



Pêches et Océans
Canada

Fisheries and Oceans
Canada

Sciences des écosystèmes
et des océans

Ecosystems and
Oceans Science

Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS)

Document de recherche 2022/019

Région de l'Arctique et région de l'Ontario et des Prairies

Abondance estimée de la population et probabilité de déclin de la population pour le narval (*Monodon monoceros*) du nord de la baie d'Hudson

Brooke A. Biddlecombe et Cortney A. Watt

Division de recherche aquatique et Arctique
Pêches et Océans Canada
501 University Crescent
Winnipeg (Manitoba) R3T 2N6

Avant-propos

La présente série documente les fondements scientifiques des évaluations des ressources et des écosystèmes aquatiques du Canada. Elle traite des problèmes courants selon les échéanciers dictés. Les documents qu'elle contient ne doivent pas être considérés comme des énoncés définitifs sur les sujets traités, mais plutôt comme des rapports d'étape sur les études en cours.

Publié par :

Pêches et Océans Canada
Secrétariat canadien des avis scientifiques
200, rue Kent
Ottawa (Ontario) K1A 0E6

[http://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/
csas-sccs@dfo-mpo.gc.ca](http://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/csas-sccs@dfo-mpo.gc.ca)



© Sa Majesté la Reine du chef du Canada, 2022
ISSN 2292-4272
ISBN 978--0-660-42535-1 N° cat. Fs70-5/2022-019F-PDF

La présente publication doit être citée comme suit :

Biddlecombe, B.A., et Watt, C.A. 2022. Abondance estimée de la population et probabilité de déclin de la population pour le narval (*Monodon monoceros*) du nord de la baie d'Hudson. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/019. iv + 20 p.

Also available in English :

Biddlecombe, B.A., and Watt, C.A. 2022. *Estimated population abundance and probability of population decline for Northern Hudson Bay narwhal (Monodon monoceros)*. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2022/019. iv + 19 p.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
INTRODUCTION	1
MÉTHODES.....	2
SPÉCIFICATION DE MODÈLE.....	2
Valeurs a priori	3
Estimation des paramètres et diagnostics des modèles	3
Projections futures et scénarios de récolte	4
RÉSULTATS.....	5
DISCUSSION.....	5
REMERCIEMENTS	7
RÉFÉRENCES CITÉES	7
TABLEAUX ET FIGURES.....	10
ANNEXE	18

RÉSUMÉ

Le narval est une importante espèce de pêche aux fins de subsistance pour les collectivités inuites. La population du nord de la baie d'Hudson est spatialement et génétiquement distincte des autres populations du narval du Canada et du Groenland. La population de narval du nord de la baie d'Hudson a été évaluée au moyen de relevés aériens périodiques de 1981 à 2018. Les estimations des relevés de 1982 et de 2000 étaient négativement biaisées, car elles ne tenaient pas compte du biais de perception et ont été effectuées en suivant des protocoles différents. Par contre, les relevés de 2011 et de 2018 ont pris en compte ces biais. Par conséquent, les estimations des relevés de 1982 et de 2000 ont été ajustées avant l'analyse des tendances de la population au moyen de ratios calculés procédant à une nouvelle analyse des données du relevé de 2011 selon des méthodes semblables à celles utilisées en 1982 et 2000. Pour estimer les trajectoires des populations et prédire les tendances futures de la population selon divers scénarios de capture, un modèle de population bayésien a été adapté aux quatre estimations de relevés aériens rajustées et aux données sur les captures de 1951 à 2018. Le modèle privilégié a donné lieu à une estimation démographique de 14 377 narvals en 2019 (intervalle de confiance à 95 %, soit de 10 265 à 20 370) et à une population de départ estimée de 7 164 narvals (intervalle de confiance à 95 %, soit de 1 447 à 19 155) en 1951. En utilisant un modèle fondé sur les risques pour estimer la probabilité de déclin de la population sur 10 ans, le modèle prévoyait une probabilité de déclin de 0 %, 20 %, 40 %, 50 %, 60 %, 80 % et 100 % avec des quotas de pêche annuels de 0, 63, 83, 93, 108, 173 et 450 narvals par année. L'intégration de l'estimation mise à jour du relevé de 2018 et l'ajustement des estimations des relevés antérieurs donnent une plus grande confiance dans les résultats du modèle et, par conséquent, dans l'approche fondée sur les risques pour évaluer les niveaux de capture. L'abondance estimée modélisée de 2019 était robuste par rapport aux paramètres d'entrée d'une série d'exécutions de modèle. Le prélèvement biologique potentiel a également été calculé pour l'estimation de l'abondance de 2019 à partir du modèle et a donné lieu à un seuil de prélèvement annuel de 188 baleines et à un total autorisé de captures débarquées de 151 narvals. L'approche fondée sur les risques tient compte de la probabilité de déclin de la population à différents niveaux de capture, tandis que le prélèvement biologique potentiel vise intrinsèquement à maintenir la population au niveau maximum de productivité nette, ce qui peut entraîner un déclin de la population si la population est déjà égale ou supérieure au niveau maximum de productivité nette. Les objectifs de gestion devraient être bien définis pour déterminer si une approche fondée sur le prélèvement biologique potentiel ou un modèle fondé sur les risques convient davantage à la population de narval du nord de la baie d'Hudson.

INTRODUCTION

Le narval (*Monodon monoceros*) est réparti dans les mers arctiques du Canada et du Groenland. Il existe trois populations de narval reconnues, soit celle du nord de la baie d'Hudson, celle de la baie de Baffin et celle de l'est du Groenland. Le narval du nord de la baie d'Hudson passe l'été dans le nord de la baie d'Hudson et migre par le détroit d'Hudson pour aller passer l'hiver dans le sud du détroit de Davis (Richard 1991, Westdal *et al.* 2010) (Figure 1). Les narvals du nord de la baie d'Hudson sont distincts, spatialement et génétiquement, des autres populations de narvals du Canada et du Groenland (Petersen *et al.* 2011).

Les narvals sont une espèce importante sur le plan culturel pour les communautés inuites, avec une longue histoire de récolte de subsistance (Richard et Pike 1993). Les récoltes non commerciales avaient peu de dossiers jusqu'à la création d'un quota de récolte en 1977 (Stewart 2008). La récolte de subsistance du narval du nord de la baie d'Hudson se produit principalement près de la communauté de Naujaat (anciennement Repulse Bay) et dans une moindre mesure à Salluit, Kinngait, Igloolik, Coral Harbour, Kimmirut, Whale Cove, Chesterfield Inlet et Rankin Inlet. Les narvals du nord de la baie d'Hudson ont un historique de récolte commerciale minimal, car les baleines boréales étaient au cœur de la chasse commerciale dans cette région (Stewart 2008). Pour assurer une récolte de subsistance durable, les relevés et les estimations de l'abondance qui en découlent doivent être constamment mis à jour.

Des relevés aériens effectués pendant les mois d'été sont utilisés pour estimer l'abondance des narvals, car les narvals démontrent habituellement la fidélité à long terme des sites aux régions d'été (Richard 1991, Heide-Jørgensen *et al.* 2003, Westdal *et al.* 2010). Les relevés de population du nord de la baie d'Hudson ont été effectués chaque année de 1981 à 1984, puis de nouveau en 2000, 2011 et 2018 (Richard 1991, Bourassa 2003, Asselin *et al.* 2012, Watt *et al.* 2020). La méthodologie des relevés des années 1980 passait par la reconnaissance, les relevés aléatoire ou systématique ainsi que l'utilisation d'observateurs visuels ou de méthodes de comptage photographique. Tous les relevés ultérieurs ont eu recours à des méthodes d'observation visuelle systématique. Ainsi, parmi les premiers relevés, seule l'estimation datant de 1982 peut être utilisée dans la modélisation de la population parce qu'il s'agissait du premier relevé visuel systématique de cette période (Asselin et Ferguson 2013). Même si le relevé de 1982 était de conception systématique, il ne tenait pas compte du biais de perception et a été analysé sous forme de transect en bande, qui supposait que tous les narvals situés dans une largeur de bande de 600 m étaient observés. Toutefois, la détectabilité diminue selon l'augmentation de la distance par rapport à l'aéronef (Buckland *et al.* 2001) et, par conséquent, cette estimation est biaisée négativement. Le relevé mené en 2000 ne tenait pas compte du biais de perception, ce qui donnait également lieu à un biais négatif. Le relevé de 2011 a été analysé selon la méthode de marquage et de recapture pour l'analyse à distance et donc, comporte un biais de perception. Pour qu'il soit comparable aux relevés de 1982 et 2000, celui de 2011 a été analysé à nouveau à l'aide des méthodes utilisées pour les deux relevés plus anciens. De cette façon, on a calculé un ratio par lequel les relevés de 1982 et de 2000 pouvaient être ajustés pour les rendre à peu près équivalents aux méthodes utilisées en 2011. Le ratio utilisé pour ajuster le relevé de 1982 était de 2,56 et le ratio pour le relevé de 2000 était de 2,29 (Asselin et Ferguson 2013).

