



# 이 학 석 사 학 위 논 문

# 한국 해역의 살오징어(*Todarodes pacificus*) 복수어업 현황 및 베이지안 상태공간 생산량 모델의 적용



## 이 학 석 사 학 위 논 문

# 한국 해역의 살오징어(*Todarodes pacificus*) 복수어업 현황 및 베이지안 상태공간 생산량 모델의 적용



# 안동영의 이학석사 학위논문을 인준함.

2021년 2월 19일



목	え	$\mathbf{F}$
---	---	--------------

그택	림 목차iii
표극	즉차vi
Abs	stractvii
I.	서론1
II.	자료 및 방법6
	II.1. 살오징어 어업 분류6
	II. 2. 살오징어 어업 자료9
	II.3. 잉여생산량 모델12
	II.4. 상태공간 잉여생산량 모델14
	II.5. 복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델16
	II. 6. 사전분포
	II. 7. 베이지안 방법론
III.	결과
	III.1. 살오징어 어업 분류 모식도
	III.2. 복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델31
IV.	고찰40
	IV. 1. 어업 분류에 대한 제안40
	IV.2. 단일어업만을 독립적으로 고려한 자원 평가42
	IV. 3. 복수어업을 고려한 자원 평가52

V. 결론	.54
VI. 사사	.55
VII. 참고문헌	.57
Appendix A. 사전분포 r과 K에 대한 사전정보 및 유도과정	.63
Appendix B. 복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델의 TMB 코	<u>1</u> 드 .68



# 그림 목차

Fig. 1. 2000년부터 2018년까지 한국 해역의 어업별 살오징어 평균
어획량 조성비율5
Fig. 2. 살오징어 어업 분류를 위한 분류 기준8
Fig. 3. 본 연구에서 사용하는 살오징어 총 어획량 자료 및 단위노
력당 어획량 자료. 패널 a는 2000년부터 2018년까지의 연도
별 살오징어 총 어획량 자료를 의미한다. 패널 b에서 점과
실선은 동 기간의 근해채낚기 단위노력당 어획량 자료를 의
미한다. 패널 b에서 원과 파선은 동 기간의 대형선망 단위노
력당 어획량 자료를 의미한다. 패널 c에서 원과 파선은 동
기간의 대형트롤 단위노력당 어획량 자료를 의미한다11
Fig. 4. 본 연구에서 제시한 분류 기준을 바탕으로 작성한 살오징
어 어업 분류 모식도30
Fig. 5. 복수어업을 고려한 모델에서 입력값 b에 대한 민감도 분석
결과. 세로 축은 목적함수의 값을 나타내며, 가로 축은 b의
후보값을 나타낸다. 수직의 점선은 목적함수의 값이 가장 작
은 경우에서의 <i>b</i> 의 값(=1.028)을 나타낸다
Fig. 6. 모수별 사전분포 및 MCMC 샘플링을 통해 추정된 사후분
포. 실선은 사전분포의 밀도함수를 나타내고, 히스토그램은
MCMC 샘플링을 통해 추정된 사후분포를 나타낸다
Fig. 7. 복수어업을 고려한 모델에서 예측된 연도별 CPUE

Fig. 8. 복수어업을 고려한 모델에서 추정된 연도별 자원량 및 관

리 참조(management references). 패널 a에서 점은 모든 어업 의 살오징어 총 어획량 자료를 의미하고, 파선은 최대 지속가 능한 어획량(maximum sustainable yield)을 의미한다. 패널 b에 서 실선은 추정된 연도별 자원량을 나타내며, 점선은 추정된 최대 환경수용력을, 파선은 추정된 최대 지속가능한 어획량

Fig. 10. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 예측된 어업별 연도별 CPUE (predicted CPUE). 패널 a-c에서 점은 각각 근해 채낚기 CPUE 자료, 대형선망 CPUE 자료, 대형트롤 CPUE 자 료를 나타낸다. 각각의 패널에서 실선은 모델을 통해 예측된 어업별 연도별 CPUE를 나타내고, 점선은 추정된 어업별 연

Fig. 11. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 추정된 연도별 자원량 및 관리 참조(management references). 패널 a-c는 단일 어업으로 근해채낚기 어업만을 이용하였을 때의 자원량 및 관리 참조를 나타낸다. 패널 d-f는 단일어업으로 대형선망 어업만을 이용하였을 때의 자원량 및 관리참조를 나타낸다. 패널 g-i는 단일어업으로 대형트롤 어업만을 이용하였을 때의 자원량 및 관리참조를 나타낸다. 첫번째 행의 패널들에서 점 은 살오징어 총 어획량 자료를 의미하고, 파선은 최대 지속가 능한 어획량(maximum sustainable yield)을 의미한다. 두번째 행의 패널들에서 실선은 추정된 연도별 자원량을 나타내며, 점선은 추정된 최대 환경수용력을, 파선은 추정된 최대 지속 가능한 어획량을 산출하는 자원량(B<sub>MSY</sub>)을 나타낸다. 세번 째 행의 패널들에서 실선은 추정된 어획률을 의미하고, 파선 은 최대 지속가능한 어획량을 산출하는 자원량(H<sub>MSY</sub>)을 나타낸다. 51

# 표 목차

Table 2. 본 모델에 이용된 모수의 사전분포. K와 r모수에는 정 보적 사전분포를 고려하였으며, 그 외의 모수 $(\sigma^2, q_{iia}, q_{iv}, q_{iv})$ Table 3. 복수어업을 고려한 모델에서 추정된 모수별 사후분포의 진단. 네 가지 진단 방법이 사용되었다: (i) Dependence factor of Raftery-Lewies statistics (DF), (ii) lag-1 autocorrelation, (iii) the ratio of the naïve standard error to the time series standard error, (iv) Table 4. 복수어업을 고려한 모델에서 MCMC 샘플링을 통해 추정 된 모수별 사후분포의 점 추정치(최빈값) 및 95% 신용구간 Table 5. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 추정된 모수별 사후분포의 진단. 네 가지 진단 방법이 사용되었다: (i) Dependence factor of Raftery-Lewies statistics (DF), (ii) lag-1 autocorrelation, (iii) the ratio of the naïve standard error to the time series standard error, (iv) 사후분포의 형태.......46 Table 6. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 MCMC 샘플링 을 통해 추정된 모수별 사후분포의 점 추정치(최빈값) 및  Multiple fisheries for the common squid (*Todarodes pacificus*) stock, and the application of a Bayesian state-space production model for its assessment

Dongyoung An

Department of Marine biology, The Graduate School,

Pukyong National University

#### Abstract

The common squid (*Todarodes pacificus*) is an important commercial species accounting for approximately 15% of the total fishery yield in Korean waters from 2000 to 2018. In addition, it is one of the representative species caught by various fishing gears. However, in South Korea, multiple fisheries of the common squid are not systematically organized, and stock assessment of the common squid has not yet been conducted. Nonetheless, given that the catch per unit effort (CPUE) and yield data collected over a long period of time for each fishery are recorded, the use of the surplus production model may represent an alternative strategy to overcome these issues. This study aimed to clarify the schematic diagram of the common squid fishery classification and to apply common squid data (CPUE and yield data) to a Bayesian state-space production

Analysis of the multiple fishery using the Bayesian state-space model. production model with multiple CPUE data was performed, rather than with single CPUE data being treated independently. Numerical optimization was performed using the TMB package in R, and the point estimates of the parameters and uncertainties were calculated. The estimated annual biomass was in the range of  $2.83 \times 10^5$  to  $9.95 \times 10^6$  MT, the estimated intrinsic growth rate was 1.06, and the estimated carrying capacity was 970,501 MT. Moreover, maximum sustainable yield and its corresponding biomass  $(B_{MSY})$  were estimated to be 258,793 MT and 484,250 MT, respectively. Comparison with available results from stock assessment of independently analyzed single fisheries revealed a large difference from the estimated values, suggesting that the results based on single fisheries may not be reliable. Hence, stock assessment based on multiple fisheries should be performed in order to achieve a more comprehensive and reliable stock assessment. Hoin

# I. 서론

살오징어(*Todarodes pacificus*)는 살오징어목(Teuthoidea) 살오징어과(Ommastrephidae)에 속하는 단년생 연체동물로서 우 리나라 전 연안, 동중국해, 일본 북해도 이남에 주로 분포한다 (Sakurai et al., 2000). 그리고, 2000년부터 2018년까지 보고된 한국 연근해 총 어획량에서 약 15%를 차지하는 중요한 상업종이다(통 계청, 2020).

살오징어의 어획량 변화를 살펴보면, 1990년에 약 74,000 톤에서 2003년에 약 230,000톤까지 증가하며 우리나라에서 가장 큰 비중을 차지하는 상업종이 되었다가, 2018년에는 약 46,000톤 으로 기록되며 어획량이 대폭 감소한 실정이다. 이러한 어황변 동의 원인으로 일각에서는 어획강도 강화 및 불법조업과 같은 과도어획이 주요 원인이라고 발표했다(Kim and Shin, 2019). 그리 고, 기후체제전환과 같은 기후변화와 해류의 변화가 살오징어 산란장 환경을 변화시키며 어획량 변화에 큰 영향을 미쳤다고

보고했다(Kim et al., 2018; Sakurai et al., 2000; Sakurai et al., 2002). 어획량이 급격히 감소함에 따라 살오징어는 2007년, TAC (Total Allowable Catch) 대상종에 선정 되었으며, 2019년을 기준으로 5개 어업(대형트롤 어업, 동해구중형트롤 어업, 근해채낚기 어업, 대 형선망 어업, 쌍끌이대형저인망 어업)이 살오징어 TAC 대상어업 으로 참여하고 있다.

살오징어의 주요 특징 중 하나는 다양한 어구를 통해 어 획되는 대표적인 복수어업 대상종이라는 것이다. 총 41개의 연 근해 어업 중 21개 어업에서 살오징어를 어획하고 있으며, 2000년 부터 2018년까지의 어업별 어획비중을 살펴 볼 때 근해채낚기, 동해구중형트롤, 대형트롤 어업이 총 살오징어 어획량의 86%를 차지하며 주 어획종으로서 경쟁적으로 살오징어를 조업하고 있 다. 그리고, 대형선망 어업 외 17개 어업[e.g., 연안복합, 쌍끌이 대형저인망, 등]에서는 부수어획물(bycatch)로서 살오징어를 조업 하며 어획비중은 총 살오징어 어획량의 약 14%이다. (Figure 1).

