

AJUSTES DE MODELOS DINÁMICOS APLICADOS A RECURSOS PESQUEROS

Fernando Brito¹; María Saravia²

RESUMEN

El ajuste de modelos dinámicos de Biomasa de Schaefer (1954) aplicados a recursos pesqueros es ejemplificado utilizando datos de captura por unidad de esfuerzo empleados en la literatura. En primer lugar se muestra como llevar a cabo la etapa de calibración de incorporando incertidumbre en las observaciones en el modelo de Schaefer. Se identificaron regiones óptimas de verosimilitud para los parámetros de interés del modelo, la capacidad de carga y la tasa intrínseca de crecimiento. La validación y comparación de los modelos propuestos es realizada en el ámbito de un enfoque Bayesiano. Dicho análisis ha sido implementado mediante el programa OpenBUGS que, en este caso, ofrece ventajas computacionales respecto al entorno de programación R utilizado en el resto de la investigación. Los resultados obtenidos sugieren que las técnicas estadísticas aplicadas en este trabajo permiten encontrar los puntos de referencia biológicos adecuados para la pesquería de la especie explotada, tal como el Rendimiento Máximo Sostenible, índice de suma importancia para la preservación de una pesquería.

Palabras clave: *Modelo de Schaefer, calibración, estadística Bayesiana, método MCMC, programación en R y OpenBUGS*

1 – Introducción

En el presente trabajo se implementa un tipo de modelo para la evaluación del stock de recursos pesqueros que pertenece a la clase de los denominados “modelos de producción excedente”. Estos modelos son una herramienta tradicional y sencilla para la evaluación del stock de un recurso ecológico, ya que para su implementación sólo se necesita una serie de capturas y una serie de índices de abundancia. En particular se profundizará en un modelo basado en el modelo de crecimiento logístico de una población sujeta a explotación, originalmente estudiado por Milner Baily Schaefer en 1954. El objetivo perseguido en la aplicación de este tipo de modelos es determinar el nivel óptimo de esfuerzo, es decir, el esfuerzo que produce el máximo rendimiento que puede ser sostenible sin afectar la productividad a largo plazo del stock del recurso pesquero, lo que se denomina en el *Manual de evaluación de recursos pesqueros* (Cadima, 2003) como Rendimiento Máximo Sostenible (RMS). En el manejo pesquero resulta de interés prioritario la determinación del RMS, porque permite evaluar el estado en el que se encuentra el recurso y generar políticas de manejo para que su explotación a través del tiempo sea sustentable y el recurso no se agote. Resulta útil para establecer cupos de captura totales y por país cuando se trata de un recurso compartido.

El procesamiento de la información comienza con las series de tiempo de las variables Captura por Unidad de Esfuerzo (CPUE) medida en toneladas/h y la serie de Captura medida en miles de toneladas. A través de procedimientos clásicos implementados mediante el lenguaje R, se obtienen las estimaciones de los parámetros de interés del Modelo de Schaefer

¹ Unidad Nacional de Seguridad Vial, Presidencia de la República.

² Laboratorio de Probabilidad y Estadística, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

que son la tasa intrínseca de crecimiento r y la capacidad de carga que en teoría sería el límite de biomasa del stock en ausencia de mortalidad pesquera K . La biomasa de un recurso, es la cantidad del mismo en peso. En el enfoque clásico se obtienen los respectivos perfiles de verosimilitud y se construyen intervalos de confianza para los parámetros. Los parámetros estimados permiten determinar a su vez puntos de referencia biológicos, entre los más importantes se encuentra el RMS.

Por otro lado se realiza un análisis Bayesiano para encontrar las distribuciones a posteriori de los parámetros r , K , RMS, obteniéndose también medidas de tendencia central para estos. El análisis Bayesiano se realiza utilizando el lenguaje de programación de OpenBUGS.

2 - Marco Teórico

Varias clases de modelos se utilizan para la evaluación pesquera, en la presente investigación se adopta un modelo perteneciente a los denominados modelos de producción. Este modelo se propone estudiar la evolución de la Biomasa total del stock en su globalidad, contemplando entre otros efectos, el esfuerzo de pesca. Dicho modelo no considera la estructura de edades o de tallas del stock, las cuales dan lugar a la aplicación de los denominados modelos estructurados.

Modelo de Schaefer

Este modelo desarrollado por Schaefer (1954) toma como base el modelo de crecimiento logístico de población desarrollado por Verhulst (1838). Usualmente en la literatura pesquera se conoce como un “modelo de producción excedentaria”. El modelo es el siguiente:

$$\begin{cases} B_{t+1} = B_t + rB_t \left(1 - \frac{B_t}{K}\right) - C_t \\ B_{t_0} = B_0 \end{cases}$$

En este modelo la tasa intrínseca de crecimiento r y la capacidad de carga K son constantes en el tiempo. Además Schaefer incorporó el supuesto de que la explotación, en este caso la captura (C) es una función lineal de la Biomasa y el esfuerzo de captura:

$$C_t = qE_t B_t$$

donde q es el coeficiente de capturabilidad y E_t es el esfuerzo de pesca, o tasa de explotación, en el instante t , y cuyas unidades se detallan en el capítulo 5.