L'abondance de la population de narval du nord de la baie d'Hudson a été modélisée précédemment par Kingsley *et al.* (2013), qui a rajusté l'estimation du relevé de 2011. Toutefois, les estimations du modèle de Kingsley *et al.* (2013) comportaient un degré élevé d'incertitude connexe, ce qui rendait peu fiable une approche fondée sur le risque pour évaluer les niveaux de récolte jusqu'à ce que de futurs relevés soient effectués (Kingsley *et al.* 2013). Par conséquent, un nouveau relevé aérien a été réalisé à l'été 2018 (Watt *et al.* 2020), ce qui

nous permet de mettre à jour le modèle de population, et ce qui pourrait accroître la certitude quant à la capacité du modèle d'évaluer les répercussions des différents niveaux de récolte. L'objectif de la présente étude est d'utiliser les données sur les récoltes et les estimations d'après les relevés pour modéliser les tendances de population du narval du nord de la baie d'Hudson et prévoir les trajectoires futures selon divers scénarios de récolte.

MÉTHODES

SPÉCIFICATION DE MODÈLE

La méthode bayésienne de Monte-Carlo par chaîne de Markov (MCMC) a été utilisée pour adapter un modèle de production de stock stochastique dont la dépendance à la densité agissait sur le taux de croissance de la population. Ce modèle utilise des relevés aériens et des données sur les récoltes pour estimer la dynamique de la population. Pour séparer deux processus stochastiques, le processus d'observation et le processus d'état, un modèle espace-état hiérarchique a été élaboré. Le processus d'observation décrit l'erreur d'observation qui découle de la collecte de données et de l'estimation de l'abondance. Le processus d'état décrit l'erreur de processus, qui reflète la variabilité naturelle de la dynamique de la population (de Valpine et Hastings 2002).

Le processus d'état a été défini au moyen d'une formulation distincte du modèle de Pella et Tomlinson (Pella et Tomlinson 1969, Innes et Stewart 2002), qui décrit l'évolution de la taille réelle de la population au fil du temps. La taille de la population au temps t est un multiple de la population de l'année précédente dont le nombre de captures a été déduit.

$$N_t = N_{t-1} * \left(1 + (R_{max}) * \left(1 - \left(\frac{N_{t-1}}{K} \right)^\theta \right) \right) * \varepsilon_p - R_t$$

Où : R_{max} est le taux de croissance maximal ou le taux d'augmentation de la population,
est la capacité de charge environnementale,
 θ définit la forme de la fonction dépendante de la densité (thêta)
 ε_p est un terme stochastique d'erreur de processus,
 R_t sont les captures pour cette année-là, calculées comme des captures déclarées, t ,
corrigées pour la proportion d'animaux qui ont été frappés et perdus (S&L) :

$$R_t = C_t \cdot (1 + S\&L)$$

Le processus d'observation relie les données observées à la taille réelle de la population. Nous avons déterminé l'erreur de relevé en utilisant un terme d'erreur multiplicative (ε_{S_t}) pour lier la taille réelle de la population (N_t) aux estimations de relevés aériens (S_t).

$$\ln(S_t) = \ln(N_t) + \varepsilon_{S_t}$$

Le modèle a été ajusté à partir des données sur les captures de 1951 à 2018 (Tableau 1) et les données de relevés aériens de 1982, 2000, 2011 et 2018 (Tableau 2) pour estimer la dynamique de la population de 1951 à 2018. Les données sur les captures sont disponibles depuis 1911, mais elles étaient trop limitées dans le temps avant 1951 pour être incluses dans le modèle (Stewart 2008). Les relevés de 1982 et de 2000 ont été ajustés pour tenir compte des différences dans la conception et l'analyse du relevé et pour intégrer un ajustement tenant compte du biais de perception, en les multipliant par 2,29 et 2,56 respectivement (Asselin et Ferguson 2013; Tableau 2). Les estimations des relevés de 2011 et de 2018 avaient déjà été ajustées pour tenir compte du biais de perception. Toutes les estimations de relevé ont été

ajustées pour tenir compte des animaux qui plongeaient et qui n'étaient pas visibles pendant le relevé (biais de disponibilité).

Valeurs a priori

Les distributions a priori des variables aléatoires incluses dans le modèle étaient fondées sur le savoir traditionnel, les modèles antérieurs de population de cétacés (c.-à-d. Wade 1998, Marcoux et Hammill 2016) et les premières analyses exploratoires de notre modèle. Le taux de croissance maximal de la population (R_{\max}) pour les cétacés est souvent présumé être de 0,04 (Wade 1998); par conséquent, nous avons établi la valeur R_{\max} à 0,04 pour certaines exécutions du modèle initial, mais pour le modèle final, nous avons estimé la valeur R_{\max} en utilisant une distribution uniforme variant de 0,01 à 0,07 (Tableau 3). Le paramètre de façonnement θ (thêta) a été exploré en utilisant plusieurs a priori dans les cycles initiaux, à partir desquels nous avons déterminé que notre cycle de modèle final pouvait varier entre un et cinq (Tableau 3). On a attribué à la taille de la population de départ une distribution a priori uniforme de 1 000 à 20 000 (Tableau 3). La capacité de charge (K) s'est vue attribuer une distribution uniforme d'au moins 10 000 et d'au plus 30 000 (Tableau 3).

Les données sur les captures sous-estiment le nombre réel de narvals parce que certains animaux sont blessés ou tués, mais ne peuvent pas être récupérés par les chasseurs et sont donc considérés comme frappés et perdus. Naujaat est la principale collectivité de récolte pour le narval du nord de la baie d'Hudson; par conséquent, nous avons fondé notre valeur a priori pour les animaux frappés et perdus sur les valeurs de correction du taux de perte pour Naujaat de 1999 à 2005 (Richard 2008). La correction du taux de perte moyen à Naujaat était de 0,25, que nous avons utilisé pour attribuer une valeur a priori modérément informative selon une distribution bêta (3,5, 10), avec une médiane de 0,25 et des quartiles de 0,17 et 0,33.

Le terme erreur de processus stochastique suivait une distribution log-normale associée à un paramètre d'emplacement à valeur nulle. Le paramètre de précision de l'erreur de processus a reçu une distribution gamma(1,5, 0,00001) informative. Le terme d'erreur de processus qui en résulte comportait des quartiles de 0,998 et 1,002. La valeur étroite du processus aléatoire tient compte de l'hypothèse suivante à savoir que le narval est une espèce à grande longévité, la dynamique du stock présente une faible variabilité interannuelle.

L'incertitude associée aux relevés aériens a été intégrée à l'ajustement du modèle en utilisant les données de distribution antérieure pour l'erreur de relevé. La formulation de la valeur a priori pour l'erreur de relevé a été pondérée par l'erreur type pour chacune des estimations de l'abondance des quatre relevés intégrés au modèle. Le terme d'erreur de relevé s'est vu attribuer une distribution log-normale associée à un paramètre d'emplacement à valeur nulle. Le paramètre de précision de l'erreur de relevé était spécifique pour chaque année de relevé et a utilisé une valeur de précision calculée à partir de chaque erreur type indépendamment.

