

Juan Carlos Villaseñor-Derbez

Costeo y Evaluación de Reservas Marinas con Shiny Apps



Contents

Antes de empezar	v
0.1 Requisitos	v
I Parte I	vii
Introducción	ix
Formas de evaluar reservas	xi
0.2 Dentro vs. Fuera	xi
0.3 Antes vs. Después	xi
0.4 Dentro vs. Fuera - Antes vs. Después	xi
0.5 Dentro vs. Fuera - Antes vs. Después multiple	xi
Evaluación de reservas	xiii
0.6 Objetivos e indicadores	xiii
0.7 Análisis de inferencia de causalidad	xiii
Introducción a MAREA	xv
0.8 Tipos y formatos de datos	xv
0.9 Capacidades y limitaciones	xv
0.10 Evaluación de reservas en 6 etapas	xv
0.11 Interpretación de resultados	xv
II Parte II	xvii
Uso de MAREA	xix
0.12 Evaluación de indicadores biológicos para 1 reserva	xix
0.13 Evaluación de indicadores biológicos y especie objetivo para 1 reserva	xix
0.14 Evaluación de todos los indicadores para 1 reserva	xix
0.15 Evaluación de todos los indicadores para varias reservas, si- multáneamente	xix
Errores comunes y solución de problemas	xxi
0.16 Especie / Indicador no tiene diseño BACI	xxi
0.17 Diferentes especies en bases biológicas vs pesca	xxi

iv

Appendix

Datos sintéticos

Contents

xxi

xxiii

Antes de empezar

Este manual es la segunda iteración de los esfuerzos por impulsar el uso de metodologías estandarizadas para la evaluación de reservas marinas. Trabajos anteriores incluyen el manual generalizado de evaluación de reservas marinas en México (Villaseñor-Derbez et al., 2017) y la publicación arbitrada que presenta a MAREA¹ como una herramienta amigable y gratuita (Villaseñor-Derbez et al., 2018). Esta versión del manual pretende incorporar partes de ambos trabajos, pero también incluye una serie de ejercicios prácticos para el uso de MAREA y la nueva App de Costeo de Reservas. Además, el manual está públicamente disponible en internet², donde el lector puede descargar el manual como PDF o EPUB para Kindle.

Aunque el manual y la Aplicación para Evaluación de Reservas Marinas (MAREA) pueden ser utilizados alrededor del mundo, es importante mencionar que el proyecto fue diseñado para evaluar la efectividad de las reservas marinas en México. Por lo tanto, las metodologías utilizadas reflejan las necesidades de las comunidades costeras mexicanas, y no debe de interpretarse como un conjunto de instrucciones definitivas. Aún así, creemos que la guía ha sido creada para permitir su aplicación en otros lugares con el mismo fin.

0.1 Requisitos

MAREA y la nueva App de Costeo de Reservas son aplicaciones web, y para poder utilizarlas es necesario tener un explorador de internet y una conexión estable. Aunque no siempre tenemos acceso a internet, este formato nos evita problemas de compatibilidad entre diferentes sistemas operativos. Si tienes un explorador de internet y una conexión estable, puedes usar estas Apps.

Si participaste en uno de los cursos presenciales, el USB que recibiste contiene este manual como PDF y EPUB además de los datos sintéticos³ para los

¹<https://turfeffect.shinyapps.io/marea/>

²https://jcvdav.github.io/curso_marea/

³https://github.com/jcvdav/curso_marea/materiales/datos

ejercicios prácticos y las diapositivas del curso⁴. Puedes distribuir libremente estos materiales, o descargarlos desde el repositorio de GitHub⁵. La versión en línea siempre será la más actualizada.

⁴https://github.com/jcvdav/curso_marea/materiales/diapositivas

⁵https://github.com/jcvdav/curso_marea

Part I

Parte I



0

Introducción

El desarrollo de MAREA⁶ fue motivado por la necesidad de proveer metodologías estandarizadas y rigurosas para evaluar las zonas de refugio pesquero, un tipo de reservass marinas diseñadas como herramientas de manejo pesuero (NOM-049-SAG/PESC, 2014).

