# 东海北部小黄鱼异方差生长模型

刘尊雷,袁兴伟,严利平,杨林林,黎雨轩,程家骅 中国水产科学研究院东海水产研究所,农业部海洋与河口渔业重点开放实验室,上海 200090

摘要:为揭示同方差和异方差结构对鱼类生长模型估计精度的影响,本研究以东海小黄鱼(*Larimichthys polyactis*) 为案例,选用 2007–2009 年东海北部近海常规监测的小黄鱼基础生物学测定资料,采用对数正态函数型、幂函数型 和指数函数型方差结构,分别对 Schnute 生长模型 3 种基本形式的 von Bertalanffy(LVB)、Gompertz 和 Schnute 模型 进行了拟合分析,并采用似然比检验和 AIC 准则,选择确定最优拟合模型。结果表明,在渔获群体低龄化的条件下, 其生长模型的参数估计值对方差结构较为敏感;对数正态函数型、幂函数型和指数函数型方差结构函数对 3 种生 长模型的参数估计值较为接近,参数标准误和变异系数相对较小,小黄鱼生长模型以异方差结构函数拟合的效果 较同方差结构更为精确和稳健;采用幂函数型和指数函数型方差结构拟合生长模型,其 AIC 值较同方差条件大幅 降低,生长模型拟合的各月龄组置信区间范围差距缩小,明显提高了生长模型拟合度。

生长是种群生物学研究的重要部分、是科学 分析和评估渔业资源种群数量变动的基础。在渔 业对象个体研究中、年龄-体长样本数据中异方 差现象普遍存在、如体长的方差随解释变量的增 加而变化<sup>[1-3]</sup>。各生长阶段的鱼类具有不同的生存 策略、通常幼鱼群体群聚性较强、生存环境异质 性低,生长速度相差不大;随着年龄增加,生存 空间不断扩展, 鱼类受外界环境影响加剧, 食物 保障、生存空间会导致种内竞争激烈、在竞争中 占优势的鱼类生长速度快,反之则生长慢,逐渐 显现出生长速率上的差异性、即呈现异方差。以 往对鱼类生长模型参数的估算均假定生长速度为 同方差(即随机误差为相加项、其方差为常数)<sup>[4-5]</sup>、 采用最小二乘法(OLS)进行拟合、并未考虑异方 差影响效用、从而导致诸如模型对某些区段的预 估产生系统偏差、模型的估计精度降低、参数估

计量失效、变量的显著性检验失去意义以及模型 的预测准确性降低等问题<sup>[6]</sup>。故而在建立鱼类生 长曲线方程时,需要对异方差进行诊断和处理, 以使模型更具稳定性和实用性。

数据转换和加权回归估计是消除模型异方差 的常用方法<sup>[7]</sup>。非线性方差结构函数在解决异方 差问题上具有优良性和灵活性的特点,且具有生 物学解释意义,因此通常被生态学家和毒理学家 使用<sup>[7-8]</sup>。本研究以东海北部小黄鱼(*Larimichthys polyactis*)生长模型作为研究实例,利用长度分布 曲线建立Schnute模型描述小黄鱼生长规律,以未 考虑异方差影响的同方差为基准生长模型,以对 数正态型、指数函数型、幂函数型方差为异方差 结构生长模型,来评估基准模型和异方差结构生 长模型的参数估计效果和拟合优度,以期为构建 鱼类生长过程存在体长分化的异方差生长模型及

收稿日期: 2011-10-17; 修订日期: 2011-11-25.

基金项目:国家自然科学基金青年基金项目(31101901);农业部近海渔业资源监测调查专项(2007-2008);中央级公益性科研院所 基本科研业务费专项基金资助(2009T02, 2008T03).

