

### Closed-Population Mark-Recapture Models

M<sub>0</sub>: 個体差もサンプル間の差もなし      M<sub>i</sub>: 個体差なし、サンプル毎に捕獲率異なる  
 M<sub>b</sub>: 一度捕まったあと捕獲率変化      ○ M<sub>h</sub>: 個体差あり、サンプル毎の捕獲率一定

#### 9.4 INDIVIDUAL HETEROGENRITY MODEL

##### 個体異質性モデル

異質性モデル (heterogeneity model) では個体は別個の捕獲率をもち、これらはサンプル間でばらついてもよい。CDL (式 9.2) は時間、個体特有の異質性を伴うモデルを表すが、観察よりもパラメータ (捕獲率  $p$  と全個体数  $N$ ) が多いため、制限を加えないと  $N$  についての推論には使うことができない。推論を可能にするために、様々な異質モデルは、「捕獲されなかった個体の捕獲率」がどの程度「捕獲した個体」と関係するかという仮定を導入する。これらの仮定は  $[p^{obs}, p^{mis} | \theta, N]$  または  $[p^{obs}, p^{mis} | \theta, N, z]$  ( $z$  は共変量) というモデルを通して表される。共変量は (たいてい) 捕まらなかった動物では観察されないの、もしこれらを含むなら、CDL の完全な指定には共変量に  $[z | \gamma]$  というモデルを必要とする (Fig. 9.5)。

< 異質性モデルの例 >

・ Otis et al. (1978) のモデル  $M_h$

$p_{i1} = p_{i2} = \dots = p_{ik} \equiv p_i$  という制限を導入

→ 個体ごとに別々の「実験を通して一定であると仮定した捕獲率」をもつ

この制限を加えても、 $N$  の有用な推論をするにはいまだに多すぎるパラメータがある。

・ Huggins(2002) や Dorazio and Royle(2003)

$p_i$ 's は交換可能なベータ分布確率変数としてモデルされた、 $M_h$  のランダム効果のパラメータ化を考えた。(平岩注: 交換可能な確率変数は  $p_i$  の順番を入れ替えても結合確率が変わらない確率変数) また、このようなモデルでは、 $p_i$ 's を積分して得られた  $L(N, \alpha, \beta | u, X^{obs})$  という形の ODL を用いて、頻度論者の推論も実行可能である。

➤ Huggins(2002)

ベータパラメータの推定はモーメント法と Horwitz-Thompson-type 推定量を用いて推定された個体群サイズによって得られるという経験ベイズ推定の手順を発展させた。

➤ Dorazio and Royle(2003)

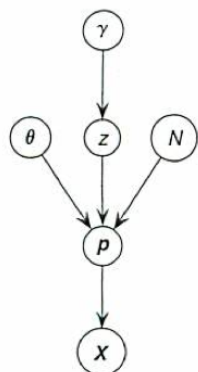


Fig. 9.5

異質な捕獲率の閉鎖個体群の標識再捕の complete data likelihood の有向非循環グラフ(DAG)表現。

$p = (p^{obs}, p^{mis})'$ ,  $z$  を共変量と定義したとき、 $p^{obs}$  と  $p^{mis}$  間の関係がモデル  $[p | \theta, N, z]$  を通して表現される。

<データ拡大法 data augmentation>

ODL を得るためにランダム効果を積分する代わりに、CDL(式 9.2)を BUGS でモデルにあてはめるのに利用できる。BUGS におけるモデル  $M_h$  のあてはめは素直だが、1 つの小さな例外がある (なぜなら  $N$  はそれぞれ  $p$  の値の次元で反復してアップデートされるが、BUGS は確率的なループ指数を許さない)。この辺りのやり方は Royle et al.(2007)によって提案されたデータ拡大法 (data augmentation) ( $N$  は確率  $\phi$  をそれぞれ伴うベルヌーイ確率変数  $M$  の合計としてモデルされる) を使う。  $\phi$  に一様な事前分布を採用することは、離散一様分布  $DU(\{0,1,\dots,M\})$  の  $N$  の事前分布を導く。このアプローチでは、明示的に式(9.1)の指標  $I$  を含んでモデルする。(平岩注:  $I$  は研究中に一度でも捕獲されれば 1 それ以外なら 0)。また、 $M$  次元のベクトル  $p$  のそれぞれの要素は、現在のマルコフ連鎖の反復において個体群に動物が含まれるか含まれないかに関わらずアップデートされる。

