

Appendix

Appendix till rapport: Inventering av fisk- och kräftdjurssamhällen i Kosterhavets nationalpark, Rapportnr 2017:22 ISSN: 1403-168X

Appendix A. Trålfångster Kosterhavet 2015, individer/km².

Appendix B. Kartor över rödlistade arter som fångades inom trålfisket i Kosterhavet

Appendix C. Förändring över tid för några arter i Kosterhavet.

Appendix D. Jämförelsen med andra områden kg fisk per km².

Appendix E. Jämförelse längdfördelning med andra områden.

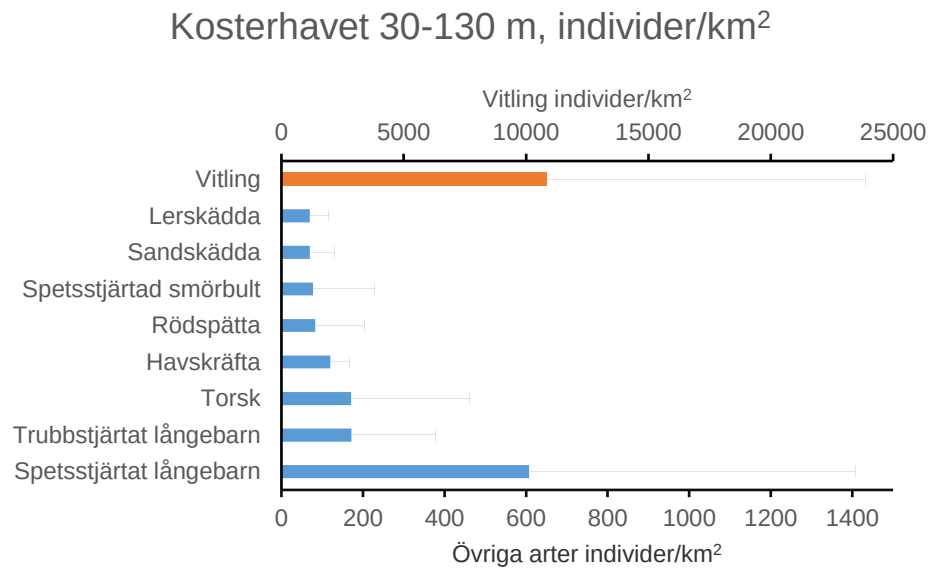
Appendix F. Responskurvor för olika arter i habitatmodelleringen.

Appendix G. Habitatmodellering detaljerad metodbeskrivning.

Appendix H. Större versioner av de enskilda habitatmodelleringskartorna.

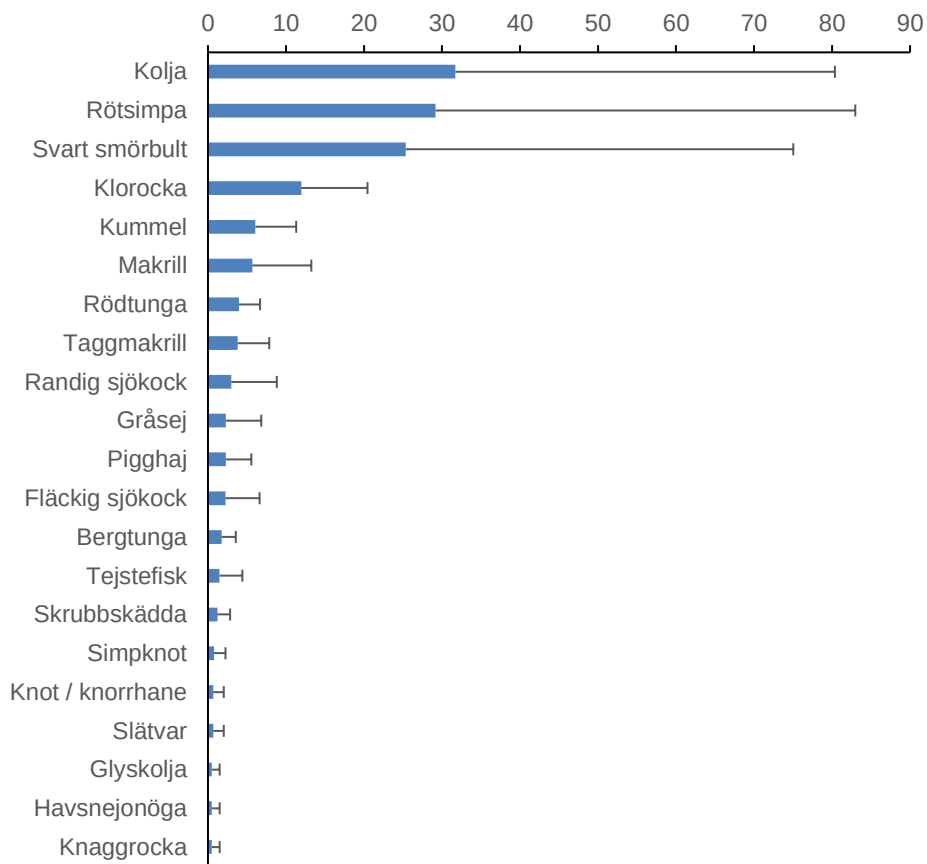
Appendix A. Trålfångster Kosterhavet 2015, individer/km².

A



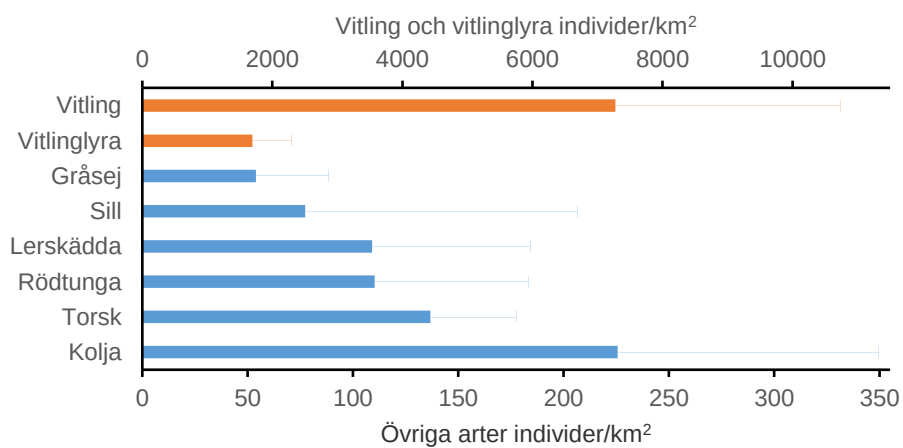
B

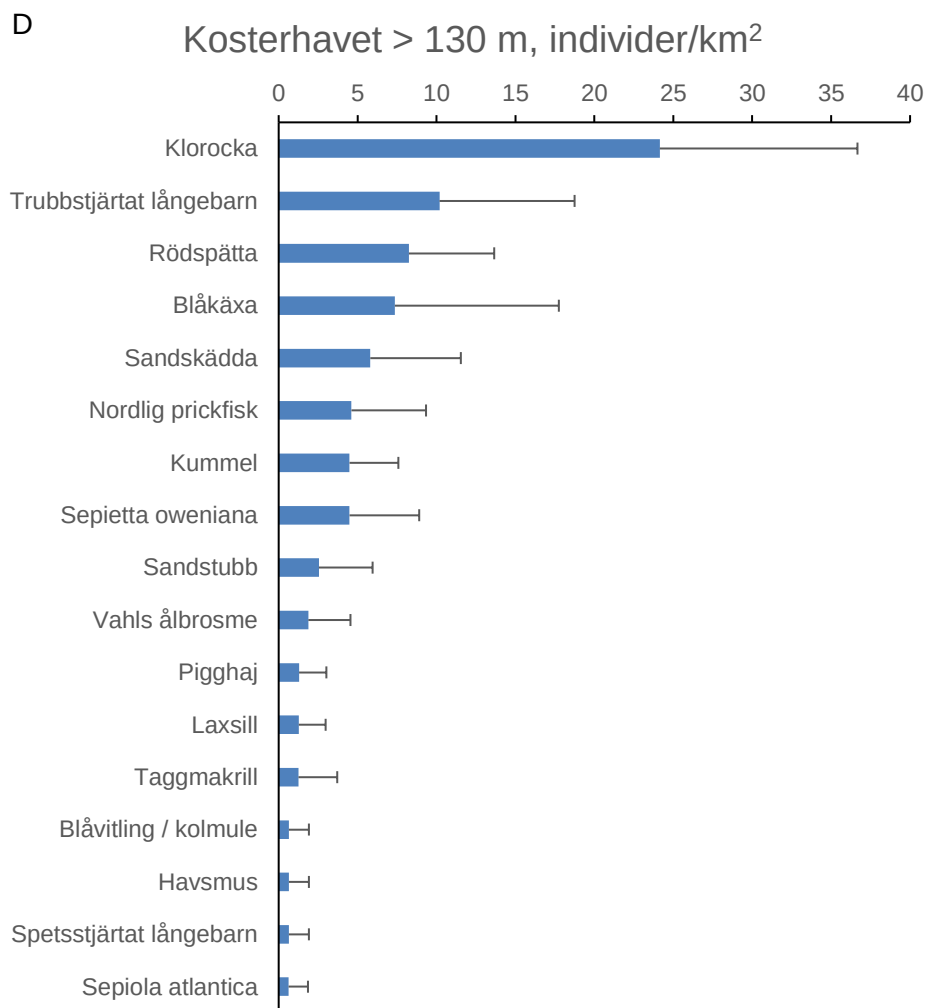
Kosterhavet 30-130 m, individer/km²



C

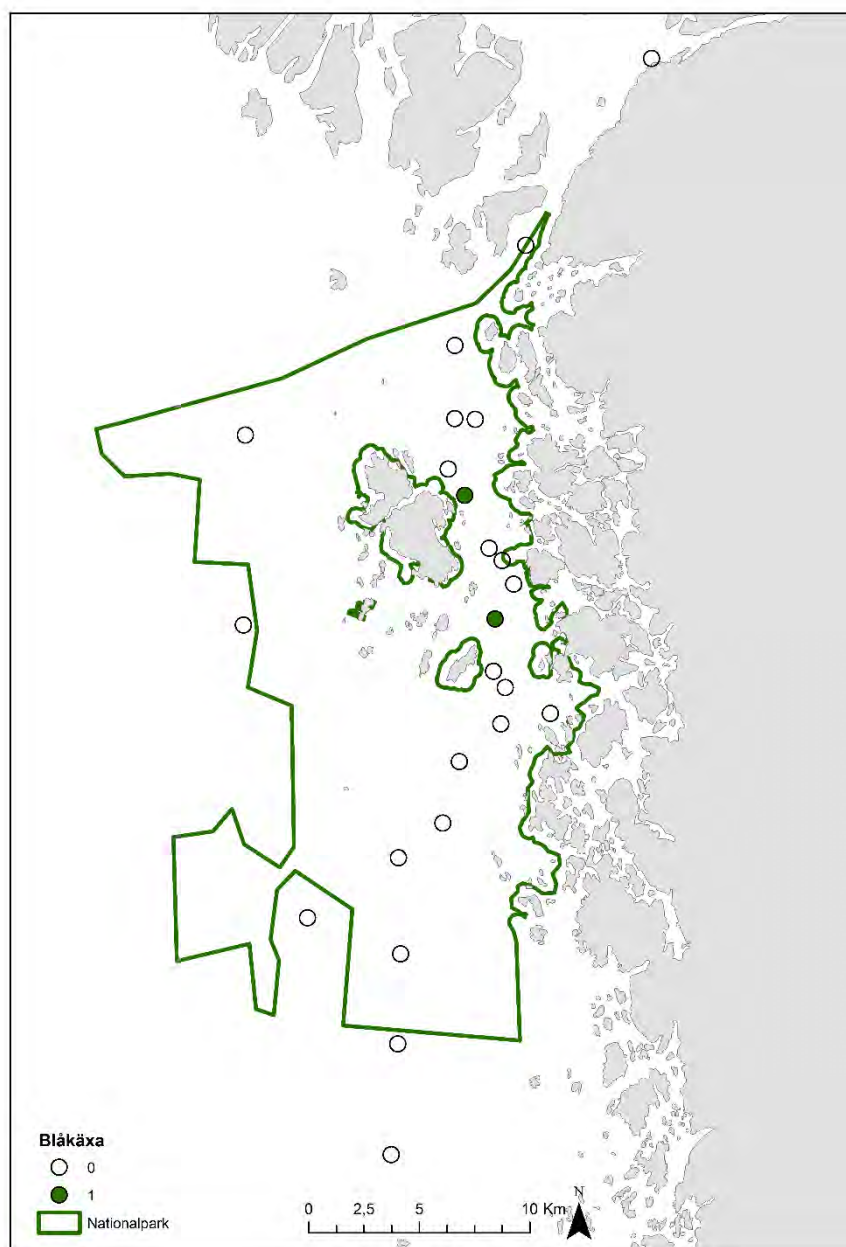
Kosterhavet > 130 m, individer/km²



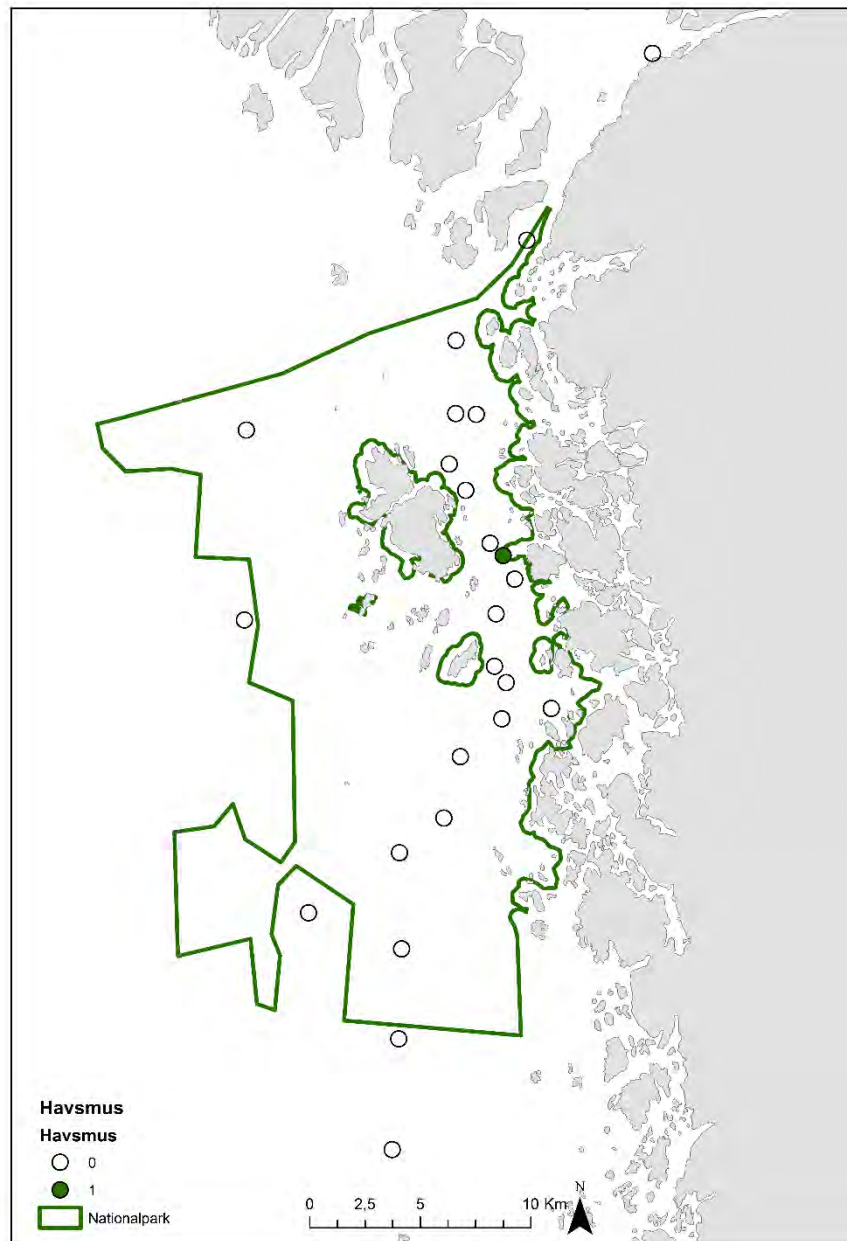


Figur A1. Genomsnitt antal individer/km² (medeltal + 95 % konfidensintervall) fångade på 30–130 m (A, B) respektive > 130 m (C, D) djup i Kosterhavet.

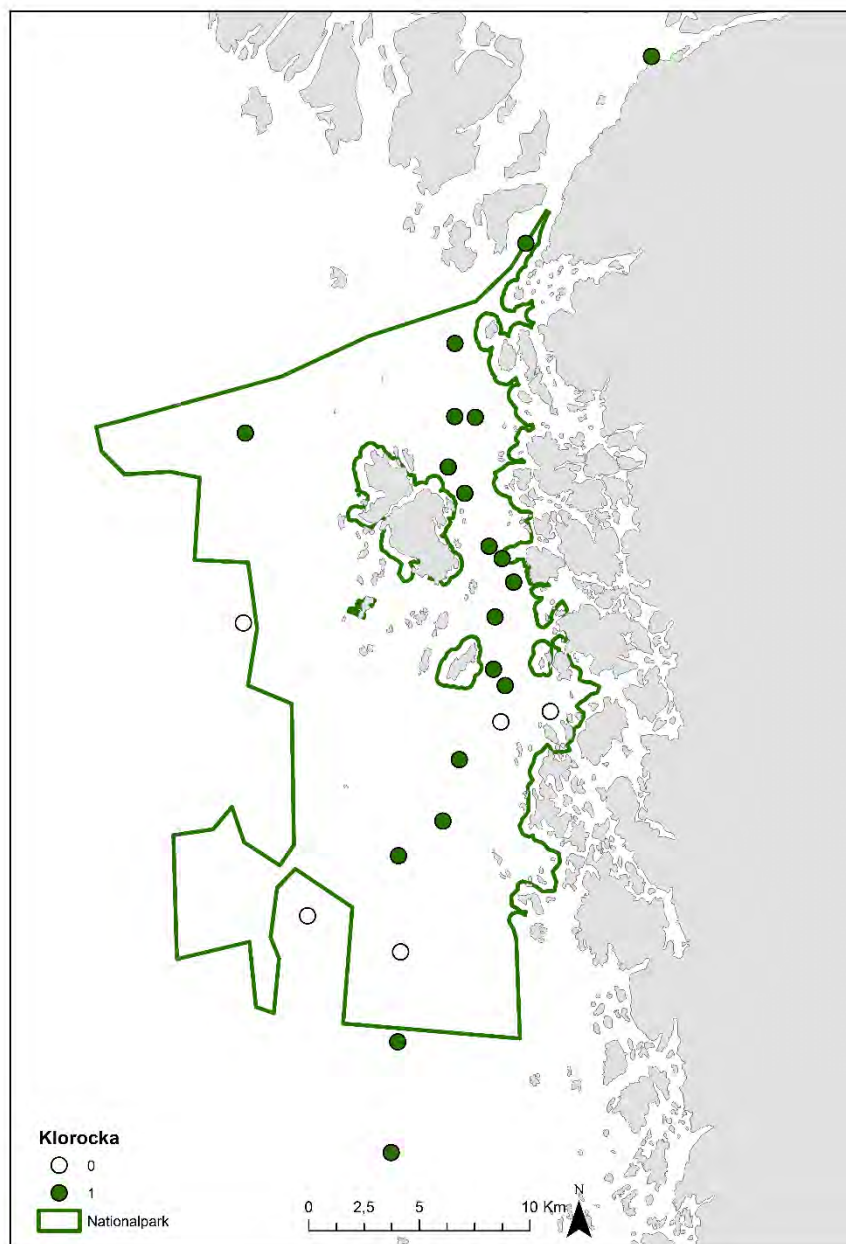
Appendix B. Kartor över rödlistade arter som fångades inom trålfisket i Kosterhavet.



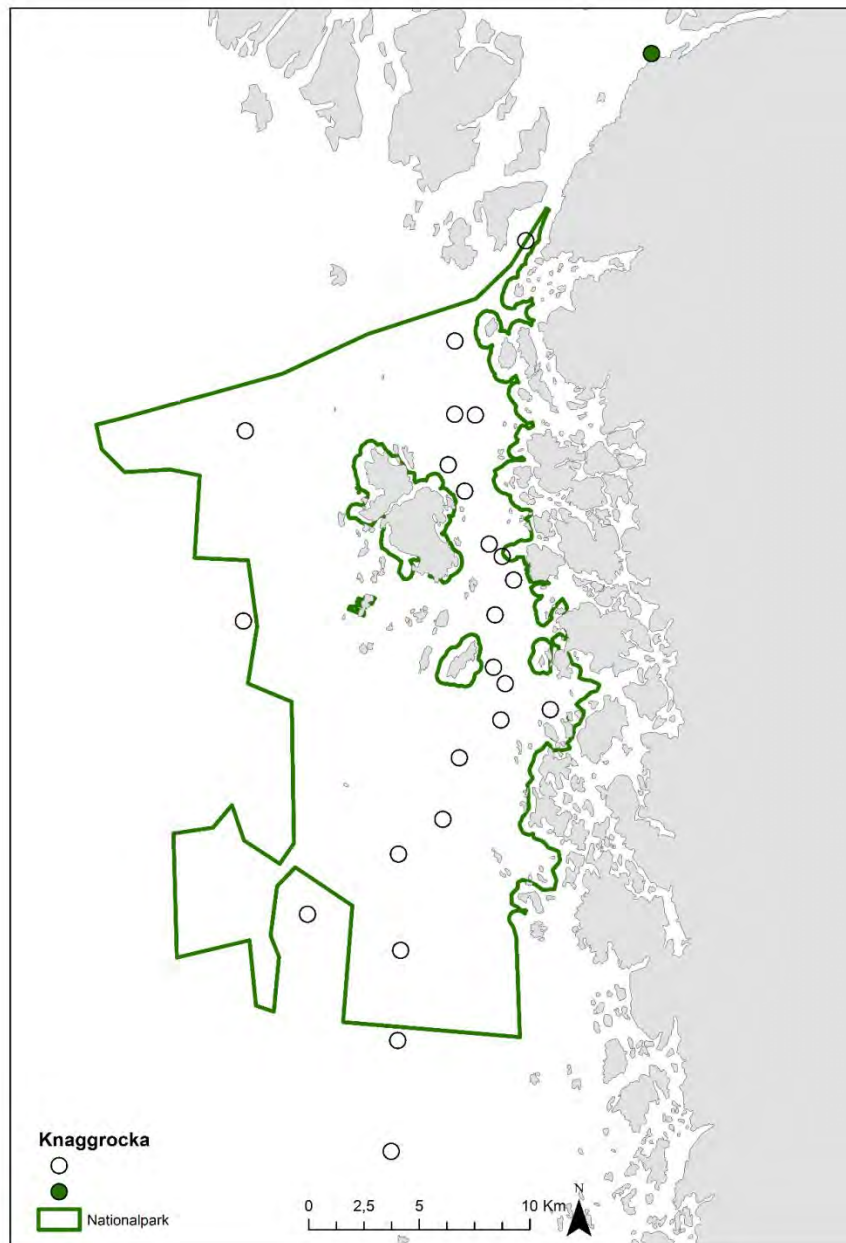
Figur B1. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten blåkäxa.



