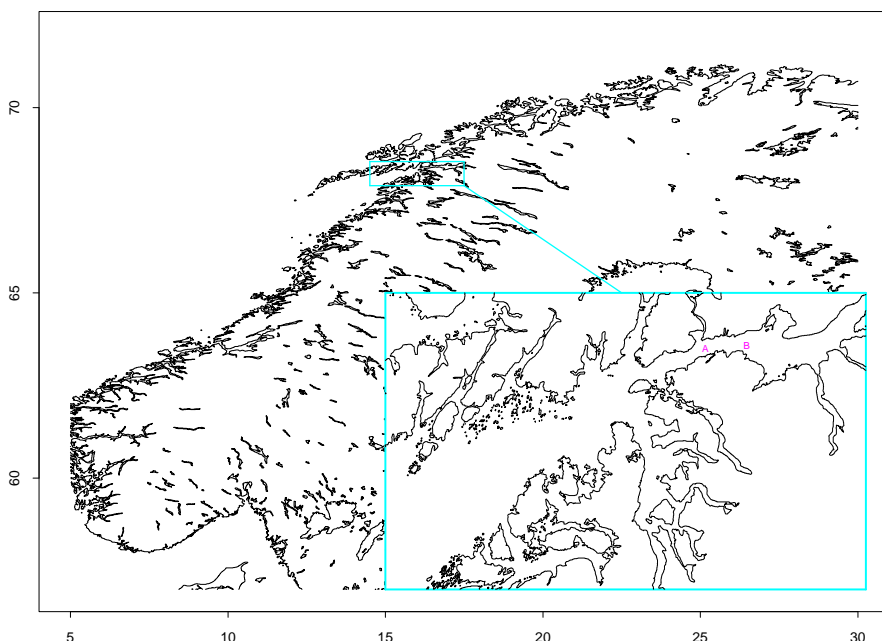


Innhold

1	Innledning	2
2	Aldersfordeling	3
2.1	Topp-luke	4
2.2	Initial-replikat	5
2.3	Tid	6
2.4	Sted	6
3	Lengdefordeling	7
3.1	Aldersbestemt-ikke aldersbestemt	8
3.2	Topp-luke	9
3.3	Initial-replikat	10
3.4	Tid	10
3.5	Sted	11
4	Gjennomsnittlig kvadrat lengde \bar{l}^2	11
5	Oppsummering	14
A	Likelihoodfunksjoner	16
B	Sannsynlighetskvotetest	16
C	Konfidensintervaller ved bootstrap	18
D	Tabeller	19



Figur 1: *De to prøvetakings-posisjonene i Ofotfjorden.*

1 Innledning

I dette notatet tar vi for oss data samlet inn i forbindelse med et tråleksperiment på Johan Hjort 3.-4. desember 2001. Data er samlet fra 2 posisjoner i Ofotfjorden, se figur 1, og skipet alternerte mellom de 2 posisjonene med 3 besøk ved hver. Hver gang ble det gjort 2 trålhal (initialen og replikaten) med ca. 1 times mellomrom på tilnærmet samme sted, og fra hvert hal ble det samlet 100 sild for aldersbestemmelse og lengdemåling. Det var ca 8 timer mellom to besøk ved en posisjon og eksperimentet startet ved posisjon A, ytterst i fjorden. Samplingsprosedyren var som følger: trålen ble tømt i en kasse på dekk, og det ble tatt ut 50 sild fra en luke og 50 sild fra toppen av kassa. På grunn av manglende glassplater til alderslesning, ble bare halvparten av silda aldersbestemt, 25 sild fra hvert av de to samplene fra hvert trålhal. De 12 trålhalene er nummerert fortløpende fra nummer 32527 til nummer 32538, og i dette notatet benyttes de to siste sifrene ved omtale av prøvenummer.

Silda blir aldersbestemt ved å telle årringer på skjell fra fisken. Dette kan av og til være vanskelig, slik at i tillegg til en aldersangivelse gis en lesbarhetskode 1-3, der 3 betyr at silda ikke lar seg aldersbestemme. Tradisjonelt estimeres aldersfordelingen som den empiriske aldersfordelingen i den delen av en prøve som har lesbarhet 1 eller 2. Denne metoden har svakheter, først og fremst ved at deler av datagrunnlaget ikke blir benyttet. Det er grunn til å tro at det stort sett er eldre fisk som kategoriseres til lesbarhet 3, f.eks. på grunn av slitasje på skjellene, og slik vil det reduserte datagrunnlaget

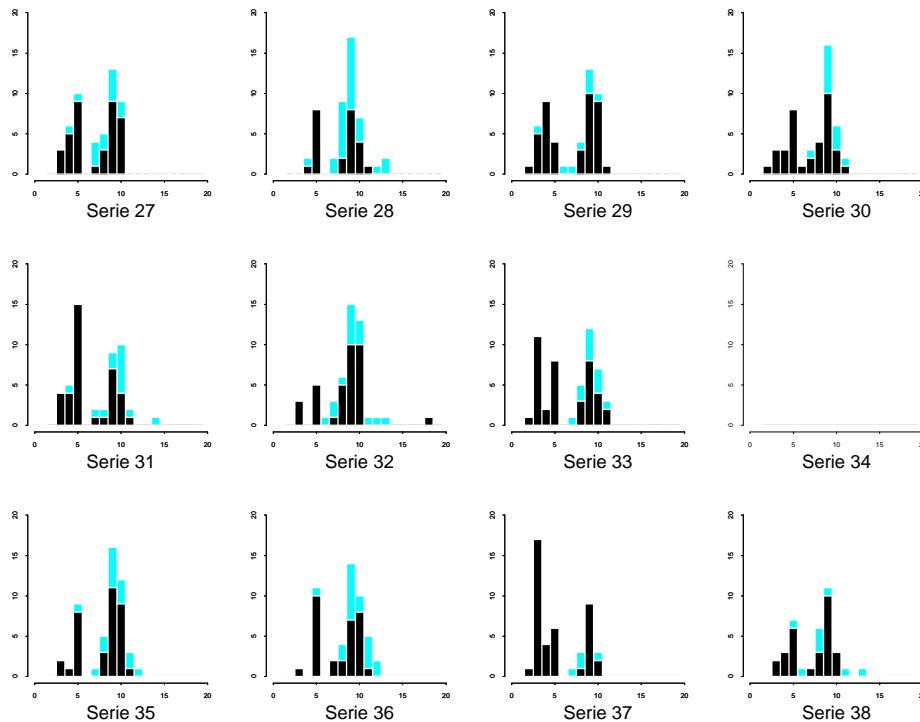
gi opphav til skjevhet i aldersfordelingene. Det ble foreslått en alternativ prosedyre for aldersbestemmelse, ved at silda enten fikk avlest eksakt alder (der dette lar seg gjøre) eller en minstealder. Vanligvis lar det seg gjøre å identifisere noen årringer, også når silda klassifiseres til lesbarhet 3. Denne måten å aldersbestemme silda på gjør at (tilnærmet) all sild kan benyttes til å estimere en aldersfordeling, men selve estimeringen må nå skje ved bruk av maksimum likelihood. Med den nye alderslesningen ble aldersfordelingen forskjøvet med 0.7 år mot eldre årsklasser (notat av Tore Schweder). I våre analyser har vi benyttet den nye metoden for aldersbestemmelse, først og fremst fordi dette utvider datagrunnlaget betydelig.

Det endelige målet med analysearbeidet er å legge et grunnlag for estimering av alders- og/eller lengdefordeling(er) med tilhørende usikkerhet, og vi ønsker å vite om slike fordelinger kan antas konstante over tid, og om de synes stedsavhengige. Datamaterialet er, som beskrevet over, samlet inn over en periode på ca 1 døgn, fra 2 lokasjoner i Ofotfjorden, og dessuten ved bruk av dobbelthal. Dvs at vi i utgangspunktet ser ut til å ha tilgang på replikatdata fordelt både i tid og rom. "Svakheten" ligger naturlig nok i at skipet bare kan være på ett sted om gangen, slik at det kan være vanskelig å skille stedseffekt fra tidseffekt, men ved å analysere skrittvis håper vi likevel å kunne si noe om begge deler.

