

# Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning, der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information

DTU Aqua-rapport nr. 406-2022





# Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning, der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information

Casper W. Berg<sup>1</sup>, Claus R. Sparrevohn<sup>2</sup>, Anders Nielsen<sup>1</sup>, Bjarne Stage<sup>1</sup>, Christoffer Moesgaard Albertsen<sup>1</sup>, Dorte Bekkevold<sup>1</sup>, Eva Maria F. Pedersen<sup>1</sup>, Julie Olivia Davies<sup>1</sup>, Kasper Kristensen<sup>1</sup>, Kirsten Birch Håkansson<sup>1</sup>, Mikael van Deurs<sup>1</sup>, Vanessa Trijoulet<sup>1</sup>, Bastian Huwer<sup>1</sup> og Henrik Mosegaard<sup>1</sup>

<sup>1</sup>DTU Aqua, Danmarks Tekniske Universitet

<sup>2</sup>DPPO, Danmarks Pelagiske Producentorganisation

DTU Aqua-rapport nr. 406-2022

## Kolofon

Titel:	Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning, der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information
Forfattere:	Casper W. Berg <sup>1</sup> (red.), Claus R. Sparrevojn <sup>2</sup> , Anders Nielsen <sup>1</sup> , Bjarne Stage <sup>1</sup> , Christoffer Moesgaard Albertsen <sup>1</sup> , Dorte Bekkevold <sup>1</sup> , Eva Maria F. Pedersen <sup>1</sup> , Julie Olivia Davies <sup>1</sup> , Kasper Kristensen <sup>1</sup> , Kirsten Birch Håkansson <sup>1</sup> , Mikael van Deurs <sup>1</sup> , Vanessa Trijoulet <sup>1</sup> , Bastian Huwer <sup>1</sup> og Henrik Mosegaard <sup>1</sup> <sup>1</sup> DTU Aqua, Danmarks Tekniske Universitet <sup>2</sup> DPPO, Danmarks Pelagiske Producentorganisation
DTU Aqua-rapport nr.:	406-2022
År:	Det videnskabelige arbejde er afsluttet december 2020. Rapporten er udgivet juli 2022
Reference:	Berg, C.W., Sparrevojn C.R., Nielsen, A., Stage, B., Albertsen, C.M., Bekkevold, D., Pedersen, E.M., Davies, J.O., Kristensen, K., Håkansson, K.B., Van Deurs, M., Trijoulet, V., Huwer, B., Mosegaard, H. (2022). Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information. DTU Aqua-rapport nr. 406-2022. Institut for Akvatiske Ressourcer, Danmarks Tekniske Universitet. 80 pp.
Forsidefoto:	Sild fanget i Østersøen med RV BALTICA. Foto: Bastian Huwer
Udgivet af:	Institut for Akvatiske Ressourcer, Kemitorvet, 2800 Kgs. Lyngby
Download:	<a href="http://www.aqua.dtu.dk/publikationer">www.aqua.dtu.dk/publikationer</a>
ISSN:	1395-8216
ISBN:	978-87-7481-334-7

**DTU Aqua-rapporter** er afrapportering fra forskningsprojekter, oversigtsrapporter over faglige emner, redegørelser til myndigheder o.l. Med mindre det fremgår af kolofonen, er rapporterne ikke fagfællebedømt (peer reviewed), hvilket betyder, at indholdet ikke er gennemgået af forskere uden for projektgruppen.

# Forord

Denne rapport udgør den faglige levering af resultaterne af EHFF projektet med titlen "Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information (SILD)" med j.nr. 33113-B-17-106.

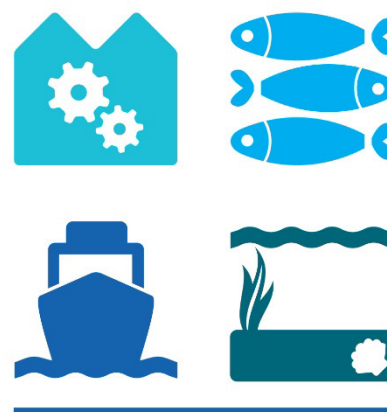
Projektet har gennem nationalt og internationalt samarbejde mellem forskere og repræsentanter for fiskeriet bidraget til ny viden om forvaltningsmuligheder for blandede sildebestande, der samtidigt fanges af flere flåder med forskelligt fiskerimønster. Det har dermed forbedret vidensgrundlaget for økosystembaseret bæredygtigt og profitabelt afkast fra sildebestande af stor vigtighed for dansk fiskeri.

Projektet er finansieret af Den Europæiske Hav- og Fiskerifond og Fiskeristyrelsen.



**Den Europæiske Union  
Den Europæiske Hav- og Fiskerifond**

## HAV & FISK



København, juli 2022

Casper W. Berg

# Indhold

Summary .....	5
Resumé .....	6
Baggrund for projektet.....	7
1. Forbedrede fiskeri- og surveydata - AP1 .....	10
1.1 International fangstdatabase for biologiske data på individniveau .....	10
1.2 Analyser af bifangstmønstre.....	14
1.3 Nyt heldækkende surveyindeks inkl. split gennem integration af BITS, IBTS og KASU.....	19
1.4 Litteratur .....	25
2. Populationsstruktur og aldersfordeling – AP2.....	26
2.1 Genetisk split af bestande .....	27
2.2 Analysemetoder for sildemetrik og ørestens-struktur .....	29
2.3 Konceptuel model for migration og mix af sildebestande .....	38
2.4 Sammenligning af bestandssplit-resultater fra temporale HERAS-prøver.....	40
2.5 Konklusion for vurdering af SNP metodens anvendelighed til split af NSAS/WBSS-bestande samt CBH/WBSS-bestande .....	41
2.6 Litteratur .....	43
3. Bestandsvurdering – AP3 .....	44
3.1 Bestandsvurderingsmodel (SAM) til flåde-specifikke fangstdata .....	45
3.2 Simultan bestandsvurdering af WBSS- og NSAS-sild .....	49
3.3 Integrering af biologiske parametre i bestandsvurderingsmodellen (SAM) .....	59
3.4 Litteratur .....	66
4. Analyse af forvaltningsstrategier - AP4 .....	67
4.1 Analyse af forvaltningsstrategier .....	67
4.2 Samlet forvaltningsplansanalyse af sild og brisling .....	73
4.3 Litteratur .....	75
5. Projektledelse, formidling og administration - AP5 .....	77
Produkter fra projektet, referencer .....	79

# Summary

## **Herring stock assessment with improved data resolution**

The project aimed for development of a multi-fleet SAM model, a new stock specific survey index and an international catch database with genetic information for improved stock assessment, data utilization and projection under complex management scenarios for herring stocks simultaneously caught in several fisheries.

In relation to the herring benchmark (WKPELA) in 2018, the project contributed to the development of a high-resolution database development for international catches as well a new integrated survey index based on the international bottom trawl surveys in the Western Baltic and the Kattegat-Skagerrak. For stock assessment, a multi-fleet version of SAM was developed and fine-tuned for the four fleets fishing Western Baltic Spring Spawning herring (WBSS). The multi-fleet SAM was implemented for both the North Sea Autumn Spawning herring (NSAS) and WBSS during the 2018 benchmark (Nielsen et al. 2021).

New stock identification technology was developed employing specifically selected genetic SNP markers linked to fish metrics and otolith morphology for efficient splitting of samples into stocks at the individual fish level. The methodology was presented and discussed at the international workshop on stock splitting methods, WKSIDAC (ICES 2018). Bilateral Danish-Swedish calibration exercises on otolith microstructure based stock identification indicated recent improvement in reproducibility but increasing bias in relation to true genetic origin. Genetic analyses of samples from the HERAS international summer acoustic cruise indicated coastal migration patterns to the far north in the North Sea, corroborated by metric analyses of herring in Norwegian part of the HERAS.

The multi-fleet SAM was later employed as the operating model during the management strategy evaluation of the NSAS in the WKNSMSE (ICES 2019). A further development of the multi-fleet SAM for WBSS was used to evaluate rebuilding strategies for stocks below  $B_{lim}$  in WKREBUILD (ICES 2018, Trijoulet et al. unpubl. bilag A.4.).

The project was supported by the European Maritime and Fisheries Fund and the Ministry of Environment and Food of Denmark, and has been presented at a number of meetings with scientists, industry and managers as well in scientific and public disseminations.

# Resumé

## **Forbedring af sildebestandsvurdering og -fremskrivning, der udnytter forbedret fiskeridata og biologisk information**

Projektet havde til formål at udvikle en multiflåde SAM-model, et nyt bestandsspecifikt survey-indeks og en international fangstdatabase med genetisk information til forbedret bestandsvurdering, dataudnyttelse og fremskrivning under komplekse forvaltningsscenarier for sildebestande, der samtidig fanges i flere fiskerier.

I forbindelse med benchmark for sild (WKPELA) i 2018 bidrog projektet til udviklingen af en databaseudvikling for internationale fangster med høj geografisk opløsning samt et nyt integreret surveyindeks baseret på de internationale bundtrawlundersøgelser i Kattegat- Skagerrak og den vestlige Østersø (IBTS-BITS). Til bestandsvurdering blev der udviklet en multiflåde version af SAM som blev finjusteret til de fire flåder, der fisker den vestlige Østersø-sild (WBSS). Multiflåde SAM blev implementeret for både efterårsgydende Nordsø-sild (NSAS) og WBSS under benchmark i 2018 (Nielsen et al. 2021).

Ny bestandsidentifikationsteknologi blev udviklet ved hjælp af specifikt udvalgte genetiske SNP-markører koblet til fiske-metrik og otolit-morfologi til effektiv opdeling af prøver i bestande på enkeltfisk-niveau. Metoden blev præsenteret og drøftet på den internationale workshop om bestands klassifikationsmetoder, WKSIDAC (ICES 2018). Bilaterale dansk-svenske kalibreringsøvelser på otolit-mikrostruktur-baseret bestandsidentifikation viste forbedret reproducerbarhed i senere år, men stigende bias i forhold til sand genetisk oprindelse. Genetiske analyser af prøver fra HERAS internationale akustiske sommertogt viste kystnære vandringsmønstre langt nord i Nordsøen, bekræftet af metriske analyser af sild i norsk del af HERAS.

Multiflåde-SAM blev senere brugt som operativ model under evalueringen af forvaltningsstrategien for Nordsø-sild (NSAS) i WKNSMSE (ICES 2019). En yderligere udvikling af multiflåde-SAM til WBSS blev brugt til at evaluere genopbygnings-strategier for bestande under  $B_{lim}$  i WKREBUILD (ICES 2018, Trijoulet et al. unpubl. bilag A.4.).

Projektet blev støttet af Den Europæiske Hav- og Fiskerifond og Danmarks Miljø- og Fødevarerministerium og er blevet præsenteret på en række møder med forskere, industri og forvaltere i videnskabelig og offentlig formidling.



# Baggrund for projektet

Det overordnede formål med projektet er at forbedre den nuværende bestandsvurdering og videnskabelige rådgivning om og forvaltning af sild i danske farvande. Dette skal sikre fremtidig optimal og bæredygtig udnyttelse af ressourcen i overensstemmelse med den fælles fiskeripolitik.

Ved at tilvejebringe bedre viden, data, og modeller for sildens bestandsstruktur og dynamik i Nordatlanten og Østersøen, er målet at give mulighed for mere sikre samtidige bestandsprognoser for overlappende bestande som fanges af flere fiskeriflåder.

Aktiviteterne i projektet var således rettet mod alle led i kæden, der leder til bestandsvurdering, rådgivning og forvaltning. Her indgår dataindsamling og protokoller for disse, de biologiske/genetiske analyser af fiskeprøver, statistisk analyse af data og bestandsvurderingsmodellerne, samt den efterfølgende rådgivning og analyse af forvaltningsstrategier.

Bestandsvurderingen og forvaltningen af sild i danske farvande er kompliceret fordi sild fra forskellige bestande i høj grad migrerer, blander sig og optræder blandet i fangsterne. For at kunne foretage effektiv bestandsvurdering er det nødvendigt at have effektive værktøjer til at opdele fangsterne efter bestand. Dette gælder både for de faktiske rapporterede fangster såvel kommercielle som dem fra de videnskabelige togter. Et væsentligt formål med projektet er derfor at forbedre disse værktøjer, som består af genetiske metoder samt morfologiske analyser af øresten.

Den biologiske viden omkring bestandenes vandringsmønstre og udbredelsesområder søges også forbedret, da denne er afgørende for at kunne foretage effektiv prøveindsamling til brug i bestandsopdelingen.

Den vestlige Østersø-sild (WBSS) er i øjeblikket i en situation med lav gydebiomasse, hvilket i de eneste år har medført nul-kvoter fra den videnskabelige rådgivning. Desuden havde seneste tilgængelig bestandsvurderingsrapport inden projektets start påpeget, at præcis bestandsvurdering af WBSS var vanskeliggjort grundet ringe konsistens og høj år-til-år variation i de benyttede datakilder. Denne usikkerhed i data medførte f.eks. en stor revision af bestandsvurderingen af WBSS fra 2016 til 2017, og betyder generelt at bestandsvurderingen og dermed rådgivningen er mindre stabil fra år til år, hvilket er uønsket for fiskeri-sektoren. Sild i Nordsøen har derimod været vurderet til at have en god status i de seneste bestandsvurderinger. Den største fokus i projektet var derfor rettet mod WBSS-bestanden.

Ved at analysere tidligere uudnyttet data i form af bundtrawlstogter i WBSS-bestandsområdet, og ved at medtage disse data i bestandsvurderingen, ønskedes stabiliteten og præcisionen forbedret.

Et benchmark i ICES, hvor modellen for officielt bestandsvurdering af WBSS skulle revideres, var planlagt allerede inden projektets start. Det var derfor et vigtigt mål i projektet at tilvejebringe et forbedret data- og modelgrundlag i tide til dette benchmark.

De to første arbejdsplaner i projektet var således rettet imod at forbedre datakilderne til brug for WBSS-bestandsvurderingen samt protokollerne for fremtidig dataindsamling. De næste to arbejdsplaner i projektet omhandler selve bestandsvurderingsmodellerne og deres anvendelse på sild.

Modellerne, der benyttedes til bestandsvurderingen inden projektets start, kunne kun behandle data for de totale fangster, selvom forvaltningen specificeres på flåde- og område niveau. Et vigtigt mål for projektet var derfor at udvikle nye funktionaliteter i de eksisterende bestandsvurderingsværktøjer, som vil give forbedrede muligheder for at foretage fremskrivninger og forvaltningsanalyser på flåde-niveau.

En ny metode til at foretage bestandsvurderinger af flere bestande samlet var blevet udviklet af DTU-Aqua kort inden projektets start (Albertsen et. al 2017). Metoden forbinder bestande gennem korrelationer i den stokastiske overlevelsesligning. Ved positive korrelationer mellem kohorter vil år med bedre overlevelse end forventet ske sammen, og tilsvarende for dårlige år. Omvendt vil negative korrelationer betyde at dårlige år for den ene kohorte sker samtidig med gode år for den anden kohorte.

Ved at forbinde WBSS-bestanden med NSAS-bestanden via denne metode, vil projektet kunne belyse eventuelle mønstre i overlevelses-sandsynlighederne mellem de to bestande, og udnytte dem til at forbedre modellernes stabilitet og præcision ved fremskrivninger.

De biologiske parametre vægt ved alder og modenhed ved alder benyttes til at udregne gydebiomassen samt den totale fangstvægt i fremskrivninger, hvilket danner grundlag for den efterfølgende kvote-rådgivning. Disse parametre antages kendt uden fejl i modellerne i den historiske periode, og meget simple metoder (glidende gennemsnit) benyttes til forudsige dem i fremskrivningerne.

Ved at opstille nye modeller for de biologiske parametre og integrere disse i bestandsvurderingen, ønskes modellernes evne til at estimere og forudsige gydebiomassen forbedret. Målefejlen skal kvantificeres for derved bedst muligt at skille signaler i data fra målestøj. Dette vil også give et mere præcist billede af usikkerheden i bestandsvurderingen.

Endelig er det formålet at foretage nye analyser af forvaltningsstrategierne i lyset af den udviklede viden, data og bestandsvurderingsmodeller, hvilket i sidste ende skal sikre optimal bæredygtig udnyttelse af sildebestandene. Dette er emnet for arbejdsplan 4 projektet. Det største fokus er igen lagt på WBSS-bestanden, grundet den førnævnte lave gydebiomasse for denne bestand. Projektet vil desuden belyse mulighederne for en samlet forvaltningsanalyse af sild og brisling, med henblik på basis for en mere fleksibel kvotesætning for sildebifangst i Nordsøens brislingefiskeri.

Strategien i projektet har altså været at forsøge at analysere og forbedre alle led i kæden der leder til bestandsvurdering, rådgivning og forvaltning. Som det fremgår af denne rapport, er det lykkedes for alle arbejdsplaner i projektet at opnå sådanne fremskridt. Dette betyder naturligvis ikke, at alle problemer er løst, men projektet har bidraget med mange små fremskridt som tilsammen leder til forbedrede bestandsvurderinger af sild. Det bør slutteligt nævnes, at flere af

de i projektet udviklede metoder (eksempelvis flerflåde modellen og de integrerede biologiske parametre) uden videre kan anvendes for andre bestande end sild.

I de følgende fem afsnit beskrives de faglige resultater opnået gennem de fire arbejdspakker omhandlende henholdsvis fiskeri- og surveydata, populationsstruktur og aldersfordeling, bestandsvurdering og analyse af forvaltningsstrategier samt en femte arbejdspakke, der omhandler projektstyring, syntese og formidling af resultater. Beskrivelserne gives separat for hver delopgave, her angivet som titel for underafsnittet. Projektet blev gennemført gennem fem gensidigt supplerende arbejdspakker: Baggrundsdokumenter, der er upublicerede eller pt. under publikation er anført i Appendiks. Litteratur referencer er angivet sidst i hvert afsnit samt som referencelister i de specifikke manuskripter i bilagene.

# 1. Forbedrede fiskeri- og surveydata - AP1

## Baggrund

Formålet med AP1 er at forbedre datagrundlaget for bestandsvurderingen af sild i danske farvande. Biologiske data på individniveau er for tiden kun tilgængeligt på nationalt niveau og forefindes altså ikke i en central international database. Bestandsvurderingen udføres ved hjælp af nationalt oparbejdede og aggregerede data, hvilket betyder at denne proces ikke er standardiseret, og det forhindrer detaljerede analyser af blandingsforholdet mellem de forskellige sildebestande.

AP1 vil bidrage til oprettelsen, standardiseringen, screeningen samt analysen af data i en international database for biologiske data såsom længde, alder, vægt, modenhed og bestandskomponent. Gennem kobling af VMS og logbogsdata tilbage til begyndelsen af 2000'tallet skal der for danske brislingefangster skabes en tidsserie af tidsmæssigt og geografisk højopløste fangst-rater og bifangstprocenter som kan sammenholdes med øvrige fiskeridata samt hydrografisk/biologisk modellering som underlag for analyser af bifangstmønstre i brislingefiskeriet.

Der er ved DTU Aqua gennem mere end et decennium indsamlet og analyseret data om bestandsidentitet for sild på individniveau. Tidligere analyser skal opdateres med en genetisk baseret baseline for ørestensmorfologi, hvilket skal muliggøre en genanalyse og modellering af de geografiske, stadi- og sæsonmæssige fordelinger og blandingsforhold mellem de to sildebestande.

En vigtig komponent i bestandsvurderingen er de forskellige videnskabelige togter der rutinemæssigt foretages for kunne vurdere bestandsudviklingen fra år til år. Sild i Kattegat og Skagerrak dækkes af adskillige togter men kun delvist af hvert af disse. AP1 vil analysere disse togter samlet i stedet for at behandle dem enkeltvis og uafhængigt som er den nuværende praksis, samt at inkludere data som ikke bliver benyttet i den nuværende situation pga. begrænset geografisk dækning af området. Det drejer sig specifikt om BITS, IBTS og KASU togterne, samt evt. stikprøver fra de kommercielle fangster. Dette vil give maksimal udnyttelse af de tilgængelige data og potentielt adressere problemet med store år-til-år variationer som er påpeget i den seneste ICES rådgivning vedr. den vestlige Østersø- sild.

## 1.1 International fangstdatabase for biologiske data på individniveau

Dette afsnit giver et overblik over det arbejde der er blevet lavet med fangstdata og databaser i forbindelse med projektet, samt en kort introduktion til de internationale fangst databaser i ICES.

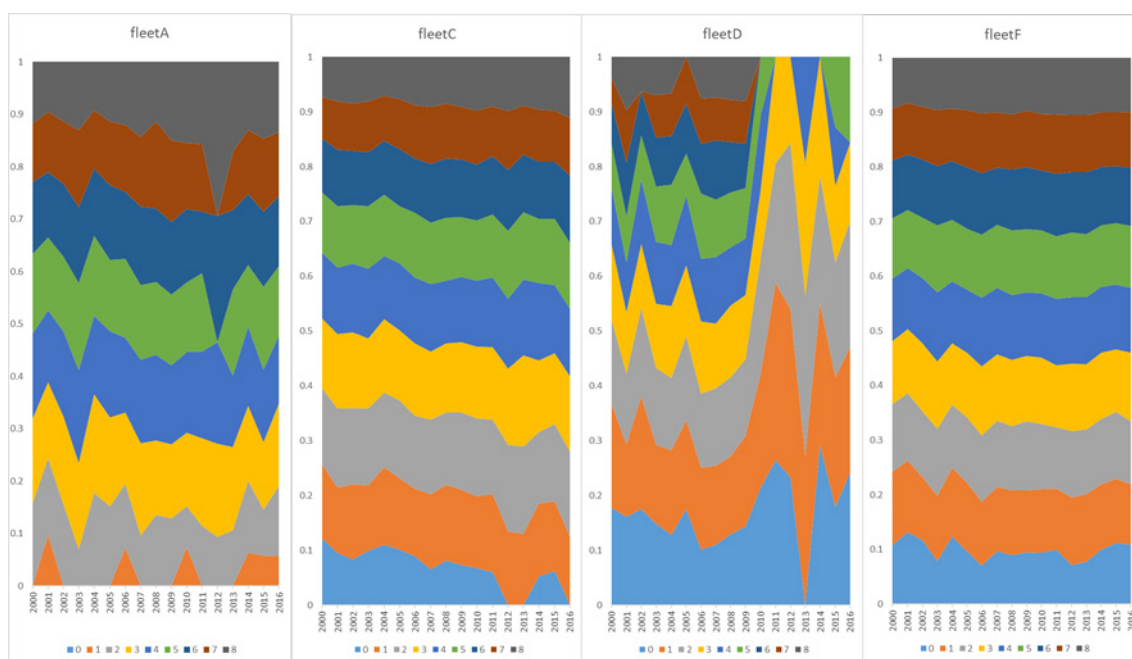
Det mest konkrete produkt er en ny fangsttidsserie per flåde til brug i den nye multiflåde SAM model (AP3). Derudover er der lavet en del analyser med data fra den regionale database i ICES. Disse analyser har kastet lys over nuværende nationale rutiner til indsamling af sild og estimering af fangster per alder, samt muligheder for at forbedre fangst inputdata i fremtiden. For nuværende bliver der udviklet en ny regional database til fangster i ICES, "the regional database and estimation system (RDBES)", og der er skabt lydhørhed i HAWG overfor processen hvilket sikrer både input og aktiv deltagelse udviklingen fra de involverede institutter.

Følgende afsnit (s. 11-14) er på engelsk.

### Catch data per fleet

In support of the new multi-fleet SAM model (AP3) a time series with relevant catch data, CANUM, CATON and WECA, per fleet was compiled (WKPELA, 2018). The former single fleet time series went back to 1991, but it was only possible to split the catch data back to 2000 without a formal data call asking for data per fleet way back in time.

The selection patterns for three of the fleets are relatively consistent over time, but fleet D shows a dramatic shift in 2010, see figure 1.1.1. Before 2010, fleet D catches all age classes present, but after 2010, it mainly targets the 0-4 aged fish. This is due to a combination of changes in the Swedish D fleet fishery and submission of these over time.



**Figure 1.1.1. Specific selection patterns per fleet (Y-axis: Proportion age Ln-scale).**

Both Denmark and Sweden have quota in the D fleet. During the whole period, the Danish fleet D fishery has been by-catch of herring in the fisheries for reduction, mainly the sprat fishery, which by-catch young herrings. The Swedish D fleet fishery has on the other hand changed during the period. Until the late 1990's it was an industrial fishery similar to the Danish. After that, the fishery started targeting fish similar to fleet C. In 2010, Sweden started to combine the C and D fleet into the C fleet when submitting data to HAWG because no significant differences were found in the catch composition of the two fleets. Therefore, the CANUM of the D fleet after 2009 does not reflect all the catches under the by-catch quota.

To secure a form of consistency, the practice of combining the Swedish fleets into fleet C is still maintained. The inconsistency in fleet D can only be solved by a resubmission of data. It should be noted that the last couple of years the by-catch fishery in Skagerrak and Kattegat has nearly disappeared, the D fleet caught 18.000 tons in 2000 and in 2019, this was reduced to 1.000 tons.

## International catch databases and herrings

### **Databases, use and development of them**

ICES is at the moment hosting two international databases for commercial fishery statistic, aggregated landings and effort statistics, and disaggregated sample data, the regional database (RDB) and the regional database and estimation system (RDBES).

The **RDB** has been hosted by ICES since 2012 and all EU member states fishing in the North Atlantic upload data each year. Presently the RDB holds more or less complete data back to 2009 from EU countries within ICES. Unfortunately, one of the relevant WBSS fishing nations, Norway, has never uploaded data to the RDB.

During the benchmark process the group received RDB herring data from Denmark, Germany, Poland and Sweden from subdivision 20-25 and the period 2009-2016. The data was used in two ways during the benchmark process, to understand and document the present estimation routines and to investigate ways to improve the estimation.

#### *Understand and document the present estimation*

A description of present sampling and estimation was drafted as a basis for developing R scripts to mimic present national estimation routines. Results from 2016 have been analyzed - and number of samples and amount of landings were similar in the two datasets. CANUM without national imputation proved to be similar as well.

One of the missing steps is to come up with robust methods for handling of missingness.

#### *Investigate ways to improve input data*

This part looked at alternative ways to improve the calculation of input catch data used for the assessment of her.27.20-24. The analyses focused on:

- Is it possible to use data from the RDB as input data instead of the 'Yellow sheets'? – and thereby document and simplifying the process
- Come up with a simple and transparent way to do imputations and compare to present method

The preliminary results from the analyses are positive and inclusion of RDB data in the future data contribute to the development of better WECA for the individual stocks in the mixed area, a better understanding of the spatial – temporal patterns and the overall aim of constructing multi-fleet – multi-stock models for the two migrating stocks.

The work with RDB data has continued after the benchmark.

The **RDBES** is under development and will in the near future take over from the RDB and Inter-Catch. As its predecessor, the database part of the RDBES holds commercial landings and effort statistic, and raw sample data, but with much more added information. Compared to scientific surveys the sampling designs and protocols for sampling of commercial catches of a single stock differs widely across and within countries and to secure the proper use of data it is important that this is documented together with the data. Therefore, the data model for the sample

data is much more complex than the previous RDB, it now documents the whole sampling process from the primary sampling units, e.g. a harbor, vessel or trip, to the selection of a single individual for e.g. aging, and it includes information on possible stratification, clustering and selection method on all levels. Further, the table for biological measurements on single individual has been set up as an extremely flexible structure, which in principal allows for an infinite number of measurements associated to a single individual e.g. age, length, maturity, sex, stock, sub-stock and whatever we can come up with in the future. This means that in the future new types of measurements can be added by simply adding new codes and relation between codes without the need for new fields in the data model.

The RDBES data model was discussed at HAWG 2109 in respect to providing the data needed for stock splitting of herrings. Since only a limited number of HAWG members had worked with the data model or data from it, it was hard to give very concrete feedback, but it was suggested to add information about the precision of the estimated stock to the data model. The suggestion is being discussed in the RDBES core group. Whatever the developed data model in reality supports the needs from HAWG can only be concluded by testing the system with real data and use thereof.

### **Estimation**

Apart from a database, the RDBES also has a part for estimation. This part will be very similar to the present ICES transparent assessment framework (TAF) around the assessment models, just focusing on the steps from disaggregated sample data to the final catch input data for the stock assessment model. Similar to the TAF the idea is that all the estimation scripts should be stored within the RDBES and thereby allowing for transparency in both data and estimation. Contrary to the TAF, this setup requires a lot of roles with associated permissions. Ideas regarding the process and associated roles was presented by the ICES data center at HAWG 2019. Afterwards HAWG discussed how the process leading to a joint regional estimation of assessment input data could look from a HAWG point of view.

In particular, HAWG found that it would be preferable if the estimator role is led by a single individual with input from national experts. This is preferred over an intermediate step within the RDBES wherein the estimation is carried out by multiple individuals with intermediate creation of data subsets. A single estimation would be carried out using a scripted method prepared with input from all national experts currently carrying out estimation procedures. This represents a collaborative approach to define a combined method as a foundation of a single estimation process, it is foreseen that the responsibility to apply the combined method would be taken by a single individual e.g. the stock coordinator.

Countries\Role	National Expert	Estimator Role	Stock coordinator Role
Tasks->	View data and view estimation	Perform the estimation	View/check all data and combine all national estimates into the stock estimate and export it
Country 1	Person 1	Person 1 working with Person 3	Person 3
Country 2	Person 2	Person 3	
Country 3	Person 3	Person 3	
Country 4	Person 4	Person 4 working with Person 3	

**Figure 1.1.2. How HAWG envision the roles in the RDBES.**

HAWG also discussed the importance of implementing a framework for co-production and feedback that could allow participation of the different actors to the actual estimation. Need for data check and quality control procedures has been stressed by the group. The general process discussed and proposed by HAWG can be summarized in the main following steps:

- Data are submitted by individual countries which have responsibility on the quality of what they submit (procedures for checking data quality at the level of submission are necessary and should be expected).
- Once data are in the RDB the stock coordinator runs a first diagnostic script, which check the data quality once again and eventually report back to the data submitter possible “anomalies”. Ideally, this should trigger an iterative process where errors are corrected with amendments on the initial submission.
- The stock coordinator runs an exploratory data analysis script, which produces both visual and tabulated representation of the data. These are circulated among the stock coordinator, assessor and all the experts working on the stock for comments and feedback.
- Once agreed on the quality and interpretation of the data, the stock coordinator runs the estimation script, which implements an estimation procedure agreed among the stock coordinator, assessor and other experts contributing to the assessment of the stock. Visual and tabulated output (i.e., WECA, CANUM, ...) are circulated among these same experts for comments and feedback.
- Once agreed on the representativeness and quality of the estimation outputs, these can be passed to the assessment model.

## 1.2 Analyser af bifangstmønstre

Gennem kobling af VMS og logbogsdata er der blevet dannet tidsserie af tidsmæssigt og geografisk højopløste fangstrater for brisling tilbage til 2015. Gennem databasen over danske logbogsregistreringer over brislingefangster og bifangstprøver er der således skabt et grundlag for videre analyser hvor bifangst af juvenile sild som kan sammenholdes med øvrige fiskeridata samt hydrografisk/biologisk modellering som underlag for analyser af bifangstmønstre i brislingefiskeriet.