살오징어에 대한 선행연구로는 살오징어의 유생 분포에 관한 연구(Kim et al., 2011; Kim et al., 2016), 성장과 성숙에 관한 연 구(Sakurai et al., 2000; Sakurai et al., 2002) 등이 있으며, 현재까지 살

오징어의 생물학적인 특성에 대해서는 상당히 많은 연구가 이루 어진 상태이다. 하지만, 살오징어 복수어업 현황에 대한 연구, 자 원평가 및 관리효과에 관한 연구는 현재까지 상당히 제한적인 상 황이다. 특히, 지금까지 살오징어에 대한 자원평가가 제대로 이 루어지지 못한 이유 중 하나는 단일어업이 아닌 복수어업을 고려 하여 자원평가를 하는 것이 어려웠기 때문으로 판단된다. 살오 징어의 경우, 현재까지 복수어업을 고려한 자원평가의 결과가 부 재한 상황이며, 현존하는 수집 자료[e.g., 연령자료, 과학조사자료 (survey), 등]도 단기간에 국한되어 있거나 부재하여 자원평가 모 델의 적용이 제한적인 상황이다. 이러한 자료의 부재속에서, 복 수 어업별로 장기간에 걸쳐 단위노력당 어획량 자료(CPUE)와 어 획량 자료가 기록되어 있다는 점은 잉여생산량 모델의 활용 가능 성을 제시하였다.

본 연구는 크게 두 가지 목적에 기반을 두고 있다. 첫째 로는 살오징어를 어획하는 21개 복수어업에 대해 살오징어 어업 분류 모식도를 명확히 정리하는 것이다. 살오징어 어업 분류 모 식도를 정리함으로써 살오징어 어업 현황을 명확히 파악할 수 있 었고, 어업별 특성을 보다 쉽게 정리하며 자원 평가의 기초 자료

로서 제시할 수 있었다. 둘째로는 복수어업에서의 살오징어 자 료(단위노력당 어획량 자료와 어획량 자료)를 이용하여 복수어업 을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델에 적용하는 것이다. 잉여 생산량 모델에 상태공간 구조를 적용함으로써, 자원량의 과정 오 차(process error)와 자료의 관측 오차(observation error)를 동시에 고 려하였다. 그리고, 살오징어 복수어업 간 상관성을 고려하며 복 수어업을 고려한 살오징어 자원평가를 수행하였다. R 소프트웨 어, TMB package를 이용하여 수치 최적화(numerical optimization)를 실시하였으며, 모수의 점추정치(point estimates) 및 추정치에 대한 불확실성을 제시하였다. 마지막으로 복수어업을 고려했을 때와 단일어업만을 독립적으로 고려했을 때의 자원평가 결과를 비교 및 분석해보았다. 



Fig. 1. 2000년부터 2018년까지 한국 해역의 어업별 살오징어 평균 어획량 조성비율.

# Ⅱ.자료 및 방법

## Ⅱ.1. 살오징어 어업 분류

2020년을 기준으로, 우리나라에는 총 41개의 연근해 어 업이 존재하고 있다. 그리고, 현행에서는 어업을 단순히 근해어 업, 연안어업, 구획어업으로 구분하며 분류하였다(국가정보법령 센터, 2020).

본 저자는 각각 다른 특성을 가지는 어업들에 대해 현행 의 분류 기준은 어업의 특성을 모두 반영하기 힘들다고 판단한 다. 이에, 보다 세부적인 분류 기준을 도입할 필요성을 인지하 며 어종, 어업의 특성을 반영한 새로운 분류기준을 도입할 것을 제안한다. 새로운 분류 기준은 국가정보법령센터 수산업법 시 행령 허가어업의 종류 법령을 참고하였으며, 수산업에 종사하시 는 어민, 어구점과의 직접적인 인터뷰를 기반으로 하였다(Figure 2). 분류 기준은 1단계부터 6단계까지 설정하였으며, 이는 살오 징어를 어획하는 총 21개 어업에 대한 어업 분류 기준이다.

첫 분류 기준인 1단계는 해역으로 명명하였으며 근해어

업, 연안어업으로 분류를 시작하였다. 2, 3단계는 어구의 특성에 기반한 분류 기준이다. 2단계를 어구(1단계), 3단계를 어구(2단 계)로 각각 설정하였으며, 그 이유는 어구의 종류가 매우 다양하 기에 보다 세부적인 분류 기준이 필요하다고 판단해서이다. 그 리고 4단계로 어선 규모에 따라 대형, 중형어업으로 분류를 하였 고, 5단계로 조업 구역에 따라 서남해구, 동해구 어업으로 분류를 진행하였다. 마지막으로, 어선 척수에 따라 쌍끌이 어업, 외끌이 어업으로 어업 분류작업을 마무리 지었다.





## II. 2. 살오징어 어업 자료

본 연구에 사용된 살오징어 자료는 2000년부터 2018년 까지의 연도별 총 어획량 자료와 동기간의 단위노력당 어획량 (CPUE) 자료이다. CPUE 자료는 상대적 자원량(relative index of biomass)으로서 사용되며, 개체군 자원량을 추정하는데 이용된다 (Hilborn et al., 1992), 구체적으로 어획량 자료는 살오징어를 어획 하는 모든 복수어업의 총 살오징어 어획량 자료를 활용하였으며, 단위노력당 어획량 자료는 2000년부터 2018년까지 살오징어 총 어획량의 약 33.5%를 차지하는 대형트롤(large trawl, tw), 약 27.3% 를 차지하는 근해채낚기(jigger, jig), 그리고 약 4.2%를 차지하는 대형선망(large purse seine, ps)의 자료를 활용하였다(Figure 3). CPUE 자료로서 해당 3개의 어업만을 고려한 이유는 해당 어업 이 2018년을 기준으로 살오징어 TAC (Total Allowable Catch) 대상 어업에 참여하고 있는 어업임과 동시에 CPUE 자료의 수집이 가 장 잘 이루어졌기 때문이다. 동해구중형트롤(East coast Trawl, ETW)의 경우, 살오징어 TAC 대상 어업임에도 불구하고 CPUE 자료가 전혀 수집이 안 되어 있기 때문에 본 연구에는 이용하지

않았다.

한국 해역의 살오징어 어획량 변화를 구체적으로 살펴 보면, 2000년에 226,309톤에서 이후 증감하다 2003년 최대치인 233,254톤을 기록하였다. 그 후, 증감을 반복하다가 2015년 155,753톤으로 급격히 감소하였다. 이후 어획량은 더욱 크게 감 소하여 2018년 최저치인 46,274톤을 기록하였다(Figure 3a).

그리고, 본 연구에서 사용하는 어업별 CPUE 자료를 살 펴보면, 상대적 개체군의 크기를 나타내는 CPUE의 단위와 추세 가 어업마다 서로 상이함을 볼 수 있다(Figure 3b-3c). 이는 어업 마다 한국 해역의 살오징어 총 자원량을 다르게 파악하고 있다 는 뜻이며, 살오징어 개체군 자원평가를 위해서는 단일어업이 아닌 복수어업을 고려해야 한다는 점을 암시한다.



Fig. 3. 본 연구에서 사용하는 살오징어 총 어획량 자료 및 단위노 력당 어획량 자료. 패널 a는 2000년부터 2018년까지의 연도별 살 오징어 총 어획량 자료를 의미한다. 패널 b에서 점과 실선은 동 기간의 근해채낚기 단위노력당 어획량 자료를 의미한다. 패널 b 에서 원과 파선은 동 기간의 대형선망 단위노력당 어획량 자료를 의미한다. 패널 c에서 원과 파선은 동 기간의 대형트롤 단위노력 당 어획량 자료를 의미한다.

### Ⅱ.3. 잉여생산량 모델

일반적으로 잉여생산량 모델은 해당 대상종의 어획량 자료와 단위노력당 어획량(CPUE) 자료를 이용하여 개체군의 자 원량을 추정하는 모델로서, 시간 t+1에서의 자원량 수준은 전 시 간 구간 t에서의 자원량에 잉여생산량(surplus production)을 더해 주고 어획량을 감함으로써 산출할 수 있다

$$B_{t+1} = B_t + f(B_t) - Y_t$$
 (1)

식 (1)에서  $B_t$ 는 t시간에서의 자원량을 의미하고,  $f(B_t)$ 는 t시간에 서 자원의 잉여생산을 나타내는 함수, 그리고  $Y_t$ 는 t시간에서의 어획량을 의미한다. 본 저자는 다양한 형태의 잉여생산량 함수 중, Schaefer의 잉여생산량 함수를 적용하여 모델을 표현하였다.

$$B_{t+1} = B_t + rB_t (1 - \frac{B_t}{K}) - Y_t$$
(2)

$$I_t = qB_t \tag{3}$$

식 (2)는 Schaefer함수가 적용된 모델로서, r은 본원적 성장률

(intrinsic growth rate) 그리고 K는 최대 환경수용력(carrying capacity) 을 의미한다. 식 (3)은 동일 시간에서의 CPUE와 자원량(biomass) 의 직접적인 비례관계를 가정하여 나타낸 식으로, I<sub>t</sub>는 t시간에서 수집된 단위노력당 어획량(CPUE), q는 어획능률계수(catchability coefficient)를 의미한다.



## Ⅱ.4. 상태공간 잉여생산량 모델

상태공간 잉여생산량모델은 기존 잉여생산량모델에 상태 공간 구조를 적용함으로써, 자료의 관측 오차(observation error)에 자원량의 과정 오차(process error)를 추가적으로 고려하는 모델이 다.

$$B_{t+1} = \left[ B_t + rB_t (1 - \frac{B_t}{K}) - Y_t \right] \exp(\varepsilon_t^p), \text{ where } \varepsilon_t^p \sim N(0, \sigma_p^2) \quad (4)$$
$$I_t = qB_t \exp(\varepsilon_t^o), \text{ where } \varepsilon_t^o \sim N(0, \sigma_o^2) \quad (5)$$

UNI

식 (4), (5)에서  $\varepsilon_t^p$ 는 과정 오차(process error),  $\varepsilon_t^o$ 는 자료의 관측 오 차(observation error)를 의미한다. 과정 오차와 관측 오차는 평균 이 0이고 분산이 각각  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_o^2$ 인 정규분포를 따른다고 가정하였다. 오차를 고려한 식 (4), (5)를 각각 과정 방정식(process equation), 관 측 방정식(observation equation)으로 부르며, 과정 오차를 고려함으 로써 자원량( $B_t$ )를 고정 모수(fixed parameters)가 아닌, 상태 변수 (state variables)로 가정하였다.  $B_t$ 를 상태 변수로 가정함으로써, B<sub>t</sub>의 점 추정치(point estimates) 및 불확실성을 추정하였다. 반면
에, 관측 오차는 단위노력당 어획량 데이터에 대한 측정 오차로
서 자료의 오차를 의미한다(Winker et al., 2018).

