1 evidenciando que a convergência das cadeias foi atingida.

Tabela 3.46: Diagnóstico de convergência de Gelman e Rubin para RK-PG

	2,5%	97,5%
K	1,0066	1,0104
MSY	1,0024	1,0052
ν	1,0004	1,0004
ϵ	1,0030	1,0047
r	1,0033	1,0104

•**Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis**

Na tabela 3.47 todos os parâmetros que apresentam $N > 5000$ apresentam problemas de convergência segundo este diagnóstico. Para todos os casos $RK - PG_3$, este teste sugere que as cadeias convergem, na maioria dos casos, para um número superior a 5.000 iterações. No caso $BH - PG_1$ somente um parâmetro (ϵ) o número de iterações sugerido para a cadeia é superior a 5.000, e este fato pode ser justificado com o lag maior utilizado para estas observações.

Tabela 3.47: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis para RK-PG

	$RK - PG_{3-1}$			$RK - PG_{3-2}$			$RK - PG_{3-3}$			$RK - PG_{1-1}$		
	M	N	I	M	N	I	M	N	I	M	N	I
K	8	11002	2,94	3	4558	1,22	8	9864	2,63	2	3930	1,05
MSY	5	5852	1,56	5	5871	1,57	5	5577	1,49	2	3561	0,95
σ_ν	14	15674	4,18	16	16894	4,51	20	20918	5,58	2	3653	0,98
σ_ϵ	24	26828	7,16	22	22740	6,07	18	20004	5,34	2	3803	1,02
r	5	5771	1,54	5	5483	1,46	5	5391	1,44	2	3930	1,05

•Análise de autocorrelação para os parâmetros estimados

A tabela 3.48 apresenta os valores de autocorrelação gerados. Como nos casos anteriores, os parâmetros r , σ_ν e σ_ϵ apresentam uma alta correlação quando usado um lag pequeno diminuindo quando usado um lag maior.

Tabela 3.48: Função de autocorrelação para RK-PG

Lag	r_3	r_1	σ_{ν_3}	σ_{ν_1}	σ_{ϵ_3}	σ_{ϵ_1}
0	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
1	0,7416	0,1087	0,9124	0,3609	0,8269	0,2507
5	0,2789	0,0035	0,6534	0,0301	0,4507	-0,0120
10	0,1096	-0,0100	0,4565	0,0211	0,2526	-0,0092
50	0,0065	-0,0061	0,0475	-0,0006	-0,0009	-0,0007

3.6 Discussão e considerações finais

Nas sub-seções anteriores os resultados foram apresentados individualmente para os modelos de Beverton-Holt e Ricker. Verificou-se que o uso de técnicas de simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) são apropriadas para a obtenção de sumários *a posteriori* dos parâmetros de interesse. Problemas padrão neste tipo de simulação são a avaliação de convergência e na determinação do período de *burn-in* e o uso dos diversos diagnósticos de convergência possibilitou que a escolha adequada fosse feita através do uso do CODA.

Os resultados obtidos neste estudo simulado foram satisfatórios nas estimativas gerais

dos parâmetros com exceção das estimativas dos erros. Quando há variação nos erros, o modelo não consegue identificar as verdadeiras faixas de variação do mesmo, que pode ser justificado pela contaminação de um erro no outro. Existe uma indicação que esta simulação é bem comportada no cálculo das estimativas do tamanho da população (N) obtendo algumas características específicas para cada caso analisado para os demais parâmetros (λ , r , K ...).

Estas tendências dos modelos podem justificar algumas estimativas obtidas para as taxas de crescimento. No modelo de Beverton-Holt as estimativas de λ em geral foram abaixo do valor real em todas as situações das variações dos erros, encontrando-se na mesma ordem de magnitude que o valor real, embora sub-estimado. de Valpine e Hastings (2002) em seu modelo NISS obtiveram para este mesmo modelo valores superestimados para a taxa de crescimento e salientam a dificuldade de obter estimativas para este parâmetro dadas as características específicas do modelo. Para o modelo de Ricker as estimativas da taxa intrínseca de crescimento foram mais próxima do real valor do parâmetro. O MSY segue o mesmo padrão descrito para as taxas intrínsecas de crescimento

As figuras de (3.44) a (3.47) são utilizados para ilustrar os valores de $\hat{\lambda}$, \hat{r} e \hat{MSY} para o caso estimado com uma cadeia para ambos os modelos. Nas figuras a seguir tem-se GG para grande erro de processo e grande erro de observação, GS para grande erro de processo e pequeno erro de observação e SG para pequeno erro de processo e grande erro de observação.

Outro ponto que pode ser destacado é a avaliação quanto ao uso de uma única cadeia ou de múltiplas cadeias, que nesta simulação resultou em estimativas bastante próximas, salientando que embora os valores iniciais das cadeias tenham sido diferentes, elas convergiram para a mesma distribuição.

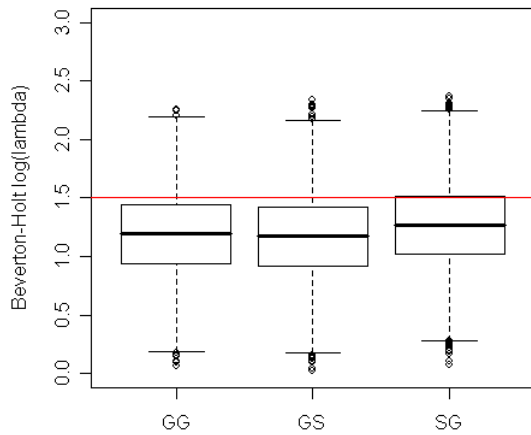


Figura 3.44: Box-plot $\log(\hat{\lambda})$

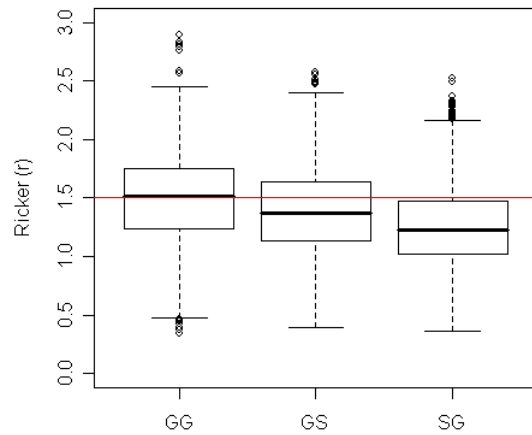


Figura 3.45: Box-plot \hat{r}

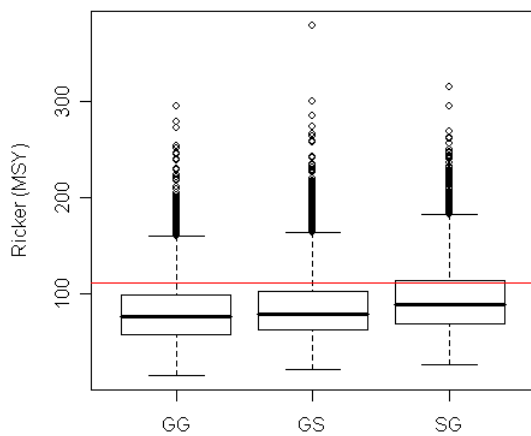


Figura 3.46: Box-plot ($M\hat{S}Y$) de Beverton-Holt, onde o valor real é $MSY = 112$

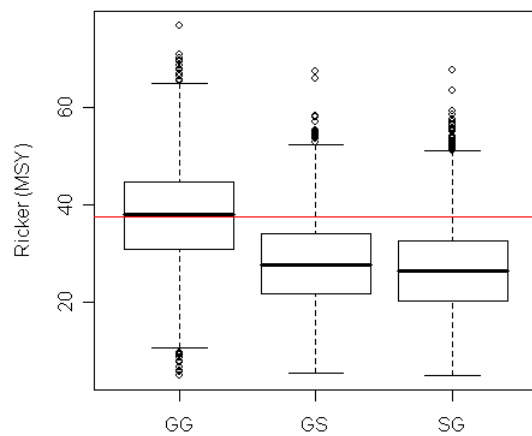


Figura 3.47: Box-plot $M\hat{S}Y$ de Ricker, onde o valor real é $MSY = 37,5$

Por fim a abordagem de um modelo estado-espço bayesiano oferece muitas vantagens por lidar com incerteza e é naturalmente conectada à avaliação de estado de população (Ludwig, 1996; Hilborn e Walters, 1992), desta forma a simulação aqui realizada serve como norteadora do procedimento que será realizado com dados reais no próximo capítulo.

4 ESTUDO DE CASO DE JUBARTES-ABROLHOS

Neste capítulo será apresentada uma estimativa bayesiana de abundância de uma população de baleias jubarte (*Megaptera novaeangliae*) com uso do MCMC.