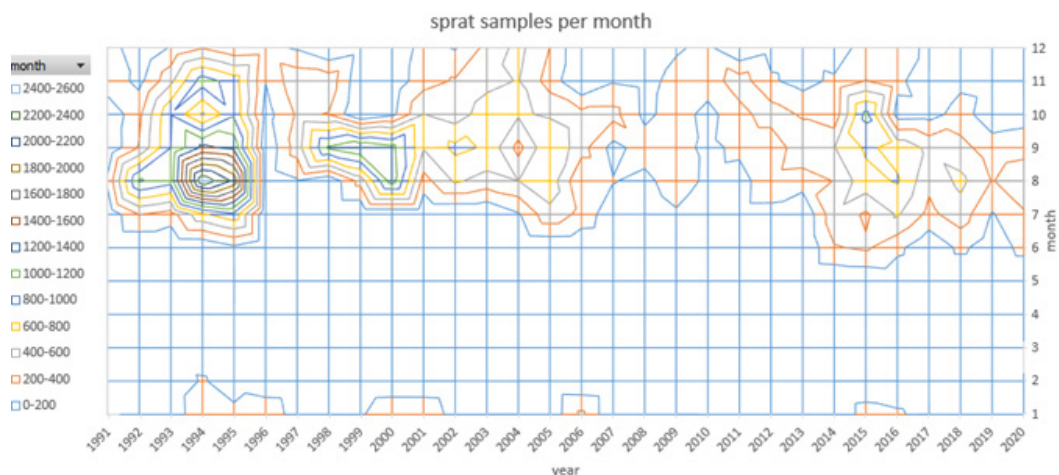


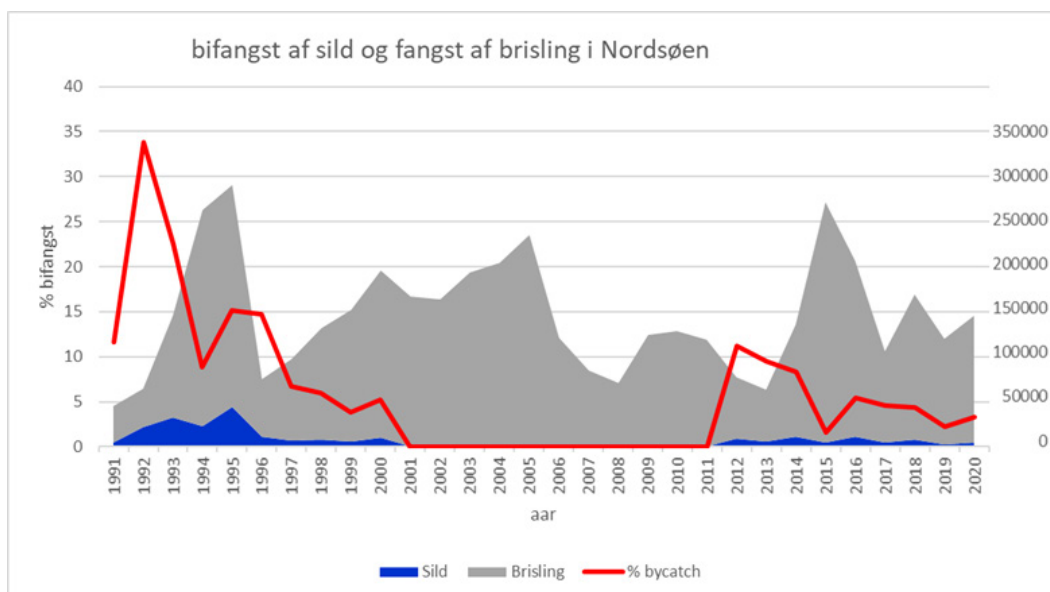
Figure 1.2.1. Antal analyserede brislinger pr. måned fra 1991-2020.

Der er et stort datamateriale med knapt 78.000 registreringer af brislingefiskeri i Nordsøen på trækniveau i perioden 1991-2020. Der er registreret bifangst af sild fra godt 52.000 af disse træk.

Tabel 1.2.1 Dækningsgraden af bifangstregistrering på trækniveau i brislingefiskeriet.

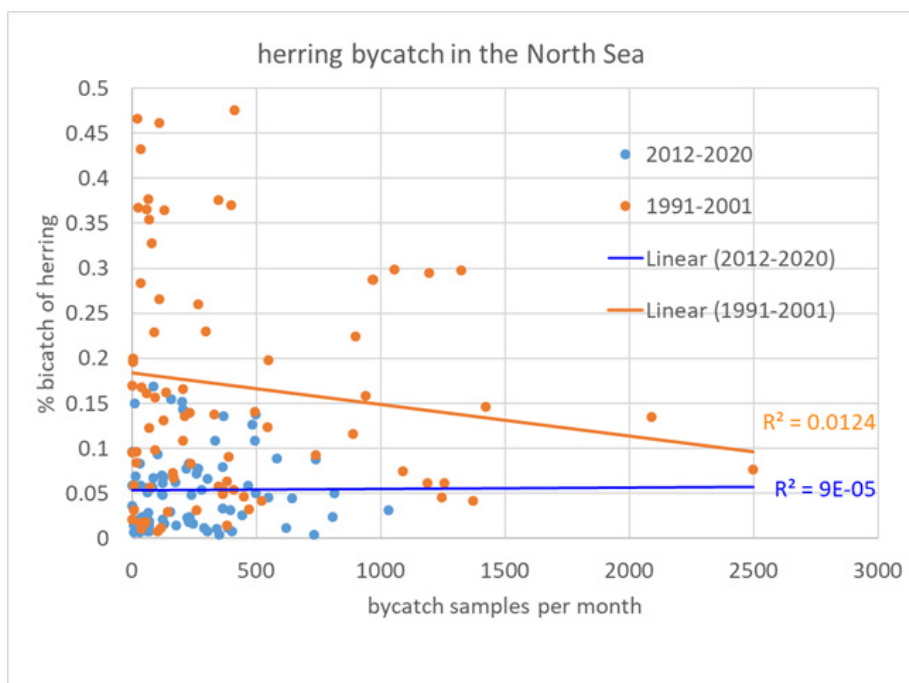
År	Måned											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1991		0%					95%	96%	88%	97%	98%	99%
1992	0%	100%		0%		20%	97%	98%	99%	98%	96%	100%
1993	86%	95%	97%				97%	98%	97%	99%	90%	97%
1994	100%	94%	95%			0%	98%	97%	99%	96%	99%	96%
1995	100%	94%	93%	97%	0%	97%	95%	97%	98%	98%	98%	99%
1996	99%	90%	88%	80%	100%			94%	93%	95%	99%	99%
1997	100%	100%						66%	94%	96%	99%	99%
1998	100%	100%						35%	97%	98%	99%	
1999	99%	100%						96%	98%	100%	100%	93%
2000	100%	100%	100%	100%				95%	99%	98%	100%	100%
2001	1%	0%		100%			0%	0%	0%	0%	0%	0%
2002	6%	0%			0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2003	0%	0%	0%		0%	0%		0%	0%	0%	0%	0%
2004	0%				0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2005	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2006	0%	0%	0%		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2007	0%						0%	0%	0%	0%	0%	0%
2008	0%						0%	0%	4%	2%	2%	5%
2009	0%					0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2010	0%			0%		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2011	0%				0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
2012	0%					93%	92%	96%	86%	98%	89%	93%
2013	96%		0%				33%	74%	86%	100%	98%	62%
2014					84%	95%	91%	82%	99%	66%	95%	92%
2015	83%	97%			11%	94%	96%	100%	97%	97%	98%	93%
2016	95%	89%	100%	0%	73%	91%	100%	100%	100%	97%	100%	95%
2017	75%					89%	100%	100%	99%	99%	92%	94%
2018	93%	100%	0%		100%	97%	97%	99%	100%	99%	100%	100%
2019	100%	100%			33%	0%	93%	97%	99%	100%	100%	100%
2020	100%	0%			50%	50%	49%	59%	68%	80%	77%	42%

Juvenile sild tages som bifangst hovedsageligt i brislingefiskeriet, men også i mindre grad i industrifiskeriet efter tobis og sperling. I det følgende er der forsøgt skabt en oversigt med fokus på brislingefiskeriet som kan give indblik i databasens muligheder.



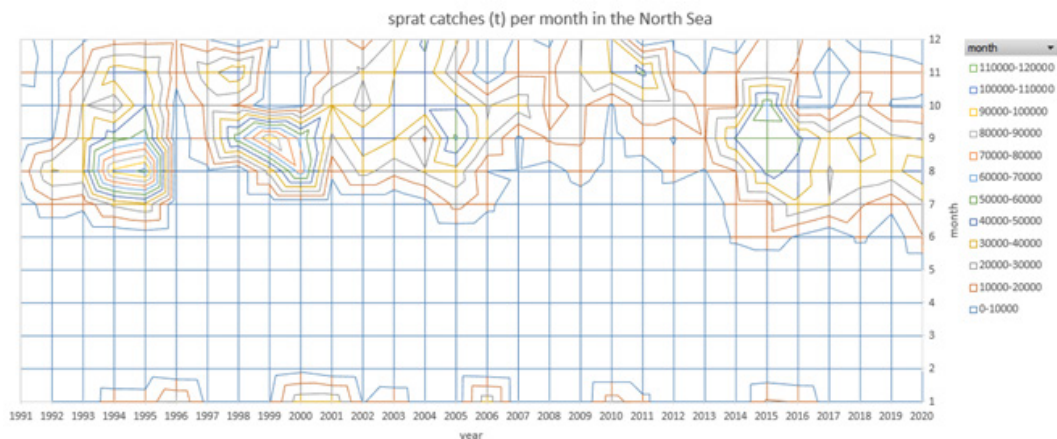
**Figur 1.2.2. Udviklingen i danske fangster af brisling og registrerede bifangster af sild dels i tons og dels som % af fangsten af sild + brisling.**

I årene fra 1991 til 2001 var der en stærk negativ trend i bifangstprocenterne af sild i brislingefiskeriet, hvorefter der i perioden fra 2001 til 2011 var meget lave eller 0% sild i fangsterne. En nærmere analyse viste at visse år var der slet ingen registreringer af bifangst. Fra 2012 og frem er antallet af registreringer steget samtidig med at man kan se en faldende tendens i bifangstprocenten.

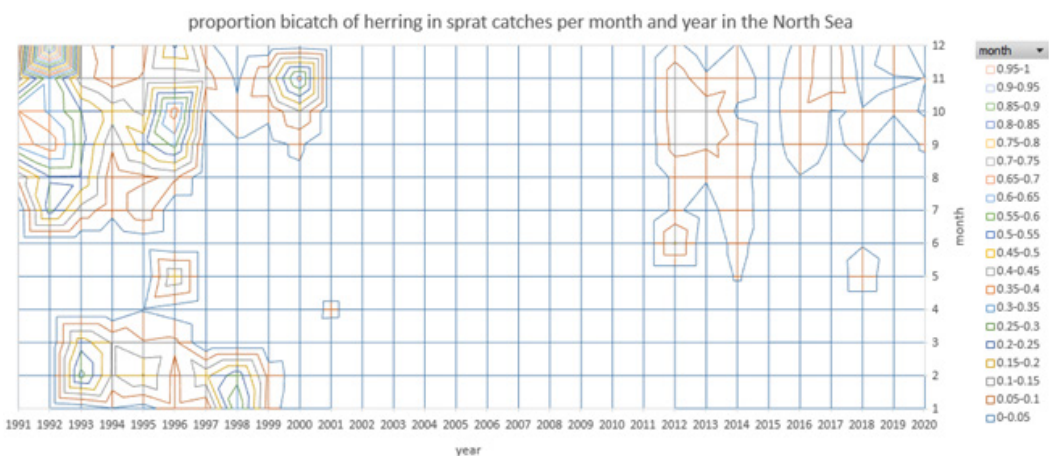


**Figur 1.2.3. Procent bifangst af sild i brislingefiskeriet i forhold til sampling intensitet pr. måned.**

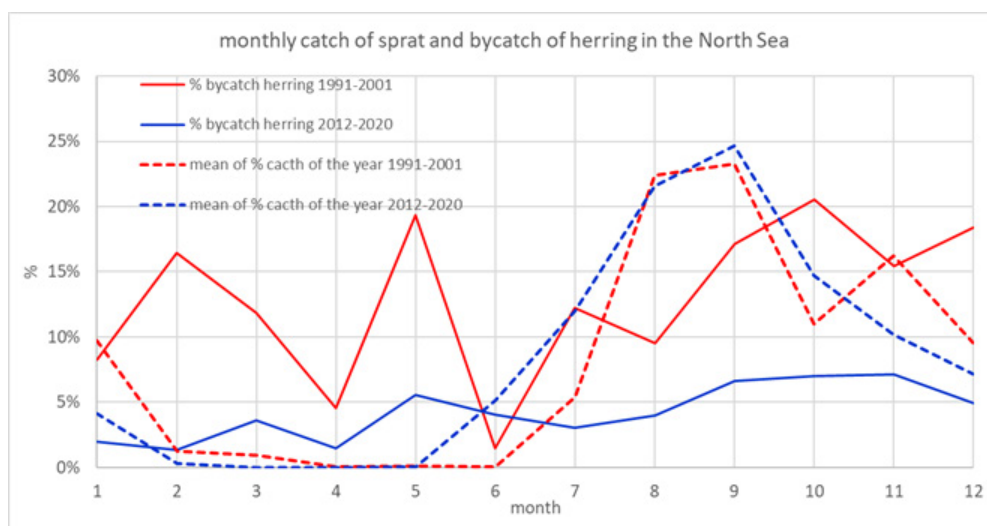
Der var ingen sammenhæng mellem prøvetagningsintensitet og bifangstprocent, hverken for hele eller de enkelte perioder i tidsserien.



Figur 1.2.4. Brislingefangster pr. måned i Nordsøen fra 1991-2020.



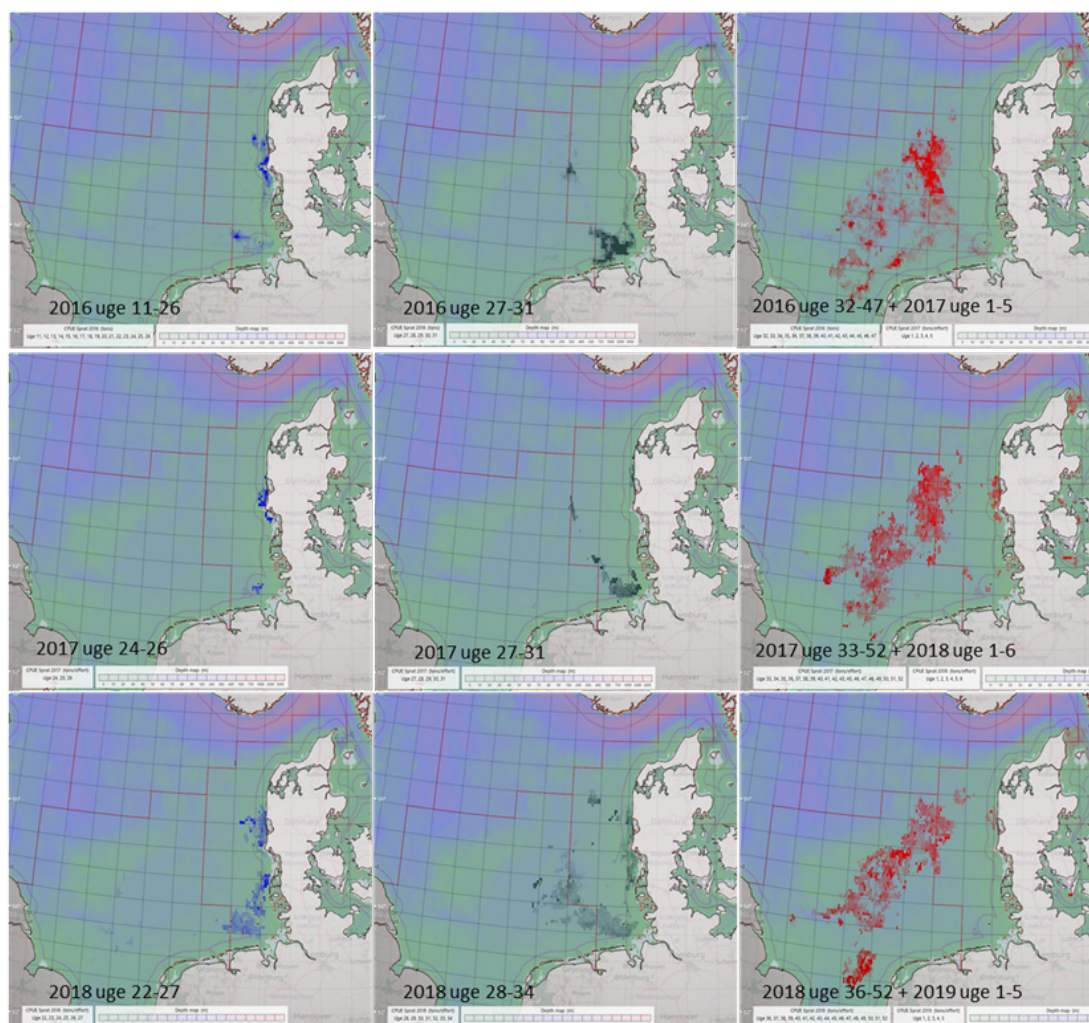
Figur 1.2.5. Procent sildebifangst pr. måned i Nordsøen fra 1991-2020.



Figur 1.2.6. Gennemsnitlig procent sildebifangst pr. måned i Nordsøen (rød linje 1991-2001, blå linje 2012-2020) samt fordeling af brislingefiskeriet over året som procent pr. måned (rød stiple linje 1991-2001, blå stiple linje 2012-2020).

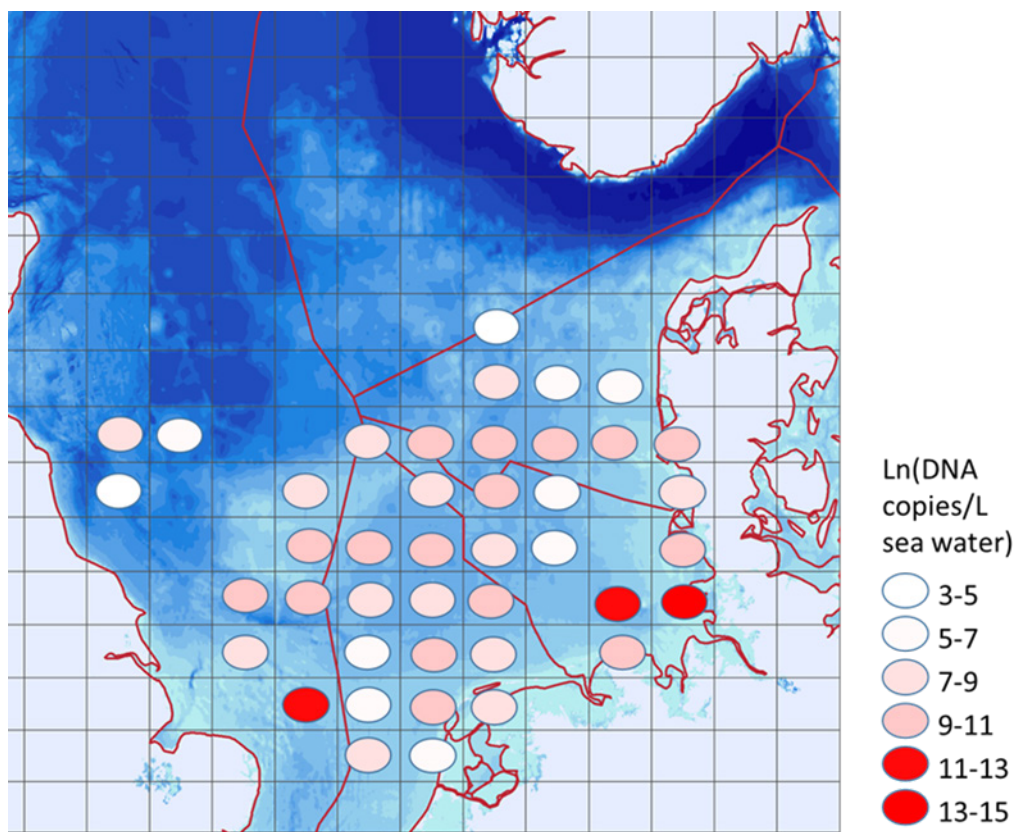
Den månedlige variation i brislingefangst og bifangstprocent af sild er illustreret for de to perioder med tilstrækkelige prøvetagninger. For begge perioder 1991-2001 og 2012-2020 er fangstmønstret det samme med en stigning fra sommeren til en tydelig top i august-september og et aftagende men væsentligt fiskeri fra oktober t.o.m. januar. Bifangstprocenterne er i begge perioder høje fra september til november samt med en top i maj. Dvs. at høje brislingefangster i august er kombineret med relativt lave bifangstprocenter af sild.

### Ugentlige fangstrater på brisling under tre perioder af året i 2016, 2017 og 2018



**Figur 1.2.7. Ugentlige fangstrater af brisling i tre forskellige perioder af året i 2016, 2017 og 2018.**

Gennem det geografiske værktøj til analyse af den rumlige fordeling af fangster og fiskeriindsats ud fra VMS, logbogsregistreringer og afregningsdata kan den typiske fordeling af brisling i Nord-søen kortlægges. Tilsvarende højopløselige data for bifangster findes ikke men en analyse af tidsserien (1991-2020) over opregnede mængder af forskellige bifangstarter kan give baggrund for analyser af hvor og hvornår sild optræder og kan udgøre væsentlige bifangstproblemer.



**Figur 1.2.8. Gennemsnitlig koncentration af silde e-DNA i vandprøver taget under brisling-fiskeriet, over alle sæsoner i årene 2015-2016. Data stammer fra GUDP "VIND" projektet. Der ses gentagne, særlig høje koncentrationer af silde e-DNA under brislingfiskeri i Tyskebugt (bemærk logaritmisk skala).**

### **Fremtidig udvikling**

Fra april 2020 er landingsforpligtelsens pr. trawltræk registrering af fangst og bifangst fuldt implementeret og håndhævet. Dette har ledt til langt mere detaljerede oplysninger i logbogsdata-basen, hvilket vil have betydning for sikkerheden i fremtidens analyser.

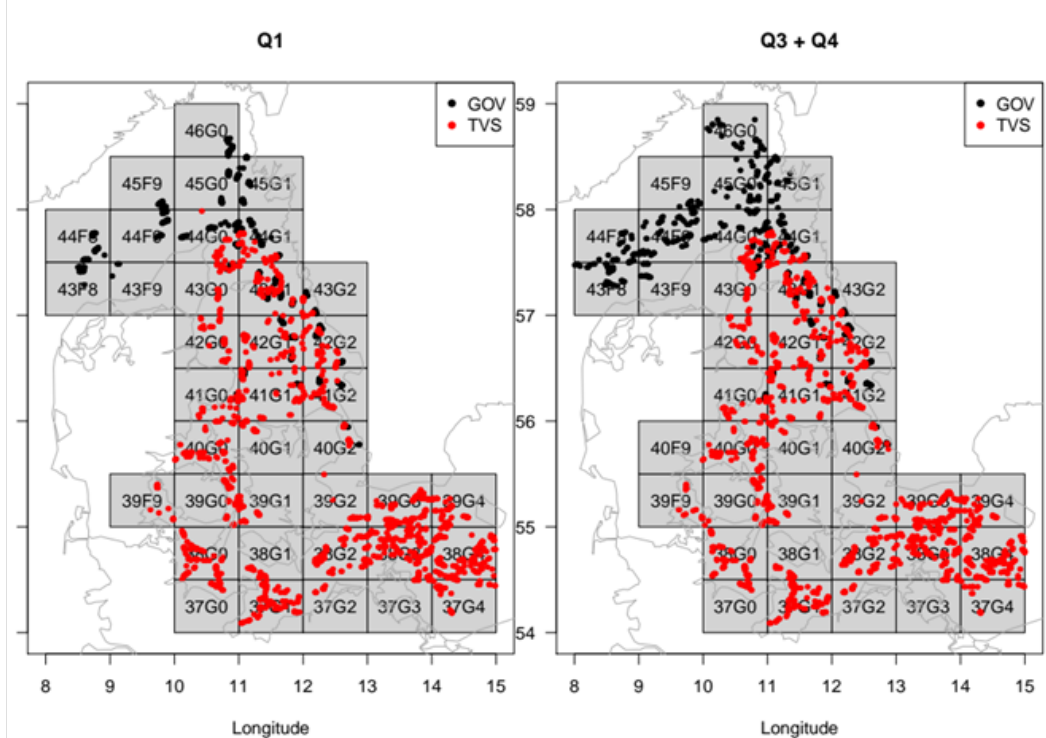
I GUDP-projektet VIND blev en nyudviklet metode til analyse af DNA-indholdet i havvandet brugt til at lokalisere områder med brislingefiskeri hvor der fandtes spor af sild i havvandet og dermed indikationer på potentiel risiko for bifangst af juvenile sild Figur 1.2.8.

### **1.3 Nyt heldækkende surveyindeks inkl. split gennem integration af BITS, IBTS og KASU**

Vestlig Østersø-sild (WBSS) benyttede indtil seneste benchmark i 2018 kun akustiske videnskabelige togter i bestandsvurderingen. I dette projekt blev data fra de videnskabelige bundtrawls-togter IBTS, BITS, og KASU kombineret til at give en ny tidsserie til brug i bestandsvurderingen. Den nye kombinerede tidsserie blev præsenteret og accepteret på seneste benchmark (WKPELA 2018), og benyttes nu fast til bestandsvurderingen af WBSS sammen med de akusti-

ske data. De nye tidsserier forbedrer dermed bestandsvurderingen af WBSS-sild, idet de samvægtes med de andre datakilder og dermed giver et mere komplet billede af bestandsstørrelsen.

Kombinationen af de nævnte togter var nødvendig for at give dækning af hele bestandsområdet. Den benyttede metode beskrives kort herunder, for en mere teknisk beskrivelse henvises til bilag A1.



**Figur 1.3.1. Positionerne for de kombinerede bundtrawls-togter (IBTS, BITS og KASU). GOV/TVS angiver typen af bundtrawl benyttet.**

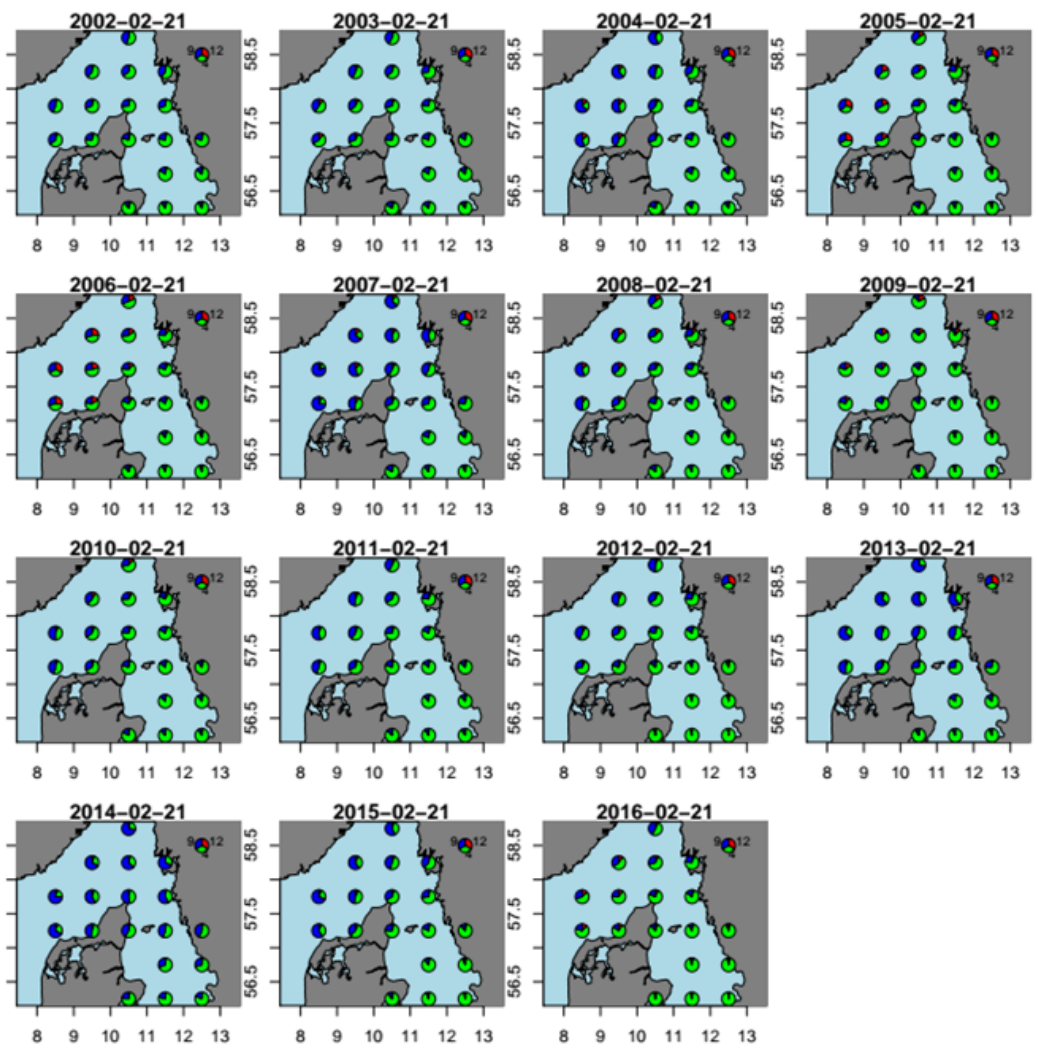
Da bestandsområdet indeholder en blanding af andre silde-bestande benyttes stikprøver af gydetypen (vinter, forårs- eller efterårsgydere) til at estimere blandingsforholdet for derved at kunne filtrere vinter og efterårsgydere fra og give et rent indeks for forårsgydere. Stikprøverne for gydetype stammer fra IBTS-togtet, hvilket betyder at det kun er muligt at filtrere data nord for 56 grader bredde (Kattegat og Skagerrak). Alle trawlpositioner syd for dette område antages at være 100% forårsgydere (WBSS). Denne antagelse er nødvendig, men ikke korrekt da der er en, formentlig varierende andel af central baltisk sild i den sydlige del af vestlig Østersø området. Fremtidige genetiske prøver vil dog kunne benyttes til at udføre en lignende filtrering af central baltisk sild.

Filtreringen består af to trin: Først filtreres alle længdeprøver og dernæst filtreres alle aldersprøver. I begge trin benyttes en multinomial model hvor blandingsforholdet estimeres som funktion af tid, sted, og længde. For aldersmodellen benyttes desuden også alder og kohorte information, idet det giver en mere præcis estimation af blandingsforholdet.

De estimerede blandingsforhold i første kvartal kan ses i figur 1.3.2 og i tredje/fjerde kvartal i figur 1.3.3. Det ses at efterårsgydere ofte dominerer i Skagerrak, mens forårsgydere er mest almindelige i Kattegat, men at der også er betydelig variation fra år til år. Vintergydere udgør kun en mindre andel i data. I gennemsnit er 44% af alle sild fanget i Kattegat og Skagerrak i første kvartal forårsgydere, mens det i 3 og 4 kvartal er 39%.