Estimation des paramètres et diagnostics des modèles

Un algorithme d'échantillonneur de Gibbs mis en œuvre dans JAGS (Plummer 2003) a été utilisé pour obtenir des estimations a posteriori pour les paramètres inclus dans le modèle. Les résultats ont été examinés dans RStudio (R Core Team 2020, *version 1.2.5033*) à l'aide des ensembles *R2jags* (Su et Yajima 2020, *version 0.6-1*) et *coda* (Plummer *et al.* 2006, *version 0.19-3*). Nous avons utilisé une méthode de Monte-Carlo par chaînes de Markov (MCMC) qui nous a obligés à vérifier la convergence des valeurs d'échantillon de chaque paramètre vers une distribution stationnaire. La convergence, le mélange et l'autocorrélation du modèle à l'intérieur des paramètres ont été examinés lors des premières exécutions du code de modèle.

Le diagnostic de Geweke a été utilisé pour tester la similarité entre les différentes sections des chaînes, et les parcelles de Geweke ont été inspectées visuellement pour tester le mélange dans chaque chaîne (Geweke 1996). La convergence entre les chaînes a été validée en comparant la largeur de l'intervalle de crédibilité de 80 % des chaînes regroupées à la largeur moyenne de l'intervalle de crédibilité de 80 % pour chacune des chaînes individuelles au moyen des test de diagnostic de Brooks-Gelman-Rubin (BGR) (Brooks et Gelman 1998).

La sensibilité des résultats du modèle à notre version mise à jour précédente pour la précision de l'erreur de relevé fondée sur l'erreur type à partir des relevés a été évaluée en comparant les trajectoires de population en résultant et en évaluant si la largeur des intervalles de confiance autour de la médiane reflétait l'erreur type de chaque relevé. Cela a été comparé aux cycles initiaux en utilisant une distribution antérieure gamma (2,5, 0,4) qui est utilisée dans les modèles de population antérieurs pour les baleines à dents arctiques (Marcoux et Hammill 2016). Les variations de modèle ont également permis d'estimer θ à l'intérieur de la valeur a priori uniforme décrite précédemment et avec $\theta = 1$, afin de comparer les effets de la dépendance à la densité linéaire et non linéaire. Tous les cycles initiaux du modèle utilisaient trois chaînes et le nombre d'itérations a été corrigé à 10 000 après un rodage de 6 000 et une valeur de dilution de 30. Après avoir évalué les résultats de tous les cycles initiaux, nous avons déterminé un modèle privilégié qui était le modèle le plus parcimonieux et le plus pertinent sur le plan biologique (Tableau 3). Le modèle privilégié a été exécuté à l'aide de cinq chaînes et de 100 000 itérations après un rodage de 60 000, la dilution étant maintenue à 30.

Projections futures et scénarios de récolte

Pour prédire la trajectoire des stocks et le rendement durable de cette population, le modèle a été prolongé de 10 ans dans le cadre de 10 scénarios de récolte différents. Une période relativement courte de 10 ans a été utilisée en raison de la fréquence à laquelle les quotas de récolte sont réévalués pour les mammifères marins. Selon les estimations d'enquêtes récentes, la population augmente, de sorte que nos scénarios de récolte variaient de 0 à 450 narvals pris annuellement, à intervalles de 50. Les répercussions de chaque niveau de récolte ont été évaluées en calculant la probabilité de déclin de la population sur 10 ans. Cette approche fondée sur les risques pour évaluer les niveaux de récolte est utilisée pour les populations considérées comme riches en données.

Pour approfondir l'examen des résultats, nous avons estimé le prélèvement biologique potentiel (PBP). Contrairement à l'approche fondée sur le risque, le PBP ne met pas l'accent sur les probabilités d'augmentation ou de déclin, son objectif de gestion intégré est plutôt de quantifier le nombre maximal d'animaux qui peuvent être prélevés d'un stock de mammifères marins tout en permettant au stock d'atteindre ou de rester à son niveau maximum de productivité nette après 100 ans (Wade 1998). Le PBP est la méthode par défaut pour estimer le rendement durable des stocks considérés comme pauvres en données. Le PBR a été calculé au moyen d'un facteur de rétablissement (F_R) de 0,75, puisque cette population est abondante, mais que les données sont limitées (Hammill *et al.* 2017).

L'équation pour le seuil du PBP est la suivante :

$$PBP = N_{min.} \cdot 0,5 \cdot R_{max} \cdot F_R$$

Où : R_{max} est le taux d'augmentation maximal de la population. La valeur par défaut pour les cétacés est de 0,04.

F_R est un facteur de rétablissement (entre 0,1 et 1), et

N_{min} est la taille de population estimée en utilisant le 20^e centile de la distribution a posteriori résultant du modèle ou le 20^e centile de la distribution log-normale (Wade 1998) de l'estimation par relevé aérien.

Comme il est expliqué ci-dessous, nous avons utilisé l'estimation démographique de 2019 du modèle pour calculer la valeur N_{min} .

Le PBP estime le nombre total de prélèvements d'une population, ce qui comprend les animaux récoltés, ceux qui sont capturés, mais non débarqués, les récoltes non déclarées et d'autres sources de mortalité de causes humaines. Par conséquent, le total autorisé des captures débarquées (TALC) est :

$$TALC = PBP/LRC$$

où LRC est la correction du taux de perte. La valeur LRC est estimée à partir de la valeur « frappés et perdus » dans les résultats du modèle pour calculer le TALC avec les estimations d'abondance modélisées pour 2019.

RÉSULTATS

La capacité de charge des variables (K), la taille de la population en 2019 (N_{2019}), l'erreur de processus, la taille de la population initiale (N_{1951}) et le taux d'animaux frappés et perdus ont démontré une convergence rapide pour toutes les chaînes. L'autocorrélation était faible pour toutes les variables et les statistiques des tests de diagnostic BGR étaient proches de 1 pour toutes les variables, ce qui indique la convergence de chaque chaîne et de chaque modèle (voir l'annexe). Dans les premières considérations du modèle, de multiples exécutions avec des a priori variés ont été effectuées et le modèle était robuste par rapport aux changements des valeurs a priori. Le modèle privilégié est présenté ici.

Le modèle montre une augmentation graduelle de l'abondance de la population au fil du temps, ce qui est conforme aux estimations des relevés aériens. Les distributions a posteriori du modèle ont donné un taux de croissance maximal médian (R_{max}) de 0,038, la capacité de charge médiane (K) a été estimée à 16 779 et θ à 2,94. La population de départ médiane en 1951 était estimée à 7 164 (IC à 95 % de 1 447 à 19 155) et à 14 377 au N_{2019} (IC à 95 % de 10 265 à 20 370) (Figure 2).

Pour une approche fondée sur les risques pour évaluer les niveaux de récolte, les trajectoires de population pour 10 scénarios de récolte ont été tracées à l'aide des résultats du modèle (5 des 10 niveaux de récolte indiqués à la Figure 3). Ces trajectoires ont permis de déterminer qu'après 10 ans, la probabilité de déclin démographique était de 10 % pour un niveau annuel de prise de 54 narvals, de 30 % pour un niveau de capture de 73, de 50 % pour un niveau de prise de 93, de 70 % pour un niveau de prise de 173 et de 90 % pour un niveau de prise de 243 narvals (Tableau 4, Figure 4).

L'estimation de la population modélisée de 2019 à partir de notre modèle le plus parcimonieux et biologiquement pertinent a été utilisée dans le calcul du PBP parce que la confiance dans l'estimation du modèle était plus grande que dans l'estimation du relevé aérien de 2018. Selon l'estimation de l'abondance de la population de 2019, un facteur de rétablissement F_R de 0,75 et un taux de croissance maximal par défaut de 4 % par année, le seuil du PBP était de 188 narvals. Le TALC a été calculé à 151, à l'aide de l'estimation du modèle pour les individus frappés et perdus (0,245) et de l'estimation de l'abondance de 2019.