作者简介:刘尊雷(1982-),男,研究实习员,研究方向为渔业资源管理.E-mail:zunlei@yahoo.com.cn

通信作者:程家骅,研究员. E-mail: ziyuan@sh163.net

其优化选择提供技术上的参考。

#### 1 材料与方法

#### 1.1 基础数据和处理

体长数据分别来自于 2007-2008 年 5-9 月东 海北部吕四渔场近岸定置张网监测和 2007-2009 年 10-4 月东海北部近海底拖网常规监测的基础 生物学测定资料。首先采用正态分布混合群体分 解技术,根据各月体长频数划分出优势体长组, 得到各优势体长组均值和标准差,并根据正态分 布理论将取样尾数分配至各体长组。然后将第一 优势体长组和第二优势体长组分别归为补充群体 和剩余群体的相应月龄,即依据小黄鱼集中产卵 的生殖特征将各世代群体的繁殖高峰期定为产卵 时间,各月优势体长组则可认定为月龄,从而获 得月龄-体长样本数据。

1.2 生长模型

根据鱼类生长特征,可将年龄-体长生长模型分为线性(如多元线性模型)和非线性模型[如von Bertalanffy(LVB)、Gompertz、Richards、Schnute模型],本研究选择涵盖范围更广的非线性Schnute生长模型描述小黄鱼种群生长规律<sup>[9]</sup>,可扩展为多种形式,这里选择3种基本形式,即模型1、模型2和模型3,其基本表达式如下所示。

Schnute 模型:

$$L_{t} = \left\{ L_{1}^{\gamma} + (L_{2}^{\gamma} - L_{1}^{\gamma}) \frac{1 - \exp[-k(t - \tau_{1})]}{1 - \exp[-k(\tau_{2} - \tau_{1})]} \right\}^{1/\gamma}$$

模型 1: *k*≠0, *γ*=1, 此时方程等价于特殊 LVB 模型:

模型 2: *k*≠0, *γ*=0, 此时方程等价于 Gompertz 模型;

模型 3:  $k\neq 0, \gamma\neq 0$ ,此时方程即为 Schnute 模型; 式中 $L_i$ 为各月龄对应体长,k为月平均生长速率, $\tau_1$ 和 $\tau_2$ 分别为样品中的最小月龄和最大月龄, $L_1$ 和 $L_2$ 分别为 $\tau_1$ 、 $\tau_2$ 时的种群平均体长, $\gamma$ 为生长速率的加 速度增长参数(无量纲)。

1.3 模型误差结构

模型拟合和参数估计需假定适合的误差结构, 利用残差可以对随机误差项的方差进行估计,当 各月龄组对应的体长方差恒定时,适合相加误差 结构;反之,当各月龄组体长的方差随月龄增加而 变化时,则需要将数据变换或建立方差函数结构。

**1.3.1** 同方差结构 同方差结构假定误差项为相 加结构, 各月龄组服从均值为 0, 方差为常数 *σ*<sup>2</sup>的 正态分布,

$$L_i = f(t_i, \phi) + \varepsilon_i, \ \varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$$

**1.3.2** 异方差结构 异方差结构假定各月龄组误 差服从均值为 0, 方差结构为与因变量相关函数 的正态分布, 现列举以下 3 种类型。

对数正态函数型:

$$L_i = f(t_i, \phi) \cdot \exp(\varepsilon_i), \ \varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2),$$

幂函数型:

$$L_{i} = f(t_{i}, \phi) + \varepsilon_{i}, \ \varepsilon_{i} \sim N(0, \sigma^{2} \times f_{i}^{2\delta}),$$

指数函数型:

$$L_{i} = f(t_{i}, \phi) + \varepsilon_{i}, \ \varepsilon_{i} \sim N(0, \sigma^{2} \times e^{2\delta \times f_{i}})$$

式中,  $\phi = (k, L_1, L_2, \sigma, \delta)$ 为模型待估参数。

幂函数和指数函数方差中, 当∂植为 0 时, 等 价于同方差结构; ∂植大于 0 时, 残差方差随ƒ(*t<sub>i</sub>*,*φ*) 增加而增加; ∂值小于 0 时, 残差方差随ƒ(*t<sub>i</sub>*,*φ*)增加 而减小。

