

# APLICACIÓN DE HERRAMIENTA DE DISPERSIÓN LAGRANGIANA: UN CASO DE ESTUDIO EN LA GRAN BAHÍA DE COQUIMBO

Por: Sebastián Alonso Inzunza Carraco

Habilitación profesional presentada a la Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas de la Universidad de Concepción para optar al título profesional de Geofísico

> Octubre 2022 Concepción, Chile

Profesor Guía: Dr. Andrés Sepulveda

Comisión: Catherine Gonzalez, Alvaro Wilson

## AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer a todas y todos quienes de alguna forma me apoyaron para poder desarrollar esta tesis. En primer lugar, agradecer a mis padres por su infinito apoyo y amor. A mis hermanos por estar siempre cuando más lo necesitaba. A mis tías y tíos, primas y primos por la preocupación.

También agradecer a los miembros del Departamento de Geofísica, a los profesores por la gran labor educacional y al personal administrativo por permitir tener un agradable lugar de trabajo. En especial quiero agradecer al profesor Andres Sepúlveda por su sabiduría, por sus consejos y por ayudarme a creer en mis capacidades. Gracias a Catherine Gonzalez y Alvaro Wilson por ayudarme con sus conocimientos en biología marina y también por aceptar formar parte de mi comisión.

Finalmente agradecer a mis compañeros/as y amigos/as, gracias a sus risas y buenos momentos se hizo mucho más llevadera la vida universitaria.

### Resumen

Este estudio tiene por objetivo principal la caracterización lagrangiana de larvas virtuales en la zona de la Bahía de Coquimbo mediante aplicación de determinadas herramientas computacionales relacionadas con el estudio de la biofísica costera del mar. Para llevar acabo este propósito se utiliza la simulación hidrodinámica usando el modelo CROCO para caracterizar la zona de la gran bahía de Coquimbo mediante simulaciones climatológicas de alta resolución (dx = 1 km). Se utilizó la herramienta de dispersión lagrangiana OpenDrift implementando un modelo basado en el individuo (en inglés Individual Based Model o IBM) con el objetivo de estudiar la convergencia de los resultados de un set de simulaciones de este modelo en función del período de deriva de las larvas, y también en función de la cantidad de partículas liberadas. Mediante teoría de grafos se analizó cuantitativamente la relevancia de cada uno de los puntos de liberación, asociados a AMERB analizando la relación entre los orígenes y destino de las partículas y caracterizando patrones de circulación que impactan en la dispersión de las larvas virtuales. Los resultados del análisis de trayectorias primordialmente hacia el norte muestran la importancia de filamentos (28.9 °S) de surgencia y corrientes muy cercanas a la costa en la dispersión lagrangiana hacia el sur. Se concluye la necesidad de realizar simulaciones interanuales para estudiar el impacto de eventos, por ejemplo ondas atrapadas a la costa, en los patrones de conexión observados.

# Índice general

1.	Introducción	1
	1.1. Motivación y contexto	1
	1.2. Circulación oceánica en la zona de Coquimbo	3
	1.3. Objetivos	4
	1.4. Descripción del trabajo	5
2.	Metodología	6
	2.1. Modelo numérico CROCO	6
	2.1.1. Descripción de la simulación CROCO	8
	2.1.2. Forzante atmosférico WRF	11
	2.2. Dispersión Lagrangiana	12
	2.2.1. Modelo IBM	13
	2.2.2. Experimentos caso de estudio	14
	2.3. Análisis de Conectividad	15
	2.4. Teoría de Grafos	18
3.	Resultados	21
	3.1. Mecanismo de migración vertical diaria	21
	3.2. Distribución espacial	26
	3.3. Conectividad	27
	3.4. Análisis de medida de centralidad	35
4.	Discusión	48
5.	Conclusión	51
6.	Anexo	57
	A1. Validación	57

# Índice de tablas

A1.1.Amplitudes de Armónicos principales de la marea para 3 puntos dentro	
del dominio	61

# Índice de figuras

1.2.1.Mapa de la zona de estudio donde gran parte pertenece a la Gran Bahía de Coquimbo. El área abarca desde 30.7°S hasta los 28.4°S y de los 73.2°W hasta 70.6°W. Se muestran algunas localidades que destacan por su cercanía a puntos de liberación: Punta Lengua de Vaca (PLV), Tongoy, Guanaqueros, Coquimbo, La Serena, Caleta Hornos, Punta de Choros (PCH), Isla Chañaral y Huasco	4
<ul> <li>2.1.1.Grilla Arakawa-C horizontal discretizada (arriba) y Grilla Arakawa-C vertical discretizada (abajo).</li> <li>2.1.2.Batimetría de la simulación CROCO.</li> <li>2.1.3.Grilla Arakawa-C horizontal discretizada (izquierda) y vertical discretizada (derecha).</li> <li>2.2.1.Diagrama de flujo del procedimiento del modelo de dispersión lagrangiana.</li> <li>2.2.2.Ubicaciones de los puntos de liberación en la zona de estudio.</li> <li>2.4.1.Diagramas de grafos hipotéticos con cinco nodos que representan áreas conectadas: Grafo simple (arriba lado izquierdo); Grafo geodésico ponderado no dirigido (arriba lado derecho) y Grafo biofísico ponderado</li> </ul>	9 10 12 16 17
<ul> <li>3.1.1.Serie de tiempo de la migración vertical diaria (DVM) para una partícula con tasa de crecimiento y una PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a</li> </ul>	20
<ul> <li>una PLD de 30 días.</li> <li>3.1.2.Serie de tiempo de la temperatura (azul) y tasa de crecimiento (rojo) de una partícula con PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo ano designar en una partícula de liberación de 1 km y a una profundidad</li> </ul>	22
<ul> <li>de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días.</li> <li>3.1.3.Migración vertical en el tiempo para una partícula y una PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días</li></ul>	23 24
1	

3.1.4. Trayectoria de 10 partículas con mecanismo de DVM. Las partículas	
fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y	
a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a	
una PLD de 30 días.	25
3.2.1.Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD	
de 6 días (a) y 12 días (c); sin DVM activado para PLD de 6 días (b)	
y 12 días (d). La densidad está medida como el número de larvas en	
una determinada área, siendo este caso un radio de 3 km	28
3.2.2.Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD	
de 18 días (e) y 24 días (g); sin DVM activado para PLD de 18 días	
(f) y 24 días (h). La densidad está medida como el número de larvas	
en una determinada área, siendo este caso un radio de 3 km	29
3.2.3.Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD	
de 30 días (i); sin DVM activado para PLD de 30 días (j). La densidad	
está medida como el número de larvas en una determinada área, siendo	
este caso un radio de 3 km.	30
3.3.1.Matriz de conectividad con DVM activado para PLD de 6 días (a), 12	
días (c) y 18 días (e); sin DVM activado para PLD de 6 días (b), 12	
días (d) y 18 días (f). Escala de colores: porcentaje del total de larvas	
virtuales que llegan a un AMERB con respecto al número total de	
larvas virtuales liberadas que llegan a un AMERB.	33
3.3.2.Matriz de conectividad con DVM activado para PLD de 24 días (g) y	
30 días (i); sin DVM activado para PLD de 24 días (h) y 30 días (j).	
Escala de colores: porcentaje del total de larvas virtuales que llegan a	
un AMERB con respecto al número total de larvas virtuales liberadas	
que llegan a un AMERB	34
3.3.3.Diagrama de Sankey para una PLD de 6 días (a) con DVM activado y	
(b) sin DVM activado.	36
3.3.4.Diagrama de Sankey para una PLD de 12 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado $\ldots \ldots \ldots$	37
3.3.5.Diagrama de Sankey para una PLD de 18 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado $\ldots \ldots \ldots$	38
3.3.6.Diagrama de Sankey para una PLD de 24 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado $\ldots \ldots \ldots$	39
3.3.7.Diagrama de Sankey para una PLD de 30 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado $\ldots \ldots \ldots$	40
3.4.1.Betweennes Centrality para una PLD de 6 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la	
importancia como camino principal de una red y la intensidad de los	
nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad $\ldots$ .	43

$3.4.2. {\rm Betweennes}$ Centrality para una PLD de 12 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la	
importancia como camino principal de una red y la intensidad de los	
nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad $\ .\ .\ .$	44
3.4.3.Betweennes Centrality para una PLD de 18 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la	
importancia como camino principal de una red y la intensidad de los	
nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad $\ldots$ .	45
3.4.4.Betweennes Centrality para una PLD de 12 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la	
importancia como camino principal de una red y la intensidad de los	
nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad $\ldots$ .	46
3.4.5.Betweennes Centrality para una PLD de 30 días (a) con DVM activado	
y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la	
importancia como camino principal de una red y la intensidad de los	
nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad $\ldots$ .	47
A1.1.Topografía y batimetría (ETOPO1) sobre el dominio (izquierda)	
Batimetría representada por el modelo CROCO (derecha).	58
A1.2.Diagrama TS basado en los perfiles CTD virtuales en simulación	
CROCO para la sección sur (posiciones marcadas en color amarillo).	59
A1.3.Diagrama TS de los perfiles CTD medidos por IFOP	60
A1.4.Comparación de amplitudes de elevación para las componentes $M_2$	
(círculos azules) y $S_2$ (circulos rojos).	61

# Capítulo 1

# Introducción

### 1.1. Motivación y contexto

La compleja distribución espacial que tienen las poblaciones marinas dificultan labores de conservación y manejo de estos recursos (Brazeiro and Defeo, 1999; Hastings and Botsford, 2006). En Chile la principal medida de administración para el manejo de recursos bentónicos corresponde al régimen de Áreas de Manejo y Explotación de Recursos Bentónicos (AMERB). Las AMERB son áreas con derecho de explotación exclusiva para pescadores artesanales teniendo en cuenta un plan de manejo basado en la sustentabilidad de los recursos que hay en ella.