DISCUSSION

Dans la présente étude, nous avons utilisé la méthodologie bayésienne pour ajuster un modèle stochastique de Pella-Tomlinson (Pella et Tomlinson 1969, Innes et Stewart 2002) aux données de relevé aérien du narval (1982 à 2018) et une série chronologique de données historiques sur les captures (1951 à 2018). Le modèle résultant comportait un paramètre de façonnement (θ)

supérieur à un, reflétant une réponse de croissance convexe (c.-à-d. que la rétroaction de densité se produit à des proportions plus élevées de K). La population médiane estimée a commencé à 7 164 narvals en 1951 et a augmenté au fil du temps pour atteindre 14 377 narvals en 2019. La croissance maximale de la population de narvals peut varier selon les taux vitaux de la population (Kingsley 1989). Dans notre modèle, R_{\max} a été estimé à 0,038, ce qui correspond au R_{\max} généralement présumé de 0,04 pour les cétacés ($\lambda_{\max} = 1,04$) (Wade 1998).

Des ajustements aux résultats des relevés aériens de 1982 et 2000 ont été nécessaires pour assurer l'uniformité entre les séries chronologiques. L'utilisation des estimations de relevé ajustées a permis de recréer dans le modèle une trajectoire de population plausible qui montre une augmentation graduelle au cours de la série temporelle. En permettant au modèle d'estimer la dépendance à la densité, la trajectoire de population a été adaptée un peu mieux aux estimations des relevés aériens que lorsque $\theta = 1$. Les mammifères marins présentent souvent une dépendance à la densité non linéaire, ce qui donne lieu à des paramètres qui se situent entre 1 et 7 (Taylor et DeMaster 1993), de sorte que l'estimation θ de 2,94 est biologiquement plausible pour le narval comme espèce de grande longévité. L'estimation de θ se traduit par une population atteignant une productivité maximale de l'ordre de 50 à 70 % de K avec un ralentissement de la croissance après ce point. L'estimation démographique de 2019 de 14 377 individus représente 86 % du K estimé de 16 779 narvals, ce qui suggère que la population a atteint un point de croissance réduite, comme en témoigne la courbe aplatie au cours des dernières années de la série chronologique.

Les relevés aériens de 1982 et 2000 ont été rajustés post-hoc, ce qui pourrait être une source d'incertitude dans ce modèle. Les ajustements pour ces relevés antérieurs tiennent compte à la fois du biais de perception et des changements dans les méthodes analytiques utilisées pour les relevés ultérieurs (Asselin et Ferguson 2013). Toutefois, il est possible que les ajustements entraînent une surestimation ou une sous-estimation de l'abondance réelle de la population. Une autre tendance observée en utilisant des estimations de l'abondance des relevés aériens antérieurs est que les deux derniers relevés (2011 et 2018) couvraient d'autres zones (à savoir le détroit de Roes Welcome et la baie Wager, dont les estimations de l'abondance en surface étaient d'environ 1100 et d'environ 500 en 2011 et en 2018, respectivement) que celles visées dans les relevés de 1982 et de 2000 (Asselin *et al.* 2012, Watt *et al.* 2020). Les deux relevés précédents peuvent comporter un biais négatif en raison du manque de couverture dans les régions où des narvals étaient présents en 2011 et en 2018. Nous n'avons pas pu corriger ce biais potentiel, car le calendrier de tout changement de distribution pour le narval du nord de la baie d'Hudson est inconnu. Les types d'incertitudes décrits ne sont pas rares pour les modèles qui utilisent des données historiques.

Le modèle montre que la population de narvals du nord de la baie d'Hudson a augmenté pendant toute la série temporelle de 1951 à 2018. Il y a eu une augmentation modérée des niveaux de récolte au début des années 2000, ce qui semble avoir légèrement influé sur la trajectoire de la population, bien que la croissance globale se soit toujours produite. À l'aide du modèle des PBP, la valeur TALC a été calculée à 151. Selon l'approche fondée sur les risques, une récolte de 151 se traduit par une probabilité d'environ 76 % de déclin de la population en 10 ans. Une probabilité de déclin de 5 % selon l'approche fondée sur les risques est atteinte à un niveau de récolte de 36 narvals. La méthode fondée sur les risques évalue la probabilité de déclin de la population par rapport à l'abondance actuelle, tandis que la méthode des prélèvements biologiques potentiels (PBP) s'efforce de maintenir une population égale ou supérieure à son niveau maximum de productivité nette, ce qui peut permettre un déclin si la population est déjà supérieure à ce niveau. Comparativement aux modèles antérieurs de population du narval du nord de la baie d'Hudson (Kingsley *et al.* 2013), les résultats du modèle

de cette étude sont assortis d'une plus grande certitude en raison de l'ajout d'estimations de relevé plus récentes et de l'intégration des ajustements des estimations de relevés antérieures. Par suite des mises à jour appliquées à ce modèle, la confiance dans l'estimation actuelle de la population est plus grande et elle peut être utilisée pour évaluer les niveaux de récolte soit au moyen de la modélisation de la population selon de l'approche fondée sur les risques, soit au moyen de la méthode des PBP. L'approche privilégiée pour déterminer les quotas de récolte du narval du nord de la baie d'Hudson dépendra des objectifs de gestion.

REMERCIEMENTS

Nous remercions la Naujaat Hunters and Trappers Association et J. Young qui nous ont fourni les données sur les captures. Nous remercions feu M. Kingsley qui a élaboré le modèle de population initial, T. Doniol-Valcroze, A. Mosnier et R. Hobbs pour les améliorations apportées au modèle et M. Hammill pour ses conseils sur la modélisation.

RÉFÉRENCES CITÉES

- Asselin, N.C., Ferguson, S.H., Richard, P.R. and Barber, D.G. 2012. [Results of narwhal \(*Monodon monoceros*\) aerial surveys in northern Hudson Bay, August 2011](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2012/037. iii + 23 p.
- Asselin, N.C., and Ferguson, S.H. 2013. [A re-analysis of northern Hudson Bay narwhal surveys conducted in 1982, 2000, and 2011](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2013/019. iv + 9 p.
- Bourassa, M.N. 2003. Inventaires de la population de narvals (*Monodon monoceros*) du nord de la baie d'Hudson et analyse des changements démographiques depuis 1983. Thesis (M.Sc) Université du Québec à Rimouski, Rimouski, QC. xii + 69 p.
- Brooks, S.P., and Gelman, A. 1998. Alternative methods for monitoring convergence of iterative simulations. *J. Comput. Graph. Stat.* 7: 434–455.
- Buckland, S.T., Anderson, D.R., Burnham, K.P., Laake, J.L., Borchers, D.L., and Thomas, L. 2001. Introduction to distance sampling: estimating abundance of biological populations. Oxford University Press, Oxford, UK. 448 p.
- de Valpine, P., and Hastings, A. 2002. Fitting population models incorporating process noise and observation error. *Ecol. Monogr.* 72(1): 57–76. doi:10.2307/3100085.
- Geweke, J. 1996. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. *In Bayesian Statistics 4*. Edited by J.M. Bernardo, J.M. Berger, A.P. Dawid and A.F.M.. Oxford University Press, Oxford, UK. pp. 169–193.
- Hammill, M.O., Stenson, G.B., and Doniol-Valcroze, T. 2017. [A management framework for Nunavik beluga](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/060. v + 34 p.
- Heide-Jørgensen, M.P., Dietz, R., Laidre, K.L., Richard, P., Orr, J., and Schmidt, H.C. 2003. The migratory behaviour of narwhals (*Monodon monoceros*). *Can. J. Zool.* 81(8): 1298–1305.
- Innes, S., and Stewart, R.E.A. 2002. Population size and yield of Baffin Bay beluga (*Delphinapterus leucas*) stocks. *NAMMCO Sci. Publ.* 4: 225–238. doi:10.7557/3.2846.
- Kemper, J.B. 1980. History of use of narwhal and beluga by Inuit in the Canadian eastern Arctic including changes in hunting methods and regulations. *Rep. Intern. Whal. Comm.* 30: 481–492.