A baleia jubarte (figura 4.1) é uma espécie cosmopolita e migratória. Durante o inverno, encontra-se em áreas de reprodução (10° - 22°, N e S) (Whitehead e Moore, 1982) e no verão procura alimento em regiões de altas latitudes (35° - 65°, N e S) (Winn e Reichley, 1985). No Brasil, a população que utiliza sua costa como área de reprodução é denominada de estoque "A" pela Comissão Internacional da Baleia (International Whaling Commission - IWC). Esta população foi muito explorada durante a atividade baleeira comercial no século 20 (Zerbini *et al*, 2007).

Estimativas de abundância em populações como a de baleias jubarte são fundamentais em programas de administração e conservação da vida selvagem. Métodos de captura-marcação-recaptura são uma ferramenta importante para o cálculo de abundância e outros parâmetros demográficos. Na metodologia tradicional de marcação e recaptura os animais são capturados, marcados e libertados (Seber, 2002). Na captura subsequente, animais que já haviam sido marcados são considerados recapturados e os demais recebem sua primeira marca, permitindo que um histórico de capturas seja construído.

No caso de populações com marcas naturais e individualizadas a captura é realizada com base nessas marcas. Especificamente para baleias jubarte, a nadadeira caudal é a sua "impressão digital". Técnicas convencionais de marcação e recaptura usando foto-identificação foram amplamente utilizadas para calcular o tamanho da população de ba-

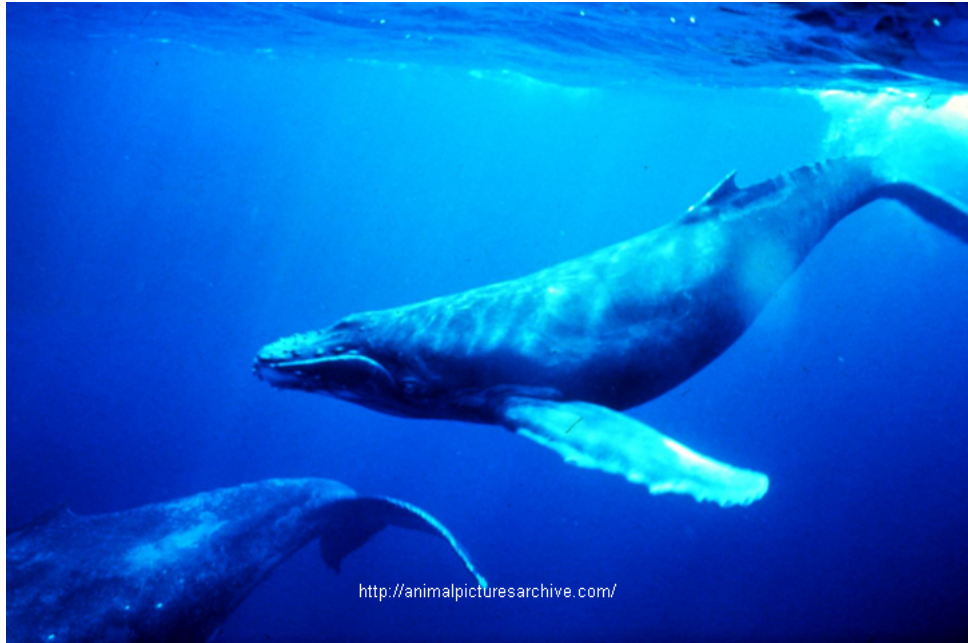


Figura 4.1: Baleias jubarte - *Megaptera novaeangliae*

leias jubarte (Hammond, 1986). A captura (avistagem) corresponde a uma fotografia de boa qualidade da nadadeira caudal em uma primeira situação amostral, e a recaptura (re-avistagem) corresponde a uma nova fotografia da mesma nadadeira caudal em um novo período amostral posterior (figura 4.2).

Esta técnica pressupõe a habilidade de reconhecer os indivíduos baseado em fotografias de suas marcas naturais que incluem pigmentação, cicatrizes, desenho da caudal e tudo que possa ser considerado uma marca permanente.

Uma das primeiras estimativa de abundância populacional realizada na costa brasileira, em específico no Arquipélago de Abrolhos (Bahia-Brasil), utilizando modelos de marcação e recaptura de indivíduos foto-identificados foi para o ano de 1995 (Kinas e Bethlem, 1998) fazendo uso de um modelo bayes-empírico e obtendo um valor de $\hat{N}_{1995} = 1.634$ baleias jubarte ($ICr_{90\%} = (1.379, 1.887)$).

Freitas et al. (2004) utilizando dados de foto-identificação obtidos de 1996 a 2000, obtiveram a estimativa usando quatro modelos diferentes. Através de um modelo hipergeométrico obtiveram uma estimativa média do período de $\hat{N}_{1996-2000} = 2.393$ baleias ($ICr_{95\%} = (1.924, 3.060)$). No ano de 2002, a partir de censos aéreos utilizando o mé-

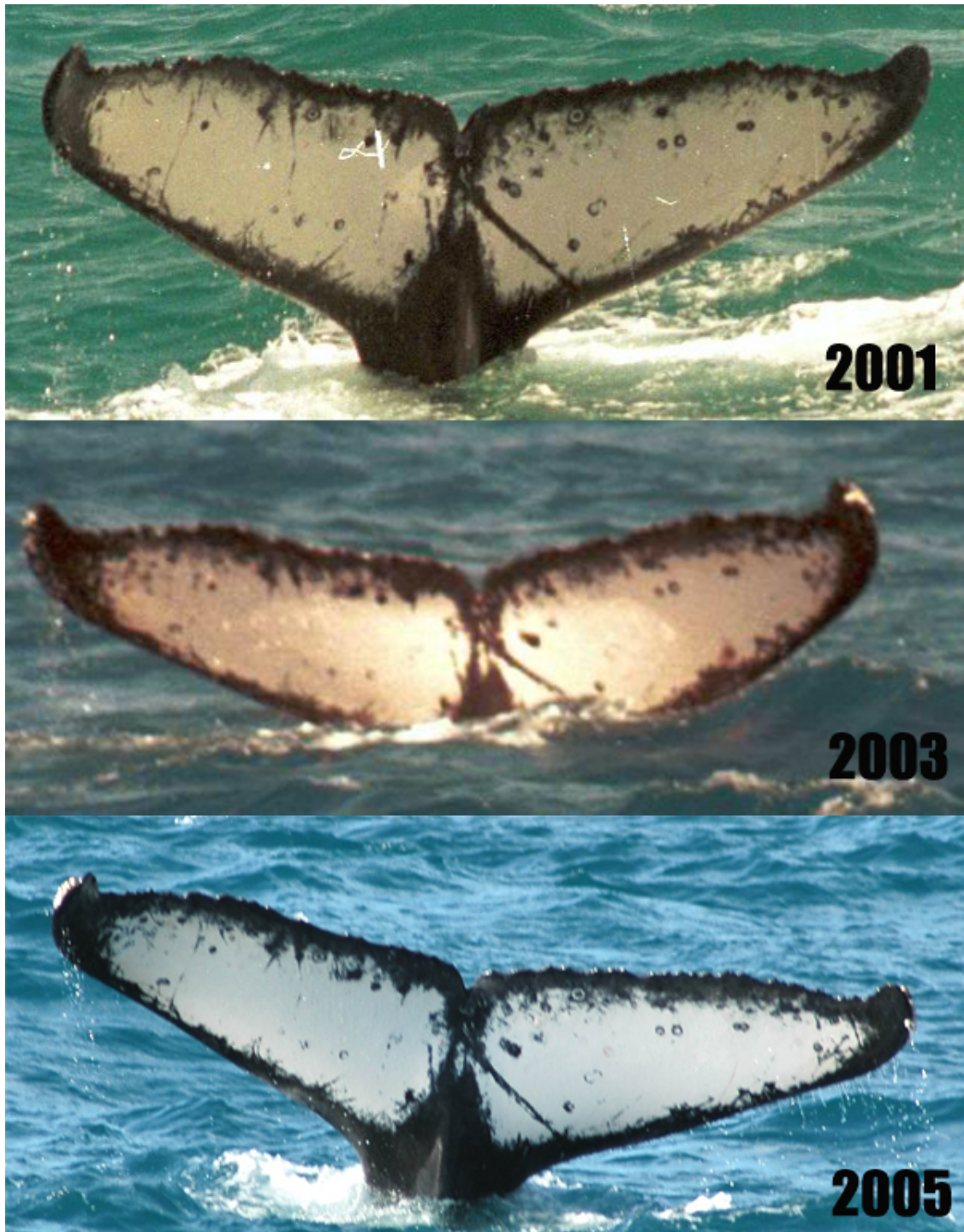


Figura 4.2: Foto-identificação de baleias jubarte: indivíduo avistado no ano de 2001 e re-avistado nos anos de 2003 e 2005. As marcas naturais identificam o indivíduo em diferentes períodos amostrais. Fotos do Instituto Baleia Jubarte.

todo de transecção linear, que não utiliza marcação-recaptura, foi obtida uma estimativa de $\hat{N}_{2002} = 2663$ indivíduos (cv:0,13) para a mesma população (Andriolo *et al*, 2003).