1.4 参数估计和模型比较

生长模型中参数估计值采用极大似然理论估 算,其估计值的标准误可由对数似然函数对估计 量进行二阶偏导近似求得<sup>[10]</sup>。各类型方差结构条 件下的生长模型拟合优度,由似然比检验和AIC 准则进行量化判别。

其中, 似然比是有约束条件下的似然函数最 大值与无约束条件下似然函数最大值之比<sup>[11]</sup>。似 然比检验适合分级巢式模型(nested model), 即检 验同一生长模型下异方差结构和同方差结构间是 否存在显著差异(无效假设 $H_0$ : 同方差结构和异 方差结构无显著差异), 或者是相同方差结构和异 方差结构无显著差异), 或者是相同方差结构不 Schnute模型是否可简化为子模型(无效假设 $H_1$ :子 模型和完整模型无显著差异, 即模型可简化), 似 然比统计量表达式为 $\chi^2$ =-2(max $L_R$ -max $L_F$ ), 其中 max  $L_R$ 和 max  $L_F$ 分别为子模型和完整模型的最 大似然值,  $\chi^2$ 则近似服从自由度为模型参数数量 差值的卡方分布。

AIC准则应用范围较广,适合不同概率分布 的巢式、非巢式模型,含有的参数最多且概率密 度分布与真实数据最接近,即AIC值最小的模型被 认为是最优模型,从而避免了模型中参数的冗余, 同时兼顾了模型的简约性和预测的最优性<sup>[12-13]</sup>,其 表达式为AIC= -2ln(*L*)+2*k*,*L*代表模型似然函数,*k* 为参数数量。

2 结果与分析

2.1 异方差诊断

采用直观图示法初步诊断小黄鱼月龄-体长 方差的分布模式,如图 1a,0~0.7a 体长范围狭窄, 0.7a 之后体长范围趋于增大,表明存在临界时间 段导致体长出现分化。结合月龄-体长结构获得的 样本容量和体长方差(图 1b)观测,体长方差并非 恒定常数,而是随月龄变化呈现一定趋势的变动 模式,0~0.6a 方差较为稳定,0.6~1.5a 呈波动增长 趋势, 甚至在 1.4a 和 1.5a 出现极端值现象, 这主 要是样本容量减少和体长结构的离散度增大所 致。3 种同方差生长模型拟合残差的 90%区间变 化如图 1c 所示, 相对于估计值, 残差并不是均等 变化, 而是基本呈漏斗形状, 即随着月龄增大, 各模型的随机扰动项绝对值也随之增大, 证实了基 于小黄鱼月龄-体长构建的生长模型存在异方差。 2.2 模型参数估计

同方差和异方差结构生长模型 1、模型 2 和 模型 3 对月龄--体长数据拟合得到的参数估计值 和标准误(SE)分别列于表 1、表 2 和表 3。由表可 见,参数估计结果对误差结构较为敏感,同方差 结构生长模型估计参数值*L*1和*L*2 均高于异方差 结构(模型 3 中*L*1除外),*k*值则相反;对数正态函 数、幂函数和指数函数方差结构对 3 种生长模型 的参数值、标准误和变异系数估计结果较为接近, 除*L*2标准误略高于同方差结构外,其他参数标准 误和变异系数均相对较小,表明异方差结构生长 模型拟合效果较同方差更为精确和稳健。





Fig.1 Age-length heteroscedasticity diagnostics result for small yellow croaker

a is box plot of age-length relationship; b is plot of sample size and length variance in relation to age; c1, c2 and c3 are model 1, model2 and model3, respectively.

