



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 2023/069

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

Définition du stock et de la composition génétique des bélugas de la baie Cumberland (*Delphinapterus leucas*)

Cortney A. Watt^{1*}, Luca Montana^{2*}, Justine Hudson¹, et Geneviève J. Parent²

¹Institut des eaux douces
Pêches et Océans Canada
501 University Crescent
Winnipeg (Manitoba) R3T 2N6

²Maurice Lamontagne Institute,
850 route de la Mer
Mont-Joli, QC, G5H 3Z4

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



© Sa Majesté le Roi du chef du Canada, représenté par le ministre du
ministère des Pêches et des Océans, 2023

ISSN 2292-4272

ISBN 978-0-660-49975-8 N° cat. Fs70-5/2023-069F-PDF

La présente publication doit être citée comme suit :

Watt, C.A., Montana, L., Hudson, J., et Parent, G.J. 2023. Définition du stock et de la composition génétique des bélugas de la baie Cumberland (*Delphinapterus leucas*). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/069. iv + 40 p.

Also available in English:

Watt, C.A., Montana, L., Hudson, J., and Parent, G.J. 2023. Stock definition and genetic composition of Cumberland Sound beluga whales (*Delphinapterus leucas*). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2023/069. iv + 38 p.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
INTRODUCTION	1
RENSEIGNEMENTS DE BASE ET OBJECTIFS.....	1
Comment les bélugas de la baie Cumberland étaient-ils identifiés autrefois?	2
Une nouvelle évaluation génétique et génomique du béluga de la baie Cumberland	4
MÉTHODES.....	4
ÉCHANTILLONS.....	4
Extraction et caractérisation de l'ADN.....	5
ADN mitochondrial	5
ADN nucléaire.....	6
RÉSULTATS.....	8
ADN MITOCHONDRIAL.....	8
ADN NUCLÉAIRE	9
DISCUSSION.....	11
L'ADN NUCLÉAIRE A MONTRÉ QUE LES POPULATIONS DE LA BAIE CUMBERLAND ET DE L'OUEST DE LA BAIE D'HUDSON SONT DISTINCTES	11
L'ADN MITOCHONDRIAL SOUS-ESTIME LA PROPORTION DE LA POPULATION BBC PRÉSENTE DANS LA BAIE CUMBERLAND EN ÉTÉ	12
IMMIGRATION ET ÉMIGRATION DANS LA BAIE CUMBERLAND	13
DESCRIPTION DU STOCK DE LA BAIE CUMBERLAND	14
REMERCIEMENTS	15
RÉFÉRENCES CITÉES	16
TABLEAUX ET FIGURES.....	22
ANNEXE A. RENSEIGNEMENTS SUPPLÉMENTAIRES.....	30

RÉSUMÉ

Moins de 1 500 bélugas (*Delphinapterus leucas*) se trouvent dans la baie Cumberland. Ces baleines, considérées comme une seule population de bélugas, ont été inscrites sur la liste des espèces menacées de la *Loi sur les espèces en péril* et ont récemment été évaluées comme étant en voie de disparition par le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada. Ce groupe de bélugas a été défini à partir de données de suivi par satellite, de données sur les contaminants, de données morphométriques et d'analyses génétiques antérieures. Toutefois, des questions demeurent quant à savoir si plusieurs populations de bélugas visitent la baie Cumberland, et au sujet de la différenciation génétique de leurs stocks et de la période de la migration et de la répartition des baleines des différents groupes dans la baie Cumberland. Le récent réexamen d'un haplotype long de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (ADNmt) a révélé une plus grande différenciation parmi les populations de bélugas dans l'est du Canada, y compris un petit sous-échantillon de baleines récoltées dans la baie Cumberland. Dans cette étude, nous avons réexaminé la composition génétique des bélugas chassés dans la baie Cumberland (N = 208) comparativement à celui d'autres baleines de l'est de l'Arctique (N = 657), en analysant tous les échantillons prélevés dans cette zone par rapport à l'haplotype long de l'ADNmt. Nous avons également génotypé un sous-échantillon de baleines récoltées dans la baie Cumberland (N = 27) et dans l'ouest de la baie d'Hudson (N = 121) en utilisant 12 370 polymorphismes mononucléotidiques (SNP) d'ADN nucléaire (ADNn) pour étudier leur spécificité. Les résultats que nous avons obtenus à l'aide de l'ADNmt indiquent qu'environ 35 % des bélugas chassés en juillet et en août dans la baie Cumberland présentaient des haplotypes uniques à cette région. Les autres baleines récoltées présentaient des haplotypes communs avec d'autres populations du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Les résultats de l'analyse de l'ADNn ont également permis de penser que deux populations sont présentes dans la baie Cumberland pendant l'été, environ 74 % des baleines appartenant à la population de la baie Cumberland. Le degré de différenciation entre les populations de la baie Cumberland et de l'ouest de la baie d'Hudson était faible ($F_{ST} = 0,014$), mais ce résultat est prévisible compte tenu de la colonisation récente du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Nos résultats confirment que deux populations de bélugas passent l'été dans la baie Cumberland. Selon toutes les données actuelles, l'approche la plus prudente consiste à gérer les bélugas qui occupent la baie Cumberland en été comme un seul stock composé de deux populations génétiques.

INTRODUCTION

RENSEIGNEMENTS DE BASE ET OBJECTIFS

La définition d'un « stock » en ce qui concerne les mammifères marins fait l'objet de discussions et de débats approfondis depuis 30 ans (Stewart 2008). La Commission baleinière internationale (CBI) a défini un stock de gestion comme un concept humain défini dans le contexte de la gestion. Ce concept fait référence aux « animaux qui se trouvent dans une région définie pendant une saison définie où la gestion est en cours ou envisagée » (CBI 2002). Au Canada, le terme « stock » est généralement utilisé dans un cadre de gestion pour désigner un groupe d'animaux qui font l'objet d'une récolte (Richard 2010).

Il existe de nombreuses et diverses définitions d'une population, que ce soit pour les sciences biologiques ou les disciplines de la conservation et de la gestion. Dans un contexte évolutif, l'une des définitions suggérées pour la population fait référence à un groupe d'individus qui se reproduisent ensemble et qui occupent un même espace dans une période de temps (voir la revue dans Waples et Gaggiotti 2006). On utilise souvent des données génétiques et génomiques pour décrire les populations dans un contexte évolutif et ces résultats sont largement utilisés par les utilisateurs finaux pour la conservation et la gestion. Les populations sont également considérées comme des unités pertinentes pour optimiser la conservation de la diversité génétique (Funk *et al.* 2012).

Dans la présente évaluation, un stock désigne une unité de gestion définie géographiquement et temporellement, comme l'a suggéré la CBI (2002). Un stock peut comprendre plus d'une population si celles-ci se chevauchent dans l'espace et dans le temps pendant la période de gestion ou de récolte. À l'inverse, une population sera définie comme un groupe d'individus qui se reproduisent ensemble et vivent ensemble pendant l'été. Notre définition d'une population s'appuiera sur deux sources de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) soit l'ADN mitochondrial (ADNmt) et l'ADN nucléaire (ADNn). Les séquences d'ADNmt, appelées haplotypes, renseignent sur la lignée maternelle puisque ce génome est hérité exclusivement de la mère chez la plupart des espèces, y compris le béluga. Par le passé, la répartition géographique des lignées maternelles dans les aires d'estivage était la seule information utilisée pour définir les populations de bélugas dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson (par exemple, Turgeon *et al.* 2012, Parent *et al.* 2023). Dans cette évaluation, nous présentons également les résultats de l'ADNn, qui renseignent sur la composition génomique héritée des deux parents. Il peut donc être possible de déduire si un individu est la progéniture de bélugas de deux populations différentes.

Le stock ou la population cible de la présente étude est le béluga (*Delphinapterus leucas*) de la baie Cumberland. Ces bélugas ont été chassés commercialement de la fin des années 1800 jusqu'au milieu des années 1900 (Mitchell et Reeves 1981). On estime qu'ils étaient plus de 5 000 avant 1923; cependant, en raison de la chasse commerciale à la baleine, il en restait moins de 1 000 dans les années 1980 (Mitchell et Reeves 1981). En 1990, le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada (COSEPAC) a d'abord désigné les bélugas du sud-est de l'île de Baffin et de la baie Cumberland comme une espèce en voie de disparition (COSEPAC 2020) et en 1991, un système de quotas a été mis en place pour limiter à 35 individus par année le nombre de bélugas capturés dans la baie Cumberland (MPO 2002). En 2002, le quota a été augmenté à 41 bélugas à la condition que les femelles accompagnées de baleineaux et les baleineaux ne soient pas chassés et la communauté de Pangnirtung a recueilli des renseignements sur les taux d'animaux abattus et perdus et le nombre d'animaux récoltés (MPO 2002). Le plus récent relevé aérien, effectué en 2017, a permis d'estimer une abondance de 1 381 bélugas (intervalle de confiance [IC] à 95 % = 1 270-1 502) dans la baie

Cumberland (Watt *et al.* 2021). Selon le relevé et la modélisation consécutive de l'abondance, la probabilité de déclin des bélugas de la baie Cumberland dans les 10 prochaines années, au taux de récolte actuel de 41 baleines par année, est d'environ 96 % (MPO 2019). À un taux de prise de 20 baleines par année, la probabilité d'un déclin est de 50 % (MPO 2019). Une diminution des prises pour réduire ce risque n'a pas encore été mise en œuvre, en partie parce que les connaissances inuites indiquent que deux groupes de bélugas visitent la baie Cumberland, ce que l'évaluation des risques ne reflète pas.

Cette étude vise à : 1) examiner les données probantes actuelles sur la délimitation des bélugas de la baie Cumberland et 2) fournir de nouveaux résultats d'analyses génétiques et génomiques comparant les bélugas de la baie Cumberland à d'autres groupes de bélugas du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Un examen complet des connaissances inuites sur les bélugas de la baie Cumberland n'est pas présenté ici et dépasse la portée de la présente évaluation. Nous visons plutôt à donner un aperçu des données scientifiques utilisées pour définir les bélugas de la baie Cumberland par le passé, ainsi qu'à présenter une nouvelle évaluation scientifique de l'information génétique.

Comment les bélugas de la baie Cumberland étaient-ils identifiés autrefois?

Au départ, les bélugas de la baie Cumberland étaient inclus avec les bélugas du sud-est de l'île de Baffin et de la baie Cumberland, un groupe qui comprenait également les baleines capturées par les chasseurs de Kimmirut et d'Iqaluit (Richard et Orr 1986) (Figure 1). En 1990, ces baleines ont été désignées comme étant en voie de disparition par le COSEPAC (COSEPAC 2004). Par la suite, les données de suivi par satellite, les données sur les contaminants, les données morphométriques et les analyses génétiques ont suggéré que les bélugas chassés dans la baie Cumberland étaient différents de ceux chassés à Kimmirut et à Iqaluit (Sergeant et Brodie 1969, de March *et al.* 2002, Innes *et al.* 2002, Richard et Stewart 2008, Turgeon *et al.* 2012, Watt *et al.* 2016). On a alors, en 2004, redéfini les bélugas du sud-est de l'île de Baffin et de la baie Cumberland et considéré que les animaux du sud-est de l'île de Baffin, y compris les bélugas de Kimmirut et d'Iqaluit, faisaient partie du stock de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH). Les bélugas de la baie Cumberland ont été inscrits comme « menacés » en vertu de la LEP en 2017 et évalués comme étant en voie de disparition par le COSEPAC en 2020 (COSEPAC 2020).

Données de suivi par satellite

Entre 1998 et 2008, 19 bélugas de la baie Cumberland ont été munis d'émetteurs satellites et ont fait l'objet d'un suivi pendant 2 à 270 jours (Richard and Stewart 2008, Watt *et al.* 2016) (Tableau 1). Les données de suivi ont montré que les bélugas se trouvaient entre le fjord Nettilling et le fjord Clearwater en juillet et en août (Richard et Stewart 2008) (Figure 1). En septembre, la plupart des baleines marquées étaient dans le fjord Clearwater et près de l'entrée du fjord Kangilo; cependant, certaines se trouvaient également du côté sud-ouest de la baie Cumberland (Richard et Stewart 2008, Watt *et al.* 2016). À la fin de l'automne et au début de l'hiver, des baleines ont été repérées dans le sud-est de la baie Cumberland, le long de la péninsule Cumberland, où une polynie persistante a été observée, qui pourrait permettre aux bélugas d'hiverner dans la baie et d'éviter de se retrouver piégés pendant l'hiver (Richard et Stewart 2008, Watt *et al.* 2016). Les bélugas s'accouplent probablement entre mars et juin dans les aires d'hivernage (Heide-Jørgensen et Teilmann 1994). Bien que le nombre de baleines marquées soit faible, les données de télémétrie suggèrent que les bélugas de la baie Cumberland passent toute l'année dans la baie et qu'ils sont des résidents de la région (Richard et Stewart 2008).

Contaminants

Les composés organochlorés (CO), y compris les biphényles polychlorés et les contaminants persistants, dont les polybromodiphényléthers (PBDE) utilisés comme ignifugeants, peuvent s'accumuler chez les mammifères marins des niveaux trophiques élevés, comme les bélugas (Innes *et al.* 2002, McKinney *et al.* 2006, Smythe *et al.* 2018). Étant donné que le type et les concentrations des CO varient en raison de la composition des proies selon le lieu de la quête de nourriture, on peut utiliser les CO pour différencier les groupes de baleines (Aguilar 1987). Par exemple, les contaminants de la graisse provenant des baleines récoltées dans la baie Cumberland différaient de ceux observés dans la graisse des baleines chassées à Kimmirut (Innes *et al.* 2002). Les concentrations de sept PBDE chez les bélugas étaient également plus faibles chez les mâles récoltés dans la baie Cumberland que chez les mâles récoltés dans l'ouest de la baie d'Hudson (McKinney *et al.* 2006). On a également observé des tendances à la baisse des concentrations d'acide perfluoro-carboxylique (S₅PFCA) chez les bélugas chassés dans l'est de la mer de Beaufort, l'est de la baie d'Hudson et l'ouest de la baie d'Hudson, mais une augmentation des concentrations chez les bélugas de la baie Cumberland, dénotant potentiellement une source d'exposition plus élevée propre à la baie Cumberland (Smythe *et al.* 2018). Des différences dans les concentrations et les ratios de CO ont aussi été détectées entre les baleines récoltées dans la baie Cumberland (par la communauté de Pangnirtung), à Kimmirut et à Iqaluit, ce qui confirme l'hypothèse selon laquelle les bélugas de la baie Cumberland sont distincts des baleines de Kimmirut et d'Iqaluit (de March *et al.* 2004). Les différences dans les CO entre les trois groupes de bélugas du sud-est de l'île de Baffin peuvent être attribuables à la variation des stratégies de quête de nourriture. Les bélugas de la baie Cumberland peuvent se nourrir à des niveaux trophiques inférieurs, de poissons benthiques ou de poissons qui se nourrissent d'organismes benthiques et dont les charges en CO sont relativement plus faibles (de March *et al.* 2004).

Morphométrie, hormones et régime alimentaire

Les bélugas récoltés dans la baie Cumberland sont beaucoup plus gros que ceux chassés dans l'ouest de la baie d'Hudson, avec une longueur asymptotique de 370,9 cm comparativement à 354,4 cm respectivement (Ferguson *et al.* 2020). Leurs niveaux de cortisol (une hormone liée au stress) sont également beaucoup plus élevés que ceux des bélugas de l'est du Haut-Arctique, de la baie de Baffin ou de l'ouest de la baie d'Hudson, et ils ont une signature $\delta^{13}\text{C}$ très différente (un indicateur de l'endroit où les animaux se nourrissent; Newsome *et al.* 2010) de celle des bélugas de l'ouest de la baie d'Hudson (Kucheravy *et al.* 2022). De plus, la tendance temporelle $\delta^{13}\text{C}$ des bélugas de la baie Cumberland diffère de celle des baleines capturées dans l'est de le Haut-Arctique, dans la baie de Baffin et dans l'ouest de la baie d'Hudson (Matthews et Ferguson 2014). Bien qu'une signature $\delta^{15}\text{N}$ semblable entre les bélugas de la baie Cumberland et de l'ouest de la baie d'Hudson permette de penser qu'ils se nourrissent à un niveau trophique semblable, les bélugas de la baie Cumberland ont une signature unique d'acides gras (Kucheravy *et al.* 2022).