A baleia jubarte encontra-se na Lista Oficial de Espécies da Fauna Brasileira Ameaçadas de Extinção (Portaria IBAMA 1522 de 19/12/89) (IBAMA, 2001) e é uma espécie considerada vulnerável pelo Livro Vermelho da União Mundial para a Conservação da Natureza (Klinowska, 1991).

4.1 Descrição dos dados

O conjunto de dados utilizados foi disponibilizado pelo Instituto Baleia Jubarte (IBJ) e estende a série de dados usado em Freitas et al. (2004) para o período de 1996 até 2004.

Os dados utilizados são históricos de marcação e recaptura de baleias no entorno do Banco de Abrolhos, com fotos-identificação das faces ventrais de nadadeiras caudais. Os registros fotográficos foram obtidos em cruzeiros de pesquisa no Instituto Baleia Jubarte (IBJ).

Tabela 4.1: Dados de avistagem e re-avistagem de baleias jubarte no Banco de Abrolhos período de 1996 a 2004. Número total de foto-identificações (n_t), re-avistagens (m_t) e o total de animais foto-identificados e presentes na população no início do período t , (M_t) para o período analisado.

Ano	t	n_t	m_t	M_t
1996	1	105	0	0
1997	2	145	8	105
1998	3	230	24	242
1999	4	165	27	448
2000	5	245	31	586
2001	6	229	13	800
2002	7	179	14	1016
2003	8	282	34	1181
2004	9	355	61	1429

Nos 9 anos de amostragem foram foto-identificadas um total de $M_{10} = 1723$ jubartes, sendo $M_{t+1} = M_t + (n_t - m_t)$. O catálogo do IBJ contém mais dados de anos anteriores a 1996, mas a análise concentra-se no período de 1996 a 2004 por estes anos apresentarem uma técnica de campo consolidada bem como esforço amostral (horas de cruzeiro) e cobertura espacial semelhantes. A amostragem é considerada sem reposição pois em

determinado ano um animal é registrado como avistado (ou não-avistado) sem considerar o número de vezes em que é visto dentro daquele ano.

4.2 Formulação do modelo espaço-estado

De modo análogo à modelagem efetuada no capítulo 3, a equação do estado do processo é baseada na história de vida da população para a qual se deseja obter um estimativa. Em Freitas *et al.* (2004) o modelo de crescimento populacional utilizado é um modelo simples por ser determinístico e não incluir mecanismos de denso-dependência.

Para refletir mudanças no tamanho da população ao longo dos anos é necessário um modelo de dinâmica de populações não-gaussiano e não-linear, como o modelo apresentado pela generalização da equação logística de Pella e Tomlinson (1969) (4.1). A generalização é devida a adição de um parâmetro z o qual determina o tamanho da população em que a produtividade é máxima, sendo conhecido como parâmetro de forma (*shape*) (Zerbini *et al.*, 2007). O modelo populacional aqui utilizado é a versão estocástica deste modelo.

$$N_{t+1} = \left(N_t + N_t \cdot r \cdot \left[1 - \left(\frac{N_t}{K} \right)^z \right] \right) \cdot e^{\omega_{t+1}} \quad (4.1)$$

N_{t+1}	tamanho da população no ano $t + 1$
N_t	tamanho da população no ano t
r	taxa intrínseca de crescimento da população
K	tamanho populacional do estoque virgem
z	parâmetro de forma (<i>shape</i>)
ω_{t+1}	erro do processo - $N(0, \sigma_\omega^2)$

Como parâmetros desconhecidos desse modelo tem-se o vetor $\theta = (r, z, K, \sigma_\omega, N_1, N_2, \dots, N_9)$.

Segundo Millar e Meyer (1999a) simulações realizadas em termos de biomassa (N) apresentaram uma convergência lenta e sugerem uma reparametrização dividindo a equa-

ção do estado por K evitando uma alta correlação entre os estados e o máximo suportado pelo ambiente (K). Desta forma foi utilizado:

$$P_t = \frac{N_t}{K} \quad (4.2)$$

$$P_{t+1} = (P_t + P_t \cdot r \cdot [1 - P_t^z]) \cdot e^{\nu_{t+1}} \quad (4.3)$$

com $\nu_{t+1} \sim \text{norm}(0, \frac{1}{\sigma_\nu^2})$.

A função de verossimilhança para os dados é dada pelo produto de uma seqüência de modelos hipergeométricos como a equação (4.5).

$$P((m_t|N_t)) = \frac{\binom{M_t}{m_t} \binom{N_t - M_t}{n_t - m_t}}{\binom{N_t}{n_t}} \quad (4.4)$$

n_t número total de jubartes foto-identificadas no período t

m_t número de jubartes sendo re-avistadas no período t

M_t número acumulado de jubartes que foram foto-identificadas antes do período t

$M_1 \equiv 0$

$t = 1, \dots, 9$ height

Devido ao fato que m_t é bem menor que M_t seja razoável supor $\frac{M_t}{N_t} \approx \frac{M_t}{N_t - n_t}$ e conveniência computacional usamos a aproximação binomial. Isto é,

$$P(m_t|N_t) = \frac{n_t!}{m_t! \cdot (n_t - m_t)!} \cdot \left(\frac{M_t}{N_t}\right)^{m_t} \left(1 - \frac{M_t}{N_t}\right)^{n_t - m_t} \quad (4.5)$$

para $t = 1, \dots, 9$.

4.3 Definições das distribuições *a priori*

Foi definida uma *priori* para k sendo $k = K^{-1}$, como uma distribuição normal com aos quantis de 10% e 90% de k iguais a 18.155 e 24.180, e caudas truncadas em $I(9, 75; 10, 4)$ que correspondem aos valores 17.154 e 32.859 para K .

A definição da *priori* para N_1 fez uso de uma distribuição uniforme entre 1.500 e K indivíduos que é praticamente não-informativa e incluída apenas para estabelecer os limites extremos dos valores para o possível tamanho da população no ano de 1996. O número de indivíduos foto-identificados no catálogo é maior que os 1.500 usados como limite inferior; e o limite superior a estimativa corrente do tamanho provável do estoque virgem, K .

$$k \sim dnorm(9, 95; 80) \quad (4.6)$$

A *priori* definida para a taxa intrínseca de crescimento, r , foi baseada em dados independentes de foto-identificação que estão apresentados em (Ward *et al.*, 2007). Tais informações são provenientes de índices de abundância relativos (taxa de encontro) disponíveis para a mesma região no período de 1994 a 1998. A distribuição utilizada foi uma Beta generalizada restrita ao intervalo de 0 a 0,12, com parâmetros $\alpha=6$ e $\beta=3,67$. A distribuição em questão apresenta média 0,074 com quantis de 10% e 90% de r igual a 0,050 e 0,097, respeitando o limite biológico inferior a 0,12 conforme sugerido em Clapham *et al.*(2001).

$$r \sim dBetaG(6; 3, 67; 0; 0, 12) \quad (4.7)$$

Para o parâmetro z , o qual determina o tamanho da população onde a produtividade é máxima, foi definida uma *priori* uniforme entre 0 e 4, procurando cobrir o valor de $z = 2,39$ utilizado por Zerbini *et al.* (2007) e incluindo também $z = 1$ correspondente ao modelo de Pella-Tomlinson convencional.

Os erros do processo são definidos em termos da precisão, sendo esta definida como uma distribuição gama não-informativa, assim:

$$prec.ev \sim dgamma(0,001; 0,001) \quad (4.8)$$

e o erro é definido por distribuição normal com média zero e precisão $prec.ev$.

$$erro.ev \sim dnorm(0; prec.ev) \quad (4.9)$$

4.4 Simulação via MCMC

Após a determinação das *prioris*, supõe-se haver independência (lógica) entre alguns desses parâmetros populacionais, de modo que a distribuição *a priori* de θ seja dado pelo produto das *prioris* unidimensionais assim definidas:

$$P(\theta) = P(r, z, K, \sigma_\nu, N_1, N_2, \dots, N_9)$$

$$P(\theta) = P(r).P(z).P(K).P(\sigma_\nu).P(N_1|\sigma_\nu). \prod_{t=2}^9 .P(N_t|r, z, K, \sigma_\nu, N_{t-1}) \quad (4.10)$$

A distribuição *a posteriori* resultante é complexa e de alta dimensão, desta forma as estimações desejadas foram obtidas a partir de simulação via MCMC. A implementação escolhida é a mesma apresentada no capítulo 3, utilizando o OpenBUGS e o R.

