

Lab 2 Guía Práctica FishLife y Curva de Producción

Luis A. Cubillos

10/5/2021

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 Northwest Fisheries Science Center
## For details and citation guidance, please see http://github.com/james-thorson/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]]$Mean_pred[3])
  tmax = exp(lh[[1]]$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
A <- ceiling(tmax)
t0 <- -10^(-0.392 - 0.275*log10(Linf)-1.038*log10(K))
edad <- seq(1,A,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

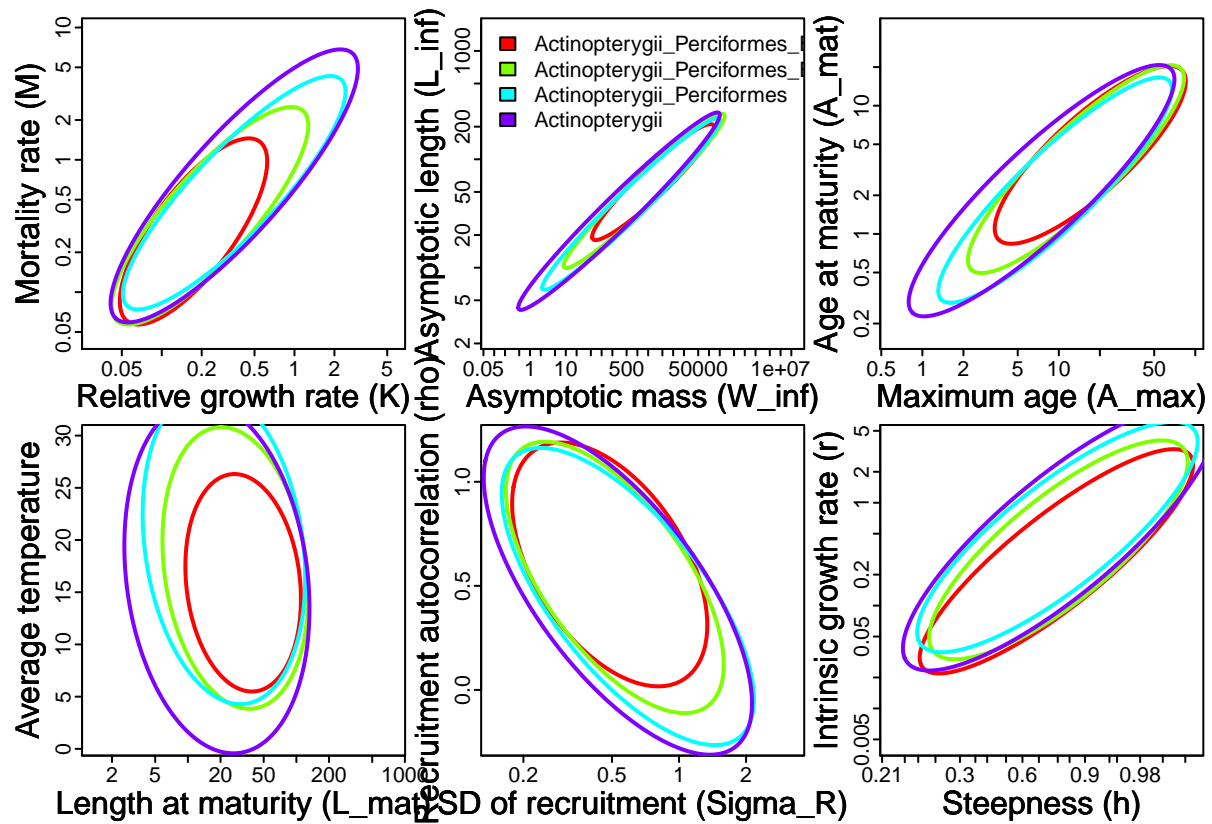
Obtener parámetros con *FishLife*:

```

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) )

## Closest match: Actinopterygii_Perciformes_Bramidae_Brama_predictive

