

～12.5 の必要事項

年齢構造モデル

$n_k(t)$ = 時刻 t における年齢 k の個体数

F_k = 年齢 k の個体が産む子供の数

P_k = 年齢 $k-1$ の個体が年齢 k まで生存する確率

S_k = 年齢 k まで生存する確率 = $\prod_{i=1}^{k-1} P_i$

$\mathbf{S} = (S_1, S_2, \dots, S_T)$, $\mathbf{F} = (F_1, F_2, \dots, F_T)$

$$\mathbf{n}(t) = \begin{bmatrix} n_1(t) \\ n_2(t) \\ \vdots \\ n_T(t) \end{bmatrix}, \quad \mathbf{M} = \begin{bmatrix} F_1 F_2 F_3 \cdots F_{T-1} F_T \\ P_1 0 0 \cdots 0 0 \\ 0 P_2 0 \cdots 0 0 \\ 0 0 P_3 \cdots 0 0 \\ \vdots \vdots \vdots \ddots \vdots \vdots \\ 0 0 0 \cdots P_{T-1} 0 \end{bmatrix} \quad \text{とする。このとき}$$

$$\mathbf{M}\mathbf{n}(t) = \mathbf{n}(t+1) \quad (12.1)$$

を、このようなパラメータを持つ個体群の動態を表すモデルとする。

この個体群の成長率 (= 適応度) は、 \mathbf{M} の (最大) 固有値 λ と等しくなることが分かっている。 \mathbf{M} の固有値 λ は

$$\sum_{i=1}^T (S_i F_i) \lambda^{T-i} = \lambda^T \quad (12.2)$$

の解として得られる。この式より、 λ は \mathbf{SF} が決まれば決定するので、 $\lambda(\mathbf{SF})$ と書く。

個体差のある個体群モデル

さらに、個体ごとに遺伝子型が違ふ、つまり個体ごとに異なる $\mathbf{S}, \mathbf{F} \cdots \mathbf{S}^{(j)}, \mathbf{F}^{(j)}$ (j は個体番号) を持つというモデルを考えた。このモデルでの個体適応度の推定には階層ベイズモデルが有効。階層ベイズモデルではハイパーパラメータ $\boldsymbol{\beta}$ によって個体群における $\mathbf{S}^{(j)}, \mathbf{F}^{(j)}$ の分布が規定されるとした。

ベイズ推定をする際に、事後分布 $[\boldsymbol{\theta} | \text{Data}]$ ($\boldsymbol{\theta} = \boldsymbol{\beta}, \mathbf{S}^{(1)}, \dots, \mathbf{S}^{(n)}, \mathbf{F}^{(1)}, \dots, \mathbf{F}^{(n)}$) を求めた。

12.5 節のデータ生成モデル

以下のような (階層構造をもった) モデルによって、解析の例題とするデータを生成した。人口学的なパラメータ $\mathbf{P}^{(j)}, \mathbf{F}^{(j)}$ が、以下の式に従っているとす。

$$\text{logit}(P_i^{(j)}) \equiv \alpha_p^{(j)}, \text{logit}(F_i^{(j)}) \equiv \alpha_f^{(j)}$$

$\alpha_p^{(j)}, \alpha_f^{(j)}$ は、ハイパーパラメータ $\boldsymbol{\beta} = (\mu_p, \mu_f, \sigma_p, \sigma_f, \rho) = (3, -2, 0.5, 0.5, 0.5)$ の二変数正規分布よりサンプリングする。

このモデルを用いて、一個体のパラメータセット $(\mathbf{S}^{(j)}, \mathbf{F}^{(j)})$ をたくさん生成する ($\mathbf{S}^{(j)}$ は $\mathbf{P}^{(j)}$ より計算できる)。

12.6 Population Summaries of Fitness

～個体群での適応度の要約～

12.5 節と同様、個体差を入れた個体群モデルを扱う。これまでは個体ごとの適応度に注目してきたが、この節からは、①個体適応度(individual fitness)の個体群での分布、②個体群全体の「適応度」、個体群適応度(population fitness)について扱う。

Known Parameters

～パラメータが既知の場合～

//推定の話の前に、ハイパーパラメータ β を既知として、例題として使うデータの説明をする。推定の「答え」に当たる真の値の説明や、後々のベイズ解析を行うときに役に立つ洞察についても説明。

