

一部の調査地点で捕獲再捕獲法を実施し、  
他の調査地点の観測個体数から生息個体数を推定する  
-「なごや生きもの一斉調査カマキリ編」によせて-

高見 真宏

名古屋市瑞穂区

Estimate abundance from naive count data using  
capture-recapture method conducted at some survey points

Masahiro TAKAMI

Mizuho-ku, Nagoya City, Aichi, Japan

Correspondence:

Masahiro TAKAMI E-mail: m.takami@piano.ocn.ne.jp

### 要旨

個体数を推定することは生態学の重要な課題の一つである。そのために捕獲再捕獲法を用いるが、すべての地点で実施することはコストの面で困難な場合がある。そこで、一部の調査地点で捕獲再捕獲法を実施し、対象生物の発見確率を推定すると同時に、残りの調査地点の繰り返しの無い観測個体数から生息個体数を推定する統合個体群モデルを提案する。捕獲再捕獲法を実施する調査地点数と繰り返し数を変えてシミュレーションを行った。捕獲再捕獲法のモデルとして観測プロセスと生態プロセスを区別する階層モデル (Multinomial N-Mixture Model) と、捕獲再捕獲法によらず観測個体数から推定する非階層モデル (ポアソン一般化線形モデル) を比較した。ポアソン一般化線形モデルは生息個体数を再現できない。一方、Multinomial N-Mixture Model を利用したモデルでは、労力に応じて生息個体数を推定できることが分かった。シミュレーションの仮定の範囲で、実際の調査において必要な調査地点数と各地点での調査数のどちらを増やすほうがよいかを見積もるために、結果を利用する方法を示した。

### Abstract

Estimating abundance is one of the most important themes in ecology. Though capture-recapture methods have been used for this purpose, there is a case that conducting the method at all survey points is difficult in terms of costs. I propose an Integrated Population Model with which we infer detection probability of subject organisms from capture-recapture method at some survey points, and, at the same time, estimate abundance from naive count data without repetitions at other survey points. And simulate it with varying the number of survey points and repetitions to conduct capture-recapture methods. A Hierarchical Model which distinguishes observation process from system process as a model for capture-recapture methods (Multinomial N-Mixture Model) is compared to

高見 (2017) 一部の調査地点で捕獲再捕獲法を実施し、他の調査地点の観測個体数から生息個体数を推定する

a non-hierarchical model which doesn't use capture-recapture method to estimate abundance from count data (Poisson Generalized Linear Model). It is found that Poisson Generalized Linear Model cannot reproduce abundance; on the other hand, Multinomial N-Mixture Model has ability to estimate the abundance depending on the effort. Within the scope of the assumptions of the simulation, it is shown how to use the result in order to estimate whether it is better to increase either the number of survey points or the number of repetitions in each point required in the actual survey.

## 序文

「なごや生物多様性保全活動協議会」の主催で、2015年10月2～5日に実施された「なごや生きもの一斉調査カマキリ編」では、多くの方々の協力により、名古屋市内96地点における貴重な観測個体数のデータが得られた。このようなデータは生息個体数推定に活用できる可能性があり、カマキリの分布を推定するにあたって重要なものである。こうした観測個体数から当該種の地域における生息個体数を推定するためには、同一地点で同一時期に同一個体群に対して複数回調査を行い、個体を標識して再捕獲する捕獲再捕獲法が有効である。すべての地点で捕獲再捕獲法を実施することが理想であるが、コスト（人員、労力、費用）の面で困難なことが多い。

近年、個体の観測過程としての観測プロセスと潜在的な生態プロセスを明示的に分けた階層モデル（深谷2016）の1種として、統合個体群モデル（Integrated Population Model）が利用可能になりつつある（Kéry and Schaub 2016）。統合個体群モデルとは、異なる型の複数のデータを、個別に解析して事後的に結果を統合するのではなく、一度の解析で関連するすべてのパラメータを同時に推定するものである。統合個体群モデルを用いれば、一部の地点で捕獲再捕獲法など精度の高い調査を実施し、残りの地点ではより簡便な調査のみを実施することで、全ての地点で捕獲再捕獲法を実施するよりも少ない労力で個体数を推定できる。例えば、全調査地点数を100地点とすると、そのうち5地点で捕獲再捕獲法を3回実施し、残りの95地点では再捕獲を行わず1回だけ調査する。5地点の捕獲再捕獲法によって得られる情報と、その他の地点の観測個体数から、全地点の生息個体数と信用区間（CRI）を推定することができる。本研究では、調査対象として調査期間内に加入、死亡もしくは移出入のない閉鎖個体群（closed population）を仮定

して、捕獲再捕獲法を利用する統合個体群モデルを用いる。

本研究での階層モデルは、背後にある生態プロセスで生じる変動と、観測プロセスで生じる誤差という、意味と性質の異なる2種類のばらつきを適切に分離して、関心の対象である生息個体数の妥当な推測を実現するモデルである。具体的には、捕獲再捕獲法のモデルとして Multinomial N-Mixture Model（Kéry and Royle, 2016）を用いた統合個体群モデル（以下、多項N混合モデルとする）で解析を行う。捕獲再捕獲法は、個体を識別するために個体ごとに異なる記号をマークして捕獲履歴を得る。多項N混合モデルは、観測プロセスでこの捕獲履歴から得られる捕獲パターンごとの個体数を多項分布で表現し、生態プロセスではポアソン分布を利用する。また、比較のため階層モデルでも統合個体群モデルでもないポアソン一般化線形モデルでも解析を行った。ポアソン一般化線形モデルは、捕獲履歴を利用せず、観測個体数が生息個体数を期待値とするポアソン分布に従うとする、観測プロセスと生態プロセスを区別しない素朴な解析手法である。