```

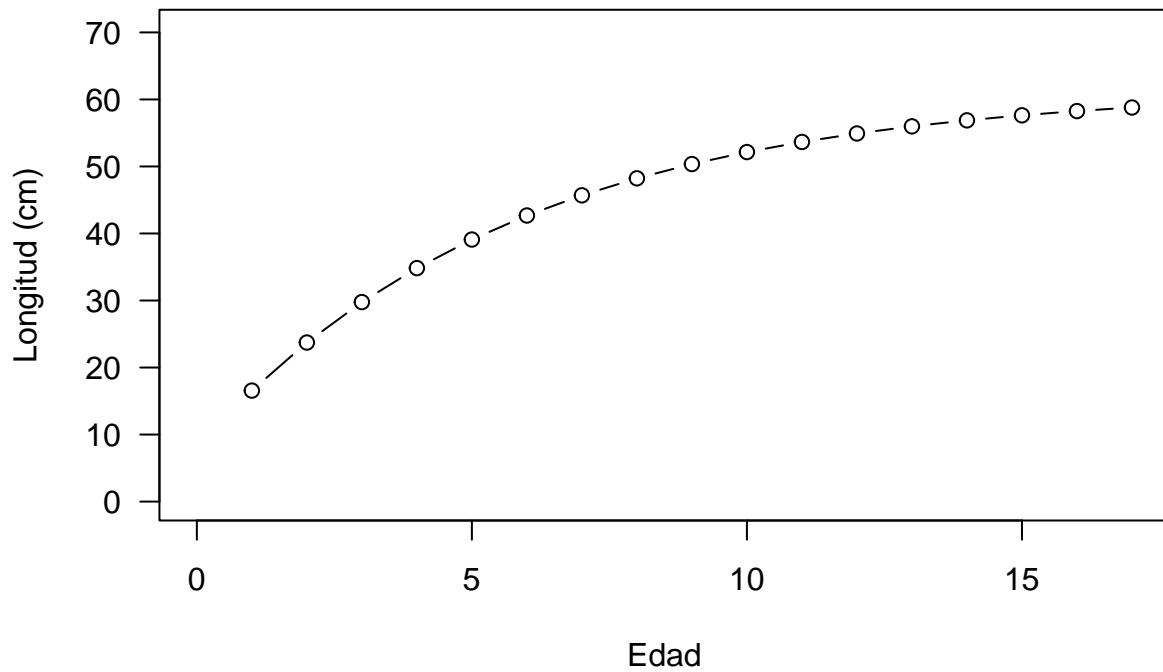


Una vez obtenida la estimación de parámetros, se debe crear una lista con los parámetros de interés para los análisis subsiguientes:

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

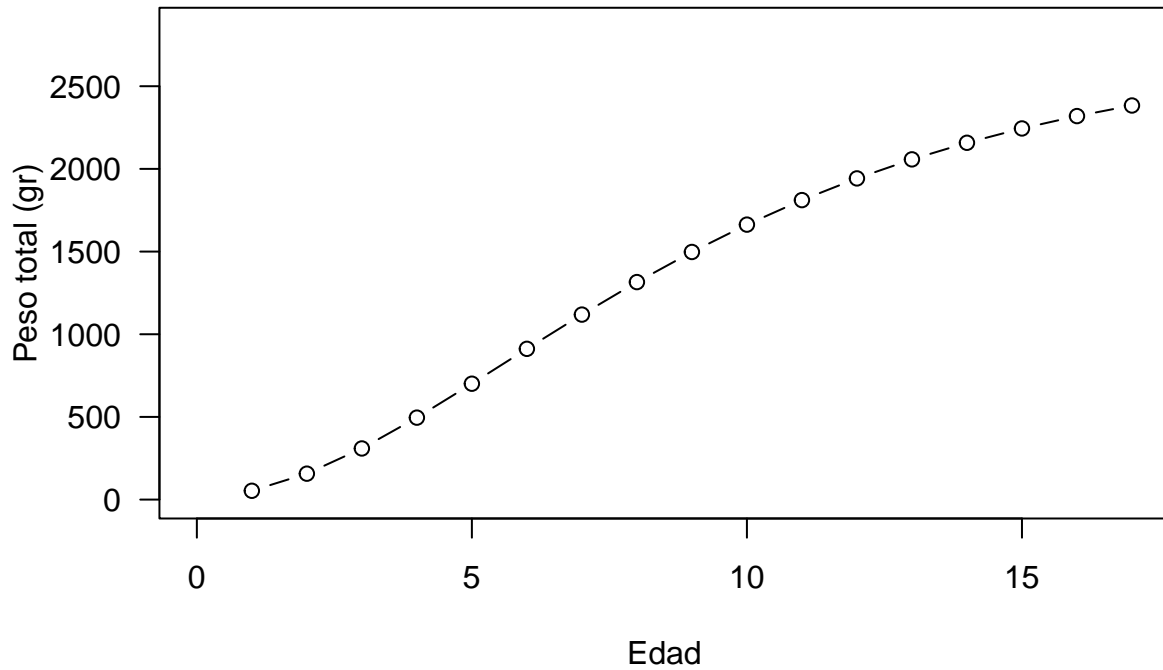
Luego, se pueden obtener las trayectorias del crecimiento en longitud con la edad:

```
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")
```