いま、人口学的なパラメータ($S^{(j)}, F^{(j)}$)が個体ごとに異なる個体群モデルで、 $S^{(j)}, F^{(j)}$ の分布を規定するハイパーパラメータ β が既知とする。

このとき、個体適応度の個体群での分布が（暗に）決まる。例えば、適応度 ≤ 1.0 の個体の割合や、適応度の平均値・標準偏差・パーセンタイルなどを問う事ができる。これらについて、個体適応度の個体群での分布： $\Lambda_{\beta}(t) = \Pr(\lambda \leq t | \beta)$ を使って考えることができる。

この分布は明示的には分からない。なぜなら、固有値関数 $\lambda(\cdot)$ は式(12.2)の解として、非明示的にしか決定されないから。しかし、シミュレーションによって任意の正確さで分布($\Lambda_{\beta}(t)$)の推定を行う事が可能。

//その計算例

12.5 節のデータ生成モデル（ハイパーパラメータも同じ）を用いて 100,000 ペアの $\{S^{(j)}, F^{(j)}\}$ からなる個体群を生成し、それぞれのペア（個体）に対応する $\lambda^{(j)}$ を計算した。それぞれのペアは、12.5 節で考えた（25 個体の）サンプル個体群と同じパターンを持つ、より大きな個体群からサンプルした仮説的な個体とみなしてよい。ただしここでは、100,000 個体の潜在的な適応度(latent fitness)を全て知っているとする（潜在的な適応度 $\lambda^{(j)}$ は $S^{(j)}, F^{(j)}$ より計算できる。12.5 節では $S^{(j)}, F^{(j)}, \lambda^{(j)}$ を知らないことにして、ベイズ推定の例題として個体の生活史データを生成した）。それらから、個体群での適応度の平均=1.021, 標準偏差=0.075, 5th, 95th パーセンタイル=0.900, 1.148 と求めた。サンプルサイズが十分に大きいため、小数点第三位の精度で推定ができた（※8）。

いま確認したように、 $\Lambda_{\beta}(t)$ はハイパーパラメータ β が決まれば完全に決定する。そのため、個体の適応度の、個体群での分布および分布の特性

$S^{(j)}, F^{(j)}$ …個体 j の人口学的パラメータ。 $S^{(j)}$ は生存率、 $F^{(j)}$ は増殖率。

これらのペア($S^{(j)}, F^{(j)}$)で一個体を表現できる。

$$\beta = (\mu_p, \mu_f, \sigma_p, \sigma_f, \rho)$$

「明示的に解が求まる」…方程式の解が $x=$ の形で得られること。反対に、解は存在するが、「解の公式」に当たるものが作れない場合は、その解は「非明示的」。

←具体的には特定のパラメータ β のもとでたくさん $S^{(j)}, F^{(j)}$ を生成し、それぞれについて(Panel 12.1のRコードなどを使って)固有値を求めれば、 $\Lambda_{\beta}(t)$ に従うサンプルセットとなる。これで $\Lambda_{\beta}(t)$ が推定できる。

※8：例えば、平均値の標準誤差 $0.075/\sqrt{100,000} = 0.0002$ であった。

値（平均やパーセンタイルetc）は導出パラメータとみなすことができる。このことが、ベイズ推定をどのように行うかを導いてくれる： β の事後分布からのサンプルが与えられれば、対応する導出パラメータを計算するだけで、（適応度の）事後分布を得ることができる。 $\Lambda_{\beta}(t)$ を決定するために必要なシミュレーションは、それが近似であるにもかかわらず、計算とみなすのが最も良い。したがって、 $\Lambda_{\beta}(t)$ に対するベイズ推定のアプローチは自然に 5.1.1 節で紹介した導出パラメータのカテゴリに入る。このあと、12.5 節の例を用いてベイズ推定のプロセスを説明する。

しかし、推定の話に入る前に、ここでもう一つの興味ある導出パラメータ、

個体群全体がもつ適応度：「個体群適応度」についても見ておこう。

個体群適応度 = $\lambda(\{SF\})$ であり、 S と F によって計算できる。ただし、 S, F はそれぞれ、 $S^{(i)}, F^{(i)}$ の個体群での平均値である。それは普通「個体の適応度の平均値」よりも大きくなる。この関係は $\lambda(\cdot)$ 関数が非線形である場合ですら、おおむね成立する(?)。すなわち、

$$\lambda(\{SF\}) = \lambda(\{E(S^{(i)})\{E(F^{(i)})\}) > E(\lambda\{S^{(i)}F^{(i)}\}). \quad (12.3)$$

