

Clase 3: Parámetros de Historia de Vida (FishLife) y Simulación Poblacional

Luis A. Cubillos
lucubillos@gmail.com



https://luisacubillos.github.io/curso_sibecorp_evastock_datlim/index.html

Programa

Hora	Tópicos
8:00-9:30	Parámetros de Historia de Vida y FishLife, Simulación Poblacional
9:30-9:45	Pausa y café
9:45-10:45	Guía y práctica FishLife y Curvas de Producción
10:45-11:00	Pausa y café
11:00-12:00	Simulación Pop con Error de Proceso

Teoría de la Historia de Vida

- ▶ La teoría de la historia de vida intenta comprender y predecir las trayectorias de supervivencia, crecimiento, y reproducción maximizando el fitness en diferentes ambientes, desde el punto de vista genético como no-genético (Roff 2007).
- ▶ El crecimiento es el proceso más determinante del fitness, porque afecta la supervivencia y la reproducción. Enberg et al. (2012)

El tamaño de un individuo es un estado

- ▶ El tamaño del cuerpo tiene importancia ecológica.
- ▶ Crecimiento y tamaño están relacionado y correlacionado, pero no son lo mismo.
- ▶ Crecimiento es el *proceso* por el cual se llega a cierto tamaño (un *estado*).

Cambios en el crecimiento

- ▶ Tasas de crecimiento variable
- ▶ Edad de madurez variable
- ▶ Inversión en reproducción variable

Esfuerzo reproductivo

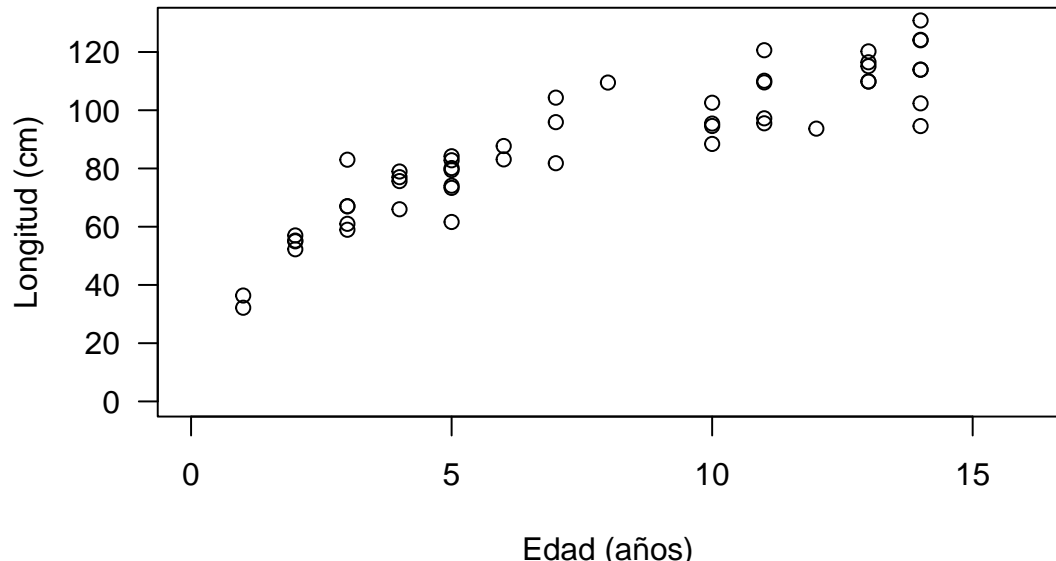
- ▶ Asignación de energía para la reproducción
- ▶ Presupuesto energético:
 - ▶ Antes de la madurez: mantención y crecimiento.
 - ▶ Después de la madurez: mantención, crecimiento o reproducción.
- ▶ Compromisos entre:
 - ▶ Retrasos en la reproducción: crecimiento rápido y tamaño grande.
 - ▶ Reproducción temprana. . .