Após algumas tentativas preliminares, decidiu-se por um *burn-in* de 100.000 iterações, seguidas por 350.000 iterações com um *lag*=50, para evitar altas correlações entre as observações da cadeia gerada, resultando em uma cadeia de comprimento 7.000. Como diagnósticos para verificação da convergência da cadeia obtida foi utilizado o pa-

cote CODA. A amostra gerada é utilizada para efetuar todas as inferências de interesse. O ANEXO IV apresenta o código deste capítulo.

4.5 Resultados

Para N_1, N_2, \dots, N_9 foi utilizada a notação $N_{1996}, N_{1997}, \dots, N_{2004}$ para facilitar a associação com os períodos aos quais se referem as estimativas.

4.5.1 Análise de convergência

Foram realizadas duas análises para verificar a convergência das cadeias geradas, diagnóstico de Geweke e Raftery-Lewis.

No diagnóstico de Geweke, todas as cadeias convergiram para todos os parâmetros. Pode-se observar na tabela 4.2 que ao se considerar o quantil $Z = |1,96|$ da distribuição normal padronizada, todos os valores estão no intervalo $(-1,96; 1,96)$.

Tabela 4.2: Diagnóstico de convergência de Geweke

	Z_{score}
N_{1996}	0,15
N_{1997}	0,05
N_{1998}	-1,34
N_{1999}	-0,50
N_{2000}	-1,13
N_{2001}	0,59
N_{2002}	-1,35
N_{2003}	0,44
N_{2004}	0,48
z	-0,95
r	0,50
K	1,46

Na tabela 4.3 todos os parâmetros convergiram segundo este diagnóstico, apresentando valores próximos a 1.

Tabela 4.3: Diagnóstico de convergência de Raftery e Lewis

	M	N	I
N_{1996}	2	3646	0,97
N_{1997}	2	3776	1,01
N_{1998}	2	3820	1,02
N_{1999}	2	3820	1,02
N_{2000}	2	3776	1,01
N_{2001}	3	3820	1,02
N_{2002}	2	3732	1,00
N_{2003}	2	3603	0,96
N_{2004}	2	3776	1,01
r	2	3689	0,99
z	2	3776	1,01
K	2	3820	1,02

4.5.2 Análise descritiva dos resultado

Os resultados apresentados para as estimativas realizadas para o tamanho da população para todos os anos da análise ($\hat{N}_{1996}, \dots, \hat{N}_{2004}$); para a taxa intrínseca de crescimento (\hat{r}), e do parâmetro de forma (\hat{z}) e estão na tabela 4.4.

Tabela 4.4: Sumário das distribuições *a posteriori* dos parâmetros para a população de baleias Jubarte

Parâmetro	Média	dp	Erro _{MC}	Mediana	IC _{r95%}
N_{1996}	3383	2113	22,40	2827	1151 - 9122
N_{1997}	2423	733	9,63	2311	1343 - 4188
N_{1998}	2477	445	5,14	2432	1756 - 3464
N_{1999}	2999	502	5,99	2943	2155 - 4104
N_{2000}	4980	783	8,80	4906	3666 - 6681
N_{2001}	11550	2568	27,42	11140	7590 - 17510
N_{2002}	12320	2542	29,34	11960	8237 - 18270
N_{2003}	10050	1464	17,15	9917	7603 - 13350
N_{2004}	8601	1016	13,62	8513	6852 - 10780
r	0,076	0,018	0,000	0,077	0,038 - 0,106
z	2,050	1,120	0,013	2,060	0,142 - 3,890
K	21100	2204	25,12	20870	17570 - 26070
σ_ν	0,128	0,629	0,007	0,016	0,000 - 0,903

O estimador Bayesiano é dado pela média da *posteriori* sob o critério de minimização

da perda quadrática; alternativamente, o estimador bayesiano é a mediana se o critério escolhido é a minimização do erro absoluto. Os dois critérios tem vantagens e desvantagens (Berger, 1985). Assim, ambos os estimadores estão apresentados para todos os parâmetros. Observando estes estimadores pode-se destacar que a mediana é sempre menor que a média para os todos os parâmetros o que caracteriza uma assimetria positiva a distribuição *posteriori*.

O valor estimado da população no ano de 2004 foi de $\hat{N}_{2004} = 8.601$ animais, com uma taxa de crescimento em torno de 7,6% ao ano. Obteve-se uma estimativa mais elevada para o ano de 2002 e as incertezas presentes apresentam-se expressas na amplitude elevada de alguns intervalos de credibilidade.

A distribuição *a posteriori* marginal da biomassa virgem (\hat{K}), é apresentada na figura (4.3) e a do tamanho da população para o ano de 2004 (\hat{N}_{2004}) na figura (4.4).

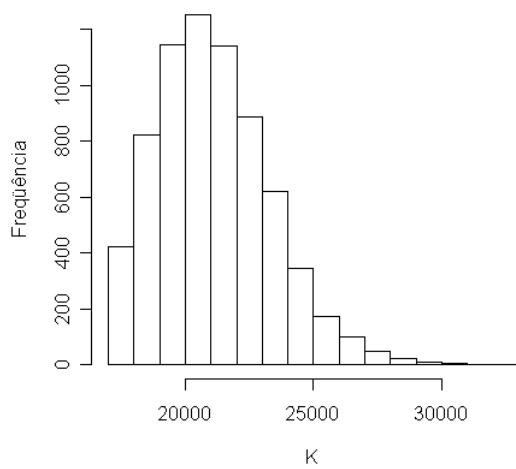


Figura 4.3: Distribuição *a posteriori* K

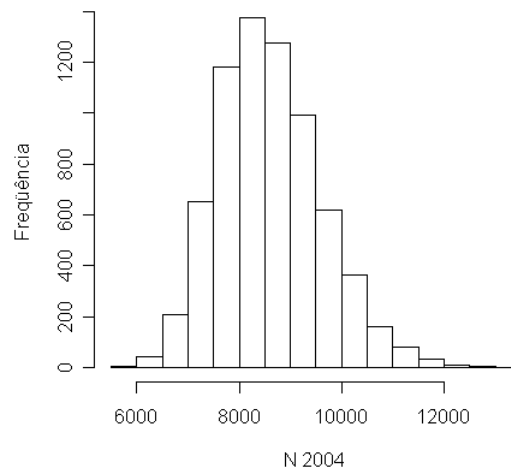


Figura 4.4: Distribuição *a posteriori* N 2004

O parâmetro $\hat{z} = 2,05$, apresenta uma estimativa inferior a sugerida por Zerbini *et al.* (2007), $z = 2,39$. No entanto a *posteriori* é pouco informativa conforme mostra a distribuição *posteriori* marginal na figura (4.5). A estimativa da taxa intrínseca de crescimento, $\hat{r} = 0,076$, está bastante próxima dos valores encontrados nos diferentes cenários tratados por Zerbini *et al.* (2007) com r variando entre 0,065 e 0,073. Suas distribuições *a priori* e *a posteriori* pode ser observada na figura (4.6) indicando que há pouca informação sobre este parâmetro nos dados analisados.

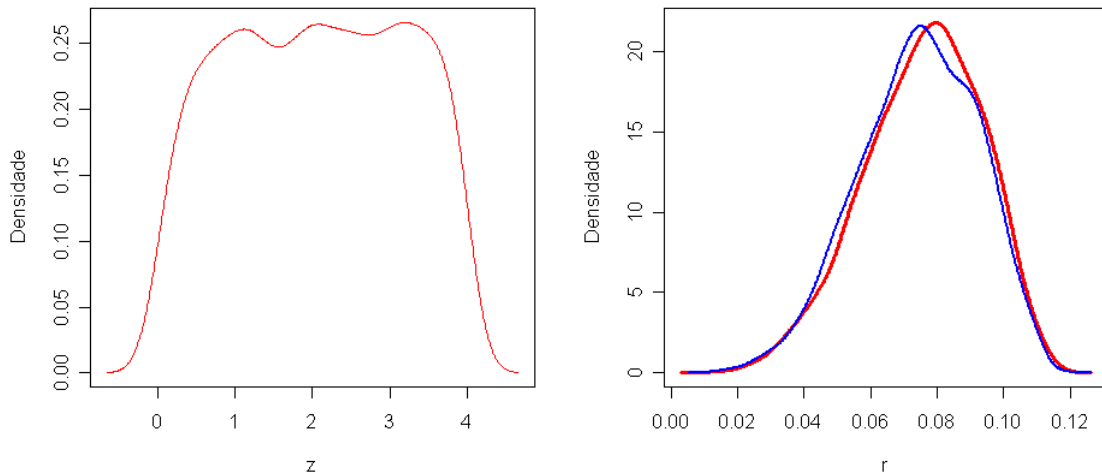


Figura 4.5: Densidade *a posteriori* de z (*posteriori* com pouca informação sobre o parâmetro) Figura 4.6: Densidade *a posteriori* de r (linha vermelha - *priori* e linha azul - *posteriori*)

