

Estimation of Population Growth Rate using Jolly-Seber Method and Robust Design

Jihye Kim¹⁾, Taekyong Hong²⁾, Jinsik Choi³⁾, Pyong Namkung⁴⁾

Abstract

Mark-Recapture method for open population commonly use Jolly-Seber method. This method assumes that all animals are equally likely to be caught in each sample (the equal catchability). This objects are making introduction of Mark-Recapture method for open population and using the robust design that combine a open population method with close population method to solve upper problems. Then population growth rate estimators that are derived Pollock's Jolly-Seber parameters and Kendall's Jolly-Seber parameters are estimated.

Keywords : Mark-Recapture, Jolly-Seber method, Robust design, Population growth rate

1. 서론

보통 모집단의 크기가 알려져 있거나 모집단이 크다고 가정하는 경우 모평균, 모집단 총합, 모비율 등을 추정할 수 있다. 그러나 자연 상태에서 모집단에 대한 아무런 정보가 없는 경우 가장 기본적으로 알고 있어야 하는 것 중 하나가 모집단 크기이며 이를 추정하기 위해 선형단 방법, 네트워크 방법 등과 Mark-Recapture 방법이 사용될 수 있다.

Mark-Recapture 방법은 이동성이 강한 개체들로 이루어진 모집단이 목표모집단으로 한다. 이러한 방법은 폐쇄형 모집단에 대한 경우와 개방형 모집단에서 표식된 개체로부터 일정 기간 동안의 생존을 추정하는 Cormack-Jolly-Seber 모형(Cormack 1964 : Jolly 1965 : Seber 1965)과 유입과 생존에 대해서 추정하는 Jolly-Seber 모형(1965)으로 나눌 수 있다.

본 논문에서는 연구 지역이 지리적으로 폐쇄되었으나 인구 통계학적인 개체 증감을 허용하는 개방형 모집단에서의 유입과 생존이 관심의 대상이므로 Jolly-Seber 모형의 모집단 성장률을 알아보고 모수를 추정해 보고자 한다. 특히, 모집단 성장률을 추정함에 있어 Jolly-Seber 방법의 가정은 동등한 포획력과 덧 반응에 대해 이질성을 가지고 있다. 이의 대안으로 로버스트 설계를 적용하여 두 번째 추출이 한번인 경우와 두 번째 추출 시점이 2번 이상 일어난 경우에 Jolly-Seber 모수 추정과 시점별 로버스트 추정량을 이용한 모집단 증가율을 추정한다.

1) Graduate Student, Department of Statistics, Sungkyunkwan University

2) Lecturer, Dept. of Computer Information Processing, Yongin University,
E-mail : hongstat@skku.edu

3) Associate Professor, Dong-u College, E-mail : choi@duc.ac.kr

4) Professor, Dept. of Statistics, Sungkyunkwan University, E-mail : namkung@skku.ac.kr

2. Jolly-Seber 방법과 로버스트 설계

2.1. Jolly-Seber 방법

표본 시간 i 전에 표식된 모집단의 추정된 크기를 M_i , 표본 시간 i 바로 전에 추정된 모집단 크기를 N_i , 생존율을 Φ_i , 모집단의 추가비율을 B_i , 포획력을 p_i 라고 표시하면

$$\widehat{M}_i = m_i + \frac{(R_i + 1)z_i}{r_i + 1} \tag{2.1}$$

$$\widehat{N}_i = \frac{(n_i + 1)\widehat{M}_i}{m_i + 1} \tag{2.2}$$

$$\widehat{\Phi}_i = \frac{\widehat{M}_{i+1}}{\widehat{M}_i + (R_i - m_i)} \tag{2.3}$$