Royle et al.(2007)によって提案されたデータ増加のアルゴリズムは、 $N$  の離散一様事前分布のリバーシブルジャンプアルゴリズム (7.3.2 節) と同等である。ここで、パラメータの「パレット」はノード  $p[ ]$  の確率の一式に一致し、増加した個体群の全ての  $M$  の動物で定義される。個体群の中での捕獲率のパレット上の全単射でマッチしたパラメータは、ノード  $w$  における指標変数に関して、式(9.1)の含有変数  $I$  に一致したものとして定義される。

The bijection matching parameters on the palette to capture probabilities in the population is defined in terms of the indicator variables in the node  $w$ , which corresponds to the inclusion variable  $I$  in Eq.(9.1).

<データ増加補足>



```

for(1 in 1:M){
  p[i] ~ dbeta(alpha, beta)  #p[i]はベータ分布に従う
  w[i] ~ dbern(psi)         #w[i]はベルヌーイ分布に従う
  wp[i] ~ p[i]*w[i]
  x[i] ~ dbin(wp[i], k)     #個体 i の捕獲回数x[i]は確率wp[i]、
                             試行回数kの二項分布からのサンプルだと考える
}
N <- sum(w[ ])             #Nはwの合計と一致する
    
```

例 : Agresti (1994) のカンジキウサギのデータ

ベータ-二項分布モデル (Huggins(2002)と Dorazio and Royle(2003)) をあてはめる。

- $M$  の値は  $N$  の離散一様分布の上限を表す。
- $k$  の値 (サンプリング回数) はこの場合  $k=6$ 。
- $i$  番目の要素を伴う長さ  $M$  のデータ配列  $x$ (調査期間中に個体  $i$  が捕まえられた回数 ( $i=1, \dots, M$ ))。これは  $N-u$ 。(捕獲されなかった動物)には  $0$  をセットする。カンジキウサギデータ  $x$  は、モデル  $M_h$  十分統計量  $f=(25,22,13,5,1,2)$  ( $f_j$  はちょうど  $j$  回捕まった動物の数) から構築できる。
- もし個体  $i$  が捕まえられたら、要素  $i$  を伴うデータ配列  $w$  は  $1$  の値を指定し、そうでなければ  $NA$  を指定する。

Panel 9.1

二項分布  $B(M, \phi)$  からサンプルされた潜在確率変数としてモデルされた、 $N$  のデータ増加を用いてあてはめたモデル  $M_h$  の BUGS コード

```
model{
  mu~dunif(0,1)
  t~dt(0,1,2)
  theta<-abs(t)
  alpha<-mu*theta
  beta<-(1-mu)*theta
  psi~dunif(0,1)
  for(i in 1:M){
    w[i]~dbern(psi)
    p[i]~dbeta(alpha,beta)
    wp[i]<-p[i]*w[i]
    x[i]~dbin(wp[i],k)
  }
  N<-sum(w[])
}
```

<  $p_i$  のベータ分布のパラメータ  $\alpha, \beta$  の事前分布 >

$\mu = \alpha / (\alpha + \beta)$  ( $0 < \mu < 1$ ) と  $\theta = \alpha + \beta$  ( $\theta > 0$ ) を用いてパラメータ化するほうがよい場合がある (Appendix B.10)。これらのパラメータはより簡単に解釈でき、自然に独立な事前分布を指定する。また、それらを使用することで、 $\alpha$  と  $\beta$  に独立な事前分布を指定するより、連鎖の混交した (mixing) マルコフ連鎖モンテカルロ (MCMC) に導ける<sup>3</sup>。

- $\mu$  : 自然な参照事前分布 (reference prior) は  $U(0,1)$  である。
- $\theta$  : 適切な参照事前分布の確定はより難しく、階層モデルにおける分散-タイプのパラメータは事後分布が適切であることを保証するために注意深く選ばれる必要がある。Gelman(2006)と Gelman and Hill(2007)では、折り返された  $t$  分布の使用を推奨している。もし  $X$  が  $t$  分布を持つとすると、そのとき、 $Y=|X|$  ( $X$  の絶対値) を折り返された  $t$  分布ということに注意してほしい。

Panel 9.1 の BUGS コードでは、Gelman(2006)と Gelman and Hill(2007)によって知られた、 $\epsilon$  が小さいときの  $\text{Ga}(\epsilon, \epsilon)$  の事前分布と関係した不適当な論点なしに、 $\theta$  の事前分布として 0 に近い値にわずかなサポートを与えた自由度 2 の折り返された t 分布<sup>4</sup>を用いた。In the BUGS code in Panel 9.1, we have used a fold t-distribution with two degrees of freedom as a prior for  $\theta$  that gives moderate support for values near zero without the impropriety issues identified by Gelman (2006) and Hill (2007) associated with the  $\text{Ga}(\epsilon, \epsilon)$  prior, when  $\epsilon$  is small.