-
- Kingsley, M. 1989. Population dynamics of the narwhal *Monodon monoceros*: an initial assessment (Odontoceti: Monodontidae). *J. Zool.* 219(2): 201–208.
- Kingsley, M.C.S., Asselin, N.C., and Ferguson, S.H. 2013. [Updated stock-dynamic model for the Northern Hudson Bay narwhal population based on 1982-2011 aerial surveys](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2013/011. v + 19 p.
- Mansfield, A.W., Smith, T.G., and Beck, B. 1975. The narwhal, *Monodon monoceros*, in eastern Canadian waters. *J. Fish. Res. Board Can.* 32(7): 1041–1046.
- Marcoux, M., and Hammill, M.O. 2016. [Model estimates of Cumberland Sound beluga \(*Delphinapterus leucas*\) population size and total allowable removals](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2016/077. iv + 35 p.
- Pella, J.J., and Tomlinson, P.K. 1969. A generalized stock production model. *Inter-Am. Trop. Tuna Comm.* 13(3): 420–496.
- Petersen, S.D., Tenkula, D., and Ferguson, S.H. 2011. [Population genetic structure of narwhal \(*Monodon monoceros*\)](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2011/021. vi + 20 p.
- Plummer, M. 2003. A program for analysis of Bayesian graphical models using Gibbs sampling. *In* Proceedings of the 3rd International Workshop on Distributed Statistical Computing. Edited by K. Hornik, F. Leisch, and A. Zeileis. Technische Universität Wien, Vienna, Austria. pp. 1–10.
- Plummer, M., Best, N., Cowles, K., and Vines, K. 2006. CODA: Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC. *R News* 6: 7–11.
- R Core Team. 2020. R: [A language and environment for statistical computing](#). R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Richard, P.R. 1991. Abundance and distribution of narwhals (*Monodon monoceros*) in northern Hudson Bay. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 48: 276–283.
- Richard, P.R. 2008. [On determining the Total Allowable Catch for Nunavut odontocete stocks](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2008/022. iv + 12 p.
- Richard, P.R. and Pike, D.G. 1993. Small whale co-management in the eastern Canadian Arctic: a case history and analysis. *Arctic* 46(2): 138–143.
- Spiegelhalter, D.J., Best, N.G., Carlin, B.P., and van der Linde, A. 2002. Bayesian measures of model complexity and fit. *J. Royal Statist. Soc. Ser. B Statist. Methodol.* 64(4): 583–639. doi:10.1111/1467-9868.00353.
- Stewart, D.B. 2008. Commercial and subsistence harvests of narwhals (*Monodon monoceros*) from the Canadian eastern Arctic. Arctic Biological Consultants, Winnipeg, MB for Canada Department of Fisheries and Oceans, Winnipeg, MB. ii + 97 p.
- Strong, J.T. 1989. [Reported harvests of narwhal, beluga and walrus in the Northwest Territories, 1948-1987](#). *Can. Data Rep. Fish. Aquat. Sci.* 734: iv + 14 p.
- Su, Y., and Yajima, M. 2020. [R2jags: Using R to Run 'JAGS'](#). R package version 0.6-1.
- Taylor, B.L., and DeMaster, D.P. 1993. Implications of non-linear density dependence. *Mar. Mammal Sci.* 9(4): 360–371. doi:10.1111/j.1748-7692.1993.tb00469.x.
- Wade, P.R. 1998. Calculating limits to the allowable human-caused mortality of cetaceans and pinnipeds. *Mar. Mammal Sci.* 14(1): 1–37.
-

Watt, C.A., Hornby, C., et Hudson, J. 2020. [Estimation de l'abondance de narvals \(*Monodon monoceros*\) d'après le relevé aérien de la population du nord de la baie d'Hudson réalisé en 2018](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Doc. de rech. 2020/073. iv + 16 p.

Westdal, K. H., P. R. Richard, and J. R. Orr. 2010. Migration route and seasonal home range of the northern Hudson Bay narwhal (*Monodon monoceros*). *In* A Little Less Arctic: Top predators in the world's largest northern inland sea, Hudson Bay. Edited by S.H. Ferguson, L.L. Loseto, and M.L. Mallory. Springer, Dordrecht, Netherlands. pp. 71–92.

TABLEAUX ET FIGURES

Tableau 1. Captures déclarées pour le narval du nord de la baie d'Hudson de 1951 à 2018. Les données de 1951 à 1953 proviennent de Stewart (2008), celles de 1953 à 2018 sont tirées de Mansfield (1975), de Kemper (1980), de Strong (1989) et des statistiques sur les récoltes du MPO de 1988 à 2018 (données non publiées du Secteur de la gestion des ressources du MPO).

Année	Captures déclarées	Année	Captures déclarées
1951	0	1985	27
1952	0	1986	16
1953	0	1987	7
1954	0	1988	16
1955	0	1989	38
1956	0	1990	16
1957	175	1991	17
1958	35	1992	36
1959	15	1993	20
1960	0	1994	14
1961	0	1995	6
1962	0	1996	14
1963	0	1997	45
1964	0	1998	0
1965	23	1999	28
1966	100	2000	157
1967	73	2001	45
1968	2	2002	108
1969	0	2003	67
1970	0	2004	43
1971	5	2005	120
1972	14	2006	86
1973	1	2007	94
1974	0	2008	88
1975	0	2009	29
1976	8	2010	118
1977	0	2011	103
1978	6	2012	92
1979	31	2013	56
1980	1	2014	115
1981	26	2015	96
1982	41	2016	47
1983	23	2017	73
1984	11	2018	113

Tableau 2. Estimations de l'abondance des narvals du nord de la baie d'Hudson à partir de relevés aériens dans leur aire d'été. Les estimations totales sont les valeurs calculées à partir des estimations de surface à l'aide d'un facteur d'ajustement du biais de disponibilité (C_a) de 2,8 et du coefficient de variation (CV) de l'estimation totale. Toutes les estimations ont été ajustées pour tenir compte du biais de perception et de disponibilité. EDC = échantillonnage à distance conventionnel, MRDS = échantillonnage à distance selon la méthode de marquage et de recapture.

Année du relevé	Total estimatif	CV	Méthode d'observation	Méthode d'analyse	Coefficient de correction	Estimations corrigées	Référence
1981	S.O.	S.O.	Visuel de reconnaissance	-	-	-	Richard 1991.
*1982	2 906	0.52	Visuel systématique	Bande de 600 m	2,56	7 440	Richard 1991, Asselin et Ferguson 2013
1983	4 248	0.36	Documentation photographique systématique	-	-	-	Richard 1991
1984	3 794	0.31	Documentation photographique systématique	-	-	-	Richard 1991.
*2000	4 978	0.40	Visuel systématique	EDC	2,29	11 401	Bourassa 2003 (CV dans Richard 2008), Asselin et Ferguson 2013
*2011	12 485	0.26	Visuel systématique	Échantillonnage à distance selon la méthode de marquage et de recapture	1,00	12 485	Asselin <i>et al.</i> 2012
*2018	19 232	0.28	Visuel systématique	Échantillonnage à distance selon la méthode de marquage et de recapture	1,00	19 232	Watt <i>et al.</i> 2020

* désigne les données des relevés qui ont été utilisées dans le modèle de dynamique de la population.

Tableau 3. Lois, paramètres et hyperparamètres a priori utilisés dans le modèle de population. « dist. » désigne un hyperparamètre avec sa propre distribution a priori.