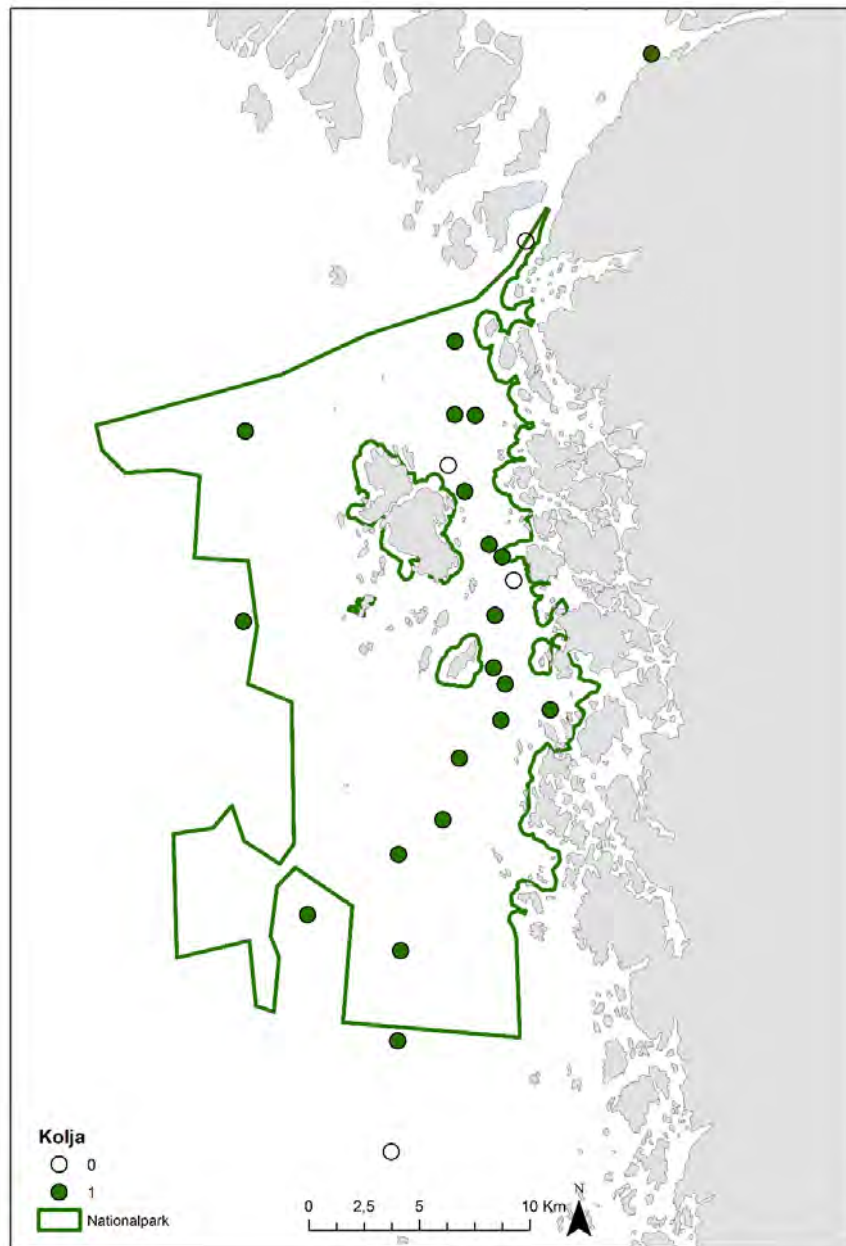
Figur B2. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten havsmus.



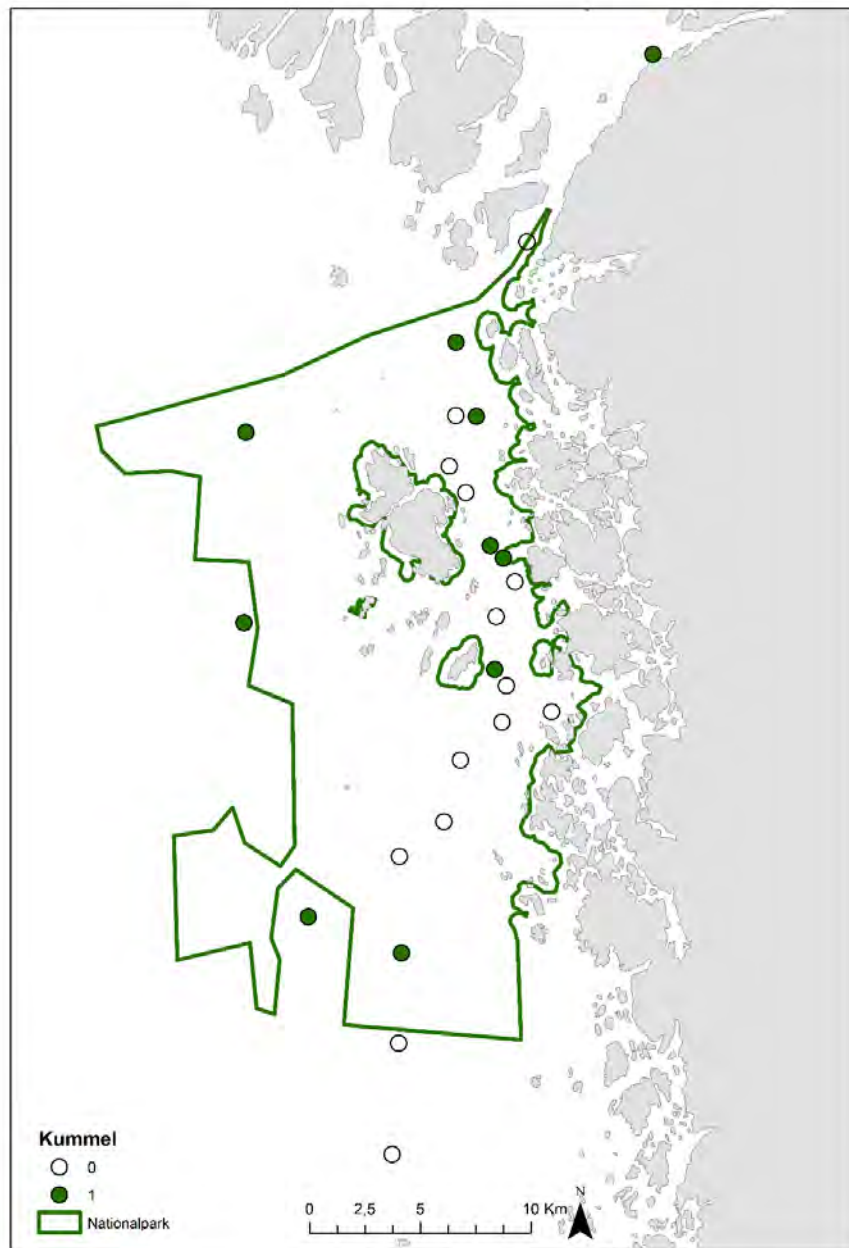
Figur B3. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten klorocka.



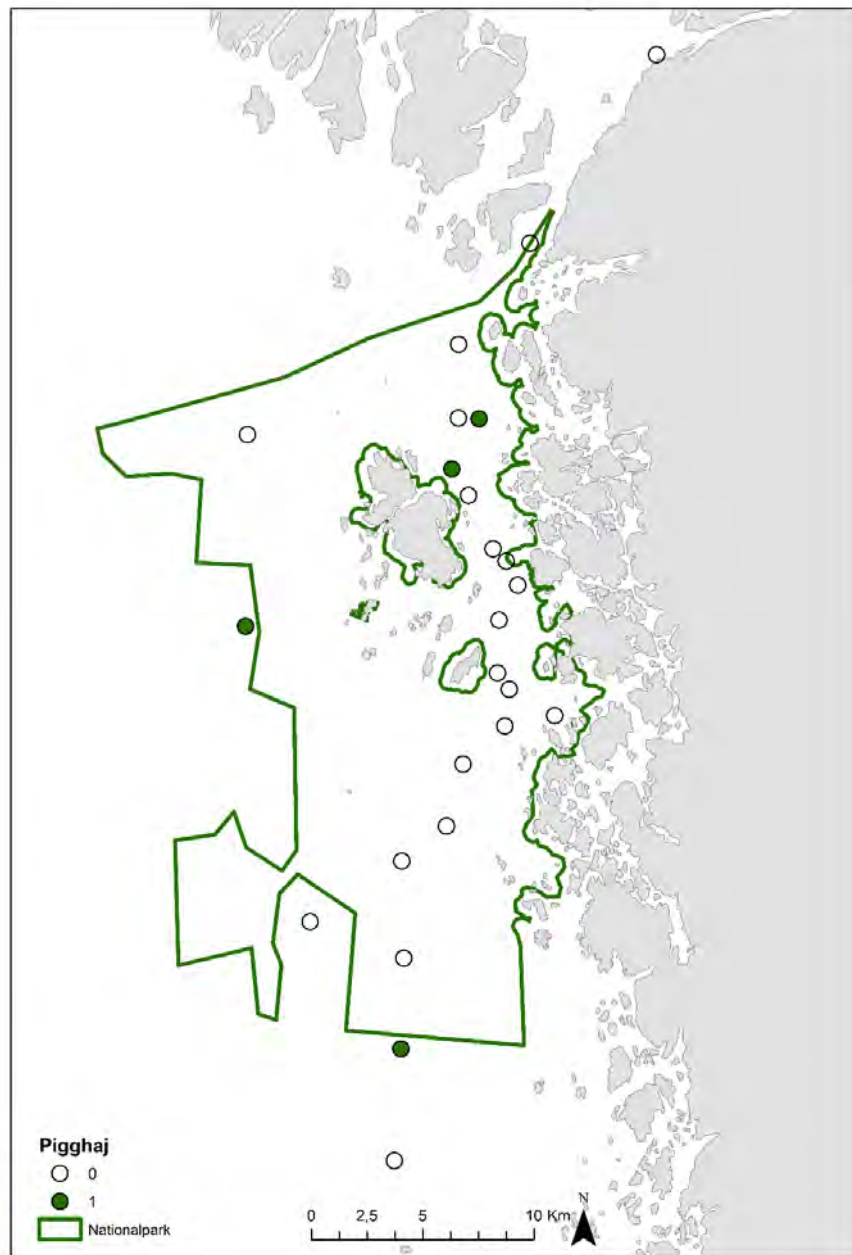
Figur B4. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten knaggrocka.



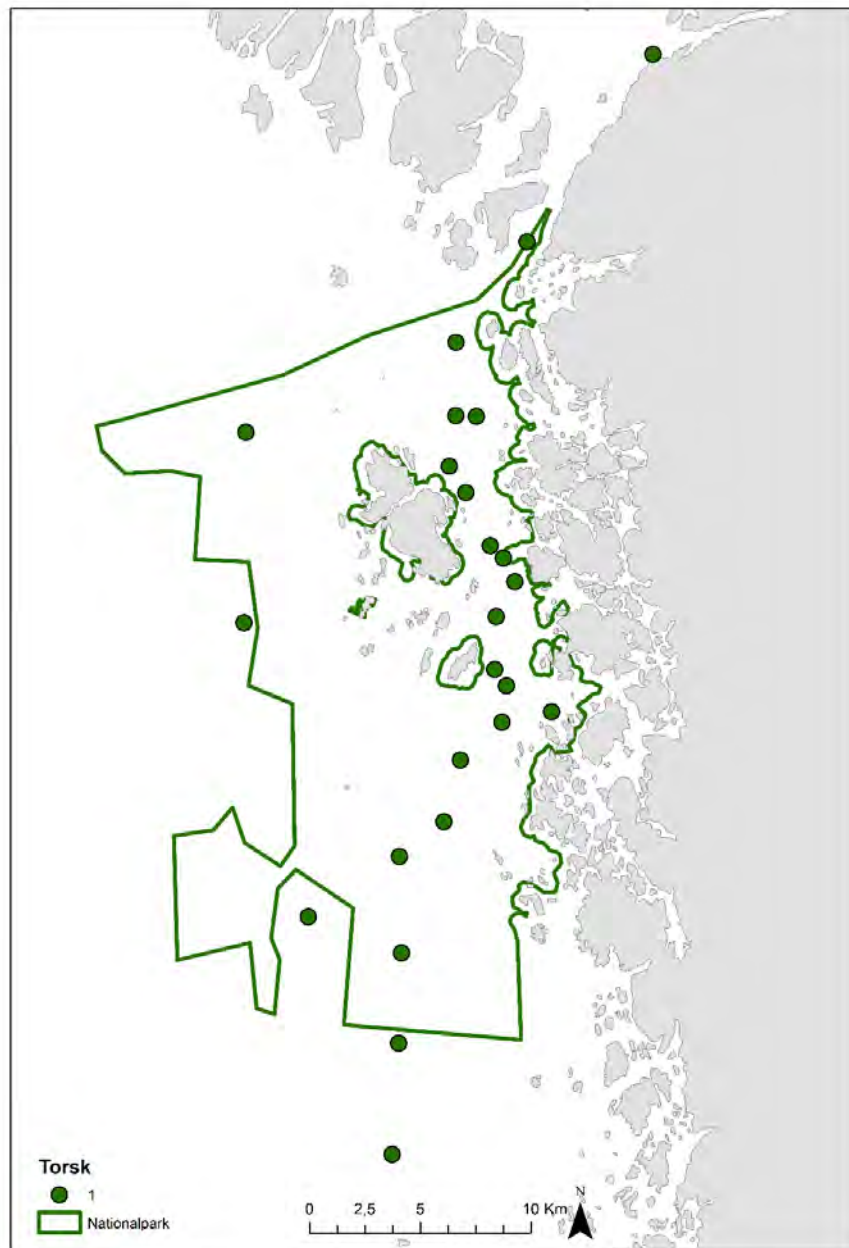
Figur B5. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten kolja.



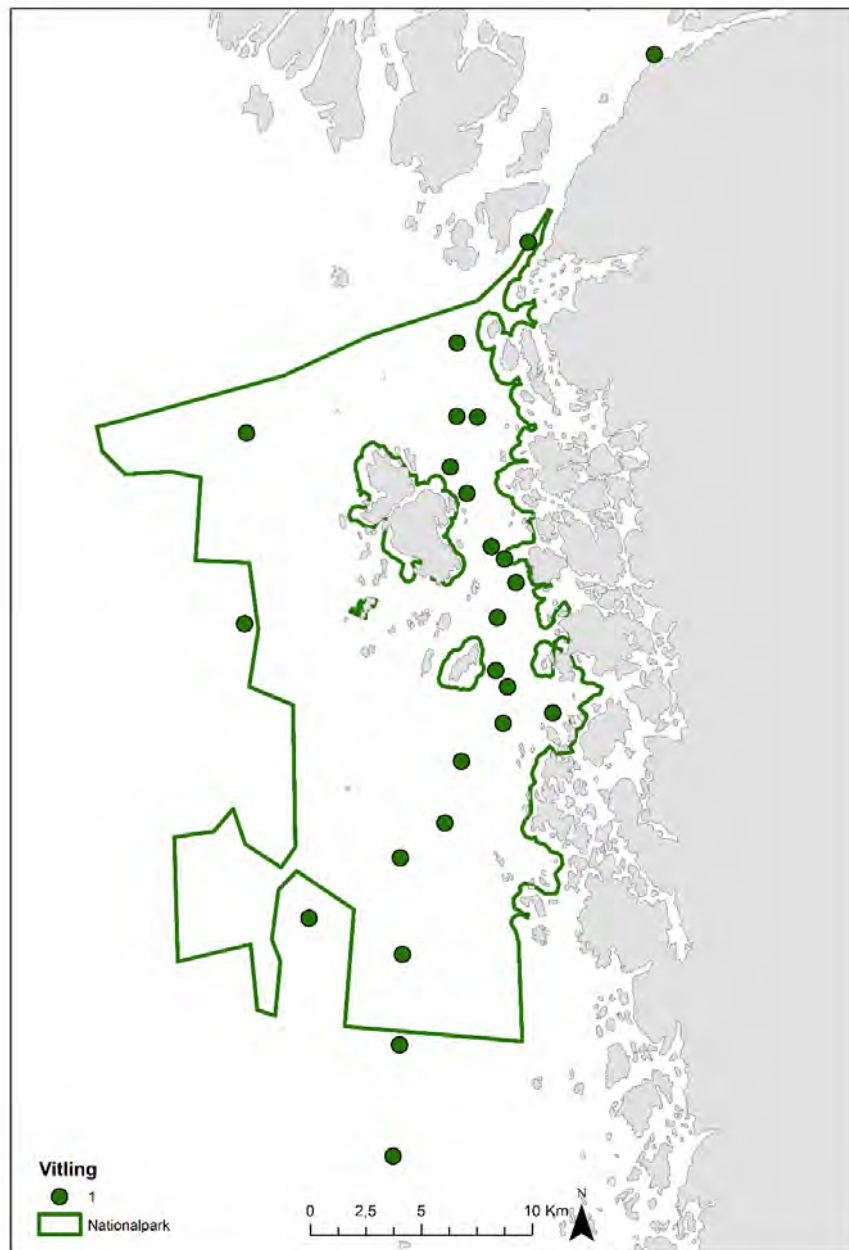
Figur B6. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten kummel.



Figur B7. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten pigghaj.

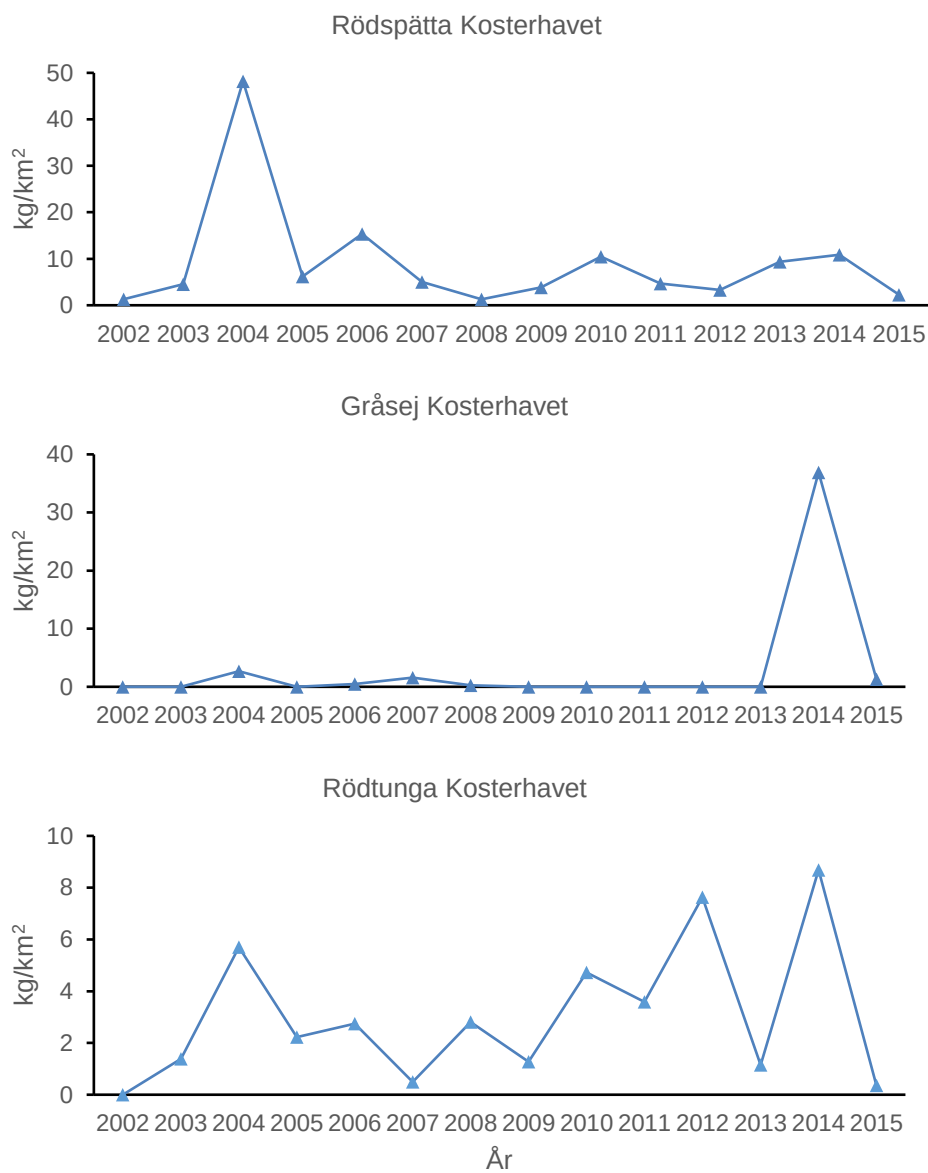


Figur B8. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten torsk.

