

Lab 1 - Guía Práctica: Modelos por recluta y producción equilibrada

Luis A. Cubillos

Objetivos

- Utilizar FishLife para obtener parámetros de historia de vida
- Graficar trayectorias de crecimiento, madurez y sobrevivencia con la edad
- Aprender a calcular la Biomasa Desovante por Recluta en función de la mortalidad por pesca.
- Cálculo de la línea de reemplazo no explotada y del steepness para obtener una relación stock-recluta relativa
- Cálculo de curvas de producción equilibradas

Instalación de los paquetes a utilizar

```
install.packages("devtools")
install.packages("TMB")
devtools::install_github("james-thorson/FishLife")
```

Parámetros de historia de vida

```
library( FishLife )
```

```
## #####
## Loading package FishLife, developed by James Thorson for the National Marine Fisheries Service
## For details and citation guidance, please see http://github.com/James-Thorson-NOAA/FishLife/
## #####
```

Para resumir los parámetros de *FishLife* es conveniente considerar una función *ad hoc*, tal como la siguiente:

```
crea_lh_list <- function(lh,puntual=TRUE,seed = NULL){
  Linf = exp(lh[[1]]$Mean_pred[1])
  K = exp(lh[[1]]$Mean_pred[2])
  Winf = exp(lh[[1]]$Mean_pred[3])
  A = exp(lh[[1]]$Mean_pred[4])
  tm = exp(lh[[1]]$Mean_pred[5])
  M = exp(lh[[1]]$Mean_pred[6])
  Lm = exp(lh[[1]]$Mean_pred[7])
  a = Winf/Linf^3
  b = 3
  # Relación stock-recluta
  h = lh[[1]]$Mean_pred[13]
  sigmar = exp(lh[[1]]$Mean_pred[12])
  rho = exp(lh[[1]]$Mean_pred[10])
  # Funciones
  tmax <- ceiling(A)
  t0 <- -10^(-0.392 - 0.275*log10(Linf)-1.038*log10(K))
  edad <- seq(1,tmax,1)
  lt <- Linf*(1-exp(-K*(edad-t0)))
  wt <- Winf*(1-exp(-K*(edad-t0)))^3
  dm = 2
  pm <- 1/(1+exp(-(lt-Lm)/dm))
  out_lh <- NULL
  out_lh$Linf <- Linf
  out_lh$K <- K
  out_lh$t0 <- t0
  out_lh$Winf <- Winf
  out_lh$tmax <- tmax
  out_lh$tm <- tm
  out_lh$M <- M
  out_lh$Lm <- Lm
  out_lh$a <- a
  out_lh$b <- b
  out_lh$dm <- dm
  out_lh$h <- h
  out_lh$sigmar <- sigmar
  out_lh$rho <- rho
  out_lh$edad <- edad
  out_lh$lt <- lt
  out_lh$wt <- wt
  out_lh$pm <- pm
  return(out_lh)
}
```