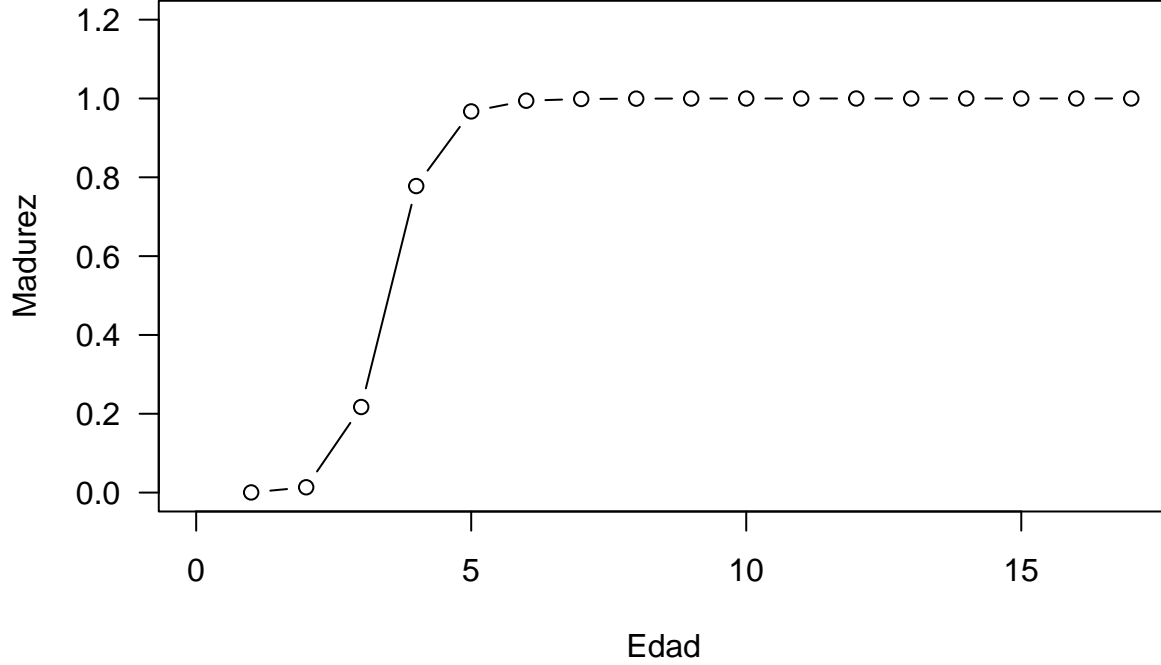
La trayectoria del peso promedio corporal con la edad:

```
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
```



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="Mad
```



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

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

donde

m_j = fracción de individuos maduros a la edad j .

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

n_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:

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

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)
}

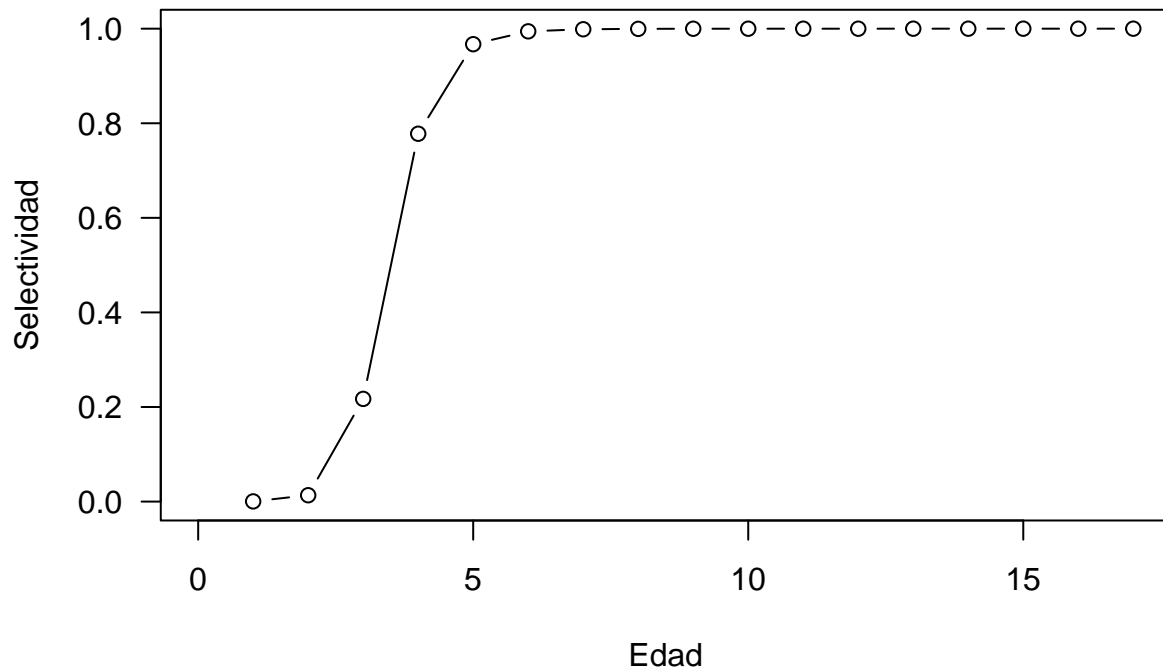
```

