

再生産関係の自己相関推定におけるジャックナイフ解析

西嶋 翔太*

2021 年 6 月 7 日

加入量 R_t と親魚量 SSB_t ($t = 1, 2, \dots, T$) データにおいて、 $t = s$ のサンプルを除いたときの、1 次の自己相関構造 (AR(1)) を持つ場合の再生産関係の推定について考える。再生産関係からの加入量の残差を

$$\epsilon_t = \log(R_t) - \log(f(a, b, SSB_t))$$

と定義する。ここで、 $f(a, b, SSB_t)$ は再生産関係からの予測値を表す。このとき、予測される残差は

$$E(\epsilon_t) = \begin{cases} 0 & (t = 1) \\ \rho\epsilon_{t-1} & (otherwise) \end{cases} \quad (1)$$

で表される。 ρ は 1 次の自己相関係数である ($-1 < \rho < 1$)。しかし、ジャックナイフ解析では $t = s$ のサンプルが利用できないため、 ϵ_s が不明である。したがって、 $t = s + 1$ のときの残差は $t = s - 1$ からの予測値となり、

$$E(\epsilon_t) = \begin{cases} 0 & (t = 1) \\ \rho^2\epsilon_{t-2} & (t = s + 1) \\ \rho\epsilon_{t-1} & (otherwise) \end{cases} \quad (2)$$

となる。

AR(1) のときの分散は

$$V(\epsilon_t) = \begin{cases} \frac{\sigma^2}{1 - \rho^2} & (t = 1) \\ \sigma^2 & (otherwise) \end{cases} \quad (3)$$

となり、ここで σ は $t \geq 1$ のときの標準偏差である。しかし、ジャックナイフ解析において $t = s + 1$ のときの残差は $t = s - 1$ からの予測値となるため、分散は

$$V(\epsilon_t) = \begin{cases} \frac{\sigma^2}{1 - \rho^2} & (t = 1) \\ (1 + \rho^2)\sigma^2 & (t = s + 1) \\ \sigma^2 & (otherwise) \end{cases} \quad (4)$$

となる。したがって、尤度は

$$\epsilon_t \sim \begin{cases} \text{Normal}\left(0, \frac{\sigma^2}{1 - \rho^2}\right) & (t = 1) \\ \text{Normal}(\rho^2\epsilon_{t-2}, (1 + \rho^2)\sigma^2) & (t = s + 1) \\ \text{Normal}(\rho\epsilon_{t-1}, \sigma^2) & (t \neq 1, s, s + 1) \end{cases} \quad (5)$$

* 水産研究・教育機構 水産資源研究所

で与えられる。重み付け最小二乗法として、

$$\xi_t = \epsilon_t - E(\epsilon_t)$$

と置くと、標準偏差は

$$\sigma = \sqrt{\frac{(1 - \rho^2) \xi_1^2 + \xi_2^2 + \dots + \xi_{s-1}^2 + \frac{1}{(1+\rho^2)} \xi_{s+1}^2 + \dots + \xi_T^2}{T - 1}} \quad (6)$$

で求めることができる。