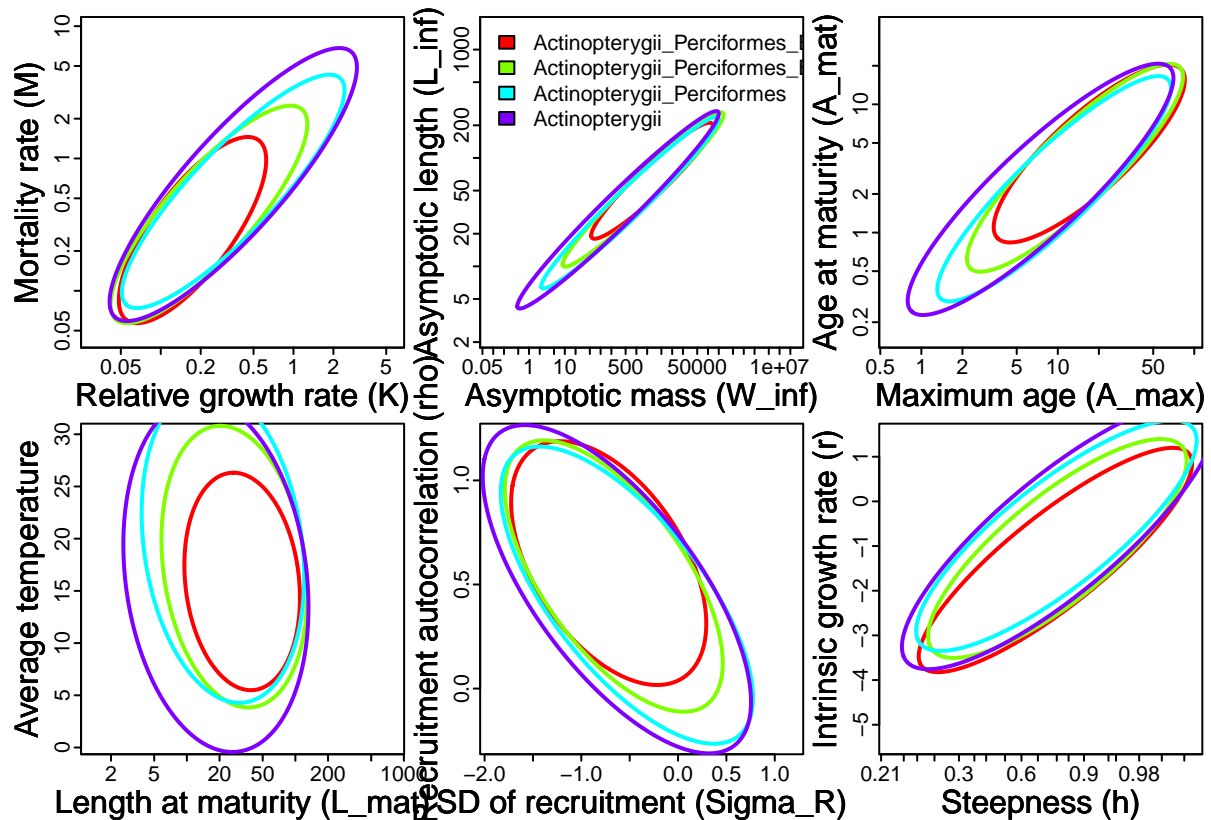
Ejemplo de aplicación

Obtener parámetros con *FishLife*:

```
gen = "Lutjanus"
spp = "campechanus"
gen = "Cilus"
spp = "gilberti"
gen = "Scomber"
spp = "japonicus"
gen = "Brama"
spp = "australis"
op <- par()
m1 <- Plot_taxa(Search_species( Genus=gen, Species = spp)$match_taxonomy, mfrow=c(2,3) )
```

```
##      [,1]      [,2]
## [1,] "K"      "M"
## [2,] "Winfinity" "Loo"
## [3,] "tmax"    "tm"
## [4,] "Lm"      "Temperature"
## [5,] "ln_margsd" "rho"
## [6,] "logitbound_h" "ln_r"
```

```
## Closest match: Actinopterygii_Perciformes_Bramidae_Brama_predictive
```



Una vez obtenida la estimación de parámetros, se debe crear una lista con los parámetros de interés para los análisis subsiguientes:

```
lh <- crea_lh_list(lh=m1)
lh
```

```
## $Linf
##      Loo
## 61.60567
##
## $K
##      K
## 0.1734618
##
## $t0
##      Loo
## -0.8045642
##
## $Winf
## Winfinity
## 2741.48
##
## $tmax
## tmax
## 17
##
## $tm
##      tm
## 4.134517
##
## $M
##      M
## 0.2875794
##
## $Lm
##      Lm
## 32.32805
##
## $a
## Winfinity
## 0.01172528
##
## $b
## [1] 3
##
## $dm
## [1] 2
##
## $h
##      h
## 0.7334186
##
## $sigmar
## ln_margsd
## 0.4882514
```

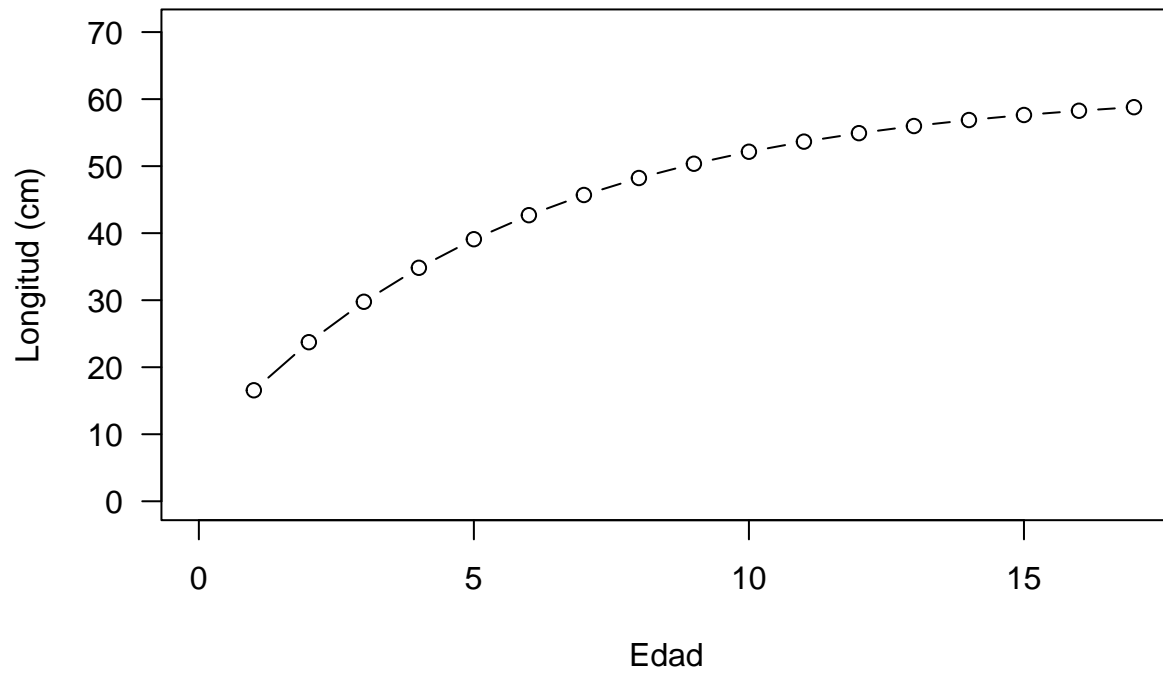
```

##
## $rho
##      rho
## 1.827249
##
## $edad
## [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17
##
## $lt
## [1] 16.55756 23.73151 29.76299 34.83396 39.09738 42.68184 45.69547 48.22918
## [9] 50.35940 52.15037 53.65614 54.92210 55.98647 56.88133 57.63368 58.26622
## [17] 58.79803
##
## $wt
## [1]  53.22459 156.71082 309.13837 495.60048 700.75452 911.70095
## [7] 1118.77449 1315.38458 1497.49238 1663.01180 1811.26184 1942.51584
## [13] 2057.65347 2157.90463 2244.66828 2319.38945 2383.47961
##
## $pm
## [1] 0.000376114 0.013409781 0.217120464 0.777811476 0.967221815 0.994386187
## [7] 0.998750438 0.999647662 0.999878524 0.999950385 0.999976630 0.999987590
## [13] 0.999992712 0.999995341 0.999996801 0.999997669 0.999998213