逆変換  $\alpha = \mu \theta$  と  $\beta = (1 - \mu) \theta$  において、 $\alpha$  を誘導する事前分布は  $\beta$  を誘導する事前分布と同じであり、

$\alpha$  と  $\beta$  を引き起こす事前分布：平均 0.71、SD 約 2.5

(69%が 1 以下、88%が 2 以下、98%が 5 以下)

└U 型ベータ分布

<事前分布の感度評価>

上のコードを `theta<-abs(t*5)` と  $\theta$  を置き換えることによって得られた、5 に等しいスケールパラメータをもつ折り返された t 分布を考えた。

$\alpha$  と  $\beta$  を引き起こす事前分布：平均 3.5、SD 約 3.5

(19%が 1 以下、36%が 2 以下、69%が 5 以下)

これらの 2 つの事前分布をあてはめた結果は、これらが事前分布の選択に非常に大きな感度があることを示唆した(Figs. 9.6 と 9.7)。この感度はただ 6 回の観察からなるデータセットの中の制限された情報を反映する。

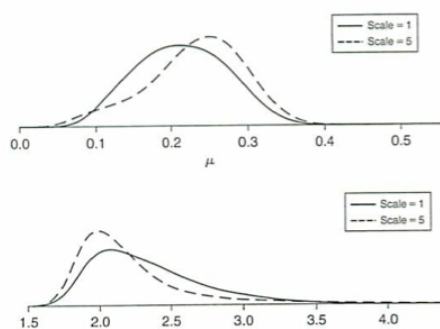


Fig. 9.6

$\mu$  に  $U(0,1)$ 、 $\theta$  にスケール 1 または 5 の折り返された t 分布を事前分布として用いたときの  $\mu$  と  $\theta$  の事後分布頻度

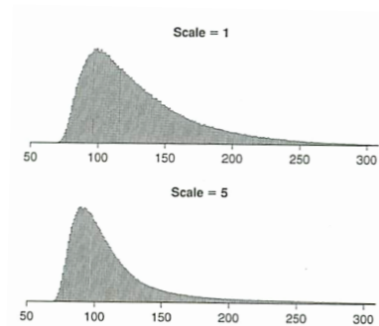


Fig. 9.7

$\mu$  に  $U(0,1)$ 、 $\theta$  にスケール 1 または 5 の折り返された t 分布を事前分布として用いたときの N の事後分布頻度

3. MCMC において、過度の自己相関なしに静止した分布を表現するサンプルを生み出したら、Markov chain はよく混交していると表現する。

4. BUGS は自由度 1 の t 分布を引き抜くことを許さない。しかし、 $Z_1$  と  $Z_2$  が独立な標準正規変数であるとき、確率変数  $Y=Z_1/Z_2$  をつくることによって、そのような引くことを引き起こせる。

#### 9.4.1 Constrained Capture Probability Models, Including Covariates

##### 共変量を含んだ制約された捕獲率モデル

モデル  $M_h$  に加えて、 $p$  に適切な制限を適用することによって、モデル  $M_t$  と  $M_b$ 、 $M_0$  にあてはめるために BUGS を使うことができる。またこれらのケースでは、 $p$  の次元が変化しないため、 $N$  のデータ増加ステップを除くことによって、コードは簡単にできる。

また、Huggins(1989, 1991)のモデル  $M_h$  の特別なケースを含んで、個体の共変量を伴うモデルにあてはめるのは簡単である。 $M_h$  のこのバージョンの難しさは、1 度も捕まらない  $N-u$  の動物において共変量が観察されないことである。しかし、これらの共変量に適したモデルを供給すれば、モデルに共変量を含むことができる。

例：V. Reid のシロアシマウス (*peromyscus maniculatus*) のデータ (Otis et al., 1978)