本研究では所与の条件の元でデータを生成し、上述の2つの統計モデルの性能を比較した。詳細な調査（本研究では捕獲再捕獲法）を行う地点数と繰り返し調査数について様々な条件を設定してシミュレーションを実施した。これは、実際の調査において調査地点数を増やす方がいいのか繰り返し調査回数を増やす方がいいのかがしばしば問題となるためである。

以上のことから本研究は、「なごや生きもの一斉調査カマキリ編」のような市民調査データから生息個体数をできるだけ精度高く推定する方法を、シミュレーションの仮定の範囲で、明らかにすることを目的とした。

## 方法

### 1. シミュレーションデータの作成

100調査地点を想定し、乱数を用いて共変量  $x_i \sim \text{Beta}(8, 2)$  ( $0 \leq x_i \leq 1$ ) を生成し、個体数がおおよそ100~400となるように本来未知の100調査地点分の個体数 ( $A_i \sim \text{Poisson}(\gamma_i)$ ,  $\log(\gamma_i) = b_0 + b_1 x_i$ ,  $i = 1, \dots, 100$ ,  $b_0 = \log(50)$ ,  $b_1 = \log(8)$ ) を生成する。ここで、 $A_i$ は調査地点*i*における真の個体数とする。共変量  $x_i$ をベータ分布から発生させたのは、 $\gamma_i$ の分布がおおよそ釣鐘型となるからである。共変量とは当該生物の生息個体数に影響を及ぼす調査地点の平均気温、降水量などのことであり、ここでは植被率を想定した。同じく乱数を用いて、個体の発見確率  $p$  を0.02~0.98の範囲から生成し、個体数から捕獲個体数 ( $C_{ij} \sim \text{Binomial}(A_i, p)$ ) を、繰り返し調査の数  $J$  ( $1 \leq j \leq J$ ) に応じて適宜生成する。また、個体数  $A_i$  から捕獲個体数  $C_{ij}$  の個体をランダムサンプリングし、個体が捕獲されたとき1、捕獲されなかったとき0とし、個体*i*の捕獲履歴  $H_{ij}$  を生成した。捕獲再捕獲法によって得られるこの捕獲履歴  $H_{ij}$  を使って、再捕獲個体数や捕獲パターン (後述) を計算してシミュレーションを行った。この100調査地点のシミュレーションデータを1セットとして1条件につき1,000セットを用いた。

### 2. 多項N混合モデル

多項N混合モデルは、捕獲個体を標識し個体を識別することによって得られる個体の捕獲履歴を利用して個体数を推定する捕獲再捕獲法のモデル (Kéry and Royle, 2016 CHAPTER 7.2) である。このモデルは、閉鎖個体群を対象に、観測プロセスと生態プロセスを明示的に区別する階層モデルを用いている。個体の捕獲履歴から、各調査地点*i*の捕獲パターン*k*ごとの個体数  $y_{ik}$  ( $k = 1, \dots, K$ ) を計算し、それを多項分布で表すために、捕獲パターン*k*の出現確率  $\pi_k$  を推定する。捕獲パターンとは、個体が捕獲されたときを1、捕獲されなかったときを0として、繰り返し調査の順に並べた0,1の数字の列である。例えば、繰り返し調査数  $J=3$  のとき、ある個体が1回目の調査で捕獲され、2回目の調査で観測されず、3回目の調査で再び捕獲された場合、捕獲パターンは101であり、3回目の調査でのみ捕獲された個体は001で表される。出現確率  $\pi_k$  は、個体の発見確率  $p$  の関数であり、捕獲パ

ターンが101の場合は  $p \times (1-p) \times p = p^2(1-p)$  であり、001の場合  $(1-p) \times (1-p) \times p = p(1-p)^2$  となる。以上のモデル式は以下のとおりである。

生態プロセス

$$N_i \sim \text{Poisson}(\lambda_i)$$

$$\log(\lambda_i) = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

観測プロセス

$$Y_i \sim \text{Multinomial}(N_i, \pi(p))$$

$$Y_i = (y_{i1}, \dots, y_{iK})$$

$$\pi(p) = (\pi_1, \dots, \pi_K)$$

繰り返し数  $J=3$  のとき、 $K=2^J=8$  であり、捕獲パターンは表1の通りである。

表1. 捕獲パターン表 (繰り返し数  $J=3$ )

Table 1. Capture pattern table (the number of repetition  $J=3$ )

捕獲パターン	頻度	確率	$p$ の関数
100	$y_{i1}$	$\pi_1$	$p(1-p)^2$
010	$y_{i2}$	$\pi_2$	$p(1-p)^2$
110	$y_{i3}$	$\pi_3$	$p^2(1-p)$
001	$y_{i4}$	$\pi_4$	$p(1-p)^2$
101	$y_{i5}$	$\pi_5$	$p^2(1-p)$
011	$y_{i6}$	$\pi_6$	$p^2(1-p)$
111	$y_{i7}$	$\pi_7$	$p^3$
000	$y_{i8}$	$\pi_8$	$(1-p)^3$