Tab.1	Estimated parameters of heteroscedasticity and variance structure models from model 1					
参数 parameter	同方差型 homoscedasticity	对数正态函数型 lognormal error	幂函数型 power variance	指数函数型 exponent variance		
$L_1$	30.48	26.78	27.04	26.61		
标准误 SE	2.08	0.58	0.59	0.70		
变异系数 CV	0.068	0.022	0.022	0.026		
$L_2$	169.16	164.4	165.65	164.06		
标准误 SE	1.75	1.84	1.80	1.84		
变异系数 CV	0.010	0.011	0.011	0.011		
k	1.14	1.38	1.37	1.45		
标准误 SE	0.08	0.07	0.06	0.07		
变异系数 CV	0.070	0.051	0.044	0.048		
δ			0.98	0.012		
标准误 SE			0.06	< 0.01		

表1 同方差和异方差结构生长模型1参数估计值

表 2 同方差和异方差结构生长模型 2 参数估计值

Tab.2	<b>b.2</b> Estimated parameters of heteroscedasticity and variance structure models from model 2					
参数	同方差型	对数正态函数型	幂函数型	指数函数型		
parameter	homoscedasticity	lognormal error	power variance	exponent variance		
$L_1$	37.01	28.34	28.60	28.72		
标准误 SE	1.82	0.59	0.57	0.62		
变异系数 CV	0.049	0.021	0.020	0.022		
$L_2$	166.20	154.82	156.27	154.87		
标准误 SE	1.79	1.58	1.58	1.59		
变异系数 CV	0.011	0.010	0.010	0.010		
k	1.95	2.92	2.9	2.99		
标准误 SE	0.19	0.099	0.096	0.095		
变异系数 CV	0.097	0.034	0.033	0.032		
δ			1.03	0.013		
标准误 SE			0.061	0.001		

表 3 同方差和异方差结构生长模型 3 参数估计值 Tab.3 Estimated parameters of heteroscedasticity and variance structure models from model 3

参数	同方差型	对数正态函数型	幂函数型	指数函数型
parameter	homoscedasticity	lognormal error	power variance	exponent variance
$L_1$	24.63	26.59	26.77	26.38
标准误 SE	2.85	0.62	0.65	0.81
变异系数 CV	0.116	0.023	0.024	0.031
$L_2$	173.66	166.24	167.95	165.37
标准误 SE	2.00	2.36	2.29	2.37
变异系数 CV	0.012	0.014	0.014	0.014
γ	1.97	1.16	1.21	1.12
标准误 SE	0.22	0.14	0.14	0.14
变异系数 CV	0.112	0.121	0.116	0.125
k	0.28	1.15	1.08	1.29
标准误 SE	0.20	0.19	0.19	0.07
变异系数 CV	0.714	0.165	0.176	0.054
δ			0.95	0.012
标准误 SE			0.04	< 0.01

基于模型拟合值建立的方差结构生长模型可 判别残差变化趋势, 幂函数和指数函数方差结构 拟合δ值分别接近 1 和 0.012, 表明残差方差随拟 合值增大而渐进增长, 且幂函数方差增幅远远高 于指数函数。无论同方差结构还是异方差结构, 对相同的待估参数, 模型 1、模型 2 和模型 3 的参 数估计值均存在较大差异, 其中参数*L*1估算结果 以模型 2 最大, 模型 1 次之, 模型 3 最小, *L*2则呈 相反的变化特征, 这种估计值差异可能是由模型 参数之间存在着相关性所致; 模型 3 参数*k*和γ显 著负相关表明参数之间存在着高度共线性(表 4), 导致k估计值的变异程度较高,当/值赋予常数时 (模型1和模型2), k估计值变异程度明显降低。

# 2.3 模型选择

假定模型 3 为完整模型,模型 1 和模型 2 为 子模型,进行模型拟合优度和模型简化检验,根 据似然比统计量和AIC判别结果 (表 5、6),同方 差结构的生长模型中,模型 1、模型 2 与模型 3 均有极显著差异(模型 1:3,  $\chi^2$ =20.2, *P*<0.000 1;模 型 2:3,  $\chi^2$ =60.2, *P*<0.000 1),即完整模型不可简化 为子模型;此外,模型 3 的AIC统计值最小,表明 完整模型对小黄鱼月龄-生长拟合似然值最大,