Génétique

Des études génétiques antérieures utilisant l'ADNmt indiquent que les bélugas de la baie Cumberland sont génétiquement distincts des autres bélugas (Brown Gladden *et al.* 1997, de March *et al.* 2002, Turgeon *et al.* 2012). Brown Gladden et ses collaborateurs (1997) ont déterminé les premiers que les bélugas chassés dans la baie Cumberland différaient de ceux récoltés à Kimmirut et à Iqaluit. Les auteurs ont relevé une distinction temporelle chez les bélugas provenant de la baie Cumberland, ceux qui avaient été chassés dans les années 1980 étant différents de ceux récoltés dans les années 1990; cette différence aurait été causée par une interdiction de la chasse dans le fjord Clearwater, une importante aire de mise bas pour

cette population (Brown Gladden *et al.* 1997). de March et ses collaborateurs (2002) ont également constaté que les bélugas récoltés dans la baie Cumberland étaient différents de ceux chassés à Kimmirut, tandis que les bélugas chassés à Iqaluit présentait des caractéristiques génétiques semblables à celles des bélugas de la baie Cumberland et de Kimmirut. Ces résultats ont été confirmés par Turgeon et ses collaborateurs (2012) dont les résultats suggèrent que les bélugas de la baie d'Hudson et des régions avoisinantes forment trois populations estivantes génétiquement distinctes : est de la baie d'Hudson, ouest de la baie d'Hudson et baie Cumberland. Les bélugas de la baie Cumberland ont été identifiés comme étant distincts des bélugas récoltés à Kimmirut et à Iqaluit (Turgeon *et al.* 2012). Ensemble, ces trois études suggèrent que les bélugas de la baie Cumberland constituent une population génétiquement distincte, et puisque l'ADNmt est hérité de la mère, on peut penser que les différences génétiques entre les populations sont probablement maintenues par la fidélité maternelle au site (Turgeon *et al.* 2012).

Une nouvelle évaluation génétique et génomique du béluga de la baie Cumberland

Une nouvelle étude a suggéré la composition génétique mixte des bélugas dans la baie Cumberland à l'aide de l'ADNmt (Parent *et al.* 2023), confirmant les connaissances inuites de Pangnirtung selon lesquelles deux groupes de bélugas sont présents dans la région. Cette évaluation génétique comprenait 2 861 échantillons du complexe de la baie et du détroit d'Hudson et a été effectuée à l'aide d'une séquence plus longue (615 nucléotides) de la région de contrôle de l'ADNmt que les études précédentes (Brown Gladden *et al.* 1997, de March *et al.* 2002, Turgeon *et al.* 2012). Avec cet échantillon plus grand et cette séquence d'haplotype plus longue, l'étude était plus puissante pour différencier les populations génétiques dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Dans la baie Cumberland, les bélugas avaient des haplotypes uniques ou des haplotypes communs avec d'autres populations. De plus, les taux d'auto-assignation pour les bélugas récoltés pendant l'été dans la baie Cumberland étaient les plus faibles parmi les quatre groupes de référence décrits dans Parent *et al.* (2023), indiquant soit une différenciation marginale avec les bélugas de l'ouest de la baie d'Hudson, soit que des bélugas d'autres populations vivent également dans la baie d'Hudson, ce qui a entraîné d'autres analyses.

Parent et ses collaborateurs (2023) ont identifié cinq populations génétiques de bélugas : les populations de l'est de la baie d'Hudson (EBH), de la baie James (JAM), de l'OBH, de la baie Cumberland (BBC) et une nouvelle population dans les îles Belcher (BEL). Pour conserver la diversité génétique, les auteurs ont proposé de considérer ces cinq populations comme des unités évolutives indépendantes. Dans la baie Cumberland, 34,5 % des baleines récoltées présentaient des haplotypes uniques (propres à la population de la baie Cumberland) et les autres avaient des haplotypes communs avec les bélugas de l'ouest de la baie d'Hudson et des îles Belcher (Parent *et al.* 2023). La petite taille de l'échantillon de baleines chassées dans la baie Cumberland utilisé dans Parent *et al.* (2023) motivait une étude plus approfondie sur la différenciation génétique des baleines récoltées dans la baie Cumberland, qui est présentée ici.

MÉTHODES

ÉCHANTILLONS

Des chasseurs prélèvent des échantillons de peau de béluga de la baie Cumberland dans le cadre du Programme d'échantillonnage des mammifères marins à Pangnirtung depuis les années 1980. L'endroit exact où chaque animal a été récolté est parfois indiqué et, dans certains cas, le nom du lieu est mentionné. Dans ces cas, les noms des lieux ont été convertis

en latitude et en longitude approximatives. Bien souvent, l'emplacement de la chasse n'est pas fourni ou est indiqué comme « Pangnirtung », auquel cas aucune latitude ou longitude n'a été attribuée. Les tissus ont parfois été conservés dans une solution saline saturée de diméthylsulfoxyde (DMSO), mais dans plusieurs cas ont été congelés au moment de la collecte, puis conservés dans une solution de diméthylsulfoxyde une fois expédiés à l'Institut des eaux douces de Winnipeg, au Manitoba.

Nous avons également utilisé des échantillons d'été provenant des trois autres groupes de référence (BEL-EBH, JAM, OBH) identifiés dans Parent *et al.* (2023) à l'aide de l'ADNmt. Les échantillons ont été prélevés sur des bélugas capturés, biopsiés ou marqués par satellite entre 1982 et 2021. Comme précédemment, l'endroit exact où chaque animal a été récolté était habituellement inconnu et attribué à la zone où l'activité de récolte avait eu lieu (voir plus de précisions dans Parent *et al.* 2023). Pour ces échantillons, la plupart des tissus ont été conservés dans une solution saline saturée contenant 20 % de diméthylsulfoxyde (DMSO) et 0,5 mol/L d'acide éthylènediaminetétracétique (Seutin *et al.* 1991). Certains échantillons ont été congelés seulement tandis que d'autres ont été congelés en premier puis conservés dans la solution de DMSO.

Extraction et caractérisation de l'ADN

L'ADN des échantillons de peau a été extrait à l'aide de la trousse DNeasy Blood and Tissue (QIAGEN, Valencia, États-Unis). Nous avons extrait de l'ADN de 846 échantillons pour l'haplotypage de l'ADNmt et de 182 échantillons pour le génotypage de l'ADNn ($N_{BBC} = 36$, $N_{OBH} = 146$) (Tableau 2). Pour l'ADNn, nous avons inspecté visuellement les extraits d'ADN sur un gel d'agarose pour vérifier que les échantillons étaient de grande qualité et nous avons estimé leur concentration sur un lecteur de plaques en fluorescence Synergy LX (Biotek, Santa Clara, États-Unis) utilisant le PicoGreen comme marqueur fluorescent.

ADN mitochondrial

Haplotypage

Nous avons amplifié et séquencé des séquences partielles (615 nucléotides, nt) de la région de contrôle de l'ADNmt pour les 846 échantillons conformément au protocole détaillé dans Parent *et al.* (2023) en utilisant les conditions de PCR comme dans Postma *et al.* (2012), avec la trousse Multiplex PCR (QIAGEN, Valencia, États-Unis). Le séquençage a été effectué sur un séquenceur ABI 3130 (Applied Biosystems Inc., Foster City, États-Unis) à l'Institut Maurice-Lamontagne, selon la procédure décrite dans Postma *et al.* (2012).

Pour chaque spécimen, nous avons produit des séquences consensuelles en utilisant les résultats du séquençage sens et anti-sens et les avons modifiées manuellement à l'aide de Geneious Prime 2020.1 (Biomatters, Ltd, Auckland, Nouvelle-Zélande) et de Sequencher® 5.4.6 (Gene Codes Corporation, Ann Arbor, Michigan, États-Unis). Les séquences consensuelles ont ensuite été alignées dans R (R Core team 2022) à l'aide de l'algorithme *muscle* disponible avec le progiciel Biostrings 2.64.1 (Pagès *et al.* 2023, pénalités pour l'ouverture de l'écart : 10 000, extension : 400). Le nucléotide de départ de la séquence 615-nt correspond à la position 38 de la région de contrôle de l'ADNmt complet (Lillie *et al.* 1996). Les indels n'ont pas été détectés.

Les haplotypes ont été définis selon la procédure décrite dans Bonnet *et al.* (en préparation¹). En bref, les polymorphismes mononucléotidiques (SNP) ont été identifiés au moyen d'adegenet 2.1.7 (Jombart 2008, Jombart et Ahmed 2011). Les haplotypes de l'ADNmt de la région de contrôle fondés sur une séquence minimale de 570 nucléotides sont répertoriés dans une banque d'haplotypes. Cette banque a été utilisée pour attribuer un haplotype à chaque béluga.

Analyses des lignées

Nous avons utilisé des échantillons de référence de bélugas récoltés en juillet et en août (N = 846), lorsqu'ils se trouvaient dans leurs aires d'estivage, afin de déterminer s'il est possible d'utiliser les haplotypes de la région de contrôle de l'ADNmt pour distinguer les unités génétiques des bélugas passant l'été dans la baie Cumberland.

Un réseau de parcimonie statistique des haplotypes a été généré à l'aide de séquences dans PopART (Leigh et Bryant 2015). Nous avons effectué une analyse en composantes principales (ACP) en utilisant des fréquences des haplotypes avec la fonction *dudi.pca* du progiciel en R ade4 1.7-19 (Dray et Dufour 2007). Enfin, nous avons aussi estimé dans R les statistiques sommaires sur les haplotypes uniques (c.-à-d. les haplotypes propres à une population) (R Core Team 2022).

ADN nucléaire

Synthèse et séquençage des bibliothèques

L'ADN (20 ng) de chacun des 182 échantillons de bélugas de la baie Cumberland (N = 36; Tableau 2) et de l'ouest de la baie d'Hudson (N = 146; Tableau 2) a été envoyé à la Plateforme d'analyse génomique (IBIS, Université Laval) pour la préparation de bibliothèques de ddRADseq à l'aide des enzymes de restriction *PstI* et *MspI*. Les bibliothèques ont été séquencées sur Illumina NovaSeq 6000 S4 PE 150 à Génome Québec (Montréal, Canada) avec 10 % de PhiX.

Étapes du contrôle de la qualité

La qualité globale des séquences et de la présence d'adaptateurs a été évaluée à l'aide de FastQC 0.11.9 (Andrews 2010) et de MultiQC 1.10 (Ewels *et al.* 2016). Les adaptateurs Illumina et trois paires de base (pb) de la séquence 2 (R2) ont été supprimés des fichiers de séquences brutes à l'aide de Trimmomatic 0.39 (Bolger *et al.* 2014). Les trois pb supprimées correspondent au site de restriction *MspI*, où nous avons détecté une baisse de la qualité de la séquence. Nous avons ensuite visualisé de nouveau les séquences avec FastQC et multiQC pour vérifier que les adaptateurs Illumina avaient été retirés et examiner de nouveau la qualité de la séquence. Les séquences ont alors été traitées avec le pipeline logiciel Stacks 2.55 (Catchen *et al.* 2013, Rochette *et al.* 2019) et nous avons utilisé le module *process_radtags* pour le démultiplexage et le filtration de qualité : les séquences ont été tronquées à 135 pb et la qualité du site de restriction *PstI* à la séquence 1 (R1) a été évaluée. Les séquences démultiplexées ont été alignées sur un nouvel assemblage génomique du béluga (numéro d'accèsion du projet : PRJNA925093; Bringloe *et al.* en préparation²) avec l'algorithme Maximal Exact Match

¹ Bonnet, C., Montana, L., St-Pierre, A.P., Sauvé C., Hammill, M.O., and Parent, G. En prép. Genetic monitoring program for beluga (*Delphinapterus leucas*) harvested by the Nunavik regions. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Tech. Report. En préparation.

² Bringloe, T., and Parent, G. En prép. Contrasting new and available reference genomes to highlight uncertainties in assemblies and areas for future improvement: an example with monodontid species. En préparation.

(MEM; correspondance exacte maximale) dans BWA-MEM (Li et Durbin 2010, Li 2013) à l'aide des paramètres par défaut. Pour appeler les SNP avec les alignements de référence, les séquences alignées ont ensuite été triées à l'aide de SAMtools 1.12 (Danecek *et al.* 2021). Un échantillon dont le taux d'alignement était inférieur à 96 % a été rejeté de la suite des analyses (Tableau A1). Enfin, les séquences de paires-extrémités alignées ont été assemblées avec les modules *gstacks*. Les échantillons dont la couverture moyenne était inférieure à 5X ont été rejetés à la suite des analyses, ce qui a donné un échantillon de 158 bélugas ($N_{\text{BBC}} = 29$; $N_{\text{OBH}} = 129$; Tableau A1).

Filtration des polymorphismes mononucléotidiques

Nous avons utilisé le module *population* de Stacks pour effectuer la première étape du filtrage des SNP sur les 158 échantillons : les SNP étaient retirés s'ils n'étaient pas présents chez au moins 75 % des individus ou s'ils avaient une fréquence des allèles mineurs (minor allele frequency; MAF) de 1 % ou moins (Tableau A1). L'ensemble de SNP ainsi obtenu a été exporté au format VCF. La deuxième étape du filtrage visait à éliminer les loci à faible profondeur de séquençage (ou couverture). Si la profondeur de séquençage d'un locus est insuffisante, les allèles risquent de ne pas être détectés, ce qui peut alors produire de faux homozygotes (O'Leary *et al.* 2018, Rochette *et al.* 2019). Nous avons vérifié si certains loci étaient plus homozygotes qu'attendu en comparant l'hétérozygotie observée et attendue (Figure A1A). À l'aide de VCFtools 0.1.16 (Danecek *et al.* 2011), nous avons retiré les loci ayant une profondeur médiane de séquençage de 12X car la plupart des loci dont l'hétérozygotie était plus élevée qu'attendu avaient une profondeur médiane de séquençage comprise entre 5X et 12X (Figure A1B), comme ceux d'une profondeur médiane de 28X, qui représente le 99^e centile de la distribution de profondeur médiane de séquençage (Tableau A1). La troisième étape de filtration avait pour objectif d'éliminer les individus dont plus de 30 % des loci étaient manquants et les loci pour lesquels il manquait plus de 10 % des données à l'aide de VCFtools 0.1.16 (Tableau A1; Danecek *et al.* 2011). Ensuite, nous avons identifié les loci ayant une hétérozygotie observée de 60 % ou plus après l'importation des fichiers VCF dans R (R Core Team 2022) avec vcfr 1.13.0 (Knaus et Grunwald 2017), et les avons éliminés à l'aide de VCFtools (Tableau A1; Danecek *et al.* 2011). Nous avons examiné les loci pour déterminer les effets potentiels des plaques de séquençage ou les loci liés au sexe. Un locus présentant un effet net de plaque de séquençage a été retiré des analyses ultérieures (Tableau A1). Pour la plupart des échantillons (168 des 182 échantillons originaux), le sexe a été déterminé à l'aide d'une méthode fondée sur la PCR quantitative (Bonnet *et al.* en préparation¹). Les SNP liés au sexe ont été identifiés au moyen d'une analyse de redondance utilisant la fonction *rda* du progiciel *vegan* 2.6-2 en R (Oksanen *et al.* 2022) et rejetés (Tableau A1). L'apparementement entre les échantillons a été estimé à l'aide de la méthode décrite dans Manichaikul *et al.* (2010), disponible dans VCFtools. Un apparementement élevée ($\Phi > 0,25$) peut être causé soit parce que deux échantillons appartiennent au même individu (Manichaikul *et al.* 2010), soit parce qu'il y a eu contamination entre les échantillons. Pour les échantillons dont les métadonnées indiquaient qu'ils appartenait au même spécimen, nous avons rejeté un des duplicatas ($N = 4$). En cas de contamination, les deux échantillons ont été rejetés ($N = 5$). À la fin de cette étape de filtration, il restait 148 spécimens pour les analyses (Tableau 2; Tableau A1). Nous avons ensuite conservé un SNP par locus en sélectionnant celui ayant la MAF la plus élevée (Tableau A1). Enfin, nous avons réévalué la MAF et le nombre de loci manquants dans l'ensemble de données restant. Nous avons éliminé les loci dont plus de 5 % de données manquaient et dont la $MAF \leq 5\%$ ou $\leq 10\%$. Une $MAF \leq 5\%$ est un seuil courant dans les études sur les mammifères marins, tandis qu'une $MAF \leq 10\%$ est un seuil prudent qui devrait éviter l'inclusion d'allèles associés aux erreurs de séquençage dans les analyses, une pratique discutée dans Díaz-Arce et Rodríguez-Ezpeleta (2019).