```

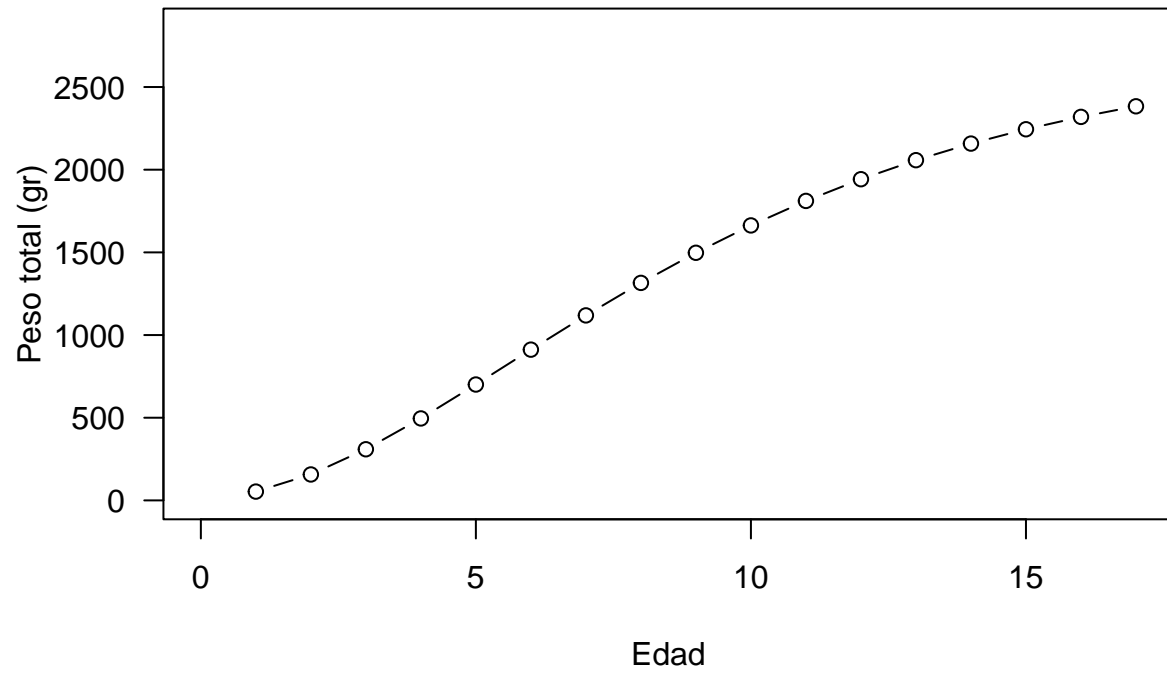
Luego, se pueden obtener las trayectorias del crecimiento en longitud con la edad:

```
plot(lh$edad,lh$lt,  
     type="b",  
     xlim=c(0,max(lh$edad)),  
     ylim=c(0,max(lh$lt)*1.2),  
     las=1,  
     xlab="Edad",  
     ylab="Longitud (cm)")
```



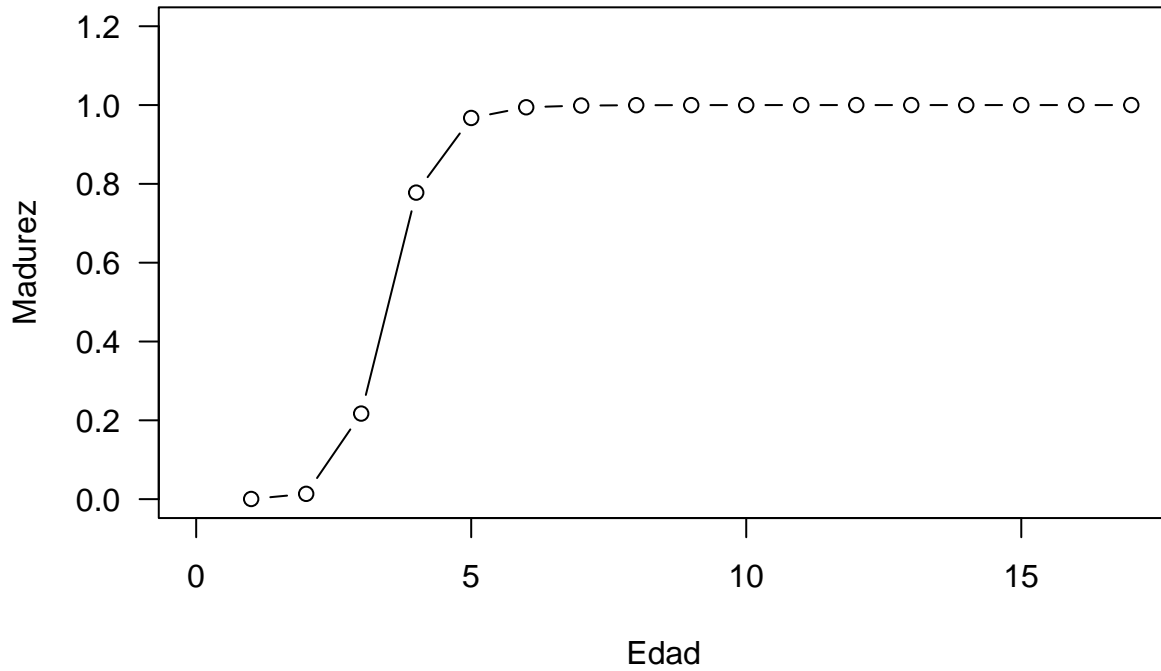
La trayectoria del peso promedio corporal con la edad:

```
plot(lh$edad,  
     lh$wt,type="b",  
     xlim=c(0,max(lh$edad)),  
     ylim=c(0,max(lh$wt)*1.2),  
     las=1,xlab="Edad",  
     ylab="Peso total (gr)")
```



La madurez en función de la edad:

```
plot(lh$edad,
     lh$pm,
     type="b",
     xlim=c(0,max(lh$edad)),
     ylim=c(0,max(lh$pm)*1.2),
     las=1,
     xlab="Edad",
     ylab="Madurez")
```



Biomasa desovante por recluta

Para calcular la biomasa desovante por recluta no explotada (cuando la mortalidad por pesca es igual a cero), se utiliza la siguiente expresión

$$SPR_{F=0} = \sum_{j=1}^A m_j w_j p_j \exp(-\tau M)$$

donde

m_j = fracción de individuos maduros a la edad j .

w_j = peso promedio de los individuos a la edad j .

p_j = número de individuos por recluta a la edad j (sobrevivencia relativa).

