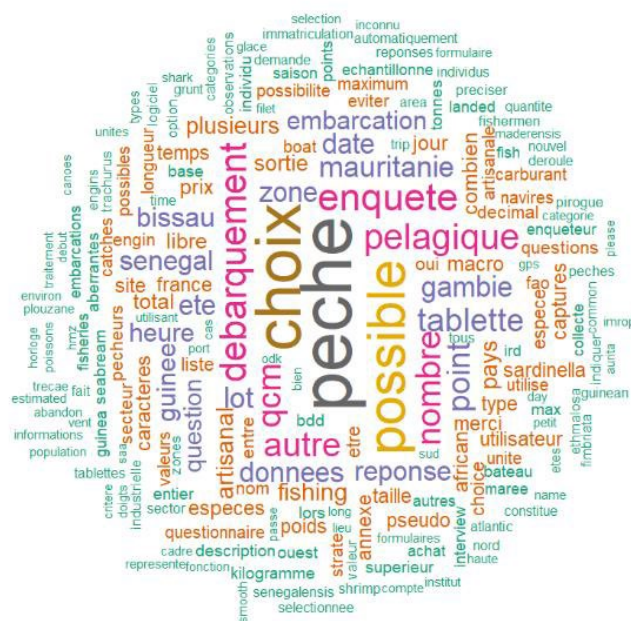


Rapport Technique IRD 2020

Projet AGD - pélagique (CSRP-IRD)

Appui à la Gestion Durable des pélagiques



Auteurs

M. Bocar Sabaly BALDE
ISRA /CRODT, Dakar, Sénégal
Courriel : bocarbalde2005@hotmail.com
Téléphone : (+221) 77 234 63 21

Mme Anne MOUGET
IRD DR France Ouest, Plouzané, France
Courriel : anne.mouget@ird.fr
Téléphone : (+33) (0)2 98 22 45 07

• IRD

M. Patrice BREHMER, IRD DR France Ouest, UMR 195 Lemar, Plouzané, France
Mme Anne MOUGET, IRD DR France Ouest, UMR 195 Lemar, Plouzané, France
M. Yannick PERROT, IRD DR France Ouest, UMR 195 Lemar, Plouzané, France

○ Informatique

M. Salem MEDDAHI, IRD France Nord, Bondy, France
M. Edern VIDELO, prestataire, Plouzané, France
M. Quentin DUCROS, IRD France

○ Administration

- IRD Délégation Régionale France Ouest, 29280, Plouzané, France
Mme Christelle GUENEGUEZ, Administrateur DR France Ouest
Mme Françoise CUDENNEC, Gestionnaire DR France Ouest
Mme Sonia GOASGUEN, Gestionnaire d'Unité UMR 195 Lemar

- IRD Siège, 44 Boulevard de Dunkerque, 13002 Marseille, France
Personnel du Service Administratif et Juridique (SAJ)
Personnel du Service Ressources humaines (DRH)
Personnel du Département Océans

• CIPA

Point focal : **Josepha Pinto** & Dr **Iça BARRY**, Centro de Investigação Pesqueira Aplicada (CIPA), Guinée Bissau

• ISRA CRODT

Point focal : M. **Modou Thiam** & Dr **Ismaila NDOUR**, ISRA, Centre de Recherche Océanographique de Dakar Thiaroye (CRODT), Sénégal

• FD

Point focal: M. **Momodou SIDIBEH**, Fisheries Department (FD), The Gambia

• IMROP

Point focal : Dr **Ely BEIBOU**, Institut Mauritanien de Recherche Océanographique et des Pêches (IMROP), Mauritanie

• CSRP

Coordinateur : Dr **Mika Samba DIOP**, AGD - pélagique CSRP, Commission Sous-Régionale des Pêches (CSRP), Sénégal

En collaboration avec

OceanRaise Africa
Courriel : oceanraiseafrica@gmail.com
Téléphone : (+221) 77 901 45 30

Coordination

M. Patrice BREHMER
IRD, Dpt Océans, UMR 195 Lemar,
Plouzané, France / CSRP, Dakar, Sénégal
Courriel : Patrice.Brehmer@ird.fr
Téléphone : (+33) (0)2 98 22 42 88

Programme financé par la MAVA



Remerciements à l'Ifremer de Brest pour le partage de documentation et son expertise halieutique.

Table des matières

Sigles et abréviations	5
Rapport Technique	6
Historique du projet et rappel sur la situation en début d'année et sur les objectifs annoncés dans le plan d'actions annuel	8
Les activités réalisées, les produits identifiés et les résultats atteints	8
<i>Homogénéisation et la dématérialisation des formulaires de pêche dans quatre pays de l'Afrique de l'Ouest (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal).....</i>	<i>8</i>
<i>Mesures prises face à la crise sanitaire COVID-19.....</i>	<i>8</i>
<i>Création d'un JBE « Journal de Bord Electronique » dématérialisé sur tablette.....</i>	<i>9</i>
<i>Mise en place et partage de module de transfert de format des bases de données</i>	<i>10</i>
<i>Production de routine sous R (logiciel libre de statistique) pour l'analyse de la base de données AGD.....</i>	<i>11</i>
<i>Accompagnement 2020 à la mise en œuvre du projet du projet AGD au niveau sous régionale, ex. mission de supervision AGD pélagique dans les pays de la CSRP concernés par le projet.....</i>	<i>11</i>
Les résultats clés	11
Les obstacles rencontrés et solutions identifiées	11
La contribution à l'objectif du projet « AGD-Pélagiques »	12
Les actions envisagées pour la période 2021	15
Annexe 1 : Format des données du journal de bord électronique « JBE » / Electronic logbook data format « JBE » / Formato de dados do diário de bordo eletrônico « JBE »	19
Annexe 2 : Création en début de crise d'affichette de sensibilisation des pêcheurs et personnels associés aux « Geste barrières contre la COVID-19 / Barrier gesture/ Gesto de barreira	62
• Mauritanie IMROP version bilingue Français & Arabe.....	62
• Sénégal ISRA/CRODT	62
○ Version Français.....	62
○ Version Wolof	62
• Gambia FD.....	62
○ Version Français.....	62
○ Version Wolof	62
• Guinée Bissau CIPA en portugais	62
Annexe 3 : Partage des Scripts R pour la valorisation des données de débarquement de la pêche artisanale en Afrique de l'Ouest	69
Relation taille-poids / length-Weight Relationship/ Relação cintura-peso	69

Analyse de la population virtuelle / Virtual Population Analysis (VPA) / Análise da População Virtual (APV)	71
Estimateur bayésien de la biomasse basé sur la longueur (LBB)/ Length-based Bayesian Biomass estimator (LBB)/ Estimador de Biomassa Bayesiana baseado no comprimento (LBB).....	83
Méthode de Monte Carlo (CMSY)/ Monte Carlo method (CMSY) método Monte Carlo (CMSY).....	106
Annexe 4 : Modélisation bioéconomique des pêcheries de sardinelles Nord-ouest Africaines dans la perspective d'une extension sous-régionale	148
Extension sous régional des scenario de gestion et gouvernance des Petits Pélagiques: : pré-reflexion phase 2 du projet.....	189
Objectifs.....	189
Identifier les attentes nationales	189
Caractériser pêcheries nationales	189
Disposer de données homogènes sur les différents segments de pêche.....	190
Adaptation du modèle au contexte régional en fonction des attentes des partenaires	191
Estimer les paramètres du modèle.....	191
Produire une simulation de référence	192
Produire des simulations alternatives.....	192

Sigles et abréviations

AGD : Appui à la Gestion Durable des pélagiques

AMP : Aire Marine Protégée

CIPA : Centro de Investigaçao Pesqueira Aplicada (Guinée Bissau)

CRODT: Centre de Recherche Océanographique Dakar-Thiaroye

CSRP: Commission Sous Régionale des Pêches

DDUNI : direction Développement des usages numériques innovants de l'IRD

FD: Fisheries Department (The Gambia)

IMROP: Institut Mauritanien de Recherches Océanographiques et de Pêches

ICCAT : Commission internationale pour la conservation des thonidés de l'Atlantique

IRD: Institut de Recherche pour le Développement (France)

ISRA: Institut Sénégalais de Recherche Agricole

JBE : Journal de Bord Electronique

LT: Longueur Totale d'un poisson en cm

$L_{min.}$: longueur total minimal d'un poisson en cm

$L_{max.}$: longueur total maximal d'un poisson en cm

MAVA : Foundation pour la nature (Suisse)

MySQL : Système de Gestion de Base de Données (SGBD)¹

NOAA : National Oceanic and Atmospheric Administration

ODK : Open Data Kit

PHP : Hypertext Preprocessor

SGBD : Système de Gestion des Bases de Données

SRFC: Sub Regional Fisheries Commission

WAMP: Windows Apache MySQL PHP

¹ Parmi les plus populaires au monde

Rapport Technique

Résumé opérationnel

Le projet d'Appui à la Gestion Durable des petits pélagiques en Afrique de l'Ouest (AGD-pélagique) (CSRP-MAVA), a pour objectif d'aider à améliorer la gestion des petits pélagiques en Afrique de l'Ouest. Les outils mis en place dans cette optique sont l'harmonisation et la dématérialisation des formulaires d'enquête de pêche artisanale dans quatre pays de l'Afrique de l'Ouest (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal) ainsi que la création d'une feuille d'enquête commune aux quatre pays. La Commission Sous-Régionale des Pêches (CSRP) participe activement au projet qui a l'ambition d'être ultérieurement étendu aux autres pays de la zone.

L'année 2020 a été marquée par la pandémie de la COVID-19. Ce virus continue à s'étendre dans tous les secteurs socio-économiques et celui de la pêche n'est pas épargné, en particulier la pêche artisanale. Dans le cadre de la lutte contre la COVID-19, plusieurs mesures ont été mises en place par les gouvernements de plusieurs pays et également par ceux concernés par le Projet AGD-Pélagique. Parmi ces mesures, on peut citer : (i) fermeture des frontières ; (ii) la mise en place de l'Etat d'urgence, et (iii) de couvre-feu; (iv) des restrictions imposées sur les heures de pêche, au niveau des quais de pêche, des sites de débarquement et de transformation des produits halieutiques. Ces mesures ont eu des répercussions sur le projet qui ont entraîné des adaptations sur le déroulement des activités qui devaient être déroulées dans le cadre du Projet AGD-Pélagique (réunions par WhatsApp et visio-conférences, pause de la collecte).

Pour faire face à cette pandémie, des actions ont dû être effectuées par le Projet AGD-Pélagique. Ainsi, des flyers sur les mesures barrières à adopter ont été partagés très tôt avec l'ensemble des pays concernés par le Projet AGD-Pélagique ainsi que l'achat de matériels sanitaires (masque, gel hydro alcoolique, etc.). Les missions de supervisions dans les pays du projet ont été annulées et certains plans de collecte de données nationales ont été impactés. Ceci n'a par contre pas empêché que les formulaires de pêche dans les quatre pays de l'Afrique de l'Ouest (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal) **soient harmonisés et dématérialisés**.

La dématérialisation a pour objectif de faciliter la prise et l'envoi d'informations par les enquêteurs via un ou plusieurs questionnaires simples et adaptés tout en réduisant le risque d'erreur de retranscription. La dématérialisation utilise des **tablettes numériques** qui ont été confiées aux centres de recherche puis aux enquêteurs sur le terrain. Les données sont envoyées directement par internet sur une base de données nationale. Le questionnaire étant harmonisé pour les 4 pays partenaires, **l'agrégation des données** et leur analyse au niveau sous régional en sera facilité.

Un journal de bord électronique dit JBE, utilisant la même application (ODK), le même support (Tablette 3G Samsung) et le même système d'exploitation (Android) que les enquêtes de débarquement de pêche artisanale, ont été livré au pays fin 2020. Ce JBE est destiné à être mis en œuvre par les pays à leur bon vouloir sous réserve d'autorisation d'embarquement d'observateurs sur les navires de la pêche industrielles. Les prises accessoires ont été considérées incluant les oiseaux marins et les cétacés. Le format livré au pays permet d'aller au-delà des petits pélagiques mais permet aussi de s'y cantonner. En revanche, il ne se substitue pas aux feuilles d'enquête dédiées à la pêche thonière. Très spécifique, la pêcherie thonière suit ses

propres règles en général issues de l'ICCAT. Néanmoins il est envisageable de dématérialiser aussi ce type de questionnaire sans contrainte technique.

Dans le cadre de la première phase du Projet AGD-Pélagique, plus de **270 000 poissons** et **15 000 pirogues** ont été échantillonnés et traités au cours de l'année 2020, au format AGD harmonisé, dans les quatre pays (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal), ce qui présente un effort considérable et un résultat encore jamais atteint dans la sous-région.

Des algorithmes de traitement de données dits « routines R » ont été réalisées via le logiciel R puis envoyées aux différents pays afin d'anticiper une future **valorisation des résultats AGD-Pélagique** et permettre aussi d'avoir des analyses facilement **comparable d'un pays à l'autre**. Ces algorithmes de traitement de données devront permettre aux différents pays de traiter et d'analyser les données collectées par les enquêteurs des pays respectifs et par la suite de les exploiter (articles scientifiques, posters, rapports scientifiques, etc.) puis de les vulgariser (note politique, presse, scolaire, etc.).

Dans le cadre de **l'accompagnement des pays à la mise en œuvre du projet AGD** au niveau sous régionale, les missions de supervision n'ont pas pu être menées à cause de la fermeture des frontières liée à la pandémie de la COVID-19. Cependant, des réunions virtuelles ont pu être tenues avec les responsables des différents pays pour s'enquérir de l'avancée et d'identifier les principaux problèmes afin d'y apporter des solutions. Enfin, des chargeurs solaires ont été acquis par le projet et seront remis aux pays courant 2021 pour pallier aux difficultés rencontrées par certains enquêteurs sur le terrain. Des cartes mémoires adaptées aux tablettes en service (dit carte SD : carte mémoire amovible de stockage de données numériques) ont aussi été acquises afin d'étendre la capacité de stockage des enquêteurs dans l'idée de faciliter l'acquisitions d'observations environnementales (texte, vidéo, audio ou image) sur le littoral.

En perspective dans le cadre du projet AGD-pélagique, au regard des avancées réalisées en 2020, le principal axe prévu pour l'année 2021 est la consolidation des acquis afin d'**avancer vers leurs pérennisations** et **valorisation des données collectées** dans les différents pays. L'activité phare de 2021 sera la réalisation d'un atelier commun de retour d'expérience et de formation additionnelle pour les quatre pays partenaires auxquels s'ajoutera la Guinée voire le Cabo Verde et la Sierra Leone à titre d'observateurs. Cet atelier aura également pour but de connaître (i) l'état d'avancement de chaque pays, (ii) les nouvelles contraintes qui sont rencontrées et (iii) de discuter des perspectives de valorisation des données collectées et de partager sur l'extrapolation des données en relations avec les activités de recensement de la pêche artisanale.

Historique du projet et rappel sur la situation en début d'année et sur les objectifs annoncés dans le plan d'actions annuel

Le but principal de ce projet est l'homogénéisation des formulaires de pêche pour l'amélioration des statistiques de pêche artisanale dans les quatre pays concernés par le projet (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal). La réalisation de cet objectif passe par un formulaire de pêche commun, tout en conservant des spécificités locales. Ce formulaire est basé sur les formulaires de pêche déjà existants dans chaque pays et a fait l'objet de concertations et d'une validation par l'ensemble des acteurs concernés (FD, CIPA, IMROP, CRODT).

Les tablettes utilisées pour la collecte des données ont été achetées et déployées sur le terrain suite à une formation *ad hoc*. Cette formation a également permis de consolider le questionnaire harmonisé et son glossaire associé et de former les points focaux de chaque pays pour qu'ils s'approprient pleinement ce nouvel outil. Les données collectées sont envoyées et stockées dans une base de données numérique propre à chaque pays.

Les activités réalisées, les produits identifiés et les résultats atteints

Homogénéisation et la dématérialisation des formulaires de pêche dans quatre pays de l'Afrique de l'Ouest (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal)

Cette activité a pu être réalisée et validée avec l'ensemble des pays au mois d'avril 2020. En effet, le questionnaire, basé sur les formulaires de pêche déjà existants au sein des différents pays, a été validé par les partenaires tout en tenant compte des contraintes techniques liées à la COVID-19. De nombreux échanges et rencontres virtuels ont permis de réaliser et de finaliser cette activité.

Mesures prises face à la crise sanitaire COVID-19

La pandémie de la COVID-19 a fait son apparition en début d'année et a touché, ici comme ailleurs, les pays concernés par le projet AGD-Pélagique. Pour y faire face, le projet a mis en place une procédure simple. Il a été demandé aux partenaires de se référer aux législations nationales de leurs pays et tout décret ou autre relatif à la lutte contre la Covid-19, afin de se mettre en cohérence avec les activités du projet qui ont dû être dans certain cas mis en stand-by.



Figure 1 : Exemple mauritanien (IMROP) de flyer réalisé par le projet aux premières heures de la pandémie de Covid19.

Enfin, des flyers (*i.e.* Figure 1, Annexe 2) pour sensibiliser les enquêteurs, superviseurs ainsi que les acteurs locaux à la lutte contre la COVID-19 ont été réalisés et envoyés à chaque partenaire dans leur langue nationale (Annexe 2). Dans le cadre des mesures barrières de lutte contre la COVID-19 également, le projet a autorisé à l'ensemble des partenaires du projet l'achat de matériels sanitaires (masque, savon, gel hydro alcoolique, etc.) afin de pouvoir mener leurs activités en conformité avec les décisions politiques et sanitaires de leurs pays respectifs.

Création d'un JBE « Journal de Bord Electronique » dématérialisé sur tablette

Dans le cadre des activités réalisées en 2021, un Journal de Bord Electronique (JBE) a été partagé avec l'ensemble des pays concernés par le Projet AGD-Pélagique. Ce JBE consiste en l'envoi de déclarations (ou messages) unitaires contenant les informations sur les activités réalisées par le navire, de l'appareillement (début de marée) en mer jusqu'au retour au port. La communication quotidienne des activités de pêche au moyen d'un JBE est une obligation déclarative mise en place au sein de l'Union Européenne depuis 2010. Elle permet de renforcer le contrôle et la surveillance des navires de pêche communautaires mais aussi d'améliorer la gestion des stocks de poissons, par des déclarations plus fines et plus fréquentes. Cette approche a aussi été mise en œuvre par la NOAA aux Etats Unis. Le changement du traditionnel rapport de capture sous forme de papier désormais en version électronique, remis après la marée, permet de livrer les informations presque en temps réel.

Ainsi, à travers l'application *ODK collect*, ce journal de bord devrait être facile à utiliser et prendrait en compte la totalité du procédé d'enregistrement conservé à bord du navire (opérations routinières effectuées par le bord, transmission des rapports de capture en temps réel, etc.). En plus de cet atout, les données de captures sont envoyées aux autorités en charge des pêches (format standard de rapport de capture), et restent disponibles pour une interrogation du bord en cas de contrôle en mer ou au débarquement effectué par un service d'inspection compétent. Les prises accidentelles et accessoires y compris de mammifère et d'oiseaux marins souvent décriées, ont été considérées dans ce JBE. La discussion ou l'adaptation éventuelle de son contenu reste ouvert. Les codes sources ont été partagés avec les Institutions de recherches partenaires.

Mise en place et partage de module de transfert de format des bases de données

Les modules de transfert sont déjà disponibles et prêt à être partagés aux pays concernés. Cependant, pour que le transfert puisse être effectué, les pays doivent envoyer leurs versions actuelles (voire passées) afin qu'ils soient actualisés avec la version en cours mis en place dans le cadre du projet. Après validation par les pays respectifs, les modules de transfert devront permettre d'avoir des bases de données uniques et harmonisées. Cela permettra de résoudre les difficultés rencontrées lors de l'analyse de longues séries chronologiques saisies sous différents formats ou lors des groupes de travail (ex. COPACE) sur l'évaluation des stocks (ex. harmonisation des données).

Production de routine sous R (logiciel libre de statistique) pour l'analyse de la base de données AGD

Les routines R ont déjà été mises à dispositions à l'ensemble des pays concernés par le projet AGD-Pélagique. Ces routines ont pour objectif d'aider les pays à valoriser les collectées dans le cadre de ce projet. Cette valorisation pourra se faire sous plusieurs formes : rapport scientifique, note politique, article scientifique, poster, etc. Ainsi, il est prévu en 2021, des rencontres, pour former les superviseurs à l'utilisation de ces scripts R et l'adaptation aux données collectés. Remises au pays ces routines sont ouvertes (open access) les codes sont libres (disponible en Annexe 3).

Accompagnement 2020 à la mise en œuvre du projet du projet AGD au niveau sous régionale, ex. mission de supervision AGD pélagique dans les pays de la CSRP concernés par le projet

En raison de la pandémie de la COVID-19, cette activité a pu être réalisée à travers les appels téléphoniques et les réunions par visio-conférence. Ceci a permis ainsi (i) d'identifier les contraintes que rencontrent les enquêteurs sur le terrain, (ii) de voir si les enquêteurs arrivent à s'adapter aux dernières mises à jour et (iii) de discuter avec les superviseurs sur la valorisation des données AGD (articles scientifiques, posters, notes politiques, etc...).

Les résultats clés

L'homogénéisation des formulaires d'enquête des différents pays a permis d'harmoniser les bases de données. Ainsi, la Guinée Bissau, la Gambie, la Mauritanie et le Sénégal ont déjà commencé à utiliser de ce nouvel outil pour collecter des données de pêche artisanale. Ce processus a pour objectif de faciliter les gestionnaires de pêche dans le traitement et l'analyse des données lors des groupes de travail d'évaluation de stocks (ex. Evaluation nationale, COPACE). Pour les enquêteurs à la base du système d'information halieutique, cela devrait initialement leurs faciliter la collecte de données et générer des données plus fiables dans un délai plus court. L'utilisation commune de ce système dans les pays de la sous-région permettra l'obtention de données uniformes. Ceci devrait également favoriser les échanges et permettre des analyses sur l'ensemble des données de la sous-région. Des questions propres à chaque pays existent cependant dans les questionnaires, permettant de respecter les spécificités locales. Dans le cadre du traitement de données et de la valorisation des données, des routines R ont également été partagées avec l'ensemble des pays concernés.

Les obstacles rencontrés et solutions identifiées

Le principal obstacle rencontré lors de ce début d'année a été l'apparition de la pandémie de la COVID-19. Celle-ci a eu pour principal impact, le ralentissement de plusieurs activités prévues en 2020 dans le cadre du Projet AGD-Pélagique. Les rencontres, missions de supervision, formation ont tous été suspendus. Pour ce faire, des mesures d'adaptation ont été mises en place afin de pallier à ce « gap » et de permettre le bon déroulement des activités du projet. Ainsi, en lieu et place, des réunions par visio-conférences ont été réalisées à travers les différentes plateformes (Zoom, Ms Teams, Skype, etc.).

Un autre problème qui s'est accentué avec l'avènement de la COVID-19 concerne la connexion internet parfois erratique. Ceci a également eu des impacts sur les échanges au niveau des groupes WhatsApp mis en œuvre à cet effet dans les pays respectifs. Enfin, au niveau du transfert des données via les tablettes en 3G des niveaux de latences² important ont été constatés pouvant (non chargé > 30 ms ; chargé > 300 ms) impacté le transfert de gros fichiers.

Les routines R qui devaient être transférées et mis en œuvre par les pays concernés par le projet AGD-Pélagique ont également subi les impacts de la pandémie de la COVID-19. En effet, ce partage de scripts R devait s'accompagner de séances de formations pour aider les superviseurs des pays dans le traitement et l'analyse des données. Parmi les solutions identifiées pour y faire face, un atelier est prévu à Dakar (Sénégal) en 2021 afin de former les superviseurs sur les routines R et sur la création et l'adaptation du questionnaire d'enquête à l'application ODK collect.

Afin de faire face aux problèmes d'alimentation en électricité des tablettes, des chargeurs solaires ont été commandés et seront mises à disposition en 2021 pour tous les partenaires. Enfin, certains enquêteurs qui souhaitent accroître leur observations numérique (ex. Vidéos, photos) ont souffert d'un problème de stockage (limitation de la capacité de stockage sur les tablettes). La coordination du projet a en conséquence acheter des cartes mémoires additionnelles compatibles aux tablettes numériques. Celles-ci seront également livrées au courant de l'année 2021.

Sur l'utilisation du serveur Paro de la CSRP pour accueillir la base sous régionale AGD, cette solution c'est avéré non réalisable, le Dashboard³ ayant lui-même des difficultés. Il a donc été décidé d'équiper la CSRP d'un serveur autonome. Reste le problème de l'obtention d'une ligne unique avec IP fixe afin de communiquer entre pays, hors de cout pour le projet. Une réflexion technique a été entamée pour palier à ce problème lors de la seconde phase du projet.

La contribution à l'objectif du projet « AGD-Pélagiques »

L'harmonisation, qui est au cœur du projet AGD-pélagique, a abouti avec l'adoption d'un formulaire d'enquête commun suite aux discussions et formations. En plus du formulaire de pêche artisanale, un Journal de Bord Electronique a été partagé avec l'ensemble des pays concernés pour la pêche industrielle. Ce JBE devrait également permettre de faciliter la collecte et le transfert des données de pêche industrielle par le passage de la version format papier à la version électronique avec l'utilisation des tablettes et de l'application ODK collect. Ce succès conforte l'ambition d'élargir la dématérialisation à l'ensemble des données récoltées par les pays partenaires sur tous les sites d'importance et toutes les espèces exploitées ou d'intérêt. La dématérialisation est en effet très intéressante car permettant un gain de temps et de fiabilité en limitant les erreurs (vérification intra-logicielle, erreurs de saisie, etc.). La mise en place de cette nouvelle procédure de suivi des pêches artisanales et

² Wiki : En informatique, la latence (ou délai de transit, ou retard) est le délai de transmission dans les communications informatiques¹ (on trouve parfois l'anglicisme lag). Il désigne le temps nécessaire à un paquet de données pour passer de la source à la destination à travers un réseau. À n'importe quel paquet transmis par réseau correspond donc une valeur de latence. Le terme est néanmoins utilisé pour désigner les délais plus longs, perceptibles par les utilisateurs.

³ Serveur mis en place à la CSRP par le projet PRAO (Banque Mondiale) pour accueillir le registre des navires de la sous-région.

industrielles permettra d'améliorer significativement la gestion des petits pélagiques dans la zone de la CSRP et l'échange d'information.

Enfin, nous sommes heureux de partager quelques résultats statistiques illustratifs du projet AGD pélagique. Au cours de l'année 2020, plus de **270 000 poissons et 15 000 pirogues ont été échantillonnées** et traités, au format AGD unifié, dans les quatre pays. Ce qui présente un effort considérable et un résultat encore jamais atteint. Nous présentons ci-dessous les résultats bruts non traité tels que livrés en fin de 1^{er} phase. Plus de 15 034 embarcations ont traitées (Tableau 1), tous types de pirogues et d'engins confondus, dans les pays concernés (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal).

Tableau 1 Nombre d'embarcations enquêtées par pays en 2020.

Nombre d'embarcation traitée	Mauritanie	Guinée Bissau	Gambie	Sénégal
Total	4064	1394	886	8690

Les résultats préliminaires (Figure 2) montrent une dominance du nombre de pirogues enquêtées au Sénégal (8690 pirogues) suivies respectivement de la Mauritanie (4064 pirogues), la Guinée-Bissau (1394 pirogues) et de la Gambie (886 pirogues).

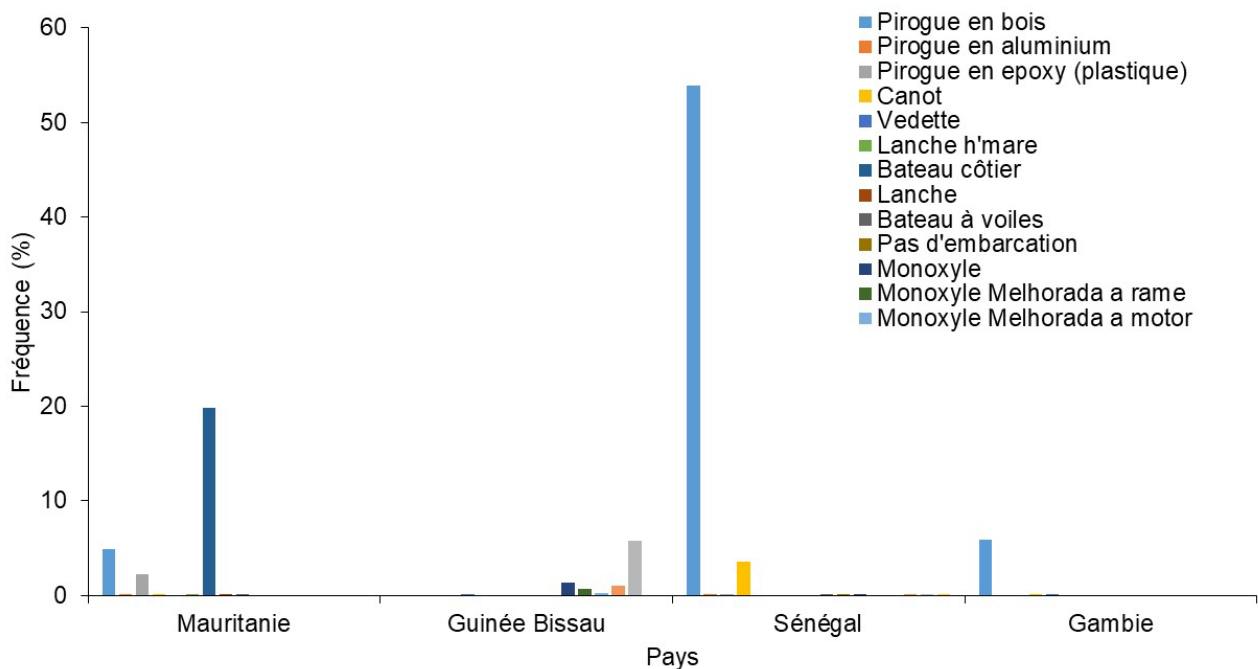


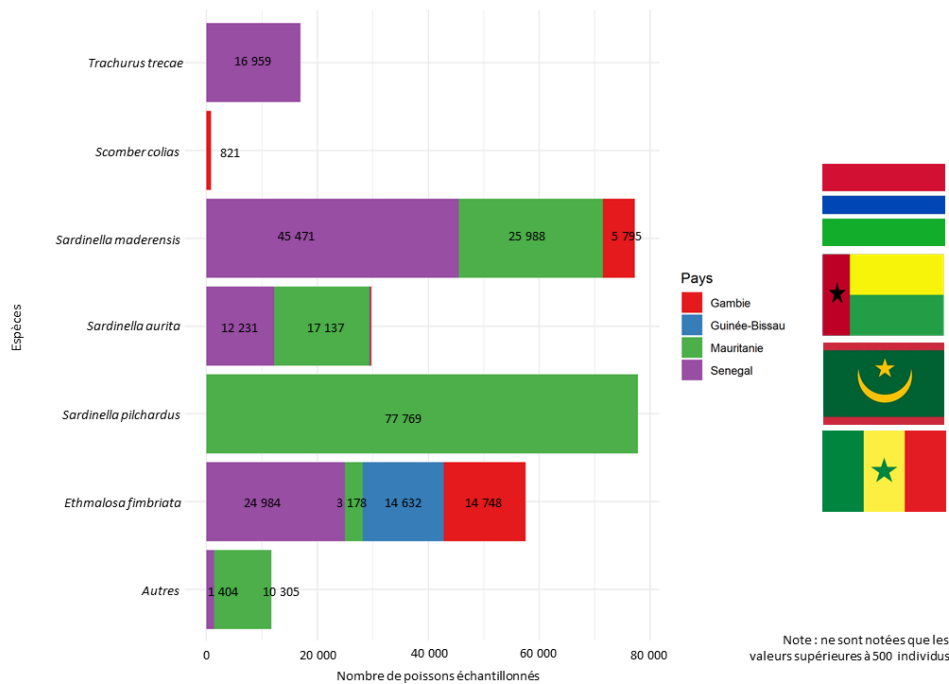
Figure 2 : Histogramme du nombre d'embarcation enquêtées par pays dans le cadre du projet AGD-Pélagique en 2020.

Au total, 271 816 individus ont été recensés dans les quatre pays de la CSRP concernés par le projet durant l'année 2020 (Tableau 2).

Tableau 2: Nombre d'individu par espèces échantillonnées par pays dans le cadre du projet AGD-Pélagique en 2020.

Code	Espèces / Species	Guinée-Bissau	Mauritanie	Gambie	Sénégal
BOA	<i>Ethmalosa fimbriata</i>	14632	3178	14748	24984
HMZ	<i>Trachurus trecae</i>	3	0	0	16959
SAA	<i>Sardinella aurita</i>	149	17137	230	12231
SAE	<i>Sardinella maderensis</i>	3	25988	5795	45471
PIL	<i>Sardina pilchardus</i>	0	77769	0	0
MAS	<i>Scomber colias</i>	0	0	821	0
Other	Autre	0	10304	0	1341
Unknown	Inconnu	9	1	0	63
Total général		14 796	134 377	21 594	101 049

Parmi les espèces identifiées par le projet (Figure 3), *Sardina pilchardus* ; capturée uniquement en Mauritanie ; représente la grande majorité des mesures (77 769 individus) suivis respectivement de *Sardinella maderensis* (77 257 individus), *Ethmalosa fimbriata* (57 542), *Sardinella aurita* (29 747 individus) et *Trachurus trecae* (16 962 individus). En plus de ces échantillons, d'autres espèces ont également été capturées (*Mugil spp*, *Cymbium spp*, *Arius heudelotii*, *Gerres melanopterus*, *Galeoides decadactylus*, *Brachydeutus auritus*, *Drepane africana*, *Sepia officinalis*, *Ilisha africana*, ...).



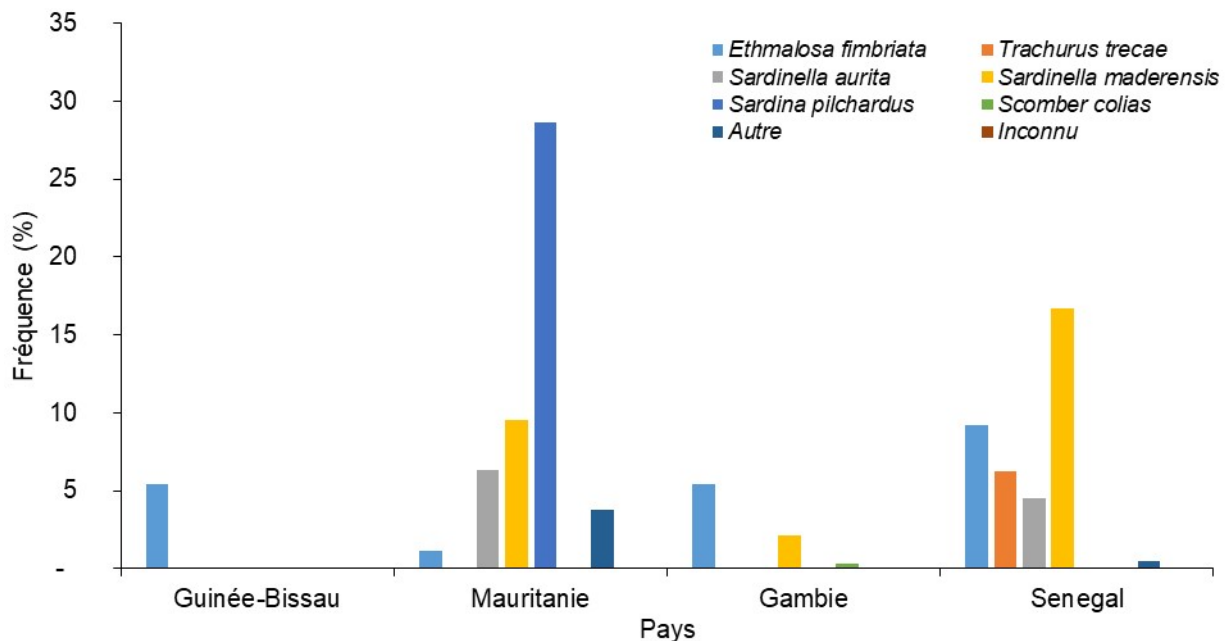


Figure 3 : Histogramme du nombre d'espèces échantillonnées par pays dans le cadre du projet AGD-Pélagique en 2020.

Les actions envisagées pour la période 2021

Dans le cadre de la stratégie 1 « Amélioration des systèmes de collecte de données et des connaissances scientifiques sur les stocks et sites critiques des petits pélagiques dans la sous-région ouest africaine », il est prévu de conserver l'objectif initial face aux bons résultats obtenus en phase 1, *i.e.*, les lacunes sont comblées en matière de qualité des données et de connaissances en matière d'évaluation des stocks des petits pélagiques. Pour se faire deux résultats ont été identifiés qui se déclinent en sous activités.

- **Les résultats des études scientifiques sont utilisables pour la gestion durable des petits pélagiques**
 - Les bases de données sur les statistiques de pêche, les données biologiques et les principaux descripteurs des pêcheries des petits pélagiques sont encouragées à être régulièrement alimentées via un format unifié et/ou de formats interopérables des données de pêche artisanale pour les petits pélagiques mis en place en phase 1 du projet AGD ;
 - Évaluation sous-régionale indirecte des stocks de petits pélagiques ancrée sur les données existantes et l'utilisation d'outils nouvelle génération de collecte des données, le suivi des captures de petits pélagiques opérationnels sur les sites de débarquement de la pêche artisanale des pays concernés (Mauritanie, Gambie, Sénégal, Guinée-Bissau, voire en Guinée), afin d'obtenir des données bio-statistiques sur les pêcheries de petits pélagiques ;
 - Un nombre critique de personnel formé (autonomisé) à l'usage des outils existants pour le suivi des activités de pêche et pour l'analyse et le partage des informations ;

- Un Journal de bord électronique (JBE), harmonisé, trilingue (pour les 4 pays), opérationnel, délivré aux pays pour les navires industriels de pêche de PP autorisés à pêcher dans les pays concernés, est officiellement adopté.
- **La gouvernance des zones côtières est évaluée pour les petits pélagiques**
 - Collecte d'information socio-économiques sur les différents segments de la pêche ;
 - Analyse puis synthèse des données bioéconomiques par segment ;
 - Développement d'un format unifié et/ou de formats interopérables sur les données bioéconomiques par segments ;
 - Mise en place d'un model bioéconomique sous régional sur les petits pélagiques ;
 - Réalisation de scénario de gestion des petits pélagiques ;
 - Évaluation de l'état bioéconomique des stocks et de la pêcherie de petits pélagiques.
- **Un effort de communication des acquis du projet est encouragé**
 - Réalisation d'articles (de papiers révisés par les pairs) scientifiques et rapport, reconnus par la communauté internationale ;
 - Réalisation de Roll up ;
 - Livraison des extensions de mémoire (SD), et chargeurs solaires.

Tableau : Récapitulatif des actions réalisées par IRD en 2020 dans le cadre de la convention CRSP-IRD sur le projet de CSRP-MAVA « AGD-Pélagique ».

Désignation	Etat d'avancement	Les produits identifiés	Evaluation de l'action
Homogénéisation et la dématérialisation des formulaires de pêche dans quatre pays de l'Afrique de l'Ouest (Gambie, Guinée-Bissau, Mauritanie et Sénégal)	Validé	Echanges avec les partenaires, Réalisation d'un questionnaire homogène à l'échelle de la sous-région Validation de ce questionnaire par l'ensemble des partenaires	Très Bonne
Amélioration des statistiques de pêche	Validé	Echange avec les partenaires Discussion avec les superviseurs des pays	Bonne
Production d'un système de validation qualité des données	En cours	Echange avec les partenaires Discussion avec les superviseurs des pays	Bonne
Module de transfert de format des bases de données o AGD version 1 Senegal -> AGD sous regionale o AGD version 1 Gambia -> AGD sous regionale o AGD version 1 Guinée Bissau -> AGD sous regionale o AGD sous regionale <-> base IMROP o AGD sous regionale <-> base CRODT	Validé	Les modules de transfert sont déjà disponibles et prêt à être partagés aux pays concernés.	Bonne
Production de routine sous R (logiciel libre de statistique) pour l'analyse des données de la base : o l'analyse de la population virtuelle (VPA) o Biomasse du stock reproducteur (SSB) o Modèle de biomasse basé sur la longueur (LBB) o Rendement Maximal Durable des Captures (Catch-MSY) o Relation taille-poids o Facteur de condition	Validé	Les routines R ont déjà été mises en place.	Bonne
Formulaire JBE (Journal de Bord Electronique)	Validé	Un formulaire JBE a été livré à l'ensemble des pays concernés.	Bonne

<p>Accompagnement 2020 à la mise en œuvre du projet du projet AGD au niveau sous régionale, ex. mission de supervision AGD pélagique dans les pays de la CSRP concernés par le projet.</p>	<p>En cours</p>	<p>Des réunions par visio-conférences ont pu être effectuées en réponse à la pandémie de la COVID-19</p>	<p>Bonne</p>
--	-----------------	--	--------------

Annexe 1 : Format des données du journal de bord électronique « JBE » / Electronic logbook data format « JBE » / Formato de dados do diário de bordo eletrônico « JBE »

Code question/Question code/Código da questão <code variable>/<variable code>/<código variável> Format/Format/Formato Unité/unit/unidade	Français (CRODT – IMROP, Mauritanie, Sénégal)	English (FD, The Gambia)	Português (CIPA, Guinea Bissao)	Remarques Remarks Observações
1.	Métadonnées	Metadata	Metadados	Data automatically recorded
Q.1.1 <metadata_hour_start> Alphanum Unité : N/A	Date et heure du début de l'enquête	Date and time of interview's beginning	Data e hora de inicio de inquerito	Validé/ Validated Validado
Q.1.2 <metadata_hour_end> Unité : DD-MM-YYYY ; HH:MM:SS	Date et heure de fin de l'enquête	Date and time of interview's end	Data e hora de fim de inquerito	Validé/ Validated Validado
2.	Données générales sur l'enquête	General data on the interview	Dados gerais sobre Inquerito	Questions only for interviewer not for the fisherman
2.1	<i>Identité de l'enquêteur</i>	<i>Interviewer Identity</i>	<i>Identidade do Inquiridor</i>	

Q.2.1 <user_identity> Alphanum Unité : N/A	Please indicate who you are	Merci d'indiquer qui vous êtes	Por favor, indique quem você é	Only one choice possible/ Un seul choix possible/ Uma única escolha possível
2.1.1. <note_identity> Alphanum Unité : N/A	Si vous êtes enregistré en tant qu'utilisateur avec un pseudo mais différent, merci de vous connecté avec votre compte. Si ce n'est pas le cas, merci de répondre aux questions suivantes afin de vous identifier.	If you are sign up as user but with another pseudo, please log in with your own account. If not, please answer these following questions allowing your identification.	Si você já estava registada como utilizador com um código diferente, favor conectar com vossa conta. Se não for o caso, favor responde ao seguinte questionário a fim se identificar	Message si non à Q.2.1.1. Message if no at Q.2.1.1 Validé/Validated/Validado
Q.2.1.2 <new_user_last _name> Alphanum Unité : NA	Quel est votre nom de famille ?	What is your last name?	Qual e o seu apelido?	Si non à Q.2.1.1 Validé/Vali dated/Vali dado
Q.2.1.3 Si non à Q.2.1.1 <new_user_first _name> Alphanum Unité : N/A	Quel est votre prénom ?	What is your first name?	Qual é o seu nome?	Validé/Valida ted/Validado

Q.2.1.4 <new_user_country> QCM/MCQ 1c ⁴ Texte / text Unité : N/A	Dans quel pays se déroule l'enquête ? <i>un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Cap-Vert • Gambie • Guinée-Bissau • Guinée-Conakry • Maroc • Mauritanie • Sénégal • Sierra Léone 	In which country does the interview take place? <i>only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Cape Verde • Gambia • Guinea-Bissau • Guinea Conakry • Morocco • Mauritania • Senegal • Sierra Leone 	Em que país se decorre o inquérito <i>Uma única escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Cabo Verde • Gâmbia • Guiné-bissau • Guiné Conakry • Marrocos • Mauritânia • Senegal • Serra Leoa 	Validé/Validated/Validado Si non à 2.1.1
Q.2.1.5 <new_user_institut> Alphanum Unité : N/A	A quel institut êtes-vous rattaché ?	Which institute are you attached to?	Em que instituição você esta colocado?	Validé/Validated/Validado Si non à 2.1.1
2.	Départ de la marée	Departure to fishing trip	Partida para viagem de pesca	
2.1 <boat_immatriculation> Texte / text Unité : N/A	Immatriculation navire	Ship registration	Registro de navios	Validé/Validated/Validado
Q.2.1.1 <boat_name> Texte / text Unité : N/A	Nom navire	Name ship	Navio nome	Validé/Validated/Validado
Q.2.1.2 <boat_departure_location> Texte / text Unité : N/A	Lieu de départ	Place of departure	Local de partida	Validé/Validated/Validado

⁴ Un seul choix est possible / Only one choice is possible / Apenas uma escolha é possível

Q.2.1.3 < boat_departure_ gps> Géolocalisation / geolocation Unité : latitude en degré, minute longitude en degré, minute / latitude in degree minute, longitude in degree minute	Géolocalisation	Geolocation	Geolocation	Validé/Validated/Validado
Q.2.1.4 < boat_departure_ time > Date et heure/date and time (GMT) Unité : N/A	Date et heure du départ	Date and time of departure	Data e hora da partida	Validé/Validated /Validado
Q.2.1.5 < boat_crew > Date et heure/date and time (GMT) Unité : N/A	Nombre de personnes à bord	Number of people on board	Número de pessoas a bordo	Validé/Valida ted/Validado
Q.2.1.6 < type_vessel > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Type de navire <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Chalutier • Dragueur • Fileyeur • Senneur • Autre 	Type of ship <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Trawler • Dredger • Fileyor • Seiner • Other 	Tipo de navio <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Traineira • Draga • Fileyor • Seiner • Outro 	Validé/Validated /Validado
2.2	Nouvelle opération de pêche	New fishing operation	Nova operação de pesca	
Q.2.2.1 < filage_datetime> Date et heure/date and time (GMT) Unité : N/A	Date et heure (locale) de filage <i>(fin de mise à l'eau de l'engin)</i>	Date and time (local) of spinning <i>(end of launching of the fishing gear)</i>	Data e hora (local) da fiação <i>(fim do lançamento da embarcação)</i>	Validé/Validate d/Validado

