

REPORT OF THE 2024 ICCAT INTERSESSIONAL MEETING OF BLUEFIN TUNA SPECIES GROUP (BFTSG)

(hybrid/ Sliema, Malta, 15-18 April 2024)

SUMMARY

The hybrid meeting was held in person at the Waterfront Hotel in Sliema Malta, and online, from 15 to 18 April 2024. This meeting focused on the elaboration of a proposal for the implementation of the close-kin mark-recapture (CKMR) methodology for the eastern bluefin tuna (EBFT), in coordination with the ongoing CKMR study on the western bluefin tuna (WBFT). The Group reviewed the progress on CKMR modeling, genetics studies, a pilot study on the epigenetic clock, sampling programs, funding resources, GBYP research, and the abundance indices used in the Management Procedure (MP). An external advisor for the GBYP Steering Committee for CKMR matters, Dr Ruzzante, provided a well-overviewed summary of the current status of the CKMR Atlantic Bluefin tuna stock-related initiatives. To date, two groups have presented different genotyping approaches for developing CKMR for EBFT and WBFT populations. There is a consensus that a Pan-Atlantic approach would be desirable both to support future MP development and Management Strategy Evaluation (MSE) reconditioning. The Group focused on the necessary steps for the feasibility BFT-E proposal in 2024 and for a Pan-Atlantic approach.

RÉSUMÉ

La réunion hybride s'est tenue en personne au Waterfront Hotel à Sliema (Malte) et en ligne du 15 au 18 avril 2024. Cette réunion a été consacrée à l'élaboration d'une proposition pour la mise en œuvre de la méthodologie de marquage-recapture de spécimens étroitement apparentés (CKMR) pour le thon rouge de l'Est (EBFT), en coordination avec l'étude du CKMR en cours sur le thon rouge de l'Ouest (WBFT). Le Groupe a examiné les progrès de la modélisation CKMR, les études génétiques, une étude pilote sur l'horloge épigénétique, les programmes d'échantillonnage, les sources de financement, la recherche du GBYP et les indices d'abondance utilisés dans la procédure de gestion (MP). Le Dr Ruzzante, conseiller externe du Comité directeur du GBYP en matière de CKMR, a présenté un résumé bien équilibré de l'état actuel des initiatives liées au CKMR du stock de thon rouge de l'Atlantique. À ce jour, deux groupes ont présenté différentes approches de génotypage pour le développement du CKMR pour les populations de thon rouge de l'Est et de l'Ouest. Il existe un consensus sur le fait qu'une approche pan-atlantique serait souhaitable à la fois pour soutenir le développement futur d'une MP et le reconditionnement de l'évaluation de la stratégie de gestion (MSE). Le Groupe s'est concentré sur les étapes nécessaires de la proposition de faisabilité relative au thon rouge de l'Est et d'une approche pan-atlantique.

RESUMEN

La reunión híbrida se celebró presencialmente en el hotel Waterfront en Sliema (Malta) y en línea, del 15 al 18 de abril de 2024. Esta reunión se centró en la elaboración de una propuesta para implementar la metodología de marcado y recaptura de ejemplares estrechamente emparentados (CKMR) para el atún rojo oriental (EBFT), en coordinación con el estudio CKMR en curso sobre el atún rojo occidental (WBFT). El Grupo revisó los avances en la modelización del CKMR, los estudios genéticos, un estudio piloto sobre el reloj epigenético, los programas de muestreo, los recursos de financiación, la investigación del GBYP y los índices de abundancia utilizados en el procedimiento de ordenación (MP). El Dr. Ruzzante, asesor externo del comité directivo del GBYP para asuntos relacionados con el CKMR, presentó un resumen muy completo de la situación actual de las iniciativas relacionadas con el stock de atún rojo del Atlántico del CKMR. Hasta la fecha, dos grupos han presentado distintos enfoques de genotipado para desarrollar el CKMR para las poblaciones de EBFT y WBFT. Existe consenso sobre la conveniencia de adoptar un enfoque panatlántico para apoyar el futuro desarrollo de los MP y el reacondicionamiento de la evaluación de estrategias de ordenación (MSE). El Grupo se centró en los pasos necesarios para hacer viable la propuesta BFT-E en 2024 y adoptar un enfoque panatlántico.

1. Opening, adoption of agenda and meeting arrangements

The hybrid meeting was held in person at the Waterfront Hotel in Sliema Malta, and online, from 15 to 18 April 2024. Drs. Enrique Rodríguez-Marín (EU-Spain) and John Walter (U.S.), the Species Group (“the Group”) rapporteurs and meeting Chairs, opened the meeting and welcomed participants. On behalf of the Executive Secretary, Dr. Miguel Neves dos Santos, Assistant Executive Secretary, welcomed the participants and wished them success in their meeting.

The Chairs proceeded to review the Agenda which was adopted with some changes (**Appendix 1**). The List of Participants is included in **Appendix 2**. The List of papers and presentations presented at the meeting is attached as **Appendix 3**. The abstracts of all SCRS documents and presentations presented at the meeting are included in **Appendix 4**. The following participants served as rapporteurs:

<i>Sections</i>	<i>Rapporteur</i>
Items 1, 9, 10	A. Kimoto
Item 2	M. Lauretta, T. Rouyer
Item 3	N. Rodriguez-Ezpeleta, J. Walter
Item 4	C. Bridges, D. Álvarez-Berastegui, N. Duprey, E. Rodriguez-Marín
Item 5	H. Arrizabalaga, M.N. Santos
Item 6	A. Kimoto, N. Duprey
Item 7	M.N. Santos, F. Alemany
Item 8	J. Walter

2. Close-kin Mark Recapture (CKMR) modeling

An age-structured close-kin mark-recapture model was developed to evaluate study design considerations for implementing an East Atlantic and Mediterranean bluefin tuna (BFT-E) close-kin pilot study, including possible spatial sampling locations and sample sizes (SCRS/2024/053). In general, the study design would provide an absolute abundance estimate of the spawning stock, while allowing for the possibility (and testing) of individual fidelity over time to a particular spawning ground within the Mediterranean. The Chairs thanked the analytical team for the excellent work, and highlighted the value of the estimation to better understand the study requirements, sampling strategy, and level of sampling effort.

Several important clarifications were provided in response to the Group comments. Initial clarification provided was on what comprises a pure, impure, or well-mixed sample. It was clarified that “pure” refers to samples representing fish from a single spawning ground in the year the sample is taken (even though the individual fish in the population may not use the same spawning ground in all years). By contrast, a “well-mixed” sample is one where all fish in the population (in the year the sample is taken and for the ages represented in the sample) are equally represented. An “impure” or “partly mixed” sample represents a situation in between the two previous cases (i.e. not pure, but not well-mixed). It was also clarified that the concept of “faithfulness” corresponds to a situation where the individual fish always spawn in the same ground, year after year, although this may not be their ground of birth. If, in addition to being faithful, the single ground where the individual fish chose to spawn is their ground of birth, then heritability occurs (in addition to faithfulness). The concept of heritability is important if it occurs together with faithfulness, but not particularly relevant if faithfulness does not occur. Faithfulness is important for CKMR regardless of heritability; faithfulness will not lead to any genetic differentiation between spawning grounds unless both it and heritability are very strong. No genetic study has ever detected such differences inside the Mediterranean (whereas there is a clear differentiation between BFT-E and West Atlantic bluefin tuna (BFT-W)), but that only rules out the most extreme combination. The CKMR study design would allow for testing faithfulness and heritability, but this requires having enough sampling so that evidence from the observed close-kin pairs can be statistically meaningful.

A question was raised about the assumption that the Western Mediterranean subpopulation (i.e. the fish using that spawning ground in any year) was larger in scale than the Central Mediterranean. It was stated that there is no evidence of genetic separation within the Mediterranean (see above), and that individual bluefin tunas are known to have moved through (although not necessarily spawned at) more than one spawning ground in a single year. The authors clarified that there was no specific reason why the Western Mediterranean subpopulation was assumed bigger, but that different assumptions about the breakdown of overall BFT-E biomass between subpopulations would not be expected to have much effect on the precision of aggregate biomass estimates, although it might

affect the precision of “movement” (i.e. faithfulness and heritability) parameters. By developing a reasonably complex model that allows the movement parameters to be estimated (rather than making a priori assumptions about faithful-or-not, etc.), the model should give unbiased estimates regardless. Additionally, if adults frequently do spawn at multiple grounds within a year, then the faithfulness aspect will not be an issue, and the lack of faithfulness will be clear from the CKMR results. If the data show that faithfulness is low, then the model could subsequently be simplified, and more importantly the options for cost-effective sampling from different fisheries would be expanded. The exclusion of within cohort comparisons, which is inherent in the sample design, also avoids some potential limited-mixing complexities within a single spawning season.

The analysts indicated that it is possible to consider alternative model configurations to incorporate into the modeling, but that the proposed revisions would need to be outlined during this meeting, in order to complete model revisions by July 2024.

The concept of “super-sibship” was discussed, which refers to the fact that larval samples typically exhibit a much higher proportion of same-cohort siblings than is seen when sampling ages 1 or older juveniles. Super-sibship does not cause bias in CKMR, but it certainly reduces precision compared to an equivalent sample size of older juveniles. To get the maximum statistical information from a CKMR study where super-sibship is present (e.g. the Gulf of Mexico larval samples for BFT-W), an alternative parameterization of CKMR models is required, since individual pairwise comparisons between larvae and other samples cannot be considered statistically independent. Aside from modelling complexity, the practical impact of super-sibship is that each larval sample contributes less statistical precision to the overall result, than a sample from age 1 or 2 fish. Nevertheless, larvae may still be an efficient data source for CKMR if they are easy to collect in large numbers.

The number of siblings in larval samples can increase rapidly with larval sampling intensity, and also depends on sampling strategy (e.g. if deliberately targeting larval aggregations, vs collecting across a larger number of spawning locations). For CKMR design purposes it is important to understand this impact, and some careful work is needed to predict the level of super-sibship based on existing samples.

It was noted that the total sample sizes investigated in the SCRS/2024/053 are considerably larger than those considered in the pilot design study from 2017. There are a couple of reasons for the increased sample requirements. First, the initial observations of sibship in the larval collection indicated higher sample sizes are required to allow for super-sibship. Second, the Chairs highlighted that the population has increased notably according to indices and the assessment, and therefore the increased sample size follows suit. A suggestion was made to focus the initial effort on the East Atlantic where few of the samples would be BFT-W (and therefore not useful for BFT-E CKMR). Regarding the use of fish caught in the northwest Atlantic (of which a substantial proportion are Mediterranean spawners and therefore useful for BFT-E CKMR), it was pointed out that the sampling for genetics is already underway and standardized as part of the BFT-W CKMR, and these fish represent freely available samples with complete metadata, while BFT-E collection programs still need to be initiated.

Regarding testing hypotheses about spatial structure, the Western and Central Mediterranean adult samples are specifically to test for faithfulness. If faithfulness is low, then those adults can contribute to an overall abundance estimate for BFT-E. However, if faithfulness is high, adult samples in the Mediterranean will not be well-mixed, and contribute more. It was pointed out that faithfulness has been observed in the Tunisian purse seines with cross-cohort half-siblings detected. This highlights the need for sampling Atlantic adults, which can be initially assumed to represent well-mixed spawners from the entire population, at least for the older/larger animals. As long as some adult samples can be assumed well-mixed, it does not matter whether the juvenile samples are well-mixed (and indeed they will not be, since e.g. Balearic larvae obviously come from the Balearic spawning ground). With respect to Mediterranean adult samples, concern was raised about the capture of fish during migration from the Central or Eastern Mediterranean, which could result in false conclusions about mixed spawning. The authors responded that preferential targeting of fish actively spawning is a good point to avoid false conclusions. This point should be considered in the discussion of sampling logistics (see Section 4).

A point was raised on whether annual variation in spawner mixing in the Atlantic fisheries matters. The analysts responded that this is not expected to be a big issue due to the retrospective comparison of adults to larvae. That is, adults will only be compared to juveniles born in previous years, but not in the same year the adult is collected, to minimize non-mixing bias. Furthermore, the main expectation is that big fish will eventually migrate to the Atlantic, regardless of where in the Mediterranean they prefer to spawn, and the model assumptions don't require all spawners to migrate each year. It was clarified that the model currently assumes equal migration across years and age, and that it is not straightforward how this assumption might be tested initially.

An important consideration was raised, highlighting how managers and decision makers need to be informed, in plain language discussions on CKMR, particularly the advantages of the approach and how it will improve the stock assessment and Management Strategy Evaluation (MSE). For example, it should be communicated that CKMR might solve a major problem with the stock assessment/MSE related to the estimation of absolute spawner abundance.

There were questions on why the focus of juvenile sampling was on larvae, given the super-sibship complication, instead of using individuals of ages 1 and 2, which have already dispersed from the spawning areas. The simple answer is that large numbers of larvae are already archived back to 2019, and these are readily available to start exploring the project feasibility. Additionally, the use of larvae gives a clear, real-time genetic signal of adults using the different spawning grounds.

A few notes were provided on sampling possibilities additional to those considered in the CKMR work done so far. First, juvenile (ages 2-3) fisheries exist in various areas (e.g. the Gulf of Lions, Gulf of Genoa, and Sicily) that are readily sampled in high numbers, if juvenile samples are desired. Second, there are active winter fisheries for adults in the Mediterranean, indicating not all mature fish migrate from the Mediterranean immediately after spawning. Currently, there is no evidence to determine whether those fish reside year-round or migrate later in the year.

It was also clarified that the concept of a well-mixed fishery (in the Atlantic) did not imply that all fish were migrating outside of the Mediterranean, but that a random proportion of them do, where the probability of migrating is independent of the Mediterranean area where the fish are. It was noted that the project could then provide future directions for satellite tagging.

Support was given to consider East Atlantic fisheries as important sources for the sampling, with the Atlantic traps, as they occur close to the Strait of Gibraltar and, therefore, are considered to be the most likely to be well-mixed. A clarification was given to where the samples in the Atlantic could be sourced, and that as long as the mixed sample assumption was met then other Atlantic fisheries could certainly be added. Furthermore, the analytical team noted that the working assumption they have made in their work so far is that all Atlantic fisheries are well-mixed as this seems a reasonable working assumption and the future observed CKMR pairs should provide evidence to the contrary if this assumption was not met. It was also noted that there might be ways of reducing the super-sibship aspect through adapting the sampling design of the larval collection.

As no stock structure has been evidenced within the Mediterranean yet, it was suggested that an ongoing small-scale pilot study could help to better understand the stock structure. It was noted that for Pacific bluefin tuna no stock structure could be found but that spawning location differed by age. However, the most important phenomenon to keep in mind, from the perspective of avoiding problems with CKMR, is faithfulness (not heritability), and faithfulness alone can never be detected with genetic stock structure analyses. Given sufficient sampling within the Mediterranean, the extent of faithfulness and heritability will be revealed directly by the CKMR data (i.e. by the locations of kin-pairs).

It was noted that opportunities where it was possible to sample 1000-2000 fish should be identified. It was noted that Japan had not been mentioned yet as a possibility, even though the Atlantic longline fishery could be an opportunity to sample well-mixed fish, and that sampling in the market could also be done. It was noted that COVID-19 had an impact on the sampling onboard, but that sampling in the market could be considered.

It was also noted that the Atlantic traps were an excellent location for efficient sampling, with 1000 fish per year being feasible if the otoliths don't have to be sampled. It was answered that for CKMR otoliths were not necessary, only length and tissue.

Regarding the use of potential mixed stock fisheries samples (i.e. from the BFT-W and the BFT-E stocks), some consideration needs to be given to how these will be screened to avoid potential bias in CKMR estimates. Two approaches were discussed, one which would run stock composition estimates prior to CKMR analysis and remove the BFT-W stock associated fish from consideration in the close-kin comparisons. The second approach is to run the close-kin comparison across the whole collection, and bias correct abundance estimates by the stock proportions. The latter approach is taken for the BFT-W close-kin study, in order to not exclude potential parents/siblings from different stocks, as collections of larvae in the West Atlantic (Slope Sea in particular) indicated mixed breeding, as well as the recently reported observation of Mediterranean-like adults collected on the spawning grounds in the Gulf of Mexico (GOM). It might be considered that observations of siblings across collections can provide some insight into the dynamics of spawning outside the GOM and the Mediterranean.

It was asked if the study design would allow for the estimation of the abundance of spawners using the Central versus Western Mediterranean spawning grounds. The analysts indicated that it would; the approach is described in more detail in the appendix of the report. It was pointed out that the question relates to the aspect of spawner faithfulness to a spawning ground. If no faithfulness exists, the relative size of Western versus Central Mediterranean spawner abundance doesn't matter (fish will choose different spawning areas within and across years), and the model assumptions/study design is greatly simplified. If faithfulness does exist, the CKMR study will provide insight into this aspect, for example through parent-offspring comparisons of Balearic larvae to the Western Mediterranean spawner samples versus Central Mediterranean spawner.

The expectation is that, if faithfulness occurs, it will result in different rates of parent-offspring pairs and cross-cohort half-sibling matches across juvenile-spawner collections. It was highlighted that, under the initial study design, the comparison of spawner faithfulness/mixing across spawning areas with the Eastern Mediterranean will be less informed/not available due to a lack of samples collected from the Eastern Mediterranean.

Overall, much of the uncertainties of stock structure and mixing, required sample sizes, and optimal design will be elucidated through the results of the actual CKMR sampling (i.e. patterns of observed close-kin pairs), as information on stock mixing by fishery/area, POPs, within cohort siblings, and cross-cohort siblings provide valuable insight into the population(s) dynamics.

SCRS/P/2024/016 presented the design and simulation of a next-generation, multi-stock assessment for Atlantic Bluefin tuna that incorporates close-kin mark-recapture data. The project is funded by the U.S. Bluefin Tuna Research Program (BTRP) with objectives to develop a spatial-temporal mixed stock assessment model (called MARS), include supporting diagnostics and documentation in an R package, and provide Markdown reporting of assessment output, model comparison, profiling, data weighting, and retrospectives. The model is mostly developed, with current preliminary fitting to bluefin tuna data types (MSE inputs plus CKMR data), and simulation testing of model complexity appropriate for bluefin tuna.

The Group commented on some of the difficulties with the spatial resolution of the MSE and available data to inform movement. It was replied that the current model has the spatial areas simplified from the MSE to four main areas, including the two main spawning areas and East and West foraging areas. It was also highlighted how the incorporation of CKMR data into the model could solve a major problem with prior assessments, which is data to inform population scale. One participant commented on a possible bias of estimated spawning stock biomass (SSB) in CKMR for their future consideration in the integrated model. In the case of POPs, the fishing gear selectivity for the adult sampling would affect the estimation, and the CKMR estimates from Half-Sibling Pairs (HSPs) might be biased due to the existence of the reproductively inactive adult population.

3. CKMR genetics

Results presented in SCRS/2024/057 are ongoing and some of them preliminary; but were shown so that the Group could provide feedback. It is mentioned that the arrays could be processed by different facilities, though the current arrays are manufactured by Thermo Fisher. The actual genotyping of samples can be performed later by any laboratory that has the necessary equipment; there are a number of commercial facilities that offer this service, at least four in Europe. Sample processing and data analysis with the array is straightforward: tissue or DNA samples are sent to the genotyping facility, and they send the genotypes per sample back. The array can provide information about kinship, sex, and also about population connectivity, allowing monitoring the ongoing recently discovered gene-flow from the eastern to the western Atlantic, including mixing in the Slope Sea, and the introgression from albacore.

Notwithstanding the genetic differences between BFT-W and BFT-E populations, the array and DArT processes are both suitable for kinship determination on either BFT-W or BFT-E samples. The question of which sex marker loci to use was discussed, since there are alternative sex markers; the authors commented that the five currently on the array have 95.8% accuracy of sex determination in samples (n=48) whose sex was determined using gonad information. The cost/sample of the array will depend on the number of samples to be analyzed, the more samples, the less expensive. In order to account for the potential Balearic super-sibship it is mentioned that the mitochondrial haplotypes from all larval samples should be needed. This implies that about half of the samples would need to be analyzed for mitochondrial haplotypes. One option might be to include this mitochondrial information in the chip, but this might not work, in which case sequencing would be needed. This is not a problem if mitochondrial haplotypes are only needed for the pairs of kin to be used (as is the case in many CKMR projects), but if it has to be done for almost all the larvae, it will increase the price significantly.

The Group discussed the Atlantic Wide Research Programme for Bluefin tuna (GBYP) pilot study on epigenetic age for Atlantic Bluefin tuna (Davies *et al.*, 2024). The aim of the study is to assess the feasibility of epigenetic aging in view of the application of CKMR. The study used samples from the West Atlantic (provided by Fisheries and Oceans Canada (DFO), and National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA)) and the BFT-E data collection (provided by GBYP collection); they were aged according to standard ICCAT protocols. In total, 657 samples were processed, but some were lost due to contamination during the multiplex PCR. 361 samples remained for analysis. Markers whose methylation profiles “react” to aging were identified and a model combining all was developed. The best fitting version with the best combination of probes finds a good correlation between methylation and otolith age (both east and west combined and both sexes combined), certainly good enough for CKMR use. No sex or stock derived biases were observed. Cost (and the question of scalability) was discussed, and it could decrease if there are commercialization opportunities and enough demand. The model has been tuned using muscle tissue; it should also be checked whether any modification is required for tissue from fin clips.

Breakout room for CKMR genetics

A small group was tasked to discuss detailed specifications for genetic needs for CKMR, and the following list was provided to the Group.

- a. High volume averaging 15-20 thousand individuals per year (for reference, Southern bluefin tuna (SBT) processes 25 thousand individuals for gene tagging);
- b. Ability to detect cross-contamination;
- c. High percentage of successful genotyping;
 - High yield of usable DNA from samples;
- d. Kinship determination;
 - Capacity to determine kin-relationships (POPs, half-siblings, and full siblings);
- e. Stock of origin determination;
- f. Epigenetic aging;
 - CKMR modeling benefits from estimated fish ages to partition cross-cohort half-sibling relationships and to determine whether a fish could be a potential parent of a juvenile. Given the high cost and practical issues related to using otoliths, epigenetic aging will be the most effective means to age;
- g. High capacity Mitochondrial DNA;
 - This is necessary to be able to address larval sibship due to high levels of within-cohort sibship;
- h. Sex marker;
 - This is now quite inexpensive and allows the CKMR model to account for differential maternal and paternal reproductive contribution;
- i. Dedicated project coordination and database curation;
- j. Other needs.

4. Sampling to support implementation of CKMR

The activities of the larval group in the Western Mediterranean from 2023 to 2024 (SCRS/P/2024/019) were described with a number of tows averaging 106 with storage in ethanol and formalin. A table was presented of projected points of interest to CKMR sampling with an outline of the number of samples available from 2019 to 2023 in ethanol or formalin. Further plans for the eastern Mediterranean were presented for 2024 to 2028, which also include surveys along the Turkish coastline and around the eastern part of EU-Cyprus. Planned activities from the Strait of Sicily and the Western Ionian Sea for 2024 were also presented: Data for the Strait of Sicily and the Western Ionian Sea have been published (Russo *et al.*, 2021, 2022).

SCRS/P/2024/019 also presented the SouthEast Area Monitoring and Assessment Program (SEAMAP) the GOM survey in 2023. Their protocols and standardisation were described with plans for 2024 with the number of additional days to conduct research on potential effects of Climate Change and sampling in larval hot spot areas. Finally, the activities at the BFT Technical Sub-group on early life history in each survey were listed with the various interactions and initiatives, and particularly the sharing of tools for standardization and sampling strategies (ethanol or formalin collections).

The Group was asked whether there would be a large number of samples for close kin. The response was that from 2019 the Western Mediterranean samples have been collected for the GBYP databank and other sample collections. The samples were split into formalin and ethanol for storage and the formalin samples have been analysed for abundance and taxonomy, but the ethanol samples remain to be processed. The question of whether

historical samples exist for the Central Mediterranean, it does not appear that they are available. The programs also have only recently started sampling method standardization that might capture high numbers of larvae using the protocols outlined by the 2023 ICCAT GBYP Workshop on Atlantic Bluefin Tuna Larval Indices (hybrid/Palermo, 7-9 February 2023) (Anon., 2023). It was suggested that a good starting point would be the use of the Central Mediterranean larvae together with adults from the Central Mediterranean. For the Western Mediterranean it would be better to select what is already provided to the GBYP collection before using them for CKMR. The larval survey in the Central Mediterranean is for mixed species and also future sampling in the southern Ionian Sea should be investigated if funds can be found specifically for bluefin tuna.

Regarding samples from Sicily, the total number of larvae collected will be increased in the following campaigns by using the Balearic protocols and methodologies. The databank already has numerous samples in ethanol. It was stated that 1000 larvae are already ready for analysis from CKMR. A total of approximately 150 thousand larvae could be available for sorting and CKMR from the Western Mediterranean sampling campaigns from 2019 to 2022, though the processing of these samples would require specific funds.

Some worries were expressed about the use of larvae as their DNA content was small and the subsampling could affect cohort kin detection, and this requires some additional modeling. Also, high sibling relatedness reduces the effective sample size of independent parents (McDowell *et al.*, 2023). However, it was pointed out that the larvae were one of the few opportunities to obtain large numbers of samples. It was also pointed out that the experience with the Gulf of Mexico larvae used in CKMR did not give any reason to suggest the presence of any bias in the use of larvae for CKMR, but it did require additional genotyping using mitochondrial DNA and additional modeling to address the added variance introduced by sibling relatedness within the larvae (SCRS/2024/053).

SCRS/P/2024/022 presented activities at the EU-Malta tuna farms and the availability of genetic material for CKMR studies. The definition of gene tagging was explained as the DNA fingerprinting of the parent fish and then the release of hatched larvae from these parents into the ocean for further development and catch as adults. This is the subject of “Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae – theory and practice” (Bridges *et al.*, 2019). The question remains of the larval survival after release, as the farms are 6km offshore in deepwater and the food supply for larvae may be variable. Some information on the mitochondrial DNA analysis technology used in this study was requested and it was stated that by freezing the eggs before analysis a better DNA extraction could be obtained. A CPC scientist offered their help in giving information on their sex analysis technology to anybody interested. The Group pointed out that adult fish held in farms would be valuable for CKMR but that the eggs and larvae produced would not be needed for CKMR modeling as they are only progeny of the fish in farms and would not provide inference on the extant wild population, which is the focus of the CKMR project. Further the Group expressed some concerns regarding the potential of enhancement to homogenize extant genetic diversity and negatively affect the population structure.

Another question came from the Group concerning the development of tuna aquaculture and how one would be able to identify a wild fish from aquaculture produced fish. The gene tagging technology described in the present paper could be used to do this by DNA fingerprinting the broodstock used in full cycle aquaculture and therefore being able to identify the later progeny, either at the market or as escapees.

Since the paper pointed out that there was a large concentration of biomass in the EU-Malta farms of approximately 9,000 t of wild caught fish before fattening to 16,000 t after fattening and that this could constitute an artificial spawning area as a number of these fish do spawn in the cages. What is important for CKMR is that the origin of the fish in the cages can be determined (this will be dealt with later in Section 4) as this involves transfers from towing cages to grow out cages and mixing of the populations. Discussion then followed concerning the role of spawning in the farms or artificial enhancement of such spawning aggregations. The Group pointed out scientific concerns raised by moving fish from multiple spawning areas to one location and artificially enhancing spawning aggregations in farms. Such activities would homogenize any potential genetic diversity and alter patterns of natural spawning locations if there is spawning site fidelity. At the current level, artificial spawning aggregations would likely have limited impact, either negative or positive, on the population as a whole and would likely not affect the assumptions in CKMR model.

It was pointed out that through regulations and transfer the origin of the fish in the farms should be well documented which would support the capacity to use these fish in the CKMR modeling and assign them to a spawning location. It was also noted that since 2010 spawning in towing cages has been observed in EU-Spain and secondly in both EU-Spain and EU-Malta wild fish are attracted to the cages as well. The role of any eggs, which may be in large numbers in both EU-Spain and EU-Malta farming operations, in any recruitment into the general population is unknown and is assumed to be insignificant compared to the total spawning biomass when CKMR modelling is concerned. Further work is ongoing and/or required.

Tuna lifecycle alterations caused by farming are not known at present as fish may spawn on the spawning ground, during towing to the farms or in the farms themselves. Whether this may create fidelity to a spawning site outside of where a fish would normally spawn is uncertain and would depend upon the degree of and mechanism for spawning site fidelity. While there are varying degrees of opinions on the degree of spawning site fidelity, one of the benefits of the CKMR approach outlined in SCRS/2024/053 is that it would be able to estimate this.

SCRS/P/2024/013 introduced the sampling in the harvesting process of farmed Atlantic bluefin tuna in the Maltese Islands, in the GBYP sampling program frame. Farming operations are carried out from May to December with the fattening of the wild caught fish on the farms. The sampling procedure is extensive including otoliths, gonads, fin spines, muscle, length and weight and initially only five fish per day may be achieved but after practice and experience 30-40 fish per day can be sampled. Adult tunas are captured from the wild towards the end of May and towed to the farm cages via purse seiners. These are fattened from June up to the harvest season and then they are slaughtered. The harvest commences in September/October and ends in January. During the harvest season, each farm will have its own processing ship and the farm selected for sampling will depend on the origin of fish they would be harvesting, therefore, regular contact with the farm manager takes place.

Discussions were started on where in the harvesting operation is the best opportunity to obtain fin clips or muscle sample without cross contamination and without interruption of the harvesting operation methodology to ensure that no contamination occurs may differ from site to site (further discussion, see below).

Major sampling programs for BFT-E and eventual adaptation to CKMR modelling needs (round-robin)

The Group discussed other major sampling programs for BFT-E and eventual adaptation to CKMR modelling needs. A CPC scientist noted that it might be possible to scale up sampling from fish captured in the Japanese longline fleet at the main auction market. Current sampling rates of approximately 10 fish twice per month could potentially be increased to provide large numbers of fish from the auction, but this would require additional staff time. Possibly 10 fish per day could be sampled with possibly 300 fish per month.

CPC scientists noted that enhanced sampling for CKMR in Atlantic traps would be possible with additional resources. While the temporal dynamics of fish moving into and out of the traps may be changing, Atlantic traps represent focal areas for sampling for the CKMR study as the fish are assumed to be well mixed, fisheries have existing sampling programs and the numbers of fish are high.

Current sampling program for the BFT-W

SCRS/P/2024/024 presented the Atlantic bluefin tuna biological sampling program in the Northwest Atlantic, United States. The work in the Gulf of Maine was described with their sampling program with BTRP for the last 14 years. Sampling is challenging but works quite well together with the fishing industry collaboration. Staff numbers are large and are required to cover a 1600 km range from the Canadian border to Florida. Fish normally larger than 185 cm and are aggregated by commercial dealers before processing. At fishing tournaments approximately 100 samples could be obtained over the past two years. In general, since 2010, 14,000 otoliths and 15,000 muscle samples have been obtained. This sampling has been extended to recreational fisheries supplying them with the necessary sampling kits and collection of material. It is now necessary to reduce storage size of collected material, some of which are over 500 g per sample.

The Executive Director of the Bluefin Collaborative gave a verbal overview of the program. The Bluefin Collaborative is a collective of U.S. and Canadian fishermen to improve the management and sustainability of Atlantic bluefin tuna by sourcing data and promoting objective research. A committee member noted that this program of fishery-based tagging has similarities with work being conducted in the UK and recommended that the two programs could coordinate.

Breakout room for CKMR sampling logistics and protocols

A small group was tasked to discuss the feasibility of achieving the number of samples for CKMR using Table 3.2. from SCRS/2024/053 as a starting place for discussions.

Table 3.2.

Number of samples per year					
	Larval survey	Juvenile fishery	Adult fisheries		
	Balearics: <i>Wlar</i>	Croatia: <i>CROjuv</i>	West Med: <i>Wad</i>	Central Med: <i>Cad</i>	Atlantic: <i>ATLad</i>
2019-2024	3000 (excluding 2021)	0	0	0	0
2025-2030	8000	2000	2000	2000	2000

The Group reiterated that these figures are starting values in relation to the precision that could be achieved for obtaining certain parameters (mainly, total adult BFT-E abundance). For larval sampling those numbers were calculated based on an estimate of 50% of the collected samples being unusable with the intention of considering the possible super-sibship effect.

The breakout group leader began by encouraging the Group to look at what geographical areas we want to sample, then to look at what geographical areas we are already sampling in our existing biological sampling programs and if there are any synergies. Where synergies exist, this may provide significant savings for the CKMR sampling.

Discussions were broken down into five types of samples: Larvae; Juvenile fish (*CROjuv*); Western Mediterranean adults; Central Mediterranean adults; and Atlantic adults.

Larval sampling

Larval sampling in Balearic Islands is already established and in place as part of the EU data collection program for Balearic larval survey cruise, which is used to construct the bluefin tuna Western Larval Index. Since 2019, trial sampling has been carried out with two replicates, one preserved in formaldehyde and the other in ethanol. This has been used to provide larval samples to the GBYP tissue bank since 2019 for use in genetic studies. During the survey a mean of approximately 30,000 to 40,000 larvae are caught which could be preserved for use in CKMR and therefore this survey as a source of samples means no other sampling locations need to be considered.

Türkiye initiated a five-year sampling program, with the aim to develop a larval index. Therefore, this could provide a platform for the eastern Mediterranean to be incorporated into the sampling for CKMR. The Group has focused on the survey in the Balearics. Nevertheless, the sampling in this area of the Levantine Sea is potentially informative about faithfulness in the Mediterranean and will surely be possible to use it in the near future.

The survey platform captures more than enough bluefin tuna larvae each year and the increased costs would only be for increasing the sub-sampling and preparation of samples, but in the end the number of larvae retained for CKMR can easily be scaled up to satisfy the needs of the CKMR sampling. Funding for the Balearic larval survey cruise seems to be relatively secured via EU funding and this is good for the longevity of the platform as a collection method. There is still a need to clarify the methods-rules of selecting the 8,000 individual larvae across the ~100 stations surveyed on the Balearic larval survey cruise.

The collection of larvae from previous years may be able to help identify how big an issue the super-sibship is, and what the implications for CKMR program design would be.

Juvenile and Adult Fish sampling

The Breakout group first clarified what would be needed for each juvenile/adult sampled:

- Original catch location;
- The year the fish was caught (removed from the wild population);
- Date the fish was sampled;
- Length measurements of the sampled fish;
- The analysis of the samples will provide the other information that is needed for CKMR:
 - the age of each fish, this can be epigenetic aging and can come out of the analysis, and,
 - sex of the fish, this can be determined through the genetic analysis.

Sampling feasibility was then discussed for each of the geographical regions where adult/juvenile fish samples are needed: juveniles; Western Mediterranean adults; Central Mediterranean adults; and Atlantic adults.

