

**INTER-AMERICAN TROPICAL TUNA COMMISSION
COMISION INTERAMERICANA DEL ATUN TROPICAL**

Bulletin—Boletín
Vol. 21, No. 8
(Completing the Volume
(Completando el Volumen))

**CATCH PER UNIT OF EFFORT OF BIGEYE TUNA: A NEW ANALYSIS
WITH REGRESSION TREES AND SIMULATED ANNEALING**

**CAPTURA DE ATUN PATUDO POR UNIDAD DE ESFUERZO: UN NUEVO ANALISIS
CON ARBOLES DE REGRESION Y TEMPLADO SIMULADO**

by—por
George Watters and—y Richard Deriso

La Jolla, California

2000

CONTENTS—INDICE

ENGLISH VERSION—VERSION EN INGLES

	Page
ABSTRACT	531
INTRODUCTION	531
METHODS	532
Data	532
Fitting a regression tree to CPUE data	532
Using the tree to estimate indices of abundance	534
Quantifying uncertainty in the abundance indices	535
Using the tree to estimate relative catchability	536
Further spatial stratification	537
RESULTS	538
A tree for bigeye CPUE	538
Regional indices of abundance	539
Deep versus regular longlines	539
Simulated annealing	539
DISCUSSION	540
The high-resolution index of bigeye abundance	540
The EPO index: comparing tree-based indices to GLM- and EHM-based indices	541
Catchability of bigeye tuna with deep longlines	542
Other notes on regression trees	543
Spatial strata for future sampling programs	544
ACKNOWLEDGEMENTS	545
<hr/>	
FIGURES—FIGURAS	546
<hr/>	
TABLE—TABLA	552
<hr/>	

CONTENTS—INDICE

VERSION EN ESPAÑOL—SPANISH VERSION

	Página
RESUMEN553
INTRODUCCION553
METODOS554
Datos554
Ajuste del árbol de regresión a datos de CPUE555
Uso del árbol para estimar índices de abundancia556
Cuantificación de la incertidumbre en los índices de abundancia557
Uso del árbol para estimar capturabilidad relativa558
Otrs estratificaciones espaciales559
RESULTADOS561
Un árbol para CPUE de patudo561
Índices regionales de abundancia562
Palangres profundos y regulares562
Templado simulado562
DISCUSION562
Índice de alta resolución de patudo562
Índice del OPO: comparación de índices basados en árboles con índices basados en MLG y MHA564
Capturabilidad de atún patudo con palangres profundos565
Otros comentarios sobre los árboles de regresión566
Estratos espaciales para programas de muestreo futuros567
RECONOCIMIENTOS568
<hr/>	
LITERATURE CITED—BIBLIOGRAFIA CITADA569

CATCHES PER UNIT OF EFFORT OF BIGEYE TUNA: A NEW ANALYSIS WITH REGRESSION TREES AND SIMULATED ANNEALING

by

George Watters and Richard Deriso

ABSTRACT

We analyzed catches per unit of effort (CPUE) from the Japanese longline fishery for bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the central and eastern Pacific Ocean (EPO) with regression tree methods. Regression trees have not previously been used to estimate time series of abundance indices from CPUE data. The “optimally sized” tree had 139 parameters; year, month, latitude, and longitude interacted to affect bigeye CPUE. The trend in tree-based abundance indices for the EPO was similar to trends estimated from a generalized linear model and from an empirical model that combines oceanographic data with information on the distribution of fish relative to environmental conditions. The regression tree was more parsimonious and would be easier to implement than the other two models, but the tree provided no information about the mechanisms that caused bigeye CPUEs to vary in time and space. Bigeye CPUEs increased sharply during the mid-1980’s and were more variable at the northern and southern edges of the fishing grounds. Both of these results can be explained by changes in actual abundance and changes in catchability. Results from a regression tree that was fitted to a subset of the data indicated that, in the EPO, bigeye are about equally catchable with regular and deep longlines. This is not consistent with observations that bigeye are more abundant at depth and indicates that classification by gear type (regular or deep longline) may not provide a good measure of capture depth. A simulated annealing algorithm was used to summarize the tree-based results by partitioning the fishing grounds into regions where trends in bigeye CPUE were similar. Simulated annealing can be useful for designing spatial strata in future sampling programs.

Key words: BIGEYE TUNA, CATCHABILITY, CPUE, LONGLINE FISHERY, PACIFIC OCEAN, REGRESSION TREES, SIMULATED ANNEALING, *THUNNUS OBESUS*

INTRODUCTION

If fishing mortality is proportional to fishing effort, catch per unit of effort (CPUE) can be an index of the average abundance, over the fishing period, of a fish stock (Quinn and Deriso 1998). This relationship is important because it provides a potential means of tracking changes in abundance with data that can be collected from the fishery. In practice, however, it is often difficult to relate CPUE to abundance because many variables (*e.g.* oceanographic conditions, fish behavior, fishermen’s behavior, and configurations of fishing gear) can interact in time and space to affect the proportionality constant (catchability or q) that relates fishing mortality to fishing effort. This difficulty can be addressed with a variety of statistical tools that allow one to “standardize” CPUE by accounting and adjusting for variation in catchability.

The generalized linear model (GLM) is the most widely applied tool for standardizing CPUE data. Gavaris (1980) published one of the first papers on using the GLM to develop indices of fish abundance. Using the GLM, indices of abundance are directly estimated as the “time effects” (parameters for year,

month, *etc.*) from the fitted model. Examples of GLMs, applied to tuna CPUEs from the eastern Pacific Ocean (EPO; the area east of 150°W), include studies by Allen and Punsly (1984), Punsly (1987), and Punsly and Nakano (1992).

When CPUE data sets are large (containing many observations of CPUE and many measurements of the variables that affect catchability), it can be difficult to develop indices of abundance with the GLM. With large data sets, interactions among the variables that affect catchability are often statistically significant. If these interactions are time-dependent, then the estimated time effects from a GLM cannot be directly interpreted as indices of abundance. On a practical note, sorting through an array of first, second, and even higher order interactions can be difficult in GLM analyses.

In contrast to GLMs, regression trees (Breiman *et al.* 1984) are ideally suited to detecting and extracting important and complex interactions from CPUE data. We assert that it is often easier to consider interactions with regression trees than with GLMs. Norcross *et al.* (1997) used regression trees to study habitat preferences of juvenile flatfish, but we are not aware of any study in which trees were used to develop time series of abundance indices from commercial fishery CPUEs.

This paper has two objectives. One objective is to illustrate how regression trees can be used to estimate indices of abundance from CPUE data. The other objective is to study various patterns in the CPUEs of bigeye tuna (*Thunnus obesus*). We show that regression trees are useful for modeling the ways in which time and space interacted to cause variation in bigeye CPUE. We describe how the results of modeling such complex interactions can be averaged to provide regional indices of bigeye abundance. These regional indices have a temporal trend that is similar to trends provided by the GLM approach. The tree-based trend is also similar to results from an application, by Hampton *et al.* (1998), of the standardization method developed by Hinton and Nakano (1996). Hinton and Nakano (1996) developed an empirical method of standardizing CPUE that combines information about a species' physiological, ecological, or behavioral constraints with maps of local environmental conditions. We will refer to the Hinton and Nakano (1996) approach as the "environmental habitat model" (EHM) throughout the remainder of this paper.

In this paper, we also provide an illustration of how regression trees can be used to estimate the relative fishing powers of different fishing gears. We make this illustration by studying how longline configuration affected bigeye CPUEs. Finally, we apply a second technique, simulated annealing (Press *et al.* 1986), to results from a regression tree and partition the EPO into regions of space with similar temporal trends in bigeye CPUE.

METHODS

Data

CPUE data from the Japanese longline fishery for bigeye tuna in the central Pacific Ocean and the EPO were used for the analysis. The data cover the period January 1963 through December 1992 and the area inside a rectangle bounded by 180°W, 30°S, 80°W, and 35°N. Monthly CPUEs (in numbers of fish per 10,000 hooks) were calculated as total catch divided by total effort within 5° latitude by 10° longitude quadrangles (there were 80 such quadrangles in the data set). Year, month, latitude (center of quadrangle), and longitude (center of quadrangle) were used as predictor variables; CPUE was the response variable.

Fitting a regression tree to CPUE data

We fitted regression trees to the bigeye data using the RPART library of functions for S-Plus (Therneau and Atkinson 1997). The RPART library implements many of the concepts developed by

Breiman *et al.* (1984). We summarize the basics of fitting a tree model in the following paragraphs. Readers interested in additional detail are referred to Breiman *et al.* (1984), Therneau and Atkinson (1997), and Venables and Ripley (1998). Finally, we note that regression trees can also be fitted to CPUE data with the tree-based functions that are standard components of S-Plus (MathSoft, Inc. 1997); these functions are comparable to those contained in the RPART library.

The basic procedure for fitting a regression tree is as follows:

1. consider all of the predictor variables and find the single predictor that best splits the response into two subgroups (“best” will be defined later);
2. separate the data into these two subgroups;
3. repeat Step 1 for each subgroup;
4. continue to find splits and separate subgroups until no improvement can be made (“improvement” will also be defined later); and
5. determine whether a tree with fewer subgroups is as good as the tree developed at the end of Step 4 (this process is also described later).

Steps 1-4 constitute the tree-growing phase; Step 5 is the tree-pruning phase. Because all of the predictors are screened as candidates for splitting each subgroup, the pruned tree naturally incorporates interactions between the predictor variables. Split-points are called “nodes.”

When a continuous response like CPUE is modeled, a sum of squares (*SS*) statistic is used to find the “best” split. The statistic is

$$SS_T - (SS_L + SS_R), \quad (1)$$

where

$$SS_T = \sum_{i=1}^{n_T} (y_{T,i} - \bar{y}_T)^2 \quad (2)$$

for observations of CPUE ($y_{T,i}$) contained in parent node T . The mean CPUE at node T is \bar{y}_T . The number of observations at node T is n_T , and SS_L and SS_R are, respectively, the sums of squares for the left and right children of parent T . Expression (1) chooses splits that maximize the sum of squares between the left and right children. When determining whether to split a node, this statistic is computed across the levels of all the predictor variables. These computations occur during Steps 1-3 of the tree-growing phase.

Tree growth is stopped (Step 4) on a node-by-node basis. Growth at a node ceases when an additional split would not improve the overall fit of the tree beyond an arbitrary threshold. This threshold is called the complexity parameter (cp). This parameter has a direct interpretation: if splitting a node does not increase the overall R^2 of the tree model by at least cp , then that node is not split. The coefficient of determination (R^2) has the usual definition of $1 - (\text{error } SS / \text{total } SS)$. When growth is stopped at a node, that node is called a terminal node. The value of cp is inversely related to the number of terminal nodes in a tree; when cp is small, the tree will have a large number of terminal nodes. During the growth phase, a large and overparameterized tree is deliberately fitted by setting cp to a small value. The number of splits in a tree (number of terminal nodes $- 1$) is the number of parameters in the model.

Pruning a fully-grown tree (Step 5) is necessary because marginal improvement in the overall fit of the tree decreases as the number of terminal nodes increases. Thus, pruning is an attempt to find a parsimonious model. Fully-grown trees can be pruned with 10-fold cross-validation. During this cross-validation, the data are randomly assigned to ten separate groups. For a single value of cp , trees are grown on a pseudo data set composed of nine data groups, and the overall R^2 is calculated from predictions of the tenth group. This procedure is repeated ten times (each of the ten groups is held out as the validation sample) for many values of cp . This cross-validation procedure provides an estimate of the expected value and standard error of the overall R^2 for each value of cp (number of nodes). The expected value of the cross-validated $1 - R^2$ ("xerror") first decreases and eventually increases as the number of nodes is increased (cp is decreased). Note that the cross-validated estimate of $1 - R^2$ is generally larger than the apparent $1 - R^2$ from any given tree; this is because xerror is estimated from the validation sample. The one-standard-error ("1-SE") rule (Breiman *et al.* 1984) can be used to find a parsimonious model from the cross-validation results. According to the 1-SE rule, an appropriate parameterization is obtained from the largest value of cp with an xerror that is within one standard error of the minimum xerror. This rule is easy to visualize graphically (see the Results). The result of applying the 1-SE rule is a pruned tree that can explain nearly as much variation in the response variable as the fully-grown tree, but with fewer parameters.

The method that we used for tree pruning is akin to model selection procedures that use Akaike's information criterion (Akaike 1974). A regression tree can be pruned by minimizing the criterion

$$G_{cp}(S) \equiv G(S) + cp[S \cdot G(S_0)],$$

where $G(S)$ is a measure of goodness of fit (or deviance) for a tree with S number of splits, cp is the previously described complexity parameter, and S_0 is a tree with no splits. In our application, the goodness of fit statistic is $1 - R^2$. From the equation above, one can view cp as a way to penalize the goodness of fit statistic as a function of tree size. Akaike's information criterion also penalizes goodness of fit as a function of the number of parameters in the model. Note that $G_{cp}(S)$ can be small over a wide range of S ; under these conditions, the 1-SE rule can be used to select an appropriately sized tree.

Using the tree to estimate indices of abundance

The pruned tree predicts a time series of abundance indices. Each terminal node contains multiple observations of CPUE, and the mean of these observations is the expected value of CPUE conditioned on the levels of the predictor variables. We interpret this mean as an area- and time-specific index of abundance (u). (Recall that year, month, latitude, and longitude were used as predictor variables in our analysis.)

$$\hat{u}_{j,k,v} = \bar{y}_T = \frac{\sum_{i=1}^{n_T} y_i}{n_T} \quad (3)$$

for $\{j, k, v\} \in T$, where j, k , and v respectively index year, month, and area (a latitude and longitude pair). Averaging these month-specific indices provides an annual index of abundance for each area.

$$\bar{\hat{u}}_{j,v} = \frac{\sum_{k=1}^{12} \hat{u}_{j,k,v}}{12} . \quad (4)$$

Equation (4) averages across all terminal nodes (there can be 1 to 12 of these nodes) that contain observations in year j and area v . Finally, these annual indices can be averaged across areas to provide an annual index of abundance for larger regions of space.

$$\bar{\hat{u}}_j = \frac{\sum_{v=1}^V w_v \hat{u}_{j,v}}{\sum_{v=1}^V w_v}, \quad (5)$$

where V is the total number of areas in the region of interest and w_v is the spatial coverage (km^2) of each area within that region. We estimated regional indices of abundance for bigeye tuna in the EPO from equation (5).

Note that equation (3) can be used to predict an index of abundance for areas and times in which there was no fishing effort. Such predictions are made by descending the pruned tree into the terminal node that contains these areas and times. We did not make these predictions for areas in which fishing effort was never recorded, but we did make them for areas in which there were gaps in the 360-month time series defined by the bigeye data set. Thus, we predicted a complete time series for all areas that had been fished by the Japanese longline fleet.

Quantifying uncertainty in the abundance indices

We estimated the variance of each regional abundance index with a bootstrapping procedure. It is important to note that variation in observed CPUEs is not the only source of error in the regional abundance index. The abundance indices from equations (3)-(5) are also conditionally dependent on the binary decision rules defined by the splits of the fitted tree, and different trees can predict different abundance indices. Thus, our resampling scheme involves fitting numerous trees to characterize uncertainty in estimating the decision rules.

Our model-based bootstrapping scheme had five steps.

1. Create a set of pseudo-predictors (\mathbf{x}^*) that is the same as the original set of predictors (\mathbf{x}).

$$\mathbf{x}^* = \mathbf{x}.$$

2. Sample individual residuals (e) from the original, pruned tree with replacement and create a set of random errors (\mathbf{e}^*).

$$e_{T,i} = y_{T,i} - \hat{u}_{j,k,v}$$

for $\{j, k, v\} \in T$, and

$$\mathbf{e}^* = \{e_z\}.$$

The set of random errors has the same length as the set of pseudo-observations; z is a random integer uniformly distributed on $[1, \Sigma n_T]$.

3. Create pseudo-observations by adding the random errors to predicted values from the original tree.

$$y_i^* = \hat{u}_{j,k,v} + e_i^*$$

4. Using the pseudo-predictors, grow (by partitioning sums of squares according to expression (1)) and prune (by cross-validation and application of the 1-SE rule) a tree on the pseudo-observations and estimate regional abundance indices from this tree.
5. Repeat Steps 2-4 many times and save the estimates from each trial (we conducted 501 trials).

Following methods described in Efron (1982), standard errors and confidence intervals (bias-corrected percentile method) were calculated from the set of bootstrapped abundance indices retained at the end of Step 5.