<p>Q.2.2.2 < filage_gsp ></p> <p>Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Position GPS de filage</p>	<p>GPS position of spinning</p>	<p>Posição GPS de fiação</p>	<p>Validé/Validated /Validado</p>
<p>Q.2.2.3 < virage_datetime ></p> <p>Date et heure/date and time (GMT) Unité : N/A</p>	<p>Date et heure (locale) de virage (<i>début de remontée de l'engin</i>)</p>	<p>Date and time (local) of turn (<i>start of recovery of the fishing gear</i>)</p>	<p>Data e hora (local) do turno (<i>início da recuperação das artes de pesca</i>)</p>	<p>Validé/Validated /Validado</p>
<p>Q.2.2.4 < virage_gps ></p> <p>Géolocalisation / geolocation Unité : latitude en degré, minute longitude en degré, minute / latitude in degree minute, longitude in degree minute</p>	<p>Position GPS de virage</p>	<p>GPS position of turn</p>	<p>Posição GPS do turno</p>	<p>Validé/Validated/Validado</p>
<p>Q.2.2.5 <prof ></p> <p>Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Profondeur moyenne de l'engin</p>	<p>Average depth of the machine en train d'acheter du poisson ?</p>	<p>Profundidade média da máquina</p>	<p>Validé/Validated /Validado</p>
<p>Q.2.2.6 < etat_mer ></p> <p>QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Etat de la mer <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Calme • Ridée • Belle • Peu agitée • Afitée • Forte • Très forte 	<p>State of the sea <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Calm • Wrinkled • Beautiful • Slightly agitated • Agitated • Strong agitation • Very strong agitation 	<p>Estado do mar <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Calma • Enrugado • Bonito • Ligeiramente agitado • Agitado • Forte agitação • Agitação muito forte 	<p>Validé/Validated /Validado</p>

<p>Q.2.2.7 < type_chalut > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type d'engin utilisé <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Chalut à perche • Chaluts bœufs de fond • Chaluts bœufs pélagique • Chaluts de fond à panneaux • Chaluts jumeaux à panneaux • Chaluts pélagiques à panneaux 	<p>Type of trawl used <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Beam trawl • Bottom pair trawls • Pelagic pair trawls • Bottom otter trawls • Otter twin trawls • Pelagic otter trawls 	<p>Tipo de rede de arrasto utilizada <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Redes de arrasto de par de fundo • Redes de arrasto pelágicas de parelha • Redes de arrasto pelo fundo de lontras • Redes de arrasto gémeas de lontra • Redes de arrasto pelágico com portas 	<p>Validé/Validated/Validado</p>
<p>Q.2.2.8 < type_drague > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type de drague utilisé</p> <ul style="list-style-type: none"> • Drague à manœuvré du bateau • Dragues à manœuvré • Dragues mécanisées • Dragues rebocadas par bateau 	<p>Type of dredger used</p> <ul style="list-style-type: none"> • Hand-operated dredger operated from the boat • Hand dredgers • Mechanised dredgers • Boat towed dredgers 	<p>Tipo de draga utilizada</p> <ul style="list-style-type: none"> • Draga de mão operada por navio • Dragagens de mão • Dragagens mecanizadas • Dragas rebocadas por barcos 	<p>Validé/Validated/Validado</p>

<p>Q.2.2.9 < type_filet > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type de filet utilisé <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Filets à l'étagage (diabes) • Filets flottants (maillant calés) • Filets maillants (non spécifiés) • Filets maillants calés (ancrés, filets maillants de fond à une nappe) • Filets maillants dérivants (filets dérivants) • Filets maillants encerclants • Filets maillants et filets emmêlants (non spécifiés) • Filets maillants fixes (sur perches) • Filets pièges fixes non couverts • Filets soulevés manoeuvrés du bateau 	<p>Type of net used <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Nets on display (devils) • Floating nets (wedged gill nets) • Gillnets (not specified) • Wedged gillnets (anchored, single-sheet bottom-set gillnets) • Drift gillnets (drift nets) • Encircling gillnets • Gillnets and entangling nets (not specified) • Fixed gillnets (on poles) • Uncovered fixed trap nets • Lifted nets manoeuvred from the boat • Portable lifted nets • Revolving nets with slide (purse seines) • Revolving nets without slide (lampar net) 	<p>Tipo de net usada <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Redes em exposição (demónios) • Redes flutuantes (redes de gueiras calçadas) • Redes de emalhar (não especificado) • Redes de emalhar fixas (redes de emalhar fundeadas, de uma só folha) • Redes de emalhar de deriva (redes de emalhar de deriva) • Redes de emalhar envoltentes • Redes de emalhar e redes de enredar (não especificadas) • Redes de emalhar fixas (em postes) • Redes fixas de armadilhas descobertas • Redes elevadas 	<p>Validé/Validated/Validado</p>
--	---	---	---	----------------------------------

	<ul style="list-style-type: none"> • Filets soulevés portatifs • Filets tournants avec coulisse (sennes coulissantes) • Filets tournants sans coulisse (filet lamparo) • Trémails 	<ul style="list-style-type: none"> • Trams 	<p>manobradas a partir do barco</p> <ul style="list-style-type: none"> • Redes portáteis elevadas • Redes rotativas com corrediças (redes de cerco com retenida) • Redes rotativas sem corrediça (rede lamparo) • Eléctricos 	
<p>Q.2.2.10 <type_senne> QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type de senne utilisée <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Sennes (à poche) manœuvrées par deux bateaux • Sennes (à poche) manœuvrées par un bateau • Sennes danoises (mouillées) • Sennes écossaises (volantes) • Sennes halées à bord • Sennes manœuvrées par deux bateaux 	<p>Type of seine used <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Seines (pocket seines) operated by two boats • Seines (pocket seines) operated by a boat • Danish seines (wet) • Tartan seines (flying) • Seines hauled on board • Seines operated by two boats 	<p>Tipo de seno utilizado <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Seines (seines de bolso) operadas por dois barcos • Seines (seines de bolso) operadas por um barco • Redes de cerco dinamarqueas (molhadas) • Redes de cerco escocesas (voadoras) • Seinas içadas a bordo • Seines operadas por dois barcos 	<p>Validé/Validated /Validado</p>

Q.2.2.11 < type_autre > Numérique entier / numeric integer Unité : N/A	Autres engin utilisé <ul style="list-style-type: none"> • Tamis • Trémails et filets maillants combinés • Verveux 	Other equipment used <ul style="list-style-type: none"> • Sieve • Combined trammel nets and gillnets • Fyke nets 	Outro equipamento utilizado <ul style="list-style-type: none"> • Peneira • Redes combinadas de tresmalhos e redes de emalhar • Armações 	Validé/Validated Validado
2.3	Détails du chalut	Trawl details	Detalhes de arrasto	

<p>Q.2.3.1 < dispo_sel > QCM/MCQ mc⁵ Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Dispositif sélectif ?</p> <ul style="list-style-type: none"> • Aucun dispositif sélectif • Panneau maille carrée • Grille • TED (dispositif d'échappement des tortues) • Voile • Nappes séparatrices • Panneau maille carrée – 100 mm • Panneau maille carrée – 200 mm • Grande maille de 100 ou 180 • Maille carrée merlu • Maille carrée cabillaud • Cul en maille carrée • Pinger • Trappe d'échappement (casier) • Autre • Indéterminé 	<p>Selective device?</p> <ul style="list-style-type: none"> • No selective device • Square mesh panel • Grid • TED (turtle escape device) • Sailing • Separating tablecloths • Square mesh panel - 100 mm • Square mesh panel - 200 mm • Large mesh of 100 or 180 • Square mesh hake • Square mesh cod • Square mesh bottom • Pinger • Exhaust hatch (locker) • Other • Undetermined 	<p>Dispositivo seletivo?</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nenhum dispositivo seletivo • Painel de malha quadrada • Grelha • TED (Dispositivo de Escape de Tartarugas) • Vela • Toalhas de mesa separadoras • Painel de malha quadrada - 100 mm • Painel de malha quadrada - 200 mm • Grande malha de 100 ou 180 • Pescada de malha quadrada • Bacalhau de malha quadrada • Cu de malha quadrada • Pinger • Escotilha de exaustão (cacifo) • Outros • Indeterminado 	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.2 < forme_tetiere > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Forme de la têtère <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Un morceau • Plusieurs morceaux 	<p>Shape of the headrest <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • A piece • Several pieces 	<p>Forma do encosto de cabeça <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Uma peça • Várias peças 	<p>Validé/Validated Validado</p>

⁵ Multiple choix/ Multiple choice / Escolha múltipla

<p>Q.2.3.3 < hauteur_patin > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Hauteur des patins (chalut à perche)</p>	<p>Skate height (beam trawl)</p>	<p>Altura do skate (rede de arrasto de vara)</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.4 < lg_bras > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Longueur d'un bras</p>	<p>Length of an arm</p>	<p>Comprimento de um braço</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.5 < lg_dos_perches > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Cumulated length of back ropes or poles</p>	<p>Longueur cumulée cordes de dos ou des perches</p>	<p>Comprimento acumulado de cordas ou postes traseiros</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.6 < chal_maillage > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Plus petit maillage à la jauge</p>	<p>Smallest mesh to the gauge</p>	<p>Menor malha para o calibre</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.7 < nb_chalut_perches > Alphanum Unité : N/A</p>	<p>Nombre de chaluts ou nombre de perches</p>	<p>Number of trawls or number of poles</p>	<p>Número de redes de arrasto ou número de pólos</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.8 < nb_faces > Alphanum Unité : N/A</p>	<p>Nombre de faces</p>	<p>Number of faces</p>	<p>Número de faces</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.2.3.9 < nb_panneaux > Alphanum Unité : N/A</p>	<p>Nombre de panneaux</p>	<p>Number of panels</p>	<p>Número de painéis</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>

<p>Q.2.3.10 < ouv_verti > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Ouverture verticale</p>	<p>Vertical opening</p>	<p>Abertura vertical</p>	<p>d Validé/ Validado</p>
<p>Q.2.3.10 < type_bourrelet > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type de bourrelet <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Rockhopper • Léger à anneaux • Fourré • Caoutchouc • Corde • Classique • Chainé simple • Chaine et anneaux • Diabolos • Bourrelet franc • Autre • Indéterminé 	<p>Bead type <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Rockhopper • Lightweight with rings • Thicket • Rubber • Rope • Classic • Simple chain • Chain and rings • Diabolos • Frank bead • Other • Undetermine d 	<p>Tipo de talão <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Rockhopper • Leve com anéis • Arvoredo • Borracha • Corda • Clássico • Corrente simples • Corrente e anéis • Diabolos • Frank bead • De outros • Indetermina do 	<p>Validé/ Validado</p>
<p>Q.2.3.11 < type_greement > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Type de gréement <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Fourche • Entremise 	<p>Type of rigging <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Fork • Mediation 	<p>Tipo de amarração <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Garfo • Mediação 	<p>d Validé/ Validado</p>
<p>Q.2.3.12 < vitesse_chal > Alphanum Unité : N/A</p>	<p>Vitesse engin</p>	<p>Gear speed</p>	<p>Velocidade da engrenagem</p>	<p>o Validé/ Validado</p>
<p>2.4</p>	<p>Détails du filet</p>	<p>Details of the net</p>	<p>Detalhes da rede</p>	
<p>Q.2.4.1 < hauteur_fil > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros</p>	<p>Hauteur du filet</p>	<p>Net height</p>	<p>Altura da rede</p>	<p>d Validé/ Validado</p>

Q.2.4.2 < fil_petit_maillage > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros	Plus petit maillage à la jauge	Smallest mesh to the gauge	Menor malha para o calibre	Validé/Validated Validado
Q.2.4.3 < fil_grand_maillage > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros	Plus grand maillage à la jauge	Largest mesh on the gauge	Maior malha no calibre	Validé/Validated/ Validado
Q.2.4.4 < nb_nappes > QCM/MCQ 1c Numérique [1 ; 3] / Numeric [1; 3] / Digital [1; 3] Unité : N/A	Nombre de nappes <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • 1 • 2 • 3 	Number of tablecloths <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • 1 • 2 • 3 	Número de toalhas de mesa <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • 1 • 2 • 3 	Validé/Validated Validado
Q.2.4.5 < psce_barrette > QCM/MCQ 1c Numérique [0 ; 2] / Numeric [0; 2] / Digital [0; 2] Unité : N/A	Présence de barrette <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Oui • Non 	Presence of bar <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Yes • No 	Presença de bar <i>Uma única resposta possível</i> <ul style="list-style-type: none"> • Sim • Não 	Validé/Validated Validado
2.5	Détails de la drague	Details of the dredge	Detalhes da draga	
Q.2.5.1 < armature > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Armature <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Lame • Dents 	Armature <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Blade • Teeth 	Armadura <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Lâmina • Dentes 	Validé/Validated Validado

<p>Q.2.5.2 < ecart_dents > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros</p>	Ecartement des dents	Teeth gap	Diferença de dentes	Validé/Validated Validado
<p>Q.2.5.3 < haut_lame_dent > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros</p>	Hauteur (lame ou dents)	Height (blade or teeth)	Altura (lâmina ou dentes)	Validé/Validated Validado
<p>Q.2.5.4 < drag_maillage > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros</p>	Plus petit maillage à la jauge	Smallest mesh to the gauge	Menor malha para o calibre	Validé/Validated Validado
<p>Q.2.5.5 < nb_drag > Numérique entier / numeric integer Unité : N/A</p>	Nombre de dragues	Number of dredges	Número de dragas	Validé/Validated Validado
<p>Q.2.5.6 < vitesse_drag > Numérique entier / numeric integer Unité : knots/ nœuds/ nós</p>	Vitesse engin	Gear speed	Velocidade da engrenagem	Validé/Validated Validado
<p>Q.2.5.7 < volet_depr > QCM/MCQ 1c Numérique [0 ; 2] / Numeric [0; 2] / Digital [0; 2] Unité : N/A</p>	Volet dépresseur <i>Un seul choix possible</i> • Oui • Non	Depressor shutter <i>Only one choice possible</i> • Yes • No	Obturador do compressor <i>Uma única resposta possível</i> • Sim • Não	Validé/Validated Validado

2.6	Détails de la senne	Details of the seine	Detalhes da rede de cerco	
Q.2.6.1 < disp_concentration > QCM/MCQ mc Texte / text Unité : N/A	Dispositif(s) de concentration <ul style="list-style-type: none"> • Appât • Lumière • Leurre • Mixte • Pas de dispositif de concentration 	Concentration device (s) <ul style="list-style-type: none"> • Bait • Light • Lure • Mixed • No concentration device 	Dispositivo (s) de concentração <ul style="list-style-type: none"> • Isca • Luz • Atrair • Misturado • Nenhum dispositivo de concentração 	Validé/Validated /Validado
Q.2.6.2 < haut_senne > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros	Hauteur étirée ou chute	Stretched height or fall	Altura esticada ou queda	Validé/Validated /Validado
Q.2.6.2 < long_senne > Numérique entier / numeric integer Unité : mètres/ meters/ metros	Longueur	Length	Comprimento	Validé/Validated /Validado
Q.2.6.3 < senne_maillage > Numérique entier / numeric integer Unité : millimètres/ millimeters/ milímetros	Plus petit maillage à la jauge	Smallest mesh to the gauge	Menor malha para o calibre	Validé/Validated /Validado
Q.2.6.4 < senne_fond > QCM/MCQ 1c Numérique [0 ; 2] / Numeric [0; 2] / Digital [0; 2] Unité : N/A	Senne ayant touché le fond ? <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Oui • Non 	Seine having bottomed? <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Yes • No 	Seine tendo emborcado? <i>Uma única resposta possível</i> <ul style="list-style-type: none"> • Sim • Não 	Validé/Validated /Validado

3.	Merci d'enregistrer une à une toutes les espèces de la partie retenue ainsi que leur nombre et poids	Thank you to record one by one all the species of the selected part as well as their number and weight	Obrigado a gravar uma por uma todas as espécies da parte selecionada, bem como o seu número e peso	
3.1	Nouvelle espèce dans la partie retenue	New species in the selected part	Novas espécies na parte selecionada	Validé Validated Validado

<p>Q.3.1.1 < sp_pnr > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Nom latin de l'espèce <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenidae spp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> 	<p>Latin name of the species <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenidae spp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> • <i>Penaeus notialis</i> 	<p>Nome latino da espécie <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenidae spp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> • <i>Penaeus notialis</i> 	<p>Validé/Validated Validado</p>

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Penaeus notialis</i> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentane mus quinquarius</i> • <i>Polynemiidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegallus</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentanemus quinquarius</i> • <i>Polynemiidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> • <i>Pseudotolithus spp</i> • <i>Sciaenidae</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegallus</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentanemus quinquarius</i> • <i>Polynemiidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> • <i>Pseudotolithus spp</i> 	
--	--	--	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Pseudotolithus</i> spp • <i>Sciaenidae</i> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudoneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudoneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> • <i>Decapterus</i> spp • <i>Lichia amia</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sciaenidae</i> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudoneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> • <i>Decapterus</i> spp 	
--	---	--	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Decapterus spp</i> • <i>Lichia amia</i> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> • <i>Sardina pilchardus</i> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoidei</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Lichia amia</i> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> • <i>Sardina pilchardus</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sardina pilchardus</i> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoides</i> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatis</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoides</i> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatidae</i> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatidae</i> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> • <i>Pteroscion peli</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus</i> 	
--	--	--	--	--

	<p><i>platypterus</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo</i> spp • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> • <i>Pteroscion peli</i> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocranus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegallus</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocranus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegallus</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> • <i>Seriola</i> spp • <i>Alestes</i> spp • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus</i> spp • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys</i> spp • <i>Bagrus</i> spp 	<p><i>macrolepis</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Pteroscion peli</i> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocranus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegallus</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> • <i>Seriola</i> spp • <i>Alestes</i> spp • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus</i> spp 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Seriola spp</i> • <i>Alestes spp</i> • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus spp</i> • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys spp</i> • <i>Bagrus spp</i> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondylion soma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Unidentified species • Other 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondylion soma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Unidentified species • Other 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys spp</i> • <i>Bagrus spp</i> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondylion soma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Unidentified species • Other 	
--	---	--	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondyliosoma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Espèce non identifiée • Autre 		<p>identificada</p> <ul style="list-style-type: none"> • Outro 	
<p>Q.3.1.2 < sp_pnr_other > Alphanum Unité : N/A</p>	<p>L'option « autre » a été sélectionnée, merci de préciser l'espèce de l'individu échantillonné</p>	<p>The option « other » has been selected, please precise the specie of the sampled individual</p>	<p>Opção « outro » foi selecionado, favor precisar a especie de individuo amostrado</p>	<p>Validé/Validated Si sélection de « Autre » en Q.3.1.1</p>
<p>Q.3.1.2 < nb_sp_pnr > Numérique entier / numeric integer Unité : N/A</p>	<p>Nombre d'individus de cette espèce</p>	<p>Number of individuals of this species</p>	<p>Número de indivíduos desta espécie</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.3.1.3 < poids_sp_pnr > Numérique entier / numeric integer Unité : N/A</p>	<p>Poids de l'ensemble des individus de cette espèce</p>	<p>Weight of all individuals of this species</p>	<p>Peso de todos os indivíduos desta espécie</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.3.1.4 < exhaustivite_sp_pnr > QCM/MCQ 1c Numérique [0 ; 2] / Numeric [0; 2] / Digital [0; 2] Unité : N/A</p>	<p>Toutes les espèces de la partie non retenue ont-elles été recensées ? <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Oui • Non 	<p>Have all the species of the non-retained part been enumerated? <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Yes • No 	<p>Todas as espécies da parte não retida foram enumeradas? <i>Uma única resposta possível</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Sim • Não 	<p>Validé/Validated Validado</p>

<p>Q.3.1.5 < poids_pnr_non_detail > Numérique entier / numeric integer Unité : kilograms/ kilogrammes/ quilogramas</p>	<p>Poids rejets non détaillés (animaux)</p>	<p>Discard weight not detailed (animals)</p>	<p>Descarte o peso não detalhado (animais)</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.3.1.6 < poids_pnr_inerte > Numérique entier / numeric integer Unité : kilograms/ kilogrammes/ quilogramas</p>	<p>Poids inertes et végétaux</p>	<p>Inert and vegetable weights</p>	<p>Pesos inertes e vegetais</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.3.1.7 < poids_tot_pnr > Numérique entier / numeric integer Unité : kilograms/ kilogrammes/ quilogramas</p>	<p>Poids total de la partie non retenue</p>	<p>Total weight of the unrestrained part</p>	<p>Peso total da parte sem restrições</p>	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>4.</p>	<p>Commence ici l'échantillonnage et d'individus</p>	<p>Begins here the sampling of individuals</p>	<p>Começa aqui a amostragem de indivíduos</p>	
<p>4.1</p>	<p>Nouvel individu échantillonné</p>	<p>New sampled individual</p>	<p>Novo indivíduo amostrado</p>	

<p>Q.4.1.1 < sp_ech > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Nom latin de l'espèce <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenasp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> 	<p>Latin name of the species <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenasp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> • <i>Penaeus notialis</i> 	<p>Nome latino da espécie <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Sepiidae, Sepiolidae</i> • <i>Loliginidae, Ommastrephidae</i> • <i>Octopodidae</i> • <i>Balistidae</i> • <i>Trichiuridae</i> • <i>Sardinella spp</i> • <i>Ethmalosa fimbriata</i> • <i>Thunnus albacares</i> • <i>Pomatomus saltatrix</i> • <i>Rachycentron canadum</i> • <i>Trachurus spp</i> • <i>Caranx rhonchus</i> • <i>Caranx spp</i> • <i>Trachinotus spp</i> • <i>Alectis alexandrinus</i> • <i>Scombercolias</i> • <i>Stromateus fiatola</i> • <i>Sphyraenasp</i> • <i>Elasmobranchii</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Brachyura</i> • <i>Palinurus spp</i> • <i>Penaeus notialis</i> 	<p>Validé/Validated Validado</p>

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Penaeus notialis</i> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentane mus quinquarius</i> • <i>Polynemidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegallus</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentanemus quinquarius</i> • <i>Polynemidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> • <i>Pseudotolithus spp</i> • <i>Sciaenidae</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Parapena eopsis atlantica</i> • <i>Gastropoda</i> • <i>Oreochromis (=Tilapia) spp</i> • <i>Osteichthyes</i> • <i>Lutjanus spp</i> • <i>Plectorhinchus mediterraneus</i> • <i>Pomadasys jubelini</i> • <i>Argyrosomus regius</i> • <i>Pseudotolithus senegallus</i> • <i>Pseudotolithus senegalensis</i> • <i>Sparidae</i> • <i>Drepane africana</i> • <i>Scaridae</i> • <i>Polydactylus quadrifilis</i> • <i>Galeoides decadactylus</i> • <i>Pentanemus quinquarius</i> • <i>Polynemidae</i> • <i>Tetraodontidae</i> • <i>Pseudotolithus elongatus</i> • <i>Pseudotolithus spp</i> 	
--	---	---	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Pseudotolithus</i> spp • <i>Sciaenidae</i> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudopneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudopneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> • <i>Decapterus</i> spp • <i>Lichia amia</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sciaenidae</i> • <i>Pagellus</i> spp • <i>Cynoglossidae</i> • <i>Elops lacerta</i> • <i>Ariidae</i> • <i>Mugilidae</i> • <i>Epinephelus</i> spp • <i>Scombridae</i> • <i>Sphyrna lewini</i> • <i>Parapeneus longirostris</i> • <i>Natantia</i> • <i>Octopus vulgaris</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Pleuronectiformes</i> • <i>Merluccius senegalensis</i> • <i>Gadiformes</i> • <i>Brachydeuterus auritus</i> • <i>Dentex</i> spp • <i>Pseudopneustes prayensis</i> • <i>Trichiurus lepturus</i> • <i>Scomberomorus tritor</i> • <i>Katsuwonus pelamis</i> • <i>Xiphias gladius</i> • <i>Scombroidei</i> • <i>Decapterus</i> spp 	
--	--	---	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Decapterus spp</i> • <i>Lichia amia</i> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> • <i>Sardina pilchardus</i> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoidei</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Lichia amia</i> • <i>Chloroscombrus chrysurus</i> • <i>Campogramma glaycos</i> • <i>Chaceon maritae</i> • <i>Panulirus spp</i> • <i>Palinuridae</i> • <i>Penaeus spp</i> • <i>Diplodus spp</i> • <i>Sparus aurata</i> • <i>Lithognathus mormyrus</i> • <i>Mullidae</i> • <i>Plesiopenaeus edwardsianus</i> • <i>Aristeus spp</i> • <i>Trachinus spp</i> • <i>Ephippidae</i> • <i>Congridae</i> • <i>Brotula barbata</i> • <i>Zeus faber</i> • <i>Branchiostegidae</i> • <i>Emmelichthyidae</i> • <i>Schedophilus velaini</i> • <i>Scorpaenidae</i> • <i>Triglidae</i> • <i>Lophius spp</i> • <i>Sardina pilchardus</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sardina pilchardus</i> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoides</i> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatis</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Engraulis encrasicolus</i> • <i>Clupeoides</i> • <i>Sarda sarda</i> • <i>Orcynopsis unicolor</i> • <i>Acanthocybium solandri</i> • <i>Auxis thazard, A. rochei</i> • <i>Euthynnus alletteratus</i> • <i>Thunnus thynnus</i> • <i>Soleidae</i> • <i>Carangidae</i> • <i>Coryphaena hippurus</i> • <i>Echeneidae</i> • <i>Merluccius spp</i> • <i>Muraenidae</i> • <i>Fistularia tabacaria</i> • <i>Epinephelus marginatus</i> • <i>Ginglymostoma cirratum</i> • <i>Rhizoprionodon acutus</i> • <i>Sphyrnidae</i> • <i>Mustelus mustelus</i> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Paragaleus pectoralis</i> • <i>Leptocharias smithii</i> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatidae</i> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinobatos cemiculus</i> • <i>Dasyatidae</i> • <i>Rhinoptera marginata</i> • <i>Myliobatidae</i> • <i>Mobulidae</i> • <i>Gymnura altavela</i> • <i>Rajiformes</i> • <i>Epinephelus aeneus</i> • <i>Serranidae</i> • <i>Dicentrarchus punctatus</i> • <i>Haemulidae</i> (=Pomadasyidae) • <i>Umbrina canariensis</i> • <i>Bivalvia</i> • <i>Cephalopoda</i> • <i>Holothuroidea</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Cymbium cymbium</i> • <i>Scyllaridae</i> • <i>Mollusca</i> • <i>Murex spp</i> • <i>Cymbium spp</i> • <i>Gerres nigri</i> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> 	
--	---	---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Labridae</i> • <i>Mustelus spp</i> • <i>Squalus blainville</i> • <i>Centrophorus granulosus</i> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> • <i>Pteroscion peli</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> • <i>Pteroscion peli</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Rhinobatidae</i> • <i>Pristidae</i> • <i>Crassostraea spp</i> • <i>Cerastoderma edule</i> • <i>Acanthuridae</i> • <i>Lepidopus caudatus</i> • <i>Schedophilus pamarco</i> • <i>Perciformes</i> • <i>Sardinella aurita</i> • <i>Crustacea</i> • <i>Sardinella maderensis</i> • <i>Thunnus obesus</i> • <i>Isurus oxyrinchus</i> • <i>Carcharodon carcharias</i> • <i>Prionace glauca</i> • <i>Carcharhinus signatus</i> • <i>Epinephelus goreensis</i> • <i>Istiophorus platypterus</i> • <i>Belonidae</i> • <i>Hemiramphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo spp</i> • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus</i> 	
--	--	---	--	--

	<p><i>platypterus</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Belontiidae</i> • <i>Hemirhamphidae</i> • <i>Istiophorus albicans</i> • <i>Labeo</i> spp • <i>Sarotherodon melanotheron</i> • <i>Plectorhynchus macrolepis</i> • <i>Pteroscion peli</i> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocraenus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegalensis</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocraenus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegalensis</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> • <i>Seriola</i> spp • <i>Alestes</i> spp • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus</i> spp • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys</i> spp • <i>Bagrus</i> spp 	<p><i>macrolepis</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Pteroscion peli</i> • <i>Hemichromis fasciatus</i> • <i>Heterotis niloticus</i> • <i>Papyrocraenus afer</i> • <i>Mormyridae</i> • <i>Gymnarchus niloticus</i> • <i>Citharinus</i> spp • <i>Hepsetus odoe</i> • <i>Alestes baremoze</i> • <i>Makaira nigricans</i> • <i>Makaira indica</i> • <i>Caranx senegalensis</i> • <i>Caranx hippos</i> • <i>Selene dorsalis</i> • <i>Thunnus alalunga</i> • <i>Crocodylus niloticus</i> • <i>Rhodophyceae</i> • <i>Seriola</i> spp • <i>Alestes</i> spp • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus</i> spp 	
--	---	--	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Seriola spp</i> • <i>Alestes spp</i> • <i>Brycinus leuciscus</i> • <i>Brycinus nurse</i> • <i>Hydrocynus forskahlii</i> • <i>Distichodus spp</i> • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys spp</i> • <i>Bagrus spp</i> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondyliosoma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Other • Unidentified specie 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondyliosoma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Outro • Especie não 	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Auchenoglanis biscutatus</i> • <i>Chrysichthys spp</i> • <i>Bagrus spp</i> • <i>Clarias gariepinus</i> • <i>Clarias anguillaris</i> • <i>Synodontis spp</i> • <i>Lates niloticus</i> • <i>Lethrinus atlanticus</i> • <i>Pagellus erythrinus</i> • <i>Pagellus bellottii</i> • <i>Ilisha africana</i> • <i>Solea solea</i> • <i>Tetrapturus audax</i> • <i>Tetrapturus angustirostris</i> • <i>Dentex macrophthalmus</i> • <i>Tetrapturus pfluegeri</i> • <i>Albula vulpes</i> • <i>Arius spp</i> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondyliosoma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Outro • Especie não 	
--	--	---	--	--

	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Dentex angolensis</i> • <i>Spondyliosoma cantharus</i> • <i>Pagrus spp</i> • <i>Mugil cephalus</i> • <i>Boops boops</i> • Autre • Espèce non identifiée 		identificada	
Q.4.1.1.1 < sp_ech_other > Alphanum Unité : N/A	L'option « autre » a été sélectionnée, merci de préciser l'espèce de l'individu échantillonné	The option « other » has been selected, please precise the specie of the sampled individual	Opção « outro » foi selecionado, favor precisar a especie de individuo amostrado	Validé/Validated Si sélection de « Autre » en Q.4.1.1
Q.4.1.1 < sexe_ech > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Sexe <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Mâle • Femelle • Indéterminé 	Sex <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Male • Female • Unknown 	Sexo <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Masculino • Fêmea • Desconhecido 	Validé/Validated Validado
Q.4.1.2 < poids_ech > Numérique entier / numeric integer Unité : grams/grammes / gramas	Poids	Weight	Peso	Validé/Validated Validado
Q.4.1.3 < taille_ech > Numérique entier / numeric integer Unité : centimeters / centimètres / centímetros	Longueur totale	Total length	Comprimento total	Validé/Validated Validado

Q.4.1.4 < ech_partie > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Partie? <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> Partie retenue Partie non retenue 	Part? <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> Retained part Part not retained 	Festa? <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> Parte retida Parte não retida 	Validado Validé/Validate
5.	Captures accidentelles (hors oiseaux)	Accidental catches (excluding birds)	Capturas acidentais (excluindo aves)	
5.1	Merci de répertorier ici les captures accidentelles (hors oiseaux)	Please list here the accidental captures (excluding birds)	Por favor, liste aqui as capturas acidentais (excluindo aves)	
Q.5.1.1 < acc_gps > Géolocalisation / geolocation Unité : latitude en degré, minute longitude en degré, minute / latitude in degree minute, longitude in degree minute	Position géographique	Geographical position	Posição geográfica	Validé/Validated /Validado
Q.5.1.2 < acc_sp > Texte /text Unité: N/A	Espèce <i>Nom scientifique</i>	Specie <i>Scientific name</i>	Espécies <i>Nome científico</i>	Validé/Validated /Validado
Q.5.1.3 < acc_lg > Numérique entier / numeric integer Unité : centimeters / centimètres / centímetros	Longueur totale	Total length	Comprimento total	Validé/Validated /Validado
Q.5.1.4 < acc_circ > Numérique entier / numeric integer Unité : centimeters / centimètres / centímetros	Circonférence si mammifère marin	Circumference if marine mammal	Circunferência se mamífero marinho	Validé/Validated /Validado

Q.5.1.5 < acc_poids > Numérique entier / numeric integer Unité : kilograms / kilogrammes / quilogramas	Poids	Weight	Peso	Validé/Validated Validado
Q.5.1.6 < acc_sexe > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Sexe <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Mâle • Femelle • Indéterminé 	Sex <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Male • Female • Unknown 	Sexo <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Masculino • Fêmea • Desconhecido 	Validé/Validated Validado
Q.5.1.7 < acc_etat > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Etat de remise à l'eau <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Mort • Vivant 	State of release <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Death • Living 	Estado de liberação <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Morte • Vivo 	Validé/Validated Validado
Q.5.1.7 < acc_photo > Image Unité : N/A	Photo de l'animal capturé accidentellement	Photo of the accidentally captured animal	Foto do animal capturado acidentalmente	Validé/Validated Validado
6.	Captures accidentelles d'oiseaux	Accidental catches of birds	Capturas acidentais de aves	
6.1	Merci de répertorier ici les captures accidentelles d'oiseaux	Thank you for listing here the accidental catch of birds	Obrigado por listar aqui a captura acidental de pássaros	
Q.6.1.1 < ois_gps > Géolocalisation / geolocation Unité : latitude en degré, minute longitude en degré, minute / latitude in degree minute, longitude in degree minute	Position géographique	Geographical position	Posição geográfica	Validé/Validated Validado

Q.6.1.2 < ois_sp > Texte /text Unité: N/A	Espèce <i>Nom scientifique</i>	Specie <i>Scientific name</i>	Espécies <i>Nome científico</i>	Validé/ Validated /Validado
Q.6.1.3 < ois_age > Alphanum Unité: N/A	Classe d'âge <i>Si possible</i>	Age class <i>If possible</i>	Classe de idade <i>Se possível</i>	Validé/ Validated /Validado
Q.6.1.4 < ois_plum> QCM/MCQ 1c Numérique [0 ; 2] / Numeric [0; 2] / Digital [0; 2] Unité : N/A	Prélèvement de plumes ? <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Oui • Non 	Feather collection? <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Yes • No 	Coleção de penas? <i>única escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Sim • Não 	Validé/ Validated /Validado
Q.6.1.5 < ois_etat_capt > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Etat de l'oiseau lors de sa capture accidentelle <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Mort • Vivant 	State of the bird during his accidental capture <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Death • Living 	Estado do pássaro durante sua captura accidental <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Morte • Vivo 	Validé/ Validated /Validado
Q.6.1.6 < ois_capt_vivant > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Description de la capture accidentelle <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Oiseau pris par la tête • Oiseau pris par le bec • Oiseau pris par le corps • Oiseau pris par une ou deux ailes • Oiseau pris par les pattes • Non documenté 	Description of the bycatch <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Bird caught by the head • Bird caught by the beak • Bird caught by the body • Bird caught by one or two wings • Bird caught by the legs • Not documented 	Descrição das capturas acessórias <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Pássaro pego pela cabeça • Pássaro pego pelo bico • Pássaro pego pelo corpo • Pássaro pego por uma ou duas asas • Pássaro pego pelas pernas • Não documentado 	Validé/ Validated /Validado

<p>Q.6.1.7 < ois_capt_mort > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Description de la capture accidentelle <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Oiseau mort sans blessure visible • Oiseau avec blessure visible (sang) • Oiseau avec membre cassé (aile, patte) • Oiseau étranglé par un filet • Oiseau dont le corps est pris dans le filet • Oiseau avec hameçon dans le corps, la tête, le bec 	<p>Description of the bycatch <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Dead bird with no visible injury • Bird with visible wound (blood) • Bird with broken limb (wing, leg) • Bird strangled by a net • Bird whose body is caught in the net • Bird with hook in body, head, beak 	<p>Descrição das capturas acessórias <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Pássaro morto sem ferimentos visíveis • Pássaro com ferida visível (sangue) • Pássaro com membro quebrado (asa, perna) • Pássaro estrangulado por uma rede • Pássaro cujo corpo está preso na rede • Pássaro com anzol no corpo, cabeça, bico 	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.6.1.8 < ois_etat_relache > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Etat de l'oiseau relâché <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Oiseau relâché vivant • Oiseau remis à l'eau mort 	<p>State of the released bird <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Bird released alive • Bird released dead 	<p>Estado do pássaro lançado <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Pássaro solto vivo • Pássaro lançado mortos 	<p>Validé/Validated Validado</p>
<p>Q.6.1.9 < ois_etat_relache_viv > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A</p>	<p>Oiseau relâché vivant <i>Un seul choix possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Oiseau relâché en bonne santé • Oiseau relâché blessé ou chancelant 	<p>Bird released alive <i>Only one choice possible</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Healthy released bird • Injured or tottering released bird 	<p>Pássaro libertado vivo <i>Uma unica escolha</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • Pássaro solto saudável • Ave solta ferida ou cambaleante 	<p>Validé/Validated Validado</p>

Q.6.1.10 < ois_etat_relache_sante > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Oiseau relâché en bonne santé <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Repart en volant • Reste posé sur l'eau • Non documenté 	Bird released healthy <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Flying off again • Rest on the water • Not documented 	Pássaro liberado saudável <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Voar para longe • Descanse na água • Não documentado 	Validé/Validated Validado
Q.6.1.11 < ois_etat_relache_blesse > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Oiseau relâché blessé ou chancelant <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Repart en volant • Reste posé sur l'eau • Oiseau meurt • Non documenté 	Released bird injured or staggered <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Flying off again • Rest on the water • Bird dies • Not documented 	Pássaro solto ferido ou desconcertado <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Voar para longe • Descanse na água • Pássaro morre • Não documentado 	Validé/Validated Validado
Q.6.1.12 < ois_eat_relache_mort > QCM/MCQ 1c Texte / text Unité : N/A	Oiseau remis à l'eau mort <i>Un seul choix possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Oiseau remonté à bord par l'observateur • Oiseau non remonté à bors par l'observateur 	Bird released in the water dead <i>Only one choice possible</i> <ul style="list-style-type: none"> • Bird brought on board by the observer • Bird not brought on board by the observer 	Pássaro liberado na água <i>Uma unica escolha</i> <ul style="list-style-type: none"> • Pássaro trazido a bordo pelo observador • Pássaro não trazido a bordo pelo observador 	Validé/Validated Validado
Q.6.1.13 < ois_photo > Image Unité : N/A	Photo de la capture accidentelle de l'oiseau	Photo of the accidental capture of the bird	Foto da captura accidental do pássaro	Validé/Validated Validado
7.	Retour de la marée	End of fishing	Fim da maré	
Q.7.1 < boat_return > Texte / text Unité : N/A	Lieu de retour	What is the place of departure?	Qual é o local de partida?	Validé/Validated Validado

Q.7.2 < boat_return > date et heure / date and time Unité : DD-MM- YYYY ; HH:MM:SS	Date et heure de retour	When did the return place?	Quando o retorno aconteceu?	Validé/ Validado
8.	Vente	Sale	Venda	
Q.8.1 < sale_location > Texte / text Unité : N/A	Lieu de vente	Sale location	Lugar de venda	Validé/ Validado
Q.8.2 < sale_gps > Géolocalisation / geolocation Unité : latitude en degré, minute longitude en degré, minute / latitude in degree minute, longitude in degree minute	Géolocalisation du point de vente	Geolocation of the point of sale	Geolocalização do ponto de venda	Validé/ Validado
Q.8.3 < sale_datetime > date et heure / date and time Unité : DD-MM- YYYY ; HH:MM:SS	Date et heure de vente	Date and time of sale	Data e hora da venda	Validé/ Validado
Q.8.4 < sale_type > date et heure / date and time Unité : DD-MM- YYYY ; HH:MM:SS	Type de vente	Type of sale	Tipo de venda	Validé/ Validado

Annexe 2 : Création en début de crise d'affichette de sensibilisation des pêcheurs et personnels associés aux « Geste barrières contre la COVID-19 / Barrier gesture/ Gesto de barreira

- Mauritanie IMROP version bilingue Français & Arabe
- Sénégal ISRA/CRODT
 - Version Français
 - Version Wolof
- Gambia FD
 - Version Français
 - Version Wolof
- Guinée Bissau CIPA en portugais

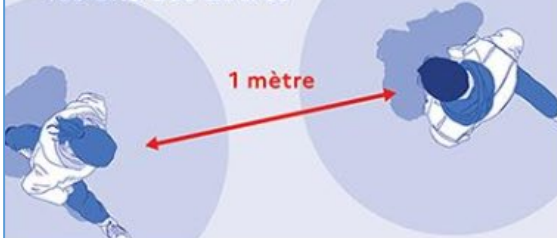


Geste barrière / إيماءات الحاجز
PRÉVENTION / الوقاية
Amis pêcheurs / أصدقاء الصيادين



1. Limiter les déplacements الحد من السفر
2. Porter un masque ou Toussez dans le coude ارتداء قناع أو السعال في الكوع
3. Évitez de toucher votre visage تجنب لمس وجهك
4. Garder des distances de plus de un mètre حافظ على مسافات أكثر من متر واحد
5. Lavez vous les mains souvent اغسل يديك بشكل متكرر

Pour tenir la maladie à distance,
restez toujours à plus d'un mètre
les uns des autres



Project AGD-pélagique (MAVA)



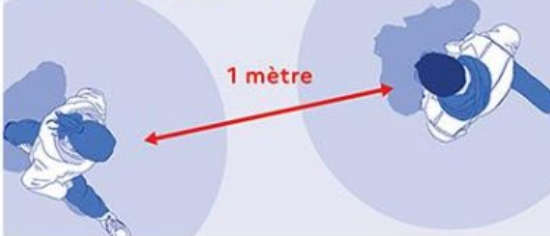


Geste barrière PRÉVENTION Amis pêcheurs



1. Limiter les déplacements
2. Porter un masque ou Toussez dans le coude
3. Évitez de toucher votre visage
4. Garder des distances de plus de un mètre
5. Lavez vous les mains souvent

Pour tenir la maladie à distance,
restez toujours à plus d'un mètre
les uns des autres





Mbass COVID 19 Fagaru Mbokk napkat yi



1. Naniou wagny dougua ka guén bi
2. Tak murray you bakan ak guéming té boy sakhat mour sa guémign ak sa tionthiou
3. Moytou lale sa kanam ak say lokho
4. Bagn di diéguéyo lou néw métar
5. Té di rakhass say lokho sassouné

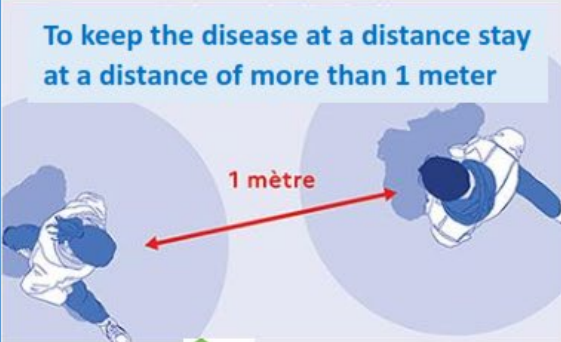




Barrier gesture / Mbass COVID 19 PREVENTION / Fagaru Fishermen friends / Mbokk napkat yi



1. Limit travel / Naniou wagny dougua ka guén bi
2. Wear a mask or Cough in the elbow / Tak murray you bakan ak guéming té boy sakhat mour sa guémign ak sa tionthiou
3. Avoid touching your face / Moytou lale sa kanam ak say lokho
4. Keep distances of more than one meter / Bagn di diéguéyo lou néw métar
5. Wash your hands often / Té di rakhass say lokho sassouné



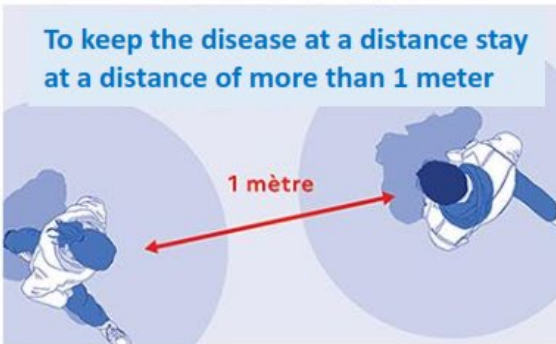
COVID-19 1025 HELPLINE



Barrier gesture PREVENTION Fishermen friends



1. Limit travel
2. Wear a mask or Cough in the elbow
3. Avoid touching your face
4. Keep distances of more than one meter
5. Wash your hands often



COVID-19 1025 HELPLINE



Gesto de barreira PREVENÇÃO Amigos pescadores



- 1. Limite de viagem
- 2. Use uma máscara ou tosse no cotovelo
- 3. Evite tocar seu rosto
- 4. Mantenha distâncias superiores a um metro
- 5. Lave as mãos frequentemente



Annexe 3 : Partage des Scripts R pour la valorisation des données de débarquement de la pêche artisanale en Afrique de l'Ouest

Relation taille-poids / length-Weight Relationship/ Relação cintura-peso

(<http://derekogle.com/fishR/examples/oldFishRVignettes/LengthWeight.pdf>, consulté le 27/01/2021)

Fr : La relation entre la longueur et le poids d'un poisson est utilisée pour prédire le poids à partir de la longueur d'un de poissons afin de désigner de manière générique comme la description de l'état de l'espèce.

En: The relationship between the length and weight of a fish is used to predict the weight from the length of a fish in order to refer generically to it as a description of the condition of the species.

Pr: A relação entre o comprimento e o peso de um peixe é utilizada para prever o peso a partir do comprimento de um peixe, a fim de se referir genericamente a ele como uma descrição do estado da espécie.

```
rm(list = ls())
rep.data <- "C:/Users/hp/Dropbox/L-W/Nouveau dossier"
setwd(rep.data)
Courbe= read.table("Boxplotbottom.txt", header=TRUE,dec=".", sep="\t")
attach(Courbe)
Courbe
summary(Courbe)
names(Courbe)
str(Courbe)
library(FSA)
##Length weight relationship
ruffe2 <- Subset(Courbe,!is.na(Weight) & !is.na(Length))
ruffe2$logL <- log(ruffe2$Length)
ruffe2$logW <- log(ruffe2$Weight)
ruffe3 <- Subset(ruffe2,ruffe2$logW >= -0.5)
str(ruffe3)
attach(ruffe3)
ruffe3=data.frame(ruffe2)
names(ruffe3)
lm1 <- lm(logW~logL,data=ruffe3)

fitPlot(lm1,xlab="log Total Length (mm)",ylab="log Weight (g)",main="")
summary(lm1)

hoCoef(lm1,2,3)
confint(lm1)
##Note that a = eintercept = e????10:84=0.000020.
a=exp(-12.57123)
```

```

a
x=exp(-336.24)
x=exp(0.07784)
x
sd(logW)
ruffe3$fYears <- factor(ruffe3$Year)
str(ruffe3)

lm1 <- lm(logW~logL*fYears,data=ruffe3)
anova(lm1)
lm2 <- lm(logW~logL+fYears,data=ruffe3)
confint(lm2)
fitPlot(lm2)
ruffe2 <- Subset(Courbe,!is.na(Pt) & !is.na(Lf))
ruffe2$logL <- log(ruffe2$Lf)
ruffe2$logW <- log(ruffe2$Pt)
ruffe3 <- Subset(ruffe2,ruffe2$logW >= -0.5)
str(ruffe3)
attach(ruffe3)
ruffe3=data.frame(ruffe2)
names(ruffe3)
lm1 <- lm(logW~logL,data=ruffe3)
summary(lm1)
hoCoef(lm1,2,3)
confint(lm1)
syx <- summary(lm1)$sigma
( cf <- exp((syx^2)/2) )
fitPlot(lm1,xlab="log Total Length (mm)",ylab="log Weight (g)",main="")
summary(lm1)

```

Analyse de la population virtuelle / Virtual Population Analysis (VPA) / Análise da População Virtual (APV)

(<https://github.com/tokami/TropFishR/find/master>; consulté le 27/01/2021)

Fr : Cette fonction applique l'analyse de la population virtuelle (APV) ou l'analyse de cohorte (AC). Méthodes utilisées pour estimer la biomasse du stock et la mortalité par pêche par groupe d'âge/de longueur.