El índice de abundancia, en adelante Captura Por Unidad de Esfuerzo CPUE, es asumido generalmente como proporcional a la Biomasa y está dado por la siguiente ecuación:

$$CPUE_t = qB_t$$

A partir de estos parámetros biológicos r y K se obtienen una serie de indicadores, denominados puntos biológicos de referencia, estos son:

- El rendimiento máximo sostenible RMS, bajo el supuesto de equilibrio que ($B_t = B_{t+1}$):

$$RMS = \frac{rK}{4}$$

- Tasa de rendimiento máximo sostenible RMS:

$$h_{RMS} = \frac{r}{2}$$

- Biomasa máxima sostenible o Biomasa óptima:

$$B_{\text{óptima}} = \frac{K}{2}$$

- Biomasa virgen:

$$B_{\text{virgen}} = K$$

En la Figura 1 se observan algunos puntos anteriormente mencionados

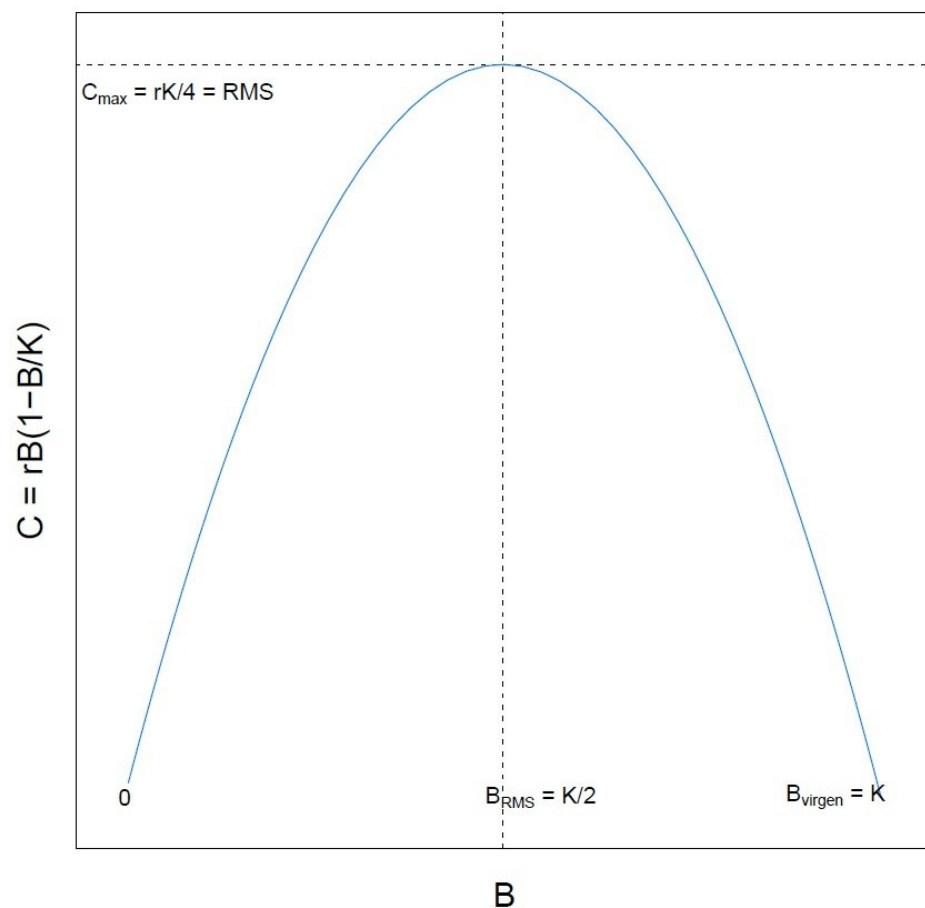


Figura 1-. Modelo de Schaefer en equilibrio, $B_t = B_{t+1}$.

Incorporación de aleatoriedad en el modelo

Hasta el momento el modelo de dinámico planteado es determinístico. Para la incorporación de la incertidumbre en el mismo se tienen en cuenta las siguientes consideraciones:

- La aleatoriedad propia de los procesos de interés (tasa de nacimientos, tasa de muerte, etc.), este tipo de incertidumbre se la conoce como incertidumbre del proceso, pues es la aleatoriedad de los parámetros (procesos) biológicos del modelo matemático.
- La incertidumbre propia de los errores de medición, denominada en la literatura como incertidumbre en las observaciones.

La incorporación de la aleatoriedad en el modelo determinístico de Schaefer, de acuerdo a *The Ecological Detective: Confronting Models with Data* (Hilborn & Mangel, 1997), se introduce de modo general como se presenta a continuación:

$$\begin{cases} B_{t+1} = \left[B_t + rB_t \left(1 - \frac{B_t}{K} \right) - C_t \right] \exp \left(W_t \sigma_w + \frac{\sigma_w}{2} \right) \\ CPUE_t = qB_t \exp \left(V_t \sigma_v + \frac{\sigma_v}{2} \right) \end{cases}$$

donde W_t y V_t son los términos que introducen la aleatoriedad en el proceso y en las observaciones respectivamente, se asume que tienen distribución normal con media 0 y desvío estándar 1. Como consecuencia los términos de errores del proceso $\exp(W_t \sigma_w + \frac{\sigma_w}{2})$ y de las observaciones $\exp(V_t \sigma_v + \frac{\sigma_v}{2})$ tienen distribución Log-Normal.