Paramètres	Annotation	Distribution a priori	Hyperparamètres	Valeurs
Erreur de relevé (t)	ε_{st}	<i>Log-normale</i>	μ_S	0
			τ_S	<i>dist.</i>
Précision (relevé)	τ_S	*	-	-
Erreur de processus (t)	ε_{pt}	<i>Log-normale</i>	μ_P	0
			τ_P	<i>dist.</i>
Précision (processus)	τ_P	<i>Gamma</i>	α_P	1,5
			β_P	0,00001
Fonction de la forme de dépendance à la densité	θ	<i>Uniforme</i>	N_{upp}	5
			N_{low}	1
Frappé et perdu	<i>Frappé et perdu</i>	<i>Bêta</i>	α_{sl}	3,5
			β_{sl}	10
Population initiale	N_{1951}	<i>Uniforme</i>	N_{upp}	20 000
			N_{low}	1 000
Capacité de charge	K	<i>Uniforme</i>	N_{upp}	30 000
			N_{low}	10 000
Taux de croissance maximal	R_{max}	<i>Uniforme</i>	N_{upp}	0,07
			N_{low}	0,01

* pondéré selon l'erreur type de chaque relevé

Tableau 4. Probabilité (P) que la population de narvals du nord de la baie d'Hudson, soumise à différents niveaux de captures débarquées annuels, diminue par rapport à l'estimation modélisée de l'abondance de la population de 2019 après 10 ans de récolte.

P (%)	Captures débarquées
0	0
10	54
20	63
30	73
40	83
50	93
60	108
70	135
80	173
90	243
100	450

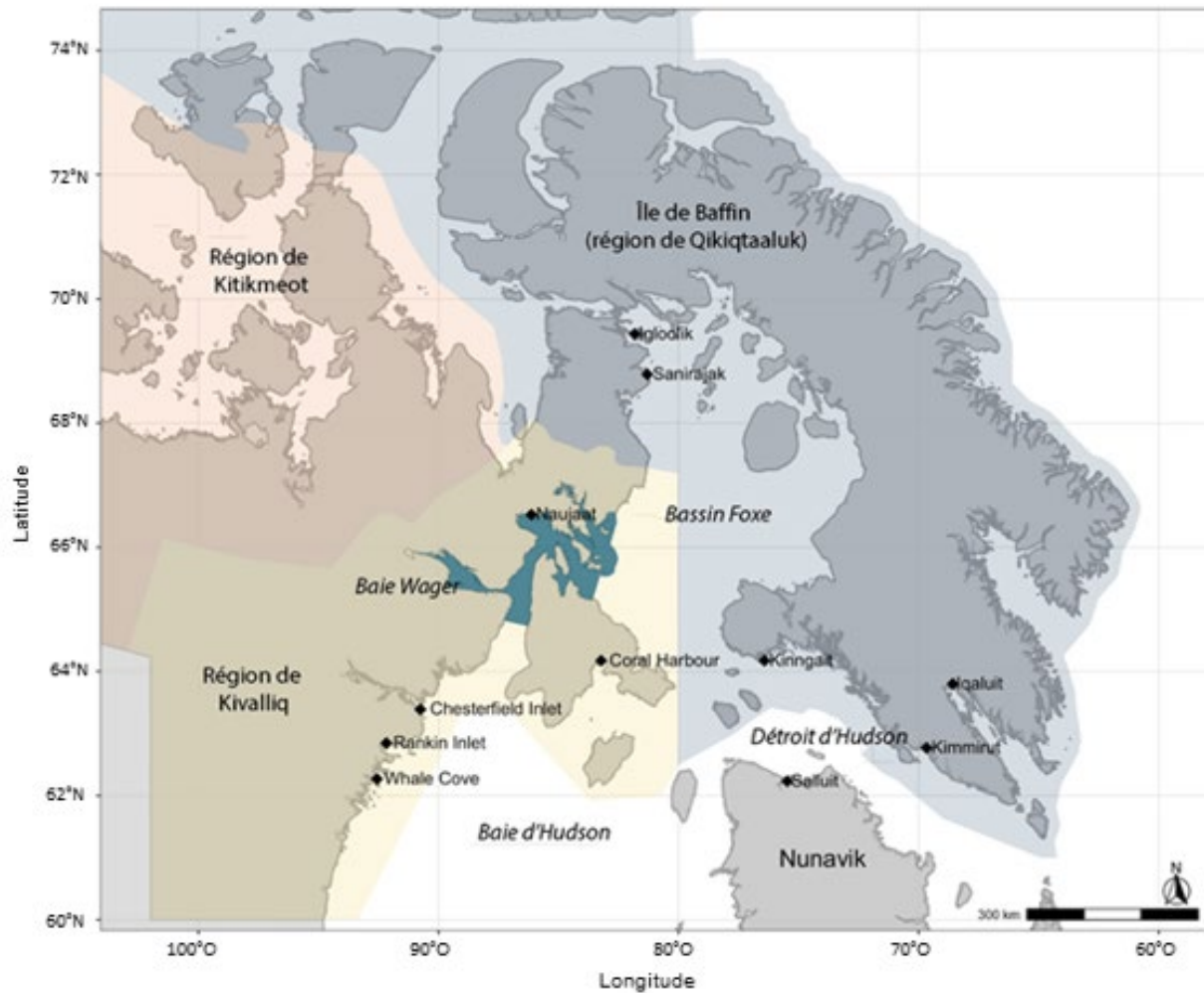


Figure 1. Carte illustrant les trois régions du Nunavut et l'aire d'estivage de la population de narvals du nord de la baie d'Hudson (bleu foncé).

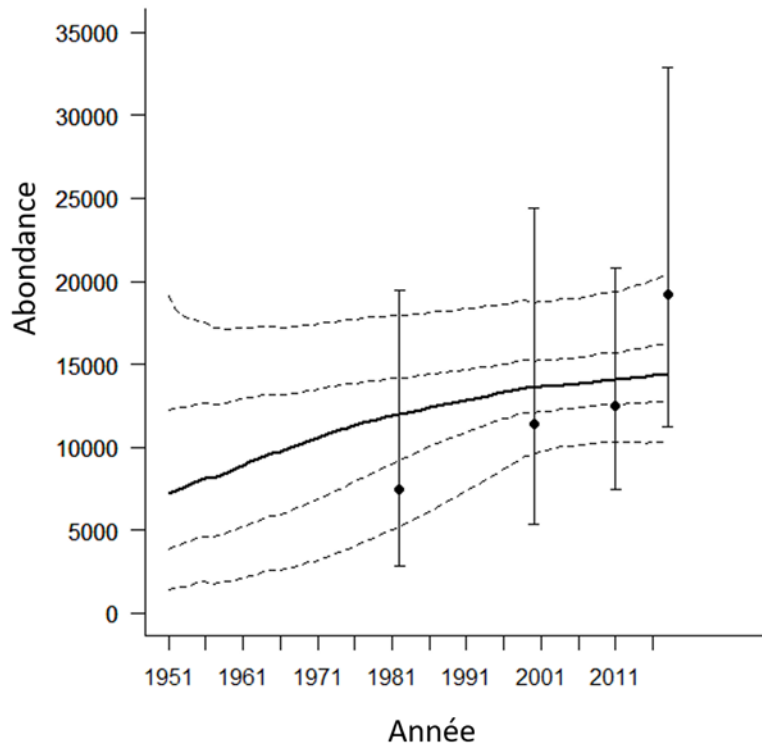


Figure 2. Estimations du modèle de l'abondance du narval du nord de la baie d'Hudson à partir du modèle adapté aux estimations ajustées des relevés aériens de 1982, 2000, 2011 et 2018 (les points noirs indiquent les intervalles de confiance à $\pm 95\%$ selon une distribution log-normale) et aux données sur la récolte de 1951 à 2018. La ligne pleine représente les estimations médianes, et les lignes pointillées représentent les 2,5^e, 25^e, 75^e et 97,5^e quantiles.