En: This function applies the Virtual Population Analysis (VPA) or Cohort analysis (CA). Methods used to estimate stock biomass and fishing mortality per age/length group.

Pr : Esta função aplica a Análise da População Virtual (VPA) ou a Análise de Coorte (CA). Métodos utilizados para estimar a biomassa da unidade populacional e a mortalidade por pesca por idade/grupo de comprimento.

```
#' @param param a list consisting of following parameters:
#' \itemize{
#'   \item \code{midLengths} or \code{age}: midpoints of the length class
#'   (length-frequency data) or ages (age composition data),
#'   \item \code{Linf}: infinite length for investigated species in cm [cm],
#'   \item \code{K}: growth coefficient for investigated species per year [1/year],
#'   \item \code{t0}: theoretical time zero, at which individuals of this species hatch,
#'   \item \code{M}: natural mortality [1/year],
#'   \item \code{a}: length-weight relationship coefficient ( $W = a * L^b$ ),
#'   \item \code{b}: length-weight relationship coefficient ( $W = a * L^b$ ),
#'   \item \code{catch}: catch as vector for pseudo cohort analysis,
#'     or a matrix with catches of subsequent years to follow a real cohort;
#' }
#' @param terminalF a fishing mortality value which is used as the terminal FM for the
#' last age/length group.
#' @param analysis_type determines which type of assessment should be done,
#' options: "VPA" for classical age-based VPA, "CA" for age- or length-based
#' Cohort analysis
#' @param catch_corFac optional; correction factor for catch, in case provided
#' catch does spatially or temporarily not reflect catch for fishing ground of
#' a whole year.
#' @param catch_columns numerical; indicating the column of the catch matrix which
#' should be
#' used for the analysis.
#' @param algorithm an Algorithm to use to solve for fishing mortality. The default
#' setting \code{"new"} uses \code{\link[stats]{optimise}},
#' while \code{"old"} uses the algorithm described by Sparre and Venema (1998).
#' @param plus_group logical; indicating if the last length group is a plus group
```

```

#' @param plot logical; indicating whether a plot should be printed
#'
#' @details The main difference between virtual population analysis (VPA) and cohort
#' analysis (CA) is the step of calculating the fishing mortality per age class or
#' length group. While CA works with an approximation by assuming that all fish are
#' caught during a single day, which makes the calculation easier, VPA assumes that
#' the fish are caught continuously, which has to be solved by the trial and error
#' method (Sparre and Venema, 1998).
#' The catch has to be representative for fished species, that means there should not
be
#' other fisheries fishing the same stock. If this is the case catch_corFac can
#' be used as a raising factor to account for the proportion of fish caught by other
#' fisheries.
#' When the model should follow a real cohort instead of a pseudo cohort,
catch
#' has to be provided as matrix. The model then starts to follow the first age class
#' in the first column.
#' If catch matrix is shorter than the number of age classes, the age or length
#' classes without catch information are omitted. It is recommended to only
#' follow a real cohort if there is enough information for all age classes
#' (test with: dim(catch)[1] <= dim(catch)[2]).
#' If plus_group is TRUE a different calculation for the survivors of the last
length group
#' is used (for more details please refer to Sparre & Venema (1998)).
#'
#' @keywords function VPA mortality F stock biomass cohort
#'
#' @examples
#' # _____
#' # Virtual Population Analysis with age-composition data
#' data(whiting)
#' output <- VPA(param = whiting, terminalF = 0.5, analysis_type = "VPA")
#' plot(output)
#' # _____
#' # Pope's Cohort Analysis with age-composition data
#' data(whiting)
#' VPA(whiting, terminalF = 0.5, analysis_type = "CA", plot= TRUE)
#'
#' # _____
#' # Jones's Cohort Analysis with length-composition data
#' data(hake)
#' VPA(hake, terminalF = 0.5, analysis_type = "CA", plot = TRUE)
#'
#' @return A list with the input parameters and following list objects:
#' \itemize{

```



```

#' \item \strong{classes.num}: numeric age classes or length groups (without plus
sign),
#' \item \strong{catch.cohort}: a vector with the catch values which were used for
#' the analysis (exists only if catch was a matrix),
#' \item \strong{FM_calc}: a vector with the ifshing mortality (M),
#' \item \strong{Z}: a vector with the total mortality (Z),
#' \item \strong{survivors}: a vector with the number of fish surviving to the next age
class or length group,
#' \item \strong{annualMeanNr}: ta vector with the mean number of fish per year,
#' \item \strong{meanBodyWeight}: a vector with the mean body weight in kg,
#' \item \strong{meanBiomassTon}: a vector with the mean biomass in tons,
#' \item \strong{YieldTon}: a vector with the yield in tons,
#' \item \strong{natLoss}: a vector with the number of fish died due
#' to natural mortality,
#' \item \strong{plot_mat}: matrix with rearranged survivors, nat losses
#' and catches for plotting;
#' }
#'
#' @importFrom graphics plot
#' @importFrom stats optimise
#'
#' @references
#' Jones, R., 1984. Assessing the effects of changes in exploitation pattern using length
#' composition data (with notes on VPA and cohort analysis). \emph{FAO
Fish.Tech.Pap.},
#' (256): 118p.
#'
#' Jones, R., 1990. Length-cohort analysis: the importance of choosing the correct
growth
#' parameters. \emph{Journal du Conseil: ICES Journal of Marine Science}, 46(2), 133-
139
#'
#' Pope, J.G., 1972. An investigation of the accuracy of virtual population analysis
using
#' cohort analysis. \emph{Res.Bull.ICNAF}, (9):65-74
#'
#' Pope, J.G., 1979. A modified cohort analysis in which constant natural mortality is
#' replaced by estimates of predation levels. \emph{ICES C.M.} 1979/H:16:7p. (mimeo)
#'
#' Sparre, P., Venema, S.C., 1998. Introduction to tropical fish stock assessment.
#' Part 1. Manual. \emph{FAO Fisheries Technical Paper}, (306.1, Rev. 2). 407 p.
#'
#' References for weight-length relationship parameters (a & b):
#' Dorel, D., 1986. Poissons del'Atlantique nord-est relations taille-poids.
#' Institut Francais de Recherche pour l'Exploitation de la Mer. Nantes, France. 165 p.
#'

```

```
#' @export
```

```
VPA <- function(param, terminalF, analysis_type, catch_corFac = NA,
  catch_columns = NA,
  algorithm = "new", plus_group = FALSE, plot = FALSE){
```

```
  res <- param
  if(is.na(catch_columns)){
    catch <- res$catch
  }else catch <- res$catch[, (catch_columns)]
```

```
#####
#####
```

```
#      AGE BASED VPA AND COHORT ANALYSIS      #
```

```
#####
#####
```

```
if("age" %in% names(res) == TRUE){
```

```
  classes <- as.character(res$age)
```

```
  # Error message if catch and age do not have same length
  if(class(catch) == 'matrix' | class(catch) == 'data.frame'){
    #if(length(classes) != length(catch[,1])) stop("Age/length classes and catch do not
    have the same length!")
    if(length(classes) != length(diag(as.matrix(catch)))) writeLines("Warning:
    Age/length classes and the real cohort in the catch matrix \ndo not have the same
    length. The missing age/length \nclasses will be omitted.")
  }else if(class(catch) == 'numeric'){
    if(length(classes) != length(catch)) stop("Age/length classes and catch do not have
    the same length!")
  }
}
```

```
  if(!("a" %in% names(res)) | !("b" %in% names(res))) stop("VPA requires information
  about the length-weight relationship. Please provide 'a' and 'b' estimates in res.")
  a <- res$a
  b <- res$b
  if(!("M" %in% names(res))) stop("Please provide a natural mortality estimate 'M' in
  res.")
  M <- res$M
```

```
  # create column without plus group (sign) if present
  classes.num <- do.call(rbind, strsplit(classes, split="\\+"))
```

```

classes.num <- as.numeric(classes.num[,1])

if(class(catch) == 'matrix' | class(catch) == 'data.frame'){
  #find cohort to analyse
  real.cohort <- diag(as.matrix(catch))
  catch.cohort <- c(real.cohort,
                    rep(NA,length(classes.num) - length(real.cohort)))
  if(length(classes.num) != length(real.cohort)){
    catch.cohort <- real.cohort
    classes.num <- classes.num[1:length(catch.cohort)]
  }
}
if(class(catch) == 'numeric'){
  catch.cohort <- catch
}

#Correct catch if not representative for one year
if(!is.na(catch_corFac)) catch_cor <- catch.cohort * catch_corFac
if(is.na(catch_corFac)) catch_cor <- catch.cohort

#Survivors #N(L1)=(N(L2)*H(L1,L2)+C(L1,L2)) *H(L1,L2)
survivors <- rep(NA,length(classes.num))

# survivors last size class
lastLengthClass <- max(which(!is.na(catch_cor)),na.rm=TRUE) ###
if(!plus_group) survivors[lastLengthClass] <-
  catch_cor[lastLengthClass] / ((terminalF/(terminalF + M)) * (1 - exp(-(terminalF +
M))))
if(plus_group) survivors[lastLengthClass] <-
  catch_cor[lastLengthClass] / (terminalF/(terminalF + M))

# Age-based Cohort Analysis (Pope's cohort analysis)
if(analysis_type == "CA"){
  # other survivors
  for(x3 in (lastLengthClass-1):1){
    survivors[x3] <- (survivors[x3+1] * exp((M/2)) +
                    catch_cor[x3] ) * exp((M/2))
  }

  #F
  FM_calc <- rep(NA,length(classes.num))
  FM_calc[lastLengthClass] <- terminalF
  for(x5 in 1:(lastLengthClass-1)){
    FM_calc[x5] <- log(survivors[x5]/survivors[x5+1]) - M
  }
}

```

```
# Traditional VPA
if(analysis_type == "VPA"){
  #other survivors and fishing mortality
  FM_calc <- rep(NA,length(classes.num))
  FM_calc[lastLengthClass] <- terminalF

  for(num_class in (lastLengthClass-1):1){

    sur.C <- catch_cor[num_class]
    sur.Ntplus1 <- survivors[(num_class+1)]
    sur.M <- M
    LHS <- sur.C / sur.Ntplus1
    sur.F <- 0
    seqi <- c(1e-1,1e-2,1e-3,1e-4,1e-5,1e-6,1e-7)

    if(algorithm == "old"){
      LHS <- sur.C / sur.Ntplus1
      sur.F <- 0
      seqi <- c(1e-1,1e-2,1e-3,1e-4,1e-5,1e-6,1e-7)
      #trail and error
      for(y in seqi){
        stepi <- y
        for(x in seq(sur.F,10,stepi)){
          sur.F <- x
          RHS <- (sur.F/(sur.F + sur.M)) * (exp(sur.F+sur.M) - 1)
          if(LHS-RHS < 0) break
        }
        sur.F = x-stepi
      }
    }

    if(algorithm == "new"){
      Fcalc <- function(sur.F=sur.M){
        ((sur.F/(sur.F+sur.M)) * (exp(sur.F+sur.M) - 1) - (sur.C / sur.Ntplus1))^2
      }
      tmp <- optimise(Fcalc, interval=c(0,100))
      sur.F <- tmp$min
    }

    #fill F
    FM_calc[num_class] <- sur.F

    #fill survivors
    survivors[num_class] <- survivors[(num_class+1)] *
      exp(sur.F + sur.M)
  }
}
```

```

}
}

# Z
Z <- rep(NA,length(classes.num))
for(x6 in 1:(length(Z))){
  Z[x6] <- M + FM_calc[x6]
}

#Annual mean Nr
annualMeanNr <- rep(NA,length(classes.num))
for(x7 in 1:(length(annualMeanNr-1))){
  annualMeanNr[x7] <- (survivors[x7] -
    survivors[x7+1]) / Z[x7]
}

#Mean body weight
meanBodyWeight <- a * classes.num ^ b

#Mean biomass
meanBiomass <- annualMeanNr * meanBodyWeight
meanBiomassTon <- meanBiomass/1000

#Yield
yield <- catch_cor * meanBodyWeight
yieldTon <- yield/1000

#FOR PLOT
#Survivors rearranged
survivors_rea <- rep(NA,length(classes.num))
for(x8 in 1:(length(survivors_rea)-1))){
  survivors_rea[x8] <- survivors[x8+1]
}
survivors_rea[length(survivors_rea)] <- 0

#Calculate natural losses
natLoss <- rep(NA,length(classes.num))
for(x9 in 1:length(natLoss)){
  natLoss[x9] <- survivors[x9] - survivors_rea[x9] -
  catch_cor[x9]
}

#put together in dataframe
df.VPAnew <- data.frame(survivors = survivors_rea,
  nat.losses = natLoss,

```

```
catch = catch_cor)
```

```
#transpose matrix for barplot function
df.VPAnew <- t(as.matrix(df.VPAnew))
colnames(df.VPAnew) <- classes.num
```

```
#save all in list
ret <- c(res,list(
  classes.num = classes.num,
  catch.cohort = catch.cohort,
  FM_calc = FM_calc,
  Z = Z,
  survivors = survivors,
  annualMeanNr = annualMeanNr,
  meanBodyWeight = meanBodyWeight,
  meanBiomassTon = meanBiomassTon,
  yieldTon = yieldTon,
  natLoss = natLoss,
  plot_mat = df.VPAnew))
```

```
class(ret) <- "VPA"
```

```
# plot results
if(plot==TRUE) try(plot(ret))
```

```
return(ret)
}
```

```
#####
#####
```

```
# Jones' Length-based Cohort Analysis #
```

```
#####
#####
```

```
if("midLengths" %in% names(res) == TRUE &
  (class(catch) == 'matrix' |
  class(catch) == 'data.frame')) stop("The length-based Cohort analysis is not
applicable to length frequency data. Please provide catch as vector.")
```

```
if("midLengths" %in% names(res) == TRUE & analysis_type == "VPA") stop("Please
choose analysis_type = 'CA' for length composition data!")
```

```
if((class(catch) == 'numeric' | class(catch) == 'integer') &
  "midLengths" %in% names(res) == TRUE &
  analysis_type == "CA"){
```

```

classes <- as.character(res$midLengths)

# Error message if catch and age do not have same length
if(class(catch) == 'matrix' | class(catch) == 'data.frame'){
  if(length(classes) != length(catch[,1])) stop("Midlengths and catch do not have the
same length!")
}else if(class(catch) == 'numeric'){
  if(length(classes) != length(catch)) stop("Midlengths and catch do not have the
same length!")
}

Linf <- res$Linf
K <- res$K
t0 <- ifelse(is.null(res$t0),0,res$t0)
if(!("a" %in% names(res)) | !("b" %in% names(res))) stop("VPA requires information
about the length-weight relationship. Please provide 'a' and 'b' estimates in res.")
a <- res$a
b <- res$b
if(!("M" %in% names(res))) stop("Please provide a natural mortality estimate 'M' in
res.")
M <- res$M

# create column without plus group (sign) if present
classes.num <- do.call(rbind, strsplit(classes, split="\\+"))
classes.num <- as.numeric(classes.num[,1])

#calculate size class interval
interval <- classes.num[2] - classes.num[1]

# t of lower length classes
lowerLength <- classes.num - (interval / 2)
if(!is.na(catch_corFac)) catch_cor <- catch * catch_corFac
if(is.na(catch_corFac)) catch_cor <- catch
t_L1 <- (t0 - (1/K)) * log(1 - (lowerLength / Linf))

# delta t
dt <- rep(NA, length(classes.num))
for(x1 in 1:(length(dt)-1)){
  dt[x1] <- t_L1[x1+1] - t_L1[x1]
}

# t of midlengths
t_midL <- (t0 - (1/K)) * log(1 - (classes.num / Linf))

# H (L1,L2) #H(L1,L2)=((Linf-L1)/Linf-L2)^(M/2K)

```

```

H <- rep(NA,length(classes.num))
for(x2 in 1:(length(H)-1)){
  H[x2] <- ((Linf - lowerLength[x2]) /
            (Linf - lowerLength[x2+1])) ^
            (M / (2*K))
}

#Survivors #N(L1)=(N(L2)*H(L1,L2)+C(L1,L2)) *H(L1,L2)
survivors <- rep(NA,length(classes.num))

# survivors last size class
survivors[length(survivors)] <-
  catch_cor[length(survivors)] / (terminalF/(terminalF + M))
# other survivors
for(x3 in (length(survivors)-1):1){
  survivors[x3] <- (survivors[x3+1] *
                  H[x3] + catch_cor[x3] ) *
                  H[x3]
}

# F/Z #F(L1,L2)/Z(L1,L2)=C(L1,L2)/(N(L1)-N(L2))
F_Z <- rep(NA,length(classes.num))
for(x4 in 1:(length(F_Z)-1)){
  F_Z[x4] <- catch_cor[x4] /
            (survivors[x4] - survivors[x4+1])
}
F_Z[length(F_Z)] <- terminalF / (terminalF + M)

#F # F = M * (F_Z / 1-F_Z)
FM_calc <- rep(NA,length(classes.num))
for(x5 in 1:(length(FM_calc))){
  FM_calc[x5] <- M * (F_Z[x5] / (1 - F_Z[x5]))
}

# Z
Z <- rep(NA,length(classes.num))
for(x6 in 1:(length(Z))){
  Z[x6] <- M + FM_calc[x6]
}

#Annual mean Nr
annualMeanNr <- rep(NA,length(classes.num))
for(x7 in 1:(length(annualMeanNr-1))){
  annualMeanNr[x7] <- (survivors[x7] -
                      survivors[x7+1]) / Z[x7]
}

```



```

#Mean body weight
meanBodyWeight <- a * classes.num ^ b

#Mean biomass
meanBiomass <- annualMeanNr * meanBodyWeight
meanBiomassTon <- meanBiomass/1000

#Yield
yield <- catch_cor * meanBodyWeight
yieldTon <- yield/1000

#FOR PLOT
#Survivors rearranged
survivors_rea <- rep(NA,length(classes.num))
for(x8 in 1:(length(survivors_rea)-1)){
  survivors_rea[x8] <- survivors[x8+1]
}
survivors_rea[length(survivors_rea)] <- 0

#Calculate natural losses
natLoss <- rep(NA,length(classes.num))
for(x9 in 1:length(natLoss)){
  natLoss[x9] <- survivors[x9] - survivors_rea[x9] -
  catch_cor[x9]
}

#put together in dataframe
df.VPAnew <- data.frame(survivors = survivors_rea,
  nat.losses = natLoss,
  catch = catch_cor)

#transpose matrix for barplot function
df.VPAnew <- t(as.matrix(df.VPAnew))
colnames(df.VPAnew) <- classes.num

#save all in list
ret <- c(res,list(
  classes.num = classes.num,
  FM_calc = FM_calc,
  Z = Z,
  survivors = survivors,
  annualMeanNr = annualMeanNr,
  meanBodyWeight = meanBodyWeight,
  meanBiomassTon = meanBiomassTon,
  yieldTon = yieldTon,

```

```
natLoss = natLoss,  
plot_mat = df.VPAnew))  
  
class(ret) <- "VPA"  
  
# plot results  
if(plot == TRUE) try(plot(ret))  
  
return(ret)  
}  
}
```

Estimateur bayésien de la biomasse basé sur la longueur (LBB)/ Length-based Bayesian Biomass estimator (LBB)/ Estimador de Biomassa Bayesiana baseado no comprimento (LBB)

(<https://oceanrep.geomar.de/43182/> ; consulté 27/01/2021)

Fr : L'estimateur bayésien de la biomasse basé sur la longueur (LBB) est une nouvelle méthode pour l'analyse des données de fréquence de longueur, de préférence de la pêche commerciale.

En: The length-based Bayesian biomass estimator (LBB) is a new method for the analysis of length frequency data, preferably from the commercial fishery.

Pr: O estimador de biomassa Bayesiana baseado no comprimento (LBB) é um novo método para a análise de dados de frequência de comprimento, de preferência da pesca comercial.

```
# Fits LBB model to length frequency data to estimate Linf, Lc, M/K, F/K
# Derives reference points F/M, Z/K, Lopt, Lc_opt, B/B0, B/Bmsy, Y/R
# Main code developed by Rainer Froese in May-June 2017, modified in April-May 2018
```

```
# Gianpaolo Coro and Henning Winker did the JAGS coding
# Gives option in the ID file to correct for the piling-up effect, with Pile=0 no correction, Pile=1 full correction, Pile=999 degree of correction determined by fit
```

```
rm(list=ls(all=TRUE)) # clear previous variables etc
options(digits=3) # displays all numbers with three significant digits as default
graphics.off() # close graphics windows from previous sessions
library(R2jags)
library(Hmisc)
```

```
# Select stock to be analysed
Stock <- "sol.27.4" # "ThornySkate" # "her.27.3a47d" # "tur.27.4"
```

```
# Set working directory
setwd("G:/MAHI_02122018/DATA/RF_Documents/LBB/Revision/Response/NewUser Guide")
```

```
# Select file with stock ID info
ID.File <- "Stock_ID_5.csv"
```

```
# Initialize some variables
n.sim <- 10 #ifelse(Stock %in% c("CodRedFSim"),1,10) # number of years to be created in simulations
```

```
#####
```

Functions

#####

#-----

Exploited B/B0 ratio from B&H equations, for variable F

#-----

assuming that reported lengths are the lower bounds of length classes

get lowest exploited ($\geq 0.01 F$) length class and class width

```
BH <- function(AllLength,Linf,MK,FK,GausSel,selpar1,selpar2) {
  if(GausSel==F) {
    r.Lc <- selpar1
    r.alpha <- selpar2
    Lx <- AllLength[AllLength >= Linf*(r.Lc-4.59/r.alpha)][1]
  } else if(GausSel==T) {
    r.GLmean <- selpar1
    r.SD <- selpar2
    Lx <- AllLength[AllLength >= Linf*(r.GLmean-3*r.SD)][1]
  }
  class.width <- median(diff(sort(unique(AllLength))))
  FM <- FK/MK
```

#

Linf=120;Lx=22.5;r.Lc=0.2917;r.alpha=60;MK=1.5385;FK=0.7692;FM=0.5;ZK=2.307

7

uncomment above row for comparison of Y'R= 0.0332, B/B0=0.467 with

CodLightSim

```
r <- vector() # auxilliary reduction factor
G <- vector() # product of reduction factors
SL.bh <- vector() # selection at length
YR1.2 <- vector() # relative yield per recruit per length class
CPUER1.2 <- vector() # relative CPUE per recruit per length class
B1.2 <- vector() # relative unexploited biomass per recruit by length class
L.bh <- seq(from=Lx, to=Linf, by=class.width) # lengths to be considered
r.L.bh <- L.bh / Linf # standardized lengths
```

calculate selection, Y'/R and CPUE'/R for every length class

```
for(o in 1 : length(r.L.bh)) {
  if(GausSel==F) {
    if(o<length(r.L.bh)) { SL.bh[o] <- mean(c(1/(1+exp(-r.alpha*(r.L.bh[o]-r.Lc))), #
    mean selection in length class
    1/(1+exp(-r.alpha*(r.L.bh[o+1]-r.Lc))))))
    } else SL.bh[o] <- 1/(1+exp(-r.alpha*(r.L.bh[o]-r.Lc)))
  } else if(GausSel==T) { # gill net selection
    if(o<length(r.L.bh)) { SL.bh[o] <- mean(c(exp(-((r.L.bh[o]-
    r.GLmean)^2/(2*r.SD^2))), # mean selection in length class
    exp(-((r.L.bh[o+1]-r.GLmean)^2/(2*r.SD^2))))))
```

```

} else SL.bh[o] <- exp(-((r.L.bh[o]-r.GLmean)^2/(2*r.SD^2)))
} # end of calculation of selectivity loop

if(o<length(r.L.bh)) {
  r[o] <- (1-r.L.bh[o+1])^(FK*SL.bh[o])/(1-r.L.bh[o])^(FK*SL.bh[o])
  G[o] <- prod(r[1:o]) }
if(o==1) {
  YR1.2[o] <- (FM*SL.bh[o]/(1+FM*SL.bh[o])*(1-r.L.bh[o])^MK*(1-3*(1-
r.L.bh[o])/(1+1/
(MK+FK*SL.bh[o]))+3*(1-r.L.bh[o])^2/(1+2/(MK+FK*SL.bh[o]))-
(1-r.L.bh[o])^3/(1+3/(MK+FK*SL.bh[o])))) -
(FM*SL.bh[o]/(1+FM*SL.bh[o])*(1-r.L.bh[o+1])^MK*(1-3*(1-
r.L.bh[o+1])/(1+1/
(MK+FK*SL.bh[o]))+3*(1-r.L.bh[o+1])^2/(1+2/(MK+FK*SL.bh[o]))-
(1-r.L.bh[o+1])^3/(1+3/(MK+FK*SL.bh[o])))))*G[o]
} else if(o==length(r.L.bh)) {
  YR1.2[o] <- (FM*SL.bh[o]/(1+FM*SL.bh[o])*(1-r.L.bh[o])^MK*(1-3*(1-
r.L.bh[o])/(1+1/
(MK+FK*SL.bh[o]))+3*(1-r.L.bh[o])^2/(1+2/(MK+FK*SL.bh[o]))-
(1-r.L.bh[o])^3/(1+3/(MK+FK*SL.bh[o])))) * G[o-1]
} else {
  YR1.2[o] <- (FM*SL.bh[o]/(1+FM*SL.bh[o])*(1-r.L.bh[o])^MK*(1-3*(1-
r.L.bh[o])/(1+1/
(MK+FK*SL.bh[o]))+3*(1-r.L.bh[o])^2/(1+2/(MK+FK*SL.bh[o]))-
(1-r.L.bh[o])^3/(1+3/(MK+FK*SL.bh[o])))) * G[o-1] -
(FM*SL.bh[o]/(1+FM*SL.bh[o])*(1-r.L.bh[o+1])^MK*(1-3*(1-
r.L.bh[o+1])/(1+1/
(MK+FK*SL.bh[o]))+3*(1-r.L.bh[o+1])^2/(1+2/(MK+FK*SL.bh[o]))-
(1-r.L.bh[o+1])^3/(1+3/(MK+FK*SL.bh[o]))))*G[o]
} # end of loop to calculate yield per length class

CPUER1.2[o] <- YR1.2[o] / FM # CPUE/R = Y/R divided by F/M

if(o<length(r.L.bh)) {
  B1.2[o] <- ((1-r.L.bh[o])^MK*(1-3*(1-r.L.bh[o])/(1+1/MK)+3*(1-r.L.bh[o])^2/
(1+2/MK)-(1-r.L.bh[o])^3/(1+3/MK)) -
(1-r.L.bh[o+1])^MK*(1-3*(1-r.L.bh[o+1])/(1+1/MK)+3*(1-r.L.bh[o+1])^2/
(1+2/MK)-(1-r.L.bh[o+1])^3/(1+3/MK)))*SL.bh[o]
} else {
  B1.2[o] <- ((1-r.L.bh[o])^MK*(1-3*(1-r.L.bh[o])/(1+1/MK)+3*(1-r.L.bh[o])^2/
(1+2/MK)-(1-r.L.bh[o])^3/(1+3/MK)))*SL.bh[o]
}
} # end of B&H loop through length classes
BB0 <- sum(CPUER1.2)/sum(B1.2)
YR <- sum(YR1.2)

```

```

if(BB0 < 0.25) YR <- YR * BB0 / 0.25 # reduce YR if recruitment and thus
productivity is reduced
return(list(BB0,YR))

} # end of BH function

#-----
# Function to aggregate data by year
#-----
AG <- function(dat) { # where dat contains dat$Year, dat$Length in cm,
dat$CatchNo

# aggregate normalized annual LFs by weighing with square root of sample size
# get sum of frequencies per year
sum.Ny <- aggregate(Freq~Year,dat,sum)$Freq
# get the sqrt of the sum of frequencies for every year
sqrt.Ny <- sqrt(sum.Ny)
# get highest frequency in each year
max.Ny <- aggregate(Freq~Year,dat,max)$Freq
# get Number of Length bins in each year
binsN <- aggregate(Freq~Year,dat,length)$Freq
# create vectors for sqrt.Ni and sum.Ni to weigh LF data
sqrt.Ni = rep(sqrt.Ny,binsN)
sum.Ni = rep(sum.Ny,binsN)
#Do weighing
# Divide all years by sum.Ni and multiply by sqrt.Ni
LF.w = dat$Freq/sum.Ni*sqrt.Ni
# Aggregate
LF = aggregate(LF.w, by=list(dat$Length),FUN=sum)
# Add correct column names
colnames(LF) <- c("Length","Freq")
return(LF)
} #end of aggregate function

#-----
# Function to plot LBB-fit for a single year
#-----
# expects lengths relative to Linf (L/Linf)

plot.year <- function(r.L.y,r.Freq.y,r.Lopty, r.Freq.pred.y,SL1, SL2, MK, FK, Linf) {
plot(x=r.L.y, y= r.Freq.pred.y,
      xlab="Length / Linf",ylab="relative Frequency",
      xlim=c(0,1),ylim = c(0,1.2*max(r.Freq.y)),
      col="red", type="l", bty="l",main=Year,las=1)
points(x=r.L.y,y=r.Freq.y, cex=0.5)
lines(x=c(1,1), y=c(0,1.07*max(r.Freq.y,na.rm=T)),col="darkgreen")

```

```
text(x=1,y=1.15*max(r.Freq.y,na.rm=T),"Linf",col="darkgreen")
lines(x=c(r.Lopt,r.Lopt), y=c(0,1.07*max(r.Freq.y,na.rm=T)),col="darkgreen")
text(x=r.Lopt,y=1.15*max(r.Freq.y,na.rm=T),"Lopt",col="darkgreen")
text(x=0.15,y=0.8*max(r.Freq.y,na.rm=T),paste("Linf=",format(Linf,digits=3),sep=""))

text(x=0.15,y=0.6*max(r.Freq.y,na.rm=T),paste("Z/K=",format(MK+FK,digits=3),sep="
"))
}
```

```
#####
# read files with ID and with LF data to be analyzed
#####
# read ID data
dat.ID      <- read.csv(ID.File, header=T, stringsAsFactors=F)

# restrict ID data to selected Stock
dat.ID      <- dat.ID[dat.ID$Stock==Stock,]

# read LF data
dat.raw     <- read.csv(dat.ID$File, header=T, stringsAsFactors=F)

# restrict LF data to selected stock
dat.raw     <- dat.raw[dat.raw$Stock == Stock,]

# restrict analysis to one or more gears
if(is.na(dat.ID$Gears.user[1])==FALSE) dat.raw <- dat.raw[dat.raw$Gear %in%
dat.ID$Gears.user,]

# make sure data are numeric
dat.raw$Length <- as.numeric(dat.raw$Length)
dat.raw$CatchNo <- as.numeric(dat.raw$CatchNo)
dat.raw$Year   <- as.integer(dat.raw$Year)

# if StartYear is given, restrict data to >= StartYear
if(is.na(dat.ID$StartYear)==F) dat.raw <- dat.raw[dat.raw$Year>=dat.ID$StartYear,]

# if EndYear is given, restrict data to <= EndYear
if(is.na(dat.ID$EndYear)==F) dat.raw <- dat.raw[dat.raw$Year<=dat.ID$EndYear,]

# if Years.user are given, restrict data to these years
#modification by Gianpaolo 09 07 17
if(is.na(dat.ID$Years.user[[1]])==F) dat.raw <- dat.raw[dat.raw$Year %in%
(strsplit(dat.ID$Years.user, ",")[1],)]

# use largest fish as Lmax
Lmax      <- max(dat.raw$Length)/10
```

```
# use median of largest fish per year as Lmax.med
Lmax.med <-
median(as.numeric(by(dat.raw$Length[dat.raw$CatchNo>0],dat.raw$Year[dat.raw$C
atchNo>0],max)))/10

# if Linf.user is given, restrict data to < Linf.user
if(is.na(dat.ID$Linf.user)==F) dat.raw <-
dat.raw[dat.raw$Length<(dat.ID$Linf.user*ifelse(dat.ID$mm.user==TRUE,1,10)),]

# if Lcut.user is given, restrict data to >= Lcut.user
if(is.na(dat.ID$Lcut.user)==F) dat.raw <-
dat.raw[dat.raw$Length>=(dat.ID$Lcut.user*ifelse(dat.ID$mm.user==TRUE,1,10)),]

# remove NA records
dat.raw <- dat.raw[which(is.na(dat.raw$CatchNo)==F),]

# sort data by year and length
dat.raw <- dat.raw[order(dat.raw$Year,dat.raw$Length),]

# Put data into vectors
StartYear <- min(dat.raw$Year)
EndYear <- max(dat.raw$Year)
AllYear <- dat.raw$Year
AllLength <- dat.raw$Length
if(dat.ID$mm.user==FALSE) AllLength <- AllLength/10
AllFreq <- dat.raw$CatchNo
Years <- sort(unique(AllYear))
nYears <- length(Years)

# if data are simulated, add noise and n.sim more years
if(substr(Stock,start=nchar(Stock)-2,stop=nchar(Stock))=="Sim") {
  n.L.sim <- length(AllLength)
  AllYearSim <- AllYear
  AllLengthSim <- AllLength
  AllFreqSim <- rlnorm(n=n.L.sim,mean=log(AllFreq),sd=0.1)
  if(!(Stock %in% c("CodfFSim","CodRecSim"))) { # CodfFSim and CodRecSim are
simulations that should run for only one year
    for(i in 1 : (n.sim-1)) {
      AllYearSim <- append(AllYearSim,AllYear+i)
      AllLengthSim <- append(AllLengthSim,AllLength)
      AllFreqSim <- append(AllFreqSim,rlnorm(n=n.L.sim,mean=log(AllFreq),sd=0.1))
    }
  }
  AllYear <- AllYearSim
  AllLength <- AllLengthSim
  AllFreq <- AllFreqSim
  Years <- sort(unique(AllYear))
}
```



```

nYears <- length(Years)
EndYear <- Years[nYears] }
} # end of simulation loop

#-----
# plot LF for all years to detect potential problems
#-----
for(z in 1:ceiling(nYears/6)) {
  #modification by Gianpaolo 09 07 17
  if(grepl("win",tolower(Sys.info()["sysname"]))) {windows(12,8)
  } else if(grepl("linux",tolower(Sys.info()["sysname"]))) {X11(12,8)
  } else {quartz(12,8)}
  par(mfrow=c(2,3))
  for(v in 1 : 6) {
    w <- v+(z-1)*6
    if(w > nYears) break()
    df.p <-
data.frame(AllYear[AllYear==Years[w]&AllFreq>0],AllLength[AllYear==Years[w]&AllF
req>0],AllFreq[AllYear==Years[w]&AllFreq>0])
    names(df.p) <- c("Year", "Length", "Freq")
    LF.p <- AG(dat=df.p) # function to aggregate data in case bins are not unique

plot(x=LF.p$Length,y=LF.p$Freq,xlim=c(0,Lmax),xlab="",ylab="Freq",bty="l",main=Y
ears[w],cex=0.5)
  }
}

#-----
# Create matrix to store annual estimates
#-----
Ldat <- data.frame(Stock=rep(Stock,nYears),Year=rep(NA,nYears),
  Linf=rep(NA,nYears),
  Linf.lcl=rep(NA,nYears),
  Linf.ucl=rep(NA,nYears),
  Lc=rep(NA,nYears), # for trawl selection
  Lc.lcl=rep(NA,nYears),
  Lc.ucl=rep(NA,nYears),
  Lmean=rep(NA,nYears),
  r.alpha=rep(NA,nYears),
  r.alpha.lcl=rep(NA,nYears),
  r.alpha.ucl=rep(NA,nYears),
  r.GLmean=rep(NA,nYears),r.SD=rep(NA,nYears), # for gill net
selection
  MK=rep(NA,nYears),
  MK.lcl=rep(NA,nYears),
  MK.ucl=rep(NA,nYears),

```

```
FK=rep(NA,nYears),
FK.lcl=rep(NA,nYears),
FK.ucl=rep(NA,nYears),
ZK=rep(NA,nYears),
ZK.lcl=rep(NA,nYears),
ZK.ucl=rep(NA,nYears),
FM=rep(NA,nYears),
FM.lcl=rep(NA,nYears),
FM.ucl=rep(NA,nYears),
r.LoPt=rep(NA,nYears),
BB0=rep(NA,nYears),
BB0.lcl=rep(NA,nYears),
BB0.ucl=rep(NA,nYears),
YR=rep(NA,nYears),
YR.lcl=rep(NA,nYears),
YR.ucl=rep(NA,nYears),
perc.mat=rep(NA,nYears),
L95=rep(NA,nYears))
```

```
#-----
# Use aggregated LF data for estimation of Linf (and overall Z/K)
#-----
df      <- data.frame(AllYear,AllLength,AllFreq)
names(df) <- c("Year","Length","Freq")

LF.all  <- AG(dat=df) # function to aggregate data by year and across years

# standardize to max Freq
LF.all$Freq = LF.all$Freq/max(LF.all$Freq)
# remove leading empty records
LF.all  <- LF.all[which(LF.all$Freq>0)[1] : length(LF.all$Length),]
# remove trailing empty records
LF.all  <- LF.all[1 : which(LF.all$Length==max(LF.all$Length[LF.all$Freq>0])),]

# get number of records in LF.all
n.LF.all <- length(LF.all$Length)

# If no Linf is provided by the user (preferred), determine Linf from fully selected LF:
# Freq=Nstart*exp(ZK*(log(1-L/Linf)-log(1-Lstart/Linf)))
# Nstart is canceled out when dividing both sides by their sums
# -----
# determine start values of selection ogive to find first fully selected length class
Lstart
L10      <- LF.all$Length[which(LF.all$Freq>0.1)[1]] # use length at 10% of peak
frequency as proxy for L10
```

```

L90      <- LF.all$Length[which(LF.all$Freq>0.9)[1]] # use length at 90% of peak
frequency as proxy for L90
Lc.st    <- ifelse(is.na(dat.ID$Lc.user)==TRUE,(L10 + L90)/2,dat.ID$Lc.user) # use
mean of L10 and L90 as proxy for Lc, else user input
alpha.st <- -log(1/LF.all$Freq[which(LF.all$Freq>0.1)[1]])/(L10-Lc.st) # use
rearranged logistic curve to estimate slope alpha

# determine start values for Linf and Z/K
Linf.st  <- Lmax.med # use median Lmax across years as start value for Linf in nls
analysis
Lmean.st <-
sum(LF.all$Length[LF.all$Length>=Lc.st]*LF.all$Freq[LF.all$Length>=Lc.st])/
  sum(LF.all$Freq[LF.all$Length>=Lc.st])
MK.st    <- ifelse(is.na(dat.ID$MK.user)==TRUE, 1.5,dat.ID$MK.user) # default 1.5
ZK.st    <- (Linf.st-Lmean.st)/(Lmean.st-Lc.st) # the Holt equation
FK.st    <- ifelse((ZK.st-MK.st)>0,ZK.st-MK.st,0.3) # prevent M/K being larger than
Z/K

# get vectors with fully selected length classes for Linf estimation
if(is.na(dat.ID$Lstart.user)==FALSE) {Lstart <- dat.ID$Lstart.user} else {
  Lstart <- (alpha.st*Lc.st-log(1/0.95-1))/alpha.st # Length where selection
probability is 0.95
  # test if there are enough (>=4) length classes for estimation of aggregated Linf
and ZK
  Lstart.i <- which(LF.all>=Lstart)[1]
  Lmax.i    <- length(LF.all$Length)
  peak.i    <- which.max(LF.all$Freq)
  if(Lstart.i<(peak.i+1)) Lstart <- LF.all$Length[peak.i+1] # make sure fully selected
length starts after peak
  if((Lmax.i-Lstart.i)<4) Lstart <- LF.all$Length[Lstart.i-1] # make sure enough length
classes are available
}
# do not include Lmax to allow Linf < Lmax and to avoid error in nls when Linf-L
becomes negative
L.L      <- LF.all$Length[LF.all$Length >= Lstart & LF.all$Length < Linf.st]
L.Freq   <- LF.all$Freq[LF.all$Length>=L.L[1]& LF.all$Length < Linf.st]

if(length(L.L)<4) {
  #modification by Gianpaolo 09 07 17
  if(grepl("win",tolower(Sys.info()['sysname']))) {windows(6,4)
} else if(grepl("linux",tolower(Sys.info()['sysname']))) {X11(6,4)
} else {quartz(6,4)}

plot(x=LF.all$Length,y=LF.all$Freq, bty="l",main=Stock)
lines(x=c(Lstart,Lstart),y=c(0,0.9*max(LF.all$Freq)),lty="dashed")
text(x=Lstart,y=max(LF.all$Freq),"Lstart")

```

```
lines(x=c(Linf.st,Linf.st),y=c(0,0.9*max(LF.all$Freq)),lty="dashed")
text(x=Linf.st,y=max(LF.all$Freq),"Lmax")
stop("Too few fully selected data points: set Lstart.user\n")}
```

```
# standardize frequencies by dividing by sum of observed frequencies, needed to
drop NLstart from equation
```

```
sum.L.Freq <- sum(L.Freq)
L.Freq <- L.Freq/sum.L.Freq
```

```
# use nls() to find Linf-ZK combination with least residuals
```

```
if(is.na(dat.ID$Linf.user)==TRUE) {
  Linf.mod <- nls(L.Freq ~ ((Linf-L.L)/(Linf-Lstart))^ZK /
    sum(((Linf-L.L)/(Linf-Lstart))^ZK),
    start=list(ZK=ZK.st,Linf=Linf.st),
    lower=c(0.5*ZK.st,0.999*Linf.st),
    upper=c(1.5*ZK.st,1.2*Linf.st),
    algorithm = "port")
```

```
ZK.nls <- as.numeric(coef(Linf.mod)[1])
ZK.nls.sd <- as.numeric(coef(summary(Linf.mod))[,2][1])
ZK.nls.lcl <- ZK.nls-1.96*ZK.nls.sd
ZK.nls.ucl <- ZK.nls+1.96*ZK.nls.sd
Linf.nls <- as.numeric(coef(Linf.mod)[2])
Linf.nls.sd <- as.numeric(coef(summary(Linf.mod))[,2][2])
Linf.lcl <- Linf.nls-1.96*Linf.nls.sd
Linf.ucl <- Linf.nls+1.96*Linf.nls.sd
```

```
} else { # end of loop to determine Linf and ZK.L
```

```
  # use given Linf and determine ZK.L
```

```
  # use Linf provided by user if given
```

```
  Linf.nls <- dat.ID$Linf.user
  Linf.nls.sd <- 0.01*dat.ID$Linf.user
  ZK.mod <- nls(L.Freq ~ exp(ZK*(log(1-L.L/Linf.nls)-log(1-L.L[1]/Linf.nls)))/
    sum(exp(ZK*(log(1-L.L/Linf.nls)-log(1-L.L[1]/Linf.nls)))),
    start=list(ZK=ZK.st),
    lower=c(0.7*ZK.st),
    upper=c(1.3*ZK.st),
    algorithm = "port")
```

```
  ZK.nls <- as.numeric(coef(ZK.mod)[1])
  ZK.nls.sd <- as.numeric(coef(summary(ZK.mod))[,2][1])
  ZK.nls.lcl <- ZK.nls-1.96*ZK.nls.sd
  ZK.nls.ucl <- ZK.nls+1.96*ZK.nls.sd
```

```
} # end of loop if Linf is given by user
```

```
#-----
# Plot aggregated results
```

```
#-----
# plot aggregated histogram with fit to fully selected part
#modification by Gianpaolo 09 07 17
if(grepl("win",tolower(Sys.info()['sysname']))) {windows(12,8)
} else if(grepl("linux",tolower(Sys.info()['sysname']))) {X11(12,8)
} else {quartz(12,8)}

par(mfrow=c(2,3),las=1)
plot(x=LF.all$Length,y=LF.all$Freq,
bty="l",xlim=c(0,max(max(LF.all$Length),Linf.nls)),
ylim=c(0,1.1*max(LF.all$Freq)),
main=paste(Stock," aggregated LF"),xlab=ifelse(dat.ID$mm.user==F,"Length
(cm)","Length (mm)"),ylab="Frequency")

Lstart.i <- which(LF.all$Length>=Lstart)[1]
Lstart.Freq <- mean(c(LF.all$Freq[(Lstart.i-1):(Lstart.i+1)]))
if(dat.ID$GausSel==F) {
lines(x=L.L,y=Lstart.Freq*exp(ZK.nls*(log(1-L.L/Linf.nls)-log(1-L.L[1]/Linf.nls))),
col="blue", lwd=3)
lines(x=c(Lc.st,Lc.st), y=c(0,1), col="darkgreen")
text(x=Lc.st,y=1, "Lc", col="darkgreen", adj=c(0.5,-0.5))
}
lines(x=c(Linf.nls,Linf.nls), y=c(0,1), col="darkgreen")
text(x=Linf.nls,y=1, "Linf", col="darkgreen", adj=c(0.5,-0.5))
text(x=0.1*Linf.nls,y=1,"Priors:")
text(x=0.15*Linf.nls,y=0.8,paste("Linf=",format(Linf.nls,digits=3),sep=""))
if(dat.ID$GausSel==F)
text(x=0.15*Linf.nls,y=0.6,paste("Z/K=",format(ZK.nls,digits=2),sep=""))
text(x=0.1*Linf.nls,y=0.4,paste("Lc=",format(Lc.st,digits=3),sep=""))

# get vector of all lengths <= prior Linf to avoid error in equation
AllFreq <- AllFreq[AllLength <= Linf.nls]
AllYear <- AllYear[AllLength <= Linf.nls]
AllLength <- AllLength[AllLength <= Linf.nls]

#-----
# Start LF analysis by year
#-----
cat("Running Jags model to fit SL and N distributions for",dat.ID$Species,"in",
Years,"....\n")
i = 0 # start counter
for(Year in Years) {
i = i+1
# if MergeLF==TRUE and if this is the second or heigher year and no simulation,
aggregate LF with previous year LF
```

```

if(i>1 & dat.ID$MergeLF==TRUE & substr(Stock,start=nchar(Stock)-
2,stop=nchar(Stock))!="Sim") {
  AG.yr <- c(Years[i-1],Year) } else AG.yr <- Year

# aggregate data within the year (sometimes there are more than one sample per
year)
df <-
data.frame(AllYear[AllYear%in%AG.yr],AllLength[AllYear%in%AG.yr],AllFreq[AllYear
%in%AG.yr])
names(df) <- c("Year","Length","Freq")
LF.y <- AG(dat=df) # function to aggregate data by year and across years
LF.y$Freq <- LF.y$Freq/sum(LF.y$Freq) # standardize frequencies

# remove empty leading and trailing records
LF.y <- LF.y[which(LF.y$Freq>0)[1] : length(LF.y$Length),]
LF.y <- LF.y[1 : which.max(LF.y$Length[LF.y$Freq>0]),]
# get vectors
L.y <- LF.y$Length
r.Freq.y <- LF.y$Freq

# fill remaining zero frequencies with very small number, to avoid error
r.Freq.y[r.Freq.y==0] <- min(r.Freq.y[r.Freq.y>0],na.rm=T)/100
# enter data for this year into data frame
Ldat$Year[i] <- Year

#-----
# Estimate annual parameters Lc, alpha, M/K, F/K from LF curve with trawl-type
selection
#-----
# determine priors
n.L <- length(L.y)
Linf.pr <- Linf.nls
# Linf.pr <- Linf.st
Linf.sd.pr <- ifelse(Linf.nls.sd/Linf.nls<0.01,Linf.nls.sd,0.01*Linf.nls) # restrict prior
CV of Linf to < 0.01
MK.pr <- MK.st
MK.sd.pr <- ifelse(is.na(dat.ID$MK.user)==TRUE,0.15,0.075)
Pile <- dat.ID$Pile

if(dat.ID$GausSel==FALSE){ # apply trawl-like selection
  Lc.pr <- ifelse(is.na(dat.ID$Lc.user)==TRUE,1.02*Lc.st,dat.ID$Lc.user) # with
1.02 multiplier to account for systematic small underestimation
  Lc.sd.pr <- ifelse(is.na(dat.ID$Lc.user)==TRUE,0.1*Lc.pr,0.05*Lc.pr) # assume
narrower SD if Lc is given by user
  r.max.Freq <- max(r.Freq.y,na.rm=T)