表 4 各生长模型参数估计值相关性

	_			
Tab.4	Paramete	r estimates	correlation	of growth models

参数	模型 1 model1			1	模型 2 model 2 模型 3 model 3			3		
parameter	$L_1$	$L_2$	k	$L_1$	$L_2$	k	$L_1$	$L_2$	k	γ
$L_1$	1			1			1			
$L_2$	0.25	1		0.282	1		-0.069	1		
k	-0.578	-0.778	1	-0.697	-0.723	1	0.278	-0.691	1	
γ							-0.412	0.477	-0.941	1

|--|

Tab.5 Goodness of fit and model selection from growth models of homoscedasticity and log-transformation models

榵刑扒合 model fit	同方差 homoscedasticity			对数正态函数型 lognormal error		
	模型 1 model 1	模型 2 model 2	模型 3 model 3	模型 1 model 1	模型 2 model 2	模型 3 model 3
残差标准误 residuals standard error	15.163	15.889	14.83	0.122	0.129	0.122
对数似然值 logLik	-1777.8	-1797.8	-1767.7	297.298	272.7	297.9
AIC	3563.5	3603.7	3545.4	-586.596	-537.4	-585.9
k	4	4	5	4	4	5
$H_1$						
似然比 likelihood ratio	20.2	60.2		1.2	50.4	
Р	< 0.001	< 0.001		0.273	< 0.001	

表 6	幂函数和指数函数方差结构生长模型拟合优度和模型选择	

Tab.6	Goodness of fit and model selection fr	om growth models of power	and exponential variance structure
-------	--	---------------------------	------------------------------------

樟刑扒合 model fit	幕回	幂函数型 power variance			指数函数型 exponent variance	
	模型 1model 1	模型 2model 2	模型 3model 3	模型 1model 1	模型 2model 2	模型 3model 3
残差标准误 residuals standard error	0.13	0.11	0.146	3.006	2.79	3.11
对数似然值 logLik	-1707.6	-1736.8	-1706.2	-1705.027	-1730.3	-1704.7
AIC	3425.2	3483.7	3424.4	3420.054	3470.6	3421.5
k	5	5	6	5	5	6
H <sub>0</sub>						
似然比 Likelihood ratio	140.4	122.04	123.0	145.462	135.1	126.0
Р	< 0.001	< 0.001	< 0.001	< 0.001	< 0.001	< 0.001
$H_1$						
似然比 Likelihood ratio	2.8	61.2		0.65	51.2	
Р	0.094	< 0.001		0.419	< 0.001	

模型拟合效果最优;而模型 1 和模型 2 参数数量 相同(卡方检验自由度为 0),无法通过似然比检验 理论提出假设检验,但两种模型的AIC值大小表 明模型 1 优于模型 2 。对数正态函数型生长模型 中,AIC拟合优度排序结果显示,模型 1 最小,模 型 3 次之,模型 2 最大,但模型 1 和模型 3 的AIC 值差异仅为 0.7,模型优化效果并不明显;但基于 似然比统计量的卡方检验并未拒绝模型简化假设 ( $\chi^2$ =1.2, *P*=0.273),表明对数正态结构情况下,模 型 3 存在参数冗余现象,可简化为模型 1;幂函数 方差和指数函数方差结构生长模型中,模型 1 和 模型 3 的AIC值差异并不显著,这可能是偶然因 素导致,无法作为模型优劣的判别准则,但卡方 检验结果显示,模型1在0.05显著性水平下接受 了模型3可简化的无效假设,表明当方差结构为 幂函数和指数函数形式时,生长模型1更适用于 描述小黄鱼月龄-体长变化。

