

## 9. Closed-population mark-recapture models

2010年12月18日 Bayesian Inference 輪読会 野間野史明

### 9.6 Afterword

閉鎖個体群の標識再捕データを解析する標準的な方法は、Otis *et al*(1978)に示されたモデル群を適用することであった。それらのモデルを適用し、次にモデル選択を行う。この章で示したように、**data-augmentation** によって個体数パラメータ  $N$  をアップデートし、CDL(Eq. 9.2)を得るための BUGS コードは簡単に書ける。問題はそのモデルの制約を特定することである。

最近の閉鎖個体群の標識再捕モデルの論文では、不均一性 (**heterogeneity**) を考慮するようなモデルの開発の必要性が強調されている。一番よさそうな解決策は、**detention** に影響するような、測定可能な共変量を見つけることである。他に唯一考えられるは、 $M_h$ の中からモデル選択することで、ベータ分布、ロジット正規分布、あるいは他の $[0,1]$ に対する分布などに基づいて個別の検知確率 (**detection probability**) を出す。問題なのは、 $M_h$ が可同定 (**identifiable**) でないことであり、推論は恣意的で、検証できないような前提条件に依存してしまう。

4回のサンプリングで個体を捕獲したとする。 $f_i$ を $i$ 回目で捕獲した個体数とする。個体の不均一性を **two-point mixture** でモデリングする。確率 $w$ で $p = p_1$ 確率 $1 - w$ で $p = p_2$ であるとする。 $p_1 = 1/4$ で、 $p_2 = 3/4$ であるならば、 $f_i$ は28:18:12:7という割合で起きる。これは $\beta(1/2, 3/2)$ というモデルのもとで起きる割合と全く同じである。これら2つのモデルは $N$ の予測がかなり異なる。ベータモデルのもとでは検出される個体数の期待値は $0.508N$ であるのに対し、**two-point mixture** モデルでは $0.762N$ である。このように、ベータモデルは **two-pint mixture** モデルよりも50%も大きな個体群サイズを示している。そしてデータはモデル選択の基準にはならない。

$M_h$ をデフォルトのモデルで使うのは危険である。モデルを同定する際の解決策の一つは、質的に異なるデータを使ってより良い識別を可能にしたり、別のパラメータに焦点を移したりすることである。我々の意見では、時間一点における $N$ に焦点をおいた閉鎖個体群の標識再捕モデルはあまり価値がない。より興味深いのは開放個体群の動態である。Chapter 11 では標識再捕の方法を開放個体群に拡張する。そこでは、モデルの焦点は個体数から、生存率・出生率・移動率に移っていく。