Enfoque Bayesiano

En este enfoque estadístico, se asume que los parámetros de interés son variables aleatorias con ciertas distribuciones de probabilidad (*Bayesian Data Analysis*, Gelman et al., 2004). Si θ es el vector de parámetros, según el Teorema de Bayes la distribución de probabilidad a posteriori de θ es calculada de la siguiente forma:

$$p(\theta / y) = \frac{p(\theta, y)}{p(y)} = \frac{p(\theta) p(y/\theta)}{\int_{\theta} p(\theta) p(y/\theta) d\theta}$$

donde $p(\theta)$ es la distribución a priori del vector de parámetros, y $p(y/\theta)$ hace referencia a la distribución de los datos y $p(\theta / y)$ representa la distribución a posteriori de θ . Además $p(\theta, y)$ representa la distribución conjunta de θ e y .

También se puede plantear la distribución a posteriori no normalizada de θ :

$$p(\theta / y) \propto p(\theta) p(y/\theta)$$

En este trabajo la variable de interés y es la CPUE y el vector θ está formado por los parámetros r , K , q , el desvío de la variable CPUE dado por las observaciones (τ) y el desvío de la variable CPUE dado por el proceso (σ). Un aspecto muy importante en este tipo de

análisis a tener en cuenta es el siguiente: “La investigación sobre las distribuciones a priori es sin duda el aspecto más controvertido de cualquier análisis Bayesiano. Por lo tanto, recomendamos mucho cuidado al realizar una evaluación Bayesiana, dado que se debe tener en cuenta una investigación exhaustiva sobre varias distribuciones a priori. Este proceso debe incluir información específica sobre los modelos considerados para su inclusión en el análisis y por qué algunos de estos modelos no fueron considerados a pesar de que pueden ser plausibles” ([13] Pág. 42 a 43). Teniendo en cuenta lo anterior se pueden considerar distribuciones a priori usando criterios biológicos y en algunos casos asumir distribuciones no informativas para algunas variables. Se incorpora incertidumbre en el modelo determinista de Schaefer mediante variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas de forma multiplicativa que representan respectivamente un error de proceso y el error de observación. Se utiliza en este caso la reparametrización realizada por Meyer y Millar (ver más detalles en *Bugs in Bayesian stock assesment*, Meyer & Millar, 1999) para realizar inferencia Bayesiana denominada Modelo de espacios de estado. Los espacios de estado se refieren a las observaciones de la serie de tiempo observada de CPUE_t “estados” y a la serie de tiempo no observada B_t. Estos estados se suponen que siguen un modelo de transición estocástica. Si se asume que la Biomasa anual es como un porcentaje de la capacidad de carga se puede plantear la siguiente reparametrización: P_t = B_t/K, el motivo de utilizar esta reparametrización es acelerar el muestreo de Gibbs. Además se supone que la incertidumbre tiene una distribución Log-Normal. Bajo estos supuestos el modelo se puede expresar como se detalla a continuación:

$$\begin{cases} P_1/\sigma^2 = \exp(u_1) \\ P_t/P_{t-1}, r, K, \sigma^2 = \left(P_t + rP_t(1 - P_t) - \frac{C_t}{K} \right) \exp(u_t) \\ CPUE_t/P_t, q, \tau^2 = (qP_tK) \exp(v_t) \end{cases}$$

u_t y v_t son variables aleatorias i.i.d. normales con media 0 y varianza σ^2 y τ^2 respectivamente. Se debe plantear todas las distribuciones a priori conjuntas para los cinco parámetros r, K, q, σ^2 y τ^2 y los estados desconocidos P_1, \dots, P_N , además la distribución conjunta de los índices de abundancia $CPUE_1, \dots, CPUE_N$.

Se asume que los parámetros r, K, q, σ^2 y τ^2 son independientes a priori. Por el Teorema de Bayes, la distribución a posteriori de los parámetros es proporcional a la conjunta, y por la independencia condicional de la CPUE, se llega a la siguiente expresión:

$$\begin{aligned} p(\theta/y) \propto p(\theta, y) &= p(r, K, q, \sigma^2, \tau^2, P_1, \dots, P_N) p(CPUE_1, \dots, CPUE_N / r, K, q, \sigma^2, \tau^2, P_1, \dots, P_N) = \\ &= p(r) p(K) p(q) p(\sigma^2) p(\tau^2) p(P_1/\sigma^2) \prod_{t=2}^N p(P_t/P_{t-1}, r, K, \sigma^2) \prod_{t=1}^N p(CPUE_t/P_t, q, \tau^2) \end{aligned}$$