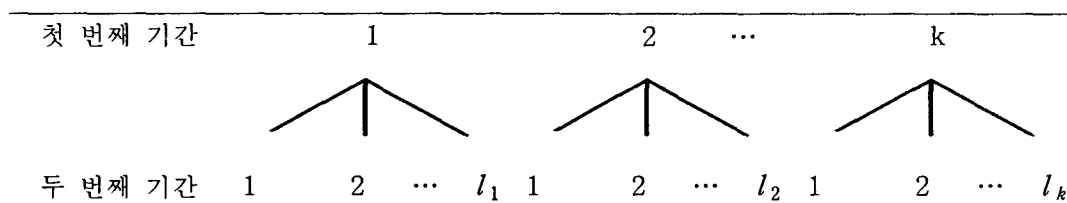
$$\widehat{B}_i = \widehat{N}_{i+1} - \widehat{\Phi}_i [\widehat{N}_i - (n_i - R_i)] \tag{2.4}$$

$$\widehat{p}_i = \frac{m_i}{\widehat{M}_i} \tag{2.5}$$

여기서 m_i 는 i 번째 표본에서 포획된 동물 중 표식이 있는 동물 수, n_i 는 i 번째 표본에서 포획된 총 동물 수, R_i 는 i 번째 표본 이후에 풀어 준 n_i 의 수, r_i 는 i 에서 풀어준 동물 R_i 중 다시 포획된 동물 수, z_i 는 i 이전에 포획되어 i 에서는 포획되지 않고 그 뒤에 다시 포획되는 동물 수를 의미한다.

2.2 로버스트 설계

로버스트 설계(Pollock 1982)는 개방형 모집단과 폐쇄 모집단이 결합된 혼합 설계이다. <그림 2-1>은 초기 k 개의 추출시점(예: 년, 월)을 가진 Mark-Recapture 추출 실험의 묘사하고 있다.



<그림 2-1> 로버스트 설계 방법

k 개 각각의 기간 안의 두 번째 추출 시점 l_i 는 각각의 기간 동안 폐쇄되어 있다. 또한, 모든 초기 기간 안의 두 번째 기간의 수는 동등할 필요는 없다.

설계는 모집단이 각각의 초기 추출기간 안의 두 번째 추출기간 동안 일정하다고 가정한 각각의 초기 추출기간에 대해 모집단 크기 N_1, N_2, \dots, N_k 와 생존율 $\phi_1, \phi_2, \dots, \phi_{k-2}$ 그리고 초기 추출기간 사이에 모집단에 진입하는 새로운 개체 수 B_1, B_2, \dots, B_{k-2} 를 추정할 수 있다. 이와 같은 추정량들은 다음과 같다.

$$p_i^* = 1 - \prod_{j=1}^{l_i} q_{ij} \quad (2.6)$$

$$\tilde{U}_i = \frac{u_i}{\tilde{p}_i^*}, \quad i=1, 2, \dots, k \quad (2.7)$$

$$\tilde{M}_i = \frac{m_{.i}}{\tilde{p}_i^*}, \quad i=2, \dots, k \quad (2.8)$$

$$\tilde{N}_i = \tilde{U}_i + \tilde{M}_i, \quad i=1, 2, \dots, k \quad (\tilde{N}_1 = \tilde{U}_1) \quad (2.9)$$

$$\tilde{B}_i = \tilde{N}_{i+1} + \tilde{\phi}_i \tilde{N}_i, \quad i=1, 2, \dots, k-1 \quad (2.10)$$

3. 모집단 증가율 추정

모집단은 공간과 시간에 따라 크기가 변화하므로 모집단 증가율은 다음과 같은 식으로 유도될 수 있다.

$$\Delta N = \text{증가} - \text{감소}$$

$$\text{모집단의 순증가} = \frac{N_{i+1}}{N_i} = \lambda \quad i=2, \dots, k-2 \quad (3.1)$$

또한, B_i 는 앞선 정의에 의해 i 에는 존재하지 않으나, $i+1$ 에는 존재하는 수이므로 다음과 같은 관계가 성립한다.