Comprender la conectividad de organismos bentónicos es fundamental para definir una escala adecuada de manejo de estos recursos. En este sentido podemos definir la conectividad como el intercambio de individuos mediante dispersión de larvas entre subpoblaciones locales (sitos de AMERB) donde esta dispersión depende de las corrientes marinas y también puede verse influenciada por la biología de la etapa larval (Pineda et al., 2007). Ahora bien, estudiar e identificar patrones de conectividad de una población es un desafió, puesto que la dispersión larval se ve tremendamente influenciada por la naturaleza estocástica del medio físico en que se desenvuelve (Siegel et al., 2008), y también por muchas propiedades biológicas de las larvas. En ese sentido, puede ser de mucha ayuda el uso de herramientas computacionales de modelación numérica que permitan representar los procesos físicos y biológicos relacionados a la conectividad de una población (Garavelli et al., 2014, 2016; Ospina-Alvarez et al., 2018, 2020; Blanco et al., 2019).

Diversos estudios han demostrado lo complejo de los mecanismos detrás de la dispersión larval. Por ejemplo, se ha demostrado que los patrones distribución de la dispersión de larvas tiene grandes variaciones y no son gaussianas, por lo que establecer un patrón de conectividad espacial es complejo (Siegel et al., 2003; Aiken et al., 2007). Estudios como el de Cowen et al., 2006 para el mar del Caribe muestra que no basta con el autoreclutamiento (larvas que se liberan y luego de derivar llegan al mismo área de origen) para sostener poblaciones, dándole importancia a las larvas provenientes del exterior.

Este trabajo surge de la inquietud de aprender a utilizar herramientas numéricas y poder aplicarlas en dispersión larval lagrangiana, configurando atributos biológicos en el modelo lagrangiano. Dentro de las muchas variables que influyen en la dispersión (como la densidad larval, fecha de dispersión, tasa de fecundación, etc) utilizaremos las siguientes:

- La duración de la larva pelágica (*Pelagic Larval Duration*; PLD) que es el tiempo en el que larva permanece en la columna de agua antes de morir o asentarse.
- La migración vertical diaria (*Diel Vertical Migration*; DVM) que es la conducta de natación que tienen algunas especies en la vertical de forma diaria, permaneciendo en superficie durante la noche y a cierta profundidad durante el día. Algunos organismos tienen estos estados en forma inversa.
- Tasa de crecimiento (*Growth Rate*; GR) de los organismos larvales que puede depender de la temperatura u otras variables ambientales.

Este estudio consta en analizar modelos, sin identidad en particular, con enfoque en el efecto de la duración de la larva pelágica y conductas de natación vertical. Existe una enorme diversidad de PLD en las especies que son recursos de AMERB, pero como estamos estudiando modelos sin identidad los valores de PLD a evaluar serán PLD de 6, 12, 18, 24 y 30 días, abarcando de esta forma todo el mes de simulación oceanográfica que utilizaremos. Específicamente los ejercicios constan en analizar el efecto que produce la DVM en la dispersión en cada escenario de PLD, haciendo la comparación con escenarios sin DVM. Además de hacer un análisis estadístico que pueda mostrar los lugares críticos en una red conectividad para cada escenario de larva virtual.

El medio oceánico que utiliza el modelo lagrangiano para dispersar larvas virtuales es una simulación oceanográfica resultante del proyecto "Simulaciones numéricas de la circulación costera usando el modelo CROCO para el estudio de la conectividad larval del recurso Loco (*Concholepas concholepas*) a lo largo de la costa chilena entre las regiones de Atacama y Valparaíso" 2019, asesoría técnica que realizó la empresa 3SE para el Instituto de Fomento Pesquero (IFOP). A continuación se describe la circulación oceánica costera de la zona de estudio.

### 1.2. Circulación oceánica en la zona de Coquimbo

La Gran Bahía de Coquimbo (GBC) o Sistema de Bahías de Coquimbo (Fig 1.2.1) se extiende aproximadamente entre Punta de Choros (PCH) a los 29°S al norte y Punta Lengua de Vaca (PLV) a los 30°S al sur, conteniendo un número de bahías más pequeñas (Tongoy, Barnes, Guanaqueros, La Herradura, Coquimbo y Los Choros) y limitando al este por la isobata 1000 m (Acuña et al., 1989). En esta zona la circulación atmosférica a gran escala se encuentra gobernada por el Anticiclón Subtropical del Pacífico Sur Oriental (APSO), localizado entre los 25° y 30°S y los 90° y 105°W alcanzando su influencia hasta los 38°S. La circulación atmosférica asociada al APSO da lugar a un viento sur y suroeste predominante, que genera eventos de surgencia a lo largo de la costa (Bakun and Nelson, 1991). Observaciones costeras han demostrado máximos de trasporte de Ekman y mezcla de superficie originados por el viento sur y suroeste para los meses de primavera y verano (Pizarro et al., 1994). Al sur de PLV a los 30.5°S se presenta un centro se surgencia con un claro ciclo estacional que es mas intenso en los meses de primavera y verano (Viviani, 1979; Fonseca and Farías, 1987), de esta forma a través de filamentos de surgencia bifurcados se contribuye con aguas frías ricas en nutrientes en la circulación costera de la zona (Moraga et al., 2001; Montecino and Quiroz, 2000; Montecino et al., 2006). Otro foco de surgencia importante se ubica en el limite norte de la GBC a los 29.5°S frente al ex vacimiento

de hierro El Tofo (Acuña et al., 1989; Moraga, 1996; Fonseca and Farías, 1987) donde se ha demostrado la generación de chorros de agua fría (Marín et al., 2003).



**Figura 1.2.1:** Mapa de la zona de estudio donde gran parte pertenece a la Gran Bahía de Coquimbo. El área abarca desde 30.7°S hasta los 28.4°S y de los 73.2°W hasta 70.6°W. Se muestran algunas localidades que destacan por su cercanía a puntos de liberación: Punta Lengua de Vaca (PLV), Tongoy, Guanaqueros, Coquimbo, La Serena, Caleta Hornos, Punta de Choros (PCH), Isla Chañaral y Huasco.

### 1.3. Objetivos

#### **Objetivo General**

 Aplicar herramientas computacionales necesarias para la simulación y análisis de una red de conectividad larval en un caso de estudio en la Gran Bahía de Coquimbo .

#### **Objetivos Específicos**

- 1. Conocer e integrar las diversas herramientas necesarias para el estudio de la conectividad larval.
- 2. Aplicar estas herramientas a un caso de estudio en la gran bahía de Coquimbo
- 3. Estudiar el efecto de la migración vertical diaria (DVM) para distintas duraciones de período larval (PLD)

### 1.4. Descripción del trabajo

Para llevar a cabo estos objetivo, se realizaron una serie de actividades que incluyen la revisión de estudios previos, simulaciones hidrodinámicas, simulaciones de modelos aplicado para distintas configuraciones y análisis de estadística avanzada. En ese sentido este trabajo consta de cinco capítulos, mostrando en la introducción (capitulo 1) la importancia de la modelación biofísica en la evaluación de una red de conectividad larval y por otro lado la dinámica oceanografía atmosférica que gobierna la zona de estudio. En el capítulo 2 se describen los modelos numéricos, herramientas y metodología que se aplican en este estudio. En el capítulo 3 se muestran los resultados de los experimentos con distintas configuraciones biológicas y el posterior análisis de sitios de importancia para una red de conectividad. En el capítulo 4 se discuten los resultados obtenidos y se contrastan con resultados de trabajos similares. Para finalizar en el capítulo 5, se describen las conclusiones obtenidas en este estudio además de plantear desafíos futuros.

# Capítulo 2

# Metodología

Para realizar este trabajo se utilizaron las simulaciones numérica oceanográficas existentes del modelo CROCO (*Coastal and Regional Ocean COmmunity model*). Estas simulaciones son de alta resolución y provienen de un anidamiento *off-line* obtenido de una simulación con dominio de Antofagasta hasta Valparaiso 2019. Luego con estas simulaciones hidrodinámicas implementamos un modelo lagrangiano para diferentes especies ficticias (PLD variable). Posteriormente mediante Teoría de Grafos hacemos un análisis de la conectividad potencial. A continuación se describe en detalle la metodología.

### 2.1. Modelo numérico CROCO

CROCO es un sistema de modelación hidrodinámica del océano construido a partir de ROMS (*Regional Ocean Modeling System*), particularmente la versión *AGRIF (Adaptative Grid Refinement in Fortran*; Penven et al., 2006). Un objetivo importante para CROCO (pendiente de ROMS\_AGRIF) es resolver escalas muy finas, especialmente en la zona costera, y sus interacciones con escalas más grandes. CROCO considera el fluido como incompresible y resuelve las ecuaciones primitivas considerando un océano de superficie libre, basándose en la aproximación de Boussinesq y por el balance vertical de momentum hidrostático (Shchepetkin and McWilliams, 2005; Marchesiello et al., 2003) y mediante el empleo de coordenadas

curvilíneas ortogonales en la horizontal y coordenadas  $\sigma$  en la vertical que siguen la topografía. Las ecuaciones resueltas por el modelo, expresadas en coordenadas cartesianas por simplicidad, son la ecuación de continuidad:

$$\overrightarrow{\nabla} \cdot \overrightarrow{\mathbf{v}} = \frac{\partial u}{\partial x} + \frac{\partial v}{\partial y} + \frac{\partial w}{\partial z} = 0$$
 (2.1.1)

la ecuación de balance de *momentun* meridional y zonal:

$$\frac{\partial u}{\partial t} + \overrightarrow{\nabla} \cdot (\overrightarrow{\mathbf{v}}u) - fv = -\frac{1}{\rho_0} \frac{\partial P}{\partial x} + \mathcal{F}_u + \mathcal{D}_u$$
(2.1.2)

$$\frac{\partial v}{\partial t} + \overrightarrow{\nabla} \cdot (\overrightarrow{\mathbf{v}}v) + fu = -\frac{1}{\rho_0} \frac{\partial P}{\partial y} + \mathcal{F}_v + \mathcal{D}_v$$
(2.1.3)

la ecuación de *momentum* en la vertical bajo aproximación hidrostática:

$$\frac{\partial P}{\partial z} = -\rho g \tag{2.1.4}$$

la ecuación de advección-difusión:

$$\frac{\partial C}{\partial t} + \vec{\nabla} \cdot (\vec{\nabla}C) = \mathcal{F}_C + \mathcal{D}_C \qquad (2.1.5)$$

y la ecuación no lineal de estado:

$$\rho = \rho(T, S, P) \tag{2.1.6}$$

con  $\overrightarrow{\mathbf{v}} = (u, v, w)$ , C es una variable escalar que representa temperatura (T), salinidad (S) o un trazador pasivo,  $\mathcal{F}$  términos de forzamiento y  $\mathcal{D}$  términos de difusión.