Nous avons examiné les autres SNP pour déterminer ceux qui présentaient des loci aberrants (possiblement sous-sélection) à l'aide des méthodes fondées sur l'analyse en composantes principales mises en œuvre dans *pcadapt* 4.3.3 à l'aide de la distance de Mahalanobis (Luu *et al.* 2017, Privé *et al.* 2020). Le nombre de composantes principales utilisées pour repérer les loci aberrants a été déterminé à partir d'une observation visuelle des diagrammes d'ébouillis (scree plots) à l'aide de la règle de Cattell ($K = 4$; Cattell 1966), conformément aux suggestions des auteurs de *pcadapt* ([bcm-Uga.github.io/pcadapt/articles/pcadapt.html](https://bcm-uga.github.io/pcadapt/articles/pcadapt.html)). Les SNP dont la valeur q est inférieure à 0,05 ont été identifiés comme valeurs aberrantes. Les résultats pour l'ensemble de données sans loci aberrant et avec une $MAF > 10\%$ sont présentés à partir de ce point ($N_{\text{loci } MAF > 0.1} = 12\,370$), sauf indication contraire. Il convient de noter que toutes les analyses ont été exécutées pour des ensembles de données dont la fréquence des allèles mineurs était $> 5\%$ et $> 10\%$, avec et sans valeurs aberrantes, et que nous avons observé des résultats concordants, quels que soient les ensembles de données utilisés.

Analyses de la structure des populations

Des ACP exploratoires ont été réalisées au niveau individuel sur tous les jeux de données pour les deux premières composantes principales avec la fonction *glPca* du progiciel *adegenet* 2.1.7 en R (Jombart 2008, Jombart et Ahmed 2011). Nous avons ensuite déduit le nombre de groupes génétiques présents dans l'ensemble des jeux de données en utilisant l'approche du maximum de vraisemblance dans *ADMIXTURE* 1.3.0 (Alexander *et al.* 2009; paramètres par défaut) et estimé la probabilité d'appartenance à chacun de ces groupes. Les erreurs types (ET) pour les estimations ponctuelles de la probabilité d'appartenance ont été estimées selon la procédure bootstrap par blocs mobiles (1 000 répétitions bootstrap; Alexander *et al.* 2009). Nous avons utilisé tous les échantillons de la baie Cumberland ($N = 27$; Tableau 3) et sélectionné au hasard 35 échantillons de l'ouest de la baie d'Hudson pour avoir la même taille d'échantillon dans les deux populations putatives et ainsi maximiser la probabilité que l'analyse *ADMIXTURE* identifie les populations ($N_{\text{ADMIXTURE}} = 62$). Nous avons mis en œuvre l'approche de validation croisée, mettant à l'essai d'une à quatre populations (K), afin de déterminer le nombre de populations estimées à l'aide des SNP d'ADNn (Alexander *et al.* 2009). Enfin, nous avons estimé l'indice de fixation par F_{ST} pairé (qui mesure la différence de fréquence des allèles entre les populations; Holsinger et Weir 2009) entre les bélugas de la baie Cumberland et de l'ouest de la baie d'Hudson avec la fonction *gl.fst.pop* en *dartR* 2.0.4 (Gruber *et al.* 2018) d'après l'équation de Weir et Cockerham (1984). Les intervalles de confiance (95 %) ont été estimés en exécutant 999 bootstraps.

RÉSULTATS

ADN MITOCHONDRIAL

Cette étude fournit les haplotypes de 207 bélugas récoltés dans la baie Cumberland entre 1982 et 2021 (Figure 1). Parmi ces échantillons, 189 ont été prélevés en juillet et en août (Tableau 2) tandis que les 18 autres l'ont été au printemps ou à l'automne. Nous avons également inclus 657 bélugas des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson (BEL-EBH; $N = 261$), de la baie James (JAM; $N = 78$), de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH; $N = 318$) et déterminé l'haplotype de tous les échantillons aux 38 SNP de la région de contrôle de l'ADNmt.

Quinze haplotypes (21, 23, 24, 28, 29, 40, 57, 73, 82, 128, 139, 140, 141, 142 et 143) uniques aux bélugas de BBC ont de nouveau été observés dans le réseau d'haplotypes (Figure 2). Nous avons trouvé des haplotypes uniques dans 35 % des échantillons prélevés dans la baie Cumberland.

L'ACP a montré que la composition en haplotypes des bélugas de BBC était très différente de celles des individus des BEL-EHB et JAM, et qu'elle différait légèrement de ceux de OBH (Figure 3; Tableau A2). Les bélugas de JAM étaient séparés de ceux de OBH et BBC le long du premier axe, tandis que les baleines BEL-EHB étaient séparées des populations JAM, OBH et BBC le long du deuxième axe de l'ACP. La différence entre les populations OBH et BBC était plus grande entre les échantillons de juillet pour OBH et ceux d'août pour BBC. C'est la différence dans les proportions de l'haplotype 24 (HL024) qui contribuait le plus à la différence entre les populations de OBH et BBC (Figure 3).

La taille de l'échantillon dans les fjords Clearwater et Kangilo était insuffisante pour permettre de déterminer si la proportion d'haplotypes uniques différait entre les régions étudiées dans la baie Cumberland ($N_{\text{fjord Clearwater}} = 12$; $N_{\text{Kangilo}} = 4$; $N_{\text{Strate Nord}} = 21$; $N_{\text{Strate Ouest}} = 44$). Dans la strate Ouest, 18 bélugas sur 44 présentaient des haplotypes uniques tandis que dans la strate Nord, c'était le cas pour 10 bélugas sur 21 (Figure 4).

Les échantillons de 14 bélugas marqués d'un émetteur par satellite dans la baie Cumberland, à l'embouchure du fjord Clearwater, étaient disponibles pour l'analyse de l'ADNmt (Tableau 1). Sur les sept baleines marquées entre 2006 et 2008, cinq bélugas avaient des haplotypes uniques (2x HL028, 2x HL040, 1x HL057). Sur les sept bélugas marqués en 1998 et 1999, un présentait des haplotypes uniques aux bélugas de la baie Cumberland (HL024).

ADN NUCLÉAIRE

Nous avons obtenu une moyenne de 5 619 009 séquences par individu pour les 148 bélugas de la baie Cumberland et de l'ouest de la baie d'Hudson (min = 1 459 944; max = 16 633 981; Tableau 2). Les loci ont été soigneusement filtrés pour éviter tout biais potentiel dans l'interprétation de la structure neutre des populations. Nous avons déterminé le génotype de chaque béluga à 12 370 loci (Tableau A1), en excluant les loci aberrants (min = 9 252; max = 12 365). La profondeur moyenne de séquençage pour ces loci des 148 individus était de 17,67X (min = 11,41X; max = 35X).

L'ACP exploratoire a révélé la présence de deux groupes génétiques de bélugas dans la baie Cumberland (Figure 5). Pour la plupart des bélugas récoltés dans la baie Cumberland ($N = 20$, groupe BBC) la valeur de la CP1 était supérieure à 3,2, mais elle était inférieure à 1,2 pour tous les individus récoltés à l'ouest de la baie d'Hudson, sauf un (groupe OBH). Dans le groupe BBC, quatre échantillons ont été séparés des 16 autres le long de l'axe de la CP1 (les deux cercles et les deux triangles sur CP1 qui sont au-dessus de 13). Ces quatre échantillons ne présentaient pas de proportions plus élevées de loci manquants (Figure A2) ou n'étaient pas plus homozygotes (Figure A3) que les échantillons trouvés dans le groupe principal BBC. En utilisant tous les spécimens disponibles par lieu de récolte, nous avons estimé la valeur de F_{ST} entre les bélugas récoltés dans la baie Cumberland (Figure 5; $N = 27$) et l'ouest de la baie d'Hudson (Figure 5; $N = 121$) et obtenu $F_{ST} = 0,0083$ (de 0,0078 à 0,0088, $P = 0,00$). Sept bélugas récoltés dans la baie Cumberland ont été regroupés avec le groupe OBH. Parmi ces sept échantillons, c'est celui qui se trouvait à la périphérie du groupe OBH qui présentait la plus grande proportion de données manquantes ou une moindre hétérozygotie observée que les six autres (Figure A2; Figure A3). Un béluga chassé dans l'ouest de la baie d'Hudson a été adjoint au groupe BBC.

L'analyse ADMIXTURE et les résultats de la validation croisée ont permis d'identifier un ou deux groupes génétiques dans le sous-ensemble de données des 62 bélugas récoltés soit dans la baie Cumberland ($N = 27$), soit dans l'ouest de la baie d'Hudson ($N = 35$; Figure A4; Figure 6). Le meilleur modèle pour estimer le nombre de groupes génétiques (K) était celui d'un seul groupe génétique utilisant les résultats de la validation croisée (Figure A4). Cependant,

une faible différenciation génétique peut gêner la détection du « vrai » K (Cunningham *et al.* 2020). Nous présentons donc les résultats du modèle avec $K = 2$ en raison des résultats de l'analyse en composantes principales et des hypothèses pertinentes sur le plan biologique fondées sur des analyses génétiques antérieures (Turgeon *et al.* 2012) et sur les connaissances traditionnelles (Kilabuk 1998). Pour $K = 2$, un groupe génétique était plus abondant dans les échantillons des baleines récoltées dans la baie Cumberland, et l'autre groupe génétique était plus abondant dans les échantillons des baleines chassées dans l'ouest de la baie d'Hudson (Figure 6; Tableau A3; voir aussi la Figure A5 pour les résultats d'ADMIXTURE utilisant le jeu de données avec les MAF supérieures à 5 %). En ce qui concerne les bélugas récoltés dans la baie Cumberland, les probabilités d'appartenance de six d'entre eux les identifiaient complètement au groupe génétique BBC. Quatre de ces bélugas avaient une valeur de la CP1 supérieure à 12 dans l'ACP (Figure 5). Dans l'analyse ADMIXTURE, 20 bélugas capturés dans la baie Cumberland avaient une probabilité de 50 % d'appartenir au groupe génétique BBC (Figure 6; Tableau 3). Nous avons utilisé ce seuil arbitraire comme une approche prudente afin d'identifier les individus les plus susceptibles d'avoir une plus grande proportion de leur génome associée au groupe BBC. Ces résultats concordent avec ceux de l'ACP. Dans le cas des bélugas chassés dans l'ouest de la baie d'Hudson, tous les bélugas, sauf un, présentaient une probabilité supérieure à 75 % d'appartenir au groupe génétique OBH (Tableau A3). En moyenne, l'écart-type associé aux estimations ponctuelles de la probabilité d'appartenance était $ET = 0,043$ (min = 0,00; max = 0,089 (Tableau A3). Étant donné que les résultats de l'ACP et d'ADMIXTURE indiquaient de façon concordante la présence de migrants potentiels, nous avons estimé une deuxième valeur de F_{ST} à l'aide de l'ensemble de données plus petit utilisé pour l'analyse dans ADMIXTURE ($N = 62$). De plus, nous avons retiré les migrants potentiels (c'est-à-dire les animaux récoltés dans la baie Cumberland ou dans l'ouest de la baie d'Hudson ayant une probabilité d'appartenance à la population locale inférieure à 25 %; $N = 8$) du jeu de données; il restait alors une taille d'échantillon finale de 54 baleines ($N_{BBC} = 20$; $N_{OBH} = 34$), qui a donné une valeur de $F_{ST} = 0,014$ (0,013 à 0,015; $P = 0,00$). Nous avons choisi le seuil < 25 % car la probabilité d'appartenance à la population OBH variait entre 0 et 25 % pour la population BBC (sauf pour le seul migrant). Il convient de noter que la valeur de F_{ST} estimée sans migrant était presque deux fois plus grande que celle de F_{ST} estimée avec les migrants potentiels. Pour les bélugas récoltés dans la baie Cumberland, nous avons les coordonnées géographiques pour 14 individus (strate Nord $N = 7$, strate Ouest $N = 6$, Kangilo $N = 1$). Nous avons estimé que 71 % (ou cinq bélugas sur sept) et 83 % (ou cinq bélugas sur six) capturés dans les strates Nord et Ouest, respectivement, provenaient de la population BBC.

Nous voulons souligné que nous avons évité de présenter les résultats des coefficients d'appartenance en ce qui concerne le mélange entre les deux groupes. Les diagrammes à barres dans ADMIXTURE pourraient être surinterprétés (Lawson *et al.* 2018). Différentes explications peuvent donner des profils similaires dans ces diagrammes à barres. Dans cette étude, la faible différenciation génétique détectée entre les deux populations limite toute interprétation des valeurs du coefficient d'ascendance associé à chaque population. Nous avons utilisé une approche prudente et déterminé qu'un individu présentant une proportion de la population BBC d'au moins 40 % était un individu de BBC. Nous avons utilisé ce seuil arbitraire comme moyen prudent d'identifier les individus les plus susceptibles d'avoir une grande proportion de leur génome associée à BBC. Ces résultats de la classification étaient conformes à ceux de l'ACP, ce qui a donné une certaine confiance pour utiliser ce seuil.

DISCUSSION

La gestion du béluga de la baie Cumberland pose un défi depuis une trentaine d'années, en partie en raison d'un écart entre les connaissances scientifiques et les connaissances des Inuits sur la question de savoir si plus d'un groupe de bélugas passe l'été dans la baie Cumberland (Kilabuk 1998). Dans notre étude, la combinaison des analyses de l'ADNmt et de l'ADNn confirme la présence de deux populations génétiquement distinctes de bélugas dans la baie Cumberland pendant l'été, l'OBH et la BBC. Selon l'ADNmt, une grande proportion de la diversité génétique est unique à la BBC, comme l'ont décrit des études antérieures (Turgeon *et al.* 2012, Postma 2017, Parent *et al.* 2023). D'après l'ADNn, cette étude a montré que la plupart des bélugas chassés dans la baie Cumberland proviennent du groupe génétique BBC. Nous avons également montré qu'une plus petite proportion de bélugas capturés dans la baie Cumberland (26 %, soit 7 sur 27) était semblable au groupe génétique OBH. Nos résultats concordent avec les connaissances des Inuits de la communauté de Pangnirtung, qui ont indiqué la présence de deux groupes distincts de bélugas dans la baie Cumberland.

L'ADN NUCLÉAIRE A MONTRÉ QUE LES POPULATIONS DE LA BAIE CUMBERLAND ET DE L'OUEST DE LA BAIE D'HUDSON SONT DISTINCTES

Il est extrêmement important de rappeler l'utilisation de la terminologie dans ce document en raison du nouveau type d'information génétique fournis dans cette étude. Auparavant, la définition des populations de bélugas était fondée uniquement sur l'ADNmt, qui identifiait ou utilisait l'information sur les lignées maternelles propres aux aires d'estivage (par exemple, Hammill *et al.* 2021, Parent *et al.* 2023). Dans un contexte évolutif, cependant, les populations sont habituellement définies comme un groupe d'individus qui se reproduisent ensemble et qui occupent un même espace dans une période de temps (Waples et Gaggiotti 2006). Cette étude est la première à caractériser des groupes de bélugas se reproduisant entre eux à l'aide des SNP d'ADNn. Les résultats que nous avons obtenus à l'aide des SNP d'ADNn indiquent que les bélugas récoltés dans la baie Cumberland provenaient principalement du groupe génétique BBC, qui est distinct du groupe génétique OBH. Pour cette étude et les analyses subséquentes de ce groupe génétique, le terme « population » désignera les bélugas des groupes génétiques distincts BBC ou d'OBH identifiés dans l'ACP ou l'analyse d'ADMIXTURE.

Les analyses des marqueurs de l'ADN nucléaire ont montré que les populations BBC et d'OBH avaient des profils génétiques distincts. Une étude antérieure a utilisé des loci microsatellites du génome nucléaire pour déduire la structure génétique des baleines récoltées dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson, mais elle n'a pas pu reproduire la structure identifiée avec l'ADNmt (Brown Gladden *et al.* 1997, de March et Postma 2003, Turgeon *et al.* 2012). La dissimilarité entre les résultats présentés ici et ceux provenant des microsatellites souligne la plus grande résolution qu'offrent les SNP d'ADNn pour l'étude des différences génétiques entre les populations. La différenciation génétique estimée entre ces populations était faible, que l'on inclue ou non les migrants potentiels. On s'attend à une faible différenciation génétique compte tenu de l'isolement récent et de la divergence de ces populations, comme on l'a déduit pour les bélugas en Alaska et dans le nord-ouest du Canada (O'Corry-Crowe *et al.* 1997). On ignore quand cet isolement a commencé, mais le recul des glaces a commencé il y a moins de 10 000 ans dans le détroit d'Hudson (Dyke 2004). Cela a laissé peu de temps d'évolution aux populations BBC et d'OBH pour s'isoler et diverger, ce qui pourrait expliquer la faible différenciation génétique observée. Il se peut qu'isolement reproducteur des membres de la population BBC (qui se reproduisent entre eux à la fin de l'hiver et au début du printemps seulement à l'entrée de la baie Cumberland) ait accéléré la divergence de cette population par rapport à celle de l'OBH. De futurs travaux utilisant des modèles démographiques pourraient

aider à déterminer le moment de la divergence et du croisement depuis la colonisation de ces zones.