```

```

r.alpha.pr <- -
log(r.max.Freq/r.Freq.y[which(r.Freq.y>(0.1*r.max.Freq))[1]])/(L10/Linf.nls-
Lc.st/Linf.nls) # relative alpha for standardized data
r.alpha.sd.pr<- 0.025*r.alpha.pr
FK.pr <- ifelse((ZK.nls-MK.st) > 0,ZK.nls-MK.st,0.3) # if Z/K <= M/K assume low
F/K = 0.3

# list of data to pass to JAGS plus list of parameters to estimate
jags.data <- list
("r.Freq.y","L.y","n.L","Linf.pr","Linf.sd.pr","Lc.pr","Lc.sd.pr","r.alpha.pr","r.alpha.sd.pr"
,"MK.pr","MK.sd.pr","FK.pr","Pile")
jags.params <-
c("r.alpha.d","Lc.d","SL","xN","FK.d","MK.d","Linf.d","pile.fac","Freq.pred")

#-----
# LBB JAGS model
#-----
sink("SLNMod.jags")
cat("
model {
r.alpha.d_tau <- pow(r.alpha.sd.pr, -2)
r.alpha.d ~ dnorm(r.alpha.pr,r.alpha.d_tau)

Lc.d_tau <- pow(Lc.sd.pr,-2)
Lc.d ~ dnorm(Lc.pr,Lc.d_tau) #

MK.d_tau <-pow(MK.sd.pr, -2) # strong prior on M/K
MK.d ~ dnorm(MK.pr, MK.d_tau)

Linf.tau <- pow(Linf.sd.pr,-2)
Linf.d ~ dnorm(Linf.pr,Linf.tau)

FK.d ~ dlnorm(log(FK.pr),4) # wide prior range for F/K

SL[1] ~ dlogis(0,1000)
Freq.pred[1]<-0
xN[1] <-1

p.low <- ifelse(Pile==1,0.99,0)
p.hi <- ifelse(Pile==0,0.01,1)
pile.fac ~ dunif(p.low,p.hi)

for(j in 2:n.L) {
SL[j] <- 1/(1+exp(-r.alpha.d*(((L.y[j]+L.y[j-1])/2)/Linf.d-Lc.d/Linf.d))) # selection at
mid-length of bin

```

```

xN[j] <- xN[j-1]*((Linf.d-L.y[j])/(Linf.d-L.y[j-1]))^(MK.d+FK.d*SL[j]) # predicted
numbers without pile-up

cN[j] <- (xN[j-1]-xN[j])/(MK.d+FK.d*SL[j]) # predicted relative frequency with pile-up
correction

dN[j] <- cN[j]-xN[j] # difference between corrected and uncorrected frequencies

uN[j] <- xN[j] + dN[j]*pile.fac # gradual application of correction with pile.fac
between 0 and 1

Freq.pred[j]<-uN[j]*SL[j] # relative frequencies of vulnerable individuals

# normalize frequencies by dividing by sum of frequencies; multiply with 10 to
avoid small numbers and with 1000 for effective sample size
r.Freq.pred[j]<- Freq.pred[j]/sum(Freq.pred)*10*1000
}

#><> LIKELIHOOD FUNCTION
#><> Fit observed to predicted LF data using a Dirichlet distribution (more robust in
JAGS)
r.Freq.y[2:n.L] ~ ddirch(r.Freq.pred[2:n.L])

} # END OF MODEL
",fill = TRUE)
sink()

MODEL = "SLNMod.jags"
jagsfitSLN <- jags.parallel(data=jags.data, working.directory=NULL, inits=NULL,
parameters.to.save=jags.params,
model.file=paste(MODEL),
n.burnin=300, n.thin=10, n.iter=600, n.chains=3)

# use median and percentiles
Ldat$Lc[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Lc.d)
Ldat$Lc.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Lc.d,0.025)
Ldat$Lc.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Lc.d,0.975)
Ldat$Lmean[i] <-
sum(L.y[L.y>=Ldat$Lc[i]]*r.Freq.y[L.y>=Ldat$Lc[i]])/sum(r.Freq.y[L.y>=Ldat$Lc[i]])
Ldat$r.alpha[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$r.alpha.d)
Ldat$r.alpha.lcl[i]<- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$r.alpha.d,0.025)
Ldat$r.alpha.ucl[i]<- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$r.alpha.d,0.975)
Ldat$MK[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d)
Ldat$MK.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d,0.025)
Ldat$MK.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d,0.975)

```



```

Ldat$FK[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d)
Ldat$FK.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d,0.025)
Ldat$FK.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d,0.975)
FMi <-
jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d/jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d
Ldat$FM[i] <- median(FMi)
Ldat$FM.lcl[i] <- quantile(FMi,0.025)
Ldat$FM.ucl[i] <- quantile(FMi,0.975)
ZKi <- jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d +
jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d
Ldat$ZK[i] <- median(ZKi)
Ldat$ZK.lcl[i] <- quantile(ZKi,0.025)
Ldat$ZK.ucl[i] <- quantile(ZKi,0.975)
Ldat$r.Lopt[i] <- 3/(3+Ldat$MK[i])
Ldat$Linf[i] <- median((jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d))
Ldat$Linf.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d,0.025)
Ldat$Linf.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d,0.975)

} # end of trawl-like selection

#-----
# Estimate parameters GLmean, SD, F/K, M/K if selection is gillnet-like
#-----
if(dat.ID$GausSel==TRUE) {
  # determine priors
  # assume length at peak Freq as mean and distance to length at 80% of peak as
  SD of mean
  GLmean.st <- L.y[which.max(r.Freq.y)]
  # assume SD of Gaussian selection as distance between length at peak and length
  at 50% of peak
  Lc.pr <- L.y[which(r.Freq.y >= (0.5*max(r.Freq.y)))] [1]
  SD.st <- max(GLmean.st-Lc.pr,0.25*GLmean.st)

  cat("Running Jags model to fit SL and N distributions\n")

  n.L <- length(L.y)

  jags.data <- list
  ("n.L","GLmean.st","L.y","SD.st","ZK.nls","r.Freq.y","Linf.pr","Linf.sd.pr","MK.pr")
  jags.params <- c("GLmean.d","SD.d","SL","xN","FK.d","MK.d","Linf.d")

  #-----
  # JAGS model L-based with integral
  #-----
  sink("SLNMod.jags")
  cat("

```

```

model {
  GLmean.tau <- pow(0.1*GLmean.st,-2)
  GLmean.d ~ dnorm(GLmean.st,GLmean.tau)

  SD.tau <- pow(0.2*SD.st,-2)
  SD.d ~ dnorm(SD.st,SD.tau)

  MK.d_tau <-pow(0.15,-2)
  MK.d ~ dnorm(MK.pr,MK.d_tau)

  Linf.tau <- pow(Linf.sd.pr,-2)
  Linf.d ~ dnorm(Linf.pr,Linf.tau)

  FK <- (ZK.nls-1.5) # ZK overestimated in gillnet selection, used as upper
range
  FK.d ~ dunif(0,FK)

  SL[1]~ dlogis(0,1000)
  Freq.pred[1]<-0
  xN[1]<-1

  for(j in 2:n.L) {
    SL[j]<- exp(-((L.y[j]-GLmean.d)^2/(2*SD.d^2)))

    xN[j]<-xN[j-1]*exp((MK.d+FK.d*SL[j])*(log(1-L.y[j]/Linf.d)-log(1-L.y[j-1]/Linf.d)))

    cN[j] <- (xN[j-1]-xN[j])/(MK.d+FK.d*SL[j])

    Freq.pred[j]<-cN[j]*SL[j]

    #><> add effective sample size (try 100 typical for LF data)
    r.Freq.pred[j]<- Freq.pred[j]/sum(Freq.pred)*10000
  }

  #><> LIKELIHOOD FUNCTION
  #><> Fit observed to predicted LF data using a Dirichlet distribution (more robust
in JAGS)
  r.Freq.y[2:n.L]~ddirch(r.Freq.pred[2:n.L])

} # END OF MODEL
",fill = TRUE)
sink()

MODEL = "SLNMod.jags"
#jagsfitSLN <- jags(jags.data, inits=NULL, jags.params, paste(MODEL), n.chains =
Nchains , n.thin =Nthin , n.iter =Niter , n.burnin = Nburnin)

```

```
jagsfitSLN <- jags.parallel(data=jags.data, working.directory=NULL, inits=NULL,
  parameters.to.save=jags.params,
  model.file=paste(MODEL),
  n.burnin=300, n.thin=10, n.iter=1000, n.chains=3)
```

```
# use median and percentiles
```

```
Ldat$GLmean[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$GLmean.d)
Ldat$GLmean.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$GLmean.d,0.025)
Ldat$GLmean.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$GLmean.d,0.975)
Ldat$SD[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$SD.d)
Ldat$SD.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$SD.d,0.025)
Ldat$SD.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$SD.d,0.975)
Ldat$MK[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d)
Ldat$MK.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d,0.025)
Ldat$MK.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d,0.975)
Ldat$FK[i] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d)
Ldat$FK.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d,0.025)
Ldat$FK.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d,0.975)
FMi <-
```

```
jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d/jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d
```

```
Ldat$FM[i] <- median(FMi)
Ldat$FM.lcl[i] <- quantile(FMi,0.025)
Ldat$FM.ucl[i] <- quantile(FMi,0.975)
ZKi <- jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$MK.d +
```

```
jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$FK.d
```

```
Ldat$ZK[i] <- median(ZKi)
Ldat$ZK.lcl[i] <- quantile(ZKi,0.025)
Ldat$ZK.ucl[i] <- quantile(ZKi,0.975)
Ldat$r.Lopt[i] <- 3/(3+Ldat$MK[i])
Ldat$Linf[i] <- median((jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d))
Ldat$Linf.lcl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d,0.025)
Ldat$Linf.ucl[i] <- quantile(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Linf.d,0.975)
```

```
} # end of gillnet loop
```

```
# call BH function to estimate B/B0 and YR for the given year [i]
```

```
BH.list <-
```

```
BH(AllLength=unique(AllLength[AllYear==Year]),Linf=Ldat$Linf[i],MK=Ldat$MK[i],FK
=Ldat$FK[i],GausSel=dat.ID$GausSel,
```

```
selpar1=ifelse(dat.ID$GausSel==T,Ldat$GLmean[i]/Ldat$Linf[i],Ldat$Lc[i]/Ldat$Linf[i]
),
```

```
selpar2=ifelse(dat.ID$GausSel==T,Ldat$SD[i]/Ldat$Linf[i],Ldat$r.alpha[i]))
```

```
Ldat$BB0[i] <- as.numeric(BH.list[1])
```

```

Ldat$YR[i] <- as.numeric(BH.list[2])

# Error propagation, assuming that fractional uncertainties add in quadrature
rel.lcl <- sqrt(((Ldat$FM[i]-Ldat$FM.lcl[i])/Ldat$FM[i])^2+((Ldat$MK[i]-
Ldat$MK.lcl[i])/Ldat$MK[i])^2+((Ldat$FK[i]-Ldat$FK.lcl[i])/Ldat$FK[i])^2+((Ldat$Linf[i]-
Ldat$Linf.lcl[i])/Ldat$Linf[i])^2)
rel.ucl <- sqrt(((Ldat$FM.ucl[i]-Ldat$FM[i])/Ldat$FM[i])^2+((Ldat$MK.ucl[i]-
Ldat$MK[i])/Ldat$MK[i])^2+((Ldat$FK.ucl[i]-
Ldat$FK[i])/Ldat$FK[i])^2+((Ldat$Linf.ucl[i]-Ldat$Linf[i])/Ldat$Linf[i])^2)
Ldat$BB0.lcl[i] <- Ldat$BB0[i]-Ldat$BB0[i]*rel.lcl
Ldat$BB0.ucl[i] <- Ldat$BB0[i]+Ldat$BB0[i]*rel.ucl
Ldat$YR.lcl[i] <- Ldat$YR[i]-Ldat$YR[i]*rel.lcl
Ldat$YR.ucl[i] <- Ldat$YR[i]+Ldat$YR[i]*rel.ucl

# get MSFD D3.3 indicators
Ldat$L95[i] <- wtd.quantile(x=L.y,weights=r.Freq.y,probs=c(0.95))
Ldat$perc.mat[i] <-
ifelse(is.na(dat.ID$Lm50)==F,sum(r.Freq.y[L.y>dat.ID$Lm50])/sum(r.Freq.y),NA)

# plot first and last year
if(which(Years==Year)==1 | which(Years==Year)==length(Years)) {
  r.L.y <- L.y[L.y < Ldat$Linf[i]] / Ldat$Linf[i]
  r.Freq.y <- r.Freq.y[L.y < Ldat$Linf[i]]

  Freq.pred <- vector()
  for(k in 1:length(r.L.y)){
    Freq.pred[k] <- median(jagsfitSLN$BUGSoutput$sims.list$Freq.pred[,k])
  }
  plot.year(r.L.y=r.L.y, r.Freq.y=r.Freq.y,r.Lopty=Ldat$r.Lopty[i],
    r.Freq.pred.y = Freq.pred/sum(Freq.pred),
    SL1=ifelse(dat.ID$GausSel==T,Ldat$GLmean[i],Ldat$Lc[i]),
    SL2=ifelse(dat.ID$GausSel==T,Ldat$SD[i],Ldat$r.alpha[i]),
    MK=Ldat$MK[i],FK=Ldat$FK[i],Linf=Ldat$Linf[i])
}

} # end of annual loop

# get some reference points as median of time series
Linf.med <- median(Ldat$Linf)
Linf.lcl <- median(Ldat$Linf.lcl)
Linf.ucl <- median(Ldat$Linf.ucl)
if(dat.ID$GausSel==F) {
  Lc.med <- median(Ldat$Lc)
  r.alpha.med <- median(Ldat$r.alpha) } else {
  GLmean.med <- median(Ldat$GLmean)
  SD.med <- median(Ldat$SD) }

```

```

MK.med <- median(Ldat$MK)
MK.lcl <- median(Ldat$MK.lcl)
MK.ucl <- median(Ldat$MK.ucl)
FK.med <- median(Ldat$FK)
FK.lcl <- median(Ldat$FK.lcl)
FK.ucl <- median(Ldat$FK.ucl)
FM.med <- median(Ldat$FM)
FM.lcl <- median(Ldat$FM.lcl)
FM.ucl <- median(Ldat$FM.ucl)
ZK.med <- median(Ldat$ZK)
ZK.lcl <- median(Ldat$ZK.lcl)
ZK.ucl <- median(Ldat$ZK.ucl)
r.Lopt.med <- median(Ldat$r.Lopt)
Lopt.med <- r.Lopt.med*Linf.med
Lc_opt.med <- Linf.med*(2+3*FM.med)/((1+FM.med)*(3+MK.med))
BB0.med <- median(Ldat$BB0)
BB0.lcl <- median(Ldat$BB0.lcl)
BB0.ucl <- median(Ldat$BB0.ucl)
YR.med <- median(Ldat$YR)
YR.lcl <- median(Ldat$YR.lcl)
YR.ucl <- median(Ldat$YR.ucl)

BFM1B0.list <-
BH(AllLength=unique(AllLength),Linf=Linf.med,MK=MK.med,FK=MK.med,GausSel=
dat.ID$GausSel,
    selpar1=ifelse(dat.ID$GausSel==T,r.Lopt.med,5/(2*(3+MK.med))),
    selpar2=ifelse(dat.ID$GausSel==T,SD.med/Linf.med,r.alpha.med))

BFM1B0 <- as.numeric(BFM1B0.list[1])
YRFM1 <- as.numeric(BFM1B0.list[2])

cat("\n-----\n")
cat("Results for",dat.ID$Species,", stock",Stock,",",StartYear,"-
",EndYear,ifelse(dat.ID$GausSel==T,", Gaussian selection",""), "\n")
cat("(95% confidence limits in parentheses) Files:",ID.File,",",dat.ID$File,"\n")
cat("-----\n")
cat("Linf prior =",Linf.pr,", SD
=",Linf.sd.pr,"cm",ifelse(is.na(dat.ID$Linf.user)==TRUE,"","(user-defined)"),
"(Lmax =",Lmax,", median Lmax =",Lmax.med,")\n")
cat("Z/K prior =",ZK.nls,", SD =", ZK.nls.sd,", M/K prior =", MK.pr, ", SD
=",MK.sd.pr,ifelse(is.na(dat.ID$MK.user)==TRUE,"","(user-defined)"),"\n")
if(dat.ID$GausSel==F) {
cat("F/K prior =", FK.pr, "(wide range with tau=4 in log-normal distribution)\n")
cat("Lc prior =",Lc.pr,", SD
=",Lc.sd.pr,"(cm)",ifelse(is.na(dat.ID$Lc.user)==TRUE,"","(user-defined)"),
", alpha prior=",r.alpha.pr,", SD =",0.1*r.alpha.pr,"\n\n")

```

}

```

cat("General reference points [median across years]: \n")
cat("Linf          =",Linf.med,paste("(",format(Linf.lcl,digits=3),"-",format(Linf.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat("Lopt
=",format(Lopt.med,digits=2),paste(iffelse(dat.ID$mm.user==F,"cm","mm"),"Lopt/Linf
="),format(r.Lopt.med,digits=2),"\n")
cat("Lc_opt
=",format(Lc_opt.med,digits=2),paste(iffelse(dat.ID$mm.user==F,"cm","mm"),"Lc_opt
/Linf ="),format(Lc_opt.med/Linf.med,digits=2),"\n")
cat("M/K          =",MK.med,paste("(",format(MK.lcl,digits=3),"-",format(MK.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat("F/K          =",FK.med,paste("(",format(FK.lcl,digits=3),"-",format(FK.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat("Z/K          =",ZK.med,paste("(",format(ZK.lcl,digits=3),"-",format(ZK.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat("F/M          =",FM.med,paste("(",format(FM.lcl,digits=3),"-",format(FM.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat(iffelse(dat.ID$GausSel==F,"B/B0 F=M Lc=Lc_opt =", "B/B0 F=M Lmean=Lopt="),BFM1B0,"\n")
cat("B/B0          =",BB0.med,paste("(",format(BB0.lcl,digits=3),"-",format(BB0.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"\n")
cat(iffelse(dat.ID$GausSel==F,"Y/R' F=M Lc=Lc_opt =", "Y/R' F=M Lmean=Lopt="),YRFM1,"\n")
cat("Y/R'          =",YR.med,paste("(",format(YR.lcl,digits=3),"-",format(YR.ucl,digits=3),
                                     ")",sep=""),"(linearly reduced if B/B0 < 0.25)\n\n")
cat("Estimates for last year",EndYear,":\n")
last      <- which(Ldat$Year==EndYear)
if(dat.ID$GausSel==F){
  cat("Lc50        =",Ldat$Lc[last],paste("(",format(Ldat$Lc.lcl[last],digits=3),
                                         ")",sep=""),"-",format(Ldat$Lc.ucl[last],digits=3),iffelse(dat.ID$mm.user==F,") cm,
Lc/Linf = ",") mm, Lc/Linf = ",
                                     format(Ldat$Lc[last]/Ldat$Linf[last],digits=2),"
(",format(Ldat$Lc.lcl[last]/Ldat$Linf[last],digits=3),"-",
                                     format(Ldat$Lc.ucl[last]/Ldat$Linf[last],digits=3),")",sep=""),"\n")

  cat("Lc95        =",(Ldat$r.alpha[last]/Ldat$Linf[last])*Ldat$Lc[last]-log(1/0.95-
1))/(Ldat$r.alpha[last]/Ldat$Linf[last]),

```

```

", alpha
=",Ldat$r.alpha[last]/Ldat$Linf[last],"(",Ldat$r.alpha.lcl[last]/Ldat$Linf[last],"-
",Ldat$r.alpha.ucl[last]/Ldat$Linf[last],") \n")
cat("Lmean/Lopt
=",format(Ldat$Lmean[last]/(Ldat$r.Lopt[last]*Ldat$Linf[last]),digits=2),
  ", Lc/Lc_opt =",format(Ldat$Lc[last]/Lc_opt.med,digits=2),
  ", L95th =", Ldat$L95[last],ifelse(dat.ID$mm.user==F,"cm","mm"),
  ", L95th/Linf =",format(Ldat$L95[last]/Ldat$Linf[last],digits=2),
  ", Lm50 =", dat.ID$Lm50,ifelse(dat.ID$mm.user==F,"cm","mm"),
  ", Mature =",format(Ldat$perc.mat[last]*100,digits=2),"%\n")
} else if(dat.ID$GausSel==T){
  cat("GLmean/Linf=",format(Ldat$GLmean[last]/Ldat$Linf[last],digits=2),"",SD/Linf
=",Ldat$SD[last]/Ldat$Linf[last],"\n")
  cat("GLmean  =",Ldat$GLmean[last],"",SD =",Ldat$SD[last],"\n")
}
cat("F/K      =",format(Ldat$FK[last],digits=2),"(",Ldat$FK.lcl[last],"-
",Ldat$FK.ucl[last],")\n")
cat("F/M      =",format(Ldat$FK[last]/Ldat$MK[last],digits=2),"(",Ldat$FM.lcl[last],"-
",Ldat$FM.ucl[last],")\n")
cat("Z/K      =",Ldat$ZK[last],"(",Ldat$ZK.lcl[last],"-",Ldat$ZK.ucl[last],")\n")
cat("Y/R'     =",format(Ldat$YR[last],digits=2),"(",Ldat$YR.lcl[last],"-
",Ldat$YR.ucl[last],") (linearly reduced if B/B0 < 0.25)\n")
cat("B/B0     =",format(Ldat$BB0[last],digits=2),"(",Ldat$BB0.lcl[last],"-
",Ldat$BB0.ucl[last],")\n")
cat("B/Bmsy
=",format(Ldat$BB0[last]/BFM1B0,digits=2),"(",Ldat$BB0.lcl[last]/BFM1B0,"-
",Ldat$BB0.ucl[last]/BFM1B0,")\n")
if(dat.ID$Comment != "") cat("Comment:",dat.ID$Comment,"\n")
cat("pile.fac =",
ifelse(dat.ID$Pile==0,0,ifelse(dat.ID$Pile==1,1,format(median(jagsfitSLN$BUGSoutp
ut$sims.list$pile.fac),digits=2))),"\n")

# point out questionable or impossible results
# negative rates
if(Ldat$MK[last] < 0 | Ldat$FK[i] < 0) cat("Data unsuitable for LF analysis, negative
mortality rates are impossible\n")
# Biomass larger than unexploited
if(Ldat$BB0[last] >1.1) cat("Data unsuitable for LF analysis, biomass exceeds
carrying capacity\n")

#-----
# Plot time series of Lc and Lmean
#-----
if(nYears > 1) {

```

```

if(dat.ID$GausSel==F){
plot(x=Ldat$Year,y=Ldat$Lmean, bty="l",type="l",
      xlim=c(Ldat$Year[1],Ldat$Year[nYears]),
      xaxt="n",

ylim=c(0,max(c(1.1*Lopt.med,max(Ldat$Lmean,na.rm=T),max(Ldat$Lc.ucl),na.rm=T)
)),lwd=2,
      xlab="Year",ylab =
paste("Length",ifelse(dat.ID$mm.user==F,"(cm)","(mm)"),main="Lmean vs Lopt & Lc
vs Lc_opt")
axis(1,at=Ldat$Year)
lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$Lc,lwd=1,lty="dashed")
#lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$Lc.lcl,lty="dotted")
#lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$Lc.ucl,lty="dotted")
lines(x=Ldat$Year,y=rep(Lc_opt.med,nYears),col="darkgreen", lty="dashed") # line
for Lc_opt
text(x=Ldat$Year[nYears],y=Lc_opt.med,"Lc_opt", adj=c(1,-0.5), col="darkgreen")
lines(x=Ldat$Year,y=rep(Lopt.med,nYears),col="darkgreen") # line for Lopt
text(x=Ldat$Year[nYears],y=Lopt.med,"Lopt", adj=c(1,-0.5), col="darkgreen")
}

#-----
# Plot time series of GLmean relative to Lopt
#-----
if(dat.ID$GausSel==T){
plot(x=Ldat$Year,y=Ldat$GLmean, bty="l",type="l",
      xlim=c(Ldat$Year[1],Ldat$Year[nYears]),
      xaxt="n",

ylim=c(0,max(1.1*median(Ldat$r.Lopt)*Linf.med,max(Ldat$GLmean),na.rm=T)),lwd=
2,
      xlab="Year",ylab = "Lenght (cm)",main="Lmean vs Lopt")
axis(1,at=Ldat$Year)
lines(x=Ldat$Year,y=(Ldat$GLmean.lcl),lty="dotted")
lines(x=Ldat$Year,y=(Ldat$GLmean.ucl),lty="dotted")
lines(x=Ldat$Year,y=rep(Lopt.med,nYears),col="darkgreen") # line for Lopt
text(x=Ldat$Year[nYears],y=Lopt.med,"Lopt", adj=c(1,-0.5), col="darkgreen")
}

#-----
# Plot time series of F/M
#-----
plot(x=Ldat$Year,y=Ldat$FM,
      ylim=c(0,max(max(Ldat$FM.ucl),1.05)),
      bty="l",type = "l", lwd=1.5, xaxt="n",
      main="previous F/M",xlab="Year",ylab="F/M")
axis(1,at=Ldat$Year)

```



```

lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$FM.lcl,lty="dotted")
lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$FM.ucl,lty="dotted")
abline(h=1.0,col="darkgreen")
text(x=Ldat$Year[nYears],y=1,"F=M", adj=c(0.8,-0.5), col="darkgreen")

#-----
# Plot time series of B/B0
#-----
plot(x=Ldat$Year,y=Ldat$BB0,ylim=c(0,min(c(1.1,max(c(0.6,Ldat$BB0.ucl,1.1*BFM1
B0))))),
     bty="l",type = "l", lwd=1.5, xaxt="n",
     main="exploited B / B0",xlab="Year",ylab="B / B0")
axis(1,at=Ldat$Year)
lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$BB0.lcl,lty="dotted")
lines(x=Ldat$Year,y=Ldat$BB0.ucl,lty="dotted")
abline(h=1.0,col="darkgreen") # B0
text(x=Ldat$Year[nYears],y=1,"B0", adj=c(0.8,-0.5), col="darkgreen")
lines(x=Ldat$Year,y=rep(BFM1B0,nYears),lty="dashed", col="darkgreen")
text(x=Ldat$Year[nYears-1],y=BFM1B0,"B F=M, Lc=opt", adj=c(0.8,-
0.5),col="darkgreen")
lines(x=Ldat$Year,y=rep(BFM1B0/2,nYears),lty="dotted", col="red")
text(x=Ldat$Year[nYears-1],y=BFM1B0/2,"proxy 0.5 Bmsy", adj=c(0.8,-
0.5),col="red")

} # end of loop for plotting time series

```

Méthode de Monte Carlo (CMSY)/ Monte Carlo method (CMSY) método Monte Carlo (CMSY)

(<http://oceanrep.geomar.de/33076/> Consulté 27/01/2021; in February 2019)

Fr: Le CMSY est une méthode de Monte-Carlo qui estime les points de référence des pêcheries (MSY , F_{msy} , B_{msy}) ainsi que la taille relative des stocks (B/B_{msy}) et l'exploitation (F/F_{msy}) à partir des données sur les captures et des grands antécédents de résilience ou de productivité (r) et de l'état des stocks (B/k) au début et à la fin de la série chronologique.

En: CMSY is a Monte-Carlo method that estimates fisheries reference points (MSY , F_{msy} , B_{msy}) as well as relative stock size (B/B_{msy}) and exploitation (F/F_{msy}) from catch data and broad priors for resilience or productivity (r) and for stock status (B/k) at the beginning and the end of the time series.

Pr: CMSY é um método Monte-Carlo que estima os pontos de referência da pesca (MSY , F_{msy} , B_{msy}) bem como a dimensão relativa da unidade populacional (B/B_{msy}) e a exploração (F/F_{msy}) a partir dos dados de captura e dos amplos antecedentes de resiliência ou produtividade (r) e do estado da unidade populacional (B/k) no início e no fim da série cronológica.

```
##-----
## CMSY and BSM analysis ----
## Written by Rainer Froese, Gianpaolo Coro and Henning Winker in 2016, version
of February 2019
## PDF creation added by Gordon Tsui and Gianpaolo Coro
## Default rules for biomass windows and range of q were improved for better batch
processing
## Time series within 1950-2020 are stored in csv file
## Correction for effort creep added by RF
##-----
```

```
# Automatic installation of missing packages
list.of.packages <-
c("R2jags", "coda", "parallel", "foreach", "doParallel", "gplots", "mvtnorm")
new.packages <- list.of.packages[!(list.of.packages %in%
installed.packages()), "Package"]]
if(length(new.packages)) install.packages(new.packages)
library(R2jags) # Interface with JAGS
library(coda)
library(parallel)
library(foreach)
library(doParallel)
library(gplots)
library(mvtnorm)
```

```
#-----
# Some general settings ----
```

```
#-----
# set.seed(999) # use for comparing results between runs
rm(list=ls(all=FALSE)) # clear previous variables etc
options(digits=3) # displays all numbers with three significant digits as default
graphics.off() # close graphics windows from previous sessions
FullSchaefer <- F # initialize variable; automatically set to TRUE if enough
abundance data are available
n.chains <- ifelse(detectCores() > 2,3,2) # set 3 chains in JAGS if more than 2
cores are available
ncores_for_computation=detectCores() # cores to be used for parallel processing of
CMSY
cl <- makeCluster(ncores_for_computation)
registerDoParallel(cl, cores = ncores_for_computation)

#-----
# Required settings, File names ----
#-----
catch_file <- "CMSY_Catch.csv" # name of file containing "stock", "yr", "ct", and
optional "bt"
id_file <- "CMSY_ID.csv" # name of file containing stock-specific info and
settings for the analysis
outfile <- paste("Out_",format(Sys.Date()),format="%B%d%Y_"),id_file,sep="") #
default name for output file

#-----
# Select stock to be analyzed ----
#-----
stocks <- "Sardinella_a"
# If the input files contain more than one stock, specify below the stock to be
analyzed
# If the line below is commented out (#), all stocks in the input file will be analyzed
stocks <- c("Sardinella_a") # "ZEUSFAB_AL" #

#-----
# General settings for the analysis ----
#-----
dataUncert <- 0.3 # set observation error as uncertainty in catch - default is SD=0.1
sigmaR <- 0.1 # overall process error for CMSY; SD=0.1 is the default
n <- 10000 # initial number of r-k pairs
n.new <- n # initialize n.new
ni <- 3 # iterations for r-k-startbiomass combinations, to test different variability
patterns; no improvement seen above 3
nab <- 2 # default=5; minimum number of years with abundance data to run
BSM
mgraphs <- T # set to TRUE to produce additional graphs for management
e.creep.line <- F # set to TRUE to display uncorrected CPUE in biomass graph
```

```
kobe.plot <- T # HW set to TRUE so produce additional kobe status plot
save.plots <- F # set to TRUE to save graphs to JPEG files
close.plots <- F # set to TRUE to close on-screen plots after they are saved, to avoid
"too many open devices" error in batch-processing
write.output <- F # set to TRUE if table with results in output file is wanted; expects
years 2004-2014 to be available
write.pdf <- F # set to TRUE if PDF output of results is wanted. See more
instructions at end of code.
force.cmsy <- F # set to TRUE if CMSY results are to be preferred over BSM results
select.yr <- NA # option to display F, B, F/Fmsy and B/Bmsy for a certain year;
default NA
```

```
if(write.pdf == FALSE) save.plots=TRUE
```

```
#-----
# FUNCTIONS ----
#-----
# Monte Carlo filtering with Schaefer Function ----
#-----
SchaeferParallelSearch<-function(ni, nyr,sigR,duncert,ct,int.yr,intbio, startbt, ki,i,
ri,int.yr.i, nstartbt, yr, end.yr, endbio, npoints, pt){
  ptm<-proc.time()
  # create vectors for viable r, k and bt
  inmemorytable <- vector()
  # parallelised for the points in the r-k space
  inmemorytable <- foreach (i = 1 : npoints, .combine='rbind', .packages='foreach',
.inorder=TRUE) %dopar%{
    nsbt = length(startbt)
    VP <- FALSE
    for(nj in 1:nsbt) {
      # create empty vector for annual biomasses
      bt <- vector()
      j<-startbt[nj]
      # set initial biomass, including 0.1 process error to stay within bounds
      bt[1]=j*ki[i]*exp(rnorm(1,0, 0.1*sigR)) ## set biomass in first year
      # repeat test of r-k-startbt combination to allow for different random error
      for(re in 1:ni) {
        #loop through years in catch time series
        for (t in 1:nyr) { # for all years in the time series
          xt=rnorm(1,0, sigR) # set new process error for every year
          zlog.sd = sqrt(log(1+(duncert)^2))
          zt=rlnorm(1,meanlog = 0, sdlog = zlog.sd) # model the catch error as a log
normal distribution.
          # calculate biomass as function of previous year's biomass plus surplus
production minus catch
          bt[t+1] <- ifelse(bt[t]/ki[i] >= 0.25,
```

$$bt[t+ri[i]]*bt[t]*(1-bt[t]/ki[i])*exp(xt)-ct[t]*zt,$$

$$bt[t]+(4*bt[t]/ki[i])*ri[i]*bt[t]*(1-bt[t]/ki[i])*exp(xt)-ct[t]*zt) \# \text{ assuming}$$
 reduced r at $B/k < 0.25$

```

# if biomass < 0.01 k, discard r-k-startbt combination
if(bt[t+1] < 0.01*ki[i]) {
  break
} # stop looping through years, go to next upper level
# intermediate year check
if ((t+1)==int.yr.i && (bt[t+1]>(intbio[2]*ki[i]) || bt[t+1]<(intbio[1]*ki[i]))) {
  break
}
} # end of loop of years
# if loop was broken or last biomass falls outside of expected ranges
# do not store results, go directly to next startbt
if(t < nyr || bt[yr==end.yr] > (endbio[2]*ki[i]) || bt[yr==end.yr] < (endbio[1]*ki[i]) ) {
  next
} else {
  #each vector will be finally appended to the others found by the threads - this is
done by the .combine='rbind' option
  inmemorytablerow<-c(i,j,ri[i],ki[i],bt[1:(nyr+1)]/ki[i])
  if (length(inmemorytablerow)==(4+nyr+1)){
    if (VP==FALSE)
    {
      inmemorytable<-inmemorytablerow
    }
    else
    {
      inmemorytable<-rbind(inmemorytable,inmemorytablerow)
    }
    VP<-TRUE
  }
}
} # end of repetition for random error
} # end of j-loop of initial biomasses
# instruction necessary to make the foreach loop see the variable:
if (length(inmemorytable)==0)
{inmemorytable<-vector(length=4+nyr+1)*NA}
else
{inmemorytable}
}#end loop on points

#create the output matrix
mdat <- matrix(data=NA, nrow = npoints*nstartbt, ncol = 2+nyr+1)
npointsmem = dim(inmemorytable)[1]
npointscols = dim(inmemorytable)[2]

```

```

#reconstruction of the processing matrix after the parallel search
if (npointsmem>0 && npointscols>0){
  for (idxr in 1:npointsmem){
    i = inmemorytable[idxr,1]
    if (!is.na(i)){
      j = inmemorytable[idxr,2]
      mdatindex<-((i-1)*nstartbt)+which(startbt==j)
      mdat[mdatindex,1]      <- inmemorytable[idxr,3]
      mdat[mdatindex,2]      <- inmemorytable[idxr,4]
      mdat[mdatindex,3:(2+nyr+1)] <- inmemorytable[idxr,5:(4+nyr+1)]
      if(pt==T) points(x=ri[i], y=ki[i], pch=".", cex=4, col="gray")
    }
  }
}
ptm<-proc.time()-ptm
mdat <- na.omit(mdat)
return(mdat)
}

SchaeferMC <- function(ri, ki, startbio, int.yr, intbio, endbio, sigR, pt, duncert,
startbins, ni) {

  # create vector for initial biomasses
  startbt  <- seq(from =startbio[1], to=startbio[2], by = (startbio[2]-
startbio[1])/startbins)
  nstartbt <- length(startbt)
  npoints  <- length(ri)
  # get index of intermediate year
  int.yr.i  <- which(yr==int.yr)

  #loop through r-k pairs with parallel search
  mdat<-SchaeferParallelSearch(ni, nyR,sigR,duncert,ct,int.yr,intbio, startbt, ki, i, ri,
int.yr.i, nstartbt, yr, end.yr, endbio, npoints,pt)

  cat("\n")
  return(list(mdat))
} # end of SchaeferMC function

#-----
# Function for moving average
#-----
ma  <- function(x){
  x.1  <- filter(x,rep(1/3,3),sides=1)
  x.1[1] <- x[1]
  x.1[2] <- (x[1]+x[2])/2
  return(x.1)
}

```

```

}
#-----
# END OF FUNCTIONS
#-----

#-----
# Start output to screen
#-----
cat("-----\n")
cat("CMSY Analysis, ", date(),"\n")
cat("-----\n")

#-----
# Read data and assign to vectors
#-----
# create headers for data table file
if(write.output==T){
  outheaders = data.frame("Group","Region",
    "Subregion","Name","SciName","Stock","start.yr","end.yr","btype",
      "MaxCatch","LastCatch","MSY_BSM","lcl","ucl","r_BSM","lcl","ucl",
    "k_BSM","lcl","ucl","q_BSM","lcl","ucl","rel_B_BSM","lcl","ucl","rel_F_BSM",
      "r_CMSY","lcl","ucl","k_CMSY","lcl","ucl","MSY_CMSY","lcl","ucl",
      "rel_B_CMSY","2.5th","97.5th","rel_F_CMSY",
      "F_msy","lcl","ucl","curF_msy","lcl","ucl",
      "MSY","lcl","ucl","Bmsy","lcl","ucl",
      "B","lcl","ucl","B_Bmsy","lcl","ucl",
      "F","lcl","ucl","F_Fmsy","lcl","ucl",
      "sel_B","sel_B_Bmsy","sel_F","sel_F_Fmsy",
    # create columns for catch, F/Fmsy and Biomass for 1970 to 2020
    "c50","c51","c52","c53","c54","c55","c56","c57","c58","c59",
    "c60","c61","c62","c63","c64","c65","c66","c67","c68","c69",
    "c70","c71","c72","c73","c74","c75","c76","c77","c78","c79",
    "c80","c81","c82","c83","c84","c85","c86","c87","c88","c89",
    "c90","c91","c92","c93","c94","c95","c96","c97","c98","c99",
    "c00","c01","c02","c03","c04","c05","c06","c07","c08","c09",
    "c10","c11","c12","c13","c14","c15","c16","c17","c18","c19","c20",

    "F.Fmsy50","F.Fmsy51","F.Fmsy52","F.Fmsy53","F.Fmsy54","F.Fmsy55","F.Fmsy56",
    "F.Fmsy57","F.Fmsy58","F.Fmsy59",

    "F.Fmsy60","F.Fmsy61","F.Fmsy62","F.Fmsy63","F.Fmsy64","F.Fmsy65","F.Fmsy66",
    "F.Fmsy67","F.Fmsy68","F.Fmsy69",

    "F.Fmsy70","F.Fmsy71","F.Fmsy72","F.Fmsy73","F.Fmsy74","F.Fmsy75","F.Fmsy76",
    "F.Fmsy77","F.Fmsy78","F.Fmsy79",

```

"F.Fmsy80","F.Fmsy81","F.Fmsy82","F.Fmsy83","F.Fmsy84","F.Fmsy85","F.Fmsy86"
,"F.Fmsy87","F.Fmsy88","F.Fmsy89",

"F.Fmsy90","F.Fmsy91","F.Fmsy92","F.Fmsy93","F.Fmsy94","F.Fmsy95","F.Fmsy96"
,"F.Fmsy97","F.Fmsy98","F.Fmsy99",

"F.Fmsy00","F.Fmsy01","F.Fmsy02","F.Fmsy03","F.Fmsy04","F.Fmsy05","F.Fmsy06"
,"F.Fmsy07","F.Fmsy08","F.Fmsy09",

"F.Fmsy10","F.Fmsy11","F.Fmsy12","F.Fmsy13","F.Fmsy14","F.Fmsy15","F.Fmsy16"
,"F.Fmsy17","F.Fmsy18","F.Fmsy19","F.Fmsy20",

"B50","B51","B52","B53","B54","B55","B56","B57","B58","B59",
"B60","B61","B62","B63","B64","B65","B66","B67","B68","B69",
"B70","B71","B72","B73","B74","B75","B76","B77","B78","B79",
"B80","B81","B82","B83","B84","B85","B86","B87","B88","B89",
"B90","B91","B92","B93","B94","B95","B96","B97","B98","B99",
"B00","B01","B02","B03","B04","B05","B06","B07","B08","B09",
"B10","B11","B12","B13","B14","B15","B16","B17","B18","B19","B20")

```
write.table(outheaders,file=outfile, append = T, sep="," ,row.names=F,col.names=F)
}
```

```
cat("Parallel processing will use",ncores_for_computation,"cores\n")
# Read data
cdat <- read.csv(catch_file, header=T, dec=".", stringsAsFactors = FALSE)
cinfo <- read.csv(id_file, header=T, dec=".", stringsAsFactors = FALSE)
cat("Files", catch_file, ",", id_file, "read successfully","\n")
```

```
#-----
# Analyze stock(s)
#-----
if(is.na(stocks[1])==TRUE){
  # stocks <- as.character(cinfo$Stock) # Analyze stocks in sequence of ID file
  stocks <- sort(as.character(cinfo$Stock)) # Analyze stocks in alphabetic order
  # stocks <- as.character(cinfo$Stock[cinfo$Subregion=="Sardinia"]) # Analyze
stocks in Region
}
```

```
# analyze one stock after the other
for(stock in stocks) {
  cat("Processing",stock,",",
as.character(cinfo$ScientificName[cinfo$Stock==stock]),"\n")
  # assign data from cinfo to vectors
  res <- as.character(cinfo$Resilience[cinfo$Stock==stock])
  start.yr <- as.numeric(cinfo$StartYear[cinfo$Stock==stock])
```



```

end.yr    <- as.numeric(cinfo$EndYear[cinfo$Stock==stock])
r.low     <- as.numeric(cinfo$r.low[cinfo$Stock==stock])
r.hi      <- as.numeric(cinfo$r.hi[cinfo$Stock==stock])
user.log.r <- ifelse(is.na(r.low)==F & is.na(r.hi)==F,TRUE,FALSE)
stb.low   <- as.numeric(cinfo$stb.low[cinfo$Stock==stock])
stb.hi    <- as.numeric(cinfo$stb.hi[cinfo$Stock==stock])
int.yr    <- as.numeric(cinfo$int.yr[cinfo$Stock==stock])
intb.low  <- as.numeric(cinfo$intb.low[cinfo$Stock==stock])
intb.hi   <- as.numeric(cinfo$intb.hi[cinfo$Stock==stock])
endb.low  <- as.numeric(cinfo$endb.low[cinfo$Stock==stock])
endb.hi   <- as.numeric(cinfo$endb.hi[cinfo$Stock==stock])
q.start   <- cinfo$q.start[cinfo$Stock==stock]
q.end     <- cinfo$q.end[cinfo$Stock==stock]
e.creep   <- as.numeric(cinfo$e.creep[cinfo$Stock==stock])
btype     <- as.character(cinfo$btype[cinfo$Stock==stock])
force.cmsy <- ifelse(force.cmsy==T,T,cinfo$force.cmsy[cinfo$Stock==stock])
comment   <- as.character(cinfo$Comment[cinfo$Stock==stock])
source    <- as.character(cinfo$Source[cinfo$Stock==stock])
# set global defaults for uncertainty
duncert   <- dataUncert
sigR      <- sigmaR

# check for common errors
if(length(btype)==0){
  cat("ERROR: Could not find the stock in the ID input file - check that the stock
names match in ID and Catch files and that commas are used (not semi-colon)")
  return (NA) }
if(length(cdat$yr[cdat$Stock==stock])==0){
  cat("ERROR: Could not find the stock in the Catch file - check that the stock
names match in ID and Catch files and that commas are used (not semi-colon)")
  return (NA) }
if(start.yr < cdat$yr[cdat$Stock==stock][1]){
  cat("ERROR: start year in ID file before first year in catch file\n")
  return (NA)}

# extract data on stock
yr      <- as.numeric(cdat$yr[cdat$Stock==stock & cdat$yr >= start.yr & cdat$yr
<= end.yr])

if(length(yr)==0){
  cat("ERROR: Could not find the stock in the Catch input files - Please check that
the code is written correctly")
  return (NA) }
if(btype %in% c("None","CPUE","biomass")==FALSE){
  cat("ERROR: In ID file, btype must be None, CPUE, or biomass.")
  return (NA) }

