

Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande

Af Christoffer Moesgaard Albertsen, Henrik Mosegaard og Anders Nielsen

DTU Aqua-rapport nr. 347-2019





DTU Aqua
Institut for Akvatiske Ressourcer

Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande

Af Christoffer Moesgaard Albertsen, Henrik Mosegaard og Anders Nielsen

DTU Aqua-rapport nr. 347-2019

Datablad

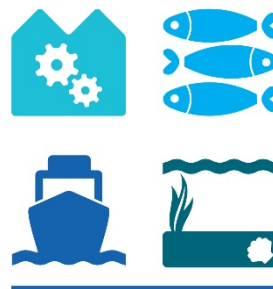
Titel:	Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande
Forfattere:	Christoffer Moesgaard Albertsen, Henrik Mosegaard og Anders Nielsen
DTU Aqua-rapport nr.	347-2019
År:	Rapporten er færdiggjort oktober 2018 og offentliggjort oktober 2019.
Reference:	Albertsen, C. M., Mosegaard, H. & Nielsen, A. (2019) Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande. DTU Aqua-rapport nr. 347-2019. Institut for Akvatiske Ressourcer, Danmarks Tekniske Universitet. 14 pp.
Forside:	Torskegab. Foto: Line Reeh.
Udgivet af:	Institut for Akvatiske Ressourcer, Kemitorvet, 2800 Kgs. Lyngby
Download:	www.aqua.dtu.dk/publikationer
ISSN:	1395-8216
ISBN:	978-87-7481-269-2

Projektet "Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande" er finansieret af Den Europæiske Hav- og Fiskerifond og Fiskeristyrelsen.



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

HAV & FISK



Indhold

1.	Projektets formål	5
2.	Resultater fra de enkelte arbejdspakker	6
2.1	Identifikation af kandidater til de kvantitativt vigtigste forbindelser mellem bestande (AP1)	6
2.2	Implementering af beregningseffektiv enkelarts model (konvertering af nuværende model) (AP2)	7
2.3	Design af model til forbundne bestande, som (valgfrit) kan medtage forskellige kombinationer af forbindelserne fra 1 (AP3)	8
2.4	Konfigurerbar implementering af modellen fra 3 (AP4)	9
2.5	Opsætning af modellen for to specifikke bestandssystemer (torsk i den østlige og vestlige Østersø og torskebestandene omkring Kattegat) (AP5)	11
2.6	Præsentere opnåede bestandsvurderinger samt tilhørende forslag til forvaltning i relevante assessment arbejdsgrupper (AP6)	14
	Referencer	15

Summary

Assessment and management of linked stocks

The purpose is to develop operational assessment models capable of linking stocks.

Fish stocks are not isolated units. They eat and are eaten by other stocks. Furthermore, the partitioning into stock units is sometimes arbitrary and to some extent determined by management concerns, so some exchange between the defined stock units must be expected.

Single stock assessment models does not include the effects from linking stocks. On the other hand, classical ecosystem and multi-species models are not operational for practical assessment and management, as they are designed to estimate all the detailed interactions between every age (or length) group of every stock in the system. Further, the classical ecosystem and multi-species models require data sources, which are not routinely collected (e.g. stomach samples).

This project has developed operational models, which are directly applicably in the scientific management process. They don't aim to describe all details, but only to capture the main effects connecting the selected stocks. The models only require the same standard data sources, which are already used for the single stock assessments.

The research will be continued as part of the Horizon2020 project PAradigm for Novel Dynamic Oceanic Resource Assessments (PANDORA), where it will be formally evaluated against the classical ecosystem and multi-species models.

1. Projektets formål

Formålet med EHFF-projektet "Bestandsvurdering og forvaltning af forbundne bestande" er at udvikle operationelle modeller der kan håndtere forbundne bestande.

Fiskebestande er ikke isolerede enheder. De spiser og bliver spist af fisk fra andre bestande. Desuden er opdelingen i bestande ofte arbitrær eller fastsat af hensyn til forvaltningen, så der må forventes en vis udveksling af fisk mellem de biologisk definerede bestande. For nogle bestande er disse interaktioner afgørende for at kunne give en troværdig bestandsvurdering og efterfølgende forvaltning.

Enkeltarts bestandsvurdering og forvaltning medtager ikke effekter fra forbundne bestande. I enkeltartsmodeller er der en grundlæggende antagelse om, at bestanden kan vurderes uafhængigt af andre bestande og arter, hvilket begrænser databehovet og gør dem operationelle til forvaltning.

Økosystems- og flerartsmodeller er i praksis ikke operationelle til bestandsvurdering og forvaltning. Disse modeller er designet til at beskrive alle interaktioner af alle væsentlige arter i et økosystem. De forsøger at estimere hvor mange fisk fra hver enkelt længde- eller aldersgruppe der bliver spist af fisk fra hver enkelt længde- eller aldersgruppe af de øvrige arter. Disse modeller kræver ofte data som ikke bliver rutinemæssigt indsamlet (eksempelvis analyser af maveindhold).