Parámetros de historia de vida

- ▶ Crecimiento: parámetros del modelo de von Bertalanffy L_{∞} y K
- ▶ Sobrevivencia M y Longevidad, o edad máxima t_{max}
- ▶ Reproducción: edad de madurez tm y talla de madurez Lm

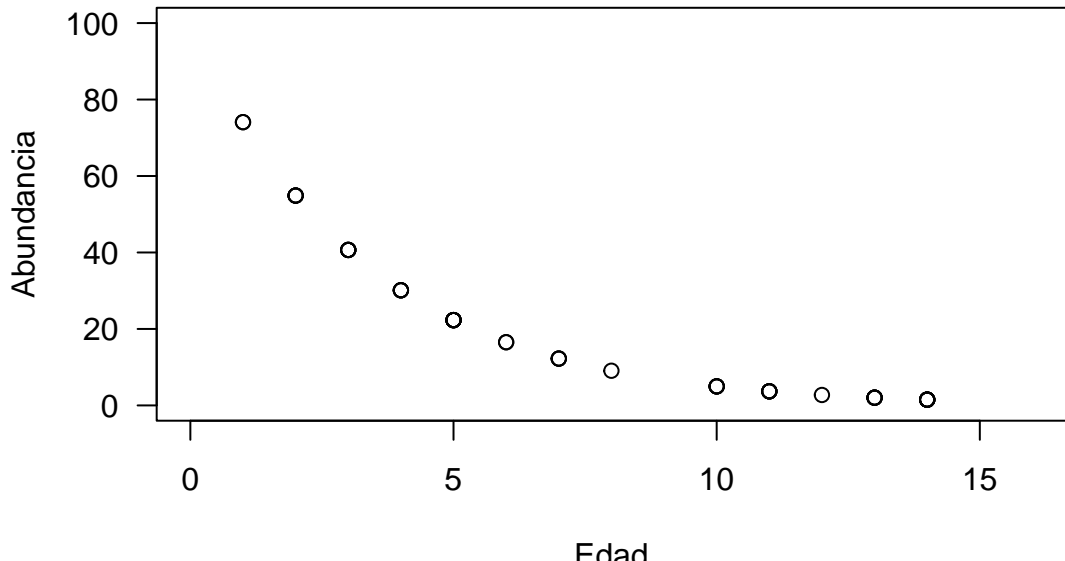
Crecimiento en longitud

$$L_t = L_{\infty}(1 - \exp(-K(t - t_0)))$$



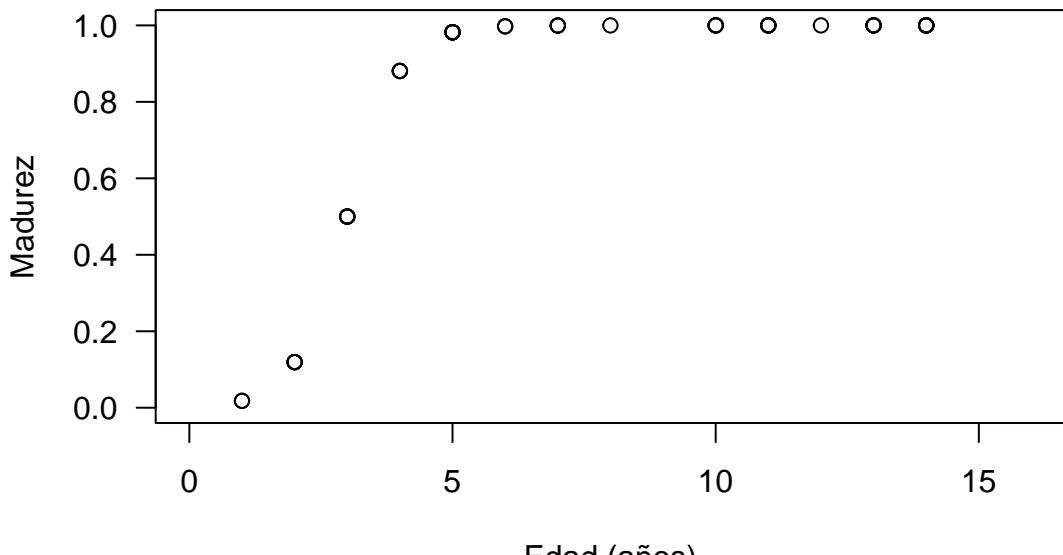
Sobrevivencia

$$Z = F + M; N_{t+1} = N_t \exp(-Z)$$



Madurez

$$P_t = \frac{1}{1 + \exp(-(a - b * Lt))}; \text{ y } L_m = -a/b$$



Teoría de historia de vida

La teoría de historia de vida intenta proporcionar explicaciones evolutivas de las variaciones en las formas en que las especies animales viven sus vidas.