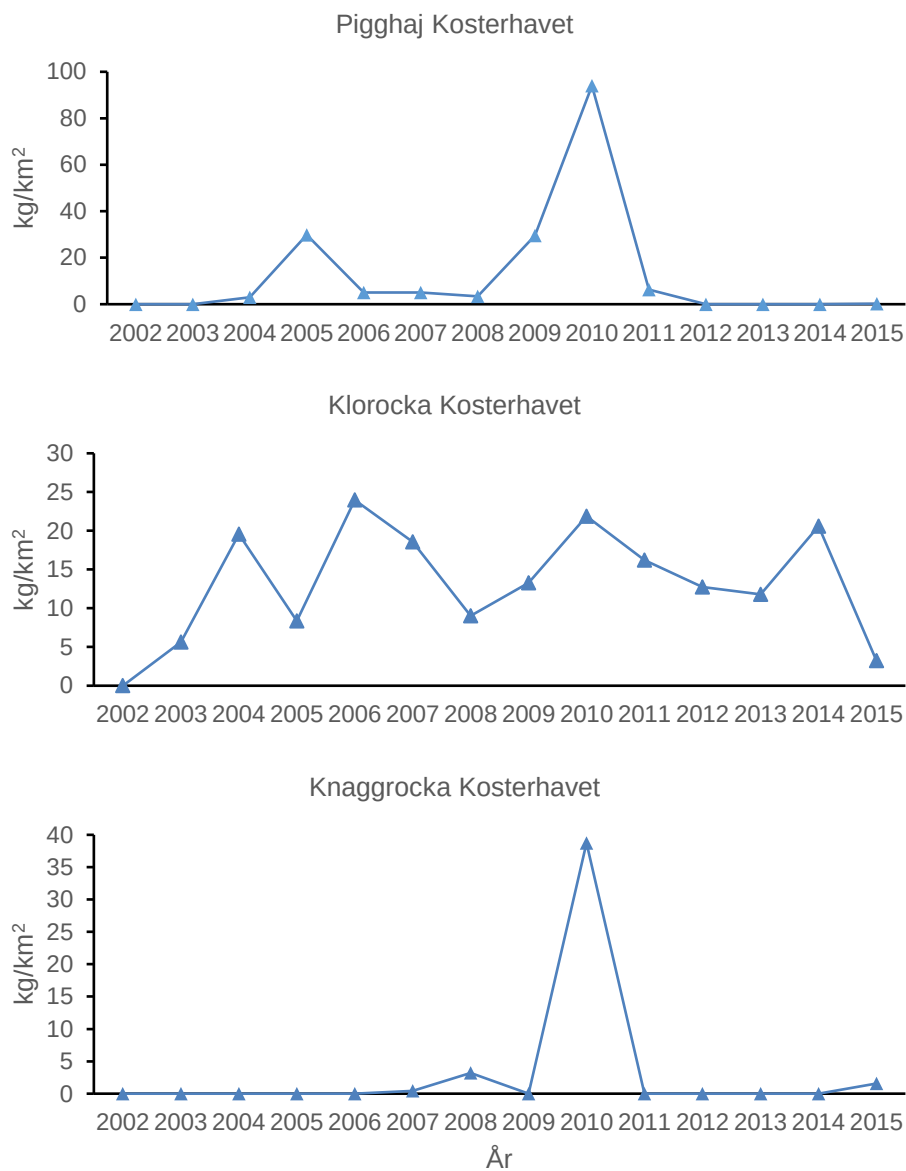


Figur B9. Läget för de tråldrag där man fångat den rödlistade arten vitling.

Appendix C. Förändring över tid för några arter i Kosterhavet.

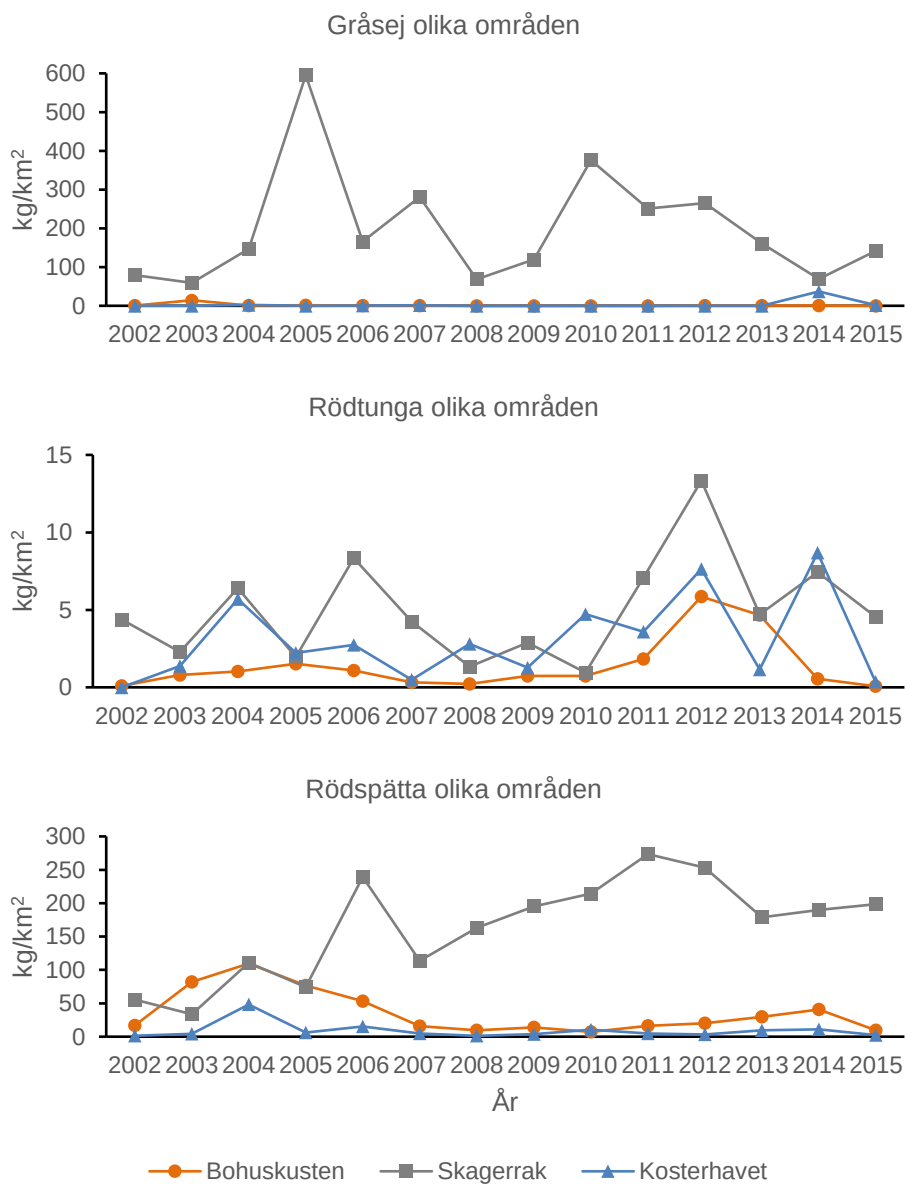


Figur C1. Fångst av rödspätta, gråsej och rödtunga vid trålning i Kosterhavet 2002–2015.

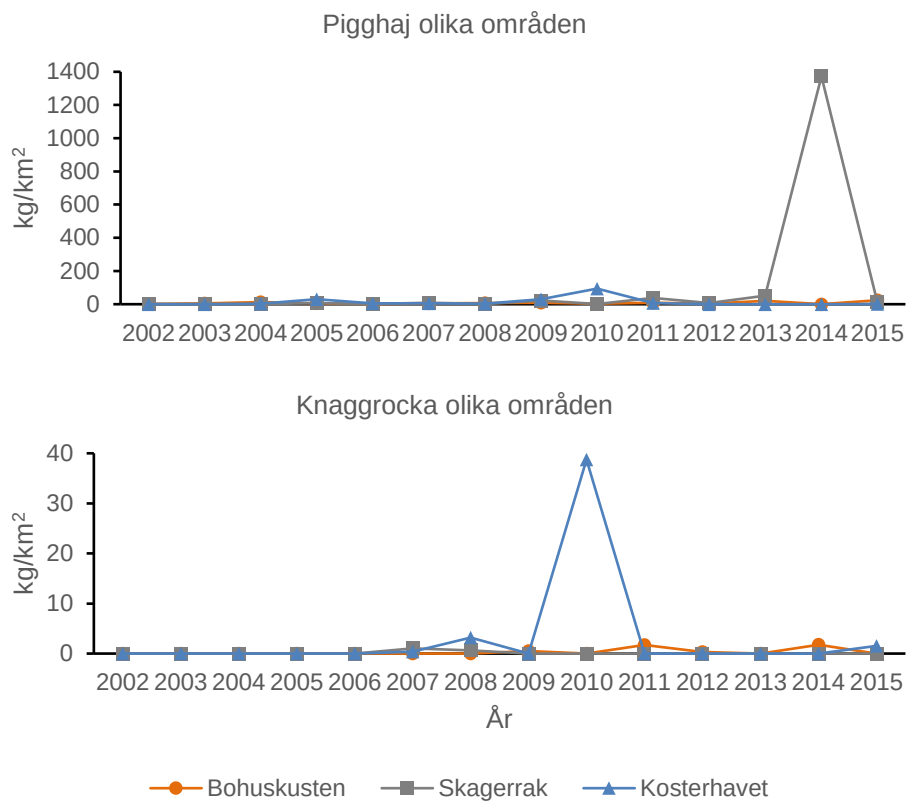


Figur C2. Fångst av pigghaj, klorocka och knaggrocka vid trålning i Kosterhavet 2002–2015.

Appendix D. Jämförelsen Kosterhavet kg fisk per km² med andra områden.

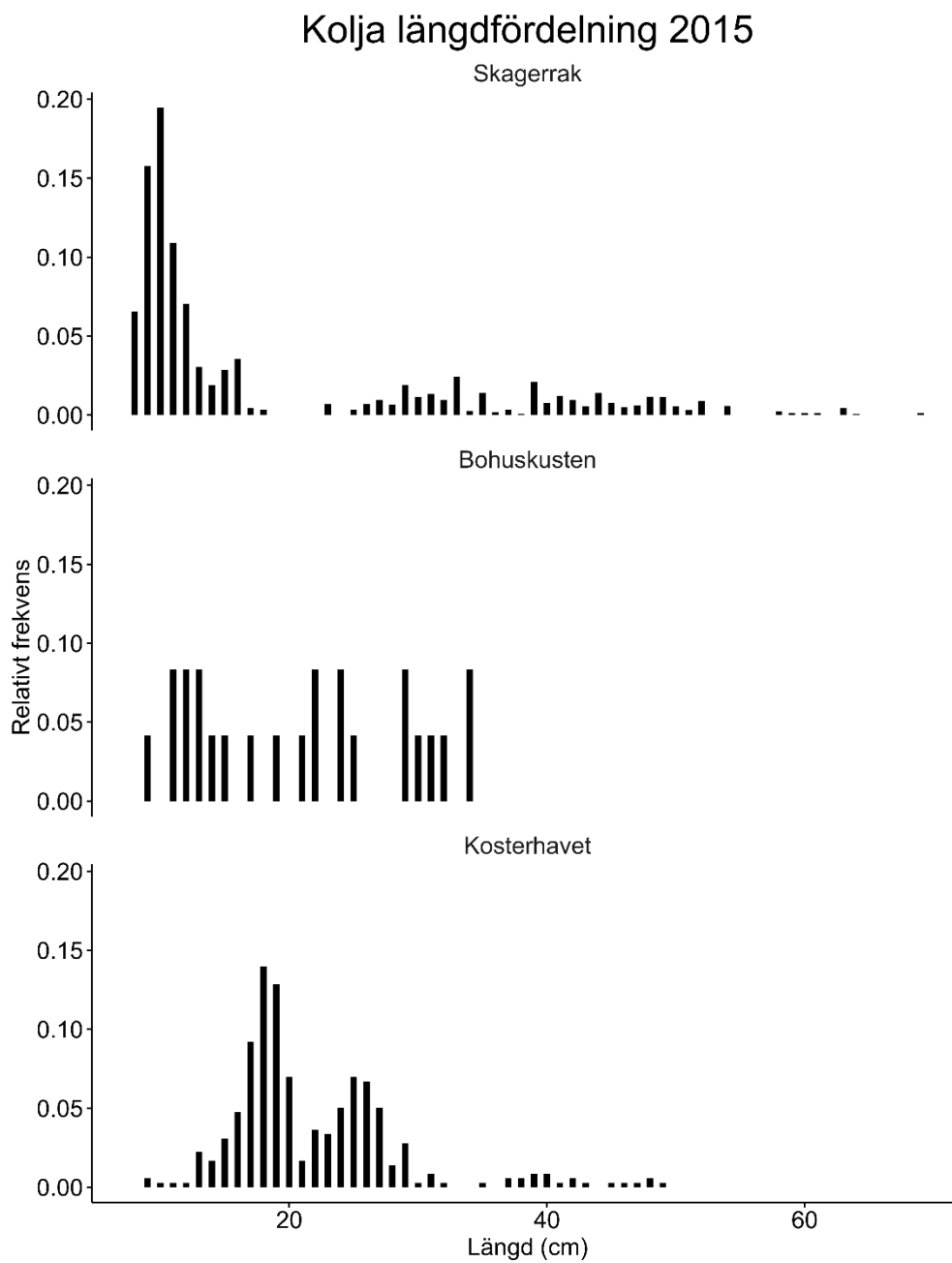


Figur D1. Fångst av gråsej, röttunga och rödspätta vid trålning i olika områden (övriga Bohuskusten, Skagerrak och Kosterhavet) 2002–2015. Notera att endast fångstdata från de grunda trålhalen (30–130 m) i Kosterhavet ingår i jämförelsen.



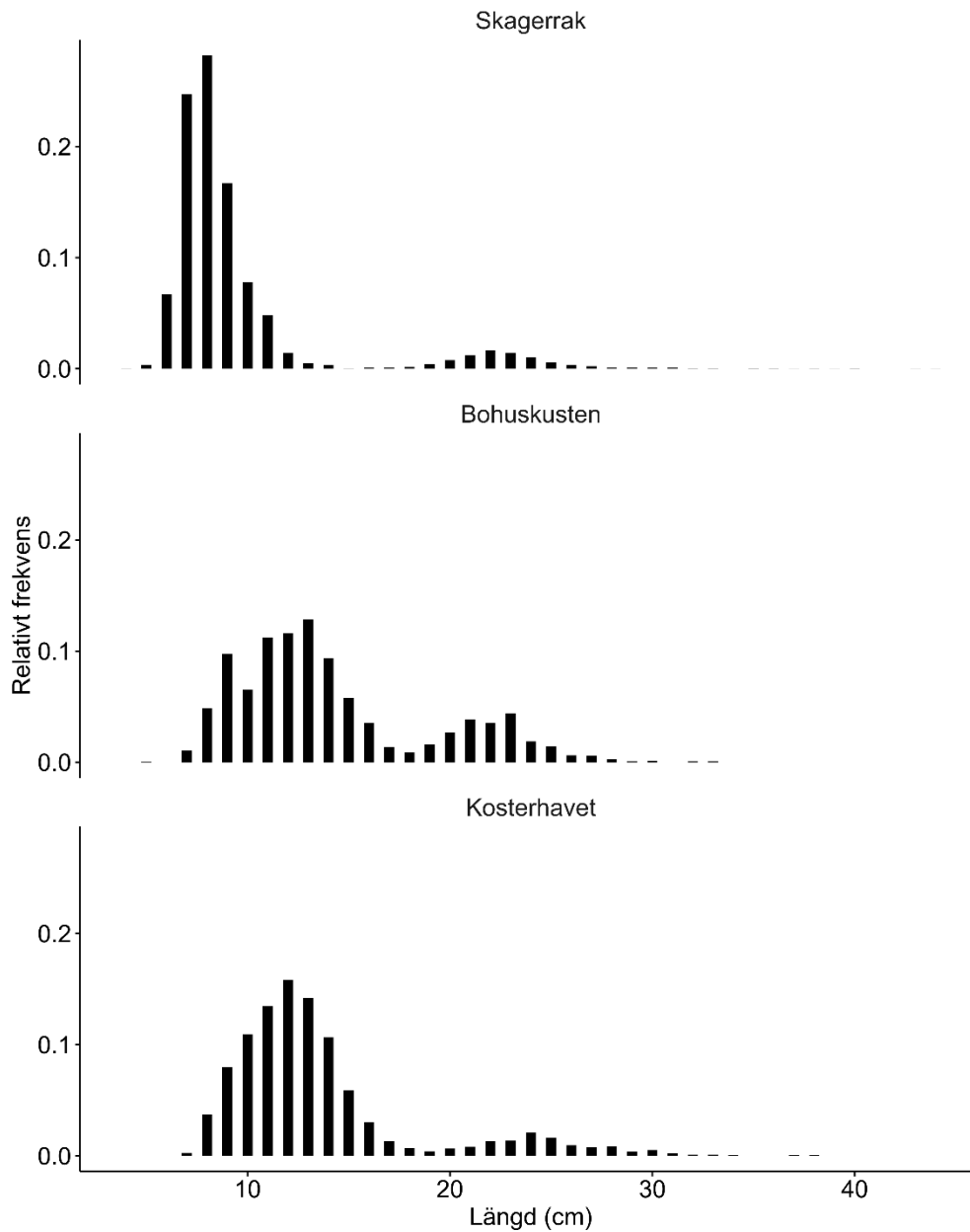
Figur D2. Fångst av pigghaj och knaggrocka vid trålning i olika områden (övriga Bohuskusten, Skagerrak och Kosterhavet) 2002–2015. Notera att endast fångstdata från de grunda trålhalen (30–130 m) i Kosterhavet ingår i jämförelsen.

Appendix E. Jämförelse längdfördelning med andra områden.



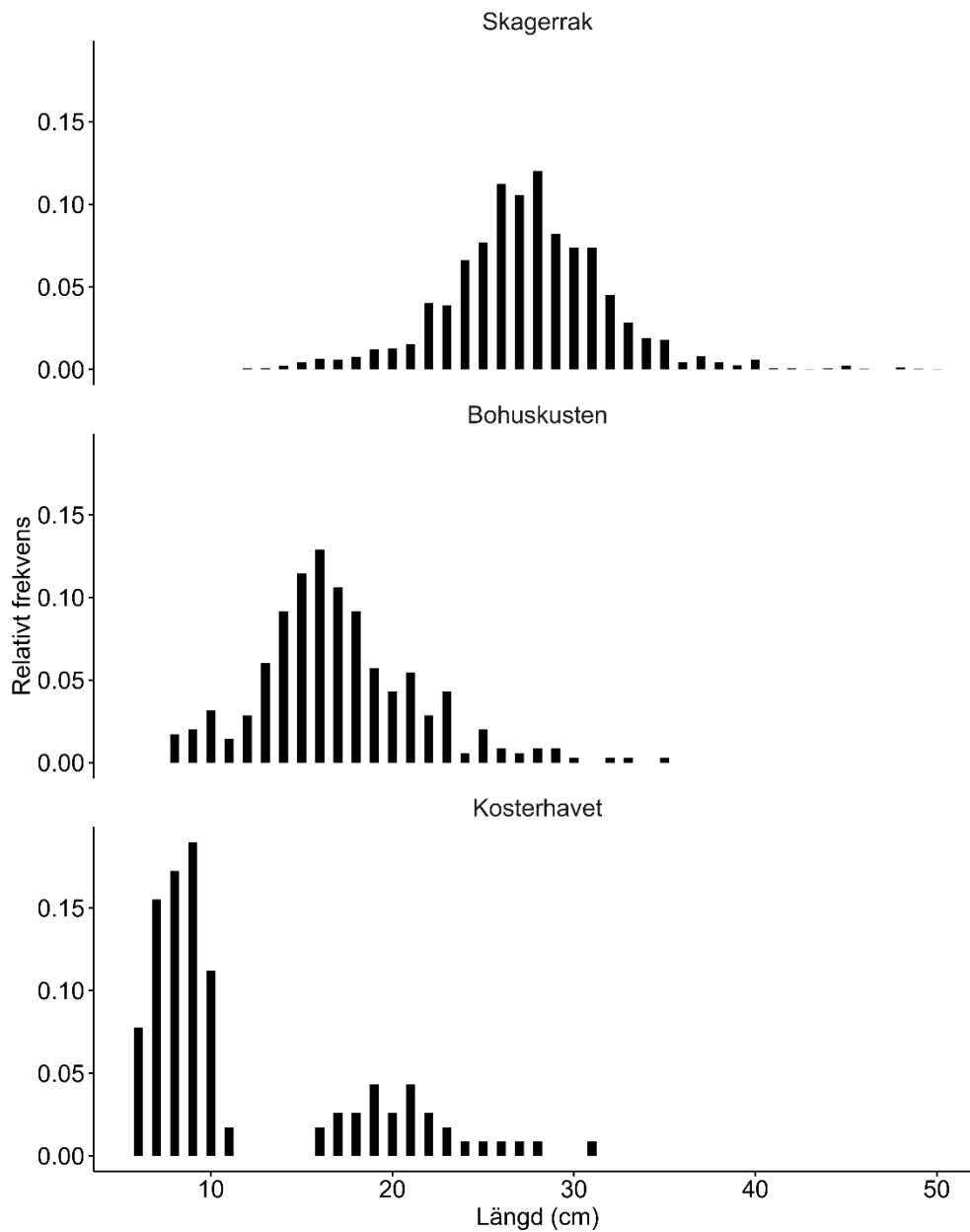
Figur E1. Längdfördelning av kolja fångad under 2015 i Skagerrak ($n = 574$), längs övriga Bohuskusten ($n = 24$) och i Kosterhavet ($n = 358$).

