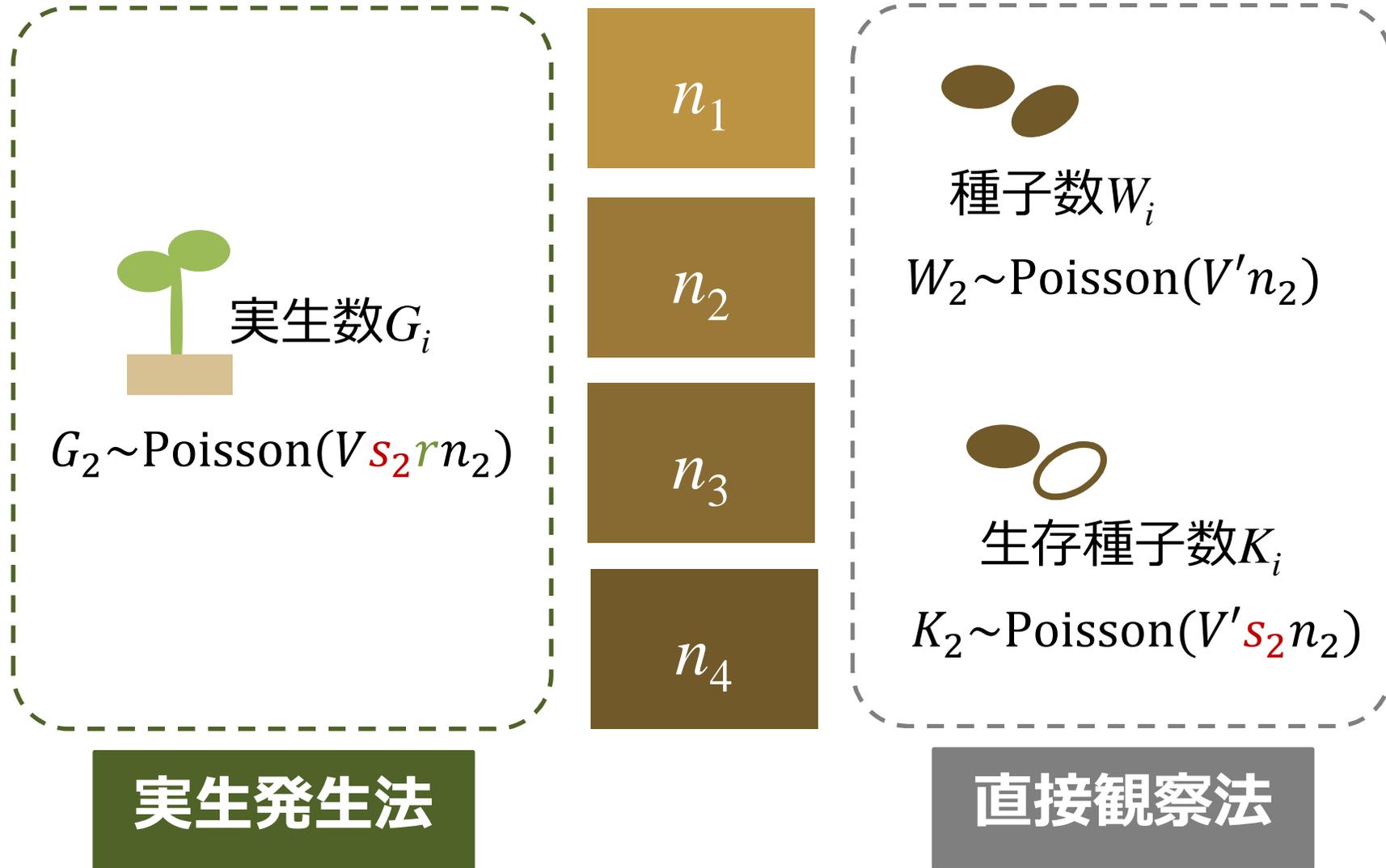


おまけ編 | 郭さんの埋土種子

- 元小中の湖の土壌を層別に掘りあげた
 - **実生発生法**：蒔きだして実生を得る
 - **直接観察法**：洗い出して種子を見る
- 2手法の結果をベイズモデルで統合
 - 種子の**密度**・**生存率**・**発芽率**を別個に推定