Western and Central Mediterranean adult sampling

Adult fish from the Western Mediterranean can be sampled from existing fishery activities:

- EU-Malta farms – preferred,
- EU-Spain farms – preferred,
- EU-France longline fishery around Balearic Islands (~250t) – possible maybe not ideal, and
- EU-Spain longline fishery – possible although activity levels are variable.

Maltese sampling

The Maltese farming operations were extensively discussed as a potential platform where Western and Central adult bluefin tuna could be sampled. In particular, one of the farms is mainly supplied by specimens caught in the west of the Mediterranean.

Currently in the Maltese GBYP BFT sampling, the following are the rough processing steps:

- harvested fish are killed in the cages,
- then placed on an intermediate barge which moves the fish to the processing vessel, and
- then length and weight (not always individually if the specimens are not very large) measurements are done on the deck of the processing vessel, before starting processing. In the case of GBYP sampling, the specimens are tagged, before processing, on the head and under the dorsal fin. This allows the specimen to be identified for subsequent sampling of the head and dorsal fin.

A key issue for using the EU-Malta farms (and likely an issue with any farm that is used as a sampling platform) would be the ability to distinguish the original location and timing of the individual fishes' capture before moving to the farming location. In the EU-Malta cages there are currently fish from the Balearic Islands that are in isolated cages and are not mixed with fish that have been caught in other locations in the Mediterranean. In 2023 there was approximately 12,000 individual fish in the EU-Malta farms which originated from the Balearic Islands area (this represents about 10% of the EU-Malta farm capacity and would be variable year-to-year). There could also be the possibility that some EU-Malta cages might have mixed fish originating from different spawning areas within the central Mediterranean, however the cage records allow for this to be assessed pre-sampling and therefore these cages can easily be avoided if necessary. This means the Maltese farms could easily satisfy collecting up to 2,000 adult samples for the Western Mediterranean.

If farms are going to be used to obtain the CKMR samples then cross contamination needs to be carefully considered and taken into account where fish should be sampled in processing steps to reduce this.

A pilot study may allow for the best sampling methods for this platform might be needed. For example, the tagging of the fish has important information and since we are at the beginning of the new protocol it would be good to maintain as much information as possible.

Juvenile sampling in EU-Croatia (CROjuv)

It is proposed to use juveniles caught in June in the Adriatic Sea by EU-Croatia using purse seiners. The catches mostly correspond to juveniles between 2 and 3 years old. These specimens are transferred to fattening farms where they can remain for up to 18 months. Despite this long farming period, the 2 and 3-year-old cohorts are still easily distinguishable at the time of slaughter. Length at the time of capture is not possible to obtain, although measurements of cage transfers are obtained using stereoscopic cameras. Each year 40,000 fish are harvested, which is more than enough of a potential pool therefore other juvenile collection locations were not explored.

If the EU-Croatia farms were to incorporate sampling, they would have to increase sampling levels from current amounts that they are sampling under GBYP (currently sample about 250 fish). There are some uncertainties as tuna prices may impact availability of sampling as it could change practices on farming.

As for part of fish that is sampled there would be preference for collecting fin-clip. Protocol of how sampling is done was not discussed.

Atlantic adult sampling

In the Atlantic there are several fisheries that can provide CKMR samples from adult fish. The Group discussed all these potential fisheries and came up with a list of fisheries that should be further explored for collecting some or all of the needed samples. The following list are the fisheries the Group felt would be appropriate for CKMR Atlantic sampling:

- EU-Portugal/EU-Spain/Morocco traps, preferred, since good mixing is almost guaranteed;
- Canada + U.S. existing sampling as part of the BFT-W CKMR project;
- Japanese longline;
- EU-France – trawlers/rod and reel/longline, and
- Electronic tagging teams, complementary.

Generally, the Group would like to see samples collected from more than one location in the Atlantic and not have all the samples happening in one fishery. It was highlighted that there are already eastern bluefin tuna sampled within the Canada and U.S. BFT-W CKMR sampling project that may provide a good source of samples that have a clear collection method/platform in place already. The number of eastern bluefin tuna samples being collected each year are approximately 500 in Canada and approximately 700-800 in the U.S. These numbers vary each year depending on the proportional make up of the BFT-E and BFT-W stocks in the sampling effort.

Atlantic traps were favoured by several as a good platform to collect the needed samples. The fish in the EU-Portugal trap fishery are now mostly caught when they are entering into the Mediterranean and there is an estimate of about 300 fish processed each day, each fish is measured and weighted. In order to add CKMR sampling to their process the EU-Portugal trap sampling program would need more staff and the associated equipment, but it is possible.

Moroccan traps capture around 12-13,000 individuals each year and are kept in captivity for 3-4 months in cages for fattening. The current biological program, mainly based on size sampling, is not in place to collect genetic samples, but for the BFT-E CKMR project, it may be possible to collect genetic samples on land from biological scraps (heads) assuming financial assistance is available to cover the increased sampling effort. Lengths of sampled fish could be estimated using biometric relationships and date of capture of the sampled fish could likely also be recorded.

French fisheries (trawlers, longliners and rod and reel) operating in the Bay of Biscay, in 2023, landed about 330 t of bluefin tuna larger than 80 kg (age 7), representing about 3,000 individuals in 6 auction markets. Some of those locations are currently opportunistically covered and provide samples to GBYP and could be of help to CKMR.

Japanese longline fisheries currently collect approximately 100-300 samples for the GBYP biological study, and they are now looking to start sampling for the BFT-W CKMR but this has not started yet. There is not really a possibility to scale up the on-board sampling, however there is an opportunity to scale up sample collections of market fish. One issue with sampling market fish is that their tail has already been removed so fork length cannot be measured so preanal length is measured instead. Although other measurements can be made and then fork-length can be estimated using a conversion factor. The number of samples that could be collected through market sampling depends somewhat on human resources. At this time, they are getting about 20 samples per month via market sampling. The scale of available fish via market sampling appears to be very high with about 10-20 fish auctioned each day.

Initial studies done by the U.S. BTRP found that fish in poorer condition were still fine for genotyping.

Tissue bank

There appears to be two options on storing and managing the collected samples for CKMR work: a single central tissue bank, or various laboratories/hubs where tissue samples are stored. The Group felt that the best option would be to have all the samples maintained in a central location as it has several important advantages (improved organization, standardizations in storage methods, standardization in labeling and “banking”, etc.). This does not remove the importance of having a strong system in place for the recording, labeling and storing of samples. A movement to a centralized tissue bank for CKMR also highlights the need for ICCAT to consider developing a tissue bank for all its biological samples and this is something the SCRS should be considering for recommendations with annual budget implications at this year’s annual meeting. There are currently companies that already provide this type of centralized tissue bank and these would be ideal candidates to discuss their ability to take on a larger number of samples.

In summary:

- Preference is to have a centralized storage facility;
- Need to develop/agree on a master database (metadata) to cover all the collected samples;
- Need of Terms of Reference giving a clear description of what is needed for a tissue centralized storage facility (AZTI would be a good position to draft these as they have already provided this service for GBYP tissue bank);
 - Capability of storing 20-25 thousand samples per year with replicates;
 - Minimum total samples would be 100 thousand.
 - Need to know what is being stored and to what specifications.
 - Energy and supply to keep collection in good quality;
- Costs will be estimated roughly by AZTI to include in September budget planning;
- This type of task should be part of the long-term research plan of the SCRS.

Sampling methods and logistics

Protocols for sampling and the type of samplers or devices, both for fin clipping or muscle samplers, used to capture the CKMR biological sample needs to be fully developed and this would be provided as soon as possible to guide how to conduct pilot sampling activities for CKMR this year. A small group will work on developing this protocol. Participants considered that the use of single-use sampling devices was advisable to avoid contamination.

5. Funding sources for CKMR

5.1 GBYP contribution to CKMR implementation

GBYP has been providing substantial funding to many research lines of activities and could be a partial funder for CKMR for BFT-E, however other sources of funding are necessary, as GBYP alone is insufficient. It was highlighted that there is a general decrease in the available funds for GBYP and that funding CKMR would decrease funding for other research activities that has been funded by the program.

5.2 U.S. Bluefin Tuna Research Program (BTRP) contribution

An overview was provided on the BTRP in the West Atlantic for the period 2015-2023 (SCRS/P/2024/014), which objective is to provide a basis for advancing science-based fisheries management. Research priorities for this funding opportunity include: representative sampling of hard and soft tissues, and associated analytical techniques for studies (genomics, age composition, growth and reproductive contribution by size and age); large-scale conventional, electronic and genetic tagging experiments; historical data mining; simulation modeling related to assessment models and management strategies; improving the quality of fishery data for stock assessments; developing novel fishery-independent techniques to estimate abundance, mortality or to implement novel management strategies; integration of satellite remote sensing, oceanographic modeling and other multidisciplinary scientific products to consider environmental effects upon biology, fishery operations or to resolve the uncertainties in current and historical recruitment. Finally, a summary of the BTRP research benefits since 2015 was provided. Annual funding of BTRP is US\$600,000.

The Group highlighted the importance of BTRP to advance research and the provision of SCRS scientific advice to the Commission. The Group also discussed opportunities to improve coordination between BTRP and GBYP, a sentiment that was extended to include a call for greater coordination between all national scientific and data collection programs. There was a desire from the Group to be kept informed on other national science and research programs, however it was noted that meeting time and space is limited and that such presentations should be coordinated a priori to be most effective.

The Group asked whether BTRP funded the BFT-W CKMR and noted that BTRP supported some aspects of the pilot studies and part of the enhanced biological data collection program. The actual annual base funding of approximately US\$150,000 for the genotyping and analytical support for the BFT-W CKMR was relatively low relative to the magnitude of leveraged support in the form of annual larval surveys, and fishery monitoring programs. The majority of the support that made the BFT-W CKMR possible, came from annual ongoing research surveys, in-kind labor and data contributions from within the U.S. and from Canada and substantially leveraged the annual investment (of approximately US\$150,000) for genotyping and analytical support. This funding model has some insights into how the BFT-E CKMR program could succeed as it will need to similarly leverage ongoing surveys, fishery monitoring and in-kind participation from national CPCs to be successful, given the magnitude of the project.

It was noted that coordination between BTRP and GBYP has increased in recent years, but it should be further enhanced in the future as well as with any other bluefin tuna national program for the benefit of the provision of scientific advice and to avoid unnecessary duplication of research initiatives.

5.3 Other potential sources of funding

The Group discussed possible development of a set aside to support bluefin tuna CKMR representing a small fraction of the overall Total Allowable Catch (TAC) to support CKMR funding needs. The Group revisited some of the issues raised by the Commission when this possibility was discussed in the past. The Group suggested the SCRS Chair to coordinate intersessionally with relevant Commission Officers, aiming for a discussion of possibility during the next annual meeting of the Commission.

Other external funding opportunities, whether provided by institutions or private funds (e.g. Horizon Europe, European Maritime, Fisheries and Aquaculture Fund (EMFF)) were identified as potential funding platforms to support activities and objectives of the CKMR for BFT-E.

Costs will be estimated roughly by the BFTSG to include in September 2024 budget planning considering the research activities that could be replaced/become obsolete if the CKMR starts to be implemented.

6. Abundance indices

SCRS/P/2024/017 provided the potential feeding and spawning habitat of the Atlantic bluefin tuna. The authors highlight the possibilities for use in the standardization of abundance indices and in the parameterization of stock assessment (growth, recruitment).

There was a lot of interest in the presentation and the potential use of such a data layer in index standardizations, informing new research areas, and informing assumptions about adult bluefin tuna movements, spawning aggregations, and seasonality of habitat use. Recent years data on bluefin tuna tagging and other observations would be useful to incorporate into the presented analysis and the author was open to and seeking bluefin tuna expertise and data holders to collaborate with on improving the modeling.

Questions were raised on what data were used in the presented analysis. For example, the author clarified that the upper layer representative of the mixed layer from operational Copernicus Marine Environment Monitoring Service (CMEMS) models was used to determine sea surface temperature (SST), and “potential habitat” for spawning, especially when these coincide with areas that do not have any records of larval presence, might be caused by similar oceanic conditions than identified from the data in known spawning areas. Comparing these results with other analysis would be helpful to see where there are differences and similarities and get a sense of the potential bigger picture. In the end it would be good to have clear objectives for this type of work, for example perhaps focusing on one area to get an abundance index for that area (e.g., main feeding grounds of the bluefin tuna adults in the North Atlantic excluding, as a first step, the main spawning grounds in the GOM and the Mediterranean), as opposed to the whole area. Looking forward to seeing continued work on this and perhaps an update of the work at the 2024 Species Group meeting.

SCRS/P/2024/020 provided information about the development of bluefin tuna larval abundance index in the Western Mediterranean. The authors have been working on improving the methodology of index standardization to reduce the potential bias in this index by including new environmental variables; moon phase at the larval catches (Ottmann *et al.*, 2023).

It was pointed out that there is evidence of bluefin tuna spawning activities throughout the day, and the Group questioned if the suggested method accounts for daytime spawning. The authors indicated that the timing of spawning activities between day versus night is not well understood, and that further work will be done prior to providing the updated index in September.

SCRS/2024/058 proposed some points on how to improve the models used in the current bluefin tuna MSE. The authors suggested reconsidering the area stratification in the model, incorporating a more comprehensive CKMR approach and an updated bluefin tuna MSE system to reflect the best scientific knowledge.

The Group exchanged some ideas on the suggested points, and the Chairs noted that these points would be discussed at the next round of Operating Model (OM) revision in 2027/2028 by acknowledging the importance of discussion. At the 2024 September Species Group meeting, the Group would consider a date to begin upon which to consider planning the schedule for the OM revision.

SCRS/P/2024/021 provided the strict update of the U.S. rod and reel index for 66-144 cm that has been used in the Management Procedure (MP). The Group thanked the author for their quick presentation and update to the index. There was discussion on the increase seen in the index from 2018-2021 and the following drop in the index starting in 2022. It appears this could be caused by a strong cohort moving into the index and then dropping out as they age/size out of the index. The author indicated that the size frequency data will be provided at the 2024 September Species Group meeting, and it is possible to review the size binning data (as this index is made up of samples that are binned into 66-114 cm and 115-144 cm size categories).

The Group reopened the discussion on how to calculate a “strict update” of the indices used in the MP. Ideally, the “strict updates” to the indices are standardized using the latest data by fixing the covariates in General Linear Model (GLM) already estimated at the time of MP adoption (in 2022) to have the same index values prior to 2021.

It was confirmed that the presented update to the index was a “strict update” in the sense that the GLM re-estimated parameters using the entire time-series, and there were no differences in the annual values pre-2023. The aim for the BFTSG is to have a clear methodology across all indices on how to fix the covariates. Although the re-estimation process is not an issue for this update it will be very important for some of the other bluefin tuna indices which still need to be updated and presented to the BFTSG. It was commented that it would be worth reexamining the method used in Lino *et al.* (2023). The authors noted that the R codes will be available to the index sub-group to coordinate their further work.

The Group checked the status of updates to other indices used in the MP. Preliminary Japanese longline indices in the East and West Atlantic for 2023 have been already provided, and the authors will finalize the values in September 2024. Authors for some of the other indices confirmed that their strict update indices will be provided by the 2024 September Species Group meeting.

7. GBYP Strategic directions

7.1 Funding

The ICCAT Secretariat provided a brief overview of the ICCAT Science funding in recent years, with a particular focus on the ability of the effective use of the available funds. It was highlighted that GBYP has been able to use most of the available funds in line with the activities included in the annual workplans, but not complying with the set time frame. The latter caused that by the end of 2023, GBYP had a positive balance of €695,144, while in the case of the other Research and Data Collection Programmes that balance amounted to €1,170,906. As a consequence, the Commission significantly reduced the Science funding through the regular budget for the year 2024 to €45,000, which is lower than the amount of funding provided back in 2018, and will review the 2025 Science budget during the 2024 Annual Commission meeting.

Based on the above the ICCAT Secretariat informed that the Science budget for 2024 shall be used strictly in line with the approved budget by the Commission, that is detailed in Table 1 of document “SCRS research activities requiring funding for 2024 and 2025” in Appendix 2 to ANNEX 7 of the to the *Report for Biennial Period 2022-2023, Part II (2023), Vol. 1*). Accordingly, no extensions will be granted, nor changes between chapters will be allowed.

The Group acknowledged the aspects highlighted by the ICCAT Secretariat and agreed that the financial requests should be based on thorough assessments. On the other hand, the Group agreed that is essential to have a good knowledge of the ability to effectively deliver in line with the workplan approved by the SCRS and endorsed by the Commission.

Accordingly, the Group agreed to develop its workplan for 2025 and to prepare the necessary Terms of Reference (ToRs) that might be required for the implementation of the GBYP activities for the 2024 September Group meeting. Pending on the SCRS plenary decision, the final developed ToRs will be made available by November 2024.

7.2 Program update

The GBYP Coordinator provided SCRS/P/2024/011 with a program update. He informed the Group about relevant aspects related to program management, namely those related to the major funder platform the European Climate, Infrastructure and Environment Executive Agency (CINEA), and highlighted the need for aligning the annual workplan and GBYP activities with available annual funding as adopted by the Commission. In addition, he briefly presented progress by main lines of research (data management, abundance indices, tagging, biological studies, and modelling) of GBYP Phase 13, that will be closed in July 2024.

The Group requested some further information about the studies for the determination of stock of origin in individuals captured in the Bay of Biscay. Those responsible for the study explained that from some years some changes had been observed in the dynamics of juvenile individuals belonging to the Eastern stock. In parallel, the presence of large individuals that were not previously detected in the area, had been observed which justified carrying out an ad hoc study to determine their origin.

The possibility of resuming the bluefin tuna genetic sampling in the Canary Islands and Morocco, was also raised, considering that previous studies had detected the presence of BFT-W stock individuals in these areas. The Group was informed that the genetic sampling in the Canary Islands area is being carried out, and that the genetic sampling in Morocco could be resumed in 2025 if deemed necessary. Embarking on CKMR sampling would address many of these genetic stock of origin questions even more comprehensively. Finally, it was recalled that genetic samples from the Levantine Sea would be available beyond 2025.

7.3 Close-Kin Mark-Recapture (CKMR) external expert

Dr Ruzzante, contracted as an external advisor for the GBYP Steering Committee for CKMR matters provided SCRS/P/2024/026, which summarized genomic approaches for CKMR estimation of population abundance of BFT-E. He presented a review and synthesis of the recent literature on the genetics of Atlantic Bluefin tuna, including the results by Diaz-Arce *et al.* (2023, 2024) outlining the characteristics of the microarray developed by AZTI. References were made to studies published between 2018 and 2022, most of which described genetic differences between BFT-W and BFT-E. This was followed by a description of progress achieved in the Atlantic halibut CKMR project, which uses an *Illumina* microarray comprising 4,000 single-nucleotide polymorphism (SNP) markers. Next, he discussed recent published work on BFT-W along with Davies *et al.*, 2024 on the epigenetics of aging and suggested that an important next step for this approach is to find a way to scale up the process in a way that it is economically feasible for it to be conducted routinely on a large-scale basis aiming management objectives. This was followed by a presentation of the genotypic data received from the microarray genotyping facility, of the various measures taken for quality control. It was suggested that a way forward for compatibility between BFT-E and BFT-W is for the two groups and institutions involved to share a subset of the SNPs examined in the two different platforms. Different forms of quality control and the need for a clear sampling protocol were also discussed.

The Group acknowledged that the presentation constituted an excellent summary of the current status of the CKMR Atlantic bluefin tuna stock related initiatives. The presentation was followed by a discussion largely focused on the steps needed for the sharing of SNPs to be made effective.

A question was raised regarding the identification of POPs in the halibut study, specifically why there was a range estimated when the likelihood ratio indicated a good distinction of POPs from other kin pairs. The expert clarified that until fish can be aged, the observed distribution may include both full-siblings and POPs, and that the age separation would allow for determining which of the kin pairs were specifically parent-offsprings.

In the discussion, one participant with experience in CKMR using both microarrays and DArT, noted that, in his experience, both approaches could be successful for kin-finding in CKMR, and that DArT's sequencing approaches also scaled up well to large projects (e.g. BFT-W and SBT). The presenter agreed that both approaches could be effective for kin-finding. However, DArT's approaches are proprietary; it was noted that although it is possible to implement similar approaches in an independent lab, it is challenging to do so efficiently, especially at large sample sizes.

With respect to the scaling-up of epigenetic age, a participant noted that epigenetic ageing in general is apparently becoming available as a commercial service offered by at least two companies, which would imply that the issue of scaling-up can be addressed. Costs are not yet known, although a likely maximum limit is suggested in Davies *et al.*, 2024.

The context that motivated developing a halibut CKMR program was also discussed, and a question was asked regarding what the ultimate abundance of halibut was and how long it would take to obtain the estimate. The author responded that the context was that the stock assessment estimates were not precise and there was interest in exploring the application of advanced methods for other species of conservation concern or exploitation including marine mammals. The CKMR abundance estimate is not yet available but is expected within the next year, noting that this was a 5-year project. For context for bluefin tuna, the halibut stock assessment estimate of the population is four million adults and the 2024 quota is 4,927 t.

The external advisor noted that the genotyping and kin-finding steps for halibut were expected to be completed within the next 12 months. The CKMR model itself, which is required to analyse the kin-finding outputs and to produce abundance estimates, is still being developed.

Regarding bluefin tuna, it was recalled that if the markers are shared between different kinship identification methods the results would be comparable. It was also stressed that to implement in the future a pan-Atlantic CKMR study it is not strictly necessary to use now the same genotyping methods in the BFT-W and BFT-E CKMR studies, but that it is crucial to develop standardized protocols and compatible databases from the very beginning.

A question was raised about the availability of the array developed by the GBYP Consortium led by AZTI. It was clarified that this array was not developed for commercial purposes, and it is possible to share it, but since a variety of companies and institutions have participated in its development it is still required to discuss amongst the developers its use by third parties. Nonetheless, the Group agreed to find ways to share the array developed under GBYP with other teams.

The difference between modifying the existing array versus developing new versions was discussed. It was mentioned that minor modifications of the array are possible, e.g. adding mitochondrial DNA. However, more extensive modifications such as adding many of the SNPs used in the BFT-W CKMR study would require the development of a new array, which would have associated costs and would require substantial time.

The potential to integrate the SNPs used for BFT-E CKMR into the BFT-W CKMR genotyping platform was also discussed. This appears to be technically feasible but the consistency of genotypes from the two platforms would need to be tested. It was stated that the BFT-W CKMR team is open to and willing to integrate those SNPs, in order to make both studies fully compatible, and advance the pan-Atlantic CKMR approach. The external advisor recommended this approach as one possible solution to achieve compatibility between the BFT-E and BFT-W CKMR programs in the future. While participants expressed a desire to find ways to share the SNPs, this may require consideration of confidentiality agreements between institutions. The Group noted that they would like to see a process to facilitate the sharing of information and hoped that this matter can be reconciled.

8. Path forward

The Group created the list of BFTSG tasks in 2024.

2024 tasks

- 1-pager on CKMR benefits and opportunities. *Responsibility:* BFTSG Rapporteurs;
- Potential GBYP biological studies for 2024. *Responsibility:* GBYP, *Deadline:* December 2024;
 1. Adapting existing biological sampling for CKMR and possible CKMR protocol trials to include collecting fin clips, muscle, and otoliths (check ranges of existing ages);
 2. (Evaluation of sibship from Balearic larvae & genotyping) and Preparation of larvae from 2024 possible genotyping (funding dependent);
 3. Evaluate if an epigenetic age clock derived from muscle tissue will work with fin clips or whether a new clock will need to be derived;
- Document on technical specifications for sampling protocols. *Responsibility:* CKMR Coordinator, *Deadline:* Draft of draft by 15 May 2024, Draft by July 2024;
- SCRS document on completed statistical design plan for presentation to BFTSG and SCRS taking into account discussions at the meeting to include any additional modeling runs. *Responsibility:* Contractor, *Deadline:* July 2024;
- SCRS document on design specifications for logistics and analytics for BFT-E CKMR program. *Responsibility:* BFTSG Rapporteurs, CKMR Coordinators, Contractors and External experts, GBYP Steering Committee. *Deadline:* September 2024;
 1. Project management
 2. Sampling
 3. Genotyping
 4. Sample curation and tissue bank
 5. Database management
 6. Statistical Analysis and Modeling
 7. Future compatibility with existing close-kin development work (both BFT-E and BFT-W CKMR)
 8. Cost estimation
- TOR for call for tenders. *Responsibility:* GBYP¹, *Deadline:* September 2024;
 - a) Full multi-year CKMR with intermediary products to inform 2027 MSE reconditioning.
 - b) Full multi-year CKMR on an extended time frame not intended to inform 2027 reconditioning.
 - c) Scalable individual projects to support (a) or (b).

¹ Pending recommendation of SCRS to move forward.

- Issue 2025 call for tenders. *Responsibility*: Secretariat²;
- Initiate sampling in 2025.

Compatibility with existing genomic programs

To date, two groups have presented development work on building capacity for CKMR, developing the methods for stock identification and kin finding for BFT-E and BFT-W CKMR and CKMR model development, but these are not the only groups who could conduct CKMR or who have expressed interest. Should ICCAT embark upon CKMR it would likely be through issuing an open Call for Tenders for which *compatibility* with existing and ongoing efforts would be a requirement to maintain continuity of information and to build on the extensive developmental work conducted to date.

The focus of this meeting has been on CKMR for the BFT-E, so compatibility with existing efforts conducted by the GBYP Consortium and funded by GBYP is essential. This would mean being able to use the existing markers and samples so that there would not be a loss of information, data or insights learned through several years of development work.

With the movement to a MP approach that considers both BFT-E and BFT-W stock dynamics a pan-Atlantic close-kin program could also support future genomic-based MPs similar to how these methods have been incorporated into the Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna (CCSBT) MP. A Pan-Atlantic approach, e.g. one that considers both BFT-E and BFT-W, would be desirable both to support future MP development and MSE reconditioning, to realize substantial economies of scale as well as and to provide the capacity to use these inferences to address emerging scientific questions.

While there was consensus in the above sentiment, it is beneficial to define what ‘compatibility’ of BFT-E and BFT-W CKMR would look like. As the BFT-W CKMR is at an inflection point where it will be moving from the pilot phase to an operational phase and moving from DArT-CAP to possibly a sequencing approach that is more efficient and similar to a chip or array, there are a number of decisions before the BFT-W CKMR. A participant involved with BFT-W CKMR noted that the decision has not been made as to what the ‘operational’ phase looks like, but given this transition period, it would be optimal to achieve compatibility with BFT-E close-kin genotyping so that they could be a single integrated program in the future.

Note that an “integrated program” and “compatibility” do not necessarily imply an “integrated analysis model” that uses all BFT-E and BFT-W data together inside a single model. Separate BFT-E and BFT-W CKMR models are perfectly capable of delivering absolute abundance estimates. Experience elsewhere has shown that it is better to start simply with CKMR, to gain experience and learn from qualitative insights it gives e.g. about spatial issues, and only later to move to incorporating more data into an integrated assessment-type model.

“Compatible” here means that the genotype of an individual sample which is collected and genotyped for use in a BFT-W CKMR model can instead be used directly in an BFT-E CKMR model if that sample turns out to be from a BFT-E stock fish. Note that compatibility of genotyping methods is desirable for efficiency, but not absolutely essential, since in the worst case a sample could simply be genotyped again using the “other” method if it turns out to be from the “other” population, incurring extra expense; however, the proportion of such samples, and thus the extra cost, would not be large in the context of a full-scale BFT-E CKMR program.

Achieving compatibility of BFT-E and BFT-W CKMR:

1. Separate genotyping but with the capability to share genetic markers, and separate modeling
 - a. Adding DArT markers to the chip;
 - b. Adding chip markers to a new DArTprocess.
2. Joint genotyping, separate modeling
 - a. This could involve BFT-W CKMR moving to use the chip and re-running previous larvae only through the chip;
 - b. Development of a new chip or array with both sets of markers. (note that this would be desirable should a separate entity take on the project).

² Pending approval by Commission and successful acquisition of necessary funding.

3. Joint modeling (future option)

- a. This could involve a joint BFT-E and BFT-W CKMR model;
- b. All existing and prior genotype data would still exist allowing for this to be a future, longer-term task.

9. Other matters

Due to time constraints, SCRS/2024/059 or the MSE participant questionnaire, was not presented at the meeting. The discussion of this document is postponed to the 2024 September Species Group meeting. This document proposes to evaluate what has worked and how we could improve the process moving forward through a poll of MSE participants.

10. Adoption of the Report and closure

The report was mostly adopted during the meeting, and a part of Section 2 was adopted by correspondence. The Chairs of the Group thanked all the participants and external experts for their efforts and also thanked to Department of Fisheries and Aquaculture of the Maltese Ministry of Agriculture, Fisheries, Food and Animal Rights for hosting the meeting and providing support to our work. The meeting was adjourned.

References

- Anonymous. 2023. Report of the 2023 ICCAT GBYP Workshop on Atlantic bluefin tuna larval indices (hybrid/Palermo, 7-9 February 2023). ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol 80(9):1-24.
- Bridges, C.R., Nousdili, D., Kranz-Finger, S., Borutta, F., Schulz, S., Na'ammieh, S., Vassallo-Agius, R., Psaila, M., Ellul, S. 2019. Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae – theory and practice. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol. 76(2): 408-420.
- Davies, C., Mayne, B., Grewe, P., Lloyd-Jones, L., Potter, N., Anderson, C., Farley, J, Rodriguez-Marin, E. 2024. Pilot study on epigenetic aging technique for age estimation of Atlantic bluefin tuna. ICCAT GBYP 02/2023. Final report.
- Diaz-Arce, N., Rodriguez-Ezpeleta, N., Artetxe-Arrate, I., Zudaire, I., Arrizabalaga, H., Fraile, I. 2023. New genetic tools for Atlantic bluefin tuna monitoring. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 212-218.
- Díaz-Arce, N., Gagnaire, P-A., Richardson, D.E., Walter III, J.F., Arnaud-Haond, S., Fromentin, J-M., Brophy, D., Lutcavage, M., Addis, P., Alemany, F., Allman, R., Deguara, S., Fraile, I., Goñi, N., Hanke, A.R., Saadet Karakulak, F., Pacicco, A., Quattro, J.M., Rooker, J.R., Arrizabalaga, H., Rodríguez-Ezpeleta, N. 2024. Unidirectional trans-Atlantic gene flow and a mixed spawning area shape the genetic connectivity of Atlantic bluefin tuna. *Molecular Ecology* 33:e17188.
- McDowell, J.R., Bravington, M., Grewe, P.M. Laretta, M., Walter III, J.F., Baylis, S.M., Gosselin, T., Malca, E., Gerard, T., Shiroza, A., Lamkin, J.T., Biesack, E.E., Zapfe, G., Ingram, W., Davies, C., Porch, C. 2022. Low levels of sibship encourage use of larvae in western Atlantic bluefin tuna abundance estimation by close-kin mark-recapture. *Sci Rep* 12, 18606. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20862-9>.
- Russo, S., Torri, M., Patti, B., Musco, M., Masullo, T., Di Natale, M.V., Sarà, G., Cuttitta A. 2022. Environmental conditions along tuna larval dispersion: Insights on the spawning habitat and impact on their development stages. *Water*, 14(10), 1568.
- Russo, S., Torri, M., Patti, B., Reglero, P., Álvarez-Berastegui, D., Cuttitta, A., Sarà, G. 2021. Unveiling the Relationship Between Sea Surface Hydrographic Patterns and Tuna Larval Distribution in the Central Mediterranean Sea. *Frontiers in Marine Science*, 8, 708775.
- Lino, P.G., Abid, N.I., Malouli, M.I., Bensbai J., Coelho, R. 2023. Update of the standardized joint CPUE index for bluefin tuna (*Thunnus thynnus*) caught by Moroccan and EU-Portuguese traps for the period 2008-2022, using a Bayesian generalized liner model. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 151-166.
- Ottmann, D., Langbehn, T., Reglero, P., Álvarez-Berastegui, D., Fiksen, Ø. 2023. Model of mesopelagic fish predation on eggs and larvae shows benefits of tuna spawning under full moon. *Limnology and Oceanography*. 2023, 68 (12), 2632-2641. 10.1002/lno.12465.

RAPPORT DE LA REUNION INTERSESSIONS DE 2024 DU GROUPE D'ESPECES DE L'ICCAT SUR LE THON ROUGE (BFTSG)

(Hybride/ Sliema (Malte), 15 - 18 avril 2024)

1. Ouverture, adoption de l'ordre du jour et organisation de la réunion

La réunion hybride s'est tenue en personne au Waterfront Hotel à Sliema (Malte) et en ligne du 15 au 18 avril 2024. Le Dr Enrique Rodríguez-Marín (UE-Espagne) et le Dr John Walter (États-Unis), rapporteurs du Groupe d'espèces (« le Groupe ») et Présidents de la réunion, ont ouvert la réunion et souhaité la bienvenue aux participants. Au nom du Secrétaire exécutif, le Dr Miguel Neves dos Santos, Secrétaire exécutif adjoint, a accueilli les participants et leur a souhaité beaucoup de succès dans leur réunion.

Les Présidents ont procédé à l'examen de l'ordre du jour qui a été adopté avec quelques modifications (**appendice 1**). La liste des participants figure à l'**appendice 2**. La liste des documents et des présentations soumis à la réunion est jointe à l'**appendice 3**. Les résumés de tous les documents et présentations SCRS fournis à la réunion sont joints à l'**appendice 4**. Les personnes suivantes ont assumé les fonctions de rapporteur :

Points	Rapporteurs
Points 1, 9-10	A. Kimoto
Point 2	M. Lauretta, T. Rouyer
Point 3	N. Rodriguez-Ezpeleta, J. Walter
Point 4	C. Bridges, D. Álvarez-Berastegui, N. Duprey, E. Rodriguez-Marín
Point 5	H. Arrizabalaga, M.N. Santos
Point 6	A. Kimoto, N. Duprey
Point 7	M.N. Santos, F. Alemany
Point 8	J. Walter

2. Modélisation du marquage et recapture de spécimens étroitement apparentés (CKMR)

Un modèle de marquage-recapture de spécimens étroitement apparentés structuré par âge a été développé afin d'évaluer les considérations de la conception de l'étude pour la mise en œuvre d'une étude pilote sur les spécimens étroitement apparentés de thon rouge de l'Atlantique Est et de la Méditerranée (BFT-E), y compris les lieux possibles d'échantillonnage spatial et les tailles d'échantillon (SCRS/2024/053). En général, la conception de l'étude devrait fournir une estimation de l'abondance absolue du stock de géniteurs, tout en permettant la possibilité (et la vérification) de la fidélité individuelle dans le temps à une zone de frai particulière au sein de la Méditerranée. Les Présidents ont remercié l'équipe analytique pour son excellent travail et ont souligné la valeur de l'estimation pour mieux comprendre les exigences de l'étude, la stratégie d'échantillonnage et le niveau de l'effort d'échantillonnage.