繰り返しのない調査地点*i*の個体数推定のモデルは、次のモデル式を加えることで得られる。ただし*i*は繰り返しのない調査地点の番号である。

生態プロセス

$$N_i \sim \text{Poisson}(\lambda_i)$$

$$\log(\lambda_i) = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

観測プロセス

$$C_{i1} \sim \text{Binomial}(N_i, p)$$

### 3. ポアソン一般化線形モデル

生態プロセスと観測プロセスを区別しない非階層モデルである。捕獲再捕獲法の情報は用いない。調査地点*i*の調査回*j*の観測個体数  $C_{ij}$  が生息個体数  $\lambda_i$  を期待値とするポアソン分布に従うとすると、モデル式は以下のとおりである。繰り返し調査数  $J$  に応じて、1行目の式が*J*

回繰り返される。

$$C_{ij} \sim \text{Poisson}(\lambda_i) \quad (j=1, \dots, J)$$

$$\log(\lambda_i) = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

繰り返しのない調査地点*i*の個体数推定のモデルは、次のモデル式を加えることで得られる。ただし*i*は繰り返しのない調査地点の番号である。

$$C_{i1} \sim \text{Poisson}(\lambda_i)$$

$$\log(\lambda_i) = \beta_0 + \beta_1 x_i$$

#### 4. シミュレーション

本研究のシミュレーションではベイズ統計を用い、BUGS言語のもと、マルコフ連鎖モンテカルロ法(MCMC)で推定を試みた。総調査地点数を100地点とし、そのうち先頭から1, 2, 3, 5, 10地点までの調査地点数分をそれぞれの調査地点につき2, 3, 5回の繰り返しで捕獲再捕獲法の調査を行った上で、残りの調査地点を繰り返しのない調査を行ったものとして、計15通りの組合せで個体数の推定を行う。各組合せで1,000セットのMCMCサンプリングを行い、多項N混合モデルとポアソン一般化線形モデルで、それぞれ15,000セットのシミュレーションとなった。

パラメータ*p*の事前分布として区間 [0, 1] の一様分布を、 $\beta_0, \beta_1$ の事前分布として、平均0, 分散10,000の正規分布をそれぞれ用いた。多項N混合モデルのMCMCサンプリングは、当初、チェーン数4, バーン・イン10,000, サンプル率0.01に固定し、サンプル数100,000~1,000,000の範囲で $\hat{R}$ が1.05以下となるまで計算を行った。さらに、サンプル数1,000,000のサンプリングで $\hat{R}$ が1.05以下とならなかったセットについて、チェーン数4, バーン・イン100,000, サンプル率0.001に固定し、サンプル数1,000,000~5,000,000の範囲で $\hat{R}$ が1.05以下となるまで再計算を行った。ポアソン一般化線形モデルのMCMCサンプリングは、チェーン数4, バーン・イン1,000, サンプル率1に固定し、サンプル数3,500~100,000の範囲で $\hat{R}$ が1.05以下となるまで計算を行った。

結果を評価するにあたり、真の個体数からの「ずれ」を表す以下の指標 (rMSE) を考案した。

$$\text{rMSE} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(\lambda_i - A_i)^2}{A_i}$$

ただし、*n*は総調査地点数(このシミュレーションでは100)、*A<sub>i</sub>*はシミュレーションで設定した個体数、 $\lambda_i$ は推定個体数を表す。精度よく推定された場合に $\lambda_i$ が期待値*A<sub>i</sub>*のポアソン分布に従うと仮定できるならば、その時rMSEは1.0に近い値を示すと考えられる。

#### 5. 使用ソフトウェア

Rバージョン3.2.3 (<https://cran.r-project.org/>) のパッケージjagsUIバージョン1.4.2を用いて、BUGS言語の1つJAGSバージョン4.2.0 (<http://mcmc-jags.sourceforge.net/>) を利用した。

#### 結果

##### 1. 個体数の設定値と推定値の関係とrMSEの値

多項N混合モデルを用いて推定した、1セットのシミュレーションデータの結果を、横軸を設定した個体数、縦

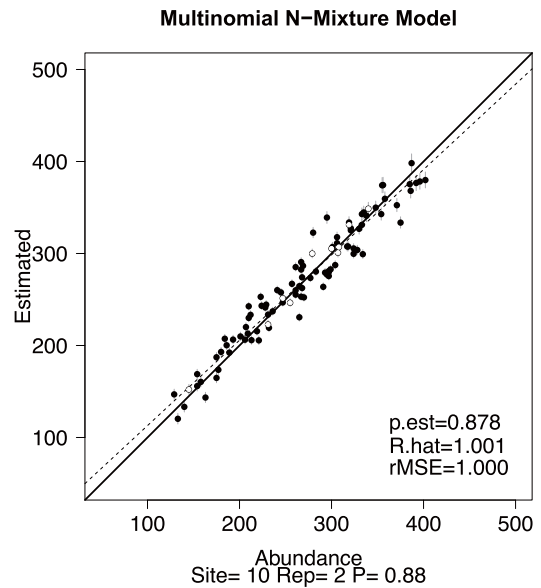


図1. 結果グラフrMSE=1.0  
横軸は設定した個体数、縦軸は生息個体数の推定値。実線は個体数の設定値と推定値が一致する場合の直線、破線は推定個体数の設定個体数への回帰直線である。p.estは推定された発見確率、R.hatは先に述べた $\hat{R}$ を表す。

Fig 1. Result for rMSE = 1.0  
Horizontal axis: population size that was set. Vertical axis: estimated population size. The solid line is a line where the estimated values and the setting values match. The dashed line is a regression line to the setting values of the estimated values. p.est represents the estimated detection probability, R.hat represents the above-mentioned  $\hat{R}$ .