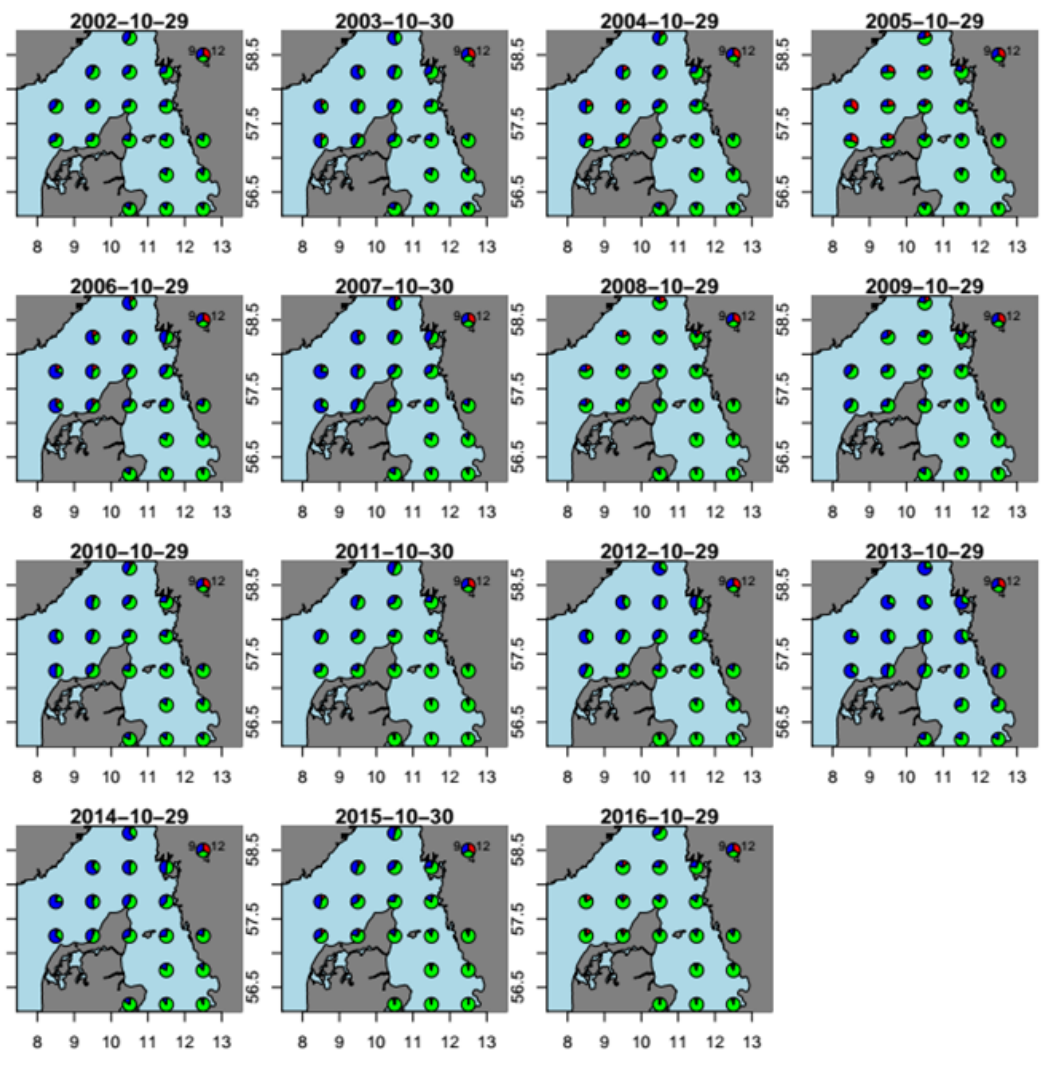
Efter filtreringen estimeres et standardiseret surveyindeks per aldersgruppe. Standardiseringen foretages ved først at estimere alle effekter, der påvirker fangstraten sild. Disse er år, kvartal, sted, dybde, tidspunkt på dagen, bundtrawls-typen, og længden af de enkelte trawltræk. Der benyttes en delta-lognormal generaliseret additiv model til dette formål. Til sidst benyttes modellen til at udføre et virtuelt survey for hele tidsserien, hvor trawlpositioner, bundtrawls-typen, tid på dagen etc. er præcis de samme i alle år. Herved korrigeres de observerede fangst-rater så de er sammenlignelige mellem år, idet der tages højde for forskelle i fangstrater der f.eks. skyldes bundtrawls-typen i stedet for forskelle i sildekonzentrationer. Den gennemsnitlige rumlige fordeling af sild pr. aldersgruppe estimeret i denne model kan ses i figur 1.3.4 og 1.3.5. Det ses at de yngste aldersgrupper af WBSS mest forefindes i Kattegat og Bælt-områderne, hvorimod de gydemodne WBSS i højere grad forefindes i Øresund samt Arkona-bassinet.

Den standardiserede tidsserie blev endeligt evalueret ved at beregne korrelationen mellem kohorte estimererne fra år til år, det såkaldte interne konsistens mål, hvor en høj korrelation indikerer et godt surveyindeks. Der blev fundet relativt høje korrelationer for de yngste aldersgrupper, især alder 2 og 3, men ringe korrelationer for de ældste aldersgrupper. På den baggrund blev det besluttet kun at benytte tidsserierne for alder 1 til 3 fra første kvartal samt alder 2 til 3 for kvartal 3+4 i bestandsvurderingsmodellen for WBSS. Manglen på korrelation for de ældste aldersgrupper kan skyldes, at der ikke indsamles aldersprøver eller stikprøver af blandingsforholdet mellem central baltisk sild og WBSS i BITS-togtet, der er det eneste togt der udføres i Arkona-bassinet, hvor de ældre aldersgrupper primært forefindes. Det anbefales derfor at sådanne prøver indsamles i BITS togtet i fremtiden, således at estimererne for de ældre aldersgrupper kan forbedres i fremtiden.

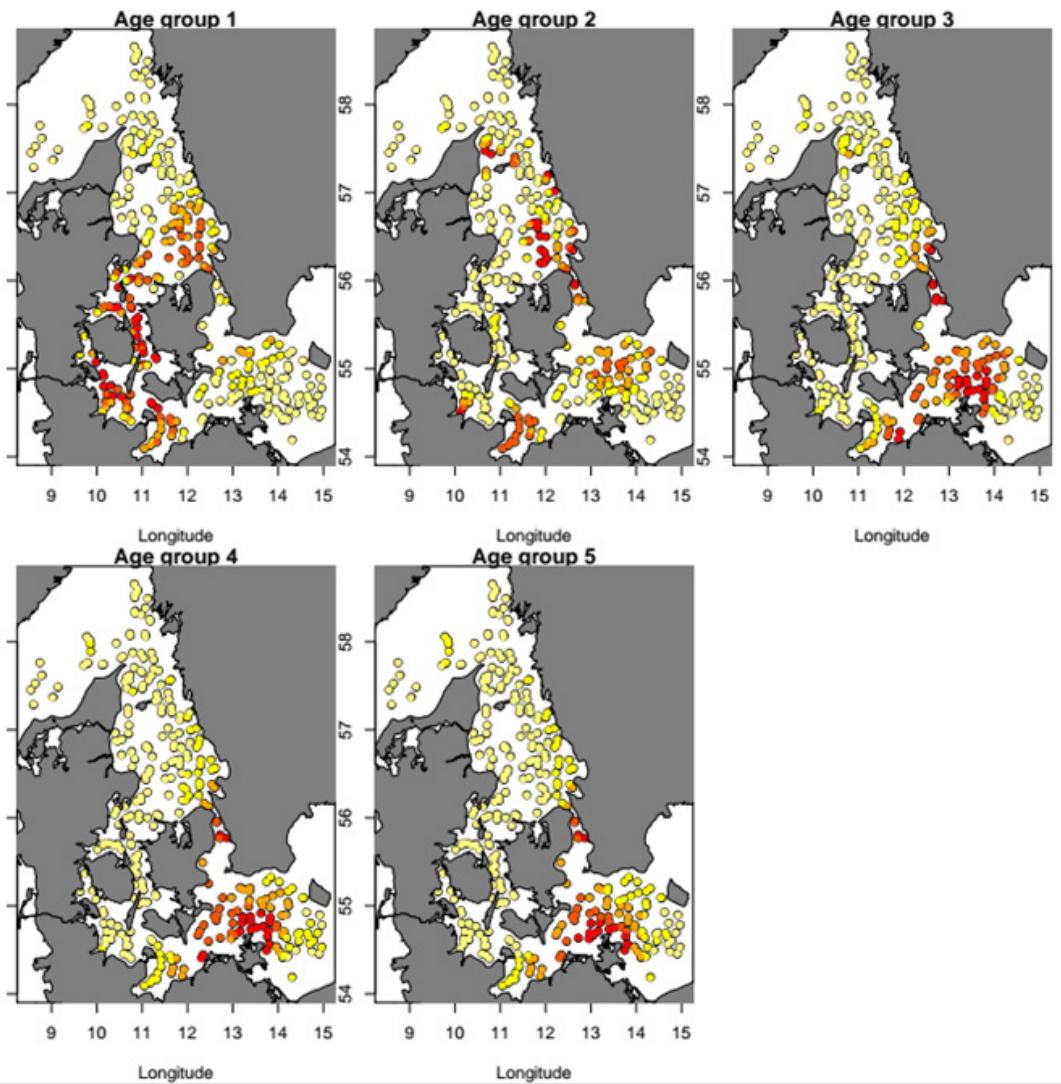


Figur 1.3.2. Estimeret blandingsforhold i første kvartal for en sild på 21.5 cm (medianen i prøverne). Lagkagerne er farvet efter gydemåned - grøn indikerer forårgydere (WBSS).

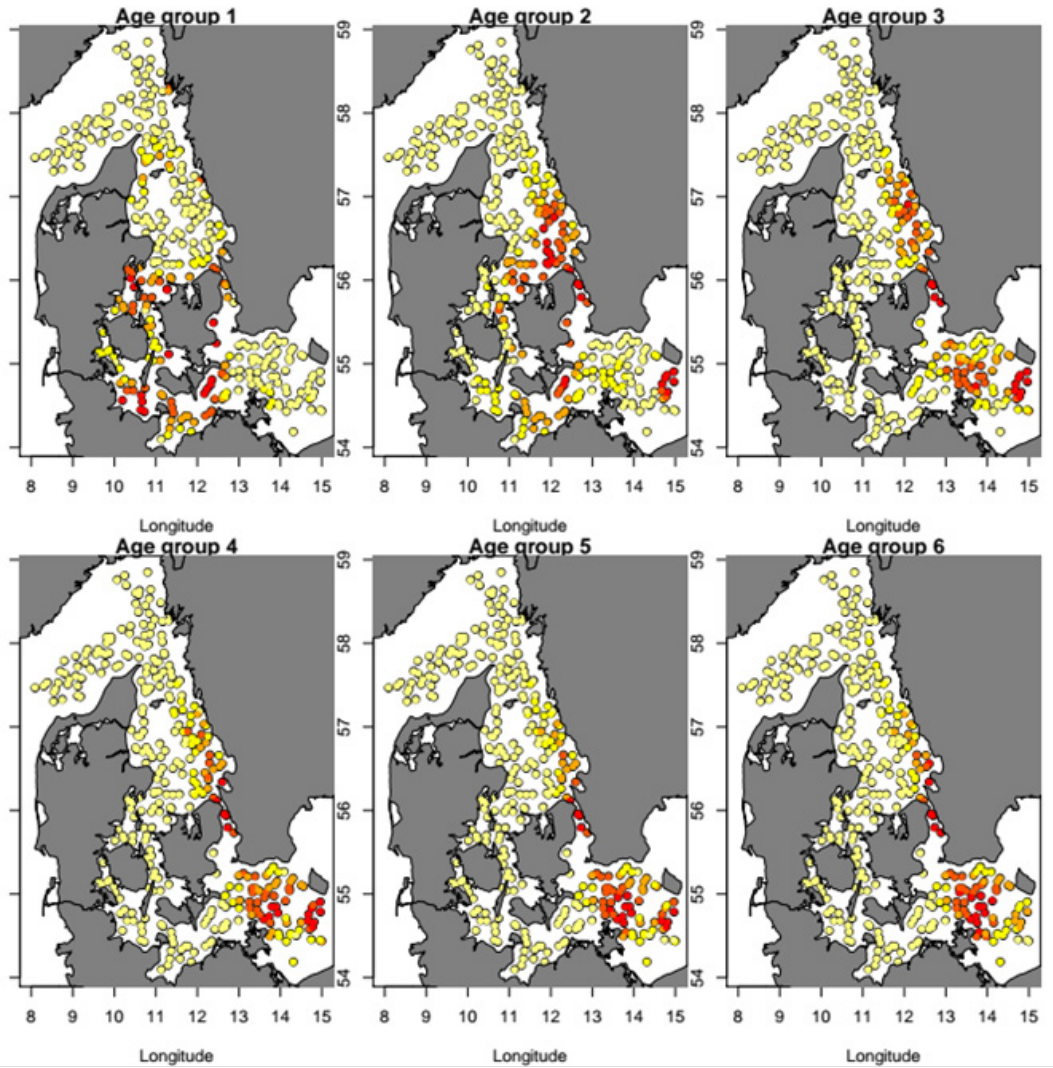




Figur 1.3.3. Estimeret blandingsforhold i 3. og 4. kvartal for en sild på 21.5 cm (medianen i prøverne). Lagkagerne er farvet efter gydemåned - grøn indikerer forårsgydere (WBSS).



Figur 1.3.4. Kort over fordelingen af forårsgydnere i 1. kvartal pr. aldersgruppe. Rød indikerer høje koncentrationer.



Figur 1.3.5. Kort over fordelingen af forårsgydere i 3. og 4. kvartal pr. aldersgruppe. Rød indikerer høje koncentrationer.

## 1.4 Litteratur

ICES, 2018b. Report of the benchmark workshop on pelagic stocks (WKPELA 2018). Technical Report. 12–16 February 2018, ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES CM 2018/ACOM:32.

## 2. Populationsstruktur og aldersfordeling – AP2

### Baggrund

Sildens genom er under kortlægning og de genomiske ressourcer for sild er derfor i en rivende udvikling. Den nyeste viden og teknologi er nu på et stadie hvor den tillader meget præcise analyser af de enkelte del-bestande og hvordan deres fordelinger er associeret med bestemte miljøparametre. En afledt gevinst ved genom-analyserne er, at viden bidrager til den teknologiske udvikling af redskaber der hurtigt og præcist kan identificere oprindelsen af enkelte fisk i prøver taget kommercielt eller i forbindelse med undersøgelsesfiskeri. Formålet med arbejdspakken har været at koble genetisk baseret identifikation af delbestande i datamaterialet med data genereret fra morfologiske analyser for at opnå en omkostningseffektiv og robust metode til den løbende klassifikation af prøvetagne sild til forvaltningsrelevante bestandsenheder. Samtidig har det været vigtigt at vurdere den hidtil anvendte teknik, som bygger på ørestenes mikrostruktur, samt sikre grundlag til kalibrering af tidsserien ved en overgang til genetisk baseret klassifikation.

Den anvendte metode har været genotypning af Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markører for individer hvorfra der samtidig findes morfologiske data. DTU Aqua har adgang til en genetisk baseline for gydebestande i hele undersøgelsesområdet, som har været grundlaget for at matche de individ-specifikke analyser fra sild i blandede bestande med de gydebestande de er kommet fra.

I den nuværende metode til bestandsidentifikation hos sild bruges analyse af ørestenens mikrostruktur (otolit-mikrostruktur, forkortet OM) til at afgøre på hvilket tidspunkt af året larven er klækket, og dermed hvilken gydetype den tilhører. Nordsøbestanden består af efterårs- og vintergydere og vestlig Østersø bestand (WBSS) primært af forårsgydere. Metoden bygger dog på erfarne laboratorieteknikeres mikroskopaflysning og er dermed i en vis udstrækning subjektiv. Metoden er følsom overfor naturlige variationer i mikrostrukturdannelsen, som er påvirket af havets temperatur og sildelarvernes vækst.

For at sikre bedre reproducerbarhed af bestandsidentifikationerne har vi udviklet automatiserede metoder til digitalisering af ørestensmorfologien og linket data til de genetiske baselines for at skabe en valideret baseline af ørestensmorfologi. Herigennem kan tidsserien af sildedata med bestands-ID og tilhørende digitaliseret billedarkiv opdateres til en konsistent genetisk baseret identifikation gennem nye klassifikationsanalyser i forbindelse med benchmarks eller bestandsvurderinger i ICES' sildearbejdsgruppe, HAWG.

For at få et nødvendigt overblik over data- og modeludfordringer til forbedringer af bestandsvurderingen, er der arbejdet frem mod en konceptuel migrationsmodel for sild med fokus på blandinger af Nordsø- og vestlig Østersøild (WBSS). Modellen bygger på såvel kvantitativ som kvalitativ ekspertviden baseret på indsamlinger af sild fra togter og kommercielle fangster i både konsum- og bifangst i brislingefiskeriet hen over året inden for bestandenes geografiske udbredelsesområder.

Der er inden for projektet lavet en vurdering af anvendeligheden af de nyudviklede genetiske metoder til at udføre løbende identifikation og estimering af bestandsproportioner i blandede fangster samt muligheden for international konsistens.

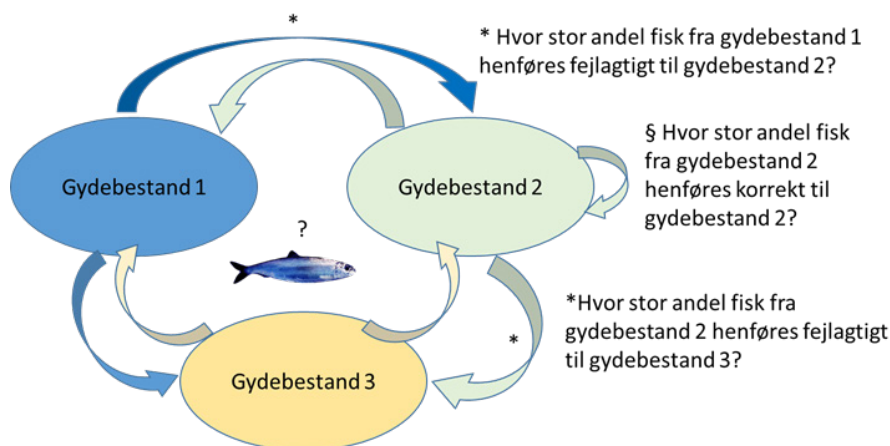
## 2.1 Genetisk split af bestande

### Baggrund og formål

Atlantisk sild inddeles i relation til forvaltning i bestande, såsom NSAS, WBSS, CBH, NSSH, bundet op på deres regionale gydeområder samt gyde-årstid (om end nogle bestande kan udvise varierende gyde-årstid). En række genetiske studier har vist, at der også inden for disse samle-bestande findes bestandsstruktur, der reflekterer begrænset udveksling af gydefisk mellem områder. Forskellene mellem og inden for bestande er i flere eksempler direkte koblet til evolutionære tilpasninger til det lokale gyde- og opvækstmiljø. Således er sildebestande i Østersøen kendetegnet ved at have genetiske tilpasninger til f.eks. lav saltholdighed og et liv med anderledes lysspektra, end sild i de nærliggende fuldt marine bassiner (Hill et al. 2019). Konkrete sammenhænge mellem forskellige miljøforhold og specifikke gen-varianter der giver lokale tilpasninger, er stadig under analyse (Bekkevold et al., upublicerede data). Når man har kortlagt de enkelte gen-varianter og deres fordelinger indenfor og mellem biologiske bestande bliver det således muligt at opstille præcise modeller for, hvilke genetiske bestande der optræder under hvilke miljøforhold (knyttet til specifikke geografiske områder), og hvordan ændringer, f.eks. i forbindelse med klima, vil påvirke bestandsdynamikkerne.

I den forbindelse er det vigtigt at udvikle en statistisk pålidelig metode til at separere fiskeprøver i de respektive bestands-komponenter.

For at bedømme potentialet for at udføre genetisk bestemmelse af bestandstilhør til de enkelte bestands-komponenter udfører man typisk en valideringsanalyse, hvor man først beregner genetiske forskelle mellem de enkelte bestande på grundlag af indsamlede prøver af gydemodne fisk fra alle repræsentative gydeområder. Dernæst udføres statistiske analyser af sandsynligheden for at de enkelte individer henføres genetisk til den bestand, som de tilhører (blev indsamlet fra), kontra til alle andre mulige bestandsenheder. Andelen af individer der statistisk henføres til samme bestand som de blev indsamlet i, bruges som et mål for den statistiske styrke i split-metoden. Tilsvarende er det muligt at beregne sandsynligheden for at en fisk tilhørende en given 'bestand 1', fejlagtigt bliver henført til 'bestand 2', og viceversa (se Figur 2.1.1).



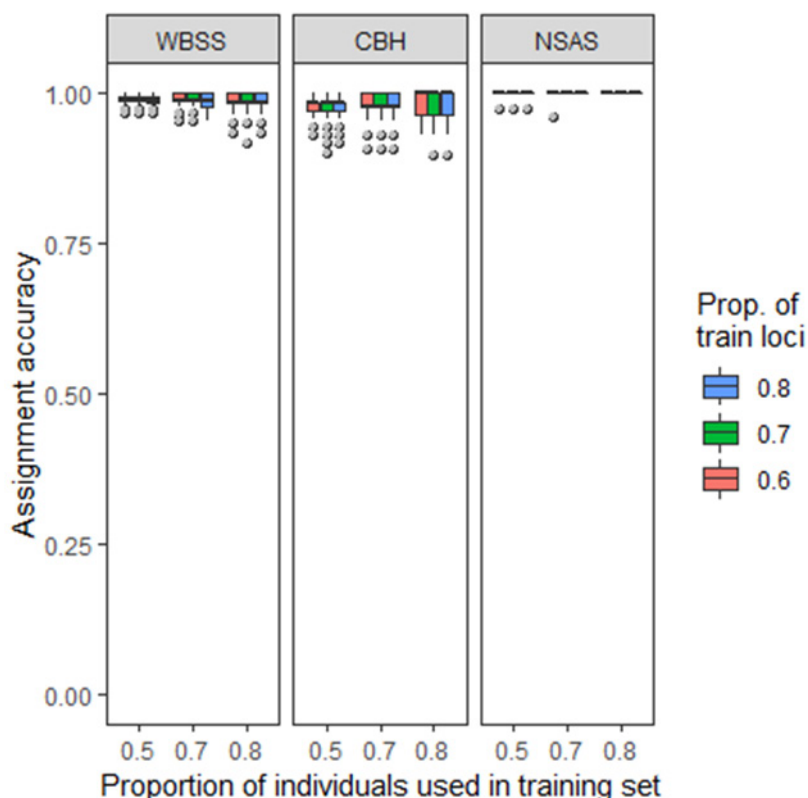
**Figur 2.1.1. Princippet i test af statistisk styrke (§) for genetisk klassifikation af bestands-oprindelse.** På grundlag af forskelle i genfrekvenser mellem indsamlinger fra hver af de enkelte gydebestande (her eksemplificeret ved 3 bestande), testes sandsynligheden for en observeret 'geno-type' i alle gyde-bestande. Fisken henføres til den bestand, i hvilken dens genotype er mest sandsynligt forekommende. Hvis det kun er små eller ingen andele af fiskenes genotyper, der fejlagtigt henføres til en anden bestand (\*), end den fisken blev indsamlet fra, anses metoden som statistisk robust og kan anvendes til at bestemme oprindelsen af fisk af ukendt oprindelse, såsom fra blandede bestande.

## Metode

Datamateriale til udvælgelse af genetiske markører til at splitte blandede prøver i deres respektive biologiske bestandskomponenter kom fra en række forudgående nationale og internationale projekter, herunder specielt EMFF projektet "MAKSIBRI- Fordeling af makrel, brisling og sildebestande" (2017-2019), samt det norske forskningsrådsprojekt "GENSINC" (2016-2020), hvor DTU-Aqua var partner. Således har DTU Aqua gennem årene opbygget en unik DNA database for en lang række lokale gydebestande (se Tabel 2.1.1). Alle disse prøver er blevet analyseret ved én eller begge af to fremgangsmåder: 1. genom-sekventering, som beskrevet i Han et al. (2020) i forbindelse med projektet GENSINC, og samtidig også analyseret ved hjælp af en SNP chip metode (bl.a. beskrevet i Bekkevold et al. 2016) for 96-132 SNP markører udvalgt fra Han et al. (2020), eller 2. analyseret kun ved hjælp af SNP chip metoden (se Tabel 2.1.1). Baseret på statistiske analyser af forskellige sæt af SNP markører blev det etableret, hvorvidt det var muligt at bestemme oprindelsen af enkelte sild, og mere specifikt splitte oprindelse til hhv. WBSS, NSAS og CBH med stor statistisk sikkerhed.

På grundlag af analyserne blev der udvalgt 92 diagnostiske SNP markører. Krydsvalideringsanalyser af deres statistiske styrke blev udført med metoden beskrevet i Chen et al. (2018). Kort beskrevet anvendes en metode, hvor datasættet indeles i et trænings-sæt og et test-sæt efter bruger-bestemte proportioner af antal individer og genetiske markører. Den genetiske henføring udvikles udelukkende på grundlag af trænings-sættet, og andelen af individer fra test-datasættet der henføres til deres egen bestand anvendes som udtryk for hvor nøjagtig metoden er til at klassificere de enkelte bestande. De enkelte fisk/genotyper i test-datasættet henføres til den bestand, i hvilken deres genotype er mest sandsynligt forekommende. I analysen analyseres effekter af at anvende hhv. 60, 70 og 80% af de 92 SNP markører, og hhv. 50, 70, 80% af alle individer i trænings-datasættet. 300 replikater blev udført per testniveau.

Krydsvalideringsanalyser for genetisk bestemmelse af CBH, WBSS, NSAS viste i alle tre tilfælde at udvise nøjagtig bestands-klassifikation (respektive middelværdier for WBSS=99% (SD=1%), CBH=98% (SD=2%), NSAS=100% (SD=0 %), se Figur 2.1.2). Det betyder, at der er meget lille risiko for at fejlklassificere oprindelsen af de enkelte fisk, og det konkluderes derfor, at den udviklede metode er statistisk robust og kan anvendes til at bestemme bestands-oprindelse for de tre samlebestande CBH, WBSS og NSAS.



Figur 2.1.2. Vurdering af statistisk styrke af genetisk split mellem WBSS-, CBH- og NSAS-sild vha. Monte-Carlo krydsvalidering ved forskellige antal individer (x-akse) og genetiske markører (farver) anvendt i trænings-datasættet (se tekst). Figuren angiver median andele korrekt henførte individer ved krydsvalidering med 25/75 percentiler fordelt over 300 replikater. Enkelte grå punkter viser 'outlier' individer med relativt lavere nøjagtighed.

## 2.2 Analysemetoder for sildemetrik og ørestens-struktur

### Baggrund for morfologiske forskelle

Den Atlantiske sild består af migrerende bestande med delvist overlappende udbredelse som under deres fødesøgning danner blandede forekomster og derfor giver anledning til fiskerier med mixede fangster. Det har siden starten af den anvendte fiskeribiologi været målet at kunne identificere bestandskomponenter og estimere deres bidrag til de samlede fangster.

En lang række metriske og morfologiske metoder har gennem tiden været anvendt til bestands-identifikation af sild.

Tidligere tiders identifikation af forskellige sildebestande er ofte baseret på statistiske forskelle i metriske parametre. En hyppigt anvendt parameter er ryghvirveltællinger fra atlas-hvirvlen til

den sidste hvirvel i halen, sk vertebrate series counts (vs) (Mosegaard & Madsen 1996). Denne metode anvendes stadig i de norske undersøgelser og påvirker således også den statistiske sikkerhed af fangster og togtresultater fra dette område.

Silden i Nordsøen gyder fra tidligt efterår til hen på vinteren på hård sand- og grus-bund på en række kendte gydebunker hvor æggene klæber til substratet. Larverne klækker ved en længde af 8-10 mm og drifter under opvæksten med havstrømmene frem til metamorfosen ved en længde på mellem 35 og 45 mm, hvorefter de små sildeyngel opsøger kystnære opvækstområder. Systematisk dannede daglige zoner i larvernes øresten (otolit-mikrostruktur OM) har en karakteristisk udvikling i zonebredde som kan henføres til larvevæksten under den sæsonmæssige udvikling i temperatur og fødetilgang (Clausen et al., 2007). Ørestenens vækstmønster kan således anvendes til identifikation af bestandskomponenter med for forskellig gydetidspunkt. Den grundlæggende metode til identifikation af hvilken bestand de enkelte sild tilhører bygger på ørestenenes dagringe (otolit-mikrostrukturen OM). Metoden er udviklet ved DTU Aqua og anvendes også til identifikation af sild fra svenske togter og kommercielle fangster.

På DTU indsamles der hvert år sild fra kommercielle landinger (ICES-områder 4.a, 4.b 3.aN og 3.aS og SDs 22, 23 og 24) og videnskabelige undersøgelser i 3.aS og 3.aN (HERAS af DTU Aqua og fra IBTS af SLU Sverige) til OM- analyse. Målet er at bestemme de tre hovedtyper eller bestand-ID'er, der typisk findes blandt sild fanget i disse områder; Nordsøens efterårsgyder (NSAS), Downs vintergyder Downs og de vestlige baltiske foråret gyder (WBSS). For det første tages et billede af hvert par hele otolitter ved hjælp af en standardopsætning, der muliggør otolit-formanalyse.

Der udføres rutinemæssigt OM-arbejde, og fisk tildes en af de tre ovennævnte bestand-ID'er baseret på metoderne skitseret i Clausen et al., 2007. Hvert år bruges disse otolitter til at danne et baseline-prøvesæt. Derudover vælges et meget større sæt øresten til formanalyse baseret på baseline-prøvesættet, der anvendes til intern kalibrering af bestandsopdelingsanalysen. OM-analyse er en delvist subjektiv metode, der er afhængig af at have veluddannede læsere, der arbejder på standardmikroskopopsætninger, software til billedoptagelse og måleværktøjer af dagringsbredde. Metoden kræver hyppig kalibrering og validering, hvilket er tidskrævende, og metoden udfordres yderligere ved overlappende gydesæsoner og ændringer i regionale og sæsonbestemte miljøforhold, der påvirker OM-mønsteret (Munk et al., 1991). Derudover kan nogle bestande af sild ændre deres gydesæson afhængigt af forskellige faktorer (temperatur, tilstand osv.) (Melvin et al., 2009).

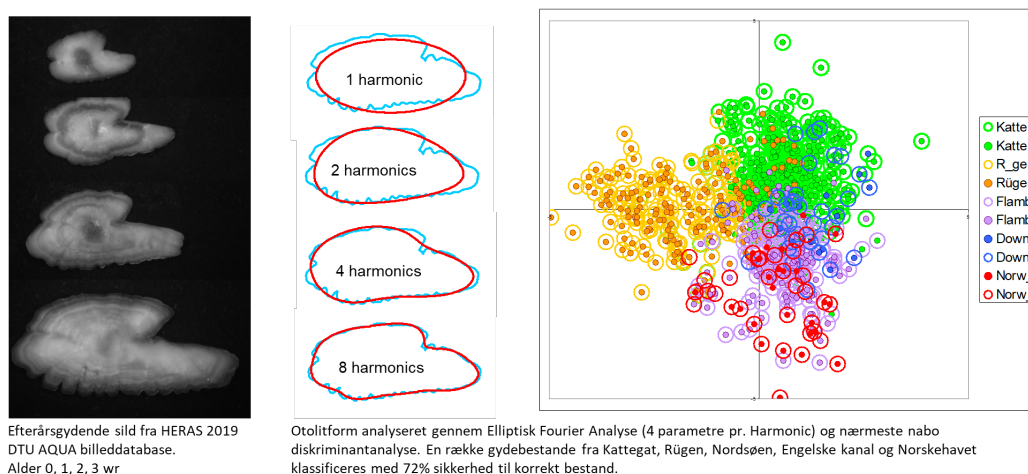
Bestands-ID-analysen udføres på de kombinerede kommercielle fangster fra DTU Aqua i Danmark og SLU Aqua i Sverige inden opsplittningen af WBSS-komponenten fra Nordsø-komponenten. Talrige kalibreringsøvelser og workshops omkring otolit-mikrostruktur er blevet organiseret mellem disse to institutter fra 1999 og frem til for at sikre overensstemmelse mellem de anvendte metoder og de opnåede resultater. Fælles protokoller er blevet udviklet og opdateret, som inkluderer billedeksempler, optællinger af dagringe, retningslinjer for måling plus udstyr og softwareoplysninger med det formål at sikre overensstemmelse mellem de to laboratoriers analyser. Resultaterne fra den seneste workshop, der blev afholdt på DTU Aqua i 2016, var dårlige. To læsere fra hvert institut deltog, en erfaren læser fra SLU samt tre mindre erfarne læsere. Polerede otolitter fra både 0-gruppe og gydende individer blev undersøgt og spørgsmål diskuteret.



En kalibreringsøvelse blev udført ved hjælp af prøver fra HERAS-togterne i 2013-2016, resultaterne viste, at definitionen af vintergydterne er problematisk, og de samlede læsere var kun enige om 9 ud af 80 otolitter. Det så ud til, at der var mange otolitter, der viste OM-mønstre, der ikke faldt ind i de typiske gyde- / klækketyper, der tidligere har været observeret (Clausen et al., 2007). Da dette gør det specielt vanskeligt at adskille vintergydere fra forårsgydere og i en vis grad også efterårsgydere, blev der i projektets indledende fase udarbejdet en protokol som indeholdt anvisninger til hvordan man løbende forbedrer identifikationen med opdaterede målinger.