Las ecuaciones son discretizadas sobre una grilla tridimensional Arakawa-C (Fig. 2.1.1) teniendo para la horizontal las variables como superficie libre ( $\zeta$ ),  $\rho$ , T, S y trazadores pasivos evaluadas en el centro del pixel, y la velocidad (componente u y v) están ubicados en los bordes oeste/este y sur/norte de la celda, respectivamente. Para la componente vertical las ecuaciones se discretizan sobre una topografía variable utilizando coordenadas  $\sigma$ . Esto tiene como resultado que cada pixel de la grilla puede tener un grosor de nivel (Hz) y volumen diferentes. Las variables de estado se encuentran escalonadas en la vertical de modo que el momentum horizontal (u,v),  $\rho$ ,

T, S y trazadores pasivos se ubican en el centro del pixel de la grilla. La velocidad vertical  $(\Omega, w)$  y las variables de mezcla vertical se encuentran en las caras inferior y superior del pixel.

Los parámetros de configuración de este modelo fue gestado en el marco del proyecto antes descrito.

#### 2.1.1. Descripción de la simulación CROCO

El modelo se ejecutó con el objetivo de simular la circulación climatológica sobre un dominio que cubre una gran parte del Sistema de Corrientes Perú-Chile (21°S hasta 34°S y 75°O hasta la costa chilena) entre las ciudades de Antofagasta y Valparaiso con una resolución espacial de 5 km. Posteriormente se hizo un anidamiento *off-line* mediante el paquete ROMS-to-ROMS (Mason et al., 2010) para la zona de la GBC generando un grilla de resolución espacial de 1/60° que es aproximadamente 1km. Es ésta simulación la que se utiliza para este trabajo. La mascara de grilla obtenida para la región de estudio se ubica entre los 30.7°S hasta los 28.4°S y de los 73.2°W hasta 70.6°W teniendo dimensiones 155x167 píxeles de latitud vs longitud y 32 niveles verticales  $\sigma$ . Además se genera una linea de costa de alta resolución y se aplica un suavizamiento en la topografía, impidiendo de esa forma tener problemas con la configuración de los niveles verticales  $\sigma$ . En la Fig 2.1.2 se observa la batimetría utilizada por el modelo.

La simulación fue forzada superficialmente por forzantes atmosféricos de viento y climatología dados por la fuente de datos COADS05 (Comprehensive Ocean/Atmosphere Data Set; da Silva et al., 1994), empleándose a un paso de tiempo de 30 días representando una variación anual. El paso de tiempo de la simulación fue de 10 s, y los niveles verticales fueron ordenados usando los siguientes parámetros para función de coordenada vertical: theta\_s = 7, theta\_b = 2, hc = 200 m.



**Figura 2.1.1:** Grilla Arakawa-C horizontal discretizada (arriba) y Grilla Arakawa-C vertical discretizada (abajo).



Figura 2.1.2: Batimetría de la simulación CROCO.

#### 2.1.2. Forzante atmosférico WRF

Fue ejecutado el modelo atmosférico WRF (*Weather Research and Forecasting*) configurado con el fin de estudiar la influencia del viento en la dispersión de las larvas de loco en la zona del Sistema de Bahías de Coquimbo. WRF es un modelo numérico de la atmósfera (Skamarock and Klemp, 2008) cuyo objeto es la predicción y simulación del tiempo atmosférico para investigación y fines operativos. WRF ha sido desarrollado de forma colaborativa por NCAR (*National Center for Atmospheric Research*), la NCEP (*National Centers for Environmental Prediction*) y la ESRL (*Earth System Research Laboratory*), entre otras organizaciones e instituciones y la participación de la comunidad científica.

WRF contiene dos formas de cálculo de las ecuaciones que gobiernan la atmósfera. En este trabajo se hizo el uso de la versión ARW (*Advanced Research WRF*) enfocado mas en el área de investigación en comparación al NMM (*Nonhydrostatic Mesoscale Model*) que actualmente se utiliza para el pronostico y seguimiento de huracanes HWRF (Hurricane WRF).

El sistema WRF-ARW es un modelo no hidrostático, lo que permite el movimiento libre de las parcelas de aire en la componente vertical y además considera el fluido compresible. Las variables son organizadas y discretizadas en una grilla Arakawa-C (Fig. 2.1.3) al igual que el modelo CROCO, donde las componentes de velocidad horizontal (u,v) y vertical (w) se ubican en el punto medio de cada arista que tiene la cuadricula. La componente u y v se sitúan en dirección oeste-este y norte-sur respectivamente, w en la vertical y en el centro de cada pixel se ubican variables de balance de masa, termodinámicas, escalares entre otros. Al correr la simulación los cálculos se posicionan en cada uno de los vértices del pixel a una distancia  $\Delta x$  y  $\Delta y$ equidistantes al punto, definiendo de esta forma la resolución espacial horizontal del modelo. En la componente vertical la distancia entre niveles  $\sigma$  varia dependiendo de la profundidad, por lo que los cálculos no son equidistantes.

Las simulaciones fueron realizadas para los meses de Junio a Diciembre de 2010, con un dominio anidado de alta resolución (celdas de 1 km) en la zona comprendida entre los 28-31°S y 73-70°W de forma de cubrir el dominio anidado de CROCO, que tiene la misma resolución espacial.

Se hizo la validación de ambos modelos y en este trabajo se hizo la validación de la marea del modelo CROCO (Anexo A1).



Figura 2.1.3: Grilla Arakawa-C horizontal discretizada (izquierda) y vertical discretizada (derecha).

### 2.2. Dispersión Lagrangiana

Para el desarrollo del modelo de dispersión lagrangiana se utiliza la herramienta OpenDrift (Dagestad et al., 2018) que es un entorno de trabajo de código abierto basado en Python para la modelación de aplicaciones lagrangianas. Éste modelo está siendo desarrollado por el Norwegian Meteorological Institute con colaboración de la comunidad científica. El entorno de trabajo es genérico y modular, y está diseñado para usarse en cualquier tipo de cálculos de deriva en el océano o incluso en la atmósfera. El entorno de trabajo permite el uso de un número no especificado de campos de forzamiento (escalares y vectoriales) de diversas fuentes. Un módulo específico dentro de OpenDrift corresponde a un modelo de partículas de Lagrange. Se han desarrollado varios módulos, incluido un módulo de deriva de petróleo, un módulo estocástico de búsqueda y rescate, un módulo de larvas pelágicas y un módulo básico para la deriva atmosférica. A continuación se describe un modelo con la inclusión de dos atributos biológicos como son la tasa de crecimiento (GR) relacionado con el mecanismo de migración vertical diaria (DVM). Posteriormente se describe el paso a paso de las simulaciones del caso de estudio, donde se tiene un *script* de Python para cada caso. Estos *script* llaman a un modelo lagrangiano que tiene mecanismo de DVM.

#### 2.2.1. Modelo IBM

Los modelos basados en individuos (*Individual-Based Model*; IBM) simulan el comportamiento de poblaciones o subpoblaciones. En este trabajo mediante OpenDrift se desarrollo un modelo IBM. Se utiliza OceanDrift un modulo para el seguimiento de partículas o trazadores pasivos, correspondiente con el comportamiento de las larvas virtuales.

Para la función de la GR se sigue lo propuesto por Garavelli et al., 2016 donde se utiliza la siguiente relación entre la PLD con la temperatura del mar:

$$\ln(PLD(T)) = \beta - 1.34 * \ln\left(\frac{T}{15}\right) - 0.28 * \left(\ln\left(\frac{T}{15}\right)\right)^2$$
(2.2.1)

con parámetro  $\beta = 4.587$  determinado bajo condiciones de laboratorio. Luego para desarrollar el modelo de crecimiento se transforman los valores de PLD obtenidos con la ecuación 2.2.1 a valores de GR asumiendo un crecimiento lineal desde los 250  $\mu$ m hasta los 1900  $\mu$ m (Manríquez et al., 2004) que son valores típicos para el molusco loco y en este trabajo se utilizó de forma funcional a la larva virtual ficticia:

$$GR(T) = (1900 - 250)/PLD(T)$$
(2.2.2)

Estos tamaños se toman a modo de ejemplo, y deben cambiar dependiendo del organismo larval. Luego en el IBM para cada paso de tiempo (en este caso  $\Delta t = 1$  hr) se calcula un valor GR que va a depender de la temperatura en el cual se ubique la partícula derivando en la simulación CROCO, de este modo se va actualizando el tamaño de la larva (L):

$$L_{t+\Delta t} = L_t + GR(T) * \Delta t \tag{2.2.3}$$

Para el caso de la DVM esta característica se incluye en el IBM como una función que se llama en cada paso de tiempo, actualizando de esta forma la posición en la vertical de cada partícula. El valor de la rapidez de nado depende del tamaño de la larva el cual debe estar en metros. Podemos definirlo como

$$V_{swim} = f * L/1000 \tag{2.2.4}$$

donde f es un factor constante. Luego podemos obtener la distancia recorrida por la partícula en una hora como:

$$d_{mig} = V_{swim} * \Delta t \tag{2.2.5}$$

con  $\Delta t$  en segundos. La dirección se programa mediante una condición: para cualquier hora menor a las 12 del medio día la larva nada hacia abajo y el resto del día nada hacia arriba, teniendo con esta configuración una simplificación de la DVM presente en la mayoría de organismos que presentan migración vertical.