τ = fracción en año del mes que ocurre el desove.

M = tasa instantánea de mortalidad natural.

Asimismo, la biomasa desovante por recluta explotada es:

$$SPR(F) = \sum_{j=1}^A m_j w_j p_j \exp(-\tau(M + v_j F))$$

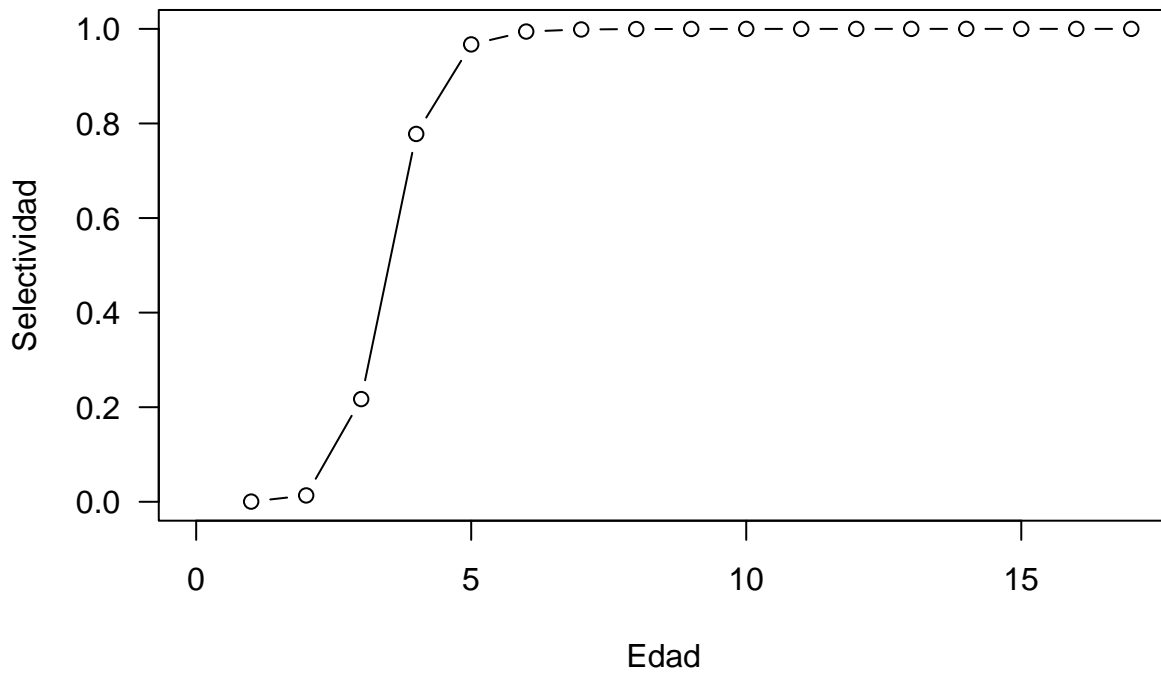
donde $SPR(F)$ implica biomasa desovante en función de la tasa instantánea de mortalidad por pesca, y v_j es la selectividad o patrón de explotación en función de la edad. La selectividad por lo general es cero en las edades juveniles inmaduras y 1 para las edades más viejas. Estos valores dependen de la probabilidad de selección del arte de pesca y del proceso de reclutamiento de los especímenes a la zona de pesca.

Para calcular la biomasa desovante por recluta es preferible utilizar una función como la siguiente

```
SPRFmort <- function(Fmort,Tspw){
  n <- length(Fmort)
  amax <- length(age)
  spr <- rep(0,n)
  npr <- rep(0,amax)
  ypr <- rep(0,n)
  npr[1] <- 1
  for(j in 1:n){
    for(i in 2:amax)
    {
      npr[i] <- npr[i-1]*exp(-(M+Fmort[j]*Sel[i-1]))
    }
    for(i in 1:amax)
    {
      spr[j] <- spr[j]+npr[i]*Ph[i]*W[i]*exp(-(M+Fmort[j]*Sel[i])*Tspw)
      ypr[j] <- ypr[j]+Fmort[j]*Sel[i]*npr[i]*W[i]*(1-exp(-(M+Fmort[j]*Sel[i])))/(M+Fmort[j]*Sel[i])
    }
  }
  Pspr <- spr/spr[1]*100
  out <- NULL
  out$SPRo <- spr[1]
  out$spr <- spr
  out$Pspr <- Pspr
  out$ypr <- ypr
  assign("out",out,pos=1)
}
```

Luego, dado valores a la mortalidad por pesca y conocida la selectividad, el peso y la madurez a la edad, y la tasa de mortalidad natural se puede calcular la biomasa desovante por recluta. La mortalidad por pesca y la selectividad viene dada por:

```
Fmort <- seq(0,1.5,0.01) # Mortalidad por pesca
Sel <- lh$pm #selectividad=madurez
plot(lh$edad,Sel,
     type="b",
     xlim=c(0,max(lh$edad)),
     ylim=c(0,1),
     las=1,
     xlab="Edad",
     ylab="Selectividad")
```