### Ørestens morfologi

Fiskenes øresten er ikke-cellulære organer opbygget af aragonit, en  $\text{CaCO}_3$  forbindelse med nogle få % indlejret organisk materiale der hovedsageligt består af protein. Gennem cellulær styring af sekretionen vokser ørestenen gennem en daglig nedlægning af nye kalklag gradvist til en for livsstadiet og populationen typisk form:



**Figur 2.2.1. Skematisk diagram over foranalyse af øresten gennem elliptisk Fourier transformation samt eksempel på klassificering af individer til 5 større gydebestande.**

Ørestensmorfologien er under indflydelse fra vækst, miljøforhold som temperatur samt genetisk betinget kontrol. Alle dele er med til at påvirke en fiskebestands ørestensmorfologi og dens variation. Forskellen i morfologi mellem fiskearter er så stor at man med høj sikkerhed kan bruge morfologiske forskelle til artsidentifikation. Derimod er forskellene mindre mellem bestande inden for samme art, og den statistiske variation gør at identifikationen af individer til en given bestand kun kan gøres med en vis sandsynlighed.

Den indtil videre anvendte metode for opsplitning af sildprøver i relevante bestandskomponenter har været Diskriminantanalyse af parametre fra Elliptisk Fourier Analyse samt andre morfologiske og metriske variable (Hüssy et al. 2016). Der blev internationalt helt fra projektets startfase gennemført sammenlignende analyser af forskellige algoritmer til kategorisering af bestandsidentitet ud fra ørestensmorfologi uden at nogen metode har vist sig afgørende bedre end de andre. Der blev derfor i stedet for udvikling af black box-teknologi i retning af Artificielle Neurale Netværk (ANN) satset på en analytisk mere transparent metode baseret Maximum Likelihood metodik som eliminerer alderseffekten på morfologien under ørestensdannelsen (Moesgaard upubliceret).

## 2019 Calibration of Herring Otolith Microstructure between Denmark and Sweden

### Dansk resumé

Danske kommercielle landinger af sild bliver opdelt i bestandskomponenter (efterårsgydere/NSAS, vintergydere/Downs, og forårsgydere/WBSS). Dette gøres ved hjælp af årlige stikprøver fra landinger af sild, og er en vigtig procedure for at få præcise fangsttal for hver delkomponent. En lignende procedure foretages desuden for det akustiske HERAS-survey, som er den anden vigtige datakilde for bestandsvurderingen af sild. Analyserne foretages ved hjælp af mikrostrukturen i sildens øresten (OM) af DTU Aqua og det svenske SLU Aqua. Analyserne følger en aftalt protokol, men klassificering til bestandskomponent for de enkelte øresten er i sidste ende afhængig af ekspertvurdering. Derfor udførtes jævnligt kalibrerings-eksperimenter mellem danske og svenske eksperter i aflæsning af øresten.

Et fælles sæt af prøver blev i 2019 først tildelt bestandskomponent ved hjælp af genetiske metoder, således at den sande bestandskomponent var kendt med meget stor sandsynlighed. Herefter blev ørestenene analyseret uafhængigt af forskellige eksperter fra Danmark og Sverige for at vurdere præcisionen i aflæsningen. Resultaterne viste en stor forbedring i aflæsningen sammenlignet med en lignende øvelse udført i 2016, hvilket bl.a. kan tilskrives de nye genetisk validerede baselines. Det anbefales at yderligere genetiske prøver indsamles for at forbedre denne baseline yderligere, og at disse bør indeholde baselines for flere delkomponenter af sild (bl.a. Central Baltisk Sild). Desuden blev det noteret, at den nuværende protokol fra 2007 bør opdateres, idet vækstmønstre og dermed morfologien i ørestene ser ud til at have ændret sig over tiden siden protokollen blev fastlagt dengang.

Følgende afsnit (s. 32-38) er på engelsk

### Background

Herring otolith microstructure analysis is carried out at DTU Aqua (Denmark) and SLU (Sweden) on samples from commercial landings in ICES areas 4.a, 4.db, 3.aN, 3.aS, SD22, SD23 and SD24 and from scientific surveys in ICES areas 3.aN and 3.aS. The aim of the analyses is to determine which of the three main spawning types or stock ID's the fish belong; North Sea autumn spawners (NSAS or 9's), Downs winter spawners (Downs or 12's) and Western Baltic spring spawners (WBSS or 4's). The results are further used as a baseline for the otolith shape/stock ID analysis conducted on the combined commercial catches from Denmark and Sweden prior to the annual stock splitting of the WBSS component from the North Sea component in the 3.a and 4.a.E. and 4.b.E "transfer area". Additionally, the stock ID analysis is conducted annually on samples from the Herring Acoustic Survey in the North Sea (HERAS). Regular calibration exercises between the two laboratories have been ongoing since 1999. These workshops and exchanges are necessary to ensure consistency in agreement between readers and laboratories and are very important for training new readers.

### Readers

Jane Gudmansen – DK01; Nina Fuglsang – DK02; Marianne Johansson – SWE01; Marie Leditz – SWE02

## Sample overview

Spawning type - genetic	Number of samples
4	60
9	12
12	21
<b>Total</b>	<b>93</b>

## Methods

Samples were prepared at DTU Aqua (Denmark) following the manual agreed upon at the 2016 Herring Otolith Microstructure Workshop. Readers were asked to determine the spawning type of each sample as either Autumn spawner (9), Winter spawner (12) or Spring spawner (4). The otoliths were first read by the two Danish readers using a standard setup described in the manual and a readability score and spawning type given for each sample. The otoliths were sent to SLU (Sweden) for examination by the Swedish readers using the same procedures (no images were used in the exchange).

The grinding and polishing process is an integral step in the analysis thus it can be difficult for the readers when examining the otolith microstructure to determine spawning type when they have not polished and ground the otolith themselves. Concerns were raised by the Swedish readers about the quality of the preparations and it was decided that the readers would read to the best of their ability and use the AQ scores (AQ1: Easy to age with high precision; AQ2: Difficult to age with acceptable precision; AQ3: Unreadable or very difficult to age with acceptable precision) to record their confidence in the spawning type determination of each sample.

All samples used for the exercise had been genetically assigned to a stock ID in advance of the exercise. The genetic methods applied have a very high statistical power for stock assignment using SNP markers (> 95% of fish classified correctly) with the added possibility to identify likely sub stocks (Rügen, Kattegat, Skagerrak, Central Baltic autumn and spring spawners).

## Results

All four readers' results were compared against the genetically validated stock ID for each sample. For each reader the percentage agreement (PA) and a comparison matrix of reader versus validated ID was calculated, see tables 1-4 below. DK01 and DK02 reached a PA of 87%, SWE01 reached a PA of 84% and SWE02 reached a PA of 80%. SWE01 did not read 11 samples and SWE02 did not read 1 sample as they felt the quality of the preparations was not good enough to be able to determine the spawning type. These were all given an AQ3 score. There were other samples assigned AQ3 but as a spawning type was determined these were used in the comparison matrices and included in the calculation of PA. Based on the samples where all 4 readers determined a spawning type for a single sample an overall average percentage agreement of 85% was reached.

Tables 2.2.1-4. PA (percentage agreement) for each reader. Values in bold are the number of samples where the reader is in agreement with genetic stock ID and values in red are the number of samples where the reader has assigned a stock ID other than the genetic stock ID.

Table 2.2.1. DK01: PA = 87%

	Reader WBSS (4's)	Reader NSAS (9's)	Reader Downs (12's)	Total read
Genetic WBSS (4's)	<b>60</b>			60
Genetic NSAS (9's)		<b>9</b>	<b>3</b>	12
Genetic Downs (12's)	<b>5</b>	<b>4</b>	<b>12</b>	21
<b>Total read = 93</b>	65	13	15	<b>93</b>

DK01 read 93 samples. For the 4's she was in agreement with the genetic result on all samples (60 out of 60). For the 9's she was in agreement with the genetic result on 9 samples but there were 3 additional genetically assigned 9's that she read to be 12's. For the 12's she was in agreement with the genetic result on 12 samples but there were an additional 4 genetically confirmed 12's that she called 9's and 5 genetically confirmed 12's that she called 4's.

Table 2.2.2. DK02: PA = 87%

	Reader WBSS (4's)	Reader NSAS (9's)	Reader Downs (12's)	Total read
Genetic WBSS (4's)	<b>56</b>		<b>4</b>	60
Genetic NSAS (9's)		<b>11</b>	<b>1</b>	12
Genetic Downs (12's)	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>14</b>	21
<b>Total read = 93</b>	59	13	19	<b>93</b>

DK02 read 93 samples. For the 4's she was in agreement with the genetic result on 56 samples but there were an additional 4 genetically confirmed 4's that she called 12's. For the 9's she was in agreement with the genetic result on 11 samples but there was 1 additional genetically confirmed 9 that she read to be a 12. For the 12's she was in agreement with the genetic result on 14 samples but there were an additional 2 genetically confirmed 12's that she called 9's and 5 genetically con-firmed 12's that she called 4's.

Table 2.2.3. SWE01: PA = 84%

	Reader WBSS (4's)	Reader NSAS (9's)	Reader Downs (12's)	Total read
Genetic WBSS (4's)	<b>54</b>			54
Genetic NSAS (9's)	<b>1</b>	<b>9</b>		10
Genetic Downs (12's)	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	18
<b>Total read = 82</b>	61	15	6	<b>82</b>

SWE01 read 82 samples. For the 4's she was in agreement with the genetic result on 54 samples. For the 9's she was in agreement with the genetic result on 9 samples but there was an additional 1 genetically confirmed 9 that she called a 4. For the 12's she was in agreement with

the genetic result on 6 samples. In addition there were 6 genetically confirmed 12's that she called 9's and another 6 genetically confirmed 12's that she called 4's.

**Table 2.2.4. SWE02: PA = 80%**

	Reader WBSS (4's)	Reader NSAS (9's)	Reader Downs (12's)	Total read
Genetic WBSS (4's)	<b>55</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	60
Genetic NSAS (9's)	<b>1</b>	<b>11</b>		12
Genetic Downs (12's)	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>8</b>	20
<b>Total read = 92</b>	62	21	9	<b>92</b>

SWE02 read 92 samples. For the 4's she was in agreement with the genetic result on 55 samples. In addition, there were 4 genetically confirmed 4's that she called 9's and another 1 genetically confirmed 4 that she called a 12. For the 9's she was in agreement with the genetic result on 11 samples but there was an additional 1 genetically confirmed 9 that she called a 4. For the 12's she was in agreement with the genetic result on 8 samples. In addition there were 6 genetically confirmed 12's that she called 9's and another 6 genetically confirmed 12's that she called 4's.

### Conclusion

The results from this exercise show a vast improvement in comparison to the previous two exercises. At the 2016 workshop 4 age readers attended (3 of which took part in this exchange) and out of the 80 samples included there was 100% agreement on only 8 of those. No genetically validated material was available at the time and 3 of the readers had little experience. In 2018 an exchange was completed by the same four readers who participated in the current exchange, a total of 96 samples were included and from these 100% agreement was reached on just 54. 23 of these samples had been genetically analyzed for stock ID. Based on these 23 fish there was 100% agreement on just 5 fish.

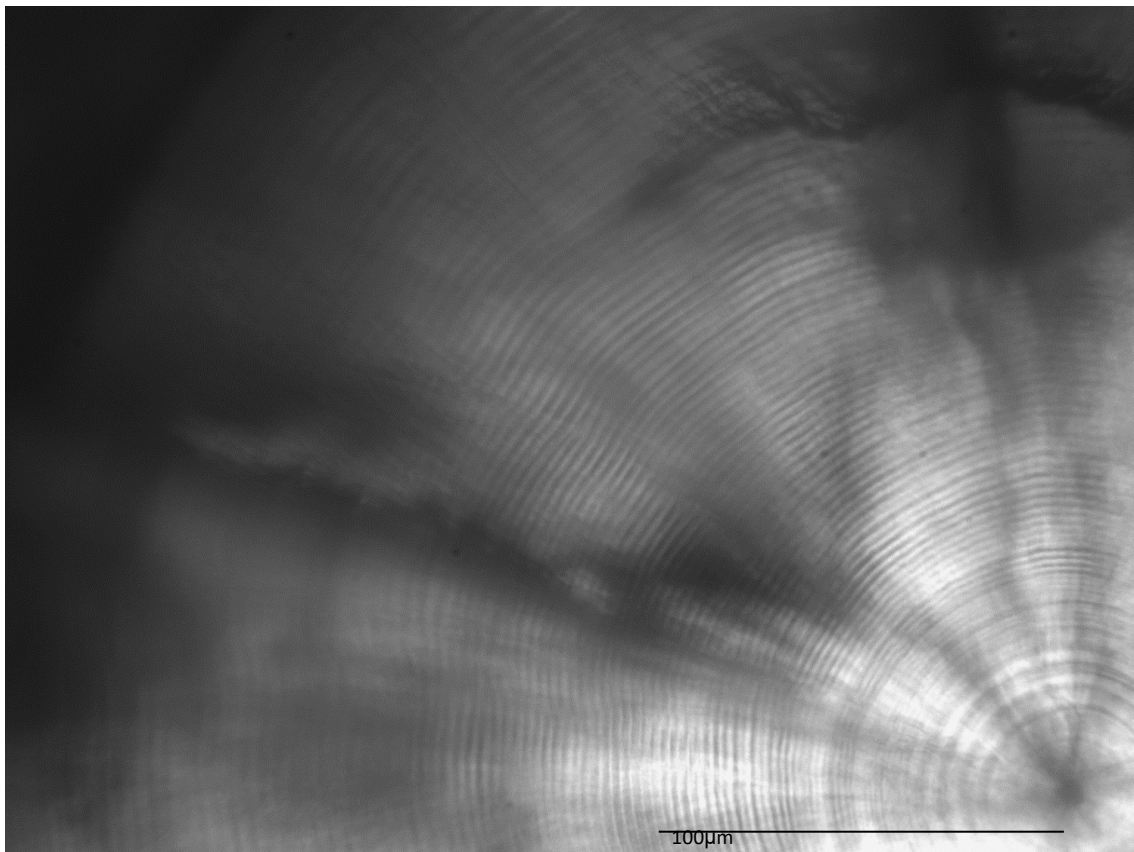
The results from the current exchange have shown a vast improvement in the results. There were 82 samples where all 4 readers were satisfied with the quality and gave a result, of these there were 60 samples where all readers were in agreement with the genetic ID.

The concerns raised over the quality of the preparations and the disadvantage of reading samples that have been prepared by another reader may explain the lower levels of agreement reached by the 2 Swedish readers.

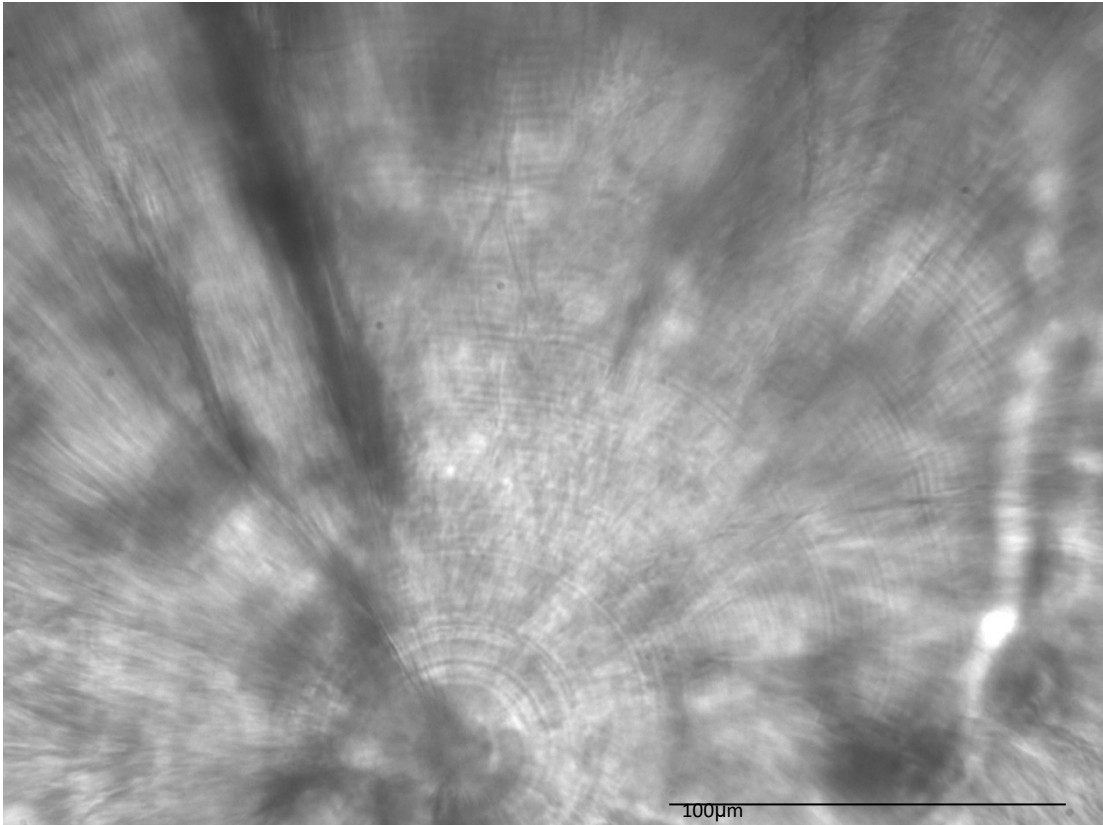
In the exchanges mentioned above the identification of the 12's (Downs) has been most problematic for the readers. Following the 2018 exchange a skype meeting was held for all readers and images of genetically validated samples were discussed in order to clarify the most problematic issues. In some samples, e.g. Figure 2.2.2, the increments width's (IW) within the first 100µm from the core of the otolith are wider than would be expected for a typical 12 (Downs) (see Figure 2.2.3) and the IW pattern resemble more that of a 4 (WBSS) where there is a steep increase in IW as opposed to a slow and steady increase. There are also examples where some readers have misidentified a 12 (Downs) to be a 9 (NSAS) e.g. Figure 2.2.4, here, instead of a steady increase in IW's from the core out to a distance 200µm, there are slight fluctuations

in the IW's as would be expected when examining a 9 (NSAS). A number of image examples were discussed and agreement reached on how to interpret such unusual patterns in the future.

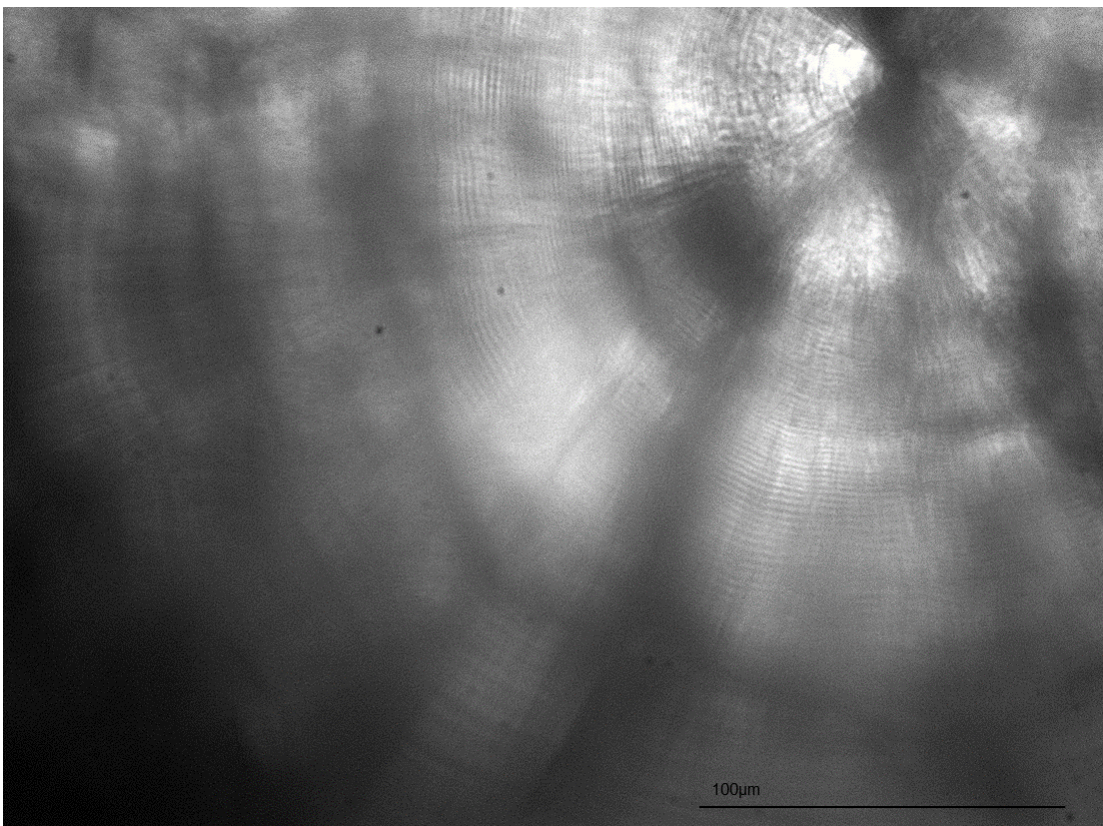
The results of the current exchange show that including genetically validated samples in an exchange has improved the readers ability to correctly identify the various spawning types. It is recommended that all future exchanges include, as a minimum a subset of genetically validated samples. It is likely that there has been a change in IW patterns observed in the otoliths of herring caught in this area overtime considering that otolith microstructure is under the influence of growth, spawning time variation and environment and that the IW measurement guidelines first established by Clausen et al., 2007 need to be updated. It is also possible that other sub stocks of herring (Rügen, Kattegat, Skagerrak, Central Baltic autumn and spring spawners) found in this area are amongst the samples being analysed. A larger set of genetically validated samples covering the three main stock ID's plus the sub stocks is required to establish an updated baseline set of samples for IW measurements and photographing, to be included in an updated protocol.



**Figure 2.2.2. AnimalID “47”; genetically validated stock ID Downs (12).**



**Figure 2.2.3. AnimalID “7779926”, genetically validated stock ID Downs (12).**



**Figure 2.2.4. AnimalID “7779985”, genetically validated stock ID Downs (12).**

## Overview of herring otolith microstructure (OM) exchange results 2017-2020

**Table 2.2.5. Calibration exercises with SLU (Sweden). PA is percentage agreement.**

Year	N samples	N readers	Inter reader PA	N with genetic stock ID	PA with genetic stock ID
2018	96	4	83%	23	45%
2019	93	4	82%	93	85%
2020	104	4	Not completed	104	NA

Three calibration exercises were planned between DTU Aqua (Denmark) and SLU (Sweden) between 2017 and 2020, two of which were completed. The Inter reader PA shows the level of agreement between the four readers based on all the samples in that exercise. In 2018, 23 samples with a genetically assigned stock ID were included in the exchange set (n=96). For each of these samples a PA with genetic stock ID was calculated and the resulting average PA for all 23 samples was 45%. In 2019, all 93 samples in the exercise had a genetically assigned stock ID and the same procedures used to calculate the PA's.

**Table 2.2.6. DTU Aqua internal calibration exercises comparing OM lab result to genetic result. PA is percentage agreement.**

Year	N samples	N with genetic stock ID	PA with genetic stock ID
2019	624	624	83%
2019	72	72	Reader 1 - 79%
			Reader 2 - 78%

In 2019, 624 samples had a stock ID assigned by both otolith microstructure (OM) examination and genetic analysis. There was agreement between the two methods on 83% of the samples. In 2020, a subset of 72 samples were selected for an internal quality assurance check and two readers examined all 72 samples. Reader 1 was in agreement with the genetic stock ID on 79% of the samples and Reader 2 on 78% of the samples, the disagreement was not consistent across samples.

## 2.3 Konceptuel model for migration og mix af sildebestande

### Baggrund for analyse og forvaltningsrådgivning om blandede sildebestande

Rådgivningen omkring fiskerimuligheder for sild i Kattegat Skagerrak (område 3a) og Nordsøen kræver solide data om bestandskomponenternes dynamik gennem tiden men også korttidsforudsigelser af blandingsforholdet mellem sildebestandene i området.

Indsamling af data til bestandsvurderingen vanskeliggøres af at WBSS bestanden foretager lange gyde- og fødevandringer og blander sig med sild fra Nordsø-bestanden (North Sea Autumn Spawners, NSAS) og den centrale Østersø-bestand (CBH). Der mangler specielt et solidt grundlag for at forudsige proportionerne af Nordsøsild og WBSS i fangsterne taget i område 3.a og 4 øst. Dette skyldes den årlige variabilitet i sildemigrationsmønstrene og i fordelingen af fiskeriet (herunder valgfri overførsel af kvoter mellem område 3.a og 4).





## 2.4 Sammenligning af bestandssplit-resultater fra temporale HERAS-prøver

Til at vurdere konsistens i split mellem otolit- og genetik-data blev prøver udvalgt fra HERAS-togtet indsamlet i hhv. 2019 (641 fisk) og 2002/2003 (173 og 219 fisk, analyseret samlet) og analyseret med både SNP- og mikrostruktur-metoden. Resultater af analysen ses i tabel 2.4.1.

**Tabel 2.4.1. Sammenligning af bestands-split af individuelle sild baseret på otolit-mikrostruktur (måned født; gydetype) og genetisk analyse. Data er fra dansk HERAS-togt indsamlinger med 15 års mellemrum. Tal angiver antal sild allokert til hver gydetype og bestand. Understreget tal i fed skrift viser hvor otolit- og genetikdata stemmer overens, og tal i parentes viser, hvor mange af gydetypen der tilhører den forventede bestand WBSS (4), NSAS (9) og Downs (12).**

År	Otolit-split (måned født)	Genetisk bestand								Total
		NSAS	Downs	Skagerrak (del af WBSS samle-bestand)	WBSS	Østersøen (CBH)	Østersø høstsild (BAS)	NSSH	Nord Atlanten (§)	
2002/ 2003	4	11	4	<u>15</u>	<u>210</u>	11	3	1	1	256 (88%)
	9	<u>75</u>	18	-	12	-	1	-	2	108 (69%)
	12	5	<u>27</u>	4	-	-	1	-	-	37 (73%)
2019	4	10	38	<u>21</u>	<u>207</u>	16	9	-	-	301 (76%)
	9	<u>152</u>	16	-	3	-	20	-	-	191 (80%)
	12	23	<u>117</u>	2	-	-	7	-	-	149 (79%)

§ Genotypen henføres til den høstgydende Færø-sild.

Resultaterne peger på to problematikker.

For det første afspejler gydetypebestemmelsen kun til en vis grad de biologiske bestande, da en række biologisk og geografisk separate gydebestande, der forekommer under migration i undersøgelsesområdet, deler gydetype. Det drejer sig f.eks. om de baltiske efterårsgydere (BAS), Nordatlantiske efterårsgydere, samt efterårsgydende WBSS, der alle deler gydemåned med NSAS, og dermed bliver henført til NSAS ved gydetypebestemmelsen. Tilsvarende deler de baltiske forårsgydere (CBH) gydetype med norske vårsild (NSSH) og WBSS. I datamaterialet for de to perioder var det forholdsvist lave andele fisk, hhv. 5% og 8% af alle prøver/fisk, der stammede fra andre bestande end NSAS, Downs og WBSS. Andelen af baltiske efterårsgydere steg fra 1% til 6% i 2019. Om der er en tendens i disse tal, eller om de afspejler naturlige variationer, kræver yderligere udvidelse af datamaterialet. Tilstedeværelsen af enkelte sild med en Færø-genotype i 2003, men ikke i 2019, hvor datamaterialet var mere end tre gange større (se Tabel 2.4.1), kan f.eks. afspejle tilfældigheder og korttids-udsving i migrationsadfærd for de enkelte bestande.

For det andet, tyder resultaterne på, at gydetypebestemmelsen er associeret med bias, og at denne bias varierer over tid. Således ses der i 2002/2003 en relativt stor andel (37%) Downs

fisk (forventet gydetype 12), der bestemmes som gydetype 9. Disse fisk vil dermed (i danske data) henføres til NSAS. I 2019 data var denne fejl på allokering af Downs fisk til NSAS noget mindre (9%). Tilsvarende, i 2019 sås en relativt høj (22%) fejlallokering af Downs fisk (forventet gydetype 12) til WBSS (gydetype 4). Samlet afspejler dette muligvis, at præcisionen på gydetypebestemmelsen påvirkes af faktorer der ændres over tid, såsom vækstrater, temperatur eller andre hydrografiske faktorer, der påvirker ørestenenes vækstmønstre. Overordnet blev 21% af alle sild allokeret til en anden bestand end deres gydebestand på grundlag af gydetypebestemmelsen. I post-hoc allokeringer til bestande på grundlag af data med forskellig bias, vil dette dermed muligvis forstørre fejlen på bestandsestimater.

## **2.5 Konklusion for vurdering af SNP metodens anvendelighed til split af NSAS/WBSS-bestande samt CBH/WBSS-bestande**

Det vurderes, at den udviklede genetiske metode er robust i forhold til at henføre enkelte sild og større prøver til delbestande. De overordnede samlebestande NSAS, WBSS og CBH kan identificeres med høj sandsynlighed. Hertil kommer at metoden også er robust til at splitte på delbestand, niveau. Dette arbejde rapporteres i andre projekter.

Analyser af gydetype-bestemmelse vha. otolit-mikrostruktur viser, at kalibrering af metode mellem de laboratorier der udfører analyserne er vigtig, og er med til at sikre overensstemmelse. Der forekommer variationer i klassifikationen mellem de enkelte aflæsere, og disse må der tages højde for i vurderingen af datamaterialet. Sammenstillet med de genetiske data viser analyserne, at otolit-klassifikationen kun til en vis grad matcher de biologiske bestande, samt at der over tid forekommer skift i, hvor fejl-klassifikation af gydetype typisk sker.

Arbejdet har bl.a. skabt grundlag for implementering af genetisk split i dataindsamlingen ved DTU Aqua. Videre er laboratorier i Sverige (SLU) og Norge (IMR) også begyndt at implementere genetisk split af silde-data ved hjælp af metoder udviklet i Danmark i forbindelse med dette, og relaterede projekter.

**Tabel. 2.5.1. DTU-Aquas silde-vævs/DNA database anvendt til at validere anvendeligheden af genetiske markører til at splitte blandede bestande. Databasen bliver løbende udvidet for at inkorporere så mange repræsentative lokale gydebestande som muligt. Den typiske gydesæson for bestande er angivet som hhv. S=spring/forår, A=Autumn/efterår, W=Winter/vinter og Su=Summer/sommer. 'SNP analyse indikerer', om prøven er analyseret ved fuld-genom-sekventering (1), eller for 92-136 SNP markører vha. SNP chip (2); se tekst for detaljer.**

Prøvested/ del-gydebestand	Bredde- grad	Længde- grad	# Fisk	Indsam- lings-år	Forvaltningenhed	Gyde- sæson	SNP analyse
Bothnian Bay	65.05	24.58	22	June 2009	Central Baltic her- ring Northern Com- ponent (CBNC)	Su	2
Gulf of Finland	60.40	26.70	22	May 2009		S	2
Baltic proper Southwest (Hanö)	55.57	15.18	18	Apr. 2002		S	1,2
Gulf of Riga (Gulf of Pärnu)	58.16	24.26	33	May 2016	Gulf of Riga herring	S	1,2
Gulf of Riga (Saaremaa Island)	58.02	23.50	25	Sep. 2016		A	1,2
Vistula Lagoon (Gdansk)	54.37	19.67	23	Apr. 2009	Central Baltic her- ring Southern Com- ponent (CBSC)	S	1,2
	55.26	15.33	27	Oct. 2016	Autumn spawning Central Baltic her- ring (BAS)	A	1,2
Bornholm Basin§	54.21	13.62	50	Apr. 2009	Western Baltic spring spawning herring (WBSS)	S & A	1,2
Greifswalder Bay (Rügen)				Oct. 2012		S & A	1,2
Western Baltic Sea (Schlei Fjord)	53.98	10.92	50	Apr. 2019			2
Trave (Lübeck Bight)						2	
Schleswig (Kiel Bight)	54.45	10.26	50	Apr. 2019			2
Kattegat (Nordsjælland)	55.73	11.37	26	May 2009		S	1,2
Kattegat (Limfjord)	56.96	9.14	26	Apr. 2009		S	2
Skagerrak East (Öckerö)	57.60	11.40	33	Apr. 2009		S	1,2
Skagerrak West (Hövåg)	58.15	8.27	26	Feb. 2009		S	1,2
North Sea (Ringkøbing Fjord)	55.97	8.24	25	Apr. 2009		S	1,2
North Sea (Karmoy)	59.25	05.17	35	Feb. 2003	Norwegian spring spawning herring (NSSH)	S	2
Norwegian Sea (Møre)	62.28	5.06	30	Feb. 2018		S	1,2
North Sea (Shet- land/Orkney)	59.21	-2.38	30	Oct. 2016	North Sea Autumn spawning herring (NSAS)	A	1,2
North Sea (Banks)	54.20	3.30	26	Sept. 2018		A	1,2
Southern Bight (Downs)	51.04	-1.48	27	Dec. 2016	Downs winter spawning herring (‘Downs’)	W	1,2
North Atlantic (Faroe Is- lands)	61.02	-6.38	25	Nov. 2009	Faroese autumn spawning herring	A	1,2
Labrador Sea (Nanorta- lik, Greenland)	60.79	-47.16	34	Aug. 2016	West Greenland in- shore	A	1,2

## 2.6 Litteratur

Bekkevold D, Gross R, Arula T, Helyar SJ, Ojaveer H (2016) Outlier Loci Detect Intraspecific Biodiversity amongst Spring and Autumn Spawning Herring across Local Scales. PLoS ONE 11(4):e0148499. doi:10.1371/journal.pone.0148499.