- ▶ Relaciones adimensionales de varios parámetros clave de historia de vida son los mismos para las diferentes especies, incluso a través de taxones distante.

Invariantes

La teoría de la evolución de la historia de vida produce invariantes, que se constituyen en productos o razones entre ciertos parámetros de historia de vida y permanecen aproximadamente constantes dentro de algunos taxa.

Charnov (1993)

Muchas de esas invariantes surgen de modelos simples de historia de vida que maximizan el éxito de la duración reproductiva de manera densidad-independiente (e.g. Jensen 1996).

La contribución de Beverton y Holt

- ▶ Beverton y Holt plantearon relaciones entre parámetros de historia de vida, cuya recopilación fue la base empírica para la teoría de Charnov.
 1. Producto entre la mortalidad natural (M) y la edad de primera madurez (t_m)
 2. Razón entre M y el coeficiente de crecimiento del modelo de von Bertalanffy (K)
 3. Razón entre la longitud de madurez (L_m) y la longitud asintótica (L_∞).

Jennings, S., Dulvy, N.K. 2008. Beverton and Holt's insights into life history theory: influence, application and future use. In: Payne, A., Cotter, J., Potter, T. (ed.) Advances in fisheries science, 50 year on from Beverton and Holt, Wiley, p. 434-450.

Prince, J., Hordyk, A., Valencia, S.R., Loneragan, N., Sainsbury, K. 2015. Revisiting the concept of Beverton–Holt life-history invariants with the aim of informing data-poor fisheries assessment, ICES Journal of Marine Science, 72: 194–203

Las tres invariantes

Jensen (1996) obtiene los valores de las invariantes maximizando la función de fecundidad y asumiendo que los organismos crecen de acuerdo al modelo de von Bertalanffy, siendo estos:

$$M \times t_m = 1.65$$

$$\frac{M}{K} = 1.5$$

$$\frac{L_m}{L_\infty} = 0.66$$

Consideraciones

- ▶ Los “parámetros de historia de vida” se refieren a todos aquellos que determinan los procesos de *crecimiento*, *madurez* y *mortalidad* y que definen el fitness total o eficacia biológica.

Trabajos recientes

- ▶ Enfoques basados en FishBase
- ▶ FishLife de Thorson et al. (2017)

Thorson, J. T., S. B. Munch, J. M. Cope, and J. Gao. 2017. Predicting life history parameters for all fishes worldwide. *Ecological Applications*. 27(8): 2262–2276.

Paquete FishLife de Thorson et al. (2017) en el repositorio GitHub
<https://github.com/James-Thorson/FishLife>

github.com/James-Thorson-NOAA/FishLife

Search or jump to... Pull requests Issues Marketplace Explore

James-Thorson-NOAA / FishLife Watch 16 Star 13 Fork 6

Code Issues 1 Pull requests 1 Actions Projects 0 Wiki Security Insights

Estimate fish traits for all marine fish species globally

fish life-history-predictions life-history-theory ecological-applications prediction

83 commits 1 branch 0 packages 4 releases 4 contributors GPL-3.0

Branch: master New pull request Create new file Upload files Find file Clone or download

James-Thorson-NOAA	Merge pull request #14 from James-Thorson-NOAA/FIT_landing_page	Latest commit 20 days ago
R	Merge pull request #12 from James-Thorson/add-recruitment	5 months ago
data	Adding big updates...	5 months ago
docs	NOAA FIT Landing Page	20 days ago
inst	adding crossvalidation feature...	9 months ago
man	Adding big updates...	5 months ago
shiny	small fix to Shiny 'server.R'	3 years ago
vignettes	Update tutorial.Rmd	5 months ago
.Rbuildignore	One other fix to make Match_species work with tibbles (and updated .g...	2 years ago
.gitignore	One other fix to make Match_species work with tibbles (and updated .g...	2 years ago
.travis.yml	added initial code	4 years ago
DESCRIPTION	Updates to package...	5 months ago
LICENSE	added GPL-3 licence to repo	3 years ago
NAMESPACE	update NAMESPACE	2 years ago

- ▶ Es un modelo evolutivo integral de parámetros de historia de vida, ajustado a mediciones de tallas, crecimiento, mortalidad y madurez disponibles en FishBase.
- ▶ El modelo predice un vector de parámetros de historia de vida x_g a lo largo de linajes filogenéticos utilizando una caminata aleatoria multivariada, i.e.,

$$x_g \sim MVN(x_{p(g)}, \sum_{l(g)})$$

$p(g)$ es el pariente taxonómico del taxon g ; p.e., si X_g son los valores de la historia de vida promedio para el género *Brama*, entonces $x_{p(g)}$ son los valores promedio para la familia *Bramidae*.