Comunidad y Biodiversidad (COBI) es una Organización de la Sociedad Civil (OSC) involucrada en el diseño, implementación y manejo de reservas marinas en el Caribe Mexicano, así como el Golfo de California y la costa Pacífica de Baja California.

⁶<https://turfeffect.shinyapps.io/marea/>



0

Formas de evaluar reservas

0.2 Dentro vs. Fuera

0.3 Antes vs. Después

0.4 Dentro vs. Fuera - Antes vs. Después

0.5 Dentro vs. Fuera - Antes vs. Después multiple



0

Evaluación de reservas

0.6 Objetivos e indicadores

0.7 Análisis de inferencia de causalidad



0

Introducción a MAREA

0.8 Tipos y formatos de datos

0.9 Capacidades y limitaciones

0.10 Evaluación de reservas en 6 etapas

0.11 Interpretación de resultados



Part II

Parte II



0

Uso de MAREA

0.12 Evaluación de indicadores biológicos para 1 reserva

0.13 Evaluación de indicadores biológicos y especie objetivo para 1 reserva

0.14 Evaluación de todos los indicadores para 1 reserva

0.15 Evaluación de todos los indicadores para varias reservas, simultáneamente



0

Errores comunes y solución de problemas

0.16 Especie / Indicador no tiene diseño BACI

0.17 Diferentes especies en bases biológicas vs pesca



Datos sintéticos

Este apéndice muestra el código usado para obtener los datos sintéticos del curso y el manual de evaluación. Primero, debemos definir una serie de variables que contengan los valores predeterminados o rangos de valores que cada variable puede tomar. Para los propósitos del curso, generaremos únicamente información biológica y económica de peces.

```
# Cargamos los paquetes que necesitamos
suppressPackageStartupMessages({
  library(magrittr)
  library(tidyverse)
})

#####
# Generar variables predeterminadas
#####

# Las fechas estaran centradas en el día 1 de cada mes
dia <- 1

# Los muestreos ocurren aleatoriamente entre abril y junio
mes <- 4:6

# Generaremos datos del 200 al 2018
ano <- 2000:2018

# El estado va a ser NA
estado <- NA

# La comunidad imaginaria va a ser Las Positas
comunidad <- "Las Positas"

# En Las Positas hay 4 sitios, dos reservas y dos controles
# el tipo de sitio se define mas adelante
sitio <- c("Las cruces",
           "Cerro prieto",
           "Calencho",
           "Popotla")
```

```
# No es necesario definir el habitat
habitat <- NA

# La zona es determinada con esta funcion
zona <- function(sitio){
  ifelse(sitio %in% c("Las cruces",
                    "Cerro prieto"),
        "Reserva",
        "Control")
}

# Tipo de proteccion es NA
tipo_proteccion <- NA

# ANP es NA
ANP <- NA

# Lista de posibles buzos monitores (http://www.laff.bren.ucsb.edu/laff-network/alumni)
buzo_monitor <- c("Caio Faro",
                  "Alexandra Smith",
                  "Diana Flores",
                  "Ignacia Rivera",
                  "Wagner Quiros",
                  "Gonzalo Banda",
                  "Camila Vargas",
                  "Diego Undurraga",
                  "Denise Garcia",
                  "Cristobal Libertad",
                  "Catalina Milagros")

# Horas iniciales arbitrarias
hora_inicial <- c("6:50", "8:40", "10:20", "12:15", "13:40", "14:45", "15:20")

# Rango de profundidades iniciales posibles
profundidad_inicial <- 5:27

# Esta funcion inventa una profundidad final
# segun la profundidad inicial
profundidad_final <- function(profundidad_inicial){
  round(profundidad_inicial + rnorm(n = 1, mean = 0, sd = 1), digits = 1)
}

# Rango de temperaturas
```



```

temperatura <- 25:27

# Rango de visibilidades
visibilidad <- 3:12

# Corriente es NA
corriente <- NA

# Numeros de transectos
transecto <- 1:12

# Crear un origen en comun para las secuencias aleatorias
set.seed(42)

# De la lista de especies filtramos para tener
# especies menores a 160 cm y que tengan todos
# los parametros de a,b, NT y Lmax
spp <- MPAtools::species_bio %>%
  filter(Lmax < 160) %>%
  select(GeneroEspecie, a, b, NT, Lmax) %>%
  drop_na() %>%
  sample_n(15)

# Crear un vector con todas las especies
genero_especie <- spp$GeneroEspecie

# Esta funcion inventa una talla observada con una
# distribucion normal con promedio = la mitad entre
# 0 y la longitud maxima reportada y desviacion
# estandar = 0.3 * el promedio
tallas <- function(spp, generoespecie){

  # calcular talla media
  talla <- spp %>%
    filter(GeneroEspecie == generoespecie) %$%
    Lmax / 2

  # obtener ruido al rededor de la talla media
  noise <- rnorm(n = 1, mean = 0, sd = 0.3 * talla / 2)

  # Redondear para evitar decimales
  round(talla + noise)
}