Método MCMC y BUGS

Se realiza una representación utilizando diagramas DAG (Directed Acyclic Graph) para indicar como se procede con la estimación a través del enfoque Bayesiano. Este diagrama (Figura 2) tiene la ventaja de que permite concentrarse en la estructura esencial del modelo sin meterse en todos los detalles sobre las densidades. Para cualquier instante t , se representan todas las características no observables, los parámetros desconocidos ($r, K, q, \sigma^2, \tau^2, P_t$) y

observables ($CPUE_{obs}$) como elipses y la única constante (Captura) en forma de rectángulo. Una forma de expresar el supuesto de independencia condicional es por un dibujo de las flechas sólidas entre los nodos, por ejemplo de $itau2$ a $CPUE[t]$. Las flechas dobles van a los nodos deterministas, que son las funciones lógicas de los demás nodos. El logaritmo de la media condicional de P_t ($Pmed[t]$), es un ejemplo de un nodo determinista, ya que es una función de los nodos K , r , la $Captura_{t-1}$ y P_{t-1} . En el diagrama la variabilidad en el proceso se tiene en cuenta a través de $isigma2$ e $itau2$ hace referencia a la variabilidad en las observaciones.

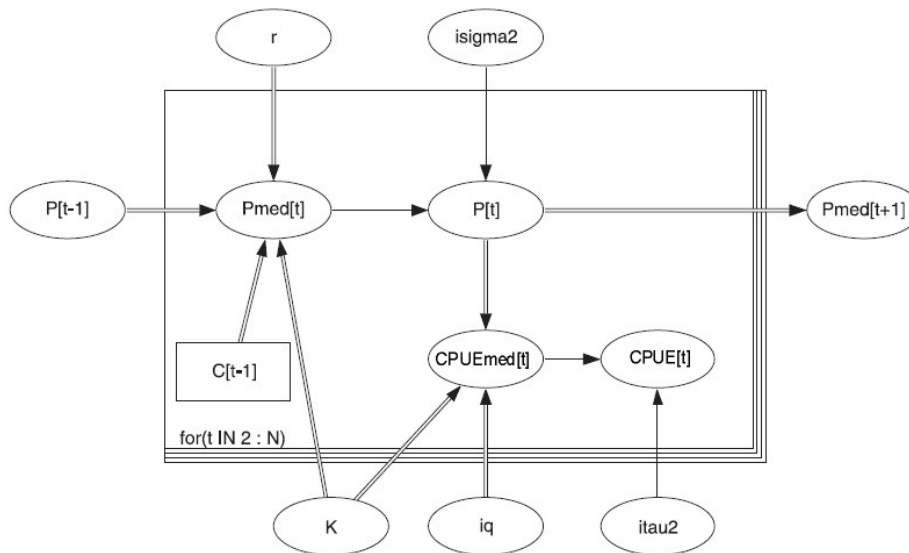


Figura 2-. Representación del modelo de producción como un *Directed Acyclic Graph* (DAG).

3 – Metodología

Para ajustar el modelo se utiliza los datos referidos a la especie *Merluccius capensis*, merluza de Namibia ([9] Pág. 240) que se presentan en la Figura 3:

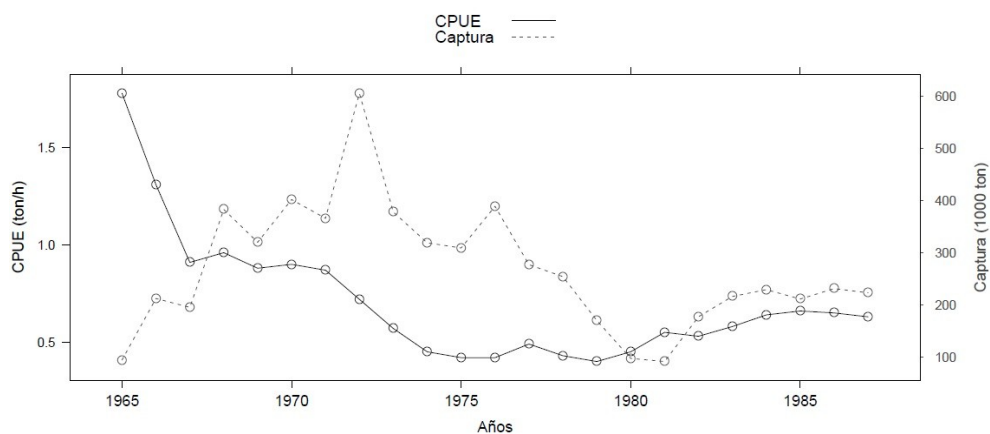


Figura 3-. Evolución de la CPUE (ton/h) y Captura (10^3 ton) observada de *Merluccius capensis* en el período 1965-1987.

Descripción para la calibración del modelo por máxima verosimilitud

El siguiente procedimiento está basado en los pseudocódigos planteados en Capítulo 10 del libro “The Ecological Detective: Confronting Models with Data” (Hilborn & Mengel, 1997).