As estimativas do tamanho da população para todo o período analisado, de 1996 a 2004 podem ser observadas nas figuras (4.6) e (4.7). [4]

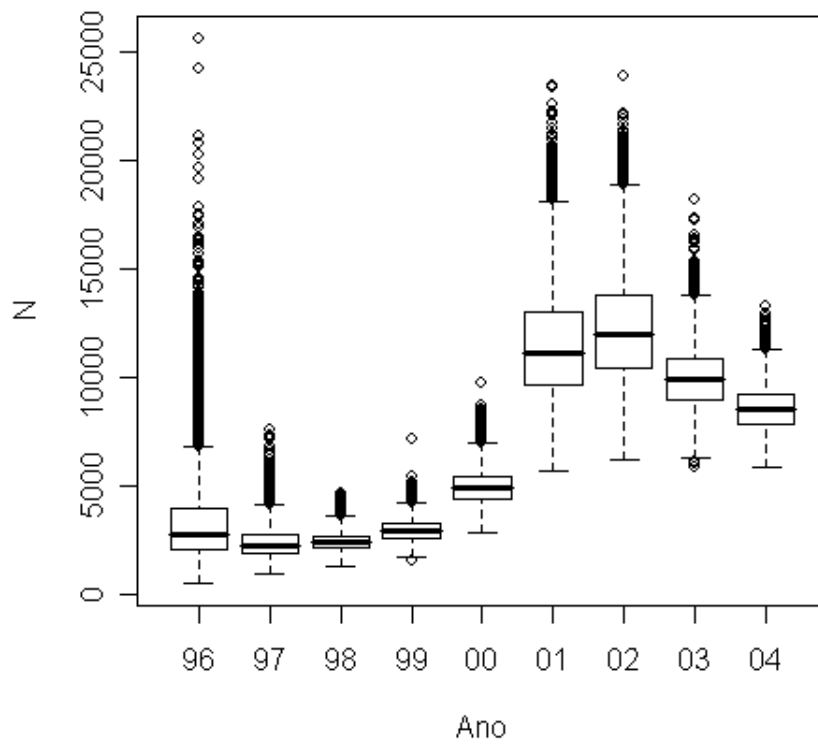


Figura 4.7: Box-plot dos valores estimados para \hat{N}_t nos anos da análise, onde as linhas horizontais no centro das caixas são os valores de $P_{50\%}$. As caixas são delimitadas por $P_{25\%}$ e $P_{75\%}$ de modo que delimitam (verticalmente) os 50% mais prováveis valores de \hat{N}_t para cada um dos anos $t = 1[1996], 2, \dots, 9[2004]$.

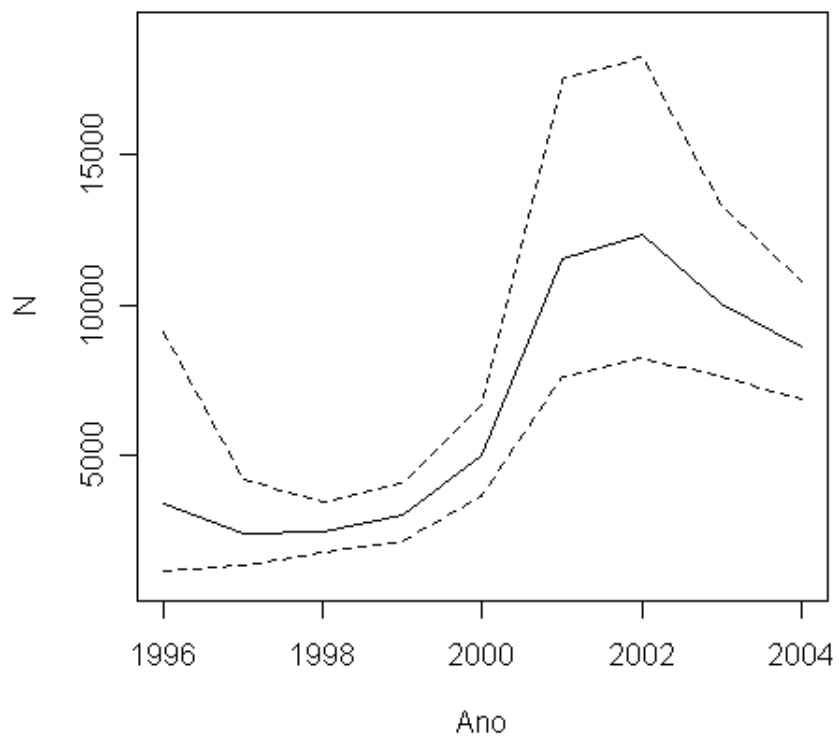


Figura 4.8: Estimativas bayesianas para \hat{N}_t . A linha contínua que representa os valores estimados para o período \hat{N}_t , e as linhas pontilhadas delimitam o $ICr_{95\%}$.

4.6 Considerações finais

* O uso de um modelo dinâmico para descrever o tamanho da população possibilitou a eliminação da suposição de que a população é fechada necessária no modelo convencional de marcação-recaptura.

* No período analisado, a população de jubartes cresceu a uma taxa aproximada de 7,6% e os dados de marcação-recaptura foram pouco informativos para os parâmetros z e r .

* A maior abundância foi obtida no ano de 2002.

* Com base na estimativa para o ano mais recente (2004) a análise indica que a população se encontra a aproximadamente 41% da população virgem.

5 CONCLUSÃO

Neste trabalho pode-se verificar uma das vantagens do método bayesiano que é a possibilidade de combinar dados de diversos estudos através do uso das densidades *a priori* reduzindo a necessidade de amostras grandes para inferências pois a abordagem bayesiana não se baseia em teoria assintótica. Entretanto, nem sempre a informação *a priori* está disponível sendo necessário a definição de uma *priori* não-informativa. Finalmente, a comparação entre *priori* e *posteriori* permite avaliar a carga de informação relevante que os dados os dados trazem à análise.

O uso de técnicas de simulação de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC) foram apropriadas para a obtenção dos sumários a posteriori de interesse. A eficácia da inferência bayesiana, associada aos métodos de MCMC só é viável devido a grande evolução dos mecanismos computacionais existentes, possibilitando que uma estimativa de inúmeros parâmetros estocásticos aconteça em, no máximo, alguns minutos. Na verdade, outros algoritmos particulares podem ser utilizados, mas o ganho na eficiência obtido com a facilidade de implementação dos códigos no OpenBUGS, a qual permite que cenários para diferentes alternativas de modelagem possam acontecer possibilita uma avaliação da escolha das *prioris*, do uso de variáveis transformadas ou da inclusão de termos estocásticos na equação do processo, como foi apresentado neste trabalho.

De modo mais geral, e de acordo com Buckland *et al* (2004), acredita-se que uma modelagem estado-espço pode fornecer um quadro flexível e prático para especificação de muitos modelos estocásticos para a dinâmica das populações animais. A análise aqui

realizada pode ser utilizado para incorporar algumas incertezas altamente influentes na dinâmica populacional e fornecer um meio racional e objetivo de avaliar a evolução da população ao longo do tempo.

Conclui-se que o uso de modelos estado-espço bayesianos são uma alternativa apropriada para analisar modelos não-lineares e não-gaussianos da densidade populacional podendo contribuir para a adequação de estratégias de manejo através da simulação de índices diversos de interesse.