先ほど説明した 100,000 ペアの $\{S^{(i)}, F^{(i)}\}$ を用いて $S^{(i)}, F^{(i)}$ の平均値をそれぞれ計算した結果、 $\lambda(\{SF\}) = 1.533$ となった。「個体適応度の個体群平均」と、「個体群適応度」が大きく異なることから、個体適応度に対する解釈には注意が必要であることが示唆される：それらの主な値は相対的な値である(?)。

～この節の要約～

- ハイパーパラメータ β が与えられれば、個体適応度の個体群での分布： $\Lambda_{\beta}(t) = \Pr(\lambda \leq t|\beta)$ が決定する。この分布はシミュレーション的に求めることが可能
- β が決まれば $\Lambda_{\beta}(t)$ が決まるので、個体適応度の個体群内での平均値とか、分散とかは β からの導出パラメータとして扱える
- 「個体群適応度」は、 $\lambda(\{SF\})$ によって与えられる。ただし、 S, F は $S^{(i)}, F^{(i)}$ の個体群での平均値。普通、個体群適応度 > 個体適応度の個体群平均となる

12.6.1 Estimating the Population Distribution of Individual Fitness

～個体適応度の個体群分布を推定する～

どのようにして個体適応度の個体群分布の推定を行ったらよいだろうか？はじめに、次のような方法を思い付くかもしれない。

導出パラメータの文脈。実際には $\Lambda_{\beta}(t)$ は計算的にきれいに求めることができず、シミュレーション的に求める。しかし、このシミュレーションは非明示的な解を求めるために行うだけなので、「計算」とみなしせば、 $\Lambda_{\beta}(t)$ は導出パラメータと言ってよい、と言う事だと思います。

←この式で「個体群適応度」を定義する。と言う事だと思います。

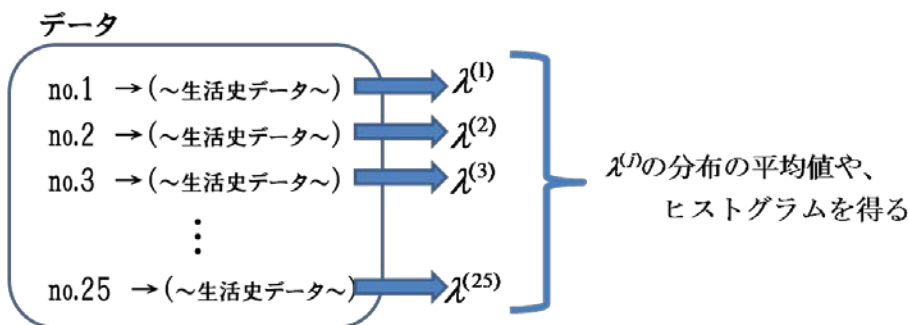
$$S = E(S^{(i)}), F = E(F^{(i)})$$

←輪読会での議論したところ、 $\lambda(\cdot)$ 関数が非線形であることによって、これが成立する、という意味かもしれません。ただし、詳細については良く分からずです…

方法(i)

まず、それぞれの個体に対して適応度を推定し、次に全ての個体に対する適応度の推定値の集まりに対して、特性値（パーセンタイル、平均 etc）を求めたり、密度関数を推定するためにヒストグラムを描いたりする。

補足図：方法 (i) の概略



しかしこのアプローチには欠点がある：結果が「適応度の推定値のサンプル分布」の推定であり、「適応度パラメータの個体群分布」ではない。

よりよいアプローチは次のようなものだ。

方法(ii)

個体の適応度の個体群分布の推定を、ハイパーパラメータ β の点推定 $\hat{\beta}$ によって行う。つまり、 $\Lambda_{\beta}(t)$ の推定を $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ によって行う。