På grunn av den spesielle måten data er hentet ut fra trålen på, er første skritt i analysene å undersøke om sild tatt ut fra luke og sild tatt fra toppen av kassa kan antas å representere den samme fordelingen, enten det nå gjelder alder eller lengde. Videre ønsker vi å undersøke om replikathalet representerer samme fordeling som initialhalet, siden de to er gjort så nær hverandre både i tid og lokasjon. Neste skritt blir å undersøke tidseffekten, ved at data fra de enkelte lokasjoner analyseres hver for seg, og til sist vil vi se på alle data samlet for å få et inntrykk av en eventuell stedseffekt.

2 Aldersfordeling

Til aldersanalysene skulle vi ideelt ha tilgjengelig 2×25 sild fra hvert trålhal. Av ulike årsaker mangler noen data, blant annet ble alle data fra trålhal 34 (replikahal ved lokasjon B) ødelagt fordi glassplatene ble vasket i saltvann. Som nevnt i innledningen benytter vi aldersregistrering med minstealder til våre analyser, fordi vi da inkluderer mer data. Data som ved tradisjonell lesning klassifiseres til lesbarhet 3 (ubestemmelig) vil ved ny metode i de fleste tilfeller kunne defineres til en minstealder, og i noen tilfeller vil data med klassifisering 2 (vanskelig) omklassifiseres fra eksakt alder til minstealder. Figur 2 viser histogrammer over aldersregistreringer, fordelt på trålhal og eksakt/minstealder.



Figur 2: *Histogrammer som viser aldersfordelingen i prøvene. Den sorte delen av histogrammene viser fordelingen blant silda med eksakt alder, mens det blå viser fordelingen av silda med minstealder. Histogrammet for serie 27 viser f.eks. at i aldersgruppe 5 er det 9 med eksakt alder og 1 med minstealder. Tallene bak histogrammet finnes i tabell 8.*

2.1 Topp-luke

Vi vil først undersøke om silda tatt fra luka ser ut til å ha en annen aldersfordeling enn silda tatt fra toppen av den kassa der innholdet i trålen tømmes. Til dette benytter vi sannsynlighetskvotetestester på data fra hvert trålhal (med unntak av hal nummer 34, der data ble ødelagt), og resultatet oppsummeres i tabell 2.1. Denne tabellen viser elementene i sannsynlighetskvoten (testobservatoren), sammen med p-verdi under to forutsetninger om antall frihetsgrader. Disse antakelsene er mer eksplisitt forklart i appendix B, men enkelt sagt står df_{\max} for en antakelse om maksimalt antall frihetsgrader og df_{med} for en antakelse om et mindre antall frihetsgrader.

Som vi ser av tabellen er det kun prøve nummer 30 som har tilstrekkelig liten p-verdi til at hypotesen om lik fordeling kan forkastes. For de øvrige prøvene er det absolutt ingen grunn til å forkaste nullhypotesen. Prosedyren for å samle inn prøver fra kassa er den samme ved alle trålhalene, og med kun én forkastet nullhypotese (blant totalt 11) føler vi oss komfortable med å godta at aldersfordelingen ikke avhenger av hvorfra i kassa silda til aldersbestemmelse hentes ut.

Prøve nr.	$-\ln(L(\mathbf{p}^*))$			Sanns.kvote	p-verdi	
	Topp	Luke	Topp+Luke		df_{\max}	df_{med}
27	41.321	29.914	74.453	6.4357	0.8428	0.4899
28	27.934	21.755	54.378	9.3770	0.5871	0.4032
29	39.204	40.061	82.518	6.5067	0.8375	0.6883
30	35.196	40.903	85.838	19.4792	0.0530	0.0214
31	41.759	33.450	81.789	13.1605	0.2830	0.2148
32	34.023	36.787	72.753	3.8859	0.9731	0.9523
33	39.621	37.666	84.220	13.8650	0.2406	0.1272
35	37.199	31.041	72.409	8.3388	0.6827	0.5004
36	30.997	35.199	71.295	10.1976	0.5127	0.1166
37	36.598	28.938	67.956	4.8407	0.9386	0.5644
38	33.728	21.964	58.196	5.0094	0.9307	0.6588

Tabell 1: Tabell over sannsynlighetskvotetester. \mathbf{p}^* står for ML-estimatoren.

2.2 Initial-replikat

Vi har nå akseptert at alle aldersprøver fra ett trålhal kan benyttes til å estimere aldersfordelingen for gitt tid og sted. Neste skritt blir å undersøke om initialhalet og replikathalet representerer samme fordeling, siden disse er gjort ved tilnærmet samme lokasjon og innen et svært kort tidsrom. Igjen benytter vi sannsynlighetskvotetest på likelihood for ny aldersavlesning, og resultatet er oppsummert i tabell 2. Med normalt signifikansnivå 5% blir ingen av hypotesene forkastet under df_{\max} -antakelsen, selv om vi har et par små p-verdier. Under antakelsen om færre frihetsgrader får vi derimot forkastning i 3 av 5 tester, slik at resultatet faktisk blir svært avhengig av hvilke antakelser vi legger til grunn. Hovedinntrykket blir at aldersfordelingen har en tendens til å variere noe fra trålhal til trålhal, også når disse er gjort med kort avstand både i tid og lokasjon. Hvorfor det er slik blir mest spekulasjon, men her er noen mulige forklaringer:

- Aldersfordelingen varierer med sted, og selv små forflytninger i lokasjon kan føre til signifikante endringer i aldersfordeling.
- Aldersfordelingen varierer raskt med tiden (dvs silda flytter på seg), slik at også korte tidsforskjeller som 1 time fører til at aldersfordelingen i silda på gitt lokasjon er endret.
- Silda blir påvirket av første trålhal, og det skjer en forflytning som igjen påvirker alderssammensetningen før neste trålhal gjøres. Hvis dette er årsaken, vil det kun være initialhalet som representerer den sanne fordelingen på aktuelt tid og sted.

Siden vi ikke kan trekke noen sikker konklusjon av denne testen, vil vi i deler av det resterende også gjennomføre tester der replikathalet er utelatt fra datamaterialet.

Lokasjon	Besøk	Sanns.kvot	P-verdi		
			df_{\max}	df_{med}	df_{\min}
A	1	16.592	0.1205	0.0839	0.0202
	2	18.940	0.0622	0.0410	0.0410
	3	6.571	0.8327	0.6817	0.6817
B	1	11.187	0.4277	0.2631	0.2631
	2	–	–	–	–
	3	19.527	0.0523	0.0523	0.0067

Tabell 2: *Sannsynlighetskvotetester for aldersfordeling innen besøk ved hver lokasjon.*

2.3 Tid

For å undersøke tidsavhengighet vil vi sammenligne aldersfordelinger ved samme lokasjon til forskjellig tid. Vi har data fra 2 lokasjoner, og fra 3 besøk ved hvert sted. På grunn av usikker konklusjon i forrige avsnitt, vil vi gjennomføre tester basert kun på initialhalet og basert på både initial- og replikathal.

Vi har dermed 3 målinger fra hver lokasjon, og det er ca 8 timer mellom hver av de tre målingene. La \mathbf{p}_1 , \mathbf{p}_2 og \mathbf{p}_3 være de sanne aldersfordelingene på de tre tidspunktene. Vi ønsker å teste om de tre fordelingene kan antas å være like, og kan velge mellom 2 typer test: Teste alle tre i en felles test eller teste parvis. Strategien med parvise tester betyr at følgende tester skal gjennomføres:

$$\begin{aligned} H_0^{(1)} : \mathbf{p}_1 &= \mathbf{p}_2 \\ H_0^{(2)} : \mathbf{p}_2 &= \mathbf{p}_3 \\ H_0^{(3)} : \mathbf{p}_1 &= \mathbf{p}_3, \end{aligned}$$

mens trippeltesten betyr å teste følgende:

$$H_0 : \mathbf{p}_1 = \mathbf{p}_2 = \mathbf{p}_3.$$

Resultatene er oppsummert i tabell 3, og som vi ser er det liten grunn til å forkaste hypotesen om lik fordeling. Vi får én signifikant P-verdi, ved test av $H_0^{(3)}$ under df_{\min} -antakelsen og med kun initialhalet som grunnlagsdata. Ingen av trippeltestene gir grunn til å forkaste hypotesen om lik aldersfordeling.