1. Se cargan los datos referidos a las series de tiempo de CPUE y Captura.
2. Ingresar los valores iniciales para del modelo: r , K , B_0 . Hay que tener la precaución de tomar valores iniciales de los parámetros de forma tal que el modelo pueda funcionar numéricamente.
3. Se ejecuta la optimización de la suma en el tiempo t de la función de verosimilitud L_t como se indican en la Figura 4, por lo que se busca encontrar los valores de los parámetros r y K que minimizan la suma de la función L_t .
4. Una vez encontrado los valores de r y K que minimizan la función objetivo L_t , se calcula la serie de Biomazas predicha por modelo y la observada y el valor del RMS, q y el desvío estimado.
5. Se construyen los perfiles de verosimilitud para los parámetros r , K y RMS

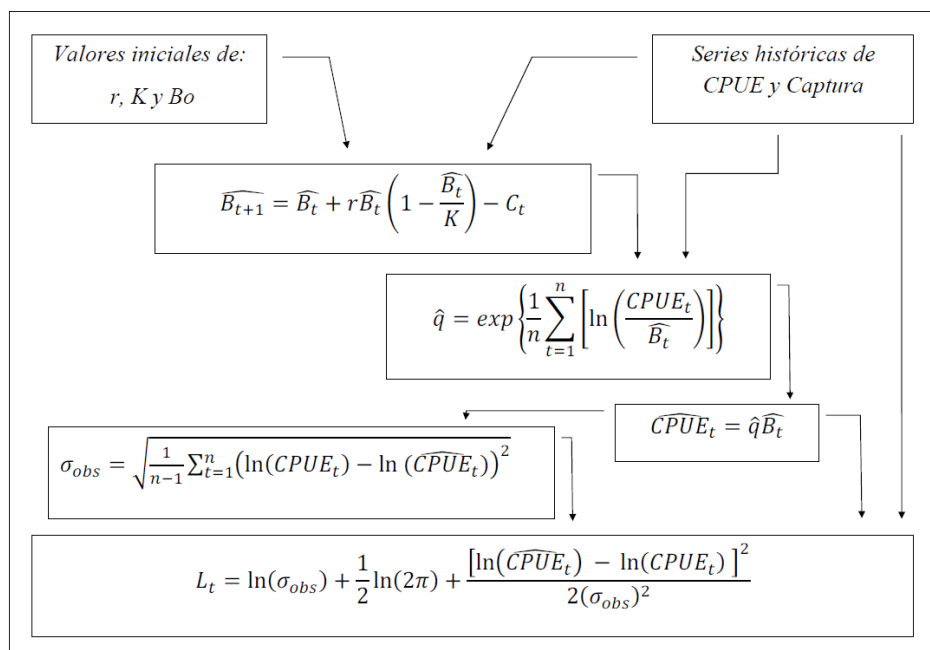


Figura 4 -. Esquema del procedimiento

4 – Resultados

Se presenta en primera instancia el ajuste del modelo utilizando los datos referidos a la especie *Merluccius capensis*, merluza de Namibia ([9] Pág. 240).

Para encontrar los valores puntuales de r y K que minimizan la función L_t , se tomaron valores iniciales de r entre 0.1 y 1 y valores iniciales de K entre 1000 y 10000, el resultado de aplicar el algoritmo de optimización es similar para todas las combinaciones posibles de estos dos parámetros. La Tabla 1 contiene el resumen descriptivo del resultado del mecanismo de optimización para el modelo de Schaefer, se observa en dicha tabla que a si bien hay una gran variabilidad considerada para los valores iniciales de r y K los valores óptimos se encuentran acotados, es decir que existe convergencia hacia una misma solución.

Tabla 1-. Estadística descriptiva del mecanismo de optimización de los parámetros

Parámetro/Resumen	Mín.	1 ^{er} Cuart.	Mediana	Media	3 ^{er} Cuart.	Máx.
r inicial	0.1000	0.3250	0.6000	0.5805	0.8000	1.0000
K inicial	2000	4000	6000	6341	8000	10000
r óptimo	0.393	0.394	0.394	0.394	0.394	0.394
K óptimo	2708	2709	2709	2709	2709	2711
$-sumLL$	-15.56	-15.56	-15.56	-15.56	-15.56	-15.56
RMS óptimo	266	267	267	267	267	267

Se obtuvo un valor de r igual a 0.394 y 2709000 ton para K . En base a estos valores se obtuvo un valor estimado para $q = 0.00045$, $\sigma_{obs}^2 = 0,125$, $RMS = 267000$ ton y se estimaron los valores de CPUE y de biomasa que se presentan en las Figuras 5 y 6 respectivamente.