- ・ Huggins(1991)によってモデルされた
- ・ 発見率がそれぞれの動物の性別、年齢や体重を表す共変量の決定関数であると仮定。  
→  $N-u$  の捕まらなかった動物の欠測した性別、年齢、体重を予測する必要がある。

共変量を定義するのに  $z$  を使うと、観察と欠測の構成要素で分割された  $z$  として  $[z | \gamma]$  をモデルに加えることによって、これを定義する。例えば、それぞれ「別個の年齢や性別水準によって異なった平均」をもつ正規確率変数として、標準化された体重をモデルする。年齢や性別をモデルするために、それらを交換可能なベルヌーイ確率変数として扱う。このモデルの BUGS コードは Panel 9.2、データは Panel 9.3 に示した。

Panel 9.2 発見確率の共変量を含んだモデル  $M_h$  の BUGS コード。モデルは、 $B(M, \phi)$  の分布からサンプルされた潜在確率変数としてモデルされた  $N$  のデータ増加を用いてあてはめられた。

```
model{
  for(i in 1:M){
    w[i]~dbern(psi)
    logit(p[i])<-b[1]+b[2]*sex[i]+b[3]*age[i]+b[4]*weight[i]
    mu[i]<-g[1]+g[2]*sex[i]+g[3]*age[i]
    weight[i]~dnorm(mu[i],tau)
    sex[i]~dbern(pie[1])
    age[i]~dbern(pie[2])
    wp[i]<-p[i]*w[i]
    x[i]~dbin(wp[i],T)
  }
  N<-sum(w[])

  psi~dunif(0,1)
  for(i in 1:4){
    b[i]~dnorm(0,0.1)
    g[i]~dnorm(0,0.1)
  }
  tau~dgamma(0.001,0.001)
  pie[1]~dunif(0,1)
  pie[2]~dunif(0,1)
}
```

Panel 9.3 発見確率の共変量を含んだモデル  $M_h$  の BUGS データ。M は個体群サイズの上限を指定し、データ配列  $x$ ,  $w$ ,  $sex$ ,  $age$ ,  $weight$  の次元と等しくなければならない。

```
list(M=100,T=6,
x=c(6,4,4,5,6,5,5,4,6,5,5,6,4,2,2,3,2,3,3,3,2,3,1,4,3,4,1,2,1,3,2,1,1,1,1,
1,1,0,...,0),
w=c(1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,1,
1,1,NA,...,NA),
sex=c(0,1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1,0,0,1,1,1,0,0,0,1,1,0,1,1,1,1,1,1,0,1,0,1,0,
0,0,1,NA,...,NA),
age=c(0,0,0,0,0,0,1,0,1,0,0,0,1,0,0,0,1,0,0,1,0,0,1,0,0,1,0,0,1,1,1,1,0,0,0,1,
0,1,0,NA,...,NA)
weight=c(-0.522,0.098,0.098,0.098,-0.316,1.339,-0.729,0.098,-0.109,-0.109,
-0.316,1.545,-0.109,-0.729,-0.936,1.752,-1.556,-1.349,0.925,-0.316,-1.970,
1.132,-0.522,-1.763,1.545,-0.936,-0.109,0.925,0.925,1.132,0.305,-0.729,
-0.109,-0.729,1.959,-1.143,0.305,0.925,NA,...,NA))
```

<結果>

N の事後分布は Fig. 9.8 に示した。N の無理のない点推定は 39 (事後分布の最頻値。ただし  $\Pr(N \leq 39 | \text{Data}) = 0.48$  と  $\Pr(N \leq 40 | \text{Data}) = 0.69$  にも注意) である。したがって、0.95 の事後分布確率をもつ区間 [38, 43] は N の 95% 最高事後分布密度区間である<sup>5</sup>。これは、Huggins(1991)による Horwitz-Thompson-type の推定量を用いて得られた、近似した区間 (38.3, 45.6) より多少短い。近似した区間とその分数の端点について、**セットされていない何かがある**：我々はこれらの数を切り捨てることになっているのか？もしそうなら、信頼レベルにどんな影響があるのか？ (平岩注：著者らも問題提起して終わっている)