2.4 Sted

Vi har nå funnet at våre data ikke gir grunn til å påstå at aldersfordelingen ved en gitt lokasjon endres i løpet av et tidsrom på ca 17 timer (som er tilnærmet tidsavstand mellom første og tredje besøk). Er det grunn til å tro at aldersfordelingen er stedsavhengig? Figur 3 viser histogrammer over aldersfordelingen på de to lokasjonene. Den blå delen av histogrammene viser antall sild med registrert minstealder i aktuelt intervall. Histogrammene viser både likheter og ulikheter mellom de to empiriske for-

Lokasjon	Test	Alle data			Kun initialhal		
		Sanns.kvote	P-verdi		Sanns.kvote	P-verdi	
			df_{\max}	df_{\min}		df_{\max}	df_{\min}
A	$H_0^{(1)}$	3.765	0.9763	–	9.031	0.6190	0.2504
	$H_0^{(2)}$	5.089	0.9267	–	9.802	0.5483	0.3668
	$H_0^{(3)}$	6.502	0.8379	–	10.077	0.5235	0.1843
	Trippel	10.128	0.9851	–	17.950	0.7089	0.3268
B	$H_0^{(1)}$	11.731	0.3842	0.2289	11.079	0.4367	0.2703
	$H_0^{(2)}$	9.636	0.5634	0.3807	10.094	0.5220	0.2585
	$H_0^{(3)}$	16.739	0.1158	0.1158	16.283	0.1309	0.0385
	Trippel	25.662	0.2665	0.1077	24.869	0.3034	0.0977

Tabell 3: *Sannsynlighetskvotetest for tidsavhengighet i aldersfordeling. df_{\max} er 11 for de tre første testene og 22 for trippeltesten.*

delingene. Begge er tydelig delt i to, det er (nesten) ingen med alder 6 og 7 i noen av prøvene. Dette skyldes sannsynligvis svake årsklasser, og vil da naturlig nok gi utslag uansett hvorfra i fjordsystemet prøvene blir hentet opp. Videre ser vi at det er flere sild med registrert minstealder ved lokasjon A enn ved B, 33% ved A mot 18% ved B, og hovedinntrykket er at silda ved lokasjon A i gjennomsnitt er eldre.

For å teste dette setter vi igjen opp en sannsynlighetskvotetest:

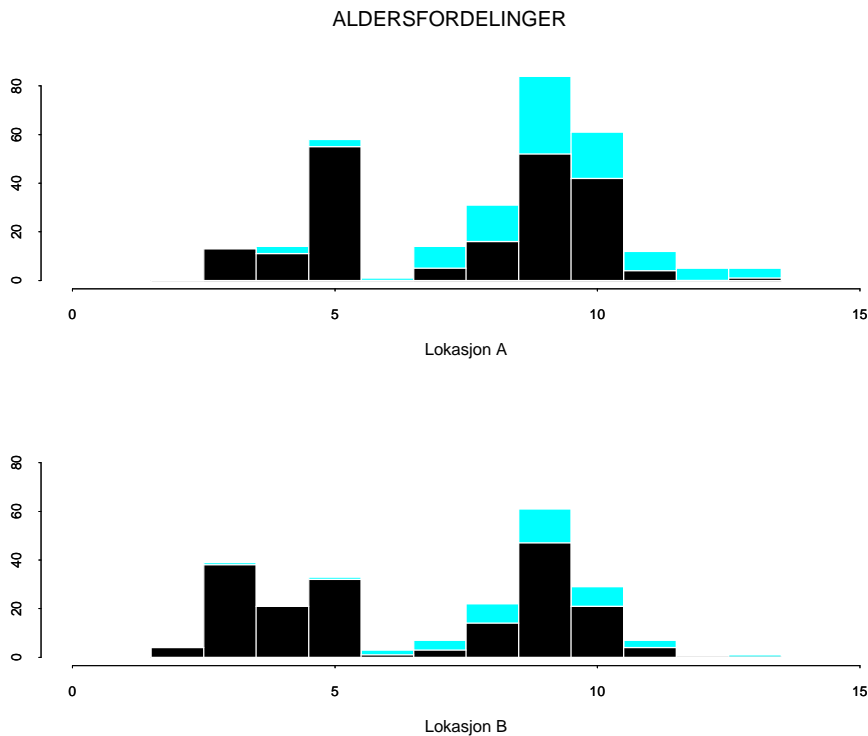
$$H_0 : \mathbf{p}_A = \mathbf{p}_B,$$

og på grunn av resultatene fra de foregående avsnittene kan vi betrakte alle data fra en lokasjon som ett (representativt) datasett herfra. Resultatet blir en sannsynlighetskvote på hele 53.8 (p -verdi $< 10^{-6}$), slik at testen bekrefter inntrykket fra histogrammene – de to aldersfordelingene ser ut til å være forskjellige.

3 Lengdefordeling

Når det gjelder lengdemålinger har vi i utgangspunktet tilgang til dobbelt så mye data som når det gjelder alder, siden bare halvparten av silda ble aldersbestemt. Før vi tar fatt på hovedproblemstillingene, ønsker vi imidlertid å sammenligne lengdefordelinger fra det aldersbestemte materialet med fordelinger fra den delen av data som ikke er aldersbestemt. Vi kan ikke uten videre anta at sild til aldersbestemmelse er representativt plukket ut.

Lengdemålingen er avrundet til nærmeste 5mm, minste registrerte lengde er 200mm og største er 395mm, slik at vi i utgangspunktet har svært mange lengdegrupper å forholde oss til. Dette betyr igjen at antall parametre blir stort, og dessuten vil vi få mange lengdegrupper uten målinger i flere av testsituasjonene. Første problem blir dermed å definere et passende antall lengdegrupper, og vi velger å lage 10mm intervaller samt innføre “plussgrupper” i begge ender ved å samle alle de små i gruppen 265– og alle de store i 370+.



Figur 3: Histogrammer som viser aldersfordelingen i prøvene, fordelt på de to lokasjonene. Den sorte delen av histogrammene viser fordelingen blant sild med eksakt alder, mens det blå viser fordelingen av sild med minstealder. Tallene bak histogrammene kan utledes fra tabell 8.

3.1 Aldersbestemt-ikke aldersbestemt

Vi begynner dermed med å teste om sild som er plukket ut til aldersbestemmelse kan antas å komme fra samme populasjon som resten. I tabell 9 er datamaterialet listet opp, sammen med resultatet av testene (vanlige sannsynlighetskvotetestet på multinomiske data). Antall frihetsgrader i sammenligningsfordelingen defineres etter 2 strategier, df_{\max} der alle kategorier antas tilgjengelig og df_{med} der antall kategorier begrenses ut fra minste og største som er representert i de to aktuelle datasettene. Eks: Lukedata fra prøve 35. Her er minste kategori 290 og største kategori er 370+, slik at $df_{\text{med}}=8$. Som vi ser er det liten grunn til å tro at de to datasettene representerer ulike aldersfordelinger. Vi har bare en klar forkastning av likhetshypotesen (sild tatt fra toppen av kassa i trålhal 33), og dette er som forventet med testnivå 5%. Vi kan dermed konkludere med at silda som er plukket ut til aldersbestemmelse ikke skiller seg fra resten av prøvene, i det minste når det gjelder lengdefordeling. I de neste avsnittene vil vi derfor benytte alle lengdeprøvene i testene, slik at datamaterialet består av 100 sild fra hvert trålhal (50 fra luka og 50 fra toppen av kassa).