Our resampling plan requires the assumption that the error variance is homoscedastic across the space of the predictor variables. We made a quick check of this assumption by squaring the residuals from the original, pruned tree and fitting another tree to these squared residuals. These squared residuals were viewed as point estimates of the error variance. If a tree could not be grown on the squared residuals or if pruning resulted in a tree with zero splits, then it seemed reasonable to assume that the error variance was homoscedastic. If a tree was grown and pruned on the squared residuals from the original model, the bootstrapping scheme was modified so that the resample of residuals was stratified by terminal node of the original, pruned tree.

As a point of clarification, note that we used both bootstrapping and cross-validation in our analyses. Bootstrapping was used to quantify uncertainties in regional abundance indices (indices that were means across the terminal nodes of the initial fit). Cross-validation was used to identify appropriately sized trees during the pruning phases of the initial fit and the 501 bootstrap trials. Technically, since bootstrapping and cross-validation are both resampling schemes, it would be possible to switch the roles of bootstrapping and cross-validation in our analyses. It would also be possible to use bootstrapping or cross-validation exclusively. Breiman *et al.* (1984) suggest that cross-validation is more appropriate than bootstrapping for pruning regression trees, but other work on classification trees (trees that predict categorical responses) (*e.g.* Crawford 1989; Evans *et al.* 1991) suggests that various bootstrapping schemes may be suitable for tree pruning. We are not aware of any work to determine whether bootstrapping or cross-validation is more appropriate to estimate variances for means across the terminal nodes of a regression tree.

Using the tree to estimate relative catchability

The area- and time-specific indices of abundance from equation (3) can be used to estimate the power of one type of fishing gear relative to the power of another type. For two types of fishing gear ($g = 1$ and $g = 2$), relative catchability is estimated by dividing one area- and time-specific index of abundance into the second.

$$\hat{q}_{j,k,v} = \frac{\hat{u}_{g=1,j,k,v}}{\hat{u}_{g=2,j,k,v}} \quad (6)$$

If desired, this high-resolution estimate of relative catchability can be averaged over months and areas to provide annual and regional estimates of q (see equations (4) and (5) for examples of annual and regional averaging). The previously described bootstrapping scheme can also be used to quantify uncertainty in and provide bias corrections for estimates of relative catchability. This can be done by modifying Step 4 of the bootstrapping scheme to include estimation of q during each bootstrap trial.

We used a subset of the data to estimate the relative catchability of bigeye tuna by "deep" longline gear. Suzuki *et al.* (1977) defined "regular" longlines as having 4-6 branch lines between floats (< 7 hooks per basket); longlines with more than 10 branch lines between floats (> 10 hooks per basket) were defined as deep longlines. We calculated CPUE (catch in numbers per 10,000 hooks) for bigeye tuna in 5° latitude by 5° longitude quadrangles in the EPO for each month during January 1975 through

December 1985, and used hooks per basket (HPB) as a fifth predictor variable in a regression tree. Each observation of CPUE was categorized as being from a regular or deep longline, according to the definitions of Suzuki *et al.* (1977). Observations of CPUE from longlines with 7-9 HPB were not included in the analysis. During January 1975 through December 1985, the Japanese longline fleet reduced its use of regular longlines in favor of deep longlines, particularly in low latitudes (Miyabe and Bayliff 1987; Nakano and Bayliff 1992). Of the data available to study CPUE from the Japanese longline fleet, HPB is considered the best proxy for fishing depth (Suzuki *et al.* 1977; Punsly and Nakano 1992).

Further spatial stratification

We used a simulated annealing algorithm to illustrate how area-specific time series of tree-based abundance indices may identify regions with similar temporal trends in bigeye abundance. For this application, simulated annealing is a method of randomly searching through latitude and longitude space to find a time-independent partitioning of the area east of 180° W. Note that this is desirable because, in practice, the complex interactions defined by a tree make it impossible to develop a time-independent partitioning of space. A general description of simulated annealing can be found in Press *et al.* (1986).

We found an arrangement of the 80 5° by 10° quadrangles in the bigeye data that maximized the within-region “connectivity” of member quadrangles. Connectivity was measured from the pruned tree. Connectivity (r) was defined as the fraction of time, from the 360 months during January 1963 to December 1992, during which month-specific abundance indices between two quadrangles a and b were equal.

$$r_{a,b} = \left(\sum_{j=1963}^{1992} \sum_{k=1}^{12} I_{a,b} \right) / 360, \quad (7)$$

where

$$I_{a,b} = \begin{cases} 1 & \text{if } \hat{u}_{j,k,a} = \hat{u}_{j,k,b} \text{ for } a \neq b; \\ 0 & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (8)$$

The annealing algorithm had seven steps.

1. Randomly assign all 5° by 10° quadrangles among a given number of larger regions (the number of regions was fixed for a given optimization problem) and calculate the initial value of the objective function (this function is defined below).
2. Randomly select a single quadrangle, and randomly select a region other than the region containing the selected quadrangle.
3. If at least one member of the selected region is a neighbor to the selected quadrangle, temporarily reassign the selected quadrangle to the selected region and calculate a new value for the objective function.
4. Using the Metropolis algorithm (described below), compare the new and old objective function values.
5. If the Metropolis algorithm “accepts” the regional reassignment, update the regional definitions.
6. Reduce the “temperature” (a constant, t) of the Metropolis algorithm after each successful update.

7. Continue from Step 1 until the Metropolis algorithm fails to accept new regional reassignments.

The objective function for annealing was

$$p = \exp\left(\frac{E_{new} - E_{old}}{t}\right), \quad (9)$$

where

$$E = \frac{\sum_{d=1}^{80} C_d}{80}, \quad (10)$$

and

$$C_d = \frac{\sum_{a,b \in \text{selected region}} r_{a,b}}{\text{number of quadrangles in selected region}}. \quad (11)$$

The Metropolis algorithm was processed in three steps.

1. Select a random number U from a uniform distribution on $[0,1]$.
2. Accept a regional update if $p > U$.
3. Lower t by 0.1% for each acceptance (initial value of $t = 0.1$).

Our annealing algorithm was designed to determine the boundaries between a given number of regions (*i.e.* we maximized p for a given number of regions); our algorithm was not designed to find the optimal number of regions. Therefore, we used an *ad hoc* method of determining the appropriate number of regions to describe connectivity in the area-specific time series of tree-based abundance indices. We determined the appropriate number of regions by estimating the marginal increase in E for various numbers of regions. When there was a single region, $E = 0.22$. The marginal increase in E decreased toward an asymptote as the number of regions was increased, and we considered the appropriate number of regions to be that number of regions where the marginal increase in $E = 0.1 \cdot E_{\text{single region}}$ (marginal increase in $E = 0.02$). This selection criterion is arbitrary, and other criteria could be applied to the results from our annealing algorithm.

RESULTS

A tree for bigeye CPUE

The results of fitting a regression tree to the bigeye data are illustrated in Figure 1. The topology of a fully-grown tree is displayed in Panel A; this tree had 635 binary splits. The process of pruning the fully-grown tree via cross-validation and applying the 1-SE rule is illustrated in Panel B. The topology of the pruned tree is displayed in Panel C; the pruned tree had 139 splits and the cross-validated estimate of R^2 was approximately 31%. Note that the pruned tree had the same basic topology as the fully-grown tree. Pruning removes only the lower branches of a regression tree, and pruned trees are models nested within fully-grown trees. The trees in Panels A and C are drawn so that branch lengths are proportional to the amount of variation explained by each split. There was not enough space to label the tree in Panel C, but the three splits with the longest branches were on year, longitude, and latitude. These three splits explained, respectively, about 4.5%, 3.1%, and 3.1% of the total variation in bigeye CPUE.

A “snip” from the pruned tree is displayed in Panel D of Figure 1. This snip illustrates how one reads the tree. Each split is a Boolean test of one of the predictor variables. A true result sends the observation down the left branch of a split, and a false result sends the observation down the right branch. From the snip, one can see that the expected CPUE in January 1963 at 15°S, 100°W was 108.7 bigeye tuna per 10,000 hooks. The snip also shows that all four predictor variables were useful for explaining variation in bigeye CPUE. Note that the two left-most nodes and the right-most node in Panel D are not terminal nodes (the rest of the tree was snipped away).

The interacting effects of time and area on bigeye abundance were visualized by plotting the 360-month time series of area-specific abundance indices from equation (3) in each of the 80 5° by 10° quadrangles that was fished by the Japanese longline fleet (Figure 2). In general, seasonal variability in the abundance index was amplified north of about 20° N and south of about 20° S. This result was apparent from the increased high-frequency variation in CPUE at these latitudes. Many of the time series also featured an abundance index that was relatively high in 1963 and declined to lower levels during the following 3 to 5 years. A third prominent feature in the time series was the presence of an upwards spike in CPUE during the mid-1980's. This spike was strongest near the coast and decreased in amplitude farther to the west.

Most of the large residuals from the pruned tree were positive (Figure 3). We define a large residual as a residual that appears to be outside the main band of points centered on zero. Plotting residuals from the pruned tree was useful for indicating where (in time and space) the pruned tree did not fit the CPUE data. Most of the large residuals occurred at the eastern edge of the fishing grounds, off the coasts of Colombia and Ecuador (Figure 3). Despite this spatially localized lack of fit, a separate regression tree fitted to the squared residuals did not indicate that the errors were heteroscedastic.

Regional indices of abundance

The time series of regional abundance indices for the EPO (from equation (5)) contained features that were present in the higher resolution time series discussed previously (Figure 4). The EPO index of abundance declined from a high level in 1963 and increased sharply in the mid-1980's (Figure 4). Bootstrap confidence intervals for the EPO abundance indices were narrow (Figure 4), indicating that the initial decline and the mid-1980's spike in bigeye CPUEs were genuine.

Deep versus regular longlines

Hooks per basket was not useful for describing variation in bigeye CPUE during most of the period from January 1975 through December 1985 (Figure 5). Hooks per basket was an important source of variation in CPUE only during June, July, and December 1977, south of 20°N between 125°W and 140°W (Figure 5). During these months, and in this location, bigeye tuna were about three times as catchable with deep longlines as with regular longlines (compare mean CPUEs of 58.0 and 170.0 at the seventh and eighth terminal nodes of the tree plotted in Figure 5).

Simulated annealing

After estimating between-quadrangle connectivities from the results plotted in Figure 2, annealing the space with various numbers of regions, and applying our *ad hoc* stopping rule, we broke the space defined by the example data into nine regions (Figure 6). The regions in Figure 6 define groups of 5° by 10° quadrangles whose tree-based time series of monthly abundance indices are “connected.” There was both longitudinal and latitudinal banding in the connectivity measure. Longitudinally, the most obvious difference was between the time series on either side of 150° W. To the east of this line, there was usually an upwards spike in the index of abundance during the mid-1980's; this spike was reduced or absent west of 150° W (Figure 2). The latitudinal banding seemed to result from latitudinal

differences in the amplitude of high-frequency, seasonal trends in the abundance index. Recall that the seasonal signal was increased north of 20° N and south of 20° S (Figure 2).

DISCUSSION

The high-resolution index of bigeye abundance

During the mid-1980's, there was a sharp increase in the bigeye abundance index over much of the fishing grounds (Figure 2). This upward spike is noteworthy because, in the EPO, yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) CPUEs in both the purse-seine (IATTC 1998) and the longline (Punsly and Nakano 1992) fisheries also increased sharply during the mid-1980s. These near simultaneous increases in abundance indices estimated for two species (yellowfin and bigeye) from two fishing fleets (purse-seine and longline) suggest that a single large-scale phenomenon acted to increase either recruitment or catchability of both species during the mid-1980's. We note that there was a strong El Niño event during 1982/83, but, currently, we cannot say whether this event caused all three abundance indices to spike 2 to 3 years later.

For yellowfin, cohort analyses indicate that increased CPUEs in the mid-1980's were partly related to actual increases in year class strength (IATTC 1998). Although there is considerable uncertainty around the stock assessment for bigeye tuna (IATTC 1998), it is possible that the spiked CPUEs plotted in Figure 2 were also caused by a recruitment pulse. Such an interpretation would make the patterns for yellowfin and bigeye consistent with each other, but there is an important difference between these two species. After the mid-1980's, increased levels of recruitment have been sustained for yellowfin; this has not necessarily been the case for bigeye (IATTC 1998).

It is, of course, possible that the bigeye abundance index spiked because these fish became temporarily more catchable with longline gear. If so, we suspect that an important predictor variable was left out of our regression tree. This seems possible given that the pruned tree explained only about 31% of the variation in bigeye CPUE. Note, however, that tuna CPUEs are generally highly variable, and, throughout the world, models that we are familiar with have R^2 values between about 10% and 60%. Despite apparently low R^2 values, the large sample sizes involved in analyses of tuna CPUEs often result in precise indices of abundance. We do not know what variable(s) should be included in the regression tree to explain more of the variation in bigeye CPUE. Fishing depth is generally considered to have an effect on the catchability of bigeye, but we did not find HPB to be a useful predictor variable. (See further discussion under the topic of deep versus regular longlining.)

As a side note, it is worthwhile to recognize that large samples act to decrease estimates of standard error and tighten confidence bands around abundance indices. This is important because even when R^2 values are relatively low it is possible to detect statistically significant changes in an abundance index. Under such conditions it is important to recognize that one should look for biologically important, rather than statistically significant, changes in the abundance index. We believe that the spiked bigeye abundance index during the mid-1980's is of sufficient magnitude to be considered biologically significant. We also make the same assertion for the following two points.

There are two other major features in the monthly time series of bigeye abundance indices (Figure 2). The initial decline in CPUE observed in most time series may have resulted from the general, west-to-east expansion of the Japanese longline fishery. The spatial expansion of the fishery was described in detail by Miyabe and Bayliff (1987) and Nakano and Bayliff (1992). These authors observed that, prior to 1962, less than 20% of the hooks set by Japanese longliners fishing in the Pacific Ocean were set in the EPO. After 1962, the percentage of hooks set in the EPO increased steadily and became about 50% of the total effort in the Pacific during 1987.

The other feature illustrated in Figure 2 is seasonal variation in the bigeye abundance index at the northern and southern edges of the fishing grounds. Miyabe and Bayliff (1987) and Nakano and Bayliff (1992) also recognized this seasonal cycle. Seasonal variation in the bigeye abundance index may be caused by changes in catchability and by latitudinal expansions and contractions of the distribution of bigeye tuna in the central and eastern Pacific Ocean. Both of these mechanisms are consistent with the views of Fonteneau (1998). Fonteneau noted that the northern and southern edges of the fishing grounds are feeding areas, and that bigeye regularly move in and out of these areas. Feeding may cause seasonal variation in catchability, and movement may cause the distribution of bigeye to expand and contract.

Many large, positive residuals occurred on the eastern edge of the fishing grounds, off the coasts of Colombia and Ecuador (Figure 3). We cannot explain this spatially localized lack of fit, but we note that Miyabe and Bayliff (1998) also found unexpectedly high CPUEs in this area.

The EPO index: comparing tree-based indices to GLM- and EHM-based indices

The tree-based index of bigeye abundance in the EPO (from equation (5)) had a similar trend to a GLM-based index presented by Tomlinson (1998) (Figure 7). Despite this similarity, the GLM-based index estimated marginally higher abundances during 1975-1980 than the tree-based index. We cannot fully explain this disagreement. Our tree-based trend does not include an HPB effect, while the GLM-based index does include such an effect. However, we do not think that including an HPB effect in the tree-based index would significantly increase the similarity between the two time series. Given the regression tree plotted in Figure 5, including an HPB effect in the tree-based index would change the comparison only during 1977.

The pruned tree illustrated in Panel C of Figure 1 describes how area and time interact to affect bigeye CPUE with fewer parameters than would be possible with a GLM. The pruned tree had 139 parameters (Table 1). There would be more than 400 parameters in a GLM fitted to the bigeye data with treatment contrasts (indicator variables for each level of year and month) and first order interactions between all four main effects (Table 1). The number of parameters in such a GLM could be reduced if statistically insignificant parameters were removed from the model. Note, however, that we have never seen a GLM-based CPUE analysis where hypothesis tests were conducted to assess the significance of each parameter involved in an interaction. We have only seen analyses where hypotheses tests were conducted to assess the significance of the overall interaction term. This suggests that parameter-wise hypothesis testing of interaction components in a large GLM is difficult with current software. One could also reduce the number of parameters in a GLM by combining months into four seasons, but there would still be 186 parameters in this reparameterization (Table 1). The number of parameters in a GLM would be even greater if higher order interactions were modeled, and note that the pruned tree in Figure 1 (Panel C) describes fourth order interactions. Thus, regression trees can be easier to implement and more parsimonious than GLMs in situations where predictor interactions dominate. We believe that space-time interactions are important sources of variability in CPUEs from many fisheries, and we recommend that analysts explore interactions with regression trees before summarily adopting the GLM approach.