この方法を実際にやってみよう。12.5 節の例に対しては、ハイパーパラメータ β の事後中央値（つまり点推定 $\hat{\beta}$ ）は、 $\hat{\mu}_p = 2.72$, $\hat{\mu}_f = -2.52$, $\hat{\sigma}_p = 0.64$, $\hat{\sigma}_f = 0.64$, $\hat{\rho} = 0.26$ である。もう一度あらためて、100,000 ペアの $\{\text{logit}(\mathbf{P}^{(j)}), \text{logit}(\mathbf{F}^{(j)})\}$ を、平均値ベクトル $(\hat{\mu}_p, \hat{\mu}_f)$ 、標準偏差 $\hat{\sigma}_p, \hat{\sigma}_f$ 、相関係数 $\hat{\rho}$ の二変数正規分布からサンプルした。それぞれの個体の $\lambda^{(j)}$ も計算した。Fig 12.3 に 100,000 個体の平滑化したヒストグラムを示した。比較として平均 = 0.958, 標準偏差 = 0.147 の正規分布も示した（赤線）。この平均・標準偏差は 100,000 の仮説的な個体より計算したもの。二つの曲線の比較から、正規分布による近似で求めた適応度の個体群分布は若干右側へ歪むことが分かる。 $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ の 5th, 95th パーセンタイルは 0.745, 1.230 と近似された。

この文章の意味はよくわからないかと思いますが、後を見ると大体意味が分かります。この後、個体ごとの適応度の推定は行わずに、個体群のハイパーパラメータの推定値から適応度の個体群分布を推定する、という方法をとります。

← $\beta, \hat{\beta}$ の違いに注意

← シミュレーション的に生成した分布は分布を表す式を持っていないので、正規分布で近似してみたという事だと思います。

補足図：方法(ii)の概略

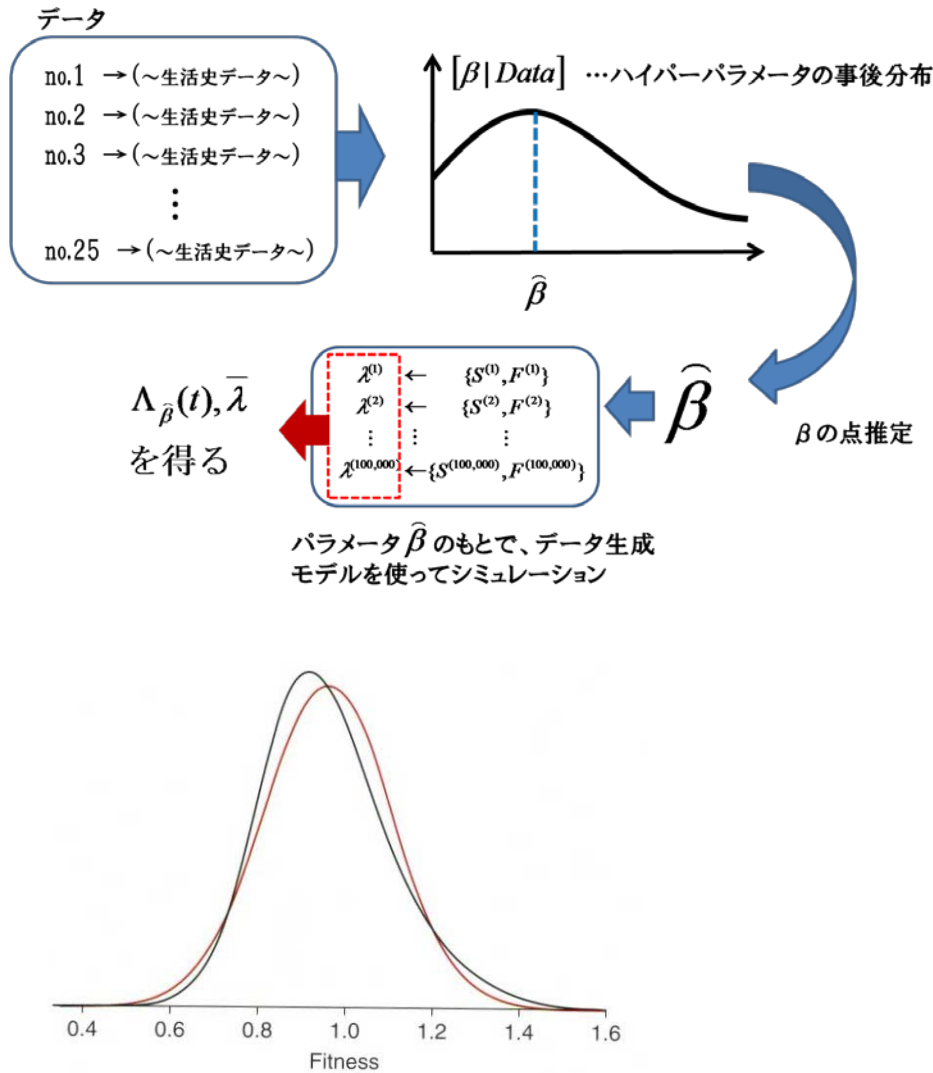


Fig12.3
 個体群分布パラメータの点推定 $\hat{\beta}$ に基づいた、推定された個体適応度の個体群分布（黒線）。赤線は、正規分布による近似。

上で述べた Fig12.3 の密度関数，平均値，標準偏差，パーセンタイルの計算は個体適応度の個体群分布 $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ に対応している。