Plusieurs clarifications importantes ont été apportées en réponse aux commentaires du Groupe. La première clarification apportée concernait la définition d'un échantillon pur, impur ou bien mélangé. Il a été précisé que le terme « pur » se réfère à des échantillons représentant des poissons provenant d'une seule frayère au cours de l'année où l'échantillon est prélevé (même si les poissons individuels de la population peuvent ne pas utiliser la même frayère toutes les années). En revanche, un échantillon « bien mélangé » est un échantillon dans lequel tous les poissons de la population (au cours de l'année où l'échantillon est prélevé et pour les âges représentés dans l'échantillon) sont représentés de manière égale. Un échantillon « impur » ou « partiellement mélangé » représente une situation intermédiaire entre les deux cas précédents (c'est-à-dire qu'il n'est pas pur, mais qu'il n'est pas bien mélangé). Il a également été précisé que le concept de « fidélité » correspond à une situation dans laquelle les poissons se reproduisent toujours dans la même zone, année après année, même s'il ne s'agit pas de leur zone de naissance. Si, en plus d'être fidèle, le seul lieu où le poisson individuel a choisi de frayer est son lieu de naissance, il y a hérabilité (en plus de la fidélité). Le concept d'hérabilité est important s'il est associé à la fidélité, mais il n'est pas particulièrement pertinent s'il n'y a pas de fidélité. La fidélité est importante pour le CKMR indépendamment de l'hérabilité ; la fidélité ne conduira à aucune différenciation génétique entre les frayères à moins que la fidélité et l'hérabilité ne soient toutes deux très fortes. Aucune étude génétique n'a jamais détecté de telles différences à l'intérieur de la Méditerranée (alors qu'il existe une nette différenciation entre le thon rouge de l'Atlantique Est et le thon rouge de l'Atlantique Ouest (BFT-W)), mais cela n'exclut que la combinaison la plus extrême. La conception de l'étude CKMR permettrait de tester la fidélité et l'hérabilité, mais il faut pour cela disposer d'un échantillonnage suffisant pour que les preuves provenant des paires observées de spécimens étroitement apparentés soient statistiquement significatives.

Une question a été soulevée concernant l'hypothèse selon laquelle la sous-population de la Méditerranée occidentale (c'est-à-dire les poissons utilisant cette frayère n'importe quelle année) était plus importante que celle de la Méditerranée centrale. Il a été indiqué qu'il n'existe aucune preuve de séparation génétique au sein de la Méditerranée (voir ci-dessus) et que les thons rouges individuels sont connus pour avoir traversé (mais pas nécessairement frayé) plus d'une frayère au cours d'une même année. Les auteurs ont précisé qu'il n'y avait pas de raison spécifique pour laquelle la sous-population de Méditerranée occidentale était supposée plus importante, mais que des hypothèses différentes sur la répartition de la biomasse totale du thon rouge de l'Est entre les sous-populations ne devraient pas avoir beaucoup d'effet sur la précision des estimations de la biomasse agrégée, bien qu'elles puissent affecter la précision des paramètres de « mouvement » (c.-à-d. la fidélité et l'héritabilité). En développant un modèle raisonnablement complexe qui permet d'estimer les paramètres du mouvement (plutôt que de faire des hypothèses a priori sur la fidélité ou l'absence de fidélité, etc.), le modèle devrait fournir des estimations non biaisées quoi qu'il en soit. En outre, si les adultes frayent fréquemment sur plusieurs sites au cours d'une année, l'aspect de la fidélité ne sera pas un problème et le manque de fidélité ressortira clairement des résultats du CKMR. Si les données montrent que la fidélité est faible, le modèle pourrait alors être simplifié et, plus important encore, les possibilités d'échantillonnage rentable dans différentes pêcheries seraient élargies. L'exclusion des comparaisons à l'intérieur des cohortes, qui est inhérente à la conception de l'échantillon, permet également d'éviter certaines complexités potentielles liées à un mélange limité au sein d'une même saison de frai.

Les analystes ont indiqué qu'il était possible d'envisager d'autres configurations du modèle à incorporer dans la modélisation, mais que les révisions proposées devraient être décrites au cours de cette réunion, afin que les révisions des modèles soient achevées d'ici le mois de juillet 2024.

Le concept de « super-fratrie » a été discuté, qui se réfère au fait que les échantillons larvaires présentent généralement une proportion beaucoup plus élevée de frères et sœurs de la même cohorte que celle observée lors de l'échantillonnage des juvéniles d'âge 1 ou plus âgés. La super-fratrie n'entraîne pas de biais dans le CKMR, mais elle réduit certainement la précision par rapport à un échantillon de taille équivalente de juvéniles plus âgés. Pour obtenir le maximum d'informations statistiques à partir d'une étude CKMR en présence d'une super-fratrie (par exemple, les échantillons larvaires du golfe du Mexique pour le thon rouge de l'Ouest), un autre paramétrage des modèles CKMR est nécessaire, étant donné que les comparaisons individuelles par paire entre les larves et les autres échantillons ne peuvent pas être considérées comme statistiquement indépendantes. Outre la complexité de la modélisation, l'impact pratique de la super-fratrie est que chaque échantillon larvaire apporte moins de précision statistique au résultat global qu'un échantillon de poissons d'âge 1 ou 2. Néanmoins, les larves pourraient constituer une source de données efficace pour le CKMR si elles sont faciles à collecter en grand nombre.

Le nombre de frères et sœurs dans les échantillons larvaires peut augmenter rapidement avec l'intensité de l'échantillonnage larvaire et dépend également de la stratégie d'échantillonnage (par exemple, si l'on cible délibérément les agrégations larvaires, par opposition à la collecte sur un plus grand nombre de lieux de ponte). Pour la conception du CKMR, il est important de comprendre cet impact, et un travail minutieux est nécessaire pour prédire le niveau de super-fratrie sur la base des échantillons existants.

Il a été noté que les tailles totales des échantillons étudiés dans le SCRS/2024/053 sont considérablement plus importantes que celles considérées dans l'étude de conception pilote de 2017. Les exigences accrues en matière d'échantillons s'expliquent par plusieurs raisons. Tout d'abord, les premières observations de la fratrie dans les collections de larves ont indiqué que des échantillons de plus grande taille sont nécessaires pour permettre la super-fratrie. Deuxièmement, les Présidents ont souligné que la population a considérablement augmenté selon les indices et l'évaluation, et que l'augmentation de la taille de l'échantillon suit donc la même tendance. Il a été suggéré de concentrer l'effort initial sur l'Atlantique Est, où peu d'échantillons seraient des thons rouges de l'Ouest (et ne seraient donc pas utiles pour le CKMR du thon rouge de l'Est). En ce qui concerne l'utilisation des poissons capturés dans l'Atlantique Nord-Ouest (dont une proportion substantielle sont des géniteurs méditerranéens et donc utiles pour le CKMR du thon rouge de l'Est), il a été souligné que l'échantillonnage pour la génétique est déjà en cours et standardisé dans le cadre du CKMR du thon rouge de l'Ouest, et que ces poissons représentent des échantillons librement disponibles avec des métadonnées complètes, alors que les programmes de collecte du thon rouge de l'Est doivent encore être lancés.

En ce qui concerne la vérification des hypothèses relatives à la structure spatiale, les échantillons d'adultes de la Méditerranée occidentale et centrale servent spécifiquement à vérifier la fidélité. Si la fidélité est faible, ces adultes peuvent contribuer à une estimation de l'abondance globale du thon rouge de l'Est. Toutefois, si la fidélité est élevée, les échantillons d'adultes en Méditerranée ne seront pas bien mélangés et auront une plus grande contribution. Il a été souligné que la fidélité a été observée dans les senneurs tunisiens, des demi-frères et des demi-sœurs ayant été observés entre les cohortes. Cela souligne la nécessité d'échantillonner les adultes de l'Atlantique,

dont on peut supposer au départ qu'ils représentent des géniteurs bien mélangés de l'ensemble de la population, du moins en ce qui concerne les spécimens plus âgés/plus grands. Tant que certains échantillons d'adultes peuvent être considérés comme bien mélangés, il importe peu que les échantillons de juvéniles soient bien mélangés (et ils ne le seront d'ailleurs pas, puisque, par exemple, les larves des Baléares proviennent évidemment de la frayère des Baléares). En ce qui concerne les échantillons d'adultes méditerranéens, des inquiétudes ont été exprimées quant à la capture de poissons au cours de la migration depuis la Méditerranée centrale ou orientale, ce qui pourrait donner lieu à des conclusions erronées sur le frai mixte. Les auteurs ont répondu que le ciblage préférentiel des poissons en phase active de frai est un bon point pour éviter les fausses conclusions. Ce point devrait être pris en compte dans la discussion sur la logistique de l'échantillonnage (voir section 4).

Un point a été soulevé sur l'importance de la variation annuelle du mélange des géniteurs dans les pêcheries de l'Atlantique. Les analystes ont répondu que cela ne devrait pas poser de problème majeur en raison de la comparaison rétrospective entre les adultes et les larves. En d'autres termes, les adultes ne seront comparés qu'aux juvéniles nés les années précédentes, mais pas l'année même où l'adulte est collecté, afin de minimiser le biais de non-mixité. En outre, on s'attend principalement à ce que les gros poissons finissent par migrer vers l'Atlantique, quel que soit l'endroit de la Méditerranée où ils préfèrent frayer, et les hypothèses du modèle n'exigent pas que tous les géniteurs migrent chaque année. Il a été précisé que le modèle repose actuellement sur l'hypothèse d'une migration égale sur plusieurs années et âges, et qu'il n'est pas évident de savoir comment cette hypothèse pourrait être testée dans un premier temps.

Une question importante a été soulevée, soulignant la nécessité d'informer les gestionnaires et les décideurs, dans un langage simple, sur le CKMR, en particulier sur les avantages de l'approche et sur la manière dont elle améliorera l'évaluation des stocks et l'évaluation de la stratégie de gestion (MSE). Par exemple, il conviendrait de faire savoir que le CKMR pourrait résoudre un problème majeur de l'évaluation du stock/MSE lié à l'estimation de l'abondance absolue des géniteurs.

Des questions ont été posées sur la raison pour laquelle l'échantillonnage des juvéniles s'est concentré sur les larves, compte tenu de la complication de la super-fratrie, au lieu d'utiliser les spécimens d'âges 1 et 2, qui se sont déjà dispersés des zones de frai. La réponse est simple : un grand nombre de larves sont déjà archivées jusqu'en 2019, et elles sont facilement disponibles pour commencer à explorer la faisabilité du projet. En outre, l'utilisation de larves permet d'obtenir un signal génétique clair et en temps réel des adultes utilisant les différentes frayères.

Quelques notes ont été fournies sur les possibilités d'échantillonnage qui s'ajoutent à celles envisagées dans les travaux du CKMR réalisés jusqu'à présent. Premièrement, il existe des pêcheries de juvéniles (âges 2 et 3) dans diverses zones (par exemple, le golfe du Lion, le golfe de Gênes et la Sicile) qui sont facilement échantillonnées en grand nombre, si l'on souhaite obtenir des échantillons de juvéniles. Deuxièmement, il existe des pêcheries hivernales actives d'adultes en Méditerranée, ce qui indique que les poissons matures ne migrent pas tous de la Méditerranée immédiatement après le frai. À l'heure actuelle, rien ne permet de déterminer si ces poissons résident toute l'année ou s'ils migrent plus tard dans l'année.

Il a également été précisé que le concept de pêcherie bien mélangée (dans l'Atlantique) n'impliquait pas que tous les poissons migrent en dehors de la Méditerranée, mais qu'une proportion aléatoire d'entre eux le fait, la probabilité de migrer étant indépendante de la zone méditerranéenne où se trouvent les poissons. Il a été noté que le projet pourrait alors fournir des orientations futures pour le marquage par satellite.

Il a été recommandé de considérer les pêcheries de l'Atlantique Est comme des sources importantes d'échantillonnage, avec les madragues de l'Atlantique, car elles se trouvent à proximité du détroit de Gibraltar et sont donc considérées comme les plus susceptibles d'être bien mélangées. Il a été précisé où les échantillons de l'Atlantique pouvaient être obtenus, et que tant que l'hypothèse de l'échantillon mixte était respectée, d'autres pêcheries de l'Atlantique pouvaient certainement être ajoutées. En outre, l'équipe analytique a noté que l'hypothèse de travail qu'elle a formulée dans son travail jusqu'à présent est que toutes les pêcheries de l'Atlantique sont bien mélangées, car cela semble être une hypothèse de travail raisonnable et que les futures paires de CKMR observées devraient fournir la preuve du contraire si cette hypothèse n'était pas respectée. Il a également été noté qu'il pourrait y avoir des moyens de réduire l'aspect de super-fratrie en adaptant la conception d'échantillonnage de la collecte des larves.

Aucune structure de stock n'ayant encore été mise en évidence en Méditerranée, il a été suggéré qu'une étude pilote à petite échelle en cours pourrait aider à mieux comprendre la structure du stock. Il a été noté que pour le thon rouge du Pacifique, aucune structure de stock n'a pu être trouvée, mais que le lieu de frai différerait selon l'âge. Toutefois, le phénomène le plus important à garder à l'esprit, du point de vue de la prévention des problèmes liés

au CKMR, est la fidélité (et non l'héritabilité), et la fidélité seule ne peut jamais être détectée par les analyses de la structure génétique du stock. Si l'échantillonnage est suffisant dans la région méditerranéenne, l'étendue de la fidélité et de l'héritabilité sera révélée directement par les données du CKMR (c'est-à-dire la localisation des paires de spécimens apparentés).

Il a été noté qu'il convenait d'identifier les possibilités d'échantillonnage de 1.000 à 2.000 poissons. Il a été noté que le Japon n'avait pas encore été mentionné comme une possibilité, même si la pêche palangrière de l'Atlantique pourrait être une occasion d'échantillonner des poissons bien mélangés, et que l'échantillonnage sur le marché pourrait également être effectué. Il a été noté que la COVID-19 avait un impact sur l'échantillonnage à bord, mais que l'échantillonnage sur le marché pourrait être envisagé.

Il a également été noté que les madragues de l'Atlantique constituaient un excellent emplacement pour un échantillonnage efficace, 1.000 poissons par an étant réalisables si les otolithes ne doivent pas être échantillonnés. Il a été répondu que les otolithes n'étaient pas nécessaires pour le CKMR, mais seulement la longueur et le tissu.

En ce qui concerne l'utilisation d'éventuels échantillons de pêcheries à stocks mixtes (c'est-à-dire provenant des stocks de thon rouge de l'Ouest et de thon rouge de l'Est), il convient de réfléchir à la manière dont ces échantillons seront sélectionnés afin d'éviter tout biais potentiel dans les estimations du CKMR. Deux approches ont été discutées, l'une consistant à effectuer des estimations de la composition des stocks avant l'analyse du CKMR, et à retirer de l'examen les poissons associés au stock de thon rouge de l'Ouest dans les comparaisons entre spécimens étroitement apparentés. La deuxième approche consiste à effectuer la comparaison entre spécimens étroitement apparentés sur l'ensemble de la collection et à corriger les biais dans les estimations d'abondance en fonction des proportions du stock. Cette dernière approche est adoptée pour l'étude des spécimens étroitement apparentés de thon rouge de l'Ouest, afin de ne pas exclure les parents/frères et sœurs potentiels de différents stocks, étant donné que les collections de larves dans l'Atlantique Ouest (Slope Sea en particulier) ont indiqué une reproduction mixte, ainsi que l'observation récemment signalée d'adultes de type méditerranéen collectés dans les frayères du Golfe du Mexique (GOM). On pourrait considérer que les observations des frères et sœurs à travers les collections peuvent fournir un aperçu de la dynamique du frai en dehors de la GOM et de la Méditerranée.

Il a été demandé si la conception de l'étude permettrait d'estimer l'abondance des géniteurs qui utilisent les frayères de la Méditerranée centrale par opposition à celles de la Méditerranée occidentale. Les analystes ont indiqué qu'elle le ferait ; l'approche est décrite plus en détail dans l'appendice du rapport. Il a été souligné que la question porte sur l'aspect de la fidélité des géniteurs à une frayère. S'il n'y a pas de fidélité, la taille relative de l'abondance des géniteurs en Méditerranée occidentale par opposition à la Méditerranée centrale n'a pas d'importance (les poissons choisiront des zones de frai différentes au cours d'une même année et d'une année à l'autre), et les hypothèses du modèle/de la conception de l'étude sont grandement simplifiées. Si la fidélité existe, l'étude du CKMR permettra de mieux comprendre cet aspect, par exemple par le biais de la comparaison entre les parents et les descendants des larves des Baléares et les échantillons de géniteurs de la Méditerranée occidentale par opposition aux géniteurs de la Méditerranée centrale.

On s'attend à ce que, si la fidélité existe, elle se traduise par des taux différents de paires parent-descendant (POP) et d'appariements entre cohortes de demi-frères et de demi-sœurs dans les collections de juvéniles-géniteurs. Il a été souligné que, dans le cadre de la conception initiale de l'étude, la comparaison de la fidélité/mixité des géniteurs entre les zones de frai et la Méditerranée orientale sera moins documentée/non disponible en raison du manque d'échantillons collectés en Méditerranée orientale.

Dans l'ensemble, une grande partie des incertitudes relatives à la structure et au mélange des stocks, aux tailles d'échantillon requises et à la conception optimale seront élucidées par les résultats de l'échantillonnage CKMR proprement dit (c'est-à-dire les schémas de paires observées de spécimens étroitement apparentés), car les informations sur le mélange des stocks par pêche/zone, les POP, les frères et sœurs au sein de la cohorte et les frères et sœurs entre les cohortes fournissent des indications précieuses sur la dynamique de la (des) population(s).

La SCRS/P/2024/016 a présenté la conception et la simulation d'une évaluation multi-stock de nouvelle génération pour le thon rouge de l'Atlantique qui incorpore des données de marquage et recapture de spécimens étroitement apparentés. Le projet est financé par le Programme de recherche sur le thon rouge (BTRP) des États-Unis avec pour objectifs de développer un modèle d'évaluation de stock mixte spatio-temporel (appelé MARS), d'inclure des diagnostics et de la documentation à l'appui dans un progiciel R, et de fournir des rapports Markdown sur les résultats de l'évaluation, la comparaison des modèles, le profilage, la pondération des données et les rétrospectives. Le modèle est en grande partie développé, avec un ajustement préliminaire actuel aux types de données sur le thon rouge (entrées MSE plus données CKMR), et des tests de simulation de la complexité du modèle appropriée pour le thon rouge.

Le Groupe a commenté certaines des difficultés liées à la résolution spatiale de la MSE et aux données disponibles pour déterminer le mouvement. Il a été répondu que le modèle actuel simplifiait les zones spatiales à partir de la MSE en quatre zones principales, y compris les deux principales zones de frai et les zones d'alimentation Est et Ouest. Il a également été souligné que l'intégration des données du CKMR dans le modèle pourrait résoudre un problème majeur des évaluations antérieures, à savoir les données permettant de déterminer l'échelle de la population. Un participant a fait un commentaire sur un biais possible de la biomasse du stock reproducteur (SSB) estimée dans CKMR en vue de sa prise en compte future dans le modèle intégré. Dans le cas des POP, la sélectivité de l'engin de pêche pour l'échantillonnage des adultes affecterait l'estimation, et les estimations du CKMR à partir des paires de demi-frères et sœurs (HSP) pourraient être faussées en raison de l'existence d'une population adulte inactive sur le plan de la reproduction.

3. Génétique du CKMR

Les résultats présentés dans le SCRS/2024/057 sont en cours et certains d'entre eux sont préliminaires, mais ils ont été présentés afin que le Groupe puisse fournir un retour d'information. Il est mentionné que les puces à ADN pourraient être traitées par différentes installations, bien que les puces à ADN actuelles soient fabriquées par Thermo Fisher. Le génotypage proprement dit des échantillons peut être effectué ultérieurement par tout laboratoire disposant de l'équipement nécessaire ; il existe un certain nombre d'installations commerciales offrant ce service, dont au moins quatre en Europe. Le traitement des échantillons et l'analyse des données avec la puce à ADN sont simples : les échantillons de tissus ou d'ADN sont envoyés au centre de génotypage, qui renvoie les génotypes par échantillon. La puce à ADN peut fournir des informations sur la parenté, le sexe et la connectivité de la population, ce qui permet de surveiller le flux génétique en cours, récemment découvert, de l'Est à l'Ouest de l'Atlantique, y compris le mélange dans la Slope Sea, et l'introgression du germon.

Malgré les différences génétiques entre les populations de thon rouge de l'Ouest et celles de thon rouge de l'Est, les processus de puce à ADN et de DArT sont tous deux adaptés à la détermination de la parenté sur des échantillons de thon rouge de l'Ouest ou de thon rouge de l'Est. La question des loci marqueurs de sexe à utiliser a été discutée, étant donné qu'il existe d'autres marqueurs de sexe ; les auteurs ont indiqué que les cinq loci actuellement présents sur la puce à ADN ont une précision de 95,8% pour la détermination du sexe dans les échantillons (n=48) dont le sexe a été déterminé à l'aide d'informations sur les gonades. Le coût par échantillon de la puce à ADN dépendra du nombre d'échantillons à analyser ; plus il y a d'échantillons, moins le coût est élevé. Afin de tenir compte de la super-fratrie potentielle des Baléares, il est mentionné que les haplotypes mitochondriaux de tous les échantillons larvaires devraient être nécessaires. Cela signifie qu'environ la moitié des échantillons devraient être analysés pour obtenir les haplotypes mitochondriaux. Une option pourrait être d'inclure ces informations mitochondriales dans la puce, mais cela pourrait ne pas fonctionner, auquel cas un séquençage serait nécessaire. Cela ne pose pas de problème si les haplotypes mitochondriaux ne sont nécessaires que pour les paires apparentées à utiliser (comme c'est le cas dans de nombreux projets du CKMR), mais si cela doit être fait pour la quasi-totalité des larves, cela augmentera le prix de manière significative.

Le Groupe a discuté de l'étude pilote du Programme de recherche sur le thon rouge englobant tout l'Atlantique (GBYP) sur l'âge épigénétique du thon rouge de l'Atlantique (Davies *et al.*, 2024). L'objectif de l'étude est d'évaluer la faisabilité de la détermination de l'âge épigénétique en vue de l'application du CKMR. L'étude a utilisé des échantillons de l'Atlantique Ouest (fournis par Fisheries and Oceans Canada (DFO) et National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA)) et de la collection de données de thon rouge de l'Est (fournie par la collection du GBYP) ; on a déterminé leur âge conformément aux protocoles standard de l'ICCAT. Au total, 657 échantillons ont été traités, mais certains ont été perdus en raison d'une contamination lors de la PCR multiplex. Il restait 361 échantillons à analyser. Les marqueurs dont les profils de méthylation « réagissent » à la détermination de l'âge ont été identifiés et un modèle les combinant tous a été développé. La version la mieux ajustée avec la meilleure combinaison de sondes trouve une bonne corrélation entre la méthylation et l'âge de l'otolithe (à la fois à l'Est et à l'Ouest combinés et pour les deux sexes combinés), certainement assez bonne pour l'utilisation du CKMR. Aucun biais lié au sexe ou au stock n'a été observé. Le coût (et la question de la modularité) a été discuté ; celui-ci pourrait diminuer s'il y a des possibilités de commercialisation et une demande suffisante. Le modèle a été calibré à partir de tissus musculaires ; il convient également de vérifier si des modifications sont nécessaires pour les tissus provenant de coupes de nageoires.

Groupe de discussion sur la génétique du CKMR

Un petit groupe a été chargé de discuter des spécifications détaillées des besoins génétiques du CKMR, et la liste suivante a été fournie au Groupe.

- a. Volume élevé de 15 à 20.000 spécimens par an en moyenne (à titre de référence, le thon rouge du Sud (SBT) traite 25.000 spécimens pour le marquage génétique).
- b. Capacité à détecter la contamination croisée.
- c. Pourcentage élevé de génotypage réussi.
 - Production élevée d'ADN utilisable à partir d'échantillons.
- d. Détermination de la parenté.
 - Capacité à déterminer les liens de parenté (POP, demi-frères et demi-sœurs, frères et sœurs à 100%).
- e. Détermination du stock d'origine
- f. Détermination épigénétique de l'âge
 - La modélisation du CKMR bénéficie des âges estimés des poissons pour diviser les relations des demi-frères et demi-sœurs entre les cohortes et pour déterminer si un poisson peut être le parent potentiel d'un juvénile. Compte tenu du coût élevé et des problèmes pratiques liés à l'utilisation des otolithes, la détermination épigénétique de l'âge sera le moyen le plus efficace de déterminer l'âge.
- g. ADN mitochondrial à haute capacité
 - Cela est nécessaire pour pouvoir aborder la question de la fratrie larvaire en raison des niveaux élevés de fratrie à l'intérieur de la cohorte.
- h. Marqueur de sexe
 - Cela est désormais peu coûteux et permet au modèle CKMR de tenir compte de la contribution différentielle maternelle et paternelle à la reproduction.
- i. Coordination des projets dédiés et conservation des bases de données.
- j. Autres besoins.

4. Échantillonnage pour soutenir la mise en œuvre du CKMR

Les activités du groupe larvaire en Méditerranée occidentale de 2023 à 2024 (SCRS/P/2024/019) ont été décrites avec un nombre de traits de chalut de 106 en moyenne et un stockage dans l'éthanol et le formol. Un tableau a été présenté sur les points d'intérêt prévus pour l'échantillonnage du CKMR avec un aperçu du nombre d'échantillons disponibles de 2019 à 2023 dans l'éthanol ou le formol. D'autres plans pour la Méditerranée orientale ont été présentés pour 2024 à 2028, qui comprennent également des prospections le long de la côte turque et autour de la partie orientale de l'UE-Chypre. Les activités prévues dans le détroit de Sicile et la mer Ionienne occidentale pour 2024 ont également été présentées : Des données pour le détroit de Sicile et la mer Ionienne occidentale ont été publiées (Russo *et al.*, 2021, 2022).

La SCRS/P/2024/019 a également présenté le programme de surveillance et d'évaluation de la zone du Sud-Est (SEAMAP) et la prospection dans le Golfe du Mexique en 2023. Leurs protocoles et leur standardisation ont été décrits avec des plans pour 2024 avec le nombre de jours supplémentaires pour mener des recherches sur les effets potentiels du changement climatique et l'échantillonnage dans les zones de points chauds larvaires. Enfin, les activités du Sous-groupe technique sur les premiers stades du cycle vital du thon rouge dans chaque prospection ont été énumérées avec les différentes interactions et initiatives, et notamment le partage d'outils de standardisation et de stratégies d'échantillonnage (collections d'éthanol ou de formol).

Il a été demandé au Groupe s'il y aurait un grand nombre d'échantillons pour les spécimens étroitement apparentés. La réponse a été qu'à partir de 2019, les échantillons de la Méditerranée occidentale ont été collectés pour la banque de données du GBYP et d'autres collections d'échantillons. Les échantillons ont été répartis et stockés dans du formol et de l'éthanol. Les échantillons de formol ont été analysés pour déterminer l'abondance et la taxonomie, mais les échantillons d'éthanol doivent encore être traités. Quant à la question de savoir s'il existe des échantillons historiques pour la Méditerranée centrale, il ne semble pas qu'ils soient disponibles. Les programmes n'ont également commencé que récemment à standardiser les méthodes d'échantillonnage qui pourraient permettre de capturer un grand nombre de larves en utilisant les protocoles décrits par l'atelier de l'ICCAT GBYP de 2023 sur les indices larvaires de thon rouge de l'Atlantique (hybride/Palermo, Italie, 7-9 février 2023) (Anon., 2023). Il a été suggéré qu'un bon point de départ serait l'utilisation des larves de la Méditerranée centrale avec les adultes de la Méditerranée centrale. Pour la Méditerranée occidentale, il serait préférable de sélectionner ce qui a déjà été fourni à la collection du GBYP avant de l'utiliser pour le CKMR. La prospection larvaire en Méditerranée centrale porte sur des espèces mixtes et un futur échantillonnage dans le Sud de la mer Ionienne devrait être envisagé si des fonds peuvent être trouvés spécifiquement pour le thon rouge.

En ce qui concerne les échantillons de Sicile, le nombre total de larves collectées sera augmenté au cours des campagnes suivantes en utilisant les protocoles et méthodologies des Baléares. La banque de données contient déjà de nombreux échantillons dans de l'éthanol. Il a été indiqué que 1.000 larves sont déjà prêtes à être analysées par le CKMR. Un total d'environ 150.000 larves pourrait être disponible pour le tri et pour le CKMR provenant des campagnes d'échantillonnage en Méditerranée occidentale de 2019 à 2022, même si le traitement de ces échantillons nécessiterait des fonds spécifiques.

Des inquiétudes ont été exprimées quant à l'utilisation des larves, car leur teneur en ADN est faible et le sous-échantillonnage pourrait affecter la détection des spécimens apparentés dans les cohortes, ce qui nécessiterait une modélisation supplémentaire. En outre, un lien de parenté élevé entre frères et sœurs réduit la taille effective de l'échantillon de parents indépendants (McDowell *et al.*, 2023). Toutefois, il a été souligné que les larves constituaient l'une des rares possibilités d'obtenir un grand nombre d'échantillons. Il a également été souligné que l'expérience avec les larves du Golfe du Mexique utilisées dans le CKMR ne suggérait aucunement la présence d'un biais dans l'utilisation des larves pour le CKMR, mais qu'elle nécessitait un génotypage supplémentaire en utilisant l'ADN mitochondrial et une modélisation supplémentaire pour traiter la variance ajoutée introduite par le lien de parenté entre frères et sœurs chez les larves (SCRS/2024/053).

La SCRS/P/2024/022 a présenté les activités des fermes thonières de l'UE-Malte et la disponibilité de matériel génétique pour les études du CKMR. La définition du marquage génétique a été expliquée comme étant l'empreinte ADN des poissons parents, puis la libération dans l'océan des larves écloses de ces parents en vue de leur développement ultérieur et de leur capture en tant qu'adultes. C'est le sujet du *Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae – theory and practice* (Bridges *et al.*, 2019). La question de la survie des larves après leur libération reste posée, car les fermes se trouvent à 6 km au large, en eaux profondes, et l'alimentation des larves peut être variable. Certaines informations sur la technologie d'analyse de l'ADN mitochondrial utilisée dans cette étude ont été demandées et il a été indiqué qu'en congelant les œufs avant l'analyse, on pouvait obtenir une meilleure extraction de l'ADN. Un scientifique d'une CPC a proposé son aide pour communiquer des informations sur sa technologie d'analyse sexuelle à toute personne intéressée. Le Groupe a souligné que les poissons adultes élevés dans les fermes seraient utiles pour le CKMR, mais que les œufs et les larves produits ne seraient pas nécessaires pour la modélisation du CKMR, car ils ne sont que la progéniture des poissons élevés dans les fermes et ne fourniraient pas d'inférence sur la population sauvage existante, qui est au centre du projet du CKMR. En outre, le Groupe a exprimé certaines préoccupations concernant le potentiel d'amélioration pour homogénéiser la diversité génétique existante et affecter négativement la structure de la population.

Le Groupe a posé une autre question concernant le développement de l'aquaculture thonière et la manière de distinguer un poisson sauvage d'un poisson issu de l'aquaculture. La technologie de marquage génétique décrite dans le présent document pourrait être utilisée à cette fin en prenant l'empreinte ADN du stock de géniteurs utilisé dans l'aquaculture à cycle complet et en étant ainsi en mesure d'identifier la progéniture ultérieure, soit sur le marché, soit en tant que fugues de poissons.

Le document soulignait qu'il y avait une grande concentration de biomasse dans les fermes de l'UE-Malte, d'environ 9.000 t de poissons capturés à l'état sauvage avant l'engraissement à 16.000 t après l'engraissement, et que cela pourrait constituer une zone de frai artificielle, car un certain nombre de ces poissons se reproduisent dans les cages. Ce qui est important pour le CKMR, c'est que l'origine des poissons des cages puisse être déterminée (ce point sera abordé plus loin dans la section 4), car cela implique des transferts des cages de remorquage vers les cages d'engraissement et le mélange des populations. Une discussion s'est ensuite engagée sur le rôle du frai dans les fermes ou l'accroissement artificiel de ces agrégations de géniteurs. Le Groupe a souligné les préoccupations scientifiques soulevées par le déplacement de poissons de plusieurs zones de frai vers un seul endroit et par l'accroissement artificiel des agrégations de géniteurs dans les fermes. Ces activités homogénéiseraient toute diversité génétique potentielle et modifieraient les schémas des lieux de ponte naturels s'il y a fidélité au site de ponte. Au niveau actuel, les agrégations artificielles de géniteurs auraient probablement un impact limité, qu'il soit négatif ou positif, sur la population dans son ensemble et n'affecteraient probablement pas les hypothèses du modèle de CKMR.

Il a été souligné que les réglementations et les transferts devraient permettre de bien documenter l'origine des poissons des fermes, ce qui renforcerait la capacité d'utiliser ces poissons dans la modélisation du CKMR et de les assigner à un lieu de frai. Il a également été noté que depuis 2010, le frai dans les cages de remorquage a été observé dans l'UE-Espagne et, deuxièmement, dans l'UE-Espagne et l'UE-Malte, les poissons sauvages sont également attirés par les cages. Le rôle des œufs, qui pourrait être en grand nombre dans les opérations d'élevage de l'UE-Espagne et de l'UE-Malte, dans tout recrutement de la population générale est inconnu et est supposé être insignifiant par rapport à la biomasse de frai totale en ce qui concerne la modélisation du CKMR. D'autres travaux sont en cours et/ou nécessaires.

Les modifications du cycle vital des thonidés causées par l'élevage ne sont pas connues à l'heure actuelle, car les poissons pourraient frayer dans la zone de frai, pendant le remorquage vers les fermes ou dans les fermes elles-mêmes. La question de savoir si cela pourrait créer une fidélité à un lieu de frai en dehors de l'endroit où un poisson fraierait normalement est incertaine et dépendrait du degré et du mécanisme de fidélité au site de frai. Bien qu'il y ait divers degrés d'opinions sur le degré de fidélité au site de frai, l'un des avantages de l'approche de CKMR décrite dans le SCRS/2024/053 est qu'elle serait en mesure de l'estimer.