#### 2.2.2. Experimentos caso de estudio

En este apartado se explica la forma en que se ejecutan los experimentos para el caso de estudio. Se tiene que tener en cuenta que con el mecanismo de DVM las partícula oscilan de forma constante en profundidad a través del tiempo, esto quiere decir que no hay una variable que modifique la velocidad de nado de las partículas en la vertical.

En la Fig. 2.2.1 se muestra el método que sigue el modelo lagrangiano aplicado a este trabajo, el cual se ejecuta en un *script* de python (Anexo ??), y que se describe a continuación. El primer paso es importar el IBM y las variables de la simulación CROCO, o variables de entorno, que nos entrega el medio por el cual se van a dispersar las larvas y variables que llamaremos en el IBM. Lo siguiente, es ajustar las configuraciones que tiene cada caso de simulación como son la PLD, la cantidad de puntos de lanzamiento, el número de partículas que se lanzan en cada punto, el radio de liberación y el rango de profundidad de la liberación de las larvas. A continuación se ajustan la frecuencia y el periodo de liberación de larvas. Lo siguiente, es ajustar la forma de como se van a liberar (*seeding*), teniendo en este caso un *seeding* en las 25

posiciones una por una (Fig 2.2.2). Después de la importación, la configuración, y el *seeding* de partículas comienza la simulación del modelo llamando al método *run*. Aquí se inicia el bucle principal. En cada paso de tiempo, se obtienen desde la simulación CROCO las variables de entorno y se interpolan en la posición de las partículas liberadas. Luego se llama a las funciones propias del IBM para mover las partículas y actualizar las propiedades adicionales de estas. Lo siguiente es una evaluación del cumplimiento de la PLD, en donde si se cumple se desactiva la partícula. Luego se ordena en una matriz las posición inicial y final, la fecha inicial y final y el *status* de cada partícula si esta cumple la PLD. Se continua con la liberación de partículas, en posiciones una por una y con la determinada frecuencia de liberación hasta que estás ultima lanzadas cumplan con su PLD. Finalmente se guarda la posición inicial y final, la fecha inicial y final y el *status* de todas las partículas en un archivo de texto como salida.

### 2.3. Análisis de Conectividad

Una de las herramientas que se utilizan para estudiar los patrones espaciales del comportamiento larval es la conectividad entre sitios de liberación. En este estudio, se utiliza la matriz de conectividad entre áreas de origen y destino. Los elementos de la matriz representan el porcentaje de larvas que se lanzan desde las AMERB (puntos de origen) ordenadas en columnas, que se establecieron en las AMERB (puntos de destino) ordenadas en filas. Para determinar si una partícula llega al punto de destino se considera un radio de 3 km alrededor de cada AMERB. Con este tipo de matriz se puede obtener el porcentaje de autorreclutamiento, mediante los valores de los elementos diagonales de la matriz de conectividad. Se ejecuta un script de Matlab (Anexo ??)para obtener las matrices de conectividad en cada caso de PLD distinto, donde los valores se entregan en porcentaje para una mejor comparación entre los casos.



Figura 2.2.1: Diagrama de flujo del procedimiento del modelo de dispersión lagrangiana.



Figura 2.2.2: Ubicaciones de los puntos de liberación en la zona de estudio.

### 2.4. Teoría de Grafos

La teoría de grafos es el estudio matemático de las propiedades de una red o sistema de elementos. Los elementos de esta red se modelan como 'vértices' o 'nodos' (*nodes*) y las conexiones o enlaces entre estos nodos se denominan 'aristas' o 'arcos' (*edges*). Los nodos y aristas pueden tener características tanto cuantitativas como cualitativas. En nuestro caso el grafo es la red que configuran las AMERB siendo cada uno un nodo distinto y los enlaces que los une sería la conexión origen-destino de cada partícula que llega cerca de un AMERB producto de la dispersión lagrangiana (Dale and Fortin, 2010). También se considera un radio de 3 km de cercanía para determinar si la partícula llega o no a destino .

Debemos identificar las propiedades que deben tener los nodos y sus enlaces de forma de representar de mejor manera la red de AMERB. Como podemos observar en la Fig 2.4.1 un grafo simple se compone de nodos y aristas sin ninguna característica particular, donde las posiciones de los nodos tampoco tendrían significado. Un poco más cercano a nuestro caso se encuentra una red geodésica ponderada y enlaces no dirigidos, esto quiere decir que los nodos tienen determinada posición geográfica, por lo tanto, se puede evaluar la importancia o transcendencia de cada nodo (peso) dependiendo de la suma de cada distancia que tenga un nodo con los demás. Los enlaces tienen un peso que depende de la distancia entre pares de nodos, sin ningún tipo de dirección. El grafo más representativo para nuestro estudio seria un red biofísica dirigida y ponderada. En este caso los nodos también tienen asignada una posición geográfica, y las corrientes oceánicas ejercen influencia sobre la direccionalidad y el peso de los nodos y bordes, sin embargo, las condiciones biológicas como la DVM determinan los nodos y enlaces que son más importantes para sostener la red de conectividad.

En este sentido se aplicó teoría de grafos para medir cuantitativamente la importancia de los nodos y enlaces y ver cuál de todos ellos son los más críticos de la red, esto quiere decir que son importantes para sostener la red de conectividad de las AMERB. Se utiliza la medida *Betweenness Centrality* (BC) que se define como el número de caminos mas cortos que pasan por un nodo o enlace en una red de conectividad. En cuanto a los nodos esta medida es una forma de detectar la cantidad de influencia que tiene un nodo sobre la dispersión de partículas en un red de conectividad larval. Para los enlaces esta medida nos dice cuáles enlaces representan a un conector similar a un puente entre dos partes de una red, en otras palabras, cómo se ve afectada la conexión entre muchos pares de nodos si se eliminaran estas conexiones a través de los caminos mas cortos entre ellos. En ese sentido los enlaces con alto valor de BC se dirige o sale de un nodo con alto valor de BC. En ese sentido se evalúa la red de conectividad con diferentes PLD con DVM o con deriva pasiva y se comparan los casos.

Para obtener la medida de *Betweenness Centrality* se utilizó un *script* en R en el cual se calcula la cantidad de caminos mas cortos que pasan por los nodos y enlaces, asignándole una puntuación a cada uno de ellos que está normalizado para un mejor análisis de los resultados.



**Figura 2.4.1:** Diagramas de grafos hipotéticos con cinco nodos que representan áreas conectadas: Grafo simple (arriba lado izquierdo); Grafo geodésico ponderado no dirigido (arriba lado derecho) y Grafo biofísico ponderado dirigido (abajo).

# Capítulo 3

# Resultados

### 3.1. Mecanismo de migración vertical diaria

La DVM influenciada por la GR se representa en la Fig. 3.1.1 donde se puede observar como la DVM aumenta poco a poco a medida que pasa el tiempo producto del aumento de tamaño de la larva virtual en el tiempo. Si bien estos aumentos de DVM parecen constantes en realidad no lo son ya como podemos observar en la Fig. 3.1.2 va a depender de la temperatura del mar por donde esté moviéndose la partícula, que como podemos notar en el ejemplo, la temperatura tiende a la baja debido a que se mueve alejándose de la costa. En este sentido podemos notar una relación de proporcionalidad desfasada entre la temperatura y la tasa de crecimiento, esto quiere decir, que para temperaturas mas altas, como las cercanas a la costa o en términos latitudinales en la zona norte, se esperaría un crecimiento mas rápido. Para este ejemplo, como el orden de magnitud es  $10^{-4}$  en las variaciones de GR, finalmente no se ejerce mayor diferencia en el aumento de la DVM.

Para la DVM implementada en el IBM del caso de estudio, se observa como las partículas como del ejemplo en Fig. 3.1.3 tiene un movimiento constante en la vertical. Es importante mencionar que la velocidad de nado de la larva está estipulada como una constante de 2 m/s que se puede considerar una magnitud promedio para larvas.

Podemos observar las trayectorias de larvas dispersadas con el modelo IBM del caso



**Figura 3.1.1:** Serie de tiempo de la migración vertical diaria (DVM) para una partícula con tasa de crecimiento y una PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días.



**Figura 3.1.2:** Serie de tiempo de la temperatura (azul) y tasa de crecimiento (rojo) de una partícula con PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días.



**Figura 3.1.3:** Migración vertical en el tiempo para una partícula y una PLD de 6 días. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días.

de estudio en la Fig. 3.1.4. En este ejercicio se lanzaron 10 partículas, dentro de un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m, para una PLD de 30 días. Podemos observar que pese a ser lanzadas en un radio acotado algunas larvas tuvieron trayectorias muy distintas con rangos aproximado de DVM de 0 a 30 m de profundidad.



**Figura 3.1.4:** Trayectoria de 10 partículas con mecanismo de DVM. Las partículas fueron lanzadas en un solo punto con un radio de liberación de 1 km y a una profundidad de 20 m. El tiempo que derivaron corresponde a una PLD de 30 días.

### 3.2. Distribución espacial

Se presenta la distribución espacial de las larvas con DVM activado y sin DVM para la PLD de 6 y 12 (Fig. 3.2.1), 18 y 24 (Fig. 3.2.2) y 30 días (Fig. 3.2.3). La distribución espacial se visualiza mediante densidad de larvas, donde se hizo el cálculo de partículas por área con radio 3 km. Se puede ver que en general la distribución espacial son similares entre caso con y sin DVM. Se puede observar que en general las partículas están concentradas cerca de las AMERB tanto para casos con y sin DVM. Dada la alta concentración que presenta el AMERB 25 que se encuentra en el limite norte del dominio, se puede interpretar como una convergencia obligada por el limite de la simulación numérica. De este modo las partículas que se establezcan en este AMERB se pueden considerar como partículas perdidas. Si bien en general se tiene los *peak* de densidad mas altos en el AMERB 25, en el AMERB 21 (28.8°S) al sur de Huasco se tiene una alta densidad de partículas, en general mas presente en los casos sin DVM. También en general se destaca la densidad cercana a cero para todos los casos en el AMERB 11, que queda en uno de los islotes frente a Caleta Hornos. Además se puede apreciar en general una menor densidad de partículas a lo largo de toda la costa para los caso con DVM, esto quiere decir que combinados el autoreclutamiento y el flujo de larvas quedan en la costa un menor número de larvas para los casos con DVM que los casos sin DVM.