真の個体適応度の個体群分布 $\Lambda_{\beta}(t)$ の特性値の推定（手短かにいえば、「平均=0.958」を得る）には二つの不確実性の発生源がある。

- ①単に、シミュレーションに基づいているために生じる不確実性
 これは平均値の標準誤差が $\sigma/\sqrt{n} = 0.147/\sqrt{100,000} = 0.0005$ であるため、取るに足りない。

//しかも、これはシミュレーションしている時点で覚悟している誤差

←本文は「~ in Fig12.3 correspond to the estimated distribution of population fitness, $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ 」となっていて、個体群適応度について語っているように見える…一方 Fig 12.3 の解説は「estimated population distribution of individual fitness」と書かれている⇒文脈的に自然な「個体適応度の個体群分布」という訳にしました。

② β の推定量 $\hat{\beta}$ に関する誤差

こちらはより重要で本質的な不正確さの源。

← β の点推定が持つ不確実性

= β の事後分布 $[\beta | \text{Data}]$ のばらつき

～ β の事後分布のばらつきを考慮した解析を行う…方法(iii)～

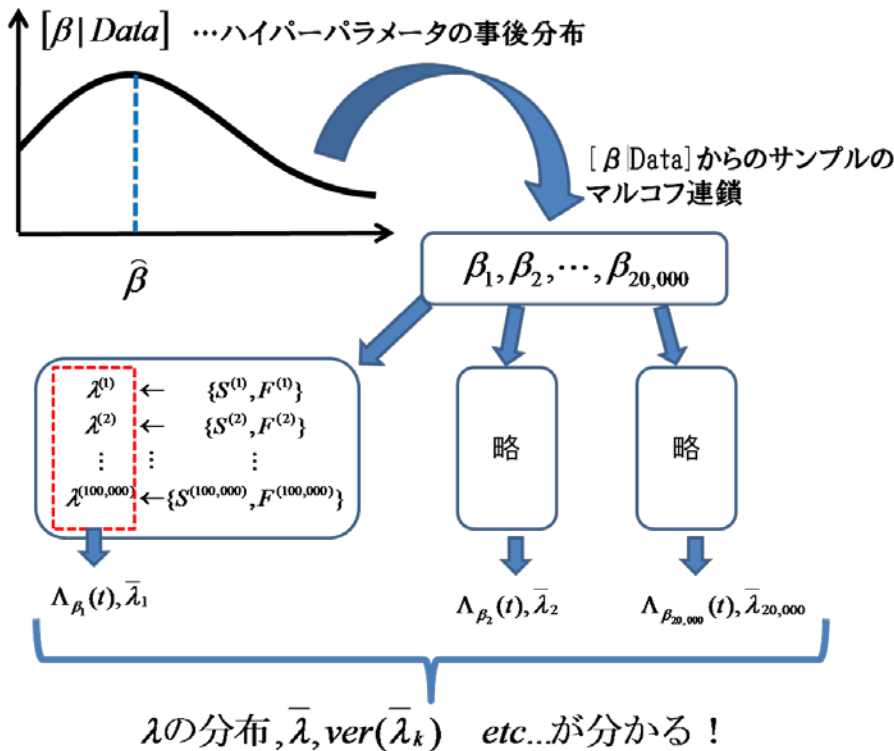
方法(iii)

一つの推定量 $\hat{\beta}$ （ハイパーパラメータの事後中央値。具体的には $\hat{\mu}_p, \hat{\mu}_f, \hat{\sigma}_p, \hat{\sigma}_f, \hat{\rho}$ ）に全ての希望と信頼を託す代わりに、 β の事後分布から 20,000 個のハイパーパラメータのサンプルを得て、それらに全てに対して $\Lambda_\beta(t)$ を生成する同様な計算を行うという方法をとろう。