그런데, 본 연구에서는 수치 최적화의 안정성을 위해, 과 정 오차의 분산( $\sigma_p^2$ )과 관측 오차의 분산( $\sigma_o^2$ )을 서로 동일한 값으 로서 가정하였다( $\sigma_p^2 = \sigma_o^2$ ). 그러하여, 다음의 식 (6), (7)과 같이 과정 오차의 분산과 관측 오차의 분산이 같은 분산 값( $\sigma^2$ )을 가 진다고 가정하였다(Polacheck et al., 1993).

$$B_{t+1} = \left[B_t + rB_t(1 - \frac{B_t}{K}) - Y_t\right] \exp(\varepsilon_t^p), \text{ where } \varepsilon_t^p \sim N(0, \sigma^2) \quad (6)$$

**3** LI

$$I_t = qB_t \exp(\varepsilon_t^o), \text{ where } \varepsilon_t^o \sim N(0, \sigma^2)$$
 (7)

# II. 5. 복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델

복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델은 기존의 상태공간 잉여생산량 모델에서 복수어업의 CPUE 자료를 이용하 여 자원평가를 실시하는 모델이다. 각각의 복수어업별 CPUE 자 료는 해당 대상종의 상대적 개체군 크기(relative population sizes)를 나타내며, 상응하는 시간별 총 개체군 크기(biomass)에 각각 비례 하는 값을 가진다(Hyun, 2017).

$$B_1 = bK \exp(\varepsilon_1^p)$$
, where  $\varepsilon_1^p \sim N(0, \sigma^2)$  (8)

$$B_{t+1} = \left[B_t + rB_t(1 - \frac{B_t}{K}) - Y_t\right] \exp(\varepsilon_t^p), \text{ where } \varepsilon_t^p \sim N(0, \sigma^2) \quad (9)$$

$$I_{f,t} = q_f B_t \exp(\varepsilon_t^f), \text{ where } \varepsilon_t^f \sim N(0, \sigma^2)$$
(10)

식 (8)에서, 초기의 자원량(B<sub>1</sub>)은 상수(b)에 최대 환경수용력(K)와 함께 과정 오차를 고려한 값으로서 정의하였다. 식 (9)에서, 추정 하고자 하는 자원량(biomass)은 한국 연근해 살오징어 총 자원량 이며, 모든 복수어업을 고려한 살오징어 총 어획량을 데이터로 사용하였다. 어업(fisheries)의 종류를 *f*, 연초(the beginning of year) 를 *t*로 나타내며 식 (10)과 같이 복수어업별, 연도별 관측방정식 을 나타냈다. 일반적으로 복수어업별 CPUE는 살오징어 총 자원 량에 대해 각각 다른 어획능률계수(catchability coefficient) *q<sub>f</sub>*와 관 측 오차(observation error) *ε<sub>f</sub>*를 가진다고 가정해야 하지만, 본 연 구에서는 수치 최적화의 안정성을 위해, 식 (8),(9),(10)과 같이 과 정오차의 분산(*σ<sup>2</sup><sub>p</sub>*)과 어업별 관측오차의 분산(*σ<sup>2</sup><sub>f</sub>*)을 서로 동일한 값으로서 가정하였다. 그러하여, 식 (6), (7)과 같이 과정 오차의 분산과 어업별 관측 오차의 분산이 같은 분산 값(*σ*<sup>2</sup>)을 가진다고 가정하였다.

상태변수  $B_t$ 에서 자기 상관(auto-correlation)이 존재할 수 있기 때문에, 본 저자는 상태변수  $B_t$ 를 최대 환경수용력(K)로 나 눔으로써 식 (8), (9), (10)을 재구성하였다( $P_t = B_t/K$ ). 그리고 양 변에 log를 취함으로써 log $P_1$ , log $P_t$ , 그리고 log $I_{f,t}$ 가 다음의 식 (11), (12), (13)과 같이 정규분포를 띄도록 식을 재구성하였다.

$$\log P_1 \sim N\left(\log(b), \sigma^2\right) \tag{11}$$

$$\log P_{t+1} \sim N\left(\log\left[P_t + rP_t(1 - P_t) - \frac{Y_t}{K}\right], \sigma^2\right)$$
(12)

$$\log I_{f,t} \sim N(\log[q_f K P_t], \sigma^2)$$
(13)

본 저자는 복수어업별 CPUE 자료가 각각 상응하는 시간 별 자원량(*B<sub>t</sub>*)에 비례하는 값을 가진다는 점을 고려함과 동시에, 복수어업별 CPUE 자료를 확률벡터로서 고려하며 다변량 정규분 포를 따른다고 가정하였다. 첨자 *jig*, *ps*, *tw*은 각각 근해채낚기 어 업, 대형선망 어업, 대형트롤 어업을 의미한다. 어업별 CPUE의 경우, 확률벡터 I로 명명하였으며 식 (14)와 같이 다변량 정규분 포를 따른다고 가정하였다.

 $\mathbf{I} \sim N(\mathbf{u}, \boldsymbol{\Sigma}), \text{ where } \mathbf{I} = \left(\log(I_{jig,t}), \log(I_{ps,t}), \log(I_{tw,t})\right) \quad (14)$ 

식 (15)와 같이 다변량 정규분포의 평균은 다음과 같다. 그리고 어업별 상관계수를 고려하며 분산 공분산 행렬을 다음의 식 (16) 와 같이 가정하였다.

$$\mathbf{u} = \left(\log(q_{jig}KP_t), \log(q_{ps}KP_t), \log(q_{tw}KP_t)\right)$$
(15)

$$\sum = \begin{bmatrix} \sigma^2 & \sigma^2 \rho_{jig,ps} & \sigma^2 \rho_{jig,tw} \\ \sigma^2 \rho_{jig,ps} & \sigma^2 & \sigma^2 \rho_{ps,tw} \\ \sigma^2 \rho_{jig,tw} & \sigma^2 \rho_{ps,tw} & \sigma^2 \end{bmatrix}$$
(16)

분산 공분산 행렬 중, 어업별 상관계수 ρ<sub>jig,ps</sub>, ρ<sub>jig,tw</sub>, ρ<sub>ps,tw</sub> 는 어 업별 CPUE 자료를 기반으로 입력값으로써 고려하였으며, 그 값 은 각각 ρ<sub>jig,ps</sub> = 0.473 (P < .000), ρ<sub>jig,tw</sub> = 0.208 (P < .000), ρ<sub>ps,tw</sub> = 0.767 (P < .000)이다.

초기 자원량(*B*<sub>1</sub>)을 추정하기 위한 계수(*b*)는 추정하고자 하는 모수로 취급하지 않고, 입력값으로 고려 하였다. 민감도 분석(sensitivity analysis)을 바탕으로 입력값을 계속 변화시키며 대응하는 목적함수의 값(objective function value)을 계산하였다. 그리고, 모델의 자유 모수가 모두 성공적으로 추정된 경우 중 *b* 에 대응하는 목적함수의 값이 가장 작은 경우를 입력값으로 고 정하였다. 해당 모델에 이용된 표기기호는 Table 1에 정리하였다.

Table 1. 본 논문에 이용된 표기기호.

Notation	Description	Units
Indices		
t	연초	time
f	사용하는 복수어업의 종류. 세 종류의	-
	어업이 고려됨. 어업 코드 jig =	
	근해채낚기; 어업 코드 ps = 대형 선망;	
/	어업 코드 tw = 대형 트롤	12
Data		m
b	초기 자원량을 추정하기 위한 계수: B <sub>1</sub>	S
	(i.e., $B_1 = bK$ )	F
$ ho_{_{jig,ps}}$	근해채낚기와 대형선망 어업 간의	$\overline{\mathbf{y}}$
	상관관계	
$ ho_{_{jig,tw}}$	근해채낚기와 대형트롤 어업 간의	-
	상관관계	
$ ho_{\it ps,tw}$	대형선망과 대형트롤 어업 간의	-
	상관관계	
Y	연도별 살오징어 총 어획량:	MT
	$Y_{2000}, Y_{2001}, \cdots Y_{2018}$	

Ι	어업별 연도별 상대적 개체군의 크기:	$[[I_{jig,t}]] = MT/hook$
	$I_{jig,t}, I_{ps,t}, I_{tw,t}$	$[[I_{ps,t}]] = MT/haul$ $[[I_{tw,t}]] = MT/haul$
Paramet	ers	
r	본원적 성장률	-
K	최대 환경수용력	MT
q	복수어업별 어획능률 계수:	$[[q_{jig}]] = \mathrm{hook}^{-1}$
	$q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}$	$[[q_{ps}]] = haul^{-1}$
	0	$[[q_{tw}]] - hau$
$\sigma_p^2$	과정 오차의 분산	m
σ	복수어업별 관측 오차의 분산:	R
	$\sigma_{jig}^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_{tw}^2$	E
		V -
	"व म थ भ	

### II. 6. 사전분포

본 연구는 베이지안 방법론을 바탕으로 복수어업을 고려 한 상태공간 잉여생산량 모델을 적용하여 살오징어 자원평가를 수행하였다. 추정하고자 하는 모수(parameters)를 상수(unknown constant)로 취급하는 고전 통계학(classical statistics)과는 달리, 베 이지안 방법론은 추정하고자 하는 모수를 상수가 아닌 확률 분포 로서 고려한다.

일반적으로 베이지안 방법론에서는 추정하고자 하는 각 각의 모수에 사전분포(prior distributions)라 불리는 보조 정보가 필 수적으로 이용되는데, 사전분포(prior distributions)는 모델 추정에 중요한 정보 및 역할로서 적용되며, 추정치의 불확실성을 감소시 켜주는 역할을 한다(Martin and Casper., 2017). 특히, 자료의 요구 량이 적은 이여생산량 모델의 경우 고전 통계학 방법으로는 수치 최적화가 제대로 이행되기 어렵기 때문에, 베이지안 방법론을 적 용한 모델 추정이 많은 논문에서 이루어지고 있다. 이에, 사전분 포의 신뢰성은 중요한 요소로서 고려가 되는데, 현재 정보적 사 전분포(informative priors)에 대한 연구가 많이 이루어지고 있다. 본 논문은 본원적 성장률(r)과 최대 환경수용력(K)에 정 보적 사전분포를 주었으며, 사전분포에 대한 정보는 전 세계적으 로 가장 많은 어종별 데이터 정보를 보유하고 있는 FishBase의 resilience(자원회복력) 카테고리를 참고하였다(Froese et al., 2017). 그 외 나머지 모수에는 무정보적 사전분포(non-informative priors) 를 고려하였다(Table 2). 본 연구의 모델에 사용된 사전분포의 자 세한 설명을 위해 Appendix 1을 참조한다.