```

```

if(length(yr) != (end.yr-start.yr+1)) {
  cat("ERROR: indicated year range is of different length than years in catch file\n")
  return (NA)}

ct.raw      <- as.numeric(cdat$ct[cdat$Stock==stock & cdat$yr >= start.yr &
cdat$yr <= end.yr])/1000 ## assumes that catch is given in tonnes, transforms to
'000 tonnes
if(btype=="biomass" | btype=="CPUE" ) {
  bt.raw <- as.numeric(cdat$bt[cdat$Stock==stock & cdat$yr >= start.yr & cdat$yr <=
end.yr])/1000 ## assumes that biomass is in tonnes, transforms to '000 tonnes
  bt  <- bt.raw
  if(length(bt[is.na(bt)==F])==0) {
    cat("ERROR: No CPUE or biomass data in the Catch input file")
    return (NA) }
  } else {bt <- NA}

# apply correction for effort-creep to commercial(!) CPUE
if(btype=="CPUE" && is.na(e.creep)==FALSE) {
  cpue.first <- ifelse(is.na(q.start)==T,min(which(is.na(bt)==F)),which(yr==q.start))
  cpue.last  <- ifelse(is.na(q.end)==T,max(which(is.na(bt)==F)),which(yr==q.end))
  cpue.length <- cpue.last - cpue.first
  bt.cor      <- bt
  for(i in 1:(cpue.length)) {
    bt.cor[cpue.first+i] <- bt[cpue.first+i]*(1-e.creep/100)^i # equation for decay in %
  }
  bt <- bt.cor
}

if(is.na(mean(ct.raw))){
  cat("ERROR: Missing value in Catch data; fill or interpolate\n")
}
nyr      <- length(yr) # number of years in the time series

# change catch to 3 years moving average where value is average of past 3 years
ct      <- ma(ct.raw)

# initialize vectors for viable r, k, bt, and all in a matrix
mdat.all <- matrix(data=vector(),ncol=2+nyr+1)

# initialize other vectors anew for each stock
current.attempts <- NA

# use start.yr if larger than select year
if(is.na(select.yr)==F) {
  sel.yr <- ifelse(start.yr > select.yr,start.yr,select.yr)
} else sel.yr <- NA

```

```

#-----
# Determine initial ranges for parameters and biomass
#-----
# initial range of r from input file
if(is.na(r.low)==F & is.na(r.hi)==F) {
  start.r <- c(r.low,r.hi)
} else {
  # initial range of r based on resilience
  if(res == "High") {
    start.r <- c(0.6,1.5)} else if(res == "Medium") {
    start.r <- c(0.2,0.8)} else if(res == "Low") {
    start.r <- c(0.05,0.5)} else { # i.e. res== "Very low"
    start.r <- c(0.015,0.1)}
}

# get index of years with lowest and highest catch between start+3 and end-3 years
min.yr.i <- which.min(ct[4:(length(ct)-3)])+3
max.yr.i <- which.max(ct[4:(length(ct)-3)])+3
min.ct <- ct[min.yr.i]
max.ct <- ct[max.yr.i]

# use initial biomass range from input file if stated
if(is.na(stb.low)==F & is.na(stb.hi)==F) {
  startbio <- c(stb.low,stb.hi)
} else {
  # if catch < 0.1 max catch, assume nearly unexploited biomass
  if(ct[1] < 0.1*max.ct) { startbio <- c(0.9,1)
  # if catch < 0.25 max catch, assume high biomass
  } else if(ct[1] < 0.25*max.ct) { startbio <- c(0.8,1)
  # if catch < 0.33 max catch, assume high biomass
  } else if(ct[1] < 0.33*max.ct) { startbio <- c(0.6,1)
  # if catch < 0.66 max catch, assume medium to high biomass
  } else if(ct[1] < 0.66*max.ct | start.yr <=1960) { startbio <- c(0.4,0.8)
  # otherwise assume low to medium biomass
  } else startbio <- c(0.2,0.6)
}

# use year and biomass range for intermediate biomass from input file
if(is.na(intb.low)==F & is.na(intb.hi)==F) {
  int.yr <- int.yr
  intbio <- c(intb.low,intb.hi)

  # if contrast in catch is low, use initial range again in mid-year
} else if(min(ct)/max(ct) > 0.6) {
  int.yr <- as.integer(mean(c(start.yr, end.yr)))

```

```

intbio <- startbio

# else if year of minimum catch is after max catch then use min catch
} else if(min.yr.i > max.yr.i) {
  int.yr <- yr[min.yr.i-1]
  if(startbio[1]>=0.5 & (int.yr-start.yr) < (end.yr-int.yr) &
    (min.ct/max.ct) > 0.3) intbio <- c(0.2,0.6) else intbio <- c(0.01,0.4)

  # else use max catch
} else {
  # assume that biomass range in year before maximum catch was high or medium
  int.yr <- yr[max.yr.i-1]
  intbio <- if((startbio[1]>=0.5 & (int.yr-start.yr) < (end.yr-int.yr))| # if initial biomass
is high, assume same for intermediate
    (((max.ct-min.ct)/max.ct)/(max.yr.i-min.yr.i) > 0.04)) c(0.5,0.9) else
    if(ct[which(yr==int.yr)-5]/max.ct<0.33) {c(0.4,0.8)} else c(0.2,0.6) } # if
increase is steep, assume high, else medium
  # end of intbio setting

# final biomass range from input file
if(is.na(endb.low)==F & is.na(endb.hi)==F) {
  endbio <- c(endb.low,endb.hi)
} else {
  rawct.ratio=ct.raw[nyr]/max(ct)
  # else use mean final catch/max catch to estimate final biomass
  endbio <- if(ct[nyr]/max(ct) > 0.8) {c(0.4,0.8)} else if(rawct.ratio < 0.5) {c(0.01,0.4)}
else {c(0.2,0.6)}

# if final catch is <= catch at int.yr, endbio may not exceed intbio
if(endbio[1] > intbio[1] & ct[nyr] <= 1.1*ct[which(yr==int.yr)]) {endbio <- intbio}

# if endbio is less than 5 years after intbio endbio may not exceed intbio
if(endbio[1] > intbio[1]) {endbio <- intbio}

# if default endbio is low (0.01-0.4), check whether the upper bound should be
lower than 0.4 for depleted stocks
if(endbio[2]==0.4){
  if(rawct.ratio< 0.05) {endbio[2] <- 0.1} else
  if(rawct.ratio< 0.15) {endbio[2] <- 0.2} else
  if(rawct.ratio< 0.35) {endbio[2] <- 0.3} else {endbio[2] <- 0.4}
}
} # end of final biomass setting

# initial prior range of k values, assuming min k will be larger than max catch / prior
for r
if(mean(endbio) <= 0.5) {

```

```

start.k <- c(max(ct)/start.r[2],4*max(ct)/start.r[1]) else {
  start.k <- c(2*max(ct)/start.r[2],12*max(ct)/start.r[1])
# start.k <- c(start.k[1],3000)
cat("startbio=",startbio,ifelse(is.na(stb.low)==T,"default","expert"),
    ", intbio=",int.yr,intbio,ifelse(is.na(intb.low)==T,"default","expert"),
    ", endbio=",endbio,ifelse(is.na(endb.low)==T,"default","expert"),"\n")

#-----
# Uniform sampling of the r-k space ----
#-----
# get random set of r and k from log space distribution
ri1 = exp(runif(n, log(start.r[1]), log(start.r[2])))
ki1 = exp(runif(n, log(start.k[1]), log(start.k[2])))

#-----
#Plot data and progress ----
#-----
# check for operating system, open separate window for graphs if Windows
if(grepl("win",tolower(Sys.info()['sysname']))) {windows(14,9)}
par(mfrow=c(2,3))
# plot catch ----
plot(x=yr, y=ct.raw,
      ylim=c(0,max(ifelse(substr(id_file,1,3)=="Sim",
                            1.1*true.MSY,0),1.2*max(ct.raw))),
      type="l", bty="n", main=paste("A: Catch",stock), xlab="", ylab="Catch (1000
tonnes/year)", lwd=2, cex.main = 1.8, cex.lab = 1.55, cex.axis = 1.5)
lines(x=yr,y=ct,col="blue", lwd=1)
points(x=yr[max.yr.i], y=max.ct, col="red", lwd=2)
points(x=yr[min.yr.i], y=min.ct, col="red", lwd=2)

# plot r-k graph ----
plot(x=ri1, y=ki1, xlim = start.r, ylim = start.k, log="xy", xlab="", ylab="k (1000
tonnes)",
      main="B: Finding viable r-k", pch=".", cex=3, bty="n", col="gray95", cex.main =
1.8, cex.lab = 1.55, cex.axis = 1.5)
title(xlab = "r", line = 2.25, cex.lab = 1.55)
#-----
# 1 - Call CMSY-SchaeferMC function to preliminary explore the r-k space ----
#-----
cat("First Monte Carlo filtering of r-k space with ",n," points...\n")
MCA <- SchaeferMC(ri=ri1, ki=ki1, startbio=startbio, int.yr=int.yr, intbio=intbio,
endbio=endbio, sigR=sigR,
                pt=T, duncert=dataUncert, startbins=10, ni=ni)
mdat.all <- rbind(mdat.all,MCA[[1]])
rv.all <- mdat.all[,1]
kv.all <- mdat.all[,2]

```

```

btv.all <- mdat.all[,3:(2+nyr+1)]
# count viable trajectories and r-k pairs ----
n.viable.b <- length(mdat.all[,1])
n.viable.pt <- length(unique(mdat.all[,1]))
cat("Found ",n.viable.b," viable trajectories for", n.viable.pt," r-k pairs\n")

#-----
# 2 - if the lower bound of k is too high, reduce it by half and rerun ----
#-----
if(length(kv.all[kv.all < 1.1*start.k[1] & rv.all < mean(start.r)]) > 10) {
  cat("Reducing lower bound of k, resampling area with",n,"additional points...\n")
  start.k <- c(0.5*start.k[1],start.k[2])
  ri1 = exp(runif(n, log(start.r[1]), log(start.r[2])))
  ki1 = exp(runif(n, log(start.k[1]), log(start.k[2])))
  MCA <- SchaeferMC(ri=ri1, ki=ki1, startbio=startbio, int.yr=int.yr, intbio=intbio,
endbio=endbio, sigR=sigR,
                    pt=T, duncert=dataUncert, startbins=10, ni=ni)
  mdat.all <- rbind(mdat.all,MCA[[1]])
  rv.all <- mdat.all[,1]
  kv.all <- mdat.all[,2]
  btv.all <- mdat.all[,3:(2+nyr+1)]
  n.viable.b <- length(mdat.all[,1])
  n.viable.pt <- length(unique(mdat.all[,1]))
  cat("Found altogether",n.viable.b," viable trajectories for", n.viable.pt," r-k pairs\n")
}

#-----
# 3 - if few points were found then resample and shrink the log k space ----
#-----
if (n.viable.b <= 1000){
  log.start.k.new <- log(start.k)
  max.attempts <- 3
  current.attempts <- 1
  startbins <- 10
  while (n.viable.b <= 1000 && current.attempts <= max.attempts){
    if(n.viable.pt > 0) {
      log.start.k.new[1] <- mean(c(log(start.k[1]), min(log(kv.all))))
      log.start.k.new[2] <- mean(c(log.start.k.new[2], max(log(kv.all)))) }
    n.new <- n*current.attempts #add more points
    ri1 = exp(runif(n.new, log(start.r[1]), log(start.r[2])))
    ki1 = exp(runif(n.new, log.start.k.new[1], log.start.k.new[2]))
    cat("Shrinking k space: repeating Monte Carlo in the interval
[",exp(log.start.k.new[1]),",",exp(log.start.k.new[2]),"]\n")
    cat("Attempt ",current.attempts," of ",max.attempts," with ",n.new," additional
points...","\n")
    if(current.attempts==2 & n.viable.b < 50){

```

```

duncert <- 2*dataUncert
sigR <- 2*sigmaR
startbins <- 20
cat("Doubling startbins, catch and process error, and number of variability
patterns \n")
}
MCA <- SchaeferMC(ri=ri1, ki=ki1, startbio=startbio, int.yr=int.yr, intbio=intbio,
endbio=endbio, sigR=sigR,
pt=T, duncert=duncert, startbins=startbins, ni=2*ni)
mdat.all <- rbind(mdat.all,MCA[[1]])
rv.all <- mdat.all[,1]
kv.all <- mdat.all[,2]
btv.all <- mdat.all[,3:(2+nyr+1)]
n.viable.b <- length(mdat.all[,1])
n.viable.pt <- length(unique(mdat.all[,1]))
cat("Found altogether",n.viable.b," viable trajectories for", n.viable.pt," r-k
pairs\n")
current.attempts=current.attempts+1 #increment the number of attempts
} # end of 3 attempts loop
} # end of loop 3

# -----
# 4 - if too few points are found, remove intermediate filter by setting it to 0-1 ----
# -----
if(n.viable.b < 5) {
cat("Setting intermediate biomass to 0-1... \n")
int.yr=yr[as.integer(nyr/2)]
intbio=c(0,1)
MCA <- SchaeferMC(ri=ri1, ki=ki1, startbio=startbio, int.yr=int.yr, intbio=intbio,
endbio=endbio, sigR=sigR,
pt=T, duncert=dataUncert, startbins=10, ni=ni)
mdat.all <- rbind(mdat.all,MCA[[1]])
rv.all <- mdat.all[,1]
kv.all <- mdat.all[,2]
btv.all <- mdat.all[,3:(2+nyr+1)]
# count viable trajectories and r-k pairs ----
n.viable.b <- length(mdat.all[,1])
n.viable.pt <- length(unique(mdat.all[,1]))
cat("Found ",n.viable.b," viable trajectories for", n.viable.pt," r-k pairs\n")
}
if(n.viable.b < 5) {
cat("Only",n.viable.pt,"viable r-k pairs found, check data and settings \n")
next
}

#-----

```

```
# 5 - if tip of viable r-k pairs is 'thin', do extra sampling there ----
#-----
if(length(rv.all[rv.all > 0.9*start.r[2]]) < 5) {
  l.sample.r      <- quantile(rv.all,0.6)
  add.points      <-
ifelse(is.na(current.attempts)==T,n,ifelse(current.attempts==2,2*n,ifelse(length(rv.all)
>500,3*n,6*n)))
  cat("Final sampling in the tip area above r
=",l.sample.r,"with",add.points,"additional points...\n")
  log.start.k.new <- c(log(0.8*min(kv.all)),log(max(kv.all[rv.all > l.sample.r])))

  ri1 = exp(runif(add.points, log(l.sample.r), log(start.r[2])))
  ki1 = exp(runif(add.points, log.start.k.new[1], log.start.k.new[2]))
  MCA <- SchaeferMC(ri=ri1, ki=ki1, startbio=startbio, int.yr=int.yr, intbio=intbio,
endbio=endbio, sigR=sigR,
                    pt=T, duncert=duncert, startbins=10, ni=ni)
  mdat.all <- rbind(mdat.all,MCA[[1]])
  rv.all <- mdat.all[,1]
  kv.all <- mdat.all[,2]
  btv.all <- mdat.all[,3:(2+nyr+1)]
  n.viable.b <- length(mdat.all[,1])
  n.viable.pt <- length(unique(mdat.all[,1]))
  cat("Found altogether",n.viable.b," viable trajectories for", n.viable.pt," r-k pairs\n")
}

# -----
# Bayesian analysis of catch & biomass (or CPUE) with Schaefer model ----
# -----
FullSchaefer <- F
if(btype != "None" & length(bt[is.na(bt)==F])>=nab) {
  FullSchaefer <- T

  # set inits for r-k in lower right corner of log r-k space
  init.r <- start.r[1]+0.8*(start.r[2]-start.r[1])
  init.k <- start.k[1]+0.1*(start.k[2]-start.k[1])

  # vector with no penalty (=0) if predicted biomass is within viable range, else a
  # penalty of 10 is set
  pen.bk = pen.F = rep(0,length(ct))

  # Add biomass priors
  b.yrs = c(1,length(start.yr:int.yr),length(start.yr:end.yr))
  b.prior =
rbind(matrix(c(startbio[1],startbio[2],intbio[1],intbio[2],endbio[1],endbio[2]),2,3),rep(0,3
)) # last row includes the 0 pen
```



```

cat("Running MCMC analysis...\n")
if(btype == "biomass" ) {
  # Data to be passed on to JAGS
  jags.data      <- c('ct','bt','nyr', 'start.r','startbio','start.k',
                    'init.r','init.k', 'pen.bk','pen.F','b.yrs','b.prior')
  # Parameters to be returned by JAGS
  jags.save.params <- c('r','k','P') #

  # JAGS model
  Model = "model{
    # to avoid crash due to 0 values
    eps<- 0.01
    penm[1] <- 0 # no penalty for first biomass
    Pmean[1] <- log(alpha)
    P[1] ~ dlnorm(Pmean[1],itau2)

    for (t in 2:nyr) {
      Pmean[t] <- ifelse(P[t-1] > 0.25,
        log(max(P[t-1] + r*P[t-1]*(1-P[t-1]) - ct[t-1]/k,eps)), # Process equation
        log(max(P[t-1] + 4*P[t-1]*r*P[t-1]*(1-P[t-1]) - ct[t-1]/k,eps))) # assuming reduced r
        at B/k < 0.25
      P[t] ~ dlnorm(Pmean[t],itau2) # Introduce process error
      penm[t] <- ifelse(P[t]<(eps+0.001),log(k*P[t])-
        log(k*(eps+0.001)),ifelse(P[t]>1,log(k*P[t])-log(k*(0.99)),0)) # penalty if Pmean is
        outside viable biomass

    }

    # Biomass priors/penalties are enforced as follows
    for (i in 1:3) {
      penb[i] <- ifelse(P[b.yrs[i]]<b.prior[1,i],log(k*P[b.yrs[i]])-
        log(k*b.prior[1,i]),ifelse(P[b.yrs[i]]>b.prior[2,i],log(k*P[b.yrs[i]])-log(k*b.prior[2,i]),0))
      b.prior[3,i] ~ dnorm(penb[i],100)
    }

    for (t in 1:nyr){
      Fpen[t] <- ifelse(ct[t]>(0.9*k*P[t]),ct[t]-(0.9*k*P[t]),0) # Penalty term on F > 1, i.e.
      ct>B
      pen.F[t] ~ dnorm(Fpen[t],1000)
      pen.bk[t] ~ dnorm(penm[t],10000)
      Bm[t] <- log(P[t]*k);
      bt[t] ~ dlnorm(Bm[t],isigma2);
    }

    # priors
    # search in the alpha space from the center of the range. Allow high variability

```

```

log.alpha      <- log((startbio[1]+startbio[2])/2)
sd.log.alpha   <- (log.alpha-log(startbio[1]))/5
tau.log.alpha  <- pow(sd.log.alpha,-2)
alpha         ~ dlnorm(log.alpha,tau.log.alpha)

# search in the k space from 20% of the range
log.km        <- log(start.k[1]+0.2*(start.k[2]-start.k[1]))
sd.log.k      <- (log.km-log(start.k[1]))/4
tau.log.k     <- pow(sd.log.k,-2)
k             ~ dlnorm(log.km,tau.log.k)

# define process (tau) and observation (sigma) variances as inversegamma
priors
itau2 ~ dgamma(2,0.01)
tau2 <- 1/itau2
tau <- pow(tau2,0.5)

isigma2 ~ dgamma(2,0.01)
sigma2 <- 1/isigma2
sigma <- pow(sigma2,0.5)

log.rm        <- mean(log(start.r))
sigma.log.r   <- abs(log.rm - log(start.r[1]))/2
tau.log.r     <- pow(sigma.log.r,-2)
r             ~ dlnorm(log.rm,tau.log.r)
} " # end of JAGS model for btype=="biomass"

# -----
# Schaefer model for Catch & CPUE ----
# -----
} else {
  # get prior for q from stable catch/biomass period, min 5 years; get range of years
  from input file
  if(is.na(q.start)==F & is.na(q.end)==F) {
    mean.last.ct <-mean(ct[yr >= q.start & yr <= q.end], na.rm=T) # get mean
    catch of indicated years
    mean.last.cpue <-mean(bt[yr >= q.start & yr <= q.end], na.rm=T) # get mean
    of CPUE of indicated years
  } else {
    # get prior range for q from mean catch and mean CPUE in recent years
    lyr <- ifelse(mean(start.r)>=0.5,5,10) # determine number of last years
    to use, 5 for normal and 10 for slow growing fish
    # determine last year with CPUE data
    lbt <- max(which(bt>0))
    mean.last.ct <-mean(ct[(lbt-lyr):lbt],na.rm=T) # get mean catch of last years
  }
}

```

```

mean.last.cpue <- mean(bt[(lbt-lyr):lbt],na.rm=T) # get mean of CPUE of last
years

}
gm.start.r <- exp(mean(log(start.r))) # get geometric mean of prior r range
if(mean(endbio) >= 0.5) { # if biomass is high
  q.1 <- mean.last.cpue*0.25*gm.start.r/mean.last.ct
  q.2 <- mean.last.cpue*0.5*start.r[2]/mean.last.ct
} else {
  q.1 <- mean.last.cpue*0.5*gm.start.r/mean.last.ct
  q.2 <- mean.last.cpue*start.r[2]/mean.last.ct
}
q.prior <- c(q.1,q.2)
init.q <- mean(q.prior)

# Data to be passed on to JAGS
jags.data <- c('ct','bt','nyr', 'start.r', 'start.k', 'startbio', 'q.prior',
              'init.q','init.r','init.k','pen.bk','pen.F','b.yrs','b.prior')
# Parameters to be returned by JAGS
jags.save.params <- c('r','k','q', 'P')

# JAGS model ----
Model = "model{
# to reduce chance of non-convergence, Pmean[t] values are forced >= eps
eps<-0.01
penm[1] <- 0 # no penalty for first biomass
Pmean[1] <- log(alpha)
P[1] ~ dlnorm(Pmean[1],itau2)

for (t in 2:nyr) {
  Pmean[t] <- ifelse(P[t-1] > 0.25,
  log(max(P[t-1] + r*P[t-1]*(1-P[t-1]) - ct[t-1]/k,eps)), # Process equation
  log(max(P[t-1] + 4*P[t-1]*r*P[t-1]*(1-P[t-1]) - ct[t-1]/k,eps))) # assuming reduced r
  at B/k < 0.25
  P[t] ~ dlnorm(Pmean[t],itau2) # Introduce process error
  penm[t] <- ifelse(P[t]<(eps+0.001),log(q*k*P[t])-
  log(q*k*(eps+0.001)),ifelse(P[t]>1,log(q*k*P[t])-log(q*k*(0.99)),0)) # penalty if Pmean
  is outside viable biomass
}

# Biomass priors/penalties are enforced as follows
for (i in 1:3) {
  penb[i] <- ifelse(P[b.yrs[i]]<b.prior[1,i],log(q*k*P[b.yrs[i]])-
  log(q*k*b.prior[1,i]),ifelse(P[b.yrs[i]]>b.prior[2,i],log(q*k*P[b.yrs[i]])-
  log(q*k*b.prior[2,i]),0))
  b.prior[3,i] ~ dnorm(penb[i],100)
}

```

```

}

for (t in 1:nyr){
  Fpen[t] <- ifelse(ct[t]>(0.9*k*P[t]),ct[t]-(0.9*k*P[t]),0) # Penalty term on F > 1, i.e.
ct>B
  pen.F[t] ~ dnorm(Fpen[t],1000)
  pen.bk[t] ~ dnorm(penm[t],10000)
  cpuem[t] <- log(q*P[t]*k);
  bt[t] ~ dlnorm(cpuem[t],isigma2);
}

# priors
log.alpha <- log((startbio[1]+startbio[2])/2) # needed for fit of first biomass
sd.log.alpha <- (log.alpha-log(startbio[1]))/4
tau.log.alpha <- pow(sd.log.alpha,-2)
alpha ~ dlnorm(log.alpha,tau.log.alpha)

# search in the k space starting from 20% of the range
log.km <- log(start.k[1]+0.2*(start.k[2]-start.k[1]))
sd.log.k <- (log.km-log(start.k[1]))/4
tau.log.k <- pow(sd.log.k,-2)
k ~ dlnorm(log.km,tau.log.k)

# set realistic prior for q
log.qm <- mean(log(q.prior))
sd.log.q <- (log.qm-log(q.prior[1]))/4
tau.log.q <- pow(sd.log.q,-2)
q ~ dlnorm(log.qm,tau.log.q)

# define process (tau) and observation (sigma) variances as inversegamma priors
itau2 ~ dgamma(4,0.01)
tau2 <- 1/itau2
tau <- pow(tau2,0.5)

isigma2 ~ dgamma(2,0.01)
sigma2 <- 1/isigma2
sigma <- pow(sigma2,0.5)

log.rm <- mean(log(start.r))
sigma.log.r <- abs(log.rm - log(start.r[1]))/2
tau.log.r <- pow(sigma.log.r,-2)
r ~ dlnorm(log.rm,tau.log.r)
} " # end of JAGS model for CPUE

} # end of else loop for Schaefer with CPUE

```

```
# Write JAGS model to file ----
cat(Model, file="r2jags.bug")

if(btype=="biomass") {
  j.inits  <- function(){list("r"=rnorm(1,mean=init.r,sd=0.2*init.r),
                             "k"=rnorm(1,mean=init.k,sd=0.1*init.k),
                             "itau2"=1000,
                             "isigma2"=1000)}} else {
  j.inits <- function(){list("r"=rnorm(1,mean=init.r,sd=0.2*init.r),
                             "k"=rnorm(1,mean=init.k,sd=0.1*init.k),
                             "q"=rnorm(1,mean=init.q,sd=0.2*init.q),
                             "itau2"=1000,
                             "isigma2"=1000)}}

# run model ----
jags_outputs <- jags.parallel(data=jags.data,
                             working.directory=NULL, inits=j.inits,
                             parameters.to.save=jags.save.params,
                             model.file="r2jags.bug", n.chains = n.chains,
                             n.burnin = 30000, n.thin = 10,
                             n.iter = 60000)

# -----
# Results from JAGS Schaefer ----
# -----
r_raw      <- as.numeric(mcmc(jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$r))
k_raw      <- as.numeric(mcmc(jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$k))
# Importance sampling: only accept r-k pairs where r is near the prior range
r_out      <- r_raw[r_raw > 0.5*start.r[1] & r_raw < 1.5 * start.r[2]]
k_out      <- k_raw[r_raw > 0.5*start.r[1] & r_raw < 1.5 * start.r[2]]

mean.log.r.jags <- mean(log(r_out))
sd.log.r.jags  <- sd(log(r_out))
r.jags        <- exp(mean.log.r.jags)
lcl.r.jags    <- exp(mean.log.r.jags - 1.96*sd.log.r.jags)
ucl.r.jags    <- exp(mean.log.r.jags + 1.96*sd.log.r.jags)
mean.log.k.jags <- mean(log(k_out))
sd.log.k.jags  <- sd(log(k_out))
k.jags        <- exp(mean.log.k.jags)
lcl.k.jags    <- exp(mean.log.k.jags - 1.96*sd.log.k.jags)
ucl.k.jags    <- exp(mean.log.k.jags + 1.96*sd.log.k.jags)
MSY.posterior <- r_out*k_out/4 # simpler
mean.log.MSY.jags <- mean(log(MSY.posterior))
sd.log.MSY.jags  <- sd(log(MSY.posterior))
MSY.jags        <- exp(mean.log.MSY.jags)
lcl.MSY.jags    <- exp(mean.log.MSY.jags - 1.96*sd.log.MSY.jags)
ucl.MSY.jags    <- exp(mean.log.MSY.jags + 1.96*sd.log.MSY.jags)
```

```

if(btype=="CPUE") {
  q_out      <- as.numeric(mcmc(jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$q))
  mean.log.q <- mean(log(q_out))
  sd.log.q   <- sd(log(q_out))
  mean.q     <- exp(mean.log.q)
  lcl.q      <- exp(mean.log.q-1.96*sd.log.q)
  ucl.q      <- exp(mean.log.q+1.96*sd.log.q)
  F.bt.cpue  <- mean.q*ct.raw/bt
  Fmsy.cpue  <- r.jags/2
}

# get F from observed biomass
if(btype == "biomass") {
  F.bt    <- ct.raw/bt
  Fmsy.bt <- r.jags/2
}

# get relative biomass P=B/k as predicted by BSM, including predictions for years
with NA abundance
all.P <- jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$P # matrix with P distribution by
year
quant.P <- apply(all.P,2,quantile,c(0.025,0.5,0.975),na.rm=T)

# get k, r posterior
all.k <- jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$k # matrix with k distribution by year
all.r <- jags_outputs$BUGSoutput$sims.list$r # matrix with r distribution by year

# get B/Bmys posterior
all.b_bmsy=NULL
for(t in 1:ncol(all.P)){
  all.b_bmsy <- cbind(all.b_bmsy,all.P[,t]*2)}

# get F/Fmys posterior
all.F_Fmsy=NULL
for(t in 1:ncol(all.P)){
  all.F_Fmsy<-
cbind(all.F_Fmsy,(ct.raw[t]/(all.P[,t]*all.k))/ifelse(all.P[,t]>0.25,all.r/2,all.r/2*4*all.P[,t]))}

} # end of MCMC Schaefer loop

#-----
# get results from CMSY ----
#-----
# get estimate of most probable r as 75th percentile of mid log.r-classes
# get unique combinations of r-k

```

```

unique.rk      <- unique(mdat.all[,1:2])
# get remaining viable log.r and log.k
log.rs        <- log(unique.rk[,1])
log.ks        <- log(unique.rk[,2])
# get vectors with numbers of r and mid values in classes
# determine number of classes as a function of r-width
r.width       <- (max(unique.rk[,1])-start.r[1])/(start.r[2]-start.r[1])
classes       <-
ifelse(r.width>0.8,100,ifelse(r.width>0.5,50,ifelse(r.width>0.3,25,12)))
hist.log.r    <- hist(x=log.rs, breaks=classes, plot=F)
log.r.counts  <- hist.log.r$counts
log.r.mids    <- hist.log.r$mids
# get most probable log.r as 75th percentile of mids with counts > 0
log.r.est     <- as.numeric(quantile(log.r.mids[which(log.r.counts > 0)],0.75))
median.log.r  <- as.numeric(quantile(x=log.r.mids[which(log.r.counts > 0)], 0.50))
lcl.log.r     <- as.numeric(quantile(x=log.r.mids[which(log.r.counts > 0)], 0.5125))
ucl.log.r     <- as.numeric(quantile(x=log.r.mids[which(log.r.counts > 0)], 0.9875))
sd.log.r.est  <- (ucl.log.r - log.r.est) / 1.96
r.est        <- exp(log.r.est)
lcl.r.est    <- exp(log.r.est-1.96*sd.log.r.est)
ucl.r.est    <- exp(log.r.est+1.96*sd.log.r.est)

# get r-k pairs above median of mids
rem          <- which(unique.rk[,1] > exp(median.log.r))
rem.log.r    <- log(unique.rk[,1][rem])
rem.log.k    <- log(unique.rk[,2][rem])
# do linear regression of log k ~ log r with slope fixed to -1 (from Schaefer)
reg          <- lm(rem.log.k ~ 1 + offset(-1*rem.log.r))
int.reg      <- as.numeric(reg[1])
sd.reg       <- sd(resid(reg))
# get estimate of log(k) from y where x = log.r.est
log.k.est    <- int.reg + (-1) * log.r.est
# get estimates of ucl of log.k.est from y + SD where x = ucl.log.r
ucl.log.k    <- int.reg + (-1) * lcl.log.r + sd.reg
# get estimates of sd.log.k.est from upper confidence limit of log.k.est
sd.log.k.est <- (ucl.log.k - log.k.est) / 1.96
lcl.log.k    <- log.k.est - 1.96*sd.log.k.est
ucl.log.k    <- log.k.est + 1.96*sd.log.k.est

k.est        <- exp(log.k.est)
lcl.k.est    <- exp(lcl.log.k)
ucl.k.est    <- exp(ucl.log.k)

# get MSY from remaining log r-k pairs
log.MSY.est  <- mean(rem.log.r + rem.log.k - log(4))
sd.log.MSY.est <- sd(rem.log.r + rem.log.k - log(4))
  
```

```

lcl.log.MSY.est <- log.MSY.est - 1.96*sd.log.MSY.est
ucl.log.MSY.est <- log.MSY.est + 1.96*sd.log.MSY.est
MSY.est      <- exp(log.MSY.est)
lcl.MSY.est  <- exp(lcl.log.MSY.est)
ucl.MSY.est  <- exp(ucl.log.MSY.est)

# get predicted biomass vectors as median and quantiles
# only use biomass trajectories from r-k pairs within the confidence limits
rem.btv.all <- mdat.all[which(mdat.all[,1] > lcl.r.est & mdat.all[,1] < ucl.r.est
                        & mdat.all[,2] > lcl.k.est & mdat.all[,2] < ucl.k.est),3:(2+nyr+1)]
median.btv <- apply(rem.btv.all,2, median)
median.btv.lastyr <- median.btv[length(median.btv)-1]
nextyr.bt <- median.btv[length(median.btv)]
lcl.btv <- apply(rem.btv.all,2, quantile, probs=0.025)
q.btv <- apply(rem.btv.all,2, quantile, probs=0.25)
ucl.btv <- apply(rem.btv.all,2, quantile, probs=0.975)
lcl.median.btv.lastyr <- lcl.btv[length(lcl.btv)-1]
ucl.median.btv.lastyr <- ucl.btv[length(ucl.btv)-1]
lcl.nextyr.bt <- lcl.btv[length(lcl.btv)]
ucl.nextyr.bt <- ucl.btv[length(ucl.btv)]

# get F derived from predicted CMSY biomass
F.CMSY <- ct.raw/(median.btv[1:nyr]*k.est)
Fmsy.CMSY <- r.est/2 # Fmsy from CMSY

# -----
# Get results for management ----
# -----
if(FullSchaefer==F | force.cmsy==T) { # if only CMSY is available or shall be used
  MSY <-MSY.est; lcl.MSY<-lcl.MSY.est; ucl.MSY<-ucl.MSY.est
  Bmsy <-k.est/2; lcl.Bmsy<-lcl.k.est/2; ucl.Bmsy<-ucl.k.est/2
  Fmsy <-r.est/2; lcl.Fmsy<-lcl.r.est/2; ucl.Fmsy<-ucl.r.est/2
  B.Bmsy<-2*median.btv[1:nyr];lcl.B.Bmsy<-2*lcl.btv[1:nyr];ucl.B.Bmsy<-
2*ucl.btv[1:nyr]
  if(is.na(sel.yr)==F){B.Bmsy.sel<-2*median.btv[yr==sel.yr]}

} else {
  MSY <-MSY.jags; lcl.MSY<-lcl.MSY.jags; ucl.MSY<-ucl.MSY.jags
  Bmsy <-k.jags/2; lcl.Bmsy<-lcl.k.jags/2; ucl.Bmsy<-ucl.k.jags/2
  Fmsy <-r.jags/2; lcl.Fmsy<-lcl.r.jags/2; ucl.Fmsy<-ucl.r.jags/2
  B.Bmsy<-2*quant.P[2,];lcl.B.Bmsy<-2*quant.P[1,];ucl.B.Bmsy<-2*quant.P[3,]
  if(is.na(sel.yr)==F) {B.Bmsy.sel<-2*quant.P[2,][yr==sel.yr]}
}
B <-B.Bmsy*Bmsy;lcl.B<-lcl.B.Bmsy*Bmsy;ucl.B<-ucl.B.Bmsy*Bmsy
B.last <-B[nyr];lcl.B.last<-lcl.B[nyr];ucl.B.last<-ucl.B[nyr]

```



```
B.Bmsy.last<-B.Bmsy[nyr];lcl.B.Bmsy.last<-lcl.B.Bmsy[nyr];ucl.B.Bmsy.last<-
ucl.B.Bmsy[nyr]
```

```
Fm      <- ct.raw/B;lcl.F<-ct.raw/ucl.B;ucl.F<-ct.raw/lcl.B
Fmsy.vec  <- ifelse(B.Bmsy>0.5,Fmsy,Fmsy*2*B.Bmsy)
lcl.Fmsy.vec <- ifelse(B.Bmsy>0.5,lcl.Fmsy,lcl.Fmsy*2*B.Bmsy)
ucl.Fmsy.vec <- ifelse(B.Bmsy>0.5,ucl.Fmsy,ucl.Fmsy*2*B.Bmsy)
F.Fmsy    <- Fm/Fmsy.vec; lcl.F.Fmsy<-lcl.F/Fmsy.vec; ucl.F.Fmsy<-
ucl.F/Fmsy.vec
```

```
F.last   <-Fm[nyr];lcl.F.last<-lcl.F[nyr];ucl.F.last<-ucl.F[nyr]
Fmsy.last <-Fmsy.vec[nyr];lcl.Fmsy.last<-lcl.Fmsy.vec[nyr];ucl.Fmsy.last<-
ucl.Fmsy.vec[nyr]
F.Fmsy.last<-F.Fmsy[nyr];lcl.F.Fmsy.last<-lcl.F.Fmsy[nyr];ucl.F.Fmsy.last<-
ucl.F.Fmsy[nyr]
```

```
if(is.na(sel.yr)==F){
  B.sel<-B.Bmsy.sel*Bmsy
  F.sel<-ct.raw[yr==sel.yr]/B.sel
  F.Fmsy.sel<-F.sel/Fmsy.vec[yr==sel.yr]
}
```

```
# -----
# print input and results to screen ----
#-----
```

```
cat("-----\n")
cat("Species:", cinfo$ScientificName[cinfo$Stock==stock], ", stock:",stock,"\n")
cat(cinfo$Name[cinfo$Stock==stock], "\n")
```

```
cat("Region:",cinfo$Region[cinfo$Stock==stock],",",cinfo$Subregion[cinfo$Stock==st
ock],"\n")
```

```
cat("Catch data used from years", min(yr),"-", max(yr)," abundance =", btype, "\n")
```

```
cat("Prior initial relative biomass =", startbio[1], "-",
startbio[2],ifelse(is.na(stb.low)==T,"default","expert"), "\n")
```

```
cat("Prior intermediate rel. biomass=", intbio[1], "-", intbio[2], "in year",
int.yr,ifelse(is.na(intb.low)==T,"default","expert"), "\n")
```

```
cat("Prior final relative biomass  =", endbio[1], "-",
endbio[2],ifelse(is.na(endb.low)==T,"default","expert"), "\n")
```

```
cat("Prior range for r =", format(start.r[1],digits=2), "-",
format(start.r[2],digits=2),ifelse(is.na(r.low)==T,"default","expert"),
", prior range for k =", start.k[1], "-", start.k[2],"\n")
```

```
# if Schaefer and CPUE, print prior range of q
```

```
if(FullSchaefer==T & btype=="CPUE") {
```

```
  cat("Prior range of q =",q.prior[1],"-",q.prior[2]," assumed effort
creep",e.creep,"%\n")
```

```
}
```

```

# results of CMSY analysis
cat("\nResults of CMSY analysis \n")
cat("-----\n")
cat("Altogether", n.viable.b, "viable trajectories for", n.viable.pt, " r-k pairs were found
\n")
cat("r =", r.est, ", 95% CL =", lcl.r.est, "-", ucl.r.est, ", k =", k.est, ", 95% CL =",
lcl.k.est, "-", ucl.k.est, "\n")
cat("MSY =", MSY.est, ", 95% CL =", lcl.MSY.est, "-", ucl.MSY.est, "\n")
cat("Relative biomass in last year =", median.btv.lastyr, "k, 2.5th perc =",
lcl.median.btv.lastyr,
", 97.5th perc =", ucl.median.btv.lastyr, "\n")
cat("Exploitation F/(r/2) in last year =", (F.CMSY/Fmsy.CMSY)[nyr], "\n\n")

# print results from full Schaefer if available
if(FullSchaefer==T) {
  cat("Results from Bayesian Schaefer model (BSM) using catch & ", btype, "\n")
  cat("-----\n")
  if(btype == "CPUE") cat("q =", mean.q, ", lcl =", lcl.q, ", ucl =", ucl.q, "\n")
  cat("r =", r.jags, ", 95% CL =", lcl.r.jags, "-", ucl.r.jags, ", k =", k.jags, ", 95% CL =",
lcl.k.jags, "-", ucl.k.jags, "\n")
  cat("MSY =", MSY.jags, ", 95% CL =", lcl.MSY.jags, "-", ucl.MSY.jags, "\n")
  cat("Relative biomass in last year =", quant.P[2,][nyr], "k, 2.5th perc
=", quant.P[1,][nyr],
", 97.5th perc =", quant.P[3,][nyr], "\n")
  cat("Exploitation F/(r/2) in last year =",
(ct.raw[nyr]/(quant.P[2,][nyr]*k.jags))/(r.jags/2) , "\n\n")
}

# print results to be used in management
cat("Results for Management (based on", ifelse(FullSchaefer==F |
force.cmsy==T, "CMSY", "BSM"), "analysis) \n")
cat("-----\n")
if(force.cmsy==T) cat("Mangement results based on CMSY because abundance
data seem unrealistic\n")
cat("Fmsy =", Fmsy, ", 95% CL =", lcl.Fmsy, "-", ucl.Fmsy, "(if B > 1/2 Bmsy then Fmsy
= 0.5 r)\n")
cat("Fmsy =", Fmsy.last, ", 95% CL =", lcl.Fmsy.last, "-", ucl.Fmsy.last, "(r and Fmsy are
linearly reduced if B < 1/2 Bmsy)\n")
cat("MSY =", MSY, ", 95% CL =", lcl.MSY, "-", ucl.MSY, "\n")
cat("Bmsy =", Bmsy, ", 95% CL =", lcl.Bmsy, "-", ucl.Bmsy, "\n")
cat("Biomass in last year =", B.last, ", 2.5th perc =", lcl.B.last, ", 97.5 perc
=", ucl.B.last, "\n")
cat("B/Bmsy in last year =", B.Bmsy.last, ", 2.5th perc =", lcl.B.Bmsy.last, ", 97.5 perc
=", ucl.B.Bmsy.last, "\n")
cat("Fishing mortality in last year =", F.last, ", 2.5th perc =", lcl.F.last, ", 97.5 perc
=", ucl.F.last, "\n")

```

```
cat("Exploitation F/Fmsy =",F.Fmsy.last,", 2.5th perc =", lcl.F.Fmsy.last, ", 97.5 perc
=",ucl.F.Fmsy.last,"\n")
```

```
# show stock status and exploitation for optional selected year
if(is.na(sel.yr)==F) {
  cat("\nStock status and exploitation in",sel.yr,"\n")
  cat("Biomass =",B.sel, ", B/Bmsy =",B.Bmsy.sel,", F =",F.sel,", F/Fmsy
=",F.Fmsy.sel,"\n") }
```

```
# indicate if less than 5 years of biomass or CPUE are available
if(btype != "None" & length(bt[is.na(bt)==F])<nab) {
  cat("Less than",nab,"years with abundance data available, shown on second
axis\n")
}
cat("Comment:", comment,"\n")
cat("-----\n")
```

```
# -----
# Plot results ----
# -----
# Analysis of viable r-k plot ----
# -----
max.y <- max(c(ifelse(FullSchaefer==T,ucl.k.jags,NA), max(kv.all)),
  ifelse(substr(id_file,1,3)=="Sim",1.2*true.k,max(kv.all)),
  na.rm=T)
min.y <- min(c(ifelse(FullSchaefer==T,lcl.k.jags,NA), 0.9*min(kv.all)),
  ifelse(substr(id_file,1,3)=="Sim",0.8*true.k,0.9*min(kv.all)),
  na.rm=T)

plot(x=rv.all, y=kv.all, xlim=start.r,
  ylim=c(min.y,max.y),
  pch=16, col="gray",log="xy", bty="l",
  xlab="", ylab="k (1000 tonnes)", main="C: Analysis of viable r-k", cex.main =
1.8, cex.lab = 1.55, cex.axis = 1.5)
title(xlab = "r", line = 2.25, cex.lab = 1.55)
#title(xlab = "r", line = 2.25, cex.lab = 1.2)

# plot r-k pairs from MCMC
if(FullSchaefer==T) {points(x=r_out, y=k_out, pch=16,cex=0.5)}

# plot best r-k from full Schaefer analysis
if(FullSchaefer==T) {
  points(x=r.jags, y=k.jags, pch=19, col="red")
  lines(x=c(lcl.r.jags, ucl.r.jags),y=c(k.jags,k.jags), col="red")
  lines(x=c(r.jags,r.jags),y=c(lcl.k.jags, ucl.k.jags), col="red")
```

}

```
# plot blue dot for CMSY r-k, with 95% CL lines
```

```
points(x=r.est, y=k.est, pch=19, col="blue")
```

```
lines(x=c(lcl.r.est, ucl.r.est),y=c(k.est,k.est), col="blue")
```

```
lines(x=c(r.est,r.est),y=c(lcl.k.est, ucl.k.est), col="blue")
```

```
# Pred. biomass plot ----
```

```
#-----
```

```
# determine k to use for red line in b/k plot
```

```
if(FullSchaefer==T) {k2use <- k.jags} else {k2use <- k.est}
```

```
# determine height of y-axis in plot
```

```
max.y <- max(c(ifelse(btype=="biomass",max(bt/k2use,na.rm=T),NA),
               ifelse(btype=="CPUE",max(bt/(mean.q*k2use),na.rm=T),NA),
               max(ucl.btv),0.6,startbio[2], endbio[2]),
             ifelse(FullSchaefer==T &
```

```
btype=="biomass",max(bt[is.na(bt)==F]/lcl.k.jags,na.rm=T),NA),
```

```
ifelse(FullSchaefer==T &
```

```
btype=="CPUE", 1.1*max(bt/(mean.q*lcl.k.jags),na.rm=T),NA), na.rm=T)
```

```
# Main plot of relative CMSY biomass
```

```
plot(x=yr,y=median.btv[1:nyr], lwd=1.5, xlab="", ylab="Relative biomass B/k",
     type="l",
```

```
      ylim=c(0,max.y), bty="l", main="D: Biomass",col="blue", cex.main = 1.8, cex.lab
= 1.55, cex.axis = 1.5)
```

```
lines(x=yr, y=lcl.btv[1:nyr],type="l",lty="dotted",col="blue")
```

```
lines(x=yr, y=ucl.btv[1:nyr],type="l",lty="dotted",col="blue")
```

```
# plot lines for 0.5 and 0.25 biomass
```

```
abline(h=0.5, lty="dashed")
```

```
abline(h=0.25, lty="dotted")
```

```
# plot biomass windows
```

```
lines(x=c(yr[1],yr[1]), y=startbio, col="blue")
```

```
lines(x=c(int.yr,int.yr), y=intbio, col="blue")
```

```
lines(x=c(max(yr),max(yr)), y=endbio, col="blue")
```

```
# if observed biomass is available, plot red biomass line (use non-smoothed bt)
```

```
if(btype=="biomass" & FullSchaefer==T) {
```

```
  lines(x=yr, y=bt/k.jags,type="l", col="red", lwd=1)
```

```
  lines(x=yr, y=bt/ucl.k.jags,type="l",col="red",lty="dotted")
```

```
  lines(x=yr, y=bt/lcl.k.jags,type="l",col="red",lty="dotted")
```

```
}
```

```
# if observed CPUE is available, plot red biomass line
```

```
if(btype=="CPUE" & FullSchaefer==T) {
```

```
  lines(x=yr, y=bt/(mean.q*k.jags),type="l", col="red", lwd=1)
```

```
  lines(x=yr, y=bt/(mean.q*ucl.k.jags),type="l",col="red",lty="dotted")
```

```

lines(x=yr, y=bt/(mean.q*lcl.k.jags),type="l",col="red",lty="dotted")
}

# if CPUE has been corrected for effort creep, display uncorrected CPUE
if(btype=="CPUE" & FullSchaefer==T & e.creep.line==T & is.na(e.creep)==FALSE)
{
  lines(x=yr,y=bt.raw/(mean.q*k.jags),type="l", col="green", lwd=1)
}

# if biomass or CPUE data are available but fewer than 5 years, plot on second axis
if(btype != "None" & FullSchaefer==F) {
  par(new=T) # prepares for new plot on top of previous
  plot(x=yr, y=bt, type="l", col="red", lwd=1,
       ann=F,axes=F,ylim=c(0,1.2*max(bt, na.rm=T))) # forces this plot on top of
previous one
  axis(4, col="red", col.axis="red")
}

# Exploitation rate plot ----
# -----

# if CPUE data are available but fewer than nab years, plot on second axis
if(btype == "CPUE") {
  q=1/(max(median.btv[1:nyr][is.na(bt)==F],na.rm=T)*k.est/max(bt,na.rm=T))
  u.cpue <- q*ct/bt
}

# determine upper bound of Y-axis
max.y <- max(c(1.5, 1.2*F.CMSY/Fmsy.CMSY,max(F.CMSY/Fmsy.CMSY),
             ifelse(btype=="biomass" &
FullSchaefer==T,max(F.bt[is.na(F.bt)==F]/Fmsy.bt),0),
             ifelse(FullSchaefer==T &
btype=="CPUE",max(F.bt.cpue/Fmsy.cpue,na.rm=T),0),
             na.rm=T))

# plot F from CMSY
plot(x=yr,y=F.CMSY/Fmsy.CMSY, type="l", bty="l", lwd=1.5, ylim=c(0,max.y),
xlab="",
     ylab="F / (r/2)", main="E: Exploitation rate", col="blue", cex.main = 1.8, cex.lab =
1.55, cex.axis = 1.5)
abline(h=1, lty="dashed")

# plot F from observed biomass
if(btype == "biomass" & FullSchaefer==T) lines(x=yr, y=F.bt/Fmsy.bt, col="red")

# plot F from observed CPUE