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")

```

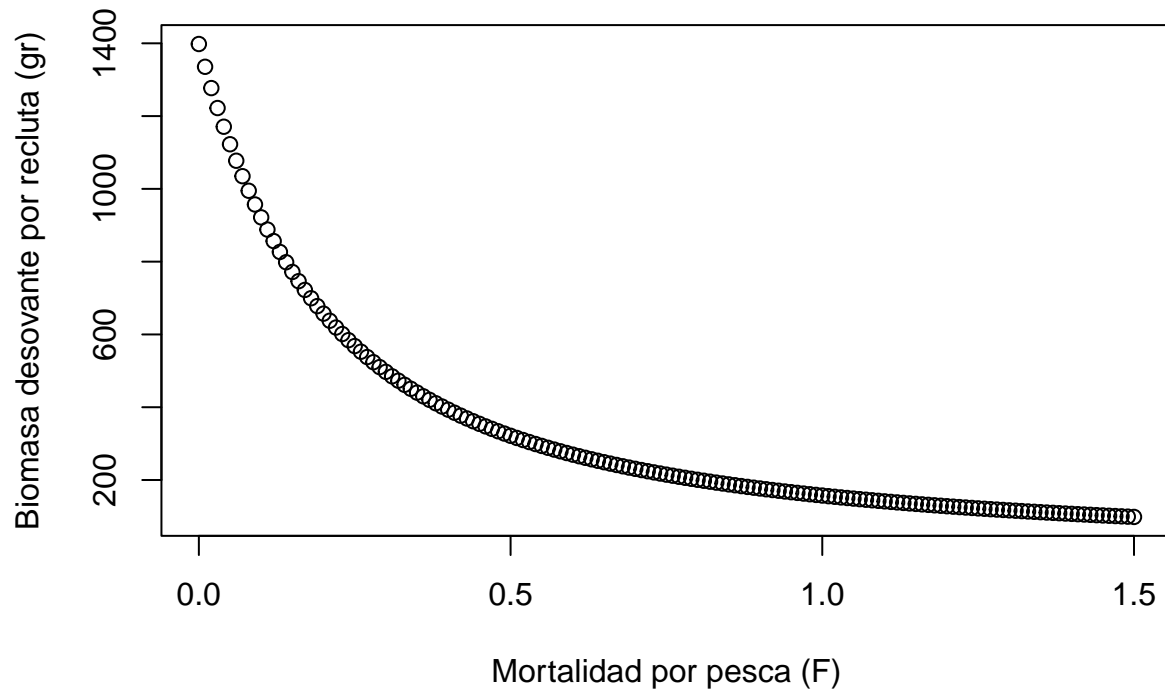


Se copia la edad, peso, madurez, mortalidad natural y se asigna un valor a la época de desove; i.e.,