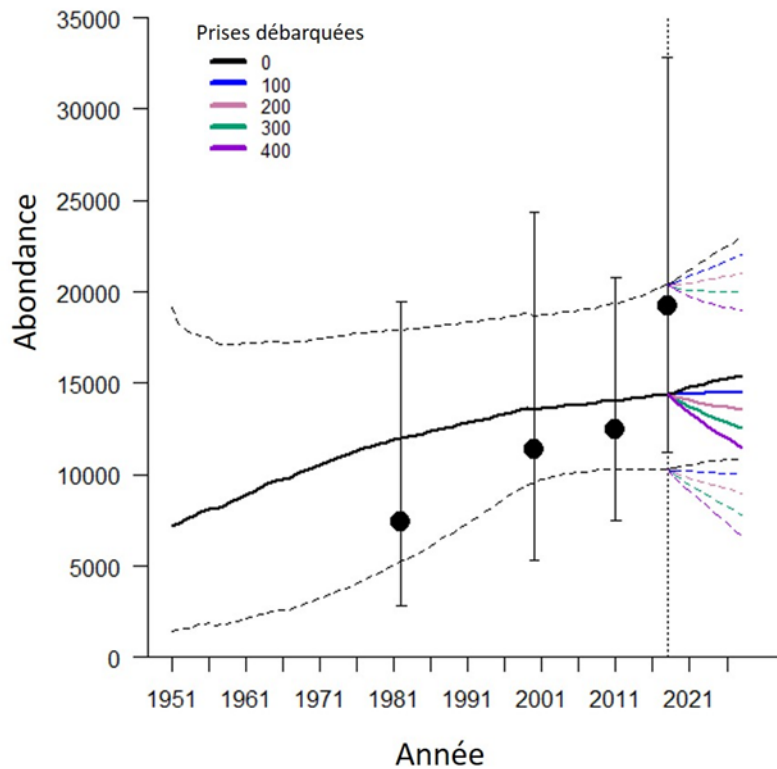


Figure 3. Projections démographiques futures pour le narval du nord de la baie d'Hudson selon cinq scénarios de récolte différents fondés sur les estimations démographiques du modèle, adaptées aux estimations ajustées des relevés aériens de 1982, 2000, 2011 et 2018 (les points noirs indiquent les intervalles de confiance à $\pm 95\%$ selon une distribution log-normale). La ligne continue représente l'estimation de l'abondance médiane, et les lignes pointillées représentent les intervalles de confiance à 95% . Les lignes pointillées verticales représentent la séparation entre l'abondance modélisée basée sur les estimations des relevés aériens et les projections futures.

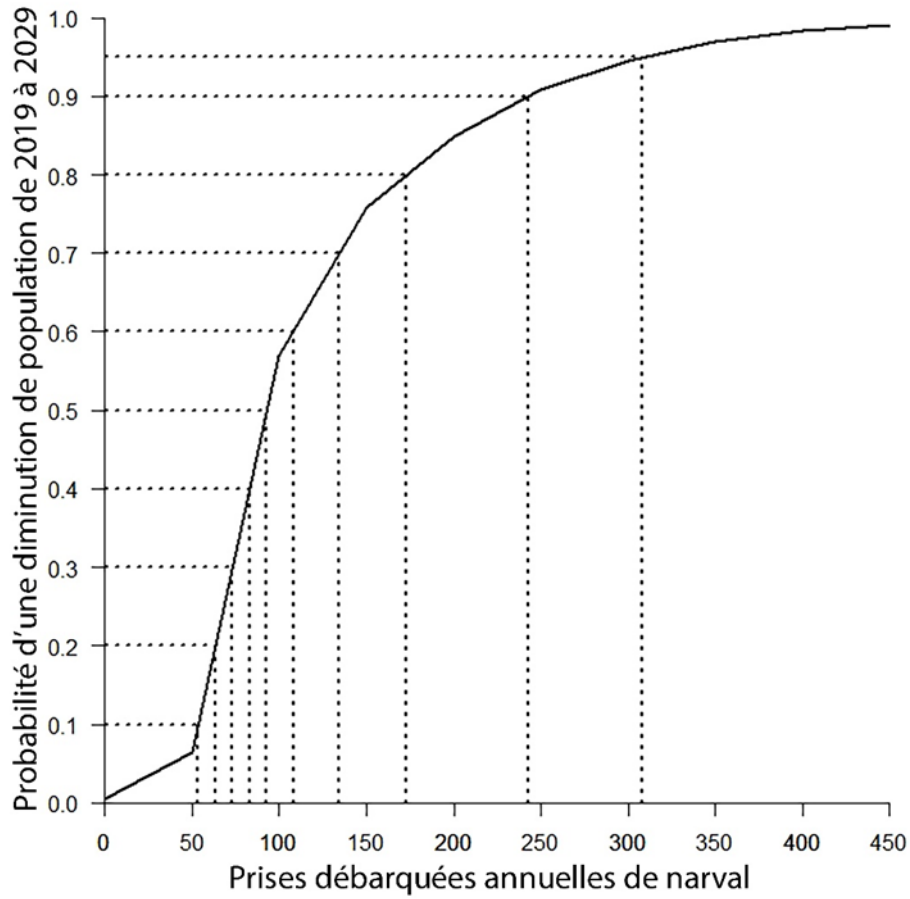


Figure 4. Probabilité que le stock de narvals du nord de la baie d'Hudson diminue après dix années de récolte par rapport à l'estimation de l'abondance de 2019. La probabilité est estimée à l'aide du modèle, en fonction du nombre déclaré de narvals retirés du stock chaque année. Les lignes pointillées montrent la probabilité correspondante de déclin (axe des y) pour divers niveaux annuels de récolte (axe des x).

ANNEXE

Résultats détaillés du modèle pour examiner les tendances de l'abondance de la population des narvals du nord de la baie d'Hudson à l'aide des données historiques des captures de 1951 à 2018 et des estimations des relevés aériens de 1982, 2000, 2011 et 2018.

Tableau A1. Extrants des modèles pour le stock narval du nord de la baie d'Hudson fondé sur l'historique des captures de 1951 à 2018 et les estimations de relevé ajustées de 1982 à 2018. La moyenne, l'écart-type, les 2,5^e, 25^e, 50^e, 75^e et 97,5^e quantiles sont donnés pour les paramètres de modèle suivants et leurs valeurs a priori : capacité de charge (K), paramètre de façonnement (thêta), erreur de processus, précision du relevé, population de départ, animaux abattus et perdus, et taille de population en 2019 (N2019). \hat{R} est la statistique de Brooks-Gelman-Rubin; les valeurs proches d'un indiquent la convergence des chaînes. N.eff est le nombre d'exécutions efficaces après la prise en compte de l'autocorrélation.

	Moyenne	Écart-type	2,50 %	25 %	50 %	75 %	97,50 %	Rhat	n.eff
K	18044,534	4846,625	11377,84	14324,234	16779,243	21070,311	28935,97	1,001	5,00E+05
K. a priori	19994,333	5770,36	10499,53	14991,805	19994,798	24980,759	29499,297	1,001	5,00E+05
Thêta	2,957	1,16	1,092	1,943	2,937	3,961	4,895	1,001	5,00E+05
Thêta a priori	2,999	1,154	1,101	2	2,999	3,999	4,899	1,001	5,00E+05
Écart	77,473	1,765	74,764	76,162	77,52	78,302	81,604	1,001	5,00E+05
R _{max}	0,039	0,016	0,012	0,025	0,038	0,052	0,068	1,001	5,00E+05
R _{max} a priori	0,04	0,017	0,012	0,025	0,04	0,055	0,069	1,001	3,00E+05
Erreur de processus	150011,35	122358,2	10759,791	60701,106	118449,909	205465,538	466990,681	1,001	38000
Erreur de processus a priori	149919,295	122634,137	10621,624	60362,222	118148,845	205384,57	467770,558	1,001	5,00E+05
Précision de relevé	10,585	5,502	2,693	6,555	9,644	13,597	23,793	1,001	370000
Précision de relevé a priori	10,561	5,495	2,69	6,53	9,624	13,591	23,719	1,001	5,00E+05
Pop. de départ	8341,686	5241,921	1446,671	3882,189	7163,573	12199,53	19154,801	1,001	5,00E+05
Pop. de départ a priori	10510,619	5484,469	1479,906	5757,679	10514,792	15270,275	19525,115	1,001	5,00E+05
Frappés et perdus	0,257	0,114	0,072	0,171	0,245	0,33	0,509	1,001	5,00E+05
Frappés et perdus a priori	0,259	0,115	0,073	0,173	0,247	0,333	0,513	1,001	5,00E+05
N2019	14622,06	2592,588	10264,86	12757,33	14376,96	16222,03	20370,09	1,001	5,00E+05

