

SR-03(2022)



frasyrを用いた 再生産関係の推定:診断編

- check.SRfit関数を用いたSR関係のモデル診断

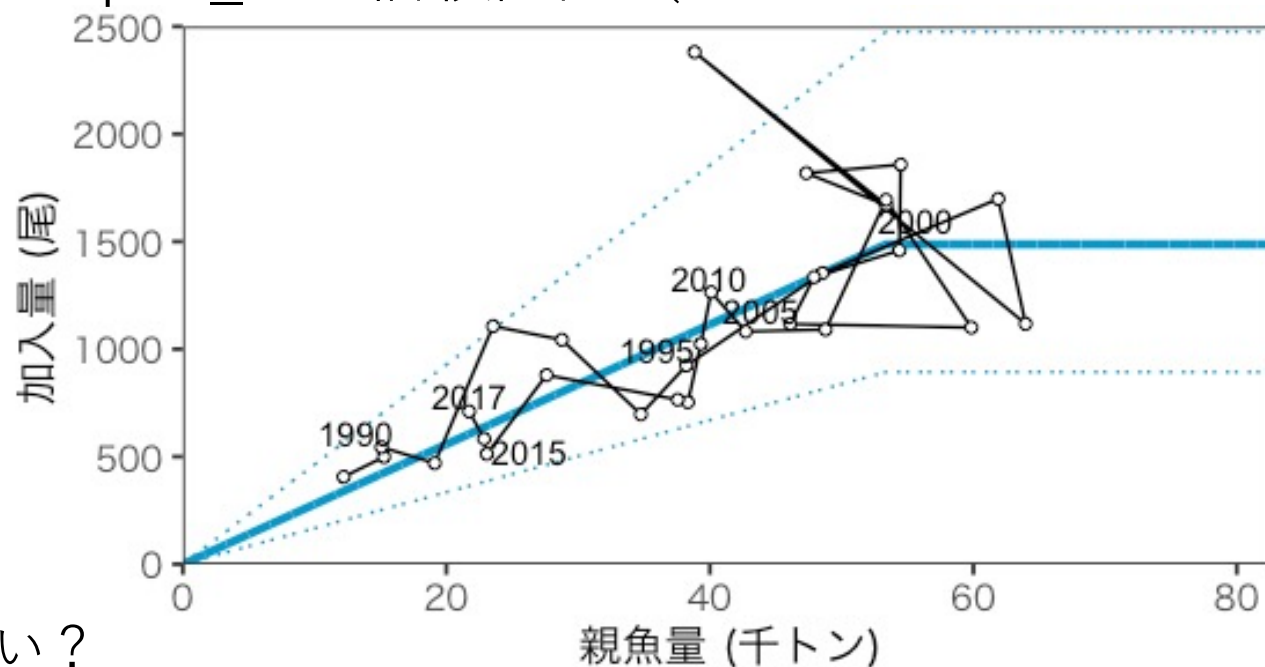
水産研究



動画製作者 漁業情報解析部 資源解析グループ 福井 眞
shinfukui@affrc.go.jp
fukui_shin87@fra.go.jp

SR関係推定結果の妥当性

- plot_SR関数のオプションplot_CIで信頼区間（デフォルトで90%）を表示
- 右図は95%CI
- 果たしてうまく推定できているのか？
 - 残差は？
 - 推定パラメータは正しい？



関数形: HS, 自己相関: 0, 最適化法L1, AICc: 14.08

SR関係推定結果の吟味

- plot_SR関数のオプションplot_CIで信頼区間を表示
- 再生産関係推定のモデル診断の関数
 - check.SRfit：推定値の収束の有無や最適解に達しているか
 - check.SRdist：残差の分布
 - prof.likSR：プロファイル尤度
 - corSR：パラメータ間相関
 - [calc.residAR：残差の自己相関]
 - [autocor.plot：残差の自己相関のプロット]
 - boot.SR：ブートストラップ解析
 - jackknife.SR：ジャックナイフ解析