Vitling längdfördelning 2015



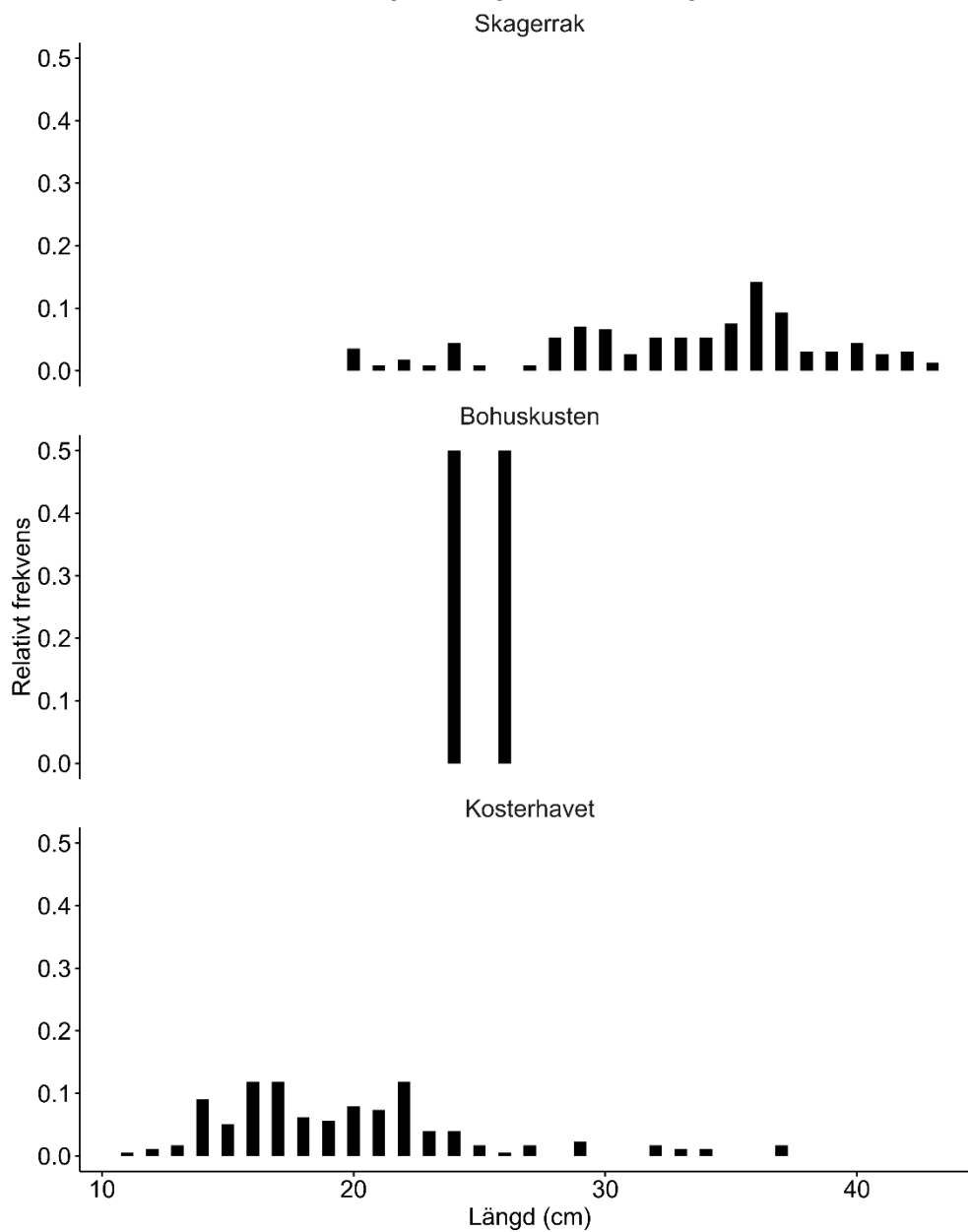
Figur E2. Längdfördelning av vitling fångad under 2015 i Skagerrak (n = 49962), längs övriga Bohuskusten (n = 2405) och i Kosterhavet (n = 1999).

Rödspätta längdfördelning 2015

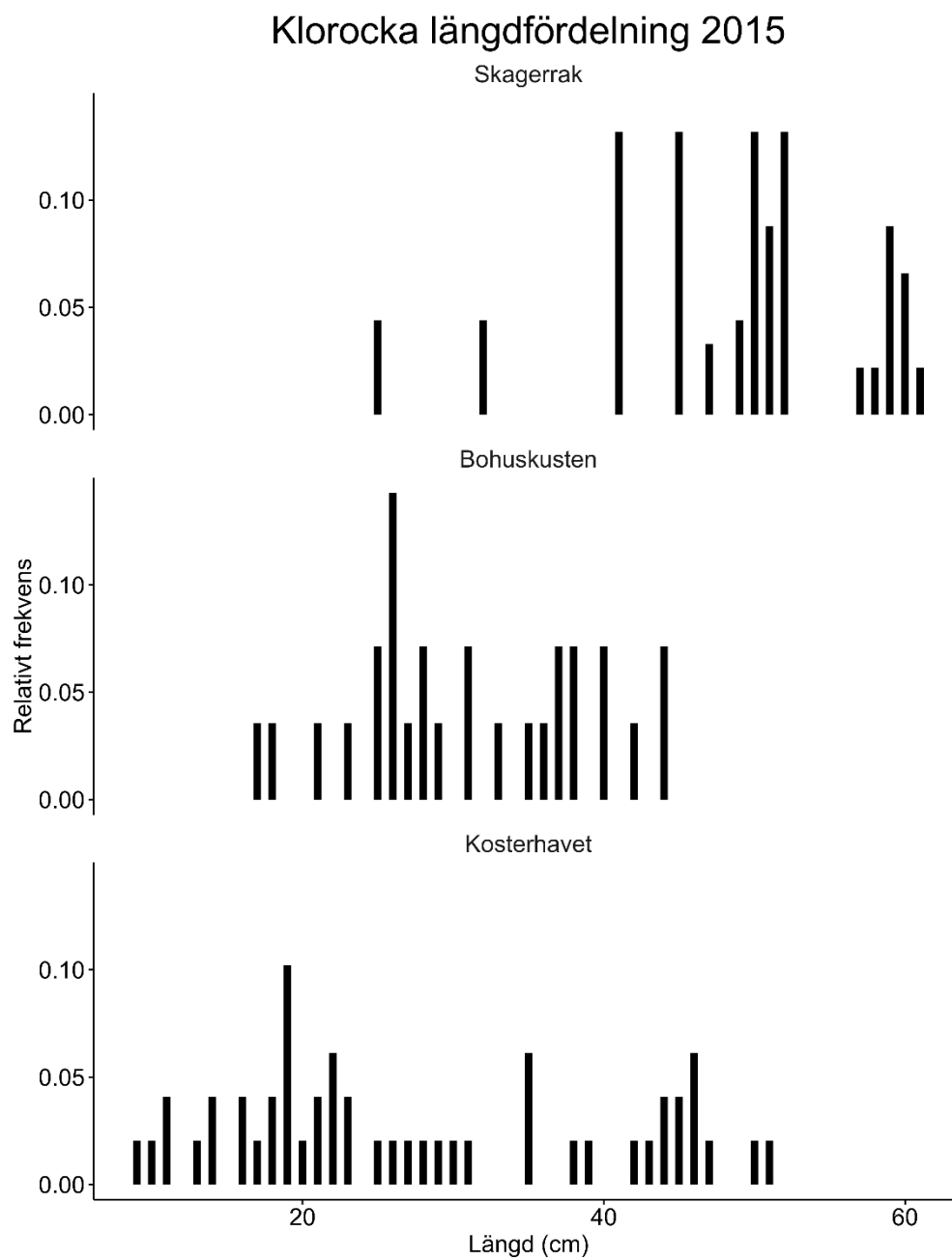


Figur E3. Längdfördelning av rödspätta fångad under 2015 i Skagerrak (n = 1575), längs övriga Bohuskusten (n = 349) och i Kosterhavet (n = 116).

Rödtunga längdfördelning 2015

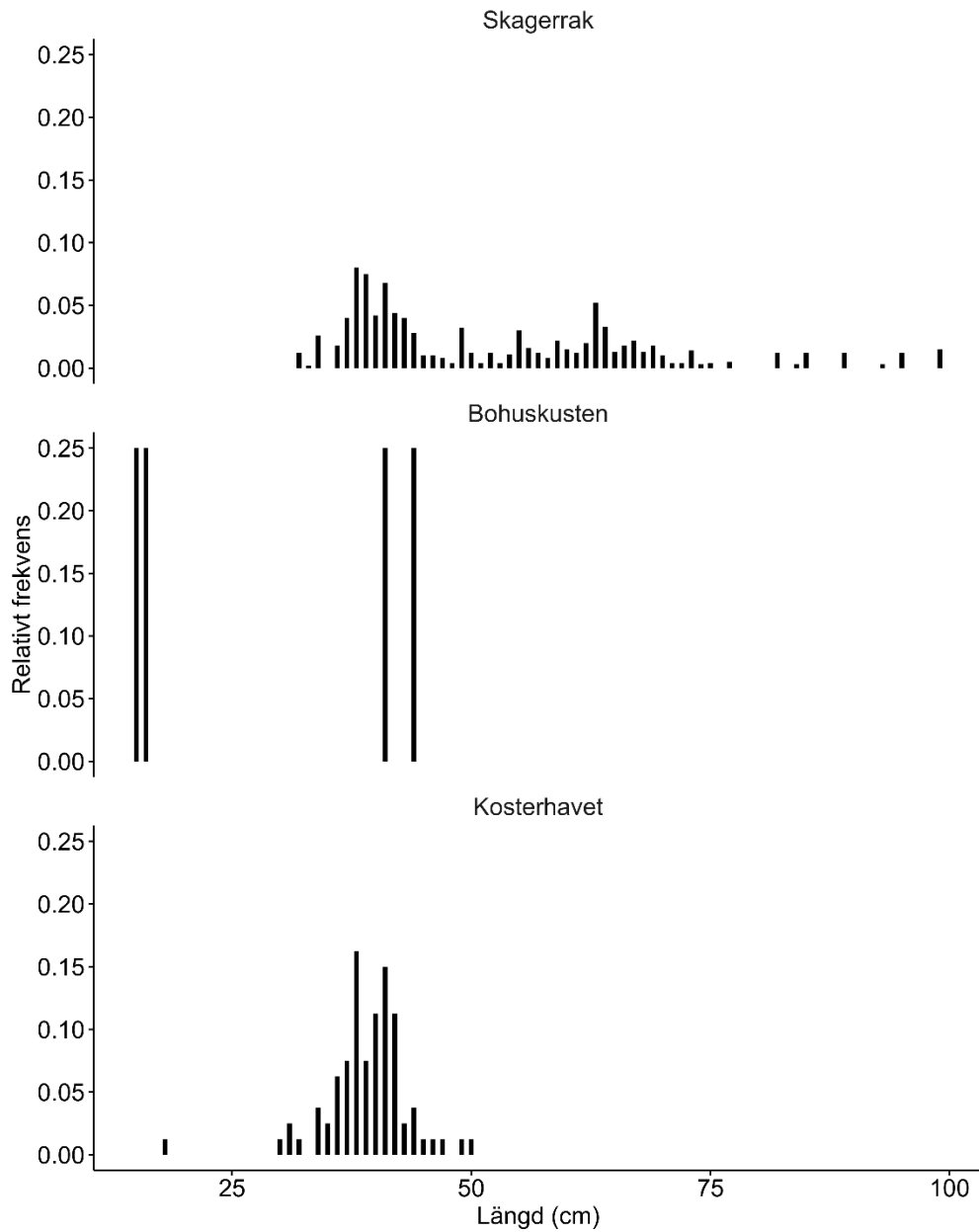


Figur E4. Längdfördelning av rödtunga fångad under 2015 i Skagerrak (n = 38), längs övriga Bohuskusten (n = 2) och i Kosterhavet (n = 177).



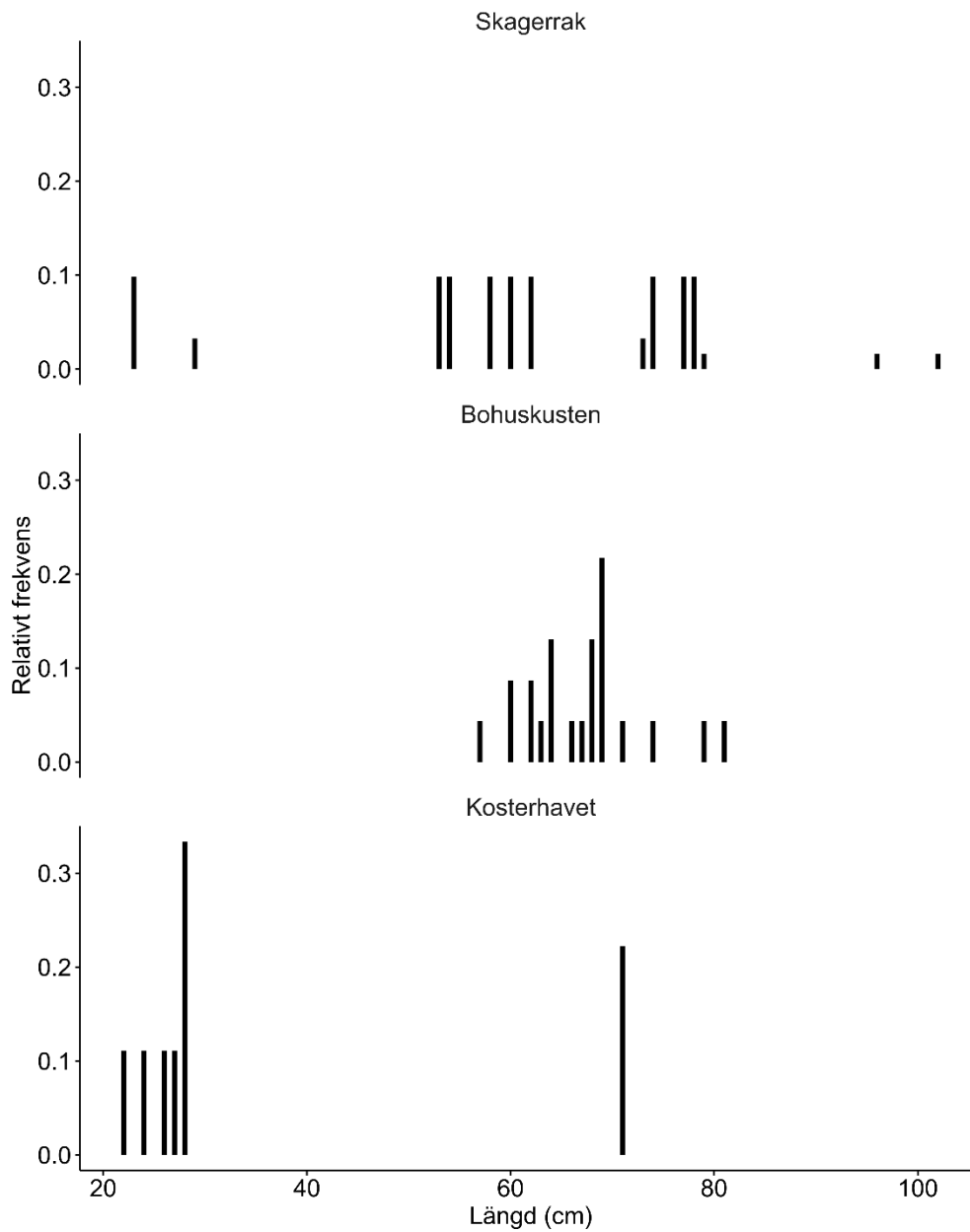
Figur E5. Längdfördelning av klorocka fångad under 2015 i Skagerrak (n = 15), längs övriga Bohuskusten (n = 28) och i Kosterhavet (n = 49).

Gråsej längdfördelning 2015



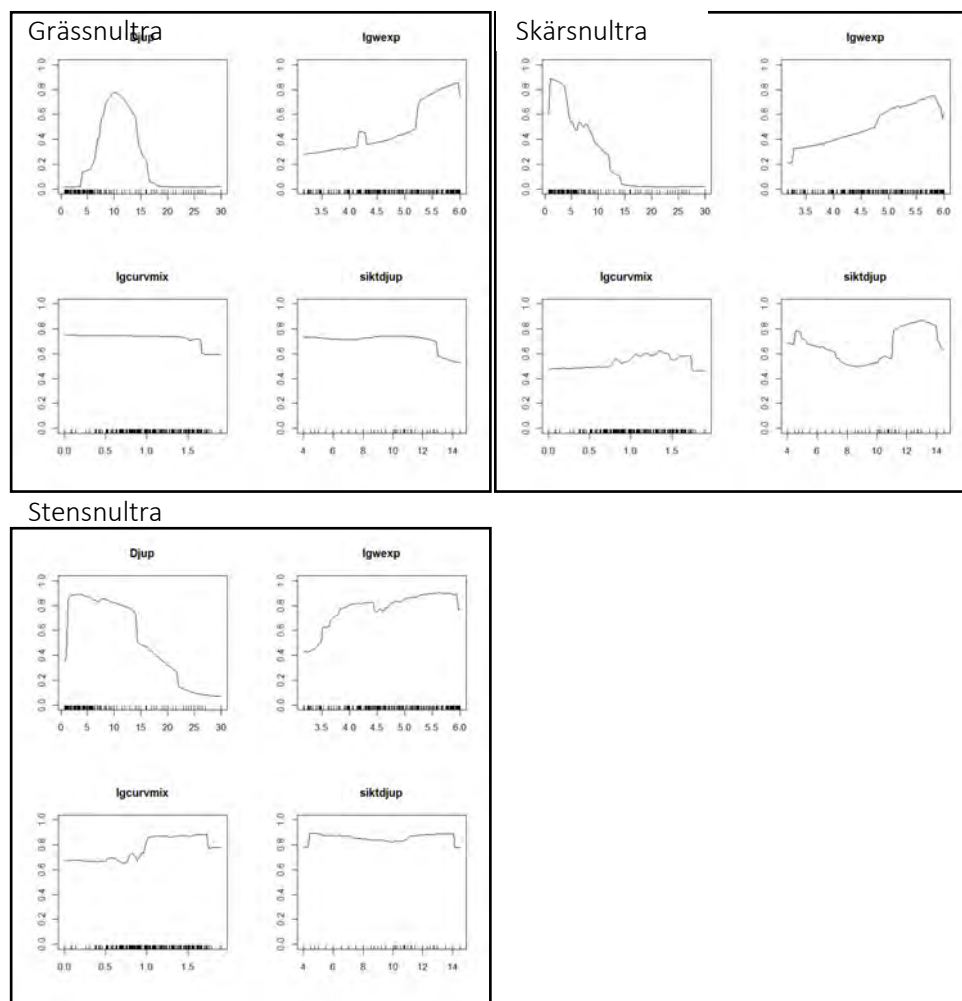
Figur E6. Längdfördelning av gråsej fångad under 2015 i Skagerrak (n = 167), längs övriga Bohuskusten (n = 4) och i Kosterhavet (n = 80).

Pigghaj längdfördelning 2015

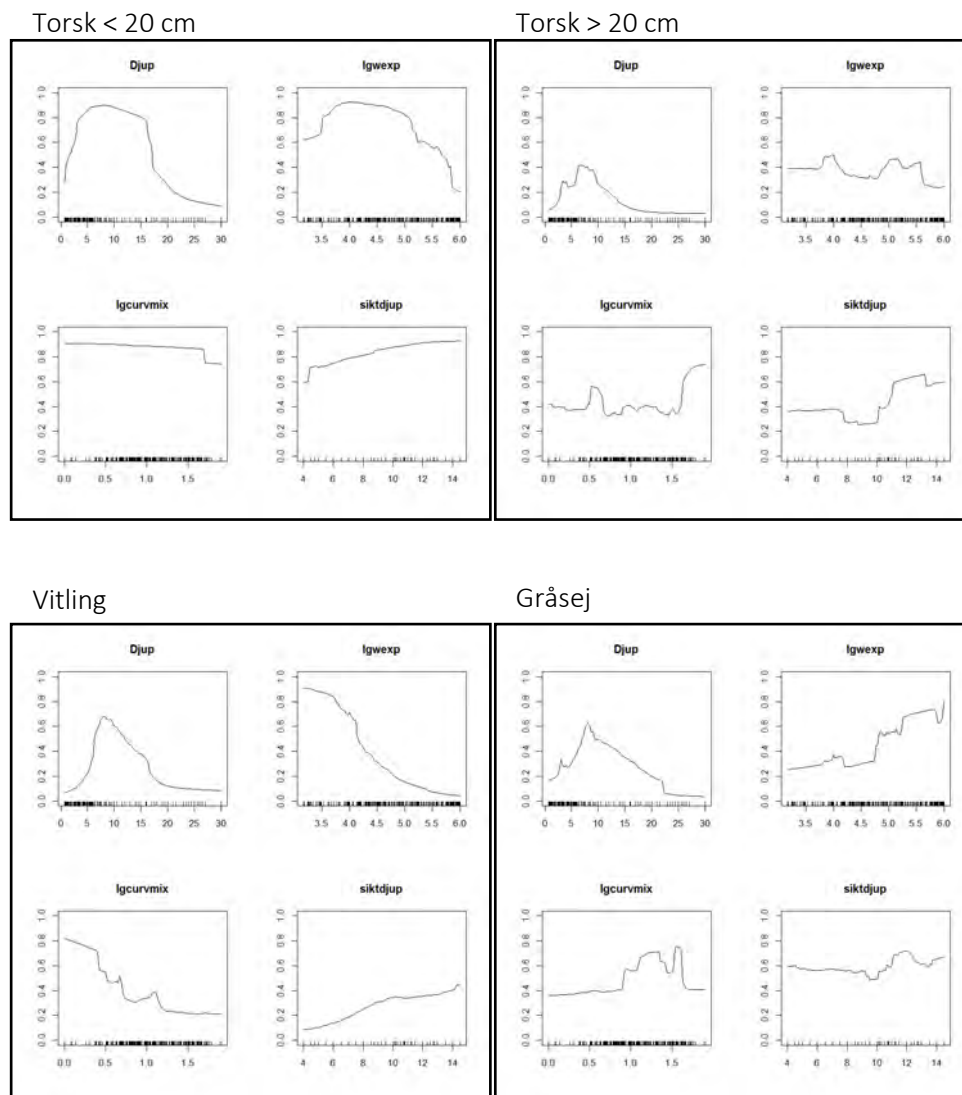


Figur E7. Längdfördelning av pigghaj fångad under 2015 i Skagerrak (n = 20), längs övriga Bohuskusten (n = 23) och i Kosterhavet (n = 9).