Dette projekt har udviklet modeller der er direkte anvendelige i den videnskabelige rådgivning. Modellerne er kun akkurat så komplekse som det kræves for at kunne høste de væsentligste fordele ved at betragte udvalgte bestande samlet og som forbundne. De beskriver ikke alle økosystemets detaljer, eller alle detaljer i interaktionen mellem de udvalgte bestande. Derimod benyttes få forbindelser som beskriver hovedparten af de udvalgte bestandenes interaktion.

Modellerne er udviklet direkte til to væsentlige anvendelser (torsk i den østlige og vestlige Østersø og torskebestandene omkring Kattegat), men modellerne er implementeret på en måde så de er generelt anvendelige. Resultaterne fra projektet bidrager således til forbedring af bestandsvurdering og fiskerirådgivning specifikt for torsk og generelt for andre forbundne bestande såvel nationalt som internationalt i International Council for the Exploration of the Sea (ICES). Dette vil i tiden fremover have stor betydning for en mere robust forvaltningsrådgivning specielt i tilfælde, hvor datagrundlaget kan være svagt for en eller flere af bestandene.

Sidst men ikke mindst er modellerne designet så de kun kræver eksisterende standard datakilder. Herved udnytter denne tilgang de omkostningstunge internationale dataindsamlinger til analyser af flere bestande samtidigt og bidrager derved til en øget effektivitet specielt for de bestande hvor data er mindre omfattende.

Projektets specifikke målsætninger var opdelt i følgende arbejdsopgaver (AP):

1. Identifikation af kandidater til de kvantitativt vigtigste forbindelser mellem bestande.
2. Implementering af beregningseffektiv enkelartsmodel (konvertering af nuværende model).
3. Design af model til forbundne bestande, som (valgfrit) kan medtage forskellige kombinationer af forbindelserne fra 1.
4. Konfigurerbar implementering af modellen fra 3.
5. Opsætning af modellen for to specifikke bestandssystemer (torsk i den østlige og vestlige Østersø og torskebestandene omkring Kattegat).
6. Præsentere opnåede bestandsvurderinger samt tilhørende forslag til forvaltning i relevante bestandsvurderingsarbejdsgrupper.

2. Resultater fra de enkelte arbejdspakker

2.1 Identifikation af kandidater til de kvantitativt vigtigste forbindelser mellem bestande (AP1)

Efter indledende studier blev det hurtigt klarlagt at et effektivt sted at inkludere forbindelser mellem bestande var i overlevelsen fra et år til det næste. Dette blev ikke gjort som en fast funktionel (deterministisk) forbindelse, hvor ændring 'A' i en bestand altid medfører ændring 'B' i en anden bestand, men derimod ved at formulere korrelationer mellem de styrende processer, så forbindelserne bliver stokastiske (baseret på sandsynligheder). Denne metode er ny inden for flerarts modellering, og har en lang række fordele.

Ændringerne i bestandsstørrelse fra et år til det næste (og for alle aldersgrupper) er det centrale i enhver model til bestandsvurdering. Det er disse ændringer der skaber bestandsudviklingen og dermed danner grundlaget for referencepunkter og forvaltning. I en standard enkelarts model er disse ændringer styret af de klassiske bestandsligninger for hver enkelt bestand. I disse ligninger indgår nuværende bestandsstørrelse, dødelighed fra fiskeri, og dødelighed fra andre årsager (også kaldet naturlig dødelighed). De scenarier der ønskes håndteret af en model for forbundne bestande er fx:

- Bestande som er afhængige af samme omstændigheder (hvis eksempelvis to bestande begge trives bedre under en varm sommer).
- Bestande der er i konkurrence om samme byttedyr.
- Bestande som æder eller bliver ædt af en eller flere andre bestande.

Disse og lignende scenarier kan naturligt formuleres ved at inkludere korrelationer (positive eller negative) mellem ændringerne i bestandsstørrelser. Denne metode ændrer ikke de basale bestandsligninger, men udnytter at afvigelse ikke opstår uafhængigt i de forskellige bestande. Måden disse korrelationer er sat op på i modellen gør det muligt at variere kompleksiteten af forbindelserne mellem de bestande der indgår.

Den præcise formulering af disse korrelationsstrukturer er dokumenteret i artiklen Albertsen et al. (2017). I artiklen vises også at modellen og graden af kompleksitet i modellen er identificerbar (Figur 1). Dette resultat er bemærkelsesværdigt, da det viser at den fleksible formulering der er valgt til at beskrive samspillet mellem de forskellige bestande ikke blot opnår en bedre beskrivelse af data ved at gøre modellen mere kompleks. Hvis den sande model er simpel (fx svarer til en enkelarts model for hver bestand), så vil standard teknikker til modelselektion også vise at den foretrukne model er den simple.