```

```
# Esta funcion regresa la abundancia de la especie
# que es un numero que sigue una distribucion de
# poisson con Lambda = 12
mean_sp <- function(generoespecie){
  rpois(n = 1, lambda = 12)
}

# Esta funcion regresa el par RC para cada sitio
rc <- function(sitio){
  ifelse(sitio %in% c("Las cruces",
                    "Calencho"),
        "Las cruces - Calencho",
        "Cerro prieto - Popotla")
}
```

```
#####
# Simular datos
#####

# Crear un data.frame vacio
datos <- tibble(Dia = NA,
                Mes = NA,
                Ano = NA,
                Estado = NA,
                Comunidad = NA,
                Sitio = NA,
                Latitud = NA,
                Longitud = NA,
                Habitat = NA,
                Zona = NA,
                TipoProteccion = NA,
                ANP = NA,
                BuzoMonitor = NA,
                HoraInicial = NA,
                ProfundidadInicial = NA,
                ProfundidadFinal = NA,
                Temperatura = NA,
                Visibilidad = NA,
                Corriente = NA,
                Transecto = NA,
                Genero = NA,
                Especie = NA,
                GeneroEspecie = NA,
```

```

        Sexo = NA,
        Talla = NA,
        ClaseTalla = NA,
        Abundancia = NA,
        RC = NA)

# Definir un ciclo para iterar cada año
for(i in ano){
  # El año es determinado por el ciclo
  Ano <- i

  # El estado es constante
  Estado <- estado

  # La comunidad es constante
  Comunidad <- comunidad

  # Definir un ciclo para iterar cada sitio
  for(j in sitio){

    # El sitio es determinado por el ciclo
    Sitio <- j

    #La latitud y longitud son NAs
    Latitud <- NA
    Longitud <- NA

    # El habitat es constante (NA)
    Habitat <- habitat

    # Definir la zona segun la funcion anterior
    Zona <- zona(j)

    # El tipo de proteccion es constante (NA)
    TipoProteccion <- tipo_proteccion

    # El ANP es constante (NA)
    ANP <- ANP

    # Definir un ciclo para iterar cada transecto
    for(k in transecto){

      Dia <- dia