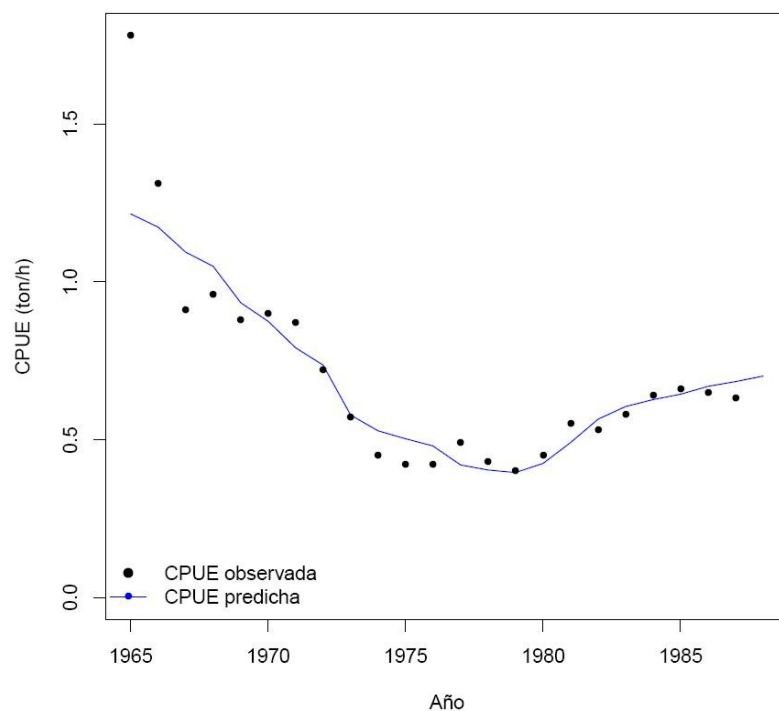


Figura 5-. Evolución de la CPUE observada y predicha por el modelo

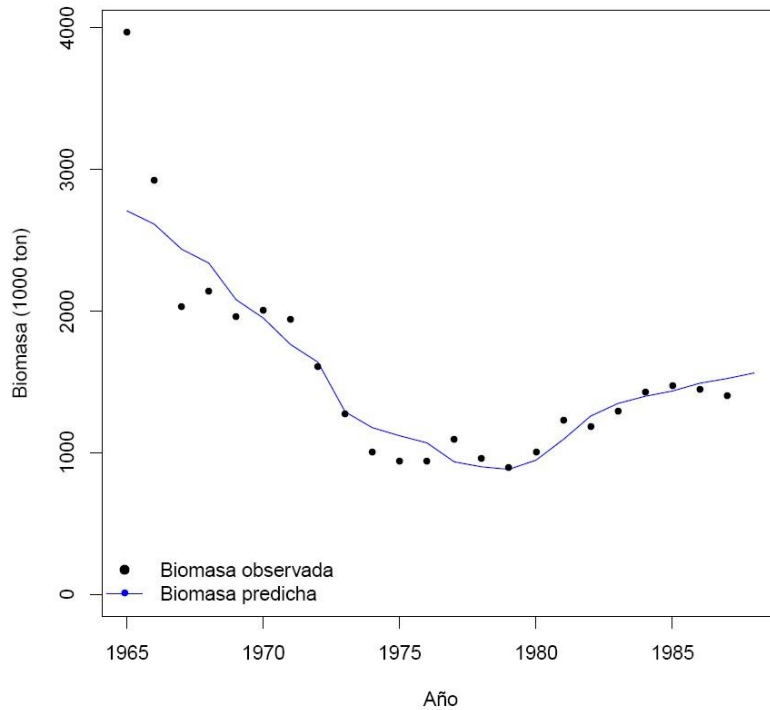
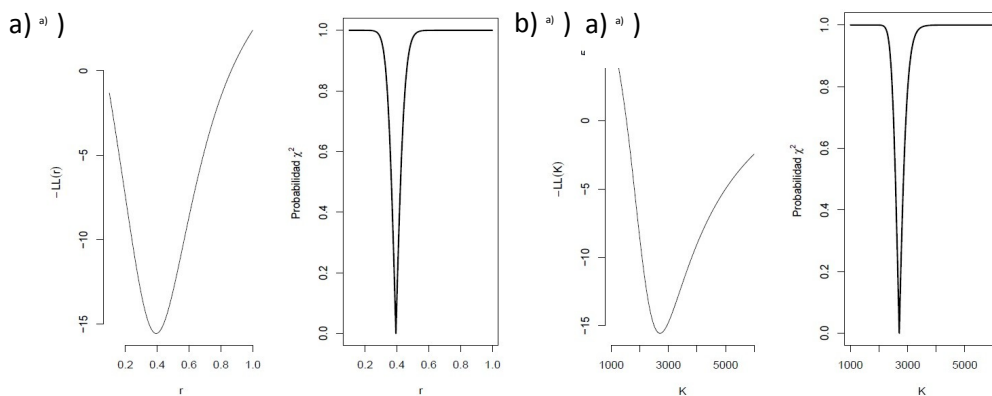


Figura 6-. Evolución de la Biomasa observada y la predicha por el modelo.

Perfiles de verosimilitud

El perfil de la función de verosimilitud, permite identificar un rango de valores, para cada parámetro del modelo r y K y para el punto de referencia biológico RMS, donde se optimiza la función de verosimilitud independientemente del valor que toman los parámetros restantes. Para ello se considera un rango de valores para cada parámetro y se optimiza la función logaritmo de la verosimilitud del mismo respecto al restante. Por ejemplo para un rango de valores de r se evalúa que valor de K minimiza el logaritmo de la verosimilitud del parámetro r . En la Figura 7 se muestra el perfil de verosimilitud para cada uno de los parámetros anteriormente mencionados. Para un nivel de significación del 5%, el intervalo de confianza para r se encuentra entre 0.31 y 0.48, K entre 2390000 y 3210000 toneladas y el RMS entre 247000 y 283000 toneladas.