$$N_{i+1} = N_i \phi_i + B_i \quad (3.2)$$

$$B_i \text{에 의한 증가} = \lambda_i = \frac{B_i}{N_i} + \phi_i \quad (3.3)$$

만약, N_{i+1} 이 시점 $i+1$ 에 모집단의 개체 수라면, $\frac{B_i}{N_{i+1}}$ 는 모집단의 개체가 i 와 $i+1$ 사이
 에 모집단에 진입하는 비율이다. 따라서 $\frac{B_i}{N_{i+1}}$ 가 개체가 모집단에 진입하는 확률이라면,
 $1 - \frac{B_i}{N_{i+1}}$ 는 개체가 이미 모집단에 있을 확률이다. 이를 이용하여 $i-1$ 에 존재했었고, 시점 i 에
 모집단에 있을 상위 확률 γ_i 에 대해 다음 식이 성립한다.

$$N_{i+1} = N_i \Phi_i + B_i \text{이므로,}$$

$$\gamma_{i+1} = 1 - \frac{B_i}{N_{i+1}} = 1 - \frac{(N_i - N_i \Phi_i)}{N_{i+1}} = \frac{N_i \Phi_i}{N_{i+1}} = \frac{\Phi_i}{\lambda_i}$$

$$N_i \text{와 } \gamma_{i+1} \text{에 의한 증가} = \lambda_i = \frac{\Phi_i}{\gamma_{i+1}} \tag{3.4}$$

다음은 Φ_i 와 γ_{i+1} 을 추정해야 하는데 개체 수 N 없이도 λ_i 의 추정량들은 추론될 수 있다.
 즉, 시점 i 에 모집단에 이미 존재하는 개체 수에 대한 i 와 $i+1$ 사이 모집단에 새로 진입하는
 개체수의 비로써, 조사를 시작할 때 초기에 생존한 구성원에 대한 다음과 같은 구간 진입비 f_i 를
 사용하면

$$f_i = \frac{B_i}{N_i} \tag{3.5}$$

이고, $\lambda_i = \Phi_i + f_i$ 이므로 γ_{i+1} 는 다음과 같다.

$$\gamma_{i+1} = \frac{\Phi_i}{\Phi_i + f_i}$$

$$\Phi_i \text{와 } \gamma_{i+1} \text{에 의한 증가} = \lambda_i = \frac{\Phi_i}{\gamma_{i+1}} \tag{3.6}$$

4. 모집단 증가율 추정

4.1. 실험자료

보통 Mark-Recapture 방법의 자료는 두 가지 형태로 표시된다. 먼저 첫 번째 형태는 <표 4-1>
 의 Mark 프로그램의 예제 자료 파일과 같은 band자료이다. 이러한 k -표본 실험의 자료는 0(포획
 되지 않음)과 1(포획됨)로 이루어진 k 벡터 형태를 취한다. 예를 들어 3명의 암컷과 5명의 수컷이

추출 시점 3, 4 그리고 6에서 포획되었다면 00110100 3 5로 표현된다. 여기서 만약 마지막 포획 시점에 모집단으로부터 제거되는 포획 손실이 일어났다면 음 부호로 표현된다. 즉, 위의 예에서 마지막 포획이 6이므로 -3 또는 -5가 된다. 두 번째 자료 형태는 Jolly-Seber 방법의 통계량들로 표시된 자료이다. <표 4-2>와 같은 형태로써 각각의 변수는 시점별 포획 된 개체 수, 표식 된 개체 중 표식 된 개체 그리고 풀어준 개체를 나타낸다.

Mark-Recapture방법을 연구하는 사람들은 Mark 자료를 분석하는데 SAS를 사용하지 않는다. 가장 큰 이유는 SAS가 <표 4-1>처럼 자료가 band되었을 때 빠르게 요약하지 못하기 때문이다. 만약 SAS를 이용하고자 한다면 자료는 <표 4-2>처럼 기록된 상태이어야 한다. 여기서는 SAS를 이용할 것이므로 <표 4-1>처럼 band화 된 자료를 POPAN을 사용하여 <표 4-2>처럼 정리한 후 이 자료를 바탕으로 하여 각 시점별로 분석해 볼 것이다.