De forma larvar para la configuración de PLD de 6 días se tiene densidades mas bajas en las AMERB a los largo de la costa para el caso con DVM (Fig. 3.2.1a) en comparación al caso sin DVM (Fig. 3.2.1b, incluso se tiene puntos de lanzamiento con densidades cercanas a cero en PLV, mas precisamente en AMERB 4 y 5, y otro punto entre Guanaquero y Tongoy, en el AMERB 6. En la zona norte fuera de la GBC si bien se comparte una alta densidad en ambos casos en el AMERB 21, para el caso con DVM la densidad al sur de este punto, en la zona de la Reserva Pingüino de Humboldt, es menor la densidad para el caso con DVM.

Para PLD de 12 días se tienen dos *peak* de densidad, uno para el caso con DVM (Fig. 3.2.1c) en el AMERB 25 y otro en el caso sin DVM (Fig 3.2.1d) en el AMERB 20 (28.85°S). Se repite las densidades bajas en caso con DVM en AMERB 4, 5 y 6

y también en zona de la reserva de Pingüino de Humboldt. Para el caso sin DVM también se repite la alta densidad al norte de isla Chañaral.

Se puede destacar para PLD de 18 días caso con DVM (Fig. 3.2.2e) en general una distribución de partículas muy similares en todas las AMERB pero ligeramente mas bajas que caso sin DVM (Fig. 3.2.2f). También en ambos casos se puede apreciar una alta densidad en AMERB 21 y el caso con DVM una ligera menor densidad cerca de Caleta Chañaral de Aceituno en el AMERB 17. Además se puede apreciar una mayor pérdida de partículas en comparación a las configuraciones anteriores, como se puede notar en los limites norte y oeste del dominio.

Para PLD de 24 días tenemos una distribución de partículas muy similar para caso con DVM (Fig. 3.2.2h) que caso sin DVM (Fig. 3.2.2g) y similares a la configuración de 18 días, con un *peak* en AMERB 21 y una menor densidad cerca de caleta Chañaral. También se aprecia pérdida de partículas en el borde oeste y norte del dominio, un poco mas denso que configuraciones anteriores.

Para PLD de 30 días caso con DVM (Fig. 3.2.3i) se tiene en general densidades medianamente por debajo que el caso sin DVM (Fig. 3.2.3j). Lo anterior se observa en la nula presencia de partículas cerca de AMERB 4 y 5, o la baja densidad en AMERB 6, 7, 8 y las AMERB cercanas a caleta Chañaral. En AMERB 21 la presencia de partículas es menor que caso sin DVM. Sin embrago se observa un valor de densidad mas alto cerca de AMERB 15 que sin DVM y el *peak* de densidad más alto de todas las configuraciones, localizado en el AMERB 25, para el caso con DVM.

### 3.3. Conectividad

Se muestran las matrices de conectividad con y sin DVM para PLD de 6, 12 y 18 (Fig. 3.3.1) y PLD de 24 y 30 (Fig. 3.3.2). Considerando un radio de 3 km se tiene que aproximadamente el 35 % del total de larvas virtuales liberadas llegaron a algún sumidero o se autoreclutaron en simulaciones con DVM y un 48 % para larvas lagrangianas. En general para todos los casos los valores mas altos de conectividad se encuentran en la diagonal desde el AMERB 13 hacia el sur del dominio y también cerca del limite norte del dominio en las AMERB 24 y 25, esto nos indicaría que en



**Figura 3.2.1:** Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD de 6 días (a) y 12 días (c); sin DVM activado para PLD de 6 días (b) y 12 días (d). La densidad está medida como el número de larvas en una determinada área, siendo este caso un radio de 3 km.



**Figura 3.2.2:** Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD de 18 días (e) y 24 días (g); sin DVM activado para PLD de 18 días (f) y 24 días (h). La densidad está medida como el número de larvas en una determinada área, siendo este caso un radio de 3 km.



**Figura 3.2.3:** Mapa de densidad geográfica de larvas con DVM activado para PLD de 30 días (i); sin DVM activado para PLD de 30 días (j). La densidad está medida como el número de larvas en una determinada área, siendo este caso un radio de 3 km.

estas zonas el asentamiento es generalmente más alto que el transporte entre AMERB, y no habría trasporte de partículas desde estos puntos. En general se puede observar valores de conectividad mas bajos pero con mayor distribución de flujos de partículas si se aplica DVM. También se puede observar en general valores cero de conectividad por debajo de la diagonal, lo que nos indicaría un casi nulo transporte de larvas hacia el sur de cualquier AMERB.

De manera larvar podemos observar para PLD de 6 días con DVM (Fig. 3.3.1a) hay un transporte de partículas entre AMERB desde PCH hasta el AMERB 23, en contraste con el la zona sur del dominio donde hay muy poco intercambio de partículas entre AMERB. En el caso sin DVM los patrones son muy similares con un menor intercambio de partículas en la zona norte de PCH y un marcado autoreclutamiento para la zona sur del dominio.

Para PLD de 12 días con DVM (Fig. 3.3.1c) los patrones de transporte de larvas son muy similares al PLD de 6 días al igual que su contraparte lagrangiana.

Para configuración de PLD 18 días si se aplica DVM (Fig. 3.3.1e) se mantiene el patrón de transporte en el norte de PCH pero en el sur del dominio cambia las conexiones entre AMERB, disminuyendo el autoreclutamiento en zonas como PLV. Para el caso lagrangiano (Fig. 3.3.1f) se mantiene el patrón de configuraciones anteriores.

Para PLD de 24 días con DVM (Fig. 3.3.2g) se observa nuevamente un patrón de autoreclutamiento en el sur y una perdida total de partículas para las AMERB en PLV, además en la zona norte se mantiene un patrón alto de intercambio de partículas. En el caso sin DVM (Fig. 3.3.2h) no existe esta perdida de partículas y se mantiene el autoreclutamiento en la zona sur como en las configuraciones anteriores y en la zona norte de PCH un intercambio de partículas menor que el caso con DVM en relación al numero de AMERB de destino que tienen los transporte de partículas en esa zona.

Para PLD de 30 días con DVM (Fig. 3.3.2i) se conserva el patrón de transporte en la zona norte de PCH tal como con PLD de 24 día, en cambio en la zona sur de PCH hay una mayor número de conexiones entre algunas AMER, aunque también que presentan AMERB con autoreclutamiento alto. Sin DVM (Fig. 3.3.2j) se mantiene el patrón de alto autoreclutamiento con un mayor intercambio desde las AMERB 12

#### hasta el 19.

Podemos cuantificar en porcentaje el transporte de larvas a lo largo de la costa del dominio. Se utilizan diagramas de Sankey que es un tipo de diagrama de flujo en el que la anchura de una linea de flujo es proporcional a la cantidad de larvas que se transportan. Para representar las larvas que son relevantes en la conectividad de la red los diagramas muestran solo aquellos flujos de partículas que llegan a un AMERB distinta del origen, es decir, se elimina el autoreclutamiento del análisis. Se presentan los diagramas con v sin DVM para PLD 6 días (Fig. 3.3.3), PLD 12 días (Fig. 3.3.4), PLD de 18 días (Fig. 3.3.5), PLD de 24 días (Fig 3.3.6) y PLD de 30 días (Fig. 3.3.7). Considerando un radio de 3 km se tiene que aproximadamente un 7.6 % del total de larvas virtuales liberadas se transportaron a otro AMERB cuando se considera la DVM y un 8.8% para larvas lagrangianas. En general los flujos que mas destacan por su volumen de transporte son las AMERB de PCH hacia el norte. Se destaca también para los casos con PLD el AMERB 12 que transporta gran parte de sus partículas hacia el AMERB 13. Otro aspecto a destacar es que de los 25 puntos de lanzamientos, son de 7 a 11 los que presentan flujos relevantes (mayor a 2%) hacia los sumideros, ya sea por la perdida de partículas en los limites norte y oeste del dominio o por el autoreclutamiento en la costa.

Para la PLD de 6 días con DVM (Fig. 3.3.3a) dado los pocos días que se dispersaron las larvas, los intercambios son mas relevantes entre AMERB próximos, así quien mas partículas recibe es el AMERB 23. Al no considerar el DVM (Fig. 3.3.3b) Los flujos altos empiezan en el AMERB 13 hacia el 15 y quien recibe mas flujo de partículas es el AMERB 20.

Para PLD de 12 días con DVM (Fig. 3.3.4a) si bien se mantienen los patrones de flujos en la zona norte de PCH y del AMERB 12 al 13, se aprecia una mayor diversificación de los flujos donde el AMERB 23 también presenta el porcentaje mas alto de flujo, pero con un mayor numero de fuentes. Por otro lado sin DVM (Fig. 3.3.4b) los flujos entre fuentes y sumideros tienen patrones similares a los visto con PLD de 6 días y se destaca el AMERB 9 al sur de PCH como el mas relevante en cuanto a flujo.

Para PLD de 18 días empleando DVM (Fig. 3.3.5a) se mantienen los patrones de flujos pero aun mas repartidos hacia los sumideros teniendo esta vez el AMERB 24 el



**Figura 3.3.1:** Matriz de conectividad con DVM activado para PLD de 6 días (a), 12 días (c) y 18 días (e); sin DVM activado para PLD de 6 días (b), 12 días (d) y 18 días (f). Escala de colores: porcentaje del total de larvas virtuales que llegan a un AMERB con respecto al número total de larvas virtuales liberadas que llegan a un AMERB.