Prøvenummer	Sannsynlighetskvote	P-verdi		
		df_{\max}	df_{med}	df_{\min}
27	7.162	0.7858	0.7101	0.5193
28	4.378	0.9575	0.8215	0.7354
29	7.433	0.7630	0.7630	0.6840
30	17.893	0.0841	0.0568	0.0568
31	7.529	0.7548	0.7548	0.6747
32	10.143	0.5176	0.2551	0.1188
33	8.261	0.6898	0.6898	0.6034
34	21.546	0.0281	0.0281	0.0176
35	13.495	0.2622	0.0959	0.0609
36	10.688	0.4698	0.1528	0.0579
37	7.133	0.7882	0.7882	0.6233
38	12.624	0.3186	0.3186	0.1804

Tabell 4: *Tester lengdefordeling for sild tatt fra luka mot lengdefordeling for sild tatt fra toppen av kassa.*

3.2 Topp-luke

Vi fant i avsnitt 2.1 at sild tatt fra luka og sild tatt fra toppen av kassa kan antas å ha samme aldersfordeling. Nå er det grunn til å tro at en eventuell seleksjon heller er basert på størrelse enn alder, f.eks. ved at de “store og tunge” synker nedover, eller alternativt at de små glir innimellom de store. Vi ønsker derfor en ny test på prøver tatt fra luka mot prøver tatt fra toppen av kassa, og denne gangen er det størrelse (dvs lengde) som er gjenstand for testen. Testmetoden er den samme, enkle sannsynlighetskvotetester basert på multinomiske fordelinger. Datamaterialet er gitt i tabell 9, men nå skiller vi ikke lenger mellom aldersbestemt og ikke aldersbestemt utvalg. Resultatene er oppsummert i tabell 4, og vi ser at det kun er i ett tilfelle (prøve 34) at vi får forkastning på 5% nivå. Med df_{\min} -strategien får vi i tillegg 3 små P-verdier (prøvene 30, 35 og 36), men vi er fremdeles i en situasjon med relativt lite data slik at denne strategien antakelig er for streng. Siden metodikken for utvelgelse av sildeprøvene er den samme ved alle trålhalene, og siden det kun er denne ene klart forkastede testen, ser vi ingen grunn til å tro at lengdefordelingen avhenger av hvorfra i kassa prøven er hentet ut.

På det nåværende tidspunkt i prosessen kan vi konkludere med at samplingsprosedyren på dekk er god, og ikke skaper skjevheter i datamaterialet.

3.3 Initial-replikat

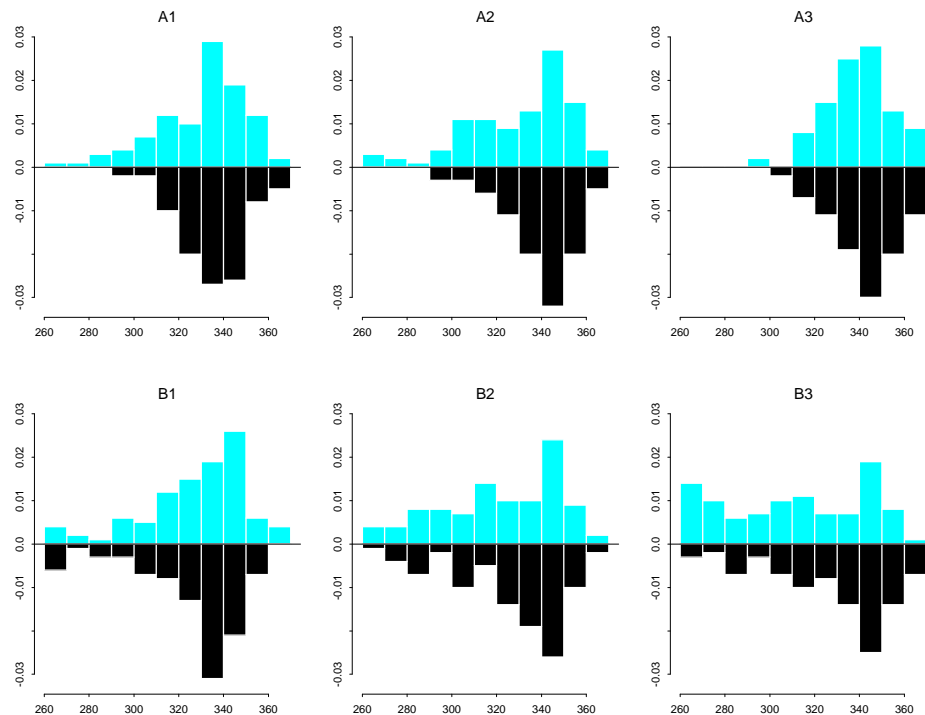
I avsnitt 2.2 fant vi en mulig, men usikker, forskjell i aldersfordeling mellom initialhalet og replikathalet. Det viser seg at resultatene for lengdefordelinger er relativt sammenfallende (tabell 5), vi får forkastning av likhetshypotesen i 2 av 6 tester. Årsakene kan være flere, og antakelig den/de samme som for aldersfordelingene. Det er dermed ikke opplagt hvilken konklusjon vi skal trekke, og i det etterfølgende vil vi gjøre som med alderstesting, å teste både med fullt (initial og replikat) og redusert (kun initial) datagrunnlag.

Lokasjon	Besøk	Sanns.kvot	P-verdi	
			df_{\max}	df_{med}
A	1	16.406	0.1267	0.0886
	2	20.648	0.0372	0.0372
	3	6.758	0.8183	0.5630
B	1	12.651	0.3167	0.3167
	2	8.271	0.6888	0.6888
	3	33.505	0.0004	0.0004

Tabell 5: *Sannsynlighetskvotetester for lengdefordeling innen besøk ved hver lokasjon.*

3.4 Tid

Figur 4 viser empiriske fordelinger fra hvert besøk ved de to lokasjonene, lokasjon A i øverste del og lokasjon B i nederste del. Det ser ut til at disse fordelingene endres over tid, men er disse endringene signifikante? Parallellt som i avsnitt 2.3 tester vi både parvis og alle tre fordelingene samlet, slik at vi får 4 tester ved hver av de to lokasjonene. Testprosedyren er igjen en vanlig sannsynlighetskvotetest basert på multinomiske fordelinger, og vi deler opp hver test i to alternativer: En test med fullt datagrunnlag ut fra antakelsen om lik fordeling i de to replikathalene, og en test med redusert datagrunnlag ut fra antakelsen om ulik fordeling i de to replikathalene. Resultatet er oppsummert i tabell 6, og vi ser at $H_0^{(1)}$ -hypotesene ikke blir forkastet, men at alle de øvrige blir det. $H_0^{(1)}$ tester første mot andre besøk, så tabellen forteller at det ikke er signifikant endring i lengdefordeling fra første til andre besøk ved noen av lokasjonene, men at det har skjedd en endring før det tredje besøket.



Figur 4: Histogrammer som viser lengdefordelingen i prøvene. Den blå delen av histogrammene representerer fordelingen i initialhalet, mens den sorte delen viser replikaten. Tallene bak kan utledes fra tabell 9.

3.5 Sted

Ved å sammenligne histogrammene i figur 4 er det ingen tvil om at lengdefordelingene ved de to lokasjonene er svært ulike. Det er imidlertid vanskelig å teste om forskjellen er signifikant, siden vi også har en utvikling over tid og vi bare har data fra en lokasjon ved hvert tidspunkt. Imidlertid, siden vi tidligere har funnet at aldersfordelingen synes stedsavhengig er det all mulig grunn til å anta at også lengdefordelingen vil være det. Histogrammene i figur 4 er i så måte en bekreftelse.