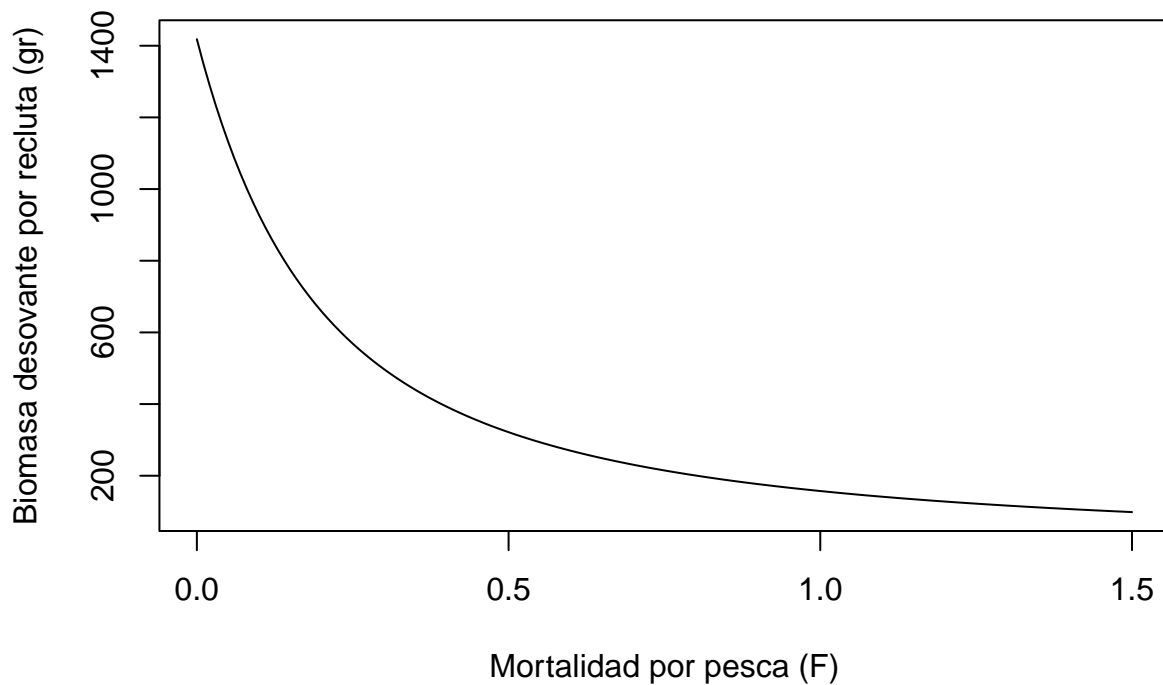


Se copia la edad, peso, madurez, mortalidad natural y se asigna un valor a la época de desove; i.e.,

```
age <- seq(1, lh$tmax, 1)
W <- lh$wt #peso promedio a la edad
Ph <- lh$pm # fracción de madurez a la edad
M = lh$M # tasa de mortalidad natural
Tspw=7/12 #epoca de desove
Out <- SPRFmort(Fmort, Tspw) # Se llama a la función previa y se guardan los resultados en Out
```

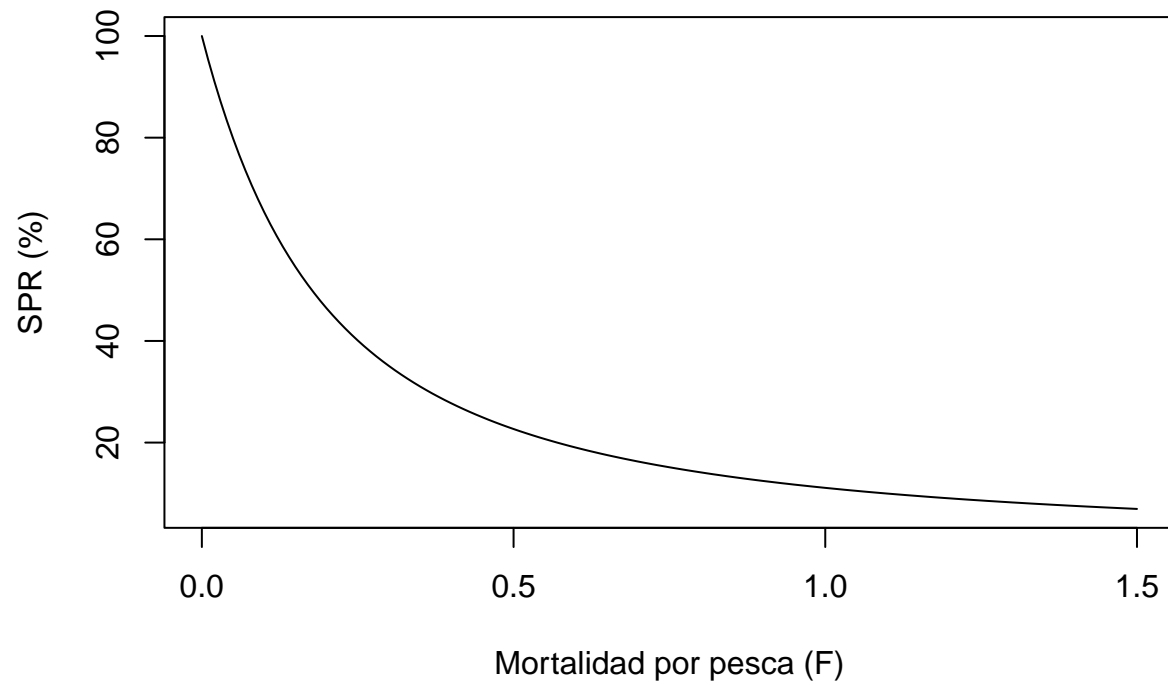
La biomasa desovante por recluta es

```
plot(Fmort, Out$spr,
     ty="l",
     ylab="Biomasa desovante por recluta (gr)",
     xlab="Mortalidad por pesca (F)")
```