True Model	Best model					
	\mathcal{M}_0	\mathcal{M}_1	\mathcal{M}_2	\mathcal{M}_3	\mathcal{M}_4	\mathcal{M}_5
\mathcal{M}_0	136	12	1	1	0	0
\mathcal{M}_1	0	140	6	1	2	1
\mathcal{M}_2	0	0	120	14	8	8
\mathcal{M}_3	0	0	5	105	32	8
\mathcal{M}_4	0	0	5	21	107	17
\mathcal{M}_5	0	0	0	0	33	117

Figur 1: Antal simulationer der identificerede model kompleksitet 0—5 (via lavest AIC score) udfor hver simulations model (fra Albertsen et al., 2017).

2.2 Implementering af beregningseffektiv enkelarts model (konvertering af nuværende model) (AP2)

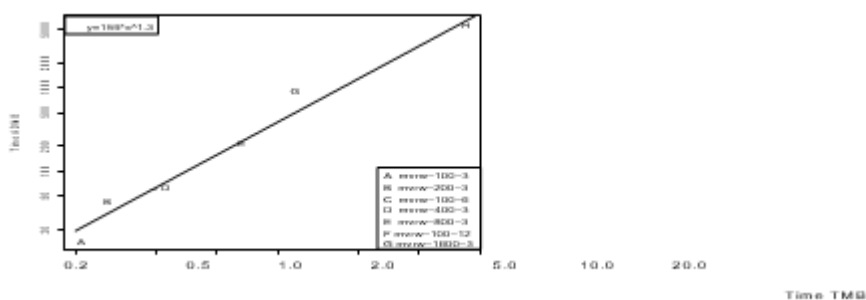
Den eksisterende enkelarts state-space-bestandsvurderingsmodel (SAM), som benyttes som primær model for en lang række ICES bestande blev konverteret fra den eksisterende implementering i AD Model Builder (Fournier et al., 2012) til det mere moderne Template Model Builder (TMB (Kristensen et al., 2016)).

Konverteringen var en 100% gen-implementering, da struktur og syntaks er helt forskellig i de to modelbygningsværktøjer.

AD Model Builder versionen af SAM modellen er blevet brugt til tusindvis af bestandsvurderingskørsler (disse er naturligvis ikke separate bestande, men mange forskellige konfigurationer per bestand og mange forskellige bestandsvurderingsår). Gennem alle disse kørsler er modellen og implementeringen blevet testet meget grundigt og vi kan med rette forvente at implementeringen er fejlfri (eller at resterende fejl er små og ubetydelige). En så grundig validering er sjældnen og meget værdifuld for en bestandsvurderings model.

For at sikre at gen-implementering ikke introducerede fejl udførtes en meget omfattende validering af den nye implementering mod den gamle implementering. Til en start blev resultaterne sammenlignet for en lang række bestande. Mange fejl blev fundet og rettet. Dernæst tilføjede vi den nye implementering til den online portal <http://www.stockassessment.org> som mange forskere i ICES bruger til at køre og dele deres bestandsvurderinger. Den nye model blev tilføjet så man ved at ændre et enkelt tegn i en konfigurationsfil kunne skifte fra at køre den gamle implementering til at køre den nye implementering. Således blev valideringen af den nye implementering spredt ud til alle brugere af onlineportalen. Denne brugervalidering kørte i mere end et år. Relativt få og små unøjagtigheder blev fundet, men det var vigtigt at få det hele med. Efter denne grundige validering kan det trygt antages at den nye implementering giver samme resultater som den gamle.

Gen-implementering af modellen gav de planlagte fordele, som primært var en langt kortere kørselstid (Figur 2). Køretiden for den gamle SAM implementering var omkring 3 minutter og den nye SAM implementering kan køres på omkring 3 sekunder (altså 60 gange hurtigere). Det skal hertil tilføjes at den eneste grund til at hastighedsforøgelsen ikke var op mod en faktor 200 var at den gamle SAM implementering var forsøgt optimeret så meget som muligt i AD Model Builder. Det lyder måske ikke af meget at optimere fra en køretid på 3 minutter til 3 sekunder, men det er meget vigtigt, da det ændrer hvad der er muligt at gøre med modellen. Tænk på et simulationsstudie hvor 1000 modeller skal estimeres, så mere end to døgn i forhold til mindre end en time. Mange kørsler skal bruges når den bedste model konfiguration skal findes, når modeller skal valideres, når forvaltnings-strategier skal evalueres og så videre. Derudover er optimeringen af køretid vital for at drive stockassessment.org omkostningseffektivt, hvor mange brugere skal køre flere bestandsvurderinger samtidig i forbindelse med fiskerirådgivning.



Figur 2: Køreløstider i sekunder i TMB and AD Model Builder for en flerdimensional state-space-model (fra Kristensen et al., 2016). Bemærk begge akser er logaritmiske.