Chen K-Y, Elizabeth A. Marschall Michael G. Sovic Anthony C. Fries H. Lisle Gibbs Stuart A. Ludsin (2018) assignPOP: An r package for population assignment using genetic, non-genetic, or integrated data in a machine-learning framework. *Methods in Ecology and Evolution* 9:439-446.

Clausen, L. A. W., Bekkevold, D., Hatfield, E. M. C., and Mosegaard, H. 2007. Application and validation of otolith microstructure as a stock identification method in mixed Atlantic herring (*Clupea harengus*) stocks in the North Sea and western Baltic. – *ICES Journal of Marine Science*, 64: 377–385.

Han, F, Jamsandekar M, Pettersson ME, Su L, Fuentes-Pardo AP, Davis BW, Bekkevold D, Berg F, Casini M, Dahle G, Farrell ED, Folkvord A, Andersson L. (2020) Ecological adaptation in Atlantic herring is associated with large shifts in allele frequencies at hundreds of loci. *Elife*. 9:e61076. doi: 10.7554/eLife.61076.

Herring Otolith Microstructure Manual 2016

Hill, J., Erik D. Enbody, Mats E. Pettersson, C. Grace Sprehn, Dorte Bekkevold, Arild Folkvord, Linda Laikre, Gunnar Kleinau, Patrick Scheerer, and Leif Andersson (2019) Recurrent convergent evolution at amino acid residue 261 in fish rhodopsin. *PNAS* 116: 18473-18478. <https://doi.org/10.1073/pnas.1908332116>.

Hüssy K., Mosegaard H., Moesgaard C. A., Nielsen E.E., Hemmer-Hansen J, Eero M. 2016. Evaluation of otolith shape as a tool for stock discrimination in marine fishes using Baltic Sea cod as a case study, *Fisheries Research*. 174: 210-218.

Melvin, G.D., Stephenson, R.L., Power, M.J. 2009. Oscillating reproductive strategies of herring in the western Atlantic in response to changing environmental conditions. *ICES J. Mar. Sci.* 66: 1784–1792.

Mosegaard, H., Madsen, K.P. 1996. Discrimination of mixed herring stocks in the North Sea using vertebral counts and otolith microstructure. *ICES C.M.* 1996/H:17: 1-8.

Mosegaard, H., Worsøe Clausen, L., & Lindberg, M. (2001). Manual on herring otolith microstructure preparation and interpretation for stock identification. DIFRES manual produced under the EC study 98026: A new sampling regime for resource assessment of herring in the Skagerrak, Kattegat and SW Baltic.

Munk, P., Heath, M., Skaarup, B. 1991. Regional and seasonal differences in growth of larval North Sea herring (*Clupea harengus* L.) estimated by otolith microstructure analysis. *Cont. Shelf Res.* 11 (7): 641-654.

### 3. Bestandsvurdering – AP3

#### Baggrund

Formålet med arbejdsplan 3 er at foretage nye bestandsvurderinger der udnytter den forbedrede viden og data fra AP1 og AP2. Desuden udvikles nye funktionaliteter i de eksisterende bestandsvurderingsværktøjer, som vil give forbedrede muligheder for at foretage fremskrivninger. Disse forbedringer omhandler mulighed for at vurdere effekten af forskelligt fiskeritryk på flådeniveau, samt at lette arbejdet og forbedre præcisionen i forbindelse med fremskrivningerne ved at integrere biologiske data. Ydermere vil modellerne for NSAS- og WBSS-sild blive forbundet via en nyligt publiceret metode (Albertsen et al. 2017), og denne metode vil blive videreudviklet og tilpasset til situation for sild. Formålet med sidstnævnte er at udnytte data på den bedste måde for derved at give bedst mulig præcision og realisme bestandsvurderingerne for begge silde-bestande. Endelig vil AP3 integrere de biologiske parametre (vægt ved alder og modenhed ved alder) i bestandsvurderingsmodellen. Det vil give et mere realistisk billede af bestandsudviklingen over tid idet den del af variationen i data der skyldes måleusikkerhed derved kan filtreres fra. Det vil desuden kunne give mere præcise bestandsfremskrivninger og et bedre billede af usikkerheden i disse fremskrivninger, da biologiske parametre i den forbindelse for nuværende antages kendt uden fejl.

#### Resultater

Til første milepæl blev en multiflåde version af bestandsvurderingsmodellen (SAM) udviklet. Arbejdet er grundigt dokumenteret og testet i manuskriptet Nielsen et al. 2021 (Bilag A.2). Modellen blev præsenteret og accepteret ved seneste benchmark i ICES for WBSS og erstatter hermed den tidligere brugte enkeltflåde-model for denne bestand. Prognose-delen af modellen benyttes ligeledes nu for sild i Nordsøen. Prognose-delen i multiflåde modellen er specielt nyttig, idet den kan evaluere konsekvensen af scenarier med et forskellige fiskeridødeligheder for de enkelte flåder. I enkelt-flåde tilgangen er det kun muligt at fremskrive med samme relative fiskeridødelighed fordelt henover flåderne på samme måde som i det seneste år.

Til anden milepæl blev en nyligt publiceret metode (Albertsen et al. 2017) til at estimere korrelationer i overlevelses-sandsynligheden mellem flere bestande anvendt på WBSS og NSAS. Metoden blev desuden videreudviklet så korrelationer inden for bestandene også kan estimeres, samt at forklarende variable kan medtages i analysen. Ved positive korrelationer mellem kohorter vil år med bedre overlevelse end forventet ske sammen, og tilsvarende for dårlige år. Korrelationer mellem to bestande kan forventes i situationer, hvor begge er påvirket af lignende miljømæssige påvirkninger, eller hvis der optræder migration mellem bestandene. Korrelationer inden for en bestand optræder når overlevelsen i flere nabo-kohorter alle afviger positivt eller negativt fra det forventede, og kan ligeledes skyldes specielle miljømæssige forhold i de enkelte år. Et af de mest interessante resultater af analysen var, at der var stærke positive korrelationer i overlevelsen inden for NSAS-bestanden. Når den nye metode anvendes og der dermed tages højde for disse korrelationer, fås signifikant mindre retrospektive mønstre målt ved Mohn's rho. Mohn's rho angiver hvor stabil bestandsvurderingen er, når der tilføjes nye datapunkter til modellen, og er dermed et vigtigt kriterie. Den nye forbundne model blev også sammenlignet med den nuværende model i fremskrivnings-scenarier. I scenariet, hvor fiskeriet ophører, stiger gydebiomassen - særligt for NSAS-sild - hurtigere i fremskrivningen for uafhængige modeller end for de forbundne modeller. Det må således antages, at fremskrivningen

af gydebio masse for de uafhængige modeller er for optimistisk. Derudover er der forskelle i konfidensintervallerne. Albertsen et al. (2017) har tidligere påvist, at modeller med korrelationer mellem bestande giver mere pålidelige konfidensintervaller.

Til tredje milepæl blev de biologiske parametre (vægt ved alder i fangster og i bestanden samt modenhed alder) integreret i SAM modellen. Denne udvikling blev til i samarbejde med et andet EMFF projekt ("Models and Statistical Tools for Management Strategy Evaluation (MSE)"). I den nuværende model antages de biologiske parametre kendt uden fejl - både perioden med observationer og når fremskrivninger foretages. Til fremskrivninger kræves der altså yderligere antagelser om hvad de biologiske parametre vil være i fremtiden. Typisk benyttes et 3, 5 eller 10 års glidende gennemsnit. I den nye model estimeres mere præcise forudsigelser af de biologiske parametre, blandt andet fordi kohorte effekter medtages. Den nye model giver desuden et mere realistisk billede af bestandsudviklingen over tid, idet den del af variationen i data der skyldes måleusikkerhed kan filtreres fra. Modellens evne til at forudsige fremtidige værdier af de biologiske parametre blev testet på 14 forskellige bestande via krydsvalidering, og gav i gennemsnit 20% reduktion i root-mean-squared error sammenlignet med 5 års glidende gennemsnit, altså en betydelig forbedring.

Slutteligt blev modellen anvendt på WBSS og NSAS og sammenlignet med den nuværende metode. For WBSS indikerede modellen at de benyttede data for vægt ved alder i bestanden indeholder betydelige mængder støj og det var ikke muligt at estimere signifikante kohorte-effekter. For vægt ved alder i fangsterne var der derimod signifikante kohorte effekter for WBSS. I et fremskrivnings-scenarie gav den nye model anledning til ca. 5% højere total fangst med den nye model sammenlignet med den nuværende metode for WBSS. Dette skyldtes at vægt ved alder har været højere end gennemsnittet for alder 1 og 2 i de seneste år, hvilket den nye model tager bedre højde for i fremskrivningerne. Det skal derfor ikke tolkes således, at den nye metode generelt giver højere fangst-estimerer sammenlignet med den nuværende metode. Det anbefales, at den nye model for CW bør erstatte den nuværende metode for WBSS ved næste benchmark.

For NSAS blev vægt ved alder estimeret til at indeholde mindre støj sammenlignet med WBSS. I fremskrivnings-scenarier var forskellen relativt lille mellem den nye og den nuværende metode for NSAS. Til gengæld var der betydelige forskelle i de historiske estimerer af gydebio masse for NSAS, som er følsom overfor forskellige antagelser om modenhed ved alder før 1983. Disse forskelle kan have betydning for fastsættelse af referencepunkter for NSAS og det anbefales at disse undersøges nærmere i forbindelse med næste benchmark for NSAS. På baggrund af de udførte analyser anbefales det, at NSAS bestandsvurderingen skifter til den i projektet udviklede nye model for alle de biologiske parametre ved det næste benchmark. Den nye model betragtes som mere præcis og giver et bedre estimat af usikkerheden både i den historiske periode og ved fremskrivninger.

### **3.1 Bestandsvurderingsmodel (SAM) til flåde-specifikke fangstdata**

#### **Baggrund**

En given fiskebestand fiskes typisk af flere forskellige flåder. En flåde kan f.eks. være opdelt efter fangstredskab, oprindelses land, motorydelse, eller rummelig udbredelse. Det væsentlige for

denne arbejdsopgave er om fiskeriet fra de forskellige flåder selekterer de samme dele af fiskebestanden. F.eks. kan en flåde primært fange unge fisk, mens en anden flåde primært fanger gamle fisk.

For selve vurderingen af fiskebestanden er det uvæsentligt hvilken flåde der fanger fiskene, men det er vigtigt at metoden har en korrekt repræsentation af hvordan den samlede fiskeflåde selekterer bestanden. Forskellige modeller håndterer denne samlede selektion forskelligt. Nogle (mange) modeller antager at selektionen er konstant, eller konstant i perioder. Andre modeller tillader at selektionen kan variere fleksibelt gennem tiden. Det er plausibelt at der indenfor hver enkelt flåde (f.eks. opdelt efter fangstredskab) er samme selektion henover tid i en længere periode, men hvis den andel af den totale fangst som hver enkelt flåde udgør ændrer sig gennem tiden så vil den samlede selektivitet også ændre sig over tid.

Hvis den anvendte model ikke kan håndtere tids-varierende selektivitet er det vigtigt at hver flåde tilordnes en separat konstant selektivitet. Hvis den anvendte model kan håndtere tids-varierende selektivitet er det måske mindre vigtigt at tilordne flåde-specifik selektivitet, da modellen givetvis kan tilpasse den samlede selektivitet korrekt, men vis selektiviteten vitterligt er konstant inden for hver flåde vil en flåde-specifik model forventes at give bedre prædiktioner.

Når en bestandsvurdering skal udmøntes i forvaltning er det er der ofte praktiske og politiske forhold der gør at det kan være nødvendigt at opdele den fangstkvote på de forskellige flåder. For at vurdere de bestandsmæssige konsekvenser af sådanne scenarier er det nødvendigt at basere sig på en flåde-opdelt model.

### **Formål**

Denne arbejdsopgave har til formål at videreudvikle den eksisterende bestandsvurderingsmodel (SAM) til at kunne håndtere flåde-specifikke fangstdata, samt at validere metoden på rigtige data og på simulerede data (hvor sandheden er kendt).

### **Metodeudvidelse**

De tekniske detaljer i modeludvidelsen er beskrevet i manuskriptet Nielsen et al. 2021, som er vedhæftet (Bilag A.2). Herunder er en kortfattet beskrivelse af de væsentligste komponenter i udvidelsen.

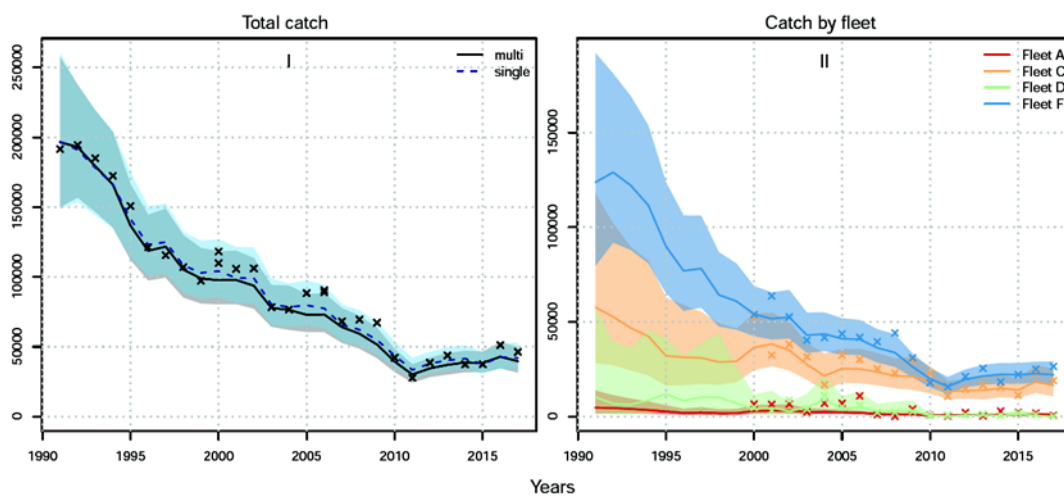
Den klassiske state-space assessment model (SAM) består af en proces for alders- og års-specifikke bestandsstørrelser ( $N_{ay}$ ) og en proces for alders- og års-specifikke fiskeridødeligheder ( $F_{ay}$ ). Disse matches så til observationer (e.g. kommercielle fangster og fangster fra videnskabelige togter).

Udvidelsen af SAM til en flåde-specifik model består i at de kommercielle fangsterne er opgjort for hver flåde ( $C_{ay}^{(f)}$ ). For at kunne matche sådanne data er det nødvendigt at udvide modellen til at have flåde-, alders- og års-specifikke fiskeridødeligheder, eller med andre ord at have en fiskeridødelighedsproces per flåde  $F_{ay}^{(f)}$ . Da det ville give anledning til konflikter at have en proces for de totale fiskeridødeligheder samtidig med at have de flåde-specifikke fiskeridødeligheder er den totale fiskeridødelighed herefter defineret som summen af de flåde-specifikke  $F_{ay} = \sum F_{ay}^{(f)}$  i den flåde-specifikke model. De flåde-specifikke processer for fiskeridødeligheder  $F_{ay}^{(f)}$



defineres uafhængige og med samme fleksible konfigurations muligheder som den totale fiske-ridødelighed i den klassiske SAM.

En praktisk komplikation for den flåde-specifikke model er at ofte er de flåde-specifikke fangst data  $C^{(f)}_{ay}$  kun tilgængelige i de senere år, hvorimod totale fangster  $C_{ay}$  er tilgængelige længere tilbage. Det er væsentligt at modellen kan bruge alt tilgængeligt data, samt at den er robust og konsistent. Observations modellen i den flåde-specifikke SAM defineres ved fordelingen af observationerne fra hver flåde, så det vil give anledning til inkonsistens hvis der kunne defineres en separat fordeling for de observationer, der er en sum af alle (eller nogle) andre flåder. Derfor oprettes en selvstændig flåde-type, som defineres udelukkende ved at være en sum af allerede definerede flåder. Fordelingen af observationerne for en sum-flåde beregnes, via delta-metoden, som den fordeling der fremkommer ved at summere de allerede definerede flåder der indgår.



**Figur 3.1.1.** Fangst for sild i den vestlig Østersø. Modellerne beskriver de totale fangster meget ens, men da den flåde-specifikke model kun har flåde-specifik data fra år 2000, så ser man at usikkerheden omkring de flåde-specifikke fangster vokser bagud i tid, men fittet til de totale fangster er konsistent mellem de to modeller, da sum-flåden bruges før 2000.

### Implementering i SAM

Udvidelserne er implementeret i SAM og åbent tilgængelige på github (samme sted hvor den klassiske SAM model deles, men som en selvstændig forgrening "branch" af SAM-projektet: <https://github.com/fishfollower/SAM/tree/multi>).

Når man skal køre en flåde-specifik model skal man først definere et dataobjekt og det er her den største forskel på anvendelsen i forhold til en klassisk SAM kørsel med en samlet flåde. Data for en flåde-specifik kørsel kan f.eks. defineres ved:

```
attr(sumACDF, "sumof") <- c(1,2,3,4)

dat <- setup.sam.data(surveys=surveys,
  residual.fleets=list(cnA, cnC, cnD, cnF), # Notice list
  sum.residual.fleets=sumACDF, # Notice sum fleet
  prop.mature=mo, stock.mean.weight=sw,
  catch.mean.weight=cw, dis.mean.weight=dw,
  land.mean.weight=lw, prop.f=pf,
  prop.m=pm, natural.mortality=nm,
  land.frac=lf)
```

Her antages at  $cnA$ ,  $cnC$ ,  $cnD$ ,  $cnF$  er fangst matricer for de individuelle flåder og  $sumACDF$  er fangst matrice for den samlede fangst i en tidligere periode (intet overlap i tid). Bemærk først at der sættes en attribut på sum-flåden, så programmet ved hvilke flåder der indgår i summen. Dernæst gives de almindelige fangst-flåder (kaldet residualflåder) ved at give en liste af de (her 4) flåder der indgår. I klassisk SAM skulle blot en samlet flåde angives. Sum-flåden angives nedenfor. Hvis der er forskellige biologiske parameter for de forskellige flåder (f.eks. fangst-vægte "cw") angives disse også via en liste.

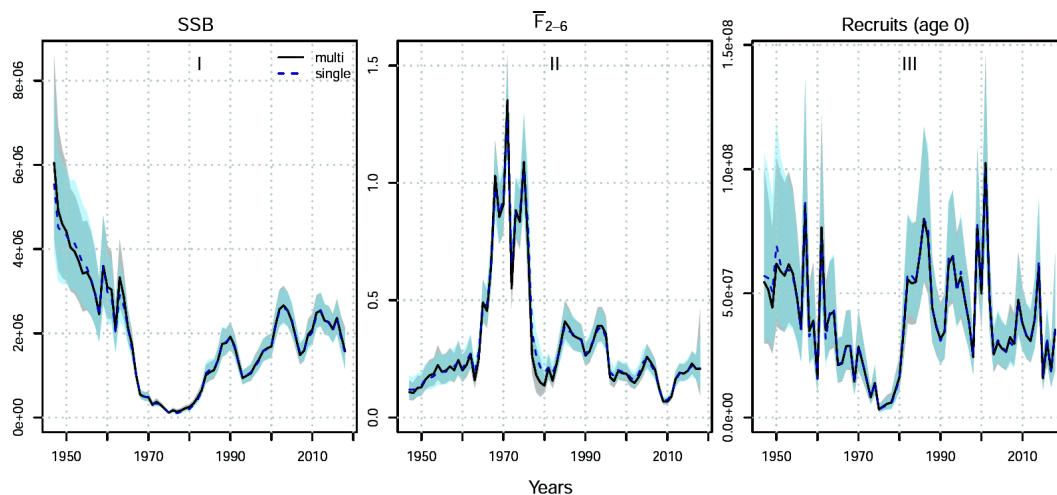
Efter dataobjektet er defineret kan SAM modellen køres præcis som i modellen for en samlet flåde, altså som:

```
conf<-defcon(dat) # herefter kan "conf" fin-jursteres
par<-defpar(dat,conf)
fit<-sam.fit(dat,conf,par)
```

Udover disse ændringer er funktioner til at plote resultater og ikke mindst til at fremskrive bestanden og fiskeriet under forskellige forvaltnings scenarier opdateret til at være flåde-specifikke.

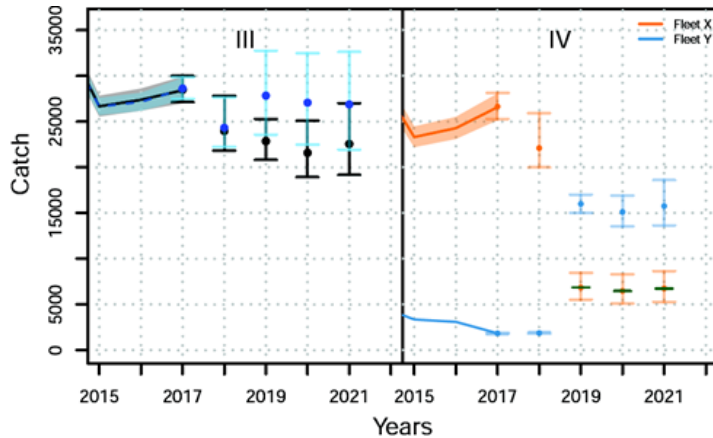
## Resultater

Modellen er allerede officielt anvendt for sild i den vestlige Østersø og delvist (prognose-delen) for sild i Nordsøen. Resultater for disse bestande kan ses i det vedhæftede manuskript (Nielsen et al. 2021, bilag A.2.) I samme manuskript ses også en anvendelse på simuleret data, som benyttes for at validere metoden i en situation hvor sandheden kendes.



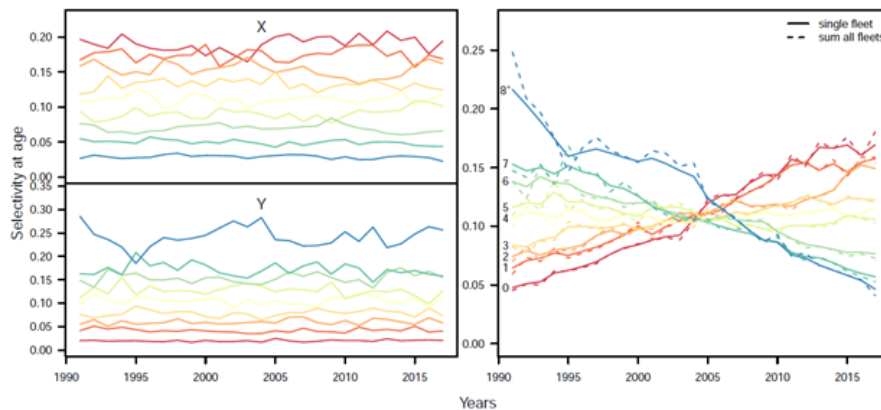
**Figur 3.1.2. Estimeret udvikling af bestand, fiskeritryk og rekruttering for sild i Nordsøen via den flåde-specifikke model (sort) og via klassisk SAM (blå).**

Modellen virker efter hensigten og muliggør prognoser hvor flåde-specifikke hensyn kan indbygges også selv om de giver anledning til en anden fordeling af fangst mellem flåder end den historiske eller aktuelle fordeling.



**Figur 3.1.3.** Et prognose eksempel hvor relative andel ombyttes i prognose perioden. I venstre side ses den samlede fangst ved et sammenligneligt fisketryk ved en forsættelse af nuværende relative fangst-fordeling (sort) og den ombyttede (blå). Til højre ses fangst-prognosen for de to flåder.

En sidegevinst ved udviklingen af den flåde-specifikke SAM model var en yderlig validering af den måde hvorpå klassisk SAM estimerer tidssvarende selektivitet. Det viste sig at klassisk SAM var i stand til at beskrive ændringen i den samlede selektivitet (svarende til den totale fangst), selv om de forskellige flåders andel af fangsten varierede over tid. I alle tilfælde gav den flåde-specifikke og den klassiske SAM tæt på samme beskrivelse af bestandens udvikling og af den samlede fiskeridødelighed.



**Figur 3.1.4.** Selektivitet for to flåder simuleret med meget forskellige, relativt konstante selektiviteter (venstre side). Den samlede selektivitet ændrer sig derimod drastisk, da den relative andel af den samlede fangst ombyttes fra start til slut (i starten tager flåde Y næsten hele fangsten og til slut tager flåde X næsten hele fangsten). Både den flåde-specifikke model og klassisk SAM er i stand til korrekt at estimere den samlede selektivitet (højre).

## 3.2 Simultan bestandsvurdering af WBSS- og NSAS-sild

### Simultan bestandsvurdering af WBSS- og NSAS-sild ved hjælp metoden beskrevet i Albertsen et al. 2017

Den vestlige Østersø-sild (WBSS) og Nordsø-silden (NSAS) migrerer, blander sig og optræder blandet i fangsterne. Derfor er det, ud over arbejdet med genetisk identifikation, naturligt at forsøge at bestandsvurdere de to bestande samlet.

For nyligt udviklede DTU Aqua en model til simultan bestandsvurdering af forbundne bestande. Modellen blev udviklet som en del af projektet "Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande", støttet af Miljø- og Fødevarerministeriet samt den Europæiske Hav- og Fiskerifond (projektnummer 33113-B-15-003) og dokumenteret i Albertsen, Nielsen, and Thygesen (2017) og Albertsen, Mosegaard, and Nielsen (2019). Modellen forbinder bestande gennem korrelationer i den stokastiske overlevelsesligning. Ved positive korrelationer mellem kohorter vil år med bedre overlevelse end forventet ske sammen, og tilsvarende for dårlige år. Omvendt vil negative korrelationer betyde at dårlige år for den ene kohorte sker samtidig med gode år for den anden kohorte. Modellen er en direkte udvidelse af SAM modellen (Nielsen and Berg 2014), således at modellen for forbundne bestande er ækvivalent med SAM modellen når korrelationerne hverken er positive eller negative. Modellen er et operationelt og effektivt alternativ til fulde økosystemmodeller. Modellen til forbundne bestande har korte køretider og benytter udelukkende data fra de enkelte bestandsvurderinger. Dermed kan modellen uden videre anvendes for alle bestande der vurderes på baggrund af SAM modellen.

I dette projekt blev modellen til forbundne bestande tilpasset NSAS- og WBSS-sildebestandene. Albertsen, Nielsen, and Thygesen (2017) parametriserede modellen gennem partielle korrelationer - som er korrelationen, hvis alt andet holdes lige - mellem aldersgrupper fra forskellige bestande inden for en vis aldersforskel, hvilket gav en båndstruktur. Flere bredder af båndstrukturen blev afprøvet for at finde den bedste til at beskrive data. For sildebestandene i dette projekt blev modelkonfigurationen udvidet så korrelationer inden for hver bestand også blev tilladt. Derudover blev forskydelser af båndet mellem bestande afprøvet. I alt gav dette 1.116 modelkonfigurationer, hvoraf én svarede til uafhængige SAM modeller for de to bestande.

Af de 1.115 konfigurationer med korrelationer var 53.9% en forbedring, målt ved AIC, i forhold til uafhængige modeller. For 36 af modellerne var der udelukkende partielle korrelationer inden for bestandene. Af disse gav 72.2% et bedre fit til data end uafhængige bestandsvurderinger. Blandt de 31 modeller der udelukkende havde partielle korrelationer mellem bestandene var 67.7% bedre end uafhængige modeller. Den bedste modelkonfiguration indeholdt partielle korrelationer mellem bestandene samt inden for NSAS-sildebestanden.