异方差结构和同方差结构生长模型比较结果 显示(H<sub>0</sub>假设), 幂函数方差和指数函数方差结构 的拟合效果较同方差结构有极显著提高( $\chi^2$ 检验, P<0.001), AIC值大幅降低, 模型拟合标准化残差 虽非随机振荡变化, 但各月龄组置信区间范围差 距缩小, 明显降低了模型误差方差随月龄增长而 增长的变化趋势(图 2、图 3、图 4), 可认为考虑 异方差结构的模型对提高月龄-体长生长模型拟 合度和预测精度效果显著。



# 图 2 生长模型 1 异方差结构生长模型拟合残差 a 为对数正态函数型, b 为幂函数型, c 为指数函数型.

Fig.2 Diagnostic residual plots for the model 1 of variance structure models a is log-transformation, b is power variance, c is exponential variance.





a is log-transformation, b is power variance, c is exponential variance.







以上分析结果表明,误差方差结构可显著影 响模型参数估计值和优化过程。当不考虑方差结 构,即假设误差方差为同质性时,AIC 拟合优度判 别和似然比检验均选定参数个数较多的完整模型 3 为最佳生长模型;而假定误差方差为异方差结 构时,各种生长模型的参数估计标准误和变异系 数显著减小,估算精度均明显提高,最优模型也 简化为子模型 1。

3 讨论

# 3.1 采用月龄拟合生长模型的适应性分析

年龄、体长是研究鱼类种群补充、生长、死 亡变动机制以及评价种群资源状况的基础生物学 参数。通常,鱼类年龄的确定主要采用组织结构 鉴定、标志重捕、自然长度分布曲线等<sup>[14]</sup>方法, 但采用组织结构鉴定年轮或日轮存在一定局限 性。一方面小黄鱼种群的年龄结构趋于低龄化, 使得大样本、高年龄样品数据缺失,生长估算缺 乏代表性;另一方面个体生长至一定天数后,日 轮确证时生长轮的分辨率会下降或日沉积规律不 再存在,使日轮计数精确性降低,无法获得较高 的日龄信息<sup>[15]</sup>。鉴于小黄鱼具有集群生殖洄游、 集中爆发式产卵、单峰一次产卵等行为模式,本 研究采用体长分布频率来计量高峰数量,以分解 月龄-体长。体长频率分析避免了无法依据硬骨组 织鉴定低龄鱼生长参数的限制,但该方法在月龄 -体长估算过程中也存在偏差,如捕捞选择因素 导致的样品代表性干扰、产卵时间非同步和个体 生长速度不同引起的体长分布重叠和混合等。通 过观测 2007 年繁殖期采集个体的性腺发育状况, 可确定产卵高峰期为 4 月下旬至 5 月中旬, 至 5 月底产卵基本结束, 6 月初定置张网出现大量 30 mm左右小黄鱼个体、表明采样网具对 30 mm以 上个体基本无选择影响、辅助体长分布箱式图可 验证上述结论(图 1)。此后 5 个月体长分布的 90% 区间宽度基本相近且体长持续增长、说明后期采 样过程中并没有数量众多的新孵化鱼类补充.进 一步证明捕捞选择性和产卵时间差异性对估算月 龄-体长的影响是有限的。此外、本研究旨在探索 生长异质性对模型选择和拟合优化过程的影响, 并非着重评估建立小黄鱼的生长属性参数,因此, 本研究的参数结果若用于预测小黄鱼生长状况或 进行资源评估时、需充分考虑月龄结构和参数的 适应性。

## 3.2 异方差来源及建模

多种因素会导致鱼类生长以及模型拟合过程 中出现异方差, 主要可以归纳为 3 点: 数据测量 误差、模型设定偏误和鱼类个体生长分化。其中 数据测量误差在基于调查设计的渔业数据分析中 普遍存在, 是统计推断过程重要的、难以消除的 误差来源, 如极端值、网具选择性、样本容量、 不同种群的鱼类混合等。本研究分别采用了 LVB、 Gompertz和 Schnute 3种不同的生长模型,同方差 结构生长模型的拟合残差均呈喇叭形状,方差随 解释变量增加而增大,表明改变模型结构并不能 有效解决异方差问题。