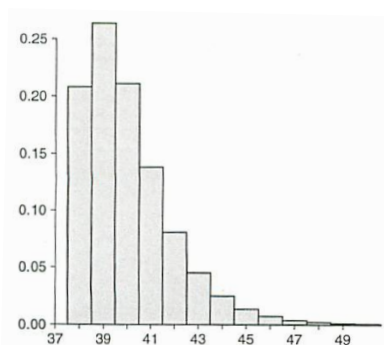


Fig. 9.8

Huggins(1991)で用いられた例における  
シロアシマウスの数 N の事後分布頻度

欠けている共変量をモデルする必要性は、Huggins(1989, 1991)によって採用されたモデリングアプローチの重要な特徴 (遭遇歴は測定された共変量を与えられた独立であるという仮定) を強調する。この仮定は少し強く、実験不可能である。原則として、Panel 9.2 の BUGS コードを、発見可能性への計れない影響の原因を説明するランダム効果を含むように拡張できる。しかし、 $M_h$  族の全てのモデルのように、このアプローチはたくさんの有用なデータを必要とすると予想される。

5. BUGS におけるパーセンタイルの要約は連続データの方法に基づかれているため、離散分布での要約には注意すべきである。現在の場合、N の事後分布の 2.5, 50, 97.5 パーセンタイルは 38, 40, 45 として報告される。現実には  $x=38, 40, 45$  で、それぞれ  $\Pr(N \leq x | \text{Data}) = 0.210, 0.687, 0.984$  である。

#### 9.4.2 Issues with Model $M_h$

##### モデル $M_h$ の論点

上で示したように、モデル  $M_h$  を用いた推論は、個体間の  $p$  の変化を支配する分布の事前分布のパラメータの選択によって影響を及ぼされる。これは唯一の論点ではない（モデル  $M_h$  の下での推論もまた、モデルした  $p$  の分布の族の選択に敏感である）。**実際、(大きく異なった  $N$  の値を指し示しつつ、同一または同一に近いデータ分布を導く)  $p$  の分布の異なった選択という意味では、モデル  $M_h$  は本当に同一とはみなせない(Link, 2003)。In fact, model  $M_h$  is not actually identifiable, in the sense that different choices of distribution for  $p$  lead to data distributions that are identical or are nearly identical, while indicating vastly different values of  $N$  (Link, 2003).** (平岩注： $p$  が変わっても同時に  $N$  も変わるので区別できないってこと?)

モデル  $M_h$  の非同定可能性または非同定可能性に近いことは、 $N$  や  $[p | \theta]$  の異なった選択が同一または同一に近い尤度を導き、単にデータの基礎に基づいてモデルを区別できないことを意味する。モデル  $[p | \theta]$  の選択は、研究された個体群の知識や得られた標識再捕データの方法によって導かれなければならない。しかし、多くの研究において、モデルの選択の基礎となるたくさんの情報がないだろう。そのような場合、研究者がモデルの種類をよく考えることを我々は推奨し、標準的な方法のお決まりの利用に対して警告する。この論点のさらに進んだ考えをこの章の最後 (9.6 節) で提供する。

##### <異質性が疑われる閉鎖個体群の標識再捕データへのアプローチ>

上で議論したアプローチは  $p$  をモデルするために連続分布を用いた。また、彼らの捕獲能力に従って別々のクラスに個体群を分けることに基づいたモデルは提案されてきた (Agresti, 1994; Norris and Pollock, 1996; Coull and Agresti, 1999; Pledger, 2000)。これらのいわゆる潜在クラスまたは有限混合モデルは、BUGS コードの比較的小さな修正でフィットできる。有限混合アプローチはすっかり一般的で、時間、行動、個体の効果の全てが存在する一般的なモデル  $M_{tbh}$  の特定のバージョンを許すように拡張させることができる (Pledger, 2000)。また、King and Brooks (2008) (彼らはまた異なったモデルへの関係した支持を評価するリバーシブルジャンプアルゴリズムを記述する) によって、連続混合の似たモデルは提案されてきた。(平岩注：連続混合  $\Rightarrow$  ランダム効果モデル?)

### 9.4.3 Loglinear Representation

#### 対数線形表現

標識再捕モデルの一般的な表現は、異なったサンプル間の依存性を表現する、「不完全な分割表」モデルの使用を引き起こす (Agresti, 1994; Cormack, 1989; Fienberg, 1972)。また、このアプローチは捕獲能力における時間、行動、個体の効果について異なった仮定のいろいろなモデルの評価を許す。また、これらのモデルは 9.5 節で議論した例と同様に、サンプルの時間順序がない multiple-list 研究に適切である。

分割表は交差分類したデータに用いられ、ほとんどが多変量質的データ間に存在する依存性のタイプを評価するために用いられた。(平岩注：交差分類は重複特性をもつ分類。サンプルが水準 A であり、B であってもよい。) 一般的な分割表問題のベイズの推定方法はよく発展してきた (Albert, 2007; Gelman et al., 2004)。推論は主として、「変数間の依存性の異なった形を表現する」異なったモデルの適切なモデルの選択に焦点をあてる。標識再捕において推論は、表のパラメータの関数として書くことができる  $N$  に焦点を当てる。しかし、もしけちなモデルが望まれるなら、モデル選択は依然として有用である。(平岩注：けちなモデル=パラメータの少ないモデル?)