β の事後分布からのサンプルは、12.5 節で説明したマルコフ連鎖から得ることができる。これで、 $\Lambda_\beta(t)$ の事後分布から抽出したサンプル（のセット）が、20,000 個の β に対して得られるはずだ。それぞれのサンプルセットに対応する、個体適応度の平均値、標準偏差、パーセンタイルの推定値と、推定値 20,000 個のばらつきの平均値を得ることができる。

← $[\beta | \text{Data}]$ を得るために作ったマルコフ連鎖。

補足図:方法 (iii)の概略



この方法の明らかな問題点は計算負荷だ。「100,000 個体を生成し、それぞれの $\lambda^{(i)}$ を計算する」という計算一回にかかる時間は、3.2GHz の Pentium システムにおいて約 4.8 分。20,000 回これを行うと、1600h = 9.5 週間かかる。

～方法(iii)を実行するために計算をケチる方法を考える～

解決策は、シミュレーションにおける精度をいくらか犠牲にすることだ（つまり、生成する個体数を 100,000 より減らす）。ここで、「サンプルする β の数」：「ひとつのシミュレーションで生成する個体数」のよい努力配分を求めよう。そのために、シミュレーション「内」の変動の総量と、シミュレーション「間」での変動の総量の関係を、大雑把に推定しよう。（ β の事後分布の）マルコフ連鎖から 10 個のパラメータセットをサンプルし、それぞれについてのシミュレーションで 10,000 個体をサンプリングした。サンプルの統計量は、「シミュレーション内標準偏差の典型的な値」 ≈ 0.17 、「シミュレーション間の平均値の標準偏差」 $= 0.06$ であることを示した。したがって、変動の「内」：「間」比は $(0.17/0.06)^2 \approx 8$ であり、計算努力のよい配分は、 β の数： β ごとのシミュレーション数 $=1:8$ であることが示唆された。

←なんで二乗？

上の議論を通して、我々は以下の選択に落ち着いた：399 セットのパラメータ（長さ 20,000 のマルコフ連鎖からランダムにサンプルする）と、それぞれのパラメータセットについて 2999 個体を生成する。これらの数を選んだのは、 $399 \times 2999 \approx (1/1600) \times 20,000 \times 100,000$ となり、計算時間がちょうど約 1h になるからだ（※9）。

←さっき、 $20,000 \times 100,000$ で 1600h かかる計算だった

～方法(iii)の結果～

これで、現実的な時間で方法(iii)が実行できた。やってみた結果が以下である。399 サンプルの、それぞれの平均個体適応度は、標準誤差 < 0.0057 の精度で推定され、平均値 $=0.950$ 、また、個体適応度の平均値のうち 95%は(0.832, 1.049)の区間に入っていた。それらの平均値の標準偏差は 0.054 だった→個体適応度の、事後平均値 $= 0.95 \pm 0.054/\sqrt{399} (= 0.003)$ （※10）と近似できる。区間(0.832, 1.049)は平均個体適応度の 95% credible interval の近似となる。この区間は真の値 1.021 を含んでいる。個体適応度の標準偏差、5th,95th パーセンタイルについても同様に推定した。

※9：なぜ 400×3000 ではなく 399×2999 にするのか？→ある統計量の推定値の、全サンプル中 i 番目に大きかった値を使って、 $\{100 \times i/(n+1)\}$ th パーセンタイルを推定できる。分母が $n+1$ だから、例えば 5th パーセンタイルは $150/(2999+1) = 5$ より、150 番目に大きかった推定値を使えば良い…といった感じで計算が楽になるため。

※10：厳密にいえば、 $SE(\bar{X}) = \sigma/\sqrt{n}$ は独立なサンプルにしか言えず、今回はマルコフ連鎖からのサンプルしたために自己相関がある。しかし、連鎖長が十分なら自己相関は小さくなる。今回は長さ 200,000 中 399 サンプルをとったので、この近似は妥当。

～この節の結果まとめ…Table 12.4～

TABLE 12.4 Population fitness distribution features and estimates.