Les résultats de l'ACP et de l'analyse d'ADMIXTURE ont permis de déterminer de la sous-structures dans la population de la baie Cumberland. Avec l'ACP, quatre individus de la population de la baie Cumberland se sont démarqués comme étant davantage distincts des baleines d'OBH. Ces quatre individus et deux autres ont été identifiés avec des probabilités de 100 % d'appartenance à la population BBC dans l'analyse ADMIXTURE. L'incertitude liée à l'affectation avec un niveau de confiance élevé de certains individus à une population précise pourrait découler du mélange avec la population OBH (mais voir l'avertissement sur la sur-interprétation des probabilités d'appartenance dans ADMIXTURE donné dans Lawson *et al.* [2018]). Toutefois, des échantillons de plus grande taille et d'autres approches statistiques (par exemple, des taux d'assignation avec génotypes simulés) seraient nécessaires pour fournir des renseignements fiables sur le croisement éventuel entre les deux populations (Lawson *et al.* 2018).

L'APC et l'analyse d'ADMIXTURE ont également souligné la présence d'individus ayant des génotypes semblables à ceux des bélugas d'OBH (26 %) parmi les prises estivales dans la baie Cumberland, ainsi que d'une baleine de BBC récoltée dans l'ouest de la baie d'Hudson. La présence de baleines ayant un profil génétique distinct de celui de la population estivante pourrait provenir de la dispersion de jeunes adultes. Chez les mammifères, la philopatrie femelle et la dispersion mâle ont été décrites comme la tendance générale (Wolff 1997) et les bélugas ne font pas exception (O'Corry-Crowe *et al.* 2018). Malgré la taille limitée de l'échantillon, nous montrons ici que parmi les migrants potentiels, sept bélugas sur huit étaient des mâles. Pourtant, à ce jour, aucune preuve de la dispersion biaisée pour les mâles dans de nouvelles aires d'estivage n'a encore été présentée (de March et Postma 2003, Turgeon *et al.* 2012, Colbeck *et al.* 2013), mais elle pourrait avoir des effets sur la connectivité génétique et la survie des populations menacées (Lowe et Allendorf 2010). Les bélugas qui passent l'été dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson migrent de leurs eaux d'estivage (à l'exception peut-être de la population JAM) pour aller passer l'hiver dans la banquise à la dérive dans le détroit d'Hudson, la mer du Labrador, le sud-ouest du détroit de Davis, la baie d'Ungava et le sud-est de la baie de Cumberland (Finley *et al.* 1982, Richard *et al.* 1990, Lewis *et al.* 2009, Luque et Ferguson 2010, Watt *et al.* 2016), mais on comprend mal l'emplacement de chaque population indépendante. D'après les données de suivi par satellite, les bélugas BBC hivernent dans une polynie persistante située dans le sud-est de la baie (Richard et Stewart 2008, Watt *et al.* 2016), mais on ne sait pas si certaines baleines de la baie Cumberland passent dans les eaux d'hivernage adjacentes et se reproduisent avec des bélugas appartenant à d'autres populations ou si des individus de populations autres que ceux de BBC hivernent dans le sud-est de la baie Cumberland et ont donc la possibilité de se reproduire avec elle. Ces résultats et les inférences ci-dessus montrent bien que notre connaissance de la migration, de la dispersion et du flux génétique des populations de bélugas (par la dispersion ou l'émigration dans différentes aires de reproduction ou d'estivage) est encore limitée (O'Corry-Crowe *et al.* 1997, 2018, Turgeon *et al.* 2012, Colbeck *et al.* 2013).

L'ADN MITOCHONDRIAL SOUS-ESTIME LA PROPORTION DE LA POPULATION BBC PRÉSENTE DANS LA BAIE CUMBERLAND EN ÉTÉ

Nos résultats confirment que la population BBC possède le plus grand nombre d'haplotypes uniques ($N = 15$) communs à une grande proportion (35 %) de bélugas comparativement aux populations qui passent l'été dans la baie d'Hudson (cette étude, Parent *et al.* 2023). On pose l'hypothèse que le système social des bélugas est centré autour des mères et de leur progéniture, les femelles demeurant avec leur groupe familial matriarcal et les mâles se

dispersant pour rejoindre d'autres groupes de mâles (O'Corry-Crowe *et al.* 2018). Les bélugas semblent acquérir une culture migratoire par l'apprentissage social des voies et des destinations de migration, grâce aux femelles qui sont moins susceptibles de se disperser dans d'autres régions, ce qui facilite la divergence génétique et évolutive des populations au fil du temps (Colbeck *et al.* 2013, O'Corry-Crowe *et al.* 2018). La migration annuelle des bélugas vers les groupes d'estivage peut être facilitée par la culture sociale, tandis que les groupes d'hivernage communs peuvent faciliter les croisements éloignés (O'Corry-Crowe *et al.* 2018). Une combinaison d'études génétiques et par télémétrie satellitaire a révélé que des sous-populations génétiquement distinctes de bélugas suivent des couloirs de migration qui ont été conservés sur plusieurs générations et que certains couloirs se chevauchent dans l'espace, si ce n'est dans le temps (Citta *et al.* 2016, O'Corry-Crowe *et al.* 2018). La perte de lignées génétiques uniques peut entraîner une perte de connaissances des voies de migration et des aires d'estivage.

L'information tirée de l'ADNmt sur les lignées maternelles uniques à BBC sous-estimait la proportion de la population BBC présente dans la baie Cumberland pendant l'été. Les analyses de l'ADNn ont montré que 74 % des bélugas capturés dans la baie Cumberland provenaient de la population BBC (N = 20 sur 27 avec l'analyse en composantes principales et l'analyse dans ADMIXTURE). Ces résultats laissent entendre l'importance des lignées maternelles dans la structure des populations de bélugas; cependant, ils soulignent également que la classification de l'ADNmt est plutôt médiocre pour ce qui est de distinguer les individus de la population BBC. Bien qu'aucun autre outil ne soit disponible, il serait plus prudent de supposer que la plupart des animaux récoltés pendant l'été dans la baie Cumberland proviennent de la population BBC que d'utiliser les résultats de classification de l'ADNmt. Cette étude souligne l'urgence de mettre au point un nouvel outil pour surveiller la récolte de la population BBC.

On pourrait cibler un sous-ensemble de SNP d'ADNn afin de différencier de façon fiable les populations BBC et de l'OBH qui passent l'été dans la baie Cumberland. Toutefois, ce sous-ensemble de SNP d'ADNn devrait être sélectionné à partir d'un ensemble de données plus vaste comprenant plus de populations de bélugas du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. On pourrait ensuite utiliser ces SNP d'ADNn pour distinguer de façon fiable plus de deux populations et des migrants potentiels entre les régions. On pourrait déterminer le génotype de chaque échantillon prélevé à l'aide d'un séquençage parallèle massif et d'une approche AmpliSeq™ (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, États-Unis). On pourrait alors assigner la population à l'aide de ces SNP, contribuant ainsi à un programme de suivi génétique, comme celui mené pour la collecte de l'ADNmt et les récoltes de bélugas du Nunavik (Bonnet *et al.* en préparation¹). Ces renseignements seraient très utiles pour surveiller précisément l'impact de la récolte sur les populations de bélugas.

IMMIGRATION ET ÉMIGRATION DANS LA BAIE CUMBERLAND

Nos analyses des marqueurs de l'ADNn et de l'ADNmt ont confirmé la présence de deux populations génétiques dans la baie Cumberland pendant l'été. Il est particulièrement important pour la gestion de déterminer s'il est possible de différencier les bélugas des deux populations. Selon les connaissances des Inuits, les deux types affichent des habitudes de comportement différentes et des différences morphologiques (Kilabuk 1998). Bien que nous ne puissions pas le vérifier actuellement à partir de ces analyses, nous avons évalué où et quand les bélugas des deux populations ont été récoltés et nous avons examiné deux échantillons de chasse dont les chasseurs avaient indiqué qu'ils provenaient d'une autre population d'après les connaissances traditionnelles, et ni l'un ni l'autre ne présentait d'haplotypes uniques à la baie Cumberland.

Nous avons montré, à l'aide des SNP d'ADNn, que les populations BBC et OBH sont récoltées dans les strates Nord et Ouest. Nous en déduisons donc que les populations BBC et OBH se

chevauchent géographiquement dans la baie Cumberland. Sept des 27 bélugas capturés dans la baie Cumberland étaient semblables à la population OBH (principalement des mâles), mais on ne sait pas si et quand la migration a eu lieu, ni à quelle fréquence. Des études antérieures ont révélé une ségrégation sexuelle chez les adultes, les mâles et les femelles occupant différentes régions à certaines périodes de l'année (Richard *et al.* 2001, Krasnova *et al.* 2012). Notre étude permet également de penser que la différence observée dans les déplacements des adultes selon le sexe peut être associée à des populations distinctes. Les données limitées issues de la télémétrie satellitaire confirment que les bélugas ayant des haplotypes uniques et non uniques de la baie Cumberland sont demeurés dans la baie Cumberland toute l'année, mais seules sept étiquettes ont duré jusqu'à l'hiver (Tableau 1). À l'heure actuelle, on ne sait pas s'il s'agit de migrants efficaces, c'est-à-dire s'ils se reproduisent avec les bélugas BBC, et il faudrait avoir davantage d'échantillons, comme nous l'avons souligné plus tôt.

Cette évaluation a comparé les baleines chassées dans la baie Cumberland à celles récoltées dans l'ouest de la baie d'Hudson et n'a pas évalué les échantillons de baleines capturées dans la population de l'est du Haut-Arctique et de la baie de Baffin, qui est morphologiquement semblable aux baleines de la baie Cumberland (Ferguson *et al.* 2020). D'après les données des relevés, on suppose que les bélugas de l'est du Haut-Arctique et de la baie de Baffin hivernent dans la polynie des eaux du Nord (Finley et Renaud 1980, Richard *et al.* 1998) et dans l'ouest du Groenland (Heide-Jørgensen *et al.* 1993). Selon les données de marquage par satellite, la majorité des baleines demeurent près des eaux du Nord et environ 8 000 bélugas migrent plus au sud vers l'ouest du Groenland (Richard *et al.* 2001, Heide Jørgensen *et al.* 2017), bien que cette population ait été considérablement plus importante avant la surchasse (Innes et Stewart 2002). Pendant la saison d'accouplement, à la fin de l'hiver, les populations de bélugas de l'ouest du Groenland et de la baie d'Hudson sont à des distances semblables de la population de la baie Cumberland; toutefois, pendant l'été, il est plus probable, compte tenu de l'abondance relative de la population, que les baleines d'OBH puissent venir dans la baie Cumberland. Il serait utile d'inclure des échantillons de la population de bélugas de l'est du Haut-Arctique et de la baie de Baffin dans de futures évaluations génétiques.

DESCRIPTION DU STOCK DE LA BAIE CUMBERLAND

Notre étude a montré que la plupart des bélugas qui passent l'été dans la baie Cumberland forment une population distincte, dont une proportion a des lignées maternelles uniques. Nous avons également montré que quelques migrants, venant fort probablement d'OBH, occupent la baie Cumberland. Ainsi, selon les résultats présentés ici, deux populations de bélugas sont présentes dans la baie Cumberland en été. Il conviendrait donc de définir les bélugas de la baie Cumberland comme un stock au vu des preuves fondées sur l'ADNmt et l'ADNn. Il faudrait utiliser de nouveaux outils pour surveiller la récolte de la population de la baie Cumberland; de tels outils pourraient guider la façon de réduire les impacts de la chasse sur la population de la baie Cumberland à l'avenir. La preuve de la présence de deux populations dans la baie Cumberland pendant l'été concorde avec les connaissances de la communauté de Pangnirtung, qui affirme que plusieurs groupes de bélugas passent l'été dans cette région. Il n'y avait pas de caractéristiques spatiales ou temporelles permettant d'identifier les individus de chacune des deux populations de la baie Cumberland; cependant, il vaudrait la peine d'examiner les associations possibles entre les traits génétiques, physiques et comportementaux dans des études futures.

À l'aide de l'ADNn, nous avons estimé que 74 % (20 échantillons sur 27) des bélugas de la baie Cumberland provenaient de la population BBC. En théorie, cela peut indiquer que l'estimation du relevé des baleines BBC est une surestimation. Nous n'avons pas pu déterminer de variabilité spatiale ou temporelle dans les proportions de BBC et d'OBH entre différentes

régions de la baie Cumberland visées par les relevés en raison de la taille de l'échantillon analysé. Une telle variation serait importante à caractériser, car les bélugas sont présents en différentes densités dans les diverses régions de la baie Cumberland où les relevés sont effectués (Watt *et al.* 2021), ce qui pourrait augmenter ou diminuer la proportion d'animaux associés à la population BBC.

Nos résultats montrent que les chasseurs de Pangnirtung qui récoltent des bélugas dans la baie Cumberland ciblent surtout la population BBC. La proportion estimée de bélugas de la population d'OBH (26 %) était faible et principalement composée de mâles. On ne sait pas si les baleines d'OBH étaient des migrants temporaires ou permanents dans la baie Cumberland. On ignore aussi si la migration est sporadique ou récurrente. Selon les renseignements actuels, l'approche la plus prudente consiste à gérer les bélugas présents dans la baie Cumberland en été comme un seul stock composé de deux populations génétiques.

REMERCIEMENTS

Nous remercions les chasseurs du Nunavik et de Pangnirtung qui ont prélevé des échantillons de tissus sur leurs bélugas. Nous remercions également tous les membres du Groupe de travail sur le béluga de la baie Cumberland, en particulier l'Association des chasseurs et des trappeurs de Pangnirtung, qui soutiennent et défendent le Programme d'échantillonnage des mammifères marins. Nous remercions également Thomas Wood et Denise Tenkula, qui ont participé au sous-échantillonnage des tissus, Audrey Bourret pour son aide aux analyses génomiques et Claudie Bonnet pour la gestion des jeux de données sur le béluga. Enfin, nous remercions le comité d'examen du SCAS dont les commentaires ont amélioré la version finale de ce document de recherche.

RÉFÉRENCES CITÉES

- Aguilar, A. 1987. Using organochlorine pollutants to discriminate marine mammal populations: a review and critique of the methods. *Mar. Mamm. Sci.* 3(3): 242–262.
- Alexander, D.H., Novembre, J., and Lange, K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Gen. Res.* 19: 1655–1664.
- Andrews, S. 2010. [FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data](#). Cambridge, England.
- Bolger, A.M., Lohse, M., and Usadel, B. 2014. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30(15): 2114–2120.
- Brown Gladden, J.G., Ferguson, M.M., and Clayton, J.W. 1997. Matriarchal genetic population structure of North American beluga whales *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae). *Mol. Ecol.* 6(11): 1033–1046.
- Catchen, J., Hohenlohe, P.A., Bassham, S., Amores, A., and Cresko, W.A. 2013. Stacks: An analysis tool set for population genomics. *Mol. Ecol.* 22(11): 3124–3140.
- Cattell, R.B. 1966. The scree test for the number of factors. *Multivariate Behav. Res.* 1(2): 245–76.
- Citta, J.J., Quakenbush, L.T., Frost, K.J., Lowry, L.F., Hobbs, R.C., and Aderman, H. 2016. Movements of beluga whales (*Delphinapterus leucas*) in Bristol Bay, Alaska. *Mar. Mamm. Sci.* 32(4): 1271–1298.
- Colbeck, G.J., Duchesne, P., Postma, L.D., Lesage, V., Hammill, M.O., and Tugeon, J. 2013. Groups of related belugas (*Delphinapterus leucas*) travel together during their seasonal migrations in and around Hudson Bay. *Proc. R. Soc. Biol. Sci. Ser. B* 280(1752): 20122552.
- COSEPAC. 2004. [Évaluation et Rapport de situation du COSEPAC sur le béluga \(*Delphinapterus leucas*\) au Canada – Mise à jour](#). Comité sur la situation des espèces en péril au Canada. Ottawa. x + 77 p
- COSEPAC. 2020. [Évaluation et Rapport de situation du COSEPAC sur le béluga \(*Delphinapterus leuca*\), population de l'est du Haut-Arctique et de la baie de Baffin, population de la baie Cumberland, population de la baie d'Ungava, population de l'ouest de la baie d'Hudson, population de l'est de la baie d'Hudson et population de la baie James au Canada](#). Comité sur la situation des espèces en péril au Canada, Ottawa. xxxv + 96 p.
- Cunningham, C.I., Miller, J.M., Peery, R.M., Dupuis, J.R., Malenfant, R.M., Gorrell, J.C., and Janes, J.K. 2020. Confidently identifying the correct K value using the ΔK method: When does $K = 2$?. *Mol. Ecol.* 29(5): 862–869.
- Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C.A., Banks, E., DePristo, M.A., Handsaker, R.E., Lunter, G., Marth, G.T., Sherry, S.T., McVean, G., and Durbin, R. 2011. The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics* 27(15): 2156–2158.
- Danecek, P., Bonfield, J.K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M.O., Whitwham, A., Keane, T., McCarthy, S.A., Davies, R.M., Li, H. 2021. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience* 10(2): 1–4.
- de March, B.G.E., and Postma, L.D. 2003. Molecular genetic stock discrimination of belugas (*Delphinapterus leucas*) hunted in eastern Hudson Bay, Northern Quebec, Hudson Strait, and Sanikiluaq (Belcher Islands), Canada, and comparisons to adjacent populations. *Arctic* 56(2): 111–124.