鱼类种群单位个体的生长分化或许是引起异 方差的关键因素。就鱼类的生活史全过程而言, 通常鱼类幼体阶段的栖息环境和行为模式相近, 且有着相同的饵料保障和能量分配方式,其个体 生长的分化程度不高。但随着月龄的增加,其栖息 地格局发生重大改变,空间分布特征由集中性的 块状区域外延至离散性的破碎区,此时环境、饵 料的空间异质性加大,从而促进了鱼类个体新陈 代谢程度的差异和生长的分化。此后伴随着食性 转换和食物生态位宽度增加,摄食类型将进一步 产生变化,个体间能量吸收和转化差距增大,同 时能量分配方式也由以生长为主转变为生殖、洄 游等多种分配格局,此时鱼类个体间的生长分化 程度可能将会进一步加剧。

消除异方差需要对模型进行变换,使变换后 的模型误差项具有同方差结构。通过设计模型结 构降低异方差是数据分析普遍采用的方法、如加 权回归估计。构造最佳权函数则是加权回归估计 的关键,但权函数选择过程较为复杂,一是权函 数的形式因模型所描述的事物的性质不同而异, 二是异方差形式多样、尚未找出能完全消除异方 差的权函数。采用加权回归消除异方差在林业模 型中的应用较为广泛、如确定材积模型和生长率 模型的最佳权函数<sup>[6, 16-18]</sup>。然而上述林业模型均 为线性关系、而鱼类生长模型却为非线性、从而 导致选择恰当的权函数更为复杂。本研究根据各 生长模型误差项方差的变化趋势, 应用对数正态 函数型、幂函数型和指数函数型方差结构进行比 较分析后发现,异方差结构生长模型在提高模型 估算精度和拟合优度方面有显著效果、同时对数 正态函数型也能克服体长非正态分布的缺陷,这 为异方差结构生长模型的使用有效性提供了佐证。

虽然本研究探讨了小黄鱼生长过程中异方差 的可能来源和生长机制,并采用多种技术分析异 方差结构生长模型的适用性,但常规生长模型所 包含的信息较少,无法将影响生长的限制因子纳 入生长模型,可能需要将生物、环境等信息结合 分析,才能更好地构建生长过程以了解存在生长 分化时的生长规律。

## 参考文献:

- Manning M J, Francis M. Age and growth of blue shark (*Prionace glauca*) from the New Zealand Exclusive Economic Zone, ISSN 1175-1584[R]. 2005.
- [2] Andrade H A, Kinas P G. Growth models for the skipjack tuna(*Katsuwonus pelamis*) caught in the southeastern coast of south America[C]//ICCAT Coll Vol Sci Papers, 2003: 1916–1925.
- [3] Vigliola L, Meekan M G. The back-calculation of fish growth from otoliths [C]//Green B S, et al. Tropical fish otoliths: Information for assessment, management and ecology, reviews: methods and technologies in fish biology and fisheries, New York: Springer, 2009: 174–271.
- [4] 水柏年. 黄海南部、东海北部小黄鱼的年龄与生长研究[J].浙江海洋学院学报: 自然科学版, 2003, 22(1): 16–20.
- [5] 张国政, 李显森, 金显仕, 等. 黄海南部小黄鱼生长、死亡 和最适开捕体长[J]. 中国水产科学, 2010, 17(4): 839-846.
- [6] 吴明山,胥辉.思茅松树高曲线方程中的异方差研究[J].林业调查规划, 2007, 32(2): 1–3, 6.
- [7] Lim C, Sen P K, Peddada S D. Statistical inference in nonlinear regression under heteroscedasticity[J]. Sankhya B, 2010, 72: 202–218.
- [8] Kimura D K. Testing nonlinear regression parameters under heteroscedastic, nromally distributed errors[J]. Biometrics, 1990, 46(3): 697–708.
- [9] Quinn II T J, Deriso R B. Quantitative fish dynamics[M]. New York: Oxford University Press, 1999: 128–204.
- [10] Myung I J. Tutorial on maximum likelihood estimation[J]. J Math Psychol, 2003, 47: 90–100.
- [11] Johnson J B, Omland K S. Model selection in ecology and evolution[J]. Trends Ecol Evol, 2004, 19(2): 101–108.
- [12] Burnham K P, Anderson D A. Model selection and multimodel inference: a practical information-theoretic approach[M]. New York: Springer Verlag, 2002: 1–488.
- [13] 张金屯,程佳佳,米湘成,等.亚热带常绿阔叶林群落物 种多度分布格局对取样尺度的响应[J].生物多样性,2011, 19(2):168–177.
- [14] 程家骅,张学健. 鱼类年龄鉴定研究概况[J]. 海洋渔业, 2009, 31(1): 92-99.