Forskellen i køreløstider kan for denne modeltype udtrykkes ved $t_{\text{ADMB}} = 159 t_{\text{TMB}}^{1.3}$

Altså jo mere komplicerede modeller jo større faktor optimering (Figur 2), så hvad der er vigtigt for enkeltartsmodellen SAM er absolut nødvendigt for modellen for forbundne bestande.

Gen-implementeringen blev også udnyttet til at tilføje nye options til SAM og til at konvertere den til en R-pakke. De nye muligheder inkluderer:

- 1) Flere mulige observationstyper (mærker, biomasseindeks, fangstindeks, osv.),
- 2) Mulighed for at estimere korrelationer for observationerne (og derigennem opnå en mere korrekt vægtning af de forskellige datakilder),
- 3) Mulighed for at benytte eksternt estimerede korrelationer,
- 4) Mulighed for at benytte robuste fordelinger (hvilket gør at resultaterne ikke bliver misvisende pga. enkelte fejlagtige observationer, men som også kan tillade eksempelvis de ekstreme rekrutteringer som ses hos nogle arter).

R-pakken er nu frit og åbent tilgængelig via GitHub (<https://github.com/fishfollower/SAM>) og via online portalen til bestandsvurdering (<http://www.stockassessment.org>).

2.3 Design af model til forbundne bestande, som (valgfrit) kan medtage forskellige kombinationer af forbindelserne fra 1 (AP3)

Modellen for forbundne bestande blev designet til at være 1) operationel, 2) brugervenlig og samtidig 3) helt kompatibel med enkeltarts modellen SAM. Målet var at det skulle være simpelt at prøve modellen for forbundne bestande hvis man allerede havde kørt (og konfigureret) enkeltarts modeller for de bestande der indgår.

Det lykkedes at designe modellen, så en bruger der allerede har kørt enkeltarts versionerne for nogle bestande, kan køre modellen der forbinder disse bestande med et minimum af ekstra trin. Dette kan lettest illustreres med et pseudo-eksempel. Først har vi to bestandsvurderinger der er kørt eksempelvis ved at skrive følgende linjer i R:

```
library(stockassessment)
stock1 <- sam.fit(stock1Data, stock1Conf, stock1Par)
stock2 <- sam.fit(stock2Data, stock2Conf, stock2Par)
```

Her er udeladt alle detaljer om hvorledes data indlæses og modellerne konfigureres, da det ikke er vigtigt for det videre eksempel. Når først disse enkeltartsmodeller er kørt, så indeholder de to objekter stock1 og stock2 alle relevante informationer om de to modelkørsler (blandt andet data, konfiguration og parametre).

For at køre (en simpel version af) modellen for forbundne bestande kan vi nu nøjes med at skrive:

```
library(multiStockassessment)
singleFits <- c(stock1, stock2)
cs <- suggestCorStructure(singleFits, nAgeClose=2)
multiStock <- multisam.fit(singleFits, cs)
```

Her indlæses R-pakken hørende til modellen for forbundne bestande i første linje. De to enkelartskørsler kombineres til et enkelt object i linje to. Herefter skal korrelationsstrukturen konfigureres og her indeholder R-pakken en hjælpefunktion suggestCorStructure, som kan sætte strukturen op for forskellige grader af kompleksitet. I linje 3 vælges modellen hvor to aldre der afviger mindre end 2 fra hinanden tillades at være korrelerede på tværs af bestande. I linje 4 køres modellen.

Sammenlignes denne simple syntaks og opsætning med andre måder at definere flerarts modeller på, så må det siges at være ekstremt simpelt.

Køretiden for eksempelvis to bestande med datamængder der typisk forefindes for ICES bestande vil være omkring 1-2 minutter, hvilket faktisk er mindre end en enkelartskørsel tog før implementeringen blev konverteret fra AD Model Builder til TMB, så modellen er yderst operationel.

2.4 Konfigurerbar implementering af modellen fra 3 (AP4)

Når modellen skal tilpasses data skal forskellige versioner (konfigurationer) af modellen afprøves.

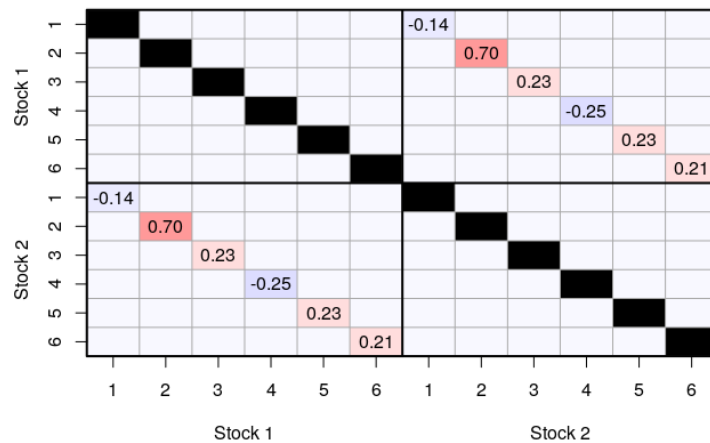
De fleste brugere til sådan en model til bestandsvurdering af forbundne bestande er forskere og rådgivere som er eksperter i de bestande de arbejder med. Mange — men ikke alle — er desuden eksperter i modeller til bestandsvurdering. Derimod er det få der er eksperter i de mere subtile detaljer omkring implementeringen af en sådan model, så det er afgørende at forskellige konfigurationer (versioner) kan afprøves uden at skulle ændre i modellens kildekode.