軸を生息個体数の推定値としてグラフ (図1, 図2, 図3) に示した. 白点は捕獲再捕獲を用いた調査地点のデータ, 黒点は繰り返しのない調査地点のデータである. それぞれ, 図1は捕獲再捕獲法を用いた調査地点数 Site=10, その調査地点での繰り返し調査数 Rep=2, 設定した発見確率  $p=0.88$ , 図2は Site=1, Rep=5,  $p=0.21$ , 図3は Site=2, Rep=3,  $p=0.10$  である. 実線は個体数の設定値と推定値が一致する場合の直線, 破線は推定個体数の設定個体数への回帰直線である. 各点に引かれた縦線は, 95%信用区間 (CRI) である. 図1では,  $rMSE=1.0$  であり, 各調査地点の設定値と推定値による点が, ほぼ45度の直線に乗っていた. また, CRIは小さく推定の精度が高かった. 図2では,  $rMSE=5.0$ でやや上方へ点がずれており, CRIの範囲が図1に比較して広がった. さらに, 図3は,  $rMSE=10.0$ で「ずれ」が大きく, CRIの範囲もさらに広く推定精度が悪かった.

## 2. 全シミュレーション結果

多項N混合モデル (付図1) とポアソン一般化線形モデル (付図2) のシミュレーション結果を示した. 両グラフとも, 列は捕獲再捕獲法を用いた調査地点数 (Site), 行はその地点における繰り返し調査数 (Rep), 各小グラフの横軸は設定された個体の発見確率 ( $p$ ), 縦

軸は個体数推定値の設定値からの「ずれ」 ( $rMSE$ ), 点は1つのシミュレーションセットを表す.  $rMSE$ が1,000以上の点は表示されていない. 実線はloess曲線で各pに対する $rMSE$ の対数の平均を結んだものとみなすことができる. 個体数の推定値と設定値に近いほど $rMSE$ は値が小さく, 水平の破線は「ずれ」がないときの値1.0を示す. シミュレーションにおいて収束しなかったデータのセット数は, 多項N混合モデルで表2の通り, ポアソン一般化線形モデルでは無かった.

## 3. 同一データに対する2つのモデルの結果

例として, 1セットのシミュレーションデータ (調査地点数100, 捕獲再捕獲法を用いた調査地点数 Site=10, その調査地点での繰り返し調査数 Rep=3, 設定し

表2. 多項N混合モデルで収束しなかったセット数 (1,000セット中)

Table 2. The number of sets that did not converge (in 1,000 sets) in Multinomial N-Mixture Model