$\sum_{l(g)}$ es la covarianza evolutiva entre parámetros de historia de vida.

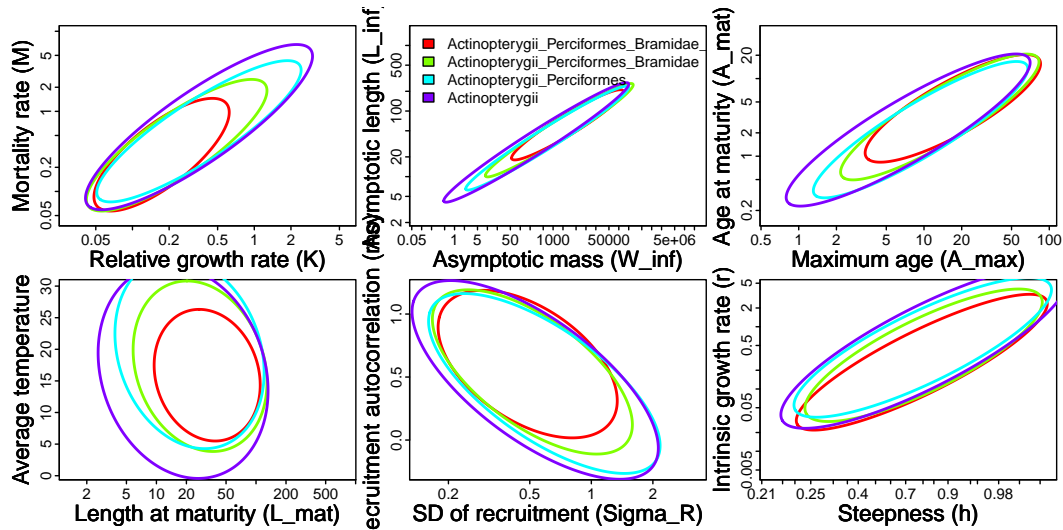
FishLife (cont.)

- ▶ Para la asociación de un rasgo (p.e. mortalidad natural M) y otros rasgos (e.g., peso asintótico W_{infy}) se utiliza MAR (major axis regression), lo que implica calcular una descomposición eigen de la covarianza evolutiva.
- ▶ Para un taxon, por ejemplo la reineta *Brama australis*:

```
library(FishLife)
MisParms = Plot_taxa(
  Search_species(Genus="Brama",
                 Species="australis")$match_taxonomy,
  mfrow=c(3,2))
```

Aplicación de *FishLife*

Aquí utilizamos un ejemplo para un taxon, por ejemplo la reineta *Brama australis*, con el comando `Plot_taxa`



Parámetros estimados

- Son 20 parámetros, primeros siete en escala log

Param.	
Loo	Longitud asintótica VBGF (cm)
K	Coef. de crecimiento VB (año^{-1})
Winfinity	Peso asintótico VBGF (gr)
tmax	Longevidad o edad máxima (años)
tm	Edad de madurez (años)
M	Mortalidad natural
Lm	Longitud de madurez (cm)

Parámetros (cont.)

Salida en escala log:

Loo	K	Winfinity	tmax	tm	M	Lm
4.121	-1.752	7.916	2.833	1.419	-1.246	3.476

Escala real (anti-log):

Loo	K	Winfinity	tmax	tm	M	Lm
61.606	0.173	2741.48	16.996	4.135	0.288	32.328

Parámetros estimados (cont.)

Param.

Temperature Temperatura ($^{\circ}\text{C}$)

ln_var Desv. Estd. condicional de variabilidad de reclutamiento.

rho coef. de autocorrelación de residuales de reclutamiento

ln_MASPS log Max. desovantes por desovadores en exceso de reemplazo.

ln_margsd Desviación estándar mariginal reclutamiento

h Steepness de la relación stock-recluta

logitbound_h Límite logístico de h

Parametros estimados (cont.)

Temperature	ln_var	rho	ln_MASPS	ln_margsd	h	logitbound_h
15.9	-2.17	0.6	1.2	-0.72	0.73	1.06

Parámetros estimados (cont.)