<표 4-1> MARK 프로그램의 예제 자료 파일

기 록	개체 수	기 록	개체 수
111111	17	111110	1
111000	8	110000	3
100000	2	111101	3
111010	1	111001	1
111011	3	110100	3
110111	2	110011	1
110001	2	101111	4
101011	1	101000	1
100011	1	101010	1
100101	1	100110	1
011111	29	010001	8
011000	23	010000	14
011011	11	011001	11
010111	5	011101	1
010101	4	011010	1
010011	6	011100	3
011110	2	010100	1
001111	45	001000	30
001001	6	001011	21
001010	5	001101	3
001100	5	001110	2
000100	14	000111	45
000110	20	000101	17
000010	58	000011	121

위 자료는 추출 시점 k 가 6일 때의 각 시점별 포획 기록에 대한 개체 수를 나타내고 있다. 총 288마리의 개체들이 포획 된 기록을 가지고 있음을 알 수 있다. 또한 하고자 하는 분석이 자료를 그룹별로 분류하여 분석하는 것이 목적이 아니므로 뒷 부분의 암컷과 수컷 표시가 없다.

<표 4-2> Jolly-Seber 변수들에 대한 자료 값

시점	n_i	m_i	R_i	r_i	z_i
1	57		57	55	
2	154	45	154	137	10
3	229	112	229	167	35
4	228	132	228	202	70
5	404	225	404	312	47
6	359	359	359		

정의대로 n_i 는 i 시점에서 포획된 개체, m_i 는 포획된 개체 중 표식된 개체, 그리고 R_i 는 포획된 개체 중 풀어 준 개체를 의미한다. 또한 r_i 는 풀어 준 개체 중 다시 포획된 개체를, z_i 는 i 이전에 포획되었으나 i 에서는 포획되지 않고 i 이후에 포획된 개체를 나타낸다.

4.2 두 번째 추출이 한번인 경우의 자료 분석

4.2.1 Jolly-Seber 모수 추정

MARK 프로그램의 예제 자료를 이용하여 첫 번째 추출 구간이 6이고($k=6$) 그 안의 두 번째 추출 구간이 1인 가장 단순한 로버스트 설계에 대해 Jolly-Seber 모수와 모집단 증가율을 추정하였다.

포획된 개체 중 표식된 개체 수 \hat{M}_i , 모집단 크기 \hat{N}_i , i 와 $i+1$ 번째 시점 사이의 생존율 $\hat{\phi}_i$, 모집단에 새로 진입한 개체 수 \hat{B}_i 에 대한 추정량들이 <표 4-3>에 나타나 있다.

<표 4-3> Jolly-Seber 모수 추정

시점	\hat{M}_i	\hat{N}_i	$\hat{\phi}_i$	\hat{B}_i
1			0.9865	
2	56.2319	189.4770	0.9678	145.8109
3	159.9167	325.4941	0.7618	149.3946
4	210.9655	363.2414	0.9311	191.9107
5	285.8147	512.1910		
6	1			

4.2.2 모집단 증가율 추정

모집단 증가율 $\hat{\lambda}_i$ 을 각 식에 의해 구해본 결과가 <표 4-4>와 같다.

<표 4-4> 모집단 증가율 추정

시 점	모집단 순증가	B_i 에 의한 증가	N_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가	ϕ_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가
1				
2	1.7179	1.6854	1.7179	1.6854
3	1.116	1.1442	1.1160	1.1442
4	1.4101	1.3956	1.4101	1.3956
5				
6				

4.2.3 로버스트 Jolly-Seber 모수와 모집단 증가율 추정

<표 4-5>을 보면 기존의 Jolly-Seber 방법 보다 추정량들이 1시점이 더 추정되어야 하지만 두 번째 추출 횟수가 1인 단순한 경우이므로 1시점이 더 추정될 수 없다.