```

```
# Aleatoriamente muestreamos un mes de la lista anterior (mes)
Mes <- sample(x = mes,
              size = 1L)

# Escoger aleatoriamente un buzo monitor
BuzoMonitor <- sample(x = buzo_monitor,
                      size = 1L)

# Escoger aleatoriamente la hora inicial
HoraInicial <- hora_inicial[sample(x = 1:7,
                                   size = 1L)]

# Escoger aleatoriamente la profundidad inicial
ProfundidadInicial <- sample(x = profundidad_inicial,
                             size = 1L)

# Calcular la profundidad final segun la funcion anterior
ProfundidadFinal <- profundidad_final(ProfundidadInicial)

# Escoger una temperatura aleatoria
Temperatura <- sample(x = temperatura,
                      size = 1L)

# Escoger una visibilidad aleatoria
Visibilidad <- sample(x = visibilidad,
                      size = 1L)

# Corriente es NA
Corriente <- NA

# El transecto esta determinado por el ciclo
Transecto <- k

# Obtener un numero aleatorio para la riqueza
n_spp <- runif(n = 1, min = 0, max = 10) %>%
  as.integer()

# Muestrear la lista de especies para obtener las
# observadas en este transecto
GeneroEspecie <- sample(genero_especie,
                        size = n_spp)

# Sexo es NA
Sexo <- NA
```

```

# La funcion rc me dice los pares RC
RC <- rc(Sitio)

# Definir un ciclo para iterar cada especie
for(l in GeneroEspecie){

  # Separar genero y especie
  Genero <- str_split(l, " ")[[1]][[1]]
  Especie <- str_split(l, " ")[[1]][[2]]

  # Obtener un numero aleatorio entre 1 y 5 para
  # definir el numero de grupos de tallas observados
  nobs <- sample(x = 1:5, size = 1L)

  # Definir un ciclo para iterar cada grupo de observaciones de una spp
  for(m in 1:nobs){

    # Escoger una talla aleatoria segun la funcion anterior
    Talla <- tallas(spp = spp, generoespecie = l)

    # Clase talla es constante (NA)
    ClaseTalla <- NA

    # Muestrear una abundancia segun la funcion
    Abundancia <- mean_sp(generoespecie = l)

    # Juntar las observaciones de este grupo de tallas
    datos_ijklm <- tibble(Dia,
                          Mes,
                          Ano,
                          Estado,
                          Comunidad,
                          Sitio,
                          Latitud,
                          Longitud,
                          Habitat,
                          Zona,
                          TipoProteccion,
                          ANP,
                          BuzoMonitor,
                          HoraInicial,
                          ProfundidadInicial,
                          ProfundidadFinal,
                          Temperatura,

```

```

        Visibilidad,
        Corriente,
        Transecto,
        Genero,
        Especie,
        GeneroEspecie = 1,
        Sexo,
        Talla,
        ClaseTalla,
        Abundancia,
        RC)

    datos <- rbind(datos, datos_ijklm)
  } # Fin nobs
} # Fin especie
} # Fin transecto
} # Fin sitio
} # Fin años

# Borrar los NAs originales y agrupar grupos de
# talla en caso de que esten duplicados
datos %<>%
  drop_na(dia) %>%
  group_by(Dia, Mes, Ano, Estado, Comunidad, Sitio, Latitud,
            Longitud, Habitat, Zona, TipoProteccion, ANP, BuzoMonitor,
            HoraInicial, ProfundidadInicial, ProfundidadFinal,
            Temperatura, Visibilidad, Corriente, Transecto, Genero,
            Especie, GeneroEspecie, Sexo, Talla, ClaseTalla, RC) %>%
  summarize(Abundancia = sum(Abundancia, na.rm = T)) %>%
  ungroup() %>%
  select(Dia, Mes, Ano, Estado, Comunidad, Sitio, Latitud,
          Longitud, Habitat, Zona, TipoProteccion, ANP, BuzoMonitor,
          HoraInicial, ProfundidadInicial, ProfundidadFinal,
          Temperatura, Visibilidad, Corriente, Transecto, Genero,
          Especie, GeneroEspecie, Sexo, Talla, ClaseTalla, Abundancia, RC)

# Graficar los datos
datos %>%
  ggplot(aes(x = Ano, y = Abundancia, color = Zona, group = Sitio, linetype = RC)) +
  geom_point(alpha = 0.5, size = 0.5) +
  stat_summary(geom = "line", fun.y = "mean", size = 1) +
  facet_wrap(~GeneroEspecie, ncol = 3, scales = "free_y") +
  startR::ggtheme_plot() +

```

```
theme(legend.position = "top") +
scale_color_brewer(palette = "Set1") +
xlab("Año")
```