4 Gjennomsnittlig kvadrat lengde $\overline{l^2}$

Ut fra resultatene i de foregående avsnittene ser det ut til at lengdefordelingen varierer over tid, og mest sannynlig også med posisjon. En viktig størrelse i bestandsberegningene er gjennomsnittlig kvadrat lengde, $\overline{l^2}$, og hvis lengdefordelingen varierer kan dette virke inn på resultatet. Figur 5 viser gjennomsnittlig kvadrat lengde som en funksjon av tid og sted. Som vi ser er alle verdiene målt ved lokasjon A større enn noen verdi målt ved lokasjon B. Dette er nok en indikasjon på stedsavhengighet. Ved A er alltid $\overline{l^2}$ -verdien ved replikathalet høyere enn ved initialhalet, og verdien ser også ut til å være

Lokasjon	Test	Alle data			Kun initialhal		
		Sanns.kvote	P-verdi		Sanns.kvote	P-verdi	
			df_{\max}	df_{\min}		df_{\max}	df_{\min}
A	$H_0^{(1)}$	15.613	0.1561	0.1113	10.839	0.4568	0.3702
	$H_0^{(2)}$	23.890	0.0132	0.0024	22.855	0.0185	0.0036
	$H_0^{(3)}$	35.744	0.0002	–	22.896	0.0183	0.0035
	Trippel	49.839	0.0006	–	37.225	0.0223	0.0049
B	$H_0^{(1)}$	21.374	0.0297	0.0297	13.151	0.2836	0.2836
	$H_0^{(2)}$	19.109	0.0592	0.0592	22.961	0.0179	0.0179
	$H_0^{(3)}$	25.774	0.0070	–	33.406	0.0005	–
	Trippel	42.928	0.0048	–	45.451	0.0023	–

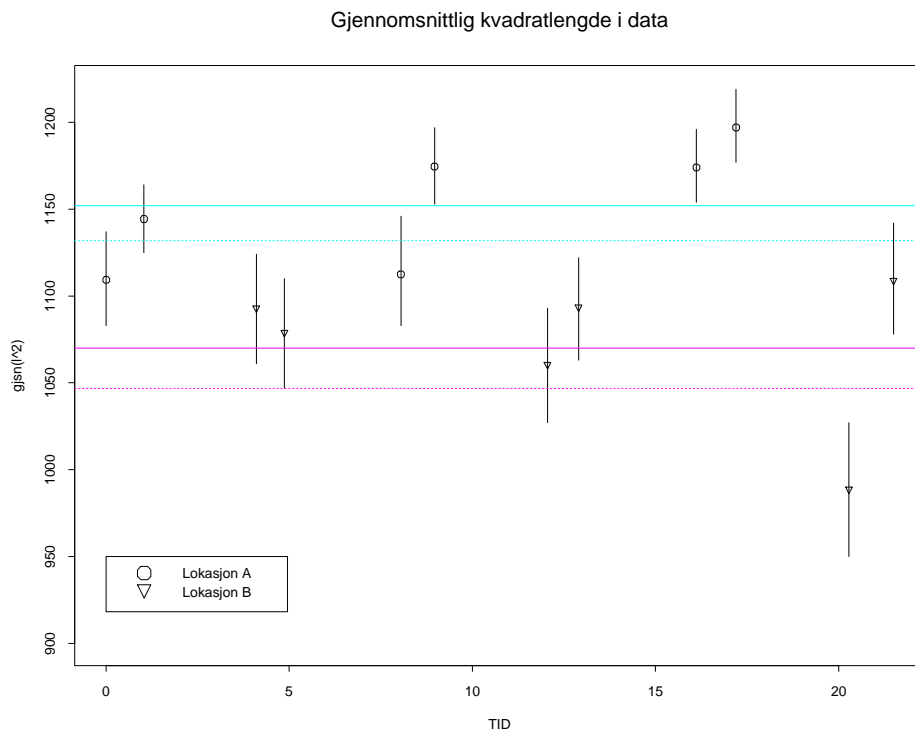
Tabell 6: *Sannsynlighetskvotetestet for tidsavhengighet i lengdefordeling. df_{\max} er 11 for alle partester, og 22 for begge trippeltestene. df_{\min} er hhv 10, 8 og 8 for partestene ved lokasjon A, for de øvrige testene er $df_{\min} = df_{\max}$.*

voksende med tiden. En årsak til det første kan være at silda blir forstyrret av trålen, og at liten sild har en større tendens til unnvikelse enn stor sild. Konfidensintervallene i figuren viser at det er signifikante forskjeller mellom de estimerte verdiene, siden det ikke finnes noe delintervall som er inneholdt i alle de 12 konfidensintervallene.

Mengde data		Antall datasett
600/1200	A1B1A2B2A3B3 (alle)	1
500/1000	A1B1A2B2A3, B1A2B2A3B3	2
400/800	A1B1A2B2, B1A2B2A3, A2B2A3B3	3
300/600	A1B1A2, B1A2B2, A2B2A3, B2A3B3	4
200/400	A1B1, B1A2, A2B2, B2A3, A3B3	5
300/600	A1A2A3, B1B2B3	2
200/400	A1A2, A2A3, B1B2, B2B3	4

Tabell 7: *Ulike måter å plukke data til estimering av \bar{l}^2 . De øverste 5 linjene er basert på at datasettene skal være samlet etter hverandre i tid, mens i de 2 siste er alle data fra samme sted. Mengde data står for antall lengdemålinger, initial/initial+replikat.*

Nå er resultatene så langt basert på små datamengder, men vi ser indikasjoner på at \bar{l}^2 -verdien kan synes avhengig av både tid og sted. For å belyse dette ytterligere, vil vi benytte større delmengder av data til estimering. Tabell 7 summerer opp de ulike delmengdene, og for hver delmengde estimerer vi basert på initialhal alene og basert på begge replikatene. Konfidensintervallene er estimert ved hjelp av ikke-parametrisk bootstrap, og metoden er beskrevet i appendix C. Vi gjennomfører dette både med enkel og dobbel sampling:



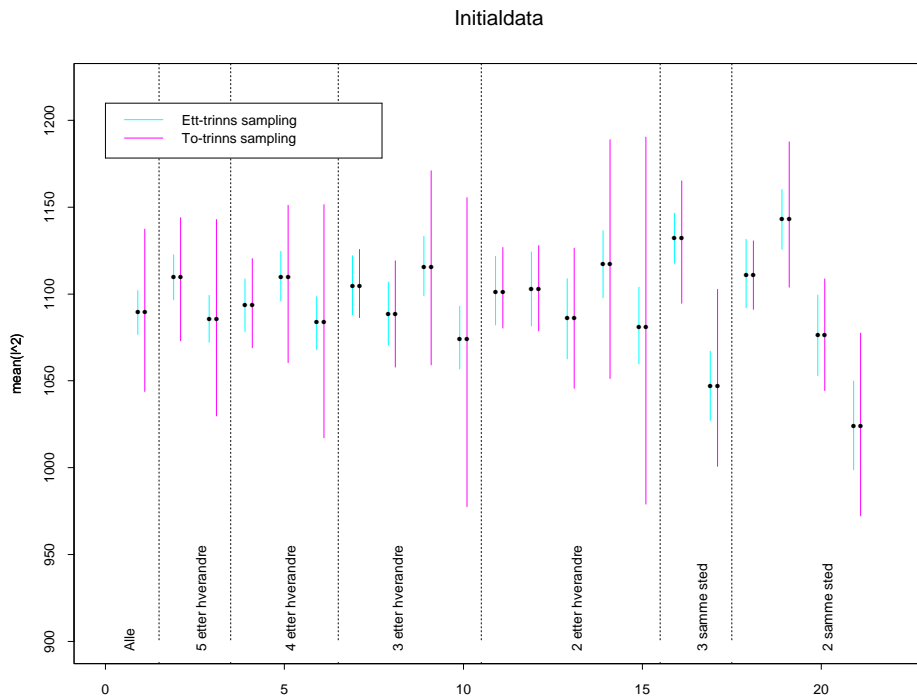
Figur 5: Gjennomsnittlig kvadratlenge etter tid og lokasjon. Tidsaksen måler anvendt tid i timer fra første trålhal. De øverste horisontale linjene er gjennomsnittlig kvadratlenge for alle lengdeprøver tatt ved lokasjon A (heltrukket) og for alle initial-lengdeprøver (stiplet). De to nederste linjene er tilsvarende for B. De vertikale linjene indikerer 95% konfidensintervaller basert på 1000 bootstrapsampler, se appendix C for metode.