-
- de March, B.G.E., Maiers, L.D., and Friesen, M.K. 2002. An overview of genetic relationships of Canadian and adjacent populations of belugas (*Delphinapterus leucas*) with emphasis on Baffin Bay and Canadian eastern Arctic populations. *NAMMCO Sci. Publ.* 4: 17–38.
- de March, B.G.E., Stern, G.A., and Innes, S. 2004. The combined use of organochlorine contaminant profiles and molecular genetics for stock discrimination of white whales (*Delphinapterus leucas*) hunted in three communities on southeast Baffin Island. *J. Cetac. Res. Manag.* 6(3): 241–250.
- Díaz-Arce, N. and Rodríguez-Ezpeleta, N. 2019. Selecting RAD-Seq data analysis parameters for population genetics: the more the better? *Front Genet.* 10: 533.
- Dray, S., and Dufour, A. 2007. The ade4 Package: Implementing the Duality Diagram for Ecologists. *J. Stat. Soft.* 22(4): 1–20.
- Dyke, A.S. 2004. An outline of North American deglaciation with emphasis on central and northern Canada. *Dev. Quaternary Sci.* 2: 373–424.
- Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., and Käller, M. 2016. MultiQC: Summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics* 32(19): 3047–3048.
- Ferguson, S.H., Willing, C., Kelley, T.C., Boguski, D.A., Yurkowski, D.J., and Watt, C.A. 2020. Reproductive parameters for female beluga whales (*Delphinapterus leucas*) of Baffin Bay and Hudson Bay, Canada. *Arctic* 73(4): 405–420.
- Finley, K.J., and Renaud, W.E. 1980. Marine mammals inhabiting the Baffin Bay North Water in winter. *Arctic* 33(4): 724–738.
- Finley, K.J., Miller, G.W., Allard, M., Davis, R.A., and Evans, C.R. 1982. The belugas (*Delphinapterus leucas*) of Northern Quebec: distribution, abundance, stock identity, catch history and management. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 1123:1–32.
- Funk, W.C., McKay, J.K., Hohenlohe, P.A., and Allendorf, F.W. 2012. Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends Ecol. Evol.* 27(9): 489–496.
- Gruber, B., Unmack, P.J., Berry, O.F., and Georges, A. 2018. dartr: An r package to facilitate analysis of SNP data generated from reduced representation genome sequencing. *Mol. Ecol. Resour.* 18(3): 691–699.
- Hammill, M.O., Mosnier, A. and Bordeleau, X. 2021. [Mise à jour des impacts des prélèvements sur l'abondance du béluga du Nunavik](#). *Secr. can. de consult. sci. du MPO. Doc. de rech.* 2021/003. iv + 22 p.
- Heide-Jørgensen, M.P., and Teilmann, J. 1994. Growth, reproduction, age structure, and feeding habits of white whales (*Delphinapterus leucas*) in West Greenland waters. *Med. om Grønland Biosci.* 39: 195–212.
- Heide-Jørgensen, M.P., Lassen, H., Teilmann, J., and Davis, R.A. 1993. An index of the relative abundance of wintering belugas, *Delphinapterus leucas*, and narwhals, *Monodon monoceros*, off West Greenland. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 50(11): 2323–2335.
- Heide-Jørgensen, M.P., Hansen, R.G., Fossette, S., Nielsen, N.H., Borchers, D.L., Stern, H., and Witting, L. 2017. Rebuilding beluga stocks in West Greenland. *Anim. Conserv.* 20(3): 282–293.
- Holsinger, K.E., and Weir, B.S., 2009. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST. *Nat. Rev. Gen.* 10: 639–650.
-

-
- Innes, S., and Stewart, R.E. 2002. Population size and yield of Baffin Bay beluga (*Delphinapterus leucas*) stocks. NAMMCO Sci. Pub. 4: 225–238.
- Innes, S., Muir, D.C., Stewart, R.E., Heide-Jørgensen, M.P., and Dietz, R. 2002. Stock identity of beluga (*Delphinapterus leucas*) in Eastern Canada and West Greenland based on organochlorine contaminants in their blubber. NAMMCO Sci. Publ. 4: 51–68.
- International Whaling Commission (IWC). 2002. Annex I - Report of the Working Group on Stock Definition. In: Report of the Scientific Committee. J. Cetacean Res. Manage. 4: 47–52.
- Jombart, T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics 24(11): 1403–1405.
- Jombart, T., and Ahmed, I. 2011. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. Bioinformatics 27(21): 3070–3071.
- Kilabuk, P. 1998. A study of Inuit knowledge on the Southeast Baffin Beluga. Report prepared for The Southeast Baffin Beluga Management Committee. Nunavut Wildlife Management Board, Iqaluit, Canada. 74pp.
- Knaus, B.J., and Grünwald, N.J. 2017. vcfr: a package to manipulate and visualize variant call format data in R. Mol. Ecol. Resour. 17(1): 44–53.
- Krasnova, V.V., Chernetsky, A.D., Kirillova, O.I., and Bel'kovich, V.M. 2012. The dynamics of the abundance, age, and sex structure of the Solovetsky reproductive gathering of the beluga whale *Delphinapterus leucas* (Onega Bay, White Sea). Russ. J. Marine Biol. 38: 218–225.
- Kucheravy, C.E., Trana, M.R., Watt, C.A., Roth, J.D., Tomy, G.T., Anderson, W.G., and Ferguson, S.H. 2022. Blubber cortisol in four Canadian beluga whale populations is unrelated to diet. Mar. Ecol. Prog. Ser. 698: 171–189.
- Lawson, D.J., van Dorp, L., and Falush, D. 2018. A tutorial on how not to over-interpret STRUCTURE and ADMIXTURE bar plots. Nat. Commun. 9(3258).
- Leigh, J.W., and Bryant, D. 2015. PopART: Full-feature software for haplotype network construction. Methods Ecol. Evol. 6(9): 1110–1116.
- Lewis, A.E., Hammill, M.O., Power, M., Doidge, D.W., and Lesage, V. 2009. Movement and aggregation of eastern Hudson Bay Beluga whales (*Delphinapterus leucas*): a comparison of patterns found through satellite telemetry and Nunavik Traditional Ecological Knowledge. Arctic 62(1): 13–24
- Li, H. 2013. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv preprint arXiv:1303.3997.
- Li, H., and Durbin, R. 2010. Fast and accurate long-read alignment with Burrows–Wheeler transform. Bioinformatics 26(5): 589–595.
- Lillie, W.R., Brown Gladden, J.G., and Tretiak, D.N. 1996. [Amplification and sequencing of control region mitochondrial DNA from the beluga whale, *Delphinapterus leucas*](#). Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 2080: iv + 8pp.
- Lowe, W.H., and Allendorf, F.W. 2010. What can genetics tell us about population connectivity? Mol. Ecol. 19(15): 3038–3051.

-
- Luque, S.P., and Ferguson, S.H. 2010. Age structure, growth, mortality, and density of belugas (*Delphinapterus leucas*) in the Canadian Arctic: responses to environment? *Polar Biol.* 33: 163–178.
- Luu, K., Bazin, E., and Blum, M.G.B. 2017. pcadapt: an R package to perform genome scans for selection based on principal component analysis. *Mol. Ecol. Resour.* 17(1): 67–77.
- Manichaikul, A., Mychaleckyj, J.C., Rich, S.S., Daly, K., Sale, M., and Chen, W.M. 2010. Robust relationship inference in genome-wide association studies. *Bioinformatics* 26(22): 2867–2873.
- Matthews, C.J.D., and Ferguson, S.H. 2014. Validation of dentin deposition rates in beluga whales by interspecies cross dating of temporal $\delta^{13}\text{C}$ trends in teeth. *NAMMCO Sci. Publ.* 10.
- McKinney, M.A., De Guise, S., Martineau, D., Béland, P., Lebeuf, M., and Letcher, R.J. 2006. Organohalogen contaminants and metabolites in beluga whale (*Delphinapterus leucas*) liver from two Canadian populations. *Environ. Toxicol. Chem.* 25(5): 1246–1257.
- Mitchell, E., and Reeves, R.R. 1981. Catch history and cumulative catch estimates of initial population size of cetaceans in the Eastern Canadian Arctic. *Rep. Int. Whal. Comm.* 31.
- MPO. 2002. [Rapport sur l'état des stocks](#). E5-32.
- MPO. 2019. [Avis sur la capture durable de bélugas de la population de la baie Cumberland](#). . Secr. can. de consult. sci. du MPO, Avis sci. 2019/024.
- Newsome, S.D., Clementz, M.T., and Koch, P.L. 2010. Using stable isotope biogeochemistry to study marine mammal ecology. *Mar. Mamm. Sci.* 26(3): 509–572.
- O'Corry-Crowe, G.M., Suydam, R.S., Rosenberg, A., Frost, K.J., and Dizon, A.E. 1997. Phylogeography, population structure and dispersal patterns of the beluga whale *Delphinapterus leucas* in the western Nearctic revealed by mitochondrial DNA. *Mol. Ecol.* 6(10): 955–970.
- O'Corry-Crowe, G., Suydam, R., Quakenbush, L., Potgieter, B., Harwood, L., Litovka, D., Ferrer, T., Citta, J., Burkanov, V., Frost, K., and Mahoney, B. 2018. Migratory culture, population structure and stock identity in North Pacific beluga whales (*Delphinapterus leucas*). *PLOS one.* 13(3).
- Oksanen, J., Simpson, G., Blanchet, F., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P., O'Hara, R., Solymos, P., Stevens, M., Szoecs, E., Wagner, H., Barbour, M., Bedward, M., Bolker, B., Borcard, D., Carvalho, G., Chirico, M., De Caceres, M., Durand, S., Evangelista, H., Fitz, J.R., Friendly, M., Furneaux, B., Hannigan, G., Hill, M., Lahti, L., McGlenn, D., Ouellette, M., Ribeiro Cunha, E., Smith, T., Stier, A., Ter Braak, C., and Weedon, J. 2022. [vegan: Community Ecology Package. R package version 2.6-2.](#)
- O'Leary, S.J., Puritz, J.B., Willis, S.C., Hollenbeck, C.M. and Portnoy, D.S. 2018. These aren't the loci you're looking for: Principles of effective SNP filtering for molecular ecologists. *Mol. Ecol.* 27(16): 3193–3206.
- Pagès, H., Aboyoun, P., Gentleman, R., and DebRoy, S. 2023. [Biostrings: efficient manipulation of biological strings. R package version 2.62.0.](#)
-

-
- Parent, G.J., Mosnier, A., Montana, L., Cortial, G., St-Pierre, A.P., Bordeleau, X., Lesage, V., Watt, C., Postma, L., and Hammill, M.O. 2023. [Réexamen des populations de bélugas dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson et évaluation des répercussions sur les récoltes dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/004. iv + 32 p.
- Postma, L.D. 2017. Genetic diversity, population structure and phylogeography among belugas (*Delphinapterus leucas*) in Canadian waters: broad to fine-scale approaches to inform conservation and management strategies. Thesis (Ph.D) University of Manitoba, Winnipeg, MB. 314 p.
- Postma, L.D., Petersen, S.D., Turgeon, J., Hammill, M.O., Lesage, V., and Doniol-Valcroze, T. 2012. [Beluga whales in James Bay: a separate entity from eastern Hudson Bay belugas?](#) DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2012/074. iii + 23 p.
- Privé, F., Luu, K., Vilhjálmsson, B.J., and Blum, M.G.B. 2020. Performing highly efficient genome scans for local adaptation with R Package pcadapt Version 4. *Mol. Biol. Evol.* 37(7): 2153–2154.
- R Core Team. 2022. [R: a language and environment for statistical computing](#). R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria.
- Richard, P.R. 2010. [Stock definition of belugas and narwhals in Nunavut](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2010/022: iv + 14 p.
- Richard, P.R., and Orr, J.R. 1986. [A review of the status and harvest of white whales \(*Delphinapterus leucas*\) in the Cumberland Sound area, Baffin Island](#). *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 1477: iv + 25 p.
- Richard, P., and Stewart, D.B. 2008. [Information Relevant to the Identification of Critical Habitat for Cumberland Sound Belugas \(*Delphinapterus leucas*\)](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2008/085: iii + 24 p.
- Richard, P.R., Orr, J.R., and Barber, D.G. 1990. The distribution and abundance of belugas, *Delphinapterus leucas*, in eastern Canadian subarctic waters: a review and update. In: Smith, E.G., St. Aubin, J., Geraci, J.R. (eds) *Advances in research on the beluga whale, *Delphiapterus leucas**. *Can. Bull. Fish. Aquat. Sci.* 224: 23–38
- Richard, P.R., Heide-Jørgensen, M.P., and St. Aubin, D. 1998. Fall movements of belugas (*Delphinapterus leucas*) with satellite-linked transmitters in Lancaster Sound, Jones Sound, and Northern Baffin Bay. *Arctic* 51(1): 5–16.
- Richard, P.R., Martin, A.R., and Orr, J.R. 2001. Summer and autumn movements of belugas of the eastern Beaufort Sea stock. *Arctic*. 54(3): 223–236.
- Rochette, N.C., Rivera-Colón, A.G., and Catchen, J.M. 2019. Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics. *Mol. Ecol.* 28(21): 4737–4754.
- Sergeant, D.E., and Brodie, P.F. 1969. Body size in white whales, *Delphinapterus leucas*. *J. Fish. Res. Board Canada*. 26(10): 2561–2580.
- Seutin, G., White, B.N., and Boag, P.T. 1991. Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analyses. *Can. J. Zool.* 69(1): 82-90.

-
- Smythe, T.A., Loseto, L.L., Bignert, A., Rosenberg, B., Budakowski, W., Halldorson, T., Pleskach, K., and Tomy, G.T. 2018. Temporal trends of brominated and fluorinated contaminants in Canadian Arctic beluga (*Delphinapterus leucas*). *Arct. Sci.* 404(3): 388–404.
- Stewart, R.E.A. 2008. Redefining walrus stocks in Canada. *Arctic.* 61(3): 292-308.
- Turgeon, J., Duchesne, P., Colbeck, G.J., Postma, L.D., and Hammill, M.O. 2012. Spatiotemporal segregation among summer stocks of beluga (*Delphinapterus leucas*) despite nuclear gene flow: Implication for the endangered belugas in Eastern Hudson Bay (Canada). *Conserv. Genet.* 13: 419–433.
- Waples, R.S., and Gaggiotti, O. 2006. What is a population? An empirical evaluation of some genetic methods for identifying the number of gene pools and their degree of connectivity. *Mol. Ecol.* 15(6): 1419–1439.
- Watt, C.A., Orr, J., and Ferguson, S.H. 2016. A shift in foraging behaviour of beluga whales *Delphinapterus leucas* from the threatened Cumberland Sound population may reflect a changing Arctic food web. *Endanger. Species Res.* 31: 259–270.
- Watt, C.A., Marcoux, M., Ferguson, S.H., Hammill, M.O., and Matthews, C.J.D. 2021. Population dynamics of the threatened Cumberland Sound beluga (*Delphinapterus leucas*) population. *Arct. Sci.* 7(2): 545–566.
- Weir, B.S., and Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38(6): 1358–1370.
- Wolff, J. O. 1997. Population regulation in mammals: an evolutionary perspective. *J. Anim. Ecol.* 66(1): 1–13.