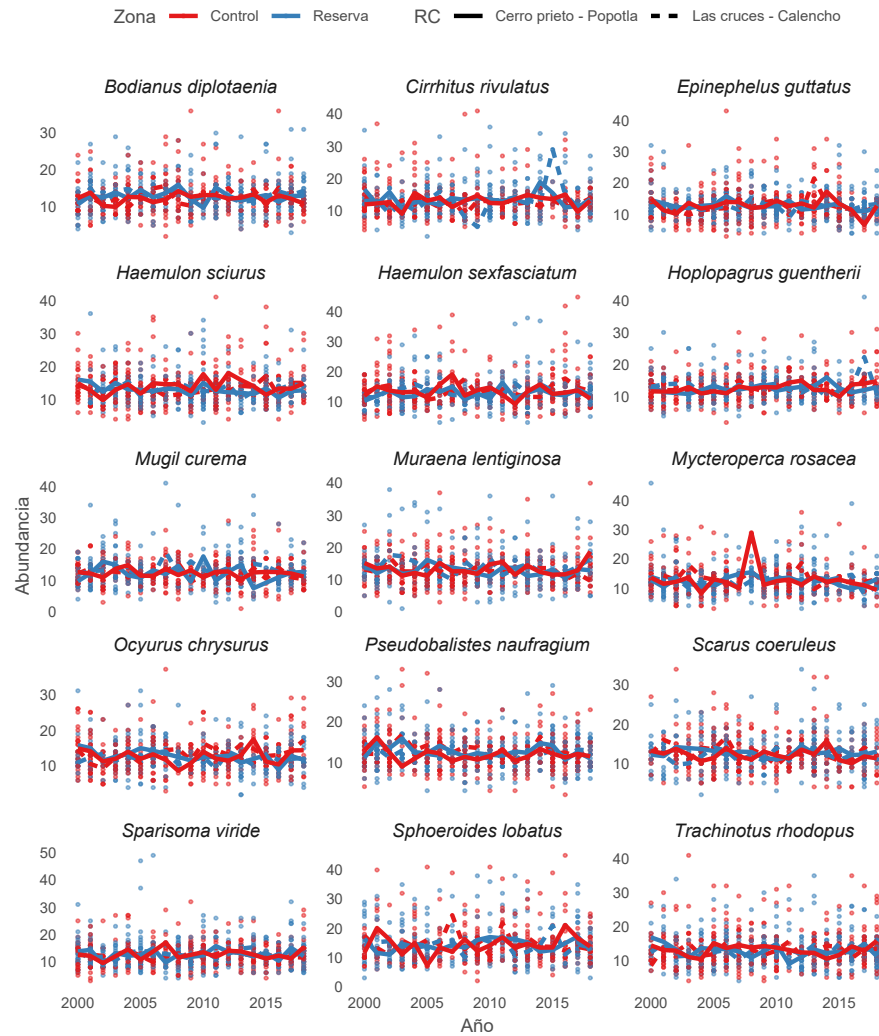


FIGURE 1: Series de tiempo de los datos antes de agregar tendencias

```
# Ahora agregamos tendencias en abundancias y tallas.
# Las abundancias aumentan un 10% cada año despues del 2000.
```

```
# Las tallas aumentan 1 cm cada año.
datos <- datos %>%
  mutate(neg = ifelse(RC == "Cerro prieto - Popotla", -1, 1),
         Abundancia = ifelse(Zona == "Reserva" & Ano > 2000,
                              Abundancia * (1 + (neg * ((Ano - 2000) * 0.1))),
                              Abundancia),
         Talla = ifelse(Zona == "Reserva" & Ano > 2000,
                        Talla + ((Ano - 2000) * 1),
                        Talla)) %>%

select(-neg)
```

```
# Graficar los datos
datos %>%
  ggplot(aes(x = Ano, y = Abundancia, color = Zona, group = Sitio, linetype = RC)) +
  geom_point(alpha = 0.5, size = 0.5) +
  stat_summary(geom = "line", fun.y = "mean", size = 1) +
  facet_wrap(~GeneroEspecie, ncol = 3, scales = "free_y") +
  startR::ggtheme_plot() +
  theme(legend.position = "top") +
  scale_color_brewer(palette = "Set1") +
  xlab("Año")
```

```
# Graficar los datos
datos %>%
  ggplot(aes(x = Ano, y = Talla, color = Zona, group = Sitio, linetype = RC)) +
  geom_point(alpha = 0.5, size = 0.5) +
  stat_summary(geom = "line", fun.y = "mean", size = 1) +
  facet_wrap(~GeneroEspecie, ncol = 3, scales = "free_y") +
  startR::ggtheme_plot() +
  theme(legend.position = "top") +
  scale_color_brewer(palette = "Set1") +
  xlab("Año")
```

```
write.csv(x = datos,
         file = here::here("materiales", "datos", "datos_peces.csv"),
         row.names = F)
```