```

```
if(FullSchaefer==T & btype == "CPUE") lines(x=yr, y=F.bt.cpue/Fmsy.cpue,
col="red")
```

```
# plot F from CPUE on second axis if less than 5 years
if(FullSchaefer==F & btype == "CPUE") {
  par(new=T) # prepares for new plot on top of previous
  plot(x=yr, y=F.bt.cpue, type="l", col="red", ylim=c(0,
1.2*max(F.bt.cpue,na.rm=T)),ann=F,axes=F)
  axis(4, col="red", col.axis="red")
}
```

```
# Parabola plot ----
#-----
max.y <-
max(c(max(ct/MSY.est),ifelse(btype=="biomass",max(ct/MSY.jags),NA),1.2),na.rm=T
)
# plot parabola
x=seq(from=0,to=2,by=0.001)
y.c <- ifelse(x>0.25,1,ifelse(x>0.125,4*x,exp(-10*(0.125-x))*4*x)) # correction for
low recruitment below half and below quarter of Bmsy
y=(4*x-(2*x)^2)*y.c
plot(x=x, y=y, xlim=c(1,0), ylim=c(0,max.y), type="l", bty="l",xlab="",
  ylab="Catch / MSY", main="F: Equilibrium curve", cex.main = 1.8, cex.lab =
1.55, cex.axis = 1.5)
title(xlab= "Relative biomass B/k", line = 2.25, cex.lab = 1.55)
```

```
# plot catch against CMSY estimates of relative biomass
points(x=median.btv[1:nyr], y=ct/MSY.est, pch=16, col="blue")
```

```
# plot catch scaled by BSM MSY against observed biomass scaled by BSM k
if(btype == "biomass") {
  points(x=bt/k.jags, y=ct/MSY.jags, pch=16, cex=0.5, col="red")
}
```

```
# for CPUE, plot catch scaled by BSM MSY against observed biomass derived as q
* CPUE scaled by BSM k
if(FullSchaefer==T & btype=="CPUE") {
  points(x=bt/(mean.q*k.jags), y=ct/MSY.jags, pch=16, cex=0.5, col="red")
}
```

```
#analysis.plot <- recordPlot()
```

```
#save analytic chart to JPEG file
if (save.plots==TRUE)
{
  jpgfile<-paste(stock,"_AN.jpg",sep="")
}
```

```

dev.copy(jpeg,jpgfile,
  width = 1024,
  height = 768,
  units = "px",
  fontsize = 18,
  quality = 95,
  res=80,
  antialias="cleartype")
dev.off()
}

#-----
# Plot Management-Graphs if desired ----
#-----
if(mgraphs==T) {
  # open window for plot of four panels
  if(grepl("win",tolower(Sys.info()['sysname']))) {windows(14,12)}
  par(mfrow=c(2,2))
  # make margins narrower
  par(mar=c(3.1,4.1,2.1,2.1))

  #-----
  # plot catch with MSY ----
  #-----
  max.y <- max(c(1.1*max(ct.raw),ucl.MSY),na.rm=T)
  plot(x=yr,rep(0,nyr),type="n",ylim=c(0,max.y), bty="l", main=paste("Catch"),
    xlab="",ylab="Catch (1000 tonnes/year)", cex.main = 1.6, cex.lab = 1.35,
cex.axis = 1.35)
  rect(yr[1],lcl.MSY,yr[nyr],ucl.MSY,col="lightgray", border=NA)
  lines(x=c(yr[1],yr[nyr]),y=c(MSY,MSY),lty="dashed", col="black", lwd=1.5)
  lines(x=yr, y=ct.raw, lwd=2) #
  text("MSY",x=end.yr-1.5, y=MSY+MSY*0.1, cex = .75)

  #-----
  # Plot of estimated biomass relative to Bmsy
  #-----
  # plot empty frame
  plot(yr, rep(0,nyr),type="n", ylim=c(0,max(c(2, max(ucl.B.Bmsy)))), ylab="B /
Bmsy",xlab="", main="Biomass", bty="l", cex.main = 1.6, cex.lab = 1.35, cex.axis =
1.35)
  # plot gray area of uncertainty in predicted biomass
  polygon(c(yr,rev(yr)), c(lcl.B.Bmsy,rev(ucl.B.Bmsy)),col="lightgray", border=NA)
  # plot median biomass
  lines(yr,B.Bmsy,lwd=2)
  # plot lines for Bmsy and 0.5 Bmsy
  lines(x=c(yr[1],yr[nyr]),y=c(1,1), lty="dashed", lwd=1.5)

```

```

lines(x=c(yr[1],yr[nyr]),y=c(0.5,0.5), lty="dotted", lwd=1.5)

# -----
## Plot of exploitation rate
# -----

# plot empty frame
plot(yr, rep(0,nyr),type="n", ylim=c(0,max(c(2,
ifelse(max(ucl.F.Fmsy)<5,max(ucl.F.Fmsy),5))))),
      ylab="F / Fmsy",xlab="", main="Exploitation", bty="l", cex.main = 1.6, cex.lab =
1.35, cex.axis = 1.35)
# plot gray area of uncertainty in predicted exploitation
polygon(c(yr,rev(yr)), c(lcl.F.Fmsy,rev(ucl.F.Fmsy)),col="lightgray", border=NA)
# plot median exploitation rate
lines(x=yr,y=F.Fmsy,lwd=2)
# plot line for u.msy
lines(x=c(yr[1],yr[nyr]),y=c(1,1), lty="dashed", lwd=1.5)

# -----
## plot stock-status graph
# -----

if(FullSchaefer==T & force.cmsy==F) {x.F_Fmsy = all.F_Fmsy[,nyr]
y.b_bmsy = all.b_bmsy[,nyr]} else {
  log.rk = cbind(rem.log.r,rem.log.k)
  rem.log.btv.lastyr = log(mdat.all[rem,nyr])
  log.bbmsy = rem.log.btv.lastyr+log(2)
  log.ffmsy = (log(ct.raw[nyr])-(rem.log.btv.lastyr+rem.log.k))-(rem.log.r-log(2))
  # get mean after all the CMSY subsetting (can't match with biomass sbmsetting)
  mu.kobe = log(c(F.Fmsy.last,B.Bmsy.last))
  # Get covariance of the 2 vectors
  cov.kobe = cov(cbind(log.ffmsy,log.bbmsy))
  # Generate 10000 new random deviates from a MVN
  log.kobe.mvn = rmvnorm(10000 ,mean = mu.kobe,sigma = cov.kobe)
  kobe.mvn = exp(log.kobe.mvn)
  # Generate 10000 new random deviates from a MVN
  x.F_Fmsy =exp(log.kobe.mvn[,1])
  y.b_bmsy =exp(log.kobe.mvn[,2])
}

kernelF <-
ci2d(x.F_Fmsy,y.b_bmsy,nbins=201,factor=2.2,ci.levels=c(0.50,0.80,0.75,0.90,0.95),
show="none")
c1 <- c(-1,100)
c2 <- c(1,1)

```



```

max.x1 <- max(c(2, max(kernelF$contours$"0.95"$x,F.Fmsy),na.rm =T))
max.x <- ifelse(max.x1 > 5,min(max(5,F.Fmsy*2),8),max.x1)
max.y <- max(max(2,quantile(y.b_bmsy,0.96)))

plot(1000,1000,type="b", xlim=c(0,max.x), ylim=c(0,max.y),lty=3,xlab="",ylab="B /
Bmsy", bty="l", cex.main = 1.6, cex.lab = 1.35, cex.axis = 1.35)
mtext("F / Fmsy",side=1, line=2, cex=1.05)
#mtext("B / Bmsy",side=2, line=2.2,cex=1.15)

# extract interval information from ci2d object
# and fill areas using the polygon function
polygon(kernelF$contours$"0.95",lty=2,border=NA,col="cornsilk4")
polygon(kernelF$contours$"0.8",border=NA,lty=2,col="grey")
polygon(kernelF$contours$"0.5",border=NA,lty=2,col="cornsilk2")

## Add points and trajectory lines
lines(c1,c2,lty=3,lwd=0.7)
lines(c2,c1,lty=3,lwd=0.7)
lines(F.Fmsy,B.Bmsy, lty=1,lwd=1.)

# points(F.Fmsy,B.Bmsy,cex=0.8,pch=4)
points(F.Fmsy[1],B.Bmsy[1],col=1,pch=22,bg="white",cex=1.5)

points(F.Fmsy[which(yr==int.yr)],B.Bmsy[which(yr==int.yr)],col=1,pch=21,bg="white",
cex=1.5)
points(F.Fmsy[nyr],B.Bmsy[nyr],col=1,pch=24,bg="white",cex=1.5)

## Add legend
legend('topright', inset = .03, c(paste(start.yr),paste(int.yr),paste(end.yr),"50%
C.I.", "80% C.I.", "95% C.I."),
lty=c(1,1,1,-1,-1,-
1),pch=c(22,21,24,22,22,22),pt.bg=c(rep("white",3),"cornsilk2","grey","cornsilk4"),
col=1,lwd=.8,cex=0.85,pt.cex=c(rep(1.1,3),1.5,1.5,1.5),bty="n",y.intersp = 1.1)
#End of Biplot

} # end of management graphs

#management.plot <- recordPlot()

# save management chart to JPEG file
if (save.plots==TRUE & mgraphs==TRUE)
{
jpgfile<-paste(stock,"_MAN.jpg",sep="")
dev.copy(jpeg,jpgfile,
width = 1024,
height = 768,

```

```

units = "px",
pointsize = 18,
quality = 95,
res=80,
antialias="cleartype")
dev.off()
}

#-----
# HW Produce optional kobe plot
#-----

if(kobe.plot==T){
  # open window for plot of four panels
  if(grepl("win",tolower(Sys.info()['sysname']))) {windows(7,7)}
  par(mfrow=c(1,1))
  # make margins narrower
  par(mar=c(5.1,5.1,2.1,2.1))

  if(FullSchaefer==T & force.cmsy==F) {x.F_Fmsy = all.F_Fmsy[,nyr]
  y.b_bmsy = all.b_bmsy[,nyr]} else {
  log.rk = cbind(rem.log.r,rem.log.k)
  rem.log.btv.lastyr = log(mdat.all[rem,nyr])
  log.bbmsy = rem.log.btv.lastyr+log(2)
  log.ffmsy = (log(ct.raw[nyr])-(rem.log.btv.lastyr+rem.log.k))-(rem.log.r-log(2))
  # get mean after all the CMSY subsetting (can't match with biomass sbmsetting)
  mu.kobe = log(c(F.Fmsy.last,B.Bmsy.last))
  # Get covariance of the 2 vectors
  cov.kobe = cov(cbind(log.ffmsy,log.bbmsy))
  # Generate 10000 new random deviates from a MVN
  log.kobe.mvn = rmvnorm(10000 ,mean = mu.kobe,sigma = cov.kobe)
  kobe.mvn = exp(log.kobe.mvn)
  # Generate 10000 new random deviates from a MVN
  x.F_Fmsy =exp(log.kobe.mvn[,1])
  y.b_bmsy =exp(log.kobe.mvn[,2])
  }

  kernelf <-
  ci2d(y.b_bmsy,x.F_Fmsy,nbins=151,factor=2.2,ci.levels=c(0.50,0.80,0.75,0.90,0.95),
  show="none",col=1,xlab=
  ifelse(harvest.label=="Fmsy",expression(paste(F/F[MSY])),expression(paste(H/H[MS
  Y])),ylab=expression(paste(B/B[MSY])))

  max.y1 <- max(c(2, max(kernelf$contours$"0.95"$x,F.Fmsy),na.rm =T))
  max.y <- ifelse(max.x1 > 5,min(max(5,F.Fmsy*2),8),max.x1)
  max.x <- max(max(2,quantile(y.b_bmsy,0.96)))

```

```

# -----
## KOBE plot building
# -----
#Create plot
plot(1000,1000,type="b", xlim=c(0,max.x),
ylim=c(0,max.y),lty=3,xlab="",ylab=expression(F/F[MSY]), bty="l", cex.main = 2,
cex.lab = 1.35, cex.axis = 1.35,xaxs = "i",yaxs="i")
mtext(expression(B/B[MSY]),side=1, line=3, cex=1.3)
c1 <- c(-1,100)
c2 <- c(1,1)

# extract interval information from ci2d object
# and fill areas using the polygon function
zb2 = c(0,1)
zf2 = c(1,100)
zb1 = c(1,100)
zf1 = c(0,1)
polygon(c(zb1,rev(zb1)),c(0,0,1,1),col="green",border=0)
polygon(c(zb2,rev(zb2)),c(0,0,1,1),col="yellow",border=0)
polygon(c(1,100,100,1),c(1,1,100,100),col="orange",border=0)
polygon(c(0,1,1,0),c(1,1,100,100),col="red",border=0)

polygon(kernelF$contours$"0.95",lty=2,border=NA,col="cornsilk4")
polygon(kernelF$contours$"0.8",border=NA,lty=2,col="grey")
polygon(kernelF$contours$"0.5",border=NA,lty=2,col="cornsilk2")
points(B.Bmsy,F.Fmsy,pch=16,cex=1)
lines(c1,c2,lty=3,lwd=0.7)
lines(c2,c1,lty=3,lwd=0.7)
lines(B.Bmsy,F.Fmsy, lty=1,lwd=1.)
points(B.Bmsy[1],F.Fmsy[1],col=1,pch=22,bg="white",cex=1.5)

points(B.Bmsy[which(yr==int.yr)],F.Fmsy[which(yr==int.yr)],col=1,pch=21,bg="white",
cex=1.5)
points(B.Bmsy[nyr],F.Fmsy[nyr],col=1,pch=24,bg="white",cex=1.5)
# Get Propability
Pr.green = sum(ifelse(y.b_bmsy>1 & x.F_Fmsy<1,1,0))/length(y.b_bmsy)*100
Pr.red = sum(ifelse(y.b_bmsy<1 & x.F_Fmsy>1,1,0))/length(y.b_bmsy)*100
Pr.yellow = sum(ifelse(y.b_bmsy<1 & x.F_Fmsy<1,1,0))/length(y.b_bmsy)*100
Pr.orange = sum(ifelse(y.b_bmsy>1 & x.F_Fmsy>1,1,0))/length(y.b_bmsy)*100

sel.years = c(yr[sel.yr])

legend("topright",
c(paste(start.yr),paste(int.yr),paste(end.yr),"50% C.I.", "80% C.I.", "95%
C.I.",paste0(round(c(Pr.red,Pr.yellow,Pr.orange,Pr.green),1),"%")),

```

```
lty=c(1,1,1,rep(-
1,8)),pch=c(22,21,24,rep(22,8)),pt.bg=c(rep("white",3),"cornsilk2","grey","cornsilk4","r
ed","yellow","orange","green"),
```

```
col=1,lwd=1.1,cex=1.1,pt.cex=c(rep(1.3,3),rep(1.7,3),rep(2.2,4)),bty="n",y.intersp =
1.)
```

```
if (save.plots==TRUE & kobe.plot==TRUE)
{
  jpgfile<-paste(stock,"_KOB.E.jpg",sep="")
  dev.copy(jpeg,jpgfile,
    width = 1024*0.7,
    height = 1024*0.7,
    units = "px",
    pointsize = 18,
    quality = 95,
    res=80,
    antialias="cleartype")
  dev.off()
}
}
```

```
#HW Kobe plot end
```

```
# -----
## Write results into csv outfile
# -----
if(write.output == TRUE) {
```

```
  # fill catches from 1970 to 2020
  # if leading catches are missing, set them to zero; if trailing catches are missing,
  set them to NA
```

```
  ct.out  <- vector()
  F.Fmsy.out <- vector()
  bt.out  <- vector()
```

```
  j <- 1
  for(i in 1950 : 2020) {
    if(yr[1]>i) {
      ct.out[j]  <-0
      F.Fmsy.out[j] <-0
      bt.out[j]  <-2*Bmsy
    } else {
      if(i>yr[length(yr)]) {
        ct.out[j]  <-NA
        F.Fmsy.out[j] <-NA
      }
    }
  }
}
```

```

bt.out[j] <-NA } else {
  ct.out[j] <- ct.raw[yr==i]
  F.Fmsy.out[j] <- F.Fmsy[yr==i]
  bt.out[j] <- B[yr==i]}
}
j=j+1
}

```

write data into csv file

```

output = data.frame(as.character(cinfo$Group[cinfo$Stock==stock]),
  as.character(cinfo$Region[cinfo$Stock==stock]),
  as.character(cinfo$Subregion[cinfo$Stock==stock]),
  as.character(cinfo$Name[cinfo$Stock==stock]),
  cinfo$ScientificName[cinfo$Stock==stock],
  stock, start.yr, end.yr, btype,
  max(ct.raw),ct.raw[nyr],
  ifelse(FullSchaefer==T,MSY.jags,NA), # full Schaefer
  ifelse(FullSchaefer==T,lcl.MSY.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,ucl.MSY.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,r.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,lcl.r.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,ucl.r.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,k.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,lcl.k.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,ucl.k.jags,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T & btype=="CPUE",mean.q,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T & btype=="CPUE",lcl.q,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T & btype=="CPUE",ucl.q,NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,quant.P[2,][nyr],NA), # last B/k JAGS
  ifelse(FullSchaefer==T,quant.P[1,][nyr],NA),
  ifelse(FullSchaefer==T,quant.P[3,][nyr],NA),

  ifelse(FullSchaefer==T,(ct.raw[nyr]/(quant.P[2,][nyr]*k.jags))/(r.jags/2),NA), # last
  F/Fmsy JAGS
  r.est, lcl.r.est, ucl.r.est, # CMSY r
  k.est, lcl.k.est, ucl.k.est, # CMSY k
  MSY.est, lcl.MSY.est, ucl.MSY.est, # CMSY MSY
  median.btv.lastyr, lcl.median.btv.lastyr,ucl.median.btv.lastyr, # CMSY
  B/k in last year with catch data
  (F.CMSY/Fmsy.CMSY)[nyr],
  Fmsy,lcl.Fmsy,ucl.Fmsy,Fmsy.last,lcl.Fmsy.last,ucl.Fmsy.last,
  MSY,lcl.MSY,ucl.MSY,Bmsy,lcl.Bmsy,ucl.Bmsy,
  B.last, lcl.B.last, ucl.B.last, B.Bmsy.last, lcl.B.Bmsy.last,
  ucl.B.Bmsy.last,
  F.last, lcl.F.last, ucl.F.last, F.Fmsy.last, lcl.F.Fmsy.last,
  ucl.F.Fmsy.last,

```

```

ifelse(is.na(sel.yr)==F,B.sel,NA),
ifelse(is.na(sel.yr)==F,B.Bmsy.sel,NA),
ifelse(is.na(sel.yr)==F,F.sel,NA),
ifelse(is.na(sel.yr)==F,F.Fmsy.sel,NA),

```

```

ct.out[1],ct.out[2],ct.out[3],ct.out[4],ct.out[5],ct.out[6],ct.out[7],ct.out[8],ct.out[9],ct.out[10], # 1950-1959

```

```

ct.out[11],ct.out[12],ct.out[13],ct.out[14],ct.out[15],ct.out[16],ct.out[17],ct.out[18],ct.out[19],ct.out[20], # 1960-1969

```

```

ct.out[21],ct.out[22],ct.out[23],ct.out[24],ct.out[25],ct.out[26],ct.out[27],ct.out[28],ct.out[29],ct.out[30], # 1970-1979

```

```

ct.out[31],ct.out[32],ct.out[33],ct.out[34],ct.out[35],ct.out[36],ct.out[37],ct.out[38],ct.out[39],ct.out[40], # 1980-1989

```

```

ct.out[41],ct.out[42],ct.out[43],ct.out[44],ct.out[45],ct.out[46],ct.out[47],ct.out[48],ct.out[49],ct.out[50], # 1990-1999

```

```

ct.out[51],ct.out[52],ct.out[53],ct.out[54],ct.out[55],ct.out[56],ct.out[57],ct.out[58],ct.out[59],ct.out[60], # 2000-2009

```

```

ct.out[61],ct.out[62],ct.out[63],ct.out[64],ct.out[65],ct.out[66],ct.out[67],ct.out[68],ct.out[69],ct.out[70],ct.out[71], # 2010-2020

```

```

F.Fmsy.out[1],F.Fmsy.out[2],F.Fmsy.out[3],F.Fmsy.out[4],F.Fmsy.out[5],F.Fmsy.out[6],F.Fmsy.out[7],F.Fmsy.out[8],F.Fmsy.out[9],F.Fmsy.out[10], # 1950-1959

```

```

F.Fmsy.out[11],F.Fmsy.out[12],F.Fmsy.out[13],F.Fmsy.out[14],F.Fmsy.out[15],F.Fmsy.out[16],F.Fmsy.out[17],F.Fmsy.out[18],F.Fmsy.out[19],F.Fmsy.out[20], # 1960-1969

```

```

F.Fmsy.out[21],F.Fmsy.out[22],F.Fmsy.out[23],F.Fmsy.out[24],F.Fmsy.out[25],F.Fmsy.out[26],F.Fmsy.out[27],F.Fmsy.out[28],F.Fmsy.out[29],F.Fmsy.out[30], # 1970-1979

```

```

F.Fmsy.out[31],F.Fmsy.out[32],F.Fmsy.out[33],F.Fmsy.out[34],F.Fmsy.out[35],F.Fmsy.out[36],F.Fmsy.out[37],F.Fmsy.out[38],F.Fmsy.out[39],F.Fmsy.out[40], # 1980-1989

```

```

F.Fmsy.out[41],F.Fmsy.out[42],F.Fmsy.out[43],F.Fmsy.out[44],F.Fmsy.out[45],F.Fmsy.out[46],F.Fmsy.out[47],F.Fmsy.out[48],F.Fmsy.out[49],F.Fmsy.out[50], # 1990-1999

```

```

F.Fmsy.out[51],F.Fmsy.out[52],F.Fmsy.out[53],F.Fmsy.out[54],F.Fmsy.out[55],F.Fmsy.out[56],F.Fmsy.out[57],F.Fmsy.out[58],F.Fmsy.out[59],F.Fmsy.out[60], # 2000-2009

```

```

F.Fmsy.out[61],F.Fmsy.out[62],F.Fmsy.out[63],F.Fmsy.out[64],F.Fmsy.out[65],F.Fmsy.out[66],F.Fmsy.out[67],F.Fmsy.out[68],F.Fmsy.out[69],F.Fmsy.out[70],F.Fmsy.out[71], # 2010-2020

```

y.out[66],F.Fmsy.out[67],F.Fmsy.out[68],F.Fmsy.out[69],F.Fmsy.out[70],F.Fmsy.out[71], # 2010-2020

bt.out[1],bt.out[2],bt.out[3],bt.out[4],bt.out[5],bt.out[6],bt.out[7],bt.out[8],bt.out[9],bt.out[10], # 1950-1959

bt.out[11],bt.out[12],bt.out[13],bt.out[14],bt.out[15],bt.out[16],bt.out[17],bt.out[18],bt.out[19],bt.out[20], # 1960-1969

bt.out[21],bt.out[22],bt.out[23],bt.out[24],bt.out[25],bt.out[26],bt.out[27],bt.out[28],bt.out[29],bt.out[30], # 1970-1979

bt.out[31],bt.out[32],bt.out[33],bt.out[34],bt.out[35],bt.out[36],bt.out[37],bt.out[38],bt.out[39],bt.out[40], # 1980-1989

bt.out[41],bt.out[42],bt.out[43],bt.out[44],bt.out[45],bt.out[46],bt.out[47],bt.out[48],bt.out[49],bt.out[50], # 1990-1999

bt.out[51],bt.out[52],bt.out[53],bt.out[54],bt.out[55],bt.out[56],bt.out[57],bt.out[58],bt.out[59],bt.out[60], # 2000-2009

bt.out[61],bt.out[62],bt.out[63],bt.out[64],bt.out[65],bt.out[66],bt.out[67],bt.out[68],bt.out[69],bt.out[70],bt.out[71]) # 2010-2020

```
write.table(output, file=outfile, append = T, sep = ",",
            dec = ".", row.names = FALSE, col.names = FALSE)
}
```

```
#-----
# The code below creates a report in PDF format if write.pdf is TRUE ----
#-----
```

```
## To generate reports in PDF format, install a LaTeX program. For Windows, you
can use https://miktex.org/howto/install-miktex (restart after installation)
```

```
## Set write.pdf to 'TRUE' if you want pdf output.
```

```
# Using MarkdownReports, this creates a markdown file for each stock then using
rmarkdown to render each markdown file into a pdf file.
```

```
if(write.pdf == TRUE) {
  library(knitr)
  library(tinytex)
```

```
docTemplate <- "\documentclass[12pt,a4paper]{article}
\setlength\parindent{0pt}
\usepackage{geometry}
\geometry{margin=0.5in}
\begin{document}
```

`\section*{#TITLE#}`

`#INTRO#`

```

\begin{figure}[ht]
\centering
\includegraphics[width=1.00\textwidth]{#IMAGE1#}
\end{figure}

```

`#MANAGEMENT#`

`\pagebreak`

```

\begin{figure}[ht]
\centering
\includegraphics[width=1.00\textwidth]{#IMAGE2#}
\end{figure}

```

`#ANALYSIS#`

`\end{document}`"

```
title = cinfo$Name[cinfo$Stock==stock]
```

```
intro = (paste("Species: \\\emph{",cinfo$ScientificName[cinfo$Stock==stock],"},
Stock code: ", stock, ".", sep=""))
```

```
intro = (paste(intro,"\\n\\n","Region: ",cinfo$Region[cinfo$Stock==stock], ".", sep=""))
```

```
intro = (paste(intro,"\\n\\n","Marine Ecoregion:
",cinfo$Subregion[cinfo$Stock==stock], ".", sep="") )
```

```
intro = (paste(intro,"\\n\\n","Reconstructed catch data used from years ", min(yr)," - ",
max(yr),sep=""))
```

```
intro = (paste(intro,"\\n\\n","For figure captions and method see
http://www.searoundus.org/cmsy-method") )
```

```
docTemplate<-gsub("#TITLE#", title, docTemplate)
```

```
docTemplate<-gsub("#INTRO#", intro, docTemplate)
```

```
management_text<-paste("\\\\textbf{Results for management (based
on",ifelse(FullSchaefer==F | force.cmsy==T,"CMSY","BSM"),"analysis)}\\\\\\\\\\\\\\\\")
```

```
management_text<-(paste(management_text,"\\n\\n","Fmsy = ",format(Fmsy, digits
=3),", 95% CL = ",format(lcl.Fmsy, digits =3), " - ",format(ucl.Fmsy, digits =3), " (if B >
1/2 Bmsy then Fmsy = 0.5 r)", sep=""))
```



```

management_text<-(paste(management_text,"\n\n","Fmsy = ",format(Fmsy.last,
digits =3)," , 95% CL = ",format(lcl.Fmsy.last, digits =3)," - ",format(ucl.Fmsy.last,
digits =3)," (r and Fmsy are linearly reduced if  $B < 1/2 B_{msy}$ )",sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","MSY = ",format(MSY, digits
=3)," , 95% CL = ",format(lcl.MSY, digits =3)," - ",format(ucl.MSY, digits =3),'; Bmsy =
',format(Bmsy, digits =3)," , 95% CL = ",format(lcl.Bmsy, digits =3)," -
",format(ucl.Bmsy, digits =3)," (1000 tonnes)",sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","Biomass in last year =
",format(B.last, digits =3)," , 95% CL = ", format(lcl.B.last, digits =3), " -
",format(ucl.B.last, digits =3)," (1000 tonnes)",sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","B/Bmsy in last year = "
,format(B.Bmsy.last, digits =3)," , 95% CL = ", format(lcl.B.Bmsy.last, digits =3), " -
",format(ucl.B.Bmsy.last, digits =3),sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","Fishing mortality in last year =
",format(F.last, digits =3)," , 95% CL =", format(lcl.F.last, digits =3), " -
",format(ucl.F.last, digits =3),sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","F/Fmsy =
",format(F.Fmsy.last, digits =3)," , 95% CL = ", format(lcl.F.Fmsy.last, digits =3), " -
",format(ucl.F.Fmsy.last, digits =3),sep=""))
management_text<-(paste(management_text,"\n\n","Comment:", comment, ""))
docTemplate<-gsub("#MANAGEMENT#", management_text, docTemplate)

```

```

analysis_text<-(paste("\textbf{Results of CMSY analysis with altogether
",n.viable.b, " viable trajectories for ", n.viable.pt," r-k pairs}\textbf{",sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","r = ", format(r.est, digits =3)," , 95% CL =
", format(lcl.r.est, digits =3), " - ", format(ucl.r.est, digits =3),"; k = ", format(k.est,
digits =3)," , 95% CL = ", format(lcl.k.est, digits =3), " - ", format(ucl.k.est, digits =3),"
(1000 tonnes)",sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","MSY = ", format(MSY.est, digits =3)," ,
95% CL = ", format(lcl.MSY.est, digits =3), " - ", format(ucl.MSY.est, digits =3)," (1000
tonnes/year)",sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Relative biomass last year = ",
format(median.btv.lastyr, digits =3), " k, 95% CL = ", format(lcl.median.btv.lastyr,
digits =3), " - ", format(ucl.median.btv.lastyr, digits =3),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Exploitation  $F/(r/2)$  in last year = ",
format((F.CMSY/Fmsy.CMSY)[length(median.btv)-1], digits =3),sep=""))

```

```

if(FullSchaefer==T) {
analysis_text <- paste(analysis_text,"\textbf{")
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n", "\textbf{Results from Bayesian
Schaefer model using catch and ",btype,"}\textbf{",sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","r = ", format(r.jags, digits =3)," , 95%
CL = ", format(lcl.r.jags, digits =3), " - ", format(ucl.r.jags, digits =3),"; k = ",
format(k.jags, digits =3)," , 95% CL = ", format(lcl.k.jags, digits =3), " - ",
format(ucl.k.jags, digits =3),sep=""))
}

```

```

analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","MSY = ", format(MSY.jags, digits =3),",
95% CL = ", format(lcl.MSY.jags, digits =3), " - ", format(ucl.MSY.jags, digits =3),"
(1000 tonnes/year)",sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Relative biomass in last year = ",
format(quant.P[2,][nyr], digits =3), " k, 95% CL = ",format(quant.P[1,][nyr], digits =3),"
- ", format(quant.P[3,][nyr], digits =3),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Exploitation F/(r/2) in last year = ",
format((ct.raw[nyr]/(quant.P[2,][nyr]*k.jags))/(r.jags/2), digits =3),sep=""))
}
if(btype == "CPUE") {
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","q = ", format(mean.q, digits =3),", 95%
CL = ", format(lcl.q, digits =3), " - ", format(ucl.q, digits =3),sep=""))
}

if(FullSchaefer==T & btype=="CPUE") {
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Prior range of q = ",format(q.prior[1],
digits =3)," - ",format(q.prior[2], digits =3),sep=""))
}
# show stock status and exploitation for optional selected year
if(is.na(sel.yr)==F) {
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Stock status and exploitation in
",sel.yr,sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Biomass = ",format(B.sel, digits =3), ",
B/Bmsy = ",format(B.Bmsy.sel, digits =3),", fishing mortality F = ",format(F.sel, digits
=3),", F/Fmsy = ",format(F.Fmsy.sel, digits =3),sep=""))
}

if(btype != "None" & length(bt[is.na(bt)==F])<nab) {
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Less than ",nab," years with
abundance data available, shown on second axis",sep="")) }

analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Relative abundance data type = ",
format(btype, digits =3),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Prior initial relative biomass = ",
startbio[1], " - ", startbio[2],ifelse(is.na(stb.low)==T," default"," expert"),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Prior intermediate relative biomass = ",
intbio[1], " - ", intbio[2], " in year ", int.yr,ifelse(is.na(intb.low)==T," default","
expert"),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Prior final relative biomass = ",
endbio[1], " - ", endbio[2],ifelse(is.na(endb.low)==T," default"," expert"),sep=""))
analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Prior range for r = ",
format(start.r[1],digits=2), " - ", format(start.r[2],digits=2),ifelse(is.na(r.low)==T,"
default"," expert"),", prior range for k = ", format(start.k[1], digits =3), " - ",
format(start.k[2], digits =3)," (1000 tonnes) default",sep=""))

```

```

analysis_text<-(paste(analysis_text,"\n\n","Source for relative biomass:
\n\n",source,"",sep=""))

docTemplate<-gsub("#ANALYSIS#", analysis_text, docTemplate)

docTemplate<-gsub("_", "\\_ ", docTemplate)
docTemplate<-gsub("%", "\\% ", docTemplate)

analysischartfile<-paste(stock,"_AN.jpg",sep="")
managementchartfile<-paste(stock,"_MAN.jpg",sep="")
docTemplate<-gsub("#IMAGE1#", managementchartfile, docTemplate)
docTemplate<-gsub("#IMAGE2#", analysischartfile, docTemplate)

# unique filenames to prevent error if files exists from previous run
documentfile<-paste(stock,substr(as.character(Sys.time()),1,10),"-
",sub(":", "",substr(as.character(Sys.time()),12,16)),".RnW",sep="") # concatenated
hours and minutes added to file name
cat(docTemplate,file=documentfile,append=F)

knit(documentfile)
knitr::knit2pdf(documentfile)

cat("PDF document is ",gsub(".RnW",".pdf",documentfile))

}
# end of loop to write text to file

if(close.plots==T) graphics.off() # close on-screen graphics windows after files are
saved
} # end of stocks loop

#stop parallel processing clusters
stopCluster(cl)
stopImplicitCluster()

```

Annexe 4 : Modélisation bioéconomique des pêcheries de sardinelles Nord-ouest Africaines dans la perspective d'une extension sous-régionale

Un modèle bioéconomique spatialisé de l'exploitation des sardinelles

November 17, 2020

1 Principes du modèle

Le modèle proposé ici est un modèle plurispécifique, multiflottilles et spatialisé de l'exploitation des deux principales espèces de petits pélagiques au Sénégal. Son pas de temps est mensuel et il permet des simulations de long terme (jusqu'à 40 années). sa composante biologique du modèle est analytique, reposant sur la simulation de cohortes mensuelles dont l'effectif est décroissant en fonction des mortalités naturelles et par pêche. La mortalité par pêche est déterminée par la dynamique de l'effort de pêche elle même fonction des résultats économiques, de l'évolution technologique et des mesures de gestion. Les paramètres exogènes du modèle c'est à dire fixés au départ de la simulation ou éventuellement forcés en cours de simulation sont définis à partir d'un fichier Excel (cf paragraphe 1.3). Enfin le modèle a été développé sur la plateforme de modélisation Vensim® [9].

2 Dynamique de la ressource

2.1 Evolution des cohortes dans le temps

2.1.1 Evolution en nombre

Le stock exploité, pour chaque espèce i est composé de cohortes c apparaissant à chaque période de simulation t (mois). L'effectif initial d'une cohorte dans chaque zone z est égal au recrutement $R_{i,z,c}$, obtenu à partir du paramètre $ParamR$ lu dans le fichier de paramètres Excel.

$$R_{i,c,z} = ParamR_{icz} \tag{1}$$

¹. Le modèle permettant des simulations sur un horizon de quarante ans, avec un pas mensuel, il y aura $12 * 40 = 480$ cohortes. Chacune de ces cohortes

¹On considère dans un premier temps que le recrutement est totalement exogène au modèle. Il sera envisagé plus bas la prise en compte d'un recrutement endogène par l'intermédiaire d'une fonction stock-recrutement. Il faut cependant souligner ici que l'existence d'une telle relation n'a pas été mise en évidence empiriquement dans le cas des sardinelles au Sénégal.

c mensuelle est recrutée au temps tr_c à un âge “au recrutement égal à ar qui est identique pour toutes les cohortes. Il faut ajouter à ces 480 cohortes, douze cohortes “initiales” permettant d’initialiser la population à un effectif positif. Ces douze cohortes initiales $\{c_1, c_2, \dots, c_{12}\}$ sont recrutées le premier mois ($t=1$), en addition à la cohorte c_{13} , mais à un âge $ar + 12, ar + 11, \dots, ar + 1$.

L’effectif d’une cohorte c à un instant $t > tr$ dans chaque zone z est noté $N_{i,c,z,t}$. Il est égal à l’effectif dans la même zone en $t-1$ $N_{i,c,z,t-1}$, diminué de la mortalité en nombre $D_{i,c,z,t-1}$ et de l’exportation $X_{i,c,z,t-1}$ d’individus vers d’autres zones et augmenté de l’importation $M_{i,c,z,t-1}$ d’individus provenant d’autres zones.

$$\begin{cases} N_{i,c,z,t} = 0 & t < tr_c \\ N = R_{i,c,z} & t = tr_c \\ N_{i,c,z,t} = N_{i,c,z,t-1} - D_{i,c,z,t-1} + M_{i,c,z,t-1} - X_{i,c,z,t-1} & t > tr_c \end{cases} \quad (2)$$

La mortalité en nombre $D_{i,c,z,t}$ est obtenue à partir de l’équation suivante où Z est le taux de mortalité totale :

$$D_{i,c,z,t} = N_{i,c,z,t} \cdot (1 - e^{-Z_{i,c,z,t}}) \quad (3)$$

Le taux de mortalité total Z est la somme des taux de mortalité naturelle $Mortn_i$ (considéré comme constant) et par pêche F . Le calcul de la mortalité par pêche sera exposé plus bas.

$$Z_{i,c,z,t} = F_{i,c,z,t} + Mortn_i \quad (4)$$

Pour les zones de la ZEE sénégalaise z_{sen} la mortalité par pêche sera déterminée de façon endogène (liée à la dynamique spatio-temporelle des flottilles), par contre, pour les zones extérieures (Nordext, G, Sudext) elle perdra des valeurs exogènes F_{fix} (définies avant simulation).

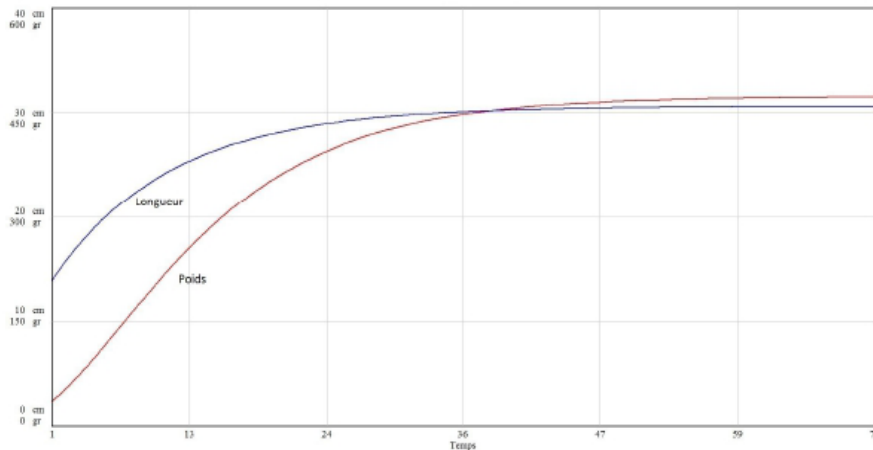
La mortalité par pêche F est la somme des mortalités par pêche exercée par chaque flottille Ff . Par ailleurs le modèle prévoit la possibilité de mettre en réserve toute ou partie des zones de pêches z_{sen} . Ceci est réalisé au moyen du paramètre $ParAmp$

$$\begin{cases} F_{i,c,z_{sen},t} = \sum_e Ff_{i,c,e,z_{sen},t} & z \in \{GC, PC, CAS\} \\ F_{i,c,z,t} = \sum_e Ffix_z & z \in \{Nordext, G, Sudext\} \end{cases} \quad (5)$$

La mortalité par pêche par flottille est le produit de la flottille active Fla et de la capturabilité q . Cette dernière est définie par espèce i et type de pêche e . Elle est également est fonction de l’âge des individus $a_{i,c,t}$ défini à l’équation 7 et peut prendre en compte une augmentation tendancielle de la puissance de pêche de chaque type de pêche (paramètre $TxCroisCapt$)

$$Ff_{i,c,e,z,t} = Fla_{e,z,t} \cdot q_{e,i,c,t} \quad (6)$$

FIGURE 1 : Croissance et longueur et poids (*S. aurita*)



2.1.2 Evolution en poids

La croissance des individus de chaque cohorte c est fonction de leur âge a_c , déterminé comme suit (t est le temps de simulation en mois, tr le temps de recrutement -égal à 1 pour les cohortes c_1 à c_{12} -, ar l'âge au recrutement) :

$$\begin{cases} a_{i,c,t} = t - tr_c + ar_i & c \in \{c_{13}, c_{14}, \dots, c_{232}\} \\ a_{i,c,t} = t - 1 + ar_i & c \in \{c_1, c_2, \dots, c_{12}\} \\ s.c. \quad a_{i,c,t} \geq 0 \end{cases} \quad (7)$$

La longueur individuelle L est calculée au moyen de la fonction de Von Bertalanffy, $Lin f$ est la longueur asymptotique, k est le paramètre de croissance et t_o l'âge théorique théorique pour lequel la longueur est nulle. W est ensuite obtenu par application d'une relation poids longueur (paramètres α_i et β_i). On considère que la croissance est identique pour l'ensemble des zones :

$$L_{i,c,t} = Lin f_i \cdot [1 - e^{-k_i \cdot (a_{i,c,t} - t_{o_i})}] \quad (8)$$

$$W_{i,c,t} = \alpha_i \cdot L_{i,c,t}^{\beta_i} \quad (9)$$

La biomasse d'une cohorte c peut alors être calculée :

$$BC_{i,c,z,t} = N_{i,c,z,t} \cdot W_{i,c,t} \quad (10)$$

Il est alors aisé de calculer la biomasse totale par espèce BI , par sommation sur l'ensemble des cohortes. Enfin le modèle procède à des sommations partielles sur les zones propres au Sénégal z_{sen} pour obtenir la biomasse BIS présente dans sa ZEE.

La biomasse féconde SSB est obtenue par application à chacune des deux espèces d'une "ogive" simplifiée de fécondité représentée par la fonction Fec_i ,

$$SSB_{i,t} = FEC_i(BI_{it}) \quad (11)$$

2.2 Spatialisation de la ressource biologique.

A chaque pas de temps, la ressource est redistribuée entre les différences cellules spatiales du modèle. Pour rappel, la ressource se répartit dans 9 zones (Nordext, GCc, GCl, PCc, PCl, G, CASc, CASl, Sudext) dont six au Sénégal. Au Sénégal on a procédé à une distinction entre zones côtières et du large. Historiquement les premières ont été exploitées par la pêche artisanale à la senne tournante alors que les zones du large ont été plutôt exploitées par les unités industrielles étrangères.

Le schéma mensuel de migration est introduit par le paramètre *ParamMigr* qui indique par espèce, et mois le taux d'émigration du stock présent dans chaque zone d'origine *ori* vers chacune des zones possibles de destination *dest*. L'usage de paramètres mensuels nécessite de créer une variable *mois* comprise en 1 et 12 qui permettra de redistribuer les paramètres saisonniers (indiqués par *nmois*) au sein de chaque année (*time* est le 'temps' de la simulation) :

$$mois = Time - (12 * (an - 1)) \quad (12)$$

Le flux mensuel de migrations *FMM* entre zones est obtenu à partir de l'équation suivante :

$$\begin{cases} FMM_{i,c,ori,dest,nmois,t} = N_{i,c,z,t} \cdot ParamMigr_{i,ori,dest,nmois} & \text{si } t \geq tr_c \\ FMM_{i,c,ori,dest,nmois,t} = 0 & \text{si } t < tr_c \\ nmois = mois1, mois2, \dots, mois12 & \text{si } mois = 1, 2, \dots, 12 \end{cases} \quad (13)$$

Il est alors possible de calculer l'immigration et l'émigration par zone (il est important de souligner ici que les éléments des indices *z*, *ori* et *dest* sont les mêmes, ce qui permet d'établir une correspondance entre ces indices) :

$$X_{i,c,z} = \sum_{dest} FMM_{i,c,ori,dest} \quad (nb : z \text{ correspond à } ori) \quad (14)$$

$$M_{i,c,z} = \sum_{ori} FMM_{i,c,ori,dest} \quad (nb : z \text{ correspond à } dest) \quad (15)$$

2.3 Recrutement

Dans la version initiale du modèle le recrutement $R_{i,c,z}$ est considéré comme indépendant de la biomasse. Ils s'agit alors d'un paramètre obtenu au départ de la simulation dans le fichier Excel où sont regroupés l'ensemble des constantes exogènes. Il est possible d'introduire deux modifications dans le traitement du recrutement. Tout d'abord en introduisant la possibilité d'un terme stochastique annuel censé représenter l'impact de la variabilité environnementale sur le recrutement (le même effet annuel s'appliquant à l'ensemble des recrutements mensuels au cours d'une même année) . Ensuite en introduisant la possibilité d'une baisse de recrutement lorsque la biomasse est inférieure à une valeur seuil.