TABLEAUX ET FIGURES

*Tableau 1. Bélugas marqués pour la télémétrie dans la baie Cumberland de 1998 à 2007 et l'haplotype de leur ADNmt. *Indique les haplotypes uniques. L'ombrage indique les baleines dont on a fait le suivi pendant la saison hivernale; elles sont toutes restées dans la baie Cumberland. Il convient de noter que les bélugas marqués en septembre n'ont pas été utilisés pour les analyses de cette étude.*

Année	Étiquette	Date de début	Date de fin	Durée (jours)	Sexe	ADNmt
1998	17000	19 août	31 août	12	M	HL055
1998	17001	20 août	27 octobre	68	M	S. O.
1998	20682	25 août	8 novembre	75	M	S. O.
1998	20683	30 août	4 septembre	5	M	HL024*
1998	20684	30 août	25 octobre	56	F	HL003
1998	20685	30 août	3 novembre	65	F	S. O.
1999	20162	3 septembre	16 janvier	135	M	S. O.
1999	20682	3 septembre	23 novembre	81	F	HL003
1999	20683	8 septembre	10 septembre	2	F	HL022
1999	20684	3 septembre	7 décembre	95	M	HL050
1999	20685	5 septembre	11 décembre	97	M	HL003
1999	7926	8 septembre	18 novembre	71	M	S. O.
2006	57594	17 juillet	3 mars	229	F	HL003
2007	37023	12 juillet	3 novembre	114	F	HL040*
2007	57602	12 juillet	15 novembre	126	F	HL057*
2008	39296	5 septembre	14 mai	251	F	HL028*
2008	39308	6 septembre	3 juin	270	F	HL040*
2008	39323	9 septembre	28 avril	231	M	HL028*
2008	40623	9 septembre	16 septembre	7	M	HL003

Tableau 2. Taille des échantillons des cinq populations de bélugas utilisées pour les analyses génétiques et génomiques de l'ADNmt et de l'ADNn présentées dans cette étude. Il est à noter que l'haplotype de l'ADNmt n'était pas disponible pour tous les échantillons utilisés pour les analyses d'ADNn, de sorte que la taille totale de l'échantillon (N) est supérieure à la taille de l'échantillon pour les analyses d'ADNmt (N_{ADNmt}).

Population	N	Années	N_{ADNmt}	Années_{ADNmt}	N_{ADNn}	Années_{ADNn}
Baie Cumberland	191	1982 - 2021	189	1982 - 2021	36*	2002 - 2007
Est de la baie d'Hudson	183	1994 - 2019	183	1994 - 2019	S. O.	S. O.
Îles Belcher	78	1994 - 2020	78	1994 - 2020	S. O.	S. O.
Baie James	78	2003 - 2021	78	2003 - 2021	S. O.	S. O.
Ouest de la baie d'Hudson	350	1985 - 2015	318	1985 - 2015	146*	1992 - 2015

* Taille finale des échantillons pour les analyses statistiques après le contrôle de la qualité et le filtrage des SNP : $N_{BBC} = 27$, $N_{OBH} = 121$ ($N = 148$).

Tableau 3. Bélugas capturés dans la baie Cumberland de 2002 à 2007 dont on a évalué l'ADNn, et probabilité qu'ils appartiennent à la population BBC selon l'analyse ADMIXTURE. L'astérisque dans la colonne de l'ADNn indique les individus ayant un haplotype de l'ADNmt unique à la population BBC.

Échantillon	Date	Latitude	Longitude	Sexe	Âge	Probabilité \pm ET dans ADMIXTURE	ADNn
ARPG-02-1034	22/07/02	S. O.	S. O.	M	30	0,63 \pm 0,08	BBC
ARPG-02-1037	ND/07/02	66,32	-67,10	M	32	0,53 \pm 0,03	BBC
ARPG-02-1039	10/07/02	S. O.	S. O.	M	S. O.	1,00 \pm 0,00	BBC
ARPG-02-1040	21/07/02	S. O.	S. O.	F	18	0,61 \pm 0,03	BBC
ARPG-02-1054	06/07/02	65,97	-67,02	F	17	0,60 \pm 0,03	BBC
ARPG-02-1072	25/07/02	S. O.	S. O.	F	S. O.	0,57 \pm 0,04	BBC*
ARPG-02-1077	06/07/02	65,97	-67,02	M	38	0,58 \pm 0,05	BBC*
ARPG-02-1181	22/07/02	65,22	-65,75	F	23	1,00 \pm 0,00	BBC
ARPG-02-1198	22/07/02	S. O.	S. O.	F	S. O.	0,60 \pm 0,03	BBC
PGDL-02-02	ND/07/02	65,24	-66,66	F	S. O.	1,00 \pm 0,00	BBC*
PGDL-02-03	ND/07/02	65,24	-66,66	M	S. O.	1,00 \pm 0,00	BBC*
PGDL-02-05	ND/07/02	65,24	-66,66	M	S. O.	0,65 \pm 0,03	BBC
ARPG-05-1211	12/07/05	S. O.	S. O.	F	29	0,14 \pm 0,05	OBH*
ARPG-05-1220	03/08/05	S. O.	S. O.	M	24	0,20 \pm 0,04	OBH
ARPG-05-1225	03/08/05	S. O.	S. O.	M	22	0,08 \pm 0,06	OBH
ARPG-05-1230	ND/ND/05	66,15	-65,70	M	S. O.	0,21 \pm 0,07	OBH
ARPG-05-1232	04/08/05	65,22	65,75	M	31	0,10 \pm 0,05	OBH
ARPG-05-1241	09/07/05	S. O.	S. O.	M	6	0,12 \pm 0,07	OBH
ARPG-05-1255	03/08/05	S. O.	S. O.	M	17	1,00 \pm 0,09	BBC*
ARPG-06-1265	01/07/06	S. O.	S. O.	M	41	0,63 \pm 0,04	BBC
ARPG-06-1280	01/07/06	65,97	67,02	M	16	0,58 \pm 0,04	BBC*
ARPG-06-1281	30/06/06	65,97	67,02	M	14	0,23 \pm 0,04	OBH
ARPG-07-01	12/07/07	66,27	-67,11	F	S. O.	1,00 \pm 0,05	BBC*
ARPG-07-02	12/07/07	66,27	-67,11	F	S. O.	0,60 \pm 0,05	BBC*
ARPG-07-1314	04-07/07	S. O.	S. O.	F	26	0,68 \pm 0,05	BBC*
ARPG-07-1317	04-07/07	S. O.	S. O.	F	13	0,59 \pm 0,04	BBC
ARPG-07-1328	04-07/07	66,32	-67,63	M	29	0,63 \pm 0,04	BBC*

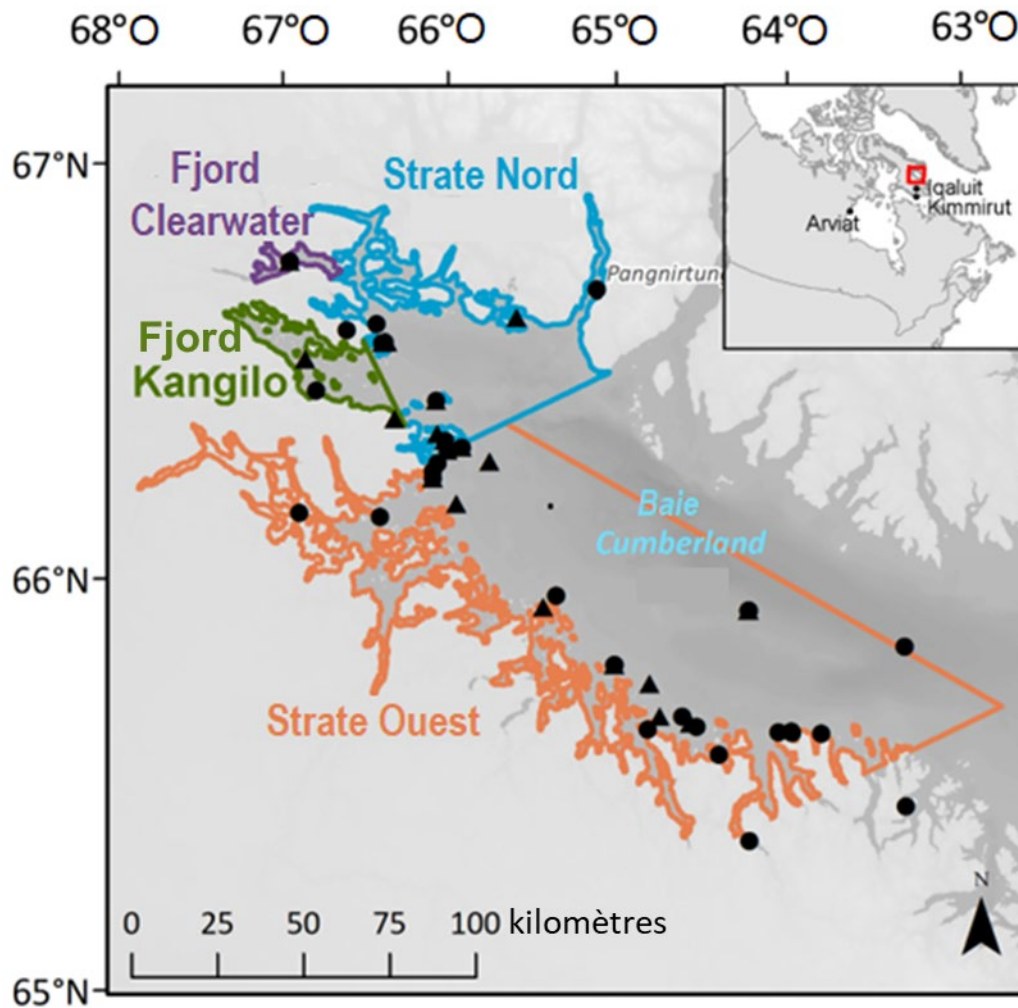


Figure 1. Emplacement géographique de 98 des 207 bélugas récoltés dans la baie Cumberland dont on a déterminé l'haplotype de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial. Les cercles indiquent les haplotypes communs avec l'une des quatre autres populations de référence, et les triangles les haplotypes uniques pour les bélugas de la baie Cumberland.

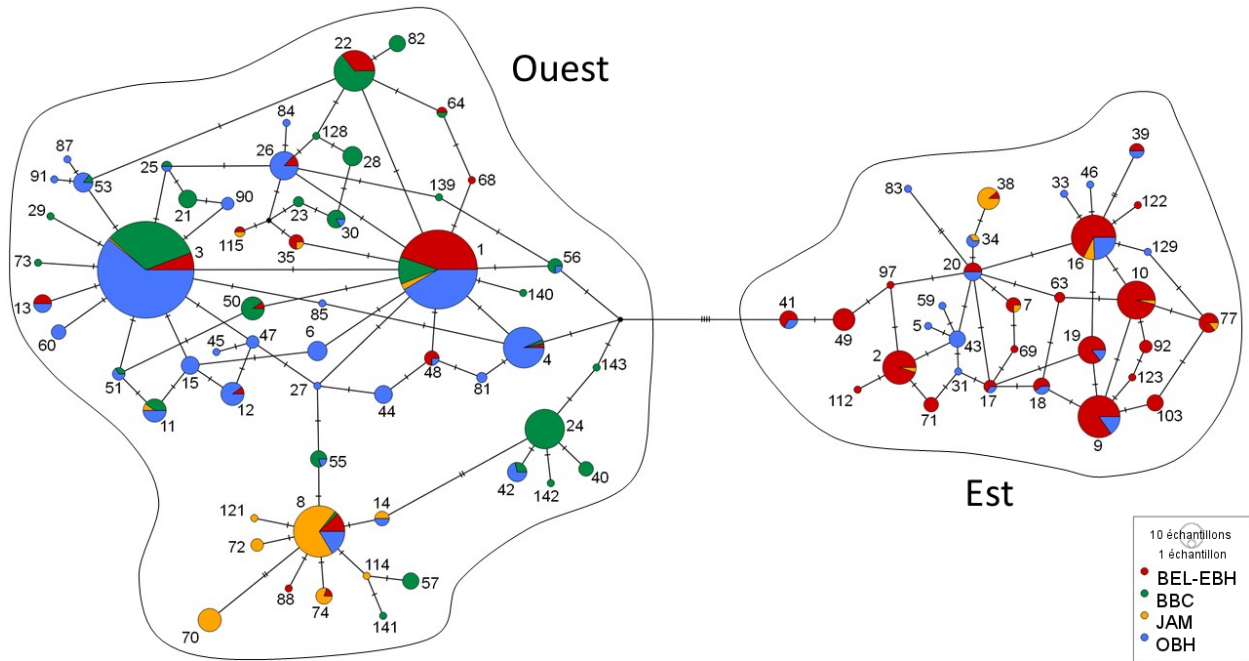


Figure 2. Réseau d'haplotypes de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial des bélugas de quatre groupes de référence (BEL-EBH, BBC, JAM et OBH) dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Un réseau de parcimonie statistique (TSC) utilisant PopArt est présenté. De petites barres perpendiculaires le long des lignes entre deux haplotypes indiquent le nombre de mutations entre les haplotypes. Les cercles noirs sans numéro d'haplotype indiquent des haplotypes manquants dans l'évolution du réseau. Les deux haplogroupes identifiés dans les études précédentes (est et ouest) sont indiqués (Postma 2017, Parent et al. 2023).

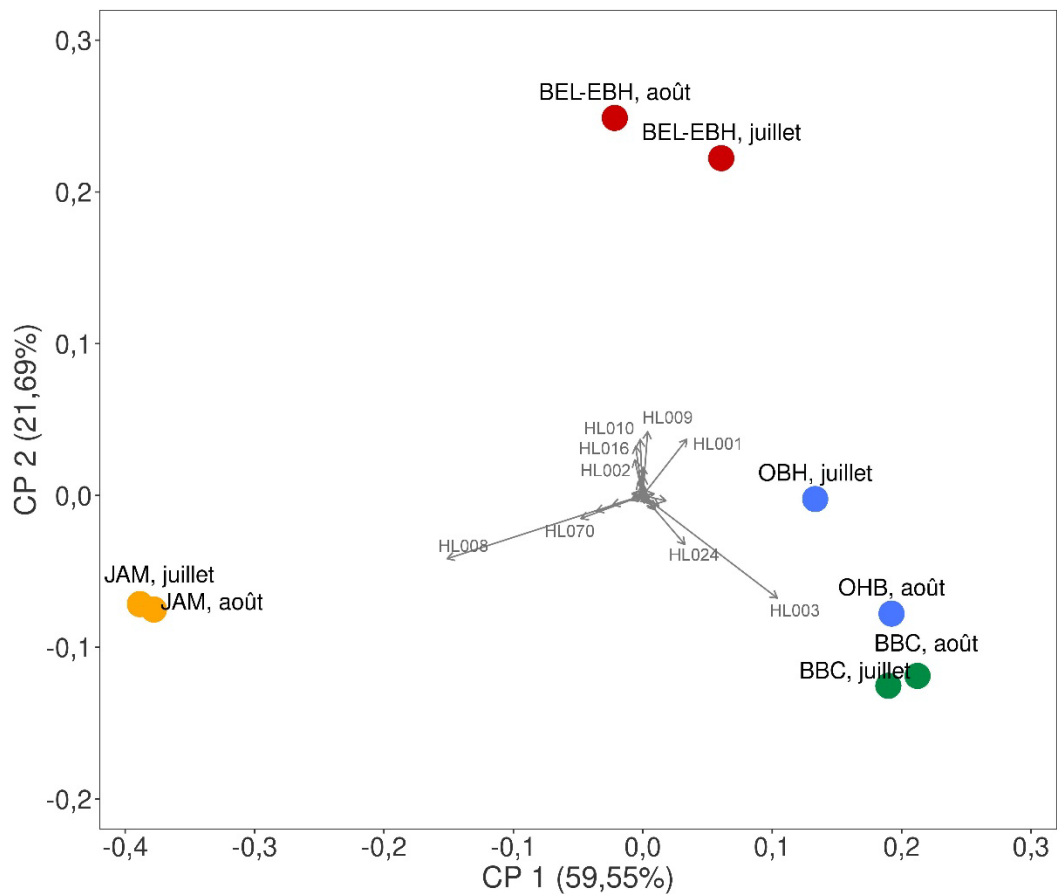


Figure 3. Caractère génétique distinctif des bélugas de la baie Cumberland (BBC) avec un diagramme de double projection tiré des analyses en composantes principales (ACP) utilisant les fréquences des haplotypes des régions de contrôle de l'ADN mitochondrial pour les bélugas de quatre groupes de référence : baie Cumberland, ouest de la baie d'Hudson (OBH), baie James (JAM) et îles Belcher et est de la baie d'Hudson (BEL-EBH). La longueur et la direction des flèches expliquent l'effet des haplotypes sur la distance entre les groupes de référence. Figure de l'analyse en composantes principales réalisée en utilisant ggplot2, ggrepel et factoextra.