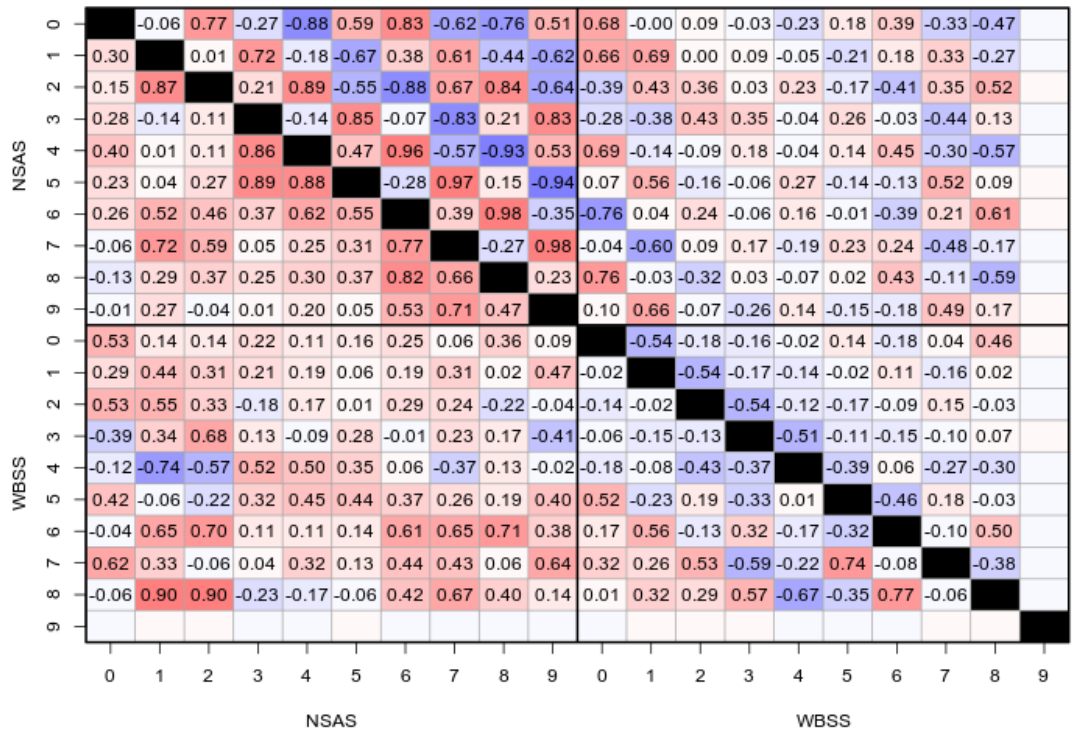
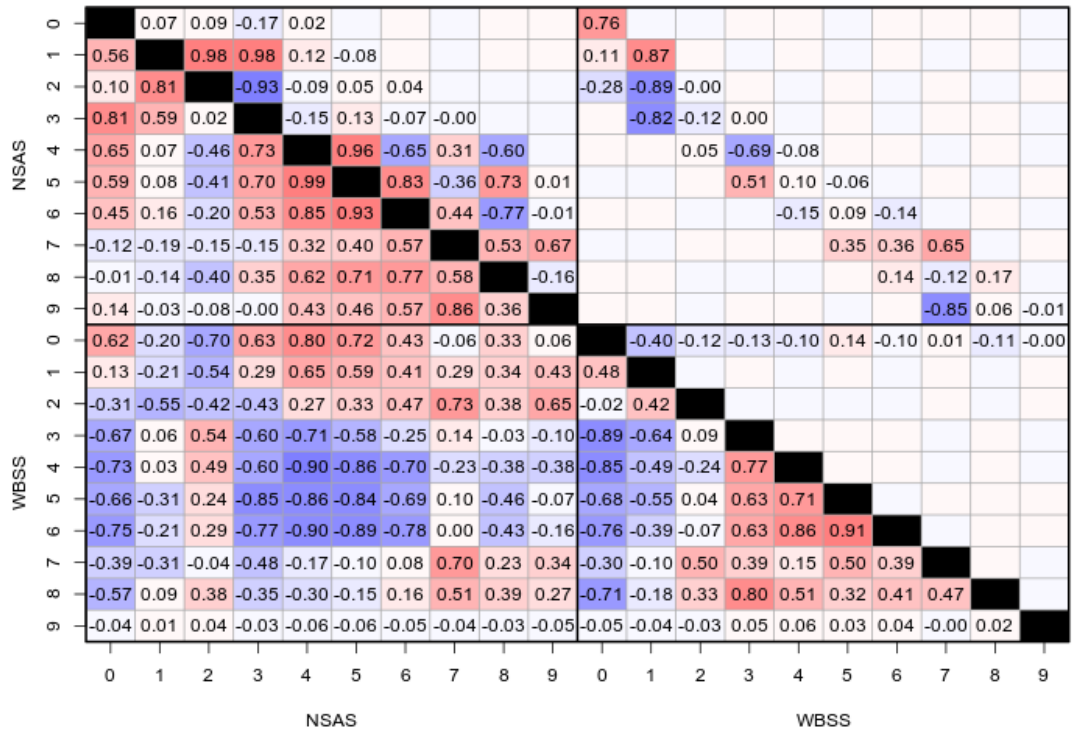
**Tabel 3.2.1. AIC-forskel til modellen svarende til uafhængige modeller for de 20 bedste modelkonfigurationer. Negative AIC-forskelle er bedre end uafhængige modeller. Kolonnerne NSAS, WBSS og Between angiver båndbredderne inden for og mellem bestande. Offset angiver forskydningen af båndet mellem bestande.**

NSAS	WBSS	Between	Offset	AIC
5	0	2	1	-35.16
4	4	1	1	-31.03
4	0	3	1	-30.32
3	0	1	-2	-29.91
3	0	2	-2	-29.89
3	4	1	-2	-28.95
3	0	2	0	-28.92
4	2	2	-1	-28.89
4	0	2	-1	-28.58
6	0	2	1	-28.09
0	0	3	2	-27.87
4	5	1	1	-27.86
3	0	3	-2	-27.70
4	3	1	0	-27.33
3	3	1	-2	-27.26
3	2	2	-2	-27.18
2	0	3	-1	-27.17
3	4	1	2	-27.10
4	2	2	0	-27.02
3	0	3	1	-26.94

Udover de direkte udvidelser af modelkonfigurationerne fra Albertsen, Nielsen, and Thygesen (2017) blev modellen udvidet til at parametrisere korrelationerne gennem forklarende variable. Denne nyudviklede udvidelse blev anvendt til yderligere 26 modeller for de to sildebestande. Som forklarende variable blev anvendt kombinationer af aldersforskel, vægtforskel samt bestand. Af de 26 yderligere modeller gav 23 et bedre resultat end de uafhængige bestandsvurderinger. Ingen af de 26 modeller gav et bedre resultat end den bedste båndkonfiguration.

**Tabel 3.2.2. AIC-forskel til modellen svarende til uafhængige modeller for de 26 modeller med forklarende variable. Negative AIC-forskelle er bedre end uafhængige modeller. Kolonnen 'Case' beskriver modellen for forklarende variable i 'R' notation (afkortet til under 40 tegn af pladshensyn).**

Case	AIC
~factor(Age)	-25.41
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-19.68
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-18.25
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-18.25
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-17.30
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-16.25
~I(abs(Age)) + I(abs(Age)^2)	-12.66
~I(abs(Age)) + factor(Stock)	-10.82
~(I(abs(Age)) + I(abs(Age)^2)) + factor...	-10.46
~I(abs(Age)) * factor(Stock)	-10.39
~(I(abs(stockMeanWeight)) + I(abs(stock...	-10.19
~I(Age == 0) + I(Age == 1) * factor(S...	-9.54
~(I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-8.98
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + I(Age == ...	-7.45
~(I(abs(Age)) + I(abs(Age)^2)) * factor...	-6.30
~(I(abs(stockMeanWeight)) + I(abs(stock...	-4.80
~I(abs(stockMeanWeight)) + factor(Stock...	-4.13
~I(abs(stockMeanWeight)) + I(abs(stockM...	-3.11
~I(Age == 0) + I(Age == 1)	-2.71
~I(Age == 0) + I(Age == 1)	-2.71
~I(Age == 0) + I(Age == 1) + factor(S...	-0.85
~I(abs(stockMeanWeight)) * factor(Stock...	-0.37
~I(Age == 0)	-0.14
~factor(Stock)	0.49
~(I(Age == 0)) + factor(Stock)	0.73
~factor(Age) * factor(Stock)	1.84



Figur 3.2.1. Estimeret korrelation (nedre trekant af matricerne) og partielle korrelationer (øvre trekant af matricerne) mellem bestande for den bedste modelkonfiguration (øverst) og den bedste model med forklarende variable (nederst).

For at vurdere betydningen af det forbedrede modelfit blev den bedste modelkonfiguration samt det den bedste model med forklarende variable sammenlignet med modellen svarende til uafhængige bestandsvurderinger. Sammenligningen blev foretaget på en række parametre. Overordnet giver de tre modeller kun små forskelle i estimeret gydebiomasse, fiskeridødelighed, rekruttering og fangst. Derimod blev de retrospektive mønstre for NSAS-sild formindsket af den bedste modelkonfiguration sammenlignet med uafhængige modeller. For rekruttering faldt den absolutte værdi af Mohns  $\rho$  med 98.7%, for gydebiomasse faldt den med 33.4% mens den for fiskeridødelighed faldt med 42.5%. For fangst var værdien tæt på 0 for begge modeller. For WBSS-sild var værdierne stort set uændret.

**Tabel 3.2.3. Mohns  $\rho$  sammenfatning af retrospektive mønstre for uafhængige modeller.**

	NSAS	WBSS
R(age 0)	-0.0463900	-0.0062901
SSB	-0.2866437	0.2077857
Fbar(4-8)	0.5479352	-0.1601600
Catch	0.0004517	0.0406315

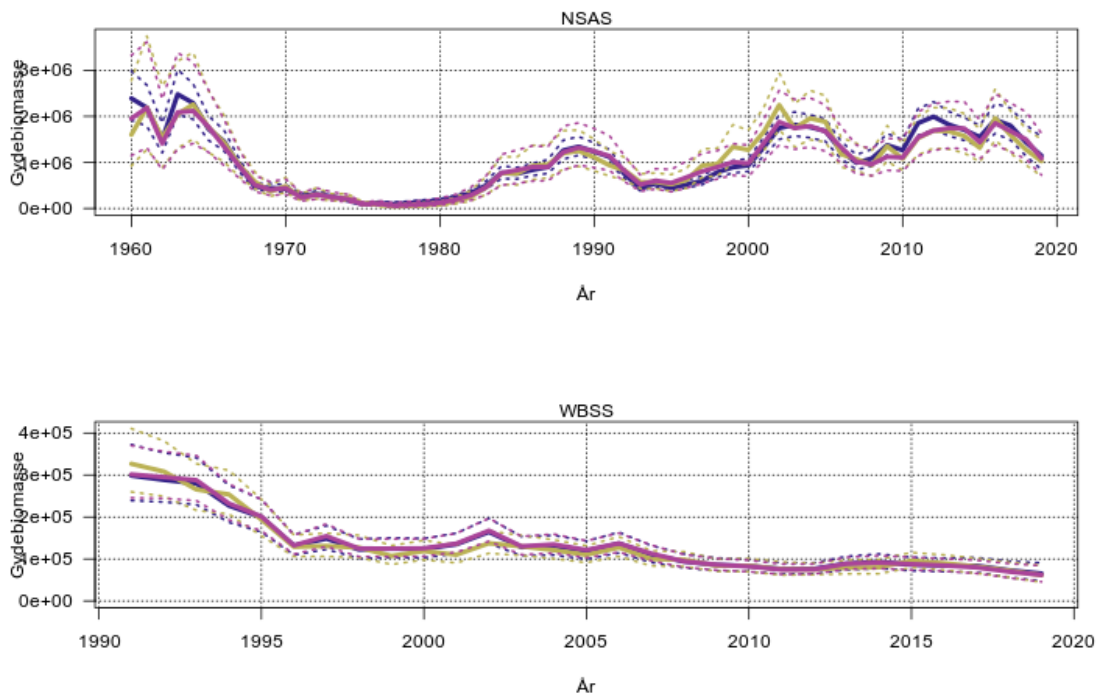
**Tabel 3.2.4. Mohns  $\rho$  sammenfatning af retrospektive mønstre for den bedste konfiguration.**

	NSAS	WBSS
R(age 0)	0.0005968	-0.0743069
SSB	-0.1908949	0.2082353
Fbar(4-8)	0.3149243	-0.1256299
Catch	0.0015395	0.0620359

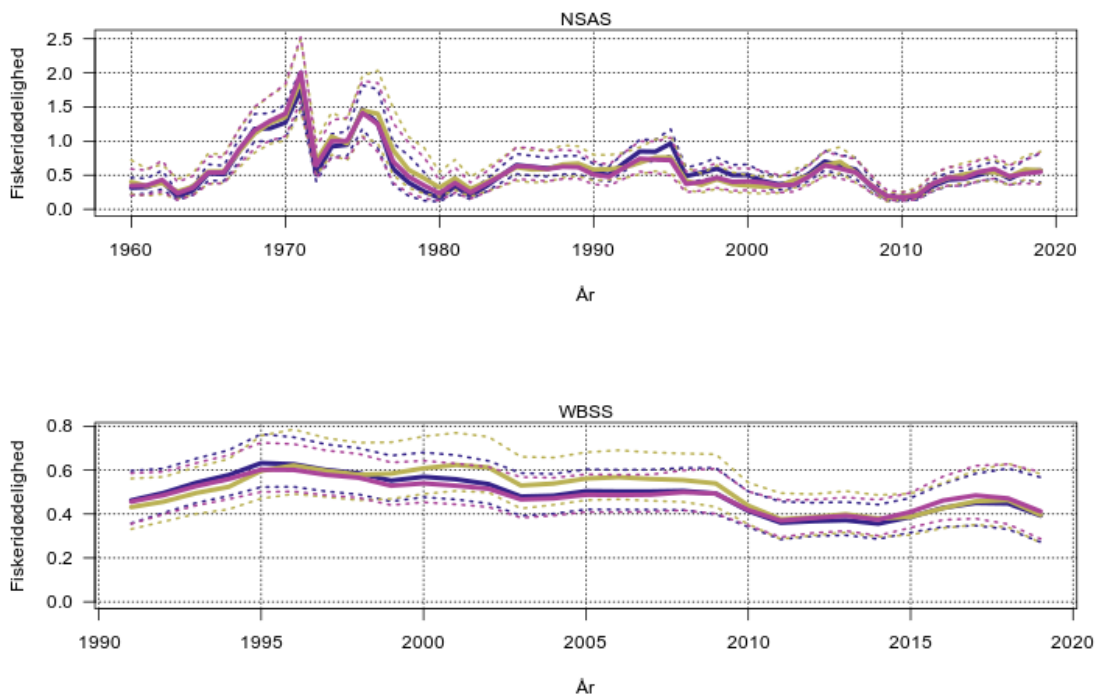
**Tabel 3.2.5. Mohns  $\rho$  sammenfatning af retrospektive mønstre for den bedste model med forklarende variable.**

	NSAS	WBSS
R(age 0)	0.0284292	0.0107489
SSB	-0.2132707	0.2425930
Fbar(4-8)	0.4012980	-0.2052842
Catch	-0.0111994	0.0129534

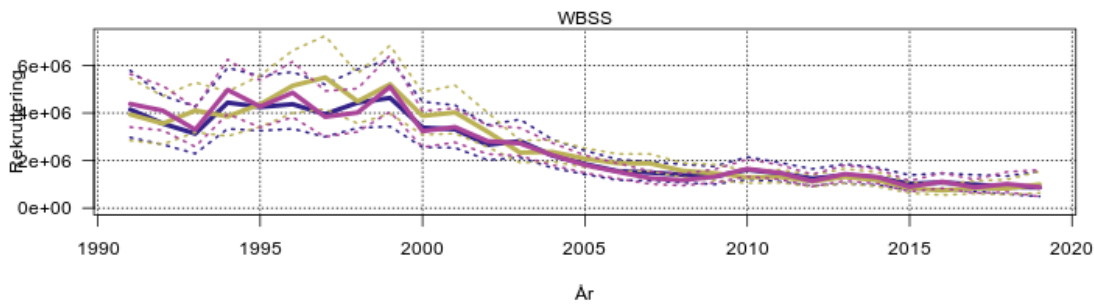
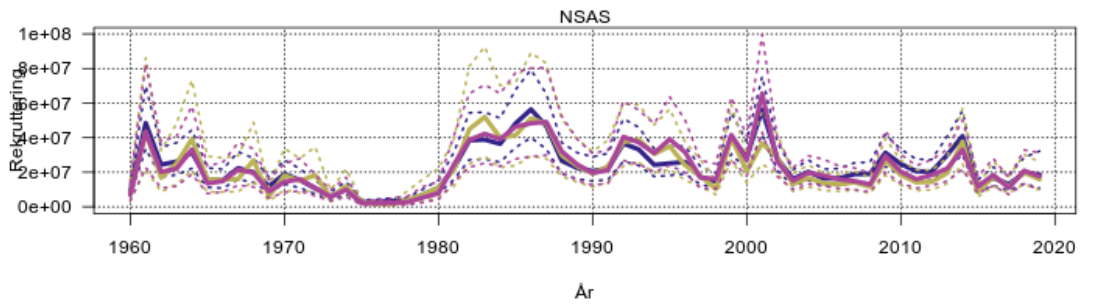




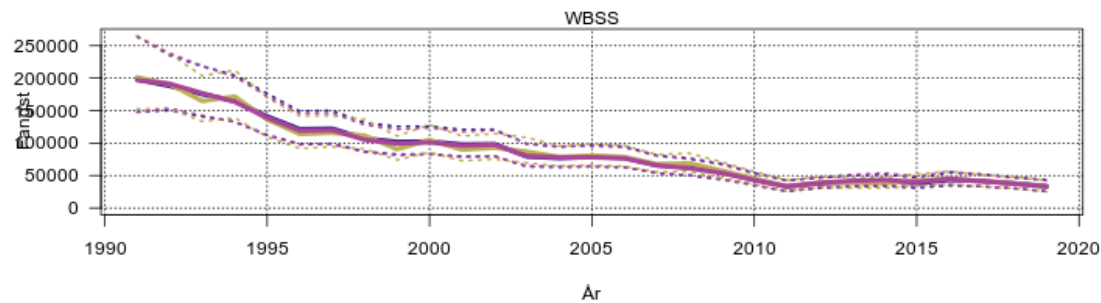
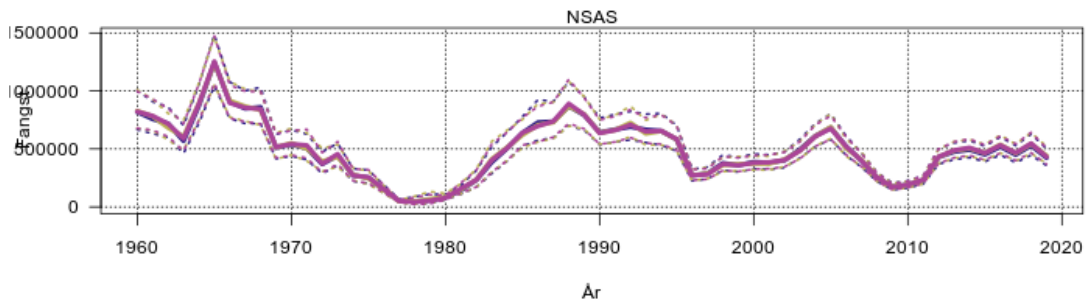
**Figur 3.2.2. Estimeret gydebiomasse for uafhængige modeller (blå), bedste konfiguration (gul) samt den bedste model med forklarende variable (lilla). 95%-konfidensinterval er angivet med stiplede linje i samme farve.**



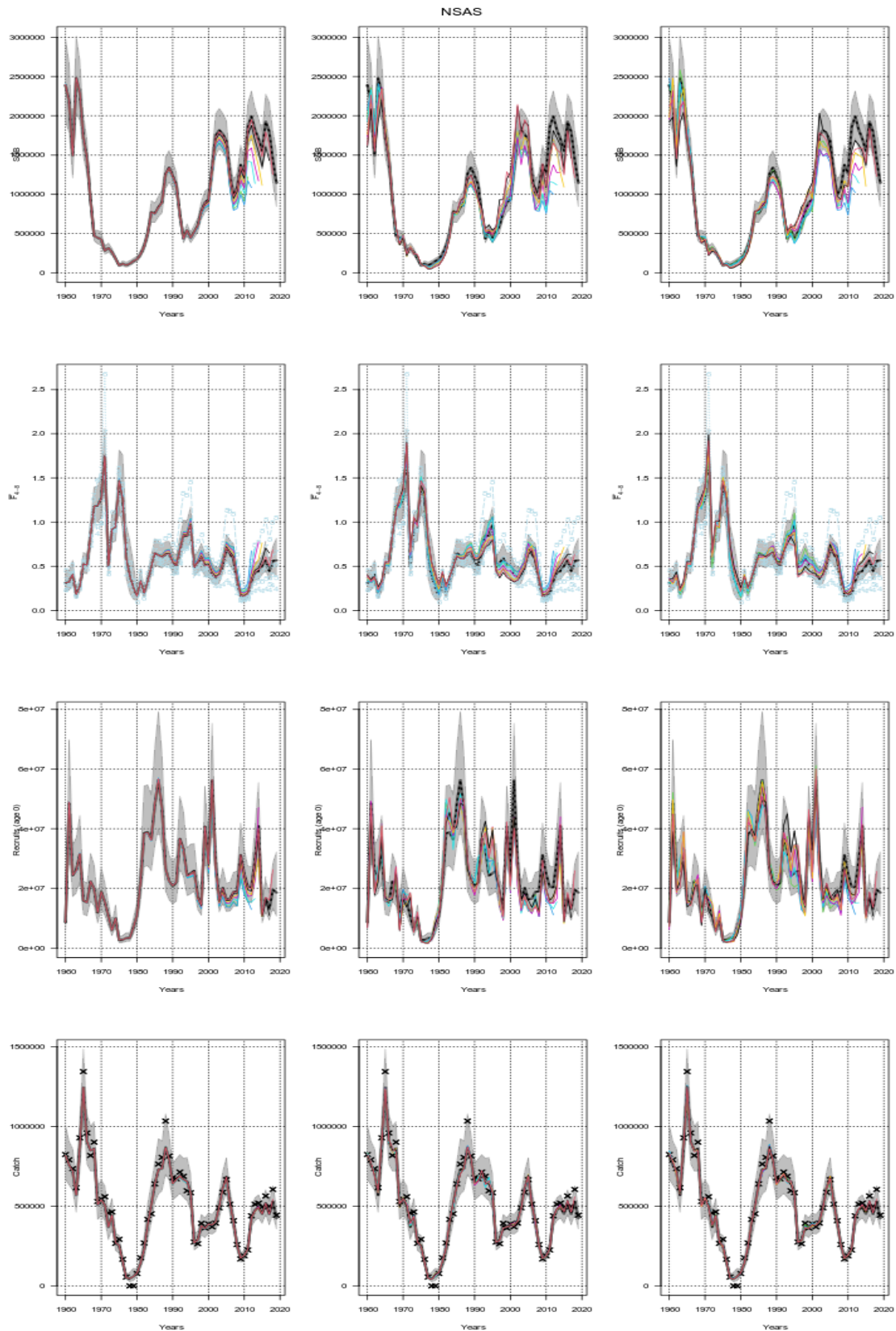
**Figur 3.2.3. Estimeret fiskeridødelighed for uafhængige modeller (blå), bedste konfiguration (gul) samt den bedste model med forklarende variable (lilla). 95%-konfidensinterval er angivet med stiplede linje i samme farve.**



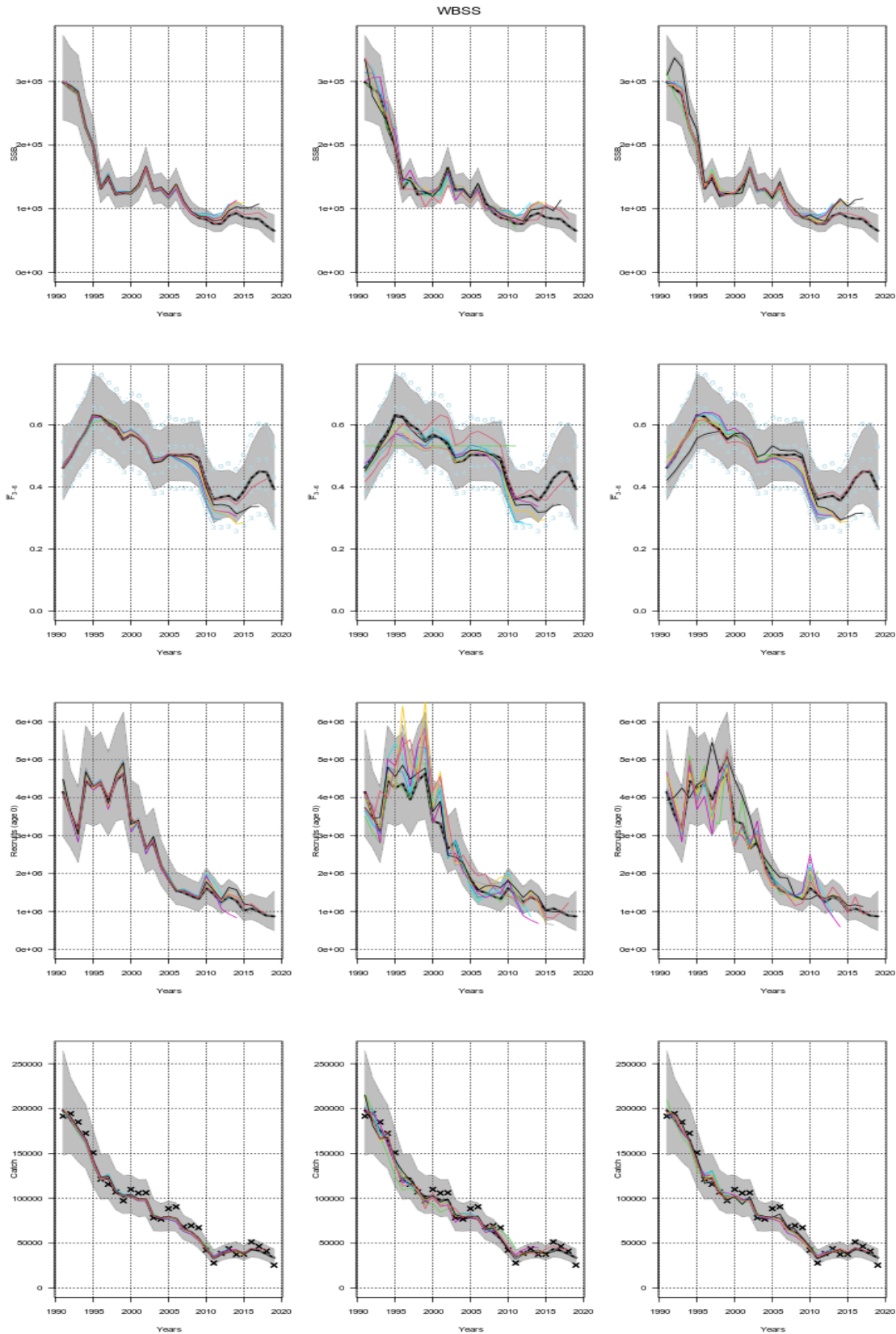
Figur 3.2.4. Estimeret rekruttering for uafhængige modeller (blå), bedste konfiguration (gul) samt den bedste model med forklarende variable (lilla). 95%-konfidensinterval er angivet med stiplede linje i samme farve.



Figur 3.2.5. Estimeret fangst for uafhængige modeller (blå), bedste konfiguration (gul) samt den bedste model med forklarende variable (lilla). 95%-konfidensinterval er angivet med stiplede linje i samme farve.



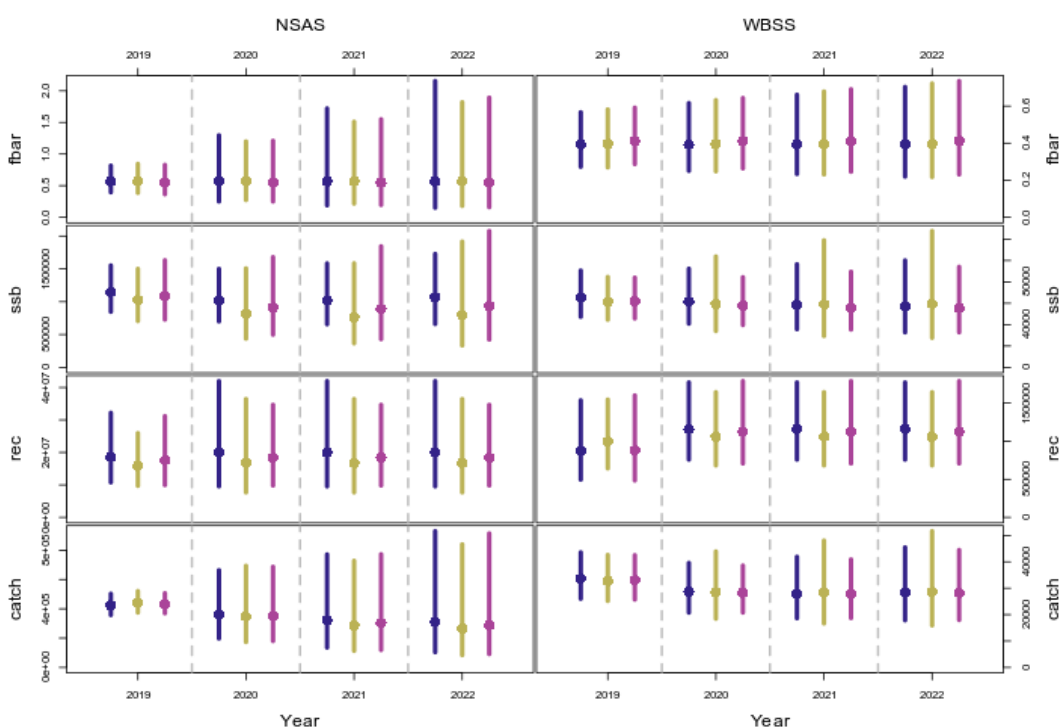
**Figur 3.2.6. Retrospektive mønstre for NSAS-sild for uafhængige modeller (venstre kolonne), den bedste konfiguration (midterste kolonne) samt den bedste model med forklarende variable (højre kolonne).**



Figur 3.2.7. Retrospektive mønstre for WBSS-sild for uafhængige modeller (venstre kolonne), den bedste konfiguration (midterste kolonne) samt den bedste model med forklarende variable (højre kolonne).

Endelig blev de tre modeller sammenlignet gennem fremskrivninger af bestandsudviklingen. To scenarier blev undersøgt. I det første fremskrives udviklingen ved at antage at status quo vedbliver for fiskeridødeligheden. I det andet scenarie fremskrives udviklingen ved et stop for fiskeri.

For fremskrivningerne optræder forskelle mellem modellerne. I scenariet, hvor fiskeriet ophører, stiger gydebiomassen - særligt for NSAS-sild - hurtigere i fremskrivningen for uafhængige modeller end for de to bedre modeller. Det må således antages, at fremskrivningen af gydebiomasse for de uafhængige modeller er for optimistisk. Derudover er der forskelle i konfidensintervallerne. Albertsen, Nielsen, and Thygesen (2017) har tidligere påvist, at modeller med korrelationer mellem bestande giver mere pålidelige konfidensintervaller.



Figur 3.2.8. Modelfremskrivning for scenariet, hvor fiskeridødeligheden antages at være uændret (med voksende usikkerhed) for uafhængige modeller (blå), bedste konfiguration (gul) samt den bedste model med forklarende variable (lilla). 95%-konfidensinterval er angivet med linjer.

### 3.3 Integrering af biologiske parametre i bestandsvurderingsmodellen (SAM)

Denne del af AP3 omhandler integrering af biologiske parametre i bestandsvurderingsmodellen (SAM). Denne generiske modeludvidelse blev i synergi med et andet EMFF projekt "Models and Statistical Tools for Management Strategy Evaluation (MSE)", mere specifikt WP4: "Fully predictable assessment models" og er nærmere beskrevet i Brooks et al. 2021. Modellen vil derfor kun blive kort beskrevet i det følgende, og fokus vil være på anvendelsen af modellen for vestlig Østersø-sild (WBSS) og sild i Nordsøen (NSAS).

## Modellen

Den nuværende SAM model som anvendes til bestandsvurdering af WBSS- og NSAS-sild antager at vægt ved alder i bestanden (stock weights, SW), vægt ved alder i fangsten (catch weights, CW), og modenhed ved alder (maturity ogive, MO) i den historiske periode alle er kendt uden fejl.

Dette kan til tider være en problematisk antagelse, da især SW og MO ofte kan være behæftet med betydelig usikkerhed. Udover den historiske periode, må antagelser omkring fremtidige værdier gøres for at kunne foretage modelfremskrivninger. Dette gøres som regel med et glidende gennemsnit på 10, 5 eller 3 år. I den ny-udviklede modeludvidelse behandles SW, CW og MO som data med målefejl. For at estimere målefejlen opstilles såkaldte proces-ligninger for hver af disse. Proces-ligningerne specificerer sandsynlighedsfordelingen af næste datapunkt i tidsserien givet den nuværende værdi, og giver således samtidig en objektiv metode til at fremskrive uden at yderligere antagelser (eksempelvis at et 10 års glidende gennemsnit giver en god forudsigelse af disse processer). 34 forskellige proces-modeller blev formuleret og modellernes evne til at prædiktere blev testet på 14 uafhængige datasæt ved brug af kryds-validering. Blandt de 34 modeller var et 5 års glidende gennemsnit, som bliver benyttet i mange nuværende modeller.

Den bedste blandt de testede modeller var en såkaldt Gaussian Markov Random Field (GMRF) proces med korrelation over kohorter og år. Denne model havde en root-mean-squared-error (et udtryk for prædiktionsfejl) der var ca. 20% mindre end et 5 års glidende gennemsnit, og må derfor anses for at være en betydelig forbedring. Ydermere har den nye model den fordel at den kan håndtere manglende observationer i den historiske periode, samt kvantificere måleusikkerheden på CW, SW og MO, og dermed give et mere retvisende billede på usikkerheden i bestandsvurderingerne (både i den historiske periode samt i fremskrivninger). Yderligere detaljer om modellen kan findes i Brooks et al. 2021.