		Site				
		1	2	3	5	10
Rep	2	20	23	10	6	4
	3	13	5	5	2	0
	5	4	1	0	0	0

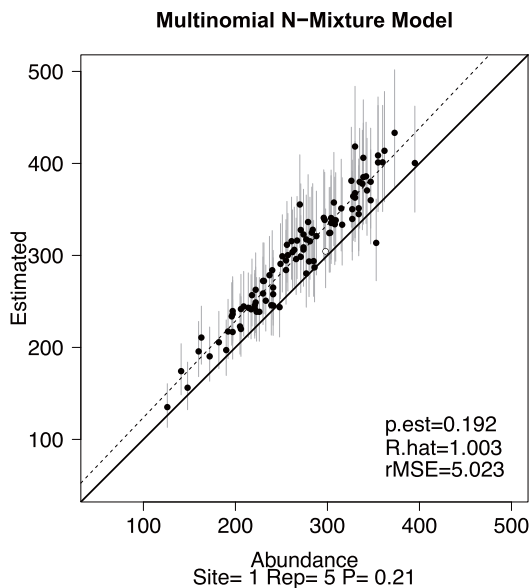


図2. 結果グラフ  $rMSE=5.0$   
Fig 2. Result for  $rMSE=5.0$

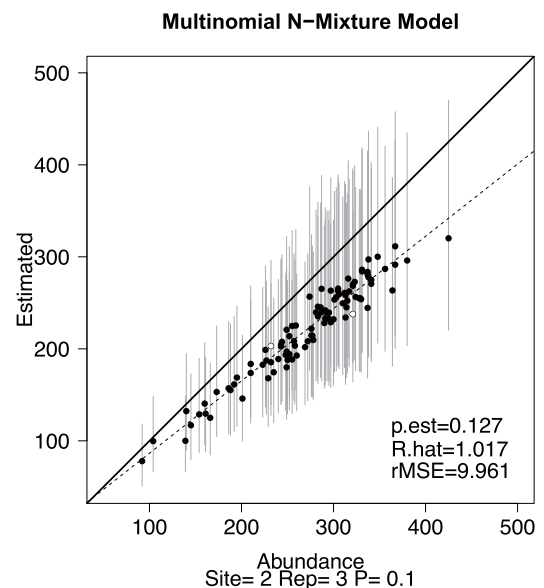


図3. 結果グラフ  $rMSE=10.0$   
Fig 3. Result for  $rMSE=10.0$

た発見確率  $p=0.45$ ) を用いて、階層モデルでない、ポアソン一般化線形モデルによる推定結果を図4に示した。また、同じデータに対して多項N混合モデルを用いた推定結果として、図5に捕獲再捕獲法を用いた調査地点(10地点)のみの、図6に捕獲再捕獲調査地点を含む全調査地点(100地点)の結果を示した。図4では推定個体数  $\lambda_i$  は設定個体数  $A_i$  に発見確率  $p$  を乗じた値になっていた。捕獲再捕獲法を用いた調査地点では推定個体数  $\lambda_i$  は設定値  $A_i$  に近かった(図5)。この繰り返し調査地点のデータから推定される発見確率を利用して、他の90地点の繰り返しの無い観測個体数から、個体数を推定することができた(図6)。

### 考察

#### 1. 多項N混合モデルとポアソン一般化線形モデルの性能

多項N混合モデルの結果(付図1)では、左上グラフから右下グラフに向かって精度が上がっている。例えば、捕獲再捕獲法を用いた調査地点数 Site=1, その調査地点での繰り返し調査数 Rep=2 の場合は、明らかに発見確率  $p$  が0.5の場合でも loess 曲線が  $rMSE=1.0$  の上方にあり、推定値に「ずれ」が生じていることが分かる。一方 Site=10, Rep=5 の場合では、およそ  $0.2 < p < 0.98$

の範囲で「ずれ」が生じず、推定精度が高い。全てのグラフで発見確率  $p$  が大きくなるにつれて、loess 曲線は  $rMSE=1.0$  に近づく。Site と Rep が多いほど、 $p$  が大きいほど、つまり、労力が多いほど精度が上がるという結果である。

一方、ポアソン一般化線形モデル(付図2)では、

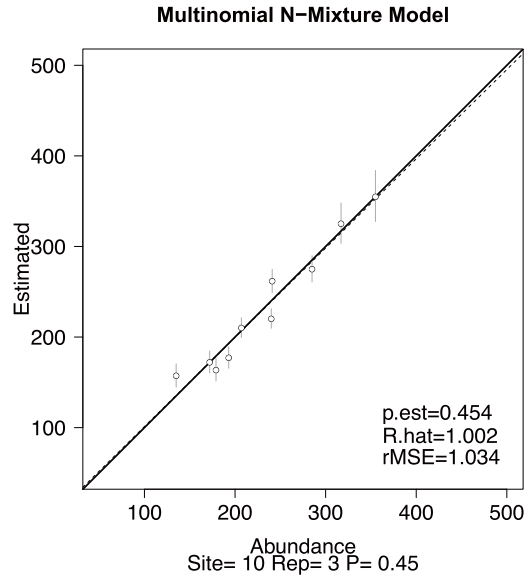


図5. 捕獲再捕獲サイトのみによる推定結果  
Fig 5. Estimated result of capture-recapture site only

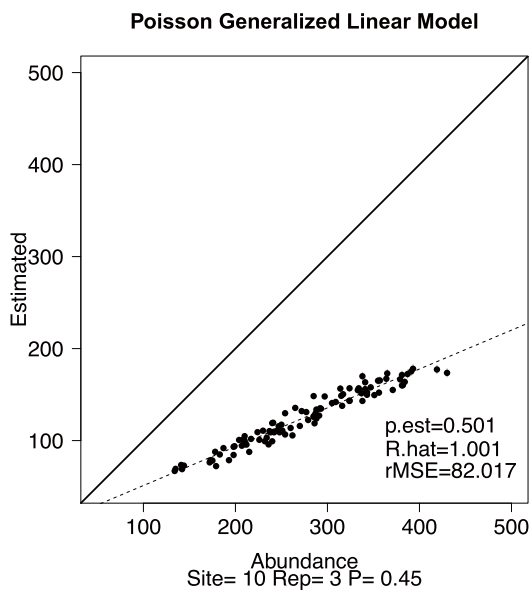


図4. ポアソン一般化線形モデルによる推定結果  
Fig 4. Estimated result of Poisson Generalized Linear Model

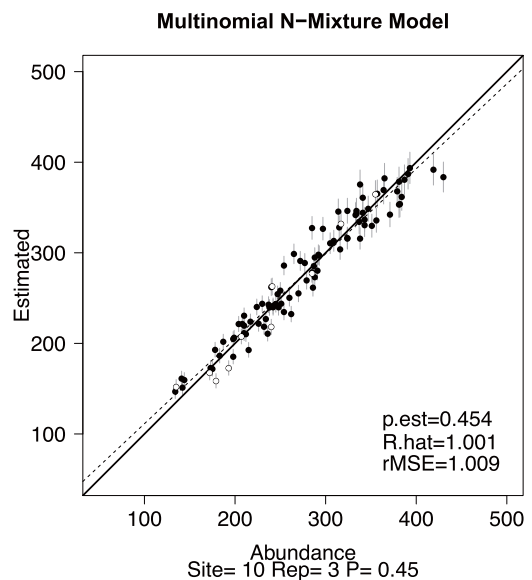


図6. 捕獲再捕獲サイトと繰り返しの無い観測個体数による推定結果  
Fig 6. Estimated result of the capture-recapture sites with non-repeated count data