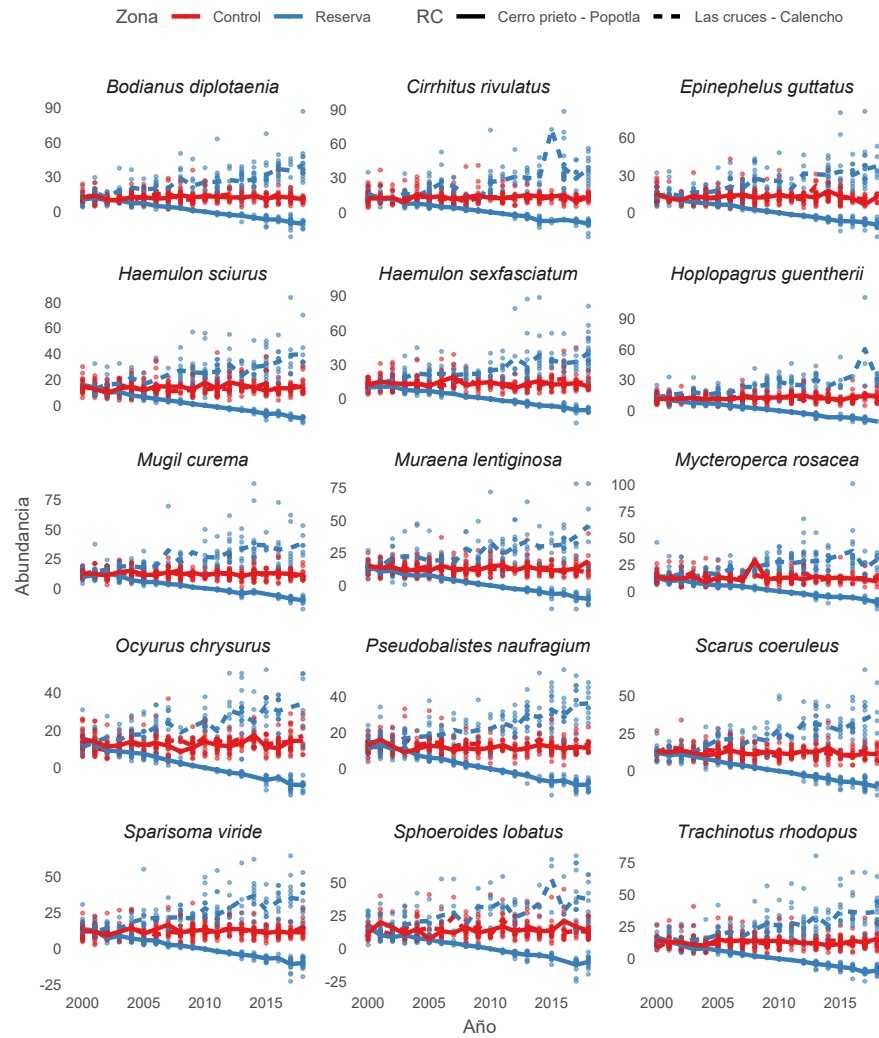



FIGURE 2: Series de tiempo de los datos con tendencias (10% anual) después del primer año. Note como una reserva funciona y otra no.