<  $k$  サンプルの標識再捕研究のデータ >

- 1つの構造的な 0をもつ  $2^k$  の分割表の形で表すことができる。
  - ↳ 研究中に捕まえられる可能性があったが、一度も捕まらなかった個体のセル
- 分割表は全ての個体の交差分類で構成される。
- それぞれのセルは、類似の捕獲歴をもつ動物の数を表す。

例：2 サンプルの場合

- Table 9.1 に示した不完全な  $2 \times 2$  分割を得る。
  - $x_{hl}$  は  $X_{i1}=h$  と  $X_{i2}=l$  の捕獲歴をもつ動物の数である。
- (平岩注： $X_{i1}$  はサンプル 1 で捕獲されていれば 1、捕獲されていなければ 0)

Table 9.1 2 サンプル標識再捕研究の不完全な  $2 \times 2$  分割表の例

	Not caught in Sample 2	Caught in Sample 2	Total
Not caught in sample 1	–	$x_{01}$	$N - n_1$
Caught in sample 1	$x_{10}$	$x_{11}$	$n_1$
Total	$N - n_2$	$n_2$	$N$



分割表をモデリングする 1 つのアプローチは、対数線形モデルによって、セル頻度を独立なポアソン確率変数としてモデルすることである<sup>6</sup>。二元表において、モデル  $M_t$  の下で観察されたセル合計は、 $P(\mu_{hl})$  の確率変数としてモデルできる。このとき  $\mu_{hl} = E[x_{hl}]$  は表の行  $h+1$  と列  $l+1$  の予測されたセルである。予測されたセル合計の自然対数は線形予測子 (linear predictor) を用いてモデルされる。表 9.1 のデータにおいて線形予測子は

$$\eta_{hl} = \ln(\mu_{hl}) = \begin{cases} \beta_0 & h=0, l=0 \\ \beta_0 + \beta_2 & h=0, l=1 \\ \beta_0 + \beta_1 & h=1, l=0 \\ \beta_0 + \beta_1 + \beta_2 & h=1, l=1 \end{cases}$$

と書ける。(平岩注:  $\ln(\mu_{hl}) = \beta_0 + \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2}$  と同じ)

<対数線形モデルのパラメータと通例の捕獲率式との関係>

$x_{11}$ : 対数線形式を用いた予測値	$e^{\beta_0 + \beta_1 + \beta_2}$
通例のモデルの捕獲率式	$Np_1p_2$
$x_{01}$ : 対数線形式を用いた予測値	$e^{\beta_0 + \beta_2}$
通例のモデルの捕獲率式	$N(1-p_1)p_2$

したがって、予測されたサンプル 2 で捕獲された動物の数は

$$Np_2 = E[x_{11} + x_{01} | \beta] = e^{\beta_0 + \beta_2} (1 + e^{\beta_1})$$

である。(平岩注:  $= e^{\beta_0 + \beta_2} + e^{\beta_0 + \beta_1 + \beta_2}$ )。したがって、

$$\frac{Np_1p_2}{Np_2} = p_1 = \frac{e^{\beta_0 + \beta_1 + \beta_2}}{e^{\beta_0 + \beta_2} (1 + e^{\beta_1})} = \frac{e^{\beta_1}}{1 + e^{\beta_1}}$$

よって  $\beta_1$  は捕獲率  $p_1$  の logit である。同様に  $\beta_2$  が  $p_2$  の logit であると示せる。

<サンプル 1・サンプル 2 間の交互作用>

3 つの観察  $x_{11}$ 、 $x_{10}$ 、 $x_{01}$  と 3 つのパラメータ  $\beta_0$ 、 $\beta_1$ 、 $\beta_2$  を伴うモデルは飽和状態である。モデル  $M_t$  へのあてはめは対数線形モデルの下でデータの全ての情報を使い果たす。もし欠けたセル  $x_{00}$  を観察できたなら、サンプル 1 の捕獲とサンプル 2 の捕獲の間の依存性を許したモデルを一般化することを許す。