Site, Repにかかわらず, loess 曲線の形状は同じである。これは, 捕獲再捕獲法を用いず, 単なる繰り返し調査のみ実施した状況を表している。loess 曲線および点は上方で弧を描いており,  $p$  が 1.0 に近いところでようやく設定値に近づく。このことは設定した個体数に発見確率を乗じた値に, 個体数が推定されてしまうことを表している。すなわち,  $\lambda_i = pA_i$  とすると,  $rMSE = (p-1)^2 \sum_{i=1}^n A_i/n$  となり,  $p = 0.1, 0.5, 0.9$  でそれぞれおよそ  $rMSE = 220, 68, 3$  となる。これは付図2の値とよく一致している。個体の観測プロセスと潜在的な生態プロセスを明示的に分けないポアソン一般化線形モデルでは, 推定個体数は発見確率に依存し, 個体密度の指標と呼ぶべきものとなる。

## 2. 調査地点数を増やす方がいいのか繰り返し調査回数を増やす方がいいのか

付図1で, 同程度の労力と考えられる, 1行4列目の Site=5, Rep=2の場合と, 3行2列目の Site=2, Rep=5の場合とを比べると, 後者のほうが  $rMSE$  の値が小さい (図7-A)。同じような傾向が, 1行3列目 (Site=3, Rep=2) と 2行2列目 (Site=2, Rep=3) (図7-B), お

よび, 2行4列目 (Site=5, Rep=3) と 3行3列目 (Site=3, Rep=5) (図7-C) の対についても, 差異は僅かだが観察できる。これらは, 同程度の労力をかけるならば, 捕獲再捕獲法調査地点数を増やすよりは, 繰り返し調査数を増やすほうが, 精度が上がることを示している。

## 3. 今後の課題

本研究のシミュレーションでは, 個体数に影響を与える共変量の構造は, 多項N混合モデルとシミュレーションデータとで完全に一致させた。真の生息個体数の誤差としてポアソン分布を仮定し, 個体の発見確率が個体や調査回によって変化しないとしてデータを生成した。また, 調査地点の生息個体数の範囲もおよそ 100~400 に設定した。これらの仮定が成り立たないと,  $rMSE$  の値も変動する可能性があり結果は変わるので, ここで述べた結論を単純に一般化できない。過去の調査や知見からこれらの条件が推定できるならば, モデルやシミュレーションデータに可能な範囲で組み込んで再計算することにより, その条件に沿ったグラフと考察を得ることができる。そうすることによってこのシミュレーションを, 実際の調査において必要な調査地点数と各地点での調査

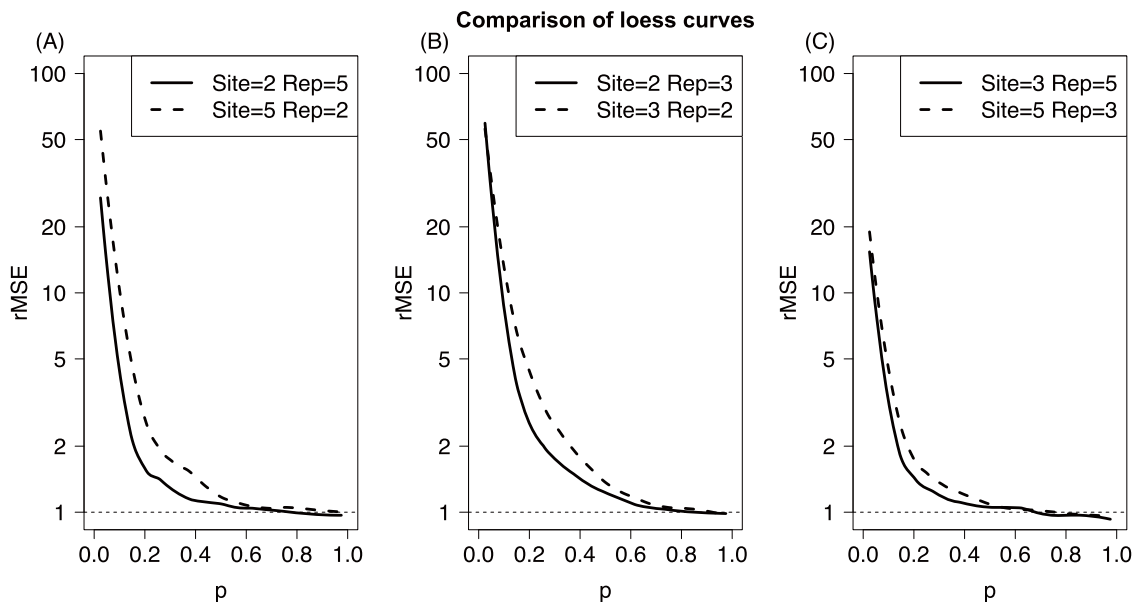


図7. loess 曲線の比較  
横軸：発見確率  $p$ , 縦軸： $rMSE$ 。実線のほうが破線より  $rMSE$  が小さく精度がよい。

Fig 7. Comparison of loess curve  
Horizontal axis: detection probability  $p$ , vertical axis:  $rMSE$ . The solid curve is lower in  $rMSE$ , and more precise accuracy than the dashed curve.