	Mean	SD	5th	95th
Truth: $\Lambda_{\beta}(t)$	1.022	0.075	0.900	1.148
Sampled $\lambda^{(j)}$	0.998	0.081	0.852	1.092
Realized fitness	0.534	0.574	0	1.329
Bayes estimate fitness	0.952	0.092	0.871	1.203
Estimated: $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$	0.959	0.147	0.710	1.290
Bayes estimate of $\Lambda_{\beta}(t)$	0.955	0.155	0.728	1.215
95% CI	(0.83,1.05)	(0.06,0.27)	(0.46,0.87)	(1.09,1.40)

この節での解析結果の要約を Table 12.4 に示した。

Table 12.4 の始めの 2 行は通常使う事が出来ない情報である。1 行目（真の $\Lambda_{\beta}(t)$ ）はデータ生成における真のハイパーパラメータに基づいて生成した 100,000 個体が持つ $\lambda^{(j)}$ の分布，2 行目はサンプルされた個体の潜在的な特性（latent fitness）の要約である。次の二行は、データセットの 25 個体に対する推定値の集まりについて要約したもの。Table 12.4 の 2 行目～4 行目はサイズ 25 のサンプルに対する要約である。

//2 行目～4 行目のパーセンタイル算出方法

ある統計量のサイズ n のサンプル中、 i 番目に大きかった推定値は $100 \times i / (n + 1)$ のパーセンタイルに対する推定値となるから、全ての推定値の中で最小の値は $100 \times 1 / 26 = 3.84$ th パーセンタイルを推定する。二番目に小さい値は 7.68th パーセンタイルを推定する。5%は、3.84 から 7.68 へ向かって 30%程進んだ位置にあるため、5th パーセンタイルは

$0.7 \times (\text{最小の値}) + 0.3 \times (\text{二番目に小さい値})$ で推定した。同様に、95th パーセンタイルは $0.7 \times (\text{最大の値}) + 0.3 \times (\text{二番目に大きい値})$ で推定した。

realized fitness の集まりによる $\Lambda_{\beta}(t)$ の推定は全然だめであった（3 行目）。12.5 節の最後で示唆されたように、realized fitness の値は潜在的な値（latent fitness）とよく対応している。しかし、それらの平均、分散は、個体群での値とはかなり外れてしまう。

普通は、（個体ごとに対する）ベイズ推定値の集まりを、同じパラメータセットの個体群の特性を推定するのに用いることは奨励しない。個々のベイズ推定の値にはバイアスがかかっていないわけではなく、それらの集めても、パラメータセットの分散を過小評価してしまうのが典型的だ。しかし、それでもこのケースではサンプルの平均、標準偏差、5th&95th パーセンタイルは、個体群のパラメータをうまく推定している（4 行目）。

（5 行目の）推定 $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ はハイパーパラメータの事後中央値に基づいたべ

<2 行目>～<4 行目>

…25 個体のサンプルに対する結果（前半の推定方法）

⇒この 25 個体のサンプルから推定した $[\beta | \text{Data}]$ を使って 5 行目～7 行目の解析を行う。

<5 行目>方法(ii) (β の点推定 $\hat{\beta}$ によって $\Lambda_{\hat{\beta}}(t)$ を推定した結果)

<6 行目>方法(iii)の結果

<7 行目>方法(iii)の結果に対する 95%credible interbal

←本文では「the i th order statistic in a sample of size n 」

例えば個体適応度に関しては…

$\lambda^{(j)}$ を全個体について推定したとして、全個体分の $\lambda^{(j)}$ （推定値）の中で i 番目のものが、 $\lambda^{(j)}$ の分布における $100 \times i / (n + 1)$ th パーセンタイルに対する推定値となる。

と言う事だと思います。

「パラメータセットの分散」

= β の事後分布の分散（たぶん）

イズ推定の結果で、まあまあ良い結果だった。

しかしながら、(6行目) $\Lambda_{\beta}(t)$ のベイズ推定を除いて、どの推定も推定の不確実性に関する指標が無い。Table 12.4 の最後の行は $\Lambda_{\beta}(t)$ の特性値の 95%credible interbal を示している。4 つ中 3 つは真の値を含んでいた。

12.6.2 Estimating Population Fitness

～個体群適応度を推定する～

最後に、式(12.3)で定義される「個体群適応度(population fitness)」について考える。これで、これまでの 12.5 節のデータの解析と個体の適応度に関係した導出パラメータの議論を締めくくろう。