```
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 #época de desove
Out <- SPRFmort(Fmort, Tspw) # Se llama a la función previa y se guardan los resultados en Out
```

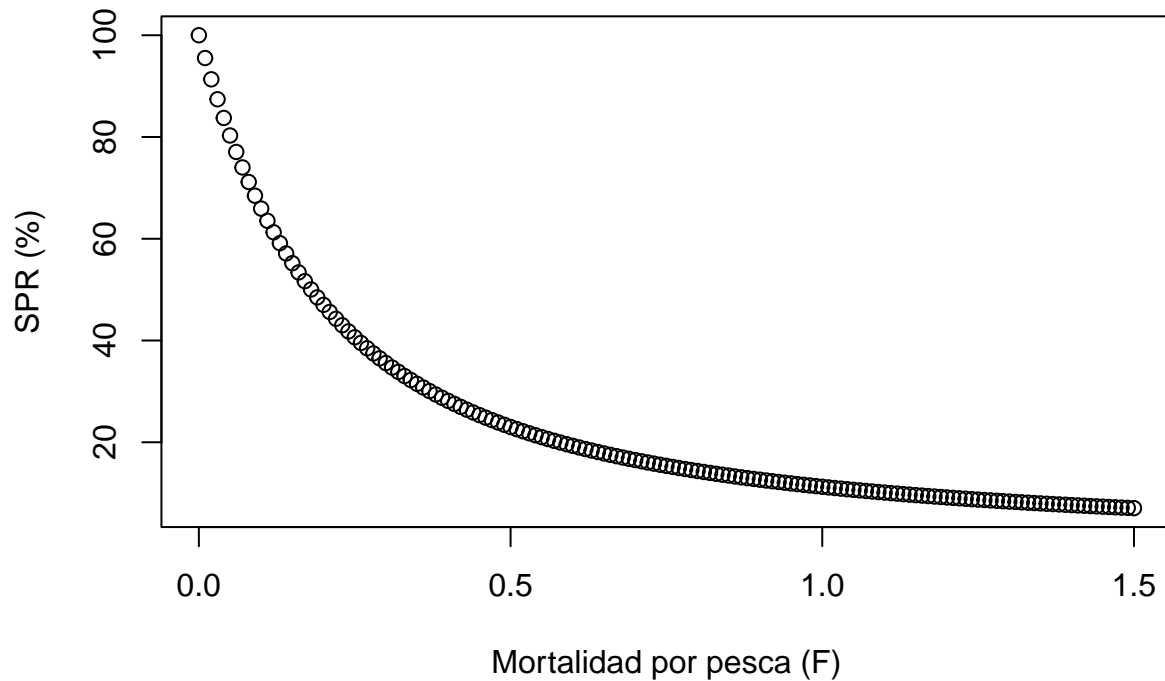
La biomasa desovante por recluta es

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



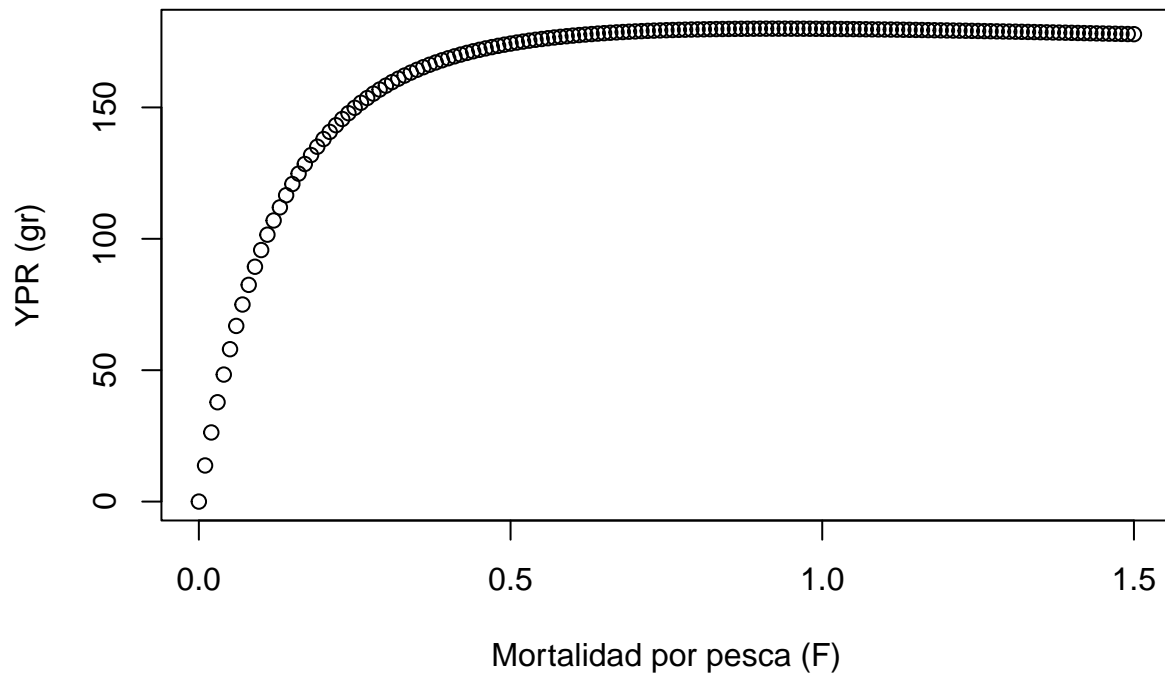
La razón de potencial reproductivo consiste en dividir cada valor de $SPR(F)$ por $SPR_{F=0}$, a esta razón se le denomina spawning potential ratio (SPR); i.e.,