6. 総数を条件としている独立なポアソン確率変数が多項確率変数であるため、このアプローチは無理がない (Appendix B.7)。

対数線形モデルでは、2つのサンプル間のどんな依存性もパラメータ交互作用を用いてモデルされる。我々の2×2の例では、 $x_{11}$ と一致した線形予測子として

$$\eta_{11} = \beta_0 + \beta_1 + \beta_2 + \beta_{12}$$

と書くことができる。(平岩注： $\log(\mu_{11}) = \beta_0 + \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2} + \beta_{12} X_{i1} X_{i2}$ と同じ)ここで、交互作用パラメータ $\beta_{12}$ は、サンプル1で捕まえられたことによる $p_2$ のlogit変化の総計と解釈できる。このとき捕獲への反応行動(すなわちtrap-happinessまたはtrap-shyness)の指標として $\beta_{12}$ を考えることは自然であろう。しかし、 $-\beta_{12}$ はサンプル1の捕獲率へのサンプル2の捕獲の影響を指し示し、2つの解釈は同等である。交互作用を解釈する最も良い方法は、単にサンプル間の依存性の尺度とすることである。これは反応行動によって引き起こされるが、捕獲率における個体の異質性によっても引き起こされる。この点は後で議論する。

観察データにおいて $x_{00}$ の不在は $\beta_{12}$ の値を仮定しなければならないことを意味する。たいてい、2つのサンプルが独立にNを与えると仮定する(これは $\beta_{12}=0$ という仮定と同じ)。欠けたセルによって強いられるこの仮定は、実験不可能である。もし我々がどれくらいの個体が欠けているか知っていれば、独立であるという仮説を検証できるだろうし、より面白く $\beta_{12}$ を推定できる。

上で議論したように、対数線形パラメータ $\beta_1$ は $\text{logit}(p_1)$ と一致し、 $\beta_2$ は $\text{logit}(p_2)$ と一致する。また三番目のパラメータ $\beta_0$ は単純な解釈

$$\beta_0 = \ln(E[x_{00}])$$

をもつ。このように、モデル $M_t$ を2サンプルデータにあてはめるための有用な方法は、パラメータ $\beta_0$ 、 $\beta_1$ 、 $\beta_2$ の推定に対数線形モデルを使うことである。個体群サイズを推定するために、欠けたセルの動物の数 $x_{00}$ の予測が必要である。 $\beta_0$ の事後サンプルもしくは明白な事後分布が与えられるなら、我々は平均 $e^{\beta_0}$ をもつポアソン確率変数としてそれをモデルすることによって $x_{00}$ の事後予測を実行できる。

対数線形モデル式は、 $k-1$ サンプル間の交互作用まで含まれることができる $2^k$ 表( $k>2$ )に一般化する。例えば、3サンプルにおいて2サンプル間の交互作用 $\beta_{12}$ 、 $\beta_{13}$ 、 $\beta_{23}$ は識別できるが、3サンプル間の交互作用 $\beta_{123}$ はできない。

標識再捕の対数線形モデルのアプローチはとても融通が利き、標準的な時間と行動モデルも特殊な場合として含む。例えば、もし、ただ主要な効果 $\beta_1, \dots, \beta_k$ を含み、全ての相互作用を0にセットすれば、Otis et al.(1978)のモデル $M_t$ を得る。モデル $M_b$ にあてはめるには、**サンプルにおいて以前現れたかどうかの、 $k-1$ のサンプル特異な指標を含み、そのとき主要な効果または以前の捕獲の効果どちらにも時間の効果を伴わないモデルにあてはめる。**

#### 9.4.4 The Rasch Model and $M_h$

##### Rasch モデルと $M_h$

不完全な分割表の対数線形モデルはまた異質性をモデルするのに使うこともできる (Agresti, 1994)。直感的に、目撃確率における異質性はサンプル間の依存性を引き起こし、その結果、0 ではない交互作用項を導くのは当然である。研究を通して同じ捕獲方法が使われた場合、行動の効果がないと仮定すれば、「あるサンプルにおいて捕まえるのが簡単な動物は、全てのサンプルにおいて捕まえるのが簡単」だと予想される。このように、最初のサンプルで捕まった動物の知識は、「最初のサンプルで捕まらなかった個体」より「捕まった個体」の方が見つけやすいことを教えてくれる。