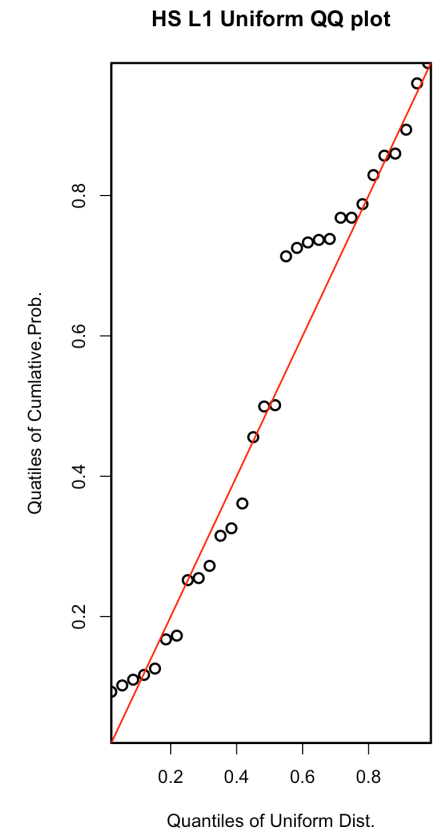
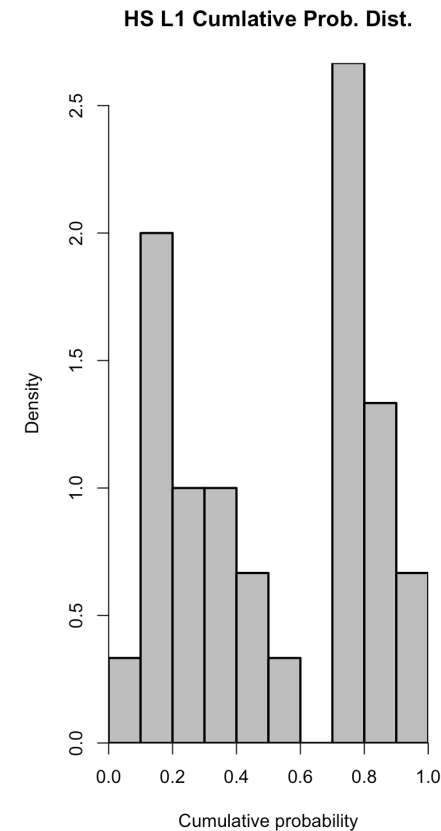
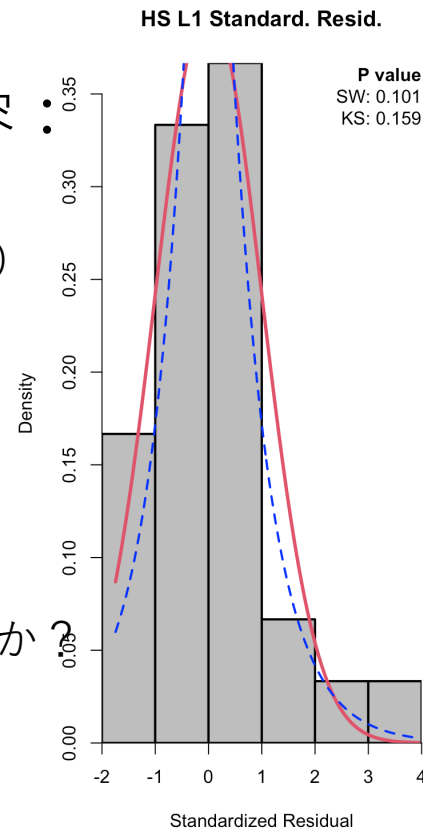
check.SRfit：推定値の収束の有無や大域最適か

- check.SRfitでチェックされる内容：
 - ① 収束しているか (convergence)
 - ② ヘッセ行列 (Hessian) の対角成分が正定値 (positive definite) になっているか
 - ③ 境界条件 (HSの場合SSBの両端、それ以外の場合直線関係や極端に強い密度依存関係) に達しているか
 - ④ 対数尤度が大域解 (global optimum) に達しているか
 - ⑤ 大域的最適解をもつパラメータがひとつに決まるかどうか (④で大域解が出られている場合のみ)

check.SRdist : 残差の分布

- check.SRdistで返る内容 :