おまけ編 | 郭さんの埋土種子



おまけ編 | 郭さんの埋土種子

#実生発生法

```
for (i in 1:4){  
  G[i] ~ dpois(mu.s[i])  
  mu.s[i] <- n[i] * s[i] * r * 1.8 * 4.8 * 0.05 }
```

#直接観察法（全種子数）

```
for (i in 1:8){  
  W[i] ~ dpois(mu.t[i])  
  mu.t[i] <- n[layer[i]] * 0.2 * 0.05 * 0.05 * pi }
```

#直接観察法（生存種子数）

```
for (i in 1:8){  
  K[i] ~ dpois(mu.v[i])  
  mu.v[i] <- W[i] * s[layer[i]] }
```

おまけ編 | 郭さんの埋土種子

#事前分布

```
for (i in 1:4){  
log(n[i]) ~ dnorm(0, 0.01)  
s[i] ~ dbeta(1, 9)  
}  
r ~ dbeta(1,1)
```

種子数 w_i について
平べったい対数正規分布
(種子数は必ず正で
事前情報はないから)

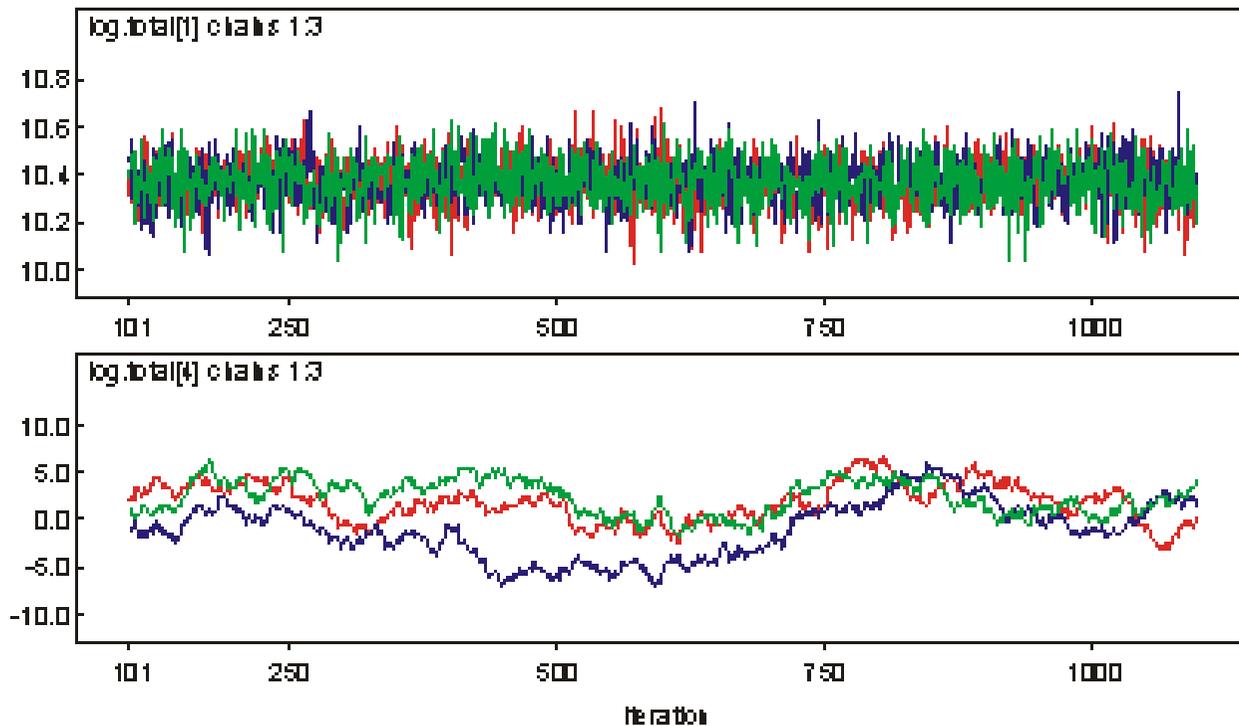
生存率 s_i について
小さい側に偏ったベータ分布
(観察過程でほぼ死んでた
= 事前情報があるから)

発芽率 r について
幅広いベータ分布
(事前情報はないから)