The trend in our tree-based indices for EPO bigeye was also similar to, but less variable than, two EHM-based trends presented in Hampton *et al.* (1998) (Figure 7). The EHM is not a statistical model that is fitted to observed CPUEs; it is an empirical method of adjusting CPUEs using prior knowledge or assumptions about the physiology, ecology, or behavior of the fish being studied (Hinton and Nakano 1996). As such, it is difficult to compare our regression tree and the EHM approach in terms of the number of parameters that would be required to fit the example bigeye data. Note, however, that EHMs are more data-intensive than regression trees. The EHM approach requires 1) an estimate, independent of catch and effort, of the spatio-temporal distribution of the population as defined by physiological,

ecological, or behavioral data (*e.g.* sonic tagging data); 2) an estimate of the spatio-temporal distribution of oceanographic conditions (*i.e.* the distribution of physiological, ecological, or behavioral constraints); 3) an estimate of the distribution of nominal fishing effort relative to these oceanographic conditions; and 4) the total catch yielded by that effort (Hinton and Nakano 1996). Relative to EHMs, regression trees are “advantageous” in that trees only require information about the distribution of catch and effort. Thus, from our analysis, it appears that regression trees need less information to achieve similar results. Regression trees are, however, “disadvantaged” with respect to EHMs in the sense that trees provide no direct information about the mechanisms that cause CPUE to vary in time and space. Our results suggest that the tradeoff between regression trees and EHMs is a tradeoff between reduced data requirements and mechanistic realism. Decisions between the application of regression trees or EHMs should probably be based on one's scientific objectives. The two models are, however, complementary. For example, if an EHM is sensitive to competing hypotheses about fish habitat preferences, results from a tree might indicate whether one of these hypotheses is most likely.

Catchability of bigeye tuna with deep longlines

Bigeye tuna are generally considered more catchable with deep longlines than with regular longlines. This idea is supported by two sets of observations. First, with more hooks between floats, the geometry of a catenary curve indicates that deep longlines should set hooks at greater depths than regular longlines (Suzuki *et al.* 1977). Thus, deep longlines should be more effective at fishing in waters with relatively low temperatures and high dissolved oxygen (DO) concentrations. Second, ample evidence from physiological (see Brill 1994 for a review), CPUE (Saito 1975; Suzuki *et al.* 1977; Suzuki and Kume 1982; Hanamoto 1987; Boggs 1992; Nakano *et al.* 1997), and sonic tracking (Holland *et al.* 1990; Holland and Sibert 1994) data indicate that bigeye are actually adapted to and have some preference for waters with relatively low temperature and high DO.

Despite the preponderance of evidence suggesting that bigeye should be more catchable by deep longlines, we found that, in the EPO, HPB was not very useful for explaining variation in bigeye CPUE. We interpret this discrepancy as an indication that HPB is not a good measure of capture depth. Only the hooks in the middle of a basket of deep longline gear fish deeper than hooks on regular longlines. Additionally, a longline does not always hang in a static catenary curve during its drift (Suzuki and Kume 1982; Boggs 1992; Mizuno *et al.* 1997). The geometry of a longline can be significantly altered by vertical current shear and the direction of current relative to the orientation of the longline (Mizuno *et al.* 1997). Swinging motions in the main line can also cause hook depths to oscillate vertically (Mizuno *et al.* 1997). In the EPO, it is possible that deep longlines do not consistently catch more bigeye than regular longlines because there are many instances when physical conditions cause deep gear to fish shallower than one would expect from catenary geometry. This view is shared by Miyabe and Bayliff (1998) and is consistent with results presented by Boggs (1992). Boggs (1992) observed that, around Hawaii, some bigeye are caught during gear setting and hauling. These observations provided further evidence that HPB can overestimate capture depth. Boggs (1992) also had difficulty finding a relationship between relative abundance and depth when HPB was used as a depth-proxy.

Our results are also consistent with those of Suzuki and Kume (1982) and Hampton *et al.* (1998). Suzuki and Kume (1982) showed that time series of CPUEs from deep and regular longlines fished in the EPO often intersected during the latter half of the 1970's. These intersections indicate that deep longlines were neither consistently more nor consistently less effective at catching bigeye than regular longlines during this period. Hampton *et al.* (1998) predicted that the relative difference in fishing power between these two longline configurations would be lessened in the EPO compared to the western and central Pacific. This prediction was made from an EHM and was based on the finding that the optimal temperature layer for bigeye is shallower in the EPO than in the western and central Pacific.

Given the potential importance of oceanography in determining the effectiveness of regular and deep longlines, one might expect to observe an El Niño signal in a time series of relative catchabilities. Bigeye might be relatively more catchable by regular longlines when the thermocline and oxycline are shoaled. Conversely, bigeye might be relatively more catchable by deep longlines when the thermocline and oxycline are deep. In the EPO, these oceanographic conditions occur, respectively, during La Niña and El Niño years. At the spatial and temporal scales of the bigeye data, our results do not, however, support the view that La Niña and El Niño events impact the relative fishing powers of deep and regular longlines. The period over which we looked for an HPB effect (1975-1985) includes both La Niña (1975) and El Niño (1982/83) signals. Neither of these two events seemed to affect relative catchability of bigeye tuna in the Japanese longline fishery; we found that HPB was important only during 1977 (Figure 5).

Other notes on regression trees

Regression trees can be used to predict an abundance index for areas where there was no fishing effort (see Methods). Making inferences about relative abundance in unfished areas is a topic of serious debate surrounding the assessment of southern bluefin tuna (*Thunnus maccoyii*) (CCSBT 1997). Debate has centered on whether mean CPUEs or zeros should be used to estimate relative abundances in unfished areas, and, if means are used, which means are appropriate (CCSBT 1997). Regression trees offer one possible way forward in this debate. Predictions from the tree are made by averaging CPUEs from neighboring areas and neighboring times. We believe that this approach is reasonable when an absence of fishing effort causes gaps in the original CPUE time series. We do, however, note that this can be a dangerous approach and acknowledge that an absence of fishing effort might indicate an absence of fish. Plots like Figure 2 can be used to visually determine which neighboring areas and times are used for predicting the abundance index in such gaps. For example, the time series in the two quadrangles centered at 17.5°S, 125°W and 17.5°S, 115°W are more similar to their northern neighbors than they are to each other. Given the nature of regression trees, predictions could be made for totally unfished areas, but we do not believe that such predictions would be appropriate.

Our naïve methods of averaging across the terminal nodes of a pruned tree to develop annual (equation (4)) and regional (equation (5)) indices of abundance work well for the Japanese longline data, but we note that our averaging scheme may not be appropriate for other fisheries. The Japanese longline data have a relatively well-balanced “experimental design,” but this may not be true for CPUE data from other fisheries. If the experimental design is less well-balanced than that for the Japanese longline data, we believe that appropriately weighted means can often be used to estimate abundance indices. As an example, consider a CPUE data set with two fleets. If the resulting tree splits on the fleet predictor, one can average across the terminal nodes of the tree using weights that are proportional to the amount of fishing effort contained in each terminal node. In this situation, the fleet that expended the most fishing effort would have the largest influence on the estimated index of abundance. If there are times when one of the two fleets does not expend fishing effort, one can bracket the possible outcomes of an average across the two fleets. A relatively small index of abundance can be obtained by assuming that CPUE would have been zero for the fleet that did not fish. A relatively large index of abundance can be obtained by predicting a CPUE for the fleet that did not fish.

When experimental designs are not well-balanced, splits in regression trees need to be interpreted with caution. For instance, if, in our hypothetical two-fleet fishery, Fleet 1 fished during 1980-1985 and Fleet 2 fished during 1985-1990, a split on year could be interpreted as a split on fleet (and *vice versa*). Fortunately, this type of pathology is easy to identify through exploratory data analysis. Output from the RPART library of tree modeling functions can also be used to assess whether each split has a “surrogate” that explains the same amount of variation in CPUE.

We have described a distribution-free approach to growing and pruning trees, but regression trees can be fitted under various distributional assumptions. Clark and Pregibon (1993) proposed the idea of a “generalized tree-based model” where splits could be determined with deviance functions based on any member of the family of exponential distributions. We have not explored these methods, but note that it would be desirable to consider mixture distributions (*i.e.* the ability to deal with extra zeros in CPUE data) when developing appropriate deviance functions. We used a loose definition of “large residual” to be consistent with the non-parametric approach of fitting the bigeye tree, but this would not have been necessary with an hypothesized error distribution. We view the application of generalized tree-based models for analyzing CPUEs as a topic for future work.

One other topic deserves brief mention. Breiman *et al.* (1984) also developed methods to grow and prune regression trees by minimizing the sum of the absolute deviations from node medians. Breiman *et al.* (1984) compared the least absolute deviation and sum of squares regressions, but their results were equivocal. It would be interesting to compare these two approaches for modeling CPUE data.

Spatial strata for future sampling programs

It is important to reiterate why an annealing of the regression tree results is desirable. Given that most regression trees fitted to CPUE data will involve complex interactions between time and space, it is not possible to define time-independent spatial strata directly from the tree. At any given time, CPUEs in neighboring quadrangles may or may not be similar. Therefore, to develop a regional partitioning of the fishing grounds, an algorithm is needed to measure connectivity between entire time series of neighboring abundance indices.

An interesting feature of our nine-region annealing is the boundary at 150° W (Figure 6). Limited mixing of yellowfin tuna across 150°W (IATTC 1998) is one reason why this line of longitude is used as the western boundary of the EPO. This boundary may also be appropriate for bigeye. During specific periods, our results tentatively suggest that trends in bigeye abundance can be different inside and outside the EPO. Additional work is needed to resolve this issue, but note that, during the mid-1980's, the upward spike in the relative abundance of bigeye was more prominent to the east of 150° W than it was to the west (Figure 2).

We view simulated annealing as a valuable tool for developing future sampling programs. There has recently been considerable interest in designing a tagging experiment to estimate movement and natural mortality rates of bigeye tuna (Deriso *et al.* 1998). Our nine-region annealing provides one possibility for stratifying both the mark and the recapture efforts. Tags could potentially be allocated among the nine regions to reduce variation in estimates of movement and natural mortality.

Finally, we make three additional notes. First, one could use a different measure of connectivity to anneal results from regression trees. We explored this possibility by annealing correlation coefficients and obtained results that were similar to, but not exactly the same as, those discussed previously. Second, methods other than simulated annealing (*e.g.* cluster analysis) could be used to study spatial similarity (difference) in tree-based time series of abundance indices. Comparing such methods to the annealing approach is another topic for future work. Third, if simulated annealing is to be used for designing future sampling programs (*e.g.* tagging studies) our *ad hoc* method of determining an appropriate number of regions could be replaced with a more considered approach. It would be interesting to find an appropriate regional stratification based on sampling costs. This could be done by modeling the cost of the intended sampling program as a function of the number of annealed regions and determining a budget for the sampling program. Then, rather than considering marginal increases in total connectivity (as in our *ad hoc* method), one could consider the cost of a stratification scheme relative to planned expenditures.

ACKNOWLEDGEMENTS

This manuscript benefited from discussions with A. Anganuzzi, M. Hinton, and P. Tomlinson. We thank P. Tomlinson for providing the GLM-based time series of bigeye abundance indices and J. Hampton, K. Bigelow, and M. Labelle for providing the EHM-based time series. We are grateful for internal reviews provided by W. Bayliff, M. Hinton, and C. Lennert-Cody, and for external reviews provided by J. Hampton, G. Kirkwood, and S.J. Smith.

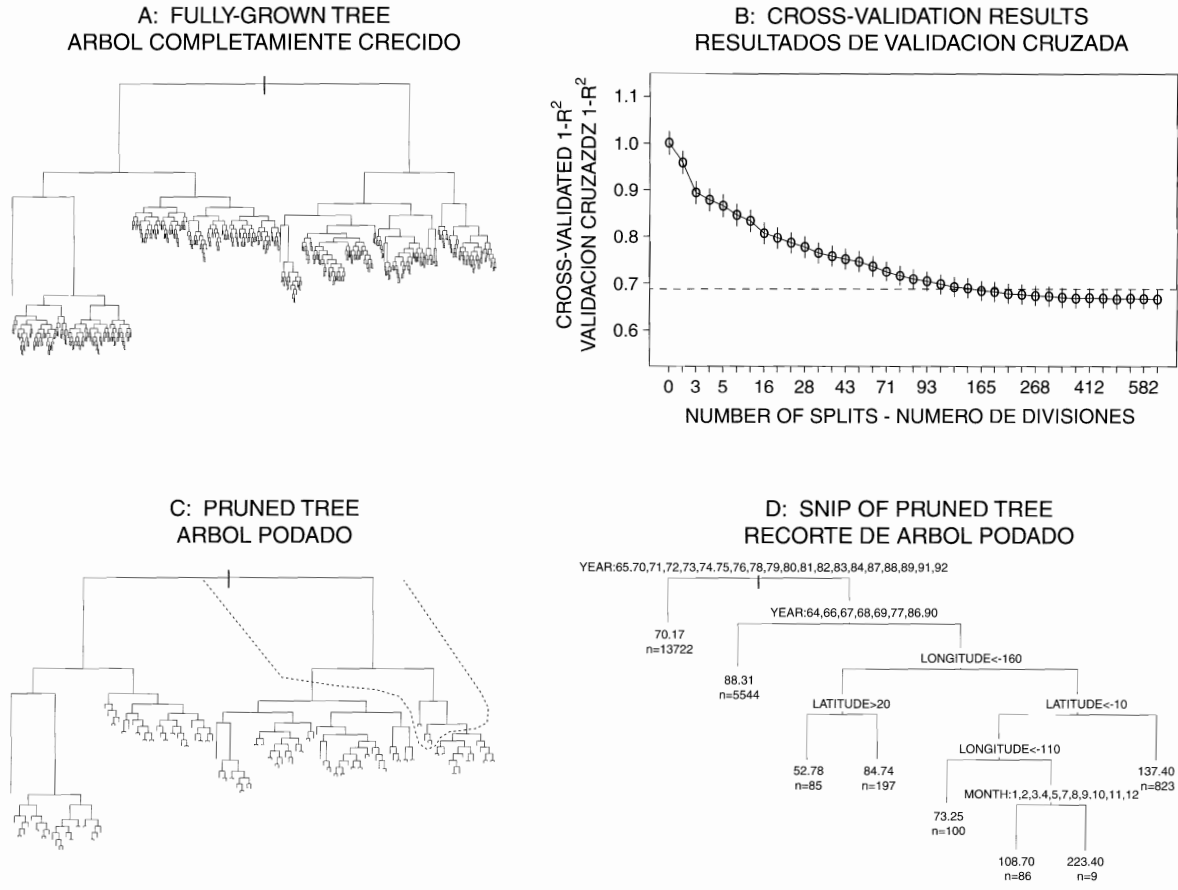


FIGURE 1. The tree for bigeye CPUE. Each panel is described in the text. The region inside the dotted line in Panel C is magnified in Panel D. The values displayed under each node in Panel D are, in order from top to bottom, the mean CPUE (\bar{y}_T) and the number of observations (n_T) at node T .
FIGURA 1. El árbol para la CPUE de patudo. En el texto se describen los recuadros. La región encerrada por la línea de trazos en el Recuadro C está ampliada en el Recuadro D. Los valores bajo cada nodo en el Recuadro D son, de arriba abajo, la CPUE media (\bar{y}_T) y el número de observaciones (n_T) en el nodo T .