Table 2. 본 모델에 이용된 모수의 사전분포. *K*와 *r*모수에는 정 보적 사전분포를 고려하였으며, 그 외의 모수(σ<sup>2</sup>, q<sub>jig</sub>, q<sub>ps</sub>, q<sub>tw</sub>)에 는 무정보적 사전분포를 고려하였다.

모수	사전분포
K	Log-normal (13.84, 0.18)
r	Log-normal (0.16, 0.11)
$\sigma^2$	Non-informative
$q_{jig}$	Non-informative
$q_{ps}$	Non-informative
$q_{tw}$	Non-informative
4	in the second se
	व पा थ
#### Ⅱ.7. 베이지안 방법론

과정오차 방정식(process equation)과 관측오차 방정식 (observation equation)에 대한 우도함수가 상호 독립으로 가정함으 로써 다음의 식 (17), (18), (19)과 같이 표시하였다.

$$L(\sigma^{2} | b) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp\left[-\frac{(\log P_{1} - \log(b))^{2}}{2\sigma^{2}}\right]$$
(17)  
$$L(K, \sigma^{2}, r, \mathbf{P} | \mathbf{Y}) = \prod_{2000}^{2019} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp\left[-\frac{(\log P_{t+1} - \log\left[P_{t} + rP_{t}(1 - P_{t}) - \frac{Y_{t}}{K}\right])^{2}}{2\sigma^{2}}\right]$$
(18)  
$$L(q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}, \sigma^{2}, \mathbf{P} | \mathbf{I}) = \prod_{2000}^{2019} (2\pi)^{-\frac{3}{2}} |\sum_{i=1}^{2} \exp\left[-\frac{1}{2}(\mathbf{I} - \mathbf{u})^{i} \sum_{i=1}^{-1} (\mathbf{I} - \mathbf{u})\right]$$
(19)

**Y** = ( $Y_{2000}, Y_{2001}, \dots, Y_{2018}$ ), 그리고 **I** = (log( $I_{jig,t}$ ), log( $I_{ps,t}$ ), log( $I_{tw,t}$ )))))

식 (17)는 초기 상대적 자원량(P<sub>1</sub>)을 추정하기 위한 우도 함수 로써, b를 고정값으로 고려하며 초기 상대적 자원량을 추정하였 다. 식 (18)은 과정 방정식 (process equation)에서 모수 ( $r, K, \sigma^2, \mathbf{P}$ ) 추정을 위한 우도 함수, 식 (19)는 관측 방정식 (observation equation)에서 모수( $q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}, \sigma^2, \mathbf{P}$ ) 추정을 위한 우도 함수 이다.

우도 함수 식 (17), (18), (19)을 통한 결합 우도 함수(joint likelihood function)는 다음의 식 (20)와 같다.

$$L(K, \sigma^{2}, r, q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}, \mathbf{P} | b, \mathbf{I}, \mathbf{Y}) =$$

$$L(\sigma^{2} | b) \cdot L(K, \sigma^{2}, r, \mathbf{P} | \mathbf{Y}) \cdot L(q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}, \sigma^{2}, \mathbf{P} | \mathbf{I})$$
(20)

그리고, 본 논문에서 고려한 사전분포를 상호간 독립으로 가정하 며 사전 결합 분포를 다음의 식 (21)과 같이 표현하였다.

$$\Pr(r, K) = \Pr(r)\Pr(K) \tag{21}$$

이후, 베이즈(Bayes) 정리에 따라, 결합사후분포가 결합사전분포 와 결합우도함수에 비례한다는 점을 고려한였다.

R 소프트웨어 TMB package를 사용하여 수치 최적화를 실

시하였으며 상태 변수(state variables)와 고정 모수(fixed parameters) 를 추정하였다. 상태변수는 Laplace approximation을 통해 적분을 간접적으로 해소함으로서 주변분포(marginal distribution)를 계산하 며, 고정 모수  $\theta = (r, K, q_{jig}, q_{ps}, q_{tw}, \sigma^2)$ 와 함께 최대 우도방법 (maximum likelihood estimation)을 통해 추정을 하였다.

NATIONAL	
$L(\theta \mid b, \mathbf{I}, \mathbf{Y}) = \int f(b, P, \mathbf{I}, \mathbf{Y} \mid \theta) \Pr(r), \Pr(K) dP$	(22)
$\hat{\theta} = \arg \max_{\theta} \log L(\theta \mid b, \mathbf{I}, \mathbf{Y})$	(23)
$\hat{\mathbf{P}} = \text{mode of } L(\mathbf{P}   \hat{\theta}, b, \mathbf{I}, Y)$	(24)

그리고, 상태 변수 P는 다음의 식 (24)와 같이 P 사후분포의 최빈 값을 점 추정치로 고려하였다.

TMB와 상호 연동되는 tmbstan R package를 이용하여 MCMC sampling을 실시하였으며, 총 5,000,000개의 표본을 추출 하였다. 이중 사후분포에 수렴하지 못하는 초기 25,000개의 표 본을 번인(burn-in) 처리하였다. 그리고, 추출된 표본 간의 자기 상관을 제거하기 위해 매 100번째 표본을 추출하였다(thinning). 그 결과, 총 25,000개의 샘플을 이용하여 사후분포를 형성하였다.

각각 모수의 사후분포가 형성된 후, 사후분포의 수렴 여 부 및 자기 상관(auto-correlation)의 정도를 진단하는 과정을 실시 하였다. 본 연구에서는 4가지 방법을 바탕으로 사후분포의 수렴 여부 및 자기 상관의 심각성을 진단하였다: (i) Raftery and Lewis statistic, (ii) lag 1 auto-correlation, (iii) the ratio between the time series standard error and the naïve standard error, (iv) 사후분포의 형태. R 소프트웨어 CODA package를 이용하여 진단을 수행하였다. 일반 적으로 Raftery and Lewis statistic의 의존성 인자(dependence factor) 값이 5보다 작거나, lag 1 auto-correlation의 결과값이 0에 가까울 때, 그리고 the ratio between the time series standard error and the naïve standard error 의 결과값이 1에 근사하면 추정된 사후분포들이 수 렴한다고 진단할 수 있다.

## III. 결과

#### Ⅲ.1. 살오징어 어업 분류 모식도

본 논문에서 제시한 살오징어 어업 분류 기준을 바탕으 로 살오징어를 어획하는 21개 어업에 대해 분류 모식도를 작성 하였다(Figure 4). 1단계부터 6단계를 끝으로 분류된 21개 어업 은 각각 다른 어구, 어법을 가지고 조업하며 어업마다 고유의 특 성을 가진다.

2000년부터 2018년까지, 근해어업의 경우 매년 살오징어 어획 비율이 모든 어업을 고려한 살오징어 총 어획량의 약 90% 이상을 차지하기에 세부적인 분류기준이 필요했고, 이를 분류 모식도에 적용하였다. 하지만, 연안어업의 경우 살오징어 어획 비율이 살오징어 총 어획량의 약 10% 미만을 차지하였으며, 애 초에 각각의 연안어업들은 어구의 특성을 기반으로 분류를 적용 하고 있기에 세부적인 분류기준을 적용하지 않았다(Figure 4).



Fig. 4. 본 연구에서 제시한 분류 기준을 바탕으로 작성한 살오징어 어업 분류 모식도.

# III. 2. 복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델

초기 자원량(*B*<sub>1</sub>)을 추정하기 위한 계수(*b*)의 경우, 민감 도 분석(sensitivity analysis)을 실시하며 입력값으로써 사용하였다. 입력값을 계속 변화시키며 모델의 자유 모수가 모두 성공적으로 추정된 경우 중 *b*에 대응하는 목적함수의 값이 가장 작은 경우 에서의 *b*의 값을 입력값으로 고려하였다. *b*에 대응하는 목적함 수의 값을 보면 아래로 볼록한 그래프를 보이며 가장 작은 목적 함수 값이 나타나는 경우를 특정할 수 있었다(Figure 5). *b*는 1.028에서 가장 작은 목적함수 값을 보였다.

b에 입력값(=1.028)을 입력한 후, MCMC 샘플링을 통해 추정하고자 하는 모수 (σ<sup>2</sup>, K, r, q<sub>jig</sub>, q<sub>ps</sub>, q<sub>w</sub>)의 사후분포 (posterior distribution)를 도출하였다(Figure 6). 정보적 사전분포를 고려한 모수(r, K)에서 사후분포는 오른쪽으로 조금 치우친 형태 를 보였으며, 각각의 사전분포의 형태와 비슷한 형태를 가졌다. 그 외의 모수(σ<sup>2</sup>, q<sub>jig</sub>, q<sub>ps</sub>, q<sub>w</sub>)는 무정보적 사전분포를 고려하 며 사후분포를 도출하였다. 모두 단봉형의 오른쪽으로 치우친 형태를 보였다.

각각의 모수에 대한 사후분포의 수렴 여부 및 자기 상관 (auto-correlation)의 정도를 진단한 결과는 Table 3에 나타낸 바와 같다. 앞의 4가지 진단 방법을 통해 각각 모수의 사후분포가 수 렴함을 판단할 수 있었다.

베이지안 상태공간 잉여생산량 모델로부터 추정된 모수 의 점 추정치는 사후분포 최빈값(modes)으로 사용하였다. 각각 모수의 점 추정치 결과를 간략히 살펴보면, 본원적 성장률(r)과 최대 환경수용력(K)는 각각 1.06, 970,501톤로 추정되었으며 추정 된 K는 2003년 최대 어획량을 기록했던 233,254톤의 약 4배에 달하는 값이다(Figure 2b). 각 어업별 어획능률계수의 점 추정치 를 살펴보면  $q_{jig}$ 는  $4.05 \times 10^{-8}$ ,  $q_{ps}$ 는  $1.51 \times 10^{-6}$ ,  $q_{tw}$ 는  $3.93 \times 10^{-6}$ 으로 추정되었다. 그리고 관측 오차, 과정 오차의 분산  $\sigma^2$ 는 0.48로 추정되었다. 2000년에서의 상대적 자원량 P<sub>2000</sub>은 9.95로 추정되었는데, 이는 초기 년도의 자원량 B2000 이 추정된 최대 환 경수용력(K)의 약 0.99배에 달하는 값으로서 추정되었다고 볼 수 있다. MSY, B<sub>MSY</sub>, H<sub>MSY</sub>는 각각 258,793톤, 484,250톤, 그리고 0.53으로 추정되었다. 각각의 추정된 모수의 95% 신용구간 (credible intervals)는 Table 4에 나타낸 바와 같다.