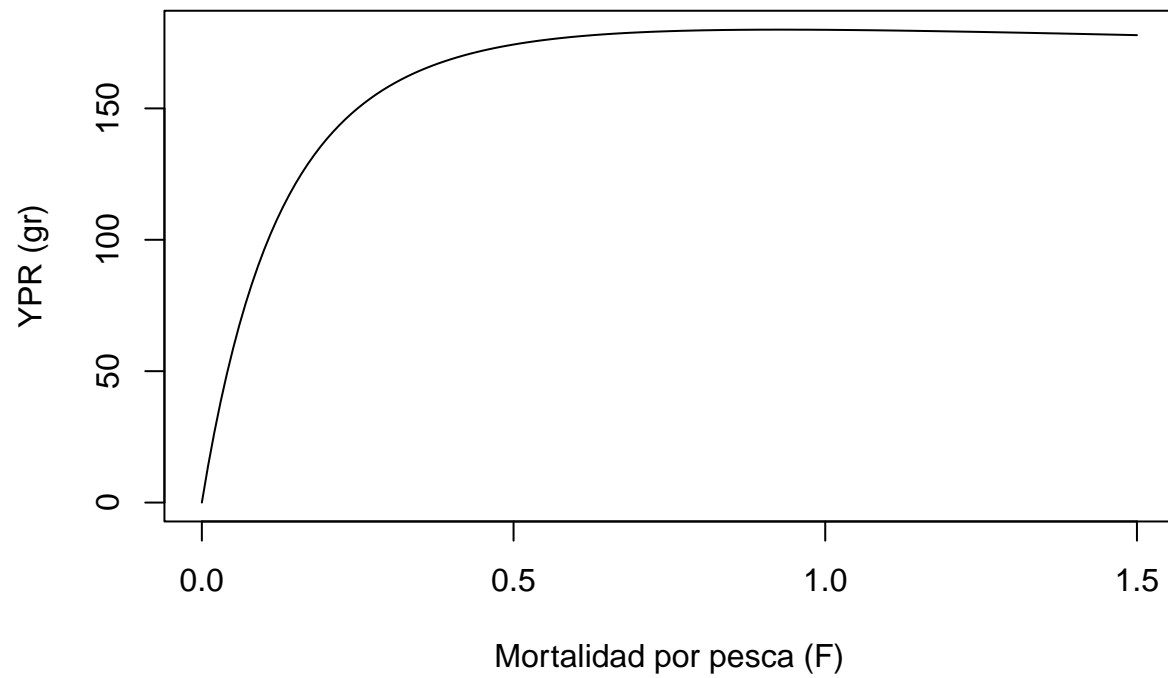
La razón de potencial reproductivo consiste en dividir cada valor de $SPR(F)$ por $SPR_{F=0}$, a esta razón se le denomina spawning potential ratio (SPR); i.e.,

```
plot(Fmort, Out$Pspr,
     ty="l",
     ylab="SPR (%)",
     xlab="Mortalidad por pesca (F)")
```



El rendimiento por recluta (YPR), es:

```
plot(Fmort,Out$ypr,  
      ty="l",  
      ylab="YPR (gr)",  
      xlab="Mortalidad por pesca (F)")
```



Relación stock-recluta

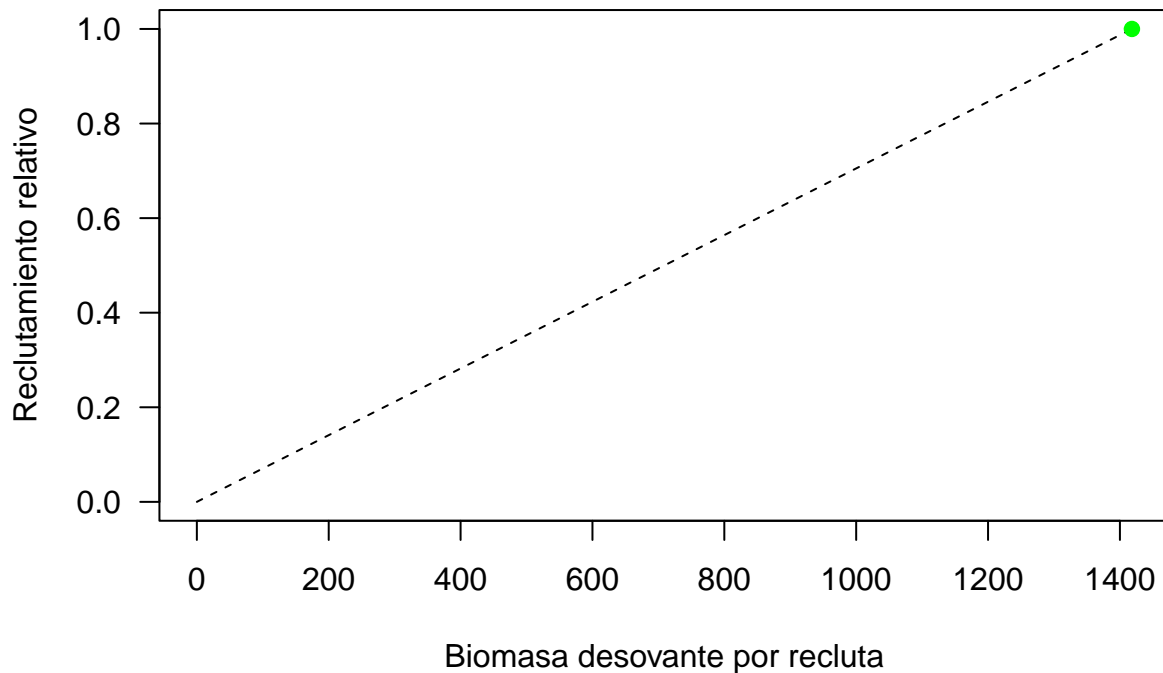
Línea de reemplazo no explotada

La pendiente de la línea de reemplazo no explotada entre el reclutamiento y la biomasa desovante, se obtiene a partir del inverso de $SPR_{F=0}$; i.e.,