##### < Rasch モデル >

分割表とモデル  $M_h$  の相互作用間のこの関係は、計量心理学における項目反応モデリングの状況を独自に発展させた発展させた、Rasch(1961)モデルを用いて表現できる (Agresti, 2002)。Rasch モデルにおいてそれぞれの動物はそれぞれの発見確率をもち、それは

$$\text{logit}(p_{ij}) = \alpha_i + \gamma_j \quad (9.5)$$

$$\alpha_i \sim N(0, \sigma^2)$$

$i(i=1, \dots, N)$ :動物,  $j(j=1, \dots, k)$ :サンプリング機会

としてモデルされる (Agresti, 1994)。

このとき発見確率は、2つのパラメータに依存する。

- ・  $\alpha_i$  : 平均 0 分散  $\sigma^2$  の正規分布から選ばれると仮定した個体特異的なパラメータ
- ・  $\gamma_j$  : (logit スケールの上での) 相加効果

このように、発見確率の logit は個体特異的で、サンプル間でばらつく。

##### < Rasch モデルと分割表の対数線形モデルの面白い関係 >

- ・  $\omega$  を捕獲歴、つまり捕獲指標の配列  $\omega_j(j=1, \dots, k)$  と定義する。

(平岩注:  $\omega_j$  は  $j$  番目のサンプルで捕獲されれば 1、されなければ 0。例えば 3 サンプルだったら  $\omega = c(0,1,1)$ )

- ・  $x_\omega$  を捕獲歴  $\omega$  をもつ動物の数とする。

もし、動物個体群を平均すれば (すなわち  $\{\alpha_i\}$  をまたいで予測をする)、予測された捕獲歴  $\omega$  をもつ動物の数は

$$\mu_\omega = \beta_0 + \beta_1 \omega_1 + \dots + \beta_k \omega_k + \lambda(f_\omega) \quad (9.6)$$

$\lambda(f_\omega)$  : 捕獲歴  $\omega$  をもつ動物の捕まえられた回数によって指定されるパラメータ

(平岩注:  $\mu_{hl} = E[x_{hl}]$ )

によって与えられると示せる (Agresti, 1994)。

Tjur(1982)は、「式(9.6)におけるパラメータ  $\beta$  の最尤推定」が、「Rasch モデル式 9.5 における、それぞれの動物が捕まえられた回数(すなわち捕獲頻度  $f_{i0}$  への個体の貢献度)を条件とした条件付の最尤推定」であると示した。これらの数は式(9.6)におけるパラメータ  $\alpha_i$  の十分統計量を表す。Agresti(1994)はこれを「quasi-symmetry 準対称」と言及する。「Symmetry 対称」は全ての主要な効果が等しく、また、全ての相互作用のセットが等しい場合で、「準対称」は全ての相互作用の組は等しいが、主要な効果は異なる場合である。

標準的な統計ソフトウェアを用いて、説明変数  $\omega$  と  $\sum_{j=1}^k \omega_j$  と等しい要因(factor)をもつポアソン確率変数として指定された  $x_{i0}$  によって、この対数線形モデルをあてはめられる。不運にも、このモデルはオーバーパラメータで、パラメータ  $\beta_0$  (したがって、個体群サイズ  $N$  も)を推定することは不可能である。信頼できる  $N$  の推定は可能ではないが、それでもフィットの良好さをテストする目的でこのモデルに有用にフィットできる。(平岩注: Fig. 8.9 や Fig. 9.4 のように) Coull and Agresti(1999)は、このモデルと Pledger(2000)によって考えられた有限混合モデルとの関係の面白い議論を提供した。

もし、3つや多サンプル間の相互作用の全てを 0 にセットし、2種類の相互作用を等しく (0 ではない) セットしたとすると、そのとき、Agresti(1994)によって 2 要因の準対称とラベルされたモデルを得る。準対称モデルは、捕獲率が動物間と時間を越えてばらつく  $M_{th}$  の特別な場合である。このモデルにおいてパラメータ  $\beta_0$  は識別可能であり、存在量を推定できる。もし我々がまた主要な効果が等しいと制限するなら、そのとき、我々は Rasch モデル式(9.6)における  $\beta_1 = \dots = \beta_k$  と一致したモデル  $M_h$  のバージョンを得る。