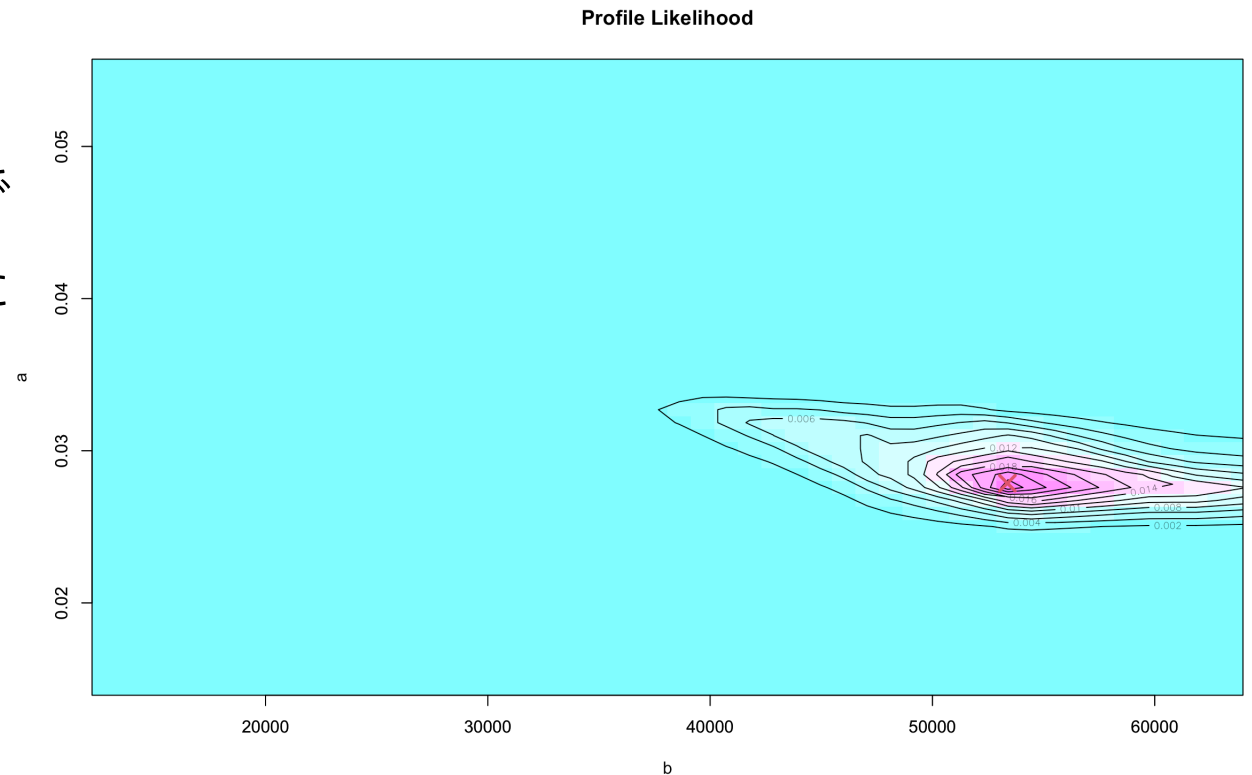
- 標準化残差の分布
 - L1:ラプラス分布 (青点線)
 - L2:正規分布 (赤線)
 - になっているか?
- 累積確率分布
 - 一様になっているか?
- QQプロット (一様分布)
 - 1:1の直線上にのっているか?