Som vist i afsnittet ovenfor (under AP 3) kan modellen køres ved at tilføje få og simple kommandoer i forhold til enkeltartskørslerne. Dette gælder også når forskellige model konfigurationer skal afprøves.

Modellen for forbundne bestande konfigureres primært gennem den matrix der styrer hvilke og hvor mange forbindelser (korrelationer) der estimeres mellem de forskellige bestande. R-pakken indeholder en funktion som hjælper med denne opsætning. I eksemplet ovenfor så vi hvordan det var muligt at definere modellen hvor aldre mindre end 2 fra hinanden tillades at være korrelerede på tværs af bestande via linjerne:

```
cs <- suggestCorStructure(singleFits, nAgeClose=2)
multiStock <- multisam.fit(singleFits, cs)
```

Det er naturligvis muligt at ændre fra 2 til et andet antal aldersgrupper. Det er ligeledes muligt at slå korrelationer inden for bestand (eksempelvis fra kannibalisme) til og fra, samt at slå korrelationer mellem visse bestande til og fra (i tilfældet med mere end to bestande). Disse muligheder giver i kombination let adgang til en lang række relevante konfigurationer. Derudover er det muligt at specificere en brugerdefineret matrix *cs*, som angiver TRUE/FALSE udfor de enkelte korrelationer for at definere om de skal estimeres eller ej.



Figur 3: Plot af de estimerede korrelationer i et simulations studie med for modellen kun med samme alders forbindelser mellem bestande (fra Albertsen et al., 2017). Øverst til højre ses de partielle korrelationer og nederst til venstre ses de estimerede korrelationer (de er ens i denne model, men ikke generelt). I denne konfiguration er der ingen korrelationer inden for bestand (øverst venstre og nedrest højre plot).

R-pakken indeholder en lang række hjælpefunktioner til at visualisere modelkørsler og de estimerede korrelationer (Figur 3). Når forskellige konfigurationer skal sammenlignes er der fx en funktion *modeltable*, som giver de relevante kvantitative størrelser til sammenligning. Kode til at sammenligne enkelarts modellerne med modellen for forbundne bestande kan fx fås ved:

```
cs.single <- suggestCorStructure(singleFits, nAgeClose=0)

singleStock <- multisam.fit(singlefits, cs.single)
modeltable(multiStock, singleStock)
```

Bemærk at det er nødvendigt at køre enkelarts modellerne via *multisam.fit* funktionen (de første to linier), men derefter vil *modeltable* funktionen give en tabel der sammenligner modellerne. Genimplementeringen af enkelarts SAM modellen blev også udnyttet til at strukturere koden, så mest muligt kunne være delt kode mellem enkelarts SAM implementeringen og implementering af modellen for forbundne bestande. Dette gør at risikoen for inkonsistent kode minimeres.

Alle detaljer omkring implementeringen og selve R-pakken er frit tilgængelige via https://github.com/calbertsen/multi_SAM. hvorfra R-pakken også kan installeres.

2.5 Opsætning af modellen for to specifikke bestandssystemer (torsk i den østlige og vestlige Østersø og torskbestandene omkring Kattegat) (AP5)

Modellen for forbundne bestande blev sat op for flere bestandssystemer fx:

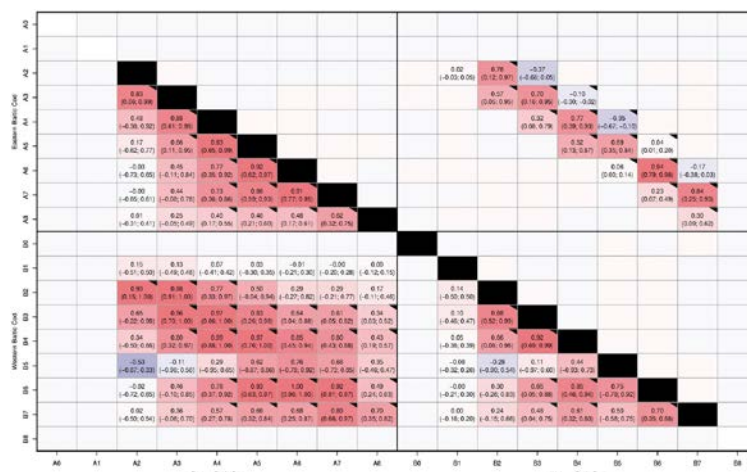
- 1) torsk i den østlige og vestlige Østersø,
- 2) torskbestandene omkring Kattegat,
- 3) sild i Østersøen,
- 4) Østersø brisling og vestlig Østersø sild,
- 5) brisling i Østersøen og to silde bestande i Østersøen (central og vestlig).