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



El rendimiento por recluta (YPR), es:

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

Relación stock-recluta

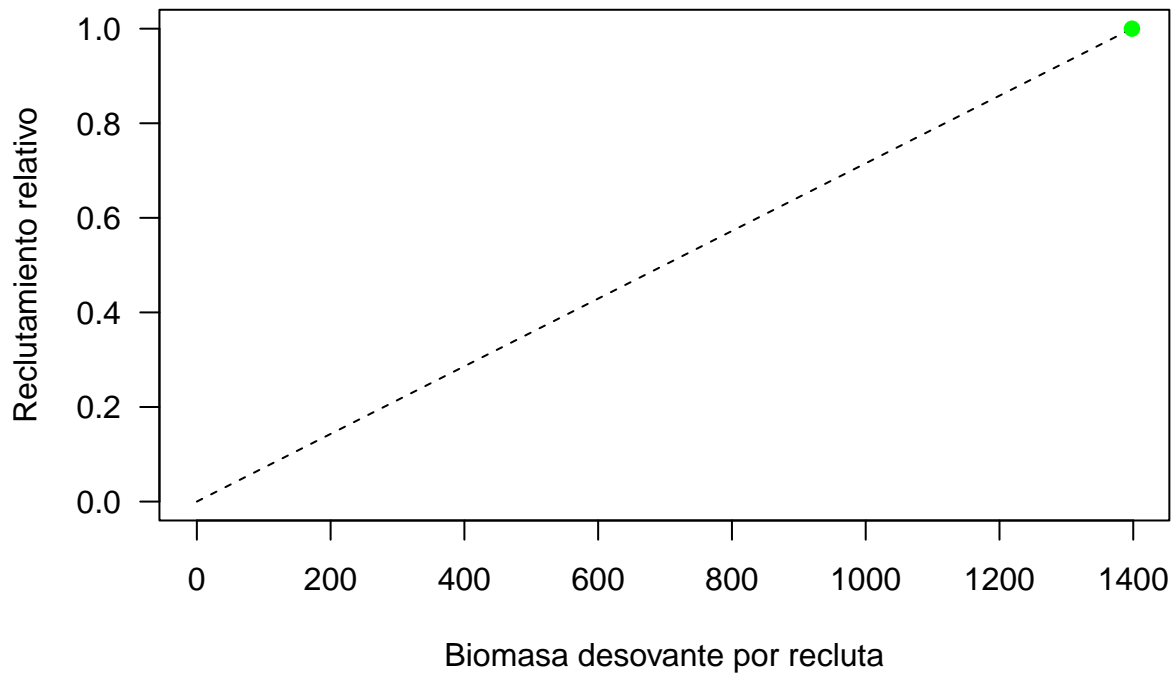
Línea de reemplazo no explotada

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:

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

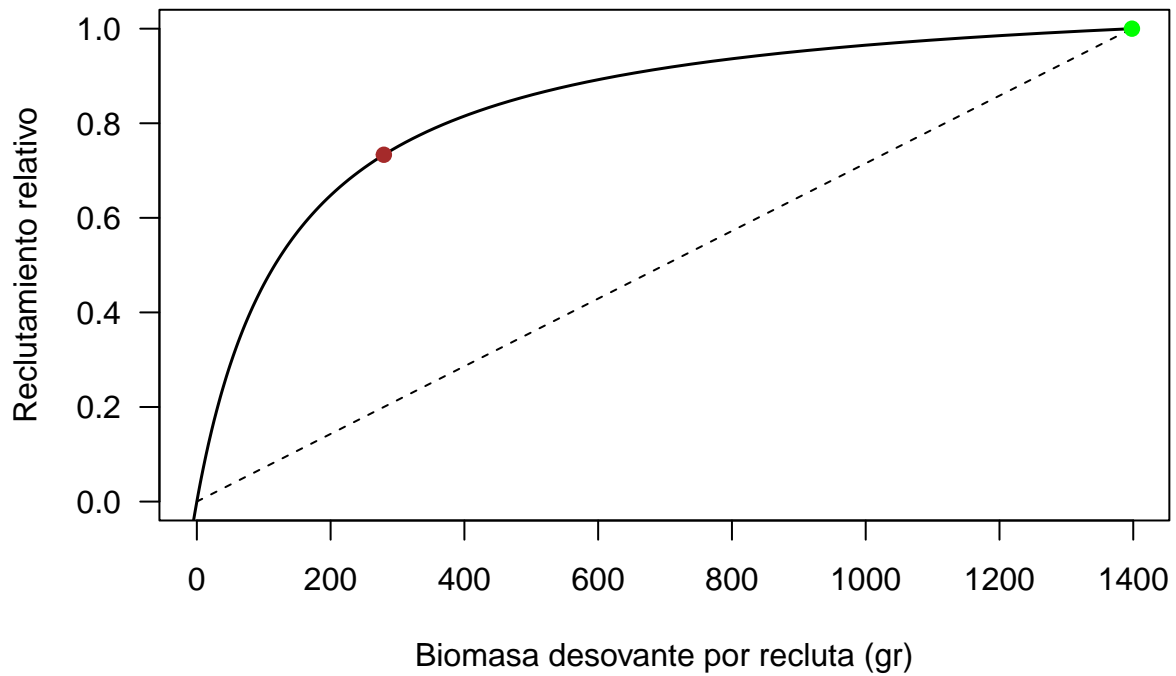