<표 4-5>로버스트 설계의 Jolly-Seber 모수

시 점	\hat{P}_i	\hat{U}_i	\hat{M}_i	\hat{N}_i	\hat{B}_i	$\hat{\phi}_i$
1						
2	0.8003	136.2062	56.2289	192.4351	140.7248	0.9678
3	0.7004	167.0558	159.9086	326.9725	115.2951	0.7618
4	0.6257	153.4295	210.9637	364.395	173.9091	0.9311
5	0.7872	227.3815	285.8232	513.1962		
6	0.7871	227.3825	285.8231	513.1972		

전체적으로 높은 포획력을 보이고 있으며 생존율의 마지막 5시점은 \hat{M}_i 를 이용하여 추정한 Jolly-Seber 모수와 동일하며 B_i 에 의한 증가보다는 0.0001 정도 크다. 이를 이용한 모집단 증가율은 다음과 같다.

<표 4-6> 로버스트 설계 Jolly-Seber 모수를 이용한 모집단 증가율 λ_i

시 점	모집단 순증가	B_i 에 의한 증가	N_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가	ϕ_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가
1				
2	1.6991	1.6991	1.6991	1.6991
3	1.1145	1.1144	1.1145	1.1143
4	1.4084	1.4084	1.4084	1.4084
5				
6				

4.3 두 번째 시점 추출이 2번 이상 일어난 경우의 자료 분석

4.3.1 첫 번째 시점별 Jolly-Seber 모수 추정

다음은 첫 번째 추출기간($k=1$)이 1일 때의 자료이다.

자료의 패턴은 <표 4-1>과 비슷함을 알 수 있다. 이를 정리한 자료가 <표 4-8>에 나타나 있다. 두 번째 추출 횟수가 6이며, 포획된 개체 중 풀어 준 개체(R_i)와 풀어 준 개체 중 다시 포획된 개체(r_i)가 동일함을 알 수 있다.

<표 4-7> $k=1$ 일 때의 자료

기록	개체 수	기록	개체 수
111111	4	111110	1
111000	2	110000	1
111010	1	101010	1
111011	1	110100	1
110001	1	101111	1
011111	7	010001	2
011000	5	010000	3
011011	3	011001	2
010111	1	010101	1
010011	2	011100	1
000011	30	010100	1
001111	11	001000	8
001001	2	001011	6
001010	2	001101	1
001100	1	000010	14
000100	4	000111	11
000110	5	000101	4

<표 4-8> $k=1$ 일 때의 Jolly-Seber 변수

시점	n_i	m_i	R_i	r_i	z_i
1	14		14		0
2	40	12	40	36	2
3	60	29	60	45	9
4	55	31	55	47	23
5	101	57	101	77	13
6	90	90	90	0	0

위 결과를 이용한 첫 번째 추출 구간의 두 번째 추출 구간별 Jolly-Seber 추정량은 다음과 같다.

<표 4-9> $k=1$ 일 때의 Jolly-Seber 추정량

시점	\hat{M}_i	\hat{N}_i	$\hat{\phi}_i$	\hat{B}_i
1				
2	14.2162	44.8358	0.9696	39.7593
3	40.9348	83.2341	0.8040	34.2907
4	57.8333	101.2083	0.9043	38.6176
5	74.0000	130.1379		
6				

다음은 두 번째 추출기간이 2일 때($k=2$)의 자료이다. 앞의 1의 경우와 비슷함을 알 수 있다. 이 자료를 정리한 것이 <표 4-11>이다.

<표 4-10> $k=2$ 일 때의 자료

기록	개체 수	기록	개체 수
111111	4	111001	1
111000	2	000011	30
100000	1	111101	1
101011	1	101111	1
010111	2	100110	1
011111	8	010001	2
011000	6	010000	4
011011	3	011001	3
010101	1	001010	1
010011	1	011110	1
001111	11	001000	7
001001	1	001011	5
001100	2	001110	1
000100	3	000111	12
000110	5	000101	4
000010	15		

k 가 1일 때와 마찬가지로 표본 크기(n_i)가 5시점에서 약 2배 커짐을 알 수 있다. 또한 앞의 경우와 마찬가지로 포획된 개체 중 풀어 준 개체(R_i)와 풀어 준 개체 중 다시 포획된 개체(r_i)가 동일하다. 즉, 포획되어 표식 된 후 개체의 손실 없이 다시 개체가 모집단에 진입했음을 알 수 있다.