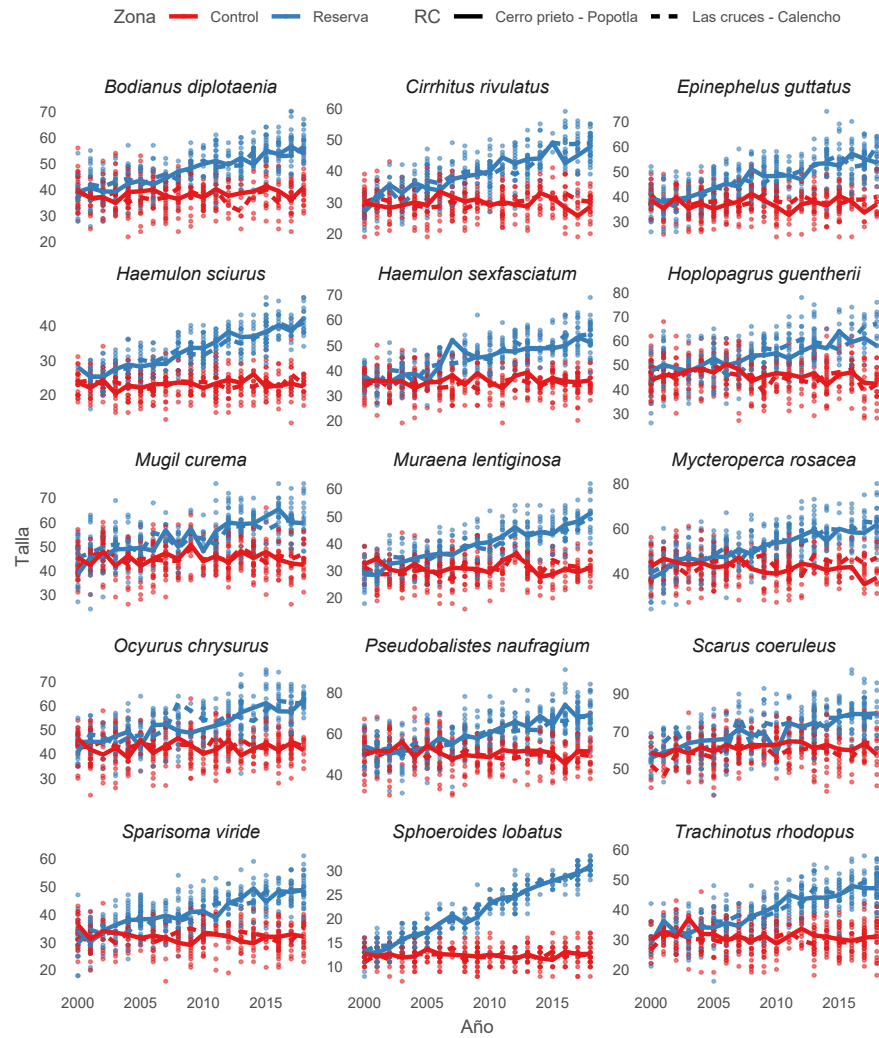


FIGURE 3: Series de tiempo de los datos con tendencias (10% anual) después del primer año. Note como una reserva funciona y otra no.

Bibliography

NOM-049-SAG/PESC (2014). Norma oficial mexicana nom-049-sag/pesc-2014, que determina el procedimiento para establecer zonas de refugio para los recursos pesqueros en aguas de jurisdicción federal de los estados unidos mexicanos. *DOF*.

Villaseñor-Derbez, J. C., Faro, C., Wright, M., and Martínez, J. (2017). Una guía para evaluar la efectividad de las zonas de no pesca en México. Technical report, TURFeffect.

Villaseñor-Derbez, J. C., Faro, C., Wright, M., Martínez, J., Fitzgerald, S., Fulton, S., Mancha-Cisneros, M. d. M., McDonald, G., Micheli, F., Suárez, A., Torre, J., and Costello, C. (2018). A user-friendly tool to evaluate the effectiveness of no-take marine reserves. *PLOS ONE*, 13(1):1–21.