$$\beta = \frac{(5h-1)}{4hR_0}$$

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 relación 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.

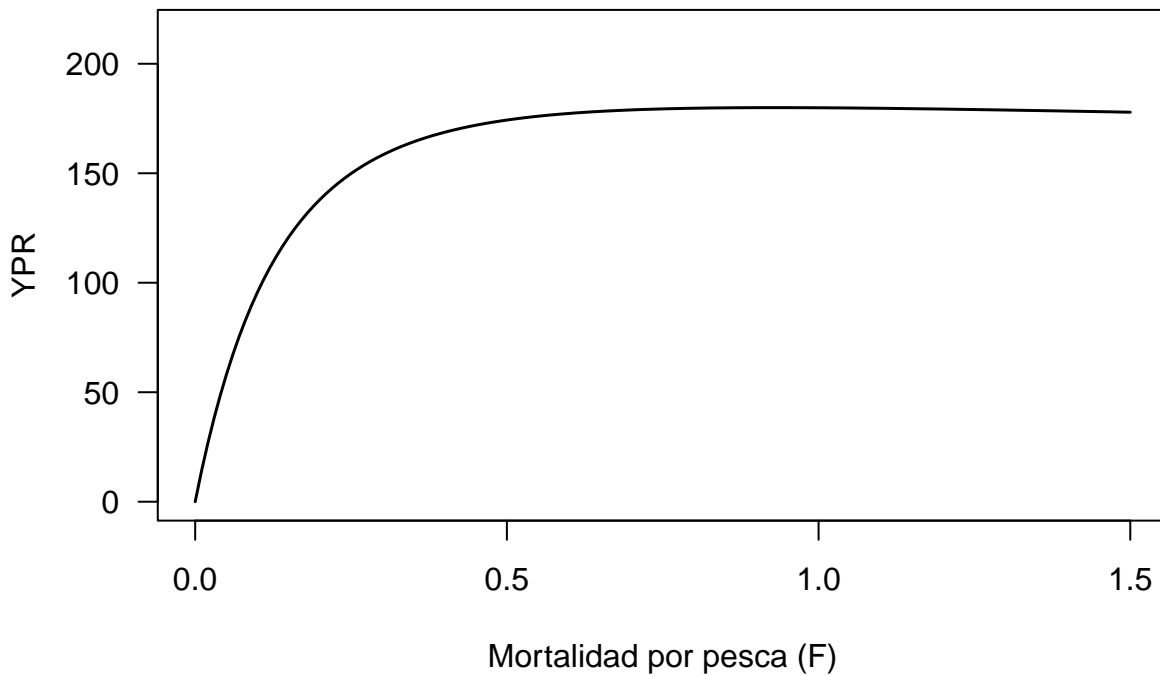
```
plot(sb,lr,type="l",lty=2,las=1,ylab="Reclutamiento relativo",xlab="Biomasa desovante por recluta (gr)".
lines(Srel,Rrel,lwd=1.5)
points(S0,1,pch=19,col="green")
points(0.2*S0,h*R0,pch=19,col="brown")
```



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")
```