<표 4-11> $k=2$ 일 때의 Jolly-Seber 변수

시점	n_i	m_i	R_i	r_i	z_i
1	10		10		0
2	37	6	37	33	3
3	57	29	57	44	7
4	57	33	57	52	18
5	102	57	102	79	13
6	92	92	92		0

이를 이용하여 Jolly-Seber 추정량을 구하면 다음과 같다.

<표 4-12> $k=2$ 일 때의 Jolly-Seber 추정량

시점	\hat{M}_i	\hat{N}_i	$\hat{\phi}_i$	\hat{B}_i
1				
2	9.3529	50.7731	0.9422	25.6691
3	38.0222	73.5096	0.7982	31.2223
4	52.6981	89.8968	0.9614	44.5210
5	73.7375	130.9476		
6				

4.3.2 로버스트 설계를 이용한 모집단 증가율 추정

앞 절의 결과를 근거로 하여 로버스트 설계하에서의 Jolly-Seber 모수 추정량을 구해 보고자 한다.

<표4-13> 시점별 로버스트 Jolly-Seber 모수 추정량

시점	\hat{P}_i	\hat{U}_i	\hat{M}_i	\hat{N}_i	\hat{B}_i	$\hat{\phi}_i$
1	0.9952	347.6688		347.6688	137.0583	0.6054
2	0.9927	128.9413	218.5957	347.5370	162.5496	0.8329
3	0.7898	163.3325	288.6807	452.0132	108.9495	0.5467
4	0.9942	127.7409	228.3243	356.0652		

Jolly-Seber 방법보다 한 시점이 더 추정됨을 알 수 있다. 각 시점의 추정량들은 앞 4.3.1절의 자료들이 통합되어 추정된 결과들이다. 표식 된 개체 수(\hat{M}_i)의 경우 1시점을 제외한 나머지 시점이 추정되며, 개체수 추정량(\hat{M}_i)과 생존율($\hat{\phi}_i$)은 마지막 시점을 제외하고 추정될 수 있다. 첫 시점의 표식 되지 않은 개체 수는 표식 된 개체가 존재하지 않으므로 모집단 크기 추정량과 동일하다. 생존율의 경우 2시점에서 0.8329로 증가하다가 3시점에서 0.5467로 감소함을 알 수 있으며, 이러한 이유로 전체 모집단 크기가 4시점에서는 3시점보다 감소함을 확인할 수 있다. 이를 이

용하여 모집단 증가율을 추정 한 결과는 <표 4-14>와 같다.

<표 4-14> 시점별 로버스트 추정량을 이용한 모집단 증가율 λ_i

시 점	모집단 순증가	B_i 에 의한 증가	N_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가	ϕ_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가
1	0.9996	0.9996	0.9997	0.9997
2	1.3006	1.3006	1.3006	1.3006
3	0.7877	0.7877	0.7878	0.7878
4				

전체 증가 형태와 증가율들이 모두 동일하거나 거의 같음을 알 수 있으며, 앞의 두 번째 추출기간이 1인 단순한 로버스트 설계와도 거의 같다. 이는 분할 된 자료형태가 초기 자료와 거의 동일하기 때문이다. <표 4-14>을 보면 전체적으로 모집단 증가율이 2시점까지 모집단이 증가하다가 3시점에서 감소하고 있으며 마지막 4시점을 제외한 나머지 시점의 모집단 증가율이 추정됨을 알 수 있다. 이는 로버스트 설계를 사용하지 않았을 때와 비교하면 로버스트 설계를 사용할 때가 보다 더 자료 손실을 줄일 수 있다.