La SCRS/P/2024/013 a présenté l'échantillonnage dans le processus de mise à mort du thon rouge de l'Atlantique élevé dans les îles Maltaises, dans le cadre du programme d'échantillonnage du GBYP. Les opérations d'élevage se déroulent de mai à décembre, avec l'engraissement dans les fermes des poissons capturés à l'état sauvage. La procédure d'échantillonnage est exhaustive et comprend les otolithes, les gonades, les épines des nageoires, les muscles, la longueur et le poids. Au départ, seuls cinq poissons par jour pouvaient être échantillonnés, mais avec la pratique et l'expérience, 30 à 40 poissons par jour peuvent être échantillonnés. Les thons adultes sont capturés à l'état sauvage vers la fin du mois de mai et remorqués jusqu'aux cages d'élevage par des senneurs. Ils sont engraisés à partir du mois de juin jusqu'à la saison de mise à mort et sont ensuite abattus. La mise à mort commence en septembre/octobre et se termine en janvier. Pendant la saison de mise à mort, chaque ferme dispose de son propre navire de transformation et la ferme sélectionnée pour l'échantillonnage dépend de l'origine du poisson qui sera mis à mort. C'est pourquoi un contact régulier s'établit avec le responsable de la ferme.

Des discussions ont été entamées sur le moment qui serait le mieux propice pendant l'opération de mise à mort pour obtenir des coupes de nageoires ou des échantillons de muscles sans contamination croisée et sans interruption de l'opération de mise à mort. La méthodologie visant à garantir l'absence de contamination pourrait varier d'un site à l'autre (pour plus de détails, voir ci-dessous).

Programmes d'échantillonnage importants pour le thon rouge de l'Est et adaptation éventuelle aux besoins de modélisation du CKMR (tests circulaires (round-robin))

Le Groupe a discuté d'autres programmes d'échantillonnage importants pour le thon rouge de l'Est et de leur adaptation éventuelle aux besoins de modélisation du CKMR. Un scientifique d'une CPC a noté qu'il pourrait être possible d'augmenter l'échantillonnage des poissons capturés par la flottille palangrière japonaise sur le principal marché aux poissons. Les taux d'échantillonnage actuels d'environ 10 poissons deux fois par mois pourraient éventuellement être augmentés pour fournir un grand nombre de poissons provenant de la criée, mais cela nécessiterait du temps supplémentaire de la part du personnel. Il serait possible d'échantillonner 10 poissons par jour, voire 300 poissons par mois.

Les scientifiques des CPC ont noté qu'il serait possible d'augmenter l'échantillonnage du CKMR dans les madragues de l'Atlantique avec des ressources supplémentaires. Bien que la dynamique temporelle des poissons entrant et sortant des madragues puisse changer, les madragues de l'Atlantique représentent des zones de prédilection pour l'échantillonnage dans le cadre de l'étude du CKMR, car les poissons sont supposés être bien mélangés, les pêcheries disposent de programmes d'échantillonnage existants et le nombre de poissons est élevé.

Programme d'échantillonnage actuel pour le thon rouge de l'Ouest

La SCRS/P/2024/024 a présenté le programme d'échantillonnage biologique du thon rouge de l'Atlantique dans l'Atlantique Nord-Ouest des États-Unis. Les travaux menés dans le golfe du Maine ont été décrits avec leur programme d'échantillonnage mené dans le cadre du Programme de recherche sur le thon rouge (BTRP) au cours des 14 dernières années. L'échantillonnage est un défi, mais il fonctionne assez bien grâce à la collaboration de l'industrie de la pêche. Les effectifs sont importants et doivent couvrir une zone de 1.600 km allant de la frontière canadienne à la Floride. Les poissons mesurent normalement plus de 185 cm et sont regroupés par les négociants avant d'être transformés. Lors des tournois de pêche, une centaine d'échantillons ont pu être obtenus au cours des deux dernières années. En général, depuis 2010, 14.000 otolithes et 15.000 échantillons de muscles ont été obtenus. Cet échantillonnage s'est étendu aux pêcheries récréatives en leur fournissant les kits d'échantillonnage nécessaires et en collectant le matériel. Il est désormais nécessaire de réduire la taille de stockage du matériel collecté, dont certains échantillons pèsent plus de 500 grammes.

Le directeur exécutif de la Bluefin Collaborative a donné un aperçu verbal du programme. Le Bluefin Collaborative est un collectif de pêcheurs américains et canadiens qui vise à améliorer la gestion et la durabilité du thon rouge de l'Atlantique en obtenant des données et en promouvant une recherche objective. Un membre du comité a noté que ce programme de marquage basé sur les pêcheries présente des similitudes avec les travaux menés au Royaume-Uni et a recommandé que les deux programmes soient coordonnés.

Groupe de discussion sur la logistique et les protocoles d'échantillonnage du CKMR

Un petit groupe a été chargé de discuter de la faisabilité d'atteindre le nombre d'échantillons pour le CKMR en utilisant le tableau 3.2. du SCRS/2024/053 comme point de départ des discussions.

Table 3.2.

	Number of samples per year				
	Larval survey	Juvenile fishery	Adult fisheries		
	Balearics: <i>Wlar</i>	Croatia: <i>CROjuv</i>	West Med: <i>Wad</i>	Central Med: <i>Cad</i>	Atlantic: <i>ATLad</i>
2019-2024	3000 (excluding 2021)	0	0	0	0
2025-2030	8000	2000	2000	2000	2000

Le Groupe a rappelé que ces chiffres sont des valeurs de départ par rapport à la précision que l'on pourrait atteindre pour obtenir certains paramètres (principalement l'abondance totale des thons rouges de l'Est adultes). Pour l'échantillonnage larvaire, ces chiffres ont été calculés sur la base d'une estimation de 50% des échantillons collectés inutilisables, afin de tenir compte de l'éventuel effet de la super-fratrie.

Le responsable du groupe de discussion a commencé par encourager le Groupe à examiner les zones géographiques que nous voulons échantillonner, puis à examiner les zones géographiques que nous échantillons déjà dans le cadre de nos programmes d'échantillonnage biologique existants et à déterminer s'il existe des synergies. Lorsqu'il existe des synergies, cela pourrait permettre de réaliser des économies significatives pour l'échantillonnage du CKMR.

Les discussions ont été réparties en cinq types d'échantillons : Larves ; poissons juvéniles (*CROjuv*) ; adultes de la Méditerranée occidentale ; adultes de la Méditerranée centrale ; et adultes de l'Atlantique.

Échantillonnage larvaire

L'échantillonnage larvaire dans les îles Baléares est déjà établi et en place dans le cadre du programme de collecte de données de l'UE pour la campagne de prospection larvaire des Baléares, qui est utilisée pour élaborer l'indice larvaire occidental du thon rouge. Depuis 2019, un échantillonnage expérimental est effectué avec deux répliques, l'un conservé dans du formaldéhyde et l'autre dans de l'éthanol. Depuis 2019, cela sert à fournir des échantillons de larves à la banque de tissus du GBYP pour des études génétiques. Au cours de la prospection, une moyenne d'environ 30.000 à 40.000 larves sont capturées et peuvent être conservées pour être utilisées dans le CKMR ; par conséquent, cette prospection en tant que source d'échantillons signifie qu'aucun autre lieu d'échantillonnage ne devra être envisagé.

La Turquie a lancé un programme d'échantillonnage sur cinq ans, dans le but de développer un indice larvaire. Cela pourrait donc constituer une plate-forme pour l'intégration de la Méditerranée orientale dans l'échantillonnage du CKMR. Le Groupe s'est concentré sur la prospection aux Baléares. Néanmoins, l'échantillonnage dans cette zone de la mer Levantine est potentiellement informatif sur la fidélité en Méditerranée et il sera certainement possible de l'utiliser dans un avenir proche.

La plate-forme de la prospection capture chaque année plus de larves de thon rouge qu'il n'en faut et l'augmentation des coûts ne concernerait que l'accroissement du sous-échantillonnage et de la préparation des échantillons, mais en fin de compte, le nombre de larves conservées pour le CKMR peut facilement être augmenté pour répondre aux besoins de l'échantillonnage du CKMR. Le financement de la campagne de prospection larvaire aux Baléares semble être relativement assuré grâce au financement de l'UE, ce qui est bon pour la longévité de la plate-forme en tant que méthode de collecte. Il est encore nécessaire de clarifier les méthodes et les règles de sélection des 8.000 larves individuelles dans les quelque 100 stations étudiées dans la campagne de prospection larvaire aux Baléares.

La collecte de larves des années précédentes pourrait permettre d'identifier l'ampleur du problème posé par la « super-fratrie » et ses implications pour la conception du programme de CKMR.

Échantillonnage des poissons juvéniles et adultes

Le groupe de discussion a d'abord clarifié ce qui serait nécessaire pour chaque juvénile/adulte échantillonné :

- Le lieu de capture d'origine.
- Année de capture du poisson (retiré de la population sauvage).
- La date à laquelle le poisson a été échantillonné.

- Les mesures de longueur du poisson échantillonné.
- L'analyse des échantillons fournira les autres informations nécessaires au CKMR :
 - l'âge de chaque poisson, qui peut être la détermination épigénétique et qui peut découler de l'analyse, et,
 - le sexe du poisson, qui peut être déterminé par l'analyse génétique.

La faisabilité de l'échantillonnage a ensuite été examinée pour chacune des régions géographiques où des échantillons de poissons adultes/juveniles sont nécessaires : juvéniles, adultes de la Méditerranée occidentale, adultes de la Méditerranée centrale et adultes de l'Atlantique.

Échantillonnage des adultes de Méditerranée occidentale et centrale

Les poissons adultes de la Méditerranée occidentale peuvent être échantillonnés dans le cadre des activités de pêche existantes :

- Fermes de l'UE-Malte - de préférence,
- Fermes de l'UE-Espagne - de préférence,
- Pêche palangrière de l'UE-France autour des îles Baléares (~250 t) - possible, mais pas idéale, et
- Pêche palangrière de l'UE-Espagne - possible bien que les niveaux d'activité soient variables.

Échantillonnage maltais

Les opérations d'élevage maltaises ont été longuement discutées en tant que plateforme potentielle où le thon rouge adulte de l'Ouest et du Centre pourrait être échantillonné. En particulier, l'une des fermes est principalement approvisionnée par des spécimens capturés dans l'ouest de la Méditerranée.

Actuellement, dans l'échantillonnage maltais de thon rouge du GBYP, les étapes de traitement dans les grandes lignes sont les suivantes :

- les poissons sont mis à mort dans les cages,
- ils sont ensuite placés sur une barge intermédiaire qui les transporte jusqu'au navire de transformation, et
- les mesures de longueur et de poids (pas toujours individuellement si les spécimens ne sont pas très grands) sont effectuées sur le pont du navire de transformation, avant de commencer la transformation. Dans le cas de l'échantillonnage du GBYP, les spécimens sont marqués, avant la transformation, sur la tête et sous la nageoire dorsale. Cela permet d'identifier le spécimen pour l'échantillonnage ultérieur de la tête et de la nageoire dorsale.

Un problème clé pour l'utilisation des fermes de l'UE-Malte (et probablement un problème pour toute ferme utilisée comme plate-forme d'échantillonnage) serait la capacité de distinguer le lieu d'origine et le moment de la capture des poissons individuels avant leur déplacement vers le lieu d'élevage. Les cages maltaises contiennent actuellement des poissons des îles Baléares. Ceux-ci se trouvent dans des cages isolées et ne sont pas mélangés avec des poissons qui ont été capturés dans d'autres endroits de la Méditerranée. En 2023, environ 12.000 poissons provenant des îles Baléares se trouvaient dans les fermes maltaises (ce qui représente environ 10 % de la capacité des fermes maltaises et varie d'une année à l'autre). Il est également possible que certaines cages maltaises mélangent des poissons provenant de différentes zones de frai de la Méditerranée centrale, mais les registres des cages permettent d'évaluer cette situation avant l'échantillonnage et il est donc facile d'éviter ces cages si nécessaire. Cela signifie que les fermes maltaises pourraient facilement permettre de collecter 2.000 échantillons d'adultes pour la Méditerranée occidentale.

Si les fermes vont être utilisées pour obtenir les échantillons de CKMR, la contamination croisée doit être soigneusement étudiée et prise en compte à l'endroit où les poissons vont être échantillonnés au cours des étapes de transformation afin de réduire cette contamination.

Une étude pilote pourrait permettre de déterminer les meilleures méthodes d'échantillonnage pour cette plate-forme. Par exemple, le marquage des poissons contient des informations importantes et comme le nouveau protocole n'en est qu'à ses débuts, il serait bon de conserver autant d'informations que possible.

Échantillonnage des juvéniles en UE-Croatie (CROjuv)

Il est proposé d'utiliser les juvéniles capturés en juin dans la mer Adriatique par l'UE-Croatie à l'aide de senneurs. Les captures correspondent principalement à des juvéniles âgés de 2 à 3 ans. Ces spécimens sont transférés dans des fermes d'engraissement où ils peuvent rester jusqu'à 18 mois. Malgré cette longue période d'élevage, les cohortes de 2 et 3 ans sont encore facilement distinguables au moment de la mise à mort. Il n'est pas possible d'obtenir la longueur au moment de la capture, mais les mesures des transferts de cages sont obtenues à l'aide de caméras stéréoscopiques. Chaque année, 40.000 poissons sont mis à mort, ce qui représente une réserve potentielle plus que suffisante, c'est pourquoi d'autres lieux de collecte de juvéniles n'ont pas été explorés.

Si les fermes croates vont incorporer l'échantillonnage, elles devraient augmenter les niveaux d'échantillonnage par rapport aux quantités actuelles qu'elles échantillonnent dans le cadre du GBYP (environ 250 poissons sont actuellement échantillonnés). Quelques incertitudes existent car les prix du thon peuvent avoir un impact sur la disponibilité de l'échantillonnage et cela pourrait changer les pratiques de l'élevage.

En ce qui concerne la partie du poisson qui est échantillonnée, la coupe des nageoires est préférée. Le protocole d'échantillonnage n'a pas été discuté.

Échantillonnage des adultes dans l'Atlantique

Dans l'Atlantique, plusieurs pêcheries peuvent fournir des échantillons CKMR de poissons adultes. Le Groupe a discuté de toutes ces pêcheries potentielles et a dressé une liste de pêcheries qu'il conviendrait d'explorer plus avant pour collecter tout ou partie des échantillons nécessaires. La liste suivante énumère les pêcheries qui, selon le Groupe, conviendraient à l'échantillonnage CKMR de l'Atlantique :

- Madragues de l'UE-Portugal/de l'UE-Espagne/du Maroc, de préférence, étant donné qu'un bon mélange est presque garanti,
- Canada + États-Unis : échantillonnage existant dans le cadre du projet CKMR pour le thon rouge de l'Ouest,
- Palangre japonaise,
- UE-France - chalutiers, canne et moulinet, palangre, et
- équipes de marquage électronique, complémentaires.

D'une manière générale, le Groupe souhaiterait que les échantillons soient collectés dans plusieurs endroits de l'Atlantique et que tous les échantillons ne soient pas prélevés dans une seule pêcherie. Il a été souligné que le thon rouge de l'Est est déjà échantillonné dans le cadre du projet d'échantillonnage CKMR du thon rouge de l'Ouest du Canada et des États-Unis, ce qui pourrait constituer une bonne source d'échantillons ayant déjà une méthode/plateforme de collecte claire en place. Le nombre d'échantillons de thon rouge de l'Est prélevés chaque année est d'environ 500 au Canada et d'environ 700-800 aux États-Unis. Ces chiffres varient chaque année en fonction de la proportion des stocks de thon rouge de l'Est et de thon rouge de l'Ouest dans l'effort d'échantillonnage.

Les madragues de l'Atlantique ont été privilégiées pour servir de plate-forme de collecte des échantillons nécessaires. Les poissons de la pêche à la madrague de l'UE-Portugal sont maintenant principalement capturés lorsqu'ils entrent dans la Méditerranée et on estime qu'environ 300 poissons sont transformés chaque jour, chaque poisson étant mesuré et pesé. Afin d'ajouter l'échantillonnage CKMR à son processus, le programme d'échantillonnage des madragues portugaises aurait besoin de plus de personnel et de l'équipement associé, mais c'est possible.

Les madragues marocaines capturent environ 12-13.000 spécimens chaque année et ceux-ci sont conservés en captivité pendant 3-4 mois dans des cages à des fins d'engraissement. Le programme biologique actuel, principalement basé sur l'échantillonnage de la taille, n'est pas en place pour collecter des échantillons génétiques, mais pour le projet CKMR pour le thon rouge de l'Est, il pourrait être possible de collecter des échantillons génétiques à terre à partir de déchets biologiques (têtes) en supposant qu'une aide financière soit disponible pour couvrir l'augmentation de l'effort d'échantillonnage. Les longueurs des poissons échantillonnés pourraient être estimées à l'aide de relations biométriques et la date de capture des poissons échantillonnés pourrait également être enregistrée.

Les pêcheries françaises (chalutiers, palangriers et canneurs) opérant dans le golfe de Gascogne, en 2023, ont débarqué environ 330 t de thon rouge de plus de 80 kg (âge 7), représentant environ 3.000 spécimens dans six criées. Certains de ces sites sont actuellement couverts de manière opportuniste et fournissent des échantillons au GBYP, et pourraient être utiles au CKMR.

Les pêcheries palangrières japonaises collectent actuellement environ 100 à 300 échantillons pour l'étude biologique du GBYP, et elles cherchent maintenant à commencer l'échantillonnage CKMR du thon rouge de l'Ouest, mais cela n'a pas encore commencé. Il n'est pas vraiment possible d'augmenter l'échantillonnage à bord, mais il est possible d'augmenter les collectes d'échantillons de poissons de marché. L'un des problèmes liés à l'échantillonnage des poissons de marché est que leur queue a déjà été enlevée et que la longueur de la fourche ne peut donc pas être mesurée ; la longueur préanale est donc mesurée à la place. Cependant, d'autres mesures peuvent être effectuées et la longueur à la fourche peut être estimée à l'aide d'un facteur de conversion. Le nombre d'échantillons pouvant être collectés par le biais de l'échantillonnage du marché dépend quelque peu des ressources humaines. À l'heure actuelle, l'échantillonnage du marché permet d'obtenir environ 20 échantillons par mois. L'échelle des poissons disponibles via l'échantillonnage du marché semble être très élevée, avec environ 10 à 20 poissons vendus à la criée chaque jour.

Les premières études réalisées par le Programme BTRP des États-Unis ont montré que les poissons en moins bon état pouvaient tout de même être génotypés.

Banque de tissus

Il semble y avoir deux options pour le stockage et la gestion des échantillons collectés pour les travaux de CKMR : une banque de tissus centrale unique ou différents laboratoires/centres où les échantillons de tissus sont stockés. Le Groupe a estimé que la meilleure option serait de conserver tous les échantillons dans un lieu central, car cela présente plusieurs avantages importants (meilleure organisation, standardisation des méthodes de stockage, standardisation de l'étiquetage et de la « mise en banque », etc.) Cela n'enlève rien à l'importance de disposer d'un système solide pour l'enregistrement, l'étiquetage et le stockage des échantillons. Le passage à une banque de tissus centralisée pour le CKMR met également en évidence qu'il est nécessaire que l'ICCAT envisage de développer une banque de tissus pour tous ses échantillons biologiques et c'est une chose que le SCRS devrait envisager dans ses recommandations ayant des implications financières annuelles lors de la réunion annuelle de cette année. Il existe actuellement des entreprises qui fournissent déjà ce type de banque de tissus centralisée et celles-ci seraient des candidats idéaux pour discuter de leur capacité à prendre en charge un plus grand nombre d'échantillons.

En résumé :

- La préférence est accordée à une installation de stockage centralisée.
- Il est nécessaire d'élaborer/de convenir d'une base de données principale (métadonnées) pour couvrir tous les échantillons collectés.
- Il est nécessaire d'élaborer des termes de référence décrivant clairement de ce qui est nécessaire pour une installation de stockage centralisé des tissus (AZTI serait bien placé pour les rédiger, car il a déjà fourni ce service à la banque de tissus du GBYP).
 - Le stockage doit avoir une capacité de 20 à 25.000 échantillons par an avec des répliques.
 - Le nombre total minimum d'échantillons serait de 100 000.
 - Il est nécessaire de savoir ce qui est stocké et selon quelles spécifications.
 - Il est nécessaire de disposer d'énergie et de sources d'alimentation énergétique pour maintenir les échantillons en bon état.
- Une estimation des coûts sera réalisée par AZTI afin de les inclure dans la planification du budget de septembre.
- Ce type de tâche devrait faire partie du plan de recherche à long terme du SCRS.

Méthodes d'échantillonnage et logistique

Les protocoles d'échantillonnage et le type d'échantillonneurs ou de dispositifs, tant pour la coupe des nageoires que pour les échantillonneurs musculaires, utilisés pour capturer l'échantillon biologique CKMR, doivent être entièrement mis au point et fournis dès que possible pour guider la manière de mener les activités d'échantillonnage pilote CKMR cette année. Un petit groupe travaillera à l'élaboration de ce protocole. Les participants ont estimé que l'utilisation de dispositifs d'échantillonnage à usage unique était souhaitable pour éviter la contamination.

5. Sources de financement du CKMR

5.1 Contribution du GBYP à la mise en œuvre du CKMR

Le GBYP a fourni un financement substantiel à de nombreuses lignes d'activités de recherche et pourrait être un bailleur de fonds partiel pour le CKMR pour le thon rouge de l'Est, mais d'autres sources de financement sont nécessaires, car le GBYP seul est insuffisant. Il a été souligné que les fonds disponibles pour le GBYP diminuent de manière générale et que le financement du CKMR réduirait le financement d'autres activités de recherche financées par le programme.

5.2 Contribution du Programme de recherche sur le thon rouge (BTRP) des États-Unis

Une vue d'ensemble a été fournie sur le Programme BTRP des États-Unis mené dans l'Atlantique Ouest pour la période 2015-2023 (SCRS/P/2024/014), dont l'objectif est de fournir une base pour faire avancer la gestion des pêcheries fondée sur la science. Les priorités de recherche pour cette opportunité de financement comprennent l'échantillonnage représentatif des tissus durs et mous, et les techniques analytiques associées pour les études (génomique, composition par âge, croissance et contribution à la reproduction par taille et âge) ; les expériences de marquage conventionnel, électronique et génétique à grande échelle ; l'exploration des données historiques ; la modélisation de simulation liée aux modèles d'évaluation et aux stratégies de gestion ; l'amélioration de la qualité des données de pêche pour l'évaluation des stocks ; le développement de nouvelles techniques indépendantes de la pêche pour estimer l'abondance, la mortalité ou pour mettre en œuvre de nouvelles stratégies de gestion ; l'intégration de la télédétection par satellite, de la modélisation océanographique et d'autres produits scientifiques multidisciplinaires pour prendre en compte les effets de l'environnement sur la biologie, les opérations de pêche ou pour résoudre les incertitudes entourant le recrutement actuel et historique. Enfin, un résumé des bénéfices de la recherche du BTRP depuis 2015 a été fourni. Le financement annuel du BTRP s'élève à 600.000 USD.

Le Groupe a souligné l'importance du BTRP pour faire avancer la recherche et la formulation de l'avis scientifique du SCRS à la Commission. Le Groupe a également discuté des possibilités d'améliorer la coordination entre le BTRP et le GBYP, une idée qui a été débattue pour appeler à une plus grande coordination entre tous les programmes nationaux scientifiques et de collecte de données. Le Groupe a exprimé le souhait d'être tenu informé des autres programmes scientifiques et de recherche nationaux, mais il a été noté que le temps et l'espace des réunions sont limités et que de telles présentations devraient être coordonnées à l'avance pour être plus efficaces.

Le Groupe a demandé si le BTRP finançait le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest et a noté que le BTRP soutenait certains aspects des études pilotes et une partie du programme de collecte de données biologiques améliorées. Le financement de base annuel réel d'environ 150.000 USD pour le génotypage et le soutien analytique du CKMR pour le thon rouge de l'Ouest était relativement faible par rapport à l'ampleur du soutien obtenu sous la forme d'études larvaires annuelles et de programmes de surveillance des pêcheries. La majorité du soutien qui a rendu possible le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest provenait des prospections de recherche annuelles en cours, du travail en nature et des contributions de données provenant des États-Unis et du Canada, et a largement contribué à l'investissement annuel (d'environ 150.000 USD) pour le génotypage et le soutien analytique. Ce modèle de financement donne un aperçu de la façon dont le programme CKMR pour le thon rouge de l'Est pourrait aboutir, étant donné qu'il devra également tirer parti des prospections en cours, du suivi des pêcheries et de la participation en nature des CPC nationales pour réussir, compte tenu de l'ampleur du projet.

Il a été noté que la coordination entre le BTRP et le GBYP a augmenté ces dernières années, mais qu'elle devrait être renforcée à l'avenir, ainsi que la collaboration avec tout autre programme national sur le thon rouge, dans l'intérêt de la formulation de l'avis scientifique et afin d'éviter une duplication inutile des initiatives de recherche.

5.3 Autres sources potentielles de financement

Le Groupe a discuté de la possibilité de développer une réserve pour soutenir le CKMR du thon rouge représentant une petite fraction du total de prises admissibles (TAC) global afin de soutenir les besoins de financement du CKMR. Le Groupe a réexaminé certaines des questions soulevées par la Commission lorsque cette possibilité a été discutée dans le passé. Le Groupe a suggéré que le Président du SCRS assure la coordination pendant la période intersessions avec les mandataires concernés de la Commission, en vue d'une discussion sur cette possibilité lors de la prochaine réunion annuelle de la Commission.

D'autres opportunités de financement externe, qu'elles soient fournies par des institutions ou des fonds privés (par ex. Horizon Europe et Fonds européen pour les affaires maritimes, la pêche et l'aquaculture (FEAMPA)) ont été identifiées comme des plateformes de financement potentielles pour soutenir les activités et les objectifs du CKMR pour le thon rouge de l'Est.

Une estimation des coûts sera réalisée par le Groupe d'espèces sur le thon rouge afin d'inclure dans la planification du budget de septembre 2024 les activités de recherche qui pourraient être remplacées / devenir obsolètes si le CKMR commence à être mise en œuvre.

6. Indices d'abondance

La présentation SCRS/P/2024/017 faisait état de l'habitat potentiel d'alimentation et de reproduction du thon rouge de l'Atlantique. Les auteurs ont souligné la possibilité d'utiliser cette information dans la standardisation des indices d'abondance et dans la paramétrisation de l'évaluation des stocks (croissance, recrutement).

La présentation a suscité un vif intérêt et le Groupe a abordé l'utilisation potentielle de cette couche de données pour standardiser des indices, pour l'appliquer dans de nouveaux domaines de recherche et pour formuler des postulats sur les mouvements du thon rouge adulte, les concentrations de frai et la saisonnalité de l'utilisation de l'habitat. Il serait utile d'incorporer les données des dernières années sur le marquage du thon rouge et d'autres observations dans l'analyse présentée. L'auteur était ouvert à cette suggestion ainsi qu'à la recherche d'experts sur le thon rouge et de détenteurs de données avec lesquels collaborer en vue d'améliorer la modélisation.

Des questions ont été posées sur les données utilisées dans l'analyse présentée. Par exemple, l'auteur a précisé que la couche supérieure représentative de la couche mixte des modèles opérationnels du *Copernicus Marine Environment Monitoring Service* (CMEMS) était utilisée pour déterminer la température de surface de la mer (SST) et « l'habitat potentiel » pour le frai, en particulier lorsque ces zones coïncident avec des zones qui n'ont aucun registre de la présence de larves, ce qui pourrait être causé par des conditions océaniques similaires à celles identifiées à partir des données dans les zones de frai connues. Il serait utile de comparer ces résultats avec d'autres analyses pour voir où se situent les différences et les similitudes et avoir une idée de la situation globale potentielle. En fin de compte, il serait utile d'avoir des objectifs clairs pour ce type de travail, par exemple en se concentrant sur une zone afin d'obtenir un indice d'abondance pour cette zone (par exemple, les principales zones d'alimentation des adultes de thon rouge dans l'Atlantique Nord, à l'exclusion, dans un premier temps, des principales zones de frai dans le golfe du Mexique et la Méditerranée), plutôt que sur l'ensemble de la zone. La poursuite des travaux sur ce sujet est encouragée et une mise à jour des travaux lors de la réunion du Groupe d'espèces du mois de septembre 2024 serait la bienvenue.

La présentation SCRS/P/2024/020 a fourni des informations sur le développement de l'indice d'abondance des larves de thon rouge en Méditerranée occidentale. Les auteurs ont travaillé sur l'amélioration de la méthodologie de la standardisation de l'indice afin de réduire le biais potentiel de cet indice en incluant de nouvelles variables environnementales, tels que la phase lunaire lors des captures larvaires (Ottmann *et al.*, 2023).

Il a été souligné qu'il existe des preuves d'activités de frai du thon rouge tout au long de la journée et le Groupe s'est demandé si la méthode suggérée tenait compte de la reproduction diurne. Les auteurs ont indiqué que le moment de réalisation des activités de frai entre le jour et la nuit n'est pas bien compris et que d'autres travaux seront réalisés avant de fournir l'indice actualisé en septembre.

Le document SCRS/2024/058 proposait quelques manières d'améliorer les modèles utilisés dans la MSE actuelle du thon rouge. Les auteurs ont suggéré de reconsidérer la stratification des zones dans le modèle, d'incorporer une approche CKMR plus complète et un système de MSE actualisé pour le thon rouge afin de refléter les meilleures connaissances scientifiques.

Le Groupe a échangé quelques idées sur les points suggérés et les Présidents ont noté que ces points seraient discutés lors du prochain cycle de révision des modèles opérationnels (OM) en 2027/2028, en reconnaissant l'importance de la discussion. Lors de la réunion du Groupe sur les espèces de septembre 2024, le Groupe examinera une date à partir de laquelle il envisagera de planifier le calendrier de la révision des OM.

La présentation SCRS/P/2024/021 fournissait une mise à jour stricte de l'indice américain de la canne et moulinet pour 66-144 cm qui a été utilisé dans la procédure de gestion (MP). Le Groupe a remercié l'auteur pour sa présentation rapide et la mise à jour de l'indice. Une discussion a eu lieu sur l'augmentation de l'indice constatée

entre 2018 et 2021 et la chute de l'indice à partir de 2022. Il semble que cela puisse être dû au fait qu'une forte cohorte entre dans l'indice, puis en sort au fur et à mesure qu'elle vieillit/qu'elle grandit. L'auteur a indiqué que les données sur la fréquence des tailles seront fournies lors de la réunion du Groupe d'espèces de septembre 2024, et qu'il est possible d'examiner les données sur la répartition par taille (étant donné que cet indice est composé d'échantillons répartis dans les catégories de taille 66-114 cm et 115-144 cm).

Le Groupe a rouvert la discussion sur la manière de calculer une « mise à jour stricte » des indices utilisés dans la MP. Idéalement, les « mises à jour strictes » des indices sont standardisées en utilisant les données les plus récentes en fixant les covariables dans le modèle linéaire généralisé (GLM) déjà estimées au moment de l'adoption de la MP (en 2022) pour avoir les mêmes valeurs d'indice avant 2021. Il a été confirmé que la mise à jour de l'indice présentée était une « mise à jour stricte » en ce sens que le modèle GLM réestimait les paramètres en utilisant l'ensemble de la série temporelle et qu'il n'y avait pas de différences dans les valeurs annuelles avant 2023. L'objectif du Groupe d'espèces sur le thon rouge est de disposer d'une méthodologie claire pour tous les indices sur la manière de fixer les covariables. Bien que le processus de réestimation ne soit pas un problème pour cette mise à jour, il sera très important pour certains autres indices du thon rouge qui doivent encore être mis à jour et présentés au Groupe d'espèces sur le thon rouge. Il a été observé qu'il serait utile de réexaminer la méthode utilisée dans Lino *et al.* (2023). Les auteurs ont noté que les codes R seront mis à la disposition du sous-groupe sur les indices afin de coordonner les travaux futurs.

Le Groupe a vérifié l'état des mises à jour des autres indices utilisés dans la MP. Les indices préliminaires de la palangre japonaise dans l'Atlantique Est et Ouest pour 2023 ont déjà été fournis et les auteurs finaliseront les valeurs en septembre 2024. Les auteurs d'autres indices ont confirmé que la mise à jour stricte de leurs indices sera fournie d'ici la réunion du Groupe d'espèces du mois de septembre 2024.

7. Orientations stratégiques du GBYP

7.1 Financement

Le Secrétariat a présenté un bref aperçu du financement de l'ICCAT pour la science au cours des dernières années, en mettant l'accent sur la capacité d'utilisation efficace des fonds disponibles. Il a été souligné que le GBYP a été en mesure d'utiliser la plupart des fonds disponibles, conformément aux activités incluses dans les plans de travail annuels, mais sans respecter le calendrier établi. En effet, à la fin de l'année 2023, le GBYP disposait d'un solde positif de 695.144 euros, alors que dans le cas des autres programmes de recherche et de collecte de données, ce solde s'élevait à 1.170.906 euros. En conséquence, la Commission a considérablement réduit le financement de la science par le biais du budget ordinaire pour l'année 2024 à 45.000 euros, ce qui est inférieur au montant du financement fourni en 2018, et réexaminera le budget de la science pour 2025 lors de la réunion annuelle de la Commission de 2024.

Sur la base de ce qui précède, le Secrétariat a informé que le budget scientifique pour 2024 sera utilisé en stricte conformité avec le budget approuvé par la Commission, qui est détaillé dans le tableau 1 du document « Activités de recherche du SCRS nécessitant un financement pour 2024 et 2025 » de l'appendice 2 de l'ANNEXE 7 du *Rapport pour la période biennale 2022-2023, IIe partie (2023), Vol. 1*. En conséquence, aucune prolongation ne sera accordée et aucun changement entre les chapitres ne sera autorisé.

Le Groupe a pris acte des aspects soulignés par le Secrétariat et a convenu que les demandes de financement devraient être fondées sur des évaluations approfondies. D'autre part, le Groupe a convenu qu'il était essentiel d'avoir une bonne connaissance de la capacité à mener efficacement le plan de travail approuvé par le SCRS et entériné par la Commission.

En conséquence, le Groupe a convenu de développer son plan de travail pour 2025 et de préparer les termes de référence nécessaires à la mise en œuvre des activités du GBYP pour la réunion du Groupe de septembre 2024. Dans l'attente de la décision de la plénière du SCRS, les termes de référence définitifs seront fournis d'ici novembre 2024.

7.2 État des lieux du programme

Le Coordinateur du GBYP a présenté la SCRS/P/2024/011 qui faisait le point sur le programme. Il a informé le Groupe des aspects pertinents liés à la gestion du programme, à savoir ceux liés à la plateforme du principal bailleur de fonds, l'Agence exécutive européenne pour le climat, les infrastructures et l'environnement (CINEA) et a

souligné la nécessité d'aligner le plan de travail annuel et les activités du GBYP sur le financement annuel disponible, tel qu'adopté par la Commission. En outre, il a brièvement présenté les progrès réalisés par les principaux axes de recherche (gestion des données, indices d'abondance, marquage, études biologiques et modélisation) de la phase 13 du GBYP, qui sera clôturée en juillet 2024.