Recrutement annuel stochastique Deux type d'approches sont proposées. la première vise à introduire un terme stochastique annuel pour une seule simulation. On peut ainsi représenter une trajectoire de la pêcherie soumise à des chocs annuels stochastiques sur le recrutement. La seconde consiste en la réalisation de simulations répétées (méthode de Monte Carlo), un nouveau tirage des paramètres définissant les chocs annuel étant réalisé à chaque simulation.

La prise en compte d'un terme annuel stochastique est permise par quatre paramètres définissant la fréquence relative des chocs annuels, $ParFreqChoc$, leur écart-type $ParIntChoc$, leur maximum $MaxChoc$ et leur minimum $minChoc$ précisés dans le fichier de paramètres Excel. La variable binaire $AnChoc$ indique si une année a subit un choc de recrutement pour une espèce i (elle prendre alors la valeur 1) ou non (0). Pour chaque année de simulation a , une valeur θ_a est tirée dans une loi de distribution uniforme comprise entre 0 et 1. Lorsque cette valeur est inférieure à celle du paramètre de fréquence $ParFreqChoc$, $AnChoc = 1$. Si $ParFreqChoc = .8$, huit années sur dix connaîtront, en moyenne, un choc de recrutement. Pour les simulations de Monte Carlo, l'effet stochastique est présent tous les ans

$$\begin{cases} AnChoc_{a,i} = 1 & \text{si } \theta_{a,i} < ParFreqChoc_i \text{ ou si simulation de Monte Carlo} \\ AncChoc_{a,i} = 0 & \text{si } \theta_{a,i} \geq ParFreqChoc_i \\ \theta_a \text{ est tiré dans une loi uni forme} \\ \text{de bornes } [0, 1] \end{cases} \quad (16)$$

Le terme stochastique annuel $ChocAnnuelR$ est ensuite calculé pour chaque année. Si $AnChoc_{a,i} = 1$ il est obtenu par tirage dans une loi de distribution normale de moyenne 1, d'écart-type $ParIntChoc$, bornée par $1 + ParIntChoc$.

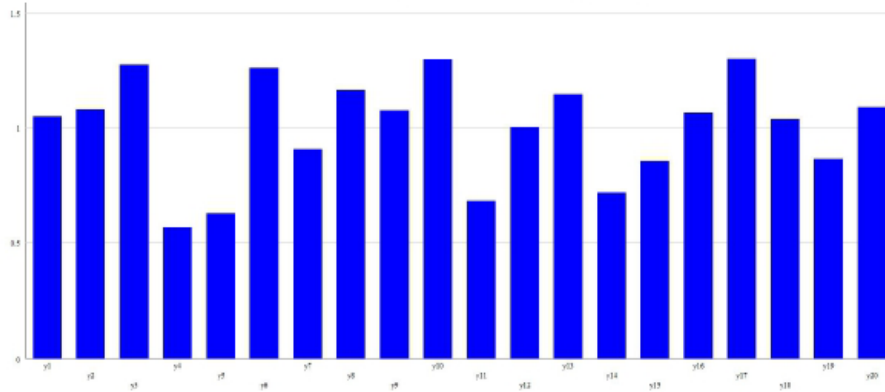
$$\begin{cases} ChocAnnuelR_{a,i} \sim N(1, \sigma = ParIntChoc_i, Max = MaxChoc, min = minChoc) \\ \text{si } AnChoc_{a,i} = 1 \\ ChocAnnuelR_{a,i} = 0 \text{ si } AnChoc_{a,i} = 0 \end{cases} \quad (17)$$

A titre l'exemple la figure 2 présente le terme stochastique obtenu avec $ParFreqChoc = 1$ et $ParIntChoc = .5$ pour une espèce et une simulation sur 20 années. Il est aisé de répartie le choc annuel $ChocAnnuelR_{a,i}$ sur les cohortes appartenant aux différentes années. Le terme stochastique devient alors $ChocCoho_{i,c}$ et peut être utilisé pour le calcul du recrutement de chaque cohorte :

$$R_{i,c,z} = ParamR_{i,c,z} \cdot ChocCoho_{i,c} \quad (18)$$

Prise en compte d'un seuil critique de biomasse Bien que l'existence d'une relation stock recrutement n'ait jamais été mise en évidence empiriquement pour les petits pélagiques au Sénégal, il paraît peut vraisemblable que leur recrutement puisse ne pas être affecté par une réduction de leur biomasse éconde

FIGURE 2 : Terme stochastique annuel appliqué au recrutement



en dessous d'un seuil critique. Nous avons donc considéré judicieux de prendre en compte cette possibilité. Il faut pour cela définir dans un premier temps le seuil critique de biomasse $SSBlim_i$, en dessous duquel le recrutement va être affecté par une baisse de biomasse. Le seuil de biomasse critique est une proportion $PartBv$ (définie comme paramètre) de la biomasse féconde vierge $SSBv$. Celle dernière est ici considérée comme un paramètre, estimé par simulation en l'absence d'exploitation des deux espèces de sardinelles.

$$SSBlim_{i,t} = SSBv_{i,t} \cdot PartBv_i \quad (19)$$

Lorsque la biomasse féconde SSB est inférieure à $SSBlim$, le recrutement R tend linéairement vers 0 quand SSB tend vers 0. On introduit un décalage de 6 mois pour tenir compte du délai entre ponte et recrutement

$$\begin{cases} R_{i,c,z} = ParamR_{i,c,z} & \text{si } SSB_{i,t-6} \geq SSBlim_i \text{ et } a_{i,c,t} = 0 \\ R_{i,c,z} = ParamR_{i,c,z} \cdot (SSB_{i,t-6} / SSBlim_i) & \text{si } SSB_{i,t-6} < SSBlim_i \text{ et } a_{i,c,t} = 0 \end{cases} \quad (20)$$

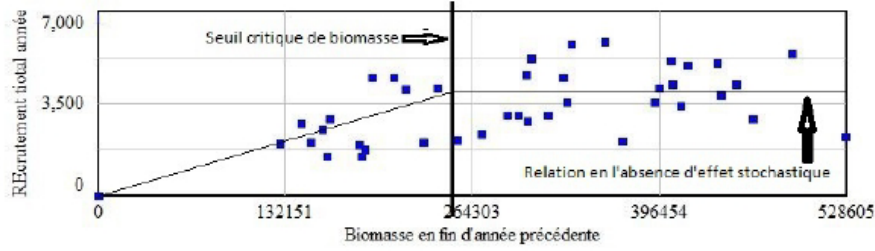
A titre l'exemple, on présente à la figure 3 la relation obtenue, entre recrutement total annuel et biomasse féconde en fin d'année précédente, pour la sardinelle ronde avec $SSBv = 512000$, $PartBv = 0.5$, $ParFreqChoc = 1$, $ParIntChoc = .5$. Dans ce cas on a introduit à la fois un effet stochastique annuel et un seuil critique de biomasse égal à 256 000 t. La relation stock-recrutement ainsi obtenue est du type "Hockey Stick", qui est proposée dans les modèles en appui aux approches de gestion dites de précaution [10].

3 Les captures

Les captures se sont calculées qu'au sein des zones de la ZEE sénégalaise, on utilisera donc dans ce cas l'indice $zsen$ au lieu de z (les éléments de $zsen$ sont un sous-ensemble de z). Les décès en nombre dus à la pêche P sont égaux à la part de la mortalité par pêche F dans la mortalité totale Z , multipliée par le nombre de décès totaux D .

$$P_{i,c,zsen,t} = (F_{i,c,zsen,t} / Z_{i,c,zsen,t}) \cdot D_{i,c,zsen,t} \quad (21)$$

Figure 3: Relation stock-recrutement avec effet stochastique annuel et seuil critique de biomasse



Les captures instantanées en poids C sont ensuite obtenues en multipliant les captures en nombre P par le poids individuel W :

$$C_{i,c,zsen,t} = P_{i,c,zsen,t} \cdot W_{i,c,t} \quad (22)$$

La capture instantanée par espèce CT est obtenue en sommant l'expression précédente par cohorte et zone :

$$CT_{i,t} = \sum_c \sum_{zsen} C_{i,c,zsen,t} \quad (23)$$

La capture annuelle cumulée CTC par espèce est obtenue par sommation de CT sur chacun des intervalles de temps annuels :

$$CTC_{i,a} = \sum_{t=tdeb_a}^{tfin_a} CT_{i,t} \quad \text{et } a = a1, a2, \dots, a40 \quad (24)$$

($tdeb_a$: début de l'année a $tfin_a$: fin de l'année a)

La capture instantanée par flottille CF est calculée en multipliant la capture instantanée en poids C par la part de la mortalité par pêche exercée par chaque flottille Ff dans la mortalité par pêche totale F :

$$CF_{i,c,e,zsen,t} = (Ff_{i,c,e,zsen} / F_{i,c,zsen}) \cdot C_{i,c,zsen,t} \quad (25)$$

La capture totale instantanée par flottille, CFT est obtenue en sommant l'expression précédente sur l'ensemble des cohortes :

$$CFT_{i,e,zsen,t} = \sum_c CF_{i,c,e,zsen,t} \quad (26)$$

4 Dynamique de flottille

La dynamique de flottille est la résultante de différents phénomènes qu'il convient de distinguer dans la construction du modèle. Tout d'abord la détermination de la capacité de pêche, c'est à dire l'effectif total des flottilles. Ensuite celui de l'effort de pêche qui va dépendre du taux d'activité et de la répartition mensuels des flottilles entre zones de pêche.

4.1 Détermination de la capacité de pêche

La capacité de pêche UP , qui est constante au sein de chaque intervalle annuel (et donc ajustée si nécessaire en début de chaque année) peut être déterminée de différentes façons : 1) elle peut être totalement endogène, c'est à dire dire fonction du profit réalisé au cours de l'année précédente, tout en étant possible-ment bornée par une valeur maximale (nombre de licences de pêche autorisées) ; 2) sa variation peut être définie arbitrairement tout au long de la simulation ; 3) elle peut être fixée en début de simulation et maintenue constante.

4.1.1 Détermination endogène de la capacité

On considère qu'en fin de chaque année une part fixe du profit total en fin d'année $PROFCF_a$ (cf équation 42) est réinvestie sous la forme de nouvelles unités de pêche NUP . Dans le cas d'un profit négatif NUP sera négatif et correspondra à une sortie d'unités de pêche. Le montant investi en fin d'année est calculé comme suit , txi étant le taux d'investissement (part de profit réinvestie) et $txi1$ le taux de désinvestissement en cas de profit négatif. On a considéré qu'il était pertinent de pouvoir rendre compte d'une relative "viscosité" du capital investi dans les pêcherie : durant les périodes de prospérité,

$$\begin{cases} IVT_{e,a} = PROFCF_{ea}.txi & PROFCF \geq 0 \\ IVT_{e,a} = PROFCF_{ea}.txi1 & PROFCF < 0 \end{cases} \quad (27)$$

Connaissant le prix $PrUP$ d'une nouvelle unité de pêche, on obtient le nombre de nouvelles unités :

$$NUP_{e,a} = IVT_{e,a}/PrUP_e \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (28)$$

Le nombre d'unités de pêche présente au cours d'une année aUP sera égal à :

$$\begin{cases} UP_{e,a} = UP_{e,a-1} + NUP_{e,a-1} & a = a1, a2, \dots, a40 \\ UP_{ea} \leq MaxUP_e \end{cases} \quad (29)$$

$MaxUP$ est un paramètre initial de la simulation, et représente la valeur maximale du nombre d'unités de pêche autorisées.

4.1.2 Détermination exogène de la capacité

Deux cas sont à distinguer : 1) le nombre d'unités reste fixé à sa valeur initiale, 2) il suit une série de valeurs xUP lue dans le fichier de paramètres du modèle.

$$\begin{cases} UP_{e,t} = UP_{e,0} \quad \forall t & cas 1 \\ UP_{e,t} = XUP_{e,t} & cas 2 \end{cases} \quad (30)$$

4.1.3 Répartition des flottilles par zones

Une fois déterminée la capacité totale de pêche annuelle, cette dernière est répartie chaque mois entre les différentes zones de pêche en fonction de leur attractivité. Cette dernière ($ATRZ$) est déterminée à partir de la moyenne de la biomasse de chaque zone exploitée $BIZS$ en t et $t - 12$. On calcule ensuite la part de la biomasse moyenne de chaque zone dans la moyenne biomasse totale et t et $t-12$. On considère que l'attractivité d'une zone est fonction de l'abondance relative de la ressource biologique dans cette zone. L'abondance moyenne de chaque zone est multipliée par la variable de fermeture de zone $Ferm$ de telle façon que les zones fermées (et donc d'attractivité nulle), ne soient pas prises en compte.

$$ATRZ_{zsen,t} = \frac{\sum_i [(BIZS_{i,zsen,t-1} + BIZS_{i,zsen,t-12}) * Ferm_{zsen,t}]}{\sum_{i,zsen} [(BIZS_{i,zsen,t-1} + BIZS_{i,zsen,t-12}) * Ferm_{zsen,t}]} \quad (31)$$

La flottille par zone UPZ peut être ensuite déterminée :

$$UPZ_{e,zsen,t} = UP_{e,t} * ATRZ_{zsen,t} \quad (32)$$

Cette formule n'est appliquée que pour les sennes tournantes, aucune migration entre régions n'étant observée pour les filets maillants encerclants.

4.1.4 Détermination de la flotte active

Il convient de faire une distinction entre flottille (capacité de pêche) et flottille active Fla (effort de pêche nominal). Pour passer de la première à la seconde, il faut utiliser le taux d'activité t_{act} par flottille (cf. équation 44) qui est déterminé par la rentabilité à court terme de l'activité. On prévoit la possibilité de fermetures de pêche saisonnières affectant les zones de pêche sénégalaises. La variable $Ferm$ est comprise entre 0 (fermeture totale) et 1 (ouverture intégrale). Une valeur de 0,5 est équivalente à une fermeture de 50 % de la zone considérée, les paramètres déterminant sa valeur sont précisés au paragraphe 6.2.

$$\begin{cases} Fla_{e,zsen,t} = UPZ_{e,zsen,t} * t_{act}_{e,zsen,t} * Par * Ferm_{zsen,t} \\ 0 \leq Ferm_{zsen,t} \leq 1 \end{cases} \quad (33)$$

La variable de fermeture de zone $Ferm$

5 Composantes économiques du modèle

5.1 Revenu

Le revenu instantané par flottille et zone est calculé en multipliant la capture totale instantanée par flottille CFT par le prix PR par espèce P . Ce dernier est supposé indépendant des prises dans la version actuelle du modèle. L'introduction d'une fonction de demande inverse liant le prix aux captures est

envisageable sans difficulté, sous réserve de disposer des données permettant son estimation. A revenu retiré de la captures des espèces cibles (sardinelles) doit être ajouté celui provenant des captures d'espèces accessoires. Ces dernières ne sont pas modélisées explicitement dans ce modèle. Elles sont intégrées grâce à l'emploi d'un taux de captures accessoires par type de de pêche $TxCaptAccess_e$ défini comme le rapport de la valeur des captures accessoires sur celle de la valeur des captures de sardinelles. $TxCaptAccess_e$ est une constante exogène, dont la valeur est définie en début de simulation.

$$REV_{e,zsen,t} = \sum_i (PR_i \cdot CFT_{i,e,zsen,t}) * (1 + TxCaptAccess_e) \quad (34)$$

5.2 Les coûts d'exploitation

5.2.1 Les coûts matériels fixes et variables

Deux types de coûts sont pris en compte. Les coûts fixes $CFTOT$ sont indépendants du taux d'activité de la flottille mais proportionnels à la capacité de pêche. Ils comprennent les consommations intermédiaires fixes, les amortissements, l'entretien des équipements, les assurances et licences de pêche. Les coûts variables $CVTOT$ sont quant à eux principalement proportionnels à la flottille active (effort de pêche nominal) mais peuvent être également liés aux quantités débarquées.

$$CFTOT_{e,zsen,t} = paramCF_e \cdot UPZ_{e,zsen,t} \quad (35)$$

où $paramCF$ est le paramètre représentant l'ensemble des coûts fixes supportés par an (lus directement dans le fichier de paramètres Excel).

Le cout de débarquement $CDEB$ les proportionnel aux quantités débarquées CFT

$$CDEB_{e,zsen,t} = \sum_i CFT_{i,e,zsen,t} \cdot paramCDEB \quad (36)$$

où $paramCoutDebest$ le coût de débarquement par tonne.

$$CVTOT_{e,zsen,t} = Fla_{e,zsen,t} \cdot (parCV_e) + CDEB_{e,zsen,t} \quad (37)$$

5.2.2 Rémunération du travail

Dans la pêche la rémunération du travail est en général basée sur un système à la part "pur" ou bien un système mixte associant part de pêche et élément fixe. le premier système est celui généralement observé en pêche artisanale tandis que le second est plutôt employé en pêche industrielle.

En pêche artisanale, la rémunération du travail, pour l'ensemble de l'équipage, est obtenue à partir du solde à partager, égal à la différence entre chiffre

d'affaire REV et coûts variable $CVTOT$, que l'on multiplie par la part relative allant à l'équipage $paramPartPa$.

En pêche industrielle la rémunération de l'équipage a deux composantes. Tout d'abord la prime totale qui est égale à la capture CFT multipliée par la prime à la tonne $primTonInd$. Ensuite le salaire fixe total qui est égal au produit du salaire fixe individuel $salFixInd$ par la taille de l'équipage $paramEquipage$. ON calcule ensuite la rémunération annuelle du travail par flottille (LA) et enfin la valeur actualisée de la rémunération totale du travail ($ReTrACT$)

$$\begin{cases} L_{e,zsen,t} = (REV_{e,zsen,t} - CVTOT_{e,zsen,t}) \cdot paramPartPa & e = \{ST, FME\} \\ L_{e,zsen,t} = (\sum_i CFT_{i,e,zsen,t} \cdot primTonInd) + (salFixInd \cdot paramEquipage_e \cdot Fla_{e,zsen,t}) & e = IND \end{cases} \quad (38)$$

$$LA_{e,a} = \sum_{t=tdeb_a}^{tfin_a} \sum_{zsen} L_{e,zsen,t} \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (39)$$

$$ReTrACT = \sum_a (\sum_e (LA_{e,a} \cdot Fact_a)) \quad (40)$$

5.3 Profit et marge privés

Le profit $PROF$ est la rémunération des investisseurs privés armateurs. Il est donc égal au chiffre d'affaires REV diminué des coûts variables $CVTOT$ (assimilé aux charges communes partagées entre équipage et armateur), des coûts fixes $CFTOT$ et de la rémunération du travail L .

$$PROF_{e,t} = \sum_{zsen} (REV_{e,zsen,t} - CVTOT_{e,zsen,t} - CFTOT - L_{e,zsen,t}) \quad (41)$$

Le profit cumulé par année $PROFC$ est obtenu par sommation de $PROF$ sur chacun des intervalles de temps annuels :

$$PROFC_{e,t} = \sum_{t=tdeb_a}^{tfin_a} PROF_{e,t} \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (42)$$

La marge relative sur coût variable $MRCV$ est un indicateur de rentabilité privée à court terme. Elle est obtenue par différence entre le revenu REV et le coût variable $CVTOT$. On considère qu'à court terme l'armateur ne prend pas en compte les charges fixes, il cherche juste à "couvrir" les frais de marée.

$$MRCV_{e,zsen,t} = (REV_{e,zsen,t} - CVTOT_{e,zsen,t}) / REV_{e,zsen,t} \quad (43)$$

Le taux d'activité $txact$ est une fonction à pente positive de la marge relative $MRCV$. On considère que les pêcheurs déterminent leur niveau d'activité à court terme en fonction des conditions de rentabilité immédiate, ne prenant pas en compte les coûts fixes :

$$txact_{e,zsen,t} = f(MRCV_{e,zsen,t-1}) \quad (44)$$

5.4 Rente économique

La rente économique $RENT$ correspond au profit économique corrigé des transferts (subventions et taxes) entre l'État et la pêche. La rente économique est estimée à la fin de chaque intervalle annuel (doc indiquée par a).

$$RENT_{e,a} = PROFCFA_{e,a} + (RED_{e,a} - SUB_{e,a}) \quad (45)$$

où RED et SUB sont respectivement les redevances (taxes) perçues sur la pêche et les subventions annuelles versées par l'État à son bénéfice.

La rente actualisée $RENTACT$ est la somme du flux de rente actuelle multiplié par le facteur d'actualisation $FACT$. Ce dernier est obtenu à partir du taux d'actualisation annuel $TxActu$. Des calculs intermédiaires, non précisés ici, permettent d'estimer également la rente actualisée par flottille $RENACTF$.

$$FACT_a = \frac{1}{(1 + TxActu)^a} \quad (46)$$

$$RENTACT = \sum_a \left(\sum_e RENT_{e,a} \cdot FACT_a \right) \quad (47)$$

5.5 Valeur ajoutée

La valeur ajoutée brute (VAB) correspond à la différence entre la valeur des débarquements et les consommations intermédiaires (ensemble des moyens matériels détruits au cours du processus de production). La valeur ajoutée nette (VAN) est égale à la valeur ajoutée brute diminuée des amortissements. Elle aussi égale à la somme des rémunérations nettes des facteurs de production (profit privé et rémunération du travail) et des revenus nets de l'État retirés de la pêche. La valeur a est également un bon indicateur de la création de richesse par la pêche, elle correspond à sa contribution absolue au Produit Intérieur Brut (PIB) national. A la différence de la rente, elle intègre la rémunération du travail dans la création de richesse, ce qui est un élément important à prendre en compte si la réduction de la pauvreté fait partie des objectifs de gestion de la pêche. Les consommation intermédiaires ont deux composantes. La première, variable est fonction de la flotte active Fla . la seconde fixe, est proportionnelle à la capacité de pêche par zone UPZ . $ParCiF$ et $ParCiV$ sont respectivement les paramètres de consommations intermédiaires fixes par unité de pêche et par mois.

$$CI_{e,zsen,t} = (ParCiF_e \cdot UPZ_{e,zsen,t}) + (ParCiV_e \cdot Fla_{e,zsen,t}) \quad (48)$$

La valeur ajoutée courante brute par flottille VAB est la différence entre le revenu REV et les CI

$$VAB_{e,t} = \sum_{zsen} (REV_{e,zsen,t} - CI_{e,zsen,t}) \quad (49)$$

Connaissant le paramètre d'amortissement par unité de pêche et par mois $ParAmt$ et par mois, on en déduit la valeur ajoutée nette VAN :

$$VAN_{e,t} = VAB_{e,t} - ParAmt_e \quad (50)$$

Enfin la valeurs ajoutées nette $VANC$ cumulée est calculée pour chaque intervalle de temps annuel :

$$VANC_{e,a} = \sum_{t=tdeb_a}^{tfin_a} VAN_{e,t} \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (51)$$

Il est important, afin de bien évaluer le poids économique de la pêche, notamment de sa contribution au PIB, de retirer la valeur des subventions $SUB_{e,a}$ (cf équation 60) pour obtenir la valeur ajoutée nette (d'amortissement) annuelle nette de subventions $VANCNS$.

$$VANCNS_{e,a} = VANC_{e,a} - SUB_{e,a} \quad (52)$$

La valeur ajoutée nette actualisée, qui peut être considérée, de façon similaire à la rente actualisée, comme une fonction objectif (à maximier) de la gestion à long terme de la pêcherie, est obtenue en utilisant le facteur d'actualisation :

$$VANA_{CT} = \sum_a \left(\sum_e VANCNS_{e,a} \cdot FACT_a \right) \quad (53)$$

5.6 Revenus nets de l'Etat et subventions

Les revenus annuels de l'Etat $RAET$ sont égaux à la différence des redevances annuelles prélevées sur le secteur RED moins les subventions annuelles SUB distribuées en faveur de la pêche. Les redevances sont déterminées par le montant des licences payées par les flottilles, indépendamment de leur activité. Le montant annuel payé par chaque unité de pêche est déterminé par le paramètre $parLIC$. Dans la pêcherie sénégalaise les subventions passent principalement par la détaxation partielle à l'importation des intrants (carburants et équipements) et la non perception de la TVA. Le manque à gagner pour l'Etat est ici assimilé à une subvention en faveur de la pêche. En 2015 une subvention directe est également accordée pour chaque achat de moteur.

$$RED_{ea} = UP_{e,a} \cdot parLIC_e \quad (54)$$

Les subventions comprennent les subventions annuelles sur le carburant $SubCFC$ et sur les équipements de pêche. La subvention mensuelle sur la carburant par flottille $SubCFest$ est calculée à partir de la différence entre les valeurs de la consommation mensuelle de carburant "toutes taxes comprises" $ParCicarbtTC$ et "hors taxes" $ParCicarbtHT$ (lues comme paramètres), multipliée par la flottille active Fla . La subvention sur le carburant affecte aussi les paramètres de coût mensuel variable $ParCv$ et de consommations intermédiaires variables $parCiV$.

$$SubCF_{e,t} = (ParCicarbtTTC_e - ParCicarbtHT_e) \cdot Fla_{e,zsen,t} \quad (55)$$

La subvention annuelle sur le carburant $SubCFC$ est obtenue par sommation sur chaque intervalle de temps annuel.

$$SubCFC_{e,a} = \sum_{t=deb_a}^{tfin_a} SubCF_{e,t} \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (56)$$

La subvention annuelle sur les moteurs $ParSubMot$ consiste en un montant fixe accordé à chaque achat de moteur. Ce montant, est estimé en tenant compte de la durée de vie moyenne des moteurs (estimée à trois ans). Elle est assimilée à une réduction de charge fixes qui est intégrée dans la valeur du paramètre de charges fixes $parCF$ (cf. équation 35). Elle est prise également en compte dans les revenus de l'Etat. La subvention annuelle par flottille est obtenue à partir de l'équation suivante :

$$SubMoteur_{e,a} = ParSubMot_e \cdot UP_{e,a} \quad (57)$$

Il reste maintenant à prendre en compte les droits de douanes (38 % du prix d'importation CAF) et de TVA (18 % du prix CAF dédouané) pour les moteurs et les engins de pêche². Les exemptions annuelles pour les moteurs $ParDetaxMot$ par unité de pêche ont été estimées en tenant compte du prix hors taxes actuelle payé par moteur (1282000 et 1985000 FCFA respectivement pour les unités de FME et de ST³), de la durée de vie moyenne des moteurs (3 ans) et du nombre de moteurs par type d'unité de pêche (ST : 2, FME : 1). Pour les engins de pêche, les exemptions annuelles $ParDetaxEng$ ont été estimées à partir du prix et de la durée de vie estimé des engins de pêche (10 millions de FCFA et 5 ans pour les ST ; 2,7 millions et 5 ans pour les FME). Les exemptions de taxes sont également assimilées à des réduction de charge fixes intégrées dans la valeur du paramètre de charges fixes $parCF$ par flottille (cf. équation 35). Les montants des détaxes annuelles par flottille sur les moteurs $DetaxMot$ et les engins de pêche $DetaxEng$ sont obtenus à partir des deux équations suivantes :

$$DetaxMot_{e,a} = ParDetaxMot_e \cdot UP_{e,a} \quad (58)$$

$$DetaxEng_{e,a} = ParDetaxEng_e \cdot UP_{e,a} \quad (59)$$

La montant annuel total des aides distribuées peut alors être calculé :

$$SUB_{e,a} = SubCFC_{e,a} + SubMoteur_{e,a} + DetaxMot_{e,a} + ParDetaxMot_e \cdot UP_{e,a} + DetaxEng_{e,a} \quad (60)$$

On peut désormais estimer les revenus nets annuels de l'Etat $RAET$, égaux aux redevances annuelles RED diminuées de l'ensemble des aides SUB sous

²Pour ces derniers on ne considère que l'exemption de TVA, les pêcheurs procédant eux-mêmes au montage de leurs engins à partir d'intrants déjà disponibles sur le marché local

³On a considéré que la majorité des unités utilisent des moteurs de 40 cv (ST) et de 15 CV (FME).

forme de subventions ou d'exemptions de taxes. Les revenus de l'Etat sont ensuite actualisés sur l'ensemble de la période de simulation ($RETACT$).

$$RAET_{e,a} = RED_{ea} - SUB_{e,a} \quad (61)$$

$$RETACT = \sum_a \left(\sum_e RAET_{e,a} \cdot FACT_a \right) \quad (62)$$

5.7 Emploi

L'emploi K (en équivalent temps plein par mois) est calculé en multipliant la flotte Active Fla par la taille de l'équipage $ParEqui$.

$$K_{e,t} = ParEquipe_e \cdot \sum_{zsen} Fla_{e,zsen,t} \quad (63)$$

L'emploi cumulé annuel KC est obtenu par sommation sur chacun des intervalles de temps annuels, il est exprimé en équivalent temps plein annuel :

$$KC_{e,a} = \sum_{t=tdeb_a}^{tfin_a} \sum_e (K_{e,t}/12) \quad a = a1, a2, \dots, a40 \quad (64)$$

Il ne paraît pas pertinent, à la différence des variables de résultats monétaires, de faire ici une somme actualisée sur l'ensemble de la période de simulation.

6 Variables de contrôle du modèle

Dans ce paragraphe nous rappelons quelles sont les variables de contrôle du modèle et quelles sont les actions de gestion qu'elles permettent de simuler. Nous présentons également comment modifier la valeur des paramètres qui les déterminent.

6.1 Licences et redevances de pêche

Il s'agit des principaux outils de contrôle direct de la capacité de pêche. L'effectif initial des flottilles est spécifié dans la feuille "Flottes" du fichier de paramètres Excel. Il est également possible de fixer un seuil maximal pour chaque flottille lorsque une dynamique endogène des flottilles est choisie. Les redevances annuelles par unité de pêche sont précisées sur la feuille "Cout" (cellules E27 et K27).

Selon le choix initial de dynamique de flottille (feuille "Param Simul", cellule D6), il est possible de "forcer" l'effectif annuel des flottilles (fig. 4), que qui permet de tester aisément les changements associés à une réduction ou une augmentation de la capacité de pêche.

Table 1: Paramètres de contrôle direct de la capacité de pêche

	A	B	C	D
1	Effectif initiaux flottilles			
2				
3		ST	IND	FME
4	Effec	593	0	128
5				
6		593	0	128
7				
8				
9				
10				
11	Limitation du nombre d'unités autorisées			
12				
13		ST	IND	FME
14	Nb max autorisé	1000000	1000	10000000
15				
16				
17				
18				

Figure 4: Paramètres complémentaires de contrôle de la capacité ou de l'effort de pêche

	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	
	Forçage annuel effort					Fermeture zone					
						(nb : Valeurs intermédiaires possibles)					
	année	ST	IND	FME			GC	PC	CAS		
	1	593	0	128		Année début fermeture	99	99	99		
	2	593	0	128		Année finale fermeture	99	99	99		
	3	593	0	128		Mois début fermeture	99	99	99		
	4	593	0	128		Mois fin fermeture	99	99	99		
	5	593	0	128		Taux de fermeture	0	0	0		
	6	593	0	128							
	7	593	0	128							

6.2 Fermetures spatio-temporelles

La création d'aires marines protégées est un des outils majeur des politiques publiques désirant mettre en oeuvre l'approche écosystémique des pêches (réf.). Des engagement internationaux prévoient la mise en place d'une réseau mondial d'AMP et la protection d'une part significative des ZEE nationales (réf.). Les AMP ont souvent visés la protection d'écosystèmes littoraux comme les récifs (ref) ou les mangroves. Plus récemment, leur intérêt à été souligné également pour les ressources pélagiques notaùmmnt hauturières (réf). Au Sénégal, on assiste depuis la dernière décennie à la mise en place d'AMP sur des fractions d'espaces côtiers ou séjournement de façon permanente ou temporaires des ressources pélagiques côtières comme les sardinelles. Il nous est donc apparu pertinent de prendre en compte cet outil parmi les variables de contrôle du modèle. Des mesures de repos biologique saisonniers sont également appliquées en Afrique de l'ouest, mais plutôt pour des ressources démersales. Il reste néanmoins intéressant de pourvoir simuler l'application de telles mesures au cas des petits pélagiques. Les paramètres correspondants sont accessibles à partie de la feuille "flottes" (fig.4). Pour chacune des zones (en colonnes) doivent être définis l'année et le mois de début et de fin de fermeture, ainsi que le taux de fermeture de la zone (un taux égal à 0.3 indique que 30 % de la zone correspondante sont fermés à la pêche).

Figure 5: Paramètres de coûts, subventions et détaxes

10					
11					
12					
13	Détail couts ST artisanales (hors travail)				
14					Total cts /mois
15	Coûts variables	Coûts/mois	TTC	3 705 990,5	3 150 091,9
16		Vieilles/ mois			265 204,0
17		Réparation/mois			22 223,3
18					
19	Total CV/mois		CV		3 448 629,3
20					
21					Total CFA/an
22	Coûts fixes	Amortissement pirogues en engin de pêche/an			827 386,4
23		Amortissement filet/an			2 100 000,0
24		Amortissement Moteurs/an			-
25		Subventions moteurs/an			360 000,0
26		Exemption TVA engin de pêche/an			25 000,0
27		Permis Licence/an (redesence)			400 000,0
28		Assurance/an			1 884 542,9
29		Entretien/an			435 666,0
30		Exemption TVA et Douane Moteur			
31	Total CF/an		CFTOT/an		4 473 263,3
32					
33					
34	Coût de débarquement par tonne				1 000,0
35	Cl var par mois de pêche				3 448 629,3
36	Cl fixes par an				1 538 876,9
37	Amortissement par an				2 927 386,4
38					
39					
40					
41		ST		FME	
42	Part équipage PA	0,6		0,7	
43					
44		ST		IND	FME
45	Taille des équipages	20,0	10,0		20,0
46					
47					
48	Taux subvention carburant PA	0,15			
49					
50					
51					

6.3 Coûts fixes et variables, subventions et exemptions de taxes

Bien que les coûts supportés par les unités de pêche soient pour la plupart des variables exogènes au modèle, ils sont en partie affectés par les subventions et exemptions de taxes qui peuvent être aussi considérés comme des outils de gestion des pêche. Les coûts variables sont exprimés en unités monétaires par mois. La consommation de carburant est introduite toutes taxes comprises, et le taux de subvention⁴ du carburant est précisé dans la cellule B28. Les subventions et exemptions annuelles sur les moteurs et engins de pêche sont considérées comme des réductions de coûts coûts fixes (annuels) et sont introduites à la suite des autres éléments de coûts fixes (dont elles viennent en réductions dans les calculs intermédiaires réaliés dans la feuille Excel.

6.4 Limites de captures.

Bien que les quotas globaux de pêche ne soient pas utilisés à ce jour dans la gestion des pêcheries ouest-africaines, il est intéressant de prendre en compte cet outil potentiel de gestion, dans la mesure où il est largement utlsé dans d'autres régions et pourrait, dans le long terme être envisage au sénegal. Dans le modèle, il s'agit de quotas annuels globaux définiss par espèces, pour toutes les flotilles. Une fois le quots atteint, la pêche est arrêté au pas de temps (mois) suivant. Etant donné le pas de temps mensuel retenu, l'arrêt de la pêche ne peut être

⁴Le taux de subvention est égal au rapport de la différence entre prix TTC et prix HT sur le prix TTC

Figure 6: Paramètres généraux de la simulation

	A	B	C	D	E	F
Nombre de mois de simulation			480			
Fréquence de sauvegarde des résultats (1-mois,2-an)			2			
Type dynamique capacité de pêche (0/1/2)				1		0: effort initial maximal
Fonction d'investissement	Paramètres entrée		0,3	Paramètre sortie	0,1	
Taux d'actualisation annuel (%)		10,0				
		SR	SP			
Recrutement stochastique fréquence choc annuel		1	1			compris entre 0 et 1, 0: pas d'effort
Intensité choc stochastique annuel		0,8	0,8			Paramètre qui détermine l'ampleur du choc
		ST	IND	FME		
Taux de captures accessibles en valeurs		0,24	0	0,32		
Relation Stock-recrutement		Biomasse vierge SR (t)		512000	Seuil SR	0
		Biomasse vierge SP (t)		553000	Seuil SP	0
Quotas de capture sur le total des deux espèces		1 000 000,00	tonnes			
Année de mise en place du quota		10				
		ST	IND	FME		
Taux annuel de croissance de la capturabilité		0	0	0		

instantané : si le quota est atteint en t , la fermeture de la pêche sera effective en $t + 1$, ce qui peut conduire à un dépassement de quota, la prise de décision n'étant pas immédiate.

7 Autres paramètres de simulation

Il s'agit des paramètres initiaux (cf fig.6) qui ne représentent pas des variables de contrôle, mais des choix concernant les règles de comportement des unités de pêche, ou bien encore la prise en compte de certains phénomènes biologiques.

- La durée de la simulation (cellule c1) qui peut aller jusqu'à 480 pas de temps mensuels, soit 40 ans.
- La fréquence de sauvegarde (mensuelle ou annuelle) des résultats de la simulation (cellule C3).
- Le type de dynamique de la capacité de pêche : capacité limitée durant toute la simulation aux valeurs initiales (1), capacité endogène fonction des résultats économiques annuels (2), capacité annuelle variable forcée à partir du fichier de paramètres (3)
- Paramètres de la fonction d'investissement (si l'option de capacité endogène a été retenue) : il s'agit du taux de réinvestissement (ou de désinvestissement en cas de pertes) du profit annuel en nouvelles unités de pêche. L'entrée (ou la sortie) des unités de pêche a lieu en début d'année.
- Prise en compte d'une relation stock recrutement pour chacune des deux espèces. Pour chacune des deux espèces, il faut préciser la biomasse de stock vierge (en l'absence d'exploitation,) et la part de la biomasse vierge

en dessous de laquelle le recrutement tend linéairement vers zéro quant la biomasse diminue.

- Possibilité d'un recrutement annuel stochastique : pour chaque espèce on précise d'abord la fréquence relative (probabilité comprise entre 0 et 1) d'un choc annuel (cellules B13 et C13). Le paramètre d'intensité du choc annuel *ParIntChoc*, compris entre 0 et 1, est spécifié dans les cellules B14 et C14.
- Le taux d'actualisation utilisé pour calculer certaines variables de sortie économique est spécifié (en %), à la cellule B9.
- Le taux de captures accessoires en valeur par flottille (cellules B7 à D7).

8 Variables de sortie du modèle

Il est important de spécifier ici quelle seront les variables de sorties importantes qui seront retenues pour analyser les résultats des simulations. Il s'agit ici de se concentrer sur l'essentiel et de laisser de côté la complexité des calculs intermédiaires. Trois grandes catégories de résultats sont proposées : relatifs à la dynamique de la ressource, relatifs à la dynamique de l'activité (capacité et effort de pêche), relatifs aux captures et enfin économiques.

8.1 Dynamique de la ressource

La biomasse totale par espèce et par région sont les indicateurs de résultats retenus.

8.2 Dynamique de l'activité

Les indicateurs retenus sont la capacité de pêche annuelle et l'effort de pêche. Ce dernier est réparti par région de pêche au Sénégal afin de représenter les mouvements d'unités de pêche entre Grande côte et Petite Côte

8.3 Captures

On a d'abord retenu les captures mensuelles (c'est à dire instantanées) par région et totales pour le Sénégal (on rappelle que ce modèle ne représente pas l'exploitation dans les pays voisins). Les captures cumulées pour chaque année sont ensuite présentées.

8.4 Résultats économiques

On propose dans un premier temps les résultats économiques courants par flottille et pour l'ensemble de la pêcherie : revenu, coûts fixes, coûts variables,

rémunération du travail, cout total, profit, profit annuel, consommations intermédiaires, amortissement, valeur ajoutée nette, valeur ajoutée nette annuelle, subventions annuelles, redevances de pêche annuelles, revenus net de l'Etat par an.

On présente ensuite les résultats actualisés pour un plus petit nombre d'indicateurs pour l'ensemble de la pêcherie : la rente, la valeur ajoutée nette (subventions déduites), le profit, le revenu net de l'Etat et la rémunération du travail. Les résultats économiques ne sont pas présentés pour la première année de simulation, cette dernière étant non significative en raison des ajustements initiaux dûs à l'initialisation du modèle.

9 Simulation de référence

Les paramètres biologiques et économiques de la simulation de référence sont présentés à l'annexe 11.3. Les paramètres biologiques (croissance mortalité) sont tirés de la littérature. Un point critique est l'estimation pour chaque espèce du recrutement mensuel. Pour ce faire une analyse de VPA a été produite sur les données mensuelles de captures par taille pour les années *** à ****. Le détail de cette analyse est présentée à l'annexe **. Outre l'estimation des recrutements mensuels l'analyse de VPA a permis d'estimer les vecteurs de capturabilité par age $q_{e,i,c,t}$.

La simulation de référence est produite avec une capacité de pêche constante. L'effort de pêche mensuel par zone est alors seulement fonction des résultats économiques de court terme. Très rapidement le simulation tend vers un régime stationnaire (les résultats des années successives sont identiques). Pour alléger les représentations graphiques nous les limiterons à quelques années, une fois le régime stationnaire atteint.

9.1 Biomasse

L'évolution de la biomasse totale pour les deux espèces est présentée à la fig.7 pour les trois premières années au bout desquelles un régime stationnaire est déjà atteint. Pour la sardinelle ronde, la biomasse totale se est comprise, selon les mois, entre 350 et 370 000 t. Il est notable d'observer que la part de la biomasse de cette espèce localisée au Sénégal est très variable : elle tend à être maximale de décembre à mai et minimale durant la saison chaude (juillet à octobre). Pour la sardinelle ronde, les données analysées n'ont pas permis de mettre en évidence un patron de migration saisonnier similaire. En conséquence la biomasse modélisée, qui n'est présent qu'au Sénégal et répartie entre Petite en Grande Côte, ne montre pas de mouvement cyclique.

La fig.8 montre un décalage des pics d'abondance de la sardinelle ronde entre les deux principales zones. Au nord (Grande Côte), l'abondance maximale est observée en décembre. Sur la Petite-Côte l'abondance maximale est observée en mai. Enfin la migration vers le sud de cette espèce conduit à un pic d'abondance d'avril à juin en Casamance, mais pour un niveau de biomasse très inférieur à

Figure 7: Biomasse totale par espèce (Simulation de référence)

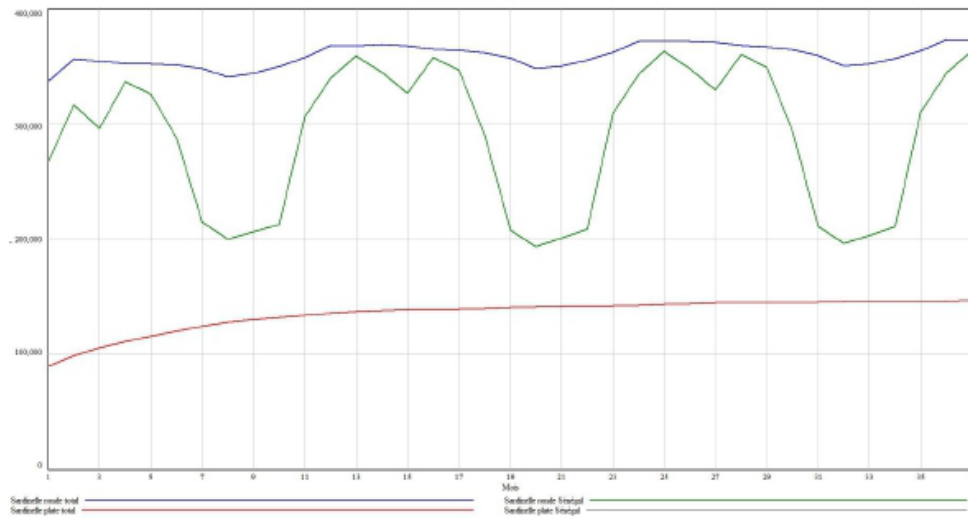
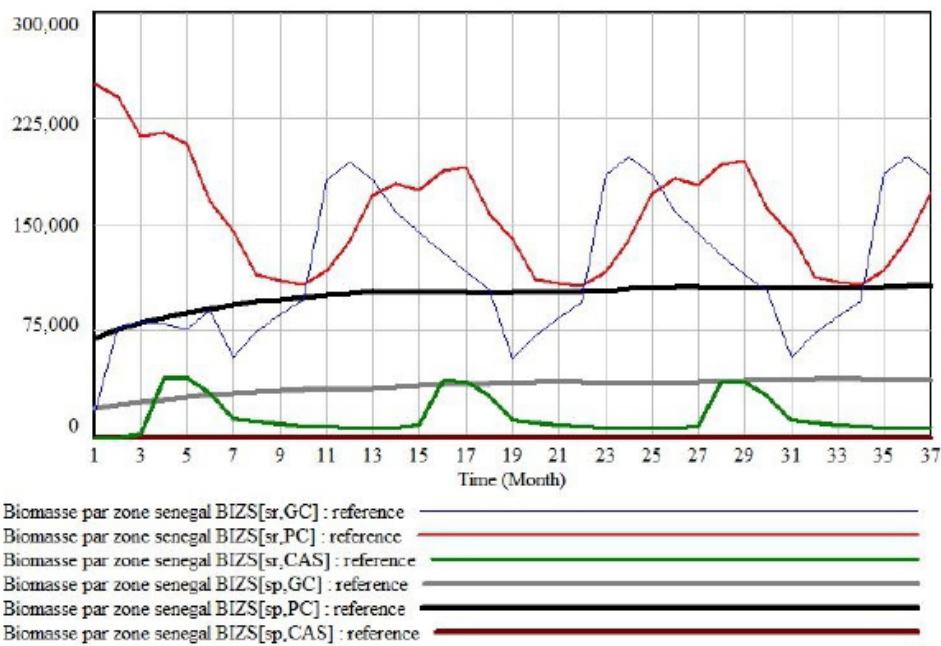


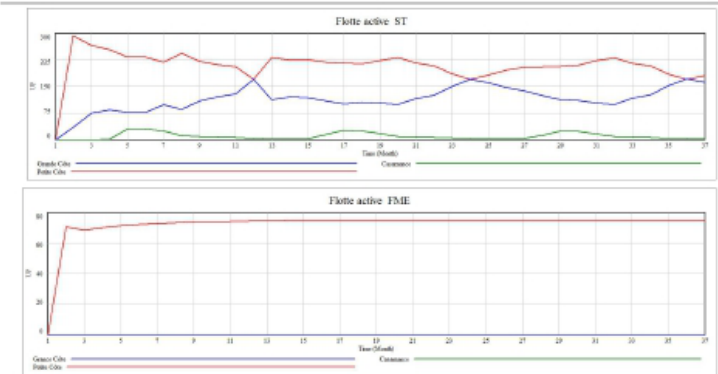
Figure 8: Distribution des biomasses entre les différentes zones sénégalaises (Simulation de référence)



celui obtenu pour les deux autres régions.