ANEXO I EQUAÇÃO DO MODELO DE BEVERTON-HOLT

O modelo de Beverton-Holt (BH) pode ser obtido pela resolução da equação diferencial

$$\frac{dN}{dt} = -(M + \alpha.N).N \quad (\text{I.1})$$

N número de indivíduos que passam para o próximo estágio de desenvolvimento

N_0 indivíduos adultos e pais de N

M taxa denso-independente de mortalidade natural

$\alpha.N$ taxa denso-dependente de mortalidade natural

Reescrevendo temos:

$$\frac{dN}{(M + \alpha.N).N} = -dt$$

Para integrar esta equação usa-se o artifício de frações parciais, que consiste em uma função racional própria como soma de frações parciais que dependem, principalmente, da fatoração do denominador da função racional em R , dessa forma:

$$\frac{c}{(X - a).(X - b)} = \frac{A}{(X - a)} + \frac{B}{(X - b)}$$

Para isso, reescrevendo a fração:

$$\frac{\frac{dN}{\alpha}}{\left[N - \frac{-M}{\alpha}\right] \cdot (N - 0)}$$

assumindo: $a = \frac{-M}{\alpha}$, $b = 0$ e $c = \frac{dN}{\alpha}$ e substituindo:

$$\frac{dN}{(M + \alpha \cdot N) \cdot N} = \frac{\frac{-dN}{M}}{N + \frac{M}{\alpha}} + \frac{\frac{dN}{M}}{N}$$

pode-se reescrever a equação diferencial como:

$$\left(\frac{1}{M}\right) \cdot \left[\frac{-\alpha \cdot dN}{(\alpha \cdot N + M)} + \frac{dN}{N}\right] = -dt$$

integrando

$$\begin{aligned} \int \left(\frac{1}{M}\right) \cdot \left[\frac{-\alpha \cdot dN}{(\alpha \cdot N + M)} + \frac{dN}{N}\right] &= \int -1 \cdot dt \\ \int \frac{-\alpha}{\alpha \cdot N + M} \cdot dN + \int \frac{1}{N} \cdot dN &= -M \cdot \int 1 \cdot dt \\ -\alpha \cdot \left(\frac{1}{\alpha}\right) \cdot \ln(M + \alpha \cdot N) + \ln(N) &= -M \cdot t + C \\ \ln\left(\frac{N}{M + \alpha \cdot N}\right) &= -M \cdot t + C \\ \frac{N}{M + \alpha \cdot N} &= \exp(-M \cdot t) \cdot \exp(C) \end{aligned}$$

Definindo condições iniciais definidas, especificando $N = N_0$ para $t = 0$ encontra-se a solução particular

$$\frac{N_0}{M+\alpha.N_0} = \exp(-M.0).\exp(C) = \exp(C)$$

$$\frac{N}{\alpha.N+M} = \frac{N_0}{M+\alpha.N_0}.\exp(-M.t)$$

$$N = (M + \alpha.\frac{N_0}{M+\alpha.N_0}.\exp(-M.t))$$

$$I = \frac{N_0}{M+\alpha.N_0}$$

$$N = M.I.\exp(-M.t) + \alpha.I.\exp(-M.t).N$$

...

$$N = \frac{M}{\frac{1}{I}.\exp(M.t)-\alpha}$$

$$N = \frac{M}{\frac{1}{\frac{N_0}{M+\alpha.N_0}}.\exp(M.t)-\alpha}$$

Multiplicando por $\frac{N_0}{N_0}$ e dividindo por $\frac{M}{M}$

$$N = \frac{\frac{N_0}{M+\alpha.N_0}.\exp(M.t) - \frac{\alpha}{M}.N_0}{\frac{N_0}{M+\alpha.N_0}}$$

...

$$N = \frac{N_0}{\exp(M.t) + \frac{\alpha}{M}.\exp(M.t) - 1}.N_0$$

Finalmente tomando $N_0 = k.N_t$ e $N = N_{t+1}$

$$N_{t+1} = \frac{k.N_t}{\exp(M.t) + \frac{\alpha}{M}.\exp(M.t) - 1}.k.N_t$$

$$N_{t+1} = \frac{k.N_t}{\exp(M.t) + \frac{\alpha}{M}.\exp(M.t) - 1}.k.N_t$$

Multiplicando por $\frac{\exp(-M.t)}{\exp(-M.t)}$ tem-se que

$$N_{t+1} = \frac{k.N_t.\exp(-M.t)}{\exp(M.t).\exp(-M.t) + \frac{\alpha}{M}.\exp(M.t) - 1}.k.N_t$$

$$N_{t+1} = \frac{k.N_t.exp(-M.t)}{1 + \frac{\alpha.exp(-M.t).exp(M.t).k.N_t}{M} - \frac{\alpha.exp(-M.t).k.N_t}{M}}$$

$$N_{t+1} = \frac{k.exp(-M.t).N_t}{1 + \frac{\alpha.k}{M}(1 - exp(-M.t)).N_t}$$

$$\lambda = k.exp(-M.t)$$

$$\gamma = \frac{\alpha.k}{M}(1 - exp(-M.t))$$

Assim:

$$N_{t+1} = N_t \cdot \frac{\lambda}{1 + \gamma.N_t}$$

ANEXO II EQUAÇÃO DO MODELO DE RICKER

Para obter a curva Ricker deve-se escrever a taxa de mudança de tamanho da população como

$$\frac{dN}{dt} = -(M + \beta.N_0).N \quad (\text{II.1})$$

onde

N	número de indivíduos que passam para o próximo estágio de desenvolvimento
N_0	indivíduos adultos e pais de N
M	taxa denso-independente de mortalidade natural
$\beta.N_0$	taxa denso-dependente de mortalidade natural
k	número de recrutas por adulto

Está equação é obtida de forma bastante direta, como segue abaixo: separando as variáveis dependentes e independentes

$$\frac{dN}{dt} = -(M + \beta.N_0).N$$
$$\frac{dN}{N} = -(M + \beta.N_0).dt$$

e integrando obtem-se a equação geral:

$$\int \frac{1}{N}.dN = \int -(M + \beta.N_0).dt$$

$$\ln(N) = -(M + \beta.N_0).t + C$$

$$N(t) = \exp[-(M + \beta.N_0).t].\exp(C)$$

Tomando $N = k.N_0$ para $t = 0$

$$k.N_0 = -\exp[-(M + \beta.N_0).t].\exp(C)$$

com $k.N_0 = \exp(C)$ encontra-se a solução particular:

$$N(t) = k.N_0.\exp[-(M + \beta.N_0).t]$$

Supondo t_N como o a idade do recrutamento e N_{t_N} o número de novos recrutas originados, assim $N_{(t_N)} = N_{t+1}$,

$$N_{t+1} = k.N_0.\exp[-(M + \beta.N_0).t_N]$$

$$N_{t+1} = (k.\exp(-M.t_N)).N_0.\exp[(-\beta.t_N).N_0]$$

Admitindo que:

$$\exp(r) = (k.\exp(-M.t_N))$$

$$b = (\beta.t_N)$$

$$N_0 = N_t$$

Tem-se que:

$$N_{t+1} = N_t.e^{r-b.N_t}$$

ANEXO III CÓDIGOS - CAPÍTULO 3

Este anexo incorpora os códigos dos modelos de Beverto-Holt e Ricker aplicados no Capítulo 3 juntamente com seus respectivos valores iniciais.

III.1 Beverton-Holt

```
model
{

  #Priori de K
  k ~ dlnorm(-5.042905, 3.7603664)I(0.001, 1)
  K < -1/k

  #Priori de lambda
  lambda ~ dlnorm(1.17, 6.65)I(1, 15)
  gama < -(lambda - 1)/K

  #Prioris dos erros
  sigmao ~ dunif(0, 4)
  prec.eobs ~ dnorm(0, sigmao)
  SDo < -sqrt(1/prec.eobs)
  sigmae ~ dunif(0, 4)
  prec.ev ~ dnorm(0, sigmae)
  SDe < -sqrt(1/prec.ev)

  MSY <- lambda * K/4

  #Modelo do processo
  mean.n[1] <- log(K)
  n[1] ~ dnorm(mean.n[1], prec.ev)
```

```

Ni[1] < -exp(n[1])
for(iin2:N)
{
mean.n[i] < -n[i - 1] + log(lambda) - log(1 + gama*exp(n[i - 1]))
n[i] ~ dnorm(mean.n[i], prec.ev)
Ni[i] < -exp(n[i])
}

#Modelo das observações
for (i in 1:N)
{
y[i] ~ dnorm(n[i], prec.eobs)
}
}

* Valores cadeia 1
list(n = c(2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2), lambda = 4, k = 0.005, sigmae = 0.1, sigmao = 0.1, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

* Valores cadeia 2
list(n = c(4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4), lambda = 4, k = 0.005, sigmae = 1, sigmao = 1, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

* Valores cadeia 3
list(n = c(6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6), lambda = 4, k = 0.010, sigmae = 2, sigmao = 2, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

```

III.2 Ricker

```

model
{

# Priori de K
k ~ dlnorm(-5.042905, 3.7603664)
K < -1/k

# Priori de r
r ~ dlnorm(0.5, 3)I(0.01, 15)

# Prioris dos erros

```

```

sigmao ~ dunif(0, 4)
prec.eobs ~ dnorm(0, sigmao)
SDo <- -sqrt(1/prec.eobs)
sigmae ~ dunif(0, 4)
prec.ev ~ dnorm(0, sigmae)
SDe <- -sqrt(1/prec.ev)
MSY <- -r*K/4

# Modelo do processo
mean.n[1] <- log(K)
b <- r/K
n[1] ~ dnorm(mean.n[1], prec.ev)
Ni[1] <- -exp(n[1])

for (i in 2 : N)
{
mean.n[i] <- n[i-1]+r-b * exp(n[i-1])
n[i] ~ dnorm(mean.n[i], prec.ev)
Ni[i] <- -exp(n[i])
}

# Modelo das observações
for (i in 1 : N)
{
y[i] ~ dnorm(n[i], prec.eobs)
}
}

* Valores cadeia 1
list(n = c(2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2), r = 1.5, k = 0.005, sigmae = 0.1, sigmao = 0.1, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

* Valores cadeia 2
list(n = c(4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4, 4), r = 1.5, k = 0.005, sigmae = 1, sigmao = 1, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

* Valores cadeia 3
list(n = c(6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6), r = 1.5, k = 0.010, sigmae = 2, sigmao = 2, prec.eobs =
1, prec.ev = 1)