Le Groupe a demandé des informations supplémentaires sur les études visant à déterminer le stock d'origine des spécimens capturés dans le golfe de Gascogne. Les responsables de l'étude ont expliqué que des changements ont été observés depuis quelques années dans la dynamique des spécimens juvéniles appartenant au stock oriental. Parallèlement, la présence de grands spécimens a été observée, ce qui n'avait pas été détecté auparavant dans la zone et a justifié la réalisation d'une étude ad hoc pour déterminer leur origine.

La possibilité de reprendre l'échantillonnage génétique du thon rouge dans les îles Canaries et au Maroc a également été soulevée, étant donné que des études antérieures avaient détecté la présence de spécimens du stock de thon rouge de l'Ouest dans ces zones. Le Groupe a été informé que l'échantillonnage génétique dans la zone des îles Canaries est en cours et que l'échantillonnage génétique au Maroc pourrait être repris en 2025 si cela s'avérait nécessaire. Le lancement de l'échantillonnage CKMR permettrait de répondre de manière encore plus complète à bon nombre de ces questions relatives au stock génétique d'origine. Enfin, il a été rappelé que des échantillons génétiques de la mer Levantine seraient disponibles après 2025.

7.3 Expert externe en marquage et recapture de spécimens étroitement apparentés (CKMR)

Le Dr Ruzzante, engagé en tant que conseiller externe du Comité directeur du GBYP pour les questions de CKMR, a exposé la présentation SCRS/P/2024/026, qui résumait les approches génomiques pour l'estimation CKMR de l'abondance de la population de thon rouge de l'Est. Il a présenté un examen et une synthèse de la littérature récente sur la génétique du thon rouge de l'Atlantique, y compris les résultats de Diaz-Arce *et al.* (2023, 2024) décrivant les caractéristiques de la puce à ADN mise au point par AZTI. Des références ont été faites aux études publiées entre 2018 et 2022, dont la plupart décrivaient les différences génétiques entre le thon rouge de l'Ouest et le thon rouge de l'Est. Il a ensuite décrit les progrès réalisés dans le cadre du projet CKMR sur le flétan de l'Atlantique, qui utilise une puce à ADN *Illumina* comprenant 4.000 marqueurs de polymorphisme d'un seul nucléotide (SNP). Ensuite, il a discuté des travaux récemment publiés sur le thon rouge de l'Ouest avec Davies *et al.* 2024 sur la détermination de l'âge épigénétique et a suggéré qu'une prochaine étape importante pour cette approche est de trouver un moyen d'augmenter l'échelle du processus de manière à ce qu'il soit économiquement réalisable pour être mené de façon routinière à grande échelle à des fins gestion. Une présentation a été ensuite fournie sur les données génotypiques reçues de l'installation de génotypage par puce à ADN et sur les diverses mesures prises pour le contrôle de la qualité. Il a été suggéré que, pour assurer la compatibilité entre le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest, les deux groupes et institutions concernés partagent un sous-ensemble de SNP examinés dans les deux plateformes. Les différentes formes de contrôle de la qualité et la nécessité d'un protocole d'échantillonnage clair ont également été discutées.

Le Groupe a reconnu que la présentation constituait un excellent résumé de l'état actuel des initiatives de CKMR concernant le stock de thon rouge de l'Atlantique. La présentation a été suivie d'une discussion largement axée sur les étapes nécessaires pour que le partage des SNP soit efficace.

Une question a été soulevée concernant l'identification des paires de parents-descendants (POP) dans l'étude sur le flétan, en particulier la raison pour laquelle une fourchette a été estimée alors que le rapport de vraisemblance indiquait que les paires de POP se distinguaient bien des autres paires apparentées. L'expert a précisé que jusqu'à ce que l'âge des poissons puisse être déterminé, la distribution observée peut inclure à la fois des paires de frères/sœurs à cent pour cent et des POP, et que la séparation par âge permettrait de déterminer lesquelles des paires de spécimens apparentés sont spécifiquement des parents-descendants.

Au cours de la discussion, un participant ayant une expérience en matière de CKMR et utilisant à la fois les puces à ADN et le DArT a noté que, d'après son expérience, les deux approches pouvaient être efficaces pour la recherche de parenté dans la CKMR, et que les approches de séquençage du DArT s'adaptent également bien aux grands projets (par exemple thon rouge de l'Ouest et thon rouge du Sud). Le présentateur a reconnu que les deux approches pouvaient être efficaces pour la recherche de parenté. Cependant, les approches de DArT sont brevetées ; il a été noté que bien qu'il soit possible de mettre en œuvre des approches similaires dans un laboratoire indépendant, il est difficile de le faire de manière efficace, en particulier pour des échantillons de grande taille.

En ce qui concerne l'extension de l'âge épigénétique, un participant a noté que la détermination de l'âge épigénétique en général devient apparemment disponible en tant que service commercial offert par au moins deux entreprises, ce qui impliquerait que la prolongation peut être abordée. Les coûts ne sont pas encore connus, bien qu'une limite maximale probable soit suggérée dans Davies *et al.* 2024.

Le contexte qui a motivé le développement d'un programme CKMR pour le flétan a également été discuté et une question a été posée concernant l'abondance finale du flétan et le temps qu'il faudrait pour obtenir l'estimation. L'auteur a répondu que le contexte était que les estimations de l'évaluation des stocks n'étaient pas précises et qu'il y avait un intérêt à explorer l'application de méthodes avancées pour d'autres espèces dont la conservation est préoccupante ou qui sont exploitées, y compris les mammifères marins. L'estimation de l'abondance au moyen de CKMR n'est pas encore disponible mais devrait l'être au cours de l'année prochaine, notant qu'il s'agit d'un projet de cinq ans. Pour le contexte du thon rouge, l'évaluation du stock de flétan estime que la population est de 4 millions d'adultes et le quota pour 2024 s'élève à 4.927 tonnes.

Le conseiller externe a noté que les étapes de génotypage et de recherche de parenté pour le flétan devraient être achevées au cours des 12 prochains mois. Le modèle CKMR, qui est nécessaire pour analyser les résultats de la recherche de parenté et pour produire des estimations d'abondance, est encore en cours de développement.

En ce qui concerne le thon rouge, il a été rappelé que si les marqueurs sont partagés entre différentes méthodes d'identification de parenté, les résultats seront comparables. Il a également été souligné que pour mettre en œuvre à l'avenir une étude CKMR pan-atlantique, il n'est pas strictement nécessaire d'utiliser maintenant les mêmes méthodes de génotypage dans les études CKMR sur le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest, mais qu'il est crucial de développer des protocoles standardisés et des bases de données compatibles dès le début.

Une question a été posée sur la disponibilité de la puce à ADN mise au point par le consortium du GBYP dirigé par AZTI. Il a été précisé que cette puce à ADN n'a pas été mise au point à des fins commerciales et qu'il est possible de la partager, mais étant donné qu'un grand nombre d'entreprises et d'institutions ont participé à son développement, il est encore nécessaire que les développeurs débattent de son utilisation par des tiers. Néanmoins, le Groupe a convenu de trouver des moyens de partager la puce à ADN développée dans le cadre du GBYP avec d'autres équipes.

La différence entre la modification de la puce à ADN existante et le développement de nouvelles versions a été discutée. Il a été mentionné que des modifications mineures de la puce à ADN sont possibles, par exemple l'ajout d'ADN mitochondrial. Cependant, des modifications plus importantes, telles que l'ajout de nombreux SNP utilisés dans l'étude CKMR sur le thon rouge de l'Ouest nécessiteraient le développement d'une nouvelle puce à ADN, ce qui entraînerait des coûts associés et prendrait beaucoup de temps.

La possibilité d'intégrer les SNP utilisés pour l'étude CKMR sur le thon rouge de l'Est dans la plateforme de génotypage de l'étude CKMR sur le thon rouge de l'Ouest a également été discutée. Cela semble techniquement faisable, mais la cohérence des génotypes des deux plates-formes devrait être testée. Il a été indiqué que l'équipe de CKMR sur le thon rouge de l'Ouest est ouverte et désireuse d'intégrer ces SNP, afin de rendre les deux études totalement compatibles et de faire progresser l'approche pan-atlantique du CKMR. Le conseiller externe a recommandé cette approche comme l'une des solutions possibles pour assurer la compatibilité entre les programmes de CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest à l'avenir. Bien que les participants aient exprimé le souhait de trouver des moyens de partager les SNP, cela pourrait nécessiter la prise en compte d'accords de confidentialité entre les institutions. Le Groupe a noté qu'il souhaitait qu'un processus soit mis en place pour faciliter l'échange d'informations et a espéré que cette question puisse être résolue.

8. Voie à suivre

Le groupe a dressé la liste des tâches du Groupe d'espèces sur le thon rouge de 2024.

Tâches de 2024

- Un résumé d'une page sur les avantages et les opportunités du CKMR. *Responsabilité* : Rapporteurs du Groupe d'espèces sur le thon rouge.
- Études biologiques potentielles du GBYP pour 2024. *Responsabilité* : GBYP, *Échéance* : Décembre 2024
 1. Adaptation de l'échantillonnage biologique existant pour le CKMR et essais éventuels du protocole CKMR afin d'inclure la coupe de nageoires, de muscles et d'otolithes (vérifier les fourchettes d'âges existantes).

2. (Evaluation de la fratrie à partir des larves des Baléares et génotypage) et préparation des larves de 2024 en vue d'un éventuel génotypage (en fonction du financement).
 3. Évaluer si une horloge épigénétique dérivée des otolithes fonctionnera avec la coupe de nageoires ou si une nouvelle horloge devra être dérivée.
- Documenter les spécifications techniques des protocoles d'échantillonnage. *Responsabilité* : Coordinateur de CKMR, *échéance*: Brouillon du projet d'ici le 15 mai, projet d'ici juillet 2024.
 - Document du SCRS sur le plan de conception statistique achevé pour présentation au Groupe d'espèces sur le thon rouge et au SCRS, prenant en compte les discussions de la réunion pour inclure tout scénario de modélisation supplémentaire. *Responsabilité* : Prestataire, *Échéance*: juillet 2024.
 - Document du SCRS sur les spécifications de conception pour la logistique et l'analyse du programme CKMR pour le thon rouge de l'Est. *Responsabilité* : Rapporteurs du Groupe d'espèces sur le thon rouge, coordinateurs CKMR, prestataires et experts externes, comité directeur du GBYP. *Échéance* : septembre 2024.
 1. Gestion du projet
 2. Échantillonnage
 3. Génotypage
 4. Conservation d'échantillons et banque de tissus
 5. Gestion de bases de données
 6. Analyse statistique et modélisation
 7. Compatibilité future avec les travaux de développement existants sur les spécimens étroitement apparentés (CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest)
 8. Estimation des coûts
 - Termes de référence d'un appel d'offres. *Responsabilité* : GBYP¹, *Échéance* : septembre 2024.
 - a) CKMR pluriannuel complet avec des produits intermédiaires pour informer le reconditionnement de la MSE de 2027.
 - b) Une étude pluriannuelle complète sur une période prolongée qui n'a pas pour but d'informer le reconditionnement de 2027.
 - c) Projets individuels modulables à l'appui des points a) ou b).
 - Lancer un appel d'offres pour 2025. *Responsabilité* : Secrétariat².
 - Lancer l'échantillonnage en 2025.

Compatibilité avec les programmes génomiques existants

À ce jour, deux groupes ont présenté un travail de développement sur le renforcement des capacités pour le CKMR, le développement des méthodes d'identification des stocks et de recherche de parenté pour le CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest et le développement du modèle CKMR, mais ce ne sont pas les seuls groupes qui pourraient mener le CKMR ou qui ont exprimé leur intérêt. Si l'ICCAT s'engageait dans la CKMR, ce serait probablement par le biais d'un appel d'offres ouvert pour lequel la *compatibilité* avec les efforts existants et en cours serait une exigence afin de maintenir la continuité de l'information et de s'appuyer sur le vaste travail de développement réalisé à ce jour.

Cette réunion s'est concentrée sur le CKMR pour le thon rouge de l'Est, de sorte que la compatibilité avec les efforts existants menés par le consortium du GBYP et financés par le GBYP est essentielle. Cela signifie qu'il faut pouvoir utiliser les marqueurs et les échantillons existants afin de ne pas perdre les informations, les données ou les connaissances acquises au cours de plusieurs années de travail de développement.

Avec le passage à une approche de procédure de gestion qui considère à la fois la dynamique des stocks de thon rouge de l'Est que de thon rouge de l'Ouest, un programme pan-atlantique de spécimens étroitement apparentés (*close kin*) pourrait également soutenir les futures procédures de gestion basées sur la génomique, de la même

¹ En attente de la recommandation du SCRS concernant la voie à suivre.

² Sous réserve de l'approbation de la Commission et de l'obtention du financement nécessaire.

manière que ces méthodes ont été incorporées dans la MP de la Commission pour la conservation du thon rouge du Sud (CCSBT). Une approche pan-atlantique, par exemple une approche qui prend en compte à la fois le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest, serait souhaitable à la fois pour soutenir le développement futur de la MP et le reconditionnement de la MSE, pour réaliser des économies d'échelle substantielles ainsi que pour fournir la capacité d'utiliser ces inférences afin d'aborder les questions scientifiques émergentes.

Bien qu'il y ait eu un consensus sur l'idée ci-dessus, il est utile de définir ce que serait la « compatibilité » entre le CKMR pour le thon rouge de l'Est et de l'Ouest. Étant donné que le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest se trouve à un point d'inflexion où il passera de la phase pilote à une phase opérationnelle et de DArT-CAP à une éventuelle approche de séquençage plus efficace et similaire à une puce à ADN, plusieurs décisions doivent être prises pour le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest. Un participant impliqué dans le le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest a noté que la décision n'a pas été prise quant à la nature de la phase « opérationnelle », mais qu'étant donné cette période de transition, il serait optimal de parvenir à une compatibilité avec le génotypage des spécimens étroitement apparentés de thon rouge de l'Est afin qu'ils puissent constituer un seul programme intégré à l'avenir.

Il convient de noter qu'un « programme intégré » et une « compatibilité » n'impliquent pas nécessairement un « modèle d'analyse intégré » qui utilise toutes les données sur le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest au sein d'un même modèle. Des modèles CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest séparés sont parfaitement capables de fournir des estimations d'abondance absolue. D'autres expériences ont montré qu'il est préférable de commencer simplement avec le CKMR, d'acquérir de l'expérience et de tirer des enseignements des informations qualitatives qu'elle fournit, par exemple sur les questions spatiales, et de ne passer que plus tard à l'incorporation d'un plus grand nombre de données dans un modèle d'évaluation intégrée.

« Compatible » signifie ici que le génotype d'un échantillon individuel collecté et génotypé pour être utilisé dans un modèle CKMR pour le thon rouge de l'Ouest peut être utilisé directement dans un modèle CKMR pour le thon rouge de l'Est s'il s'avère que cet échantillon provient d'un poisson du stock de thon rouge de l'Est. Il convient de noter que la compatibilité des méthodes de génotypage est souhaitable pour des raisons d'efficacité, mais pas absolument essentielle, puisque dans le pire des cas, un échantillon pourrait simplement être génotypé à nouveau en utilisant « l'autre » méthode s'il s'avère qu'il provient de « l'autre » population, ce qui entraînerait des dépenses supplémentaires ; cependant, la proportion de ces échantillons, et donc le coût supplémentaire, ne serait pas importante dans le contexte d'un programme CKMR sur le thon rouge de l'Est à grande échelle.

Assurer la compatibilité du CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest :

1. Génotypage séparé, mais avec la possibilité de partager les marqueurs génétiques, et modélisation séparée.
 - a. Ajout de marqueurs DArT à la puce.
 - b. Ajout de marqueurs de puce à un nouveau processus DArT.
2. Génotypage commun, modélisation séparée
 - a. Cela pourrait impliquer que le CKMR pour le thon rouge de l'Ouest commence à utiliser une puce à ADN en réanalysant les larves déjà analysées au moyen de la puce.
 - b. Développement d'une nouvelle puce à ADN avec les deux ensembles de marqueurs. (Cette solution serait souhaitable si une entité distincte reprenait le projet).
3. Modélisation conjointe (option future)
 - a. Il pourrait s'agir d'un modèle commun CKMR pour le thon rouge de l'Est et le thon rouge de l'Ouest.
 - b. Toutes les données génotypiques existantes et antérieures seraient encore disponibles, ce qui permettrait d'envisager cette tâche à plus long terme.

9. Autres questions

En raison de contraintes de temps, le document SCRS/2024/059 ou le questionnaire des participants à la MSE n'a pas été présenté lors de la réunion. La discussion sur ce document est reportée à la réunion du Groupe d'espèces de septembre 2024. Ce document propose d'évaluer ce qui a fonctionné et ce qui pourrait être amélioré à l'avenir par le biais d'un sondage auprès des participants à la MSE.

10. Adoption du rapport et clôture

La majeure partie du rapport a été adoptée lors de la réunion, à l'exception d'une partie de la section 2 qui a été adoptée par correspondance. Les présidents du Groupe ont remercié tous les participants et les experts externes pour leurs efforts, ainsi que le département de la pêche et de l'aquaculture du ministère maltais de l'agriculture, de la pêche, de l'alimentation et des droits des animaux pour avoir accueilli la réunion et soutenu notre travail. La réunion a été levée.

References

- Anonymous. 2023. Report of the 2023 ICCAT GBYP Workshop on Atlantic bluefin tuna larval indices (hybrid/Palermo, 7-9 February 2023). ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol 80(9):1-24.
- Bridges, C.R., Nousdili, D., Kranz-Finger, S., Borutta, F., Schulz, S., Na'ammieh, S., Vassallo-Agius, R., Psaila, M. and Ellul, S. 2019. Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae – theory and practice. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol. 76(2): 408-420.
- Davies C., Mayne B., Grewe P., Lloyd-Jones L., Potter N., Anderson C., Farley J, and Rodriguez-Marin E. 2024. Pilot study on epigenetic aging technique for age estimation of Atlantic bluefin tuna. ICCAT GBYP 02/2023. Final report.
- Diaz-Arce N., Rodriguez-Ezpeleta N., Artetxe-Arrate I., Zudaire I., Arrizabalaga H., and Fraile I. 2023. New genetic tools for Atlantic bluefin tuna monitoring. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 212-218.
- Díaz-Arce N., Gagnaire P-A., Richardson D.E., Walter III J.F., Arnaud-Haond S., Fromentin J-M., Brophy D., Lutcavage M., Addis P., Alemany F., Allman R., Deguara S., Fraile I., Goñi N., Hanke A.R., Saadet Karakulak F., Pacicco A., Quattro J.M., Rooker J.R., Arrizabalaga H., and Rodríguez-Ezpeleta N. 2024. Unidirectional trans-Atlantic gene flow and a mixed spawning area shape the genetic connectivity of Atlantic bluefin tuna. *Molecular Ecology* 33:e17188.
- McDowell, J.R., Bravington, M., Grewe, P.M. Lauretta M., Walter III J.F., Baylis S.M., Gosselin T., Malca E., Gerard T., Shiroza A., Lamkin J.T., Biesack E.E., Zapfe G., Ingram W., Davies C., and Porch C. 2022. Low levels of sibship encourage use of larvae in western Atlantic bluefin tuna abundance estimation by close-kin mark-recapture. *Sci Rep* 12, 18606. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20862-9>.
- Russo S., Torri M., Patti B., Musco M., Masullo T., Di Natale M.V., Sarà G., and Cuttitta A. 2022. Environmental conditions along tuna larval dispersion: Insights on the spawning habitat and impact on their development stages. *Water*, 14(10), 1568.
- Russo S., Torri M., Patti B., Reglero P., Álvarez-Berastegui D., Cuttitta A., and Sarà G. 2021. Unveiling the Relationship Between Sea Surface Hydrographic Patterns and Tuna Larval Distribution in the Central Mediterranean Sea. *Frontiers in Marine Science*, 8, 708775.
- Lino P.G., Abid N., I. Malouli M.I., Bensbai J., and Coelho R. 2023. Update of the standardized joint CPUE index for bluefin tuna (*Thunnus thynnus*) caught by Moroccan and EU-Portuguese traps for the period 2008-2022, using a Bayesian generalized liner model. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 151-166.
- Ottmann D., Langbehn T., Reglero P., Álvarez-Berastegui D., and Fiksen Ø. 2023. Model of mesopelagic fish predation on eggs and larvae shows benefits of tuna spawning under full moon. *Limnology and Oceanography*. 2023, 68 (12), 2632-2641. 10.1002/lno.12465

INFORME DE LA REUNIÓN INTERSESIONES DE 2024 DEL GRUPO DE ESPECIES DE ATÚN ROJO DE ICCAT (BFTSG)

(formato híbrido/Sliema, Malta, 15-18 de abril de 2024)

1. Apertura, adopción del orden del día y disposiciones para la reunión

La reunión híbrida se celebró presencialmente en el hotel Waterfront en Sliema (Malta) y en línea, del 15 al 18 de abril de 2024. Los Drs. Enrique Rodríguez-Marín (UE-España) y John Walter (Estados Unidos), relatores del Grupo de especies ("el Grupo") y presidentes de la reunión, inauguraron la reunión y dieron la bienvenida a los participantes. En nombre del secretario ejecutivo, el Dr. Miguel Neves dos Santos, secretario ejecutivo adjunto, dio la bienvenida a los participantes y les deseó éxito en su reunión.

Los presidentes procedieron a examinar el orden del día, que fue adoptado con algunos cambios (**Apéndice 1**). La lista de participantes se adjunta como **Apéndice 2**. La lista de documentos y presentaciones de la reunión se adjunta como **Apéndice 3**. Los resúmenes de todos los documentos y presentaciones SCRS presentados a la reunión se adjuntan en el **Apéndice 4**. Los siguientes participantes actuaron como relatores:

<i>Secciones</i>	<i>Relatores</i>
Puntos 1, 9, 10	A. Kimoto
Punto 2	M. Lauretta, T. Rouyer
Punto 3	N. Rodriguez-Ezpeleta, J. Walter
Punto 4	C. Bridges, D. Álvarez-Berastegui, N. Duprey, E. Rodriguez-Marín
Punto 5	H. Arrizabalaga, M.N. Santos
Punto 6	A. Kimoto, N. Duprey
Punto 7	M.N. Santos, F. Alemany
Punto 8	J. Walter

2. Modelación del marcado y recaptura de individuos estrechamente emparentados (CKMR)

Se desarrolló un modelo de marcado y recaptura de individuos estrechamente emparentados estructurado por edad para evaluar las consideraciones de diseño del estudio para implementar un estudio piloto de individuos estrechamente emparentados de atún rojo del Atlántico este y Mediterráneo (BFT-E), incluyendo posibles ubicaciones espaciales de muestreo y tamaños de muestra (SCRS/2024/053). En general, el diseño del estudio proporcionaría una estimación de la abundancia absoluta del stock reproductor, al tiempo que permitiría la posibilidad (y la comprobación) de la fidelidad individual a lo largo del tiempo a una zona de desove concreta dentro del Mediterráneo. Los presidentes agradecieron al equipo analítico su excelente trabajo y destacaron el valor de la estimación para comprender mejor los requisitos del estudio, la estrategia de muestreo y el nivel de esfuerzo de muestreo.

En respuesta a los comentarios del Grupo, se aportaron varias aclaraciones importantes. Las primeras aclaraciones se referían a lo que constituye una muestra pura, impura o bien mezclada. Se aclaró que "pura" se refiere a muestras que representan peces de una única zona de desove en el año en que se toma la muestra (aunque los peces individuales de la población no utilicen la misma zona de desove en todos los años). Por el contrario, una muestra "bien mezclada" es aquella en la que todos los peces de la población (en el año en que se toma la muestra y para las edades representadas en ella) están representados por igual. Una muestra "impura" o "parcialmente mezclada" representa una situación intermedia entre los dos casos anteriores (es decir, no es pura, pero tampoco está bien mezclada). También se aclaró que el concepto de "fidelidad" corresponde a una situación en la que los peces desovan siempre en la misma zona, año tras año, aunque ésta no sea su zona de nacimiento. Si, además de ser fiel, la única zona donde el pez individual eligió desovar es su zona de nacimiento, entonces se produce heredabilidad (además de fidelidad). El concepto de heredabilidad es importante si se da junto con la fidelidad, pero no es especialmente relevante si no se da la fidelidad. La fidelidad es importante para el CKMR independientemente de la heredabilidad; la fidelidad no conducirá a ninguna diferenciación genética entre zonas de desove a menos que tanto ella como la heredabilidad sean muy fuertes. Ningún estudio genético ha detectado nunca tales diferencias dentro del Mediterráneo (mientras que existe una clara diferenciación entre el atún rojo del Atlántico este y el atún rojo del Atlántico oeste (BFT-W)), pero eso sólo descarta la combinación más extrema. El diseño del estudio CKMR permitiría probar la fidelidad y la heredabilidad, pero para ello es necesario contar con un muestreo suficiente para que las pruebas de los pares observados de individuos estrechamente emparentados puedan ser estadísticamente significativas.

Se planteó una pregunta sobre la suposición de que la subpoblación del Mediterráneo occidental (es decir, los peces que utilizan esa zona de desove en cualquier año) era mayor en escala que la del Mediterráneo central. Se afirmó que no existen pruebas de separación genética en el Mediterráneo (véase más arriba) y que se sabe que algunos atunes rojos individuales han pasado por más de una zona de desove en un mismo año (aunque no necesariamente hayan desovado en ella). Los autores aclararon que no había ninguna razón específica por la que se supusiera que la subpoblación del Mediterráneo occidental era mayor, pero que no cabía esperar que los diferentes supuestos sobre el desglose de la biomasa global de atún rojo del este entre las subpoblaciones tuvieran mucho efecto sobre la precisión de las estimaciones de biomasa agregada, aunque sí podrían afectar a la precisión de los parámetros de "movimiento" (es decir, fidelidad y heredabilidad). Si se desarrolla un modelo razonablemente complejo que permita estimar los parámetros de movimiento (en lugar de partir de supuestos previos sobre la fidelidad o no, etc.), el modelo debería proporcionar estimaciones sin sesgos a pesar de todo. Además, si los adultos desovan con frecuencia en varias zonas en un año, el aspecto de la fidelidad no será un problema, y la falta de fidelidad quedará clara en los resultados del CKMR. Si los datos demuestran que la fidelidad es baja, el modelo podría simplificarse posteriormente y, lo que es más importante, se ampliarían las opciones de muestreo rentables de las distintas pesquerías. La exclusión de las comparaciones dentro de la cohorte, inherente al diseño de la muestra, también evita algunas complejidades potenciales de la mezcla limitada dentro de una única temporada de desove.

Los analistas indicaron que es posible considerar configuraciones alternativas del modelo para incorporarlas a la modelación, pero que las revisiones propuestas tendrían que esbozarse durante esta reunión, con el fin de completar las revisiones del modelo antes de julio de 2024.

Se debatió el concepto de "super hermandad", que se refiere al hecho de que las muestras de larvas suelen presentar una proporción mucho mayor de hermanos de la misma cohorte que la que se observa cuando se toman muestras de juveniles de edad 1 o mayores. La no causa sesgos en el CKMR, pero sin duda reduce la precisión en comparación con un tamaño de muestra equivalente de juveniles de más edad. Para obtener la máxima información estadística de un estudio CKMR en el que esté presente la super hermandad (por ejemplo, las muestras de larvas del golfo de México para atún rojo del oeste), se requiere una parametrización alternativa de los modelos CKMR, ya que las comparaciones individuales por pares entre larvas y otras muestras no pueden considerarse estadísticamente independientes. Aparte de la complejidad de la modelación, la repercusión práctica de la super hermandad es que cada muestra de larvas aporta menos precisión estadística al resultado global que una muestra de peces de 1 o 2 años. No obstante, las larvas pueden seguir siendo una fuente eficaz de datos para el CKMR si son fáciles de recoger en grandes cantidades.

El número de hermanos en las muestras de larvas puede aumentar rápidamente con la intensidad del muestreo de larvas, y también depende de la estrategia de muestreo (por ejemplo, si se seleccionan deliberadamente agregaciones de larvas, frente a la recogida en un mayor número de lugares de desove). A efectos del diseño del CKMR es importante comprender este impacto, y es necesario un trabajo cuidadoso para predecir el nivel de super hermandad basándose en las muestras existentes.

Se observó que los tamaños de muestra totales investigados en el SCRS/2024/053 son considerablemente mayores que los considerados en el estudio de diseño piloto de 2017. Hay un par de razones para el aumento de los requisitos de muestras. En primer lugar, las observaciones iniciales de hermandad en la colección de larvas indicaron que se necesitan muestras de mayor tamaño para permitir la super hermandad. En segundo lugar, los presidentes destacaron que la población ha aumentado notablemente según los índices y la evaluación, por lo que el aumento del tamaño de la muestra va en consonancia. Se sugirió centrar el esfuerzo inicial en el Atlántico oriental, donde pocas de las muestras serían de atún rojo del oeste (y, por tanto, no serían útiles para el CKMR de atún rojo del este). En cuanto al uso de peces capturados en el Atlántico noroccidental (de los cuales una proporción sustancial son reproductores mediterráneos y, por tanto, útiles para el CKMR del atún rojo del este), se señaló que el muestreo para la genética ya está en marcha y estandarizado como parte del CKMR de atún rojo del oeste y estos peces representan muestras de libre acceso con metadatos completos, mientras que los programas de recogida del atún rojo del este aún deben iniciarse.

En cuanto a la comprobación de las hipótesis sobre la estructura espacial, las muestras de adultos del Mediterráneo occidental y central sirven específicamente para comprobar la fidelidad. Si la fidelidad es baja, entonces esos adultos pueden contribuir a una estimación global de abundancia para el atún rojo del este. Sin embargo, si la fidelidad es alta, las muestras de adultos del Mediterráneo no estarán bien mezcladas y tendrán una contribución mayor. Se señaló que se ha observado fidelidad en las redes de cerco tunecinas, donde se han detectado medio hermanos entre cohortes. Esto subraya la necesidad de muestrear adultos atlánticos, que en principio se puede suponer que representan reproductores bien mezclados de toda la población, al menos en el caso de los animales

más viejos/grandes. Mientras se pueda suponer que algunas muestras de adultos están bien mezcladas, no importa si las muestras de juveniles están bien mezcladas (y de hecho no lo estarán, ya que, por ejemplo, las larvas baleares proceden obviamente de la zona de desove balear). Con respecto a las muestras de adultos del Mediterráneo, se expresó preocupación por la captura de peces durante la migración desde el Mediterráneo central u oriental, lo que podría dar lugar a falsas conclusiones sobre el desove mixto. Los autores respondieron que la selección preferente de peces en fase activa de desove es un buen punto para evitar conclusiones falsas. Este punto debe tenerse en cuenta en el debate sobre la logística del muestreo (véase la Sección 4).

Se planteó la cuestión de si la variación anual de la mezcla de reproductores en las pesquerías del Atlántico es importante. Los analistas respondieron que no se espera que esto sea un gran problema debido a la comparación retrospectiva de adultos con larvas. Es decir, los adultos sólo se compararán con los juveniles nacidos en años anteriores, pero no en el mismo año en que se recoge el adulto, para minimizar el sesgo de no mezcla. Además, la principal expectativa es que los peces grandes acaben migrando al Atlántico, independientemente del lugar del Mediterráneo que prefieran para desovar, y los supuestos del modelo no exigen que todos los reproductores migren cada año. Se aclaró que actualmente el modelo supone una migración igual a lo largo de los años y la edad, y que no está claro cómo podría comprobarse inicialmente este supuesto.

Se planteó una importante consideración, destacando la necesidad de informar a los gestores y responsables de la toma de decisiones, en un lenguaje sencillo, sobre el CKMR, en particular sobre las ventajas del enfoque y sobre cómo mejorará la evaluación de stocks y la evaluación de estrategias de ordenación (MSE). Por ejemplo, debería comunicarse que el CKMR podría resolver un problema importante de la evaluación de stock/MSE relacionado con la estimación de la abundancia absoluta de reproductores.

Se plantearon preguntas sobre por qué el muestreo de juveniles se centró en las larvas, dada la complicación de la super hermandad, en lugar de utilizar individuos de edades 1 y 2, que ya se han dispersado desde las zonas de desove. La respuesta sencilla es que ya hay un gran número de larvas archivadas desde 2019, y están disponibles para empezar a explorar la viabilidad del proyecto. Además, el uso de larvas proporciona una señal genética clara y en tiempo real de los adultos que utilizan las distintas zonas de desove.

Se aportaron algunas notas sobre posibilidades de muestreo adicionales a las consideradas en el trabajo CKMR realizado hasta la fecha. En primer lugar, existen pesquerías de juveniles (de edades comprendidas entre 2 y 3 años) en varias zonas (por ejemplo, el golfo de León, el golfo de Génova y Sicilia) que se muestrean fácilmente en grandes cantidades, si se desean muestras de juveniles. En segundo lugar, existen pesquerías invernales activas de adultos en el Mediterráneo, lo que indica que no todos los peces maduros emigran del Mediterráneo inmediatamente después del desove. En la actualidad, no hay pruebas que permitan determinar si esos peces residen todo el año o emigran más tarde.

También se aclaró que el concepto de pesquería bien mezclada (en el Atlántico) no implicaba que todos los peces migrasen fuera del Mediterráneo, sino que lo hace una proporción aleatoria de ellos, donde la probabilidad de migrar es independiente de la zona del Mediterráneo donde se encuentren los peces. Se señaló que el proyecto podría aportar orientaciones futuras para el marcado por satélite.

Se apoyó la consideración de las pesquerías del Atlántico oriental como fuentes importantes para el muestreo, con las almadras atlánticas, ya que se producen cerca del estrecho de Gibraltar y, por lo tanto, se considera que son las que tienen más probabilidades de estar bien mezcladas. Se aclaró de dónde podían proceder las muestras del Atlántico y que, siempre que se cumpliera el supuesto de la muestra mixta, podrían añadirse sin duda otras pesquerías atlánticas. Además, el equipo analítico señaló que los supuestos de trabajo de los que han partido hasta ahora consisten en que todas las pesquerías atlánticas están bien mezcladas, ya que parece un supuesto de trabajo razonable y las futuras parejas de CKMR observadas deberían aportar pruebas de lo contrario si este supuesto no se cumpliera. También se observó que podría haber formas de reducir el aspecto de super hermandad adaptando el diseño del muestreo de la recogida de larvas.