prof.likSR：プロフィール尤度

- prof.likSRで示されるもの：
推定されたパラメータ近辺で
少しパラメータを変更させた
時の尤度の差

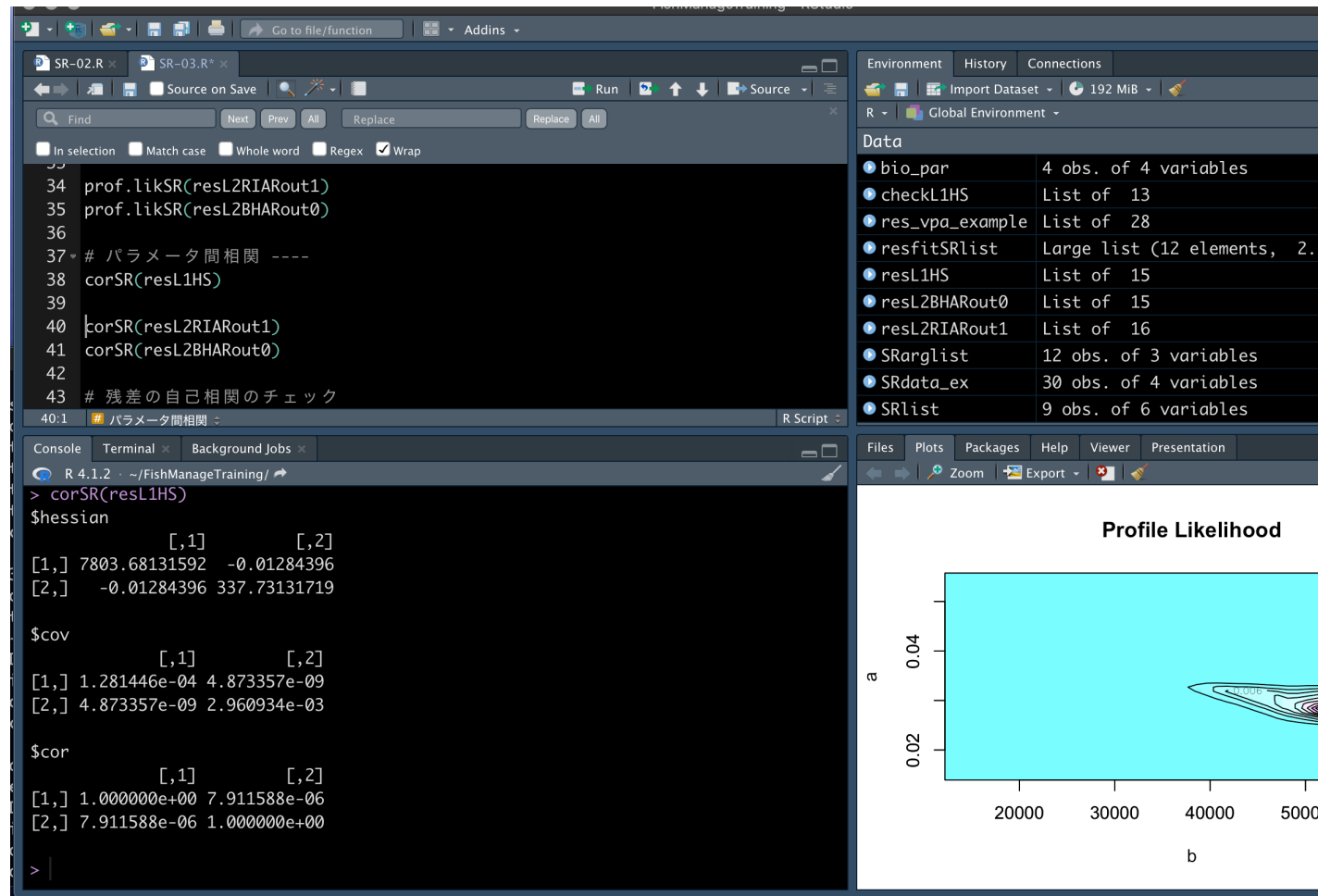
局所解に落ちているか、
 a と b の相関が強すぎないか、
などの様子を可視化