高見（2017）一部の調査地点で捕獲再捕獲法を実施し、他の調査地点の観測個体数から生息個体数を推定する

数を見積もるために利用できるようにする必要がある。

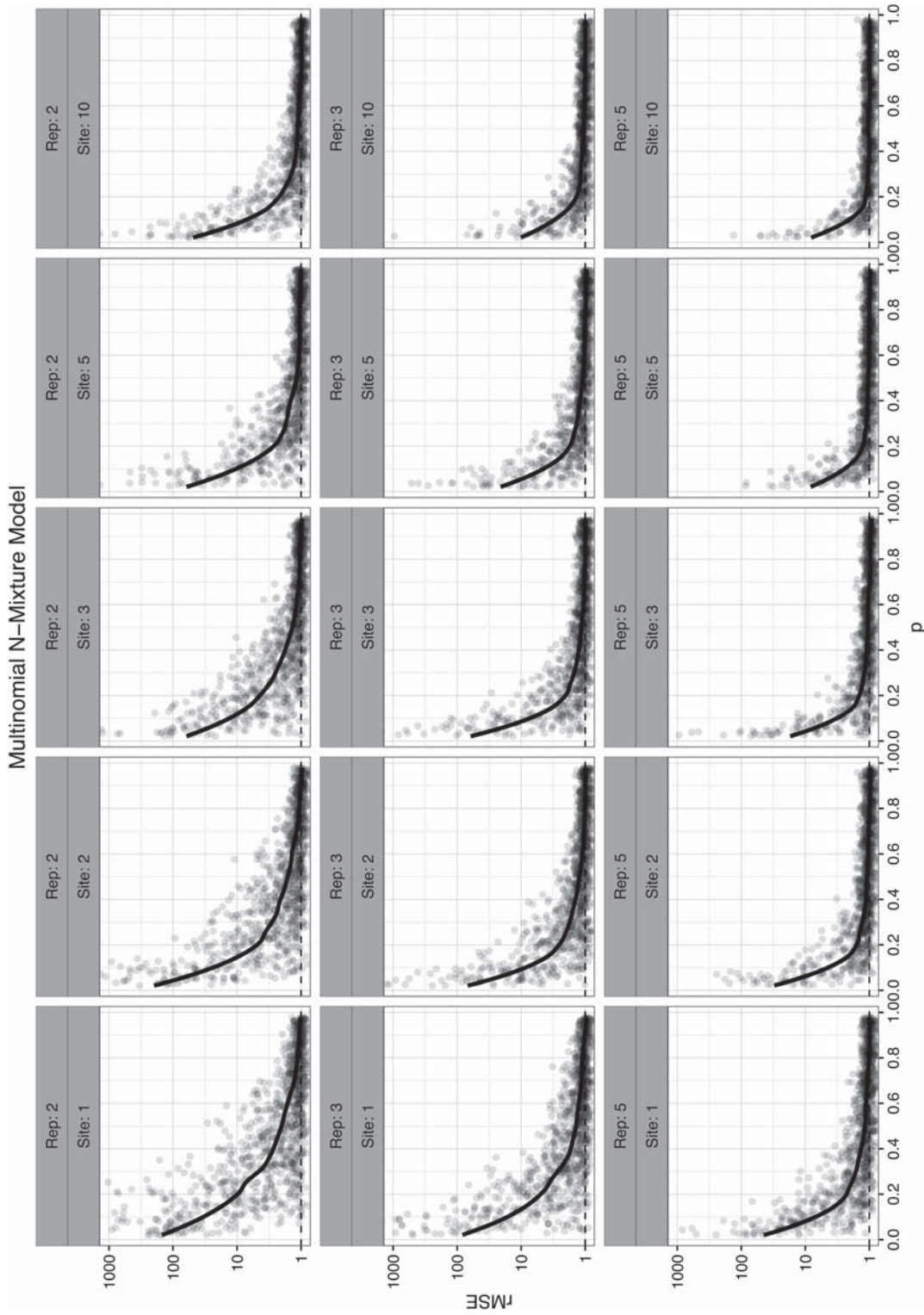
## 謝辞

本論文は、「なごや生きもの一斉調査カマキリ編」に刺激を受けて作成したものです。調査に参加された市民調査員の方々、調査を企画された「なごや生物多様性保全活動協議会」の方々、「なごや生物多様性センター」の方々、その他私の知らない作業をされた方々に感謝します。また、有意義なコメントをいただいた査読者の方々に感謝します。