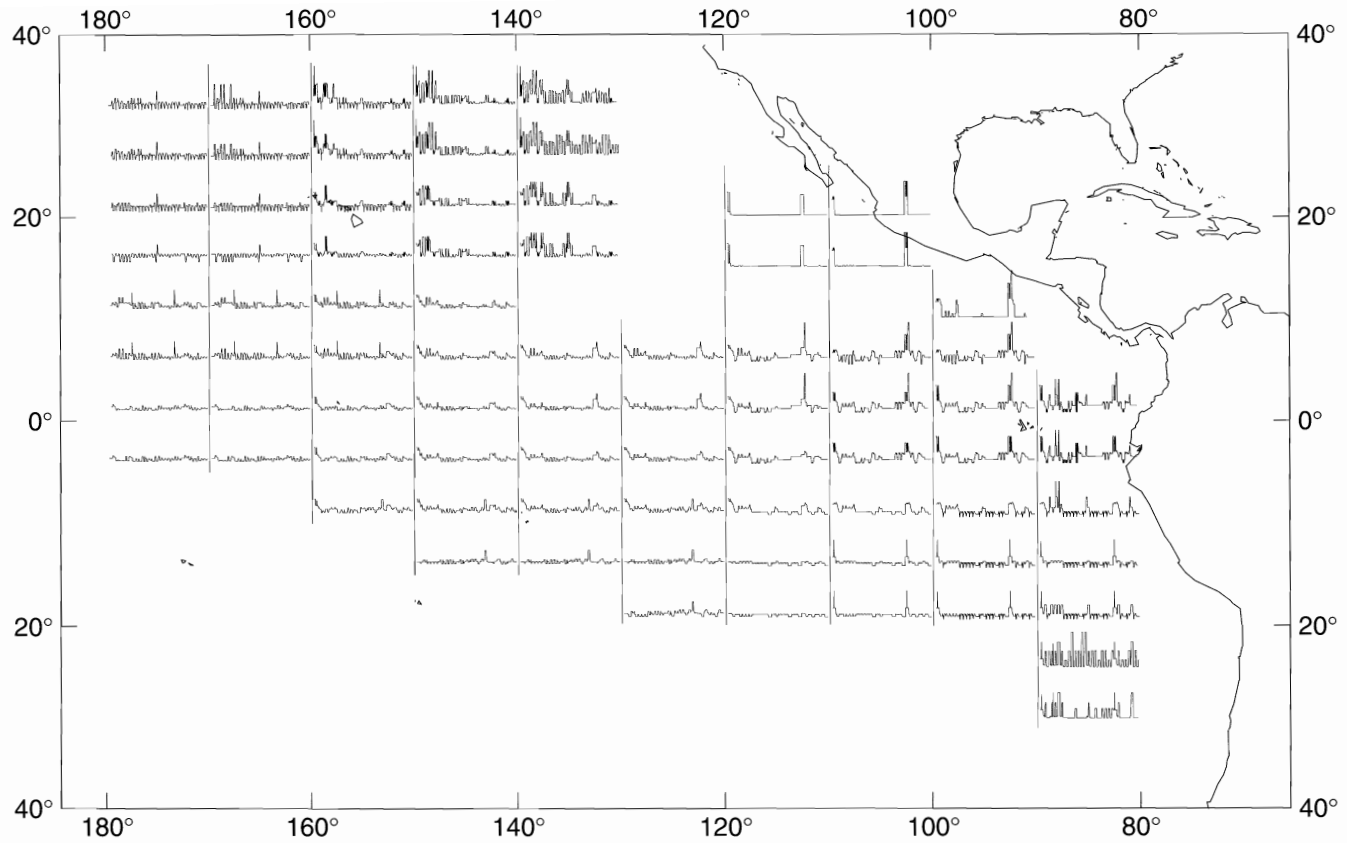


FIGURE 2. Area-specific time series of monthly abundance indices estimated from equation (3). Each time series runs from January 1963 through December 1992 and covers an area that is 5° latitude by 10° longitude.

FIGURA 2. Series de tiempo por zona de los índices mensuales de abundancia estimados con la ecuación (3). Cada serie de tiempo va de enero de 1963 hasta diciembre de 1992 y abarca una zona de 5° de latitud por 10° de longitud.

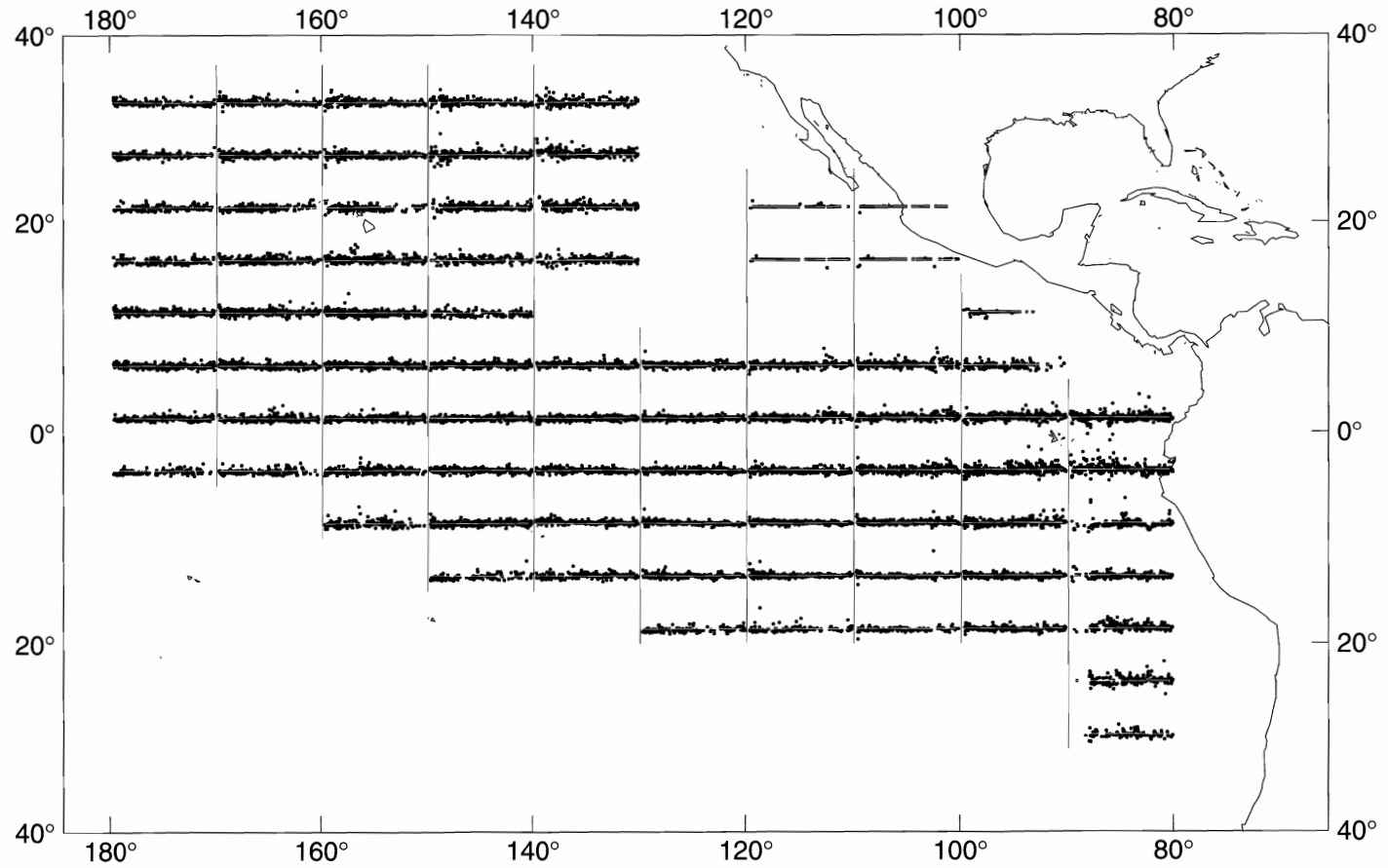
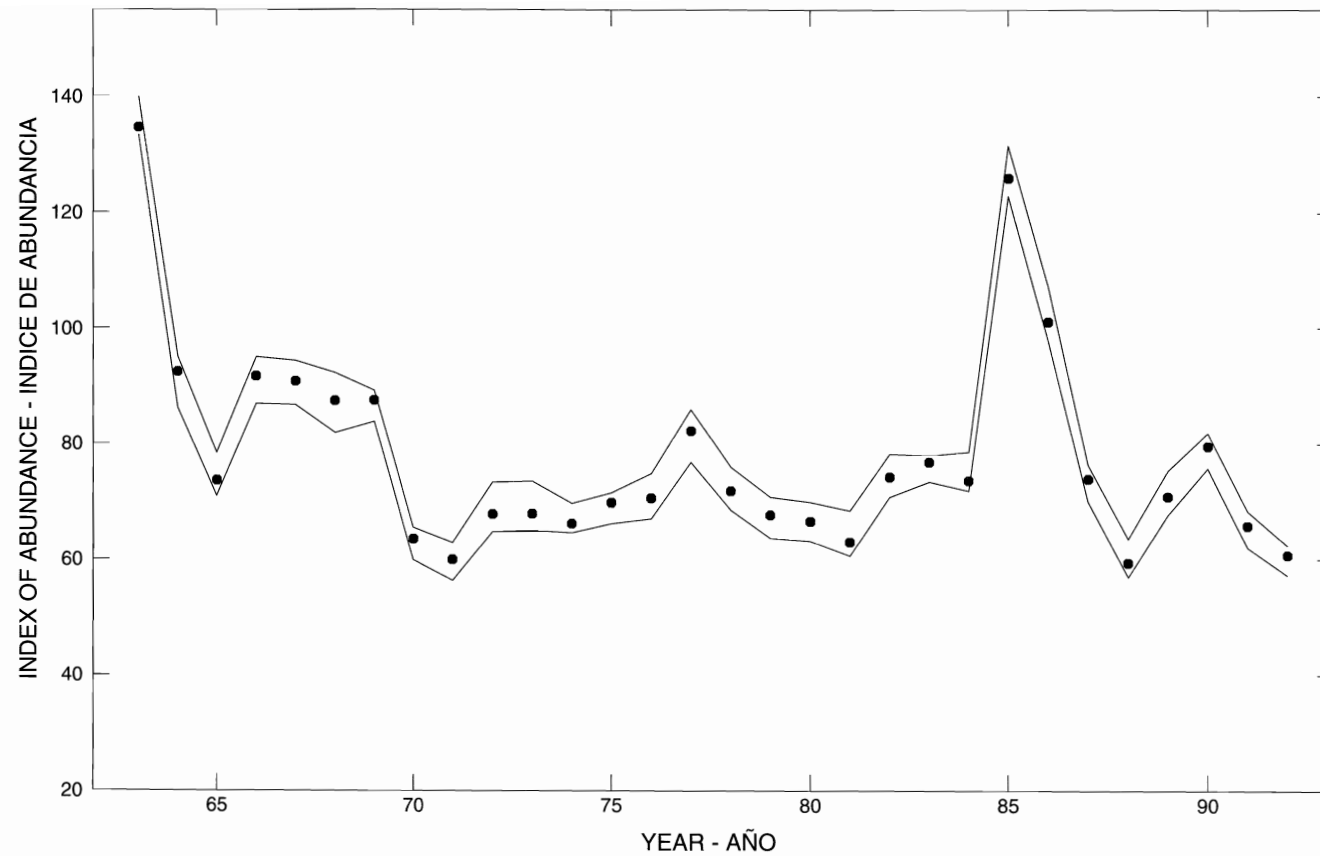


FIGURE 3. Monthly time series of area-specific residuals. The horizontal white line drawn through each time series is at zero.

FIGURA 3. Series de tiempo mensuales de residuales por zona. La línea blanca horizontal que pasa por cada serie de tiempo está en cero.



CATCH PER UNIT OF EFFORT OF BIGEYE TUNA

FIGURE 4. Regional abundance indices for bigeye in the EPO estimated from equation (5) (solid points) and 95% bootstrap confidence intervals (solid lines).
FIGURA 4. Índices regionales de abundancia de patudo en el OPO estimados con la ecuación (5) (puntos sólidos) e intervalos de confianza de *bootstrap* de 95% (líneas sólidas).

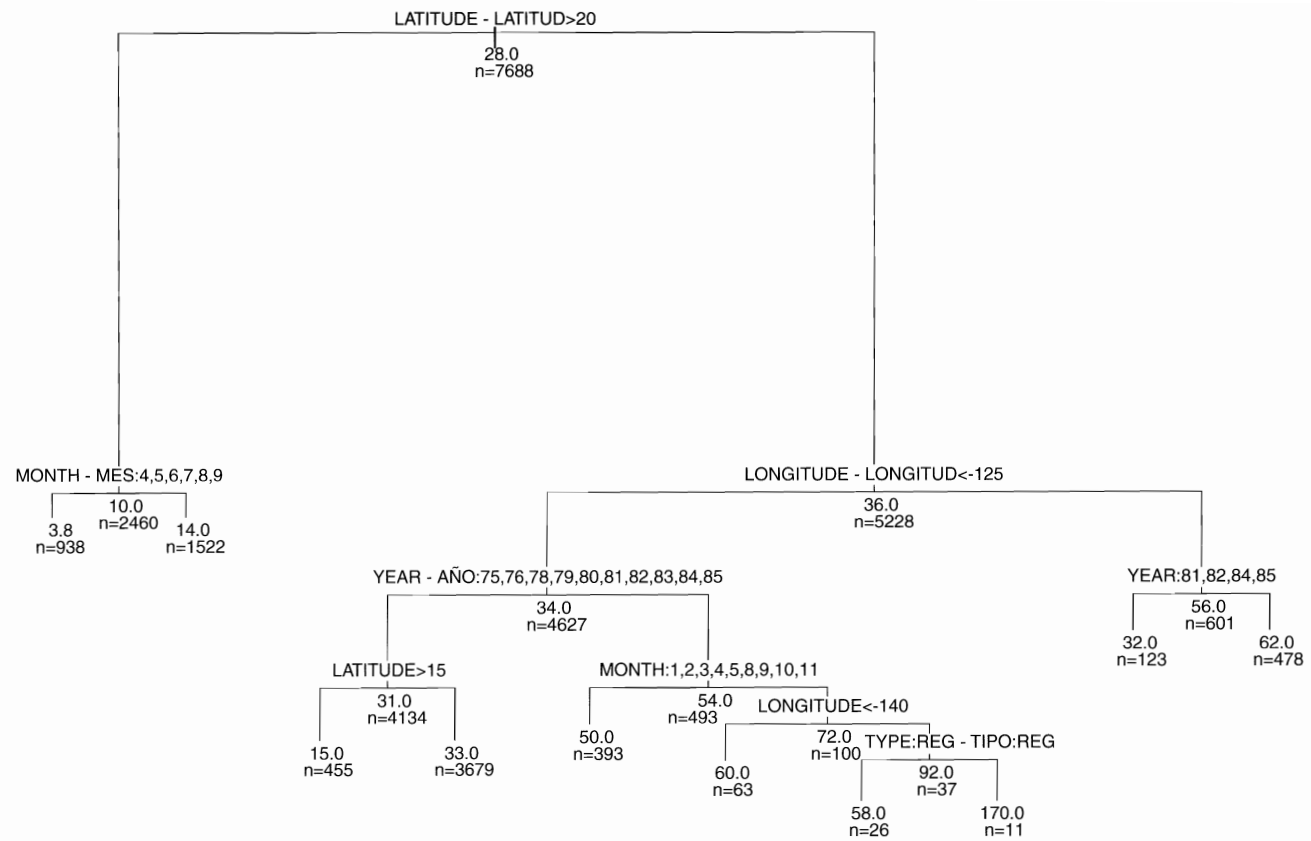


FIGURE 5. Pruned tree for bigeye CPUE in the EPO during January 1975 through December 1985. This tree was used to look for an HPB effect; the term “type:reg” refers to regular longlines (< 7 HPB).

FIGURA 5. Arbol podado de la CPUE de patudo en el OPO durante enero de 1975 hasta diciembre de 1985. Se usó este árbol para buscar un efecto de APC; el término “tipo:reg” se refiere a palangres regulares (< 7 APC).

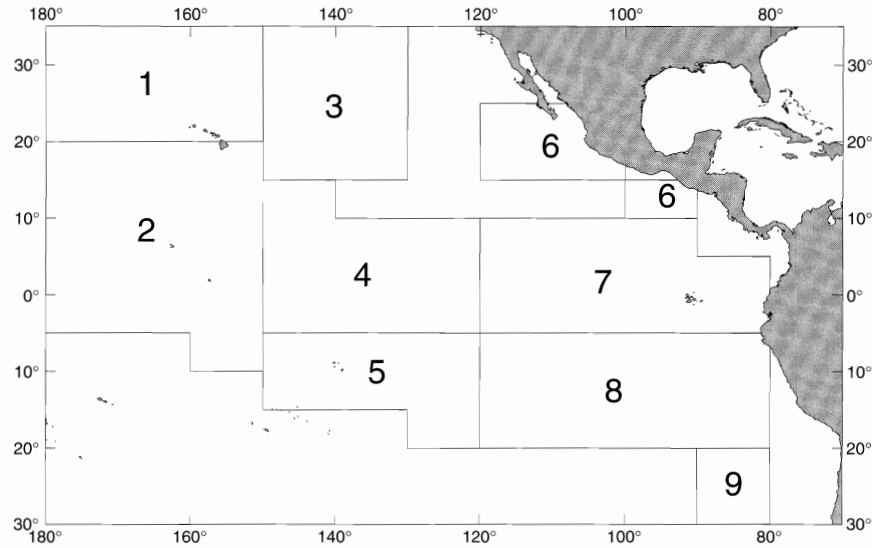


FIGURE 6. The best nine-region annealing of connectivity (equation (7)) between the area-specific time series of monthly abundance indices estimated from the pruned tree for bigeye CPUE.