corSR : パラメータ間相関

推定されたパラメータ
同士の相関などを出力

特に a と b の相関に注目



corSR : パラメータ間相関

推定されたパラメータ
同士の相関などを出力

特に a と b の相関に注目

a と b の相関が強いとRI
やBHの再生産曲線の変
曲点が過去最大SSBよ
り大きくなり、得られ
ているデータの範囲で
密度効果があらわれない

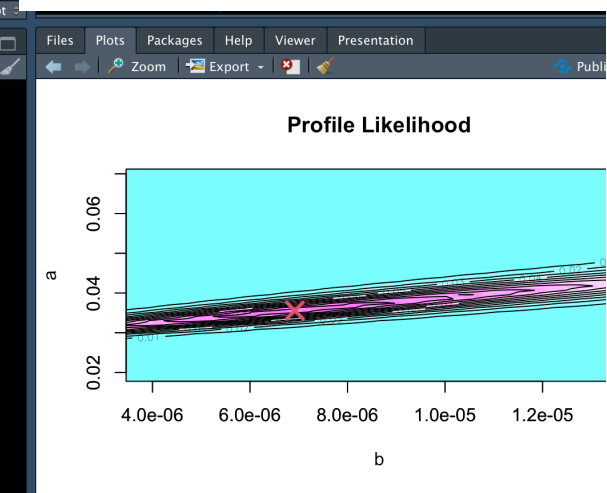
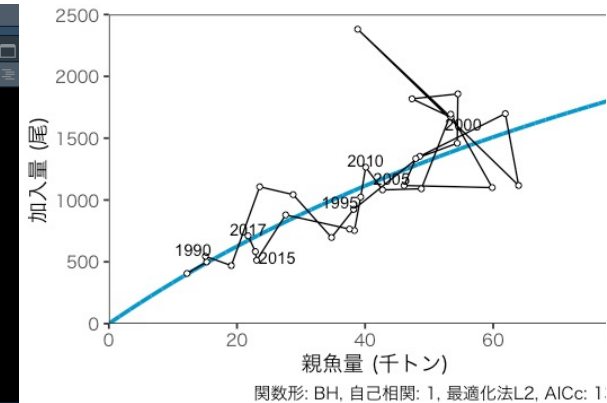
```
SR-02.R | SR-03.R
# プロットをpngファイルで出力
69 ggsave_SR(SRplotHS, file="L1HS.png")
70
71 # 再生産関係にRicker型を指定、推定方法を最小二乗法とし (method
72   = "L2")、自己相関を仮定 (AR=1)、2段階で推定する場合
73 resL2RIARout1 = fit.SR(SRdata = SRdata_ex,
74   SR = "RI",
75   method = "L2",
76   out.AR = TRUE,
77   AR = 1,
78   bio_par = bio_par)
79
80 # 再生産関係にBeverton-Holt型を指定、推定方法を最小二乗法とし (method
81   = "L2")、自己相関を仮定 (AR=1)、同時推定する場合
79.1 # 再生産関係の推定
```

```
R 4.1.2 ~ FishManageTraining/
[2,] -88.79832015 20.11514708 -0.038792524
[3,] -0.01518899 -0.03879252 0.006787391

$cov
      [,1]      [,2]      [,3]
[1,] 0.02898308 0.1294983 0.8049909
[2,] 0.12949826 0.6288743 3.8840508
[3,] 0.80499091 3.8840508 171.3322796

$cor
      [,1]      [,2]      [,3]
[1,] 1.0000000 0.9592012 0.3612427
[2,] 0.9592012 1.0000000 0.3741824
[3,] 0.3612427 0.3741824 1.0000000

> prof.likSR(resL2BHARout0)
>
```