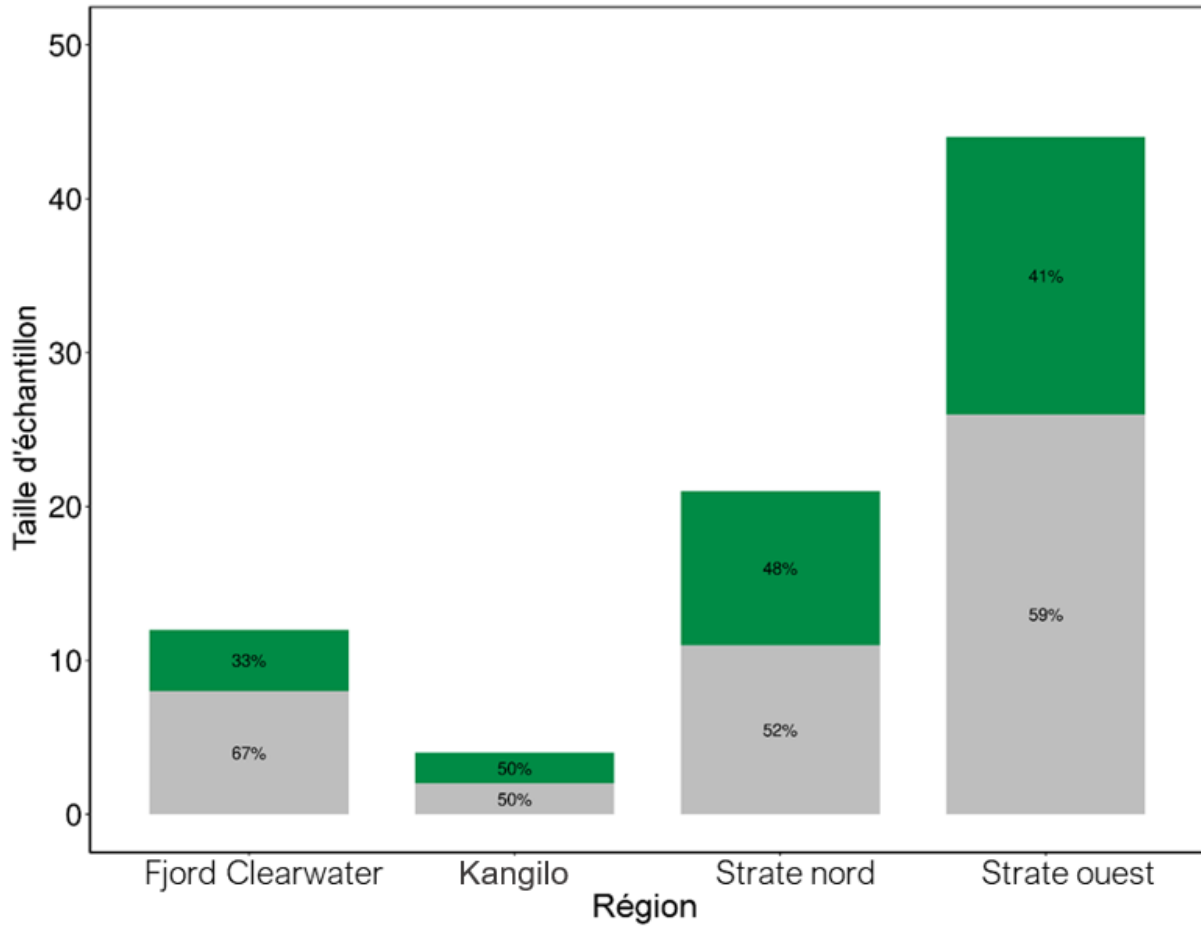


Figure 4. Proportions des haplotypes d'ADN mitochondrial communs (en gris) et uniques (en vert) de la région de contrôle pendant l'été (juillet, août) dans quatre zones de relevé de la baie Cumberland (voir la Figure 1). Noter la différence de taille des échantillons entre les régions ($N_{\text{Fjord Clearwater}} = 12$; $N_{\text{Kangilo}} = 4$; $N_{\text{Strate Nord}} = 21$; $N_{\text{Strate Ouest}} = 44$).

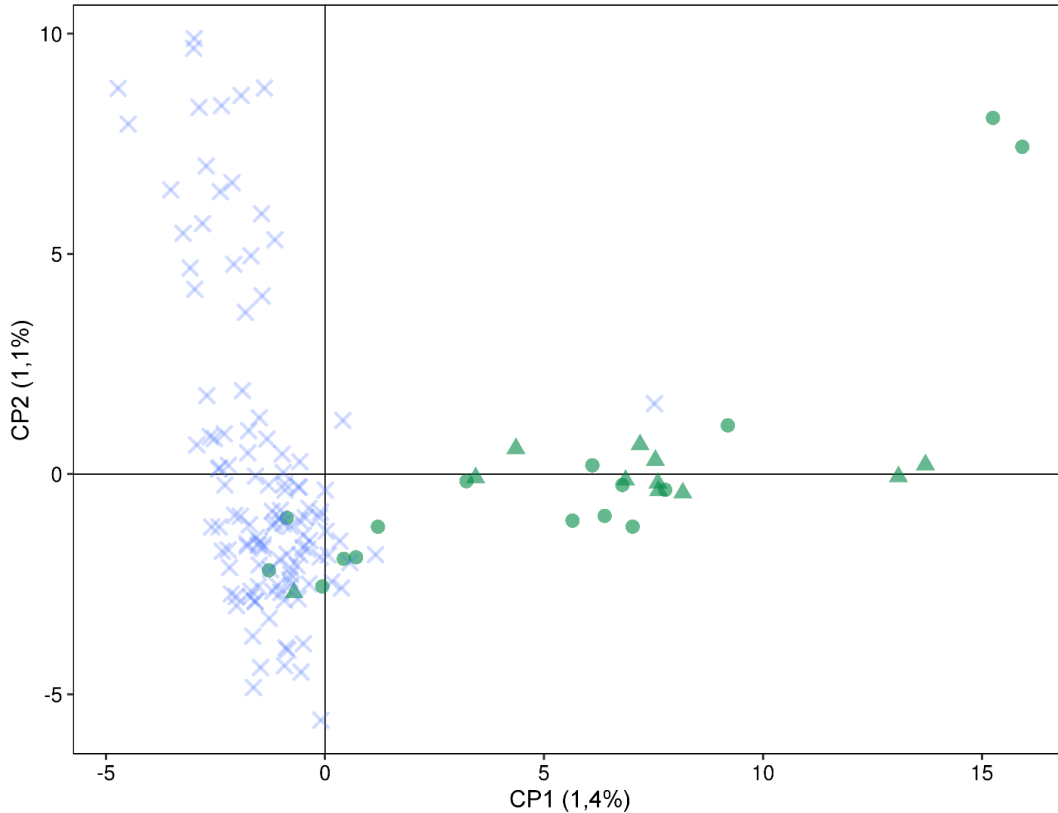


Figure 5. Analyse en composantes principales (ACP) à l'aide de 12 370 loci d'ADN nucléaire montrant une spécificité génétique entre les populations de bélugas de la baie Cumberland (BBC, en vert) et de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH, en bleu). Chez les bélugas de la baie Cumberland, des renseignements mitochondriaux sont également fournis; les triangles indiquent les haplotypes uniques aux bélugas de la baie Cumberland, tandis que les cercles représentent les haplotypes communs avec d'autres groupes de référence.

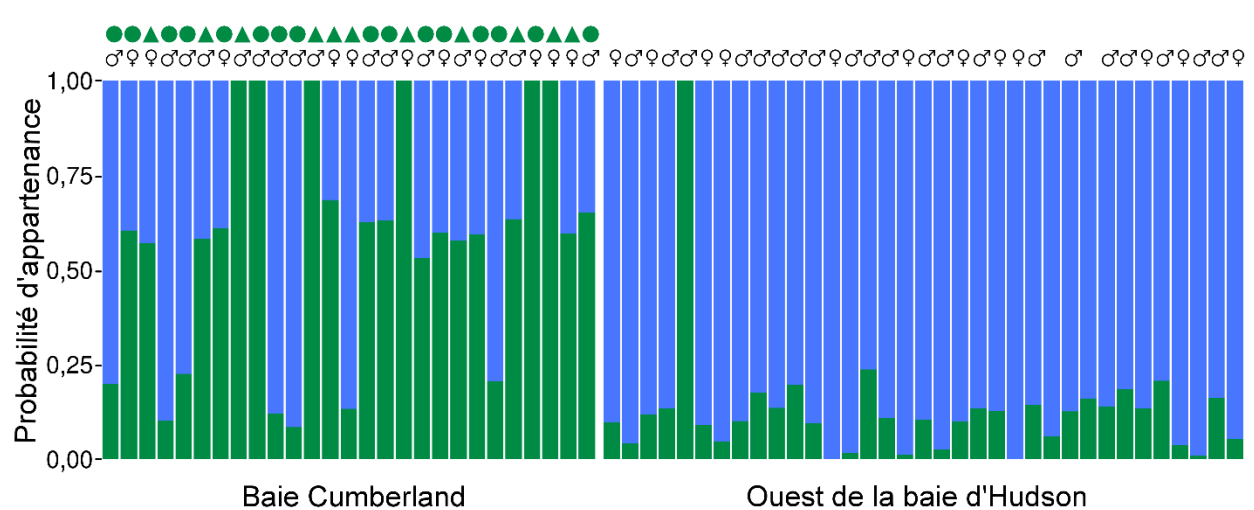


Figure 6. Résultats de l'analyse dans ADMIXTURE (ADNn) pour deux groupes. Le sexe de chaque individu (barres verticales) est indiqué en haut (sauf deux qui n'ont pu être déterminés par qPCR, voir Bonnet et al. [en préparation¹] pour plus de détails). Les haplotypes de l'ADNmt uniques (triangle) aux bélugas de la baie Cumberland et communs (cercles) sont indiqués.

ANNEXE A. RENSEIGNEMENTS SUPPLÉMENTAIRES

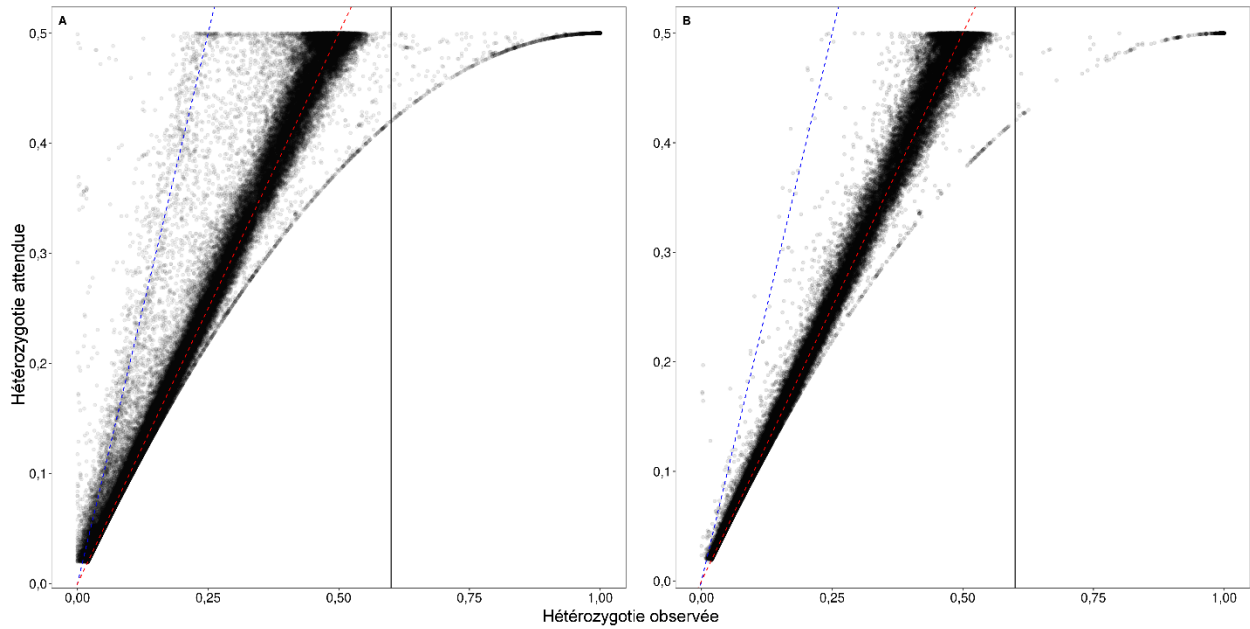


Figure A1. Hétérozygotie observée et attendue pour les loci d'ADN nucléaire (ADNn) avant (A = 136 884 loci) et après (B = 96 232 loci) l'élimination des loci avec une profondeur médiane de séquençage faible (< 12) et élevée (> 29). La ligne verticale noire à l'hétérozygotie observée = 0,6 représente le seuil utilisé dans l'une des étapes de filtration pour éliminer les loci très hétérozygotes. Les lignes tiretées bleues et rouges ont des pentes = 2 et 1, respectivement ($\alpha = 0$). Les loci proches de la ligne tiretée rouge ont une hétérozygotie observée et attendue similaire, et les loci proches de la ligne tiretée bleue ont la moitié de l'hétérozygotie attendue.

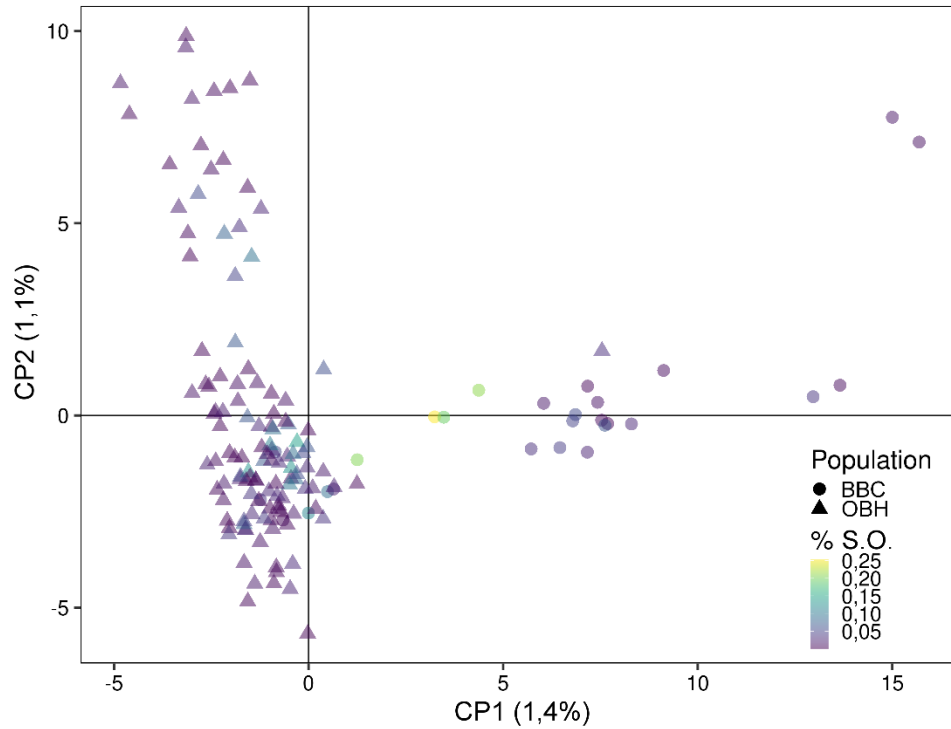


Figure A2. Proportion des loci d'ADN nucléaire (ADNn) pour lesquels il manque des données pour chaque béluga utilisé dans l'analyse en composantes principales (ACP; Figure 5).