**Figura 3.3.2:** Matriz de conectividad con DVM activado para PLD de 24 días (g) y 30 días (i); sin DVM activado para PLD de 24 días (h) y 30 días (j). Escala de colores: porcentaje del total de larvas virtuales que llegan a un AMERB con respecto al número total de larvas virtuales liberadas que llegan a un AMERB.

flujo mas alto. En el mismo caso pero sin DVM (Fig. 3.3.5b, se mantienen patrones de flujos mas homogéneos demostrándose en el AMERB 23 con un 45% de larvas que proviene en gran parte de las AMERB 22 y 19, por otra parte para el sur se aumenta el número de fuentes con las AMERB 4 y 7 que aportan flujo a los puntos mas cercanos y un aumento de de porcentaje del AMERB 9.

Para PLD de 24 días con DVM (Fig. 3.3.6a) se mantiene los patrones de conectividad entre AMERB donde las fuentes con mas flujos son el AMERB 23 y 24. Para el caso sin DVM (Fig. 3.3.6b) mantiene patrones de flujos homogéneos como en PLD de 18 días, con el AMERB 21 teniendo la mayor cantidad de flujos.

Para PLD de 30 días (Fig. 3.3.7a) se mantiene la diversificación de flujos donde el AMERB 12 transporta flujos hacia el AMERB 13 y 14. Se mantiene los flujos desde PCH hacia el norte teniendo el AMERB 24 el mayor porcentaje de flujos. En el caso lagrangiano (Fig. 3.3.7b) se mantiene los patrones de configuraciones anteriores.

### 3.4. Análisis de medida de centralidad

Se presentan las medidas de centralidad *Betweenness Centrality* (BC) normalizado en nodos y enlaces para PLD de 6 días (Fig. 3.4.1), PLD de 12 días (Fig. 3.4.2), PLD de 18 días (Fig. 3.4.3), PLD de 24 días (Fig. 3.4.4) y PLD de 30 días (Fig. 3.4.5). En general en PCH y AMERB cercanos se encuentran los valores mas altos de BC de nodos y enlaces, tanto al aplicar DVM como sin este factor. Esto nos muestra que si bien en estos AMERB no se presentaban como los sumideros mas altos en flujos, su importancia radica en sostener esta red de conectividad, siendo puntos de inflexión en la red.

De forma larvar podemos ver que para PLD de 6 días con DVM (Fig. 3.4.1a) se muestra 3 AMERB con alto nodo de BC, el más alto se encuentra en el AMERB 13, que también tiene los enlaces con BC mas alto también. En ese sentido se puede interpretar el AMERB 13 como punto critico de la red entre la parte norte de la GBC y PCH. El segundo nodo con alto BC es el AMERB 6 que actúa como puente entre PLV y el AMERB 7. Si no se aplicara DVM (Fig. 3.4.1b) los nodos con alto BC se encuentran al norte PCH, mas precisamente las AMERB 17, 19 y 20, y los



**Figura 3.3.3:** Diagrama de Sankey para una PLD de 6 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado.



**Figura 3.3.4:** Diagrama de Sankey para una PLD de 12 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado



**Figura 3.3.5:** Diagrama de Sankey para una PLD de 18 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado



**Figura 3.3.6:** Diagrama de Sankey para una PLD de 24 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado



**Figura 3.3.7:** Diagrama de Sankey para una PLD de 30 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado

enlaces con alto BC provienen de estos, por lo tanto, en general los enlaces y nodos de BC son mucho menos concentrados en el caso con DVM, en comparación a sin DVM que está concentrado en la zona antes descrita, y se podría interpretar como baja movilidad y poca heterogeneidad de poblaciones en el caso sin DVM.

Para PLD de 12 días con DVM (Fig. 3.4.2a)se tiene muchos mas número de enlaces de BC que se concentran en la región norte del dominio, se destacan dos nodo de BC con valores altos que son el AMERB 13 y 15 y el enlace que los une también presenta el índice mas alto, esto quiere decir que ambos nodos son influyentes en la dispersión larval y el camino que los une es critico en la conectividad de red. Sin DVM (Fig. 3.4.2b) la situación es similar, pero con mucho menos enlaces de BC , otra vez destacándose el AMERB 13, pero con el enlace de BC mas alto proveniente del AMERB 12, lo que remarcaría aún con PLD 12 días las conexiones siguen siendo poco relevantes.

Para PLD de 18 días con DVM (Fig. 3.4.3a) se presentan mayor cantidad de nodos de BC con valores relevantes, como las AMERB 7, 13, 14, 19 y 23. Si bien se repite el AMERB 13, los nodos con valores mas altos de BC los tiene las AMERB 19 y 23, quienes comparten el enlace mas alto (Desde el 19 al 23), lo que nos indicaría un puente relevante para la red de conexión entre la zona al norte de caleta Chañaral hacia el sur de Huasco. Se tiene un red de enlaces de BC con mayor distribución espacial desde el sur del dominio, que configuraciones previas, donde destacan el enlace entre el AMERB 7 y el 14, el AMERB 14 con 19 y el 23 con 25 todos con un valor cercano a los 0.5, de esta forma las AMERB 7, 14, 19 y 23 con críticas en esta red de conectividad. En el caso sin DVM (Fig. 3.4.3b) aumentan los enlaces con respecto a configuraciones anteriores, aunque sigue siendo solo desde PCH hacia el norte y se destacan dos nodos con alto valor de BC que son las AMERB 13 y 17 además de compartir en el enlace con BC mas alta desde AMERB 13 hacia 17.

Para el caso con PLD de 24 días y con DVM (Fig. 3.4.4a) los nodos con valor mas altos son el AMERB 15 (BC = 1) y en segundo lugar con mucha diferencia el AMERB 16 (BC = 0.25). Esta vez el enlace de BC mas alto no lo comparten estos AMERB sino que se produce entre el AMERB 10 hacia el 15. En segundo lugar se observa otra conexión de valor 0.8 entre AMERB 14 y 23, de este modo, el AMERB 14 es el nodo con mas influencia en la red de conectividad, siendo los puentes entre subpoblaciones las conexiones ente Caleta Hornos con PHC y ésta última con el sur de Huasco. Llama la atención que para este caso espacialmente las conexiones están mas concentradas en menos AMERB que PLD de 18 días. En el caso de no aplicar DVM (Fig. 3.4.4b) destacan los AMERN 13, 14 y 17 y el y el enlace con mayor valor es de AMERB 13 hacia el 14. También disminuye la cantidad de AMERB enlazados ya que las conexiones relevantes se concentran entre el AMERB 12 y AMERB 21.

Para PLD 30 días con DVM (Fig. 3.4.5a) destacan de sobremanera las AMERB 14 con valor BC de 1 y el AMERB 13 con valor 0.25 dentro de la red de conectividades y la conexión entre ambos con un BC de valor 1, además es el caso con mayor numero de conexiones con alto BC, desde PLV hasta Huasco. Las otras conexiones mas altas provienen del AMERB 14 y van hasta el AMERB 21, al 23 (que presenta un nodo con valor de BC del orden del 0.1) y al 24. De esta manera se entiende que la conexión entre AMERB 13 y 14 es un puente critico entre subpoblaciones al sur de PCH y la zona norte. Sin DVM (Fig. 3.4.5b) las conexiones cumplen un patrón parecido en todas las configuraciones, con los enlaces relevantes concentrado entre el AMERB 13 y el 21, siendo las AMERB con mayor valor el 13, el 16 y el 19, esto quiere decir que son críticos en la red entre la GBC y el norte de PCH, pero con una red de conectividad mucho mas acotada espacialmente de norte a sur.



**Figura 3.4.1:** Betweennes Centrality para una PLD de 6 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la importancia como camino principal de una red y la intensidad de los nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad



**Figura 3.4.2:** Betweennes Centrality para una PLD de 12 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la importancia como camino principal de una red y la intensidad de los nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad



**Figura 3.4.3:** Betweennes Centrality para una PLD de 18 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la importancia como camino principal de una red y la intensidad de los nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad



**Figura 3.4.4:** Betweennes Centrality para una PLD de 12 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la importancia como camino principal de una red y la intensidad de los nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad



**Figura 3.4.5:** Betweennes Centrality para una PLD de 30 días (a) con DVM activado y (b) sin DVM activado. La intensidad de los enlaces corresponde a la importancia como camino principal de una red y la intensidad de los nodos muestra que tan crítico es para la red de conectividad

# Capítulo 4

# Discusión

En este estudio se realizó una serie de experimentos de conectividad larval para la zona de la Gran Bahía de Coquimbo. Uno de estos experimentos consistió en agregarle un comportamiento de DVM que estuviera en función de una tasa de crecimiento. Se observa que la partícula se mueve conforme a lo esperado en la vertical, donde a medida que pasa el tiempo este va aumentando la velocidad de nado. Existe una relación inversa la PLD y la temperatura (Ec. 2.2.1) que ha sido estudiada para muchas especies (O'Connor et al., 2007) y que establece una relación inversa entre temperatura del océano y la PLD de la especie. Si bien a modo de ejemplo se utiliza una GR en función de la PLD (Ec. 2.2.2), como la utilizada en Garavelli et al., 2016, esta relación varía dependiendo la especie que se quiera estudiar. Para el IBM que se ocupa en los casos de estudio, se puede observar la simplificación del comportamiento de migración vertical. Cabe destacar que la forma en que se aplica la migración vertical es distinta de otros trabajos en donde la posición en la vertical responde mas a un función definida a trozos, con solo dos posiciones en la vertical durante el día (Garavelli et al., 2016; Ospina-Alvarez et al., 2018). En ese sentido un desafío interesantes sería poder crear una función de migración vertical que sea similar a un función sinusoidal en el tiempo, en donde las transiciones entre la ubicación de las larvas en superficie o en profundidad sean mas realistas.