$$\phi = SPR_{F=0}$$

El inverso de ϕ se puede multiplicar por los valores de $SPR(F)$ para graficar la línea de reemplazo; i.e.,

```
# Línea de reemplazo
sb <- seq(0, Out$SPRo, length=length(Fmort))
phi = Out$SPRo
rps <- 1/phi
lr <- rps*sb
plot(sb, lr, type="l", lty=2, las=1,
      ylab="Reclutamiento relativo",
      xlab="Biomasa desovante por recluta")
points(Out$SPRo, 1, pch=19, col="green")
```



Parámetros de la relación stock-recluta

Con el steepness (h), $S_0 = SPR_{F=0}$ y $R_0 = 1$ es posible calcular los parámetros de la relación stock-recluta del modelo de Beverton y Holt; a saber:

$$\alpha = \frac{(1-h)S_0}{4hR_0}$$

$$\beta = \frac{(5h-1)}{4hR_0}$$

Luego los valores de biomasa desovante por recluta en función de F ($SPR(F)$) se pueden transformar a biomasa desovante relativa, y luego a reclutamiento relativo; i.e.,

```

h <- lh$h
R0=1
S0 = phi*R0
spr = Out$spr
alpha <- (1-h)/(4*h)*(S0/R0)
beta <- (5*h-1)/(4*h*R0)
Srel <- (spr - alpha)/(beta)
Rrel <- Srel/(alpha + beta*Srel)

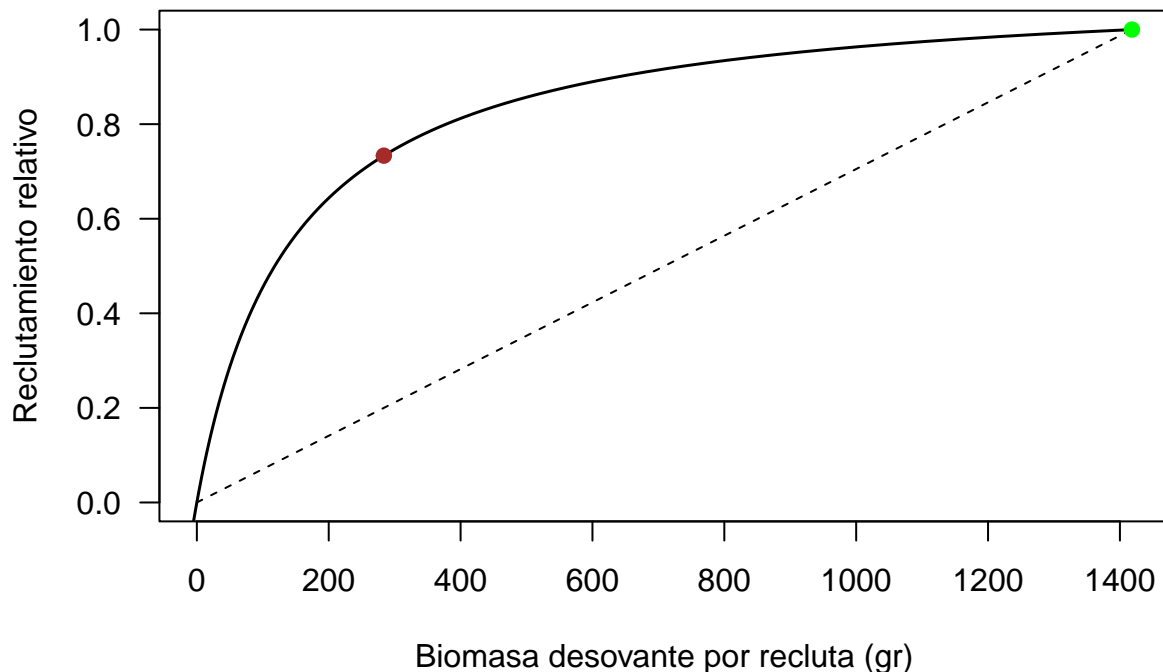
```

Ahora se puede graficar la realación stock-recluta relativa, donde el punto verde indica la condición no explotada y el punto rojo define el steepness, una situación límite a partir del cual el reclutamiento disminuye rápidamente.

```

plot(sb,lr,type="l",lty=2,las=1,
     ylab="Reclutamiento relativo",
     xlab="Biomasa desovante por recluta (gr)")
lines(Srel,Rrel,lwd=1.5)
points(S0,1,pch=19,col="green")
points(0.2*S0,h*R0,pch=19,col="brown")