- [15] 廖锐,区又君.鱼类耳石研究和应用进展[J].南方水产, 2008,4(1):69-75.
- [16] 陈绍安, 张快富. 林分生长模型建立方法[J]. 林业调查规 划, 2009, 34(6): 19-21.
- [17] 吴明山, 胥辉, 叶江霞. 兴安落叶松材积模型中的异方差 研究[J]. 山东林业科技, 2010(2): 14–17.
- [18] 曾伟生, 骆期邦, 贺东北. 论加权回归与建模[J]. 林业科 学, 1999, 35(5): 5-11.

# Modeling variance heterogeneity in growth: An example for small yellow croaker, *Larimichthys polyactis* in the northern East China Sea

LIU Zunlei, YUAN Xingwei, YAN Liping, YANG Linlin, LI Yuxuan, CHENG Jiahua

East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Key and Open Laboratory of Marine and Estuarine Fisheries, Ministry of Agriculture, Shanghai 200090, China

Abstract: Growth models are important components of population biology study and are generally essential to adequately assess the impact of fishery. Given a specific functional form, the appropriate estimation of growth parameters depends on the error structure assumed for the data. For example, if variability in size is constant as a function of age, an additive error structure is suitable. However, if the variability in size increases with age, a multiplicative error or variance modeling is appropriate. Variance heterogeneity will typically not influence the parameter estimates significantly, but if ignored it may result in severely misleading the standard error and prediction intervals. The four parameters model formulated by Schnute contains a number of specific growth models that can be used to explain the pattern of growth in small yellow croaker(Larimichthys polyactis). We used data transformation and variance modeling to investigate the effect of assuming a different error structure in the model. We used data from stow net surveys conducted between May-September in 2007-2008 and from bottom trawls conducted in the northern region of the East China Sea between October-April in 2007-2009. We used the likelihood ratio test ( $\chi^2$  distribution) and Akaike's Information Criterion to quantitatively compare the fit of nested submodels. Error structure had a significant effect on the fitted models. The estimated parameter values for the lognormal error, power variance, and exponential variance structure models were similar. Furthermore, relatively small standard errors and narrow confidence intervals suggest that the integration of variance structure in the growth models is more accurate and robust than in the additive models. The log-transformation models and variance structure models fit the data better than the additive models. The funneling observed in the plots of deviance residuals against age for the additive models was reduced in the corresponding plots for the lognormal error and variance structure models. The power variance and exponential variance models yielded significantly different estimates than the additive models ( $\chi^2$  test, P<0.001) and had lower AIC values. Together, our results suggest the integration of variance structure to estimate growth improves goodness of fit and predictive power.

Key words: *Larimichthys polyactis*; Schnute model; heteroscedasticity; likelihood ratio test Corresponding author: CHENG Jiahua. E-mail: ziyuan@sh163.net