En cuanto a la distribución de la larvas virtuales se muestran como los lugares mas densos corresponde a zonas de AMERB, confirmando el alto autoreclutamiento presente en todo escenario. En la misma linea, los *peak* de densidad son mas bajos cuando se simula con migración vertical, sobre todo el la zona cercana al PLV, contraponiéndose a estudios Aiken et al., 2011 donde las larvas virtuales con DVM tienen un mayor éxito de autoreclutamiento que las lagrangianas. Lo anterior se confirma al obtener la totalidad de las larvas que se reclutan en la costa para cada caso de PLD y comportamiento de nado, obteniendo cerca de un 35% de las larvas reclutadas en caso con DVM y un 48% si no se aplica. Si bien los porcentajes varían dependiendo el PLD no se obtiene un patrón en cuanto a la variación de este porcentaje, a diferencia de trabajos como los de Ospina-Alvarez et al., 2018 con un dominio mas al sur, espacialmente mas grande y mayor período de tiempo de simulación, el aumento del PLD disminuye las partículas en la costa. Se podría explicar el aumento de perdida de partículas tanto en el borde occidental y norte del dominio a medida que aumenta el PLD, por acción de la surgencia costera a los largo de los días.

Desglosando estos porcentajes se obtiene que la cantidad de larvas que salen de un AMERB y llegan a otro es cerca del 7.6 % de las larvas liberadas si se aplica DVM y 8.8 % en el caso lagrangiano. Esto quiere decir que en general los flujos de larvas entre AMERB solo corresponde 20 % del total de larvas en sumideros, cumpliéndose en mayor o menor medida para todo PLD y comportamiento larval.

Al observar las matrices de conectividad una característica que se repite en todas las simulaciones es el transporte casi por totalidad de las larvas fuera de su origen hacia AMERB exclusivamente al norte, tal como se observa en el estudio de Blanco et al., 2019, donde para un dominio entre la Región del Maule y el sur de la GBC, un período de simulación de 4 años y mayor número de partículas, obtiene patrones similares con un predominancia del transporte de larvas hacia el norte del dominio. En general este se debe a la Corriente Costera de Chile que es predominante en en la zona de estudio y que tiene dirección hacia el norte en esas latitudes.

Si bien hay una menor cantidad de larvas totales que llegan a la costa cerca de un AMERB si se aplica DVM, la baja cantidad de partículas liberadas y el periodo de lanzamiento acotado no permite encontrar un patrón en relación a la cantidad de partículas transportada a un sumidero fuera de su origen y el aumento del PLD. En tal caso sería necesario alargar el período de simulación, aumentar la frecuencia de liberación y así obtener un número de larvas apropiado para diferenciar entre ambos comportamientos en la vertical.

Por otra parte no hay un patrón claro respecto a si el DVM ayuda al reclutamiento de larvas, pero si se puede destacar en estos casos la distribución de los flujos saliente permitiendo que los sumideros se vean suministrados por un mayor número de fuente, a diferencia del comportamiento lagrangiano, donde los transportes tienden a dirigirse a las AMERB mas próximas.

Analizando la dispersión larval sin el componente de autoreclutamiento se observa claramente como las fuentes de partículas que son más relevantes en los flujos de larvas provienen desde Caleta Totoralillo Norte (AMERB 12) hacia el norte para los casos con DVM, y desde La Serena (AMERB 9) hacia el norte sin DVM. Esta característica también se encuentra de forma similar en Blanco et al., 2019 con patrones de conectividad mas concentrados en el norte del dominio.

Analizando la importancia de las AMERB (nodos) y la rutas de propagación de las larvas (enlaces) se puede observar la relevancia que tiene en la red de conectividad la zona de PCH donde salvo en el caso de PLD de 6 días con DVM, en todos los otros experimentos por lo menos un AMERB de esa zona presentaba un nodo y enlace de BC de alto valor. Los valores altos de BC en zonas como PCH coincide con lo visto en Ospina-Alvarez et al., 2020 donde también obtiene valores altos de BC en una zona de un cabo e hidrodinamicamente activa. También para ambos comportamientos larvales en general a medida que se aumenta el PLD aumenta el número de enlaces de BC, esto quiere decir que se aumenta el número de rutas principales a través de las cuales se transportan las larvas. Sin embargo este aumento de enlaces, en general, es mayor para casos con DVM que casos lagrangianos. Por otro lado para los casos con DVM la red de enlaces y nodos de BC pasa de se nodos aislados con PLD de 6 días a un red mas robusta desde PLV hasta Huasco al norte del dominio. En contraste con los casos sin DVM la red se concentra entre la zona de PCH y el norte del dominio.

# Capítulo 5

# Conclusión

En el presente trabajo se aplicó una combinación de herramientas numéricas que tienen como objetivo el estudio de la conectividad larval. Con el fin de aprender a usar estas herramientas se utilizaron para un caso de estudio en la zona de la GBC. Se utilizó un modelo numérico hidrodinámico CROCO como entorno para la dispersión de larvas virtuales. Se desarrolló un modelo IBM con el modelo de deriva lagrangiana en codigo Python OpenDrift, que pudiera darle atributos biológicos a las larvas virtuales como la migración vertical diaria. Este IBM se utilizó para simular el comportamiento de larvas virtuales en diferentes escenarios de duración de período de duración larval y se comparó con simulaciones con comportamiento de deriva lagrangiana pasiva.

Para observar la distribución de las partículas que terminan en la costa y las que no lo hacen, se hizo un análisis de la distribución espacial mediante gráficos de densidad de partículas. Se observó que tanto con DVM y sin este comportamiento gran parte de las partículas se retienen cerca de las AMERB de lanzamiento, para todo PLD. También ser observa para cada PLD una menor densidad para casos con DVM en comparación al caso de deriva pasiva. Otra característica a destacar es el de las partículas que no llegan a la costa y que en general derivan hasta los bordes oeste y norte, que si bien para el PLD de 6 días se tiene mas partículas en la costa que con PLD de 30 días, independiente del comportamiento de nado, no hay un patrón a medida que aumenta el PLD. En ese sentido hacer experimentos con simulaciones mas grandes temporalmente, mas números de partículas y períodos de lanzamientos mas largos ayudaría a obtener conclusiones mas significativas.

Las matrices de conectividad nos permitieron confirmar el alto autoreclutamiento en las simulaciones, y que es menor al aplicar DVM en comparación a la deriva pasiva, para todo PLD. Permite observar una dispersión asimétrica, es decir, con transporte de larva muy cargado hacia el norte. Al eliminar el componente de autoreclutamiento y graficar los flujos de larvas hacia otros AMERB permite demostrar flujos entrantes y salientes mas heterogéneos en la zona norte del dominio para los casos con DVM.

Se aplicó herramientas de de Teoría de Grafos, escritas en lenguaje de programación R, para analizar los puntos iniciales y finales de las larvas virtuales y así poder analizar los puntos mas importantes de la red de conectividad. Bajo cualquier PLD o comportamiento de nado Punta Choros es la zona con mas relevancia para sostener la red de conectividad, siendo un lugar importante como puente entre subpoblaciones o siendo parte de las principales rutas de intercambio de larvas. Donde si marca diferencia los casos con DVM son al aumentar el PLD se puede observar un mayor número de enlaces críticos y espacialmente ampliamente distribuidos. Esto podría ser relevante en relación al manejo de los recursos bentónicos, ya que mostraría que dependiendo de que comportamiento tenga la larva que se quiera simular puede tener mayor o menor enlaces críticos sobre todo para larvas con PLD mayor a 12 días.

A futuro en la búsqueda de mejorar las simulaciones de etapas larvales y recrear una red de conectividad mas realista se puede considerar:

- Agregar una fase de competencia posterior al PLD. Cuando las larvas terminan su PLD y no están cerca de un hábitat donde asentarse cuentan con un periodo de días, dependiendo del organismo larval, en el cual derivan esperando poder asentarse. Esto provocaría cambios significativos en el total de larvas que llegan a costa.
- Representar de mejor forma la DVM de forma que sea mas realista entre las ubicaciones en profundidad y superficie durante el día.
- Agregar otras características biológicas y ecológicas que marquen diferencia en la representación de la etapa de dispersión larval.

## Bibliografía

- Acuña, E., Moraga, J., and Uribe, E. (1989). La zona de coquimbo: un sistema nerítico de surgencia de alta productividad. In Memorias del Simposio Internacional de los Recursos Vivos y las Pesquerías en el Pacífico Sudeste, pages 145–157. Santiago, Chile: Comité Permanente Pacífico Sur.
- Aiken, C. M., Navarrete, S. A., Castillo, M. I., and Castilla, J. C. (2007). Along-shore larval dispersal kernels in a numerical ocean model of the central chilean coast. *Marine Ecology Progress Series*, 339:13–24.
- Aiken, C. M., Navarrete, S. A., and Pelegrí, J. L. (2011). Potential changes in larval dispersal and alongshore connectivity on the central chilean coast due to an altered wind climate. *Journal of Geophysical Research: Biogeosciences*, 116(G4).
- Bakun, A. and Nelson, C. S. (1991). The seasonal cycle of wind-stress curl in subtropical eastern boundary current regions. *Journal of Physical Oceanography*, 21(12):1815–1834.
- Blanco, M., Ospina-Álvarez, A., Navarrete, S. A., and Fernández, M. (2019). Influence of larval traits on dispersal and connectivity patterns of two exploited marine invertebrates in central chile. *Marine Ecology Progress Series*, 612:43–64.
- Brazeiro, A. and Defeo, O. (1999). Effects of harvesting and density dependence on the demography of sandy beach populations: the yellow clam mesodesma mactroides of uruguay. *Marine Ecology Progress Series*, 182:127–135.
- Cowen, R. K., Paris, C. B., and Srinivasan, A. (2006). Scaling of connectivity in marine populations. *Science*, 311(5760):522–527.
- da Silva, A. M., Young, C. C., and Levitus, S. (1994). Atlas of surface marine data 1994, vol. 1: Algorithms and procedures. *Noaa atlas nesdis*, 6(83):20910–3282.
- Dagestad, K.-F., Röhrs, J., Breivik, Ø., and Ådlandsvik, B. (2018). Opendrift v1. 0: a generic framework for trajectory modelling. *Geoscientific Model Development*, 11(4):1405–1420.