복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델을 통해 추정된 어업별 연도별 CPUE (Predicted CPUE)와 CPUE 자료간 비 교 결과는 다음과 같다(Figure 7). 추정된 어업별 연도별 CPUE는 근해채낚기 어업, 대형선망 어업, 대형트롤 어업의 CPUE 자료를 모두 고려한 추정치이며, 전체 연도에서 각 어업별 CPUE 자료 가 추정된 CPUE 사후분포의 95% 신용구간 안에 포함되는 것으 로 나타났다.

본 모델을 통해 살오징어의 자원량을 추정한 결과, 한국 해역의 살오징어의 자원량은 시간이 지남에 따라 크게 감소한 것 으로 평가되었다(Figure 8b). 특히, 2017년의 자원량은 283,077톤 으로 추정되며 15년 전인 2002년 자원량의 약 28% 수준, 그리고 자원량 추정 시작 시점인 2000년 자원량의 29% 수준에 불과한 것으로 나타났다. 2016년의 자원량은  $B_{MSY}$ 보다 낮게 추정되며 살오징어의 자원량이 큰 폭으로 감소한 점을 추정할 수 있었다.

Table 3. 복수어업을 고려한 모델에서 추정된 모수별 사후분포의 진단. 네 가지 진단 방법이 사용되었다: (i) Dependence factor of Raftery-Lewies statistics (DF), (ii) lag-1 autocorrelation, (iii) the ratio of the naïve standard error to the time series standard error, (iv) 사후분포 의 형태

모수	DF	Lag-1 Autocorrelation	Naïve / Time series	사후분포의 형태		
r	0.98	0.0132	1.00	Unimodal		
K	0.96	-0.0173	1.00	Unimodal		
$\sigma^2$	1.01	0.0003	1.00	Unimodal		
$q_{_{jig}}$	0.98	0.0057	1.00	Unimodal		
$q_{\it ps}$	1.01	0.0095	1.00	Unimodal		
$q_{tw}$	0.99	-0.0061	1.00	Unimodal		

Table 4. 복수어업을 고려한 모델에서 MCMC 샘플링을 통해 추 정된 모수별 사후분포의 점 추정치(최빈값) 및 95% 신용구간 (credible intervals).

모수	사후분포						
	최빈값	2.5%	50%	97.5%			
r	1.06	0.53	0.92	1.35			
K	9.70×10 <sup>5</sup>	6.13×10 <sup>5</sup>	1.03×10 <sup>6</sup>	1.73×10 <sup>6</sup>			
$\sigma^2$	0.48	0.30	0.42	0.61			
$q_{jig}$	$4.05 \times 10^{-8}$	1.94×10 <sup>-8</sup>	$4.45 \times 10^{-8}$	1.01×10 <sup>-7</sup>			
$q_{ps}$	1.51×10 <sup>-6</sup>	7.23×10 <sup>-7</sup>	$1.65 \times 10^{-6}$	3.77×10 <sup>-6</sup>			
$q_{\scriptscriptstyle tw}$	3.93×10 <sup>-6</sup>	$1.87 \times 10^{-6}$	4.29×10 <sup>-6</sup>	9.87×10 <sup>-6</sup>			



Fig. 5. 복수어업을 고려한 모델에서 입력값 b에 대한 민감도 분석 결과. 세로 축은 목적함수의 값을 나타내며, 가로 축은 b의 후보 값을 나타낸다. 수직의 점선은 목적함수의 값이 가장 작은 경우 에서의 b의 값(=1.028)을 나타낸다.



Fig. 6. 모수별 사전분포 및 MCMC 샘플링을 통해 추정된 사후 분포. 실선은 사전분포의 밀도함수를 나타내고, 히스토그램은 MCMC 샘플링을 통해 추정된 사후분포를 나타낸다.

H

11 10

47 73



Fig. 7. 복수어업을 고려한 모델에서 예측된 연도별 CPUE (predicted CPUE). 패널 a-c에서 점은 각각 근해채낚기 CPUE 자료, 대형선망 CPUE 자료, 대형트롤 CPUE 자료를 나타낸다. 각 각의 패널에서 실선은 모델을 통해 예측된 어업별 연도별 CPUE 를 나타내고, 점선은 예측된 어업별 연도별 CPUE의 95% 신용구 간을 나타낸다.



Fig. 8. 복수어업을 고려한 모델에서 추정된 연도별 자원량 및 관 리 참조(management references). 패널 a에서 점은 모든 어업의 살 오징어 총 어획량 자료를 의미하고, 파선은 최대 지속가능한 어 획량(maximum sustainable yield)을 의미한다. 패널 b에서 실선은 추정된 연도별 자원량을 나타내며, 점선은 추정된 최대 환경수용 력을, 파선은 추정된 최대 지속가능한 어획량을 산출하는 자원량 (*B<sub>MSY</sub>*)을 나타낸다. 패널 c에서 실선은 추정된 연도별 어획률을 의미하고, 파선은 추정된 최대 지속가능한 어획량을 산출하는 어 획률(*H<sub>MSY</sub>*)을 나타낸다.

## IV. 고찰

#### Ⅳ.1. 어업 분류에 대한 제안

본 논문에서 제시한 살오징어 어업 분류 모식도는 살오 징어 생물종만을 대상으로 작성한 분류 모식도이다. 따라서 결 과에서 제시한 어업 분류 모식도는 해양 생물종 전체를 대상으 로 하지는 않는다. 그리고, 제시한 분류기준은 국가정보법령센 터 수산업법 시행령에 나와 있는 법령 외에 실제 수산업에 종사 하시는 어민, 그리고 어구 선구점에서의 직접적인 인터뷰를 바 탕으로 제시한 분류 기준이다.

주목할 점으로는 제시한 분류 기준, 그리고 분류 모식도 가 본 저자의 주관적인 의견일지라도, 자원평가를 실시하기 전 에 대상 종에 대해 처음으로 복수 어업에 대한 현황, 그리고 어 업에 대한 분류를 적용하였다는 점이다. 살오징어 어업 분류 모 식도를 가시적으로 정리함으로써 살오징어 어업 현황을 명확히 파악할 수 있었고, 어업별 특성을 보다 쉽게 정리하며 앞으로의 살오징어 자원 평가의 기초 자료로써 이용 가능하도록 제시하였 다.

앞으로 진행될 어업 분류에 있어 새롭게 제안하고 싶은

사항은 어구, 어법에 대한 어업별 구체적인 규제와 관리이다. 지금까지 어업 분류가 제대로 이루어지지 못한 이유 중 하나는 어업에 대한 정확한 규제가 없었기 때문으로 판단된다. 근해채 낚기 어업과 대형트롤 어업 간의 공동 조업이 대표적인 그 예이 다. 근해채낚기 어업과 대형트롤 어업간의 공동 조업은 약 20년 전부터 지속적으로 일어나 왔는데, 살오징어를 주 어획 종으로 잡는 두 어업이기에 큰 문제가 되고 있다. 본 저자는 이와 같은, 불규칙적인 어업 활동 및 어법이 자원 평가에 큰 걸림돌이 된다 고 생각하며 올바른 자원 관리, 자원 평가를 위해 어업별 정형화 된 규제는 필수라고 생각한다.

#### Ⅳ.2. 단일어업만을 독립적으로 고려한 자원 평가

복수어업을 고려했을 때와 단일어업만을 독립적으로 고 려했을 때의 자원평가 결과를 비교 및 분석하기 위해 근해채낚 기(Jigger), 대형선망(Large Purse Seine), 대형트롤(Large Trawl) 각 각의 CPUE 자료만을 이용하여 베이지안 상태공간 잉여생산량 모델에 적용하였다. Section 2.3에서 소개된 것과 동일한 방법으 로 수치 최적화를 실시하였으며, 복수어업을 고려했을 때와 같 은 조건으로 베이지안 방법론을 적용하였다. 그리고, 사전분포 도 동일하게 적용하였다(Table 2).

각각의 어업별, 초기 자원량(B<sub>1</sub>)을 추정하기 위한 계수 (b)의 경우, 각각 민감도 분석을 실시하였다. 모델의 자유 모수 가 모두 성공적으로 추정된 경우 중 b에 대응하는 목적함수 값 이 가장 작은 경우에서의 b의 값을 입력값으로 고려하였다. 근 해채낚기 어업만을 고려했을 때는 b에 대응하는 목적함수의 값 이 아래로 볼록한 그래프를 보이며 가장 작은 목적함수 값이 나 타나는 경우를 특정할 수 있었지만, 대형선망과 대형트롤 어업 만을 고려했을 때의 경우에는, 아래로 볼록한 그래프가 아닌 선 형의 관계를 보였다. 이에, 대형선망과 대형트롤 어업의 경우에 는 모델의 자유 모수가 모두 성공적으로 추정된 경우 중 b에 대 응하는 목적함수의 값이 가장 작은 경우를 입력값으로 고려하였 다(Figure 9). 근해채낚기 어업만을 고려했을 때의 b의 값은 1.56, 대형선망 어업만을 고려했을 때의 b의 값은 1.94, 대형트롤 어업 만을 고려했을 때의 b의 값은 0.17이었다. 살오징어 초기 자원 량을 추정 하는데에 결정적인 역할을 하는 b의 값이 어업별로 큰 차이를 보이며 상이한 값을 가진다는 점은 주목해야하는 점 이다.

Section 2.6과 동일한 방법으로 MCMC sampling을 실시하 였고, 베이지안 방법론을 바탕으로 각각의 모수별 사후분포를 도출하였다. 총 5,000,000개의 표본을 추출하였으며, 이중 사후 분포에 수렴하지 못하는 초기 25,000개의 표본을 번인(burn-in) 처리하였다. 그리고, 추출된 표본 간의 자기 상관을 제거하기 위해 매 100번째 표본을 추출하였다(thinning). 그 결과, 총 25,000개의 샘플을 이용하여 사후분포를 형성하였다.

그리고, 어업별 추정하고자 하는 모수의 사후분포가 형 성된 후, 사후분포의 수렴 여부 및 자기 상관(auto-correlation)의 정도를 진단한 결과는 다음과 같다(Table 5). 4가지 진단 방법을 통해 어업별 추정하고자 하는 모수의 사후분포가 수렴함을 판단 할 수 있었다.