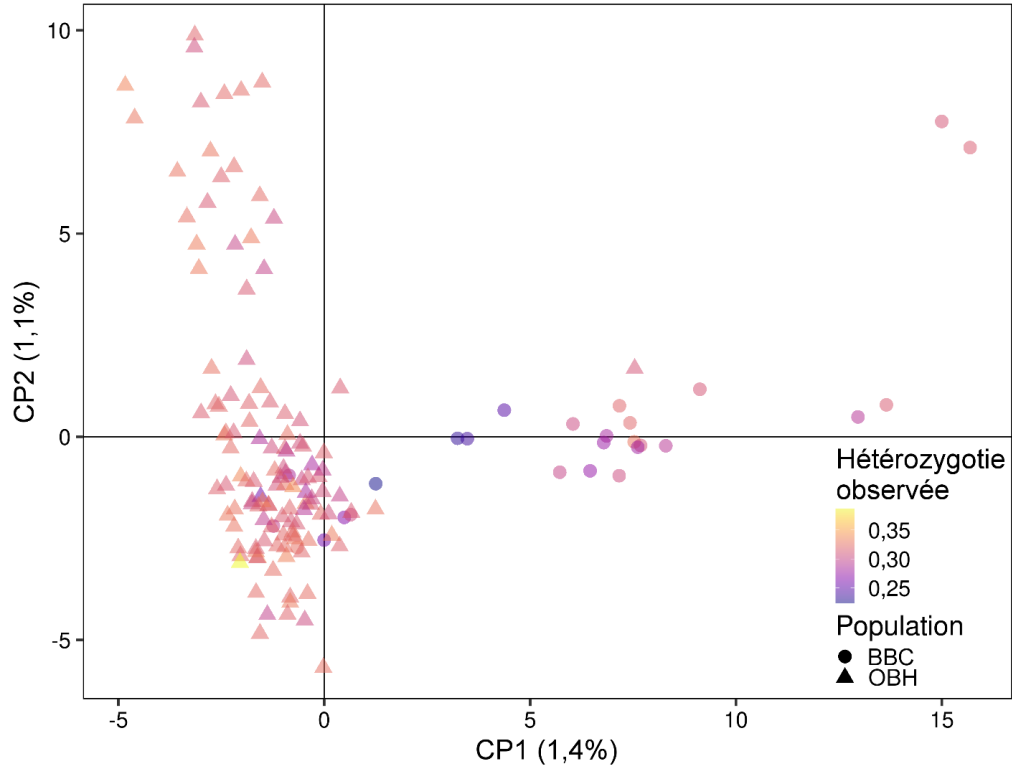


Figure A3. Hétérozygotie estimée à partir des loci d'ADN nucléaire (ADNn) pour chaque béluga à partir de l'analyse en composantes principales (ACP; Figure 5).

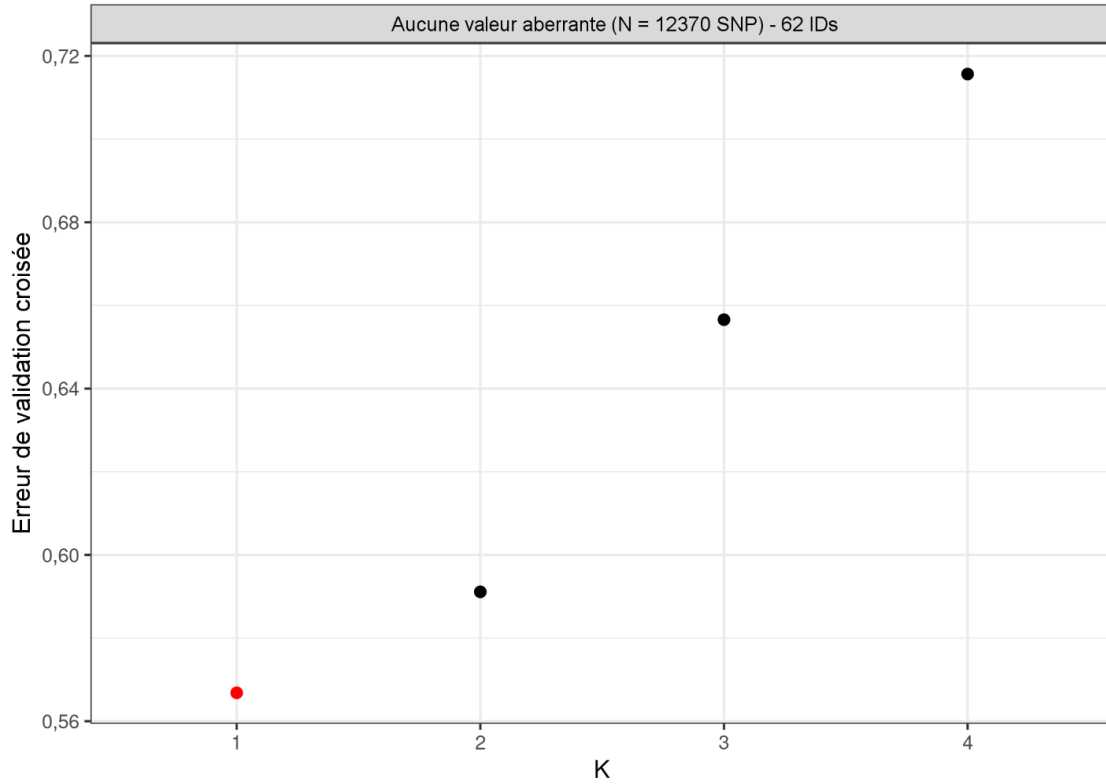


Figure A4. Approche de validation croisée utilisée pour déduire le nombre de populations (K) détectées par ADMIXTURE (Alexander et al. 2009) avec 27 bélugas récoltés dans la baie Cumberland et 35 bélugas récoltés dans l'ouest de la baie d'Hudson. Le point rouge indique la valeur la plus basse de la validation croisée.

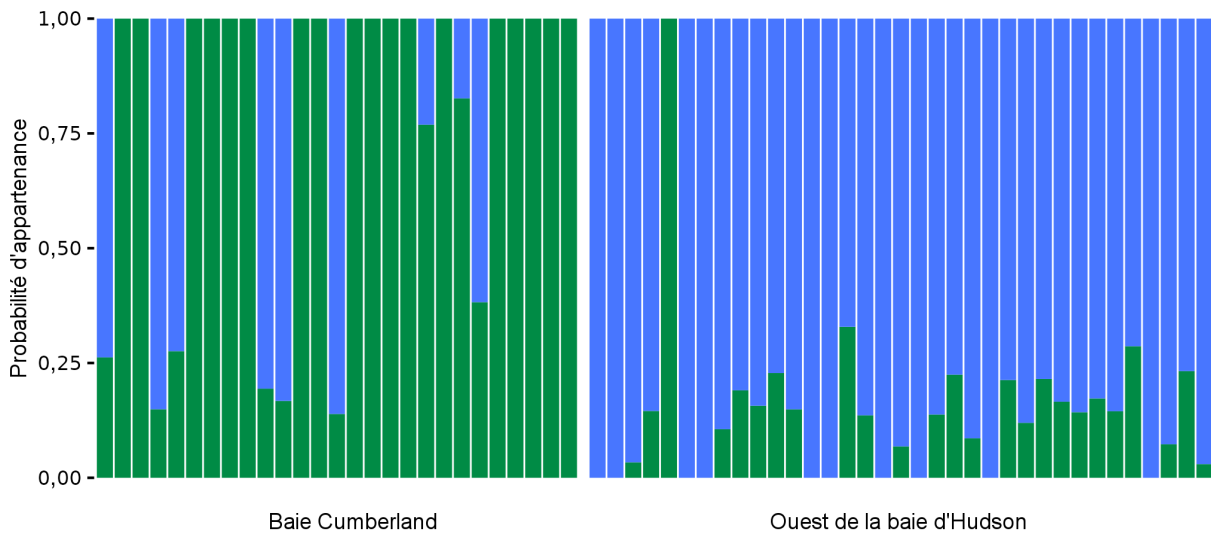


Figure A5. Résultats de l'analyse dans ADMIXTURE (ADN nucléaire) pour $K = 2$ en utilisant un seuil de fréquence d'allèles mineurs (MAF) de 5 % et en utilisant 20 957 loci (excluant 383 SNP aberrants).

Tableau A1. Nombre de loci et d'échantillons/individus après les étapes de filtration. Chaque ligne comprend les étapes de filtration précédentes.

Étapes de filtration	SNP	ddRADloci	N
Échantillons initiaux	-	-	182
Exporté de STACKS (séquences cartographiées d'au moins 96 %)	-	-	181
Couverture minimale 5X	-	-	158
Fréquence d'allèles mineurs (MAF) > 1 % ou SNP détecté chez au moins 25 % des individus	136 807	88 565	158
Profondeur de séquençage (profondeur médiane de séquençage > 12X)	96 111	63 421	158
Individu avec loci manquants < 30 % et loci avec moins de 10 % de données manquantes	86 673	58 341	157
Hétérozygotie observée inférieure à 60 %	86 343	58 229	157
Effet des plaques de séquençage	86 342	58 228	157
SNP liés au sexe	86 334	58 226	157
Parenté ($\Phi < 0,25$)	86 334	58 226	148
Un SNP par locus	58 226	58 226	148
MAF > 5 % et moins de 5 % de données manquantes	21 350	21 350	148
MAF > 10 % et moins de 5 % de données manquantes	12 381	12 381	148

Tableau A2. Fréquence des haplotypes pour la région de contrôle de l'ADN mitochondrial en juillet et en août chez les populations de bélugas de la baie Cumberland et du complexe de la baie et du détroit d'Hudson (utilisée pour créer la Figure 3).

Haplotype	BBC		BEL-EBH		JAM		OBH	
	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août
HL001	0,054	0,125	0,279	0,096	0,048	0,035	0,205	0,132
HL002	0,000	0,000	0,102	0,044	0,048	0,000	0,000	0,000
HL003	0,302	0,300	0,054	0,018	0,000	0,018	0,265	0,357
HL004	0,007	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,012	0,119
HL005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL006	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,030
HL007	0,000	0,000	0,014	0,009	0,048	0,000	0,000	0,000
HL008	0,007	0,000	0,007	0,044	0,429	0,439	0,048	0,017
HL009	0,000	0,000	0,068	0,158	0,000	0,000	0,048	0,004
HL010	0,000	0,000	0,082	0,123	0,000	0,018	0,000	0,000
HL011	0,027	0,000	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,021
HL012	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,036	0,026
HL013	0,000	0,000	0,000	0,026	0,000	0,000	0,024	0,004
HL014	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,035	0,024	0,000
HL015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,036	0,013
HL016	0,000	0,000	0,061	0,140	0,000	0,053	0,000	0,038
HL017	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL018	0,000	0,000	0,014	0,009	0,000	0,000	0,012	0,004
HL019	0,000	0,000	0,014	0,088	0,000	0,000	0,000	0,009
HL020	0,000	0,000	0,020	0,000	0,000	0,000	0,000	0,013
HL021	0,034	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL022	0,121	0,050	0,075	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL023	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Haplotype	BBC		BEL-EBH		JAM		OBH	
	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août
HL024	0,141	0,200	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL025	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL026	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,108	0,017
HL027	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL028	0,027	0,075	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL029	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL030	0,013	0,075	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL031	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL033	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL034	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,009
HL035	0,000	0,000	0,020	0,000	0,048	0,000	0,000	0,000
HL038	0,000	0,000	0,007	0,000	0,095	0,105	0,000	0,000
HL039	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,000	0,000	0,009
HL040	0,027	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL041	0,000	0,000	0,007	0,026	0,000	0,000	0,012	0,004
HL042	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,017
HL043	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,017
HL044	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,026
HL045	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL046	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL047	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,013
HL048	0,000	0,000	0,020	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL049	0,000	0,000	0,041	0,026	0,000	0,000	0,000	0,000
HL050	0,047	0,050	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL051	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009

Haplotype	BBC		BEL-EBH		JAM		OBH	
	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août
HL053	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,048	0,009
HL055	0,020	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL056	0,020	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL057	0,027	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL059	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL060	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,013
HL063	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,000	0,000	0,000
HL064	0,007	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL068	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL069	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL070	0,000	0,000	0,000	0,000	0,143	0,123	0,000	0,000
HL071	0,000	0,000	0,027	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL072	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,053	0,000	0,000
HL073	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL074	0,000	0,000	0,007	0,000	0,095	0,035	0,000	0,000
HL077	0,000	0,000	0,000	0,053	0,000	0,018	0,000	0,000
HL081	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009
HL082	0,034	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL083	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL084	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL085	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL087	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004
HL088	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000
HL090	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,013
HL091	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000

Haplotype	BBC		BEL-EBH		JAM		OBH	
	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août	Juillet	Août
HL092	0,000	0,000	0,000	0,026	0,000	0,000	0,000	0,000
HL097	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000
HL103	0,000	0,000	0,007	0,035	0,000	0,000	0,000	0,000
HL112	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL114	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,000
HL115	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,018	0,000	0,000
HL121	0,000	0,000	0,000	0,000	0,048	0,000	0,000	0,000
HL122	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000
HL123	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000
HL128	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL129	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000
HL139	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL140	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL141	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL142	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
HL143	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tableau A3. Estimations ponctuelles de la probabilité d'appartenance des individus aux populations (baie Cumberland : BBC, ouest de la baie d'Hudson : OBH) et erreurs-types (ET) associées estimées avec ADMIXTURE.

ID	Région de récolte	BBC	OBH	ET
ARPG_05_1220	BBC	0,199	0,801	0,039
ARPG_02_1054	BBC	0,604	0,396	0,033
ARPG_02_1072	BBC	0,570	0,430	0,040
ARPG_05_1232	BBC	0,102	0,898	0,053
ARPG_06_1281	BBC	0,225	0,775	0,041
ARPG_06_1280	BBC	0,582	0,418	0,035
ARPG_02_1040	BBC	0,609	0,391	0,027
ARPG_05_1255	BBC	1,000	0,000	0,087
ARPG_02_1039	BBC	1,000	0,000	0,000
ARPG_05_1241	BBC	0,119	0,881	0,072
ARPG_05_1225	BBC	0,084	0,916	0,052
PGDL_02_03	BBC	1,000	0,000	0,000
ARPG_07_1314	BBC	0,684	0,316	0,056
ARPG_05_1211	BBC	0,133	0,867	0,045
ARPG_02_1034	BBC	0,625	0,375	0,077
ARPG_06_1265	BBC	0,630	0,370	0,044
PGDL_02_02	BBC	1,000	0,000	0,000
ARPG_02_1037	BBC	0,531	0,469	0,027
ARPG_02_1198	BBC	0,599	0,401	0,030
ARPG_02_1077	BBC	0,577	0,423	0,048
ARPG_07_1317	BBC	0,593	0,407	0,045
ARPG_05_1230	BBC	0,206	0,794	0,074
ARPG_07_1328	BBC	0,633	0,367	0,066
ARPG_02_1181	BBC	1,000	0,000	0,000

ID	Région de récolte	BBC	OBH	ET
ARPG_07_01	BBC	1,000	0,000	0,054
ARPG_07_02	BBC	0,597	0,403	0,052
PGDL_02_05	BBC	0,651	0,349	0,029
ARAR_03_1061	OBH	0,098	0,902	0,050
ARAR_03_1075	OBH	0,042	0,958	0,036
ARAR_03_1041	OBH	0,118	0,882	0,045
ARNR_04_02	OBH	0,133	0,867	0,040
ARAR_99_1009	OBH	1,000	0,000	0,079
ARAR_99_1036	OBH	0,089	0,911	0,045
ARHU97_019	OBH	0,048	0,952	0,044
ARCI_99_1023	OBH	0,100	0,900	0,040
ARNR_03_04	OBH	0,176	0,824	0,045
ARAR_03_1063	OBH	0,135	0,865	0,045
ARAR_03_1064	OBH	0,196	0,804	0,036
ARAR_03_1047	OBH	0,095	0,905	0,052
ARAR_03_1048	OBH	0,000	1,000	0,035
ARAR_03_1057	OBH	0,016	0,984	0,039
ARNR_04_04	OBH	0,237	0,763	0,036
ARCI_99_1003	OBH	0,109	0,891	0,046
ARRB_02_1179	OBH	0,011	0,989	0,044
FMMM_CH_009	OBH	0,104	0,896	0,042
B96_254_COH	OBH	0,026	0,974	0,040
B96_258_COH	OBH	0,099	0,901	0,038
ARRB_01_1101	OBH	0,135	0,865	0,053
ARRB_01_1103	OBH	0,127	0,873	0,061
ARRB_01_1146	OBH	0,000	1,000	0,031

ID	Région de récolte	BBC	OBH	ET
ARCH_99_1004	OBH	0,143	0,857	0,041
ARCH_99_1007	OBH	0,059	0,941	0,042
ARCH_99_1008	OBH	0,126	0,874	0,041
ARCH_99_1012	OBH	0,160	0,840	0,041
ARCH_00_1057	OBH	0,140	0,860	0,046
ARCH_00_1064	OBH	0,185	0,815	0,038
ARCI_99_1006	OBH	0,133	0,867	0,037
ARCI_99_1013	OBH	0,207	0,793	0,038
ARCI_99_1020	OBH	0,036	0,964	0,035
ARCHL_15_128164	OBH	0,009	0,991	0,038
ARCHL_15_128157	OBH	0,161	0,839	0,045
ARCHL_15_128160	OBH	0,054	0,946	0,044