- Dale, M. and Fortin, M.-J. (2010). From graphs to spatial graphs. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 41:21–38.
- Fonseca, T. and Farías, M. (1987). Estudio del proceso de surgencia en la costa chilena utilizando percepción remota. *Investigaciones Pesqueras*, 34:33–46.
- Garavelli, L., Colas, F., Verley, P., Kaplan, D. M., Yannicelli, B., and Lett, C. (2016). Influence of biological factors on connectivity patterns for concholepas concholepas (loco) in chile. *PloS one*, 11(1):e0146418.
- Garavelli, L., Kaplan, D. M., Colas, F., Stotz, W., Yannicelli, B., and Lett, C. (2014). Identifying appropriate spatial scales for marine conservation and management using a larval dispersal model: the case of concholepas concholepas (loco) in chile. *Progress in Oceanography*, 124:42–53.
- Hastings, A. and Botsford, L. W. (2006). Persistence of spatial populations depends on returning home. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(15):6067– 6072.
- Manríquez, P. H., Navarrete, S. A., Rosson, A., and Castilla, J. C. (2004). Settlement of the gastropod concholepas concholepas on shells of conspecific adults. *Journal* of the Marine Biological Association of the United Kingdom, 84(3):651–658.
- Marchesiello, P., McWilliams, J. C., and Shchepetkin, A. (2003). Equilibrium structure and dynamics of the california current system. *Journal of physical Oceanography*, 33(4):753–783.
- Marín, V. H., Delgado, L. E., and Luna-Jorquera, G. (2003). S-chlorophyll squirts at 30° s off the chilean coast (eastern south pacific): Feature-tracking analysis. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 108(C12).
- Mason, E., Molemaker, J., Shchepetkin, A. F., Colas, F., McWilliams, J. C., and Sangrà, P. (2010). Procedures for offline grid nesting in regional ocean models. *Ocean modelling*, 35(1-2):1–15.
- Montecino, V. and Quiroz, D. (2000). Specific primary production and phytoplankton cell size structure in an upwelling area off the coast of chile (30 s). Aquatic Sciences, 62(4):364–380.
- Montecino, V., Strub, P., Chavez, F., Thomas, A., Tarazona, J., and Baumgartner, T. (2006). Bio-physical interactions off western south america. *The sea*, 14:329–390.
- Moraga, J. (1996). Capa límite marina en la zona costera frente a chile en los 29, 5° s. *Estud. Oceanol.*, 15:17–28.
- Moraga, J., Valdebenito, E., and Rutllant, J. (2001). Condiciones oceanográficas durante la fase de relajación de un evento de surgencia invernal frente a punta lengua de vaca, coquimbo. *Investigaciones marinas*, 29(1):59–71.

- O'Connor, M. I., Bruno, J. F., Gaines, S. D., Halpern, B. S., Lester, S. E., Kinlan, B. P., and Weiss, J. M. (2007). Temperature control of larval dispersal and the implications for marine ecology, evolution, and conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(4):1266–1271.
- Ospina-Alvarez, A., de Juan, S., Alós, J., Basterretxea, G., Alonso-Fernández, A., Follana-Berná, G., Palmer, M., and Catalán, I. A. (2020). Mpa network design based on graph theory and emergent properties of larval dispersal. *Marine Ecology Progress Series*, 650:309–326.
- Ospina-Alvarez, A., Weidberg, N., Aiken, C. M., and Navarrete, S. A. (2018). Larval transport in the upwelling ecosystem of central chile: The effects of vertical migration, developmental time and coastal topography on recruitment. *Progress in Oceanography*, 168:82–99.
- Pawlowicz, R., Beardsley, B., and Lentz, S. (2002). Classical tidal harmonic analysis including error estimates in matlab using t\_tide. Computers & Geosciences, 28(8):929–937.
- Penven, P., Debreu, L., Marchesiello, P., and McWilliams, J. C. (2006). Evaluation and application of the roms 1-way embedding procedure to the central california upwelling system. *Ocean Modelling*, 12(1-2):157–187.
- Pineda, J., Hare, J. A., and Sponaugle, S. (2007). Larval transport and dispersal in the coastal ocean and consequences for population connectivity. *Oceanography*, 20(3):22–39.
- Pizarro, O., Hormazabal, S., Gonzales, A., and Yañez, E. (1994). Variabilidad del viento, nivel del mar y temperatura en la costa norte de chile. *Investigaciones* marinas, 22:85–101.
- Sepúlveda, A. and Olivares, G. (2019). Proyecto: "simulaciones numéricas de la circulación costera usando el modelo croco para el estudio de la conectividad larval del recurso loco (concholepas concholepas) a lo largo de la costa chilena entre las regiones de atacama y valparaíso.".
- Shchepetkin, A. F. and McWilliams, J. C. (2005). The regional oceanic modeling system (roms): a split-explicit, free-surface, topography-following-coordinate oceanic model. *Ocean modelling*, 9(4):347–404.
- Siegel, D., Kinlan, B., Gaylord, B., and Gaines, S. (2003). Lagrangian descriptions of marine larval dispersion. *Marine Ecology Progress Series*, 260:83–96.
- Siegel, D., Mitarai, S., Costello, C., Gaines, S., Kendall, B., Warner, R., and Winters, K. (2008). The stochastic nature of larval connectivity among nearshore marine populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(26):8974–8979.

- Skamarock, W. C. and Klemp, J. B. (2008). A time-split nonhydrostatic atmospheric model for weather research and forecasting applications. *Journal of computational physics*, 227(7):3465–3485.
- Viviani, C. A. (1979). Ecogeografía del litoral chileno. Studies on neotropical fauna and environment, 14(2-3):65–123.

# Capítulo 6

## Anexo

### A1. Validación

Mediante datos de mediciones de CTD y datos de mediciones de mareas se hizo la validación de la simulación CROCO. Se puede hacer la comparación entre perfiles verticales de los datos CTD, facilitados por IFOP, y perfiles verticales virtuales del modelo CROCO utilizando diagramas TS. En la Figura A1.1 se muestra la ubicación de los puntos donde se realizaron mediciones donde los círculos de color rojo marcan las posiciones de perfiles de CTD (IFOP), lineas segmentadas de color magenta las posiciones de cortes verticales en 29°S y 30°S. Para hacer la comparación de los valores obtenidos se seleccionaron varios puntos de la grilla del modelo (Fig. A1.1) donde tenemos círculos de color magenta, verde y amarillos marcando las posiciones de perfiles verticales a evaluar para el sector norte, centro y sur respectivamente, sobre el dominio de la simulación CROCO. El diagrama TS de los datos obtenidos de las mediciones CTD está en la Figura A1.3, mientras que los diagramas TS de promedios mensuales de la sección sur del dominio de la simulación se muestra en la Figura A1.2. Podemos observar que el modelo representa de manera correcta la dinámica de las distintas corrientes que interactúan en la zona de estudio.

Para hacer la validación de la marea de la simulación CROCO se hace una comparación con datos de nivel del mar cercanas al dominio. En este caso se usaron datos obtenidos de GLOSS (Global Sea Level Observing System),que tiene base de datos y datos



**Figura A1.1:** Topografía y batimetría (ETOPO1) sobre el dominio (izquierda) Batimetría representada por el modelo CROCO (derecha).

en tiempo real de monitorio del nivel mar. En este caso nosotros utilizamos datos de estaciones de monitoreo en Punta de Choros (29.246°S, 71.469°W), Coquimbo (29.94°S, 71.33°W) y Puerto Aldea (30.292°S, 71.608°W) disponibles cada un minuto, donde se tuvo que promediar para obtener un valor cada hora. El método que se utiliza para validar es el Análisis de Armónicos, con el cual podemos descomponer la marea en los componentes armónicos relacionados a los movimientos astronómicos entre Tierra-Sol-Luna. Este método consiste en realizar un ajuste por mínimos cuadrados de la marea astronómica, es decir, calcular cada uno los componentes armónicos principales donde se minimiza el cuadrado de la diferencia entre los niveles de la señal entrante y los estimados en el método. Se utiliza el programa t\_tide (Pawlowicz et al., 2002) en Matlab obteniendo Nombre, Frecuencia, Amplitud y Fase de los armónicos principales, y la serie temporal de marea astronómica que se aproxima por:

$$\zeta_{MA}(t) = a_0 + \sum_{i=1}^{N} a_i \cos(\omega t + \alpha_i)$$
(A1.1)

con i cada componente y N el numero total de estos. Se puede observar que en general el modelo pudro reproducir de buena forma la variabilidad del nivel del mar dado que las amplitudes de los componentes armónicos en CROCO (Tabla A1.1 y



**Figura A1.2:** Diagrama TS basado en los perfiles CTD virtuales en simulación CROCO para la sección sur (posiciones marcadas en color amarillo)



Figura A1.3: Diagrama TS de los perfiles CTD medidos por IFOP

Nombro	Punta Choros		Coquimbo		Puerto Aldea	
TIOHDIE	Virtual	Datos	Virtual	Datos	Virtual	Datos
M2	0.54 m	0.42 m	$0.56 \mathrm{m}$	0.42 m	$0.56 \mathrm{m}$	0.42 m
S2	0.17 m	0.10 m	0.17 m	0.10 m	0.18 m	0.10 m
K1	0.13 m	0.19 m	0.16 m	0.20 m	0.19 m	0.20 m
N2	0.12 m	0.11 m	0.13 m	0.11 m	0.13 m	0.11 m
01	0.10 m	0.11 m	0.80 m	0.11 m	0.11 m	0.11 m

**Tabla A1.1:** Amplitudes de Armónicos principales de la marea para 3 puntos dentro del dominio.

Fig A1.4) son cercanos a las amplitudes calculadas con los datos.



**Figura A1.4:** Comparación de amplitudes de elevación para las componentes  $M_2$  (círculos azules) y  $S_2$  (circulos rojos).