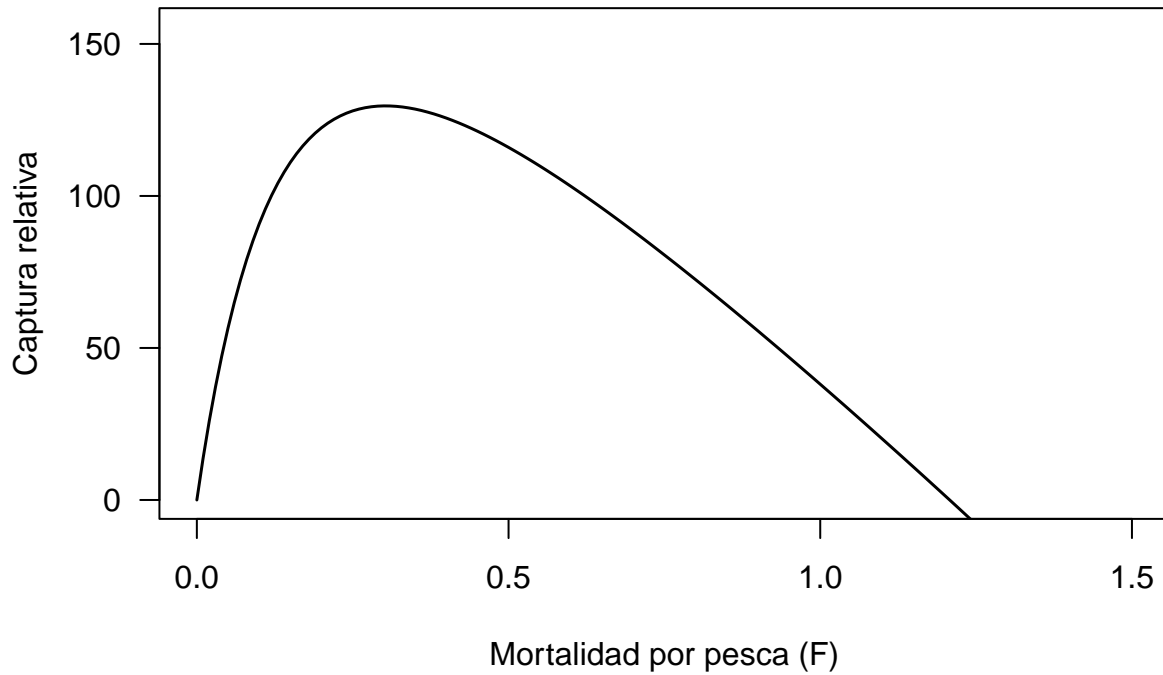


Por lo tanto el reclutamiento relativo; i.e.

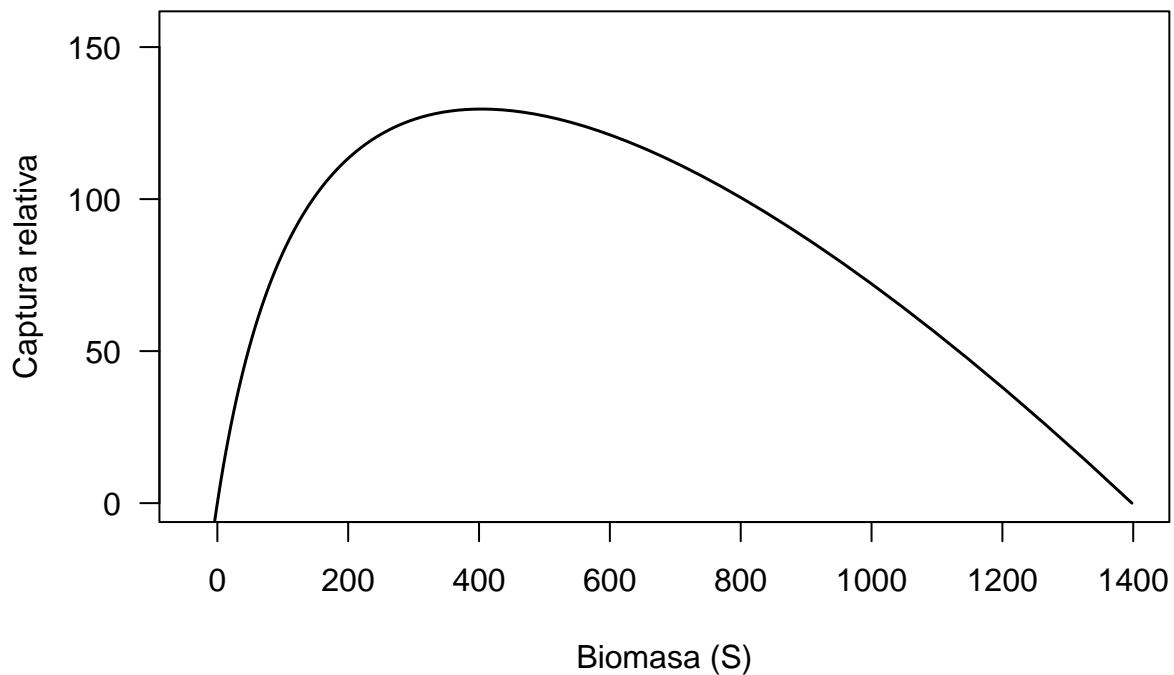
$$Y_{rel} = YPR * R_{rel}$$

```
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
```



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



Instrucciones

- 1) Repetir este script para una especie con datos limitados y familiarizarse con supuestos, ecuaciones y procedimiento de cálculo.