FIGURA 6. El mejor templado de conectividad para nueve regiones (ecuación (7)) entre las series de tiempo por zona de índices mensuales de abundancia estimados del árbol podado de CPUE de patudo.

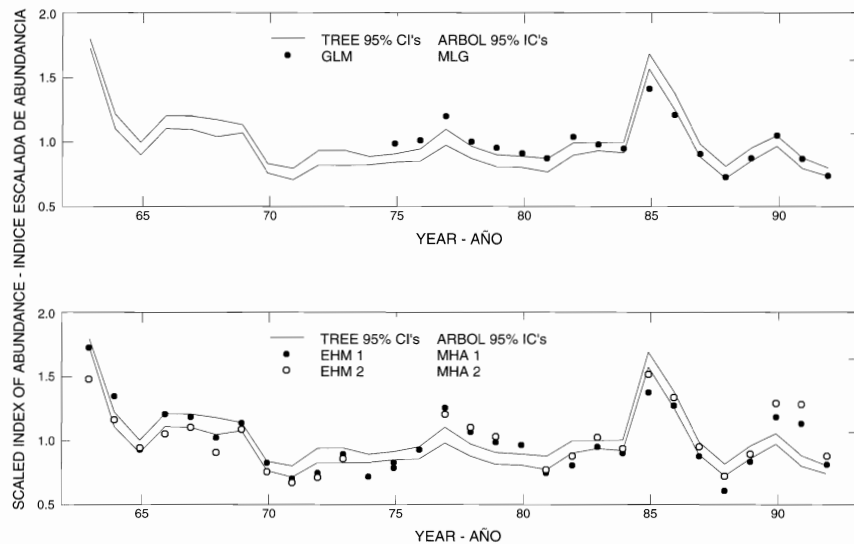


FIGURE 7. Regional abundance indices for the EPO estimated with three different modeling techniques. Results from the generalized linear model (GLM) are from Tomlinson (1998); results from the two environmental habitat models (EHM1 and EHM2) are from Hampton *et al.* (1998). Confidence bands for the tree-based time series are from bootstrapping, and each time series is scaled to its mean.

FIGURA 7. Índices regionales de abundancia para el OPO estimados con tres técnicas de modelado distintas. Los resultados del modelo lineal generalizado (GLM) provienen de Tomlinson (1998); los de los dos modelos de hábitat ambiental (EHM1 y EHM2) de Hampton *et al.* (1998). Las bandas de confianza de las series de tiempo basadas en árboles provienen del *bootstrap*, y cada serie de tiempo está escalada a su promedio.

TABLE 1. Parameterizations for three models of the example data on bigeye tuna CPUE. Generalized linear models were not fitted to the data; the parameter counts are what would be required to model space-time interactions without removing statistically-insignificant parameters.

TABLA 1. Parametrizaciones para tres modelos de los datos de muestra sobre CPUE de atún patudo. No se ajustaron modelos lineales generalizados a los datos; el número de parámetros es el necesario para modelar interacciones de tiempo y espacio sin eliminar parámetros estadísticamente insignificantes.

Model—Modelo	Terms—Términos	Number of estimated parameters—Número de parámetros estimados	
Regression tree—Arbol de regresión	Binary splits—Bifurcaciones binarias	139	
	Total	139	
Generalized linear model (monthly)—Modelo lineal generalizado (mensual)	Intercept—Intercepto	1	
	Year effects—Efectos de año	29	
	Month effects—Efectos de mes	11	
	Latitude effect—Efecto de latitud	1	
	Longitude effect—Efecto de longitud	1	
	Year x month interaction—Interacción año x mes	319	
	Year x latitude interaction—Interacción año x latitud	29	
	Year x longitude interaction—Interacción año x longitud	29	
	Month x latitude interaction—Interacción mes x latitud	11	
	Month x longitude interaction—Interacción mes x longitud	11	
	Total	442	
	Generalized linear model (seasonal)—Modelo lineal generalizado (estacional)	Intercept—Intercepto	1
		Year effects—Efectos de año	29
Season effects—Efectos de estación		3	
Latitude effect—Efecto de latitud		1	
Longitude effect—Efecto de longitud		1	
Year x season interaction—Interacción año x estación		87	
Year x latitude interaction—Interacción año x latitud		29	
Year x longitude interaction—Interacción año x longitud		29	
Season x latitude interaction—Interacción estación x latitud		3	
Season x longitude interaction—Interacción estación x longitud		3	
Total		186	

CAPTURA DE ATUN PATUDO POR UNIDAD DE ESFUERZO: UN NUEVO ANALISIS CON ARBOLES DE REGRESION Y TEMPLADO SIMULADO

por

George Watters y Richard Deriso

RESUMEN

Analizamos la captura por unidad de esfuerzo (CPUE) de la pesquería palangrera japonesa de atún patudo (*Thunnus obesus*) en el Océano Pacífico oriental (OPO) y central con métodos de árbol de regresión. Hasta ahora no se han usado árboles de regresión para estimar series de tiempo de índices de abundancia a partir de datos de CPUE. El árbol de “tamaño óptimo” tuvo 139 parámetros; año, mes, latitud, y longitud interactuaron para afectar la CPUE de patudo. La tendencia en los índices de abundancia basados en árboles para el OPO fue similar a las tendencias estimadas con un modelo lineal generalizado y con un modelo empírico que combina datos oceanográficos con información sobre la distribución de los peces en relación con las condiciones ambientales. El árbol de regresión fue más parsimonioso y sería más fácil de utilizar que los dos otros modelos, pero no proporcionó información sobre los mecanismos que causaron que las CPUE de patudo variaran en el tiempo y en el espacio. Las CPUE de patudo aumentaron notablemente a mediados de los años 80 y fueron más variables en los extremos norte y sur de la zona de pesca. Estos dos resultados pueden ser explicados por cambios en la abundancia real y cambios en la capturabilidad. Los resultados de un árbol de regresión ajustado a un subconjunto de los datos indican que, en el OPO, el patudo es igualmente capturable con palangres regulares y profundos. Esto no es consistente con observaciones de que el patudo abunda más a profundidad e indica que clasificación por tipo de arte (palangre regular o profundo) podría no ser una buena medida de la profundidad de captura. Se usó un algoritmo de templado simulado para resumir los resultados basados en el árbol clasificando las zonas de pesca en zonas con tendencias similares en la CPUE de patudo. El templado simulado podría ser útil para diseñar estratos espaciales en programas futuros de muestreo.

Key words: BIGEYE TUNA, CATCHABILITY, CPUE, LONGLINE FISHERY, PACIFIC OCEAN, REGRESSION TREES, SIMULATED ANNEALING, *THUNNUS OBESUS*

INTRODUCCION

Si la mortalidad por pesca es proporcional al esfuerzo de pesca, la captura por unidad de esfuerzo (CPUE) puede ser un índice de la abundancia media, durante el período de pesca, de un stock de peces (Quinn y Deriso, 1999). Esta relación es importante porque brinda una forma potencial de seguir cambios en la abundancia con datos que se pueden tomar en la pesquería. Sin embargo, en la práctica es a menudo difícil relacionar la CPUE con la abundancia porque muchas variables (por ejemplo, condiciones oceanográficas, comportamiento de los peces, comportamiento de los pescadores, y configuraciones del arte de pesca) pueden interactuar en el tiempo y espacio para afectar la constante de proporcionalidad (capturabilidad, o q) que relaciona la mortalidad por pesca con el esfuerzo de pesca. Se puede enfrentar esta dificultad con una variedad de herramientas estadísticas que permiten “estandarizar” la CPUE al tomar en cuenta y ajustar por la variación en la capturabilidad.

El modelo lineal generalizado (MLG) es la herramienta más usada para estandarizar datos de CPUE. Gavaris (1980) publicó uno de los primeros trabajos sobre el uso del MLG para elaborar índices de abundancia de peces. Con el MLG, se estiman los índices de abundancia directamente del modelo ajustado como los “efectos de tiempo” (parámetros para año, mes, etc.). Ejemplos de MLG aplicados a CPUE de atunes del Océano Pacífico oriental (OPO; la zona al este de 150°O) incluyen los estudios de Allen y Punsly (1984), Punsly (1987), y Punsly y Nakano (1992).

Cuando los conjuntos de datos de CPUE son grandes (con muchas observaciones de CPUE y muchas mediciones de las variables que afectan la capturabilidad), puede ser difícil elaborar índices de abundancia con el MLG. Con conjuntos de datos grandes, las interacciones entre las variables que afectan la capturabilidad son a menudo estadísticamente significativas. Si estas interacciones dependen del tiempo, entonces los efectos estimados de tiempo de un MLG no pueden ser interpretados directamente como índices de abundancia. Una consideración práctica es que interpretar un conjunto de interacciones de primer, segundo, y hasta mayor orden puede ser difícil en los análisis de MLG.

Por contraste con los MLG, los árboles de regresión (Breiman *et al.*, 1984) son idóneos para detectar y extraer interacciones importantes y complejas de datos de CPUE. Creemos que es a menudo más fácil considerar interacciones con árboles de regresión que con MLG. Norcross *et al.* (1997) usaron árboles de regresión para estudiar las preferencias de hábitat de peces planos juveniles, pero no sabemos de ningún estudio en el cual se usaron árboles para elaborar series de tiempo a partir de índices de abundancia de CPUE de pesquerías comerciales.

Este estudio tiene dos objetivos. Uno es ilustrar cómo se pueden usar los árboles de regresión para estimar índices de abundancia a partir de datos de CPUE, y el otro es estudiar varios patrones en las CPUE de atún patudo (*Thunnus obesus*). Demostramos que los árboles de regresión son útiles para modelar cómo la interacción de tiempo y espacio causa variación en la CPUE de patudo. Describimos cómo se pueden promediar los resultados del modelado de interacciones tan complejas para producir índices regionales de abundancia de patudo. Estos índices regionales tienen una tendencia temporal similar a las tendencias que resultan del modelado con MLG. La tendencia basada en árboles es también similar a los resultados de una aplicación, por Hampton *et al.* (1998), de un método de estandarización desarrollado por Hinton y Nakano (1996). Hinton y Nakano (1996) desarrollaron un método empírico de estandarizar la CPUE que combina información sobre las restricciones fisiológicas, ecológicas, o de comportamiento de una especie con mapas de condiciones ambientales locales. En lo subsiguiente nos referiremos al método de Hinton y Nakano (1996) como el “modelo de hábitat ambiental”, o MHA.

En este estudio ilustramos también cómo se pueden usar los árboles de regresión para estimar el poder de pesca relativo de distintas artes. Lo ilustramos mediante un estudio de cómo la configuración del palangre afectó las CPUE de patudo. Finalmente, aplicamos una segunda técnica, templado simulado (Press *et al.* 1986), a los resultados del árbol de regresión y dividimos el OPO en zonas con tendencias temporales similares en la CPUE de patudo.

MÉTODOS

Datos

Se usaron para el análisis datos de CPUE de la pesquería palangrera japonesa de atún patudo en el Océano Pacífico central y el OPO. Los datos abarcan el período de enero de 1963 a diciembre de 1992 y la zona rectangular delimitada por 180°O, 30°S, 80°O, y 35°N. Se calcularon las CPUE (en número de peces por 10.000 anzuelos) mensuales como la captura total dividida por el esfuerzo total en cuadrángulos de 5° de latitud por 10° de longitud (había 80 de estos cuadrángulos en el conjunto de datos). Se usaron año, mes, latitud (centro del cuadrángulo), y longitud (centro del cuadrángulo) como variables predictoras; CPUE fue la variable de respuesta.

Ajuste del árbol de regresión a datos de CPUE

Ajustamos árboles de regresión a los datos de patudo usando la biblioteca de funciones RPART para S-Plus (Therneau y Atkinson, 1997). La biblioteca RPART ejecuta muchos de los conceptos desarrollados por Breiman *et al.* (1984). En los próximos párrafos resumimos los elementos básicos de ajustar un modelo de árbol. Se refiere a los interesados en mayor detalle a Breiman *et al.* (1984), Therneau y Atkinson (1997), y Venables y Ripley (1998). Finalmente, notamos que se puede ajustar los árboles de regresión a datos de CPUE con las funciones basadas en árboles incluidas en S-Plus (MathSoft Inc., 1997); estas funciones son comparables a las que contiene la biblioteca RPART.

El procedimiento básico para ajustar un árbol de regresión es el siguiente:

1. Considerar todas las variables predictoras y encontrar la que produce la “mejor” división de la variable dependiente (respuesta) en dos subgrupos (más adelante se define “mejor”);
2. Separar los datos en estos dos subgrupos;
3. Repetir el Paso 1 para cada subgrupo;
4. Seguir encontrando divisiones y subgrupos separados hasta que no se puedan efectuar más mejoras (más adelante se define también “mejora”); y
5. Determinar si un árbol con menos subgrupos es igualmente efectivo que el árbol resultante del Paso 4 (más adelante se describe también este proceso).

Los Pasos 1-4 constituyen la fase de crecimiento del árbol; el Paso 5 es la fase de poda. Ya que se examinan todos los predictores como candidatos para dividir cada subgrupo, el árbol podado incorpora naturalmente interacciones entre las variables predictoras. Se llama a los puntos de bifurcación “nodos.”

Al modelar una respuesta continua como CPUE, se usa un estadístico de suma de cuadrados (SS) para encontrar la “mejor” división. El estadístico es

$$SS_T - (SS_L + SS_R), \quad (1)$$

donde

$$SS_T = \sum_{i=1}^{n_T} (y_{T,i} - \bar{y}_T)^2 \quad (2)$$

para observaciones de CPUE ($y_{T,i}$) contenidas en el nodo original o parental T . La CPUE media en el nodo T es \bar{y}_T . El número de observaciones en el nodo T es n_T , y S_L y S_R son, respectivamente, las sumas de cuadrados correspondientes a los vástagos izquierdo y derecho del nodo parental T . La expresión (1) selecciona bifurcaciones que maximizan la suma de cuadrados entre los vástagos izquierdo y derecho. Para determinar si se debe bifurcar un nodo, se computa este estadístico para los niveles de todas las variables predictoras. Se efectúan estos cálculos durante los Pasos 1-3 de la fase de crecimiento del árbol.

Se detiene el crecimiento del árbol (Paso 4) para cada nodo individualmente. Termina el crecimiento en un nodo cuando una bifurcación adicional no mejoraría el ajuste general del árbol más allá de un límite arbitrario. Se denomina a este límite el parámetro de complejidad (cp). Este parámetro tiene una interpretación directa: si bifurcar un nodo no incrementa el R^2 general del modelo de árbol por al menos la cantidad cp , entonces no se divide ese nodo. El coeficiente de determinación (R^2) tiene la definición normal de $1 - (S \text{ error}/S \text{ total})$. Un nodo en el cual se detiene el crecimiento es denominado nodo terminal. El valor de cp está relacionado de forma inversa con el número de nodos terminales en un árbol; cuando

cp es bajo, el árbol tendrá muchos nodos terminales. Durante la fase de crecimiento, intencionalmente se ajusta un árbol grande y sobreparametrizado, fijando cp en un valor bajo. El número de bifurcaciones en un árbol (número de nodos terminales - 1) es el número de parámetros en el modelo.

Es necesario podar un árbol completamente crecido (Paso 5) porque la mejora marginal en el ajuste general del árbol disminuye a medida que aumenta el número de nodos terminales. Por lo tanto, al podar se intenta encontrar un modelo parsimonioso. Árboles completamente crecidos pueden ser podados con el método de validación cruzada "10 veces". Durante esta validación, se asignan los datos al azar a diez grupos separados. Para un solo valor de cp , se crecen árboles en un conjunto de seudodatos compuesto por nueve de esos grupos de datos, y se calcula el R^2 general a partir de las predicciones del décimo grupo. Se repite este procedimiento diez veces (excluyendo en cada oportunidad uno de los diez grupos como muestra de validación) para una gran cantidad de valores de cp . Este procedimiento de validación cruzada arroja una estimación del valor esperado y del error estándar del R^2 global para cada valor de cp (número de nodos). El valor esperado del $1 - R^2$ obtenido por validación cruzada ("xerror") disminuye al principio y luego aumenta a medida que se incrementa el número de nodos (el cp es reducido). Nótese que esta estimación de $1 - R^2$ es generalmente mayor que el $1 - R^2$ aparente de cualquier árbol dado; esto se debe a que se estima xerror a partir de la muestra de validación. Se puede usar la regla de un error estándar ("1-SE") (Breiman *et al.*, 1984) para encontrar un modelo parsimonioso a partir de los resultados de la validación cruzada. Según dicha regla, se obtiene una parametrización apropiada a partir del mayor valor de cp que posea un xerror que esté a una distancia menor de un error estándar del xerror mínimo. Esta regla es fácil de representar de forma gráfica (ver Resultados). El resultado de aplicar la regla de 1-SE es un árbol podado que puede explicar casi tanta variación en la variable de respuesta como el árbol completo, pero con menos parámetros.