Como todavía no se ha evidenciado ninguna estructura de stock en el Mediterráneo, se sugirió que un estudio piloto a pequeña escala en curso podría ayudar a comprender mejor la estructura del stock. Se observó que en el caso del atún rojo del Pacífico no se había encontrado ninguna estructura del stock, pero que la localización del desove difería según la edad. Sin embargo, el fenómeno más importante que hay que tener en cuenta, desde la perspectiva de evitar problemas con el CKMR, es la fidelidad (no la heredabilidad), y la fidelidad por sí sola nunca puede detectarse con los análisis de la estructura genética del stock. Con un muestreo suficiente en el Mediterráneo, el grado de fidelidad y heredabilidad será revelado directamente por los datos del CKMR (es decir, las localizaciones de los pares de ejemplares emparentados).

Se señaló que debían identificarse las oportunidades en las que fuera posible muestrear 1.000-2.000 peces. Se observó que aún no se había mencionado Japón como posibilidad, aunque la pesquería de palangre del Atlántico podría ser una oportunidad para tomar muestras de peces bien mezclados, y que también podría hacerse un muestreo en el mercado. Se observó que el COVID-19 repercutía en el muestreo a bordo, pero que podría estudiarse la posibilidad de realizar un muestreo en el mercado.

También se señaló que las almadras atlánticas eran un lugar excelente para un muestreo eficaz, siendo factibles 1.000 peces al año si no hay que tomar muestras de los otolitos. Se respondió que para el CKMR no eran necesarios los otolitos, sólo la talla y el tejido.

En cuanto al uso de posibles muestras de pesquerías de stocks mixtos (es decir, de los stocks de atún rojo del este y de atún rojo del oeste), es necesario considerar cómo se seleccionarán para evitar posibles sesgos en las estimaciones de CKMR. Se debatieron dos enfoques, uno que realizaría estimaciones de la composición del stock antes del análisis de CKMR y eliminaría los peces asociados al stock de atún rojo del oeste de la consideración en las comparaciones de parentesco estrecho. El segundo método consiste en realizar la comparación entre peces con parentesco estrecho en toda la colección y corregir los sesgos en las estimaciones de abundancia según las proporciones de los stocks. Este último enfoque se adopta para el estudio de parentesco estrecho del atún rojo del oeste, con el fin de no excluir a posibles progenitores/hermanos de diferentes stocks, ya que las colecciones de larvas en el Atlántico occidental (en particular, en el mar Slope) indicaron una reproducción mixta, así como la observación recientemente comunicada de adultos de tipo mediterráneo recogidos en las zonas de desove del golfo de México (GOM). Se podría considerar que las observaciones de hermanos a través de las colecciones pueden proporcionar alguna información sobre la dinámica del desove fuera del GOM y del Mediterráneo.

Se preguntó si el diseño del estudio permitiría estimar la abundancia de reproductores que utilizan las zonas de desove del Mediterráneo central frente a las del Mediterráneo occidental. Los analistas indicaron que sí; el planteamiento se describe con más detalle en el apéndice del informe. Se señaló que la pregunta se refiere al aspecto de la fidelidad de los reproductores a una zona de desove. Si no existe fidelidad, el tamaño relativo de la abundancia de desovadores del Mediterráneo occidental frente a la del Mediterráneo central no importa (los peces elegirán diferentes zonas de desove dentro de un mismo año y entre años), y los supuestos del modelo/diseño del estudio se simplifican enormemente. Si la fidelidad existe, el estudio de CKMR proporcionará información sobre este aspecto, por ejemplo mediante comparaciones progenitores-descendientes de larvas de Baleares con las muestras de reproductores del Mediterráneo occidental frente a los reproductores del Mediterráneo central.

La expectativa es que, si la fidelidad se produce, dará lugar a diferentes tasas de pares progenitor-descendiente (POP) y de emparejamientos de medio hermanos entre cohortes en las colecciones de juveniles-reproductores. Se destacó que, con arreglo al diseño inicial del estudio, la comparación de la fidelidad/mezcla de los reproductores en las zonas de desove con el Mediterráneo oriental estará menos fundamentada/no estará disponible debido a la falta de muestras recogidas en el Mediterráneo oriental.

En general, gran parte de las incertidumbres sobre la estructura y la mezcla del stock, los tamaños de muestra necesarios y el diseño óptimo se dilucidarán a través de los resultados del muestreo real de CKMR (es decir, los patrones de los pares de ejemplares estrechamente emparentados observados), ya que la información sobre la mezcla de stock por pesquería/zona, POP, hermanos dentro de la cohorte y hermanos entre cohortes proporciona información valiosa sobre la dinámica de la(s) población(es).

La SCRS/P/2024/016 presentaba el diseño y la simulación de una evaluación multistock de nueva generación para el atún rojo del Atlántico que incorpora datos de marcado y recaptura de individuos estrechamente emparentados. El proyecto está financiado por el Programa de investigación sobre atún rojo (BTRP) de Estados Unidos y sus objetivos son desarrollar un modelo de evaluación de stock mixto espaciotemporal (denominado MARS), incluir diagnósticos y documentación de apoyo en un paquete R, y proporcionar informes Markdown de los resultados de la evaluación, comparación de modelos, elaboración de perfiles, ponderación de datos y retrospectivas. El modelo está desarrollado en su mayor parte, con un ajuste preliminar actual a los tipos de datos del atún rojo (entradas MSE más datos CKMR), y pruebas de simulación de la complejidad del modelo apropiadas para el atún rojo.

El Grupo comentó algunas de las dificultades que plantean la resolución espacial de la MSE y los datos disponibles para informar del movimiento. Se contestó que el modelo actual tiene las áreas espaciales simplificadas a partir de la MSE a cuatro áreas principales, incluyendo las dos áreas principales de desove y las áreas de alimentación este y oeste. También se destacó cómo la incorporación de los datos de CKMR en el modelo podría resolver un problema importante de las evaluaciones anteriores, que son los datos para determinar la escala de población. Un participante comentó un posible sesgo de la biomasa reproductora del stock (SSB) estimada en CKMR para su futura consideración en el modelo integrado. En el caso de los POP, la selectividad de del arte de pesca para el muestreo de adultos afectaría a la estimación, y las estimaciones de CKMR a partir de los pares de medio hermanos (HSP) podrían estar sesgadas debido a la existencia de la población adulta reproductivamente inactiva.

3. Genética del CKMR

Los resultados presentados en el documento SCRS/2024/057 están en curso y algunos de ellos son preliminares, pero se mostraron para que el Grupo pudiera dar su opinión. Se menciona que los chips de ADN podrían ser procesados por diferentes instalaciones, aunque los actuales han sido fabricados por Thermo Fisher. El genotipado de las muestras propiamente dicho puede ser realizado posteriormente por cualquier laboratorio que disponga del equipo necesario; existen varias instalaciones comerciales que ofrecen este servicio, al menos cuatro en Europa. El procesamiento de muestras y el análisis de datos con el chip de ADN son sencillos: las muestras de tejido o ADN se envían al centro de genotipado, que devuelve los genotipos por muestra. El chip de ADN puede proporcionar información sobre el parentesco, el sexo y también sobre la conectividad de la población, lo que permite supervisar el flujo genético en curso recientemente descubierto desde el Atlántico oriental al occidental, incluida la mezcla en el mar Slope, y la introgresión del atún blanco.

A pesar de las diferencias genéticas entre las poblaciones de atún rojo del este y de atún rojo del oeste, los procesos de chips de ADN y DArT son ambos adecuados para la determinación del parentesco en muestras de atún rojo del este y de atún rojo del oeste. Se debatió la cuestión de qué loci marcadores del sexo utilizar, ya que existen marcadores del sexo alternativos; los autores comentaron que los cinco que figuran actualmente en el chip de ADN tienen una precisión del 95,8 % en la determinación del sexo en muestras (n=48) cuyo sexo se determinó utilizando información sobre las gónadas. El coste/muestra del chip de ADN dependerá del número de muestras a analizar; cuantas más muestras, menos costoso. Para tener en cuenta la posible super hermandad balear se menciona que se necesitarían los haplotipos mitocondriales de todas las muestras larvarias. Esto implica que aproximadamente la mitad de las muestras tendrían que ser analizadas en busca de haplotipos mitocondriales. Una opción podría ser incluir esta información mitocondrial en el chip, pero esto podría no funcionar, en cuyo caso sería necesaria la secuenciación. Esto no es un problema si sólo se necesitan haplotipos mitocondriales para los pares de ejemplares emparentados que se van a utilizar (como ocurre en muchos proyectos de CKMR); pero, si hay que hacerlo para casi todas las larvas, aumentará el precio de forma significativa.

El Grupo debatió el estudio piloto del Programa de investigación sobre atún rojo para todo el Atlántico (GBYP) sobre la edad epigenética del atún rojo del Atlántico (Davies *et al.*, 2024). El objetivo del estudio es evaluar la viabilidad de la determinación epigenética de la edad con vistas a la aplicación del CKMR. El estudio utilizó muestras del Atlántico occidental (proporcionadas por Fisheries and Oceans Canada (DFO), y National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA)) y la colección de datos de atún rojo del este (proporcionada por el GBYP); la determinación de la edad se realizó siguiendo los protocolos estándar de ICCAT. En total, se procesaron 657 muestras, pero algunas se perdieron por contaminación durante la PCR multiplex. Quedaron 361 muestras por analizar. Se identificaron los marcadores cuyos perfiles de metilación "reaccionan" a la determinación de la edad y se desarrolló un modelo que los combinaba a todos. La versión de mejor ajuste con la mejor combinación de sondas encuentra una buena correlación entre la metilación y la edad del otolito (este y oeste combinados) y ambos sexos combinados, ciertamente lo suficientemente buena para el uso de CKMR. No se observaron sesgos derivados del sexo o del stock. Se debatió el coste (y la cuestión de la escalabilidad), que podría disminuir si hay oportunidades de comercialización y suficiente demanda. El modelo se ha ajustado utilizando tejido muscular; también debería comprobarse si es necesaria alguna modificación para el tejido procedente de cortes de aletas.

Grupo de debate sobre genética en el CKMR

Se encargó a un pequeño grupo que debatiera las especificaciones detalladas de las necesidades genéticas del CKMR, y se facilitó al Grupo la siguiente lista.

- a. Alto volumen, con una media de 15-20 mil individuos al año (como referencia, el atún rojo del sur (SBT) procesa 25 mil individuos para el marcado genético);
- b. Capacidad para detectar la contaminación cruzada;
- c. Alto porcentaje de genotipado con éxito;
 - Alto rendimiento del ADN utilizable de las muestras;
- d. Determinación del parentesco;
 - Capacidad para determinar las relaciones de parentesco (POP, medio hermanos y hermanos por parte de padre y madre);
- e. Determinación de stock de origen;
- f. Determinación epigenética de la edad;
 - La modelación del CKMR se beneficia de las edades estimadas de los peces para dividir las relaciones de medio hermanos entre cohortes y determinar si un pez podría ser el progenitor potencial de un juvenil. Dado el elevado coste y los problemas prácticos relacionados con el uso de otolitos, la determinación epigenética de la edad será el medio más eficaz para determinar la edad;

- g. ADN mitocondrial de alta capacidad;
 - Esto es necesario para poder abordar la hermandad larvaria debido a los altos niveles de hermandad dentro de la cohorte;
- h. Marcador de sexo;
 - Esto es ahora bastante barato y permite que el modelo de CKMR tenga en cuenta la contribución reproductiva diferencial materna y paterna;
- i. Coordinación de proyectos específicos y conservación de bases de datos;
- j. Otras necesidades.

4. Muestreo en apoyo de la aplicación del CKMR

Se describieron las actividades del grupo larvario en el Mediterráneo occidental de 2023 a 2024 (SCRS/P/2024/019) con un número medio de 106 pescas de plancton fijadas en etanol y formol. Se presentó una tabla de puntos de interés proyectados para el muestreo de CKMR con un esquema del número de muestras disponibles de 2019 a 2023 en etanol o formalina. Se presentaron otros planes para el Mediterráneo oriental, de 2024 a 2028, que también incluyen prospecciones a lo largo de la costa turca y alrededor de la parte oriental de UE-Chipre. También se presentaron las actividades previstas en el estrecho de Sicilia y el mar Jónico occidental para 2024: Se han publicado datos para el estrecho de Sicilia y el mar Jónico occidental (Russo *et al.*, 2021, 2022).

En la presentación SCRS/P/2024/019 también se expuso el Programa de seguimiento y evaluación de la zona sudeste (SEAMAP) y la prospección en el golfo de México en 2023. Se describieron sus protocolos y estandarización con planes para 2024 con el número de días adicionales para realizar investigaciones sobre los posibles efectos del cambio climático y muestreos en zonas de puntos calientes de larvas. Por último, se enumeraron las actividades del subgrupo técnico sobre el ciclo vital temprano del atún rojo en cada prospección, con las diversas interacciones e iniciativas y, en particular, la puesta en común de herramientas de estandarización y estrategias de muestreo (colecciones en etanol o formol).

Se preguntó al Grupo si habría un gran número de muestras para ejemplares estrechamente emparentados. La respuesta fue que a partir de 2019 se han recogido muestras del Mediterráneo occidental para el banco de datos de GBYP y otras colecciones de muestras. Las muestras se repartieron, almacenándolas en formol y etanol, y las muestras de formol se han analizado para determinar su abundancia y taxonomía, pero quedan por procesar las muestras de etanol. En cuanto a la cuestión de si existen muestras históricas para el Mediterráneo central, no parece que estén disponibles. Los programas también han comenzado recientemente la estandarización del método de muestreo que podría capturar un elevado número de larvas utilizando los protocolos descritos en el Taller ICCAT GBYP de 2023 sobre los índices de larvas del atún rojo del Atlántico (formato híbrido/Palermo, Italia, 7-9 de febrero de 2023) (Anón., 2023). Se sugirió que un buen punto de partida sería el uso de las larvas del Mediterráneo central junto con adultos del Mediterráneo central. Para el Mediterráneo occidental sería mejor seleccionar lo que ya se ha proporcionado a la colección GBYP antes de utilizarlo para CKMR. El estudio de larvas en el Mediterráneo central es para especies mixtas y también debería estudiarse un futuro muestreo en el sur del mar Jónico si se pueden encontrar fondos específicamente para el atún rojo.

En cuanto a las muestras de Sicilia, el número total de larvas recogidas se incrementará en las siguientes campañas utilizando los protocolos y metodologías de Baleares. El banco de datos ya cuenta con numerosas muestras en etanol. Se declaró que 1.000 larvas ya están listas para ser analizadas por el CKMR. Un total de aproximadamente 150 mil larvas podría estar disponible para la clasificación y para el CKMR de las campañas de muestreo del Mediterráneo occidental de 2019 a 2022, aunque el procesamiento de estas muestras requeriría fondos específicos.

Se expresaron algunas preocupaciones sobre el uso de larvas, ya que su contenido de ADN era pequeño y el submuestreo podría afectar a la detección de ejemplares emparentados en las cohortes, lo que requiere un modelado adicional. Además, el nivel de parentesco entre hermanos reduce el tamaño efectivo de la muestra de progenitores independientes (McDowell *et al.*, 2023). Sin embargo, se señaló que las larvas constituyen una de las pocas oportunidades de obtener un gran número de muestras. También se señaló que la experiencia con las larvas del golfo de México utilizadas en el CKMR no sugería en absoluto la presencia de sesgos en el uso de larvas para el CKMR, pero requería un genotipado adicional utilizando ADN mitocondrial y un modelado adicional para abordar la varianza añadida introducida por el parentesco entre hermanos en las larvas (SCRS/2024/053).

En la presentación SCRS/P/2024/022 se mostraron las actividades en las granjas de atún de UE-Malta y la disponibilidad de material genético para los estudios de CKMR. La definición de marcado genético se explicó como la toma de huellas de ADN de los peces progenitores y, a continuación, la liberación de larvas eclosionadas de estos progenitores en el océano para su posterior desarrollo y captura como adultos. Este es el tema del "Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae - theory and practice» (Bridges *et al.*, 2019). Queda pendiente la cuestión de la supervivencia de las larvas tras su liberación,

ya que las granjas se encuentran a 6 km de la costa, en aguas profundas, y el suministro de alimentos para las larvas puede ser variable. Se solicitó información sobre la tecnología de análisis del ADN mitocondrial utilizada en este estudio y se afirmó que congelando los óvulos antes del análisis se podía obtener una mejor extracción del ADN. Un científico de una CPC ofreció su ayuda para facilitar información sobre su tecnología de análisis del sexo a cualquier persona interesada. El Grupo señaló que los peces adultos criados en granjas serían valiosos para el CKMR, pero que los huevos y larvas producidos no serían necesarios para la modelación del CKMR, ya que sólo son progenie de los peces criados en granjas y no proporcionarían inferencias sobre la población salvaje existente, que es el objetivo del proyecto de CKMR. Además, el Grupo expresó su preocupación por el potencial de mejora para homogeneizar la diversidad genética existente y afectar negativamente a la estructura de la población.

Otra pregunta del Grupo se refería al desarrollo de la acuicultura del atún y a cómo se podría distinguir un pez salvaje de un pez producido en acuicultura. La tecnología de marcado genético descrita en el documento podría utilizarse para ello, mediante la toma de huellas de ADN de los reproductores utilizados en la acuicultura de ciclo completo y, por tanto, poder identificar a la progenie posterior, ya sea en el mercado o como peces que se haya escapado.

El documento señalaba que había una gran concentración de biomasa en las granjas de UE-Malta de aproximadamente 9.000 t de peces capturados en estado salvaje antes del engorde a 16.000 t después del engorde y que esto podría constituir una zona de desove artificial ya que varios de estos peces desovan en las jaulas. Lo importante para el CKMR es que pueda determinarse el origen de los peces de las jaulas (este aspecto se tratará más adelante, en la sección 4), ya que esto implica transferencias de jaulas de remolque a jaulas de crecimiento y mezcla de las poblaciones. A continuación se debatió el papel del desove en las granjas o la potenciación artificial de dichas agregaciones de reproductores. El Grupo señaló las preocupaciones científicas que suscitan el traslado de peces de múltiples zonas de desove a un solo lugar y la potenciación artificial de las agregaciones de reproductores en las granjas. Tales actividades homogeneizarían cualquier diversidad genética potencial y alterarían los patrones de las ubicaciones naturales de desove si existe fidelidad al lugar de desove. En el nivel actual, las agregaciones artificiales de reproductores tendrían probablemente un impacto limitado, ya sea negativo o positivo, sobre la población en su conjunto y probablemente no afectarían a los supuestos del modelo de CKMR.

Se señaló que, a través de las regulaciones y la transferencia, el origen de los peces de las granjas debería estar bien documentado, lo que respaldaría la capacidad de utilizar estos peces en la modelación del CKMR y de asignarlos a un lugar de desove. También se indicó que desde 2010 se ha observado el desove en jaulas de remolque en UE-España y, en segundo lugar, tanto en UE-España como en UE-Malta los peces salvajes también se sienten atraídos por las jaulas. Se desconoce el papel de los huevos, que pueden encontrarse en grandes cantidades tanto en las operaciones de cría de UE-España como en las de UE-Malta, en cualquier reclutamiento en la población general y se supone que son insignificantes en comparación con la biomasa total de reproductores en lo que concierne a la modelación del CKMR. Se está trabajando en ello o es necesario hacerlo.

En la actualidad se desconocen las alteraciones del ciclo vital del atún causadas por la cría, ya que los peces pueden desovar en el lugar de desove, durante el remolque a las granjas o en las propias granjas. No se sabe con certeza si esto puede crear fidelidad a un lugar de desove fuera de donde un pez desova normalmente y esto dependería del grado y del mecanismo de fidelidad al lugar de desove. Aunque existen diversas opiniones sobre el grado de fidelidad al lugar de desove, una de las ventajas del enfoque de CKMR descrito en el documento SCRS/2024/053 es que permitiría estimarlo.

En la presentación SCRS/P/2024/013 se expuso información sobre el muestreo en el proceso de sacrificio del atún rojo atlántico criado en las islas maltesas, en el marco del programa de muestreo del GBYP. Las operaciones de cría se llevan a cabo de mayo a diciembre con el engorde en las granjas de los peces salvajes capturados. El procedimiento de muestreo es extensivo e incluye otolitos, gónadas, espinas de las aletas, músculo, talla y peso, e inicialmente sólo se pueden muestrear cinco peces al día, pero tras la práctica y la experiencia se pueden muestrear entre 30 y 40 peces al día. Los atunes adultos se capturan en estado salvaje a finales de mayo y se remolcan a las jaulas de la granja mediante cerqueros. Se engordan desde junio hasta la época de sacrificio y luego se sacrifican. Los sacrificios comienzan en septiembre/octubre y terminan en enero. Durante la temporada de sacrificio, cada granja tendrá su propio barco de transformación y la granja seleccionada para el muestreo dependerá del origen de los peces que se vayan a sacrificar, por lo que se mantiene un contacto regular con el responsable de la granja.

Se empezó a debatir en qué momento de la operación de sacrificio sería mejor obtener cortes de aletas o muestras de músculo sin contaminación cruzada y sin interrumpir la operación de sacrificio. La metodología para garantizar que no se produce contaminación puede variar de un lugar a otro (para más información, véase más abajo).

Programas de muestreo importantes para el atún rojo del este y posible adaptación a las necesidades de modelación del CKMR (pruebas circulares)

El Grupo debatió otros programas de muestreo importantes para el atún rojo del este y su posible adaptación a las necesidades de modelación del CKMR. Un científico de una CPC señaló que podría ser posible ampliar el muestreo de los peces capturados en la flota palangrera japonesa en el principal mercado de subastas. Las tasas de muestreo actuales, de aproximadamente 10 peces dos veces al mes, podrían aumentarse para obtener un gran número de peces de la subasta, pero esto requeriría más tiempo del personal. Se podrían muestrear 10 peces al día y posiblemente 300 peces al mes.

Los científicos de las CPC señalaron que sería posible mejorar el muestreo del CKMR en las almadrabas del Atlántico con recursos adicionales. Aunque la dinámica temporal de los peces que entran y salen de las almadrabas puede estar cambiando, las almadrabas atlánticas representan zonas focales de muestreo para el estudio de CKMR, ya que se supone que los peces están bien mezclados, las pesquerías disponen de programas de muestreo existentes y el número de peces es elevado.

Programa actual de muestreo del atún rojo del oeste

En la presentación SCRS/P/2024/024 se exponía el programa de muestreo biológico del atún rojo del Atlántico en el Atlántico noroccidental, Estados Unidos. Se describió el trabajo en el golfo de Maine con su programa de muestreo del BTRP durante los últimos 14 años. El muestreo es un reto, pero funciona bastante bien gracias a la colaboración del sector pesquero. El personal es numeroso y debe cubrir un radio de 1.600 km desde la frontera canadiense hasta Florida. Los peces suelen medir más de 185 cm y son agrupados por los comerciantes antes de su transformación. En los torneos de pesca se pudieron obtener aproximadamente 100 muestras en los dos últimos años. En general, desde 2010 se han obtenido 14.000 otolitos y 15.000 muestras de músculo. Este muestreo se ha ampliado a la pesca de recreo, suministrándoles los kits de muestreo necesarios y recogiendo el material. Ahora es necesario reducir el tamaño de almacenamiento del material recogido, ya que algunas muestras pesan más de 500 g.

El director ejecutivo de Bluefin Collaborative presentó verbalmente el programa. Bluefin Collaborative es un colectivo de pescadores estadounidenses y canadienses cuya finalidad es mejorar la ordeación y sostenibilidad del atún rojo del Atlántico mediante la obtención de datos y el fomento de la investigación objetiva. Un miembro del comité señaló que este programa de marcado basado en la pesca tiene similitudes con el trabajo que se está llevando a cabo en el Reino Unido y recomendó que ambos programas se coordinaran.

Grupo de debate sobre logística y protocolos de muestreo de CKMR

Se encargó a un pequeño grupo que debatiera la viabilidad de alcanzar el número de muestras para el CKMR utilizando la Tabla 3.2. del SCRS/2024/053 como punto de partida para los debates.

Table 3.2.

Number of samples per year					
	Larval survey	Juvenile fishery	Adult fisheries		
	Balearics: <i>Wlar</i>	Croatia: <i>CROjuv</i>	West Med: <i>Wad</i>	Central Med: <i>Cad</i>	Atlantic: <i>ATLad</i>
2019-2024	3000 (excluding 2021)	0	0	0	0
2025-2030	8000	2000	2000	2000	2000

El grupo reiteró que estas cifras son valores de partida con respecto a la precisión que podría alcanzarse para obtener determinados parámetros (principalmente, la abundancia total de atunes rojos del este adultos). Para el muestreo de larvas, esas cifras se calcularon sobre la base de una estimación del 50 % de las muestras recogidas como inutilizables, con la intención de tener en cuenta el posible efecto de **super hermandad**.

El responsable del grupo de debate comenzó animando al Grupo a estudiar qué zonas geográficas se quieren muestrear y, a continuación, qué zonas geográficas ya se están muestreando en los programas de muestreo biológico existentes y si existen sinergias. Cuando existan sinergias, esto puede suponer un ahorro significativo para el muestreo de CKMR.

Durante los debates se estableció un desglose en cinco tipos de muestras: larvas; juveniles (*Crojuv*); adultos del Mediterráneo occidental; adultos del Mediterráneo central; y adultos del Atlántico.

Muestreo de larvas

El muestreo de larvas en las islas Baleares ya está establecido y en marcha como parte del programa de recopilación de datos de la UE para el crucero de prospección de larvas en Baleares, que se utiliza para elaborar el índice larvario occidental del atún rojo. Desde 2019 se realizan muestreos de prueba con dos réplicas, una conservada en formaldehído y otra en etanol. Con esto se han suministrado muestras larvarias al banco de tejidos del GBYP desde 2019 para su uso en estudios genéticos. Durante la prospección se recogieron una media de aproximadamente 30.000 a 40.000 larvas que podrían conservarse para su uso en el CKMR y, por lo tanto, con esta prospección como fuente de muestras no sería necesario considerar otros lugares de muestreo.

Türkiye inició un programa quinquenal de muestreo con el objetivo de desarrollar un índice larvario. Por lo tanto, esto podría proporcionar una plataforma para que el Mediterráneo oriental se incorpore al muestreo de CKMR. El grupo se centró en las prospecciones de Baleares. No obstante, el muestreo en esta zona del mar de Levante es potencialmente informativo sobre la fidelidad en el Mediterráneo y seguramente se podrá utilizar en un futuro próximo.

La plataforma de prospección captura larvas de atún rojo más que suficientes cada año y el aumento de los costes sólo se produciría por el incremento del submuestreo y la preparación de las muestras, pero al final el número de larvas retenidas para el CKMR puede ampliarse fácilmente para satisfacer las necesidades del muestreo del CKMR. La financiación de la campaña de prospección de larvas en Baleares parece estar relativamente asegurada gracias a la financiación de la UE, lo que es beneficioso para la continuidad de la plataforma como método de recogida. Aún es necesario aclarar los métodos y normas de selección de las 8.000 larvas individuales en las aproximadamente 100 estaciones estudiadas en la campaña de prospección de larvas de Baleares.

La recogida de larvas de años anteriores puede ayudar a identificar la magnitud del problema de la superhermandad y sus implicaciones para el diseño del programa de CKMR.

Muestreo de juveniles y peces adultos

El grupo de debate aclaró en primer lugar qué se necesitaría para cada juvenil/adulto muestreado:

- Lugar de captura original.
- Año de captura del pez (extraído de la población salvaje).
- Fecha de muestreo del pez.
- Medidas de longitud de los peces muestreados.
- El análisis de las muestras proporcionará el resto de la información necesaria para el enfoque CKMR:
 - la edad de cada pez, esto puede ser determinación epigenética de la edad y puede proceder del análisis, y,
 - sexo del pez, esto puede determinarse mediante el análisis genético.

A continuación se analizó la viabilidad del muestreo en cada una de las regiones geográficas en las que se necesitan muestras de peces adultos/juveniles: juveniles, adultos del Mediterráneo occidental, adultos del Mediterráneo central y adultos del Atlántico.

Muestreo de adultos del Mediterráneo occidental y central

Los peces adultos del Mediterráneo occidental pueden muestrearse a partir de las actividades pesqueras existentes:

- Granjas de UE-Malta - preferido,
- Granjas de UE-España - preferido,
- Pesca palangrera de UE-Francia alrededor de las islas Baleares (~250 t) - posible aunque no ideal, y
- Pesquería palangrera de UE-España - posible aunque los niveles de actividad son variables.

Muestreo maltés

Las operaciones de cría maltesas se debatieron ampliamente como plataforma potencial donde muestrear atún rojo adulto occidental y central. En concreto, una de las granjas se abastece principalmente de ejemplares capturados al oeste del Mediterráneo.

Actualmente, en el muestreo de atún rojo del GBYP en Malta, los pasos de procesamiento aproximados son los siguientes:

- los peces se sacrifican en las jaulas,
- a continuación, se colocan en una barcaza intermedia que traslada el pescado al buque de transformación, y
- a continuación, las mediciones de talla y peso (no siempre de forma individual si los ejemplares no son muy grandes) se realizan en la cubierta del buque de transformación, antes de iniciar la transformación. En el caso del muestreo del GBYP, los ejemplares se marcan, antes de su transformación, en la cabeza y bajo la aleta dorsal. Esto permite identificar al ejemplar para el posterior muestreo de la cabeza y la aleta dorsal.

Una cuestión clave para utilizar las granjas de UE-Malta (y probablemente un problema con cualquier granja que se utilice como plataforma de muestreo) sería la capacidad de distinguir la ubicación original y el momento de la captura de los peces individuales antes de trasladarse a la ubicación de la granja. En las jaulas de UE-Malta hay actualmente peces de Baleares que están en jaulas aisladas y no se mezclan con peces capturados en otros lugares del Mediterráneo. En 2023 había aproximadamente 12.000 peces individuales en las granjas de UE-Malta que procedían de la zona de las islas Baleares (esto representa aproximadamente el 10 % de la capacidad de las granjas maltesas y sería variable de un año a otro). También podría existir la posibilidad de que algunas jaulas de UE-Malta tuvieran peces mezclados procedentes de diferentes zonas de desove del Mediterráneo central, pero los registros de las jaulas permiten evaluar este hecho antes del muestreo y, por lo tanto, estas jaulas pueden evitarse fácilmente si es necesario. Esto significa que las granjas de UE-Malta podrían satisfacer fácilmente la recogida de hasta 2.000 muestras de adultos para el Mediterráneo occidental.

Si se van a utilizar granjas para obtener las muestras de CKMR, habrá que considerar cuidadosamente la contaminación cruzada y tener en cuenta dónde se deben tomar las muestras de peces en las fases de transformación para reducir dicha contaminación.

Podría ser necesario un estudio piloto para determinar los mejores métodos de muestreo para esta plataforma. Por ejemplo, el marcado de los peces contiene información importante y, puesto que estamos al principio del nuevo protocolo, sería bueno mantener toda la información posible.

Muestreo de juveniles en UE-Croacia (CROjuv)

Se propone utilizar juveniles capturados en junio en el mar Adriático por UE-Croacia con cerqueros. Las capturas corresponden en su mayoría a juveniles de entre 2 y 3 años. Estos ejemplares se trasladan a granjas de engorde donde pueden permanecer hasta 18 meses. A pesar de este largo periodo de cría, las cohortes de 2 y 3 años siguen siendo fácilmente distinguibles en el momento del sacrificio. No es posible obtener la talla en el momento de la captura, aunque se obtienen mediciones de los traslados de las jaulas utilizando cámaras estereoscópicas. Cada año se sacrifican 40.000 peces, lo que supone una reserva potencial más que suficiente, por lo que no se exploraron otros lugares para la colección de muestras de juveniles.

Si las granjas de UE-Croacia incorporaran el muestreo, tendrían que aumentar los niveles de muestreo con respecto a las cantidades actuales que están muestreando en el marco del GBYP (actualmente muestrean unos 250 peces). Existen algunas incertidumbres, ya que los precios del atún pueden repercutir en la disponibilidad de muestras, pues podrían cambiar las prácticas de cría.

En cuanto a la parte del pez que se muestrea, habría preferencia por recoger cortes de la aleta. No se debatió el protocolo de muestreo.

Muestreo de adultos atlánticos

En el Atlántico hay varias pesquerías que pueden proporcionar muestras del CKMR de peces adultos. El Grupo debatió todas estas pesquerías potenciales y elaboró una lista de pesquerías que deberían seguir explorándose para recoger algunas o todas las muestras necesarias. A continuación se enumeran las pesquerías que el Grupo consideró adecuadas para el muestreo del CKMR del Atlántico:

- Almadrabas UE-Portugal/UE-España/Marruecos, preferiblemente, ya que una buena mezcla está casi garantizada,
- Canadá + Estados Unidos. Muestreo existente en el marco del proyecto CKMR de atún rojo occidental,

- Palangre japonés,
- UE-Francia - arrastreros/caña y carrete /palangre y
- equipos de marcado electrónico, complementarios.

En general, al Grupo le gustaría que se recogieran muestras en más de un lugar del Atlántico y que todas las muestras no se recogieran en una sola pesquería. Se destacó que ya hay atún rojo del este muestreado dentro del proyecto de muestreo del CKMR de atún rojo occidental de Canadá y Estados Unidos que puede proporcionar una buena fuente de muestras que ya cuentan con un método/plataforma de recogida claro. El número de muestras de atún rojo del este recogidas cada año es de aproximadamente 500 en Canadá y de aproximadamente 700-800 en Estados Unidos. Estas cifras varían cada año en función de la composición proporcional de los stocks de atún rojo del este y de atún rojo del oeste en el esfuerzo de muestreo.

Varias almadrabas atlánticas fueron consideradas una buena plataforma para recoger las muestras necesarias. En la actualidad, la mayoría de los peces de la pesquería de almadrabas de UE-Portugal se capturan cuando entran en el Mediterráneo, y se calcula que se transforman unos 300 peces al día, cada uno de los cuales se mide y pesa. Para añadir el muestreo CKMR a su proceso, el programa portugués de muestreo de almadrabas necesitaría más personal y el equipo asociado, pero esto es posible.

Las almadrabas marroquíes capturan unos 12-13.000 ejemplares al año, que se mantienen en cautividad durante 3-4 meses en jaulas para su engorde. El programa biológico actual, basado principalmente en el muestreo por tallas, no está preparado para recoger muestras genéticas, pero para el proyecto de CKMR del atún rojo del este puede ser posible recoger muestras genéticas en tierra a partir de restos biológicos (cabezas), suponiendo que se disponga de ayuda financiera para cubrir el incremento en el esfuerzo de muestreo. La talla de los peces muestreados podría estimarse utilizando relaciones biométricas y probablemente también podría registrarse la fecha de captura de los peces muestreados.

Las pesquerías francesas (arrastreros, palangreros y caña y carrete) que faenan en el golfo de Vizcaya desembarcaron en 2023 unas 330 t de atún rojo de más de 80 kg (edad 7), lo que representa unos 3.000 ejemplares en seis lonjas. Algunos de esos lugares están actualmente cubiertos de forma oportunista y proporcionan muestras al GBYP, y podrían ser de ayuda para el CKMR.