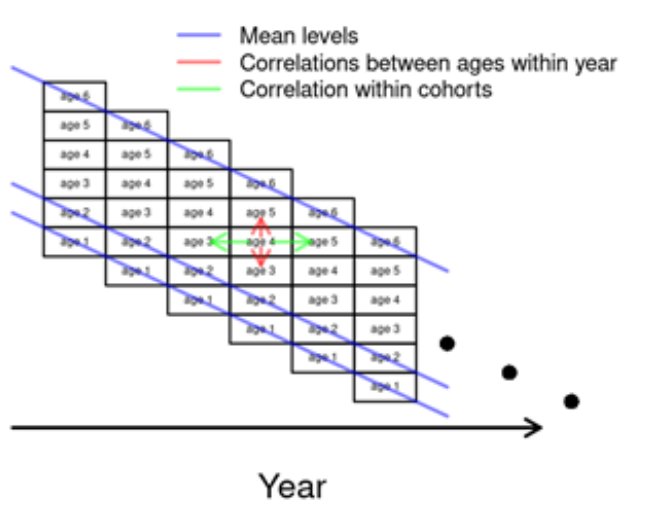
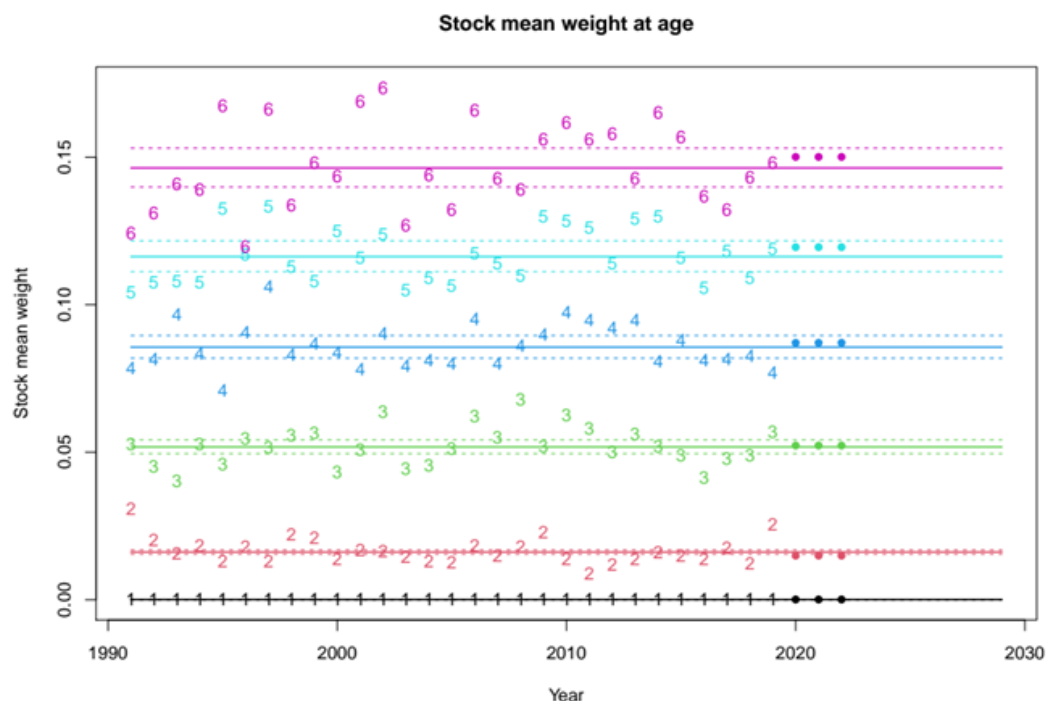


Illustration af korrelations-strukturen i den benyttede GMRF proces-model.

### Vestlig Østersø-sild (WBSS)

For WBSS er den nuværende antagelse i bestandsvurderingen, at modenhed ved alder er konstant over tid. Der er derfor ikke nogen grund til at anvende modellen for modenhed ved alder for denne bestand, eftersom modenheden holdes konstant i alle fremskrivnings-scenarier. For vægt ved alder kan modellen dog stadig benyttes, da disse ikke antages at være konstante. Der benyttes to typer af vægt ved alder i modellen: vægt ved alder i bestanden i begyndelsen af året (stock weights, SW) og vægt ved alder i fangsterne (catch weights, CW) som er et gennemsnit for hele året. SW benyttes til at udregne gydebiomassen (SSB), og CW benyttes til at udregne den totale fangstvægt. Både SW og CW er derfor vigtige parametre i fremskrivnings-scenarier, da de er med til at afgøre gydebiomassen samt den totale fangstvægt, som begge bruges til bestemmelse af kvoten i den videnskabelige rådgivning.

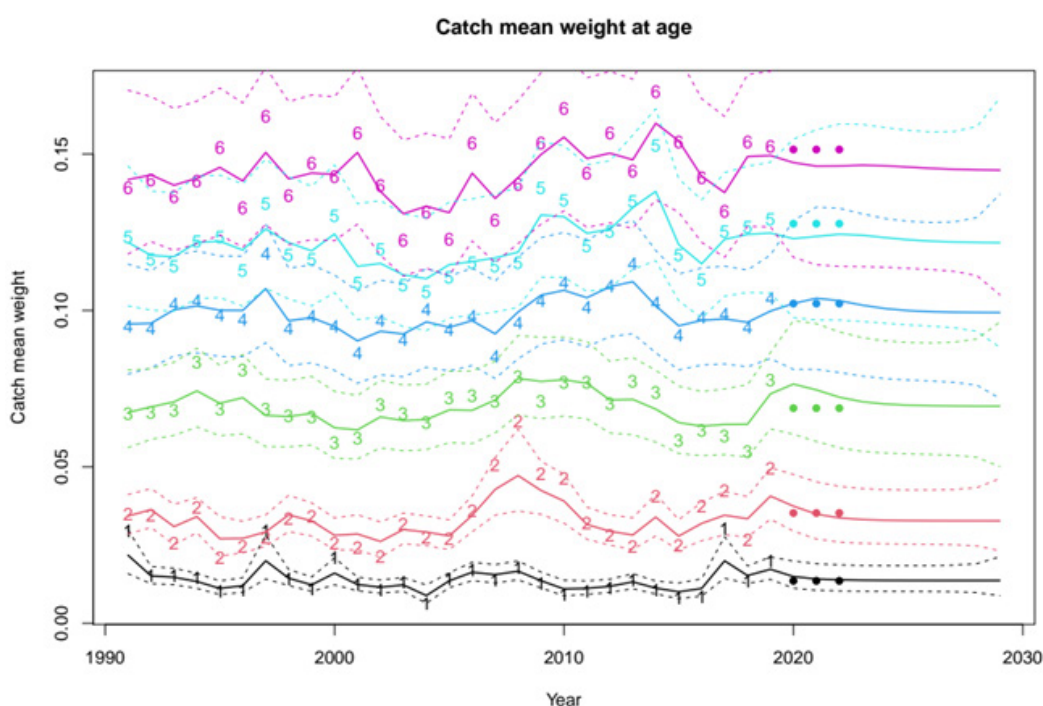
For SW kunne modellen ikke finde systematiske effekter af år eller kohorte i data, hvilket resulterede i at den bedste forudsigtelse af SW ifølge modellen fås ved at benytte en konstant værdi (gennemsnittet af alle datapunkter, se Figur 3.3.1). Dette resulterer i en meget lille forskel i forhold til den nuværende metode. Fordi der ikke kan findes nogle signifikante effekter af kohorte eller år, ligger visse parameter estimater på randen af det tilladte område, hvilket giver visse problemer i forhold til at bestemme præcise konfidensintervaller. Derfor blev det valgt ikke at benytte modellen til SW i de følgende analyser. Manglen på års- og især kohorte effekter kunne være en indikation af de benyttede data for SW indeholder betydelige mængder af tilfældig støj, hvilket kan skyldes små stikprøve-størrelser eller fordi stikprøverne indeholder andre typer sild end WBSS. Det anbefales derfor at datagrundlaget der benyttes til beregning af SW for WBSS sild bør gennemgås inden næste benchmark.



**Figur 3.3.1. WBSS stock weights (SW) ved alder 1-6. Tallene er observationer, linjer er modellens bedste fit og stiplede linjer viser konfidensintervaller. Prikkerne for 2020-2022 viser gennemsnittet af de sidste 10 års data svarende til den nuværende metode.**

I modsætning til resultaterne for SW, så var det muligt at finde systematiske effekter af år og kohorte for CW (se Figur 3.3.2). Forskellen mellem modellens forudsigelser for årene 2020-2022 og den nuværende metode er forholdsvis små, men den nye metode forudsiger en anelse højere CW for alder 3 i de kommende år end den nuværende metode. Dette kan tilskrives kohortesignalet fra alder 1 og 2 i de sidste to år af tidsserien, hvor data indikerer en anelse højere vægt ved alder end gennemsnittet.

For at evaluere hvilken forskel den nye metode vil have på totale fangstestimer er der foretaget fremskrivnings-scenarier under antagelse af konstant fiskeri-dødelighed både med den nuværende og den nye model (Tabel 3.3.1). Den nye metode giver anledning til en smule højere estimerede fangster (ca. 5%) end den nuværende metode, hvilket må tilskrives den førnævnte kohorte-effekt for alder 3.



**Figur 3.3.2. WBSS catch weights (CW) alder 1-6. Tallene er observationer, linjer er modellens bedste fit og stiplede linjer viser konfidensintervaller. Prikkerne for 2020-2022 viser gennemsnittet af de sidste 10 års data svarende til den nuværende metode.**

Det anbefales derfor at den nye model for CW bør erstatte den nuværende metode for WBSS, hvilket dog først kan ske ved næste benchmark.

**Tabel 3.3.1. WBSS forudsagt total fangst ved brug af nuværende og ny model ved fastholdt fiskeri-dødelighed**

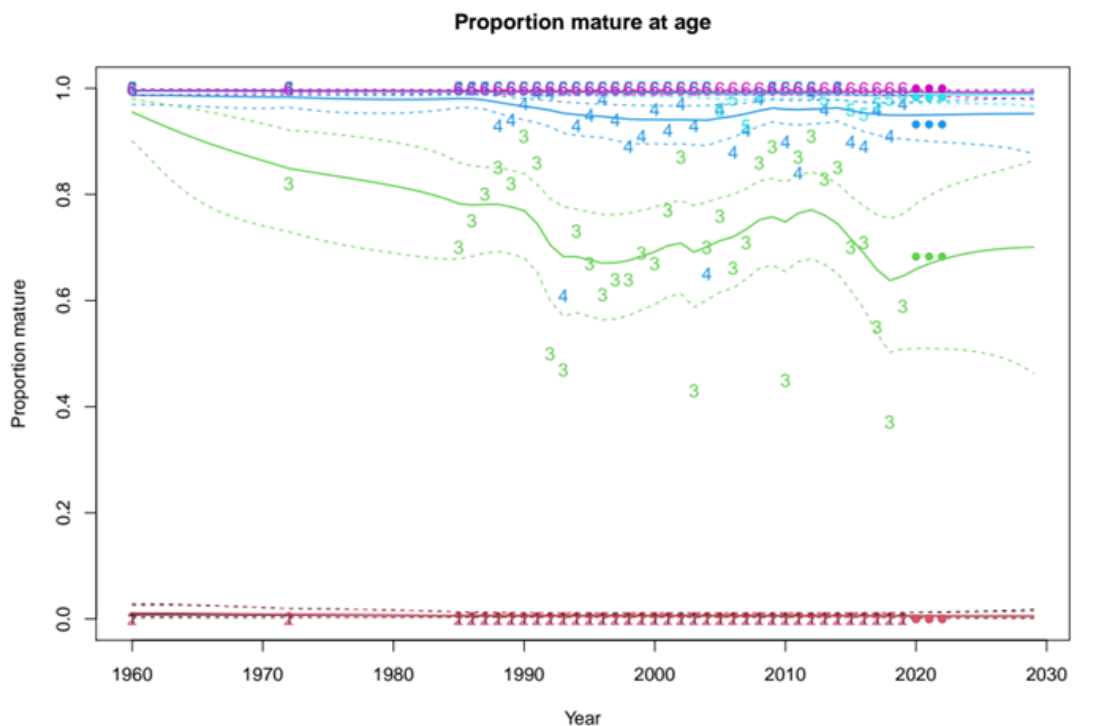
	2020	2021	2022
Nuværende metode	28779.00	27934.00	27887.00
Ny metode	30542.00	29910.00	28799.00
Forskel i procent	5.77	6.61	3.17



### Nordsøsil (NSAS)

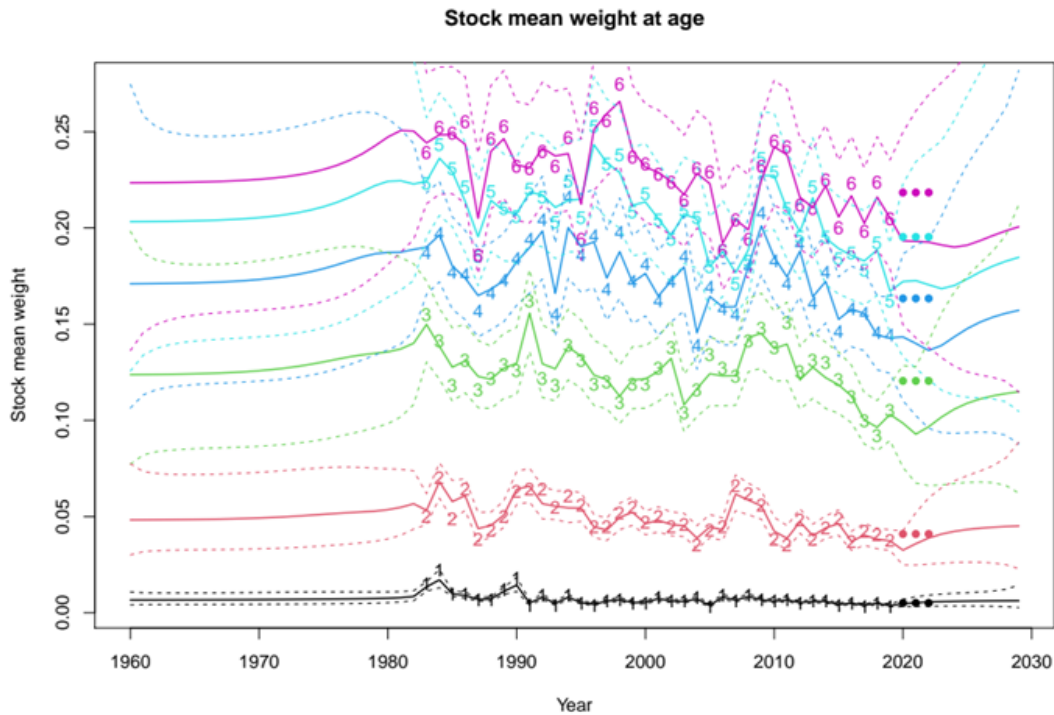
I modsætning til WBSS så benyttes der årligt varierende værdier for modenhed ved alder for NSAS og derfor kan den nye metode også benyttes for modenhed. I praksis er det dog kun ved alder 3 og 4 at der er betydelige udsving fra år til år i modenhed, da de yngre aldre altid er umodne og de ældre altid er 100% gydemodne. For alder 3 til 4 er der dog ganske betydelige udsving fra år til år (se Figur 3.3.3).

Modellen bedste estimat udviser dog betydeligt mindre udsving end de rå data, hvilket antyder at der er betydelig usikkerhed behæftet med de rå data. De fremskrevne værdier for 2020-2022 er dog forholdsvis ens, idet kohorte effekten er forholdsvis svag i forhold til støjniveauet. Det skal yderligere bemærkes, at der ikke forefindes årlige data for modenhed i perioden før 1995. I den nuværende model antages en konstant værdi for denne periode. I den nye model er denne antagelse ikke nødvendig, idet modellen selv kan de rekonstruere de manglende i den historiske periode. Her har vi valgt at benytte to datapunkter fra denne historiske periode (årene 1973 og 1960 er valgt) for at informere modellen om den gennemsnitlige værdi, men uden at antage at vi rent faktisk har årlige data fra denne periode.

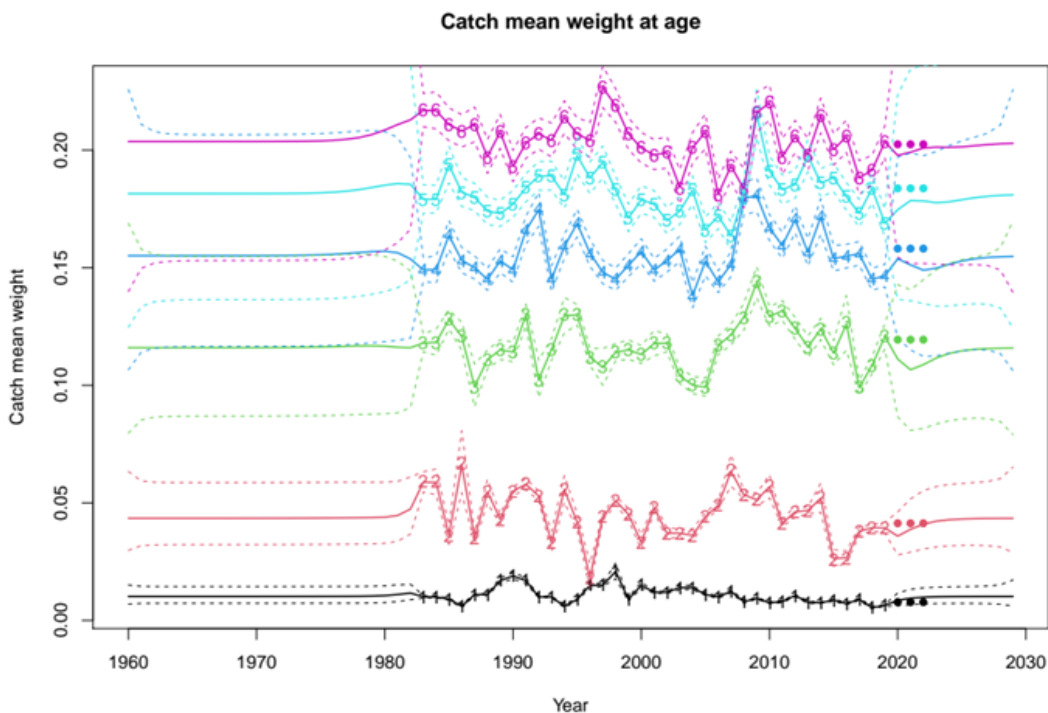


**Figur 3.3.3. NSAS-modenhed ved alder 1-6. Tallene er observationer, linjer er modellens bedste fit og stiplede linjer viser konfidensintervaller. Prikkerne for 2020-2022 viser gennemsnittet af de sidste 10 års data svarende til den nuværende metode.**

For vægt ved alder i bestanden (SW) ses en nedadgående trend i data i de sidste 10 år. Benyttes et 10-års glidende gennemsnit fås derfor betydeligt højere estimater i fremskrivningsperioden 2020-2022 sammenlignet med den nye metode (Figur 3.3.4). Bemærk også at der igen mangler årlige estimater for den historiske periode før 1983, men at disse kan estimeres ved hjælp af den nye metode, men at denne estimation selvfølgelig giver anledning til højere usikkerhed sammenlignet med perioden hvor der er årlige data.



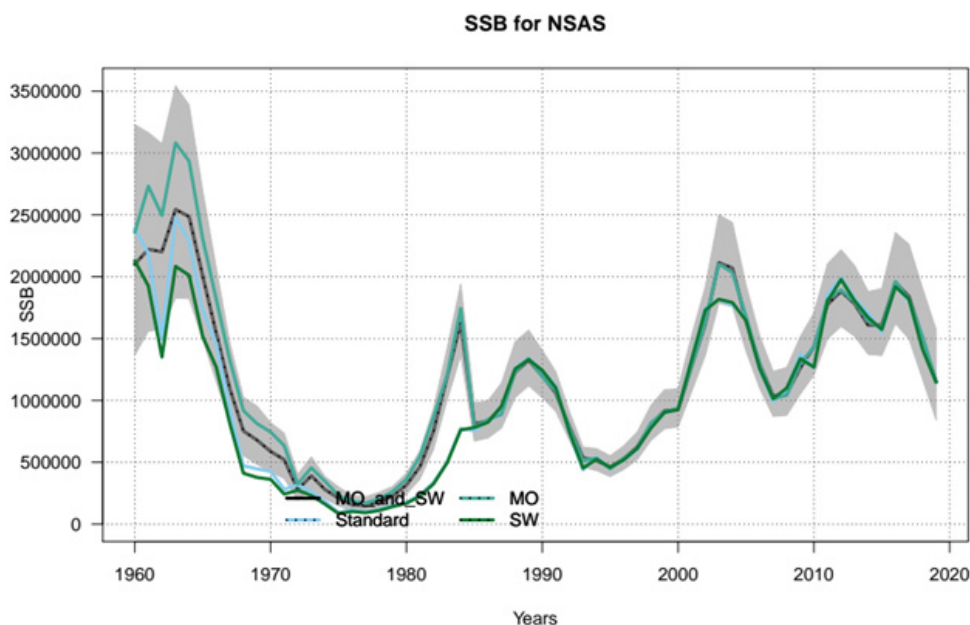
Figur 3.3.4. NSAS stock weights (SW) ved alder 1-6. Tallene er observationer, linjer er modellens bedste fit og stiplede linjer viser konfidensintervaller. Prikkerne for 2020-2022 viser gennemsnittet af de sidste 10 års data svarende til den nuværende metode.



Figur 3.3.5. NSAS catch weights (CW) ved alder 1-6. Tallene er observationer, linjer er modellens bedste fit og stiplede linjer viser konfidensintervaller. Prikkerne for 2020-2022 viser gennemsnittet af de sidste 10 års data svarende til den nuværende metode.

For CW ses et lignende mønster sammenlignet med SW - der er en faldende trend i de sidste 10 år, dog fra et niveau der var lidt højere end gennemsnittet over hele tidsserien. Det er også interessant at bemærke at CW lader til at indeholde betydeligt mindre støj end SW, hvilket vi også så for WBSS. Dette skyldes formentlig, at CW er baseret på en meget større stikprøvestørrelse.

Når de historiske værdier af vægt ved alder i bestanden (SW) og modenhed (MO) bliver rekonstrueret af modellen i stedet for at benytte et antaget gennemsnit fås væsentlig andre estimater af den historiske gydebiomasse (Figur 3.3.6). I figuren vises standard modellen sammenlignet med forskellige versioner af de nye modeller: en med ny model for MO, en der kun benytter den for SW, og en for begge dele. Det ses, at resultatet er mest følsomt for antagelserne omkring modenhed i perioden før 1983. Når modenhed antages konstant fås en væsentlig højere historisk gydebiomasse end hvis den nye model benyttes. Det skyldes at de antagede værdier før 1983 specielt for alder 3 er væsentlig højere end datapunkterne lige efter 1983, så den nye model estimerer en lavere andel modne 3-årige i perioden lige før 1983. Da støjen på SW estimeres som relativt lille i forhold til MO, følger modellen datapunkterne tættere, og forskellen i den historiske periode som følge af at bruge den nye model for SW er derfor meget mindre.



**Figur 3.3.6. Gydebiomasse for NSAS for tre versioner af den nye model (MO, SW, og MO\_and\_SW) samt standard-modellen.**

Til sidst sammenlignes fremskrivnings-scenarier for de 4 modeller under antagelse af at den nuværende fiskeridødelighed fastholdes. I tabel 3.3.2 ses den fremskrevne gydebiomasse. Som ventet giver standard metoden en højere biomasse når 10-års gennemsnit benyttes (standard) sammenlignet med SW modellen, grundet den førnævnte trend i disse data. Modsat giver standard modellen en anelse lavere gydebiomasse sammenlignet med MO modellen. Når både MO og SW modellen benyttes fås en anelse lavere estimater i 2020 og 2021, men en anelse højere i 2022. I tabel 3.3.3 ses den fremskrevne fangst (som kun afhænger af CW modellen når fiskeridødeligheden antages at være status quo). Forskellen ses at være forholdsvis lille, med en anelse mindre værdier for 2020 og 2021 med de ny metode, og en anelse højere i 2022.

**Tabel 3.3.2. NSAS fremskrevet gydebiomasse ved brug af nuværende og ny model ved fastholdt fiskeridødelighed. Gydebiomassen i er skaleret til at have værdien 1 i 2020 for standard metoden for nemmere sammenligning.**

	Metode	2020	2021	2022
1	Standard	1.00	0.99	1.04
2	SW	0.92	0.89	1.00
3	MO	1.02	1.02	1.08
4	SW-MO	0.95	0.92	1.05

**Tabel 3.3.3. NSAS fremskrevet fangst ved brug af nuværende og ny model ved fastholdt fiskeridødelighed**

		2020	2021	2022
1	Standard	361559	322599	310336
2	Ny	356310	311665	319440
3	Forskel i procent	-1.45	-3.39	2.93

På baggrund af disse analyser kan det anbefales, at NSAS-bestandsvurderingen skifter til den i projektet udviklede nye model for alle de biologiske parametre ved det næste benchmark. På trods af de begrænsede forskelle i fremskrevet fangst og gydebiomasse i de undersøgte scenarier, må den nye model betragtes som mere præcis og give et bedre estimat af usikkerheden både i den historiske periode og ved fremskrivninger.

### 3.4 Litteratur

Albertsen, C. M., H. Mosegaard, and A. Nielsen. 2019. "Bestandsvurdering Og Forvaltning Af forbundne Bestande." DTU Aqua Report 347-2019. Kgs. Lyngby, Denmark: Institut for Akvatiske Ressourcer.

Albertsen, C. M., A. Nielsen, and U. H. Thygesen. 2017. "Choosing the Observational Likelihood in State-Space Stock Assessment Models." *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 74 (5): 779–89. <https://doi.org/10.1139/cjfas-2015-0532>

Brooks, M., Mildenerger, T. K., and Nielsen, A. 2021. MSE Tools – Models and statistical tools for management strategy evaluation. DTU Aqua Report no. 384-2021

Nielsen, Anders, and Casper W. Berg. 2014. "Estimation of Time-Varying Selectivity in Stock Assessments Using State-Space Models." *Fisheries Research* 158: 96–101. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2014.01.014>

## 4. Analyse af forvaltningsstrategier - AP4

### Baggrund

Formålet med AP4 er at udvikle software til forvaltningsplansanalyse (MSE), der udnytter den forbedrede data og biologiske viden fra AP1, AP2 samt de ny-udviklede bestandsvurderingsværktøjer fra AP3. MSE har som hovedformål at kvantificere risiko for at bestandene falder under den kritiske gydebiomasse fastsat ved det såkaldte  $B_{lim}$  reference-punkt, samt at kvantificere de forventede fangster under forskellige forvaltningsregler. MSE kvantificerer desuden variabiliteten i den kvote som forvaltnings-strategien medfører. En god forvaltnings-strategi skal altså sikre at fiskeriet er bæredygtigt, samtidig med at den sikrer en optimal udnyttelse af bestanden uden for store udsving i rådgivningen.

Vestlig Østersø-sild (WBSS) vurderes i øjeblikket til at have en lav gydebiomasse (under  $B_{lim}$ ) hvilket har medført nul-kvote rådgivning i de seneste år. Derfor er det specielt relevant at undersøge muligheden for genopbygning af WBSS-bestanden under forskellige forvaltningsregler, herunder regler der tillader et begrænset fiskeri på WBSS i stedet for nul-kvote rådgivning. Desuden var der ønske fra erhvervet om at undersøge samlede forvaltningsstrategier for sild og brisling i Nordsøen, med henblik på at opnå højere fleksibilitet af silde- bifangstloftet i Nordsøens brislingefiskeri.

### 4.1 Analyse af forvaltningsstrategier

#### Dansk resumé

Den vestlige Østersø-sild (WBSS) har siden 2019 været vurderet til at have en biomasse under det såkaldte " $B_{lim}$ " reference-punkt, hvilket har medført nul-kvote rådgivning fra ICES. Nul kvote er nærmest umuligt at gennemføre i praksis grundet den komplekse blanding af flåder og forskellige silde-bestande der findes i området, og den aftalte kvote har heller ikke været nul på trods af rådgivningen.

Den udviklede multiflåde model fra AP3 blev videreudviklet i AP4 for at muliggøre analyse af forvaltningsstrategier (MSE). Det samme blev gjort for enkelt-flåde modellen for at muliggøre lignende analyser for andre bestande. Udviklingen består i af medtage effekten af såkaldte "harvest control rules" (HCR) i fremskrivningerne, samt at muliggøre flere forskellige antagelser vedrørende kommende rekruttering til bestanden. I samarbejde med en repræsentant fra fiskeindustrien blev 5 forskellige HCRs opstillet og det nye værktøj blev anvendt til at analysere mulig genopbygning af den vestlige Østersø-sild. I alt blev 51 forskellige scenarier undersøgt, som bestod af forskellige kombinationer af HCRs, rekrutteringsantagelser samt fiskeri-tryk.

Analysen viste, at de nuværende referencepunkter ikke er i linje med den seneste lave rekruttering observeret for WBSS. Såfremt den nuværende lave rekruttering fortsætter er genopbygning af bestanden tvivlsom, især når den videnskabelige rådgivning ikke efterfølges.

Sandsynligheden for genopbygning kan øges ved at sænke at etablere et mindre optimistisk estimat af  $F_{MSY}$  som baseret på mindre optimistiske antagelser omkring rekruttering. Analysen viste dog også, at alternative HCRs som ikke medfører nul-kvote rådgivning når bestanden er

lav, men blot sænker fiskeri-dødeligheden lineært med gydebiosmassen, og dermed altid tillader et begrænset fiskeri, giver lignende risiko og kumulative fangster i 2025 sammenlignet med den HCR der benyttes af ICES til den nuværende rådgivning.

Følgende afsnit (s. 68-73) er på engelsk

## Background

Western Baltic spring-spawning (WBSS) herring has been estimated below  $B_{lim}$  and recommended a zero catch by ICES since 2019 (ICES, 2018a, 2019a). However, this advice has never been implemented into management. The response from managers was to reduce the TACs by 42% from 2018 to 2019 (EU, 2017, 2018) and by 13% from 2019 to 2020, resulting in a TAC in ICES Subdivisions 20-24 for 2020 of 34337 tonnes. WBSS herring is taken as bycatch in the industrial sprat fishery in ICES Division 3.a as well as in mixed stock catches in ICES Divisions 3.a and 4.a East (ICES, 2019b). A zero catch would mean closing the Norwegian herring fishery in the eastern North Sea and industrial fisheries operating in 3.a, and this can explain why it was never applied by managers. It is therefore necessary to investigate management strategies on this stock that will allow rebuilding of the stock and insure fishers' livelihood.

## Methods

### *Development of a general stochastic forecast with HCR in the SAM package*

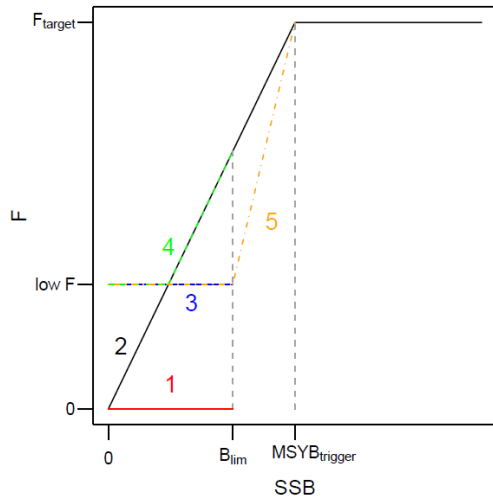
We developed the forecast function in the SAM package (Nielsen and Berg, 2014) to enable the outcome of harvest control rules (HCRs) to be implemented in the assessment projections for both the single and multi-fleet versions of the package. The source code can be found at <https://github.com/vtrijoulet/SAM/tree/master2> for the single fleet version and at <https://github.com/vtrijoulet/SAM/tree/multi2> for the multi-fleet version. WBSS herring is now assessed using the multifleet version of SAM developed in the work-package 3 so it is the multifleet forecast version that is used in the current study.

The stochastic forecast was developed as a generalized software so it can be used for any species by setting the assumptions before running the forecast. For instance, the number of years for the forecast, the recruitment assumption, the HCR and the reference points are specified first and then the forecast is run given the chosen assumptions.

The HCRs were defined following discussion with a stakeholder representative and differed in how the average fishing mortality ( $\bar{F}$ ) varied when SSB was below  $MSY B_{trigger}$  as illustrated in Figure 4.1.1. HCR 1 corresponds to the ICES MSY approach (when the stock cannot rebuild in the short-term), where there is no fishing when SSB is below  $B_{lim}$ . For HCR 2,  $\bar{F}$  decreases linearly from the targeted fishing mortality ( $F_{target}$ ) at  $MSY B_{trigger}$  to 0 when SSB = 0. HCR 3 is an option where  $\bar{F}$  is reduced to a specified low value when SSB is below  $B_{lim}$ . HCR 4 is similar to HCR 2 but  $\bar{F}$  is fixed to this low level for low values of SSB. Finally, HCR 5 is the case where  $\bar{F}$  is reduced to a constant low level when SSB is below  $B_{lim}$  and increases linearly to  $F_{target}$  when SSB increases from  $B_{lim}$  to  $MSY B_{trigger}$ .