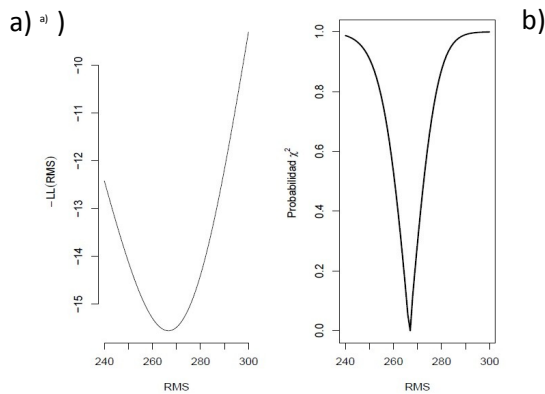


Figura 7-. a) Perfiles de verosimilitud para r, K y RMS, b) Distribución Chi-Cuadrado asociada para r, K, y RMS.

Ajuste del modelo con el enfoque Bayesiano

Para realizar el ajuste del modelo mediante inferencia Bayesiana se consideraron las siguientes distribuciones a priori para los parámetros:

$$\begin{aligned}
 r &\sim \text{dlnorm}(-1.2628643, 1.5192832)C(0.1, 0.8) \\
 K &\sim \text{dlnorm}(7.947476, 0.8112984)C(1000, 8000) \\
 iq &\sim \text{dgamma}(0.001, 0.001)C(1000, 10000) \\
 q &= 1/iq \\
 \text{isigma}_2 &\sim \text{dgamma}(1.708603, 0.008613854) \\
 \sigma_2 &= 1/\text{isigma}_2 \\
 \text{itau}_2 &\sim \text{dgamma}(1.708603, 0.008613854) \\
 \tau_2 &= 1/\text{itau}_2
 \end{aligned}$$

Para la elección de los parámetros de la distribución a priori de r se considera una Log-Normal cuyos cuantiles al 10 % y 90% toman los valores 0.1 y 0.8 respectivamente. Para el parámetro K se consideró una distribución a priori Log-Normal cuyos cuantiles al 10 % y 90% toman los valores 1000 y 8000 respectivamente. Para la distribución de q se consideró un distribución no informativa 1/iq donde iq tiene una distribución a priori Gamma, sólo se tiene en cuenta el intervalo que puede tomar los valores de q, para este caso el intervalo considerado es: 0.0001 a 0.001. Para las distribuciones a priori de los desvíos tanto de las observaciones como del proceso se considera una InversaGamma cuyos cuantiles al 10 % y 90% toman los valores 0.05 y 0.15 respectivamente.

Se detalla a continuación el procedimiento realizado en OpenBUGS para ajustar el modelo aplicando inferencia Bayesiana:

$$\begin{aligned}
P_{med_1} &= 0 \\
P_1 &\sim \text{dlnorm}(P_{med_1}, \text{isigma}_2)C(0.001, 2.0) \\
P_{med_t} &= \log(\max(P_{t-1} + r \cdot P_{t-1} \cdot (1 - P_{t-1}) - C_{t-1}/K, 0.001)) \\
P_t &\sim \text{dlnorm}(P_{med_t}, \text{isigma}_2)C(0.001, 2.0) \\
CPUE_{med_t} &= \log(q \cdot K \cdot P_t) \\
CPUE_t &\sim \text{dlnorm}(CPUE_{med_t}, \text{itau}_2) \\
CPUE_{est_t} &= e^{CPUE_{med_t}}
\end{aligned}
\left. \vphantom{\begin{aligned} P_{med_t} \\ P_t \\ CPUE_{med_t} \\ CPUE_t \\ CPUE_{est_t} \end{aligned}} \right\} \begin{array}{l} 2 \leq t \leq N \\ \\ \\ \\ \\ \end{array}$$

$$\left. \vphantom{\begin{aligned} CPUE_{med_t} \\ CPUE_t \\ CPUE_{est_t} \end{aligned}} \right\} 1 \leq t \leq N \quad RMS = r \cdot K/4$$

La Tabla 2 presenta los resultados obtenidos mediante simulaciones para los parámetros r , K , q y RMS :

Tabla 2-. Medidas de resumen estadístico de la distribución a posteriori de los parámetros

Parámetro	Media	Desvío	Percentil 2.5	Mediana	Percentil 97.5
r	0.3741	0.1046	0.1809	0.3703	0.5937
K	3193	873.6	1998	3009	5400
q	4.486e-4	9.9e-5	2.723e-4	4.436e-4	6.599e-4
RMS	279.4	36.95	204.1	279.2	354.8

En el mismo se muestreó 300000 veces y se tomaron las últimas 100000 muestras de las tres cadenas que se corrieron. En la Figura 8 se presentan para los parámetros r y K la densidad a priori (línea punteada) y a posteriori (línea sólida), en dicha figura se observa como la densidad posterior se “contrae” una vez se incorpora a la información a priori la verosimilitud de los datos. La Figura 9 contiene la distribución a posteriori para el RMS , los cuantiles, los autocorrelogramas y la convergencia de las tres cadenas simuladas. Se realizó el mismo procedimiento para el resto de los parámetros.