steepness

- スティープネス；
 - 再生産モデルの密度効果の程度
 - 0.2~1の数値 (SR=BH,RI)
 - 0.2では密度効果なし
 - 1では親魚量にかかわらず加入一定
 - BH/RI型では、 $F=0$ のときの初期資源量 B_0 とそれに対応する加入量を R_0 としたとき、親魚量が初期資源量 B_0 の20%($SSB=0.2B_0$)のときにモデルから算出される加入量 R の、 R_0 に対する比。
 - $h = SRF(SSB=0.2 SB_0) / R_0$
 - HS型では
 - $h = 1 - b / SB_0$
- 再生産関係推定の際、bio_parオブジェクトを引数に入れると、結果オブジェクトにsteepnessの項目が追加
- h 算出に使う B_0 、 R_0 、 SB_0 、 SPR_0 も出力

```
SR-02.R x SR-03.R x
Source on Save Run Source

37 # パラメータ間相関 ----
38 corSR(resL1HS)
39
40 corSR(resL2RIARout1)
41 corSR(resL2BHARout0)
42
43 # スティープネス
44 resL1HS$steepness
45
46 # 残差の自己相関のチェック
47 outer1HS = calc.residAR(resL1HS, output = TRUE, filename = "residARouter")
48
49 # 残差の自己相関をプロット
46:1 # パラメータ間相関 : R S

Console Terminal x Background Jobs x
R 4.1.2 ~ /FishManageTraining /
$cov
      [,1]      [,2]      [,3]
[1,] 0.02898308 0.1294983 0.8049909
[2,] 0.12949826 0.6288743 3.8840508
[3,] 0.80499091 3.8840508 171.3322796

$cor
      [,1]      [,2]      [,3]
[1,] 1.0000000 0.9592012 0.3612427
[2,] 0.9592012 1.0000000 0.3741824
[3,] 0.3612427 0.3741824 1.0000000

> # スティープネス
> resL1HS$steepness
      SPR0      SB0      R0      B0      h
1 330.4307 491442.4 1487.278 596037.5 0.8913961
>
```