Actualmente, las pesquerías palangreras japonesas recogen aproximadamente entre 100 y 300 muestras para el estudio biológico del GBYP, y ahora pretenden empezar a tomar muestras para el CKMR del atún rojo occidental, pero este proceso aún no ha comenzado. En realidad, no existe la posibilidad de ampliar el muestreo a bordo, pero sí de ampliar las recogidas de muestras de pescado de mercado de pescado. Uno de los problemas que plantea el muestreo del pescado de mercado de pescado es que ya se le ha retirado la cola, por lo que no puede medirse la longitud a la horquilla, sino la longitud preanal. Aunque se pueden hacer otras mediciones y luego estimar la longitud a la horquilla utilizando un factor de conversión. El número de muestras que pueden recogerse mediante el muestreo de mercado depende de cierta medida de los recursos humanos. En este momento, muestreo de mercado permite obtener aproximadamente 20 muestras por mes. La escala de pescado disponible mediante muestreo en el mercado parece ser muy alta, con unos 10-20 peces subastados cada día.

Los primeros estudios realizados por el BTRP de Estados Unidos descubrieron que los peces en peor estado seguían siendo aptos para el genotipado.

Banco de tejidos

Parece que hay dos opciones para almacenar y gestionar las muestras recogidas para los trabajos de CKMR: un único banco central de tejidos o varios laboratorios o centros donde se almacenan las muestras de tejidos. El Grupo consideró que la mejor opción sería mantener todas las muestras en una ubicación central, ya que esto brinda varias ventajas importantes (mejora de la organización, estandarización de los métodos de almacenamiento, estandarización del etiquetado y del "banco", etc.). Esto no resta importancia a contar con un sistema sólido de registro, etiquetado y almacenamiento de las muestras. Un movimiento hacia un banco de tejidos centralizado para el CKMR también pone de relieve la necesidad de que ICCAT considere el desarrollo de un banco de tejidos para todas sus muestras biológicas y esto es algo que el SCRS debería considerar para las recomendaciones con implicaciones financieras anuales en la reunión anual de este año. Actualmente hay empresas que ya ofrecen este tipo de banco de tejidos centralizado y serían candidatas ideales para debatir su capacidad de asumir un mayor número de muestras.

En resumen:

- Es preferible disponer de un almacén centralizado.
- Es necesario desarrollar/acordar una base de datos maestra (metadatos) para cubrir todas las muestras recogidas.
- Es necesario desarrollar unos términos de referencia en los que se describa claramente lo que se necesita para una instalación de almacenamiento centralizado de tejidos (AZTI estaría en buena posición para redactarlos, puesto que ya ha prestado este servicio al banco de tejidos para el GBYP).
 - Se requiere una capacidad de almacenamiento de 20-25 mil muestras al año con réplicas.
 - Se requiere un total mínimo de 100.000 muestras.
 - Hay que saber qué se almacena y con qué especificaciones.
 - Se requiere suministro de energía para mantener la colección en buen estado.
- AZTI realizará una estimación aproximada de los costes para incluirla en la planificación presupuestaria de septiembre.
- Este tipo de tarea debería formar parte del plan de investigación a largo plazo del SCRS.

Logística y métodos de muestreo

Los protocolos para el muestreo y el tipo de muestreadores o dispositivos, tanto para los **cortes de aletas** como para los muestreadores musculares, utilizados para recoger la muestra biológica del CKMR, deben desarrollarse por completo y proporcionarse lo antes posible para proporcionar orientaciones sobre el modo de llevar a cabo las actividades piloto de muestreo para el CKMR este año. Un pequeño grupo trabajará en la elaboración de este protocolo. Los participantes consideraron que el uso de dispositivos de muestreo de un solo uso era aconsejable para evitar la contaminación.

5. Fuentes de financiación para el CKMR

5.1 Contribución del GBYP a la aplicación del CKMR

GBYP ha estado proporcionando una financiación sustancial a muchas líneas de actividades de investigación y podría ser un financiador parcial del CKMR para el atún rojo del este, sin embargo son necesarias otras fuentes de financiación, ya que GBYP por sí solo es insuficiente. Se destacó que hay una disminución general en los fondos disponibles para el GBYP y que la financiación del CKMR disminuiría la financiación para otras actividades de investigación que han sido financiadas por el programa.

5.2 Contribución del Programa de investigación sobre el atún rojo (BTRP) de Estados Unidos

Se presentó una visión general del BTRP de Estados Unidos en el Atlántico oeste para el periodo 2015-2023 (SCRS/P/2024/014), cuyo objetivo es proporcionar una base para avanzar en la ordenación de pesquerías basada en la ciencia. Las prioridades de investigación para esta oportunidad de financiación incluyen: muestreo representativo de tejidos duros y blandos, y técnicas analíticas asociadas para estudios (genómica, composición por edad, crecimiento y contribución reproductiva por talla y edad); experimentos de marcado convencional, electrónico y genético a gran escala; minería de datos históricos; modelación de simulación relacionada con los modelos de evaluación y las estrategias de ordenación; mejora de la calidad de los datos pesqueros para la evaluación de stocks; desarrollo de nuevas técnicas independientes de la pesca para estimar la abundancia y la mortalidad o para aplicar nuevas estrategias de ordenación; integración de la teledetección por satélite, la modelación oceanográfica y otros productos científicos multidisciplinarios para tener en cuenta los efectos medioambientales sobre la biología y las operaciones pesqueras o para resolver las incertidumbres del reclutamiento actual e histórico. Por último, se ofreció un resumen de los beneficios de la investigación del BTRP desde 2015. La financiación anual del BTRP asciende a 600.000 dólares estadounidenses.

El Grupo destacó la importancia del BTRP para el avance de la investigación y la prestación de asesoramiento científico del SCRS a la Comisión. El Grupo también debatió las oportunidades de mejorar la coordinación entre el BTRP y el GBYP, una idea que se debatió incluyendo un llamamiento a una mayor coordinación entre todos los programas nacionales científicos y de recopilación de datos. El Grupo expresó su deseo de que se le mantuviera informado sobre otros programas científicos y de investigación nacionales, pero se señaló que el tiempo y el espacio de las reuniones son limitados y que tales presentaciones deberían coordinarse previamente para ser más eficaces.

El Grupo preguntó si el BTRP financiaba el CKMR para el atún rojo occidental, y se indicó que el BTRP apoyaba algunos aspectos de los estudios piloto y parte del programa de recopilación de datos biológicos mejorados. La financiación básica anual real de aproximadamente 150.000 dólares estadounidenses para el genotipado y el apoyo analítico al CKMR del atún rojo occidental fue relativamente baja en relación con la magnitud del apoyo obtenido en forma de estudios larvarios anuales y programas de seguimiento de la pesca. La mayor parte del apoyo que hizo posible el CKMR para el atún rojo occidental procedió de prospecciones anuales de investigación en curso, trabajo en especie y contribuciones de datos procedentes de Estados Unidos y Canadá, e impulsó sustancialmente la inversión anual (de aproximadamente 150.000 dólares estadounidenses) en genotipado y apoyo analítico. Este modelo de financiación ofrece algunas ideas sobre cómo podría tener éxito el programa de CKMR para el atún rojo del este, ya que, dada la magnitud del proyecto, tendrá que aprovechar de forma similar los estudios en curso, el seguimiento de las pesquerías y la participación en especie de las CPC nacionales para tener éxito.

Se observó que la coordinación entre el BTRP y el GBYP ha aumentado en los últimos años, pero debería reforzarse aún más en el futuro, así como la colaboración con cualquier otro programa nacional sobre el atún rojo, en beneficio de la prestación de asesoramiento científico y para evitar la duplicación innecesaria de iniciativas de investigación.

5.3 Otras posibles fuentes de financiación

El Grupo debatió el posible desarrollo de una reserva para apoyar el CKMR del atún rojo que represente una pequeña fracción del total admisible de capturas (TAC) global para apoyar las necesidades de financiación del CKMR. El Grupo volvió a examinar algunas de las cuestiones planteadas por la Comisión cuando se debatió esta posibilidad en el pasado. El Grupo sugirió al presidente del SCRS que se coordinara en el periodo intersesiones con los cargos pertinentes de la Comisión, con el objetivo de debatir esta posibilidad durante la próxima reunión anual de la Comisión.

Se identificaron otras oportunidades de financiación externa, proporcionadas por instituciones o fondos privados (por ejemplo, Horizon Europe, Fondo europeo para la acuicultura y pesquerías marítimas (MFF)) como posibles plataformas de financiación para apoyar las actividades y los objetivos del CKMR para el atún rojo del este.

Los costes aproximados serán estimados por el Grupo de especies de atún rojo para incluirlos en la planificación presupuestaria de septiembre de 2024 teniendo en cuenta las actividades de investigación que podrían ser sustituidas / quedar obsoletas si se empieza a aplicar el CKMR.

6. Índices de abundancia

En la presentación SCRS/P/2024/017 se proporcionaba el hábitat potencial de alimentación y reproducción del atún rojo del Atlántico. Los autores destacan las posibilidades de utilizar esta información en la estandarización de los índices de abundancia y en la parametrización de la evaluación de stock (crecimiento, reclutamiento).

La presentación suscitó un gran interés, y el Grupo abordó el uso potencial de esta capa de datos en la estandarización de índices, en nuevas áreas de investigación y en la formulación de supuestos sobre los movimientos del atún rojo adulto, sobre las agregaciones de reproducción y la estacionalidad del uso del hábitat. Sería útil incorporar los datos de los últimos años sobre marcado de atún rojo y otras observaciones al análisis presentado. El autor indicó que estaba abierto y que buscaba expertos en atún rojo y que tuvieran datos con los que colaborar para mejorar el modelado.

Se plantearon preguntas sobre los datos utilizados en el análisis presentado. Por ejemplo, el autor aclaró que la capa superior representativa de la capa mixta de los modelos operativos del Servicio de Vigilancia del Medio Marino Copernicus (CMEMS) se utilizó para determinar la temperatura de la superficie del mar (SST), y el "hábitat potencial" en lo que concierne a la reproducción, especialmente cuando coinciden con zonas en las que no se tiene constancia de la presencia de larvas, podría deberse a condiciones oceánicas similares a las identificadas a partir de los datos en las zonas de reproducción conocidas. Sería útil comparar estos resultados con otros análisis para ver dónde hay diferencias y similitudes, y hacerse una idea del posible panorama general. Al final sería conveniente tener objetivos claros para este tipo de trabajo, por ejemplo, quizá centrarse en una zona para obtener un índice de abundancia para esa zona (por ejemplo, las principales zonas de alimentación de los adultos de atún rojo en el Atlántico norte, excluyendo, como primer paso, las principales zonas de reproducción en el golfo de México y el Mediterráneo), en lugar de toda la zona. Se anima a que continúen los trabajos en este tema y se acogerá con satisfacción una actualización de estos en la reunión del Grupo de especies de septiembre de 2024.

En la presentación SCRS/P/2024/020 se proporcionaba información sobre el desarrollo del índice de abundancia de larvas de atún rojo en el Mediterráneo occidental. Los autores han estado trabajando en la mejora de la metodología de estandarización del índice para reducir el sesgo potencial en este índice mediante la inclusión de nuevas variables medioambientales: la fase lunar en las capturas larvarias (Ottmann *et al.*, 2023).

Se señaló que existen pruebas de actividades de reproducción del atún rojo durante todo el día, y el Grupo se preguntó si el método sugerido tiene en cuenta la desove diurna. Los autores indicaron que no se conoce bien el momento de las actividades de desove entre el día y la noche, y que se seguirá trabajando antes de proporcionar el índice actualizado en septiembre.

En el documento SCRS/2024/058 se proponían algunas cuestiones con miras a mejorar los modelos utilizados en la actual MSE de atún rojo. Los autores sugirieron reconsiderar la estratificación de zonas en el modelo, incorporando un enfoque de CKMR más exhaustivo y un sistema MSE de atún rojo actualizado para reflejar los mejores conocimientos científicos.

El Grupo intercambió algunas ideas sobre los puntos sugeridos, y los presidentes señalaron que estos puntos se debatirían en la próxima ronda de revisión de los modelos operativos (OM) en 2027/2028, reconociendo la importancia del debate. En la reunión del Grupo de especies de septiembre, el Grupo estudiaría una fecha a partir de la cual considerar la planificación del calendario para la revisión de los OM.

En la presentación SCRS/P/2024/021 se proporcionó una actualización estricta del índice de caña y carrete de Estados Unidos, 66-144 cm que se ha utilizado en el procedimiento de ordenación (MP). El Grupo agradeció al autor su rápida presentación y la actualización del índice. Se debatió el aumento observado en el índice de 2018 a 2021 y la subsiguiente caída del índice a partir de 2022. Al parecer, esto podría deberse a que una cohorte fuerte entra en el índice y luego lo abandona a medida que crece/envejece. El autor indicó que los datos de frecuencia de tallas se facilitarán en la reunión del Grupo de especies de septiembre de 2024, y que es posible revisar los datos de clasificación por tallas (ya que este índice se compone de muestras clasificadas en categorías de tallas de 66-114 cm y 115-144 cm).

El Grupo reabrió el debate sobre cómo calcular una "actualización estricta" de los índices utilizados en el MP. Idealmente, las "actualizaciones estrictas" de los índices se estandarizan utilizando los datos más recientes mediante la fijación de las covariables en el modelo lineal generalizado (GLM) ya estimadas en el momento de la adopción del MP (en 2022) para que tengan los mismos valores de índice anteriores a 2021. Se confirmó que la actualización presentada del índice era una "actualización estricta" en el sentido de que el modelo GLM volvía a estimar los parámetros utilizando toda la serie temporal, y que no había diferencias en los valores anuales anteriores a 2023. El objetivo del Grupo de especies de atún rojo es disponer de una metodología clara en todos los índices para fijar las covariables. Aunque el proceso de reestimación no es un problema para esta actualización, será muy importante para algunos de los otros índices de atún rojo que aún deben actualizarse y presentarse al Grupo de especies de atún rojo. Se comentó que valdría la pena reexaminar el método utilizado en Lino *et al.*, (2023). Los autores señalaron que los códigos R estarán a disposición del subgrupo del índice para coordinar su trabajo posterior.

El Grupo comprobó el estado de las actualizaciones de otros índices utilizados en el MP. Ya se han facilitado los índices preliminares del palangre japonés en el Atlántico oriental y occidental para 2023, y los autores finalizarán los valores en septiembre de 2024. Los autores de algunos de los otros índices confirmaron que su actualización estricta de los índices se facilitará antes de la reunión del Grupo de especies de septiembre de 2024.

7. Orientaciones estratégicas del GBYP

7.1 Financiación

La Secretaría ofreció una breve visión general de la financiación de la ciencia de ICCAT en los últimos años, centrándose especialmente en la capacidad de uso eficaz de los fondos disponibles. Se destacó que el GBYP ha podido utilizar la mayor parte de los fondos disponibles, de acuerdo con las actividades incluidas en los planes de trabajo anuales, pero sin cumplir el plazo establecido. Esto último provocó que, a finales de 2023, el GBYP tuviera un saldo positivo de 695.144 euros, mientras que en el caso de los otros Programas de investigación y recopilación de datos ese saldo ascendía a 1.170.906 euros. Como consecuencia, la Comisión redujo significativamente la financiación de la ciencia a través del presupuesto ordinario para el año 2024 a 45.000 euros, que es inferior a la cantidad de financiación proporcionada en 2018, y revisará el presupuesto de la ciencia para 2025 durante la reunión anual de 2024 de la Comisión.

Basándose en lo anterior, la Secretaría informó de que el presupuesto para la ciencia para 2024 se utilizará estrictamente en línea con el presupuesto aprobado por la Comisión, que se detalla en la Tabla 1 del documento “Actividades de investigación del SCRS que requieren financiación para 2024 y 2025” en el Apéndice 2 al ANEXO 7 del Informe del periodo bienal 2022-2023, Parte II (2023), Vol. 1). En consecuencia, no se concederán prórrogas ni se permitirán cambios entre capítulos.

El Grupo reconoció los aspectos destacados por la Secretaría y convino en que las solicitudes financieras deberían basarse en evaluaciones exhaustivas. Por otra parte, el Grupo convino en que es esencial tener un buen conocimiento de la capacidad de ejecución efectiva de acuerdo con el plan de trabajo aprobado por el SCRS y refrendado por la Comisión.

En consecuencia, el Grupo acordó desarrollar su plan de trabajo para 2025 y preparar los términos de referencia necesarios que pudieran requerirse para la ejecución de las actividades del GBYP para la reunión del Grupo de septiembre de 2024. A la espera de la decisión de las plenarios del SCRS, los términos de referencia definitivos estarán disponibles en noviembre de 2024.

7.2 Actualización del Programa

El coordinador del GBYP expuso una actualización del programa en la presentación SCRS/P/2024/011. Informó al Grupo sobre aspectos relevantes relacionados con la gestión del programa, en concreto los relacionados con la plataforma de financiación principal de la Agencia Ejecutiva Europea de Clima, Infraestructuras y Medio Ambiente (CINEA), y destacó la necesidad de alinear el plan de trabajo anual y las actividades del GBYP con la financiación anual disponible, tal y como fue adoptada por la Comisión. Además, presentó brevemente los avances por líneas principales de investigación (gestión de datos, índices de abundancia, marcado, estudios biológicos y modelación) de la fase 13 del GBYP, que se cerrará en julio de 2024.

El Grupo solicitó más información sobre los estudios para la determinación del stock de origen de los ejemplares capturados en el golfo de Vizcaya. Los responsables del estudio explicaron que desde hace algunos años se habían observado algunos cambios en la dinámica de los juveniles pertenecientes al stock oriental. Paralelamente se había observado la presencia de ejemplares de gran tamaño, que no se habían detectado anteriormente en la zona, lo que justificó la realización de un estudio *ad hoc* para determinar su origen.

También se planteó la posibilidad de reanudar el muestreo genético de atún rojo en las Islas Canarias y Marruecos, teniendo en cuenta que estudios anteriores habían detectado la presencia de individuos del stock de atún rojo occidental en estas zonas. Se informó al Grupo de que se está llevando a cabo el muestreo genético en la zona de las islas Canarias, y que el muestreo genético en Marruecos podría reanudarse en 2025 si se considera necesario. Embarcarse en el muestreo de CKMR permitiría abordar de forma aún más exhaustiva muchas de estas cuestiones relativas al stock genético de origen. Por último, se recordó que las muestras genéticas del mar de Levante estarían disponibles después de 2025.

7.3 Experto externo en marcado y recaptura de individuos estrechamente emparentados (CKMR)

El Dr. Ruzzante, contratado como asesor externo del Comité Directivo del GBYP para asuntos de CKMR, expuso la presentación SCRS/P/2024/026, que resumía los enfoques genómicos para la estimación de CKMR de la abundancia del stock de atún rojo del este. Presentó una revisión y síntesis de la bibliografía reciente sobre la genética del atún rojo del Atlántico, incluidos los resultados de Díaz-Arce *et al.*, (2023, 2024) que describen las características del chip de ADN desarrollada por AZTI. Se hicieron referencias a estudios publicados entre 2018 y 2022, la mayoría de los cuales describían diferencias genéticas entre el atún rojo del este y el atún rojo del oeste. A esto le siguió una descripción de los avances del proyecto de CKMR sobre el fletán en el Atlántico, que utiliza el chip de ADN *Illumina* con 4.000 marcadores polimorfismo de nucleótido único (SNP). A continuación, analizó el reciente trabajo publicado sobre atún rojo occidental junto con Davies *et al.*, 2024 sobre la epigenética de la determinación de la edad, y sugirió que un próximo paso importante para este enfoque sería encontrar una forma de ampliar el proceso de manera que sea económicamente viable para que se lleve a cabo de forma rutinaria a gran escala con objetivos de ordenación. Tras esto, se presentaron los datos genotípicos recibidos de la instalación de genotipado de chip de ADN, así como las distintas medidas adoptadas para el control de calidad. Se sugirió que una forma de avanzar en la compatibilidad entre el atún rojo del este y del oeste es que los dos grupos e instituciones implicados compartan un subconjunto de los SNP examinados en las dos plataformas diferentes. También se debatieron distintas formas de control de calidad y la necesidad de un protocolo claro de muestreo.

El Grupo reconoció que la presentación constituía un excelente resumen de la situación actual de las iniciativas relacionadas con el CKMR del stock de atún rojo del Atlántico. La presentación fue seguida de un debate centrado en gran medida en los pasos necesarios para que el intercambio de SNP sea efectivo.

Se planteó una pregunta sobre la identificación de POP en el estudio del fletán, concretamente por qué había un rango estimado cuando la ratio de verosimilitud indicaba que se distinguen bien POP de otros pares de parientes. El experto aclaró que, hasta que se pueda determinar la edad de los peces, la distribución observada puede incluir tanto pares de hermanos por parte de padre y madre como POP, y que la separación por edades permitiría determinar qué pares de ejemplares emparentados son específicamente progenitores y descendientes.

En la discusión, un participante con experiencia en CKMR utilizando tanto chips de ADN como DArT, señaló que, en su experiencia, ambos enfoques podrían ser exitosos para la búsqueda de parentesco en el CKMR, y que los enfoques de secuenciación de DArT también se ampliaron bien a grandes proyectos (por ejemplo, atún rojo occidental y atún rojo del sur). El ponente se mostró de acuerdo en que ambos enfoques pueden ser eficaces para la búsqueda de parientes. Dado que los planteamientos de DArT están patentados; se observó que, aunque es posible aplicar planteamientos similares en un laboratorio independiente, es difícil hacerlo con eficacia, especialmente con muestras de gran tamaño.

En cuanto a la ampliación de la determinación epigenética de la edad, un participante señaló que, al parecer, la determinación epigenética de la edad en general está empezando a estar disponible como servicio comercial ofrecido por al menos dos empresas, lo que implicaría que la cuestión de la ampliación puede abordarse. Aún no se conocen los costes, aunque en Davies *et al.*, 2024, se sugiere un límite máximo probable.

También se habló del contexto que motivó el desarrollo de un programa de CKMR para el fletán y se preguntó cuál era la abundancia final de fletán y cuánto tiempo se tardaría en obtener la estimación. El autor respondió que el contexto era que las estimaciones de evaluación de stock no eran precisas y que había interés en explorar la aplicación de métodos avanzados para otras especies cuya conservación o explotación preocupan, incluidos los mamíferos marinos. La estimación de la abundancia mediante CKMR aún no está disponible, pero se espera para el próximo año, teniendo en cuenta que se trata de un proyecto de cinco años. Para contextualizar el atún rojo, la evaluación de stock de fletán estima una población de 4 millones de adultos y la cuota para 2024 es de 4.927 t.

El asesor externo señaló que se esperaba que las fases de genotipado y búsqueda de parientes para el fletán estuvieran terminadas en los próximos 12 meses. El propio modelo de CKMR, necesario para analizar los resultados de búsqueda de parientes y producir estimaciones de abundancia, aún está en fase de desarrollo.

En cuanto al atún rojo, se recordó que si los marcadores son compartidos por distintos métodos de identificación del parentesco, los resultados serían comparables. También se hizo hincapié en que para poner en marcha en el futuro un estudio panatlántico de CKMR no es estrictamente necesario utilizar ahora los mismos métodos de genotipado en los estudios de CKMR para el atún oriental y occidental, sino que es crucial desarrollar protocolos estandarizados y bases de datos compatibles desde el principio.

Se planteó una pregunta sobre la disponibilidad del chip de ADN desarrollado por el consorcio del GBYP dirigido por AZTI. Se aclaró que esta matriz no fue desarrollada con fines comerciales, y que es posible compartirla, pero dado que en su desarrollo han participado diversas empresas e instituciones aún es necesario debatir entre los desarrolladores su uso por parte de terceros. No obstante, el Grupo acordó encontrar la manera de compartir con otros equipos el chip de ADN desarrollada en el marco del GBYP.

Se debatió la diferencia entre modificar el chip de ADN existente o desarrollar nuevas versiones. Se mencionó que es posible introducir pequeñas modificaciones en el chip de ADN, por ejemplo, añadir ADN mitocondrial. Sin embargo, modificaciones más amplias, como añadir muchos de los SNP utilizados en el estudio de CKMR de atún rojo occidental, requerirían el desarrollo de un nuevo chip de ADN, lo que tendría costes asociados y requeriría un tiempo considerable.

También se debatió la posibilidad de integrar los SNP utilizados para el CKMR de atún rojo oriental en la plataforma de genotipado del CKMR del atún rojo occidental. Esto parece técnicamente factible, pero habría que comprobar la coherencia de los genotipos de las dos plataformas. Se afirmó que el equipo del CKMR del atún rojo occidental está abierto y dispuesto a integrar esos SNP, con el fin de hacer ambos estudios totalmente compatibles, y avanzar en el enfoque panatlántico del CKMR. El asesor externo recomendó este enfoque como una posible solución para lograr la compatibilidad entre los programas de CKMR para el atún rojo oriental y occidental en el futuro. Aunque los participantes expresaron su deseo de encontrar formas de compartir los SNP, esto puede requerir la consideración de acuerdos de confidencialidad entre instituciones. El Grupo señaló que desearía que se estableciera un proceso que facilitara el intercambio de información y expresó su deseo de que este asunto pudiera conciliarse.

8. Camino a seguir

El Grupo creó la lista de tareas del Grupo de especies de atún rojo durante 2024.

Tareas de 2024

- Folleto de una página sobre beneficios y oportunidades del CKMR. *Responsabilidad:* Relatores del Grupo de especies de atún rojo
- Posibles estudios biológicos del GBYP para 2024. *Responsabilidad:* GBYP, *plazo:* diciembre de 2024.
 1. Adaptación del muestreo biológico existente para el CKMR y posibles ensayos del protocolo de CKMR para incluir la recogida de cortes de aletas, músculo y otolitos (comprobar los rangos de edades existentes).
 2. (Evaluación de hermandad a partir de larvas de Baleares y genotipado) y preparación de larvas de 2024 para posible genotipado (depende de la financiación).
 3. Evaluar si un reloj de edad epigenético derivado de tejido muscular funcionará con cortes de aletas o si será necesario derivar un nuevo reloj.
- Documento sobre las especificaciones técnicas de los protocolos de muestreo. *Responsabilidad:* Coordinador del CKMR, *plazo:* Borrador del proyecto antes del 15 de mayo, Proyecto antes de julio de 2024.
- Documento del SCRS sobre el plan de diseño estadístico completado para su presentación al Grupo de especies de atún rojo y al SCRS teniendo en cuenta los debates de la reunión para incluir cualquier ensayo de modelo adicional. *Responsabilidad:* Contratista, *Plazo:* julio de 2024
- Documento del SCRS sobre especificaciones de diseño para logística y análisis para el programa del CKMR para el atún rojo del este. *Responsabilidad:* Relatores de Grupo de especies de atún rojo, coordinadores de CKMR, contratistas y expertos externos, Comité directivo del GBYP. *Plazo:* septiembre de 2024.
 1. Gestión del proyecto
 2. Muestreo
 3. Genotipado
 4. Preservación de muestras y banco de tejidos
 5. Gestión de bases de datos
 6. Análisis estadístico y modelación
 7. Compatibilidad futura con el trabajo de desarrollo de individuos estrechamente emparentados existente (CKMR para el atún rojo del este y del oeste).
 8. Estimación de costes
- Términos de referencia para la convocatoria de ofertas *Responsabilidad:* GBYP¹, *Plazo:* septiembre de 2024.
 - a) CKMR plurianual completo con productos intermedios para aportar información al acondicionamiento de la MSE en 2027.
 - b) CKMR plurianual completo en un plazo ampliado no destinado a informar al acondicionamiento de 2027.
 - c) Proyectos individuales escalables para apoyar (a) o (b).
- Publicar convocatoria de ofertas para 2025. *Responsabilidad:* Secretaría².
- Iniciar el muestreo en 2025.

Compatibilidad con los programas genómicos existentes

Hasta la fecha, dos grupos han presentado trabajos de desarrollo sobre la creación de capacidades para el CKMR, el desarrollo de los métodos de identificación de stock y la búsqueda de parientes para el CKMR del atún rojo del este y del oeste y el desarrollo de modelos de CKMR, pero estos no son los únicos grupos que podrían llevar a cabo el CKMR o que han expresado su interés. En caso de que ICCAT se embarcara en el CKMR, probablemente lo haría a través de una convocatoria de ofertas, para la que la compatibilidad con los esfuerzos existentes y en curso sería un requisito, con el fin de mantener la continuidad de la información y basarse en el extenso trabajo de desarrollo realizado hasta la fecha.

Esta reunión se ha centrado en el CKMR para el atún rojo del este, por lo que es esencial la compatibilidad con los esfuerzos existentes llevados a cabo por el Consorcio GBYP y financiados por GBYP. Esto significaría poder utilizar los marcadores y muestras existentes para que no se produzca una pérdida de información, datos o conocimientos aprendidos a lo largo de varios años de trabajo de desarrollo.

¹ Pendiente de la recomendación del SCRS para seguir adelante.

² Pendiente de aprobación por la Comisión y de la obtención de la financiación necesaria.

Con el paso a un enfoque de procedimiento de ordenación que tenga en cuenta la dinámica de los stocks de atún rojo del este y del oeste, un programa panatlántico de parentesco estrecho también podría respaldar futuros procedimientos de ordenación basados en la genómica, de forma similar a como se han incorporado estos métodos en el MP de la Comisión para la Conservación del Atún Rojo del Sur (CCSBT). Un enfoque panatlántico, por ejemplo, que tenga en cuenta tanto el atún rojo del este como el atún rojo del oeste, sería deseable para apoyar el futuro desarrollo de MP y el acondicionamiento de la MSE, para realizar importantes economías de escala, así como y para proporcionar la capacidad de utilizar estas inferencias para abordar cuestiones científicas emergentes.

Aunque hubo consenso en cuanto a la idea anterior, se indicó que sería beneficioso definir cómo sería la "compatibilidad" del CKMR del atún rojo del este y del oeste. Dado que el CKMR del atún rojo del oeste se encuentra en un punto de inflexión en el que pasará de la fase piloto a una fase operativa y pasará de DArT-CAP a posiblemente un enfoque de secuenciación que sea más eficiente y similar a un chip de ADN, hay una serie de decisiones que tomar para el CKMR del atún rojo del oeste. Un participante implicado en el CKMR del atún rojo del oeste señaló que aún no se ha tomado una decisión sobre cómo será la fase "operativa" pero, dado este periodo de transición, sería óptimo lograr la compatibilidad con el genotipado de parentesco estrecho del atún rojo del este para que en el futuro pudieran ser un único programa integrado.

Cabe señalar que un "programa integrado" y la "compatibilidad" no implican necesariamente un "modelo de análisis integrado" que utilice todos los datos de atún rojo del este y de atún rojo del oeste juntos dentro de un único modelo. Los modelos de CKMR de atún rojo del este y de atún rojo del oeste separados son perfectamente capaces de proporcionar estimaciones de abundancia absoluta. La experiencia en otros lugares ha demostrado que es mejor empezar simplemente con el CKMR, para adquirir experiencia y aprender de las percepciones cualitativas que proporciona, por ejemplo, sobre cuestiones espaciales, y sólo más tarde pasar a incorporar más datos en un modelo integrado de tipo evaluación.

"Compatible" significa aquí que el genotipo de una muestra individual que se recoge y genotipa para su uso en un modelo de CKMR de atún rojo del oeste puede, en cambio, utilizarse directamente en un modelo de CKMR de atún rojo del este si dicha muestra resulta proceder de un pez del stock de atún rojo del este. Cabe destacar que la compatibilidad de los métodos de genotipado es deseable en aras de la eficacia, pero no absolutamente esencial, ya que en el peor de los casos una muestra podría simplemente genotiparse de nuevo utilizando el "otro" método si resulta ser de la "otra" población, incurriendo en un gasto adicional; sin embargo, la proporción de tales muestras, y por tanto el coste adicional, no sería grande en el contexto de un programa de CKMR de atún rojo del este a gran escala.

Lograr la compatibilidad del CKMR para el atún rojo del este y el atún rojo del oeste:

1. Genotipado separado pero con capacidad para compartir marcadores genéticos, y modelado separado.
 - a. Añadir marcadores DArT al chip.
 - b. Añadir marcadores de chip a un nuevo proceso DArT.
2. Genotipado conjunto, modelado separado
 - a. Esto podría implicar que el CKMR para el atún rojo del oeste pasará a utilizar el chip de ADN, reanalizando con el chip las larvas ya analizadas.
 - b. Desarrollo de un nuevo chip de ADN con ambos conjuntos de marcadores. (Cabe señalar que esto sería deseable en caso de que una entidad independiente se hiciera cargo del proyecto).
3. Modelado conjunto (opción futura)
 - a. Esto podría implicar un modelo conjunto de CKMR para el atún rojo del este y el atún rojo del oeste.
 - b. Todos los datos de genotipos existentes y anteriores seguirían existiendo, lo que permitiría que ésta fuera una tarea futura a más largo plazo.

9. Otros asuntos

Por falta de tiempo, no se presentó en la reunión el documento SCRS/2024/059 ni el cuestionario para los participantes en la MSE. El debate sobre este documento se pospuso hasta la reunión del Grupo de especies de septiembre de 2024. Este documento propone evaluar lo que ha funcionado y cómo podríamos mejorar el proceso de cara al futuro mediante una encuesta a los participantes en la MSE.

10. Adopción del informe y clausura

El informe se aprobó en su mayor parte durante la reunión, y una parte de la sección 2 se aprobó por correspondencia. Los presidentes del Grupo agradecieron a todos los participantes y expertos externos sus esfuerzos, así como al Departamento de pesca y acuicultura del Ministerio maltés de agricultura, pesca, alimentación y derechos de los animales por acoger la reunión y apoyar los trabajos. La reunión fue clausurada.