```



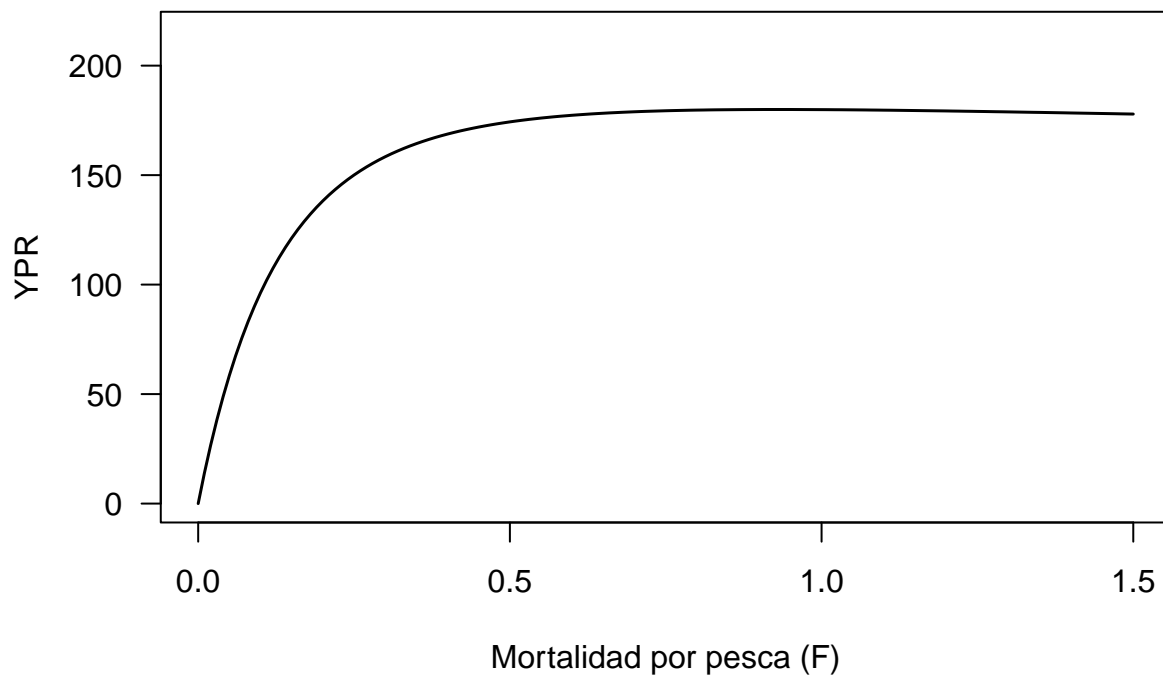
Curvas de producción

Con los datos hasta aquí obtenidos, es factible obtener una curva de captura relativa en función de la mortalidad por pesca transformado el rendimiento por recluta YPR ; i.e.

```

plot(Fmort,Out$ypr,type="l",lwd=1.5,
     ylim=c(0,max(Out$ypr)*1.2),
     las=1,
     ylab="YPR",xlab="Mortalidad por pesca (F)")

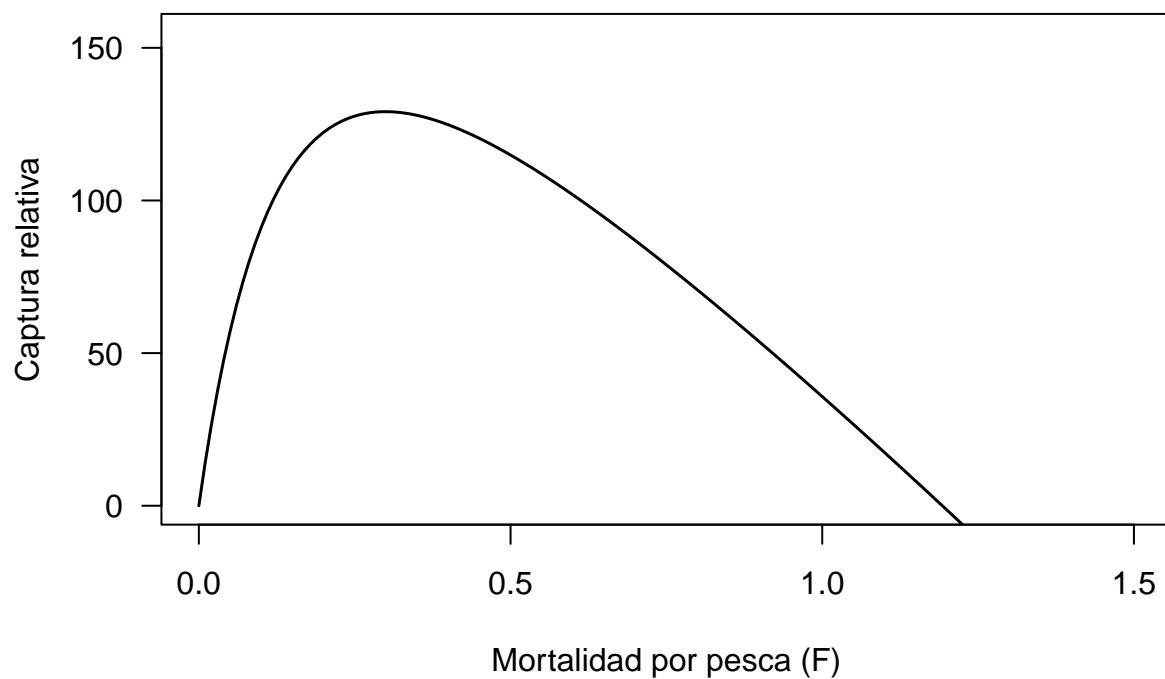
```



Por lo tanto el reclutamiento relativo; i.e.

$$Y_{rel} = YPR * R_{rel}$$

```
Yrel = Out$ypr*Rrel
plot(Fmort,Yrel,type="l",
     lwd=1.5,
     ylim=c(0,max(Yrel)*1.2),las=1,
     ylab="Captura relativa",xlab="Mortalidad por pesca (F)")
```



```
plot(Srel,Yrel,type="l",lwd=1.5,  
     ylim=c(0,max(Yrel)*1.2),  
     las=1,ylab="Captura relativa",xlab="Biomasa (S)")
```