calc.residAR : 残差の自己相関

- 残差の自己相関
 - AR=1, outAR=Tとしたときの自己相関係数を計算
- 出力される\$parsはfit.SRでAR=1,outAR=Tとしたものと同値
- AICなども出力

```
Console Terminal Background Jobs
R 4.1.2 ~/Dropbox/r_practice/projectR/

$loglik
      AR(0)    AR(1)
-2.149188 -2.142661

$k
      AR(0) AR(1)
        1    2

$AIC
      AR(0)    AR(1)
6.298376 8.285321

$AICc
      AR(0)    AR(1)
6.441233 8.729765
```

```
SR-02.R SR-03.R
Source on Save Run Source

40 corSR(resL2RIARout1)
41 corSR(resL2BHARout0)
42
43 # スティープネス
44 resL1HS$steepness
45
46 # 残差の自己相関のチェック|
47 outer1HS = calc.residAR(resL1HS, output = TRUE, filename = "residARouter
48 outer1HS
49
50 # 残差の自己相関をプロット
51 autocor.plot(resL1HS) #デフォルトはuse.resid = 1
52

46:15 # パラメータ間相関 R

Console Terminal Background Jobs
R 4.1.2 ~/FishManageTraining/

> outer1HS
$pars
      a      b      sd      rho
1 0.02786598 53372.54 0.259883 0.02080394

$arima0

Call:
arima(x = deviance, order = c(0, 0, 0), include.mean = FALSE, method = "ML")

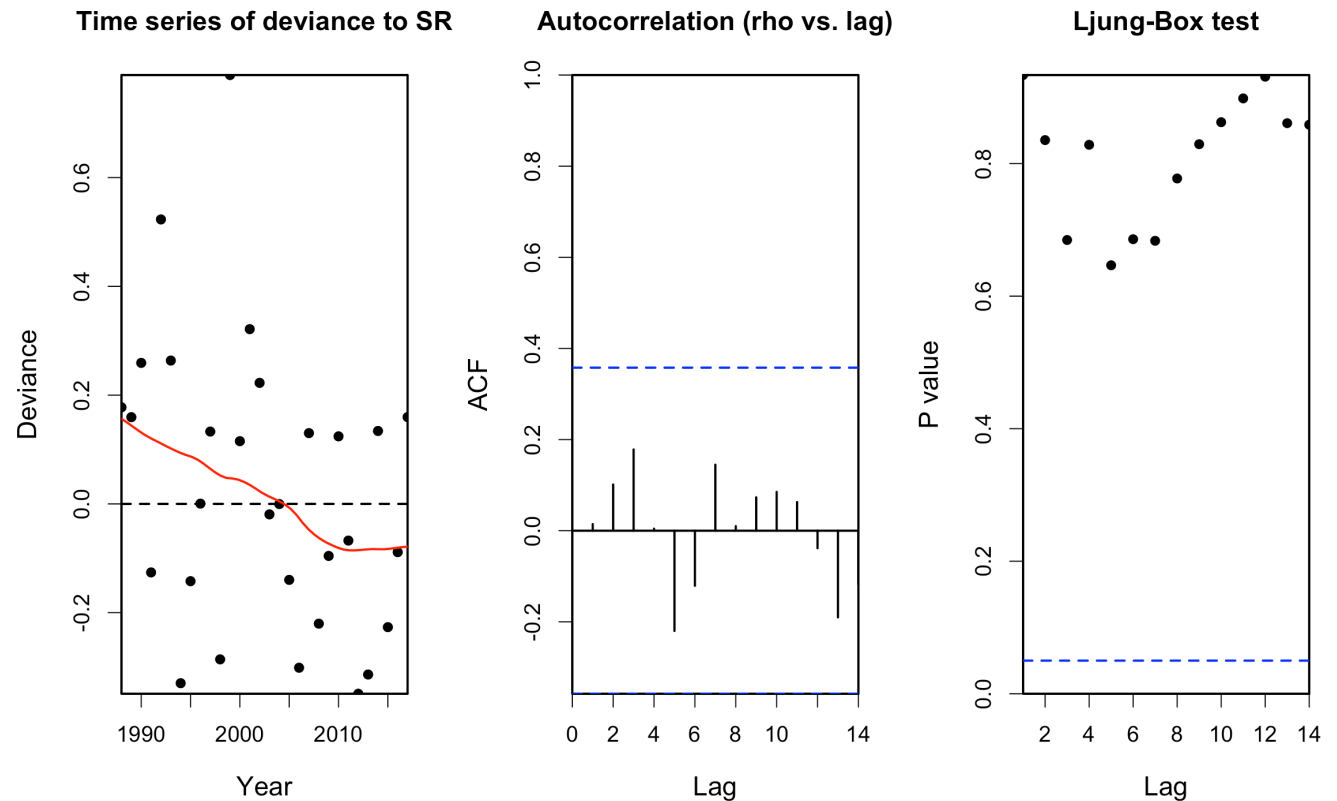
sigma^2 estimated as 0.06757: log likelihood = -2.15, aic = 6.3

$arima1

Call:
arima(x = deviance, order = c(1, 0, 0), include.mean = FALSE, method = "ML")
```