5. 결론

기존의 Jolly-Seber 모형의 단점은 균등한 포획력을 가정하므로 포획력에 대한 이질성과 개체들이 낫을 좋아하거나 싫어하는 개체의 낫 반응 이질성이 존재한다는 것이다. 물론 균등 포획력에 대한 많은 검정법이 존재한다. 이러한 이질성을 해결할 수 있는 로버스트 설계하의 Pollock(1982)과 Kendall(1995)이 제시한 추정량을 이용하여 Jolly-Seber 모형의 모수 추정하였다.

먼저 첫 번째 추출 구간 안의 두 번째 추출 구간이 한 번 뿐인(첫 번째 추출구간과 두 번째 추출구간이 동등한 경우) 단순한 로버스트 설계를 가정하였다. 그 결과 모수 추정량에 대한 표준 오차는 비교적 작은 값들을 가지고 있었다. 또한 모집단 증가율 λ_i 의 추정으로는 모집단 순증가, 개체 진입 수인 B_i 를 이용한 증가, 생존율 ϕ_i 와 상위 확률 γ_{i+1} 을 이용한 증가 그리고 N_i 과 γ_{i+1} 를 이용한 증가를 이용하였다. 그 결과 네 가지 방법의 모집단 증가율이 거의 동일하게 나타났다. SAS를 이용하는 경우에는 추정되지 않아야 할 시점의 값이 임의로 추정되었다. 예를 들어 ϕ_i 와 γ_{i+1} 에 의한 증가와 B_i 에 의한 증가를 보면 통계량 중 $\hat{\phi}_1$ 만 1시점의 값이 존재하고 나머지 통계량들은 존재하지 않기에 1시점의 모수는 추정될 수 없다. 그러나 $\hat{\phi}_1$ 이 의미가 없는데도 불구하고 추정되기 때문에 결과 해석 시 혼란을 가져온다. 또한 로버스트 설계 하에서 구해진 모집단 증가율은 로버스트 설계를 하지 않았을 때보다 1시점이 더 추정될 수 있는데, 이는 로버스트 분석을 할 경우 기존의 Jolly-Seber 모형보다 자료로부터 더 많은 정보를 얻을 수 있다.

또한 두 번째 추출 구간이 2 이상인 경우에서도 증가율 추정의 4가지 방법이 로버스트 설계와 마찬가지로 거의 동일하게 추정되었다.

참고 문헌

- [1] 남궁 평 (1999) , 표본 설계와 분석, 탐진
- [2] Arnason, A.N and Schwarz, C.J. (1999). POPAN-5 (Euring 1997) paper: Using POPAN-5 to analyse banding data. 46 (suppl.), S157-168
- [3] Carl J. Schwarz and J. Brian Dempson (1994), Mark-Recapture Estimation of a Salmon Smolt Population, , 50, 98-108, March.
- [4] Carl J. Schwarz (2001), The Jolly-Seber Model : More Than Just Abundance. Volume 6, Number 2, Pages 195-205
- [5] David L. Borchers, Walter Zucchini, and Rachel M. Fewster (1998), Mark-Recapture Models for Line Transect Surveys, 54, 1207-1220 December.
- [6] James D. Nichols & James E. Hines (2002), Approaches for the direct estimation of , and demographic contributions to , using capture-recapture data, Vol. 29, Nos. 1-4, 2002, 539-568
- [7] Kenneth H. Pollock (1982) , A capture-recapture design robust to unequal probability of capture, 46(3).
- [8] R. Pradel (1996), Utilization of Capture-Mark-Recapture for the Study of Recruitment and Population Growth Rate, 52, 703-709,
- [9] Schwarz, C.J. and Stobo, W.T. (1997), Estimating Temporary Migration using the Robust Design, , 53, 178-194
- [10] Trent L. McDonald and Steven C. Amstrup (2001), Estimation of Population Size Using Open Capture-Recapture Models, Volume 6, Number 2, Pages 206-220.
- [11] William L. Kendall, Kenneth H. Pollock and Cavell Brownie (1995), A Likelihood-Based Approach to Capture-Recapture Estimation of Demographic Parameters Under the Robust Design, 51, 293-308 March 1995.

[2003년 10월 접수, 2003년 11월 채택]