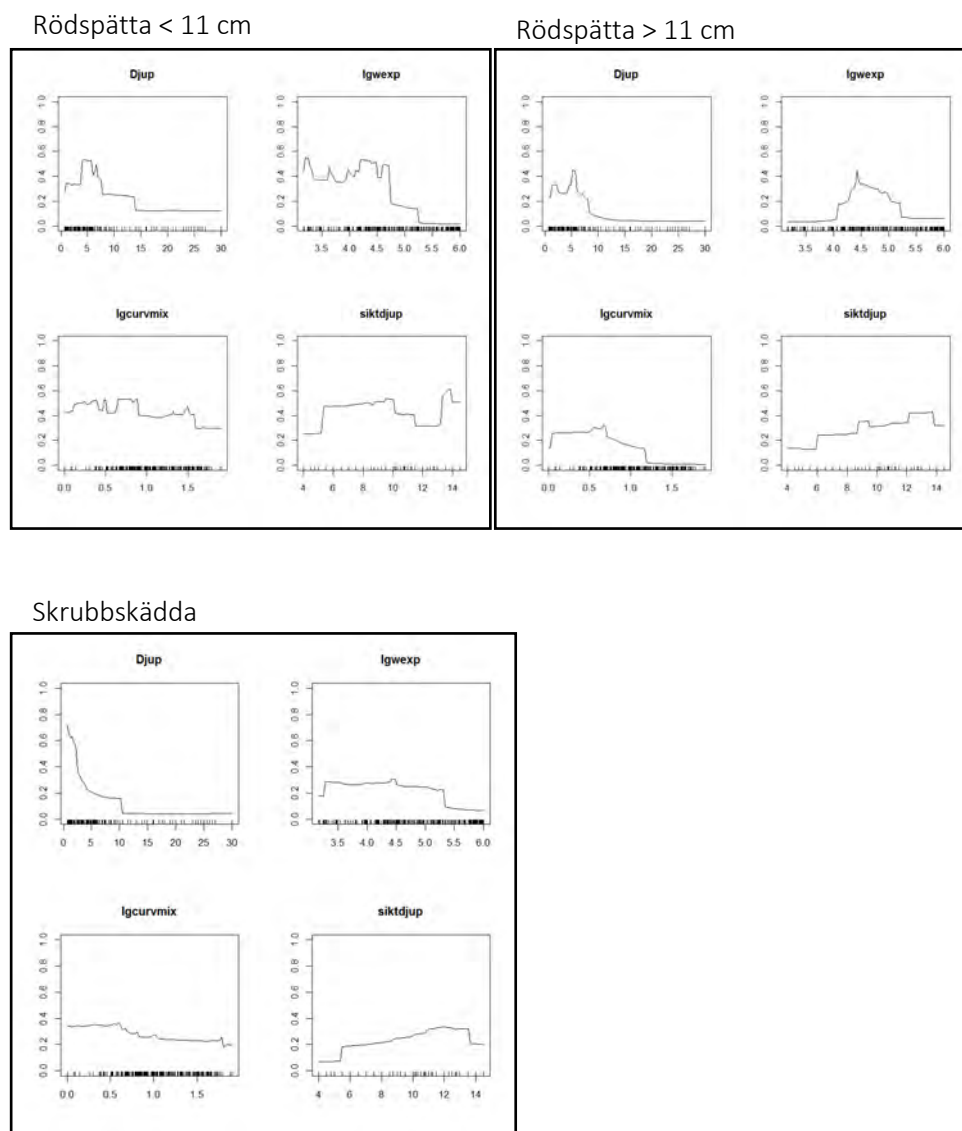
Appendix F. Responskurvor för olika arter i habitatmodelleringen.



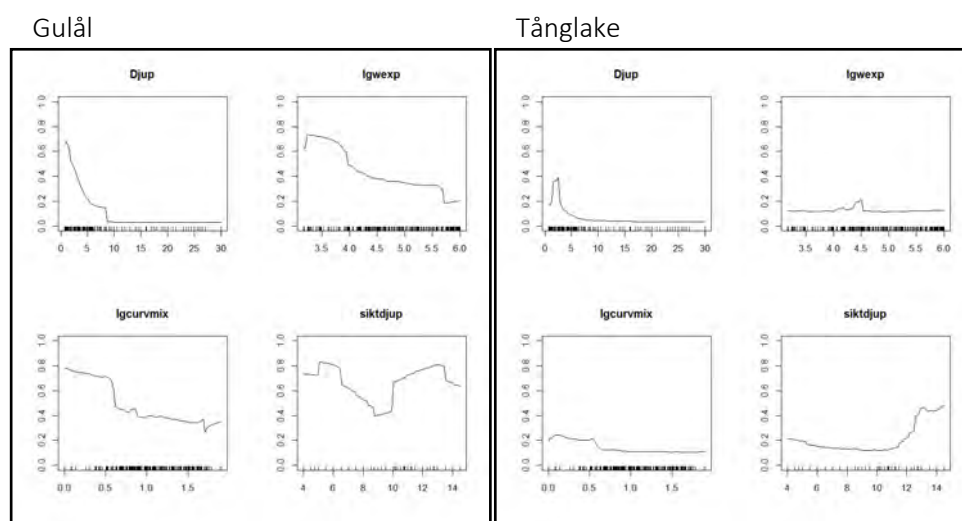
Figur F1. Responskurvor från ensemblemodeller för grässnulta, skärsnulta och stensnulta. Y-axeln anger relativ sannolikhet för förekomst.



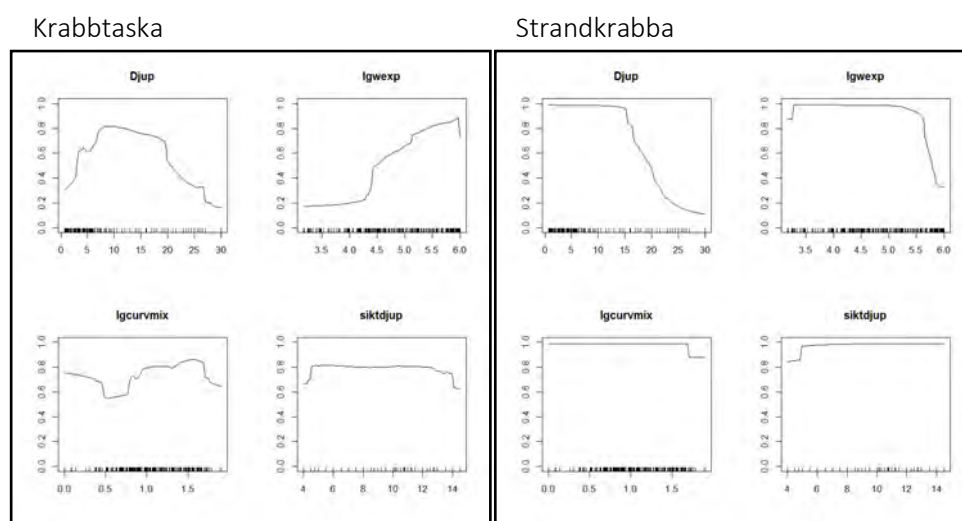
Figur F2. Responskurvor från ensemblemodell för torsk mindre och större än 20 cm, vitling och gråsej. Y-axeln anger relativ sannolikhet för förekomst.



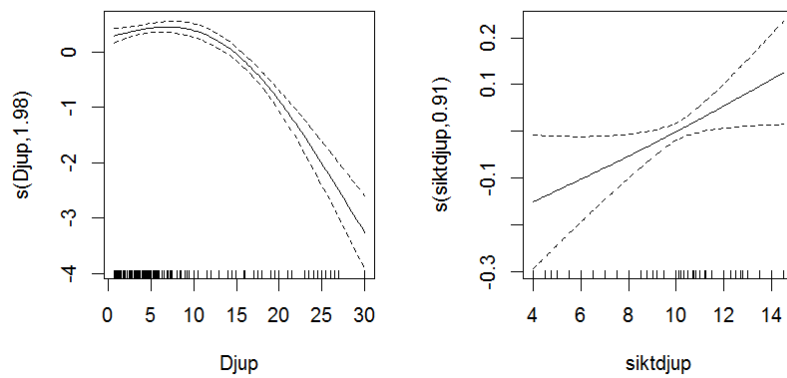
Figur F3. Responsskurvor från ensemblemodell för rödspätta mindre och större än 11 cm och skrubbskädda. Y-axeln anger relativ sannolikhet för förekomst.



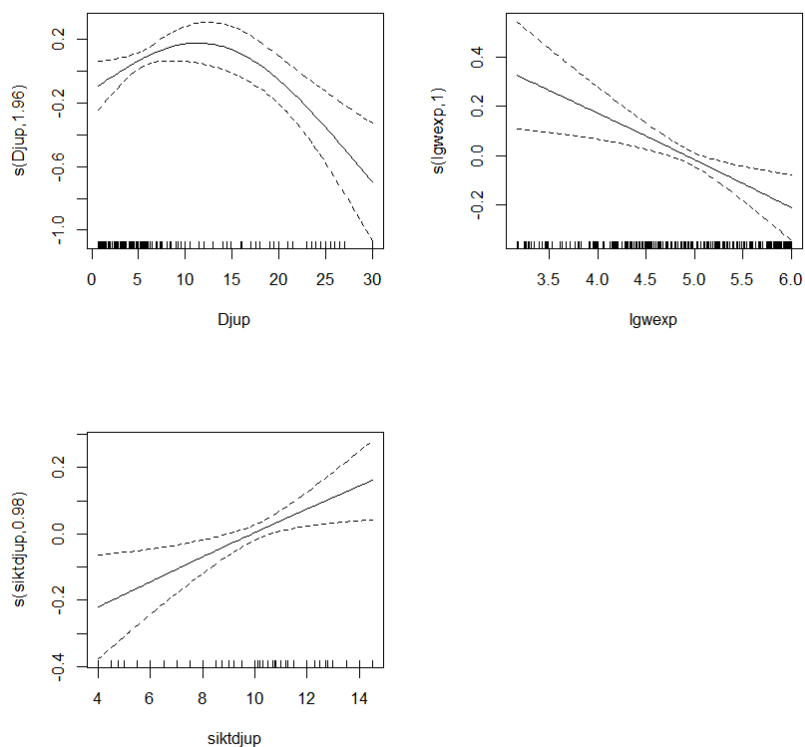
Figur F4. Responsskurvor från ensemblemodell för gulål och tånglake. Y-axeln anger relativ sannolikhet för förekomst.



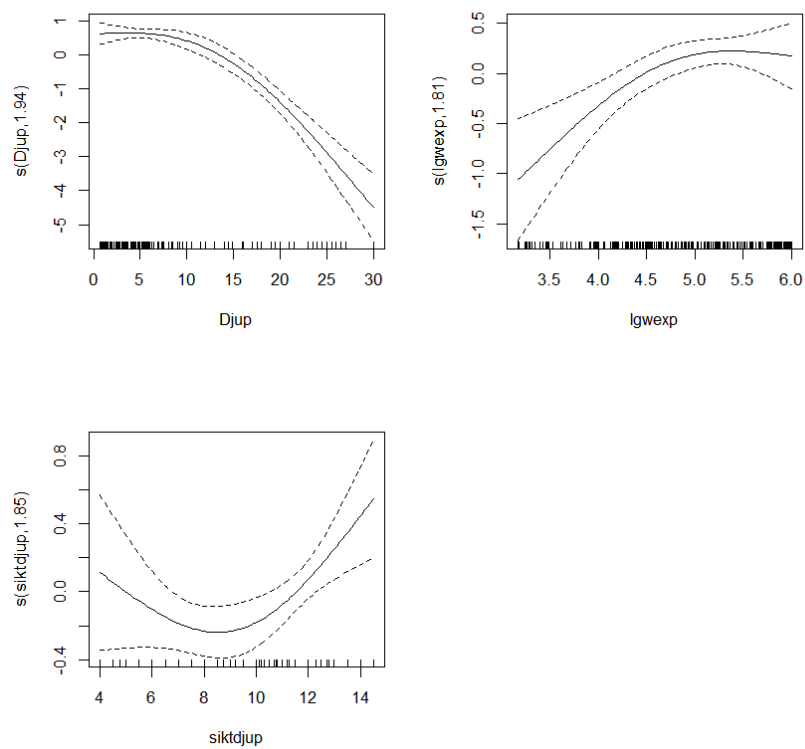
Figur F5. Responsskurvor från ensemblemodell för krabbtaska och strandkrabba. Y-axeln anger relativ sannolikhet för förekomst.



Figur F6. Responskurvor från GAM-modellen för antal fiskarter. Y-axeln anger responsen på den linjära prediktorskan.



Figur F7. Responskurvor från GAM-modellen för antal kräftdjursarter. Y-axeln anger responsen på den linjära prediktorskan.

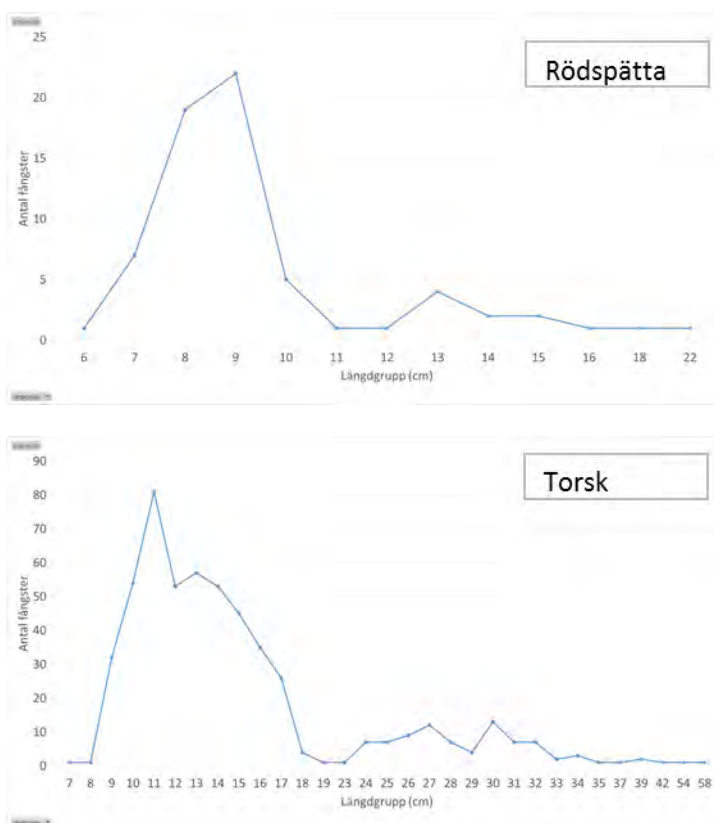


Figur F8. Responskurvor från GAM-modellen för CPUE mesopredatorer. Y-axeln anger responsen på den linjära prediktorskan.

Appendix G. Habitatmodellering detaljerad metodbeskrivning

Testade arter/grupper

De arter som modellerades i denna studie var grässnultra, skärsnultra, stensnultra, torsk mindre och större än 20 cm, vitling, gråsej, rödspätta mindre och större än 11 cm, skrubbskädda, gulål, tånglake, krabbtaska och strandkrabba. Torsk och rödspätta delades i två storleksgrupper motsvarande årsyngel respektive äldre fisk (figur G1). Avsikten var att få en mix av både ekonomiskt och ekologiskt intressanta arter, samt arter uppsatta på ArtDatabankens rödlista. Förutom enskilda arter modellerades även antalet fisk- och kräftdjursarter som ett mått på biodiversitet samt mesopredatorer då den gruppen är en indikator inom kustfiskövervakningen. Mesopredatorer definierades som arter med ett trofinivåindex under 4 enligt Fishbase och som inte var migrerande, eller av temporär natur.

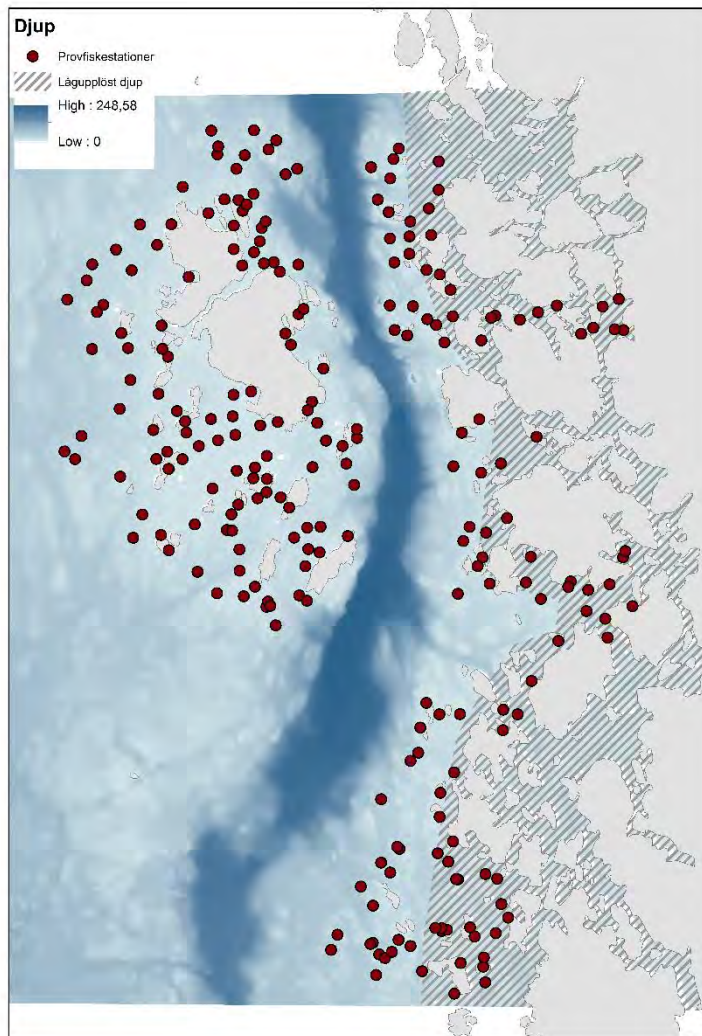


Figur G1. Histogram över längdfördelningen i fångsterna av rödspätta och torsk.

Miljövariabler

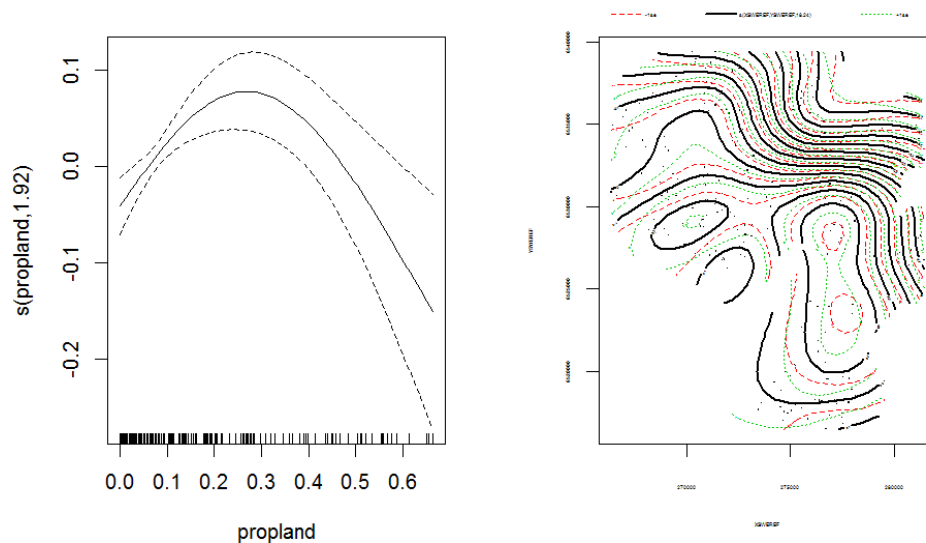
I den initiala modelleringsprocessen testades ett flertal förklaringsvariabler. Dessa var djup, bottenlutning, bottenkomplexitet, vågexponering, täckning av *Zostera* (ålgrys; från videoanalys av provfiskestationer), andel hårbotten (från videoanalys av provfiskestationer, samt från ytsubstratskikt från Sveriges Geologiska Undersökning) och bottenhårdhet (back scatter från tidigare bottenkartläggning utförd av Marin Mätteknik). Först testades om variablerna samvarierade genom ett så kallat vif-test (Variance inflation factor; Zuur m.fl., 2010). Ingen av variablerna uppvisade så hög samvariation med någon av de andra att de var tvungna att uteslutas av den anledningen. Signalerna från *Zostera* och bottenlutning var svaga och därför exkluderades dessa från de slutgiltiga modellerna. Kartskikten över bottenhårdhet och andel hårbotten jämfördes med noterad bottenstruktur och bottensubstrat vid filmningar som utförts vid varje provfiskestation. Då passningen mellan värdet uppmätt i fält och GIS-skiktens värde var dålig för både andel hårbotten och för bottenhårdhet exkluderades även dessa från de slutgiltiga modellerna eftersom de ansågs för inexakta för att fungera för att göra kartprediktioner i det aktuella området. De variabler som användes vid den slutgiltiga modelleringen blev därmed djup, vågexponering, bottenkomplexitet och siktdjup.

Vid kalibreringen av modellerna användes fältmätt djup, medan kartskikten bygger på GIS-lager över djup då man behöver heltäckande kartunderlag för att ta fram de predikterade kartorna. För delar av studieområdet fanns GIS-lager över högupplöst (5x5 m) djup, men tyvärr var det inte heltäckande för hela studieområdet. För att få ett komplett djupskikt för kartframställning slogs det högupplösta lagret samman med ett djuplager med lägre upplösning (25x25 m) från Naturvårdsverkets sammanställning och analys av kustnära undervattensmiljö (Wennberg & Lindblad m.fl., 2006). Figur G2 visar var vi saknar högupplöst djup. I princip handlar det om hela skärgårdsområdet på fastlandssidan.



Figur G2. Djupkarta med provtagningsstationer markerade som röda punkter. Streckat område anger områden som saknar högupplöst djupkarta.

Vid den initiala modelleringsprocessen visade det sig att vi hade starka samband mellan siktdjup och förekomst av ett flertal av de modellerade arterna. Då det inte fanns något heltäckande GIS-skikt över siktdjup att tillgå togs ett nytt skikt fram genom att modellera de siktdjupsmätningar som gjorts vid provfisket. Modelleringen utfördes med hjälp av en GAM-analys i paketet mgcv i R (Wood, 2006) där siktdjup passades mot två förklaringsvariabler, andelen land inom en radie på 1 km (proxy för avrinning från land), samt en ytinteraktion mellan X- och Y-koordinaterna, eftersom vi hade en gradient i både X och Y-led. För den slutgiltiga modellen hölls antalet frihetsgrader för andel land till 2 och för X-Y interaktionen 20. Figur G3 visar responskurvor för modellen.



Figur G3. Responsskurvor för GAM-modellen över siktdjup. Modellen hade en förklaringsgrad på 80 %.

Modelleringsmetoder

För att skapa habitatmodeller för de olika arterna användes en rad modelleringsmetoder som alla finns implementerade i BIOMOD2-paketet i R. Syftet med BIOMOD2 är att på ett enkelt sätt samla ett flertal olika modelleringsmetoder i samma paket så att användaren kan köra flera modelltyper samtidigt. En fördel med denna approach är dess möjlighet att skapa så kallade ensemblemodeller, d.v.s. en kombination av de olika modellerna som ingår i modellpaketet. Tanken med detta är att kombinera styrkorna som erbjuds av flera konceptuellt olika modelleringsmetoder, och därmed få säkrare modeller och habitatkartor. Ensemblemodellen kan viktas så att de modeller med bäst resultat väger tyngst när de olika modellerna slås ihop. En begränsning i BIOMOD2 är att det enbart är anpassat för förekomstmodellering och inte abundansmodellering. Därför modellerades antal fiskarter, antal kräddjur och CPUE mesopredatorer med hjälp av enbart GAM-modeller i paketet mgcv i R (Wood, 2006). De modelleringsmetoder som användes listas och förklaras kort nedan:

GLM – Generalized Linear Models:

GLM är en mer flexibel form av klassisk multipel regression genom att den tillåter att den beroende variabeln har andra fördelningar än normalfördelning (Thuiller, m.fl., 2009).