For fire af de fem systemer gav modellen for forbundne bestande en bedre beskrivelse af data sammenlignet med modellen hvor de enkelte bestande betragtes som uafhængige.

I alle tilfælde blev dette evalueret på følgende måde. Først blev enkeltarts modellerne konfigureret for hver enkelt bestand. Derefter blev de enkelte bestande kombineret i modellen for forbundne bestande (her blev det naturligvis tjekket at man fik det samme resultat for de enkelte bestande når man satte antallet af forbundne aldre til 0). Herefter blev modellen for forbundne bestande kørt med forskellige antal af forbundne aldre som eneste model ændring. Modellernes evne til at prædikere blev sammenlignet v.h.a. Akaiikes informations kriterie (AIC).

Kun for torskbestandene omkring Kattegat var resultatet at modellen hvor de to bestande var uafhængige var den optimale (AIC var omkring 6 lavere for den uafhængige model end modellen hvor kun samme aldre var forbundne og langt lavere end de modeller hvor flere aldre var forbundne). Resultaterne for de tre par af bestande 1), 3) og 4) er beskrevet i (Albertsen et al., 2017). I alle tre tilfælde var modellen for forbundne bestande bedre til at prædikere (lavere AIC) end modellen med uafhængige bestande.

For torsk i den østlige og vestlige Østersø var den optimale af de testede modeller den model hvor hver alder er forbundet med samme alder og de et år ældre eller yngre i den anden bestand.



Figur 4: Plot af de estimerede korrelationer for torsk i den østlige og vestlige Østersø med den optimale forbundne model (fra Albertsen et al., 2017). Øverst til højre ses de estimerede partielle korrelationer. De resulterende korrelationer mellem de to bestande (nederst til venstre, bemærk her at der estimeres korrelationer mellem flere alderspar som ikke indgår i modellens direkte forbundne/ korrelerede aldre) og inden for de to bestande (øverst venstre og nederst højre).

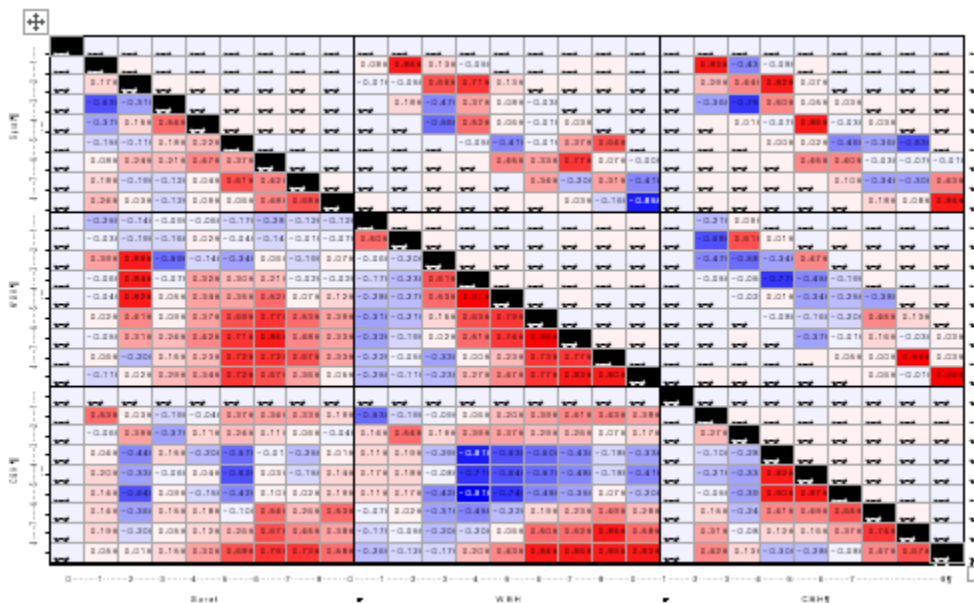
Bemærk at selv om der opsættes en model hvor hver alder er forbundet kun via samme alder og de et år ældre eller yngre i den anden bestand ikke betyder uafhængighed af de øvrige aldre (Figur 4). Sådant en model vil give anledning til korrelationer mellem alle aldre. Det sker fordi at hvis fx alder 2 og 3 er direkte korrelerede og alder 3 og 4 er direkte korrelerede, så vil alder 2 og 4 blive korrelerede via alder 3. Graden af korrelation mellem alder 2 og 4 er dog så bestemt af de direkte korrelationer mellem alder 2 og 3 og mellem alder 3 og 4. Man kan få en mere fleksibel korrelationsstruktur hvis man også tillader direkte korrelation mellem alder 2 og 4, men prisen er at modellen bliver mere kompleks (og har flere model parameter).