Puntos biológicos de referencia

Param.	
In_Fmsy_over_M	Razón entre $\log(F_{msy}/M)$
In_Fmsy	Log. mort. pesca en el RMS
In_r	log. r_{max}
r	r_{max}
In_G	log tiempo generacional
G	Tiempo generacional

Parámetros (cont.)

$\ln_Fmsy_over_M$	\ln_Fmsy	\ln_r	r	\ln_G	G
0.98	-0.28	-1.31	0.41	2.27	11.52

Matriz de varianza co-varianza

```
Sigma = MisParms[[1]]$Cov_pred  
knitr::kable(Sigma, digits=3)
```

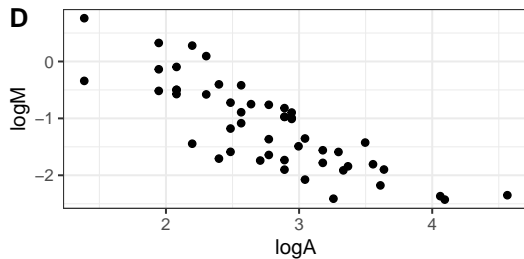
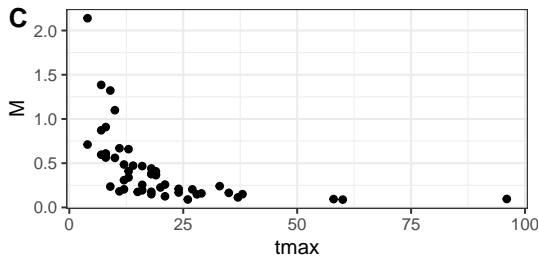
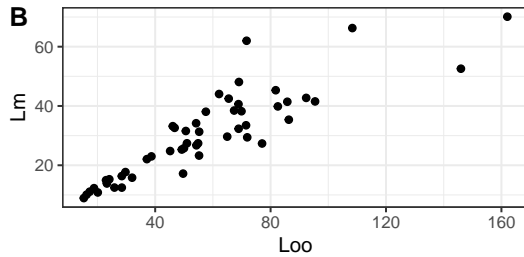
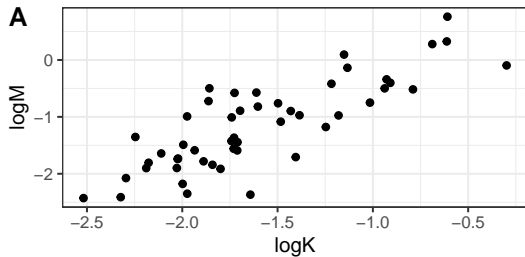
Simulación

```
lh_parms <- c("Loo", "K", "tmax", "M", "Lm")
cov      <- MisParms[[1]]$Cov_pred
Sigma    <- cov[which(rownames(cov) %in% lh_parms), which(colnames(cov) %in% lh_parms)]
mean     <- MisParms[[1]]$Mean_pred
mu       <- mean[lh_parms]
colnames(Sigma) <- rownames(Sigma) <- lh_parms
names(mu) <- lh_parms
lh_n     <- MASS::mvrnorm(1, mu=mu, Sigma=Sigma)
Linf     = exp(lh_n["Loo"])
K        = exp(lh_n["K"])
Lm       = exp(lh_n["Lm"])
M        = exp(lh_n["M"])
A        = ceiling(exp(lh_n["tmax"]))
```

Simulación (cont.)

```
n=50
lh_n <- MASS::mvrnorm(n,mu=mu,Sigma=Sigma)
Linf  = exp(lh_n[, "Loo"])
K      = exp(lh_n[, "K"])
Lm     = exp(lh_n[, "Lm"])
M      = exp(lh_n[, "M"])
A      = ceiling(exp(lh_n[, "tmax"]))
df <- data.frame(Linf=Linf,K=K,Lm=Lm,M=M,A=A)
```

Relaciones entre parámetros



Curvas de producción en equilibrio

- ▶ Modelo de producción estructurado por edad
 - ▶ Parámetros de historia de vida
 - ▶ Mortalidad por pesca y selectividad
 - ▶ Relación stock-recluta
 - ▶ Modelos por recluta
 - ▶ Error de proceso

Relación S-R y Modelos por recluta

$$R = \alpha S / (1 + \beta S), \quad \text{Beverton-Holt}$$

donde α y β son parámetros.