El método que usamos para podar el árbol es parecido a los procedimientos de selección de modelo que usan el criterio de información de Akaike (Akaike, 1974). Un árbol de regresión puede ser podado minimizando el criterio

$$G_{cp}(S) \equiv G(S) + cp[S \cdot G(S_0)],$$

donde $G(S)$ es una medida de la precisión de ajuste (o desvío) para un árbol con S bifurcaciones, cp es el parámetro de complejidad antes descrito, y S_0 es un árbol sin bifurcaciones. En nuestra aplicación, la estadística de precisión de ajuste es $1 - R^2$. A partir de esta ecuación, se puede considerar cp como una forma de penalizar la estadística de bondad de ajuste como función del tamaño del árbol. El criterio de información de Akaike también penaliza la precisión de ajuste como función del número de parámetros en el modelo. Nótese que el valor de $G_{cp}(S)$ puede ser pequeño en un amplio rango de S ; bajo estas condiciones, se puede usar la regla de 1-SE para seleccionar un árbol de tamaño apropiado.

Uso del árbol para estimar índices de abundancia

El árbol podado predice una serie de tiempo de índices de abundancia. Cada nodo terminal contiene múltiples observaciones de CPUE, y la media de estas observaciones es el valor esperado de CPUE condicional a los niveles de las variables predictoras. Interpretamos esta media como un índice de la abundancia para una zona y período específicos (u). (Nótese que se usaron año, mes, latitud, y longitud como variables predictoras en nuestro análisis.)

$$\hat{u}_{j,k,v} = \bar{y}_T = \frac{\sum_{i=1}^{n_T} y_i}{n_T} \quad (3)$$

para $\{j, k, v\} \in T$, donde j , k , y v indican respectivamente año, mes, y zona (una pareja de latitud y longitud). Promediando estos índices mensuales se obtiene un índice anual de abundancia para cada zona.

$$\bar{\hat{u}}_{j,v} = \frac{\sum_{k=1}^{12} \hat{u}_{j,k,v}}{12}. \quad (4)$$

La ecuación (4) promedia sobre todos los nodos terminales (de los cuales puede haber de 1 a 12) que contienen observaciones en el año j y zona v . Finalmente, estos índices anuales pueden ser promediados sobre zonas para producir un índice anual de abundancia para zonas mayores.

$$\bar{\hat{u}}_j = \frac{\sum_{v=1}^V w_v \bar{\hat{u}}_{j,v}}{\sum_{v=1}^V w_v}, \quad (5)$$

donde V es el número total de zonas en la región de interés y w_v es la cobertura espacial (km^2) de cada zona en esa región. Estimamos índices de abundancia regionales para el atún patudo en el OPO con la ecuación (5).

Nótese que la ecuación (3) puede ser usada para pronosticar un índice de abundancia para zonas y períodos sin esfuerzo de pesca. Para hacer estos pronósticos se desciende por el árbol podado hasta llegar al nodo terminal que contiene esas zonas y períodos. No hicimos estos pronósticos para zonas en las que nunca se registró esfuerzo de pesca, pero sí para zonas con discontinuidades en la serie de tiempo de 360 meses definida por el conjunto de datos para el patudo. Pronosticamos por lo tanto una serie de tiempo completa para todas las zonas pescadas por la flota palangrera japonesa.

Quantificación de la incertidumbre en los índices de abundancia

Estimamos la varianza de cada índice de abundancia regional con un procedimiento de *bootstrap*. Es importante notar que la variación en las CPUE observadas no es la única fuente de error en el índice de abundancia regional. Los índices de abundancia de las ecuaciones (3)-(5) son también condicionalmente dependientes de las reglas de decisión binaria definidas por las bifurcaciones del árbol ajustado, y distintos árboles pueden predecir distintos índices de abundancia. En nuestro esquema de remuestreo se ajustan numerosos árboles a fin de caracterizar la incertidumbre en la estimación de las reglas de decisión.

Nuestro esquema de *bootstrap* basado en el modelo tiene cinco pasos.

1. Crear un conjunto de seudopredictores (\mathbf{x}^*) igual al conjunto de predictores original (\mathbf{x}).

$$\mathbf{x}^* = \mathbf{x}.$$

2. Muestrear los residuales individuales (e) del árbol podado original con reemplazo y crear un conjunto de errores aleatorios (\mathbf{e}^*).

$$e_{T,i} = y_{T,i} - \hat{u}_{j,k,v}$$

para $\{j, k, v\} \in T$, y

$$\mathbf{e}^* = \{e_z\}.$$

El conjunto de errores aleatorios tiene la misma longitud que el conjunto de pseudo-observaciones; z es un número entero aleatorio distribuido uniformemente sobre $[1, \Sigma n_T]$.

3. Crear pseudo-observaciones sumando los errores aleatorios a los valores predichos del árbol original.

$$y_i^* = \hat{u}_{j,k,v} + e_i^*.$$

4. Usando los seudopredictores, crecer un árbol para las pseudo-observaciones (mediante la partición de sumas de cuadrados conforme a la expresión (1)), podarlo (mediante validación cruzada y aplicación de la regla de 1-SE), y luego estimar índices de abundancia regional basados en el árbol.
5. Repetir los Pasos 2-4 muchas veces y guardar las estimaciones de cada réplica (realizamos 501 réplicas).

Usando los métodos descritos en Efron (1982), se calcularon errores estándar e intervalos de confianza (método de percentil con sesgo corregido) para el conjunto de índices de abundancia obtenidos con *bootstrap* y retenidos al fin del Paso 5.

Nuestro plan de remuestreo requiere el supuesto de que la varianza de error sea homocedástica en el espacio de las variables predictoras. Verificamos rápidamente este supuesto elevando al cuadrado los residuales del árbol original podado, y ajustando otro árbol a estos residuales cuadrados. Estos residuales cuadrados fueron considerados estimaciones de punto de la varianza de error. Si no se podía crecer un árbol usando los residuales cuadrados, o si podar resultaba en un árbol con cero bifurcaciones, entonces se consideró razonable suponer que la varianza de error era homocedástica. Si se creció y podó un árbol usando los residuales cuadrados del modelo original, el esquema de *bootstrap* se modificó de manera tal que el remuestreo de residuales estaba estratificado por nodo terminal del árbol original podado.

Como punto de aclaración, nótese que usamos tanto el *bootstrap* como la validación cruzada en nuestros análisis. Se usó el *bootstrap* para cuantificar incertidumbres en los índices regionales de abundancia (índices que eran promedios de los nodos terminales del ajuste inicial). Se usó la validación cruzada para identificar árboles de tamaño adecuado durante las fases de poda del ajuste inicial y las 501 réplicas de *bootstrap*. Técnicamente, ya que tanto el *bootstrap* como la validación cruzada son esquemas de remuestreo, sería posible intercambiar las funciones de los dos en nuestros análisis. Sería también posible usar *bootstrap* o validación cruzada exclusivamente. Breiman *et al.* (1984) sugieren que validación cruzada es más apropiada que *bootstrap* para podar árboles de regresión, pero otros trabajos sobre árboles de clasificación (árboles que predicen respuestas categóricas) (por ejemplo, Crawford, 1989; Evans *et al.*, 1991) sugieren que varios esquemas de *bootstrap* podrían ser adecuados para podar árboles. No sabemos de ningún estudio para determinar si *bootstrap* o validación cruzada es más apropiado para estimar las varianzas de promedios de los nodos terminales de un árbol de regresión.

Uso del árbol para estimar capturabilidad relativa

Los índices de abundancia por zona y período de la ecuación (3) pueden ser usados para estimar el poder de un tipo de arte de pesca relativo al poder de otro tipo. Para dos tipos de arte de pesca ($g = 1$ y $g = 2$), se estima la capturabilidad relativa a partir del cociente de los índices de abundancia para una zona y período específicos.

$$\hat{q}_{j,k,v} = \frac{\hat{u}_{g=1,j,k,v}}{\hat{u}_{g=2,j,k,v}} \quad (6)$$

Si así se desea, se puede promediar esta estimación de alta resolución de capturabilidad relativa sobre meses y zonas para producir estimaciones anuales y regionales de q (ver ecuaciones (4) y (5) para ejemplos de promediar por año y región). El esquema de *bootstrap* antes descrito puede también ser usado para cuantificar incertidumbre y corregir los sesgos en estimaciones de capturabilidad relativa. Para esto se modifica el Paso 4 del esquema de *bootstrap* para incluir una estimación de q durante cada prueba de *bootstrap*.

Usamos un subconjunto de los datos para estimar la capturabilidad relativa de atún patudo por artes palangreras “profundas”. Suzuki *et al.* (1977) definieron palangres “regulares” como aquéllos con 4-6 brazoladas entre flotadores (< 7 anzuelos por canasta); se definieron palangres con más de 10 brazoladas entre flotadores (> 10 anzuelos por canasta) como palangres profundos. Calculamos la CPUE (captura en número por 10.000 anzuelos) de atún patudo en cuadrángulos de 5° de latitud por 5° de longitud en el OPO para cada mes entre enero de 1975 y diciembre de 1985, y usamos anzuelos por canasta (APC) como quinta variable predictora en un árbol de regresión. Cada observación de CPUE fue clasificada como de palangre regular o profundo, de conformidad con las definiciones de Suzuki *et al.* (1977). No se incluyeron en el análisis observaciones de CPUE de palangres con 7-9 APC. Desde enero de 1975 hasta diciembre de 1985, la flota palangrera japonesa redujo su uso de palangres regulares a favor de palangres profundos, particularmente en latitudes bajas (Miyabe y Bayliff, 1987; Nakano y Bayliff, 1992). De los datos disponibles para el estudio de CPUE de la flota palangrera japonesa, se considera APC la mejor variable para representar la profundidad de pesca (Suzuki *et al.*, 1977; Punsly y Nakano, 1992).

Otras estratificaciones espaciales

Usamos un algoritmo de templado simulado para ilustrar cómo series de tiempo por zona de índices de abundancia basados en árboles podrían identificar regiones con tendencias temporales similares en la abundancia de patudo. Para esta aplicación, el templado simulado es un método para buscar al azar por espacio de latitud y longitud para encontrar una división independiente del tiempo de la zona al este de 180°O. Nótese que esto es de desear porque, en la práctica, las interacciones complejas definidas por un árbol imposibilitan desarrollar una división del espacio independiente del tiempo. Press *et al.* (1986) presentan una descripción general del templado simulado.

Encontramos una configuración de los 80 cuadrángulos de 5° por 10° en los datos de patudo que maximizaban la “conectividad” dentro de regiones de los cuadrángulos miembros. Se midió la conectividad a partir del árbol podado. Se definió la conectividad (r) como la fracción de tiempo, de los 360 meses entre enero de 1963 y diciembre de 1992, durante la cual los índices de abundancia mensuales entre los dos cuadrángulos a y b eran iguales.

$$r_{a,b} = \left(\sum_{j=1963}^{1992} \sum_{k=1}^{12} I_{a,b} \right) / 360, \quad (7)$$

donde

$$I_{a,b} = \begin{cases} 1 & \text{si } \hat{u}_{j,k,a} = \hat{u}_{j,k,b} \text{ para } a \neq b; \\ 0 & \text{en caso contrario.} \end{cases} \quad (8)$$

El algoritmo de templado tiene siete pasos.

1. Asignar todos los cuadrángulos de 5° por 10° al azar entre un número dado de regiones más grandes (se fijó el número de regiones para un problema de optimización dado) y calcular el valor inicial de la función objetivo (más adelante se define esta función).
2. Seleccionar al azar un solo cuadrángulo, y seleccionar al azar una región que no sea la región que contiene el cuadrángulo seleccionado.
3. Si al menos un miembro de la región seleccionada es vecino del cuadrángulo seleccionado, reasignar provisionalmente el cuadrángulo seleccionado a la región seleccionada y calcular un nuevo valor para la función objetivo.
4. Usando el algoritmo de Metrópolis (descrito más adelante), comparar los dos valores más recientes de la función objetivo.
5. Si el algoritmo de Metrópolis “acepta” la reasignación regional, actualizar las definiciones regionales.
6. Reducir la “temperatura” (una constante, t) del algoritmo de Metrópolis tras cada actualización.
7. Continuar desde el Paso 1 hasta que el algoritmo de Metrópolis no acepte más reasignaciones regionales.

La función objetivo para el templado era

$$p = \exp\left(\frac{E_{new} - E_{old}}{t}\right), \quad (9)$$

donde

$$E = \frac{\sum_{d=1}^{80} C_d}{80}, \quad (10)$$

y

$$C_d = \frac{\sum_{a,b \in \text{región elegida}} r_{a,b}}{\text{número de cuadrángulos en la región elegida}}. \quad (11)$$

Se procesó el algoritmo de Metrópolis en tres pasos.

1. Seleccionar un número aleatorio U de una distribución uniforme en el intervalo $[0,1]$.
2. Aceptar una actualización regional si $p > U$.
3. Reducir t por 0,1% para cada aceptación (valor inicial de $t = 0,1$).

Nuestro algoritmo de templado fue diseñado para determinar los límites de un número de regiones dado (es decir, maximizamos p para un número de regiones dado); no fue diseñado para encontrar el número óptimo de regiones. Usamos por lo tanto un método *ad hoc* de determinar el número apropiado de regiones para describir la conectividad en las series de tiempo por zona de índices de abundancia basados en un árbol. Determinamos el número apropiado de regiones estimando el incremento marginal en E para varios números de regiones. Cuando había una sola región, $E = 0,22$. El

incremento marginal en E disminuyó hacia una asíntote a medida que se incrementó el número de regiones, y consideramos el número apropiado de regiones ser aquel número de regiones donde el incremento marginal en $E = 0,1 \cdot E_{\text{sola región}}$ (incremento marginal en $E = 0,02$). Este criterio de selección es arbitrario, y se podrían aplicar otros criterios a los resultados de nuestro algoritmo de templado.

RESULTADOS

Un árbol para CPUE de patudo

En la Figura 1 se ilustran los resultados de ajustar un árbol de regresión a los datos de patudo. En el Recuadro A se presenta la topología de un árbol completamente crecido; este árbol tenía 635 bifurcaciones binarias. En el Recuadro B se ilustra el proceso de podar el árbol completamente crecido mediante validación cruzada y la aplicación de la regla de 1-SE. En el Recuadro C se presenta la topología del árbol podado; tenía 139 bifurcaciones y la estimación proveniente de validación cruzada de R^2 fue aproximadamente 31%. Nótese que el árbol podado tenía la misma topología básica que el árbol completamente crecido. El podar corta solamente las ramas más bajas de un árbol de regresión, y árboles podados son modelos encajados en árboles completamente crecidos. Se dibujaron los árboles en los Recuadros A y C de tal forma que la longitud de las ramas es proporcional a la variabilidad explicada por cada bifurcación. El espacio no fue suficiente para colocar leyendas en el árbol del Recuadro C, pero las tres bifurcaciones con las ramas más largas correspondían a año, longitud, y latitud. Estas tres bifurcaciones explicaron, respectivamente, un 4,5%, 3,1%, y 3,1% de la variación total en la CPUE de patudo.

En el Recuadro D de la Figura 1 se presenta un “recorte” del árbol podado. Este recorte ilustra cómo leer el árbol. Cada bifurcación es una prueba de Boole de una de las variables predictoras. Un resultado verdadero envía la observación por la rama izquierda de una bifurcación, y uno falso la envía por la derecha. A partir del recorte, se puede ver que la CPUE esperada en enero de 1963 en 15°S, 100°O era 108,7 atunes patudo por 10.000 anzuelos. El recorte demuestra también que todas las cuatro variables predictoras fueron útiles para explicar la variación en la CPUE de patudo. Nótese que los dos nodos más a la izquierda y el nodo más a la derecha en el Recuadro D no son terminales (se recortó el resto del árbol).

Se visualizaron los efectos de tiempo y zona que interactúan sobre la abundancia del patudo graficando la serie de tiempo de 360 meses de índices de abundancia por zona de la ecuación (3) en cada uno de los 80 cuadrángulos de 5° por 10° en los que pescó la flota palangrera japonesa (Figura 2). En general, la variabilidad estacional en el índice de abundancia fue amplificado al norte de aproximadamente 20°N y al sur de aproximadamente 20°S. Este resultado fue aparente a partir del aumento en la variación de alta frecuencia en la CPUE en esas latitudes. Muchas de las series de tiempo incluyeron también un índice de abundancia relativamente alto en 1963 y que disminuyó a niveles más bajos durante los 3 a 5 años siguientes. Una tercera característica prominente en las series de tiempo fue la presencia de un pico positivo en la CPUE a mediados de los años 80. Este pico fue máximo cerca de la costa, y su amplitud disminuyó más al oeste.