근해채낚기, 대형선망, 대형트롤 어업만을 각각 독립적

43

으로 고려했을 때의 점 추정치 결과를 간략히 살펴보면, 본원적 성장률(r)은 각각 0.68, 0.79, 0.85으로 추정되었으며 최대 환경수 용력(K)는 1,035,412톤, 790,373톤, 1,227,723톤으로 추정되었다. 해당 모수(r, K)에 동일한 정보적 사전분포를 주었음에도 불구하 고, 추정된 점 추정치는 상당한 차이를 보였다. 그리고, 어획능 률 계수는 각각 5.07×10<sup>-8</sup>, 2.98×10<sup>-6</sup>, 1.11×10<sup>-5</sup>으로 추정되었 고, 관측 오차와 과정오차의 분산은 각각 0.03, 0.11, 0.08로 추정 되었다. 각각 단일어업만을 독립적으로 고려했을 때의 추정된 모수의 95% 신용구간(credible intervals)는 Table 6에 나타낸 바와 같다.

단일어업만을 독립적으로 고려한 상태공간 잉여생산량 모델을 통해 추정된 어업별 연도별 CPUE (Predicted CPUE)와 CPUE 자료간 비교 결과는 다음과 같다(Figure 10). 추정된 어업 별 연도별 CPUE는 근해채낚기 어업만을, 대형선망 어업만을, 그 리고 대형트롤 어업만을 독립적으로 고려한 추정치이며, 복수어 업을 고려했을 때의 추정된 CPUE보다 goodness of fit이 더 좋게 관측되었다.

단일어업만을 독립적으로 고려했을 때, 각 어업별로 추정 된 살오징어 자원량과 관리 참조(management references)는 상당한 차이를 보인다(Figure 11). 근해채낚기 어업만을 고려했을때의 추

정된 한국해역의 살오징어 자원량은 최소 3.45×10<sup>5</sup> 톤에서, 최대 1.61×10<sup>6</sup> 톤으로 변동이 심한 모숩을 보여주며 시간이 지남에 따 라 크게 감소한 것으로 평가되었다. 대형선망 어업만을 고려했 을 때의 추정된 살오징어 자원량은 최소 2.35×10<sup>3</sup> 톤에서, 최대 1.16×10<sup>6</sup> 톤으로 추정되며 근해채낚기 어업만을 고래했을 때 보 다 더욱 심하게 자원량이 감소한 추세를 보였다. 대형트롤 어업 만을 고려했을 때에는 최소 2.08×10<sup>4</sup> 톤, 최대 3.36×10<sup>5</sup> 톤으로 추정되며 살오징어 자원량이 붕괴된 형태를 보였다. MSY, B<sub>MSV</sub>, H<sub>MCY</sub> 의 점 추정치도 단일어업별 상이한 결과를 볼 수 있었다 (Figure 11). 단일어업별 CPUE가 각각 한국 해역의 살오징어 전 체 자원량에 대한 상대적인 자원량으로 가정할 때, 추정된 살오 징어 자원량이 상이하다는 의미는 큰 의미를 가진다. 본 저자는 각각 단일어업만을 독립적으로 고려하여 자원 평가를 실시하였 을 때, 추정된 자원량 및 모수는 어업별 상이한 결과가 나왔고, 어떤 어업이 모집단을 실제로 대변하는 지 알지 못하였다. 이에. 복수어업을 고려하며 이용가능한 많은 CPUE 자료를 이용하여 해 당 단일어종의 모집단을 추정하는 것을 주장한다.

45

Table 5. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 추정된 모수별 사후분포의 진단. 네 가지 진단 방법이 사용되었다: (i) Dependence factor of Raftery-Lewies statistics (DF), (ii) lag-1 autocorrelation, (iii) the ratio of the naïve standard error to the time series standard error, (iv) 사후분포의 형태.

					1							
모수	근해채낚기만을 고려한 경우			대형선망만을 고려한 경우				대형트롤만을 고려한 경우				
	DF	Lag-1 auto correlation	Naïve / Time series	사후분포 의 형태	DF	Lag-1 auto correlation	Naïve / Time series	사후분포 의 형태	DF	Lag-1 auto correlation	Naïve / Time series	사후분포 의 형태
r	0.99	0.005	1.00	단봉형	0.99	0.012	0.90	단봉형	1.03	0.009	1.00	단봉형
K	1.01	0.009	1.00	단봉형	1.04	0.016	1.00	단봉형	1.02	0.013	0.95	단봉형
$\sigma^{^2}$	1.01	0.008	1.00	단봉형	1.93	0.003	0.99	단봉형	1.09	0.031	0.94	단봉형
$q_{_{jig}}$	0.99	0.008	1.00	단봉형	3	CH	01	<u>.</u>	-	-	-	-
$q_{\scriptscriptstyle ps}$	-	-	-	-	0.99	0.031	0.97	단봉형	-	-	-	-
$q_{_{tw}}$	-	-	-	-	-	-	-	-	1.02	0.057	0.90	단봉형

Table 6. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 MCMC 샘플링을 통해 추정된 모수별 사후분포의 점 추정치(최빈값) 및 95% 신용구간.

ATIONA/										
모수	근해채누	·기만을 고려	대형트	대형트롤만을 고려한 경우						
	2.5%	최빈값	97.5%	2.5%	최빈값	97.5%	2.5%	최빈값	97.5%	
r	0.44	0.68	0.98	0.44	0.79	1.06	0.51	0.81	1.08	
K	7.71×10 <sup>5</sup>	$1.03 \times 10^{6}$	$1.66 \times 10^{6}$	$6.37 \times 10^{5}$	7.90×10 <sup>5</sup>	$1.51 \times 10^{6}$	$7.48 \times 10^{5}$	$1.22 \times 10^{6}$	$1.78 \times 10^{6}$	
$\sigma^{2}$	0.02	0.03	0.08	0.07	0.11	0.30	0.06	0.08	0.27	
$q_{_{jig}}$	2.46×10 <sup>-8</sup>	$5.07 \times 10^{-8}$	7.90×10 <sup>-8</sup>			27				
$q_{\it ps}$			1	$1.04 \times 10^{-6}$	$2.98 \times 10^{-6}$	$3.80 \times 10^{-6}$				
$q_{tw}$					11		$2.82 \times 10^{-6}$	$1.11 \times 10^{-5}$	$1.42 \times 10^{-5}$	



Fig. 9. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 입력값 b에 대한 민감도 분석 결과. 패널 a는 단일어업으로 근해채낚 기만을 이용하였을 때의 민감도 분석 결과를 나타내고, 패널 b는 단일어업으로 대형선망만을 이용하였을 때의 결과를 나타낸다. 패널 c는 단일 어업으로 대형트롤만을 이용하였을 때의 결과를 나타낸다. 각 패널에서 세로 축은 목적함수 의 값을 나타내며, 가로 축은 단일어업별 b의 후보값을 나타낸다. 각 패널에서 수직의 점선은 어업별 목적 함수의 값 이 가장 작은 경우에서의 b의 값을 나타낸다: 1.56 (패널 a); 1.93 (패널 b); 0.17 (패널 c).



Fig. 10. 단일어업을 독립적으로 고려한 모델에서 예측된 어업별 연도별 CPUE (predicted CPUE). 패널 a-c에서 점은 각각 근해채 낚기 CPUE 자료, 대형선망 CPUE 자료, 대형트롤 CPUE 자료를 나타낸다. 각각의 패널에서 실선은 모델을 통해 예측된 어업별 연도별 CPUE를 나타내고, 점선은 추정된 어업별 연도별 CPUE 의 95% 신용구간을 의미한다.



#### Ⅳ.3. 복수어업을 고려한 자원 평가

본 연구에서는 복수어업으로 근해채낚기 어업, 대형선망 어 업, 대형트롤 어업을 고려하였다. 살오징어를 주 어획종으로써 조업하는 근해채낚기 어업과 대형트롤 어업과는 달리, 대형선망 어업은 살오징어를 부수어획물(bycatch)로써 조업하는 어업이다. 대형선망 어업을 본 연구에 고려한 이유는 수집된 대형선망 CPUE 자료 역시 나머지 두 어업과 동일하게 한국 해역의 총 살 오징어 자원량의 상대적 지표이기 때문이다. 이에, 본 저자는 본 모델에 어업별 CPUE 자료를 사용 할 때, 어획 비중은 큰 영향을 미치지 않는다고 생각한다.

복수어업을 고려한 상태공간 잉여생산량 모델을 통해 추정 된 연도별 자원량, 그리고 관리 참조(management references)를 살 펴보면, 한국 해역의 살오징어 자원량은 2002년부터 급격하게 감 소하며 2015년 이후로 자원량이  $B_{MSY}$ 보다 낮게 추정된 점을 볼 수 있다(Figure 8). 모든 시간 구간에서 살오징어 총 어획량이 MSY보다 낮게 어획되고 어획률이  $H_{MSY}$ 보다 낮게 추정됨에도 불구하고, 자원량이 급감한 것에는 어획강도의 강화 외에 다른 원인이 적용한 것으로 보인다. 일각에서는 기후체제 전환과 같 은 기후변화와 해류의 변화가 한국해역의 살오징어 산란장 환경 을 변화시키며 살오징어 자원량 변동에 큰 영향을 미쳤다고 보고 했다(Kim et al., 2018; Sakurai et al., 2000; Sakurai et al., 2002).

앞으로 진행될 살오징어 자원평가를 새롭게 제안한다면 다 양한 환경 정보를 반영하여 자원평가를 진행할 것으로 제안한다. Hoyle et al., 2014의 연구에 따르면 다양한 환경 자료(해수면 온도, 어획구역 등)를 설명변수로써 이용하며 일반화 선형 모델을 통해 CPUE자료를 표준화하여 분석하였다. 한국 해역의 살오징어의 경우 어장정보, 유생분포의 정보를 이용할 수 있다.

그리고, 본 연구에서는 관측 방정식에서 어업별 연도별 CPUE가 총 살오징어 자원량에 비례하는 값이며 어업별 어획능률 계수 (*q<sub>f</sub>*)를 상수로 고려하여 계산하였다. 그 결과, 추정된 어업 별 연도별 CPUE (predicted CPUE)가 어업별 단위 및 크기(scale)는 서로 다르지만 같은 추세를 가지는 것을 볼 수 있다. 이에, 추가 적으로 제안할 방법은 관측 방정식 중 어업별 어획능률계수를 상 수(unknown constant)가 아닌 시 변동성 계수(time varying variables) 로 고려할 것을 제안한다.