Steepness

Para el modelo de Beverton y Holt, los parámetros se expresaron por:

$$\alpha = (1 - h) S_0 / (4hR_0)$$

$$\beta = (5h - 1) / (4hR_0)$$

donde h es el escarpamiento (steepness).

Biomasa desovante no explotada

Se puede estimar en términos relativos con $R_0 = 1$, i.e.,

$$\begin{aligned} p_{F=0,j} &= R_0, & j &= 1 \\ p_{F=0,j} &= p_{F=0,j-1} \exp(-M), & j &= 2, \dots, A \end{aligned}$$

$R_0 = 1$ = Reclutamiento inexplorado que genera la biomasa desovante no explotada ($SPR_{F=0}$), M es la tasa de mortalidad natural, y A es la edad máxima. Luego,

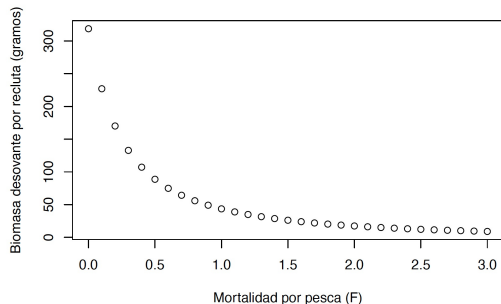
$$SPR_{F=0} = \sum_{j=1}^A m_j w_j p_{F=0,j} \exp(-M_j \tau)$$

donde m_j es la proporción de individuos maduros a la edad j , W_j es el peso promedio a la edad j , npr_0 es la abundancia no explotada a la edad j , M_j es la tasa instantánea de mortalidad natural a la edad j , y τ es el mes del pico de desove como una fracción del año.

Biomasa desovante por recluta

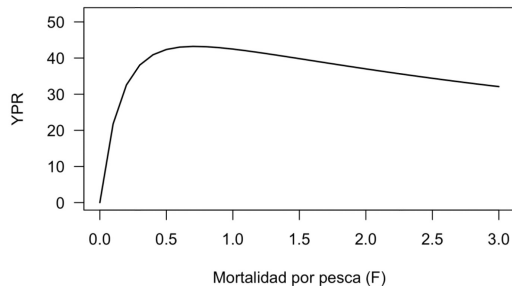
$$p_{F,j} = p_{F,j-1} \exp(-M + F_{j-1}), \quad j = 2, \dots, A$$

$$SPR_F = \sum_{j=1}^A m_j w_j p_{F,j} \exp(-(M + F_j)\tau)$$



Rendimiento por recluta

$$YPR = \sum_{j=1}^A F_j w_j p_{F,j} (1 - \exp(-(M + F_j))) / (M + F_j)$$



Relación SPR

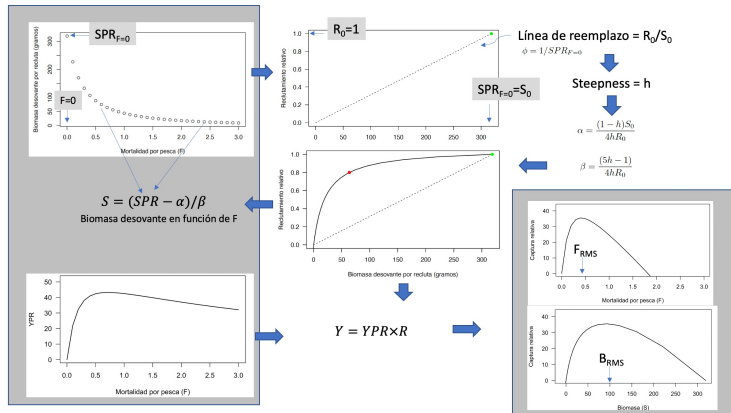
La biomasa desovante por recluta (SPR), en función de la mortalidad por pesca (F), a reclutamiento relativo en equilibrio en función de F , se estima por:

$$R = (SPR_F - \alpha) / (\beta SPR), \quad \text{Beverton-Holt}$$

El rendimiento relativo: $Y = YPR \times R$. Asimismo, la biomasa desovante se puede estimar multiplicando SPR por R , i.e.,

$$S = SPR_F \times R$$

Resumen de cálculos



Consultas

¿Preguntas...?

Pausa y café