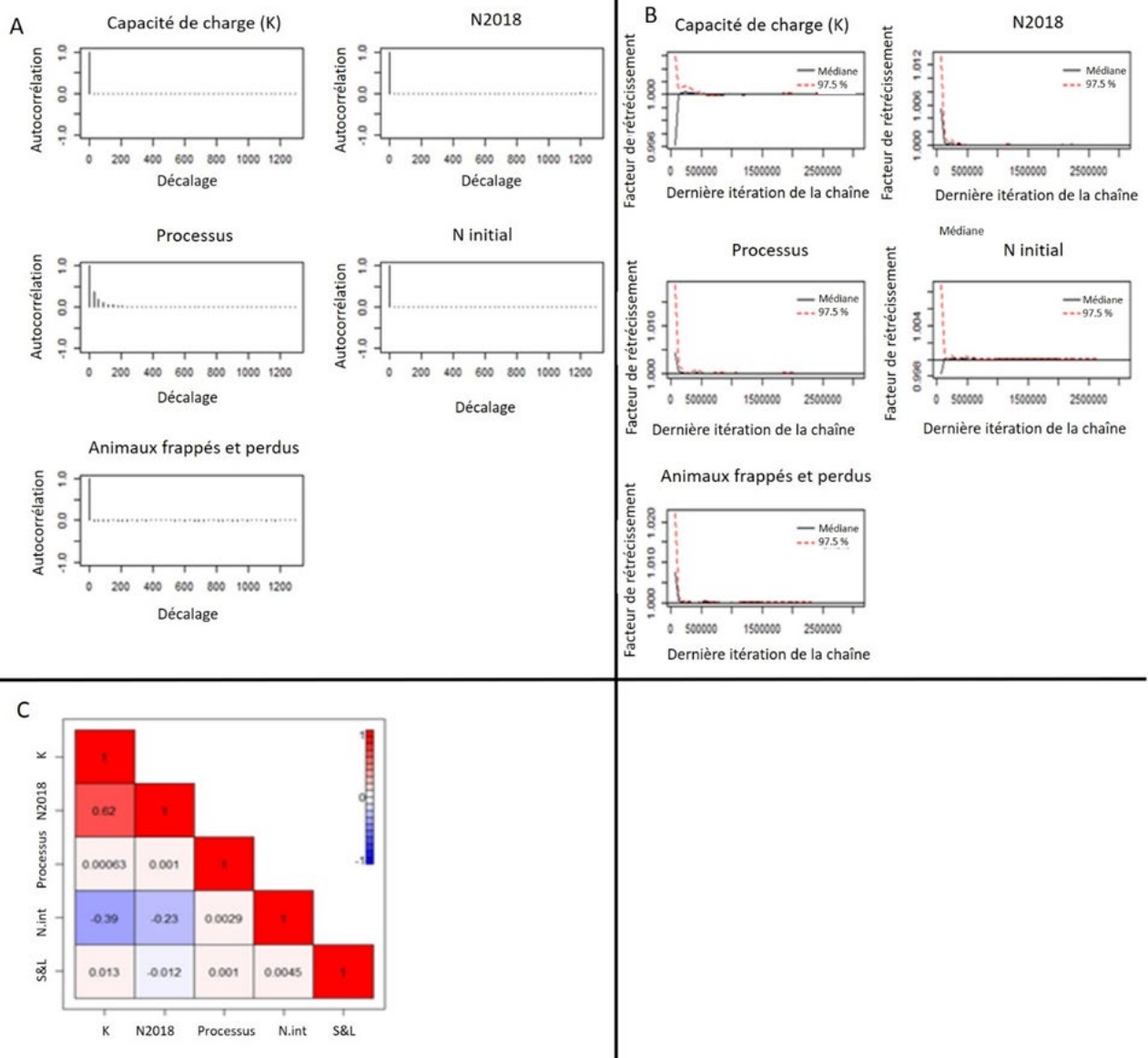


Figure A1. Le modèle a été adapté aux données sur la récolte (1951 – 2018) et aux données ajustées des relevés aériens (de 1982 à 2018). Les graphiques illustrent les changements dans A) l'autocorrélation, B) la corrélation croisée et C) les résultats des tests de diagnostic Brooks-Gelman-Rubin (BGR).

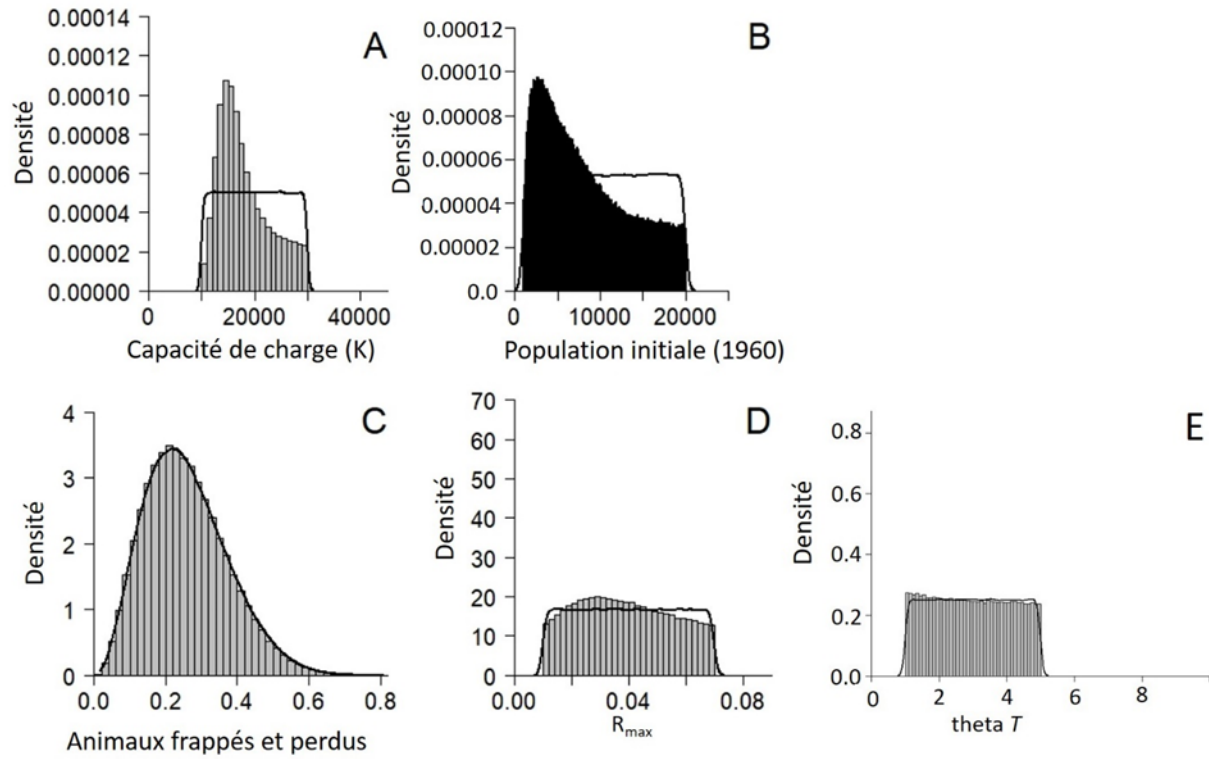


Figure A2. Les valeurs a priori (lignes) et a posteriori (histogrammes) pour A) la capacité de charge, B) la population initiale, C) les animaux frappés et perdus, D) R_{max} et E) θ .