注) わかりやすさを優先しています。
BUGSコードとしては間違いがあります。 44

MCMCの具合 |

第1,4層のホタルイ属種子密度 n_1, n_4

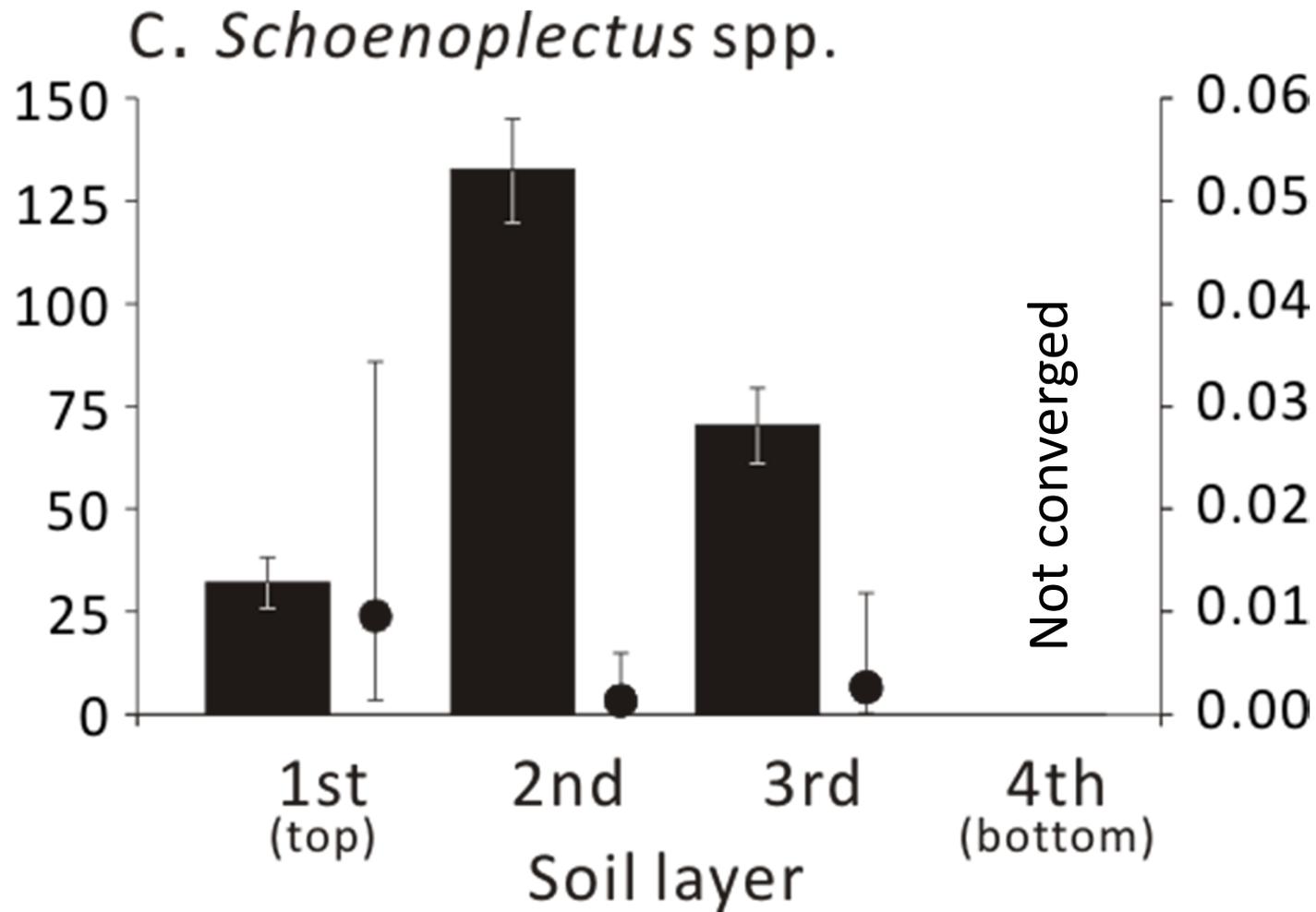


R hat = 1.001

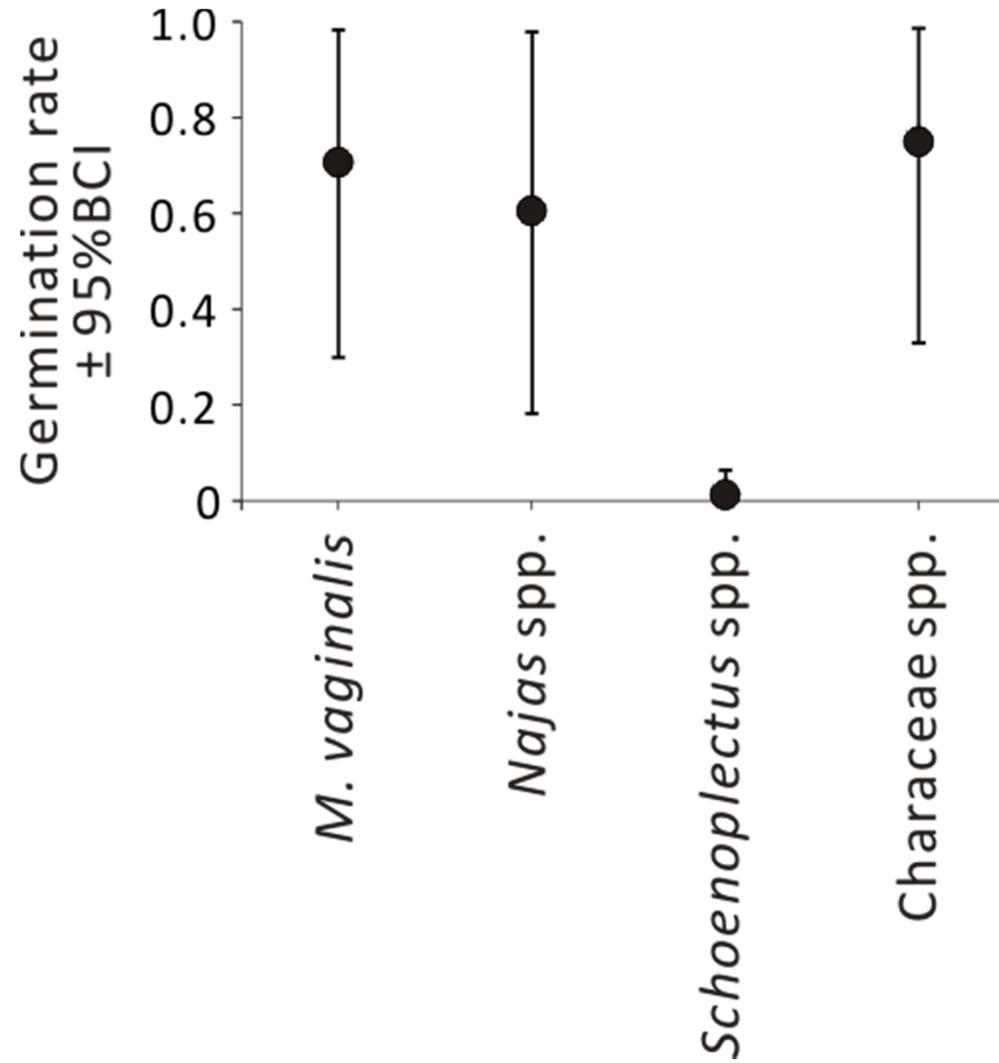
R hat = **1.508**

収束していない

結果 | ホタルイ属密度 n ・生存率 s



結果 | 発芽率 r



おまけ編 | 郭さんの埋土種子

この研究でベイズモデルを使う必要性

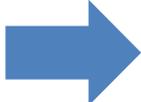
- 各調査法 | 埋土種子集団の**別側面**を見る
 - 統合しなければ全体像見えない
- パラメータの**分布や範囲**がばらばら
 - **種子密度** : $0 \sim \infty$, 対数正規分布
 - **生存率** : $0 \sim 1$, 二項 (ポアソン) 分布

GLMなどでは扱えない

野外調査とベイズモデル

- 関係が1つの線形式で表せない
 - 複数種類の調査を行った
 - 結果に至る経路が複数ある
- 様々な分布のパラメータが絡みあう

GLM, GLMMの枠組みでは対処不能

 ベイズモデルが必要になる