Enkel sampling. Vi velger en aktuell delmengde av data, f.eks. alle målinger gjort ved lokasjon A. Alle lengdemålinger slås sammen til en lengdevektor, som det bootstrappes fra.

Dobbel sampling. Igjen velges aktuell delmengde av data, men nå betraktes hvert trålhal som en separat enhet. Først samples det trålhal, og siden samples det fra disse trålhalenes lengdevektor.

Resultatene med kun initial er oppsummert i figur 6. Som vi ser er det stor variasjon både når det gjelder selve estimatet (\bar{l}^2) og når det gjelder bredden på konfidensintervallet. Stedsavhengigheten kommer tydelig fram når data er hentet fra samme lokasjon, det er store forskjeller mellom estimatverdiene og knapt noen overlapp av konfidensintervallene. Figuren viser også at mye av usikkerheten ligger i datasettet, dvs kombinasjonen tid-og-sted. Ved 2-trinns sampling øker bredden av konfidensintervallet dramatisk, spesielt når det er data fra begge lokasjonene inkludert.

Ved å inkludere både initialdata og replikatdata blir bredden på konfidensintervallet mindre, ved enkel sampling reduseres bredden med ca 35% og ved 2-trinns sampling med ca 10% i gjennomsnitt. Alle tall finnes forøvring i tabellene 10 og 11 i appendix. I



Figur 6: 95% konfidensintervaller for gjennomsnittlig kvadrat lengde, for ulike datagrunnlag. Vertikal enhet er cm^2 , og tallgrunnlaget finnes i tabellene 10 og 11.

disse tabellene finnes også standardavvik og variasjonskoeffisienter basert på bootstrap-verdiene.

5 Oppsummering

Vi har funnet at aldersfordelingen synes stedsavhengig, men ikke tidsavhengig. Videre ser det ut til at aldersfordelingen ved et replikathal har en tendens til å skille seg fra fordelingen ved initialhalet. Den mest sannsynlige forklaringen er at silda reagerer på trålhalet, og at reaksjonen er aldersavhengig. Nå har vi også påvist en viss stedsavhengighet i materialet, så en alternativ forklaring kan være at stedsavhengigheten er svært lokal siden skipets posisjon er endret fra initialhalet til replikaten. Ut fra resultatene når det gjelder lengde, hvor vi med ett unntak ser at gjennomsnittslengden er større i replikathalet enn i initialhalet, tror vi imidlertid mest på den første forklaringen.

Lengdefordelingen synes både tids- og stedsavhengig. Tidstestene viser at fordelingen ved tredje besøk ved en lokasjon er signifikant forskjellig fra begge de to øvrige fordelingene (som forøvrig kan antas like). De to første besøkene er gjort i løpet av ettermiddag og natt, mens siste besøk er gjort morgen/formiddag. Den observerte tidsavhengigheten i data kan dermed være en del av døgnvariasjonen – og at silda fordelte seg annerledes i morgentimene enn ellers på døgnet uansett lokasjon. Vi finner at lengdefordelingen endrer seg fra initialhalet og til replikathalet, og som nevnt over

finner vi det mest sannsynlig at dette er en reaksjon på trålingen. Vi finner også sterke indikasjoner på stedsavhengighet i lengdefordelingen.

Siden vi har funnet at lengdefordelingen varierer både med tid og sted, er det relativt opplagt at \bar{l}^2 vil være følsom for hvor og hvordan datagrunnlaget er hentet inn. Vi har sett at mye (det meste?) av usikkerheten i estimatoren ligger i faktorene tid og sted. Dette betyr at man bør forsøke å stratifisere både med hensyn på tid og sted når det skal tas trålprøver ved en seinere anledning. Man bør f.eks. passe på at det ikke blir en stor overvekt av data fra spesielle tider på døgnet, mens en stratifisering på sted fortrinnsvis bør avhenge av eventuell romlig struktur i lengdefordelingen. En slik romlig struktur er ikke kjent, men noe informasjon er det kanskje mulig å hente ut ved å studere romlige korrelogram.

I løpet av analysene har vi også verifisert at samplingsprosedyren på dekk fungerer bra, og ikke gir opphav til synlige skjevheter i datamaterialet, verken når det gjelder alders- eller lengdefordeling.

Appendix

A Likelihoodfunksjoner

Aldersfordeling basert på tradisjonell alderlesning og lengdefordeling har samme type likelihoodfunksjon, siden det i begge tilfeller dreier seg om empiriske fordelinger der silda er klassifisert til alderskategorier eller lengdeintervaller.

La antall sild være N , og la $\mathbf{p} = (p_1, p_2, \dots, p_{\max})$ være alders- (eller lengde-) fordelingen i den delen av bestanden som prøven representerer. La videre s_i være “klassifiseringen” til sild nummer i , da er likelihood for fordelingen gitt ved:

$$L(\mathbf{p}) = \prod_{i=1}^N p_{s_i} = \prod_{j=1}^{\max} p_j^{Y_j}, \quad (1)$$

der Y_j er antall sild (blant de N) som er klassifisert til “intervall” j .

Når det gjelder aldersfordeling etter den nye leseprosedyren vil denne ha en annen likelihoodfunksjon. En sild med avlest eksakt alder bidrar i likelihoodfunksjonen på samme måte som etter den tradisjonelle metoden. Forskjellen ligger i at nå vil også de sild som ikke får registrert eksakt alder bidra til likelihood, og bidraget blir $1 - F(a)$ der a er registrert minstealder og F er kumulativ aldersfordeling i bestanden.

Aldersdata etter ny leseprosedyre er gitt i form av en vektor: $X_i = (A_i, D_i)$, der A_i er den registrerte alder og D_i er indikator for minstealder (dvs at $D_i = 1$ hvis den registrerte alder er minstealder og 0 ellers). Likelihoodfunksjon for aldersdata etter ny leseprosedyre blir dermed:

$$L(\mathbf{p}) = \prod_{i=1}^N \left\{ p_{a_i}^{1-d_i} (1 - F(a_i))^{d_i} \right\} = \prod_{i=1}^N \left\{ p_{a_i}^{1-d_i} \left(\sum_{a \geq a_i} p_a \right)^{d_i} \right\}, \quad (2)$$

Sammenlignet med tradisjonell aldersbestemmelse vil det være minst like mye data, slik at $N_{ny} \geq N_{trad}$.