GAM – Generalized Additive Models:

En semi-parametrisk förlängning av linjära GLM:er som baseras på så kallade "smooth"-funktioner. Hanterar mer flexibla, icke-linjära, relationer än GLM (Wood, 2006). Alla "smoothers" hade maximalt 2 ($k = 3$) frihetsgrader i denna studie.

RF – Random forest:

Avancerad trädbaserad klassificeringsmetod som hanterar komplexa interaktioner. Femhundra små träd via "bagging", en ensemblemetod i sig självt (Cutler m.fl., 2007).

Mars – Multivariate Adaptive Regression Splines:

MARS är en typ av regressionsmodell. Skillnaden mellan MARS och vanliga linjära modeller är att den kan ha olika koefficienter på olika nivåer för samma variabel (Reiss m.fl., 2011).

CTA Classification Tree Analysis:

CTA-modeller bygger på en optimerande algoritm som repetitivt letar efter den optimala vägen i ett beslutsträd för att förklara en arts förekomst utifrån miljövariabler (Thuiller m.fl., 2009). I varje nod i beslutsträdet tas ett beslut baserat på värdet hos en förklaringsvariabel (Vayssières m.fl., 2000).

FDA – Flexible Discriminant Analysis:

FDA är en klassificeringsmodell som är anpassad för förekomst/icke-förekomstdata. Det är en utveckling av mer kända LDA (Linear Discriminant Analysis), men till skillnad från LDA kräver inte FDA att förekomstdata är normalfördelad (Reiss m.fl., 2011).

ANN – Artificial Neural Network:

ANN är en maskinlärande iterativ icke-linjär modell som på ett flexibelt sätt generaliserar linjära regressionsfunktioner. ANN är så pass flexibel tack vare att den innefattar så många olika parametrar (Thuiller m.fl., 2009).

GBM – Generalized Boosted Models:

GBM är en metod som bygger på resultaten från ett stort antal enklare modeller. Varje individuell modell består av klassifikations- eller regressionsträd.

SRE – Surface Range Envelope:

SRE är en metod som kommer från BioClim, vilket var en av de första mjukvarorna för artdistributionsmodellering som fick genomslag bland ekologer (Booth m.fl., 2013). Metoden går ut på att identifiera maximum- och minimumvärden för alla variabler där den undersökta arten förekommer. Enbart de stationer vars alla

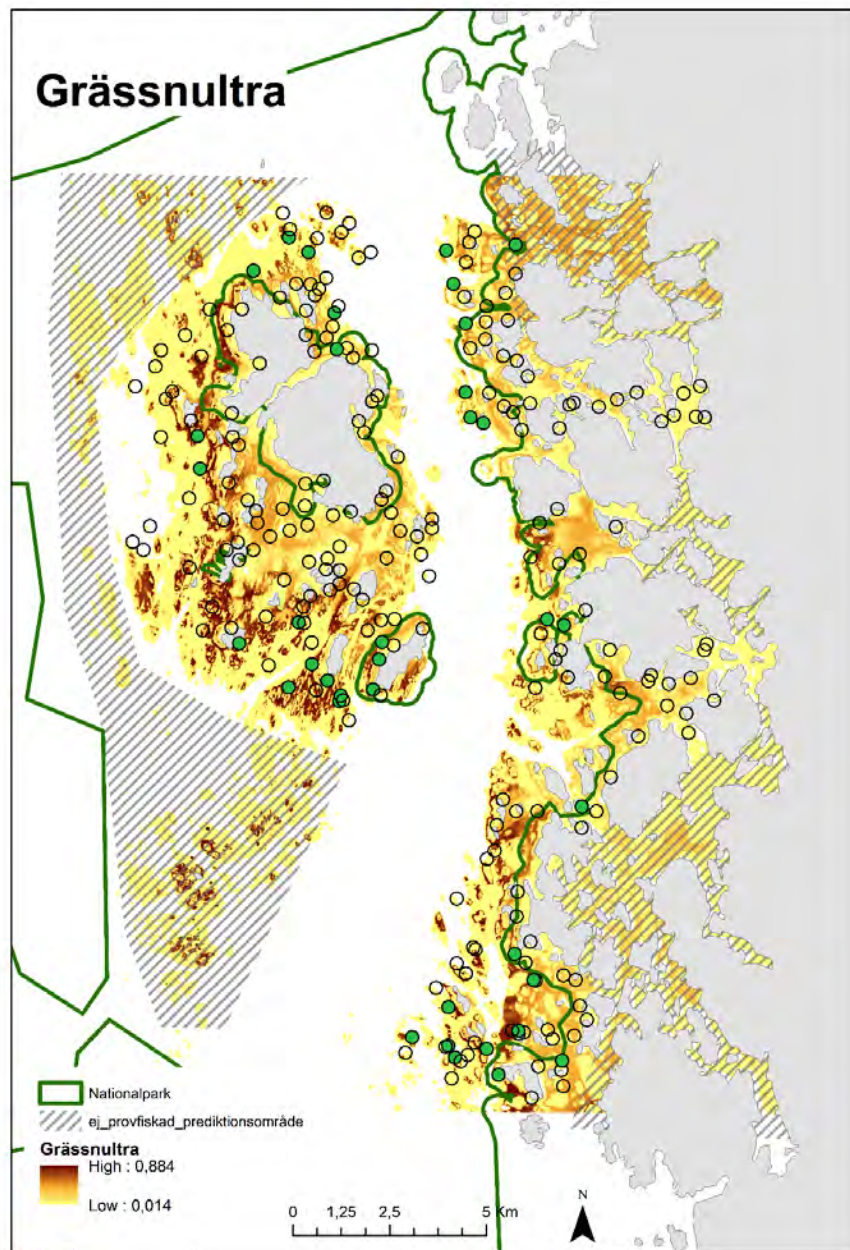
förklaringsvariabler ligger inom detta maximum-minimum-spänn inkluderas i modellen.

Ensemblemodellering

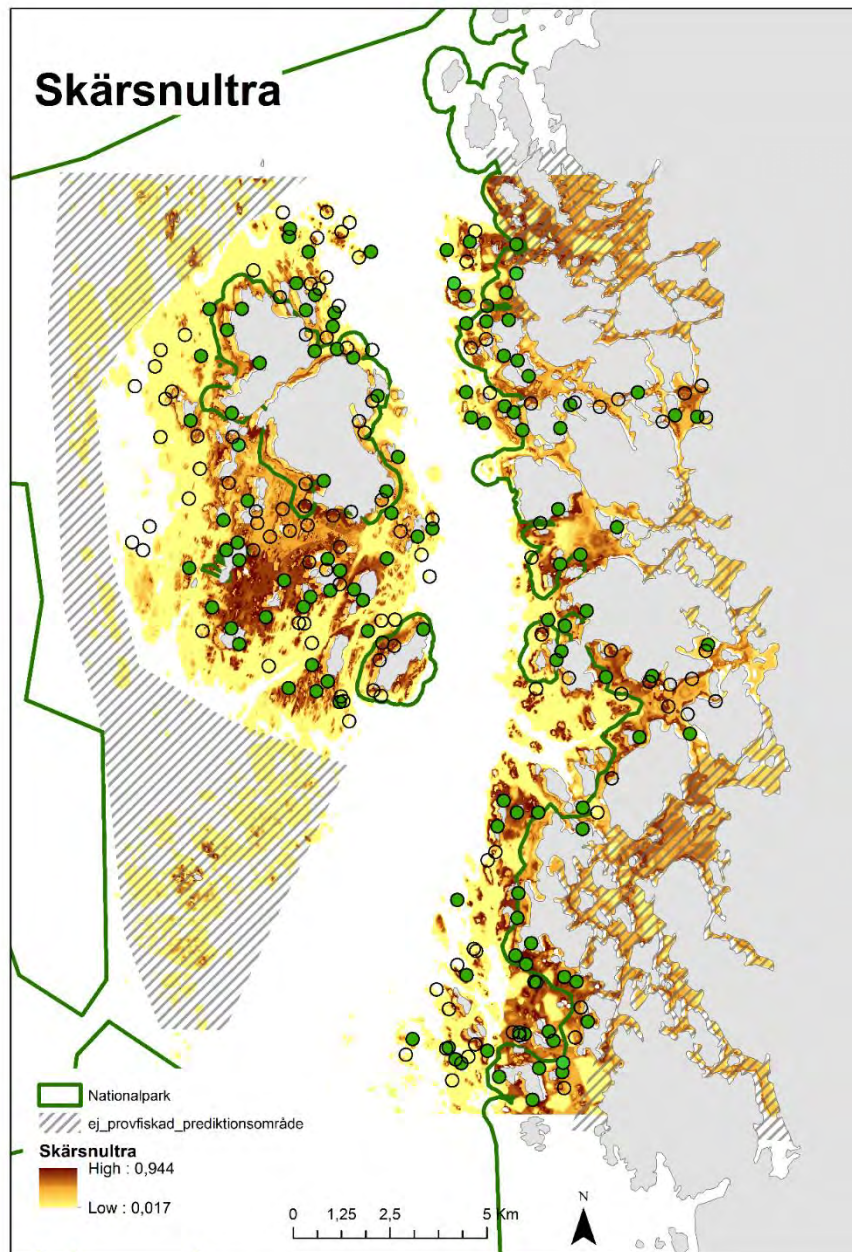
Vid modelleringsprocessen tas först separata modeller från varje modelleringsmetod fram. För att avgöra hur bra modellerna var på att prediktera används utvärderingsmättet AUC. AUC beräknas som arean under en ROC-kurva (Receiver Operating Characteristic Curve), en graf som visar sambandet mellan modellens förmåga att visa sanna förekomster (sensitivitet) respektive sanna icke-förekomster (specificitet).

Vid ensemblemodelleringen kombineras alla separata modeller till en slutgiltig ensemblemodell. Detta kan göras på flera sätt, t.ex. genom att ta ett medel av samtliga modeller. I denna studie användes metoden "viktat medelvärde" vid ensemblemodelleringen. Detta innebär att modeller med högre AUC-värde fick större inverkan på den slutgiltiga ensemblemodellen. Modeller med högre prediktiv förmåga påverkade alltså den slutgiltiga modellen mer än svagare modeller. I nästa steg används den slutgiltiga ensemblemodellen för att, utgående från heltäckande kartor över miljövariablerna, ta fram en kartbild i GIS-miljö som beskriver den sannolika förekomsten av de olika arterna i det studerade området. Värdet i kartprediktionen anger alltså sannolikheten för fångst av arten om man skulle fiska i området med samma metodik som vid provfisket.

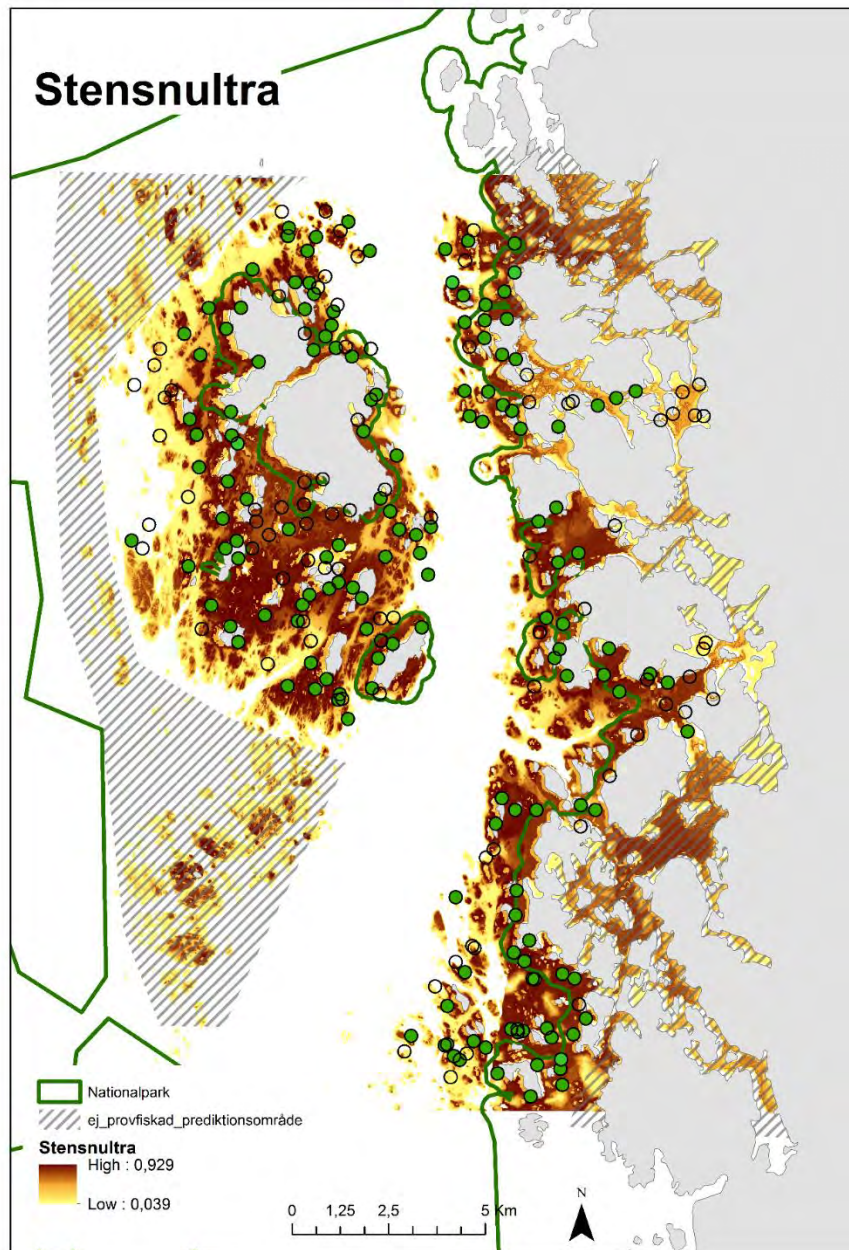
Appendix H. Större versioner av de enskilda
habitatmodelleringskartorna



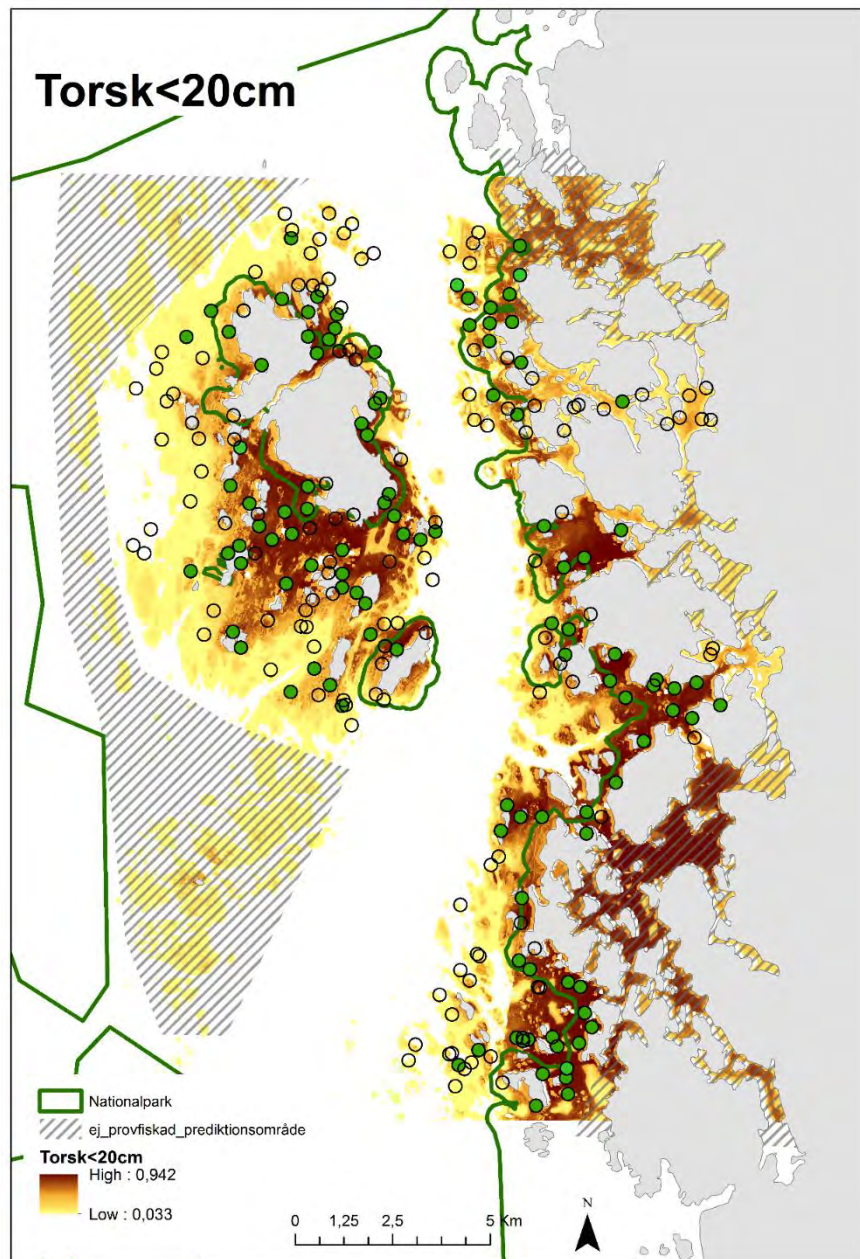
Figur H1. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av grässnultra. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



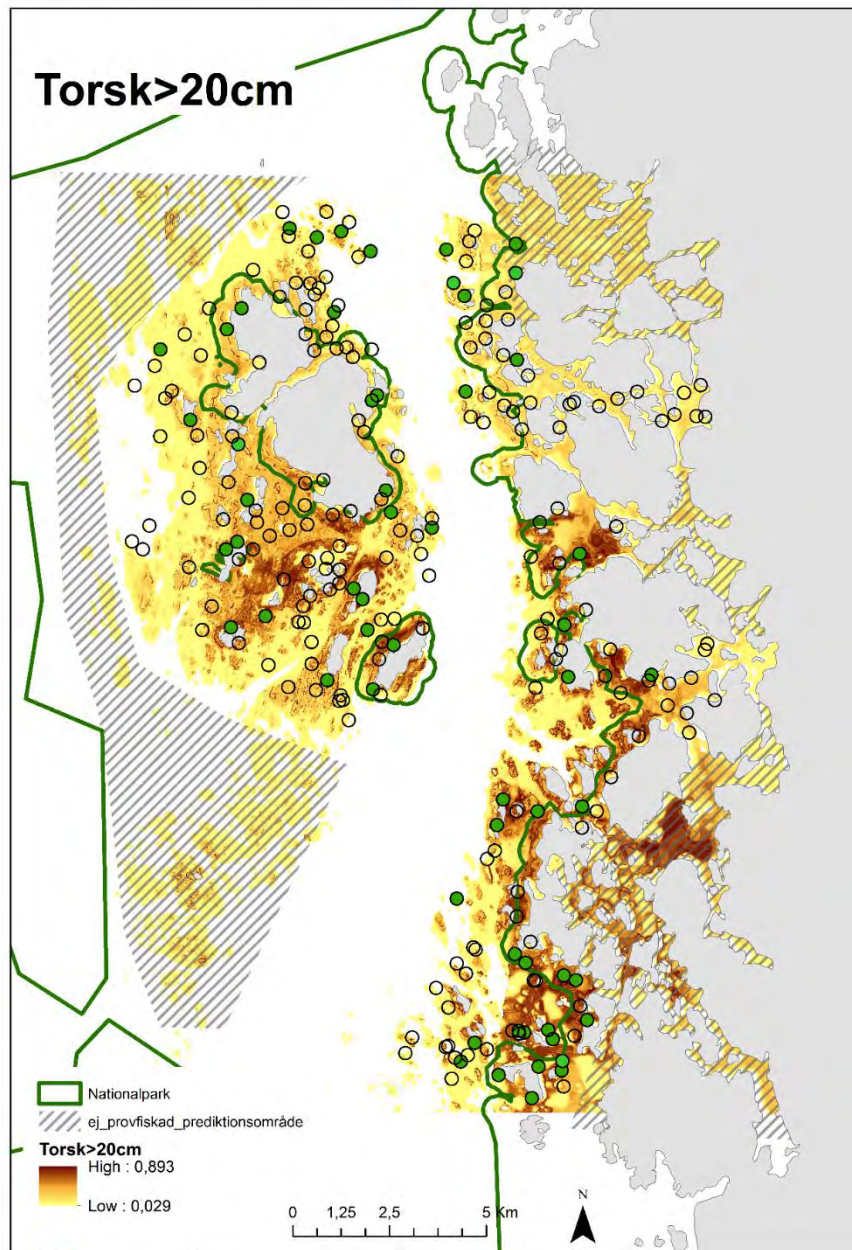
Figur H2. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av skärsnultra. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