### V. 결론

본 연구는 살오징어를 어획하는 21개 복수어업에 대해, 살 오징어 어업 분류 모식도를 정리함으로써 살오징어 어업 현황을 명확히 파악할 수 있었고, 어구 선택성(gear selectivity)과 같은 어 업별 특성을 보다 쉽게 정리하며 자원 평가의 기초 자료로서 이 용 가능하도록 제시하였다. 그리고, 복수어업에서의 살오징어 자 료(단위노력당 어획량 자료와 어획량 자료)를 이용하여 상태공간 잉여생산량 모델에 적용하며, 복수어업을 고려한 살오징어 자원 평가를 실시 하였다. 본 연구에서 제시한 자원평가 결과들은 복 합적인 가정에 의한 결과로 실제 살오징어 자원량을 정확히 나타 낸다고 할 수 없지만, 복수어업을 고려했을 때와 단일어업만을 독립적으로 고려했을 때의 자원평가 결과를 비교 및 분석하며 복 수어업을 고려한 자원평가의 필요성을 증명한 첫 번째 연구라는 점에서 의의를 가진다.

## Ⅵ. 사사

본 논문은 한국연구재단(2019R111 A2A01052106)의 재정 적 지원과 국립수산과학원의 자료를 바탕으로 수행되었습니다. 살오징어 어획량 자료는 통계청으로부터, 단위 노력당 어획량 자료는 국립수산과학원에서 제공받았습니다.

현상윤 교수님의 깊은 가르침, 아낌없는 지도 덕분에 연 구 및 논문을 집필할 수 있었습니다. 석사 기간 동안, 교수님의 진심 어린 말씀들, 그리고 조언들 덕분에 논문의 마무리 단계를 접할 수 있었습니다. 진심으로 감사의 말씀을 드립니다.

바쁘신 와중에도 부족한 논문을 면밀히 검토해주고 다 듬어 주신 오철웅 교수님과 강희중 박사님께도 정말 감사드립니 다. 소중한 시간을 할애해 주신 덕분에 조금 더 발전된 논문이 완성될 수 있었습니다.

다양한 학문을 경험하고 배울 수 있도록 지도해 주신 김 수암 교수님, 남기완 교수님, 백혜자 교수님, 김현우 교수님, 김 진구 교수님, 박원규 교수님께도 진심으로 감사의 말씀을 드립 니다. 살오징어 단위노력당 어획량 자료를 수집해주시고 지원 해주신 국립수산과학원 과학자분들께 감사의 인사를 드리며, 자 료에 관한 많은 질문에 응답해주신 강희중 박사님께 감사의 말 씀을 드립니다.

연구에 대한 아이디어, 그리고 코딩에 도움을 주신 김규 한 선배님께 진심으로 감사드립니다. 김규한 선배님의 피드백 및 도움으로 이 페이지까지 무사히 도착했습니다.

많은 질문에도 시간을 내주시며 다방면으로 조언을 준 김진우 선배님께 감사의 말씀 드립니다. 그리고, 함께 연구하고 공부하며 큰 도움이 되어준 박민규 후배에게 감사드립니다. 아 울러, 항상 응원해주고, 힘들 때나 연구가 잘 안 될 때, 큰 힘이 되어준 김도율, 이승준, 정동원 후배에게 감사의 인사를 드립니 다.

# Ⅶ. 참고문헌

국가정보법령센터., 2020. 수산자원관리시행령. http:// www.law.

go.kr/ Accessed 30 December 2020.

통계청., 2020. 어업생산동향조사. http:// www.kosis.kr/ Accessed

30 December 2020.

- Carruthers, T.R., McAllister, M.K. and Taylor, N.G., 2011. Spatial surplus production modeling of Atlantic tunas and billfish.Ecological Applications, 21(7), 2734-2755.
- Choi, K., Lee, C.I., Hwang, K., Kim, S., Park, J. and Gong, Y., 2008.
  Distribution and migration of Japanese common squid, Todarodes pacificus, in the southwestern part of the East (Japan) Sea.
  Fisheries Research, 91(2), 281-290.
- Fox Jr., W.W., 1970. An Exponential Surplus-Yield Model for Optimizing Exploited Fish Populations. Transactions of the American Fisheries Society, 99(1), 80-88.
- Froese, R., Demirel, N., Coro, G., Kleisner, K.M. and Winker, H., 2017. Estimating fisheries reference points from catch and resilience. Fish and Fisheries, 18(3), 506-526.

- Froese, R. and Pauly, D., 2019. FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version (12/2019)/ Accessed 30 December 2020.
- Hilborn R. and Walters C.J., 1992. Quantitative fisheries stock assessment: choice, dynamics, and uncertainty.
- Hilborn, R., 2010. Pretty Good Yield and exploited fishes. Marine Policy, 34(1), 193.
- Holling, C.S., 1973. Resilience and Stability of Ecological Systems. Annual Review of Ecology and Systematics, 4(1), 1-23.
- Hoyle, S. D., Langley, A. D., Campbell, R. A., 2014. Recommended approaches for standardizing CPUE data from pelagic fisheries. WCPFC-SC10-2014/SA-IP-10.
- Hyun, S.-Y., 2018. A general production model with dependence between data from multiple surveys. Journal of Applied Ichthyology, 34(3), 601-609.
- Hyun, S., Hilborn, R., Anderson, J.J. and Ernst, B., 2005. A statistical model for in-season forecasts of sockeye salmon (Oncorhynchus nerka) returns to the Bristol Bay districts of Alaska. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 62(7), 1665-1680.
- Kasper Kristensen, Anders Nielsen, Casper W. Berg, Hans Skaug and Bradley M. Bell, 2016. TMB: Automatic Differentiation and

Laplace Approximation. Journal of Statistical Software, 70(1), 1-21.

- Kim, J.J., Lee, H.H., Kim, S.A. and Park, C., 2011. Distribution of larvae of the common squid Todarodes pacificus in the Northen East China Sea. Kor. J. Fish. Aquat. Sci, 44(3), 267-275.
- Kim, Y.H., Jung, H.G. and Lee, C.I., 2018. Changes in the Spawning Ground Environment of the Common Squid, Todarodes pacificus due to Climate Change. Ocean and Polar Research, 40(3), 127-143.
- Kim, Y.H. and Lee, C.I., 2016. Distribution of Water Temperature and Common Squid Todarodes pacificus Paralavae around Korean Waters in 2013, 2014. Korean Soc. Mar. Environ. Saf, 22(1), 11-19.
- Kim, Y.H. and Shin, D.H., 2019. Distribution of Common Squid, Todarodes pacificus, Paralarvae in the Yellow Sea in Spring and Autumn, 2013-2015. Kor. Soc. Mar. Env. Safety, 22(1), 11-19.
- McAllister, M.K., Pikitch, E.K. and Babcock, E.A., 2001. Using demographic methods to construct Bayesian priors for the intrinsic rate of increase in the Schaefer model and implications for stock rebuilding. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 58(9), 1871-1890.

- Millar, R.B. and Meyer, R., 2000. Non-linear state space modelling of fisheries biomass dynamics by using Metropolis-Hastings within-Gibbs sampling. Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics), 49(3), 327-342.
- Musick, J.A., 1999. Criteria to Define Extinction Risk in Marine Fishes: The American Fisheries Society Initiative. Fisheries,

24(12), 6-14.

- Pedersen, M.W. and Berg, C.W., 2017. A stochastic surplus production model in continuous time. Fish and Fisheries, 18(2), 226-243.
- Polacheck, T., Hilborn, R. and Punt, A.E., 1993. Fitting Surplus
  Production Models: Comparing Methods and Measuring
  Uncertainty. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 50(12), 2597-2607.
- Punt, A.E., 2003. Extending production models to include process error in the population dynamics. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 60(10), 1217-1228.
- Quinn, T.J. and Deriso, R.B.(.B.)., 1999. Quantitative fish dynamics. , Oxford University Press.
- Rivot, E., Prévost, E., Parent, E. and Baglinière, J.L., 2004. A Bayesian state-space modelling framework for fitting a salmon
stage-structured population dynamic model to multiple time series of field data. Ecological Modelling, 179(4), 463-485.

- R Core Team., 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.
- Rudd, M.B. and Thorson, J.T., 2018. Accounting for variable recruitment and fishing mortality in length-based stock assessments for data-limited fisheries. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 75(7), 1019-1035.
- Sakurai, Y., Kiyofuji, H., Saitoh, S., Goto, T. and Hiyama, Y., 2000.
  Changes in inferred spawning areas of Todarodes pacificus (Cephalopoda: Ommastrephidae) due to changing environmental conditions. ICES Journal of Marine Science / Journal du Conseil, 57(1), 24-30.
- Sakurai, Y., Kiyofuji, H., Saitoh, S., Yamamoto, J., Goto, T., Mori, K. and Kinoshita, T., 2002. Stock fluctuations of the Japanese common squid, Todarodes pacificus, related to recent climate changes. Fisheries science, 68(sup1), 226-229.
- Schaefer, M., 1991. Some aspects of the dynamics of populations important to the management of the commercial Marine fisheries.Bulletin of Mathematical Biology, 53(1-2), 253-279.

Winker, H., Carvalho, F. and Kapur, M., 2018. JABBA: Just Another

Bayesian Biomass Assessment. Fisheries Research, 204, 275-288.



## Appendix A. 사전분포 r과 K에 대한 사 전정보 및 유도과정

본 논문에서는 베이지안 상태공간 잉여생산량 모델을 통해 추정하고자 하는 모수 중, 본원적 성장률(r)과 최대 환경 수 용력(K)에 정보적 사전분포(informative priors)를 제공하였다. 본 논문에서 제시한 정보적 사전분포의 근간은 FishBase로부터 파 생된 어종별 자원회복력(resilience)의 척도이다(Froese et al., 2017; Froese and Pauly., 2019). FishBase의 어종별 자원회복력의 척도가 얼마나 신뢰성이 있는 정보인지는 여러 논문을 통해 증명 되었 다(Froese et al, 2017, Musick et al., 1991). 본 논문은 Froese가 제시 한 방법을 통해 본원적 성장률(r)과 최대 환경수용력(K)에 정보 적 사전분포를 제공하였다.