B Sannsynlighetskvotetest

I dette notatet tester vi om fordelingene i to (eller flere) deler av et datamateriale kan antas like. La \mathbf{p}_A og \mathbf{p}_B være fordelingene i de to delene av datamaterialet. Vi tester følgende:

$$H_0 : \quad \mathbf{p}_A \equiv \mathbf{p}_B \equiv \mathbf{p},$$

mot alternativet

$$H_1 : \quad \mathbf{p}_A \neq \mathbf{p}_B.$$

Under nullhypotesen er likelihoodfunksjonen gitt ved $L(\mathbf{p})$ der \mathbf{p} er den felles alders- eller lengdefordelingen, mens under alternativet er likelihoodfunksjonen gitt ved $L(\mathbf{p}_A) \cdot L(\mathbf{p}_B)$. Funksjonen L er gitt ved en av ligningene (1) eller (2) definert tidligere. Sannsynlighetskvoten er definert ved

$$\lambda = \frac{L(\mathbf{p})}{L(\mathbf{p}_A)L(\mathbf{p}_B)}, \quad (3)$$

og vår testobservator er $-2 \ln \lambda$, der de ukjente parametrene er erstattet av sine maksimum-likelihood-estimatorer. Ved testing sammenlignes med χ^2 -fordelingen med antall frihetsgrader lik forskjellen i antall ukjente under de to hypotesene. Et problem i så måte er at antall ukjente ikke er presistdefinert, verken under nullhypotesen eller alternativet. I prinsippet er det en parameter for hver alders- eller lengde-gruppe, med eneste restriksjon $\sum_s p_s \equiv 1$. For alder defineres grupperingen enkelt, men hvordan definere yngste og eldste gruppe ut fra et (tross alt) relativt lite datamateriale? Når det gjelder lengdegrupper, er målingen avrundet til nærmeste 5 mm. Igjen kommer vi opp i problemet med hvordan første og siste gruppe skal defineres, i tillegg til at antall parametre fort blir veldig stort (sett i forhold til mengden data) hvis hver 5mm gruppe definerer et eget intervall. Løsningen på disse spørsmålene kan være avgjørende for resultatet av testingen i enkelte tilfeller, siden den påvirker antall frihetsgrader i sammenligningsfordelingen. Vi har valgt å benytte aldersgruppe 2 som yngste alder, og innført en plussgruppe, 13+, som eldste. Når det gjelder lengdegruppering, har vi innført “plussgrupper” i begge ender: 265– og 370+, og dessuten grupperer i 10mm intervaller for å begrense antall parametre. For hver enkelt test har vi definert 2 eller 3 alternative strategier når det gjelder frihetsgrader, og testresultatene basert på disse blir presentert i dette notatet:

- df_{\max} . Antall kategorier er gitt ved vår definisjon av alders- eller lengde-grupper.
- df_{med} . Antall kategorier er gitt ved spennet i det samlede datamaterialet som inngår i testen.
- df_{\min} . Antall kategorier er gitt ved spennet i hvert datasett separat.

Som et eksempel, la oss se på lengdedata fra prøve 27 i testen av lukefordeling mot toppfordeling i tabell 9. Følgende tabell gir antall frihetsgrader under de 3 strategiene:

Strategi	H_1		H_0	Observator
	Topp	Luke	Topp + Luke	
df_{\max}	11	11	11	$11+11-11 = 11$
df_{med}	10	10	10	$10+10-10 = 10$
df_{\min}	10	8	10	$10+8-10=8$

Ved lite data, f.eks. når vi tester lengdefordelinger i aldersbestemt utvalg mot ikke aldersbestemt utvalg, er det lite hensiktsmessig å benytte df_{\min} -strategien. Dette fordi at med lite data vil neppe de små utvalgene favne spennet i populasjonen, og strategien føles feil.

C Konfidensintervaller ved bootstrap

La \mathbf{X} være et datasett med fordeling $h(\theta)$. La videre $\hat{\theta} = f(\mathbf{X})$ være testobservator for θ . Vi har B bootstrap-sampler: $\mathbf{X}_1^*, \mathbf{X}_2^*, \dots, \mathbf{X}_B^*$ med tilhørende observator-verdier $\theta_1^*, \theta_2^*, \dots, \theta_B^*$, og vil benytte disse til å lage et konfidensintervall for θ .

Utgangspunktet for et slikt intervall er en antakelse om at fordelingen til $\hat{\theta} - \theta$ speiles av fordelingen til $\theta_i^* - \hat{\theta}$, dvs at disse har tilnærmet samme fordeling.

La $[L, U] = [L(\mathbf{X}), U(\mathbf{X})]$ være et $100(1 - \alpha)\%$ konfidensintervall for θ . Antakelsen om speiling av fordeling gir

$$\begin{aligned}\Pr(L < \theta < U) &= 1 - \alpha \\ \Leftrightarrow \Pr(L^* < \hat{\theta} - \theta < U^*) &= 1 - \alpha \\ \Leftrightarrow \Pr(L^* < \theta_i^* - \hat{\theta} < U^*) &= 1 - \alpha \\ \Leftrightarrow \Pr(L^* + \hat{\theta} < \theta_i^* < U^* + \hat{\theta}) &= 1 - \alpha\end{aligned}$$

Dette betyr at $L^* + \hat{\theta}$ og $U^* + \hat{\theta}$ er hhv nedre og øvre $\alpha/2$ -fraktil i fordelingen til bootstrap-observatoren θ_i^* , og disse kan vi finne basert på $\theta_1^*, \theta_2^*, \dots, \theta_B^*$ så fremt B er tilstrekkelig stor. Dette betyr at

$$(2\hat{\theta} - k_{1-\alpha/2}, 2\hat{\theta} - k_{\alpha/2}) \tag{4}$$

der $k_{1-\alpha/2}$ og $k_{\alpha/2}$ er hhv øvre og nedre $\alpha/2$ -fraktil i bootstrapfordelingen til θ^* , utgjør et (tilnærmet) $100(1 - \alpha)\%$ konfidensintervall for θ .

D Tabeller

Prøve	Alder											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13+
27-T	0	3+0	2+0	4+0	0	1+1	2+1	5+2	4+0	0	0	0
27-L	0	0	3+1	5+1	0	0+2	1+1	4+2	3+2	0	0	0
28-T	0	0	1+1	2+0	0	0	2+4	5+4	1+1	1+0	0+1	0+1
28-L	0	0	0	6+0	0	0+2	0+3	3+5	3+2	0	0	0+1
29-T	0	1+0	4+0	2+0	0+1	0	2+0	5+2	6+1	1+0	0	0
29-L	1+0	4+1	5+0	2+0	0	0+1	1+1	5+1	3+0	0	0	0
30-T	0	0	2+0	6+0	0	1+0	0	7+3	3+2	0+1	0	0
30-L	1+0	3+0	1+0	2+0	1+0	1+1	4+0	3+3	0+1	1+0	0	0
31-T	0	2+0	4+1	7+0	0	0	1+0	4+0	3+2	0	0	0+1
31-L	0	2+0	0	8+0	0	1+1	0+1	3+2	1+4	1+1	0	0
32-T	0	1+0	0	2+0	0	0+1	3+0	5+3	4+3	0+1	0+1	1+0
32-L	0	2+0	0	3+0	0+1	1+1	2+1	5+2	6+0	0	0	0+1
33-T	1+0	6+0	0	4+0	0	0	3+2	1+2	2+2	1+1	0	0
33-L	0	5+0	2+0	4+0	0	0+1	0	7+2	2+1	1+0	0	0
34-T												
34-L												
35-T	0	0	1+0	6+0	0	0	1+1	5+1	7+1	1+0	0+1	0
35-L	0	2+0	0	2+1	0	0+1	2+1	6+4	2+2	0+2	0	0
36-T	0	0	0	4+1	0	0	2+2	5+2	3+2	0+3	0+1	0
36-L	0	1+0	0	6+0	0	2+0	0	2+5	5+0	1+1	0+1	0
37-T	1+0	9+0	3+0	2+0	0	0+1	1+0	5+0	1+0	0	0	0
37-L	0	8+0	1+0	4+0	0	0	0+2	4+0	1+1	0	0	0
38-T	0	2+0	2+0	4+0	0+1	0	1+2	6+1	2+0	0	0	0+1
38-L	0	0	1+0	2+1	0	1+0	2+1	4+0	1+0	0+1	0	0

Tabell 8: Aldersregistrering, eksakt+minstealder, fordelt på prøve og uttakssted (T er topp og L luke).