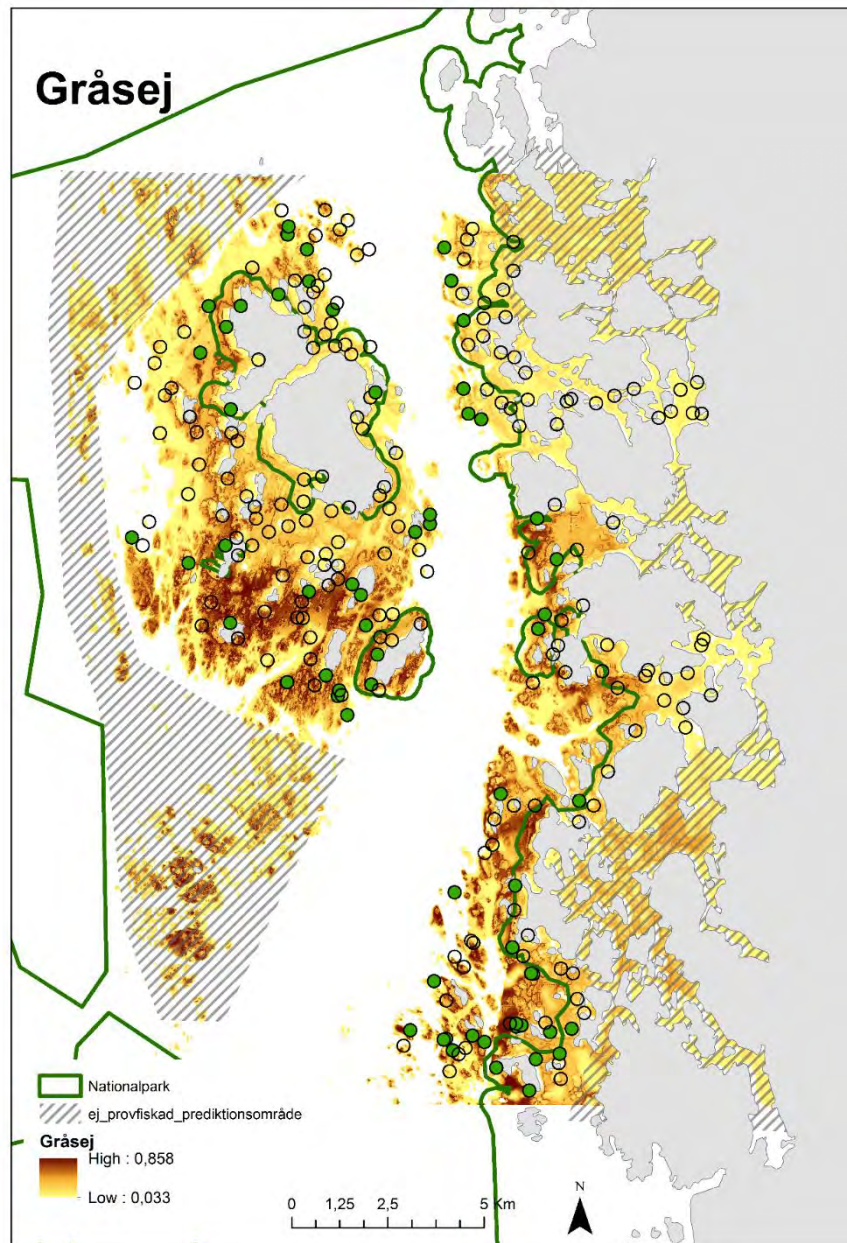
Figur H3. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av stensnultra. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



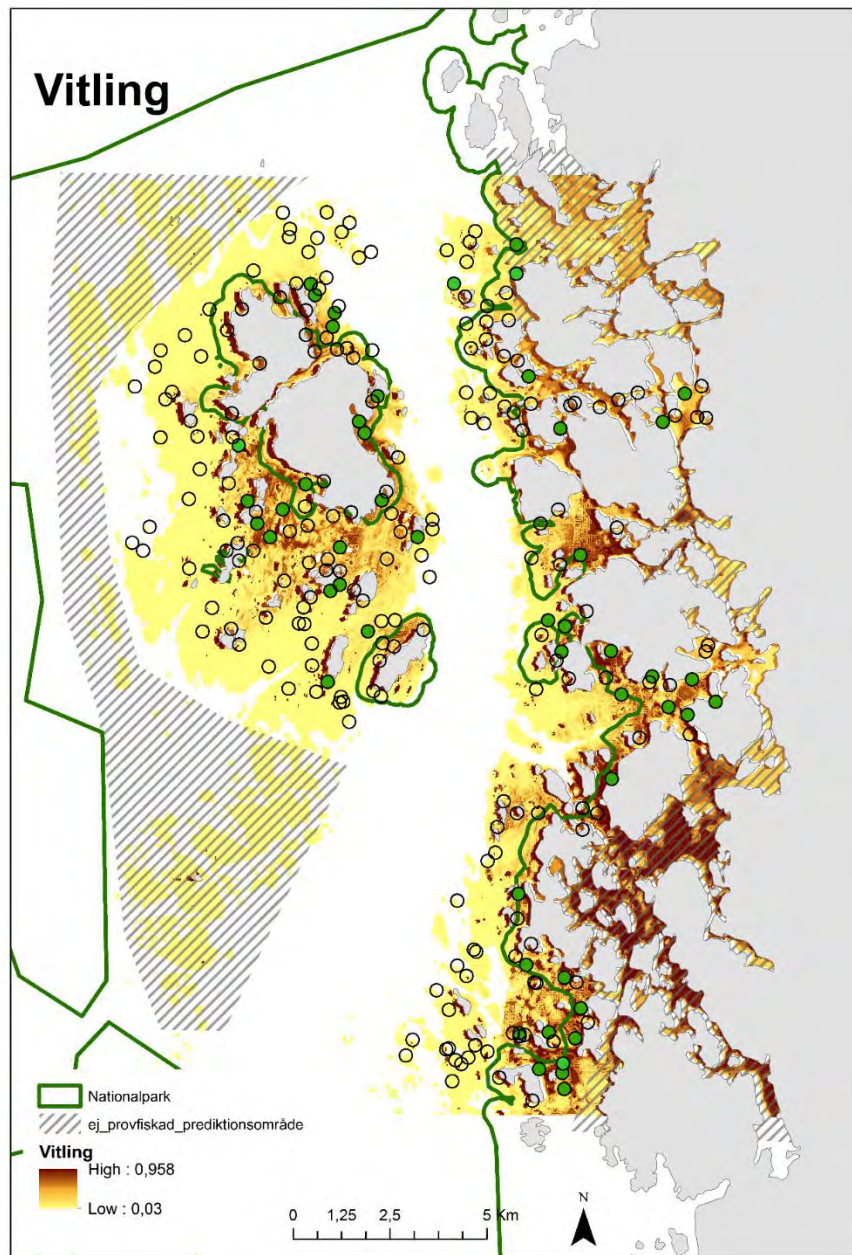
Figur H4. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av torsk < 20 cm. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



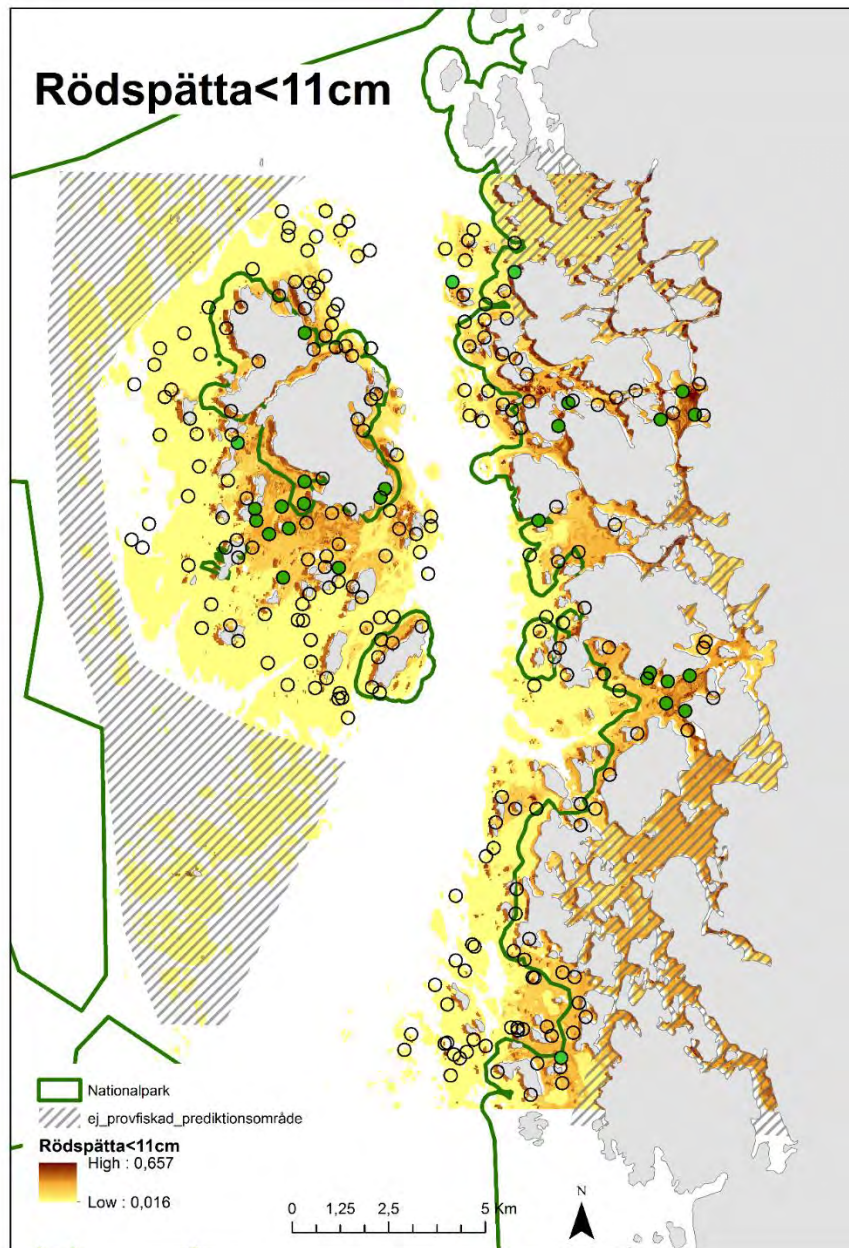
Figur H5. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av torsk > 20 cm. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



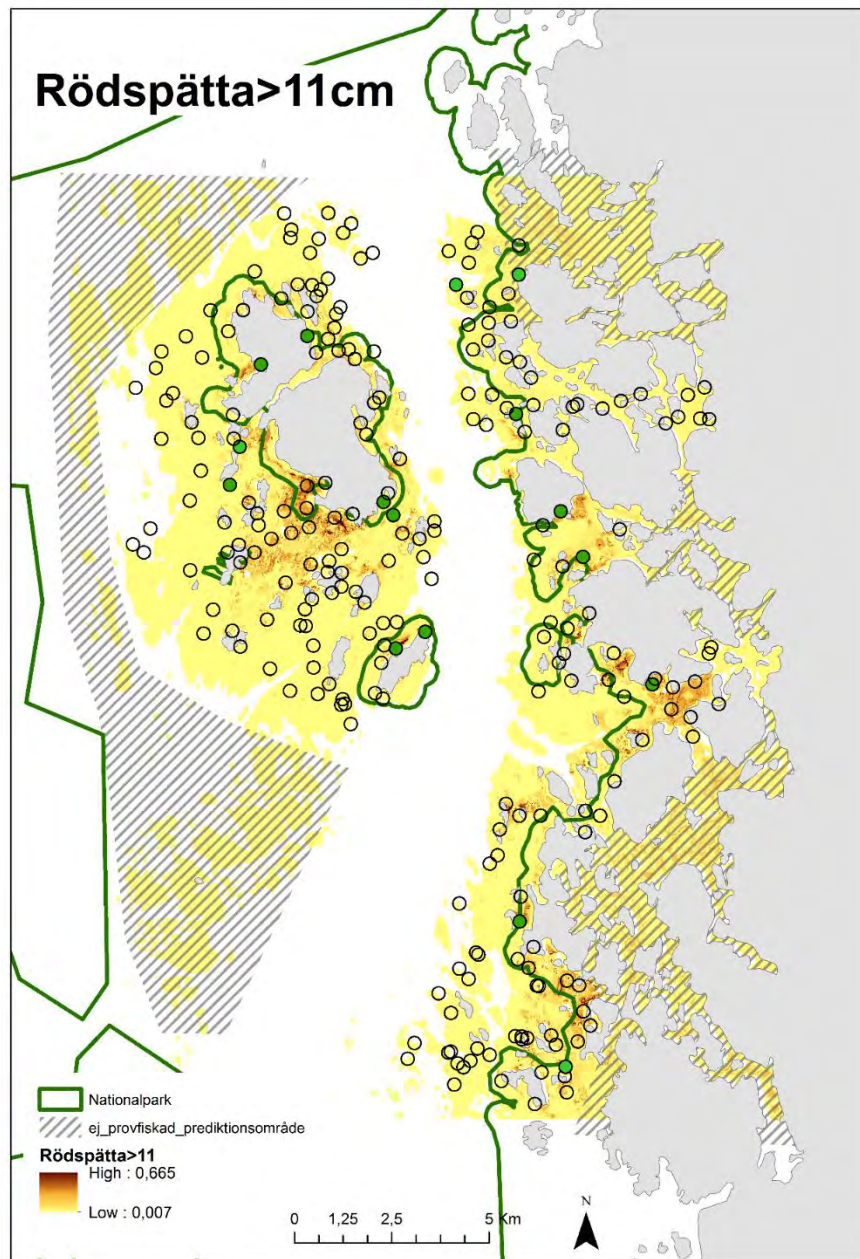
Figur H5. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av gråsej. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



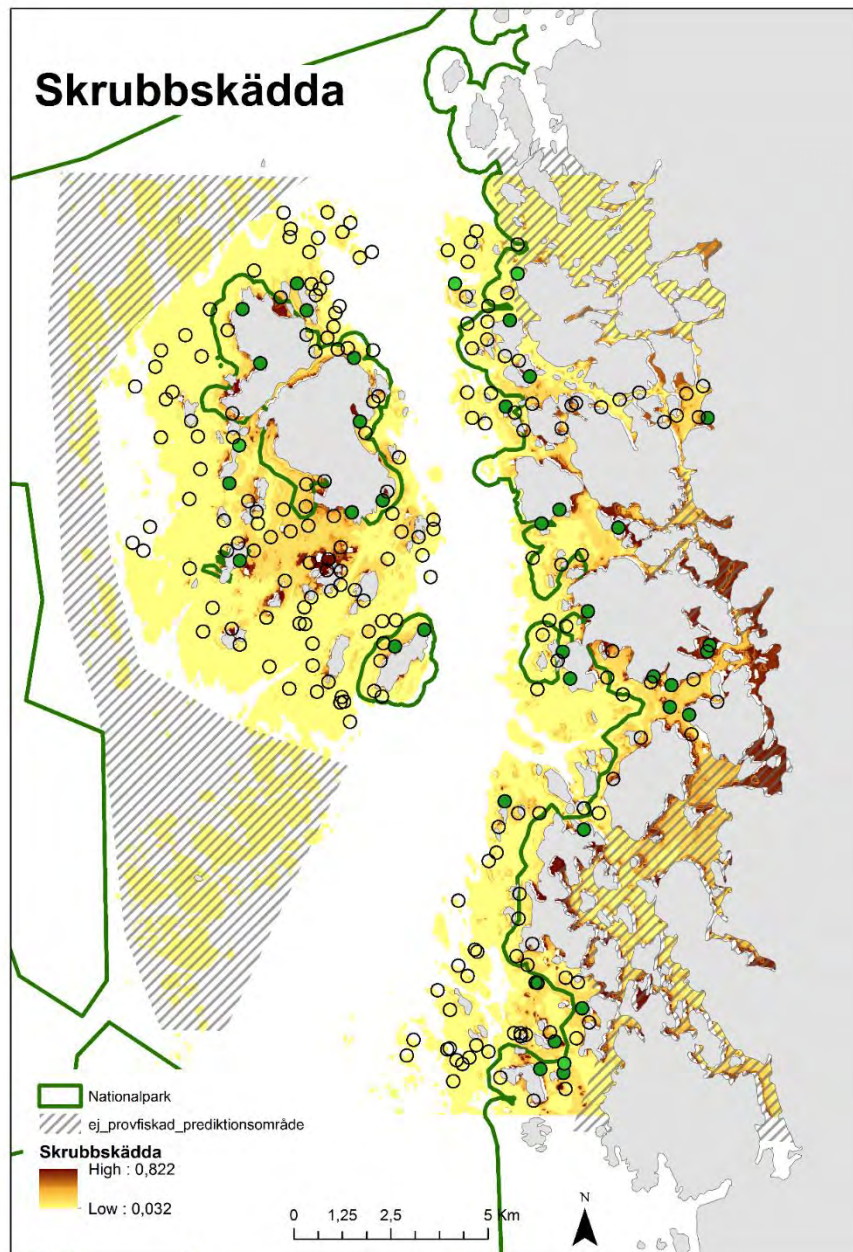
Figur H6. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av vitling. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



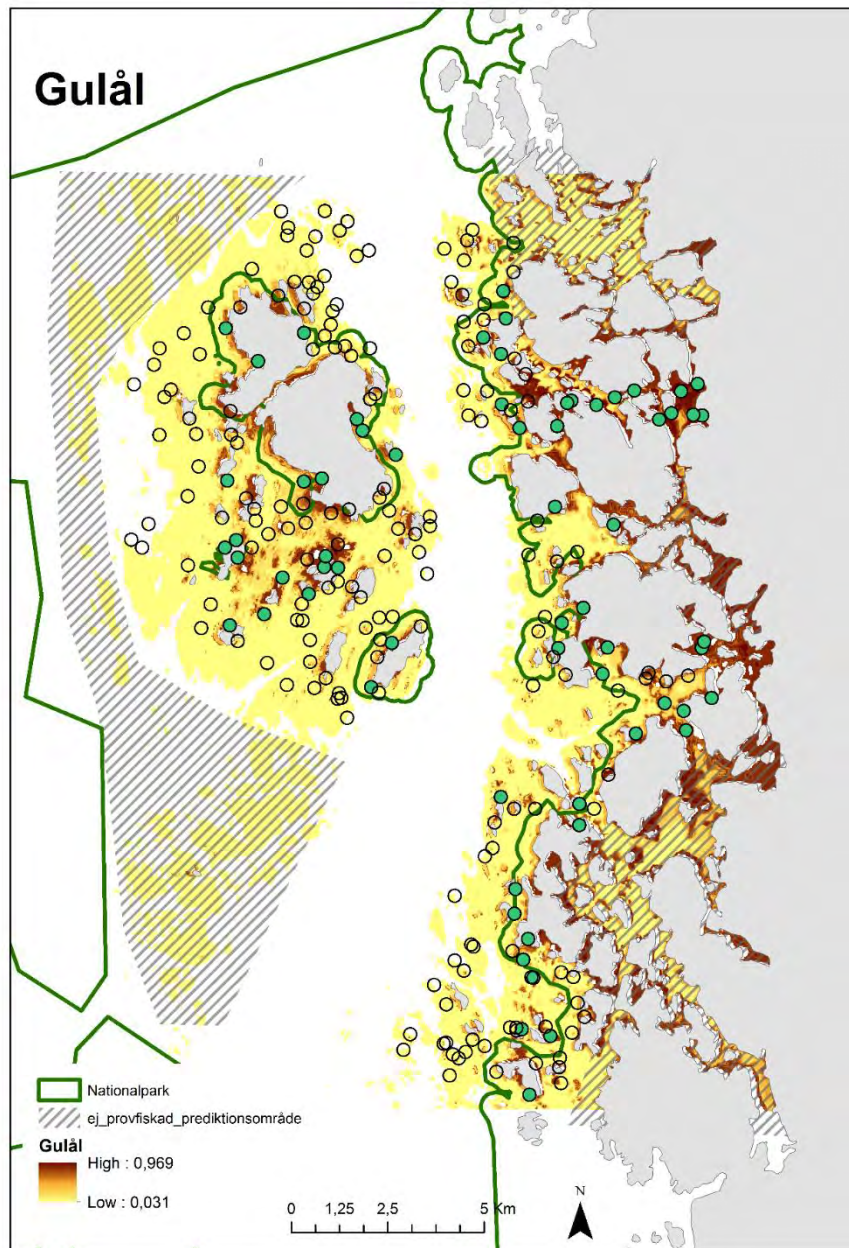
Figur H7. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av rödspätta < 11 cm. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Strekat område anger osäker prediktion.