### *Management strategies analysis for WBSS herring*

Three contrasting recruitment assumptions were simulated in the study to investigate the robustness of the HCRs:



**Figure 4.1.1. Harvest control rules (HCRs) developed in the stochastic forecast. Five HCRs can be chosen from (1-5) for any given set of reference points ( $F_{target}$ ,  $B_{lim}$  and  $MSY B_{trigger}$ ) and  $lowF$  level.**

- Recruitment is randomly sampled with replacement from the assessment model recruitment estimates in specified assessment years: this is the most commonly used assumption in short-term forecasts used for scientific advice. For instance, if recruitment is sampled in the final assessment years, this is equivalent to assuming recruitment stays at current levels.
- Hockey-stick stock recruitment relationship: recruitment varies with spawning stock biomass (SSB) following a segmented regression (hockey-stick) relationship (Barrowman and Myers, 2000). The parameters of the stock-recruitment relationship are estimated using the assessment model estimated pairs of SSB and recruitment in specified years. The standard deviation of the recruitment residuals was used to inform random errors around the recruitment estimates resulting from the hockey-stick relationship. This recruitment assumption is what resembles the most the assumption taken when estimating the MSY reference points for ICES fish stocks.
- Random walk with negative drift: log recruitment follows a random walk that decreases over time given a specific proportion of the variance estimated for recruitment in the assessment model (if random walk was assumed in the assessment model). Median recruitment decreases over time from the last year of assessment but the variance of log recruitment increases linearly with time whereas the first two recruitment assumptions have constant variance. It is important to note that while a random walk model is adequate for short-term forecasts, recruitment variations under this assumption could increase with time to unrealistic high values so it may not be realistic for longer forecasts.

**Table 4.1.1. Reference points and lowF values used to parameterize the HCRs for WBSS herring.**

Reference point	Value	Reference
$MSY B_{trigger}$ (t)	150000	ICES (2018b, 2019a)
$B_{lim}$ (t)	120000	
	$F_{MSY} = 0.31$	
$F_{target}$ ( $y^{-1}$ )	$F_{lower} = 0.216$	European Commission (2018); ICES (2019a)
	$F_{upper} = 0.379$	
$lowF$ ( $y^{-1}$ )	0.1	

Reference points and reduced fishing mortality value used to parameterize the HCRs are summarized in Table 4.1.1. Three  $F_{target}$  levels were considered for the forecasts.  $F_{MSY}$  is commonly used in management advice and is notably the current  $F_{target}$  in the MSY approach used for management of WBSS herring. It was therefore chosen as main  $F_{target}$  in the study. We also investigated the effect of reducing or increasing the  $F_{target}$  to reflect its uncertainty or even a change in future  $F_{MSY}$ . We used two other  $F_{target}$  levels defined as the EU Baltic Sea Multiannual Plan 2018 lower and upper reference points ( $F_{lower}$  and  $F_{upper}$ ).

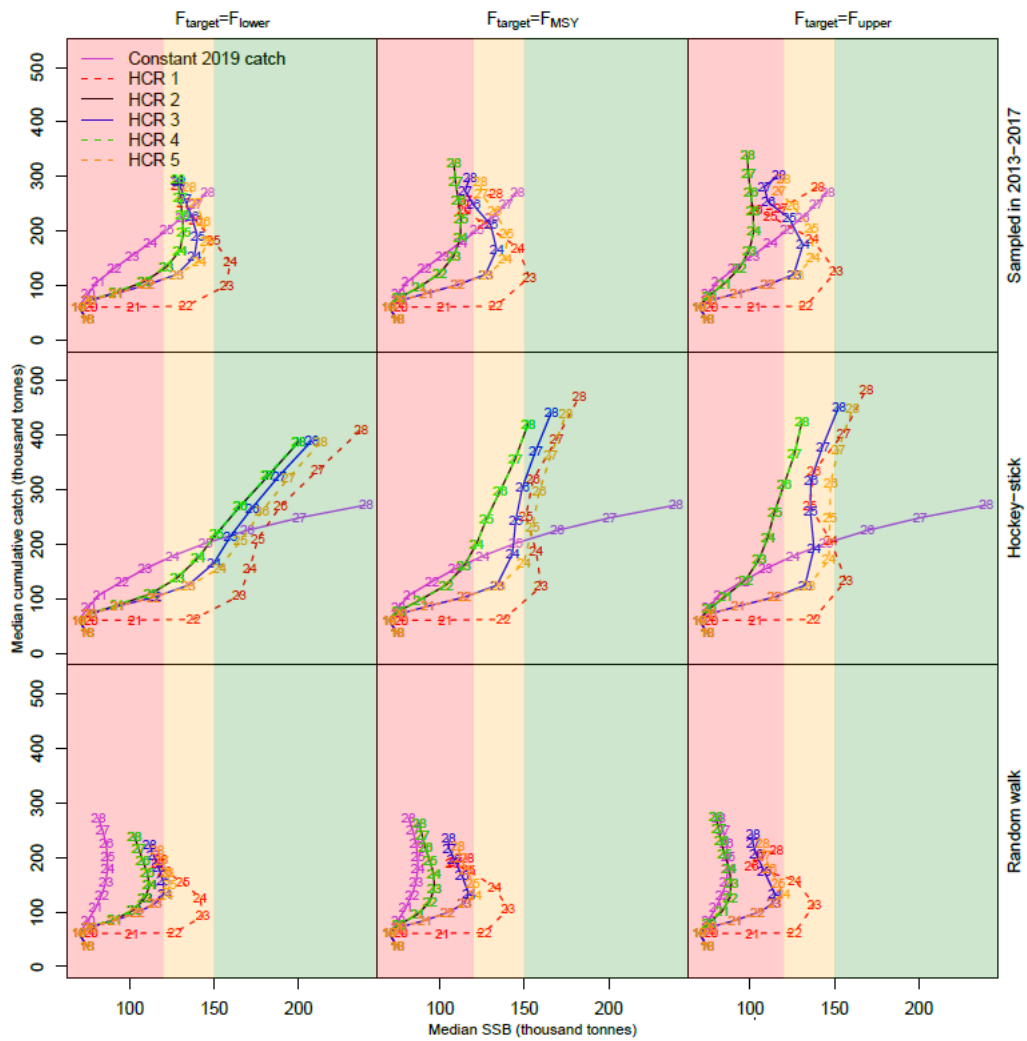
In this study, a total of 51 simulation trials (STs) were considered. Two base cases are considered for each of the 3 recruitment options (so 6 STs): one where no fishing occurs for all forecast years after the intermediate year (option “F = 0”), and another where the catch by fleet in 2019 is kept constant for all remaining years (option “constant 2019 catch”). The other 45 STs were comprised of the 3 recruitment options, the 3 different values of target fishing mortality ( $F_{target}$ ) and the 5 HCRs. 3.

## Results

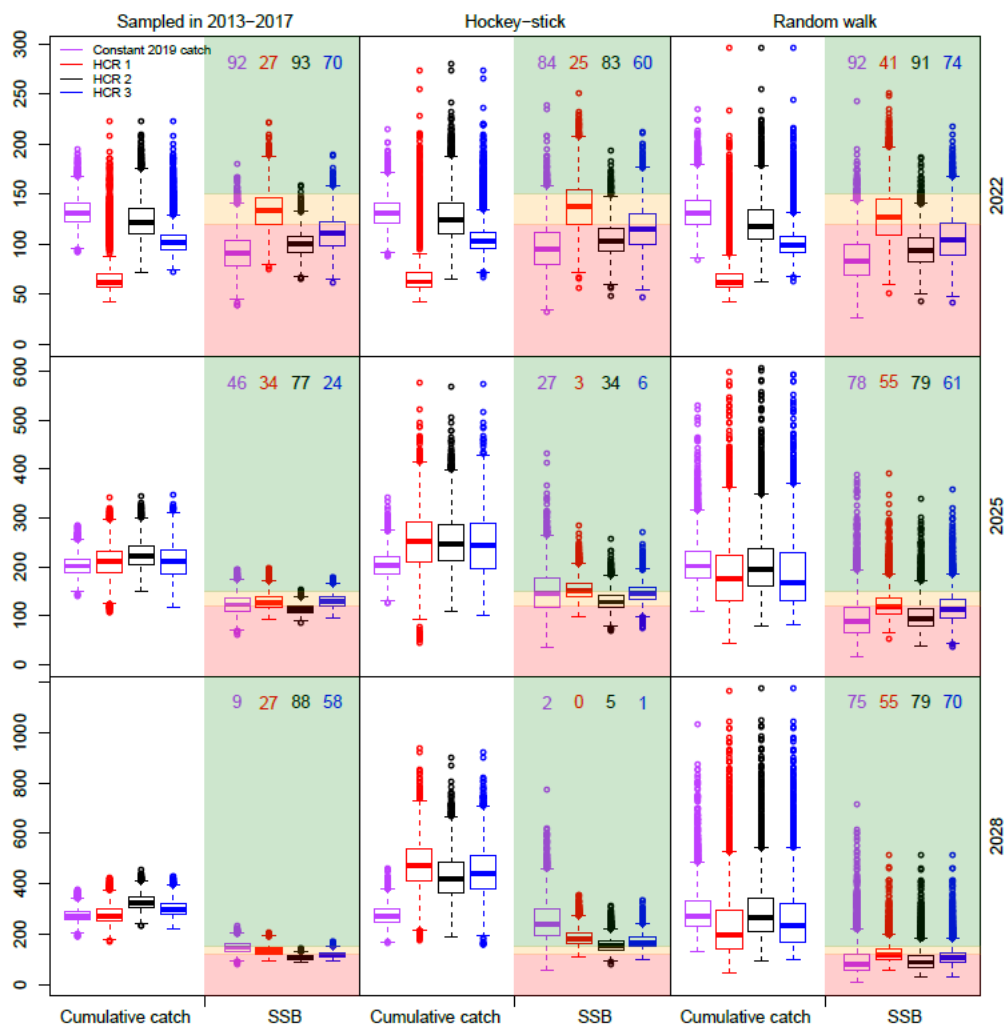
Figure 4.1.2 summarizes the change in WBSS herring median cumulative catch against median SSB in the forecast years for all STs except F = 0. It is clear that median recovery between  $B_{lim}$  and MSY  $B_{trigger}$  (yellow zone) or above MSY  $B_{trigger}$  (green zone) is difficult for herring when median recruitment stayed at current low levels (sampled in 2013-2017) or decreased (random walk with negative drift). Overall, all the HCRs resulted in similar level of cumulative catch by the end of the forecast period but the path to get there and the final median SSB differed between HCRs.

Similar results including variation in replicates are presented in Figure 4.1.3 for  $F_{target} = F_{MSY}$ , current  $F_{target}$  used in ICES, and for three different time frames (short-term 2022, early medium-term 2025 and late medium-term 2028). Overall, for herring, it was difficult to get to a probability of SSB falling below  $B_{lim}$  of less than 5%, except in 2028 when recruitment was assumed to increase when SSB increases (hockey-stick). In the medium-term (2025 and 2028), HCR 1 and HCR 3 resulted in similar cumulative catch, SSB and risk on the stock but HCR 3 allowed for fishing at low level below  $B_{lim}$  while HCR 1 assumed fishery closure below  $B_{lim}$ . HCR 1 was overall more variable than the other STs, due to larger differences in  $F^-$  between replicates.





**Figure 4.1.2. WBSS herring median cumulative catch against median SSB in the forecast period. The numbers correspond to the forecast years (2019-2028). The red zone is when  $SSB < B_{lim}$ , the yellow zone is when  $B_{lim} \leq SSB \leq MSY B_{trigger}$ , the green zone is when  $SSB > MSY B_{trigger}$ .**



**Figure 4.1.3. Boxplot of WBSS herring cumulative catch and SSB (thousand tonnes) from the 5000 replicates when  $F_{target} = F_{MSY}$  for different time frames (2022, 2025 and 2028) and for 4 chosen STs. The numbers are the probability of SSB falling below  $B_{lim}$  in percent for the corresponding ST. The red zone is when  $SSB < B_{lim}$ , the yellow zone is when  $B_{lim} \leq SSB \leq MSY B_{trigger}$ , the green zone is when  $SSB > MSY B_{trigger}$ .**

## Conclusions

WBSS herring recovery is compromised with the current reference points used in ICES since while rebuilding above  $B_{lim}$  was possible for the two most pessimistic recruitment assumptions (sampled in 2013-2017 and random walk with negative drift), it was not stable until the end of the forecast period. This oscillating pattern around  $B_{lim}$  is due to the fact that the  $F_{target}$  and  $B_{lim}$  values are inconsistent with the current recruitment regime. On the contrary, when recruitment was assumed to follow a hockey-stick stock-recruitment relationship, herring could rebuild in the medium-term. This is because the hockey-stick recruitment assumption is more in line with the assumptions taken when estimating the reference points used in the HCRs. Using pessimistic recruitment regimes for scientific advice compared to regimes used for reference point estimation could result in an impossibility to reach biomass reference points. Reference points should therefore be in accordance with current recruitment regimes if they are to be used for practical management advice.

The risk on WBSS herring, measured as the probability of falling below  $B_{lim}$ , was only below 5% at the end of the forecast period when an optimistic recruitment (hockey-stick) was assumed (Figure 4.1.3). For the other two recruitment regimes, even if SSB could increase in the short-term, probability of falling below  $B_{lim}$  was high and even low values of  $F_{target}$  only allowed the probability to decrease to between 20 and 50%. When probability decreased, it often oscillated back to larger values after a few years, reducing the probability of stable recovery for the stock to the end of the forecast. With the current reference point estimates, it seems therefore difficult, if not impossible, to reduce the risk on herring if recruitment does not improve in the future.

It is difficult but necessary to find a balance between HCRs that ensure both stock sustainability and maintaining fishers' livelihood in the short-term. In this study, we show that, HCRs 1 and 3 resulted in similar median cumulative catch and risk on WBSS herring in the medium-term (Figure 4.1.3) but HCR 1 closed the fishery for 3 consecutive years whereas HCR 3 allowed for a low  $\bar{F}$  for 4 consecutive years. It is therefore possible to keep fishing in the short-term for the same trade-offs in the medium-term. A lower  $F_{target}$  ( $F_{lower}$ ) also improved the probability of rebuilding for often little concession in median cumulative catch.

#### **Other relevant work that the project contributed to and perspectives**

The work done in the work-package 4 was presented at the HAWG assessment meeting in 2019 (ICES, 2019b) and initiated the organization of a one-week ICES rebuilding plan workshop in 2020 that was co-chaired by Vanessa Trijoulet (ICES, 2020).

A manuscript including the full details of the work done in this work-package work was written and is attached in the Annex. It includes management strategies evaluation for WBSS herring and for North Sea cod.

The SAM HCR forecast developed here was also used in the recent proposal for rebuilding plan for western horse mackerel (Pastoors et al., 2020). Further work on development of a rebuilding plan for WBSS herring is expected in the near future.

## **4.2 Samlet forvaltningsplansanalyse af sild og brisling**

I forvaltningsstrategien for sild i Nordsøen er fiskeridødeligheden for juvenile sild i aldersgruppen 0-1 vr sat til et valgt lavt niveau uden specifik hensyn til at langt hovedparten af disse sild tages som bifangst i et andet fiskeri efter brisling. Tilbagevendende analyser af forvaltningsstrategien (WKNSMSE) har kun i ringe grad fokuseret på problemet. I projektet blev mulighederne for en samlet forvaltningsplansanalyse for sild og brisling vurderet, med henblik på basis for en mere fleksibel kvotesætning for sildebifangst i Nordsøens brislingefiskeri som afspejler hensynet til såvel det målrettede brislingeindustrifiskeri som konsumfiskeriet efter sild.

En samlet forvaltningsplansanalyse af silde- og brislingefiskeri i Nordsøen og Kattegat-Skagerrak med sæsonvarierende proportioner af juvenil sild i bifangst-fiskeriet viste sig ikke umiddelbart mulig med det forhåndenværende datagrundlag, samt med de nuværende modeller for bestandsvurdering. Dette blev blandt andet belyst i arbejdsplanen 1, hvor det konstateredes, at der var manglende registreringer af bifangst i årene 2001-2011 i databasen, og at de registreringer der fandtes i perioden indikerede ingen bifangst, hvilket ikke synes realistisk sammenlignet med

tallene fra de andre perioder i tidsserien. På det modelmæssige område kræves væsentlig videreudvikling af de eksisterende værktøjer til både simulation og estimering af fler-flåde, fler-arts, sæson-opløste, og rumligt eksplicitte modeller.

Den nuværende model, der benyttes til bestandsvurdering af brisling, er den såkaldte SMS model. SMS modellen er en sæson-opløst fler-arts model, men indeholder ikke mulighed for fler-flåde eller rumligt eksplicitte analyser. For sild benyttes derimod SAM modellen, som i dette projekt blev udvidet fra en enkelt-flåde tilgang til en fler-flåde tilgang. SAM modellen er dog ikke en fler-arts model, ikke rumligt eksplicit, og har en årlig tidslig opløsning hvilket ikke muliggør sæson-specifikke estimater. Begge modeller mangler altså den rumlige komponent, der er nødvendig for at gå i dybden med specifikke forvaltningsmæssige tiltag i Kattegat-Skagerrak delområdet.

En flåde-specifik tilgang (hvor flåder repræsenterer områder) kunne være et muligt simplere alternativ til en rumlig eksplicit model. Dette vil dog stadig kræve væsentlige udvidelser til enten SMS eller SAM modellen eller begge, da ingen af disse indeholder alle de nødvendige komponenter (sæson opløsning, flere arter, samt flere flåder). Selv hvis modellerne indeholdt de førnævnte komponenter, kræves yderligere forbedringer af datagrundlaget i forhold til det eksisterende (udover de førnævnte problemer med bifangst-registrering). Da den nuværende bestandsvurdering af brisling ikke er flåde-specifikt, er de nødvendige flåde-specifikke tidsserier af fangster for brisling ikke tilgængelige. På samme måde er internationale sæson-specifikke fangster ikke tilgængelige for sild, idet den nuværende model benytter årlige fangster.

Rumligt og/eller sæsonopdelte og flådeopdelte tidsserier af fangster for både sild og brisling vil kræve et internationalt data call fra ICES, og sådanne opdelte tidsserier er typisk slet ikke tilgængelige fra alle lande for hele dataperioden. Dette arbejdes der dog internationalt med at løse gennem den sk RDBES (se afsnit 1.1.). Såfremt de nødvendige data kan oparbejdes og gøres tilgængelige for den sidste del af tidsserien, vil analysen som nævnt stadig kræve, at der etableres nye modeller for både sild og brisling i forhold til de nuværende benyttede modeller. En forvaltningsplansanalyse udført med andre modeller, end dem rent faktisk benyttes til bestandsvurderingen, vil næppe blive accepteret til brug i forvaltningen.

Endelig bør det nævnes, at en forvaltningsplansanalyse hvor flere arter indgår, kræver at der gøres en afvejning mellem vigtigheden af gode muligheder for brislingefiskeri og gode muligheder for silde-fiskeri. Forvaltningsplansanalyser kvantificerer risikoen for lav gydebiomasse samt de forventede fangster i tons på længere sigt (MSY-princippet) under forskellige forvaltningsmetoder. MSY-princippet kan derfor ikke umiddelbart overføres til analyser af flere bestande samlet, det da de forventede fangster eksempelvis kan være lavere for sild, men højere for brisling under en given forvaltningsmetode, eller omvendt.

Hvis sådanne flerarts forvaltningsanalyser skal kunne foretages, kræves altså en mere nøjagtig specifikation af hvilke forvaltningsmål der skal undersøges, f.eks. formuleret som ændrede eller re-allokerede kvoter imellem flåder på årlig basis. Dette kan dog have sine politiske vanskeligheder at gennemføre da forskellige lande og deres interessenter ofte har forskellig interesse i de forskellige fiskerier/flåder.

Sæson-specifikke forvaltningsmetoder kunne også være mulige at analysere, men igen kræves præcis specifikation af, hvilke scenarier der skal undersøges, og om de er praktisk mulige at implementere. Som nævnt kræves altså en afvejning af vigtigheden af sildefiskeriet imod vigtigheden af brislingfiskeriet, samt vigtigheden af industrifiskeri imod konsum-fiskeri.

Den i projektet ny-udviklede flerflåde-tilgang i SAM er dog et vigtigt skridt i retningen mod at kunne foretage mere avancerede forvaltningsplansanalyser. Det samme gælder det forbedrede datagrundlag for sild i form af det nye heldækkende surveyindeks samt de forbedrede metoder til bestands-identifikation og den forbedrede biologiske viden omkring del-komponenternes dynamik og udbredelse.

### 4.3 Litteratur

Barrowman, N.J., Myers, R.A., 2000. Still more spawner-recruitment curves: the hockey stick and its generalizations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 57, 665–676. doi:10.1139/f99-282.

EU, 2017. Council Regulation (EU) 2017/1970 of 27 October 2017 fixing for 2018 the fishing opportunities for certain fish stocks and groups of fish stocks applicable in the Baltic Sea and amending Regulation (EU) 2017/127. *Official Journal of the European Union* URL: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX:32017R1970>.

EU, 2018. Council Regulation (EU) 2018/120 of 23 January 2018 fixing for 2018 the fishing opportunities for certain fish stocks and groups of fish stocks, applicable in Union waters and, for Union fishing vessels, in certain non-Union waters, and amending Regulation (EU) 2017/127. *Official Journal of the European Union* URL: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/en/TXT/?uri=CELEX:32018R0120>.

European Commission, 2018. Proposal for a REGULATION OF THE EUROPEAN PARLIAMENT AND OF THE COUNCIL establishing a multiannual plan for fish stocks in the Western Waters and adjacent waters, and for fisheries exploiting those stocks, amending Regulation (EU) 2016/1139 establishing a multiannual plan for the Baltic Sea, and repealing Regulations (EC) No 811/2004, (EC) No 2166/2005, (EC) No 388/2006, (EC) 509/2007 and (EC) 1300/2008. URL: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/en/TXT/?uri=CELEX:52018PC0149>.

ICES, 2018a. Herring (*Clupea harengus*) in subdivisions 20–24, spring spawners (Skagerrak, Kattegat, and western Baltic). Technical Report. ICES Advice on fishing opportunities, catch, and effort Baltic Sea and Greater North Sea Ecoregions. Report of the ICES Advisory Committee 2018. ICES Advice 2018. doi:10.17895/ices.pub.4390.

ICES, 2018b. Report of the benchmark workshop on pelagic stocks (WKPELA 2018). Technical Report. 12–16 February 2018, ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES CM 2018/ACOM:32.

ICES, 2019a. Herring (*Clupea harengus*) in subdivisions 20–24, spring spawners (Skagerrak, Kattegat, and western Baltic). Technical Report. ICES Advice on fishing opportunities, catch,

and effort Baltic Sea and Greater North Sea Ecoregions. Report of the ICES Advisory Committee 2019. ICES Advice 2019.

ICES, 2019b. Report of the Herring Assessment Working Group for the Area South of 62°N (HAWG). Technical Report. 23-31 January 2019 and 13-21 March 2019. ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES, 2020.

Workshop on guidelines and methods for the evaluation of re-building plans (WKREBUILD). Technical Report. ICES Scientific Reports 2:55. doi.org/10.17895/ices.pub.6085.

Nielsen, A., Berg, C.W., 2014. Estimation of time-varying selectivity in stock assessments using state-space models. *Fisheries Research* 158, 96–101. URL: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0165783614000228>, doi:10.1016/j.fishres.2014.01.014.

Pastors, M.A., Campbell, A., Trijoulet, V., Skagen, D., Gras, M., Lambert, G.I., Sparrevohn, C.R., Mackinson, S., 2020. Report on Western Horse Mackerel Technical Focus Group On Harvest Control Rule Evaluations 2020. Technical Report. Report for Pelagic Advisory Council. URL: <https://community.ices.dk/admin/Requests/2020eudgmare2007whm/Shared%20Documents/PELAC%20WHOM%20FG%20report%20on%20Western%20Horse%20Mackerel.pdf>

## 5. Projektledelse, formidling og administration - AP5

### Baggrund

Projektleder var seniorforsker Casper W. Berg med støtte fra sektionsleder og professor Henrik Mosegaard som har lang erfaring med projektledelse af FIUF, EFF og EMFF projekter. Der blev etableret en styregruppe med deltagelse fra DTU-AQUA, DPPO og DFPO som gennem møder koordinerede arbejde mellem AP'er samt styrede kommunikation med eksterne interessenter. Der blev arrangeret nationale workshops med inviterede repræsentanter fra forvaltende myndigheder og internationale gæster til diskussion af bestandsresultater og planlægning af forvaltningsplan-analyser.

Projektet har koordineret samarbejdet mellem database-specialister, genetikere, statistikere og fiskeribiologer til at samle data fra surveys og fangster, opsplittet i genetisk identificerede bestande så nye modeller har kunnet estimere bestandsudvikling ud fra fangster i forskellige fiskerier på samme sildebestand, hvor resultaterne er blevet fremskrevet under en række forvaltningsscenarier. Projektet har desuden bygget bro til andre parallelt kørende EHFF-projekter til øget synergi i udnyttelsen af data.

Projektets metoder og resultater er blevet præsenteret ved internationale konferencer og workshops. De afledte forvaltnings-konsekvenser er blevet diskuteret ved møder og seminarer med erhverv og forvaltningsmyndigheder. Projektet har afkastet en række rapporter og manuskripter til internationale publikationer.

De første resultater vedrørende nye data om bestandsstruktur og nye bestandsanalyser blev allerede klar til silde benchmark 12-16 februar 2018. Den nyudviklede SAM-flerflådemodel blev accepteret på dette benchmark WKPELA (ICES 2018) for såvel vestlig Østersøsilde som silde i Nordsøen. Disse landvindinger blev taget i brug under efterfølgende årlige ekspertgruppemøder (HAWG). Modellen blev desuden brugt som grundlag for forvaltningsstrategianalyser for nordsøsilde under WKNSMSE (ICES 2019). Modellen viste sig robust som operativ model og estimeringsværktøj, hvor et stort antal scenarier blev simuleret gennem tusindtals modelkørsler. Forvaltningsplansanalyser for vestlig Østersø-silde blev præsenteret ved en international workshop om bestands-genopbygning i ICES (WKREBUILD). De analyserede forvaltningsplaner blev til i samarbejde med en repræsentant for DPPO. Arbejdet forventes fortsat i følgende år.

Den opdaterede bestandsudvikling for Nordsø- og vestlig Østersøsilde blev diskuteret med erhverv og forvaltningsmyndigheder ved en dedikeret stakeholder workshop hvor mulighederne for justerede forvaltningstiltag blev diskuteret.

Et antal møder blev holdt med fiskeriets organisationer, DFPO og DPPO, samt deres specialister for redegøre for og diskutere projektets resultater og hvordan de er blevet implementeret i ICES rådgivning. Genopbygningsmulighederne for vestlig Østersøsilde blev diskuteret på diverse møder mellem projektdeltagere og miljø- og fødevarerministeriet interessenter fra Gilleleje havn, samt med DPPO. Folketingets fiskeriudvalg blev informeret om udviklingen i Østersøens bestande og ICES rådgivning om torsk og silde.

Resultater fra projektets analyser samt processen fra dataindsamling og håndtering, bestandsvurdering, benchmark og ICES rådgivning er blevet brugt til dialogbaseret undervisning af Fiskeriskolens elever i Thyborøn.

Resultater blev formidlet til forvaltningen i møder eller som notater efter ønske, og blev forelagt og drøftet i Pelagisk AC. Resultater og fremdrift i projektet blev løbende afrapporteret ved ICES arbejdsgruppemøder og workshop.

Udover de mange ICES rapporter er to videnskabelige artikler er blevet lavet - én om flerflåde modellen (Nielsen et al 2021) og en om analyse af forvaltnings-strategier for bestande, der behøver genopbygning (Trijoulet et al). Den første af disse artikler forventes publiceret i løbet af 2021, og den anden er blevet foreløbigt publiceret på den såkaldte biorxiv preprint server.



# Produkter fra projektet, referencer

## Produkter i form af rapporter og publikationer med peer-review

ICES. 2017. Workshop on Stock Identification and Allocation of Catches of Herring to Stocks (WKSIDAC). ICES WKSIDAC Report 2017 20-24 November 2017. Galway, Ireland. ICES CM 2017/ACOM:37. 99 pp.

ICES. 2018. Report of the workshop on mixing of western and central Baltic herring stocks (WKMixHER). 11–13 September 2018, Gdynia, Poland. ICES CM 2018/ACOM:63. 39pp.

ICES, 2018b. Report of the benchmark workshop on pelagic stocks (WKPELA 2018). Technical Report. 12–16 February 2018, ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES CM 2018/ACOM:32.

ICES. 2018c . Report of the Herring Assessment Working Group for the Area South of 62°N (HAWG). 29-31 January 2018 and 12-20 March 2018. ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES CM 2018/ACOM:07. 960 pp

ICES, 2019a. Herring (*Clupea harengus*) in subdivisions 20–24, spring spawners (Skagerrak, Kattegat, and western Baltic). Technical Report. ICES Advice on fishing opportunities, catch, and effort Baltic Sea and Greater North Sea Ecoregions. Report of the ICES Advisory Committee 2019. ICES Advice 2019.

ICES, 2019b. Report of the Herring Assessment Working Group for the Area South of 62°N (HAWG). Technical Report. 23-31 January 2019 and 13-21 March 2019. ICES HQ, Copenhagen, Denmark. ICES, 2020.

ICES. 2019c. Workshop on North Sea stocks management strategy (WKNSMSE) ICES Scientific Reports, 1:12. 347 pp. <https://doi.org/10.17895/ices.pub.5090>

ICES. 2020. Herring Assessment Working Group for the Area South of 62° N (HAWG). ICES Scientific Reports. 2:60.1151 pp. <http://doi.org/10.17895/ices.pub.6105>

Workshop on guidelines and methods for the evaluation of re-building plans (WKREBUILD). Technical Report. ICES Scientific Reports 2:55. [doi.org/10.17895/ices.pub.6085](https://doi.org/10.17895/ices.pub.6085).

Trijoulet, V., Berg, C. W., Sparrevohn, C. R., Nielsen, A., Pastoors, M. A., Mosegaard, M. Can we fish on stocks that need rebuilding? Illustrating the trade-offs between stock conservation and fisheries considerations. Paper pre-print: [doi:https://doi.org/10.1101/2021.02.25.432880](https://doi.org/10.1101/2021.02.25.432880)

Nielsen, A., Hintzen, N. T., Mosegaard, H., Trijoulet, V., and Berg, C. W. (2021) Multi-fleet state-space assessment model strengthens confidence in single-fleet SAM and provides fleet-specific forecast options. – ICES Journal of Marine Science, [doi:10.1093/icesjms/fsab078](https://doi.org/10.1093/icesjms/fsab078).

## Software produkter

Følgende liste viser produkter i form af open-source software, der er blevet udviklet eller udvidet i løbet af projektet. Kilde-koden er gjort frit tilgængelig (links inkluderet).

- Pakke til beregning af survey indices:  
<https://github.com/casperwberg/surveyIndex>
- Fler-flåde version af bestandsvurderingsværktøjet SAM:  
<https://github.com/fishfollower/SAM/tree/multi>
- Værktøj til forbundne SAM bestandsvurderinger:  
[https://github.com/calbertsen/multi\\_SAM](https://github.com/calbertsen/multi_SAM)
- Værktøj til forvaltningsplansanalyser med SAM for enkelt-flåde modeller:  
<https://github.com/vtrijoulet/SAM/tree/master2>
- Værktøj til forvaltningsplansanalyser med SAM for fler-flåde modeller:  
<https://github.com/vtrijoulet/SAM/tree/multi2>
- SAM med integrerede biologiske parametre:  
<https://github.com/fishfollower/SAM/tree/bioparprocess>

Danmarks  
Tekniske  
Universitet

DTU Aqua  
Kemitorvet  
2800 Kgs. Lyngby

[www.aqua.dtu.dk](http://www.aqua.dtu.dk)