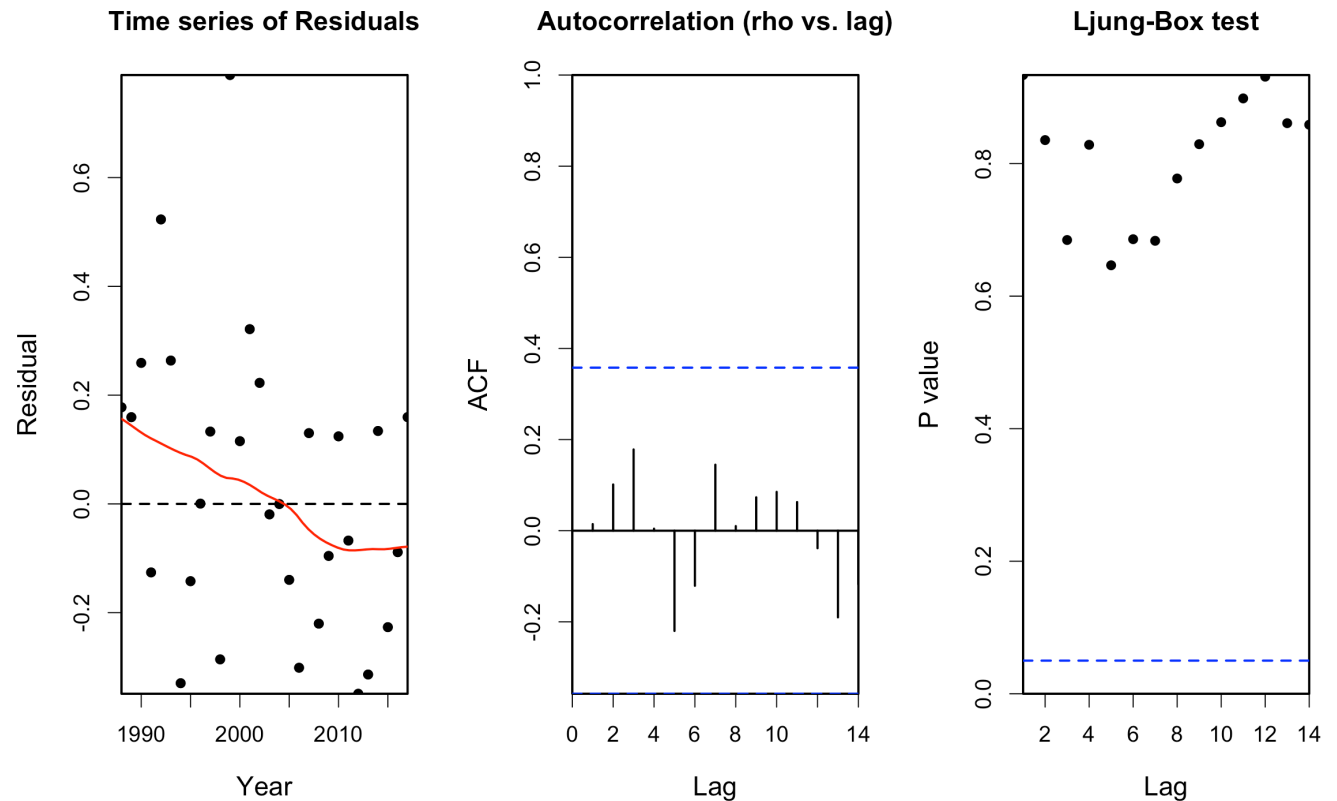
autocor.plot : 残差の自己相関のプロット

- 残差の自己相関プロット
(デフォルトのuse.resid=1)
- 再生産関係との残差の時系列
 - 赤い線は平滑化された曲線
- ラグを1,2,3,...年と増やした場合の自己相関係数
 - 青い線は95%信頼区間
- Ljung-Box検定におけるp値
 - 帰無仮説；ラグが1~mまでの全ての自己相関が0である
 - 対立仮説；ラグ1からmまでの自己相関のうち、少なくとも一つが0でない
 - 赤点で表示される箇所が有意



autocor.plot : 残差の自己相関のプロット

- 残差の自己相関プロット (use.resid=2)
- 1つ目のプロットは自己相関を推定した後での残差の時系列
 - 赤い線は平滑化された曲線
- 2つ目 3つ目はuse.resid=1と同じ
- output=Tで図を保存
 - autocor.plot(resL1HS, output = TRUE, filename = "devianceAR")



boot.SR : ブートストラップ解析

SR-03(2022) frasyrを用

The screenshot shows the RStudio environment window. The top pane displays the environment with the following structure:

Name	Type	Value
boot.resL1HS	list [1001]	List of length 1001
[[1]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[2]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[3]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[4]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[5]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[6]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[7]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[8]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[9]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[10]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[11]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[12]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[13]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[14]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[15]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[16]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15
[[17]]	list [15] (S3: fit.SR)	List of length 15

The bottom pane shows the console with the following commands:

```
R 4.1.2 · ~/Dropbox/r_practice/projectR/ > View(boot.resL1HS) >
```

jackknife.SR：ジャックナイフ解析

SR関係を診断できた！



- frasyrを使ったSR関係推定結果の診断については以上です

お疲れ様でした！