La mayoría de los residuales grandes del árbol podado fueron positivos (Figura 3). Definimos un residual grande como un residual que parece caer afuera de la banda principal de puntos centrada en cero. Graficar residuales del árbol podado sirvió para indicar dónde (en tiempo y espacio) el árbol podado no se ajustaba a los datos de CPUE. La mayoría de los residuales grandes ocurrió al borde oriental de la zona de pesca, frente a las costas de Colombia y Ecuador (Figura 3). A pesar de esta falta de ajuste localizada en esa región, un árbol de regresión independiente ajustado a los residuales cuadrados no indicó que los errores fueran heteroescdásticos.

Índices regionales de abundancia

La serie de tiempo de índices regionales de abundancia para el OPO (de la ecuación (5)) mostró características presentes en la serie de tiempo de mayor resolución antes comentada (Figura 4). El índice de abundancia del OPO disminuyó de un nivel alto en 1963 y se incrementó marcadamente a mediados de los años 80 (Figura 4). Los intervalos de confianza de *bootstrap* para los índices de abundancia del OPO fueron estrechos (Figura 4), indicando que la disminución inicial y el pico a mediados de los años 80 en las CPUE de patudo eran genuinos.

Palangres profundos y regulares

El número de anzuelos por canasta no sirvió para describir la variación en la CPUE de patudo durante la mayor parte del período desde enero de 1975 hasta diciembre de 1985 (Figura 5). Dicha variable fue una fuente importante de variación en la CPUE solamente durante junio, julio, y diciembre de 1977, al sur de 20°N entre 125°O y 140°O (Figura 5). Durante estos meses, y en esta zona, el atún patudo fue unas tres veces más capturable con palangres profundos que con palangres regulares (compárense CPUE medias de 58,0 y 170,0 en los nodos terminales séptimo y octavo del árbol graficado en la Figura 5).

Templado simulado

Tras estimar las conectividades entre cuadrángulos a partir de los resultados graficados en la Figura 2, templar el espacio con varios números de regiones, y tras aplicar nuestra regla *ad hoc* de interrupción, dividimos el espacio definido por los datos de ejemplo en nueve regiones (Figura 6). Las regiones en la Figura 6 definen grupos de cuadrángulos de 5° by 10° cuyas series de tiempo de índices mensuales de abundancia basados en árboles están "conectadas." Bandas longitudinales y latitudinales ocurrieron en la medida de conectividad. Longitudinalmente, la diferencia más marcada fue entre las series de tiempo a cada lado del meridiano de 150°O. Al este de ese meridiano apareció generalmente un pico positivo en el índice de abundancia a mediados de los años 80; este pico estuvo reducido o ausente al oeste de 150°O (Figura 2). Las bandas latitudinales resultaron aparentemente de diferencias latitudinales en la amplitud de tendencias estacionales de alta frecuencia en el índice de abundancia. Tómese en cuenta que la señal estacional se incrementó al norte de 20°N y al sur de 20°S (Figura 2).

DISCUSION

Índice de alta resolución de abundancia de patudo

A mediados de los años 80 ocurrió un aumento rápido en el índice de abundancia de patudo en gran parte de las zonas de pesca (Figura 2). Este pico positivo merece atención porque, en el OPO, las CPUE del atún aleta amarilla (*Thunnus albacares*) en las pesquerías cerquera (CIAT, 1998) y palangrera (Punsly y Nakano, 1992) también se incrementaron marcadamente a mediados de los años 80. Estos incrementos casi simultáneos en los índices de abundancia estimados para las dos especies (aleta amarilla y patudo) de dos flotas pesqueras (cerquera y palangrera) sugieren que un solo fenómeno a gran escala actuó para aumentar el reclutamiento o la capturabilidad de ambas especies a mediados de los años 80. Notamos que ocurrió un fuerte evento de El Niño durante 1982-83, pero en la actualidad no podemos decir si este evento causó el pico en los tres índices de abundancia de 2 a 3 años después.

Para el aleta amarilla, los análisis de cohortes indican que las CPUE mayores a mediados de los años 80 estaban en parte relacionadas con aumentos reales en la fuerza de las clases anuales (CIAT,

1998). Aunque existe una incertidumbre considerable con respecto a las evaluaciones de stock para el atún patudo (CIAT, 1998), es posible que los picos de CPUE graficados en la Figura 2 fueron también causados por un pulso en el reclutamiento. Esta interpretación haría que fuesen mutuamente consistentes los patrones del aleta amarilla y el patudo, pero hay una diferencia importante entre estas dos especies. Desde mediados de los años 80 el aleta amarilla ha sostenido niveles altos de reclutamiento; este no ha sido, necesariamente, el caso para el patudo (CIAT, 1998).

Naturalmente, es posible que el pico en el índice de abundancia del patudo se deba a que estos peces hayan sido, temporariamente, más vulnerables al palangre. De ser éste el caso, sospechamos que una variable predictora importante fue excluida de nuestro árbol de regresión. Esto parece posible dado que el árbol podado explicó tan sólo el 31% de la variación en la CPUE de patudo. Nótese, sin embargo, que las CPUE de atún son generalmente altamente variables, y los modelos que conocemos de otras regiones tienen valores de R^2 entre un 10% y 60%. Pese a los valores aparentemente bajos de R^2 , el gran tamaño de las muestras incluidas en el análisis de las CPUE de atún resulta a menudo en índices precisos de la abundancia. No sabemos cuál(es) variable(s) adicional(es) debería(n) incluirse en el árbol de regresión para explicar una proporción mayor de la variación en la CPUE de patudo. Se considera generalmente que la pesca a profundidad ejerce un efecto sobre la capturabilidad de patudo, pero no encontramos que APC fuese variable predictora útil. (Ver mayor discusión bajo el tema de palangres profundos y regulares.)

Por aparte, merece la pena reconocer que muestras grandes actúan para reducir las estimaciones de error estándar y estrechan las bandas de confianza alrededor de los índices de abundancia. Esto es importante ya que aún cuando los valores de R^2 son relativamente bajos es posible detectar cambios estadísticamente significativos en el índice de abundancia. Bajo estas condiciones es importante reconocer que se deberían buscar cambios biológicamente importantes, más que estadísticamente significativos, en el índice de abundancia. Creemos que el pico en el índice de abundancia de patudo a mediados de los años 80 es de magnitud suficiente para ser considerado biológicamente significativo. Opinamos igual sobre los dos puntos siguientes.

Las series de tiempo mensuales de los índices de abundancia de patudo poseen dos otras características importantes (Figura 2). La disminución inicial en la CPUE observada en la mayoría de las series de tiempo podría haber resultado de la expansión general de oeste a este de la pesquería palangrera japonesa. La expansión espacial de la pesquería es descrita en detalle por Miyabe y Bayliff (1987) y Nakano y Bayliff (1992). Estos autores observaron que, antes de 1962, menos del 20% de los anzuelos calados por palangreros japoneses pescando en el Océano Pacífico fueron calados en el OPO. A partir de 1962, el porcentaje de anzuelos calados en el OPO aumentó constantemente y alcanzó el 50% del esfuerzo total en el Pacífico durante 1987.

La otra característica ilustrada en la Figura 2 es la variación estacional en el índice de abundancia de patudo en los márgenes septentrional y meridional de las zonas de pesca. Miyabe y Bayliff (1987) y Nakano y Bayliff (1992) también reconocieron este ciclo estacional. La variación estacional en el índice de abundancia de patudo podría resultar de cambios en la capturabilidad y de expansiones y contracciones latitudinales de la distribución de la especie en el Océano Pacífico central y oriental. Estos dos mecanismos son consistentes con lo expresado por Fonteneau (1998). Fonteneau notó que los márgenes septentrional y meridional de las zonas de pesca son zonas de alimentación, y que los patudos entran y salen regularmente de estas zonas. La alimentación podría causar variación estacional en la capturabilidad, y los desplazamientos podrían causar las expansiones y contracciones latitudinales de la distribución del patudo.

Ocurrieron muchos residuales grandes y positivos en el margen oriental de las zonas de pesca frente a las costas de Colombia y Ecuador (Figura 3). No podemos explicar esta falta de ajuste local, pero notamos que Miyabe y Bayliff (1998) también descubrieron CPUE inesperadamente altas en esta zona.

Índice del OPO: comparación de índices basados en árboles con índices basados en MLG y MHA

El índice de abundancia de patudo en el OPO basado en árboles (de la ecuación (5)) mostró una tendencia similar a la del índice basado en MLG presentado por Tomlinson (1998) (Figura 7). A pesar de este parecido, el índice basado en MLG estimó abundancias marginalmente mayores durante 1975-1980 que el índice basado en árboles. No podemos explicar del todo esta contradicción. Nuestra serie basada en árboles no incluye un efecto de APC, a diferencia del índice basado en MLG. Sin embargo, no creemos que incluir un efecto de APC en el índice basado en árboles incrementaría significativamente la similitud entre las dos series de tiempo. Dado el árbol de regresión graficado en la Figura 5, incluir un efecto de APC en el índice basado en árboles cambiaría la comparación solamente durante 1977.

El árbol podado ilustrado en el Recuadro C de la Figura 1 describe cómo interactúan zona y tiempo para afectar la CPUE de patudo con menos parámetros de lo posible con un MLG. El árbol podado tiene 139 parámetros (Tabla 1). Habrían más de 400 parámetros en un MLG ajustado a los datos de patudo con contrastes de tratamiento (variables indicadoras para cada nivel de año y mes) e interacciones de primer orden entre todos los cuatro efectos principales (Tabla 1). Se podría reducir el número de parámetros en un MLG de este tipo si se eliminaran del modelo los parámetros estadísticamente insignificantes. Nótese, sin embargo, que nunca hemos visto un análisis de CPUE basado en MLG en el cual se realizaron pruebas de hipótesis para evaluar la significación de cada parámetro involucrado en una interacción. Solamente hemos visto análisis en los cuales se realizaron pruebas de hipótesis para evaluar la significación del término de interacción general. Esto sugiere que efectuar pruebas de hipótesis, por parámetros individuales, de los componentes de interacción en un MLG grande es difícil con los programas de computadora actuales. Se podría también reducir el número de parámetros en un MLG combinando los meses en cuatro trimestres, pero aún así habrían 186 parámetros en esta reparametrización (Tabla 1). El número de parámetros en un MLG sería todavía mayor si se modelaran interacciones de orden más alto, y nótese que el árbol podado en la Figura 1 (Recuadro C) describe interacciones de cuarto orden. Por lo tanto, los árboles de regresión pueden ser más fáciles de ejecutar y más parsimoniosos que los MLG en situaciones donde dominan interacciones predictoras. Creemos que las interacciones espacio-tiempo son fuentes importantes de variabilidad en las CPUE de muchas pesquerías, y recomendamos que se exploren las interacciones con árboles de regresión antes de adoptar el método de MLG.

La tendencia en nuestros índices basados en árboles para el patudo del OPO fue también similar a, pero menos variable que, dos tendencias basadas en MHA presentadas en Hampton *et al.* (1998) (Figura 7). El MHA no es un modelo estadístico ajustado a las CPUE observadas; es un método empírico para ajustar las CPUE usando conocimientos o supuestos previos sobre la fisiología, ecología, o comportamiento de los peces que se estudian (Hinton y Nakano, 1996). Como tal, es difícil comparar nuestro árbol de regresión y el método de MHA en términos del número de parámetros que se requeriría para ajustar los datos en el ejemplo de patudo. Nótese, sin embargo, que los MHA requieren más datos que los árboles de regresión. El método de MHA requiere: 1) una estimación, independiente de captura y esfuerzo, de la distribución espaciotemporal de la población, definida por datos fisiológicos, ecológicos, o de comportamiento (por ejemplo, datos de marcas sónicas); 2) una estimación de la distribución espaciotemporal de condiciones oceanográficas (es decir, la distribución de limitaciones fisiológicas, ecológicas, o de comportamiento); 3) una estimación de la distribución del esfuerzo nominal de pesca en relación con estas condiciones oceanográficas; y 4) la captura total conseguida por ese esfuerzo (Hinton y Nakano, 1996). Con respecto a los MHA, los árboles de regresión son “ventajosos” en el sentido que solamente requieren información sobre la distribución de captura y esfuerzo. Parece por lo tanto a partir de nuestro análisis que los árboles de regresión necesitan menos información para lograr resultados similares. Los árboles de regresión están, sin embargo, “desventajados” con respecto a los

MHA en el sentido que los árboles no proporcionan información directa sobre los mecanismos que causan que la CPUE varíe en tiempo y espacio. Nuestros resultados sugieren que al elegir entre árboles de regresión y MHA se elige entre reducir la cantidad de datos requeridos y mantener el realismo en la descripción mecanística del proceso. La decisión de aplicar árboles de regresión o MHA se debería basar probablemente en los objetivos científicos de interés. Los dos modelos son, sin embargo, complementarios. Por ejemplo, si un MHA es sensible a hipótesis competidoras sobre las preferencias de hábitat de los peces, los resultados de un árbol podrían indicar si una de estas hipótesis es más verosímil.

Capturabilidad de atún patudo con palangres profundos

Se considera generalmente que el atún patudo es más capturable con palangres profundos que con palangres regulares. Esta idea es apoyada por dos conjuntos de observaciones. En primer lugar, con más anzuelos entre flotadores, la geometría de una curva catenaria indica que los palangres profundos deberían calar anzuelos a profundidades mayores que los palangres regulares (Suzuki *et al.* 1977). Por consiguiente, los palangres profundos deberían ser más eficaces pescando en aguas con temperaturas relativamente bajas y concentraciones elevadas de oxígeno disuelto (OD). En segundo lugar, la amplia evidencia de datos fisiológicos (ver resumen en Brill, 1994), de CPUE (Saito, 1975; Suzuki *et al.*, 1977; Suzuki y Kume, 1982; Hanamoto, 1987; Boggs, 1992; Nakano *et al.*, 1997), y rastreo sónico (Holland *et al.*, 1990; Holland y Sibert, 1994) indica que el patudo está adaptado a y, en cierto grado, prefiere aguas de temperatura relativamente baja y OD elevado.

A pesar de la preponderancia de evidencia que sugiere que el patudo debería ser más capturable con palangres profundos, descubrimos que, en el OPO, APC no fue muy útil para explicar variación en la CPUE de patudo. Interpretamos esta discrepancia como indicación de que APC no es una buena medida de profundidad de captura. Solamente los anzuelos en el centro de una canasta de palangre profundo pescan a mayor profundidad que los anzuelos en palangres regulares. Adicionalmente, un palangre no cuelga siempre en una curva catenaria estática mientras deriva (Suzuki y Kume, 1982; Boggs, 1992; Mizuno *et al.*, 1997). La geometría de un palangre puede ser significativamente alterada por interacciones entre corrientes y la orientación del palangre (Mizuno *et al.*, 1997). Oscilaciones laterales en la línea madre pueden también causar oscilaciones verticales en la profundidad de los anzuelos (Mizuno *et al.*, 1997). En el OPO, es posible que los palangres profundos no capturen consistentemente más patudo que los palangres regulares porque hay muchas circunstancias en las que las condiciones físicas causan que el arte profunda pesque a menor profundidad de lo que se esperaría a partir de la geometría catenaria. Esta opinión es compartida por Miyabe y Bayliff (1998) y es consistente con los resultados presentados por Boggs (1992). Boggs (1992) observó que cerca de Hawaii se captura a veces patudo durante el calado y cobrado del aparejo de pesca. Estas observaciones proporcionan mayor evidencia de que APC puede sobreestimar la profundidad de captura. Boggs (1992) también tuvo dificultad en encontrar una relación entre abundancia relativa y profundidad cuando usó APC como sustituto de profundidad.

Nuestros resultados son asimismo consistentes con los de Suzuki y Kume (1982) y Hampton *et al.* (1998). Suzuki y Kume (1982) demostraron que series de tiempo de CPUE de palangres profundos y regulares usados en el OPO a menudo se cruzaban durante la segunda mitad de la década de los 70. Estas intersecciones indican que los palangres profundos no eran ni más ni menos eficaces consistentemente para capturar patudo que los palangres regulares durante ese período. Hampton *et al.* (1998) pronosticaron que la diferencia relativa en el poder de pesca entre estas dos configuraciones de palangre sería menor en el OPO que en el Pacífico occidental y central. Esta predicción fue hecha a partir de un MHA y se basó en el descubrimiento de que la capa de temperatura óptima para el patudo es menos profunda en el OPO que en el Pacífico occidental y central.