手順は導出パラメータと同様だ。 $\lambda(\{SF\})$ は $S = E(\mathbf{S}^{(t)})$, $F = E(\mathbf{F}^{(t)})$ によって決定され、これらの値はハイパーパラメータ β によって決定されるから、 $\lambda(\{SF\})$ は β の関数 $\psi(\beta)$ として表せる。 β の真の値が与えられれば、 $\lambda(\{SF\})$ の真の値が計算によって求まる。事後分布 $[\beta|\text{Data}]$ よりサンプルした β に対して同じ計算を行えば、事後分布 $[\lambda(\{SE\})|\text{Data}]$ からのサンプルを得ることができる。個体の適応度の個体群分布を推定するのと同様、 $\psi(\beta)$ の計算は困難であり、シミュレーションによる近似が必要。この近似計算を行う上でのただ一つの関心ごとは精度であり、これはシミュレーションサイズの選択によってコントロールできる。

//シミュレーションサイズの選択

12.5 節のデータ生成モデルのもとでの個体群適応度の計算において、100,000 ペアの $\{\mathbf{S}^{(t)}, \mathbf{F}^{(t)}\}$ を生成し、 $\mathbf{S}^{(t)}, \mathbf{F}^{(t)}$ の平均値を計算して、個体群適応度を求めた結果、 $\lambda(\{SE\}) = 1.5333$ であることが分かった。このシミュレーションは約 1/5 秒を要した。これを 20 回繰り返し、標準偏差 < 0.0001 であることが分かった。シミュレーションの（個体）数を 10,000 に減らすと計算時間は 10 分の一まで減少し、標準偏差は 0.0004 で、許容できる精度であった。

//個体群適応度の推定結果

したがって、個体群適応度の値を β の事後分布のマルコフ連鎖からサンプルした 20,000 の β それぞれに対して、10,000（個体）のシミュレーションを行って計算した。この計算には 10 分ほどを要した（標準偏差 < 0.0001 の精度を得ようとする 1 時間半かかる）。事後分布の中央値は 1.498, 95%credible interbal は (1.393, 1.551) だった。20,000 個の（色々な β に対応する）推定値の平滑化したヒストグラムを Fig12.4 に示した。

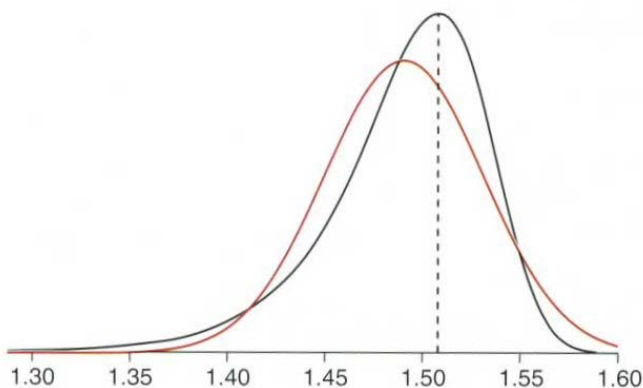


Fig12.4
 [β|Data] よりサンプルした 20,000 個のβに基づいた、個体群適応度の事後分布（黒線）。赤線は、正規分布による近似（事後分布が歪んでいることを示している）。点線で、事後分布の中央値 1.058 を示した。

Fig12.4
 Posterior distribution of population individual fitness (black), based on point estimates of population distribution parameters. Red curve is approximating normal distribution (included to indicate skew in posterior); posterior mode at 1.058 indicated by dasher line.

12.7 Afterword

個体の適応度の推定には階層モデルが最も良い推定を行った（個体の生涯 *lifetime* が一回以上観測できる何らかの理由が無い限りは）。**SF**がサイズ 1 のサンプルから推定できる（ $\mathbf{1}_x \mathbf{f}$ によって）という事は注目すべきことだが、 $\lambda(\mathbf{1}_x \mathbf{f})$ が $\lambda(\mathbf{SF})$ の推定量として信頼できないことは驚くに値しない。個体の適応度の信頼できる研究には階層構造が必要である。我々の Table12.2 のデータに対する評価は、個体の適応度の値，個体間での適応度の差，それらの順位に対する研究を含んでいる。また、個体適応度の個体群分布の特性についても研究し、個体群適応度も推定した。それらの量は全て導出パラメータである。ベイズフレームワークは概念的にシンプルで、数学的に見通しがよく、比較的直接的な推定の基盤を与えてくれる。

↑原文。

「distribution of population individual fitness」という意味が分からなかったので（仮に「個体群での個体適応度の分布」と訳すと、本文と明らかに食い違う…）、本文に書いてある解説から図の解説を勝手に書きました。もしかしたら、「population individual fitness」で「個体群一つ一つの個体群適応度」という意味？