Referencias

- Anonymous. 2023. Report of the 2023 ICCAT GBYP Workshop on Atlantic bluefin tuna larval indices (hybrid/Palermo, 7-9 February 2023). ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol 80(9):1-24.
- Bridges, C.R., Nousdili, D., Kranz-Finger, S., Borutta, F., Schulz, S., Na'amnieh, S., Vassallo-Agius, R., Psaila, M. and Ellul, S. 2019. Tuna Ocean Restocking (TOR) pilot study - Sea-based hatching and release of Atlantic bluefin tuna larvae – theory and practice. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap. Vol. 76(2): 408-420.
- Davies C., Mayne B., Grewe P., Lloyd-Jones L., Potter N., Anderson C., Farley J, and Rodriguez-Marin E. 2024. Pilot study on epigenetic aging technique for age estimation of Atlantic bluefin tuna. ICCAT GBYP 02/2023. Final report.
- Díaz-Arce N., Rodríguez-Ezpeleta N., Artetxe-Arrate I., Zudaire I., Arrizabalaga H., and Fraile I. 2023. New genetic tools for Atlantic bluefin tuna monitoring. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 212-218.
- Díaz-Arce N., Gagnaire P-A., Richardson D.E., Walter III J.F., Arnaud-Haond S., Fromentin J-M., Brophy D., Lutcavage M., Addis P., Alemany F., Allman R., Deguara S., Fraile I., Goñi N., Hanke A.R., Saadet Karakulak F., Pacicco A., Quattro J.M., Rooker J.R., Arrizabalaga H., and Rodríguez-Ezpeleta N. 2024. Unidirectional trans-Atlantic gene flow and a mixed spawning area shape the genetic connectivity of Atlantic bluefin tuna. *Molecular Ecology* 33:e17188.
- McDowell, J.R., Bravington, M., Grewe, P.M. Lauretta M., Walter III J.F., Baylis S.M., Gosselin T., Malca E., Gerard T., Shiroza A., Lamkin J.T., Biesack E.E., Zapfe G., Ingram W., Davies C., and Porch C. 2022. Low levels of sibship encourage use of larvae in western Atlantic bluefin tuna abundance estimation by close-kin mark-recapture. *Sci Rep* 12, 18606. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20862-9>.
- Russo S., Torri M., Patti B., Musco M., Masullo T., Di Natale M.V., Sarà G., and Cuttitta A. 2022. Environmental conditions along tuna larval dispersion: Insights on the spawning habitat and impact on their development stages. *Water*, 14(10), 1568.
- Russo S., Torri M., Patti B., Reglero P., Álvarez-Berastegui D., Cuttitta A., and Sarà G. 2021. Unveiling the Relationship Between Sea Surface Hydrographic Patterns and Tuna Larval Distribution in the Central Mediterranean Sea. *Frontiers in Marine Science*, 8, 708775.
- Lino P.G., Abid N., I. Malouli M.I., Bensbai J., and Coelho R. 2023. Update of the standardized joint CPUE index for bluefin tuna (*Thunnus thynnus*) caught by Moroccan and EU-Portuguese traps for the period 2008-2022, using a Bayesian generalized liner model. ICCAT Col. Vol. Sci. Pap., Vol. 80(9): 151-166.
- Ottmann D., Langbehn T., Reglero P., Álvarez-Berastegui D., and Fiksen Ø. 2023. Model of mesopelagic fish predation on eggs and larvae shows benefits of tuna spawning under full moon. *Limnology and Oceanography*. 2023, 68 (12), 2632-2641. 10.1002/lno.12465

APPENDICES

Appendice 1. Ordre du jour.

Appendice 2. Liste des participants.

Appendice 3. Liste des documents et des présentations.

Appendice 4. Résumés des documents et présentations SCRS fournis par les auteurs.

APÉNDICES

Apéndice 1. Orden del día.

Apéndice 2. Lista de participantes.

Apéndice 3. Lista de documentos y presentaciones.

Apéndice 4. Resúmenes de documentos y presentaciones SCRS tal y como fueron presentadas por los autores.

Agenda

1. Opening, adoption of agenda and meeting arrangements
2. Close-kin Mark Recapture (CKMR) modeling
3. CKMR genetics
4. Sampling to support implementation of CKMR
5. Funding sources for CKMR
6. Abundance indices
7. GBYP Strategic directions
8. Path forward
9. Other matters
10. Adoption of the report and closure

List of participants^{1*}**CONTRACTING PARTIES****ALGERIA****Ouchelli, Amar ***

Sous-directeur de la Grande Pêche et de la Pêche Spécialisée, Ministère de la pêche et des productions halieutiques,
Route des quatre canons, 16000 Alger
Tel: +213 550 386 938, Fax: +213 234 95597, E-Mail: amarouchelli.dz@gmail.com;
amar.ouchelli@mpeche.gov.dz

Tamourt, Amira ¹

Ministère de la Pêche & des Ressources Halieutiques, 16100 Alger

CANADA**Duprey, Nicholas**

Senior Science Advisor, Fisheries and Oceans Canada, 200-401 Burrard Street, Vancouver, BC V6C 3R2
Tel: +1 604 499 0469, E-Mail: nicholas.duprey@dfo-mpo.gc.ca

EGYPT**Elsawy, Walid Mohamed**

Associate Professor, National Institute of Oceanography and Fisheries, 210, area B - City, 5th District Road 90,
11311 New Cairo
Tel: +201 004 401 399, Fax: +202 281 117 007, E-Mail: walid.soton@gmail.com

EUROPEAN UNION**Jonusas, Stanislovas**

Unit C3: Scientific Advice and Data Collection DG MARE - Fisheries Policy Atlantic, North Sea, Baltic and
Outermost Regions European Commission, J-99 02/38 Rue Joseph II, 99, 1049 Brussels, Belgium
Tel: +3222 980 155, E-Mail: Stanislovas.Jonusas@ec.europa.eu

Duflot, Melissa

Rue Joseph II 79, Brussels, Belgium
Tel: +623 127 449, E-Mail: melissa.duflot@ext.ec.europa.eu

O'Dowd, Leonie

European Commission DG MARE, Rue Joseph 99, 1000 Brussels, Belgium
Tel: +35 387 623 7109, E-Mail: Leonie.O'DOWD@ec.europa.eu

Álvarez Berastegui, Diego

Instituto Español de Oceanografía, Centro Oceanográfico de Baleares, Muelle de Poniente s/n, 07010 Palma de
Mallorca, España
Tel: +34 971 133 720; +34 626 752 436, E-Mail: diego.alvarez@ieo.csic.es

Arrizabalaga, Haritz

Principal Investigator, AZTI Marine Research Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Herrera Kaia
Portualde z/g, 20110 Pasaia, Gipuzkoa, España
Tel: +34 94 657 40 00; +34 667 174 477, Fax: +34 94 300 48 01, E-Mail: harri@azti.es

Artetxe-Arrate, Iraide

AZTI, Txatxarramendi ugarteia z/g, 48395, España
Tel: +34 667 181 302, E-Mail: irartetxe@azti.es

Bridges, Christopher Robert

Heinrich Heine University, Düsseldorf AG Ecophysiology, Institute for Metabolic Physiology: Ecophysiology /
TUNATECH GmbH Merowinger, C/O Tunatech Merowinger Pltz 2, 40225 Duesseldorf NRW, Germany
Tel: +4901739531905, E-Mail: bridges@hhu.de; christopher.bridges@uni-duesseldorf.de

* Head Delegate.

¹ Some delegate contact details have not been included following their request for data protection.

Chapela Lorenzo, Isabel

Centro Oceanográfico de Santander (COST-IEO). Instituto Español de Oceanografía, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IEO- CSIC), C/ Severiano Ballesteros 16, 39004 Santander Cantabria, Spain
Tel: +34 662 540 979, E-Mail: isabel.chapela@ieo.csic.es

Di Natale, Antonio

Director, Aquastudio Research Institute, Via Trapani 6, 98121 Messina, Italy
Tel: +39 336 333 366, E-Mail: adinatale@acquariodigenova.it; adinatale@costaedutainment.it

Díaz-Arce, Natalia

AZTI, Txatxarramendi Ugarteia z/g, 48395 Sukarrieta, País Vasco, Spain
Tel: +34 667 174 503, E-Mail: ndiaz@azti.es

Fernández Llana, Carmen

Instituto Español de Oceanografía (IEO), Consejo Superior de Investigaciones Científicas, C/ Corazón de María, 8, 28002 Madrid, Spain
Tel: +34 91 342 11 32, E-Mail: carmen.fernandez@ieo.csic.es

Fraile, Igaratza

AZTI-TECNALIA, Herrera Kaia Portualdea z/g, 20110 Pasaia, Spain
Tel: +34 946 574000, E-Mail: ifraile@azti.es

Gatt, Mark

Ministry for Agriculture, Fisheries, Food and Animal Rights Fort San Lucjan, Triq il-Qajjenza, Department of Fisheries and Aquaculture, Malta Aquaculture Research Centre, MRS 3303 Marsaxlokk, Malta

Grubisic, Leon

Institute of Oceanography and Fisheries in Split, Setaliste Ivana Mestrovica 63 - P.O.Box 500, 21000 Split, Croatia
Tel: +385 914 070 955, Fax: +385 21 358 650, E-Mail: leon@izor.hr

Jaranay Meseguer, María

Centro Oceanográfico de Santander (COST-IEO). Instituto Español de Oceanografía, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IEO-CSIC), C/ Severiano Ballesteros 16, 39004 Santander Cantabria, Spain
Tel: +34 942 291 716, E-Mail: maria.jaranay@ieo.csic.es

Liniers Terry, Gonzalo

Instituto Español de Oceanografía (IEO, CSIC), Calle Corazón de María 8, 28002 Madrid, Spain
Tel: +34 915 107 540, E-Mail: g7linierst@gmail.com

Lino, Pedro Gil

Research Assistant, Instituto Português do Mar e da Atmosfera - I.P./IPMA, Avenida 5 Outubro s/n, 8700-305 Olhão, Faro, Portugal
Tel: +351 289 700508, E-Mail: plino@ipma.pt

Maxwell, Hugo

Sci/Technical Officer, Marine Institute, Fisheries Ecosystems Advisory Services, F28EV18, Ireland
Tel: +353 894 836 530; 877 621 337, E-Mail: hugo.maxwell@marine.ie

Pappalardo, Luigi

Scientific Coordinator, OCEANIS SRL, Vie Maritime 59, 84043 Salerno Agropoli, Italy
Tel: +39 081 777 5116; +39 345 689 2473, E-Mail: luigi.pappalardo86@gmail.com; gistec86@hotmail.com; oceanissrl@gmail.com

Patrocinio Ibarrola, Teodoro

Instituto Español de Oceanografía-CSIC, 15001 A Coruña, Spain
Tel: +34 981 218 151, E-Mail: teo.ibarrola@ieo.csic.es

Pérez Torres, Asvin

CN-IEO-CSIC Centro Oceanográfico de Baleares, Muelle Poniente s/n, 07015 Palma de Mallorca, Islas Baleares, Spain
Tel: +34 680 835 535; +34 971 133 720, E-Mail: asvin.perez@ieo.csic.es

Quelle Eijo, Pablo

Titulado superior de Actividades Técnicas y Profesionales, Centro Oceanográfico de Santander (COST-IEO). Centro Nacional Instituto Español de Oceanografía (CN-IEO). Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), C/ Severiano Ballesteros 16, 39004 Santander, Cantabria, Spain
Tel: +34 942 291 716, Fax: +34 942 275 072, E-Mail: pablo.quelle@ieo.csic.es

Reglero Barón, Patricia

Centro Oceanográfico de las Islas Baleares, Instituto Español de Oceanografía, Muelle de Poniente s/n, 07015 Palma de Mallorca Islas Baleares, Spain
Tel: +34 971 13 37 20, E-Mail: patricia.reglero@ieo.csic.es

Rodriguez-Ezpeleta, Naiara

AZTI - Tecnalía /Itsas Ikerketa Saila, Txatxarramendi ugarte a z/g, 48395 Pasaia Gipuzkoa, Spain
Tel: +34 667 174 514, E-Mail: nrodriguez@azti.es

Rodríguez-Marín, Enrique

Centro Oceanográfico de Santander (COST-IEO). Instituto Español de Oceanografía (IEO). Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), C.O. de Santander, C/ Severiano Ballesteros 16, 39004 Santander, Cantabria, Spain
Tel: +34 942 291 716, Fax: +34 942 27 50 72, E-Mail: enrique.rmarin@ieo.csic.es

Rouyer, Tristan

Ifremer - Dept Recherche Halieutique, B.P. 171 - Bd. Jean Monnet, 34200 Sète, Languedoc Roussillon, France
Tel: +33 782 995 237, E-Mail: tristan.rouyer@ifremer.fr

Rueda Ramírez, Lucía

Instituto Español de Oceanografía IEO CSIC. C.O. de Málaga, Puerto pesquero s/n, 29640 Fuengirola Málaga, Spain
Tel: +34 952 197 124, E-Mail: lucia.rueda@ieo.csic.es

Seguna, Marvin

Chief Fisheries Protection Officer, Ministry for Agriculture, Food and Animal Rights Fort San Lucjan, Triq il-Qajjenza, Department of Fisheries and Aquaculture, Ghammieri Ingiered Road, MRS 3303 Marsa, Malta
Tel: +356 229 26918; +356 797 09426, E-Mail: marvin.seguna@gov.mt

Segvic-Bubic, Tanja

Institute of Oceanography and Fisheries, Setaliste I. Mestrovica 63, 21000 Split Splitsko-dalmatinska county, Croatia
Tel: +385 214 08044, Fax: +385 213 58650, E-Mail: tsegvic@izor.hr

Talijancic, Igor

Institute of Oceanography and Fisheries Split, Setaliste Ivana Mestrovica 63, 21000 Dalmatia, Croatia
Tel: +385 214 08047; +385 992 159 26, E-Mail: talijan@izor.hr

Tugores Ferrá, María Pilar

ICTS SOCIB - Sistema d'observació y predicció costaner de les Illes Balears, Moll de Ponent, S/N, 07015 Palma de Mallorca, Spain
Tel: +34 971 133 720, E-Mail: pilar.tugores@ieo.csic.es

JAPAN**Nakatsuka, Shuya**

Deputy Director, Highly Migratory Resources Division, Fisheries Resources Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency, 2-12-4, Fukuura, Kanazawa Kanagawa, 236-8648
Tel: +81 45 788 7950, E-Mail: nakatsuka_shuya49@fra.go.jp; snakatsuka@affrc.go.jp

Butterworth, Douglas S.

Emeritus Professor, Department of Mathematics and Applied Mathematics, University of Cape Town, Rondebosch, 7701 Cape Town, South Africa
Tel: +27 21 650 2343, E-Mail: doug.butterworth@uct.ac.za

Tsukahara, Yohei

Scientist, Highly Migratory Resources Division, Fisheries Stock Assessment Center, Japan Fisheries Research and Education Agency, 2-12-4, Fukuura, Kanagawa, Yokohama, Shizuoka Shimizu-ku 236-8648

Tel: +81 45 788 7937, Fax: +81 54 335 9642, E-Mail: tsukahara_yohei35@fra.go.jp; tsukahara_y@affrc.go.jp

Uozumi, Yuji

Advisor, Japan Tuna Fisheries Co-operation Association, Japan Fisheries Research and Education Agency, Tokyo Koutou ku Eitai 135-0034

MOROCCO**Abid, Nouredine**

Chercheur et ingénieur halieute au Centre Régional de recherche Halieutique de Tanger, Responsable du programme de suivi et d'étude des ressources des grands pélagiques, Centre régional de l'INRH à Tanger/M'dig, B.P. 5268, 90000 Drabed, Tanger

Tel: +212 53932 5134; +212 663 708 819, Fax: +212 53932 5139, E-Mail: nabad@inrh.ma

NORWAY**Nottestad, Leif**

Principal Scientist (PhD), Institute of Marine Research, Research Group on Pelagic Fish, Nordnesgaten 50, 5005 Bergen (P.O. Box 1870 Nordnes), 5817 Bergen, Hordaland county

Tel: +47 5 99 22 70 25, Fax: +47 55 23 86 87, E-Mail: leif.nottestad@hi.no

PANAMA**Vergara, Yarkelia**

Directora encargada de Cooperación y Asuntos pesqueros, Ministerio de Desarrollo Agropecuario, Autoridad de los Recursos Acuáticos de Panamá, Cooperación Técnica y Asuntos pesqueros Internacional, Edificio Riviera, Ave. Justo Arosemena, Calle 45 Bella Vista, 0819-02398

Tel: +507 511 6008 (ext. 359), E-Mail: yvergara@arap.gob.pa; hsfs@arap.gob.pa

Díaz de Santamaría, María Patricia

Delegada representante de la Industria, FIPESCA - Fundación Internacional de Pesca, Zona de Libre Proceso de Corozal, Edificio 297, Corozal

Tel: +507 378 6640; +507 657 32047, E-Mail: mpdiaz@fipesca.com

TUNISIA**Zarrad, Rafik¹**

Chercheur, Institut National des Sciences et Technologies de la Mer (INSTM)

TÜRKIYE**Mavruk, Sinan**

Cukurova University, Fisheries Faculty, 01330 Adana

Tel: +90 530 441 9904, E-Mail: smavruk@cu.edu.tr; sinan.mavruk@gmail.com

Yalim, Fatma Banu

Ministry of Agriculture and Forestry Mediterranean Fisheries Research Production and Training Institute, 07190 Antalya

Tel: +90 533 633 0801; +90 242 251 0585, Fax: +90 242 251 0584, E-Mail: fatmabanu.yalim@tarimorman.gov.tr

UNITED KINGDOM OF GREAT BRITAIN AND NORTHERN IRELAND**Righton, David**

Fisheries Scientist, Centre for Environment, Fisheries and Aquaculture Science (Cefas), Pakefield Road, Lowestoft, Suffolk NR33 0HT

Tel: +44 793 286 1575; +44 150 252 4359, E-Mail: david.righton@cefasc.gov.uk

UNITED STATES**Walter, John**

Research Fishery Biologist, NOAA Fisheries, Southeast Fisheries Science Center, Sustainable Fisheries Division, 75 Virginia Beach Drive, Miami, Florida 33149

Tel: +305 365 4114; +1 804 815 0881, Fax: +1 305 361 4562, E-Mail: john.f.walter@noaa.gov

Carruthers, Thomas

Blue Matter, 2150 Bridgman Ave, Vancouver Columbia V7P 2T9, Canada
Tel: +1 604 805 6627, E-Mail: tom@bluematterscience.com

Golet, Walter

School of Marine Sciences, The University of Maine/Gulf of Maine Research Institute, 350 Commercial Street, Portland, Maine 04101-4618
Tel: +1 207 228 1671, E-Mail: walter.golet@maine.edu

Huynh, Quang

Blue Matter Science, 2150 Bridgman Ave, North Vancouver V7P 2T9, Canada
Tel: +1 604 805 6627, E-Mail: quang@bluematterscience.com

Lauretta, Matthew

Fisheries Biologist, NOAA Fisheries Southeast Fisheries Center, 75 Virginia Beach Drive, Miami, Florida 33149
Tel: +1 305 209 6699, E-Mail: matthew.lauretta@noaa.gov

Poston, Will

1712 17th ST NW APT103, Washington, DC 20009
Tel: +1 202 577 8990, E-Mail: will@saltwaterguidesassociation.org

Weiner, Christopher

PO Box 1146, Wells, Maine 04090
Tel: +1 978 886 0204, E-Mail: chrisweiner14@gmail.com; cweiner@bluefincollaborative.org

OBSERVERS FROM NON-GOVERNMENTAL ORGANIZATIONS

FEDERATION OF MALTESE AQUACULTURE PRODUCERS – FMAP

Camilleri, Tristan Charles

Aquaculture Resources LTD, 157 Grand Central Offices, 1440 Valetta, Malta
Tel: +356 229 26900; +356 994 30518, E-Mail: tc@aquacultureresources.com

Galea, Justin

AquaBioTech Group, Central Complex Naggar Street Targa Gap, Mosta, MST 1761, Malta
Tel: +356 2258 4163; +356 996 50785, E-Mail: jug@aquabt.com

OTHER PARTICIPANTS

SCRS CHAIRMAN

Brown, Craig A.

SCRS Chairman, Sustainable Fisheries Division, Southeast Fisheries Science Center, NOAA, National Marine Fisheries Service, 75 Virginia Beach Drive, Miami, Florida 33149, United States
Tel: +1 305 586 6589, E-Mail: craig.brown@noaa.gov

EXTERNAL EXPERT

Baylis, Shane

CSIRO marine laboratories, Castray Esplanade, Battery Point, 7000 Tasmania, Hobart, Australia
Tel: +61 362 325 468, E-Mail: shane.baylis@gmail.com

Bravington, Mark

Estimark Research, 610 Huon Road, TAS 7004 South Hobart, Australia
Tel: +61 438 315 623, E-Mail: markb1@summerinsouth.net

Davies, Campbell Robert

Senior Research Scientist, CSIRO Ocean & Atmosphere, CSIRO Marine Laboratories, GPO Box 1538, 7001 Hobart, Tasmania, Australia; Tel: +61 362 325 044, E-Mail: campbell.davies@csiro.au

Druon, Jean-Noël

Joint Research Centre of the European Commission Maritime Affairs Unit, Via Fermi, 1 TP051, 21027 Ispra, VA, Italy

Tel: +39 0332 78 6468, Fax: +39 0332 78 9658, E-Mail: Jean-Noel.DRUON@ec.europa.eu

Grewe, Peter

CSIRO Division of Marine and Atmospheric Research, GPO Box 1538, 7000 Hobart Tasmania, Australia

Tel: +61 3 6232 5374, Fax: +61 3 6232 5000, E-Mail: peter.grewe@csiro.au

Lloyd-Jones, Luke

CSIRO, Data61, Ecosciences Precinct Dutton Park, 41 Boggo Rd, Dutton Park, 4102, Australia

Tel: +614 520 01500, E-Mail: luke.lloyd-jones@csiro.au

Mayne, Benjamin

CSIRO, 64 Fairway, 6009 Canberra, Australia

Tel: +61 893 336 150, E-Mail: benjamin.mayne@csiro.au

Parma, Ana

Principal Researcher, Centro para el Estudio de Sistemas Marinos, CONICET (National Scientific and Technical Research Council), Blvd. Brown 2915, U 9120 ACF Puerto Madryn, Chubut, Argentina

Tel: +54 (280) 488 3184 (int. 1229), Fax: +54 (280) 488 3543, E-Mail: anaparma@gmail.com; parma@cenpat-conicet.gob.ar

Ruzzante, Daniel

Graduate Coordinator, Department of Biology, Dalhousie University, 5856 Grant Street, Halifax, NS B3H 1C8, Canada

Tel: +1 902 802 1056, E-Mail: Daniel.Ruzzante@Dal.Ca

ICCAT Secretariat

C/ Corazón de María 8 – 6th floor, 28002 Madrid – Spain

Tel: +34 91 416 56 00; Fax: +34 91 415 26 12; E-mail: info@iccat.int

Manel, Camille Jean Pierre

Neves dos Santos, Miguel

Ortiz, Mauricio

Aleman, Francisco

Kimoto, Ai

Pagá, Alfonso

Tensek, Stasa

List of papers and presentations

Doc Ref	Title	Authors
SCRS/2024/053	Model-based sampling design for eastern bluefin tuna close-kin mark recapture	Bravington M., Fernandez C.
SCRS/2024/057	ABFT SNP array: A new genomic resource for Atlantic Bluefin tuna connectivity and CKMR studies	Diaz-Arce N., Rodriguez-Ezpeleta N.
SCRS/2024/058	Planning necessary revisions for updating some of the current CPUE data set aggregations and areas for the bluefin tuna (<i>Thunnus thynnus</i>)	Di Natale A., Garibaldi F.
SCRS/2024/059	MSE Poll regarding the MSE process	Walter J.
SCRS/P/2024/011	Updating on GBYP	Aleman F.,
SCRS/P/2024/013	Harvesting process of farmed Atlantic bluefin tuna in the Maltese islands	Galea J.
SCRS/P/2024/014	A summary of research activities conducted under the U.S. Bluefin Tuna Research Program (BTRP), 2015-2023	Ruiz D.
SCRS/P/2024/016	Design of a next-generation, multi-stock assessment for Atlantic bluefin tuna that incorporates close-kin mark recapture	Huynh Q., Carruthers T., Lauretta M., Walter J.
SCRS/P/2024/017	ABFT potential habitat: Monitoring the distribution of a healthy population at all time scales for management	Druon N.
SCRS/P/2024/019	ICCAT area tuna larval sampling update activities in 2023-2024	Alvarez-Berastegui D., Ingram G.W.
SCRS/P/2024/020	Western Med: Larval abundance indices and advances on the integration of environmental variability on monitoring bluefin tuna	Alvarez-Berastegui D., Martin-Quetglas M., Perez-Torres A., Tugores P., Casaucao A., Ottmann D., Reglero P.
SCRS/P/2024/021	Updated index of abundance, U.S. rod and reel 66-144cm (NOAA large pelagics survey)	Lauretta M.
SCRS/P/2024/022	Maltese tuna farms and the availability of genetic material for CKMR studies - An overview	Bridges C.R., Borutta F., Schulz S., Na'amnich S., Vassallo-Agius R., Psaila M., Ellul S.
SCRS/P/2024/024	Atlantic bluefin tuna biological sampling program northwest Atlantic USA	Golet W.
SCRS/P/2024/026	Genomic approaches for CKMR estimation of population abundance of East Atlantic bluefin tuna	Ruzzante D.

SCRS Documents and Presentations Abstracts as provided by the authors

SCRS/2024/053 - This report develops a spatially-explicit Close-Kin Mark-Recapture (CKMR) model suitable for Eastern Bluefin Tuna (EBFT), and uses it to investigate some sampling options (e.g., sample sizes by fishery, number of years, whether to preferentially subsample bigger or smaller fish, etc), to check what kind of precision might be achievable for quantities-of-interest (mainly, total abundance of adult EBFT) and by when.

SCRS/2024/057 - Studies on the Atlantic bluefin tuna population structure reject the previous assumed paradigm of two non-mixing genetically isolated populations, challenging the development of an infallible genetic stock identification method. Responding to the need for a tool that allow for cost-effective and time and space comprehensive monitoring of mixing and ecological dynamics of ABFT, we have developed a genotyping array including a total of 7K genomic markers, hereafter called ABFT-Array. This array is also a key tool for future Close Kin Mark Recapture studies as it also provides sex and kinship relationships. Applied to >1,700 samples, including replicates, fin and tissue samples as well as mock contaminations, we show the robustness of this newly developed genotyping tool which will be key for gathering further knowledge about ABFT population dynamics, as well as for imminent CKMR studies as it can provide sex and kinship information.

SCRS/2024/058 - After the progressive improvements and developments of BFT population studies (such as the CKMR proposal) and management tools (the first cycle of the MSE) made after many years of SCRS and GBYP meetings, it is now the right time for enhancing the data and the system, as it was discussed and agreed in previous BFT SG and MSE meetings. In particular, there are some combined data sets that should be disentangled and reassembled in a different manner by the Secretariat, the areas should be rearranged according to the existing scientific knowledge and the “one stock” approach should be explored and simulated. Some of these changes need time and effort and this should be duly planned. The purpose is to have a more comprehensive CKMR approach and an updated BFT MSE system, including at the best the scientific knowledge, taking into account all possible components.

SCRS/2024/059 - ICCAT’s SCRS has been tasked by the Commission to develop management procedures (MPs) through Management Strategy Evaluation (MSE) for many of the ICCAT-managed stocks. With the recent adoption of MPs for Northern Albacore and Bluefin tuna and ongoing MSEs for several other stocks, now is an ideal time to evaluate what has worked and how we could improve the process moving forward. To assist in this, the SCRS is embarking upon a poll of managers on three key aspects of MSE: Process, communication and stakeholder outreach. The SCRS would like to collect information to better inform how we carry out future MSEs and MP related processes. We hope to be able to identify effective approaches to stakeholder engagement to improve the overall degree of MSE-literacy for all participants in the process. All responses will be kept confidential and aggregated by region, not by CPC.

SCRS/P/2024/011 - GBYP coordinator informed the Group about relevant issues affecting the program management, focusing on the need of adapting it to the new scenario derived from the funding through European Climate, Infrastructure and Environment Executive Agency (CINEA), and stressing the importance of elaborating detailed annual work-plans and its corresponding budgets, as well of following them strictly once approved by the Commission. In addition, the recent progress in each of GBYP main lines of research (data management, abundance indices, tagging, biological studies and modelling), was presented.

SCRS/P/2024/013 - The annual GBYP sampling of Atlantic Bluefin tuna which takes place during the annual harvest of tuna farms, is crucial to obtain a sufficient sample size representative of the adult population for reliable stock assessments. The Maltese Islands represent a suitable location for sampling due to a relatively high density of farms which are located in the vicinity of major spawning grounds including the South-Central Mediterranean and South Tyrrhenian Sea, where the majority of adult individuals in Maltese farms are captured from. Harvesting takes place on a daily basis from October till January onboard reefer ships capable of harvesting approximately 30 to 70 tons daily, depending on the ship’s capacity. Biological sampling takes place simultaneously, where field scientists must quickly adapt to the swift pace of the harvesting crew, sequence of the processing line, deck layout and size; factors which vary between ships. This presentation provides insight into the fundamental steps taken during biological sampling onboard any harvesting ship, the challenges faced and the general field requirements for successful sampling.

SCRS/P/2024/014 - A review of best practices for natural mortality assumptions in tuna stock assessments was presented (SCRS_P_2024_012). To best align the natural mortality assumptions for Atlantic yellowfin tuna in the 2024 stock assessment, it was recommended to assume a maximum age estimate of 18 years old, with a commensurate estimate of base natural mortality equal to 0.3, based on the Hamel and Cope (2022) longevity estimator. The base estimate of 0.3 M was recommended as the median across fully selected ages, which can be considered age 2, 3, and 6-10 years old. To incorporate uncertainty around the base M, it was suggested to model M using a lognormal prior distribution with a CV=0.31, and potentially incorporate the full distribution in the stock assessment using Monte Carlo resampling. A Lorenzen function of M-at-age can be assumed to account for higher mortality at smaller sizes, modeled directly in SS3 to allow for model flexibility to alternative assumptions and consistent parameterization of M across trials.

SCRS/P/2024/016 - Previous stock assessments of Atlantic bluefin tuna have failed peer review due to the challenges of accounting for seasonal and spatial mixing of the Eastern and Western stock in separate models. We present a prototype of a multi-stock assessment (MARS) that integrates assumptions of stock composition and relative scale within a single model. The age-structured model fits to fishery catch, CPUE, and length composition similar to many tuna assessments, with additional requirements for stock composition and tag data to estimate spatial distribution of the two stocks. When available, close kin mark recapture data have the potential to inform stock size, natural mortality, and fecundity at age schedules. The MARS assessment R package will contain diagnostic functions, such as profiling and data weighting procedures, to facilitate review. Simulation testing is planned to evaluate simpler models, e.g., annual time-step model with fewer spatial strata than in the operating models used for the MSE.

SCRS/P/2024/017 - The potential habitat of bluefin tuna developed at the JRC (juveniles/adults, feeding centered on productivity fronts/spawning depending on mesoscale activity, relatively warm waters and low chlorophyll-a levels and stratification build up) was presented highlighting the possibilities for use in the standardization of abundance indices and in the parameterization of stock assessment (growth, recruitment). Differences between the potential and realized ecological niche were emphasized notably through the return of large ABFTs in the European Nordic Seas during 2012-2022 period and where no substantial change in potential habitat was observed compared to the period 2003-2011, advocating for a return associated to an increase of population size and a larger realized habitat due to an inter-species competition for food. Multi-decadal northward trends were, however, observed for the potential feeding habitat as well as regional longitudinal gains and losses in the Gulf Stream area. Similar northward changes in potential spawning habitat were also observed with decreasing occurrences in the South of GoM and Eastern Mediterranean Sea. Additional observation data (e-tagging and others) from the recent years will allow confronting the habitat model with increased population distribution (closer to the potential niche) and with possible improvement of the parameterization, notably of the spawning habitat in the three main areas (including the Slope Sea). This will lead to present actualized results in the next meeting in September 2024 pending the observation data availability. Updated information are available at: <https://sustainable-fisheries.ec.europa.eu/spatial-fish-habitat-and-fishing-effort/fish-habitat/>

SCRS/P/2024/019 - The presentation shows the state of the art related to the development of Bluefin tuna larval abundance index in the Western Mediterranean. The last update was presented in September 2023, which includes data up to 2022. Current research to reduce the uncertainties of the index are focusing on the role of hydrodynamics in the retention dispersion patterns in the Western Mediterranean and inclusion of new environmental variables in the standardization processes.

SCRS/P/2024/020 - The presentation reviews the activities carried on by the research groups monitoring tuna early life stages in the Mediterranean and in the West Atlantic. In the Mediterranean, the sampling programs are being reinforced from 2024 with samplings planned for Western, Central and Eastern Med. The groups are implementing standard methodologies and common strategies to increase the catchability, keeping also methods to monitor changes in abundance with methods applied traditionally in each spawning ground. The preservation of larvae in the different areas will consider using both ethanol and formalin, to ensure the possibility to develop genetic studies on the samples.

SCRS/P/2024/021 - Provided the updated index of abundance up to 2022 for the U.S. Rod and Reel for 66-144cm using the data by NOAA Large Pelagics Survey.

SCRS/P/2024/022 - Maltese Bluefin Tuna Farms represent a unique opportunity for sampling genetic material since they represent the concentration of a large biomass (> 12,000 tons) of adult bluefin tuna within a relatively small area defined by the numerous production sea cages placed into 2 major designated zones around Malta approximately 6 km offshore. The origin of catch of these fish, which is throughout the Mediterranean, is widely known through ICCAT documentation. This large biomass also represents a large spawning biomass that has an

unknown influence on the population genetics of this species. Throughout numerous projects on the domestication of bluefin tuna aquaculture it has been possible to collect large quantities of both eggs and larvae from around these production cages with samples available since 2019 until the present day. Recent experiments carried out in our laboratory have shown it possible to identify tuna sex even in the egg stage thereby demonstrating the ability to extract enough DNA from a single egg. This has been done in 96 well plates using simple extraction techniques. Since the hatching time of tuna eggs can be around 32 hours, there is no problem to obtain yolk sac larvae in this species. Obviously at harvesting of the mature adults, tissue samples / fin clips are available and we describe some of the methods which have been used successfully to provide uncontaminated samples that could be used for CKMR studies.

SCRS/P/2024/024 - The presentation introduced the fisheries dependent Atlantic Bluefin Tuna Biological Sampling Program (USA) in the northwest Atlantic. This research program has been supported by the US Bluefin Tuna Research Program, a competitive grants program designed to fill in critical information gaps for Atlantic bluefin tuna. The program focuses on sampling tissues that fill in life history gaps related to vital processes of this species including age, growth, stock structure, foraging ecology, reproductive biology, and the necessary samples for the close kin mark and recapture pilot program for the western ABFT stock. The sampling program focuses on the US commercial fishery, (>185 cm CFL) that targets larger individuals. Since its inception in 2010, the program has sampled and archived over 14,000 otoliths and ~15,000 muscle samples from fish landed between Maine and North Carolina. This includes rod and reel, purse seine, pelagic longline and harpoon fisheries. The program, on average, samples between 1,400->1,800 fish per year, about 20-25% of the commercial ABFT landings.

SCRS/P/2024/026 - This presentation summarized genomic approaches for CKMR estimation of population abundance of Eastern Atlantic Bluefin tuna, and contained a review and synthesis of the recent literature on the genetics of Atlantic Bluefin tuna. The author suggested that an important next step for this approach is to find a way to scale up the process in a way that it is economically feasible for it to be conducted routinely on a large-scale basis aiming management objectives.