Dada la importancia potencial de la oceanografía en la determinación de la eficacia de palangres

regulares y profundos, se podría esperar ver una señal de El Niño en una serie de tiempo de capturabilidad relativa. Es posible que el patudo sea relativamente más capturable con palangre regular cuando la termoclina y oxiclina estén a menor profundidad. A la inversa, es posible que el patudo sea relativamente más capturable con palangre profundo cuando la termoclina y oxiclina estén a mayor profundidad. En el OPO, estas condiciones oceanográficas ocurren, respectivamente, durante años de La Niña y El Niño. Sin embargo, a la escala espacial y temporal de los datos sobre el patudo, nuestros resultados no apoyan la hipótesis de que los eventos de La Niña y El Niño afectan el poder de pesca relativo de los palangres profundo y regular. El período para el cual buscamos un efecto de APC (1975-1985) incluye señales de La Niña (1975) y El Niño (1982-83). Ninguno de estos dos eventos pareció afectar la capturabilidad relativa del atún patudo en la pesquería palangrera japonesa; descubrimos que APC fue importante solamente durante 1977 (Figura 5).

Otros comentarios sobre los árboles de regresión

Se pueden usar los árboles de regresión para predecir un índice de abundancia para zonas que carecen de esfuerzo de pesca (ver Métodos). Inferencias acerca de la abundancia relativa en zonas no pescadas son motivo de debate serio sobre la evaluación del atún aleta azul del sur (*Thunnus maccoyii*) (CCSBT, 1997). El debate se centra en si se debería usar la CPUE media o cero para estimar la abundancia relativa en zonas no pescadas y, si se usa el promedio, cuáles son los métodos adecuados (CCSBT, 1997). Los árboles de regresión brindan una salida en este debate. Las predicciones del árbol se basan en el promedio de las CPUE de zonas vecinas y períodos vecinos. Creemos que este método es razonable cuando una falta de esfuerzo de pesca causa discontinuidades en la serie de tiempo original de la CPUE. Notamos, sin embargo, que esto puede ser un método peligroso y reconocemos que una falta de esfuerzo de pesca podría indicar una falta de pescado. Se pueden usar gráficos tales como la Figura 2 para determinar de forma visual cuáles zonas y períodos vecinos usar para predecir el índice de abundancia en esas discontinuidades. Por ejemplo, la serie de tiempo en los dos cuadrángulos centrados en 17,5°S, 125°O y 17,5°S, 115°O son más similares a sus vecinos al norte que entre sí. Dada la naturaleza de los árboles de regresión, se podrían hacer predicciones para zonas totalmente no pescadas, pero no creemos que sean apropiadas predicciones de este tipo.

Nuestros métodos simples de promediar los nodos terminales de un árbol podado para formular índices de abundancia anuales (ecuación (4)) y regionales (ecuación (5)) funcionan bien para los datos de palangreros japoneses, pero notamos que nuestro esquema de promediar podría no ser apropiado para otras pesquerías. Los datos de palangreros japoneses están basados en un "diseño experimental" relativamente bien balanceado, pero es posible que no valga lo mismo para los datos de CPUE de otras pesquerías. Si el diseño experimental es menos balanceado que aquél de los datos de palangreros japoneses, creemos que en muchos casos se pueden usar promedios adecuadamente ponderados para estimar índices de abundancia. Por ejemplo, consideremos un conjunto de datos de CPUE con dos flotas. Si el árbol resultante se bifurca en el predictor de flota, se puede promediar los nodos terminales del árbol usando ponderaciones proporcionales a la cantidad de esfuerzo de pesca contenida en cada nodo terminal. En esta situación, la flota que ejerció el mayor esfuerzo de pesca tendría la mayor influencia sobre el índice de abundancia estimado. Si hay ocasiones en las que una de las dos flotas no ejerce esfuerzo de pesca, se pueden delimitar los resultados posibles de un promedio de las dos flotas. Se puede obtener un índice de abundancia relativamente pequeño suponiendo que la CPUE hubiera sido cero para la flota que no pescó. Se puede obtener un índice de abundancia relativamente grande pronosticando una CPUE para la flota que no pescó.

Cuando el diseño experimental no está bien balanceado, es necesario ser cauteloso al interpretar las bifurcaciones en los árboles de regresión. Por ejemplo, si en nuestra pesquería hipotética de dos flotas la Flota 1 pescó durante 1980-1985 y la Flota 2 pescó durante 1985-1990, se podría interpretar una bifurcación sobre año como bifurcación sobre flota (y viceversa). Afortunadamente, este tipo de

patología es fácil de identificar mediante análisis exploratorios de los datos. Se puede usar el producto de la biblioteca RPART de funciones de modelado con árbol para evaluar si cada bifurcación tiene un "suplente" que explica la misma cantidad de variación en la CPUE.

Hemos descrito un método que no depende de supuestos distribucionales para crecer y podar árboles, pero los árboles de regresión pueden ser ajustados bajo varios supuestos distribucionales. Clark y Pregibon (1993) propusieron la idea de un "modelo generalizado basado en árboles" en el cual se podía determinar las bifurcaciones con funciones de desviación basadas en cualquier miembro de la familia de distribuciones exponenciales. No hemos explorado estos métodos, pero notamos que sería deseable considerar mezclas de distribuciones (es decir, la capacidad de tratar ceros extra en los datos de CPUE) al desarrollar funciones de desviación apropiadas. Usamos una definición imprecisa de "residual grande" para ser consistentes con el método no paramétrico de ajustar el árbol del patudo, pero esto no hubiera sido necesario de haberse asumido una distribución de errores. Consideramos la aplicación de modelos generalizados basados en árboles al análisis de las CPUE como tema para un trabajo futuro.

Otro tema merece mención. Breiman *et al.* (1984) también desarrollaron métodos para crecer y podar árboles de regresión minimizando la suma de desviaciones absolutas de las medianas de los nodos. Breiman *et al.* (1984) compararon las regresiones de desviación absoluta mínima y de sumas de cuadrados, pero sus resultados fueron equívocos. Sería interesante comparar estos dos métodos para modelar los datos de CPUE.

Estratos espaciales para programas de muestreo futuros

Es importante reiterar porqué es deseable un templado de los resultados de un árbol de regresión. Dado que la mayoría de los árboles de regresión ajustados a datos de CPUE implican interacciones complejas entre tiempo y espacio, no es posible definir estratos espaciales independientes de tiempo directamente del árbol. Es cualquier momento dado, las CPUE en cuadrángulos vecinos podrían ser o no ser similares. Por consiguiente, para poder desarrollar una división regional de las zonas de pesca, hace falta un algoritmo para medir la conectividad entre series de tiempo enteras de índices de abundancia vecinos.

Un aspecto interesante de nuestro templado con nueve regiones es el límite en 150°O (Figura 6). La mezcla limitada de atún aleta amarilla a través del meridiano de 150°O (CIAT 1998) es una razón por la cual se usa este meridiano como límite occidental del OPO. Es posible que este límite valga también para el patudo. Durante períodos específicos, nuestros resultados sugieren posiblemente que las tendencias en la abundancia de patudo podrían ser diferentes dentro y fuera del OPO. Es necesario más trabajo para resolver esta cuestión, pero notamos que, a mediados de los años 80, el pico positivo en la abundancia relativa de patudo fue más prominente al este que al oeste de 150°O (Figura 2).

Consideramos que el templado simulado es una herramienta valiosa para desarrollar programas de muestreo futuros. Hubo recientemente mucho interés en diseñar un experimento de marcado para estimar las tasas de desplazamiento y mortalidad natural del atún patudo (Deriso *et al.*, 1998). Nuestro templado con nueve regiones brinda una posibilidad para estratificar los esfuerzos de marcado y de recaptura también. Se podría potencialmente distribuir las marcas entre las nueve regiones a fin de reducir la variación en las estimaciones de desplazamiento y mortalidad natural.

Finalmente, quisiéramos agregar tres comentarios. En primer lugar, se podría usar una medida de conectividad diferente para templar los resultados de los árboles de regresión. Exploramos esta posibilidad templando los coeficientes de correlación y obtuvimos resultados similares a, pero no exactamente iguales que, aquéllos comentados previamente. En segundo lugar, se podrían usar otros métodos que el templado simulado (por ejemplo, análisis de conglomerados) para estudiar similitudes (diferencias) espaciales en series de tiempo de índices de abundancia basados en árboles. La comparación de estos métodos con el de templado es otro tema para un estudio futuro. En tercer lugar, si se piensa usar tem-

plado simulado para diseñar programas de muestreo futuros (por ejemplo, estudios de marcado), nuestro método *ad hoc* de determinar un número apropiado de regiones podría ser reemplazado con un método más considerado. Sería interesante encontrar una estratificación regional apropiada basada en los costos de muestreo. Se podría hacer modelando el costo del programa de muestreo proyectado como función del número de regiones templadas y determinando un presupuesto para el programa. Luego, en lugar de considerar aumentos marginales en la conectividad total (como en nuestro método *ad hoc*), se podría considerar el costo de un esquema de estratificación relativo a los gastos proyectados.

RECONOCIMIENTOS

Los comentarios de A. Anganuzzi, M. Hinton, y P. Tomlinson mejoraron este manuscrito. Agradecemos a P. Tomlinson las series de tiempo de índices de abundancia de patudo basadas en MLG y a J. Hampton, K. Bigelow, y M. Labelle las series de tiempo basadas en MHA. Agradecemos las revisiones internas de W. Bayliff, M. Hinton, y C. Lennert-Cody, y las externas de J. Hampton, G. Kirkwood, y S.J. Smith.

REFERENCES—REFERENCIAS

- Akaike, H. 1974. A new look at statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19:716-723.
- Allen, R., and R. Punsly. 1984. Catch rates as indices of abundance of yellowfin tuna, *Thunnus albacares*, in the eastern Pacific Ocean. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 18(4):301-379.
- Boggs, C. H. 1992. Depth, capture time, and hooked longevity of longline-caught pelagic fish: timing bites of fish with chips. *Fishery Bulletin, U.S.*, 90(4):642-658.
- Breiman, L., J. H. Friedman, R. A. Olshen, and C. J. Stone. 1984. *Classification and Regression Trees*. Chapman & Hall, New York.
- Brill, R. W. 1994. A review of temperature and oxygen tolerance studies of tunas pertinent to fisheries oceanography, movement models and stock assessments. *Fisheries Oceanography*, 3(3):204-216.
- CCSBT (Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna). 1997. Report of the third scientific committee meeting. CCSBT, Canberra, Australia.
- Clark, L. A., and D. Pregibon. 1993. Tree-based models. Pages 377-419 *in* J. M. Chambers and T. J. Hastie, editors. *Statistical Models in S*. Chapman & Hall, New York.
- Crawford, S. L. 1989. Extensions to the CART algorithm. *International Journal of Man-Machine Studies*, 31:197-217.
- Deriso, R. B., W. H. Bayliff, and N. J. Webb (editors). 1998. Proceedings of the first world meeting on bigeye tuna. *Inter-American Tropical Tuna Commission Special Report*, 9:292 pp.
- Efron, B. 1982. *The Jackknife, the Bootstrap and Other Resampling Plans*. Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, Pennsylvania.
- Evans, G. W., M. L. Smith, M. A. Espeland, L. D. Case, T. E. Craven. 1991. Cross-validation vs. bootstrap estimates of excess error in CART. Pages 224-226 *in* American Statistical Association, Proceedings of the Statistical Computing Section. American Statistical Association, Alexandria, Virginia.
- Fonteneau, A. 1998. A comparison of bigeye stocks and fisheries in the Atlantic, Indian, and Pacific Oceans. *Inter-American Tropical Tuna Commission Special Report*, 9:190-211.
- Gavaris, S. 1980. Use of a multiplicative model to estimate catch rate and effort from commercial data. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37(12):2272-2275.
- Hampton, J., K. Bigelow, and M. Labelle. 1998. Effect of longline fishing depth, water temperature and dissolved oxygen on bigeye tuna (*Thunnus obesus*) abundance indices. Working Paper 17 from the Eleventh Meeting of the Standing Committee on Tuna and Billfish, Secretariat of the Pacific Commission, Noumea, New Caledonia.
- Hanamoto, E. 1987. Effect of oceanographic environment on bigeye tuna distribution. *Bulletin of the Japanese Society of Fisheries Oceanography*, 51(3):203-216.
- Hinton, M. G., and H. Nakano. 1996. Standardizing catch and effort statistics using physiological, ecological, or behavioral constraints and environmental data, with an application to blue marlin (*Makaira nigricans*) catch and effort data from Japanese longline fisheries in the Pacific. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 21(4):169-200.

- Holland, K. N., R. W. Brill, and R. K. C. Chang. 1990. Horizontal and vertical movements of yellowfin and bigeye tuna associated with fish aggregating devices. *Fishery Bulletin, U.S.*, 88(3):493-507.
- Holland, K. N., and J. R. Sibert. 1994. Physiological thermoregulation in bigeye tuna, *Thunnus obesus*. *Environmental Biology of Fishes*, 40(3):319-327.
- IATTC (Inter-American Tropical Tuna Commission). 1998. Annual report of the Inter-American Tropical Tuna Commission, 1996. 306 pp.
- MathSoft, Inc. 1997. S-Plus 4 Guide to Statistics. Data Analysis Products Division, MathSoft, Seattle.
- Miyabe, N., and W. H. Bayliff. 1987. A review of the Japanese longline fishery for tunas and billfishes in the eastern Pacific Ocean, 1971-1980. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 19(1):1-163.
- Miyabe, N., and W. H. Bayliff. 1998. A review of information on the biology, fisheries, and stock assessment of bigeye tuna, *Thunnus obesus*, in the Pacific Ocean. *Inter-American Tropical Tuna Commission Special Report*, 9: 129-170.
- Mizuno, K., M. Okazaki, H. Nakano, and H. Okamura. 1997. Estimation of underwater shape of tuna longline by using micro-BTs. *Bulletin of the National Research Institute of Far Seas Fisheries*, 34:1-24 (in Japanese with English abstract, figures, and tables).
- Nakano, H., and W. H. Bayliff. 1992. A review of the Japanese longline fishery for tunas and billfishes in the eastern Pacific Ocean, 1981-1987. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 20(5):183-355.
- Nakano, H., M. Okazaki, and H. Okamoto. 1997. Analysis of catch depth by species for tuna longline fishery based on catch by branch lines. *Bulletin of the National Research Institute of Far Seas Fisheries*, 34:43-62.
- Norcross, B. L., F.-J. Múter, and B. A. Holladay. 1997. Habitat models for juvenile pleuronectids around Kodiak Island, Alaska. *Fishery Bulletin, U.S.*, 95(3):504-520.
- Press, W. H., B. P. Flannery, S. A. Teukolsky, and W. T. Vetterling. 1986. *Numerical Recipes*. Cambridge University Press, Cambridge, U. K.
- Punsly, R. 1987. Estimation of the relative annual abundance of yellowfin tuna, *Thunnus albacares*, in the eastern Pacific Ocean during 1970-1985. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 19(3):261-306.
- Punsly, R., and H. Nakano. 1992. Analysis of variance and standardization of longline hook rates of bigeye (*Thunnus obesus*) and yellowfin (*Thunnus albacares*) tunas in the eastern Pacific Ocean during 1975-1987. *Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin*, 20(4):165-184.
- Quinn, T. J., II, and R. B. Deriso. 1999. *Quantitative Fish Dynamics*. Oxford University Press, New York: xv, 542 pp.
- Saito, S. 1975. On the depth of capture of bigeye tuna by further improved vertical long-line in the tropical Pacific. *Bulletin of the Japanese Society of Scientific Fisheries*, 41(8):831-841.
- Suzuki, Z., and S. Kume. 1982. Fishing efficiency of deep longline for bigeye tuna in the Atlantic as inferred from the operations in the Pacific and Indian Oceans. *International Commission for the Conservation of Atlantic Tunas, Collective Volume of Scientific Papers*, 17(2):471-486.

- Suzuki, Z., Y. Warashina, and M. Kishida. 1977. The comparison of catches by regular and deep tuna longline gears in the western and central equatorial Pacific. *Bulletin of the Far Seas Fisheries Research Laboratory*, 15:51-89.
- Therneau, T. M., and E. J. Atkinson. 1997. *An Introduction to Recursive Partitioning Using the RPART Routines*. Mayo Foundation.
- Tomlinson, P. K. 1998. Assessment studies of bigeye tuna in the eastern Pacific Ocean. *Inter-American Tropical Tuna Commission Special Report*, 9: 250-290.
- Venables, W. N., and B. D. Ripley. 1998. *Statistics Complements to Modern Applied Statistics with S-Plus*, second edition. Springer-Verlag, New York.