9.2 Capacité et effort de pêche

Figure 9: Flottes actives (Simulation de référence)

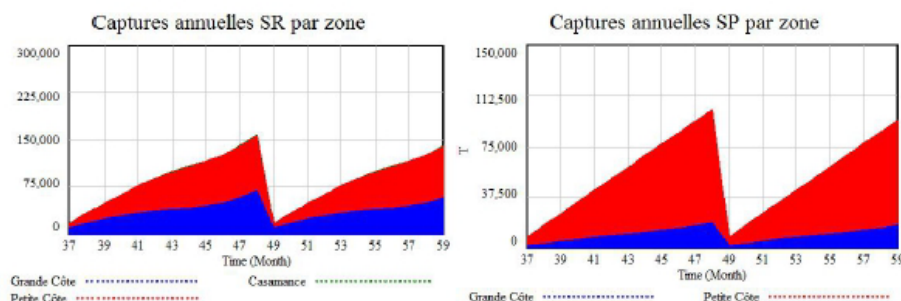


Dans la simulation de référence, la capacité de pêche est maintenue égale aux niveaux définis dans le fichier de paramètres. Le modèle ne prévoit pas de migrations pour les filets maillants encerclants. Par contre on observe pour les sennes tournantes un cycle inverse de l'effort de pêche entre la Petite Côte (augmentation de l'effort durant les deux premier trimestres de l'année puis diminution) et la Grande Côte (augmentation en fin d'année). En Casamance l'effort des sennes tournantes n'est significatif que de mai à juin.

9.3 Captures

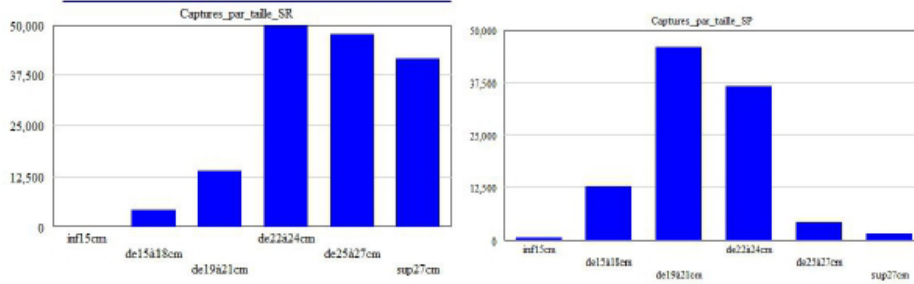
Les captures annuelles cumulées, une fois le régime "stationnaire" de la simulation atteint, s'élèvent, pour les sardinelles rondes et plates à 157000 t. et 102000 t. respectivement.

Figure 10: Captures (Simulation de référence)



La figure 11 présente pour chaque espèce la structure des captures annuelles par classe de taille pour la dernière année de simulation

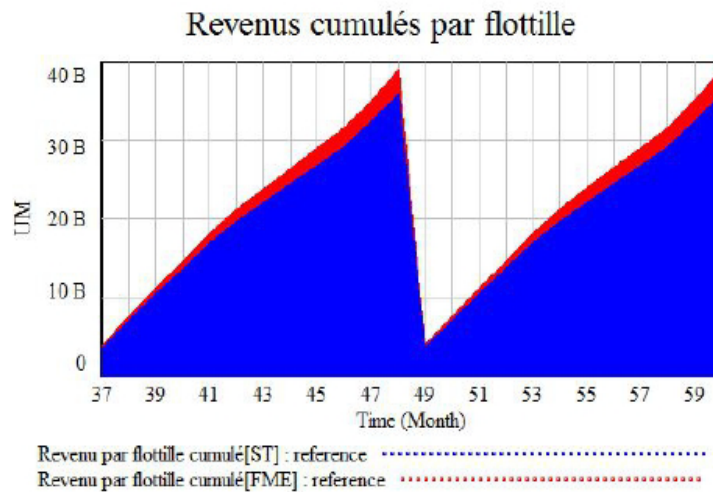
Figure 11: Captures par classe de taille



9.4 Revenus

En régime “stationnaire”, le revenu annuel cumulé de la pêche s’établit à 30 milliards de F. cfa. Le revenu des unités de pêche à la senne tournante représente plus de 90 % du revenu total de la pêche

Figure 12: Revenus annuels cumulés (Simulation de référence)



9.5 Coûts

Le coût annuel cumulé de la pêche (somme des couts fixes et variables) s’élève à milliards de Fc CFA, dont 90 % sont attribuables aux unités de pêche à la senne tournante

9.6 Profit

Le profit annuel (rémunération des propriétaires des équipements de pêche) s’élève à 7,2 milliards de F Cfa, dont la quasi totalité provient des unités de senne tournantes.

Figure 13: Coûts annuels cumulés
Coût total cumulé

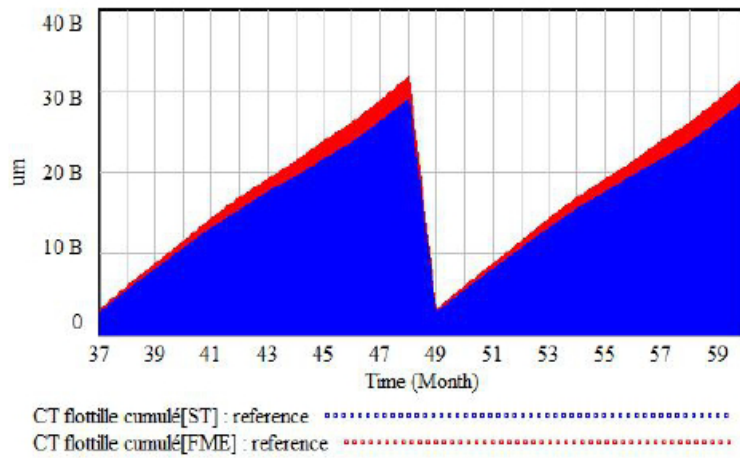
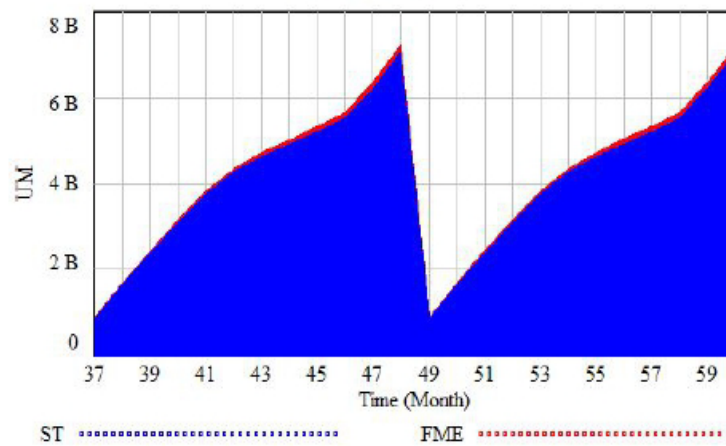


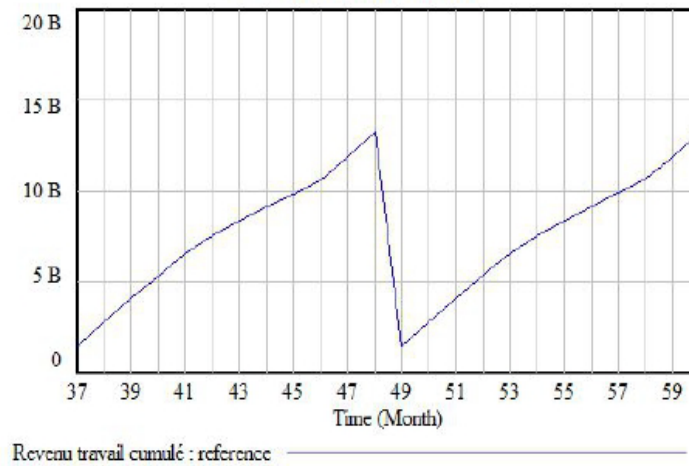
Figure 14: Profit annuel cumulé
Profit annuel



9.7 Revenus du travail

La rémunération annuelle du travail s'élève à 13,3 milliards de F. CFA, soit près du double du profit. On retrouve ici l'une des caractéristiques des pêches artisanales très souvent avancée dans la littérature ([2], à savoir leur capacité à créer des revenus et dont à contribuer à la réduction de la pauvreté au sein des communautés côtières.

Figure 15: Revenus annuels du travail
Revenu travail cumulé



9.8 Revenus nets de l'Etat

Dans la simulation de référence les revenus annuels nets de l'Etat sont négatifs (- 3 milliards de F. cfa), en raison de l'absence de prélèvements fiscaux ou autres sur la pêche, et de l'importance des subventions accordées sous forme d'exemption de droits sur le carburant (2,4 milliards) et sur les importations d'intrants (engins et moteurs, soit 0,6 milliard). En valeur absolue, les pertes supportées par l'Etat représentent près de 50 % des profits perçus par les opérateurs privés.

9.9 Valeur ajoutée nette, nette de subventions

Une fois corrigée des subventions accordées à la pêche, la valeur ajoutée annuelle s'établit à 17,6 milliards de F. CFA

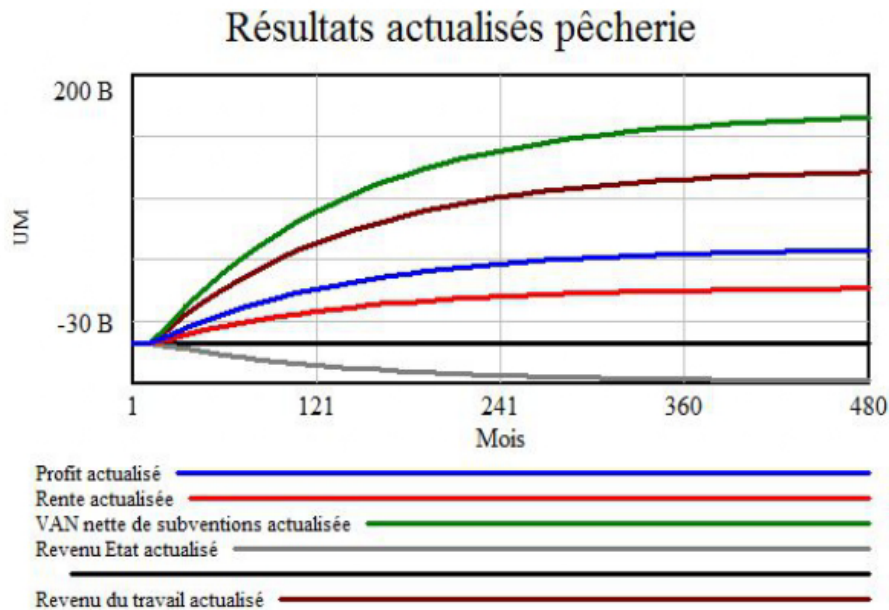
9.10 Rente économique annuelle courante

La rente économique annuelle est égale à 4,3 milliards. Il est important de souligner ici que, tant selon le critère de la valeur ajoutée que de celui de la rente économique, la pêche ne semble pas en situation de surexploitation économique. La situation des unités de senne tournante semble par contre beaucoup plus profitable que celle des unités de filets maillants encerclants.

9.11 Rente économique et valeur ajoutée, et autres indicateurs actualisés

La rente économique, actualisée sur toute la période de simulation (480 mois), s'élève à 40 milliards de CFA. la valeur ajoutée (nette de subventions) à 168 milliards. Le taux d'actualisation retenu étant de 10 % par an, les valeurs actualisées tendent assez rapidement vers leur valeur limite. (fig).

Figure 16: Résultats économiques pêcheur actualisés



9.12 Synthèse résultats économiques

Les trois tableaux suivants présente la synthèse des résultats économiques pour les principaux indicateurs produits. Les résultats économiques courant (c'est à dire sans prise en compte du facteur d'actualisation) sont présentés par flottille (fig. 17) et pour l'ensemble de la pêcheur (fig.). Sur ces tableaux figurent en premier les valeurs à chaque pas de temps mensuel, puis les valeurs annuelles cumulées. Pour les résultats actualisés (fig.19), seules les valeurs obtenues en fin de simulation (année 40) sont utilisées, à des fins de compréhension du lecteur, on a fait apparaître les résultats obtenus pour certaines années précédentes.

valeurs suivantes : $\{0.1, 0.2, 0.3, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1, 2, 3\}$. La valeur 1 du multiplicateur correspond à la situation de référence (593 unités de pêche à la senne tournate et 128 unités au filet maillant encerclant). Pour chacune de ces valeurs sont obtenues les valeurs actualisées, sur l'ensemble de la période de simulation, soit 40 ans) des indicateurs suivants (le taux d'actualisation retenu est égal à 10 %) : revenu total de la pêcherie, rente économique, valeur ajoutée nette nette de subventions, revenus de l'Etat et revenus du travail. les résultats sont représentés sur la fig.21 . Le premier point important à souligner ici concerne le revenu total de la pêcherie. Le niveau atteint dans la situation de référence (375 milliards, correspondant à un niveau de production annuelle de 260 000 t.) est nettement inférieur au maximum pouvant être atteint (de l'ordre de 500 milliards pour environ 340 000t. de production annuelle) non estimé ici car il correspond à une valeur de multiplicateur supérieure à celles envisagées ici).

Le second point important est que dans la situation de référence, tant pour le critère de la rente que pour ceux du profit et de la VAN, la pêcherie ne se situe pas en situation de totale dissipation de la richesse économique. La rente nulle est atteinte lorsque le multiplicateur est égal à 1.5. Le profit (revenu net des armateurs) s'annule lorsque le multiplicateur atteint 2,2. Enfin la VAN devient nulle quand le multiplicateur est égal à 2,3.

Quelles sont les valeurs du multiplicateur permettant d'atteindre les optima pour ces trois indicateurs ? La rente économique optimale est atteinte pour une capacité de pêche réduite de moitié, pour le maximum de profit et de VAN elle doit être réduite de 30 %. On peut en conclure que, quelque soit l'indicateur retenu, la pêcherie serait actuellement dans une situation de surexploitation économique, mais continuerait de créer de la richesse.

Le dernier point important est relatif à la distribution de la richesse créée par la pêcherie entre les trois grands types d'acteurs (armateurs, pêcheurs et Etat). Dans la situation de référence la part du travail dans la VAN (nette de subventions) est égale à 76 % alors qu'elle se serait que de 67 % lorsque le profit est optimale, et de 70% lorsque la rente est maximisée. La rémunération des pêcheurs est maximale (127 milliards) dans la situation de référence.

Si l'objectif premier de la pêche est la réduction de la pauvreté au sein de la pêcherie, il semble alors que la situation de référence soit la préférable , tout en assurant un profit suffisant aux armateurs. Cette situation coûte cependant au reste de la collectivité sous la forme d'un déficit de revenus de l'Etat égal à 28,4 milliards. Par contre, si l'on cherche à maximiser la contribution du secteur à la réation de richesse (PIB), il convient alors de réduire la capacité de pêche de 30 %. Enfin si l'objectif est de garantir une rémunération maximale des investisseurs privés (armateurs) une réduction de 50% s'impose.

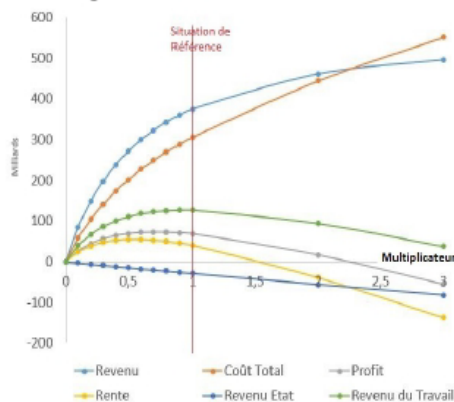
Il est important de rappeler en conclusion de ce paragraphe que ces résultats reposent, d'une part sur les hypothèses de départ de ces simulation, notamment l'absence de relation stock recrutement, d'autre part sur l'emploi d'une seule variable de contrôle qui est la capacité de pêche. Dans la suite de ce travail les scénarios produits permettront de mettre en oeuvre simultanément plusieurs variables de contrôle, entre autres celles relatives aux soutiens financiers de

l'Etat au secteur de la pêche.

Figure 20: Simulation de référence, réponse des indicateurs économiques actualisés à l'augmentation de la capacité de pêche

Multiplicateur	Revenu total pêcherie	VAN nette de subv.	Profit	Rente	Revenu Etat	Revenu Travail
0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
0,1	84,8	63,4	26,5	23,6	-2,9	39,8
0,2	148,5	105,9	44,3	38,5	-5,8	67,3
0,3	198,3	134,7	56,3	47,7	-8,6	86,9
0,4	238,4	153,9	64,4	52,9	-11,5	101,0
0,5	271,5	166,2	69,4	55,1	-14,3	111,1
0,6	299,1	173,2	72,2	55,0	-17,2	118,1
0,7	322,5	176,1	73,2	53,2	-20,0	122,8
0,8	342,6	175,7	72,9	50,0	-22,8	125,6
0,9	360,0	172,8	71,4	45,7	-25,6	126,9
1	375,1	167,8	68,9	40,5	-28,4	127,1
2	460,9	55,9	16,8	-39,0	-55,8	94,5
3	495,7	-98,9	-55,3	-137,4	-82,0	38,0

Figure 21: Simulation de référence : optimum économiques actualisés



D:/fichww/2016_these_aliou_ba/Docu

10 Reconsidération des hypothèses initiales

10.1 Dynamique endogène de la capacité de pêche

On suppose ici que la capacité de pêche (nombre d'unités de pêche dans chaque flottille), s'ajuste chaque année en fonction des fonction du profit réalisé au cours de l'année précédente. On considère qu'en cas de profit positif, 30 % est utilisé pour l'achat de nouvelles unités. le prix d'achat d'une unité est estimé à 20 millions de fca pour la senne tournante et à 10 millions pour le filet maillant encerclant. A l'inverse, lorsque le profit est négatif on considère que le désinvestissement est plus lent. Dans les faits la dynamique endogène peut être freiner par diverses contraintes. On peut citer notamment la capacité d'accueil des principaux centres de débarquement (Joal, Mbour, Hann, Kayar, Saint-Louis, qui tend à être saturés lors des périodes d'abondance des captures, même

si les aménagements ont été réalisés pour faciliter la mise en marché des produits (quais de débarquement, aires stationnement des véhicules des commerçants).

10.2 Croissance de l'efficacité technique (capturabilité)

Trois éléments contribuent logiquement à l'accroissement de la capturabilité des unités de pêche, pour les sennes tournantes

1. Changement de taille de la senne, en 1990 sa longueur était de 400 pour une chute de 40 m. Aujourd'hui, certaines sennes atteindraient 1 km de longueur. Doubler la longueur d'une senne multiplie par 4 le volume d'eau encerclé par l'engin, ce qui, toutes égales par ailleurs, renvient à augmenter du même facteur la capturabilité de l'engin de pêche.
2. Taille et capacité des pirogues : on a observé une tendance à l'augmentation de la capacité de charge des pirogues. Dans les années 1990, seules quelques pirogues de la petite Côte dépassaient 20 t de capacité de charge, Aujourd'hui la majorité des pirogues porteuses de poisson atteignent cette capacité, même sur la grande côte où elles étaient habituellement de taille plus réduite que sur la petite côte en raison des conditions de mer plus difficiles.
3. Augmentation de la puissance des moteurs : dans les années 1990 de nombreuses unités utilisaient des moteurs de 25 ch, et les mieux équipées des moteurs de 40 ch. L'emploi de ces derniers s'est généralisé au début des années 2000. Aujourd'hui les unités les mieux équipées utilisent des moteurs de 70 ch.

Pour les unités de FME, il n'est pas mentionné de changements aussi importants de leurs caractéristiques. Sur la base des éléments précédents nous proposons d'appliquer une tendance de capturabilité croissante de 2 % par an pour la senne tournante et de 1 % pour le filet maillant encerclant.

10.3 Prise en compte de l'incertitude environnementale

Pour les petits pélagiques des travaux déjà anciens ont démontré l'influence des conditions environnementales sur l'abondance et donc sur les résultats de la pêche (Cury et Roy, 1989). Au Sénégal le facteur environnemental principal est la variabilité de l'upwelling saisonnier qui atteint son maximum d'intensité de février à mai et son minima en août-septembre (Roy 1991) , L'intensité de l'upwelling présente par ailleurs une forte variabilité interannuelle.

10.4 Existence d'une relation stock-recrutement

On a introduit une relation stock recrutement pour l'espèce principale (sardine ronde) de la forme présentée au paragraphe 2.3 . On a considéré que le seuil à partir duquel le recrutement diminue se situe à 40 % de la biomasse

vierge soit 160 000 t. L'introduction de cette modification conduit à une modification de la relation effort -revenu par comparaison avec celle obtenue dans la simulation de référence (fig.21). Le revenu (ou encore la capture) est maximal lorsque le multiplicateur de capacité de pêche est égal à 2. Par contre, les valeurs du multiplicateur permettant d'atteindre les différents optimums économiques (profit, rente, VAN, revenu du travail) ne sont pas affectées par l'introduction de la relation stock recrutement. On observe cependant que l'équilibre de libre accès, tant en terme de profit que de valeur ajoutée, se situe désormais au delà du maximum de revenu. L'introduction de la relation stock-recrutement conduirait par contre à des résultats très différents de la simulation de référence si des changements importants des paramètres économiques (augmentation des prix et / ou baisse des coûts) conduisent à la possibilité d'une hausse importante de la capacité de pêche. L'effet de seuil lié à la relation stock recrutement est visible dans la relation entre biomasse féconde et multiplicateur pour laquelle une nette rupture de pente apparaît lorsque la valeur du multiplicateur est supérieure à 1 (fig.)

FIGURE 22 : Prise en compte d'une relation stock recrutement sur la sardinelle ronde, réponse des indicateurs économiques actualisés à l'augmentation de la capacité de pêche

Multiplicateur	Revenu total pêcharie	VAN nette de subv.	Profit	Rente	Revenu Etat	Revenu travail
0	0	0	0	0	0	0
0,1	85,04	63,61	26,59	23,7	-2,89	39,89
0,2	148,77	106,14	44,38	38,62	-5,769	67,5
0,3	198,6	134,96	56,43	47,79	-8,637	87,13
0,4	238,7	154,2	64,44	52,94	-11,49	101,2
0,5	271,68	166,44	69,48	55,14	-14,34	111,23
0,6	299,26	173,39	72,25	55,08	-17,18	118,22
0,7	322,64	176,24	73,27	53,26	-20	122,88
0,8	342,69	175,87	72,87	50,06	-22,82	125,7
0,9	360,05	172,9	71,35	45,73	-25,62	127,05
1	375,23	167,84	68,89	40,48	-28,41	127,22
2	460,01	55,03	16,32	-39,43	-55,75	94,18
3	337,01	-234,23	-117,77	-196,69	-78,92	-37,97
4	283,5	-439,65	-215,29	-315,33	-100,04	-124,88

FIGURE 23 : Prise en compte d'une relation stock recrutement sur la sardinelle ronde : optimum économiques actualisés

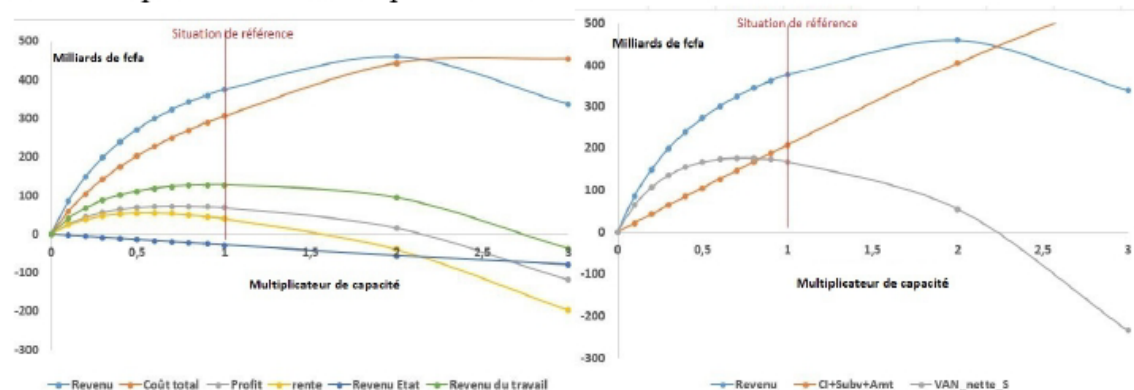
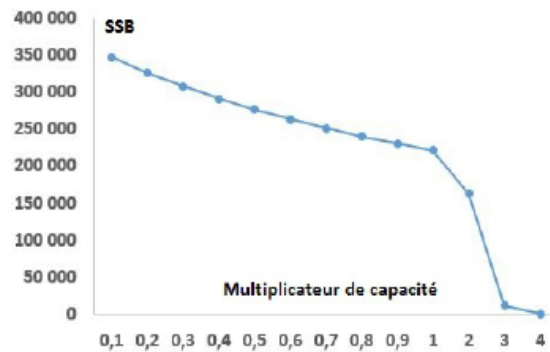


FIGURE 24 : Relation entre SSB et multiplicateur de capacité



Références

- [1] Anderson, L. G. and J.-C. Seijo, 2010. Bioeconomics of fisheries management, Wiley-Blackwell.
- [2] Bene, C. (2003). "When fisheries rhymes with poverty : a first step beyond the old paradigm on poverty in small scale fisheries." *World Development* 31(6) : 949-975.
- [3] Clark, C. W. (2006). The worldwide crisis in fisheries. Economic models and human behavior. Cambridge, Cambridge University Press.
- [4] Clarck, C. W. (1985). Bioeconomic modeling and fisheries management., WILEY interscience.
- [5] Flaaten, O. (2010). Fisheries economics and management. Tromso, Norwegian college of fishery science : 162 pages.
- [6] Chaboud C., 2014. Fisheries economics : In Monaco (A) et Prouzet (P), eds. Value and economy of marines resources. ISTE Ltd and John WILEY and Sons, London and Hoboken : 153-220.
- [7] Roy C., 1991. Les upwellings : le cadre physique des pêcheries côtières ouest-africaines. In : Cury P. et C. Roy (éds), Pêcheries ouest-africaines. Variabilité, instabilité et changement. Orstom Editions, Paris : 38-66.
- [8] Cury P. et C. Roy, 1989. Optimal environmental window and pelagic fish recruitment success in upwelling areas. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 46 : 6870-680.
- [9] Ventana, 2007, Vensim users's guide. Ventana systems, 301 pages.
- [10] Froese R. Leisner K., Demirel N., 2014. Revisiting safe biological limits in fisheries. *Fish and Fisheries*.

Table des figures

1	Croissance et longueur et poids (<i>S. aurita</i>)	3
2	Terme stochastique annuel appliqué au recrutement	6
3	Relation stock-recrutement avec effet stochastique annuel et seuil critique de biomasse	7
4	Paramètres complémentaires de contrôle de la capacité ou de l'effort de pêche	16
5	Paramètres de coûts, subventions et détaxes	17
6	Paramètres généraux de la simulation	18
7	Biomasse totale par espèce (Simulation de référence)	21
8	Distribution des biomasses entre les différences zones sénégalaises (Simulation de référence)	21
9	Flottes actives (Simulation de référence)	22
10	Captures (Simulation de référence)	22
11	Captures par classe de taille	23
12	Revenus annuels cumulés (Simulation de référence)	23
13	Coûts annuels cumulés	24
14	Profit annuel cumulé	24
15	Revenus annuels du travail	25
16	Résultats économiques pêcherie actualisés	26
17	Résultats économiques courants par flotte	27
18	Résultats économique courants de la pêcherie	27
19	Résultats économiques actualisés de la pêcherie	27
20	Simulation de référence, réponse des indicateurs économiques ac- tualisés à l'augmentation de la capacité de pêche	29
21	Simulation de référence : optimum économiques actualisés	29
22	Prise en compte d'une relation stock recrutement sur la sardinelle ronde, réponse des indicateurs économiques actualisés à l'aug- mentation de la capacité de pêche	31
23	Prise en compte d'une relation stock recrutement sur la sardinelle ronde : optimum économiques actualisés	31
24	Relation entre SSB et multiplicateur de capacité	32
25	39

11 Annexes

11.1 Les dimensions du modèle (indices)

Nature	Indice	valeurs
Type de pêche	e	ST, IND, FME
Zones (total)	z	Nordext,GC,PC,G,CAS,Sudext
Zones (Sénégal)	z_{sen}	GC,PC,CAS,CAS
Espèces	i	sr,sp
Cohortes	c	c1,c2...,c492
Années	a	a1,a2,...,a40
Classe de taille	C_{tail}	petit,moyen,gros
Mois de l'année	n_{mois}	mois1,mois2,...,mois12
Zone d'origine des migrations de poisson	ori	Nordext,GC,PC,G,CAS,Sudext
Zone de destination des migrations de poisson	$dest$	Nordext,GC,PC,G,CAS,Sudext

11.2 Les variables du modèle

Variable	Signification	Indices	Unités
N	Effectif d'une cohorte dans une zone	i, c, z	individu
D	Mortalité en nombre	i, c, z	individu
M	Importation dans une zone	i, c, z	individu
X	Exportation à partir d'une zone	i, c, z	individu
Z	Taux de mortalité totale	i, c, z	1/mois
$Mort$	Fonction de mortalité naturelle	i	1/mois
F	Taux de mortalité par pêche	i,c,z	1/mois
Fla	Flottille active	e, z_{sen}	bateau
a	Age d'une cohorte	c	mois
an	Année de simulation (valeur initiale =1)		
$mois$	Mois de l'année (1 à 12)		
FMM	Flux mensuel de migration entre zones	$i, c, ori, dest, n_{mois}$	individu
C	Captures instantanées en poids	i, c, z_{sen}	t
CT	Captures instantanées en poids par espèce	i	t
CTC	Captures annuelles cumulées par espèce	i	t
CF	Captures instantanée par flottille	i, c, e, z_{sen}	t

<i>Ff</i>	Taux de mortalité exercé par flottille	<i>i, c, e, z</i>	1/mois
<i>CFT</i>	Captures totales instantanées par flottille	<i>i, e, z, sen</i>	t
<i>REV</i>	Revenu instantané par flottille	<i>e, z, sen</i>	um
<i>PR</i>	Prix par espèce	<i>i</i>	um/t
<i>FLZ</i>	Flotte par zone	<i>e, z, sen</i>	bateau
<i>PROF</i>	Profit par flottille	<i>e</i>	um
<i>L</i>	Rémunération du travail	<i>e, z, sen</i>	um
<i>PROFC</i>	Profit annuel cumulé par flottille	<i>e</i>	um
<i>tdeb, tfin</i>	Début et fin d'année	<i>a</i>	t
<i>IVT</i>	Investissement (désinvestissement) en fin d'année	<i>a</i>	um
<i>NUP</i>	Entrée ou sorties d'UP en fin d'année	<i>a</i>	um
<i>UP</i>	Nombre d'unités de pêche (capacité de pêche)	<i>e</i>	
<i>ATRZ</i>	Attractivité par zone		
<i>UPZ</i>	Nombre d'unités de pêche (capacité de pêche) par zone	<i>e, z, sen</i>	bateau
<i>Txact</i>	Taux d'activité	<i>e, z, sen</i>	bateau
<i>CFTOT</i>	Coût fixe	<i>e, z, sen</i>	um
<i>CVTOT</i>	Coût variable	<i>e, z, sen</i>	um
<i>DDEB</i>	Coût de débarquement	<i>e, z, sen</i>	um
<i>RENT</i>	Rente économique	<i>e, a</i>	um
<i>SUB</i>	Subventions	<i>e, a</i>	um
<i>R</i>	Recrutement des cohortes réparti par zone	<i>i, c, z</i>	individu
<i>RED</i>	Redevances (taxes)	<i>e, a</i>	um
<i>FACT</i>	Facteur d'actualisation	<i>a</i>	–
<i>RENTACT</i>	Rente actualisée		um
<i>RENTACTF</i>	Tente actaulisée par flottille		um
<i>MRCV</i>	Marge relative sur coût variable	<i>e, z, sen</i>	–
<i>CI</i>	Consommations intermédiaires	<i>e, z, sen</i>	um
<i>VAN</i>	Valeur ajoutée nette	<i>e</i>	um
<i>VAB</i>	Valeur ajoutée brute	<i>e</i>	um
<i>VANC</i>	Valeur ajoutée nette cumulée par an	<i>a</i>	um
<i>VABC</i>	Valeur ajoutée brute cumulée par an	<i>a</i>	um
<i>K</i>	Emploi courant par flottille	<i>e</i>	hommes
<i>KC</i>	Emploi par flottille cumulé par an	<i>a</i>	hommes

<i>Ff</i>	Taux de mortalité exercé par flottille	<i>i, c, e, z</i>	1/mois
<i>AnChoc</i>	Occurrence d'un choc annuel de recrutement (oui=1, non=0)	<i>a, i</i>	
<i>SubMoteur</i>	Subvention moteurs par an, par flottille	<i>e, a</i>	um
<i>SubCF</i>	Subvention (détaxe) mensuelle sur le carburant	<i>e</i>	um
<i>SubCFC</i>	Subvention annuelle sur le carburant	<i>e, a</i>	um
<i>DetaxMot</i>	Montant annuel des exonérations accordées pour les moteurs	<i>e, a</i>	um
<i>DetaxEng</i>	Montant annuel des exonérations accordées pour les engins de pêche	<i>e, a</i>	um
<i>SUB</i>	Montant total annuel des aides	<i>e, a</i>	um
<i>RAET</i>	Revenus annuels nets de l'Etat	<i>e, a</i>	um
<i>REACT</i>	REvenus actualisés de l'Etat		um
<i>BI</i>	Biomasse par espèce	<i>i</i>	t
<i>SSB</i>	Biomasse féconde par espèce	<i>i</i>	t

11.3 Les paramètres du modèle et leur lecture

Paramètre	Signification	Indices	Unité	valeur dans la simulation de référence
<i>ParamR</i>	Recrutement initial d'une cohorte mensuelle de l'espèce <i>i</i> , dans une zone <i>c</i>	<i>i, z, c</i>	individu	
<i>t_r</i>	Date de recrutement de la cohorte <i>c</i>	<i>c</i>	temps	
<i>k</i>	Paramètre de croissance de la fonction de Von Bertalanfy	<i>i</i>	/temps	S. ronde : 0.100833S. plate : 0.040833
<i>t₀</i>			temps	S. ronde : -0, 72 S. plate : -7,08
α	Paramètre de la relation poids-longueur	<i>i</i>		S. ronde : 0.006392 S. plate : 0,0098535
β	Paramètre de la relation poids-longueur	<i>i</i>		S. ronde : 3,274 S. plate : 3,1676
<i>ParamMigr</i>	Taux mensuel d'émigration des zones de départ vers les zones d'arrivée	<i>i, nmois, ori, dest</i>		Annexe
<i>q</i>	Capturabilité	<i>e, i, c</i>		cf annexe *****
<i>txi</i>	Taux d'investissement	<i>e</i>		0.3
<i>txi1</i>	Taux de désinvestissement	<i>e</i>		0.1
<i>parCV</i>	Coût variable	<i>e</i>	um/mois	ST : 3,449 millions FME : 1,171 millions
<i>parLIC</i>	Montant licence de pêche (permis)	<i>e</i>	um/an	ST : 25 000 FME : 25 000
<i>parCF</i>	Coût fixe	<i>e</i>	um/an	372 605 um 324 690 um
<i>parCDEB</i>	Coût de débarquement		um/tonne	1000 um
<i>Ffix</i>	Mortalité par pêche dans les zones extérieures à la ZEE sénégalaise	$z \in \{Nordext, G, Sudext\}$		0.08, 0.08, 0.08
<i>TxActu</i>	Taux d'actualisation			10 %
<i>PR</i>	Prix par espèce	<i>i</i>	um/t	Sr : 130995 Sp : 103670,
<i>ParCiF</i>	Consommations intermédiaires fixes	<i>e</i>	um/mois	ST : FME :
<i>ParCiv</i>	Consommations intermédiaires variables	<i>e</i>	um/mois	ST : 25 FME : 25

<i>Linf</i>	Longueur asymptotique de la fonction de Von Bertalanffy	<i>i</i>	cm	S. ronde : 30,63 S. plate : 30,34
<i>ParFerm</i>	Fermeture des zones à la pêche	<i>z sen</i>		
<i>FinalTime</i>	Temps final de la simulation		mois	
<i>ParEquip</i>	Taille de l'équipage par type de flottille	<i>e</i>	hommes	ST : 20 IND : FME : 10
<i>ParIntChoc</i>	Intensité des chocs de recrutement annuels	<i>i</i>		0,0
<i>ParFreqChoc</i>	Fréquence relative des chocs annuels de recrutement (Compris entre 0 et 1)	<i>a, i</i>		0,0
<i>TxCaptAccess</i>	Taux de capture accessoire en valeur	<i>e</i>		ST : .24 IND : 0 FME : 0.32
<i>TxCroisCapt</i>	Taux annuel de croissance de la puissance de pêche	<i>e</i>		ST : 0. IND : FME : 0
<i>ParCicarbTTC</i>	Consommation mensuelle de carburant TTC	<i>e</i>	um	ST : 3150000 IND : FME : 1013000
<i>ParCicarbHT</i>	Consommation mensuelle de carburant HT	<i>e</i>	um	ST : 3706000 IND : FME : 1191000
<i>ParSubMot</i>	Subvention annuelle sur les moteurs, par unité de pêche	<i>e</i>	um	ST : IND : FME :
<i>ParDetaxMot</i>	Exemption de taxes annuelle sur les moteurs, par unité de pêche	<i>e</i>	um	ST : 415666 IND : FME : 268333
<i>ParDetaxEng</i>	Exemption annuelle de taxes sur les engins de pêche, par unité de pêche	<i>e</i>	um	ST : 360000 IND : FME : 97200

11.4 Les paramètres de migration

FIGURE 25 :

			Destination				
			Next	GC	PC	G	Cas
Origine	Janvier	Next	0	0,7	0	0	0
		GC	0	0	0,1	0	0
		PC	0	0	0	0,1	0
		G	0	0	0	0	0,07
		Cas	0	0	0	0	0
	Février	Next	0	0,3	0	0	0
		GC	0	0	0,05	0	0
		PC	0	0	0	0,1	0
		G	0	0	0	0	0,07
		Cas	0	0	0	0	0
	Mars	Next	0	0	0	0	0
		GC	0	0	0,65	0	0
		PC	0	0	0	0,005	0
		G	0	0	0	0	0,7
		Cas	0	0	0	0	0
	Avril	Next	0	0	0	0	0
		GC	0	0	0,05	0	0
		PC	0	0	0	0,05	0
		G	0	0	0	0	0
		Cas	0	0	0	0	0
Mai	Next	0	0	0	0	0	
	GC	0,4	0	0	0	0	
	PC	0	0,2	0	0	0	
	G	0	0	0,2	0	0	
	Cas	0	0	0	0,2	0	
Juin	Next	0	0	0	0	0	
	GC	0,7	0	0	0	0	
	PC	0	0,2	0	0	0	
	G	0	0	0,5	0	0	
	Cas	0	0	0	0,5	0	
Origine	Juillet	Next	0	0	0	0	0
		GC	0,5	0	0	0	0
		PC	0	0,3	0	0	0
		G	0	0	0,5	0	0
		Cas	0	0	0	0,1	0
	Août	Next	0	0	0	0	0
		GC	0	0	0	0	0
		PC	0	0,1	0	0	0
		G	0	0	0,2	0	0
		Cas	0	0	0	0,1	0
	Septembre	Next	0	0	0	0	0
		GC	0	0	0	0	0
		PC	0	0,1	0	0	0
		G	0	0	0,2	0	0
		Cas	0	0	0	0,1	0
	Octobre	Next	0	0,6	0	0	0
		GC	0	0	0	0	0
		PC	0	0	0	0	0
		G	0	0	0	0	0
		Cas	0	0	0	0	0
Novembre	Next	0	0,6	0	0	0	
	GC	0	0	0,05	0	0	
	PC	0	0	0	0	0	
	G	0	0	0	0	0	
	Cas	0	0	0	0	0	
Décembre	Next	0	0,7	0	0	0	
	GC	0	0	0,1	0	0	
	PC	0	0	0	0,005	0	
	G	0	0	0	0	0,07	
	Cas	0	0	0	0	0	

Extension sous régional des scenario de gestion et gouvernance des Petits Pélagiques: : pré-reflexion phase 2 du projet

Objectifs

L'objectif est de développer un modèle, à partir de la base de celui présenté précédemment, permettant de représenter l'exploitation et la gestion des deux espèces de sardinelles, pour l'ensemble des pays membres de la CSRP partageant cette ressource commune, depuis la Mauritanie à la Guinée-Bissau.

Différentes tâches sont à mener en partenariat avec les institutions compétentes des différents pays de la zone, pour mener cette tâche à bien :

- identifier les attentes nationales en matière de modélisation des pêcheries ;
- caractériser les pêcheries nationales ;
- disposer de données homogènes sur les pêcheries des différents pays ;
- Adapter le modèle au contexte régional et en fonction des attentes des partenaires ;
- Estimer les paramètres du modèle bioéconomique ;
- Produire une simulation de référence de la pêche ;
- Produire des simulations alternatives.

Identifier les attentes nationales

Certains pays de la zone disposent déjà de structures de recherche avec des capacités importantes en matière de suivi des pêches, d'estimation des paramètres biologiques et socio-économiques et d'utilisation de modèle bioéconomiques. D'autres ont plutôt des capacités totalement investies dans la gestion des pêcheries et auront certainement des attentes plus concrètes. IL semble donc important de faire un point initial exposant ce l'on peut attendre d'un tel modèle pour la gestion régionale de la ressource en sardinelles et d'analyser les réactions et atteintes des partenaires à cette proposition. Ces enseignements permettront d'adapter au mieux le modèle proposé au contexte partenarial.

Caractériser pêcheries nationales

Le modèle initial a été développé sur l'exemple de la pêche sénégalaise, tant pour les techniques de pêche utilisées que pour l'organisation économique de la production. Certaines de ces caractéristiques se retrouvent dans les autres pays (notamment en raison des migrations de pêcheurs). Par contre d'autres pays ont des types d'exploitation qui leur sont propres ou utilisent des techniques partagées avec d'autres pays de la zone mais avec des formes d'organisation différentes. Un premier travail préalable sera donc d'identifier et de caractériser, avec les partenaires, les différentes formes d'exploitation devant être prises en compte dans le modèle et leur principales caractéristiques. Cette caractérisation devra porter sur les types de pêches (engins), les embarcations (effectifs classes de taille et de puissance), les filières approvisionnées. Un certain nombre de segments à caractériser sont déjà connus a priori, mais l'information reste à compléter pour certains pays et de toute façon à valider pour l'ensemble des cas.

Tableau 1 Segments de pêche pélagique à caractériser dans les différents pays

Mauritanie
Chalutiers pélagiques
Grands Senneurs industriels
Senneurs semi industriels
Senneurs artisans
....
Sénégal
Chalutiers pélagiques
Senneurs industriels
Senneurs artisans
Filets maillants encerclants artisans
Gambie
Senneurs artisans
Filets maillants encerclants artisans
...
Guinée Bissau
.....

Disposer de données homogènes sur les différents segments de pêche

Avant de développer le modèle régional de l'exploitation des sardinelles, il sera indispensable de disposer d'un jeu de données permettant le paramétrage et le calibrage du modèle

Captures mensuelles par espèce

Captures par pays mensuelles pour les deux espèces, par segment de pêche identifié, dans les eaux nationales et dans les eaux des pays voisins relevant de l'étude. L'idéal serait de pouvoir disposer de séries pluriannuelles.

Captures par classes de taille

Afin de pouvoir réaliser des VPA (voir plus bas), il sera indispensable de disposer d'échantillonnage des captures par taille (réalisés si possible sur une période de trois ans). Ces échantillonnages devraient permettre de répartir les données de captures mensuelles globales par taille puis par âge (en utilisant la relation taille-âge).

Capacité et effort de pêche :

Par pays et pour chaque segment de pêche identifié :

- Effectif annuel autorisé (PI) ou recensé (PA) ;
- Effort de pêche mensuel (unité d'effort : nombre de sorties (PA ou de jours de pêche (PI), par mois.

Coûts fixes et variables par unité de pêche

Par pays et pour chaque segment de pêche retenu : identifier les coûts variables (c'est-à-dire liés à la sortie de pêche) et les coûts fixes (indépendant du niveau d'activité). Ces coûts devront ensuite être estimés et rapportés au mois.

Prix au débarquement

Par pays et segment de pêche identifié : estimer le prix moyen au débarquement par espèces par grand type de débouché (à préciser). Il est possible d'envisager, si les données le permettent d'estimer une relation quantités -prix au débarquement (ce qui n'est pas le cas dans le modèle actuel).

Outils de gestion

Par pays, faire le point sur les réglementations déjà mises en place et s'appliquant à la pêche des sardinelles. Identifier aussi les évolutions prévues ou souhaitées de ces réglementations.

Adaptation du modèle au contexte régional en fonction des attentes des partenaires

Un certain nombre de tâches (non prévues dans la présente consultation) sont à réaliser pour adapter le modèle. IL faut cependant veiller à ne pas rendre le modèle trop complexe, ce qui nuirait à la lisibilité de ses résultats. Il faut trouver un compromis entre réalisme et parcimonie.

- intégrer les segments de pêche identifiés au niveau des différents pays ;
- introduire une strate spatiale « pays » ;
- développer une interface conviviale pour permettre une appropriation du modèle par des non modélisateurs ;
- ...

Un certain nombre de points restent à ce stade en suspens et seront à préciser avec les partenaires.

- Faut-il modéliser les migrations de pêcheur ? C'est le cas dans l'actuel modèle, il faut voir si cette question est centrale dans celles auxquelles le modèle entendra répondre. Ce choix aura des conséquences sur la complexité du modèle.
- Faut-il intégrer la possibilité pour un pays d'accueillir une partie des UP de pêche des pays voisins (question un peu différente de celle des migrations). Ce point est important si l'on désire modéliser les impacts des accords de pêche sous -régionaux.

Estimer les paramètres du modèle

Sur la base des jeux de données précisés plu haut, il s'agira d'estimer les paramètres biologiques et économiques du modèle. La majorité est simple à estimer (si les données sont disponibles). Le paramétrage le plus délicat (et très important par

ailleurs) concerne l'estimation du recrutement saisonnier (solution idéale : par mois, sinon par trimestre) par espèce. Comme dans le cas du modèle « Sénégal » présenté précédemment, il s'agira d'utiliser une VPA basée sur des captures en effectif par classes de taille. Un autre paramétrage « délicat » est celui de la capturabilité par âge qui est basée sur des données de capture en nombre et par classe d'âge.

Produire une simulation de référence

Une fois les différents travaux précédents réalisés, on peut produire une simulation de référence censée représenter la dynamique de la pêcherie sur la base des paramètres estimés. Il s'agit par comparaison des sorties du modèle et de la « réalité terrain » de valider le modèle et ses paramètres. Il est probable que les résultats des premiers essais de simulation conduisent à affiner les paramètres du modèle, voire à modifier le modèle.

Produire des simulations alternatives

Ces simulations consistent à produire de nouvelles simulations pour répondre à l'ensemble des questions jugées pertinentes en matière de gestion, de réponse de la pêcherie à des changements des environnements économique et/ou naturel. Certaines questions nouvelles peuvent amener à développer de nouvelles composantes dans le modèle.