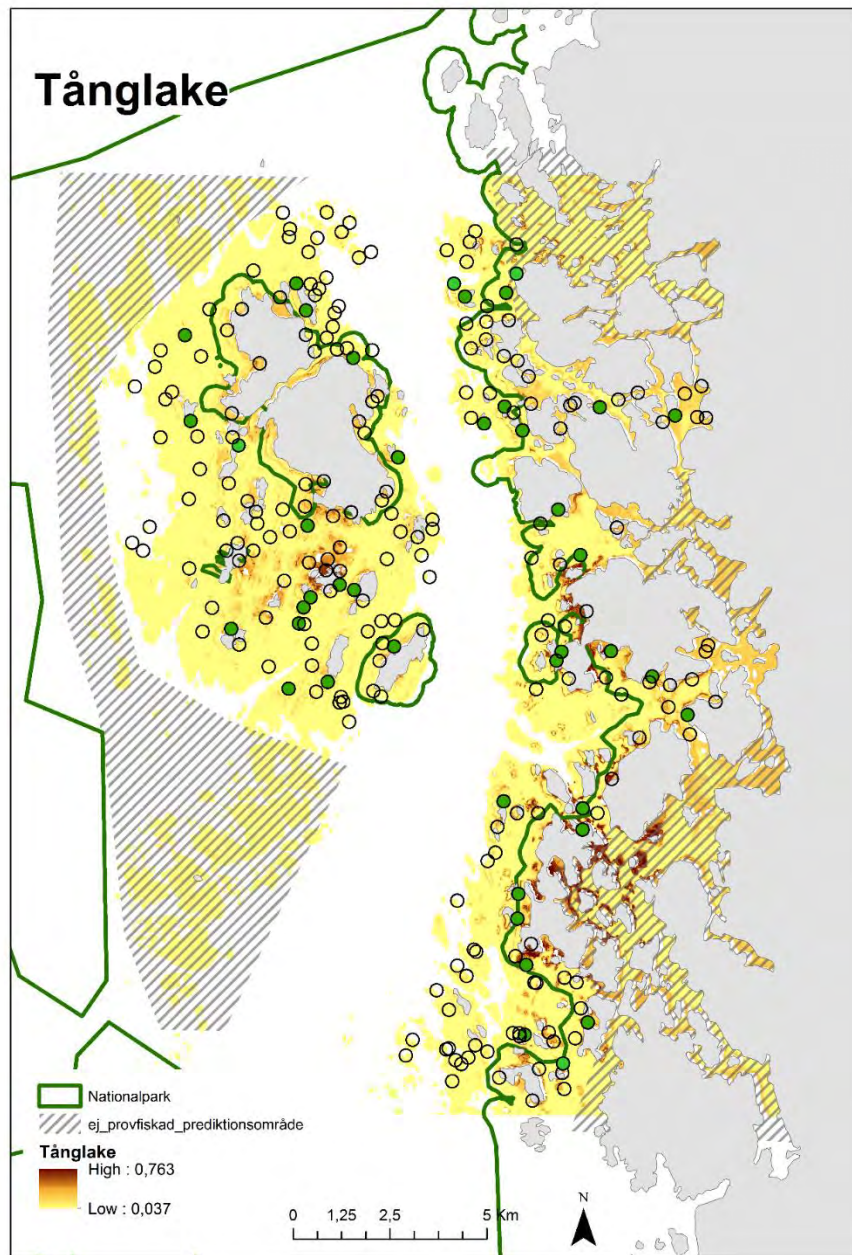
Figur H8. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av rödspätta > 11 cm. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirkelar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



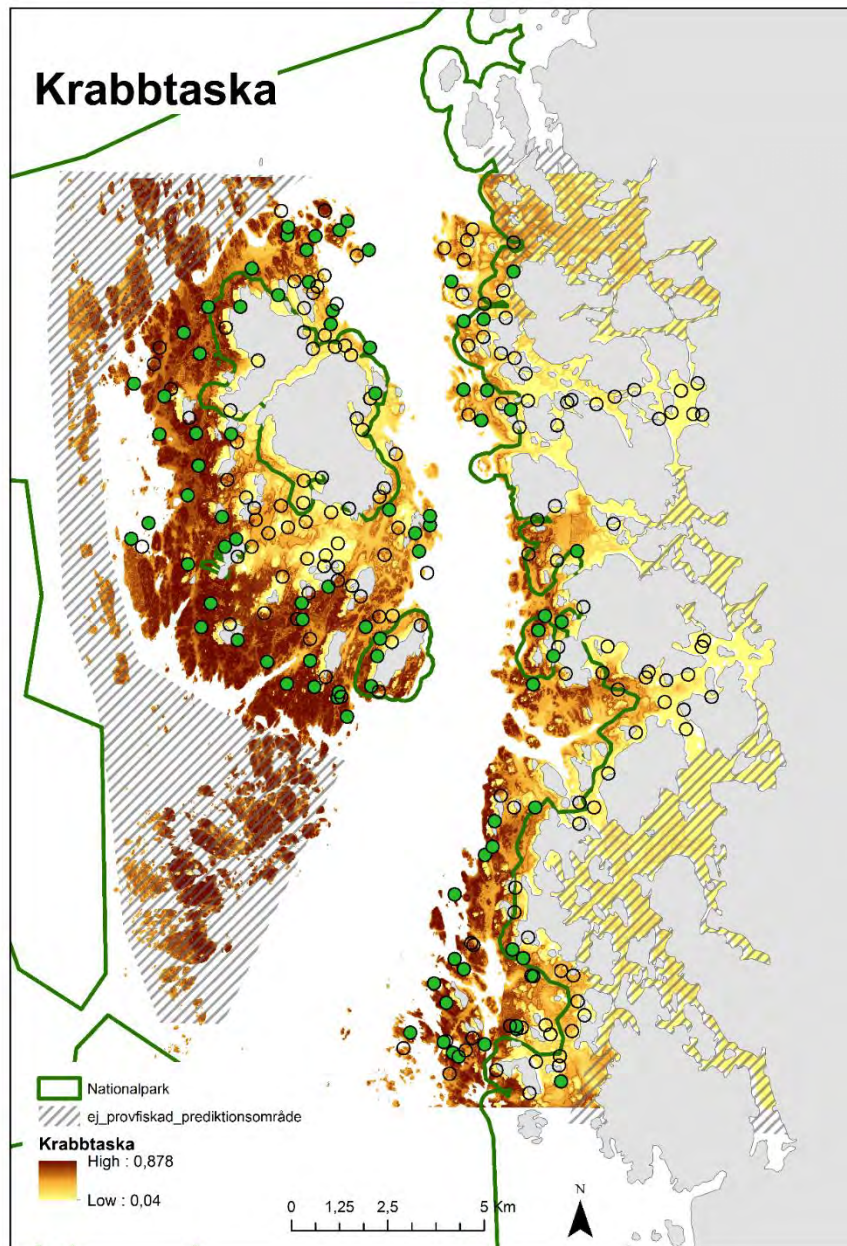
Figur H9. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av skrubbskädda. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



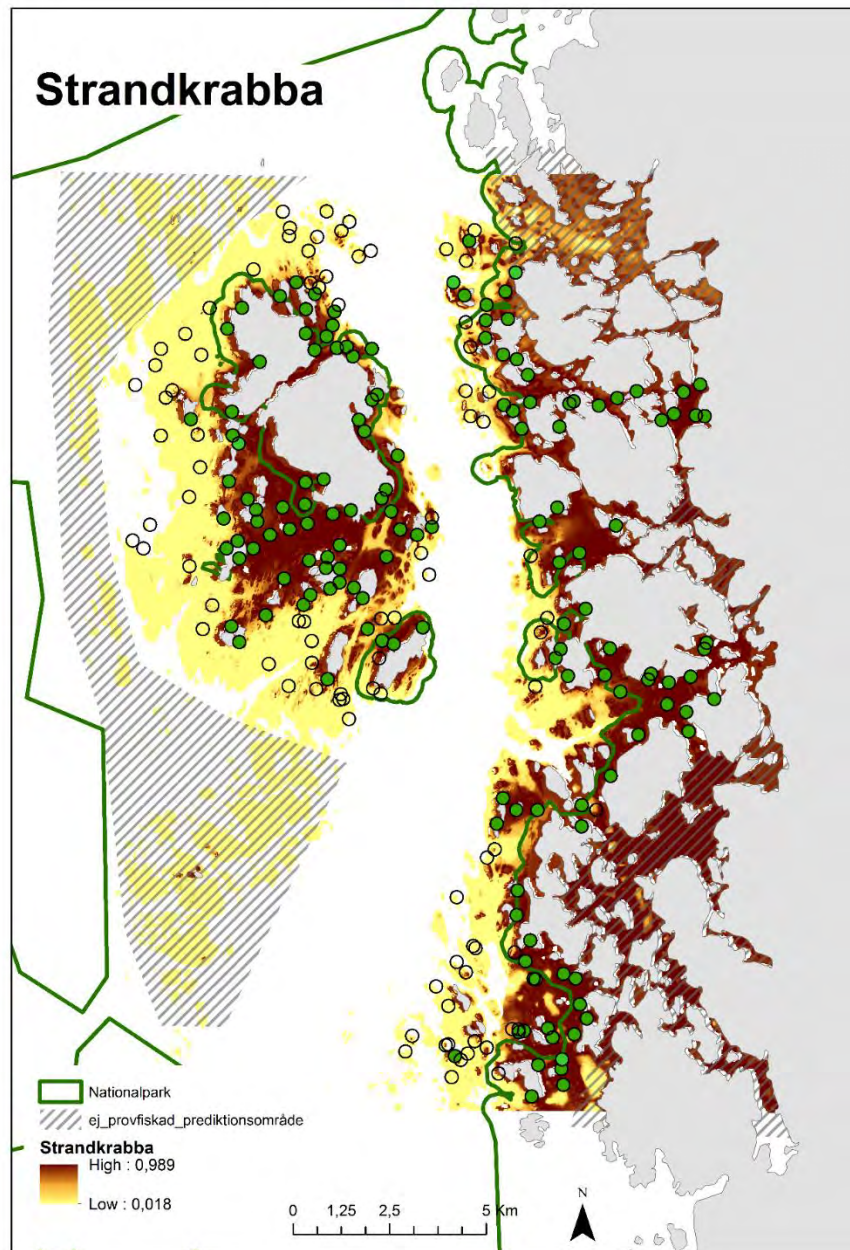
Figur H10. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av gulål. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



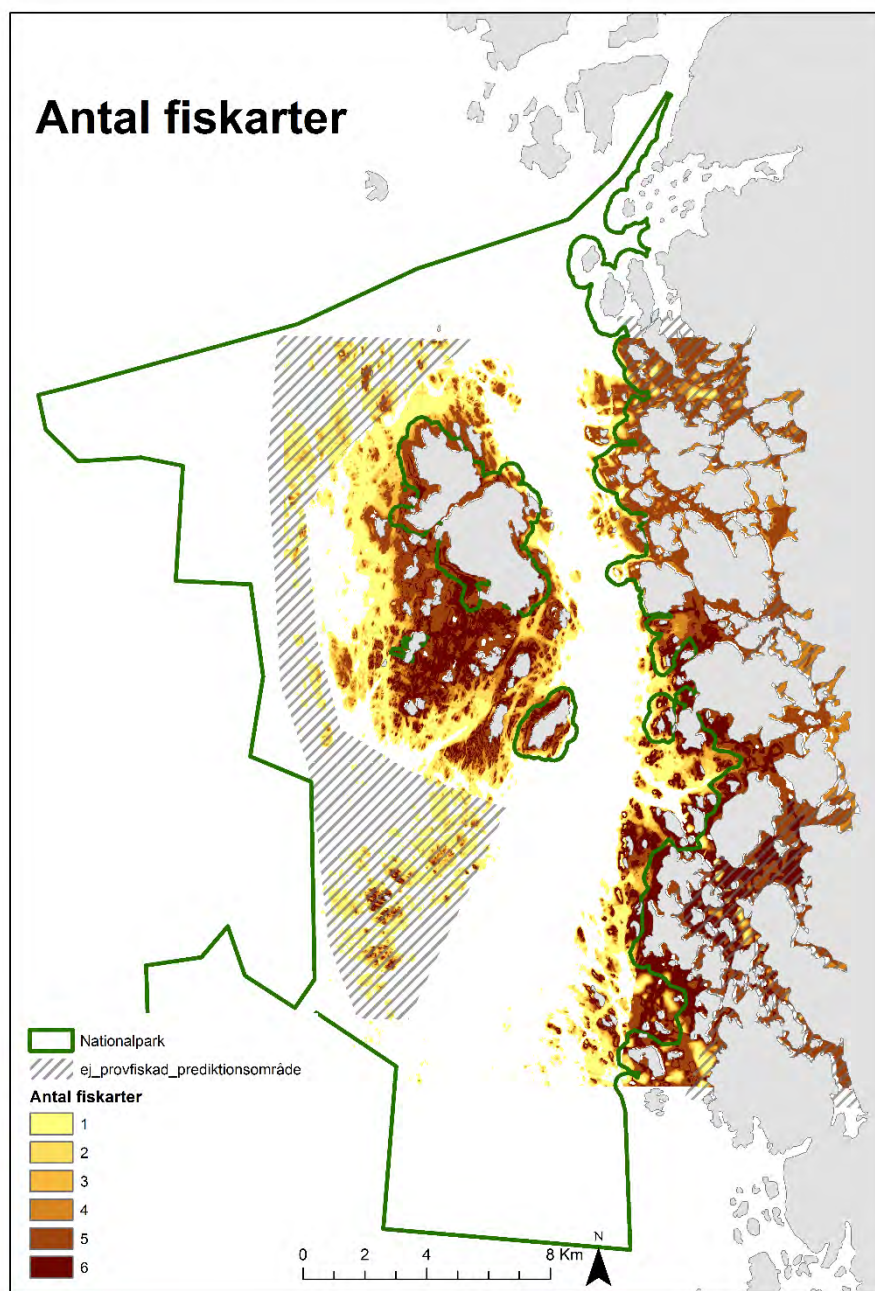
Figur H11. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av tånglake. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



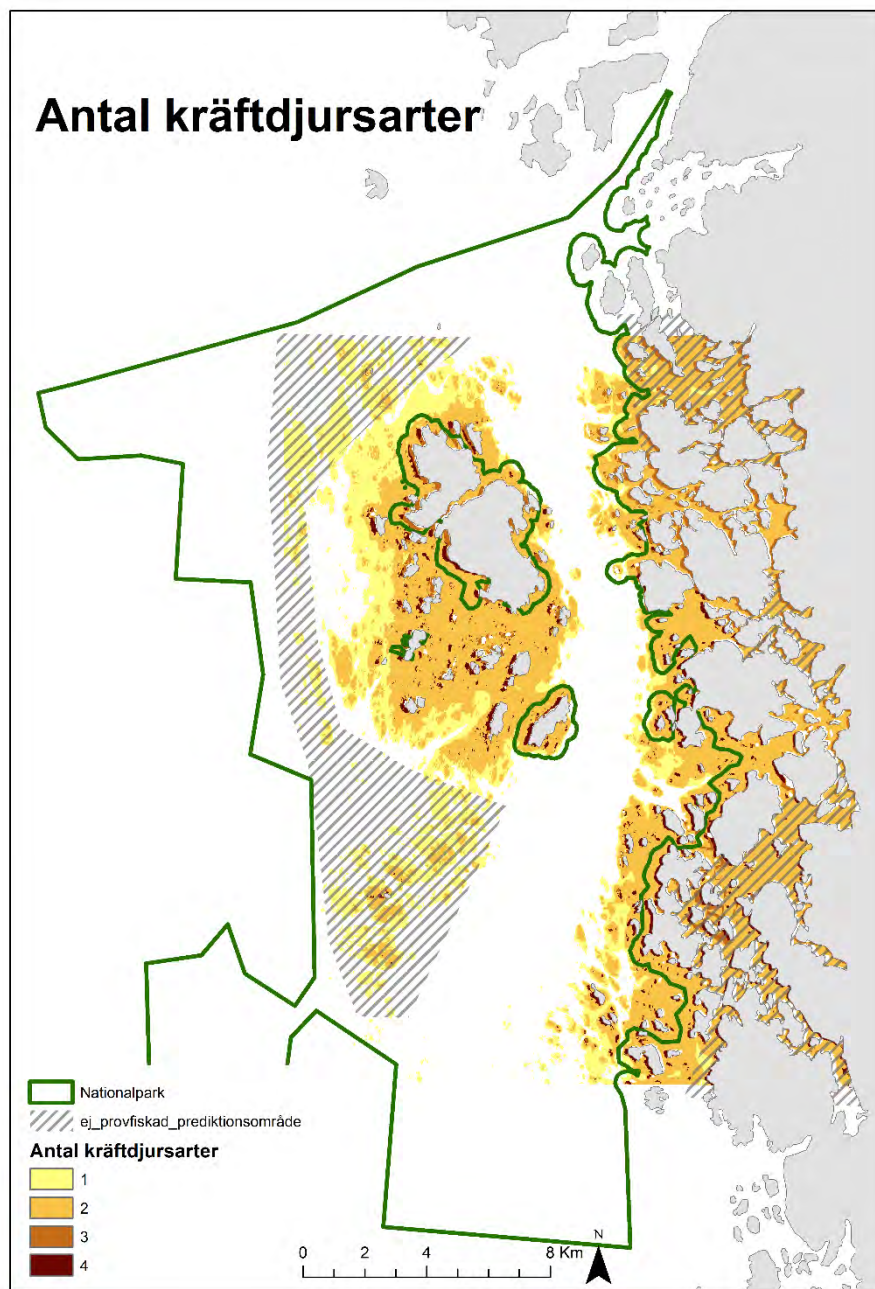
Figur H12. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av krabbtaska. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



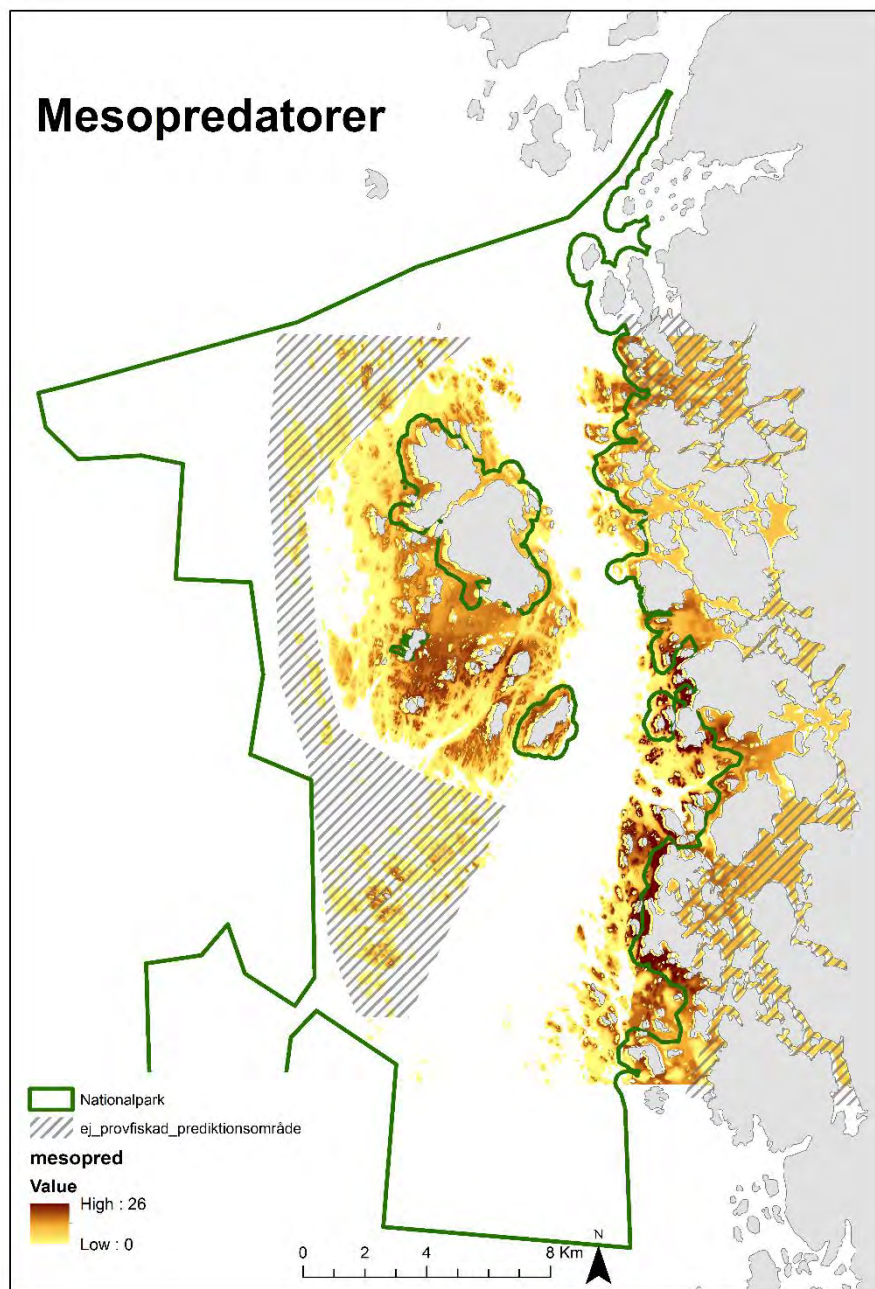
Figur H13. Kartprediktion med predikterad sannolikhet för förekomst av strandkrabba. Gröna punkter anger stationer där arten fångats och tomma cirklar där arten inte fångats. Streckat område anger osäker prediktion.



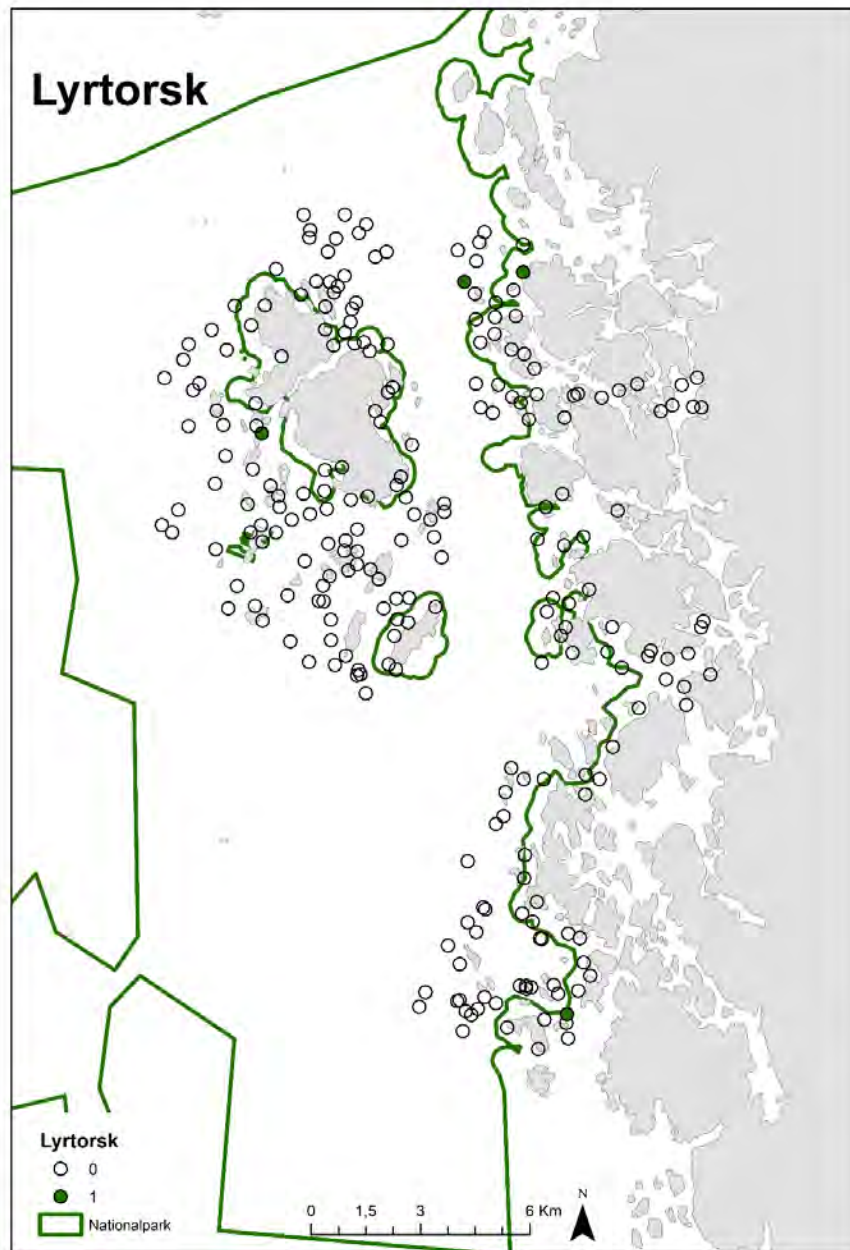
Figur H14. Kartprediktion med predikterade antal arter av fisk. Streckat område anger osäker prediktion.



Figur H15. Kartprediktion med predikterade antal arter av kräftdjur. Streckat område anger osäker prediktion.



Figur H16. Kartprediktion med predikterade abundans av mesopredatorer. Streckat område anger osäker prediktion.



Figur H17. De stationer där den rödlistade lyrtorsken fångades är markerade med grönt. Ingen modell gjordes för arten på grund av den låga fångsten.