```

ANEXO IV CÓDIGOS - CAPÍTULO 4

Este anexo incorpora os códigos do modelo aplicado no Capítulo 4 juntamente com seus valores iniciais.

```
model
{

  # Priori de k
  k ~ dnorm(9.95, 80)I(9.75, 10.4)

  # Priori de z
  z ~ dunif(0, 4)

  # Priori de r
  a <- 6
  b <- 3.69
  X ~ dbeta(a, b)
  r < -(0.12) * X

  # Priori do erro
  sigmae ~ dgamma(0.001, 0.001)
  prec.ev ~ dnorm(0, sigmae)
  K < -exp(k)
  omega < -sigmae

  # Modelo do processo
  NN ~ dunif(1500, K)
  Pmean[1] < -log(NN/exp(k))
  P[1] ~ dlnorm(Pmean[1], prec.ev)I(0.03, 1)
  N[1] < -(P[1]) * exp(k)

  for (i in 2:n)
  {
```

```

pot[i]<-pow(P[i-1],z)
Pmean[i] <- log(P[i-1]+ r * P[i-1] *(1-pot[i]))
P[i] ~ dlnorm(Pmean[i], prec.ev)I(0.001, 1)
N[i] < -(P[i]) * exp(k)
}

# Modelo das Observações
for (i in 1 : n)
{
p[i] <- (M[i]/N[i])
m[i] ~ dbin(p[i], x[i])
}

}

list(k = 9.9, z = 2, prec.ev = 1, sigmae = 1, NN = 1500, X = 0.0001, P = c(0.50, 0.50, 0.50, 0.50, 0.50, 0.50, 0.50, 0.50, 0.50))

```


ANEXO V CÓDIGOS - ROTINA PARA USO DA BIBLIOTECA BRUGS NO R

Este anexo incorpora a rotina necessária para o uso da biblioteca BRugs no software

R. Os passos apresentados aqui são os básicos necessários para o início de uma análise.

```
# Carregar a biblioteca BRugs no R
library(BRugs)

# Checar o modelo utilizado
modelCheck("modelo.txt")

# Carregar o conjunto de dados
modelData("dados.txt")

# Compilar para verificar consistência entre o modelo e os dados determinando o número de cadeias desejadas
modelCompile(numChains=1)

# Inicializar a(s) cadeia(s)
modelInits("valor;inicial.txt", 1)

# Realizar o burn-in
modelUpdate(100000)

# Setar as variáveis desejadas para monitoramento
samplesSet(c("K","r","N","z","P","isigma","sigmae"))

# Determinar o intervalo de amostragem (lag)
samplesSetThin(50)

# Determinar o número de iterações desejadas
modelUpdate(350000)

# Verificar o sumário descritivo das variáveis
samplesStats("*")
```

Pode-se realizar algumas análises gráficas como os exemplos abaixo:

```
# Gráficos de densidade
samplesDensity("variável",mfrow = c(1, 1),main=,xlab=,ylab=)

# Gráficos de autocorrelação
samplesAutoC("variável",1,mfrow = c(1, 1),main=)
```

```
# Histórico da cadeia
samplesHistory("variável",mfrow = c(1, 1),main=)
# Obter uma cadeia de um variável específica
cadeia-desejada<-samplesSample("variável")
```

Obtenção de diagnósticos de convergência:

```
# Diagnóstico de Geweke
geweke.diag(cadeia-desejada)
# Diagnóstico de Raftery e Lewis
raftery.diag (cadeia-desejada)
# Diagnóstico de Gelman e Rubin
gelman.diag(cadeia-desejada)
gelman.plot(cadeia-desejada)
```

Maiores informações podem ser obtidas no arquivo de ajuda da biblioteca BRugs.

REFERÊNCIAS

- ALBERT, J. (2007) **Bayesian Computation with R (Use R!)**. Springer, 280p.
- ANDERSON, E. C. (1999) **Monte Carlo Methods and Importance Sampling**. Lecture Notes for Stat 578C. Statistical Genetics.
- ANDRIOLO, A., MARTINS, C.C.A., ENGEL, M.H., PIZZORNO, J.L., MÁ-S-ROSA, S., MORETE, M.E. e KINAS, P.G. (2003) **Second year of aerial survey of humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) in the Brazilian breeding ground. Preliminary analysis**. In: 15th Biennial Conference on the Biology of Marine Mammals (Abstracts), North Carolina, USA. p.6.
- BERGER, J. (1985). **Statistical Decision Theory and Bayesian Analysis**. New York: Springer-Verlag.
- BOLEN, E. G. e ROBINSON, W. L. (1999) **Wildlife Ecology and Management** 4.ed., Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey.
- BOYCE, S. (1992) **Population Viability Analysis** Annu. Rev. Ecol. Syst. 23:481-506B.
- BUCKLAND, S. T., NEWMAN, K. B., THOMAS, L. Thomas e KOESTERS, N. B. (2004) **State-space models for the dynamics of wild animal populations**. Ecological Modelling, 171: 157175.
- BURNHAM, K. P. e ANDERSON, D. (2002) **Model Selection and Multi-Model Inference**. 2.ed., Springer, 488p.

- BUSSAB, W. O. e MORETTIN, P. A. (2002) **Estatística básica**. 5.ed., Saraiva.
- BUTTERWORTH, S. e PUNT, A.E. (1995) On the Bayesian Approach Suggested for the Assessment of the Bering-Chukchi-Beaufort Seas Stock of Bowhead Whales. Rep. Int. Whal. Commn. 45: 303-311.
- CASDAGLI, M., EUBANK,S., FARMER, J. D., e GIBSON, J. (1991) **State space reconstruction in the presence of noise**. Physica D Nonlinear Phenomena, 51:52-98.
- CLAPHAM, P., ROBBINS,J., BROWN,M., WADE, P. e FINDLAY,K. (2001) **Appendix 5 - A note on plausible rates of population growth in humpback whales**. J. Cetacean Res. Manage. 3 (Suppl): 196-197.
- DEGROOT, M. e SCHERVISH, M. J. (2002) **Probability and Statistics**. 3 ed. Addison-Wesley
- DENNIS, B., MUNHOLLAND, P. L., SCOTT, J. M. (1991) **Estimation os Growth and Extinction Parameters for Endangered Species**.Ecological Monographs, 61(2):115-143.
- DENNIS, B. e TAPER, M. L. (1994) **Density dependence in time series observations of natural population and observation error**. Ecological Monographs, 72(1):57-76.
- de VALPINE, P. (2003) **Better inferences from population-dynamics experiments using Monte Carlo state-space likelihood methods**. Ecology 84:3064-3077.
- de VALPINE, P. e HASTINGS A. (2002) **Fitting population models incorporating process noise and observation error**. Ecological Monographs, 72(1):57-76.
- ELLISON, A. M. (2004) **Bayesian inference in ecology**. Ecology Letters 7: 509-520.
- FAVORETTI,A.C. (1995) **Modelos não-lineares: um enfoque bayesiano**. Dissertação (Mestrado em Ciências de Computação e Matemática Computacional) Universidade de São Paulo, São Carlos.

FREITAS, A.C., KINAS, P.G., MARTINS, C.C.A. e ENGEL, M.H. (in press) **Population estimate for humpback whales from Abrolhos Bank, Brazil wintering ground in the southwestern Atlantic Ocean.** J.Cet.Res. Manage.

GAMERMAN, D. (1996) **Simulação Estocástica via Cadeias de Markov.** Instituto de Matemática UFRJ.

GELFAND, A.E. e SMITH, A.F.M. (1990) **Sampling-based approaches to calculating marginal densities.** Journal American Statistical Association, 85, 398-409.

GELMAN, A. e RUBIN, D.B. (1992) **A single series from the Gibbs sampler provides a false sense of security.** In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., Dawid, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), *Bayesian Statistics*, Vol. 4. Oxford University Press, Oxford, pp. 625-631.

GEWEKE, J. (1992) **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments.** In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., Dawid, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), *Bayesian Statistics*, Vol. 4. Oxford University Press, Oxford, pp. 169-193 (with discussion).

GEWEKE, J. e TANIZAKI, H. (2001) **Bayesian estimation of state-space models using the Metropolis-Hastings algorithm within Gibbs algorithm.** Comput. Stat. Data Anal. 37, 151-170.