## 引用文献

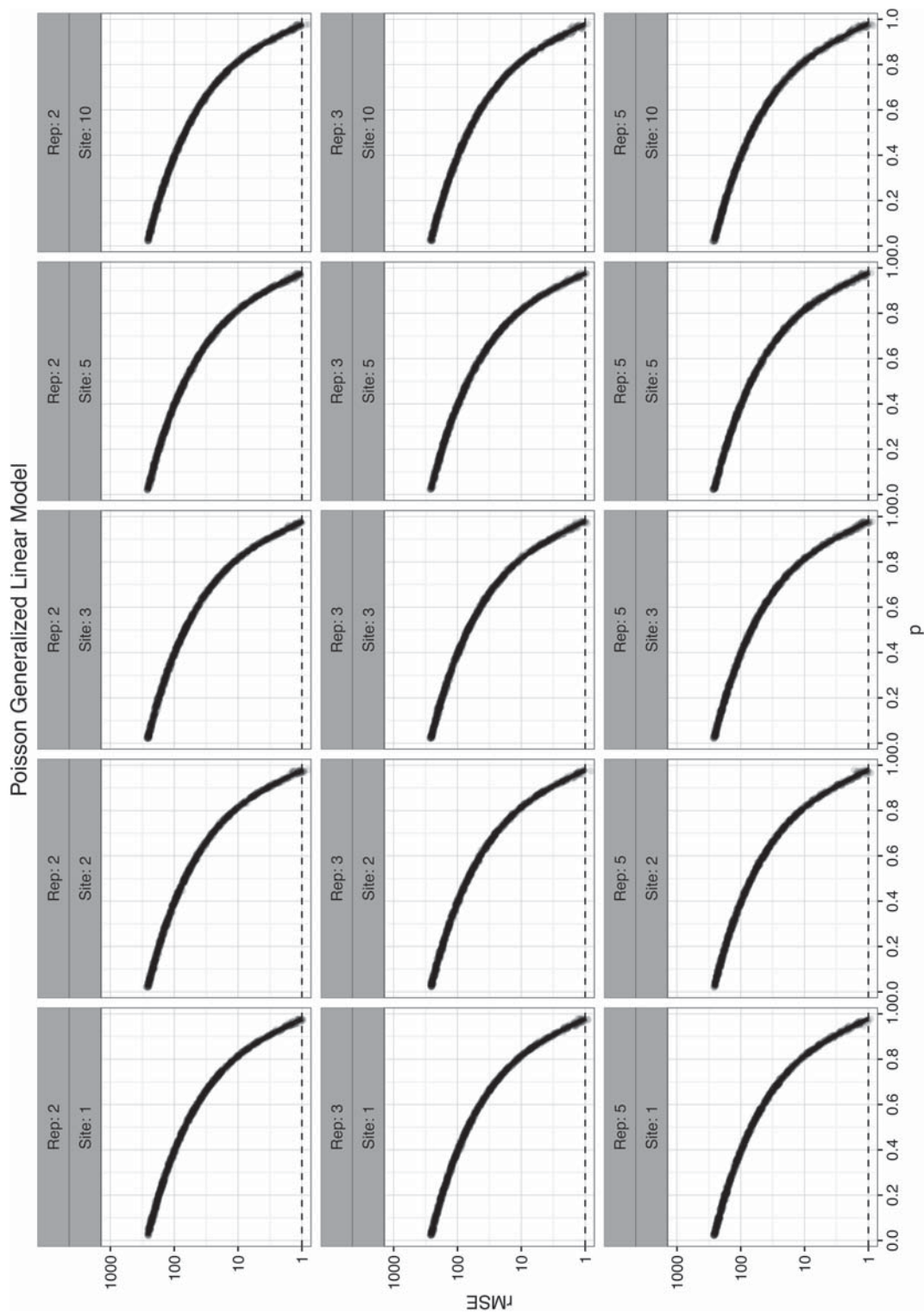
- 深谷肇一. 2016. 状態空間モデルによる時系列解析とその生態学への応用. 日本生態学会誌 66: 375-389.
- Kéry, M, and M. Schaub. 2016. BUGSで学ぶ階層モデリング入門 - 個体群のベイズ解析 - 飯島勇人・伊東宏樹・深谷肇一・正木隆 (訳). 共立出版. 東京.
- Kéry, M., and J.A. Royle. 2016. Applied Hierarchical Modeling in Ecology: Analysis of distribution, abundance and species richness in R and BUGS. 1st Edition. Academic Press & Elsevier. 808pp.





付図1. 多項N混合モデルによるシミュレーション結果  
 列はSite:捕獲再捕獲法調査地点数、行はRep:繰り返し調査数、各グラフの横軸はp:設定された個体の発見確率、縦軸はrMSE:個体数の推定値からの「ずれ」  
 点は1つのシミュレーションセットを表し、実曲線はloess曲線で各pに対するrMSEの対数の平均を結んだもののみなすことができる。収束しなかったデータも結果の一部として組み込んだ。

Appendix Fig 1. Simulation results of Multinomial N-Mixture Model  
 Column: the number of capture-recapture method survey site (Site). Row: the number of repetitions of survey in the site (Rep). Horizontal axis of each graph: the detection probability (p) of individuals that was set. Vertical axis: rMSE 'deviation' of the estimated population size from the true one. Each point represents one of the simulation sets. The solid curve is a loess curve and may be regarded as connecting the averages of logarithm of rMSE for each p. Data which did not converge are incorporated as part of the result as well.



付図2. ポアソン一般化線形モデルによるシミュレーション結果

グラフの見方は付図1と同じ. 点とloess曲線は重なっている.

Appendix Fig 2. Simulation results of Poisson Generalized Linear Model

The loess curve has overlapped with the points. More information on the graph is the same as appendix figure 1.