Modellen for forbundne bestande er en signifikant bedre beskrivelse af data for torsk i den østlige og vestlige Østersø sammenlignet med modellen med uafhængige bestande. Det betyder at der kan opnås bedre estimater og prognoser hvis disse to bestande modelleres samlet. Det betyder også at den hypotese der implicit antages¹ når der laves separate bestandsvurderinger på disse bestande ikke er valid. Dette er sikkert ikke et overraskende resultat, men hidtil har det eneste alternativ til separate bestandsvurderinger været de meget komplicerede flerartsmodeller. Modellen for forbundne bestande udviklet her er et simpelt alternativ, som nu er helt klar til brug og ikke kræver andet data end det der allerede bruges.

Desværre er der i de senere år opstået yderligere komplikationer med data for torsk i den østlige Østersø. Der er blandt andet så stor tvivl om aldersbestemmelserne at en aldersbaseret bestandsvurdering ikke accepteres. Det er potentielt muligt at bruge modellen for forbundne bestande, så man kun i den årrække hvor aldersdata er troværdigt for torsk i østlige Østersø benytter dette data. Modellen vil i så fald være i stand til at give estimater for torsk i østlige Østersø baseret kun på korrelationerne mellem bestandene.

Bestandskomplekset 5) for brisling og to silde bestande i Østersøen (central og vestlig) tester modellen for mere end to bestande (Figur 5). Også for dette sæt af bestande var den forbundne bestand en signifikant bedre beskrivelse af observationerne end modellen med uafhængige bestande.

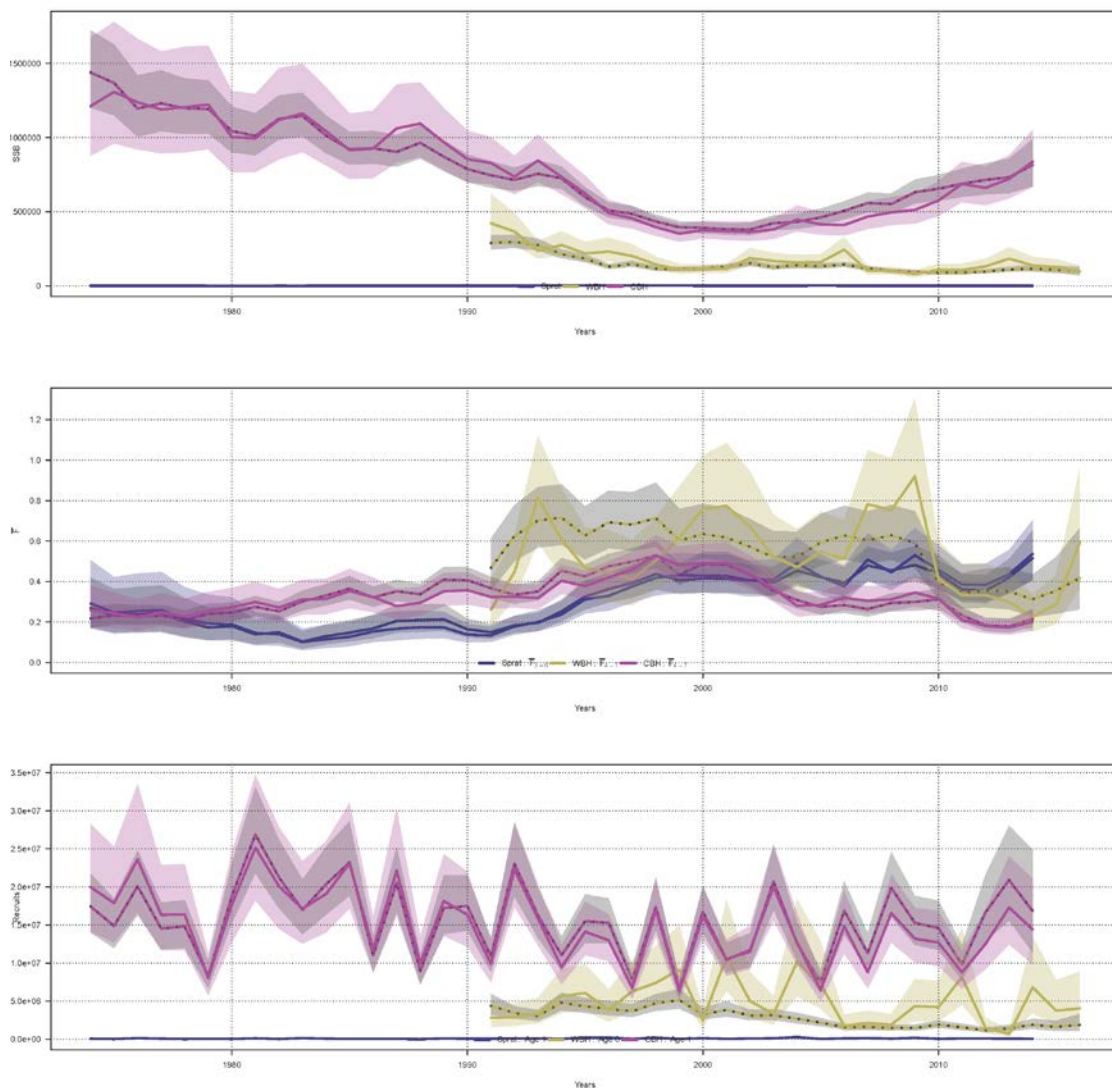
¹ Hypotesen der implicit antages når der laves separate bestandsvurderinger er at bestandene kan antages at være uafhængige.