GRIMMETT, G.R. e STIZAKER, D.R. (1985) **Probability and Random Processes.** 2 ed., Oxford University Press, Oxford.

GULLAND, J.A. (1983) **Fish stock assessment: a manual of basic methods.** FAO/Wiley, New York.

HAMMOND, P. (1986) **Estimating the size of naturally marked whale populations using capture-recapture techniques.** Rep. Int. Whal. Comm, Special Issue 8, 253-282.

HANNON, B. e RUTH, M. (1997) **Modeling dynamic biological systems.** New York: Springer Verlag, 399p.

HARVEY,A.C (1989) **Forecasting, Structural Time Series Models and the Kalman Filter**. Cambridge University Press, Cambridge.

HASTINGS, W.K. (1970) **Monte Carlo sampling methods using Markov Chains and their applications**. *Biometrika*, 57(1), 97-100.

HILBORN, R. e WALTERS, C. J. (1992) **Quantitative fisheries stock assessment: choice, dynamics and uncertainty**. Chapman and Hall, New York.

HOLMES, E.E. (2001) **Estimating risks in declining populations with poor data**. *PNAS* 98(9):50725077.

HSU, H. P. (1995) **Schaum's Outline of Theory and Problems of Signals and Systems**. McGraw-Hill Professional. 446pp.

IBAMA. (2001) **Mamíferos Aquáticos do Brasil: plano de ação,versão II**. 2 .ed.rev.,aum Brasília:Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis. Brasil. 102pp.

JEFFREYS, H. (1998) **Theory of probability**. 3.ed., Oxford University Press, New York.

JORGENSEN, S.E. (1995) **State-of-the-art management models for lakes and reservoirs**. *Lakes Reserv. Res. Manage.* 1, 7987.

KALMAN, R.E. (1960) **A new approach to linear filtering and prediction problems**. *J. Basic Eng.* 82, 3445.

KINAS, P.G. (1996) **Bayesian fishery stock assessment and decision making using adaptative importance sampling**. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 53:414-423.

KINAS, P.G. e BETHLEM, C.B.P. (1998) **Empirical Bayes abundance estimation of a closed population using mark-recapture data with application to humpback whales, *Megaptera novaeangliae*, in Abrolhos, Brazil**. *Rep Int. Whal. Commn.*: 48:447-450.

KITAGAWA, G. (1987) **Non-Gaussian state-space modeling of nonstationary time series (with discussion)**. Journal of the American Statistical Association 82:1032-1063.

KLINOWSKA, M. (1991) **Dolphins, Porpoises and Whales of the World. The IUCN Red Data Book**. IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, U.K.

KREBS, C. J. (1989) **Ecological methodology**. New York : HarperCollins. 654p.

LINDLEY, S.T. (2003) **Estimation of population growth and extinction parameters from noisy data**. Ecol. Appl. 13, 806-813.

LUDWIG, D. (1996) **Uncertainty and the Assessment of Extinction Probabilities**. Ecological Applications 6(4): 1067-1076.

MCCULLAGH, P. e NELDER, J.A. (1989) **Generalized linear models**. 2 ed., Chapman Hall, Londres.

METROPOLIS, N., ROSENBLUT, A.W., ROSENBLUT, M.N. e TELLER, E. (1953) **Equations of state calculations by fast computing machines**. Journal of chemical physics, 21, 1087-1092.

MEYER, R. e MILLAR, R.B. (1999) **Bayesian stock assessment using a state-space implementation of the delay difference model**. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 56:3752.

MEYER, R. e MILLAR, R.B. (1999) **BUGS in Bayesian stock assessments**. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 56:1078-1086.

MEYER, R. e MILLAR, R.B. (2000) **Non-linear state space modelling of fisheries biomass dynamics by using Metropolis-Hastings within-Gibbs sampling**. Applied statistics, vol. 49, no3, pp. 327-342 56:3752.

MONTEIRO, L.H.A. (2002) **Sistemas dinâmicos**. São Paulo: Editora Livraria da Física.

MURRAY, J.D. (1993) **Mathematical Biology**. Springer, Berlin

NEWMAN, K.B., FERNANDEZ, C., Thomas, L., e BUCKLAND, S.T. (2008) **Monte Carlo inference for state-space models of wild animal populations**. Biometrics.

ODUM, E.P. **Ecologia**. Rio de Janeiro: Editora Guanabara S.A.

PAULINO, C. D. , TURKAMN, A. A. e MURTEIRA, B. (2003) **Estatística bayesiana**. Fundação Calouste Gulbenkian. Lisboa, 446p.

PAULY, D. (1984) **Fish population dynamics in tropical waters: a manual for use with programmable calculators**. ICRLARM Stud. Rev. 8, 325 p.

PELLA, J.J. (1993) **Utility of structural time series models and the Kalman filter for predicting consequences of fishery actions**. In G. Kruse, D. M. Eggers, R. J. Marasco, C. Pautzke, and T. J. Quinn II (eds.), Proceedings of the international symposium on management strategies for exploited fish populations. Alaska Sea Grant College Program Report 93-02, Univ. of Alaska, Fairbanks.

PETREIRE, M. (1992) **A ecologia quantitativa**. 10º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística - UFRJ.

PUNT, A. E. (1991) **Management procedures for the cape hake and baleen whale resources**. Benguela. Ecology Programme Report No. 32.

R-2.6.2 (2008) **Development Core Team**. Disponível em: <http://www.r-project.org/>

RAFTERY, A.E. e LEWIS, S.M. (1992) **How many iterations in the Gibbs sampler?** In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., Dawid, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), *Bayesian Statistics*, Vol. 4. Oxford University Press, Oxford, pp. 763-773.

RAFTERY, A. E, GIVENS, G.H. e ZEH, J. E.(1995) **Inference from a deterministic population dynamics model for bowhead whales**. Journal American Statistic. Assoc. 90:402-416.

RICKER, W.E. (1975) **Computation and interpretation of biological statistics of fish populations**. Bull. Fish. Res. Board Can. 191. 382 p.

- RICHARDS, L.J., SCHNUTE, J. T. e OLSEN, N. (1997) **Visualizing catch-age analysis: a case study**. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 54(7): 1646-1658.
- SCHNUTE, J. T. (1994) **A general framework for developing sequential fisheries models**. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences [CAN. J. FISH. AQUAT. SCI.]. 51(8):1676-1688.
- SEBER, G. A. F. (1973) **The estimation of Animal Abundance and Related Parameters**. 1a ed. London: Griffin.
- SEBER, G. (2002) **The Estimation of Animal Abundance**. Caldwell, New Jersey: The Blackburn Press.
- SPARRE, P. e Venema, S.C. (1997) **Introdução à avaliação de mananciais de peixes tropicais**. Parte I: Manual. FAO Documento Técnico sobre as Pescas. No. 306/1, Rev.2. Roma, FAO. 1997. 404p.
- SPIEGELHALTER, D. J., THOMAS, A. e BEST, N. J. (2000) **WinBUGS Version 1.3 User Manual**. Cambridge: Medical Research Council Biostatistics Unit (accessible at <http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs>)
- SULLIVAN, P.J. (1992) **A Kalman filter approach to catch-at-length analysis**. Biometrics 48:237-257.
- TANIZAKI, H. (2001) **Estimation of unknown parameters in nonlinear and non-Gaussian state-space models**. J. Stat. Plan. Infer. 96, 301323.
- WANG, G.M., HOBBS, N.T., BOONE, R.B., ILLIUS, A.W., GORDON, I.J., GROSS, J.E., HANLIN, K.L. (2006) **Spatial and temporal variability modify density dependence in populations of large herbivores**. Ecology 87, 95102.
- WARD, E., ZERBINI, A.N., KINAS, P.G., ENGEL, M.A. e ANDRIOLO, A. (2007) **Estimates of population growth rates of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*)**

in the wintering grounds off the coast of Brazil (Breeding Stock A). IWC Technical Report SC/58/SH14.

WHITEHEAD, H (1990) **Mark-recapture estimates with emigration and reimmigration.** Biometrics 46:473-9.

WHITEHEAD, H. e MOORE, M.J. (1982) **Distribution and movements of West Indian Humpback Whales in winter.** Can. J. Zool. 60: 2203-2211.

WINN, H.E. e REICHLEY, N. (1985) **Humpback Whale - *Megaptera novaeangliae* (Borowski,1781).** In: Ridgway, S.H. Harrison, R. (eds) Handbook of Marine Mammals. Vol. 3: The Sirenians and Baleen Whales. London, Academic Press. p.241-274.

ZERBINI, A.N., WARD, E., ENGEL, M.H., ANDRIOLO, A. e KINAS, P.G. (2007) **A Bayesian Assessment of the Conservation Status of Humpback Whales (*Megaptera novaeangliae*) in the Western South Atlantic Ocean (Breeding Stock A)**

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)