FishBase에서는 어종별 자원회복력의 척도를 크게 High, Medium, Low, Very low로 구분하였으며, 다음과 같이 분류된 어종 별 자원회복력 카테고리를 바탕으로 본원적 성장률(r)의 prior 범 위를 설정하였다(Table A. 1). Table A. 1에서 제시한 본원적 성장률(r)의 prior 범위를 바탕으로, 해당 모수 r의 사전 확률 밀도 함수(prior density function)를 유도하였다. 우선 r이 로그 정규분포의 형태를 따른 다고 가정하였으며, prior 범위의 평균을 사전분포의 최빈값(mode) 으로 고려하였다. 그리고, 모수 r의 사전 확률밀도 함수의 높이 (height)가 prior 범위와 반 비례적 관계가 있음을 가정하며, 다음 의 식 (A. 1)과 같이 구체화하였다.

$$irf = \frac{3}{(r_{high} - r_{low})}$$
(A. 1)

여기서 *irf 란 inverse range factor*의 약자이며 베이지안 상태공간 잉 여생산량 모델에서 사전분포 r의 확률밀도 함수 및 표준편차를 나타내는데 사용된다. 그리고 r<sub>high</sub> 와 r<sub>low</sub>는 Table A. 1에서 정의 한 prior 범위 중 가장 높은 값과 낮은 값을 나타낸다.

r의 사전분포 중 표준편차의 경우, 로그를 취한 0.001*irf* 와 0.02*irf* 범위의 균등분포 확률밀도함수를 표준편차로써 가정 하였으며, 다음 식 (A. 2)와 같이 제시하였다.

$$sd(r) = \frac{1}{\left[\log(0.02irf) - \log(0.001irf)\right]}$$
(A. 2)

다음으로, 본원적 성장률(r)의 prior 범위를 바탕으로 최대 환경수용력(K)의 prior 범위를 유도했다. 유도과정은 두 가지 가 정을 기반으로 한다. 첫째는 최대 환경수용력(K)은 시간별 최대 어획량보다 더 큰 값을 가진다는 것이다. 둘째는 본원적 성장률 (r) 과 최대 환경 수용력(K)는 반비례적 상관성을 가진다는 것이 다.

위 두 가지 가정을 바탕으로 K의 prior 범위를 다음의 식 (A. 3)처럼 구체화하여 제시하였다.

$$K_{low} = \frac{\max(Y_t)}{r_{high}}, K_{high} = \frac{4\max(Y_t)}{r_{low}}$$
(A. 3)

Table A. 1과 식 (A. 3)을 통해 제시된 최대 환경수용력(K)의 prior 범위를 바탕으로, 해당 모수 K의 사전 확률밀도 함수(prior density function)를 유도하였다. 모수 K 또한 r과 같이 로그 정규 분포를 따른다고 가정하였고, K prior 범위의 평균을 사전분포의 최빈값(mode)으로 고려하였다. 그리고 표준편차의 경우, 로그를 취한 최빈값과  $K_{low}$  사이의 쿼터(quarter)를 표준편차로 가정하였 다(McAllister et al., 2001).

$$sd(K) = \frac{1}{4} \left[ \log(\frac{K_{low} + K_{high}}{2}) - \log(K_{low}) \right]$$
(A. 3)

살오징어의 경우 FishBase의 자원 회복력 카테고리에 의하면 자 원 회복력이 높은 종으로서 분류되며 High로 표시되어 있다.

Table A. 1. 모수 r의 사전분포 범위. 모수 r의 사전분포 범위는 FishBase에서 파생된 자원회복력(resilience)의 척도로부터 설정 한다(Froese and Pauly 2019).



## Appendix B. 복수어업을 고려한 상태공 간 잉여생산량 모델의 TMB 코드

## **CPP.file**

//A Bayesian state-space production model for the common squid stock //Author: Dongyong An, Kyuhan Kim, and Saang-Yoon Hyun

```
#include <TMB.hpp>
// pass missing values
template<class Type>
bool isNA(Type x){
return R_IsNA(asDouble(x));
}
// dlnorm
template<class Type>
Type dlnorm(Type x, Type meanlog, Type sdlog, int give_log=0) {
  //return 1/(sqrt(2*M_PI)*sd)*exp(-.5*pow((x-mean)/sd,2));
  Type logres = dnorm(log(x), meanlog, sdlog, true) - log(x);
  if(give_log)
          return logres;
   else
          return exp(logres);
}
// square
template<class Type>
Type square(Type x){
return pow(x, 2.0);
}
```

//objective function

template<class Type> Type objective\_function<Type>::operator() () { //Data DATA\_VECTOR(Yt); //Yt: Yield (in weight) at time t DATA\_MATRIX(It); //It: multi\_fisheries CPUE at time t //matrix type DATA\_SCALAR(logb); DATA\_VECTOR(rho); std::cout << "Yt:" << Yt << std::endl; std::cout << "It:" << It << std::endl; std::cout << "logb:" << logb << std::endl; std::cout << "rho:" << rho << std::endl;

DATA\_VECTOR(modeCV\_K); //mode and CV of K, which are used for informative prior for K; DATA\_VECTOR(modeCV\_r); std::cout << "modeCV\_K:" << modeCV\_K << std::endl; std::cout << "modeCV\_r:" << modeCV\_r << std::endl;

//Parameters
PARAMETER(logr); //r: intrinsic growth rate;
PARAMETER(logsig\_p2); //sig\_p: the standard deviation of the
process error
PARAMETER(logK); //K: carrying capacity
PARAMETER\_VECTOR(logq); //q: scaling role, where It =
q\*Bt //vector Type
PARAMETER\_VECTOR(logPt); //log(Pt), where Pt=Bt/K; //State
variabls (i.e., random effect parameters)

//Derived quantities int nyrs=It.rows(); //nyrs: the number of years //f: the number of fisheries int f=It.cols(); matrix<Type> logIt = log(It.array()); //transformation to logIt; //matrix Type vector<Type> q=exp(logq); Type b=exp(logb); Type sig\_p2=exp(logsig\_p2); Type sig\_p=sqrt(sig\_p2); Type K=exp(logK); Type r=exp(logr); Type logMSY=logr+logK-log(4.0); Type MSY= $(r^{K})/4.0$ ; Type BMSY=K/2.0;

```
matrix<Type> Sigma(f, f); //variance-covariance matrix for
multivariate normal distribution
Sigma.row(0) << sig_p*sig_p, sig_p*sig_p*rho[0],
sig p*sig p*rho[1];
Sigma.row(1) << sig_p*sig_p*rho[0], sig_p*sig_p,
sig p*sig p*rho[2];
Sigma.row(2) \ll sig_p*sig_p*rho[1], sig_p*sig_p*rho[2],
sig p*sig p;
vector<Type> Pt=exp(logPt);
 vector<Type> E logPt(nyrs+1);
                                   //Expected values of log(Pt)
//vector<Type> E_logPt(nyrs);
 vector<Type> logBt=logPt+logK;
matrix<Type> logpredIt(nyrs,f);
matrix<Type> predIt(nyrs,f);
                                   //predicted It;
  for(int i=0;i<nyrs;i++)
  for(int j=0;j<f;j++) {
    logpredIt(i,j) = logq(j) + logPt(i) + logK;
    predIt(i,j)=exp(logpredIt(i,j));
   };
vector<Type>Bt=exp(logPt+logK);
vector<Type> residual(f);
 vector<Type> nll(5);
                       //negative log likelihoods that have three
components
                        //three informative priors
//objective function
nll.setZero();
//process equation
for(int i=1;i<=nyrs;i++) {
                                                                    //a
zero-based indexing scheme
  E_{logPt(i)=log(Pt(i-1)+r^{*}(1.0-Pt(i-1))^{*}Pt(i-1)-Yt(i-1)/K); //because
Yt(nyrs) does not exist;
Yt(1), ..., Yt(nyrs-1).
  nll(0) -= dnorm(logPt(i), E_logPt(i), sig_p, true);
 ł
std::cout << "E_logPt:" << E_logPt << std::endl;</pre>
std::cout << "Pt:" << Pt << std::endl;
std::cout << "logpredIt:" << logpredIt << std::endl;
//observation equation
//multivariate normal distribution
```

//Yt(0),

```
using namespace density;
MVNORM_t<Type> neg_log_dmvnorm(Sigma);
```

```
for(int i=0;i<nyrs;i++) {
  residual = (logIt.row(i) - logpredIt.row(i));
  std::cout << "residual:" << residual << std::endl;
   nll(1) += neg_log_dmvnorm(residual); //return the negative log
  density unlike the other density function</pre>
```

};

//Only for the initial biomass, which is treated as the fixed effect paramter;

//logPt(0) ~ normal(log(b), its variance), where its variance is assumed to be sig\_p;

 $nll(2) = dnorm(logPt(0), log(b), sig_p, true);$ 

```
//Informative prior for K
//K ~ lognormal(mu_K, sig2_K);
Type prior_mode_K=modeCV_K(0);
Type prior_CV_K=modeCV_K(1);
Type sig2_K=log(square(prior_CV_K)+1);
Type mu_K=log(prior_mode_K)+sig2_K;
nll(3)-= dlnorm(K, mu_K, sqrt(sig2_K), true);
//nll(3)-=-(0.5*log(2.0*M_PI)+log(sqrt(sig2_K))+logK+square(log(K)-mu_K)/(2.0*sig2_K));
```

//Informative prior for r
//r ~ lognormal(mu\_r, sig2\_r);
Type prior\_mode\_r=modeCV\_r(0);
Type prior\_CV\_r=modeCV\_r(1);
Type sig2\_r=log(square(prior\_CV\_r)+1);
Type mu\_r=log(prior\_mode\_r)+sig2\_r;
nll(4)-= dlnorm(r, mu\_r, sqrt(sig2\_r), true);
//nll(4)-=-(0.5\*log(2.0\*M\_PI)+log(sqrt(sig2\_r))+logr+square(log(r)-mu\_r)/(2.0\*sig2\_r));

std::cout << "nll:" << nll(0) <<" Biomass"<< std::endl; std::cout << "nll:" << nll(1) <<" CPUE"<< std::endl; std::cout << "nll:" << nll(2) <<" Initial\_Biomass"<< std::endl; std::cout << "nll:" << nll(3) <<" prior\_K"<< std::endl; std::cout << "nll:" << nll(4) <<" prior\_r"<< std::endl; Type jnll = nll.sum(); //joint negative loglikelihoods  $std::cout << "jnll:" \ << std::endl;$ 

//Reporting REPORT(jnll); REPORT(Bt); REPORT(predIt); REPORT(b); REPORT(sig\_p2); REPORT(sig\_p); REPORT(K); REPORT(q); REPORT(r); REPORT(MSY); UNIL REPORT(Sigma); return jnll; }; ' 01 11