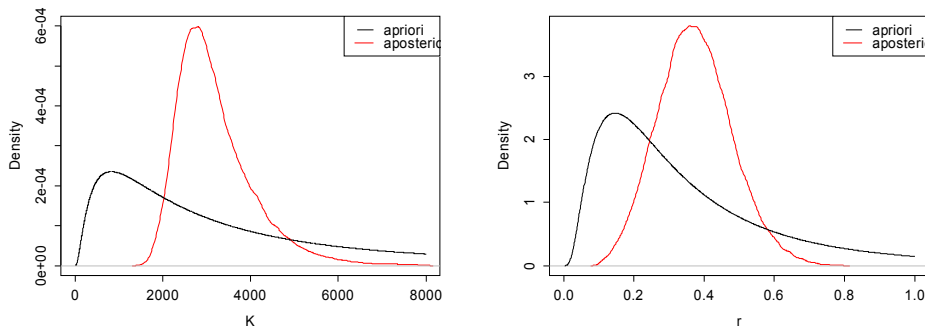
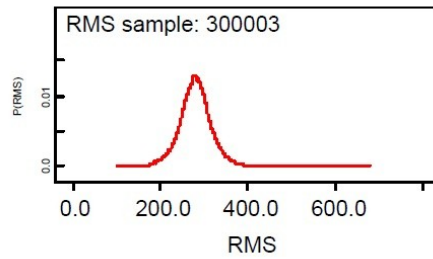
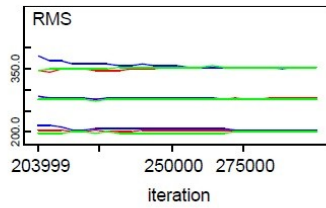


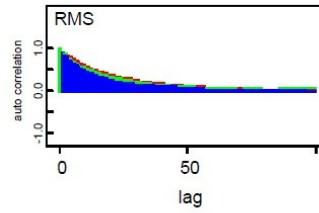
Figura 8-. Distribución a priori y a posteriori para los parámetros K y r .



(a)



(b)



(c)

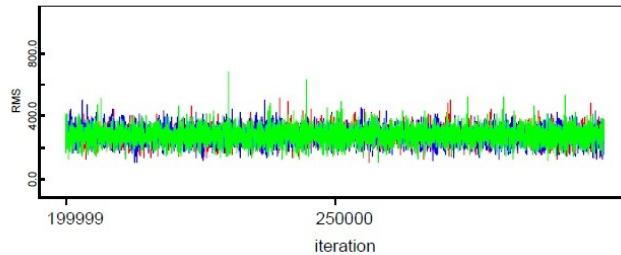


Figura 9-. (a) Distribución a posteriori. (b) Cuantiles. (c) Autocorrelograma. (d) Historia que muestra la convergencia de las tres cadenas simuladas para el RMS.

Conclusiones

De lo anteriormente expuesto se pueden destacar algunas conclusiones como las que se detallan a continuación:

1. Es posible generar a través del lenguaje en programación R, un procedimiento que permita encontrar los óptimos de los parámetros por máxima verosimilitud, de la tasa intrínseca de crecimiento y la capacidad de carga con la ventaja de que permite tener estimaciones puntuales con intervalos de confianza mediante la construcción de perfiles de verosimilitud.
2. A través del procedimiento desarrollado se logró ajustar modelos estocásticos sobre procesos de dinámica poblacional y por consiguiente esto permite evaluar las implicancias de manejo alternativas sobre recursos pesqueros por medio de los valores en los puntos de referencia biológica.
3. Una de las limitaciones que se ha encontrado, es que el procedimiento de ajuste se complejiza cuando se tiene óptimos locales. En ese caso es conveniente tener en cuenta el conocimiento biológico sobre determinada especie de manera de poder descartar algunos de esos óptimos locales que no sean biológicamente aceptables (modelo restringido).
4. Una alternativa para obtener información sobre los parámetros del modelo de Schaefer es aplicar un método Bayesiano. El cual permite encontrar distribuciones a posteriori de los parámetros. Por otro lado las estimaciones puntuales de los

parámetros realizadas por máxima verosimilitud se encuentran contempladas dentro de los posibles valores de las distribuciones a posteriori de los parámetros.

Bibliografía

1. Cadima E. L. (2003), *Manual de evaluación de recursos pesqueros*, Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura, FAO, Documento de Pesca 339, Roma.
2. Cooke K., Wittens M. (1986), “One Dimensional Linear and Logistic Harvesting Models”, *Mathematical Modelling*, Vol. 7, pp. 301-340, Pergamon Journals Ltd., U.S.A.
3. Gelman A., Carlin J.B., Stern H.S., Rubin D.B. (2004), *Bayesian Data Analysis*, Chapman and Hall/CRC, U.S.A.
4. Haddon M. (2001), *Modelling and Quantitative Methods in Fisheries*, Chapman and Hall/CRC.
5. Hilborn R., Mangel M. (1997). *The Ecological Detective: Confronting Models with Data*, Princeton University Press.
6. Meyer R., Millar R.B. (1999), “Bugs in Bayesian stock assessments”, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, Vol. 56, pp. 1078 - 1086, Canada.
7. Punt A.E., Hilborn R., (1997) “Fisheries stock assessment and decision analysis: the Bayesian approach”, *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, Vol.7, pp. 35 - 63.
8. Paquete estadístico utilizado: R Development Core Team (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.Rproject.org/>.
9. Paquete de Análisis Bayesiano utilizado: OpenBUGS 3.2.1, <http://www.openbugs.info>.