Figur 5: Plot af de estimerede korrelationer for brisling og to silde bestande i Østersøen med den optimale forbundne model. Øverst til højre ses de estimerede partielle korrelationer. Nederst til venstre ses de resulterende korrelationer indenfor og mellem bestande.

Hvis vi ser på de estimerede gydebiomasser, fiskeridødeligheder og rekrutter fra den forbundne model sammenlignet med estimaterne fra en model der antager uafhængige bestande, så ses det at forskellene er store nok til at forvaltningen vil påvirkes (Figur 6). Bemærk især forskellen i fiskeridødeligheden i det sidste år for sild i den centrale Østersø. Det er ikke overraskende at usikkerheden er større på nogle af estimaterne fra den forbundne model. Hvis man fejlagtigt antager uafhængighed, så vil man fejlagtigt undervurdere usikkerheden.

Modellen for forbundne bestande giver alt det samme output som en almindelig enkeltarts kørsel, så resultaterne kan direkte bruges til forvaltning. Derudover giver modellen for forbundne bestande en lang række nye muligheder for at vurdere effekten på andre bestande ved en eventuel regulering.



Figur 6: Gydebiomasse, fiskeridødelighed og rekruttering for brisling og to silde bestande i Østersøen med den optimale forbundne model. De tilsvarende stiplede linjer og grå konfidens interval viser resultaterne fra de tilsvarende enkeltarts modeller.

2.6 Præsentere opnåede bestandsvurderinger samt tilhørende forslag til forvaltning i relevante assessment arbejdsgrupper (AP6)

Modellen for forbundne bestande blev præsenteret på Østersø bestandenes benchmark arbejdsgruppe (WKBALT2017). Modellen blev særdeles positivt modtaget og gruppen kunne se potentialet — selv om det var en tidlig version af modellen. Modellen er detaljeret beskrevet i den fagfælle accepterede artikel (Albertsen et al., 2017).

Det er i ICES en nyttig kutyme at køre flere forskellige modeltyper ved såvel benchmarks som ved opdatering af den årlige bestandsvurdering, herved får man en god opfattelse af analysens robusthed samt en mulighed for at opfange divergerende resultater som kræver yderligere fokus.

Modellen og tilhørende software er nu fuldt udviklet, så fremtidige ICES arbejdsgrupper kan benytte den i alle tilfælde hvor modeller til bestandsvurdering skal fastlægges for bestande som påvirker eller påvirkes af andre bestande. Som beskrevet er modellen for forbundne bestande

fuldt kompatibel med enkelarts modellen SAM som allerede benyttes for mange bestande. Det vil derfor kun kræve en minimal ekstra indsats også at køre modellen for forbundne bestande, så det forventes at modellen snart vil blive kørt af flere arbejdsgrupper som ekstra model og til at udforske økosystem effekter af eventuelle reguleringer.

Forskningsmæssigt videreføres i arbejdet i Horizon2020 projektet PARadigm for Novel Dynamic Oceanic Resource Assessments (PANDORA). Her er planlagt en mere formel sammenligning med de store (og meget komplekse) flerartsmodeller. Det er håbet at påvise at den retning som de store flerartsmodeller korrigerer enkeltbestandsestimaterne i er den samme som kan opnås simpelt med modellen for forbundne bestande.

Referencer

Albertsen, C. M., Nielsen, A., Thygesen, U. H., & editor: Shijie Zhou, H. (2017). Connecting single-stock assessment models through correlated survival. *ICES Journal of Marine Science*, 75, 235–244.

Fournier, D. A., Skaug, H. J., Ancheta, J., Ianelli, J., Magnusson, A., Maunder, M. N., Nielsen, A., & Sibert, J. (2012). Ad model builder: using automatic differentiation for statistical inference of highly parameterized complex nonlinear models. *Optimization Methods and Software*, 27, 233–249.

Kristensen, K., Nielsen, A., Berg, C. W., Skaug, H. J., & Bell, B. (2016). Tmb: Automatic differentiation and laplace approximation. *Journal of Statistical Software*, 70, 1–21.

Danmarks
Tekniske
Universitet

DTU Aqua
Kemitorvet
2800 Kgs. Lyngby

www.aqua.dtu.dk