Lengde		265-	270	280	290	300	310	320	330	340	350	360	370+	S.kvote	P-verdi	
															df_{\max}	df_{med}
27	Topp	0	1	1	0	2	2	2	5	9	2	1	0	14.516	0.2057	0.1507
	Luke	0	1	0	1	1	3	3	0	7	6	2	1			
28	Topp	0	0	0	0	1	0	2	8	8	2	2	2	15.497	0.1608	0.0502
	Luke	0	0	0	1	0	2	5	5	6	6	0	0			
29	Topp	0	0	0	1	1	1	3	3	10	4	2	0	10.411	0.4339	0.4339
	Luke	1	0	1	1	0	2	6	2	7	4	0	1			
30	Topp	0	0	0	0	2	1	4	3	6	8	1	0	13.898	0.2387	0.1777
	Luke	2	0	1	0	2	1	1	10	5	3	0	0			
31	Topp	0	1	0	1	3	2	4	3	6	3	0	2	9.342	0.5904	0.5904
	Luke	1	0	0	1	1	4	2	4	4	5	2	1			
32	Topp	0	0	0	0	1	0	0	3	9	5	4	3	14.622	0.2004	0.0669
	Luke	0	0	0	1	1	1	4	3	10	3	0	2			
33	Topp	0	3	0	0	1	4	3	2	5	4	2	1	23.540	0.0148	0.0148
	Luke	1	1	3	4	1	0	6	3	1	4	1	0			
34	Topp	0	0	0	0	1	0	3	4	7	7	2	1	13.084	0.2879	0.2190
	Luke	0	1	1	0	5	1	5	2	5	5	0	0			
35	Topp	0	0	0	0	1	2	3	4	6	5	3	1	7.666	0.7429	0.3630
	Luke	0	0	0	0	0	0	1	3	7	10	2	2			
36	Topp	0	0	0	0	0	0	2	4	8	7	2	2	1.820	0.9990	0.8735
	Luke	0	0	0	0	0	0	1	2	7	10	3	2			
37	Topp	2	4	2	1	1	3	4	2	5	1	0	0	14.887	0.1877	0.0941
	Luke	4	1	2	2	6	1	0	1	5	3	0	0			
38	Topp	0	1	0	2	0	2	1	3	8	2	5	1	19.189	0.0578	0.0578
	Luke	3	1	2	0	3	2	2	2	6	3	1	0			
		0	0	1	0	2	1	3	2	7	6	2	1	5.218	0.9202	0.8149
		0	0	2	0	1	3	3	1	8	3	4	0			

Tabell 9: Data og resultater når det gjelder lengdefordeling i aldersbestemt vs. ikke aldersbestemt datamateriale. Tallene i venstre kolonne er prøvenummer, og for hvert datasett er aldersbestemte data i øverste linje. De to strategiene df_{\max} og df_{med} er beskrevet i appendix B.

Datasett	Initialdata				Initial+replikat			
	\bar{l}^2	95% KI	sd	cv	\bar{l}^2	95% KI	sd	cv
A1B1A2B2A3B3	1089	1077-1102	6.33	0.0058	1111	1103-1119	4.37	0.0039
A1B1A2B2A3	1110	1097-1123	6.48	0.0058	1124	1115-1132	4.45	0.0040
B1A2B2A3B3	1085	1072-1099	7.01	0.0065	1108	1099-1118	4.72	0.0043
A1B1A2B2	1094	1078-1109	7.67	0.0070	1108	1099-1118	5.05	0.0046
B1A2B2A3	1110	1096-1125	7.61	0.0069	1123	1113-1132	4.83	0.0043
A2B2A3B3	1084	1068-1099	8.23	0.0076	1113	1103-1123	5.35	0.0048
A1B1A2	1105	1088-1122	8.37	0.0076	1119	1108-1131	5.65	0.0050
B1A2B2	1088	1070-1107	9.18	0.0084	1102	1090-1114	6.38	0.0058
A2B2A3	1115	1099-1133	8.41	0.0075	1135	1124-1146	5.53	0.0049
B2A3B3	1074	1057-1093	9.33	0.0087	1103	1091-1116	6.34	0.0057
A1B1	1101	1082-1122	9.94	0.0090	1106	1093-1119	7.09	0.0064
B1A2	1102	1082-1124	10.79	0.0098	1114	1100-1130	7.46	0.0067
A2B2	1086	1063-1109	11.37	0.0105	1110	1095-1125	7.34	0.0066
B2A3	1117	1098-1136	9.79	0.0088	1131	1118-1144	6.82	0.0060
A3B3	1081	1060-1104	11.35	0.0105	1117	1103-1133	7.33	0.0066
A1A2A3	1132	1118-1147	7.61	0.0067	1152	1143-1162	4.78	0.0041
B1B2B3	1047	1027-1067	10.15	0.0097	1070	1057-1084	6.68	0.0062
A1A2	1111	1092-1132	10.01	0.0090	1135	1123-1148	6.54	0.0058
A2A3	1143	1126-1160	8.83	0.0077	1165	1152-1177	6.14	0.0053
B1B2	1076	1053-1099	11.29	0.0105	1081	1065-1098	7.97	0.0074
B2B3	1024	999-1050	13.43	0.1311	1062	1045-1079	8.80	0.0083

Tabell 10: 95% konfidensintervaller for \bar{l}^2 , basert på bootstrap ($B=1500$) og enkel sampling. Metoden er beskrevet i appendix C. Datasettene betegnes ved lokasjon (A/B) og nummer (1/2/3). I de 15 første linjene i tabellen er datasettene etter hverandre i tid, i de 6 siste er datasettene fra samme lokasjon.

Datasett	Initialdata				Initial+replikat			
	\bar{l}^2	95% KI	sd	cv	\bar{l}^2	95% KI	sd	cv
A1B1A2B2A3B3	1089	1044-1137	24.94	0.0229	1111	1080-1147	16.95	0.0153
A1B1A2B2A3	1110	1073-1144	18.09	0.0163	1123	1094-1152	14.29	0.0127
B1A2B2A3B3	1086	1030-1143	27.93	0.0257	1108	1074-1146	19.65	0.0177
A1B1A2B2	1094	1069-1120	13.21	0.0121	1108	1081-1136	12.81	0.0116
B1A2B2A3	1110	1060-1151	22.88	0.0206	1123	1087-1156	17.50	0.0156
A2B2A3B3	1084	1017-1152	35.05	0.0323	1113	1067-1163	23.38	0.0210
A1B1A2	1105	1086-1126	10.28	0.0093	1119	1090-1147	14.36	0.0128
B1A2B2	1088	1058-1119	15.81	0.0145	1102	1068-1132	16.34	0.0148
A2B2A3	1115	1059-1171	28.53	0.0256	1135	1094-1177	20.66	0.0182
B2A3B3	1074	977-1156	45.03	0.0419	1103	1050-1161	29.49	0.0267
A1B1	1101	1080-1127	12.10	0.0110	1106	1078-1134	14.07	0.0127
B1A2	1102	1079-1128	12.82	0.0116	1114	1073-1151	20.49	0.0184
A2B2	1086	1046-1126	21.89	0.0202	1110	1064-1151	22.00	0.0198
B2A3	1117	1051-1189	41.04	0.0367	1131	1079-1190	28.72	0.0254
A3B3	1081	979-1190	65.44	0.0605	1117	1048-1209	40.50	0.0363
A1A2A3	1132	1095-1165	19.51	0.0172	1152	1125-1180	14.39	0.0125
B1B2B3	1047	1001-1103	26.82	0.0256	1070	1041-1108	18.31	0.0171
A1A2	1111	1091-1131	10.20	0.0092	1135	1107-1164	14.94	0.0132
A2A3	1143	1104-1188	23.18	0.0203	1165	1136-1200	16.57	0.0142
B1B2	1076	1044-1109	16.47	0.0153	1080	1061-1103	10.46	0.0097
B2B3	1024	972-1077	29.17	0.0285	1062	1019-1116	24.49	0.0231

Tabell 11: 95% konfidensintervaller for \bar{l}^2 (enhet cm^2), basert på bootstrap ($B=1500$) og dobbel sampling. Metoden er beskrevet i appendix C. Datasettene betegnes ved lokasjon (A/B) og nummer (1/2/3). I de 15 første linjene i tabellen er datasettene etter hverandre i tid, i de 6 siste er datasettene fra samme lokasjon.